

# 华中地区家鸭种质资源的遗传结构研究

李慧芳<sup>1,2</sup>, 李碧春<sup>1\*</sup>, 杨宁<sup>3</sup>, 陈宽维<sup>2</sup>, 汤青萍<sup>2</sup>, 宋卫涛<sup>2</sup>

(1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 中国农业科学院家禽研究所, 扬州 225003; 3. 中国农业大学动物科学与技术学院, 北京 100094)

**摘要:** 利用 28 个微卫星标记对华中地区 6 个家鸭资源(淮南麻鸭、攸县麻鸭、临武鸭、荆江麻鸭、沔阳麻鸭和恩施麻鸭)的遗传结构进行了评估。结果表明: 6 个群体的平均杂合度都较高, 最低的为攸县麻鸭(0.551 2), 最高的为荆江麻鸭(0.603 5), 群体平均杂合度为 0.580 1, 反映了各鸭种的杂合度都较高, 遗传多样性丰富; 华中地区各鸭种间存在较大的遗传分化, 22.5% 的遗传变异来源于群体间的差异, 进一步反映了各品种具有本品种特性的多样性; 通过计算  $D_A$  遗传距离发现各品种间的遗传距离较远, 分化时间较长; NJ 聚类结果将华中地区家鸭资源聚为 3 类, 湖北省的荆江麻鸭、沔阳麻鸭和恩施麻鸭聚为一类; 湖南省的攸县麻鸭和临武鸭聚为一类; 河南省的淮南麻鸭独聚为一类。本研究结果为华中地区家鸭品种种质特性研究提供了基础, 也为中国家鸭资源的合理保护和开发利用提供了科学依据。

**关键词:** 鸭种; 微卫星; 遗传多样性

中图分类号: S834.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2008)03-0291-05

## Study on Genetic Structure of Domestic Duck Populations in Middle China

LI Hui-fang<sup>1,2</sup>, LI Bi-chun<sup>1\*</sup>, YANG Ning<sup>3</sup>,

CHEN Kuan-wei<sup>2</sup>, TANG Qing-ping<sup>2</sup>, SONG Wei-tao<sup>2</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University,

Yangzhou 225009, China; 2. Institute of Poultry Science, Chinese Academy of

Agricultural Sciences, Yangzhou 225003, China; 3. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100094, China)

**Abstract:** By using microsatellite markers, the genetic structure of six domestic duck resources distributed in Middle China, including Huainan Sheldrake, Youxian Sheldrake, Linwu, Jingjiang Sheldrake, Mianyang Sheldrake and Enshi Sheldrake, was analyzed in this experiment. The results showed that the mean heterozygosity of six duck populations was 0.580 1, the highest of which was Jingjiang Sheldrake (0.551 2), and the lowest was Youxian Sheldrake (0.603 5). The value of heterozygosity reflected the rich diversity of those populations. And considerable population differentiation was observed by  $F$ -statistics analysis and 22.5% of the total genetic variation came from population differences, this result firmly affirmed each breed was of its own genetic diversity. The  $D_A$  genetic distances suggested the longer differentiation existed among those breeds. Based on the distances among those populations, the results of NJ clustering were formed, the first group was Jingjiang Sheldrake, Mianyang Sheldrake and Enshi Sheldrake; the second group was Youxian Sheldrake and Linwu; the third group was Huainan Sheldrake. In terms of the results, those could provide not only basic molecular data for the research on the characteristics of local breeds in Middle China but also scientific basis for the conservation and u-

收稿日期: 2007-03-28

基金项目: 国家自然科学基金项目(30700572); 国家科技支撑计划项目(2006BDA01A09); 江苏省高新技术研究计划项目(BG2007323)

作者简介: 李慧芳(1974-), 女, 山西孟县人, 副研究员, 主要从事家禽遗传育种与繁殖的研究, E-mail: LHF XF\_002@yahoo. com. cn

\* 通讯作者: 李碧春, 教授, 博导, 主要从事动物生殖调控与应用研究, E-mail: Yubeli@yzu. edu. cn

tilization of those breeds.

**Key words:** duck breeds; microsatellite; genetic diversity

微卫星 DNA (Microsatellite DNA) 多态性, 又称短串联重复序列长度多态性 (STR, short tandem repeat polymorphisms), 目前已被广泛应用于各种家禽品种群体遗传结构和亲缘关系的分析<sup>[1-3]</sup>, 并取得了许多有价值的研究成果。

我国鸭品种资源丰富, 有著名的地方品种<sup>[4]</sup>。而华中地区由于具备复杂多样的地形地貌, 形成了不同的自然生态环境, 不同时期的经济文化背景不同, 对鸭的选择和利用目的不同, 逐步形成了具有不同遗传特性和生产性能的地方品种。但长期以来, 各地方品种闭锁繁育, 没有形成科学的选育制度和培育方法, 品种失去了其丰富的遗传多样性, 特别是一些隐性遗传优势基因的丢失, 大大限制了我国养鸭业的发展。因此, 本研究借助微卫星 DNA 标记对我国华中地区淮南麻鸭、攸县麻鸭、临武鸭、荆江麻鸭、沔阳麻鸭和恩施麻鸭这 6 个鸭群体进行了遗传学检测, 从分子水平上研究不同鸭群体的遗传变异, 揭示其遗传多样性的现状, 探索这些群体的遗传结构及相互关系, 为鸭品种资源的保护、开发及利用提供遗传学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料均来自各鸭种的保种场(区)。每个品种采样设计参照李慧芳等<sup>[5]</sup>的报道, 完全符合评估遗传多样性抽样要求和样本含量的要求, 采样设计的公母之比为 1:4, 公鸭 12 只, 母鸭 48 只。翅静脉采血, 用常规的酚/氯仿法提取 DNA, 置于 4℃ 保存备用。

### 1.2 血液基因组 DNA 的提取

参照文献<sup>[6]</sup>并稍加改进。

### 1.3 微卫星座位及 PCR 条件

根据文献<sup>[7-10]</sup>提供的 28 对微卫星引物在华中家鸭群体中的信息见表 1。所选引物多态性较好, 微卫星引物的序列由上海生工生物工程技术有限公司合成。每个 PCR 的扩增体系及其产物的检测参照李慧芳的方法<sup>[5]</sup>。所用 Taq DNA 聚合酶和 dNTPs 均购自上海生工生物公司, 采用 pBR322DNA/MspI markers 作为分子量的标准对照。

## 1.4 数据统计

由于微卫星标记基因呈共显性, 因此可以直接

表 1 各微卫星座位在华中 6 个家鸭群体中的遗传指标  
Table 1 Indexes of genetics of 28 microsatellite loci of 6 domestic duck populations in Middle China

座位 Loci	等位基因数 Number of alleles	有效等位基因数 Effective number of alleles	平均多态 信息含量 Average PIC
APL2	11.000 0	6.226 4	0.819 0
APL11	11.000 0	6.192 9	0.818 0
APL12	7.000 0	5.827 2	0.806 0
APL23	7.000 0	2.255 5	0.497 0
APL26	7.000 0	5.413 9	0.790 0
APL36	9.000 0	3.111 3	0.622 0
APL83	5.000 0	3.647 4	0.683 0
APL82	6.000 0	4.525 0	0.750 0
APL81	4.000 0	3.246 6	0.636 0
APL80	9.000 0	7.139 2	0.844 0
APL79	5.000 0	2.088 5	0.407 0
APL78	4.000 0	2.526 4	0.523 0
APL77	6.000 0	2.525 4	0.526 0
CMO12	8.000 0	6.964 8	0.840 0
CMO11	4.000 0	2.990 2	0.619 0
APH01	9.000 0	6.580 4	0.830 0
APH07	5.000 0	2.974 4	0.625 0
APH09	12.000 0	7.226 6	0.832 0
APH10	10.000 0	7.687 8	0.857 0
APH11	6.000 0	4.260 0	0.730 0
APH14	5.000 0	4.470 2	0.740 0
SMO6	6.000 0	4.374 6	0.735 0
SMO7	6.000 0	3.326 3	0.647 0
SMO9	5.000 0	3.688 6	0.692 0
SMO10	4.000 0	3.534 1	0.665 0
SMO11	6.000 0	3.584 0	0.674 0
SMO12	8.000 0	3.061 0	0.617 0
SMO13	7.000 0	4.757 8	0.764 0
Mean	6.857 1	4.435 9	0.699 6

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。并根据公式计算各鸭群体中的多态信息含量 (Polymorphism Information Content, PIC)、各群体全部微卫星基因座的遗传杂合度 (Heterozygosity,  $H$ ) 和各群体间的 Nei 氏标准遗传距离 ( $D_A$ )。

运用 POPGENE 软件和 DISPAN 软件对遗传距离  $D_A$  采用邻近法 (Neighbor-joining method,

NJ)进行聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 各微卫星座位的遗传参数

由表 1 可见,28 个微卫星座位在测定的 6 个鸭种中均表现出多态性,总共检测到 198 个等位基因。其中,APH09 的等位基因数最多,为 12 个;而最少的为 APL81、APL78、CMO11、SMO10;4 个;平均等位基因数为 6.857 1 个,平均有效等位基因数为

4.435 9,平均多态信息含量为 0.699 6。

### 2.2 群体内的遗传变异

利用 Nei 公式根据各微卫星位点等位基因频率计算华中地区 6 个家鸭群体内的平均等位基因数、有效等位基因数、平均观察杂合度和平均期望杂合度,结果见表 2 所示,除平均等位基因数外,各群体内有效等位基因数、平均观察杂合度和平均期望杂合度三者的高低顺序基本一致。

表 2 6 个家鸭群体在 28 个微卫星座位上的平均遗传参数

Table 2 Estimation of average genetic parameters of 28 microsatellite loci of 6 domestic duck populations

群体 Populations	简称 Abbreviations	平均等位基因数 Average $N_a$	平均有效等位基数 Average $N_e$	平均观察杂合度 Average $H_o$	平均期望杂合度 Average $H_e$
淮南麻鸭 Huainan Sheldrake	HN	3.892 9±2.543 5	2.845 8±1.420 7	0.852 4±0.289 4	0.573 0±0.204 6
攸县麻鸭 Youxian Sheldrake	YX	4.178 6±2.524 7	2.798 9±1.380 2	0.752 5±0.362 1	0.551 2±0.241 6
临武鸭 Linwu	LW	3.928 6±2.226 6	2.844 2±1.377 1	0.766 7±0.382 8	0.551 9±0.256 5
荆江麻鸭 Jingjiang Sheldrake	JJ	4.071 4±2.371 6	3.118 4±1.667 9	0.861 9±0.250 6	0.603 5±0.183 4
沔阳麻鸭 Mianyang Sheldrake	MY	3.821 4±2.294 2	2.997 0±1.432 0	0.858 1±0.261 2	0.601 1±0.179 2
恩施麻鸭 Enshi Sheldrake	ES	4.250 0±2.473 9	3.127 8±1.640 6	0.830 8±0.279 2	0.599 8±0.196 2

### 2.3 遗传分化

通过每个座位的固定指数  $F_{it}$ 、 $F_{is}$ 、 $F_{st}$  可以检验群体的遗传分化。 $F_{it}$  和  $F_{is}$  分别是相对于总群体和亚群体的两个配子之间的相关系数,而  $F_{st}$  是从两个亚群体中任意抽出的两个配子间的相关系数,用来度量亚群体间的遗传差异程度。华中区 6 个家鸭群体在 28 个座位的  $F$  统计量分析结果见表 3。对于华中区 6 个家鸭群体的总体而言,平均遗传分化  $F_{st}$  为 22.5%,除 APL79 座位为杂合子缺失外,其它 27 个座位均为杂合子剩余。

### 2.4 群体间的遗传距离和聚类分析

本研究基于等位基因频率用 DISPAN 软件计算出 6 个群体间的  $D_A$  遗传距离(表 4),同时根据  $D_A$  遗传距离采用 NJ 法进行聚类,聚类结果见图 1。从表 4 可以看出:临武鸭和沔阳麻鸭遗传距离最远;荆江麻鸭和沔阳麻鸭最近。

指标。本研究最高 APH10 位点的 PIC 为 0.857 0;最低的 APL79 位点的 PIC 为 0.407 0,6 个群体在 28 个微卫星座位上的平均 PIC 为 0.699 6。除座位 APL79、APL23 的 PIC 为中度多态外,其余 26 个微卫星均为高度多态。结果表明:本研究所选 28 个微卫星中 26 个为高度多态,可作为有效的遗传标记用于华中区 6 个鸭群体之间遗传多样性和系统发生关系的分析。

遗传杂合度(H)又称基因多样性,反映各群体在 n 个位点上的遗传变异。本研究结果表明,平均杂合度最高的是荆江麻鸭为 0.603 5,攸县麻鸭最低为 0.551 2,华中区 6 个家鸭资源的平均期望杂合度为 0.580 1。说明华中地区 6 个鸭群体内的遗传变异较大,群体近交程度较弱,遗传多样性较为丰富。因此建议采取积极的保种措施,在产区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。而攸县麻鸭杂合度相对较低,这是由于近年来攸县麻鸭保种群数量较小,近

## 3 讨论

### 3.1 各群体遗传多样性分析

多态信息含量(PIC)是衡量片段多态性的较好

表 3 28 个微卫星座位在 9 个家鸭群体内的  $F$  统计量

Table 3  $F$ -statistics Results of 9 domestic duck populations of 28 loci

座位 Loci	群体内近交系数 $F_{is}$	总近交系数 $F_{it}$	群体分化系数 $F_{st}$	群体基因流 $Nm$
APL2	-0.152 1	-0.118 1	0.029 4	8.241 5
APL11	0.088 0	0.104 6	0.018 2	13.475 4
APL12	-0.212 4	-0.181 5	0.025 5	9.550 5
APL23	-0.113 8	-0.056 2	0.051 7	4.586 5
APL26	-0.416 0	-0.224 7	0.135 1	1.600 0
APL36	-0.473 0	-0.441 9	0.021 1	11.589 4
APL83	-0.969 9	-0.354 0	0.312 7	0.549 5
APL82	-0.833 7	-0.166 2	0.364 0	0.436 8
APL81	-0.974 1	-0.450 2	0.265 4	0.692 1
APL80	-0.006 2	0.030 1	0.036 1	6.665 7
APL79	0.819 0	0.839 1	0.111 2	1.998 1
APL78	-0.648 0	-0.643 9	0.002 5	98.015 9
APL77	-0.795 4	-0.619 7	0.097 9	2.304 3
CMO12	-0.001 9	0.084 1	0.085 8	2.663 5
CMO11	-0.768 7	0.565 9	0.754 6	0.081 3
APH01	-0.378 9	-0.140 3	0.173 0	1.194 8
APH07	-0.586 6	0.453 6	0.655 6	0.131 3
APH09	0.014 0	0.099 0	0.086 2	2.650 7
APH10	-0.457 6	-0.133 6	0.222 3	0.874 8
APH11	-0.505 6	-0.266 7	0.158 7	1.325 3
APH14	-0.691 8	0.289 5	0.580 1	0.181 0
SMO6	-0.535 6	-0.232 6	0.197 3	1.017 1
SMO7	-0.909 9	-0.429 3	0.251 6	0.743 5
SMO9	-1.000 0	0.094 3	0.547 2	0.206 9
SMO10	-1.000 0	-0.384 6	0.307 7	0.562 5
SMO11	-0.688 9	-0.417 4	0.160 7	1.305 2
SMO12	-0.684 1	-0.044 3	0.379 9	0.408 0
SMO13	-0.886 5	-0.185 4	0.371 6	0.422 7
Mean	-0.428 1	-0.106 9	0.225 0	0.861 3

表 4 各个群体间的遗传距离  $D_A$

Table 4  $D_A$  genetic distance between 6 domestic duck populations

群体 Populations	淮南麻鸭 Huainan Sheldrake	攸县麻鸭 Youxian Sheldrake	临武鸭 Linwu	荆江麻鸭 Jingjiang Sheldrake	沔阳麻鸭 Mianyang Sheldrake	恩施麻鸭 Enshi Sheldrake
淮南麻鸭 HN		0.630 0	0.513 3	0.554 5	0.545 5	0.503 4
攸县麻鸭 YX	0.462 0		0.636 0	0.430 8	0.457 4	0.500 8
临武鸭 LW	0.666 8	0.452 6		0.377 4	0.367 7	0.425 4
荆江麻鸭 JJ	0.589 7	0.842 2	0.974 4		0.722 6	0.664 5
沔阳麻鸭 MY	0.606 0	0.782 2	1.000 4	0.324 9		0.682 7
恩施麻鸭 ES	0.686 4	0.691 5	0.854 6	0.408 7	0.381 7	

下三角为  $D_A$  遗传距离,上三角为遗传相似性

Upper triangle number was  $D_A$  genetic distance and lower triangle number was genetic similar value

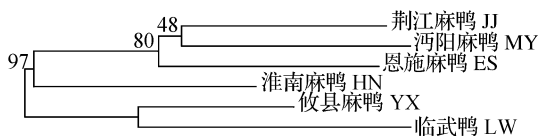


图 1 华中区 6 个家鸭群体的 NJ 聚类图

Fig. 1 Dendrogram of relationships among 6 domestic duck populations in middle China using NJ method

交系数有所上升。所以必须采取科学有效的措施来保护这种宝贵的品种,防止有利基因的丢失。

Wright 提出的  $F_{st}$  是种群之间遗传差异的一种测度<sup>[11]</sup>, 尽管 Wright 反对  $F_{st}$  用作遗传距离, 因为  $F_{st}$  不满足三角不等关系<sup>[12]</sup>, 但如果研究的目的是为了推断基因流的方式, 则  $F_{st}$  是遗传相似性的一个有效测度<sup>[13]</sup>。华中区 6 个家鸭群体在 28 个微卫

星座位的基因流为 0.8613。这表明 22.5% 的遗传变异源自群体间的差异,而另外 77.5% 则因个体的差异而产生。这一结果可以从各群体内丰富的遗传杂合度和各座位杂合子的剩余得到验证,从而进一步说明所选用座位所受的选择压力较小,可以充分反映各群体内的遗传变异。

### 3.2 群体系统发生关系分析

测量群体间的遗传距离有多种方法,但从遗传学的观点来看,遗传距离的最适测度应该是单位长度的核苷酸或密码子的差数。Nei 氏提出了一个从大量位点的基因频率数据估算每个位点的平均密码子差数的统计方法<sup>[14]</sup>,据此,本研究计算出华中地区 6 个鸭群体之间的 Nei 氏标准遗传距离(表 4),并根据遗传距离和等位基因频率作出 NJ 聚类图(图 1)。据此 6 个鸭群体被聚类为 3 个类群。I 类:湖北省地理分布较近的蛋用型鸭种荆江麻鸭和蛋肉兼用型鸭种沔阳麻鸭(利用荆江麻鸭和高邮鸭长期培育形成的地方品种)先聚在一起,然后与小型蛋用鸭种恩施麻鸭聚在一起;II 类:湖南省的小型蛋用鸭种攸县麻鸭与蛋肉兼用鸭种临武鸭聚成一类;III 类:河南省的中型蛋肉兼用型淮南麻鸭自成一类。

从聚类结果可见,6 个品种的聚类与各品种的生态地域分布有一定的关系,反映了生态地域分布和育成历史对品种形成的作用,尤其与生态地域的关系较为密切。图 1 中自举检验估计聚类图中结点的自展置信值较低,这可能主要是在聚类的品种间的遗传分化不是很明显有关,这一结果也可从  $F$  统计量的分析得到进一步论证。FAO(Food and Agriculture Organization)建议,在测定畜禽品种间的遗传距离时,所用的微卫星数目不应低于 25,每个座位上至少有 4 个等位基因<sup>[15]</sup>,本研究在分析家鸭的遗传变异时使用了 28 个多态性较好的微卫星标记,因此聚类结果可以有效的说明这些地方品种之间的遗传关系和目前的研究利用方向。该聚类结果对了解和获取各个品种内和品种间的遗传信息和遗传关系具有更准确更普遍性的依据,为水禽遗传育种提供了准确、可靠的参考资料。

### 参考文献:

[1] 高玉时,杨宁,李慧芳,等. 我国地方鸡品种保种群微卫星多态性分析和分子标记档案的建立[J]. 遗传,2004,26(6):859-864.

- [2] 陈宽维,李慧芳,王金玉,等. 华东 27 个地方鸡品种(品系)的遗传变异[J]. 畜牧兽医学报,2006,37(1):7-11.
- [3] 汤青萍,陈宽维,李慧芳,等. 应用微卫星标记对 12 个中国地方乌骨鸡品种遗传多样性的研究[J]. 畜牧兽医学报,2005,36(8):755-760.
- [4] 陈国宏,王克华,王金玉,等. 中国禽类遗传资源[M]. 上海:上海科学技术出版社,2004.
- [5] 李慧芳,章双杰,陈宽维,等. 我国重点保护地方鸡品种资源的遗传变异[J]. 中国农业大学学报,2005,10(3):21-24.
- [6] SAMBROOK J,FRITSCH E F,MANIATIS T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual[M]. 2nd Ed. Plainview, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- [7] MAAK S,NEUMANN K,VON LENGKERKEN G, et al. First seven microsatellites developed for the Pekin duck (*Anas platyrhynchos*) [J]. Anim Genet, 2000,31(3):233.
- [8] PAULUS B K,TIEDEMANN R. Ten polymorphic autosomal microsatellite loci for the Eider duck *Somateria mollissima* and their cross-species applicability among waterfowl species (*Anatidae*) [J]. Molecular Ecology, 2003,3:250-252.
- [9] DENK G A,GAUTSCHI B,CARTER K. Seven polymorphic microsatellite loci for paternity assessment in the mallard(*Anas platyrhynchos*) [J]. Molecular Ecology, 2004,4:506-508.
- [10] 李慧芳,李碧春,陈宽维,等. 中国地方鸭品种资源的分子遗传多样性[J]. 畜牧兽医学报,2006,37(11):1107-1113.
- [11] WRIGH T S. The genetical structure of populations [J]. Ann Euen, 1951, 15: 323-354.
- [12] WRIGH T S. Evolution and the genetics of population Vol 4. Variability within and among natural populations[M]. University of Chicago Press, Chicago III. 1978.
- [13] SLATKIN M. Inbreeding coefficients and coalescence times[J]. Genet Res, 1991, 58: 167-175.
- [14] 贾斌,陈杰出,赵茹茜,等. 新疆 8 个绵羊品种遗传多态性和系统发生关系的微卫星分析[J]. 遗传学报,2003,30(9):847-854.
- [15] 张云武,张亚平,OLIVER A. 微卫星及其应用[J]. 动物学研究,2001,22(4):315-320.