

王淞灏, 刘卓, 刘晨曦, 等. 梅山猪高产专门化品系选育与皮梅、大梅配合力测定对比分析 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (12): 9-16.

WANG S H, LIU Z, LIU C X, et al. Breeding of high yield specialized line of Meishan pig and comparative analysis of body size characters of PM and LWM pigs [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (12): 9-16.

## 梅山猪高产专门化品系选育与皮梅、大梅配合力测定对比分析

王淞灏<sup>1</sup>, 刘卓<sup>1</sup>, 刘晨曦<sup>1</sup>, 刘倩<sup>1</sup>, 金雪霞<sup>2</sup>, 王靖<sup>2</sup>, 吴佳珉<sup>2</sup>,  
周腾彬<sup>2</sup>, 沈永杰<sup>2</sup>, 黄瑞华<sup>1</sup>, 李平华<sup>1\*</sup>

(1. 农业农村部畜禽资源(猪)评价利用重点实验室(南京)/南京农业大学养猪研究所, 江苏 南京 210014;

2. 昆山市畜牧兽医站, 江苏 昆山 215301)

**摘要:** 旨在提升苏梅猪配套系中梅山猪高产专门化品系(M系)的产仔数并对配合力测定工作的部分研究进展进行报告, 为苏梅猪配套系培育提供基础。本试验采用rs332069453突变位点结合母系指数选育方法, 对M系1~3世代群体进行持续选育, 跟踪统计初产总产仔数(TNB); 进一步在2个试验场(场一、场二)开展配合力测定工作, 2个试验场采用不同饲养方式, 以M系3世代母猪为母本, 分别与皮特兰和大白公猪杂交, 产生杂交后代皮梅猪(PM)和大梅猪(LWM)并进行体重与体尺测定, 比较不同杂交组合的生长性能及不同饲养方式下的表现差异。结果: 经3个世代选育, M系猪后备猪候选群体rs332069453位点优势等位基因C频率从1世代的0.37升至3世代的0.68, 3世代梅山猪后备群体平均总产仔数为13.7头, 相较于1世代梅山猪后备群体平均总产仔数12.0头, 提升了1.7头; 通过配合力测定工作发现, 场一6月龄测定中, LWM体长极显著大于PM( $P<0.01$ ), PM管围显著大于LWM( $P<0.05$ ); 场二6月龄测定中, PM体重和管围均显著高于LWM( $P<0.05$ ), 其余体尺性状无显著差异, 但相较于梅山猪的体重与体尺性状差异显著。综上, 基于分子标记的选育可有效提高梅山猪繁殖性能, 杂交对梅山猪的体型劣势很大程度上进行了弥补。结合体型性状和当前优质肉市场对黑毛色的偏爱, 选择体型好、毛色黑、肢蹄强的PM作为苏梅猪配套系的优质二元母本, 相关试验结果为配套系选育奠定了扎实的基础。

**关键词:** 配套系; 总产仔数; 体重与体尺

**中图分类号:** S813.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2025)12-0009-08

### Breeding of high yield specialized line of Meishan pig and comparative analysis of body size characters of PM and LWM pigs

WANG Songhao<sup>1</sup>, LIU Zhuo<sup>1</sup>, LIU Chenxi<sup>1</sup>, LIU Qian<sup>1</sup>, JIN Xuexia<sup>2</sup>, WANG Jing<sup>2</sup>, WU Jiamin<sup>2</sup>,  
ZHOU Tengbin<sup>2</sup>, SHEN Yongjie<sup>2</sup>, HUANG Ruihua<sup>1</sup>, LI Pinghua<sup>1\*</sup>

(1. Key Laboratory of Evaluation and Utilization of Live Stock and Poultry (PIG) Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs (Nanjing) /Institute of Swine Science, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210014, China;

2. Kunshan Animal Husbandry and Veterinary Station, Kunshan 215301, China)

**Abstract:** This study aimed to enhance the litter size of the high-yield specialized Meishan line (M line) within the Sumei pig synthetic lines and to report on the progress of ability-combining tests, thereby providing a foundation for the development of this system. The M line populations from generations 1 to 3 were continuously selected using a breeding method which integrated the rs332069453 mutation site with a maternal line index, and the total number born (TNB) in the first parity was tracked. Furthermore, ability-combining tests were conducted at two experimental farms (Farm 1 and Farm 2) employing different feeding regimens. Then, the generation 3 M line sows were used as the maternal parents; they were crossed with Pietrain and Large White boars, respectively, to produce hybrid offspring: Pietrain × Meishan (PM) and Large White × Meishan (LWM). Finally, weight and body size measurements were taken on these offspring to compare growth performance across different crossbreeds and their responses to the different feeding regimens. The results showed that, after three generations of selection, the frequency of the advantageous allele C at the rs332069453 locus in the M line candidate gilt population increased from 0.37

收稿日期: 2025-01-26; 修回日期: 2025-09-24

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1301105); 江苏省农业重大新品种创制项目(PZCZ201732)

第一作者: 王淞灏, 男, 硕士研究生

\*通信作者: 李平华, 教授, 主要从事家猪复杂经济性状QTL定位、基因育种、常规育种和猪肠道健康方面的研究, E-mail: lipinghua718@

in generation 1 to 0.68 in generation 3. The average TNB of the generation 3 candidate population was 13.7 piglets, which was an increase of 1.7 piglets, compared with the average of 12.0 piglets in the generation 1 population. The ability-combining tests revealed that, at Farm 1 (6-month measurement), the body length of LWM was significantly greater than that of PM ( $P < 0.01$ ); while the cannon bone circumference of PM was significantly greater than that of LWM ( $P < 0.05$ ). At Farm 2 (6-month measurement), both the body weight and cannon bone circumference of PM were significantly greater than those of LWM ( $P < 0.05$  and  $P < 0.01$ , respectively). No significant differences were observed in the remaining body measurement traits between the crossbred groups at each location. However, both hybrid combinations showed significant improvements in these traits, compared with purebred Meishan pigs. In conclusion, marker-assisted selection effectively improved the reproductive performance of Meishan pigs, and crossbreeding largely compensated for their body size limitations. Considering the body conformation traits and the current market preference for black coat color in premium meat products, the PM cross, which exhibits good conformation, black coat color, and strong limbs and feet, was selected as the superior binary maternal parent for the Sumei pig synthetic lines. These experimental results established a solid foundation for the breeding of the synthetic lines.

**Keywords:** synthetic lines; total number born; weight and body size

梅山猪是由长江下游南部地区的一个古老猪种大花脸猪演变而来,原分为大型梅山猪、中型梅山猪和小型梅山猪。目前大型梅山猪已经绝迹,小型梅山猪的中心产区在江苏太仓的浏河两岸,中型梅山猪中心产区在江苏昆山和上海嘉定等地区。梅山猪作为世界闻名的高繁殖力猪种,其种质资源优势需要保持并不断提升<sup>[1]</sup>。伴随着外国猪种的进入,中国传统地方猪的养殖规模不断缩小,使得梅山猪长期处于保种状态下,繁殖性能因近交等因素而逐年降低,因此梅山猪高繁种质资源优势需要恢复并不断改良提升<sup>[2]</sup>。开展梅山猪高产专门化品系(M系)的选育,有效提升这一群体的产仔性能,培育出产仔性能更高的梅山猪新品系,有利于减缓梅山猪长期保种状态下近交积累导致的产仔等性能的退化,为梅山猪的保护和利用打下基础。然而,产仔性状作为复杂的数量性状,遗传力低,传统选育的遗传进展较慢,需要结合现代分子育种技术进行辅助选育。实验室前期发现了影响梅山猪总产仔数性状的最显著单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)标记位点rs332069453,该位点有利等位基因型CT个体比TT个体平均多0.45头总产仔数,通过选育提升优势基因位点在梅山猪群体中的频率,结合估计育种值有望加快提升梅山猪的产仔性能<sup>[3]</sup>。

中国本土猪种与世界通用瘦肉型商业品种相比,前者生长性能较差,体躯短小且肉质较肥<sup>[1]</sup>,后者发育迅速、饲料转化率高、胴体产量高<sup>[4]</sup>。猪的体尺、体重等生长参数是反映猪生长状况以及种猪选育等环节的重要指标,并且与猪生理机能、抗病力及对外界生活条件的适应能力等密切相关<sup>[5]</sup>。中国本土猪品种生长速度缓慢,饲料效率差,导致经济优势和市场竞争力有限<sup>[6]</sup>。杂交可能是提升当地猪种价值的有效策略,我国发展新种群的主要方法就包括使用世界通用瘦肉型猪品种与中国本土猪种的杂交<sup>[7-8]</sup>。为了更好地开展猪遗传选育与杂交改良工作,利用杂

种优势培育繁殖性能强、生长速度快的优质苏梅猪配套系,本研究在专门化品系选育基础上,开展配合力测定,对比不同杂交组合之间的体尺性状,并且与梅山猪进行对比分析,期望改善梅山猪肉质优但生长速度慢和体型较小的劣势。目前许多企业和猪场期望养“大猪”,总产仔数和体尺性状能够更直接地体现经济价值。吴义景等<sup>[9]</sup>针对安徽境内的定远猪进行了高生长性能方面新品系的培育研究,以生长速度快的巴克夏猪为父本,以繁殖性能好、肉质优的定远猪为母本进行一代杂交,在杂交一代的基础上进行横交固定,逐步选育成含有50%定远猪血统的黑毛定远猪新品系,该新品系比定远猪生长速度快、饲料报酬好,比巴克夏猪繁殖和肉质性能优,更适合开发优质肉。曾检华等<sup>[10]</sup>对两广小花猪进行新品系培育,使其繁殖性能得到明显提高,且未对其生长及胴体、肉质性状产生不利影响,为下一步利用该品系奠定基础。梅山猪的繁殖力高是其一个非常明显的特征,其具备高产的遗传基础<sup>[11]</sup>。通过新品系培育,不断发掘其遗传潜力,培育出产仔性能更优秀且更稳定的新品系,可以有效保持梅山猪优秀的种质资源不丢失,不断提升梅山猪产仔性能,提升其市场竞争力。随着中国经济进入高质量发展新阶段,生猪产业的发展方式从以数量扩张为主转向以质量提升为主<sup>[12]</sup>。全国各地正利用周边优秀地方猪种进行新品系杂交种猪培育试验,仅江苏省就已培育出苏淮猪<sup>[13]</sup>、苏姜猪<sup>[14]</sup>、苏太猪<sup>[15]</sup>等猪种。利用选育后的梅山猪高产新品系作为优质母本,运用于杂交试验培育猪新品种或配套系,有望增加生猪养殖的经济效益,满足市场对于高端猪肉的消费需求。

苏梅猪配套系培育工作由南京农业大学、昆山市梅山猪保种有限公司、江苏省畜牧总站、史记生物有限公司等单位于2018年开始联合实施。配套系使用梅山猪高产专门化品系选育后的M系3世代母猪作为第一母本,皮特兰(P系)作为第一父本,进行

二元杂交产生皮梅母猪 (PM) 作为终端母本。作为对照, 方案同时使用大白猪 (LW 系) 公猪与 M 系 3 世代母猪杂交, 产生大梅二元母猪 (LWM), 与 PM 母猪进行性能对比。最后, 筛选优质终端父本与 PM 杂交, 产生优质三元终端商品猪。目前, 苏梅猪配套系培育工作已经进行了多年的专门化品系培育, 其中作为母系品种的 M 系母猪已持续选育 3 个世代, 主要对总产仔数进行选育。本试验首先对 M 系猪后备猪候选群体不同世代产仔性能和 rs332069453 位点优势等位基因频率进行跟踪分析, 查看 M 系后备候选群体的选育效果; 其次, 利用 M 系 3 世代母猪与皮特兰和大白公猪进行配合力测定, 对产生的 2 种杂交后代 PM、LWM 进行体重与体尺测定, 为苏梅猪配套系选择更优的二元母本提供理论基础。

## 1 材料及方法

### 1.1 试验动物

本试验的研究动物之一梅山猪来自昆山市梅山猪保种有限公司, 另外选择本配套系共同培育单位史记生物有限公司同期选育的 P 系和 LW 系 3 世代公猪精液与 3 世代 M 系后备母猪杂交产生的 F1 代 PM 和 LWM 作为体重与体尺的测定对象。PM 和 LWM 有 2 个群体, 分别来自江苏省苏州昆山市梅山猪产业发展有限公司 (场一) 和南京农业大学淮安研究院实验猪场 (场二), 场一群体采取自由采食的饲养方法, 场二群体采取定时定量饲喂的饲养方法。4 月龄场一选择 206 头 PM 猪和 89 头 LWM 猪进行测定, 场二选择 83 头 PM 猪, 39 头 LWM 猪进行测定, 经过淘汰后, 6 月龄场一选择 173 头 PM 猪和 65 头 LWM 猪进行测定, 场二选择 61 头 PM 猪和 39 头 LWM 猪进行测定。由于场二 4 月龄阶段人手不足, 仅测定了体重。

### 1.2 试验地点及时间

江苏省昆山市梅山猪保种有限公司、江苏省昆山市梅山猪产业发展有限公司、南京农业大学淮安研究院实验猪场。梅山猪高产专门化品系 (M 系) 试验从 2021 至 2023 年, 体重与体尺测定试验分为 2 个群体, 从 2023 年 6 月 28 日开始至 2024 年 3 月 10 日结束。

### 1.3 测定指标

收集 M 系多个世代候选群体的总产仔数信息和准确的 3 代系谱信息, 并采集上述群体所有个体的耳组织样本。候选样本采集过程使用剪耳钳进行耳组织样采集, 耳样剪下后用镊子将其放入预先准备的含 70% 酒精离心管中, 并记录样品耳号, 以保证每个样品都准确来自相应的母猪个体。装好后将离心管置于

-20 °C 冰箱内保存。对 M 系母猪进行繁殖性能记录, 针对配种并妊娠的梅山猪母猪, 收集其初产总产仔数数据, 其中总产仔数包括产活仔数、死胎数和木乃伊数。在 2 个群体中均测定杂交 F1 代 PM、LWM 的体尺与体重, 体尺性状包括体高、体长、胸围、腹围、管围, 并在场一群体中测定了与 F1 代 PM、LWM 及同一批次出生的 M 系猪候选群体作为改良效果参照, 测定阶段主要包括 4、6 月龄阶段, 使用直尺、软尺、笼称、套猪绳等工具, 多人配合, 对每个个体进行测量记录并及时录入表格。

### 1.4 DNA 提取与 rs332069453 位点分型

利用美基生物科技公司的 DNA 提取试剂盒 (D3018) 提取耳组织样 DNA, 利用 NCBI 网站 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Tools/primer-blast/>) 中的在线引物设计工具 Primer-BLAST 设计引物, 挑选出能够特异扩增出包含 rs332069453 这个 SNP 位点的 DNA 短片段, 正向引物序列为 5'-CACTTGGTACAGCCTGAAGGA-3', 反向引物序列为 5'-AAGTG-GTTACCTGGCTCACAG-3'。引物 PCR 反应体系为 25  $\mu$ L, 其中 DNA 工作液为 2  $\mu$ L, 正向引物和反向引物均为 1  $\mu$ L, T3 酶 22  $\mu$ L。反应条件为: 95 °C 2 min; 96 °C 20 s, 60 °C 30 s, 72 °C 45 s, 35 个循环; 72 °C 10 min; 4 °C 保存。进行凝胶电泳检测, 条带单一明亮则表示扩增效果好, 将梅山猪 DNA 的 PCR 扩增产物送到擎科生物科技有限公司测序。测序结果利用 Chromas 软件对 rs332069453 位点进行分型判读, 并计算等位基因频率和基因型频率, 计算方法为: 假设 C 等位基因频率为  $p$ , T 等位基因频率为  $q$ , CC 基因型频率为  $p^2$ , TT 基因型频率为  $q^2$ , CT 基因型频率为  $2pq$ 。

### 1.5 数据统计与分析

利用 Excel 对测定相关数据进行整理, 进行描述性统计分析, 结果以“平均值 $\pm$ 标准差”表示, 利用 IBM SPSS 27.0 的一般线性模型对测定结果进行差异分析,  $P < 0.05$  表示差异显著,  $P < 0.01$  表示差异极显著。

## 2 结果与分析

### 2.1 M 系选育

由表 1 所示, 分子标记 rs332069453 位点在 M 系猪后备猪候选群体 1 世代基础群中, 存在 19 头 TT 劣势基因型个体, 在等位基因频率方面, 优势基因 C 的等位基因频率不到整个群体的一半, 仅为 0.37, 而劣势等位基因 T 的等位基因频率为 0.63。2 世代 M 系猪后备猪候选群体在 1 世代优选选配的基础上, 优势等位基因频率和优势等位基因型频率有较大提升, 劣

势纯合型 TT 型仅有 1 头，优势等位基因 C 的等位基因频率提升至 0.51，劣势等位基因 T 的等位基因频率下降至 0.49。3 世代 M 系猪后备候选群体在 2 世代优选优配的基础上，将优势等位基因频率提升至 0.68，而劣势等位基因频率仅为 0.32。

如表 2 所示：选留后的 M 系 1 世代后备群体的初产平均总产仔数为 12.0 头，2 世代 M 系后备群体的初产平均总产仔数为 13.5 头，总产仔数为 13.5 头，相较于 1 世代后备群体总产仔数有了明显的提升，平均提升了 1.5 头。3 世代 M 系后备群体平均初产总产仔数为 13.7，相较于 2 世代后备群体有了 0.2 头的提升。变异系数在逐年降低，说明 M 系母猪产仔性状的均匀度也在提高，也可以看到 M 系 3 个世代目前总产仔数的选育进展在逐年升高。

表 1 M 系后备猪候选群体各世代 rs332069453 位点基因型分布表

群体	数量/头			等位基因频率	
	CC	CT	TT	C	T
1 世代	2	42	19	0.37	0.63
2 世代	2	32	1	0.51	0.49
3 世代	16	24	1	0.68	0.32

表 2 1~3 世代 M 系母猪初产仔数性状对比

群体	<i>n</i>	总产仔数/头	变异系数/%
1 世代	60	12.0±3.4	28.68
2 世代	127	13.5±2.3	17.19
3 世代	26	13.7±1.9	13.51

## 2.2 梅山猪杂交后代皮梅、大梅与同世代梅山猪的生长性能对比

如表 3 所示，在 4 月龄体重方面，2 个群体 PM 的 4 月龄体重均高于 LWM 的 4 月龄体重，场一群体中，PM 群体平均体重较 M 系后备猪候选群体高 15.60 kg，LWM 群体平均较 M 系后备猪候选群体高 14.37 kg。说明不论是 PM 还是 LWM 体重都极显著大于 M 系后备猪候选群体 ( $P<0.01$ )。场二群体 PM 的 4 月龄体重显著大于 LWM ( $P<0.05$ )。即便是在定时定量饲喂条件下，场二 PM 的 4 月龄体重也显著高于场一的 M 系后备猪候选群体 4 月龄体重 ( $P<0.05$ )。

由表 4 可知，PM 在各体尺性状上均优于 LWM 猪，但差异不显著。2 种杂交组合的一致性均较好，变异系数较低。场一的 PM、LWM 群体在 5 个所测量

的性状中，体长较 M 系长 8 cm 左右 ( $P<0.01$ )，体高高 4 cm 左右 ( $P<0.01$ )，胸围长 8 cm 左右 ( $P<0.01$ )，腹围长 4 cm 左右 ( $P<0.01$ )，管围分别长 2 cm ( $P<0.01$ ) 和 1 cm 左右 ( $P<0.05$ )，结果表明 M 系生长速度的杂交改良在 4 月龄阶段就有非常显著的效果。

表 3 场一、场二不同杂交组合 4 月龄体重比较

场别	杂交组合	<i>n</i>	4 月龄体重/kg	变异系数/%
场一	PM	206	55.21±8.78 <sup>Aa</sup>	15.90
	LWM	89	53.98±9.86 <sup>Aa</sup>	18.27
	M 系	140	39.61±6.43 <sup>Cc</sup>	16.20
场二	PM	83	47.14±9.28 <sup>Bb</sup>	19.69
	LWM	39	41.39±8.67 <sup>Bc</sup>	20.95

注：同一因素肩标大写字母表示差异极显著 ( $P<0.01$ )，小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )。下同。

表 4 场一不同杂交组合 4 月龄体尺比较

性状	杂交组合	<i>n</i>	(平均值±	变异系数/%
			标准差) /cm	
体长	PM	206	91.32±5.81 <sup>Aa</sup>	6.37
	LWM	89	91.08±6.65 <sup>Aa</sup>	7.30
	M 系	140	82.75±5.41 <sup>Bb</sup>	6.55
体高	PM	206	47.59±3.12 <sup>Aa</sup>	6.56
	LWM	89	47.10±3.88 <sup>Aa</sup>	8.25
	M 系	140	43.49±2.62 <sup>Bb</sup>	6.01
胸围	PM	206	85.29±6.36 <sup>Aa</sup>	7.45
	LWM	89	85.18±6.49 <sup>Aa</sup>	7.62
	M 系	140	77.24±5.05 <sup>Bb</sup>	6.54
腹围	PM	206	99.18±8.00 <sup>Aa</sup>	8.07
	LWM	89	98.54±7.60 <sup>Aa</sup>	7.72
	M 系	140	94.54±8.11 <sup>Bb</sup>	8.45
管围	PM	206	15.44±1.66 <sup>Aa</sup>	10.76
	LWM	89	14.48±1.82 <sup>a</sup>	12.58
	M 系	140	13.43±0.95 <sup>b</sup>	7.08

如表 5、6 所示，在 6 月龄体重体尺方面，场一的结果显示 PM 体重相对 LWM 更大，但差异不显著，管围显著大于 LWM ( $P<0.05$ )。但体长极显著小于 LWM ( $P<0.01$ )，其余性状差异均不显著。场二群体的结果显示，相较于 LWM，PM 的体重更大 ( $P<0.05$ )，体高、胸围、腹围和管围更大，其中管围差异极显著 ( $P<0.01$ )，腹围差异不显著 ( $P>0.05$ )，其余性状均无明显差异。对场一场二这 2 个群体进行对比，发现除体高外，其余性状场一群体均极显著高

于场二群体 ( $P<0.01$ ), 说明饲养方式不同对 PM、LWM 的生长性能有显著影响。针对场一的 M 系后备猪候选群体, 6 月龄平均体重为 55.50 kg, 同场的 PM (99.47 kg) 和 LWM (98.52 kg) 群体极显著大于 M 系后备猪候选群体 ( $P<0.01$ ), 弥补了梅山猪体型短小矮的劣势。

表 5 场一、场二不同杂交组合 6 月龄体重比较

场别	杂交组合	<i>n</i>	6 月龄体重/kg	变异系数/%
场一	PM	173	99.47±13.30 <sup>Aa</sup>	13.37
	LWM	65	98.52±14.40 <sup>Aa</sup>	14.62
	M 系	163	55.50±10.40 <sup>Cd</sup>	18.75
场二	PM	61	84.26±12.93 <sup>Bb</sup>	15.35
	LWM	39	77.95±10.87 <sup>Bc</sup>	13.94

表 6 场一、场二不同杂交组合 6 月龄体尺性状比较

性状	场别	杂交组合	<i>n</i>	(平均值±标准差) /cm	变异系数/%
体长	场一	PM	173	113.01±6.11 <sup>Bb</sup>	5.40
		LWM	65	116.29±7.87 <sup>Aa</sup>	6.76
		M 系	163	94.59±6.23 <sup>Dd</sup>	6.59
	场二	PM	61	101.40±6.26 <sup>Cc</sup>	6.19
		LWM	39	102.26±4.81 <sup>Cc</sup>	4.70
体高	场一	PM	173	56.61±3.32 <sup>Bb</sup>	5.87
		LWM	65	56.29±3.68 <sup>Bb</sup>	6.53
		M 系	163	47.74±3.10 <sup>Cc</sup>	6.50
	场二	PM	61	62.01±3.08 <sup>Aa</sup>	4.96
		LWM	39	60.78±3.17 <sup>Aa</sup>	5.21
胸围	场一	PM	173	104.47±6.97 <sup>Aa</sup>	6.68
		LWM	65	105.46±8.55 <sup>Aa</sup>	8.11
		M 系	163	87.87±6.17 <sup>Cc</sup>	7.02
	场二	PM	61	97.26±7.42 <sup>Bb</sup>	7.63
		LWM	39	94.09±6.51 <sup>Bb</sup>	6.92
腹围	场一	PM	173	121.68±7.63 <sup>Aa</sup>	6.27
		LWM	65	121.89±8.82 <sup>Aa</sup>	7.24
		M 系	163	106.67±9.21 <sup>Cc</sup>	8.63
	场二	PM	61	114.39±9.05 <sup>Bb</sup>	7.91
		LWM	39	112.72±7.5 <sup>Bb</sup>	6.73
管围	场一	PM	173	17.64±0.90 <sup>Aa</sup>	5.10
		LWM	65	17.23±1.42 <sup>Ab</sup>	8.24
		M 系	163	15.60±0.90 <sup>Cc</sup>	5.76
	场二	PM	61	16.78±1.15 <sup>Bc</sup>	6.91
		LWM	39	15.64±1.11 <sup>Cd</sup>	7.10

### 3 讨论

#### 3.1 梅山猪高产专门化品系选育

为快速提升猪的总产仔数与生产效率, 可通过鉴定影响产仔数的主效基因及其因果突变, 并持续选育有利等位基因型, 实现分子标记辅助选择选育<sup>[16]</sup>, 从而有效提升猪的总产仔数性状和生产效率。本次试

验选择了 rs332069453 这个 SNP 位点进行 M 系后备猪候选群体产仔性状分子标记辅助选育。Rothschild 等<sup>[17]</sup>发现, 在含有 50% 梅山血统的合成系母猪中, 雌激素受体 (*ESR*) 基因的一个多态位点的优势基因纯合个体 (AA 型) 比非优势基因纯合个体 (BB 型) 的头胎总产仔数平均多 2.3 头, 所有胎次平均总产仔数多 1.5 头; 在大白猪中 AA 型个体与 BB 型个体的

初产总产仔数和经产总产仔数都有显著差异, AA 型个体产仔性能显著高于 BB 型个体, 对 *ESR* 和与其连锁的一些标记的分析表明, *ESR* 基因的不同基因型对总产仔数有较好的预测作用。Vincen 等<sup>[18]</sup> 选择 16 号染色体上的催乳素受体基因 (*PRLR*) 作为研究梅山猪合成系和大白猪窝总产仔数的候选基因, 发现该基因 *AluI* 位点的 2 个等位基因 A、B 可以控制 0.6~1.0 头总产仔数的差异。VanRens 等<sup>[19]</sup> 对 77 头梅山与大白杂交的 F2 代母猪的研究表明, 催乳素受体 (*PRLR*) 基因是达初情期日龄、总产仔数、仔猪平均乳头数的主效基因或标记位点, 等位基因 A 为总产仔数性状的优势基因。Kim 等<sup>[20]</sup> 研究表明, 梅山猪与大白猪合成系母猪的雌激素磺基转移酶 (*STE*) 基因的 mRNA 的表达情况不同, 而该基因的表达量不同可能与子宫容量有关, 因此 *STE* 基因可能是导致猪子宫容量差异的一个候选基因。本试验利用团队发现的显著影响梅山猪总产仔数的分子标记 rs332069453 位点, 该位点位于基因 *CLSTN2* 基因的第一内含子上, *CLSTN2* 是一种钙相关基因, 参与细胞增殖、分化、细胞死亡、肿瘤发生和卵泡表达<sup>[21-22]</sup>。Wijayanti 等<sup>[21]</sup> 研究表明, *CLSTN2* 基因在山羊卵巢和输卵管组织中表达, 对哺乳动物的生育能力有重要影响。有研究证明, *CLSTN2* 基因中的 indel 可用于山羊的标记辅助选择, 该基因协调下丘脑分泌促卵泡激素 2, 导致雌激素水平升高, 延长发情周期, 延长黄体期, 从而抑制排卵并影响产仔数<sup>[23]</sup>。Liu 等<sup>[21]</sup> 发现, *CLSTN2* 中 rs399534524 位点在多胎和单胎品种的基因型和等位基因频率有显著差异, 与产羔数性状显著相关。突触蛋白 Calsyntenin 2 作为钙介导的突触后膜蛋白, 可能由  $Ca^{2+}$  影响其活性以影响动物的繁殖性能。团队前期研究二花脸猪的生理发现, 子宫角长度发育差异和围着床期子宫内膜  $Ca^{2+}$  含量升高可能是造成二花脸猪产仔数表型变异的重要生理原因<sup>[24]</sup>。汉丽梅等<sup>[25]</sup> 对中国林蛙春季繁殖期研究结果表明, 林蛙排卵前血清内钙离子浓度为排卵后近 2 倍, 说明钙离子对林蛙卵巢排卵有一定影响。近年来, 有许多研究证明颗粒细胞能分泌  $Ca^{2+}$  等小分子影响卵母细胞成熟,  $Ca^{2+}$  参与蛋白激酶 C (PKC) 信号通路来调控卵母细胞减数分裂<sup>[26]</sup>。此外, *CLSTN2* 基因被发现参与脂质代谢, 影响牛胴体特征, 说明其可能与脂肪发育有关<sup>[27]</sup>。团队前期定位到此位点后, 发现 CT 基因型产仔数优于 TT 基因型, 因此向着 C 等位基因频率高的方向选育, 但目前由于 CC 基因型个体较少, 其表型缺少统计学意义, 后续会持续进行观察, 并结合母系繁殖指数在 M 系后备猪候选群体中进行多个世代持续选育。该位点的优势等位基因 C

的基因频率已经从 1 世代 M 系后备猪候选群体的 0.37 选育到 3 世代 M 系后备猪候选群体的 0.68, 平均总产仔数由 1 世代 M 系后备猪候选群的 12.0 头提升到了 3 世代 M 系母猪的 13.7 头。提示 rs332069453 位点优势等位基因的选育, 结合母系繁殖指数确实可以提升梅山猪的总产仔数, 是培育梅山猪高产专门化品系的一种有效手段。

### 3.2 LWM、PM 的体重与体尺性状对比分析

动物体尺性状不仅反映了自身的体格大小和生长发育状况, 还可以获得有关种族特征的遗传关系<sup>[28]</sup>, 与其生产性能有着密切的联系。猪的体尺性状是猪最直观的生产指标, 通常以体重和体尺作为猪体尺性状评定的依据<sup>[29]</sup>。生长性状 (胸围、体围、腹围、体高、背高、胸深、背膘厚、达 100 kg 体重日龄等) 是养猪业中直接影响猪肉生产效率的重要经济性状<sup>[30]</sup>, 能直接反映猪的生长速度, 且胸围、腹围、背膘厚可用于预测动物体脂率<sup>[31]</sup>。在大白猪和长白猪群体中的研究发现, 生长性状在繁殖、胴体、生长性状中总经济权重占比最高, 是猪育种的重要目标性状<sup>[24]</sup>, 并且与猪的肌肉生长、脂肪沉积和骨骼发育等生物过程紧密相连<sup>[32-33]</sup>。

中国地方猪种的生长性能相较于世界通用瘦肉型猪商业品种较差, 其大多数体型比较短、小、矮, 并且瘦肉率低<sup>[34]</sup>, 不太符合主流市场的消费需求。本试验结果发现, 二元杂交 PM、LWM 不论在自由采食还是定时定量限饲的条件下, 生长性能均显著优于自由采食条件下的 M 系后备猪群体, 并且在 4 月龄阶段就已经差异明显, 很好地说明了与世界通用瘦肉型猪商业品种杂交可以显著改善梅山猪生长速度慢、体型短小的劣势, 提高了经济效益并满足了市场的消费需求。杂种优势在农业生产中具有重要意义。育种工作者以宁乡猪作为母本与外来优秀猪种进行杂交, 发现宁乡猪与杜洛克杂交产生的后代在胴体重、眼肌面积、背膘厚等方面均有提升<sup>[35]</sup>。朱吉等<sup>[36]</sup> 通过设计巴克夏猪×宁乡猪、杜洛克猪×宁乡猪、巴克夏猪×(巴克夏猪×宁乡猪) 和 (巴克夏猪×宁乡猪) × (巴克夏猪×宁乡猪) 的 4 个杂交组合试验, 比较宁乡猪不同杂交组合的优劣, 发现 4 个杂交组合均表现出优良的胴体性能和肉质特性。乔佳坤等<sup>[37]</sup> 通过设计杜华杂交猪并测量生长相关指标发现, 杜华杂交猪的生长性状与其亲本平均性能相比表现出显著优越的性能。研究表明, 基因的上位效应和加性效应可以通过杂交的方式产生杂种优势, 从而提高畜禽的生产效率和经济效益。综上, 杂种优势的利用可以极大地提高杂交后代的生产性能<sup>[38]</sup>。

本试验描述了 2 个群体 PM、LWM 不同阶段体重

体尺的情况,对比 2 个二元杂交组合 PM、LWM 在 2 个猪场测定的体重与体尺数据发现,场一的 4 月龄 PM 在各体型性状上均优于 LWM,但差异不显著。6 月龄 PM 管围显著高于 LWM,但体长极显著低于 LWM,管围更大可能说明 PM 的肢体力量更强,有成为配套系终端母本的优势,而 LWM 6 月龄体长显著高于 PM 的原因可能是其父本大白猪的肋骨数较父本皮特兰猪的肋骨数多,LWM 在肋骨数方面的加性效应高于 PM,使得 LWM 拥有更多的肋骨数致使体长更长,具体原因还需进一步考量;场二的 4 月龄和 6 月龄体重均为 PM 高于 LWM,并且 6 月龄 PM 管围显著高于 LWM,与场一得到了相似的结果。综合分析 2 个群体 6 月龄的生长数据发现,2 个群体在除体高外的各项生长性状上差异极显著,说明不同饲喂方式对 PM、LWM 的生长性状影响显著,场二群体 6 月龄体高显著高于场一群体 6 月龄体高的原因是场二测定体高的方法为使用套猪套猪后测量,测量时猪头部抬起导致体高测量结果偏高,因此不具有参考价值。以上配合力测定结果说明,2 种杂交组合的一致性均较好,在定时定量饲喂的情况下,PM 也能保持较高的生长速度,其稳定性更好。另外,PM 的管围更粗更强壮,有利于其在作为二元母本时拥有更强大的肢蹄力量来支撑妊娠期的躯体,能够有效减少后备、妊娠母猪因肢蹄问题被淘汰的现象。因此我们将肢蹄更强壮、稳定性更好和黑色被毛的 PM 作为后续配套系工作中的二元母本。

## 4 结论

通过 rs332069453 位点及母系繁殖指数对 M 系猪后备猪候选群体进行持续多个世代的优选优配,使得 M 系母猪的总产仔数性状得到明显提升,从 M 系 1 世代后备候选群体的 12.0 头提高到了 M 系 3 世代母猪的 13.7 头。杂交组合 PM、LWM 在体重与体尺性状上的表现远远优于同世代 M 系后备候选群体,显著改善了梅山猪体型小、生长速度慢的劣势。对比两个杂交组合的生长性能,选择黑色被毛、管围更大、稳定性更好的 PM 作为配套系的二元母本,为配套系选育奠定了扎实的基础。

## 参考文献:

[1] 糕艳书,刘铁铮,王红玲,等.梅山猪多产性能的研究进展[J].中国畜牧兽医,2005,32(10):29-31.

[2] 中国动物遗传资源委员会.中国地方畜禽志:猪志[M].北京:中国农业出版社,2011.

[3] HE L C, LI P H, MA X, et al. Identification of new single nucleotide polymorphisms affecting total number born and candidate genes

related to ovulation rate in Chinese Erhualian pigs [J]. Anim Genet, 2017, 48 (1): 48-54.

[4] HAN Y, TAN T, LI Z, et al. Identification of selection signatures and loci associated with important economic traits in Yunan black and Huainan pigs [J]. Genes, 2023, 14 (3): 655.

[5] 陈鲁晨,陈祺祥,陈玉仑,等.猪胴体重在线分级预测线性回归模型研究[J].南京农业大学学报,2024,47(4):803-808.

[6] WU M S. Variety innovation promotes the development of local pig specialty industry [J]. Pig Sci, 2023, 40: 120-123.

[7] FABBRI M C, LOZADA-SOTO E, TIEZZI F, et al. Persistence of autozygosity in crossbreds between autochthonous and cosmopolitan breeds of swine: a simulation study [J]. Animal, 2024, 18 (2): 101070.

[8] 张晶,孙敬春,王明宇,等.陕西省生猪种业的现状与展望[J].中国畜禽种业,2023,19(11):10-12.

[9] 吴义景,傅延如,郭静,等.定远猪新品系生长性能及采食行为分析[J].养猪,2020(4):70-72.

[10] 曾检华,李闯,韦明飞,等.两广小花猪(壹号黑猪)新品系选育进展[J].养猪,2019(4):65-68.

[11] MA X, LI P, ZHANG Q, et al. Transcriptome analysis of the endometrium from Chinese Erhualian sows that differ in calcium ion concentration and litter size [J]. Anim Genet, 2019, 50 (4): 326-333.

[12] 熊学振,杨春,马晓萍,等.我国畜牧业发展现状与高质量发展策略选择[J].中国农业科技导报,2022,24(3):1-10.

[13] 苏牧.优良猪种:苏淮猪[J].农家致富,2019(3):24.

[14] 苏牧.优良猪种:苏姜猪[J].农家致富,2019(5):24-25.

[15] 苏牧.优良猪种:苏太湖猪[J].农家致富,2019(1):24.

[16] 杨晓琼,连林生.分子育种技术在中国地方猪种选育中的应用[J].上海畜牧兽医通讯,2012(3):18-21.

[17] ROTHSCCHILD M F, MESSER L A, VINCENT A. Molecular approaches to improved pig fertility [J]. J Reprod Fertil Suppl, 1997, 52: 227-236.

[18] VINCENT A L, TUGGLE C K, ROTHSCCHILD M F, et al. The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs [J]. Iowa State University Animal Industry Report, 1998, 1 (1): 1.

[19] VAN RENS B T T M, VAN DER LENDE T. Litter size and piglet traits of gilts with different prolactin receptor genotypes [J]. Theriogenology, 2002, 57 (2): 883-893.

[20] KIM J G, VALLET J L, ROHRER G A, et al. Characterization of porcine uterine estrogen sulfotransferase [J]. Domest Anim Endocrinol, 2002, 23 (4): 493-506.

[21] WIJAYANTI D, BAI Y, HANIF Q, et al. Goat CLSTN2 gene: tissue expression profile, genetic variation, and its associations with litter size [J]. Anim Biotechnol, 2023, 34 (7): 2674-2683.

[22] CAI D, WANG Z, ZHOU Z, et al. Integration of transcriptome sequencing and whole genome resequencing reveal candidate genes in egg production of upright and pendulous-comb chickens [J]. Poult Sci, 2023, 102 (4): 102504.

[23] HONG E J, PARK S H, CHOI K C, et al. Identification of estrogen-regulated genes by microarray analysis of the uterus of immature rats exposed to endocrine disrupting chemicals [J]. Reprod Biol Endocrinol, 2006, 4: 49.

- [24] 马翔. 二花脸猪产仔数变异的生理特征挖掘和关键基因鉴别 [D]. 南京: 南京农业大学, 2019.
- [25] 汉丽梅, 汉丽萍, 刘明春, 等. 繁殖季节中国林蛙血清钙、钾离子含量的变化 [J]. 沈阳农业大学学报, 2000, 31 (6): 562-564.
- [26] 刘伟. 雌激素受体调控哺乳动物卵母细胞第一次减数分裂进程的研究 [D]. 北京: 中国农业大学, 2016.
- [27] SANTANA M H A, VENTURA R V, UTSUNOMIYA Y T, et al. A genomewide association mapping study using ultrasound-scanned information identifies potential genomic regions and candidate genes affecting carcass traits in Nellore cattle [J]. *J Anim Breed Genet*, 2015, 132 (6): 420-427.
- [28] 索效军, 张年, 熊琪, 等. 麻城黑山羊母羊体质量与体尺的回归分析 [J]. 东北农业大学学报, 2013, 44 (12): 63-67.
- [29] 叶建伟, 乔瑞敏, 韩雪蕾, 等. 屠宰体重对豫西黑猪体尺性状、胴体性状和肌肉品质的影响 [J]. 河南农业大学学报, 2018, 52 (1): 66-72.
- [30] ZHOU S, DING R, ZHUANG Z, et al. Genome-wide association analysis reveals genetic loci and candidate genes for chest, abdominal, and waist circumferences in two duroc pig populations [J]. *Front Vet Sci*, 2021, 8: 807003.
- [31] JANSSEN I, HEYMSFIELD S B, ALLISON D B, et al. Body mass index and waist circumference independently contribute to the prediction of nonabdominal, abdominal subcutaneous, and visceral fat 1 [J]. *Am J Clin Nutr*, 2002, 75 (4): 683-688.
- [32] IBÁÑEZ-ESCRICHE N, VARONA L, MAGALLÓN E, et al. Crossbreeding effects on pig growth and carcass traits from two Iberian strains [J]. *Animal*, 2014, 8 (10): 1569-1576.
- [33] DOS SANTOS J C R, NOREMBERG A, CORREIA B, et al. Evaluation of different percentages of Duroc genes and gender on growth, carcass and meat quality traits for pigs [J]. *Meat Sci*, 2023, 205: 109314.
- [34] 许振东. 梅山猪杂交组合繁殖性能探讨 [J]. 畜牧与兽医, 1999, 31 (4): 24.
- [35] 宋粤湘, 高虎, 张跃博, 等. 宁乡猪及杜宁二元杂种猪的胴体与肉质性状测定 [J]. 中国畜牧杂志, 2021, 57 (4): 68-72.
- [36] 朱吉, 陈晨, 谢菊兰, 等. 宁乡猪杂交组合的胴体、肉质性状对比分析 [J]. 养猪, 2021 (2): 41-45.
- [37] QIAO J, LI K, MIAO N, et al. Additive and dominance genome-wide association studies reveal the genetic basis of heterosis related to growth traits of duhua hybrid pigs [J]. *Animals*, 2024, 14 (13): 1944.
- [38] AMUZU-AWEH E N, BIJMA P, KINGHORN B P, et al. Prediction of heterosis using genome-wide SNP-marker data: application to egg production traits in white Leghorn crosses [J]. *Heredity*, 2013, 111 (6): 530-538.