

鹌鹑的遗传多样性研究

郑惠玲¹, 常 洪², 佐野晶子³

(1 西北农林科技大学 畜牧兽医学院, 陕西 杨陵 712100; 2 扬州大学 畜牧兽医学院, 江苏 扬州 225009; 3 岐阜大学, 日本 岐阜 500)

[摘 要] 采用同工酶电泳技术, 对陕西省大规模饲养的 2 个蛋用品系鹌鹑群体的遗传多样性进行了分析。结果表明, 两个群体中每个位点的等位基因平均数为 1.87, 多态位点比率为 60%; 引用国外同类研究结果, 对国内外 21 个鹌鹑群体用 7 个多态位点的基因频率计算标准遗传距离并进行系统聚类, 结果在 0.125 267 水平上 21 个群体聚为 2 类——野生群体和家养群体, 家养群体中大体重鹌鹑与一般体重鹌鹑遗传距离较远; 且 Mpr^f , Mpr^F 和 αGpd^B 基因为野生鹌鹑特有的基因, 野生鹌鹑群体的基因多样性低于家养鹌鹑, 在中性位点家养群体比现存同种野生群体保持着更高的基因杂合度。

[关键词] 酶位点; 遗传资源; 遗传多样性; 鹌鹑

[中图分类号] S813.9

[文献标识码] A

[文章编号] 1000-2782(2001)06-083-04

鹌鹑作为一种家禽, 有特殊的饲养价值。但因驯化时间短、水平低, 导致育种方面的研究较少, 目前只对少数几个血液蛋白质位点进行过研究^[1]。本研究在国内首次以鹌鹑脏器、肌肉为试验材料, 对 10 个酶位点进行了遗传多样性分析, 旨在为鹌鹑遗传资源的保护和开发利用提供科学资料, 为鹌鹑家养化和改良过程中基因变化规律的研究提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1997 年夏初在陕西省泾阳县高庄乡阜下村和陕西省咸阳市沣东乡黄家寨村随机抽样获取朝鲜龙城系鹌鹑(CH-K) 37 只, 德国红鸟系鹌鹑(CH-G) 40 只。

1.2 处理方法

解剖鹌鹑, 取肝脏、心脏和胸肌, 分别加等量蒸馏水, 用研钵磨碎成糊状, 然后在 0℃, 15 000 r/min 离心 30 min, 取上清液装于样品瓶中, -38℃ 低温冰箱中保存备用。

1.3 检测的等位酶名称及代码

采用水平式淀粉凝胶电泳法分析了 10 个酶位点。分别是乙醇脱氢酶(A dh)、酯酶-D(E s-D)、酯酶(E s)、苹果酸脱氢酶-I(M dh-I)、苹果酸脱氢

酶-II(M dh-II)、磷酸葡萄糖异构酶(P gi)、6-磷酸葡萄糖脱氢酶(6Pgd)、 α -乙二醇脱氢酶(α -Gpd)、甘露糖-磷酸异构酶-I(M pr-I)、甘露糖磷酸异构酶-II(M pr-II)。电泳、染色及判定基因型的方法参照文献[2~4]。

1.4 资料的统计处理

根据判定的基因型, 计算基因频率、基因频率估计值的精确度 η 、基因频率估计值的可靠性 β (相对偏差 η 以 0.5 为限)、平均基因杂合度, 计算群体间标准遗传距离, 并用类平均法进行系统聚类^[5~8]。

2 结果与分析

2.1 多型位点的基因频率

通过对 10 个等位酶位点的检测, 其中多型位点有 A dh, E s-D, E s, P gi, 6-Pgd, M pr-I 6 个, 单型位点有 M dh-I, M dh-II, α -Gpd, M pr-II 4 个。朝鲜龙城系(CH-K)和德国红鸟系(CH-G)的多型位点等位基因的频率估计值及其精确度和可靠性分别见表 1 和表 2。由表 1、表 2 可以看出, 2 个群体中每个位点平均等位基因数为 1.87, 多型位点比率为 60%。CH-K 中的 $E s^A$ 基因频率估计值可靠性较低 (0.733 0), 其他基因频率估计值可靠性都在 90% 以上。CH-G 群体中除 $E s^A$ 和 $E s^C$ 估计值的可靠性

〔收稿日期〕 2001-05-08

〔基金项目〕 国家自然科学基金国际合作研究资助项目(39510140973)

〔作者简介〕 郑惠玲(1969-), 女, 陕西西乡人, 讲师, 在读博士, 主要从事动物遗传育种研究。

较低(分别为 0.826 0 和 0.885 9)外,其余均高于 95%。基因频率估计值可靠性较低可能是实际基因

表 1 朝鲜龙城系鹌鹑多型位点基因频率的抽样估计

Table 1 The estimated value of gene frequencies of viscera and muscle allozyme loci in CH-K						
位 点 Loci	等位基因 A llele	样本容量 Sample num ber	基因频率 Gene frequencies	方 差 Variance	精确度 A ccuracy	可靠性 Reliability
A dh	A dh ^A	35	0.457	3.65×10^{-3}	0.264 4	1.000 0
	A dh ^B	35	0.543	3.65×10^{-3}	0.222 5	1.000 0
Es-D	Es-D ^A	35	0.314	3.17×10^{-3}	0.358 6	0.994 7
	Es-D ^B	35	0.686	3.17×10^{-3}	0.164 1	1.000 0
Es	Es ^A	35	0.071	9.70×10^{-4}	0.438 7	0.733 0
	Es ^B	35	0.929	9.70×10^{-4}	0.067 1	1.000 0
Pgi	Pgi ^A	35	0.200	2.35×10^{-3}	0.484 8	0.960 6
	Pgi ^B	35	0.800	2.35×10^{-3}	0.121 2	1.000 0
6-Pgd	6-Pgd ^A	37	0.297	2.90×10^{-3}	0.362 6	0.994 0
	6-Pgd ^B	37	0.216	2.35×10^{-3}	0.547 8	0.973 6
	6-Pgd ^C	37	0.351	3.16×10^{-3}	0.320 3	0.997 1
	6-Pgd ^D	37	0.135	1.6×10^{-3}	0.592 6	0.908 9
Mpi-I	Mpi-I ^A	37	0.162	1.89×10^{-3}	0.536 7	0.937 1
	Mpi-I ^B	37	0.838	1.89×10^{-3}	0.103 8	1.000 0

表 2 德国红鸟系鹌鹑多型位点基因频率的抽样估计

Table 2 The estimated value of gene frequencies of viscera and muscle allozyme loci in CH-G						
位 点 Loci	等位基因 A llele	样本容量 Sample num ber	基因频率 Gene frequencies	方 差 Variance	精确度 A ccuracy	可靠性 Reliability
A dh	A dh ^A	40	0.538	3.19×10^{-3}	0.210 0	1.000 0
	A dh ^B	40	0.462	3.19×10^{-3}	0.244 0	1.000 0
Es-D	Es-D ^A	40	0.300	2.69×10^{-3}	0.345 8	0.996 1
	Es-D ^B	40	0.700	2.69×10^{-3}	0.148 2	1.000 0
Es	Es ^A	40	0.087	1.02×10^{-3}	0.734 2	0.826 0
	Es ^B	40	0.800	2.05×10^{-3}	0.113 2	1.000 0
Pgi	Pgi ^A	40	0.587	3.11×10^{-3}	0.190 0	1.000 0
	Pgi ^B	40	0.413	3.11×10^{-3}	0.270 0	0.999 8
6-Pgd	6-Pgd ^A	40	0.188	1.96×10^{-3}	0.471 0	0.966 0
	6-Pgd ^B	40	0.263	2.48×10^{-3}	0.378 7	0.976 2
	6-Pgd ^C	40	0.288	2.62×10^{-3}	0.355 5	0.995 0
	6-Pgd ^D	40	0.250	2.40×10^{-3}	0.391 9	0.989 2
Mpi-I	Mpi-I ^A	40	0.287	2.62×10^{-3}	0.356 7	0.994 9
	Mpi-I ^B	40	0.713	2.62×10^{-3}	0.143 6	1.000 0

2.2 朝鲜龙城和德国红鸟系鹌鹑的系统地位

引用国外同类研究资料,日本野生群体WO85, WSHI,WK82,WK83,WK84,WK85,WK86 资料引自木村等^[9,10],NS-1,K-FR,K-ES,SC-J₂,WH89,FRA₂,SZK,NKG,BNN,SZOR 群体资料引自佐野^[2,11],GANT、UBC-J 群体资料引自CHENG 等^[12]。用 7 个酶多型位点的基因频率计算标准遗传

距离,然后对国内外 21 个鹌鹑群体进行系统聚类,聚类结果见图 1。

从图 1 可见,在 0.125 267 水平上,21 个群体分为野生群体和家养群体 2 类。家养群体在 0.056 404 水平上又分为 4 类,即 NS-I,SZOR,BNN,NKG,SZK,K-ES,CH-K,CH-G; FRA₂,SC-J₂,GANT; K-FR; UBC-J。

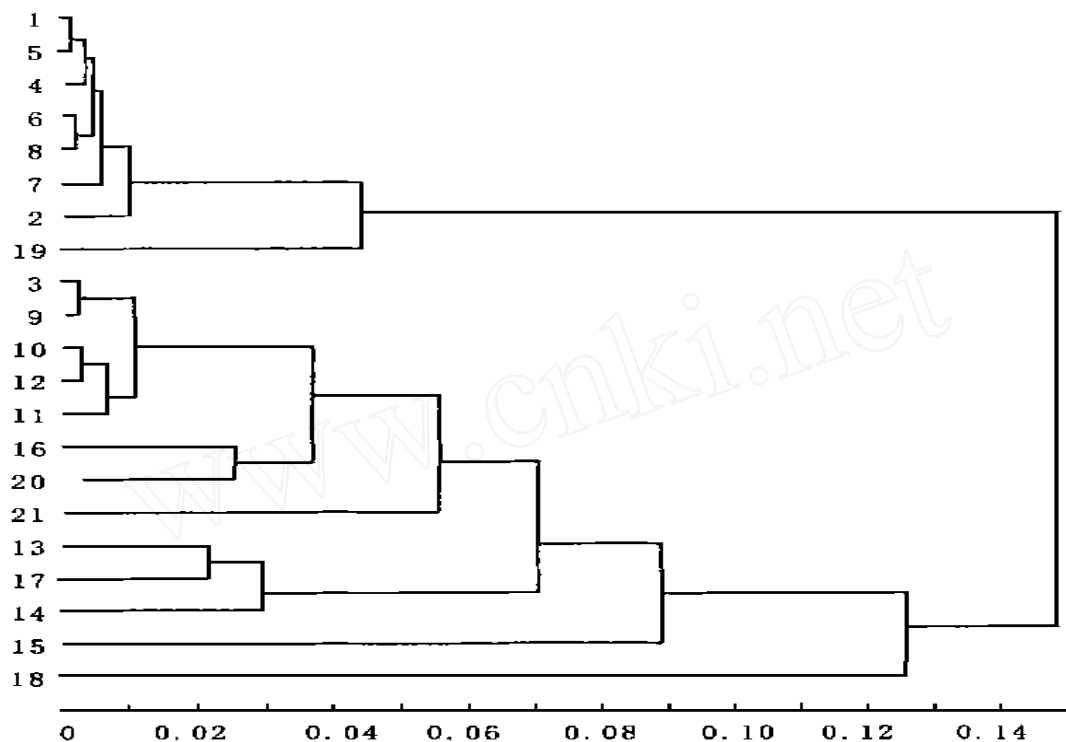


图 1 21 个鹌鹑群体聚类图

1 WO85; 2 WSH I; 3 NS-I; 4 WK82; 5 WK83; 6 WK84; 7 WK85; 8 WK86; 9 SZOR; 10 BNN; 11 NKG; 12 SZK; 13 FRA₂; 14 G IANT;
15 K-FR; 16 K-ES; 17 SC-J₂; 18 UBC-J; 19 WH89; 20 CH-K; 21 CH-G (13~ 18 大体重群体)

Fig 1 Tree diagram for 21 quail populations

1 WO85; 2 WSH I; 3 NS-I; 4 WK82; 5 WK83; 6 WK84; 7 WK85; 8 WK86; 9 SZOR; 10 BNN; 11 NKG; 12 SZK; 13 FRA₂; 14 G IANT;
15 K-FR; 16 K-ES; 17 SC-J₂; 18 UBC-J; 19 WH89; 20 CH-K; 21 CH-G (13~ 18 Giant population)

2 3 群体遗传变异程度 从表 3 可看出, 所有野生群体基因多样性低于家养群体。
表 3 列出了各鹌鹑群体的基因多样性。CH-K 和 CH-G 的基因多样性分别为 0.339 2 和 0.414 8。

表 3 21 个群体的平均基因杂合度

Table 3 The average heterozygosity of genes in 21 quail populations

野生群体 Wild population		家养群体 Domestic population		家养群体 Domestic population	
名称 Name	平均基因杂合度 Everage gene heterozygosity	名称 Name	平均基因杂合度 Everage gene heterozygosity	名称 Name	平均基因杂合度 Everage gene heterozygosity
WO85	0.134 1	CH-KP	0.339 2	NS-I	0.319 4
WSH I	0.153 4	CH-G	0.414 8	K-FR	0.332 9
WK82	0.201 9	SZOR	0.336 2	K-ES	0.383 6
WK83	0.152 5	BNN	0.335 2	SC-J ₂	0.334 5
WK84	0.153 3	NKG	0.333 9	UBC-J	0.277 0
WK85	0.170 5	SZK	0.324 1		
WK86	0.199 1	FRA ₂	0.345 0		
WH89	0.169 2	G IANT	0.350 8		

3 讨 论

3 1 酶多型位点的基因频率及群体间亲缘关系

对于小动物, 具有易解剖、个体价值小的特点, 且脏器、肌肉中的酶活性比血液酶活性高, 因此取小

动物的脏器、肌肉作试验材料检测酶多型, 具有一定的优越性。从 21 个鹌鹑群体的检测结果可以发现, Mdh-I, Mdh-II, Mpi-II 位点在所有群体中被固定。野生群体中A dh^B 的频率高于A dh^A, 家养群体中A dh^A 的频率高于A dh^B。是否随着家养化过程推

移, A_{dh}^B 频率下降, 还值得进一步探讨。 $M_{pi}I^C$, $M_{pi}I^D$ 和 αGpd^B 基因为野生鹌鹑特有的基因, 这些基因在世界各地受检家养群体中从未检出, 这说明鹌鹑的驯养历史可能早于历史文献记载。从图 1 的系统聚类树状图可以看出, 野生鹌鹑群紧密聚为一类。这些野生鹌鹑都来自日本鹿儿岛, 地域分布窄。WH89 原是日本的商用鹌鹑, 二战前引入夏威夷被作为玩赏鹌, 后来被放飞成为野生鹌。因此, WH89 与其他野生群体遗传距离稍远一点, 这一结果与事实相符。家养群体中大体重鹌鹑与一般体重鹌鹑的遗传分化程度较大, 说明现存大体重群体起

源狭窄, 有可能是单一起源, 而一般体重鹌鹑群体间遗传分化较小。

3.2 群体遗传变异程度分析

用平均基因杂合度(H)分析群体的遗传变异已得到广泛应用。从表 3 可看出, 野生群体的平均基因杂合度较低($0.1341 \sim 0.2019$), 家养群体的平均基因杂合度较高($0.2770 \sim 0.4148$)。这说明在中性位点, 家养群体比现存同种野生群体保持着更高的基因杂合度。这个事实对于阐明家养鹌鹑的起源进化以及它与现存野生同种群体的系统关系具有重要意义。

[参考文献]

- [1] 周德旺, 王 力. 鹌鹑生化遗传学的初步研究[J]. 中国饲料, 1992, (4): 61.
- [2] 佐野晶子. 关于鹌鹑的家养化和系统分化的研究[D]. 日本岐阜: 岐阜大学, 1995: 85- 88.
- [3] Shaw C R, Prasad R. Starch gel electrophoresis of enzymes-A compilation of recipes[J]. Biochem Genet, 1970, (4): 297- 320.
- [4] 佐野晶子, 后藤直树, 木村正雄. コマニシヤルウズラ集团間の遗传的分化[J]. 家禽会志, 1994, 31: 276- 286.
- [5] 常 洪, 耿社民. 中国黄牛品种基因频率抽样估计效率的研究[J]. 西北农业大学学报, 1989, (3): 30- 37.
- [6] 根井正利. 分子群体遗传学与进化论[M]. 王家玉译. 北京: 农业出版社, 1983: 15- 65.
- [7] 徐克学编. 数量分类学[M]. 北京: 科学出版社, 1997: 138- 142.
- [8] 常 洪. 家畜遗传资源学纲要[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 76- 82.
- [9] 木村正雄, 藤井贞雄. 野生ウズラと家禽ウズラ集团における遗传的变异性[J]. 家禽会志, 1989, 26: 245- 256.
- [10] Kimura M, Oniwa K, Ito S, et al. Isogai protein polymorphism in two populations of the wild quail *Coturnix coturnix japonica*[J]. Anim Blood Gps Biochem Genet, 1984, 15: 13- 22.
- [11] 佐野晶子, 冈本俊英, Cheng K M. 研究用鹌鹑集团间的遗传分化[J]. 家禽会志, 1995, 32: 177- 183.
- [12] Cheng K M, Kimura, Fujii S. A comparison of genetic variability in strains of Japanese quail selected for heavy body weight[J]. Hered, 1992, 83: 31- 35.

Genetic diversity of quail populations

ZHENG Hui-ling¹, CHANG Hong², AKIO SANO³

(1 College of Animal Sciences and Veterinary Medicine, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2 College of Animal Sciences and Veterinary Medicine, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China; 3 Gifu University, Gifu, 500, Japan)

Abstract: Using allozyme electrophoresis technique, genetic diversity of two quail populations was detected. The average number of alleles per locus in two quail populations was 1.87. The percentage of polymorphic loci is 60%. Quoting foreign research results, the standard genetic distances among quail groups were calculated with gene frequencies of 7 polymorphic loci, and cluster analysis was done with the standard genetic distances. It was showed that wild quail groups and domestic quail groups were clustered respectively. There was apparent difference between giant and normal groups. It was found that the genes of $M_{pi}I^C$, $M_{pi}I^D$ and αGpd^B were existed uniquely in wild quail populations. The results indicated that the average gene diversity (H) of wild quail populations was lower than that of domestic quail populations. It was significant for defining the relationship between domestic and wild populations.

Key words: enzyme locus; genetic resource; genetic diversity; quail