



畜試所藍殼烏骨雞之微衛星遺傳標記多態性分析



林德育⁽¹⁾ 曾淑貞⁽²⁾ 劉曉龍⁽¹⁾ 賴永裕⁽¹⁾ 蔡銘洋⁽¹⁾ 洪哲明⁽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

前言

畜試所藍殼烏骨雞選育族群係自民間引入小體型具十全特徵的藍殼白絲羽烏骨雞母雞(由王義松先生所提供)與行政院農業委員會畜產試驗所畜試白絲羽烏骨雞公雞雜交後，進行自交建立選育族群。針對十全外觀特徵、藍殼蛋特性、雞白痢與白血病J病毒篩檢及產蛋性能進行性能改良與種原固定。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117隻選育族群第G4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(2010)建議使用的24組雞微衛星標記組(MCW0295、MCW0014、LEI0192、MCW0111、MCW0216、MCW0183、MCW0206、ADL0112、MCW0069、ADL0268、MCW0067、MCW0098、MCW0248、ADL0278、MCW0103、MCW0330、MCW0037、MCW0222、MCW0081、MCW0034、MCW0016、MCW0078、LEI0234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117隻凱馨錦達雞選育族群第G4世代種雞個體DNA。其中除MCW0103、MCW0216及MCW0248微衛星標記所檢測的基因型在所有檢測個體皆為單型外，其它21組微衛星標記皆有多態型的基因型。共檢測到87個對偶基因，平均每個基因座具有3.5個對偶基因(1~13)；其期望異質度介於0到0.774，平均為0.422，觀測異質度介於0到0.778，平均為0.372，而多態性訊息含量介於0到0.735，平均為0.377(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 ≥ 0.50)，有5組呈現中度多態性資訊(0.50 > PIC ≥ 0.25)，9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變異之基本分子資訊。

表 1. 畜試所藍殼烏骨雞選育族群之微衛星型遺傳標記分析

Markers	chromosome	Fragment (bp)	Number of alleles	Expected heterozygosity	Observed heterozygosity	PIC
MCW0295	3	87~93	3	0.619	0.556	0.543
MCW0014	6	165~177	2	0.198	0.000	0.178
LEI0192	6	254~376	13	0.760	0.368	0.728
MCW0111	1	98~106	5	0.766	0.615	0.728
MCW0216	13	144	1	0	0	0
MCW0183	7	293~305	2	0.157	0.171	0.144
MCW0206	2	221~229	3	0.666	0.632	0.589
ADL0112	10	122~126	2	0.502	0.487	0.375
MCW0069	E60C04W23	155~173	4	0.583	0.590	0.535
ADL0268	1	108~112	2	0.467	0.479	0.357
MCW0067	10	179~183	2	0.113	0.120	0.106
MCW0098	4	255~259	3	0.485	0.453	0.378
ADL0278	8	111~123	3	0.474	0.547	0.415
MCW0248	W29	219	1	0	0	0
MCW0103	3	268	1	0	0	0
MCW0330	17	266~284	3	0.633	0.496	0.556
MCW0037	3	153~155	2	0.050	0.051	0.049
MCW0222	3	218~222	3	0.091	0.077	0.087
MCW0081	5	113~133	3	0.554	0.538	0.491
MCW0034	2	217~251	7	0.774	0.393	0.735
MCW0016	3	137~153	5	0.658	0.692	0.594
MCW0078	5	139~143	2	0.143	0.137	0.132
LEI0234	2	271~315	6	0.748	0.778	0.701
LEI0258	16	262~488	6	0.680	0.744	0.638
Mean ± SD			4.1±1.5	0.55±0.19	0.40±0.18	0.49±0.19

Polymorphism analysis of LRI blue egg silkie chicken by microsatellite markers

D. Y. Lin⁽¹⁾, S. J. Tzeng⁽²⁾, H. L. Liu⁽¹⁾, Y. Y. Lai⁽¹⁾, M. Y. Tsai⁽¹⁾, C. M. Hung⁽¹⁾ and M. C. Wu⁽¹⁾

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

⁽²⁾ Chung Hwa University of Medical Technology

In order to evaluate genetic variation of LRI blue egg silkie chicken flock, we use a set of 24 microsatellite markers recommended by FAO to analyze 117 candidate bred chickens from this flock. Except MCW0103, MCW0216 and MCW0248, all the microsatellites were polymorphic. The average allelic number 3.5, ranged from 1 to 13 per locus. The expected heterozygosity ranged from 0 to 0.774, and the average expected heterozygosity was 0.422. The observed heterozygosity of the population ranged from 0 to 0.778, and the average observed heterozygosity was 0.372. The polymorphic information content (PIC) ranged from 0 to 0.774, and the average PIC was 0.491. In 24 markers, 10 markers were highly informative with polymorphism information content (PIC ≥ 0.50), five markers were reasonably informative (0.5 > PIC ≥ 0.25) and the other nine 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.