



臺灣豐和黑毛烏骨雞之微衛星遺傳標記多態性分析



林德育⁽¹⁾ 曾淑貞⁽²⁾ 王義松⁽³⁾ 劉曉龍⁽¹⁾ 賴永裕⁽¹⁾ 吳明哲⁽¹⁾

⁽¹⁾行政院農業委員會畜產試驗所 ⁽²⁾中華醫事科技大學 ⁽³⁾義松畜牧場

前言

臺灣豐和黑毛烏骨雞係台灣豐和火雞有限公司於2011年至2016年間進駐行政院農業委員會畜產試驗所創新育成中心，進行「黑毛烏骨雞青殼蛋育種模式之建立」育成案，經歷六年的時間，針對種原固定、十全外觀、雞白痢篩檢及蛋殼顏色進行選育所育成之黑毛烏骨雞青殼蛋品系。分子遺傳標記中，微衛星型遺傳標記提供大量多態性及幾近中性的遺傳訊息，除被應用於基因定位與標記輔助選拔，以及探討物種族群分化程度與保育遺傳學的研究外，也被應用於親子鑑定與法醫學的鑑識中，是一種強力的分子遺傳指紋的技術。試本試驗應用24組微衛星型遺傳標記來評估此選育族群的遺傳多態性。

材料與方法

以含EDTA_{K3}抗凝劑的採血器採集48隻臺灣豐和黑毛烏骨雞選育族群第 G5 世代種雞個體之翼靜脈血樣，再使用核酸萃取試劑組 (EasyPure Genomic DNA Extraction Kit, Taiwan) 萃取血樣DNA。應用FAO(2011)建議使用的23組雞微衛星標記組(ADL0112、ADL0268、ADL0278、LEI0192、LEI0234、MCW0014、MCW0016、MCW0034、MCW0037、MCW0067、MCW0069、MCW0078、MCW0081、MCW0098、MCW0103、MCW0111、MCW0183、MCW0206、MCW0216、MCW0222、MCW0248、MCW0295、MCW0330)與LEI0258微衛星標記組進行聚合酶連鎖反應後，使用ABI 3730核酸定序儀進行微衛星遺傳標記分析，以Excel Microsatellite Toolkit 套裝軟體進行多態性分析。

結果

使用的24組雞微衛星標記組分析48隻豐和黑毛烏骨雞第G5世代種雞個體DNA。24組微衛星標記皆有多態型的基因型。共檢測到89個對偶基因，平均每個基因座具有3.7個對偶基因(2~9個)，其期望異質度介於0.010到0.828，平均為0.517，觀測異質度介於0到0.688，平均為0.408，而多態性訊息含量介於0.094到0.798，平均為0.452(表1)。

結論

在選用的24組微衛星標記組中有10組呈現高度多態性資訊(PIC ≥ 0.5)，有11組呈現中度多態性資訊(0.5 > PIC ≥ 0.25)，3組呈現低度多態性資訊(PIC < 0.25)。本結果提供此選育族群遺傳多態性之基本分子資訊。

表 1. 臺灣豐和黑毛烏骨雞之微衛星型遺傳標記分析

Markers	chromosome	Fragment (bp)	Number of alleles	Expected heterozygosity	Observed heterozygosity	PIC
ADL0112	10	122~126	2	0.505	0.458	0.375
ADL0268	1	106~112	3	0.489	0.313	0.400
ADL0278	8	109~121	3	0.520	0.542	0.410
LEI0192	6	254~340	6	0.661	0.458	0.621
LEI0234	2	215~315	9	0.828	0.542	0.798
LEI0258	16	194~348	7	0.720	0.208	0.661
MCW0014	6	165~177	2	0.449	0	0.346
MCW0016	3	135~151	5	0.595	0.271	0.522
MCW0034	2	221~243	6	0.553	0.292	0.517
MCW0037	3	151~155	3	0.667	0.667	0.586
MCW0067	10	179~181	2	0.486	0.521	0.366
MCW0069	E60C04W23	155~175	6	0.779	0.688	0.735
MCW0078	5	137~141	3	0.557	0	0.454
MCW0081	5	109~131	3	0.614	0.625	0.524
MCW0098	4	253~257	3	0.506	0.542	0.403
MCW0103	3	264~268	2	0.137	0.146	0.126
MCW0111	1	98~104	4	0.622	0.667	0.539
MCW0183	7	291~303	3	0.597	0.667	0.509
MCW0206	2	221~229	3	0.460	0.479	0.412
MCW0216	13	140~144	2	0.010	0.104	0.094
MCW0222	3	220~224	2	0.426	0.479	0.333
MCW0248	W29	219~221	2	0.205	0.188	0.182
MCW0295	4	85~99	5	0.485	0.458	0.448
MCW0330	17	266~284	3	0.582	0.479	0.486
Mean ± SD			3.7±1.9	0.517±0.187	0.408±0.213	0.452±0.171

Genetic diversity analysis of TW Fengho black silkie chicken by microsatellite markers

D. Y. Lin⁽¹⁾, S. J. Tzeng⁽²⁾, Y. S. Wang⁽³⁾, S. L. Liu⁽¹⁾, Y. Y. Lai⁽¹⁾ and M. C. Wu⁽¹⁾

⁽¹⁾Livestock Research Institute (LRI), Council of Agriculture

⁽²⁾Chung Hwa University of Medical Technology

⁽³⁾Yisong Livestock Farm

In order to evaluate genetic variation of TW Fengho black silkie chicken flock, we use a set of 24 microsatellite markers recommended by FAO to analyze 48 candidate bred chickens from this flock. All the microsatellites were polymorphic. The average allelic number was 3.7, ranged from 2 to 9 per locus. The expected heterozygosity ranged from 0.010 to 0.828, and the average expected heterozygosity was 0.517±0.187(mean±SD). The observed heterozygosity of the population ranged from 0 to 0.688, and the average observed heterozygosity was 0.408±0.213. The estimated average polymorphic information content (PIC) was 0.452±0.171. In 24 markers, ten markers were highly informative with polymorphism information content (PIC ≥ 0.50), eleven markers were reasonably informative (0.5 > PIC ≥ 0.25) and the other three markers were slightly informative (PIC < 0.25). These results could be provided basic molecular information for the research on the germplasm characteristics of the population.