

利用 R 语言程序计算德国弗莱维赫改良牛群的近交和亲缘系数

孙晓玉¹, 刘胜军^{2*}, 庄雨龙¹, 高志浩², 梁魏苹², 王洪亮¹

(1. 黑龙江省农垦科学院畜牧兽医研究所, 哈尔滨 150038; 2. 黑龙江八一农垦大学动物科技学院, 黑龙江 大庆 163319)

摘要: [目的] 利用德国西门塔尔牛(弗莱维赫牛)与澳大利亚西门塔尔母牛品系间、及德国西门塔尔牛(弗莱维赫牛)与本地肉用母牛选种选配后, 培育优秀种群。 [方法] 通过个体牛只信息和编号、父母代和祖父母代信息和编号, 采用近交系数和亲缘系数的计算公式, 利用 R 语言编制程序计算 47 头德国西门塔尔牛(弗莱维赫牛)的后代母牛个体间亲缘系数和近交系数。 [结果] 所有个体间均无近交, 近交系数为 0, 群体亲缘系数值在 0~0.500 0 之间。本试验的牛群主要来自于自繁自育母牛场, 做选配时, 较好地控制了近交系数, 但是, 从亲缘系数来看, 在群使用的种公牛较少, 为防止近交, 有必要提高使用种公牛家系的数量, 每年都要计算近交系数和亲缘系数。

关键词: 德国西门塔尔牛(弗莱维赫牛); 亲缘系数; 近交系数; R 语言; 系谱

中图分类号: S823.9⁺2

文献标识码: A

文章编号: 1001-9111(2022)02-0042-03

黑龙江北大荒集团(原农垦总局), 2011 年成立了培育“北大荒牛”领导小组和育种委员会, 提出了培育“北大荒牛”目标。从 2009 年开始引进了 40 余万剂德国弗莱维赫牛冻精, 以改良本地肉牛和低产奶牛, 同时, 开展了西门塔尔牛小群体的纯种繁育。本研究以澳大利亚引进的 110 头纯种西门塔尔母牛为育种材料, 引进德国弗莱维赫种公牛冻精, 有计划地开展了选种选配, 实现了纯种繁育, 科学有效地利用了优秀种公牛的优良基因, 有目的地避免了近交。研究整理了德国弗莱维赫牛与澳大利亚西门塔尔母牛选配, 生产的纯繁 F₁ 代的系谱信息, 利用 R 语言程序对纯繁的西门塔尔牛育种群, 计算近交系数和亲缘系数, 了解育种群中是否有近交和个体间的亲缘关系, 为科学地使用种公牛冻精, 避免近交, 提供了选配依据。笔者通过实际计算德国西门塔尔(弗莱维赫牛)改良后代母牛的遗传参数来分析阐明 R 语言在生物信息研究中的重要应用功能。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料来源于黑龙江农垦科学院畜牧兽医研

究所实验牧场(地址在黑龙江省肇东市四方山农场第二管理区), 其中饲养的 47 头德国西门塔尔(弗莱维赫)改良母牛群。试验数据为 47 头德国西门塔尔(弗莱维赫牛)改良母牛群及其父母代、祖代的系谱信息。

1.2 试验方法

1.2.1 牛群编号 在图 1 中, 将 47 头母牛进行编号。从子代第 1 头牛开始编号, 记为 10101。其父本号记为 20101, 母本号记为 20201。祖父本号记为 30101, 祖母本号记为 30201。外祖父本号记为 30301, 外祖母本的母号记为 30401。若父母代与祖父母代中有相同个体, 则以第 1 次出现的个体编号命名。将所有牛编号之后, 得到表 1。

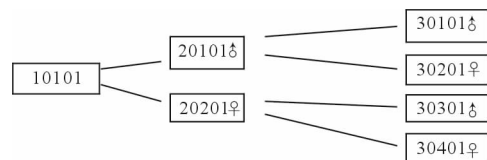


图 1 牛群编号规则示例

1.2.2 数据整理 将牛群中的个体按照月龄从降序排列, 个体的父母代分别作为单独数据 Sire(父亲)和 Dam(母亲), 未知的双亲赋值为 0。

收稿日期: 2021-05-10 修回日期: 2021-05-29

基金项目: 财政部和农业农村部“国家现代农业产业技术体系资助”项目; 原黑龙江农垦总局攻关课题“乳肉兼用西门塔尔牛高代杂交种群的定向培育和应用”(HNK135-04-04); 肉牛杂交后代主要经济性性状最佳组合基因型研究项目(HNK11A-08-02-02)

作者简介: 孙晓玉(1961—), 女, 硕士, 研究员, 主要从事肉牛遗传育种和肉牛生产技术研究。

* 通讯作者: 刘胜军(1968—), 男, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究。

表 1 数据排序规则示例

ID	Sire	Dam
30101	0	0
30201	0	0
30301	0	0
30401	0	0
20101	30101	30201
20201	30301	30401
10101	20101	20201
30102	0	0
⋮	⋮	⋮

1.2.3 近交系数计算 计算公式为:

$$F_X = \sum_{CA=1}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_{CA}) \quad (1)$$

式(1)中: F_X 为个体 X 的近交系数; CA 为个体 X 的亲本 S 和 D 的一个共同祖先; k 为个体 X 的系谱中的共同祖先数; n_1 为个体 X 的父亲 S 到共同祖先 A 的世代数; n_2 为个体 X 的母亲 D 到共同祖先 A 的世代数; F_{CA} 为共同祖先本身的近交系数。

规则 1:如果 S 和 D 是 Y 的双亲, r_{xy} 表示 X 和 Y 的分子亲缘系数。

$$r_{XY} = \frac{1}{2}r_{XS} + \frac{1}{2}r_{XD} \quad (2)$$

规则 2:一个个体和其自身的分子亲缘系数等于 1 加上它的近交系数。

$$F_X = r_{XX} - 1 \quad (3)$$

规则 3:一个个体的近交系数等于其双亲间分子亲缘系数的 1/2。

$$F_X = \frac{1}{2}r_{SD} \text{ (S 和 D 是 X 的双亲)} \quad (4)$$

计算牛群中每个个体的近交系数,需要根据亲缘关系矩阵 A,找到它的对角线数值减去 1,所得的值即为牛群每个个体的近交系数。

1.2.4 亲缘系数计算 个体 X 和 Y 的 Wright 亲缘系数等于 X 和 Y 分子亲缘系数 r_{XY} 除以 $\sqrt{1 + F_X} \sqrt{1 + F_Y}$ 。

$$R_{XY} = \frac{r_{XY}}{\sqrt{1 + F_X} \sqrt{1 + F_Y}} \quad (5)$$

计算每个个体间的亲缘系数,只需在矩阵中找到对应 2 个个体的数值,利用两者的协方差除以两者方差积的开方,即可得到两者的亲缘系数。

1.2.5 运算代码 文档读取:

```
x = read.table("D:\cow\bianma.txt")
y = as.matrix(x)
ped = apply(y,2,as.numeric)
colnames(ped) <- c("ID","Sire","Dim")
ped
```

近交系数计算:

```
library(nadiv)
pped = prepPed(ped)
A = as.matrix(makeA(pped))
re = data.frame(ID = row.names(A), inbreeding =
  diag(A) - 1)
write.csv(re,"D:\cow\inbreeding.csv",row.
  names = F)
  亲缘系数计算:
library(nadiv)
pped = prepPed(ped)
mat = as.matrix(makeA(pped))
id = row.names(mat)
id1 = rep(id,length(id))
id2 = rep(id,each=length(id))
n = dim(mat)[1]
coeff = matrix(0,n,n)
for(i in 1:n){
  for(j in 1:n){
    coeff[i,j] = mat[i,j]/sqrt(mat[i,i]*mat[j,j])
  }
}
coeff_value = as.vector(coeff)
RE = data.frame(id1,id2,coeff_value)
write.csv(RE,"D:\cow\coeff.csv",row.names = F)
```

2 结果与分析

2.1 牛群的近交系数

计算的 47 头母牛的近交系数结果见表 2。在计算该牛群的近交系数中,父母代中公牛有 3 头,母牛有 47 头,祖代中公畜有 26 头,母牛有 50 头。从表 2 可以看出,通过计算,该牛群个体间近交系数均为 0,目前所有个体均无近交。表明该群体在做选种选配时,注意了各家系公牛的选择,避免了近交。

表 2 47 头母牛近交系数的计算结果

牛号	近交系数	牛号	近交系数	牛号	近交系数
17101	0	17119	0	17137	0
17102	0	17120	0	17138	0
17103	0	17121	0	17139	0
17104	0	17122	0	17140	0
17105	0	17123	0	17141	0
17106	0	17124	0	17142	0
17107	0	17125	0	17144	0
17108	0	17126	0	17145	0
17109	0	17128	0	17146	0
17110	0	17129	0	17147	0
17111	0	17130	0	17148	0
17113	0	17131	0	17149	0
17114	0	17132	0	17150	0
17115	0	17133	0	17151	0
17117	0	17135	0	17152	0
17118	0	17136	0		

注: $n=47$ 。

2.2 牛群的亲缘系数

计算的 47 头母牛的亲缘系数结果见表 3。由表 3 可以看出,该牛群亲缘系数值在 0~0.500 0 之间。由于试验个体较多,试验结果数据大,本文以个体 17101 为例,列举该个体与其他子代个体间的亲缘系数。由表 4 看出,个体 17101 与其他子代的亲缘系数值在 0.062 5~0.250 0 之间。

表 3 母牛群不同亲缘程度个体所占比例

亲缘系数	群体比例/%
0.5000	1.37
0.3125	0.46
0.2813	0.01
0.2500	5.90
0.1250	1.22
0.0625	0.17
0	90.87

表 4 子代个体间亲缘系数情况表(以个体 17101 为例)

牛号	牛号	亲缘系数	牛号	牛号	亲缘系数
17101	17102	0.2500	17101	17124	0.2500
17101	17103	0.2500	17101	17125	0.2500
17101	17104	0.2500	17101	17126	0.2500
17101	17105	0.2500	17101	17128	0.2500
17101	17106	0.2500	17101	17129	0.2500
17101	17107	0.2500	17101	17130	0.2500
17101	17108	0.2500	17101	17131	0.2500
17101	17109	0.2500	17101	17132	0.2500
17101	17110	0.2500	17101	17133	0.2500
17101	17111	0.2500	17101	17135	0.2500
17101	17113	0.2500	17101	17136	0.2500
17101	17115	0.2500	17101	17137	0.2500
17101	17117	0.2500	17101	17138	0.2500
17101	17118	0.2500	17101	17139	0.2500
17101	17119	0.2500	17101	17140	0.2500
17101	17120	0.2500	17101	17141	0.2500
17101	17121	0.2500	17101	17144	0.0625
17101	17122	0.2500	17101	17146	0.1250
17101	17123	0.2500	17101	17148	0.1250

3 讨 论

(1)遗传学上将具有亲缘关系的个体间的交配称为近交。近交系数是指配子基因效应间的相关^[1]。本研究内容针对的是一个自繁自育的西门塔尔牛群,对于群体内是否近交是非常关注的,在引进外来遗传物质——德国弗莱维赫牛冻精时,应尽量应用较多的家系,以避免近交。虽然近交能出现优良的纯合基因个体,也能出现有害基因纯合个体,对于一个相对封闭的自繁自育群体,当群体规模较小时,使用的家系公牛又较少时,很容易发生近交。在母牛群体中应使近交系数控制在 6.25% 以内。张嘉保、

陶增思等人指出近交对奶牛的生长发育及繁殖性能都有一定影响,且影响趋势随近交程度的提高而加剧。尤其以 12.5% 近交组的生长发育、繁殖性能受到的影响最为明显^[2]。美国 2004 年出生的荷斯坦小母牛平均近交系数为 5.0%,并且以每年 0.1% 的速率不断提升^[3]。不断提升近交程度的同时,奶牛的产奶量也大幅度提升,带来的负面影响是群体的繁殖率降低,难产率增加。

(2)在肉牛繁育场,除做好选种外,还须做好选配计划,以保持所选育品种的优良性状较好地遗传。近交系数的大小,是对双亲间的亲缘关系程度的间接度量,双亲间的亲缘程度也可用二者间的亲缘系数直接度量。亲缘系数,是指两个个体间加性基因效应间的相关^[1]。在肉牛品种纯繁或培育中,种畜应保持较多的血统,特别是各家系后代要有较远的亲缘关系,因为,群体内可利用的遗传变异与种畜间的相似性直接有关。在本研究中的 350 头规模的西门塔尔牛群体,经过了自群繁育后,个体间都有一定的亲缘关系,从澳大利亚引进的母亲群的亲缘系数在 0~0.500 0,其中,亲缘系数 0.5 占比 1.37%;0.312 5 占比 0.46%;亲缘系数为 0 的占到 90.87%。但到了子代亲缘系数达到 0.062 5~0.250 0,因此,引进血缘关系较远种公牛的冻精尤为重要,在纯种选育时,及时进行育种方案规划,保证畜群始终具有稳定、可利用的遗传变异,才能使牛群育种获得较大的进展。

(3)本文利用 R 语言程序的特点,开展近交系数和亲缘系数计算,通过实际操作发现,在输入数据时,不能提供方便的操作界面环境,但是,具有很便利的编程功能。

4 结 论

在肉牛繁殖母牛场,建议近交系数应控制在 6.25% 以下,本试验来自西门塔尔自繁自育母牛场,很好地控制了近交系数,但从亲缘系数来看,所在群应用的种公牛家系较少,导致后代群体中的个体间亲缘关系较近,因此,增加不同家系种公牛的数量,以确保育种群有更多血统种公牛后代,出现更多的优秀个体,才能加快群体内的遗传进展。

参考文献:

- [1] 张沅. 家畜育种学[M]. 北京:中国农业出版社,2001:213-214, 228.
- [2] 张嘉保,陶增思. 近交对黑白花奶牛生长发育及繁殖性能影响的研究[J]. 吉林畜牧兽医,1992(4):10.
- [3] 王雅春. 杂交繁育体系在奶牛生产中的应用[J]. 中国乳业, 2009(2):62.

(下转第 72 页)

- microbiota and methane emissions in goats over a 12-week treatment period[J]. *PLoS One*, 2018, 13(7): e0199840.
- [56] SATO Y, TOMINAGA K, AOKI H, et al. Calcium salts of long-chain fatty acids from linseed oil decrease methane production by altering the rumen microbiome in vitro[J]. *PLoS One*, 2020, 15(11): e0242158.
- [57] MAMUAD L, KIM S H, JEONG C D, et al. Effect of fumarate reducing bacteria on in vitro rumen fermentation, methane mitigation and microbial diversity [J]. *Journal of Microbiology*, 2014, 52(2): 120-128.
- [58] KIM S H, MAMUAD L L, KIM D W, et al. Fumarate reductase-producing enterococci reduce methane production in rumen fermentation in vitro[J]. *Journal of Microbiology & Biotechnology*, 2016, 26(3): 558-566.
- [59] LACKNER N, WAGNER A O, ILLMER P. Effect of sulfate addition on carbon flow and microbial community composition during thermophilic digestion of cellulose[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2020, 104(10): 4605-4615.
- [60] PAUL S S, DEB S M, SINGH D. Isolation and characterization of novel sulphate-reducing *Fusobacterium* sp. and their effects on in vitro methane emission and digestion of wheat straw by rumen fluid from Indian riverine buffaloes[J]. *Animal Feed Science & Technology*, 2011, 166/167(1): 132-140.
- [61] BIRG A, HU S, LIN H C. Reevaluating our understanding of lactulose breath tests by incorporating hydrogen sulfide measurements[J]. *Journal of Gastroenterology and Hepatology Open*, 2019, 3(3): 228-233.

Research Progress of Probiotics on Ruminant Production and Methane Emission Reduction

GAO Ga¹, SHI Hong-mei^{1,2}, LIU Han-li¹, CAI RANG Nao-ri^{1,2}, XU Hai^{1,2},
DING KAO Ren-qing^{1,2*}, MA Gui-lin¹, LI Peng-xia^{1,2}, WAN Ma-ji¹

(1. Gannan Tibetan Autonomous Prefecture Livestock Husbandry Station, Gannan Tibetan Autonomous Prefecture Cooperative City, Hezuo, Gansu 747000;
2. Gannan Comprehensive Experimental Station, Gannan Tibetan Autonomous Prefecture Cooperative City, Hezuo, Gansu 747000)

Abstract: With the development of animal husbandry, the shortage of feed resources, environmental pollution and other problems are increasingly prominent, so improving the digestibility of feed resources has become a key issue to speed up the development of animal husbandry. Studies have shown that probiotics have the ability to regulate gastrointestinal microbiome and its activities, and improve the metabolic level and nutrient utilization of ruminants. Probiotics play an important role in enhancing the immune function and disease resistance of the body and reducing methane emissions in the breeding process. This paper reviews the positive effects of probiotics supplementation in ruminant diets on rumen microorganisms and performance.

Key words: probiotics; ruminant; methane; feed digestibility; rumen

(上接第44页)

Calculation of Coefficients of Relatedness and Inbreeding for Germany-Fleckvieh Using R Program

SUN Xiao-yu¹, LIU Sheng-jun^{2*}, ZHUANG Yu-long¹, GAO Zhi-hao², LIANG Wei-ping², WANG Hong-liang¹

(1. Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Animal Husbandry and Veterinary Institute, Harbin 150038;

2. Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319)

Abstract: [Objective] This experiment is to cultivate excellent populations using the breeds of German Simmental (Fleckvieh cattle), Australian Simmental cows, German Simmental (Fleckvieh cattle) and local beef cows by selection and mating. [Method] The correlation coefficient and inbreeding coefficient among the 47 German Fleckvieh cattle offspring cows were calculated by using R language programming based on individual cattle information, parental and grandparental generation information. [Result] The result showed that the inbreeding coefficient is among all individuals, and relationship coefficient was between 0 and 0.5. The cattle in this experiment mainly come from self-breeding cow farms. The inbreeding coefficient was well controlled during mating. However, from the relationship coefficient, fewer bulls were used in the herd. In order to prevent inbreeding, it is necessary to increase the number of bull families, and to calculate the coefficient of inbreeding and relationship every year.

Key words: Germany-Simmental (Fleckvieh cattle); relationship coefficient; inbreeding coefficient; R language; pedigree