

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2018.17438

长牡蛎‘海大1号’生长性状的遗传参数评估

张景晓, 李琪, 徐成勋

中国海洋大学 海水养殖教育部重点实验室, 山东 青岛 266003

摘要: 分别以长牡蛎(*Crassostrea gigas*)‘海大1号’第8代和第9代选育群体中的个体为亲本, 采用巢式设计的交配方法, 于2016年和2017年分别获得41个和38个全同胞家系。根据各家系长牡蛎330日龄的壳高、壳长、壳宽和体重等表型参数, 通过建立多性状动物模型, 利用ASReml软件中的限制性极大似然法估算各表型变量的方差组分, 对‘海大1号’连续两代选育群体生长性状的遗传参数进行评估。结果表明, 两个选育世代的‘海大1号’生长性状均具有较高的变异水平, 变异系数为20.74%~55.14%, 各生长性状仍具有遗传改良潜力。‘海大1号’各生长性状间的表型相关均为正相关, 相关系数大小存在差异。3个壳型性状与体重的遗传相关均为正相关, 且处于较高水平(0.40~0.66)。除壳宽性状的遗传力较低外, 壳高、壳长与体重的遗传力在0.16~0.37, 均属中高等遗传力水平, 表明‘海大1号’经过多代选育后, 生长性状仍具有较大的加性遗传效应, 可根据个体表型值大小, 继续通过群体选育获得遗传进展。研究结果为长牡蛎‘海大1号’制种方案的制订和保种工作提供了参考依据。

关键词: 长牡蛎; ‘海大1号’; 生长性状; 遗传参数

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2018)05-0998-06

长牡蛎(*Crassostrea gigas*)又称太平洋牡蛎, 其适应能力强, 繁殖力高, 生长速度快, 营养丰富, 是我国北方主要的牡蛎养殖品种, 同时也是世界上产量最高的经济贝类。2016年, 中国的牡蛎产量达到483.5万t, 居世界首位^[1-2]。

中国从20世纪80年代开始进行长牡蛎苗种的人工繁育, 充分保障了牡蛎养殖的苗种供应^[3]。但由于养殖群体的亲贝来源相对单一且未经过遗传改良, 加之累代养殖和近亲繁育, 导致长牡蛎品质逐渐下降。近年来, 在长牡蛎养殖过程中出现了育苗成功率低, 壳型不规则, 个体偏小, 生长能力下降等现象, 给牡蛎养殖业造成了巨大的经济损失^[4]。通过选择育种对长牡蛎进行遗传改良, 培育出高产、优质、性状遗传稳定的新品种, 是解决当前问题的有效途径。自20世纪90年代以来, 美国、法国和澳大利相继开展了长牡蛎的

遗传改良计划^[5-8]。在国内, Li等^[9]采用群体选育的方法, 以生长速度和壳型作为选育指标, 经过连续8年选育, 成功培育出长牡蛎新品种‘海大1号’, 填补了我国牡蛎良种培育的空白。长牡蛎‘海大1号’具有生长速度快、壳型规则等特点, 目前已在我国长牡蛎主要养殖区逐步推广, 取得了良好的商业养殖效果。

评估相关表型性状的遗传参数对育种计划的制订和优化具有重要指导意义。遗传力和遗传相关是两个最基本的遗传参数, 其估计值的大小及准确性直接影响育种效率的高低。目前, 国内外已开展了许多经济贝类表型性状的遗传参数评估工作, 如海湾扇贝(*Argopecten irradians irradians*)^[10]、紫贻贝(*Mytilus galloprovincialis*)^[11]、虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*)^[12]、文蛤(*Meretrix meretrix*)^[13]和鲍(*Haliotis asinina*)^[14]等。在长牡蛎

收稿日期: 2017-12-09; 修订日期: 2018-03-01.

基金项目: 国家自然科学基金项目(31772843); 青岛市产业培育计划项目(17-3-3-64-nsh); 山东省科技发展计划项目(2016ZDJ-S06A06).

作者简介: 张景晓(1990-), 男, 博士研究生, 从事贝类遗传育种研究. E-mail: jingxiao2000@163.com

通信作者: 李琪, 教授. E-mail: qili66@ouc.edu.cn

的选择育种中, 国外学者分别报道了长牡蛎养殖群体生长、存活、抗病性等性状的遗传参数^[5-7]。国内方面, 王庆志等^[15]对养殖群体长牡蛎成体阶段生长性状的遗传参数进行了评估, 结果表明壳高的遗传力为中高等水平遗传力。

对普通养殖群体长牡蛎生长性状的遗传参数评估, 可为长牡蛎前期育种计划的制订提供参考依据。但遗传力、遗传相关等遗传参数不仅由性状本身的特点决定, 同时也受到物种所在群体遗传结构的影响, 长期继代选育会对相关表型性状的遗传效应产生影响, 进而导致同一性状的遗传力在不同选育世代间存在差异。在继代选育过程中, 根据遗传力和遗传相关等遗传参数的变化适时调整育种策略, 是保障选育性状持续获得遗传进展的重要前提^[16]。长牡蛎‘海大 1 号’经过连续多代人工选育, 其生长性状的遗传力是否发生变化? 是否还具有选育潜力? 这对合理制订长牡蛎育种方案至关重要, 但目前还未见相关报道。

本研究分别以长牡蛎‘海大 1 号’第 8 代和第 9 代个体为亲本, 采用巢式设计的交配方法, 建立‘海大 1 号’全同胞和半同胞家系, 以限制性极大似然法(REML)对长牡蛎‘海大 1 号’连续两代选育群体生长性状的遗传参数进行了估测, 旨在评估‘海大 1 号’选育潜力, 探讨长期继代选育对长牡蛎生长性状遗传力、遗传相关的影响, 为‘海大 1 号’后继育种策略的制订和保种工作提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 实验设计

分别于 2015 年 6 月和 2016 年 6 月从‘海大 1 号’第 8 代和第 9 代选育群体中挑选性腺饱满、性状优良的个体为亲贝, 经解剖并辨别雌雄后分别收集精卵, 进行人工授精。交配方法采用巢式交配设计, 每个雄性个体分别与 3 个雌性个体交配。2015 年共构建 15 个父系半同胞家系和 45 个全同胞家系, 2016 年生长至成贝时收获全同胞家系 41 个。2016 年共构建 10 个父系半同胞家系和 30 个全同胞家系, 2017 年生长至成贝时收获全同胞家系 28 个。

1.2 孵化、苗种培育与养成

长牡蛎受精、孵化及幼虫期间的管理参考王庆志等^[15]的方法。各家系在幼虫培育期间保持幼虫密度相同, 投饵、充气、换水等操作一致, 各家系间严防相互混杂。当牡蛎发育至眼点幼虫阶段, 以栉孔扇贝片作为附着基进行采苗, 每片附着基的采苗量控制在 20 个牡蛎苗左右。各家系分别于当年 8 月中旬转移至山东荣成海区进行养成。养成期间定期进行海上管理, 清除附着物, 保证各家系正常生长。

1.3 指标测定

分别于 2016 年 5 月和 2017 年 5 月对各家系 330 日龄长牡蛎的壳高、壳长、壳宽和体重等生长性状进行测定。每个家系随机测量 30 个个体。

1.4 数据分析

使用 SPSS 23.0 对各家系生长性状的数据进行初步整理。根据得到的数据, 建立多性状动物模型, 构建模型如下:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_{ijk} + I_{ij} + e_{ijk}$$

式中, Y_{ijk} 为长牡蛎生长性状的测量值, μ 表示总体均值, α_{ijk} 表示加性遗传效应, I_{ij} 表示父本与母本的交互作用, e_{ijk} 为随机残差。

遗传力的计算公式为

$$h^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_f^2 + \sigma_e^2)$$

遗传相关和表型相关的计算公式为

$$r_g = \text{cov}_g(x, y) / \sigma_g(x) \cdot \sigma_g(y)$$

$$r_p = \text{cov}_p(x, y) / \sigma_p(x) \cdot \sigma_p(y)$$

式中, h^2 为遗传力, σ_a^2 为加性遗传方差, σ_f^2 为家系遗传方差, σ_e^2 为随机效应方差; x 、 y 为用于相关分析的两个表型性状, cov_g 、 cov_p 分别表示两性状的遗传协方差组分和表型协方差组分, σ_g 、 σ_p 分别为遗传方差组分、表型方差组分的标准差。实验采用 ASReml 软件中的约束极大似然法进行遗传参数的估计。各方差组分通过在 R 软件中运行 ASReml 3.0 计算获得。

2 结果与分析

2.1 长牡蛎‘海大 1 号’生长性状的表型参数

长牡蛎‘海大 1 号’家系的生长性状的均值、标

准差和变异系数列于表 1。‘海大 1 号’2016 年家系与 2017 年家系的壳高、壳长、壳宽及体重均无显著性差异($P>0.05$)。各生长性状中,壳高和壳长的变异系数较小,其大小分别为 20.74%~21.13%和

22.00%~23.12%。相比之下,体重和壳宽的变异系数较高,大小分别为 47.85%~49.05%和 44.7%~55.14%,表明‘海大 1 号’体重与壳宽在个体间的差异更为显著,仍具有一定的遗传改良潜力。

表 1 长牡蛎‘海大 1 号’生长性状的表型参数

Tab. 1 Phenotypic parameters of growth-related traits of *Crassostrea gigas* ‘Haida No.1’

性状 trait	年份 year	个体数 number	均值 mean	标准差 SD	变异系数/% CV
壳高/mm shell height	2016	1230	54.60	11.33	20.74
	2017	840	53.04	11.21	21.13
壳长/mm shell length	2016	1230	34.62	7.62	22.00
	2017	840	33.45	7.73	23.12
壳宽/mm shell width	2016	1230	16.27	7.76	47.70
	2017	840	15.25	8.41	55.14
体重/g body weight	2016	1230	17.26	8.47	49.05
	2017	840	16.85	8.06	47.85

2.2 长牡蛎‘海大 1 号’壳高与各生长性状的回归分析

长牡蛎‘海大 1 号’各家系壳高与其他生长性状的线性回归分析见图 1。其中,壳高分别与壳长

和体重呈现显著的正相关性($P<0.05$),但壳高与壳宽的相关性不显著($P>0.05$)。‘海大 1 号’连续两代家系生长性状间的回归趋势线基本保持一致,表明‘海大 1 号’壳高与各性状间的相关性未受到选育代数的显著影响。

2.3 长牡蛎‘海大 1 号’生长性状的遗传参数估计

长牡蛎‘海大 1 号’不同选育世代生长性状的遗传参数评估见表 2 和表 3。壳高、壳长与体重的遗传力均为中高等水平遗传力,其大小分别为 0.22~0.37、0.16~0.18 和 0.18~0.22。与其他生长性状相比,壳宽的遗传力较低,其大小为 0.03~0.05。不同选育世代间‘海大 1 号’生长性状的遗传力大小均维持在相近水平。

各生长性状间的表型相关均为正相关,相关性大小存在差异,其中壳高、壳长与体重三者间的表型相关较高,大小为 0.42~0.54;壳宽与其他生长性状的表型相关则相对较低,大小为 0.12~0.25。遗传相关方面,3 个壳型性状与体重的相关性均为正相关,且处于较高水平,体重与壳高、壳长和壳宽的相关性大小依次为 0.45~0.66、0.49~0.58 和 0.40~0.46。

3 讨论

制订选择育种计划的直接目的是提高选育动物相关经济性状的表现,如生长、存活、抗病性等。生长性状作为数量性状,同时受到内源性多

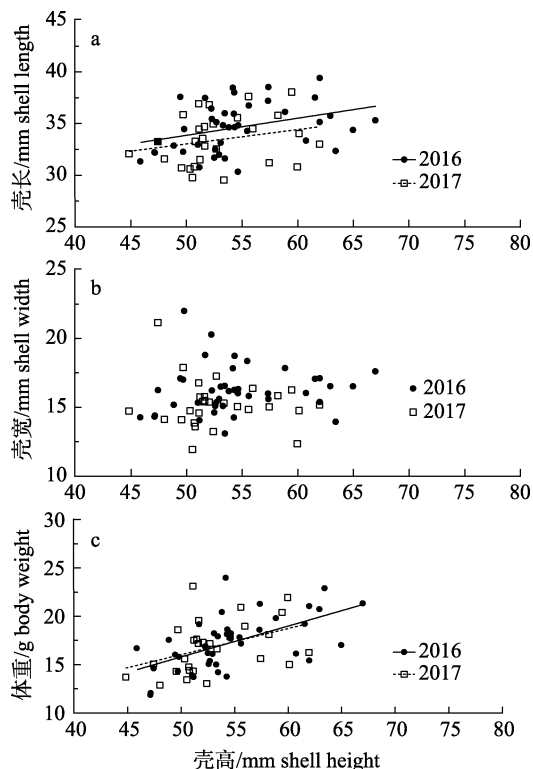


图 1 长牡蛎‘海大 1 号’家系壳高与壳长(a)、壳宽(b)和体重(c)的回归分析

Fig. 1 The regression analysis between shell height and shell length (a), shell width (b) and body weight (c) of *Crassostrea gigas* ‘Haida No.1’

表 2 长牡蛎‘海大 1 号’第 8 代选育群体生长性状的遗传力(对角线)、遗传相关(上三角)和表型相关(下三角)

Tab. 2 The heritability (in bold at the diagonal), genetic correlation (above the diagonal) and phenotypic correlation (below the diagonal) of growth-related traits of *Crassostrea gigas* ‘Haida No.1’ after eight generations of selection

性状 trait	壳高 shell height	壳长 shell length	壳宽 shell width	体重 body weight
壳高 shell height	0.37±0.08	0.34±0.19	0.11±0.27	0.66±0.13
壳长 shell length	0.42±0.03	0.16±0.05	0.75±0.20	0.58±0.16
壳宽 shell width	0.13±0.03	0.19±0.03	0.05±0.03	0.46±0.25
体重 body weight	0.47±0.03	0.48±0.02	0.25±0.03	0.18±0.06

表 3 长牡蛎‘海大 1 号’第 9 代选育群体生长性状的遗传力(对角线)、遗传相关(上三角)和表型相关(下三角)

Tab. 3 The heritability (in bold at the diagonal), genetic correlation (above the diagonal) and phenotypic correlation (below the diagonal) of growth-related traits of *Crassostrea gigas* ‘Haida No.1’ after nine generations of selection

性状 trait	壳高 shell height	壳长 shell length	壳宽 shell width	体重 body weight
壳高 shell height	0.22±0.07	0.20±0.26	-0.30±0.42	0.45±0.21
壳长 shell length	0.46±0.03	0.18±0.07	0.67±0.33	0.49±0.21
壳宽 shell width	0.12±0.04	0.16±0.03	0.03±0.03	0.40±0.38
体重 body weight	0.51±0.03	0.54±0.03	0.21±0.03	0.22±0.08

位点微效等位基因控制和外源性环境因素的影响,在个体或家系间存在差异^[17]。王清印等^[18]研究发现,水产动物生长性状的变异系数一般为 20%~35%,远高于陆生动物(7%~10%)。Liu 等^[19]评估了不同选育世代杂色鲍(*Haliotis diversicolor*)生长性状的变异系数为 10.5%~24.4%。本研究中,两个选育世代‘海大 1 号’的生长性状均具有较高的变异水平,其变异系数大小为 20.74%~55.14%。‘海大 1 号’4 个生长性状间变异系数差异较大,其中体重的变异系数约为壳高变异系数的 2 倍,这表明‘海大 1 号’体重性状在个体间差异较为显著,而壳高性状经过连续多代选育,在后代个体中得到了比较稳定的遗传。

遗传力是描述数量性状遗传规律最基本的遗传参数,根据表型性状遗传力的高低选择不同的选育方案,可提高育种工作的效率。对遗传力高的性状,可根据个体表型值进行选择;而遗传力低的性状受环境影响大,应采用家系选育的方法,根据后代个体的平均表型值进行选择^[18]。目前,国内外开展了大量长牡蛎经济性性状遗传力评估的工作。Hedgecock 等^[20]采用全同胞组内相关法对长牡蛎收获期体重的遗传力进行了估算,估计值为 0.20。Ernande 等^[21]评估了长牡蛎幼虫生长速度的狭义遗传力为 0.24。Kong 等^[22]采用全因子交配的方法,利用 45 个全同胞家系评估了 360 日龄长牡蛎壳高、壳长、壳宽和湿重的遗传力大小,均为中高等水平遗传力。本研究采用多性状动物模

型和 REML 法估计长牡蛎‘海大 1 号’壳高、壳长、壳宽和体重的遗传力分别为 0.22~0.37、0.16~0.18、0.03~0.05 和 0.18~0.22;其中,除壳宽性状遗传力较低外,其他生长性状均为中高等遗传力水平。这表明长牡蛎‘海大 1 号’生长性状仍具有较大的加性遗传效应,可根据个体表型值大小,继续通过群体选育获得遗传进展。遗传力具有群体特异性,群体遗传结构的改变会影响遗传力的大小,长期的继代选育可能使群体遗传基础一致性增强,导致加性方差下降,遗传力降低。在本研究中,经多代选育后‘海大 1 号’生长性状的遗传力仍维持在较高水平,这可能与‘海大 1 号’群体具有较高的遗传多样性有关,长期继代选育并未使‘海大 1 号’群体遗传多样性和生长性状的遗传效应发生显著改变。黄付友等^[23]评估了经过连续 10 代选育的中国明对虾(*Fenneropenaeus chinensis*)群体体长性状的遗传力为 0.44~0.53,仍属高等遗传力,这与本研究结果相似。另外,采用不同动物模型估计的方差组分不同,使得遗传力评估存在差异。本研究使用的多性状动物模型,能够充分利用后代及亲本间一切可知的亲缘关系资料,克服了公畜模型(sire-model)和亲本模型(sire-dam model)存在的亲本效应的影响,同时将‘海大 1 号’壳高、壳长、壳宽和体重多个性状进行联合分析,提高了单个性状遗传参数估计的准确性,使得遗传力的估计值较为接近其真实值。

不同性状间的表型相关受遗传相关和环境相

关的共同影响,两个性状的遗传力越高,表型相关受到遗传相关的影响越大。本研究中,‘海大 1 号’各生长性状间的表型相关均为正相关,但相关性大小存在差异,这可能是基因与环境相互作用的结果^[24]。利用两性状的遗传相关,对目标性状进行相关选择是水产动物育种中常用的育种方法。两性状间遗传相关水平越高,间接选育的效果越好。在牡蛎育种工作中,各生长性状间的遗传相关一直受到广泛关注。Newkirk 等^[25]研究发现,同时期欧洲牡蛎的生长性状间存在连续的相关性。Losee^[26]报道了美洲牡蛎(*C. virginica*)眼点幼虫生长速度和附着后稚贝生长速度间存在较高的遗传正相关。Kong 等^[22]研究表明长牡蛎壳高与体重存在较高的遗传正相关,其大小为 0.79。与上述研究结果相似,本研究发现‘海大 1 号’3 个壳型性状与体重间的遗传相关均为正相关且处于较高水平,表明对‘海大 1 号’壳型性状的选择有利于对其体重性状的间接选育。

参考文献:

- [1] Food and Agriculture Organization. Global aquaculture production 1950–2015[M]. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2016.
- [2] Fisheries and Fishery Administration, the Ministry of Agriculture. China Fishery Statistical Yearbook 2017[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2017. [农业部渔业渔政管理局. 中国渔业统计年鉴 2017[M]. 北京: 中国农业出版社, 2017.]
- [3] Wang R C, Wang Z P. Seafish shellfish farming[M]. Qingdao: China Ocean University Press, 2008: 116-174. [王如才, 王昭萍. 海水贝类养殖[M]. 青岛: 中国海洋大学出版社, 2008: 116-174.]
- [4] Yu R H, Li Q, Wang Z P, et al. The current situation of culture of Pacific oyster(*Crassostrea gigas*) in north of China[J]. Scientific Fish Farming, 2008(6): 3-5. [于瑞海, 李琪, 王照萍, 等. 我国北方太平洋牡蛎育苗及养殖现状[J]. 科学养鱼, 2008 (6): 3-5.]
- [5] Langdon C, Evans F, Jacobson D, et al. Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection[J]. Aquaculture, 2003, 220(1-4): 227-244.
- [6] Dégremont L, Ernande B, Bédier E, et al. Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth [J]. Aquaculture, 2007, 262(1): 41-53.
- [7] Dégremont L, Bédier E, Boudry P. Summer mortality of hatchery-produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). II. Response to selection for survival and its influence on growth and yield[J]. Aquaculture, 2010, 299(1-4): 21-29.
- [8] Ward R D, English L J, McGoldrick D J, et al. Genetic improvement of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* (Thunberg) in Australia[J]. Aquaculture Research, 2000, 31(1): 35-44.
- [9] Li Q, Wang Q, Liu S, et al. Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*[J]. Fisheries Science, 2011, 77(4): 643-648.
- [10] Zheng H, Zhang G, Liu X, et al. Sustained response to selection in an introduced population of the hermaphroditic bay scallop *Argopecten irradians irradians* Lamarck (1819)[J]. Aquaculture, 2006, 255(1-4): 579-585.
- [11] Nguyen T T T, Hayes B J, Ingram B A. Genetic parameters and response to selection in blue mussel (*Mytilus galloprovincialis*) using a SNP-based pedigree[J]. Aquaculture, 2014, 420: 295-301.
- [12] Liang J, Zhang G F, Zheng H P. Divergent selection and realized heritability for growth in the Japanese scallop, *Patinopecten yessoensis* Jay[J]. Aquaculture Research, 2010, 41: 1315-1321.
- [13] Wang H, Chai X, Liu B. Estimation of genetic parameters for growth traits in cultured clam *Meretrix meretrix* (Bivalvia: Veneridae) using the Bayesian method based on Gibbs sampling[J]. Aquaculture Research, 2011, 42(2): 240-247.
- [14] Lucas T, Macbeth M, Degnan S M, et al. Heritability estimates for growth in the tropical abalone *Haliotis asinina* using microsatellites to assign parentage[J]. Aquaculture, 2006, 259(1-4): 146-152.
- [15] 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. [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.]
- [16] Gjedrem T. Genetic improvement for the development of efficient global aquaculture: a personal opinion review[J]. Aquaculture, 2012, 344: 12-22.
- [17] Falconer D S, Mackay T F C. Introduction to Quantitative Genetics[M]. 4th ed. Chu M X, trans. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 79-84. [Falconer D S, Mackay T F C. 数量遗传学导论[M]. 第 4 版. 储明星, 译. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 79-84.]
- [18] Wang Q Y, Kong J, Jiang S G, et al. Principles and Practices of Breeding in Aquatic Organisms[M]. Beijing: Science Press, 2013: 21-35. [王清印, 孔杰, 江世贵, 等. 水产生物育种理论与实践[M]. 北京: 科学出版社, 2013: 21-35.]
- [19] Liu J, Lai Z, Fu X, et al. Genetic parameters and selection responses for growth and survival of the small abalone *Haliotis diversicolor* after four generations of successive selection[J]. Aquaculture, 2015, 46: 58-64.
- [20] 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(2): 516.
- [21] 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.

- [22] Kong N, Li Q, Yu H, et al. Heritability estimates for growth-related traits in the Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) using a molecular pedigree[J]. *Aquaculture Research*, 2015, 46(2): 499-508.
- [23] Huang F Y, He Y Y, Li J, et al. Estimates for the heritability of body length in shrimp *Fenneropenaeus chinensis* is named “Huanghai No.1”[J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2008, 38(2): 269-274. [黄付友, 何玉英, 李健, 等.“黄海 1 号”中国对虾体长遗传力的估计[J]. *中国海洋大学学报*, 2008, 38(2): 269-274.]
- [24] Evans S, Langdon C. Effects of genotype \times environment interactions on the selection of broadly adapted Pacific oysters (*Crassostrea gigas*)[J]. *Aquaculture*, 2006, 261(2): 522-534.
- [25] Newkirk G F, Haley L E. Phenotypic analysis of the European oyster *Ostrea edulis* L.: relationship between length of larval period and postsetting growth rate[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 1982, 59(2-3): 177-184.
- [26] Losee E. Relationship between larval and spat growth rates in the oyster (*Crassostrea virginica*)[J]. *Aquaculture*, 1979, 16(2): 123-126.

Estimates of genetic parameters of growth-related traits in *Crassostrea gigas* ‘Haida No. 1’

ZHANG Jingxiao, LI Qi, XU Chengxun

Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education; Ocean University of China, Qingdao 266003, China

Abstract: The Pacific oyster *Crassostrea gigas*, naturally distributed in the Pacific Coast of Asia, has become a global aquaculture species owing to its high fecundity and strong environmental adaptability. It is also the most highly produced mollusk species worldwide, and China is the top oyster-producing country. Although China is the highest producer of oysters with a long history of oyster aquaculture, there are no well-documented cases of selective breeding. To genetically improve the productivity traits of *C. gigas*, we initiated a selective breeding program in 2007, concentrating on the establishment of selected strains by mass selection with fast growth rate. After eight generations of selection, significant genetic gains in growth rate were observed in the selected strains. In 2014, the fast-growing strain of *C. gigas* ‘Haida No.1’ was established. However, the genetic parameters of growth-related traits in Haida No.1 are still undetermined. As a result of successive selection in closed population, genetic parameters varied between different generations of selected strains. The estimates of heritability and genetic correlation for growth-related traits in Haida No.1, which experienced numerous generations of selection, is of great benefit to long-term breeding program, contributing to the evaluation of increased genetic gains in future generations. In the present study, genetic parameters were estimated for growth-related traits in Haida No.1 after eight and nine generations of selection. A total of 41 and 28 full-sib families were obtained by a nested mating design (1 sires \times 3 dams) consisting of 60 and 40 broodstocks, which were obtained from the eighth- and ninth-generation selected strains of Haida No.1 in 2015 and 2016, respectively. The shell height, shell length, shell width, and body weight of 2,070 progeny representing 69 full-sib families were recorded at the age of 330 d. The variance components and genetic parameters were obtained from multi-trait animal models using ASReml 3.0 in the R Programming Language. The growth-related traits of Haida No. 1 had a high value of coefficient of variation, which showed a potential for successive selective breeding. The phenotypic correlations between the growth-related traits were positive and varied among different traits. The genetic correlation between body weight and shell shape-related traits (shell height, width, and length) was positive, ranging from 0.40 to 0.66. The heritability estimates of shell height, shell length, and body weight ranged from 0.16 to 0.37, belonging to moderate and high levels of heritability. These results suggest that the effects of successive mass selection on the genetic parameters of growth-related traits in Haida No. 1 were negligible. The high genetic diversity and stable genetic structure of selected strains of Haida No. 1 might be responsible for the high estimates of growth-related trait heritability. The results provide important information for future breeding programs of *C. gigas* ‘Haida No. 1’.

Key words: *Crassostrea gigas*; ‘Haida No. 1’; growth-related trait; genetic parameter

Corresponding author: LI Qi. E-mail: qili66@ouc.edu.cn