

DOI: 10.12264/JFSC2021-0112

凡纳滨对虾幼虾体重性状在低温波动环境下的遗传参数分析

刘东亚^{1,2}, 隋娟², 孔杰², 孟宪红², 曹宝祥², 刘宁², 罗坤², 曹家旺², 强光峰², 刘绵宇², 陈丽梅¹, 栾生²

1. 天津农学院水产学院, 天津市水产生态及养殖重点实验室, 天津 300384;
2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 农业农村部海洋渔业可持续发展重点实验室, 青岛海洋科学与技术试点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 266071

摘要: 基于凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*) 40K SNP 芯片分型信息估计了低温波动条件下幼虾体重性状的遗传参数, 为凡纳滨对虾耐低温新品种的选育提供基础数据。利用来自 40 个家系的 4000 尾凡纳滨对虾幼虾, 通过地下水降温的方式使养殖温度从 30 °C 骤降至 20 °C, 24 h 自然回温后稳定 4 d。该降温-回温-稳定过程重复 3 次, 继续养殖 15 d 后进行体重和存活性状测试。与对照群体相比, 低温波动条件对凡纳滨对虾幼虾生长影响显著($P < 0.05$), 而对存活性状影响不显著($P > 0.05$)。根据个体的系谱信息构建 **A** 矩阵; 利用 40K SNP 芯片对 159 尾家系亲本及其同胞个体进行 SNP 分型, 复合 SNP 信息和系谱信息构建 **H** 矩阵。基于 **A** 和 **H** 矩阵, 利用个体动物模型估计体重性状的方差组分和遗传参数。低温波动条件下凡纳滨对虾幼虾基于 **A** 矩阵获得体重的遗传力为 0.37 ± 0.07 , 基于 **H** 矩阵获得体重的遗传力为 0.40 ± 0.08 , 为高遗传力水平。经交叉验证, 基于两种不同矩阵的预测准确性和偏差无明显差别。研究表明, 低温波动条件下凡纳滨对虾幼虾的体重性状表现出丰富的遗传变异, 多代选育可能获得较大的遗传进展。

关键词: 凡纳滨对虾; 低温波动; SNP 芯片; 体重; 遗传评估

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2022)06-0834-09

凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)又称南美白对虾, 原产于太平洋东岸的加利福尼亚湾至秘鲁沿岸热带水域, 1988 年由中国科学院海洋研究所首次从美国夏威夷引入我国^[1-2], 目前已经成为我国对虾养殖的主要品种。据《2020 年中国渔业统计年鉴》显示, 2019 年我国凡纳滨对虾海、淡水产量总计超过 180 万 t, 占我国对虾养殖总产量的 85.58%^[3]。其中, 凡纳滨对虾在土塘养殖模式下的产量约占总产量的 60%以上。在该模式下, 温度等环境因子不可控, 受外界气候变化影响大。近年来全球气候变暖, 极端恶劣天气频发,

在养殖过程中, 强对流及寒潮等灾害性天气使凡纳滨对虾对养殖水环境温度波动的敏感性提高^[4-6]。在我国凡纳滨对虾养殖主产区之一的广东地区, 强对流天气全年都有可能出现, 特别是在夏季, 受强对流天气的影响, 温度骤降幅度更是高达 10 °C 左右, 严重影响了我国凡纳滨对虾产业的健康可持续发展^[7]。为解决上述问题, 开展凡纳滨对虾在低温波动条件下耐受性的遗传改良, 选育出对温度骤降刺激耐受度较高的优良新品种显得尤为必要。

凡纳滨对虾温度耐受性相关研究国内外已大

收稿日期: 2021-03-29; 修订日期: 2021-06-16.

基金项目: 现代农业产业技术体系专项(CARS-48); 国家自然科学基金联合基金项目(U1706203); 国家重点研发计划资助项目(2018YFD0901301); 山东省农业良种工程项目(2019LZGC014); 中国水产科学研究院科技创新团队项目(2020TD26); 山东省农业重大应用技术创新项目(SD2019YY001).

作者简介: 刘东亚(1995-), 男, 硕士, 主要从事水产动物遗传育种研究. E-mail: 1029117947@qq.com

通信作者: 栾生, 研究员, E-mail: luansheng@ysfri.ac.cn; 陈丽梅, 副教授, E-mail: chenlimeicc@163.com

量开展。随着水温的骤降, 凡纳滨对虾会表现出生长停滞和停止摄食等应激现象, 在低于 13 °C 的温度下, 凡纳滨对虾甚至会出现死亡^[8-10]。1995 年 Wyban 等^[11]通过实验发现凡纳滨对虾最适宜的生长温度是 23~30 °C, 当温度低于 23 °C 时, 所有大小的虾都会受到不利影响, 并指出当水温低于 15 °C 或高于 30 °C 时, 对虾便会对温度胁迫产生生理反应。Abdelrahman 等^[12]在研究内陆池塘水温变化对凡纳滨对虾存活、生长和产量的影响时发现, 池塘间温度变化越大, 池塘之间虾的成活率和体重差异越大。Li 等^[13]在 18 °C 养殖环境下, 估计了凡纳滨对虾收获体重和存活性状的遗传力, 估计值分别为 0.14±0.09 和 0.06±0.02; 体重和存活性状在 18 °C 和 28 °C 养殖环境间的遗传相关系数分别为 0.48±0.21 和 0.30±0.23, 基因型与环境交互效应显著。此外, 进一步将温度从 18 °C 降至 8 °C, 获得了低温累计存活小时数(cooling degree hours, CDH)和半致死存活状态(survival status at half lethal time, SS₅₀)的遗传力, 估计值分别为 0.03±0.03 和 0.02±0.02。

当前通过审定的凡纳滨对虾新品种有 9 个, 包括本课题组自主培育的“壬海 1 号”和合作培育的“海兴农 2 号”等, 其育种目标性状多为生长速度和养殖存活率等性状, 尚未培育出针对低温耐受性的新品种。课题组前期在低温(18 °C)养殖条件下, 评估了凡纳滨对虾核心育种群体收获体重和存活性状的遗传参数, 并进一步估计了 CDH 和 SS₅₀ 等低温耐受性的遗传参数, 为培育耐低温新品种提供了重要的基础参数。如前所述, 低温及寒潮等造成的反复大幅度低温变化严重影响了凡纳滨对虾的养殖成功率。估计育种目标性状的遗传参数, 可以明确该性状选育的可行性及预期遗传增益, 是制定育种计划的重要前提^[14]。然而, 关于凡纳滨对虾在反复低温波动条件下生长和存活性状的遗传评估研究尚未见报道。本实验拟采取地下井水降温的方式养殖, 测试凡纳滨对虾幼虾对反复温度骤降环境的耐受性, 评价核心育种群体在低温波动环境下体重性状的遗传参数, 为选育耐低温凡纳滨对虾新品种提供关

键支撑数据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验于 2020 年 7—8 月在农业农村部海水养殖遗传育种中心即墨鳌山卫基地进行(山东省青岛市, 36°20'32.22"N, 120°39'1.93"E, 海拔 3.04 m)。实验期间鳌山卫地区温度日均最高值为 29 °C, 日均最低值为 21.50 °C, 单日最高温度为 35 °C, 单日最低温度为 19 °C。实验材料为邦普种业科技有限公司以白斑综合征病毒抗性和急性肝胰腺坏死病抗性为目标性状, 对核心育种群体进行大规模感染实验, 按照各家系抗性及其亲缘关系进行选种组配, 构建下一代育种群体, 选育至第 2 代的 40 个凡纳滨对虾高抗家系, 其中母系半同胞家系 36 个, 日龄为 P30~P50。低温实验组每个家系随机选择幼虾 100 尾, 共 4000 尾; 对照组每个家系另随机选择幼虾 10 尾, 共计 400 尾。

1.2 实验方法

对低温实验组和对照组幼虾在家系育苗桶中缓慢调整盐度进行淡化。盐度由 30 降至 14, 每天降低盐度 3 左右, 5 d 完成淡化。通过控温仪将 2 m³ 玻璃钢桶内水温统一稳定至 30 °C, 淡化后的幼虾由家系育苗桶转至玻璃钢桶中暂养 5 d。低温波动耐受性实验分 2 批次进行, 批次间隔时间为 5 d, 每批次 20 个家系, 34 个半同胞家系均匀分散在 2 个批次中。每个家系 100 尾幼虾平均分为 2 份, 每份 50 尾, 分别放到室内 2 个 2 m³ 玻璃钢桶中, 水深 30 cm, 密度 83 尾/m², 共计 80 个玻璃钢桶用于低温波动实验。实验开始时, 玻璃钢桶排水 20 cm, 然后加入地下井水(温度约 16.60 °C, 盐度约为 14)实现温度骤降。玻璃钢桶内水温在 2~3 min 内由 30 °C 骤降至 20 °C。降温后约 24 h 自然回温至 30 °C, 水温变化趋势如图 1 所示。待温度缓慢回至 30 °C, 通过控温仪控制水温 30 °C 并稳定 4 d。该降温-回温-稳定过程重复 3 次, 每个周期为 5 d。第 3 个周期结束后暂养 15 d。从第 1 次降温至实验结束共 30 d, 整个实验过程中投喂虾片、卤虫和配合饲料并通过调整比例逐步过渡到仅投喂配合饲料, 日投喂量为体重的 10%, 每

天分 6 次投喂。每天上午换水 30%，及时捞取残饵。降温回温的过程不换水。对照组幼虾混合后平均放在 8 个玻璃钢桶内，分 2 批次与实验组同步养殖，除水温保持稳定外，其他养殖条件与实验组一致。实验过程中随时观察，如发现死亡个体，记录其死亡时间、家系编号、玻璃钢桶号、水温。实验结束后测量每尾存活虾的体重、家系编号、玻璃钢桶号等信息并统计各家系及整体存活率。

利用由石家庄博瑞迪生物技术有限公司提供的 40K SNP 芯片对家系亲本及其同胞共计 159 尾个体进行高通量分型，包括 13 尾母本和 146 尾同胞个体。采用 PLINK 软件对分型信息进行质量控制，以 SNP 检出率 > 0.10、最小等位基因频率 (MAF) > 0.05、个体基因型检出率 > 0.20 为标准，最终获得 33682 个 SNP 位点。

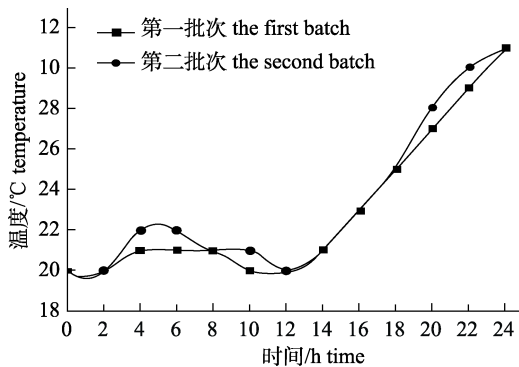


图 1 温度骤降后连续 24 h 的水温变化
Fig. 1 Changes in water temperature for 24 hours after acute cooling

1.3 统计分析

利用 EXCEL2010 软件对测试幼虾的体重、存活性状进行汇总统计，包括实验组各家系及对照组收获体重和存活率的均值、最大值、最小值、标准差和变异系数。利用 SPSS19.0 软件中 t 检验对实验组与对照组在体重和存活上是否存在显著差异进行检验，公式如下：

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{s_{x_1 - x_2}}, \quad df = (n_1 - 1) + (n_2 - 1)$$

式中， n_1 、 n_2 、 \bar{x}_1 、 \bar{x}_2 分别为实验组与对照组的样本含量、均值， $s_{x_1 - x_2}$ 为均数差数标准误， df 为自由度。

利用凡纳滨对虾测试家系亲本与其同胞个体的 SNP 分型信息，复合系谱构建 \mathbf{H} 矩阵。这里 \mathbf{H} 矩阵定义为：

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}_{11} + \mathbf{A}_{12}\mathbf{A}_{22}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{A}_{22})\mathbf{A}_{22}^{-1}\mathbf{A}_{21} & \mathbf{A}_{12}\mathbf{A}_{22}^{-1}\mathbf{G} \\ \mathbf{G}\mathbf{A}_{22}^{-1}\mathbf{A}_{21} & \mathbf{G} \end{bmatrix}$$

式中， \mathbf{A} 为加性遗传相关矩阵， \mathbf{A}_{11} 、 \mathbf{A}_{12} 、 \mathbf{A}_{21} 和 \mathbf{A}_{22} 为 \mathbf{A} 的子矩阵，下标 1、2 分别为非基因分型个体和基因分型个体。 \mathbf{G} 为有基因分型个体间的基因组关系矩阵。

建立线性混合模型，利用平均信息约束极大似然法 (average information restricted maximum likelihood, AIREML) 通过 ASReml 软件估计凡纳滨对虾幼虾体重的方差组分。分析模型为单性状动物模型：

$$y_{ijk} = \mu + \text{Repeat}_i + \text{Batch}_j + \text{Repeat}_i * \text{Batch}_j + (\text{Repeat}_i * \text{Batch}_j) * \text{Age}_{2k} + a_k + e_{ijk}$$

式中， y_{ijk} 为第 k 尾对虾的体重观测值； μ 为体重的均值； Repeat_i 为第 i 个重复的固定效应； Batch_j 是第 j 个批次的固定效应； $\text{Repeat}_i * \text{Batch}_j$ 是第 i 个重复与第 j 个批次之间的交互固定效应； Age_{2k} 是实验结束时第 k 尾对虾的日龄； $(\text{Repeat}_i * \text{Batch}_j) * \text{Age}_{2k}$ 是嵌套在第 i 个重复、第 j 个批次交互效应内的第 k 尾个体的日龄协变量； a_k 是第 k 尾对虾体重的加性遗传效应， $a \sim (0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$ 或 $a \sim (0, \mathbf{H}\sigma_a^2)$ ， σ_a^2 是加性方差； e_{ijk} 是第 k 尾对虾的随机残差， $e \sim (0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ ， \mathbf{I} 是单位矩阵， σ_e^2 是残差方差。

表型方差组分计算公式为： $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$

$$\text{遗传力计算公式为: } h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

式中， σ_p^2 表示表型方差， σ_a^2 表示加性方差， σ_e^2 表示残差组分。

采用 5 倍交叉验证方法评价基于 \mathbf{A} 矩阵和 \mathbf{H} 矩阵两种不同方法的预测准确性和偏差。不重复抽样将分型个体随机分成数量相同的 5 份，每次挑选其中 1 份作为验证集，剩余 4 份作为训练集，进行 10 次重复的交叉验证。用育种值与表型校正值间的皮尔逊相关系数的平均值来比较 2 种不同方

法的预测准确性, 2 种不同方法的预测偏差可以通过计算育种值与表型矫正值之间的回归系数得到。表型矫正值计算方法为估计育种值与残差之和。

2 结果与分析

2.1 凡纳滨对虾幼虾体重和存活性状的描述性统计量

低温波动耐受性测试后凡纳滨对虾幼虾体重和存活性状的描述性统计量如表 1 所示。实验组测试个体总数为 4000 尾, 共收获 3924 尾。各家系收获体重均值为 1.96 g, 最大值为 5.70 g, 最小值为 0.30 g, 标准差为 0.74 g, 变异系数为 37.76%。测试群体各家系存活率均值为 98.10%, 最大值为

100%, 最小值为 54%, 标准差为 2.85%, 变异系数 2.90%。其中存活率 100%的家系有 22 个, 占全部家系的 55%。对照组收获体重均值为 2.41 g, 最大值为 5.20 g, 最小值为 0.20 g, 标准差为 0.88, 变异系数为 36.51%。对照组存活率均值为 97.80%, 最大值为 100%, 最小值为 88%, 标准差为 2.09%, 变异系数 2.14%。实验组与对照组的收获体重存在显著差异 ($P < 0.05$), 存活率差异不显著 ($P > 0.05$)。将凡纳滨对虾实验组各家系收获体重均值和存活率分别与收获日龄作相关分析, 得到各家系收获体重均值与收获日龄相关系数为 0.39 ± 0.15 ($P < 0.05$), 存活率与收获日龄相关系数为 0.26 ± 0.16 ($P > 0.05$), 为中低等正相关。

表 1 低温波动环境下凡纳滨对虾幼虾体重和存活性状的描述性统计量
Tab. 1 Descriptive statistics of body weight and survival traits of *Litopenaeus vannamei* larvae under low temperature fluctuation

组别 group	性状 trait	平均值 mean	最大值 max	最小值 min	标准差 SD	变异系数/% CV
实验组 experimental group	体重/g body weight	1.96	5.70	0.30	0.74	37.76
	存活率/% survival rate	98.10	100.00	54.00	2.85	2.90
对照组 control group	体重/g body weight	2.41*	5.20	0.20	0.88	36.51
	存活率/% survival rate	97.80	100.00	88.00	2.09	2.14

注: *表示实验组与对照组间差异显著 ($P < 0.05$)。

Note: * means significant difference between experimental and control groups ($P < 0.05$).

2.2 亲缘关系热图

图 2、3 分别显示了家系间 **A** 矩阵和 **H** 矩阵的亲缘关系热图。**A** 矩阵和 **H** 矩阵的非对角线元素均值分别为 0.01 和 0.12, **A** 矩阵和 **H** 矩阵的对角线元素均值分别为 1.00 和 1.14。**A** 矩阵和 **H** 矩阵非对角线元素的相关系数为 0.36, **A** 矩阵和 **H** 矩阵对角线元素的相关系数为 0.26。根据物理系谱, 各家系间亲缘关系较远, 多数家系间无亲缘关系, 各家系自身的亲缘系数相同(图 2); 系谱中加入亲本及其同胞个体分型信息后, 各家系间亲缘关系明显增加, 各家系自身的亲缘系数也发生了明显的变化。说明通过加入亲本及其同胞个体分型信息, 能够更加真实地反映家系间亲缘关系, 进一步提高遗传力估计的准确性。

2.3 低温波动环境下凡纳滨对虾幼虾体重性状的遗传参数

在低温波动耐受性测试中凡纳滨对虾幼虾体

重的方差组分和遗传力结果见表 2。基于 **A** 矩阵获得体重的遗传力为 0.37 ± 0.07 , 预测准确性和偏差分别为 0.34 ± 0.01 、 1.00 ± 0.01 , 基于 **H** 矩阵获得体重的遗传力为 0.40 ± 0.08 , 预测准确性和偏差分别为 0.34 ± 0.01 、 0.99 ± 0.01 。

3 讨论

遗传力是育种群体目标性状选育可持续性的重要参数。在水产动物低温耐受性研究中, 常选死亡时温度(temperature at death, TAD)、CDH 和 SS_{50} 等指标对水生动物耐低温性状展开分析。Charo-Karisa 等^[15]用动物模型估算出尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 幼鱼耐低温性状 TAD 的遗传力为 0.09 ± 0.17 , CDH 的遗传力为 0.08 ± 0.19 。董丽君^[16]对中国明对虾 (*Fenneropenaeus chinensis*) 3 个世代的 TAD、CDH 进行评估, 遗传力分别为 0.08 ± 0.03 、 0.08 ± 0.04 。王明珠等^[17]基于选育的需

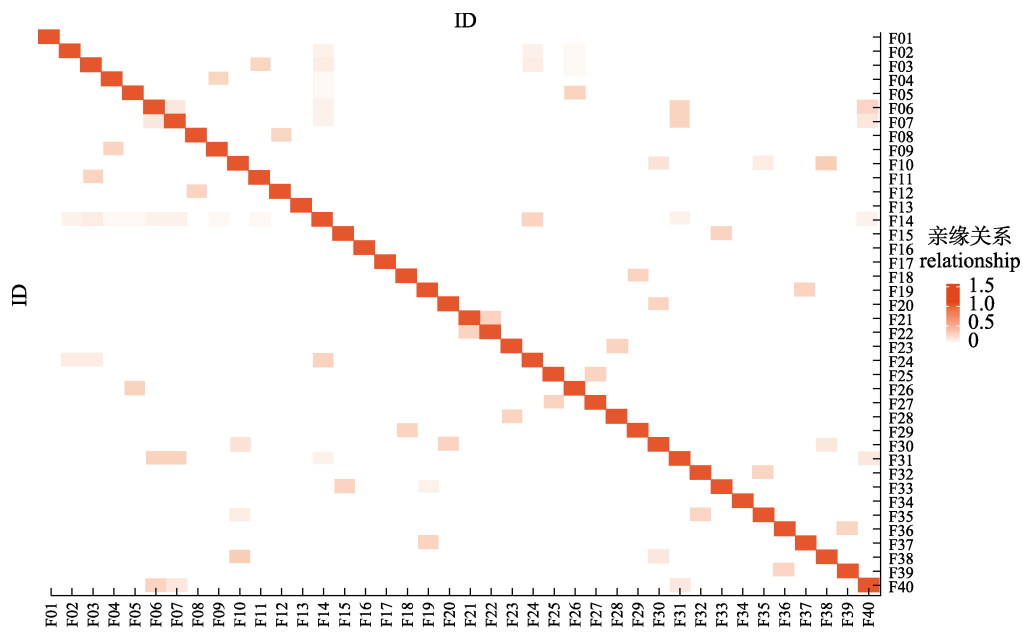


图 2 A 矩阵亲缘关系热图
Fig. 2 Heat map of the genetic relationship for A-matrix

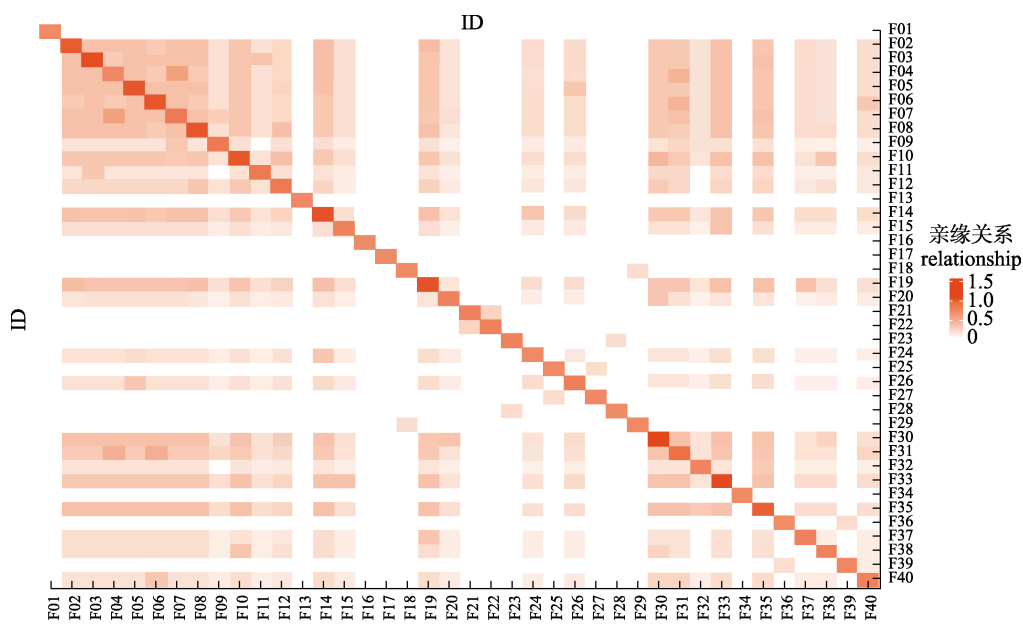


图 3 H 矩阵亲缘关系热图
Fig. 3 Heat map of the genetic relationship for H-matrix

表 2 低温波动环境下凡纳滨对虾幼虾体重性状的方差组分和遗传力
Tab. 2 Variance components and heritability of body weight traits in juvenile *Litopenaeus vannamei* under low temperature fluctuation

关系矩阵 relationship matrix	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	h^2	acc	reg
A	0.20±0.50	0.53±0.27	0.33±0.27	0.37±0.07	0.34±0.01	1.00±0.01
H	0.22±0.55	0.54±0.29	0.32±0.29	0.40±0.08	0.34±0.01	0.99±0.01

注: σ_a^2 表示加性遗传方差, σ_p^2 表示表型方差, σ_e^2 表示残差组分, h^2 表示遗传力, acc 表示预测准确性, reg 表示预测偏差。
Note: σ_a^2 is the additive genetic variance; σ_p^2 is the phenotypic variance; σ_e^2 is the residual variance; h^2 is the heritability; acc is the prediction accuracy; reg is the prediction bias.

要, 选用 SS_{50} 指数来评价中国对虾的耐低温性, 遗传力估计值为 0.17 ± 0.08 , 属中低遗传力。以上研究结果均表明, 不同水生动物的耐低温性状遗传力水平均较低。与以往实验不同的是, 本实验设置低温波动条件开展研究, 实验组和对照组存活率非常高, 而且两组间差异不显著。因此, 存活性状遗传参数不再进行估计, 仅对低温骤降刺激后的体重性状进行遗传参数估计。国内外学者对凡纳滨对虾体重遗传参数进行了大量研究, 发现体重遗传力多为中高水平。Gitterle 等^[18]利用线性混合模型对凡纳滨对虾收获体重的遗传力进行估计, 发现体重性状的遗传力估计值范围为 $0.13 \sim 0.29$ 。Fjialestad 等^[19]对凡纳滨对虾收获体重的遗传力进行估计, 估计值为 $0.42 \sim 0.50$, 属于高等遗传力水平。栾生等^[20]通过使用 ASReml 软件建立线性混合模型, 利用平均信息约束极大似然法估计凡纳滨对虾体重性状遗传参数, 结果显示凡纳滨对虾体重的遗传力范围为 $0.10 \sim 0.52$ 。Ren 等^[21]对 2 个不同年龄段凡纳滨对虾的体重进行遗传力估计, 分别为 0.52 ± 0.09 和 0.44 ± 0.07 。张嘉晨^[22]的研究结果显示, 凡纳滨对虾收获体重的遗传力为 0.52 ± 0.09 , 属于高遗传力。Li 等^[13]在对不同低温条件下凡纳滨对虾体重性状遗传参数进行评估时, 得到的遗传力为 0.14 ± 0.09 , 属于中等遗传力。本研究在低温波动条件下, 幼虾收获体重显著低于对照群体, 说明该环境对幼虾的生长产生了明显影响。利用单性状动物模型对低温波动条件下凡纳滨对虾核心育种群幼虾的体重性状进行遗传评估, 得到基于亲缘关系 **A** 矩阵和亲缘关系 **H** 矩阵的遗传力分别为 0.37 ± 0.07 和 0.40 ± 0.08 , 均为高遗传力水平, 表明凡纳滨对虾幼虾在低温波动条件下的体重性状具丰富的遗传变异, 有较大的选育潜力。但由于实验时凡纳滨对虾幼虾个体较小, 尚无法通过 VIE 标记区分不同家系, 而是采用不同家系在不同容器中测试的方式开展实验, 导致数据分析过程中无法有效区分加性遗传效应和共同环境效应, 体重遗传力估计值偏高。

近年来随着高通量测序技术的迅猛发展, 特别是各种商业化 SNP 基因分型芯片的诞生, 基因

分型成本不断降低, 利用覆盖全基因组的 SNP 标记信息, 复合系谱信息与表型信息进行遗传参数估计, 越来越受到广大育种工作者的关注。本研究中, 使用基于亲缘关系 **H** 矩阵的一步法基因组最佳线性无偏估计法(single step genomic BLUP, ssGBLUP)替换基于亲缘关系 **A** 矩阵的最佳线性无偏估计法(best linear unbiased prediction, BLUP)对低温波动环境下凡纳滨对虾幼虾体重遗传力进行估计时, 遗传力从 0.37 ± 0.07 增加到 0.40 ± 0.08 , 遗传力估计值提高了 8.11%。Liu 等^[23]分别使用 BLUP 法和 ssGBLUP 法对罗氏沼虾收获体重遗传力进行估计时也得到了相同的结果, 其遗传力估计值提高了 118.18%。BLUP 方法得到的个体亲缘关系只是对亲缘关系的期望, 由孟德尔分离定律可知, 实际的亲缘关系可能会偏离期望。ssGBLUP 法克服了低温波动条件下凡纳滨对虾幼虾死亡个体不能进行基因分型, 单尾凡纳滨对虾幼虾经济价值低, 大量样本分型成本高昂等客观因素的限制, 其既可以将凡纳滨对虾亲本和同胞全基因组遗传标记运用于遗传参数估计, 又可以将未进行基因分型的个体全部纳入遗传评估模型。使用复合家系亲本与其同胞个体高通量 SNP 信息和系谱信息构建的 **H** 矩阵不会受孟德尔抽样的影响, 所以能够更加真实地反映个体间亲缘关系, 进一步提高了遗传力估计的准确性^[17]。然而, 交叉验证分析表明, 在本研究中基于 **A** 矩阵的 BLUP 法和 **H** 矩阵的 ssGBLUP 法在准确性上没有明显差异。Dai 等^[24]在利用 BLUP 法和 ssGBLUP 法对基于 123 尾分型的中国对虾“黄海 2 号”养殖群体饲料效率的研究中发现两种方法预测育种值的准确性差异不大, 得到了与本实验相一致的结果。实验群体大, 仅是对家系亲本及其同胞个体进行分型, 分型个体少且没有表型数据, 可能是两种方法在准确性上没有明显差异的原因。Liu 等^[23]对 410 尾具有收获体重的个体进行高通量 SNP 分型, 复合未分型的四代个体系谱和体重记录进行交叉验证分析, 发现 ssGBLUP 法预测的准确性较 BLUP 法提高了 42.42%, 可以对传统的 BLUP 法进行替代。

4 结论

凡纳滨对虾核心育种群幼虾(P30~P50)在正常养殖温度范围内连续3次骤降10℃并回温的低温波动条件下,实验组与对照组的存活率差异不显著,测试群体整体存活率非常高;体重性状存在显著差异且表现出较丰富的遗传变异,收获体重表现为高遗传力,提示在低温波动条件下,凡纳滨对虾幼虾的体重性状具有较大的选育潜力。两种模型的对比结果表明,利用SNP芯片分型信息进行遗传力估算具有可行性,为进一步提高遗传力估计的准确性提供了新的选择。

参考文献:

- [1] Zhang W Q. Biological profile of important world aquaculture species-*Penaeus vannamei*[J]. Marine Sciences, 1990, 14(3): 69-73. [张伟权. 世界重要养殖品种-南美白对虾生物学简介[J]. 海洋科学, 1990, 14(3): 69-73.]
- [2] Hu Z G, Liu J Y, Yuan R P, et al. Analysis of combining ability of survival of imported *Litopenaeus vannamei* populations under temperature and salinity stress[J]. Marine Sciences, 2016, 40(1): 25-31. [胡志国, 刘建勇, 袁瑞鹏, 等. 3个凡纳滨对虾引进群体对温度和盐度耐受力的配合力分析[J]. 海洋科学, 2016, 40(1): 25-31.]
- [3] Fisheries Bureau, Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. China Fishery Statistics Yearbook In 2020[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2020: 22-24. [农业农村部渔业渔政管理局. 2020 中国渔业统计年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2020: 22-24.]
- [4] Li S D, He J G, Zhang C S, et al. The impact of cold temperature on *Litopenaeus vannamei*[J]. Scientific Fish Farming, 2010(1): 24-25. [李色东, 何建国, 张存善, 等. 寒流对凡纳滨对虾养殖的影响及防范措施探讨[J]. 科学养鱼, 2010(1): 24-25.]
- [5] Luo Z Z, Huang W, Wang G X, et al. Identification and characterization of p38MAPK in response to acute cold stress in the gill of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*)[J]. Aquaculture Reports, 2020, 17: 100365.
- [6] Wang Z L, Qu Y X, Zhuo X L, et al. Investigating the physiological responses of Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* to acute cold-stress[J]. Peer J, 2019, 7: e7381.
- [7] Hu X J, Li Z J, Cao Y C, et al. Influence of heavy rain on microbial community in *Litopenaeus vannamei* culture ponds in western Guangdong Province[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2010, 17(5): 987-995. [胡晓娟, 李卓佳, 曹煜成, 等. 强降雨对粤西凡纳滨对虾养殖池塘微生物群落的影响[J]. 中国水产科学, 2010, 17(5): 987-995.]
- [8] Wang Z L, Zhou J, Li J Y, et al. The immune defense response of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) to temperature fluctuation[J]. Fish & Shellfish Immunology, 2020, 103: 103-110.
- [9] Wang Z L, Zhou J, Li J Y, et al. A new insight into the intestine of Pacific white shrimp: Regulation of intestinal homeostasis and regeneration in *Litopenaeus vannamei* during temperature fluctuation[J]. Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics, 2020, 35: 100687.
- [10] Xu Z H, Regenstein J M, Xie D D, et al. The oxidative stress and antioxidant responses of *Litopenaeus vannamei* to low temperature and air exposure[J]. Fish & Shellfish Immunology, 2018, 72: 564-571.
- [11] Wyban J, Walsh W A, Godin D M. Temperature effects on growth, feeding rate and feed conversion of the Pacific white shrimp (*Penaeus vannamei*)[J]. Aquaculture, 1995, 138(1-4): 267-279.
- [12] Abdelrahman H A, Abebe A, Boyd C E. Influence of variation in water temperature on survival, growth and yield of Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei* in inland ponds for low-salinity culture[J]. Aquaculture Research, 2019, 50(2): 658-672.
- [13] Li W J, Luan S, Luo K, et al. Genetic parameters and genotype by environment interaction for cold tolerance, body weight and survival of the Pacific white shrimp *Penaeus vannamei* at different temperatures[J]. Aquaculture, 2015, 441: 8-15.
- [14] Zhang T S, Kong J, Luan S, et al. Estimation of genetic parameters and breeding values in shrimp *Fenneropenaeus chinensis* using the REML/BLUP procedure[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2011, 30(1): 78-86.
- [15] Charo-Karisa H, Rezk M A, Bovenhuis H, et al. Heritability of cold tolerance in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus*, juveniles[J]. Aquaculture, 2005, 249(1-4): 115-123.
- [16] Dong L J. Evaluation of genetic parameters and screening related genes of cold tolerance traits in shrimp[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2018. [董丽君. 对虾耐低温性状遗传参数分析及相关基因筛选[D]. 上海: 上海海洋大学, 2018.]
- [17] Wang M Z, Meng X H, Kong J, et al. Evaluation of genetic parameters for growth and cold tolerance traits in *Fenneropenaeus chinensis* under low-temperature stress[J]. Progress in Fishery Sciences, 2018, 39(3): 96-102. [王明珠, 孟宪红, 孔杰, 等. 低温胁迫条件下中国明对虾生长性状和耐低温性状的遗传参数评估[J]. 渔业科学进展, 2018,

- 39(3): 96-102.]
- [18] 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.
- [19] Fjalestad K, Carr W, Lotz J, et al. Genetic variation and selection response in body weight and disease resistance in Pacific white shrimp (*Penaeus vannamei*)[J]. Aquaculture, 1997, 173(10): 24-28.
- [20] Luan S, Luo K, Ruan X H, et al. Genetic parameters and genotype by environment interaction for body weight and survival of Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei*[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2013, 44(2): 445-452. [栾生, 罗坤, 阮晓红, 等. 凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*) 体重、存活性状的遗传参数和基因型与环境互作效应[J]. 海洋与湖沼, 2013, 44(2): 445-452.]
- [21] Ren S J, Prentis P, Mather P B, et al. Genetic parameters for growth and survival traits in a base population of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) developed from domesticated strains in China[J]. Aquaculture, 2020, 523: 735148.
- [22] Zhang J C. Genetic parameters of growth, survival and hypoxic tolerance traits for selective breeding population in *Litopenaeus vannamei*[D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University, 2016. [张嘉晨. 凡纳滨对虾选育群体生长、存活和耐低溶氧性状遗传参数的估计[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2016.]
- [23] Liu J Y, Yang G L, Kong J, et al. Using single-step genomic best linear unbiased prediction to improve the efficiency of genetic evaluation on body weight in *Macrobrachium rosenbergii*[J]. Aquaculture, 2020, 528: 735577.
- [24] Dai P, Luan S, Lu X, et al. Genetic evaluation of feed efficiency in the breeding population of *Fenneropenaeus chinensis* "Huanghai No. 2" using phenotypic, pedigree and genomic information[J]. Aquaculture International, 2017, 25(6): 2189-2200.

Genetic parameters of larval weight traits of *Litopenaeus vannamei* under low temperature fluctuation

LIU Dongya^{1,2}, SUI Juan², KONG Jie², MENG Xianhong², CAO Baoxiang², LIU Ning², LUO Kun², CAO Jiawang², QIANG Guangfeng², LIU Mianyu², CHEN Limei¹, LUAN Sheng²

1. Fisheries College, Tianjin Key Laboratory of Aqua-Ecology and Aquaculture, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300384, China;
2. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences; Key Laboratory for Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Pilot National Laboratory for Marine Science and Technology (Qingdao); Qingdao 266071, China

Abstract: This study estimated the genetic parameters affecting the body weight trait of *Litopenaeus vannamei* juveniles under low-temperature fluctuation, using the 40K SNP genotyping information of *L. vannamei*, with the aim of providing fundamental data for the breeding of new *L. vannamei* varieties tolerant to low temperatures. A total of 4000 *L. vannamei* juveniles from 40 families were used in a culture experiment. The culture temperature was reduced from 30 °C to 20 °C by the addition of underground well water, and then stabilized for 4 days after 24 h of natural warming. Continuous cultivation was conducted for 15 days after the cooling-warming-stabilizing process had been repeated 3 times, and the body weight and survival traits of the juveniles were then measured. Compared with that in the control group, low-temperature fluctuation had a significant effect on the growth of *L. vannamei* larvae ($P < 0.05$) but not on the survival traits ($P > 0.05$). An A-matrix was constructed based on individual genealogical information, and the 40K SNP chip was used for SNP genotyping of 159 parents and their SIB individuals. An H-matrix was constructed by combining SNP and pedigree information, estimation of variance components, and the genetic parameters of body weight traits using individual animal models. According to the A- and H-matrices, respectively, the heritability of body weight was 0.37 ± 0.07 and 0.40 ± 0.08 for *L. vannamei* larvae under low-temperature fluctuation, indicating a high heritability level. This cross-validation shows that there is no significant difference in prediction accuracy and bias between the two matrices. The body weight of *L. vannamei* under low-temperature fluctuation showed abundant genetic variation, indicating that multi-generation breeding may result in notable genetic gain.

Key words: *Litopenaeus vannamei*; low temperature fluctuation; SNP genotyping; body weight; genetic assessment

Corresponding author: LUAN Sheng, E-mail: luansheng@ysfri.ac.cn; CHEN Limei, E-mail: chenlimeicc@163.com