



# 豐輝下營紅牌土雞之微衛星遺傳標記多態性分析



林德育<sup>(1)</sup> 曾淑貞<sup>(2)</sup> 楊豐輝<sup>(3)</sup> 賴永裕<sup>(1)</sup> 林秀蓮<sup>(1)</sup> 吳明哲<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup>行政院農業委員會畜產試驗所 <sup>(2)</sup>中華醫事科技大學 <sup>(3)</sup>豐輝牧場

## 前言

豐輝下營紅牌土雞係臺灣福基畜牧股份有限公司於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「下營紅牌雞育種模式之建立」育成案，經歷六年的時間，針對種原固定、雛白痢篩檢及產蛋性能進行選育所育成之紅羽土雞新品系。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<sub>3</sub>抗凝劑的採血器採集48隻豐輝下營紅牌土雞選育族群第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隻豐輝下營紅牌土雞第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90個對偶基因，平均每個基因座具有3.8個對偶基因(2至8個)，其期望異質度介於0.118到0.822，平均為0.492±0.202，觀測異質度介於0到0.688，平均為0.349±0.195，而多態性訊息含量介於0.110到0.789，平均為0.434±0.194(表1)。

## 結論

在選用的24組微衛星標記組中有8組呈現高度多態性資訊(PIC ≥ 0.5)，有12組呈現中度多態性資訊(0.5 > PIC ≥ 0.25)，4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. 豐輝下營紅牌土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	120~128	4	0.552	0.375	0.495
ADL0268	1	100~112	4	0.694	0.521	0.630
ADL0278	8	109-119	3	0.378	0.458	0.336
LEI0192	6	254~330	6	0.698	0.375	0.650
LEI0234	2	213~311	8	0.822	0.333	0.789
LEI0258	16	194~348	7	0.693	0.396	0.651
MCW0014	6	167~181	2	0.118	0.000	0.110
MCW0016	3	139~149	4	0.620	0.125	0.543
MCW0034	2	221~247	3	0.259	0.063	0.236
MCW0037	3	151~155	3	0.581	0.604	0.495
MCW0067	10	177~181	2	0.368	0.354	0.298
MCW0069	E60C04W23	155~179	8	0.751	0.625	0.703
MCW0078	5	133~141	3	0.468	0.104	0.413
MCW0081	5	111~131	2	0.333	0.208	0.275
MCW0098	4	253~255	2	0.495	0.396	0.370
MCW0103	3	264~268	2	0.449	0.292	0.346
MCW0111	1	98~106	4	0.348	0.292	0.308
MCW0183	7	299~309	2	0.368	0.229	0.298
MCW0206	2	225~229	2	0.505	0.479	0.375
MCW0216	13	142~146	3	0.139	0.146	0.133
MCW0222	3	218~224	3	0.672	0.625	0.591
MCW0248	W29	215~223	3	0.191	0.146	0.174
MCW0295	4	85~97	5	0.529	0.542	0.474
MCW0330	17	254~284	5	0.771	0.688	0.723
Mean ± SD			3.8±1.9	0.492±0.202	0.349±0.195	0.434±0.194

### Genetic diversity analysis of fenghui xiaying red- brand country chicken by microsatellite markers

D. Y. Lin<sup>(1)</sup>, S. J. Tzeng<sup>(2)</sup>, F. H. Yang<sup>(3)</sup>, Y. Y. Lai<sup>(1)</sup>, H. L. Lin<sup>(1)</sup> and M. C. Wu<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup> Livestock Research Institute (LRI), Council of Agriculture

<sup>(2)</sup> Chung Hwa University of Medical Technology

<sup>(3)</sup> Fenghui Breeder Farm

In order to evaluate genetic variation of Fenghui Xiaying Red-Brand country 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 3.8, ranged from 2 to 8 per locus. The expected heterozygosity ranged from 0.118 to 0.822, and the average expected heterozygosity was 0.492±0.202. The observed heterozygosity of the population ranged from 0 to 0.688, and the average observed heterozygosity was 0.349±0.195. The estimated average polymorphic information content (PIC) was 0.434±0.194. In 24 markers, eight markers were highly informative with polymorphism information content (PIC ≥ 0.50), twelve markers were reasonably informative (0.5 > PIC ≥ 0.25) and the other four 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.