

长牡蛎生长性状遗传力、遗传相关和表型相关分析

李焕军¹, 徐涛², 王卫军^{1*}, 李彬¹, 陈建强¹,
孙国华¹, 刘兆存³, 杨建敏^{1*}

(1. 山东省海洋资源与环境研究院, 山东烟台 264006;

2. 山东省渔业技术推广站, 山东济南 250013;

3. 山东省华春渔业有限公司, 山东东营 257200)

摘要: 为了查清乳山(RS)和崆峒岛(KTD)海域长牡蛎生长性状各指标的遗传力、遗传相关和表型相关, 本实验通过部分因子交配设计和人工授精的方法建立家系, 并在乳山和崆峒岛海域进行养殖。用混合线性模型分别计算RS和KTD海域188日龄、338日龄和474日龄长牡蛎生长性状各指标的遗传参数。结果发现: 不同日龄长牡蛎生长性状各指标, 在乳山海域的遗传力是0.28~0.55, 为中高遗传力, 在崆峒岛海域的遗传力是0.34~0.63, 为高遗传力; 与乳山海域相比, 崆峒岛海域各指标的遗传力偏高。运用亲本模型, 将日龄和地点作为固定效应, 计算得到壳高、壳长、壳宽和湿重的遗传力分别为0.25±0.08、0.29±0.09、0.14±0.05和0.26±0.09。不同海域、不同日龄的遗传相关和表型相关结果各不相同, 但各指标间均呈现正相关; 总体来讲, 性状间的遗传相关大于表型相关。实验结果有助于掌握山东半岛南北两侧长牡蛎生长性状的数量遗传学参数, 为制定长牡蛎在该海域的选育技术路线提供数据支持。

关键词: 长牡蛎; 遗传力; 遗传相关; 表型相关

中图分类号: Q 785; S 968.3

文献标志码: A

开展动物遗传育种时, 遗传参数在个体遗传评价、选择反应预测、最佳育种方案设计、提高选择育种的效率等方面具有重要作用, 查清各性状指标的遗传参数, 是制定育种计划的基础。在数量遗传学中遗传力是一个非常重要的参数, 性状间相关性对制定选育目标也非常重要。

长牡蛎(*Crassostrea gigas*)又称太平洋牡蛎, 具有环境适应强、生长快、风味鲜美、营养丰富等优点, 是世界上养殖范围最广、产量最高的经济贝类。长牡蛎的生长性状是重要的经济性状, 通过研究其遗传参数, 根据其结果确定适宜的选育技术路线, 可以提高长牡蛎的产量, 有关长牡蛎生长性状的研究报道较多^[1-8]。

生长性状的遗传力也已经在其他多种牡蛎中有过报道, 如: 欧洲平牡蛎(*Ostrea edulis*)^[9-10], 智利牡蛎(*O. chilensis*)^[11], 岩牡蛎(*Saccostrea commercialis*)^[12-13], 僧帽牡蛎(*S. cucullata*)^[14]和美洲牡蛎(*C. virginica*)^[15]。

不同环境、不同品系的遗传参数会有所不同, 当环境对表型变异的贡献变化时, 相同的实验材料在其基因型未发生变化时其遗传参数却发生了变化。严格来讲, 遗传参数只能应用于特定环境下的特定群体^[16-17]。为了提高选择育种的效率, 获得重要经济性状的遗传力和遗传相关等遗传参数至关重要。山东半岛南北两侧的乳山海域和崆峒岛海域, 是重要的牡蛎产区。乳山海域牡蛎养殖面积约2333 ha, 年产量

收稿日期: 2016-09-20 修回日期: 2017-03-20

资助项目: 国家自然科学基金(31402298); 山东省农业良种工程; 烟台市科技发展计划项目(2015ZH073, 2016ZH069); 黄河三角洲学者岗位

通信作者: 王卫军, E-mail: wwj2530616@163.com; 杨建敏, E-mail: ladderup@126.com

近20万t, 居全国首位^[18]。经市场调查, 冬季在山东市场上约90%的牡蛎来自乳山。崆峒岛海域是山东半岛的另一个牡蛎主产区, 在春夏季烟台水产市场上, 崆峒岛海域长牡蛎的市场占有率可达到50%~70%。本实验对长牡蛎在不同养殖环境、不同养殖阶段的生长性状各指标进行遗传力估算, 并对生长性状各指标进行相关性(遗传相关和表型相关)分析, 旨在为长牡蛎高产新品种选育提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验于2012年在烟台市海益苗业有限公司莱州分公司进行, 实验用材料为中、日、韩3个群体的2龄成熟亲贝。实验采用部分因子交配设计, 构建9个雌性半同胞家系和9个雄性半同胞家系, 共27个全同胞家系。为减少家系构建所用时间造成的共同环境效应对遗传参数估算方面的负面影响, 所有家系构建受精过程在2 h内完成。长牡蛎受精、幼虫培育、中间培育和养成管理参考王卫军^[17]的方法。各家系于2012年8月初分别放置在乳山海域(RS)和崆峒岛海域(KTD)进行养成。

1.2 实验方法

数据测量 2012年12月(188日龄, 188 d), 2013年5月(338 d)和2013年9月(474 d)对乳山和崆峒岛海域的27个家系进行生长性状测量, 使用游标卡尺(CDA100, 中国)测量长牡蛎的壳高(SH)、壳长(SL)和壳宽(SW); 电子天平(SE402F, 中国)称量长牡蛎湿重(WW)。每个家系测量30个。

数据分析 通过R软件(版本号: 3.1.1)运行ASReml 3.0 package (版本: 3.0; 软件号: 402565844; VSNi, UK)。遗传参数计算在AAfun package (版本: 1.0)下的pin()函数中运行。

①各海域不同生长阶段的遗传力、遗传相关分析——个体模型(模型1)。

建立线性混合模型, 采用个体模型(模型1)。运用单性状分析法, 估算各海域长牡蛎不同生长阶段的遗传力; 采用两性状分析法, 计算各性状间的遗传相关和表型相关。

模型1: $y_{ij} = \mu + T_i + e_{ij}$

式中, y_{ij} 为第*j*个家系的第*i*个长牡蛎个体的生长性状观测值, μ 为生长性状的均值, T_i 为第*i*个长牡蛎个体生长性状的个体加性遗传效应, e_{ij} 为第*j*个家系的第*i*个长牡蛎生长性状的随机残差。

数据分析前, 根据亲本信息及交配设计表, 建立系谱信息文件; 为了消除因亲本来源不同导致的杂交效应对遗传参数估算的影响, 在系谱信息中, 将不同来源的亲本以遗传组分(genetic group)来处理。数据分析过程中, 将平均值作为固定效应, 单个个体育种值作为随机效应; 当将家系效应作为随机效应后, 使得个体育种值效应不显著, 故剔除家系效应。

利用模型1在计算生长性状狭义遗传力(h^2)时, 采用公式(1)。在估计性状间的遗传相关(r_G)和表型相关(r_P)时, 分别采用公式(2)和(3)。计算公式:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_A + V_e} \quad (1)$$

$$r_G = \frac{\text{Cov}_{t_1, t_2}}{\sqrt{V_{t_1} \times V_{t_2}}} \quad (2)$$

$$r_P = \frac{\text{Cov}_{t_1, t_2} + \text{Cov}_e}{\sqrt{(V_{t_1} + V_{e1}) \times (V_{t_2} + V_{e2})}} \quad (3)$$

式中, V_A 表示加性遗传方差, V_e 表示误差方差; Cov_{t_1, t_2} 表示生长性状两指标间的协方差, V_{t_1} , V_{t_2} 表示两指标的遗传方差; Cov_e 表示两指标间的误差协方差, V_{e1} , V_{e2} 表示两指标的误差方差。

②生长性状总遗传力、遗传相关分析——亲本模型(模型2)。

亲本模型(模型2):

$$y_{ijklm} = \mu + S_i + D_j + \text{Time}_k e_k + \text{Site}_l + e_{ijklm}$$

式中, y_{ijklm} 为第*m*个长牡蛎个体的生长性状观测值, μ 为生长性状的均值, S_i 是第*i*个雄性亲本, D_j 是第*j*个雌性亲本, 将 Time_k 表示第*k*个时间的长牡蛎, Site_l 表示第*l*个地点的长牡蛎, e_{ijklm} 为第*m*个长牡蛎生长性状的随机残差。

数据分析过程中, 将Site和Time作为固定效应, 雄性亲本和雌性亲本作为随机效应; 当将家系效应作为随机效应后, 模型不收敛, 故将家系效应剔除。由于长牡蛎在非繁殖季节难以辨别雌雄, 因此, 性别未包含在固定效应中。利用模型2在计算生长性状狭义遗传力(h^2)时, 采用公式(4), 其中 V_S 、 V_D 、 V_e 分别代表父本、母本的遗传方差和残差方差。生长性状各指标间的遗传相关(r_G)和表型相关(r_P)的计算公式同公式

(2)和(3)。

$$h^2 = \frac{2 \times (V_S + V_D)}{V_S + V_D + V_e} \quad (4)$$

以遗传相关绝对值(|r_g|)和表型相关(|r_p|)小于0.5记为弱相关,以0.5<|r_g|和|r_p|<0.9记为中等相关,以|r_g|和|r_p|>0.9记为强相关。

2 结果

2.1 不同海域和不同时间段长牡蛎生长性状的遗传力比较

利用个体模型计算不同海域和不同时间段的长牡蛎遗传力,结果显示各海域、各时间段的遗传力不同。各指标的遗传力在表1和表2中的对角线上。与乳山海域相比,崆峒岛海域各指标的遗传力偏高。

运用亲本模型,将各个时间段和地点作为固定效应,计算得到生长性状指标SH、SL、SW和WW的遗传力分别为0.25±0.08, 0.29±0.09, 0.14±0.05和0.26±0.09;各指标遗传力结果在表3的对角线上。

乳山海域长牡蛎生长性状各指标的遗传力乳山海域生长性状各指标的遗传力为中高遗传力,变化范围:0.30~0.51,SL遗传力为0.28~0.49,SW:0.31~0.37,WW:0.35~0.44。在各时

间段中,188日龄SH和SL遗传力最低(0.30和0.28);338日龄SH和WW的遗传力最高(0.55和0.44);474日龄SL的遗传力最高(0.49);560日龄SW的遗传力最高(0.37)。

崆峒岛海域长牡蛎生长性状各指标的遗传力 崆峒岛海域生长性状遗传力为高遗传力,SH变化范围为0.40~0.55,SL遗传力为0.55~0.65,SW:0.34~0.55,WW:0.44~0.67。在各时间段中,338日龄SH和SW的遗传力最高(0.52和0.55);560日龄SL和WW的遗传力最高(0.65和0.67)。

2.2 不同海域和不同时间段长牡蛎生长性状的表型相关和遗传相关

总体来讲,性状间的遗传相关大于表型相关。不同海域、不同时间段表型相关和遗传相关的结果不同,各指标的遗传相关值在表1和表2中的对角线上方,表型相关值在对角线下方。将各个时间段和地点作为固定效应,获得总的遗传相关值,其中SL与WW的遗传相关值最高(0.97),指标间存在显著相关;而SH与SL,及SH与WW的表型相关值也较高,均为0.90(表3),指标间也存在显著相关。

乳山海域长牡蛎生长性状各指标的表型相关和遗传相关 研究发现生长性状各指标间相

表 1 乳山海域长牡蛎不同时间段的遗传力、遗传相关和表型相关——模型1

Tab. 1 Heritability, genetic correlation and phenotypic correlation of different time periods in Rushan area-model 1

日龄/d 指标 age index	188 d		338 d				474 d			
	SH	SL	SH	SL	SW	WW	SH	SL	SW	WW
188 d SH	0.30±0.11	0.86±0.09***								
SL	0.76±0.03***	0.28±0.10								
338 d SH			0.55±0.13	0.73±0.15***	1.00±0.01***	0.78±0.12***				
SL			0.62±0.06***	0.33±0.11	0.56±0.23***	0.96±0.03***				
SW			0.54±0.06***	0.40±0.07***	0.32±0.12	0.69±0.17***				
WW			0.73±0.05***	0.79±0.03***	0.59±0.06***	0.44±0.13				
474 d SH							0.44±0.13	0.81±0.11***	0.79±0.14***	0.83±0.10***
SL							0.63±0.06***	0.49±0.13	0.73±0.16***	0.93±0.05***
SW							0.46±0.06***	0.46±0.07***	0.31±0.11	0.69±0.19***
WW							0.76±0.04***	0.74±0.04***	0.49±0.06***	0.35±0.12

注:遗传力(加粗,对角线)、遗传相关(对角线上方)和表型相关(对角线下方);表中数值为测量值±标准误;***表示在0.001水平相关性显著。SH.壳高;SL.壳长;SW.壳宽;WW.湿重。下同
Notes: heritability (in bold, on the diagonal), genetic (above diagonal) and phenotypic (below diagonal) correlations; values are estimates ± standard errors; ***indicates significant correlation at 0.001 level. Shell height (SH), shell length (SL), shell width (SW) and wet weight (WW).The same below

表 2 崆峒岛海域长牡蛎不同时间段的遗传力、遗传相关和表型相关——模型 1

Tab. 2 Heritability, genetic correlation and phenotypic correlation of different time periods in Kongtong Island area-model 1

日龄/d age	指标 index	188 d		338 d				474 d			
		SH	SL	SH	SL	SW	WW	SH	SL	SW	WW
188 d	SH	0.51±0.13	0.97±0.02***								
	SL	0.89±0.02***	0.57±0.13								
338 d	SH			0.55±0.14	0.90±0.06***	0.84±0.09***	0.79±0.11***				
	SL			0.83±0.04***	0.63±0.14	0.67±0.17***	0.87±0.08***				
	SW			0.69±0.06***	0.60±0.08***	0.55±0.14	0.80±0.11***				
	WW			0.78±0.05***	0.80±0.04***	0.72±0.05***	0.48±0.13				
474 d	SH							0.40±0.13	0.79±0.12***	0.27±0.30 ns	0.80±0.11***
	SL							0.61±0.06***	0.58±0.14	0.47±0.24*	0.96±0.03***
	SW							0.40±0.08***	0.44±0.08***	0.34±0.13	0.64±0.19***
	WW							0.77±0.04***	0.81±0.03***	0.64±0.05***	0.44±0.13

注: ns. 在 0.05 水平相关性不显著; *在 0.05 水平相关性显著

Notes: ns indicates no significant correlation at 0.05 level; * indicates significant correlation at 0.05 level

表 3 总遗传力、遗传相关和表型相关——模型 2

Tab. 3 Total heritability, genetic correlation and phenotypic correlation-model 2

指标 index	SH	SL	SW	WW
SH	0.25±0.08	0.85±0.07***	0.70±0.15***	0.84±0.07***
SL	0.90±0.004***	0.29±0.09	0.76±0.12***	0.97±0.02***
SW	0.82±0.003***	0.80±0.007***	0.14±0.05	0.77±0.12***
WW	0.90±0.003***	0.88±0.004***	0.82±0.006***	0.26±0.09

关性均达到极显著水平($P<0.001$)。SH与WW在不同时间的遗传相关和表型相关值均较高(0.73~0.83)。在不同时间段,两指标间的遗传相关值均高于表型相关值,说明SH与SL可能受同一组基因控制;由于环境因素的影响,导致表型相关值较低。SL与WW的遗传相关均高于各指标与WW的遗传相关值,接近或者高于0.90,说明通过对长牡蛎SL指标的选育可以协同提高WW指标;SL与WW的表型相关值在0.75左右,低于其遗传相关值。其他指标间的遗传相关值在0.56~1.00,表型相关值在0.35~0.76。性状间的遗传相关和表型相关值随着生长时间的增长,总体上呈下降趋势。

崆峒岛海域长牡蛎各性状间的表型相关和遗传相关 崆峒岛海域与乳山海域各性状间的表型相关和遗传相关相似。SL与WW的遗传相关

最高,且都达到极显著水平($P<0.001$);其次是SL与SH,这两个性状的遗传相关值从188日龄到560日龄逐渐降低,但也均都达到极显著水平($P<0.001$)。474日龄时,SL和SW的遗传相关最低(0.27±0.30),未达到显著水平($P>0.05$)。其他指标间的遗传相关值为0.47~0.80,表型相关值为0.47~0.65。

3 讨论

3.1 长牡蛎遗传力分析

研究数量性状遗传参数时,遗传力不仅是性状本身独有的特性,也是群体遗传结构和该群体所在环境的一个综合体现。一般而言,在讨论遗传力时,除了需标明是品种/品系的具体性状以外,还需说明是群体以及群体所处的环境^[19]。本研究报道了长牡蛎在乳山和崆峒岛海域不同生长阶段的遗传力以及生长性状各指标间的相关性分析,这有利于利用两海域间的基因与环境互作数据,通过一个海域的生长性状数据计算另一海域该性状的间接选育反应。

由于实验用亲本来自中、日、韩3个群体,进行遗传参数分析时,为了消除群体间杂交效应对遗传参数的影响,在个体模型系谱设置时,将不同来源的亲本设置为不同的遗传组份(genetic groups)。Quaas等^[20]认为依据出生年份、地理群体以及系谱信息,可以将不同的亲本设

置成不同的遗传组。当父母本信息不明确时,可以通过虚拟设置祖先的方式来建立遗传组,以便明确亲本对子代的遗传贡献^[20-22]。但也有学者认为,在系谱信息中,如果多代亲本子代之间的遗传关系明确,遗传组对遗传选育的影响不大,就没必要设置遗传组^[21, 23-24]。在亲本模型中,无法使用系谱信息将各不同来源的亲本区分开来。由于不同选育群体间杂交可能产生杂交效应,而在亲本模型中却无法将显性效应从加性效应中剖分出来,可能导致遗传力不准确;但是在个体模型中,将不同来源的亲本设置成不同的遗传组后,可以有效地剔除由于杂交导致的显性效应。

本实验运用两个模型分析了乳山和崆峒岛海域不同时间段的遗传力参数,结果显示长牡蛎生长性状各指标的遗传力在0.28~0.65,属于中高遗传力,与前人的报道相似^[25]。Lannan^[1]报道了18月龄长牡蛎的体质量广义遗传力(包括加性和非加性遗传方差)为0.33。Hedgecock等^[2]估算了长牡蛎收获时肉重的狭义遗传力约为0.20。Evans等^[3]采用中亲-子代回归法估算了640日龄成体长牡蛎体质量的狭义遗传力为0.003~0.313。在国内,王庆志等^[7]利用未经选育的威海本地养殖群体构建家系,估算了360日龄长牡蛎生长性状的遗传参数,发现壳高和总重具有中高的遗传力。Cong等^[8]利用全因子交配设计法构建了45个家系,对12月龄的长牡蛎成体的进行了壳高、壳长、壳宽和总重的遗传力分析,各性状的遗传力介于0.3~0.5,也属于中高等遗传力。王庆志等^[25]采用全同胞组内相关分析法,分析了长牡蛎幼虫壳高的遗传力为0.161~0.387,壳长的遗传力0.139~0.398,两者均为中等遗传力。

3.2 长牡蛎性状间遗传相关分析

对于两性状的表型相关,是由遗传相关和环境相关共同作用产生的。如果两性状的遗传力均比较低,表型相关主要是由环境协方差引起;相反,如果两性状的遗传力均较高,则遗传相关起主要作用。但是有时正遗传相关可能会被负环境相关相抵消,而导致表型相关值近似于零^[26]。

如果两性状的遗传相关接近1或-1,表明通过对一个性状的选育可以对另一个性状产生高的相关反应^[26]。如果两性状的负相关,说明对其中一个性状的选育会对另一个性状产生拮

抗效应,难以在同一个群体中同时实现这两个性状的同时提高。因此,在选育过程中,遗传相关对了解每个性状的遗传背景,掌握对目标性状的选育是否有影响以及对其他性状影响的大小非常重要。

大多数数量性状间是相互关联的,性状之间协同变化的根本原因可能是控制他们性状的可能是同一个/多个基因,也可能是各性状受到同样的环境因素的影响。由基因连锁和基因的多效性引起的遗传相关,使生物体不同的性状间存在不同程度的相关性。在本研究中,生长性状各指标间存在较高的正遗传相关,说明对其中一个指标的选育可以对其他指标起到协同提高的作用。王庆志等^[7]研究在研究威海海域养殖的长牡蛎成体时,发现其壳高、壳长、壳宽和体质量的表型相关和遗传相关均为正值。王庆志等^[25]对长牡蛎幼虫不同生长时期的壳高和壳长的遗传相关和表型相关进行了研究,相关性均为正值,表明壳高和壳长互相影响。Ernande等^[27]对长牡蛎早期幼虫的研究发现,幼虫的生长速度和附着期的存在遗传正相关。

感谢中国海洋大学水产学院李琪教授,烟台海益苗业有限公司刘剑厂长在实验过程中提供的帮助!

参考文献:

- [1] Lannan J E. Estimating heritability and predicting response to selection for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*[J]. Proceedings of the National Shellfish Association, 1972, 62: 62-66.
- [2] Hedgecock D, Cooper K, Hershberger W. Genetic and environmental components of variance in harvest body size among pedigreed Pacific oysters *Crassostrea gigas* from controlled crosses[J]. Journal of Shellfish Research, 1991, 10: 516.
- [3] Evans S, Langdon C. Direct and indirect responses to selection on individual body weight in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*)[J]. Aquaculture, 2006, 261(2): 546-555.
- [4] Evans S, Langdon C. Effects of genotype×environment interactions on the selection of broadly adapted Pacific oysters (*Crassostrea gigas*)[J]. Aquaculture, 2006, 261(2): 522-534.
- [5] 王雪磊, 李琪, 于红, 孔令锋. 长牡蛎壳金性状遗传参

- 数评估及与生长性状的关联分析[J]. 水产学报, 2016, 40(12): 1889-1896.
- Wang X L, Li Q, Yu H, *et al.* Estimates of genetic parameters for golden shell color and correlation with growth traits in the golden shell strain of Pacific oyster (*Crassostrea gigas*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2016, 40(12): 1889-1896(in Chinese).
- [6] 葛建龙, 李琪, 于红, 孔令锋. 长牡蛎壳金选育群体生长性状的选择效应[J]. 水产学报, 2016, 40(4): 612-617.
- Ge J L, Li Q, Yu H, *et al.* Selection response in mass selection of golden shell Pacific oyster (*Crassostrea gigas*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2016, 40(4): 612-617 (in Chinese).
- [7] 王庆志, 李琪, 刘世凯, 等. 长牡蛎成体生长性状的遗传参数估计[J]. 中国水产科学, 2012, 19(4): 700-706.
- Wang Q Z, Li Q, Liu S K, *et al.* Estimates of genetic parameters for growth-related traits in adult *Crassostrea gigas*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2012, 19(4): 700-706(in Chinese).
- [8] Cong R H, Li Q, Kong L F. Polymorphism in the insulin-related peptide gene and its association with growth traits in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2013, 46: 36-43.
- [9] Newkirk G F, Haley L E. Progress in selection for growth rate in the European oyster *Ostrea edulis*[J]. Marine Ecology Progress Series, 1982, 10(1): 77-79.
- [10] Toro J E, Newkirk G F. Divergent selection for growth rate in the European oyster *Ostrea edulis*: Response to selection and estimation of genetic parameters[J]. Marine Ecology Progress Series, 1990, 62(3): 219-228.
- [11] Toro J E, Sanhueza M A, Winter, J E, *et al.* Selection response and heritability estimates for growth in Chilean oyster *Ostrea chilensis* (Philippi 1845)[J]. Journal of Shellfish Research, 1995, 14(1): 87-92.
- [12] Nell J A, Sheridan A K, Smith I R. Progress in a Sydney rock oyster, *Saccostrea commercialis* (Iredale and Roughley), breeding program[J]. Aquaculture, 1996, 144(4): 295-302.
- [13] Nell J A, Smith I R, Sheridan A K. Third generation evaluation of Sydney rock oyster *Saccostrea commercialis* (Iredale and Roughley) breeding lines[J]. Aquaculture, 1999, 170(3-4): 195-203.
- [14] Jarayabhand P, Thavornyutikarn M. Realized heritability estimation on growth rate of oyster, *Saccostrea cucullata* Born, 1778[J]. Aquaculture, 1995, 138(3-4): 111-118.
- [15] Davis H C. On interspecific hybridization in *Ostrea*[J]. Science, 1950, 111(2889): 522.
- [16] Luan S, Yang G L, Wang J Y, *et al.* Genetic parameters and response to selection for harvest body weight of the giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*[J]. Aquaculture, 2012, 362-363: 88-96.
- [17] 王卫军. 长牡蛎生长和肉质性状的遗传参数研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2015.
- Wang W J. Studies on genetic parameters of growth and flesh traits in pacific oyster (*Crassostrea gigas*)[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2015 (in Chinese).
- [18] 陈辰. 乳山海域长牡蛎养殖环境与养殖容量研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2012.
- Chen C. Studies on environmental conditions and carrying capacity of Pacific oyster farming sites in Rushan[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2012 (in Chinese).
- [19] 盛志廉, 陈瑶生. 数量遗传学[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- Sheng Z L, Chen Y S. Quantitative genetics [M]. Beijing: Science Press, 2001 (in Chinese).
- [20] Quaas R L, Pollak E J. Modified equations for sire models with groups[J]. Journal of Dairy Science, 1981, 64(9): 1868-1872.
- [21] Thompson R. Sire evaluation[J]. Biometrics, 1979, 35(1): 339-353.
- [22] Westell R A, Quaas R L, Van Vleck L D. Genetic groups in an animal model[J]. Journal of Dairy Science, 1988, 71(5): 1310-1318.
- [23] Henderson C R. Use of relationships among sires to increase the accuracy of sire evaluation[J]. Journal of Dairy Science, 1975, 58(11): 1731-1738.
- [24] Pollak E J, Quaas R L. Definition of group effects in sire evaluation models[J]. Journal of Dairy Science, 1983, 66(7): 1503-1509.
- [25] 王庆志, 李琪, 刘士凯, 等. 长牡蛎幼体生长性状的遗传力及其相关性分析[J]. 中国水产科学, 2009, 16(5): 736-743.
- Wang Q Z, Li Q, Liu S K, *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth in *Crassostrea gigas* larvae[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2009, 16(5): 736-743(in Chinese).
- [26] Gjedrem T, Baranski M. Reviews: Selective breeding in aquaculture: An introduction[M]. Netherlands: Springer, 2009.
- [27] Ernande B, Clobert J, McCombie H, *et al.* Genetic polymorphism and trade-offs in the early life-history strategy of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1795): a quantitative genetic study[J]. Journal of Evolutionary Biology, 2003, 16(3): 399-414.

Analysis of heritability, genetic correlation and phenotypic correlation for growth trait in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*)

LI Huanjun¹, XU Tao², WANG Weijun^{1*}, LI Bin¹, CHEN Jianqiang¹,
SUN Guohua¹, LIU Zhaocun³, YANG Jianmin^{1*}

(1. Shandong Marine Resource and Environment Research Institute, Yantai 264006, China;

2. Fisheries Technology Extension Station of Shandong Province, Jinan 250013, China;

3. Shandong Huachun Fisheries Co., Ltd., Dongying 257200, China)

Abstract: Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) has the characters of strong environmental adaptation, fast growth, delicious flavor and rich nutrition. *C. gigas* is the most widely cultivated aquaculture species, the highest production economic shellfish in the world. When carrying out genetic breeding of animals, genetic parameters play important role in such aspects: individual genetic evaluation, selection response prediction, best breeding scheme design and improving the efficiency of selective breeding. This study conducted the experiment at the both north and south sides of the Shandong Peninsula. Ru Shan (RS) area is the main market of oyster in Shandong Province. Through market research, about 90% of the oyster come from RS area in the winter market of Shandong Province. Kong Tong Dao (KTD) area is another main market of oyster in Shandong Province, which can have up to 50%–70% market share in spring and summer of Yantai aquatic market. Genetic parameters of different strains and in different environment will be different. Although the same genotype materials, when environmental contributions to phenotypic variation change, its genetic parameters will be changed. Strictly speaking, the genetic parameters of specific groups can only be applied to a particular environment. In order to improve the efficiency of selective breeding, obtaining important economic characters of heritability and genetic correlation of genetic parameters in specific environment is very important. So far, no report of genetic parameters in *C. gigas* has been found about RS and KTD area. In order to find out heritability, genetic correlation and phenotypic correlation of growth traits in *C. gigas* in RS and KTD areas, this study was carried out by partial factor mating design and artificial insemination method to establish the family, and the oyster families were bred in RS and KTD areas. The mixed linear model was used to estimate genetic parameters of growth traits of the RS and KTD areas at the age of 188 days, 338 days and 474 days in *C. gigas*. The results show that the index of growth traits of *C. gigas* at different age, heritability in RS area was 0.28–0.55, which was medium to high heritability, heritability in KTD area was 0.34–0.63, which was high heritability. Compared with the RS area, heritability of growth trait in KTD area was height. By using the parent model, the age and location as fixed effects, and calculated heritability of the shell height (SH), shell length (SL), shell width (SW) and wet weight (WW), which were: 0.25 ± 0.08 , 0.29 ± 0.09 , 0.14 ± 0.05 and 0.05 ± 0.09 . Genetic correlation and phenotypic correlation were varied at different areas and different age, but both correlations presented here were positive between each index. In general, the genetic correlation is higher than the phenotypic correlation between each index. Results of this study could provide data support of breeding route at both sides of north and south of Shandong Peninsula. The results also could help to obtain quantitative genetics parameter of growth trait in *C. gigas* in these areas.

Key words: *Crassostrea gigas*; heritability; genetic correlation; phenotypic correlation

Corresponding author: WANG Weijun. E-mail: wwj2530616@163.com;

YANG Jianmin. E-mail: ladderup@126.com

Funding projects: National Natural Science Foundation of China (31402298); Seed Improvement Project of Shandong Province; Development of Science and Technology Projects of Yantai (2015ZH073, 2016ZH069); Yellow River Delta Scholar Position