

杜瑞卿, 张志峰, 王建钦, 等. 皮南杂交牛 H1 至 H4 代数量性状遗传分析及优种筛选 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (1): 11-19.

DU R Q, ZHANG Z F, WANG J Q, et al. Genetic analysis of quantitative traits and selection of superior breeds in the fourth generation of Pinan hybrid cattle H1-H4 [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (1): 11-19.

皮南杂交牛 H1 至 H4 代数量性状遗传分析及优种筛选

杜瑞卿¹, 张志峰¹, 王建钦², 孙志和², 陈岭³, 李巧珍³,
齐香萍³, 白跃宇^{4,5*}, 姚伦广^{1*}

(1. 南阳师范学院生命科学与农业工程学院, 河南 南阳 473061;

2. 南阳黄牛科技中心, 河南 南阳 473000;

3. 新野县畜牧局, 河南 新野 473500;

4. 河南省动物卫生监督所, 河南 郑州 450000;

5. 郑州大学农学院, 河南 郑州 450000)

摘要: 为了改良皮南杂交牛的种质性能, 选择 2000—2020 年 20 年间出生的 H1 (横交固定一代) 至 H4 代 14 030 头牛进行选种育种培养, 观察体重、体尺、外貌评分等 36 个个体表型性状指标, 记录每头牛上三代亲缘关系; 对获得数据经整理和检验后, 进行选择指数 (CBI) 计算, 对不同性别、不同分类 (核心牛群和良种牛群) 的群体进行正态分布概率遗传参数分析和判别分析筛选。结果: 从 H3 代的核心母牛群和公牛群中筛选出 28 头各指标综合表现好的种子公牛和母牛, 从 H4 代的核心母牛群和公牛群中筛选出 56 头各指标综合表现好的种子公牛和母牛; CBI 指数大于 116.40 的有 100 头; 核心公牛的表型值比核心母牛的表型值高, 但是核心母牛的遗传力、选择系数 R 比核心公牛的大; 同类型的牛群其一代比一代的遗传力大, 核心牛群的遗传力均值在 0.4~0.5; 从 H3 和 H4 代核心牛群中选出的优秀种牛群, H4 代选择系数 R 比 H3 代大。本研究结果对选种育种具有重要参考价值和指导意义, 选择系数 R 值增大说明所选的优秀种牛群下一代比本代在多个观察表型性状指标上可能有较大改善; 本研究提出的群体正态分布概率遗传参数分析法和判别分析法, 在理论和实际效果方面都具有重要意义。

关键词: 皮南杂交牛; 数量性状遗传分析; 选择指数; 遗传参数

中图分类号: S813.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2025)01-0011-09

Genetic analysis of quantitative traits and selection of superior breeds in the fourth generation of Pinan hybrid cattle H1-H4

DU Ruiqing¹, ZHANG Zhifeng¹, WANG Jianqin², SUN Zhihe², CHEN Ling³, LI Qiaozhen³,
QI Xiangping³, BAI Yaoyu^{4,5*}, YAO Lunguang^{1*}

(1. College of Life Science and Agricultural Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China;

2. Nanyang Cattle Science and Technology Center, Nanyang 473000, China;

3. Animal Husbandry Bureau of Xinye County, Xinye 473500, China;

4. Henan Province Institute of Animal Health Supervision, Zhengzhou 450000, China;

5. School of Agricultural Sciences, Zhengzhou University, Zhengzhou 450000, China)

Abstract: In order to improve the germplasm performance of Pinan hybrid cattle, a total of 14 030 cows, from the first generation (H1) to the fourth generation (H4), born between 2000 and 2020, were selected for breeding and cultivation. 36 individual phenotypic traits such as weight, body size, and appearance score of the cows were observed; and the genetic relationships of the three generations of each cow were recorded. After sorting and verifying the obtained data, a selection index (CBI) was calculated, and normal distribution probability genetic parameter analysis and discriminant analysis screening were performed on the populations of different genders and classifications (core cattle herds and superior cattle herds). The result were as follows: 28 seed bulls and cows with good comprehensive performance in all indicators

收稿日期: 2023-05-21; 修回日期: 2024-01-15

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31870917); 河南省揭榜挂帅科技项目 (211110110700); 南阳师范学院 STP 项目 (2024STP007)

第一作者: 杜瑞卿, 男, 硕士, 副教授

* 通信作者: 姚伦广, 教授, 主要研究方向为分子病毒学与动物生物技术, E-mail: lunguangyao@163.com; 白跃宇, 教授, 主要研究方向为牛遗传育种学, E-mail: baiyueyu666@sina.com。

were selected from the core cow and bull populations of the H3 generation, and 56 seed bulls and cows with good comprehensive performance in all indicators were selected from the core cow and bull populations of the H4 generation. There were 100 heads with a CBI index greater than 116.40. The phenotype value of the core bulls was higher than that of the core cows, but the heritability and genetic progress coefficient R of the core cows are greater than those of the core bulls. The heritability of the same type of the cattle population was higher than that of the previous generation, with the average heritability of the core cattle population ranging from 0.4 to 0.5. The selection response coefficient R of the excellent breeding cattle herds selected from the H3 and H4 core cattle herds was higher in the H4 generation than in the H3 generation. The results of this study was of important reference value and guiding significance for breed selection and breeding. An increase in the R value of the selection response indicated that the next generation of the selected excellent breed of cattle might have a significant improvement in multiple observed phenotypic trait indicators, compared with the current generation. The population normal distribution probability genetic parameter analysis and discriminant analysis methods proposed in this study were of important theoretical and practical significance, and were worthy of reference and discussion.

Keywords: Pinan cattle; genetic quantitative traits analysis; selection index; genetic parameters

皮南杂交牛作为我国培育了 30 多年优秀的地方品种, 是皮埃蒙特牛与南阳牛杂交获得的一种新型杂交牛, 具有生长快、发育早和肉质好等优秀的经济性状。皮南杂交牛饲料转化率以及胸围、体长、坐骨宽、体重等均高于其同期母本南阳牛, 平均屠宰率和平均净肉率比南阳牛分别增长 9.5% 和 9.0%^[1], 这意味着养牛户可以更低成本、更短的时间获得更高的利益。皮南杂交牛肉品被中外专家确定为高档营养性保健性双肌型牛肉^[2]。一般情况下, 皮南杂交牛母牛在 9 月龄左右出现初情, 可在 1 周岁时配种和进行初次繁殖生产, 而南阳牛母牛配种均在 15 月龄以上, 皮南杂交牛母牛在产产后配种时间相较南阳牛母牛有所提前, 南阳牛和皮南杂交牛母牛的难产率分别为 1.15% 和 1.55%, 但皮南杂交牛犊牛初生重比南阳牛提高 41.3%^[3]。皮南杂交牛公牛在 15 月龄时精子成熟, 可采精; 皮南杂交牛初配时间比南阳黄牛提

前 3 个月, 同我国其他地方品种相比也明显提前, 与夏洛莱牛、西门塔尔牛等国外品种相比也显著提前, 和父本皮埃蒙特纯种牛相当^[2]。皮南杂交牛在保持了南阳牛优良性状的前提下, 其杂交后代在肉质、产肉率、繁殖性能方面都有显著提高^[3-5]。因此, 为了更好地发展皮南杂交牛, 把握好选种育种、保持优秀品种的传递显得特别重要。

1 材料与方法

1.1 育种对象

以河南省南阳市新野县皮南杂交牛核心育种区的种牛为育种对象, 分为 H1 代 (横交固定一代) ~ H4 代, 每代分为核心公牛和母牛、良种公牛和母牛。选择从 2000 年 1 月到 2020 年 6 月出生的 14 030 头育种牛, 具体数据来源见表 1。

表 1 新野县皮南杂交牛 H1 至 H4 代育种情况统计

代次	种牛类群	饲养地点	头数
H1	核心公牛	新野歪子镇南阳种公牛站	63
	核心母牛	新野王庄镇王桥村清水湾养牛场	541
	良种公牛	新野王集镇曹集村、白滩村等多个村养殖场	343
	良种母牛	新野王集镇徐埠口村、周湾村等多个村养殖场	2 560
H2	核心公牛	新野歪子镇南阳种公牛站	42
	核心母牛	新野王庄镇王桥村清水湾养牛场	474
	良种公牛	新野王集镇王集村、歪子镇彤庄村等多个村养殖场	289
	良种母牛	新野歪子镇马渠湖村、歪子镇寺门村等多个村养殖场	2 791
H3	核心公牛	新野歪子镇南阳种公牛站	41
	核心母牛	新野王庄镇王桥村清水湾养牛场	468
	良种公牛	新野王集镇石头庙村、王庄镇赵庙村等多个村养殖场	267
	良种母牛	新野前高庙乡下庙村、上港乡香桥村等多个村养殖场	2 489

续表 1

代次	种牛类群	饲养地点	头数
H4	核心公牛	新野歪子镇南阳种公牛站	44
	核心母牛	新野王庄镇王桥村清水湾养牛场	477
	良种公牛	新野新甸铺镇元帅村、王庄镇毛寨村等多个村养殖场	343
	良种母牛	新野歪子镇歪子村、上港乡魏庙村等多个村养殖场	2 798

1.2 外貌评分和生长指标测定

外貌评分：参照文献 [6-8] 进行外貌鉴别评分和等级评定。

体重：清晨测量牛空腹体重，包括初生、6 月龄、12 月龄、18 月龄、24 月龄、30 月龄和 36 月龄体重，计算初生至 6 月龄、7~12 月龄和 13~18 月龄日增重。

体尺：参照文献 [6] 测量体高、体斜长、胸围、腹围、管围、十字部高、腰角宽和坐骨端宽。

1.3 表型性状指标数量遗传分析方法

1.3.1 个体选择指数法

个体选择指数法使用计算中国肉牛选择指数 (CBI)^[9-10]，具体操作如下：

①对外貌分值、体斜长、胸围、坐骨端宽、1 周岁龄体重和 0~18 月龄日增重共 6 个性状估计育种值 (EBV) 进行标准化；

②标准化后，按 10 : 10 : 10 : 10 : 40 : 20 的比

例进行加权，计算 CBI 值^[11]。

$$CBI = 100 + 10 \times \frac{score}{S_{score}} + 10 \times \frac{BL}{S_{BL}} + 10 \times \frac{CC}{S_{CC}} + 10 \times \frac{HW}{S_{HW}} + 40 \times \frac{WT12}{S_{WT12}} + 20 \times \frac{ADG18}{S_{ADG18}}$$

其中：score 为 18 月龄体型评分分值，BL 为体长，CC 为胸围，HW 为胯骨宽，WT12 为 12 月龄体重，ADG18 为 0~18 月龄日增重， S_{score} 、 S_{BL} 、 S_{CC} 、 S_{HW} 、 S_{WT12} 、 S_{ADG18} 分别为 18 月龄体型评分、体长、胯骨宽、12 月龄体重、0~18 月龄日增重的标准差。

1.3.2 群体表型性状指标数量遗传分析^[11-12]

1.3.2.1 群体指数分析法

可用群体选择系数： $R = Sh^2$ ，或者 $R = i\sigma h^2$ ，

式中： R 为选择系数， S 为选择差（留种群体均值与供选择群体均值之差）， h^2 为遗传力， i 为选择强度（ i 值参考表 2）， σ 为供选择群体标准差。

表 2 留种率与选择强度的关系

留种率 (P)	90	80	70	60	50	40	30	20	10	5	1
选择强度 (i)	0.195	0.350	0.498	0.645	0.798	0.967	1.162	1.402	1.785	2.050	2.640

1.3.2.2 群体正态分布概率遗传参数分析

数量性状遗传表型值可以表示成： $P = A + R$ ，式中 P 为表型值， A 为加性效应值， R 为显性效应值、上位效应值和环境效应之和，具有一定的随机性。在大样本下，其期望值有如此关系式：

$$E(P) = E(A) + E(R) = E(A)$$

表型方差表示为： $V_p = V_A + V_R$ 。

基于“多基因假说”的数量性状遗传理论，在大样本下，表型值变量 X 服从正态分布，

$$X \sim N(\mu, \sigma^2)$$

$V_p = \int_{-\infty}^{\infty} (x - \mu)^2 f(x) dx = \sigma^2$ ，基于数量性状遗传在群体中表现出稳定性，以 95% 概率区间作为 X

的遗传稳定效应区间，那么 $V_A = \int_{-\mu_\alpha}^{\mu_\alpha} (x - \mu)^2 f(x) dx$ ， μ_α 为区间临界值。

$$h^2 = \frac{V_A}{V_p}$$

1.3.2.3 判别分析与亲缘关系交集优种选择

对 H1 核心公牛群进行判别分析，个案类别判别函数模型：

$$F_1 = a_{01} + a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1k}X_k,$$

$$F_2 = a_{21} + a_{21}X_1 + a_{22}X_2 + \dots + a_{2k}X_k,$$

.....

$$F_n = a_{n1} + a_{n1}X_1 + a_{n2}X_2 + \dots + a_{nk}X_k,$$

其中： n 表示类别个数， k 表示观测指标变量（表型值）个数， X_k 表示第 k 个观测指标， a_{nk} 表示第 n 个类别第 k 个观测指标的系数。将每个样本（无论是已知分类的或未知分类的）的 k 个指标值分别代入 n 个判别函数中，哪个函数值最大，就说明该样本属于该函数对应的类别。

判别分析是依据 k 个观测指标变量（表型值）同时分类的，具有综合性的特点，通过分类可以筛选出好的优秀的牛群样本，根据牛个体编号，形成集合 U 。

2 结果与分析

2.1 个体选择指数法

根据 12 408 头牛的 CBI 计算结果, 前 100 头牛的 CBI 值很高, 都超过 116.40, 最高是 120.46, CBI 值超过 110 的有 2 078 头牛。

2.2 H1 至 H4 代皮南杂交牛表型性状

皮南杂交牛 H1~H4 代共分为核心公牛、良种公牛、核心母牛、良种母牛 4 类, 饲养地点分布在新野县多个村镇养牛场, 共 14 030 头牛。观察指标有 36 个, 本研究分析采用了其中表征数量性状遗传特征的重要的 13 个指标, 即: 初生重、6 月龄重、12 月龄重、18 月龄重、0~6 月龄日增重、7~12 月龄日增重、13~18 月龄日增重、12 和 18 月龄体斜长、12 和 18 月龄坐骨端宽、12 和 18 月龄胸围。13 个指标遗传力均值见表 3, 相同代次间比较, 遗传力数值核心牛群大于良种牛群, 核心母牛群略大于核心公牛群;

不同代次间比较, 遗传力数值从 H1 代到 H4 代呈现出增大的趋势。

表 3 各代不同牛群遗传力 (h^2) 均值比较

牛群代次	公牛		母牛	
	核心牛群	良种牛群	核心牛群	良种牛群
H1	0.413	0.359	0.417	0.388
H2	0.450	0.388	0.417	0.414
H3	0.470	0.458	0.493	0.486
H4	0.474	0.459	0.493	0.487

对 14 030 头牛其进行综合分析, 从表 4 结果可见, H1 至 H4 代牛体重指标和体尺指标的遗传力相对较高, 介于 0.3~0.5 之间, 日增重遗传力相对较低, 介于 0.25~0.38 之间, 体型指标遗传力最低, 仅为 0.018 4。

表 4 14 030 头牛的生长性状遗传参数评估

性状	时间	表型方差	加性方差	残差方差	遗传力 ($\bar{x} \pm SE$)
体重/kg	出生	2.134 9	0.654 9	0.055 8	0.306 8±0.022 5
	6 月龄	5.177 8	2.782 9	0.071 0	0.537 5±0.052 3
	12 月龄	13.852 7	6.642 1	0.147 8	0.479 5±0.068 9
	18 月龄	27.123 2	11.973 6	0.269 8	0.441 5±0.069 1
日增重/g	0~6 月龄	853.592 0	328.042 5	16.619 8	0.384 3±0.016 3
	7~12 月龄	1 598.573 0	418.049 6	29.375 4	0.261 5±0.016 4
	13~18 月龄	5 707.593 6	1 443.118 4	217.863 4	0.252 8±0.033 9
体斜长/cm	0~18 月龄	593.160 2	179.944 9	11.131 9	0.303 4±0.016 5
	12 月龄	2.493 8	0.858 6	0.045 0	0.344 3±0.020 6
	18 月龄	2.529 2	0.959 5	0.046 8	0.379 4±0.020 5
胸围/cm	12 月龄	4.389 8	1.595 1	0.084 2	0.363 4±0.018 4
	18 月龄	4.930 0	1.988 3	0.091 7	0.403 3±0.021 2
胯骨宽/cm	12 月龄	0.537 8	0.199 7	0.010 4	0.371 4±0.018 2
	18 月龄	0.572 0	0.222 0	0.010 8	0.388 1±0.021 5
体型评分	18 月龄	2.174 2	0.040 1	0.015 9	0.018 4±0.007 3

2.3 H3 和 H4 核心牛群的判别分析

2.3.1 H3 核心牛群的判别分析

依据 15 个指标对 41 头 H3 核心公牛群进行判别分类, 15 个指标在 3 个分组上的均值相等性检验表明, 除 6~12 月龄日增重、12~18 月龄日增重、12 月龄坐骨宽、12 月龄胸围、18 月龄体斜长、18 月龄坐骨宽在所分出的 3 个类别上无显著差异外, 其他指标

都有极显著差异。

判别分为 3 组, 各组正确判别率 100%。判别函数 1 的方差贡献率 94.9%, 判别函数 2 的方差贡献率为 3.3%。因此依据判别函数 1 的方差贡献率, 判断出类别 2 最好。从图 1 可以看出, 3 组分界清楚, 各自为一个聚集体, 以类别 2 表现最好。

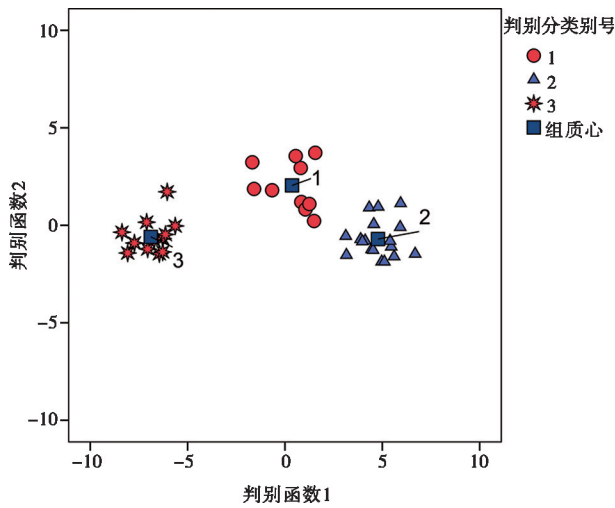


图1 H3核心公牛群判别分类结果

依据15个指标对468头H3核心母牛群进行判别分类,15个指标在20个分组上的均值相等性检验表明,都有极显著差异。

判别分为20组,各组正确判别率99.4%。判别函数1的方差贡献率84.5%,判别函数2的方差贡献率为4.1%,因此依据判别函数1的方差贡献率,判断出类别11号最好,见图2。从图2可以看出,20类基本都各自聚为一类,组质心没有重叠,分界清楚,类别11表现最好。

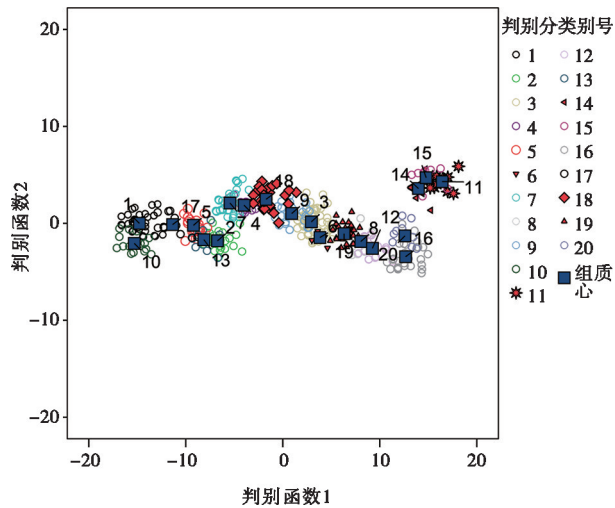


图2 H3核心母牛群判别分类结果

2.3.2 H4核心牛群的判别分析

依据15个指标对44头H4核心公牛群进行判别分类,15个指标在3个分组上的均值相等性检验表明,除6~12月龄日增重、12~18月龄日增重、12月龄坐骨宽、18月龄体斜长在所分出的3个类别上无显著差异外,其他指标都有极显著差异。

判别分为3组,各组正确判别率95.5%。判别函

数1的方差贡献率95.9%,判别函数2的方差贡献率为4.1%。因此依据判别函数1的方差贡献率,判断出类别2最好,见图3。从图3中可以看出,3组分界清楚,各自为一个聚集体,类别2表现最好。

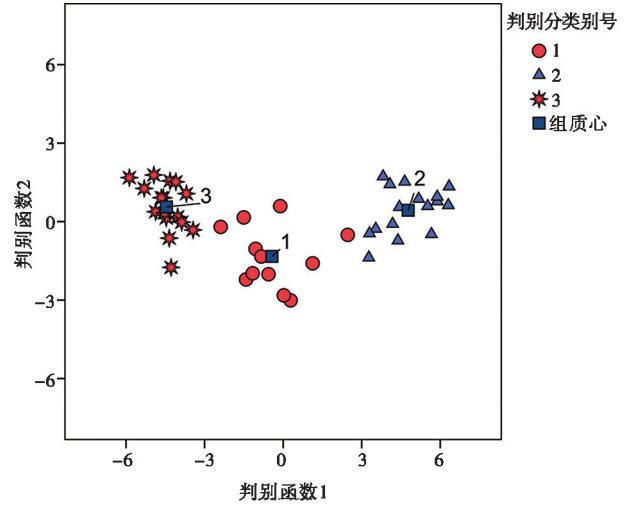


图3 H4核心公牛群判别分类结果

依据15个指标对447头H4核心母牛群进行判别分类,15个指标在20个分组上的均值相等性检验表明都有极显著差异。

判别分为20组,各组正确判别率99.4%。判别函数1的方差贡献率95.9%,判别函数2的方差贡献率为1.3%。因此依据判别函数1的方差贡献率,判断出类别12最好,见图4。

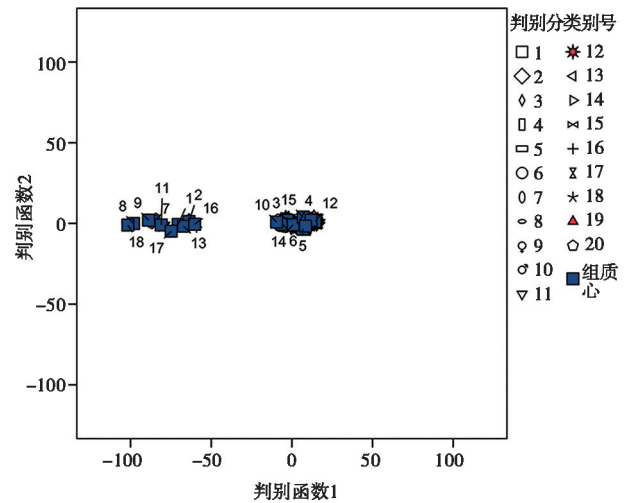


图4 H4核心母牛群判别分类结果

从H3和H4核心公牛群和核心母牛群中选出优秀牛群编号见表5和表6。从表5上可以看出,H3核心公牛群和核心母牛群其中一些个体来自同一父亲,具有遗传上的亲缘关系。从表6可以看出,H4核心母牛群个体和H4核心公牛群个体间不具有同父

亲或同母亲的血缘关系，但是同群内具有同父亲的亲缘关系。

核心母牛群和核心公牛群个体间存在同父亲的血缘关系，这也决定了 H4 和 H3 代之间具有亲缘遗传关系。

从表 5 和表 6 来看，H4 核心母牛群个体与 H3

表 5 从 H3 核心公牛群和核心母牛群中选出的优秀牛个体编号

H3 核心公牛群						H3 核心母牛群		
牛编号	父亲编号	母亲编号	牛编号	父亲编号	母亲编号	牛编号	父亲编号	母亲编号
70197	31263	50700	111523	32085	80852	90624	40541	51090
80459	40541	41074	112421	23481	42546	91290	22277	51640
81057	33355	52136	112431	23481	62678	100192	30025	40220
81131	23481	62604	121791	22277	61918	111632	32085	41706
90435	31263	50598	130269	40541	70362	121064	40549	41042
90847	21983	70686	130761	41193	81142	122030	32753	42160
90865	21983	51362	140271	40549	41108	122342	33073	81222
100523	31263	70398	140685	41517	62420	130384	40549	61188
110017	30025	70070				130474	40549	90276
110591	31263	50784				130836	41193	51856

表 6 从 H4 核心公牛群和核心母牛群中选出的优秀牛个体编号

H4 核心公牛群			H3 核心母牛群					
牛编号	父亲编号	母亲编号	牛编号	父亲编号	母亲编号	牛编号	父亲编号	母亲编号
100359	60268	313	100180	12231	70012	141234	40189	110154
100647	60294	1129	110552	23481	70124	142128	40513	110172
110257	80338	1129	110782	23481	70266	142160	40513	111118
120007	80466	1129	120244	30389	80098	142256	40539	111130
120843	81082	1129	120714	30389	80260	142360	40539	111898
121043	81084	1129	121018	30389	80272	150454	40539	112054
121361	90050	4307	121734	30389	80332	150584	40539	112264
121581	91556	10111	130082	30423	80506	150680	40539	112308
121691	91782	20811	130132	30423	80690	151216	40541	112422
130569	101280	992021	130530	30439	80866	152064	40541	120368
130599	101654	992037	131252	30439	90050	152120	40541	120730
140921	101826	992037	131694	30439	90604	152402	41049	120904
142211	110738	993627	132274	32083	90688	152424	41191	121192
142371	110894	993627	140090	32083	90888	152456	41191	122018
150357	112270	993655	140134	32083	91034	152686	41193	122130
152411	120540	993655	140280	32085	91284	160346	41193	122246
170207	121016	993655	140354	32761	91836	180204	41517	122546
			140882	32761	100306	180384	41517	122622
			141092	33355	101032	200172	41517	130796
			141138	33367	101774			

2.4 H3 和 H4 核心牛群中优秀牛种群的遗传进展分析

对选出的优秀种牛群进行选择反应（遗传进展）分析，从表 7 和表 8 结果来看，选出的优秀核心公牛

群，H4 代的 R 值比 H3 代的大，说明所选出的优秀公牛群下一代比这代在多个观察表型性状指标上可望能有较大增加。选出的核心母牛群，H4 代 R 值比 H3 代的大，说明所选出的优秀母牛群下一代比这代在多

个观察表型性状指标上可望能有较大增加。

表 7 H3 核心公牛群和核心母牛群选择反应分析

指标	H3 核心公牛群被选群				H3 核心母牛群被选群			
	A	B	S	R	A	B	S	R
初生重/kg	42.817	43.602	0.785	0.723	39.765	40.856	1.091	0.421
6月龄体重/kg	221.024	227.155	6.131	2.495	186.959	193.937	6.978	2.889
12月龄体重/kg	399.232	411.709	12.477	6.026	330.726	343.455	12.729	6.772
18月龄体重/kg	595.171	612.526	17.355	8.921	442.554	460.756	18.202	7.554
0~6月龄日增重/g	990.000	1 019.200	29.200	13.344	818.000	850.220	32.220	15.917
7~12月龄日增重/g	990.000	1 020.200	30.200	15.856	799.000	830.460	31.460	12.521
13~18月龄日增重/g	1 089.000	1 122.170	33.170	13.036	621.000	645.340	24.340	9.176
12月龄体斜长/cm	140.793	144.517	3.724	1.698	139.446	145.524	6.078	3.750
12月龄坐骨端宽/cm	30.122	30.526	0.404	0.237	26.121	26.666	0.545	0.291
12月龄胸围/cm	167.049	172.560	5.511	1.741	160.169	167.076	6.907	2.701
18月龄体斜长/cm	157.049	162.260	5.211	2.012	150.159	155.665	5.506	3.513
18月龄坐骨端宽/cm	32.11	32.573	0.463	0.295	28.215	28.844	0.629	0.417
18月龄胸围/cm	188.622	194.781	6.159	2.993	174.896	182.392	7.496	4.100

注: A 表示留种群表型均值, B 表示被选种群表型均值, $S=B-A$, $R=Sh^2$, h^2 表示遗传力。下同。

表 8 H4 核心公牛群和核心母牛群选择反应分析

指标	H4 核心公牛群被选群				H4 核心母牛群被选群			
	A	B	S	R	A	B	S	R
初生重/kg	45.580	47.447	1.867	0.855	40.639	41.765	1.126	0.411
6月龄体重/kg	229.159	235.534	6.375	3.238	189.356	196.430	7.074	2.547
12月龄体重/kg	410.239	422.046	11.807	5.597	335.810	349.742	13.932	5.211
18月龄体重/kg	611.159	629.994	18.835	9.304	450.165	468.672	18.507	6.662
0~6月龄日增重/g	1 020.000	1 051.100	31.100	11.911	826.000	859.540	33.540	12.309
7~12月龄日增重/g	1 006.000	1 035.680	29.680	16.057	814.000	847.060	33.060	23.737
13~18月龄日增重/g	1 116.000	1 148.980	32.980	13.093	635.000	660.900	25.900	20.124
12月龄体斜长/cm	142.909	147.696	4.787	1.723	140.144	145.250	5.106	2.420
12月龄坐骨端宽/cm	31.136	31.570	0.434	0.207	26.353	26.907	0.554	0.426
12月龄胸围/cm	169.636	174.225	4.589	2.051	161.029	166.970	5.941	2.810
18月龄体斜长/cm	159.102	164.375	5.273	2.726	151.190	156.738	5.548	3.245
18月龄坐骨端宽/cm	33.330	34.830	1.500	1.048	29.090	29.754	0.664	0.260
18月龄胸围/cm	191.670	196.920	5.250	2.158	176.333	182.886	6.553	2.589

核心公牛群的表型值普遍高于母牛群,从遗传力数值来看,母牛群一般高于公牛群,但从选择系数 R 来看,核心公牛群与核心母牛群在多个表型性状指标上表现不一致,有的公牛群高于母牛群,有的是母牛群高于公牛群。 R 值受单位的影响,不能看绝对值的大小,更应该看对应的单位,具体指标具体分析。

3 讨论

关于非遗传因素对牛生长发育的影响国内外均有过一些报道,如在分析 BMY 肉牛^[13]、鲁西黄牛^[14]、三河牛^[15]和荷斯坦牛^[16]等品种遗传参数时均考虑了性别、场地、出生年份等固定效应,说明了性别、出生年份、出生季节以及场效应对牛的生长性状都有一定程度的影响。本研究提出的群体正态分布概率遗传

参数分析法时,也充分考虑了这些非遗传因素的影响,将其影响效果划归到正态分布的双尾方差上。

皮南杂交牛生长性状遗传力估计值属于中等偏上水平。Butts 等^[17]报道的海福特牛 18 月龄体重遗传力估计值 0.42 和 0.41,与西门塔尔牛 0.44 基本相近,为中等遗传力,胸围的遗传力在 0.35~0.46。金海国等^[18]报道草原红牛的胸围遗传力为 0.37。胡林勇等^[19]报道秦川牛 18 月龄体重遗传力估计值在 0.60~0.68,体斜长的遗传力估计值在 0.29~0.45。本研究结果表明,皮南杂交牛体重遗传力在 0.3~0.5,体尺遗传力在 0.3~0.6,公牛母牛的平均遗传力在 0.4~0.5,核心牛群高于良种牛群,与上述文献报道基本一致。

目前,皮南杂交牛的育种指标主要在初生、6 月龄、12 月龄、18 月龄、24 月龄和成年等阶段,着重测量和评定牛的体高、胸围、体斜长、坐骨宽、管围、体重及体型外貌^[20];姚治等^[21]研究也表明皮南杂交牛体重与体高、体斜长、胸围、腹围、管围、十字部高、腰角宽、坐骨端宽等是重要因子,能够反映皮南杂交牛的外貌整体结构信息。因此本研究选取体重、体尺等数量性状指标进行数量遗传分析,对选种育种有重要的参考价值 and 指导意义。

CBI 法是传统的经典分析方法,也是综合性很强的分析方法,分析结果具有重要的参考意义^[22]。但由于 CBI 分析中权重系数的确定带有很大的主观性,客观上影响了结果的可靠性,需要进一步改进和完善。判别分析法是直接利用个体的多个指标值进行综合分类的,不存在数据的转换失真,判别结果与实际较为相符,因此,此方法值得推荐使用。本研究结果也表明这一方法分析能真实、较为准确地区分牛群的总体差异,能筛选出总体上表现最好的牛群,对筛选出的种牛群进行亲缘关系的梳理和交集分析,可发现优良品种遗传的重要性。因此判别分析与亲缘关系交集优种选择法是科学有效可行的。基于“多基因假说”的数量遗传理论,对于大量符合正态分布的样本群,根据正态分布的概率论知识,对样本群的方差剖析,分解出加性方差,既有科学依据,也具有可行性。因此本研究提出的群体正态分布概率遗传参数分析法,从理论上而言是科学、合理、可行的,分析结果也符合实际,与相关文献资料也相吻合,在不同指标上的结果存在差异,与表型值相一致,具有很好的效果,值得进一步研究、探讨、完善和推广。

4 结论

本研究用 CBI 法算出 12 408 头牛的选择系数,CBI 指数大于 116.40 的有 100 头,说明部分皮南杂

交牛可作为优良品种进行育种,但是也需要多代选种,才可能获得遗传力逐步提高的优秀品种。从 H1 代到 H4 代,同代次横向比较,核心牛群的遗传力数值大于良种牛群遗传力数值,核心母牛群遗传力数值比核心公牛群略大;不同代次纵向比较,遗传力数值从 H1 代到 H4 代呈现出增大的趋势,核心牛群的遗传力均值在 0.4~0.5。对筛选出的 14 030 公母牛计算综合群体遗传力,绝大多数指标结果在 0.2~0.5,表现总体不错,其中体重指标和体尺指标的遗传力相对较高,介于 0.3~0.5;日增重遗传力相对较低,介于 0.25~0.38;体型指标遗传力最低,仅为 0.018 4。因此,选用皮南杂交牛核心公牛和母牛作为种牛进行杂交多代育种,可获得遗传力逐步增大的优良品种。用科学的判别分析分类法,从 H3 代的核心母牛群和公牛群中筛选出 28 头各指标综合表现好的优秀种牛,从 H4 代的核心母牛群和公牛群中筛选出 56 头各指标综合表现好的优秀种牛,可供育种选种参考。虽然皮南杂交牛核心公牛群和母牛群的遗传力大,可作为种牛进行选种育种,但群体内个体之间也存在较大差异,用多指标综合分类法筛选出更优秀的种牛进行育种,将会有更好的优秀品种。

参考文献:

- [1] 张浩,黄锡霞,热西提·阿布都热依木.伊犁地区荷斯坦奶牛体尺体重及外貌评分对产奶量的影响[J].新疆农业科学,2010(12):2447-2451.
- [2] 刘佳琦,刘贤,张子敬,等.皮南牛开发利用和产业化发展的措施和建议[J].中国牛业科学,2021,47(4):52-55.
- [3] 李想,鄢新义,罗汉鹏,等.不同模型估计中国荷斯坦牛生产寿命遗传参数[J].畜牧兽医学报,2019,50(6):1162-1170.
- [4] 王冰雁.新野县皮南牛发展现状存在问题发展对策[J].中国牛业科学,2014,40(1):60-63.
- [5] 王冰雁,姜林.皮南牛适宜级进杂交代数的研究[J].四川畜牧兽医,2014(3):30-31.
- [6] 王根林.养牛学[M].2版.北京:中国农业出版社,2012:125-134.
- [7] 王淑辉.肉牛线性外貌评定和不同经济类型牛评定方法的研究[D].杨凌:西北农林科技大学,2003.
- [8] 张希明,秦春华,梁彩云.宁夏荷斯坦牛体型外貌线性评定分析[J].中国奶牛,2013(7):58-60.
- [9] RAPHAEL A M.线性模型在动物育种预测中的应用[M].于向春,张豪,译.北京:中国农业大学出版社,2016:39-41,222-228.
- [10] 陈国宏,张勤.动物遗传原理与育种方法[M].北京:中国农业出版社,2009:106-127.
- [11] 李和平.动物群体与数量遗传学[M].哈尔滨:东北林业大学出版社,2019:140-186.
- [12] 李宁.动物遗传学[M].3版.北京:中国农业大学出版社,

- 2011: 165-182.
- [13] 刘建勇, 黄必志. BMY肉牛育种性状的遗传参数估计 [J]. 西北农业学报, 2007 (6): 47-50.
- [14] 周国利, 金海国, 吴玉厚. 鲁西黄牛主要经济性状的数量遗传学分析 [J]. 中国畜牧杂志, 2006, 42 (5): 12-16.
- [15] 任小丽, 张旭, 王雅春. 三河牛初生体尺和初生重遗传参数的估计 [J]. 中国农业科学, 2013, 46 (23): 5020-5025.
- [16] 董明明, 赵番番, 葛建军. 新疆地区荷斯坦牛长寿性与产奶量的遗传力估计及相关性分析 [J]. 中国农业科学, 2022, 55 (21): 4294-4303.
- [17] BUTTS W T Jr, MCCURLEY J R, BOVARD K P. Growth patterns of Angus, Hereford and shorthorn cattle. II. Relationship of growth patterns of dams with progeny performance [J]. J Anim Sci, 1984, 59 (5): 1205-1212.
- [18] 金海国. 草原红牛主要经济性状的遗传参数估计 [J]. 河北农业大学学报, 2002, 25 (5): 74-77.
- [19] 胡林勇. 秦川牛部分体量性状的遗传参数估测 [J]. 中国牛业科学, 2006, 32 (4): 4-8.
- [20] 庞沛莹, 张子敬, 刘贤, 等. 皮南牛选育提高的基本思路和关键措施 [J]. 中国牛业科学, 2022, 48 (5): 83-85.
- [21] 姚治, 张子敬, 刘贤, 等. 皮南牛体尺体重相关性及其主成分分析 [J]. 中国牛业科学, 2022, 48 (2): 39-41.
- [22] 朱波, 李宏伟, 周佩诺, 等. 国内外肉牛遗传评估体系概况 [J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52 (6): 1447-1460.

· 信息 ·

倡导健康养殖新理念 解读疫病防控新技术

欢迎订阅 2025年《畜牧与兽医》

ISSN 0529-5130, CN 32-1192/S

《畜牧与兽医》月刊由教育部主管、南京农业大学主办。1935年创刊，由原中央大学畜牧兽医系编辑出版，著名兽医学家罗清生教授任主编，至今已有90年的办刊历史。始终遵循“为社会服务，为畜牧生产服务”和“理论与实践相结合，普及与提高并举”的办刊宗旨。本刊连续入选中国科技核心期刊（中国科技论文统计源期刊）、《中文核心期刊要目总览》，先后荣获华东地区优秀期刊、江苏期刊方阵双效期刊、江苏省优秀科技期刊、全国高校优秀期刊、全国畜牧兽医类优秀期刊等。

读者对象：畜牧、兽医科技工作者和大专院校师生等。

主要内容：主要刊登畜牧、兽医两学科各领域的研究报告、文献综述等。主要栏目有遗传繁育、动物营养、环境卫生、基础兽医、预防兽医、临床兽医和专题综述等。

征订办法：本刊为月刊，大16开，定价：28.00元，全年12期共336.00元。邮发代号：28-42，全国各地邮局均可订阅。邮局漏订者可直接汇款至本刊杂志社补订。

地址：江苏省南京市江北新区滨江大道666号南京农业大学行政楼A320《畜牧与兽医》编辑部

邮编：210031

电话：025-84395701（编辑部）

E-mail：muyizz@njau.edu.cn