

刺参(*Apostichopus japonicus*) 9 月龄 主要经济性状遗传力的估计*

和 飞^{1,3} 王印庚^{1,2} 廖梅杰^{1,2①} 李 彬^{1,2}
孙明超³ 杜 佗^{1,2} 张文泽^{1,2} 范瑞用⁴

- (1. 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 中国水产科学研究院黄海水产研究所 青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术国家实验室 海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室 青岛 266071;
3. 上海海洋大学 上海 201306; 4. 青岛瑞滋海珍品发展有限公司 青岛 266000)

摘要 本研究基于全同胞组内相关法对 9 月龄刺参(*Apostichopus japonicus*) 苗种体长、体重、肉刺总数 3 个性状的遗传力进行了评估。以前期收集、保存的刺参群体为亲本, 选取了健康刺参 29 头, 采用不平衡巢式设计方法及人工刺激采卵授精方法, 按照 1 雌配 2-5 雄的原则, 构建了 6 个母系半同胞家系及 23 个父系全同胞家系, 至 9 月龄时, 分别抽取每个家系 30-50 个后代测定相应个体的体长、体重及肉刺总数, 应用数量遗传学分析和全同胞组内相关法估计刺参 9 月龄体长、体重和肉刺总数共 3 个生长性状的遗传力。结果显示, 9 月龄刺参体长雌性组分遗传力的估计值为 0.87, 雄性组分遗传力估计值为 0.85, 全同胞组分遗传力估计值为 0.86; 刺参体重雌性组分遗传力估计值为 0.20, 雄性组分遗传力估计值为 0.73, 全同胞组分遗传力估计值为 0.46; 肉刺总数雌性组分遗传力估计值为 0.43, 雄性组分遗传力估计值为 0.32, 全同胞组分遗传力估计值为 0.37。t 检验表明, 体长、体重的雄性组分遗传力达到显著水平($P < 0.05$), 全同胞组分遗传力均达到极显著水平($P < 0.01$), 肉刺总数的遗传力均未达到显著水平。

关键词 刺参; 大规模苗种; 体长; 体重; 肉刺总数; 家系; 遗传力

中图分类号 S966.9 **文献标识码** A **文章编号** 2095-9869(2017)05-0114-08

刺参(*Apostichopus japonicus*)具有很高的药用和营养保健价值, 被称为“海产八珍”之首(廖玉麟, 1997)。海参增养殖产业迅猛发展, 目前, 已形成以山东、辽宁、河北沿海为主产区、以“北参南养”和“东参西养”等模式延伸到福建、浙江沿海和以黄河三角洲地区为代表的刺参增养殖产业群, 年产量达 19.37 万 t、养殖面积达 21 万 hm^2 , 产值约 200 亿元(王印庚等, 2014)。然而, 随着产业规模的急剧扩大, 养殖刺参出现了生长缓慢、抗逆能力下降等种质退化

现象, 亟需开展刺参良种的选育工作。

水产动物的大多数经济性状属于数量性状。遗传参数反映数量性状的基本遗传规律, 解析数量性状的遗传参数, 对水产动物养殖生产中良种生产性能的保持、重要经济性能的提高和新品种的培育等具有重要的指导意义(陈国宏等, 2009)。国内外在遗传参数研究方面涉及的水产动物品种涵盖了鱼、贝、虾和蟹(唐瞻杨等, 2015; Frizzas *et al*, 2009; Sun *et al*, 2015)。国内刺参遗传参数的研究主要集中在耳状幼体(浮游幼体期)及 3-4 月

* 青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山科技创新计划项目深海专项(201ASKJ14)、山东省农业良种工程重大课题和山东省自主创新成果转化专项(2013ZHZX2A0801)共同资助[This work was supported by the Scientific and Technological Innovation Project Financially Supported by Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology (201ASKJ14), Agriculture Seed Improvement Project of Shandong Province, and Special Research Funds for Independent Innovation and Scientific & Technology Achievements Transformation of Shandong Province (2013ZHZX2A0801)]. 和 飞, E-mail: hlcastle@163.com

① 通讯作者: 廖梅杰, 副研究员, E-mail: liaomj@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2016-03-12, 收修改稿日期: 2016-05-06

龄稚参培育期(李云峰等, 2009; 栾生等, 2006; 孟思远等, 2010), 对于幼参培育期刺参经济性状遗传力的研究尚未有报道。对于刺参而言, 在不同的生长发育阶段生物经济性状的遗传力不同, 其浮游幼体期个体小, 除体长性状外, 其余性状均难以测量; 稚参培育期, 部分性状尚未完全表征且耳状幼体期及 3-4 月龄的稚参培育期均存在母性效应(栾生等, 2006; 孟思远等, 2010)使遗传力估计值准确度偏低。因此, 开展大规格刺参苗种的经济性状遗传力研究具有更重要的现实意义。

经济性状测量的准确性是遗传力精确评估的前提, 鉴于刺参特殊的生理生活习性, 目前, 可精确测定的经济性状主要有体长、体重和肉刺总数, 并建立了相关测量方法(魏杰等, 2007; 廖梅杰等, 2011; Chang *et al.*, 2011)。特别提出的是刺参的市场价格与刺型(肉刺总数)密切相关, 往往多刺型刺参产品的价格是寡刺型的一倍以上。本研究参照刺参性状精确测量的方法与要求, 以课题组前期收集、保存的刺参群体为亲本, 以 6 头雌性刺参为母本, 23 头雄性刺参为父本, 构建了全同胞和半同胞家系, 并以此对 9 月龄的大规格刺参苗种体长、体重以及肉刺总数 3 个经济性状进行测量以及遗传力评估, 解析了大规格苗种的经济性状遗传参数, 以期对刺参良种选育提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 材料

实验所用亲参为本课题组前期收集、保存的刺参群体, 亲参种群存放于种参养殖池(6 m×16 m)内, 采取升温促熟的方式进行亲参培育。待性腺发育成熟后, 自亲参种群中选取健康、活力强的个体作为亲本, 进行苗种繁育和家系构建。

1.2 方法

1.2.1 家系建立 2014 年 3 月 29 日, 待亲参性腺发育成熟后, 每个群体选择 20 头, 每个个体单独放入 30 L 的塑料水槽, 阴干 30 min、21℃海水流水刺激, 选择可成功产卵或排精的亲参个体共 29 头(6 雌 23 雄), 对刺参产卵量计数后量取每头雌参约 2×10^5 粒卵子和适量精液, 同时放入新的水槽中进行人工授精, 按照每头雌参配 2-5 头雄参的原则, 构建了 6 个母系半同胞家系和 23 个全同胞家系。

1.2.2 苗种培育 将家系配伍形成的受精卵转入 400 L(80 cm×80 cm×60 cm)的白色塑料水槽中培育, 孵化水温为 22-23℃, 光照为 500-1000 lx, 持续微量充气, 在孵化过程中每隔 1 h 搅动 1 次, 使受精卵处于悬浮状态。在受精卵发育到浮游幼体时进行布苗,

布苗密度为 0.5 个/ml, 待幼体变态附板后转入 2.5 m×1.2 m×1.5 m 的长方形水泥培育池中进行培育。对刺参家系进行单独培育, 保证培育过程中环境条件(养殖水体体积、养殖用水的盐度和温度、光照、充气、饵料等)的一致性, 并分别在浮游幼体期、3 月龄、6 月龄进行养殖密度的均一化, 使所有家系维持在相同的密度进行养殖管理。苗种培育过程中所用的饵料在浮游期以盐藻(*Dunaliella salina*)、角毛藻(*Chaetoceros* sp.)等单胞藻和海洋红酵母为主, 后期以发酵饲料为主。海参饲料由海带(*Saccharina japonica*)、石莼(*Ulva lactuca*)、扇贝边、马尾藻(*Scagassum* sp.)、豆粕、贝壳、海泥等主要成分构成的粉末饲料, 加入酵母发酵 24 h 后投喂。每天换水 1/3, 其他按照刺参苗种培育过程进行正常管理。

1.2.3 性状测量 在 9 月龄时, 分别从每个家系中随机抽取刺参 30 头进行体长、体重测量, 取 50 头用于肉刺总数计数。体长、体重测量过程中, 用 0.6 mol/L 的 $MgSO_4$ 溶液浸泡参苗, 待参苗麻醉后, 用圆规标定参苗长度后再用游标卡尺测量其体长, 精确到 0.01 cm; 用电子天平测量其体重, 精确到 0.01 g, 并记录每个刺参的肉刺总数(魏杰等, 2007; 廖梅杰等, 2011)。

1.2.4 数据处理 对于相关性状的方差分析(ANOVA)通过 IBM SPSS 22.0 的 GLM (General Line Model)过程实现, 在二因素系统分组设计下, 刺参相关性状的表型和遗传参数的估计采用数学模型为:

$$X_{ijk} = u + S_i + d_{ij} + e_{ijk} \quad (1)$$

式中, X_{ijk} 为第 k 个个体相应经济性状的测量值, u 为相应性状在所有个体中的总体平均值, S_i 第 i 个母本所产生的雌性效应, d_{ij} 为第 i 个母本内第 j 个父本所产生的雄性效应, e_{ijk} 为随机误差。对于利用巢式遗传设计的全同胞资料的方差分析见表 1(盛志廉等, 2001)。

表 1 不平衡巢式遗传设计下全同胞资料表型变量组成的方差分析

Tab.1 Analysis of variance (ANOVA) for phenotypic variation components of the full-sib families using unbalanced nested design

变异来源 Source of variation	自由度 <i>df</i>	平方和 SS	均方 MS	期望均方 EMS
雌性间 Within dams	$D-1$	SS_D	MS_D	$\sigma_e^2 + K_2 \times \sigma_s^2 \times \sigma_d^2$
雌内雄间 Sires within dams	$S-D$	SS_s	MS_s	$\sigma_e^2 + K_1 \times \sigma_s^2$
雌雄内后代个体间 Full-sibs	$N-D$	SS_e	MS_e	σ_e^2
总和 Total	$N-1$	SS_T		

表中, N 为测量后代总数, S 为刺参父本数目, D 为刺参母本数目; σ_s^2 为父系半同胞方差; σ_d^2 为母系半同胞方差; σ_e^2 为全同胞个体间方差。

对于巢式不平衡设计, 为保证参数计算的准确性, 在进行遗传力估计之前需要对每个雄性亲本的后代数、每个雌性亲本的后代数和雌性亲本内与配的雄性亲本平均后代数进行加权校正, 具体计算方法如下:

$$K_1 = \frac{1}{S-D} \left(N - \sum_{i=1}^d \sum_{j=1}^{s_i} \frac{N_{ij}^2}{N_i} \right) \quad (2)$$

$$K_2 = \frac{1}{D-1} \left(\sum_{i=1}^d \sum_{j=1}^{s_i} \frac{N_{ij}^2}{N_i} - \sum_{i=1}^d \sum_{j=1}^{s_i} \frac{N_{ij}^2}{N} \right) \quad (3)$$

$$K_3 = \frac{1}{D-1} \left(N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^d N_i^2 \right) \quad (4)$$

式中, K_1 为每个刺参母本内与配的父本所测定的平均后代数; K_2 为每个刺参父本所测定后代数; K_3 为每个母本所测定的后代数; N_i 为第 i 头雌性亲本与配的所有雄性亲本所测定后代数; N_{ij} 为第 i 头雌性亲本与配的第 j 头雄性亲本所测定的后代数目。

1.2.5 遗传参数计算 根据巢式遗传设计方差分析结果与期望均方联立方程求得各组方差分析得到父系半同胞、母系半同胞和全同胞 3 个遗传力估计值(盛志廉等, 2001), 半同胞狭义遗传力估计值为半同胞组内相关系数的 4 倍, 全同胞估计的狭义遗传力为全同胞组内相关系数的 2 倍, 即:

$$\text{父系半同胞: } h_s^2 = 4 \times \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2} \quad (5)$$

$$\text{母系半同胞: } h_d^2 = 4 \times \frac{\sigma_d^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2} \quad (6)$$

$$\text{全同胞: } h_{sd}^2 = 2 \times \frac{\sigma_s^2 + \sigma_d^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2} \quad (7)$$

式中, h_s^2 为父系半同胞估计的狭义遗传力, h_d^2 为母系半同胞估计的狭义遗传力, h_{sd}^2 为全同胞估计的狭义遗传力。

为检测所估计的遗传力的准确性, 需要对其进行显著性检验。采用盛志廉等(2001)所推荐的 t 检验对全同胞资料遗传力估计值的显著性进行评价, 检验原则为以被检测的统计量除以它的标准误后, 再依据 t 分布临界值表进行判断。相应检验方法为:

(1) 雌性组分遗传力估计值(h_d^2)的 t 检验:

$$A = \sqrt{\frac{1}{K_3^2} \left(\frac{MS_s^2}{df_s} + \frac{MS_d^2}{df_d} \right)} \quad (8)$$

$$\sigma(h_d^2) \approx \frac{4}{\sigma_p^2} \times A \quad (9)$$

$$t = \frac{h_d^2}{\sigma(h_d^2)} \quad (10)$$

(2) 雄性组分遗传力估计值(h_s^2)的 t 检验:

$$B = \sqrt{\frac{1}{K_1^2} \left(\frac{MS_s^2}{df_s} + \frac{MS_e^2}{df_e} \right)} \quad (11)$$

$$\sigma(h_s^2) \approx \frac{4}{\sigma_p^2} \times B \quad (12)$$

$$t = \frac{h_s^2}{\sigma(h_s^2)} \quad (13)$$

(3) 雌雄组分合并估计值(h_{sd}^2)的 t 检验:

$$C = -\frac{K_1}{K_3} \left(B^2 - \frac{2MS_e^2}{K_1^2 df_e} \right) \quad (14)$$

$$\sigma(h_{sd}^2) \approx \frac{2}{\sigma_p^2} \times \sqrt{(A^2 + B^2 + 2C)} \quad (15)$$

$$t = \frac{h_{sd}^2}{\sigma(h_{sd}^2)} \quad (16)$$

2 结果

2.1 相关性状的表型参数

由所测体长、体重和肉刺总数 3 个性状数据资料所计算出的 9 月龄刺参经济性状的平均值和标准差 (Mean±SD)见表 2。从表 2 可以看出, 9 月龄所有刺参体长平均值为(4.66±0.06) cm, 体重的平均值为(4.75±

表 2 9 月龄刺参相关性状的表型参数
Tab.2 Phenotypic parameters of growth-related traits of 9-month-old *A. japonicus*

参数 Parameters	性状 Traits		
	体长 Body length(cm)	体重 Body weight(g)	肉刺总数(个) The number of pallet
家系数 Number of families	23	23	23
标准差 SD	1.53	4.93	12.68
平均值 Mean	4.66±0.06	4.75±0.19	40.32±0.38
变异系数 CV	0.33	1.04	0.31

0.19) g, 肉刺总数平均值为(40.32±0.38)个。体长和肉刺总数的变异系数分别为 0.33 和 0.31, 体重的变异系数为 1.04。体重的变异系数约为体长和肉刺总数变异系数的 3 倍, 属于强度变异, 体长和肉刺总数的变异系数大致相等, 属于中度变异。由此可见, 体长、体重和肉刺总数 3 个性状均具有很大的选择潜力。以家系为单因素对各经济性状的方差分析见表 3。从表 3 可以看出, 各相关性状在不同家系间差异极其显著 ($P<0.01$), 说明这些性状具有较大的选择潜力。

2.2 相关性状的方差分析

9 月龄刺参体长、体重和肉刺总数 3 个经济性状的方差分析结果见表 4。从表 4 可以看出, 对于 9 月龄大规格刺参苗种, 其体长、体重和肉刺总数 3 个经济性状在雌性亲本间和雌内雄间的 F 检验均达到极显著水平 ($P<0.01$)。

2.3 表型变量方差组分分析

根据公式(2)——公式(4), 计算出 9 月龄雌性与配的雄性个体的有效平均后代数目 K_1 、雄性个体的有效平均后代数目 K_2 和雌性个体的有效平均后代数目 K_3 。对于性状体长、体重而言, $K_1=K_2=30, K_3=112.70$ 。对于性状肉刺总数而言: $K_1=48.85, K_2=49.13, K_3=183.93$ 。根据方差分析结果, 以各变异来源的均方与其期望均方相对应的建立方程, 求解方差组分, 分析结果见表 5。从表 5 可以看出, 9 月龄刺参体长的雄性组分方差为 0.52, 雌性组分方差为 0.53, 雌雄组分方差大致相等; 体重的雄性组分方差为 4.50, 雌性组分方差为 1.21, 雄性组分方差大于雌性组分方差; 肉刺总数的雌性组分方差为 17.63, 雄性组分方差为 13.22, 雌性组分方差大于雄性组分方差。说明性状体长、体重在雌性亲本间个体变异较小, 母性效应基本消失。

表 3 不同家系间各相关性状表型值的单因素方差分析

Tab.3 One-way ANOVA of phenotypic parameters of growth-related traits between the different families of *A.japonicus*

性状 Traits	指标 Index	自由度 <i>df</i>	平方和 SS	均方 MS	F 值 F -value
体长 Body length	家系间 Between families	22	675.45	30.71	22.01**
	家系内 Within families	667	930.41	1.40	
	总计 Total	689	1605.86		
体重 Body weight	家系间 Between families	22	4070.65	185.03	9.71**
	家系内 Within families	667	12708.23	19.05	
	总计 Total	689	16778.88		
肉刺总数 The number of pallet	家系间 Between families	22	33333.46	1515.16	11.32**
	家系内 Within families	1102	147316.31	133.8	
	总计 Total	1124	180649.77		

**为差异极显著 ($P<0.01$), *为差异显著 ($P<0.05$), 下同

**Denoted extremely significance ($P<0.01$), * Denoted significance ($P<0.05$), the same as below

表 4 9 月龄刺参相关性状表型变量组成的方差分析

Tab.4 Analysis of variance components for phenotypic variation of 9-month-old *A. japonicus*

性状 Traits	变异来源 Source of variation								总和 Total
	雌性间 Within dams		雌内雄间 Sires within dams		全同胞个体 Full-sibs				
	<i>df</i>	MS	F	<i>df</i>	MS	F	<i>df</i>	MS	
体长 Body length	5	77.15	55.31**	17	17.04	12.22**	667	1.39	689
体重 Body weight	5	290.73	15.20**	17	153.94	8.08**	667	19.05	689
肉刺总数 The number of pallet	5	4026.04	30.09**	17	779.66	5.83**	1101	133.80	1124

表 5 9 月龄刺参相关性状表型变量的原因方差分析

Tab.5 Analysis of causal variance components of phenotypic variances of 9-month-old *A. japonicus*

方差组分 Variance components	性状 Traits		
	体长 Body length	体重 Body weight	肉刺总数 The number of pallet
σ_d^2	0.53	1.21	17.63
σ_s^2	0.52	4.50	13.22
σ_e^2	1.40	19.05	133.80
$\sigma_p^2 = \sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2$	2.45	24.76	164.65
$\sigma_s^2 + \sigma_d^2$	1.05	5.71	30.85

2.4 相关性状的遗传力估计及显著性检验

将各个表型变量原因方差组分依次代入公式(5)、公式(6)、公式(7), 计算得到9月龄刺参体长、体重和肉刺总数3个经济性状的雌性组分、雌性内雄间组分及全同胞组分估计的狭义遗传力, 根据公式(8)–公式(16)计算的遗传力估计完成的显著性 t 检验的结果见表6。从表6可以看出, 9月龄刺参体长雌性组分遗传力的估计值为0.87, 雄性组分遗传力估计值为0.85, 全同胞组分遗传力估计值为0.86; 刺参体重雌性组分遗传力估计值为0.20, 雄性组分遗传力估计值为0.73, 全同胞组分遗传力估计值为0.46; 肉刺总数雌性组分遗传

力估计值为0.43, 雄性组分遗传力估计值为0.32, 全同胞组分遗传力估计值为0.37显示。 t 检验结果显示, 9月龄刺参的体长和体重的全同胞组分遗传力达到了极显著水平($P<0.01$), 而肉刺总数的全同胞组分的遗传力尚未达到显著水平($P>0.05$)。体长、肉刺总数2个性状的雌性组分遗传力大于雄内组分的遗传力, 而体重的雌性组分遗传力要小于雄性组分的遗传力, 这与方差组分分析结果一致。另外, 由 t 值可以看出, 性状体长、体重估计的遗传力比肉刺总数遗传力估计值要好, 全同胞组分遗传力估计值比雄性组分遗传力估计值好, 肉刺总数遗传力估计值均未达到显著水平。

表6 9月龄刺参相关性状的遗传力估计及 t 检验

Tab.6 Estimation of heritability for different growth-related traits and t -test of 9-month-old *A. japonicus*

性状 Traits	遗传力估计方法 Estimation method of heritability	遗传力 Heritability	t 值 t value
体长 Body length	雌性组分 Maternal half-sibs	0.87	1.22
	雄性组分 Paternal half-sibs	0.85	2.68*
	全同胞组分 Full-sibs	0.86	2.31**
体重 Body weight	雌性组分 Maternal half-sibs	0.20	0.74
	雄性组分 Paternal half-sibs	0.73	7.28*
	全同胞组分 Full-sibs	0.46	3.37**
肉刺总数 The number of pallet	雌性组分 Maternal half-sibs	0.43	0.78
	雄性组分 Paternal half-sibs	0.32	1.48
	全同胞组分 Full-sibs	0.37	1.31

3 讨论

3.1 方差组分估计方法的选择

个体育种值和群体遗传参数估计值的准确性是决定指导育种实践准确性的关键影响因素(王金玉等, 2004)。从统计学角度上分析, 对遗传参数的估计本质是对方差组分的剖分与估计, 其在遗传力、重复力和遗传相关3大群体遗传参数计算, 预测误差、方差和遗传评定以及对遗传改良的预测中方差组分估计有重要意义(白俊艳等, 2006)。因此, 提高方差组分估计的准确性是育种学家所追求的一项指标。水产动物多具有高繁殖性能的特性, 因此, 在进行遗传参数估计时多采用同胞分析进行。同胞分析所采用的方差组分估计方法, 主要包括方差分析法、极大似然法(ML)和限制性极大似然法(REML)、最小范数二次无偏估计(MINQUE)和最小方差二次无偏估计法(MIVQUE)、贝叶斯法(Bayesian)、吉布斯抽样方法(宋传文等, 2013)。国内外学者利用不同方差组分估计方法对相同群体进行遗传参数评估表明, 相应遗传评估方法各有特色(张胜利等, 1995; 王勇强等, 1998; Duangjinda *et al*, 2001; Cantet *et al*, 2000), 应根据所研

究群体的家系背景、群体结构以及记录的完整性选取相应的方差组分估计方法。本研究按照不平衡巢式设计, Herdenson(1953)所提出的不平衡数据方差组分估计方法仍有较大的使用价值, 鉴于目前刺参遗传力方差组分估计方法报道较少, 为了更方便的与前期刺参遗传力相关研究结果进行对比分析, 本研究采用方差分析法进行刺参遗传力评估, 后期将利用更精确的限制性极大似然法进行遗传力估计比较, 为刺参遗传力计算提供更全面的参考数据。

针对不同的海水养殖经济物种, 研究人员采用了不同的分析方法对遗传力进行评估。田永胜等(2015)采用“加性–显性”线性模型、最小范氏无偏估计法对牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)生长性状的边际平均值、狭义遗传力、广义遗传力、杂交随机效应等遗传参数进行了评估。王炳谦等(2013)采用吉布斯抽样方法估计虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*) IHN 抗抗病力方差组分并计算 IHN 抗病遗传力, 并在此基础上进行了抗病家系研究。高保全等(2015)采用 REML 方法对80和100日龄三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*)生长性状遗传力进行了估计, 结果显示, 所测性状均属于中低度遗传力且适合家系选择育种。在刺参生长性状

遗传力方面, 李云峰(2009)利用 MTDREML 软件中的混合动物模型对耳状幼体阶段(授精后第5天)和稚参期(授精后第35天)刺参体长进行遗传力估计。栾生等(2006)和孟思远等(2010)采用父系全同胞组内相关法分别对耳状幼体期刺参体长及稚参期(3-4月龄)4个生长性状遗传力进行了估计。刺参存在变态发育过程, 在其浮游幼体期, 变态过程较快且形态与成参完全不同, 因此, 在该阶段仅能进行体长性状的遗传力评估, 无法获得体重、肉刺总数等相关经济性状的测定和分析; 在刺参的稚参阶段, 由于其肉刺总数等性状无法充分表征出来, 该阶段的肉刺总数遗传力评估的精确性受到较大限制; 随着刺参生长发育的进行, 其体长、体重、肉刺总数等经济性状充分表征, 测定的准确性和遗传力的准确性也随之提高, 对选育实践的指导意义也大幅提升。因此, 在对比前期研究基础之上, 本研究采用巢式遗传设计构建了6个母系半同胞家系, 23个全同胞家系, 利用全同胞组内相关法对9月龄大规模苗种的遗传力进行了评估, 为更全面的解析刺参不同发育时期的重要经济性状遗传力提供参考资料。

3.2 遗传力结果的分析

目前, 国内外对于遗传力有诸多研究报道。罗坤等(2015)应用多性状动物模型对俄罗斯鲟(*Acipenser gueldenstaedti*)150日龄和410日龄的体长、体重遗传力进行了估计, 分别为0.160、0.180和0.180、0.094。王正等(2015)对三疣梭子蟹Ⅱ期幼蟹和80日龄幼蟹耐低盐性状进行了遗传力估计, 发现耐低盐性状遗传力为低度遗传力, 由此确定家系选育法更适合三疣梭子蟹耐低盐新品种的选育途径。贾永义等(2014)利用半同胞组内相关分析法对日本沼虾(*Macrobrachium nipponense*)孵化后65 d和97 d体长、腹部长和体重3个性状的遗传力分析结果显示, 日本沼虾适合利用家系选择和群体间杂交方法进行性状选择。杨创业等(2015)估计了马氏珠母贝(*Pinctada martensi*)全同胞家系的壳长、壳宽、壳高的广义遗传力, 结果显示, 3个性状的广义遗传力均超过40%, 属于中等遗传力。国外的研究报道对研究对象的遗传参数比较深入全面, García-Celdrán 等(2015a、b、c)对金头鲷(*Sparus aurata*)的肉质性状、胴体性状及不同日龄生长性状和体型畸形率遗传参数做出了全面细致研究, 为西班牙沿岸金头鲷良种选育提供了理论指导和参考。Caballero-Zamora 等(2015)估计了凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)130日龄体重的遗传力为(0.19±0.03); Hu 等(2014)估计了3个不同时间段大规模虹鳟鱼全长、体重的遗传力, 其中, 体重的遗传力估计范围为0.33-0.98, 全长的遗传力估计范围为0.05-0.51。由此可以

看出, 不同物种的体长和体重遗传力存在较大差别, 且同一物种在不同的发育生长阶段各性状遗传力也存在很大差别。

目前, 国内外关于刺参遗传力的研究报道较少, 其中, 栾生等(2006)基于全同胞组内相关法估计了刺参耳状幼体初期和中期的遗传力, 实验中估计的刺参耳状幼体初期和中期体长的狭义遗传力分别为 0.74-0.87 和 0.75-0.92, 属于高遗传力范围。李云峰等(2009)估计了刺参早期生长发育的遗传力, 结果显示, 耳状幼体阶段的体长遗传力为 0.29, 稚参阶段的体长遗传力为 0.49, 表明刺参的不同发育阶段体长的遗传力属于中度遗传力范围。孟思远(2010)等运用父系全同胞组内相关法估计了3月龄和4月龄仿刺参体长、体重、肉刺长度、肉刺总数的遗传力, 结果显示, 4个性状在不同发育阶段的遗传力属于中低度遗传力。为对比不同发育时期的遗传力, 本研究对大规模苗种时期(9月龄)刺参的体长、体重、肉刺总数3个重要经济性状的遗传力进行评估, 结果发现, 刺参体长遗传力估计值与栾生等(2006)得出的刺参耳状幼体初期 0.74 和中期 0.75 遗传力估计值接近, 但要比孟思远等(2010)和李云峰等(2010)所估计的刺参体长遗传力估计值要高。刺参体重遗传力估计值中, 雌性组分半同胞遗传力估计值与孟思远等(2010)所得出4月龄刺参体重遗传力估计值 0.23 接近, 全同胞组分遗传力估计值要高于孟思远等(2010)所得出3、4月龄刺参体重遗传力估计值(0.184 和 0.200)。综上所述, 刺参幼参各阶段体长、体重的遗传力属于中高度遗传力, 说明这2个生长性状均处于加性效应的控制下, 其性状的表现型和基因型的相关程度较高, 由表现型判断基因型及由上代判断下代的命中率较高, 采用混合选择方式可获得较好的选育进展。9月龄刺参肉刺总数遗传力估计值 t 检验结果不显著, 表明所得的估计值准确度欠佳, 分析其原因可能是由于抽样误差太大, 也可能由于刺参个体较小, 肉刺总数统计时存在较大的主观性。

本研究所得出的遗传力数据补充和完善了刺参不同发育阶段的遗传力数据资料, 为刺参遗传育种提供了重要参考和指导。鉴于刺参不同发育阶段其遗传力存在较大的差异, 还需补充和深入研究刺参发育后期阶段和成参阶段相关经济性状的遗传参数。此外, 针对肉刺总数遗传力的估计需要规范肉刺总数统计的手段和方法, 为准确评估其遗传力奠定基础。

参 考 文 献

- Bai JY, Zhang Q, Jia XP. Progress of the genetic parameter estimation methods for livestock and poultry. Modern Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine,

- 2006(1): 51–54 [白俊艳, 张勤, 贾小平. 畜禽遗传参数估计方法的研究进展. 现代畜牧兽医, 2006(1): 51–54]
- Caballero-Zamora A, Cienfuegos-Rivas EG, Montaldo HH, *et al.* Genetic parameters for spawning and growth traits in the pacific white shrimp (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*). *Aquaculture Research*, 2015, 46(4): 833–839
- Cantet RJC, Birchmeier AN, Santos-Cristal MG, *et al.* Comparison of restricted maximum likelihood and Method R for estimating heritability and predicting breeding value under selection. *Journal of Animal Science*, 2000, 78(10): 2554–2560
- Chang YQ, Shi SB, Zhao C, *et al.* Characteristics of papillae in wild, cultivated and hybrid sea cucumbers (*Apostichopus japonicus*). *African Journal of Biotechnology*, 2011, 10(63): 13780–13788
- Chen GH, Zhang Q. *Animal genetic principle and breeding methods*. Beijing: China Agriculture Press, 2009, 106–110 [陈国宏, 张勤. 动物遗传原理与育种方法. 北京: 中国农业出版社, 2009, 106–110]
- Duangjinda M, Misztal I, Bertrand JK, *et al.* The empirical bias of estimates by restricted maximum likelihood, Bayesian method, and Method R under selection for additive, maternal, and dominance models. *Journal of Animal Science*, 2001, 79(12): 2991–2996
- Frizzas OG, Grossi DA, Buzanskas ME, *et al.* Heritability estimates and genetic correlations for body weight and scrotal circumference adjusted to 12 and 18 months of age for male Nelore cattle. *Animal*, 2009, 3(3): 347–351
- Gao BQ, Liu P, Li J. Analysis of the growth and breeding value of *Portunus trituberculatus* ‘Huangxuan NO.1’. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2015, 22(1): 44–50 [高保全, 刘萍, 李健. 三疣梭子蟹‘黄选一号’生长和育种性能分析. 中国水产科学, 2015, 22(1): 44–50]
- García-Celdrán M, Ramis G, Manchado M, *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations of carcass quality traits in a reared gilthead sea bream (*Sparus aurata* L.) population sourced from broodstocks along the Spanish coasts. *Aquaculture*, 2015a, 446: 175–180
- García-Celdrán M, Ramis G, Manchado M, *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations of growth and external skeletal deformities at different ages in a reared gilthead sea bream (*Sparus aurata* L.) population sourced from broodstocks along the Spanish coasts. *Aquaculture*, 2015b, 445: 33–41
- García-Celdrán M, Ramis G, Manchado M, *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations of raw flesh quality traits in a reared gilthead sea bream (*Sparus aurata* L.) population sourced from broodstocks along the Spanish coasts. *Aquaculture*, 2015c, 446: 181–186
- Henderson CR. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, 1953, 9(2): 226–252
- Hu G, Gu W, Jiang ZS, *et al.* Heritability estimates and genetic correlations among body weight and measurement traits of large-size rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*, in China. *Journal of the World Aquaculture Society*, 2014, 45(6): 691–699
- Jia YY, Gu ZM, Yang YJ, *et al.* Initial family construction and heritability estimates for growth-related traits in *Macrobrachium nipponensis*. *Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science)*, 2014, 33(2): 154–160 [贾永义, 顾志敏, 杨元杰, 等. 日本沼虾家系的初步构建及生长相关性状的遗传力估计. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2014, 33(2): 154–160]
- Li YF, Chang YQ, Wang SH, *et al.* Heritability of early growth traits in larval and juvenile sea cucumber (*Apostichopus japonicus*). *Journal of Dalian Fisheries University*, 2009, 24(1): 30–33 [李云峰, 常亚青, 王诗欢, 等. 仿刺参耳状幼体和稚参阶段的体长遗传力估计. 大连水产学院报, 2009, 24(1): 30–33]
- Liao MJ, Wang YG, Hao ZK, *et al.* Method for measuring body weight of live *Apostichopus japonicus*. ZL 201010100781.3 [廖梅杰, 王印庚, 郝志凯, 等. 活体刺参体重测量方法. 专利号: ZL 201010100781.3, 2010]
- Liao YL. *Fauna sinica, Echinodermata, Holothuroidea*. Beijing: Science Press, 1997 [廖玉麟. 中国动物志, 棘皮动物门, 海参纲. 北京: 科学出版社, 1997]
- Luan S, Sun HL, Kong J. Heritability of auricularia larval body length for sea cucumber *Apostichopus japonicus* Selenka. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2006, 13(3): 378–383. [栾生, 孙慧玲, 孔杰. 刺参耳状幼体体长遗传力的估计. 中国水产科学, 2006, 13(3): 378–383]
- Luo K, Xia YT, Wang B, *et al.* Estimates of genetic growth trait parameters during early development of *Acipenser gueldenstaedtii*. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2015, 22(3): 426–432 [罗坤, 夏永涛, 王斌, 等. 俄罗斯鲟早期生长性状遗传参数的估计. 中国水产科学, 2015, 22(3): 426–432]
- Meng SY, Chang YQ, Li WD, *et al.* Heritability of four growth traits in juvenile sea cucumber *Apostichopus japonicus*. *Journal of Dalian Ocean University*, 2010, 25(6): 475–479 [孟思远, 常亚青, 李文东, 等. 仿刺参幼参阶段 4 个生长性状遗传力的估计. 大连海洋大学学报, 2010, 25(6): 475–479]
- Sheng ZL, Chen YS. *Quantitative genetics*. Beijing: Science Press, 2001, 60–74 [盛志廉, 陈瑶生. 数量遗传学. 北京: 科学出版社, 2001, 60–74]
- Song CW, Yan XW, Sang ST, *et al.* Estimates for the heritability of growth of *Mytilus edulis*. *Journal of Fisheries of China*, 2013, 37(2): 201–206 [宋传文, 闫喜武, 桑士田, 等. 紫贻贝生长性状的遗传力估计. 水产学报, 2013, 37(2): 201–206]
- Sun MM, Huang JH, Jiang SG, *et al.* Estimates of heritability and genetic correlations for growth-related traits in the tiger prawn *Penaeus monodon*. *Aquaculture Research*, 2015, 46(6): 1363–1368
- Tang ZY, Chen WZ, Luo YJ, *et al.* Estimating quantitative trait heritability for *Tilapia nilotica* of different months. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2015, 46(5): 1180–1185 [唐瞻杨, 陈文治, 罗永巨, 等. 尼罗罗非鱼(*Tilapia nilotica*)不同月龄数量性状遗传力估计. 海洋与湖沼, 2015, 46(5): 1180–1185]
- Tian YS, Chen HL, Qi WS, *et al.* Establishment and estimated genetic effects of *Paralichthys olivaceus* F3 families. *Acta Oceanologica Sinica*, 2015, 37(4): 40–51 [田永胜, 陈红林, 齐文山, 等. 牙鲆选育 F3 代家系的建立及遗传效应分析. 海洋学报, 2015, 37(4): 40–51]
- Wang BQ, Jiang ZS, Hu G, *et al.* Estimation of genetic parameters for resistance to infectious hematopoietic necrosis and screening for higher resistance families in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Journal for Northeast Agricultural University*, 2013, 44(9): 120–126 [王炳谦, 姜再胜, 户国, 等. 虹鳟((*Oncorhynchus Mykiss*))传染性造血器官坏死病(IHN)抗病力遗传参数估计及其抗病家系筛选. 东北农业大学学报, 2013, 44(9): 120–126]
- Wang JY, Chen GH, Yang ZP, *et al.* Quantitative genetics and

- animal breeding. Nanjing: Southeast University Press, 2004 [王金玉, 陈国宏, 杨章平, 等. 数量遗传与动物育种. 南京: 东南大学出版社, 2004]
- Wang YG, Rong XJ, Liao MJ, *et al.* Sea cucumber culture and disease control technology. Beijing: China Agriculture Press, 2014, 90–91 [王印庚, 荣小军, 廖梅杰, 等. 刺参健康养殖与病害防控技术丛解. 北京: 中国农业出版社, 2014, 90–91]
- Wang YQ, Zhang Y, Zhang Q, *et al.* The simulation study on the effect of ML and Re ml Method used for variance components estimation. Journal of Yellow Cattle Science. 1998, 24(3): 9–12 [王勇强, 张沅, 张勤, 等. ML 法和 REML 法方差组分估计效率的 Monte Carlo 模拟研究. 黄牛杂志, 1998, 24(3): 9–12]
- Wang Z, Gao BQ, Liu P, *et al.* Estimation of the heritability tolerance to low-salinity in *Portunus trituberculatus*. Progress in Fishery Sciences, 2015, 36(3): 74–78 [王正, 高保全, 刘萍, 等. 三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*)耐低盐的遗传力估计. 渔业科学进展, 2015, 36(3): 74–78]
- Wei J, Chang YQ, Nie ZL, *et al.* Method for accurately measuring body length of living *Stichopus japonicus*. ZL 20071001074.6, 2007 [魏杰, 常亚青, 聂竹兰, 等. 准确测量活体刺参体长的方法. 专利号: ZL 20071001074.6, 2007]
- Yang CY, Wu DY, Wang QH, *et al.* Heritability estimation for growth traits of *Pinctada martensili*. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015, 31(23): 25–29 [杨创业, 吴丹阳, 王庆恒, 等. 马氏珠母贝生长性状遗传力估计. 中国农学通报, 2015, 31(23): 25–29]
- Zhang SL, Yang XW, Jin MW, *et al.* Comparison of methods for estimating genetic parameters. Hereditas, 1995, 17(6): 21–23 [张胜利, 杨秀文, 靳明武, 等. 遗传参数不同估计方法的比较. 遗传, 1995, 17(6): 21–23]

(编辑 陈严)

Estimation of the Heritability of Three Economic Traits in 9-month-old Sea Cucumber *Apostichopus japonicus*

HE Fei^{1,3}, WANG Yingeng^{1,2}, LIAO Meijie^{1,2①}, LI Bin^{1,2}, SUN Mingchao³,
DU Tuo^{1,2}, ZHANG Wenzhe^{1,2}, FAN Ruiyong⁴

(1. Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071; 2. Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao 266071; 3. Shanghai Ocean University, Shanghai 201306; 4. Qingdao Ruizi Seafood Development Co., Ltd, Qingdao 266400)

Abstract Heritability is the most basic parameter for estimation of selection effect, breeding value and comprehensive selection index. It is widely applied in the determination of the selection method and artificial breeding practice. In this study, the heritability of body length, body weight and the number of pallet were estimated in 9-month-old sea cucumber (*Apostichopus japonicus*), with the goal of providing heritability reference for breeding practice. A total of 29 mature sea cucumbers from five different populations were selected as parents. Six dams and twenty-three sires were mated by unbalanced nested design using artificial insemination. Each dam was mated with 2 to 5 sires, producing 6 half-sib families and 23 full-sib families. Full-sib families were reared separately under identical environmental conditions. Thirty to fifty individuals from each full-sib family were randomly selected for assessment of three economic traits: body length, body weight and the number of pallet in 9-month-old sea cucumber. The heritability of body length, weight and the number of pallet was compared statistically using GLM (General Linear Model) procedure of the SPSS software. The results indicated that the heritability of body length in full-sibs, maternal half-sibs and paternal half-sibs was estimated to be 0.86, 0.87 and 0.85, respectively. The heritability of body weight in full-sibs, maternal half-sibs and paternal half-sibs was estimated to be 0.46, 0.20 and 0.73, respectively. The heritability of the number of pallet in full-sibs, maternal half-sibs and paternal half-sibs was estimated to be 0.37, 0.43 and 0.32, respectively. Results obtained from *t* test showed that the heritability of body length and body weight in paternal half-sibs was significant ($P < 0.05$), and the heritability of body length and body weight in full-sibs was highly significant ($P < 0.01$). By contrast, the heritability of the number of papilla in full-sibs, maternal half-sibs and paternal half-sibs was not significant. The estimation of heritability of the three economic traits in the large-scale seeding program could provide theoretical basis and technical reference for future artificial breeding of *A. japonicus*.

Key words *Apostichopus japonicus*; Large-scale seeds; Body length; Body weight; Number of pallet; Full-sib family; Heritability

① Corresponding author: LIAO Meijie, E-mail: liaomj@ysfri.ac.cn