

## 中国明对虾 WSSV 携带量、生长和 抗 WSSV 育种值的相关性分析

肖广侠<sup>1,2</sup>, 孔 杰<sup>1</sup>, 孟宪红<sup>1\*</sup>, 罗 坤<sup>1</sup>, 栾 生<sup>1</sup>, 曹宝祥<sup>1</sup>, 刘 宁<sup>1</sup>

(1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071;

2. 天津渤海水产研究所, 天津 300457)

**摘要:** 为评估中国明对虾生长及抗 WSSV 能力与中国明对虾 WSSV 携带量之间的相关性, 实验对 130 个中国明对虾家系进行生长及抗 WSSV 性能测试, 对收集到的中国明对虾生长和抗病数据, 输入“水产动物育种分析与管理信息系统”数据库, 利用综合选择指数法估计中国明对虾各个家系的育种值。根据分析结果, 选择出生长育种值最大的 5 个家系和最小的 5 个家系、抗 WSSV 育种值最大的 5 个家系和最小的 5 个家系, 分别检测上述 20 个家系的亲虾、养殖 50 d 及 170 d 中国明对虾的 WSSV 携带量。结果显示, 亲虾、50 d 中国明对虾及 170 d 中国明对虾的 WSSV 携带量分别为 0.190 8、0.286 6 和 0.232 9 copies/ng DNA, 三者之间差异均不显著。亲虾、50 d 中国明对虾和 170 d 中国明对虾的 WSSV 携带量与中国明对虾的生长育种值相关系数分别为 0.021、0.363 和 0.185, 亲虾、50 d 中国明对虾和 170 d 中国明对虾的 WSSV 携带量与抗 WSSV 育种值相关系数分别为 0.033、0.048 和 0.019。研究表明, 中国明对虾的生长育种值和抗 WSSV 育种值与中国明对虾体内的 WSSV 携带量均无显著的相关性。

**关键词:** 中国明对虾; 生长; 白斑综合征病毒; 育种值; 相关性

**中图分类号:** Q 348; S 917.4

**文献标志码:** A

1993 年全国范围对虾养殖场大面积暴发白斑综合征 (white spot syndrome, WSS) 流行病, 使我国对虾养殖业遭受了巨大损失, 迄今为止尚无有效控制 WSSV 疫情的技术措施。改良中国明对虾的种质资源, 选育出新的品种是解决对虾疾病一个较好的方法。目前, 利用 BLUP (best linear unbiased prediction) 法进行个体遗传评定的水产动物多性状复合育种技术, 已经逐渐成为水产动物遗传改良的一种主流方法<sup>[1]</sup>。性状间的相关是选择改良性状时的一个重要参数, 性状间相关程度是育种目标性状取舍、个体遗传评定 (多性状、单性状) 以及选择指数制定的重要依据, 有助于早期选择和间接选择策略的准确制定。在凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 的选择育种研究中, 曾报道过 TSV 感染后存活率、抗 WSSV 存活

性状和池塘存活率与生长性状间的遗传相关关系<sup>[2-3]</sup>。在中国明对虾 (*Fenneropenaeus chinensis*) 的相关研究中, 已有中国明对虾平均体质量达 1.568 g 时的个体体质量和抗 WSSV 存活时间的遗传相关分析报道<sup>[4]</sup>, 中国明对虾家系性状表型值的相关分析表明, 中国明对虾家系 170 d 平均体质量和抗 WSSV 存活时间之间存在一定程度相关 ( $r=0.35, P<0.05$ ), 存活率与 170 d 平均体质量、抗 WSSV 存活时间性状间相关系数很小且差异不显著<sup>[5]</sup>。中国明对虾各生长阶段 WSSV 携带量与生长及抗 WSSV 性状间相关分析的研究尚未见报道。

为分析中国明对虾 WSSV 携带量对其生长及抗 WSSV 性能的影响, 实验利用多性状动物模型估计 50 d 中国明对虾抗 WSSV 育种值及 170 d

收稿日期:2012-09-10 修回日期:2013-03-26

资助项目:国家自然科学基金项目(31072206;31172402);青岛市关键技术攻关类项目(11-1-1-11-h);国家农业科技成果转化资金项目(2011GB2A210003)

通信作者:孟宪红, E-mail:mengxh@ysfri.ac.cn

中国明对虾生长育种值,并利用 TaqMan 实时定量 PCR 检测中国明对虾亲虾、50 d 及 170 d 中国明对虾的 WSSV 携带量,在家系的水平上进行性状间表型值和育种值相关分析,为育种目标和选择指数的制定提供参考,为培育中国明对虾新品种及控制 WSSV 疫情提供理论依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 实验材料

130 个中国明对虾“黄海 2 号”家系亲虾、养殖 50 d、170 d 中国明对虾。

### 1.2 方 法

**中国明对虾苗种培育及标记** 对中国明对虾亲虾采用巢式设计,通过人工授精技术,建立 130 个家系。每天观察雌虾性腺发育情况,及时将发育良好的雌虾移入产卵桶内,温度控制在 14~16℃,不断充气,记录每尾中国明对虾的产卵时间,做为 0 日龄。从每个孵化出来的无节幼体的家系中随机取出 3 000 尾,分别放入 200 L 的桶内进行幼体标准化培育。

中国明对虾幼体饵料由微藻类、人工饲料、轮虫和卤虫组成。在仔虾 1~2 d 后,从每个家系中随机取出 300 尾幼体分别转移到新桶中培育,到仔虾 10 d 时,每桶选择 100 尾转移到新桶中培育,直到可以进行荧光标记为止。具体培育过程见《中国明对虾多性状育种操作规程》(黄海所内部资料)。当仔虾 50 d 时,对每个家系个体进行荧光标记。随机选择颜色组合,具体标记程序参照文献[6]。

**中国明对虾生长测试及育种值计算** 从每个家系标记的个体中随机选择 45 尾放入 3 个水泥池(150 m<sup>3</sup>)中进行培育。在中国明对虾各家系生长日龄平均为 170 d,即达到中国明对虾上市规格时,测量 130 个家系个体体质量,统计每个家系的存活率。利用混合模型,通过 BLUP 法结合 REML 方法进行估计中国明对虾目标性状的遗传参数和个体性状育种值,个体育种值估计通过“水产动物育种分析与管理系 统 Aquabreedings”软件育种分析模块计算得到。其中单性状(如体长、体质量等性状)的遗传评定模型(动物模型)为

$$Y_{ijkl} = \mu + T_i + S_j + TS_{ij} + bA_k(TS_{ij}) + a_k + f_l + e_{ijkl}$$

式中, $Y_{ijkl}$ 表示第  $k$  个个体的体质量, $\mu$  表示总体均值, $T_i$  表示第  $i$  个池塘固定效应, $S_j$  表示第  $j$  个性别

的固定效应。 $TS_{ij}$ 表示池塘与性别交互效应, $f_l$  为第  $l$  个全同胞家系随机效应, $e_{ijkl}$ 为随机残差效应。

**中国明对虾抗 WSSV 能力测试及育种值计算** 标记后的中国明对虾在中国明对虾遗传育种中心(山东青岛)暂养 15 d 后,从 130 个标记的中国明对虾家系中每个家系选择 45 尾,转运到山东海阳海珍品养殖公司进行抗 WSSV 存活测试。测试方法:饥饿 24 h 后,将每尾中国明对虾分别单独置于 1 L 的小罐中,投喂毒饵(10±5)mg,待其摄食后放入同一大池。水温控制在(22±1)℃;每天投喂两次菲律宾蛤仔肌肉;每 1 小时观察并记录死亡情况,15 d 后结束实验。个体育种值估计通过“水产动物育种分析与管理系 统 Aquabreedings”软件育种分析模块计算得到,中国明对虾存活率遗传力估计和育种值预测模型为域模型:

$$\Pr(Y_{ijkl} = 1) = \Pr(l_{ijkl} > 0) = \phi[\mu + T_i + bA_j(T_i) + s_k + d_l + f_{jk} + e_{ijkl}]$$

式中, $Y_{ijkl}$ 表示第  $j$  个个体的存活情况(1 为存活,0 为死亡), $\mu$  表示总体均值, $T_i$  表示第  $i$  个池塘固定效应, $S_k$  表示第  $k$  个父本的加性遗传效应。 $D_l$  表示第  $l$  个母本的加性遗传效应, $A_j(T_i)$  为嵌套在第  $i$  个池塘固定效应内的第  $j$  个个体日龄协变量, $b$  为中国明对虾存活的回归系数, $f_{jk}$  为全同胞记下组随机效应, $e_{ijkl}$ 为随机残差效应。

**DNA 提取及 WSSV 定量** 选择出生长育种值最大的 5 个家系和最小的 5 个家系、抗 WSSV 育种值最大的 5 个家系和最小的 5 个家系,对这 20 个家系的亲虾,50 d 及 170 d 中国明对虾检测 WSSV 含量,每个家系检测 20 尾。DNA 提取参照刘莉等[7],WSSV 定量检测参考 Durand 等[8]的 TaqMan 荧光定量方法,目的片段长度为 69 bp。定量 PCR 反应体系:1×体积的 Perfect Real Time premix(RR039A, TaKaRa)、正反向引物各 0.25 μmol/L、探针 0.125 μmol/L、病毒 DNA 50~100 ng、加灭菌双蒸水至 20 μL。标准品为含有目的片段的重组质粒 PUCm-T/WSSV69,用作阳性对照及标准曲线的构建。反应程序:94℃ 10 s,95℃ 5 s,60℃ 34 s,40 个循环,引物及探针由 TaKaRa 合成,反应在 Applied Biosystems 7500 实时定量 PCR 仪进行,每个样品平行检测 3 次。

**数据统计分析** 实验数据用 SPSS 17.0 统计软件进行结果分析,在 ANOVA 单因子方差分

析的基础上,采用 Duncan's 多重比较检验组间差异,以  $P < 0.05$  作为差异显著的标准,分别分析中国明对虾 3 个生长阶段 WSSV 携带量与生长及抗 WSSV 能力育种值的相关性。

## 2 结果

### 2.1 不同生长阶段中国明对虾 WSSV 携带量

WSSV 携带量,亲虾  $< 170$  d 对虾  $< 50$  d 对虾,携带量分别为 0.19 WSSV copy/ng DNA, 0.23 WSSV copy/ng DNA, 0.29 WSSV copy/ng DNA,三者差异均不显著( $P > 0.05$ )。

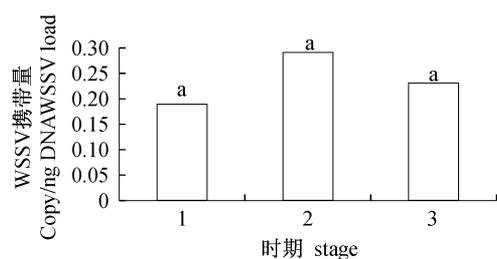


图 1 不同生长阶段中国明对虾的 WSSV 携带量

1. 亲虾; 2. 50 d 中国明对虾; 3. 170 d 中国明对虾。

Fig.1 The WSSV load of different stages of prawn

1. Broodstock; 2. 50-day prawn; 3. 170-day prawn.

### 2.2 不同阶段中国明对虾的 WSSV 携带量与生长育种值的相关性分析结果

由表 1 和表 2 可知,生长育种值与亲虾、养殖 50 d、170 d 中国明对虾体内 WSSV 的相关系数分别为 0.195、0.463 及 0.144,根据表 3 的方差统计结果,得出三者的相关性均不显著( $P > 0.05$ )。

表 1 中国明对虾家系生长育种值与 3 个生长阶段中国明对虾的 WSSV 携带量

Tab.1 The growth breeding value of *F. chinensis* families and WSSV load of three stages of prawn

生长育种值 growth breeding value	WSSV 携带量/(copies/ng DNA) WSSV load		
	亲虾 broodstock	50 d 中国明 对虾 50-day prawn	170 d 中国明 对虾 170-day prawn
121.76	0.33	0.43	0.17
119.95	0.22	0.55	0.46
119.33	0.17	0.21	0.33
113.89	0.13	0.21	0.14
113.73	0.18	0.13	0.34
77.88	0.2	0.11	0.28
82.22	0.22	0.11	0.16
83.16	0.2	0.36	0.17
83.68	0.22	0.2	0.18
83.81	0.11	0.69	0.45

表 2 中国明对虾家系生长育种值、抗 WSSV 育种值与 3 个阶段对虾 WSSV 携带量的相关关系

Tab.2 The relationship among growth breeding value, WSSV-resistance breeding value and the WSSV load of three stages of prawn

	亲虾 broodstock	50 d 中国明 对虾 50 d prawn	170 d 中国明 对虾 170 d prawn
	生长育种值 growth breeding value	0.195	0.463
抗 WSSV 育种值 WSSV-resistance breeding value	0.039	0.054	0.058

表 3 中国明对虾家系生长育种值与 50 d 中国明对虾 WSSV 携带量方差分析表

Tab.3 ANOVA of growth breeding value and WSSV load of 50 d prawn

变异来源 source of variation	平方和 SS	自由度 df	均方 MS	均方比 F	显著性 significance
回归 regression	693.92	1	693.92	2.177	0.178
剩余 surplus	2 550.11	8	318.76		
总变异 total variation	3 244.03	9			

### 2.3 不同阶段中国明对虾的 WSSV 携带量与抗 WSSV 育种值的相关性分析结果

根据表 4 和表 5 可知,中国明对虾亲虾、50 d 及 170 d 中国明对虾 WSSV 携带量与对虾抗 WSSV 育种值之间的相关系数分别为 0.039、0.054 及 0.058,统计分析结果差异均不显著( $P > 0.05$ )。

表 4 中国明对虾家系抗 WSSV 育种值与 3 个生长阶段中国明对虾的 WSSV 携带量

Tab.4 The WSSV-resistance breeding value of *F. chinensis* families and WSSV load of three stages of prawn

抗 WSSV 育种值 WSSV-resistance breeding value	WSSV 携带量/(copies/ng DNA) WSSV load		
	亲虾 broodstock	50 d 中国明 对虾 50 d prawn	170 d 中国明 对虾 170 d prawn
123.76	0.13	0.14	0.23
121.79	0.24	0.47	0.13
118.49	0.22	0.23	0.14
116.81	0.14	1.03	0.12
116.49	0.27	0.13	0.23
85.77	0.15	1.83	0.18
84.34	0.13	0.74	0.1
83.72	0.12	0.1	0.4
83.29	0.2	0.73	0.17
77.68	0.22	1.18	0.31

表5 中国明对虾家系抗 WSSV 育种值与 50 d 中国明对虾 WSSV 携带量方差分析表  
Tab.5 ANOVA of WSSV-resistance breeding value and WSSV load of 50 d prawn

变异来源 source of variation	平方和 SS	自由度 df	均方 MS	均方比 F	显著性 significance
回归 regression	21.97	1	21.97	0.054	0.823
剩余 surplus	3 279.03	7	409.88		
总变异 total variation	3 300.99	8			

### 3 讨论

#### 3.1 WSSV 携带量在中国明对虾不同生长阶段的动态分析

通过实验发现,中国明对虾体内的 WSSV 携带量在其整个生长阶段无明显的动态变化,亲虾 WSSV 携带量较低,50 d 及 170 d 中国明对虾 WSSV 携带量较高,分析原因主要有以下三点:第一、亲虾一般是在 1—3 月份繁殖后代,此时过低的水温对 WSSV 在亲虾体内的复制可能会产生抑制作用,5—10 月份的成虾体内 WSSV 含量较高,可能由于当时较高的水温加快了体内的 WSSV 复制效率,这与 Withyachumnarnkul 等<sup>[9]</sup>的研究结果基本一致;第二、不同的 DNA 提取方法也会对 WSSV 定量结果产生影响,根据李战军等<sup>[10]</sup>的研究,利用不同 DNA 提取方法得到的 DNA 为模板,WSSV 定量结果差异性很大,其中利用试剂盒方法是煮沸方法的 10~100 倍。本实验所用 DNA 提取方法为煮沸法,所以 WSSV 定量结果偏低,低于 Jang 等<sup>[11]</sup>的检测结果;第三、饵料与养殖环境对中国明对虾体内 WSSV 携带量也有较大影响,对虾育苗过程中主要投喂单胞藻、轮虫、卤虫及配合饵料,而养成阶段主要投喂菲律宾蛤仔及配合饵料,这几种饵料都不同程度地携带 WSSV<sup>[12]</sup>,中国明对虾长时间摄食这几种饵料,对其体内的 WSSV 携带量也会产生影响。

#### 3.2 中国明对虾 WSSV 携带量与生长育种值的相关性分析

Withyachumnarnkul 等<sup>[9]</sup>研究发现,斑节对虾 (*Penaeus monodon*) 体质量 (25 g 左右) 与感染 IHNV 阳性与阴性之间无相关性,Meng 等<sup>[13]</sup>研究发现,对虾的 WSSV 阳性率、WSSV 携带量与对虾的生长性状(体长、全长、体质量)之间相关性不

显著。Peinado-Guevara 等<sup>[14]</sup>研究发现对虾体质量与感染 WSSV 阳性率之间不存在显著的相关关系。实验结果表明,50 d 中国明对虾 WSSV 携带量与中国明对虾生长育种值之间相关系数为 0.463,相关性不显著 ( $P > 0.05$ ),亲虾及成虾体内 WSSV 携带量与育种值之间无显著相关性 ( $P > 0.05$ ),结果与 Withyachumnarnkul 等<sup>[9]</sup>、Meng 等<sup>[13]</sup>及 Peinado-Guevara 等<sup>[14]</sup>的研究基本一致。实验结果表明,中国明对虾 WSSV 携带量与生长育种值之间呈现一定的正相关关系,50 d 对虾体内 WSSV 携带量越低,对虾的生长性能越好。理想条件下,对虾苗种体内 WSSV 携带量为 0,对虾的生长性状达到最优状态,这表明,培育天特定病原中国明对虾在对虾生长性状上具有一定的实际意义<sup>[15]</sup>。实验结果亲虾、苗种及成虾 WSSV 携带量与生长育种值差异不显著,原因可能是苗种 WSSV 携带量在低水平范围内,WSSV 携带量对中国明对虾的生长性状影响不显著,可设计进一步实验,研究在 WSSV 携带量差异比较大的情况下,比较不同对虾家系苗种生长差异性是否显著。

#### 3.3 中国明对虾 WSSV 携带量与抗 WSSV 育种值的相关性分析

中国明对虾暴发白斑综合征一周内严重时死亡率可达到 98% 以上<sup>[16]</sup>,迄今为止未有有效的方法控制疫情,提前对对虾苗种进行检疫可以降低暴发白斑综合征的概率。Withyachumnarnkul<sup>[17]</sup>发现利用常规 PCR 检测阳性的斑节对虾苗种养殖过程中暴发白斑综合征的概率是检测阴性苗种的 3 倍;Chu-Fang 等<sup>[18]</sup>研究发现利用巢式 PCR 检测对虾苗种携带 WSSV 的情况,第一步 PCR 检测阳性的对虾苗种比第二步 PCR 检测阳性的对虾苗种暴发白斑综合征的时间要提前,因此对对虾苗种进行 WSSV 检测对预防 WSSV 的暴发具有很重要的实际意义。孟宪红等<sup>[19]</sup>在中国明对虾体内并未发现与抗 WSSV 性状相关的分子标记,Cock 等<sup>[20]</sup>认为对虾体内的抗 WSSV 性状受微效多基因控制,Gitterle 等<sup>[3]</sup>对凡纳滨对虾研究表明在白斑病毒抗病性和生长之间存在一个遗传的负相关关系,并且发现在抗病性对虾个体上的生殖力很低。而对对虾 WSSV 携带量与抗 WSSV 性能之间的相关性未见报道,实验结果表明:在 WSSV 低水平携带量范围内,对虾 WSSV 携带量与抗 WSSV 的育种值无显著相关性,因此

培育 SPF 或者低 WSSV 携带量中国明对虾苗种并不能提高对虾的抗 WSSV 性能,建议可以从筛选抗病基因或者选育抗 WSSV 对虾群体上减少白斑综合征造成的损失。

#### 参考文献:

- [ 1 ] Gjoen H M, Gjerde B. Comparing breeding schemes using individual phenotypic values and BLUP breeding values as selection criteria [ M ]. Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Australia: University of New England, 1998, 27: 111 - 114.
- [ 2 ] Argue B, Arce S M, Lotz J M, et al. Selective breeding of Pacific white shrimp ( *Litopenaeus vannamei* ) for growth and resistance to taura syndrome virus [ J ]. Aquaculture, 2002, 204 ( 3 - 4 ): 447 - 460.
- [ 3 ] Gitterle T, Salte R, Gjerde B, et al. Genetic ( co ) variation in resistance to white spot syndrome virus ( WSSV ) and harvest weight in *Penaeus ( Litopenaeus ) vannamei* [ J ]. Aquaculture, 2005, 246 ( 1 - 4 ): 139 - 149.
- [ 4 ] 杨翠华. 中国对虾与抗性相关性状的遗传学参数分析 [ D ]. 青岛: 中国海洋大学, 2007: 36 - 38.
- [ 5 ] 栾生, 孔杰, 张天时. 等. 基于表型值和育种值的中国对虾生长、抗逆性状相关分析 [ J ]. 海洋水产研究, 2008, 29 ( 3 ): 15 - 21.
- [ 6 ] Godin D M, Carr W H, Hagino G, et al. Evaluation of a fluorescent elastomer internal tagged in juvenile and adult shrimp *Penaeus vannamei* [ J ]. Aquaculture, 1996, 139 ( 3 - 4 ): 243 - 248.
- [ 7 ] 刘莉, 宋晓玲, 黄捷, 等.  $^{60}\text{Co}$  辐照对对虾白斑综合征病毒 ( WSSV ) 的灭活效果 [ J ]. 海洋水产研究. 2004, 25 ( 1 ): 28 - 33.
- [ 8 ] Durand S V, Lightner D V. Quantitative real time PCR for the measurement of white spot syndrome virus in shrimp [ J ]. Journal of Fish Disease, 2002, 25 ( 7 ): 381 - 389.
- [ 9 ] Withyachumnarnkul B, Chayaburakul K, Lao-Aroon S, et al. Low impact of infectious hypodermal and hematopoietic necrosis virus ( IHHNV ) on growth and reproductive performance of *Penaeus monodon* [ J ]. Diseases of Aquatic Organisms, 2006, 69 ( 2 - 3 ): 129 - 136.
- [ 10 ] 李战军, 孔杰, 孟宪红, 等. 三种 DNA 提取方法对 WSSV 检测结果的影响 [ J ]. 渔业科学进展, 2011, 32 ( 3 ): 92 - 97.
- [ 11 ] Jang I K, Meng X H, Hyung-Chul S, et al. A TaqMan real-time PCR assay for quantifying white spot syndrome virus ( WSSV ) infections in wild broodstock and hatchery-reared postlarvae of fleshy shrimp, *Fenneropenaeus chinensis* [ J ]. Aquaculture, 2009, 287 ( 1 - 2 ): 40 - 45.
- [ 12 ] 宋晓玲, 史成银, 黄捷, 等. 用 DNA 斑点杂交法检测对虾及其饵料和环境生物携带白斑综合征病毒状况的调查 [ J ], 中国水产科学, 2001, 8 ( 4 ): 36 - 40.
- [ 13 ] Meng X H, In-Kwon J, Hyung-Chul S. et al. White spot syndrome virus quantification in blue crab *Portunus trituberculatus* hatchery-produced larvae and wild populations by TaqMan real-time PCR, with an emphasis on the relationship between viral infection and crab health [ J ]. Aquaculture, 2009, 291 ( 1 - 2 ): 18 - 22.
- [ 14 ] Peinado-Guevara L I, Lopez-Meyer M. Detailed monitoring of white spot syndrome virus ( WSSV ) in shrimp commercial ponds in Sinaloa, Mexico by nested PCR [ J ]. Aquaculture, 2006, 251 ( 1 ): 33 - 45.
- [ 15 ] 李健, 牟乃海, 孙修涛, 等. 无特定病原中国对虾种群选育的研究 [ J ]. 海洋科学, 2001, 25 ( 12 ): 30 - 33.
- [ 16 ] Vidal O M, Granja C B, Aranguren F, et al. A profound effect of hyperthermia on survival of *Litopenaeus vannamei* juveniles infected with White Spot Syndrome Virus [ J ]. Journal of the World Aquaculture. Social, 2001, 32 ( 4 ): 364 - 372.
- [ 17 ] Withyachumnarnkul B. Results from black tiger shrimp *Penaeus monodon* culture ponds stocked with postlarvae PCR-positive or-negative for white-spot syndrome virus ( WSSV ) [ J ]. Diseases of Aquatic Organisms, 1999, 39 ( 1 ): 21 - 27.
- [ 18 ] Chu-Fang L, Yun-Shiang C, Chin-Te C, et al. PCR monitoring of cultured shrimp for white spot syndrome virus ( WSSV ) infection in growout ponds [ M ] // Flegel T W, eds. Advances in Shrimp Biotechnology. Bangkok: National Center for Genetic Engineering and Biotechnology, 1998: 281 - 286.
- [ 19 ] 孟宪红, 孔杰, 刘萍, 等. 中国对虾抗白斑综合征病毒分子标记的筛选 [ J ]. 中国水产科学 2005, 12 ( 1 ): 14 - 19.
- [ 20 ] Cock J, Gitterle T, Salazar M, et al. Breeding for disease resistance of Penaeid shrimps [ J ]. Aquaculture, 2009, 286 ( 1 - 2 ): 1 - 11.

## Correlation analysis of the viral loads with growth and white spot syndrome virus resistance breeding value of *Fenneropenaeus chinensis*

XIAO Guangxia<sup>1,2</sup>, KONG Jie<sup>1</sup>, MENG Xianhong<sup>1\*</sup>, LUO Kun<sup>1</sup>,  
LUAN Sheng<sup>1</sup>, CAO Baoxiang<sup>1</sup>, LIU Ning<sup>1</sup>

(1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;

2. Bohai Sea Fisheries Research Institute of Tianjin, Tianjin 300457, China)

**Abstract:** The epidemic pathogen of *Fenneropenaeus chinensis* caused by white spot syndrome virus (WSSV) have brought great loss of the *F. chinensis* cultivation, no effective technical measures could control the WSSV epidemic so far. Improving the germplasm resources and cultivating the new varieties of *F. chinensis* are better measures to deal with this disease. The correlation among *F. chinensis* traits is an important parameter, as a result, it is very important to choose an appropriate genetic evaluation method in the analysis of correlation among *F. chinensis* traits. After testing the growth and white spot syndrome virus (WSSV) resistance of 130 *F. chinensis* families, we collected the *F. chinensis* growth and resistance data, and entered the data into database of aquatic animal breeding analysis and management software. According to the results of statistics software analysis, using the comprehensive index method to estimate growth and WSSV resistance breeding value of each *F. chinensis* family, we chose the five families each of the largest and the smallest growth breeding value, five families each of largest and smallest WSSV-resistance breeding value. We detected the WSSV load of these broodstocks, 50 d prawn and 170 d prawn of 20 families. The mean WSSV load of broodstock, 50 d prawn and 170 d prawn of 20 families were 0.190 8, 0.286 6 and 0.232 9 copies/ng DNA, respectively, which showed no significant difference ( $P > 0.05$ ). The correlation coefficients between WSSV-resistance breeding value and WSSV load of broodstock, 50 d prawn and 170 d prawn were 0.021, 0.463 and 0.185, respectively; and those between growth breeding value and WSSV load of broodstock, 50 d shrimp and 170 d shrimp were 0.033, 0.048 and 0.019, respectively. The results show that the relationships among growth breeding value, WSSV-resistance breeding value and the WSSV load of shrimp were not significant ( $P > 0.05$ ).

**Key words:** *Fenneropenaeus chinensis*; growth; white spot syndrome virus; breeding value; correlation

**Corresponding author:** MENG Xianhong. E-mail: mengxh@ysfri.ac.cn