

卢一凡 (1993) 的试验结果一致。其次, 试验组 25 个家系虽然它们的亲代都具有 No614 血型基因, 但不同家系雏鸡对 MDV 抗性各有不同, 这固然

为选留强抗性亲本提供了可能, 也提示血型基因对病毒抗性有一个复杂的基因表达调控机理, 值得进行深入研究。

SRY 基因进化的研究现状

王晓霞, 张亚平

(中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放研究实验室, 昆明 650223)

自性染色体发现以来, 性别决定的机制越来越成为研究的热点。现今 SRY 基因 (sex determining region Y gene) 已逐渐与人中的 TDF (testis-determining factor) 及鼠中的 Tdy (testis-determining Y chromosome) 等同起来。由于其可能参与性别决定, SRY 基因的进化已经得到相当的关注。SRY 的进化研究在多种哺乳动物中都有相关的报道。虽然 SRY 基因在不同的物种中长度变异很大, 其结构由两个性质明显不同的部分组成: 近中部的 HMGbox 和端部的侧翼序列。大

量的比较研究表明 SRY 经历着快速的异义替代 (引起氨基酸改变的碱基替代), 尤其反映在其侧翼序列。与其相比 HMGbox 种间的严格保守以及 SRY 种内碱基序列高度一致的特性使寻求这 3 者之间的结合点已成为进化研究的主要目标。本文初步探讨了国内外对 SRY 基因进化研究的现状, 综述了有关 SRY 基因在物种分化, 性选择中地位的不同观点和学说。

基金项目: 国家自然科学基金重点项目及中国科学院重大项目资助。

我国部分家鸭品种遗传多样性及与野鸭亲缘关系的探讨

陈奕欣, 左正宏, 陈小麟, 吕良炬, 赵扬

(厦门大学生物学系, 厦门 361005)

家鸭 (*Anas platyrhynchos domestica*) 在动物分类学上属于雁形目 (Anseriformes) 鸭科 (Anatidae)。对于家鸭的起源与演化在学术界历来有两种看法: 一是“单元论”, 即家鸭是由野生绿头鸭 (*Anas platyrhynchos*) 长期驯养而来; 另一种是“二元论”, 即由野鸭绿头鸭和斑嘴鸭 (*Anas poecilorhyncha*) 在我国不同地区单独驯养, 或由绿头鸭与斑嘴鸭自然杂交的杂种代驯养而来。本研究对我国常见家鸭品种和两种野鸭的基因组 DNA 进行了 RAPD 分析, 以期了解我国家鸭的遗传多样性及亲缘关系与起源分化的分子基础, 同时寻找不同品种的特征 RAPD 标记, 探讨 DNA 分子标记在家鸭遗传育种中应用的可行性。

1 材料与方法

1.1 材料 实验动物为我国常见的蛋鸭品种金定鸭 (I、II、III 系)、莆田黑鸭 (I、II 系)、连城白鸭、绍兴鸭, 兼用鸭品种大余鸭、巢湖鸭, 肉鸭北京鸭以及野鸭绿头鸭、斑嘴鸭。Y01 - Y20, J01, J04, J05, J20 等 24 个随机引物购自于中科院遗传所。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 参照 Smith E. 等 (Poultry Science, 1996, 75: 579 - 584) 所提供的方法。

1.2.2 PCR 扩增 参照 Zhang X. 等 (Poultry Science, 1995, 74: 1 253~1 258) 略有修改。

1.2.3 数据处理 PCR 扩增产物经 1.4% 琼脂糖凝胶电泳, 在多色凝胶成像仪上分析。根据扩增的 RAPD 图谱, 统计清晰可辨且重复性较好的条带, 并将其记为“1”, 反之记为“0”, 构建“0”, “1”信息矩阵。随机扩增多态 DNA 片段共享度(相似系数)根据 Nei 和 Li (1979) 的公式: $F = 2N_{XY} / (N_X + N_Y)$ 求算。其中 F 为共享度, N_{XY} 为 2 个样品共有的扩增带数目, N_X 为样品 X 所具有的扩增带数目, N_Y 为样品 Y 所具有的扩增带数目。遗传距离(D)由公式 $D = 1 - F$ 计算。根据遗传距离按 UPGMA 聚类法构建分子树。

2 结果与讨论

在所用 24 个引物中, 5 个没有出现扩增产物或未见明显扩增带型, 其余的引物扩增图谱, 显示出丰富的多态性, 表现在扩增带的数目和扩增片段的分子量大小的差异上。共扩增出了 246 条多态带, 其中 45 条为 12 个样品所共有, 占 18.29%, 扩增片段的分子量大小为 190~4 200 bp 之间。

绿头鸭与我国家鸭品种的遗传距离(D)最小的仅有 0.224 0 (绍兴鸭), 而斑嘴鸭的为 0.288 0; 最大的是与北京鸭, 为 0.309 2, 而斑嘴鸭的是 0.373 5。在聚类分析图谱上, 绿头鸭首先与其它家鸭聚在一起, 然后再同斑嘴鸭聚到一块。但两种野鸭与家鸭遗传相似系数方差分析发

现, 两者之间并不存在显著的差异 ($P > 0.05$)。由此可认为在我国家鸭品种形成过程中, 绿头鸭和斑嘴鸭都作出了贡献。

肉鸭品种北京鸭因长期的闭锁选育, 选育历史悠久, 很少与其它家鸭品种(系)再进行基因交流, 它与其它家鸭基因组 DNA 相似性减小, 遗传距离增大, 范围在 0.236 2 (连城白鸭)~0.305 3 (金定鸭 I 系) 之间, 在 UPGMA 聚类图谱中北京鸭与其它家鸭聚在不同的分支上。

金定鸭 I, II, III 系是根据不同的生产性状或表型性状从金定鸭原种中选育而来, 由于选育时间不长, 它们遗传分化非常的小, 遗传相似系数高达 87.97% 以上, 在 UPGMA 聚类图谱上首先聚到一块。同样原因, 莆田黑鸭 I, II 系也先聚集在一个分支上, 两者的遗传相似系数为 86.59%。

巢湖鸭、绍兴鸭、连城白鸭、大余鸭、莆田黑鸭和金定鸭都是麻鸭的品变种, 长期以来, 人们按生产需要进行定向选育, 尽管出现了一些生产性能和表型性状的差异, 但就基因组结构本身来说, 差异并不大。我们的实验结果证明了这一点, 它们在聚类图谱上聚在一起。

引物 Y05 的扩增结果中发现一条金定鸭 3 个品系共有, 而其它鸭类都没有的条带, 分子量大小约为 600 bp。在金定鸭不同个体的 RAPD 扩增图谱中, 所有的个体都出现该带条。因此, 初步认为 Y05₆₀₀ 可以作为鉴别金定鸭的分子标记。

基金项目: 本研究得到了厦门凯利公司的资助。

猪的亲本间遗传距离与杂交后代 基因杂合度及杂优率关系研究

施启顺¹, 成廷水², 柳小春¹, 陈 斌¹

(1. 湖南农业大学动物科技学院, 长沙 410128; 2. 德国赫司特公司长沙办事处, 长沙 410005)

为了从蛋白质(酶)多态性和 DNA 分子水平上估测亲本间遗传距离, 探讨它们与基因杂合度及经济性状杂优率之间的关系, 利用杜洛克(杜)、长白(长)、大白(大) 3 个纯种猪群和长

×大、杜×长大、大×长大、大杜×长大四个杂种群各 20 头采取血样及耳样, 分别提取血浆和基因组 DNA。采样后的猪在同等条件下进行肥育试验, 每品种组合 10 头, 试验结束测定其生长肥