

绒山羊经济性状遗传标记与 QTLs 的连锁分析

Linkage Analysis Between Genetic Marker and QTLs of Economic Trait on the Cashmere Goat

以陕西省甘泉白绒山羊场 4 个已知在标记位点(即运铁蛋白、前白蛋白-3、酯酶 D 及亮氨酸氨肽酶)为杂合子的 4 个公羊随机交配产生的 80 只后代(2.5 岁以上)家系资料为研究对象,其产绒量和体重取决于羊场生产记录,目的是寻找与绒山羊产绒量和体重的数量性状位点(QTL)相连锁的标记基因位点,为建立绒山羊新的选种体制以及杂交改良效果的预测提供参考依据。

资料的统计分析:(1)采用 Weller 等(1990)提出的女儿设计,通过比较从标记位点为杂合子的不同公畜处得到不同标记等位基因的后裔群表型值的最小二乘均数(LSM)来进行连锁分析,两个后裔群由两种纯合子标记的个体分别组成(即 MM, mm)。两者的期望差值为, $E(\bar{M} - \bar{m}) = (1 - 2r) [a + d(q - p)]$, 两个后裔群最小二乘均数差异检验采用 t 检验。(2)采用标记位点与 QTL 非独立分配的 χ^2 检验,设: QTL 位点上有一对等位基因 Q 和 q, 基因型 QQ 为大于群体平均值一个表型标准差以上个体, Qq 为群体平均值正负一个表型标准差的个体, qq 为小于群体平均值一个表型标准差的个体。其后代产绒量 $\bar{X} \pm S = 313.67 \pm 71.96g$, 体重 $\bar{X} \pm S = 22.844 \pm 3.93kg$ 。

通过上述两种方法的统计分析结果表明:(1)

在女儿设计时,产绒量 4 个标记位点的重组率(r)依次是前白蛋白-3>亮氨酸氨肽酶=酯酶 D>运铁蛋白。2 个不同标记基因型后裔群表型值的 LSM 差异不显著($P > 0.05$),说明这 4 个标记位点与产绒量的 QTL 之间不存在连锁关系。体重 4 个标记位点的重组率以酯酶 D 最小(0.368),通过对 2 个后裔群表型值 LSM 的比较,发现酯酶 D 与体重的 QTL 相连锁概率在 97.5% 以上($P < 0.05$),而其它位点与体重的 QTL 之间无连锁。(2)进一步应用标记位点与 QTL 基因型非独立分配的 χ^2 检验也表明,产绒量 4 个标记位点与其 QTL 相连锁的概率极低,而体重上,除酯酶 D 与其 QTL 相连锁的概率几乎达 100% ($P < 0.01$) 外,其余位点与体重 QTL 不存在连锁关系。(3)同时分析得知,酯酶 D 位点的 B 基因与体重 QTL 的基因呈连锁遗传。本研究由于取样头数有限,尚需进一步扩大样本验证,但其结果为今后山羊体重 QTL 遗传标记的研究提供了新的线索。

耿社民¹, 常 洪¹, 秦国庆¹, 李相运¹,

刘小林¹, 沈 伟¹, 任 力², 宋军社²

(¹ 西北农林科技大学, 陕西杨凌 712100; ² 陕西省甘泉县畜牧局种羊场)