



宁夏安格斯牛体尺和体质量遗传参数估计

冯小芳¹,封元²,张娟¹,王瑜²,洪龙²,巫亮²,顾亚玲¹,蒋秋斐¹

(1.宁夏大学农学院,银川 750021;2.宁夏畜牧工作站,银川 750001)

摘要 旨在对宁夏地区 638 头成年安格斯牛的体质量、体尺指标进行遗传参数估计。运用 DMU 软件 DMUAI 模块,AI-REML 结合 EM 算法并配合多性状动物模型,以出生场、年度、季节和月龄作为固定效应,动物个体效应作为随机效应。研究结果表明:成年安格斯牛体质量、体高、体斜长、胸围、腹围、管围和十字部高的遗传力分别为 0.5、0.6、0.39、0.6、0.29、0.69、0.45,除腹围外,其他性状均属于高遗传力性状,各性状间的遗传相关为 0.44~0.97,表型相关为 0.42~0.93,均呈强的正相关。

关键词 安格斯牛;体质量;体尺性状;遗传参数

中图分类号 S823.8

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2019)05-0686-06

安格斯肉牛(Angus)原产于苏格兰东北部的阿伯丁和安格斯等郡,又名阿伯丁·安格斯牛(Aberdeen Angus),以被毛黑和无角为其重要的外貌特征,亦称无角黑牛,体格低矮,体质紧凑而结实,体躯宽而深,呈圆筒形,背线平直,全身肌肉丰满,腰和尻部肌肉发达,具有典型的肉用牛外貌特征^[1]。安格斯牛从 18 世纪末期开始培育,经过长期选育,最终形成一个专门的肉牛品种,自 19 世纪开始向世界各地输出,成为肉牛业发达国家的主导品种之一。安格斯牛肉用性能良好,早熟易肥、耐粗饲、饲料转化率高,屠宰率、净肉率高、大理石花纹明显,母性好、泌乳性强、易产,被认为是世界上各种专门化肉用品种中肉质最优秀的品种,在国际肉牛杂交体系中通常被作为母系应用^[2-3]。

近年来,国内对安格斯肉牛的研究较多,尤其在饲养管理方面。赵亚国等^[4]对西北地区引进的安格斯肉牛饲养管理技术进行深入探讨,旨在实现安格斯肉牛养殖的科学化、规范化和合理化,生产出更加优质的牛肉,获取更加理想的经济收益。王凯等^[5]研究了引进黑安格斯、红安格斯母牛的生长性能和血液生化指标。梁敏等^[6]研究发现,通过添加发酵棉粕来饲喂安格斯牛可改善其生长性能和养分消化率。但国内鲜见对安格斯肉牛体

质量及体尺性状遗传参数估计的相关报道。而遗传参数是估计育种值和制定育种计划的重要参考依据,是畜禽育种的基本工作^[7]。由于宁夏近几年来从澳洲引进了大量的安格斯牛,为了提高安格斯牛群整体品质和生产性能,培育具有区域特色的优质安格斯牛种群,扩大优秀种群规模,宁夏组织开展了安格斯核心群选育项目。为加快遗传选育进展,本研究利用测定的牛群体尺、体质量等性状(表型)及系谱记录,采用多性状动物模型,借助 DMU 软件估计安格斯牛体质量、体高、体斜长、胸围、腹围、管围和十字部高的遗传参数,通过分析各个性状的遗传规律,找出各性状间的遗传联系,为宁夏安格斯牛核心群选育及建立遗传参数评估体系提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 数据来源与整理

数据来自宁夏 5 个安格斯肉牛养殖场,分别于 2014—2017 年引入的 666 头安格斯繁殖母牛,对其体质量(TZ)、体高(TG)、体斜长(TXC)、胸围(XW)、腹围(FW)、管围(GW)、十字部高(SZBG)7 个性状进行测量。剔除父号和母号记录缺失或不准确、表型值异常以及在“平均值±

收稿日期:2018-11-02 修回日期:2019-01-19

基金项目:宁夏回族自治区畜牧工作站:宁夏安格斯牛核心群建设项目。

第一作者:冯小芳,女,硕士研究生,从事动物遗传育种与繁殖研究。E-mail:xiaofangf@yeah.net

通信作者:顾亚玲,女,教授,博士生导师,主要从事动物遗传育种研究。E-mail:guyaling@sina.com

1.96 标准差”($\bar{x} \pm 1.96SD$)^[8]之外的记录后,共得到 638 头安格斯牛体质量及体尺数据。

1.2 影响因素

影响安格斯牛体质量及体尺的因素包括饲养场、出生年份、出生季节和生长月龄。

饲养场次划分:将 5 个安格斯肉牛养殖场划分为 5 个场次,每个场为 1 个处理水平。

出生年份:从 2014—2017 年,按年份分为 4 个水平。

出生季节:依据宁夏地区温度和相关文献^[9]季节的划分标准,将产犊月份 1—12 月划分为 4 个季度,分别是:春(3 月—5 月)、夏(6 月—8 月)、秋(9 月—11 月)和冬(12 月—2 月),每个季节为 1 个水平。

生长月龄:每个月龄段为 1 个水平。

1.3 影响因素显著性检验

影响因素的显著性检验使用 SAS 9.4 统计分析模块的 Mixed 过程,以及采用线性混合模型(Linear mixed model)。表达式如下:

$$Yijklmn = u + Farmi + Yearj + Seasonk + Monthl + aiklm + eijklmn$$

式中: $Yijklmn$ 为个体生长性能的观测值; u 为总平均数; $Farmi$ 为出生场次固定效应; $Yearj$ 为出生年份固定效应; $Seasonk$ 为出生季节固定效应; $Monthl$ 为生长月龄固定效应; $aiklm$ 为个体的随机遗传效应; $eijklmn$ 为随机剩余效应。

1.4 遗传参数估计模型

使用 EXCEL 2016 软件进行数据的整理,采用动物模型^[10]DMU(v 6.0)软件的 DMUAI 模块进行计算,采用 AI-REML 结合 EM 算法计算方差组分估计值。规定模型中的个体动物效应和随机残差效应为随机效应。对于遗传参数的估计,根据数据的具体情况,配合下列动物模型进行最小二乘方差分析:

$$y = X\beta + Z\mu + e$$

y 为观察值向量; X 为固定效应结构矩阵; β 为固定效应向量; Z 为随机效应结构矩阵; u 为随机效应向量; e 为随机残差向量。

模型的假设前提条件: $E(y) = x\beta, E(h) = 0, E(\alpha) = 0,$

$$Var(h) = 1\sigma_h^2, Var(\alpha) = A\sigma_a^2, Var(e) = I\sigma_e^2$$

得到的方差组分带入下列公式计算遗传参数:

$$遗传力 h^2 = \frac{V_A}{V_A + V_E}$$

$$遗传相关 r_A = \frac{Cov(a_1, a_2)}{\sqrt{\sigma_{a_1}^2 \sigma_{a_2}^2}}$$

$$表型相关 r_p = \frac{Cov(P_1, P_2)}{\sqrt{\sigma_{P_1}^2 \sigma_{P_2}^2}}$$

式中, h^2 为遗传力; V_A 为性状加性方差(育种值方差); V_E 为性状残差方差; r_A 为性状间的遗传相关; r_p 为性状间的表型相关; $COV(P_1, P_2)$ 为性状 P_1 与 P_2 的表型协方差; $\delta_{P_1}^2$ 为性状 P_1 的表型方差; $\delta_{P_2}^2$ 为性状 P_2 的表型方差; $COV(a_1, a_2)$ 为性状 a_1 与 a_2 的加性效应协方差; $\delta_{a_1}^2$ 为性状 a_1 的加性方差; $\delta_{a_2}^2$ 为性状 a_2 的加性方差。

1.5 遗传参数的显著性检验

采用半同胞资料估计遗传参数,用 t 检验进行遗传参数的显著性检验,即:

$$\begin{cases} t = \frac{h^2}{\sigma_{h^2}} \\ \sigma_{h^2} = \sqrt{\frac{32(1-r_{HS})^2[1+(K_0-1)r_{HS}]^2}{df_s k_0(k_0-1)}} \end{cases}$$

式中 h^2 、 σ_{h^2} 分别为遗传力及其标准误, r_{HS} 为半同胞表型相关系数, k_0 为最宜家系大小, df_s 为公畜间自由度。

对遗传相关及表型相关系数进行显著性检验(t 检验),提出无效假设 $H_0: \rho = 0$,在此假设前提下有:

$$\begin{cases} t = \frac{r - \rho}{S_r} = \frac{r}{S_r} \\ S_r = \sqrt{\frac{1-r^2}{n-2}} \end{cases}$$

式中 r 为表型相关系数或遗传相关系数, S_r 为遗传相关或表型相关系数的标准误, n 为样本容量。

2 结果与分析

2.1 宁夏地区安格斯牛目标性状的描述性统计量

表 1 为宁夏地区成年安格斯母牛体质量、体高、体斜长、胸围、腹围、管围、十字部高的平均值、标准差、变异系数、最大值和最小值等描述性统计量。由表 1 可知,安格斯牛体质量变异系数为 10.56%,变异幅度较大,其体尺变异系数相对较小,说明在安格斯母牛群体内,体质量与体尺指标在个体间变异较大,具有较大的选育潜力。

表 1 成母牛各性状描述性统计量

Table 1 Descriptive statistics for various traits in adult cows

变量 Variable	均值 Mean	最小值 Minimum	最大值 Maximum	标准差 SD	变异系数/% CV
TZ/kg	497.21	386.00	621.00	52.53	10.56
TG/cm	130.67	123.00	139.00	3.57	2.73
TXC/cm	160.41	141.00	181.00	8.97	5.59
XW/cm	180.35	158.00	201.00	9.01	5.00
FW/cm	243.74	220.00	267.00	10.66	4.37
GW/cm	21.98	20.00	24.00	0.95	4.34
SZBG/cm	133.43	126.00	142.00	3.39	2.54

2.2 影响因素显著性检验

由表 2 可知,可见固定效应中的场效应对胸围、腹围均有极显著影响($P < 0.01$),对体质量和体斜长有显著影响($P < 0.05$),对体高、管围和十字部高影响不显著($P > 0.05$);出生年效应对体质量及各体尺性状均有极显著影响($P < 0.01$);季节效应和生长月龄效应对体质量及各体尺性状均有极显著影响($P < 0.01$);因此,对处理过的固定效应,把对各性状影响显著的因素加入到 DMU 模型中进行遗传参数计算,影响不显著的因素剔除。

表 2 安格斯成母牛体尺和体质量影响因素显著性检验结果(F 值)

Table 2 Significance test results of factors affecting body measurements and body mass of Angus cattle(F value)

性状 Trait	CH	ND	JJ	YL
TZ	8.53*	960.26**	42.02**	8.01**
TG	2.42 ^{ns}	825.46**	25.27**	9.95**
TXC	5.07*	934.50**	33.67**	8.10**
XW	27.94**	1 282.20**	62.66**	8.85**
FW	10.10**	1 479.60**	36.64**	9.84**
GW	0.10 ^{ns}	1 964.13**	30.15**	17.90**
SZBG	2.42 ^{ns}	890.44**	31.74**	11.05**

注:CH 表示出生场次;ND 表示出生年度;JJ 表示出生季节;YL 表示生长月龄;ns 表示差异不显著($P > 0.05$);* 表示差异显著($P < 0.05$);** 表示差异极显著($P < 0.01$)。

Note:CH. Farm of birth;ND. Year of birth;JJ. Season of birth;YL. Age of growth;ns. Not significant;*. Significant difference ($P < 0.05$);**. Extremely significant difference($P < 0.01$).

2.3 遗传力估计结果

表 3 为各性状的加性方差估计值、残差方差

估计值、表型方差估计值和遗传力估计值,可以看出,宁夏安格斯牛群体尺和体质量性状的遗传力变幅为 0.29~0.69,其中,管围的遗传力最高(0.69),腹围的遗传力最低(0.29)。遗传力的显著性检验结果均达到极显著水平($P < 0.01$)。

表 3 安格斯牛体尺性状方差组分分析和遗传力估计值
Table 3 Variance component analysis and heritability estimation of Angus cattle's body measurements

性状 Trait	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}^2
FW	34.04	83.39	117.44	0.29**
TXC	27.98	42.96	70.95	0.39**
SZBG	8.18	10.05	18.86	0.45**
TZ	1 166.48	1 170.15	2 336.6	0.50**
TG	12.22	8.19	20.41	0.60**
XW	50.75	34.5	85.27	0.60**
GW	0.99	0.44	1.44	0.69**

注: $\hat{\sigma}_a^2$ 表示加性遗传方差估计值; $\hat{\sigma}_e^2$ 表示残差方差估计值; $\hat{\sigma}_p^2$ 表示表型方差估计值; \hat{h}^2 表示遗传力估计值;* 表示差异极显著($P < 0.01$)。

Note: $\hat{\sigma}_a^2$. Direct additive genetic variance; $\hat{\sigma}_e^2$. Residual effects variance; $\hat{\sigma}_p^2$. Phenotypic variance; \hat{h}^2 . Heritability; **. Extremely significant difference($P < 0.01$).

2.4 各性状间的遗传相关和表型相关

由表 4 可知,遗传相关变幅为 0.44~0.97,其中,体斜长与腹围的遗传相关最低(0.44),腹围与管围的遗传相关最高(0.97);表型相关变幅为 0.42~0.93,其中,体高与管围间表型相关最小(0.42),胸围与腹围间表型相关最大(0.93);除体斜长与腹围、胸围与腹围的遗传相关估计值低于表型相关估计值外,其他各性状间遗传相关估计值均高于表型相关估计值。

表 4 表型相关与遗传相关分析结果

Table 4 Results of phenotypic correlation and genetic correlation

性状 Trait	TZ	TG	TXC	XW	FW	GW	SZBG
TZ	1	0.92**	0.76**	0.89**	0.81**	0.88**	0.82**
TG	0.53**	1	0.72**	0.80**	0.87**	0.51**	0.91**
TXC	0.59**	0.45**	1	0.83**	0.44**	0.80**	0.64**
XW	0.68**	0.58**	0.47**	1	0.77**	0.88**	0.82**
FW	0.63**	0.46**	0.46**	0.93**	1	0.97**	0.95**
GW	0.69**	0.42**	0.58**	0.67**	0.52**	1	0.86**
SZBG	0.54**	0.87**	0.45**	0.65**	0.90**	0.53**	1

注:上三角为遗传相关,下三角为表型相关。**表示差异极显著($P < 0.01$)。

Note: The upper triangle is genetic correlation, and the lower triangle is phenotypic correlation. **. Extremely significant difference ($P < 0.01$).

3 讨论

3.1 关于遗传力

为准确估计宁夏安格斯牛生长性状的遗传参数,首先要构建一个合理的分析模型,即该模型不但在生产中具有可操作性,还能准确反映遗传与环境因素对性状的影响,本研究采用动物混合模型对安格斯牛的体质量及体尺性状遗传参数进行估计,来提高遗传参数估计的准确性,无论从遗传学和统计学的角度来看,还是从生产实践来看,动物混合模型要优于其他模型,可以最大限度地利用生产数据,有利于获得较准确的遗传参数估计值。

个体性状由遗传因素和环境因素共同决定,在研究一个性状的遗传效应和环境效益大小时,遗传力则起着十分重要的作用。遗传力是性状、群体和环境的综合体现,是数量遗传学中的一个重要遗传参数,其大小反应基因加性效应的大小,由于遗传力受群体和环境的影响较大,一般性状的估计遗传力都存在一定偏差,但仍有相对的稳定性和准确性,因此,在育种规划中提高遗传力估计值的准确性是非常必要的。完整的系谱记录,足够大的样本含量和相对稳定的饲养环境是提高遗传力估计准确性的必备条件^[11]。本研究中,安格斯牛体质量的遗传力为 0.5,与 BMY 牛(肉用品种)0.48^[12]体质量遗传力相近,低于 18 月龄短角牛(0.58)^[13]、18 月龄秦川牛(0.64)^[14]以及三和牛(0.64)^[15],高于新疆褐牛(0.34)^[16]、婆罗门牛(0.3)^[17]、博兰牛^[18]和罗曼西牛^[19]体高的遗传力估计值,与其他品种牛的体高遗传力存在一定的差异[18 月龄夏南牛(0.61)、18 月龄秦川牛(0.92)、新疆褐牛(0.31)、三和牛(0.84)和西门塔

尔牛(0.67)^[20];体斜长遗传力为 0.39,[18 月龄秦川牛(0.35)、18 月龄夏南牛(0.50)、新疆褐牛(0.36)、三和牛(0.93)、西门塔尔牛(0.67)和草原红牛(0.43)^[21]];胸围的遗传力为 0.6,略高于西门塔尔牛(0.56),远高于三和牛(0.24)、新疆褐牛(0.33)、18 月龄的夏南牛(0.49);腹围遗传力为 0.29;管围的遗传力为 0.69,高于新疆褐牛(0.16)、三和牛(0.24)、西门塔尔牛(0.33)和 18 月龄夏南牛(0.46);十字部高的遗传力估计值为 0.45,低于三和牛的遗传力估计值(0.6)。综上所述可知,本研究结果与前人研究结果基本一致,但与部分研究结果存在一定差异,造成这种差异的可能原因有品种间的差异,模型所用数据结构不同,以及考虑的不同随机效应所占比重不同等。安格斯牛体质量和体尺的遗传力变幅为 0.29~0.69,均属于较高遗传力性状,因此,在宁夏安格斯牛的选种选育过程中,加强对体质量和体尺性状的选择,对加快群体遗传选育进展具有积极作用。

3.2 关于遗传相关和表型相关

由于生物体所表现的各性状间存在着一定联系,当对某一个性状进行选择时,也会对其他性状间接地产生选择效果^[22-23]。通常采用遗传相关和表型相关来衡量各性状间的相关程度,本研究中,安格斯牛各性状间的遗传相关变幅为 0.44~0.97,表型相关为 0.42~0.93,表明安格斯牛体质量及体尺间的生长发育存在着不同程度的相关性。Lopes 等^[24]研究内洛尔牛发现各性状间也存在较强的遗传相关性,对遗传改良和选育提供捷径。因此,改良安格斯牛的某一性状时,也会相应地改变其他的性状,相关性越高,改良程度就越大。各性状间强的正相关有利于保持安格斯牛在

生长发育过程中的体型一致。性状间较强的正遗传相关表明,选择有利或不利一个性状时会随之导致相关性状的遗传改变^[25]。通过性状间的相关程度可以间接选择难以度量的性状,如本研究中的体质量与其他各体尺性状的遗传相关为0.76~0.92,均属于强的正相关,可以根据各体尺性状与体质量的遗传相关程度间接提高体质量的遗传改良效果。目前安格斯牛测定数量有限,准确性也有待提高,今后,随着样本数量的增加和数据准确性的提高,安格斯牛各性状遗传参数估计的准确性也会进一步提高。

4 结论

宁夏地区安格斯牛体质量、体高、体斜长、胸围、腹围、管围和十字部高的遗传力分别为0.5、0.6、0.39、0.6、0.29、0.69和0.45,属于中等偏高的遗传力。各性状间的遗传相关变幅为0.44~0.97,表型相关为0.42~0.93,且遗传相关和表型相关均呈正相关。

参考文献 Reference:

[1] 权富生,辛亚平,张涌,等.国内外引进安格斯肉牛的利用现状[J].中国牛业科学,2010,36(6):73-77.
QUAN F SH,XIN Y P,ZHANG Y,*et al.* The introduction and utilization of Angus cattle in China[J]. *China Cattle Science*,2010,36(6):73-77.

[2] 张想峰.我区进口安格斯肉牛养殖情况探讨[J].新疆畜牧业,2016(7):31-32.
ZHANG X F. Discussion on the breeding of Angus beef cattle in our district[J]. *Xinjiang Animal Husbandry*,2016(7):31-32.

[3] 许红喜,宋兆杰,孙晓玉.安格斯牛种质资源的研究进展[J].中国牛业科学,2014,40(4):37-38.
XU H X,SONG ZH J,SUN X Y. Advances in germplasm resources of Angus cattle[J]. *China Cattle Science*,2014,40(4):37-38.

[4] 赵亚国,施进文.安格斯肉牛在西北地区的引进饲养管理技术探讨[J].中国畜牧兽医文摘,2017,33(9):94-94.
ZHAO Y G,SHI J W. Angus's introduction of feeding and management technology in northwest China [J]. *Chinese Animal Husbandry and Veterinary Digest*,2017,33(9):94-94.

[5] 王凯,曹少奇,孙琪珉,等.全舍饲条件下安格斯肉牛生长性能及血液生化指标的比较研究[J].中国牛业科学,2016,42(3):4-7.
WANG K,CAO SH Q,SUN SH Q,*et al.* Comparative study on the growth performance and blood biochemical indices of Angus beef cattle under whole-house feeding conditions [J]. *Chinese Cattle Science*,2016,42(3):4-7.

[6] 梁敏,张文举,杨亮,等.发酵棉粕对安格斯肉牛生长性能和日粮养分消化率的影响[J].黑龙江畜牧兽医,2018(3):189-191.
LIANG M,ZHANG W J,YANG L,*et al.* Effects of fermented cotton meal on growth performance and dietary nutrient digestibility of Angus beef cattle [J]. *Heilongjiang*

Animal Husbandry Veterinarian,2018(3):189-191.

[7] 曹建新,齐莹莹,王钰龙,等.基于多性状动物模型估计大白猪、长白猪生长性状的遗传参数[J].畜牧与兽医,2017,49(11):154-156.
CAO J X,QI Y Y,WANG Y L,*et al.* Estimation of genetic parameters of growth traits in Large White and Landrace pigs based on multi-trait animal model[J]. *Animal Husbandry and Veterinary Medicine*,2017,49(11):154-156.

[8] 任小丽,张旭,王雅春,等.三河牛初生体尺和初生重遗传参数的估计[J].中国农业科学,2013,46(23):5020-5025.
REN X L,ZHANG X,WANG Y CH,*et al.* Genetic parameter estimation for body measurements and weight at birth in sanhe cattle [J]. *Agricultural Science of China*,2013,46(23):5020-5025.

[9] 张世轩.全球增暖背景下中国四季的划分及与夏季降水的关系[D].兰州:兰州大学,2013.
ZHANG SH X. The identification of four seasons in China and its relationship with summer rainfall under global warming[D]. Lanzhou:Lanzhou University,2013.

[10] 张沅.家畜育种学[M].北京:中国农业出版社,2008.
ZHANG Y. Animal Breeding[M]. Beijing:China Agriculture Press,2008.

[11] ORENGE J S K,ILSATSIAE D,KOSGEY I S,*et al.* Genetic and phenotypic parameters and annual trends for growth and fertility traits of Charolais and Hereford beef cattle breeds in Kenya[J]. *Tropical Animal Health and Production*,2009,41(5):767-774.

[12] 刘建勇,咎林森,黄必志. BMY肉牛育种性状的遗传参数估计[J].西北农业学报,2007,16(6):47-50.
LIU J Y,ZAN L S HUANG B ZH. Estimated BMY beef cattle breeding traits' inheritance parameter [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*,2007,16(6):47-50.

[13] 王鹏,陈平,赵仕峰,等.短角牛体重的遗传参数估测[J].云南畜牧兽医,2008(1):10-13.
WANG P,CHEN P,ZHAO SH F,*et al.* Estimation of genetic parameters of short-angle bovine body weight [J]. *Yunnan Animal Husbandry and Veterinary*,2008(1):10-13.

[14] 胡林勇,南小红,张金川,等.秦川牛部分体量性状的遗传参数估测[J].中国牛业科学,2006,32(4):3-6.
HU L Y,NAN X H,ZHANG J CH,*et al.* Estimation of genetic parameters of partial body-mass traits of Qinchuan cattle [J]. *China Cattle Science*,2006,32(4):3-6.

[15] 董刚辉,张旭,王雅春,等.三河牛成年母牛体尺体重性状遗传参数估计[J].畜牧兽医学报,2017,48(10):1843-1854.
DONG G H,ZHANG X,WANG Y CH,*et al.* Estimation of genetic parameters of body weight traits in Sanhe bovine adult cows [J]. *Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine*,2017,48(10):1843-1854.

[16] 周振勇,李红波,闫向民,等.新疆褐牛主要经济性状的遗传参数估计[J].中国农学通报,2015,31(2):8-12.
ZHOU ZH Y,LI H B,YAN X M,*et al.* Genetic parameter estimation of Xinjiang Brown cattle's main economic characters[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*,2015,31(2):8-12.

[17] ESTRADA-LEON R J,MAGANA-MONFORTE J G,SEGUAR-CORREA J C. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in South-eastern Mexico[J]. *Tropical Animal Health and Production*,2014,46:771-776.

- [18] WASIKE C B, INDETIE D, OJANGO J M K, *et al.* Direct and maternal (co) variance components and genetic parameters for growth and reproductive traits in the Boran cattle in Kenya [J]. *Tropical Animal Health and Production*, 2009, 41(5): 741-748.
- [19] SARMIENTO R M, GARCIA J P. Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Romosinuano cattle in the Colombian humid tropics [J]. *Genetics and Molecular Research*, 2007, 6(3): 482.
- [20] 周桂珍, 魏 趁, 张晓雪, 等. 用 DMU 软件估计西门塔尔母牛主要经济性状的遗传参数 [J]. *中国畜牧杂志*, 2018, 54(6): 43-46.
ZHOU G ZH, WEI CH, ZHANG X X, *et al.* Estimation of genetic parameters of main economic characters of Simmental cattle by DMU Software [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2018, 54(6): 43-46.
- [21] 金海国, 俞美子. 草原红牛主要经济性状的遗传参数估计 [J]. *河北农业大学学报*, 2002, 25(3): 74-77.
JIN H G, YU M Z. Estimation of genetic parameters for economic traits in red steppe [J]. *Journal of Hebei Agricultural University*, 2002, 25(3): 74-77.
- [22] 周清元, 张建奎, 王季春, 等. 甘薯早代品系部分数量性状的遗传相关分析 [J]. *西南大学学报*, 2001, 23(3): 222-224.
ZHOU Q Y, ZHANG J K, WANG J CH, *et al.* Genetic correlation analysis of some quantitative traits in early-generation strains of sweet potato [J]. *Journal of Southwestern University*, 2001, 23(3): 222-224.
- [23] 崔 翠, 周清元, 蒲海斌, 等. 甘薯部分数量性状的遗传力及其相关分析 [J]. *西南大学学报(自然科学版)*, 2004, 26(5): 560-562.
CUI C, ZHOU Q Y, PU H B, *et al.* The heritability and correlation analysis of some quantitative characters in sweet potato [J]. *Journal of Southwestern University (Natural Science Edition)*, 2004, 26(5): 560-562.
- [24] LOPES F B, FERREIRA J L, LOBO R B, *et al.* Bayesian analyses of genetic parameters for growth traits in Nelore cattle raised on pasture [J]. *Genetics and Molecular Research*, 2017, 16(3): 1-10.
- [25] AFOLAYAN R A, PITCHFOD W S, DELAND M P. Breed variation and genetic parameters for growth and body development in diverse beef cattle genotypes [J]. *Animal*, 2007, 1(1): 13-20.

Genetic Parameter Estimation for Body Measurements and Mass of Angus Cattle in Ningxia

FENG Xiaofang¹, FENG Yuan², ZHANG Juan¹, WANG Yu²,
HONG Long², WU Liang², GU Yaling¹ and JIANG Qiufei¹

(1. Agricultural College, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. Animal Husbandry Extension Station, Yinchuan 750001, China)

Abstract The study aims to estimate the genetic parameters of body mass and body size of 638 Angus cows in Ningxia area. Using DMU software DMUAI module AI-REML and combining with EM algorithm and multi-trait animal models, we considered the birthplace, year, season, and the age of month as fixed effect and genetic effect as random effect. The results showed that the heritability of body mass, body height, body length, chest girth, abdomen circumference, cannon circumference, and hip height were 0.5, 0.6, 0.39, 0.6, 0.29, 0.69 and 0.45, respectively, except for abdomen circumference, the rest of the traits were highly inheritable. Genetic correlations among these traits ranged from 0.44 to 0.97 and phenotypic correlation among these traits ranged from 0.42 to 0.93, it showed a strong positive correlation.

Key words Angus cattle; Body mass; Body traits; Genetic parameters

Received 2018-11-02 **Returned** 2019-01-19

Foundation item Ningxia Hui Autonomous Region Animal Husbandry Extension Station; Ningxia Angus Cattle Core Group Construction Project.

First author FENG Xiaofang, female, master student. Research area: animal genetics, breeding and reproduction. E-mail: xiaofangf@yeah.net

Corresponding author GU Yaling, female, professor, doctoral supervisor. Research area: animal genetics and breeding. E-mail: guyalings@sina.com

(责任编辑: 顾玉兰 Responsible editor: GU Yulan)