

引用格式:

王旭, 朱磅强, 向清文, 谌烁楷, 闫煜博, 张跃博, 高宁, 何俊. 基于多效应重复力模型预测长大二元杂交猪的杂种优势[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(3): 50–54.

WANG X, ZHU B Q, XIANG Q W, CHEN S K, YAN Y B, ZHANG Y B, GAO N, HE J. Heterosis prediction based on multi-effect repeatability model for Landrace×Yorkshire sows[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(3): 50–54.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



## 基于多效应重复力模型预测长大二元杂交猪的杂种优势

王旭<sup>1</sup>, 朱磅强<sup>1</sup>, 向清文<sup>1</sup>, 谌烁楷<sup>1</sup>, 闫煜博<sup>1</sup>, 张跃博<sup>1,2,3</sup>, 高宁<sup>1,2,3</sup>, 何俊<sup>1,2,3\*</sup>

(1. 湖南农业大学动物科学技术学院, 湖南长沙 410128; 2. 农业农村部畜禽资源(猪)评价利用重点实验室, 湖南长沙 410128; 3. 岳麓山实验室, 湖南长沙 410128)

**摘要:** 利用长白猪、大白猪和长大杂交猪的繁殖性状数据与系谱数据, 通过逐步添加加性效应(A)、显性效应(D)和上位效应(E)至单性状重复力模型(M)中, 构建MA、MAD、MADE等3种杂种优势预测模型, 比较3种模型对杂交后代表型预测的准确度, 并预测杂交后代的杂种优势。结果表明: 仅包含加性效应的MA模型表型预测准确度(0.290~0.720)高于包含非加性效应的MAD模型的(0.173~0.687)和MADE模型的(0.055~0.365); 相较于传统方法计算的杂种优势率, MA模型预测的初生窝重(-25.41%)、总产仔数(-25.26%)、产活仔数(-26.11%)、健仔数(-24.89%)、弱仔数(-29.30%)、死胎数(-37.25%)、木乃伊数(-44.88%)等7种繁殖性状的杂种优势率的准确度高于其他2种模型的, MAD模型预测的畸形数(41.85%)、断奶头数(18.90%)、断奶窝重(18.29%)和21 d窝重(14.56%)等4种繁殖性状的杂种优势率更具有参考价值。

**关键词:** 长大二元杂交猪; 杂种优势; 多效应重复力模型; 加性效应; 非加性效应; 显性效应; 上位效应

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2025)03-0050-05

## Heterosis prediction based on multi-effect repeatability model for Landrace×Yorkshire sows

WANG Xu<sup>1</sup>, ZHU Bangqiang<sup>1</sup>, XIANG Qingwen<sup>1</sup>, CHEN Shuokai<sup>1</sup>, YAN Yubo<sup>1</sup>,  
ZHANG Yuebo<sup>1,2,3</sup>, GAO Ning<sup>1,2,3</sup>, HE Jun<sup>1,2,3\*</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2. Key Laboratory of Livestock and Poultry Resources(Pig) Evaluation and Utilization of China Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Changsha, Hunan 410128, China; 3. Yuelushan Laboratory, Changsha, Hunan 410128, China)

**Abstract:** Using fertility trait data and pedigree information from Landrace, Yorkshire, and their crossbred Landrace×Yorkshire sows, three heterosis prediction models MA, MAD and MADE were constructed by stepwise adding additive effects(A), dominance effects(D) and epistatic effects(E) to a single-trait repeatability model(M). The accuracy of these models in predicting hybrid phenotypes and heterosis in crossbred offspring was compared. The results showed that the MA model, which included only additive effects, had higher prediction accuracy for phenotypes(0.290-0.720) compared to the MAD model(0.173-0.687) and the MADE model(0.055-0.365), both of which also incorporated non-additive effects. The MA model outperformed the other two models in predicting heterosis rates for 7 reproductive traits including litter weight at birth(25.41%), total number born(-25.26%), number of liveborn piglets(-26.11%), number of healthy piglets (-24.89%), number of weak piglets(-29.30%), number of stillborns(-37.25%) and number of mummified piglets (-44.88%). The MAD model was more reliable and of greater reference value in predicting heterosis rates for 4

收稿日期: 2024-03-11

修回日期: 2025-03-11

基金项目: 湖南省创新型省份建设专项(2021NK1009); 湖南省自然科学基金项目(2022JJ30286); 湖南省科技人才托举工程项目(2022TJ-Q15)

作者简介: 王旭(1998—), 男, 湖南衡阳人, 硕士研究生, 主要从事猪的遗传育种研究, wangxu@stu.hunau.edu.cn; \*通信作者, 何俊, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究, hejun@hunau.edu.cn

reproductive traits including number of deformities(41.85%), number of piglets weaned(18.90%), weaning litter weight(18.29%) and 21-day litter weight(14.56%).

**Keywords:** Landrace×Yorkshire sows; heterosis; multi-effect repeatability model; additive effect; non-additive effect; dominance effects; epistatic effects

不同亲本杂交产生的杂种优势能使其后代在许多方面的性能均优于其亲本父母的<sup>[1-3]</sup>。VAISERMAN等<sup>[4]</sup>比较杂交果蝇和近交果蝇后代的寿命发现, 杂交果蝇F1代的寿命显著高于近交果蝇的。NG'OMA等<sup>[5]</sup>报道, 杂种优势可通过影响脂褐素和细胞凋亡的调控, 延长贡氏假鳃鳉的寿命。OZAWA等<sup>[6]</sup>证明了杂交能够提高小鼠的生育能力。

杂交育种技术已在多种动物种属及品种间得到广泛应用<sup>[7-9]</sup>。CLASEN等<sup>[10]</sup>发现, 丹麦荷斯坦牛、红牛和泽西牛的杂交后代在第2胎到第5胎的泌乳阶段时长上均表现出杂种优势, 证明了杂交是延长丹麦奶牛泌乳时间的有效手段。朱吉等<sup>[11]</sup>设计了巴克夏猪×宁乡猪、杜洛克猪×宁乡猪、巴克夏猪×(巴克夏猪×宁乡猪)以及(巴克夏猪×宁乡猪)×(巴克夏猪×宁乡猪)等4个杂交组合试验, 发现杂交组合相较于亲本均表现出优良的胴体性能和肉质特性。

然而, 在实际生产中, 存在畜禽杂交组合试验成本高昂, 杂交效果无法预测, 测定杂种优势较为复杂等问题<sup>[1]</sup>。因此, 构建合适的杂种优势预测模型, 对畜禽选配及其配套系的开发具有重要意义。笔者使用长白猪、大白猪及其杂交后代的表型与系谱数据, 基于单性状重复力模型(M), 逐步添加加性效应(A)、显性效应(D)和上位效应(E), 构建MA、MAD、MADE等3种杂种优势预测模型, 比较预测模型对表型的预测准确度, 并预测长大二元杂交猪繁殖性状的杂种优势, 以期能更准确地利用杂种优势对种猪进行选育, 提高种猪育种的效率。

## 1 数据来源

选取湖南省某生猪核心育种场2013—2018年间的1 535窝长白猪(LL)、2 456窝大白猪(Y)和7 944窝长大二元杂交猪(LY)的胎次记录、繁殖性状数据, 包括初生窝重、总产仔数、产活仔数、

健仔数、弱仔数、畸形仔数、死胎数、木乃伊数、断奶头数、断奶窝重和21 d窝重等, 筛选、剔除缺失记录和异常值(3倍标准差准则), 去除仅有1个胎次的记录, 最终保留的数据为有效数据。

## 2 数据分析

利用系谱信息构建杂种优势预测模型往往会添加加性效应, 但非加性效应作为杂种优势的重要组成部分却容易被忽略<sup>[12-13]</sup>, 因而HENDERSON等<sup>[14]</sup>基于系谱信息为没有近交的群体提供了一个加性和非加性遗传效应的模型统计框架, 使得对个体的非加性遗传效应的估计值可用于选配。笔者参考此框架, 分别构建加性效应关联矩阵、显性效应关联矩阵和上位效应关联矩阵, 并导入单性状重复力模型, 用于预测长大杂交母猪的杂种优势。

### 2.1 长大猪杂种优势模型的构建

1) 只包含加性效应的重复力模型(MA)。

$$y=Xb+Z_1a+Z_2p+e \quad (1)$$

式中:  $y$ 为母猪各性状的表型值;  $b$ 为固定效应, 包括季节效应(分为春季、夏季、秋季和冬季4个水平)、胎次效应等;  $a$ 为每头猪的加性遗传效应;  $p$ 为永久环境效应;  $e$ 为随机残差;  $X$ 、 $Z_1$ 和 $Z_2$ 分别为固定效应关联矩阵、加性效应关联矩阵、永久环境效应关系矩阵。

2) 包含加性效应与显性效应的重复力模型(MAD)。

$$y=Xb+Z_1a+Wd+Z_2p+e \quad (2)$$

式中:  $d$ 为随机显性遗传效应;  $W$ 为显性效应关联矩阵。

3) 包含加性效应、显性效应和上位性效应的重复力模型(MADE)。

$$y=Xb+Z_1a+Wd+Z_2p+Z_3i+e \quad (3)$$

式中:  $i$ 为每头猪的二阶上位遗传效应;  $Z_3$ 为上位效应关联矩阵。

## 2.2 模型准确度的计算

将表型校正值与模型的预测值的相关系数作为模型预测准确度。为了降低抽样误差,对模型进行20次10倍交叉验证,得到最终的模型预测准确度。其中,加性效应重复力模型的校正表型值为 $\hat{y}_a = a + p$ ,显性效应重复力模型的校正表型值为 $\hat{y}_{ad} = a + d + p$ ,上位性效应重复力模型的校正表型值为 $\hat{y}_{ade} = a + d + i + p$ 。模型预测准确度用 $\text{cor}(\hat{y}_{val}, \hat{y})$ 表示,其中 $\hat{y}_{val}$ 代表预测的后代表型, $\hat{y}$ 表示校正后的表型值。

## 2.3 杂种优势率的预测与计算

通过构建的3种模型(MA、MAD和MADE),将长大二元杂交母猪各繁殖性状的预测值作为后代表型值代入杂种优势率计算公式,进而计算杂种优势率的预测值。同时,使用传统的杂种优势率计算公式,代入杂交后代真实表型值计算杂种优势率。

$$H = \frac{P_{LY} - \frac{1}{2}(P_{LL} + P_{YY})}{\frac{1}{2}(P_{LL} + P_{YY})} \times 100\% \quad (4)$$

表1 长白猪与大白猪和长大二元杂交猪繁殖性状的描述性统计结果

猪种	初生窝重/ kg	总产仔 数/头	产活仔 数/头	健仔数/头	弱仔数/头	畸形数/头	死胎数/头	木乃伊 数/头	断奶头 数/头	断奶窝重/ kg	21 d窝重/ kg
长白	18.49±5.56	15.89±4.35	14.35±4.12	13.23±3.85	0.86±1.41	0.48±0.98	0.88±1.47	0.41±0.85	11.50±3.30	69.89±25.43	72.69±21.55
大白	19.49±5.80	16.83±4.58	15.37±4.31	14.43±4.01	0.77±1.28	0.42±1.01	0.74±1.37	0.46±0.95	11.82±3.77	69.62±28.02	70.60±23.06
长大	18.55±4.50	14.83±3.50	14.39±3.46	13.39±3.31	0.40±0.94	0.60±1.24	0.26±0.73	0.18±0.65	12.87±3.49	97.39±31.72	80.98±26.01
中亲值	18.99	16.36	14.86	13.83	0.82	0.45	0.81	0.44	11.66	69.76	71.65

## 3.2 模型预测的准确度

由表2可见,3种模型中,MA模型对长大二元杂交猪各繁殖性状表型的预测准确度最高;在11种繁殖性状中,3种模型均对总产仔数、产活仔数、健仔数和弱仔数的预测准确度较高。其中,MA对这4种性状预测的准确度为0.660~0.720,MAD的为0.643~0.687,MADE的为0.217~0.365。在重复力模型中加入显性效应后,模型对长大二元杂交猪的健仔数的预测准确度没有太大影响,但降低了其对其他繁殖性状预测的准确度。当再加入上位效应后,模型对长大二元杂交猪的繁殖性状的预测准确度急剧下降。

式中: $H$ 为杂种优势率; $P_{LY}$ 、 $P_{LL}$ 、 $P_{YY}$ 分别为长大二元杂交猪群体、长白猪群体、大白猪群体的各繁殖性状的表型均值(或模型预测的杂交后代表型值的均值)。

## 3 结果与分析

### 3.1 长白猪和长白猪及长大猪繁殖数据的统计

对1 535窝长白猪、2 456窝大白猪与7 944窝长大二元杂交猪的11种繁殖性状的统计结果表明,初生窝重、总产仔数、产活仔数、健仔数、断奶头数、断奶窝重与21 d窝重都接近正态分布。由表1可知,长大杂交猪的初生窝重、总产仔数、产活仔数、健仔数虽然低于中亲值,但在断奶头数、断奶窝重和21 d窝重的表现是优于亲本的。这说明长大杂交猪母猪在断奶头数、断奶窝重和21 d窝重3种繁殖性状上具有杂种优势,但其畸形数的群体均值却高于亲本的,表明这两种亲本杂交可能在一定程度上会导致后代畸形率增加。

表2 基于系谱信息构建的模型表型预测的准确度

Table 2 The accuracy of phenotype prediction by models constructed based on pedigree information

繁殖性状	预测准确度		
	MA	MAD	MADE
初生窝重	0.508±0.052	0.330±0.073	0.180±0.088
总产仔数	0.720±0.040	0.684±0.042	0.350±0.066
产活仔数	0.700±0.030	0.687±0.036	0.312±0.063
健仔数	0.660±0.030	0.660±0.034	0.217±0.059
弱仔数	0.670±0.040	0.643±0.046	0.365±0.048
畸形数	0.510±0.050	0.194±0.064	0.056±0.055
死胎数	0.310±0.080	0.189±0.085	0.143±0.091
木乃伊数	0.500±0.050	0.173±0.050	0.055±0.069
断奶头数	0.680±0.030	0.385±0.049	0.170±0.059
断奶窝重	0.290±0.050	0.201±0.058	0.150±0.059
21 d窝重	0.530±0.030	0.215±0.058	0.161±0.065

### 3.3 长大二元杂交猪杂种优势率的预测

由表3可知, 3种模型在预测初生窝重的杂种优势率时, MADE的预测结果接近传统方法的预测结果, 但其预测的杂种优势方向相反; 结合3.2项的结果, MA对初生窝重、总产仔数、产活仔数、健仔数、弱仔数、死胎数、木乃伊数等7种繁

殖性状的杂种优势率的预测效果优于另2种模型的; 相较于MA和MADE, MAD预测的畸形数、断奶头数、断奶窝重和21 d窝重等4种繁殖性状的杂种优势率更准确。这说明在模型中考虑显性效应后, 对于部分性状所预测的杂种优势率更具有参考价值。

表3 基于单性状重复力模型的3种模型预测的杂种优势率

模型	杂种优势率/%										
	初生窝重	总产仔数	产活仔数	健仔数	弱仔数	畸形数	死胎数	木乃伊数	断奶头数	断奶窝重	21 d窝重
MA	-25.41	-25.26	-26.11	-24.89	-29.30	-41.90	-37.25	-44.88	-21.04	-22.45	-19.20
MAD	20.79	25.44	26.20	23.79	31.76	41.85	12.93	51.09	18.90	18.29	14.56
MADE	8.58	27.12	26.21	17.36	46.49	41.37	32.95	41.85	5.24	4.08	23.13
传统方法	-2.32	-9.35	-3.16	-3.18	-51.22	33.33	-67.90	-59.09	10.38	39.61	13.02

## 4 结论与讨论

本研究中, 长大杂交母猪在弱仔数、死胎数、木乃伊数、断奶头数、断奶窝重和21 d窝重等6种繁殖性状上具有杂种优势, 其杂种优势率分别为-51.22%、-67.90%、-59.09%、10.38%、39.61%、13.02%; 而在初生窝重、总产仔数、产活仔数与健仔数的杂种优势率小于0, 其中, 初生窝重、产活仔数和健仔数的表型值均介于亲本之间, 总产仔数的表型值略低于亲本的。这与BONDOC等<sup>[15]</sup>的研究结果相符。

在过往研究中, 由于加性效应可以稳定遗传, 通常被用于杂种优势的估算; 而非加性效应作为杂种优势的基础, 可能对复杂性状的总遗传变异具有重要贡献<sup>[16-17]</sup>。因此, 本研究中, 基于系谱信息, 构建了使用加性与非加性效应(显性效应、上位效应)的3种单性状重复力模型对长大杂交母猪繁殖性状的表型和杂种优势进行了预测, 发现MA模型对11种繁殖性状的表型预测准确度相较于MAD和MADE模型的更高; MAD模型在畸形数、断奶头数、断奶窝重和21 d窝重上的杂种优势预测效果优于MA和MADE模型的; MA模型预测杂交后代表型的准确度优于其他2种模型的, 这也是MA模型在大多数繁殖形状上的预测杂种优势率优于其余2种模型的原因。

本研究中, 仅使用了系谱信息, 有一定局限性, 在进一步的研究中, 可以考虑利用基因组信息, 以获得比系谱信息更准确和丰富的个体信息与

表型性状的遗传结构<sup>[18]</sup>。在奶牛育种工作中, 通常利用全基因组测序数据或高密度SNP芯片数据来估计单个SNP对性状的加性效应<sup>[19-20]</sup>, 或者用于估计基因组育种值, 以辅助选择优良个体。大量SNP基因型的可用性也为在个体水平上研究非加性基因作用提供了机会。在蛋鸡<sup>[21]</sup>和猪<sup>[22]</sup>等经济动物的杂交生产中, 已证明利用非加性效应构建的基因组关系矩阵预测模型是可以提高杂种优势预测准确度的。而利用系谱信息在模型中加入非加性效应后, 模型预测准确度却下降了, 说明基于系谱信息估计非加性效应在遗传变异中的贡献具有局限性, 但加入非加性效应后, 模型对个别性状的杂种优势率的预测更有参考价值。

### 参考文献:

- [1] 朱家华, 沈俊男, 伊旭东, 等. 杂种优势形成机制和预测方法及其在猪生产中的应用与展望[J]. 遗传, 2024, 46(8): 627-639.
- [2] 朱磅强, 何俊, 曾青华, 等. 动物杂种优势利用及其预测方法[J]. 中国猪业, 2021, 16(4): 22-26.
- [3] 陈晨, 张兴, 张善文, 等. 沙子岭猪血缘杂交猪的胴体性状及肌肉品质[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(2): 215-222.
- [4] VAISERMAN A M, ZABUGA O G, KOLYADA A K, et al. Reciprocal cross differences in *Drosophila melanogaster* longevity: an evidence for non-genomic effects in heterosis phenomenon?[J]. Biogerontology, 2013, 14(2): 153-163.
- [5] NG'OMA E, REICHWALD K, DORN A, et al. The age related markers lipofuscin and apoptosis show

- different genetic architecture by QTL mapping in short-lived *Nothobranchius* fish[J]. *Aging*, 2014, 6(6): 468–480.
- [6] OZAWA Y, WATANABE K, TODA T, et al. Heterosis extends the reproductive ability in aged female mice[J]. *Biology of Reproduction*, 2019, 100(4): 1082–1089.
- [7] 赵乐乐, 李何君, 陆雪林, 等. 沙乌头猪与杜洛克猪、长白猪、大白猪、鲁莱黑猪杂交的杂种优势预测[J]. *中国畜牧杂志*, 2024, 60(8): 175–180.
- [8] 杨丽. 肉兔生长速度杂种优势与全基因组关联分析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2023.
- [9] FORUTAN M, LYNN A, ALILOO H, et al. Predicting phenotypes of beef eating quality traits[J]. *Frontiers in Genetics*, 2023, 14: 1089490.
- [10] CLASEN J B, NORBERG E, MADSEN P, et al. Estimation of genetic parameters and heterosis for longevity in crossbred Danish dairy cattle[J]. *Journal of Dairy Science*, 2017, 100(8): 6337–6342.
- [11] 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.
- [12] HILL W G. Understanding and using quantitative genetic variation[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 2010, 365: 73–85.
- [13] NGUYEN N T, NAGYNÉ KISZLINGER H. Dominance effects in domestic populations[J]. *Acta Agraria Kaposváriensis*, 2016, 20:1–20.
- [14] HENDERSON C R. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetic merits in noninbred populations[J]. *Journal of Animal Science*, 1985, 60(1): 111–117.
- [15] BONDOC O L, ISUBOL J F, CHUA M A P. Heterosis in reproductive traits of Landrace×Large white crossbred sows from a local swine breeding farm in the Philippines[J]. *Philippine Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 2019, 45(1): 1–10.
- [16] SU G S, CHRISTENSEN O F, OSTERSEN T, et al. Estimating additive and non-additive genetic variances and predicting genetic merits using genome-wide dense single nucleotide polymorphism markers[J]. *PLoS One*, 2012, 7(9): e45293.
- [17] 朱磅强. 长大二元杂交母猪繁殖性状杂种优势预测模型构建[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2023.
- [18] NAGAI R, KINUKAWA M, WATANABE T, et al. Genome-wide detection of non-additive quantitative trait loci for semen production traits in beef and dairy bulls[J]. *Animal: An International Journal of Animal Bioscience*, 2022, 16(3): 100472.
- [19] COLE J B, VANRADEN P M, O'CONNELL J R, et al. Distribution and location of genetic effects for dairy traits[J]. *Journal of Dairy Science*, 2009, 92(6): 2931–2946.
- [20] PALUCCI V, SCHAEFFER L R, MIGLIOR F, et al. Non-additive genetic effects for fertility traits in Canadian Holstein cattle[J]. *Genetics Selection Evolution*, 2007, 39(2): 181–193.
- [21] HEIDARITABAR M, WOLC A, ARANGO J, et al. Impact of fitting dominance and additive effects on accuracy of genomic prediction of breeding values in layers[J]. *Journal of Animal Breeding and Genetics = Zeitschrift Fur Tierzucht Und Zuchtungsbiologie*, 2016, 133(5): 334–346.
- [22] ESFANDYARI H, BIJMA P, HENRYON M, et al. Genomic prediction of crossbred performance based on purebred Landrace and Yorkshire data using a dominance model[J]. *Genetics Selection Evolution*, 2016, 48(1): 40.

责任编辑: 邹慧玲

英文编辑: 罗维