

辽宁新品系绒山羊微卫星标记与经济性状相关性的研究

金梅*, 王艳杰, 张婷婷, 朴君, 刁雪涛, 何振瑞, 张小芳, 康慧琴

(辽宁师范大学生命科学学院, 辽宁省生物技术与分子药物研发重点实验室, 大连 116029)

摘要: 为了在生产实践中进行多目标性状的选育, 本研究利用微卫星标记技术对辽宁新品系绒山羊所有染色体(29条)上125个微卫星位点进行了研究, 分析了体质量、绒产量和绒细度3个经济性状与标记基因型的关系。结果表明, 除BM1312等10个为单态外, 其余111个呈高度多态($PIC > 0.5$), 4个呈中度多态($0.25 < PIC < 0.5$)。并对呈多态的115个微卫星位点经济性状的相关关系进行分析, 找到了与体质量、绒产量和绒细度相关的优势基因型, 特别是发现了MoM064位点的DE基因型(112~117 bp)为绒细度和绒产量性状的共同优势基因型。此项研究为在生产实践中进行多目标性状的选育提供了试验依据。

关键词: 辽宁新品系绒山羊; 微卫星标记; 经济性状

中图分类号: S827; S813.3

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2012)02-0186-10

Correlation Analysis of Microsatellite DNA Markers with Some Substantial Economic Traits in Liaoning New Line Cashmere Goat

JIN Mei*, WANG Yan-jie, ZHANG Ting-ting, PIAO Jun, DIAO Xue-tao,

HE Zhen-rui, ZHANG Xiao-fang, KANG Hui-qin

(Liaoning Provincial Key Laboratory of Biotechnology and Drug Discovery, College of Life Science, Liaoning Normal University, Dalian 116029, China)

Abstract: For selection and breeding of multiple objective traits in production practice, the economic traits of Liaoning new line cashmere goat were analyzed by 125 microsatellite loci on the whole 29 chromosomes. The association among three economic traits (body weight, cashmere yield and cashmere fineness) and the marker genotypes was analyzed. The results showed that there were 111 microsatellite loci showing high polymorphism ($PIC > 0.5$) and 4 microsatellite loci showing intermediate polymorphism ($0.25 < PIC < 0.5$), and 10 loci include BM1312 showing monomorphism. Effects of 115 polymorphic microsatellite loci on economic traits were also analyzed. The genotypes which favorably affect the three economic traits (body weight, cashmere yield and cashmere fineness) were found. Especially, DE at MoM064 (112-117 bp) was favorable genotype for cashmere fineness and cashmere yield. This research provides an experimental basis for selection and breeding of multiple objective traits in production practice.

Key words: Liaoning new line cashmere goat; microsatellite marker; economic trait

当前, 辽宁新品系绒山羊的选育主要还停留在传统方法上, 没有与现代分子生物学技术相结合。

收稿日期: 2011-03-30

基金项目: 国家“十一五”科技支撑计划(2009BADA5B01); 国家自然科学基金(30972079; 31172188); 大连市科技计划项目(2010B14NC104); 辽宁省百千万人才基金联合资助

作者简介: 金梅(1966-), 女, 回族, 山东禹城人, 博士, 教授, 主要从事动物遗传育种研究

* 通讯作者: 金梅, E-mail: jm6688210@hotmail.com

遗传标记的选择是提高选种效率与效能的有效途径^[1-2]。采用微卫星 DNA 分子标记进行精确定位检测^[3],通过连锁分析^[4]便可将复杂性状定位到基因组的特定染色体区段内^[5-6],从而有可能通过标记辅助选择(Markers-assisted selection, MAS)^[7-8]来加速其改良速度和高产品种的培育进程^[9-10]。本研究利用微卫星标记技术对辽宁新品系绒山羊的遗传多样性进行分析,并研究其与重要经济性状(体质量、绒产量、绒细度)的相关关系^[11-12]。目前,国内外研究主要集中于很少一部分染色体上几个微卫星位点单一效应的研究,没有进行多目标、多性状的复合研究。例如:2008年张廷虎等^[13]研究了第1和第2号染色体上的7个微卫星标记在2个南疆绒山羊群体中的遗传多样性。2006年报道了辽宁新品系绒山羊第3、4、5号染色体上的11个微卫星位点与经济性状之间的关系^[14]。本研究在此基础上取得了新的研究进展,进一步全面、准确的研究了辽宁新品系绒山羊所有染色体上(29条)125个微卫星位点与体质量、绒产量和绒细度3个重要经济性状的相关关系,并进行了经济性状间的多重比较复合研究。这为建立绒山羊经济性状新型选种体系奠定了一定的基础。

1 材料与方法

1.1 样本的采集

在辽宁瓦房店新品系绒山羊群体中选20只没有亲缘关系的公羊和400只母羊进行杂交,分别取每只公羊的后代共300只(公羊100只,母羊200只)。4月龄颈静脉采血8~10 mL,ACD抗凝,冰浴带回实验室,-80℃保存备用^[15]。现场进行活体体质量、体侧绒毛采样和个体采绒量称重,采集的绒样用扫描电镜测量绒细度^[16]。

1.2 基因组 DNA 的提取

参考《分子克隆实验指南》^[17],稍做改进,提取DNA,DNA提取后用0.8%琼脂糖凝胶电泳检测其纯度。若发现不纯,可用酚-氯仿再抽提1次,以消除其中的杂物^[18]。

1.3 微卫星引物

根据Barker等^[18]的微卫星选择标准和山羊第二代遗传连锁图谱,选择山羊第1~29号染色体上的125个微卫星标记进行研究,所选引物网址为:<http://locus.jouy.inra.fr/bovmap/goatmap>,由大连宝生物公司(<http://www.takara.com.cn/>)合成。

1.4 PCR 扩增程序及产物的凝胶电泳

PCR反应总体积为20 μL:10×PCR Buffer(Mg²⁺ Plus) 2.0 μL, dNTP Mixture(各2.5 mmol·L⁻¹) 2.0 μL,引物各1.0 μL(10 pmol·L⁻¹),TaKaRa Taq(5 U·μL⁻¹) 0.2 μL,模板DNA 1.0 μL, ddH₂O 12.80 μL。扩增程序为:95℃预变性5 min;94℃变性30 s,55℃退火(视引物不同而改变)30 s,72℃延伸1 min,35个循环;72℃再延伸7 min;4℃保存。

用2%琼脂糖凝胶电泳抽检微卫星扩增产物是否在所需的长度范围内以及是否有非特异条带产物。具体方法是:4 μL产物加1 μL Loading-Buffer混匀,上样后5 V·cm⁻¹电压电泳,约40 min左右取出,用凝胶成像系统进行观察。接着采用8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,银染^[19]。

1.5 微卫星基因型的判定

用凝胶数字图像定量分析系统分析计算全部个体各微卫星位点等位基因大小。以大小不同的扩增片段为不同的等位基因,按等位基因从小到大的顺序分别依次命名为A、B、C、D、E等,分析各微卫星座位全部个体的基因型。

1.6 微卫星基因座群体遗传特性分析

由于微卫星呈共显性遗传,通过其表现型可直接反映基因型。因此,根据电泳结果可以直接判断出每一个体的基因型,等位基因频率是通过POP-GENE软件程序计算所得。多态信息含量是表示微卫星DNA变异程度高低的一个指标,反映微卫星DNA多态性;群体杂合度表示微卫星座位为杂合子的比例;有效等位基因数(Effective numbers of alleles, N_e)为基因纯合度的倒数,也是反映群体变异的指标,它表明等位基因在群体中分布的均匀程度^[20-21]。

1.7 微卫星多态性与经济性状的关联分析

根据聚丙烯酰胺凝胶电泳显示结果,利用Gel-Pro专业图像分析软件,将不同微卫星位点的基因型区分开。本试验的微卫星座位不存在测定统计模型如下:

$$y_{ijkl} = \mu + sex_j + marker_k + age + e_{ijkl}$$

其中, y_{ijkl} 为个体表型的记录值; μ 为群体平均值; sex_j 为性别效应; $marker_k$ 为标记基因型效应; age 为年龄效应,按连续性变量处理,作回归校正; e_{ijkl} 为随机误差。

然后运用SPSS(<http://www.ualberta.ca/fyeh>)统计分析软件对标记位点的效应值进行最小

二乘均值及差异显著性方差分析,观察每个位点上不同基因型对经济性状的影响^[22-23]。

2 结 果

2.1 微卫星基因座群体遗传特性分析

对 125 个微卫星位点不同等位基因的基因频率及基因型频率进行统计分析,结果显示只有 *BM1312*、*BM4307*、*INRA003*、*LSCV42*、

MILSTS72、*INRA136*、*BM4630*、*FSHB*、*BM2355* 和 *BMS1920* 10 个位点在所有被测个体中呈单态。其余的 115 个位点的基因型都在 3 个以上,最多的有 11 个,平均基因型为 7 个。根据 115 个微卫星位点(除了 10 个单态微卫星)的等位基因频率,利用 POPGENE 软件计算出基因纯合度、有效等位基因数、杂合度和多态信息含量,结果见表 1。

表 1 辽宁新品系绒山羊 115 个微卫星位点统计学指标

Table 1 Statistical indicators of 115 microsatellite loci of the high-yield of cashmere goat

位点 Locus	纯合度 Pure fitness	有效等位基因数 Effective number of alleles	杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content
<i>MAFO64</i>	0.295 5	2.524 0	0.704 5	0.624 7
<i>LSCV13</i>	0.261 4	3.268 2	0.738 6	0.682 1
<i>INRA011</i>	0.431 8	2.713 4	0.568 2	0.510 9
<i>CSSM11</i>	0.488 6	4.074 7	0.511 4	0.475 1
<i>LSCV37</i>	0.136 4	3.168 6	0.863 6	0.821 4
<i>IDVGA64</i>	0.397 7	4.166 8	0.602 3	0.576 8
<i>LCCV24</i>	0.136 4	4.162 3	0.863 6	0.815 3
<i>ILSTS082</i>	0.261 4	3.180 9	0.738 6	0.706 3
<i>BMS2782</i>	0.159 1	3.755 6	0.840 9	0.804 6
<i>McM058</i>	0.022 7	4.185 9	0.977 3	0.704 9
<i>BMS1788</i>	0.068 2	5.344 4	0.931 8	0.786 0
<i>LSCV15</i>	0.147 7	5.451 6	0.852 3	0.760 1
<i>OarHH35</i>	0.021 7	6.225 1	0.978 3	0.820 0
<i>CSSM54</i>	0.011 4	5.088 0	0.988 6	0.774 0
<i>MAF070</i>	0.113 7	5.963 8	0.896 3	0.686 3
<i>MAF050</i>	0.034 1	3.888 5	0.965 9	0.703 3
<i>McM218</i>	0.045 5	4.938 8	0.954 5	0.769 3
<i>BMS1248</i>	0.068 2	5.411 6	0.931 8	0.770 5
<i>BM2830</i>	0.227 3	3.995 9	0.772 7	0.713 1
<i>ILSTS034</i>	0.102 3	3.810 1	0.897 7	0.696 1
<i>LSCV25</i>	0.136 4	3.656 3	0.863 6	0.682 2
<i>RM188</i>	0.206 8	5.787 7	0.710 9	0.631 4
<i>OarHH64</i>	0.151 1	4.156 8	0.830 1	0.752 1
<i>McM073</i>	0.104 6	3.256 1	0.951 1	0.611 3
<i>BM1329</i>	0.084 0	5.375 2	0.916 0	0.787 4
<i>BM0143</i>	0.084 0	5.804 9	0.916 0	0.806 1
<i>BM0415</i>	0.109 2	6.396 1	0.890 8	0.823 7
<i>BMS2258</i>	0.000 0	4.435 0	1.000 0	0.740 4
<i>INRABERN192</i>	0.000 0	5.057 5	1.000 0	0.773 7
<i>McM527</i>	0.025 2	4.707 8	0.974 8	0.754 8
<i>INRA129</i>	0.096 4	4.765 8	0.857 9	0.685 9
<i>MoM064</i>	0.210 6	5.026 8	0.867 2	0.684 6
<i>HEL04</i>	0.165 2	3.864 5	0.794 3	0.786 5
<i>CSSM47</i>	0.089 2	4.236 7	0.986 9	0.594 6

位点 Locus	纯合度 Pure fitness	有效等位基因数 Effective number of alleles	杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content
BM4208	0.092 4	3.836 1	0.907 6	0.690 7
INRA144	0.210 1	4.085 1	0.789 9	0.711 6
LSCV55	0.126 1	4.049 5	0.873 9	0.713 0
BM2504	0.142 9	3.539 8	0.857 1	0.675 2
TGLA073	0.218 5	4.741 7	0.781 5	0.755 5
McM185	0.042 0	4.217 1	0.958 0	0.724 3
ILSTS005	0.008 4	4.091 0	0.991 6	0.714 4
INRA071	0.210 1	2.472 5	0.789 9	0.529 0
TGLA272	0.092 4	3.669 1	0.907 6	0.677 0
BMS2569	0.042 0	4.250 6	0.958 0	0.726 4
RM096	0.008 4	5.667 8	0.991 6	0.798 6
LSCV44	0.033 6	4.351 2	0.966 4	0.733 3
ILSTS045	0.025 2	4.048 9	0.974 8	0.711 1
BMS2252	0.025 0	3.287 7	0.975 0	0.652 7
BMS0712	0.083 3	3.165 2	0.916 7	0.622 9
BM6404	0.083 3	3.644 2	0.916 7	0.675 1
INRA005	0.025 0	2.579 0	0.975 0	0.536 5
ILSTS033	0.025 0	4.033 0	0.975 0	0.709 6
ILSTS059	0.008 3	4.639 2	0.991 7	0.752 7
BMC1222	0.008 3	8.842 8	0.991 7	0.763 7
ILIRA	0.158 3	2.948 7	0.841 7	0.604 5
CSSM66	0.016 7	3.183 7	0.983 3	0.631 7
ILSTS008	0.008 3	2.661 5	0.991 7	0.549 9
BM4513	0.008 3	4.382 9	0.991 7	0.735 0
MGTG13	0.050 0	5.603 1	0.950 0	0.796 4
INRA224	0.041 7	4.126 1	0.958 3	0.717 1
MAF065	0.075 0	4.632 5	0.925 0	0.749 1
LSCV05	0.033 3	3.851 8	0.966 7	0.701 0
BM0848	0.075 0	4.143 3	0.925 0	0.720 3
BM6121	0.191 7	2.181 3	0.808 3	0.461 7
BM0121	0.033 3	4.718 2	0.966 7	0.756 1
IDVGA68	0.058 3	2.444 6	0.941 7	0.510 8
BM0719	0.016 7	3.004 7	0.983 3	0.604 8
HUJ625	0.00 0	4.985 3	1.000 0	0.769 9
OarFCB048	0.141 7	3.952 2	0.858 3	0.709 5
HUJ223	0.275 0	2.889 5	0.725 0	0.608 7
BL50	0.416 7	3.341 5	0.583 3	0.469 0
TGLA322	0.308 3	4.142 7	0.691 7	0.721 0
BMS1355	0.150 0	3.239 6	0.850 0	0.636 2
CSRD232	0.100 0	4.312 0	0.900 0	0.730 1
INRA210	0.091 7	3.396 2	0.908 3	0.651 8
McM104	0.091 7	2.994 1	0.908 3	0.591 9
BMS0745	0.241 7	3.225 4	0.758 3	0.635 7
BP20	0.108 3	4.825 7	0.891 7	0.761 5
SRCRSP06	0.025 0	3.846 7	0.975 0	0.692 0
MAP2	0.008 3	4.058 1	0.991 7	0.713 3

位点 Locus	纯合度 Pure fitness	有效等位基因数 Effective number of alleles	杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content
<i>BM3517</i>	0.025 2	4.708 6	0.974 8	0.754 8
<i>BM1225</i>	0.050 4	5.476 0	0.949 6	0.791 3
<i>INRA036</i>	0.008 4	4.736 1	0.991 6	0.758 1
<i>NPR3</i>	0.067 2	4.824 9	0.932 8	0.760 7
<i>BMS1719</i>	0.058 8	5.129 9	0.941 2	0.776 7
<i>BM3413</i>	0.042 0	3.506 1	0.958 0	0.663 4
<i>ILSTS052</i>	0.025 2	5.558 8	0.974 8	0.795 2
<i>INRA031</i>	0.025 2	5.372 2	0.974 8	0.786 4
<i>LSCV14</i>	0.016 8	4.752 0	0.983 2	0.755 7
<i>HRH1</i>	0.025 2	4.588 0	0.974 8	0.746 4
<i>BM1558</i>	0.016 8	4.316 7	0.983 2	0.729 8
<i>INRA132</i>	0.016 8	3.862 3	0.983 2	0.693 1
<i>OarCP73</i>	0.016 8	4.974 9	0.983 2	0.766 8
<i>BM1258</i>	0.025 2	4.172 4	0.974 8	0.722 7
<i>OLA-DRB</i>	0.058 8	4.415 7	0.941 2	0.738 3
<i>BM1818</i>	0.109 2	3.860 2	0.890 8	0.702 5
<i>BMS2526</i>	0.033 6	3.626 8	0.966 4	0.673 8
<i>CSSM31</i>	0.008 4	4.445 5	0.991 6	0.737 9
<i>ILSTS031</i>	0.025 2	4.833 9	0.974 8	0.759 8
<i>McM136</i>	0.016 8	5.095 7	0.983 2	0.774 5
<i>INRA206</i>	0.016 8	4.201 5	0.983 2	0.729 0
<i>BM4005</i>	0.033 6	5.521 9	0.966 4	0.793 0
<i>BP28</i>	0.033 6	4.404 7	0.966 4	0.737 2
<i>LSCV46</i>	0.453 8	1.658 5	0.546 2	0.318 2
<i>BM1314</i>	0.000 0	4.792 2	1.000 0	0.757 9
<i>INRABERN172</i>	0.016 8	3.554 9	0.983 2	0.669 7
<i>TGLA179</i>	0.142 9	3.410 2	0.857 1	0.658 6
<i>LSCV41</i>	0.050 4	3.549 1	0.949 6	0.675 8
<i>CSSM43</i>	0.033 6	4.014 5	0.966 4	0.709 3
<i>OarJMP58</i>	0.067 2	3.244 2	0.932 8	0.645 6
<i>IDVGA43</i>	0.042 0	3.181 9	0.958 0	0.623 5
<i>BMS1714</i>	0.042 0	3.398 0	0.958 0	0.651 4
<i>IDVGA07</i>	0.008 4	4.543 2	0.991 6	0.744 3
<i>RM044</i>	0.058 8	2.552 7	0.941 2	0.538 3
<i>McM135</i>	0.075 6	3.568 8	0.924 4	0.681 7

由表 1 可见,在这 115 个位点中平均多态信息含量为 0.697 7,最高多态信息含量为 *BM04153* (0.823 7),最低为 *LSCV46* (0.318 2),几乎所有位点多态信息含量(*PIC*)>0.5,达到了高度多态的水平;此群体的平均杂合度为 0.905 7,最高为 *BMS2258* (1.000)、*INRABERN192* (1.000)、*HUJ625* (1.000) 和 *BM1314* (1.000),最低为 *CSSM11* (0.511 4);平均有效等位基因数为

4.173 9 个。

2.2 微卫星位点不同基因型与经济性状的相关分析

运用 SPSS 软件对表 1 中的数据进行分析,并用最小二乘拟合线性模型对各标记基因型的效应和不同标记基因型经济性状指标差异显著性进行检验。结果见表 2、表 3 和表 4。

表 2 微卫星位点与体质量的相关关系

Table 2 The correlation analysis of microsatellite loci with body weight

微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles	基因型 个体数 Number of genotype	体质量/kg Body weight	微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles	基因型 个体数 Number of genotype	体质量/kg Body weight
LSCV13	AA	212~212	20	39.690*	OarHH35	BE	115~131	21	39.156*
	BC	224~239	18	38.295*		CF	121~140	12	38.743*
CSSM11	BB	168~168	13	39.189*	MAF070	BE	158~185	22	36.142*
	CD	170~182	12	37.543*		CE	168~185	7	39.018*
IDVGA64	AC	211~215	10	36.142*	MAF050	BD	158~177	45	35.256*
	CC	215~215	13	39.018*	BMS1248	CD	138~144	22	38.663*
LCCV24	AF	174~196	52	38.256*	BM1329	BE	182~203	24	54.500*
BMS2782	BB	245~245	12	38.663*	BM0143	AD	112~136	3	65.333*
BM2504	AE	111~145	29	52.276*	IDVGA68	AA	183~183	7	51.571*
TGLA073	AD	88~117	3	68.667*	BL50	CC	268~268	2	64.500*
McM185	AD	122~162	25	52.400*	CSRD232	AD	150~179	3	64.667*
INRA071	BB	113~113	26	51.077*	INRA210	AA	151~151	7	55.286**
	BC	113~121	44	51.023**	BM1225	CD	176~183	7	56.857*
TGLA272	CC	129~129	4	57.000*		CE	176~188	18	54.824**
RM096	BE	117~166	14	57.429**	INRA036	AB	165~169	7	59.143**
	BF	117~172	29	53.069*	BMS1719	DE	184~192	4	63.000*
ILSTS045	CE	163~186	15	53.933*	ILSTS052	AC	123~165	4	62.250**
BMS2252	BD	123~148	3	69.000*	INRA031	BF	134~164	4	59.000*
BM6404	BD	104~121	36	49.167*	LSCV14	AC	123~137	8	58.000*
ILSTS059	CF	175~196	10	40.400*	HRH1	AD	173~203	4	55.750*
BM4513	EE	175~175	2	54.000*		CD	195~203	15	53.133**
MGTG13	BD	166~181	19	51.790*	BMS2526	BC	154~165	8	57.375*
INRA224	AB	172~185	2	50.500*		CD	165~174	55	52.836*
BM0848	CD	165~174	5	51.200*	McM135	AB	133~156	10	54.100*
BM0415	FF	144~144	7	57.571*		BC	156~165	11	54.455*
BMS2258	CD	157~164	10	56.200*	BM6121	AA	115~115	23	49.304*
INRAB	DF	208~217	5	60.200*	BM0121	AB	137~160	2	51.000*
ERN192					BM4005	BC	148~157	4	54.500*
McM527	AE	133~158	5	60.800*	McM136	AD	84~136	3	57.667*
	BD	137~152	5	64.400**		CF	133~161	4	57.000**
BM4208	AD	114~140	6	54.333*	OarJMP58	BB	139~139	6	61.000*
	BB	124~124	8	53.625*		IDVGA07	AB	202~214	16
BP28	AB	158~164	4	60.000*		AC	202~238	16	53.438*
	BC	164~174	3	61.667*	RM044	AA	86~86	7	58.714*
LSCV41	BC	122~157	4	63.250**	MoM064	BB	103~103	2	61.505*
	CE	157~176	4	60.500*					

* 和 ** 表示所对应基因型值的最小二乘均值皆大于同位点其他基因型值。* 表示具有显著性差异 ($P < 0.05$), ** 表示极显著性差异 ($P < 0.01$)。下同

* and ** denote that the least square mean value of the corresponding genotype is greater than that of other genotypes. * indicate significant difference ($P < 0.05$), and ** indicate extremely significant difference ($P < 0.01$). The same as below

表 3 微卫星位点与绒产量的相关关系

Table 3 The correlation analysis of microsatellite loci with cashmere yield

微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles	基因型 个体数 Number of genotype	绒产量/g Cashmere yield	微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles	基因型 个体数 Number of genotype	绒产量/g Cashmere yield
<i>OarJMP58</i>	AB	113~139	22	1 163.970**	<i>CSSM54</i>	AB	125~130	19	1 189.643*
<i>IDVGA43</i>	BB	166~166	5	1 090.742*	<i>MAF050</i>	AD	150~177	4	990.452*
<i>IDVGA07</i>	CE	238~257	9	1 065.736**		BC	158~167	15	1 106.427**
<i>McM135</i>	AC	133~165	16	1 148.754**	<i>BM2830</i>	BB	116~116	28	1 117.248*
<i>BM1558</i>	AC	119~133	8	1 154.395**		CD	120~123	21	1 098.280*
<i>LSCV41</i>	BB	122~122	6	1 094.718*	<i>ILSTS034</i>	BC	125~128	15	1 268.954*
<i>OarCP73</i>	CE	186~208	19	1 016.314*		CD	128~130	34	1 197.885*
<i>BM1258</i>	AC	89~113	12	1 058.614**	<i>OarHH64</i>	BC	120~128	13	1 181.286*
<i>BM1818</i>	BE	122~146	21	1 049.678**	<i>BM0143</i>	BC	122~131	5	1 058.132*
<i>CSSM31</i>	AA	140~140	2	1 243.475*	<i>BM0415</i>	EG	136~153	22	1 005.329*
<i>McM136</i>	DF	136~161	19	1 078.861**	<i>INRABERN192</i>	BG	197~226	27	1 004.587*
<i>BM4005</i>	CF	157~182	18	1 031.994*	<i>MoM064</i>	DE	112~117	36	1 284.204*
<i>BP28</i>	BE	164~193	8	1 059.159**	<i>CSSM47</i>	AB	110~114	41	1 282.926*
<i>INRABERN172</i>	AB	244~253	14	1 014.951**	<i>BM4208</i>	CD	132~140	27	1 043.842**
<i>TGLA179</i>	BD	86~102	45	1 022.393**	<i>INRA144</i>	BC	117~128	13	1 056.478**
<i>LSCV13</i>	AB	212~224	32	1 210.784*	<i>LSCV55</i>	AA	83~83	16	1 162.362**
<i>INRA011</i>	BB	210~210	28	1 192.261*	<i>BM2504</i>	BE	125~145	19	1 051.918**
<i>CSSM11</i>	AD	162~182	12	1 077.754*	<i>TGLA073</i>	EE	122~122	16	1 056.787**
	BE	182~186	14	1 099.865*	<i>ILSTS005</i>	CD	197~202	2	1 357.195**
<i>LSCV37</i>	AC	116~148	20	1 087.643*	<i>TGLA272</i>	DD	131~131	2	1 189.260*
<i>IDVGA64</i>	BC	213~215	18	1 207.427**	<i>LSCV44</i>	BE	195~209	8	1 004.309*
	BD	213~224	10	1 088.452*	<i>ILSTS045</i>	AD	115~176	3	1 150.650*
<i>BMS2782</i>	BC	245~252	23	818.248*	<i>BMS2252</i>	CE	132~153	5	1 029.766*
	DE	260~268	13	1 199.280*	<i>BMS0712</i>	BD	179~198	25	1 082.312**
<i>McM058</i>	BE	196~220	36	1 245.908*	<i>BM6404</i>	CD	117~121	22	1 086.226**
<i>BMS1788</i>	AB	80~93	7	1 240.361*	<i>ILSTS033</i>	CE	194~205	5	1 344.088**
<i>LSCV15</i>	AE	110~132	15	1 091.161*	<i>ILSTS059</i>	BD	167~178	13	1 029.550*
<i>ILSTS008</i>	AD	187~212	87	967.456**	<i>ILIRA</i>	AB	197~222	61	965.543*
<i>BM4513</i>	AE	123~175	7	1 056.371*	<i>BMS0745</i>	AC	103~114	50	989.769*
<i>MGTG13</i>	BD	166~181	19	1 042.660**	<i>BP20</i>	BD	181~210	3	1 184.383**
<i>BM0848</i>	CD	165~174	5	1 079.404**	<i>SRCRSP06</i>	CD	169~178	7	1 044.293*
<i>BM6121</i>	BC	125~135	2	1 189.460*	<i>MAP2</i>	AC	85~102	22	1 030.479**
<i>BM0121</i>	BD	160~178	5	1 041.300*	<i>BM1225</i>	AE	166~188	20	1 085.430**
<i>IDVGA68</i>	AC	183~203	28	985.387*	<i>INRA036</i>	BB	169~169	3	1 241.285**
<i>BM0719</i>	CD	149~154	4	1 126.555**	<i>NPR3</i>	AA	187~187	2	1 159.760*
<i>HUJ625</i>	AF	177~222	11	1 129.362**	<i>BM3413</i>	AC	186~201	22	1 005.567*
<i>OarFCB048</i>	AA	148~148	17	1 052.671**	<i>ILSTS052</i>	AB	123~152	16	1 145.963**
<i>BL50</i>	BB	236~236	11	1 018.086*	<i>INRA031</i>	DF	149~164	2	1 088.000*
<i>TGLA322</i>	AB	107~115	23	1 013.133**	<i>LSCV14</i>	AD	123~144	12	1 072.010**
<i>BMS1355</i>	BD	175~192	4	1 045.123*	<i>HRH1</i>	BE	184~213	12	1 041.324**
<i>OarHH35</i>	BD	115~127	13	1 166.754*	<i>CSR232</i>	DE	179~181	5	1 104.804*
	BF	115~140	8	998.785*					

表 4 微卫星位点与绒细度的相关关系

Table 4 The correlation analysis of microsatellite loci with fineness

微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles/bp	基因型 个体数 Number of genotype	绒细度/ μm Fineness	微卫星位点 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因大小 /bp Size of alleles	基因型 个体数 Number of genotype	绒细度/ μm Fineness
CSSM11	AA	162~162	24	14.446*	LSCV55	BD	98~108	20	14.862**
IDVGA64	BB	213~213	12	14.468*	BM2504	AA	111~111	4	14.503*
	CC	215~215	13	14.407*		AD	111~139	8	14.893*
BMS2782	CD	252~260	22	14.603*	BMS2569	AB	103~106	2	13.625*
BMS1788	BC	93~96	6	14.251*	RM096	CE	137~166	8	14.031**
OarHH35	AB	105~115	10	14.086*	LSCV44	AD	182~202	32	14.673**
CSSM54	EF	150~161	34	14.705*	ILSTS045	AB	115~155	5	13.488**
MAF050	CE	167~183	12	14.358*		AC	115~163	7	13.853*
BMS1248	BC	128~138	30	14.159*	BMS2252	EF	153~169	19	14.679*
LSCV25	BB	125~125	16	14.887*	ILSTS033	AA	168~168	3	14.160*
	BC	125~129	21	14.386**	BMC1222	FF	235~235	2	13.355*
McM073	BC	121~130	64	14.054*	OarFCB048	DE	189~198	4	14.520*
BM1329	DF	195~214	31	14.752*	BL50	CC	268~268	2	12.795*
BM0143	AA	112~112	6	14.563**	CSRD232	AD	150~179	3	14.223**
BM0415	AA	112~112	6	14.563*	BMS0745	DD	129~129	11	15.549**
BMS2258	CE	157~166	5	14.528*	BM3517	AE	163~209	3	14.307*
INRA429	CD	116~121	49	15.587*		BF	178~212	3	13.993*
MoM064	DE	112~117	42	13.938*	BM1225	BF	174~195	21	14.305**
CSSM47	BC	114~121	2	13.554**	NPR3	CF	209~236	8	14.345**
TGLA179	AA	74~74	17	14.079*	LSCV41	AB	118~122	16	13.713**
	AB	74~86	7	14.304*		BC	122~157	4	14.075*
OarJMP58	BD	139~169	58	15.143*	IDVGA07	AE	202~257	11	13.803**
BMS1719	EF	192~204	35	14.936**	BM4005	BC	148~157	4	14.438*
BM3413	AA	186~186	4	13.455*		DD	162~162	2	14.015*
LSCV14	BE	133~157	13	14.975**	BP28	BD	164~186	12	14.330**
HRH1	AA	173~173	2	14.110*	INRAB				
	CD	195~203	15	14.801**	ERN172	BC	253~278	4	14.095*
INRA132	BD	166~182	28	14.937*		BD	253~289	19	14.659**
OarCP73	AA	174~174	2	13.435*	CSSM43	AB	110~127	3	13.277**
BM1258	DE	122~140	12	13.883**		AC	110~139	23	14.043*
OLA~DRB	AB	114~121	10	14.580*	BMS2526	AA	132~132	4	12.710**
BM1818	AC	114~135	10	14.512*	McM136	AA	84~84	2	13.530*
	CD	135~143	8	14.706*		AD	84~136	3	13.570*

表 2、表 3 和表 4 中列出了有显著相关性的微卫星位点和基因型。在 115 个微卫星位点中,与体质量性状相关的位点有 53 个,其中差异极显著的基因型有 10 个。与绒产量性状相关的位点有 76 个,其中差异极显著的基因型有 35 个。与绒细度性状相关的位点有 52 个,其中差异极显著的基因型有 21 个。

3 讨论

3.1 微卫星位点群体遗传特性分析

群体平均杂合度的高低反映了群体遗传性的一致程度,群体杂合度越低,表明该群体的遗传一致性越高,群体的遗传变异越小,群体遗传多样性越低。

本试验得出的 115 个微卫星位点的平均群体杂合度为 0.905 7,说明辽宁新品系绒山羊具有较高的群体杂合度,还需要进行进一步的纯繁选育,以提高群体整齐度和各项生产性能。

多态信息含量(PIC)是衡量片段多态性的一个指标。在一个群体中,多态信息含量越大,该座位杂合子比例则越大,提供的遗传信息就越多。本研究平均多态信息含量为 0.697 7,最高多态信息含量为 BM0415(0.823 7),最低为 LSCV46(0.318 2),其所有位点多态信息含量(PIC)>0.25,都达到了中度多态的水平。表明辽宁绒山羊遗传变异大,遗传多样性丰富。这些结果为研究辽宁绒山羊的保种、开发利用和定向选育提供了坚实的遗传学依据。

有效等位基因数可以用来度量群体的遗传多样性。如果等位基因在群体中分布越均匀,有效等位基因越接近实际检测到的等位基因的绝对数。本研究中 115 个位点的平均有效等位基因数为 4.173 9 个,基因型都在 3 个以上,这说明本研究所采集的样本能够较全面的反映出整体的种群特征,基本能反映出群体的全部遗传信息,这在进行经济性性状标记的分析中非常重要。

3.2 微卫星标记与辽宁新品系绒山羊经济性性状的关系

在绒山羊养殖中,体质量、产绒量和绒细度是重要的经济性性状。通常情况下,绒细度在 15 μm 左右为优质绒。一般来说,绒山羊的绒产量和绒细度呈负相关^[24],这也是在育种实践中存在的难题。因此能找到使这 2 项指标均符合要求的有效方法尤为重要。

本研究在体质量、绒产量、绒细度的比较中得到了理想的优势基因型和相对应的微卫星位点。在对应的经济性性状进行统计学分析时发现:MoM064 位点的 DE 基因型(112~117 bp)为绒细度和绒产量性状的共同优势基因型;MG TG13 位点的 BD 基因型(166~181 bp)和 BM0848 位点的 CD 基因型(165~174 bp)为体质量和绒产量性状的共同优势基因型;BL50 位点的 CC 基因型(268~268 bp),CSR D232 位点的 AD 基因型(150~179 bp),HRH1 位点的 CD 基因型(195~203 bp),McM136 位点的 AD 基因型(84~136 bp),BM4005 位点的 BC 基因型(153~178 bp)和 LSCV41 位点的 BC 基因型(122~157 bp)为体质量和绒细度性状的共同优势基因型。由于在绒山羊养殖中更加注重的是绒

细度和绒产量,绒细度越细,绒毛品质就越高,高品质的绒产量越高,经济价值就越大。尽管绒产量和绒细度是一对很强的负相关性状,但在群体中既高产,绒细度又适度的个体也时有出现。今后的选育工作中要注意发现和充分利用这种优秀个体,尽量扩大其对群体的影响,以不断提高群体的绒产量和绒毛质量。

4 结 论

通过该研究,找到了与体质量、绒产量和绒细度相关的优势基因型和多性状共同优势基因型,为今后在生产实践中进行多目标性状的选育,获得优质山羊绒提供了试验依据,在育种中具有重要的指导意义。

参考文献:

- [1] 吴家胜,汪旭升. 数量性状位点(QTLs)内候选基因的生物信息学分析方法[J]. 浙江林学院学报,2008, 25: 104-108.
- [2] CHEN Q Q, YU S B, LI C H, et al. Identification of QTLs for seed setting rate of rice in eight various environments [J]. *J Agri Biotech*, 2007, 15: 834-840.
- [3] TÓTH G, GÁSPÁRI Z, JURKA J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis [J]. *Genome Res*, 2000, 10: 967-981.
- [4] HILLEL J, SCHAAP T, HABERFELD A, et al. DNA fingerprints applied to gene introgression in breeding programs [J]. *Genetics*, 1990, 124: 783-789.
- [5] LI M H, ZHAO S H, BIAN C, et al. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat population base on microsatellites analysis [J]. *Genet Sel Evol*, 2002, 34: 729-744.
- [6] DEGORARI M J, FREKING B A, CUTHBERTSON R P, et al. A second generation linkage map of the sheep genome [J]. *Mamm Genome*, 1998, 9: 204-209.
- [7] MATEUS J C, PENEDO M C T, ALVES V C, et al. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites [J]. *Anim Genet*, 2004, 35: 106-113.
- [8] LIRON J P, PERAL-GARCIA P, GIOVAMBATTISTA G. Genetic characterization of Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites [J]. *J Hered*, 2006, 97: 331-339.
- [9] 舒守贵,王 涛. 利用回交法与 Wx 基因分子标记辅

- 助选择培育糯性小麦[J]. 遗传,2006, 5: 563-570.
- [10] 沈 伟, 李 兰, 潘庆杰, 等. 山羊经济性状标记辅助选择的遗传效应分析[J]. 遗传,2004, 5: 625-630.
- [11] 金 梅, 崔义厚, 傅忠扬, 等. 辽宁新品系绒山羊血液蛋白多态性及其与经济性状的关系[J]. 遗传, 2006, 5: 529-532.
- [12] 蓝贤勇, 陈 宏, 田智泉, 等. LALBA 基因 SNP 与内蒙古白绒山羊经济性状的关联[J]. 遗传,2008, 2: 169-174.
- [13] 张廷虎, 黄锡霞, 田可川, 等. 南疆白绒山羊微卫星多态性及其与部分经济性状相关性的研究[J]. 中国畜牧兽医,2008, 8: 44-48.
- [14] JIN M, GUO C L, HU J H, et al. Correlation analysis of economic traits in Liaoning new breed of cashmere goats using microsatellite DNA markers[J]. *J Genet Gen*,2006, 33: 230-235.
- [15] 苏玉虹, 熊远著, 张 勤, 等. 猪 1、3 号染色体微卫星位点多态性及遗传连锁图谱的构建[J]. 遗传学报,2002, 29: 16-20.
- [16] YANG Q F, LIU X W, YANG Y M, et al. Research of relation between age and production characters of cashmere in Liaoning cashmere goats[J]. *China Herbivores*,2008,28: 28-30.
- [17] SAMBROOK J, RUSSEL D W. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* [M]. Third Edition. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press,2001: 1130-1164.
- [18] BARKER J S F, TAN S G, MOORE S S, et al. Genetic variation within and relationship among populations of Asian goats (*Capra hircus*) [J]. *J Anim Breed Genet*,2001, 118:213-233.
- [19] JI Y T, QU C Q, CAO B Y. An optimal method of DNA silver staining in polyacrylamide gels[J]. *Electrophoresis*,2007, 28: 1173-1175.
- [20] 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: 314-331.
- [21] van ZEVEREN A, PEELMAN L, VAN DE WEGHE A, et al. A genetic study of four Belgian pig populations by means of seven microsatellite loci [J]. *J Anim Breed Genet*,1995, 112: 191-204.
- [22] SMITH B R, HERBINGER C M, MERRY H R. Accurate partition of individuals into full-sib families from genetic data without parental information[J]. *Genetics*,2001, 158: 1329-1338.
- [23] SLATE J, MARSHALL T, PEMBERTON J. A retrospective assessment of the accuracy of the paternity inference program CERVUS[J]. *Mol Ecol*,2000, 9: 801-808.
- [24] 贾志海, 彭玉麟. 中国绒山羊育种现状及展望[J]. 中国畜牧杂志,1999, 35: 55-57.

(编辑 郭云雁)