

湖羊产羔性状的微卫星标记与可能生产力的 关联性分析

孙伟^{1*}, 常洪¹, 金银¹, 王鹏¹, 钱建共², 吴文忠², 陈玲², 王伟³

(1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 苏州市畜牧兽医站, 苏州 215128;

3. 苏州市吴中区动物卫生监督所, 苏州 215128)

摘要: 选择位于绵羊第6号染色体上与多胎基因(*Fec^B*)紧密连锁的微卫星 OarAE101、BM1329、BM143 和 OarHH55 标记以及位于第4号染色体上的 OarHH35 标记对湖羊的产羔性状进行研究, 结果显示: 湖羊的5个微卫星座位都达到了高度多态水平($PIC > 0.5$), 5个微卫星座位可以用于湖羊产羔性状的遗传多样性的评估。方差分析结果表明: 5个基因座中 OarAE101、BM143 各基因型产羔数生产力之间存在极显著差异($P < 0.01$), OarHH35 各基因型产羔数可能生产力之间存在显著差异($0.01 < P < 0.05$), BM1329、OarHH55 各基因型产羔数可能生产力之间差异不显著($P > 0.05$)。在 OarAE101 标记中 107/113 的产羔数最小二乘平均值为最大, 与基因型 103/113、107/107、101/111、113/113、107/111 和 103/103 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著($P > 0.05$), 但与 101/101 和 103/107 之间产羔数最小二乘平均值差异显著($0.01 < P < 0.05$), 与 115/115 和 111/111 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异极显著($P < 0.01$)。在 OarHH35 标记中 139/139 的产羔数可能生产力最小二乘平均值为最大, 与基因型 139/141、139/127、137/125 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著($P > 0.05$), 但与 127/127、125/125 和 139/125 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异极显著($P < 0.01$)。在 BM143 标记中 118/118 的产羔数可能生产力最小二乘平均值为最大, 与基因型 118/106、118/110、106/104 和 112/114 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著($P > 0.05$), 但与 118/116 和 102/106 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异显著($0.01 < P < 0.05$), 与 102/104、112/102 和 116/112 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异极显著($P < 0.01$)。研究将在今后湖羊品种的标记辅助选择和分子育种中具有重要的应用价值。

关键词: 湖羊; 微卫星标记; 产羔性状; 母羊可能生产力

中图分类号: S826.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2009)01-0007-08

Relationship between Microsatellite Markers and Producing Ability on Litter Trait of Hu Sheep

SUN Wei^{1*}, CHANG Hong¹, JIN Yin¹, WANG Peng¹, QIAN Jian-gong^{1*},

WU Wen-zhong², CHEN Ling², WANG Wei³

(1. College of Animal Science & Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;

2. Animal Science & Veterinary Medicine Bureau of Suzhou City, Suzhou 215128, China;

3. Animal Health Supervision of Wuzhong Region of Suzhou City, Suzhou 215128, China)

Abstract: Four microsatellite loci (OarAE101, BM1329, BM143, OarHH55) linked to *Fec^B* gene mapped to chromosome 6 and one microsatellite locus (OarHH35) on chromosome 4 were selected to study the litter trait in Hu sheep. Results showed that all 5 microsatellite loci reached high

收稿日期: 2007-07-27

基金项目: 国家自然科学基金国际合作项目(30410103150); 中国博士后科学基金(20080430470); 江苏省自然科学基金(BK2007556); 国家科技基础条件平台项目(2005DKA21101); 国家高新技术研究与发展计划(863)(2006AA10Z198); 国家“十一五”科技支撑(2006BAD13B08); “十一五”国家科技支撑计划重点项目(2008BADB2B04); 江苏省教育厅基金项目(NK051039); 江苏省政府留学奖学金; 江苏省高校“青蓝工程”优秀青年骨干教师培养基金和扬州大学“新世纪人才工程”优秀骨干教师培养基金

作者简介: 孙伟(1972-), 男, 江苏睢宁人, 博士, 副教授, 主要从事动物遗传资源评价、保护与利用的研究, E-mail: dxkxmsunwei@163.com

* 通讯作者: 孙伟

polymorphism ($PIC > 0.5$), and the five microsatellite loci can be used for genetic diversity evaluation in Hu sheep breed. The result of variance analysis showed that there were extremely significant difference among the different genotypes for the Producing ability of litter size in OarAE101 locus and BM143 locus ($P < 0.01$), there were significant difference among the different genotypes for the Producing ability of litter size in OarHH35 locus ($0.01 < P < 0.05$), and there were no significant difference among the different genotypes for the Producing ability of litter size in BM1329 and OarHH55 loci ($P > 0.05$). Least squares mean for the Producing ability of litter size for OarAE101 107/113 was the most, and it is not significantly higher than those for OarAE101 103/113, 107/107, 101/111, 113/113, 107/111 and 103/103 ($P > 0.05$), however it is significantly higher than those for OarAE101 101/101 and 103/107 ($0.01 < P < 0.05$), and it is extremely significant higher than those for OarAE101 115/115 and 111/111 ($P < 0.01$) in Hu sheep. Least squares mean for the Producing ability of litter size for OarHH35 139/139 was the most, however it is not significantly higher than those for OarHH35 139/141, 139/127 and 137/125 ($P > 0.05$), and it is extremely significant higher than those for OarHH35 139/125, 127/127, 125/125 ($P < 0.01$) in Hu sheep. Least squares mean for the Producing ability of litter size for BM143 118/118 was the most, however it is not significantly higher than those for BM143 118/106, 118/110, 106/104 and 112/114 ($P > 0.05$), it is significantly higher than those for BM143 118/116 and 102/106 ($0.01 < P < 0.05$), and it is extremely significant higher than those for BM143 102/104, 112/102 and 116/112 ($P < 0.01$) in Hu sheep. And this study will have an important role in MAS and molecular breeding in Hu sheep in future.

Key words: Hu sheep; microsatellite markers; litter trait; producing ability of ewes

绵羊产羔数是一个遗传力很低的数量性状,其遗传力只有 0.05~0.15,因此难以用常规的育种技术来改良产羔数性状^[1]。

世界上许多绵羊品种存在多胎性,如剑桥羊、芬兰羊、罗曼诺夫、Booroola 美利奴羊、我国的湖羊和小尾寒羊等,其中只有澳洲的 Booroola 美利奴羊的多胎机制了解得较为清楚,并于 1959 年育成了多胎的 Booroola 美利奴高产群^[2]。此后,人们对 Booroola 美利奴羊多胎的遗传机制进行了广泛的研究,发现位于 6 号染色体上的高产基因是由常染色体上控制繁殖性状的基因发生突变所致,该基因对控制产羔数起主要作用,称为主基因^[3-5]。1989 年,该基因被绵、山羊遗传命名委员会正式定名为 Fec^B 基因(即 $Fec = fecundity$, $B = Booroola$ ^[5])。 Fec^B 被精确定位在微卫星标记 OarAE101 和 BM1329 之间 10 cM 的区域内^[6-8],并且在实践中 OarAE101 已被用于标记辅助选择,提高绵羊的多胎性^[9]。

湖羊主要分布于江苏省的吴县、无锡、太仓、昆山、宜兴等地以及浙江省的吴兴、嘉兴、桐乡等县。一年四季均可发情配种,但较多集中在春季 4 月下旬~6 月底和秋季 9~10 月底。湖羊繁殖力高,除

初产母羊外,一般每胎产羔都在 2 只以上,有的一胎能产 6~8 只,据《中国羊品种志》记载湖羊平均产羔率为 228.92%^[10]。目前关于小尾寒羊的多胎性储明星等已经进行了许多深入的研究^[11-16]。相对于小尾寒羊的繁殖性能研究而言,关于湖羊多胎性能的研究相对较少,但也有许多学者为此进行了有意义的探讨:程瑞禾等自 20 世纪 80 年代初以来进行了一系列的研究,涉及湖羊的四季发情及排卵数、生殖器官的发育、卵泡的发育、内分泌水平的研究等生物学及生理学基础,为湖羊多胎性能的进一步研究作了铺垫^[17]。

目前关于湖羊多胎性能分子机理的研究较少或者仅仅是作为对照品种进行了侧面的研究,而且采用的是利用特定标记的等位基因(或基因型)与产羔性状表型值的关联性分析来进行选择或生产性能的预测分析的思路^[12,18-20],但是绵羊的产羔性能受到生理状态、营养水平及公羊精液品质等外部因素的影响,产羔性状的表型值并不能真正遗传,从而利用标记与性状表型值的关联进行选择,其效率会受到一定程度的影响。鉴于母羊可能生产力是利用母羊产羔数性状多次度量的重复力而得到的遗传参数,

是衡量母羊在产羔性状上所具有的遗传潜力,是选择优秀母羊的重要依据。因此根据母羊可能生产力的估计值并结合基因(或基因型)的选择对于提高选种的准确性和加快遗传改进具有重要意义。

本研究中作者借鉴 Booroola 羊的研究成果,选择与 Fec^B 基因紧密连锁的微卫星标记对湖羊的多胎性状进行研究,以探讨微卫星标记与湖羊母羊产羔数可能生产力这一种用指标的关联性,为进一步开展湖羊产羔机理的研究和标记辅助选择提供理论依据,也为探讨我国地方绵羊繁殖性能的遗传机理提供新的分析思路。

1 材料和方法

1.1 试验材料与 DNA 提取

2005 年在江苏省苏州市种羊场随机选取成年

母羊 60 只,静脉采血 10 mL,肝素钠抗凝,酚、氯仿抽提 DNA 后,TE 溶解,−20 ℃ 保存。并查阅资料收集湖羊成年母羊头 3 胎的产羔数记录。

1.2 湖羊微卫星标记的引物合成

根据 Booroola 绵羊的研究结果,选择了第 6 号染色体上与多胎基因 Fec^B 紧密连锁的 4 个微卫星座位引物,以及与产羔性状也有密切关系的第 4 号染色体上的 1 个微卫星座位的引物(表 1)。引物由上海生工生物工程技术服务公司合成。

1.3 PCR 反应体系

PCR 反应体系参照文献[21-23],并作适当调整,PCR 反应体系为 20 μL :10 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ dNTP 0.4 μL ,10 \times buffer 2 μL ,25 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ MgCl_2 (表 1),8 $\mu\text{mol} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 两侧引物各 1 μL ,5 U *Taq* DNA 聚合酶 0.2 μL ,50 ng $\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 的 DNA 模板 2 μL ,

表 1 引物序列及退火温度和 MgCl_2 用量

Table 1 The microsatellite primer sequences, and part of PCR conditions of the microsatellites used in this study

| 标记 Marker | 引物序列 5'-3' Primer sequences | 退火温度 / $^{\circ}\text{C}$ Anneal temperature | MgCl_2 用量/ μL Volume of MgCl_2 |
|--------------|--|---|--|
| OarHH55 | GTTATTCCATATCTTTCTCCATCATAAGC CCACACAGAGCAACTAAAACCCAGC | 63 | 2.4 |
| OarHH35 | AATTGCATTCAGTATCTTTAAACATCTGGC ATGAAAATATAAAGAGAATGAACCACACGG | 63 | 2.4 |
| BM143 | ACCTGGGAAGCCTCCATATC CTGCAGGCAGATTCTTTATCG | 63 | 2.4 |
| BM1329 | TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC AACACCGCAGCTTCATCC | 60 | 1.2 |
| OarAE101 | TTCTTATAGATGCACTCAAGCTAGG TAAGAAATATATTTGAAAAAACTGTATCTCCC | 59 | 2.4 |

用 ddH₂O 补足 20 μL 。PCR 反应程序为:94 ℃ 预变性 5 min,(94 ℃ 变性 1 min,退火 1 min,72 ℃ 延伸 1 min)30 个循环,72 ℃ 5 min 保存。反应结束后,PCR 扩增产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离结合硝酸银染色法检测,染色后的凝胶利用 KODAK 凝胶成像系统复制保存,利用 Kodak Digital Science ID Image Analysis Software 根据 pBR322/*Msp* I marker 判断扩增片段的大小。

1.4 统计分析

1.4.1 群体中遗传变异指标的计算 每个基因座的杂合度(H)^[24]、多型信息含量(PIC)^[25]、有效等位基因数(N_e)^[26]的计算,采用 SAS 软件计算。

1.4.2 母羊可能生产力的估计 根据母羊各胎的记录计算产羔性状的重复力,按照文献[1]计算母羊产羔性状的可能生产力。

1.4.3 标记基因型与湖羊产羔数可能生产力的关联分析 配合下列模型进行最小二乘方差分析,比较湖羊产羔数可能生产力在标记基因型之间的差异。

$$y_{ij} = \mu + M_i + e_{ij}$$

其中: y_{ij} —产羔数的可能生产力; μ —群体均值; M_i —第 i 种标记基因型的固定效应; e_{ij} —随机残差效应。用 SAS 的 GLM(General Linear Model)过程完成。

2 结果与分析

2.1 各微卫星基因座扩增结果的分析

2.1.1 各微卫星座位优势基因型、等位基因及其频率 5 个微卫星座位的等位基因分布及其频率分别见表 2。由表 2 可见,在 OarAE101 基因座共发现 17 种基因型、9 个等位基因,变异范围在 101~125 bp 之间,其中优势基因型为 107/113、107/107、111/111、113/113,优势等位基因为 107、113、111;在 BM1329 基因座共发现了 9 种基因型、5 个等位基因,变异范围在 146~164 bp 之间,其中优势基因

型为 146/146、164/164、146/158、146/162,优势等位基因为 146、164、158、162;在 OarHH35 基因座共发现了 7 种基因型、5 个等位基因,变异范围在 125~141 bp 之间,其中优势基因型为 139/139、139/127、139/125,优势等位基因为 139、127、125;在 BM143 基因座共发现 20 种基因型、9 个等位基因,变异范围在 102~118 bp 之间,其中优势基因型为 116/118、102/104、118/106,优势等位基因为 118、116、106、104、102;在 OaHH55 基因座共发现 16 种基因型、6 个等位基因,变异范围在 125~147 bp 之间,其中优势基因型为 147/129、147/127、127/129,

表 2 5 个微卫星标记在湖羊中的扩增结果

Table 2 Amplification of five microsatellite markers in Hu sheep

| 基因座 Loci | 基因型(个体数) Genotype(No. of individuals) | | 等位基因大小/bp Size of alleles | 等位基因频率 Allele frequency |
|-------------|--|-------------|------------------------------|----------------------------|
| OarAE101 | 103/113(4) | 101/111(3) | 103 | 0.091 7 |
| | 107/113(8) | 113/113(10) | 101 | 0.083 3 |
| | 107/107(9) | 107/111(2) | 107 | 0.266 7 |
| | 101/101(2) | 103/107(3) | 109 | 0.016 7 |
| | 101/107(1) | 103/103(2) | 113 | 0.275 0 |
| | 115/115(4) | 115/117(1) | 115 | 0.075 0 |
| | 111/111(7) | 101/113(1) | 111 | 0.158 3 |
| | 101/125(1) | 125/125(1) | 125 | 0.025 0 |
| | 109/109(1) | | 117 | 0.008 3 |
| BM1329 | 146/146(12) | 146/162(15) | 146 | 0.416 7 |
| | 164/164(13) | 158/158(3) | 164 | 0.233 3 |
| | 146/158(9) | 162/162(3) | 158 | 0.133 3 |
| | 148/148(2) | 148/158(1) | 148 | 0.041 7 |
| | 146/164(2) | | 162 | 0.175 0 |
| OarHH35 | 139/139(7) | 125/125(5) | 139 | 0.475 0 |
| | 139/141(4) | 137/125(3) | 141 | 0.033 3 |
| | 127/127(2) | | 127 | 0.225 0 |
| | 139/127(23) | | 125 | 0.241 7 |
| | 139/125(16) | | 137 | 0.025 0 |
| BM143 | 118/118(3) | 116/104(1) | 118 | 0.266 7 |
| | 118/116(8) | 112/114(2) | 116 | 0.116 7 |
| | 102/104(10) | 112/118(1) | 102 | 0.141 7 |
| | 102/106(2) | 112/102(3) | 104 | 0.125 0 |
| | 118/106(12) | 118/112(1) | 106 | 0.175 0 |
| | 118/102(1) | 112/104(1) | 110 | 0.016 7 |
| | 118/108(1) | 116/112(4) | 108 | 0.041 7 |
| | 108/108(1) | 108/102(1) | 112 | 0.100 0 |
| | 106/104(3) | 116/106(1) | 114 | 0.016 7 |
| 106/106(1) | 108/106(1) | | | |
| OarHH55 | 131/131(1) | 147/127(11) | | |
| | 131/129(3) | 147/135(2) | 131 | 0.058 3 |
| | 129/129(3) | 147/125(4) | 129 | 0.266 7 |
| | 135/131(1) | 127/125(4) | 135 | 0.033 3 |
| | 147/147(4) | 127/129(8) | 147 | 0.325 0 |
| | 147/129(13) | 127/127(1) | 127 | 0.216 7 |
| | 147/131(1) | 125/125(2) | 125 | 0.100 0 |
| | 135/129(1) | 129/127(1) | | |

优势等位基因为 147、129、127。

2.1.2 微卫星座位的多态信息含量、有效等位基因数及群体杂合度 结果表明:5 个微卫星座位在湖羊品种中存在多态性,可以用于湖羊产羔性状的遗传多样性评估。

表 3 湖羊 5 个微卫星标记的有效等位基因数、多态信息含量和杂合度

Table 3 Polymorphism information content (PIC), mean heterozygosity (H) and mean effective number of alleles (Ne) of five microsatellite DNA sites in Hu sheep

| 基因座 | 多态信息含量 | 杂合度 | 有效等位基因数 |
|----------|---------|---------|---------|
| Loci | PIC | H | Ne |
| OarAE101 | 0.780 3 | 0.806 2 | 5.161 1 |
| BM1329 | 0.678 8 | 0.721 8 | 3.594 5 |
| OarHH35 | 0.607 3 | 0.663 6 | 2.972 6 |
| BM143 | 0.816 9 | 0.836 6 | 6.121 0 |
| OarHH55 | 0.723 6 | 0.761 8 | 4.197 8 |
| 平均值 | 0.721 4 | 0.758 0 | 4.409 4 |

2.2 微卫星基因座基因型与湖羊产羔数可能生产力的关联分析

湖羊 5 个基因座的各基因型产羔数可能生产力的方差分析(对于基因型不足 2 个个体,这里不予分析)结果表明 5 个基因座中 OarAE101、BM143 各基因型产羔数可能生产力之间存在极显著差异($P < 0.01$),OarHH35 各基因型产羔数可能生产力之间存在显著差异($0.01 < P < 0.05$),OarHH55、BM1329 各基因型产羔数可能生产力之间差异不显著($P > 0.05$)。湖羊 5 个基因座的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误以及多重比较结果见表(4~8)。

结果表明:在 OarAE101 标记中 107/113 的产羔数可能生产力最小二乘平均值为最大,与基因型 103/113、107/107、101/111、113/113、107/111 和 103/103 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著,但与 101/101 和 103/107 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异显著,与 115/115 和 111/111 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异极显著。

结果表明:在标记 BM1329 中 162/162 产羔数可能生产力最小二乘平均值为最大,但与其他基因型之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著。

结果表明:在 OarHH35 标记中 139/139 的产羔数可能生产力最小二乘平均值为最大,与基因型

表 4 湖羊各 OarAE101 基因型的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误

Table 4 Least square means ± standard error of the OarAE101 genotypes for the Producing ability of litter size of ewes in Hu sheep

| OarAE101 基因型(n) | 最小二乘均值±标准误 |
|-------------------|-------------------------------------|
| OarAE101 genotype | Least square means ± standard error |
| 103/113(4) | 2.572 5±0.036 2 ^{abAB} |
| 107/113(8) | 2.595 0±0.025 6 ^{aA} |
| 107/107(9) | 2.585 6±0.024 1 ^{aAB} |
| 101/101(2) | 2.460 0±0.051 2 ^{bcABC} |
| 115/115(4) | 2.475 0±0.036 2 ^{bcBC} |
| 111/111(7) | 2.430 0±0.027 3 ^{cC} |
| 101/111(3) | 2.516 7±0.041 8 ^{abcABC} |
| 113/113(10) | 2.588 0±0.022 9 ^{aAB} |
| 107/111(2) | 2.490 0±0.051 2 ^{abcABC} |
| 103/107(3) | 2.473 3±0.041 8 ^{bcABC} |
| 103/103(2) | 2.555 0±0.051 2 ^{abcABC} |

同列中具有不同小写字母肩标的平均值间差异显著($0.01 < P < 0.05$);同列中具有不同大写字母肩标的平均值间差异极显著($P < 0.01$)

Means with the different superscripts within the same column differ significantly($0.01 < P < 0.05$); Means with the different capital superscripts within the same column differ extreme significantly($P < 0.01$)

表 5 湖羊各 BM1329 基因型的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误

Table 5 Least square means ± standard error of the BM1329 genotypes for the Producing ability of litter size of ewes in Hu sheep

| BM1329 基因型(n) | 最小二乘均值±标准误 |
|------------------|-------------------------------------|
| BM1329 genotypes | Least square means ± standard error |
| 146/146(12) | 2.540 0±0.024 2 ^a |
| 164/164(13) | 2.483 8±0.023 2 ^a |
| 146/158(9) | 2.561 1±0.028 0 ^a |
| 148/148(2) | 2.460 0±0.059 3 ^a |
| 146/164(2) | 2.460 0±0.059 3 ^a |
| 146/162(15) | 2.548 7±0.021 7 ^a |
| 158/158(3) | 2.556 7±0.048 4 ^a |
| 162/162(3) | 2.576 7±0.048 4 ^a |

同列中具有相同字母肩标的平均值间差异不显著($P > 0.05$)。下同

Means with the same superscripts within the same column differ not significantly($P > 0.05$). The same as below

表 6 湖羊各 OarHH35 基因型的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误

Table 6 Least square means ± standard error of the OarHH35 genotypes for the Producing ability of litter size of ewes in Hu sheep

| OarHH35 基因型(n) OarHH35 genotypes | 最小二乘均值±标准误 Least square means ± stand error |
|-------------------------------------|---|
| 139/139(7) | 2.592 9±0.030 6 ^{aA} |
| 139/141(4) | 2.540 0±0.040 5 ^{abAB} |
| 127/127(2) | 2.460 0±0.0573 0 ^{bB} |
| 139/127(23) | 22.550 8±0.016 9 ^{aAB} |
| 139/125(16) | 2.484 3±0.020 2 ^{bB} |
| 125/125(5) | 2.481 7±0.033 1 ^{bB} |
| 137/125(3) | 2.536 7±0.046 7 ^{abAB} |

同列中具有不同小写字母肩标的平均值间差异显著(0.01 < P < 0.05); 同列中具有不同大写字母肩标的平均值间差异极显著(P < 0.01)。下同

Means with the different superscripts within the same column differ significantly(0.01 < P < 0.05); Means with the different capital superscripts within the same column differ extreme significantly(P < 0.01). The same as below

139/144、139/127、137/125 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著,但与 127/127、125/125 和 139/125 之间产羔数可能生产力最小二乘均值差异极显著。

表 7 湖羊各 BM143 基因型的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误

Table 7 Least square means ± standard error of the BM143 genotypes for the Producing ability of litter size of ewes in Hu sheep

| BM143 基因型(n) BM143 genotypes | 最小二乘均值±标准误 Least square means ± standard error |
|---------------------------------|--|
| 118/118(3) | 2.640 0±0.040 7 ^{aA} |
| 118/116(8) | 2.514 4±0.023 5 ^{bedABC} |
| 102/104(10) | 2.454 0±0.022 2 ^{edC} |
| 102/106(2) | 2.490 0±0.049 8 ^{bedABC} |
| 118/106(12) | 2.586 3±0.021 2 ^{aAB} |
| 118/110(2) | 2.590 0±0.049 8 ^{abABC} |
| 106/104(3) | 2.536 7±0.040 7 ^{abcdABC} |
| 112/114(2) | 2.555 0±0.049 8 ^{abcdABC} |
| 112/102(3) | 2.450 0±0.040 7 ^{dC} |
| 116/112(4) | 2.475 0±0.035 2 ^{bedBC} |

表 8 湖羊各 OarHH55 基因型的产羔数可能生产力最小二乘均值±标准误

Table 8 Least square means ± standard error of the OarHH55 genotypes for the Producing ability of litter size of ewes in Hu sheep

| OarHH55 基因型(n) OarHH55 genotypes | 最小二乘均值±标准误 Least square means ± standard error |
|-------------------------------------|--|
| 131/129(3) | 2.533 3±0.050 0 ^a |
| 129/129(3) | 2.450 0±0.050 0 ^a |
| 147/147(4) | 2.572 5±0.043 3 ^a |
| 147/129(13) | 2.547 7±0.024 0 ^a |
| 147/127(11) | 2.520 9±0.026 1 ^a |
| 147/135(2) | 2.590 0±0.061 2 ^a |
| 147/125(4) | 2.525 0±0.043 3 ^a |
| 127/125(4) | 2.492 5±0.043 3 ^a |
| 127/129(9) | 2.485 6±0.028 9 ^a |
| 125/125(2) | 2.525 0±0.061 2 ^a |

结果表明:在 BM143 标记中 118/118 的产羔数可能生产力最小二乘均值为最大,与基因型 118/106、118/110、106/104 和 112/114 之间产羔数可能生产力最小二乘均值差异不显著,但与 118/116 和 102/106 之间产羔数可能生产力最小二乘均值差异显著,与 102/104、112/102 和 116/112 之间产羔数可能生产力最小二乘均值差异极显著。

结果表明:在标记 OarHH55 中 147/135 产羔数可能生产力最小二乘均值为最大,但与其他基因型之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著。

当然,由于本研究检测的样本数较少,上述各微卫星标记基因座与湖羊产羔数可能生产力之间的关系只是初步的,还需要扩大样本进行进一步的分析。本研究结果对于提高湖羊产羔数的育种实践有一定的指导意义。

3 讨论

3.1 关于 5 个微卫星标记的有效等位基因数、多态信息含量和杂合度分析

有效等位基因数、多态信息含量和杂合度都用来度量群体遗传多样性。本研究中 5 个微卫星座位 OarAE101、BM1329、OarHH35、BM143、OarHH55 的有效等位基因数分别为 5.161 1、3.594 5、2.972 6、6.121 0、4.197 8,平均为 4.409 4。Montgomery 等^[7]检测到 OarAE101、OarHH55、BM143

的等位基因数分别为 7、11 和 11;储明星等^[11]在 OarAE101、BM1329 检测到的等位基因数分别为 4~5 和 4。这些结果的差异,可能与种群和采样有关。

用多态信息含量(PIC)可以描述微卫星基因座的变异程度,Botstein 等^[25]提出了衡量基因变异程度高低的多元信息含量指标。据此,本研究中 OarHH35、BM1329、OarHH55、OarAE101、BM143 均为高度多态基因座。在遗传连锁分析中,PIC 大于 0.70 的微卫星 DNA 为最理想的选择标记^[27],因为在这种情况下,双亲在该位点通常是杂合的,在其后代中可以清楚地观察到等位基因的分离。本研究中 PIC 值比较大,其平均 PIC 为 0.721 4,说明多态信息含量丰富。

杂合度又称为基因多样性,反映群体在多个基因座上的遗传变异。它是度量群体遗传变异的一个最适参数。研究的 5 个微卫星中,OarHH35 的杂合度最大,BM1329 最小。研究检测的湖羊群体平均杂合度为 0.758。Arranz 等^[28]用 19 个微卫星标记研究西班牙 5 个本地绵羊品种和 Awassi 绵羊的遗传变异,结果表明这些绵羊的平均杂合度在 0.713~0.771 之间。与本研究结果接近。

3.2 关于母羊可能生产力

母羊的可能生产力就是指母羊个体在某一重复性状上所具有的遗传潜力。绵羊的产羔数是一个遗传力很低的数量性状,其遗传力只有 0.1 左右,因此,难以用常规的育种技术来改良产羔数性状,但如果将其与可能生产力相结合进行分析,效果会更好。目前关于湖羊多胎性能分子机理的研究较少或者仅仅是作为对照品种进行了侧面的研究,而且采用的是利用特定标记等位基因(基因型)与性状表型值的关联进行选择或进行生产性能预测的分析思路^[12,18-20],鉴于母羊可能生产力是利用母羊产羔数性状多次度量的重复力而得到的遗传参数,是衡量母羊在产羔性状上所具有的遗传潜力,是选择优秀母羊的重要依据。因此,根据母羊可能生产力的估计值并结合等位基因(基因型)的选择对于提高选种的准确性和加快遗传改进具有重要意义,也是对于处理类似于产羔性状这种受度量次数影响的重复性状的一种新的试验设计思路。

3.3 关于标记基因型与湖羊产羔数可能生产力的关联性分析

本研究中 5 个基因座中 OarAE101、BM143 各

基因型产羔数可能生产力之间存在极显著差异($P < 0.01$),OarHH35 各基因型产羔数可能生产力之间存在显著差异($0.01 < P < 0.05$),但在 BM1329、OarHH55 中各基因型产羔数可能生产力之间差异不显著($P > 0.05$)。在 OarAE101 标记中 107/113 的产羔数最小二乘平均值为最大,但与基因型 103/113、107/107、101/111、113/113、107/111,和 103/103 之间产羔数可能生产力最小二乘平均值差异不显著($P > 0.05$),基因型 111/111 产羔数最小二乘平均值为最小(2.430 0)。而在储明星等^[11]研究中 OarAE101 基因座的等位基因(107)及基因型 107/111 与小尾寒羊的产羔数有显著正相关,2 个等位基因(109 和 111)与产羔数有显著负相关。本研究中 BM1329 各基因型产羔数可能生产力差异不显著($P > 0.05$),进一步比较发现基因型 162/162、158/158 和 146/158 的产羔数可能生产力较高(2.556 7~2.576 7),基因型 148/148 和 146/164 的产羔数可能生产力较低(2.460 0)。而在储明星等^[11]的研究中发现微卫星 BM1329 基因座基因型 146/158 及等位基因 146 与小尾寒羊的产羔数有显著正相关,148 与小尾寒羊的产羔数有显著负相关。比较本研究以及储明星等^[11]的研究结果发现:2 个研究结果总的来说是接近的,既有相同或相似之处,也有不同之处,主要表现在本研究检测到的基因型和等位基因种类更多,这可能与分析的样本规模不同或样本采集的地点不同或分析过程中所用凝胶分析系统不同所致。

我国现有绵羊 1 亿多只,居世界前列,但出栏低于世界平均水平,要改变我国绵羊周转慢、效率低、效益差的局面,最有力的手段就是提高繁殖力。本研究将为进一步开展湖羊产羔机理的研究和标记辅助选择提供理论依据,也为探讨我国地方绵羊繁殖性能的遗传机理提供新的试验设计思路。

4 结 论

5 个微卫星标记 OarAE101、BM1329、BM143、OarHH55 和 OarHH35 可以用于湖羊产羔性状的遗传多样性的评估。方差分析结果表明:5 个基因座中 OarAE101、BM143 各基因型产羔数可能生产力之间存在极显著差异($P < 0.01$),OarHH35 各基因型产羔数可能生产力之间存在显著差异($0.01 < P < 0.05$),BM1329、OarHH55 各基因型产羔数可能生产力之间差异不显著($P > 0.05$)。

参考文献:

- [1] 王金玉,陈国宏,陈宽维,等. 动物育种原理与方法[M]. 南京:东南大学出版社,1994:114-155,225-227.
- [2] 张 沅. 动物遗传育种总论[M]. 北京:北京农业大学出版社,1996:225.
- [3] PIPER L R, BINDON B M. The Booroola merino and the performance of medium non-Peppin crosses at Amidale [M]// The Booroola merino. CSIPO, Melbourne, 1982:9-10.
- [4] DAVIS G H, MONTGOMERY G W, ALLISON A J, et al. Segregation of a major gene influencing ovulation rate in progeny of Booroola sheep [J]. *N Z J Agric Res*, 1982, 25: 525-529.
- [5] DAVIS G H, KELLY R W. Segregation of major gene influencing ovulation [J]. *N Z Soc Anim Prod*, 1983: 43.
- [6] MONTGOMERY G W, CRAWFORD A M, ENTY J M, et al. The ovine Booroola fecundity gene (Fec^B) is linked to markers from a region of human chromosome 4q [J]. *Nature Genetics*, 1993, 4:410-414.
- [7] MONTGOMERY G W, CRAWFORD A M, PENTY J M, et al. The Booroola fecundity (Fec^B) gene maps to sheep chromosome 6 [J]. *Genomics*, 1994, 22: 148-153.
- [8] LORD E A, DAVIS G H, DODDS K G, et al. Identification of Booroola carriers using microsatellite markers. Proceeding of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production [C]. Armidale, NSW, Australia, 1998, 27: 19-22.
- [9] GOOTWINE E, YOSSEFI S, ZENOU A. Markers assisted selection for Fec^B carrier in Booroola Awassi crosses. Proceeding of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production [C]. Armidale, NSW, Australia, 1998, 24: 161-164.
- [10] 中国羊品种志编写组. 中国羊品种志[M]. 上海:上海科学技术出版社,1989:29-58.
- [11] 储明星,程金华,过 纬. 微卫星标记 OarAE101 和 BM1329 在五个绵羊品种中的初步研究[J]. 遗传学报, 2001, 28(6):510-517.
- [12] 储明星,王吉振,王爱国,等. 小尾寒羊 4 个微卫星座位的克隆及序列分析[J]. 遗传学报, 2002, 29(5): 402-405.
- [13] 储明星,王吉振,王爱国,等. 小尾寒羊五个微卫星座位遗传多态性研究[J]. 遗传学报, 2002, 29(6):502-506.
- [14] CHU M X, WANG J Z, WANG A G, et al. Association analysis between five microsatellite loci and litter size in Small-tailed Han sheep [J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2003, 16(11): 1555-1559.
- [15] CHU M X, JI C L, CHEN G H. Association between PCR-RFLP of melatonin receptor 1a gene and high prolificacy in Small Tail Han sheep [J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2003, 16(12):1701-1704.
- [16] 王吉振,储明星,王爱国,等. 用 4 个微卫星标记分析 7 个绵羊群体之间的遗传关系[J]. 遗传, 2004, 26(5):637-643.
- [17] 程瑞禾,闫玉琴. 湖羊多胎性及其利用[J]. 中国草食动物, 2000, 2(6):34-35.
- [18] 王根林,毛鑫智,DAVIS G H, 等. DNA 分析发现我国湖羊和小尾寒羊存在 Booroola (Fec^B) 多胎基因 [J]. 南京农业大学学报, 2003, 26(1):104-106.
- [19] 雷雪芹,陈 宏,徐廷生,等. 小尾寒羊产羔性状的微卫星标记研究[J]. 畜牧兽医学报, 2003, 34(6):530-535.
- [20] 季从亮,储明星,陈国宏,等. 4 个绵羊品种褪黑激素受体 1a 基因第二外显子 PCR-RFLP 分析[J]. 华中农业大学学报, 2003, 22(3):105-109.
- [21] BUCHANAN, CRAWFORD A M. Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF70 locus [J]. *Animal Genetics*, 1992, 23:185.
- [22] BUCHANAN F C, CRAWFORD A M. Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF33 locus [J]. *Animal Genetics*, 1992, 23:186.
- [23] BUCHANAN F C, CRAWFORD A M. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci [J]. *Animal Genetics*, 1993, 24:145.
- [24] NEI M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, 1978, 89:583-590.
- [25] BOSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32: 314-331.
- [26] KIMURA M, CROW J F. The number of alleles that can be maintained in a finite population [J]. *Genetics*, 1974, 49:725-738.
- [27] BARKER J S F. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. Proc [J]. *5th World Congr Genet Appl Livest Prod*, 1994, 21:501-508.
- [28] ARRANZ J J, BAYON Y, SAN PRIMITIVO F. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites [J]. *Animal Genetics*, 1998, 29:435-440.