

## 绵羊微卫星标记与体重的相关分析

孙业良<sup>1</sup>, 刘国庆<sup>1,2</sup>, 王刚<sup>3</sup>, 任航行<sup>2</sup>, 代蓉<sup>2</sup>, 刘守仁<sup>2</sup>, 谢庄<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>南京农业大学动物科技学院, 南京 210095; <sup>2</sup>新疆农垦科学院畜牧研究所, 石河子 832000; <sup>3</sup>西部牧业集团, 石河子 832000)

**摘要:** 【目的】研究微卫星标记与肉用品系中国美利奴羊体重的相关关系, 为采用标记辅助选择的方法提高选育效果, 和进一步加快育种进展提供一定参考依据。【方法】根据绵羊的遗传图谱及相关报道选择了位于 4 号和 6 号染色体上连锁的 10 个微卫星基因座对 162 只肉用品系中国美利奴羊群体进行群体遗传学检测; 计算其有效等位基因数、杂合度、多态信息含量, 并进行微卫星标记与体重的相关性分析。【结果】微卫星不同基因型在体重上的多重比较和微卫星标记对体重相关效应的 F 检验结果表明: 紧密连锁的基因座 OARHH35 和 BMS648 与体重间存在显著的差异 ( $P < 0.05$ ), 有一个影响体重的 QTL; 染色体进行同源比较发现表明: 在这两个座位之间可能存在 ob 基因。【结论】6 个微卫星基因座的基因型 [BM9058 (131/149)、BM4621 (149/181)、BM4311 (119/119)、OARJMP8 (131/145)、OARHH35 (123/155) 和 BMS648 (176/208)] 对体重存在正相关性。

**关键词:** 肉用绵羊; 微卫星; 体重

## Correlation Analysis Between Microsatellite Marks and Body Weight in Meat Sheep

SUN Ye-liang<sup>1</sup>, LIU Guo-qing<sup>1,2</sup>, WANG Gang<sup>3</sup>, REN Hang-xing<sup>2</sup>, DAI Rong<sup>2</sup>, LIU Shou-ren<sup>2</sup>, XIE Zhuang<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>College of Animal Science and Technology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095;

<sup>2</sup>Research Institute of Farming Xinjiang Academy of Agricultural and Reclamation Sciences, Shihezi 832000;

<sup>3</sup>Western Animal Husbandry Group, Shihezi 832000)

**Abstract:** 【Objective】Researching the correlation between microsatellite marks and body weight in Chinese Merino; in order to use of marker-assisted selection methods to improve breeding results, and to provide a basis for further progress to accelerate breeding. 【Method】The amplified fragment length polymorphism of ten linkage microsatellite loci in four and six chromosome according to the sheep linkage map and reports were detected in 162 meat sheep of Chinese Merino. Effective number of alleles, heterozygosity, polymorphism information content, and correlation analysis between microsatellite marks and body weight as well were calculated for ten microsatellite loci in Chinese Merino. 【Result】By comparing genotype weight in ten microsatellite loci and administering an F test for the relativity of microsatellite markers with weight traits, the results showed that two close linkage OARHH35 and BMS648 had a significant difference in body weigh ( $P < 0.05$ ). We concluded that there exists a QTL effecting body weight of sheep. Homologous comparisons between chromosomes showed that the ob gene probably exists between these two microsatellite loci. 【Conclusion】The six microsatellite genotypes of BM9058(131/149), BM4621(149/181), BM4311(119/119), OARJMP8(131/145), OARHH35(123/155) and BMS648 (176/208) had a significant positive correlation with weight.

**Key words:** Meat sheep; Microsatellite; Body weight

### 0 引言

【本研究的重要意义】家畜大多数经济性状都属于数量性状, 数量性状受多基因控制, 这些基因具有

相同和相关效应, 往往组织在有限数目的基因簇内, 每一基因簇占据一定染色体区域, 称之为数量性状基因座<sup>[1]</sup> (quantitative trait locus, QTL)。许多研究表明, 一个数量性状的 QTL 并不很多, 存在主效基因<sup>[2]</sup>。这

收稿日期: 2005-05-16; 接受日期: 2005-12-13

基金项目: 新疆兵团博士基金 (No2003-02)

作者简介: 孙业良 (1978-), 男, 山东日照人, 硕士研究生, 研究方向为动物遗传育种与繁殖。Tel.: 025-84395046; E-mail: sunyeliang\_2000@163.com。  
通讯作者谢庄 (1947-), 男, 江苏无锡人, 教授, 研究方向为动物遗传物遗传与繁殖。E-mail: zxie@njau.edu.cn

些 QTL 的一个或两个主效基因就能反映一个数量性状表型变异的 10%~50%以上。因此,可以通过微卫星分子标记来选择和定位数量性状基因座。【前人研究进展】微卫星标记已经广泛应用于各种生物遗传图谱的构建、QTL 的定位分析群体遗传学分析以及物种的进化等方面的研究<sup>[3,4]</sup>。近年来,中国从国外引进了许多优良肉用绵羊,用来杂交本地羊,取得了一定的成绩,但肉羊生产在畜牧业中是一个弱项,其生产性能的选育提高进展缓慢尤其是生长体重方面。【本研究切入点】长期以来,对此类性状的选择一直依赖传统数量遗传方法,遗传进展不太令人满意。随着分子技术的发展,分子标记辅助选择有望大大提高遗传进展,成为人们研究的热点之一。【拟解决的关键问题】因此本研究采用微卫星标记作为研究手段,探讨了几个标记与肉用品系中国美利奴羊体重的相关关系,为采用标记辅助选择的方法提高选育效果,进一步加快育种进展提供一定参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验时间、地点

本研究动物试验于 2004 年在新疆建设兵团 151 团种羊场进行,室内试验在新疆农垦科学院畜牧所分子研究室进行。

### 1.2 试验材料

1.2.1 耳组织样 采集新疆建设兵团 151 团羊场 120 日龄体重上有明显差异的 162 只肉用品系中国美利奴母羊的耳组织,并查阅其初生重、30 日龄重、60 日龄重、90 日龄重和 120 日龄重资料(该绵羊群体是采用同期发情处理后羔羊,出生日期相差不超过 5 d,然后全部羔羊在相同环境的同一个羊舍饲喂相同的饲料,专职人员饲养管理,并进行初生重、30 日龄重、60 日龄重、90 日龄重和 120 日龄重的称重)。

1.2.2 主要试剂 TaqDNA 聚合酶 (Promega), dNTP、PBR322DNA/MSPI Markers, 蛋白酶 K, 丙烯酰胺; 苯酚、无水乙醇等常规试剂均为国产分析纯。

1.2.3 主要仪器 iCycler PCR 仪, YJ-875 超净操作台, DYY-12 电脑三恒多用电泳仪, DYY-III 垂直电泳槽, TY-B 脱色摇床, 小型台式离心机, GelKoc2000TM 凝胶自动成像系统。

### 1.3 试验方法

1.3.1 DNA 的提取与检测 用文献[5]介绍的操作方法从绵羊耳组织中提取基因组 DNA,然后用分光光度计和 1.5%的琼脂糖凝胶电泳法检测所提取 DNA 的质量,合格后将 DNA 稀释至 100 ng·μl<sup>-1</sup>, 4℃保存备用。

1.3.2 微卫星 DNA 标记的选择 选取了位于 4 号和 6 号染色体上多态信息含量高和等位基因数在 6 个以上的 10 个微卫星。微卫星基因座及其引物序列见表 1。

表 1 所用微卫星基因座及其引物序列

Table 1 Microsatellite loci and primer sequence

微卫星基因座 Microsatellite loci	引物序列 (5'→3') Primer sequence (5'→3')	退火温度 (℃) Anneal temperature
OARHH35	F: AATTGCATTCAGTATCTTTAAACATCTGGC R: ATGAAAATATAAAGAGAATGAACCACACGG	52
BMS648	F: ACTTCCCATCCATCCATCAG R: CTTCATTCTCAGCCATCTAGC	55
BM4621	F: CAAATGACTTATCCTTGGCTG R: TGTAACATCTGGGCTGCATC	53
ILSTS018	F: CAAAATACATATGTCGGTATGG R: TGTTGAGCCTTTCGCCTTGG	52
BM9058	F: TGTTAGTGTGTTGAATTTGTGTG R: CCACTAGGAAAGTGACTAGGTTCA	54
BM143	F: TGTTAGTGTGTTGAATTTGTGTG R: CCACTAGGAAAGTGACTAGGTTCA	60
BM4311	F: TCCACTTCTCCCTCATCTCC R: GAAGTATATGTGTGCCTGGCC	57
OARJMP8	F: CGGGATGATCTTCTGTCCAAATATGC R: CATTTGCTTTGGCTTCAGAACCAGAG	55
BL1038	F: GGCAAGCTAGAGTCAGACACG R: GCAAAAGTCTAGGTGAAATGCC	57
BM415	F: GCTACAGCCCTTCTGGTTTG R: GAGCTAATCACCAACAGCAAG	51.5

1.3.3 PCR 反应条件 PCR 反应体系为 15 μl: Taq 酶 (5 U·μl<sup>-1</sup>) 0.2 μl, 10×buffer 1.5 μl, MgCl<sub>2</sub> (25 mmol·L<sup>-1</sup>) 1.2 μl, dNTPs (各 2.5 mmol·L<sup>-1</sup>) 1.2 μl, 引物 (10 μmol·L<sup>-1</sup>) 1.2 μl, 模板 DNA (100 ng·μl<sup>-1</sup>) 1.0 μl, ddH<sub>2</sub>O 7.5 μl。反应混合物用石蜡油覆盖,扩增程序为: 94℃, 4 min 30 s→35×(94℃, 30 s→引物退火温度, 30 s→72℃, 30 s)→72℃, 4 min→4℃保存

备用。

1.3.4 聚丙烯酰胺凝胶电泳 PCR 产物用 10%聚丙烯酰胺凝胶进行分离。

1.3.5 基因型分型和数据分析 用 GelKoc2000<sup>TM</sup>凝胶自动成像系统所附带的软件进行等位基因分型,采用 SAS 和 Excell 进行统计学分析处理。

1.3.6 统计分析<sup>[1,6-9]</sup>

(1) 群体内遗传多态性分析 计算等位多态信息含量 (polymorphism information content, PIC)、有效等位基因数 (effective number of alleles, E)、遗传杂合度 (heterozygosity, H)。

(2) 每一个体的标记基因型及表型资料分析 利用 SAS 软件的 GLM 过程, 采用最小二乘法进行分子标记与各时期体重的相关分析, 确定与性状显著性相关的标记, 再对相关显著的标记进行不同基因型间的体重性能进行 LSD 多重比较。最小二乘分析的线性模

型为:  $Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$ , 其中:  $Y_{ij}$  是第  $i$  类基因型中第  $j$  个个体的数量性状表型值,  $\mu$  是数量性状总均值,  $\tau_i$  第  $i$  种标记基因型的固定效应,  $\varepsilon_{ij}$  为随机残差效应。

## 2 结果与分析

### 2.1 10 个微卫星群体遗传多态性分析

中国美利奴羊 10 个微卫星基因座的多态信息含量 (PIC)、有效等位基因数 (E)、遗传杂合度 (H) 见表 2。

表 2 中国美利奴羊 10 个微卫星基因座的遗传特性

Table 2 Genetic characteristics of ten microsatellite loci in Chinese Merino

基因座 Loci	OARHH35	BMS648	BM4621	ILSTS018	BM9058	BM143	BM4311	OARJMP8	BL1038	BM415
H	0.8111	0.8239	0.8944	0.8476	0.8680	0.8865	0.8335	0.7727	0.8471	0.7414
E	5.293	5.678	9.468	6.561	7.574	8.810	6.005	4.401	6.539	3.867
PIC	0.7864	0.8022	0.8847	0.8289	0.8534	0.8758	0.8160	0.7387	0.8299	0.6934

由表 2 可见, 10 个微卫星座位都呈高度多态, 可作为有效的遗传标记用于绵羊品种之间遗传多样性和生产性能的相关性分析。在这 10 个微卫星中 BM4621 的遗传变异最大, BM415 的遗传变异最小。

### 2.2 不同基因型个体间体重性能的多重比较

10 个微卫星基因座不同基因型个体间体重性能性状的最小二乘均值以及多重比较结果见表 3。其中 6 个微卫星基因座的基因型 BM9058(131/149)、BM4621(149/181)、BM4311(119/119)、OARJMP8(131/145)、OARHH35(123/155) 和 BMS648(176/208) 在体重上存在正相关效应。

微卫星标记 BM9058 的基因型 131/149 与基因型 133/155 间在初生重、30 日龄重和 90 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ ), 微卫星标记 BM4621 的基因型 149/181 与基因型 147/181 间在 60 日龄重、90 日龄重和 120 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ ), 微卫星标记 BM4311 的基因型 119/119 与基因型 137/137 间在 30 日龄重、90 日龄重、60 日龄重和 120 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ ), 微卫星标记 OARJMP8 的基因型 131/145 与基因型 127/141 间在初生重和基因型 131/145 与基因型 129/145 间在 120 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ ), 微卫星标记 OARHH35 的基因型 123/155 与基因型 125/161 间在初生重、30 日龄重、60 日龄重、90 日龄重、60 日龄重和 120 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ ), 微卫星标记 BMS648 的基因型 176/208 分别与基因型 174/206 和基因型 178/208 间在 30 日龄重、60 日龄重、90 日龄重、60 日龄重和 120 日龄重存在显著差异 ( $P < 0.05$ )。因此, 可以通过这

些基因型进行分子育种, 加快遗传育种的进度。

### 2.3 微卫星标记与各时期体重性状相关

各微卫星标记不同基因型个体间体重性状表型值差异的  $F$  统计检验结果见表 4。统计结果表明, 有 2 个紧密连锁标记基因座 (OARHH35、BMS648) 与体重性状显著相关 ( $P < 0.05$ ), 在这两个微卫星座位之间可能存在一个影响体重的 QTL。其中: OARHH35 的不同基因型个体间在初生体重差异达到 0.05 显著水平; BMS648 的不同基因型个体间在 30 日龄重和 90 日龄重差异达到 0.05 显著水平。

## 3 讨论

本试验利用了选择性基因分型的方法, 选择在体重上有明显差异的中国美利奴肉用绵羊品系个体 162 只, 进行了标记基因型与数量性状表型值间关系的分析。通过这种选择性的基因分型方法, 可以在一定程度上降低分析的成本。有报道指出<sup>[10]</sup>, 控制生长发育的一些基因对体重性能也有一定的效应和绵羊的 4 号和 6 号染色体上有影响绵羊生长和体重性状基因区域。本研究选择 4 号和 6 号染色体上紧密连锁关系的 10 个微卫星进行标记, 结果发现 4 号染色体上紧密连锁的两个微卫星标记与体重性能有显著的关系, 表明在这些区域有影响体重性能 QTL 存在的可能, 这为绵羊体重 QTL 定位提供一定理论依据, 并为分子标记辅助选择研究提供一定参考。绵羊 4 号染色体与牛的 4 号染色体进行同源比较发现两个染色体的同源性很高, 其中有 11 个微卫星座位完全相同<sup>[11]</sup>, 在牛的 4 号染色体 OARHH35 和 BMS648 之间有一个 ob 基

表 3 10 个微卫星座位不同基因型在体重上多重比较 (LSD)

Table 3 The weight comparison (LSD) of different genotypes in ten microsatellite loci

微卫星标记	基因型	个体数	初生重 (kg)	30 日龄重 (kg)	60 日龄重 (kg)	90 日龄重 (kg)	120 日龄重 (kg)
Microsatellite marker	Genotype	Number	Weight at birth age	Weight at 30 days age	Weight at 60 days age	Weight at 90 days age	Weight at 120 days age
BM9058	129/149	8	3.1333bc	6.3333ad	13.0667	17.2333ac	23.4000
	131/149	36	4.3111a	7.2000a	13.2500	19.0250ab	23.5500
	131/151	14	4.0667ab	7.0333ab	12.7333	19.0667a	25.1667
	133/153	6	3.0750bc	5.5750bcdef	10.4500	14.4250bcdef	21.0000
	133/155	38	3.4000bc	6.1667ae	11.7500	17.2000ad	21.8667
	135/153	9	3.6500ac	6.7000ac	12.0500	16.1500af	21.5250
	135/159	42	3.3846bc	6.0111af	11.3444	16.5778ae	23.2000
BM143	102/116	17	3.5667	6.8800	13.0200	18.7400	25.7600
	104/120	17	3.4857	6.2250	12.9250	17.5750	24.3000
	106/116	14	3.7636	6.5111	11.8333	17.4000	21.3889
	108/120	44	3.7000	6.5857	12.0571	17.4429	22.5000
	108/122	22	3.6000	6.1000	11.8333	18.0667	23.3333
	110/124	33	3.5385	6.3417	11.8167	16.5917	22.9333
	116/130	3	3.0000	5.8333	11.4000	16.8333	21.6667
BM4621	143/173	29	3.7000	6.6300	13.1100a	18.5200a	25.1200a
	145/177	13	3.7333	6.5000	12.8500ab	17.5000ab	24.0000ac
	147/181	3	3.6400	5.5750	9.5000bcdef	14.5000b	19.5000bcdf
	147/183	19	3.5429	7.0571	12.4286ad	18.6714ab	24.3143ab
	149/181	15	3.4000	6.8667	12.5333a	19.2000a	26.5000a
	149/183	15	3.4222	6.3429	12.4429ac	18.5571a	23.9286ad
	151/187	8	3.4400	6.0600	11.5400af	15.2600ab	19.6200cde
BM415	151/193	12	3.2000	6.1000	11.7250ae	17.2250ab	21.7500aef
	138/156	83	3.2462	5.7167	10.8667	15.5333	21.0417
	148/172	57	3.5833	6.3500	12.2429	17.1214	22.4214
ILSTS018	176/206	63	3.5000	6.4923	12.2308	17.3154	23.0538
	178/212	33	3.4222	6.0625	11.6750	16.9875	23.6250
	182/218	38	3.9714	6.8500	12.6000	17.9750	22.9583
BM4311	101/121	26	3.4500	6.3167ae	11.9667ae	17.0500ae	23.0667ae
	103/121	21	3.9000	6.6250ad	11.9500af	16.0250af	20.4750a
	107/121	31	3.7000	6.0429af	12.0143ad	17.1000ad	23.7857ac
	111/127	14	3.7429	7.0000ab	12.4714ab	18.4286ac	23.1429ad
	119/119	26	3.7500	7.4000a	14.1500a	20.0167a	27.1667a
	121/121	3	3.6400	6.6600ac	12.4000ac	19.0000ab	24.2000abf
	137/137	24	3.4000	5.8167bcdef	10.4833bcdef	15.2500bcdef	20.0667bcdef
OARJMP8	127/141	57	3.2750bc	5.8714	11.2571	17.1571	23.0000ac
	127/143	53	3.6647ac	6.1923	11.4615	16.6308	22.0692a
	129/145	11	4.2000ab	7.0250	12.1750	16.9000	18.8250bcd
	131/145	11	4.4500ad	7.7000	13.3500	19.2000	23.7500ab
	141/141	7	3.3143bcd	6.7286	11.7857	17.1571	23.9000a
BL1038	104/128	26	3.4889	5.9143	11.2286	16.7571	22.7857
	110/128	41	3.4667	6.5200	12.1333	17.8400	23.1800
	112/130	29	3.5400	6.3750	12.2500	17.5250	22.1125
	114/130	23	3.9125	7.1857	13.2000	18.5143	24.3000
	118/136	10	3.5000	5.9833	11.3167	15.9500	22.2500
OARHH35	121/141	13	3.9000ad	6.8667a	13.2000a	18.6000a	23.2333ac
	123/137	4	3.3600af	7.1000a	12.6250a	19.1000a	26.3750a
	123/141	34	3.9714ab	6.4000ab	11.2600ac	15.4400ad	19.9200bcdef
	123/155	7	4.4667a	7.7500a	14.7500a	19.5500a	22.8500ad
	125/141	35	3.6000ae	6.5333a	11.7167a	17.4667ab	22.2833af
	125/155	4	2.9333bcdef	5.6333ad	11.7000ab	17.1667ac	22.6667ae
	125/161	3	2.4000fi	4.5000bcd	8.3667bc	12.7333bcd	18.9333bcdef
	137/155	15	3.9400aci	6.6250a	12.4750a	16.6000ad	20.9250ag
	137/161	25	3.2667bcdefg	6.3000ac	11.7400a	18.1400a	23.5000ab
BMS648	172/204	22	3.6889ac	6.0800b	10.9000b	16.5400b	21.7000b
	174/206	40	3.0571cd	5.9231b	11.6769b	16.7308b	22.6692b
	176/206	36	3.5400ad	6.3667b	11.8444b	17.1333b	23.1778b
	176/208	5	4.3000a	8.5333a	15.5667a	23.4333a	28.8333a
	178/208	26	3.8556ab	6.1500b	11.6625b	16.2750b	21.3625b

同一列同一基因座性状组间不含相同字母的两值间差异显著 ( $P < 0.05$ )In the same column with no common letters differ significantly ( $P < 0.05$ )

表 4 10 个标记基因座微卫星标记对体重相关效应  $F$  检验Table 4  $F$  test for the relativity of ten microsatellite markers with weight traits

微卫星标记	初生重	30 日龄重	60 日龄重	90 日龄重	120 日龄重
Microsatellite marker	Weight at birth age	Weight at 30 days age	Weight at 60 days age	Weight at 90 days age	Weight at 120 days age
BM9058	2.076(0.079)	1.218(0.325)	0.860(0.535)	1.127(0.371)	0.413(0.864)
BM143	0.310(0.928)	0.254(0.955)	0.259(0.952)	0.253(0.955)	0.710(0.644)
BM4621	0.203(0.983)	0.587(0.762)	0.994(0.452)	1.243(0.307)	2.037(0.079)
BM415	1.019(0.321)	1.512(0.231)	1.961(0.174)	1.606(0.217)	1.121(0.300)
ILSTS018	0.184(0.833)	0.135(0.874)	0.680(0.515)	0.199(0.821)	1.052(0.363)
BM4311	0.254(0.955)	1.109(0.377)	1.217(0.322)	1.444(0.227)	1.957(0.100)
OARJMP8	2.053(0.108)	0.944(0.453)	0.338(0.850)	0.208(0.932)	1.200(0.333)
BL1038	0.392(0.813)	1.077(0.381)	0.770(0.552)	0.583(0.677)	0.307(0.872)
OARHH35	2.561(0.047)*	1.373(0.254)	1.868(0.109)	1.312(0.281)	1.184(0.346)
BMS648	2.294(0.076)	3.383(0.020)*	2.222(0.088)	3.786(0.012)*	2.412(0.069)

\*  $P < 0.05$ 

因<sup>[12]</sup>, 由于 ob 基因表达产物 Leptin 可以反映体内脂肪含量信息及控制体重<sup>[13]</sup>, 通过本试验发现在绵羊紧密连锁的两个微卫星标记 (OARHH35 和 BMS648) 与体重性能存在显著的相关性, 猜想在这两个微卫星座位之间可能存在 ob 基因, 这还需要进一步的试验研究。不同微卫星标记基因型间生产性能有显著差异, 说明这些标记与特定性状可能存在相关, 其遗传基础可能是该标记与控制性状的 QTL 或主基因连锁。这种相关性的发现对于选种是十分有利的, 实践中选择具有与优良性状相关标记的个体留种, 可以提高选种的准确性和加快遗传进展, 这也是标记辅助选择的主要目的之一。分子标记辅助选择与常规选择方法相比, 不受年龄、环境等因素的影响, 具有快速、准确等优点, 可在个体生命的早期, 通过检测与数量性状连锁的遗传标记, 对某些性状进行选择, 而不必等到个体的生产性能完全表现出来。数量性状是由少数效应较大的主基因或数量性状座位 (QTL) 和许多效应很小的多基因控制的<sup>[14]</sup>, 同时进一步利用微卫星与某些主效基因或 QTL 基因座的连锁关系, 可将它们定位在染色体或连锁群中。所以随着微卫星标记的发展及遗传图谱的进一步完善, 有关绵羊生长发育性状基因座位的研究会取得更大的进展, 这为采用标记辅助选择的方法来加快遗传育种进展提供一定参考依据。

## 4 结论

通过对绵羊位于 4 号和 6 号染色体上连锁的 10 个微卫星基因座对肉用品系中国美利奴羊群体进行群体遗传学检测, 并进行微卫星标记与体重的相关性分析。其结论如下:

4.1 所选的 10 个微卫星为高度多态, 可作为有效的遗传标记用于绵羊体重的相关分析。

4.2 其中 6 个微卫星基因座的基因型 [ (BM9058

(131/149)、BM4621 (149/181)、BM4311 (119/119)、OARJMP8 (131/145)、OARHH35 (123/155) 和 BMS648 (176/208) ] 对体重存在正相关性, 为分子育种提供依据。

4.3 紧密连锁的基因座 OARHH35 和 BMS648 在中国美利奴羊体重上存在显著的差异 ( $P < 0.05$ ), 有一个影响体重的 QTL; 染色体进行同源比较表明在这两个座位之间可能存在 ob 基因。

## References

- [1] 李红霞, 朱庆, 李亮, 刘益平, 黄羽肉鸡微卫星多态性与体重的相关分析. 遗传, 2004, 26: 854-858.  
Li H X, Zhu Q, Li L, Liu Y P. The correlation analysis of microsatellite DNA markers for some production performances in chicken. *Hereditas*, 2004, 26: 854-858. (in Chinese)
- [2] 李宁. 动物基因组研究计划及其对动物育种的影响. 遗传, 1997, 19(增刊): 7-10.  
Li N. Animal genome research project and its effect on animal breeding. *Hereditas* (Beijing), 1997, 19(Suppl): 7-10. (in Chinese)
- [3] Goldstein D B, Linares A R, Cavalli-Sforza L L, Feldman M W. An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics*, 1995, 139: 463-472.
- [4] Takezaki N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 1996, 144: 389-399.
- [5] 萨姆布鲁克. 分子克隆 (第二版). 北京: 科学出版社, 1998.  
Sambrook J. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (2nd ed). Beijing: Science Press, 1998.
- [6] 马月辉, 曹红鹤, 陈幼春, 王栋. 部分黄牛品种(群体)遗传多样性分析. 中国农业科学, 2003, 36: 696-699.  
Ma Y H, Cao H H, Chen Y C, Wang D. Study on genetic diversity of some cattle breeds. *Scientia Agricultura Sinica*, 2003, 36: 696-699.

- [7] 单雪松, 张 沅. 奶牛微卫星基因座与产奶性能关系的研究. 遗传学报, 2002, 29: 430-433.  
Shan X S, Zhang Y. Effects of several microsatellite DNA loci on milk production in dairy cattle. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29: 430-433. (in Chinese)
- [8] 孙桂荣, 朱 庆, 李 亮. 微卫星标记与丝羽乌骨鸡产蛋性能的关系研究. 畜牧兽医学报, 2003, 34: 616-619.  
Sun G R, Zhu Q, Li L. Effects of nine microsatellite DNA loci on egg production traits in silkies. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2003, 34: 616-619. (in Chinese)
- [9] 储明星, 王吉振, 王爱国, 李 宁, 傅金恋. 小尾寒羊五个微卫星基因座遗传多态性研究. 遗传学报, 2002, 29: 502-506.  
Chu M X, Wang J Z, Wang A G, Li N, FU J L. Genetic polymorphisms of five microsatellite loci in Small Tail Han sheep. *Acta Genetica Sinica*. 2003, 34: 616-619. (in Chinese)
- [10] 白文林, 王 杰. 羊基因图谱的研究现状及展望. 青海畜牧兽医杂志, 2001, 5: 30-31.  
Bai W L, Wang J. Current situation and prospects in research of sheep and goat gene map. *Chinese Qing Hai Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 2001, 5: 30-31. (in Chinese)
- [11] DeGortari M J, Freking B K, Kappes S M, Leymaster K A, Stone R T, Beattie C W, Crawford A M. Extensive genomic conservation of Cattle microsatellite heterozygosity in sheep. *Animal Genetics*, 1997, 28: 274-290.
- [12] Lee G H, Proenca R, Montez J M, Carroll K M, Darvishzadeh J G, Lee J L, Friedman J M. Abnormal splicing of the leptin receptor in diabetes mice. *Nature*, 1996, 379: 632-641.
- [13] Butterwerth A, Reeves N, Harbour D, Tasker S. Molecular typing of strains of staphylococcus aureus isolated from bone and joint lesions in lame broiler by random amplification of polymorphic DNA. *Poultry Science*, 2001, 80: 1339-1343.
- [14] 李加琪, 张 豪, 刘小红, 高 萍, 王 翀, 吴秋豪, 张细权, 陈瑶生. 长白-蓝塘猪资源群第6号染色体的QTL检测. 中国农业科学, 2004, 37: 130-135.  
LI J Q, Zhang H, Liu X H, Liu X H, Gao P, Wang Q H, Zhang X Q, Cheng Y S. QTL detection on chromosome 6 in Landrace-Lantang pig resource population. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37: 130-135. (in Chinese)

(责任编辑 闫龙凤)