



# 中华人民共和国国家标准

GB/T ××××—201×

## 畜禽分子标记辅助育种技术规程

Technical code of breeding practice with molecular marker assisted  
selection for livestock and poultry

20××-××-×× 发布

20××-××-×× 实施

国家市场监督管理总局  
中国国家标准化管理委员会 发布

# 前 言

本标准按照 GB/T 1.1—2009 给出的规则起草。

本标准由中国标准化研究院提出并归口。

本标准起草单位：中国农业科学院北京畜牧兽医研究所、华中农业大学、中国标准化研究院。

本标准主要起草人：李奎、刘志国、赵书红、朱猛进、吴添文、李新云、牟玉莲、王冰源、马爱进。

# 畜禽分子标记辅助育种技术规程

## 1 范围

本标准规定了畜禽分子标记辅助育种的基本要求和操作要求。  
本标准适用于猪、牛、山羊、绵羊和鸡的分子标记辅助育种,其他动物育种可参考使用。

## 2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是必不可少的。凡是注日期的引用文件,仅注日期的版本适用于本文件。凡是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。

- NY/T 821 猪肌肉品质测定技术规范
- NY/T 822 种猪生产性能测定规程
- NY/T 825 瘦肉型猪胴体性状测定技术规范
- NY/T 828 肉鸡生产性能测定技术规范
- NY/T 1236 绵、山羊生产性能测定技术规范
- 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
- NY/T 2123 蛋鸡生产性能测定技术规范
- NY/T 2660 肉牛生产性能测定技术规范
- 转基因动物及其产品成分检测 DNA 提取和纯化(农业部 2406 号公告-7-2016)

## 3 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

### 3.1

**标记辅助选择** **marker assisted selection; MAS**  
利用与目标性状紧密连锁的 DNA 分子标记对目标性状进行间接选择的育种技术。

### 3.2

**标记辅助最佳线性无偏预测** **marker assisted best linear unbiased prediction; MA-BLUP**  
适用于畜禽 MAS 的一种混合线性模型方法,该混合线性模型将个体育种值剖分为前景分子标记效应与背景微效多基因效应两部分,通过混合模型方程组(MME)同时求解分子标记效应与微效多基因效应,畜禽个体估计育种值为分子标记效应和微效多基因效应之和。

### 3.3

**分子净值** **net molecular score**  
在畜禽 MAS 的选择指数中,由分子标记效应值构成的部分,本质为与分子标记相关的所有数量性状基因座(quantitative trait locus, QTL)加性效应的总和。

### 3.4

**选择指数** **selection index**  
畜禽 MAS 的一种方法,由分子净值与个体表型值的离差值两部分加权合并而成。

## 4 基本要求

4.1 标记辅助选择的适用范围和条件应满足以下基本要求：

- a) 已知目标性状的主效基因或与之紧密连锁的标记，且分型标记来自于主基因内部或与之紧密连锁的侧翼标记；
- b) 单基因或寡基因的标记辅助选择主要适用于质量性状、阈性状（如疾病性状）以及数量性状已知主基因或大效应位点的情形；
- c) 多基因标记辅助选择的适用对象主要为数量性状或多阈性状（如猪的产仔数）；
- d) 多基因标记辅助选择应已知目标性状的若干位点或关联标记，宜利用少量标记；
- e) 分子标记类型一般是单核苷酸多态性。

4.2 标记辅助选择的实施单位或委托单位应具备样品采集、运输、标识和储存、表型测定与采集、基因分型的试验条件和技术人员，确保表型、基因分型数据的完整性和可追溯性。

4.3 标记辅助选择由一系列程序或活动组成，包括生物样品采样、DNA 提取和纯化、DNA 定量分析、基因分型、分子标记或与分子标记连锁 QTL 的基因型（或基因型组合）的判定、个体育种值/选择指数评估、目标个体的保留与淘汰等环节。

## 5 操作要求

### 5.1 采样

- 5.1.1 样品可以是组织样、血液样，也可以是可提取 DNA 的生物学样品。
- 5.1.2 样品采集需要避免个体间 DNA 交叉污染，每个个体的采样工具需要更换或清洗。
- 5.1.3 样品采集后应冷冻保存。
- 5.1.4 采样时，需要填写采样人、采样地点、采样日期、被采个体耳号（或其他有效记录个体身份的编号）、样品编号等，并妥善保存采集样本照片以及相关记录。

### 5.2 DNA 提取与纯化

按照 NY/T 1673 以及《转基因动物及其产品成分检测 DNA 提取和纯化》中的规定执行。

### 5.3 基因分型

#### 5.3.1 基因或标记位点的选择

应符合孟德尔遗传定律，且具有多态性，宜选择经过验证的基因或标记。

#### 5.3.2 分型

单基因标记可采用基于 PCR 扩增产物的相关方法判读基因型（如 PCR-RFLP、PCR-SSCP 等）。多基因标记可采用分别针对每个标记分型的策略，亦可采用适合多基因标记分型的其他方法开展基因分型（如小型芯片、Sequenom 等）。

### 5.4 表型测定

#### 5.4.1 适用范围

单基因标记辅助选择无需进行表型测定，寡基因和多基因标记辅助选择宜进行表型测定以增加选择的准确性。

5.4.2 猪的表型测定

- 5.4.2.1 猪肌肉品质测定的指标、方法和条件按照 NY/T 821 规定执行。
- 5.4.2.2 种猪生产性能测定的基本条件, 受测猪的选择, 测定项目、方法及结果的评定方法按照 NY/T 822规定执行。
- 5.4.2.3 瘦肉型猪胴体性状测定的方法按照 NY/T 825 规定执行。

5.4.3 牛的表型测定

- 5.4.3.1 中国荷斯坦牛生产性能测定内容、操作步骤和要求按照 NY/T 1450 规定执行。
- 5.4.3.2 肉牛主要生产性能测定的性状与方法按照 NY/T 2660 规定执行。

5.4.4 羊的表型测定

绵羊、山羊生产性能测定按照 NY/T 1236 规定执行。

5.4.5 鸡的表型测定

- 5.4.5.1 蛋鸡生产性能测定的基本条件、受测品种的要求、种蛋取样、测定数量和重复数、测定项目、测定和统计方法、饲养管理条件、饲料要求、记录档案、检验报告等要求按照 NY/T 2123 规定执行。
- 5.4.5.2 肉种鸡、商品肉鸡生产性能测定的程序、项目和条件按照 NY/T 828 规定执行。

5.5 标记辅助选择

5.5.1 单基因或寡基因的标记辅助选择

5.5.1.1 直接选择

直接根据育种群的基因分型结果, 淘汰非理想基因型或基因型组合的个体, 保留理想基因型或基因型组合的个体。

5.5.1.2 两阶段选择法

在直接选择法基础上增加传统遗传评估环节。第一阶段, 根据育种群的基因分型结果, 保留理想基因型或基因型组合的个体, 淘汰非理想基因型或基因型组合的个体。第二阶段, 对保留个体组成的育种群, 实施传统遗传评估, 根据目标性状的个体育种值选留优秀亲本。

5.5.2 多基因标记辅助选择

5.5.2.1 选择指数

计算分子净值和表型离差, 加权分子净值和表型离差, 构建选择指数(参见附录 A), 根据个体选择指数的计算值排序, 按预设留种率选留优秀亲本。

5.5.2.2 MA-BLUP

利用 MA-BLUP 模型(参见附录 B)整合系谱、表型和标记信息, 估计个体 MA-BLUP 育种值并排序, 按预设留种率选留优秀亲本。

附 录 A  
(资料性附录)  
选择指数公式及说明

选择指数计算见式(A.1):

$$I = b_z z + b_m m \dots\dots\dots (A.1)$$

式中:

- $b_z$  ——表型离差在选择指数中所占的权重;
- $z$  ——表型离差;
- $b_m$  ——分子净值在选择指数中所占的权重;
- $m$  ——分子净值。

如果  $b_z$  设为 1,那么  $b_m$  计算见式(A.2):

$$b_m = (1/h^2 - 1)/(1 - p) \dots\dots\dots (A.2)$$

式中:

- $h^2$  ——性状狭义遗传力的遗传方差比例;
- $p$  ——性状分子标记解释的遗传方差比例。

一般利用多元回归方法捕获与 QTL 有连锁不平衡(linkage disequilibrium, LD)的标记效应,累加标记相关的所有 QTLs 的加性效应值,得到分子净值。通过个体表型值与群体均值得到个体表型值的离差值。对于多性状,可以用直接求和的方式,或者以各性状经济值加权求和的方式,合并不同性状的选择指数,构建出一个综合选择指数。

附 录 B  
(资料性附录)

MA-BLUP 模型及说明

MA-BLUP 基本模型计算见式(B.1)：

$$y = Xb + Wa + Zu + e$$

.....( B.1 )

式中：

- $y$  ——为性状表型值向量；
  - $X$  ——为  $b$  的关联矩阵；
  - $b$  ——为非遗传固定效应向量；
  - $W$  ——为  $a$  的关联矩阵；
  - $a$  ——为分子标记提供的前景遗传效应值；
  - $Z$  ——为  $u$  的关联矩阵；
  - $u$  ——为系谱信息提供的背景遗传值，即剩余多基因加性效应向量；
  - $e$  ——为个体随机残差向量。
-