

广东4个地方鹅品种的遗传多样性分析

屠云洁¹, 陈宽维¹, 高玉时¹, 陈国宏², 汤青萍¹, 李慧芳²

(1 中国农业科学院 家禽研究所, 江苏 扬州 225003; 2 扬州大学 动物科技学院, 江苏 扬州 225009)

[摘 要] 用磁珠富集法筛选的19对微卫星引物和从GenBank搜索12个微卫星引物检测广东4个地方鹅品种的遗传多样性。利用等位基因频率计算各群体的平均遗传杂合度(H)、多态信息含量(PIC)和群体间的遗传距离(DA), 分析其遗传多样性。结果表明, 31个微卫星引物中有25个微卫星引物在4个鹅群体中的多态信息含量均为中度多态, 可作为有效的遗传标记用于各鹅品种的遗传多样性和系统发生关系的分析。4个广东地方鹅品种的平均杂合度为0.611 9~0.672 7, 均较高, 最高的是乌棕鹅(0.672 7), 最低的是阳江鹅(0.611 9), 且杂合度的高低与PIC的大小体现了较高的一致性, 表明广东4个地方鹅品种均具有丰富的遗传多样性; 4个鹅品种被聚为2类: 狮头鹅和乌棕鹅聚为第1类, 阳江鹅和马冈鹅聚为第2类。

[关键词] 微卫星; 鹅; 遗传多样性

[中图分类号] S835.2

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2007)01-0053-05

Genetic diversity of Chinese 4 indigenous geese breeds in Guangdong province based on microsatellite markers

TU Yun-jie¹, CHEN Kuan-wei¹, GAO Yu-shi¹,

CHEN Guo-hong², TANG Qing-ping¹, LI Hui-fang²

(1 Institute of Poultry, Chinese Academy of Agriculture Science, Yangzhou, Jiangsu 225003, China;

2 College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China)

Abstract: In this experiment some microsatellite sequences for geese species were cloned by magnetic beads enriched method and the genetic structure of 4 indigenous geese breeds in Guangdong was studied using 19 developed and 12 searched microsatellite markers with middle polymorphism. According to the allele frequencies of 31 microsatellite sites, mean heterozygosity (H), polymorphism information content (PIC) and genetic distances (DA) were calculated for each breed. The results showed that 25 of 31 microsatellite sites were middle polymorphic, so the 25 microsatellite sites were effective markers for analysis of genetic relationship among geese breeds. As to the mean heterozygosity of the 4 breeds, the highest was in the Wuzeng (0.672 7), and the lowest was in the Yangjiang (0.611 9). The results of the heterozygosity were consistent with that of PIC, which showed that 4 indigenous geese breeds in Guangdong had higher diversity. UPGMA tree was completed through analysis: DA. Shitou goose and Wuzeng goose were the first group, Yangjiang goose and Magang goose were the second group. These results could provide basic molecular data for the research on the characteristics of local breeds in Guangdong and scientific basis for the conservation and utilization of those breeds.

Key words: microsatellite; goose; genetic diversity

微卫星(Microsatellite)是一种以1~6个核苷酸为重复单位, 串联组成的长达几十个核苷酸的序

列。它广泛分布于整个真核生物基因组的不同座位上, 具有多态性和保守性高、数量大、分布广且均匀,

· [收稿日期] 2005-10-12

[基金项目] 国家农业部重大资源保护项目(2001AA243081); 江苏省公益性研究项目(BM2005708)

[作者简介] 屠云洁(1974-)女, 江苏睢宁人, 助理研究员, 主要从事动物遗传育种研究。E-mail: tyj3030@126.com

多态信息含量高、检测快速方便等优点,特别在度量品种遗传多样性、估测品种间遗传距离及构建系统发生树等研究中显示出巨大的优势,被认为是最有价值的遗传标记之一,目前已被广泛应用于畜禽品种遗传结构的研究中^[1-2]。

素有“水禽之乡”之称的广东省,具有丰富的鹅种质资源,现有地方鹅品种4个^[3]。地方品种与国外培育的一些专用品种、品系相比,具有适应性强、耐粗放管理、抗病性强、繁殖力高、肉质好等特点。这些具有特色的地方品种本身就是一座天然的基因库,是进行杂种优势利用和进一步培育高产品种的良好原始材料^[4]。但长期以来,由于对水禽品种保存、选育及推广利用的重视力度不够,经费投入少及不注意资源的综合利用,使一些优良水禽品种的保种场(原种场)缩小(如狮头鹅)、转产或停办(如清远鹅等)^[5],品种的遗传多样性没有得到完整的保存,特别是一些隐性遗传优势基因的丢失,限制了我国养鹅业的发展。如何对地方鹅种资源,特别是一些具有优势性状的品种进行有效的保护和利用,已成为当前家禽遗传育种工作者研究的主要内容之一。在水禽育种中,遗传标记技术逐渐趋于成熟,但关于分子标记的应用报道则较少,国内外的研究主要集中在鹅线粒体DNA遗传多样性分析及其起源与分化等方面,而对鹅基因组的研究较少。Cathey等^[6]用5对微卫星引物研究了加拿大鹅的遗传多样性,结果表明每对引物在加拿大鹅群中都表现了丰富的遗传多样性(0.468~0.909 0);Chen X Y等^[7]用6对微卫星引物分析了皖西白鹅的遗传多样性,结果表明6对微卫星引物在皖西白鹅群体中均表现为高度多态(0.072 49~0.714 4)。本研究借助微卫星DNA标记,从分子水平对广东4个地方鹅品种的遗传结构进行研究,初步探讨了这些地方品种的遗传多样性和遗传分化关系,为揭示其遗传结构、遗传关系及开展品种资源保护和遗传育种工作提供基础数据,并为品种鉴定奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 血样 按照Barker^[8]等关于评估遗传多样性抽样公式和样本含量的建议,结合当地鹅种的实际情况,在实际采样过程中按公母比1:4进行采样,共60份。其中狮头鹅血样采自广东省饶平县保种场;乌棕鹅血样采自广东省清远县保种场;阳江鹅血样采自广东省阳江县保种场;马冈鹅血样采自广

东省开平县保种场。

1.1.2 试剂 Taq DNA聚合酶、10×buffer、Mg²⁺、dNTPs和磁珠富集试剂盒均购自北京鼎国生物公司;pBR322DNA/Msp I Markers购自天津华美生物公司;TOPO-TA克隆试剂盒购自Invitrogen公司。

1.2 方法

1.2.1 鹅血液基因组DNA的提取 鹅基因组DNA的提取参照文献[9]介绍的方法进行。

1.2.2 微卫星引物的筛选 本研究应用磁珠富集法富集和克隆6个地方鹅种(武冈铜鹅、韶眼鹅、固始鹅、伊犁鹅、皖西白鹅、雁鹅,每品种60个)的全基因组DNA,然后进行多态性微卫星引物的筛选,微卫星引物的侧翼序列借助Primer Premier 5.0软件设计,具体步骤如下^[10]。(1)池基因组DNA的EcoR I/Mse I限制性酶切及T4 ligase连接酶连接。(2)PCR扩增酶切连接产物。(3)磁珠富集含有SSRs的AFLP预扩的DNA片段:将生物素标记的探针与基因组DNA片段杂交,然后与包被一层亲合素或链亲合素的磁珠混合温育,亲合素或链亲合素与生物素均能耦连,杂交上生物素探针的DNA片段(即含有微卫星位点的小片段)因生物素与抗生物素的结合而黏附在磁性小珠上。(4)用洗液将未杂交上的片段洗去(通常洗2~4遍)。在洗涤滤膜或磁珠时,尺度把握最重要,太过严格有可能将附着在磁珠上含微卫星位点的DNA片段洗去,而过松则又会剩下较多的非目的片段。(5)高温变性将附着在磁珠上的DNA片段洗脱下来,PCR扩增恢复片段浓度。(6)将扩增产物用TOPO-TA Cloning Kit试剂盒进行克隆。检测白斑,选择插入片段>200 bp的菌落提取其质粒,用PE377测序仪测序。本研究用最后筛选出的19个多态性较好的微卫星引物(CKW 10, CKW 11, CKW 12, CKW 13, CKW 14, CKW 15, CKW 18, CKW 19, CKW 20, CKW 21, CKW 22, CKW 41, CKW 42, CKW 43, CKW 44, CKW 45, CKW 46, CKW 47和CKW 48),结合从GenBank上检索的4个鹅微卫星位点(TTUCG1, TTUCG2, TTUCG4和TTUCG5),及近缘品种鸡的8个微卫星引物(ADL 166, ADL 210, MCW 4, MCW 0014, MCW 0264, MCW 104, MCW 0085和LEI0094)作为试验位点。所选位点均表现为多态性好,特异性强且相互之间并不连锁。31对微卫星引物信息见表1,微卫星引物由北京奥科生物工程技术有限公司合成。

表1 31对鹅微卫星引物的序列、GenBank 序列号和退火温度

Table 1 GenBank accession number and annealing temperature of 31 pairs of microsatellite primers

座位 Sites	引物 Primer	重复序列 Repeat sequence	GenBank 序列号 Accession numbers	退火温度/°C Annealing temperature
CKW 10	F: 5' ¹ ACA TCCA GTTTGTGCTGCA TAC-3' , R: 5' ² CAAA GCCCCCA TTCAAA TAA TA-3' ,	(A) 18	A Y720923	52
CKW 11	F: 5' ¹ CTGA GTTGAA CCTGA TGCA GAC-3' , R: 5' ² AACA CCAAA GGA GA GCA GA GAC-3' ,	(A) 16	A Y720924	55
CKW 12	F: 5' ¹ CA TAA GTTCTCCCAA CAA GA GTG-3' , R: 5' ² A GAAA GGGACACA CA GCTAA CC-3' ,	(A) 25	A Y720925	53
CKW 13	F: 5' ¹ AGGCTGA GGTGGGA GAA TTTA T-3' , R: 5' ² TTCTTCCACTTCTCCCAA GAA -3' ,	(AAAC) 5	A Y720926	58
CKW 14	F: 5' ¹ AACTGA TCCGGCA GAAACTAA -3' , R: 5' ² ACTTA GCA TGCA GCTTCA CAAA -3' ,	(CCT) 5	A Y720927	59
CKW 15	F: 5' ¹ AGGCA TGA TA TCTGTCCCTGA T-3' , R: 5' ² TTTCA GTGCAA TTACCA TTCA -3' ,	(AG) 5	A Y720926	55
CKW 18	F: 5' ¹ AATGTGCTGTGTCA CA TTCTCC-3' , R: 5' ² CA TCA TCCAACGA TTCA GACA T-3' ,	(CAAAA) 7	A Y720929	52
CKW 19	F: 5' ¹ ACA TGTCCTGAA GCA TTTTCCT-3' , R: 5' ² TTCTTTTCGCCTA TGA TGTCT-3' ,	(GAAA) 5	A Y720930	59
CKW 20	F: 5' ¹ GATCA GAAATGAA GTGCA GACG-3' , R: 5' ² TGCTCCA TTAA TTA TGCAACCTT-3' ,	(TG) 12	A Y720931	55
CKW 21	F: 5' ¹ CCCA GAACA GTGCTA GAA GA GG-3' , R: 5' ² AGCGA GTCACTCCA GTACCTTC-3' ,	(TTA) 10	A Y722649	53
CKW 22	F: 5' ¹ CAAA CAA GA GTGTTGGGA GGG-3' , R: 5' ² CA GCTAA CCAAA GA TACCTA CCA G-3' ,	(A) 14	A Y722650	58
CKW 41	F: 5' ¹ CTAA GGTA GA TTGTACA TCAC-3' , R: 5' ² GCA GGTTAACA CGTTGTTCTG-3' ,	(TA) 33	A Y787855	55
CKW 42	F: 5' ¹ TTTGACCA GA TTACA CTCCT-3' , R: 5' ² GCA GGTTC TTAA GGA GGA TG-3' ,	(TA) 8	A Y787856	56
CKW 43	F: 5' ¹ CA GAA GACA GGCCTGCAAA T-3' , R: 5' ² TCCAA GGCTTACTTCCCA G-3' ,	(CA) 11	A Y790340	56
CKW 44	F: 5' ¹ TCTTCTACTTCCTGACA GA TGA GG-3' , R: 5' ² TTGAA TTGA TGCCCTTTTCTT-3' ,	(CAA) 7	A Y790332	58
CKW 45	F: 5' ¹ TGAAACCA TTTTCCCA TTC-3' , R: 5' ² TCCTGGCCAA TCCA TA GTA -3' ,	(TA) 13	A Y790333	55
CKW 46	F: 5' ¹ GCA GCTGA TGA GAA GCA GAA-3' , R: 5' ² GAGTGTGTGTGTGCGTCTGTT-3' ,	(CA) 58	A Y790334	60
CKW 47	F: 5' ¹ AACTTCTGCACCTAAAAA CTGCA -3' , R: 5' ² TGCTGA GGTA CA GGAA TTAAAA -3' ,	(T) 8(TG) 7	A Y790335	58
CKW 48	F: 5' ¹ AAA TTGGGCCTAA GTTGCTACA -3' , R: 5' ² CAACTGGCTGTGGTTCTCCT-3' ,	(AAAAA G) 7	A Y790336	56
TTUCG1	F: 5' ¹ CCCTGCTGGTA TACCTGA -3' , R: 5' ² GTGTCTACACA CA GC-3' ,	(CA) 13	U 66089	54
TTUCG2	F: 5' ¹ GAGA GCGTTACTCA GCAAA -3' , R: 5' ² TCACTCTGA GCTGCTACAA CA -3' ,	(GT) 11	U 66090	55
TTUCG4	F: 5' ¹ GGTGTA TACTTGCTGA GTGT-3' , R: 5' ² CTA GAACTA GTGGA TCTCTC-3' ,	(GT) 10	U 66092	56
TTUCG5	F: 5' ¹ GGGTGTTTTCCA ACTCA G-3' , R: 5' ² CAC TTTCTTACCTCA TCTT-3' ,	(TCTA T) 8	U 66093	58
ADL 166	F: 5' ¹ TGCCA GCCCGTAA TCA TA GG-3' , R: 5' ² AA GCA CCA CGA CCAA TCA -3' ,	(TG) 15	G01588	55
ADL 210	F: 5' ¹ ACA GGA GGA TA GTCACA CA T-3' , R: 5' ² GCAAAAAA GA TGAA TGA GTA -3' ,	(CA) 14	G01630	55
MCW 4	F: 5' ¹ GGA TTA CA GCACCTGAA GCCA CTA -3' , R: 5' ² AAACA CCA GCCA TGGGTGCA GATTGG-3' ,	(CA) 27	L 40038	63
MCW 0014	F: 5' ¹ AAAA TA TTGGCTCTA GGA ACTGTC-3' , R: 5' ² ACCGGAAA TGAA GGTAA GACTA G-3' ,	(CA) 10	L 40040	63
MCW 0085	F: 5' ¹ GTGCA GTTA TA TGAA GTCTCTC-3' , R: 5' ² GGTA TACA GGGCTTCTGAAA CA -3' ,	(GT) 11	G54426	56
MCW 120	F: 5' ¹ CTA TGTA AA GCTTGAA TCTTCA -3' , R: 5' ² ATTCTGGGTGCTAA TTTACC-3' ,	(GT) 14	L 43644	57
MCW 0264	F: 5' ¹ A GACTGA GTCA CACTCGTAA G-3' , R: 5' ² CTTACTTTTCA CGACA GAA GC-3' ,	(CA) 19	G32032	55
MCW 104	F: 5' ¹ TA GCA CAA CTCA A GCTGTGA G-3' , R: 5' ² AGACTTGCA CAGCTGTGACC-3' ,	(GT) 17	L 43640	60

1 2 3 PCR 扩增产物的检测 PCR 扩增体系为25 μL: 其中模板DNA 50 ng (2 μL), 10×buffer (2 5

μL), dNTPs 0.2 mmol/L ($1\text{ }\mu\text{L}$), 引物F、R (5 pmol/L) 各 $1\text{ }\mu\text{L}$, Mg^{2+} 2.0 mmol/L ($1\text{ }\mu\text{L}$), $Taq\text{ DNA}$ 聚合酶 2 U ($0.5\text{ }\mu\text{L}$), 超纯水补足 $25\text{ }\mu\text{L}$ 。反应条件: $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 4 min ; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 50 s , $52\sim 63\text{ }^{\circ}\text{C}$ (据引物而定) 复性 50 s , $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min , $30\sim 35$ 个循环; 最后 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min 。扩增产物 $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 5 min 后立即点样于 80 g/L 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离, 电泳结束后用硝酸银染色, 用安莱成像系统成像后分析结果。

1.2.4 数据的统计分析 由于微卫星标记呈共显性, 因此可以直接从表型获知其基因型, 再根据等位基因出现的次数计算其基因频率、多态信息含量 (Polymorphism Information Content, PIC)^[11]、遗传杂合度 (Heterozygosity, H) 和各品种间的遗传距离 D_A ^[11]。根据遗传距离, 运用 Mega 3.0 软件采用非加权组平均法 (UPGMA) 进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 广东4个地方鹅品种微卫星引物的分离及群体的遗传多样性分析

本试验筛选出 19 对多态性较好的微卫星引物, 一些含有 SSR 的序列由于太靠近质粒或 SSR 连续重复次数 < 5 而被淘汰; 所设计的引物有的不具多态性或扩增出多个片段, 与期望结果不一致而被淘汰。

4 个鹅品种 PIC 为 $0.358\sim 0.378$ (表2)。PIC 最高的品种是狮头鹅 (0.378), 最低的品种是乌棕鹅 (0.358)。4 个鹅品种中, 平均杂合度为 $0.6119\sim 0.6727$ (表2), 各品种的平均杂合度均较高, 最高的是狮头鹅 (0.6727), 最低的是乌棕鹅 (0.6119)。

表2 广东4个地方鹅品种在31个微卫星位点上的平均遗传变异参数

Table 2 Estimation of mean genetic variability of 4 geese breeds in microsatellite loci

鹅品种 Breed of goose	平均多态 信息含量 PIC	平均杂合度 H
狮头鹅 Shitou goose	0.378	0.6727
乌棕鹅 Wuzong goose	0.358	0.6119
阳江鹅 Yangjiang goose	0.364	0.6515
马冈鹅 Magang goose	0.361	0.6512

2.2 广东4个地方鹅品种的聚类分析结果

根据遗传距离运用 UPGMA 聚类法, 对广东 4 个地方鹅品种进行聚类分析。从图1 可以看出, 4 个鹅品种被聚为 2 类: 狮头鹅、乌棕鹅聚为第 1 类; 阳江鹅、马冈鹅聚为第 2 类。

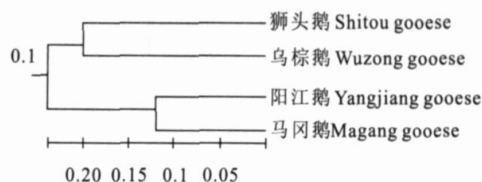


图1 广东4个鹅品种的UPGMA/D_A 聚类图

Fig. 1 Dendrogram of relationships among 4 geese breeds using UPGMA method of clustering

2.3 广东4个地方鹅品种间的遗传距离

用 D-SPAN 软件计算了 4 个鹅品种间的 D_A 遗传距离, 结果见表3。由表3 可见, 阳江鹅与马冈鹅遗传距离最近 (0.2350); 乌棕鹅与其他鹅品种的遗传距离均较远, 最远的是与阳江鹅 (0.4634)。

表3 广东4个地方鹅品种间的 D_A 遗传距离

Table 3 D_A genetic distances between 4 geese breeds

鹅品种 Breed of goose	狮头鹅 Shitou goose	乌棕鹅 Wuzong goose	阳江鹅 Yangjiang goose
乌棕鹅 Wuzong goose	0.3552		
阳江鹅 Yangjiang goose	0.3318	0.4634	
马冈鹅 Magang goose	0.3967	0.4594	0.2350

3 讨论

3.1 SSR 的富集效果

用磁珠富集法从 AFLP 片段中分离微卫星 DNA 标记, 可以避免基因组文库的构建和筛选这一繁重的工作, 既节省时间又节约费用, 是从动物中分离 SSR 标记的一种简单、有效的方法。磁珠分离法的最大缺陷是 DNA 与磁珠表面的非专一性吸附, 即在链亲和素与 SSR 探针杂交复合体共价结合的同时, 其他 DNA 也被吸附到磁珠表面。这些非微卫星 DNA 片段即使经过低严谨度到高严谨度的洗涤也难以去除。为解决这一问题, 本试验采用了以下 2 种方法: (1) 在杂交炉中进行洗脱。杂交温度保育时, 先采用水浴锅, 只能保证温度, 不能保证悬浮, 所以采用杂交炉, 使之充分悬浮, 利于结合, 同时利于洗脱; (2) PCR 检测插入片段的大小。

3.2 广东4个地方鹅品种内遗传多样性分析

用磁珠富集法从 AFLP 片段中分离微卫星 DNA 标记的方法, 可避免基因组文库构建和筛选这一繁重的工作, 既省时又节约费用^[10]。作者用此法已成功的从 6 个中国地方鹅种中分离到 19 个微卫星 DNA 标记。这些微卫星引物均表现为多态性好, 特异性强且相互之间并不连锁, 可作为有效的遗传标

记用于鹅品种间遗传多样性和系统发生关系的分析,并为鹅遗传图谱的建立、重要经济性状的基因定位及标记辅助选择奠定基础。由于微卫星标记具有多态信息丰富、共显性、操作简单等优点,被用于鹅种遗传多样性、群体内和群体间遗传结构及差异的研究^[12-13]。本研究结果表明,所选31个微卫星标记能较好地反映鹅品种间遗传多样性和系统发生关系。在一定程度上,单个随机引物计算得到的群体遗传多样性一般不能完整反映群体遗传变异程度。只有利用一系列引物才能使引物在基因组上有更多的结合位点,使检测的区域尽可能覆盖整个基因组,较全面反映中国地方品种鹅群体的遗传变异。

遗传杂合度(H)又称基因多样性,反映了各群体在几个位点上的遗传变异。一般认为遗传杂合度是度量群体遗传变异的一个较合适的参数。本试验结果显示,广东4个鹅品种平均杂合度为0.6119~0.6727,均较高,最高的是鹅狮头鹅(0.6727),最低的是乌棕鹅(0.6119)。说明广东4个地方鹅品种内的遗传变异较大,群体近交程度较弱,遗传多样性较为丰富。因此,建议产区采取积极的保种措施,建立有一定规模的保种基地,运用一些传统的保种措施(如控制近交、家系等量留种、随机交配和延长世代间隔等),并根据需要定期建立相应的配套系等而使其种质在相当长的时间内基本保持稳定。广东的乌棕鹅杂合度相对较低,这是由于近年来对乌棕鹅保存、选育及推广利用重视力度不够,保种群数量较小,近交系数上升所致。所以必须采取科学有效的措施保护此品种,防止有利基因丢失。

3.3 广东4个地方鹅品种间的系统发生关系分析

遗传距离的估算有很多研究方法,主要包括以下几种:Nei标准遗传距离(D_s),奈氏遗传距离(D_A),Cavalli-Sforza的估测方法,Reynolds遗传距离以及 $\Delta\mu^2$ 距离。Goldstein等^[12]和Nei^[11]研究认为,在分析物种内群体间的遗传变异时,运用 D_A 和 D_s 遗传距离是获得准确系统发生树的最有效方法。陈红菊等^[2]认为,在用微卫星标记分析品种的遗传多样性时,运用 D_A 遗传距离的UPGMA聚类法比其他方法更可靠。所以本研究利用 D_A 遗传距离进行UPGMA聚类,结果显示阳江鹅与马冈鹅遗传距离最近(0.2350);乌棕鹅与阳江鹅遗传距离最远(0.4634)。

广东4个地方鹅品种聚类结果符合地理分布,能较好地反映各品种的起源和分化。4个地方鹅品

种被分为2大类,狮头鹅与乌棕鹅聚为第一类,且乌棕鹅和其他鹅品种的遗传距离均较远,这可能与清远乌棕鹅的形成与分化较早有关。据《清远县志》记载,自宋朝以来,乌棕鹅已是当地群众喜爱的品种。每年在农历祭祖时比赛大鹅,以鹅大为荣,因此家家户户有爱养大鹅的习惯,从而促进狮头鹅的培育。阳江鹅、马冈鹅聚为第二类,据调查1825年马冈乡翠山荣头村农户引用高明县三洲黑鬃公鹅与阳江母鹅杂交,经长期外貌特征和生产性能的选择从而形成现在的马冈鹅,所以马冈鹅含有阳江鹅的血缘。从本研究的聚类结果可推测这些鹅品种之间的亲缘关系,并可以进一步说明微卫星标记的高度保守性,在品种的形成及自然和人工选择中,品种进化对微卫星标记的结构不会产生大的影响,用其进行品种的起源研究具有可靠性。

[参考文献]

- [1] 贾斌,陈杰,赵茹茜,等. 新疆8个绵羊品种遗传多样性和系统发生关系的微卫星分析[J]. 遗传学报, 2003, 30(9): 847-854
- [2] 陈红菊,岳永生,樊新忠,等. 利用微卫星标记分析山东地方品种的遗传多样性[J]. 遗传学报, 2003, 30(9): 855-860
- [3] 邓金海,杨承忠. 广东省水禽发展战略研究[J]. 中国禽业导刊, 1999, 16(12): 15-16
- [4] 赵万理,祁永红. 中国鹅的品种资源及保护利用[J]. 中国禽业导刊, 2001, 18(24): 8-10
- [5] 广东畜禽品种志编写委员会. 广东畜禽品种志[M]. 广州: 广东科技出版社, 2001: 11
- [6] Cathy J C. Microsatellite markers in Canada geese (*Branta canadensis*) [J]. Brief Communication, 2004: 173-175
- [7] Chen X Y, Geng Z Y. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in Wanxi white geese population [J]. Animal Biotechnology Bulletin, 2004, 9(2): 92-94
- [8] Barker J S. Global protocol for determining genetic distance among domestic livestock breeds[C]//Proceeding of 5th world congress on genetic Application of Livestock Production, Canada: Guelph and Ontario, 1994: 501-508
- [9] 萨姆布鲁克J, 弗里奇E F, 曼尼阿蒂斯T. 分子克隆实验指南[M]. 2版. 金冬雁, 黎孟枫, 译. 北京: 科学出版社, 1992
- [10] GAO Guo-qing, HE Guo-hao, LI Yang-rui. Microsatellite enrichment from AFLP fragments by magnetic beads[J]. Acta Botanica Sinica, 2003, 45(11): 1266-1269
- [11] Nei M. Genetic distance between populations[J]. American Naturalist, 1972, 106: 283-292
- [12] Goldstein D B, Linares A R, Cavalli-Sforza L L, et al. An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci[J]. Genetics, 1995, 139: 463-471
- [13] Thevenon S, Thur L T, Maudet L V, et al. Microsatellite analysis of genetic diversity of the vietnamese sika deer[J]. Journal of Heredity, 2004, 95(1): 11-18