

## 利用多性状混合模型估计猪繁殖性状的遗传参数

王楚端 马卫东 陈清明 赵宏志 李振宽

(中国农业大学动物科技学院)

(天津市宁河原种猪场)

**摘要** 目前在猪繁殖力性状的遗传评定中,应用多性状混合模型可比单性状混合模型提高遗传评定的准确度。应用多性状混合模型对丹系长白猪5个主要繁殖力性状的遗传参数进行估计分析。结果表明总产仔数、产活仔数、初生窝重、断奶活仔数及断奶窝重的遗传力分别为0.02, 0.03, 0.03, 0.05及0.07。断奶窝重与其他4个性状之间存在较大的遗传相关。初生窝重与产活仔数之间存在很高的遗传负相关(-0.65)。因此,为了提高繁殖性状的综合选择效果,建议应用多性状混合模型进行遗传参数及育种选择的估计。

**关键词** 遗传力; 遗传相关; 总产仔数; 窝重; 方差组分

中图分类号 S813.22

## Use of Multi-trait Mixed Models for Estimating Genetic Parameters of Reproductive Traits in Danish Landrace

Wang Chudian Ma Weidong Chen Qingming

(College of Animal Science and Technology, CAU)

Zhao Hongzhi Li Zhenkuan

(Tianjin Ninghe Pig Breeding Farm)

**Abstract** Single trait mixed models have been dominantly utilized for genetic evaluation of the reproductive traits in swine. However, employing a multiple trait approach may lead to more accurate genetic evaluations. For 5 litter size and litter weight traits of Danish Landrace, genetic parameters were estimated using a multiple trait mixed model. The heritability estimates were 0.02, 0.03, 0.03, 0.05 and 0.07 for litter size (TNB), litter size born alive (NBA), litter weight (LW), litter size at weaning (LSW) and litter weight at weaning (LWW), respectively. Large positive environmental correlation estimates were obtained between LWW and the other four traits. There was a negative genetic correlation (-0.65) between LW and NBA. This study suggests simultaneous selection for two or more traits using multivariate mixed models is appropriate to improve overall reproductive response.

**Key words** heritability; genetic correlation; litter size; litter weight; variance component

随着胴体瘦肉率逐渐达到最佳水平,猪繁殖性能的遗传改良比以往更加重要,而准确的遗传参数对估计育种值、预测遗传进展及优化育种方案都是必不可少的。目前在猪繁殖力性状的遗传评定中,主要应用单性状混合模型。但多性状的联合分析能够充分利用由相关性状提供的间接信息,减少系统误差,从而提高遗传评定的准确度<sup>[1,2]</sup>。多性状模型的应用还能够降低预测

收稿日期: 2000-12-13

天津市“九五”攻关项目“丹系长白猪选育新技术的研究”

王楚端,北京圆明园西路2号中国农业大学(西校区),100094

误差的变异程度<sup>[3]</sup>。

本研究利用多性状混合模型对丹系长白猪的 5 个主要繁殖性状进行参数分析。

## 1 理论与方法

### 1.1 数据

数据来自天津宁河丹系长白猪核心育种群, 猪群饲养于半封闭式猪舍内, 根据丹系长白猪饲养标准配制的全价配合饲料进行饲养。经分析整理有 559 头母猪 993 窝产仔及哺乳纪录, 分析性状包括总产仔数(TNB), 产活仔数(NBA), 初生窝重(LW), 断奶活仔数(LSW)及断奶窝重(LWW)。其中, 断奶活仔数及断奶窝重预先校正为接近现场真实情况的 40 d 测定值。

### 1.2 模型

建立以下多性状混合模型:

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \end{pmatrix} = (I_5 \otimes X) \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \\ \beta_5 \end{pmatrix} + (I_5 \otimes Z) \begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \\ u_5 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \end{pmatrix}$$

其中  $y_i$  是性状 TNB ( $i=1$ ), NBA ( $i=2$ ), LW ( $i=3$ ), LSW ( $i=4$ ) 及 LWW ( $i=5$ ) 的观察值向量;  $\beta_i$  是 5 个性状相应的固定效应向量, 其中包括产仔年份(1992—1997), 产仔季节(春季, 秋季), 产仔胎次(1, 2, 3, 4, 5);  $u_i$  是随机遗传效应向量, 具有以下分布:

$$\begin{pmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \\ u_5 \end{pmatrix} \sim N \left( \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_{\alpha_1}^2 & \sigma_{\alpha_{12}} & \sigma_{\alpha_{13}} & \sigma_{\alpha_{14}} & \sigma_{\alpha_{15}} \\ & \sigma_{\alpha_2}^2 & \sigma_{\alpha_{23}} & \sigma_{\alpha_{24}} & \sigma_{\alpha_{25}} \\ & & \sigma_{\alpha_3}^2 & \sigma_{\alpha_{34}} & \sigma_{\alpha_{35}} \\ & & & \text{Sym.} & \sigma_{\alpha_4}^2 & \sigma_{\alpha_{45}} \\ & & & & & \sigma_{\alpha_5}^2 \end{pmatrix} \otimes A \right)$$

式中:  $A$  是亲缘系数矩阵;  $e_i$  是残差向量;  $X$  和  $Z$  是已知的对应于固定效应及随机效应的设计矩阵;  $\otimes$  表示矩阵的 Kronecker 乘积。

通常分析猪繁殖性状的动物模型中, 随机效应往往包括个体遗传效应、母体遗传效应及永久环境效应。在本研究中通过似然比率检验发现母体遗传效应及永久环境效应不显著, 所以没有包含在分析模型中。

本研究利用 MTDREML 程序分析方差及协方差组分的非求导约束最大似然估计。

## 2 结果与分析

### 2.1 胎次及产仔季节对母猪繁殖性能的影响

表 1 列出不同季节不同胎次 5 个繁殖性状最小二乘均数及标准误。所有性状从第 1 胎至第 4 胎呈增大趋势, 从第 5 胎开始有所下降。这在以前的研究中有类似的报道, 如猪产仔数随胎次逐渐增加, 到第 5 胎时达到最高, 然后逐渐下降<sup>[4]</sup>。不同产仔季节(春季及秋季)对母猪

产仔及哺乳性能没有显著影响( $P > 0.05$ )。

表1 不同季节及胎次母猪繁殖性能最小二乘均数 ± 标准误

项目	<i>n</i>	总产仔数	活产仔数	初生窝重	断奶活仔数	断奶窝重
季节		$F = 0.06$	$F = 0.02$	$F = 0.08$	$F = 0.80$	$F = 0.80$
春季	558	10.43 ± 0.22	9.50 ± 0.21	12.83 ± 0.29	8.91 ± 0.25	90.79 ± 2.43
秋季	341	10.37 ± 0.19	9.47 ± 0.18	12.93 ± 0.24	8.64 ± 0.23	88.48 ± 2.08
胎次		$F = 8.96^{***}$	$F = 9.27^{***}$	$F = 12.81^{***}$	$F = 5.51^{***}$	$F = 12.45^{***}$
1	398	9.36 ± 0.19 a	8.51 ± 0.18 a	11.18 ± 0.25 a	7.95 ± 0.22 a	77.21 ± 2.16 a
2	175	10.67 ± 0.27 b	9.88 ± 0.26 b	13.47 ± 0.34 b	9.44 ± 0.32 b	96.06 ± 2.80 b
3	171	10.45 ± 0.26 b	9.63 ± 0.24 b	12.85 ± 0.37 b	8.57 ± 0.29 c	87.07 ± 2.90 c
4	95	11.13 ± 0.36 b	9.94 ± 0.34 b	13.55 ± 0.45 b	8.70 ± 0.40 abc	94.10 ± 0.36 bc
5	90	10.40 ± 0.35 b	9.47 ± 0.33 b	13.34 ± 0.46 b	9.19 ± 0.36 bc	93.74 ± 3.63 bc

同一项目同一列数据中含相同尾注者为差异不显著( $P > 0.05$ )。

\*  $P < 0.05$     \*\*  $P < 0.01$     \*\*\*  $P < 0.001$ 。

## 2.2 遗传参数估计

表2列出5个性状遗传与环境的方差、协方差;表3列出相应的遗传力、遗传相关及环境相关。繁殖性状属于低遗传力性状,5个性状的遗传力估计都比较低,在0.02~0.07之间。TNB及NBA遗传力估计值和部分研究<sup>[5]</sup>的数据相近,明显低于利用单性状模型估计的结果(TNB 0.11~0.14<sup>[6]</sup>; NBA 0.07~0.08<sup>[7]</sup>)。Roehe与Kennedy<sup>[8]</sup>(1995)利用单性状模型得到的TNB、NBA及LSW的遗传力估计值分别为0.1~0.15, 0.09~0.14, 0.06~0.08,明显高于本研究结果。其他研究<sup>[5,9]</sup>也认为多性状模型的遗传力估计值低于单性状模型。这表明单性状模型的估计存在偏差。LW的遗传力估计值(0.03)高于利用包含母体遗传效应及永久环境效应的模型估计的结果(0.00)<sup>[10]</sup>。LSW的遗传力(0.05)明显高于TNB(0.02),LSW的遗传力估计可能会受仔猪寄养因素的影响而偏低<sup>[11]</sup>。

表2 丹系长白猪繁殖性状遗传及环境方差协方差组分估计

性状	总产仔数	产活仔数	初生窝重	断奶活仔数	断奶窝重
总产仔数	0.225(9.898)	0.020	0.115	-0.002	-1.050
产活仔数	6.267	0.165(5.771)	-0.136	-0.006	-0.175
初生窝重	-0.027	2.290	0.270(9.326)	-0.079	1.005
断奶活仔数	4.520	4.217	1.766	0.244(4.982)	-0.433
断奶窝重	35.716	33.144	12.943	44.859	39.339(546.897)

对角线为遗传(环境)方差,对角线以上是遗传协方差;对角线以下是环境协方差。

LW和其他4个性状之间存在较大的遗传协方差及相应的遗传相关(表3)。LW和TNB之间为遗传正相关(0.47),但LW和NBA之间为遗传负相关(-0.65)。由于TNB和NBA之间的差别是出生仔猪的死亡头数,所以LSW与TNB的遗传相关(-0.01)要小于LSW与NBA之间的遗传相关(-0.03)。所有性状之间的环境相关都大于零。TNB与NBA之间环境相关很高(0.83)而遗传相关较低(0.10)。同样NBA与LSW之间环境相关很高(0.79)而遗传

相关很低(- 0.03)。

表 3 丹系长白猪繁殖性状遗传力(对角线), 遗传相关(对角线以上)及环境相关(对角线以下)

性 状	总产仔数	产活仔数	初生窝重	断奶活仔数	断奶窝重
总产仔数	0.02	0.10	0.47	- 0.01	- 0.35
产活仔数	0.83	0.03	- 0.65	- 0.03	- 0.07
初生窝重	0.00	0.31	0.03	- 0.31	0.31
断奶活仔数	0.64	0.79	0.26	0.05	- 0.14
断奶窝重	0.48	0.58	0.18	0.85	0.07

### 3 结论

在估计遗传参数时, 模型的选择是至关重要的。关于母体遗传效应对繁殖性状的重要性, 不同的研究结果存在较大差别。一些研究<sup>[12, 13]</sup>中未发现母体遗传效应; 而另外一些研究<sup>[14, 15]</sup>认为在母体遗传效应很显著。对于NBA, 母体遗传效应及永久环境效应显著, 但对于LW, 母体遗传效应不显著<sup>[16]</sup>。有人利用系谱信息很丰富的数据进行分析, 认为母体遗传效应很小。这些差别可能部分受到仔猪寄养的影响, 同时个体遗传效应与母体遗传效应可能相互混淆<sup>[8]</sup>。

如前文所述, 多性状模型能够提高遗传估计的准确度, 有利于综合选择效果。例如, 在猪育种中, 产仔数的增加将导致仔猪出生体重的下降, 从而影响仔猪生长、提高仔猪死亡率<sup>[17]</sup>, 这时应该使用多性状模型进行遗传评定。

### 参 考 文 献

- 1 Ducrocq V. Multiple trait prediction: Principles and problems Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994, 18: 455~ 462
- 2 Li X, Kennedy B W. Comparison of genetic parameter estimates for growth rate and backfat for single and multiple trait models with and without genetic groups Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994, 18: 418~ 421
- 3 Schaeffer L R. Sire and cow evaluation under multiple trait models J Dairy Sci, 1984, 67: 1567~ 1580
- 4 Duc N V. Heritability and genetic and phenotypic correlations for number born alive between parities in Vietnamese Mong Cai and Large White Australia: Proc 6th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1998, 23: 543~ 546
- 5 Alfonso L, Noguera J L, Babot D, Estany J. Selection for litter size in swine using a multivariate animal model Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994, 17: 347~ 350
- 6 Estany J, Sorenson D. Comparison of alternative models for selection for litter size in Danish Landrace and Yorkshire breeds Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994: 17: 323~ 326
- 7 Boesch M, Roche R, Looft H, Kam E. Estimation of the genetic association between purebred and crossbred performance for litter size in pigs Australia: Proc 6th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1998, 23: 595~ 598

- 8 Roehe R, Kennedy B W. Estimation of genetic parameters for litter size Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated different trait J Anim Sci, 1995, 73: 2959~ 2970
- 9 Benival B K, Hastings IM, Thmpson R, Hill W G. Univariate and bivariate REML analysis with an animal model for litter size in mice Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994, 17: 502~ 504
- 10 Silio L, Rodriguez M C, Toro M A, Rodriganez J. Maternal and individual genetic effects on piglet weight Canada: Proc 5th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1994, 17: 355~ 358
- 11 Johansson K, Kennedy B K. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in pigs. Acta Agric Scand, 1985, 35: 421~ 431
- 12 Mercer J T, Crump R E. Genetic parameter estimates for reproduction traits in purebred Landrace pigs USA: Proc 4th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1990, 15: 489~ 492
- 13 Perez-Enciso M, Gianola D. Estimates of genetic parameters for litter size in six strains of Iberian pigs Livest Prod Sci, 1992, 32: 283~ 293
- 14 Southwood O I, Kennedy B W. Estimation of direct and maternal genetic variance for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine using an animal model J Anim Sci, 1990, 63: 1841~ 1847
- 15 Irgang R, Kennedy B W. Genetic parameters for litter size of different parities in duroc, Landrace, and large white sows J Anim Sci, 1994, 72: 2237~ 2246
- 16 Ferraz J B S, 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 Anim Sci, 1993, 71: 850~ 858
- 17 Roehe R. Estimation of crossbreeding parameters of birth weight and litter size in swine using bayesian analysis Australia: Proc 6th World Cong Genet Appl Livest Prod, 1998, 23: 523~ 526