



宁夏地区荷斯坦青年牛与成母牛繁殖性状遗传参数估计

马思涵¹, 虎红红², 马冰成¹, 娜日娜¹, 冀国尚¹, 马云^{1*}

(1. 宁夏大学动物科技学院, 宁夏回族自治区反刍动物分子细胞育种重点实验室, 银川 750021;

2. 延安大学生命科学学院, 延安 716000)

摘要: 旨在揭示宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状的表型规律和遗传特征, 为建立宁夏地区荷斯坦牛平衡育种方案提供理论依据。本研究收集宁夏地区15个牧场2005—2024年92 152头荷斯坦牛的216 787条繁殖记录, 系统估计荷斯坦青年牛4个、成母牛9个繁殖性状(一胎次、二胎次、三胎次)的遗传参数。利用DMU软件的平均信息约束最大似然法(AI-REML)模块, 采用单性状动物模型分胎次估计性状遗传力, 双性状动物模型估计性状间遗传相关和表型相关。结果显示, 青年牛繁殖性状的遗传力为0.097 0(0.008 0)~0.500 9(0.012 9), AFS最高, CR_h最低。成母牛不同胎次繁殖性状的遗传力分别为0.007 6(0.002 5)~0.150 8(0.011 6)、0.010 1(0.003 4)~0.149 9(0.010 2)和0.003 9(0.005 2)~0.137 6(0.013 3), 同一性状在不同胎次间的差异较小, 且低于青年牛。青年牛繁殖性状间的遗传相关和表型相关分别为-0.845 8~0.835 1和-0.550 7~0.908 4, CR_h与IFL_h呈现最强的负遗传相关(-0.845 8)。成母牛同一胎次内, 不同性状之间的遗传和表型相关趋势一致, 且表型相关低于遗传相关。随着胎次的增加, DO、IFL_c及CI三者间的遗传相关性越强, 而BW、CS、CE、GL与其他繁殖性状的遗传相关较弱, 可独立选择。成母牛相邻胎次同一繁殖性状表现出高的遗传相关, 提示可能受相同基因的调控; 表型相关则始终较低, 说明繁殖性状易受环境影响。宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状呈低至中等遗传力, 青年牛遗传变异更大。CR_h与IFL_h强负相关, 应作为青年牛繁殖指数的核心性状。DO、IFL_c、CI可联合选育。此外, 成母牛繁殖性状可进行多胎次信息合并评估, 以提高选择准确性。本研究为制定宁夏地区荷斯坦牛平衡育种方案提供了科学依据, 有助于实现繁殖性状与其他生产性能的协同改良。

关键词: 奶牛; 繁殖性状; 动物模型; 遗传力; 遗传相关

中图分类号: S823.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2026)03-1423-12

Genetic Parameter Estimation of Fertility Traits in Holstein Heifers and Cows in Ningxia

MA Sihan¹, HU Honghong², MA Bingcheng¹, NA Rina¹, JI Guoshang¹, MA Yun^{1*}

(1. Ningxia Hui Autonomous Region Key Laboratory of Ruminant Molecular Cell Breeding, College of Animal Science and Technology, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. College of Life Sciences, Yan'an University, Yan'an 716000, China)

Abstract: This study aimed to elucidate the phenotypic patterns and genetic architecture of fertility traits in Ningxia Holstein cattle, providing a theoretical basis for establishing a balanced breeding

收稿日期: 2025-09-03

基金项目: 国家现代农业产业技术体系资助(CARS-36); 宁夏回族自治区重点研发项目(2025BBF01008; 2023BCF01006); 高产奶牛核心育种群自主培育与示范应用(YDZX2022153); 陕西省自然科学基金基础研究计划项目(2025JC-YBQN-308); 博士科学研究启动项目(YDBK2024-25)

作者简介: 马思涵, 硕士, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究, E-mail: m2_2sh@163.com; 虎红红, 讲师, 博士, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究, E-mail: h918622@163.com; 马思涵与虎红红为同等贡献作者

* 通信作者: 马云, 主要从事生物技术与牛遗传育种研究, E-mail: mayun_666@126.com

program in the region. We compiled 216 787 fertility records from 92 152 Holstein cattle across 15 farms in Ningxia during 2005—2024. Genetic parameter were estimated for 4 heifer traits and 9 cow traits (first, second, and third parities) using the AI-REML algorithm in DMU. Single-trait animal models were fitted to estimate heritability within parity, whereas bivariate models were used to get genetic and phenotypic correlations. Heifer heritabilities ranged from $0.097\ 0 \pm 0.008\ 0$ to $0.500\ 9 \pm 0.012\ 9$, with AFS the highest and CR_h the lowest. Heritability estimates for fertility traits in cows across the first, second, and third parities ranged from $0.007\ 6\ (0.002\ 5)$ to $0.150\ 8\ (0.011\ 6)$, $0.010\ 1\ (0.003\ 4)$ to $0.149\ 9\ (0.010\ 2)$, and $0.003\ 9\ (0.005\ 2)$ to $0.137\ 6\ (0.013\ 3)$, respectively; differences for the same trait between parities were small and consistently lower than those observed in heifers. Genetic and phenotypic correlations among heifer fertility traits ranged from $-0.845\ 8$ to $0.835\ 1$ and from $-0.550\ 7$ to $0.908\ 4$, respectively; the strongest negative genetic correlation ($-0.845\ 8$) was observed between CR_h and IFL_h. Within any parity, genetic and phenotypic correlations among cow fertility traits showed consistent trends, with phenotypic correlations consistently lower than genetic correlations. As parity increased, genetic correlations strengthened among DO, IFL_c, and CI, whereas BW, CS, CE and GL exhibited weak genetic correlations with other fertility traits and can be selected independently. The same fertility trait measured in adjacent parities showed high genetic correlations, indicating that it is largely controlled by the same gene, whereas the phenotypic correlations remained low, suggesting that the trait is strongly influenced by environmental factors. Fertility traits show low-to-moderate heritability in Ningxia Holstein cattle, with greater genetic variation in heifers. CR_h and IFL_h are strongly and negatively correlated and should be treated as core traits in a heifer fertility index. DO, IFL_c, and CI can be selected jointly, and multi-parity records for cow fertility traits can be combined to increase selection accuracy. This study provides scientific basis for developing a balanced breeding programs for Holstein cattle in Ningxia and facilitates the simultaneous improvement of fertility and productive performance.

Keywords: dairy cattle; reproductive traits; animal models; heritability; genetic correlation

* **Corresponding author:** MA Yun, E-mail: mayun_666@126.com

奶牛繁殖性状是具有重要经济价值的功能性状,涵盖初配日龄、初产日龄、配种受胎率、产犊间隔、产犊难易等,对于奶牛产业的可持续发展至关重要^[1-3]。然而,繁殖性状通常表现为低遗传力及复杂的表型变异,易受环境、管理及生理因素影响,导致遗传评估的精准性面临挑战^[4-7]。宁夏地区作为我国西北重要的奶牛养殖基地,其独特的半干旱气候条件及集约化饲养模式可能对荷斯坦牛繁殖性能产生特异性影响^[8,9]。目前,相较国内其他地区呈现的繁殖性状的遗传参数结果,宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状的遗传参数研究仍较匮乏,不同地区之间的遗传参数结果是否存在差异,尚需进一步研究。

繁殖性状遗传参数的准确估计是实施基因组选择及优化育种方案的重要基础^[10,11]。随着统计遗

传方法与基因组学技术的革新,奶牛繁殖性状遗传参数估计精度显著提升^[12]。目前,国内外关于奶牛繁殖性状遗传参数估计的研究较多。Jamrozik等^[13]指出,加拿大荷斯坦牛繁殖性状的遗传力普遍较低,其中初配日龄的遗传力为 0.13 。Du等^[14]研究发现,犊牛存活率的遗传力范围为 $0.002 \sim 0.136$,属于低遗传力性状,不同存活阶段之间的遗传相关为 $0.399\ 1\ (2 \sim 30\ \text{d至} 451 \sim 750\ \text{d})$ 至 $0.998\ 5\ (361 \sim 450\ \text{d至} 451 \sim 750\ \text{d})$,表型相关为 $0.147\ 6\ (2 \sim 30\ \text{d至} 451 \sim 750\ \text{d})$ 至 $0.958\ 2\ (361 \sim 450\ \text{d至} 451 \sim 750\ \text{d})$ 。在中国不同地区荷斯坦牛群体的研究中,已证实显著存在基因-环境互作($G \times E$)效应^[15-17],表明了分区域开展遗传参数估计的必要性。

本研究旨在基于宁夏地区规模化牧场荷斯坦

牛的繁殖记录,采用多性状动物模型及约束最大似然法(REML),分别估计荷斯坦青年牛和成母牛不同胎次繁殖性状的遗传参数,研究结果将为宁夏地区荷斯坦牛遗传评估体系的完善提供理论依据,同时为区域性育种目标的制定及基因组选择技术的本土化应用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验数据

采集宁夏地区 15 个规模化牧场 2005—2024 年的 216 787 条产犊数据、174 806 条配种数据、100 913 条系谱数据。繁殖性状数据包括:个体号、出生日期、场、产犊日期、性别、单双胎、胎次、产犊难易、犊牛初生存活状态;配种数据包括:个体号、场、胎次、出生日期、配种日期、配种次数、与配公牛。共包含 13 个繁殖性状,分别是初配日龄(age at first service, AFS):首次配种日期与其出生日期的间隔天数;初产日龄(age at first calving, AFC):牛只初次产犊的日龄;青年牛首末次配种间隔(interval from first to last inseminations in heifer, IFL_h):青年牛首次配种日期与配妊日期之间的间隔天数;青年牛首次配种受孕率(conception rate of first insemination in heifer, CR_h):在配种后是否妊娠,为二分类性状,妊娠记录为 1,未妊娠记录为 0;空怀天数(days open, DO):各个泌乳期经产母牛前次产犊日期与随后的最后一次配种日期之间的间隔天数;产犊间隔(calving interval, CI):成母牛连续两次产犊的间隔天数;妊娠天数(gestation length, GL):妊娠前末次配种日期与下一胎次产犊日期之间的间隔天数;产犊后至首次配种间隔(interval from calving to first insemination, ICF):产犊日期与该胎次首次配种日期的间隔天数;成母牛首末次配种间隔(interval from first to last inseminations-in cow, IFL_c):成母牛首次配种日期与配妊日期之间的间隔天数;成母牛首次配种受孕率(conception rate of first insemination in cow, CR_c):在配种后是否妊娠,为二分类性状,妊娠记录为 1,未妊娠记录为 0;产犊难易(calving ease, CE):奶牛分娩胎儿的容易程度;犊牛初生重(birthweight, BW):犊牛出生后的体重;犊牛存活率(calf survival, CS):犊牛出生后是否存活,二分类性状,存活记录为 1,死亡记录为 0。对原始数据进行质控,质控标准为:1)场内有数据记录的年份>3 年;2)初配日龄在 270~900 d;

3)初产日龄在 500~1 100 d;4)空怀天数在 20~450 d;5)妊娠天数在 240~310 d;6)首末次配种间隔在 0~400 d;7)产犊后至首次配种间隔在 20~230 d;8)犊牛初生重在 20~60 kg;9)产犊间隔>280 d。

1.2 遗传评估模型

本研究所有计算均基于 DMU 软件的(AI)-REML 方法,采用单性状动物模型估计青年牛和不同胎次成母牛繁殖性状的遗传参数,双性状动物模型估计不同胎次繁殖性状间的遗传相关和表型相关。

固定效应模型:

$$Y = YPGN + CN + PNJ + CDNJ + CDS + AFc + AFs + XB + A + E$$

其中, Y 为各性状观测值, $YPGN$ 为与配公牛, CN 为场-出生年, PNJ 为配种年-季, $CDNJ$ 为产犊年-季, CDS 为单双胎, AFc 为初产月龄, AFs 为初配月龄, XB 为性别, A 为个体加性效应, E 为随机残差。

$$AFC = CN + PNJ + CDNJ + AFs + XB + A + E;$$

$$AFS = CN + PNJ + AFc + AFs + A + E;$$

$$BW = YPGN + CDNJ + XB + ID + E;$$

$$CE = YPGN + CDNJ + XB + ID + E;$$

$$CI = YPGN + CN + PNJ + CDNJ + ID + E;$$

$$CR_c = YPGN + CN + PNJ + ID + E;$$

$$CR_h = YPGN + PNJ + AFs + A + E;$$

$$CS = YPGN + CN + CDNJ + XB + ID + E;$$

$$DO = CN + PNJ + CDNJ + ID + E;$$

$$GL = YPGN + CN + PNJ + CDNJ + AFc + ID + E;$$

$$ICF = CN + CDNJ + AFc + AFs + ID + E;$$

$$IFL_c = CN + PNJ + CDNJ + ID + E;$$

$$IFL_h = YPGN + PNJ + AFs + A + E;$$

模型 1:单性状动物模型

$$Y = Xb + Za + e$$

式中, Y 为表型观测值; b 为系统环境向量(包括场-出生年效应、与配公牛效应、配种年-季效应、产犊年-季效应、单双胎效应、初产月龄效应、初配月龄效应、性别效应); a 为加性遗传效应向量; e 为随机残差效应向量; X 、 Z 分别是 b 和 a 的关联矩阵。

模型 2:双性状动物模型

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

式中, y_i 为第 i 个繁殖性状的观测值向量; b_i 为第 i 个繁殖性状的固定效应向量, 包括场-出生年效应、与配公牛效应、配种年-季效应、产犊年-季效应、单双胎效应、初产月龄效应、初配月龄效应、性别效应; a_i 为第 i 个繁殖性状的加性遗传效应向量; e_i 为第 i 个繁殖性状的随机残差效应向量; X_i 和 Z_i 分别为 b_i 和 a_i 的关联矩阵。

1.3 遗传力估计和方差组分估计

通过各模型估计出繁殖性状的方差和协方差, 则遗传力、遗传相关、表型相关和标准误使用的公式如下。

遗传力计算公式:

$$h_i^2 = \frac{\sigma_{a_i}^2}{\sigma_{p_i}^2}$$

式中, $\sigma_{p_i}^2 = \sigma_{a_i}^2 + \sigma_{e_i}^2$, $\sigma_{a_i}^2$ 为加性遗传方差, $\sigma_{e_i}^2$ 为残差方差, $\sigma_{p_i}^2$ 为表型方差。

遗传相关的计算公式:

$$r_A = \frac{Cov(a_1, a_2)}{\sqrt{\sigma_{a_1}^2 \sigma_{a_2}^2}}$$

式中, r_A 为性状的遗传相关, $Cov(a_1, a_2)$ 为性状 a_1 , a_2 的加性效应协方差, $\sigma_{a_1}^2$ 为性状 a_1 的加性方差, $\sigma_{a_2}^2$ 为性状 a_2 的加性方差。

表型相关的计算公式:

$$r_P = \frac{Cov(p_1, p_2)}{\sqrt{\sigma_{p_1}^2 \sigma_{p_2}^2}}$$

式中, r_P 为性状的表型相关, $Cov(p_1, p_2)$ 为性状 p_1 , p_2 的表型协方差, $\sigma_{p_1}^2$ 为性状 p_1 的表型方差, $\sigma_{p_2}^2$ 为性状 p_2 的表型方差。

遗传相关标准误的计算公式:

$$SE^2(r) = \left[\frac{\sigma_{ij}^2}{\sigma_i^2 \sigma_j^2} \right] \left[\frac{Var(\sigma_{ij})}{(\sigma_{ij})^2} + \frac{Var(\sigma_i^2)}{4(\sigma_i^2)^2} + \frac{Var(\sigma_j^2)}{4(\sigma_j^2)^2} - \frac{Cov(\sigma_{ij}, \sigma_i^2)}{\sigma_{ij} \sigma_i^2} - \frac{Cov(\sigma_{ij}, \sigma_j^2)}{\sigma_{ij} \sigma_j^2} + \frac{Cov(\sigma_i^2, \sigma_j^2)}{2\sigma_i^2 \sigma_j^2} \right]$$

2 结果

2.1 宁夏地区不同胎次荷斯坦牛繁殖性状的描述性统计

宁夏地区不同胎次荷斯坦牛各繁殖性状表型的描述性统计如表1所示。配种受胎率随着胎次的增加逐渐降低, 空怀天数延长, 奶牛的繁殖效率呈

现下降趋势。奶牛的平均初配月龄为15月龄, 平均初产月龄为25月龄, 表明牧场繁殖管理较为规范, 初产时间处于合理范围。一胎次初生犊牛的平均体重为36.403 kg, 平均空怀天数为117.357 d, 妊娠天数为274.130 d, 产犊后至首次配种间隔为71.571 d。二胎次奶牛犊牛平均初生重39.306 kg, 呈现上升趋势, 说明经产牛所产犊牛的生长发育基础更优, 犊牛的平均存活率为0.941, 犊牛护理与培育水平良好, 平均产犊间隔为396.268 d。三胎次奶牛平均产犊间隔399.228 d, 提示需加强高胎次牛产后繁殖管理, 平均妊娠天数275.682 d, 平均空怀天数125.645 d, 空怀天数延长, 提示应针对性优化经产牛的营养调控与繁殖管理策略。

2.2 宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状遗传参数估计

2.2.1 宁夏地区荷斯坦青年牛与不同胎次成母牛繁殖性状的遗传力 荷斯坦青年牛与不同胎次成母牛繁殖性状的方差组分和遗传力见表2。荷斯坦青年牛繁殖性状的遗传力为0.097 0(0.008 0)~0.500 9(0.012 9)。荷斯坦成母牛不同胎次繁殖性状的遗传力分别为0.007 6(0.002 5)~0.150 8(0.011 6)、0.010 1(0.003 4)~0.149 9(0.010 2)和0.003 9(0.005 2)~0.137 6(0.013 3), 低于青年牛。第一胎次荷斯坦成母牛ICF、BW、CE及CS性状的加性遗传方差高于第2胎次和第3胎次, 而CR_c、DO、IFL_c和GL没有明显的变化。

2.2.2 荷斯坦青年牛繁殖性状的遗传相关和表型相关 荷斯坦青年牛繁殖性状的遗传相关与表型相关如表3所示。AFS与AFC、CR_h存在低至中等的遗传相关, 范围为0.177 3~0.550 4, AFC与IFL_h存在较高的遗传相关0.835 1, CR_h与AFC、IFL_h存在负遗传相关-0.845 8~-0.692 0。青年牛各繁殖性状间的表型相关与遗传相关趋势一致, 为-0.550 7(IFL_h和CR_h)至0.908 4(IFL_h和AFC之间为正相关), 但低于遗传相关。

2.2.3 相同胎次荷斯坦成母牛繁殖性状间的遗传相关和表型相关 荷斯坦成母牛繁殖性状之间的遗传相关与表型相关如表4、表5和表6所示。一、二、三胎次荷斯坦成母牛繁殖性状间的遗传相关分别为-0.768 8(CR_c-IFL_c)~0.964 2(DO-IFL_c)、-0.881 6(CR_c-IFL_c)~0.990 4(DO-IFL_c)和-1.000 0(CR_c-DO)~0.937 0(DO-IFL_c); 表型相关分别为-0.533 0(CR_c-IFL_c)~0.985 9(DO-IFL_c)、-0.544 0(CR_c-IFL_c)~

表1 宁夏地区不同胎次荷斯坦牛繁殖性状的描述性统计

Table 1 Descriptive statistics of fertility traits in Holstein cows across different parities in Ningxia

性状 Trait	胎次 Parity	数据量 Number	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV	最小值 Min	最大值 Max
AFS/d	1	64 423	455.474	76.036	0.167	270	896
AFC/d	1	61 628	751.874	88.348	0.117	502	1 100
CR_h	1	64 685	0.571	0.495	0.867	0	1
IFL_h/d	1	64 605	24.142	45.138	1.870	0	400
BW/kg	1	53 086	36.403	4.877	0.134	20	60
	2	34 203	39.306	5.539	0.141	20	60
	3	20 211	39.736	5.872	0.148	20	60
CI/d	2	46 631	396.268	76.872	0.194	280	1 567
	3	27 299	399.228	72.767	0.182	280	1 090
CR_c	1	57 405	0.272	0.445	1.637	0	1
	2	40 619	0.243	0.429	1.764	0	1
	3	22 722	0.223	0.416	1.868	0	1
DO/d	1	36 617	117.357	67.776	0.578	27	450
	2	26 311	122.194	68.649	0.562	24	450
	3	14 110	125.645	69.226	0.551	23	448
CS	1	70 061	0.908	0.289	0.319	0	1
	2	46 811	0.941	0.236	0.251	0	1
	3	27 131	0.934	0.249	0.267	0	1
CE	1	60 488	1.162	0.528	0.455	1	5
	2	41 132	1.095	0.401	0.366	1	5
	3	24 989	1.103	0.417	0.378	1	5
ICF/d	1	55 186	71.571	11.222	0.157	20	225
	2	30 459	69.997	10.167	0.145	20	196
	3	16 520	70.434	10.259	0.146	20	207
IFL_c/d	1	36 606	46.978	67.554	1.438	0	400
	2	26 320	54.024	68.835	1.274	0	400
	3	14 109	57.193	69.421	1.214	0	400
GL/d	1	66 240	274.130	6.225	0.027	240	310
	2	45 271	275.332	6.512	0.024	240	310
	3	26 435	275.682	6.569	0.024	240	310

0.989 1(DO-IFL_c)和-0.543 3(CR_c-IFL_c)~0.988 1(DO-IFL_c)。DO、IFL_c与CI之间存在强的正遗传相关,而这些性状与CR_c之间存在强的负遗传相关。表型相关与遗传相关方向完全一致,但数值更小。

2.2.4 不同胎次成母牛相同繁殖性状的遗传相关和表型相关 不同胎次荷斯坦成母牛相同繁殖性状的遗传相关与表型相关如表7所示。成母牛繁殖性状不同胎次之间有着较高的遗传相关,除CS性状第1胎次与第2胎次间遗传相关为0.190 4,CE

性状第1胎次与第3胎次间遗传相关为0.344 3外,其他不同胎次荷斯坦成母牛相同繁殖性状的遗传相关为0.693 6~1.000 0,呈现出高的遗传相关,提示不同胎次相同繁殖性状可能受相同基因调控。不同胎次相同繁殖性状间的表型相关则始终较低,说明繁殖性状易受环境影响。

3 讨 论

3.1 宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状的表型分析

本研究系统整理分析了宁夏地区荷斯坦牛繁

表 2 宁夏地区荷斯坦青年牛与不同胎次成母牛繁殖性状的遗传力

Table 2 Heritability of fertility traits in Holstein heifers and cows across different parities in Ningxia

胎次 Parity	性状 Trait	加性方差 Additive variance	残差方差 Residual variance	表型方差 Phenotype variance	遗传力 Heritability	标准误 Standard error
青年牛 Heifer	AFS	141.922 2	141.430 7	283.352 8	0.500 9	0.012 9
	AFC	404.265 9	1 259.899 9	1 664.165 8	0.242 9	0.010 9
	CR_h	0.019 4	0.180 9	0.200 3	0.097 0	0.008 0
	IFL_h	242.149 1	1 274.303 0	1 516.452 2	0.159 7	0.009 3
一胎次 First parity	BW	2.959 1	16.662 8	19.621 9	0.150 8	0.011 6
	CR_c	0.001 3	0.174 8	0.176 2	0.007 6	0.002 5
	DO	58.260 1	4 141.114 7	4 199.374 7	0.013 9	0.004 1
	CS	0.002 1	0.078 3	0.080 4	0.026 4	0.004 1
	CE	0.014 0	0.231 9	0.245 9	0.056 9	0.006 4
	ICF	5.038 3	93.744 9	98.783 2	0.051 0	0.006 8
	IFL_c	50.947 7	4 114.088 2	4 165.035 8	0.012 2	0.003 9
	GL	2.810 8	27.989 4	30.800 2	0.091 3	0.008 1
	BW	2.847 3	22.431 6	25.278 9	0.112 6	0.011 7
	CI	454.663 9	2 579.480 1	3 034.144 0	0.149 9	0.010 2
二胎次 Second parity	CR_c	0.003 2	0.165 8	0.169 0	0.019 0	0.004 6
	DO	105.888 3	4 476.228 2	4 582.116 5	0.023 1	0.006 6
	CS	0.000 5	0.053 5	0.054 0	0.010 1	0.003 4
	CE	0.005 6	0.147 9	0.153 4	0.036 3	0.006 2
	ICF	2.000 6	76.760 5	78.761 1	0.025 4	0.005 6
	IFL_c	88.522 4	4 471.001 9	4 559.524 3	0.019 4	0.006 2
	GL	1.894 2	32.692 3	34.586 4	0.054 8	0.007 2
	BW	2.228 6	26.125 5	28.354 1	0.078 6	0.013 3
	CI	490.428 5	3 073.025 7	3 563.454 2	0.137 6	0.013 3
	CR_c	0.001 2	0.161 7	0.162 9	0.007 4	0.004 7
三胎次 Third parity	DO	19.218 3	4 435.810 4	4 455.028 7	0.004 3	0.005 3
	CS	0.000 4	0.059 1	0.059 4	0.005 9	0.003 5
	CE	0.005 7	0.163 6	0.169 3	0.033 6	0.007 6
	ICF	1.415 1	79.120 0	80.535 0	0.017 6	0.006 9
	IFL_c	17.051 7	4 414.020 0	4 431.071 8	0.003 9	0.005 2
	GL	2.430 9	31.921 2	34.352 1	0.070 8	0.010 3

表 3 荷斯坦青年牛繁殖性状间遗传相关和表型相关

Table 3 Genetic correlations and phenotypic correlations among fertility traits in Holstein heifers

性状 Trait	AFC	AFS	CR_h	IFL_h
AFC		0.550 4	-0.692 0	0.835 1
AFS	0.427 2		0.177 3	-0.367 5
CR_h	-0.487 6	0.126 0		-0.845 8
IFL_h	0.908 4	-0.538 1	-0.550 7	

对角线上方为遗传相关,对角线下方为表型相关

Above the diagonal indicates genetic correlation; below the diagonal indicates phenotypic correlation

表 4 一胎次荷斯坦成母牛繁殖性状间遗传相关和表型相关

Table 4 Genetic correlations and phenotypic correlations among fertility traits of first-parity Holstein cattle

性状 Trait	BW	CR_c	DO	CS	CE	ICF	IFL_c	GL
BW		-0.201 0	0.301 3	0.383 6	0.053 0	0.010 0	0.320 8	0.511 7
CR_c	-0.006 4		-0.700 0	0.272 4	-0.245 5	-0.096 9	-0.768 8	0.135 2
DO	0.023 3	-0.528 9		-0.076 5	0.218 6	0.708 7	0.964 2	-0.250 9
CS	0.284 9	0.029 7	-0.034 9		-0.553 3	0.026 6	-0.065 9	0.435 6
CE	0.076 1	-0.020 9	0.017 7	-0.226 7		0.135 1	0.270 0	-0.037 7
ICF	0.021 1	-0.034 4	0.176 3	0.002 8	0.016 6		0.401 6	-0.059 4
IFL_c	0.019 8	-0.533 0	0.985 9	-0.036 9	0.016 9	0.024 9		-0.199 9
GL	0.390 4	0.000 2	-0.003 0	0.234 4	0.011 0	-0.007 2	-0.004 2	

对角线上方为遗传相关,对角线下方为表型相关

Above the diagonal indicates genetic correlation; below the diagonal indicates phenotypic correlation

表 5 二胎次荷斯坦成母牛繁殖性状间遗传相关和表型相关

Table 5 Genetic correlations and phenotypic correlations among fertility traits of second-parity Holstein cattle

性状 Trait	BW	CI	CR_c	DO	CS	CE	ICF	IFL_c	GL
BW		0.184 0	0.013 4	0.190 4	0.164 8	0.335 7	0.153 0	0.185 7	0.577 7
CI	0.062 0		-0.321 7	0.512 7	0.013 9	0.295 1	0.254 5	0.536 4	0.162 0
CR_c	-0.006 8	-0.041 1		-0.855 4	0.227 6	-0.255 9	-0.131 4	-0.881 6	0.030 8
DO	0.021 2	0.050 0	-0.536 7		-0.012 2	0.192 5	0.591 1	0.990 4	-0.000 2
CS	0.358 7	0.034 3	0.021 3	-0.013 8		-0.081 0	-0.075 0	-0.068 8	0.184 9
CE	0.018 3	0.035 7	-0.016 7	0.014 6	-0.176 3		0.007 5	0.217 1	-0.020 5
ICF	0.022 5	0.040 7	0.002 4	0.139 7	0.008 9	0.018 3		0.452 6	0.015 5
IFL_c	0.017 3	0.044 8	-0.544 0	0.989 1	-0.014 3	0.014 2	0.006 3		-0.039 9
GL	0.454 4	0.093 2	0.008 5	-0.005 3	0.342 5	-0.011 0	0.013 6	-0.010 0	

对角线上方为遗传相关,对角线下方为表型相关

Above the diagonal indicates genetic correlation; below the diagonal indicates phenotypic correlation

表 6 三胎次荷斯坦成母牛繁殖性状间遗传相关和表型相关

Table 6 Genetic correlations and phenotypic correlations among fertility traits of third-parity Holstein cattle

性状 Trait	BW	CI	CR_c	DO	CS	CE	ICF	IFL_c	GL
BW		0.238 3	-0.592 1	0.224 9	0.301 0	0.362 7	0.117 3	0.157 5	0.559 2
CI	0.059 6		-0.548 6	0.818 7	0.193 6	0.278 8	0.080 1	0.830 2	0.088 4
CR_c	0.002 9	-0.027 0		-1.000 0	0.492 7	-0.233 4	0.142 4	-0.826 0	0.042 0
DO	-0.007 8	0.043 9	-0.535 1		-0.727 3	-0.402 2	0.353 2	0.937 0	-0.552 7
CS	0.343 6	0.035 5	0.031 5	-0.030 9		-0.405 8	0.023 8	-0.8603	0.748 9
CE	0.009 1	0.032 7	-0.029 0	0.029 5	-0.161 0		-0.627 6	-0.353 0	-0.043 9
ICF	0.021 4	0.046 0	-0.002 4	0.133 6	0.008 9	0.002 6		0.122 9	-0.069 4
IFL_c	-0.011 7	0.034 5	-0.543 3	0.988 1	-0.028 5	0.025 5	-0.004 0		-0.566 1
GL	0.492 5	0.076 3	0.010 3	-0.007 1	0.332 8	-0.008 7	0.022 4	-0.011 0	

对角线上方为遗传相关,对角线下方为表型相关

Above the diagonal indicates genetic correlation; below the diagonal indicates phenotypic correlation

表7 荷斯坦成母牛同一性状不同胎次间遗传相关和表型相关

Table 7 Genetic correlation and phenotypic correlations of the same fertility trait across different parities in Holstein cattle

性状 Trait	BW	CR_c	DO	CS	CE	ICF	IFL_c	GL	CI
$r_{a1,a2}$	0.891 7	0.999 8	0.693 6	0.190 4	0.730 8	0.696 6	0.990 8	0.931 4	
$r_{a1,a3}$	0.917 0	0.999 8	0.999 7	0.806 0	0.344 3	0.885 7	0.996 9	0.883 7	
$r_{a2,a3}$	0.972 8	0.999 5	0.998 4	0.999 8	0.999 8	0.966 5	1.000 0	0.972 2	0.997 5
$r_{p1,p2}$	0.168 5	0.024 0	0.048 7	0.026 8	0.110 3	0.066 0	0.033 8	0.128 7	
$r_{p1,p3}$	0.155 2	0.031 2	0.038 2	0.030 6	0.030 3	0.034 1	0.036 6	0.114 2	
$r_{p2,p3}$	0.193 2	0.032 0	0.057 1	0.041 6	0.087 8	0.077 4	0.041 5	0.150 6	0.061 2

$r_{ai,aj}$ 为遗传相关, $r_{pi,pj}$ 为表型相关

$r_{ai \times aj}$ denote genetic correlations, while $r_{pi,pj}$ denote phenotypic correlations

殖性状的表型数据,结果显示青年牛的繁殖性能明显优于经产牛。随着胎次增加,配种受胎率下降且空怀天数延长,主要是因为高胎次奶牛生殖系统发生了生理性退化:卵巢功能衰退,卵子生成效率和质量下降,直接影响配种受胎率,并且子宫内环境稳定性变差,进而导致繁殖效率下滑^[18]。对比其他研究的表型参数发现,本研究中IFL_c平均值为46.978~57.193 d,高于杨桐桐等^[19]报道的44.01 d,这或许与本研究中繁殖性状不同胎次划分和试验条件不同有关。ICF平均值为69.997~71.571 d,低于刘澳星^[17]研究的82.10 d。此外,本研究中AFC均值低于李欣等^[8]在宁夏地区的前期研究结果(782.99 d),AFS均值则高于陈紫薇等^[16]报道的445.06 d。这些差异主要是由地域环境差异和牧场管理策略不同导致的^[20]。值得关注的是,本研究中DO平均值为117.357~125.645 d,与Eghbalsaied^[21]报道的伊朗荷斯坦牛(125.2 d)及Abe等^[22]报道的日本荷斯坦牛(124.6 d)的结果接近,这对于实际的荷斯坦牛养殖具有一定的指导意义。此外,本研究中GL平均值为274.130~275.682 d,与Eghbalsaied^[21]报道的伊朗荷斯坦牛(278.2 d)接近。

3.2 宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状的遗传力特征

对宁夏地区荷斯坦青年牛的4个和成母牛的9个(不同胎次)繁殖性状的遗传参数分析表明,荷斯坦青年牛繁殖性状的遗传力高于成母牛,这可能是因为青年牛处于生长发育的早期阶段,其生殖系统及相关生理机能尚未受到长期繁殖活动、疾病和环境因素的复杂影响。AFS遗传力估计值为 $0.500\ 9 \pm 0.012\ 9$,与陈紫薇等^[16]在宁夏地区的前期研究结果(0.483 ± 0.013)基本一致。AFC遗传力估计值为 $0.242\ 9 \pm 0.010\ 9$,低于Ayalew等^[23]研究的埃塞俄比亚荷斯坦牛(0.47),差异可能源于荷斯坦牛在不

同地区的适应性和环境互作效应。

不同胎次成母牛繁殖性状的遗传力范围在 $0.003\ 9(0.005\ 2) \sim 0.150\ 8(0.011\ 6)$,而第三胎次IFL_c和DO的遗传力最小,分别为 $0.003\ 9(0.005\ 2)$ 和 $0.004\ 3(0.005\ 3)$,这更体现了繁殖性状遗传结构的复杂性,以及遗传改良在繁殖性状上的难度和局限性。与最高遗传力的AFS性状相比,可能是牧场的管理策略不同和初始配种时间的主观性导致AFS的估计值较高^[24],而IFL_c和DO是多因素综合作用的性状,更多受环境和管理因素支配^[16]。研究发现,多数繁殖性状的遗传力随胎次增加呈下降趋势,其中DO遗传力估计值从第一胎的0.013 9降至第三胎的0.004 3,ICF从0.051 0降至0.017 6,这一变化可能是高胎次奶牛生殖功能衰退与环境累积效应共同作用的结果^[25, 26]。同样,CS的遗传力从第一胎的0.026 4降至第三胎的0.005 9,这一趋势说明初产牛的犊牛存活能力更多依赖遗传背景决定的母体繁殖生理状态,而经产牛的犊牛存活则主要受接产技术规范性、产后护理精细化程度等环境因素影响^[14]。

3.3 荷斯坦牛青年牛与经产牛繁殖性状的遗传相关和表型相关

奶牛繁殖效率是决定牧场经济效益的核心因素之一,而青年牛的繁殖性能直接影响牛群的终身生产潜力。由于青年牛和经产牛的繁殖性状存在本质差异,因此已有研究提出,应将两者的繁殖性状作为独立性状进行遗传评估和育种改良^[27, 28]。本研究对宁夏地区荷斯坦青年牛繁殖性状的遗传参数分析显示,AFC与AFS之间存在中等遗传正相关($0.550\ 4$)和表型相关($0.427\ 2$),与朔州地区的研究报道高度一致^[29]。并且发现CR_h与IFL_h之间存在极强负遗传相关($-0.845\ 8$),与刘澳星^[17]

的研究(-0.86)接近。这一关联证实高受胎率缩短配种间隔,而低受胎率则导致多次返情配种,延长首末配种间隔^[30]。与前述强相关性不同,AFS与CR_h之间存在弱遗传正相关(0.177 3)和表型相关(0.126 0),这说明不能依赖延长初配日龄来提高受胎率。本研究发现,AFC与IFL_h的遗传相关为0.835 1,与Liu等^[31]报道的0.75接近,这种正相关性反映了初产日龄较大的个体往往伴随更长的配种间隔,可能是由于卵母细胞质量下降或子宫恢复能力减弱所致。同时,Gonzalez-Recio和Alenda^[32]研究发现CR_h和AFC之间的遗传相关为-0.65,与本研究-0.692 0相近,这说明在育种实践中需要兼顾两者,避免单纯追求早初产而导致受胎率下降。

对宁夏地区荷斯坦经产牛繁殖性状的遗传参数分析发现,DO与IFL_c存在强遗传正相关,IFL_c反映了奶牛繁殖周期的稳定性和发情鉴定效率,而发情鉴定环节的准确性是决定空怀期长度的关键^[33]。智能监测数据显示,其监测的牛群IFL_c标准差仅为传统方法的60%,说明技术提升可以有效削弱IFL_c与DO的遗传关联^[19]。本研究发现,CR_c与DO、IFL_c均呈现强遗传负相关,这一规律在各胎次中都稳定存在,可能因为高泌乳期奶牛的能量摄入无法满足泌乳需求,机体处于能量负平衡状态会抑制促性腺激素分泌,干扰卵泡发育和发情周期,同时延长空怀天数;此外,空怀天数延长会导致体况评分(BCS)超标(>3.5),子宫内膜脂肪沉积增加,降低子宫内膜容受性,进一步降低配种受胎率^[34]。本研究中三胎次DO与CR_c遗传相关(-1.000 0)显著高于波兰荷斯坦牛(-0.45)^[35],二胎次CI与DO的遗传相关(0.512 7)低于河南地区荷斯坦牛群体(0.68)^[36],但表型相关仅为0.050 0,这类相关性差异可能与遗传背景、环境及不同胎次间的生理状态等因素有关^[37]。

双性状动物模型分析显示,同一繁殖性状在不同胎次之间存在较高的遗传相关,且表型相关相近,这一结果为奶牛繁殖性状的早期选择提供了重要理论支持,也为多胎次繁殖信息合并评估荷斯坦牛繁殖性状的遗传参数提供了理论依据。从遗传机制看,繁殖性状遗传力低,受多基因协同调控,也可能受相同基因的调控,这些核心调控基因的作用模式在不同胎次间具有稳定性和延续性^[38]。即使随着胎次的增加,奶牛的生理状态和环境条件发生

变化,其遗传基础对繁殖性状的核心调控作用依然存在,因此不同胎次间繁殖性状的遗传相关较高^[39]。从表型层面看,同一性状不同胎次间的表型相关相近,说明环境因素对繁殖性状的影响具有一致性,尽管牧场会根据胎次调整饲养管理策略,但这些调整对繁殖性状的作用方向和强度相对稳定,最终使得表型相关呈现相近趋势。这一结果提示,积累高质量的早期胎次繁殖性状数据,可有效预测后期胎次的繁殖性能,为推进奶牛繁殖性状的早期育种改良提供数据支撑和理论依据^[40]。

4 结 论

宁夏地区荷斯坦牛繁殖性状呈低至中等遗传力,青年牛的遗传力显著高于成母牛,具有更大的选择潜力。青年牛CR_h与IFL_h性状呈强负遗传相关(-0.85),可作为青年牛繁殖指数的核心性状。成母牛DO、IFL_c与CI遗传相关随胎次递增而加强,可实施联合选择以提高选择效率。成母牛BW、CS、CE、GL与其他繁殖性状呈现较弱的遗传相关,可根据需求作为独立性状单独选育。相邻胎次同一性状呈现高的遗传相关,表明可能受相同基因调控,可跨胎次合并信息评估荷斯坦牛繁殖性状。所有繁殖性状的表型相关均低于遗传相关,提示这些性状受环境影响较大,需加强饲养与繁殖管理。本研究结果为奶牛育种提供了相关遗传信息,为宁夏地区开展荷斯坦牛繁殖性状遗传评估和育种计划制定提供参考。

参考文献(References):

- [1] SCHMIDTMANN C, THALLER G, KARGO M, et al. Derivation of economic values for German dairy breeds by means of a bio-economic model-with special emphasis on functional traits[J]. *J Dairy Sci*, 2021, 104 (3): 3144-3157.
- [2] 王子晨, 张娜, 张婉婷, 等. 荷斯坦牛日反刍时间和产奶量的影响因素分析及遗传参数估计[J]. *畜牧兽医学报*, 2025, 56(3): 1180-1188.
WANG Z C, ZHANG N, ZHANG W T, et al. Analysis of influencing factors and estimation of genetic parameters on daily rumination time and daily milk yield in Holstein cows[J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2025, 56 (3): 1180-1188. (in Chinese)
- [3] 吕昕哲, 齐格, 赵和平, 等. 奶牛繁殖性状的影响因

- 素及其研究进展[J]. 中国畜禽种业, 2023, 19(9): 41-45.
- LV X Z, QI G, ZHAO H P, et al. Factors influencing dairy cow reproductive traits and research advances [J]. *The Chinese Livestock and Poultry Breeding*, 2023, 19(9): 41-45. (in Chinese)
- [4] ZHU K, LI T W, LIU D Y, et al. Estimation of genetic parameters for fertility traits in Chinese Holstein of south China [J]. *Front Genet*, 2024, 14: 1288375.
- [5] PRYCE J E, COFFEY M P, BROTHERSTONE S. The genetic relationship between calving interval, body condition score and linear type and management traits in registered Holsteins [J]. *J Dairy Sci*, 2000, 83(11): 2664-2671.
- [6] 张俊星, 盛 辉, 韩丽云, 等. 泌乳牛健康问题对奶牛重要经济性状的影响分析[J]. 畜牧兽医学报, 2025, 56(5): 2203-2218.
- ZHANG J X, SHENG H, HAN L Y, et al. The impact of health events on important economic traits in Holstein lactating cows [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2025, 56(5): 2203-2218. (in Chinese)
- [7] 赵新春. 热应激下奶牛激素调控策略及其应用效果分析[J]. 中国乳业, 2025, (8): 8-14.
- ZHAO X C. Regulation strategies and application effects of hormones in dairy cows under heat stress [J]. *China Dairy*, 2025, (8): 8-14. (in Chinese)
- [8] 李 欣, 周靖航, 温 万, 等. 宁夏地区荷斯坦奶牛遗传参数估计[J]. 中国畜牧兽医, 2017, 44(6): 1754-1761.
- LI X, ZHOU J H, WEN W, et al. The estimation of genetic parameters of Holstein dairy cows in Ningxia Region [J]. *China Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2017, 44(6): 1754-1761. (in Chinese)
- [9] 梁小军, 王建东, 马吉锋, 等. 宁夏奶牛不同饲养模式下多发性疾病发病情况调查[J]. 宁夏农林科技, 2012, 53(4): 63-65.
- LIANG X J, WANG J D, MA J F, et al. Investigation of incidence of cows' frequent diseases at different breeding patterns in Ningxia [J]. *Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and technology*, 2012, 53(4): 63-65. (in Chinese)
- [10] ROELOFS J, LOPEZ-GATIUS F, HUNTER R H F, et al. When is a cow in estrus? Clinical and practical aspects [J]. *Theriogenology*, 2010, 74(3): 327-344.
- [11] 师 睿, 苏国生, 陈紫薇, 等. 中国荷斯坦牛繁殖性状的基因组预测效果比较[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(9): 2944-2954.
- SHI R, SU G S, CHEN Z W, et al. Comparisons of genomic predictions for fertility traits in Chinese Holstein cattle [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2022, 53(9): 2944-2954. (in Chinese)
- [12] 栗敏杰. 河南地区荷斯坦牛功能性状和生产性状的遗传评估体系建立[D]. 郑州: 河南农业大学, 2020.
- LI M J. Establishment of genetic evaluation system for functional and productive traits of Holstein in Henan Province [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2020. (in Chinese)
- [13] JAMROZIK J, FATEGI J, KISTEMAKER G J, et al. Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits [J]. *J Dairy Sci*, 2005, 88(6): 2199-2208.
- [14] DU B Q, HU H H, ZHANG J X, et al. Estimation of genetic parameters of Holstein calf survival [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2024, 56(1): 44.
- [15] 师 睿, 李珊珊, 张海亮, 等. 中国荷斯坦牛繁殖性状的基因型与环境互作[J]. 畜牧兽医学报, 2024, 55(9): 3968-3977.
- SHI R, LI S S, ZHANG H L, et al. Genotype by environment interaction of fertility traits for the Holstein cattle in China [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2024, 55(9): 3968-3977. (in Chinese)
- [16] 陈紫薇, 师 睿, 罗汉鹏, 等. 宁夏地区荷斯坦牛青年牛繁殖性状遗传参数估计[J]. 畜牧兽医学报, 2021, 52(2): 344-351.
- CHEN Z W, SHI R, LUO H P, et al. Estimation of genetic parameters of reproductive traits of Holstein in heifers in Ningxia [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2021, 52(2): 344-351. (in Chinese)
- [17] 刘澳星. 奶牛繁殖性状遗传参数估计与基因组预测 [D]. 北京: 中国农业大学, 2018.
- LIU A X. Estimation of genetic parameters and genomic prediction for female fertility traits in dairy cattle [D]. Beijing: China Agricultural University, 2018. (in Chinese)
- [18] MORALES-PINEYRUA J T, FARINA S R, MENDOZA A. Effects of parity on productive, reproductive, metabolic and hormonal responses of Holstein cows [J]. *Anim Reprod Sci*, 2018, 191: 9-21.
- [19] 杨桐桐, 张海亮, 王 澳, 等. 荷斯坦牛产后首次发情表现性状遗传参数估计[J]. 畜牧兽医学报, 2024, 55(11): 5050-5058.

- YANG T T, ZHANG H L, WANG A, et al. Estimation of genetic parameters for first estrus expression traits in Holstein cattle [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2024, 55 (11): 5050-5058. (in Chinese)
- [20] 郭翔羽, 郭刚, 李锡智, 等. 北京地区荷斯坦青年牛繁殖性状影响因素分析 [J]. *中国奶牛*, 2011, (24): 1-6.
- GUO X Y, GUO G, LI X Z, et al. Analysis of causal factors on reproduction traits for Holstein heifers in Beijing Area [J]. *China Dairy Cattle*, 2011, (24): 1-6. (in Chinese)
- [21] EGHBALSAIED S. Estimation of genetic parameters for 13 female fertility indices in Holstein dairy cows [J]. *Trop Anim Health Prod*, 2011, 43(4): 811-816.
- [22] ABE H, MASUDA Y, SUZUKI M. Relationships between reproductive traits of heifers and cows and yield traits for Holsteins in Japan [J]. *J Dairy Sci*, 2009, 92(8): 4055-4062.
- [23] AYALEW W, ALIY M, NEGUSSIE E. Estimation of genetic parameters of the productive and reproductive traits in Ethiopian Holstein using multi-trait models [J]. *Asian-Australas J Anim Sci*, 2017, 30 (11): 1550-1556.
- [24] 虎红红. 荷斯坦牛长寿性状的遗传基础及基因组选择研究 [D]. 银川: 宁夏大学, 2023.
- HU H H. Genetic basis and genomic selection of longevity traits in Holstein cattle [D]. Yinchuan: Ningxia University, 2023. (in Chinese)
- [25] 黄越川, 张海亮, 徐伟, 等. 宁夏地区奶牛体型外貌性状遗传参数估计 [J]. *中国畜牧兽医*, 2024, 51(7): 2908-2922.
- HUANG Y C, ZHANG H L, XU W, et al. Genetic parameters for conformation traits of dairy cattle in Ningxia [J]. *China Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2024, 51(7): 2908-2922. (in Chinese)
- [26] 母童, 虎红红, 冯小芳, 等. 宁夏地区荷斯坦牛乳房性状的遗传参数估计和主成分分析 [J]. *畜牧兽医学报*, 2021, 52(4): 954-966.
- MU T, HU H H, FENG X F, et al. Genetic parameter estimates and principal component analysis for udder traits of Holstein cattle in Ningxia [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2021, 52(4): 954-966. (in Chinese)
- [27] MUUTTORANTA K, TYRISEVA A, MANTYSAARI E A, et al. Genetic parameters for female fertility in Nordic Holstein and Red cattle dairy breeds [J]. *J Dairy Sci*, 2019, 102(9): 8184-8196.
- [28] 孟源, 冯明鹏, 王元, 等. 朔州地区某奶牛场中国荷斯坦青年牛繁殖性状遗传参数估计 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2022, (22): 58-64.
- MENG Y, GUO M P, WANG Y, et al. Estimation of genetic parameters for reproductive traits of Chinese Holstein heifers in a dairy farm in Shuozhou [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2022, (22): 58-64. (in Chinese)
- [29] 孟源. 山西朔州地区荷斯坦牛产奶性状和繁殖性状遗传分析 [D]. 晋中: 山西农业大学, 2022.
- MENG Y. Genetic analysis of milk production and reproductive traits of Holstein herds in Shuozhou area of Shanxi Province [D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2022. (in Chinese)
- [30] 代旭. 江苏地区荷斯坦牛肛阴距离特征及其对繁殖性能的影响 [D]. 扬州: 扬州大学, 2023.
- DAI X. Characteristics of anogenital distance and its effects on Holstein cattle in Jiangsu Province [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2023. (in Chinese)
- [31] LIU Z, JAITNER J, REINHARDT F, et al. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait animal model [J]. *J Dairy Sci*, 2008, 91 (11): 4333-4343.
- [32] GONZALEZ-RECIO O, ALENDA R. Genetic parameters for female fertility traits and a fertility index in Spanish dairy cattle [J]. *J Dairy Sci*, 2005, 88(9): 3282-3289.
- [33] STRANDBERG E, BROTHERSTONE S, WALL E, et al. Genotype by environment interaction for first-lactation female fertility traits in UK dairy cattle [J]. *J Dairy Sci*, 2009, 92(7): 3437-3446.
- [34] ZINK V, STIPKOVA M, LASSEN J. Genetic parameters for female fertility, locomotion, body condition score, and linear type traits in Czech Holstein cattle [J]. *J Dairy Sci*, 2011, 94(10): 5176-5182.
- [35] OTWINOWSKA-MINDUR A, PTAK E, JAGUSIAK W, et al. Estimation of genetic parameters for female fertility traits in the polish Holstein-Friesian Population [J]. *Animals (Basel)*, 2022, 12(12): 1485.
- [36] 再娜古丽·君居列克, 黄锡霞, 周靖航, 等. 中国荷斯坦牛成母牛繁殖性状的遗传参数估计 [J]. *中国畜牧杂志*, 2017, 53(4): 55-58.
- JUNJULIEKE Z, HUANG X X, ZHOU J H, et al. Estimation of genetic parameters of reproductive traits in Chinese Holstein cows [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2017, 53(4): 55-58. (in Chinese)

- [37] 施雪奎,武秀香,毛永江,等. 中国荷斯坦牛不同胎次繁殖性能的变化分析[J]. 黑龙江畜牧兽医,2011,(1):31-33.
SHI X K, WU X X, MAO Y J, et al. Analysis of changes in reproductive performance of Chinese Holstein cows across parities [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2011, (1): 31-33. (in Chinese)
- [38] 张启钧. 整合荟萃分析与多组学技术挖掘奶牛繁殖性状候选基因[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学, 2025.
ZHANG Q J. Integrating meta-analysis and multi-omicstechniques to excavate candidate genes for reproductive traits in dairy cattle [D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2025. (in Chinese)
- [39] 王子昂,王逢博,张超,等. 宁夏地区奶牛产后酮病对生产性能的影响[J]. 动物医学进展,2025,46(8):25-32.
WANG Z A, WANG F B, ZHANG C, et al. Effects of postpartum ketosis on production performance of dairy cows in Ningxia Region [J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2025, 46(8): 25-32. (in Chinese)
- [40] LEE J G, SEO J, ALAM M, et al. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Korean dairy cattle[J]. *Anim Biosci*, 2025, 38(1): 33-40.
(编辑 郭云雁)