

中国畜禽遗传育种进展

第七次全国畜禽遗传育种学术讨论会论文集

Progresses of Animal Breeding and Genetics in China

Proceedings of 7th National Symposium on Domestic
Animals, Fowls Breeding and Genetics

中国畜牧兽医学会数量遗传研究会

Research Branch of Quantitative Genetics

China Society of Animal Science and Veterinary Medicine

中国·湖南·1993.8.

August 1993. Hunan. China

责任编辑：黄翠云
装帧设计：霞 辉

• ISBN 7-5357-1377-7
S·212 定价：17.30元

中国畜禽遗传育种进展

Progresses of Animal Breeding and Genetics in China

第七次全国畜禽遗传育种学术讨论会论文集

中国畜牧兽医学会数量遗传研究会

湖南科学技术出版社

湘新登字 004 号

中国畜禽遗传育种进展

中国畜牧兽医学数量遗传研究会

责任编辑：黄翠云

湖南科学技术出版社出版发行

(长沙市展览馆路3号)

湖南农学院印刷厂印刷

(印装质量问题请直接与本厂联系)

1993年6月第1版第1次印刷

开本: 787×1092毫米 1/16 印张: 28.25 字数: 603,000

印数: 1—1,000

ISBN 7—5357—1377—7

S·212 定价: 17.30元

目 录

一、育种方案、数量遗传、群体遗传、试验设计与统计分析

1. 我国畜禽遗传育种方向及其特点的探析..... 许尚忠(1)
2. 影响 MOET 核心群育种方案遗传进展的因素分析 王立贤 张 沅(3)
- √3. 畜禽性能测定方案的最优化研究(一)..... 曹胜炎 魏明新等(8)
4. 个体、家系和指数选择方法实验对比..... 常 春 宁国杰等(10)
5. 应用群体内动物模型 BLUP 法进行母牛的育种值估计 张 勤(13)
6. 动物模型 BLUP 法在中国实验用小型猪遗传分析上的应用 唐臻钦 王连纯(17)
7. 长白猪数量性状表型和遗传参数估测 陈 斌 柳小春等(19)
8. 用多性状 BLUP 法对长白猪选育中公猪进行逆向再评定的研究 陈 斌 柳小春等(24)
9. 比值性状的遗传力与选择强度的关系 张胜利 陈廷槐等(28)
10. 安格拉兔几个主要经济性状的遗传分析..... 王康宁(32)
11. 基因型频率波动规律的 Markov 链分析法 张立岭(38)
12. 中国畜禽遗传资源系统保存的模式及其综合评估..... 杜立新 张 沅等(41)
- √13. 用于保种的综合选择指数探讨..... 杨运清(49)
- △14. 数量性状位点与标记性状位点连锁的检测与估计方法..... 章元明 盖钧镒(51)
15. 遗传参数不同估计方法的比较..... 张胜利 靳明武等(56)
16. 方差组分的最小方差二次无偏估计法..... 张元跃(60)
- √17. 动物杂交试验设计方法探讨..... 潘玉春 芒 来等(65)
18. 动物单杂交试验的优化设计——样本容量的最优分配..... 王继华 李应川等(70)
19. 完全双列杂交试验的多元分析..... 王继华 蒋必光等(73)
20. 经纬杂交试验的多元分析..... 王继华 王庆华等(77)
- △21. 数量性状基因定位的试验设计与分析..... 张 力 夏增权(80)
22. 动物等级性状评定方法的研究..... 肖佩华 夏增权(86)
23. 季节变动的测定与表型值矫正..... 夏增权(90)

二、分子遗传学与畜禽育种

24. 从固定的猪白细胞中提取 DNA 的方法研究 赵书红 李 奎等(95)
25. 利用聚合酶链式反应(PCR)的鸡胰岛素样生长因子—I(IGF—I)cDNA 分子克隆 刘晓辉 刘小京等(98)
26. 猪生长激素基因的分子克隆研究 江建平 肖永祚等(101)

27. 表皮生长因子基因的化学合成 刘 娣 石绍业(104)
28. 一个新的鸡单位点 DNA 探针: CP₁₄ 戴茹娟 严华祥等(108)
29. 筛选猪 α 1珠蛋白-3'HVR 探针获得成功 吴 瑞 李 宁等(110)
30. 用 DNA 指纹图测定北京白鸡的遗传结构 孟安明 齐顺章等(113)
31. DNA 指纹技术在畜禽品种(系)鉴别中应用的初步研究 严华祥 吴常信等(116)
32. 染色体原位杂交技术的新发展 李 奎 余其兴等(120)
33. 猪 DNA 多态性和基因定位研究的现状与展望 李 奎 彭中镇(122)
34. 应用 PCR 扩增牛 SRY 序列进行性别鉴定的初步研究 吕碧文 俞颂东等(124)
35. 应用不同限制性内切酶检测猪生长激素基因的 RFLP 的初步研究 赵书红 李 奎等(127)
36. 湖北白猪导入 OMT/PGH 基因的整合、表达和遗传 魏庆信 樊俊华等(129)
37. 欧共体猪的基因图谱研究进展 姜志华(134)
38. 鸡的基因图谱 李 宁(138)

三、生化遗传学、免疫遗传学、细胞遗传学与畜禽育种

39. 猪血清转铁蛋白、前白蛋白、后白蛋白遗传多态性的研究 林树茂 罗 明等(143)
40. 绵羊血液蛋白多态性的研究 尹镇华 谢曼琳等(147)
41. 考湖杂种绵羊几种血液蛋白多态性的研究 康梦松 高 红(151)
42. 西农萨能奶山羊乳蛋白多态性的研究 罗 军 刘祝奎(155)
43. 鸡蛋淀粉酶多态现象 张细权 吴显华(159)
44. 从蛋清蛋白的分析比较家禽的种质差异 赖恒忠 陈奕欣等(162)
45. 猪的血型研究(一)红细胞抗原的免疫应答及标准抗血清的制备 孙有平 葛云山等(165)
46. 梅山猪血型的研究 孙有平 葛云山等(169)
47. 从血型基因构成看吉林农科院褐壳蛋鸡(科新 903)的种群遗传差异 程光潮 王 力等(172)
48. 鸡血型系统与抗马立克氏病关系的研究 卢一凡 孙宪如等(177)
49. 用计划免疫法获得(SLA)抗血清的试验研究 王林云 刘根桃等(179)
50. 三种核型家猪细胞遗传学比较研究 李来记 孙金海(185)
51. 13/17 染色体易位纯合子猪(2n=36)与正常核型家猪(2n=38)的杂交试验 孙金梅 赵志辉等(189)
52. 猪姐妹染色单体交换分析 柳万生 程劲松(192)
53. 1/29 罗伯逊易位及其对公牛繁殖性能的影响 韩建林 门正明(196)

四、猪的遗传育种

54. 遗传提高母猪的繁殖性能 季海峰(199)
55. 实验用小型猪选育方法的探讨 王爱德 兰干球等(203)

- ✓ 56. 猪优化育种方案的发展和现状 王秀利 李素芬(206)
- 57. 中国地方猪种遗传特性目标规划决策分析 陈瑶生 芒 来等(209)
- 58. 金华猪的改良进展 陶志伦(217)
- 59. 猪的睾丸雌性化综合征研究 施启顺 柳小春等(222)
- ✓ 60. 猪若干性状的典型相关分析 谢 庄(227)
- ✓ 61. 猪瘦肉率估计方法的研究 章 岩,张 勤等(231)
- ✓ 62. 种猪活体测膘适宜体重、最佳部位和测点的探讨 龙世发 郭宗义等(235)
- 63. 猪脂肪细胞形态学研究进展及其在育种工作中的应用前景 贺燕昕 张 沅(239)
- 64. 猪血清若干生化指标与肉质性状的相关研究 张 豪 夏祖灼等(243)
- △ 65. 太湖猪产仔数主基因初探 杨茂成 方樟明等(245)
- △ 66. 太湖猪与长白猪产仔数性状基因效应的研究 张志武 于汝良等(251)
- 67. 猪产仔性状的加性——显性模型研究 张廷荣 杨茂成(254)
- 68. 皖南花猪毛色遗传规律观察 赵瑞莲 任守文等(258)
- 69. 湘白猪桂阳系(Ⅱ系)毛色遗传初探 喻国钧 孙宗炎等(261)
- 70. 猪乳头数的遗传特征 杨茂成 王子林等(264)
- 71. 新嘉系猪乳头数遗传特性研究 王维洪 徐士清等(271)
- 72. 湘白Ⅱ系猪乳头数遗传规律研究 杨仕柳 彭英林等(275)
- 73. 湘白Ⅰ系猪日增重杂优效应估计 彭英林 杨仕柳等(278)
- 74. 继代选育对太原花猪体重生长曲线的影响 刘文忠 周忠孝等(282)
- 75. 宁乡猪优化繁育体系研究 柳小春 吴晓林等(286)

五、牛、羊的遗传育种

- 76. 线性鉴定技术的最新研究进展 阚远征 师守翌(293)
- 77. 奶牛主要经济性状遗传参数的估测及遗传分析 雒鸣峰 李晓玲等(297)
- 78. 北京奶牛体型性状表型和遗传参数的估计 储明星 师守翌(302)
- 79. 黑白花奶牛泌乳曲线参数的方差组份和遗传特性分析 王治华 张 斌(307)
- 80. 中国美利奴羊育种目标的确定 王爱国 张 沅等(313)
- 81. 莎能奶山羊间性遗传机制研究 詹铁生 田玉山等(316)
- 82. 黄膘山羊研究初报 胡昌富 时 峰等(319)

六、禽的遗传育种

- 83. 淮南麻黄鸡若干种质特性的初步研究 周洪松 赵益贤等(323)
- 84. 脂酶同功酶在家鸡不同组织器官中的分布 马建岗(327)
- 85. 鸡血液激素与屠体性状的典型相关分析 孙宪如 卢一凡(331)
- 86. 公鸡添加剂提高母雏率的试验 喻传洲 龙良启等(334)
- 87. 长羽速度基因及其在优质黄羽肉鸡中的应用 吴晓林 项可宁(336)
- 88. 优质黄羽肉鸡伴性快慢羽基因效应研究Ⅱ、长羽速度基因
对长沙黄肉鸡 70 日龄体重及产肉量的影响 孟千湖 吴晓林等(340)

89. 优质黄羽肉鸡伴性快慢羽基因效应研究Ⅳ、快慢羽基因对长沙黄种鸡成活率、体重及产蛋性能的影响..... 吴晓林, 项可宁等(342)
90. 农大褐蛋鸡D系蛋重的遗传分析..... 杨宁, 李吉祥等(346)
91. 鸡的品种效应对肌间脂肪酸的影响..... 岳永生, 牛庆恕(350)
92. 鸡不对称肉垂的遗传及其对繁殖性能的影响..... 叶湘海 戴国俊(353)
93. 金定鸭蛋白质性状的遗传分析..... 陈奕欣 陈小麟等(356)
94. 家鸭胛褶突和产蛋量性状的相关、遗传分析..... 陈小麟, 吕良炬等(360)

七、计算机在畜禽育种中的应用及其他

95. 条码技术在育种数据采集和输入中的应用研究..... 杨宁 单崇浩等(363)
96. 一套基于动物模型BLUP法的微机软件—AMBLUP..... 唐臻钦(366)
97. 青海细毛羊育种资料计算机管理系统的设计与实现..... 杨长锁 张武学等(370)
98. 一个机械化蛋鸡生产电脑辅助管理系统的研制——蛋鸡生产统计处理电脑的管理..... 陆昌华 包承玉等(374)
99. 一个机械化蛋鸡生产电脑辅助管理系统的研制——蛋鸡生产计划管理和饲料库存管理系统的建立..... 陆昌华 包承玉等(378)
100. 畜禽育种常用回归曲线的计算机自动优选..... 张力(383)
101. 动物抗热性及遗传特点初探——实验昆虫导航试验..... 张劳 蓝蓉等(389)
102. 赤拟谷盗的遗传学实验特征..... 王雅春(393)

我国畜禽遗传育种研究方向及其特点的探析

许尚忠 (中国农科院畜牧研究所, 北京, 100094)

【引言】 目前在我国主要进行动物数量遗传和生化遗传、细胞遗传、免疫遗传、分子遗传等学科的基础理论和常规育种技术与生物技术相结合的选种方法的研究, 目的是提高我国动物遗传的整体研究水平和增加我们对具有优秀基因和基因型个体的识别能力, 并期望在生命的早期较准确选择优秀个体, 加速育种进展。由于家畜的产品主要是通过两种功能来实现, 一是繁殖, 二是生产, 繁殖上当前主要是 AI 和 MOET 新技术, 而生产上主要是我们所关切的经济性状如产蛋量、蛋重、泌乳量、增重速度、饲料转化率、剪毛量、膘厚等, 这些功能都是受多个基因控制, 通过一个或者许多生理生化过程而实现。目前对家畜品种间或个体间的某些差异已可用酶、激素、蛋白质、免疫特异性、染色体和 DNA 指纹图的差异来加以解释, 因此对这方面的研究极为重要。

一、生化遗传

主要对血液中酶、蛋白质的多态性进行研究, 期望用于质量性状选择, 并搞清畜种间及品种间的遗传差异和遗传距离。我们已经对奶牛血清中运铁蛋白多态性进行了研究, 发现有 6 个基因型、并证明 DD 型和 AD 型奶牛产奶量都显著高于 AA 型牛。对 20 个本地黄牛品种, 每个品种进行 6 种血清蛋白多态性分析, 研究其品种间的遗传距离和遗传差异。我们还对奶牛血液代谢物的含量或活性进行测定, 已经证明奶牛血清中碱性磷酸酶、肌酸酐的遗传力高, 与产奶的遗传相关也高, 这些研究主要特点, 是要选择血液或组织中遗传力高、重复力高、不受年龄和性别限制的生化物质, 作为遗传标记, 应用于选种实践中去。

二、细胞遗传

建立了家畜外周血淋巴细胞短期培养、制备染色体标本和各种染色体分带技术。在我国内蒙西门塔尔牛中发现了染色体 1/29 易位, 并进行了系统的研究, 证明易位牛造成繁殖率下降, 完成了由国家自然科学基金资助的我国黄牛染色体多态性研究课题, 对我国黄牛品种的起源和演变提出了新的证据和观点。进行了猪的染色体分带和染色体高分辨率 G 带研究, 现正进行标记染色体和毛色基因定位的研究和用原位分子杂交技术进行家猪基因定位研究。家畜染色体畸形和遗传监测、染色体多态性和品种起源演变、家畜基因定位等是细胞遗传研究的三个主要方面。

三、免疫遗传

研究的重点是畜禽的白细胞, 已在牛淋巴细胞抗原(BOLA)中, 筛选出高度相关的血清 23 组, 并已初步定名为 W_1-W_{23} 。现正进行鸡的白细胞研究, 同时还对主要组织相容性复合性(MHC)的产物在控制免疫反应变异做了研究。MHC 基因是已知的最富有多态性的基因簇, 总的来说, MHC II 类抗原使辅助性 T 细胞可能识别抗原, MHC 即 SLA 复合体与繁殖性状、生长发育性状、抗病力等有关。目前主要目的是用来选择抗乳房炎的牛, 抗马立克病的鸡和

亲子关系鉴定。

四、分子遗传

主要研究数量性状基因，重点集中在数量基因的分子图谱上大量的 DNA 水平上的多态性(主要是限制性内切酶酶切片长度多态性，RFLP)。根据 DNA 标记的遗传图谱，是绘制家畜数量性状综合标记图的有效方法，一些试验已证明了遗传标记与数量性状效应之间存在着连锁关系，改进统计设计和分析在实际应用中是可行的，用遗传标记辅助选择(MAS)有利于群体内改良，也有利于增加群体间遗传方差。

DNA 指纹图对于亲缘关系的鉴别、种群遗传多样性分析检测遗传差异及动物基因组分析，具有广泛应用价值。

五、数量遗传

主要研究育种规划、种畜评估、家畜生产曲线的模拟、家畜群体参数估测、标志基因在选种上的应用、家畜资源群体水平上的保护、高产抗病品系常规培育、生物进化的计算机模拟。

在过去几十年间，计算机容量、速度、体积和价格都发生了显著的变化。这无疑使以资料信息处理为核心的价格育种走上了一个新的发展阶段，根据现场资料记录估计遗传参数和用于选择种畜的育种值估计方法也得到很大的改进。现在使用的是一些非常复杂的统计方法和计算方法，使统计模型更切合于生物学模型。

估计遗传参数常用的是约束的最大似然法(Restricted Maximum Likelihood, REML)，这个方法使估计的参数限制在有效范围内，并且可得到最小的估计标准误差。

估计育种值多采用的是 Henderson 发展和总结起来的最佳线性无偏估测法(BLUP)，这个方法也是由过去的公畜模型(Sire Model)过渡到了动物模型(Animal Model)，现正在美国、加拿大和欧洲许多国家广泛采用，我们也用此模型，对中国西门塔尔牛遗传参数和育种值进行估计。这个方法采用的是混合方程(MME)合并了固定的环境效应和随机效应，好处是：

- ①估计不同年代、育种单位、地区以至不同国家的非遗传效应；
- ②允许家族成员分布在不同育种单位中；
- ③估计群体的遗传趋势和当前的育种水平；
- ④可以估计一些没有记录的祖先或者个体的育种值、即方程的数目可以大于有记录的家畜的数目；
- ⑤这个方法利用了动物间的遗传关系，合并了亲属资料；
- ⑥可以用于估计遗传进展的遗传参数；
- ⑦所估计的育种值剔除了胎次间、世代间、育种单位间的影响，可以直接用于比较不同饲养单元内家畜的育种值。

我们承担“八五”国家攻关专题中国西门塔尔牛选育以及瘦肉猪父本新品系选育、北京鸭新品系选育及配套研究，都是以数量遗传为基础，结合现代生物新技术，加上电子计算机技术开展工作。例如中国西门塔尔牛研究课题以 ONBS(开放核心育种体系)为主要执行方案多血缘相结合的核心群(国内外及各系别不限)选育效果，并研究线性和非线性方法监测核心群和繁殖群乳、肉生产性能效率。

一个以数量遗传为基础，结合生物技术(AI 和 MOET)利用电子计算机进行模拟选择和

模拟研究,提高选择准确性,减少育种规划的盲目性的优化选择方案正在我国实施。另外在杂种优势理论、选择理论与方法、BLUP 法简化与拓展、保种理论与方法等的研究都达到一定深度,尤其是分子遗传学的发展,利用学科间的杂交优势,给数量遗传学带来了新的生机和活力。

吴常信教授指出:数量遗传学目前所用的各种选择方法,基本上是从表型来推断基因型,从表型值来估计育种值,就存在相当大的抽样误差,影响选择准确性,如果能反其道而行之,先探测个体某个性状的基因型,再预测其表型或相对表型。现在的分子生物技术,如 DNA 指纹技术、RFLP 有可能使其成为现实,这就是所谓“反求遗传学(Reverse Genetics),”以解决对影响数量性状多基因选择及利用标记辅助选择(MAS)。越来越显示出分子数量遗传学发展的广阔前景。让我们迎接这一新型边缘学科的到来,并在我国得到更大的发展。

参考文献

- [1]秦志锐, 畜禽育种中的新技术, 农业新技术革命, 农业出版社, 1984; P446—968
- [2]许尚忠, 中国西门塔尔牛 MOET 育种体系, 中国奶牛, 1990; 3, P54—57
- [3]许尚忠, 利用核心育种单元强化奶牛遗传改进, 中国奶牛, 1991; 5, P34—37
- [4]于汝良, 苏系西门塔尔牛 1/29 易位及其效应, 畜牧兽医学报增刊, 1988; 1, P10—13
- [5]张文灿, 数量遗传的新进展, 动物遗传育种研究, 1991; 2, P68—69
- [6]陈幼春, 王毓英, 中国黄牛生态特征及其利用方向, 农业出版社, 1990; P3—13
- [7]吴常信, 为创建一门新的边缘学科《分子数量遗传学》而努力, 1991; 第六届全国畜禽遗传育种学术讨论会交流材料

影响 MOET 核心群育种方案遗传进展的因素分析

王立贤 张 沅 (北京农业大学畜牧系, 北京, 100094)

【摘要】 对封闭 MOET 核心群育种方案的理论遗传进展在多数文献中都明显偏高, 本文对影响封闭 MOET 核心群育种方案遗传进展的各种因素进行了系统、定量分析, 得出: 因群体结构和大小引起的标准化选择差的降低对遗传进展很小, 但作用持久, 抽样误差和选择不平衡很快达到一个新的平衡状态, 而近交却随着时间的推移具有累积作用。在最初几代影响选择反应的主要因素是选择不平衡, 以后则是近交起主要作用, 在第十代校正各种因素使选择反应下降的比例在 17.36—62.10%。群体规模越小, 选择反应下降比例越大, 在育种方案的选择、育种结构的优化上应充分考虑影响因素, 否则可能会得出错误结论。

【关键词】 选择反应; MOET; 育种方案

前 言

随着超数排卵和胚胎移植技术(Multiple Ovulation and Embryo transfer, MOET)在家畜育种实践中的应用,准确估计群体规模较小的、存在全同胞、半同胞嵌套的家系结构群体的遗传进展就显得十分重要,因为这是育种方案的选择,优化育种结构的前提。关于封闭MOET核心群的理论遗传进展已有许多报道(Nicholas和Smith, 1983; Smith, 1986; Land和Hill, 1975; Gerhart et al, 1989)。但是计算机模拟的结果要比理论预测值低9—61%(Juga和Maki—Tamila, 1987; Ruane和Thompson, 1988),造成这种差异的因素有选择不平衡、近交衰退、抽样误差和由于群体结构和大小引起的标准化选择差的变化。本文的目的是对这些因素作系统、定量分析,从而为育种方案的选择、优化育种结构提供一个基础和方法。

方 法

一、育种方案

本文计算的是中国美利奴羊成年型MOET育种方案,世代间隔为1.92年,每代的移植次数(以下称为核心群体规模)设为300, 600, 900, 1200四种,每供体提供的胚胎数为4, 6, 8, 10, 12, 14,每公羊的与配供体母羊数为8,移植一次在选择时存活率为0.7,所选择的公、母羊只使用一次,对于公羊的选择实行不限制在每一全同胞家系中只选择一头。选择性状为净毛量,遗传力为0.4。

二、标准化选择差的计算

标准化选择差(即选择强度)的计算是利用Rawlings(1976)的近似公式,因为在绵羊的成年型MOET核心群中,选择时已有了个体本身记录,半同胞、全同胞之间的组内相关系数较低,用这个近似公式就可以得到满意的结果(Meuwissen, 1991),所以没有采用Meuwissen提供的更为复杂的计算公式。

在全同胞、半同胞嵌套的家系中,平均的组内相关系数为:

$$t_{rs}(t_{rs}, t_{hs}) = (t_{rs}(n_w - 1) + t_{hs}n_w(n_{fs} - 1)) / (n_w n_{fs} n_{hs} - 1) \quad ①$$

其中: t_{rs} ——全同胞间的组内相关系数

t_{hs} ——半同胞间的组内相关系数

n_{hs} ——半同胞家系数

n_{fs} ——每一半同胞家系中的全同胞家系数

n_w ——一个全同胞家系中的个体数

校正后的标准化选择差:

$$I_r(t_{rs}, t_{hs}) = I_r(0, 0) \sqrt{[1 - t_{rs}(t_{rs}, t_{hs})]} \quad ②$$

$I_r(0, 0)$ 为半同胞、全同胞组内相关系数 t_{rs} , t_{hs} 都为0的标准化选择差。

三、近交系数的计算

t代群体有效含量

$$N_e^{(t)} = (N + I^{2(t)} t_{rs}(t_{rs}, t_{hs})) / (1 + I^{2(t)} t_{rs}(t_{rs}, t_{hs})) \quad ③$$

其中: N ——用于育种的个体数

I_t —校正后的标准化选择差

在计算群体有效含量时，公、母羊要分别计算，因为公、母羊的 N_t 、 I_t 不同。

$$\Delta F^{(t)} = (1/N_m^{(t-1)} + 1/N_s^{(t-1)})/8 \quad (4)$$

相当于基础群的 t 代近交系数

$$F^{(t)} = 1 - (1 - \Delta F)^t \quad (5)$$

四、加性遗传方差和遗传进展的计算方法

家系内加性遗传方差

$$VA_m^{(t+1)} = 0.5VA_0(1 - F^{(t)}) \quad (6)$$

VA_0 为基础群的加性遗传方差

考虑选择不平衡的家系间遗传方差

$$VA_s^{(t)} = VA^{(t)}(1 - K_r r^2) \quad (7)$$

$$VA_d^{(t)} = VA^{(t)}(1 - K_d r^2) \quad (8)$$

$K = i(i - x)$ ， i 为标准化选择差， x 为相应截断点， r 为选择准确性，它是用根据个体、全同胞、半同胞信息制定的选择指数中计算出来的。

因选择有限的公、母畜导致的抽样误差会使家系间遗传方差进一步降低 $(1 - 1/N)$ 。这样考虑近交、选择不平衡、群体结构和大小、抽样误差后 $(t+1)$ 代总的加性遗传方差为：

$$VA^{(t+1)} = 0.25(1 - 1/N_m)VA_s^{(t)} + 0.25(1 - 1/N_d)VA_d^{(t)} + VA_m^{(t+1)} \quad (9)$$

在 $t+1$ 代的选择反应为：

$$R^{(t+1)} = (1/\sigma_p^{(t)})VA^{(t)}r^{(t)}[(I_s^{(t)} + I_d^{(t)})/2] \quad (10)$$

其中 σ_p 为表型标准差，每代表型标准差的计算是在假设环境方差 $(1 - VA_0)$ 不变的基础上进行的。

在公式⑩中，没有考虑近交衰退，因为近交系数每提高 1%，性状的均值或表型标准差下降多少，很难用一个确切的数字来表达，在小的封闭核心群中，近交的累积是相当快的，简单地用线性关系来表示，很可能会高估近交衰退的作用。

结 果

表 1 给出了在移植次数为 600，每供体提供胚胎 10 个的情况下，各种因素对选择反应的影响。因群体结构、群体大小引起的标准化选择差的变化对选择反应的影响不大，在绵羊成年型 MOET 中，选择时已有了个体成绩，组内相关系数较低，所以标准化选择差降低的幅度也小；抽样误差、选择不平衡很快达到一个新的平衡状态；而近交的作用却持续、具有累积效应，在最初几代影响选择反应的主要因素是选择不平衡（也就是 Bulmer 效应），而以后则是近交起主要作用，到第十代，所能获得的选择反应只有不校正各种因素计算的选择反应的 61.32%。

表 1 各种影响因素在连续十代的变化情况

代 数	A	B	S	D	I
1	7.38	1.58	3.58	2.22	0.0
2	13.26	6.5	3.55	2.22	1.73
3	19.35	10.40	3.56	2.22	3.39
4	23.39	13.11	3.56	2.22	5.00
5	26.54	14.91	3.56	2.22	6.56
6	29.28	15.31	3.56	2.22	9.06
7	31.81	15.53	3.56	2.22	11.51
8	34.20	15.66	3.56	2.22	13.90
9	36.48	15.72	3.56	2.22	16.05
10	38.68	15.74	3.56	2.22	18.06

注: A—所有因素总和, B—选种不平衡效应, S—抽样误差,
D—标准化选择差降低效应, I—在近交衰退为零时的近交效应。

表 2 给出了在第十代时, 选择反应的降低比例和以表型标准差为单位的选反应。随着每供体提供胚胎数的增加, 选择反应下降的比例也在增大, 这是因为随着每供体提供胚胎数的增加, 所需用的供体母羊、公羊数量都在减少, 从而使影响选择反应的各种因素的作用加剧, 但要获得一个连续的、高的遗传进展, 仍必须有一个较高的每供体提供胚胎数, 当然这个值并不是越高越好, 它存在一个优化范围, 在本研究的育种方案中; 随着核心群规模的扩大, 这个优化值也增大, 说明核心群规模越大, 可以实施的选择强度越高。在育种体系相同的情况下, 扩大核心群规模意味着使用较大数量的公母畜, 除选择不平衡效应保持不变外, 其它因素的影响作用都在减少, 因而可获得较高的遗传进展。公母畜的选择比例, 选择准确性在不同的核心群规模中保持不变。因而选择不平衡的影响效应都相同。

表 2 第十代时选择反应的降低比例和以表型标准差为单位的选反应

胚胎数/ 供 体	移 植 次 数							
	300		600		900		1200	
	R ₁₀	L ₁₀	R ₁₀	L ₁₀	R ₁₀	L ₁₀	R ₁₀	L ₁₀
4	0.1285	31.25	0.1453	22.77	0.1518	19.10	0.1555	17.36
6	0.1381	39.44	0.1637	28.83	0.1753	24.21	0.1817	21.29
8	0.1340	47.90	0.1701	33.83	0.1865	27.86	0.1945	25.02
10	0.1279	55.12	0.1706	38.68	0.1908	31.73	0.2019	27.79
12	0.1274	56.61	0.1691	41.88	0.1899	35.15	0.2025	30.85
14	0.1138	62.10	0.1533	45.59	0.1891	37.54	0.2005	33.97

注: R₁₀校正后的第十代选择反应
L₁₀选择反应下降比例

在传统上我们都认为选择的公畜数越少, 选择强度越大, 理论的选择反应也应越高, 但对各种影响因素校正后, 情况并非如此, 见表 3, 每供体提供胚胎 10 个, 移植 600 次的情况下, 使用 10 头公羊的选择反应从第三代就高于分别使用 2, 4, 6, 8 头, 而且使用公羊数越小, 在二、三代以后选择反应下降的比例越大。

表 3

不同的公羊数在第五代、第十代的选择反应

公羊数	移 植 次 数							
	300		600		900		1200	
	R ₅	R ₁₀	R ₅	R ₁₀	R ₅	R ₁₀	R ₅	R ₁₀
2	0.1461	0.0876	0.1589	0.0949	—	—	—	—
4	0.1747	0.1271	0.1882	0.1361	0.1968	0.1408	0.2008	0.1430
6	1.1777	0.1405	0.1984	0.1583	0.2074	0.1641	0.2124	0.1672
8	0.1854	0.1565	0.2037	0.1713	0.2161	0.1801	0.2189	0.1823
10	0.1842	0.1607	0.2061	0.1792	0.2129	0.1850	0.2197	0.1902

注：每供体提供的胚胎数为 10。

讨 论

1. 在小的封闭的 MOET 核心群中，选择反应下降的比例很大，不考虑各种影响因素计算的选择反应过分夸大了规模较小的封闭 MOET 核心群的作用。

2. 在进行育种方案的选择、育种结构的优化上应校正各种影响因素，根据可实现的移植次数、对每供体胚胎数、选择的公畜数等作出优化选择。

3. 在实施 MOET 的群体中，近交是一个非常严重的问题，必须设法加以限制，可以通过外购种畜来降低近交，也可以应用线性规划的方法进行配种设计，以在不影响遗传进展的情况下，使近交降低到最低限度。

4. 对于低遗传力性状的选择，可以在核心群外附设测定群，增加公羊的选择准确性。

5. 对于限制性方案和没有个体本身记录可以利用的奶牛成年型 MOET 以及在全同胞、半同胞组内相关较高的情况下，标准化选择差的变化情况等将在以后的研究报告中予以报导。

参 考 文 献

- [1] Gaffeny, B, C. M. Wade, M. E. Goddard and F. W. Nicholas, Genetic and economic value of Multiple ovulation and embryo transfer in nucleus Merino flocks. Proc. Aust. Anim. Bdry. Genet. 1991; 92: 102—105.
- [2] Gerhart, W. W., C. Smith and G. Teepker. Multiple ovulation and embryo manipulation in the improvement of beef cattle: Relative theoretical rates of genetic change. J. Anim. Sci. 1989; 67: 2863.
- [3] Keller, D. S., W. W. Gerhart and C. Smith. A comparison of factors reducing selection response in closed nucleus breeding schemes J. Anim. Sci. 1990; 68: 1553—1556.
- [4] Menwissen. T. H. E. Reduction of Selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. Biometrics 1991; 47: 195—203.

畜禽性能测定方案的最优化研究(一)

曹胜炎 魏明新 彭中镇 (华中农业大学, 武汉, 430070)

性能测定是一种重要的测定制度, 当据其进行选种时, 存在着如何使测定方案最优化的问题。

对于一个畜禽核心育种群, 当采用性能测定在公母畜中都进行直接选择时, 其每代的遗传进展为

$$\Delta G = \frac{1}{2}(i_1 + i_2)h\sigma_g \quad (1)$$

当在公母畜中均采用合并选择时, 遗传进展为

$$\Delta G = \frac{1}{2}(i_1Q + i_2R)\sigma_g \quad (2)$$

其中 i_1 、 i_2 分别是公母畜的选择强度, Q 、 R 分别是在公畜和母畜中进行合并选择的准确度。

一、测定规模已定时测定方案的最优化

设核心育种场的测定规模为 T (或栏舍数), 每栏若养公畜可养 k_1 头, 养母畜可养 k_2 头, 每世代留种的公母畜数分别为 s 和 d 头, 参加性能测定的后备公母畜数分别为 S 和 D 头, 以 p_1 、 p_2 分别表示公母畜的留种率, 则

$$S/k_1 + D/k_2 = T$$

由于 $p_1 = s/S$ 、 $p_2 = d/D$ 、因此

$$S/(k_1 p_1) + d/(k_2 p_2) = T \quad (3)$$

于是, 根据选择强度与留种率的近似关系式(曹胜炎等, 1988), 在(3)式的约束下分别求(1)、(2)式的极大值可以得到: (i) 当对某性状在公母畜中都直接选择时, 最优留种率近似为

$$p_1 = \frac{sk_2(b_1 + b_2)}{b_1k_1(k_2T - d) + Sb_2k_2} \quad (4)$$

$$p_2 = \frac{dk_1(b_1 + b_2)}{b_2k_2(k_1T - s) + db_1k_1}$$

(ii) 当对某性状在公母畜中均进行合并选择时, 最优留种率近似为

$$p_1 = \frac{sk_2(b_1Q + b_2R)}{b_1k_1Q(k_2T - d) + Sb_2k_2R} \quad (5)$$

$$p_2 = \frac{dk_1(b_1Q + b_2R)}{b_2k_2R(k_1T - S) + db_1k_1Q}$$

其中 b_1 、 b_2 是给定的常数, 利用(4)、(5)两式计算最优留种率时, 可由实际数据代入式中, 并先取 $b_1 = b_2 = 0.4201$; 若计算出的留种率 $0.015 \leq p_i \leq 0.5$ ($i = 1, 2$), 则该留种率即为最优留种率的近似值; 否则, 重取 $b_1 = 0.3746$ 、 $b_2 = 0.4201$, 用上式计算最优留种率。

留种率得到后, 由 $S = s/p_1$ 、 $D = d/p_2$ 可得到进行性能测定的后备公母畜的最佳头数, 据此可制订性能测定的最佳测定方案。

二、测定总费用受限时测定方案的最优化