

T/NAASS

宁夏回族自治区农学会团体标准

T/NAASS 013—2022

荷斯坦青年母牛全基因组选择技术规程

Code of practice for genomic selection of Holstein heifers

（报批稿）

在提交反馈意见时，请将您知道的相关专利连同支持性文件一并附上。

2022 - 11 - 11 发布

2022 - 12 - 15 实施

宁夏回族自治区农学会 发布

前 言

本文件按照GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定起草。

专利免责声明：本文件的某些内容可能涉及专利，本文件的发布机构不承担识别专利的责任。

本文件由宁夏回族自治区科技厅提出。

本文件由宁夏回族自治区农学会归口。

本文件起草单位：宁夏回族自治区畜牧工作站、宁夏回族自治区兽药饲料监察所、中国农业大学、宁夏大学、宁夏农垦乳业股份有限公司、贺兰中地生态牧场有限公司。

本文件主要起草人：田佳、王雅春、张毅、侯丽娥、马苗苗、温万、徐寒、苏海鸣、邵怀峰、秦春华、李艳艳、顾亚玲、郝峰、张艳梅、张伟新、李委奇、王琨、路婷婷、刘维华、张宇、脱征军、厉龙、朱继红、毛春春、周佳敏、刘超、虎雪姣、任宇佳。

荷斯坦牛青年母牛全基因组选择技术规程

1 范围

本文件规定了宁夏荷斯坦牛青年母牛全基因组选择的术语和定义、基因组选择平台构建和基本流程等。

本文件适用于宁夏规模奶牛场荷斯坦青年母牛全基因组选择及核心群组建。

2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB/T 3157	中国荷斯坦牛
GB/T 40184	畜禽基因组选择育种技术规程
GB/T 35568	中国荷斯坦牛体型鉴定技术规程
GB/T 35569	中国荷斯坦牛公牛后裔测定技术规程
NY/T 1450	中国荷斯坦牛生产性能测定技术规范
NY/T 1673	畜禽微卫星DNA遗传多样性检测技术规程

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

3.1

荷斯坦牛青年母牛 holstein heifer

指从断奶至第一次分娩的荷斯坦牛。

3.2

系谱 pedigree

用来记录牛只出生日期及其祖先信息的家系档案，包括牛只编号、性别、出生日期、父亲、母亲、祖父、祖母、外祖父和外祖母等信息。

3.3

表型 phenotype

具有特定基因型的个体，在一定环境条件下，所表现出来的性状特征。应与某一具体性状相关联。

3.4

基因型 genotype

DNA双螺旋结构上，不同碱基（A/T/G/C）的核苷酸排列顺序在DNA的某一段落上构成某个功能片段，即是基因，全部基因组合的总称为基因型。

3.5

生产性能测定 dairy herd improvement

每月一次测定并记录泌乳牛的产奶量，采集其全天挤奶的混合样测定乳成分、体细胞和尿素氮等性能与健康指标，结合胎次及每月产犊、干奶、淘汰、繁殖等牛群变动信息，经专用软件分析处理后形成分析报告，用来指导牛场生产管理和育种工作。

[来源: DB/T 1014-2014, 3.1, 有修改]

3.6

体型鉴定 type classification

针对荷斯坦牛青年母牛个体体型性状,按生物学特性的变异范围,定出性状的最大值和最小值,然后以线性的尺度进行评分的方法。

[来源: GB/T 35568-2017, 3.1, 有修改]

3.7

基因组参考群 genomic reference population

由既有基因型信息又有表型信息的个体所组成的,用来估算候选群体基因组育种值的群体。

3.8

系谱育种值 pedigree breeding value

根据个体亲代估计育种值估算的个体育种值,常用计算公式:系谱育种值=(父亲育种值*0.5+外祖父育种值*0.25)/0.75。

3.9

基因组候选群 genomic candidate population

由具备基因型、有待预测基因组育种值的个体组成的群体。

3.10

遗传评估 genetic and genomic estimation

通过数量遗传学方法和统计学模型估计个体育种目标性状的加性遗传效应的过程,是奶牛种用价值的主要评价方法和技术手段。

3.11

基因组选择 genomic selection

利用覆盖全基因组的遗传标记预测畜禽个体育种值,从而实现根据个体预测育种值对个体进行早期选择的方法。

[来源: GB/T 40184-2021, 3.1, 有修改]

3.12

常规育种值 traditional estimated breeding value

使用常规遗传评估方法,如基于最佳线性无偏预测(BLUP)的动物模型,利用系谱信息和表型记录估计的个体加性遗传效应(EBV)。

3.13

基因组育种值 genomic estimated breeding value

基于基因组参考群个体的基因型和表型信息,对仅有基因型信息的个体应用基因组遗传评估方法预测的育种值称为直接遗传值(DGV),DGV与缘于常规遗传评估的系谱指数加权后求和获得基因组育种值(GBV)。

4 基因组选择平台构建

具体构建流程参照GB/T 40184规定执行。

4.1 参考群组建

本标准参照中国荷斯坦牛基因组选择技术平台组建参考群，包括母牛、验证公牛的个体单核苷酸多态性（SNP）基因型和产奶、体细胞、体型等30个性状的估计育种值信息。一般个体SNP基因型信息采用商用芯片进行测定，包括均匀覆盖基因组的5万个SNP以上。

4.2 表型测定

体型鉴定按照 GB/T 3556 规定执行；后裔测定按照 GB/T 35569 规定执行；生产性能测定按照 NY/T 1450 规定执行。

4.3 构建预测方程

基于基因组信息的最佳无偏线性估计（GBLUP）方法，利用SNP基因型信息和估计育种值构建预测方程，被预测个体应具备SNP基因型信息。

4.4 综合育种值排名

根据中国奶牛基因组选择性能指数（Genomic China Performance Index, GCPI）公式，计算青年母牛的基因组综合育种值，并根据综合育种值大小对青年母牛进行排序，选出综合育种值排名靠前的青年母牛组建核心群。

GCPI的计算公式如下：

$$GCPI = 4 \times \left[25 \times \frac{GEBV_{Fat}}{22.0} + 35 \times \frac{GEBV_{Prot}}{17.0} - 10 \times \frac{GEBV_{SCS} - 3}{0.46} + 8 \times \frac{GEBV_{Type}}{5} + 14 \times \frac{GEBV_{MS}}{5} + 8 \times \frac{GEBV_{EL}}{5} \right] + 1800$$

式中：GEBVFat、GEBVProt、GEBVSCS、GEBVType、GEBVMS、GEBVFL分别是乳脂量、乳蛋白量、体细胞评分、体型总分、泌乳系统评分、肢蹄评分性状的合并基因组估计育种值，分母是相应性状估计育种值的标准差。

5 基本流程

5.1 筛选基因组及候选群个体选择

5.1.1 依据荷斯坦奶牛生产性能测定（DHI）、体型鉴定数据库，进行遗传评估后利用中国奶牛性能指数（CPI）排名，筛选CPI排名前25%母牛的女儿。

5.1.2 依据荷斯坦牛DHI记录筛选305d产奶量、乳脂量和乳蛋白量排名前25%，体型鉴定评分82分以上母牛的女儿。

5.1.3 依据荷斯坦牛系谱育种值排队，筛选排名前25%的青年母牛。

5.1.4 经基因组检测，筛选单项或综合选择指数的基因组育种值排名前列的荷斯坦青年母牛所繁育的女儿。

5.2 样品采集

5.2.1 血样采集

颈静脉或牛尾静脉采血，采集3mL左右血样放入含有抗凝剂的5mL采血管中。取1mL左右抗凝血在血斑卡上均匀涂抹约直径为2cm的面积，其余血样在-20℃冻存备用。

5.2.2 毛囊采样

从奶牛尾根处采集牛毛，拔取被毛20根~30根（所拔的牛毛根部必须带有白色毛囊），放入毛囊采集卡或者毛囊采集管中。

5.2.3 样品的储藏与运输

血液样品采集和运输过程中需保持2℃~8℃，可使用冰袋或干冰，密封于保温泡沫盒中。

毛囊样品或血斑卡采用常温方式邮寄，样品四周用防震塑料泡沫填充泡沫箱即可。

5.3 DNA 提取

所提取的DNA应符合基因芯片或测序对样品质量和数量的要求。DNA提取方法按照NY/T 1673的规定执行。

5.4 基因型测定

采用全基因组SNP芯片或基因组测序的方法，对所采集的生物样品进行基因分型。

5.5 表型信息整理

收集整理测定牛只的系谱信息、母亲的体型鉴定及各胎次生产性能测定数据。

5.6 基因组预测结果

针对4.1中奶牛各类育种目标性状，采用相应的统计模型，依据芯片测定结果，对个体进行育种值预测，计算被测牛各性状的基因组育种值，再利用4.4公式计算GCPI。

5.7 核心群组建

牧场根据GCPI_{****}所计算的结果排序，结合生长性能、体型及健康状况，可尽早做出选淘决定、筛选优秀青年母牛，组建核心群，实施选配以不断提升后代遗传水平。
