

# 蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)养成期壳长 遗传力与育种值估计\*

李冬春<sup>1</sup> 闫喜武<sup>1</sup> 霍忠明<sup>2</sup> 姚托<sup>2</sup> 孙欣<sup>1</sup> 张国范<sup>3</sup>

(1. 大连海洋大学水产与生命学院 辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心 大连 116023;  
2. 中国海洋大学 青岛 266003; 3. 中国科学院海洋研究所 青岛 266071)

**摘要** 采用巢式设计构建蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)家系, 通过 REML 法估计了 4 种模型下蛤仔养成期 90、300 和 330 日龄壳长的遗传力, 对不同模型进行比较并选出最优模型。通过最优模型估计育种值, 并对表型值选择法和育种值选择法进行了比较。结果表明, 移入土池时各家系平均壳长协变量是重要影响因子, 共同环境效应影响较小, 综合分析得出模型 ABC 为最优模型, 其在 90、300 和 330 日龄的遗传力估计值分别为 0.264、0.020 和 0.363, 共同环境系数分别为 0.116、0.376 和 0.098。对表型值选择法和育种值选择法比较的结果表明, 表型值选择法均优于育种值选择法。对家系选择时, 在 90、300 和 330 日龄, 家系相同率分别为 66.67%、75%和 66.67%, 表型值选择的家系平均壳长比育种值选择高 7.30%、2.28%和 5.81%。按 10%的留种率对个体选择时, 在 90、300 和 330 日龄, 个体相同率分别为 54.17%、59.72%和 52.78%, 表型值选择的个体平均壳长比育种值选择分别高 27.08%、29.19%和 16.27%; 按 1%的留种率, 相同率则分别为 12.50%、37.50%和 37.50%, 表型值选择比育种值选择的平均壳长高 39.86%、39.81%和 23.23%。

**关键词** 蛤仔; 动物模型; 遗传力; 育种值

**中图分类号** S968.3

蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)俗称杂色蛤、花蛤、沙蚬子等, 属软体动物门 Mollusa、双壳纲 Bivalvia、帘形目 Veneroida、帘蛤科 Veneridae、蛤仔属 *Ruditapes*, 是我国传统四大养殖贝类之一, 属广温、广盐种类。我国是蛤仔养殖大国, 目前年产量约 300 万 t, 约占全世界总产量的 90%, 占我国海水养殖总产量的 20%, 占贝类总产量的 30% (张国范等, 2010)。作为我国单种产量最高的养殖贝类, 培育生长快速、品质优良、抗逆性强的优良品种, 是蛤仔养殖业健康发展的重要途径之一。近年来, 对蛤仔遗传育种的研究集中在我国(闫喜武等, 2008, 2009, 2010a, b, 2011; 张跃环等, 2008; 霍忠明, 2009<sup>1</sup>); 桑土田等, 2012), 主要是对不同壳色、壳型品系和不同地理群体

的选育和杂交。随着数量遗传理论在遗传育种的应用, 对海洋经济贝类的遗传参数进行估计这项基础工作逐渐得到重视, 其主要用来估计育种值, 制定选择指数, 预测选择反应, 比较选择方法以及进行育种规划(盛志廉等, 1999)。

目前, 国内外已对美洲牡蛎(*Crassostrea virginica*)(Losee, 1979)、食用牡蛎(*Ostrea edulis*)(Newkirk et al, 1982)、长牡蛎(*Crassostrea gigas*)(王庆志等, 2012)、巨扇贝(*Placopecten magellanicus*)(Jones et al, 1996)、海湾扇贝(*Argopecten irradians*)(Zheng et al, 2004)、虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*)(Liang et al, 2010)、智利贻贝(*Mytilus chilensis*)(Alcapan et al, 2007)、贻贝(*Mytilus edulis*)(Stromgren et al, 1989)和硬

\* 现代农业产业技术体系建设专项, CARS-48 号。李冬春, 硕士研究生, E-mail: ldc0316@gmail.com

1) 霍忠明, 2009. 菲律宾蛤仔菲律宾蛤仔数量遗传和家系育种研究. 大连: 大连海洋大学硕士学位论文, 28—39

通讯作者: 闫喜武, 教授, 博士生导师, E-mail: yanxiwu2002@163.com

收稿日期: 2012-04-26, 收修改稿日期: 2012-06-13

壳蛤(*Mercenaria mercenaria*)(Hilbish *et al.*, 1993)等相关性状的遗传参数估计进行了报道。

对蛤仔的数量遗传学研究也已经开展, 闫喜武等(2010a)对不同地理群体蛤仔的选择反应及现实遗传力进行了研究, 霍忠明(2009)<sup>1)</sup>采用全同胞组内相关法对蛤仔南、北方养殖群体 3 日龄、9 日龄和 30 日龄的壳长以及北方群体 5 月龄和 11 月龄的壳长、壳宽、壳高、全湿重的狭义遗传力进行了估计。采用约束极大似然法(REML)和最佳线性无偏预测法(BLUP)对蛤仔育种值估计及动物模型比较分析的研究未见报道。张胜利等(1995)对 5 种不同遗传参数估计方法进行了比较, 指出常规方差分析法在群体含量较小时变异幅度较大而且常会出现估计值不正常现象(即超出正常值域), 而 REML 法能充分利用各方面资料信息且在计算中考虑了固定效应造成的自由度损失, 其估计结果相对其他方法更准确。栾生等(2008)指出动物模型 BLUP 法考虑了个体所有的血缘关系, 利用多种来源的信息, 剖分固定效应、随机效应因素, 所得的遗传估计值更准确。

本研究通过巢式设计建立蛤仔家系, 应用 REML 法和 BLUP 法, 估计了不同动物模型下蛤仔在 90、300 和 330 日龄的遗传力, 并比较分析了基于表型值或育种值选择的优劣, 旨在完善用来估计蛤仔遗传力和育种值的动物模型并探索最佳的蛤仔选育方法。

## 1 材料与方 法

### 1.1 实验材料

实验所用亲本为 2010 年 7 月采自我国大连石河海区的野生蛤仔。挑选其中壳顶为白色或浅黄色, 贝壳上有黑色或深褐色不规则斑块, 外观类似黑白花奶牛毛色的个体(以下称奶牛蛤)。在采集到的奶牛蛤中随机取 500 枚, 剔除贝壳有损伤、畸形和贝壳绞合力弱的个体, 用剩余个体作为基础材料。通过巢式设计(1 雄贝与 3 雌贝交配), 建立了 8 个奶牛蛤父系半同胞家系和 24 个全同胞家系(闫喜武等, 2008)<sup>2)</sup>。

幼虫及稚贝(60 日龄以前)培育在 100L 聚乙烯桶中进行, 实验用水为沙滤海水。幼虫密度 4—5 个/mL, 稚贝密度为 2—3 粒/cm<sup>2</sup>; 每 2 天调整各家系幼虫密度, 保持每个桶中幼虫密度基本相同; 根据生长阶段, 每

天适量投饵 2 次, 饵料为湛江等鞭金藻(*Isochrysis zhangjiangensis*)和小球藻(*Chlorella vulgaris*) (体积比为 1:1); 每 2 天全量换水 1 次, 为避免不同实验组个体混杂, 每组换水用筛绢网单独使用; 保证光照、水质、温度、充气等理化条件和操作基本一致。60 日龄以后, 将稚贝装入网袋在室外土池吊养(张国范等, 2010), 定期更换网袋和调整每袋中幼贝密度。幼贝越冬在温室大棚的同一水泥池进行, 于 2011 年春天重新移入土池中吊养。

### 1.2 数据采集及处理

在蛤仔 60、90、300 和 330 日龄时, 各家系随机抽取 30 个个体, 用目微尺(显微镜下)或数显游标卡尺测量壳长。

原始数据的正态分布检验, 线性回归分析及数据转换等预处理均在 SPSS 18.0 软件上进行。处理后得到的数据按照 ASReml 软件要求排列整理, 并制作成系谱文件进行方差分析。

### 1.3 动物模型

对贝类的现有研究多为现实遗传力的计算和应用全同胞组内相关法对遗传力的估计, 仅见王庆志等(2012)对长牡蛎的遗传参数估计中应用 REML 法, 对动物模型中加性遗传效应和共同环境效应进行了剖分。参考估计鱼、虾等遗传参数的方法(张天时等, 2008; 马爱军等, 2009; 栾生等, 2012), 本研究将加性遗传效应、共同环境效应和移入土池时壳长协变量组合了以下 4 个模型:

$$\text{模型 A: } y_i = \mu + a_i + e_i$$

$$\text{模型 AB: } y_{ij} = \mu + a_i + bx_j + e_{ij}$$

$$\text{模型 AC: } y_{ij} = \mu + a_i + c_j + e_{ij}$$

$$\text{模型 ABC: } y_{ij} = \mu + a_i + c_j + bx_j + e_{ij}$$

式中,  $\mu$  表示总体均值,  $a_i$  为第  $i$  个体育种值,  $bx_j$  为 60 日龄第  $j$  家系壳长平均值协变量,  $b$  为回归系数,  $c_j$  表示第  $j$  个家系全同胞效应,  $e$  为随机残差效应。

### 1.4 不同动物模型 的比较

用似然比检验(LRT)和 Akaike 准则(AIC)对不同模型进行比较。AIC 是一种判断不同模型优劣的方法, 它能同时权衡模型的拟合度和精确度, 对于一组模型, AIC 值最小的可以认为是最优模型(Akaike, 1976)。

LR 和 AIC 分别表示为:

1) 霍忠明, 2009. 菲律宾蛤仔菲律宾蛤仔数量遗传和家系育种研究. 大连: 大连海洋大学硕士学位论文, 28—39  
2) 闫喜武, 张跃环, 霍忠明等, 2008. 常见滩涂贝类的家系建立方法. 专利公开号: 200810013 220.2.2008-09-12

$$LR = -2\ln \frac{L_{MAX}|_{模型I}}{L_{MAX}|_{模型II}} = [-2\ln(L_{MAX}|_{模型I}) - (-2\ln(L_{MAX}|_{模型II}))]$$

$$AIC = 2K - 2\ln L$$

其中, LR 为似然比值,  $L_{MAX}|_{模型I}$  和  $L_{MAX}|_{模型II}$  分别是两个不同模型下的最大似然函数值, 模型 I 是模型 II 的子模型。这个统计量服从卡方分布, 自由度为模型 I 与模型 II 中估计的参数个数之差。K 为参数个数。

## 2 结果

### 2.1 养成期不同生长阶段的初步统计分析

原始数据的描述性统计结果如表 1 所示。可以看出变异系数随日龄增加逐渐减小。用 SPSS 18.0 的单样本 K-S 检验, 除 60 日龄外, 其余 4 次测量结果均符合正态分布, 可以进行方差分析。以 60 日龄各家系平均壳长为自变量, 90、300、330 日龄各家系平均壳长为因变量做一元线性回归分析。结果表明, 60 日龄各家系平均壳长与 90、300 和 330 日龄各家系平均壳长的相关性均达到极显著水平 ( $P < 0.01$ ), 相关系数  $R$  依次为 0.778、0.522 和 0.595。60 日龄与 90 日龄相关系数与 300 日龄和 330 日龄相比较, 呈明显的下降

趋势。300 日龄与 330 日龄两次测量时间相邻较近, 可能存在相关系数的波动。由此可见, 转入土池时各家系平均壳长对 90 日龄到 330 日龄各家系平均壳长有显著影响。回归系数、决定系数  $R^2$  和回归方程见图 1、图 2、图 3。

### 2.2 4 种模型估计的遗传力、共同环境效应以及不同模型间的比较

由 4 种模型估计各方差组分, 计算得到的遗传力 ( $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$ )、共同环境系数 ( $C^2 = \sigma_c^2 / \sigma_p^2$ ) 和  $-2\ln L$  值见表 2。可以看出模型 A 估计的遗传力较大, 接近甚至达到 1, 这样的估计值是没有意义的。考虑共同环境效应的模型 AC 和模型 ABC 遗传力估计值比只考虑加性遗传效应的模型 A 和模型 AB 小。在 300 日龄, 模型 A 和模型 AB 的遗传力估计值分别为 1.0 和 0.966  $\pm$  0.158, 而模型 AC 和模型 ABC 的估计值分别为 0 和 0.020  $\pm$  0.358, 共同环境效应分别为 0.455  $\pm$  0.077 和 0.376  $\pm$  0.189。这说明在 300 日龄, 共同环境效应对蛤仔的影响较大。

不同模型比较的 LRT 检验结果见表 3, 各模型 AIC 值见表 4。根据蛤仔养成期各阶段不同模型的 AIC 值, 当仅考虑移入土池时壳长作为协变量对结果的影响时, 可以看出模型 AB 和模型 ABC 的 AIC 值

表 1 养成期不同阶段壳长的描述性统计结果

Tab.1 Descriptive statistics of shell length at different growth stage

日龄	样本数	平均值 $\pm$ SD(mm)	变异系数 CV(%)	偏度 ( $\pm$ SE)	峰度 ( $\pm$ SE)
60	720	4.65 $\pm$ 1.05	22.58	0.59 $\pm$ 0.09	0.37 $\pm$ 0.18
90	720	6.51 $\pm$ 1.29	19.82	0.41 $\pm$ 0.09	0.01 $\pm$ 0.18
300	720	17.09 $\pm$ 3.03	17.73	-0.06 $\pm$ 0.09	-0.44 $\pm$ 0.18
330	720	18.66 $\pm$ 3.00	16.08	-0.20 $\pm$ 0.09	0.55 $\pm$ 0.18

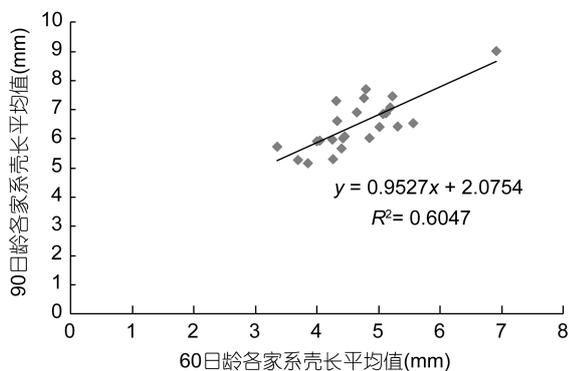


图 1 60 日龄各家系平均壳长与 90 日龄各家系平均壳长的回归分析

Fig.1 Regression analysis of family average shell length at the age 60 and 90 days

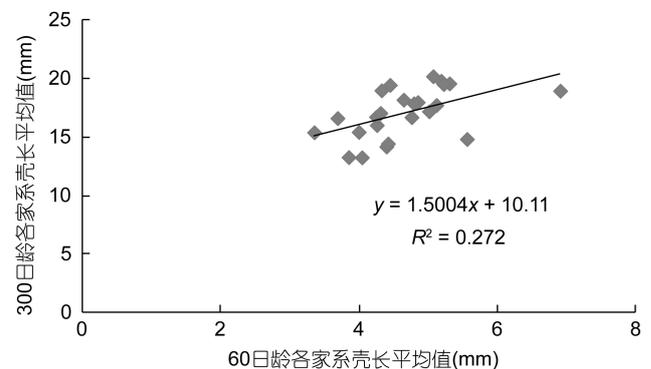


图 2 60 日龄各家系平均壳长与 300 日龄各家系平均壳长的回归分析

Fig.2 Regression analysis of family average shell length at the age 60 and 300 days

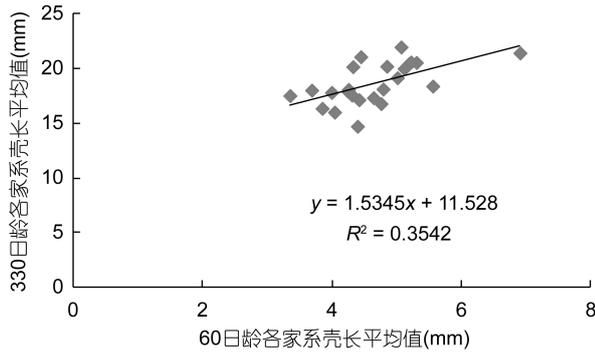


图3 60日龄各家系平均壳长与330日龄各家系平均壳长的回归分析

Fig.3 Regression analysis of family average shell length at the age of 60 and 330 days

均比相对应的模型 A 和模型 AC 小, 这说明将其作为协变量加入模型中是必要的。当同时考虑共同环境效应时, 模型 A 与模型 AC 比较仅在 300 日龄差异显著 ( $P < 0.05$ ), 模型 A 与模型 ABC 在各阶段差异均极显著 ( $P < 0.01$ ), 模型 AB 与模型 ABC 在各阶段差异均不显著 ( $P > 0.05$ )。由于在模型中加入移入土池时壳长协变量的优越性, 模型 AB 与模型 ABC 的比较更具代表性, LRT 检验结果说明共同环境效应对模型拟合度和精确性的影响不大。AIC 值的比较也说明模型 AB 与模型 ABC 相差不大: 在 90 日龄, 模型 AB 的 AIC 值最小, 为 733.03, 比模型 ABC 小 0.17%; 在 300 日龄, 模型 ABC 的 AIC 值最小, 为 1971.10, 比模型 AB 小 0.067%; 在 330 日龄, 模型 AB 的 AIC 值最小, 为 2050.56, 比模型 ABC 小 0.074%。考虑到模型 AB 估计的遗传力偏大和共同环境效应确实存在的事实,

将模型 ABC 作为最优模型较为合适。遗传力的估计值在 90、300 和 330 日龄分别为 0.264、0.020 和 0.363, 共同环境系数分别为 0.116、0.376 和 0.098。

### 2.3 基于表型值和育种值的家系选择比较

通过模型 ABC 估计各家系育种值。在养成期 3 个阶段将各家系壳长表型值和育种值平均值按降序排列, 按照 50% 的家系数量留取率, 排名前 12 位的家系中, 两种选择方法在 90 日龄和 330 日龄均有 8 个家系相同, 相同率为 66.67%; 在 300 日龄, 有 9 个家系相同, 相同率为 75%, 这一结果说明两种选择方法的结果存在一定差异。利用表型值选择, 在 90、300 和 330 日龄排名前 12 位的家系壳长平均值为 7.20、18.82 和 20.20mm。利用育种值选择, 在 90、300 和 330 日龄排名前 12 位的家系壳长平均值为 6.71、18.40 和 19.09mm。表型值选择法选择的家系平均壳长比育种值选择分别高 7.30%、2.28% 和 5.81% (图 4)。表型值选择法效率高于育种值选择法, 但两者相差不大。

### 2.4 基于表型值和育种值的个体选择比较

通过模型 ABC 估计个体育种值。在养成期 3 个阶段按照壳长表型值和育种值降序排列, 按 10% 留取率, 在 90、300 和 330 日龄排名前 72 位的个体相同率分别为 54.17%、59.72% 和 52.78%。两种选择方法存在一定差异。利用表型值选择的 72 个个体壳长平均值在 90、300 和 330 日龄分别为 9.01、22.22 和 23.72mm。利用育种值选择的 72 个个体壳长平均育种值分别为 7.09、17.20 和 20.40mm。前者比后者分别高出约 27.08%、29.19% 和 16.27% (图 5)。若按照 1% 的留取率, 在 90、300 和 330 日龄排名前 8 位的个

表 2 4 种模型估计的遗传力、共同环境系数及  $-2\ln L$  值  
Tab.2 Estimation of heritability, common environmental effect and the value of  $-2\ln L$

模型	日龄(d)	$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2 (\pm SE)$	$C^2 = \sigma_c^2 / \sigma_p^2 (\pm SE)$	$-2\ln L$
模型 A	90	1.0		749.29
	300	1.0		1974.59
	330	0.925 ± 0.159		2058.48
模型 AB	90	0.571 ± 0.141		729.03
	300	0.966 ± 0.158		1968.42
	330	0.622 ± 0.146		2046.56
模型 AC	90	0.219 ± 0.451	0.347 ± 0.216	746.89
	300	0	0.455 ± 0.077	1970.28
	330	0.040 ± 0.341	0.348 ± 0.178	2055.34
模型 ABC	90	0.264 ± 0.297	0.116 ± 0.126	728.25
	300	0.020 ± 0.358	0.376 ± 0.189	1965.10
	330	0.363 ± 0.341	0.098 ± 0.138	2046.08

表 3 不同模型的似然比值及卡方检验结果

Tab.3 Model comparisons in likelihood rates and  $\chi^2$  test results

模型	90 日龄	300 日龄	330 日龄
A : AC	2.4	4.31*	3.14
A : ABC	21.04**	9.49**	12.4**
AB : ABC	0.78	3.32	0.48

\* 表示差异显著 ( $P < 0.05$ ), \*\*表示差异极显著 ( $P < 0.01$ )

表 4 不同模型的 AIC 值

Tab.4 AIC value calculated by different models

模型	90 日龄	300 日龄	330 日龄
A	753.29	1978.59	2062.48
AB	733.03	1972.42	2050.56
AC	752.89	1976.28	2061.34
ABC	734.25	1971.10	2052.08

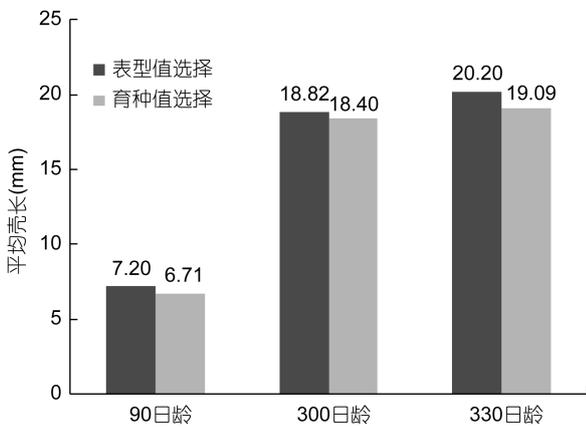


图 4 排名前 50% 的家系在 3 个生长阶段的平均壳长表型值和育种值比较

Fig.4 Family average shell length comparison of selection based on phenotype and breeding value at 3 growth stage

体相同率分别为 12.50%、37.50%和 37.50%。按表型值选择的平均壳长分别为 10.21、24.09 和 25.94mm。按育种值选择的平均壳长育种值分别为 7.30、17.23 和 21.05mm。前者比后者分别高 39.86%、39.81%和 23.23% (图 6)。可见,表型值选择的效率明显高于育种值选择。

### 3 讨论

#### 3.1 蛤仔遗传力和育种值估计的最优模型

遗传参数和育种值估计是水产动物遗传育种的一项基础工作,而动物模型考虑了个体所有的血缘关系(自身、祖先、全同胞、半同胞和后代等),可以充分利用所有信息,剖分固定效应和随机效应,使育

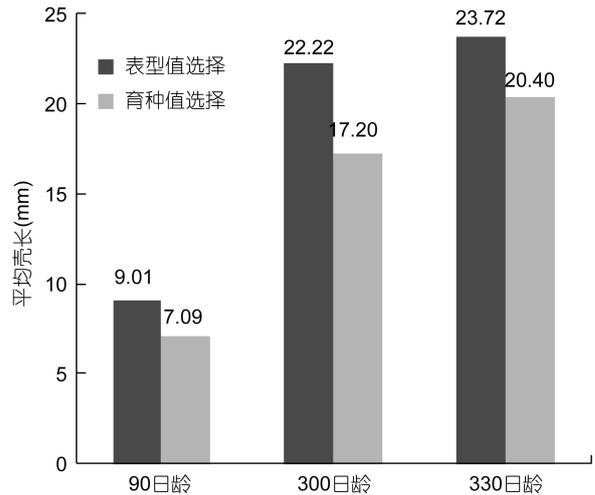


图 5 按照 10%留种率进行个体选择时 3 个生长阶段的平均壳长表型值和育种值的比较

Fig.5 Average shell length comparison of selection based on phenotype and breeding value at 3 growth stage when selecting the 10% of the longest individuals

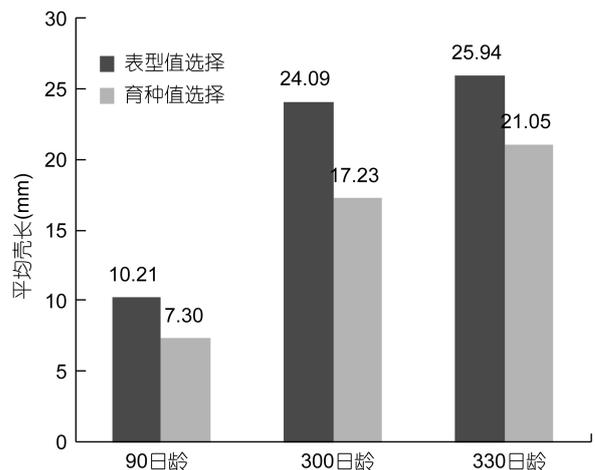


图 6 按照 1%留种率进行个体选择时 3 个生长阶段的平均壳长表型值和育种值的比较

Fig.6 Average shell length comparison of selection based on phenotype and breeding value at 3 growth stage when selecting the 1% of the longest individuals

种值估计更加准确。而在考虑不同的固定效应和随机效应时,所得到的估计值是不同的,因此,在动物模型的基础上,结合选择育种的实际情况,考虑不同的随机效应和固定效应因素,构建一个合适的统计分析模型,是十分必要的。一个好的模型要在有实际可操作性的基础上尽可能准确地反映各种遗传和环境因素对性状的影响,但在很多情况下,由于对影响某性状的各因素缺乏充分的了解,就需要对多种可能的模型进行比较分析,从中找出一个最合适的模型(白俊艳等,2004)。在本研究中,只有一个世代的数据,

且采用的是巢式设计, 无法剖分全同胞效应和母本效应, 因此将共同环境效应作为随机效应加入模型。除全同胞效应和母本效应, 共同环境效应中还包含非加性遗传效应。另外, 蛤仔在移入土池吊养前, 各家系要在单独聚乙烯桶中养殖 60 天, 故将 60 日龄各家系平均壳长作为协变量。在以往的研究中, 霍忠明(2009)<sup>1)</sup>用全同胞组内相关法对蛤仔北方群体 5 月龄和 11 月龄壳长遗传力的估计值分别为 0.18 和 0.10, 张国范等(2010)对大连群体蛤仔进行两个世代连续选择,  $F_1$  幼贝养成期在 90、120 和 360 日龄的现实遗传力分别为 0.386、0.368 和 0.362,  $F_2$  幼贝养成期在 96、120 和 400 日龄的现实遗传力分别为 0.298、0.385 和 0.317。本研究中, 由模型 ABC 估计的遗传力在 90、300 和 330 日龄分别为  $0.264 \pm 0.297$ 、 $0.020 \pm 0.358$  和  $0.363 \pm 0.341$ , 共同环境系数分别为  $0.116 \pm 0.126$ 、 $0.376 \pm 0.189$  和  $0.098 \pm 0.138$ 。300 日龄估计值属低等遗传力, 且共同环境系数较大, 在对蛤仔进行选育时应尽量避开该阶段。而 90 和 330 日龄遗传力估计值均属高等遗传力, 与以往研究较为接近。由此也可以看出利用 REML 法对遗传力进行剖分的优势, 它可以帮助我们更加准确地把握选育时机, 从而使育种方案更加有效率。本研究中遗传力和共同环境效应估计值的标准误均较大, 这可能是由于仅有一个世代的数据, 且数据中包含的半同胞和全同胞家系数数量较少。

### 3.2 选择方法的比较

利用 BLUP 法估计个体育种值, 通过育种值选择相比通过表型值选择的优势在于, 修正了固定效应和随机效应的影响, 提高了育种值估计的准确性。Belonsky 等(1988)模拟猪闭锁核心群单性状选择认为, 当性状的遗传力分别为 0.1 和 0.6 时, 表型选择的效率分别为动物模型的 64%和 91%。并且随着遗传力的降低, 动物模型 BLUP 发的优势会更加突出。对中国对虾体重育种值的研究(张天时等, 2008)和对大菱鲆不同生长阶段体重育种值的研究(马爱军等, 2009)均表明育种值选择法优于表型值选择法。在本研究中, 对家系选择和个体选择, 结果显示在蛤仔养成期 3 个阶段表型值选择法均优于育种值选择法。利用 BLUP 法估计育种值多见于鱼、虾的相关报道, 而对贝类的研究未见报道。考虑到贝类选育的实际情况, 被选择

的基础群体数量较大, 根据本文结果和实际操作的便捷性, 采用表型值选择法更为合适。而对 BLUP 法在贝类选择育种中的应用, 尚需进一步的研究和深入探讨。

### 参 考 文 献

- 马爱军, 王新安, 雷霖霖, 2009. 大菱鲆不同生长阶段体重的遗传参数和育种值估计. 海洋与湖沼, 40(2): 187—194
- 王庆志, 李 琪, 刘世凯等, 2012. 长牡蛎成体生长性状的遗传参数估计. 中国水产科学, 19(4): 700—706
- 白俊艳, 李金泉, 道尔吉等, 2004. 用不同模型估计绒山羊早期生长性状遗传参数的比较. 遗传学报, 31(6): 578—581
- 闫喜武, 张跃环, 霍忠明等, 2008. 不同壳色菲律宾蛤仔品系间双列杂交的研究. 水产学报, 32(6): 864—875
- 闫喜武, 张跃环, 金晶宇等, 2009. 大连群体两种壳型菲律宾蛤仔的双列杂交. 水产学报, 33(3): 389—395
- 闫喜武, 张跃环, 霍忠明等, 2010a. 不同地理群体菲律宾蛤仔的选择反应及现实遗传力. 水产学报, 34(5): 704—710
- 闫喜武, 霍忠明, 张跃环等, 2010b. 菲律宾蛤仔家系建立及早期生长发育研究. 水产学报, 34(16): 933—941
- 闫喜武, 孙 欣, 张跃环等, 2011. 家菲律宾蛤仔奶牛蛤品系两个世代的杂交与近郊效应. 水产学报, 35(5): 682—691
- 张天时, 栾 生, 孔 杰等, 2008. 中国对虾体重育种值估计的动物模型分析. 海洋水产研究, 29(3): 7—13
- 张国范, 闫喜武, 2010. 菲律宾蛤仔养殖学. 北京: 科学出版社, 281—293
- 张胜利, 杨秀文, 靳明武等, 1995. 遗传参数不同估计方法的比较. 遗传, 17(6): 21—23
- 张跃环, 闫喜武, 杨 凤等, 2008. 菲律宾蛤仔大连群体两种壳型家系生长发育比较. 生态学报, 28(9): 4246—4252
- 栾 生, 孔 杰, 王清印, 2008. 水产动物育种值估计方法及其应用的研究进展. 海洋水产研究, 29(3): 101—107
- 栾 生, 边文翼, 邓 伟等, 2012. 斑点叉尾鲷基础群体生长和存活性状遗传参数估计. 水产学报, 36(9): 1313—1321
- 桑士田, 闫喜武, 霍忠明等, 2012. 家系内大、小两种规格菲律宾蛤仔的双列杂交. 水产学报, 36(6): 832—837
- 盛志廉, 陈瑶生, 1999. 数量遗传学. 北京: 科学出版社, 34—440
- Akaike H, 1976. An information criterion (AIC). Math Science, 14(153): 5—9
- Alcapan A C, Nespolo R F, Toro J E, 2007. Heritability of body size in the Chilean blue mussel (*Mytilus chilensis* Hupe 1854): effects of environment and aging. Aquaculture Research, 38: 313—320
- Belonsky G M, Kennedy B W, 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. Animal Science, 66: 1124—1131

1) 霍忠明, 2009. 菲律宾蛤仔菲律宾蛤仔数量遗传和家系育种研究. 大连: 大连海洋大学硕士学位论文, 28—39

- Hilbish T J, Winn E P, Rawson P D, 1993. Genetic variation and covariation during larval and juvenile growth in *Mercenaria mercenaria*. *Marine Biology*, 115: 97—104
- Jones R, Bates J A, Innes D J *et al*, 1996. Quantitative genetic analysis of growth in larval scallops (*Placopecten magellanicus*). *Marine Biology*, 124: 671—677
- Liang J, Zhang G F, Zheng H P, 2010. Divergent selection and realized heritability for growth in the Japanese scallop, *Patinopecten yessoensis* Jay. *Aquaculture Research*, 41: 1315—1321
- Losee E, 1979. Relationship between larval and spat growth rates in the oyster (*Crassostrea virginica*). *Aquaculture*, 16: 123—126
- Newkirk G F, Haley L E, 1982. Phenotypic analysis of the European oyster *Ostrea edulis* L.: relationship between larval period and postsetting growth rate. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 59: 177—184
- Stromgren T, Nielsen M V, 1989. Heritability of growth in larvae and juveniles of *Mytilus edulis*. *Aquaculture*, 80: 1—6
- Zheng H P, Zhang G F, Liu X *et al*, 2004. Different responses to selection in two stocks of the bay scallop, *Argopecten irradians irradians* Lamarck (1819). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 313: 213—223

## ESTIMATION OF HERITABILITY AND BREEDING VALUE ON SHELL LENGTH OF MANILA CLAM *RUDITAPES PHILIPPINARUM* AT SPAT STAGE

LI Dong-Chun<sup>1</sup>, YAN Xi-Wu<sup>1</sup>, HUO Zhong-Ming<sup>2</sup>, YAO Tuo<sup>2</sup>,  
SUN Xin<sup>1</sup>, ZHANG Guo-Fan<sup>3</sup>

(1. College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Engineering Research Centre of Shellfish Culture and Breeding in Liaoning Province, Dalian, 116023; 2. Ocean University of China, Qingdao, 266003;  
3. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071)

**Abstract** Using nest design, we established 8 paternal half-sib families and 24 full-sib families of Manila clam *Ruditapes philippinarum*. Heritability of shell length at the age of 90, 300, and 330 days was calculated by 4 animal models using REML method and one best of the four models was chosen to predict the breeding value. Selection method based on phenotype or breeding value was compared. The results indicate that the average shell length of each family at the age of 60 as covariate was a main factor to correct the model, while common environment effect was not significantly effective and the best model was model ABC. The estimated heritability at the age of 90, 300, and 330 using model ABC was 0.264, 0.020, 0.363 and the common environment effect was 0.116, 0.376, 0.098, respectively. Of the two selection methods, the phenotype-based method was better. Among the families selected by two methods at the age of 90, 300, and 330 days, 66.67%, 75%, and 66.67% were the same. In addition, the average shell length of Manila clams selected in phenotype was 7.30%, 2.28%, and 5.81% longer than that selected by breeding value. When choosing 10% of the longest individuals at the age of 90, 300, and 330 days, 54.17%, 59.72%, and 52.78% of selected ones were the same and the average shell length of those selected in phenotype was 27.08%, 29.19%, and 16.27% longer than that by breeding value. When choosing 1% of the longest individuals, 12.50%, 37.50%, and 37.50% of selected ones were the same and the average shell length of those selected in phenotype was 39.86%, 39.81%, and 23.23% longer than that by breeding value.

**Key words** *Ruditapes philippinarum*; animal model; heritability; breeding value