

大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)不同生长阶段体重的遗传参数和育种值估计*

马爱军 王新安 雷霖霖

(中国水产科学研究院黄海水产研究所 农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室 青岛 266071)

提要 采用非求导约束最大似然法(DFREML)进行了大菱鲂不同生长阶段体重的遗传参数和育种值研究,每一生长阶段分别对 4 种不同动物模型估计遗传参数的差异进行了比较。不同模型中对全同胞家系效应和日龄协变量作了不同的考虑:模型 A, 不考虑全同胞家系效应和日龄协变量;模型 AD, 仅考虑日龄协变量;模型 AF, 仅考虑全同胞家系效应;模型 AFD, 同时考虑全同胞家系效应和日龄协变量。结果表明, 6 月龄利用模型 AF, 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄利用模型 AFD 对遗传参数和育种值进行估计较为适合。利用育种值选择和表型值选择两种方法分别进行了家系选择和个体选择的效率比较, 结果表明, 在每一生长阶段依据育种值选择的效率均高于表型值选择的效率。利用不同生长阶段的家系育种值以及亲本育种值分别进行了家系选择比较和亲本选择比较, 结果表明, 在不同生长阶段, 按家系、父本和母本的育种值分别排序, 前 50% 的相同率和育种值的相关系数均为 9—12 月龄较 6—9 月龄的提高幅度比其它相邻阶段显著增加, 推测家系提前筛选的时间以及父本和母本选择的时期均不低于 9 月龄。

关键词 大菱鲂, 体重, 遗传参数, 育种值

中图分类号 Q953

大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)为原产于欧洲的重要海水名贵养殖鱼种(雷霖霖, 2003), 自 1992 年中国水产科学研究院黄海水产研究所首次引入中国以来, 相继开展了苗种繁育、养殖模式、营养饲料、病害防治等方面的研究, 目前大菱鲂已发展成为我国北方沿海工厂化养殖业的主导品种之一(雷霖霖, 2005; 马爱军等, 2002, 2003)。近年来, 由于引进原种数量较少, 群体种类相对单一, 并且育种过程中采用的亲鱼未经过专门选优处理, 加之累代养殖和近亲交配, 以致造成种质退化现象比较严重, 结果导致孵化率、成活率降低、生长速度减慢、抗逆性差、白化严重等系列种质退化现象不断发生(申雪艳等, 2004; 雷霖霖, 2005; 马爱军等, 2008)。因此, 有必要对大菱鲂进行遗传改良, 以选育出具有生长快、抗逆性强等性状的新品种(系), 为大菱鲂养殖业健康、可持续发

展提供重要保证。

选择育种是进行水产动物遗传改良的重要方法。当前, 最佳线性无偏预测法(BLUP)在水产动物的选择育种中受到广泛关注, 这种方法是由美国数量遗传学家 Henderson 于 1972 年在纪念 Lush 的学术讨论会上提出, 其基本原理是根据混合模型方程组的原则来估计育种值(张沅等, 1993)。此后, 部分学者继续对此进行研究(Wray, 1989; Belonsky *et al*, 1998), 一致认为, 这种方法能显著提高遗传进展的速度, 特别对于低遗传力性状, 其效果更加明显。

基于建立在混合模型基础之上的动物模型 BLUP 法在一些水产动物的遗传改良中应用并取得重大成效(Henryon *et al*, 2002; Pante *et al*, 2002; Fevolden *et al*, 2002; Perry *et al*, 2004; Vandeputte *et al*, 2004; Ponzoni *et al*, 2005; Neira *et al*, 2006; Saillant *et al*,

* 国家支撑计划专题, 2006BAD01A12012 号; 农业公益性行业科研专项经费项目, nyhyzx07-046 号。马爱军, 博士, 研究员, E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2008-07-30, 收修改稿日期: 2008-09-21

2006), 在国外已成为水产动物选择育种的主要选择方法。目前, 国内水产动物的相关研究尚处于起步阶段, 具有很大的发展空间和潜力。

本文中采用单性状动物模型 BLUP 法, 组合不同的固定效应因子和随机效应因子, 筛选不同发育阶段的理想模型, 估计大菱鲂不同生长阶段的遗传参数和育种值, 比较大菱鲂表型选择与育种值方法选择的效率, 建立适合估计大菱鲂体重遗传参数和育种值的理想模型和选择方法。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究数据来源于 2007 年 4 月在烟台天源水产有限公司根据巢式设计所构建的大菱鲂选育家系, 其中 28 个半同胞家系, 56 个全同胞家系。在 3 月龄、6 月龄、9 月龄、12 月龄和 15 月龄, 每个全同胞家系分别取 40—60 尾, 测量体重。

1.2 统计动物模型

根据动物模型理论和选育实际情况, 组合了以下 4 种模型, 估计遗传参数和育种值:

$$\text{模型 A: } y_i = u + a_i + e_i$$

$$\text{模型 AD: } y_i = u + a_i + bd_i + e_i$$

$$\text{模型 AF: } y_{ij} = u + a_i + f_i + e_{ij}$$

$$\text{模型 AFD: } y_{ij} = u + a_i + f_i + bd_{ij} + e_{ij}$$

式中, u 表示总体均值, $y_{i\cdot}$, y_{ij} 为第 i 个体体重, a_i 为第 i 个体育种值, f_i 为第 i 个全同胞组效应, d_{ij} 为日龄协变量, b 为回归系数, e_i , e_{ij} 为随机残差效应。

所用模型以矩阵形式表示为: $y = Xb + Zu + e$

式中, y 为观察值向量, b 为固定效应向量, u 为随机效应向量, e 为随机误差向量, X 为固定效应 b 的结构矩阵, Z 为随机效应 u 的结构矩阵。数学期望定义为: $E(u) = 0$, $E(e) = 0$, $E(y) = Xb$; 方差定义为: $\text{Var}(u) = A\sigma_A^2$, $\text{Var}(e) = I\sigma_e^2$, $\text{Var}(y) = ZAZ'\sigma_A^2 + I\sigma_e^2$ 。其中, A 为所有个体的血缘系数矩阵, σ_A^2 为个体育种值方差。混合模型方程组为:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + kA^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, k = \sigma_e^2 / \sigma_A^2.$$

模型 A 只考虑个体随机加性效应, 模型 AF 考虑全同胞组效应和个体随机加性效应, 由于家系数量较多, 很难在设定的时间内完成指标测量, 因此, 模型 AD 和模型 AFD 分别在模型 A 及模型 AF 的基础上加入测定家系体重的实际日龄为协变量, 对测量指标的日龄进行校正。由于各家系 6 月龄体重的测定

日龄一致, 因此, 没有应用 AD 和 AFD 模型。

1.3 参数和育种值估计

利用 MTDFREML 软件(Boldman *et al*, 1995), 采用约束最大似然法(REML)(Patterson *et al*, 1971)和非求导(Derivative free)算法(Graser *et al*, 1987)进行方差组分估计, 计算中的迭代收敛标准为 10^{-10} , 为保证所获得的估计值是全局最大似然估计值而不是局部最大似然估计值, 利用不同的初值进行多次计算, 比较它们在收敛后的似然函数值, 取其中似然函数值最大的一次结果作为遗传参数估计值。利用达到收敛标准的方差组分, 求解混合模型方程组的解, 获得个体的估计育种值。

1.4 不同动物模型比较

用似然比检验(LRT) (Kendall *et al*, 1979)对模型 A 和模型 AF 进行比较, 检验统计量为: $LR = -2 \ln \frac{L_{MAX}|模型1}{L_{MAX}|模型2}$, 其中, LR 为似然比值, $L_{MAX}|模型1$ 和 $L_{MAX}|模型2$ 分别是两个不同模型下的最大似然函数值, 模型 1 是模型 2 的子模型。这个统计量服从卡方分布, 自由度为模型 2 中估计的参数个数与模型 1 中估计的参数个数之差。

2 结果

2.1 不同生长阶段 4 种模型估计的体重的群体参数及模型比较

准确的方差组分估计是精确进行遗传参数估计和育种值计算的前提。大菱鲂不同生长阶段在各种模型下估计的各方差组分(以与表型方差之比表示)见表 1。从表 1 可以看出, 由不同模型所估计的群体参数有较大差别, 对于遗传力(h^2)来说, 不同生长阶段均用模型 A 所得到的遗传力估计值最大, 用其它模型得到的估计值小于模型 A 的估计值, 其中, 模型 A 与模型 AF 的差别不大, 而与模型 AD、模型 AFD 的差异明显, 模型 AD 与模型 AFD 之间的差异也不大。在考虑全同胞组效应的各模型中, 除 3 月龄的模型 AF 外, 其它模型的全同胞家系的方差组分均较小, 其中 9 月龄的模型 AF、12 月龄的模型 AF 和 12 月龄的模型 AFD 仅分别为 0.14×10^{-5} 、 0.48×10^{-6} 、 0.13×10^{-6} 。不同生长阶段各模型的残差组分均与各自遗传力的大小排列顺序相反。

对于 4 种模型中的可比模型, 模型 A 与模型 AF、模型 A 与模型 AFD 以及模型 AD 与模型 AFD 进行比较所得到的似然比值和卡方检验的差异显著性见表

2。由表 2 可以看出, 3 月龄, 模型 A 与模型 AF 以及模型 AD 与模型 AFD 之间的差异均显著($P<0.05$), 模型 A 与模型 AFD 之间的差异则达到极其显著水平($P<0.01$); 6 月龄, 此阶段根据实际实验操作情况仅用模型 A 与模型 AF, 两模型之间的差异显著($P<0.05$); 9 月龄、12 月龄、15 月龄卡方检验的结果相一致, 均

为模型 A 与模型 AF 以及模型 AD 与模型 AFD 之间的差异均不显著($P>0.05$), 模型 A 与模型 AFD 之间的差异极其显著($P<0.01$)。根据模型的似然比检验(LRT)和全同胞组效应存在的事实可知, 6 月龄利用模型 AF, 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄利用模型 AFD 对遗传参数和育种值进行估计较为适合。

表 1 大菱鲂不同生长阶段用不同模型估计的方差组分(以与表型方差之比表示)、参数个数及 $-2 \ln$ 值

Tab.1 The variance component (the ratio to phenotypic variance), the number of parameters, and the values of $-2 \ln$ in different models

| 月龄 | 模型 | $\sigma_a^2/\sigma_p^2 = h^2$ | σ_j^2/σ_p^2 | σ_e^2/σ_p^2 | 参数个数 | $-2 \ln$ |
|----|-----|-------------------------------|-------------------------|-------------------------|------|----------|
| 3 | A | 0.52 | | 0.48 | 2 | 2291.81 |
| | AD | 0.37 | | 0.63 | 2 | 2266.16 |
| | AF | 0.40 | 0.11 | 0.60 | 3 | 2287.19 |
| | AFD | 0.25 | 0.90×10^{-1} | 0.66 | 3 | 2260.09 |
| 6 | A | 0.613 | | 0.387 | 2 | 15251.04 |
| | AF | 0.51 | 0.92×10^{-1} | 0.398 | 3 | 15245.63 |
| 9 | A | 0.76 | | 0.24 | 2 | 17237.32 |
| | AD | 0.32 | | 0.68 | 2 | 17202.61 |
| | AF | 0.68 | 0.14×10^{-5} | 0.32 | 3 | 17235.30 |
| | AFD | 0.31 | 0.10×10^{-2} | 0.69 | 3 | 17202.56 |
| 12 | A | 0.79 | | 0.21 | 2 | 18557.21 |
| | AD | 0.39 | | 0.61 | 2 | 18533.02 |
| | AF | 0.68 | 0.48×10^{-6} | 0.32 | 3 | 18556.62 |
| | AFD | 0.30 | 0.13×10^{-6} | 0.70 | 3 | 18533.00 |
| 15 | A | 0.88 | | 0.12 | 2 | 19555.12 |
| | AD | 0.49 | | 0.51 | 2 | 19535.17 |
| | AF | 0.73 | 0.89×10^{-1} | 0.18 | 3 | 19553.78 |
| | AFD | 0.34 | 0.89×10^{-1} | 0.59 | 3 | 19534.49 |

注: σ_p^2 为表型方差, σ_a^2 为加性遗传方差, σ_e^2 为残差, σ_j^2 为全同胞家系方差, h^2 为遗传力

表 2 不同模型比较的似然比值(LR)及卡方检验结果

Tab.2 Different model comparisons in likelihood rates and χ^2 test results

| 模型比较 | 3 月龄 | 6 月龄 | 9 月龄 | 12 月龄 | 15 月龄 |
|----------|---------|-------|---------|---------|---------|
| A : AF | 4.62* | 5.41* | 2.02 | 0.59 | 1.34 |
| A : AFD | 31.72** | — | 34.76** | 24.21** | 20.63** |
| AD : AFD | 6.07* | — | 0.05 | 0.02 | 0.68 |

*表示差异显著($P<0.05$), **表示差异极其显著($P<0.01$)

2.2 基于表型值和育种值的家系选择比较

利用 6 月龄的模型 AF 和 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄的模型 AFD 计算各家系的育种值, 在不同生长阶段内根据家系育种值平均值和表型值平均值分别排序, 按照 50%的家系留取率, 排名前 28 位的家系中, 两种选择方法家系相同率分别为 92.86%、85.71%、78.57%、75.00%、82.14%, 显然, 利用育种值选择和表型值选择选取的家系存在一定的差异(表

3)。3 月龄、6 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄利用育种值方法选取的前 28 个家系育种值的平均值分别为 0.33g、4.78g、11.81g、16.57g、27.56g, 利用表型值方法选取的前 28 个家系育种值的平均值分别为 0.32g、4.18g、9.8g、13.98g、22.09g, 前者比后者分别高出约 3.1%、14.4%、20.5%、18.5%、24.8%(图 1)。依据表型值对家系进行选择, 其选择效率明显低于育种值选择。

表 3 每一生长阶段根据个体体重表型值选择和个体育种值选择两种选择方式选取前 50% 个家系的相同率
Tab.3 The uniformity ratio of the first 50% of families selected in phenotypic value of the body weight at each growth stage and their breeding value

| 家系相同率 (%) | 育种值选择 | | | | |
|--------------|--------------|-------------|--------------|---------------|---------------|
| | 3 月龄(AFD 模型) | 6 月龄(AF 模型) | 9 月龄(AFD 模型) | 12 月龄(AFD 模型) | 15 月龄(AFD 模型) |
| 表型值选择 | 92.86% | 85.71% | 78.57% | 75.00% | 82.14% |

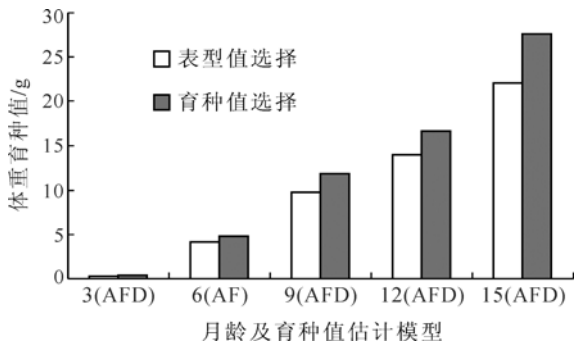


图 1 根据每一生长阶段的表型值排序和最优模型估计的育种值排序分别选择前 50% 个家系的育种值的平均值比较
Fig.1 The average breeding values of the first 50% of families selected according to the sequence of phenotypic values and breeding values estimated by optimal model

2.3 基于表型值和育种值的个体选择比较

利用 6 月龄的模型 AF 和 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄的模型 AFD 计算个体育种值, 在不同生长阶段内根据个体育种值和表型值分别排序, 按照 10% 的留种率, 五个生长阶段按照两种选择方法分别选取排名前 336、330、315、308、328 个个体, 两种选择方法个体相同率分别为 77.08%、70.91%、65.79%、67.53%、70.12%, 利用育种值选择和表型值选择选取的个体存在一定的差异(表 4)。3 月龄、6 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄利用育种值方法选取的前 10% 个个体育种值的平均值分别为 1.2g、12.58g、27.35g、53.88g、85.23g, 利用表型值方法选取的前 10% 个个体育种值的平均值分别为 1.07g、10.24g、23.96g、46.26g、75.57g, 前者比后者分别高出约 12.15%、22.85%、14.15%、16.47%、12.78%(图 2)。显然, 依据表型值对个体进行选择, 其选择效率明显低于育种值选择。

2.4 基于不同生长阶段家系育种值的家系选择比较

利用 6 月龄的模型 AF 和 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄的模型 AFD 计算各家系的育种值, 每个生长阶段选取育种值排序前 50% 的家系, 即排序前 28 位的家系进行比较。结果表明(表 5), 相邻生长阶段, 即 3—6 月龄、6—9 月龄、9—12 月龄、12—15 月龄, 家系相同的个数分别为 17、20、25、26, 家系

的相同率分别为 60.71%、71.43%、89.29%、92.86%, 可见不同生长阶段根据体重育种值留取家系的差别较大, 生长期越短, 差异越显著。根据所有家系育种值的相关分析表明(表 5), 3—6 月龄、6—9 月龄、9—12 月龄、12—15 月龄, 育种值的相关系数分别为 0.423、0.598、0.911、0.928, 相关系数的可信度均达到极其显著水平($P < 0.01$), 显然, 生长期越长, 相关性越高。

2.5 基于后裔不同生长阶段亲本育种值的亲本选择比较

利用 6 月龄的模型 AF 和 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄的模型 AFD 估计所有亲本(父本和母本)的育种值, 每个生长阶段选取育种值排序前 50% 的亲本, 即排序前 14 位的父本和排序前 28 位的母本进行比较。结果表明(表 5), 相邻生长阶段, 即 3—6 月龄、6—9 月龄、9—12 月龄、12—15 月龄, 父本相同的个数分别为 8、10、12、14, 对应的相同率分别为 57.14%、71.43%、85.71%、100%; 母本相同的个数分别为 18、21、25、27, 对应的相同率分别为 64.29%、75.00%、89.29%、96.43%, 不同生长阶段根据亲本育种值留取亲本的差别较大, 父本和母本的变化趋势相同, 均为生长期越短, 相同率越低, 差异越显著。根据所有亲本育种值的相关分析表明(表 5), 3—6 月龄、6—9 月龄、9—12 月龄、12—15 月龄, 父本育种值的相关系数分别为 0.379、0.577、0.976、0.994, 母本育种值的相关系数分别为 0.490、0.654、0.926、0.945, 相关系数的可信度均达到极其显著水平($P < 0.01$), 显然, 不同生长阶段父本和母本育种值相关性的变化趋势相同, 均为生长期越长, 相关性越高。

3 讨论

3.1 大菱鲆不同生长发育阶段体重遗传参数和育种值估计的最优模型

遗传参数和育种值估计是水产动物 BLUP 育种中的一项基础工作。动物模型估计的遗传参数和育种值在考虑不同固定因素和随机因素的影响时, 所得到的估计值是不同的, 因此, 在动物模型的基础上,

表 4 每一生长阶段根据个体体重表型值选择和个体育种值选择两种选择方式选取前 10% 个体的相同率

Tab.4 The uniformity ratio of the first 10% of individuals selected in phenotypic value of the body weight at each growth stage and their breeding value

| 个体相同率 (%) | 育种值选择 | | | | |
|--------------|--------------|-------------|--------------|---------------|---------------|
| | 3 月龄(AFD 模型) | 6 月龄(AF 模型) | 9 月龄(AFD 模型) | 12 月龄(AFD 模型) | 15 月龄(AFD 模型) |
| 表型值选择 | 77.08% | 70.91% | 65.79% | 67.53% | 70.12% |

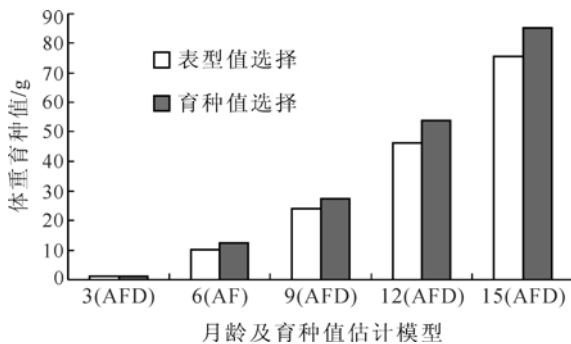


图 2 根据每一生长阶段的表型值排序和最优模型估计的育种值排序分别选择前 10% 个体育种值的平均值比较

Fig.2 The average breeding values of the first 10% of individuals selected according to the sequence of phenotypic values and breeding values estimated by optimal model

结合选择育种的实际情况, 考虑不同的随机和固定因素, 构建一个合适的统计分析模型, 是十分重要的。一个好的模型要在有实际可操作性的基础上尽可能准确地反映各种遗传和环境因素对性状的影响, 但在很多情况下, 由于对影响某性状的各种因素缺乏充分的了解, 就需要对多种可能的模型进行比较分析, 从中找出一个最适合的模型(白俊艳等, 2004)。根据大菱鲂育种的实际情况, 作者考虑全同胞家系效应和日龄协变量, 组合了 4 种模型对不同生长阶段体重的遗传参数进行了估计(6 月龄根据实际情况仅用 A 和 AF 两种模型), 并利用检验出的最优模型计算育种值。综合分析结果表明, 6 月龄利用模型 AF, 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄利用模型 AFD 对遗传

表 5 根据个体育种值选择前 50% 个家系、父本和母本得出的相邻生长阶段各指标的同相率和相关系数

Tab.5 The uniformity ratio and correlation coefficient of families, sires and dams of adjacent growth stage according to the first 50% of families and parents selected in breeding values

| 相邻生长阶段 | 家系 | | 父本 | | 母本 | |
|----------|--------|---------|--------|---------|--------|---------|
| | 相同率(%) | 相关系数 | 相同率(%) | 相关系数 | 相同率(%) | 相关系数 |
| 3—6 月龄 | 60.71 | 0.423** | 57.14 | 0.379** | 64.29 | 0.490** |
| 6—9 月龄 | 71.43 | 0.598** | 71.43 | 0.577** | 75.00 | 0.654** |
| 9—12 月龄 | 89.29 | 0.911** | 85.71 | 0.976** | 89.29 | 0.926** |
| 12—15 月龄 | 92.86 | 0.928** | 100 | 0.994** | 96.43 | 0.945** |

*表示差异显著($P < 0.05$), **表示差异极其显著($P < 0.01$)

参数和育种值进行估计较为适合。在 3 月龄、6 月龄的模型 AF 中, 全同胞家系效应所占的比重分别为 11%、9.2%, 所占比重较大, 该效应的存在显著影响遗传参数和育种值的估计, 模型 A 和模型 AF 的 LRT 检验达到显著水平($P < 0.05$)。而在 9 月龄、12 月龄、15 月龄的模型 AF 中, 全同胞家系效应相对 3 月龄、6 月龄较小, 同时, 模型 A 和模型 AF 的 LRT 检验也不显著($P > 0.05$), 模型中的全同胞家系效应不是一个主要影响因素。对于 3 月龄、6 月龄全同胞家系效应较 9 月龄、12 月龄、15 月龄大, 作者认为, 主要是由于大菱鲂在早期生长阶段生命力弱, 更易受到环境影响所致。同时, 3 月龄模型 AD 和模型 AFD 的 LRT 检验达到显著水平($P < 0.05$), 9 月龄、12 月龄、15 月

龄模型 AD 和模型 AFD 的 LRT 检验未达到显著水平($P > 0.05$)也反应了大菱鲂早期生长阶段全同胞组效应较大的特点。从 3 月龄、9 月龄、12 月龄、15 月龄中的模型 AD 估计的遗传力可以看出, 日龄作为协变量, 对估计值的影响较大, 是模型中的一个重要影响因素。LRT 检验表明, 3 月龄模型 A 和模型 AF 达到显著水平($P < 0.05$), 加入日龄协变量后模型 A 和模型 AFD 则达到极其显著水平($P < 0.01$); 9 月龄、12 月龄、15 月龄, 模型 A 和模型 AF 差异不显著($P > 0.05$), 加入日龄协变量后模型 A 和模型 AFD 的差异则达到极其显著水平($P < 0.01$)。显然, 在模型中加入日龄协变量对体重数据进行校正是非常必要的。这主要是由于大菱鲂各家系初始构建时持续时间较长, 大约 1 个月,

在集中测量时,各家系日龄的差异较大所致。尽管9月龄、12月龄、15月龄模型AD和模型AFD的LRT检验未达到显著水平($P>0.05$),但考虑到全同胞效应存在的事实,仍然认为这三个阶段模型AFD比模型AD是更为理想的模型。

3.2 动物模型估计个体育种值的优越性

动物模型考虑了个体所有的血缘关系(自身、祖先、全同胞、半同胞、后裔等),建立分子血缘相关矩阵,充分利用了各种来源的信息,包括育种场、种群、世代、性别、池塘号、全同胞组等,剖分固定效应、随机效应因素,估计的残差方差最小。个体拥有的亲属、相关性状信息越多,其育种值的估计越准确(盛志廉等,2001)。Sorensen模拟进行性能测定的国家级育种规划,研究表明,如果能用个体本身及全同胞、半同胞和后裔的资料进行单项选择,对遗传力为0.1和0.5性状所获得选择反应分别相当于应用动物模型选择反应的89%和96%,并且随着遗传力的降低,动物模型BLUP方法的优势会更加突出。Gall等(2002)采用动物模型BLUP法估计选择3代的罗非鱼98天体重性状的育种值,结果表明,每一代的平均遗传获得为 (2.61 ± 0.05) g,比基础群体增加了约40%。这个结果要好于Hulata等(1986)和Huang等(1990)用群体选择法选育罗非鱼的结果,后者的选择反应为负值。与通过家系选择法进行选育的鲑科鱼类相比较,罗非鱼BLUP法的遗传获得是其两倍(Hershberger *et al.*, 1990; Kincaid *et al.*, 1977; Gjoen *et al.*, 1998)。与群体选择相比较,BLUP方法的选择反应能够提高约20%—30%,选择的效率明显高于前者(Hagggar, 1991)。上述结果表明,同直接利用表型值选择相比较,动物模型具有更高的优越性。本研究中,无论是家系选择,还是个体选择,动物模型BLUP法相比于表型选择都显示出更高的选择效率。

3.3 家系提前筛选和亲本选择的时期

在大菱鲂的选择育种过程中,长期维持大量家系会使实验条件受到限制,同时也会增大养殖成本,因此,有必要选择一个适宜的生长时期对家系进行提前筛选。本文研究表明,相邻生长阶段,即3—6月龄、6—9月龄、9—12月龄、12—15月龄,按家系平均育种值排序,前50%家系的相同率分别为60.71%、71.43%、89.29%、92.86%,生长期越短,差异越显著。根据所有家系育种值的相关分析,所对应的育种值相关系数分别为0.423、0.598、0.911、0.928,生长期越长,相关性越高。显然,9—12月龄与6—9月龄相

比较,相同率和相关系数都显著提高。

由于大菱鲂的繁殖周期为2.5—3年,进行世代改良的周期较长,在短期内难以取得育种效果,因此,利用家系资料选择优良亲本进行种质优化是一项非常重要的工作。这样就有必要进行亲本选择适宜期的研究。本研究结果表明,相邻生长阶段,即3—6月龄、6—9月龄、9—12月龄、12—15月龄,按照父本和母本的育种值分别排序,各留取50%,父本的相同率分别为57.14%、71.43%、85.71%、100%;母本的相同率分别为64.29%、75.00%、89.29%、96.43%,父本和母本的变化趋势相同,均为生长期越短,相同率越低。根据所有亲本育种值的相关分析,父本育种值所对应的相关系数分别为0.379、0.577、0.976、0.994,母本育种值所对应的相关系数分别为0.490、0.654、0.926、0.945,不同生长阶段父本和母本育种值相关性的变化趋势相同,均为生长期越长,相关性越高。显然,9—12月龄与6—9月龄相比较,父本和母本的相同率和相关系数都显著提高。

对于不同生长阶段家系育种值的相关性分析及父本、母本的育种值相关性分析表明,3种相关性的变化趋势相同,均为生长期越长,相关性越高,生长期越短,相关性越低。这是由于生物体数量性状的基因表达受到时间(发育期)和空间(试验地)等外部条件的影响(Atchley *et al.*, 1997),发育期越短,生命力越弱,遗传因素受时间和空间的影响越大,表现出来的生长性能越不稳定。由于9—12月龄较6—9月龄3种相关性提高的幅度比其它相邻阶段均显著增加,因此,作者认为,家系提前筛选的时间以及父本和母本选择的时期均不低于9月龄。至于这3项选择更为具体的时间点,有待于从遗传动态分析的角度进一步研究。

参 考 文 献

- 马爱军,王新安,雷霖霖等,2008.大菱鲂四个不同地理群体数量形态特征比较.海洋与湖沼,39(1):24—29
- 马爱军,雷霖霖,陈四清等,2002.大菱鲂产卵季节对卵子的生物学及生化特征的影响.海洋与湖沼,33(1):75—82
- 马爱军,雷霖霖,陈四清等,2003.大菱鲂营养需求与饲料研究进展.海洋与湖沼,34(4):450—459
- 申雪艳,宫庆礼,雷霖霖等,2004.进口大菱鲂 *Scophthalmus maximus* L.苗种的遗传结构分析.海洋与湖沼,35(4):332—341
- 白俊艳,李金泉,道尔吉等,2004.用不同模型估计绒山羊早期生长性状遗传参数的比较.遗传学报,31(6):578—581
- 张沅,张勤,1993.畜禽育种中的线性模型.北京:北京

- 农业大学出版社, 52—113
- 盛志廉, 陈瑶生, 2001. 数量遗传学. 北京: 科学出版社, 47, 56, 64, 118, 132—137
- 雷霖霖, 2003. 大菱鲂养殖技术. 上海: 上海科学技术出版社, 8
- 雷霖霖编著, 2005. 海水鱼类养殖理论与技术. 北京: 中国农业出版社, 647—665
- Atchley W R, Zhu J, 1997. Developmental quantitative genetics, conditional epigenetic variability and growth in mice. *Genetics*, 147: 765—776
- Belonsky G M, Kennedy B W, 1998. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. *J Anim Sci*, 6: 1124—1131
- Boldman K G, Kriese L A, Vleck L D *et al*, 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U. S. Departments of Agriculture, Agricultural Research Service, 5—22
- Fevolden S, Knut H, Kjersti T, 2002. Selection response of cortisol and lysozyme in rainbow trout and correlation to growth. *Aquaculture*, 205(1—2): 61—75
- Gall G A E, Bakar Y, 2002. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia. *Aquaculture*, 212: 93—113
- Gjoen H M, Gjerde B, 1998. Comparing Breeding Schemes Using Individual Phenotypic Values and BLUP Breeding Values as Selection Criteria. Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vol.27. University of New England, Armidale, New South Wales, Australia, 111—114
- Graser H U, Smith S P, Tier B, 1987. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *J Anim Sci*, 64: 1362
- Haggard C, 1991. Effects of selecting on phenotype, on index or on breeding value, on expected response, genetic relationships and accuracy of breeding values in an experiment. *J Anim Breed Genet*, 108: 102—110
- Henryon M, Jokumsen A, Berg P *et al*, 2002. Genetic variation for growth rate, feed conversion efficiency, and disease resistance exists within a farmed population of rainbow trout. *Aquaculture*, 209: 59—76
- Hershberger W K, Myers J M, Iwamoto R N *et al*, 1990. Genetic changes in the growth of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) in marine net-pens, produced by ten years of selection. *Aquaculture*, 85: 187—197
- Huang C M, Liao I C, 1990. Response to mass selection for growth rate in *O. niloticus*. *Aquaculture*, 85: 199—205
- Hulata G, Wohlfarth G W, Halevy A, 1986. Mass selection for growth rate in Nile tilapia. *Aquaculture*, 57: 177—184
- Kendall M, Stuart A, 1979. The Advanced Theory of Statistics. Vol.2. Inference and Relationship. 4th edition. Macmillan, NY
- Kincaid H L, Bridges W R, Von L B, 1977. Three generations of selection for growth rate in fall spawning rainbow trout. *Trans Am Fish Soc*, 106: 621—628
- Neira R, Diaz N F, Gall G A E *et al*, 2006. Genetic improvement in coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). II: Selection response for early spawning date. *Aquaculture*, 257(1—4): 1—8
- Pante B, Gjerde I, Millan M *et al*, 2002. Estimation of the additive and dominance genetic variances for body weight at harvest in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture*, 204: 383—392
- Patterson H D, Thompthon R, 1971. Recovery of interblock information when block size are unequal. *Biometrics*, 58: 545
- Perry G, Tarte P, Croisetiere S *et al*, 2004. Genetic variance and covariance for 0+ brook charr (*Salvelinus fontinalis*) weight and survival time of furunculosis (*Aeromonas salmonicida*) exposure. *Aquaculture*, 235: 263—271
- Ponzoni R, Hamzah A, Tan S *et al*, 2005. Genetic parameters and response to selection for live weight in the gift strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*, 247: 203—210
- Saillant E, Dupont N, Haffray P *et al*, 2006. Estimates of heritability and genotype-environment interactions for body weight in sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) raised under communal rearing conditions. *Aquaculture*, 254: 139—147
- Vandeputte M, Kocourb S, Mauger M *et al*, 2004. Heritability estimates for growth-related traits microsatellite parentage assignment in juvenile common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Aquaculture*, 235: 223—236
- Wray N, 1989. Consequence of selection in closed population with particular reference to closed nucleus herds of pigs. Edinburgh: University of Edinburgh

GENETIC PARAMETERIZATION FOR TURBOT *SCOPHTHALMUS MAXIMUS*: IMPLICATION TO BREEDING STRATEGY

MA Ai-Jun, WANG Xin-An, LEI Ji-Lin

(Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resources, Ministry of Agriculture,
Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao, 266071)

Abstract To accurately estimate the genetic parameters and breeding values of body weight of turbot, four different animal models were compared in body weight at different growth stages (from 3 to 15 months) for 56 full-sib families. The four models were designed in the combination of using full-sib family effect and/or family age as covariate: in Model A both the family effect and family age are ignored, in Model AD only family age is used, in Model AF only the family effect is considered, and in Model AFD both the family effect and family age are included. The variance components in different models are estimated with derivative-free restricted maximum likelihood (DFREML) method and the MTDFREML program. Differences among the models are tested by likelihood ratio test. The results show that the optimal model for 6-month-old sample is AF model, and that for the 3-, 9-, 12- and 15-month-old samples is AFD model. The breeding values of body weight at each growth stage are predicted with the best-fit models, and the efficiency of family selection and individual selection are compared with breeding value selection and phenotypic selection. Results indicate that, whether for family selection or individual selection, the efficiency of breeding-value-based selection is higher than that of phenotypic selection. At different growth stages, the average breeding values of family and parent are used are compared with those of family selection and parent selection. The results show that all the uniformity ratio of the first 50% families, sires, dams are different statistically from the breeding values estimated with the optimal models for body weights at different growth stages; the relation between the ratio and the breeding value for the 9—12-month-old samples are the strongest. Therefore, the selection of family and sires/dams should be conducted on the fish in 9 months.

Key words *Scophthalmus maximus* L., Body Weight, Genetic parameters, Breeding value