

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2018.16371

长牡蛎‘海大1号’生长及育种性能分析

孟乾, 李琪, 王许波, 张景晓, 于瑞海

中国海洋大学 海水养殖教育部重点实验室, 山东 青岛 266003

摘要: 为了研究长牡蛎(*Crassostrea gigas*)新品种‘海大1号’的生长和育种性能, 本研究采用巢式设计, 构建了‘海大1号’21个全同胞家系和7个半同胞家系, 分析其表型参数、表型相关、遗传力及遗传相关性。结果表明, 200日龄时, ‘海大1号’与对照组野生长牡蛎的3个家系相比, 壳高、壳长、壳宽和总重平均分别提高17%、27%、29%、85%, ‘海大1号’具有显著的生长优势; 现实遗传力分别为 0.128 ± 0.148 、 0.145 ± 0.190 、 0.131 ± 0.219 、 0.135 ± 0.135 , 属于中低等遗传力。表型相关和遗传相关均为正相关, 相关系数的范围为0.730~0.962、0.503~0.768。育种值分析显示, 通过个体间比较(30%选择强度), 表型值和育种值选留个体相同率为71%~74%, 育种值比表型值选择效率高17%~28%; 通过家系间比较(50%选择强度), 表型值和育种值选留家系相同率为70%~90%, 育种值比表型值选择效率高3%~34%。研究结果为制定合理的长牡蛎育种规划、推广新品种长牡蛎‘海大1号’及长牡蛎的良种化提供基础资料。

关键词: 长牡蛎; 生长; 遗传力; 育种值; 海大1号

中图分类号: S968

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2018)02-0263-06

良种选育是实现水产品增产和水产品品质提高的有效途径, 可促进水产养殖业持续健康发展。与畜禽动物相比, 水产动物的遗传育种起步较晚, 因而在遗传改良上具有很大的空间^[1]。传统的选择育种是根据表型值进行选择, 受环境影响大且耗时较长, 存在一定的盲目性。目前, 人们更多的利用数量遗传学理论提高水产动物的生产力性状, 盛志廉等^[2]认为准确地估计遗传进展是水产动物选择育种项目成功的关键; 提高育种值的准确性可提高后代的遗传进展, 加快目标性状的遗传改良。育种值估计是水产动物选种的基础, 开展遗传参数评估是育种值估计的基本要素^[3]。1971年首次提出的约束最大似然法(restricted maximum likelihood, REML)是进行遗传参数评估的常用方法^[4]。动物模型最佳线性无偏预测法(best linear unbiased prediction, BLUP)是目前应用最为广泛的遗传评定模型, 既可反映出育种群的动态

性又可实现固定效应以及随机效应育种值的最佳线性无偏估计。近几年, 越来越多的国内学者应用REML和BLUP方法对水产动物进行的遗传改良及育种值估计, 如在牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)^[5]、大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)^[6]、菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)^[7]、三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*)^[8]等都有报道。

长牡蛎(*Crassostrea gigas*)是世界上养殖范围最广、产量最高的经济贝类。近年来, 由于近亲交配以及累代养殖等各种原因, 致使中国养殖的长牡蛎出现了品质和规格下降等问题^[9], 严重影响了国内牡蛎养殖业的健康可持续发展。因此, 对长牡蛎进行遗传改良, 培育生长快、品质优良的新品种尤为重要。

利用群体选育, 中国海洋大学成功培育了生长迅速、壳型规则的长牡蛎新品种‘海大1号’。本研究利用长牡蛎‘海大1号’建立家系, 测定其子代

收稿日期: 2016-12-19; 修订日期: 2017-07-26.

基金项目: 泰山学者种业计划专家项目; 山东省重点研发计划(2016ZDJS06A06); 鳌山科技创新计划课题(2015ASKJ02).

作者简介: 孟乾(1992-), 男, 硕士研究生, 主要从事贝类遗传育种研究. E-mail: 1508574120@qq.com

通信作者: 李琪, 教授. E-mail: qili66@ouc.edu.cn

的壳高、壳长、壳宽和总重等生长性状,分析各家系的生长性能;以 REML 方法估计遗传参数,利用 BLUP 方法对‘海大 1 号’进行育种性能分析,研究其在长牡蛎育种中的应用,以期制定合理的长牡蛎育种规划及长牡蛎的良种化提供基础资料。

1 材料和方法

1.1 家系的建立

以长牡蛎新品种‘海大 1 号’和乳山野生牡蛎为亲贝,挑选大小整齐,体质健壮,无损伤的 2 龄贝 100 个个体进行亲贝的蓄养与促熟,定期取样镜检精卵发育情况。经过 1 个月的蓄养,亲贝发育成熟,采用巢式交配设计,选取性腺发育良好的 7 个雄性个体和 21 个雌性个体建立 21 个‘海大 1 号’全同胞家系和 7 个半同胞家系。从乳山野生牡蛎中挑选雌雄个体各 3 个,通过单对交配,建立 3 个全同胞家系,作为对照组。

人工取出的卵和精子均单独存放以控制受精。授精 30 min 后,倒掉多余的精子并洗卵,再转移到 100 L 塑料桶中培育 50 d,标记各家系后放入同一海区养殖。整个过程操作严格,避免家系间的污染。

1.2 生长性状的测量

在长牡蛎生长至 200 日龄的时候,从各个家系随机选取 30 个个体,用游标卡尺测量壳高、壳长、壳宽,精确至 0.1 mm,用电子天平测量总重,精确到 0.1 g。

1.3 育种性能分析

1.3.1 表型分析 实验数据采用 SPSS(20.0)软件进行单因子方差分析,结合最小显著法 LSD 多重比较分析各家系间差异,显著性水平设为 $P < 0.05$ 。

1.3.2 分析模型 采用单性状动物模型估计长牡蛎‘海大 1 号’200 日龄生长性状的遗传参数和育种值:

$$y_{ijk} = \mu + a_i + f_j + l_k + e_{ijk}$$

式中, y_{ijk} 为第 i 个体的性状观察值, μ 为生长性状群体均值, a_i 为第 i 个体加性效应(育种值), f_j 为第 j 个桶的固定效应, l_k 为全同胞效应, e_{ijk} 为随机残差效应。

1.3.3 数据处理与分析 利用 ASREML 软件的

REML 方法计算表型变量的方差组分,进行遗传力评估,并用 BLUP 法进行家系育种值预测。

2 结果与分析

2.1 长牡蛎表型值

‘海大 1 号’长牡蛎 200 日龄家系表型参数见表 1。各家系的壳高、壳长、壳宽和总重等生长性状均与对照组之间存在较大的差异,‘海大 1 号’家系壳高均提高 17%,壳长平均提高 27%,壳宽平均提高 29%,总重平均提高 85%。壳高、壳长、壳宽和总重最大和最小均值分别为 44.54 mm 和 27.33 mm、29.99 mm 和 17.37 mm、13.98 mm 和 8.45 mm、10.65 g 和 3.19 g。采用 LSD 法进行差异显著性检验,多数家系生长性状显著高于对照组家系($P < 0.05$),表现出良好的生长优势,只有家系 5、9、10 和 11 与对照组无显著差异,表明长牡蛎‘海大 1 号’具有优越的生长性能。

2.2 遗传参数估计

利用 ASREML 软件计算出 200 日龄长牡蛎‘海大 1 号’壳高、壳长、壳宽和总重的性状遗传力分别为 0.128 ± 0.148 、 0.145 ± 0.19 、 0.131 ± 0.219 、 0.135 ± 0.135 ,属于中低等遗传力(表 2)。长牡蛎的各性状间的表型相关和遗传相关均为正相关(表 3)。遗传相关方面,壳高与总重、壳长及壳长与总重的相关性较高,分别为 0.946 ± 0.031 、 0.953 ± 0.034 、 0.962 ± 0.027 ,最低为壳长与壳宽 0.730 ± 0.137 ;表型相关方面,壳高与总重的相关性最高为 0.768 ± 0.031 ,最低为壳长与壳宽 0.503 ± 0.045 。

2.3 育种值预测与亲本选留

根据个体育种值和表型值两种方法进行选择,再将两种方法的结果进行比较,壳高育种值与其表型值选留个体相同率为 74%,壳长育种值与其表型值选留个体相同率为 72%,壳宽育种值与其表型值选留个体相同率为 71%,总重育种值与其表型值选留个体相同率为 71%。对上述两种方法选留的个体的育种均值进行比较,发现壳高、壳长、壳宽和总重育种值选择效率比其表型值选择分别高 26%、28%、17%、25%。可以看出,依据育种值对个体进行选留的方法能使下一代更快地获得遗传进展。

表 1 200 日龄‘海大 1 号’长牡蛎生长数据的表型参数
Tab. 1 Phenotype parameters of growth traits of 200-day-old Pacific oyster ‘Haida No. 1’

$n=630; \bar{x} \pm SE$

家系 family	壳高/mm shell height	壳长/mm shell length	壳宽/mm shell width	总重/g total weight
1	44.54±5.51	29.99±4.95	13.98±3.64	10.65±4.33
2	42.85±5.98	28.99±6.38	12.77±2.69	9.52±3.74
3	41.30±8.16	25.60±6.52	14.45±3.76	8.39±4.59
4	41.05±5.91	27.84±5.32	13.14±2.98	8.02±2.54
5	29.30±4.43	20.49±2.67	9.81±1.56	3.19±0.92
6	44.68±8.06	29.97±6.85	14.03±2.92	9.85±3.83
7	34.80±7.76	20.47±3.62	13.45±3.24	4.11±2.33
8	37.54±5.96	23.29±4.82	11.85±2.55	4.98±2.31
9	32.82±5.87	20.23±4.18	11.84±3.72	4.19±2.25
10	32.97±5.54	20.56±4.18	10.00±2.03	3.80±1.34
11	27.33±6.08	17.37±3.50	8.45±2.21	3.25±0.93
12	30.08±7.29	20.22±3.92	9.04±2.54	3.61±1.62
13	36.11±8.08	21.23±6.43	10.63±3.24	4.93±2.82
14	37.46±7.89	22.66±4.30	11.46±3.94	5.30±2.38
15	39.97±9.49	22.06±5.47	11.03±3.15	5.76±3.47
16	37.08±6.70	23.73±5.52	11.69±2.94	5.75±2.69
17	36.65±7.06	22.70±4.62	11.03±2.45	5.36±2.89
18	34.32±7.03	22.15±4.14	11.20±2.56	4.67±2.41
19	31.61±4.74	20.77±3.84	10.87±2.17	4.06±1.53
20	34.98±6.81	20.74±4.37	10.38±2.08	4.80±2.37
21	36.33±5.20	21.46±3.40	10.90±2.99	6.37±2.43
平均值 mean	36.37±6.65	22.98±4.71	11.52±2.83	5.74±2.56
对照组 control	31.06±4.91	18.12±3.66	8.96±1.19	3.11±1.02

表 2 200 日龄‘海大 1 号’长牡蛎生长性状的方差组分
Tab. 2 Variance components of growth traits of 200-day-old Pacific oyster ‘Haida No. 1’

$n=630; \bar{x} \pm SE$

性状 trait	加性效应方差 additive effect variance, V_A	剩余方差 residual variance, V_R	遗传力 heritability, h^2
壳高 shell height	7.86±8.99	44.36±5.40	0.128±0.148
壳长 shell length	4.50±4.89	22.58±2.91	0.145±0.159
壳宽 shell width	1.32±2.19	7.93±1.23	0.131±0.219
总重 total weight	1.38±1.36	7.33±0.84	0.135±0.135

表 3 长牡蛎‘海大 1 号’生长性状的遗传参数
Tab. 3 Genetic parameters of growth-related traits in the Pacific oyster ‘Haida No. 1’

$n=630; \bar{x} \pm SE$

性状 trait	壳高 shell height	壳长 shell length	壳宽 shell width	总重 total weight
壳高 shell height	0.128±0.148	0.953±0.034	0.841±0.092	0.946±0.031
壳长 shell length	0.604±0.047	0.145±0.159	0.730±0.137	0.962±0.027
壳宽 shell width	0.539±0.045	0.503±0.046	0.131±0.219	0.741±0.127
总重 total weight	0.768±0.031	0.752±0.030	0.603±0.042	0.135±0.135

注: 对角线下方为表型相关, 对角线上方为遗传相关, 对角线上粗体为遗传力。

Note: Below the diagonal are the estimates of phenotypic correlations and above the diagonal are the genetic correlations, and heritabilities are in bold.

利用上述两种方法对家系进行选留, 200 日龄长牡蛎‘海大 1 号’壳高、壳长、壳宽和总重的育种值与表型值选择的家系相同率分别为 90%、

80%、70%、90%。由此可见, 在进行家系选择时, 两种选留方式选择的家系差异不大。以 50%作为选择强度, 根据育种值和表型选留的家系如表 4

表 4 不同选择方式对长牡蛎‘海大 1 号’F₁ 家系的选择结果
Tab. 4 Selective results of F₁ families by different methods in the Pacific oyster ‘Haida No.1’

选择方式 selection method							
壳高 shell height		壳长 shell length		壳宽 shell width		总重 total weight	
育种值 BV	表型值 PV	育种值 BV	表型值 PV	育种值 BV	表型值 PV	育种值 BV	表型值 PV
6	1	6	1	6	1	6	1
15	6	1	6	3	3	1	6
1	2	2	2	7	6	21	2
21	3	4	4	1	7	2	3
2	4	16	3	16	4	4	4
4	15	21	16	21	2	16	21
16	8	17	8	4	8	15	15
17	14	18	17	18	9	3	16
3	16	14	14	19	16	17	17
14	17	20	18	14	14	20	14

注: 表中数字表示家系编号。

Note: Figures in the table are the family numbers.

所示。比较两种标准下选留家系的育种均值发现, 200 日龄壳高、壳长、壳宽和总重育种值选择效率比其表型值选择分别高 8%、14%、34%、3%, 表明两种选留家系的方法存在差异, 但是依据总重进行选育时, 两种方式的差异不大。

3 讨论

对 200 日龄长牡蛎‘海大 1 号’和对照组的表型参数进行分析, 结果表明, 与对照组相比, 长牡蛎‘海大 1 号’具有良好的生长性能, 生长速度显著快于野生牡蛎。Rutten 等^[10]研究发现共同环境效应(c^2)随着尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus* L.) 年龄的增长而平稳下降; 高保全等^[8]对三疣梭子蟹的研究中表明三疣梭子蟹遗传育种中选择时间越接近收获期, 结果越精确。因此, 本研究采用 200 日龄的长牡蛎新品种‘海大 1 号’生长测量数据, 以得到更加准确的结果。

利用单性状动物模型和 REML 法估计了长牡蛎‘海大 1 号’的壳高、壳长、壳宽和总重等生长性状的方差组分、遗传力、遗传相关、表型相关等参数, 其壳高、壳长、壳宽和总重的遗传力分别为 0.128 ± 0.148 、 0.145 ± 0.190 、 0.131 ± 0.219 、 0.135 ± 0.135 , 属于中低度遗传力, 低于王庆志等^[11]的研究结果。这可能与研究时使用的牡蛎群体遗传背景不同有关, 选择会对遗传力造成影响, 从理论上选择将导致遗传基础一致性增强, 即 σ^2 下降,

h^2 也下降^[2]。本研究所用亲本经过了多代的选择, 因此会造成遗传力估计上的差异。Maluwa^[12]在罗非鱼(*O. shiranus*)选育过程中也获得了同样结果。研究时期的不同也可能带来遗传力评估结果的差异。刘峰等^[5]研究发现不同时期的牙鲆的遗传力会存在一定的差异。王庆志等^[11, 13]在评估长牡蛎不同发育时期遗传参数时也得到相似的结论。此外, 不同遗传力估计方法也会导致估算结果的不一致。与 REML 法和单性状动物模型相比, 全同胞组内相关法由于不能充分利用个体间的亲缘资料, 导致其进行遗传力估计时估计值一般偏高。Reagan 等^[14]和栾生等^[15]分别使用全同胞组内相关法和动物模型对斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)的体重遗传力进行估计, 前者估计的遗传力为 0.75, 后者为 0.41。另外, 选取样本数量的变化也会对遗传力的估计造成影响。

遗传相关也是育种中重要的评估参数之一, 它反映两个性状之间由于各种遗传原因造成的相关程度的大小, 是进行间接选择时必不可少的参考依据。本研究中壳高、壳长、壳宽和总重的遗传相关为 0.73~0.95, 各性状间的遗传相关均比较显著, 表明以壳高为目标性状选育的同时也会间接对壳长、壳宽、总重性状进行选育。

育种值又称估计育种值(estimated breeding value, EBV), BLUP 法可较准确地估测育种值, 目前在水产动物育种值估计中应用越来越广泛。本

研究利用 BLUP 方法对长牡蛎‘海大 1 号’的育种值进行估计, 分别在个体和家系两方面比较了长牡蛎‘海大 1 号’育种值选择与表型值选择的效率差异。在家系间对育种值和表型值选育进行比较, 发现育种值选择效率提高 3%~34%; 在个体间比较时, 前者比后者的选择效率高 17%~28%。类似结果在鱼类及甲壳类动物育种研究中均有报道。刘峰等^[5]根据体重和全长的育种值和表型值对牙鲆进行选择, 比较两种方法后发现, 前者比后者高 32.3%和 35.4%。高保全等^[8]发现利用家系育种值进行选择时, 三疣梭子蟹的甲宽、体高和体重的选择效率分别比表型值选择高 19.4%、14.8%和 16.9%。马爱军等^[6]发现根据育种值对大菱鲆家系进行选择比根据表型值选择家系的效率高 24.8%。因此, 在制定长牡蛎育种计划时可以根据家系和个体育种值对家系和个体进行选留, 以加快后代获得遗传进展的速度。然而, 由于 BLUP 法选留的个体往往来自同一个家系, 存在近交衰退的风险^[1], 因此, 在制定育种计划的时候还应采取一些措施, 如使用相对较大的基础群体以及制定更合理的交配方案, 来减缓近交衰退^[16]。

参考文献:

- [1] Luan S, Kong J, Wang Q Y. Methods and application of aquatic animal breeding value estimation: A review[J]. Marine Fisheries Research, 2008, 29(3): 101-107. [栾生, 孔杰, 王清印. 水产动物育种值估计方法及其应用的研究进展[J]. 海洋水产研究, 2008, 29(3): 101-107.]
- [2] Sheng Z L, Chen Y S. Quantitative Genetics[M]. Beijing: Science Press, 1999: 434-440. [盛志廉, 陈瑶生. 数量遗传学[M]. 北京: 科学出版社, 1999: 434-440.]
- [3] Ponzoni R W, Hamzah A, Tan S, et al. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J]. Aquaculture, 2005, 247(1-4): 203-210.
- [4] Patterson H D, Thompson R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal[J]. Biometrika, 1971, 58(3): 545-554.
- [5] Liu F, Chen S L, Wang L, et al. Analysis of growth performance and breeding value of ‘Pingyou No.1’ Japanese flounder and selection of parents[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2013, 20(3): 521-527. [刘峰, 陈松林, 王磊, 等. “鲆优 1 号”牙鲆生长和育种性能分析及亲本选留[J]. 中国水产科学, 2013, 20(3): 521-527.]
- [6] Ma A J, Wang X A, Lei J L. Genetic parameterization for turbot *Scophthalmus maximus*: Implication to breeding strategy[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2009, 40(2): 187-194. [马爱军, 王新安, 雷霖霖. 大菱鲆不同生长阶段体重的遗传参数和育种值估计[J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(2): 187-194.]
- [7] Li D C, Yan X W, Huo Z M, et al. Estimation of heritability and breeding value on shell length of manila clam *Ruditapes philippinarum* at spat stage[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2013, 44(6): 1550-1556. [李冬春, 闫喜武, 霍忠明, 等. 蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)养成期壳长[J]. 海洋与湖沼, 2013, 44(6): 1550-1556.]
- [8] Gao B Q, Liu P, Li J. Analysis of the growth and breeding value of *Portunus trituberculatus* ‘Huangxuan No.1’[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2015, 22(1): 44-50. [高保全, 刘萍, 李健. 三疣梭子蟹‘黄选 1 号’生长和育种性能分析[J]. 中国水产科学, 2015, 22(1): 44-50.]
- [9] Kong N, Li Q, Cong R H, et al. Study on growth characteristics of the selected third generation of Pacific oyster *Crassostrea gigas* with rapid growth[J]. Marine Sciences, 2015, 39(3): 7-11. [孔宁, 李琪, 丛日浩, 等. 长牡蛎 F3 代快速生长选育群体生长特性的研究[J]. 海洋科学, 2015, 39(3): 7-11.]
- [10] Rutten M J M, Komen H, Bovenhuis H. Longitudinal genetic analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.) body weight using a random regression model[J]. Aquaculture, 2005, 246(1-4): 101-113.
- [11] Wang Q Z, Li Q, Liu S K, et al. Estimates of genetic parameters for growth-related traits in adult *Crassostrea gigas* [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2012, 19(4): 700-706. [王庆志, 李琪, 刘世凯, 等. 长牡蛎成体生长性状的遗传参数估计[J]. 中国水产科学, 2012, 19(4): 700-706.]
- [12] Maluwa A O. Genetic selection for growth of a Malawian indigenous tilapia, *Oreochromis shiranus*[D]. Norway: Norwegian University of Life Sciences, 2005.
- [13] Wang Q Z, Li Q, Liu S K, et al. Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth in *Crassostrea gigas* larvae[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2009, 16(5): 736-743. [王庆志, 李琪, 刘士凯, 等. 长牡蛎幼体生长性状的遗传力及其相关性分析[J]. 中国水产科学, 2009, 16(5): 736-743.]
- [14] Reagan R E, Pardue G B, Eisen E J. Predicting selection response for growth of channel catfish[J]. Journal of Heredity, 1976, 67(1): 49-53.
- [15] Luan S, Bian W J, Deng W, et al. Genetic parameters for growth and survival of the base population in channel catfish (*Ictalurus punctatus*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2012, 36(9): 1313-1321. [栾生, 边文冀, 邓伟, 等. 斑点叉尾鲷基础群体生长和存活性状遗传参数估计[J]. 水产学报, 2012, 36(9): 1313-1321.]
- [16] Gall G A E, Bakar Y. Application of mixed-model techniques to fish breed improvement: analysis of breeding-value selection to increase 98-day body weight in tilapia[J]. Aquaculture, 2002, 212(1-4): 93-113.

Analysis of growth performance and breeding value of the Pacific oyster ‘Haida No.1’

MENG Qian, LI Qi, WANG Xubo, ZHANG Jingxiao, YU Ruihai

The Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education; Ocean University of China, Qingdao 266003, China

Abstract: The Pacific oyster, *Crassostrea gigas*, is an aquatic species which is widely cultivated globally and cultured mainly in Liaoning, Shandong, and Jiangsu Provinces in China. In recent years, various problems such as disease and natural-resource depletion have brought enormous economic losses to the culture industry of *C. gigas* owing to its rapid expansion. Therefore, studies on selective breeding for more stress-resistant strains are necessary. In the present study, we estimated the growth performance, heritability, and breeding value of *C. gigas* ‘Haida No.1’ to analyze the growth and breeding performance using full-sib family mating experiments. In 2015, 21 full-sib and seven half-sib families were bred. We measured the shell height, shell length, shell width, and total weight of 30 individuals in each family at 200 days after hatching. The results showed that the shell height, shell length, shell width, and total weight were 17%, 27%, 29%, and 85% higher on day 200 compared with the natural population respectively. The heritability on day 200 ranged from 0.128 to 0.145, which is medium-low heritability. Phenotypic correlation and genetic correlation were positive and ranged from 0.730 to 0.962 and from 0.503 to 0.768 respectively. Comparisons between the selection based on breeding value and phenotypic value, were approximately 70% consistent at the individual level and 70%–90% consistent at the family level. Selection efficiency for growth traits was 3%–34% higher at the family level and 17%–28% higher at the individual level based on breeding value than that based on the phenotypic value. The study can provide basic data for management of *C. gigas* and expanding ‘Haida No.1’.

Key words: *Crassostrea gigas*; growth; heritability; breeding value; ‘Haida No.1’

Corresponding author: LI Qi. E-mail: qili66@ouc.edu.cn