

我国几种野鸭和家鸭遗传多样性的 SSR 分析

鄢绯寰, 左正宏, 吕良炬, 陈 美, 陈奕欣*

(厦门大学生命科学学院, 福建 厦门 361005)

摘要: 利用 SSR 技术分析我国几种野鸭和家鸭品种群体间及群体内的多样性. 21 对引物在群体间共扩增得到 516 条带, 其中多态性条带 410 条. 多态性位点比率在 60%~96.7% 之间. 运用简单匹配系数法计算了品种(系)间的相似性系数和遗传距离, 采用类间平均链锁法(Between groups linkage method)构建了聚类图谱, 并进行了系统发生分析. 实验结果表明, 群体间遗传多样性丰富, 聚类图谱显示我国 11 个地方鸭品种(系)被划分为两大类, 这与根据生产性能、经济性状划分的结果相一致. 筛选 12 个多态性较好的微卫星标记, 对群体内的遗传多样性水平进行检测. 利用等位基因频率计算了各群体的遗传参数(多态信息含量, 平均杂合度以及有效等位基因数), 结果表明: 本实验所调查的鸭群体的平均杂合度在 0.296 至 0.675 之间, 各品种(系)依照平均多态信息含量高低排列的次序与按群体平均杂合度排列的顺序基本一致, 一些群体内的平均杂合度值较低, 反映出群体内遗传多样性水平较低, 这很可能与群体近交程度高有关.

关键词: 野鸭; 家鸭; 微卫星; 遗传多样性

中图分类号: Q 953

文献标识码: A

文章编号: 0438-0479(2009)03-0435-06

我国是世界最大的家鸭生产国, 根据联合国粮农组织(FAO)统计, 2002 年存栏量达 6.61 亿只, 占世界鸭总存栏量的 69.7%, 占亚洲 78.3%. 独特的地形地貌、悠久的养殖历史以及各民族生活方式上的差异, 选育出了在体型外貌和经济性状上丰富多彩的家鸭地方品种, 使我国成为全球水禽资源最丰富的国家. 全国共有 27 个鸭地方良种, 列入国家重点保护的有北京鸭、攸县麻鸭、连城白鸭、绍兴鸭、莆田黑鸭、高邮鸭、建昌鸭和金定鸭. 但从上世纪 80 年代开始, 我国从国外引进了大量的商品化品种与地方品种杂交进行商品生产和培育新的品种或品系. 这对于在短期内迅速提高我国家鸭的生产性能、生产效率和经济效益起了重要的作用. 然而, 外来品种的引入和大量杂交, 使许多地方的古老、土著品种由于严酷的竞争和排挤, 数量急剧减少甚至濒临灭绝. 一个地方品种的形成需要几十年甚至几百年的时间, 而一个品种消失可能只要几年. 品种的消失, 导致某些优良基因随之流失, 物种的遗传多样性水平下降. 没有优良的种质资源就难以培育出优良的新品种, 由此可见, 及时进行鸭种质资源遗传多样性的调查、评估, 从而提出有效的保护措施意义重大.

微卫星标记技术(Microsatellite marker)又称简单重复序列技术(Simple sequence repeat, SSR), 该技术是分析遗传多样性、品种间亲缘关系鉴定以及个体识别公认最为理想的分子标记, 近年来被广泛用于遗

传图谱构建、功能基因定位、种群结构调查及系统发育研究. 本文运用 SSR 技术对鸭类群体内的遗传结构做初步调查, 检测我国几种家鸭地方品种群体内的遗传多样性水平, 探讨这些品种(系)的遗传分化, 有针对性地了解我国几种常见家鸭和野鸭的遗传资源现状, 为我国现有地方鸭种资源的合理保存和利用提供有益的指导.

1 材料与方法

1.1 实验材料

采集蛋鸭品种金定鸭(I、II、III系)、绍兴鸭、龙岩山麻鸭、莆田黑鸭, 兼用品种连城白鸭, 肉用品种北京鸭、樱桃谷鸭, 引进品种黑羽番鸭, 以及野鸭绿头鸭、斑嘴鸭的血样或胚胎. 不同鸭品种(系)的采样数量、组织类型及取材地见表 1. Taq 酶、蛋白酶 K 购于大连宝生生物公司; 聚丙烯酰胺、亚甲双丙稀酰胺、尿素、TEMED(N,N,N',N'-四甲基乙二胺)、过硫酸铵为上海华美生物公司产品; 其它为国产分析纯.

1.2 方 法

金定鸭(I、II、III系)、绿头鸭、斑嘴鸭、北京鸭、樱桃谷鸭、黑羽番鸭自蹠静脉采血, 分装后 -20℃ 保存备用. 绍兴鸭、山麻鸭和连城白鸭取 14 日龄胚胎 -20℃ 冷冻保存备用.

1.2.1 基因组 DNA 的提取和池 DNA 的构建

采用常规的蛋白酶 K 消化、苯酚-氯仿/异戊醇抽提、无水乙醇沉淀的方法, 提取胚胎或血液的基因组

收稿日期: 2008-08-13

*通讯作者: cheniyx@xmu.edu.cn

表 1 实验材料

Tab. 1 The materials for the present analysis

品种(系)	代号	采样数量	组织类型	取材地点
连城白鸭	LC	20	胚胎	连城县连城白鸭育种场
山麻鸭	SM	20	胚胎	福建省农科院畜牧所
绿头鸭	LT	11	血液	厦门市动物园
斑嘴鸭	BZ	5	血液	厦门市动物园
金定鸭 I系	JD I	20	血液	厦门大学家鸭实验场
金定鸭 II系	JD II	20	血液	厦门大学家鸭实验场
金定鸭 III系	JD III	11	血液	厦门大学家鸭实验场
绍兴鸭	SX	20	胚胎	绍兴市绍兴鸭育种场
黑羽番鸭	FY	20	血液	厦门大学家鸭实验场
樱桃谷鸭	YT	19	血液	厦门大学家鸭实验场
北京鸭	BJ	20	血液	北京金星鸭业有限公司

DNA. 每个鸭品种(系)所有个体的基因组 DNA 等量混合后,构建成各鸭种(系)的池 DNA,用 TE 缓冲液稀释至终浓度 50 ng/μL,用于 SSR 分析.

1.2.2 SSR 分析

从 GenBank 上选取 21 个来自绿头鸭的 SSR 位点,用其两侧较为保守的序列设计引物,由大连宝生生物公司合成,引物的碱基序列见表 2. PCR 反应条件参照陈红菊^[1]方案略作修改.设定的反应程序为:94 °C 变性 5 min;94 °C 1 min,52~65 °C 1 min,72 °C 1 min,35 个循环;72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存备用.

1.2.3 电泳检测

PCR 扩增产物在 4%~6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶上进行电泳,缓冲液为 1×TBE,保持 200 V 2 W 恒定功率,预电泳 0.5 h,上样后电泳 4~5 h,电泳结束后,银染按 Carlos 法^[2]进行.

1.3 数据统计

不同鸭品种(系)间的遗传相似度(Genetic similarity),遗传距离(Genetic diversity)以及多态位点比率的统计方法参照之前的研究^[3].

采用 SPSS11 软件中的类间平均链锁法(Between-groups linkage method)进行聚类分析,构建聚类关系图.

选取 12 个多态性较好的微卫星位点对品种内遗传结构进行分析.

由于微卫星呈共显性遗传,其基因型直接反映表型,根据等位基因出现的次数,通过简单计算即可得到其基因频率.并根据公式计算各鸭品种中的多态信息含量(Polymorphism information content, PIC)^[4]、各群体全部微卫星基因座的遗传杂合度(Heterozygosity, H)^[5]、有效等位基因数(Effective number of al-

leles, Ne)^[6].

2 结果与分析

2.1 不同品种(系)群体间的 SSR 扩增结果

用 21 对引物对 11 个样品的池 DNA 进行 PCR 扩增,共得到 516 条带,其中多态性条带 410 条,约占总数的 79.4% (表 3). 图 1 为 APH03NO.03F/APH03NO.04R 引物对扩增产物电泳图谱.

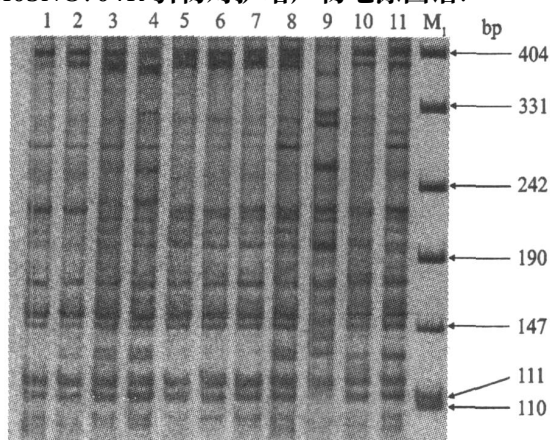


图 1 APH03NO.03F/APH03NO.04R 引物扩增的 SSR 电泳图谱

Fig. 1 The SSR electrophoresis patterns using APH03NO.03F/APH03NO.04R primer pairs
1. LC; 2. SM; 3. LT; 4. BZ; 5. JD I; 6. JD II; 7. JD III; 8. SX; 9. FY; 10. YT; 11. BJ; M1. pUC mixed marker

2.2 品种间的遗传距离和聚类分析

用 SPSS 11.0 软件提供的单匹配系数运算程序处理记录下的数据,得到 11 个鸭品种(系)间的遗传距离矩阵 GD (表 4). 同时根据 GD 遗传距离采用类间平均

表 2 21 对 SSR 引物名称、序列及其扩增位点大小

Tab.2 The name and sequence of the SSR primer pairs and the expected length of the amplified fragments		
微卫星位点及对应上下游引物编号	引物序列	片段长度/ bp
APH01NO.01F	5' tac ctt gct ctt cac ttt ctt t-3'	198
APH01NO.02R	5' gta tga cag cag aca cgg ta-3'	
APH03NO.03F	5' acc caa gac aga ata atc ct-3'	210
APH03NO.04R	5' gaa cac aac tgc ttt gct a-3'	
APH07NO.05F	5' aca tct ttg gca ttt tga a-3'	236
APH07NO.06R	5' ctg cca cta gaa cac aga cat t-3'	
APH09NO.07F	5' gga tgt tgc ccc aca tat tt-3'	108
APH09NO.08R	5' ttg cct tgt tta tga gcc att a-3'	
APH10NO.09F	5' att aga gca gga gtt agg aga c-3'	138
APH10NO.10R	5' gca aga agt ggc ttt ttt c-3'	
APH11NO.11F	5' gga cct cag gaa aat cag tgt a-3'	185
APH11NO.12R	5' gca ggc aga gca gga aat a-3'	
APH14NO.13F	5' gaa taa agt aac ggg ctt ctc t-3'	157
APH14NO.14R	5' ctg ctt ggt ttt gga aag t-3'	
AMU129NO.15F	5' agt tct agg gct gca ctg agg a-3'	301
AMU129NO.16R	5' gct gtt ggc tgc agt cat cc-3'	
AMU66NO.17F	5' agt agt gcc ccc tga cag gag aa-3'	288
AMU66NO.18R	5' cct ctt tgg gta acc tgt gcc-3'	
AMU63NO.19F	5' ata aag cgc gag ggg aga gca-3'	328
AMU63NO.20R	5' ggg agc tga gag tat ttc ctt gca-3'	
CM09NO.21F	5' gga tgt tgc ccc aca tat tt-3'	110
CM09NO.22R	5' ttg cct tgt tta tga gcc att-3'	
APH15NO.23F	5' tga ata tgc gtg gct gaa-3'	276
APH15NO.24R	5' cag tga gga atg tgt ttg agt t-3'	
APH02NO.25F	5' cac acg cgc agc aga gga-3'	209
APH02NO.26R	5' gtc gtc agc cag ggg ttt gag-3'	
APH04NO.27F	5' cct cgg tat tgt ttt cca t-3'	301
APH04NO.28R	5' gct ctg aag ggc att att tag-3'	
APH13NO.29F	5' caa cga gtg aca atg ata aa-3'	280
APH13NO.30R	5' caa tga tct cac tcc caa tag-3'	
APH06NO.31F	5' gat aca gta gct tct aag-3'	405
APH06NO.32R	5' cct gtg ctg gac t-3'	
APH08NO.33F	5' aaa gcc ctg tga agc gag ct-3'	196
APH08NO.34R	5' tgt gtg tgc atc tgg gtg tgt-3'	
AMU164NO.35F	5' agc acc acc ggg caa tga gt-3'	298
AMU164NO.36R	5' gtg ttg ggc tcg gac ttc agc-3'	
AMU112NO.37F	5' cgc tgg gct gga gag gac ac-3'	284
AMU112NO.38R	5' cct ggc gaa tgg act gct ga-3'	
AMU173NO.39F	5' ccc aga tcg ctc agg cca g-3'	235
AMU173NO.40R	5' tgc tgg gct cca ggg tgt ta-3'	
AMU109NO.41F	5' ctg ggt ggg gaa tgc atc ct-3'	300
AMU109NO.42R	5' cag ggt tcg gag cag gct tt-3'	

表 3 21 对 SSR 引物 PCR 扩增结果

Tab.3 The results of the amplification using 21 SSR primer pairs				
引物名	扩增位点数	非多态性位点数	多态性位点数	多态性位点比率/ %
APH01NO.01F	16	3	13	81.2
APH01NO.02R				
APH03NO.03F	36	5	31	86.1
APH03NO.04R				
APH07NO.05F	29	7	22	75.9
APH07NO.06R				
APH09NO.07F	30	1	29	96.7
APH09NO.08R				
APH10NO.09F	15	4	11	73.3
APH10NO.10R				
APH11NO.11F	23	8	15	65.2
APH11NO.12R				
APH14NO.13F	38	10	28	73.7
APH14NO.14R				
AMU129NO.15F	44	10	34	77.3
AMU129NO.16R				
AMU66NO.17F	9	3	6	66.7
AMU66NO.18R				
AMU63NO.19F	35	4	31	88.6
AMU63NO.20R				
CM09NO.21F	10	1	9	90
CM09NO.22R				
APH15NO.23F	16	2	14	87.5
APH15NO.24R				
APH02NO.25F	20	3	17	85
APH02NO.26R				
APH04NO.27F	17	1	16	94.1
APH04NO.28R				
APH13NO.29F	10	4	6	60
APH13NO.30R				
APH06NO.31F	23	4	19	82.6
APH06NO.32R				
APH08NO.33F	35	6	29	82.9
APH08NO.34R				
AMU164NO.35F	26	7	19	73.1
AMU164NO.36R				
AMU112NO.37F	35	12	23	65.7
AMU112NO.38R				
AMU173NO.39F	18	1	17	94.4
AMU173NO.40R				
AMU109NO.41F	31	10	21	70
AMU109NO.42R				
总计	516	106	410	79.4

表 4 12 个鸭品种(系)的遗传距离和相似性系数矩阵

Tab. 4 The genetic distance and the similarity index of the samples

	LC	SM	LT	BZ	JD I	JD II	JD III	SX	FY	YT	BJ
LC											
SM	0.110										
LT	0.167	0.172									
BZ	0.207	0.194	0.176								
JD I	0.192	0.194	0.165	0.248							
JD II	0.203	0.202	0.188	0.260	0.054						
JD III	0.190	0.196	0.174	0.250	0.068	0.037					
SX	0.192	0.182	0.161	0.221	0.128	0.136	0.126				
FY	0.492	0.510	0.500	0.486	0.521	0.510	0.508	0.498			
YT	0.238	0.233	0.211	0.267	0.186	0.186	0.176	0.202	0.506		
BJ	0.262	0.260	0.238	0.236	0.271	0.279	0.273	0.248	0.537	0.198	

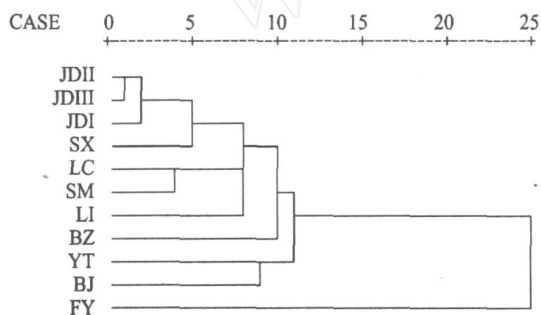


图 2 不同品种(系)鸭类(Between-group linkage)聚类图谱

Fig. 2 Dendrogram of the ducks based on between-group linkage cluster analysis

连锁法进行了聚类,聚类结果见图 2。从表 4 中可以看到金定鸭品系 III 与品系 II 之间的遗传距离最近,达 0.037,品系 I 与品系 II 之间的遗传距离次之,为 0.054。北京鸭和黑羽番鸭之间的遗传距离最远,为 0.537,表明北京鸭和黑羽番鸭遗传相似度最小。

2.3 特定 SSR 引物的筛选与扩增

从 GenBank 上搜索得到的 21 对微卫星引物经过筛选,选择 12 对用于群体内遗传结构分析,这 12 对引物分别是 APH03、APH14、APH15、APH06、APH01、

APH10、AMU66、CM09、APH13、APH07、APH09、APH11,它们在群体内扩增后得到的等位基因数较多,扩增效果较好,重复性高,条带清晰。图 3 为山麻鸭和斑嘴鸭在 APH07 位点上的扩增电泳图谱。

2.4 群体内的遗传变异分析

利用 Nei 氏公式根据各微卫星位点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 5 所示。11 个品种中,平均杂合度最高的为山麻鸭(0.675),其次为连城白鸭;杂合度最低的为绿头鸭(0.296)。各品种(系)的平均多态信息含量的高低顺序与群体平均杂合度的结果基本一致。在各品种(系)中,绍兴鸭和山麻鸭的平均有效等位基因数最多,为 1.91 个,黑羽番鸭的最少,为 1.64 个。PIC 的高低与有效等位基因有关,有效等位基因数多, PIC 值大,反之,则 PIC 值小,这也可从表 5 中反映出来。

3 讨 论

3.1 群体系统发生关系分析

为了能对 11 个鸭品种遗传多样性水平及亲缘关系有个整体的了解,我们选用 21 对 SSR 引物在基因组水平上进行研究。

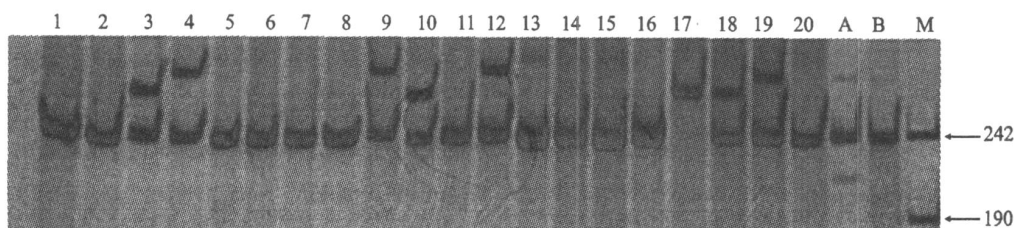


图 3 山麻鸭(1~20)和斑嘴鸭(A~B)微卫星 APH07 电泳图谱

Fig. 3 The electrophoresis pattern of Shanma duck and *Anas poecilorhyncha* in locus APH07

表 5 各品种(系)的平均杂合度、平均有效等位基因数和平均多态信息含量
Tab.5 Mean heterozygosity ,mean Ne and mean PIC in 11 duck breeds(strains)

	LC	SM	LT	BZ	JD I	JD II	JD III	SX	FY	YT	BJ	平均值(仅限家鸭种群)
杂合度 H	0.633	0.675	0.296	0.458	0.608	0.558	0.553	0.600	0.358	0.395	0.429	0.534
多态信息含量 PIC	0.321	0.354	0.241	0.259	0.232	0.269	0.273	0.338	0.233	0.282	0.267	0.285
有效等位基因数 N_e	1.85	1.91	1.70	1.69	1.76	1.73	1.70	1.90	1.64	1.78	1.70	1.77

根据遗传距离,采用类间平均链锁法得到所研究样品的聚类图谱(图 2),从树状图上可以看出,11 个品种(系)共聚成两大类,黑羽番鸭独自归为一类,其余的样品聚为另一大类.在分类学上番鸭为栖鸭属,其它鸭种均为河鸭属,属间的差异导致明显的生殖隔离,基因间很少进行交流,使得它们在基因组 DNA 水平上相似性减小,而遗传距离加大.金定鸭 I、II、III 品系先聚在一起,然后再与其它鸭品种相聚,这表明了金定鸭作为一个品种的独特性.绍兴鸭、山麻鸭和金定鸭是蛋鸭品种,连城白鸭为兼用型品种,在聚类图上,它们与绿头鸭、斑嘴鸭先聚在一起,然后再与肉用鸭樱桃谷、北京鸭所聚成的一类相聚.这与根据生产性能、经济性状等形态学特征划分的结果相吻合.与陈奕欣^[7],肖天放^[8],李慧芳^[9]等的研究结论相一致.各蛋鸭品种先与绿头鸭聚合后,再与斑嘴鸭相聚.这较直观地反映出:与斑嘴鸭相比较,绿头鸭与所研究的蛋鸭品种(系)间的亲缘关系更近一些.该聚类结果对了解和获取品种间的遗传信息和遗传关系提供了较为准确而普遍性的依据,为水禽遗传育种提供了参考资料.

3.2 群体内的遗传多样性

PIC 是衡量片段多态性较好的指标,它是指一个后代所获得的某个等位基因标记来自于它亲代的同一个等位标记的可能性大小,关系到微卫星座位的可用性及使用效率. 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^[4];当 $PIC > 0.5$ 时,该座位为高度多态座位;当 $0.25 < PIC < 0.5$ 时,为中度多态座位,当 $PIC < 0.25$ 时,则为低度多态座位.在某一座位上多态信息含量越大的种群在这一座位上杂合子比例越大,提供的遗传信息越高.本试验 11 个鸭品种(系)在 12 个微卫星位点检测到的平均 PIC 介于 0.233~0.354 之间,全部群体的平均多态信息含量为 0.279,反映了在整体水平上,本研究的实验样品所拥有的遗传信息含量偏低.

基因杂合度又称基因多样性,是度量品种变异的一个最合适参数.平均基因杂合度的大小近似地反映出群体遗传结构和变异程度的高低.品种平均杂合度越高,则表明该品种的遗传多样性越高;相反,平均杂

合度越低,该品种遗传多样性就越低.本研究结果表明,不同品种(系)群体内的平均杂合度存在一定的差异,平均杂合度最高的山麻鸭为 0.675,说明其群体内遗传多样性较其它鸭种丰富,最低的是绿头鸭,杂合度仅为 0.296,群体内遗传变异最小,品种的遗传一致性最高.在通常情况下,野生种类较家养品种的遗传多样性高,从本实验的结果进行推测,采样地的绿头鸭群体很可能出现了近交繁殖现象.我国地方家鸭品种资源全部群体平均杂合度为 0.534,这略高于陈红菊等^[1]利用 5 对微卫星引物对山东省 9 个地方鸡种进行遗传多样性分析测得的群体内平均杂合度 ($0.3 < MH < 0.4$),以及吴信生等^[10]利用 7 个微卫星标记对我国 12 个地方鸡种遗传结构调查的结果(MH 的均值为 0.437 4);低于葛庆联等^[11]对我国 76 个地方鸡品种 30 个微卫星位点(0.671),26 个地方鹅品种 31 个微卫星位点(0.606);而与李慧芳等^[9]对中国地方鸭品种资源的研究结果(MH 的均值为 0.569),葛庆联等^[11]10 个地方蛋鸭品种 28 个微卫星位点的研究结果(平均基因杂合度为 0.617~0.514)以及杨凤萍等^[12]利用 6 个微卫星标记对 7 个国家鹅品种(类群)的遗传结构分析测得的群体杂合度(介于 0.378 9~0.582 6)结果较为接近.实验结果表明我国有些家鸭品种经过系统的选育,群体内遗传多样性相对较低,遗传一致性较高,而遗传分化程度低,选择的潜力相对较小,这些遗传分化程度小的家鸭品种直接影响到了我国家鸭品种整体的遗传多样性水平.

群体内部遗传结构分析的结果表明,各地家鸭品种在基因组水平上都存在不同程度的分化.但一些品种由于长期纯繁保种、定向选育,其种群内纯合度提高,遗传变异很小,遗传基础不丰富,杂交育种的潜力大大减小.结合群体间遗传多样性研究的结果,我们认为本实验所调查的家鸭品种在基因组 DNA 水平上呈现了丰富的遗传多样性,但是群体内的遗传结构比较单一,说明了保种的重要性和迫切性.建议在不影响各品种原有生产性能的同时,适当引入外血,避免近交,增加各品种的群体内遗传多样性,提高物种对环境变化的适应能力和进化潜力,正确处理品种保护和品

种选育的关系.

参考文献:

- [1] 陈红菊,岳永生,樊新忠. 利用微卫星标记分析山东地方鸡品种的遗传多样性[J]. 遗传学报, 2003, 30 (9) : 855 - 860.
- [2] Carlos J S, Emmanuel D N, Andrew F G. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels[J]. Biotechniques, 1994, 17 (5) : 914 - 921.
- [3] 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:自然科学版, 2006, 24 (6) : 90 - 94.
- [4] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. Am J Hum Genet, 1980, 32 (3) : 314 - 331.
- [5] Nei M, Roychoudhury A K. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance[J]. Genetics, 1974, 76 : 379 - 390.
- [6] Kimura M, Crow F J. The number of alleles that can be maintained in a finite population[J]. Genetics, 1964, 99 : 725 - 738.
- [7] 陈奕欣,左正宏. RAPD 技术探讨几种家鸭与野鸭遗传多样性及亲缘关系[J]. 厦门大学学报:自然科学版, 2001, 40(1) : 141 - 145.
- [8] 肖天放,曾显成,吴其文. 福建不同生态类型鸭种(群)的遗传多样性研究[J]. 应用生态学报, 2004, 15 (5) : 879 - 882.
- [9] 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 (11) : 1107 - 1113.
- [10] 吴信生,陈国宏,王得前,等. 利用微卫星技术分析中国部分地方鸡种的遗传结构[J]. 遗传学报, 2004, 31 (1) : 43 - 50.
- [11] 葛庆联,章双杰,吴华俊,等. 中国 10 个地方蛋鸭品种遗传多样性及动态保种的研究[J]. 扬州大学学报:农业与生命科学版, 2007, 28 (3) : 42 - 46.
- [12] 杨凤萍,陈义权,李世平,等. 利用微卫星标记技术分析我国部分鹅品种(类群)的遗传结构[J]. 江苏农业科学, 2007 (3) : 136 - 139.

Evaluation of Genetic Diversity of Some Wild and Domestic Ducks in China Based on Microsatellite Markers

YAN Fei-huan, ZUO Zheng-hong, LU Liang-ju,

CHEN Mei, CHEN Yi-xin *

(School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract : In the present study the genetic diversity and structure of 11 Chinese indigenous duck populations were analyzed using 21 microsatellite markers. The 21 primer pairs generated a total of 516 fragments among groups. Of those fragments, 410 were polymorphic. The proportion of polymorphic loci among groups ranged from 60 % to 96.7 %. Simple matching coefficients (SM) was calculated to manifest the genetic similarity (GS) and distance (GD). According to the GD value, a dendrogram was constructed using between-group linkage method. High genetic diversity was observed between populations. The phylogenetic relationships between populations were analyzed in combination with their economic performance. The total 11 duck populations studied were clustered into 2 major groups, which were in accordance with their economic performance. 12 of the 21 loci exhibiting high genetic polymorphism within groups were used for genetic structural analysis. Some genetic parameters such as polymorphism information content (PIC), mean of heterozygosity (H), and effective allele number (N_e) were estimated based on the allele frequencies. The mean heterozygosity index among the populations ranged from 0.296 to 0.675. The populations arranged in order of mean heterozygosity value were consistent with that of the polymorphism information content. The low level of mean heterozygosity index present in this study indicated that the genetic diversity was low within some duck populations, which might be attributed to high level of inbreeding within populations.

Key words : wild duck; domestic duck; microsatellite; genetic diversity