

编者按:

品种是生猪产业化过程中最重要的要素之一,20世纪80年代,伴随着集约化、产业化、工厂化养猪理念引入中国,种猪国际交流日渐频繁,促进了世界种猪的巨大发展,杜洛克、长白、大白等引进猪品种在全国范围内推广应用,并在接下来的近十年里逐渐成为我国养猪业的主导品种。在此产业背景下,引进品种的持续选育提高成为我国种猪选育面临的主要问题。

2009年,农业部颁布实施的《全国生猪遗传改良计划(2009—2020)》(以下简称《计划》),成为中国种猪育种发展的转折点。此后的近10年里,中国的种猪育种将历经重大的改变。种猪行业对现代育种技术的应用给予了高度的重视。经过近年来的育种实践探索,积累了经验,也暴露了一系列的相关问题。从本期开始,本刊将连载由中山大学等研究团队撰写的种猪育种系列论文。该系列论文结合《计划》实施和种猪育种的典型案例,梳理种猪育种实践中面临的主要问题,探讨切实可行的解决措施,建立规范的种猪育种与生产数字化管理和分析体系,以期对我国的种猪企业持续规范化、标准化开展种猪育种工作提供借鉴。

规模化种猪育种与生产数字化管理体系建设及案例分析(I):现状与问题

刘小红¹,李加琪²,张勤³,赵云翔¹,谢水华¹,陈瑶生^{1*}

(1.中山大学生命科学学院,广东广州 510475;

2.华南农业大学动物科技学院,广东广州 510642; 3.中国农业大学动物科技学院,北京 100083)

摘要: 本文将以74家国家生猪核心育种场近年来的育种数据分析为重点,结合部分核心场的场内选育数据,探讨我国生猪种业的区域布局、核心群规模与品种结构、种猪系谱管理、数据合理性与平衡性、种猪登记与性能测定、测定猪选择、遗传联系等方面存在的主要问题及应对策略。

关键词: 种猪育种;生产管理;数字化管理体系

中图分类号:S813

文献标识码:A

我国是世界养猪第一大国,2013年生猪出栏量7.16亿头,猪肉产量5493万t,占全球猪肉产量的

基金项目: 国家现代农业产业技术体系(CARS-36)、国家科技支撑计划(2011BAD28B01)、国家星火计划(2011GA781001)

作者简介: 刘小红(1970—),研究员,研究方向为动物遗传育种与繁育,Email:liuxh8@mail.sysu.edu.cn

* **通讯作者:** 陈瑶生(1962—),教授,研究方向为动物遗传育种与繁育,Email:chyaosh@mail.sysu.edu.cn

50.9%^[1]。在政府与市场的推动下,生猪规模化养殖得到快速发展,年出栏量500头以上的场(户)占全国出栏总数的38.5%,家庭后院式养殖逐步淡出,猪肉商品化供应超过90%,生猪产业化趋势不可逆转。

品种是生猪产业化过程中最重要的要素之一^[2]。我国在悠久养猪历史的积淀和饮食习惯的熏陶下,

创造了丰富的、各具特色的猪种。但受到经济发展阶段的影响,我国地方猪种长期处于封闭式、小规模、家庭式养殖环境。在20世纪80年代引入工厂化养猪的理念以来,在产业化基础上培育的杜洛克、长白、大白等引进猪品种,逐步在全国范围内被推广应用,地方猪种在产业化背景下处于劣势地位,直至20世纪90年代中期,引进品种已逐步成为我国生猪产业的主导品种。引进品种的持续选育提高成为我国种猪选育面临的主要问题。

为追赶丹麦、美国、加拿大等国的种猪选育步伐,在农业部的主导下,先后通过“中加瘦肉型猪项目”、“农业部948重大专项”、“国家现代农业产业技术体系”等计划项目资助下,逐步构建了我国引进品种选育需要的种猪生产性能测定、动物模型BLUP选育等技术体系^[3]。尤其是2009年,农业部颁布了《全国生猪遗传改良计划(2009—2020年)》(以下简称《计划》),为我国种猪选育提供了一份纲领性、指导性文件,随后在全国遴选了74家以引进品种猪种选育为主要任务的核心育种场,目前拥有12万头核心种猪群。《计划》的实施,有效激发生猪行业对种猪产业的兴趣,投资规模、技术队伍等资源均大幅增加,核心群种猪规模不断扩大,生产性能测定数据大量积累。因此,本系列文章试图以部分国家生猪核心育种场为案例,解析大规模生产条件下种猪育种与生产数据化管理体系建设的现状与问题,探讨如何建立规范的种猪育种与生产数字化管理和分析体系,高效应用这些信息,提出切实可行的解决措施,不断提高种猪育种效率,使育种与生产完美结合,实现规模化生产条件下持续规范化、标准化开展种猪育种工作,这是当前种猪产业界密切关注的焦点。

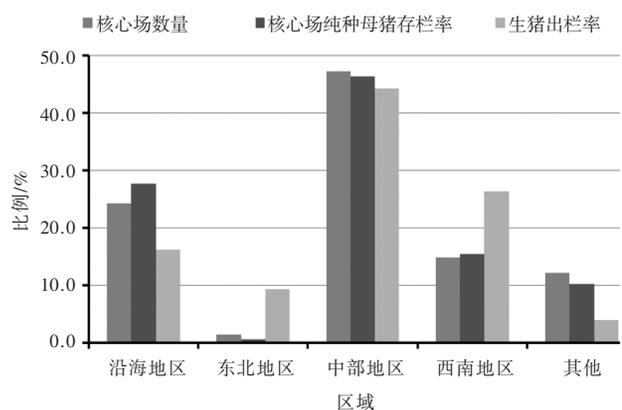
本文以全国种猪遗传评估信息网(<http://www.cnsge.org.cn>)2013年公开发布74家国家生猪核心育种场近年来的育种数据,以及2家核心育种场Kfnet信息管理系统导出的2013年度分析数据和华南种猪遗传评估网(<http://www.breeding.cn/>)采集的数据为研究基础,描述性统计、图表制作均采用EXCEL 2007完成,跨场间遗传联系采用Mathur等^[4]

提出的关联率(Connected Ratio, CR)进行分析,探讨我国生猪种业的区域布局、核心群规模与品种结构、种猪系谱管理、数据合理性与平衡性、种猪登记与性能测定、测定猪选择、遗传联系等方面存在的主要问题及应对策略。

1 中国生猪种业发展现状

1.1 核心场区域分布

截止2013年,已遴选出74家国家生猪核心育种场,根据农业部《全国生猪优势区域布局规划(2008—2015)》,统计出沿海、东北、中部、西南等4个生猪主产区(包括19个省)的核心场数量分别占总量的24.32%、1.35%、47.30%、14.63%;存栏纯种母猪数分别占总量的27.66%、0.41%、46.33%、15.35%;生猪出栏(2012年)分别占总量的16.21%、9.25%、44.27%、26.39%;其他地区核心场数量、存栏纯种母猪数、生猪出栏量分别占总量的12.16%、10.25%、3.89%(图1)。由此可见,我国东北地区、西南地区种猪产业发展明显落后生猪产业发展的需要。从土地资源、生态条件、种植业规模等综合考虑,也应鼓励有条件的种业企业在东北、西南地区扎根,提升这些区域在国内的种业地位。冯永辉^[5]也认为,我国生猪产业将向粮食主产区、边远山区转移。



注:沿海地区指江苏、浙江、广东、福建4省,东北地区指黑龙江、吉林、辽宁3省;中部地区指山东、河南、河北、安徽、湖南、湖北、江西7省,西南地区指四川、重庆、贵州、广西、云南5省(市),其他指北京、天津、上海、陕西、海南等省市。

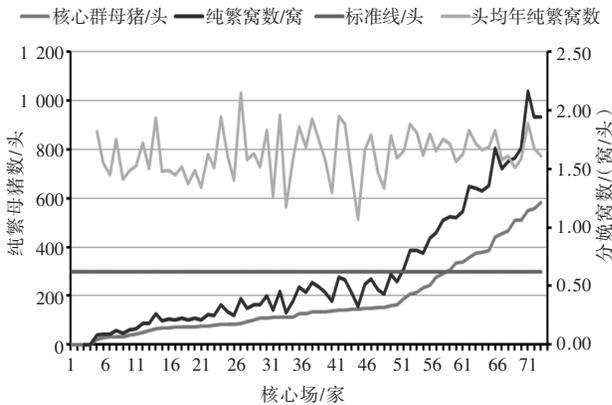
图1 不同区域核心场、纯种母猪存栏及生猪出栏所占比例

1.2 核心群规模与品种结构

1.2.1 核心群规模

育种群体大小是猪育种的重要条件之一,根据《计划》的要求,国家生猪核心育种场的遴选对核心群母猪数量有明确的规定:杜洛克300头,长白、大白为600头。从全国种猪遗传评估信息网2013年公开的数据(该数据仅统计2013年有分娩记录的个体数)分析表明,74家核心场中有11家3个品种的核心群母猪数量未达到上述规定,有1家核心场有1个品种刚好为600头。当然,由于该信息网公布的数据仅反映有产仔记录的母猪数,有些尚未完成头胎产仔的纯种母猪未能统计进来,因此对核心群母猪规模的理解有一定差异。但是这些核心场上报的核心群母猪数量偏少的具体原因尚待进一步核实。在公布的数据中,3个品种的基本情况如下:

杜洛克:至2013年末,74家核心场有70家饲养了杜洛克种猪,总存栏量为14 186头,平均存栏量202头,有15家核心场杜洛克种猪存栏数超过300头;2013年杜洛克纯繁总窝数为23 374窝,平均纯繁数333窝,平均每头母猪纯繁窝数为1.63(图2)。



注:图中未包含1个最大规模猪场纯种母猪数为1 433头,纯繁窝数为2 278窝。

图2 74家核心场杜洛克种猪2013年参与纯繁的母猪数与分娩窝数

长白:74家核心场有72家饲养了长白种猪,总存栏量为32 028头,平均存栏量为444头,有21家核心场长白种猪存栏数超过600头;有9家核心场

长白种猪存栏不足600头,但纯繁窝数超过600窝;2013年长白纯繁总窝数为51 840窝,平均纯繁720窝,平均每头母猪纯繁窝数为1.59(图3)。

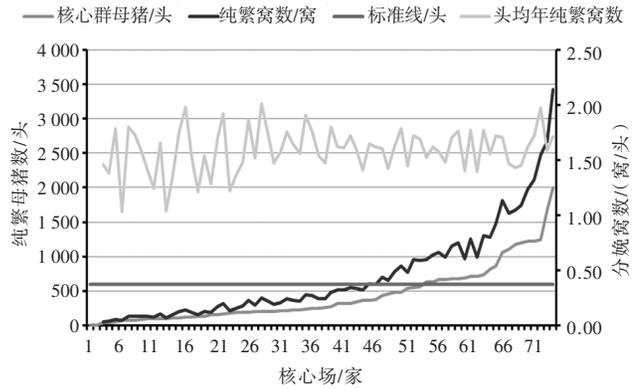
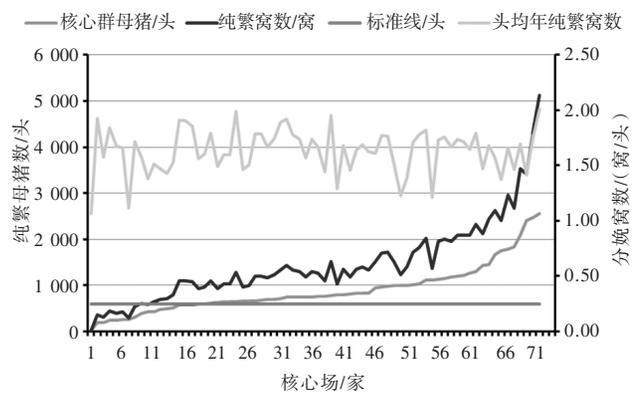


图3 74家核心场长白种猪2013年参与纯繁的母猪数与分娩窝数

大白:74家核心场均饲养了大白种猪,总存栏数为76 129头,平均存栏数为1 029头,仅18家核心场大白种猪存栏数未达到600头,有1家核心场大白种猪刚好600头,纯繁窝数不足600窝仅9家;2013年大白纯繁窝数为126 169窝,平均纯繁1 704窝,平均每头母猪纯繁窝数为1.64(图4)。



注:图中未包含2个最大规模猪场纯种母猪数分别为5 759、6 090头,纯繁窝数分别为10 043、10 375窝。

图4 74家核心场大白种猪2013年参与纯繁的母猪数与分娩窝数

1.2.2 核心群品种结构

2013年末,全国74家国家核心育种场核心群母猪存栏数为12.6万头,其中杜洛克、长白与大白

核心群母猪存栏分别占总存栏的 11.6%、26.1%与 62.3%，存栏比例为 1:2.3:5.4，由此也表明，绝大多数养猪企业视大白种猪为第一母本，长白猪为第一代父本，杜洛克为终端父本。从品种结构上看，符合当前世界生猪产业的发展趋势。

1.3 系谱管理

目前，各核心育种场普遍采用线性动物模型 BLUP 种猪遗传评估方法进行种猪育种值及选择指数评定，信息源除个体本身外，包括同胞、亲本、后代等更广泛的多性状数据信息，系谱管理成为种猪遗传评定的重要要素之一^[6]，但从国家种猪遗传评估中心和华南种猪遗传评估信息网采集数据来看，系谱错误问题仍非常突出。系谱错误(表 1)主要包括以下两种类型：①性别逻辑错误，如个体 1 为公猪，成了个体 2 的母亲，个体 2 为母猪，成了个体 3 的父亲；②系谱循环，个体 4 与其父亲为同一个体。除此之外，在种猪购销环节，种猪个体号(ID)不能保持唯一，给跨场间遗传评定带来系统偏差。在个别核心场，由于资料档案管理不能及时到位，系谱断档问题时有发生。可喜的是，随着种猪育种管理的规范化，此类问题逐年大幅下降。

1.4 数据合理性与平衡性

1.4.1 数据合理性

生猪生长、繁殖均有一定的生物学规律，每个指标均有正常范围，超出范围的数据通常列入异常数

据，在种猪遗传评估时不采用。当异常数据比例偏高时，将对种猪遗传评估造成严重影响。从国家种猪遗传评估中心采集数据来看，异常繁殖数据(表 2)主要包括以下几个方面：①妊娠期远高于或低于 114 d，如 1 号个体妊娠期为 238 d，2 号个体妊娠期为 81 d；②产仔、配种日龄过低，如 3 号个体 4 日龄即配种，118 日龄产仔；③产仔日龄太大，如 4 号个体产仔时日龄 1 596 d。此类问题主要是在数据采集、登录过程中失误造成的。

在国家种猪遗传评估信息网公布的数据中，仍然存在部分核心场在同一天上百个个体结测体重或结测膘厚完全一样，如某核心场 2012 年 7 月 15 日测定的 107 个个体的膘厚全为 8 mm。通过对生长性能测定数据的合理性检查存在的问题进行分析，发现目前存在的主要问题是性状值超出合理范围(表 3)，如 1 号个体结测体重达 154 kg、结测日龄为 260 d，3 号个体结测膘厚为 2.8 mm，4 号个体结测膘厚为 36.2 mm，均远远超出当前主要猪种的生长速度、产肉量选择等指标的合理范围。出现此类问题可能是测定过程、数据记录等过程中的失误，但不排除个别企业有人为编造的嫌疑。目前，在国家种猪遗传评估信息网规定的合理范围为结测体重 80~120 kg，结测日龄为 120~200 d，结测膘厚 5~30 mm。

1.4.2 数据平衡性

影响种猪遗传评估效果除测定数据的准确、合

表 1 系谱数据

序号	种猪 ID	性别	状态	父亲 ID	母亲 ID	出生日期
1	DD**104009250	公	离群	DD**101000926	DD**104009250	2004-3-23
2	DD**106009917	母	离群	DD**102009420	DD**104009250	2006-01-01
3	DD**107009296	母	离群	DD**106009917	DD**105009283	2007-05-22
4	DD**107009923	公	离群	DD**106009923	DD**105009296	2006-05-21

表 2 繁殖数据合理性检查

序号	种猪 ID	出生日期	配种日期	分娩日期	妊娠期/d
1	LL**109109210	2009-12-24	2011-04-20	2012-08-14	238
2	YY**101019912	2010-05-27	2011-03-31	2011-06-20	81
3	YY**111009510	2011-03-27	2011-03-31	2011-07-23	114
4	DD**106009908	2006-01-13	2010-02-02	2010-05-28	产仔日龄:1 596

表3 性能测定数据合理性检查

序号	种猪 ID	结测日期	结测体重/kg	结测日龄/d	结测膘厚/mm
1	LL**109109210	2009-07-25	154	260	12.8
2	YY**101019912	2009-03-17	91.2	114	13.1
3	YY**111009510	2010-02-18	101.2	156	2.8
4	DD**106009908	2009-08-28	100.2	154	36.2

理外,测定数据的平衡性也非常重要^[7]。但实际中,由于对种猪育种的理解不够,这一问题往往被忽视了。图5、图6是通过 Kfnets 信息管理系统导出的某核心场 2013 年血统分布图、分娩与性能测定数量图。由图5可知,该场血统数量多,但有6个血统在2013年末存栏公猪仅1头,对持续育种来说风险较大,如果该血统性能不符合育种需要,应淘汰;反之,则至少应保证有2头以上公猪用于核心群生产,通过优化不同血统种公猪所占比例及合理的公母比例,使核心群保证有效的遗传变异,选配时可在避免近交的前提下进行性能优化处理。

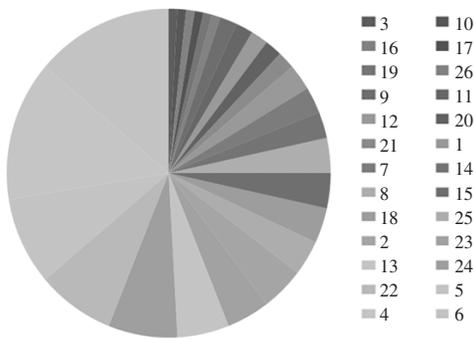


图5 2013年某核心场大白猪不同血统分布比例

图6则反映了不同血统核心群分娩与性能测定数量情况,平衡性也非常不理想。有些血统,如:1号血统2013年分娩窝数达到581窝,后代测定数达到340头;而有些血统,如:16号血统只有1窝分娩成绩和1头后代的测定成绩;有些血统,如:26号血统有8窝分娩成绩,但没有性能测定成绩。这些问题直接导致在进行遗传评估时,对不同血统个体遗传评定准确性带来极大的偏差。这就要求制订性能测定计划,严格按照计划进行测定。如:本场对1号血统的评价是完全足够的,在测定总量有限的情况下,该

个体的配种、测定数量再大也是浪费,应分配一些测定能力到其他血统的后裔,这样既可合理评价血统,更重要的是保证足够选择强度下选择优秀的后代进行种群更新。

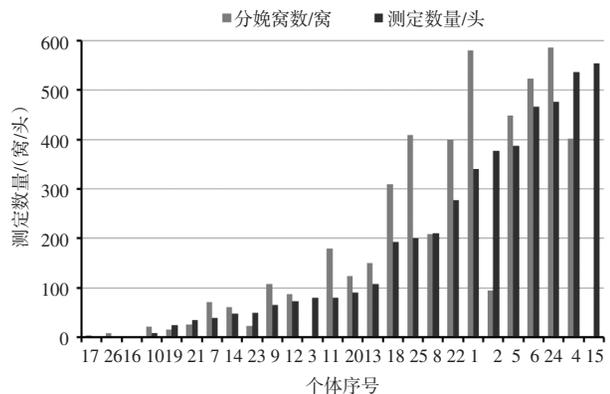


图6 2013年某核心场大白猪不同血统分娩与性能测定数量

1.5 种猪登记与性能测定

1.5.1 在群种猪性能测定比例

尽管通过多年努力,性能测定规模不断增加,但仍有相当比例的在群种猪没有测定成绩(表4)。在种猪育种中,尤其对于高遗传力性状,本身测定成绩对遗传评估的准确性影响非常大,如:遗传力为0.5时,个体本身成绩对遗传评估准确性贡献可达到0.71。更为严重的是,没有测定成绩的种公、母猪繁殖后代后,也会由于重要信息的缺失,导致相关个体遗传评定的误差。由表4可知,目前74家核心场的在群种猪仍有25%没有测定成绩,这无疑在很大程度上影响了遗传评估的准确性;从来源上分析发现,出现此类问题多数为新引进种猪个体(包括国外引进)。因此,强烈建议种猪企业在引进国外种猪时,尽量创造一切条件,从种猪进入国内隔离场(多数情

表 4 至 2013 年底核心场在群种猪性能测定比例

出生年度	分娩母猪			在用种公猪		
	总数/头	测定数/头	比例/%	总数/头	测定数/头	比例/%
2009	38 864	24 558	63	3 201	1 970	62
2010	46 278	33 054	71	2 930	2 229	76
2011	46 666	37 053	79	3 500	2 777	79
2012	12 733	10 444	82	867	725	84
合计	144 541	105 109	74	10 498	7 701	75

况下,可以是企业自身新建的种猪场)开始,立即对达到测定范围内的种猪进行相关的性能测定。

1.5.2 种猪登记与性能测定的数量匹配性

种猪登记、性能测定是种猪育种基础性工作^[8],根据国家或第三方育种数据管理的需要,要求种猪登记在先、性能测定在后。从全国种猪遗传评估信息网公布 2013 年数据分析表明,74 家核心场 2013 年有效测定数量占当年种猪登记总数的比例分别为:杜洛克 41.5%、长白 39.2%、大白 39.2%,基本处于合理范围。但是,仍存在部分核心场测定数量高于当年种猪登记数量的现象,包括 7 个杜洛克群、6 个长白群、6 个大白群(如图 7 右边红线)。从生产角度出发,应该是仔猪出生或断奶后进行首次个体信息记录时,即应完成相应的种猪登记,然后达到 100 kg 时进行性能测定,从规范核心场上报数据看,登记数应该是性能测定数量的 1 倍以上。相应地,进行种猪登记的窝平均也应有 1 头以上种猪完成性能测定,因此性能测定数量占种猪登记数量的 10% 以下、100% 以上的核心场(如图 7 左右红线),理论上也不符合规范。

1.6 测定猪选择

鉴于我国种猪生产实际情况,目前多数育种场无法做到后备猪的全群测定,因此明确合理的选择依据,决定哪些种猪进入测定群显得非常重要。由图 8 可以看出,核心场 1 在 2013 年所有测定公母猪综合指数(杜洛克:终端父系指数,长白、大白:母系指数,下同)均与亲本均值接近,甚至出现大白猪测定种猪综合指数低于亲本均值的现象,这反映该场在早期未严格依据综合指数进行选择;而核心场 2

在 2013 年所有测定公母猪综合指数均高于亲本,该场在测定猪选留上实施了严格的分级管理,指数排列在前的亲本后代进入测定群的机会要大,这样可以保证在有限的资源状况下,优秀遗传资源流失的可能降低至最低限度。当然,有条件的种猪育种应鼓励实施全群测定。

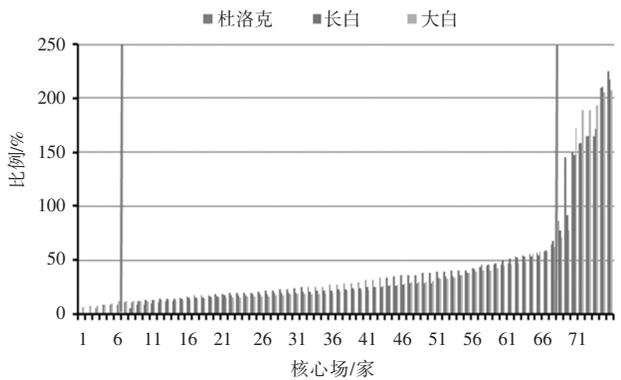
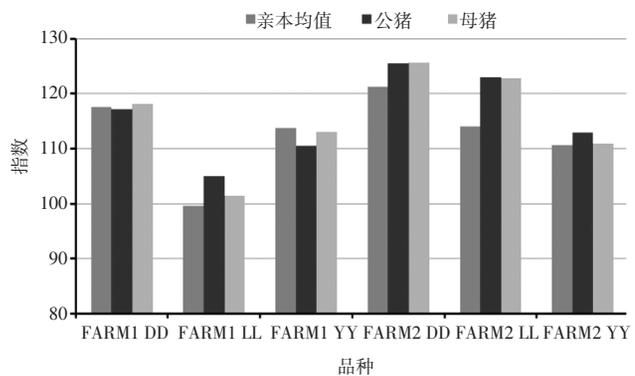


图 7 2013 年 74 家国家生猪核心育种场种猪有效测定数量占当年登记种猪的比例



注:1. 图中纵坐标值:杜洛克猪为终端父系指数,长白、大白为母系指数;2. FARM1:核心场 1, FARM2:核心场 2, DD:杜洛克, LL:长白, YY:大白。

图 8 2 家核心场不同品种 2013 年测定猪与亲本均值比较

1.7 场间遗传联系

《计划》积极倡导实施跨场间联合育种,持续场间遗传联系的建立是关键。Mathur 等分析加拿大种猪遗传评估中心场内测定数据结果表明,对于达100 kg 体重日龄、100 kg 时膘厚等性状,场间关联率达到3%是实施场间遗传评估的最低要求^[4],张豪等采用模拟数据分析得出同样的结论^[9-10]。图9、图10、图11 分别反映了当前74家核心场间不同品种群体间的关联场数和最大关联率(由于部分场对国外引进种猪个体编号规则未统一,导致估计关联率略低于实际情况)。

由图9可知,目前有42家核心场间杜洛克群体至少与1家其他场存在关联,占全部杜洛克群体数的59.2%,其中最大关联率大于3%的群体有34个。

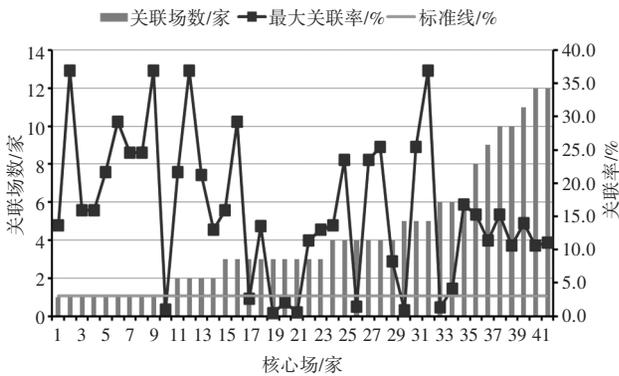


图9 2013年不同杜洛克群体间关联场数与最大关联率

由图10可知,目前有52家核心场间长白群体至少与1家其他场存在关联,占全部长白群体数的72.6%,其中最大关联率大于3%的群体有40个。

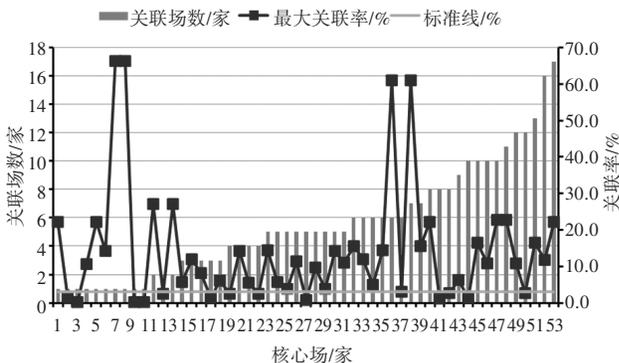


图10 2013年不同长白群体间关联场数与最大关联率

由图11可知,目前有57家核心场间大白群体至少与1家其他场存在关联,占全部大白群体数的76.0%,其中最大关联率大于3%的群体有38个。

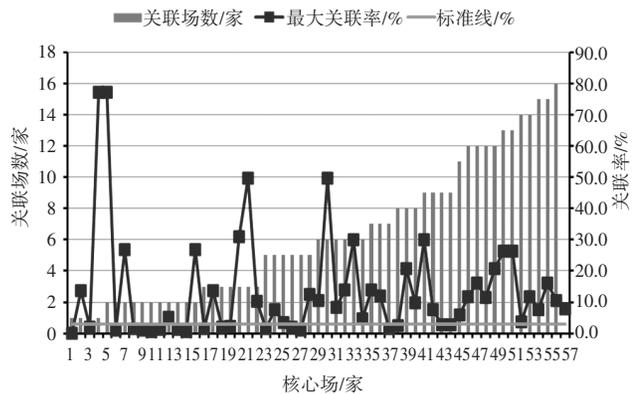


图11 2013年不同大白群体间关联场数与最大关联率

除此之外,仍有17家核心场在3个品种均与其他场不存在任何关联,占全部核心场的23%。而且,目前各核心场存在关联的主要因素是一次性购买引种为主,只有少数核心场通过种公猪精液间的交流建立了持续的遗传联系^[11]。这在一定程度上影响了区域性或全国性联合育种工作的推进。

2 主要问题及应对策略

通过比较不同区域当前核心场的数量、存栏纯种母猪数与生猪出栏量表明,我国的种猪产业处于不平衡状态,也反映出种猪育种需要在产业规模、经济实力和技术储备等方面拥有很强的实力。从优化我国生猪产业布局和发展看,东北地区、西南地区将是我国种猪产业发展的重点区域。

种猪育种核心群体大小是开展猪育种的重要基础,从全国种猪遗传评估信息网公布的2013年74家核心场存栏数据表明,仍有11家核心场2013年分娩母猪群数量未达到不同品种的数量要求。具体是对核心群的理解偏差、数据上报出错、实际规模不够、还是未能将全部纯繁种猪登记上报等原因引起,尚须进一步核准;从核心场存栏母猪品种结构看,大白猪作为第一母本被广泛认可。

系谱的准确无误是准确遗传评估的重要前提,

生猪生长、繁殖均有一定的生物学规律,每个指标均有正常范围,数据的不合理或错误会严重影响遗传评估的准确性。此外,为保证数据的平衡,做好配种、性能测定的计划同样十分重要,需要优化合理分配有限的育种工作资源。

目前核心场仍有25%的在群种猪没有性能测定成绩,这对遗传评估准确性造成很大影响。对种猪登记与性能测定数量之间比例的分析表明,目前核心场对种猪登记的理解存在较大的偏差,尤其对于2013年性能测定数远高于或严重低于种猪登记数的核心场,需要各核心场在数据上报时应仔细核对数据存在的问题。在无法实现全群测定的前提下,做好测定猪的选择非常重要。

场间遗传联系的建立是实现跨场间遗传评估的关键,场间关联率达到3%是最低要求,目前74家核心场仍有17家场与其他核心场间不存在任何联系。所有种猪育种领先国家育种实践表明,建立规模庞大、有持续遗传联系的育种群体是其成功的必然选择,担负起此重任的无一例外均是独立运营的国家或区域性种公猪站。因此,我国的种猪遗传改良计划向深度和广度的发展,建立庞大的超级核心育种群是彻底改变我国种猪育种落后局面的唯一选择。▲

致谢:本文使用的数据主要来源于全国种猪遗传评估信息网和华南种猪遗传评估网公开发布的数据信息。在此,感谢全国生猪遗传改良计划办公室、全体专家组成员和国家生猪核心育种场的共同努力,以及对本文数据的贡献!

参考文献

- [1] 2013年国民经济和社会发展统计公报 [M]. 国家统计局, 2014:2-14.
- [2] 吴常信. 有关我国猪育种几个问题的探讨[J]. 中国畜牧杂志, 2005, 41(1):3-5.
- [3] 陈瑶生. 中国的猪育种研究现状与发展趋势 [J]. 华南农业大学学报(自然科学版), 2005, S1:1-4.
- [4] Mathur P K, Sullivan B P, Chesnais J. Estimation of the degree of connectedness between herds or management groups in the Canadian swine population [C]. Canadian Centre for Swine Improvement, Ottawa, Canada. (Mimeo), 1998.
- [5] 冯永辉. 我国生猪规模化养殖及区域布局变化趋势 [J]. 中国畜牧杂志, 2006, 42(4):22-25.
- [6] Falconer D S, Mackay T F C. An Introduction to Quantitative Genetics (4th ed.). 1996. Longman, Harlow, England
- [7] Grundy B, Villanueva B, Woolliams J A. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development [J]. Genetical Research, 1998. 72 (2): 159-168
- [8] 张豪, 李加琪, 王翀, 等. 性能测定规模对父系猪短期选择效果的影响[J]. 遗传学报, 2005, 32(7):696-703.
- [9] Zhang Hao, Li Jiaqi, Wang Chong, *et al.* Study on the measures of connectedness between herds [J]. Agricultural Sciences in China, 2004, 3(2):143-148.
- [10] Zhang Hao, Li Jiaqi, Wang Chong, *et al.* Effect of genetic connectedness on the selection results of breeding pigs [J]. Agricultural Sciences in China, 2005, 4(11):872-876.
- [11] Sun C Y, Wang C K, Wang Y C, *et al.* Evaluation of connectedness between herds for three pig breeds in China [J]. Animal, 2009, 3(4):482-485.

Digitize Management System and Case Analysis for Large-scale Pig Breeding and Production (I): Status and Problems

LIU Xiao-hong¹, LI Jia-qi², ZHANG Qin³, ZHAO Yun-xiang¹, XIE SHui-hua¹, CHEN Yao-sheng¹

(1. State Key Laboratory of Biocontrol, School of Life sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510475, China;

2. College of Animal Science of South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;

3. College Animal Science & Technology of China Agricultural University, Beijing 100083, China)

Abstract: Base on the analysis of breeding data from 74 National Nucleus Pig Breeding Farms and the practical on-farm breeding data from two of the farms in recent years, the major problems and resolving strategy were discussed. There were included the regional distribution of pig breeding stock industry in China, scale of nucleus herds and genetic construction, pedigree management, data rationality and balance, herdbook registration and performance testing, selection of breeding pigs, genetic connection between breeding herds and other relative problems in pig breeding.

Key words: pig breeding; production management; digitize management system