

# 肉鸡腹脂率双向选择系群体表型数据库(NEAUHLFPD)的设计及其功能实现

李敏, 董翔宇, 梁浩, 冷丽, 张慧, 王守志, 李辉, 杜志强

东北农业大学动物科学技术学院, 农业部鸡遗传育种重点实验室, 黑龙江省教育厅动物遗传育种与繁殖重点实验室, 哈尔滨 150030

**摘要:** 表型性状的准确记录及其有效管理和分析是选育优良畜禽品种(系)工作的重要内容。东北农业大学肉鸡腹脂率双向选择系(Northeast Agricultural University High and Low Fat, NEAUHLF)经过 20 年的选育工作积累了大量与肉鸡脂肪沉积的分子遗传基础研究相关的表型数据。为了有效并系统地存储、管理和分析利用这些表型数据, 本研究建立了东北农业大学肉鸡腹脂率双向选择系表型数据库(The NEAUHLF Phenome Database, NEAUHLFPD)管理系统。NEAUHLFPD 主要涵盖以下表型记录和信息: 1~19 世代系谱记录和 29 项表型数据(分别为鸡体尺性状、体重性状、屠体性状及相应的率性状信息等)。该表型数据库的架构和设计过程具体如下: (1)架构信息。WEB 服务器—Apache; 数据库—MySQL; 数据库管理工具—Navicat; 用于动态交互性站点创建的服务器端脚本语言—PHP; 超文本标记语言—HTML。(2)结构信息。主界面上有数据库整体组成及功能的详细介绍, 以及数据库各部分基本结构的索引按钮。功能模块主要包含两方面内容: 第一模块, 表型(phenotype)数据的物理存储空间, 可实现数据指标的选定、筛选、范围设定和查找等功能; 第二模块, 表型数据的基本描述性统计计算(descriptive statistics), 可对条件筛选后的数据进行基本统计量的计算, 同时还可实现对筛选数据的按条件排序等功能。NEAUHLFPD 不仅能有效储存和管理表型数据, 还可以兼容高通量基因组学数据, 有利于今后进一步开展鸡脂肪组织生长发育的分子遗传基础研究以及推进低脂肉鸡的选育工作。

**关键词:** 肉鸡; 腹脂率; 双向选择; 表型; 数据库

## A phenome database (NEAUHLFPD) designed and constructed for broiler lines divergently selected for abdominal fat content

Min Li, Xiangyu Dong, Hao Liang, Li Leng, Hui Zhang, Shouzhi Wang, Hui Li,  
Zhi-Qiang Du

*College of Animal Science and Technology, Northeast Agricultural University; Key Laboratory of Chicken Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture; Key Laboratory of Animal Genetics, Breeding and Reproduction, Education Department of Heilongjiang Province, Harbin 150030, China*

收稿日期: 2017-02-08; 修回日期: 2017-03-10

基金项目: 国家肉鸡产业技术体系建设项目(编号: CARS-42)和国家自然科学基金项目(编号: 31472088)资助[Supported by the China Agriculture Research System (No.CARS-42) and the National Natural Science Foundation of China (No.31472088)]

作者简介: 李敏, 硕士研究生, 专业方向: 动物遗传育种与繁殖。E-mail: 1129506261@qq.com

通讯作者: 杜志强, 博士, 教授, 博士生导师, 研究方向: 动物遗传育种与繁殖。E-mail: zhqdu@neau.edu.cn

DOI: 10.16288/j.ycz.17-034

网络出版时间: 2017/4/7 15:21:35

URI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20170407.1521.002.html>

**Abstract:** Effective management and analysis of precisely recorded phenotypic traits are important components of the selection and breeding of superior livestock. Over two decades, we divergently selected chicken lines for abdominal fat content at Northeast Agricultural University (Northeast Agricultural University High and Low Fat, NEAUHLF), and collected large volume of phenotypic data related to the investigation on molecular genetic basis of adipose tissue deposition in broilers. To effectively and systematically store, manage and analyze phenotypic data, we built the NEAUHLF Phenome Database (NEAUHLFPD). NEAUHLFPD included the following phenotypic records: pedigree (generations 1-19) and 29 phenotypes, such as body sizes and weights, carcass traits and their corresponding rates. The design and construction strategy of NEAUHLFPD were executed as follows: (1) Framework design. We used Apache as our web server, MySQL and Navicat as database management tools, and PHP as the HTML-embedded language to create dynamic interactive website. (2) Structural components. On the main interface, detailed introduction on the composition, function, and the index buttons of the basic structure of the database could be found. The functional modules of NEAUHLFPD had two main components: the first module referred to the physical storage space for phenotypic data, in which functional manipulation on data can be realized, such as data indexing, filtering, range-setting, searching, etc.; the second module related to the calculation of basic descriptive statistics, where data filtered from the database can be used for the computation of basic statistical parameters and the simultaneous conditional sorting. NEAUHLFPD could be used to effectively store and manage not only phenotypic, but also genotypic and genomics data, which can facilitate further investigation on the molecular genetic basis of chicken adipose tissue growth and development, and expedite the selection and breeding of broilers with low fat content.

**Keywords:** broiler; abdominal fat rate; divergent selection; phenotype; database

过去几十年来, 畜禽育种不断引入了统计学的方法和原理<sup>[1]</sup>, 使得大规模的统计计算在畜禽育种中得到应用。通过对数量性状表型值的度量, 实现对动物个体育种值的估计是畜禽育种的重要内容, 其前提是要针对各种数量性状进行详细准确地测定、记录和分析。家禽育种中, 由于家禽生产周期短、数据量大、数据类型复杂<sup>[2]</sup>, 简单的 Excel 信息管理形式对数据的存储和分析有很大的局限性。

数据库形式的数据存储以及数据分析成为近年来的发展趋势。数据库所涉及的领域众多, 就生命科学领域而言, 如蛋白质数据库<sup>[3]</sup>、基因组数据库<sup>[4,5]</sup>、遗传突变数据库<sup>[6]</sup>、转录因子数据库<sup>[7]</sup>以及 RefSeq 数据库<sup>[8]</sup>等都在生命科学的基础研究中起到了十分重要的作用; 在医学上, 数据库技术的应用不仅解决了海量医学临床数据的存储问题<sup>[9,10]</sup>, 更是为数据分析与临床研究提供了多种高效分析途径; 在畜禽育种上, 自 20 世纪 50 年代起, 就有相关的数据管理技术应用在畜禽生产中<sup>[11]</sup>, 已经开发了大量畜禽育种的数据管理软件和数据库分析软件<sup>[12-18]</sup>, 如养殖场育种管理系统<sup>[15]</sup>、禽病控制数据管理监测系统<sup>[16]</sup>等, 用以提高畜禽育种速度和准确度<sup>[19]</sup>。

东北农业大学家禽课题组建立了国内唯一的快大型白羽肉鸡腹脂双向选择品系——高脂系和低脂系。这两个品系是研究鸡脂肪组织生长发育的理想遗传材料。为了实现对东北农业大学腹脂率双向选择系(The Northeast Agricultural University High and Low Fat, NEAUHLF)肉鸡表型数据的规范管理, 更好地挖掘其表型数据信息的价值, 本研究建立了 NEAUHLF 表型数据库(NEAUHLF Phenome Database, NEAUHLFPD), 完成了对 NEAUHLF 长期育种生产实践中积累起来的大量表型数据的统一管理。相比其他的畜禽数据管理系统, 本研究应用 MySQL 搭建工具, 实现了对数据的检索和调用, 以及基本统计计算等功能。展示形式更为直观, 用户操作更加简单。NEAUHLFPD 为东北农业大学低脂肉鸡的选育工作提供了规范的数据资料管理系统, 为进一步研究鸡脂肪组织生长发育的分子机理奠定了基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 数据材料

本研究所有数据来源于东北农业大学肉鸡高、

低脂双向选择品系。涉及 1~19 世代高、低脂系选育过程中保存的所有表型数据,包括不同周龄的体重和生长性状记录、体尺性状记录、屠宰性状记录、相应的率性状记录,以及品系、家系和世代信息等记录。

## 1.2 方法

### 1.2.1 环境搭建

计算机环境设置<sup>[20]</sup>为:web 服务器—Apache;数据库—MySQL(navicat);进行动态交互性站点构建的服务器端脚本语言—PHP<sup>[21]</sup>。

### 1.2.2 数据导入

在数据导入过程中,首先需要实现 navicat 与 MySQL 数据库相连接。待新建数据库与数据库名称、字符集设置工作完成后,向新建的数据库导入表单,设置参数环境,进而完成数据的导入。

### 1.2.3 功能实现

HTML,即超级文本标记语言,用以实现数据表单的网页显示。这是一种 HTML 内嵌式的 PHP<sup>[21]</sup>方式,根据数据显示格式要求,执行文件语言编写,搭建数据库搜索查询、浏览、筛选等界面;编辑插入相关计算公式,执行相应的基本计算功能,实现用户对数据的基本调用和分析计算。最后,进行数据类型与数据分布的统计规划,设计搭建数据库初始可视化管理界面,实现用户界面(UI)与后台数据库的顺次连接,进而完成数据库的全部搭建工作。

该数据库系统是一个持续、可更新的系统,管理员可根据实验进程随时实现权限控制下的数据删改与增添。

### 1.2.4 数据库设计

数据库搭建过程中以实现功能为主要目的,以规范设计为原则,通过对原始数据的搜集与整理,将原始数据集与数据库相连接,从而完成数据库的基本设计,并进一步完善数据库浏览检索以及统计计算等功能,具体设计路线见图 1。

## 2 结果与分析

### 2.1 NEAUHLFPD 表型数据信息字段设计

本数据库依据所包含的 29 种表型信息,共设计

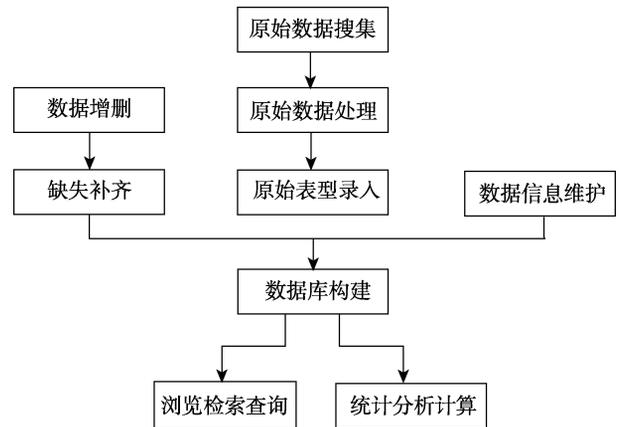


图 1 数据库设计路线

Fig. 1 Scheme of database design

了 29 个字段,对应品种信息、家系信息、个体号牌信息和生长性能信息(包括体尺指标、体重指标、屠体指标以及相应的率性状信息等)。

各表型数据具体名称、字段、字段长度等信息见表 1。表型数据信息分布特征统计如图 2 所示,其中体重与屠体性状所占比重分别为 17%和 28%,各项率性状指标所占比例为 24%,体尺指标比例占 14%,其余品种、家系等信息合计所占比例为 17%。该表型数据信息分布情况详细显示了各类指标在数据库中的分布情况,也表明了体重、屠体性状和率性状指标是表型数据的重要组成部分。

### 2.2 数据库用户界面及用户注册登录系统

NEAUHLFPD 用户界面涉及了数据库各部分索引按钮,以及数据库用户使用手册等内容(图 3A)。主界面最上方为标题栏,从左至右依次为数据库图标、数据库名称、用户手册指南、其他相关网站快捷链接以及登录/退出按钮等。图 3B、图 3C 分别为用户登录和注册界面。

### 2.3 数据库设置

表型数据库主要包括两个功能模块:第一部分,表型(phenotype)记录的数据存储空间。显示设置为每页 15 条数据记录,默认设置为显示首页数据,页面下方设置有翻页选择按钮,用户可逐页查询数据,也可以根据需要输入页码,跳转至指定页进行数据查询。该部分通过设置信息检索栏与条件筛选栏,实现了对数据的双指标查询功能;第二部分,表型

表 1 表型信息字段设计说明表

Table 1 Description of fields for phenotypic information

类别	名称	字段	长度	小数位	类别	名称	字段	长度	小数位	
号牌	Wing	翅号	8	—	屠体指标	CW	胴体重(g)	4	—	
	Foot	脚号	5	—		AFW	腹脂重(g)	5	2	
品系	Line(1)	低脂系	1	—		LW	肝重(g)	4	2	
	Line(2)	高脂系	1	—		MSW	肌胃重(g)	4	2	
家系	Halfsib	半同胞	3	—		GSW	腺胃重(g)	4	2	
	Fullsib	全同胞	4	—		HW	心脏重(g)	4	2	
体尺指标	MeL	跖骨长(cm)	4	2		SW	脾脏重(g)	3	2	
	MeC	跖骨围(cm)	4	3		TW	睾丸重(g)	3	2	
	KeL	龙骨长(cm)	4	2		屠体率性状	AFW/BW	腹脂率(%)	10	9
	ChiW	胸宽(cm)	4	2			LW/BW	肝比率(%)	10	9
体重指标	BW0	出生重(g)	6	2	MSW/BW		肌胃比率(%)	10	9	
	BW1	1 周龄体重(g)	6	2	GSW/BW		腺胃比率(%)	10	9	
	BW3	3 周龄体重(g)	6	2	HW/BW		心脏比率(%)	10	9	
	BW5	5 周龄体重(g)	6	2	SW/BW		脾脏比率(%)	10	9	
	BW7	7 周龄体重(g)	6	2	TW/BW	睾丸比率(%)	10	9		

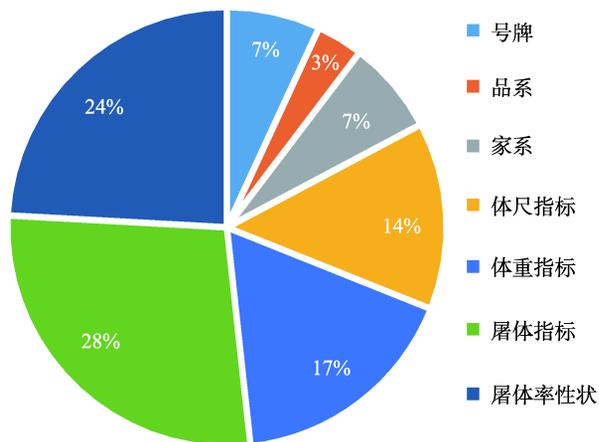


图 2 表型数据信息分布情况  
Fig. 2 Distribution of phenotypic data

数据的基本描述性统计计算“statistical computing”。该部分主要用于对条件筛选后的数据进行统计计算, 实现用户对筛选数据的描述性统计分析; 还可具体进行众数、标准差、中位数、平均数和方差等统计量的计算分析, 筛选出的数据可根据选定指标进行排序。所需结果可以 XLS/XLSX 格式输出(XLS 为 Excel 2003 旧版本, 可兼容新版本)。

2.4 信息提取和质量控制

为保证数据库信息调用的顺利实现, 后台筛选

结构设置如下: (1)筛选过程。根据用户设定的选择标准对存储数据进行初筛、复筛, 最终输出满足用户多级筛选要求的结果(图 4 所示为数据库信息提取过程中的具体质量控制流程)。筛选过程中, 通过设定条件阈值可保证该过程顺利实现, 筛选结果将按照用户选定的顺序升序/降序有序排列(图 5 提供了该检索过程中数据库的操作界面显示)。(2)计算过程。调用数据库信息进行更加复杂的信息提取过程, 除了实现对数据的条件筛选外, 还可根据用户选定的运算模式, 对检索到的数据执行相应的统计计算, 最终输出计算结果。在这一部分的设计中, 考虑到表型数据的特殊性(高、低脂系肉鸡表型数据在实际育种中的作用), 为使计算结果能够更好地应用于实际生产和研究, 数据初筛条件设置为半同胞/全同胞(图 6 显示为调取数据库信息进行相应统计量计算的操作界面)。

3 讨论

本研究搭建的表型数据库 NEAUHLFPD, 实现了对数据的检索、筛选以及基本统计计算等功能; 为高、低脂双向选择品系肉鸡的育种, 乃至后续相关实验的展开提供了完善的数据资料管理系统;

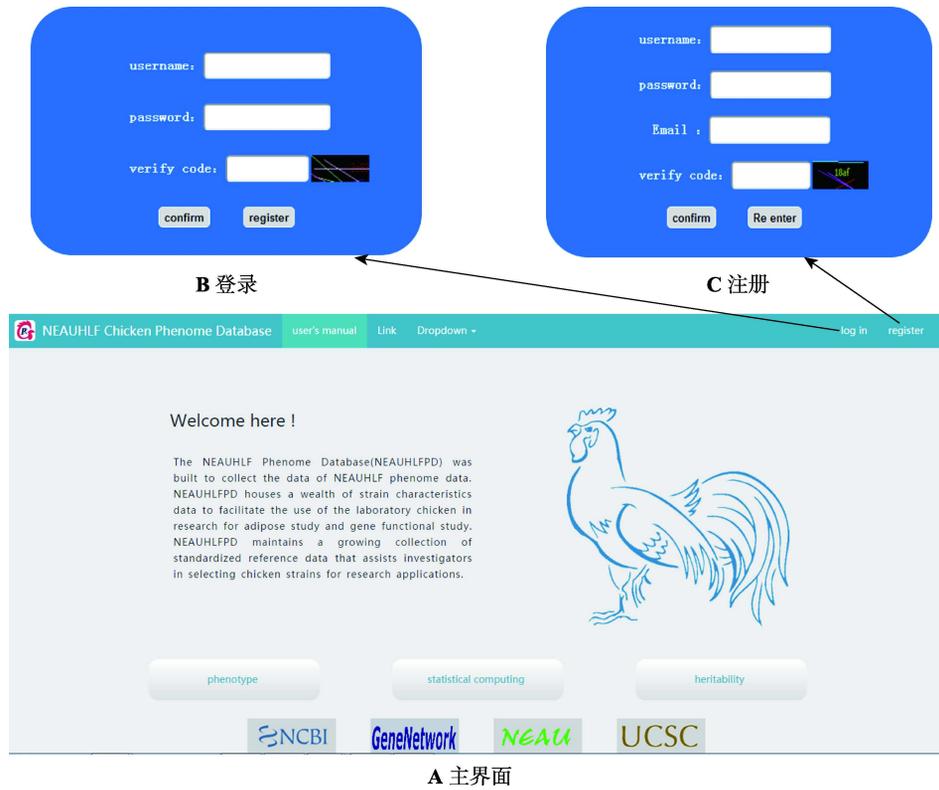


图 3 NEAUHLFPD 用户主界面及登录/注册界面  
 Fig. 3 NEAUHLFPD user interface and login/registration interface

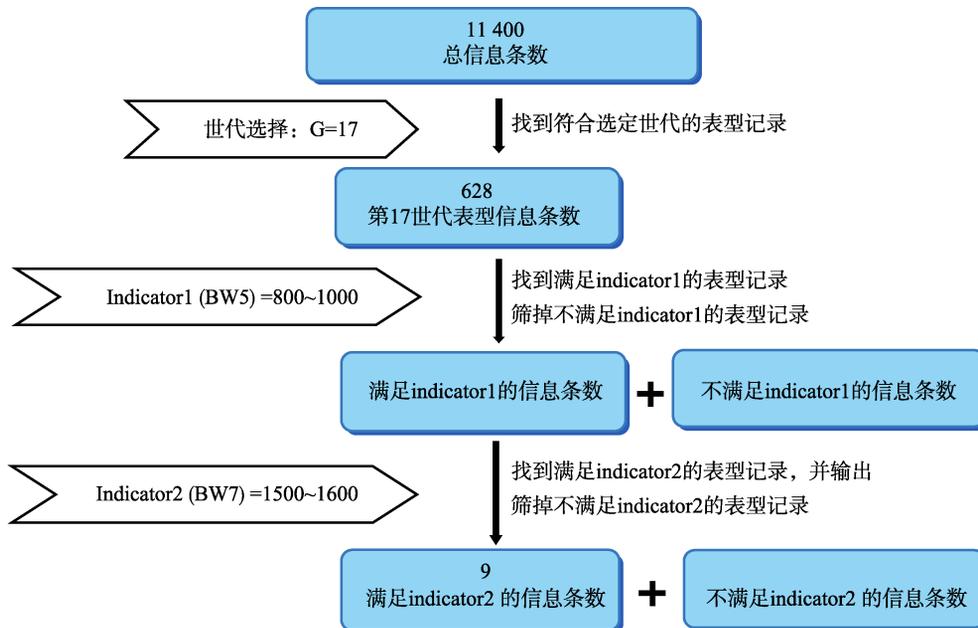


图 4 数据挖掘过程  
 Fig. 4 Procedure of data mining

该过程是 NEAUHLFPD 在进行数据检索、查询过程中的数据挖掘示意图，主要分为 4 个部分：(1)世代选择的筛选；(2)查询指标 indicator1 的条件筛选；(3)查询指标 indicator2 的条件筛选；(4)筛选结果的输出。该示例对筛选条件的设定依次为 G=17, indicator1=BW5, 设定范围为 800~1000 g, indicator2=BW7, 设定范围为 1500~1600 g。其中，BW 表示周龄体重。

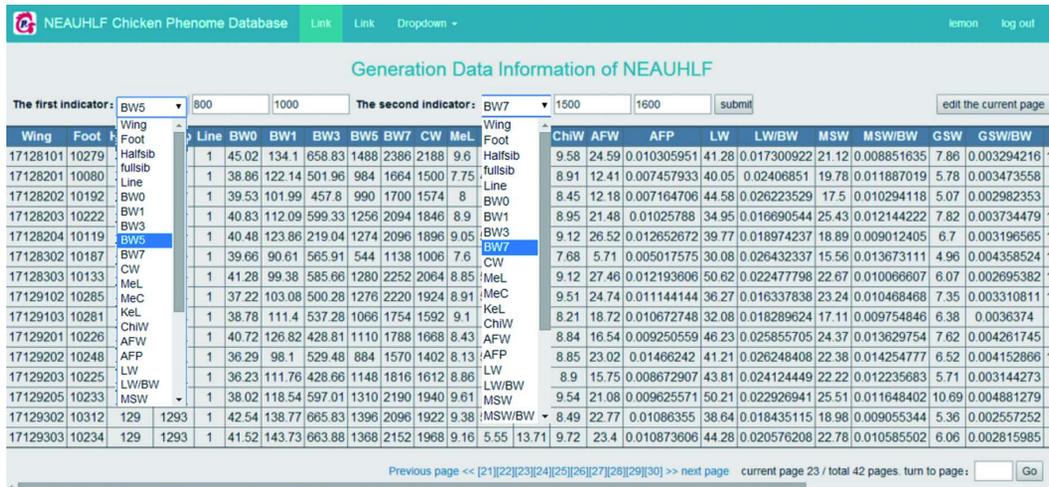


图 5 NEAUHLFPD 检索过程操作界面

Fig. 5 Interface of the retrieval process

图中范例设置为 17 世代下的两个筛选指标: indicator1=BW5, 设定范围为 800~1000 g; indicator2=BW7, 设定范围为 1500~1600 g。

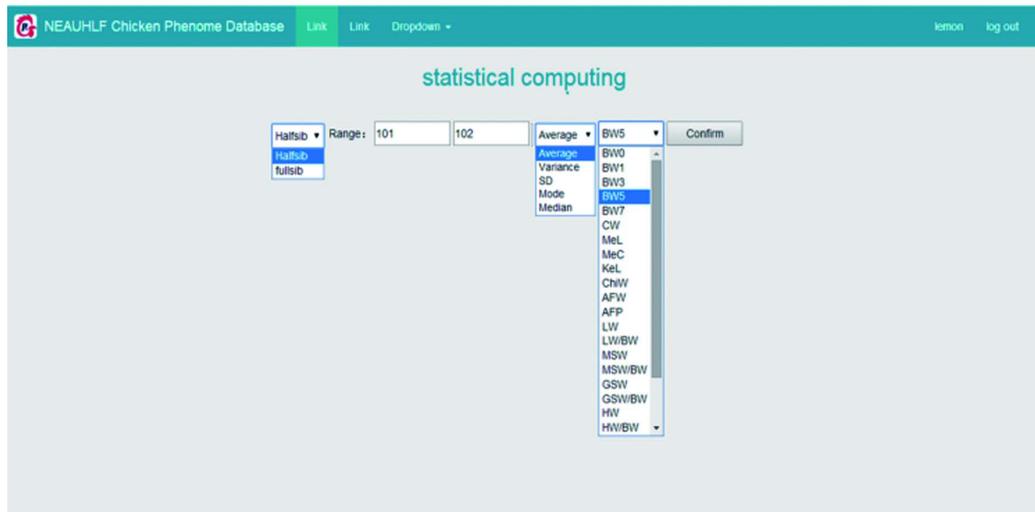


图 6 NEAUHLFPD 统计计算操作界

Fig. 6 Interface of statistical computation

图中进行的是关于平均数的计算, 数据筛选条件依次选定为半同胞(Halfsib), 家系范围 101~102, 计算指标选定为五周龄体重(BW5)。

NEAUHLFPD 也为业内同行在数据管理方法上提供了重要的借鉴。

表型数据集的整理以及表型数据库的搭建可实现对表型数据的规范化存储和应用。现阶段, 众多研究领域都涉及到海量表型数据的存储和管理, 如种系遗传学和药物基因组学<sup>[22]</sup>。这些表型数据不仅能够反映机体特征, 更是很多临床数据和疾病症状等真实现象的直接统计, 对分析种内和种间差异、疾病诊断治疗等都具有重要价值。动物育种过程中也涉及到种类繁多的表型数据, 不仅包括各个不同

生长发育阶段的体重、体尺等生产性能性状, 还涉及到各类屠体性状和繁殖性能等信息。随着分子遗传学和基因组学在方法、技术上的发展和成熟, 也产生了高通量的分子遗传标记信息, 以及相关候选基因的功能研究等信息。表型数据库的构建, 可以系统管理重要目标性状记录, 对其生理生化和遗传机理研究将会有重要帮助。

早在 1996 年, 本课题组就开展了关于高、低脂双向选择系肉鸡表型数据的收集工作, 近年来也对收集的表型数据进行了多次整理。但是由于家禽具

有生产周期短、数据量大、数据类型复杂等特点,单纯的 Excel 形式的数据存储仅能实现生产记录的电子化保存,却无法避免数据存储格式单一、使用不方便等问题。Excel 无法完成对数据的系统处理,更无法实现对数据的严格规范管理。这些问题的存在都不利于数据的长久保存和安全存储,更不利于对数据的分析利用。本研究通过表型数据库的搭建,首次将高、低脂双向选择系肉鸡 1996 年以来的所有表型数据进行了系统规范整理,为本课题组相关数据的存储管理和分析搭建了新的平台。

NEAUHLFPD 的浏览检索功能,为数据的使用和分析提供了诸多便利。基本统计量等相关计算功能的引入更是为用户开辟了便捷的数据分析通道。其中平均数、众数、中位数、标准差以及方差等作为基本的数学运算,构成了表型数据库数据处理的基本单元。用户可直接通过操作界面对所需数据进行计算,极大地丰富了表型数据的使用价值。在大数据时代,表型数据还应具有更高的研究价值,以应对不同实验研究所需的个性化数据分析处理。未来有必要在数学运算方面对数据库进行改进,可以通过增加更多的实用算法,以此来扩展数据库 NEAUHLFPD 的应用价值。同时,还可以进一步丰富表型数据的种类,不断扩大表型数据库的应用范围。

在动物生产实践中,遗传参数的估计是动物育种的关键。其中,遗传力计算作为重要内容,其估计涉及众多模型和方法,如基本的方差分析<sup>[23]</sup>和基于模型的连锁分析方法<sup>[24]</sup>等。表型数据库同育种软件结合,可以进行遗传力的计算和育种值估计,将更加有利于提高数据库的利用价值。本研究接下来将通过引入遗传力计算的各种模型<sup>[25-28]</sup>,如重复测量模型、广义线性混合模型<sup>[29]</sup>等,以期获得更加准确的遗传力估计结果。这些模型的构建和考虑因素各有侧重点,如重复测量模型,可实现对于时间序列数据以及重复测量性状数据的分析;广义线性混合模型,可以通过设定不同的连接函数,对遵循正态分布或非正态分布的数据分别进行相关计算和分析。

另外,随着基因组测序技术的发展和功能基因组学研究的深入,更多的基因组学数据和信息也将随之产生。表型数据库用于整合和系统分析基因组测序和功能基因组学数据,可以扩大和丰富数据库

的功能范围,在将数据库系统与育种实践相结合的基础上,更好地服务于低脂肉鸡的育种工作以及体脂性状功能基因组相关研究工作。

## 参考文献(References):

- [1] Wang JF. Advance in animal molecular breeding. *J Mt Agric Biol*, 2015, 34(3): 1-6.  
王嘉福. 畜禽分子育种技术研究进展及趋势. 山地农业生物学报, 2015, 34(3): 1-6. [DOI]
- [2] Li D, Chen YQ, Zhao W, Xu M. New ideas and suggestions on the genetic breeding of poultry industry in China. *Anim Sci Abroad-Pigs Poultry*, 2013, 33(3): 67-70.  
李东, 陈印权, 赵薇, 徐敏. 我国家禽产业化遗传育种新思路与策划建议. 国外畜牧学-猪与禽, 2013, 33(3): 67-70. [DOI]
- [3] Shao C, Sun W. Influence of protein databases in proteomic identification. *Chin J Biomed Eng*, 2013, 32(2): 129-134.  
邵晨, 孙伟. 蛋白质数据库对蛋白质组鉴定的影响. 中国生物医学工程学报, 2013, 32(2): 129-134. [DOI]
- [4] Fang G, Chen YJ, Gao G, Liu D, He K, Wu X, Gu XC, Luo JC. Introduction to genome databases. *Hereditas (Beijing)*, 2003, 25(4): 440-444.  
方刚, 陈蕴佳, 高歌, 刘翟, 何坤, 吴昕, 顾孝诚, 罗静初. 基因组数据库简介. 遗传, 2003, 25(4): 440-444. [DOI]
- [5] Hu DH, Fang P. The retrieval of GenBank by E-mail. *Hereditas (Beijing)*, 1999, 21(6): 43-46.  
胡德华, 方平. 基因库(GenBank)的电子邮件检索. 遗传, 1999, 21(6): 43-46. [DOI]
- [6] Zhuang YL, Zhou M, Li YD, Shen Y. The application of human mutation databases. *Hereditas (Beijing)*, 2004, 26(4): 514-518.  
庄永龙, 周敏, 李衍达, 沈岩. 人类遗传突变数据库及其应用. 遗传, 2004, 26(4): 514-518. [DOI]
- [7] Chen HF, Wang JK. The databases of transcription factors. *Hereditas (Beijing)*, 2010, 32(10): 1009-1017.  
陈鸿飞, 王进科. 转录因子相关数据库. 遗传, 2010, 32(10): 1009-1017. [DOI]
- [8] Li ZF, Li YJ, Zhao DS, Hang XY, Wang ZZ, Luo ZG, Zhang CG. Construction of standard human transcript dataset based on refseq and human genome sequence database. *Hereditas (Beijing)*, 2006, 28(3): 329-333.  
李锥锋, 李玉鉴, 赵东升, 杭兴宜, 王正志, 骆志刚, 张成岗. 基于 RefSeq 数据库的人类标准转录数据集的构建. 遗传, 2006, 28(3): 329-333. [DOI]
- [9] Robinson PN. Deep phenotyping for precision medicine. *Hum Mutat*, 2012, 33(5): 777-780. [DOI]
- [10] Tang QM, Zhou Y, He BR, Mo QH, Li Z, Huang DH, Liang MX, Shen WD. Establishment of Rh blood group phenotype database and its application in clinical blood transfusion. *J Clin Transfus Lab Med*, 2009, 11(4): 328-330.

- 唐秋民, 周燕, 何保仁, 莫秋红, 李忠, 黄东辉, 梁明霞, 申卫东. Rh 血型表型库的建立及在临床输血中的应用. *临床输血与检验*, 2009, 11(4): 328–330. [DOI]
- [11] Chen WH, Wang Q, Pu JH. Applications of computers in modern poultry production. *J Anim Sci Vet Med*, 2006, 25(3): 29–31.  
陈五湖, 王强, 蒲俊华. 计算机在现代家禽生产中的应用. *畜牧兽医杂志*, 2006, 25(3): 29–31. [DOI]
- [12] Shao JC. The application of electronic computer in animal husbandry. *J Yell Catt Sci*, 1997, (3): 58–62.  
邵建成. 电子计算机在畜牧业中的应用. *黄牛杂志*, 1997, (3): 58–62. [DOI]
- [13] Li D, Zhao W, Yin WL, Chen YQ. Thoughts and suggestions on the breeding of poultry industry in China. *Chin Livest Poul Breed*, 2013, (1): 15–17.  
李东, 赵薇, 尹文亮, 陈印权. 我国家禽产业化育种思考与建议. *中国畜禽种业*, 2013, (1): 15–17. [DOI]
- [14] Liu ZM. Development poultry and breeding database by access software application[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2013.  
刘宗萌. 家禽育种数据库软件的开发与应用[学位论文]. 武汉: 华中农业大学, 2013. [DOI]
- [15] Yang M. Management system for small poultry farms[D]. Chengdu: University of Electronic Science and Technology of China, 2014.  
杨明. 中小型禽类养殖场管理系统[学位论文]. 成都: 电子科技大学, 2014. [DOI]
- [16] Yan L. Design and implementation of emergency management system for poultry major epidemic[D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2012.  
严璐. 禽类重大疫情应急管理系统设计与实现[学位论文]. 长沙: 湖南农业大学, 2012. [DOI]
- [17] Shuai QY. Application of computer production management system to modern hoggery. *Acta Agric Shanghai*, 2011, 27(4): 102–105.  
帅起义. 现代化养猪场计算机生产管理系统的研究. *上海农业学报*, 2011, 27(4): 102–105. [DOI]
- [18] Yang LF. Design on breeding management information system for fleshy breeding-bucks[D]. Baoding: Agricultural University of Hebei Province, 2003.  
杨丽芬. 肉羊育种管理信息系统的设计[学位论文]. 保定: 河北农业大学, 2003. [DOI]
- [19] Hou ZC, Xu GY, Shi Y, Yang N. The combination usage of poultry breeding software and the development of PBA. *China Poul*, 2004, 26(24): 35–37.  
侯卓成, 徐桂云, 石雨, 杨宁. 家禽育种软件的综合利用与育种系统 PBA 的研制. *中国家禽*, 2004, 26(24): 35–37. [DOI]
- [20] Duan YZ. Database design method. *J Nanchang Coll Educ*, 2005, 20(4): 84–86, 89.  
段远志. 数据库设计方法. *南昌教育学院学报*, 2005, 20(4): 84–86, 89. [DOI]
- [21] Wang HH. Construction of gene database Web platform supported by PHP Technology. *Electron World*, 2014, (18): 484.  
王洪海. PHP 技术支持的基因数据库 Web 平台构建. *电子世界*, 2014, (18): 484. [DOI]
- [22] Lv WW. Application of transcriptome and pharmacogenomics in the study of human complex diseases[D]. Hefei: Anhui University, 2016.  
吕文文. 转录组学和药物基因组学在人类复杂疾病研究中的应用[学位论文]. 合肥: 安徽大学, 2016. [DOI]
- [23] Zhang YY, Jia ZY, Bai QL, Chen SQ, Shi LY, Wang BQ. Heritability of body weight and fork length for *Oncorhynchus masou masou*. *Hereditas (Beijing)*, 2013, 35(2): 202–207.  
张玉勇, 贾智英, 白庆利, 陈术强, 石连玉, 王炳谦. 山女鳟(*Oncorhynchus masou masou*)体重和叉长的遗传力估算. *遗传*, 2013, 35(2): 202–207. [DOI]
- [24] Fan A, Rao SQ. Advances in genetics of restless legs syndrome. *Hereditas (Beijing)*, 2009, 31(7): 675–682.  
范安, 饶绍奇. 不宁腿综合征遗传学研究进展. *遗传*, 2009, 31(7): 675–682. [DOI]
- [25] Wu LL, Liu XH. An advanced method for the prediction of animal breeding values—BLUP animal model method. *Yunnan J Anim Sci Vet Med*, 2004, (2): 11–13, 18.  
吴丽丽, 刘学洪. 一种先进的动物育种值估计方法——动物模型 BLUP 法. *云南畜牧兽医*, 2004, (2): 11–13, 18. [DOI]
- [26] Zhang YR, Liu XH. A brief description of animal breeding value estimation. *Henan J Anim Husb Vet Med*, 2006, 27(4): 9–11.  
张玉茹, 刘学洪. 简述动物的育种值估计. *河南畜牧兽医*, 2006, 27(4): 9–11. [DOI]
- [27] Li L, Du WH, Darai, Rong WH. Application of BLUP method in the estimation of breeding value. In: Twelfth (2015) China sheep industry development conference. Linqing: China Animal Husbandry Association, 2015: 12.  
李莉, 杜文虎, 达赖, 荣威恒. 动物模型 BLUP 法在育种值估计中的应用研究. 见: 第十二届(2015)中国羊业发展大会论文集. 临清: 中国畜牧业协会, 2015: 12. [DOI]
- [28] Liu LY, Zhou JH, Ye DD, Huang XX, Ma GH, Ge JJ, Abdukym G, Mutielev P, Jiao Y. By using animal model BLUP method to estimate the main economic traits of Holstein cattle breeding value. In: The 5th China milk industry conference. Xi'an: Dairy Association of China, 2014.  
刘丽元, 周靖航, 叶东东, 黄锡霞, 马光辉, 葛建军, 热西提·阿不都克依木, 帕尔哈提·木铁力甫, 焦阳. 运用动物模型 BLUP 法估计荷斯坦牛主要经济性状的育种值. 见: 第五届中国奶业大会论文集. 西安: 中国奶业协会, 2014. [DOI]
- [29] 张勤. 动物遗传育种中的计算方法. 北京: 科学出版社, 2007. [DOI]