

动物育种研究进展

林珂

浙江师范大学生命科学学院, 浙江 金华

收稿日期: 2023年2月22日; 录用日期: 2023年3月17日; 发布日期: 2023年3月29日

摘要

育种, 指利用现有的遗传资源, 采用一切可能的手段, 来提高动物的遗传特性, 以生产高质量的产品。育种包括了选种和选配两个过程。本品种选育和杂交育种是传统育种学的重要方法, 当前建立在分子水平上的育种成为了研究热点, 主要包括了分子标记辅助育种、全基因组选择育种以及基因修饰技术。

关键词

动物育种, 现状, 发展趋势

Advances in Animal Breeding Research

Ke Lin

College of Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua Zhejiang

Received: Feb. 22nd, 2023; accepted: Mar. 17th, 2023; published: Mar. 29th, 2023

Abstract

Breeding refers to the use of existing genetic resources, using all possible means to improve the genetic characteristics of animals in order to produce high quality products. Breeding includes two processes: seed selection and matching. Breeding and cross breeding of this variety are important methods in traditional breeding science. Currently, breeding based on molecular level has become a research hotspot, which mainly includes molecular marker-assisted breeding, whole-genome selective breeding and gene modification technology.

Keywords

Animal Breeding, Current Situation, Development Trend

Copyright © 2023 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 动物育种发展

动物适应不同自然环境的能力、对人类的依赖以及其产品的具体使用,反映了这些动物的范围和驯化。畜禽在驯化中的变异表现在适应性、繁殖机能及形态结构三方面。

近代育种学与育种实践兴起于十八世纪后半叶。孟德尔建立了现代遗传学理论。后来发展了群体遗传学理论,重点研究人工选择、自然选择和遗传变异等因素如何影响基因频率变化的教育实践理论。随着数量遗传学和计算机技术的发展,以及畜牧业程序的部署,世界各地的畜牧业正处于快速发展阶段。1990年以后, BLUP法(Best Linear Unbiased Prediction)开始大规模运用,其高准确性显著提高了目标性状的改良速度[1]。继而发展了群体遗传学理论,侧重于教育实践的理论,即人工选择、自然选择和遗传变异等因素如何影响其基因频率。随着数量遗传学、计算机科学的发展和放牧过程的普及,畜牧业在世界范围内发展迅速[2]。分子标记辅助选择(MAS)和以 ssGBLUP 为代表的基因组选择(GS)技术成了应用最为成功的新技术代表[1]。

我国动物育种起步较晚,技术较为薄弱。世界动物育种产业垄断集团正在形成,国际育种巨头登陆正在改变我国动物育种产业结构,各国政府加大动物基因组研究以期占据发展制高点,新一代分子育种技术是我国动物育种产业崛起的机遇[3]。

2. 育种过程

育种包括了选种和选配两个主要过程。

选择的方法有多种,也有针对单性状或多性状的选择。个体遗传评定的方法有多种,利用估计育种值(estimated breeding value, EBV)评定、利用 BLUP 法评定等,随着分子生物学相关技术的不断发展,单基因选择/标记辅助选择(MAS)、全基因组选择也不断应用于现代育种中[2]。

选择是有意识地结合下一代的基因型,可以生长和产生良性子代,或者被合理利用。选择可分为个体选择和集体选择。个体选配包括品质选配(同质选配、异质选配)和亲缘选配(近交、杂交)。群体选配包括纯种繁育(本品种选配)和杂交繁育。

近交可以保持优良个体血统,固定优良性状,但需要格外注意近交系数,防止近交衰退。杂交可用于杂交育种,丰富后代遗传基础,进行杂交改良,改进缺点。也可用于杂交生产,利用杂种优势。目前我国家畜家禽的商品代多为杂交产生。例如杜长大三元杂交猪,是杜洛克猪、长白猪、大白猪三元杂交得到的商品代。白羽肉鸡、AA 肉鸡等家禽品种也是多元杂交的产物。

3. 当前育种学研究进展

3.1. 本品种选育

本品种选育是通过选择后代、繁殖品系和改变育种条件,克服指定纯度缺陷,提高同一品系中全品系的质量。

许多牲畜品种是从国外引进的,许多地方牲畜品种也是这样引进的。多年来,在我国,秦川牛、南阳牛、金纳牛、延边牛、侯州、嘉禾红牛、黑波牛等品种在杂交获得品种,如基本特性及生产性能[4]。曾检华等[5]利用以品种内的品系培育方式,培育出两广小花猪(壹号黑猪)新品系,该品系效率高,育种

效果显著。多年来,对生长等生产性状没有负面影响。闫忠心等[6]测定杂多地高原型藏羊不同年龄、性别的核心群和基础群的体尺指标及生产性能,并参照青海省藏羊选育地方标准对核心群藏羊进行评价,初步掌握高原型藏羊的本品种选育情况和品种资源现状,发现本品种选育显著提高了藏羊的生产性能,核心群剪毛量、胴体重显著升高。张汝等[7]对云南麻鸭开展本品种选育工作,以期提高该品种的生产性能和整齐均匀度。

3.2. 杂交育种

杂交育种是通过杂交的方法,将基因和表型结合起来,使不同个体的优良品质集中在同一组个体中,从而提高品质和性能。一直没有优秀生产性能的品种,可以通过杂交获得具有杂种优势的新品种[8]。根据杂交亲本亲缘关系远近,杂交可分为品种间、种间、亚种间、属间杂交等。

在淡水渔业生产中,利用杂种优势已成为增产提质的重要措施之一。自1950年代后期以来,中国开展了大量鱼类杂交实验。其中大多数是鲤科不同亚科之间以及同一种亚科不同属之间的杂交[9]。近20年来,云南草地动物科学研究院引进澳大利亚的莫累灰牛(Murray grey cattle)、婆罗门牛(Brahman cattle)杂交改良当地云南黄牛(Yunnan yellow cattle),形成的BMY品系,通过选择,不仅适用于我们南方的亚热带气候,还包括生产优质、抗害虫等优良特性[10]。胡羊和小尾寒羊是中国最常见的肉羊品种。它们具有良好的繁殖特性,经常混作为母羊和绵羊的亲本。从国外进口的孵化器可以从杂交后代中获得营养价值高的后代。杂交羊在生长性能、生产性能和肉质方面表现出明显的杂种优势[11]。

3.3. 分子育种

传统育种学将数量遗传学理论运用于育种实践,运用杂交改良、品系培育等方法,不断改良畜禽品种品系,以提高其生产性能[12]。近几十年来,畜牧业在继承传统定量理论的基础上取得了巨大的成就。然而,畜牧业和家禽业的遗传进展正在逐渐减少,利用现有的育种方法难以取得重大进展,特别是在低遗传力方面[13]。当前,建立在分子水平上的育种技术已成为研究热点。分子育种技术的研究主要集中在MAS、GS和基因编辑技术方面。

3.3.1. 分子标记辅助育种

分子标记作为一种遗传标记,以核苷酸的变异为基础,能够直接反映出DNA水平的遗传多态性。通过使用与数量性状相关的分子标记,结合标记信息,我们可以在分子水平上准确、快速地分析遗传结构,进而选择模式。在动物育种中,利用标记基因型能非常准确地估计数量性状的育种值。MAS可以先对遗传标记进行选择,而后对控制某性状的QTL(Quantitative Trait Locus)进行间接选择,达到性状选择的最终目的;或通过遗传标记预测个体遗传价值[14]。近年来,越来越多的研究表明,在影响数量性状的基因中,主要基因或QTL是除多效性基因外影响最大的基因,可显示10%~50%的突变。因此,可以通过选择初始基因或QTL来提高性能[15]。

分子标记技术用途广泛,可用于杂种优势预测、抗病育种、亲缘关系分析等多个方面。近年来,已有大量研究表明[16][17][18][19][20],奶牛*POU1F1*, *PRL*, *HTR1B*, *AGPAT6*基等基因与泌乳性状显著相关。雷雪芹等[21]结果表明,产双胞胎的奶牛的基因型为31.25%,而产单胎的奶牛的基因型仅为6.67%。因此,*FSHR10*号外显子遗传多样性可能是最高的双胞胎特征。随着DNA分子标记的提取和应用,为进一步的定位研究和标记选择奠定了基础。截至2016年8月22日, *chickinqtl*db数据库中有鸡QTL文章245篇,鸡QTL文章5562篇,包含336个不同特征,包括行为、外观、抗病性和数量蛋、蛋品质、饲料转化率、生长、肉质、代谢性疾病[13]。

3.3.2. 全基因组选择育种

实际上, MAS 系统中使用的标记只捕获了这些突变的一小部分, 即关键基因的突变, 而忽略了小效应的突变。为了捕获构成表面活性剂模式的所有基因变化, 一种方法是检测影响目标基因组的所有 QTL [12], 这是一种全基因组选择。与 MAS 系统相比, 全基因组选择具有明显的优势。不需要检测初始基因或 QTL, 不依赖表面信息。可以捕获基因组中的所有突变, 具有效率高的优点对低遗传力效果显著[22]。

全基因组选择, 也称为基因组选择, 这是一种全基因组育种方法, 用于估计单个基因组的育种价值, 并通过基因组中广泛的标记信息进行选择[23]。全基因组选择的思想是利用覆盖整个基因组的 SNP 标记将染色体分成多个片段, 然后将它们组合起来, 最后通过个体携带的标签信息来预测未知的表面信息, 通过结合个体所携带的染色体效应, 通过评估基因组育种值(GEBV)的价值来进行选择[24]。

家畜家禽中, 牛的全基因组选择起步较早, 体系也较为完善。对于奶牛的基因组选择, 早期集中于泌乳量, 而后扩展到乳脂、乳蛋白含量、乳腺炎等性状[25]。相比奶牛, 肉牛与羊的基因组选择进展较慢。

3.3.3. 基因编辑技术

动物基因编辑技术是指利用人工 DNA 酶, 如去除、穿透、固定突变或 DNA 测序等技术手段, 如核移植或胚胎移植, 适用于标记个体[26]。基因编辑技术经历了三个阶段: 锌指 DNA 酶技术(ZFNs)、DNA 酶技术(talens)、复制激活技术(CRISPR/cas9)。CRISPR/cas9 系统比前两代基因编辑技术更加简单高效, 为基因编辑技术提供了一个新的平台。

Liu 等[27]利用 ZFN 技术成功向牛酪蛋白基因(CSN2)中敲入了人的溶菌酶基因(*hLYZ*), 使其在奶牛乳腺中得以表达, 从而为奶牛抗乳房炎能力的提高开辟了新途径。尉翔栋等[28] CRISPR/cas9 系统成功获得水牛转基因胚胎, 为肌肉牛品种的开发提供了新的遗传材料。黄幸等[29]采用 ZFN 工具在细胞水平研究转基因技术, *FATI* 基因成功整合到陆川猪 *PKF* 细胞基因组中。

4. 总结

动物育种是一个长期并且需要不断优化改进的过程。育种有着长期性、综合性、广泛性的特点。从本品种选育、杂交育种再到分子育种, 育种学方法不断进步。随着相应技术的进步, 性状产生的分子机制及调控机理逐步为人们所了解, 不断推动着育种学的发展。

参考文献

- [1] 安美景, 李杨, 周光亮, 等. 猪育种的几点再思考: 特点、挑战与展望[J]. 猪业科学, 2020, 37(12): 106-109.
- [2] 李宁. 动物遗传育种学科发展历史与研究前沿[J]. 中国家禽, 2012, 34(2): 1-3.
- [3] 李宁. 国内外动物育种研发和产业的发展态势[J]. 生物产业技术, 2008(2): 1.
- [4] 陈宏, 黄永震, 周扬, 等. 中国肉牛育种技术演变[J]. 中国牛业科学, 2015, 41(4): 1-4, 8.
- [5] 曾检华, 李闯, 韦明飞, 等. 两广小花猪(壹号黑猪)新品系选育进展[J]. 养猪, 2019(4): 65-68.
- [6] 闫忠心, 靳义超, 白海涛, 等. 本品种选育对高原型藏羊体尺及生产性能的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2015(10): 59-61.
- [7] 张汝, 常志顺, 赵蓉, 等. 云南麻鸭本品种选育实施方案研究[J]. 中国畜禽种业, 2020, 16(1): 167-169.
- [8] 楼允东, 李小勤. 中国鱼类远缘杂交研究及其在水产养殖上的应用[J]. 中国水产科学, 2006, 13(1): 151-158.
- [9] 张岚岚, 白俊杰. 我国主要鱼类杂交种及其养殖状况[J]. 海洋渔业, 2014, 36(5): 475-480.
- [10] 亏开兴, 黄必志, 咎林森. 牛亚科几个物种的起源及其种间杂交研究进展[J]. 中国牛业科学, 2014, 40(3): 1-10.
- [11] 李倩, 邵勇维克, 冯天雨, 等. 我国肉用绵羊不同杂交组合效果研究进展[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2019(19): 43-45.
- [12] 杨武才, 咎林森, 孙秀柱. 肉牛遗传育种与繁殖技术发展趋势[J]. 家畜生态学报, 2013, 34(12): 8-11.

- [13] 李辉, 杜志强, 王守志. 白羽快大型肉鸡育种的过去、现在和将来[J]. 中国家禽, 2016, 38(19): 1-8
- [14] 宋志芳, 于国生, 解佑志, 等. 分子遗传标记技术及其在动物育种中的研究进展[J]. 猪业科学, 2017, 34(2): 113-115.
- [15] 蒋秋斐, 罗晓瑜, 洪龙, 等. 奶牛分子育种技术研究进展[J]. 中国畜牧兽医, 2016, 43(10): 2694-2700.
- [16] Pan, C.Y., Lan, X.Y., Chen, H., *et al.* (2008) A *DdeI* PCR-RFLP Detecting a Novel Missense Mutation of *POU1F1* Gene Showed No Effects on Growth Traits in Cattle. *Czech Journal of Animal Science*, **53**, 523-527. <https://doi.org/10.17221/364-CJAS>
- [17] 严林俊, 刘波, 房兴堂, 等. 秦川牛和中国荷斯坦牛 *POU1F1* 基因多态性研究[J]. 遗传, 2006, 28(11): 1371-1375.
- [18] Lu, A., Hu, X.C., Chen, H., *et al.* (2010) Single Nucleotide Polymorphisms in Bovine *PRL* Gene and Their Associations with Milk Production Traits in Chinese Holsteins. *Molecular Biology Reports*, **37**, 547-551. <https://doi.org/10.1007/s11033-009-9762-5>
- [19] Zhang, C.L., Chen, H., Wang, Y.H., *et al.* (2008) Association of a Missense Mutation in Serotonin Receptor 1B (*HTR1B*) Gene with Milk Production Traits. *Research in Veterinary Science*, **85**, 256-268. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2007.10.014>
- [20] 咎林森, 张佳兰, 刘新武, 等. 牛 *AGPAT6* 基因遗传特征与奶牛产奶性能相关性研究[J]. 中国农业科学, 2007, 40(7): 1498-1503.
- [21] 雷雪芹, 陈宏, 袁志发, 等. 牛 *FSHR* 基因第 10 外显子单核苷酸多态性及其与双胎性状的关系[J]. 中国生物化学与分子生物学报, 2004, 20(1): 34-37.
- [22] Meuwissen, T., Hayes, B. and Goddard, M. (2016) Genomic Selection: A Paradigm Shift in Animal Breeding. *Animal Frontiers*, **6**, 6-14. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>
- [23] 张顺进, 寇浩玮, 丁晓婷, 等. 全基因组选择技术在反刍动物遗传育种中的研究进展及其应用[J]. 农业生物技术学报, 2021, 29(3): 571-578.
- [24] Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.J., *et al.* (2009) Invited Review: Genomic Selection in Dairy Cattle: Progress and Challenges. *Journal of Dairy Science*, **92**, 433-443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646>
- [25] Luan, T., Woolliams, J.A., Lien, S., *et al.* (2009) The Accuracy of Genomic Selection in Norwegian Red Cattle Assessed by Cross-Validation. *Genetics*, **183**, 1119-1126. <https://doi.org/10.1534/genetics.109.107391>
- [26] 李嘉楠, 顾浩, 徐在言, 等. 转基因及基因编辑技术与猪遗传育种[J]. 猪业科学, 2018, 35(11): 114-116.
- [27] Liu, X., Wang, Y.S., Tian, Y.C., *et al.* (2014) Generation of Mastitis Resistance in Cows by Targeting Human Lysozyme Gene to Beta-Casein Locus Using Zinc-Finger Nucleases. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, **281**, 3368. <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.3368>
- [28] 尉翔栋, 吕晨晨, 朱肖亭, 等. 利用 CRISPR-Cas9 基因编辑技术制备牛 *MSTN* 基因编辑胚胎[J]. 河南农业科学, 2019, 48(2): 131-136.
- [29] 黄幸, 严爱芬, 邓廷贤, 等. 锌指核酸酶介导的陆川猪 *Fat1* 基因打靶载体构建及体外转基因研究[J]. 农业生物技术学报, 2019, 27(8): 1369-1381.