

微卫星标记与商品代固始鸡体型参数和屠体性状的关联性分析

孙桂荣¹, 田亚东¹, 康相涛^{1,2}, 邓雪娟¹, 李 明¹, 李国喜¹
韩瑞丽¹, 王彦彬¹, 黄艳群¹, 石建周¹

(1 河南农业大学 牧医工程学院, 河南 郑州 450002; 2 河南省家禽种质资源创新工程研究中心, 河南 郑州 450002)

[摘 要] 利用最小二乘法拟合线性模型, 探索了与鸡体型参数和屠体性状紧密相关的 10 个微卫星座位与商品代固始鸡体型参数和屠体性状的关系。用变性聚丙烯酰胺凝胶电泳法, 分析了这 10 个微卫星位点在 100 只商品代固始鸡中的遗传变异, 计算了微卫星位点的等位基因频率、杂合度、多态信息含量和有效等位基因数。结果表明, 其中 8 对微卫星引物表现出多态, 平均每个座位检测到 3.625 个等位基因(3~4 个), 平均多态信息含量为 0.520 3, 平均杂合度为 0.626 0。通过最小二乘分析, 检测到 MCW0295、MCW0006、MCW0185、ADL0192 位点与体型参数中的 5 种性状间存在不同程度的关联性; MCW0006、MCW0185、ADL0105 位点与商品代固始鸡 6 个屠体性状中的 4 个性状显著连锁。MCW0295 位点的 AC 基因型有望作为质量的早期选择辅助标记, MCW0006 和 MCW0185 位点的 CC 基因型有望作为质量、胸宽、胸深、胫长、体斜长的早期选择辅助标记, ADL0192 位点的 AB 基因型有望作为质量、胸宽的早期选择辅助标记; MCW0006 位点的 CC 基因型有望作为全净膛率的选择辅助标记, MCW0185 位点的 AD 基因型有望作为胸肌率和腿肌率的选择辅助标记, ADL0105 位点的 CC 基因型有望作为腹脂率的选择辅助标记。

[关键词] 微卫星标记; 商品代固始鸡; 体型参数; 屠体性状

[中图分类号] S831.2

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2007)08-0049-06

Correlation analysis of microsatellite loci for phenotypic traits and slaughter traits in Gushi commercial line

SUN Gui-rong¹, TIAN Ya-dong¹, KANG Xiang-tao^{1,2}, DENG Xue-juan¹, LI Ming¹,
LI Guo-xi¹, HAN Rui-li¹, WANG Yna-bing¹, HUANG Yan-qun¹, SHI Jian-zhou¹,

(1 College of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, He 'nan Agricultural University, Zhengzhou, He 'nan 450002, China;

2 Research Center of Breeding Resouces for Poultry in Hènan Province, Zhengzhou, He 'nan 450002, China)

Abstract : Relationships between microsatellite loci and phenotypic traits and slaughter traits in Gushi commercial line were preliminarily analyzed by least squares linear model. Genetic variation of ten microsatellites which were closely linked to phenotypic traits and slaughter traits was analyzed in 100 Gushi commercial line with denaturing polyacrylamide gelelectrophores. Allele frequency, heterozygosity, polymorphic information content, and the effective numbers of alleles of ten microsatellite loci were calculated. The results indicated eight microsatellite markers were polymorphic with 3.625 on average. The average PIC was 0.520 3 and the average heterozygosity was 0.626 0. The result suggested there were links among MCW0295, MCW0006, MCW0185, ADL0192 microsatellites and 5 phenotypic characters through least

[收稿日期] 2006-06-28

[基金项目] 国家“863”计划项目(2002AA242021); 国家农业科技跨越计划(2005EA750002); 国家农业科技成果转化基金项目(05EFN214100172); 河南省重大科技攻关项目(0322010600)

[作者简介] 孙桂荣(1976-)女, 河南周口人, 讲师, 主要从事家禽遗传育种研究。E-mail: grsun2000@126.com

[通讯作者] 康相涛(1962-), 男, 河南南阳人, 教授, 博士生导师, 主要从事家禽遗传育种研究。E-mail: xtakang2001@263.net

square means, and there were linkage among MCW0006, MCW0185, ADL0105 microsatellites and 4 slaughter traits through least square means. The result implied that genotype AC of marker MCW0295 might be regarded as candidate-locus for body weight trait of Gushi commercial line, genotype CC of marker MCW0006 and MCW0185 might be regarded as candidate-locus for phenotypic traits of Gushi commercial line, AB of marker ADL0192 might be regarded as candidate-locus for body weight trait, chest width of Gushi commercial line genotype CC of marker MCW0006 might be regarded as candidate-locus for eviscerated rate of Gushi commercial line; genotype AD of marker MCW0185 might be regarded as candidate-locus for chest muscle percentage and thigh muscle rate, and genotype CC of marker ADL0105 might be regarded as candidate-locus for abdominal of Gushi commercial line.

Key words: microsatellite marker; Gushi commercial line; phenotypic traits; slaughter traits

微卫星标记普遍存在于真核生物基因组中, 因具有数量多、分布广、多态性丰富^[1-2]、呈共显性遗传以及检测快速方便等优点而广泛应用于遗传图谱的构建、数量性状基因座 (QTL) 的定位分析、群体遗传学分析以及物种进化等方面的研究。固始鸡是我国著名的蛋肉兼用型优良地方品种, 已被载入“中国家禽品种志”, 其体型独特, 喙呈青色或跖青色, 羽色主要为黄或黄麻色, 具有耐粗饲、抗病力强等特点; 其因肉质细嫩、肉味鲜美、汤汁纯厚、营养丰富而久负盛名; 其蛋壳强度大, 蛋黄色泽鲜红, 蛋品质恒定, 在产蛋后期也能保持在 4 级以上, 素有中国“土鸡之王”、“王牌蛋”之称。但由于固始鸡生长缓慢、整齐度差、产蛋量低, 且在产蛋性能上变异系数较大 (40%~60%), 因而不适于产业化生产。为此, 河南农业大学种鸡站历经 5 年, 选育出了固始鸡 3 个配套生产品系, 该配套系商品代固始鸡 70 d 时公母质量可达 1.3 kg, 饲料转化率达到 2.10; 其具有产蛋量相对稳定、生长速度快、耐粗饲等优良特性, 同时保留有固始鸡高腿、青胫、麻羽和肉质鲜美的特点。本研究选择与生产性状相关联的微卫星位点, 对商品代固始鸡进行遗传变异分析, 以期寻找与控制商品代固始鸡屠宰性状和体型参数的数量性状位点相连锁的分子标记, 为传统选育方法与标记辅助选择方法相结合、进一步提高商品代固始鸡选育效果、加快其育种进展提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试的商品代固始鸡由河南农业大学畜牧站种鸡场提供, 共 100 只, 公母各半。

1.2 微卫星引物

从已发表鸡的遗传图谱中选取 10 个微卫星标记^[3]。其中 1 号染色体上 2 个, 2~8 号染色体和 Z

染色体上各 1 个, 微卫星引物由大连宝生物有限公司合成, 详细情况见表 1。

1.3 固始鸡血样采集

翅静脉采集血样, EDTA 抗凝, 低温贮存带回实验室, -20℃ 保存。

1.4 固始鸡基因组 DNA 提取

采用常规苯酚-氯仿抽提法抽提, 进行琼脂糖电泳检查, 稀释到约 50 ng/μL 备用。

1.5 固始鸡 DNA PCR 扩增程序

具体反应体系 (20 μL) 为: 10×PCR Buffer 2.0 μL, MgCl₂ (30 mmol/L) 1.2 μL, dNTP (200 mmol/L) 1 μL, Taq DNA 聚合酶 (1 U/μL) 0.6 μL, 上下游引物 (10 pmol) 0.5 μL, 基因组 DNA 约 100 ng (2 μL)、加超纯水至总反应体积为 20 μL。PCR 反应程序: 94℃ 预变性 8 min, 94℃ 变性 40 s, 55℃ 或其他温度退火 40 s, 72℃ 延伸 45 s, 共进行 35 个循环, 最后 72℃ 延伸 10 min, 产物于 4℃ 下保存备用。

1.6 固始鸡 DNA PCR 产物的检测

用 80 g/L 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物, 银染法检测电泳结果。

1.7 试验结果的统计与分析

1.7.1 群体等位基因频率 根据电泳结果直接判断每一个体的基因型, 并计算各位点上等位基因的频率。

1.7.2 多态信息含量 (PIC) 按照 Bolstein 等^[4] 公式计算。

1.7.3 群体杂合度 (Heterozygosity, H) 根据 Nei 等^[5] 公式计算。

1.7.4 固始鸡的体型参数和屠宰性状的测定 参考杨宁^[6] 的方法测定固始鸡的质量、胸宽、胸深、胫长和体斜长等体型参数及屠宰率、半净膛率、全净膛率、胸肌率、腿肌率、腹脂率等胴体性状参数。

1.7.5 固始鸡标记基因型与体型参数及屠体性状遗传参数的关联性分析 利用 SAS (6. 12) 软件最小二乘分析的线性模型: $Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$ 。式中: Y_{ij} 为第 i 类基因型中第 j 个个体的数量性状表型值, μ 为数量性状总均值, τ_i 为第 i 种标记基因型的固定效应, ε_{ij} 为随机参差效应。

表 1 各微卫星标记的引物信息

Table 1 Information of 10 microsatellite markers

微卫星位点 Microsatellite markers	染色体 Chromosome	引物序列 Primer sequences	退火温度/ Annealing temperature	预期扩增片段 长度/ bp Expand of the production
ADL0019	1	5 'TGCTGCCA TGACCA GTTCAA3 ' 3 'TCTGCTGGGA TTA TGGTCCA5 '	51	100 ~ 241
ADL0192	1	5 'TGCTA GGA GA GGA GTTTTGC3 ' 3 'GTGCACA TGATTCAGAA GGS '	53	141 ~ 190
MCW0185	2	5 'GA TCTACTGTCA TTTTAGTTT3 ' 3 'TGAA TAGA TTTCA GTGA GTGC5 '	55. 6	205 ~ 390
MCW0006	3	5 'AGAAACTACTGA GAAA GCCA TGCA3 ' 3 'CACAAA GTTACAA TAA TGAAC TTG5 '	57. 8	248 ~ 295
MCW0295	4	5 'ATCACTACA GAACACCTCTC3 ' 3 'TAGGTA TGCACGCA GA TA TCC5 '	58. 1	104 ~ 118
MCW0081	5	5 'GTTGCTGAGA GCCTGGTGCA G3 ' 3 'CCTGTA TGTGGAA TTACTTCTC5 '	55. 4	117 ~ 154
ADL0036	6	5 'GTTTGGCTTACA TTTATTA T3 ' 3 'TTTTTAGAA GTTA TTTGACA5 '	?	200 ~ 250
MCW0183	7	5 'ATCCCA GTGTCGA GTA TCCGA3 ' 3 'TGA GA TTTACTGGA GCCTGCC5 '	58. 1	187 ~ 223
ADL0105	8	5 'ATCCCA GTGTCGA GTA TCCGA3 ' 3 'TGA GA TTTACTGGA GCCTGCC5 '	57. 2	225 ~ 359
MCW0294	Z	5 'ACTGAACA GAAACA GTCTTCC3 ' 3 'CTTCTCTAGA TGTCCACTACC5 '	54. 5	319 ~ 398

注:“Z”为性染色体。“?”表示以网上的温度(41.6)不能扩增出产物,但也未找到合适的条件。
Note:“Z” means sex chromosome. “?”means ADL0036 can't expand the production in the temperature (41.6). We haven't found the appropriate condition to expand production.

2 结果与分析

2.1 PCR 产物的电泳结果分析

由扩增结果可知,所选择的 10 对微卫星引物中,除 1 个微卫星引物(MCW0183)扩增结果呈单态,1 条引物(ADL0036)无扩增产物外,其余 8 对标记均表现出明显的多态性。随机抽取部分样本进行的重复试验表明,微卫星的扩增结果稳定,能够完全重复。

2.2 固始鸡在 8 个微卫星位点的等位基因数、PIC 和 H

由表 2 可知,固始鸡在 8 个微卫星位点的平均等位基因数为 3.625,最多为 4 个,最少为 3 个,这与许多文献的报道相近^[7-9],但较其他动物(猪^[10]、牛^[11])的等位基因数低得多;8 个微卫星标记的平均多态信息含量为 0.520 3,所检测到的群体平均杂合度为 0.626 0,表明所选择的微卫星标记在商品代固始鸡中表现出很高的多态性。

表 2 固始鸡在 8 个微卫星位点的等位基因数、等位基因频率、杂合度和多态信息含量

Table 2 Allele frequency, average heterozygosity and polymorphism information content of microsatellite markers

微卫星位点 Microsatellite marker	等位基因数 Alleenumber	等位基因频率/ % Allele frequency				杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 PIC
		a	b	c	d		
ADL0019	3	0.112 5	0.487 5	0.400 0		0.672 3	0.352 2
ADL0192	4	0.087 5	0.175 0	0.250 0	0.487 5	0.745 3	0.697 8
MCW0185	4	0.200 0	0.137 5	0.237 5	0.425 0	0.603 4	0.535 6
MCW0006	4	0.025 0	0.087 5	0.562 5	0.325 0	0.621 8	0.548 5
MCW0295	4	0.100 0	0.487 5	0.150 0	0.262 5	0.707 5	0.659 0
MCW0081	4	0.150 0	0.562 5	0.162 5	0.125 0	0.614 1	0.553 4
ADL0105	3	0.500 0	0.275 0	0.225 0		0.543 4	0.440 6
MCW0294	3	0.475 0	0.025 0	0.500 0		0.500 0	0.375 0
平均 Average	3.625					0.626 0	0.520 3

注:a、b、c、d 代表某一位点等位基因的频率。
Note:a,b,c,d is the frequency of the allele at a locus.

2.3 固始鸡在 8 个微卫星位点的多态性与各性状的相关关系

状存在不同程度的相关性。

2.3.1 与体型参数的相关关系 固始鸡标记基因型与体型参数及屠体性状遗传参数的关联性分析结果 (表 3) 显示, 有 MCW0295, MCW0006, MCW0185, ADL0192 4 个位点分别与 5 种体型性

由表 4 可知, MCW0295 位点 AC 基因型的质量、胸宽、胸深和体斜长显著高于 CC 基因型 ($P < 0.05$), 而与其他基因型对应质量、胸宽、胸深和体斜长间的差异不显著 ($P > 0.05$)。MCW0295 位点各基因型胫长的差异均不显著 ($P > 0.05$)。

表 3 固始鸡在 8 个微卫星位点的不同基因型间体型参数表型值的 F 检验 (F 值)

Table 3 F analysis between microsatellite markers and phenotypic traits					
微卫星位点 Microsatellite marker	质量 Body weight	胸宽 Chest width	胸深 Chest depth	胫长 Shank length	体斜长 Body length
MCW0295	0.94 *	0.56	1.09 *	0.78	1.05 *
MCW0294	1.10	1.45	3.16	2.13	2.23
MCW0081	0.27	2.52	1.55	0.74	0.08
MCW0006	8.10 * *	5.97 * *	3.71 * *	2.11	3.84 * *
MCW0185	11.83 * *	4.18 * *	11.61 * *	6.08 * *	10.97 * *
ADL0105	1.85	2.32	2.37	2.40	0.83
ADL0192	6.84 * *	3.01 *	0.46	1.09	2.48 *
ADL0019	1.41	2.24	1.09	1.49	0.11

注: *表示在 0.05 水平上显著相关, * *表示在 0.01 水平上显著相关。表 5 同。
Note: * means difference at 0.05 level, * * means difference at 0.01 level. The tables of five are the same.

表 4 微卫星位点各基因型与商品代固始鸡体型参数

Table 4 Least squares means $\pm$ standard error of the genotypes for phenotypic traits in Gushi commercial line

微卫星位点 Microsatellite marker	基因型 Genotype	质量/ g Body weight	胸宽/ cm Chest width	胸深/ cm Chest depth	胫长/ cm Shank length	体斜长/ cm Body length
MCW0295	AB	1 507.00 $\pm$ 149.99 a	7.5 $\pm$ 0.36 a	10.18 $\pm$ 0.34 ab	11.44 $\pm$ 0.37 a	22.31 $\pm$ 0.46 a
	AC	1 518.88 $\pm$ 237.16 a	7.98 $\pm$ 0.58 a	10.85 $\pm$ 0.53 a	12.18 $\pm$ 0.58 a	22.85 $\pm$ 0.72 a
	BB	1 185.00 $\pm$ 237.16 ab	7.93 $\pm$ 0.58 a	9.95 $\pm$ 0.53 ab	10.90 $\pm$ 0.58 a	20.95 $\pm$ 0.72 a
	BC	1 517.54 $\pm$ 136.92 a	7.58 $\pm$ 0.33 a	9.78 $\pm$ 0.31 ab	11.14 $\pm$ 0.33 a	21.41 $\pm$ 0.42 a
	BD	1 531.71 $\pm$ 179.28 a	7.69 $\pm$ 0.44 a	10.36 $\pm$ 0.40 ab	11.90 $\pm$ 0.44 a	22.14 $\pm$ 0.54 a
	CC	1 077.38 $\pm$ 237.16 b	6.75 $\pm$ 0.58 b	9.05 $\pm$ 0.53 b	10.03 $\pm$ 0.58 a	20.85 $\pm$ 0.72 b
	DD	1 355.60 $\pm$ 212.12 a	7.04 $\pm$ 0.52 a	9.76 $\pm$ 0.48 ab	11.12 $\pm$ 0.52 a	20.98 $\pm$ 0.64 a
MCW0006	AC	1 592.13 $\pm$ 107.67 b	7.93 $\pm$ 0.44 ab	10.80 $\pm$ 0.47 ab	12.05 $\pm$ 0.53 ab	22.23 $\pm$ 0.62 ab
	AD	1 128.10 $\pm$ 109.21 c	6.63 $\pm$ 0.28 c	9.63 $\pm$ 0.29 c	11.30 $\pm$ 0.34 abc	20.72 $\pm$ 0.39 b
	BB	1 157.10 $\pm$ 154.44 c	8.56 $\pm$ 0.39 a	9.96 $\pm$ 0.42 bc	10.48 $\pm$ 0.48 c	20.82 $\pm$ 0.56 b
	BC	1 729.26 $\pm$ 109.21 ab	7.70 $\pm$ 0.28 abc	9.70 $\pm$ 0.29 bc	10.82 $\pm$ 0.34 c	21.65 $\pm$ 0.39 b
	BD	1 144.56 $\pm$ 122.10 c	6.86 $\pm$ 0.31b c	9.33 $\pm$ 0.33 c	11.35 $\pm$ 0.38 abc	21.25 $\pm$ 0.44 b
	CC	2 068.91 $\pm$ 130.53 a	8.71 $\pm$ 0.33 a	11.24 $\pm$ 0.35 a	12.23 $\pm$ 0.40 a	23.37 $\pm$ 0.47 a
	DD	1 367.67 $\pm$ 140.99 bc	7.42 $\pm$ 0.36 bc	9.95 $\pm$ 0.38 bc	11.62 $\pm$ 0.44 abc	21.35 $\pm$ 0.51 b
MCW0185	AD	1 161.15 $\pm$ 102.91 b	7.12 $\pm$ 0.31 b	9.33 $\pm$ 0.24 b	10.69 $\pm$ 0.29 b	20.46 $\pm$ 0.32 c
	BB	2 027.08 $\pm$ 132.85 a	8.70 $\pm$ 0.40 a	11.48 $\pm$ 0.30 a	12.52 $\pm$ 0.38 a	23.15 $\pm$ 0.42 a
	BD	1 293.50 $\pm$ 132.85 b	7.18 $\pm$ 0.40 b	9.80 $\pm$ 0.30 b	11.15 $\pm$ 0.38 b	21.63 $\pm$ 0.42 b
	CC	2 120.50 $\pm$ 132.85 a	8.85 $\pm$ 0.40 a	11.50 $\pm$ 0.30 a	12.57 $\pm$ 0.38 a	23.53 $\pm$ 0.42 a
	CD	1 293.23 $\pm$ 84.02 b	7.28 $\pm$ 0.25 b	9.56 $\pm$ 0.19 b	11.23 $\pm$ 0.24 b	20.93 $\pm$ 0.26 bc
	DD	1 273.71 $\pm$ 122.99 b	7.23 $\pm$ 0.37 b	9.59 $\pm$ 0.28 b	10.69 $\pm$ 0.35 b	21.41 $\pm$ 0.38 bc
ADL0192	AB	1 977.51 $\pm$ 124.58 a	8.27 $\pm$ 0.34 a	10.21 $\pm$ 0.37 a	11.62 $\pm$ 0.38 a	22.74 $\pm$ 0.45 a
	BB	1 163.83 $\pm$ 152.58 c	8.24 $\pm$ 0.41 a	9.97 $\pm$ 0.45 a	10.48 $\pm$ 0.46 b	20.92 $\pm$ 0.55 a
	BC	1 591.57 $\pm$ 103.65 b	7.70 $\pm$ 0.28 ab	10.18 $\pm$ 0.31 a	11.37 $\pm$ 0.31 ab	21.69 $\pm$ 0.37 ab
	CC	1 096.75 $\pm$ 132.13 c	6.98 $\pm$ 0.36 b	9.53 $\pm$ 0.39 a	11.18 $\pm$ 0.40 ab	20.65 $\pm$ 0.48 b
	CD	1 441.21 $\pm$ 141.26 bc	7.20 $\pm$ 0.38 ab	10.01 $\pm$ 0.42 a	11.53 $\pm$ 0.43 a	21.31 $\pm$ 0.51 ab
	DD	1 177.00 $\pm$ 141.26 c	6.81 $\pm$ 0.38 b	9.84 $\pm$ 0.42 a	11.49 $\pm$ 0.43 a	21.69 $\pm$ 0.51 ab

注: 同列数据后标相同字母者表示差异不显著 ($P > 0.05$), 标不同字母者表示差异极显著 ($P < 0.05$)。表 6 同。
Note: The same letter with a column means no markedly difference ($P > 0.05$); the different letter means markedly difference. ($P < 0.05$).
The tables of six are the same.

由表 4 还可见,MCW0006 位点 CC 基因型的质量显著高于 AC、AD、BB、BD、DD 基因型 ($P < 0.05$)。CC 基因型的胸深显著高于 AD、BB、BC、BD、DD 基因型 ($P < 0.05$),CC 基因型对应胸宽显著高于 AD、BD、DD 基因型 ($P < 0.05$)。CC 基因型对应体斜长最大,显著高于 AD、BB、BC、BD、DD 基因型 ($P < 0.05$)。

MCW0185 位点 CC 基因型对应质量、胸宽、胸深和胫长均显著高于 AD、BD、CD、DD 基因型 ($P < 0.05$)。

ADL0192 位点 AB 基因型体重最大,显著高于 BB、BC、CC、CD、DD 基因型 ($P < 0.05$)。AB 基因型胸宽也最大,显著高于 CC、DD 基因型 ($P < 0.05$)。AB 基因型胫长显著高于 BB 基因型 ($P < 0.05$),其体斜长显著高于 CC 基因型 ($P < 0.05$)。

2.3.2 与胴体性状的相关关系 由表 5 可知,固始鸡在 8 个微卫星位点中有 3 个位点,即 MCW0006,MCW0185,ADL105 分别与全净膛率、胸肌率、腿肌率和腹脂率 4 种屠体性状存在不同程度的相关性。

表 5 固始鸡各微卫星标记不同基因型间屠体性状表型值的 F 检验 (F 值)
Table 5 F analysis between microsatellite markers and slaughter traits

微卫星位点 Microsatellite marker	屠宰率/ % Dressing percentage	半净膛率/ % Semi-eviscerated ratio	全净膛率/ % Eviscerated ratio	胸肌率/ % Breast muscle ratio	腿肌率/ % Leg muscle ratio	腹脂率/ % Belly fat ratio
MCW0295	0.69	0.81	1.86	0.69	1.25	1.73
MCW0294	0.12	1.79	2.03	0.25	0.78	1.76
MCW0081	2.14	0.45	0.22	1.00	1.42	0.14
MCW0006	2.11	1.05	4.59 * *	2.11	1.10	1.91
MCW0185	0.28	0.68	5.57 * *	3.55 * *	2.74 *	7.23 * *
ADL0105	1.05	1.78	0.41	1.44	2.71	5.16 * *
ADL0192	1.12	0.67	4.00	1.23	1.02	2.25
ADL0019	0.37	0.58	1.25	0.92	1.14	0.70

由表 6 可知,固始鸡在 MCW0006 位点,CC 基因型的全净膛率极显著高于基因型 CC、DD ($0.01 < P < 0.05$)。在 MCW0185 位点,CC 基因型的全净膛率显著高于 AD、BD、CD、DD 基因型 ($P < 0.05$);AD 基因型的胸肌率显著高于 BB 基因型 ($P <$

0.05),腿肌率显著高于 BB 基因型 ($P < 0.05$);CD 基因型腹脂率显著高于 BB、BD、CC 基因型 ($P < 0.05$)。ADL0105 位点 CC 基因型的腹脂率显著高于 BC 基因型 ($P < 0.05$),AB 基因型的全净膛率显著高于 BB、CC、DD 基因型 ($P < 0.05$)。

表 6 微卫星位点各基因型与商品代固始鸡胴体性状

Table 6 Least aquares means $\pm$ standard error of the genotypes fo slaughter traits in Gushi commercial line

微卫星位点 Microsatellite marke	基因型 Genotype	屠宰率/ % Dressing percentage	半净膛率/ % Semi-eviscerated Ratio	全净膛率/ % Eviscerated ratio	胸肌率/ % Breast muscle ratio	腿肌率/ % Leg muscle ratio	腹脂率/ % Belly fat ratio
MCW0006	AC	81.87 $\pm$ 2.58 b	82.71 $\pm$ 1.58 a	62.15 $\pm$ 1.15 ab	6.05 $\pm$ 1.43 ab	5.09 $\pm$ 1.09 a	10.14 $\pm$ 6.56 b
	AD	92.39 $\pm$ 1.82 a	84.10 $\pm$ 1.05 a	60.82 $\pm$ 0.77 abc	8.74 $\pm$ 0.96 a	7.43 $\pm$ 0.72 a	22.51 $\pm$ 4.37 ab
	BB	91.81 $\pm$ 2.31 a	81.05 $\pm$ 1.41 a	60.56 $\pm$ 1.03 bc	7.21 $\pm$ 1.28 bc	6.06 $\pm$ 0.97 a	24.00 $\pm$ 5.87 ab
	BC	90.42 $\pm$ 1.72 a	81.91 $\pm$ 1.05 a	63.10 $\pm$ 0.81 ab	6.47 $\pm$ 1.01 ab	7.33 $\pm$ 0.77 a	18.74 $\pm$ 4.64 ab
	CC	90.45 $\pm$ 1.95 a	83.00 $\pm$ 1.19 a	63.65 $\pm$ 0.87 a	4.27 $\pm$ 1.08 b	6.00 $\pm$ 0.82 a	7.30 $\pm$ 4.96 b
	CD	90.62 $\pm$ 1.95 a	81.88 $\pm$ 1.19 a	58.76 $\pm$ 0.87 c	8.51 $\pm$ 1.08 a	5.93 $\pm$ 0.82 a	19.55 $\pm$ 4.96 ab
	DD	91.21 $\pm$ 2.10 a	80.52 $\pm$ 1.29 a	59.14 $\pm$ 0.94 c	6.32 $\pm$ 1.17 ab	5.52 $\pm$ 0.89 a	27.73 $\pm$ 5.36 a
MCW0185	AD	88.36 $\pm$ 1.92 a	82.29 $\pm$ 1.08 a	60.39 $\pm$ 0.76 b	9.35 $\pm$ 0.90 a	8.04 $\pm$ 0.67 a	20.93 $\pm$ 3.56 ab
	BB	90.31 $\pm$ 2.35 a	82.52 $\pm$ 1.32 a	63.73 $\pm$ 0.93 a	4.35 $\pm$ 1.11 b	4.83 $\pm$ 0.82 b	4.06 $\pm$ 4.36 c
	BD	90.93 $\pm$ 2.35 a	80.86 $\pm$ 1.32 a	60.18 $\pm$ 1.02 b	7.87 $\pm$ 1.21 a	7.66 $\pm$ 0.89 a	15.95 $\pm$ 4.77 bc
	CC	91.59 $\pm$ 2.35 a	84.16 $\pm$ 1.32 a	64.45 $\pm$ 0.93 a	4.59 $\pm$ 1.10 b	5.79 $\pm$ 0.82 ab	5.15 $\pm$ 4.36 c
	CD	90.37 $\pm$ 1.54 a	81.94 $\pm$ 0.83 a	59.76 $\pm$ 0.59 b	7.11 $\pm$ 0.70 ab	5.78 $\pm$ 0.52 ab	29.05 $\pm$ 2.76 a
	DD	90.53 $\pm$ 2.58 a	82.51 $\pm$ 1.44 a	61.05 $\pm$ 1.02 b	6.86 $\pm$ 1.21 ab	6.32 $\pm$ 0.89 ab	21.65 $\pm$ 4.77 ab
ADL0105	AB	90.87 $\pm$ 1.83 a	82.86 $\pm$ 1.08 a	63.93 $\pm$ 0.85 a	4.74 $\pm$ 1.07 a	5.81 $\pm$ 0.77 a	19.10 $\pm$ 4.60 ab
	BB	91.62 $\pm$ 2.23 a	81.18 $\pm$ 1.32 a	60.46 $\pm$ 0.99 b	7.37 $\pm$ 1.24 a	5.80 $\pm$ 0.89 a	26.73 $\pm$ 5.31 a
	BC	87.01 $\pm$ 1.65 a	82.00 $\pm$ 0.97 a	61.59 $\pm$ 0.72 ab	7.42 $\pm$ 0.91a	7.34 $\pm$ 0.66 a	10.20 $\pm$ 3.92 b
	CC	91.41 $\pm$ 1.94 a	81.98 $\pm$ 1.14 a	59.03 $\pm$ 0.85 b	8.02 $\pm$ 1.07 a	7.05 $\pm$ 0.77 a	27.00 $\pm$ 4.60 a
	CD	90.14 $\pm$ 2.07 a	81.70 $\pm$ 1.22 a	61.79 $\pm$ 0.91 ab	6.37 $\pm$ 1.15 a	5.69 $\pm$ 0.83 a	14.22 $\pm$ 4.92 ab
	DD	92.62 $\pm$ 2.45 a	84.14 $\pm$ 1.31 a	59.77 $\pm$ 0.99 b	7.59 $\pm$ 1.24 a	5.74 $\pm$ 0.89 a	21.05 $\pm$ 5.31 ab

3 讨论与结论

3.1 固始鸡群体的遗传多样性

从本试验结果来看,固始鸡 8 个微卫星标记的平均等位基因数为 3.625。根据微卫星标记的选择标准,有 4 个等位基因就能较好地用于遗传分析,因此可以用这些微卫星标记对商品代固始鸡进行深入研究。多态性信息含量(PIC)是衡量基因变异程度高低的指标,当 $PIC > 0.5$ 时,该基因座为高度多态性; $0.25 < PIC < 0.5$ 时,为中度多态性; $PIC < 0.25$ 时为低度多态性。本试验中,8 对微卫星标记中仅有 ADL0019 和 MCW0294 为低度多态性,其余均为高度多态性,微卫星平均多态信息含量为 0.520 3。

杂合度又称为基因多样性,反映群体在多个基因座上的遗传变异,其高低反映了群体的遗传一致性程度,群体平均杂合度高,表明该群体的遗传变异大,遗传多样性丰富;而平均杂合度低,则表明该群体遗传变异小,遗传多样性缺乏。本试验中,ADL0192 的杂合度最高(0.745 3),MCW0294 的杂合度最低(0.500 0)。8 对微卫星标记的平均杂合度为 0.626 0,这与许多文献的研究结果相近^[7-9]。本研究所得的较高的杂合度可能与本试验所选取的 10 个微卫星座位均为多态性丰富的座位有关。商品代固始鸡表现出较高的杂合度,表明其遗传基础较宽。

标记-QTL 连锁分析是利用统计学方法,对不同基因型个体的数量性状表型进行显著性检验,若差异显著说明标记与数量性状存在关联,其遗传基础可能是该标记与控制性状的 QTL 或主基因连锁。这种相关性的发现对选种十分有利,实践中选留与目标性状有紧密连锁标记的个体,可以提高选种的准确性、加快遗传进展,这也是标记辅助选择的主要目的之一。与常规选择方法相比,分子标记辅助选择不受年龄、环境等因素的影响,具有快速、准确等优点,可在个体生命的早期,通过检测与数量性状连锁的遗传标记,进而对某些性状进行早期选择。本试验利用选择性基因分型的方法,对生产性状上有明显差异的商品代固始鸡进行了标记基因型与数量性状表型值间关系的分析,结果表明,MCW0295、MCW0006、MCW0185、ADL0192 位点分别与体型参数中的 5 种不同性状存在不同程度的相关,MCW0006、MCW0185、ADL0192 位点分别与 4 种屠体性状存在不同程度的关联。

3.2 固始鸡微卫星标记的多态性与体型参数的关联性

固始鸡商品代中,有 4 个标记分别与 5 种性状存在不同程度的关联性。标记 MCW0295 位点的 AC 基因型有望作为质量的早期选择辅助标记;标记 MCW0006 和 MCW0185 位点的 CC 基因型有望作为质量、胸宽、胸深、胫长、体斜长的早期选择辅助标记,ADL0192 位点的 AB 基因型有望作为质量、胸宽的早期选择辅助标记。但这些基因型是否真的能作为相应性状的早期选择辅助标记,还需在生产中进一步研究验证。

3.3 固始鸡微卫星标记的多态性与屠体性状的关联性

本试验有 3 对标记与商品代固始鸡 6 个屠体性状中的 4 个性状显著关联。商品固始鸡代中,标记 MCW0006 位点的 CC 基因型有望作为全净膛率的选择辅助标记,标记 MCW0185 位点的 AD 基因型有望作为胸肌率和腿肌率的选择辅助标记,标记 ADL0105 位点的 CC 基因型有望作为腹脂率的选择辅助标记。但这些标记位点是否真的能作为屠体性状的分子标记,也还需要做进一步研究。

[参考文献]

- [1] 刘莉,陈国宏,李慧芳,等.微卫星 DNA 及其在家禽遗传育种中的应用[J].动物科学与动物医学,2000,17(6):19-21.
- [2] 李鑫,崔燕,杨隼,等.微卫星 DNA 标记技术在畜禽遗传多样性研究中的应用[J].黑龙江畜牧兽医,2004,2(9):39-40.
- [3] Groenen M A M, Crooijmans R P M A, Veenendaal A, et al. A consensus linkage map of the chicken genome [J]. Genome Res, 2000, 10:137-147.
- [4] Bolstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32:314-331.
- [5] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89:583-590.
- [6] 杨宁.家禽生产学[M].北京:中国农业出版社,2002.
- [7] 孙桂荣.丝毛乌骨鸡产蛋性状与微卫星标记的相关研究[D].成都:四川农业大学,2002.
- [8] 陈运棣.家鸡肉用性状微卫星标记的连锁分析[D].广州:华南农业大学,1999.
- [9] 曲鲁江.中国地方鸡种分子遗传多样性研究[D].北京:中国农业大学,2004.
- [10] 樊斌.湖北省三年品种猪 27 个微卫星标记座位的遗传变异[J].生物多样性,1999,42(3):420-431.
- [11] Ciampolini R. Individual multiocus genotypes using microsatellite polymorphism to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds[J]. J Anim Sci, 1995, 73:3259-3268.