

文章编号: 1000-0615(2018)10-1582-07

DOI: 10.11964/jfc.20171111060

凡纳滨对虾收获体质量大规模家系选择效果的计算机模拟分析

栾生^{1,3}, 仲伟鹏², 谭建^{1,3}, 罗坤^{1,3}, 陈宝龙^{1,3}, 孔杰^{1,3*}

(1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所,

农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室, 山东 青岛 266071;

2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;

3. 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, 山东 青岛 266300)

摘要: 为进一步补充凡纳滨对虾核心育种群收获体质量的遗传进展工作, 设计了包括10个家系数量梯度(100~1 000)和11个家系内测试个体数梯度(100~5 000)的育种方案, 利用计算机模拟技术, 执行家系间(留种50%家系)和家系内选择(留种1雄、2雌), 连续选择19次, 比较核心育种群与扩繁群收获体质量育种值和群体近交系数的变化, 为进一步优化大规模家系选育提供基础参数。结果显示, 与对照方案(家系数量100个、家系内测试个体数100个、体质量遗传力0.35)相比, 增加参与测试的家系内个体数, 选择强度不断提高, 核心育种群收获体质量育种值均值增加了48%(62.75~92.87 g), 但增加幅度在不断降低(100~2 500: 40.60%; 2 500~5 000: 7.40%); 核心育种群收获体质量育种值标准差降低了2.90%(1.38~1.34 g)。受限于选择强度, 随着家系数量的扩大, 核心育种群收获体质量育种值仅增加了1.88%(62.75~63.93 g), 育种值标准差增加了4.35%。扩繁群收获体质量育种值随家系规模变化的趋势同核心育种群, 但在家系水平上的提高幅度更大(63.63~65.48 g, 2.91%)。随着家系数量的增加, 核心育种群的近交系数降低了90.32%(0.093~0.009), 下降幅度不断减少(100~500: 79.57%; 500~1 000: 10.75%); 家系数量为200个的育种群体, 连续选择19次后, 每代平均近交率为0.25%。增加参与测试的家系内个体数, 不影响核心育种群的近交水平。研究表明, 扩大家系内测试个体数, 可以进一步提高核心育种群与扩繁群收获体质量的遗传进展。

关键词: 凡纳滨对虾; 家系内选择; 家系间选择; 育种值; 近交系数

中图分类号: S 968.22

文献标志码: A

凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)是世界上养殖产量最高的对虾种类^[1]。根据2017年农业部渔业局统计数据显示, 2016年养殖产量达160多万t, 占全国对虾养殖总产量的80%以上(农业部渔业局, 2017), 占全球养殖产量的40%左右。经过多年选择育种, 凡纳滨对虾的生长、抗逆等

性状获得了显著提升, 具有适合高低盐度及高低密度养殖、生长速率快、抗病力强等特点^[2-3]。以家系为基础的选择育种技术体系已成为改良凡纳滨对虾经济性状的主要手段^[4-6]。该技术体系的主要特点: 每个世代建立一定规模的家系, 每个家系选择一定数量的个体, 物理标记后,

收稿日期: 2017-11-20 修回日期: 2018-01-31

资助项目: “一带一路”沿线热带国家水产养殖科技创新合作项目; 农业部“九四八”滚动项目(2016-X39); 中国水产科学研究院基本业务费重点项目(2016HY-ZD04); 国家自然科学基金(31572616); 泰山学者种业人才团队项目

通信作者: 孔杰, E-mail: kongjie@ysfri.ac.cn

混合养殖进行性状测试。复合系谱和性状测试数据,利用BLUP或ssGBLUP等方法评估和筛选优秀的家系和个体,然后进行优化配种,生产下一代家系。国内基于该技术体系,结合杂交和分子辅助选育等方法,已培育出9个新品种。

在家系选择育种体系中,遗传进展主要取决于目标性状的遗传力和选择强度。在已完成基础群体构建,遗传力等参数已固定的情况下,扩大选育群体的规模,提高选择强度,是进一步提高遗传进展的主要途径之一。凡纳滨对虾繁殖力高,每尾雌虾平均产卵量高达30~50万粒,适合开展大规模家系选育。当前已报道的大部分凡纳滨对虾家系育种计划,家系数量和家系内测试个体数量大多在百级水平,存在进一步突破的空间。凡纳滨对虾选择育种工作需要非常大的资金投入,涉及人员、技术、场地、设施、设备和管理等多个因素,通过设计不同实验方案来比较不同家系数量和家系内测试个体数对于核心育种群遗传进展和近交水平的影响,时间成本和资金压力均非常大。因此,设计包括多个家系数量梯度和多个家系内测试个体数梯度的育种方案,利用计算机模拟技术比较不同方案遗传进展和近交系数的变化,对于凡纳滨对虾选择育种具有重要的现实意义。研究基于课题组已建立的凡纳滨对虾育种基础群体表型和遗传参数,设置10个家系数量梯度和11个家系内测试个体数梯度,执行家系间和家系内选择,利用统计编程语言R和遗传参数估计包ASReml-R模拟选择20个世代,分析比较不同育种方案获得的遗传进展以及累积的近交系数,为进一步优化凡纳滨对虾大规模家系选育提供基础参数。

1 材料与方法

1.1 育种方案模拟参数

参考项目组已建立的凡纳滨对虾育种基础群体2011G0代数据^[7],设定基础群体收获质量的均值为18.41 g,标准差为3.24 g(变异系数为17.86%)。每代家系数量设置10个梯度,范围100~1 000,每两个梯度间隔100。家系内测试个体数设置11个梯度,范围100~5 000,其中100为对照,从500开始每两个梯度间隔500。家系内个

体性别比例设置为1:1。遗传力设定为0.1、0.35、0.6三个梯度。

1.2 选择与配种模拟过程

每个世代,采用家系间选择与家系内选择相结合的方式,选留优秀家系和个体。首先计算每个世代全同胞家系的平均育种值,从高到低选留前50%家系。留种家系内部,选择育种值排名最高的1尾雄虾,2尾雌虾,作为留种个体。留种家系及个体间随机交配产生下一代全(半)同胞家系个体,配对时避免全同胞和半同胞个体间互相交配。从每个世代核心育种群家系中选择10个育种值排名最高的家系,配对生产种虾的扩繁群体。

1.3 家系和个体育种值的生成模型

个体育种值(模型1):

$$a_i = 0.5g_s + 0.5g_d + v_i\sigma_{a0}[0.5 - 0.25(F_s + F_d)]^{0.5}$$

式中, a_i 为第*i*尾个体的育种值, g_s 和 g_d 分别表示父本和母本的育种值, v_i 是符合N(0,1)的随机正态离差, σ_{a0} 为基础群体加性遗传效应标准差, F_s 和 F_d 分别代表父本和母本的近交系数。

个体表型值(模型2):

$$p_i = u + a_i + \lambda_i\sigma_e$$

式中, p_i 为第*i*尾个体的表型值, u 为群体均值, λ_i 是符合N(0,1)分布的随机正态离差, σ_e 为基础群体的环境效应标准差。程序模拟中没有考虑由于近交水平的提高而引起的性状近交衰退现象。

利用统计编程语言R和遗传参数估计包ASReml-R,编写程序代码完成模拟分析。使用R语言,基于育种方案的模拟参数和模型1、2,生成家系个体的育种值、环境效应值和表型值等数据,根据“选择与配种模拟过程”中的选择与配种策略,选择亲本并产生下一代个体。利用ASReml-R包计算个体的近交系数。每次模拟程序执行19次选择,生成20代数据,重复30次取平均值。

2 结果

2.1 扩大家系规模对核心育种群和扩繁群收获体质量遗传进展的影响

不同育种方案模拟选择19次后,核心群收获体质量育种值均值结果显示,参与测试的家系内个体数越多,选择强度越大,育种值均值越高,但提高的幅度在不断降低;受限于选择

强度，增加家系数数量，体质量育种值的提高幅度较低(图1)。

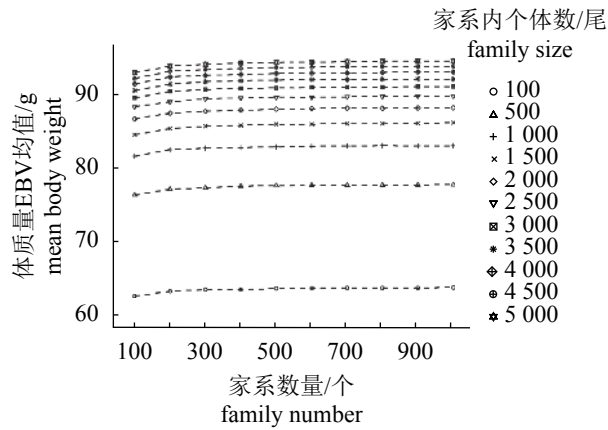


图1 不同规模核心育种群第20世代收获体质量育种值均值

Fig. 1 Average breeding values of harvest body weight of nucleus breeding populations for different levels of family size and family number in the twentieth generation

设置对照育种方案的主要参数：家系数数量100个、家系内测试个体数100尾、体质量遗传力0.35(表1)，参与测试的家系内个体数从100尾增加到5 000尾，育种值提高了48%(92.87 g)。其

中，参与测试的家系内个体数从100尾增加到2 500尾(家系数数量100个)，育种值提高了40.6%；从2 500尾增加到5 000尾，育种值仅提高了7.40%。家系内测试个体数量从100尾增加到5 000尾，体质量育种值的标准差从1.38 g下降至1.34 g，减少了2.90%。上述结果显示，增加参与测试的家系内个体数，尽管育种值标准差略有降低，但是可以显著地提高目标性状的遗传进展。

受限于选择强度(家系留种率均为50%)，增加家系数数量，其体质量育种值提高幅度较低。设置对照育种方案的主要参数：家系数数量100个、家系内测试个体数100尾、体质量遗传力0.35(表2)，家系数数量从100个增加到1 000个，体质量育种值仅提高了1.88%(1.18 g)。其中，家系数数量从100个增加到500个，育种值提高了1.82%；从500个增加到900个，育种值仅提高了0.06%。随着家系数数量的增加，育种值的标准差略有增加(4.35%)。上述结果显示，扩大家系数数量能够增加核心育种群体质量的标准差，但是对目标性状的遗传进展提升幅度小。

不同育种方案模拟选择19次后，扩繁群体质量育种值均值随家系内测试个体数和家系数数量的变化趋势同核心育种群(表1，表2)。由于扩繁群体的选择标准固定为育种值排名最高的10个

表1 不同家系内测试个体数梯度下核心育种群与扩繁群第20代收获体质量育种值均值

Tab. 1 Average breeding values of harvest body weight of the nucleus breeding and multiplication populations for different levels of family size in the twentieth generation

家系内个体数/尾 family size	核心育种群 nucleus breeding population			扩繁群体 multiplication population	
	均值/g mean	提高比例/% percentage increased	标准差/g standard deviation	均值/g mean	提高比例/% percentage increased
100	62.75		1.38	63.63	
500	76.44	21.81	1.36	77.21	21.34
1 000	81.83	30.40	1.35	82.54	29.72
1 500	84.76	35.07	1.35	85.47	34.32
2 000	86.69	38.16	1.34	87.37	37.31
2 500	88.23	40.60	1.35	88.93	39.76
3 000	89.56	42.72	1.34	90.21	41.77
3 500	90.62	44.41	1.34	91.26	43.42
4 000	91.48	45.78	1.35	92.12	44.77
4 500	92.29	47.07	1.34	92.91	46.02
5 000	92.87	48.00	1.34	93.53	46.99

注：家系数数量为100个；遗传力为0.35
Notes: family number is 100; heritability is 0.35

表 2 不同家系数量梯度下核心育种群第20代收获体质量育种值均值

Tab. 2 Average breeding value of harvest body weight of the nucleus breeding population for different levels of family number in the twentieth generation

家系数量/个 family number	核心育种群 nucleus breeding population			扩繁群体 multiplication population	
	均值/g mean	提高比例/% percentage increased	标准差/g standard deviation	均值/g mean	提高比例/% percentage increased
100	62.75		1.38	63.63	
200	63.38	1.01	1.41	64.51	1.38
300	63.71	1.53	1.42	64.98	2.12
400	63.80	1.67	1.43	65.11	2.33
500	63.89	1.81	1.43	65.25	2.55
600	63.83	1.72	1.44	65.25	2.54
700	63.89	1.82	1.43	65.32	2.66
800	63.93	1.88	1.44	65.41	2.79
900	63.91	1.85	1.44	65.45	2.87
1 000	63.93	1.88	1.44	65.48	2.91

注: 家系内测试个体数为100尾; 遗传力为0.35

Notes: family size is 100; heritability is 0.35

家系, 因此随着家系数量的增加, 扩繁群体的选择强度实际上也在不断提高, 因此与核心育种群相比, 提高幅度更大。

2.2 不同遗传力水平对核心育种群遗传进展的影响

设置育种方案参数: 家系数量100, 家系内测试个体数100~5 000尾, 在0.1、0.35、0.6三种遗传力水平下模拟分析了选择20个世代后的选择反应。结果显示, 遗传力越高, 核心育种群体质量育种值均值越大。在家系内测试个体数100水平上, 与遗传力梯度为0.1的育种方案相比, 遗传力梯度为0.35和0.6的两种育种方案体质量育种值均值分别提高了86.92%和145.13%。在三种遗传力梯度下, 将家系内个体数量从100尾增加到5 000尾, 体质量育种值均值分别增加了47.983%(16.11 g)、48.000%(30.12 g)、47.998%(39.50 g), 相对的增加幅度无明显变化(图2)。

2.3 扩大家系规模对核心育种群近交系数的影响

不同育种方案模拟选择20个世代后, 核心育种群近交系数发生不同改变, 增加家系数, 可显著降低核心育种群的近交系数(图3)。随着家系数量的增加, 核心育种群的近交系数

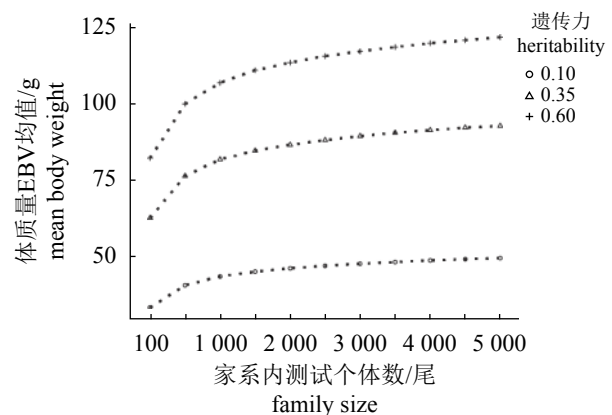


图 2 三种遗传力水平下不同规模核心育种群第20代收获体质量育种值均值

Fig. 2 Average breeding values of harvest body weight of the nucleus breeding population for three levels of heritability in the twentieth generation

不断降低, 下降幅度不断减小。以家系内个体数100、遗传力0.35为例, 家系数从100增加到1 000, 近交系数从0.093降低到0.009, 下降了90.32%。其中, 家系数从100增加到500, 近交系数下降了0.074, 降低了79.57%; 家系数从500增加到1 000, 近交系数又下降了0.01, 降低了10.75%。增加家系内个体数, 并不会影响核心育种群的近交水平。

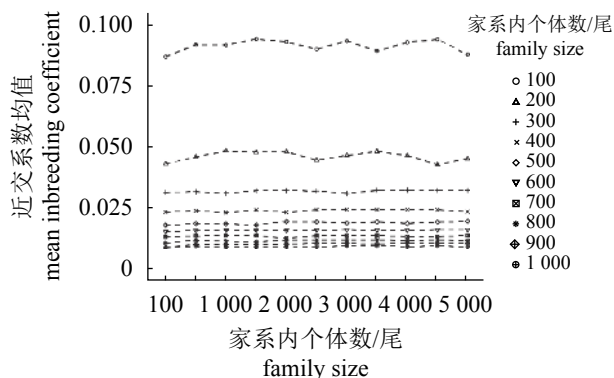


图3 不同规模核心育种群第20代的近交系数均值

Fig. 3 Average inbreeding coefficients of the nucleus breeding population for different levels of family size and family number in the twentieth generation

3 讨论

3.1 扩大育种群体规模对目标性状遗传进展的影响

本研究表明,扩大家系内测试个体数,可以进一步提高核心育种群与扩繁群收获体质量的遗传进展。与扩大家系数量相比,增加家系内测试个体数会更大幅度地提高选择强度,遗传进展的提高也更为显著。因此,结合凡纳滨对虾的高繁殖力特性,开展家系内大规模选择是一种非常高效的育种方式。具体方式可以分为3种:①每个全同胞家系均选择同等数量(譬如5000尾/全同胞家系)的个体,单独养殖在一个较大面积的测试池中;养殖至市场规格后,从每个家系单独养殖个体中,选择生长速率最快的部分个体留种;留种个体依据系谱亲缘信息和生长性能,设计配种方案。②每个全同胞家系均选择同等数量的个体,单独养殖在一个较大面积的测试池中;同时每个家系取等量个体,混合后养殖在一个共同环境中;养殖至市场规格后,根据混养测试结果选择留种家系,从每个留种家系单独养殖个体中,选择生长速率最快的部分个体留种;留种个体依据系谱亲缘信息和生长性能,设计配种方案。③设定每个家系的测试个体数,所有家系等量混合后,根据数量养殖在一个或几个大的测试池中;养殖至市场规格后,根据混养测试结果选择生长速率最快的部分个体(根据家系数量确定选择个体数,譬如100个家系,可以选择2000~3000尾个体),利用SSR、SNP等分子标记,鉴定选择个体的亲缘

关系,构建系谱或亲缘关系矩阵,设计配种方案。三种方法各有利弊,第一种方法简单易行,不需要对个体和家系进行标记混养,但是只能利用一半的加性遗传方差^[8];第二种方法需要物理标记家系个体,用于评价家系性能;第三种方法后期需要更为高效的高通量分子标记分型技术平台和较高的成本。

扩大家系内测试个体数,多代选择后育种值的标准差降低,主要是因为模拟过程中,基于正态分布生成的个体育种值,随着生成个体数量的增加,选留个体处于正态分布上的区间更小,育种值的相近度更高,因此育种值的标准差降低。此外,在本研究的模拟过程中,随着世代数的不断提高,加性遗传方差在不断降低。以家系数量100个、家系内测试个体数100尾、体质量遗传力0.35的育种方案为例,模拟选择20个世代后,育种群体的加性遗传方差($1.38 \times 1.38 = 1.90$)比基础群体($3.24 \times 3.24 \times 0.35 = 3.67$)降低了48.23%。然而,伊利诺斯州玉米仔含油量的遗传改良实验表明,尽管核心育种群的有效群体大小低于30,选择100个世代后,含油量仍然在不断提高^[9],未出现遗传变异耗尽的现象。其主要原因是在多代选择过程,新的突变不断产生、累积从而增加了核心育种群的遗传方差^[10]。每代通过突变产生的方差,范围为0.23%~1%^[11-13]。大肠杆菌(*Escherichia coli*)适应性选育系已经繁殖了50000个世代,仍然存在选择反应,遗传变异几乎全部来自突变^[14]。

3.2 扩大育种规模对核心群近交水平的影响

近交不仅使猪、牛、羊等哺乳动物的生产性状产生严重的衰退^[15-17],也严重影响水产动物如对虾的生长和存活性能^[18]。研究表明,凡纳滨对虾近交群体的收获体质量和存活率分别比核心育种群低20.01%和12.74%,系数每增加10%,性状衰退约-6.60%和-4.30%^[19]。因此,为了不断提高核心育种群的性能,需要严格控制近交水平^[20-21]。本研究表明,扩大核心育种群家系数,可显著降低近交水平。从可持续遗传进展角度考虑,封闭核心育种群平均每代近交率需要控制在0.5%以下^[22]。模拟分析结果显示,家系数分别为100、200个的育种群体,连续选择19次后,每代平均近交率为0.51%和0.25%。因此,继续增加家系数(>200个),控制育种群体近交水平的意义并不是特别大。扩大核心育种

群家系规模的主要目的, 是储备更多的遗传变异, 分别针对不同的重要生产性状开展专门化品系选育。

参考文献:

- [1] 王兴强, 马甦, 董双林. 凡纳滨对虾生物学及养殖生态学研究进展[J]. 海洋湖沼通报, 2004(4): 94-100.
Wang X Q, Ma S, Dong S L. Studies on the biology and cultural ecology of *Litopenaeus vannamei*: a review[J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2004(4): 94-100(in Chinese).
- [2] Cuéllar-Anjel J, White-Noble B, Schofield P, *et al.* Report of significant WSSV-resistance in the Pacific white shrimp, *Litopenaeus vannamei*, from a Panamanian breeding program[J]. Aquaculture, 2012, 368-369: 36-39.
- [3] Browdy C L, Hopkins J S. Swimming through troubled water, proceedings of the special session on shrimp farming[M]. San Diego, California: World Aquaculture Society, 1995.
- [4] Argue B J, Arce S M, Lotz J M, *et al.* Selective breeding of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) for growth and resistance to Taura Syndrome Virus[J]. Aquaculture, 2002, 204(3-4): 447-460.
- [5] Castillo-Juárez H, Casares J C Q, Campos-Montes G, *et al.* Heritability for body weight at harvest size in the Pacific white shrimp, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*, from a multi-environment experiment using univariate and multivariate animal models[J]. Aquaculture, 2007, 273(1): 42-49.
- [6] Gitterle T, Rye M, Salte R, *et al.* Genetic (co)variation in harvest body weight and survival in *Penaeus (Litopenaeus) vannamei* under standard commercial conditions[J]. Aquaculture, 2005, 243(1-4): 83-92.
- [7] Sui J, Luan S, Luo K, *et al.* Genetic parameters and response to selection for harvest body weight of Pacific white shrimp, *Litopenaeus vannamei*[J]. Aquaculture Research, 2016, 47(9): 2795-2803.
- [8] Montaldo H H, Castillo-Juárez H. Response to strict within-family selection with special reference to aquaculture[J]. Aquaculture Research, 2017, 48(9): 5175-5178.
- [9] Dudley J W, Lambert R J. 100 generations of selection for oil and protein in corn[M]//Janick J. Plant Breeding Reviews: Part 1: Long - Term Selection: Maize, Volume 24. Wiley, New Jersey, 2003: 79-110.
- [10] Hill W G. Is continued genetic improvement of livestock sustainable?[J]. Genetics, 2016, 202(3): 877-881.
- [11] Keightley P D. Genetic basis of response to 50 generations of selection on body weight in inbred mice[J]. Genetics, 1998, 148(4): 1931-1939.
- [12] Casellas J, Caja G, Piedrafita J. *Short communication*: accounting for additive genetic mutations on litter size in Ripollesa sheep[J]. Journal of Animal Science, 2010, 88(4): 1248-1255.
- [13] Casellas J, Esquivelzeta C, Legarra A. Accounting for new mutations in genomic prediction models[J]. Journal of Dairy Science, 2013, 96(8): 5398-5402.
- [14] Wisner M J, Ribbeck N, Lenski R E. Long-term dynamics of adaptation in asexual populations[J]. Science, 2013, 342(6164): 1364-1367.
- [15] Dickerson G E. Experimental design for testing inbred lines of swine[J]. Journal of Animal Science, 1942, 1(4): 326-341.
- [16] Dinkel C A, Busch D A, Minyard J A, *et al.* Effects of inbreeding on growth and conformation of beef cattle[J]. Journal of Animal Science, 1968, 27(2): 313-322.
- [17] Terrill C E. Fifty years of progress in sheep breeding[J]. Journal of Animal Science, 1958, 17(4): 944-959.
- [18] 张洪玉, 罗坤, 孔杰, 等. 近交对中国明对虾生长、存活及抗逆性的影响[J]. 中国水产科学, 2009, 16(5): 744-750.
Zhang H Y, Luo K, Kong J, *et al.* Effects of inbreeding on growth, survival and stress resistance in *Fenneropenaeus chinensis*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2009, 16(5): 744-750(in Chinese).
- [19] 曹宝祥, 孔杰, 罗坤, 等. 凡纳滨对虾选育群体与近交群体、引进群体生长和存活性能比较[J]. 水产学报, 2015, 39(1): 42-51.
Cao B X, Kong J, Luo K, *et al.* Comparison of growth and survival performance among selected population, imported population and inbreeding population in *Litopenaeus vannamei*[J]. Journal of Fisheries of China, 2015, 39(1): 42-51(in Chinese).
- [20] Pante M J R, Gjerde B, McMillan I. Inbreeding levels in selected populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*[J]. Aquaculture, 2001, 192(2-4): 213-224.
- [21] Falconer D S, Mackay T F C. Introduction to Quantitative Genetics[M]. Essex: Longman Press, 1996: 464.

- [22] Windig J J, Eding H, Moll L, *et al.* Effects on inbreeding of different strategies aimed at eliminating scrapie sensitivity alleles in rare sheep breeds in the Netherlands[J]. *Animal Science*, 2004, 79(1): 11-20.

Effect of large-scale family selection on body weight of *Litopenaeus vannamei* by computer simulation

LUAN Sheng^{1,3}, ZHONG Weipeng², TAN Jian^{1,3}, LUO Kun^{1,3}, CHEN Baolong^{1,3}, KONG Jie^{1,3*}

(1. Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resources, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;

2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;

3. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266300, China)

Abstract: To test change of genetic gain for body weight, we designed selection schemes which included 10 levels of family number (100–1 000) and 11 levels of family size (100–5 000). By using computer simulation technology, breeding values and inbreeding coefficients of the nucleus breeding and multiplication populations from different simulation schemes were compared after performing between-family (percentage retained: 50%) and within-family selections (1 male and 2 females selected per family) of 19 generations. The mean and standard deviation for body weight were set at 18.41 g and 3.24 g, respectively. Three levels of heritability (0.1, 0.35, 0.6) were included in the simulation. This study will provide basic parameters to optimize the selective breeding program based on large-scale families. Compared with the control scheme with parameters including 100 families, 100 individuals tested per family, and heritability of 0.35, breeding values of body weight for the nucleus population increased by 48% (62.75–92.87 g) with the increase of family size (100 to 5 000) due to higher selection intensity, but increasing extent presented downward trend (100–2 500: 40.60%; 2 500–5 000: 7.40%); standard deviation of breeding values decreased by 2.90% (1.38–1.34 g) when family size increased. Breeding values of body weight for the nucleus breeding population increased by 1.88% (62.75–63.93 g) and the standard deviation of breeding value increased by 4.35% when increasing family number due to low selection intensity. Breeding values of harvest weight for the multiplication population had the same increase trend with those of the nucleus population, but increasing extent was more than that in the nucleus population on family level (63.63–65.48 g, 2.91%). Inbreeding coefficients of the nucleus breeding population decreased by 90.32% (0.093–0.009) with increase of family number, but decline rate presented downward trend (100–500: 79.57%; 500–1 000: 10.75%). It did not affect inbreeding level of the nucleus population when increasing family size. In summary, it will further improve the genetic gain for body weight of nucleus breeding population and multiplication population if there is increase of family size. The inbreeding level (inbreeding rate 0.25%) is below the safety threshold (<0.5%) when the breeding population consists of more than 200 families. Therefore, the main purpose of increasing the number of family is to reserve more genetic variation and establish multiple breeding lines for different traits.

Key words: *Litopenaeus vannamei*; within-family selection; between-family selection; breeding value; inbreeding coefficient

Corresponding author: KONG Jie. E-mail: kongjie@ysfri.ac.cn

Funding projects: Aquaculture Technology Innovation Cooperation with Tropical Countries along the Belt and Road; Introduction of International Advanced Agricultural Science and Technology Plan (2016-X39); Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund, CAFS (2016HY-ZD04); National Natural Science Foundation of China (31572616); Taishan Scholar Program for Seed Industry