

中国地方鸭品种资源的分子遗传多样性

李慧芳^{1,2}, 李碧春^{1*}, 陈宽维², 杨宁³,
马月辉⁴, 汤青萍², 屠云洁²

(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;
4. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100094)

摘要: 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。利用等位基因频率计算了各群体的遗传参数和群体间的遗传距离, 采用邻接法构建了聚类图, 并进行了系统发生分析。结果表明: 28 个微卫星座位在我国家鸭群体中的多态信息含量除 APL23 和 APL79 为中度多态外, 其他座位均为高度多态座位, 可以作为有效的遗传标记用于鸭种之间遗传多样性分析和系统发生关系的分析; 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。

关键词: 鸭; 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(2006)11-1107-07

Study on Molecular Genetic Diversity of Native Duck Breeds in China

LI Hui-fang^{1,2}, LI Bi-chun^{1*}, CHEN Kuan-wei², YANG Ning³,
MA Yue-hui⁴, TANG Qing-ping², TU Yun-jie²

(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, Chinese Agricultural University, Beijing 100094, China;
4. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China)

Abstract: Twenty four Chinese native duck breeds were studied to estimate genetic diversity and genetic structure using microsatellite markers. The genetic relationships between breeds were analyzed in combination with their geographic distribution. A total of 28 microsatellite markers were amplified. All breeds exhibited genetic diversity, through the estimation of polymorphic information content (PIC) and mean heterozygosity (H) index. The mean genetic diversity of the populations was 0.569, while the PIC values for Chinese native duck breeds showed a relatively high level, except APL23 and APL79 were similar (0.414) and of medium polymorphic. The Neighbor-joining was used to calculate the genetic distances. Cluster analysis divided the twenty-four populations into five groups, and the genetic relationships among the populations had obvious association with their phylogenetic relationship with the historical relations and geographical distribution. The development history of native duck breeds in China seemed to have an effect on their genetic structure.

收稿日期: 2005-09-12

基金项目: “863” 国家高技术研究发展计划 (2001AA243081)

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 (1963-), 女, 陕西大荔人, 教授, 博导, 主要从事动物生殖调控与应用研究, E-mail: Yubcli@yzu.edu.cn

Key words: duck breeds; microsatellite; genetic diversity

我国拥有丰富的水禽品种资源,水禽品种资源是水禽育种和生产的物质基础。水禽良种主要分布在长江流域以及以南地区的沪、苏、浙、赣、皖、闽、粤、桂、川、两湖等 11 省区,这是我国目前水禽生产最发达的地区,此外,河北、东北三省也有饲养。尽管 20 世纪 80 年代以来,我国水禽业特别是养鸭业有了较大规模的发展,不仅培育出了一些新的鸭鹅品种(系),而且先后从国外引进了一些生产性能优良的鸭、鹅品种,使我国水禽生产水平上了一个新台阶。同时,对我国水禽品种资源的保存与利用也带来了一些危机。而且长期以来由于经费投入少及不注意品种资源的综合利用,一些优良的水禽品种的保种场(原种场)缩小、转产或停办,处于品种退化或濒危境地。另外,在引入水禽品种方面存在引种不选种的致命倾向。

地方品种的遗传资源是畜牧生产和可持续发展的基础,也是满足未来不可预见需求的重要基因库。但分子标记在水禽的育种中的研究比较薄弱。事实上,在水禽育种中已标记的应用绝大部分都停留在生化标记的水平上,分子标记虽然取得了许多进展,但尚处于初级阶段,所积累的资料仍十分有限。我国有丰富的水禽优良品种资源和巨大的基因库,随着分子生物学的发展和禽类育种工作的不断深入,可以断言,分子标记将会在水禽育种中发挥不可替代的作用。因此,本研究借助微卫星 DNA 标记从分子水平对我国地方鸭品种资源的遗传多样性进行了研究。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料均来自各自的保种场(区)。每个品种

采样设计的公母之比为 1 : 4,公鸭 12 只,母鸭 48 只,完全符合 Barker 等^[1]关于评估遗传多样性抽样公式和样本含量的要求。绍兴鸭血样采自绍兴市皋埠镇滨河路;金定鸭血样采自福建省石狮市江镇莲埭;攸县麻鸭血样采自湖南攸县;荆江麻鸭血样采自湖北当阳;三穗鸭血样采自贵州三穗县美敏乡;连城白鸭血样采自福建省连城县文亨乡茗尘亭;莆田黑鸭血样采自福建省石狮市江镇莲埭;高邮鸭血样采自高邮种鸭场;建昌鸭血样采自四川省德昌县德州镇青云路 2 号;大余鸭血样采自江西大余县;巢湖鸭血样采自安徽庐江;北京鸭血样采自北京;山麻鸭血样采自福建龙岩市新罗区;微山麻鸭血样采自山东济宁;淮南麻鸭血样采自河南固始;恩施麻鸭血样采自湖北利川;沔阳麻鸭血样采自湖北仙桃;临武鸭血样采自湖南临武;靖西大麻鸭血样采自广西靖西县;广西小麻鸭血样采自广西西林县;四川麻鸭血样采自四川南溪县;兴义鸭血样采自贵州兴义市沙镇革里;云南麻鸭血样采自晋宁县中和乡南村东;汉中麻鸭血样采自陕西汉中。每品种采集 60 只鸭的血样,翅静脉采血,用常规的酚/氯仿提取 DNA,用琼脂糖含量为 0.8 [% (W/V)] 的凝胶电泳检测质量后,置于 4℃ 保存备用。

1.2 血液基因组 DNA 的提取

参照文献[2]并稍加改进。

1.3 微卫星座位及 PCR 条件

1.3.1 鸭品种微卫星座位的筛选 根据 GenBank 和文献上提供的 35 对微卫星引物进行筛选,选择了 28 对微卫星引物作为试验座位。所选引物均表现为多态性好^[3~5]。所用引物均由上海生工生物工程技术服务有限公司(Sangon)合成。微卫星引物的信息见表 1。

表 1 28 对鸭微卫星引物的信息

Table 1 The information of 28 pairs of microsatellite primers in duck

座位 Loci	引物(5' - 3') Primer	重复序列 Repeat sequence	GenBank 序列号 Accession numbers
APL2	F: GATTCAACCTTA GCTA TCA GTCTCC R: CGCTCTTGGCAAA TGTC	(CA) ₁₅ GA (CA) ₃₂ AAA (CAA) ₄	A Y498540
APL11	F: AACTACAGGGCACCTTATTTCC R: TTGCA TCA GGGTCTGTATTTTC	(GA) ₂₅	A Y498541
APL12	F: AGTTGACCCCTAA TGTCAGCA TC R: AAGA GACACTGA GAA GTGCTATTG	(GA) ₂₇	A Y498542

续表

座位 Loci	引物(5 - 3) Primer	重复序列 Repeat sequence	GenBank 序列号 Accession numbers
APL23	F: GAA GA GGCA GTGGCAACG R: GCTGA GA TGCTCCCA GGAC	(TG) ₁₃ (TC) ₃ (TG) ₂ TCCG(TG) ₃ TCTN(TG) ₇ CG(TG) ₂ (TC) ₃ (TG) ₂ (TC) ₃ TG	A Y498544
APL26	F: AACA GGGTA AACATGA GAA GTGG R: TGA GCA GCTGTCTGGTA TCTATTC	(CA) ₁₁ (GA) ₉	A Y498545
APL36	F: ATGCTTTGCTGTTGGA GAGC R: TCCACTGGGTGCAAACAA G	(CA) ₁₃ GA(CA) ₃ (GA) ₂ (CA) ₂ GA(CA) ₁₀ GA(CA) ₇ GA(CA) ₂ TA(CA) ₅	A Y498546
APL83	F: GAA TAAA GTA ACGGGCTTCT CT R: CTGCTTGGTT TTGGAAA GT	A ₅ GA ₃ T(CA) ₇ A(CA) ₆	AJ272583
APL82	F: GGACCTCA GG AAAA TCA GTG TA R: GCA GGCA GA G CA GGAAA TA	(CA) ₉	AJ272582
APL81	F: ATTA GA GCA G GAGTTA GGA G AC R: GCAA GAA GTG GCTTTTTTC	(AC) ₁₂	AJ272581
APL80	F: GGATGTTGCC CCACATA TTT R: TTGCCTTGTT TATGAGCCAT TA	(AT) ₄ (GT) ₁₁	AJ272580
APL79	F: ACATCTTTGG CATTGAA R: CATCCACTA G AACACA GACA TT	(TTCC) ₁₈	AJ272579
APL78	F: AACCAA GACA GAA TAA TCCT TA R: GAACACA ACT GCTTTGCTA	(GT) ₉ (AT) ₅	AJ272578
APL77	F: TCACTTGCTC TTCACTTCT TT R: GTA TGACA GC A GACACGGTA A	(GT) ₁₀	AJ272577
CMO12	F: GGATGTTGCC CCACATA TTT R: TTGCCTTGTT TATGAGCCAT T	(AT) ₁₅	AJ271212
CMO11	F: CTCCACTA GA ACACA GACA T T R: CATCTTTGGC ATTTTGAA G	(GGAA) ₁₃ (GGGA) ₁₅	AJ271211
APH01	F: TACCTTGCTCTTCACTTTCTTT R: GTA TGACA GCA GACACGGTAA	(CA) ₁₀	AJ272577
APH07	F: ACA TCTTTGGCA TTTGAA R: CATCCACTA GAACACA GACATT	(GGAA) ₁₈	AJ272579
APH09	F: GGATGTTGCCCCACA TATTT R: TTGCCTTGTTTA TGA GCCATTA	(CA) ₁₁	AJ272580
APH10	F: ATTA GA GCA GGA GTTA GGA GAC R: GCAA GAA GTGGCTTTTTTC	(CA) ₁₂	AJ272581
APH11	F: GGACCTCA GGAAA TCA GTGTA R: GCA GGCA GA GCA GGAAA TA	(CA) ₉	AJ272582
APH14	F: GAA TAAA GTAACGGGCTTCTCT R: CTGCTTGGTTTTGGAAA GT	(CA) ₇ A(CA) ₆	AJ272583
SMO6	F: GGGGTGGGAAA GAA GCA GTTTA G R: TCCTGGGACTTTGAAA GTGGCTC	(TG) ₁₈ T ₄ (TG) ₂	AJ427846
SMO7	F: TTTTCACCCA GTTCACTTCA GCC R: GATTCAA A TTTGCCGCA GGA TTA	(GT) ₁₂	AJ427847
SMO9	F: TTTGGA GTTTGGA GTTCGTGGGG R: ATTTCCCTGCAAACTTACGGCA	(TG) ₁₁ (TTTG) ₁₂	AJ427849
SMO10	F: TCCTA GCGACA GCAATTCTAA TG R: CATTGTTCA TTGTTTCTTCTTCA	(TG) ₃₁	AJ427850
SMO11	F: AAA TCAACCAA GA GGCA TA GCC R: GCA GTTGTGTTTGGAGGACA GACA	(TG) ₁₂ GA(G) ₁₃ (AG) ₅	AJ427851
SMO12	F: CCTGGTGGGA TA GGTTTAAAA TG R: TGTTCA TCAAAA GCA GAGA GGGG	(TG) ₉ T ₁₁	AJ427852

续表

座位 Loci	引物(5 - 3) Primer	重复序列 Repeat sequence	GenBank 序列号 Accession numbers
SMO13	F:ACCATCTTCCTTTCCTCCCAACC R:GGGCTTGAAGCA TACTACTCCCTA	(TG) ₁₃ (AC) ₂ (TG) ₂	AJ427853

1.3.2 PCR 扩增产物的检测 每个 PCR 扩增体系 25 μ L:模板 DNA 50 ng,10 \times buffer 2.5 μ L,dNTPs 0.2 mmol/L,引物各 5 pmol/L, Mg^{2+} 2.0 mmol/L,Taq DNA 聚合酶 1U。反应条件:95 预变性 4 min;94 变性 50 s,48~64 复性 50 s,72 延伸 1 min,30~35 个循环;最后 72 延伸 5 min。扩增产物 95 变性 5 min 后立即点样于 8% 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,经成像后分析结果。所用 Taq DNA 聚合酶和 dNTPs 均购自北京鼎国生物公司,采用 pBR322DNA/ Msp Markers 作为分子量的标准对照。

1.4 数据分析

由于微卫星标记基因呈共显性,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。并根据公式计算各鸭品种中的多态信息含量(Polymorphism Information Content, PIC)、各群体全部微卫星基因座的遗传杂合度(Heterozygosity, H)和各品种间的 Nei 氏标准遗传距离(D_s)。

运用 DISPAN 软件对遗传距离 D_s 采用非加权组平均法(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 24 个鸭种中均表现出多态性,总共检测到 236 个等位基因。其中,等位基因数最多的座位为 APH09:13 个;最少的为 APL79:5 个;平均等位基因数为 8 个,平均有效等位基因数为 4.800,平均多态信息含量为 0.725。除座位 APL23 和 APL79 的 PIC 为中度多态外,其他座位的 PIC 均为高度多态座位,这与有效等位基因数的多少有关,有效等位基因数多的座位 PIC 值大,反之,则 PIC 值小。表明本研究所选 28 个微卫星中 26 个为高度多态,可以作为有效的遗传标记用于鸭种之间遗传多样性分析和系统发生关系的分析。

表 1 各微卫星座位在中国地方鸭种群体中的遗传指标

Table 1 Indexes of genetics of 28 microsatellite loci in 24 Chinese duck breeds

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	6.099	0.815
APL11	11	6.699	0.833
APL12	9	4.547	0.750
APL23	7	1.897	0.414
APL26	10	7.070	0.843
APL36	9	3.286	0.643
APL83	7	5.000	0.771
APL82	7	5.415	0.790
APL81	6	4.564	0.749
APL80	9	7.262	0.846
APL79	5	2.110	0.414
APL78	6	2.673	0.552
APL77	6	3.138	0.628
CMO12	8	6.286	0.821
CMO11	11	3.739	0.709
APH01	9	6.282	0.821
APH07	10	6.747	0.835
APH09	13	7.858	0.857
APH10	11	5.756	0.804
APH11	6	4.222	0.722
APH14	9	4.775	0.769
SMO6	8	4.662	0.756
SMO7	8	4.278	0.732
SMO9	7	5.158	0.781
SMO10	8	2.804	0.577
SMO11	7	3.219	0.635
SMO12	11	3.248	0.641
SMO13	7	5.608	0.798
Average	8.428	4.800	0.725

2.2 各品种平均杂合度和平均多态信息含量

利用 Nei 公式根据各微卫星座位等位基因频率计算各品种的群体平均杂合度和平均多态信息含量,结果见表 2 所示。24 个品种中,平均杂合度最高的为三穗鸭:0.617,其次为微山麻鸭;杂合度最低的为金定鸭:0.514。

表 2 24 个地方鸭品种在 28 个微卫星座位上的平均杂合度和平均多态信息含量

Table2 Estimation of average polymorphism information contents and heterozygosities of 24 duck breeds

Duck breeds	H	PIC	Duck breeds	H	PIC
微山麻鸭 Weishan Ma	0.606	0.521	大余鸭 Dayu	0.515	0.441
淮南麻鸭 Huainan Ma	0.573	0.490	云南麻鸭 Yunnan Ma	0.581	0.508
汉中麻鸭 Hanzhong Ma	0.544	0.470	三穗鸭 Sansui	0.617	0.535
攸县麻鸭 Youxian Ma	0.551	0.481	兴义鸭 Xingyi	0.583	0.501
临武鸭 Linwu	0.552	0.483	建昌鸭 Jianchang	0.588	0.513
巢湖鸭 Chaohu	0.566	0.488	四川麻鸭 Sichuan Ma	0.568	0.487
荆江麻鸭 Jingjiang Ma	0.603	0.522	靖西大麻鸭 Jingxi Ma	0.582	0.497
沔阳麻鸭 Mianyang Ma	0.596	0.509	广西小麻鸭 Guangxi Ma	0.603	0.523
恩施麻鸭 Enshi Ma	0.600	0.524	金定鸭 Jinding	0.514	0.435
北京鸭 Pekin	0.549	0.470	连城白鸭 Liangcheng White	0.526	0.442
绍兴鸭 Shaoxing	0.580	0.497	莆田黑鸭 Putian Black	0.535	0.457
高邮鸭 Gaoyou	0.563	0.484	山麻鸭 Shanma	0.566	0.494

2.3 品种间的遗传距离和聚类分析

本研究基于等位基因频率用 DISPAN 软件计算出各品种间的 D_s 遗传距离(表 3),同时根据 D_s

遗传距离采用 NJ 法进行了聚类,聚类结果见图 1。从表 3 中可以看出:金定鸭和山麻鸭的遗传距离最近;四川麻鸭和汉中麻鸭的遗传距离最远。

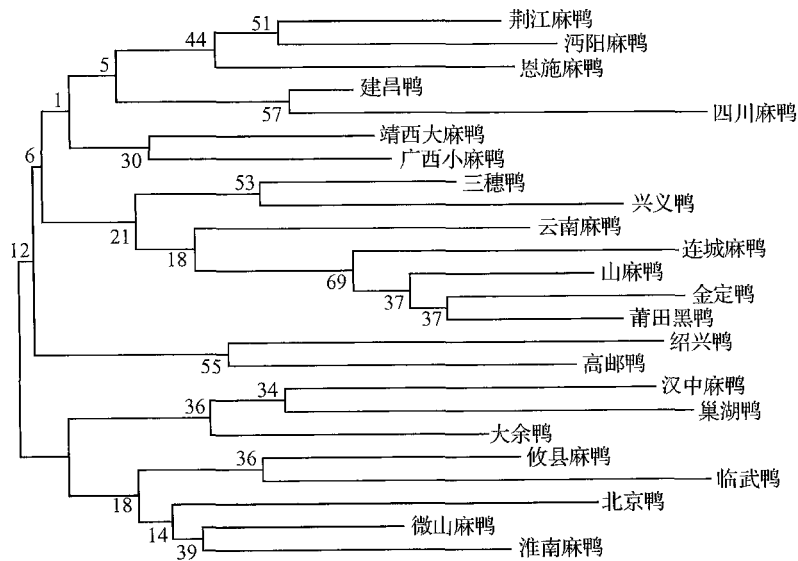


图 1 24 个地方鸭品种的 NJ 聚类图

Fig. 1 Dendrogram of relationships among 24 indigenous breeds using NJ method

3 讨论

3.1 各品种遗传多样性分析

多态信息含量(PIC)是衡量片段多态性的指标。Botstein 等首先提出了衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标:当 PIC > 0.5 时,该座位为高度多态座位;0.25 < PIC < 0.5 时为中度多态性座位;PIC < 0.25 时为低度多态性^[6]。本研究中最高的 APH09 座位的 PIC 为 0.857;最低的 APL23 和

APL79 座位 PIC 为 0.414,24 个群体在 28 个微卫星座位上的平均 PIC 为 0.725,除 APL23、APL79 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我国地方鸭品种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 个座位上的遗传变异。一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数。本研究结果表明,平均

杂合度最高的三穗鸭为 0.617, 金定鸭最低为 0.514, 我国地方鸭品种资源全部群体平均杂合度为 0.569, 遗传多样性较低, 选择的潜力相对较小。

3.2 群体系统发生关系分析

测定群体间的遗传距离有多种方法, 但从遗传学的观点来看, 遗传距离的最适宜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座位的基因频率数据估算每个座位的平均密码子差数的统计方法^[7]。据此, 本研究计算出我国 24 个地方鸭品种之间的 Nei 氏标准遗传距离(表 3), 并根据遗传距离和等位基因频率 NJ 聚类图(图 1)。据聚类图 1, 24 个地方鸡种被聚类为 5 个类群。

类: 湖北省蛋用型鸭种恩施麻鸭、荆江麻鸭、兼用型的沔阳麻鸭先聚在一起, 而后与四川省两个均为

兼用型的建昌鸭和四川麻鸭聚在一起, 最后与广西省兼用型的靖西大麻鸭和蛋用型的广西小麻鸭聚为一个大的类群; 类: 贵州省蛋用的三穗鸭和小型兼用的兴义鸭与云南蛋肉兼用的云南麻鸭、福建省 4 个优秀的蛋用型鸭种连城白鸭、莆田黑鸭、金定鸭、山麻鸭聚为另一大类群; 类: 浙江省蛋用的绍兴鸭和江苏省蛋肉兼用的高邮鸭聚为一类, 但二者的遗传距离较远; 类: 安徽省的蛋鸭巢湖鸭、陕西兼用型的汉中麻鸭、江西省肉用的大余鸭 3 鸭种聚类一类; 类: 湖南省蛋用型攸县麻鸭和本省蛋肉兼用的临武鸭先聚在一起, 而后与北京市兼用型的北京鸭、山东省蛋用品种微山麻鸭、河南小型蛋用品种淮南麻鸭聚为一大类群。

表 3 各个品种间的遗传距离 D_s

Table 3 Nei's standard genetic distance between Chinese duck breeds

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24		
2	0.336																								
3	0.682	0.695																							
4	0.376	0.468	0.820																						
5	0.552	0.673	0.822	0.458																					
6	0.676	0.814	0.504	0.780	0.602																				
7	0.557	0.596	0.774	0.848	0.981	0.714																			
8	0.710	0.613	0.902	0.789	1.007	0.694	0.332																		
9	0.652	0.693	0.691	0.697	0.861	0.588	0.415	0.389																	
10	0.427	0.497	0.671	0.485	0.722	0.814	0.520	0.796	0.814																
11	0.770	0.771	0.709	0.789	0.83	1.025	0.652	0.777	0.726	0.743															
12	0.658	0.596	0.749	0.572	0.861	0.766	0.831	0.737	0.679	0.779	0.509														
13	0.464	0.57	0.392	0.532	0.667	0.570	0.568	0.730	0.822	0.545	0.694	0.656													
14	0.687	0.816	0.632	0.769	0.656	0.624	0.564	0.534	0.480	0.822	0.746	0.745	0.610												
15	0.587	0.661	0.498	0.664	0.879	0.655	0.608	0.659	0.406	0.753	0.613	0.533	0.701	0.377											
16	0.652	0.660	0.592	0.690	0.910	0.868	0.692	0.746	0.677	0.56	0.861	0.776	0.742	0.548	0.368										
17	0.451	0.529	0.748	0.507	0.746	0.563	0.469	0.409	0.357	0.513	0.532	0.530	0.460	0.478	0.478	0.713									
18	0.602	0.829	1.079	0.805	0.686	0.707	0.67	0.617	0.688	0.736	0.654	0.812	0.668	0.815	0.826	0.912	0.316								
19	0.379	0.452	0.762	0.362	0.710	0.779	0.455	0.422	0.444	0.586	0.678	0.522	0.571	0.438	0.445	0.652	0.398	0.677							
20	0.388	0.461	0.782	0.472	0.590	0.734	0.441	0.487	0.488	0.623	0.740	0.537	0.479	0.541	0.543	0.601	0.430	0.663	0.309						
21	0.827	0.79	0.823	0.861	0.624	0.883	0.666	0.569	0.712	0.872	0.626	0.732	0.72	0.587	0.748	0.738	0.744	0.788	0.653	0.603					
22	0.760	0.793	0.823	0.811	0.746	0.811	0.649	0.751	0.667	0.837	0.774	0.855	0.65	0.472	0.622	0.772	0.663	0.740	0.624	0.589	0.368				
23	0.773	0.788	0.593	0.785	0.639	0.739	0.681	0.696	0.528	0.814	0.632	0.857	0.754	0.528	0.554	0.555	0.659	0.850	0.620	0.639	0.272	0.378			
24	0.598	0.705	0.626	0.843	0.703	0.679	0.726	0.64	0.600	0.836	0.686	0.603	0.719	0.549	0.462	0.646	0.653	0.770	0.688	0.590	0.267	0.402	0.296		

表中数字依次代表的品种为: 微山麻鸭、淮南麻鸭、汉中麻鸭、攸县麻鸭、临武鸭、巢湖鸭、荆江麻鸭、沔阳麻鸭、恩施麻鸭、北京鸭、绍兴鸭、高邮鸭、大余鸭、云南麻鸭、三穗鸭、兴义鸭、建昌鸭、四川麻鸭、靖西大麻鸭、广西小麻鸭、金定鸭、连城白鸭、莆田黑鸭、山麻鸭

The ordinal number in table represents Weishan Ma, Huainan Ma, Hanzhong Ma, Youxian Ma, Linwu, Chaozu, Jingjiang Ma, Mianyang Ma, Enshi Ma, Pekin, Shaoxing, Gaoyou, Dayu, Yunnan Ma, Sansui, Xingyi, Jianchang, Sichuan Ma, Jingxi Ma, Guangxi Ma, Jinding, Liangcheng White, Putian Black, Shanma, respectively

我国地方鸭品种均属于河鸭属, 本聚类结果与各品种的生态地域分布和经济类型有一定的关系, 尤其与生态地域的关系较为密切, 由此可见, 遗传距离与地理距离存在一定的相关性, 家鸭之间的遗传

差异, 反映了生态条件和育成历史对品种形成的作用。图 1 中自举检验估计聚类图中结点的自展置信值较低(bootstrap value), 这可能主要是在聚类的品种间还存在其它过渡的品种, 因此不能从图中得

到在统计学上具有显著意义的自展置信值。大量理论研究、计算机模拟和实例分析表明,标记数目对于所研究品种的遗传杂合度、品种间遗传距离、绘制系统发生树的精确性和可靠性至关重要^[8],因此,FAO 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,每个座位上至少与 4 个等位基因^[9],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,虽然聚类图的自展置信值普遍较低,但该图仍是在所用重建算法下所能构建的最完善的树。因此聚类结果可以有效的说明这些地方品种之间的遗传分化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。

3.3 保种与选育的探讨

我国地方鸭品种资源比我国地方鸡品种和地方鹅品种的遗传多样性相对较低,选择的潜力相对较小。据分析可能是由于各保种场(区)对这些优良地方品种在很大程度上有一定的近交,因为随着现代水禽业市场的发展,多数育种场广泛使用专门化品系的杂交配套,以为数有限品种或品系组成配套禽种的大量推广,使水禽品种资源的匮乏和消失显得更加严重,一些优良的地方品种(建昌鸭、四川麻鸭等)即使在原产地也很难找到,尤其是在本研究的实际采样过程中,山东省的文登黑鸭和广东省的中山麻鸭已经濒临灭绝的实际状态分别得到证实,所以未曾采集到。物种的保护必需要考虑它们所生存的生态系统和景观的多样性及完整性^[10],水禽的保护尤其要注意这一点。

保种与选育不是选与不选的关系,许多育种技术可以用于保种群体,但对保种群的选育必须与保种的目标相一致,不一定要追求某一方面的高产^[11]。应将保种工作视为一个整体的系统工程,即以系统观点为核心,以具体遗传特性为目标,以结合品种选育为主要手段进行遗传资源的保护。这就是说,按照系统保种的理论,如果保种目标明确,且与选择利用基本一致,那么选择将不再是保种的有害因素。通过选择,可以抵制突变、漂变、近交等对目标性状的不利影响,保住目标性状的把握将大大超过随机保种。由于选择变成了保种的手段,选种与保种就不再对立,可以在同一群体中进行,保种群在保住目标性状的前提下,可以改进提高其他与目标性状不相矛盾的经济性状,这就使大多

数人主张的“动态保种”得以实现,大部分保种的经济问题也可以解决。由此可见,保种和选育是可以有机结合的,应以开发带动保种,以保种促进开发,使一些具有独特性状,产品有一定市场优势的地方品种达到规模化生产和专门化生产,并形成地方品种产业化的生产部门。因此,建议应对一些优良的地方品种建立保种选育群,并加强这些品种的开发利用力度,实现以水禽品种的开发利用来支持水禽种质资源的保存,既保了种又充分发挥了品种资源的经济优势,这必将促进我国水禽业的发展。

参考文献:

- [1] Barker P S F. A global protocol for determining genetic distance among domestic livestock breeds [A]. In: Proceeding of 5th World Congress on Genetic Application of Livestock Production. 1994, 21: 501 ~ 508.
- [2] 萨姆布鲁克,弗里奇,曼尼阿蒂斯. 分子克隆实验指南(第 2 版),北京:科学出版社,2002.
- [3] Maak S, Neumann K, von Lengerken G, *et al.* First seven microsatellites developed for the Peking duck (*Anas platyrhynchos*) [J]. *Anim Genet*, 2000, 31 (3): 233.
- [4] 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.
- [5] Denk G A, Gautschi B, Carter K, *et al.* Seven polymorphic microsatellite loci for paternity assessment in the mallard (*Anas platyrhynchos*) [J]. *Molecular Ecology*, 2004, 4: 506 ~ 508.
- [6] 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研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2005, 36(8): 755 ~ 760.
- [7] 贾斌,陈杰出,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.
- [8] 陈红菊,岳永生,樊新忠,等. 山东地方鸡种遗传距离与聚类分析方法比较研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2004, 35(1): 33 ~ 36.
- [9] 张云武,张亚平, Airyder O. 微卫星及其应用[J]. *动物学研究*, 2001, 22(4): 315 ~ 320.
- [10] 盛连喜,何春光,万忠娟. 中国水禽的保护生物学研究进展[J]. *湿地科学*, 2003, 1(1): 26 ~ 32.
- [11] 吴常信. 畜禽遗传资源保存的理论与技术[J]. *家畜生态*, 2001, 22(1): 1 ~ 4.