

我国杜洛克、长白、大白猪区域性联合遗传评估研究

高虹^{1,2}, 邱小田², 王长存², 张金鑫^{1,2}, 张锁宇^{1,2}, 王源^{1,2},

张勤¹, 王志刚², 杨红杰², 丁向东^{1*}

(1. 中国农业大学 动物科技学院, 畜禽育种国家工程实验室, 农业部动物遗传育种与繁殖重点实验室, 北京 100193;

2. 全国畜牧总站, 北京 100125)

摘要: 旨在根据我国杜洛克、长白和大白猪 3 个品种的场间遗传联系情况进行区域性跨场联合遗传评估, 为全国联合遗传评估奠定基础。本研究利用杜洛克、长白和大白 3 个猪种分别在 9 个遗传关联组共 39 家国家生猪核心育种场 2011-2016 年的生长性状数据 126 070 条、187 975 条和 491 350 条, 繁殖性状数据 36 542、78 409 条、195 031 条。生长性状包括达 100 kg 体重日龄(age to 100 kg, AGE)、100 kg 活体背膘厚(backfat to 100 kg, BF), 繁殖性状为总产仔数(total number born, TNB)。遗传参数和育种值分别采用约束极大似然方法(restricted maximum likelihood, REML)和最佳线性无偏预测法(best linear unbiased prediction, BLUP)进行估计。结果表明, 区域性联合遗传评估的遗传力比单场评估更准确, 同样, 跨场联合评估育种值估计的准确性要高于单场遗传评估。杜洛克、长白、大白猪 AGE 联合评估的平均准确性比单场评估分别提高了 20.9%、11.9%、17.3%; BF 联合评估的平均准确性比单场评估分别提高了 21.3%、16.3%、21.0%; TNB 联合评估的平均准确性比单场评估分别提高了 31.2%、14.4%、6.6%。联合评估后群体规模变大, 遗传变异增大, 个体育种值估计准确性提高, 有助于联合育种。因此, 我国开展杜洛克、长白和大白猪 3 个品种的区域性联合遗传评估是可行的。

关键词: 猪; 关联率; 联合遗传评估; 联合育种

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2018)12-2567-09

The Regional Joint Genetic Evaluation of Duroc, Landrace and Yorkshire Pigs in China

GAO Hong^{1,2}, QIU Xiao-tian², WANG Chang-cun², ZHANG Jin-xin^{1,2}, ZHANG Suo-yu^{1,2},

WANG Yuan^{1,2}, ZHANG Qin¹, WANG Zhi-gang², YANG Hong-jie², DING Xiang-dong^{1*}

(1. *Key Laboratory of Animal Genetics, Breeding and Reproduction of Ministry of Agriculture, National Engineering Laboratory for Animal Breeding, College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193, China*; 2. *National Animal Husbandry Service, Beijing 100125, China*)

Abstract: The objective of this study was to investigate the plausibility of joint genetic evaluation in Duroc, Landrace and Yorkshire pigs in China. According to the genetic connectedness, a total of 9 genetic connectedness groups consisting of 39 national nucleus breeding farms from 3 pig breeds were established, respectively. The phenotypic data related to the growth and reproduction traits from 2011 to 2016 were collected. In total, 126 070, 187 975 and 491 350 records of the age to 100 kg (AGE) and backfat to 100 kg (BF), 36 542, 78 409 and 195 031 records of total number born (TNB) were analyzed for Duroc, Landrace and Yorkshire pigs, respectively. The genetic parameters and breeding values for single herd and each genetic connectedness group were

收稿日期: 2018-04-20

基金项目: 国家生猪产业技术体系(CARS-35)

作者简介: 高虹(1993-), 女, 山东人, 硕士生, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: 13031028678@163.com; 邱小田(1976-), 男, 湖北人, 博士, 主要从事动物遗传育种研究, Tel: 010-59194622, E-mail: 1967699090@qq.com。二者为共同第一作者

* 通信作者: 丁向东, 副教授, E-mail: xding@cau.edu.cn

estimated by REML and BLUP, respectively. The results showed that the heritabilities estimated by joint genetic evaluation were more accurate than single-herd evaluation. Similarly, the accuracy of the estimated breeding value (EBV) was improved as well. Compared to single-herd evaluation, the average accuracies of EBV obtained by joint genetic evaluation for Duroc, Landrace and Yorkshire pigs were increased by 20.9%, 11.9% and 17.3% for AGE, 21.3%, 16.3%, 21.0% for BF, and 31.2%, 14.4%, 6.6% for TNB, respectively. With the joint genetic evaluation, the population size of breeding herd was increased, and the genetic variation was enlarged, resulting in the improvement of accuracy of EBV. Therefore, the joint genetic evaluation for genetic connectedness groups in Duroc, Landrace and Yorkshire pigs in China is feasible.

Key words: pig; connectedness rate; joint genetic evaluation; joint breeding

世界养猪业发达国家的共同经验表明,联合育种是加快种猪遗传改良、提高猪育种效益的根本途径^[1-2]。选择强度、育种值估计准确性、遗传变异和世代间隔是影响遗传进展的4大因素。对猪而言,联合育种是加快遗传进展最有效的方法,通过联合育种扩大了育种群体规模,进而增加群体变异,加大选择强度,提高育种值估计准确性,能够加快优秀公母畜的更新^[3]。猪的联合育种是将具有相同或相近育种目标的种猪场有组织的联合起来,建立良种繁育体系,形成大的核心群,即“超级核心群”,具有统一的数据记录系统、性能测定制度和办法,统一进行遗传评估,选出最优秀的种猪,快速提高群体遗传进展^[4]。

联合育种的前提是群体间存在广泛的遗传联系,才能进行统一的联合遗传评估。Mathur等^[5]根据加拿大育种数据研究指出,场间的平均关联率 $\geq 3\%$ 时的跨场联合遗传评估较为理想。在国家生猪遗传改良计划(《全国生猪遗传改良计划(2009-2020)》)的推动下,我国生猪育种水平得到了大幅度提高,已经建立了规模庞大的国家种猪数据库。截至2017年12月,国家种猪数据库中登记有杜洛克、长白和大白猪共6 197 348条数据,生长测定数据4 055 561条和繁殖数据2 515 365条。但是我国各猪场间的遗传联系还较弱,张金鑫等^[6]对我国93家国家生猪核心育种场2011-2016年的数据进行了场间遗传联系的分析,结果显示,杜洛克、长白和大白猪的场间关联呈现逐年上升的趋势,但是不同场间的关联程度较低,无法跨场进行全国范围的联合遗传评估。但同时,根据场间关联率,93家国家生猪核心场可划分为若干区域性关联组,可进行区域性联合遗传评估^[6]。

本研究拟在张金鑫等^[6]研究的基础上进行各关

联组的跨场联合遗传评估,探讨区域性联合遗传评估的可行性,为全国联合遗传评估提供理论参考。

1 材料与办法

1.1 数据来源

根据张金鑫等^[6]的研究结果,本研究以全国杜洛克(DD)、长白(LL)和大白(Y)猪种具有场间遗传联系的9个遗传关联组(杜洛克3个、长白2个、大白4个)共39家国家生猪核心育种场为对象,选取其2011-2016年上传到“全国种猪遗传评估信息网”(www.cnsge.org.cn)的生长性能测定和繁殖数据进行区域性联合遗传评估研究。根据《全国生猪遗传改良计划(2009-2020)》(农办牧〔2009〕55号),本研究选取达100 kg体重日龄(AGE)、100 kg活体背膘厚(BF)和总产仔数(TNB)3个性状。

表1列出了杜洛克、长白和大白猪各关联组的平均关联率、关联组及单场生长和繁殖记录数等信息,其中关联组划分、关联率和场数来自张金鑫等^[6]的研究。关联组生长性能测定记录总计为杜洛克126 070条、长白187 975条、大白猪491 350条,繁殖记录总计为杜洛克36 542条、长白78 409条、大白猪195 031条。单场记录数各场之间差异较大。

1.2 办法

1.2.1 生长和繁殖性状遗传参数和育种值估计

本研究对杜洛克、长白和大白3个猪种每个遗传关联组及组内单场3个性状的遗传参数和育种值分别进行了估计,遗传参数和育种值分别采用约束极大似然方法(restricted maximum likelihood, REML)和最佳线性无偏预测方法(best linear unbiased prediction, BLUP)进行估计。根据《全国种猪遗传评估方案(牧站(种)〔2000〕60号)》,对2个生长性状(达100 kg体重日龄和100 kg体重活体背膘

表 1 杜洛克、长白和大白猪遗传关联组和单场生长、繁殖记录数

Table 1 The growth and reproductive records of Duroc, Landrace and Yorkshire pigs in genetic connectedness groups and single-herd

品种 Breed	关联组 Genetic connectedness group	场数 Number of herds	平均关联率/% Average connectedness rate	生长记录 Growth record	单场生长		单场繁殖	
					记录数范围 Range of single- herd growth records	繁殖记录 Reproductive record	记录数范围 Range of single- herd reproductive records	
杜洛克	1	16	1.89	70 890	772~12 720	19 855	100~3 623	
Duroc	2	8	1.58	32 359	865~16 087	9 477	370~3 896	
	3	7	1.05	22 821	903~13 590	7 210	270~4 699	
	1	14	3.53	107 771	871~28 696	45 837	137~14 574	
Landrace	2	9	1.56	80 204	3 566~18 270	32 572	1 211~8 294	
大白	1	15	2.79	305 673	8 409~82 894	128 579	3 912~30 057	
Yorkshire	2	5	1.37	20 331	2 187~8 149	10 645	1 037~4 846	
	3	4	1.23	59 714	10 809~23 023	19 293	2 994~5 910	
	4	6	1.01	105 632	8 863~25 315	36 514	4 001~9 124	

厚)和 1 个繁殖性状(总产仔数)进行育种值估计。

生长性状采用两性状动物模型进行育种值和遗传参数的估计:

$$y = \mu + Xb + Z_1a + Z_2l + e$$

其中, y 为观察值; μ 为均值; b 为固定效应, 包括场、年、季和性别; a 为个体随机遗传效应, 服从 $N(0, A\sigma_a^2)$ 分布, A 为个体间基于系谱信息的亲缘关系矩阵, σ_a^2 是加性遗传方差; l 为随机窝效应, 服从 $N(0, I\sigma_l^2)$ 分布, I 为单位矩阵, σ_l^2 为窝效应方差; e 为随机剩余效应, 服从 $N(0, I\sigma_e^2)$ 分布, σ_e^2 为残差方差。 X 、 Z_1 和 Z_2 分别是固定效应、个体遗传效应和窝效应的结构矩阵。

繁殖性状采用重复力模型进行育种值和遗传参数的估计:

$$y = \mu + Xb + Za + Wpe + e$$

其中, y 为观察值; μ 为群体均值; b 为固定效应, 包括场、年、季; a 和 e 为个体随机遗传效应和随机剩余效应, 定义同生长性状模型。 pe 为随机母猪永久环境效应, 服从 $N(0, I\sigma_{pe}^2)$ 分布, σ_{pe}^2 为母猪永久环境效应方差; X 、 Z 、 W 分别是固定效应、个体遗传效应和母猪永久环境效应的结构矩阵。

1.2.2 生长和繁殖性状遗传力及标准误计算 生长性状和繁殖性状遗传力估计模型:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_l^2 + \sigma_e^2} \text{ 和 } h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

其中, h^2 为遗传力, σ_a^2 为加性遗传方差, σ_l^2 为窝效应方差, σ_{pe}^2 为母猪永久环境效应方差, σ_e^2 为剩余效应方差。

遗传力的标准误(se)计算参照 Knauer 等^[7]的研究:

$$se = \left(\frac{h^2}{\sigma_a^2} \right) \{ (1 - h^2)^2 \text{var}(\sigma_a^2) - 2(1 - h^2)h^2 \text{cov}(\sigma_a^2, \sigma_e^2) + (h^2)^2 \text{var}(\sigma_e^2) \}$$

式中各参数同遗传力估计模型。

1.2.3 育种值估计准确性和 sep (standard error of prediction)的计算 参照张沅^[8]、Mrode 和 Thompson^[9]的研究, 个体育种值估计准确性计算公式:

$$r = \sqrt{1 - \frac{sep^2}{\sigma_a^2}}$$

其中, r 为育种值估计准确性, sep 为估计育种值的标准误, σ_a^2 为加性遗传方差。

以上计算采用 DMU 软件^[10]和自编 R 语言程序完成。

2 结 果

2.1 杜洛克、长白和大白猪单场和联合评估生长和繁殖性状遗传力估计准确性

表 2 分别列出了杜洛克、长白和大白 3 个猪种 9 个遗传关联组内单场和各关联组达 100 kg 体重日龄(AGE)、100 kg 活体背膘厚(BF)和总产仔数

(TNB) 3 个性状遗传力的估计值和标准误。由表 2 可以看出,杜洛克、长白、大白 3 个猪品种 AGE 单场评估的遗传力标准误分别为 0.041~0.055、0.006~0.062、0.010~0.110,联合评估的遗传力标准误分别为 0.006~0.012、0.005~0.006、0.003~0.013;BF 单场评估的遗传力标准误分别为 0.008~0.147、0.010~0.051、0.003~0.024,联合评估的遗传力标准误分别为 0.006~0.012、0.005~0.006、0.000 5~0.012;TNB 单场评估的遗传力标准误分别为 0.018~0.200、0.011~0.125、0.006~0.053,联合评估的遗

传力标准误分别为 0.010~0.017、0.006~0.008、0.002~0.014。这些数据表明,与单场评估相比,联合评估遗传力估计标准误更小,联合评估遗传力估计更准确。如杜洛克 AGE 性状单场评估遗传力的最小标准误为 0.041,最大标准误为 0.055;而联合评估后最小标准误降低为 0.006,最大标准误也降为 0.012。但同时可以看出,无论是单场评估还是区域性联合评估,场间和遗传关联组间各性状遗传力估计值差异较大,具有群体特异性。

表 2 单场和联合评估杜洛克、长白和大白猪生长和繁殖性状遗传力

Table 2 The estimation of heritability for growth and reproductive traits of Duroc, Landrace and Yorkshire pigs from single-herd and joint genetic evaluation

性状 Trait	项目 Item	杜洛克 Duroc			长白 Landrace			大白 Yorkshire					
		单场 Single herd	关联组 Connectedness group			单场 Single herd	关联组 Connectedness group		单场 Single herd	关联组 Connectedness group			
			1	2	3		1	2		1	2	3	4
达 100 kg 体重日龄 AGE	遗传力 Heritability	0.092~ 0.156	0.233	0.163	0.188	0.108~ 0.156	0.202	0.115	0.091~ 0.145	0.216	0.158	0.166	0.122
	标准误 Standard error	0.041~ 0.055	0.006	0.010	0.012	0.006~ 0.062	0.005	0.006	0.010~ 0.110	0.003	0.013	0.007	0.005
100 kg 活 体背膘厚 BF	遗传力 Heritability	0.084~ 0.134	0.173	0.167	0.245	0.122~ 0.250	0.264	0.157	0.083~ 0.177	0.278	0.209	0.236	0.130
	标准误 Standard error	0.008~ 0.147	0.006	0.009	0.012	0.010~ 0.051	0.005	0.006	0.003~ 0.024	0.000 5	0.012	0.007	0.005
总产 仔数 TNB	遗传力 Heritability	0.034~ 0.109	0.094	0.062	0.129	0.109~ 0.131	0.140	0.112	0.072~ 0.178	0.119	0.167	0.117	0.075
	标准误 Standard error	0.018~ 0.200	0.010	0.012	0.017	0.011~ 0.125	0.006	0.008	0.006~ 0.053	0.002	0.014	0.010	0.006

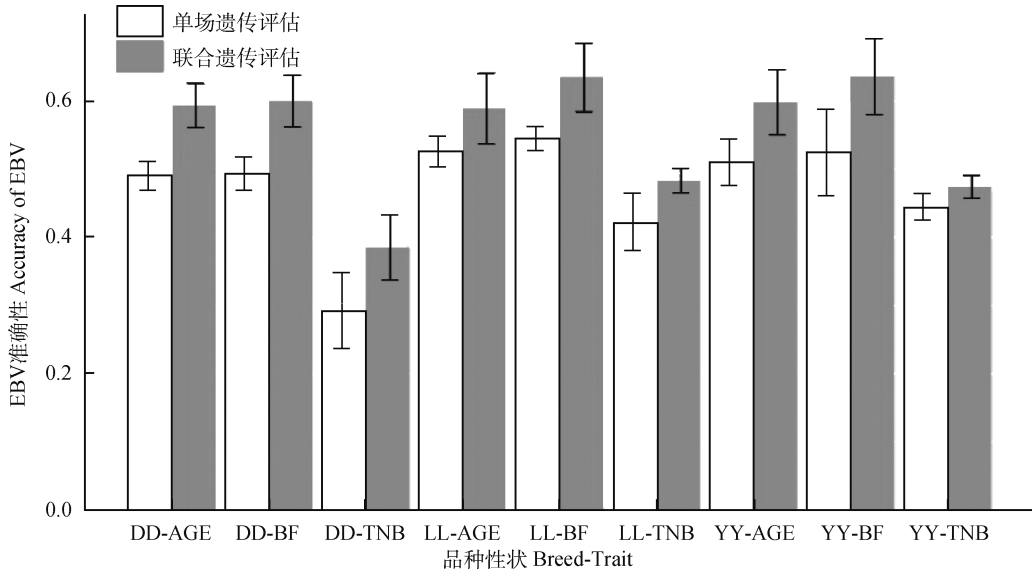
2.2 杜洛克、长白和大白猪单场和联合评估育种值估计准确性

图 1 展示了杜洛克、长白和大白 3 个猪种 9 个关联组,3 个性状育种值估计的平均准确性。由图 1

可看出,联合评估的 EBV 平均准确性较单场评估有大幅提高,杜洛克、长白、大白猪 AGE 单场评估的平均准确性分别为 0.491 ± 0.021 、 0.526 ± 0.023 、 0.510 ± 0.034 ,联合评估的平均准确性分别为

0.593±0.032、0.589±0.052、0.598±0.048,比单场评估分别提高了20.9%、11.9%、17.3%;BF单场评估的平均准确性分别为0.494±0.025、0.546±0.018、0.525±0.065,联合评估的平均准确性分别为0.600±0.038、0.635±0.05、0.636±0.056,比单场评估分别提高了21.3%、16.3%、21.0%;TNB单场评估的平均准确性分别为0.293±0.055、0.422±

0.042、0.450±0.019,联合评估的平均准确性分别为0.385±0.018、0.483±0.018、0.474±0.016,比单场评估分别提高了31.2%、14.4%、5.3%。从图1可以看出,联合评估的准确性都不同程度的高于单场评估。同时,单场估计时,杜洛克3个性状的EBV平均准确性都低于长白和大白,尤其是总产仔数,但杜洛克联合评估育种值准确性提升幅度最大。



DD. 杜洛克;LL. 长白;YY. 大白

DD. Duroc; LL. Landrace; YY. Yorkshire

图1 单场评估和联合评估3个猪品种生长和繁殖性状育种值平均准确性比较

Fig. 1 The comparison of average accuracy of EBV for growth and reproductive traits of 3 pig breeds between joint evaluation and single-herd evaluation

2.3 杜洛克、长白和大白猪单场和联合评估育种值预测标准误

个体育种值估计准确性与加性遗传方差和个体育种值预测标准误有关。本研究对每个品种关联率最高的关联组(杜洛克、长白、大白猪种分别为1.89%、3.53%、2.79%)进行了个体生长和繁殖性状育种值预测标准误(standard error of prediction, *sep*)及加性遗传方差(additive variance, V_A)的统计。从表3可以看出,联合评估比单场评估的平均 sep 大,但是联合评估的 sep 最大值和标准差更小,同时大多数情况下,联合评估加性遗传方差增大。以杜洛克达100 kg体重日龄为例,单场数据量范围为772~12 720,单场评估的最大 sep 为8.68, sep 标准差为2.03,加性遗传方差为25.60,而联合评估后数据量增至70 890,最大 sep 降低到5.65, sep 标准差和加性方差分别减小和增大到0.34和32.00,平均个体育种值估计准确性提高。大白和长白也表

现出了同样趋势。

2.4 杜洛克、长白和大白猪联合评估与单场评估育种值秩相关

表4列出了杜洛克、长白和大白每头猪生长和繁殖3个性状育种值以及选择指数联合评估和单场评估之间的Spearman秩相关系数。其中杜洛克选择指数为考虑AGE和BF两个性状的父系指数,长白和大白为考虑AGE、BF和TNB3个性状的母系指数,各性状具体加权参考全国种猪遗传评估中心^[11]给出的标准。由表4可看出,杜洛克、长白和大白3个猪品种联合评估与单场评估达100 kg体重日龄EBV秩相关系数范围分别为0.87~0.97、0.91~0.94和0.85~0.90,达100 kg体重活体背膘厚和总产仔数则分别为0.88~0.96、0.90~0.93、0.86~0.93和0.93~0.98、0.94~0.99、0.92~0.99;选择指数的秩相关系数范围为0.87~0.97。联合评估与单场评估EBV或选择指数的秩相关系数

表 3 3 个品种单场和联合评估育种值预测标准误差及加性遗传方差

Table 3 The predicted standard error and additive genetic variance of EBV in single-herd and joint genetic evaluation for 3 pig breeds

项目 Item			杜洛克 Duroc			长白 Landrace			大白 Yorkshire		
			AGE	BF	TNB	AGE	BF	TNB	AGE	BF	TNB
预测标准误差	单场评估	max	8.68	1.23	0.93	7.31	1.45	1.92	6.87	1.53	1.95
Standard error of prediction	Single-herd evaluation	min	0.11	0.13	0.32	0.40	0.1	0.14	0.20	0.10	0.19
		ave	3.54	0.46	0.70	3.71	0.63	0.84	3.40	0.58	0.83
	sd	2.030	0.270	0.140	1.510	0.320	0.336	1.580	0.280	0.288	
	联合评估 Joint evaluation	max	5.65	0.68	0.76	5.41	0.99	1.12	5.24	0.92	1.02
min		1.79	0.23	0.40	1.39	0.22	0.37	0.94	0.14	0.32	
ave		4.42	0.55	0.70	4.23	0.75	0.96	3.99	0.68	0.88	
sd		0.340	0.038	0.030	0.320	0.065	0.110	0.284	0.054	0.065	
加性遗传方差 Additive genetic variance	单场评估	ave	25.60	0.60	0.58	20.00	1.30	1.10	8.60	0.85	0.90
	Single-herd evaluation	sd	26.70	0.49	0.23	18.80	0.59	1.05	9.91	0.85	0.88
		联合评估 Joint evaluation		32.00	0.57	0.58	29.20	1.99	1.24	27.50	0.86

max. 最大值; min. 最小值; ave. 平均值; sd. 标准差

max. Maximum; min. Minimum; ave. Average; sd. Standard deviation

随关联率增大而下降。

3 讨论

遗传力作为最重要的遗传参数,与群体结构和遗传背景关系很大。很多研究表明,猪繁殖性状的遗传力属于低遗传力,而生长性状一般为中高遗传力。Garreau 等^[12]和王青来^[13]研究表明,背膘厚的

遗传力为 0.12~0.74, Von Willms 等^[14]估计的大白猪背膘厚的遗传力为 0.25~0.53。王婷^[15]估计大白猪达 100 kg 体重日龄遗传力范围为 0.13~0.49, Southwood 和 Kennedy^[16]估计的总产仔数遗传力为 0.06~0.13, 美国全国种猪改良联合会(NSIF)所推荐的繁殖性状遗传力为 0.10^[17]。本研究关联组估计的遗传力结果表明,杜洛克、长白和大白猪

表 4 联合评估与单场评估生长和繁殖性状育种值秩相关

Table 4 The Spearman correlation of EBV from single-herd and joint genetic evaluation for growth and reproductive traits

项目 Item	杜洛克 Duroc			长白 Landrace			大白 Yorkshire			
	1	2	3	1	2	1	2	3	4	
达 100 kg 体重日龄 AGE	0.87	0.91	0.97	0.91	0.94	0.85	0.88	0.89	0.90	
100 kg 活体背膘厚 BF	0.88	0.93	0.96	0.90	0.93	0.86	0.86	0.87	0.93	
总产仔数 TNB	0.93	0.94	0.98	0.94	0.99	0.92	0.93	0.98	0.99	
选择指数 Selection index	0.87	0.92	0.96	0.93	0.96	0.92	0.96	0.97	0.97	

杜洛克的选择指数为父系指数,长白和大白的选择指数为母系指数

The selection indexes of Duroc is paternal indexes, the selection indexes of Landrace and Yorkshire are maternal indexes

100 kg 体重活体背膘厚、达 100 kg 体重日龄和总产仔数 3 个性状遗传力分别为 0.130~0.278、0.115~0.233、0.062~0.167,总产仔数遗传力平均数与美国种猪改良联合会推荐的基本一致。尽管不同品种和不同关联组间遗传力估计值仍有差异,但本研究与其他报道相比,遗传力波动范围更小,更具代表性,且杜洛克、长白和大白猪各自有一套遗传参数,可为我国猪遗传评估提供借鉴。而且,联合评估的遗传力范围要比单场评估的更小,分布更集中,标准误更小。单场评估的遗传力估计不如联合评估准确主要是单场的数据量太少所致(也有部分数据量大的单场遗传力估计标准误较小),单场评估数据量往往少于联合评估(表 1)。这同样也体现在不同关联组遗传力估计中,如 3 个杜洛克猪关联组呈现出遗传力标准误随关联率增大而降低的趋势,长白猪的关联组也出现类似的趋势,但是大白猪的关联组中没有此现象。因为杜洛克和长白猪中关联率大的关联组都比关联率小的关联组数据量大,而大白猪中有的关联率较高的关联组场数数据量较少,从而导致遗传力标准误较大。大白猪 4 个关联组按关联率由大到小分别为 2.79%、1.37%、1.23%、1.01%,其 AGE 性状数据量分别为 305 673、20 331、59 714 和 105 632,相应地,其遗传力标准误分别为 0.003、0.013、0.007 和 0.005,遗传力标准误随数据量的增大而降低,该品种其他性状也呈相同规律。因此,遗传参数估计准确性与数据量的大小有很大的关系,数据量大的遗传参数的准确性会比数据量小的高,数据量太小会导致估计遗传参数的不准确,进而导致育种值估计的不准确。不管是数据量少的场还是数据量多的场,联合评估后群体育种规模变大,遗传力估计更准确。

本研究结果表明,与单场评估相比,杜洛克、长白和大白猪种每个性状联合评估育种值估计准确性都得到了不同程度的提高。其中,杜洛克猪所有性状育种值准确性提高幅度均最大,尤其是总产仔数提高了 31.2%。主要原因是我国杜洛克单场规模普遍不大,如繁殖记录最少的场仅 100 条,而组成关联组后数据规模显著增加至 19 855 条,加性遗传方差变大,与单场相比,个体育种值估计准确性提高,这与张锁宇等^[18]的研究结果一致。但本研究同时也发现,不是所有个体的联合评估育种值准确性都高于单场评估,对于数据量很大的单场,其个体育种值标准误较小,加性遗传方差也相对较大,而加入关

联组后,由于各场间遗传联系较弱,导致育种值估计标准误反而加大,这在关联率更低的关联组中表现更为明显(结果未显示)。但整体来讲,本研究所涉及的单场数据量都不大,其个体育种值标准误变化范围很大,联合评估使大多数个体育种值标准误变小,加之加性遗传方差变大,从而使大多数个体估计育种值准确性上升。

跨场联合遗传评估的前提是各场之间有一定的遗传关联,场间关联程度影响各场估计育种值的大小及其准确性,从而影响根据育种值对个体的排队^[19]。本研究结果也表明,关联组场间平均关联率越低,说明各场之间越相对独立,个体联合评估与单场评估育种值估计差异越小,秩相关系数就会越高,个体根据单场评估与联合评估育种值的排队顺序变化很小。如杜洛克达 100 kg 体重日龄性状,随着关联组的关联率降低,育种值秩相关系数增大,由关联组 1(关联率 1.89%)的 0.87 上升到关联组 3(关联率 1.05%)的 0.97,父系指数的秩相关系数也由 0.87 上升到 0.96,表明关联率很低时,联合评估作用不大,效果不理想。大白和长白猪也基本是这种规律。因此,加强场间遗传联系仍是我国开展猪联合评估的关键。

联合育种的核心是多场间能进行跨场联合遗传评估,然后对种猪进行跨场比较和选择,最终实现种猪的最优选择^[20]。Sun 等^[21]收集了北京、广东等 12 个省市的数据对其进行了场间遗传联系分析。结果表明,各场间遗传联系较少,场间关联率较低,无法进行统一遗传评估,但也存在部分遗传联系较紧密的场,其中北京地区的关联性好于其他地区。随后,Xiao 等^[22]于 2010 年对北京地区 24 个猪场 1999-2009 年将近 11 年的数据进行了场间关联率的估计,并对关联率较高的场进行区域性联合遗传评估,发现由于数据量少导致误差偏大,结果不准确。在全国生猪遗传改良计划推动下,我国初步建立了联合育种体系,做到了性状定义、性能测定和遗传评估统一,使本研究根据关联率选取的遗传关联组数据量显著增加,遗传参数估计和育种值估计准确性显著提高。本研究结果表明,虽然我国当前无法开展全国性的猪联合遗传评估,但区域性的联合遗传评估是可行的。随着场间遗传关联率的增强,遗传力估计准确性、育种值估计准确性、遗传变异都得到提高,并最终能够通过区域带动全国,实现全国猪联合育种。

4 结 论

本研究根据场间关联率,对全国生猪核心育种场杜洛克、长白和大白猪 3 个品种 9 个遗传关联组达 100 kg 体重日龄、100 kg 活体背膘厚和总产仔数 3 个性状分别进行了以关联组和单场为单位的遗传参数以及育种值分析。研究发现,以关联组为基础的区域性联合评估可使群体规模变大,遗传变异增大,个体育种值估计准确性提高。因此,我国开展杜洛克、长白和大白猪 3 个品种的区域性联合遗传评估是可行的。同时应采取多种手段继续加强场间遗传联系,最终实现全国猪联合育种。

参考文献 (References):

- [1] 陈瑶生. 中国的猪育种研究现状与发展趋势[J]. 华南农业大学学报, 2005, 26(S1): 1-11.
CHEN Y S. Research and trend of swine breeding in China[J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2005, 26(S1): 1-11. (in Chinese)
- [2] 李娅兰, 刘珍云, 刘敬顺, 等. 世界种猪育种体系及对我国种猪育种借鉴[J]. 中国畜牧业, 2013(6): 52-54.
LI Y L, LIU Z Y, LIU J S, et al. World swine breeding system and reference for breeding swine breeding in China[J]. *China Animal Industry*, 2013(6): 52-54. (in Chinese)
- [3] 彭中镇. 《全国生猪遗传改良计划》解读及实施中有关问题的讨论 (续完) [J]. 猪业科学, 2011(10): 106-108.
PENG Z Z. Discussion on the relevant issues in the interpretation and implementation of the "National Swine Improvement Program" (Continued)[J]. *Swine Industry Science*, 2011(10): 106-108. (in Chinese)
- [4] 王爱国, 李力, 梅克义, 等. 加强联合育种提高种猪质量[J]. 中国畜牧杂志, 2004, 40(3): 5-7.
WANG A G, LI L, MEI K Y, et al. Enhance joint breeding and improve the quality of swine[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2004, 40(3): 5-7. (in Chinese)
- [5] MATHUR P K, SULLIVAN B, CHESNAIS J. Estimation of the degree of connectedness between herds or management groups in the Canadian swine population[R]. Ottawa, Canada: Canadian Centre for Swine Improvement, 1999.
- [6] 张金鑫, 张锁宇, 邱小田, 等. 我国杜洛克、长白和大白猪场间遗传联系分析[J]. 畜牧兽医学报, 2017, 48(9): 1591-1601.

- ZHANG J X, ZHANG S Y, QIU X T, et al. The genetic connectedness of Duroc, Landrace and Yorkshire pigs in China[J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2017, 48(9): 1591-1601. (in Chinese)
- [7] KNAUER M T, CASSADY J P, NEWCOM D W, et al. Phenotypic and genetic correlations between gilt estrus, puberty, growth, composition, and structural conformation traits with first-litter reproductive measures[J]. *J Anim Sci*, 2011, 89(4): 935-942.
- [8] 张沅. 家畜育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2001.
ZHANG Y. Animal breeding[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2001.
- [9] MRODE R A, THOMPSON R. Linear models for the prediction of animal breeding values[M]. UK: CABI Publishing, 2005.
- [10] MADSEN P, SU G, LABOURIAU R, et al. DMU - A package for analyzing multivariate mixed models [C]//Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil: Instituto Prociência, 2006.
- [11] 全国畜牧总站. 国家生猪核心育种场遗传评估报告[R]. 北京, 2014.
National Animal Husbandry Service. Report of genetic evaluation on national pignucleus breeding farms[R]. Beijing, 2014. (in Chinese)
- [12] GARREAU H, TRIBOUT T, BIDANEL J P. New estimation of genetic parameters of production traits in Large White and French Landrace pigs[J]. *Techni-Porc*, 1998, 21(3): 37-43.
- [13] 王青来. 应用多性状动物模型 BLUP 和 REML 对杜洛克猪的遗传分析[D]. 北京: 中国农业大学, 2000.
WANG Q L. The genetic analysis of Duroc using multiple trait animal model BLUP and REML[D]. Beijing: China Agricultural University, 2000. (in Chinese)
- [14] VON WILLMS F, ROEHE R, TIMM H H, et al. Estimation of genetic parameters for the dam lines Large White and Landrace considering different environments[J]. *Züchtungskunde*, 1998, 70(5): 266-276.
- [15] 王婷. 大白猪达 100kg 体重日龄和背膘厚的遗传参数估计[D]. 北京: 中国农业大学, 2007.
WANG T. Estimation of genetic parameters for traits of age at 100kg and backfat thickness of the Yorkshire [D]. Beijing: China Agricultural University, 2007. (in Chinese)
- [16] SOUTHWOOD O I, KENNEDY B W. Estimation of

- direct and maternal genetic variance for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model[J]. *J Anim Sci*, 1990, 68(7):1841-1847.
- [17] National Swine Improvement Federation. Guidelines for uniform swine improvement programs[R]. 2016.
- [18] 张锁宇, 邱小田, 丁向东, 等. 利用关联组估计中国大白、长白及杜洛克猪繁殖性状的遗传参数[J]. 畜牧兽医学报, 2016, 47(3):429-438.
ZHANG S Y, QUI X T, DING X D, et al. Estimation of genetic parameters by connecting groups for reproductive traits of Yorkshire, Landrace and Duroc pigs in China[J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2016, 47(3):429-438. (in Chinese)
- [19] KENNEDY B W, TRUS D. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model[J]. *J Anim Sci*, 1993, 71(9):2341-2352.
- [20] 张 勤, 丁向东, 陈瑶生. 种猪遗传评估技术研发与评估系统应用[J]. 中国畜牧杂志, 2015, 51(8):61-65.
ZHANG Q, DING X D, CHEN Y S. Development and application of swine genetic evaluation system in China[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2015, 51(8):61-65. (in Chinese)
- [21] SUN C Y, WANG C K, WANG Y C, et al. Evaluation of connectedness between herds for three pig breeds in China[J]. *Animal*, 2009, 3(4):482-485.
- [22] XIAO W, DING X D, WANG C D, et al. The connectedness on large white and landrace in regional joint breeding system in Beijing [J]. *J Anim Vet Adv*, 2010, 9(18):2338-2342.

(编辑 郭云雁)