



引用格式:

袁瀚豪, 杨芳, 刘晨曦, 熊聃, 曾婧, 郝中禹, 姚辰, 李宇飞, 何俊. 基于50K SNP芯片评估湖南地方猪群体遗传结构及遗传多样性[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(6): 103–108.

YUAN H H, YANG F, LIU C X, XIONG D, ZENG J, HAO Z Y, YAO C, LI Y F, HE J. Assessment of genetic diversity and structure of local pig populations in Hunan using a 50K SNP array[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(6): 103–108.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>

## 基于50K SNP芯片评估湖南地方猪群体遗传结构及遗传多样性

袁瀚豪<sup>1</sup>, 杨芳<sup>1</sup>, 刘晨曦<sup>1</sup>, 熊聃<sup>2</sup>, 曾婧<sup>3</sup>, 郝中禹<sup>3</sup>, 姚辰<sup>4</sup>, 李宇飞<sup>4</sup>, 何俊<sup>1\*</sup>

(1. 湖南农业大学动物科学技术学院, 湖南 长沙 410128; 2. 湖南省农业农村厅, 湖南 长沙 410005; 3. 湖南省畜牧水产事务中心, 湖南 长沙 410006; 4. 华智生物技术有限公司, 湖南 长沙 410125)

**摘要:** 采用2023—2024年种业监测中采集的湖南省4类地方猪品种共2 676头猪(湘西黑猪452头、宁乡猪1 427头、黔邵花猪451头、大围子猪346头)的血样, 使用GGP 50K SNP芯片对其进行基因分型, 并通过动物基因组品种构成方法筛选出纯种个体, 再基于筛选的纯种个体对此4类地方猪品种的遗传多样性、血缘纯度、亲缘关系以及家系结构进行分析。结果显示: 宁乡猪群体的多态信息含量(PIC)为0.251, 平均观察杂合度( $H_o$ )为0.245, 平均期望杂合度( $H_e$ )为0.251, 平均连续纯合片段(ROH)长度( $L_{ROH}$ )为5 166.733 kb, 基于ROH片段计算的近交系数( $F_{ROH}$ )为0.002 2, 最小等位基因频率(MAF)为0.185; 黔邵花猪群体的PIC为0.281,  $H_o$ 为0.285,  $H_e$ 为0.281,  $L_{ROH}$ 为5 706.452 kb,  $F_{ROH}$ 为0.002 5, MAF为0.207; 大围子猪群体的PIC、 $H_o$ 、 $H_e$ 均为0.239,  $L_{ROH}$ 为4 769.535 kb,  $F_{ROH}$ 为0.002 1, MAF为0.177; 湘西黑猪群体的PIC为0.390,  $H_o$ 为0.343,  $H_e$ 为0.390,  $L_{ROH}$ 为5 201.896 kb,  $F_{ROH}$ 为0.002 3, MAF为0.299。综合各项遗传多样性指标可知, 湘西黑猪的遗传资源丰度最高, 大围子猪的则相对较低。除黔邵花猪外, 其他3类品种血缘纯度均保持较好, 杂合个体较少, 保种情况较好。主成分分析结果显示, 4类品种在遗传空间内呈现明显的分离态势, 其中湘西黑猪形成2个相对独立的簇, 暗示其内部可能存在亚群分化, 且整体上与其他品种距离最远, 遗传背景最为独特; 大围子猪则形成独立而紧凑的聚类, 表现出的遗传独特性次之; 宁乡猪与黔邵花猪的分布区域存在部分重叠, 表明二者之间遗传关系较近, 但仍保有各自独立的聚类核心, 这说明其在共享一定遗传背景的同时, 也积累了品种特有的变异。系统发育分析(NJ树)结果显示, 同一品种的个体优先聚类, 湘西黑猪和大围子猪分别位于较独立的分支, 而宁乡猪与黔邵花猪则展现出更近的遗传距离。当假定祖先成分数( $K$ )为2时, 大围子猪即显现其独特性; 当 $K=3$ 时, 湘西黑猪被区分为一个独立成分; 而宁乡猪与黔邵花猪直至 $K=4$ 时才被完全区分开来, 这表明两者间较近的亲缘关系和相对复杂的遗传混合历史。此外, 品种内NJ树揭示, 各品种内部均可进一步划分为多个家系(宁乡猪10个、湘西黑猪8个、大围子猪9个、黔邵花猪7个), 这表明即使在品种层面上, 各群体内部仍保持着由不同家系贡献的遗传多样性基础。

**关键词:** 湖南地方猪; 湘西黑猪; 宁乡猪; 黔邵花猪; 大围子猪; 50K SNP芯片; 遗传结构; 遗传多样性

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2025)06-0103-06

## Assessment of genetic diversity and structure of local pig populations in Hunan using a 50K SNP array

YUAN Hanhao<sup>1</sup>, YANG Fang<sup>1</sup>, LIU Chenxi<sup>1</sup>, XIONG Dan<sup>2</sup>, ZENG Jing<sup>3</sup>, HAO Zhongyu<sup>3</sup>, YAO Chen<sup>4</sup>, LI Yufei<sup>4</sup>, HE Jun<sup>1\*</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2. Department

收稿日期: 2025-01-02

修回日期: 2025-03-12

基金项目: 湖南省科技人才托举工程项目(2022TJ-Q15); 湖南省现代农业产业技术体系项目(HARS-05); 湖南省研究生科研创新项目(CX20230711、CX20240645)

作者简介: 袁瀚豪(2000—), 男, 湖南长沙人, 硕士研究生, 主要从事猪遗传育种研究, yuanhh@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

of Agriculture and Rural Affairs of Hunan Province, Changsha, Hunan 410005, China; 3. Hunan Provincial Animal Husbandry and Aquatic Affairs Center, Changsha, Hunan 410006, China; 4. Higentec Co. Ltd., Changsha, Hunan 410125, China)

**Abstract:** A total of 2 676 blood samples from four local pig breeds in Hunan Province(452 Xiangxi Black Pigs, 1 427 Ningxiang Pigs, 451 Qianshao Spotted Pigs, and 346 Daweizi Pigs) were collected during seed industry monitoring from 2023 to 2024. Genotyping was performed using the GGP 50K SNP array. Purebred individuals were screened out through the animal genome breed composition method, and then the genetic diversity, bloodline purity, kinship and family structure of the four local pig breeds in Hunan were analyzed based on the screened purebred individuals. The results showed that the polymorphic information content(PIC) of the Ningxiang Pig population was 0.251, the average observed heterozygosity( $H_o$ ) was 0.245, the average expected heterozygosity( $H_e$ ) was 0.251, and the average continuous homozygous fragment(ROH) length( $L_{ROH}$ ) was 5 166.733 kb. The inbreeding number( $F_{ROH}$ ) calculated based on the ROH fragment was 0.002 2, and the minimum allele frequency(MAF) was 0.185. The PIC of the Qianshao Spotted Pig population was 0.281,  $H_o$  was 0.285,  $H_e$  was 0.281,  $L_{ROH}$  was 5 706.452 kb,  $F_{ROH}$  was 0.002 5, and MAF was 0.207. The PIC,  $H_o$  and  $H_e$  of the Daweizi Pig population were all 0.239, the  $L_{ROH}$  was 4 769.535 kb, the  $F_{ROH}$  was 0.002 1, and the MAF was 0.177. The PIC of the Xiangxi Black Pig population was 0.390,  $H_o$  was 0.343,  $H_e$  was 0.390,  $L_{ROH}$  was 5 201.896 kb,  $F_{ROH}$  was 0.002 3, and MAF was 0.299. Considering all genetic diversity metrics, the Xiangxi Black Pig showed the highest genetic diversity, whereas the Daweizi Pig exhibited relatively lower diversity. Except for the Qianshao Spotted Pig, the other three breeds showed well-maintained lineage purity with few admixed individuals and a good conservation situation. Principal component analysis revealed clear genetic separation among the four breeds. Among them, the Xiangxi Black Pig formed two relatively independent subclusters, suggesting internal subpopulation differentiation and the farthest from other breeds, and the most unique genetic background. The Daweizi Pig clustered independently and compactly, indicating a secondary genetic uniqueness. The Ningxiang Pig and Qianshao Spotted Pig partially overlapped, reflecting a close genetic relationship while retaining distinct core clusters, which suggested that while sharing a certain genetic background, they had also accumulated specific variations of the breeds. Phylogenetic analysis(NJ tree) showed preferential clustering by breed, with the Xiangxi Black Pig and Daweizi Pig forming independent branches, whereas the Ningxiang Pig and Qianshao Spotted Pig were genetically closer. When the ancestral component number( $K$ ) was assumed to be 2, the uniqueness of the Daweizi Pig was revealed. When  $K=3$ , Xiangxi Black pig was classified as an independent component. The Ningxiang Pig and the Qianshao Spotted Pig were not completely distinguished until  $K=4$ , which indicated a relatively close genetic relationship and a relatively complex history of genetic mixing between the two breeds. Furthermore, within-breed NJ tree analysis indicated multiple family lineages in each breed(10 for Ningxiang Pig, 8 for Xiangxi Black Pig, 9 for Daweizi Pig, and 7 for Qianshao Spotted Pig), demonstrating substantial genetic variation maintained at the family level.

**Keywords:** local pig in Hunan; Xiangxi Black Pig; Ningxiang Pig; Qianshao Spotted Pig; Daweizi Pig; 50K SNP array; genetic structure; genetic diversity

中国拥有丰富多样的猪品种资源，其本土地方猪种的保护、开发与利用，对畜牧业的可持续发展和生物多样性保护具有重要意义<sup>[1]</sup>。这些地方猪种以其高产仔数、早熟性、适应性强、抗病能力突出以及耐粗饲等优良特性而备受青睐<sup>[2-3]</sup>。然而，由于存在生长速度慢、育肥周期长、饲料转化效率较低等不足，它们往往难以适应现代养殖业规模化和工业化的生产要求，致使多数地方猪种面临群体规模缩减与开发利用不充分的困境<sup>[4-5]</sup>。此外，由于缺乏足够的保护意识，在地方猪种的遗传改良过程中，外来猪种的基因大量渗入，这不仅忽视了本土猪种的特性和生态价值，也加速了地方猪种质资源

的流失，使得纯种血统逐渐被稀释，部分地方猪种甚至面临灭绝的威胁<sup>[2,6]</sup>。

《国家畜禽遗传资源品种目录(2021年版)》<sup>[7]</sup>记载了湘西黑猪、宁乡猪、大围子猪和黔邵花猪等湖南地方猪品种。在这4类地方猪品种中，湘西黑猪是唯一的全黑种猪，包括沅陵大合坪黑猪、桃源黑猪和泸溪浦市黑猪三大类群，主要分布于湖南省沅江中下游两岸。湘西黑猪具有适应性强、耐粗放饲养管理、脂肪沉积能力强等特点<sup>[8]</sup>，被用于培育湘村黑猪等新品种<sup>[9]</sup>。宁乡猪主要分布于湖南省宁乡市草冲和流沙河一带，具有早熟易肥、脂肪沉积能力强、生长较快、性情温驯等特点<sup>[10]</sup>，宁乡猪与巴

克夏猪的杂交选育工作也在稳步推进<sup>[11]</sup>。大围子猪主要分布于湖南省长沙市郊区的大托及长沙县的南托等地，具有繁殖力强、抗逆性强等特点<sup>[12]</sup>，已有不少研究者从杂交改良方面对其种质资源利用进行了探讨<sup>[13]</sup>。黔邵花猪主产于湖南省怀化市和邵阳市两地，具有肉质鲜嫩、营养价值高、肥而不腻等特点<sup>[14]</sup>。已有研究<sup>[15]</sup>表明，黔邵花猪具有良好的抗应激能力。上述4类猪品种具备独特的遗传特性，保留其相关遗传特性并加以利用，具备较好的应用前景。

目前，对于湖南省4类地方猪品种，虽然已有部分文献报道了其种质特性、杂交利用或部分功能基因等的研究，但缺少基于全基因组范围内的群体遗传结构解析和优良基因挖掘等相关研究。基于此，笔者使用GGP 50K SNP芯片对湖南省4类地方猪种共2 676头猪进行检测，通过动物基因组品种构成(GBC)<sup>[16-17]</sup>方法筛选出纯种个体，基于基因组信息对湖南4类地方猪种的遗传多样性、血缘纯度、亲缘关系以及家系结构进行系统分析，以期为湖南省地方猪的保种利用提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试样品

以2023—2024年种业监测中采集的湖南省4类地方猪品种的血样为试验样品。供试样品共2 676个，包括452头湘西黑猪(XXHZ)、1 427头宁乡猪(NX)、451头黔邵花猪(QSSZ)、346头大围子猪(QWZ)的血样。由华智生物技术有限公司进行血样DNA提取和GGP 50K SNP芯片检测。

### 1.2 芯片数据质控和GBC筛选

将2 676头猪的芯片数据合并后，使用PLINK软件(v1.9)进行过滤，其质控条件分别为：1) 仅保留常染色体的位点；2) 剔除标记基因缺失率(Geno)≥10%的位点；3) 剔除最小等位基因频率<5%的位点。质控完成后按群体拆分为单个文件，通过GBC<sup>[16-17]</sup>分别筛选出纯种个体，并运用Beagle软件进行基因型自填充，将填充完毕的群体数据整合为一个文件用于后续分析。

### 1.3 地方猪群体的遗传多样性分析

使用“plink--het”命令得到每个样本的位点总数

(N)、期望杂合度和观察杂合度。将所有样本的期望杂合度和观察杂合度分别相加后取平均值作为该群体的期望杂合度( $H_e$ )和观察杂合度( $H_o$ )。

使用“plink--freq”命令得到所有SNP等位位点出现的频率，基于频率计算得到位点的多态信息含量，然后将所有位点的多态信息含量相加后求平均值作为该群体的多态信息含量(PIC)。

通过本地化脚本计算该群体中每个位点的最小等位基因频率，然后将所有位点的最小等位基因频率相加后求平均值作为该群体的最小等位基因频率(MAF)。

### 1.4 地方猪群体的近交系数分析

利用“plink--homozyg”命令计算群体样本基因组上连续纯合片段(ROH)的长度( $L_{ROH}$ )。具体参数：--homozyg-density 为 50；--homozyg-gap 为 100；--homozyg-kb 为 1 000；--homozyg-snp 为 50；--homozyg-window-het 为 1；--homozyg-window-snp 为 50；--homozyg-window-threshold 为 0.05。同时，基于 $L_{ROH}$ 计算近交系数( $F_{ROH}$ )。

### 1.5 地方猪群体的遗传结构分析

运用PLINK软件(v1.9)进行主成分分析(PCA)，并用R语言绘制主成分图；运用Tassel软件计算4类群体的亲缘关系，并通过邻接法构建4类品种间和品种内的系统发育树(NJ树)；运用ADMIXTURE软件进行群体假定祖先遗传结构分析。选取 $K$ 为2、3、4分别进行ADMIXTURE分析，并计算每个 $K$ 下的交叉验证(CV)预测值，根据CV预测值确定最适群体假定数。最后使用R语言实现可视化。

## 2 结果与分析

### 2.1 芯片数据质控和GBC筛选结果

对采集的4类品种共2 676头猪的SNP芯片数据进行合并，共有50 778个SNP位点；去掉非常染色体位点后得到47 006个SNP位点；剔除Geno≥10%的位点后得到45 447个SNP位点；剔除MAF<5%的位点后得到30 935个SNP位点。选用0.94作为纯种阈值，GBC共筛选出1 624头纯种个体(表1)，包括881头宁乡猪、192头黔邵花猪、215头大围子猪和336头湘西黑猪。

表1 湖南4类地方猪品种的GBC纯种个体筛选结果

Table 1 GBC purebred individual screening result of the four local pig breeds in Hunan

品种	总头数	重复个体数	杂合个体数	纯种个体数
NX	1 427	452	94	881
QSSZ	451	2	257	192
DWZ	346	124	7	215
XXHZ	452	68	48	336
合计	2 676	646	406	1 624

## 2.2 湖南地方猪群体的遗传多样性

从表2可知：在这4类品种中，湘西黑猪以其最

高的PIC(0.390)、 $H_e$ (0.390)和 $H_o$ (0.343)，展现出最丰富的遗传多样性；宁乡猪的PIC和 $H_e$ 均为0.251， $H_o$ 略低，为0.245，MAF为0.185， $L_{ROH}$ 为5 166.733 kb， $F_{ROH}$ 为0.002 2，这显示宁乡猪的遗传多样性处于中等水平；黔邵花猪的PIC和 $H_e$ 均为0.281， $H_o$ 为0.285，MAF为0.207，遗传多样性高于宁乡猪和大围子猪的，但其 $L_{ROH}$ 最长(5 706.452 kb)， $F_{ROH}$ 最高(0.002 5)，提示可能存在较近时期的近亲繁殖；大围子猪的PIC、 $H_e$ 和 $H_o$ 均为最低(0.239)，MAF也最低(0.177)，平均 $L_{ROH}$ 最短(4 769.535 kb)，表明其遗传多样性相对较低。

表2 湖南4类地方猪品种的遗传多样性指标

Table 2 Genetic diversity indices of the four local pig breeds in Hunan

品种	PIC	$H_e$	$H_o$	MAF	$L_{ROH}/kb$	$F_{ROH}$
NX	0.251	0.251	0.245	0.185	5 166.733	0.002 2
QSSZ	0.281	0.281	0.285	0.207	5 706.452	0.002 5
DWZ	0.239	0.239	0.239	0.177	4 769.535	0.002 1
XXHZ	0.390	0.390	0.343	0.299	5 201.896	0.002 3

## 2.3 湖南地方猪群体的群体近交程度

从表2和图1可知：宁乡猪的 $F_{ROH}$ 分布较为分散，且存在一些极端高的近交个体，但遗传多样性分析表明，宁乡猪的遗传多样性指标(如PIC和 $H_e$ )处于中等水平，这说明宁乡猪存在一定的近亲繁殖风险，但整体遗传多样性仍得到了一定保护；湘西黑猪的 $F_{ROH}$ 分布较为集中，且中位数较低，与遗传多样性分析结果一致，这说明湘西黑猪的近亲繁殖程度较低，遗传多样性较高，进一步证实了湘西黑猪保种良好；大围子猪的 $F_{ROH}$ 分布也较为集中，且中位数较低，与之前的分析相符，这表明大围子猪在遗传多样性方面得到了较好的保护；黔邵花猪的 $F_{ROH}$ 分布较为分散，且中位数相对较高，这表明该品种在近亲繁殖方面面临更大的压力，然而，PIC和 $H_e$ 指标显示黔邵花猪的遗传多样性较高，这意味着尽管存在近亲繁殖的风险，但黔邵花猪的遗传多样性仍然相对较高。

着尽管存在近亲繁殖的风险，但黔邵花猪的遗传多样性仍然相对较高。

## 2.4 湖南地方猪群体遗传结构

PCA分析结果(图2)表明，各个群体的分散程度均较好，PC1和PC2对总遗传变异的解释率分别为36.87%、13.14%。其中，湘西黑猪在图中分为2个部分，这可能是由于它们来自不同的猪场或具有不同的亚群特征。大围子猪在PCA图中独立聚类，表明大围子猪可能拥有独特的遗传特征。宁乡猪和黔邵花猪在PCA图中虽有部分重叠，但亦展现出一定的遗传差异，这说明此2类品种在保持一定遗传相似性的同时，也拥有各自的遗传特色。

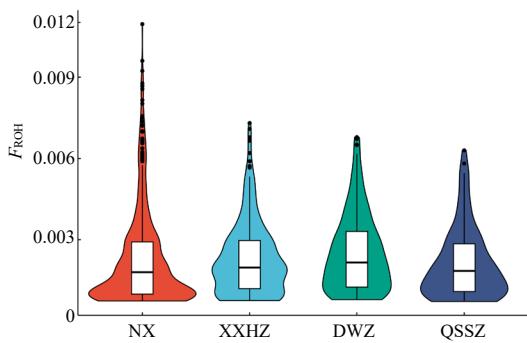
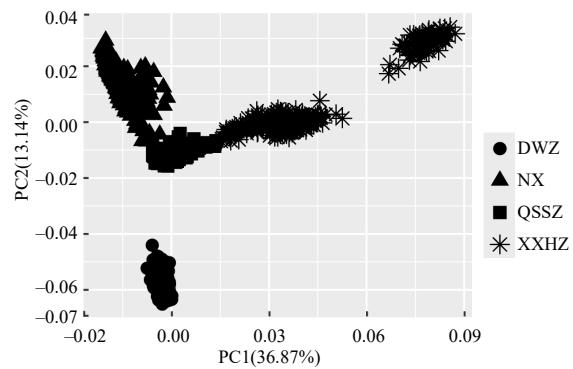
图1 湖南4类地方猪品种 $F_{ROH}$ 的小提琴图Fig. 1 Violin plot of  $F_{ROH}$  of the four local pig breeds in Hunan

图2 湖南4类地方猪品种的主成分分析(PCA)结果

Fig. 2 Principal component analysis(PCA) plot of the four local pig breeds in Hunan

NJ树图(图3)显示，同一品种的猪种聚类在一起，湘西黑猪和大围子猪在NJ树上呈独立分支，且

二者与其他品种的遗传距离相对较长,进一步印证了其在遗传多样性方面的独特性和重要性。这与PCA分析结果一致。宁乡猪和黔邵花猪存在聚集情况,这说明它们之间存在一定的遗传相似性,可能是地理位置相近导致的。

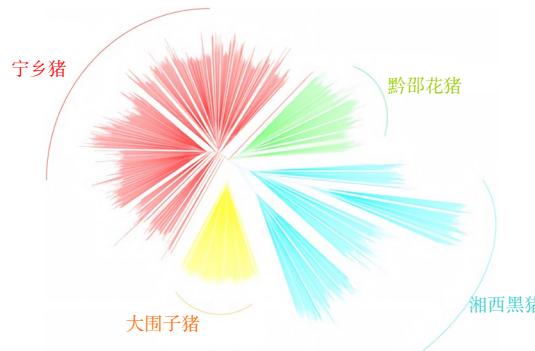


图3 湖南4类地方猪品种间的NJ树

Fig. 3 NJ tree of the four local pig breeds in Hunan

从图4可知:当 $K=2$ (假定只存在2个祖先血缘)时,大围子猪首先被区分出来,且在其中一个遗传背景中占有显著比例,与PCA及NJ树的结果相符;当 $K=3$ 时,湘西黑猪被区分出来,宁乡猪和黔邵花猪被分配在一起,说明宁乡猪和黔邵花猪相较于其余2类品种而言亲缘关系更近,遗传背景相似;当 $K=4$ 时,宁乡猪和黔邵花猪才被区分开,揭示了它们之间更细微的遗传

差异。ADMXTURE结果与上述PCA和NJ树分析结果一致。

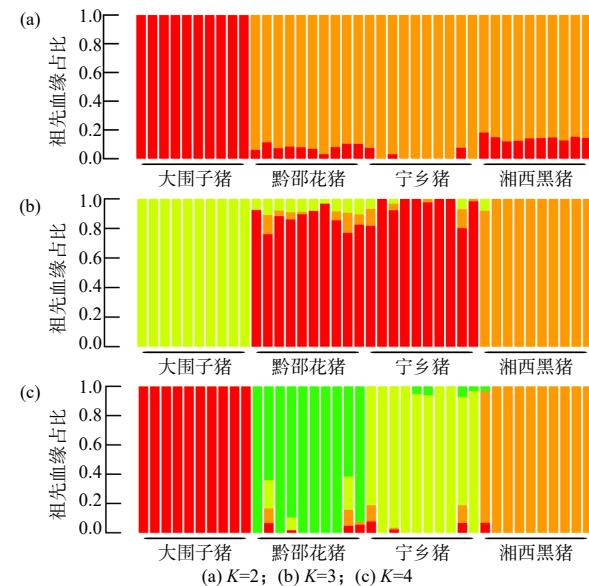


图4 湖南4类地方猪品种的ADMXTURE图

Fig. 4 ADMIXTURE plot of the four local pig breeds in Hunan

从图5可知:宁乡猪群体可划分为10个家系(图5(a));湘西黑猪群体可划分为8个家系(图5(b));大围子猪群体可划分为9个家系(图5(c));黔邵花猪群体可划分为7个家系(图5(d))。这表明各品种内具有丰富的遗传多样性和复杂的家系结构。

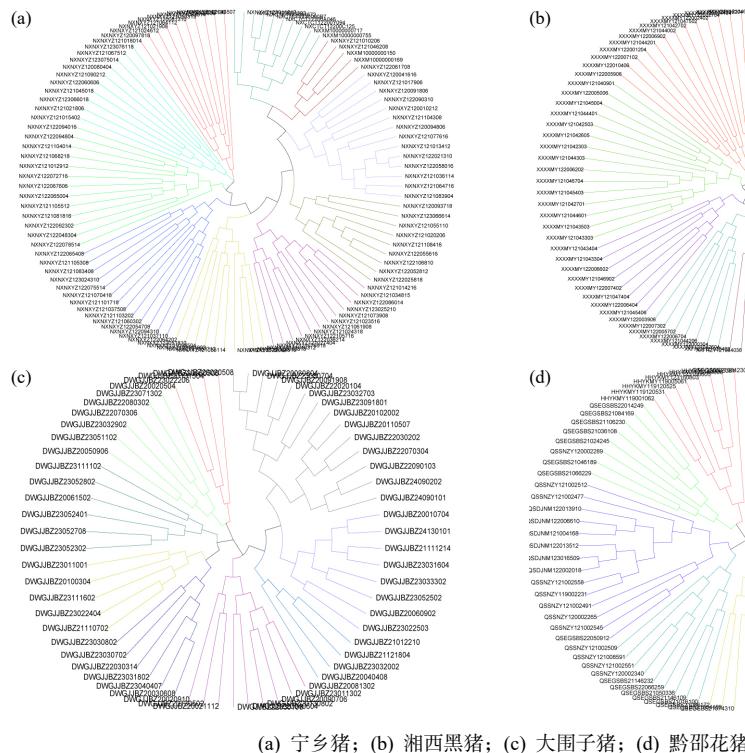


图5 湖南4类地方猪品种内的NJ树  
Fig. 5 Within-breed NJ tree of the four local pig breeds in Hunan

### 3 讨论

综合本研究中的湖南4类地方猪品种的群体结构和遗传多样性分析结果可知,所有保种群体均展现出一定程度的近亲繁殖现象。这一现象很可能是由于我国在畜禽保种实践中普遍采用闭锁繁殖策略,该策略在一定程度上限制了猪群体内部及其与外部群体间的基因交流<sup>[18]</sup>。高度的近亲繁殖不仅增加了遗传疾病的发生风险,而且可能会削弱品种的整体适应性,对种群的长期健康和生存能力构成潜在威胁。群体结构的结果揭示了不同品种间遗传差异的分布<sup>[19]</sup>,这对于理解地方猪品种的遗传独特性和适应性具有重要意义。湘西黑猪的高遗传多样性可能与其较强的环境适应性和抗病能力相关,而大围子猪的遗传多样性较低,可能需要引入更多的遗传资源以增强其适应性和抗病性。这些发现强调了采取科学合理的选配策略的必要性,以降低近亲繁殖的负面影响,并保护和利用这些珍贵的遗传资源<sup>[20]</sup>。鉴于此,各品种必须采取科学合理的选配策略,以降低近亲繁殖的负面影响。

综合湖南4类地方猪品种的遗传多样性和群体结构分析结果,笔者做出以下保种建议:各品种仍需加强保种工作;大围子猪在遗传多样性分析中表现出独特性,建议实施严格的选配策略,避免近亲繁殖,并考虑引入具有不同遗传背景的个体以丰富其基因库;对黔邵花猪而言,应加强遗传监测,评估并降低近亲繁殖水平,建议通过选择性繁殖,强化其独特的遗传特征,并探索与其他保种场的合作,以引入新的遗传资源;宁乡猪作为具有重要遗传价值的地方品种,建议定期进行遗传健康评估,并采取有效措施保护其遗传多样性;湘西黑猪由于其遗传多样性较高,建议继续作为保种的重点,采取科学合理的繁殖计划,保护其遗传独立性。

### 4 结论

本研究利用猪50K SNP芯片对湖南4类地方猪品种进行了遗传多样性、亲缘关系及种群结构的全面分析,结果显示,湘西黑猪遗传多样性最为丰富,大围子猪的相对较低。群体近交分析显示,黔邵花猪的近交压力相对较大。群体遗传结构分析(PCA、NJ树、ADMIXTURE)表明,4类地方猪品种在遗传上能够明显区分,其中湘西黑猪遗传背景最为独特,大围子猪次之,宁乡猪与黔邵花猪遗传关系较近,这与它们的地理分布和育种历史相符。家系结构分析结果显示,各品种内部存在多个家系,为保种和选育提供了基础。这4类地方猪品种在遗传结构上彼

此可以区分,为不同遗传来源猪种。为进一步提升湖南地方猪的遗传健康与多样性,建议引入具有不同遗传背景的纯种猪,设计合理的配种方案,并定期开展遗传监测与评估,确保其健康与可持续发展。

### 参考文献:

- [1] WANG Z Y, ZHONG Z Q, XIE X F, et al. Detection of runs of homozygosity and identification of candidate genes in the whole genome of Tunchang pigs[J]. Animals, 2024, 14(2): 201.
- [2] 郭源梅, 李龙云, 赖昭胜, 等. 中国地方猪种利用现状与展望[J]. 江西农业大学学报, 2017(3): 427–435.
- [3] 谢水华, 曾铨品. 广东小耳花猪生产性能与杂交效果的研究[J]. 养猪, 2015(6): 63–64.
- [4] 王塑天, 孟繁明, 李剑豪. 广东猪种质资源利用与育种生物技术创新[J]. 广东农业科学, 2020, 47(12): 134–143.
- [5] 肖俊, 余海乐, 李镇养, 等. 广东小耳花猪在不同地区适应性及生产性能分析[J]. 养猪, 2021(2): 61–63.
- [6] 孟欣. 我国猪的地方品种保护现状及对策[J]. 中国畜牧业, 2023(17): 50–51.
- [7] 国家畜禽遗传资源委员会办公室. 国家畜禽遗传资源目录[EB/OL]. (2021-01-13). <https://zypc.nahs.org.cn/pzml/index.html>.
- [8] 胡雄贵, 朱吉, 任慧波, 等. 湖南地方猪: 湘西黑猪种质资源特性调查与研究[J]. 养猪, 2011(5): 45–48.
- [9] 刘建, 李静如, 朱吉, 等. 湘村黑猪新品种选育研究[J]. 养猪, 2013(4): 73–80.
- [10] 任慧波. 地方优良猪品种: 宁乡猪[J]. 农村百事通, 2019(13): 36.
- [11] 朱方方. 宁乡猪与杜洛克、巴克夏猪杂交效果分析[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2023.
- [12] 黄湘衡. 新时期大围子猪种质特性研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2020.
- [13] 张冰雪, 刘奇, 金宇, 等. 大围子猪与不同品种瘦肉型猪杂交效果比较[J]. 猪业科学, 2024, 41(8): 126–128.
- [14] 任慧波, 贺良主, 洪清益, 等. 原生态养殖模式下黔邵花猪肌肉品质分析[J]. 湖南畜牧兽医, 2018(6): 1–3.
- [15] 陈良, 陈告, 王水莲, 等. 黔邵花猪氟烷基因序列多态性分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2020(20): 39–42, 47.
- [16] 何俊, 钱长嵩, Richard G Tait Jr, 等. SNP芯片数据估计动物个体基因组品种构成的方法及应用[J]. 遗传, 2018, 40(4): 305–314.
- [17] 杨芳. 宁乡猪群体基因迁移分析与GBC估计方法比较研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2021.
- [18] 邓缘, 崔清明, 陈四海, 等. 浦市黑猪保种群体基于SNP芯片的遗传结构分析[J]. 福建农业学报, 2023, 38(11): 1312–1320.
- [19] TAO J, QIN Z Q, TAO Y, et al. Genetic relationships among Chinese pigs and other pig populations from Hunan Province, China[J]. Animal Genetics, 2007, 38(4): 417–420.
- [20] CAO L, MEUWISSEN T H E, BERG P, et al. Reducing foreign genetic contributions to the YDH pig population by segment-based advanced optimum contribution selection[J]. Animal, 2024, 18(11): 101292.

责任编辑: 邹慧玲  
英文编辑: 柳正