

西农萨能奶山羊多胎基因位点的遗传聚合效应分析

李 广, 安小鹏, 李 玲, 韩 丹, 侯金星, 王娅娜, 朱广琴,
王建刚, 宋宇轩, 曹斌云

(西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西 杨凌 712100)

【摘 要】 【目的】分析西农萨能奶山羊不同微卫星基因位点的基因型和基因型组合在多胎性状形成中的贡献率,探索优良基因的遗传聚合效应。【方法】利用微卫星标记与群体系谱记录,以优秀多胎个体为研究起点,上溯亲代,跟踪子代,检测典型优秀母羊个体的基因型组合及其与产羔数的关系。【结果】在西农萨能奶山羊群体中找到 A_3A_7 、 B_1B_6 、 C_1C_5 和 D_5D_9 4 对产羔率具有正效应的标记,以及 A_1A_5 、 B_4B_9 、 C_2C_6 和 D_4D_8 4 对产羔率具有负效应的标记。基因型组合 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 的聚合效应值最高($P<0.05$);分析比较几个基因型对产羔数的聚合效应值可知, D_5D_9 较 D_4D_9 高 5.11%, A_3A_7 较 A_1A_6 高 15.32%, C_1C_5 较 C_2C_6 高 8.11%, B_1B_6 较 B_5B_{10} 高 8.50%, D_7D_{10} 较 D_4D_9 高 10.09%, D_5D_9 较 D_1D_5 高 15.62%, D_4D_9 较 D_1D_5 高 11.08%, D_2D_6 较 D_1D_5 高 39.64%。【结论】在亲代到 F1 代的基因传递过程中,基因型组合具有明显的聚合效应;在 F1 代到 F2 代的基因传递过程中,基因型组合出现了明显的分离现象。

【关键词】 西农萨能奶山羊;微卫星位点;群体系谱;聚合效应

【中图分类号】 S827.2

【文献标识码】 A

【文章编号】 1671-9387(2009)10-0047-08

Study on pyramiding effect of polyembryony genes loci in Xinong Saanen goat

LI Guang, AN Xiao-peng, LI Ling, HAN Dan, HOU Jin-xing, WANG Ya-na,
ZHU Guang-qin, WANG Jian-gang, SONG Yu-xuan, CAO Bin-yun

(College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: 【Objective】The aim of this experiment was to analyze the pyramiding effect of genotype and genotype combination of microsatellite loci in the polyembryony trait of Xinong Saanen goat. 【Method】The relationship of genotype combination and litter size were compared and revealed in excellent Xinong Saanen goat by micro-satellite marker and family trees. 【Result】The results indicate that there are genetic polymorphisms at these four microsatellite loci, and there are four positive genotypes (A_3A_7 , B_1B_6 , C_1C_5 and D_5D_9) and negative ones (A_1A_5 , B_4B_9 , C_2C_6 and D_4D_8) effects on litter size, respectively in Xinong Saanen goat. The pyramiding effect of $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ genotype combination markedly improved ($P<0.05$) compared with the others. The effect of D_5D_9 genotype on litter size was higher than that of D_4D_9 by 5.11%, and A_3A_7 higher than A_1A_6 by 15.32%, C_1C_5 higher than C_2C_6 by 8.11%, B_1B_6 higher than B_5B_{10} by 8.50%, D_7D_{10} higher than D_4D_9 by 10.09%, D_5D_9 higher than D_1D_5 by 15.62%, D_4D_9 higher than D_1D_5 by 11.08%, and D_2D_6 higher than D_1D_5 by 39.64%. 【Conclusion】There was a significant pyramiding effect in the course of reproduction between parental generation and F1 generation; and there was a significant

* [收稿日期] 2009-02-23

[基金项目] 国家“863”高技术研究与发展计划项目(2007AA10Z167);国家“十一五”奶业重大科技支撑项目(2006BAD04A11)

[作者简介] 李 广(1965—),男,陕西蒲城人,副研究员,硕士,主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

[通信作者] 曹斌云(1955—),男,陕西周至人,教授,博士生导师,主要从事动物遗传育种与繁殖研究。

E-mail: caobinyun@yahoo.com.cn

gene isolation effect in the course of reproduction between F1 and F2 generation.

Key words: Xinong Saanen goat; micro-satellite loci; family tree; pyramiding effect

多胎性状的选育是奶山羊育种的重要目标之一,多胎性状是由微效多基因决定的数量性状,遗传力很低(约为 0.23 左右),常规育种手段在较短时期内难以取得明显进展,这在很大程度上限制了我国奶山羊养殖业的发展。随着动物基因组学的发展,大量的 DNA 分子标记已被开发和应用,动物基因组图谱绘制逐步完善,越来越多的具有重要经济意义的功能基因相继被挖掘出来,与山羊繁殖性状紧密相关的研究也取得很大进展。基因聚合(Gene pyramiding)是通过基因工程手段,将分散在不同品种或品系中的优良基因通过杂交、回交、复合杂交等手段聚合到同一个品种中^[1]。畜禽的大部分经济性状具有加性效应,基因表达呈累加作用,即集中到一个品种中的同效基因越多表达越充分。目前,国内外关于羊分子育种的研究主要集中在羊的分子标记检测及其与性状的相关性方面^[2]。本研究将微卫星标记与系谱相结合,选择与西农萨能奶山羊多胎性状强相关的 OarAE101、BM1329、BM143、LSCV043 等 4 个位点和羊场系谱记录,以优秀多胎个体为研究起点,通过典型优秀母羊个体基因型的上溯和跟踪,分析不同基因型和基因型组合在多胎性状形成中的贡献率,探索优良基因的传递规律及其聚合模式,旨在为多胎新品系的建立和分子标记辅助多基因聚合育种的实践提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 血样 采集陕西千阳西农萨能奶山羊种羊场核心群 165 只经产母羊静脉血样,每个个体 10 mL,加 ACD 抗凝剂后带回实验室,于 -20 ℃ 冻存备用。同时,收集其前 3~4 胎的产羔资料进行分析。

1.1.2 主要试剂 ACD 抗凝剂、全血基因组 DNA 提取试剂盒、*Taq* DNA 聚合酶、10×Buffer (内含 25 mmol/L Mg^{2+}) 和 dNTPs,均购自北京鼎国生物技术有限公司。10×TBE 缓冲液、pB R322DNA/*Msp* I marker,购自华美生物工程公司。

1.1.3 主要仪器 PCR 仪,美国 BIO2RAD;小型高速离心机,德国 Eppendorf;电泳仪和垂直电泳槽,北京六一;脱色摇床,南京新校园;微波炉,佛山格兰仕;电子天平,上海恒平;凝胶成像仪及分析系

统,江苏捷达。

1.2 方法

1.2.1 奶山羊基因组 DNA 的提取 参照全血基因组提取试剂盒说明书介绍的步骤,提取萨能奶山羊血样 DNA,4 ℃ 冰箱保存。

1.2.2 微卫星标记的选择 根据比较基因组学方法,选择与奶山羊多胎性状强相关的 OarAE101、BM1329、BM143 和 LSCV043 等 4 个位点,OarAE101 上游引物:5'-TTCTTATAGATGCACTCAAGCTAGG-3',下游引物:5'-TAAGAAATATATTTGAAAAGGTGTATCTCCC-3';BM1329 上游引物:5'-TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC-3',下游引物:5'-AACAACGCAGCTTCATCC-3';BM143 上游引物:5'-ACCTGGGAAGCCTCCATATC-3',下游引物:5'-CTGCAGGCAGATTCTTTATCG-3';LSCV043 上游引物:5'-CCAGAATATAGAGTTTTGTCAAG-3',下游引物:5'-GCCTGATTTGTATTTGTATGAG-3'。所有引物均由上海生工合成。

1.2.3 微卫星位点的 PCR 扩增 PCR 反应体系总体积为 12 μ L,其中 ddH₂O 6.5 μ L,10×Buffer 1.5 μ L(内含 25 mmol/L Mg^{2+}),DNA 模板 1 μ L,上、下游引物各 0.5 μ L (10 pmol/ μ L),dNTPs 1 μ L (2.5 mmol/L)、*Taq* 酶 1 μ L (0.5 U/ μ L)。PCR 扩增反应程序:95 ℃ 预变性 4 min;94 ℃ 变性 30 s,复性(温度依引物而定) 30 s,72 ℃ 延伸 45 s,35 个循环;最后 72 ℃ 延伸 10 min,4 ℃ 保存。

1.2.4 4 个微卫星基因座位 PCR 产物的检测及电泳分型 扩增产物用 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳,若观察到特异性条带,则用 80 g/L 聚丙烯酰胺凝胶对扩增产物进行电泳分型,电泳结束后采用银染法进行染色,观察结果并照相。

1.2.5 4 个微卫星座位上基因型的判定 用凝胶成像仪及分析系统,分析计算全部山羊个体微卫星座位等位基因片段的大小,按片段长度从大到小的顺序依次定为 A₁~A₇、B₁~B₁₀、C₁~C₈ 和 D₁~D₁₀,然后分析各微卫星座位全部个体的基因型和基因型组合,并选择前 4 胎平均产羔数在 2.8 个以上的优秀母羊个体(F1 代),对其亲代、子代(F2 代)进行相应分子标记检测,结合系谱分析亲代、F1 代、F2 代不同基因型组合在多胎性状形成中的贡献率和遗传分离情况。

1.3 统计分析

用 SPSS16.0 和聚类分析软件(中国农科院家禽研究所),分析计算不同基因型及基因型组合与萨能奶山羊前 3~4 胎平均产羔数的关系,配合下列模型进行最小二乘方差分析,比较不同世代平均产羔数在标记基因型和基因型组合之间的差异:

$$Y_{ijk} = \mu + P_i + G_j + E_{ijk}$$

式中: Y_{ijk} 为第 i 胎次第 j 个基因型个体的性状观察

值, μ 为群体均值, P_i 为第 i 个个体的胎次效应, G_j 为第 j 个个体的基因型效应值, E_{ijk} 为随机误差。

2 结果与分析

2.1 微卫星标记 OarAE101、BM143、BM1329 和 LSCV043 PCR 扩增产物的电泳检测

由图 1~4 可见,OarAE101、BM143、BM1329 和 LCV043 4 个微卫星位点的多态性均比较丰富。

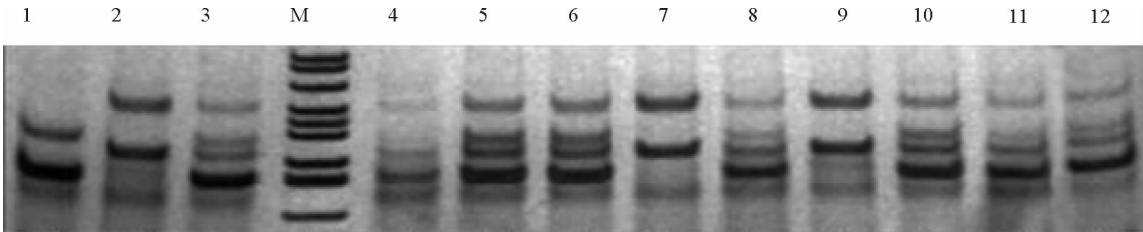


图 1 西农萨能奶山羊微卫星 OarAE101 扩增产物的部分聚丙烯酰胺凝胶电泳结果
1~12. 萨能羊的不同个体;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,片段长度从上到下依次为 242,238,217,201,190,180,160,147,123 bp
Fig. 1 PAGE electrophoresis of PCR products at microsatellite OarAE101 locus in Xinong Saanen goats
1-12. Different Xinong Saanen goat;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,fragments size are 242,238,217,201,190,180,160,147,123 bp up to down

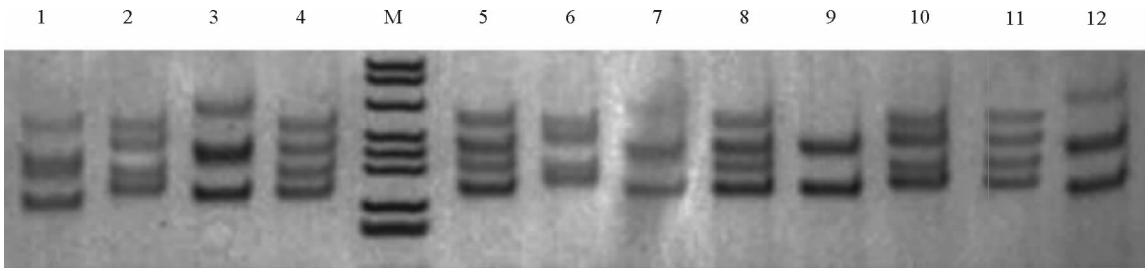


图 2 西农萨能奶山羊微卫星 BM143 扩增产物的部分聚丙烯酰胺凝胶电泳结果
1~12. 萨能羊的不同个体;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,片段长度从上到下依次为 242,238,217,201,190,180,160,147 bp
Fig. 2 PAGE electrophoresis of PCR products at microsatellite BM143 locus in Xinong Saanen goats
1-12. Different Xinong Saanen goat;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,fragments size are 242,238,217,201,190,180,160,147 bp up to down

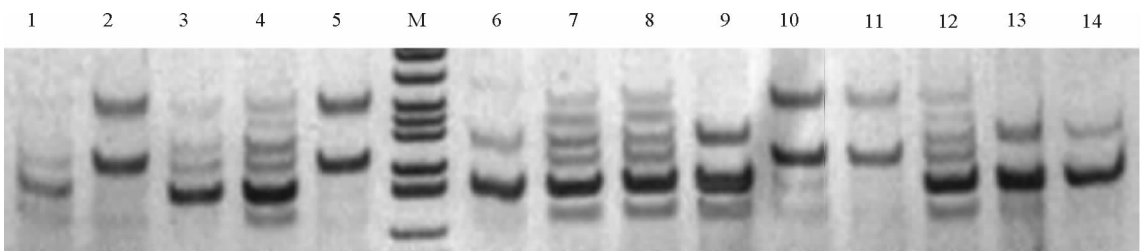


图 3 西农萨能奶山羊微卫星 BM1329 扩增产物的部分聚丙烯酰胺凝胶电泳结果
1~14. 萨能羊的不同个体;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,片段长度从上到下依次为 238,217,201,190,180,160,147,123 bp
Fig. 3 PAGE electrophoresis of PCR products at microsatellite BM1329 locus in Xinong Saanen goats
1-14. Different Xinong Saanen dairy goat;M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,fragments sizes are 238,217,201,190,180,160,147,123 bp up to down

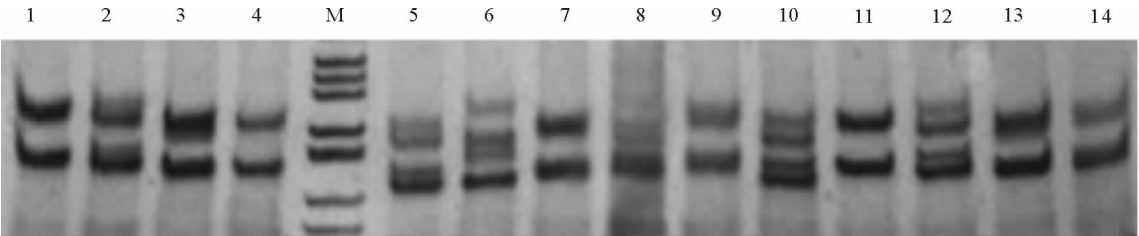


图 4 西农萨能奶山羊微卫星 LSCV043 扩增产物的部分聚丙烯酰胺凝胶电泳结果
1~14. 萨能羊的不同个体; M. pBR322DNA/*Msp* I Markers, 片段长度从上到下依次为 201,190,180,160,147,123,110 bp

Fig. 4 PAGE electrophoresis of PCR products at microsatellite LSCV043 locus in Xinong Saanen goats
1—14. Different Xinong Saanen dairy goats; M. pBR322DNA/*Msp* I Markers,
fragments sizes are 201,190,180,160,147,123,110 bp up to down

2.2 各微卫星位点的等位基因频率

奶山羊中的等位基因数、长度及其频率,所得结果见表 1。

用凝胶成像分析系统软件(南京大学的捷达凝胶成像系统),分析计算微卫星等位基因在西农萨能

表 1 西农萨能奶山羊各微卫星位点的等位基因数及其频率

Table 1 Distribution of alleles at each microsatellite loci in Xinong Saanen goats

位点 Locus	等位基因数 Number of allele	等位基因长度及基因频率 Allele size and gene frequency									
OarAE101	7	109 bp	114 bp	116 bp	126 bp	129 bp	132 bp	135 bp			
		0.203	0.211	0.320	0.078	0.047	0.070	0.070			
BM143	10	105 bp	110 bp	115 bp	119 bp	120 bp	124 bp	129 bp	135 bp	137 bp	140 bp
		0.020	0.127	0.204	0.046	0.107	0.061	0.006 1	0.204	0.107	0.041
BM1329	10	182 bp	185 bp	187 bp	190 bp	197 bp	215 bp	219 bp	223 bp	225 bp	234 bp
		0.097	0.092	0.117	0.148	0.046	0.097	0.092	0.117	0.148	0.046
LSCV043	8	130 bp	135 bp	140 bp	145 bp	150 bp	155 bp	162 bp	167 bp		
		0.117	0.041	0.122	0.128	0.082	0.168	0.117	0.225		

由表 1 可以看出,微卫星标记位点 OarAE101、BM143、BM1329 和 LSCV043 在西农萨能奶山羊群体中分别有 7,10,10 和 8 个等位基因,其长度分别为 109~135,105~140,182~234 和 130~167 bp。试验结果表明,4 个微卫星位点在西农萨能奶山羊中存在多态性,可用于其遗传多样性的评估。

2.3 微卫星基因座基因型与西农萨能奶山羊产羔数的关系

采用模型分析 4 个微卫星基因座与西农萨能奶山羊产羔数的关系,所得结果见表 2。由表 2 可见,在 OarAE101 位点, A_3A_7 基因型个体的产羔数最高,达 2.03 只/胎;而 A_1A_5 基因型个体的产羔数最低,仅为 1.61 只/胎。因此对该位点来说, A_3A_7 基因型对西农萨能奶山羊产羔数有正效应,而 A_1A_5 基因型则呈负效应。在 BM1329 位点, B_1B_6 基因型个体的产羔数最高,其对西农萨能奶山羊的产羔数呈正效应; B_4B_9 基因型个体的产羔数最低,呈负效应。在 LCV043 位点, C_1C_5 基因型个体的产羔数高于其他基因型,因此其对西农萨能奶山羊的产羔数呈正效应; C_2C_6 基因型个体的产羔数低于其他基因型,呈负效应。在 BM143 位点, D_5D_9 基因型个体的

产羔数高于其他基因型,其对西农萨能奶山羊的产羔数呈正效应; D_4D_8 基因型个体的产羔数低于其他基因型,呈负效应。

2.4 F1 代优秀母羊基因型组合与西农萨能奶山羊产羔数的关系

根据全部个体微卫星位点基因型及其组成的基因型组合,选择分析前 4 胎平均产羔数在 2.8 以上的优秀母羊个体(F1 代)的基因型组合与产羔数的关系,结果见表 3。由表 3 可知,33 只优秀母羊个体中存在 7 种基因型组合,其中基因型组合 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 产羔数的聚合效应值显著高于除 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_4D_9$ 外的其他组合($P<0.05$)。基因型组合 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 与 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_4D_9$ 相比, D_5D_9 较 D_4D_9 基因型产羔数的聚合效应值高 5.11%;基因型组合 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 与 $A_1A_6B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 相比显示, A_3A_7 较 A_1A_6 基因型产羔数的聚合效应值高 15.32%。基因型组合 $A_3A_7B_1B_6C_1C_5D_5D_9$ 与 $A_3A_7B_1B_6C_2C_6D_5D_9$ 相比显示, C_1C_5 较 C_2C_6 基因型产羔数的聚合效应值高 8.11%; $A_3A_7B_1B_6C_2C_6D_5D_9$ 与 $A_3A_7B_5B_{10}C_2C_6D_5D_9$ 相比, B_1B_6 较 B_5B_{10} 基因型产羔数的

聚合效应值高8.50%。

表 2 西农萨能奶山羊 4 个微卫星位点的基因型与产羔数的关系

Table 2 Relationship between the 4 microsatellite loci genotypes with litter size in Xinong Saanen goats				
位点 Locus	基因型 Genotype	命名 Name	基因型频率 Genotype rate	产羔数 Litter size
OarAE101	135/116(25)	A ₁ A ₅	0.255 1	1.607 2±0.311 9 a
	135/114(32)	A ₁ A ₆	0.326 5	1.675 0±0.332 7 a
	132/114(17)	A ₂ A ₆	0.173 5	1.732 9±0.362 3 ab
	129/109(9)	A ₃ A ₇	0.091 8	2.030 0±0.368 4 b
	127/109(15)	A ₄ A ₇	0.153 1	1.750 0±0.270 7 ab
BM1329	234/197(9)	B ₁ B ₆	0.091 8	2.044 4±0.354 8 a
	225/190(29)	B ₂ B ₇	0.295 9	1.640 7±0.338 8 b
	223/187(23)	B ₃ B ₈	0.234 7	1.719 6±0.359 1 ab
	219/185(18)	B ₄ B ₉	0.183 7	1.620 0±0.315 0 b
	215/182(19)	B ₅ B ₁₀	0.193 9	1.740 5±0.256 1 ab
LCV043	167/145(11)	C ₁ C ₅	0.112 2	2.038 2±0.478 6 Bb
	162/140(6)	C ₂ C ₆	0.061 2	1.500 0±0.500 0 Aa
	162/135(24)	C ₂ C ₇	0.244 9	1.536 0±0.424 2 ABa
	162/130(14)	C ₂ C ₈	0.142 9	1.649 5±0.193 5 ABa
	155/130(31)	C ₃ C ₈	0.316 3	1.750 0±0.353 6 ABa
	150/130(12)	C ₄ C ₈	0.122 4	1.898 7±0.209 5 ABab
BM143	140/124(3)	D ₁ D ₅	0.030 6	1.723 3±0.254 2 b
	140/119(5)	D ₁ D ₇	0.051 0	1.734 0±0.252 6 b
	137/120(21)	D ₂ D ₆	0.214 3	1.692 9±0.339 4 b
	135/115(16)	D ₃ D ₈	0.163 3	1.656 3±0.330 2 a
	129/115(24)	D ₄ D ₈	0.244 9	1.650 0±0.306 9 a
	129/110(16)	D ₄ D ₉	0.163 3	1.661 9±0.394 3 a
	124/110(9)	D ₅ D ₉	0.091 8	2.047 8±0.352 4 b
	119/105(4)	D ₇ D ₁₀	0.040 8	1.812 5±0.239 4 ab

注:括号内数字为样本数;同列数据后标不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$),标不同小写字母之间差异显著($P<0.05$)。下表同。
Note:The numbers in the brackets are the individuals that belong to the respective genotypes;the dates with different capital letters in the same column mean different significantly in 0.01 level,with different lower case letters in the same column mean different significant-ly in 0.05 level.

表 3 F1 代优秀西农萨能奶山羊基因型组合与产羔数的关系

Table 3 Relationship between genotypes combination with litter size in F1 generation Xinong Saanen goats						
基因型组合 Genotype combination	基因型 组合频率 Genotype combination rate	产羔数 Litter size				
		第 1 胎 1st birth	第 2 胎 2nd birth	第 3 胎 3rd birth	第 4 胎 4th birth	平均值 Average
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₁ D ₉ (3)	0.090 9	2.68±0.20 A	3.00±0.25 Ab	3.68±0.27 b	3.33±0.35 b	3.16±0.15 a
A ₁ A ₆ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₅ D ₉ (7)	0.212 1	2.14±0.13 Ba	2.57±0.16 B	3.14±0.17 b	3.42±0.23 b	2.82±0.10 b
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₅ D ₉ (3)	0.090 9	2.00±0.20 Ba	3.33±0.25 Ab	4.00±0.26 a	4.00±0.35 a	3.33±0.15 a
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₂ C ₆ D ₅ D ₉ (5)	0.151 5	2.00±0.15 Ba	2.80±0.20 a	3.20±0.20 b	3.20±0.27 b	2.80±0.12 b
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₂ C ₆ D ₅ D ₉ (4)	0.121 2	2.00±0.17 Ba	3.00±0.22 a	3.50±0.22 b	3.75±0.31 b	3.06±0.13 b
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₂ D ₆ (6)	0.181 8	1.83±0.14 Bb	2.83±0.18 a	3.33±0.18 b	3.16±0.25 b	2.79±0.11 b
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₂ C ₆ D ₁ D ₇ (5)	0.151 5	1.80±0.15 Bb	2.60±0.20 B	3.20±0.20 b	3.60±0.27 b	2.80±0.12 b

2.5 亲代母羊基因型组合与西农萨能奶山羊产羔数的关系

根据 F1 代优秀母羊个体,选择分析前 4 胎亲代母羊个体与产羔数的关系。由表 4 可见,32 只亲代母羊个体中存在 5 种基因型组合,其中亲代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₁D₅ 的聚合效应值最高。亲代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₂C₆D₇D₁₀ 与基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₂C₆D₄D₉ 相比,D₇D₁₀ 较 D₄D₉ 基因型产

羔数的聚合效应值高 10.09%。F1 代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₅D₉ 与亲代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₁D₅ 相比,D₅D₉ 较 D₁D₅ 基因型产羔数的聚合效应值高 15.62%;F1 代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₄D₉ 与亲代基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₁D₅ 相比显示,D₄D₉ 较 D₁D₅ 基因型产羔数的聚合效应值高 11.08%。

表 4 亲代西农萨能奶山羊基因型组合与产羔数的关系

Table 4 Relationship between Genetypes combination with litter size in parental generation Xinong Saanen goat

基因型组合 Genetype combination	基因型 组合频率 Genetype combination rate	产羔数 Litter size				
		第 1 胎 1st birth	第 2 胎 2nd birth	第 3 胎 3rd birth	第 4 胎 4th birth	平均值 Average
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₆ D ₄ D ₉ (10)	0.312 5	2.00±0.22 b	2.70±0.20 b	2.60±0.23 b	2.50±0.12 b	2.45±0.13 b
A ₁ A ₆ B ₁ B ₆ C ₂ C ₇ D ₅ D ₉ (7)	0.218 6	1.71±0.27 Bb	2.57±0.23 b	2.86±0.28 b	2.86±0.15 b	2.50±0.16 b
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₁ D ₅ (4)	0.125 0	2.50±0.35 Aa	3.00±0.31 a	2.75±0.37 b	3.00±0.20 a	2.81±0.21 a
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₂ C ₆ D ₇ D ₁₀ (6)	0.187 5	2.00±0.29 b	2.67±0.25 b	3.33±0.30 a	3.00±0.16 a	2.75±0.17 a
A ₁ A ₆ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₅ D ₉ (5)	0.152 3	2.20±0.31 ab	2.40±0.28 b	2.60±0.33 b	2.80±0.18 b	2.50±0.18 b

2.6 F2 代母羊基因型组合与西农萨能奶山羊产羔数的关系

根据 F1 代优秀母羊个体,选择分析前 3 胎 F2 代母羊个体与产羔数的关系。由表 5 可知,95 只 F2 代母羊个体中存在 12 种基因型组合,与 F1 代基因型组合相比,F2 代出现了较大的基因分离现象。在 F2 代基因型组合中,A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₅D₉ 的聚合效应值最高($P<0.05$),其与 F1 代相同基因型组合的

效应值较为接近;基因型组合 A₁A₆B₄B₉C₂C₆D₁D₇ 的聚合效应值最低。F1 代基因型组合 A₃A₇B₅B₁₀C₁C₅D₂D₆ 与 F2 代基因型组合 A₃A₇B₅B₁₀C₁C₅D₁D₅ 相比,D₂D₆ 较 D₁D₅ 基因型产羔数的聚合效应值高 39.64%。F1 代基因型组合 A₃A₇B₅B₁₀C₁C₅D₂D₆ 与 F2 代基因型组合 A₃A₇B₅B₁₀C₁C₅D₅D₉ 相比,D₂D₆ 较 D₅D₉ 基因型产羔数的聚合效应值高 1.82%。

表 5 F2 代西农萨能奶山羊基因型组合与产羔数的关系

Table 5 Relationship between Genetypes combination with litter size in F2 generation Xinong Saanen goat

基因型组合 Genetype combination	基因型 组合频率 Genetype combination rate	产羔数 Litter size			
		第 1 胎 1st birth	第 2 胎 2nd birth	第 3 胎 3rd birth	平均值 Average
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₂ C ₆ D ₁ D ₉ (10)	0.105 3	1.50±0.11 B	2.30±0.13 b	2.30±0.15 b	2.03±0.07 b
A ₁ A ₆ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₁ D ₅ (9)	0.094 7	1.88±0.12 Bb	2.44±0.14 b	2.55±0.16 B	2.29±0.08 b
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₂ D ₆ (11)	0.115 8	2.00±0.10 b	2.63±0.13 b	2.90±0.14 B	2.51±0.07 b
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₁ C ₅ D ₅ D ₉ (10)	0.105 3	2.30±0.11 Aa	3.40±0.13 Aa	3.60±0.15 Aa	3.10±0.07 Aa
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₂ C ₆ D ₅ D ₉ (11)	0.115 8	2.27±0.10 Aa	2.90±0.13 b	3.45±0.14 Aa	2.87±0.07 b
A ₂ A ₆ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₁ D ₅ (8)	0.084 2	1.25±0.12 B	1.87±0.15 B	1.50±0.17 Cc	1.54±0.08 Bc
A ₃ A ₇ B ₁ B ₆ C ₂ C ₆ D ₁ D ₇ (11)	0.115 8	2.00±0.10 b	2.81±0.13 b	2.81±0.14 Bb	2.54±0.07 b
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₅ D ₉ (10)	0.105 3	2.10±0.11 b	2.90±0.13 b	3.10±0.15 Aba	2.70±0.07 b
A ₃ A ₇ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₁ D ₅ (8)	0.084 2	2.00±0.12 b	2.37±0.15 b	2.87±0.17 Bb	2.41±0.08 b
A ₂ A ₆ B ₅ B ₁₀ C ₁ C ₅ D ₂ D ₆ (2)	0.021 1	2.00±0.25 b	1.50±0.31 B	1.50±0.34 Cc	1.66±0.17 Bc
A ₁ A ₆ B ₄ B ₉ C ₁ C ₅ D ₂ D ₆ (3)	0.031 6	1.33±0.20 B	2.00±0.25 b	1.33±0.27 Cc	1.55±0.13 Bc
A ₁ A ₆ B ₄ B ₉ C ₂ C ₆ D ₁ D ₇ (2)	0.021 1	2.00±0.25 b	1.00±0.31 B	1.50±0.34 Cc	1.50±0.17 Bc

3 讨 论

3.1 微卫星基因型与西农萨能奶山羊产羔数的相关性分析

储明星等^[3]研究了位点 OarAE101 和 BM1329 的多态性及其与小尾寒羊产羔数的关系,发现小尾寒羊 OarAE101 基因型 107/113 bp 的产羔数显著高于基因型 109/109 bp 和 107/111 bp;BM1329 基因型 146/158 bp 的产羔数显著高于其余基因型。杜立新等^[4]的研究表明,位点 OarJ1A、BM143、Oar-HH55 均存在与小尾寒羊产羔数极显著相关的等位基因片段,其中以 OarJ1A 等位基因 116 bp 与产羔数的相关系数最高(0.683),其次为 OarJ1A(141 bp)、BM143(116 bp)、OarHH55(139 和 141 bp),相

关系数分别为 0.502,0.430,0.381 和 0.563。雷雪琴等^[5]报道,用 5 个微卫星基因座标记小尾寒羊的产羔性状,其中以 OarAE101 的效果最好,共找到了 6 个显著标记;其次为 BM1329,找到了 4 个显著标记;BM143 和 OarHH35 分别找到了 2 和 3 个显著标记;在 OarHH55 基因座上没有找到显著标记。欧阳叙向等^[6-7]研究发现,在湘东黑山羊中,OarAE101 位点等位基因 107,109,119,125 bp 及 BMS2508 位点等位基因 145,93 bp,对产羔数均具有正效应。本研究利用微卫星标记技术,对 4 个不同的微卫星位点(OarAE101、BM1329、BM143 和 LSCV043),在西农萨能奶山羊群体中找到 4 个对产羔数具有正效应的标记 A₃A₇、B₁B₆、C₁C₅ 和 D₅D₉,也发现了 4 个对产羔数具有负效应的标记

A₁A₅、B₄B₉、C₂C₆ 和 D₄D₈。这为西农萨能奶山羊多胎基因遗传聚合效应的进一步研究奠定了基础。

3.2 微卫星基因型组合与西农萨能奶山羊产羔数的关系

畜禽的大部分经济性状具有加性效应,基因表达呈累加作用,即集中到一个品种中的同效基因越多表达越充分。利用分子标记技术,对动物的优良基因进行标记,然后通过分子聚合育种,将重要的优良基因聚合到新组合中,从而有望选育出优良品种或品系。国内外已逐步开展了基因聚合育种研究,特别是在植物的遗传育种研究方面已经取得了较快进展^[8],然而在动物育种方面目前仅见简单的标记辅助育种,还未见基因聚合成功的报道。影响分子标记效率的因素很多,Compbell 等^[9]、Koning 等^[10]、Lu 等^[11-12]概括为所选性状的遗传特性、遗传标记与 QTL 的连锁程度、QTL 的数目和效应、QTL 参数估计的准确性等。有研究发现,遗传标记基因与 QTL 的连锁程度是决定分子标记的关键因素,二者连锁得越紧密,则其连锁关系在不同家系及群体中的稳定性就愈大,标记辅助选择的效率就越高^[13-15]。

本研究选用绵羊 6 号染色体上与 *FecB* 基因相连锁的 3 个微卫星位点 (OarAE101、BM1329 和 BM143)及与山羊产羔数密切相关的 LSCV043 微卫星位点,利用微卫星标记与群体系谱,以优秀多胎个体为研究起点,上溯亲代,跟踪子代,检测典型优秀母羊个体基因型组合的形成过程及其与产羔性能的关系,分析西农萨能奶山羊不同微卫星基因位点的基因型和基因型组合在多胎性状形成中的贡献率,探索优良基因的传递规律。结果发现,基因型组合 A₃A₇B₁B₆C₁C₅D₅D₉ 的聚合效应值显著高于其他组合 ($P < 0.05$),平均产羔数为 3.33;对各基因型组合聚合效应值的分析比较表明,基因型 D₅D₉ 较 D₄D₉ 聚合效应值高 5.11%,基因型 A₃A₇ 较 A₁A₆ 聚合效应值高 15.32%,基因型 C₁C₅ 较 C₂C₆ 聚合效应值高 8.11%,基因型 B₁B₆ 较 B₅B₁₀ 聚合效应值高 8.50%,D₇D₁₀ 较 D₄D₉ 基因型聚合效应值高 10.09%,D₅D₉ 较 D₁D₅ 基因型聚合效应值高 15.62%,D₁D₉ 较 D₁D₅ 基因型聚合效应值高 11.08%,D₂D₆ 较 D₁D₅ 基因型聚合效应值高 39.64%,D₂D₆ 较 D₅D₉ 基因型聚合效应值高 1.82%。在亲代到 F1 代的基因传递过程中,基因型组合具有明显的聚合效应,在 F1 代到 F2 代的基因传递过程中,基因型组合出现了明显的分离现象。这两种现象的规律性还不很明显,

但可能与所选山羊群体数量较小及公羊效应有关,故尚需作进一步研究。

[参考文献]

- [1] Barloy D, Lemoine J, Abelard P, et al. Marker-assisted pyramiding of two cereal cyst nematode resistance genes from *Aegilops variabilis* in wheat [J]. *Mol Breed*, 2007, 20: 31-40.
- [2] Hu Z L, Fritz E R, James M, et al. A livestock QTL database tool set for positional QTL information mining and beyond [J]. *Nucleic Acids Research*, 2007, 35: 604-609.
- [3] 储明星,程金华,过 纬.微卫星标记 OarAE101 和 BM1329 在五个绵羊品种中的初步研究 [J]. *遗传学报*, 2001, 28(6): 510-517.
Chu M X, Cheng J H, Guo W. Preliminary studies of microsatellite markers OarAE101 and BM1329 in five sheep breeds [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(6): 510-517. (in Chinese)
- [4] 杜立新,曹顶国.小尾寒羊微卫星与 RAPD 标记的研究 [J]. *遗传学报*, 2003, 30(11): 1041-1044.
Du L X, Cao D G. Studies on microsatellite and RAPD markers in little tailed Han sheep [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(11): 1041-1044. (in Chinese)
- [5] 雷雪芹,陈 宏,徐廷生,等.小尾寒羊产羔性状的微卫星标记研究 [J]. *畜牧兽医学报*, 2003, 34(6): 530-535.
Lei X Q, Chen H, Xu T S, et al. Microsatellite markers on fecundity trait of small-tailed Han sheep [J]. *Acta Veterinariae Zootechnica Sinica*, 2003, 34(6): 530-535. (in Chinese)
- [6] 欧阳叙向,施启顺,邓灶福,等.微卫星标记 OarAE101 和 BM143 在 4 个山羊品种中的研究 [J]. *畜牧兽医学报*, 2006, 37(7): 640-645.
Ouyang X X, Shi Q S, Deng Z F, et al. Studies of microsatellite markers OarAE101 and BM143 in 4 goat breeds [J]. *Acta Veterinariae Zootechnica Sinica*, 2006, 37(7): 640-645. (in Chinese)
- [7] 欧阳叙向,施启顺,黄生强,等.微卫星标记 OarHH35 和 BMS2508 在 4 个山羊品种中的研究 [J]. *农业生物技术学报*, 2006, 14(4): 478-483.
Ouyang X X, Shi Q S, Huang S Q, et al. Studies of microsatellite markers OarHH35 and BMS2508 in 4 goat breeds [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2006, 14(4): 478-483. (in Chinese)
- [8] 董建力,惠红霞,王敬东.小麦 *YrX*、*Pm21* 基因和 *Dx5* 优质基因聚合体的分子标记选择 [J]. *西北农业学报*, 2008, 17(4): 58-61.
Dong J L, Hui H X, Wang J D. Selecting the pyramids of genes *YrX*, *Pm21* and high quality gene *Dx5* in wheat by molecular marker [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2008, 17(4): 58-61. (in Chinese)
- [9] Compbell E M G, Monneman D, Rohrer G A. Fine mapping a quantitative trait locus affecting ovulation rate in swine on chromosome 8 [J]. *Anim Sci*, 2003, 81(7): 1706-1714.
- [10] Koning D J, Harlizius B, Rattink A P, et al. Detection and characterization of quantitative trait loci for meat quality

traits in pigs [J]. J Anim Sci,2001,79;2812-2819.

[11] Lu S X,Wu C X. Effects of trait heritability and QTL variance on marker-assisted selection [J]. Acta Genetica Sinica,2003,30(11):989-995.

[12] Lu S X,Wu C X,Lian L S. Primary factors affecting the evaluation accuracy of animal model MBLUP [J]. Acta Genetica Sinica,2003,30(1):35-39.

[13] Edwards M D,Page N J. Evaluation of marker-assisted selection through computer simulation [J]. Theor Appl Genet,1994,88;376-382.

[14] Moreau L,Charcosset A,Hospital F,et al. Marker-assisted selection efficiency in populations of finite size [J]. Dairy Sci,1992,75;1651-1659.

[15] Gimelfarb A,Lande R. Marker-assisted selection and marker-QTL associations in hybrid populations [J]. Theor Appl Genet,1995,91;522-528.

《江西农业大学学报》、《江西农业大学学报(社会科学版)》
2010 年征订启事

《江西农业大学学报》是江西农业大学主办的综合性农业学术刊物,双月刊,CN36—1028。主要刊载农学、植保、园艺、林业、畜牧、兽医、生态、生物技术、农业工程及相关学科的学术论文。2001 年入选《中国期刊方阵》(双百期刊)。该刊多次荣获省部级奖励,2003 年荣获第二届国家期刊奖百种重点期刊,系全国中文核心期刊、中国科技核心期刊和首届、第二届中国高校“精品期刊”,被国内外 20 多种权威检索刊物或数据库收录。《江西农业大学报》国内外公开发行,每期定价 8.00 元,年订价 48.00 元。邮发代号为 44—102,全国各地邮局均可订阅,亦可直接向本刊编辑部订阅。国外总发行为中国国际图书贸易总公司(北京 399 信箱)。

《江西农业大学学报(社会科学版)》是江西省教育厅主管、江西农业大学主办的综合性人文社会科学学术刊物,季刊,CN1671-6523。主要栏目有:农林经济、经济理论与政策、管理科学、社会与法律、思政工作研究、教育理论、语言学等。该刊已被中国人民大学《报刊复印资料》等多种检索刊物或数据库收录,2009 年成功入选 RCCSE 核心期刊。《江西农业大学学报(社会科学版)》为自办发行,请直接与编辑部联系订阅,每期定价 8.00 元,年订价 32.00 元。

地 址:南昌市经济技术开发区 邮政编码:330045
电 话:0791—3813246;3828011
网 址: <http://www.jxau.edu.cn/xuebao/index.asp>
E-mail(自科):ndxb7775@sina.com; E-mail(社科版):jxndsk@sina.com。