

周隽, 林昌华, 谢孟娟, 等. 大白猪精子动力学参数遗传参数估计 [J]. 畜牧与兽医, 2025, 57 (12): 1-8.

ZHOU J, LIN C H, XIE M J, et al. Genetic parameter estimation of sperm motility parameters in Yorkshire boars [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2025, 57 (12): 1-8.

大白猪精子动力学参数遗传参数估计

周隽¹, 林昌华^{1,2,3}, 谢孟娟¹, 叶发明¹, 石勇祥¹, 张美芳¹,
韦仕君¹, 胡耀友¹, 陆厚育¹, 韦富康¹, 司景磊^{1,2,3*}

(1. 广西农垦永新畜牧集团有限公司良圻原种猪场, 广西 南宁 530317;

2. 广西农垦永新畜牧集团有限公司, 广西 南宁 530012;

3. 广西大学动物科学技术学院, 广西 南宁 530003)

摘要: 旨在对种公猪站大白猪精子动力学参数进行非遗传因素分析和遗传参数估计, 为种公猪的选育提供理论基础。收集了2016—2023年间569头大白公猪的145 452条精子动力学参数记录, 利用R软件对公猪表型进行质控并进行固定效应分析, 利用DMU软件的重复力模型计算各性状遗传力、重复力及性状间遗传相关, 并评估各性状估计育种值的可靠性。结果: 精子动力学参数受采精月龄、出生年份、出生胎次、采精年份、同窝仔猪数和采精季节这些因素的显著性影响 ($P < 0.05$), 精子浓度、精子直线运动率、曲线运动距离、平均路径速度、曲线速度和直线速度的遗传力分别为 (0.08 ± 0.03) 、 (0.03 ± 0.01) 、 (0.17 ± 0.02) 、 (0.21 ± 0.01) 、 (0.17 ± 0.02) 和 (0.21 ± 0.01) , 重复力分别为 0.29、0.27、0.30、0.34、0.31 和 0.35, 精子浓度和精子直线运动率属于低遗传力性状, 其余为中等遗传力性状; 各性状间遗传相关在 $-0.08 \sim 1.00$; 估计育种值准确性分别为 (0.60 ± 0.00) 、 (0.38 ± 0.00) 、 (0.77 ± 0.00) 、 (0.79 ± 0.00) 、 (0.78 ± 0.00) 和 (0.80 ± 0.00) , 整体准确性较高。综上, 曲线运动距离、平均路径速度、曲线速度和直线速度遗传力在中高水平, 且与精子浓度和精子直线运动率表现出较强的遗传相关, 可通过加强选育来提高精液质量, 同时各性状均易受到非遗传因素影响且重复力较高, 公猪站应提高现场管理水平, 以期提高精液质量和稳定性。

关键词: 大白猪; 精子动力学参数; 非遗传因素分析; 遗传参数; 遗传相关

中图分类号: S828 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2025)12-0001-08

Genetic parameter estimation of sperm motility parameters in Yorkshire boars

ZHOU Jun¹, LIN Changhua^{1,2,3}, XIE Mengjuan¹, YE Faming¹, SHI Yongxiang¹, ZHANG Meifang¹,
WEI Shijun¹, HU Yaoyou¹, LU Houyu¹, WEI Fukang¹, SI Jinglei^{1,2,3*}

(1. Breeding Pig Farm of Guangxi State Farms Yongxin Livestock Husbandry Group Co., Ltd.,
Nanning 530317, China;

2. Guangxi State Farms Yongxin Animal Husbandry Group Co., Ltd., Nanning 530012, China;

3. College of Animal Science & Technology, Guangxi University, Nanning 530003, China)

Abstract: This study aimed to investigate the impact of non-genetic factors on sperm dynamic parameters, and to estimate the genetic parameters in Yorkshire boars. 145 452 sperm motility parameter records of 569 Yorkshire boars were collected from 2016 to 2023. Then, the R software was used to perform quality control and fixed effect analysis on the boar phenotypes. Next, the repeatability model of the DMU software was used to calculate the heritability and genetic correlations of the various traits, and to evaluate the reliability of the estimated breeding values. The results showed that the kinetic parameters of the sperm were significantly ($P < 0.05$) affected by semen collection months of age, year of birth, birth parity, year of semen collection, number of littermates, and semen collection season. The heritability of sperm concentration, sperm straight-line motility rate, distance curvilinear, average path velocity, curvilinear velocity and straight-line velocity were (0.08 ± 0.03) , (0.03 ± 0.01) , (0.17 ± 0.02) , (0.21 ± 0.01) , (0.17 ± 0.02) and (0.21 ± 0.01) , respectively; and the repeatability were

收稿日期: 2024-11-18; 修回日期: 2025-09-22

基金项目: 农业科技重大项目; 广西揭榜制科技项目(桂科JB202303); 广西农垦永新畜牧集团有限公司内部立项科技项目(桂垦牧科2022003、永新牧科2023001); 国家现代农业产业技术体系广西创新团队建设项目(nyeytxgxttd-2023-15-04)

第一作者: 周隽, 男, 硕士

* 通信作者: 司景磊, 博士, 畜牧师, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: jinglei7139@126.com。

0.29, 0.27, 0.30, 0.34, 0.31 and 0.35, respectively. Sperm concentration and sperm straight-line motility rate were the traits with low heritability, and the other traits were with medium heritability. The genetic correlations were between -0.08 and 1.00 ; and the accuracy of the estimated breeding values were (0.60 ± 0.00) , (0.38 ± 0.00) , (0.77 ± 0.00) , (0.79 ± 0.00) , (0.78 ± 0.00) and (0.80 ± 0.00) , respectively; all being of high accuracy. Briefly, the results of this study indicated that the heritability of distance curvilinear, average path velocity, curvilinear velocity and straight-line velocity were at medium to high levels, and these factors showed high levels of genetic correlations with sperm concentration and sperm straight-line motility rate. Strengthened selection might be carried out to further improve semen quality; and each trait is easily affected by non-genetic factors and has a relatively high repeatability. Therefore, breeding boar stations should improve on-site management to improve quality and stability of semen.

Keywords: Yorkshire boars; sperm kinetic parameters; non-genetic factors analysis; genetic parameters; genetic correlation

精液质量作为影响公猪质量和母猪繁殖效率的关键指标受到广泛关注和研究,而精子动力学参数是评估精液质量的关键指标。精子动力学参数与卵子受精率、胚胎卵裂率等核心繁殖指标显著相关^[1-2],进而影响母猪的受孕率和产仔数等繁殖性能指标。对大白猪精子动力学参数进行深入研究,了解其遗传规律和遗传参数,对于精准选育具有高繁殖性能的大白猪种猪具有重要的理论和实践意义。

遗传参数估计是描述数量性状规律的统计参数,在遗传育种领域具有重要作用^[3]。精准评估遗传参数对优良种畜禽的选择、加速遗传改良进程制定、精确制定育种方案等方面都具有重要意义。通过对大白猪精子动力学参数的遗传参数估计,可以量化这些性状的遗传变异程度、遗传力大小以及性状之间的遗传相关性,从而为制定科学合理的育种方案提供依据。然而,目前关于大白猪精子运动学参数遗传参数估计的研究还相对有限,许多内容还亟待研究。

本研究以 569 头大白公猪的 145 452 条精子动力学参数记录作为研究对象,对大白猪精子动力学参数进行系统的分析,准确估计其遗传参数。旨在为大白猪的育种工作提供更精准的理论指导和实践依据,推动养猪业的可持续发展,满足市场对高品质猪肉产品的需求,也为其他畜禽品种的精子动力学性状研究提供参考和借鉴。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究数据来自广西农垦永新畜牧集团有限公司下属核心种公猪站,以大白公猪作为研究对象,收集了 2016—2023 年间 569 头大白公猪的 145 452 条精子动力学参数记录,性状包括精子浓度 (sperm concentration, SC),精子直线运动率 (sperm straight-line motility rate, SLMR),曲线运动距离 (distance curvilinear, DCL),平均路径速度 (average path velocity, VAP),曲线速度 (curvilinear velocity, VCL) 和直线速度 (straight-line velocity, VSL)。

1.2 数据的获取和表型处理

SC、SLMR、DCL、VAP、VCL 和 VSL 使用 MOFA GLOBA 公司 Prism 3.9 软件对经 1:10 稀释后的原精样品进行自动检测获取,并根据猪只耳号进行记录。表型数据使用 3 倍标准差作为筛选标准,剔除偏离过大的表型数据。

1.3 固定效应划分

使用 R 软件 (<https://www.r-project.org/>) 进行多因素方差分析,使用采精月龄、出生年份、出生胎次、采精年、同窝仔猪数分析作为固定效应,分析其对精子动力学参数的影响。剔除每个固定效应条件下各精液性状记录数量较少的测定记录,剩余固定效应水平划分如下:采精月龄划分为 4 个水平,≤12 月、13~18 月、19~24 月、>24 月;出生年份划分为 9 个水平,2014—2022 年;出生胎次划分为 4 个水平,0~2、3~4、5~6、>6;采精年份划分为 8 个水平,2016—2023 年;同窝仔猪数划分为 4 个水平,0~6、7~10、11~16、>16;采精季节划分为 4 个水平,春季 (3—5 月)、夏季 (6—8 月)、秋季 (9—11 月)、冬季 (12 月至次年 2 月)。

使用 R 软件的 shapiro.test 和 bartlett.test 函数进行正态性与齐次性检验。通过 aov 函数进行多因素方差分析,对影响精液性状的各固定效应进行显著性检验,之后使用 duncan.test 函数进行邓肯式多重比较。

本研究中采用系谱向上追溯 3 代的方式获得所有公猪的完整系谱,最终获得共计 1 513 条系谱记录,包含 1 760 头猪。

1.4 数据统计与分析

1.4.1 固定效应分析模型

$$Y_{ijklmno} = \mu + Month_i + Year_birth_j + Parity_k + Year_l + Litter_s_m + Season_n + e_{ijklmno},$$

式中, $Y_{ijklmno}$ 为第*i*个采精月龄、*j*个出生年份、*k*个出生胎次、*l*个采精年份、*m*个同窝仔猪数、*n*个采精季节的第*o*头公猪的精子动力学参数表型值, $Month_i$ 为采精月龄效应, $Year_birth_j$ 为出生年份效应, $Parity_k$ 为出生胎次效应, $Year_l$ 为采精年份效应, $Litter_s_m$ 为同窝仔猪数效应, $Season_n$ 为采精季节,

$e_{ijklmno}$ 为随机残差效应。

1.4.2 方差组分估计模型

本研究使用 DMU 软件 (v6-R5-2-EM64T) 进行方差组分估计和育种值预测。采用平均信息法 (average information, AI) 和期望最大化算法 (expectation maximization, EM) 相结合的 dmuai 模块约束性最大似然法估计方差组分 (restricted maximum likelihood, REML) 估计方差组分, 利用 DMU4 模块估计个体育种值。精液性状方差组分分析采用重复力模型, 模型如下:

$$y = X_1 f + X_2 b + Z_1 a + Z_2 p + e,$$

$$y = \begin{bmatrix} X_1' X_1 & X_1' X_2 & X_1' Z_1 & X_1' Z_2 \\ X_2' X_1 & X_2' X_2 & X_2' Z_1 & X_2' Z_2 \\ Z_1' X_1 & Z_1' X_2 & Z_1' Z_1 + \sigma_e^2 A^{-1} \otimes D^{-1} & Z_1' Z_2 \\ Z_2' X_1 & Z_2' X_2 & Z_2' Z_1 & Z_2' Z_2 + \sigma_e^2 I \otimes P^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1' y \\ X_2' y \\ Z_1' y \\ Z_2' y \end{bmatrix},$$

$$\text{Var} (e) = R = I \sigma_e^2, \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ p \end{bmatrix} = G = \begin{bmatrix} A \otimes D & 0 \\ 0 & I \otimes P \end{bmatrix},$$

$$G^{-1} = \begin{bmatrix} A \otimes D & 0 \\ 0 & I \otimes P \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} A^{-1} \otimes D^{-1} & 0 \\ 0 & I \otimes P^{-1} \end{bmatrix},$$

式中, y 是各性状精液测定性状的观测值; f 为固定环境效应向量, b 为固定回归函数的回归系数向量, 长度为 $m_f + 1$, a 为加性遗传随机回归系数向量, 长度为 $n \times (m_r + 1)$, p 为永久环境随机回归系数向量, 长度为 $m \times (m_r + 1)$, n 为系谱中的个体数, m 为有测定值的个体数, m_f 为固定回归函数的阶数, m_r 为随机回归函数的阶数; X_1 为固定环境效应的关联矩阵, X_2 为固定回归系数的协变量矩阵, Z_1 、 Z_2 为随机回归函数的协变量矩阵; A 为加性遗传相关矩阵,

$$y = Xf + Z_1 a + Z_2 p + e,$$

式中, y 是各性状精液测定性状的观测值向量, f 为个体固定效应向量, a 为个体加性遗传效应向量, $a \sim N(0, A \sigma_a^2)$, σ_a^2 是加性遗传方差, A 为亲缘关系矩阵; p 为永久环境效应向量, $p \sim N(0, I \sigma_p^2)$, σ_p^2 是永久环境效应方差, I 为单位矩阵; X 、 Z_1 和 Z_2 分别为 f 、 a 和 p 对应的关联矩阵, e 是残差效应向量, $e \sim N(0, I \sigma_e^2)$, I 为单位矩阵, σ_e^2 是残差方差。

模型的矩阵表示:

D 为加性遗传随机回归系数间的方差-协方差矩阵, P 为永久环境随机回归系数间的方差-协方差矩阵; \otimes 为直积 (kronecker product)。

表型方差 (σ_y^2)、遗传力 (h^2)、重复力 (r_e) 的计算公式如下:

$$\sigma_y^2 = \sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2, h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_y^2}, r_e = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_p^2}{\sigma_y^2},$$

遗传力的标准误 (se) 计算参照 Knauer 等^[4] 和 Su 等^[5] 的研究:

$$se = (h^2)^2 \sqrt{\frac{\sigma_a^2 + \sigma_y^2 + 2 \times [Cov(a, p) + Cov(a, e) + Cov(p, e)]}{(\sigma_a^2)^2 + \sigma_y^2 + 2 \times [Cov(a, p) + Cov(a, e) + Cov(p, e)]} - 2 \times \frac{\sigma_a^2 + Cov(a, p) + Cov(a, e)}{\sigma_a^2 \sigma_p^2}},$$

式中, se 为遗传力标准误; $Cov(a, p)$ 为加性效应和永久环境效应的协方差; $Cov(a, e)$ 为加性效应和残差效应的协方差; $Cov(p, e)$ 为永久环境效应和残差效应的协方差, 由 DMU 结果文件 PAROUT_STD 获得。

残差效应协方差; σ_{ai}^2 为第 i 个性状的加性效应方差, σ_{pi}^2 为第 i 个性状的永久环境效应方差, σ_{ei}^2 为第 i 个性状的残差效应方差。遗传相关标准误由 DMU 结果文件 LST 文件获得。

估计育种值准确性 (reliability of estimated breeding value, r_i) 参照 Mrode 等^[6] 和张沉^[7] 的研究, 个体育种值准确性的计算公式为:

遗传相关和表型相关的计算:

$$r_g = \frac{Cov_{a12}}{\sqrt{\sigma_{a1}^2 \sigma_{a2}^2}}, r_y = \frac{Cov_{a12} + Cov_{p12} + Cov_{e12}}{\sqrt{(\sigma_{a1}^2 \sigma_{p1}^2 \sigma_{e1}^2)(\sigma_{a2}^2 \sigma_{p2}^2 \sigma_{e2}^2)}},$$

式中, r_g 为遗传相关, r_y 为表型相关; Cov_{a12} 为性状 1 和性状 2 的加性效应协方差; Cov_{p12} 为性状 1 和性状 2 的永久环境效应协方差; Cov_{e12} 为性状 1 和性状 2 的

$$r_i = \sqrt{1 - \frac{sep^2}{\sigma_a^2}},$$

式中, r_i 为育种值估计准确性, sep 为估计育种值标准误, σ_a^2 是加性遗传方差。

表型相关计算 表型相关使用皮尔逊相关系数 (Pearson correlation coefficient), 其计算公式如下:

$$r = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}}$$

式中, x_i 和 y_i 为变量 x 和 y 的第 i 个观测值, \bar{x} 和 \bar{y} 为变量 x 和 y 的样本均值。

数据用“平均值±标准差”来表示, 以 $P < 0.05$ 表示差异显著。

2 结果

2.1 表型数据描述性统计

由表 1 可知, 各性状记录条数均超过 10 万条, 其中 VAP 有效记录数最多, 为 141 349 条, SLMR 记录数最少, 为 133 556 条。SLMR 最小值为 79.13%, 最大值为 100%, 均值为 93.22%, 其变异系数最小, 为 5.04%; SC 最小值为 $0.00 \times 10^8 / \text{mL}$, 最大值为 $0.75 \times 10^8 / \text{mL}$, 其变异系数最大, 为 51.86%。

表 1 精子动力学参数描述性统计

性状	有效记录数/个	平均值±标准差	最小值	最大值	变异系数/%
SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	138 087	0.29±0.15	0.00	0.75	51.86
SLMR/%	133 556	93.22±4.70	79.13	100.00	5.04
DCL/ μm	141 131	48.78±11.28	14.95	82.61	23.12
VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	141 349	58.59±17.19	12.49	110.15	29.34
VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	141 066	108.40±26.71	28.37	188.51	24.64
VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	140 110	47.08±15.10	10.49	92.38	32.07

2.2 精子动力学参数非遗传因素分析

表 2 显示采精月龄、出生年份、出生胎次、采精年份、同窝仔猪数和采精季节对各精子动力学参数均有显著影响 ($P < 0.05$)。

由表 3 可知, 采精月龄 > 24 月的公猪, SLMR、DCL、VAP、VCL、VSL 均显著高于其他月龄的公猪 ($P < 0.05$); 13~18 月龄公猪的 SC 显著高于其他月龄 ($P < 0.05$)。出生年份结果显示, 各性状随年份表现出上升的趋势, 2022 年出生公猪 DCL、VAP、VCL 显著 ($P < 0.05$) 高于其他年份, 2022 年和 2021 年出生公猪 SLMR 显著 ($P < 0.05$) 高于其他年份。出生胎次 > 6 的公猪其 SLMR、DCL、VAP、VCL、VSL

显著 ($P < 0.05$) 高于其他胎次, 0~2 胎出生的公猪 SC 显著 ($P < 0.05$) 高于其他胎次。2023 年采精公猪 SC 显著 ($P < 0.05$) 高于其他年份, 2022 年采精公猪 DCL、VAP、VCL、VSL 显著 ($P < 0.05$) 高于其他年份, 2021 年采精公猪 SLMR 显著 ($P < 0.05$) 高于其他采集年份。同窝仔猪数结果显示, 同窝仔猪数 > 16 头的公猪其 SLMR、DCL、VAP、VCL、VSL 均显著 ($P < 0.05$) 高于其他组别。采精季节结果显示, SLMR、DCL、VAP、VCL、VSL 在秋季显著 ($P < 0.05$) 高于其他季节, 在夏季显著 ($P < 0.05$) 低于其他季节。

表 2 精子动力学参数固定效应方差分析 F 值

项目	SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	SLMR/%	DCL/ μm	VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)
采精月龄	410.93***	1 592.95***	4 387.31***	10 640.94***	4 871.78***	10 846.01***
出生年份	35.03***	16.79***	16.17***	40.41***	9.74***	60.64***
出生胎次	180.62***	92.69***	216.38***	235.95***	218.06***	250.11***
采精年份	119.28***	102.89***	155.63***	156.19***	161.93***	122.54***
同窝仔猪数	21.30***	39.19***	30.20***	24.90***	40.98***	35.64***
采精季节	25.60***	32.42***	142.28***	184.59***	162.51***	142.52***

注: *** 代表差异极显著 ($P < 0.001$)。

表3 不同非遗传因素对精子动力学参数的影响

项目	记录数/ 条	公猪/ 头	SC/ (10 ⁸ · mL ⁻¹)	SLMR/%	DCL/ μ m	VAP/ (μ m · s ⁻¹)	VCL/ (μ m · s ⁻¹)	VSL/ (μ m · s ⁻¹)	
采精 月龄	≤12	32 679	435	0.33±0.22 ^b	92.74±4.83 ^c	47.67±10.28 ^c	56.02±14.71 ^d	105.45±24.46 ^c	45.06±13.20 ^d
	13~18	51 628	421	0.34±0.21 ^a	92.99±4.87 ^b	47.77±9.96 ^{bc}	56.83±13.97 ^b	106.08±23.47 ^b	45.87±12.61 ^b
	19~24	34 705	262	0.32±0.21 ^d	92.79±5.00 ^c	47.88±9.80 ^b	56.53±14.28 ^c	106.28±23.07 ^b	45.53±12.98 ^c
	>24	19 547	167	0.33±0.22 ^c	93.34±4.91 ^a	48.92±9.89 ^a	58.24±14.52 ^a	108.74±23.26 ^a	46.83±12.92 ^a
出生 年份	2014	1 337	16	0.28±0.19 ^b	90.54±4.14 ^e	46.39±10.86 ^c	47.62±11.84 ^e	101.58±25.37 ^c	34.93±10.17 ^e
	2015	5 501	27	0.36±0.24 ^b	90.87±4.21 ^f	44.63±7.67 ^e	46.60±10.72 ^b	98.01±18.18 ^e	34.73±10.02 ^e
	2016	21 801	65	0.31±0.18 ^f	91.61±4.42 ^c	42.46±7.61 ^b	46.52±10.64 ^b	92.62±18.28 ^b	36.71±11.12 ^f
	2017	25 476	75	0.38±0.18 ^a	92.53±5.05 ^c	45.04±8.40 ^f	50.39±13.90 ^f	99.11±20.21 ^f	39.94±12.81 ^c
	2018	33 049	95	0.34±0.24 ^d	92.01±4.55 ^d	47.34±9.97 ^d	56.29±13.95 ^c	105.24±23.12 ^d	45.70±12.72 ^d
	2019	26 589	100	0.29±0.17 ^e	94.44±5.08 ^b	52.80±9.50 ^b	65.80±9.84 ^c	118.16±19.75 ^b	53.80±7.97 ^b
	2020	8 255	44	0.35±0.24 ^c	94.36±4.55 ^b	52.69±8.50 ^b	67.51±10.65 ^b	118.59±22.30 ^b	55.61±6.87 ^a
	2021	10 058	47	0.32±0.21 ^e	94.83±5.35 ^a	51.53±7.80 ^c	65.18±9.76 ^d	115.26±18.08 ^c	53.38±8.43 ^c
	2022	6 493	82	0.35±0.18 ^c	94.67±5.27 ^a	53.65±9.34 ^a	68.03±10.03 ^a	120.12±21.66 ^a	55.38±7.48 ^a
出生 胎次	0~2	62 796	235	0.34±0.17 ^a	92.75±4.78 ^c	48.04±6.97 ^a	57.17±14.18 ^b	106.70±16.22 ^a	46.25±13.03 ^b
	3~4	51 924	214	0.33±0.20 ^b	92.82±4.96 ^c	47.89±10.30 ^a	56.04±14.36 ^c	106.14±22.90 ^{ab}	44.81±12.58 ^d
	5~6	20 683	85	0.32±0.20 ^b	93.45±4.93 ^b	47.55±9.85 ^b	56.78±14.49 ^b	105.43±23.62 ^c	45.87±12.78 ^c
	>6	3 156	17	0.33±0.24 ^b	94.05±4.22 ^a	47.95±9.77 ^a	58.20±12.37 ^a	105.91±24.27 ^{bc}	47.90±11.84 ^a
采精 年份	2016	1 453	60	0.26±0.20 ^e	90.03±4.15 ^b	44.74±11.28 ^c	46.28±10.66 ^e	98.09±26.23 ^c	34.59±9.90 ^f
	2017	19 474	138	0.34±0.23 ^b	90.95±4.32 ^e	43.56±7.57 ^e	46.58±11.16 ^e	95.43±18.24 ^f	35.68±10.60 ^c
	2018	25 845	114	0.33±0.24 ^c	92.59±4.86 ^c	43.83±7.95 ^e	49.23±12.88 ^f	95.88±18.93 ^f	39.39±11.91 ^d
	2019	23 884	153	0.38±0.19 ^a	91.61±4.09 ^f	44.16±9.66 ^f	49.69±14.65 ^c	97.49±22.84 ^c	39.73±13.57 ^d
	2020	32 291	159	0.30±0.21 ^e	93.30±4.92 ^d	53.52±10.02 ^a	66.59±10.69 ^b	119.70±23.42 ^a	54.73±8.08 ^a
	2021	13 163	168	0.29±0.17 ^f	95.34±5.71 ^a	49.78±7.34 ^d	62.72±8.88 ^d	111.70±16.65 ^d	50.99±8.00 ^c
	2022	16 488	139	0.32±0.20 ^d	94.75±5.16 ^b	52.86±9.25 ^b	67.22±11.08 ^a	118.77±21.63 ^b	55.02±7.99 ^a
	2023	5 961	106	0.38±0.20 ^a	94.18±4.59 ^c	52.53±7.53 ^c	65.71±9.17 ^c	117.30±17.42 ^c	53.29±7.95 ^b
同窝 仔猪数	0~6	12 410	38	0.39±0.22 ^a	92.60±5.08 ^c	45.65±10.13 ^d	51.60±14.11 ^d	100.57±23.75 ^d	41.08±12.46 ^d
	7~10	22 934	83	0.32±0.20 ^c	92.72±4.91 ^b	45.97±10.03 ^c	53.11±14.49 ^c	101.24±23.66 ^c	42.50±13.08 ^c
	11~16	77 104	316	0.33±0.27 ^b	92.98±4.40 ^a	48.13±7.34 ^b	57.06±9.84 ^b	106.88±17.11 ^b	46.00±8.80 ^b
	>16	26 111	114	0.32±0.20 ^c	93.04±5.00 ^a	50.18±10.04 ^a	61.58±14.11 ^a	112.00±23.59 ^a	50.05±12.79 ^a
采精 季节	春	36 686	127	0.33±0.22 ^b	92.95±4.89 ^b	47.81±10.06 ^b	56.71±14.03 ^b	106.01±23.78 ^c	45.81±12.39 ^b
	夏	28 404	57	0.34±0.21 ^a	92.47±5.01 ^c	47.45±10.42 ^c	56.09±14.79 ^c	105.07±24.55 ^d	45.64±13.04 ^b
	秋	31 925	254	0.33±0.20 ^b	93.11±4.86 ^a	48.47±9.56 ^a	57.28±14.00 ^a	107.43±22.59 ^a	46.22±12.86 ^a
	冬	41 544	113	0.33±0.22 ^c	93.01±4.90 ^b	47.86±9.79 ^b	56.68±14.52 ^b	106.42±23.00 ^b	45.20±13.33 ^c

注：同一项目下，同列数据肩标不同字母表示差异显著 ($P<0.05$)。

2.3 方差组分和遗传参数估计

各精液性状的加性遗传方差 (σ_a^2)、永久环境效应方差 (σ_p^2)、残差方差 (σ_e^2)、 h^2 和 r_e 见表4。各性状遗传力在0.03~0.21之间，均属于中低遗传力性状；重复力在0.27~0.35之间。SC、SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL遗传力分别为(0.08±0.03)、

(0.03±0.01)、(0.17±0.02)、(0.21±0.01)、(0.17±0.02)和(0.21±0.01)，其中SC和SLMR遗传力低于0.1，属于低遗传力性状；重复力分别为0.29、0.27、0.30、0.34、0.31和0.35，其中VAP和VSL重复力较高，为0.34和0.35。

表 4 估计方差组分和遗传参数

性状	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h^2	r_e
SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	0.00±0.00	0.00±0.00	0.02±0.00	0.08±0.03	0.29
SLMR/%	1.16±1.15	11.13±1.27	32.82±0.12	0.03±0.01	0.27
DCL/ μm	22.30±4.46	18.02±3.28	92.35±0.35	0.17±0.02	0.30
VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	57.19±9.48	38.24±6.70	182.55±0.68	0.21±0.01	0.34
VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	124.80±24.67	96.89±18.00	499.72±1.87	0.17±0.02	0.31
VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	51.22±8.25	33.36±5.80	159.28±0.60	0.21±0.01	0.35

2.4 遗传相关和表型相关分析

由表 5 可知, SC 与 SLMR 遗传相关为-0.56, 存在较高度度的负相关, 与 DCL 和 VCL 遗传相关分别为 0.05 和 0.09, 存在较低程度的正相关, 与 VAP 和 VSL 遗传相关分别为-0.02 和-0.08, 存在较低程度的负相关。SLMR 与 DCL、VAP、VCL 和 VSL 均存在较高度度的正相关, 遗传相关分别为 0.83、0.74、0.82 和 0.68。DCL、VAP、VCL 和 VSL 这 4 个性状

间均存在较高度度的遗传相关, 范围为 0.74~1.00。

由表 6 可知, SC 与 SLMR 表型相关为 0.14, 存在中低程度的正相关, 与 DCL、VAP、VCL 和 VSL 相关程度较低。SLMR 与 DCL、VAP、VCL 和 VSL 表型相关分别为 0.23、0.26、0.25 和 0.22, 均存在中高度度的正相关。DCL、VAP、VCL 和 VSL 这 4 个性状间均存在较高度度的表型相关, 范围为 0.75~0.99。

表 5 各性状间遗传相关性分析

性状	SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	SLMR/%	DCL/ μm	VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)
SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	1	-0.56	0.05	-0.02	0.09	-0.08
SLMR/%		1	0.83	0.74	0.82	0.68
DCL/ μm			1	0.88	1.00	0.77
VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)				1	0.88	0.98
VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)					1	0.77
VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)						1

表 6 各性状间的表型相关性分析

性状	SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	SLMR/%	DCL/ μm	VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)
SC/ ($10^8 \cdot \text{mL}^{-1}$)	1					
SLMR/%	0.14	1				
DCL/ μm	-0.03	0.23	1			
VAP/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	-0.06	0.26	0.87	1		
VCL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	0.01	0.25	0.99	0.89	1	
VSL/ ($\mu\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$)	-0.08	0.22	0.75	0.97	0.77	1

2.5 估计育种值准确性

SC、SLMR、DCL、VAP、VCL 和 VSL 的估计育种值准确性分别为 (0.60±0.00)、(0.38±0.00)、(0.77±0.00)、(0.79±0.00)、(0.78±0.00) 和 (0.80±0.00), 其中 SLMR 估计育种值准确性偏低为 (0.38±0.00), SC 为 (0.60±0.00), 其余性状准确性均较高, 达到 0.75 以上。

3 讨论

精子运动学参数是反映精子质量的有效指标之一^[8], 精子质量在生猪育种中发挥着重要的作用^[9]。种公猪的选育通常基于生长性状进行选种, 由于精液质量不达标而被公猪站淘汰的种公猪占 47.3%^[10], 精液质量问题会导致公猪使用年限降低 12.3 个月^[11-12]。许多研究也表明精子动力学参数与精子形态^[13-15]和雌性繁殖^[13,16-17]相关。Dresdner 等^[18]、赵

杰等^[19]、刘锦宏等^[9]和冯播^[10]研究结果显示精子形态会影响精子的运动能力,形态异常会导致精子运动曲线性上升,直线性和前进运动速度下降。毛献宝等^[14]研究结果表明精子形态异常组与正常组相比,VCL、VSL、VAP显著降低,精子形态异常会导致其运动速率的降低,影响精子的运动指标。随着国内育种发展,对优质种公猪的需求日益增加,精液动力学参数的选育是提高精液质量、提升母猪繁殖水平的关键措施。精液性状的选育对提高种公猪质量、延长其使用年限、提升母猪繁殖效率显得尤为重要,而估计遗传参数和估计育种值准确性是对精液性状选育的关键指标。

本研究结果表明采精月龄、出生年份、出生胎次、采精年份、同窝仔猪数和采精季节对精子动力学参数有显著影响。大白公猪同窝仔猪数>16时,公猪精液品质具有优势,公猪选育时可以将同窝仔猪数作为参考指标,提升公猪精液质量。出生年份和采精年份结果显示精子动力学参数随年份表现出上升趋势,2022年和2023年精子动力学参数有所下降,可能是非洲猪瘟的冲击导致公猪质量下降。采精月龄方面,>24月龄公猪精子的SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL表现优秀,说明其精子运动能力更强,更有利于母猪受精。季节因素在热带气候、环境控制有限的牧场中更加明显^[20],而广西夏季处于高温环境下,对精液质量影响较大。本研究结果也与大量研究结果一致,夏季精子动力学参数指标均低于其他季节,而秋冬季指标较好^[21-22]。因此,对于公猪站管理需更多考虑非遗传因素的影响,提升精液质量和生产效率。

目前对精子运动学遗传参数估计的研究报道较少,本研究中SC、SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL的遗传力和重复力分别为0.08、0.03、0.17、0.21、0.17、0.21和0.29、0.27、0.30、0.34、0.31、0.35。SC和SLMR为低遗传力性状(<0.1),但重复力分别为0.29和0.27,具有中高水平的重复力,说明这2个性状相比于其他性状更易受到环境因素的影响。DCL、VAP、VCL和VSL遗传力都在中高遗传力(0.1~0.3)的水平,重复力均大于0.3,此类性状可以通过持续选育获得较大的遗传进展。因此,对于DCL、VAP、VCL和VSL可以通过持续选育进行改良,并通过改善环境因素获得更为稳定的表型;对于SC和SLMR则需要更多地考虑环境因素的调控以及采用综合的育种策略加快表型和遗传进展。

除遗传力以外,遗传相关性的估计对于多性状联合选择也至关重要。SC与SLMR的遗传相关为-0.54,存在较强的负相关,与DCL、VAP、VCL和

VSL的遗传相关性较低。说明在遗传层面,SC偏大会导致SLMR下降。SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL间遗传相关性均大于0.65,部分性状间高于0.85。这可能是由于它们在一定程度上都反映了精子的运动能力和能量代谢水平。总而言之,精子动力学参数的遗传相关可以帮助育种者制定更合理的选择策略,通过建立合适的选择指数,综合考虑多个相关性状进行选育,以实现多个优良性状的协同改良。

估计育种值准确性是动物育种家感兴趣的指标之一,其直接反映了群体中估计育种值的可信程度。本研究中SC、SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL的估计育种值准确性分别为(0.60±0.00)、(0.38±0.00)、(0.77±0.00)、(0.79±0.00)、(0.78±0.01)和(0.80±0.00)。相比于其他性状,SC和SLMR准确性偏低,与性状遗传力偏低和受环境影响较大有关。随着分子生物学技术的发展,进一步深入研究影响大白猪精子运动学参数的分子遗传机制成为可能。将基因组选择等方法应用于精子运动学参数,在提升准确性的同时,缩短世代间隔,加速遗传进展^[23-24]。

4 结论

本研究对大白公猪6个重要精子动力学参数进行了遗传参数估计和估计育种值可靠性计算,结果表明采精月龄、出生年份、出生胎次、采精年份、同窝仔猪数和采精季节对精子动力学参数有显著影响,SC和SLMR属于低遗传力性状,其余为中高遗传力性状,SLMR、DCL、VAP、VCL和VSL间均表现出较高程度的遗传相关,并且各性状估计育种值都具有较高的可信度。本研究为加快大白公猪精液性状的遗传改良提供了参考依据和理论基础。

参考文献:

- [1] 洪一峰,张恒,谈成,等.猪精液性状的遗传参数估计[J].中国畜牧杂志,2021,57(1):71-74.
- [2] 尚秀国,喻维维,赵云翔,等.长白公猪精液性状遗传参数评估及采精月龄和季节因素分析[J].畜牧兽医学报,2020,51(10):2425-2432.
- [3] 赵尉如,薛亚辉,鞠翠芳,等.杜洛克猪生长和繁殖性状的遗传参数估计和遗传进展分析[J].中国畜牧杂志,2023,59(11):154-157.
- [4] KNAUER M T, CASSADY J P, NEWCOM D W, et al. Phenotypic and genetic correlations between gilt estrus, puberty, growth, composition, and structural conformation traits with first-litter reproductive measures [J]. J Anim Sci, 2011, 89 (4): 935-942.
- [5] SU G, LUND M S, SORENSEN D. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate [J]. J Anim Sci, 2007, 85 (6): 1385-1392.

- [6] MRODE R A, POCRNIC I. Best linear unbiased prediction of breeding value: multivariate models [M]. UK: CABI Publishing, 2023: 98-119.
- [7] 张沅. 家畜育种学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2001.
- [8] TAN O, HA T, CARR B R, et al. Predictive value of postwashed total progressively motile sperm count using CASA estimates in 6871 non-donor intrauterine insemination cycles [J]. J Assist Reprod Genet, 2014, 31 (9): 1147-1153.
- [9] 刘锦宏, 毕慧玲, 李锐, 等. 精子动态与形态学关系及其临床应用价值 [J]. 实用医技杂志, 2010, 17 (3): 206-207.
- [10] 冯播. 精子形态与精子活力、精子运动参数之间的关系 [J]. 中国妇幼保健, 2014, 29 (28): 4592-4594.
- [11] KNOX R, LEVIS D, SAFRANSKI T, et al. An update on North American boar stud practices [J]. Theriogenology, 2008, 70 (8): 1202-1208.
- [12] WANG C, LI J L, WEI H K, et al. Linear growth model analysis of factors affecting boar Semen characteristics in Southern China [J]. J Anim Sci, 2017, 95 (12): 5339-5346.
- [13] 李凤, 胡庭溪, 刘霞, 等. 精子动力学参数与其体内、体外受精能力的相关性分析 [C] //中国畜牧兽医学动物繁殖学分会第十八届学术研讨会暨中日韩第四届动物繁殖学术交流会议论文集, 南京: 中国畜牧兽医学, 2016: 208.
- [14] 毛献宝, 薛林涛, 何冰, 等. 精子形态与精子动力学参数的相关性分析 [J]. 中国临床新医学, 2016, 9 (5): 379-383.
- [15] 赖昱全, 孙瑜冲, 黄仔冠, 等. 精子特定形态学与部分精子动力学参数的相关性研究 [J]. 重庆医学, 2023, 52 (7): 1000-1003.
- [16] BARQUERO V, ROLDAN E R S, SOLER C, et al. Relationship between fertility traits and kinematics in clusters of boar ejaculates [J]. Biology, 2021, 10 (7): 595.
- [17] TESHAY H H, SUN Y, LI Y, et al. Comparative studies of Semen quality traits and sperm kinematic parameters in relation to fertility rate between 2 genetic groups of breed lines [J]. Poult Sci, 2020, 99 (11): 6139-6146.
- [18] DRESDNER R D, KATZ D F. Relationships of mammalian sperm motility and morphology to hydrodynamic aspects of cell function [J]. Biol Reprod, 1981, 25 (5): 920-930.
- [19] 赵杰, 陈秀娟, 刘芳, 等. 精子运动参数与精子形态关系分析 [J]. 内蒙古医学杂志, 2008, 40 (10): 1247-1248.
- [20] PIÑÁN J, ALEGRE B, KIRKWOOD R N, et al. Effect of season and parity on reproduction performance of Iberian sows bred with duroc Semen [J]. Animals, 2021, 11 (11): 3275.
- [21] CIERESZKO A, OTTOBRE J S, GLOGOWSKI J. Effects of season and breed on sperm acrosin activity and Semen quality of boars [J]. Anim Reprod Sci, 2000, 64 (1/2): 89-96.
- [22] WOLF J, SMITAL J. Quantification of factors affecting Semen traits in artificial insemination boars from animal model analyses [J]. J Anim Sci, 2009, 87 (5): 1620-1627.
- [23] MEUWISSEN T H, HAYES B J, GODDARD M E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps [J]. Genetics, 2001, 157 (4): 1819-1829.
- [24] 张哲, 张勤, 丁向东. 畜禽基因组选择研究进展 [J]. 科学通报, 2011, 56 (26): 2212-2222.