中国科学 C 辑:生命科学 2008 年 第 38 卷 第 1 期: 43 ~ 51
www.scichina.com life.scichina.com
《中国科学》杂志社
SCIENCE IN CHINA PRESS

# 红色原鸡和中国家鸡遗传多样性及亲缘关系

包文斌[①], 陈国宏[①*], 李碧春[①], 吴信生[①], 束婧婷[①], 吴圣龙[①], 徐琪[①]
Steffen Weigend[②]

① 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009;
② Institute for Animal Breeding, Federal Agricultural Research Centre, Mariensee, 31535, Germany
* 联系人, E-mail: ghchen@yzu.edu.cn

收稿日期: 2006-09-07; 接受日期: 2007-08-28
国家高技术研究发展计划 (批准号: 2006AA10Z1E7)和国家自然科学基金(批准号: 30170673)资助项目

**摘要** 对红色原鸡 (*Gallus gallus*) 和中国家鸡 (*Gallus domesticus*) 之间的遗传多样性和亲缘关系进行系统分析, 可以为中国家鸡的起源进化、种质资源保护以及科学开发利用等研究提供理论依据, 但迄今尚未见用微卫星标记进行分析比较的公开报道. 本研究利用 29 对微卫星引物对红色原鸡 *Gallus gallus spadiceus* 亚种和 *Gallus gallus gallus* 亚种以及 14 个中国家鸡品种的 568 只个体进行扫描, 共检测到 286 个等位基因, 平均值为 9.86 ± 6.36; 所有群体的期望杂合度为 0.6708 ± 0.0251, 皖南三黄鸡的期望杂合度最高 (0.6442), 固始鸡的最低 (0.4532). 单个位点偏离 Hardy-Weinberg 平衡的群体数从 0~7 不等. 整个群体平均遗传分化为 17.9%($P$<0.001), 约有 16.7%的遗传变异源自群体间的差异, 所有的位点都极显著地贡献于这一结果 ($P$<0.001); 杂合子缺失的水平很高, 为 0.015($P$<0.01), 有 8 个位点显示显著的杂合子缺失. 群体间的 Reynolds' 遗传距离从 0.036 (萧山鸡–鹿苑鸡)~0.371 (泰国红色原鸡–河南斗鸡)不等, 而 *Nm* 值变异范围为从 0.583 (泰国红色原鸡–河南斗鸡)~5.833 (萧山鸡–鹿苑鸡). NJ 系统发生树中, 鹿苑鸡、萧山鸡、北京油鸡、河南斗鸡、淮南麻黄鸡、狼山鸡等重体型的鸡种首先形成一大类; 鹿苑鸡与萧山鸡以及茶花鸡与藏鸡有着较近的遗传关系; 茶花鸡和藏鸡与两个红色原鸡亚种亲缘关系较近, 中国红色原鸡 *Gallus gallus spadiceus* 亚种与所有中国家鸡品种的亲缘关系比泰国红色原鸡 *Gallus gallus gallus* 亚种要近. 结果表明: 29 个微卫星位点均具有较高的多态性, 红色原鸡和中国家鸡群体间存在着极显著的遗传分化; 中国家鸡和红色原鸡两个亚种的亲缘关系从近到远的排序是: 进化型品种 – 原始型品种 (茶花鸡与藏鸡) – 中国红色原鸡亚种 (*Gallus gallus spadiceus*) – 泰国红色原鸡亚种 (*Gallus gallus gallus*). 提示家鸡可能起源于不同的原鸡亚群体, 且中国家鸡具有独立的起源.

**关键词**
红色原鸡 (*Gallus gallus*)
家鸡 (*Gallus domesticus*)
微卫星
遗传多样性
亲缘关系

自达尔文提出家鸡 (*Gallus domesticus*) 起源于红色原鸡 (*Gallus gallus*) 的假说以来, 红色原鸡作

为家鸡的祖先已被人们普遍接受. 我国幅员辽阔, 地理、生态、气候条件多样, 加之长期以来经过广大劳动者的驯养和精心选育, 使得我国成为世界上家鸡遗传资源最为丰富的国家之一. 研究认识红色原鸡和中国家鸡遗传多样性及亲缘关系是保护和利用鸡种质资源的前提, 对于中国家鸡的起源进化、种质资源保护以及科学开发利用等研究都有重要的指导意义. 关于原鸡和家鸡亲缘关系, 已有诸多学者从形态学、考古学、蛋白多态、DNA指纹和线粒体DNA的角度进行过分析[1~4], 但关于红色原鸡*Gallus gallus spadiceus*亚种和*Gallus gallus gallus*亚种是否为同一亚种, 中国家鸡是起源于泰国附近地区的红色原鸡*Gallus gallus gallus*亚种还是具有自己独立的起源, 目前还存在不同的看法[4~6]. 微卫星标记因其高度的多态性、广泛而又随机地分布于整个基因组以及共显性遗传的特点, 目前已经成为群体遗传结构、遗传多样性研究中的最普遍、最有效的工具之一[7,8], 但对红色原鸡遗传结构及其与家鸡亲缘关系的研究多集中于线粒体DNA的部分序列分析[4], 迄今还未有利用微卫星标记对红色原鸡和中国家鸡遗传多样性及亲缘关系进行分析比较的公开报道. 本研究利用国际通用的 29 对微卫星引物对红色原鸡*Gallus gallus spadiceus*亚种和*Gallus gallus gallus*亚种以及 14 个中国家鸡品种的 568 只个体进行扫描, 对红色原鸡和中国家鸡之间的遗传多样性进行系统分析, 以期能够对于这些群体间的遗传分化有更好地了解, 并探讨中国家鸡和红色原鸡的亲缘关系, 进而对制订更有效的鸡种质资源保护与利用措施提供科学依据.

## 1 材料与方法

### 1.1 实验动物

仙居鸡、茶花鸡、鹿苑鸡、白耳鸡、藏鸡、固始鸡、大骨鸡、河南斗鸡、狼山鸡、丝羽乌骨鸡、萧山鸡、北京油鸡等 12 个家鸡品种均来自中国农业科学研究院家禽科学研究所国家地方禽种资源基因库, 淮南麻黄鸡来自于安徽省淮南市农业科学院淮南麻黄鸡保种群, 皖南三黄鸡来自于安徽省池州市青阳县皖南黄鸡保种场, 每个品种鸡随机采 32~40 个血样. 红色原鸡*Gallus gallus spadiceus*亚种的 30 只个体采自云南省野生动物救护中心, 酚/氯仿法[9]提取血样中DNA, 提取的DNA用紫外分光光度计测定其含量和纯度, –20℃保存备用. 红色原鸡*Gallus gallus gallus*的亚种 26 个DNA样本由欧洲 AVIANDIV 研究项目组Steffen Weigend 博士提供. 16 个群体原产地和样本数见表 1.

### 1.2 基因型测定

29 对微卫星引物信息列于表 2 (引物序列由德国

**表 1 16 个鸡群体主产地和采样数**

| 群体 | 主产地 | 采样数/羽 |
|---|---|---|
| 仙居鸡 | 浙江仙居 | 38 |
| 茶花鸡 | 云南西双版纳 | 38 |
| 鹿苑鸡 | 江苏张家港 | 34 |
| 固始鸡 | 河南固始 | 40 |
| 藏鸡 | 西藏甘孜和阿坝地区 | 38 |
| 白耳鸡 | 江西上饶 | 34 |
| 大骨鸡 | 辽宁庄河 | 34 |
| 河南斗鸡 | 河南郑州 | 32 |
| 狼山鸡 | 江苏如东 | 40 |
| 泰和乌骨鸡 | 江西泰和 | 40 |
| 萧山鸡 | 浙江萧山 | 40 |
| 北京油鸡 | 北京朝阳 | 38 |
| 淮南麻黄鸡 | 安徽淮南 | 32 |
| 皖南三黄鸡 | 安徽池州 | 32 |
| 红色原鸡 | 云南思茅 | 32 |
| 红色原鸡 | 泰国 | 26 |

**表 2　29 个微卫星标记所在染色体、等位基因数、等位基因大小、平均期望杂合度、多态信息含量**

| 座位 | 染色体 | 等位基因数 | 等位基因大小/bp | 期望杂合度 | 多态信息含量 |
|---|---|---|---|---|---|
| MCW0103 | Chr.3 | 2 | 266~270 | 0.4506 | 0.29 |
| MCW0216 | Chr.13 | 8 | 137~149 | 0.5290 | 0.27 |
| MCW0295 | Chr.4 | 12 | 88~110 | 0.7177 | 0.57 |
| ADL0278 | Chr.8 | 12 | 114~129 | 0.6704 | 0.44 |
| MCW0222 | Chr.3 | 4 | 220~226 | 0.6080 | 0.46 |
| MCW0037 | Chr.3 | 6 | 154~159 | 0.6581 | 0.43 |
| ADL0268 | Chr.1 | 8 | 104~118 | 0.7180 | 0.53 |
| MCW0183 | Chr.7 | 15 | 291~324 | 0.7308 | 0.49 |
| MCW0014 | Chr.6 | 11 | 160~186 | 0.6774 | 0.51 |
| MCW0067 | Chr.10 | 6 | 178~186 | 0.6411 | 0.50 |
| MCW0098 | Chr.4 | 2 | 263~265 | 0.2915 | 0.29 |
| LEI0166 | Chr.3 | 7 | 354~376 | 0.6203 | 0.42 |
| MCW0069 | E46C08W18 | 9 | 158~176 | 0.7584 | 0.63 |
| MCW0081 | Chr.5 | 7 | 114~135 | 0.4702 | 0.27 |
| ADL0112 | Chr.10 | 4 | 124~132 | 0.4999 | 0.35 |
| MCW0034 | Chr.2 | 17 | 212~246 | 0.8301 | 0.67 |
| MCW0111 | Chr.1 | 12 | 96~120 | 0.7287 | 0.62 |
| MCW0078 | Chr.5 | 5 | 135~143 | 0.6650 | 0.50 |
| MCW0206 | Chr.2 | 11 | 221~247 | 0.7020 | 0.55 |
| LEI0094 | Chr.4 | 22 | 247~289 | 0.8849 | 0.78 |
| MCW0248 | Chr.1 | 5 | 215~223 | 0.6009 | 0.49 |
| LEI0234 | Chr.2 | 30 | 216~386 | 0.9205 | 0.81 |
| MCW0330 | Chr.17 | 7 | 258~290 | 0.7407 | 0.60 |
| MCW0016 | Chr.3 | 11 | 162~188 | 0.7198 | 0.56 |
| MCW0104 | Chr.13 | 19 | 190~232 | 0.8219 | 0.67 |
| MCW0020 | Chr.1 | 5 | 179~187 | 0.6420 | 0.50 |
| MCW0165 | Chr.23 | 3 | 114~118 | 0.5595 | 0.45 |
| MCW0080 | E18W15 | 15 | 266~282 | 0.7140 | 0.70 |
| MCW0123 | Chr.14 | 11 | 76~98 | 0.7907 | 0.67 |
| 平均值 | | 9.86 (6.36) | | 0.6663 (0.1325) | 0.52 (0.14) |

括号中为等位基因数、期望杂合度、多态信息含量的标准差

联邦农业研究中心动物科学研究所 Steffen Weigend 博士提供). 8 μL 反应体系: 模板 DNA 20 ng, 正向引物、反向引物各 10 pmol/L, 其中正向引物标有 IRD700 或 IRD800 (MWG-Biotech, Ebersberg, Germany), 4 μL HotStarTaq Master Mix (QIAGEN, Germany). 扩增程序为 95℃预变性 15 min; 95℃变性 1 min, 48～63℃复性 1 min, 72℃延伸 1 min, 35 个循环; 最终 72℃延伸 5 min. 特异的扩增产物经 8%聚丙烯酰胺凝胶电泳, 根据每对引物特定的 DNA Ladders, 通过 LICOR 4200 DNA 自动分析仪 (LI-COR Biotechnology Division, Lincoln, NE) 判定等位基因大小.

### 1.3　统计方法

(1) 遗传多样性计算: 利用Micrisatellite-Toolkit软件[10]计算等位基因频率、观察杂合度与期望杂合度. 根据Botstein等人[11]的公式计算每一个群体每一个位点的多态信息含量.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2 - 2\sum_{i=1}^{n-1}\sum_{j=i+1}^{n} p_i^2 p_j^2$$

$n$为等位基因数, $p_i$为第$i$个等位基因的基因频率, $p_j$为第$j$个等位基因的基因频率.

(2) 遗传分化的计算: 根据FSTAT程序[12]计算$F$-statistics 固定指数, 由 Benferroni 程序计算$F$-statistics 的显著性. 品种间的$F_{ST}$值则通过GENEPOP程序[13]算得. 群体间的Reynolds'遗传距离则由$F_{ST}$值算得, $D_R$=–ln (1–$F_{ST}$).

(3) 基因流动($Nm$)的计算: 群体间每代繁殖成功的迁移数, 由$F_{ST}$=1/(4$Nm$+1)获得.

(4) 聚类: 利用PHYLIP软件包, 基于Reynolds'

遗传距离运用NJ聚类法[14]构建系统发生树, 应用自举检验 (bootstrap test) 估计系统中结点的自引导值 (bootstrap value).

## 2 结果与分析

### 2.1 群体内的遗传变异

两个红色原鸡亚种和 14 个家鸡品种共检测到 286 个等位基因. 平均期望杂合度、平均多态信息含量列于表 2. 单个位点的等位基因数从 2 (MCW0103 和 MCW0098) ~30 (LEI0234) 不等, 平均为 9.86±6.36. 对于整个群体, MCW0098 位点的期望杂合度和 *PIC* 值最低, 为 0.2915 和 0.29; 而 LEI0234 位点则拥有最高的期望杂合度和 *PIC* 值, 为 0.9205 和 0.81. 各群体的平均期望杂合度列于表 3. 所有的群体均显示较高的杂合度. 固始鸡最低, 为 0.4532, 皖南三黄鸡最高, 为 0.6442. 所有 16 个群体的期望杂合度为 0.6708±0.0251.

$F_{IS}$值以及Ⅰ型错误的可能性被用来作为精确评价偏离Hardy-Weinberg平衡的指标. 估计了每一个群体在每一个位点偏离Hardy-Weinberg平衡的水平(数据未列出), 单个位点偏离Hardy-Weinberg平衡的群体数从 0~7 不等(表 4).

### 2.2 群体间的遗传分化

通过每个位点的固定指数$F_{IT}$, $F_{IS}$, $F_{ST}$检验群体的遗传分化. 16 个群体 29 个位点的*F*-statistics分析结果见表 4. 对于整个群体而言, 平均遗传分化为 16.7%($P$<0.001), 所有的位点都显著地贡献于这一结果 ($P$<0.001). 杂合子缺失的水平很高, 为 0.015 ($P$<0.01). 有 8 个位点, MCW0216, MCW0295, MCW0222, MCW-0014, LEI0094, MCW0248, LEI0234, MCW0165 显示显著或极显著的杂合子缺失, 其$F_{IS}$值分别为 0.097 ($P$<0.01), 0.063 ($P$<0.05), 0.118 ($P$<0.001), 0.062 ($P$<0.01), 0.109 ($P$<0.001), 0.062 ($P$<0.05), 0.068 ($P$<0.001)和 0.128 ($P$<0.010).

表 5 列出了群体间的 Reynolds' 遗传距离和基因流动值. Reynolds' 遗传距离从 0.036 (萧山鸡–鹿苑鸡) ~0.371 (泰国红色原鸡–河南斗鸡) 不等, 而 *Nm* 值变异范围为从 0.583 (泰国红色原鸡–河南斗鸡)~5.833 (萧山鸡–鹿苑鸡).

### 2.3 聚类

利用 NJ 聚类法及 Reynolds' 遗传距离构建了两个红色原鸡亚种和 14 个中国家鸡品种的系统发生树 (图 1). 尽管自举值并不是总支持群体间的关系, 但

**表 3 各群体检测到的等位基因数、平均观察杂合度与平均期望杂合度**

| 群体 | 简称 | 等位基因数 (平均值±标准差) | 平均期望杂合度 (平均值±标准差) | 平均观察杂合度 (平均值±标准差) |
|---|---|---|---|---|
| 仙居鸡 | XJ | 3.90±2.19 | 0.5320±0.0324 | 0.5068±0.0152 |
| 茶花鸡 | CH | 4.34±2.02 | 0.5410±0.0357 | 0.4968±0.0154 |
| 鹿苑鸡 | LY | 4.24±2.01 | 0.5784±0.0288 | 0.5320±0.0161 |
| 固始鸡 | GS | 3.31±1.39 | 0.4532±0.0381 | 0.4489±0.0146 |
| 藏鸡 | TC | 5.24±2.63 | 0.6033±0.0337 | 0.6054±0.0149 |
| 白耳鸡 | BE | 4.07±2.30 | 0.5172±0.0358 | 0.4847±0.0161 |
| 大骨鸡 | DG | 4.93±2.30 | 0.6271±0.0317 | 0.6404±0.0151 |
| 河南斗鸡 | HG | 3.72±1.77 | 0.5184±0.0375 | 0.5214±0.0162 |
| 狼山鸡 | LS | 4.10±1.93 | 0.5477±0.0303 | 0.6267±0.0142 |
| 泰和乌骨鸡 | TS | 4.48±1.99 | 0.5696±0.0305 | 0.5642±0.0146 |
| 萧山鸡 | XS | 4.38±1.90 | 0.6039±0.0228 | 0.6125±0.0143 |
| 北京油鸡 | BF | 4.28±1.71 | 0.5405±0.0312 | 0.5626±0.0150 |
| 淮南麻黄鸡 | HP | 5.55±2.86 | 0.6194±0.0312 | 0.5727±0.0165 |
| 皖南三黄鸡 | WTY | 6.38±3.51 | 0.6442±0.0268 | 0.6053±0.0161 |
| 泰国红色原鸡 | GGG | 4.79±1.84 | 0.6385±0.0311 | 0.5783±0.0180 |
| 中国红色原鸡 | GGS | 3.79±1.37 | 0.5379±0.0335 | 0.5356±0.0169 |

**表 4　*F*-statistics统计分析结果以及各位点偏离Hardy-Weinberg平衡的群体数**[a)]

| 座位 | 总近交系数 $F_{IT}=F$ | 群体分化系数 $F_{ST}=\theta$ | 群体内的近交系数 $F_{IS}=f$ | 偏离平衡的群体数 |
|---|---|---|---|---|
| MCW0103 | 0.143*** | 0.170*** | −0.033 | 1 |
| MCW0216 | 0.257*** | 0.177*** | 0.097** | 3 |
| MCW0295 | 0.190*** | 0.135** | 0.063* | 3 |
| ADL0278 | 0.292*** | 0.277*** | 0.021 | 1 |
| MCW0222 | 0.233*** | 0.131*** | 0.118*** | 5 |
| MCW0037 | 0.250*** | 0.215*** | 0.044 | 2 |
| ADL0268 | 0.150*** | 0.214*** | −0.081 | 3 |
| MCW0183 | 0.224*** | 0.221*** | 0.003 | 0 |
| MCW0014 | 0.226*** | 0.174*** | 0.062** | 3 |
| MCW0067 | 0.077** | 0.107*** | −0.033 | 1 |
| MCW0098 | 0.114** | 0.123*** | −0.010 | 0 |
| LEI0166 | 0.236*** | 0.225*** | 0.014 | 0 |
| MCW0069 | 0.143*** | 0.169*** | −0.030 | 1 |
| MCW0081 | 0.308*** | 0.303*** | 0.009 | 0 |
| ADL0112 | 0.138*** | 0.217*** | −0.101 | 3 |
| MCW0034 | 0.108*** | 0.138*** | −0.035 | 1 |
| MCW0111 | 0.124*** | 0.132*** | −0.010 | 2 |
| MCW0078 | 0.136*** | 0.162*** | −0.031 | 3 |
| MCW0206 | 0.142*** | 0.116*** | 0.029 | 2 |
| LEI0094 | 0.236*** | 0.143*** | 0.109*** | 7 |
| MCW0248 | 0.190*** | 0.137*** | 0.062* | 1 |
| LEI0234 | 0.222*** | 0.166*** | 0.068*** | 4 |
| MCW0330 | 0.207*** | 0.200*** | 0.022 | 2 |
| MCW0016 | 0.185*** | 0.172*** | 0.016 | 3 |
| MCW0104 | 0.117*** | 0.166*** | −0.060 | 2 |
| MCW0020 | 0.138*** | 0.111*** | 0.031 | 3 |
| MCW0165 | 0.222*** | 0.107*** | 0.128*** | 3 |
| MCW0080 | 0.140*** | 0.148*** | −0.010 | 3 |
| MCW0123 | 0.079*** | 0.117*** | −0.043 | 3 |
| 平均值 | 0.179 (0.011) *** | 0.167 (0.008) *** | 0.015(0.011) ** | |

a) 平均值来自 jack-knife, 括号中为标准偏差, *$P$<0.05, **$P$<0.01, ***$P$<0.001

**表 5　群体间Reynolds'遗传距离$D_R$(上三角)及基因流动值$Nm$(下三角)**

| 群体 | XJ | CH | LY | GS | TC | BE | DG | HG | LS | TS | XS | BF | HP | WTY | GGG | GGS |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| XJ | | 0.244 | 0.140 | 0.155 | 0.072 | 0.103 | 0.080 | 0.290 | 0.137 | 0.108 | 0.191 | 0.222 | 0.081 | 0.122 | 0.227 | 0.207 |
| CH | 1.158 | | 0.174 | 0.242 | 0.063 | 0.138 | 0.146 | 0.130 | 0.245 | 0.250 | 0.175 | 0.180 | 0.148 | 0.135 | 0.274 | 0.122 |
| LY | 1.435 | 0.918 | | 0.114 | 0.080 | 0.108 | 0.123 | 0.184 | 0.170 | 0.148 | 0.036 | 0.059 | 0.084 | 0.056 | 0.246 | 0.181 |
| GS | 1.755 | 0.655 | 0.923 | | 0.123 | 0.119 | 0.172 | 0.214 | 0.243 | 0.205 | 0.131 | 0.126 | 0.110 | 0.070 | 0.330 | 0.219 |
| TC | 4.740 | 4.576 | 1.640 | 1.283 | | 0.053 | 0.042 | 0.150 | 0.134 | 0.117 | 0.110 | 0.126 | 0.114 | 0.063 | 0.203 | 0.106 |
| BE | 2.196 | 1.117 | 1.351 | 0.884 | 2.182 | | 0.068 | 0.126 | 0.130 | 0.126 | 0.110 | 0.154 | 0.074 | 0.062 | 0.282 | 0.146 |
| DG | 1.918 | 1.198 | 1.755 | 1.145 | 2.407 | 1.627 | | 0.173 | 0.101 | 0.124 | 0.176 | 0.196 | 0.079 | 0.093 | 0.231 | 0.191 |
| HG | 1.134 | 0.781 | 1.102 | 0.862 | 1.175 | 1.037 | 1.431 | | 0.273 | 0.308 | 0.178 | 0.176 | 0.152 | 0.119 | 0.371 | 0.203 |
| LS | 1.448 | 0.835 | 1.271 | 0.805 | 1.467 | 1.374 | 1.543 | 1.062 | | 0.065 | 0.232 | 0.250 | 0.076 | 0.163 | 0.247 | 0.216 |
| TS | 1.765 | 1.101 | 1.186 | 1.143 | 2.086 | 1.226 | 2.031 | 1.046 | 1.167 | | 0.194 | 0.233 | 0.102 | 0.133 | 0.214 | 0.210 |
| XS | 1.425 | 0.928 | 5.833 | 0.968 | 1.586 | 1.527 | 2.080 | 1.134 | 1.298 | 1.313 | | 0.054 | 0.138 | 0.076 | 0.230 | 0.148 |
| BF | 1.033 | 0.817 | 1.538 | 0.765 | 1.262 | 0.950 | 1.468 | 0.985 | 1.047 | 0.999 | 1.583 | | 0.149 | 0.089 | 0.253 | 0.162 |
| HP | 2.462 | 1.315 | 1.968 | 1.170 | 3.110 | 1.951 | 2.955 | 1.435 | 2.058 | 1.792 | 1.863 | 1.571 | | 0.050 | 0.265 | 0.178 |
| WTY | 2.503 | 1.405 | 1.953 | 1.482 | 3.212 | 2.298 | 3.555 | 1.512 | 1.729 | 2.124 | 2.348 | 1.598 | 4.750 | | 0.241 | 0.170 |
| GGG | 0.734 | 0.720 | 0.679 | 0.833 | 1.046 | 0.601 | 1.019 | 0.583 | 0.725 | 0.822 | 0.730 | 0.651 | 0.932 | 1.229 | | 0.167 |
| GGS | 1.081 | 1.293 | 1.109 | 0.695 | 1.638 | 1.079 | 1.653 | 0.913 | 0.954 | 1.332 | 1.289 | 0.936 | 1.807 | 2.078 | 1.040 | |

还是可以清晰的发现鹿苑鸡、萧山鸡、北京油鸡、河南斗鸡和淮南麻黄鸡、狼山鸡首先形成一大类，这个类群均为重体型的鸡种；鹿苑鸡与萧山鸡以及茶花鸡与藏鸡有着较近的遗传关系，聚在一起的自举值分别为 99.3%和 88.8%；茶花鸡和藏鸡与红色原鸡亲缘关系较近，两个红色原鸡亚种位于系统发生树的最外边，中国红色原鸡 *Gallus gallus spadiceus* 亚种与所有中国家鸡品种的亲缘关系比泰国红色原鸡 *Gallus gallus gallus* 亚种要近.

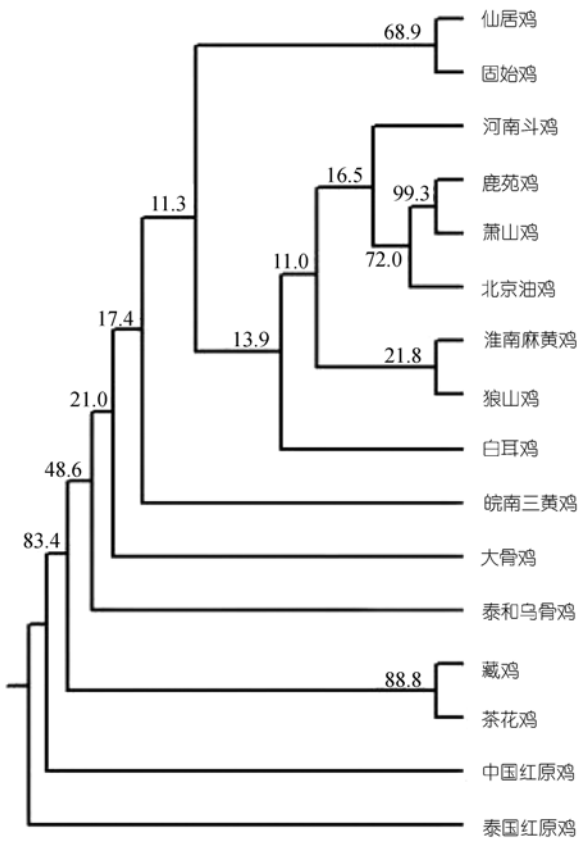


**图 1　运用 NJ 聚类法获得的红色原鸡两个亚种和 14 个中国家鸡品种间的亲缘关系图**

节点处的数值为重复 1000 次所得到的自举百分率

## 3　讨论

### 3.1　群体内的遗传多样性

本研究中 29 个微卫星标记与欧洲 AVIANDIV 研究项目中所使用的完全一致[8]，分布于 17 条染色体或连锁群中，所给的数据具有一定的可比性和代表性. 多态信息含量 (*PIC*) 是衡量基因片段多态性较好的指标，当*PIC* >0.5 时，该座位为高度多态性座位；0.25< *PIC* <0.5 时，为中度多态性座位；*PIC* <0.25 时，为低度多态性座位[15]. 同时多态信息含量关系到该座位的可用性及使用效率，多态信息含量越大，在一个群体中该座位杂合子比例则越大，提供的遗传信息就越高. 本研究中有 17 个位点处于高度多态性位点，12 个位点属于中度多态性位点，所有位点的平均*PIC*值大于 0.5，能为分析遗传多样性提供充分的信息.

有效等位基因数也是反映群体遗传变异的一个指标，尤其在保护遗传学研究中，有时更强调等位基因数目对种群的影响，但有效基因数目容易受到样本量的影响[16]. 本研究的 29 个微卫星位点中，平均等位基因数为 9.86，这一方面说明本研究的样本量较为充分，另一方面也进一步说明 29 对微卫星引物在这 16 个群体中所提供的多态信息含量较为丰富，且基因频率分布较为均匀，用其分析遗传多样性具有较高的有效性和可靠性.

基因杂合度也称为基因多样度，一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数.Ott[17]将多态位点定义为杂合度至少为 0.10 的位点. 本研究所分析的 29 个微卫星标记中，各位点均具有较高的多态性，平均期望杂合度为 0.6663，显示出丰富的遗传多样性和较高的选择潜力. 平均期望杂合度大小近似地反映出遗传结构变异程度的高低. 本研究中，皖南三黄鸡的遗传多样性最高，固始鸡的最低，皖南三黄鸡近年来才开始进行系统选育，群体的整齐度较差. 泰国 *Gallus gallus gallus*红色原鸡亚种群体的遗传多样性很高，而中国*Gallus gallus spadiceus*红色原鸡亚种的遗传多样性并不高. 这与实际情况是吻合的，固始鸡主要分布在河南省，产区由山地和丘陵岗地构成，在历史上该区交通长期处于较闭塞状态，起着某种程度的天然屏障作用，与其他群体之间基因交流的机会极少. 这一点同样可以从*Nm*值看出，固始鸡同其他 15 个群体的基因流动值很小(0.833~1.755)，皖南三黄鸡近年来才开始进行系统选育，群体的整齐度较差. *Gallus gallus gallus*红色原鸡亚种主要分布于泰国中部和西部的山区，其栖息地分布范围较广，受到

较少的选择压力; 中国红色原鸡*Gallus gallus spadiceus*亚种是国家Ⅱ级保护动物, 分布于我国云南省和广西省, 通常栖息于海拔 1000 m以下的常绿阔叶林、针阔混交林、次生竹林及灌丛中, 是一个相对隔绝的群体, 但由于毁林开荒以及大量猎捕, 使它的分布区缩小, 数量也在逐渐下降. 本研究中其遗传多样性不高也反映了这一情况, 提示我们需要对这一宝贵资源群体采取更为有效的保护措施.

在 Hardy-Weinberg 平衡的精确检验中, 除了 MCW0183, MCW0098, LEI0166 以及 MCW0081 之外, 每个位点均有或多或少的群体显著的偏离 Hardy-Weinberg 平衡, 这可能与较小的群体规模、选型交配系统 (近交和远系繁殖)、选择以及存在无效等位基因等因素有关.

### 3.2 群体间的遗传分化

在我们的研究中, 群体间存在着极显著的遗传分化, 达到 16.7% ($P$<0.001), 所有位点都极显著地贡献于这一结果 ($P$<0.001) (表 4), 这表明约有 16.7%的遗传变异源自群体间的差异, 而另外的 83.3%则因个体的差异而产生. 总的来说, $F_{IS}$值较高, 有 8 个位点 MCW0216, MCW0295, MCW0222, MCW0014, LEI-0094, MCW0248, LEI0234, MCW0165 显示显著或极显著的杂合子缺失. 由于这 8 个位点 16 个群体的$F_{IS}$值并不总是大于 0, 所以两个原因可能导致其杂合子缺失: 一是这些位点与具有选择意义的外貌或生产性状一起受到选择的作用(遗传夹带效应); 另一种即是实验过程中存在“哑等位基因” (null alleles).

### 3.3 红色原鸡与中国家鸡的亲缘关系

环境因素、历史进程以及生活史 (交配系统) 都可能在某种程度上影响群体的遗传结构. 对于特定的群体而言, 比如茶花鸡与藏鸡以及鹿苑鸡与萧山鸡, 地理的因素对于其较近的遗传关系可能起到一定的作用. 茶花鸡与藏鸡聚在一起的自举值为 88.8%, 意味着这两个群体有着较近的遗传关系. 从地理分布来看, 云南 (茶花鸡) 与西藏 (藏鸡) 相邻, 为这两个鸡种之间的交流提供了便利. 鹿苑鸡与萧山鸡的主产地浙江省萧山市与江苏的张家港市之间的地理距离也是很近的, 而且相似的文化、生活习惯都使得这两个鸡种之间的基因交流极为容易. 这两个鸡种之间的基因流动值 (5.833) 也是最高的.

自引导值 (0.110~0.993) 并不总是支持聚类结果. 但是, 根据系统发生树可以看出, 茶花鸡与藏鸡和红色原鸡的亲缘关系较近, 处于红色原鸡和其他进化型鸡种的中间状态, 这与程光潮等人[3]用血型、蛋白多态和DNA指纹等方法的研究结果完全吻合. 红色原鸡是家鸡的祖先, 由于遗传上的稳定性以及地理分布、生态环境、种群隔离等因素, 至今仍然保有独特的遗传特点. 而家鸡在距今 7000~8000 年前被驯化以来, 已走过很长的进化历程, 尤其在不同的自然和社会经济条件下, 经受了向不同利用方向的高强度的人工选择, 它与红色原鸡的遗传差异越来越大[18]. 程光潮等人[3]和王存芳等人[19]认为茶花鸡与藏鸡作为家鸡的原始类型, 由于受自然和社会经济条件影响较小, 尤其是人工选择强度较弱, 仍保有较多的原始特点, 既具有红色原鸡的原始特点, 同时也具有家鸡进化型的特点. 本研究的聚类分析结果进一步显示了茶花鸡与藏鸡是从原鸡到家鸡进化阶梯中的过渡类型, 总体上, 中国家鸡和红色原鸡两个亚种的亲缘关系从近到远的排序是: 进化型品种－原始型品种 (茶花鸡与藏鸡) －中国红色原鸡 (*Gallus gallus spadiceus*亚种) －泰国红色原鸡 (*Gallus gallus gallus*亚种).

关于中国家鸡的起源以及与红色原鸡的亲缘关系, 郑作新等人[1]和薄吾成等人[2]认为我国家鸡起源于中国, 这与考古发现一致, 即在黄河流域仰韶文化遗址中发现大量的家鸡化石, 估计在 7000~8000 年以前中国就开始有家鸡的饲养. Fumihito等人[20,21]认为家鸡是单起源的, 起源于泰国及其邻近地区的红色原鸡*Gallus gallus gallus*亚种, 傅衍等人[6]认为中国家鸡可能起源于泰国及其邻近地区的红色原鸡. 而程光潮等人[3]用血型、蛋白多态和DNA指纹等方法研究后认为中国地方鸡可能有独立的血缘来源; 王文等人[5]和Liu等人[4]对原鸡和家鸡线粒体DNA部分序列进行多态分析, 认为家鸡可能起源于不同的原鸡亚群体. 本实验没有获得中国红色原鸡另一个亚种*Gallus gallus jabouillei*的样本, 但刘益平等人[22]测定了分布于中国的红色原鸡两个亚种 (*Gallus gallus spadiceus* 亚种和*Gallus gallus jabouillei*亚种)

线粒体细胞色素 *b* (cyt*b*) 和控制区 (D 环) 的部分序列, 结果显示分布在中国的两个红色原鸡亚种遗传距离很接近. 本研究从核基因组的角度, 初步推测分布于中国的红色原鸡与分布于泰国的红色原鸡是两个不同的群体, 家鸡可能起源于不同的原鸡亚群体且中国家鸡具有独立的起源, 为家鸡的多起源学说进一步提供了佐证. 今后还需要将分子遗传学、生化遗传学的证据同形态学以及考古学、社会学等方面的信息结合起来, 全面地分析鉴别红色原鸡群体的差异以及与中国家鸡的亲缘关系, 为研究中国家鸡的起源提供更有价值的参考.

## 4 结论

(1) 本研究的 29 个微卫星位点均具有较高的多态性, 平均等位基因数为 9.86, 用于分析红色原鸡和中国家鸡的遗传多样性和亲缘关系具有较高的有效性和可靠性. 各位点平均期望杂合度为 0.6663, 皖南三黄鸡的遗传多样性最高, 固始鸡的最低, 中国红色原鸡 *Gallus gallus spadiceus* 亚种遗传多样性不高, 需要对这一宝贵资源群体采取更为有效的保护措施.

(2) 红色原鸡和中国家鸡群体间存在着极显著的遗传分化, 达到 16.7% ($P$<0.001), 所有位点都极显著地贡献于这一结果 ($P$<0.001); 总的来说, $F_{IS}$值较高, 有 8 个位点显示显著或极显著的杂合子缺失.

(3) 茶花鸡与藏鸡是从原鸡到家鸡进化阶梯中的过渡类型, 中国家鸡和红色原鸡两个亚种的亲缘关系从近到远的排序是: 进化型品种－原始型品种 (茶花鸡与藏鸡) －中国红色原鸡 (*Gallus gallus spadiceus* 亚种) －泰国红色原鸡 (*Gallus gallus gallus* 亚种). 推测分布于中国的红色原鸡与分布于泰国的红色原鸡是两个不同的群体, 家鸡可能起源于不同的原鸡亚群体且中国家鸡具有独立的起源.

**致谢** 感谢云南省野生动物救护中心和中国农业科学院江苏家禽研究所有关工作人员在样品采集过程中付出的劳动和心血。感谢欧洲 AVIANDIV 研究项目组提供红色原鸡 *Gallus gallus gallus* 亚种的 DNA 样本.

## 参考文献

1 郑作新. 中国动物志, 鸟纲 (第四卷: 鸡形目). 北京: 科学出版社, 1978
2 薄吾成. 中国家畜起源论文集. 陕西: 天则出版社, 1993. 45—61
3 程光潮, 刘坤凡, 张琦, 等. 红原鸡与家鸡的亲缘关系研究. 遗传学报, 1996, 23(2): 96—104
4 Liu Y P, Wu G S, Yao Y G, et al. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. Mol Phylogenet Evol, 2006, 38:12—19
5 王文, 兰宏, 刘爱华, 等. 家鸡和原鸡的线粒体 DNA 多态性比较. 动物学研究, 1994, 15(4): 45—61
6 傅衍, 牛冬, 罗静, 等. 中国家鸡的起源探讨. 遗传学报, 2001, 28(5): 411—417
7 Weigend S, Romanov M N. Current strategies for the assessment and evaluation of genetic diversity in chicken resources. World Poul Sci J, 2001, 57(3): 275—288
8 Hillel J, Groenen M A M, Tixier-Boichard M, et al. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. Genet Sel Evol, 2003, 35: 533—557
9 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 金冬雁, 黎孟枫译. 分子克隆实验指南. 北京: 科学出版社, 2002
10 Park S D E. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. [Ph.D.Dissertation] Dublin: University of Dublin, 2001
11 Botstein D, White R, Skolnick M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet, 1980, 32: 314—331
12 Goudet J. FSTAT version 2.9.3.2. Lausanne, Switzerland: Department of Ecology and Evolution, University of Lausanne, 2002
13 Raymond M, Rousset F. Population genetics software for exact test and ecumenicism. J Hered, 1995, 86: 248—249
14 Saitou N, Nei M. The neighbour-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Mol Biol Evol, 1987, 4: 406—425

15 Vanhala T, Tuiskula-Haavisto M, Elo K, et al. Evaluation of genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. Poul Sci, 1998, 77: 783—790
16 Maudet C, Miller C, Bassano B, et al. Microsatellite DNA and recent statistical methods in wild conservation management: application in Alpine ibex *Capra ibex* (*ibex*). Mol Ecol, 2002, 11: 421—436[DOI]
17 Ott J. Analysis of Human Genetic Linkage (revised edition). Baltimore: Johns Hopkins University Press, 2001
18 West B, Zhou B X. Did chickens go north? New evidence for domestication. J Archaeol Sci, 1988, 15: 515—533[DOI]
19 王存芳，张劳，李俊英，等. 平原饲养的藏鸡体型外貌分析和生长模型拟合的研究. 中国农业科学, 2005, 38(5): 1065—1068
20 Fumihito A, Miyake T, Sumi S, et al. One subspecies of the red jungle fowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. Proc Natl Acad Sci USA, 1994, 91: 12505—12509[DOI]
21 Fumihito A, Miyake T, Takada M, et al. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. Proc Natl Acad Sci USA, 1996, 93: 6792—6795[DOI]
22 刘益平，朱庆，曾凡同，等. 原鸡线粒体 DNA 部分序列多态性分析. 畜牧兽医学报, 2004, 35(2): 134—140