

浅析肉牛重要经济性状的精准鉴定技术

何豫涵^{1,2}, 樊红灯^{1,2#}, 李 凯³, 王龙威^{1,2}, 白俊艳², 张 俊^{1*}

(1. 北京市农林科学院信息技术研究中心, 北京 100097; 2. 河南科技大学动物科技学院, 河南洛阳 030800;

3. 河南省政务大数据中心, 河南郑州 450002)

摘要: 基因定位、基因组测序等生物信息学技术的发展, 以及人工智能、大数据、云计算等信息技术的应用, 为肉牛重要经济性状的精准鉴定提供了新的方法和手段。该文介绍了肉牛重要经济性状的精准鉴定技术现状, 从表型精准鉴定和基因型精准鉴定两个角度出发, 阐述了传感器、图像识别等测量技术, 以及基因定位、全基因组关联分析等分析技术在精准鉴定中的应用, 并对存在的问题和未来的发展方向进行探讨, 以期为我国肉牛产业的发展提供参考。

关键词: 生长发育性状; 肉质性状; 表型鉴定; 精准鉴定; 肉牛

肉牛是我国重要的畜牧业资源, 其重要经济性状主要包括生长性状和肉质性状。它们约占胴体价格影响因素的 65%^[1], 直接影响着肉牛的生产量和品质。提高肉牛的生长发育及屠宰品质是目前国内外学者及饲养者追求的主要目标。生长性状是指肉牛的体重、体尺、日增重等指标, 反映了肉牛的生长发育水平和饲料利用效率。体尺性状能够对动物的生长状况进行监控, 动物的生长发育可通过提高饲料利用率和管理效率来改善, 从而获得更高的收益。肉质性状包括肉色、脂肪含量和嫩度等多个感官特征, 由多种因素共同调节。肉质性状是牛肉产品定价和消费者接受度的主要决定因素。

精准鉴定是一种利用先进的技术手段对种质资源的表型和基因型进行综合分析和评价的方法, 目的是发现和利用种质资源的优异性状和遗传潜力, 为育种创新提供物质基础和技术支撑。

肉牛重要经济性状的精准鉴定是指利用现代测定技术和分析技术, 对肉牛重要经济性状进行高效、准确和客观的评价, 为肉牛遗传改良和分子育种提供科学依据, 其目的是找出具有优异性状的种质资源, 并揭示其遗传构成和表达规律, 以便有效利用。精准鉴定可以分为表型鉴定和基因型鉴定。肉牛的表型精准鉴定是指利用设施鉴定、仪器分析、感官鉴定等方式, 对肉牛的重要经济性状, 如生长性能、肉质品质、繁殖能力等进行高效、准确的测定和评价, 以实现肉牛的优化选育和品质提升。近年来, 表型精准鉴定已从低通量、粗放型鉴定转变为重点性状、高通量精准型鉴定。肉牛的基因型精准鉴定通过利用现代分子生物技术, 如全基因组选择、基因组关联分析、基因表达分析等, 对肉牛的遗传特征、基因组育种值、基因功能等进行高效、准确的分析和评价, 以实现肉牛的优化选育和品质提升。

收稿日期: 2023-05-19

基金项目: 云南省重大科技专项计划 (202102AE090039); 国家重点研发计划 (2021YFD1200905)。

作者简介: 何豫涵 (2000—), 男, 河南周口人, 研究方向: 动物分子育种。

共同第一作者樊红灯 (1999—), 男, 河南洛阳人, 研究方向: 动物分子育种。

* 通信作者: 张俊 (1971—), 男, 博士, 副研究员, 从事畜牧信息技术方面的研究。

随着我国经济社会的发展和人民生活水平的提高,对优质肉牛产品的需求日益增加。然而,我国肉牛产业面临着品种结构不合理、生产效率低下、产品质量参差不齐等问题,仍需加强肉牛重要经济性状的精准鉴定工作,提高肉牛品种改良的效率和效果。通过对肉牛遗传特征和优良性状的鉴定,可以筛选出优良的肉牛种牛,为良种繁育提供可靠依据。肉牛进行优良基因的筛选和育种,可以加速选育过程,提高选育效率,获得更多的优良品种,从而促进肉牛产业的健康发展。

近年来,随着生物信息学技术的快速发展,以及人工智能、大数据、云计算等信息技术的应用,为肉牛重要经济性状的精准鉴定提供了新的方法和手段。随着基因测序技术的发展,生物信息学研究人员获得了越来越多的高质量测序数据。这些测序数据包含了从全基因组到个体水平的大量信息,可以通过群体基因组学的方法来进行群体结构分析、遗传变异的发掘、基因功能预测,这将有助于更好地了解肉牛重要经济性状的遗传机制。在此背景下,肉牛育种研究人员可以利用测序数据、表型数据及基因型数据等进行表型性状的研究和遗传参数估计,进而提升肉牛育种研究的准确性和效率。

本文概述了国内外关于肉牛重要经济性状的精准鉴定现状,从肉牛表型精准鉴定和基因型精准鉴定的测定与分析技术进行阐述,并对存在的问题和未来的发展方向进行探讨,以期为我国肉牛产业的发展提供参考。

1 肉牛表型性状的精准鉴定

准确、高效、智能的表型性状测定技术是肉牛育种的前提和关键基础性工作,育种与科学研究均依赖于表型数据的准确获取^[2]。近年来,美国、英国、澳大利亚等主要发达国家通过应用信息技术、红外传感、图像捕捉、物联网等先进技

术,不断改进肉牛个体识别与性状检测的智能仪器与技术,在该领域处于国际领先水平。然而,我国目前大部分肉牛生产性能测定方式仍较粗放,其效率和精度都较低。传统的表型性状的研究方法主要是通过积累大量的数据,结合基于统计学方法的参数估计、模型拟合和比较,最终选择适合的数学模型来预测或评估肉牛的生长性状。但是,由于肉牛的表型性状的遗传力较低,并且会受到品种、地域、年龄等因素的影响而发生变化,因此需要新的方法和技术来对肉牛的表型性状进行精准鉴定。

1.1 传感器技术

为了实现精准养殖,需要实时获取肉牛个体的身份信息、运动量和体况评分等重要数据。目前,传统的体况评分方法主要是人工评判,存在主观误差且效率低下。因此,利用传感器来实现对肉牛个体的实时监测和跟踪已成为测量技术发展的重要方向之一。利用传感器进行实时监测和跟踪可以有效地实现对肉牛个体的自动感知和精准测量,为肉牛精准养殖和畜牧信息化管理提供重要支持。黄小平等^[3]使用图像和可穿戴设备两种传感器数据,构建了牛图像数据自动采集平台,并设计高效的混合网络模型用于牛尾部检测,提出了基于深度学习和改进卡尔曼滤波的目标跟踪算法及基于改进 SSD 模型的多任务深度学习算法等。通过设计深度学习模型完成对牛个体的尾部检测和跟踪,从而实现牛个体信息自动感知和体况评分,为畜牧信息化管理和牛精准养殖提供技术支撑。

1.2 图像识别技术

传统的测量牛体尺的方法通常需要进行大量手动操作,这不仅费时费力,而且还可能引起肉牛的应激等。为了解决这些问题,可以采用先进的非接触式技术来测量肉牛的体尺性状,其中包括基于 RGB-D 图像、深度相机和图像处理算法

等技术。这些方法可以在复杂环境下和不同姿态下精确地测量肉牛的体尺,具有较高的准确性和应用价值,可为肉牛育种和生产提供重要的支持。Ai等^[4]使用SOLOv2实例分割技术识别牛,并从俯视图和侧视图中提取出牛的轮廓,结合牛的图像数据集和OpenCV图像处理函数提取出牛的特征部位,并使用离散曲率计算方法提取牛体尺寸特征点以计算牛体尺寸参数。实验使用自定义模型牛进行了测试,经过与人工测量结果的对比,发现在模型牛的体长、髻甲高、胸深、胸围和腹围方面的平均相对误差分别为1.36%、0.44%、2.05%、2.80%和1.47%。结果证明该测量方法在非接触式测量牛体尺寸方面表现良好,具有较高的准确性。

1.3 超声波测定技术

通常情况下牛肉的品质评价是在宰杀之后进行的,而对于那些评价较低的牛肉已经没有办法进行改善。超声波具有穿透性强、方向性好等特点。近年来,随着超声检测技术和设备的发展,出现了一些无损性状测定技术,可用于反刍动物活体的检测。活体肌肉脂肪测定技术便是其中之一,已引起了畜牧业界的关注。该技术通过使用B型超声检测仪,采用灰度调节制,图像光电亮度与反射波振幅成正比,可以获取二维声像图。这种技术可以实时测定肉牛活体的内部脂肪含量、肌肉厚度和肌肉面积等指标,并且具有非侵入性、快速、准确等优点。利用这种技术可以帮助畜牧业者提前了解肉牛的品质特性,从而进行合理的管理和选育,最终提高肉牛的产量和品质。张璐通等^[5]利用彩超仪器对24头黑牛进行垂直于脊柱的扫描,对肉牛背最长肌进行图像采集。应用计算机图像分析方法对肌肉脂肪图像内容进行提取。通过索氏抽提法抽取肌肉脂肪后对肌肉脂肪含量进行精准测定。利用高清超声波图像特征参数与所测定的实际肌肉脂肪含量,通过

回归分析建立图像的特征参数与肌肉脂肪含量之间的回归模型。结果表明,得到预测模型拟合后 $R^2=0.905$,准确度较现有模型更高。

1.4 近红外光谱技术

近红外光谱法是一种非常有应用前景的技术,它通过测量样品吸收和反射光的波长检测样品中化学成分的含量来确定肉牛蛋白质、脂肪和水分含量等方面的信息,从而帮助评估肉质。此法可以为肉牛产业提供更可靠的品质控制和质量保证。Simone等^[6]使用传统的实验室分析方法对1327头皮埃蒙特公牛的肋眼肌肉样品进行了肉质特征的评估,包括pH值、颜色、滴水损失、嫩度。公牛屠宰后1d,使用红外光谱仪在动物的肌肉表面获取了光谱,并基于这些光谱预测了公牛的肉质性状,分别对实验室测量的肉质性状和基于光谱预测的肉质性状进行了遗传参数估计。结果表明,除了颜色和滴水损失外,大多数基于光谱预测性状的遗传参数估计值低于测量性状的遗传参数估计值,但测量和预测性状之间的遗传相关性很高。总的来说,对一些难以直接进行表型分析的肉类质量特征进行遗传选择时,可以应用红外光谱仪技术。Cecchinato等^[7]对于在同一个商业屠宰场被宰杀的1230头皮埃蒙特公牛,采用Foss NIRSystems 5000仪器以反射模式收集波长范围为1100~2498nm的近红外光谱,每隔2nm进行一次。通过一组双变量贝叶斯分析获得了牛肉质量测量值和NIRS预测值的方差估计。结果表明牛肉质量和预测值的遗传力评估在具有高校正 $R(2)$ 值的性状上是相似的,所有颜色性状和滴水损失的遗传相关性和预测值之间的遗传相关性高于相应的表型相关性。

1.5 数据处理技术

肉牛生产性状测定过程会产生大量数据,对其进行高效处理至关重要。方差分析是常用的数据处理方法,用于比较两个或多个组之间均值的

显著性差异。然而,在肉牛表型性状的精准鉴定中,由于该复杂性状受多个基因的影响,传统的方差分析方法存在较大局限性。结合现代动物模型等技术手段,通过数据分析和模型估算,可以更准确地描述各项生产性状的遗传基础和影响因素,从而更好地了解该性状的遗传特点和遗传背景。Yu等^[8]的研究采用了实验农场记录的秦川牛测量数据,使用SPSS和R软件分析了秦川牛初生、6个月、12个月、18个月和24个月的体重、肩高、臀高、体斜长、胸围、腹围和小腿围等体尺指标受到非遗传因素的影响情况。同时,他们还利用DMU软件的单性状动物模型对体重的方差成分和遗传力进行了估计。研究结果表明,性别、出生年份和出生季节对秦川牛在不同生长阶段的体型特征有显著影响。估算不同生长阶段体重的遗传力得出的结论是:初生、6个月、12个月、18个月和24个月时期的体重的遗传力分别为0.43、0.32、0.37、0.32和0.38。Barro等^[9]通过超声波测定了内洛尔牛的眼肌面积、背膘厚、臀脂和肌肉脂肪等胴体性状,使用限制性最大似然法对内洛尔牛的胸围、体型大小评分、周岁体重、身体结构视觉评分、肌肉度和早熟性的方差分量进行了估计。分析内洛尔牛不同胴体性状之间的关联性,结果发现了内洛尔牛体型大小与其周岁体重、胸围和身体结构视觉评分及眼肌面积等胴体性状均呈正遗传相关。证明内洛尔牛体型大小评分具有作为早熟肉牛选择参数的潜力。

2 肉牛性状的基因型精准鉴定

肉牛性状的基因型精准鉴定通过对肉牛的基因组DNA进行分析,确定影响某种性状的基因型。这项技术可以帮助我们了解不同基因型与性状之间的关系,并为肉牛遗传改良提供有力的支持。肉牛性状的基因型精准鉴定需要采用一系列复杂的实验操作和数据分析方法,如PCR-SSCP、

SNP分型芯片、基因组单核苷酸多态性鉴定等。这些技术的应用有助于更好地了解肉牛的遗传特征和结构,从而实现对肉牛生长性状和肉质性状的精准鉴定。因此,肉牛性状的基因型精准鉴定是肉牛育种和遗传改良的重要内容。通过对大量肉牛个体的基因型和表型数据进行分析,可以推断出各种遗传参数、鉴定候选基因,并筛选优良品系。遗传评估技术可以帮助人们更好地了解基因对肉牛生长性状的影响,从而进行精准的遗传改良。

2.1 基因定位技术

基因定位技术可以帮助我们了解肉牛遗传特征和优良性状,从而筛选出优良的肉牛种公牛和母牛。通过对肉牛基因序列进行分析,可以快速找出与肉牛生长性状和肉质性状相关的基因,进而确定其在种群中的遗传变异类型和频率,加速选育过程并提高选育效率,从而获得更多的优良品种。Rahal等^[10]利用微卫星标记评估了阿尔及利亚本土牛种群的遗传多样性和结构。通过对4个牛品种群体的138个个体进行22个微卫星标记鉴定,共检测到360个等位基因。计算得出平均等位基因数为16.36,预期杂合度为0.84,多态信息含量为0.82,平均FST值为0.039。研究结果表明:阿尔及利亚本土牛种群具有显著的遗传变异性,但不同牛群体之间的遗传差异较小。其中,97.10%的遗传变异可由个体间的遗传差异解释,而仅有2.90%的遗传变异可由群体间的遗传差异解释。结构、因子对应分析结果和树状图表明,所研究的牛种群可以划分为3个类群。所使用的微卫星标记可以成功地用于确定阿尔及利亚牛品种的遗传多样性和群体结构。Hyeong等^[11]通过混合模型和回归分析对日本黑牛基因型与脂肪酸组成进行相关性研究,发现19号染色体中存在30个显著的脂肪酸SNP,此区域也检测到FASN基因,该基因的突变对脂肪酸性状无明显

影响。以上研究表明通过遗传评估可以更加精准地鉴定肉牛的性状。这些发现有助于优化肉牛的繁殖和生产,提高养殖效益。

2.2 全基因组关联分析技术

全基因组关联分析 (Genome-wide association study, GWAS) 技术是研究家畜复杂经济性状和疾病遗传变异的有效方法, GWAS 的核心是挖掘遗传变异与目标表型性状间的关系。肉牛的生长性状和肉质性状受到遗传因素的综合影响, 例如, 牛的品种、年龄、性别和基因型。随着计算机技术和大数据的快速发展, 越来越多的表型性状被解析, 通过对表型数据的分析可以得到大量与肉质发育相关的基因。GWAS 可以在全基因组范围内寻找与肉质发育性状显著关联的 SNP 位点。通过识别与牛肉品质性状相关的遗传变异来发现更多的控制肉质性状的基因。An 等^[12]利用 Illumina 牛 770k 芯片, 结合 LONG-GWAS、单性状 GWAS 和多性状 GWAS, 研究了不同生长阶段的西门塔尔牛肉牛的心脏大小、腹围、身高、体长、尻高和管围的变化, 结果表明, 3 个模型共检测到 58 个显著的 SNPs, 与中国黄牛体尺相关的 21 个基因相匹配。Saatchi 等^[13]通过研究安格斯肉牛脂肪酸组成的全基因组关联, 发现 SNP 芯片上的标记子集能够解释脂肪酸组成中高达 57% 的方差。此外, 这些标记还可以用于计算给定脂肪酸的直接基因组育种值 (DGV), 其准确性范围为 $-0.06 \sim 0.57$ 。结果发现 BTA19 和 BTA29 上的 1 - Mb 区域分别含有脂肪酸合成酶和甲状腺激素响应候选基因, 很好地解释了多个脂肪酸的遗传方差。

3 小结

在复杂环境下和动物不同姿态下, 应用传感器、图像识别等技术无接触精确地测量肉牛的生长性状, 具有较高的准确性和应用价值。红外光

谱法通过测量样品吸收和反射光的波长来检测样品中化学成分的含量来确定肉牛蛋白质、脂肪和水分含量等方面的信息, 从而帮助评估肉质。超声波测定应用于肉牛活体的无损性状测定。基因定位及 GWAS 技术在肉牛上已经被广泛使用。通过对肉牛基因序列进行分析, 可以快速找出与肉牛生长性状和肉质性状相关的基因, 进而确定其在种群中的遗传变异类型和频率。从而获得更多的优良品种, 加速选育过程并提高选育效率。

综上所述, 肉牛重要经济性状的精准鉴定是一个综合性、系统性、前沿性的课题, 需要多学科、多领域、多层次地交叉合作和创新。未来通过传感器、图像识别数据分析及全基因组关联分析等技术的深度结合, 肉牛重要经济性状的精准鉴定能取得更大的突破和进展, 为我国肉牛产业的发展作出更大的贡献。

参考文献:

- [1] El-Hack M E A, Abdelnour S A, Swelum A A, et al. The application of gene marker-assisted selection and proteomics for the best meat quality criteria and body measurements in Qinchuan cattle breed[J]. Molecular biology reports, 2018, 45(5):1445-1456.
- [2] 张天留, 葛菲, 朱波, 等. 肉牛种业科技创新发展现状与趋势分析[J]. 中国畜禽种业, 2022, 18(10):5-16.
- [3] 黄小平. 基于多传感器的奶牛个体信息感知与体况评分方法研究[D]. 北京: 中国科学技术大学, 2020.
- [4] Ai B, Li Q. SOL0v2-based multi-view contactless bovine body size measurement[J]. Journal of Physics(Conference Series), 2022, 2294(1):12011.
- [5] 张璐通, 吕东良, 代冬梅, 等. 肉牛活体肌肉脂肪含量的精准测定技术研发[J]. 家畜生态学报, 2021, 42(6):46-50.
- [6] Savoia S, Albera A, Brugiapaglia A, et al. Prediction of meat quality traits in the abattoir using portable near-infrared spectrometers: heritability of predicted traits and genetic correlations with laboratory-measured traits [J]. Journal of Animal Science and Biotechnolo-

肉牛无角性状研究进展

窦宇廷^{1,2}, 张元旭¹, 李 竞¹, 王泽昭¹, 陈 燕¹, 徐凌洋¹, 张路培¹, 高会江¹,
高 雪¹, 李俊雅¹, 李 辉^{2*}, 朱 波^{1*}

(1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193; 2. 广西大学, 广西南宁 530000)

摘要:角是动物在长期进化过程中演化出的组织结构,是反刍动物最具标志性的结构之一,对牛的生存和繁衍具有重要作用。但在现代集约化的肉牛养殖业中,牛角的存在往往引发了一系列问题,对肉牛养殖行业的发展产生了阻碍,所以对于肉牛无角性状的研究非常重要。该文介绍了肉牛角形态结构和发育特点,并对近年来研究的无角和角发育的相关基因进行了归纳,还对一些无角肉牛培育的方法进行了介绍,旨在对肉牛无角性状研究和肉牛无角新品种培育提供一些参考。

关键词:肉牛; 无角性状; 基因; 无角品种培育

收稿日期: 2023-05-17

基金项目: 国家自然科学基金 (32272843); 国家肉牛牦牛产业技术体系岗位科学家项目 (CARS-37); 内蒙古自治区种业科技创新重大示范工程“揭榜挂帅”项目 (2022JBCS0018)。

作者简介: 窦宇廷 (1998—), 男, 云南楚雄人, 研究方向动物遗传育种, E-mail: 1044489472@qq.com。

* 通信作者: 朱波 (1989—), 男, 河南南阳人, 助理研究员, 主要从事肉牛分子数量遗传学研究, E-mail: zhubo@caas.cn; 李辉 (1987—), 男, 河南南阳人, 副教授, 主要从事牛基因组和功能基因组研究, E-mail: lihui3876@163.com。

gy, 2021, 12(3):1214-1225.

[7] Cecchinato A, De Marchi M, Penasa M, et al. Near-infrared reflectance spectroscopy predictions as indicator traits in breeding programs for enhanced beef quality [J]. Journal of animal science, 2011, 89(9):2687-2695.

[8] Yu H W, Raza S H A, Almohaimeed H M, et al. The body weight heritability and the effect of non-genetic factors on the body measurement traits in Qinchuan cattle[J]. Animal biotechnology, 2022: 1-7.

[9] Barro A G, Marestone B S, Dos S E R, et al. Genetic parameters for frame size and carcass traits in Nellore cattle[J]. Tropical animal health and production, 2023, 55(2):71.

[10] Rahal O, Aissaoui C, Ata N, et al. Genetic characterization of four Algerian cattle breeds using microsatellite markers [J]. Animal Biotechnology, 2021, 32(6):699-707.

[11] Hyeong K E, Lee Y M, Kim Y S, et al. A whole genome association study on meat palatability in Hanwoo[J]. Asian-Australas Journal of Animal Science, 2014, 27(9):1219-1227.

[12] An B X, Xu L, Xia J W, et al. Multiple association analysis of loci and candidate genes that regulate body size at three growth stages in Simmental beef cattle[J]. BMC genetics, 2020, 21(1):32.

[13] Saatchi M, Garrick DJ, Tait R G, et al. Genome-wide association and prediction of direct genomic breeding values for composition of fatty acids in Angus beef cattle[J]. BMC genomics, 2013, 14(1): 730.