

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

张锁宇^{1,2#}, 邱小田^{2,3#}, 丁向东¹, 张勤^{1*}, 王志刚², 王长存², 屈云龙^{1,2}

(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; 3. 重庆市畜牧科学院, 重庆 402460)

摘要: 本研究旨在分析大白、长白及杜洛克 3 个品种猪在不同联合遗传评估组中总产仔数的遗传参数, 为将来全国猪联合遗传评估奠定基础。利用 DMU 软件的 DMU4 过程计算 74 个国家生猪核心育种场间的关联率, 根据联合遗传评估组内各场相互存在关联且每个场的平均关联率在 3% 以上原则, 每个品种筛选出 3 个联合遗传评估组 (组 1、组 2 和组 3)。利用 DMU 软件和动物模型估计 3 个联合遗传评估组中大白、长白及杜洛克猪总产仔数 (TNB) 性状的加性遗传、永久环境效应方差, 分析时同时考虑管理组的固定效应, 其中大白猪在组 1、2 和 3 中的繁殖记录数分别为 61 161、19 974 和 18 002 条; 长白猪分别为 28 239、11 918 和 3 064 条; 杜洛克猪分别为 7 174、6 512 和 2 417 条。结果表明, 场间关联总体情况较差 (平均关联率为 0.20%), 全国范围的联合遗传评估条件还不满足, 但可根据本研究结果进行局部联合遗传评估。永久环境效应估计值的变化为 0.05~0.11, 不同组及不同品种的总产仔数遗传力估计值约为 0.10, 在文献推荐范围之内。结果提示, 组 1 中各品种猪的遗传力估计结果要优于其他联合遗传评估组, 因此将来进行全国猪联合遗传评估时, 可参考组 1 中各品种的 TNB 遗传力估计结果。

关键词: 猪; 遗传参数; 总产仔数; 关联率

中图分类号: S828; S813.3

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2016)03-0429-10

Estimation of Genetic Parameters by Connecting Groups for Reproductive Traits of Yorkshire, Landrace and Duroc Pigs in China

ZHANG Suo-yu^{1,2#}, QIU Xiao-tian^{2,3#}, DING Xiang-dong¹, ZHANG Qin^{1*},
WANG Zhi-gang², WANG Chang-cun², QU Yun-long^{1,2}

(1. *Key Laboratory of Animal Genetics and Breeding 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*; 3. *Chongqing Academy of Animal Sciences, Chongqing 402460, China*)

Abstract: The objective of this study was to estimate genetic parameters for total number born (TNB) of Yorkshire, Landrace and Duroc pigs in different genetic evaluation groups, which could establish foundation for the national swine joint genetic evaluation. Estimation of the degree of connectedness among 74 national nucleus farms were calculated by the module DMU4 in DMU software, based on the principle of each herd in group with a minimum average connectedness rating of 3% and all herds in group connected with each other, 3 groups for each breed were screened (i. e. group1, group2 and group3). Animal model and DMU software were used to estimate vari-

收稿日期: 2015-06-25

基金项目: 国家生猪产业技术体系 (CARS-36)

作者简介: 张锁宇 (1988-), 男, 黑龙江人, 硕士, 主要从事种猪遗传评估方面研究, Tel: 010-62893046, E-mail: suoyuzhang@foxmail.com; 邱小田, 男, 博士, 主要从事动物遗传育种方面研究, Tel: 010-59194622, E-mail: 1967699090@qq.com。二者并列列为第一作者

* 通信作者: 张勤, 教授, Tel: 010-62732634, E-mail: qzhang@cau.edu.cn

ances of animal genetic and permanent environmental for total number born(TNB) of Yorkshire, Landrace and Duroc pigs in 3 groups, fixed effects of contemporary groups were also included in the analysis, records on 61 161, 19 974 and 18 002 for Yorkshire, 28 239, 11 918 and 3 064 for Landrace, and 7 174, 6 512 and 2 417 for Duroc in the group 1, 2 and 3, respectively, were analyzed. As a result, in general, the degree of connectedness was low (the average connectedness rating was 0.20%) and large-scale across-herd genetic evaluation in China was not practicable at present, but it might carry out across-herd genetic evaluation in certain regions. Estimated values of permanent environmental effects ranged from 0.05 to 0.11, estimated values of heritabilities for TNB were approximately 0.10 for all breeds and groups, the results were within the range recommended by relevant literature. The results indicate that genetic parameters of group 1 were better than other groups, therefore, it would expect to be used in the national swine joint genetic evaluation in the future.

Key words: pigs; genetic parameters; total number born; connectedness rating

养猪生产中,对窝性状的选择更吸引育种者,因为生长性状经过多年持续的选择可能已接近最适值^[1]。在窝性状中产仔数性状尤其重要,因为每增加1头仔猪,将会对经济效益产生重大的影响。加拿大猪遗传改良中心(CCSI)母系指数中总产仔数的权重超过了50%^[2],丹麦母系猪的育种目标中产仔数性状(5日龄仔猪数)在2005、2010和2011年的权重分别为70%、37%和27%^[3]。

育种值及遗传参数的估计是家畜育种工作的一项中心任务。家畜的估计育种值是选择种用家畜最主要的依据,对家畜育种值估计的准确性会直接影响畜群的遗传进展。畜群的遗传参数除为估计育种值所必需外,也是制定育种规划、了解数量性状遗传机制等所不可缺少的^[4]。生产者则可以通过对猪群重要经济性状遗传参数的了解进而从群体的遗传进展中获取经济效益,这些遗传参数还可以帮助生产者预测选择反应及遗传趋势的过程^[5]。从统计学的角度来讲,遗传参数的估计就是方差组分的估计。目前在畜禽育种中应用比较多的是ML、REML和Bayesian方法,总体来看,ML法精确性高,准确性差,计算难度小,而REML法精确性低,准确性好,计算难度大,在家畜育种中REML法似乎比ML法更受人偏爱一些^[4]。

目前我国猪的遗传评估工作还处于起步阶段,数据的积累还很有限,不同场间的关联程度还较低,无法跨场进行全国范围的联合遗传评估,2004年以来,在全国畜牧总站、农业部948重大专项等项目支持下,依托中国农业大学的技术力量成立了全国种猪遗传评估中心(以下简称中心)。中心主要职能为

收集、整理和分析全国种猪登记和性能测定数据,组建“国家种猪数据库”,为《全国生猪遗传改良计划(2009-2020)》的顺利实施提供技术支持和智力保障,并致力于我国种猪联合育种平台网络化建设,建立了全国种猪遗传评估信息网。

中心的成立使得跨场进行遗传评估成为了可能,而跨场进行遗传评估的基本前提是各场之间要有一定程度的关联性,P. Mathur等^[6]研究表明,要进行场间的联合遗传评估,建议各个场的平均关联率大于3%,之前基于国内群体的遗传参数估计多针对单一育种场^[7-9],群体规模有限,而遗传参数估计的准确性与群体结构、分析方法及统计模型紧密相关^[4,10],群体规模显得尤为重要。同一联合遗传评估组可近似看做同一群体,可使群体规模大大增加。目前中心采用的遗传参数是加拿大猪遗传改良中心(CCSI)于2000年之前制定的,并未做品种的分。由于遗传参数具有群体特异性^[11],参考的遗传参数不一定适合中国,更不一定适合每个场,有必要基于我国种猪群体进行遗传参数的估计。基于以上目的,本研究利用关联组估计我国大白、长白及杜洛克猪群体总产仔数(TNB)的遗传参数,为将来进行全国猪联合遗传评估奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 数据

所用数据来自74个国家生猪核心育种场于2014年3月20日前(含3月20日)上传至“全国种猪遗传评估信息网”的种猪登记和繁殖数据。杜洛克、长白和大白猪3个品种繁殖母猪数分别为

32 327、77 533 和 164 315 头,出生于 2007~2013 年间。母猪产仔记录数共计 81 万多条(图 1)。主要繁殖性状为总产仔数(TNB),其为出生时同窝的

仔猪总数,包括活仔、死胎、木乃伊和畸形猪,更能从遗传上反映母猪的繁殖能力。

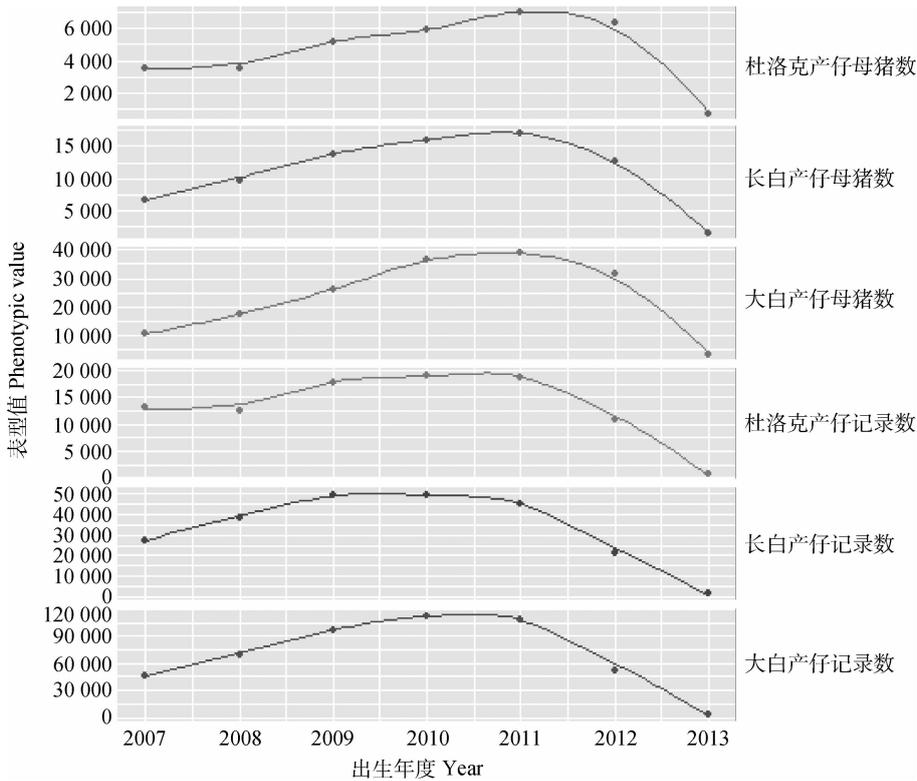


图 1 国家生猪核心育种场数据趋势图

Fig. 1 Trends in data for major pig breeding farms in China

1.2 场间遗传联系和关联组划分

鉴于中国目前尚未形成全国范围的场间遗传联系,本研究首先根据 P. Mathur 等^[6]提出的场间关联率,计算 74 个国家生猪核心场间的彼此场间联系情况,然后将这些场划分为若干关联组。

P. Mathur 等^[6]将场间关联定义为群间或者同期组间的相关,并且建议利用场效应之间的相关来表示关联程度,称为联系率(Connectedness rating, CR),公式:

$$CR_{ij} = \frac{\text{cov}(\hat{h}_{ij})}{\sqrt{\text{var}(\hat{h}_i)\text{var}(\hat{h}_j)}}$$

其中, i 和 j 是不同场代码, $\text{var}(\hat{h}_i)$ 、 $\text{var}(\hat{h}_j)$ 分别是第 i 和 j 场的场效应方差, $\text{cov}(\hat{h}_{ij})$ 为场效应的协方差。

据 P. Mathur 等^[6]研究,要进行场间的统一遗传评估,各个场的平均联系率应大于 3%。据此标准,本研究列出了可进行联合遗传评估的场(表 1),

联合遗传评估组内各场之间彼此存在关联且每个场的平均关联率不小于 3%。

1.3 遗传参数估计

参照《全国种猪遗传评估方案》,总产仔数遗传评估模型:

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

其中, y 为观察值向量,为总产仔数表型值; b 为固定效应向量,本研究考虑了场年季效应; a 为动物的加性遗传效应向量, $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$, A 为个体间亲缘关系矩阵; pe 为永久环境效应向量, $pe \sim N(0, I\sigma_{pe}^2)$; e 为残差效应向量, $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$,各随机效应间均不相关; X 、 Z 、 W 为相应的结构矩阵。

遗传力、永久环境效应及重复力计算公式:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}, pe^2 = \frac{\sigma_{pe}^2}{\sigma_p^2}, re = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2}{\sigma_p^2}$$

其中, σ_a^2 为加性遗传方差, σ_{pe}^2 为永久环境效应方差, σ_p^2 为表型方差。 h^2 、 pe^2 和 re 为相应性状遗传力、永久环境效应和重复力。遗传力的标准误采用 B. Klei 等^[12]的方法估计。

本研究首先利用 SAS9.2 和 R 语言剔除有系谱和表型记录错误的个体,3 个标准差之外的个体即视为异常值,予以剔除。场间遗传联系和遗传参数估计利用 DMU 软件分析。DMU 软件^[13]是一个用于多元混合模型分析的软件包,用于估计正态分布和非正态分布性状的方差-协方差组分和遗传参数估计,可以配合一般线性模型、随机回归模型、广义线性模型等。其中场间遗传联系采用 DMU4 模块,遗传参数利用 DMUAI 模块进行估计。DMUAI 采用平均信息(Average information, AI)和期望最大化(Expectation maximization, EM)算法相结合的约束最大似然(Restricted maximum likelihood, REML)方法进行遗传参数估计。

2 结果

2.1 联合遗传评估组

本研究共分析了 74 个核心育种场的大白猪数据,73 个长白猪数据及 71 个杜洛克猪数据,详细的关联率情况见国家生猪核心育种场遗传评估报告(2014-01)^[14]。从表 1 可以看出,大白、长白和杜洛克猪均得到 3 个联合遗传评估组,其中大白猪组 1、2 和 3 中的育种场数分别为 7、4 和 4 个;长白猪中的育种场数分别为 7、4 和 3 个;杜洛克猪中的育种场数分别为 6、4 和 3 个。总体来讲,场间关联性较差。表 2 和表 3 列出了各品种各联合遗传评估组及全国的平均关联率情况。表 2 中各品种联合遗传评估组内猪场的平均关联率均大于 3%。本研究得到的各品种联合遗传评估组的平均关联率均在 4% 以上,远高于全国生猪核心育种场得到的 0.20% 的平均值。

2.2 总产仔数表型值

杜洛克、长白和大白 3 个品种 3 个联合遗传评估组中总产仔数表型值基本情况见表 4。每个品种都是组 1 包含的场最多,其包含的有效繁殖记录数也最多。以大白为例,组 1 包含 7 个彼此有遗传关联的场,累计 61 161 条总产仔记录,远远高于组 2 和组 3(两个组都有 4 个场)的 19 974 和 18 002 条记录。杜洛克和长白也体现了同样规律,只是组 3 规模较小,这两个品种分别仅有 2 417 和 3 064 条记录。3 个品种中,大白猪记录数最多,分别达到了 61 161、19 974 和 18 002 条,合计 99 137 条,杜洛克猪记录数最少,分别为 7 174、6 512 和 2 417 条,合计 16 103 条。这与我国饲养大白猪最多的实际情况一致,而杜洛克作为终端父本,纯种饲养量较少,每个场平均饲养规模也小。不同品种 3 个联合遗传评估组在总产仔数上均差异显著($P < 0.05$),组 1 母系品种(长白猪和大白猪)的繁殖性能均优于其他联合遗传评估组。

2.3 遗传参数

表 5 列出了 3 个品种总产仔数遗传参数估计结果。大白猪 TNB 性状在组 1、2 和 3 中的遗传力估计值分别为 0.11、0.06 和 0.10;长白猪分别为 0.10、0.08 和 0.07;杜洛克猪分别为 0.07、0.08 和 0.06。在不同联合遗传评估组及不同品种之间 TNB 遗传力估计值趋于一致,均在 0.10 左右。表 5 也可以看出,群体规模对遗传参数及各方差组分估计准确性影响很大,总体上看,组 1 中各品种猪的 TNB 遗传力及各方差组分估计值标准误较其他两组要小,尤其是大白猪组 1 中加性遗传方差,永久环境效应方差,残差方差及 TNB 遗传力估计的标准误分别为 0.065、0.053、0.045 及 0.006,这可能与该组群体规模最大有关,相关结果显示(表 6),有效

表 1 我国主要猪品种的联合遗传评估组分组情况

Table 1 Across-herd genetic evaluation groups for major swine breeds in China

项目 Item	大白猪 Yorkshire	长白猪 Landrace	杜洛克猪 Duroc
1	XJMY, SJYZ, GGSP, GXYX, HNMY, GXRX, BSPF	GXRX, BSPF, GXYX, XJMY, HNMY, GGSP, GLMG	GDYF, GXRX, HNMY, GGSP, GDWJ, GLMG
2	SHXX, GDYF, GDWJ, YFJA	ZHZC, XWFX, KXYZ, GAYZ	WSQY, GAYZ, KXYZ, XWFX
3	XWFX, KXYZ, ZHZC, WSRK	WHJL, HBMG, AHCF	AHCF, SHXM, BBSC

联合遗传评估组内为 2 个育种场的未予考虑

Groups with 2 pig farms were not took into account in this study

表 2 大白、长白及杜洛克猪平均关联率数据统计表

Table 2 Average connectedness rating for Yorkshire, Landrace and Duroc pig breeds

项目 Item	关联率/% Connectedness rating		最大关联场代码 Most connected herd code
	最大关联率 Maximum	平均关联率 Average	
大白猪 Yorkshire			
组 1 Group1			
XJMY	28.2	6.83	HNMY
SJYZ	20.8	4.30	GGSP
GGSP	20.8	7.05	SJYZ
GXYX	7.4	3.37	GXRX
HNMY	28.2	7.50	XJMY
GXRX	16.2	7.13	BSPF
BSPF	16.2	3.48	GXRX
组 2 Group2			
SHXX	11.3	4.60	YFJA
GDYF	11.2	4.07	GDWJ
GDWJ	11.2	4.33	GDYF
YFJA	11.3	3.87	SHXX
组 3 Group3			
KXYZ	27.1	15.33	WSRK
ZHZC	7.0	3.27	KXYZ
WSRK	27.1	10.73	KXYZ
XWFX	11.9	5.33	KXYZ
长白猪 Landrace			
组 1 Group1			
GXRX	16.6	10.98	BSPF
BSPF	16.6	3.95	GXRX
GXYX	10.6	4.78	GXRX
XJMY	23.5	7.55	HNMY
HNMY	23.5	9.22	XJMY
GGSP	13.9	7.52	HNMY
GLMG	11.1	3.10	GXRX
组 2 Group2			
ZHZC	11.1	4.83	KXYZ
XWFX	14.6	6.17	KXYZ
KXYZ	14.7	13.47	GAYZ
GAYZ	14.7	6.20	KXYZ
组 3 Group3			
WHJL	7.1	4.05	HBMG
HBMG	15.0	11.05	AHCF
AHCF	15.0	8.00	HBMG
杜洛克猪 Duroc			
组 1 Group1			
GDYF	15.3	6.88	GDWJ
GXRX	14.0	8.54	GDYF
HNMY	13.4	5.34	GGSP
GGSP	13.4	4.40	HNMY
GDWJ	15.3	4.24	GDYF
GLMG	12.1	3.40	GXRX
组 2 Group2			
WSQY	7.5	3.43	KXYZ
GAYZ	22.1	8.83	KXYZ
KXYZ	22.1	13.57	GAYZ
XWFX	11.1	4.83	KXYZ
组 3 Group3			
AHCF	16.5	11.85	BBSC
SHXM	7.2	4.30	AHCF
BBSC	16.5	8.95	AHCF

表 3 大白、长白及杜洛克猪联合遗传评估组及全国关联率统计表

Table 3 Average connectedness rating for joint genetic evaluation groups and overall herds in China

项目 Item	场数 No. of herd	关联率/% Connectedness rating		
		最小关联率 Minimum	平均关联率±标准差 Average±SD	最大关联率 Maximum
大白猪 Yorkshire				
组 1 Group1	7	0.20	5.67±7.34	28.20
组 2 Group2	4	0.10	4.22±5.47	11.30
组 3 Group3	4	0.90	8.67±9.89	27.10
全国 China	74	0.00	0.20±2.30	76.60
长白猪 Landrace				
组 1 Group1	7	0.60	6.73±6.32	23.50
组 2 Group2	4	1.70	7.76±6.49	14.70
组 3 Group3	3	1.00	7.70±7.02	15.00
全国 China	73	0.00	0.20±2.24	65.90
杜洛克猪 Duroc				
组 1 Group1	6	0.40	5.47±5.56	15.30
组 2 Group2	4	0.90	7.76±8.07	22.10
组 3 Group3	3	1.40	8.37±7.62	16.50
全国 China	71	0.00	0.20±1.93	36.70

表 4 总产仔数在不同猪种及联合遗传评估组内表型值

Table 4 Phenotypic value for total number born in joint genetic evaluation groups for major pig breeds

项目 Item	组 1 Group1	组 2 Group2	组 3 Group3
杜洛克猪 Duroc			
有效记录数 No. of data	7 174	6 512	2 417
最小二乘均值±标准误 Lsmeans±SE	9.42±0.03 ^b	10.13±0.03 ^a	8.77±0.05 ^c
最小值 Minimum	2	3	2
最大值 Maximum	17	17	16
长白猪 Landrace			
有效记录数 No. of data	28 239	11 918	3 064
最小二乘均值±标准误 Lsmeans±SE	11.38±0.02 ^a	10.75±0.03 ^b	10.60±0.05 ^c
最小值 Minimum	3	3	2
最大值 Maximum	20	18	19
大白猪 Yorkshire			
有效记录数 No. of data	61 161	19 974	18 002
最小二乘均值±标准误 Lsmeans±SE	11.35±0.01 ^a	10.41±0.02 ^c	10.56±0.02 ^b
最小值 Minimum	3	2	3
最大值 Maximum	20	18	18

同一行中不同字母表示差异显著($P<0.05$)

Different letters in the same row means significant difference between different groups($P<0.05$)

表 5 总产仔数在不同猪种及联合遗传评估组内方差组分和遗传参数估计值

Table 5 Estimates of (co) variance components and genetic parameters for total number born by pig breeds and joint genetic evaluation groups

项目 Item	组 1 Group1	组 2 Group2	组 3 Group3
杜洛克猪 Duroc			
σ_a^2 (SE)	0.462(0.131)	0.361(0.096)	0.344(0.178)
σ_{pe}^2 (SE)	0.675(0.135)	0.320(0.095)	0.369(0.175)
σ_e^2 (SE)	5.413(0.110)	4.040(0.086)	4.743(0.166)
σ_p^2	6.550	4.721	5.456
h^2 (SE)	0.07(0.017)	0.08(0.018)	0.06(0.028)
pe^2	0.10	0.07	0.07
re	0.17	0.14	0.13
长白猪 Landrace			
σ_a^2 (SE)	0.803(0.092)	0.513(0.094)	0.590(0.263)
σ_{pe}^2 (SE)	0.596(0.079)	0.366(0.082)	0.954(0.263)
σ_e^2 (SE)	7.039(0.069)	5.327(0.080)	7.263(0.222)
σ_p^2	8.438	6.206	8.807
h^2 (SE)	0.10(0.009)	0.08(0.013)	0.07(0.027)
pe^2	0.07	0.06	0.11
re	0.17	0.17	0.21
大白猪 Yorkshire			
σ_a^2 (SE)	0.910(0.065)	0.468(0.083)	0.613(0.087)
σ_{pe}^2 (SE)	0.575(0.053)	0.623(0.079)	0.326(0.072)
σ_e^2 (SE)	6.731(0.045)	6.138(0.071)	5.454(0.066)
σ_p^2	8.216	7.229	6.393
h^2 (SE)	0.11(0.006)	0.06(0.009)	0.10(0.012)
pe^2	0.07	0.09	0.05
re	0.18	0.15	0.17

σ_a^2 = 加性遗传方差, σ_{pe}^2 = 永久环境效应方差, σ_e^2 = 残差方差, σ_p^2 = 表型方差, h^2 (SE) = 遗传力(标准误), 标准误范围为 0.006 ~ 0.028, pe^2 = 永久环境效应, re = 重复力

σ_a^2 = animal genetic variance, σ_{pe}^2 = permanent environmental variance, σ_e^2 = residual variance, σ_p^2 = phenotypic variance, h^2 (SE) = heritability(SE), standard errors ranged from approximately 0.006 to 0.028, pe^2 = fraction of variance due to permanent environmental effects, re = repeatability

表 6 记录数与遗传力估计值及标准误之间的相关

Table 6 The correlation among records, heritability and standard error

项目 Item	遗传力估计值 Heritability	标准误 Standard errors
有效记录数 Records	0.75	-0.77
P 值 P value	0.02	0.02

记录数与遗传力估计值的标准误成强负相关(-0.77),预示着群体规模越大,遗传参数及各方差组分估计越准确。综观3个品种,杜洛克由于其3个关联组群体规模小,遗传参数及各方差组分估计标准误要比大白、长白大。同样,受群体规模影响,3个品种组1估计的加性遗传方差也高于组2和组3,其中大白猪组1加性遗传方差最高。3个品种中,杜洛克加性遗传方差最小,这可能与每个组数据量小有关。永久环境效应占表型变异的比例在11%以下,不同联合遗传评估组及不同品种之间差异较大。

3 讨论

3.1 联合遗传评估组

联合育种是目前国内外猪育种的共识,无论是丹麦的国家育种体系,还是PIC等国际育种公司的育种策略,都是将多个场联合起来扩大育种规模,可以提高选择强度、扩大遗传变异、提高育种值估计准确性,进而加快遗传进展。本研究结果表明,3个品种中组1联合的场最多,规模也最大,因而其遗传变异(加性遗传方差)最大,遗传参数估计的准确性也最高,这将有助于遗传进展的加快。我国《生猪遗传改良计划》也将联合育种作为生猪遗传改良的核心工作,并且希望通过筛选国家生猪核心育种场,推动联合育种工作。场间遗传联系是联合育种的前提,C. Y. Sun等^[15]分析了全国27家猪场的长白猪数据、36家猪场的大白猪数据及18家杜洛克猪数据,有彼此场间联系的猪场数目很少,按本研究的方法划分关联组,大白猪共得到4个联合遗传评估组,除去组1中有8个种猪场外,其余3个组中每个组仅有2个场,长白猪得到2个组,杜洛克猪得到1个组,且每个组仅有2个猪场。W. Xiao等针对北京地区种猪场间关联率研究表明,目前区域性的种猪联合遗传评估条件也不满足^[16]。

虽然在生猪遗传改良计划的推动下,我国猪育种工作取得了一定进展,场间遗传联系得到了部分加强,但本研究表明,我国目前整体场间关联情况仍然较差,还远达不到全国统一联合评估标准,因此目前全国种猪遗传评估中心仍然将各场作为一个独立的单位进行遗传评估(参见全国种猪遗传评估报告www.cnsge.org.cn),长期下去,将使联合育种成为空中楼阁。而将彼此有遗传联系的场划分为联合遗传评估组,逐步进行适度规模的联合评估不失为一

个切实可行的措施。本研究中的大白猪组1规模已经达到了61161条,其生长性状则达到了106858条,基本上可以保证准确地进行遗传参数和育种值估计,育种效果将大大高于单个场。同时,通过人工受精技术或种猪销售,实现优良种公猪的跨场使用,进一步建立和加强场间遗传联系^[17-18],最终逐步实现全国性的联合育种。

从表2可以看出,3个品种猪联合遗传评估组内各场的平均关联率均大于3%,XJMY与HNMY之间的场间关联率在大白猪和长白猪中表现突出,分别达到了28.2%和23.5%,分别以两场有测定数据的个体为基础,向上追踪4代系谱,进行对比后发现,两场拥有的共同公猪数分别达到了135和46头。SJYZ与GGSP之所以存在较大的关联性是因为SJYZ于2011年底从GGSP引进大白猪100多头,有直接的遗传联系,通过追踪系谱发现,两个场拥有的共同公猪数也达到了79头。本研究发现,联合遗传评估组呈现有区域性的特点,本省或者邻近省份之间的场间关联情况较好,尤为突出的是两广地区(广东和广西),这与实际情况是相符的,两广地区由于地缘、气候等原因自古联系紧密,又同为我国养猪发达省份,再考虑到运输成本及疾病等原因,不难理解本省或者邻近省份场间联系情况较好,表1中即发现大白、长白及杜洛克组1中两广地区的猪场数分别达到了5、6、5家。

3.2 遗传方差

要准确的解释文献中遗传参数估计结果的不同是很困难的,因为遗传参数估计的准确与否取决于群体结构(包括群体大小、分布、生产管理水平和方式等)、记录系统(生产记录的系统性、全面性和准确性)和估计方法3个因素^[4]。J. Estany等^[19]基于丹麦大白和长白猪群体,利用与本研究相同的模型,其群体规模与本研究组1接近(大白29336条;长白19666条),加性遗传方差估计值与本研究组1中结果一致,均高于组2、3中的估计值。M. Tomiyama等^[20]利用日本大白猪群体亦得到类似结果,其大白猪群体规模达到了近一万条,因此,可以推测组1中的加性遗传方差较其他组大的原因可能是由于其群体规模所致,尤其是组1中大白猪估计值达到了0.910,明显高于其他组。

3.3 遗传力

3个联合遗传评估组中不同品种的遗传力估计值均在0.10左右,这与相关文献报道的结果是一致

的^[7,21-23]。繁殖性状一般是低遗传力,有研究基于泰国大白猪群体得到的前 4 个胎次 TNB 遗传力估计值范围为 0.02~0.11^[24],E. Akanno 等对热带猪群体繁殖性状(NBA)进行了遗传参数估计的整合分析(Meta-analysis),该研究分析了 29 篇文献得到的产活仔数(NBA)遗传力估计值为 0.08^[25]。M. Tomiyama 等基于日本猪群体,采用和本研究相同的模型和方法,得到的 TNB 遗传力估计值为 0.09^[20],本研究结果同样与美国全国猪改良联合会(NSIF)所推荐的 0.10 的遗传力估计值是一致的^[26]。

3.4 永久环境效应

动物个体的某些性状可以有多个观察值,例如母猪的产仔数和奶牛的产奶量。对于产仔数记录,在估计永久环境效应时,有些学者认为应当把不同胎次的记录看做是不同的性状^[27-28],而有些学者则认为应该采用重复力模型进行估计^[21-23]。当前,美国的种猪遗传评估和遗传系统(STAGES)、加拿大猪遗传改良中心(CCSI)及澳大利亚的国家种猪提高计划(NPIP)等都把不同胎次的记录看做是一个性状的重复测定值。本研究对总产仔数分析时采用了重复力模型,并对影响其所有胎次的永久环境效应进行了估计。本研究得到的结果与相关文献报道结果基本一致^[7,21-22],但 J. B. Ferraz 等^[29]采用与本研究相同模型却得到 16% 的永久环境效应估计值。

参考文献(References):

[1] WEBB A J. Objectives and strategies in pig improvement: An applied perspective[J]. *J Dairy Sci*, 1998, 81(Suppl 2):36-46.

[2] HESS R D, GÄRTNER B C, GARRETT P E. Meeting report: Part II. Notes from the twentieth annual clinical virology symposium[J]. *J Clin Virol*, 2005, 32(4):342-346.

[3] GRØN PEDERSEN O. Danbred, Danish pig breeding in 100 years-an overview[C]//Danish pig breeding, 100 years Anniversary Seminar. Herning. 1997, 23.

[4] 张勤. 家畜育种值和遗传参数估计方法的发展及现状[J]. 草食家畜, 1990(6):1-4, 46.
ZHANG Q. The development and status of methods of estimated breeding value and genetic parameters [J]. *Grass-Feeding Livestock*, 1990(6):1-4, 46. (in Chinese)

[5] DARFOUR-ODURO K A, NAAZIE A, AHUNU B

K, et al. Genetic parameter estimates of growth traits of indigenous pigs in Northern Ghana[J]. *Livest Sci*, 2009, 125(2):187-191.

- [6] MATHUR P, SULLIVAN B, CHESNAIS J. Measuring connectedness: concept and application to a large industry breeding program. [C]// Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production; 2002; 23.
- [7] 张锁宇, 王爱国, 王胜, 等. 猪主要繁殖性状的遗传参数估计[J]. 中国畜牧杂志, 2013, 49(23):1-5.
ZHANG S Y, WANG A G, WANG S, et al. Estimation of genetic parameters on reproductive traits in pigs[J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2013, 49(23):1-5. (in Chinese)
- [8] 王青来, 王爱国. 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, WANG A G. Genetic analysis in Duroc pigs using multiple-trait Model BLUP and REML [D]. Beijing: China Agricultural University, 2000. (in Chinese)
- [9] 李玉华. 应用动物模型 BLUP 和 REML 对大白猪遗传评定和遗传参数估计[D]. 泰安: 山东农业大学, 2003.
LI Y H. Genetic evaluation and genetic parameter estimation in largewhite pigs using Animal Model BLUP and REML[D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2003. (in Chinese)
- [10] MISZTAL I. Restricted maximum likelihood estimation of variance components in animal model using sparse matrix inversion and a supercomputer[J]. *J Dairy Sci*, 1990, 73(1):163-172.
- [11] 张沉. 动物育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2001.
ZHANG Y. Animal breeding[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2001. (in Chinese)
- [12] KLEI B, TSURUTA S. Approximate variance for heritability estimates. http://nce.ads.uga.edu/html/projects/AI_SE.pdf.
- [13] MADSEN P, SORENSEN P, SU G, et al. DMU-a package for analyzing multivariate mixed models. [C]// World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2006.
- [14] 国家生猪核心育种场遗传评估报告[R]. 北京: 全国畜牧总站, 2014. <http://www.cnsge.org.cn/wzgg/detail.jsp?ArticleID=2006022555>.
The National Swine Genetic Evaluation Report[R].

- Beijing: The national animal husbandry station, 2014. (in Chinese) <http://www.cnsge.org.cn/wzgg/detail.jsp?ArticleID=2006022555>.
- [15] 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.
- [16] 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.
- [17] 王爱国. 建立场间遗传联系实现猪的联合育种[J]. 养殖与饲料, 2003(10): 10-13.
WANG A G. Establish the connectedness between herds to achieve swine joint breeding [J]. *Animals Breeding and Feed*, 2003(10): 10-13. (in Chinese)
- [18] 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. *Chinese Journal of Animal Science*, 2004, 40(3): 5-7. (in Chinese)
- [19] ESTANY J, SORENSEN D. Estimation of genetic parameters for litter size in Danish Landrace and Yorkshire pigs[J]. *Anim Sci*, 1995, 60(2): 315-324.
- [20] TOMIYAMA M, KUBO S, TAKAGI T, et al. Evaluation of genetic trends and determination of the optimal number of cumulative records of parity required in reproductive traits in a Large White pig population [J]. *Anim Sci J*, 2011, 82(5): 621-626.
- [21] CHEN P, BASS T J, MABRY J W, et al. Genetic parameters and trends for litter traits in U. S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs [J]. *J Anim Sci*, 2003, 81(1): 46-53.
- [22] CRUMP R E, THOMPSON R, HALEY C S, et al. Individual animal model estimates of genetic correlations between performance test and reproduction traits of landrace pigs performance tested in a commercial nucleus herd[J]. *Anim Sci*, 1997, 65(2): 291-298.
- [23] SEE M T, MABRY J W, BERTRAND J K. Restricted maximum likelihood estimation of variance components from field data for number of pigs born alive [J]. *J Anim Sci*, 1993, 71(11): 2905-2909.
- [24] IMBOONTA N, RYDHMER L, TUMWASORN S. Genetic parameters and trends for production and reproduction traits in Thai Landrace sows [J]. *Livest Sci*, 2007, 111(1): 70-79.
- [25] AKANNO E, SCHENKEL F S, QUINTON M, et al. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics[J]. *Livest Sci*, 2013, 152(2-3): 101-113.
- [26] HUBBARD D. Guidelines for uniform swine improvement programs[R]. USA: Dept. of Agriculture, 1981.
- [27] ROEHE R, KENNEDY B W. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait [J]. *J Anim Sci*, 1995, 73(10): 2959-2970.
- [28] SERENIUS T, SEVÓN-AIMONEN M L, MÄNTYSAARI E A. Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations [J]. *Livest Prod Sci*, 2003, 81(2): 213-222.
- [29] FERRAZ J B, JOHNSON R K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of large white and landrace swine[J]. *J Anim Sci*, 1993, 71(4): 850-858.

(编辑 郭云雁)