

我国杜洛克、长白和大白猪场间遗传联系分析

张金鑫^{1,2#}, 张锁宇^{1,2#}, 邱小田^{2#}, 高虹^{1,2}, 王长存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: 旨在分析我国杜洛克、长白、大白猪 3 个主流猪品种的场间遗传联系情况, 为全国或区域性猪联合遗传评估和联合育种奠定基础。本研究采用关联率(Connectedness rating, CR)方法, 利用国家种猪数据库杜洛克、长白和大白猪达 100 kg 体重日龄性状的 514 226、924 717 和 2 031 688 条数据, 计算 95 家国家生猪核心育种场 3 个品种 2011-2016 年场间的关联率。通过聚类分析, 将每个品种划分为若干区域性联合遗传评估组。结果表明, 我国杜洛克、长白和大白猪场间关联率逐年上升, 平均关联率从 2011 年的 0.04%、0.06% 和 0.06%, 分别提高至 2016 年的 0.32%、0.43% 和 0.44%; 我国整体场间遗传联系偏低, 大部分场间无遗传联系。但分别存在 3、2、4 个局部遗传评估联合体, 可以进行联合遗传评估。其中, 杜洛克猪 3 个局部联合体的平均关联率分别为 1.89%、1.05%、1.58%, 分别包括 16、7、8 个场; 长白猪 2 个局部联合体的平均关联率分别为 3.53%、1.56%, 包括 14 和 9 个场; 大白猪的局部联合体平均关联率为 2.79%、1.01%、1.37%、1.23%, 包括 15、6、5、4 个场; 3 个品种局部联合体的场数占核心场数的比例分别为 35.1%、24.5% 和 31.6%。目前进行大规模的跨场联合评估还不可行, 然而可以进行局部跨场联合评估。场间遗传交流、区域性公猪站建设、中心测定站和规范引种猪系谱登记等措施有助于增强场间联系。

关键词: 猪; 关联率; 遗传关联; 遗传评估

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2017)09-1591-11

The Genetic Connectedness of Duroc, Landrace and Yorkshire Pigs in China

ZHANG Jin-xin^{1,2#}, ZHANG Suo-yu^{1,2#}, QIU Xiao-tian^{2#}, GAO Hong^{1,2}, WANG Chang-cun²,
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: This study aimed to investigate the genetic connectedness of 3 dominant pig breeds (Duroc, Landrace and Yorkshire pigs) in China, and to explore the plausibility of joint genetic evaluation in China pig breeding. The connectedness ratings (CR) from 2011 to 2016 were calculated to assess the genetic connectedness among 95 national nucleus pig breeding farms. In total, 514 226, 924 717 and 2 031 688 records of days to 100 kg for Duroc, Landrace and Yorkshire pigs from National Pig Database were analyzed and several joint genetic evaluation groups were established through clustering analysis. The results indicated that the average connectedness ratings among Duroc, Landrace and Yorkshire in China increased steadily from 0.04%, 0.06%, 0.06%

收稿日期: 2017-03-20

基金项目: 国家生猪产业技术体系(CARS-36)

作者简介: 张金鑫(1991-), 女, 山西人, 硕士生, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: 1599436449@qq.com; 张锁宇(1988-), 男, 黑龙江人, 博士生, 主要从事统计基因组学与生物信息学研究, E-mail: suyuzhang@foxmail.com; 邱小田(1976-), 男, 湖北人, 博士, 主要从事动物遗传育种方面的研究, Tel: 010-59194622, E-mail: 1967699090@qq.com。三者为共同第一作者

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

in 2011 to 0.32%, 0.43% and 0.44% in 2016, respectively. In general, the connectedness rating in China was low, and even no connections among some breeding farms. However, 3, 2 and 4 groups, in which relative high genetic connectedness was observed among breeding farms, were clustered in Duroc, Landrace and Yorkshire, respectively. The joint genetic evaluation could be carried out in these groups. For Duroc pigs, the 3 joint genetic evaluation groups including 16, 7 and 8 breeding farms, correspondingly, the average connectedness ratings of 3 groups were 1.89%, 1.05%, 1.58%, respectively. Likewise, the 2 groups of Landrace pigs included 14, 9 herds and the corresponding average connectedness rating were 3.53% and 1.56%. The 4 groups of Yorkshire pigs included 15, 6, 5, 4 herds and the corresponding average connectedness rating were 2.79%, 1.01%, 1.37% and 1.23%, respectively. The joint genetic evaluation groups of 3 breeds accounted for 35.1%, 24.5% and 31.6% of total nucleus farms in Duroc, Landrace and Yorkshire pigs, respectively. Nevertheless national-wide joint genetic evaluation for pig breeding in China is not practical, the regional joint genetic evaluation groups cross farms is feasible. Meanwhile, genetic connectedness among breeding farms need be further strengthened through enhancing genetic exchange, constructing regional AI stations, utilizing central performance test stations and standardizing pig registration etc.

Key words: pig; connectedness rating; genetic connectedness; genetic evaluation

选择强度、育种值估计准确性、遗传变异和世代间隔是影响猪育种进展的4个主要因素。前3个因素与育种群规模直接相关,而世代间隔与育种群规模也紧密相关^[1]。目前我国种猪场数量虽多,但单场育种群规模小,育种效果受到限制。国际上的成功经验是构建不同组织方式的联合育种体系,通过扩大育种群体加快遗传进展。丹麦以狭小的国土面积成为全球最大的猪肉出口国之一,得益于其经过100多年来的不懈努力,形成了有效的种猪繁育结构和体系。通过现场测定和中心测定站相结合的方式,利用中心公猪站,采用人工授精技术将优秀种猪遗传物质快速传递并由此建立起各猪场间的遗传联系,形成了高效的国家育种体系。加拿大由之前的种猪进口国转变为当今的种猪出口国,归因于其在育种中的3大重要举措,人工授精、跨场估计育种值和中心性能测定。加拿大利用中心测定站测定优秀种猪,挑选优质精液用于人工授精,使场间可通过种猪精液进行遗传交流,跨场估计育种值,增强各场之间的遗传联系^[2-3]。我国研究者们也早已意识到以全国性和区域性联合育种为主实行种猪的跨场联合遗传评估^[4]是我国猪育种方向。我国自1993年以来,先后成立了全国大白猪育种协作组、全国长白猪育种协作组和全国杜洛克猪育种协作组等育种组织;2000年,颁发了《全国种猪遗传评估方案》,对我国种猪遗传评估测定的性状、测定数量及统一遗传评估方法等作了规范;2004年建立了全国种猪遗传

评估中心,初步搭建了全国联合育种框架;2010年我国《生猪遗传改良计划》开始实施,先后遴选了95家国家生猪核心育种场,旨在加强场间遗传交流,实现联合育种。跨场的联合遗传评估是联合育种体系的核心,而跨场进行遗传评估的重要基础和基本前提是各场之间要有一定程度的关联,只有这样才能校正场间环境差异,对其种猪进行遗传评估。场间关联越大,跨场育种值的估计就越准确。

关联是一种统计学的概念,并不单纯指遗传上的关联,个体间处于同一环境下(例如中心测定站)也会造成关联。虽然仅仅依靠遗传关联评价场间联系有时会得到不可靠的结果^[4-5]。但是对我国猪育种而言,由于我国目前每年中心测定站测定的数量还很有限,由遗传引起的场间遗传联系更重要。育种工作者对场间遗传联系评价方法做了诸多研究,D. Gianola等^[6-7]引入了关联指数(Connectedness index, IC)的概念;D. Laloë^[8]提出了决定系数法(Coefficient of determination, CD);L. A. Fries^[9]提出了共同父亲和母亲形成的直接遗传联系链数方法(Number of direct genetic links between subpopulations due to common sires and dams, GLt),该方法计算不同畜群的共同祖先数目,以此作为衡量畜群间遗传联系的指标。利用动物模型进行遗传评估时,个体之间通过A矩阵(亲缘关系矩阵)建立联系;B. W. Kennedy和P. K. Mathur等^[4, 10]通过模拟研究指出最适合的场间遗传联系评价指标是来自

不同场或者同期组个体育种值差异的平均预测误差方差(Prediction error variance, PEV),他们发现,场效应差异的预测误差方差与育种值差异的平均预测误差方差之间呈强相关(0.995),因此可以用场效应差异的 PEV 来度量关联程度的高低。但是这种方法易受场规模和结构的影响,而且当畜群规模很大时计算该指标所需时间较长,并不适用于日常的遗传评估;P. K. Mathur 等^[10-11]进一步提出了关联率(Connectedness rating, CR)方法,用场效应之间的相关来衡量场间的联系情况,操作简单,该方法已经应用于加拿大猪遗传改良体系中。P. K. Mathur 等^[10]等根据加拿大育种数据研究得出,要进行场间的统一遗传评估,平均关联率大于 3% 较为理想。我国《生猪遗传改良计划》实施以来,通过遴选优秀的种猪场成为国家生猪核心育种场的方式,积极开展场间遗传交流工作。核心场由最初 2010 年第一批的 16 家发展到 2016 年的 95 家。全国种猪遗传评估中心每季度会发布核心育种场的场间关联情况

报告,详见 <http://www.cnsge.org.cn/>。

本研究旨在利用 CR 方法分析我国 95 家生猪核心育种场的场间遗传联系情况,为全国联合遗传评估提供参考。

1 材料与方法

1.1 数据

研究数据来自全国 95 家国家生猪核心育种场 2011-2016 年间上传至“全国种猪遗传评估信息网”的种猪登记和生产性能测定数据。表 1 列出了截至 2016 年,国家种猪数据库中杜洛克、长白和大白猪 3 个品种的种猪登记、生产性能测定和繁殖记录数。本研究分析性状为达 100 kg 体重日龄(Days to 100 kg),其为校正值。采用全国生猪遗传改良计划所推荐的校正公式^[1]。数据中相关系数的计算及相关性显著检验均采用 R 语言中 Pearson 积差相关系数方法进行。热图利用 R 语言中 heatmap.2 函数绘制。

表 1 截止 2016 年国家种猪数据库种猪登记、生长性能测定和繁殖记录数

Table 1 Number of records in the national pig database by 2016

项目 Item	杜洛克猪 Duroc	长白猪 Landrace	大白猪 Yorkshire	合计 Total
种猪登记记录数 Registered records	922 826	1 925 166	4 537 540	7 385 532
生长性能测定记录数 Growth performance records	514 226	924 717	2 031 688	3 470 631
繁殖记录数 Reproduction records	233 721	470 516	1 075 590	1 779 827

1.2 模型

场间关联率评估模型: $y = Xb + Za + e$ 。其中, y 为观察值向量,为达 100 kg 体重日龄校正值; b 为固定效应向量,本研究只考虑场效应; a 为随机效应向量, $a \sim N(0, A)$, A 为个体间亲缘关系矩阵,是加性遗传方差; e 为残差效应向量, $e \sim N(0, I)$, I 是单位矩阵,是残差方差。各随机效应间均不相关, X 、 Z 分别为 b 和 a 的结构矩阵。

1.3 场间关联率计算

P. K. Mathur 等^[10]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 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。该方法在数据量很大时,运算速度会受到很大影响,因此 P. K. Marthur 等^[11]提出了以下优化的方法: $W'W(W'W)^{-1} = I$, 因此, $W'W(W'W)^{-1}_i = I_i$ 。其中, $W'W$ 为混合模型方程组的系数矩阵; I 为单位矩阵; σ_p^2 为单位矩阵中第 i 个场对应的向量; $(W'W)^{-1}_i$ 为系数矩阵逆矩阵第 i 个场相对应的逆元素向量。

P. K. Mathur 等^[12]将一个场的平均关联率(Average connectedness rating, ACR)定义为它与体系内其他所有场关联率的平均值,这个体系可以是几个场,也可以是几十个场。本研究参照 P. K. Mathur 等^[11]方法,用达 100 kg 体重日龄数据分别计算全国杜洛克、长白和大白猪核心育种场场间关联率以及各场的平均关联率。

通常情况下,两场间的遗传关联是由遗传交流

引起的。本研究根据系谱统计两场间共同公猪的数目,进一步验证场间遗传联系。

2 结果

2.1 2016年3大品种国家核心场平均关联率

本研究共分析了95家核心育种场的大白猪数据,94家核心育种场的长白猪数据及88家核心育种场的杜洛克猪数据。如表2所示,截止2016年,杜洛克、长白和大白猪3个品种平均关联率分别为0.32%、0.43%和0.44%,整体关联水平不高,但各场间关联率变异很大,表明存在局部场间遗传联系。以杜洛克为例,很多场彼此间关联率为0,但有些有

很强的遗传联系。如SDDT和SHXX(SDDT和SHXX是在全国种猪遗传评估信息网登记的每个育种场的4位场代码,具体场名可通过网站查询,下同)之间的关联率最高(37.5%)。SDDT和SHXX两场之间有107头共同公猪(共同公猪是指在系谱中两个场都含有的公猪),其中SDDT场的107头共同公猪产生的后代数占整个后代数的比例为8.46%,在SHXX场占35.7%。大白和长白猪也具有相似特点。两场之间的共同公猪数往往能够很好的反映场间关联情况。如表2所示,3个品种场间关联率和共同公猪数都存在极强的相关(均在0.62以上)。

表2 2016年我国杜洛克、长白和大白猪场平均关联率及共同公猪数

Table 2 The average connectedness rating and number of common sires among Duroc, Landrace and Yorkshire pig farms by 2016

品种 Breed	关联率/% Connectedness rating		平均共同公猪数/头 Number of average common boar	平均关联率、共同公猪数相关 Correlation of commom boar and average connectedness	相关显著性 P 值 P value
	平均关联率 Average	最大关联率 Maximum			
	杜洛克猪 Duroc	0.32±0.062			
长白猪 Landrace	0.43±0.067	64.9	17±21.35	0.675	≤2.2e-16
大白猪 Yorkshire	0.44±0.064	73.1	19±26.16	0.692	≤2.2e-16

本研究同时分析各个场之间的实际物理距离(km)与场间关联率的相关,结果表明,各个场之间的距离对场间关联率没有直接影响。如图1所示,3个品种都显示场间关联率并没有随着场间距离的缩

短而提高。如表3所示,3个品种场间关联率与场间距离相关性检验结果均不显著。这些都可以说明我国猪场间遗传交流程度与地域无关,很多场为引进优秀种猪会多方考察,距离不是主要因素。

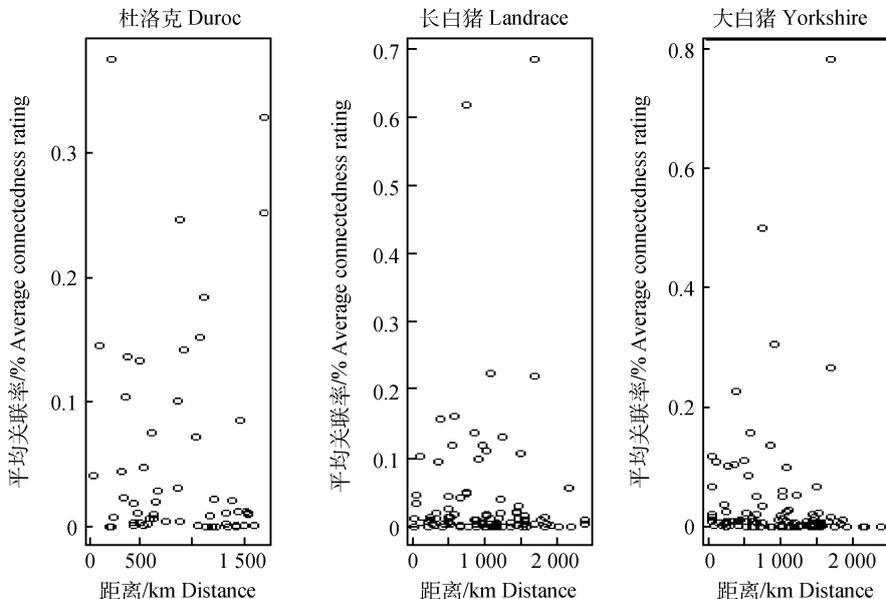


图1 猪场实际物理距离与平均关联率散点图

Fig. 1 The scatter plots of physical distance and the average connectedness rating between breeding farms

表 3 猪场实际物理距离与平均关联率的相关系数及其显著性检验

Table 3 Correlation between the physical distance and the average connectedness rating

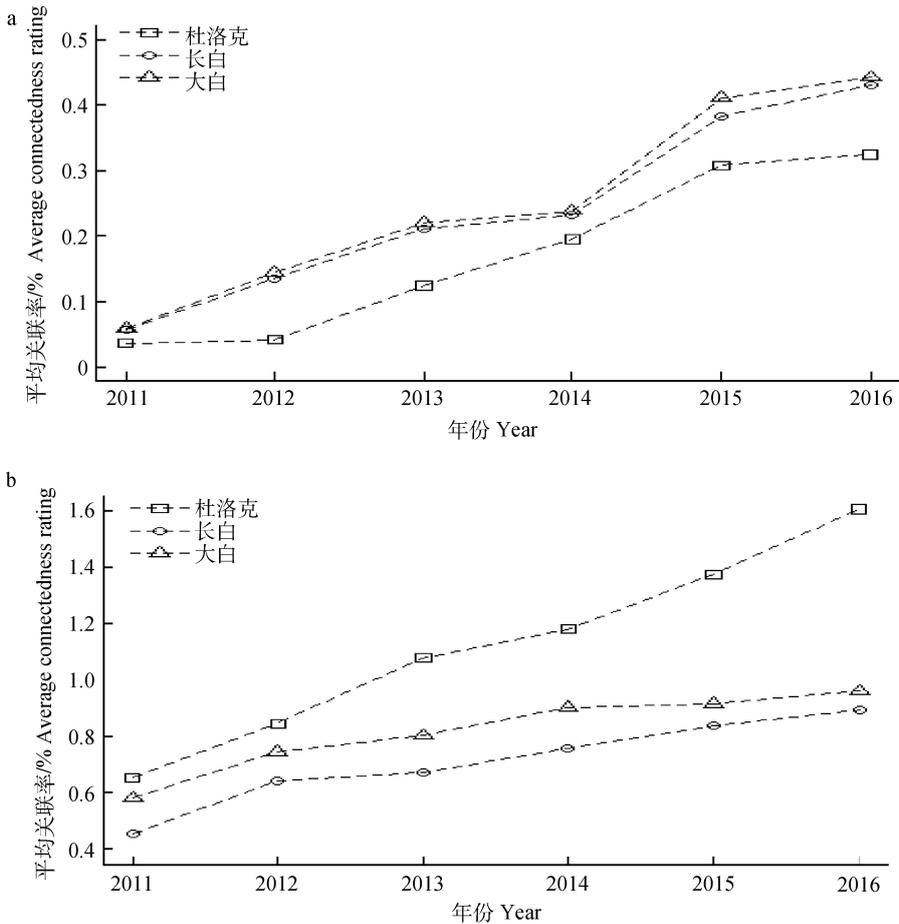
项目 Item	长白猪 Landrace	大白猪 Yorkshire	杜洛克 Duroc
实际物理距离(km)和平均关联率相关系数 Correlation coefficient between the physical distance and the average connectedness rating	0.023 930 46	0.010 279 23	-0.000 692 09
相关显著性 <i>P</i> 值 <i>P</i> value	0.822 8	0.917 1	0.996 0

2.2 杜洛克、长白和大白猪场间关联率变化趋势

图 2a 展示了我国杜洛克、长白和大白猪 95 家核心育种场从 2011 年到 2016 年平均场间关联率的变化趋势,可以看出 3 个品种的关联率都呈逐年上升趋势,且逐渐加快。杜洛克、长白和大白猪在 2011 年,即全国生猪遗传改良计划启动后的第一年,全国平均场间关联率分别为 0.04%、0.06% 和

0.06%,几乎没什么遗传关联。到 2016 年已分别提高至 0.32%、0.43% 和 0.44%。同时从图 2a 也可看出,相比长白和大白猪,杜洛克猪的平均场间关联率略低,而长白和大白猪比较接近。

本研究同时分析了 2011-2016 年间一直具有数据记录的 13 家杜洛克猪场、21 家长白猪场和 18 家大白猪场(有的场会同时饲养 2 个或 3 个品种)场间



a. 我国全国范围内杜洛克、长白和大白猪场间平均关联率变化趋势(2011-2016); b. 部分猪场主要猪品种的平均关联率趋势图
a. Trends in average connectedness rating for Duroc, Landrace and Yorkshire pig farms in China(2011-2016); b. Trends in average connectedness rating for major swine breeds in specified farms

图 2 杜洛克、长白和大白猪场间关联率变化趋势(2011-2016)

Fig. 2 Trends in connectedness rating for Duroc, Landrace and Yorkshire pig farms (2011-2016)

平均关联率。结果同样表明,3大品种的关联率趋势都是上升的(图 2b),并且要高于全国的平均关联率。

图 2b 中杜洛克、长白和大白猪在 2011 年的平均关联率分别为 0.65%、0.58% 和 0.46%,已高于全国 2016 年平均关联率(图 2a)。这些场在 2016 年 3 大品种平均关联率相应提高至 1.60%、0.90% 和 0.96%,远高于全国 2016 年平均关联率。这与这些场育种水平高且其他场遗传交流频繁有关,因此也较早遴选为国家核心育种场。

短短几年我国杜洛克、长白和大白猪 3 个品种间场间关联率的提升主要由于全国生猪遗传改良计划的推动。各核心场间通过遗传交流(活体引种或精液)使彼此拥有共同血缘的个体增加,提高了各场间的遗传联系,但我国 3 大品种整体遗传联系仍然偏低。

2.3 区域性遗传评估联合体

虽然我国 3 大品种猪场间平均关联率不高,但

本研究根据同一品种两场间的关联率,绘制了热图并进行聚类分析。通过热图发现,我国杜洛克、长白和大白猪核心场间存在局部或区域性关联。图 3a-3c 反映了杜洛克、大白和长白猪场间关联率聚类情况。以大白猪为例(图 3a),虽然整体上关联率不高,很多场间关联率接近于 0。但从聚类分析中可以看出,有 4 个颜色较深的局部联合体,分别由 15、6、5 和 4 个场组成,且场间彼此关联率较高,4 个联合体平均关联率分别为 2.79%、1.01%、1.37% 和 1.23%(表 4)。尤其是第 1 个局部联合体场多且平均关联率高,达到了可以进行联合遗传评估的程度。同样,长白(图 3b)和杜洛克(图 3c)也存在 2 个和 3 个局部联合体,分别由 14、9 和 16、8、7 个场组成。长白和杜洛克猪最大的局部联合体平均关联率为 3.53% 和 1.89%,也可进行联合遗传评估和联合育种。杜洛克、长白和大白猪 3 个品种局部联合体的场数占核心场数的比例分别为 35.1%、24.5% 和 31.6%,表明我国区域性遗传评估可以施行。

表 4 杜洛克、长白和大白猪场区域性遗传评估联合体统计

Table 4 Regional joint genetic evaluation groups in Duroc, Landrace and Yorkshire pig farms

品种 Breed	场数 Number	场名 Farm	平均关联率 Average connectedness rating
杜洛克 Duroc	16	XJMY、QYLF、SDRC、HNMY、XMGS、GDWJ、HNWH、XNTY、GGSP、GXRX、GXYX、GDYF、BSPF、GLMG、JYZC、JPBF	0.018 9±0.048 0
	8	JDHF、SDDT、CQNF、QYCC、WFJH、WHJL、TXZY、DFFH	0.015 8±0.025 9
长白猪 Landrace	7	HBMG、ZHZC、JXNM、TQLS、GAYZ、WSQY、XWFX	0.010 5±0.009 96
	14	GDYF、BSPF、GLMG、JPBF、JYZC、GXRX、GXYX、SJYZ、XNTY、XJMY、GGSP、HNMY、SDRC、HNWH	0.035 3±0.062 2
	9	XMGS、GDWJ、BJXD、GXGN、ZHZC、DXGD、JHYZ、GDRC、QYLF	0.015 6±0.020 4
大白猪 Yorkshire	15	BSPF、GDYF、GLMG、JPBF、JYZC、ATYZ、GGSP、HNWH、JHYZ、XNTY、SDRC、HNMY、XJMY、GXRX、GXYX	0.027 9±0.063 0
	6	YFJA、JDHF、QYCC、SDDT、CQNF、JSKL	0.010 1±0.018 4
	5	XMGS、ZHZC、GDWJ、GXGN、DXGD	0.013 7±0.010 6
	4	TQLS、WSRK、GAYZ、JXNM	0.012 3±0.011 2

3 讨论

本研究计算了能够代表我国猪育种水平的 95 家国家生猪育种核心场的场间关联率,以分析我国种猪场间的遗传联系,为我国开展联合遗传评估和

联合育种奠定基础。结果表明,我国当前杜洛克、长白、大白猪场间遗传联系偏低,这与之前国内的相关研究结果一致^[13-14]。C. Y. Sun 等^[14]分析了我国 36、27 及 18 个大白、长白及杜洛克猪场间的关联率,发现有彼此场间联系的猪场数目很少,无法进行

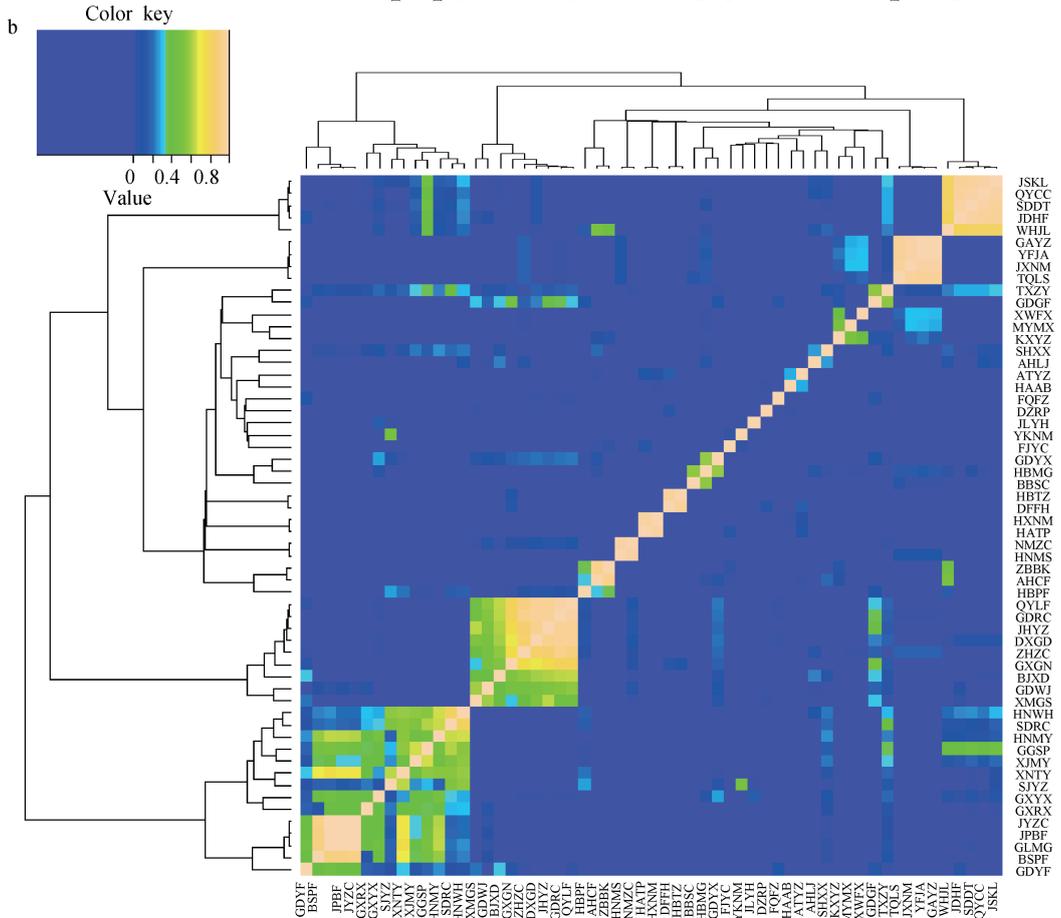
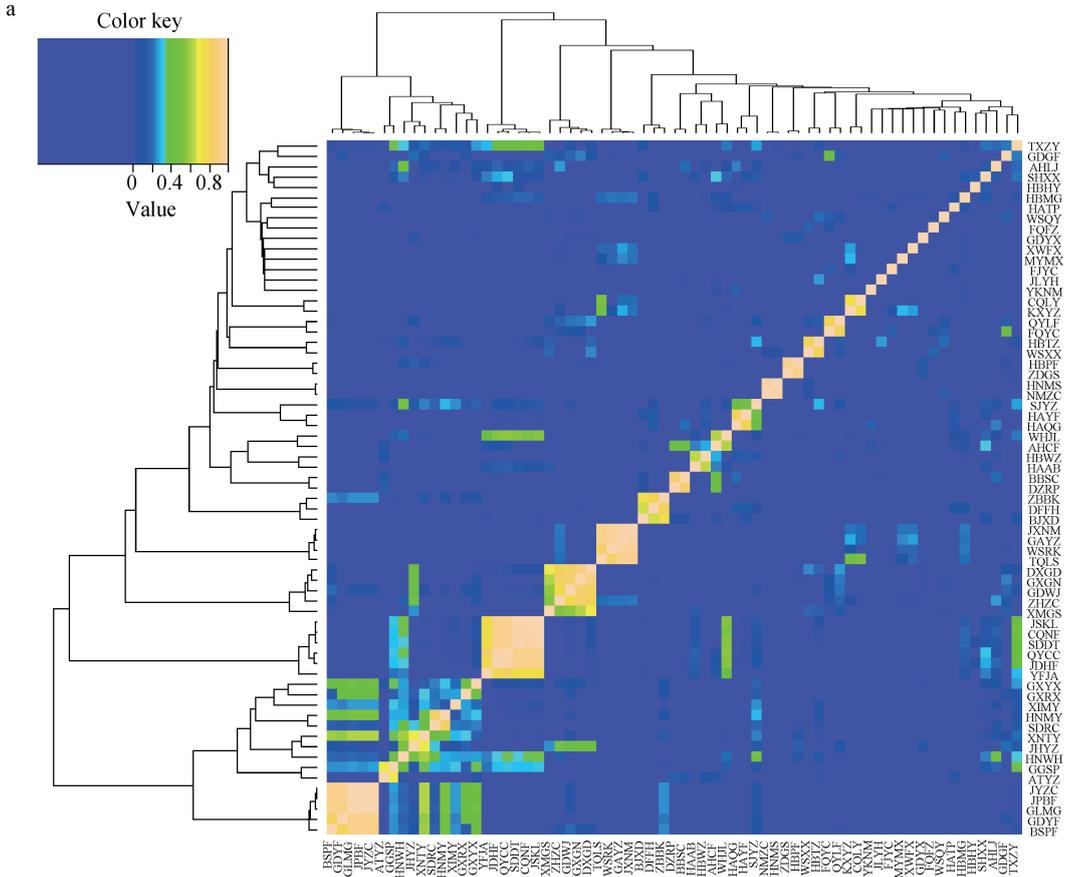
联合遗传评估。W. Xiao 等^[13]分析了北京地区猪场间遗传联系,结果表明,北京地区也仅实现了部分猪场的跨场联合评估。提高场间遗传联系的主要途径是场间遗传交流,通过引种和精液交换扩大各场间具有共同祖先的后代,建立遗传上的联系和相同的遗传背景。我国猪场间遗传联系低的根本原因是场间遗传交流不够,这主要有以下原因:(1)猪场间往往由于疫病防控、商业等原因遗传交流积极性不高;(2)我国种猪来源渠道多元,遗传背景差异大。前些年许多场纷纷从国外引种,来源不一,当前国内主要有美国(美系)、加拿大(加系)、丹麦(丹系)、法国(法系)和英国(英系)等品系。虽然同为一个品种,但经过各自来源国或公司的长期选育,各品系间遗传背景差异较大。王玉梁^[15]利用 IlluminaPorcine80K SNP 芯片通过主成份分析美系和英系猪,发现两者遗传背景差异很大。国内猪场为保持各品系特点,往往更愿意从同一来源品系引种,导致我国同一品种很难有全国范围的场间遗传联系,更多是来自具有同一引种来源国如美系、加系的局部遗传联系(图 3a-3c)。杜洛克主要以美国引种为主,其具有彼此遗传联系的场多于大白和长白猪;(3)种猪登记不规范。完整的系谱登记是评价场间遗传联系的根本,场间遗传联系实际上是两场系谱间的联系,能或多或少追踪到共同祖先。《全国种猪遗传评估方案(牧站(种)[2000]60号)》详细规定了种猪登记操作规程,本研究发现,从国外同一公司引种的种猪场间没有遗传联系,主要由于当前国外种猪记录系统与国内记录系统不匹配,导致存在将引种的个体号修改或登记不规范现象。使同一个体有多个个体号或父母号发生改变,因而无法从系谱上找到原本应该具有联系的场间联系。

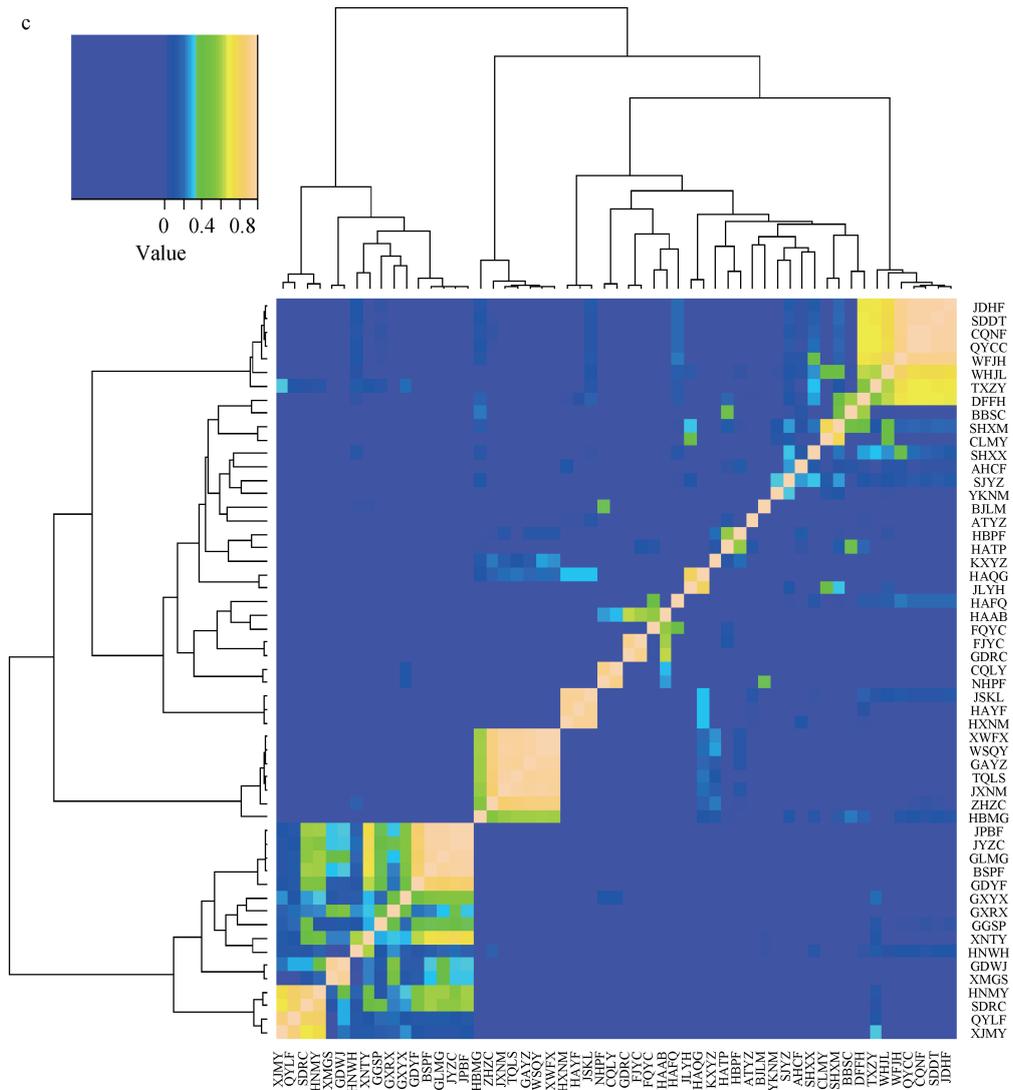
相比其他国家或公司育种群体遗传背景单一,我国种猪来源多样。SNP 芯片分析结果表明,虽然美系与其他国家如丹系猪之间通过系谱无法计算个体亲缘关系。但根据分子标记建立的个体亲缘关系可以反映出不同来源的群体存在遗传联系(张金鑫等,未发表)。近些年,综合利用系谱信息和基因组信息的基因组选择技术,已经在动物育种中显现了巨大的应用前景。这一分子育种技术可以利用不同遗传背景的个体进行联合遗传评估,评估结果准确性更高^[16]。这对我国猪育种具有更大的意义,不仅可以实现全国性联合育种,而且可以消除品系门户壁垒,充分利用不同品系的特点,培育出适合国情的

华系猪。

区域或者国家范围的联合育种是当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、Hypor 及 Topigs 等国际大型育种公司的育种策略,都是将多个场联合起来扩大育种群规模,这样可以提高选择强度、扩大遗传变异、提高育种值估计准确性,进而加快性状遗传进展。因此我国《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,希望通过筛选国家生猪核心育种场,来推动联合育种工作。一定程度的场间遗传联系是进行联合育种的前提条件。根据本研究,我国 3 大品种杜洛克、长白、大白猪场间遗传联系偏低,无法开展全国性联合育种。但是在过去的十几年里,尤其在生猪遗传改良计划的推动下,在专家和企业育种者的共同努力下,我国猪育种工作取得了一些阶段性的进展。场间遗传联系逐年提高,形成了局部遗传联合体,各场间有较高的关联率,达到了联合评估的要求,这与之前张锁宇等^[17]的研究结果相一致。因此,可将这些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。进而通过人工授精技术或种猪销售,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^[18-20],最终逐步实现全国性的联合育种。

依照品种来看,大白和长白猪关联情况要好于杜洛克猪。加拿大猪遗传改良中心(CCSI)分析了该国大白、长白及杜洛克猪 3 个品种从 1997 至 2001 年的场间关联情况。大白与长白猪的平均关联率从 2% 增长至 3%,而杜洛克猪则从 3.2% 增至近 4.2%^[10]。遗传联系的提高是一个缓慢增长的过程,为了提高场间关联率可从以下几方面加强工作:(1)开展局部的跨场联合遗传评估,通过以点带面,最终实现全国联合育种;(2)加强区域性高质量种公猪站建设,通过优秀种公猪的跨群使用提高场间遗传联系^[21],区域性公猪站不仅可以从全国范围内遴选优秀种公猪,而且相比活体引种,精液可以减少疾病传播;(3)继续加强场间遗传交流,尽量使用或购买关联情况较好场的公猪,研究表明,这种公猪在一个场的后代数达到 15% 就足以达到 3% 的场间关联率^[22];(4)发挥中心测定站作用。测定站可以通过共同环境建立场间联系,虽然我国目前测定站每年的测定量有限,且对繁殖性状还无法测定,但是当场间遗传交流较少的时候,中心测定站是一种提高场





a. 大白猪场间关联率聚类热图; b. 长白猪场间关联率聚类热图; c. 杜洛克猪场间关联率聚类热图

a. Clustering heatmap of connectedness rating in Yorkshire pig breeding farms; b. Clustering heatmap of connectedness rating in Landrace pig breeding farms; c. Clustering heatmap of connectedness rating in Duroc pig breeding farms

图 3 大白、长白和杜洛克猪场间关联率聚类热图

Fig. 3 Clustering heatmap of connectedness rating in Yorkshire, Landrace and Duroc pig breeding farms, respectively

间关联的有效手段^[11]。充分利用中心测定站上传至全国种猪遗传评估中心的数据,发挥测定站对场间关联的作用;(5)完善国外种猪记录系统,使其适应国内种猪记录的要求,发挥国外引种促进场间遗传交流的作用。

4 结 论

本研究采用关联率方法分析了我国 95 家核心育种场杜洛克、长白和大白猪的场间关联情况,结果表明,目前我国场间关联情况总体偏低,大规模的跨场联合遗传评估还不可行,但可进行局部跨场联合

遗传评估。区域性公猪站和中心测定站建设、规范引种猪系谱登记等措施有助于增强场间联系。

参考文献 (References):

[1] 刘 晓. 农业部组织制定了《全国生猪遗传改良计划(2009-2020)》[J]. 农业技术与装备, 2009(19): 10-13. LIU X. The ministry of agriculture has formulated the “national pig genetic improvement program (2009-2020)” [J]. *Agricultural Technology & Equipment*, 2009(19): 10-13. (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] 李 冉. 国外畜禽良种繁育发展及经验借鉴[J]. 世界农业, 2014(3): 30-33, 37.
LI R. Development and experience of livestock breeding in foreign countries[J]. *World Agriculture*, 2014 (3): 30-33, 37. (in Chinese)
- [4] 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.
- [5] BANOS G, CADY R A. Genetic relationship between the United States and Canadian Holstein bull populations [J]. *J Dairy Sci*, 1988, 71 (5): 1346-1354.
- [6] GIANOLA D, HAMMOND K. Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock [M]. Berlin Heidelberg: Springer, 1990: 302-337.
- [7] FOULLEY J L, HANOCQ E, BOICHARD D. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation [J]. *Genet Sel Evol*, 1992, 24(4): 315-330.
- [8] LALOË D. Precision and information in linear models of genetic evaluation[J]. *Genet Sel Evol*, 1993, 25 (6): 557-576.
- [9] FRIES L A. Connectability in beef cattle genetic evaluation; the heuristic approach used in MILC. FOR [C]//Proceeding 6th World Congress Genetic Applied Livestock Production. Armidale, Australia: [s. n.], 1998.
- [10] MATHUR P K, SULLIVAN B P, CHESNAIS J P. Measuring connectedness: concept and application to a large industry breeding program[C]//Proceedings of the 7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France: [s. n.], 2002.
- [11] MATHUR P K, SULLIVAN B, CHESNAIS J. A new method for assessing connectedness between herds[C]//Proceedings of the National Swine Improvement Federation Conference and Annual Meeting, 1998.
- [12] MATHUR P K, SULLIVAN B P, 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.
- [13] 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.
- [14] 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.
- [15] 王玉梁. 大白猪生长性状全基因组关联分析[D]. 北京: 中国农业大学, 2016.
WANG Y L. A genome wide association study for growth traits in pigs[D]. Beijing: China Agricultural University, 2016. (in Chinese)
- [16] LI X, LUND M S, ZHANG Q, et al. Short communication: Improving accuracy of predicting breeding values in Brazilian Holstein population by adding data from Nordic and French Holstein populations[J]. *J Dairy Sci*, 2016, 99(6): 4574-4579.
- [17] 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, QIU 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)
- [18] 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)
- [19] 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)
- [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, 84.
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, 84. (in Chinese)
- [21] 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)

[22] MADSEN P S G L R. DMU-a package for analyzing multivariate mixed models [C]//Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Brasil: [s. n.], 2006.

(编辑 郭云雁)

中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会第七次全国会员代表大会 暨 2017 年中国畜牧兽医科技期刊发展论坛隆重召开

中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会(以下称“分会”)于 2017 年 8 月 10—11 日在兰州隆重召开了“中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会第七次全国会员代表大会暨 2017 年中国畜牧兽医科技期刊发展论坛”。

大会由中国畜牧兽医学会副秘书长、期刊编辑学分会第六届理事会秘书长孔平涛先生主持。中国畜牧兽医学会副秘书长、办公室主任李传业先生出席会议并致辞。李传业先生代表中国畜牧兽医学会和理事长黄路生院士,名誉理事长、资深顾问阎汉平研究员向本次大会的召开表示祝贺,表达了学会对畜牧兽医行业期刊的关注和重视,对分会开展活动的肯定,同时也要求分会进一步提升科技期刊服务畜牧兽医学科发展与学术交流的能力,进一步增强分会凝聚力、吸引力和自身实力,推动我国畜牧兽医科技的创新、繁荣。

理事长冯艳秋女士做了期刊编辑学分会第六届理事会工作报告;秘书长孔平涛先生汇报了分会各项收支情况。第六届理事会不断完善分会建设与管理,促进分会会员交流,提高分会职能及实践专业期刊发展;精心策划年度科技期刊发展论坛,圆满完成第六届理事会工作。第七届理事会换届选举工作得到了各会员单位的积极响应,经过会员代表大会选举产生第七届理事会。孔平涛先生当选为理事长,郑本艳当选为秘书长,牛军、石放雄、叶志刚、朱海虹、任鹏、刘全、李刚、李寰旭、宋长占、周洪、孟庆生、赵丽丹、睢富根、戴有理当选为副理事长,王湘黔等 29 人为常务理事,王玉庭、王惠等 55 人为理事,理事会聘任李宁、杨恒东、周凤珍为副秘书长。经过全体代表一致推举,冯艳秋女士为第七届理事会名誉理事长。

会议表彰了第九届中国畜牧兽医科技期刊精品(优秀)期刊、优秀团体、先进个人。学术类、综合指导类、技术类精品期刊 15 本、优秀期刊 28 本,行业贡献奖、发展创新奖、数字化战略奖共 14 家,期刊领军人物 9 人、优秀主编 23 人、优秀编辑 45 人,优秀编务 7 人,优秀营销 3 人,优秀记者 2 人,优秀美编 3 人。《畜牧兽医学报》荣获学术类精品期刊;编辑部郭云雁荣获优秀编辑、李姝超荣获优秀编务。

会议特邀《读者》杂志社富康年社长“以坚守和创新打造期刊的核心竞争力”分享了读者的发展历程;特邀《Journal of Animal Science and Biotechnology(畜牧与生物技术杂志)》执行主编赖长华博士以其所主编的英文期刊为例,与大家探索我国英文科技期刊的办刊之路;中国农业科学院成果转化局副局长、中国乳业杂志社主编、中国农垦乳业联盟主席、中国畜牧兽医学会期刊编辑学分会名誉理事长冯艳秋女士简述了《中国乳业》杂志的发展历程,分享了杂志开展的市场调研、会议会展、媒体传播给企业、行业、杂志本身带来的巨大影响。

报告紧扣“期刊的产业化发展及多元化经营”主题,结合各自办刊经验予以阐述,开阔了参会代表的办刊思路。论坛内容精彩纷呈,交流互动各抒己见。代表们就各自期刊发展现状、困境等问题广泛交流意见,并达成强化资源整合与合作,主动求变,适应期刊发展新形势的共识。

(本刊编辑部)