

# 家鸭、媒鸭和野鸭 mtDNA D-loop 区的遗传变异

李慧芳<sup>1</sup>, 朱文奇<sup>1</sup>, 杨宁<sup>2</sup>, 宋卫涛<sup>1</sup>, 王继文<sup>3</sup>, 徐文娟<sup>1</sup>, 王强<sup>1</sup>, 陈宽维<sup>1\*</sup>

(1. 中国农业科学院家禽研究所, 扬州 225125; 2. 中国农业大学动物科学与技术学院, 北京 100193;  
3. 四川农业大学动物科技学院, 雅安 625014)

**摘要:** 旨在从 mtDNA 水平探讨我国家鸭的遗传多样性及家鸭与野鸭间的亲缘关系。运用 DNA 测序方法, 测定了不同地域、水域和表型性状的 9 种家鸭(北京鸭、高邮鸭、巢湖鸭、绍兴鸭、连城白鸭、吉安红毛鸭、文登黑鸭、云南麻鸭、建昌鸭)80 个个体、4 种媒鸭(西湖野鸭、钱江野鸭、枞阳媒鸭、媒头鸭)26 个个体和斑嘴鸭 8 个个体, 共计 114 个个体的 mtDNA D-loop 区 667 bp 序列。9 种家鸭单倍型多样度和核苷酸多样性分别为 0.250 00~0.607 14 和 0.000 38~0.001 18; 9 种家鸭、媒鸭、绿头鸭和斑嘴鸭之间的遗传距离为 0.001~0.015; 39 种单倍型系统发生树和单倍型网络关系图表明, 9 种家鸭主要属于 A1 亚簇(绿头鸭单倍型簇)。我国家鸭遗传多样性中等丰富, 母系起源主要是绿头鸭, 极少量个体含有斑嘴鸭血统。

**关键词:** 鸭; D-loop; 遗传多样性; 系统进化

中图分类号: S834; S831.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2011)09-1213-07

## The Genetic Variation of the mtDNA D-loop Region in Domestic Ducks, Mei Ducks and Wild Ducks

LI Hui-fang<sup>1</sup>, ZHU Wen-qi<sup>1</sup>, YANG Ning<sup>2</sup>, SONG Wei-tao<sup>1</sup>, WANG Ji-wen<sup>3</sup>, XU Wen-juan<sup>1</sup>,  
WANG Qiang<sup>1</sup>, CHEN Kuan-wei<sup>1\*</sup>

(1. Poultry Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Yangzhou 225125, China;  
2. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100193,  
China; 3. College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University,  
Ya'an 625014, China)

**Abstract:** The research was aimed to study the genetic diversity of the domestic duck breeds and the relationship with the wild duck. The 667 bp control region (D-loop) of mitochondrial DNA of 9 different phenotypic domestic duck breeds from different regions and rivers, 26 individual Mei ducks and eight spot-billed ducks (*Anas zonorhyncha*) were sequenced. The haplotype diversity (*H<sub>d</sub>*) and nucleotide diversity (*P<sub>i</sub>*) of domestic ducks were 0.250 00-0.607 14 and 0.000 38-0.001 18, respectively. 39 haplotypes were used in the phylogenetic analysis, and the results showed that almost 9 domestic duck breeds originated from mallard (*Anas platyrhynchos*). The genetic diversity of Chinese ducks was middle rich. The most maternal pedigree of mallard (*Anas platyrhynchos*) and only a little pedigree of spot-billed ducks (*Anas zonorhyncha*) contributed to the origin of domestic ducks.

**Key words:** duck; D-loop; genetic diversity; systematic evolution

收稿日期: 2010-08-25

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(2008BADB2B08); 江苏省科技服务平台项目(BM2008170)

作者简介: 李慧芳(1974-), 女, 山西孟县人, 博士, 副研究员, 主要从事水禽种质资源与育种研究, Tel: 0514-87233488, E-mail: lhxf\_002@yahoo.com.cn

\* 通讯作者: 陈宽维, E-mail: lhxf\_002@yahoo.com.cn, ckw0079@163.com

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分,是物种进化的重要原料储备,被视为创造财富原材料的遗传性变异,可在一定社会的经济、技术背景下满足人类对物质、文化不断变化的需求,是人类文明持续发展的重要物质基础。系统探索畜禽的起源,对于了解畜禽发展史、揭示畜禽对人类生活方式的影响至关重要。深入研究我国 9 个家鸭品种的遗传多样性和起源,为家鸭遗传资源的评估、保护和起源研究提供了科学合理的依据。国内外许多学者从生化水平、分子生物学水平对家鸭的遗传多样性、亲缘关系、进化等做了研究<sup>[1-4]</sup>。近年来,国内学者主要围绕 DNA 水平研究我国家鸭的遗传多样性、系统进化及起源。李慧芳等通过筛选的 28 个多态性较好的微卫星标记,检测了我国 24 个地方鸭品种的遗传多样性和系统发生关系,结果表明,我国所有家鸭群体平均杂合度(0.569)低于国内的家鸡和家鹅,其遗传多样性相对贫乏;聚类结果分析表明了各家鸭品种的分子系统发生关系与其育成史、分化及地理分布比较一致<sup>[5]</sup>。吉文林等通过微卫星标记对国家水禽种质资源基因库保存的 7 个家鸭保种群体的遗传多样性和亲缘关系进行了研究,结果表明,7 个鸭群体中平均杂合度范围是 0.513 7~0.603 5,遗传多样性不是很丰富,遗传距离为 0.267 4~0.882 5<sup>[6]</sup>。Zhang 等以鸭 mtDNA D-loop 区为分子标记,分析了我国江淮流域 9 个家鸭品种的遗传多样性、遗传距离和系统进化,结果表明,9 个家鸭品种的平均单倍型多样度和核苷酸多样度分别为 0.798 和 0.002 8,

遗传距离为 0.001 3~0.004 4,江淮流域 9 个家鸭品种单一的母系起源于绿头鸭<sup>[7]</sup>。李慧芳等运用同样的方法分析了福建省 4 个家鸭品种的遗传多样性和系统进化,结果表明,福建省 4 个家鸭品种的平均单倍型多样度和核苷酸多样度分别为 0.752 02 和 0.002 1,遗传距离为 0.000 94~0.003 95,福建省 4 个家鸭单一的母系起源于绿头鸭<sup>[8]</sup>。较以往鸭 mtDNA 分子进化方面的研究(单一的地区、水域的鸭种),本研究综合分析了我不同地域、水域、表型性状和具有代表性的 9 个家鸭品种的遗传多样性和起源,能够更加全面真实的反映我国家鸭遗传资源的多样性及来源。准确评估 9 个家鸭品种的遗传多样性,为尽早解决我国家鸭起源“一元论”和“二元论”的争议奠定科学的理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品材料

9 个家鸭品种地域分布广,遍布长江流域、淮河流域、珠江流域,详细采样地与鸭种信息见表 1。在浙江省杭州萧山钱江水禽驯养繁殖场采集 4 种媒鸭(8 只西湖野鸭、8 只钱江野鸭、8 只枞阳媒鸭、2 只媒头鸭)和 8 个斑嘴鸭血样。采集血样时,保证每个个体都符合本品种特征,每个群体公母比例为 1:1,并且尽量避免个体间存在血缘关系。鸭翅静脉采血,常规酚/氯仿法抽提 DNA,电泳检测后,溶于 TE 溶液中,-20℃保存。

表 1 9 个家鸭品种的名称、数量、采集地点、类型和特征

Table 1 Name, quantity, collection location, economic type and main appearance traits of 9 domestic duck breeds

品种 Breed	采样数/只 Sample size	采集地 Population location	经纬度 N. E.	经济类型 Economic type	主要外貌特征 Main appearance trait
北京鸭(BJ)	8	北京,保种场	北纬 32°55' N;东经 116°24' E	肉用型	白羽
高邮鸭(GY)	12	江苏高邮,保种场	北纬 32°47' N;东经 119°25' E	肉蛋兼用型	麻羽
巢湖鸭(CH)	12	安徽庐江,保种区	北纬 30°47' N;东经 117°21' E	肉蛋兼用型	麻羽
绍兴鸭(SX)	8	浙江绍兴,保种场	北纬 30°00' N;东经 120°34' E	蛋用型	麻羽,有项圈
连城白鸭(LC)	8	福建石狮,保种场	北纬 24°44' N;东经 118°38' E	药蛋兼用型	白羽,眼外突,胫、蹼黑
吉安红毛鸭(HM)	8	江西吉安,保种场	北纬 27°07' N;东经 114°58' E	肉蛋兼用型	褐麻
文登黑鸭(WD)	8	山东文登,保种区	北纬 37°12' N;东经 122°03' E	蛋用型	黑羽为主,“白喙”, “白翅膀尖”
云南麻鸭(YNM)	8	云南,保种区	北纬 25°04' N;东经 102°42' E	肉蛋兼用型	麻羽
建昌鸭(JC)	8	四川凉山自治州,保种区	北纬 31°30' N;东经 104°42' E	肉用型	麻羽

N、E. 分别表示经度和纬度

N, E. Longitude and latitude

## 1.2 序列收集

从 National Center for Biotechnology Information (NCBI) 上选择有代表性的 12 条绿头鸭序列(登录号分别为:AY506877、AY506883、AY506925、AY506930、AY506941、AY506974、AY506977、AY506982、AY506906、AY506873、AY506874 和 AY506904) 和 9 条斑嘴鸭序列(登录号分别为:AY506871、AY506909、AY506918、AY506945、AY506949、AY506967、AY506969、AY506971、AY506985)。

## 1.3 引物设计、DNA 扩增和序列测定

线粒体 DNA D-loop 区扩增所用的引物根据 Sorenson 等设计的引物重新组合<sup>[9]</sup>, 如下: L78 5'-GTTATTTGGTTATGCATATCGTG-3', H774 5'-CATATACGCCAACCGTCTC-3'。

鸭线粒体 DNA D-loop 区 PCR 反应体系: 2.5  $\mu\text{L}$  10 $\times$ Buffer, 2.5  $\mu\text{L}$  dNTPs (2.5 mmol  $\cdot$  L<sup>-1</sup>), 2.5  $\mu\text{L}$  Mg<sup>2+</sup> (25 mmol  $\cdot$  L<sup>-1</sup>), 0.2  $\mu\text{L}$  Taq 酶 (5 U  $\cdot$   $\mu\text{L}^{-1}$ ), 25 pmol  $\cdot$  L<sup>-1</sup> 的上下游引物各 1  $\mu\text{L}$ , DNA 模板 (50 ng  $\cdot$   $\mu\text{L}^{-1}$ ) 3.0  $\mu\text{L}$ , 用双蒸水补足到 25  $\mu\text{L}$ 。PCR 反应条件: 95  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min; 94  $^{\circ}\text{C}$  变性 45 s, 58  $^{\circ}\text{C}$  退火 45 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 60 s, 35 个循环; 最后 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 10 min; 4  $^{\circ}\text{C}$  保存。PCR 反应由 Eppendorf 5333 PCR 扩增仪运行完成, 使用柱式 DNA 胶回收试剂盒进行 DNA 的回收纯化。PCR 产物纯化好后在 ABI PRISM 3730 型全自动 DNA 测序仪上双向测序。试验中所有试剂和测序均由上海生工生物工程服务有限公司完成。

## 1.4 数据处理

测序结果通过 Chromas2.31 软件读取, 并对测序结果的每条序列进行人工逐碱基读取和反复核对, 保证准确无误。采用 DNAMAN6.0.40 软件排列同源序列并且与 GenBank 中 *Anas platyrhynchos* 线粒体 DNA D-loop 区序列进行比较, 用 DnaSP4.10.7 软件<sup>[10]</sup> 统计单倍型 (haplotype)、变异位点、单倍型多样性、核苷酸多样性, 序列相同视为同一单倍型。用 MEGA3.1 软件<sup>[11]</sup> 估计品种间 Kimura 双参数遗传距离等, 并基于 Kimura 双参数模型应用 NJ 法构建单倍型系统发生树。用 Network4.501 软件构建单倍型网络关系图。

## 2 结果

### 2.1 家鸭、媒鸭和野鸭线粒体 DNA D-loop 区序列的多态性

家鸭、媒鸭和野鸭 114 个个体 D-loop 区 667 bp 长度的 131 条序列, 家鸭和媒鸭 A、G、C、T 碱基平均含量分别为: 25.8%、15.3%、33.4%、25.5%; 绿头鸭为: 25.9%、15.4%、33.3%、25.4%; 斑嘴鸭为: 25.9%、15.6%、33.3%、25.2%; 家鸭 A+T 含量 (51.3%) 比 G+C 含量 (48.7%) 高, 表现出碱基组成的偏倚性。变异位点数为 52 个, 占总分析位点的 7.8%, 其中单一多态位点为 26 个, 分别在: 56、75、83、91、99、113、116、118、126、156、158、162、165、172、194、197、212、233、248、250、253、339、348、360、476、521 碱基处, 占总分析位点的 3.9%; 简约信息位点为 26 个, 分别在: 96、114、115、133、143、159、160、161、167、170、185、186、188、210、213、236、239、243、249、255、263、276、291、351、374 和 392 碱基处, 占总分析位点的 3.9%; 共发现 39 个单倍型, 其中 H1 (与 GenBank 中的 A7 单倍型相同) 为主体单倍型, 涵盖了 9 个家鸭品种和 4 种媒鸭。131 条核苷酸序列共有 4 种变异类型, 即转换、颠换和插入/缺失, 其中转换 195 次, 占 91.1%, 颠换 11 次, 占 5.1%, 1 例绿头鸭和 7 例斑嘴鸭在 211 bp 处缺失 T, 占 3.8%。

### 2.2 家鸭、媒鸭和野鸭遗传多样性分析

9 种家鸭、媒鸭和野鸭遗传多样性见表 2。由表 2 可知, 9 个家鸭品种单倍型多样度和核苷酸多样性平均值分别为 0.430 26 和 0.000 743, 范围分别为 0.250 00~0.607 14 和 0.000 38~0.001 18, 其中绍兴鸭、文登黑鸭和云南麻鸭单倍型多样度和核苷酸多样性最低分别为 0.250 00 和 0.000 38; 连城白鸭单倍型多样度和核苷酸多样性最高, 分别为 0.607 14 和 0.001 18。媒鸭单倍型多样度和核苷酸多样性平均值分别为 0.312 50 和 0.000 737, 范围分别为 0~0.642 86 和 0~0.001 93。绿头鸭单倍型多样性 (1.000 00) 和核苷酸多样性 (0.005 6) 与斑嘴鸭平均单倍型多样性 (0.941 18) 和核苷酸多样性 (0.014 73) 均比较高。9 种家鸭平均核苷酸差异为 0.439 9, 范围为 0.250 00~0.785 71, 其中连城白鸭个体间平均核苷酸差异最大为 0.785 71, 绍兴鸭、

文登黑鸭和云南麻鸭平均核苷酸差异最小为 0.250 00。单倍型多样性、核苷酸多样度和平均核苷酸差异在 9 个家鸭品种、媒鸭和野鸭间的变化规律一

致。9 个家鸭品种经 Tajima's D 值进行中性检验,均不显著,表明这些家鸭在过去没有出现群体扩张,群体大小稳定。

表 2 家鸭、媒鸭和野鸭遗传多样性

Table 2 The genetic diversity of domestic ducks, Mei ducks and wild ducks

品种 Breed	样本数 Size	单倍型数 No. of haplotype	变异位点比/% Variable sites	单倍型比/% Ratio of haplotype	单倍型 多样性 Haplotype diversity( <i>H<sub>d</sub></i> )	平均核 苷酸差异 Mean number of nucleotide differences( <i>K</i> )	核苷酸 多样性 Nucleotide diversity ( <i>P<sub>i</sub></i> )	Tajima's D
北京鸭(BJ)	8	2	0.15	25.0	0.428 57	0.428 57	0.000 64	0.333 50
高邮鸭(GY)	12	4	0.45	33.3	0.560 61	0.636 36	0.000 96	-1.746 87
巢湖鸭(CH)	12	4	0.60	33.3	0.454 55	0.666 67	0.001 00	-1.179 01
绍兴鸭(SX)	8	2	0.15	25.0	0.250 00	0.250 00	0.000 38	-1.054 82
连城白鸭(LC)	8	3	0.30	37.5	0.607 14	0.785 71	0.001 18	0.069 35
吉安红毛鸭(HM)	8	3	0.30	37.5	0.607 14	0.678 57	0.001 02	-0.447 94
文登黑鸭(WD)	8	2	0.15	25.0	0.250 00	0.250 00	0.000 38	-1.054 82
云南麻鸭(YNM)	8	2	0.15	25.0	0.250 00	0.250 00	0.000 38	-1.054 82
建昌鸭(JC)	8	3	0.30	37.5	0.464 29	0.500 0	0.000 75	-1.310 09
西湖野鸭(XH)	8	1	0.15	0	0	0	0	0.000 00
钱江野鸭(QJ)	8	4	0.60	50.0	0.642 86	1.285 71	0.001 93	-0.726 73
枞阳媒鸭(ZYM)	8	3	0.60	37.5	0.607 14	0.678 57	0.001 02	-0.447 94
媒头鸭(MT)	2	1	0.15	0	0	0	0	0.000 00
绿头鸭(LT)	8	8	1.95	100.0	1.000 00	3.714 29	0.005 60	-1.312 43
斑嘴鸭(BZ)	17	12	4.50	70.6	0.941 18	9.808 82	0.014 73	0.483 19

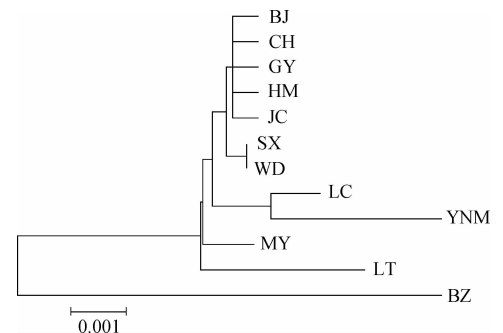
2.3 家鸭、媒鸭与野鸭间的亲缘关系

2.3.1 家鸭、媒鸭、绿头鸭和斑嘴鸭间的遗传距离

9 种家鸭、媒鸭、绿头鸭和斑嘴鸭之间的 Kimura 双参数遗传距离为 0.001~0.015,9 种家鸭、媒鸭、绿头鸭和斑嘴鸭群体聚类图见图 1。其中云南麻鸭与斑嘴鸭之间遗传距离最大,家鸭之间遗传距离最小。9 种家鸭与媒鸭、绿头鸭较与斑嘴鸭之间的亲缘关系依次渐远。

2.3.2 鸭的系统进化 以 131 条鸭 D-loop 区 667 bp 序列构建 NJ 系统发生树(图 2),结果表明除 SX14 和 QJ6 2 个个体母系起源于斑嘴鸭外,其余家鸭和媒鸭均母系起源于绿头鸭。

根据 Avise<sup>[12]</sup>、Johnson<sup>[13]</sup> 和 Kulikova<sup>[14-15]</sup> 等对相同位置线粒体 DNAD-loop 区的序列研究结果



图中代码见表 2

The code names in figure 2 were showed in table 2

图 1 9 种家鸭、媒鸭、绿头鸭和斑嘴鸭群体聚类图

Fig. 1 A dendrogram of 12 duck groups including nine domestic duck breeds, MY, LT and BZ based on D-loop region sequences

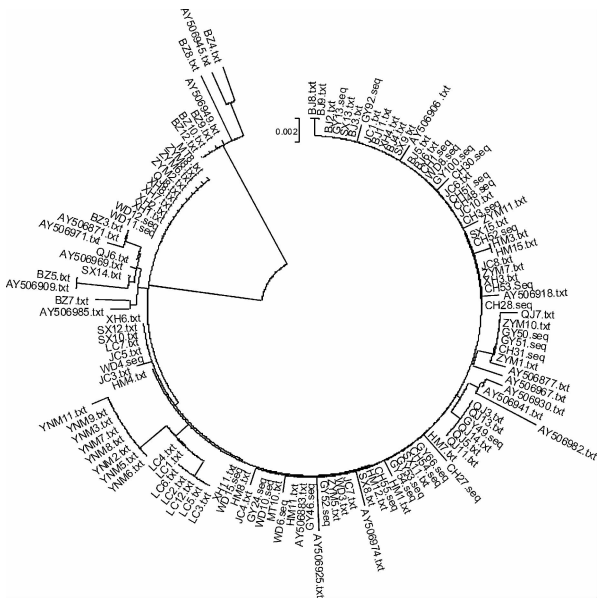


图 2 鸭 D-loop 区序列的 NJ 树  
Fig. 2 The NJ phylogenetic tree of duck D-loop region sequences

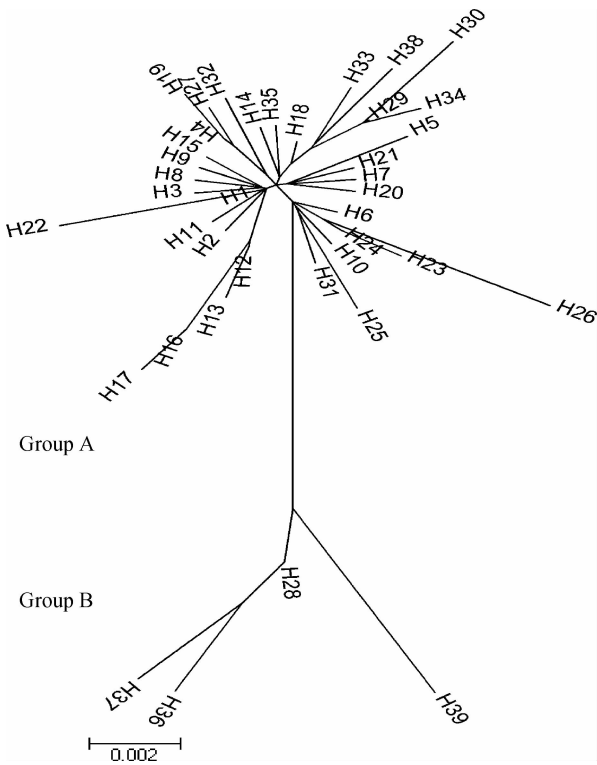


图 3 基于 mtDNA 控制区序列,使用 Kimura 双参数模型构建的 NJ 系统发育树  
Fig. 3 A phylogenetic tree based on D-loop sequences constructed with NJ method using Kimura's two-parameter model

簇。绿头鸭 8 条序列主要分布于单倍型 H1、H21~H27 中,80 条家鸭序列分布于单倍型 H1~H17,26 条媒鸭序列分布于单倍型 H1、H4、H6、H18~H20,17 个斑嘴鸭分布于单倍型 H28~H39。以 39 种单倍型共同构建单倍型 NJ 系统发生树(图 3)和单倍型网络关系图(图 4),结果显示,39 个单倍型分为 A、B 两大簇,其中 A 簇又可分为 A1 亚簇(绿头鸭单倍型簇)和 A2 亚簇(斑嘴鸭单倍型簇)。家鸭主要属于 A1 亚簇,但 H14(SX14)属于 A2 亚簇。媒鸭也主要属于 A1 亚簇,但 H18(QJ6)属于 A2 亚簇。媒鸭为母家鸭与公野鸭杂交的后代,由于 mtDNA 严格的母系遗传,所以媒鸭的母系遗传也同样反映了家鸭的母系遗传。综合图 2、图 3 和图 4 的结果表明,9 个家鸭品种的母亲起源主要是绿头鸭,有极少量的斑嘴鸭血统。

### 3 讨论

#### 3.1 9 个家鸭品种遗传多样性

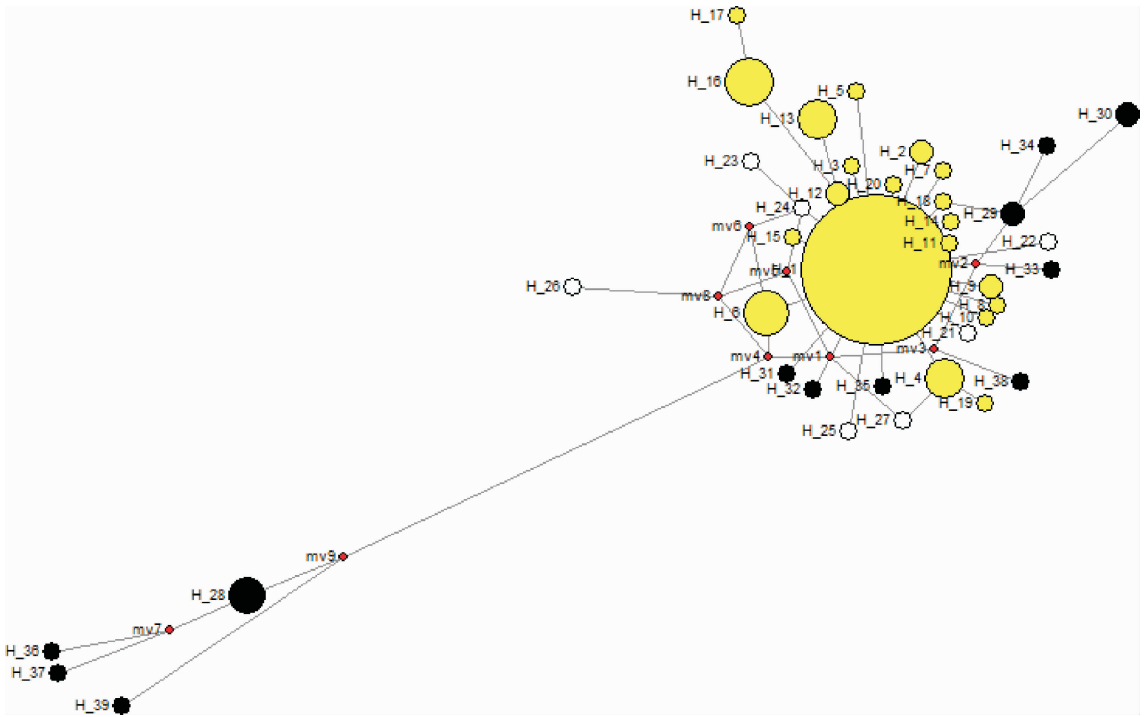
9 种家鸭 80 个个体 mtDNA 控制区 667 bp 序列中发现的变异类型有转换、颠换、缺失与插入 4 种,与 Kulikova<sup>[14-15]</sup>和 Zhang<sup>[7]</sup>等在其他鸭种 mtDNA 控制区相同长度序列的研究结果一致。9 种家鸭 667 bp 序列中 A、G、C、T 碱基平均含量分别为:25.8%、15.3%、33.4%、25.5%;A+T 含量为 51.3%,G+C 含量为 48.7%,A+T 含量并不是显著高于 G+C 含量,但 C 含量较高,与 Kulikova<sup>[14-15]</sup>和 Zhang<sup>[7]</sup>等在其他鸭种的相同序列研究结果一致。

衡量一个品种(群体) mtDNA 变异程度的指标主要是单倍型多样性(*Hd*)和核苷酸多样性(*Pi*)。*Hd*和 *Pi* 值越大,群体的多态程度越高,其遗传多样性越丰富。9 个家鸭品种的平均单倍型多样性(0.430 26)和核苷酸多样性(0.000 743)高于媒鸭平均单倍型多样性(0.312 50)和核苷酸多样性(0.000 737),低于绿头鸭平均单倍型多样性(1.000 00)和平均核苷酸多样性(0.005 6)、斑嘴鸭平均单倍型多样性(0.941 18)和平均核苷酸多样性(0.014 73)。另外我国家鸭的核苷酸多样性低于亚洲北部绿头鸭(0.008 3)、江淮流域 9 个鸭种(0.002 8)<sup>[7]</sup>、福建 4 个鸭种(0.002 1)<sup>[8]</sup>和我国 27 个鸭种(0.002 18)<sup>[16]</sup>,说明我国家鸭的遗传多样性不丰富,这与汤青萍<sup>[4]</sup>、李慧芳<sup>[5]</sup>、吉文林<sup>[6]</sup>等和运用 SSR 标记得出我国不同地方鸭种遗传多样性不丰富的结论一致。媒鸭为

显示,鸭可聚为 Group A 和 Group B 两大单倍型

母家鸭与公野鸭杂交的后代, mtDNA 遵守严格的母系遗传, 媒鸭平均单倍型多样度和核苷酸多样性

稍低于家鸭, 这也从一个侧面反映了我国家鸭遗传多样性不够丰富。



白色圆代表绿头鸭单倍型, 黑色圆代表斑嘴鸭单倍型, 其他代表家鸭和媒鸭

The white disks, black disks and the other disks represent the haplotypes of mallard, spot-billed duck and domestic duck & Mei duck, respectively

图 4 鸭线粒体 DNA D-loop 单倍型间网络结构图

Fig. 4 Reduced median-joining networks of mtDNA D-loop haplotypes

加强鸭品种资源保护, 保持生物多样性, 是提高遗传育种水平和生物技术的基础, 有利于保证人类社会良好的生存环境, 保持长远的食物供给与安全, 实现人类的可持续发展。鉴于前人研究结果和本研究结论, 笔者建议各个鸭品种保种区、保种场需定期开展调查、监督, 了解群体的现状与发展趋势, 及时评估群体的生物多样性; 并加强保种技术与管理措施的落实。

### 3.2 我国家鸭的起源

陈奕欣等运用 RAPD 技术分析了我国部分家鸭品种遗传多样性及其与野鸭的亲缘关系, 认为在我国家鸭品种形成过程中, 绿头鸭和斑嘴鸭都做出了贡献<sup>[17]</sup>, 鄢维寰等利用 AFLP 技术分析了我国 8 种常见家鸭和 2 种野鸭基因组 DNA 的多态性, 遗传距离及方差分析结果表明绿头鸭和斑嘴鸭都做出了贡献<sup>[18]</sup>。陈巧等利用 SSR 技术分析了金定鸭、山麻鸭、连城白鸭和绿头鸭、斑嘴鸭基因组 DNA 的

多态性, 遗传距离及方差分析结果表明, 在福建省家鸭品种形成过程中, 绿头鸭比斑嘴鸭的贡献更大<sup>[19]</sup>。涂剑锋等<sup>[20]</sup>初步推断我国家鸭起源于绿头鸭和斑嘴鸭, 或是绿头鸭和斑嘴鸭的杂交后代。本研究得出了与上述 4 位学者相同的结论, 我国家鸭品种主要母系起源于绿头鸭, 但其中也掺杂了少量的斑嘴鸭血统。而与 Zhang<sup>[7]</sup>、李慧芳<sup>[8]</sup> 等以鸭 mtDNA D-loop 区 667 bp 序列为分子标记, 分别得出江淮流域 9 个鸭品种和福建省 4 个家鸭均单一的母系起源于绿头鸭的结论不同。Zhang 和李慧芳等研究的鸭群均在一个流域或者一个地区之内, 只能代表该区域的鸭品种起源于绿头鸭, 而本研究家鸭品种来源广泛, 表型差异较大, 能够基本真实的反映我国家鸭的起源。但仅凭本研究中 80 个家鸭中一个家鸭有斑嘴鸭血统并不能准确断定我国家鸭起源是否真正属于“二元论”, 笔者将进一步深入研究, 综合分析我国 28 个地方鸭种的起源, 得出更加科学、可靠的结论。

## 4 结 论

我国家鸭遗传多样性不够丰富,需要加强对家鸭资源的保护;我国家鸭的起源可能属于“二元论”,即主要母系起源于绿头鸭,少量起源于斑嘴鸭。

### 参考文献:

- [1] MAHANTA J D, JALALUDEEN A. Studies on certain haematological constituents of native ducks of Kerala[J]. *Ind J Poult Sci*, 1999, 34: 202-206.
- [2] 赖垣忠, 赖垣忠. 鸭血清前白蛋白型研究[J]. 畜牧兽医学报, 1989, 20: 129-133.
- [3] 李慧芳, 李碧春, 马月辉, 等. 福建家鸭品种的分子遗传多样性[J]. 应用生态学报, 2007, 18: 463-466.
- [4] 汤青萍, 李慧芳, 屠云洁, 等. 中国重点保护地方鸭品种资源的多样性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2007, 35: 47-52.
- [5] 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: 1107-1113.
- [6] 吉文林, 钱 凯, 李慧芳, 等. 国家水禽基因库七个家禽群体遗传多样性检测[J]. 中国家禽, 2006, 28: 72-74.
- [7] ZHANG T J, LI H F, CHEN K W, et al. Genetic diversity and systematic evolution of Chinese domestic ducks along the Yangtze-Huai river [J]. *Biochem Genet*, 2007, 45: 823-837.
- [8] 李慧芳, 徐文娟, 朱文奇, 等. 福建省家鸭的遗传多样性及其与野鸭的亲缘关系[J]. 生物多样性, 2008, 16: 607-612.
- [9] SORENSON M D, AST J C, DIMCHEFF D E, et al. Primers for a PCR-based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates [J]. *Mol Phylogenet Evo*, 1999, 12: 105-114.
- [10] ROZAS J, SÁNCHEZ-DELBARRIO J C, MESSEGUER X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods[J]. *Bioinformatics*, 2003, 19: 2496-2497.
- [11] KUMAR S, TAMURA K, NEI M. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. *Brief Bioinform*, 2004, 5: 150-163.
- [12] AVISE J C, ANKNEY C D, NELSON W S. Mitochondrial gene trees and the evolutionary relationship of mallard and black ducks[J]. *Evolution*, 1990, 44: 1109-1119.
- [13] JOHNSON K P, SORENSON M D. Phylogeny and biogeography of dabbling ducks (Genus: *Anas*): a comparison of molecular and morphological evidence [J]. *Auk*, 1999, 116: 792-805.
- [14] KULIKOVA I V, ZHURAVLEV Y N, McCRACKEN K G. Asymmetric hybridization and sex-biased gene flow between eastern spot-billed ducks (*Anas zonorhyncha*) and mallards (*Anas platyrhynchos*) in the Russian Far East[J]. *Auk*, 2004, 121: 930-949.
- [15] KULIKOVA I V, DROVETSKI S V, GIBSON D D, et al. Phylogeography of the mallard (*Anas platyrhynchos*): hybridization, dispersal, and lineage sorting contribute to complex geographic structure[J]. *Auk*, 2005, 122: 949-965.
- [16] HE D Q, ZHU Q, CHEN S Y, et al. A homogenous nature of native Chinese duck matrilineal pool [J]. *BMC Evo Biol*, 2008, 8: 298.
- [17] 陈奕欣, 陈小麟, 吕良炬, 等. 家鸭资源利用及优良品种培育[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2001, 40: 642-646.
- [18] 鄢绯寰, 左正宏, 陈 美, 等. 我国部分家鸭和野鸭遗传多样性及亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2005, 44: 729-733.
- [19] 陈 巧, 黄周英, 鄢绯寰, 等. 福建省家鸭地方品种的亲缘关系分析[J]. 泉州师范学院学报(自然科学), 2006, 24: 90-94.
- [20] 涂剑锋, 黄银花, 刘三凤, 等. 绿头鸭线粒体基因组全序列分析及和鸭类系统发育[J]. 农业生物技术学报, 2009, 17: 995-1000.

(编辑 郭云雁)