

固始白鹅体尺性状微卫星 DNA 标记的筛选

范佳英^{1,2}, 孙桂荣², 康相涛^{2,3}, 张艳芳³, 孙宜梅³, 亢娟娟³, 马新红³, 白义春³

(1 郑州牧业工程高等专科学校, 河南 郑州 450001; 2 河南农业大学 牧医工程学院, 河南 郑州 450002;

3 河南省家禽种质资源创新工程研究中心, 河南 郑州 450002)

[摘要] **【目的】**筛选固始白鹅体尺性状的微卫星 DNA 标记。**【方法】**测定固始白鹅的体尺性状。选用 11 对微卫星引物(WD136、WD206、G06、G07、CKW21、CKW23、TTUCG5、TTUCG4、TTUCG2、Aalu1、TTUCG1), 对固始白鹅进行遗传检测, 计算各微卫星位点的等位基因频率、多态信息含量、杂合度和有效等位基因数。利用最小二乘法拟合线性模型, 探索 11 个微卫星位点与固始白鹅体尺性状的关系。**【结果】**11 个微卫星位点中的 8 个位点(WD136、WD206、G07、TTUCG4、CKW21、TTUCG2、TTUCG1 和 TTUCG5)在固始白鹅上有较好的多态性, 其平均等位基因数为 4.25(3~6)、平均杂合度为 0.598(0.273~0.695)、平均多态信息含量为 0.635(0.530~0.769)、平均有效等位基因数为 3.345(2.383~4.984)。通过最小二乘分析, 检测到 WD136、WD206、CKW21、TTUCG1 等 4 个位点与 9 项体尺性状间存在显著相关性。**【结论】**WD136 位点有望作为体质量、体斜长、骨盆宽的早期选择辅助标记; WD206 位点有望作为体质量、胸宽、龙骨长、骨盆宽、胫长、半潜水长和颈长的早期选择辅助标记; CKW21 位点有望作为体质量、龙骨长、胫长、半潜水长、颈长的早期选择辅助标记; TTUCG1 位点有望作为体质量、体斜长、胫长、龙骨长的早期选择辅助标记。

[关键词] 微卫星标记; 固始白鹅; 体尺性状

[中图分类号] S835.2

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2010)02-0019-06

Screening of microsatellite DNA loci for body-size traits in Gushi goose

FAN Jia-ying^{1,2}, SUN Gui-rong², KANG Xiang-tao^{2,3}, ZHANG Yan-fang³,
SUN Yi-mei³, KANG Juan-juan³, MA Xin-hong³, BAI Yi-chun³

(1 Zhengzhou College of Animal Husbandry Engineering, Zhengzhou, He'nan 450001, China;

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

3 Research Center of Breeding Resources for Poultry in He'nan Province, Zhengzhou, He'nan 450002, China)

Abstract: **【Objective】** Microsatellite DNA loci for body-size traits in Gushi goose were screened. **【Method】** Genetic variations of eleven microsatellites (WD136, WD206, G06, G07, CKW21, CKW23, TTUCG5, TTUCG4, TTUCG2, Aalu1, TTUCG1) were detected in Gushi goose whose body-size traits were determined. Allele frequency, heterozygosity, polymorphic information content, and the numbers of effective alleles of eleven microsatellite loci were calculated. The correlation between eleven microsatellite loci and body size traits in Gushi goose were preliminarily analyzed by least squares linear model. **【Result】** The results indicated eight among eleven microsatellite loci were polymorphic with 4.25 alleles on average. The average heterozygosity was 0.598 and the average polymorphic information content was 0.635 and the average of effective alleles was 3.345. The results suggested there were significant links among WD136, WD206, CKW21, TTUCG1 microsatellite locus and nine body-size traits through least square estimate.

* [收稿日期] 2009-07-13

[基金项目] 国家蛋鸡产业技术体系项目; 河南省杰出人才创新基金项目(074200510009)

[作者简介] 范佳英(1974—), 女, 黑龙江哈尔滨人, 讲师, 硕士, 主要从事家禽学研究。E-mail: fanjiaying2004@126.com

[通信作者] 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: xtkang2001@263.net

【Conclusion】 The result implied that marker WD136 might be regarded as candidate-locus for weight, body length and pelvis width of Gushi goose, marker WD206 might be regarded as candidate-locus for weight, chest width, sternum length, pelvis width, shank length, half-diving length and neck length of Gushi goose, marker CKW21 might be regarded as candidate-locus for weight, sternum length, half-diving length, shank length and neck length of Gushi goose, and marker TTUCG1 might be regarded as candidate-locus for weight, body length, shank length and sternum length of Gushi goose.

Key words: microsatellite marker; Gushi goose; body-size trait

微卫星 DNA(Microsatellite DNA) 又称简单序列重复(Simple sequence repeat, SSR), 以 1~6 bp 的短核苷酸为基本单位, 呈串联重复状。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、呈共显性遗传以及检测快速方便等优点, 而被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中^[1-3]。

固始白鹅在 1980 年河南省进行第 1 次畜禽品种资源调查时被正式命名, 1986 年被收入《河南省地方优良畜禽品种志》, 是我国家禽品种资源基因库中的宝贵财富。固始白鹅属绒肉兼用型鹅种, 具有生长速度快、肉质鲜美、易肥育、耐粗饲、便于管理、适于放牧、抗病力强等优点, 是河南省地方优良家禽品种之一^[4]。近年来, 固始白鹅以分散饲养为主, 缺乏指导性系统选育, 个体差异较大。为了更好地保护利用该地方良种, 加快育种进程, 对其重要经济性

状进行分子标记辅助选择育种极为必要, 但目前尚未见对固始白鹅的体尺性状进行分子标记辅助选择育种的研究报道。为此, 本试验利用 11 对微卫星标记对固始白鹅进行遗传检测, 筛选出多态性较好的微卫星位点, 分析其与固始白鹅体尺性状的相关性, 以期对固始白鹅的分子标记辅助选择育种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验动物

在固始白鹅的中心产区河南省固始县, 采集活泼健康、体形外貌符合该品种特征的 10 周龄公、母固始白鹅各 60 只。

1.2 引物的选择合成

参考文献[5]及 GenBank 中收录的微卫星序列, 选择 11 对引物(序列见表 1)用于试验。PCR 引物由郑州博兴生物科技有限公司合成。

表 1 微卫星引物的序列及退火温度

Table 1 Primers sequences of amplified microsatellite loci and annealing in this study

引物 Primer	片段长度/bp Fragment length	引物序列(5'→3')Sequences		退火温度/℃ Tm
		上游 Upstream	下游 Downstream	
WD136	139~172	GAGAGCGTTACTCAGCAAA	TCACTCTGAGCTGCTACAACA	56.0
WD206	185~409	GGGTGTTTTCCAACCTCAG	CACCTTCCTTACCTCATCTTG	55.0
G06	133	AATAAAATAGAGTTCAGC	TAGTGGCTACATGCATGTTG	61.0
G07	155~222	ACAGGTGATGCTATTATTACG	CATTCCCTAGGAACAACCTGC	62.0
CKW21	240~350	CCCAGAACAGTGCTAGAAGAGG	AGCGAGTCACTCCAGTACCTTC	61.5
CKW23	322	ATGTCACAGTGTGTATGCCAAC	TAAGAACTTTTACTATGCTTA-CATCAA	54.6
TTUCG5	186~390	GGGTGTTTTCCAACCTCAG	CACCTTCCTTACCTCATCTT	58.5
TTUCG4	167~192	GGTGTATACTTGCTGAGTGT	CTAGAACTAGTGGATCTCTC	52.0
TTUCG2	115~181	GAGAGCGTTACTCAGCAAA	TCACTCTGAGCTGCTACAACA	55.0
TTUCG1	116~149	CCCTGCTGGTATACCTGA	GTGTCTACACAACAGC	54.0
Aalul	82	CATGCGTGTTAAGGGGTATTG	TAAGACTTGC GTGAGGAATA	55.0

1.3 体尺性状的测定

固始白鹅体尺性状的测定按照《畜禽遗传资源调查技术手册》^[6]中介绍的方法进行, 具体测量方法如下。体质量: 用台秤称量空腹质量(g); 体斜长: 用皮尺在体表测量肩关节到坐骨结节间的距离(cm); 胸深: 用卡尺在体表测量第一胸椎到龙骨前缘的距

离(cm); 胸宽: 用卡尺测量两肩关节之间的体表距离(cm); 龙骨长: 用皮尺测量体表的龙骨突前端至龙骨末端的距离(cm); 骨盆宽: 用卡尺测量两髌骨结节间的距离(cm); 胫长: 用卡尺测量胫骨上关节至第三、四趾之间的直线距离(cm); 胫围: 胫中部的周长(cm); 半潜水长: 用皮尺测量喙尖到髌骨连线

中点的距离(cm);颈长:用皮尺测量第一颈椎至最后一个颈椎间的距离(cm)。

1.4 血样的采集

翅静脉采集固始白鹅血样,EDTA 抗凝,低温贮存带回实验室,−20 ℃保存。

1.5 基因组 DNA 的提取及检测

参照孟安明等^[7]报道的方法,提取固始白鹅血样基因组 DNA,琼脂糖电泳检测后,稀释到约 50 ng/μL 备用。

1.6 固始白鹅 DNA 的 PCR 扩增

PCR 反应体系为 25 μL:DNA 模板(50 ng/μL) 4 μL,上、下游引物(5 pmol/μL)各 0.5 μL, *Taq* DNA 预混酶(5 mmol/μL) 12.5 μL,用超纯水补至 25 μL。PCR 反应程序为:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 1 min,65 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 2 min,3 个循环;94 ℃变性 1 min,60 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 2 min,3 个循环;94 ℃变性 1 min,55 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 2 min,3 个循环;94 ℃变性 1 min,50 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 2 min,30 个循环;72 ℃延伸 10 min。用 80 g/L 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物,银染法显色电泳检测结果。

1.7 试验结果的统计分析

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,计算群体在各基因座位的等位基因频率。

1.7.2 多态信息含量(Polymorphic information content,PIC) 按照 Bolstein 等^[8]的公式计算:

$$PIC=1-\sum_{i=1}^m P_i^2-\sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m 2P_i^2 P_j^2 =$$
$$2 \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m P_i P_j (1-P_i P_j)。$$

式中: P_i 、 P_j 分别为第 i 、 j 个等位基因频率, m 为等

位基因数。

1.7.3 基因杂合度(Heterozygosity, H) 根据 Nei^[9]的公式计算:

$$H=1-\sum_{i=1}^m P_i^2。$$

1.7.4 有效等位基因数(Effective number of alleles, Ne) 按下式计算:

$$Ne=1/\sum_{i=1}^m P_i^2。$$

1.7.5 微卫星标记与体尺性状的相关性分析 应用 SPSS 16.0 统计软件中的最小二乘法,对微卫星标记与各性状间的相关性进行分析,确定与性状显著相关的标记($P<0.05$),再对相关显著的标记进行不同基因型间体尺性状的多重比较。

2 结果与分析

2.1 固始白鹅基因组 DNA 的 PCR 扩增

由固始白鹅 DNA 的 PCR 扩增结果可知,在试验所选择的 11 对微卫星引物中,WD136、WD206、G07、TTUCG4、CKW21、TTUCG2、TTUCG1 和 TTUCG5 等 8 个位点明显表现为多态,其余位点表现为单态或多态性不明显。

2.2 固始白鹅在 8 个多态微卫星位点上的遗传参数

由表 2 可知,8 个多态微卫星位点的平均杂合度为 0.598(0.273~0.695),平均多态信息含量为 0.635(0.530~0.769),平均等位基因数为 4.25(3~6),平均有效等位基因数为 3.345(2.383~4.984)。8 个多态位点的多态信息含量均高于 0.5,表明所选择的微卫星标记具有高度多态性,能够较好地估测群体的遗传多样性。

表 2 固始白鹅在 8 个多态微卫星位点上的遗传参数

Table 2 Genetic variations of 8 microsatellite markers in Gushi goose

位点 Locus	杂合度 H	多态信息 含量 PIC	等位基因数 Alleles	有效等位 基因数 Ne	等位基因频率 Allele frequency					
					A	B	C	D	E	F
WD136	0.586	0.530	4	2.383	0.592 6	0.203 7	0.157 4	0.046 3		
WD206	0.273	0.769	6	4.984	0.263 6	0.209 1	0.163 6	0.209 1	0.127 3	0.027 3
G07	0.659	0.659	4	3.459	0.136 4	0.390 9	0.290 9	0.181 8		
CKW21	0.661	0.661	4	3.475	0.271 9	0.394 7	0.201 8	0.131 6		
TTUCG5	0.596	0.667	5	3.514	0.336 5	0.057 7	0.375 0	0.134 6	0.096 2	
TTUCG2	0.669	0.603	4	3.006	0.468 8	0.218 8	0.260 4	0.052 1		
TTUCG1	0.695	0.632	4	3.212	0.184 2	0.412 3	0.315 8	0.087 7		
TTUCG4	0.641	0.555	3	2.725	0.394 7	0.421 1	0.184 2			
平均 Average	0.598	0.635	4.25	3.345						

2.3 固始白鹅体尺性状与 8 个多态微卫星位点的相关性分析

根据 8 个微卫星位点的电泳结果,结合个体的

体质量与体尺性状数据,将各位点中出现较少的基因型个体剔除后(无统计学意义),用 SPSS 16.0 统计软件,分析各个性状与不同标记位点基因型间的

表型均值是否存在显著性差异($P<0.05$),结果见表 3。由表 3 可知,WD136、TTUCG1 位点均与体质量显著相关($P<0.05$),WD206、CKW21 位点均与体质量极显著相关($P<0.01$);WD136 位点与体斜长、骨盆宽显著相关($P<0.05$);位点 WD206 与

胸宽、龙骨长、胫长、半潜水长、颈长存在极显著相关($P<0.01$),与骨盆宽显著相关($P<0.05$);CKW21 位点与胸深、龙骨长、胫长、半潜水长、颈长极显著相关($P<0.01$);TTUCG1 位点与体斜长、龙骨长显著相关($P<0.05$),与胫长极显著相关($P<0.01$)。

表 3 固始白鹅体尺性状与 8 个多态微卫星位点的相关性

Table 3 Correlation of body-size trait and 8 microsatellite loci respectively in Gushi goose

位点 Locus	体质量 Weight	体斜长 Body length	胸宽 Chest width	胸深 Chest depth	龙骨长 Sternum length	骨盆宽 Pelvis width	胫长 Shank length	胫围 Shank cycle	半潜水长 Half-diving length	颈长 Neck length
WD136	2.465 *	2.420 *	1.788	1.111	1.870	3.539 *	2.272	1.737	2.114	2.390
WD206	6.263 **	2.782	4.112 **	2.111	3.937 **	3.444 *	3.865 **	2.012	5.612 **	3.968 **
G07	1.170	1.140	0.979	1.070	1.365	1.401	0.888	0.863	1.405	0.89
CKW21	3.815 **	1.999	2.207	3.205 **	5.566 **	1.716	4.340 **	0.840	4.402 **	3.524 *
TTUCG5	0.972	1.135	0.607	0.846	0.481	1.065	0.498	1.109	0.998	0.826
TTUCG2	0.883	0.564	0.444	0.709	0.396	0.915	0.689	0.933	0.569	0.851
TTUCG1	2.630 *	3.196 *	1.337	2.049	3.326 *	2.061	3.827 **	1.620	2.009	2.394
TTUCG4	1.877	1.082	1.896	1.943	2.813	2.027	1.609	1.284	2.840	1.587

注:* 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平相关性显著。

Note:* and ** correlation is significant at the 0.05 and 0.01 level.

2.4 固始白鹅不同基因型对体尺性状的影响

由 2.3 结果可知,8 个微卫星位点中,WD136、WD206、CKW21 和 TTUCG1 等 4 个位点与体尺性状显著相关,进而对该 4 个微卫星位点不同基因型间的体尺性状进行多重比较,结果见表 4。由表 4 可知,WD136 位点 AB 基因型的体质量、体斜长、骨盆宽均显著高于 AA 基因型($P<0.05$);WD206 位

点 EE 基因型的体质量、胸宽、龙骨长、骨盆宽、胫长、半潜水长和颈长均显著高于 AA、AC 基因型($P<0.05$);CKW21 位点 BB 基因型的体质量、龙骨长、胫长、半潜水长和颈长均显著高于 BD 基因型($P<0.05$);TTUCG1 位点 AA 基因型的体质量、体斜长显著高于 BD 基因型($P<0.05$),AD 基因型的龙骨长、胫长显著高于 BC 基因型($P<0.05$)。

表 4 固始白鹅 4 个微卫星位点不同基因型间体尺性状的多重比较

Table 4 Means and multiple comparison of body-size traits among different genotypes of four loci respectively in Gushi goose

位点 Locus	基因型 Genotype	体质量/g Weight	体斜长/cm Body length	胸宽/cm Chest width	龙骨长/cm Sternum length
WD136	AA	3 495.00±158.894 b	28.65±0.495 b	11.45±0.267	16.60±0.348
	AB	4 084.00±147.098 a	30.30±0.512 a	12.09±0.242	17.70±0.335
	AD	3 516.00±172.934 ab	28.20±0.583 b	11.13±0.388	16.50±0.652
	AC	3 882.35±167.921 ab	29.21±0.481 ab	11.67±0.232	17.21±0.335
WD206	AA	3 294.44±87.577 c	27.83±0.236	11.29±0.150 bc	16.11±0.274 c
	AC	3 400.00±210.357 c	28.10±1.100	10.80±0.341 c	16.60±0.430 bc
	BB	4 120.00±206.149 b	30.56±0.818	11.91±0.351 b	17.50±0.433 b
	CC	4 200.00±238.747 ab	30.40±0.979	12.22±0.427 ab	18.10±0.458 ab
	DD	4 080.00±127.410 b	29.75±0.564	12.20±0.219 b	17.60±0.407 b
	EE	4 671.43±191.130 a	30.86±0.595	13.13±0.265 a	18.86±0.508 a
CKW21	BB	4 400.00±178.536 a	29.81±0.654	12.51±0.329	18.50±0.423 a
	BC	4 257.50±423.052 a	30.50±0.500	12.52±0.546	18.38±1.028 a
	BD	3 366.67±83.649 b	27.72±0.252	10.92±0.158	15.92±0.234 b
	CC	4 200.00±57.735 a	29.33±0.333	12.27±0.279	17.67±0.333 ab
TTUCG1	AA	5 100.00±200.000 a	32.50±1.500 a	13.64±0.321	19.00±1.000 ab
	AC	4 015.71±146.496 ab	30.25±0.494 ab	12.02±0.214	17.49±0.334 ab
	AD	4 333.33±166.667 ab	32.00±1.000 ab	12.41±0.05	19.33±0.333 a
	BB	3 858.89±248.431 ab	29.50±0.635 ab	12.09±0.342	17.33±0.583 ab
	BC	3 712.73±137.099 ab	28.82±0.451 b	11.38±0.210	16.82±0.268 b
	BD	3 621.43±211.248 b	28.50±0.681 b	11.41±0.322	16.79±0.498 b

续表 4 Continued table 4

位点 Locus	基因型 Genotype	骨盆宽/cm Pelvis width	胫长/cm Shank length	胫围/cm Shank cycle	半潜水长/cm Half-diving length	颈长/cm Neck length
WD136	AA	8.08±0.185 b	10.26±0.172	5.38±0.126	61.20±1.497	32.60±0.909
	AB	9.03±0.207 a	10.89±0.190	5.48±0.089	66.55±1.352	36.61±1.067
	AD	8.27±0.408 ab	10.06±0.369	5.00±0.138	61.60±2.064	33.20±1.281
	AC	8.81±0.179 ab	10.57±0.202	5.42±0.114	64.38±1.394	34.82±1.023
WD206	AA	8.07±0.212 b	9.85±0.105 c	5.34±0.149	58.78±0.878 c	32.44±0.835 b
	AC	7.83±0.252 b	10.16±0.304 bc	4.88±0.132	60.20±2.010 c	30.80±1.356 b
	BB	9.37±0.209 a	10.96±0.305 a	5.49±0.123	66.78±1.331 b	35.78±0.969 ab
	CC	8.57±0.216 b	11.74±0.279 ab	5.62±0.149	67.50±2.711 ab	36.80±2.396 ab
	DD	9.16±0.253 a	10.92±0.275 a	5.44±0.197	66.80±1.569 b	37.60±1.264 ab
CKW21	EE	9.38±0.308 a	10.52±0.104 a	5.94±0.145	71.21±1.090 a	38.86±1.370 a
	BB	9.17±0.215	11.55±0.286 a	5.59±0.161	69.62±1.426 a	39.00±1.052 a
	BC	8.91±0.123	10.81±0.451 ab	5.62±0.225	67.50±3.571 abc	37.00±2.198 ab
	BD	8.27±0.151	9.94±0.105 b	5.34±0.167	59.58±0.987 bc	32.11±0.633 b
TTUCG1	CC	9.19±0.269	11.18±0.240 ab	5.53±0.088	68.67±0.333 ab	38.00±2.887 ab
	AA	10.24±0.947	11.54±0.166 ab	5.95±0.050	72.25±0.250	40.00±0.001
	AC	8.99±0.257	10.39±0.391 b	5.61±0.157	65.96±1.530	36.21±1.317
	AD	9.78±0.504	11.67±0.130 a	5.57±0.233	70.67±1.202	39.00±1.528
	BB	8.58±0.210	10.63±0.296 ab	5.52±0.162	64.00±2.160	35.56±1.529
	BC	8.44±0.148	10.46±0.168 b	5.37±0.094	63.14±1.219	33.86±0.799
	BD	8.57±0.347	10.70±0.205 ab	5.11±0.152	62.93±2.089	32.29±1.248

注:同一位点同列数据后标不同小写字母者表示差异显著($P<0.05$)。

Note:The numbers with different superscripts in the same locus and same column indicate significant differences($P<0.05$).

3 讨论与结论

3.1 固始白鹅群体的遗传多样性

从本试验结果来看,固始白鹅 8 对微卫星标记的平均等位基因数为 4.25。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固始白鹅进行深入研究。

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; $0.25<PIC<0.5$ 时为中度多态; $PIC<0.25$ 时为低度多态^[10]。本试验中,8 对微卫星标记均表现出高度多态性,微卫星平均多态信息含量为 0.635。

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;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,8 对微卫星标记的平均杂合度为 0.598,这与许多文献的研究结果相近^[11-14]。

3.2 固始白鹅 8 个多态微卫星位点对体尺性状的影响

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^[15]。这种相关性对分子育种很重要,在实际工作中,可以通过选择具有与优良性状相关的标记,进行个体选育,从而提高选种的准确性,加快育种进程。

通过对固始白鹅品种资源的调查发现,近 20 年来,固始白鹅的饲养量不断增加,体型逐步趋向大型化。但是固始白鹅多以分散饲养为主,缺乏指导性系统选育,个体差异较大。利用微卫星标记与体尺性状的相关性,进行分子标记辅助选择育种,可以提高选种的准确性,也可以加快育种进程,这对固始白鹅种质资源的合理开发利用、生产性能和整齐度的提高具有重要意义。本试验首次研究了 11 个微卫星位点与固始白鹅体尺性状的相关性,微卫星位点与体尺性状方差分析结果显示,有 4 个标记位点(WD136、WD206、CKW21、TTUCG1)与 9 项体尺性状存在显著相关性,说明标记座位与各性状间可能存在着连锁关系,即在标记座位附近存在一个影响这些性状的数量性状位点。在生产实践中,这些标记有望成为辅助选择或早期育种的分子标记,但还需在生产中进一步研究验证。

本研究对与体尺性状连锁的 4 个标记位点的不同基因型的表型值进行多重比较,结果表明:WD136 标记的 AB 基因型对体质量、体斜长、骨盆宽影响显著;WD206 标记的 EE 基因型对体质量、

胸宽、龙骨长、骨盆宽、胫长、半潜水长和颈长影响显著;CKW21 标记的 BB 基因型对体质量、龙骨长、胫长、半潜水长、颈长影响显著;TTUCG1 标记的 AA 基因型对体质量、体斜长影响显著,AD 基因型对胫长、龙骨长影响显著。在实际选育工作中,上述基因型可以作为体尺性状选育的重要依据,并可依此剔除不利基因型个体,保留有利基因型个体,从而加快固始白鹅的育种进程。

[参考文献]

[1] 刘 榜,张庆德,李 奎,等. 微卫星 DNA 作为遗传标记的优点及前景 [J]. 湖北农业科学,1997(2):49-51.
Liu B,Zhang Q D,Li K,et al. Advantages and prospects of microsatellite DNA as genetic marker [J]. Hubei Agricultural Sciences,1997(2):49-51. (in Chinese)

[2] 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.
Liu L,Chen G H,Li H F,et al. Microsatellite DNA and its application in poultry genetics and breeding [J]. Animal Science and Veterinary Medicine,2000,17(6):19-21. (in Chinese)

[3] 李 鑫,崔 燕,杨 隽,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.
Li X,Cui Y,Yang J,et al. Application of microsatellite marker in the genetic diversity of livestock and poultry [J]. Heilongjiang Journal of Animal Science and Veterinary Medicine,2004,2(9):39-40. (in Chinese)

[4] 韩占兵,陈理盾. 如何进行固始白鹅种鹅的选留 [J]. 河南畜牧兽医,2005,26(9):20-21.
Han Z B,Chen L D. How to choose Gushi goose breeds [J]. Henan Journal of Husbandry and Veterinary Medicine,2005,26(9):20-21. (in Chinese)

[5] Cathey J C. Microsatellite markers in Canada geese *Branta canadensis* [J]. The Journal of Heredity,1998,89(2):173-175.

[6] 陈伟生,徐桂芳,陈宽维,等. 畜禽遗传资源调查技术手册 [M]. 北京:中国农业出版社,2005.
Chen W S,Xu G F,Chen K W,et al. Technical manual of farm animal genetic resources survey [M]. Beijing:China Agriculture Press,2005. (in Chinese)

[7] 孟安明,齐顺章,宫桂芬. 四个探针产生的家禽 DNA 指纹图谱 [J]. 生物化学与生物物理研究进展,1993,20(2):139-141.
Meng A M,Qi S Z,Gong G F. DNA fingerprint of poultry generated by four probes [J]. Progress in Biochemistry and Bio-

physics,1993,20(2):139-141. (in Chinese)

[8] 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.

[9] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. Genetics,1978,89:583-590.

[10] 孙桂荣,田亚东,康相涛,等. 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 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2007,35(8):49-54.
Sun G R,Tian Y D,Kang X T,et al. Correlation analysis of microsatellite loci for phenotypic traits and slaughter traits in Gushi commercial line [J]. Journal of Northwest A&F University:Natural Science Edition,2007,35(8):49-54. (in Chinese)

[11] 陈兴勇,耿照玉. 皖西白鹅微卫星 DNA 遗传多样性分析 [J]. 中国畜牧兽医,2005,32(8):28-29.
Chen X Y,Geng Z Y. Analysis of genetic variations in Gushi goose using microsatellite markers [J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine,2005,32(8):28-29. (in Chinese)

[12] 李慧芳,屠云洁,汤青萍,等. 6 个中国重点保护地方鹅品种的遗传多样性 [J]. 四川农业大学学报,2005,23(4):465-469.
Li H F,Tu Y J,Tang Q P,et al. Study on genetic diversity of six domestic concernful goose breeds in China [J]. Journal of Sichuan Agricultural University,2005,23(4):465-469. (in Chinese)

[13] 张雪娜,郝正林. 丽佳鹅、五龙鹅和长白 I 型鹅遗传多样性的微卫星标记分析 [J]. 江苏农业科学,2008(1):161-165.
Zhang X N,Xi Z L. Analysis of genetic variations in Lijia goose,Wulong goose and longwhite I goose using microsatellite markers [J]. Jiangsu Agricultural Sciences,2008(1):161-165. (in Chinese)

[14] 刘 双,李 鹏,宋 屹,等. 利用微卫星标记分析不同鹅种的遗传变异 [J]. 遗传,2006,28(11):1389-1395.
Liu S,Li P,Song Y,et al. Analysis of genetic variations in different goose breeds using microsatellite markers [J]. Hereditas,2006,28(11):1389-1395. (in Chinese)

[15] 张 勤. 主效基因及其在家畜育种中的意义 [J]. 中国畜牧杂志,1993,29(1):57-59.
Zhang Q. Meaning of major genes and its application in breeding of livestock [J]. Chinese Journal of Animal Science,1993,29(1):57-59. (in Chinese)