

[文章编号] 1007-7405(2013)05-0321-08

## 32个大黄鱼家系早期阶段生长性状比较及遗传参数估计

韦信键<sup>1,2</sup>, 刘贤德<sup>1,2</sup>, 王志勇<sup>1,2</sup>

(1. 集美大学水产学院, 福建 厦门 361021; 2. 农业部东海海水健康养殖重点实验室, 福建 厦门 361021)

**[摘要]** 利用不平衡巢式设计方法构建了32个大黄鱼家系(包括15个父系半同胞家系和2个母系半同胞家系), 培育至1月龄和6月龄时, 分别从每个家系中随机抽取30尾, 测量全长和体重, 比较不同家系的生长性能, 并进行遗传参数估计. 结果表明: 1) 1月龄以家系f505生长最快, 6月龄以家系f215生长最快, 筛选出快速生长家系3个(家系f215、f301和f312)、生长较快家系11个(家系f201、f424、f202、f309、f310、f402、f307、f311、f406、f418和f314); 2) 1月龄大黄鱼的全长和体重的遗传力分别为(0.67±0.18)、(0.79±0.10), 6月龄全长和体重的遗传力分别为(0.31±0.31)和(0.40±0.32); 3) 1月龄和6月龄大黄鱼体重和全长2个生长性状之间表型和遗传均高度相关, 相关的范围分别为0.83~0.90和0.97~0.98. 本研究结果表明, 大黄鱼生长性状具有较大的遗传改良空间和选育潜力.

**[关键词]** 大黄鱼; 家系; 生长性能; 遗传参数

**[中图分类号]** S917.4

**[文献标志码]** A

### The Comparison of Growth-related Traits in the Early Stage and Its Genetic Parameter Estimation of 32 Large Yellow Croaker Families *Larimichthys crocea*

WEI Xin-jian<sup>1,2</sup>, LIU Xian-de<sup>1,2</sup>, WANG Zhi-yong<sup>1,2</sup>

(1. Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China; 2. Key Laboratory of Mariculture in the East China Sea, Ministry of Agriculture of China, Xiamen 361021, China)

**Abstract:** Using unbalanced nested design methods and artificial insemination technology to build 32 large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) families as based materials (including 15 paternal half-sib families and 2 maternal half-sib families) in the Genetics and Breeding Research Base of large yellow croaker of JMU in the fall of 2011. Thirty individuals of *L. crocea* were sampled randomly from each family at one-month-old and six-month-old and the full length and body mass of *L. crocea* were measured. Variance analysis and comparison of growth performance was performed among the pedigrees at their different growth stages. The genetic parameters of two growth-related traits for *L. crocea* were estimated with two traits animal model by ASReml 4.0 software. Results showed: f505 and f215 were respectively the fastest-growing families at one-month-old and at six-month-old. The three fastest growth families (f215, f301 and f312) and the eleven faster growth families (f201, f424, f202, f309, f310, f402, f307, f311, f406, f418 and f314) were obtained at six-

[收稿日期] 2013-04-09

[修回日期] 2013-05-29

[基金项目] 国家863计划项目(2012AA10A403); 公益性行业(农业)科研专项(200903029-04); 福建省高校水产动物遗传育种科技创新团队项目

[作者简介] 韦信键(1984—), 男, 硕士, 从事水生生物遗传育种和生物技术研究. 通讯作者: 王志勇(1963—), 男, 教授, 博导, E-mail: zywang@jmu.edu.cn.

month-old. Heritability estimated for the full length and body mass of *L. crocea* were  $(0.67 \pm 0.18)$  and  $(0.79 \pm 0.10)$  at one-month-old, and  $(0.31 \pm 0.31)$  and  $(0.40 \pm 0.32)$  at six-month-old, respectively. The phenotypic and genetic correlations between the two growth-related traits were highly positive, which were respectively in the range of 0.83 to 0.90 and 0.97 to 0.98. This study indicated that growth-related traits should respond well to selection in *L. crocea*.

**Key words:** *Larimichthys crocea*; pedigree; growth-related traits; genetic parameters

## 0 引言

进行遗传参数估计的目的在于,探知如何利用从当前群体中获得的观测结果来预测任一特定育种方法的结果<sup>[1]</sup>,它作为基因型选种的基础以及育种规划的重要参数和前提条件,一直是遗传育种学家所追求的目标之一<sup>[2]</sup>.特别是Henderson<sup>[3-4]</sup>在1975年提出及应用到育种值估计当中的最佳线性无偏预测方法(Best Linear Unbiased Prediction, BLUP),对于鱼类遗传参数和育种值估计等具有重要意义.目前遗传参数估计的主流方法主要是约束最大似然法(Restricted Maximum Likelihood, REML)和贝叶斯法(Bayesian),但这些估计方法都涉及较多复杂的算法. ASReml 遗传分析最初由 Arthur Gilmour 开发用于动物育种体系的评估,它通过解混合线性模型方程组(Mixed Model Equations, MME)来估计固定效应值和预测随机效应,采用平均信息算法(Average Information, AI)<sup>[5]</sup>对误差方差协方差矩阵和随机效应方差协方差矩阵进行有效处理.在处理大量不平衡数据、充分利用系谱信息、处理多个固定效应和随机效应方面更具优势<sup>[6-7]</sup>.值得关注的是动物模型 BLUP 法在国外水产动物选择育种中已得到较广泛应用,例如,应用于尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)<sup>[8]</sup>、大西洋鲑(*Oncorhynchus kisutch*)<sup>[9]</sup>、虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)<sup>[10]</sup>、鲤鱼(*Cyprinus carpio*)<sup>[11]</sup>等的生长性状遗传参数评估.近年来国内在牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)<sup>[12]</sup>、哲罗鲑(*Hucho taimen*)<sup>[13]</sup>、大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)<sup>[14]</sup>、大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)<sup>[15-16]</sup>和虹鳟(*O. mykiss*)<sup>[17]</sup>等经济鱼类的遗传参数估计也取得了一定进展.

家系选育作为选择育种的方法之一,主要通过增加育种群体内有价值的基因频率来达到提高和稳定主要经济性状的目的.国内研究者已对部分水产经济动物进行较大规模的家系构建及生长性能研究,并取得较好的选育效果.如在半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)<sup>[18]</sup>、大菱鲆(*S. maximus*)<sup>[19]</sup>、虹鳟(*O. mykiss*)<sup>[20]</sup>、尼罗罗非鱼(*O. niloticus*)<sup>[21]</sup>、牙鲆(*P. olivaceus*)<sup>[22]</sup>等已有不少报道.本课题组较早对大黄鱼采用群体选育及结合雌核发育技术对大黄鱼进行了遗传改良,获得良好的选育成果<sup>[23]</sup>,并利用部分家系或群体对大黄鱼40日龄、13月龄和20月龄的生长性状的遗传参数进行了估计<sup>[24-26]</sup>.本研究拟构建较大数量大黄鱼全同胞及半同胞家系,利用多性状动物模型 Reml 方法对1月龄和6月龄的生长性状遗传参数进行估计,旨在了解大黄鱼不同生长阶段遗传参数的变化情况,为进一步的育种工作提供必要的参考资料.

## 1 材料与方 法

### 1.1 亲鱼来源和鱼苗培育

#### 1.1.1 亲鱼来源

为减少亲本之间的亲缘关系,分别从位于宁德市官井洋青山岛、东吾洋沙江镇和福州市罗源湾3个养殖区的不同养殖群体(苗种分别来源于不同的育苗场)采集亲本,从中挑选健康无病、体型和性腺发育良好的2龄亲鱼作为亲本,亲鱼的体重及体长范围分别为331.90~906.90 g和23.50~34.70 cm.

#### 1.1.2 家系构建、鱼苗培育及生长性能测定

亲鱼在室内进行暂养后,通过注射促黄体素释放激素 $A_3$ (Luteinizing Hormone Releasing Hormone  $A_3$ , LHRH- $A_3$ ) 4~6  $\mu\text{g}/\text{kg}$ 进行催产,采用人工授精的方法构建家系,共建立32个家系(包括15

个父系半同胞家系和2个母系半同胞家系)。

从受精卵至鱼苗期在0.5 m<sup>3</sup>圆形玻璃钢桶中培育,每个家系放入同样数量的受精卵(48.50 g),并根据各桶中鱼苗数量的变动情况,每隔5 d进行1次密度调整,使各家系鱼苗数量保持一致。培育水温为(23.5 ± 0.5) °C,采用的饵料系列与大黄鱼常规室内育苗一样<sup>[23]</sup>。

至1月龄后,用活水船运至海区渔排网箱进行单独养殖,网箱规格为1.0 m × 1.0 m × 1.5 m,越冬期间保持投喂饵料,定期随机进行网箱位置调换。用海上网箱养殖至6月龄(即2012年5月鱼苗平均全长为(4.52 ± 0.70) cm,平均体重达到(0.78 ± 0.35) g)时,改用规格为2.0 m × 2.0 m × 2.0 m网箱进行单独养殖。

分别在鱼苗培育至1月龄和6月龄时,从每个家系随机抽取30尾进行生长性状数据采集及生长性能的测定,全长(从吻端到尾鳍末端)用游标卡尺测量(精确度0.01 cm),体重用电子天平称量(精确度0.001 g)。

用绝对增重率(Absolute Growth Rate of Body Weight, AGR<sub>w</sub>)评价不同家系的生长性能,公式为<sup>[18]</sup>:  $AGR_w(g/d) = (W_2 - W_1) / (T_2 - T_1)$ ,其中,  $W_1$ 和 $W_2$ 分别表示在 $T_1$ (30日龄)和 $T_2$ (180日龄)时的体重。

## 1.2 数据处理与分析

### 1.2.1 数据统计方法

用Excel软件对原始数据进行初步整理后,用SPSS17.0软件对各家系及整体数据进行正态分布检验(残差分布图符合ASReml 4.0软件对遗传参数估计的要求)。然后利用SAS 9.1软件对各个家系体重生长数据进行单因子方差分析(One-way ANOVA),经 $F$ 检验显著的,再使用SNK法进行多重比较,以 $P$ 值小于0.05作为差异显著性判别标准。

### 1.2.2 建立统计模型

按照ASReml 4.0软件要求的格式对数据进行整理,然后建立线性混合模型,并利用AIREML方法对生长性状的方差组分及遗传力进行估计,动物育种值的估计分析模型为两性状动物模型<sup>[27]</sup>:

$$\begin{cases} Y_{1ijk} = \mu + t_i + a_j + f_k + e_{ijk} \\ Y_{2ijk} = \mu + t_i + a_j + f_k + e_{ijk} \end{cases}$$

其中, $Y_{1ijk}$ 和 $Y_{2ijk}$ 分别为第1个和第2个生长性状的观测值, $\mu$ 为总体平均值, $t_i$ 表示第 $i$ 个场地固定效应, $a_j$ 表示第 $j$ 个个体的加性效应, $f_k$ 表示全同胞随机效应, $e_{ijk}$ 表示随机误差(其中, $i=2$ 为不同的两个场地; $j=1,2,3,\dots$ 为子代个体数, $k=1,2,3,\dots$ 为家系数或母本数)。

两个性状动物模型的矩阵形式为: $y_i = X_i b_i + Z_i u_i + e_i$ ,其中, $y_i$ 表示第 $i$ 个性状个观测值向量( $i=1,2$ ),同时 $p_i$ 固定效应与第 $i$ 个性状相联系,即 $X_i$ 为 $n_i \times p_i$ 结构矩阵, $b_i$ 为 $p_i \times 1$ 维列固定效应向量, $X_i$ 和 $Z_i$ 分别表示第 $i$ 个性状固定效应和随机效应的关联矩阵。

### 1.2.3 遗传参数计算公式

遗传力的计算公式为<sup>[5,27]</sup>:  $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_j^2 + \sigma_e^2)$ ,其中, $\sigma_a^2$ 为加性遗传方差组分, $\sigma_j^2$ 为家系方差组分, $\sigma_e^2$ 为随机误差方差组分。

遗传或表型相关计算公式<sup>[5,27]</sup>:  $r_{P/G(ab)} = \sigma_{P/G(ab)} / \sqrt{\sigma_{P/G(a)}^2 \sigma_{P/G(b)}^2}$ ,其中, $\sigma_{P/G(ab)}$ 表示两性状间表型或遗传协方差, $\sigma_{P/G(a)}^2$ 和 $\sigma_{P/G(b)}^2$ 分别表示性状 $a$ 和性状 $b$ 的表型或遗传方差组分。

## 2 结果

### 2.1 生长性状表型参数

对1月龄和6月龄大黄鱼32个家系测得的全长和体重表型数据,如表1所示。其中,体重变异系数最大,1月龄和6月龄的变异系数分别达到0.43和0.45;全长变异系数相对较小,二者介于

0.15 ~ 0.19, 表明以体重生长性状为选育指标具有较大的遗传改良空间.

表 1 1、6 月龄大黄鱼家系生长性状的表型数据

Tab.1 The growth-related traits phenotypic data of total length and body weight in one-month-old and six-month-old of large yellow croaker

项目 Item	月龄/月 Month old/month	个体数/个 Quantity of individuals/ind	最小值 Minimum	最大值 Maximum	平均值 ± 标准差 Mean ± SD	变异系数 CV
全长 TL/cm	1	918	0.72	3.16	1.96 ± 0.38	0.19
	6	938	2.70	7.10	4.52 ± 0.70	0.15
体重 BW/g	1	918	0.01	0.17	0.07 ± 0.03	0.43
	6	938	0.18	2.74	0.78 ± 0.35	0.45

### 2.2 不同生长时期家系全长及体重的差异分析及多重比较

对各个家系 1 月龄和 6 月龄的全长及体重进行方差分析, 结果显示, 不同家系之间差异甚大,  $F$  检验均达到极显著水平 ( $P < 0.01$ , 见表 2), 表明不同家系间生长的差异在早期已明显体现.

表 2 大黄鱼 32 个家系不同生长阶段的全长及体重方差分析

Tab.2 ANOVA for total length and body weight among 32th families of large yellow croaker at different growth stages

项目 Item	月龄/月 Month old/month	变异来源 Variation source	自由度 df	平方和 Sum of squares	均方 Mean square	$F$ 值 $F$ value	$P$ 值 $P$ value
全长 TL/cm	1	模型( Model)	31	62.35	2.01	24.50	0.00
		误差( Error)	886	72.75	0.08		
		总和( Total)	917	135.11			
	6	模型( Model)	31	222.19	7.17	27.56	0.00
		误差( Error)	906	235.60	0.26		
		总和( Total)	937	457.79			
体重 BW/g	1	模型( Model)	31	0.54	0.02	50.18	0.00
		误差( Error)	886	0.31	0.00		
		总和( Total)	917	0.84			
	6	模型( Model)	31	57.56	1.86	28.44	0.00
		误差( Error)	906	59.16	0.07		
		总和( Total)	937	116.72			

多重比较分析的结果显示 ( 见表 3): 大黄鱼不同家系鱼苗生长速度差异十分明显, 1 月龄时家系 f212、f206、f312 和 f424 平均体重较小 ( 小于 0.040 g), 家系 f310、f301、f503 和 f505 平均体重较大 ( 大于 0.100 g), 它们与其他家系比较均达到差异显著水平 ( $P < 0.05$ ), 其中家系 f503 和 f505 体重平均值 ( 0.109 g) 比家系 f212 和 f206 体重均值 ( 0.024 g) 要高 4.5 倍以上; 6 月龄时家系 f215、f301 和 f312 平均体重按照从大到小排序在前三位, 家系 f501、f510、f508、f512 和 f502 平均体重较小, 它们与其他 24 个家系的平均值比较均达到差异显著或极显著水平 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ ), 其中家系 f215 平均体重 ( 1.286 g) 比家系 f501 ( 0.356 g) 高了 3.61 倍. 按照 10.0% 家系间选择率及结合 6 月龄绝对增重率作为不同家系生长性能评价依据, 可将家系 f215、f301 和 f312 确定为快速生长家系, 将家系 f201、f424、f202、f309、f310、f402、f307、f311、f406、f418 和 f314 划分为生长较快家系. 值得注意的是, 各家系 1 月龄与 6 月龄体重的排序并不一致, 其中家系 f310、f501 和 f505 在 1 月龄时属于平均体重最大的家系, 但 6 月龄时平均体重则只居于中等行列; 家系 f212、f206、f312 和 f424 1 月龄时属于平均体重最小行列, 但在 6 月龄时则属于平均体重中等或最大的家系列行.

### 2.3 生长性状的方差组分和遗传力

用两性状动物模型分析表型数据, 获得 1 月龄和 6 月龄各性状的方差组分和遗传力估计值, 结果如表 4 所示, 1 月龄鱼苗全长和体重的遗传力分别为 ( 0.67 ± 0.18) 和 ( 0.79 ± 0.10), 均属于高遗传力, 6 月龄全长和体重的遗传力分别为 ( 0.31 ± 0.31) 和 ( 0.40 ± 0.32), 均属于中等遗传力, 表明在

加性效应控制下, 大黄鱼全长和体重 2 个生长性状具有较大的遗传改良潜力, 且随着生长期推移遗传力呈现减小的趋势.

表 3 大黄鱼 32 个家系不同生长期体重的平均值及多重比较

Tab. 3 Means and multiple comparisons of major growth-related traits among 32 families of large yellow croaker at different growth periods

排序 Sorting	1 月龄 One-month-old			6 月龄 Six-month-old		
	家系编号 Family number	体重 BW/g	绝对增重率 AGR <sub>w</sub>	家系编号 Family number	体重 BW/g	绝对增重率 AGR <sub>w</sub>
1	f505	0.110 ± 0.010 <sup>a</sup>	0.0037	f215	1.286 ± 0.285 <sup>a</sup>	0.0077
2	f503	0.108 ± 0.010 <sup>a</sup>	0.0036	f301	1.233 ± 0.355 <sup>ab</sup>	0.0074
3	f301	0.103 ± 0.030 <sup>ab</sup>	0.0034	f312	1.179 ± 0.584 <sup>abc</sup>	0.0071
4	f310	0.099 ± 0.033 <sup>abc</sup>	0.0033	f201	1.113 ± 0.260 <sup>bcd</sup>	0.0067
5	f508	0.093 ± 0.005 <sup>bcd</sup>	0.0031	f424	1.049 ± 0.357 <sup>cde</sup>	0.0063
6	f402	0.093 ± 0.025 <sup>bcd</sup>	0.0031	f202	1.039 ± 0.296 <sup>cdef</sup>	0.0062
7	f215	0.092 ± 0.027 <sup>bcd</sup>	0.0031	f309	1.024 ± 0.276 <sup>c g</sup>	0.0061
8	f502	0.088 ± 0.007 <sup>cd</sup>	0.0029	f310	0.987 ± 0.287 <sup>defg</sup>	0.0059
9	f401	0.086 ± 0.025 <sup>cd</sup>	0.0029	f402	0.957 ± 0.227 <sup>d h</sup>	0.0057
10	f404	0.083 ± 0.033 <sup>d</sup>	0.0028	f307	0.913 ± 0.195 <sup>e j</sup>	0.0055
11	f406	0.082 ± 0.023 <sup>d</sup>	0.0027	f311	0.886 ± 0.300 <sup>e j</sup>	0.0053
12	f512	0.071 ± 0.005 <sup>e</sup>	0.0024	f406	0.869 ± 0.242 <sup>e j</sup>	0.0053
13	f510	0.070 ± 0.009 <sup>ef</sup>	0.0023	f418	0.839 ± 0.24 <sup>1f j</sup>	0.0051
14	f509	0.068 ± 0.010 <sup>efg</sup>	0.0023	f314	0.831 ± 0.253 <sup>ghij</sup>	0.0050
15	f202	0.065 ± 0.018 <sup>efgh</sup>	0.0022	f210	0.779 ± 0.217 <sup>hijk</sup>	0.0047
16	f511	0.064 ± 0.005 <sup>efgh</sup>	0.0021	f401	0.745 ± 0.262 <sup>ijkl</sup>	0.0045
17	f418	0.064 ± 0.024 <sup>efgh</sup>	0.0021	f303	0.738 ± 0.218 <sup>ijkl</sup>	0.0044
18	f210	0.061 ± 0.013 <sup>efgh</sup>	0.0020	f313	0.738 ± 0.218 <sup>ijkl</sup>	0.0045
19	f311	0.057 ± 0.023 <sup>efghi</sup>	0.0019	f404	0.726 ± 0.251 <sup>ijkl</sup>	0.0044
20	f507	0.056 ± 0.012 <sup>efghi</sup>	0.0019	f212	0.715 ± 0.307 <sup>i m</sup>	0.0043
21	f201	0.055 ± 0.018 <sup>efghi</sup>	0.0018	f511	0.635 ± 0.215 <sup>j n</sup>	0.0038
22	f307	0.055 ± 0.017 <sup>efghi</sup>	0.0018	f425	0.628 ± 0.129 <sup>j n</sup>	0.0038
23	f309	0.053 ± 0.021 <sup>ghij</sup>	0.0018	f507	0.612 ± 0.147 <sup>klmn</sup>	0.0037
24	f501	0.052 ± 0.013 <sup>ghij</sup>	0.0017	f505	0.601 ± 0.202 <sup>klmn</sup>	0.0036
25	f314	0.050 ± 0.020 <sup>hij</sup>	0.0017	f206	0.563 ± 0.176 <sup>k o</sup>	0.0034
26	f313	0.042 ± 0.022 <sup>ijk</sup>	0.0014	f503	0.560 ± 0.249 <sup>lmno</sup>	0.0034
27	f303	0.040 ± 0.022 <sup>jk</sup>	0.0013	f509	0.516 ± 0.190 <sup>mno</sup>	0.0031
28	f425	0.039 ± 0.017 <sup>jk</sup>	0.0013	f502	0.498 ± 0.166 <sup>nop</sup>	0.0030
29	f424	0.035 ± 0.019 <sup>kl</sup>	0.0012	f512	0.468 ± 0.181 <sup>nop</sup>	0.0028
30	f312	0.030 ± 0.014 <sup>kl</sup>	0.0010	f508	0.466 ± 0.144 <sup>nop</sup>	0.0029
31	f206	0.025 ± 0.014 <sup>l</sup>	0.0008	f510	0.390 ± 0.137 <sup>op</sup>	0.0024
32	f212	0.023 ± 0.009 <sup>l</sup>	0.0008	f501	0.356 ± 0.087 <sup>p</sup>	0.0022

说明: \* 在标识字母肩标时, 用逗号代替首尾字母之间省略了连续字母串, 数值右肩不同字母表示不同家系之间差异显著 ( $P < 0.05$ ) .

Notes: \* The right shoulder of mean value with the different letter are significantly different among the different families ( $P < 0.05$ ) , which used a comma in place of an omitted and continuous string of letters when the letter superscripts were indicated.

#### 2.4 性状之间表型相关和遗传相关

应用两性状动物模型估计性状间的表型相关和遗传相关, 结果如表 5 所示. 大黄鱼体重和全长 2 个生长性状表型相关和遗传相关的范围分别为 0.83 ~ 0.90 和 0.97 ~ 0.98, 二者都表现出高度的正相

关, 并且性状之间的表型相关和遗传相关基本一致. 因此, 其中任一性状都具备遗传选育代表性.

表 4 利用动物模型 Reml 方法估计的大黄鱼早期生长性状方差组分和遗传力

Tab. 4 The variance components and heritability estimated for growth-related traits of juvenile large yellow croaker using animal model and Reml method

性状 Traits	月龄/月 Month old/month	方差组分 Variances				遗传力 $h^2$
		$\sigma_p^2$	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_f^2$ or $\sigma_m^2$	
全长 TL/cm	1	0.1487	0.1000	0.0327	0.0158	0.67 ± 0.18
	6	0.3439	0.1072	0.1945	0.0422	0.31 ± 0.31
体重 BW/g	1	0.0009	0.0007	0.0000	0.0002	0.79 ± 0.10
	6	0.0854	0.0338	0.0411	0.0104	0.40 ± 0.32

表 5 利用动物模型 Reml 方法估计的大黄鱼早期生长性状遗传相关和表型相关

Tab. 5 The heritability estimated for growth-related traits of juvenile large yellow croaker using animal model and Reml method

项目 Item	1 月龄 1-month-old		6 月龄 6-month-old	
	全长 TL/cm	体重 BW/g	全长 TL/cm	体重 BW/g
全长 TL/cm		0.83 ± 0.02		0.90 ± 0.01
体重 BW/g	0.98 ± 0.02		0.97 ± 0.02	

说明: 对角线以上为表型相关, 对角线以下为遗传相关.

Notes: Phenotypic correlation above the diagonal, genetic correlation under the diagonal.

### 3 讨论

#### 3.1 大黄鱼家系构建及生长性能比较

家系选育作为传统选择育种手段之一, 在水产动物优良品种选育上应用广泛. 主要由于家系材料的遗传背景比较单一, 利用分子标记或测序技术可以有效地对家系亲本及子代的基因型进行判定, 在育种进程中将具有性状优势的等位基因或基因型进行富集, 能显著提高育种家系的生长性能, 可进一步应用于 QTL 定位、遗传连锁图谱构建和全基因组关联分析<sup>[28-29]</sup>. 本研究通过建立一定规模的大黄鱼家系, 对不同家系生长性状进行测定和比较, 结果表明不同大黄鱼家系鱼苗早期生长速度差异显著, 筛选出的 3 个 (f215、f301 和 f312) 快速生长家系, 其体重平均值比其余 29 个家系总体平均值超过了 68.29%, 表现出明显的生长优势, 这为培育长速较快的大黄鱼品系奠定了基础. 陈松林等<sup>[18]</sup>通过对半滑舌鲷家系筛选出的 2 个快速生长家系增重率比生长最慢家系分别高 113.00% 和 102.00%; 王新安等<sup>[19]</sup>比较获得了牙鲆不同生长阶段绝对体重增长率比最低的家系分别快 163.16%、209.52% 和 176.20% 的选育家系; 唐章生等<sup>[21]</sup>对吉富罗非鱼家系生长性能比较的结果显示, 选育家系生长速度比群体的均值高 18.00% 以上. 以上研究表明通过家系选育的途径进行快长品系选育是有效的. 鉴于不同家系鱼苗的生长差异受到大黄鱼亲本基因型等自身遗传背景和养殖环境、管理方式等外部因素的共同影响, 本实验结果显示在不同月龄各个家系的体重表型值排序存在不一致, 不同生长时期家系间生长性能差异较大, 表明大黄鱼生长性状遗传变异幅度较大, 对家系的选留时间应在生长性状完全表达后进行. 这一方面, 有利于与生长相关的优良基因累积; 另一方面, 造成不一致的原因除了受家系遗传差异引起外, 可能还受到环境因素的影响<sup>[20-21]</sup>. 因此, 为降低由养殖环境差异引起的误差, 可以采用基于电子标记或分子标记的手段辅助家系选育, 将有助于提高对大黄鱼生长性状遗传选择的准确性<sup>[20,30]</sup>.

#### 3.2 大黄鱼早期生长性状遗传参数的比较

本研究利用两个性状动物模型对大黄鱼 1 月龄和 6 月龄的生长性状进行遗传力评估, 分别获得大

黄色生长性状遗传力为 0.67~0.79 和 0.31~0.40, 分别属于高、中等遗传力。遗传力的估计值受遗传方差组分和环境方差组分的变化影响, 它被界定为特定条件下一个特定群体的遗传力。因此, 不同条件下遗传参数估计值取决于群体结构和环境条件的相似度<sup>[1]</sup>。由此也表明了实验设计方法、系谱资料及取样量、饲养方式、分析方法(应用分析软件、模型)等都会造成遗传力估计值偏差<sup>[1,12,17]</sup>。与本实验室前期王晓清等<sup>[24]</sup>对 40 日龄大黄鱼和刘贤德等<sup>[27]</sup>对 13 月龄大黄鱼养殖群体生长性状遗传参数估计所获得的遗传力相比较, 本次估计得到的 1、6 月龄大黄鱼生长性状的遗传力偏大, 且随着月龄增加呈现降低的趋势。探究其原因可能是早期稚鱼生长发育阶段受到母性影响较大, 而实验家系数量较少、系谱深度浅、选育世代少等群体结构及家系始终单独养殖等环境因素差异, 造成无法将母性效应、加性效应和全同胞效应进行有效剖分有关<sup>[1,31]</sup>; 此外, 本次家系构建亲本来自不同地方、已经隔离繁殖多代的不同养殖群体, 与之前研究的群体相比, 所用亲本遗传差异较大、遗传多样性较丰富, 这也会影响到遗传参数估计结果。遗传力作为选择育种的重要遗传参数之一, 在鱼类的生长性状方面已经进行较多的研究, 如尼罗罗非鱼、大西洋鲑、虹鳟、鲤鱼、牙鲆、哲罗鲑、大口黑鲈、大菱鲆等早期生长性状遗传力分别为 0.15~0.41<sup>[8]</sup>、0.39~0.40<sup>[9]</sup>、0.36~0.72<sup>[10]</sup>、0.11~0.50<sup>[11]</sup>、0.30~0.39<sup>[12]</sup>、0.19~0.78<sup>[13]</sup>、0.26~0.31<sup>[14]</sup>及 0.25~0.61<sup>[15]</sup>, 评估结果多数显示为中、高遗传力, 与本研究对大黄鱼 6 月龄生长性状遗传力的估计值基本一致。

鱼类体长、体高及体重等生长性状之间通常表现出较高的表型或遗传正相关<sup>[10,15,34]</sup>。刘贤德等<sup>[33]</sup>采用通径分析方法对达到商品规格的大黄鱼研究此体重与其他生长性状之间的关系的结果显示, 体重与其他生长性状之间达到极显著相关( $P < 0.01$ )。本研究对 1 月龄和 6 月龄大黄鱼幼鱼全长和体重两个生长性状间表型相关和遗传相关分析的结果, 也都呈现高度的正相关, 这表明大黄鱼各个生长性状之间存在较好的一致性 or 协同性。一般认为, 这种相关或一致性是由于控制这些性状的基因存在“一因多效”, 或者是由于控制着不同性状的基因在染色体上紧密连锁引起的。在育种实践中可以利用性状间遗传相关性对某些遗传力低或难以度量的性状进行间接选择, 从而较快地获得选育效果。

致谢: 感谢澳大利亚联邦科学与工业研究组织(CSIRO)的著名海洋水产动物育种专家李玉桃教授在统计模型构建上给予的帮忙和指导, 以及感谢宁德市蕉城区黄盛锦、陈言清、黄莲莲和陈言郎等工作人员在大黄鱼家系构建及培育上提供的诸多帮助。

### [参考文献]

- [1] FALCONER D S, MACKAY T F C. Introduction to quantitative genetics [M]. 4th ed. Harlow: Pearson Education Limited, 1996: 82-83.
- [2] 张沅, 张勤. 畜禽育种中的线性模型 [M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1993: 15-27.
- [3] HENDERSON C R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation [J]. J Dairy Sci, 1974, 57(8): 963-972.
- [4] HENDERSON C R. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities [J]. J Dairy Sci, 1975, 58(12): 1910-1916.
- [5] 张勤. 动物遗传育种中的计算方法 [M]. 北京: 科学出版社, 2007: 58-76.
- [6] GILMOUR A R. ASReml for testing fixed effects and estimating multiple trait variance components [J]. Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet, 1997, 12: 386-390.
- [7] GILMOUR A R, THOMPSON R, CULLIS B. Average information REML: An efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models [J]. Biometrics, 1995, 51: 1440-1450.
- [8] HOOI L K, BOVENHUIS H, PONZONI R W, et al. Genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) selection line reared in two input environments [J]. Aquaculture, 2009, 294(1/2): 37-42.
- [9] ROBERTO N, DÍAZ N F, GALL G A E, et al. Genetic improvement in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*). I: Selection response and inbreeding depression on harvest weight [J]. Aquaculture, 2006, 257(1/4): 9-17.

- [10] FISHBACK A G, DANZMANN R G, FERGUSON M M, et al. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees [J]. *Aquaculture*, 2002, 206(3/4): 137-150.
- [11] NIELSEN H M, JØRGEN Ø, OLESEN I, et al. Genetic analysis of common carp (*Cyprinus carpio*) strains I: Genetic parameters and heterosis for growth traits and survival [J]. *Aquaculture*, 2010, 304: 14-21.
- [12] 刘永新, 刘海金. 不同模型估计牙鲈家系间生长性状遗传参数的比较分析 [J]. *渔业科学进展*, 2010, 31(1): 40-47.
- [13] 王俊, 匡友谊, 佟广香. 不同温度下哲罗鲑幼鱼生长性状的遗传参数估计 [J]. *中国水产科学*, 2011, 18(1): 75-82.
- [14] 李榕, 白俊杰, 李胜杰. 大口黑鲈生长性状的遗传参数和育种值估计 [J]. *中国水产科学*, 2011, 18(4): 766-773.
- [15] 马爱军, 王新安, 雷霖霖. 大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) 不同生长阶段体重的遗传参数和育种值估计 [J]. *海洋与湖沼*, 2009, 40(2): 187-194.
- [16] 张庆文, 孔杰, 栾生, 等. 大菱鲆 25 日龄 3 个经济性状的遗传参数评估 [J]. *海洋水产研究*, 2008, 29(3): 53-56.
- [17] 刘宗岳, 高会江, 白秀娟. 应用不同模型估计虹鳟生长性状的遗传参数 [J]. *水产学杂志*, 2009, 22(1): 10-14.
- [18] 陈松林, 杜民, 杨景峰. 半滑舌鳎家系建立及其生长和抗病性能测定 [J]. *水产学报*, 2010, 34(12): 1669-1704.
- [19] 王新安, 马爱军, 雷霖霖, 等. 大菱鲆不同家系生长性能的比较 [J]. *海洋科学*, 2011, 35(4): 1-8.
- [20] 卢国, 谷伟, 白庆利. 电子标记辅助虹鳟家系建立及快速生长家系筛选 [J]. *中国水产科学*, 2012, 19(1): 77-83.
- [21] 唐章生, 林勇, 黎筠, 等. 吉富罗非鱼不同家系的生长性状差异 [J]. *广西师范大学学报: 自然科学版*, 2011, 29(3): 74-79.
- [22] 田永胜, 陈松林, 徐田军, 等. 牙鲈不同家系生长性能比较及优良亲本选择 [J]. *水产学报*, 2009, 33(6): 901-911.
- [23] 全国水产技术推广总站编制. 2010 水产新品种推广指南 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2011: 82-99.
- [24] 王晓清, 王志勇, 何湘蓉. 大黄鱼 40 日龄体长和体重遗传力估计 [J]. *集美大学学报: 自然科学版*, 2010, 15(1): 7-10.
- [25] LIU X D, SUI B L, WANG Z Y, et al. Estimated reproductive success of brooders and heritability of growth traits for large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) using microsatellites [J]. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 2011, 29(5): 990-995.
- [26] LIU X D, ZHAO G T, CAI M Y. Estimated genetic parameters for growth-related traits in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) using microsatellites to assign parentage [J]. *Journal of Fish Biology*, 2012: 1-8.
- [27] GILMOUR A R, GOGEL B J, CULLIS B R, et al. ASReml User Guide Release 4.0 VSN International Ltd [CP/DK]. HPI 1ES UK: Hemel Hempstead, 2012.
- [28] WANG C M, LO L C, ZHU Z Y, et al. A genome scan for quantitative trait loci affecting growth-related traits in an F1 family of Asian seabass (*Lates calcarifer*) [J]. *BMC Genomics*, 2006, 7: 274.
- [29] JURG O, YOICHIRO K, MARK L. Family-based designs for genome-wide association studies [J]. *Genetics*, 2011, 12: 465-474.
- [30] 孙效文, 鲁翠云, 贾智英, 等. 水产动物分子育种研究进展 [J]. *中国水产科学*, 2009, 16(6): 981-990.
- [31] MARTINEZA V, NEIRAB R, GALLC G A E. Estimation of genetic parameters from pedigreed populations: lessons from analysis of alevin weight in Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) [J]. *Aquaculture*, 1999, 180(3/4): 223-236.
- [32] 王金玉, 陈国宏. 数量遗传与动物育种 [M]. 南京: 东南大学出版社, 2004: 79-86.
- [33] 刘贤德, 蔡明夷, 王志勇, 等. 闽-粤东族大黄鱼生长性状的相关与通径分析 [J]. *中国海洋大学学报: 自然科学版*, 2008, 38: 916-920.
- [34] 田永胜, 徐田军, 陈松林, 等. 三个牙鲈育种群体亲本效应及遗传参数估计 [J]. *海洋学报*, 2009, 31(6): 120-129.

(责任编辑 朱雪莲 英文审校 张子平)