

规模化种猪育种与生产数字化管理体系 建设及案例分析(Ⅱ):核心群建设与维护

刘小红^{1*},陈清森^{2*},李加琪³,赵云翔¹,谢水华¹,张丛林²,陈瑶生^{1**}

(1.中山大学生命科学学院,广东省生猪改良繁育工程技术研究开发中心,广东广州 510475;
2.广西扬翔农牧有限责任公司,广西贵港 537100;3.华南农业大学动物科技学院,广东广州 510642)

摘要:种猪核心群的建设与维护是开展育种工作的重要基础。本文以华南区部分核心育种场2008—2013年的实际育种数据为基础,针对核心群建设和维护方面遇到的一些关键问题,从核心群种猪来源、种群结构、性别比例、世代间隔控制、主动与被动淘汰、分级管理、遗传变异监测等多个角度进行分析探讨,旨在为建立规范的种猪育种与生产数字化管理和分析体系提供参考。同时,通过对实践案例的详细阐释,对一些关键控制点提出了操作性强、有重要参考价值的建议和参数,以期为我国种猪企业的持续规范化、标准化开展种猪育种工作提供借鉴。

关键词:猪育种;育种核心群;建设与维护;数字化管理体系

中图分类号:S813

文献标识码:A

2013年,我国的能繁母猪存栏达到5 010万头。目前我国的母猪平均年更新率约为30%,每年仅母猪更新的需求量超过1 500万头,即便后备母猪培育成本为2 000元/头,也意味着种猪产业每年新增产值将超过300亿元。在这一强大的种猪市场需求推动下,我国先后建立了8 143家种猪场^[1],与此同时,美国、加拿大、丹麦等种猪强国也聚焦我国的种猪市场,通过独资、合资、联盟、技术托管等多种方

式大举进入我国的生猪种业,意欲占据更大的市场份额。因此,构建适合我国生猪产业发展需要的种猪繁育体系,是确保我国种猪业安全的重要基础。

高效的种猪繁育体系建设受到国内外同行的高度关注。Ollivier等^[2]阐述了种猪的三级繁育体系。通常情况下,很少有单一从事核心群选育的公司,而是将核心群选育与种猪扩繁二项任务结合在一起。一种是公司化内部的联合育种模式,如Sygen、Hypor等;一种是国家或协会等技术中介统一组织实施的,如丹麦的丹育国际、美国的NSR、加拿大的CCSI等。目前,我国遴选出的74家国家生猪核心育种场几乎同时拥有核心群、扩繁群,但大部分缺乏足够的商品猪生产群,只有少数大型核心育种场能够通过自己可控的庞大生产群来实现其选育进展,如温氏食品、牧原股份、扬翔农牧等,为长期坚持开展种猪选育提供了可靠的利益反哺链。

基金项目:国家现代农业产业技术体系(CARS-36)、国家科技支撑计划(2011BAD28B01)、国家星火计划(2013GA790001)

*并列第一作者

作者简介:刘小红(1970—),博士,研究员,研究方向为动物遗传育种与繁育,Email:liuxh8@mail.sysu.edu.cn;陈清森(1977—),博士,高级畜牧师,研究方向为猪育种与生产,Email:cqs126@126.com

****通讯作者:**陈瑶生(1962—),博士,教授,研究方向为动物遗传育种与繁育,Email:chyaosh@mail.sysu.edu.cn

核心群的质量直接决定了整个生猪繁育体系的效益^[3-4]。如何把最优秀的个体遴选出来组建基础核心群进行选育，在设计核心群结构、核心群组建、核心群规模、核心群维护等方面，成为高效育种计划首要解决的难题。在现代种猪育种体系中，通常根据核心群种猪来源，区分为闭锁核心群育种体系(CNBS)和开放核心群育种体系(ONBS)。目前国际上流行的是ONBS，依据开放程度、开放方式的不同，可分为多点核心群联合育种体系(MNCBS)、动态核心群育种体系(DNBS)等^[5-7]。对于长期开展种猪育种的核心场而言，如何确定核心群的大小、核心群的性别比例、采取哪种核心群管理模式，重要的考虑因素是如何实现选择反应的最大化^[8]。本文以华南种猪遗传评估网2008—2013年实际育种数据为基础，并结合部分国家生猪核心育种场的场内选育数据，借助Kfnets信息管理系统，分析了我国在核心群建设与维护方面存在的普遍问题，并探讨切合实际的有效措施和解决办法。

1 我国种猪核心群建设情况分析

1.1 规模与群体近交增量

《全国生猪遗传改良计划(2009—2020年)》对不同品种核心群母猪数量下限做出明确的规定：杜洛克300头，长白、大白为600头。理论上，一个选育群体中只有当其后代有同等机会进入种用性能测定的纯繁种母猪，才可作为核心群。由于经营模式的制约，大多数核心场只延伸到扩繁群，其核心群规模主要受制于种猪营销的压力，不能够充分考虑如何

实现育种目标最大化。排除这一因素，在组建核心群时重点要考虑核心群的种猪性能、品系和血缘结构的合理性等要素。当采用DNBS进行核心群管理时，核心群更新发生在每次配种决策时。如果对种群性能非常了解，可采用定期适度开放(如每年或半年)方式，实施ONBS管理。

图1反映了当前华南区部分核心场杜洛克(a)、长白(b)与大白(c)种群的种猪存栏、有效群体含量(N_e)、近交增量(ΔF)的基本情况，可见，公猪存栏对 N_e 、 ΔF 的影响最大。如果要使 ΔF 小于0.5%，公猪存栏最低需要量为20头，并且理论上这些公猪应该没有亲缘关系。而实际育种中，多数场的公猪血缘数量不超过10，因此实际的 ΔF 偏高。Gregory等^[10]也建议，在品种保护中，每个世代使用20~25头种公畜是比较合理的。母猪存栏数量由于基数大，因而其数量变化对 ΔF 的影响相对较小，若要使 ΔF 小于0.5%，母猪存栏600头以上即可。但要注意一点，这里的核心群种猪数量是指参与了核心群种用后代生产、并且这些后代有同等机会进入性能测定的种公、母猪数量。因此，在实际种猪育种中，应尽可能让所有存栏种公、母猪均有机会参与核心群种猪的生产与更新。

全国其他地区与华南区情况基本类似。只有少数核心场杜洛克群体的规模能够达到300头以上，作为公猪的血缘数量也偏少，因此单一种猪场的育种工作受到规模的限制，育种进展低且不稳定。而事实上，杜洛克猪的遗传进展有一半可以直接传递到底层的大群生产，其育种改良的价值远超过长白

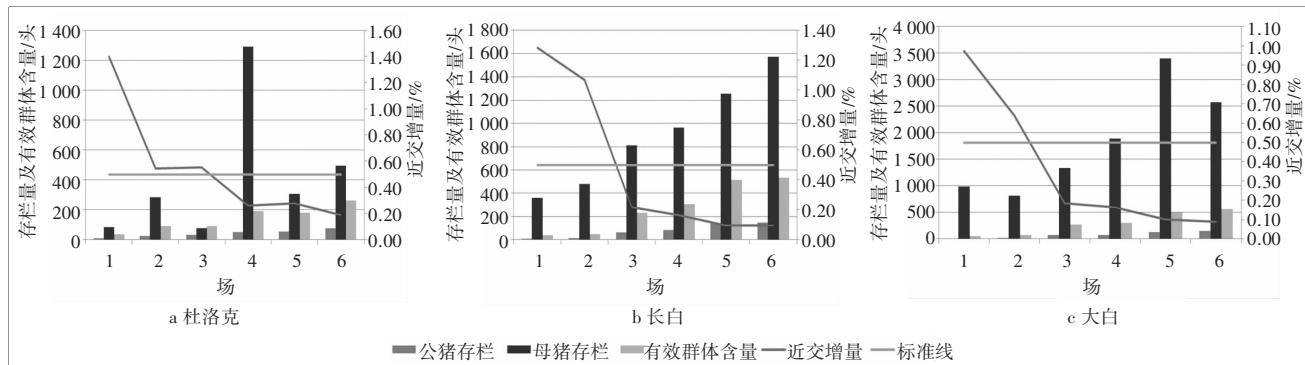


图1 华南区部分核心场杜洛克、长白和大白的有效群体含量与近交增量的关系

和大白。因此,如何在区域性核心场建立合理的机制,突破遗传联系的制约,形成规模大而有效的育种群体,是整体上提升生猪养殖效益的有效途径,李延安等^[11]也提出实施联合育种能够达到扩大种猪育种基础群规模的目的。

1.2 种猪存栏公母比例

核心群种猪存栏公母比例对 ΔF 的影响非常大。张豪等^[12]的模拟研究结果表明,公母比例在 1:20 是合理的。由图 2 看出:当公母比例在 1:10~20 时, ΔF 均可控制在 0.5% 以下;当公母比例达到 1:30 以上, ΔF 超过 0.5%。图 2 中的第 4 个核心群尽管公母比例低于 1:10,但由于母猪总规模太低, N_e 太小, 导致 ΔF 仍然偏高。因此,在核心群组建时,首先要按照本场的育种生产需要,确定尽可能大一些的规模,如果总规模不是很大时,可适当通过扩大种公猪血缘和个体数量,以确保将 ΔF 控制在可接受范围。当然,如果能够在本区域内确保持续稳定的优秀种公猪精液交流,将大大缓解群体近交的增长速度,本场的育种群规模也可以更精简、更加优中选优。

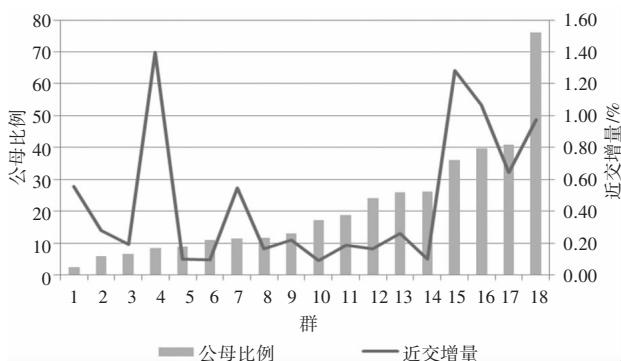


图 2 华南区部分核心场核心群种猪存栏公母比例与近交增量之间的关系

1.3 核心群种猪血统比例

丰富的血统是保持群体遗传变异的重要保障,在实际种猪选育中,通常是追踪父系祖先来区分^[13]。由图 3 可见,2 家核心场杜洛克公猪数量最多的前 4 个血统占比分别达到 57% 和 69%,核心场 1 的血统分布相对合理,通过多代系谱追溯发现,该场每个血统目前最少均保留了 3 头以上在用种公猪、2 头以

上后备种公猪;核心场 2 的单个血统比例高达 33%,种公猪数量最少的 5 个血统占比不足 10%,通过多代系谱追溯发现,该场多个血统目前仅存栏 1 头公猪,这极易导致血统丢失,且在选配时也很容易由于公猪饲养、采精频率等原因导致无法实施合理的计划配种,从而影响核心群的持续选育。

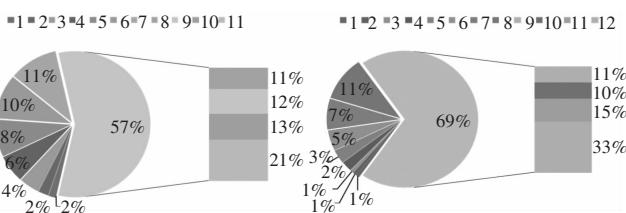


图 3 华南区 2 家核心育种场杜洛克血统分布

1.4 遗传变异分析

群体遗传变异是获得选育进展的基础,然而在核心群组建时,只有在积累大量性能测定成绩时,才能对群体遗传变异进行有效地分析。由图 4 可知,从表型变异看,3 个品种测定种猪的表型方差均高于在群种猪,群体变异可以维持后续选育的需要。从遗传变异看,3 个品种公猪测定种猪的育种值方差均高于在群种猪,但长白、大白母猪测定种猪的育种值方差略低于在群种猪,群体遗传变异的维持存在不确定性。如果要维持同样的变异,可能会导致该性状的下降为代价,或者从类似群体引入新的遗传资源。

同样,由图 5 可知,该场 100 kg 体重膘厚的种公、母猪表型和育种值方差均呈现出在群种猪高于测定种猪的现象。通过对该场的深入了解,该场实际上近年已不再将膘厚作为直接的选择指标,而是直接采用 B 超进行膘厚、眼肌面积的测定和选择,持续时间已超过 5 年以上(在群种猪全部拥有 B 超测定数据),直接对种猪的瘦肉量进行选择(用膘厚、眼肌面积 2 个指标估计瘦肉量)。这一实例也说明,仅以膘厚为瘦肉量的选择性状会出现一定的偏差。近年来在农业部的大力推动下,80% 以上的核心育种场均应用了 B 超性能测定技术,建议应用超过 3 年以上的核心场可考虑直接对瘦肉量进行选择。

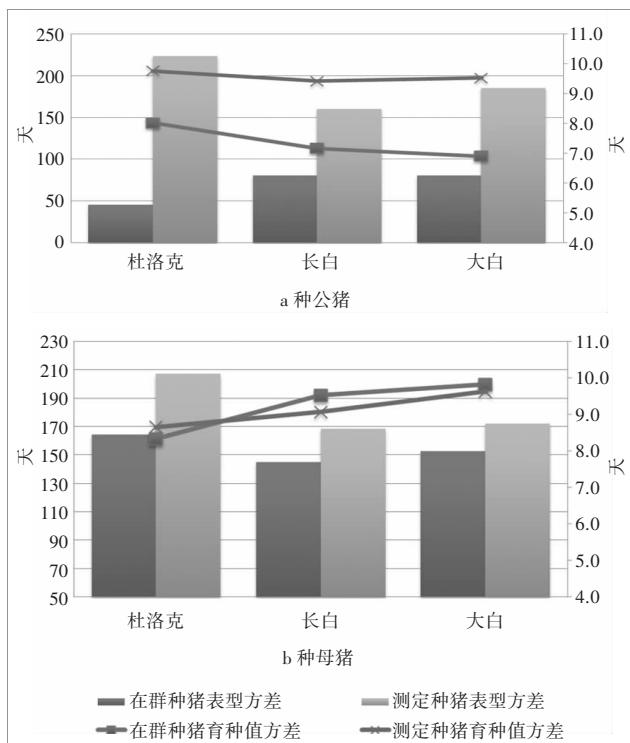


图 4 2013 年华南区某核心育种场不同品种达 100 kg 体重日龄的表型与育种值方差

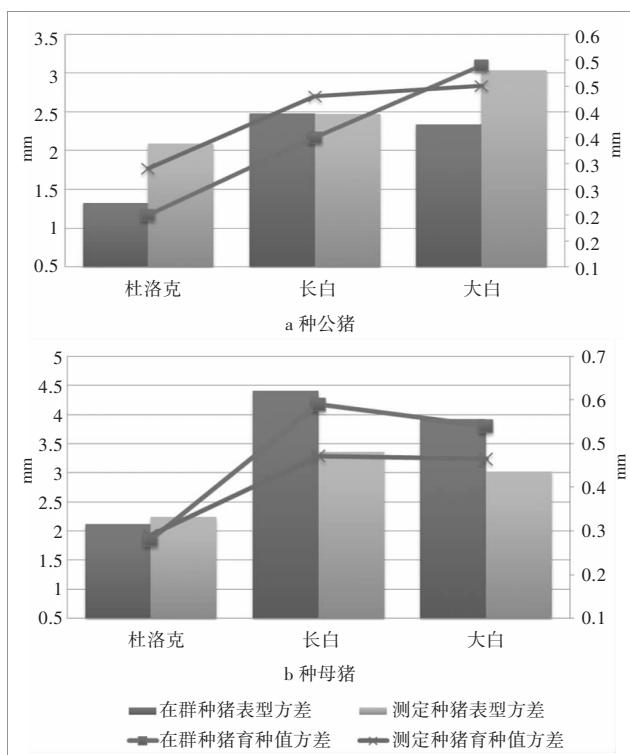


图 5 2013 年华南区某核心育种场不同品种 100 kg 体重膘厚的表型与育种值方差

1.5 核心群品系内遗传变异分析

多年来我国的种猪市场已习惯以种猪来源地为依据，人为将其区分为美系、丹系、法系等种猪，并且“画地为牢”，出于市场营销等非育种考虑，将这种区分推向极端，不能“越雷池一步”，严重制约了我国种猪育种的发展。在种猪实际选育时，各核心场只能被动地把不同来源种群进行分品系选择，在核心群组建时，通常根据不同来源种猪的市场需求进行简单地种猪扩繁，而较少关注不同来源种猪的实际遗传变异。

由图 6 可知，该场 LL03 系在 2013 年只是母猪有测定成绩，公猪如何选择成为未知；LL02 系的育种管理相对较好，无论公、母猪，表型变异均相对较低，而育种值变异最高，可望实现的遗传进展最大；LL09 系则表型变异相对较大，育种值变异最低，可实现的遗传进展也会较小。若把不同品系的测定种猪合并为一个长白品种进行分析，无论公、母猪，表型变异均加大，其育种值方差则大于不同品系育种值方差均值，显然这大大有利于创造更多的遗传变

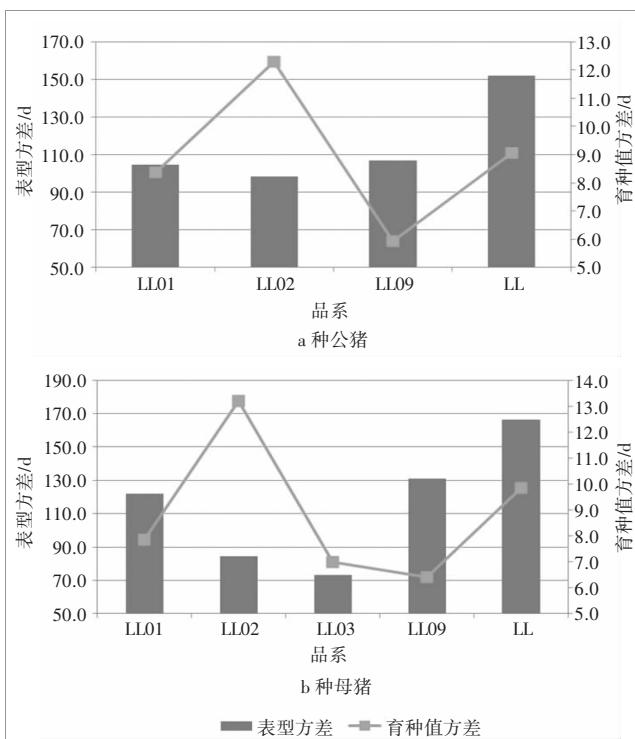


图 6 2013 年华南区某核心育种场长白猪不同品系测定种猪达 100 kg 体重日龄表型与育种值方差

异,有助于获得更大的遗传进展。因此,在实际场内育种的核心群组建时,除了适当考虑当前种猪市场的需要外,更重要的是深入分析不同来源种猪的实际遗传变异,若变异不足,最简单易行的措施是打破品系间人为的遗传隔离,将其作为一个整体的基因库,可显著增加遗传变异,从而保证实现足够的遗传进展。另外一个很重要的限制因素是,如果严格限制不同来源的种猪进行分品系选择,各品系的育种核心群规模变得很小,遗传变异不足, N_e 很小,也将导致 ΔF 增加过快。

1.6 区域性联合育种体系下的核心群结构比对

如果采用跨场间联合育种模式,单个种猪场需要维持的核心群数量要小得多。丹育 2013 年养猪年报显示的核心群存栏结构如下:丹麦养猪研究中心签订合约的核心群有 40 个,包括 13 个杜洛克群、14 个长白群、13 个大白群,均核心群母猪存栏分别为 137 头、158 头和 171 头。各场在核心群中均不独立使用本场种公猪配种,种公猪集中分布在全国 9 家种公猪站。正是由于种公猪的统一联合使用,奠定了丹育种猪繁育体系中核心群长期、高效、可持续选育的坚实基础。

2 我国种猪核心群的维护现状

2.1 核心群更新

种猪育种核心群的组建只是奠定了选育的重要基础,持续的遗传改良则取决于科学合理的核心群更新策略。淘汰旨在用选择出来的优秀种猪个体替换核心群中生产性能相对差的个体,从而实现遗传进展。淘汰分为主动与被动两种类型:主动淘汰是指依据选育目标,按照综合生产性能高低进行种猪更新的策略;被动淘汰是指非育种所需,由于其他因素影响到种猪繁殖后代的能力,而不得不从核心群中淘汰的措施。因此,被动淘汰是不分种猪个体遗传性能的高低,不得已而为之的种猪淘汰行为。

由图 7 可见,核心群中杜洛克的主动淘汰比例偏低,导致被动淘汰种猪的终端父系指数达到 115,长白、大白被动淘汰种猪的母系指数也均超过 105;

反而是在基础群中由于主动淘汰比例相对较高,因淘汰导致总体性能降低的程度相对较小。因此,在育种实践中,对于被动淘汰比例过高的选育群体(如超过 40%),需要系统全面地分析被动淘汰的原因,着重从管理、营养、环境等多方面寻找改进的有效措施,在种猪更新率保持稳定的条件下,为主动淘汰留下更多的空间。

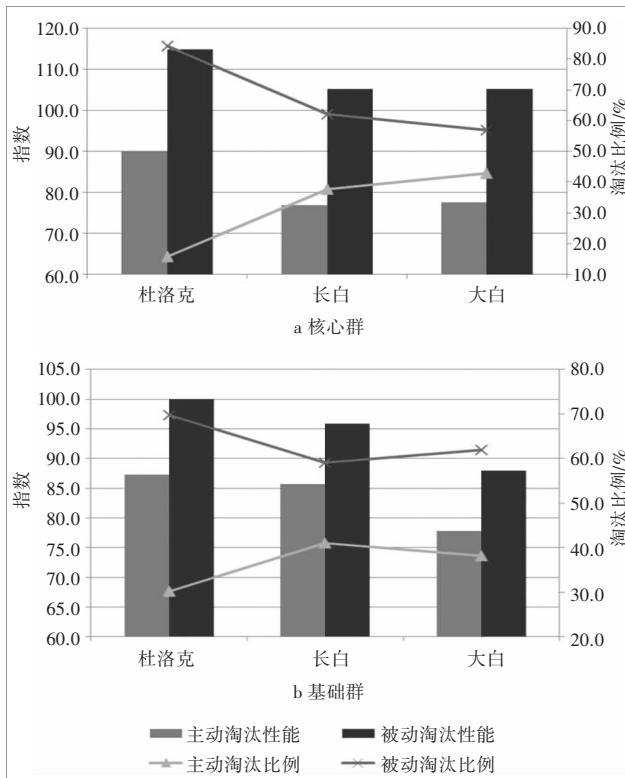


图 7 2013 年华南区某核心场不同品种核心群与基础群不同淘汰方式与淘汰种群性能

2.2 核心群种猪分级管理

为充分发挥优秀种猪的作用,在育种实践中一般采用同质选配方式,让优秀的种公母猪个体有更多地机会参与核心群生产。然而,为保持群体足够的遗传变异,特别是避免近交程度增长过快,又需要协调好血统与性能之间的关系,即使一些综合性能相对较差的血统,作为遗传资源也应在核心群中持续一段时间维持一定的配种比例。对核心群种猪实施分级管理,在配种计划中照顾到血统之间的相对均衡,可高效地解决这一矛盾,实时监控不同级别核

心群种猪的使用效率，对维持长期的选育进展有积极的作用。

由表 1 可知，该核心场通过实施核心群的精细化选配管理，根据优秀血统和优秀公猪加大利用的原则，核心群一级公猪尽量多配核心群一级母猪，一级种猪的利用率明显提高，一级种公、母猪的使用比例分别提高到 45%、33% 以上。此外，三级种猪在核心群中的配种比例仍然控制在可接受的范围，基本上实现了血统的均衡生产，避免了优秀种公猪的过度使用。Habier 等^[14]也指出，尽管大，但如果过度使用某几头优秀种公猪， ΔF 的增长同样加快。

表 1 华南区某核心育种场在 2013 年不同品种核心群

种猪的分级管理 %

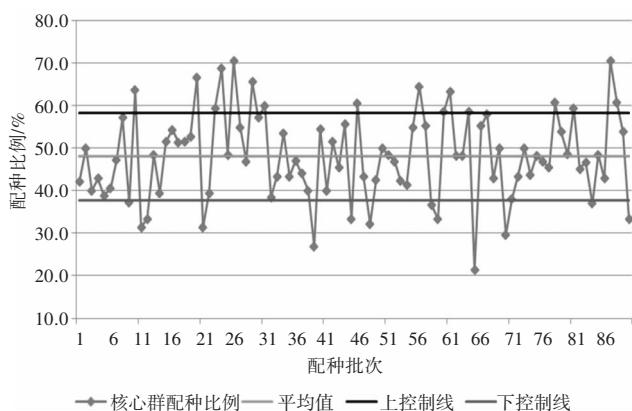
品种	公猪等级 母猪等级	种猪的分级管理			%合计
		一级	二级	三级	
杜洛克	一级	29.13	4.53	2.27	35.92
	二级	28.16	3.88	3.24	35.28
	三级	15.53	7.44	5.83	28.8
	小计	72.82	15.86	11.33	100.00
长白	一级	20.36	9.46	4.98	34.8
	二级	16.39	12.78	7.44	36.61
	三级	8.52	8.09	11.99	28.59
	小计	45.27	30.32	24.4	100.00
大白	一级	19.91	10.87	2.44	33.22
	二级	16.18	14.46	6.32	36.96
	三级	10.67	11.49	7.66	29.82
	小计	46.77	36.81	16.42	100.00

2.3 核心群适度开放

目前，我国绝大多数核心育种场均同时拥有核心群、扩繁群，多数采用 ONBS 管理模式。由于基础群的育种目标与核心群基本一致，因此核心群可以适当向基础群开放，一方面扩大了选择范围，同时又可适当增加有效群体含量，有利于加快遗传进展。当然，通常这种开放模式也可能会降低核心群的平均水平，因此在实际操作时必须十分谨慎，要充分考虑到开放程度、向哪个层次开放等关键因素。特别是针对繁殖性能等低遗传力性状，受评估准确性不

够高的影响，这种开放模式会起到很好地补充作用。

由图 8 可知，该场 2013 年长白、大白核心群的配种比例平均为 48%，向基础群开放了 52%。通过跟踪该核心场各配种批次的详细数据，可以发现基础群参与核心群生产的比例与该种猪的母系指数排名有关，指数名列前 50%~30% 的个体参与核心群生产的比例占 32%，名列后 50% 的个体参与核心群生产的比例仅占 20%。并且，随着遗传进展的不断实现，这些个体参与核心群生产的机会进一步下降。何保丽等^[15]模拟研究结果也表明，当核心群向基础群开放比例从 20% 上升至 60% 时，遗传进展逐步有所提升，但如果进一步提高开放比例，反而会导致遗传进展的下降。



注：平均值为 2013 年全年核心群参与纯种繁育的平均比例，上控制线为平均值加 1 个标准差，下控制线为平均值减 1 个标准差。

图 8 华南区某核心场在 2013 年不同配种批次长白、大白核心群种猪参与纯种繁育的比例

2.4 核心群遗传变异监控

群体遗传变异是选择有效的基础，核心群种猪保持合理的遗传变异是非常重要的。图 9 是华南区某核心育种场 2008 年以来大白种猪核心群(有测定成绩的群体)中，达 100 kg 体重日龄(a)、100 kg 体重膘厚(b)和产活仔数(c)等 3 个主要选育性状的表型和遗传变异，可见该核心场达 100 kg 体重日龄在种公、母猪的表型变异均呈上升趋势，而育种值变异大致保持基本稳定，表明大白种群在这一性状的遗传变异保持较理想的状态，只是由于管理等非遗传

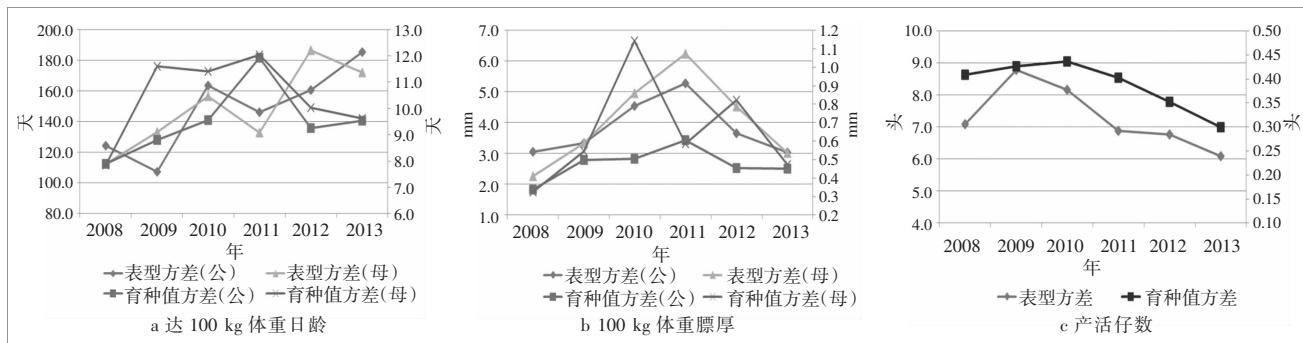


图9 华南区某核心育种场不同年度大白种猪核心群主要生产性能表型和遗传变异

因素的变异上升较快,育种效果基本上被管理变异所掩盖。在100 kg体重膘厚性状方面,种公猪表型变异和育种值变异呈现相同趋势,每年可实现的遗传进展相似,但是种母猪该性状在2010年、2011年的表型变异、育种值变异间呈现较大幅度波动,反映出在这2个年度的母猪核心群进行了较大幅度调整。在产活仔数性状上,表型、育种值变异均呈下降趋势,一方面反映了该场在繁殖管理控制方面逐步稳定并趋一致,使得选择空间也呈现下降趋势;另一方面也可看到该核心群在2013年产活仔数的育种值变异仍维持较好水平,达到0.3左右,可望实现的遗传进展仍在0.2头以上,具有较大的选择潜力。

2.5 核心群世代间隔

育种核心群的世代间隔直接决定了遗传改良速度,准确估算世代间隔是确定和评估育种计划的重要参数。然而,在实际种猪育种中,世代间隔长短受到群体规模、种群结构、以及种猪年龄(主要是种母猪胎龄结构)等主要因素的影响,而且由于实际种猪生产中,种猪群体结构是一个动态过程,且存在世代重叠交叉、公母猪使用年限等多种复杂情况,给理论上准确的世代间隔估算带来一些麻烦,因此本研究采用年末存栏种公、母猪的平均年龄进行简单的近似估算。图10是华南区7家核心场2013年末不同品种群体结构估算的世代间隔,杜洛克、长白和大白的平均世代间隔分别为1.67、1.73年和1.85年。可以看出,由于3大品种在杂交配套中的功能定位不同,在世代间隔上也体现出差异:第一母本由于需要维持的规模大、母猪使用年限长,世代间隔也最

长;终端父本由于公猪规模小、容易实现快速更新,世代间隔也最短。

深入分析不同场的世代间隔差异,可见7家核心场中世代间隔最短的仅为1.17年,最长达2.57年,相差1倍以上,直接导致年度选择进展相差1倍以上。这一结果体现出我国大多数种猪场在世代间隔控制方面还有很大的潜力可挖。在实际种猪育种中,降低世代间隔最为切实可行的措施是严格控制种公猪使用时间,由于在人工授精情况下,需要的种公猪数量很少,每头种公猪对世代间隔的影响远大于种母猪,且快速淘汰种公猪的成本也较低。图10中世代间隔最短的是第1家核心场的长白猪群,世代间隔仅为1.17年,分析其主要原因就是种公猪的更新远快于其他场,选留的种公猪在核心群中的使用时间仅约半年。因此,对于包含核心群、扩繁群一体化的核心场,特别是如果还包含庞大的商品猪生产系统,在金字塔尖的核心群中,控制世代间隔在1.5年以内是完全可行的。

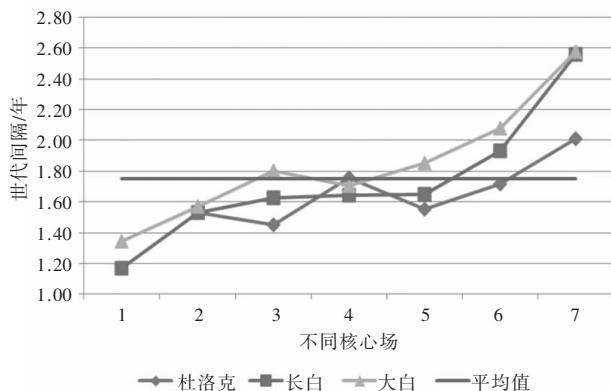


图10 华南区7家核心场不同品种世代间隔

3 结论与建议

通过比较分析华南区不同核心育种场的核心群结构、表型和遗传变异、血统、年龄结构等基本信息，客观地反映了当前华南区核心育种场在核心群建设与维护方面的现状和问题，结合系统深入的数字化分析，建议在种猪育种实践中，针对核心群的建设与维护应综合考虑以下几方面的因素。

3.1 明确清晰地在本场纯种群中遴选出优秀的核 心群

首先要全面了解种群的来源、遗传结构、性别比例、年龄结构等，更重要的是需要在有一定积累的系谱信息和性能测定基础上，尽量全面地分析群体在繁殖性能和生长性能等方面重要经济性状的遗传变异，有针对性地遴选出优秀个体进入核心群，建议将综合选择指数排名前 20% 的纯种母猪、前 5% 的纯种公猪作为遴选标准。若自身群体难以满足育种需求，可在区域性联合育种的范围内筛选适合自身需求的优秀种公猪精液，扩大遗传变异，补充育种资源。

3.2 实施区域性联合育种，扩大核心群遗传变异

就目前我国多数核心场而言，育种核心群规模普遍不够高，难以维持长期、稳定、快速的遗传进展，区域性联合育种是一个理想的选择^[16]。核心场小而全的闭锁育种是难以取得期望的遗传改良效果的，特别是对于终端父本杜洛克来说，育种价值大，但多数闭锁群体太小，遗传变异不够丰富，开展区域性联合育种应该是必然的选择。

3.3 缩短世代间隔，加快遗传进展

在纯种基础母猪群中明确遴选出优秀核心群，实施快速更新是加快遗传改良速度的重要措施。在育种群世代间隔这一重要指标上，我国大多数种猪场都有很大的改善空间。对于少数大型养猪企业来说，控制世代间隔在 1.5 年以内是完全可行、也是育种所需的。主要措施可以通过控制核心群公猪使用 10 个月内、并严格控制总配种胎数，核心群母猪使用不超过 4 胎、且不能过多地使用高胎次母猪，这些

移除核心群的种公母猪经过遗传评估后优于其他基础群个体，可以继续扩繁使用以维持正常的种猪生产。Tomiyama 等^[17]也指出，有 4 胎繁殖成绩有利于提高繁殖性状遗传评估的准确性。但即便如此，也不宜过高地使用高龄种公母猪，这种仅考虑眼前制种成本的短视眼光，会导致更大范围内由于降低选育进程、迟缓遗传进展传递带来的巨大经济损失，是典型的“捡了芝麻丢了西瓜”。

3.4 降低被动淘汰，加大主动淘汰

目前国内大多数种猪场对种猪淘汰重要性的认识模糊，实际操作方式多样、管理复杂、存在误区较多、也极易被忽视，从而严重制约了种猪遗传改良的效率。为了获得持续稳定的种猪选育遗传进展，种猪的淘汰与选留具有同等的重要性，必须给予高度的重视。在一个核心群规模相对稳定的选育群体中，被动淘汰比例高了，将不得不降低、甚至放弃种猪的主动淘汰，从而导致种猪选育的功效“前功尽弃”。因此，在实际的种猪育种中，原则上应该严格控制、并设法降低被动淘汰比例，腾出空间，加大主动淘汰比例，以获得更快的遗传进展。

3.5 实施核心群分级管理，提高优秀种猪对核心群 选育的贡献率

在育种实践中，通过核心群分组管理，可实现种猪选配的精细化管理，平衡好种猪血统与性能之间的关系，实时监控不同级别核心群种猪的使用效率，避免优秀种公猪的过度使用，有利于提高遗传进展，实现种猪的可持续选育。▲

有关本系列论文 I 参见本刊 2014 年第 8 期。

参考文献

- [1] 农业部畜牧业司,全国畜牧总站.中国畜牧业统计[M].2011:52.
- [2] Olliver L. Genetic improvement of the pig [C]//Rothschild M F, Ruvinsky A, et al. The Genetics of the pig. Wallingford: CAB International, 1998:427–462.
- [3] Akanno E C, Schenkel F S, Friendship R M, et al. Relative economic returns from selection schemes for a nucleus swine breeding program [J]. Livestock Research for Rural Development 2013. 25 (3):53.

- [4] Smith C. Genetic improvement of livestock in developing countries using nucleus breeding units [J]. World Animal Review. 1988, 65: 2–10.
- [5] 郭万库, 师守堃, 鲁绍雄. 我国猪育种结构及发展的探讨[J]. 中国畜牧杂志, 2000, 36(5):49–51.
- [6] 鲁绍雄, 吴常信. 采用多点核心群联合育种促进引进猪种选育提高的探讨[J]. 中国畜牧杂志, 2001, 37(5):3–4.
- [7] 周平, 林振营, 林泳祥, 等. 种猪育种核心群基础群的组建[J]. 猪业科学, 2012(6):90–91.
- [8] Grundy B, Villanueva B, Woolliams J A. Dynamic selection for maximizing response with constrained inbreeding in schemes with overlapping generations [J]. Anim. Sci., 2000, 70:373–382.
- [9] 盛志廉, 陈瑞生, 数量遗传学[M]. 北京: 科学出版社, 1999: 304, 178.
- [10] Gregory K E, Cundiff L V, Koch R M. Composite breeds to use heterosis and breed differences to improve efficiency of beef production[R]. Springfield:USDA Agricultural Research Service, 1999.
- [11] 李娅兰, 刘珍云, 刘敬顺, 等. 世界种猪育种体系及对我国种猪育种借鉴 [J]. 中国畜牧业, 2013(6):52–54.
- [12] 张豪, 李加琪, 王翀, 等. 性能测定规模对父系猪短期选择效果的影响[J]. 遗传学报, 2005, 32(7):696–703.
- [13] Welsh C S, Stewart T S, Schwab C, et al. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation [J]. J Anim Sci, 2010, 88:1610–1618.
- [14] Habier D, Götz K-U, Dempfle L. Breeding programme for Piétrain pigs in Bavaria with an estimation of genetic trends and effective population size [J]. Livestock Science, 2009, 123: 187–192.
- [15] 何保丽, 鲁绍雄. 开放核心群不同开放程度下选育效果的计算机模拟研究[J]. 中国畜牧杂志, 2012, 48(17):10–12.
- [16] 刘小红, 李加琪, 张勤, 等. 规模化种猪育种与生产数字化管理体系建设及案例分析(I): 现状与问题 [J]. 中国畜牧杂志, 2014, 50(8):57–69.
- [17] Masamitsu Tomiyama, Shouhei Kubo, Tsutomu Takagi, et al. Evaluation of genetic trends and determination of the optimal number of cumulative records of parity required in reproductive traits in a Large White pig population[J]. Animal Science Journal, 2011, 82:621–626.

Digitize Management System and Case Analysis for Large-scale Pig Breeding and Production(II): Construction and Maintenance of Nucleus Herds

LIU Xiao-hong¹, CHEN Qing-sen², LI Jia-qi³, ZHAO Yun-xiang¹, XIE Shui-hua¹, ZHANG Cong-lin²,
CHEN Yao-sheng¹

(1. State Key Laboratory of Biocontrol, Guangdong Provincial Pig Improvement & Breeding Engineering Technological Research & Development Center, School of Life sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou Guangdong 510475, China;

2. Guangxi Yangxiang Animal Husbandry Co. Lit., Guigang Guangxi 537100, China;

3. College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou Guangdong 510642, China)

Abstract: Construction and maintenance of nucleus herds is an important basis for pig breeding. The breeding improvement progress is highly determined by the number, quality and variation of nucleus herds. In this research, base on the analysis of practical breeding data from several nucleus farms in south China between 2008 to 2013, some crucial problems on construction and maintenance of nucleus herds will be analyzed and discussed, including origin of nucleus herds, population structure, gender ratio, generation interval, active and passive culling, hierarchical management, monitoring genetic variation etc. The purpose of this paper was to establishing digitize management system for large-scale pig breeding and production. Meanwhile, through elucidating a large number of cases analysis, some critical points, suggestions and parameters were supported for pig breeding. It will be favourable to improving long-term continuable pig breeding and standardizing operational procedure for pig breeding farms in China.

Key words: Pig Breeding; Nucleus Herds; Construction and Maintenance; Digitize Management System