研究报告

雪貂微卫星 DNA 遗传多样性分析

刘先菊[1],滕永康[1],丛日旭[1],陈　敏[2],张　旭[1],向志光[1],滕庆峰[1],刘云波[1*]

(1. 中国医学科学院医学实验动物研究所,北京　100021; 2. 北京华阜康生物科技股份有限公司,北京　102200)

【摘要】 **目的**　筛选、优化雪貂微卫星 DNA 引物,评估、分析雪貂种群的遗传多样性。**方法**　采用 21 个雪貂微卫星位点,对随机抽取的 30 只雪貂血液样本进行基因组 DNA 提取及 PCR 扩增,PCR 产物经 2% Agrose 电泳和 6% PAGE 电泳鉴定后进行 STR 扫描检测,用 Popgene1. 32 软件对 STR 扫描结果进行数据处理和分析。**结果**　21 个微卫星标记均呈现出遗传多样性,共检测到 49 个等位基因,观测等位基因数 1 ~ 4 个,平均 2. 3 个;有效等位基因数 1. 000 ~ 3. 750 个,平均 1. 6685 个;观察杂合度 0 ~ 0. 7333,平均 0. 3216;期望杂合度 0 ~ 0. 6424,平均 0. 3394;香隆指数 0 ~ 1. 1773,平均 1. 0768;多态信息含量 0 ~ 0. 6100,平均 0. 5485。**结论**　本文筛选的 21 对雪貂微卫星引物,通过微卫星扫描分析验证,具有稳定的 PCR 扩增,微卫星标记均表现为多态性,并处于期望数值范围,没有显著地偏离 Hardy-Weinberg 平衡期望值。

【关键词】 雪貂;微卫星 DNA;遗传多样性

【中图分类号】R-33　　【文献标识码】A　　【文章编号】1671-7856(2018) 08-0043-06

doi: 10. 3969/j. issn. 1671 – 7856. 2018. 08. 009

Genetic diversity analysis of laboratory domestic ferret microsatellite DNA

LIU Xianju[1], TENG Yongkang[1], CONG Rixu[1], CHEN Min[2], ZHANG Xu[1], XIANG Zhiguang[1], TENG Qingfeng[1], LIU Yunbo[1*]

(1. Institute of Laboratory Animal Science, Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing 100021, China; 2. Beijing HFK Bioscience Co. ,LTD, Beijing 102200, China)

【**Abstract**】 **Objective**　To screen and optimize microsatellite primers of the laboratory domestic ferret and analyze its population genetic diversity. **Methods**　A total of 30 domestic ferrets were randomly chosen and their genomic DNA was extracted from blood using Easy Pure Blood Genomic DNA Kit; subsequently, microsatellite DNA was amplified by standard polymerase chain reaction. The products of amplification were tested by STR scanning after 2% agarose gel and 6% PAGE electrophoresis. Data processing and genetic analysis were completed using Popgene 1. 32 software. **Results**　A total of 21 pairs of microsatellite loci showed genetic polymorphism and 49 alleles were detected. The number of alleles was 1 – 4, with an average of 2. 3. The average observed heterozygosity was 0. 3216, the average expected heterozygosity was 0. 3394, the average Xianglong index was 1. 0768, and polymorphic information was 0. 5485. **Conclusions**　We analyzed 21 pairs of microsatellite primers for laboratory domestic ferret, PCR amplification steady, microsatellite primers were shown as polymorphism and in the expected value range, and there was no significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium.

【**Keywords**】 domestic ferret; microsatellite DNA; genetic diversity

---

[基金项目]国家重点研究计划(2017YFA0105201)。

[作者简介]刘先菊(1965—),女,副主任技师,研究方向:实验动物遗传学。E-mail: liuxianju1965@163. com

[通信作者]刘云波(1962—),男,教授,研究方向:实验动物学。E-mail: yunboliu@126. com

雪貂作为感染性实验动物模型,其需求和生产规模正不断扩大、繁殖群体已发展为目前的封闭群动物。封闭群动物因具有杂合特性,从而避免了近交衰退的现象,相对近交系动物具有繁殖率高、疾病抵抗力强的优势,封闭群动物的关键是要保持种群一定的杂合度,并通过遗传监测实施对其遗传质量的控制。

封闭群动物的遗传监测不同于近交系动物,由于个体间具有基因多样性,遗传背景靠基因频率和基因型频率来体现,需要检测较多的个体和基因位点。近年,国内多采用的表型如生化标记基因检测方法主要适用于近交系动物的遗传检测,很难反映遗传多样性的封闭群动物的遗传概貌。而微卫星标记不仅具有高度多态性的特点,还广泛分布于哺乳动物基因组,可提供足够的检测位点[1]。因此微卫星标记更适合于封闭群动物的遗传监测。微卫星 DNA 标记技术主要采用 ROX、FAM 及 HEX 荧光染料标记微卫星引物,可以将多种不同荧光标记、扩增片段的 PCR 产物在同一电泳加样孔进行电泳,通过扫描仪和 GENESCAN 软件进行图像收集和分析,可精确计算出微卫星等位基因片段大小,从而提高了微卫星检测的效率和精确性,使得微卫星 DNA 检测技术成为高通量、高效率的基因分型技术,以适应封闭群动物较多检测位点、较多样本遗传检测的需求。

目前雪貂尚为“实验用动物”,还没有国家、行业或地方标准的推出。随着雪貂的应用及需求量的不断增长,以及雪貂生产规模的不断扩大,雪貂的“实验动物化”管理工作正日益展开,而健康可用于科学研究的实验动物,除了要求对其携带的病原微生物、寄生虫实施质量控制和监测外,还要求实验动物具有清晰和明确的遗传背景。为评估雪貂的遗传多样性,尽快建立雪貂地方遗传质量控制标准和检测方法,本文通过查阅文献,筛选、优化了 21 对雪雕微卫星引物,初步应用微卫星 DNA 分子标记对雪貂种群的遗传结构进行了初步分析,为雪貂科学合理的生产繁育及遗传质量控制将起到指导性意义。

1 材料和方法

1.1 样本基因组 DNA 提取

随机抽取雪貂 30 只,雌雄各半,4 ~ 5 月龄,雌性体重 700 ~ 800 g,雄性体重 1000 g。由中国医学科学院医学实验动物研究所北方资源中心提供。静脉采血、EDTA 抗凝,每只雪貂采血量约 0.5 mL。用 Easy Pure Blood Genomic DNA kit 纯化基因组 DNA,操作步骤及提取方法详见试剂盒说明书(code #EE121-01,全式金)。

1.2 主要试剂和仪器

Easy Pure Blood Genomic DNAKit(code #EE121-01,全式金);2XEasyTaq PCR Super Mix(AS111-02,全式金);100 bp DNA Ladder(code 3422 A,TaKaRa);Gelstain(10000X,货号 GS101)。毛细管电泳检测和遗传分析仪 3730xl DNA analyzer(ABI);PCR 仪(BIO-RAD,Mycycler™ Thermal Cycler 型,USA);电泳仪(BIO-RAD,210/2.0 Power Supply 型,USA);凝胶成像系统(Tanon-1600 型,中国)。

1.3 实验方法

1.3.1 引物筛选及 PCR 扩增

通过查阅文献,筛选、优化雪貂微卫星引物共 21 对,经 NCBI(http://www.ncbi.nlm.nih.gov/unists)验证,这些标记基本覆盖了雪貂染色体上的遗传基因概貌,微卫星引物信息详见表 1。PCR 扩增总体系 21 μL,其中 2XEasyTaq PCR Super Mix 9 μL,模板 DNA 量 1 μL,上、下游引物各 0.2 μL(50 μmol/L),DDH_2O 9.6 μL。PCR 扩增条件:94℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 30 s,退火温度 55℃~60℃ 30 s,72℃ 延伸 30 s,共 40 个循环;72℃ 继续延伸 8 min,扩增产物 4℃ 保存。

1.3.2 PCR 产物鉴定及电泳结果

用 2% 琼脂糖凝胶(2% Agrose)电泳,点样量每孔 5 μL,以 150 V 恒压 30 min 进行 PCR

产物鉴定(见图 1);再用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶(PAGE)电泳,以 60 V 恒压 2.5 h 进行等位基因的分离,上样量 6 μL,用 Gelstain 缓冲液进行染色(0.1 mol/L NaCl,3XGelstain),Tanon-1600 凝胶成像系统进行成像。

1.3.3 STR 扫描

STR 一次可扫描 3 个微卫星位点,每 3 个位点的反向引物分别用 ROX、FAM、HEX 三种荧光标记物进行标记,标记后的引物再进行 PCR 扩增,其扩增产物按 1∶3∶5的体积比混合后取 1 μL 进行毛细管电泳检测和遗传分析仪 3730xl DNA analyzer(ABI)扫描分析,通过 Genemarker V2.2.0(SoftGenetics LLC,State College PA 16803)软件统计等位基因片段大小,并对扫描峰图进行数据分析。

1.3.4　数据分析

群体内遗传结构分析常采用杂合度和多态信息含量进行分析和评估,即将所有样本的微卫星基因型输入 Popgene1.32 软件,计算不同个体在各个微卫星位点上的观察等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、表观杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、香隆信息指数(I)及反映 Hardy-Weinberg 平衡(HW)的 P-val;再用 PIC-CALC 软件(version-0.6)对每个位点进行多态信息含量(PIC)计算。

2　结果

2.1　PCR 扩增产物电泳结果

如图 1 所示,经 PCR 优化,扩增产物丰度较高、特异性较好,初步可以观察到不同微卫星标记扩增片段大小的差异,即不同引物等位基因的大小差异;进一步用 6% 非变形的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,可观察到 21 个标记多态性信息含量和等位基因片段大小(见图 2)。

2.2　STR 扫描结果

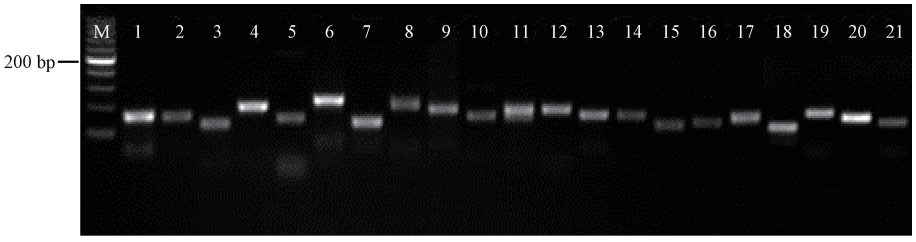
筛选的 21 个雪貂微卫星标记通过 PCR 扩增,凝胶电泳鉴定丰度较高,用非变性聚丙烯凝胶电泳进行分离,显示出各位点不同片段大小的等位基因;进一步 STR 扫描后,30 个样本在 21 个微卫星标记均检测到扫描波峰,不同样本在各位点标明有效等位基因大小及数量(见图 3)。STR 扫描可以精确到等位基因片段大小 1 bp 的差异,图 3 中 A ~ D 是样本 30、28、27、13 在微卫星位点 MpuA129w^7、MpuB6w^2 和 MpuC102w^3 的扫描图;E 是样本 10 在位点 MpuA10w^4、MpuA231w^6 和 MpuB12w^3 的扫描图;F 是样本 30 在位点 MpuA229w^4、MpuB9w^7 和 MpuB12w^3 的扫描图。图 3 A、3B 只检测到 1 个有效等位基因波峰,表示样本为纯合子;图 3C、3D、3E、3F 检测有效等位基因≥2,表明所测样本均为杂合子。

2.3　多态性分析

30 只雪貂在 21 个微卫星位点共检测 49 个观察等位基因,各位点的等位基因数位于1 ~4之间,各位点的基因数见表 2。其中 MpuA223w^3、MpuB12w^3、MpuB112w^5、MpuC102w^3 均有 3 个等位基因,MpuB217w^3 位点有 4 个等位基因,表现出较高的多态性,21 个标记的平均观察等位基因数为 2.3 个,有效等位基因数在1 ~3.750之间,平均有效等位基因数 1.669 个。

2.4　杂合度和多态信息含量

表 2 所示,观察杂合度最大为 0.7333,平均为 0.3206;期望杂合度在 0 ~ 0.6424 之间,平均期望杂合度为 0.3394;平均 Shannon 信息指数为 1.0768,平均多态信息含量(PIC)为 0.5485。

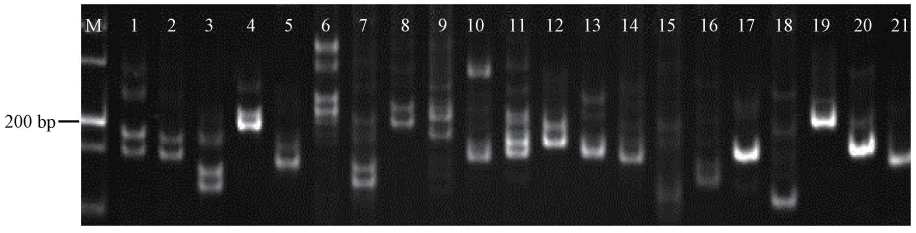


注:(M)DL500 bp Ladder。

图 1　21 个微卫星标记 PCR 扩增的琼脂糖电泳

Note. (M)DL500 bp Ladder.

Figure. 1　2% agarose electrophoresis for PCR amplification of 21 microsatellite markers

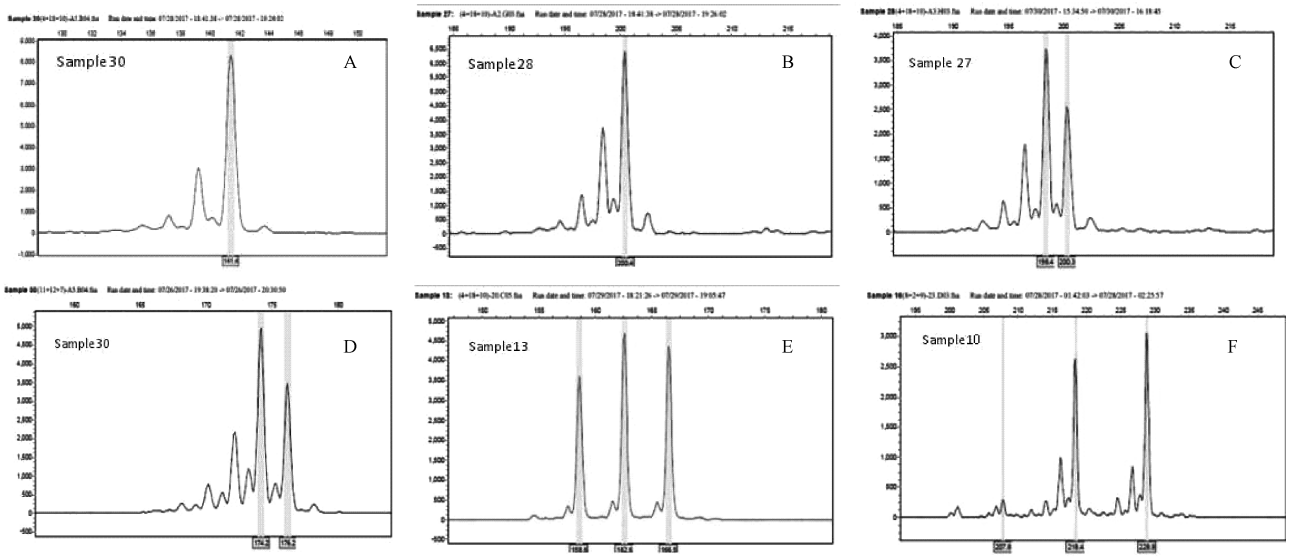


注:(M)DL500 bp Ladder。

图 2　21 个微卫星标记 PCR 扩增的聚丙烯酰胺凝胶电泳

Note. (M)DL500 bp Ladder.

Figure. 2　6% PAGE electrophoresis for PCR amplification of 21 microsatellite markers



注:(A ~ B)1 个有效等位基因;(C ~ D)2 个有效等位基因;(E ~ F)3 个有效等位基因。

图 3 雪貂微卫星扫描图

Note. (A-B)1 efficient allelic number(Ne). (C-D)2 efficient allelic number. (E-F)3 efficient allelic number.

Figure. 3 Scanning maps for ferret microsatellite markers

2.5 Hardy-Weinberg 遗传平衡检验

用 Popgene1.32 软件计算实验用雪貂 21 个微卫星位点的 Hardy-Weinberg 遗传平衡检验的 *P* 值,结果有 5 个位点显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡,16 个位点群体处于 Hardy-Weinberg 平衡。(见表 2)。

3 讨论

微卫星标记存在于大多数原核及真核生物基因组 DNA 序列,由 2 ~ 6 个核苷酸串联重复序列构成。物种间和物种个体间的差异及核心序列重复数量的不同,便产生微卫星 DNA 标记及微卫星 DNA 的多态性。由于微卫星 DNA 相对其它分子标记分布广、信息含量高、多态性丰富、特异性好、操作简单、且符合孟德尔的共显性遗传定律,已广泛用于实验动物质量监测及动物群体遗传结构分析。确切讲,微卫星多样性一般是指群体内个体在 DNA 水平上的差异,遗传多样性分析是评估和了解动物群体的遗传结构及生活背景,分析其进化的历史和潜力,并探讨种群濒危的原因和现状,提出合理的保种措施。为此,应用微卫星标记,检测个体基因型,统计群体中微卫星位点的等位基因数目和频率,结合分子遗传学和数量分类学原理,计算种群的遗传变异程度、生存稳定性,以评估种群的遗传多样性的分化程度[1]。

本文采用的雪貂微卫星引物,是 Holly B. Ernest 等从雪貂基因组检索的 126 对微卫星序列中,通过对澳大利亚雪貂和美国雪貂、野生雪貂、以及野生貂与人工养殖雪貂的杂交群基因组 DNA 有效的 PCR 扩增,筛选、优化且具有多态性较好的微卫星序列[2-4]。

群体遗传多样性通常用多个基因标记遗传多样性的参数平均值来描述,其主要指标有群体平均等位基因数、平均有效等位基因数、平均观察杂合度、平均期望杂合度、平均多态信息含量等。同时对于群体遗传多样性的评价,还要遵循 Barker(1994)提出的种群微卫星各个标记上应含有多个等位基因的总体代表性和遗传标记对基因组的代表性原则[5-9]。基于本原则,我们采用 21 个雪貂微卫星标记和 30 份雪貂 DNA 样本,通过 PCR 扩增及 STR 扫描对雪貂群体遗传多样性加以分析和评估。

有效等位基因数是指理想群体中一个基因标记上产生与实际群体中相同纯合度所需的等位基因数,有效等位基因数是反映群体遗传变异程度的一个重要指标,如果有效等位基因数与绝对等位基因数越接近,表明该等位基因在群体内均匀分布度就越好,本文测得雪貂平均有效等位基因数为 1.6686,平均观察等位基因数,即绝对等位基因数为 2,二者十分接近,说明这些微卫星位点的等位基因在被测雪貂群体的基因组中分布比较均匀,这或许与该群体采用“最佳避免近交法”的繁殖法有关。除了等位基因数,群体杂合度也是评估群体遗传多样性的重要指标,群体杂合度是反映群体杂合程度的度量单位,群体平均杂合度的高低反映了群体遗

传的一致性程度,群体杂合度越高,表明该群体的遗传变异越大,即遗传多态性就越高。文中所测雪貂群体的观测杂合度为 0.32,期望杂合度 0.34,平均杂合度 0.33,这与澳大利亚人工养殖雪貂群的平均杂合度 0.36,及美国人工养殖雪貂群体的平均杂合度 0.31 相比[2],其遗传结构特征及生产繁殖是相对合理的。

此外,多态信息含量(PIC)也是衡量群体遗传多样性的重要参数,PIC 是用以描述微卫星基因标记多态性大小的量度单位,研究者 Botstein 等认为当基因标记 PIC >0.5 时,为高度多态位点,即表明该微卫星标记具有高度的可提供信息含量;当 0.25 <PIC <0.5 时,基本能提供合理信息,即该微卫星位点为中度多态性位点;当 PIC <0.25 时,为低度多态性位点,所供信息较差,通常不作为遗传多样性分析。本文 21 个微卫星基因标记,PIC 范围处于 0.3862 ~ 0.6100,平均值 0.5485,均表现为高度多态性,表明所筛选的微卫星基因标记用于雪貂群体遗传多样分析较为可靠,所监测的雪貂群体具有较丰富遗传多样性,选择潜力较大。

表 1　雪貂微卫星位点信息

Table. 1　Information on domestic ferret microsatellite DNA markers

标记 Locus	荧光 Dye label	PCR 产物大小(bp) PCRproductsize	重复碱基 Repeatmotif	引物序列 Primersequence (5' -3')	GenBank 登记号 GenBankAccession No.
Mpu A4w[1]	HEX	152 - 174	(AC)23	F: CACTTCCTCCCATGGACACT R: CAAAGTCTCCCACCCTATGC	JX469575
Mpu A10w[4]	HEX	154 - 158	(AC)13(AC)7	F: TGGCCTATATGTGCAGATGAC R: TGTTTGTCTTGTACCCTCTGACC	JX469576
Mpu A121w[7]	TRMRA	105 - 129	(CA)14	F: ACTGCCATCAGGTCATCTAGG R: GGGTAGACACCTGGCTCAAG	JX469578
Mpu A129w[7]	TRMRA	197 - 205	(CA)13	F: GGCCTCTGAACACATAGTTG R: AAGTACAGAATGGAAGGATCTG	JX469579
Mpu A212w[1]	FAM	137 - 153	(TG)13	F: CCCTATGAGGGCATGTTTGT R: CTGCCATGTTTCCACTGGT	JX469580
Mpu A223w[3]	FAM	213 - 239	(GT)19	F: GAAGACAGCACCCCAGAGTC R: T GGTTGCCAAGAACTAGCAG	JX469581
Mpu A229w[4]	FAM	107 - 139	(GT)11(TG)7	F: GGGTAGGACGTGCTTAAAGATG R: AGCCCTCAAAGCCTCTTCTC	JX469582
Mpu A231w[6]	TRMRA	182 - 224	(GT)15	F: CCTCTGGTAACCATCTGTTTG R: TCTTCAAGATGTTCAGTGTGGA	JX469583
Mpu B1w[4]	FAM	178 - 190	(CT)15(CA)8 (AC)5(AC)11	F: TCCACTACCTGGCCTCATTC R: ACCTCAGGCTCCACTCTCAG	JX469584
Mpu B6w[2]	FAM	156 - 164	(TC)18	F: T GGGTGTAGAGCATGTTTGG R: TGCCTATTCCAGGTACCTCAT	JX469585
Mpu B9w[7]	TRMRA	180 - 192	(GA)18	F: CGTTACCAACTGTGGCTGTG R: TGCCTGGGCCTGTGATTA	JX469586
Mpu B12w[3]	HEX	175 - 179	(AG)11(AC)8 (AC)7	F: AGTCGACAGATGAGTCCACGAAG R: TGTCACACATGGCAGGATCT	JX469587
Mpu B112w[5]	HEX	161 - 165	(AG) 14	F: CCATTACAAGTGCTTGGAGACA R: TGGAACATGCTGGAAATTGT	JX469588
Mpu B202w[3]	FAM	164 - 168	(CTC)5(GA)14	F: TCTCCTCCTCCTCCTCCTTC R: ATGAGATTGACCGTGCATCA	JX469589
Mpu B209w[2]	HEX	119 - 125	(CT)16	F: TGCTTCTCCCTCTGACTGCT R: CCGCCCAAGTATCCCTAAAT	JX469590
Mpu B217w[3]	TRMRA	126 - 144	(TC)5(TC)17	F: TTCCCTGCTTGTGCTCTCTT R: TGGGGTAAGGGTAGGTATGC	JX469591
Mpu C4w[7]	TRMRA	147 - 163	(TCCA)9	F: CTGGCCCTATCACATACATATTCA R: GGAAGTATACTCATGCCTGCAA	JX469592
Mpu C102w[3]	HEX	119 - 135	(TGGA)7	F: GGGTGGATGGGTGAGTAGGTA R: CCTTCCCACATTCCATCCTT	JX469593
Mpu D207w[5]	TRMRA	188 - 214	(CT)10 (ATAG)7	F: CAGGTGAAGAAGTCCCTCTGT R: CTTGGTTCTGACCATTTGGA	JX469594
Mpu D209w[4]	FAM	165 - 185	(TATC)7	F: GAACAGCAAGTAGTCCAACTCTCA R: GTTGGATCCTTTCCATCACC	JX469595
Mpu D231w[2]	HEX	132 - 160	(GATA)9	F: TTTGGGTTCCACAGTAGGTG R: ATGCTCTCAATCCATGCTCA	JX469596

表 2 21 个微卫星标记对雪貂种群的检测结果

Table. 2 The detected information on 21 microsatellite loci in laboratory domestic ferret

序号 No.	位点 Locus	等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	观测杂合度 Ho	期望杂合度 He	多态信息含量 PIC	遗传平衡 *P* 值 Hardy-Weinberg
1	MpuA4w[1]	2	1.3043	0.2333	0.2096	0.6100	1.000
2	MpuA10w[4]	2	1.3043	0.2333	0.2096	0.5948	1.000
3	MpuA121w[7]	2	1.6667	0.4000	0.4520	0.6020	0.6818
4	MpuA129w[7]	2	1.4286	0.3000	0.4944	0.5735	0.0206
5	MpuA212w[1]	2	1.0714	0.0667	0.0655	0.5424	1.000
6	MpuA223w[3]	3	1.5789	0.3667	0.4367	0.5778	0.4231
7	MpuA229w[4]	1	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	No
8	MpuA231w[6]	1	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	No
9	MpuB1w[4]	2	1.5789	0.3667	0.4130	0.5643	0.6579
10	MpuB6w[2]	2	2.7273	0.6333	0.2096	0.5802	0.0519
11	MpuB9w[7]	2	1.5789	0.3667	0.4627	0.5628	0.2171
12	MpuB12w[3]	3	1.0714	0.0667	0.4288	0.5568	0.0015
13	MpuB112w[5]	3	3.7500	0.7333	0.1876	0.5387	0.2274
14	MpuB202w[3]	4	1.5000	0.3333	0.6345	0.5472	0.6324
15	MpuB209w[2]	2	1.7647	0.4333	0.3638	0.4876	0.0647
16	MpuB217w[3]	4	2.0000	0.5000	0.5746	0.3862	1.000
17	MpuC4w[7]	3	2.5000	0.6000	0.4944	0.5737	0.5182
18	MpuC102w[3]	3	1.0000	0.0000	0.6424	0.0000	No
19	MpuD207w[5]	1	2.1429	0.5333	0.0000	0.4959	1.000
20	MpuD209w[4]	3	2.0000	0.5000	0.5520	0.5684	0.6739
21	MpuD231w[2]	2	1.0714	0.0667	0.4401	0.5104	1.000
均值 Value		2	1.6686	0.3206	0.3394	0.5485	0.5650

Hardy-Weinberg(HWE)平衡定律是指在一个群体无限大、个体间进行随机交配、没有突变、没有遗传漂变的情况下,群体内一个位点上的基因型频率和基因频率将世代保持不变,即处于遗传平衡状态。HWE 检验 P 值 >0.05 时,表示该位点在群体中处于 HWE 平衡;当 $0.01<P<0.05$ 时,表示显著偏离 HWE 平衡。本文 HWE 检验平均 P 值为 0.5650,表明在雪貂种群中筛选的 21 个微卫星标记处于 Hardy-Weinberg 遗传平衡状态。

我们监测的群体是采取封闭群最佳避免近交繁殖法养殖的雪貂群体,其遗传组成理论上应具有较高的杂合性,富有遗传异质性及基因多态性。从本文 PCR 扩增结果可以看出(见图 1~2),筛选、优化的 21 个微卫星标记,具有较强的遗传信息含量,能够较好地反映雪貂群体个体间的遗传多样性,STR 扫描和软件分析结果均显示等位基因数在所测雪貂群体中分布较为均匀,群体的杂合度及遗传一致性也相对稳定,尤其是多态信息含量(PIC)处于高度多态性范围,并以此验证了雪貂群体的遗传多样性。此外,Hardy-Weinberg 检验 P 值也证实了雪貂群体处于遗传平衡状态。这些分析结果均反映了雪貂种群遗传结构的现状,为科学合理地评估雪貂群体的繁殖及遗传检测方法及标准的建立提供了基础资料和依据。

参考文献:

[1] 宋国华. 遗传标记在实验动物遗传质量控制中的应用[M]. 北京:军事医学科学出版社, 2011,85-86.

[2] Ernest HB, Drazenovich TL, Dalbeck LS, et al. Isolation and Characterization of Microsatellite Markers in the Domestic Ferret (Mustela putorius furo)[J]. Int J Mol Sci, 2012,13(12):16592-16597.

[3] Anistoroaei R, Farid A, Benkel B, et al. Isolation and characterization of 79microsatellite markers from the American mink (Mustela vison)[J]. Anim Genet,2006,37(2):185-188.

[4] Anistoroaei R, Christensen K. A test of mink microsatellite markers in the ferret: amplification andsequence comparisons[J]. Hereditas,2006,143(2006): 198-201.

[5] 李银银,吴绍亮,王洪,等. 微卫星 DNA 分析国内 24 个近交系小鼠遗传状况[J]. 中国比较医学杂志,2017,27(8):43-49.

[6] 郭羽,王洪,魏杰,等. 微卫星技术在 NIH 小鼠群体遗传结构分析中的应用[J]. 中国比较医学杂志,2017,27(7):87-92.

[7] 张曼,施海霞,宋铭晶. 微卫星标记在布氏田鼠封闭群遗传结构研究中的应用[J]. 中国比较医学杂志,2015,25(7):34-38.

[8] 刘迪文,杨伟伟,吴宝金. 豚鼠基因组 26 个多态性微卫星标记的筛选[J]. 中国实验动物学报,2014,22(3):78-83.

[9] 高子淇,刘先菊,荣蓉,等. 实验兔三个封闭群微卫星 DNA 多态性遗传分析[J]. 中国实验动物学报,2012,20(2):26-31.

〔收稿日期〕2018-01-23