

# 虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)选育群体主要 体尺性状表型和遗传相关分析\*

户国<sup>1</sup> 谷伟<sup>1</sup> 姜再胜<sup>1,2</sup> 白庆利<sup>1</sup> 王炳谦<sup>1</sup>

(1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所淡水鱼类育种国家地方联合工程实验室 哈尔滨 150070;

2. 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306)

**摘要** 以虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)优良品系选育群体作为试验群体,采用单性状动物模型估计头长、体长、体高、体厚、尾柄长、尾柄高、背吻距、背鳍基长等 8 个主要体尺性状的遗传力。结果显示,上述 8 个性状的遗传力在 0.131—0.313 之间,多为中等或偏低遗传力,其中背鳍基长遗传力最低,为  $0.131 \pm 0.039$ ,体高遗传力最高,为  $0.313 \pm 0.086$ 。采用皮尔逊相关法估计上述性状之间的表型相关,结果显示,上述性状间表型相关变化范围为 0.016—0.815。采用两性状动物模型估计上述性状间的遗传相关,结果表明,上述性状间遗传相关变化范围为 0.065—0.866。在本研究中,比较分析表型和遗传相关结果发现,虽然体厚与尾柄长的表型相关最低,仅为 0.016,相关性不显著( $P > 0.05$ ),但是遗传相关为 0.247,似然比检验(likelihood ratio test, LRT)统计分析达到显著水平( $P < 0.05$ )。体厚与背鳍基长的表型相关为 0.647,  $t$  检验达到显著水平( $P < 0.05$ );但遗传相关仅为 0.305, LRT 统计分析未达到显著水平( $P > 0.05$ )。上述结果说明,在该群体中各体尺性状的表型相关和遗传相关水平不完全相同,在设计育种方案时应综合考虑各个性状间的表型相关及遗传相关。

**关键词** 虹鳟; 体尺性状; 遗传力; 遗传相关; 表型相关

中图分类号 S961 doi: 10.11693/hyhz20130500061

虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)属鲑形目(Salmoniformes), 鲑科(Salmonidae), 鲑亚科(Salmoninae), 大麻哈鱼属(*Oncorhynchus*), 原产于北美地区,是世界重要经济养殖鱼类之一,适合我国北方高寒地区以及有冷水资源分布地区养殖(范兆廷等, 2008)。自 1959 年引入我国后,经过数十年发展,我国虹鳟养殖已遍布全国,据联合国粮食与农业组织统计数据(FAO, 2012),2010 年度世界虹鳟总产量为 72.88 万吨,中国大陆虹鳟总产量为 1.64 万吨,仅占世界总产量的 2.25%。为满足虹鳟养殖业对良种的迫切需求,我国从 2001 年起开始组建基础群,2004 年开始虹鳟大规模家系选育工作,目前已取得了较好的选育效果(王炳谦等, 2012)。

体尺性状(Body measurement trait)是指以长度为

单位度量的身体结构性状,是与生长相关的重要经济性状。目前,国内科研工作者已对水产动物体质量、生存性状和体尺性状的遗传参数估计有较多研究(马爱军等, 2008, 2009; 王炳谦等, 2009a; 田永胜等, 2009; 刘永新等, 2010; 高保全等, 2010; 孙长森等, 2010; 李镛等, 2011; 刘宝锁等, 2011; 栾生等, 2012)。在我国已开展的虹鳟育种工作中,对体长以外的体尺性状的遗传参数估计值还未见报道(王炳谦等, 2012; Hu *et al.*, 2013)。开展体尺性状的遗传参数估计研究对培育生长快速并且体型美观的优良的虹鳟品种,提高我国虹鳟养殖生产效益具有积极意义。

本研究采用虹鳟优良品系 G2 选育群体作为试验材料,于 1000 日龄测量头长、体长、体高、体厚、

\* 国家科技支撑项目, 2012BAD26B03-07 号; 公益性行业(农业)科研专项经费, 201003055 号; 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项, 201110 号。户国, 助理研究员, E-mail: huguo@126.com

通讯作者: 王炳谦, 研究员, E-mail: wbqfish@163.com

收稿日期: 2013-05-20, 收修改稿日期: 2013-11-28

尾柄长、尾柄高、背吻距、背鳍基长等与鱼体轮廓外形塑造相关的 8 个体尺性状, 对上述表型做描述性统计, 并计算表型相关; 采用平均信息约束最大似然法 (Average Information Restricted Maximum Likelihood, AIREML) 估计上述性状的遗传方差、性状间的遗传相关, 并计算遗传力及其标准误差等参数, 以期对虹鳟优良品系体尺性状的多性状复合选育提供必要的数量遗传学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验群体

在中国水产科学研究所黑龙江水产研究所渤海冷水性鱼类试验站进行试验。研究材料是虹鳟优良品系 G2 代群体, 该群体的基础群 G0 代建立于 2001 年, 由中国渤海品系(由朝鲜品系与日本品系群体混杂形成的品系)、丹麦品系(来自丹麦的 1 个商业品系)、挪威品系(来自挪威的 1 个商业品系)、道氏品系(美国道尔纳逊氏优质虹鳟)和加州品系(来自美国加州的 1 个商业品系)等 5 个地理远缘品系建立。在 2004 年的繁殖期, 每一品系根据体质量性状的表型值排序, 雌雄各取前 3 名, 采用完全双列杂交及其相应的自交组合建立 G1 代群体, 共计 75 个全同胞家系(王炳谦等, 2009b; 户国等, 2012)。该群体所有个体都有清晰的系谱和表型记录, 系谱建立的方法参见谷伟等(2010)。利用单性状重复观测值动物模型(重复力模型), 对 G1 代 4026 尾个体生长性状(体质量、体长和肥满度)进行遗传参数和育种值的估计, 然后利用指数选择法设定上述性状的权重, 并计算综合育种值, 对虹鳟个体的选择价值进行评定和名次排列。最后, 选择综合育种值排序靠前、无亲缘关系的个体组成选育群体(王炳谦等, 2009a; 户国等, 2012), 组建形成 G2 代群体, 仍然维持 75 个全同胞家系的群体规模。本研究中涉及的 G0—G2 有系谱记录个体共计 6223 尾。

### 1.2 饲养管理

将受精卵以及上浮稚鱼被放置在独立单元内进行孵化、驯化、养殖至平均体质量 0.5g 以上时, 以家系为单位移入相同水源的独立养殖单元内。在群体平均体质量约为 50g 时, 进行 PIT (Passive integrated transponder) 标记 (ID-100 型, 英国 Trovan 公司), 各家系等比例混合, 放苗入虹鳟常规养殖的同一流水池塘, 即同环境饲育。本试验群体作为 G3 代的储备亲鱼群体, 饲育至性成熟, 各阶段均按投喂指南饲以优质全价配合饲料(智利 SalmonFood 公司 VitaCare), 水

源为地下涌泉水, 年水温变幅 5—18°C。

### 1.3 性状测定

鱼种于 2008 年 4 月入池至, 2010 年 9 月下旬养殖至性成熟(约为 1000 日龄), 测定主要体尺性状, 将待测虹鳟用苯氧乙醇 0.5mg/L 麻醉后, 利用直尺和游标卡尺逐条测量头长、体长、体高、体厚、尾柄长、尾柄高、背吻距、背鳍基长等 8 个性状, 同时依第二性征记录性别。本研究中以 PIT 标记作为区分个体的方法, 除去标记流失的个体以及 8 个表型数据值缺失 2 个及以上个体后, 共计获得了 1967 尾个体的有效数据。

### 1.4 数据统计分析

**1.4.1 遗传方差与遗传力** 本研究中采用单性状动物模型估计遗传力, 模型中的固定效应通过对一般线性模型进行显著性检验获得, 池塘效应和性别效应达到显著水平 ( $P < 0.05$ ), 构建混合线性模型如公式(1):

$$y_{ijk} = \mu + p_i + S_j + a_k + e_{ijk} \quad (1)$$

其中,  $y_{ijk}$  是动物个体的表型观察值;  $\mu$  是群体均值;  $p_i$  为池塘效应, 是固定效应;  $s_j$  为性别效应, 是固定效应;  $a_k$  是个体加性随机效应,  $e_{ijk}$  是随机残差。

将上述模型定义为矩阵形式为:

$$y = Xb + Za + e \quad (2)$$

其中  $y$  是动物个体表型观察值向量,  $a$  是个体随机加性效应向量,  $b$  是固定效应向量,  $X$  和  $Z$  是关联矩阵,  $e$  是随机残差向量。

$a$ ,  $e$  和  $y$  的数学期望分别为  $E(a) = 0$ ,  $E(e) = 0$  和  $E(y) = Xb$ ;  $a$ ,  $e$  和  $y$  的方差分别为  $V\left(\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix}\right) =$

$$\begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \text{ 和 } V(y) = A\sigma_a^2 + I\sigma_e^2$$

其中  $\sigma_a^2$  是加性方差,  $\sigma_e^2$  是随机残差方差,  $A$  是个体间加性遗传关系矩阵。

遗传力的计算公式为:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (3)$$

遗传力的标准误差 (Standard error,  $E_s$ ) 利用 “delta” 方法, 采用公式(4)估算:

$$E_s = \sqrt{\left(\frac{h^2}{\sigma_a^2}\right) \left[ (1-h^2)^2 V(\sigma_a^2) - 2(1-h^2) \right]} \quad (4)$$

其中,  $C(\cdot)$  表示计算协方差。

**1.4.2 遗传相关** 遗传相关采用两性状动物模型

分析获得, 构建混合线性模型如公式(5):

$$y_{ijkl} = \mu_t + p_{it} + S_{jt} + a_{ki} + e_{ijkl} \quad (5)$$

其中  $y_{ijkl}$  是第  $t$  个性状的表型观察值,  $a_{ki}$  是第  $t$  个性状的个体随机效应, 其余参数定义与公式(1)相同。

将该模型定义为矩阵形式:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

其中  $y_t$ ,  $b_t$ ,  $a_t$  和  $e_t$  是第  $t$  个性状表型观察值向量, 随机加性效应向量, 固定效应向量和随机残差向量,  $X_t$  和  $Z_t$  是关联矩阵,  $t=1, 2$ 。

$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}$ ,  $\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$  和  $\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}$  的数学期望分别为  $E\left(\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}\right) = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$ ,  $E\left(\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}\right) = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$  和  $E\left(\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}\right) = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix}$ , 方差分别为  $V\left(\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix}\right) = G \otimes A$ ,  $V\left(\begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}\right) = R \otimes I$  和  $V\left(\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}\right) = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} (G \otimes A) \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}^T + R \otimes I$ , 其中  $G = \begin{bmatrix} \sigma_{i_1}^2 & \sigma_{i_1 i_2} \\ \sigma_{i_1 i_2} & \sigma_{i_2}^2 \end{bmatrix}$ ,  $R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$ 。  $\sigma_{i_1}^2$  和  $\sigma_{i_2}^2$  是第 1 和第 2 个性状的加性方差,  $\sigma_{i_1 i_2}$  是 2 者的协方差;  $\sigma_{e_1}^2$  和  $\sigma_{e_2}^2$  是第 1 和第 2 个性状的随机残差方差,  $\sigma_{e_1 e_2}$  是 2 者的协方差。

本研究使用 AIREMLF90 软件 (Misztal *et al.*, 2002), 采用 AIREML 估计上述公式中的方差组分, REML 迭代收敛水平设为  $1 \times 10^{-10}$ 。利用公式(1)获得的方差组分后代入公式(3)和公式(4)求得遗传力及其标准误差。通过公式(5)得到遗传相关, 其显著性通过 LRT 方法进行。固定效应的显著性检验, 表型描述性

统计及表型相关分析使用 R 软件实现 (R Core Team, 2012)。

## 2 结果与分析

### 2.1 虹鳟主要体尺性状的描述性统计

本研究测量了虹鳟优良品系选育群体 G2 群体 8 个体尺性状的表型数据, 结果显示, 该群体体长变异系数最小, 为 6.94%, 尾柄长变异系数最大, 为 13.65%。详细情况见表 1。

### 2.2 虹鳟选育群体主要体尺性状的方差组分及遗传力

表 2 列出了利用单性状动物模型得到的上述 8 个体尺性状的遗传方差以及遗传力估计, 结果显示, 本研究显示上述 8 个性状的遗传力为 0.131—0.313, 大部分为中等或偏低遗传力。其中背鳍基长遗传力最低, 为  $0.131 \pm 0.039$ , 体高遗传力最高, 为  $0.313 \pm 0.086$ 。另外, 体长性状的遗传力  $0.146 \pm 0.170$ 。

### 2.3 虹鳟主要体尺性状间的表型相关与遗传相关

表型相关与遗传相关分析结果显示, 表型相关的变化范围较大, 0.016—0.815, 其中体厚与尾柄长的表型相关最低, 仅为 0.016, 且未达到显著水平 ( $P > 0.05$ ), 但两者的遗传相关为 0.247, LRT 统计分析达到显著 ( $P < 0.05$ ), 体长与背吻距的表型相关最高, 为 0.815, 并且结果还显示, 除背鳍基长外, 体厚性状与头长、体长、体高、背吻距、尾柄长、尾柄高等性状的表型相关均较低。上述性状间的遗传相关变化范围也很大, 为 0.016—0.815, 其中背鳍基长与背吻距的遗传相关最低, 仅为 0.065, 同样, 体长与背吻距的遗传相关也最高, 达 0.866。体厚与背鳍基长的表型相关为 0.647; 遗传相关为 0.305, 但是 LRT 统计分析未达到显著水平 ( $P > 0.05$ )。8 个性状间的表型相关与遗传相关具体结果见表 3。

表 1 虹鳟选育群体主要体尺性状的描述性统计

Tab.1 Descriptive statistics for body measurement traits in a selective breeding population of rainbow trout

性状	样本数	均值(cm)	标准偏差	最大值(cm)	最小值(cm)	变异系数(%)
头长	1967	10.23	1.30	14.60	6.47	12.68
体长	1967	56.11	3.90	67.65	33.50	6.94
体高	1966	15.03	1.26	26.34	6.31	8.42
体厚	1940	9.78	0.94	12.60	6.00	9.64
背吻距	1967	25.43	2.06	33.26	16.17	8.10
背鳍基长	1940	8.33	0.95	12.00	4.18	11.42
尾柄长	1966	7.75	1.06	16.00	3.41	13.65
尾柄高	1967	5.42	0.47	9.80	3.28	8.69

表 2 虹鳟选育群体主要体尺性状的方差组分及遗传力  
Tab.2 Variance components and heritabilities for body measurement traits in a selective breeding population of rainbow trout

性状	加性方差	剩余残差	遗传力	遗传力的标准误差
头长	0.221	0.800	0.216	0.061
体长	2.174	12.706	0.146	0.170
体高	0.508	1.114	0.313	0.086
体厚	0.112	0.675	0.142	0.040
背吻距	0.895	2.735	0.247	0.114
背鳍基长	0.112	0.743	0.131	0.039
尾柄长	0.125	0.773	0.139	0.041
尾柄高	0.049	0.172	0.221	0.027

### 3 讨论

体尺性状是有经济价值的数量性状,在国内外的农业动物育种实践中受到普遍重视,但是由于传统鱼类育种多采用群体选择方法,受到技术条件限制,无法兼顾多种性状(Donaldson, 1968; 范兆廷, 2005)。近年来,随着动物多性状复合育种技术被引入我国水产动物育种研究中,同时,对鱼类多个经济性状进行遗传选择成为可能(栾生等, 2008)。目前,我国市场上鲑鳟鱼类仍以全鱼销售为主(孙大江等, 2010),故建议在育种规划中引入体尺性状,使商品鱼获得更好的外观。

表 3 虹鳟主要体尺性状间的表型相关与遗传相关

Tab.3 Phenotypic and genetic correlation between body measurement traits in a selective breeding population of rainbow trout

	体长	背吻距	头长	尾柄长	体高	尾柄高	体厚	背鳍基长
体长	—	0.815	0.565	0.503	0.780	0.705	0.372	0.338
背吻距	0.866	—	0.693	0.464	0.725	0.660	0.209	0.151
头长	0.809	0.855	—	0.177	0.511	0.405	0.075	0.080
尾柄长	0.459	0.186	0.170	—	0.287	0.470	0.016*	0.075
体高	0.824	0.704	0.628	0.271	—	0.675	0.411	0.298
尾柄高	0.712	0.597	0.710	0.334	0.786	—	0.258	0.252
体厚	0.616	0.486	0.297	0.247	0.816	0.640	—	0.647
背鳍基长	0.337	0.065	0.369	0.263	0.357	0.304	0.305*	—

上三角: 表型相关; 下三角: 遗传相关; \*: 不显著( $P>0.05$ ); 其余: 均达到极显著水平( $P<0.01$ )

本研究对 8 个体尺性状进行了表型描述性统计,结果显示体长性状的变异系数最小。利用单性状动物模型估计本群体 G1 体长性状获得的遗传力为 0.17—0.43(刘宗岳等, 2008),本研究对 G2 代体长性状的遗传力估计值为  $0.146\pm 0.170$ ,标准误差大于遗传力估计值,未能获得有效的遗传力估计值。就数值而言,与 G1 代体长性状遗传力估计值比较, G2 代遗传力估

计值略有降低。根据遗传力的数学公式  $h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$ ,

随着多世代的遗传选育,每一世代加性遗传方差会持续减小,如果随机残差变化不大的情况下,每世代的遗传力估计值会持续下降直至选择极限。本研究中 G2 代体长性状的遗传力结果与其他学者(Maluwa *et al*, 2007; Luan *et al*, 2012)得到的结果类似,利用选育群体估计的遗传参数估值会偏低。除体长性状外,其他 7 个体尺性状目前尚未纳入到育种规划中,在育种过程中没有对其进行遗传选择,而本试验群体具有 2 代以上清晰的系谱,遗传结构明确,相比于承受遗传选择压力的目标性状,这种条件下获得的上述性状遗传参数估计值应更为接近真实值。

遗传力分析结果显示,本文涉及的 8 个性状的遗传力为 0.131—0.313。根据一般经验值,该群体的体长、体厚、背鳍基长、尾柄长属于较低遗传力( $h^2<0.15$ );头长、背吻距、尾柄高为中等水平遗传力( $0.15\leq h^2<0.30$ ),只有体高为高遗传力性状( $h^2\geq 0.30$ ),体高遗传力估计值为  $0.313\pm 0.086$ ,这与李镛等(2011)对大口黑鲈体高遗传力估计值  $0.29\pm 0.10$  类似。本研究显示虹鳟的体尺性状普遍具有中等或较低的遗传力,与先前国外学者(Mckay, 1986; Gjerde *et al*, 1989; Gjedrem, 2000)的结果一致。关于遗传相关和表型相关,在多种不同的多性状复合育种技术体系中,都是重要的技术参数,是制定选择指数,采取直接选择或者间接选择育种方案的重要参考依据。本研究结果显示,除背鳍基长外,体厚性状与其他性状的表型相关均较低。这意味着对体厚性状的选择可能并不影响虹鳟鱼二维平面的体型,即可以在不改变虹鳟鱼二维体型的情况下增加体厚,这可以明显提高鱼体的出肉率。因此,这个性状的遗传规律值得我们进一步关注。另外,本研究还发现,体厚与尾柄长的表型相关最低,仅为 0.016,且未达到显著( $P>0.05$ ),但 2 者的遗传相关为

0.247, LRT 统计分析达到显著( $P < 0.05$ )。体厚与背鳍基长的表型相关为 0.647,  $t$  检验达到显著水平( $P < 0.05$ ); 但遗传相关仅为 0.305, 并且 LRT 统计分析未达到显著( $P > 0.05$ )。上述结果显示并非所有性状的表型相关和遗传相关水平都类似, 在设计育种方案时单纯参考表型相关或遗传相关, 可能会出现决策失误。建议在设计多性状育种方案时, 表型相关和遗传相关都应该纳入参考。

综上所述, 本研究开展了虹鳟 8 个有经济价值的体尺性状遗传和表型参数估计, 获得了上述性状的遗传力以及性状间的遗传相关和表型相关等技术参数, 对虹鳟体尺性状的遗传规律有了初步的认识, 为开展体尺性状的多性状复合育种技术研究奠定了基础。本研究结果对以体尺性状为目标的虹鳟新品种选育以及生产推广的制种繁育技术体系的建立具有一定的参考价值, 对提高我国虹鳟养殖业的良种化水平具有积极意义。

### 参 考 文 献

- 马爱军, 王新安, 杨志等, 2008. 大菱鲂(*Scophthalmus maximus*) 幼鱼生长性状的遗传力及其相关性分析. 海洋与湖沼, 39(5): 499—504
- 马爱军, 王新安, 雷霖霖, 2009. 大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)不同生长阶段体重的遗传参数和育种值估计. 海洋与湖沼, 40(2): 187—194
- 王炳谦, 户国, 束永俊, 2012. 虹鳟育种技术研究. 哈尔滨: 东北林业大学出版社, 1—14
- 王炳谦, 刘宗岳, 高会江等, 2009a. 应用重复力模型估计虹鳟生长性状的遗传力和育种值. 水产学报, 33(2): 177—182
- 王炳谦, 谷伟, 高会江等, 2009b. 利用配合力和微卫星标记预测虹鳟品系间的杂交优势. 中国水产科学, 16(1): 1—8
- 户国, 谷伟, 王鹏等, 2012. 电子标记辅助虹鳟家系建立及快速生长家系筛选. 中国水产科学, 19(1): 77—83
- 田永胜, 徐田军, 陈松林等, 2009. 三个牙鲆育种群体亲本效应及遗传参数估计. 海洋学报(中文版), 31(6): 119—128
- 刘永新, 刘海金, 2010. 不同模型估计牙鲆家系间生长性状遗传参数的比较分析. 渔业科学进展, 31(1): 40—47
- 刘宝锁, 张天时, 孔杰等, 2011. 大菱鲂生长和耐高温性状的遗传参数估计. 水产学报, 35(11): 1601—1606
- 刘宗岳, 高会江, 谷伟等, 2008. 基于约束最大似然法对虹鳟生长性状遗传参数的估计. 东北农业大学学报, 39(5): 81—84
- 孙大江, 王炳谦, 2010. 鲑科鱼类及其养殖状况. 水产学杂志, 23(2): 56—63
- 孙长森, 林志华, 董迎辉等, 2010. 泥鳅(*Tegillarca granosa*)主要经济性状遗传参数的估算. 海洋与湖沼, 41(6): 907—913
- 李镛, 白俊杰, 李胜杰等, 2011. 大口黑鲈生长性状的遗传参数和育种值估计. 中国水产科学, 18(4): 766—773
- 谷伟, 贾钟贺, 陈伟兴等, 2010. 虹鳟系谱档案的建立总结. 黑龙江水产, (1): 3—7
- 范兆廷, 2005. 水产动物育种学. 北京: 中国农业出版社, 58—86
- 范兆廷, 姜作发, 韩英, 2008. 冷水性鱼类养殖学. 北京: 中国农业出版社, 20—26
- 栾生, 孔杰, 王清印, 2008. 水产动物育种值估计方法及其应用的研究进展. 海洋水产研究, 29(3): 101—106
- 栾生, 边文翼, 邓伟等, 2012. 斑点叉尾基础群体生长和存活性状遗传参数估计. 水产学报, 36(9): 1313—1321
- 高保全, 刘萍, 李健等, 2010. 三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*)体重遗传力的估计. 海洋与湖沼, 41(3): 322—326
- Donaldson L R, 1968. Selective breeding of salmonid fishes. Proceedings of the annual workshop World Mariculture Society, 2(1—4): 75—83
- FAO, 2012. Aquaculture production: quantities 1950-2010. FISHSTAT Plus-Available at: <http://www.fao.org/fi/statist/FISOFT/FISHPLUS.as> (15th June, 2012)
- Gjedrem T, 2000. Genetic improvement of cold-water fish species. Aquaculture Research, 31: 25—33
- Gjerde B, Schaeffer L R, 1989. Body traits in rainbow trout: Estimates of heritability and of phenotypic and genetic correlations. Aquaculture, 80: 25—44
- Hu G, Gu W, Bai Q L *et al*, 2013. Estimation of genetic parameters for growth traits in a breeding program for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in China. Genetics and Molecular Research, 12(2): 1457—1467
- Luan S, Yang G, Wang J *et al*, 2012. Genetic parameters and response to selection for harvest body weight of the giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*. Aquaculture, 362—363: 88—96
- Maluwa A O, Gjerde B, 2007. Response to selection for harvest body weight of *Oreochromis shiranus*. Aquaculture, 273: 33—41
- Mckay L R, 1986. Genetic parameters of growth in rainbow trout Salmon, as a function of age and maturity. Aquaculture, 58: 241—254
- Misztal I S, Tsuruta T, Strabel B *et al*, 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France. CD-ROM Communication 28:07
- R Core Team, 2012. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org/>

## ESTIMATION OF PHENOTYPIC AND GENETIC CORRELATION FOR BODY MEASUREMENT TRAITS IN A SELECTIVE BREEDING POPULATION OF RAINBOW TROUT (*ONCORHYNCHUS MYKISS*)

HU Guo<sup>1</sup>, GU Wei<sup>1</sup>, JIANG Zai-Sheng<sup>1,2</sup>, BAI Qing-Li<sup>1</sup>, WANG Bing-Qian<sup>1</sup>

(1. National&Local Joint Engineering Laboratory of Freshwater Fish Breeding, Heilongjiang River Fishery Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China; 2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

**Abstract** The second generation (G2) of a rainbow trout selective strain population was used as the experimental population. This strain was being selectively bred in the Heilongjiang River Fishery Research Institute (HRFRI), the Chinese Academy of Fishery Sciences (CAFS). Single-trait animal model was used to estimate the heritability of eight body measurement traits, including head length, body length, body height, body thickness, caudal peduncle length, caudal peduncle height, and the distance from dorsal fin to the snout and dorsal fin base length. The results show that the heritabilities of these measurement traits ranged from 0.131 to 0.313, mainly at middle or low level. The heritability of dorsal fin base length was the lowest one at  $0.131 \pm 0.039$ , and that of body height the highest at  $0.313 \pm 0.086$ . The genetic correlations between each pair of the above traits were estimated by using two-trait animal model, and phenotypic correlations between each pair of these traits were estimated by using Pearson correlation method. The results show that the genetic correlations ranged from 0.065 to 0.866, and the phenotypic correlations from 0.016 to 0.815. In addition, we found that the phenotypic correlation between body thickness and caudal peduncle length was the lowest, with a value of only 0.016, and did not reach significant level ( $P > 0.05$ ). However, the genetic correlation between them was 0.247, which is significant ( $P < 0.05$ ) as indicated in likelihood ratio test (LRT) statistics. The phenotypic correlation between body thickness and the dorsal fin base length was 0.647, reaching a significant level ( $P < 0.05$ ) by *t*-test, but the genetic correlation between them was only 0.305, which is not significant ( $P > 0.05$ ) indicated in LRT statistics. Therefore, not all of these body measurement traits were in similar levels of phenotype and genetic correlation in this experimental population. Mistakes may occur when only phenotypic or genetic correlation is considered in a design of a breeding program. The results could provide useful knowledge for selective breeding in body measurement traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*).

**Key words** *Oncorhynchus mykiss*; body measurement trait; heritability; genetic correlation; phenotypic correlation