

加系 SPF 大白猪和长白猪群体遗传学分析

贺希文^{1,2}, 高彩霞², 姜骞², 权金强¹, 蔡原^{1*}, 曲连东^{2*}

(1. 甘肃农业大学动物科学技术学院, 兰州 730070;

2. 中国农业科学院 哈尔滨兽医研究所 兽医生物技术国家重点实验室, 哈尔滨 150001)

【摘要】 目的 研究中国农业科学院哈尔滨兽医研究所从加拿大引进的 SPF 大白猪和长白猪的遗传学背景。**方法** 实验采用 19 对微卫星引物对该群体进行群体遗传学分析。**结果** 19 个位点在大白猪群中检测到 84 个等位基因, 长白猪群中检测到 89 个等位基因。大白猪的平均多态信息含量和平均杂合度分别为 0.5271 和 0.5877; 长白猪的平均多态信息含量和平均杂合度分别为 0.5652 和 0.6066。由于 S0155、S0143、S0178、Sw857 和 Sw936 位点内等位基因大小和含量差异显著 ($P < 0.01$) 可作为大白猪和长白猪品种鉴定的候选位点。 F -统计和迁移率分析结果表明, 群体内的分化较小, 遗传结构稳定。**结论** 引进加系 SPF 纯种大白猪和长白猪的遗传结构与国内部分纯种大白猪和长白猪相比更为稳定, 可作为实验动物模型应用于动物医学和科学研究。

【关键词】 SPF 猪; 微卫星标记; 实验动物; 遗传多样性

【中图分类号】 Q95-33 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 1005-4847(2015)06-0551-06

Doi:10.3969/j.issn.1005-4847.2015.06.001

Analysis of the pedigreed population genetics of SPF Yorkshire and Landrace pigs imported from Canada

HE Xi-wen^{1,2}, GAO Cai-xia², JIANG Qian², QUAN Jin-qiang¹, CAI Yuan^{1*}, QU Lian-dong^{2*}

(1. College of Animal Science and Technology of Gansu Agriculture University, Lanzhou 730070, China.

2. State Key Laboratory of Veterinary Biotechnology, Harbin Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Harbin 150001)

【Abstract】 Objective To understand the genetic background of the specific pathogen-free Yorkshire and Landrace pigs, imported from Canada by Harbin Veterinary Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences. **Methods** The population genetics were investigated by using 19 pairs of microsatellite primers. **Results** In the Yorkshire pigs and Landrace pigs, 84 and 89 alleles, respectively, were detected at 19 microsatellites loci. The average polymorphic information content and mean heterozygosity in the Yorkshire pigs were 0.5271 and 0.5877, and in the Landrace population were 0.5652 and 0.6066, respectively. Because of the significant ($P < 0.01$) differences of alleles in different loci such as S0155, S0143, S0178, Sw857 and Sw936, it made them possible to be used to identify Yorkshire and Landrace pigs' breed. F -statistics showed that the differentiation within the population was small and genetic structure was stable. **Conclusions** Compare with the domestic pedigree large White and Landrace pigs, the SPF pedigree pigs imported from Canada are more stable in genetic structure, and can be used as laboratory animal models in animal science research.

【Key words】 Specific pathogen-free pigs; Microsatellite; Laboratory Animal; Genetic diversity

[基金项目] 国际科技合作计划项目(2010DFB33620); 哈尔滨市青年科技创新人才专项资金项目(2013RFQYJ043)。

[作者简介] 贺希文(1987-), 男, 硕士研究生, 专业: 动物遗传育种与繁殖, E-mail: hexiwenso@163.com

[通讯作者] 蔡原, 副教授, 研究方向: 动物遗传育种与繁殖, E-mail: caiyuan@gsau.edu.cn

曲连东, 研究员, 研究方向: 分子病毒学与动物疫病诊断学, E-mail: qld@hvri.ac.cn

当今世界大白猪和长白猪是最重要的商业品猪肉用猪,尤其以生长速度快、繁殖力高、适应性强和瘦肉率高的特点而被人们所熟知,它是世界上最著名、分布最广的主导瘦肉型猪,全世界范围内均有饲养^[1-3]。据调查,国内外很多特有小型猪,如广西巴马小型猪、西藏小型猪、甘肃蕨麻猪、Yucatan 小型猪等,作为实验动物模型广泛应用于动物医学、科学研究、器官移植等诸多方面^[4-7];而长白猪,杜洛克和大白猪等为重要的肉用型品种多用于经济性状的选育和保种^[8],用于 SPF 级实验动物模型研究更是鲜有报道。而中国农业科学院哈尔滨兽医研究所从加拿大引进 100 头无猪瘟、猪呼吸综合征、猪传染性胃肠炎、猪流感等病原体的 SPF 猪主要应用于实验动物,其中大白猪和长白猪各 50 头包含 32 窝大白猪和 28 窝长白猪。随猪附赠系谱材料显示该种群可追溯至其 10 代以内的血缘关系,引进之后继续对它们进行封闭环境饲养,已繁育一代。运用微卫星标记技术检测两个种群的遗传多样性明确其遗传背景为实验动物化提供理论依据。现拟向哈尔滨市及周边多个猪场、科研机构和生物制药企业提供标准的实验动物素材为猪病的研究和疫苗的制备提供良好的实验动物材料。

微卫星标记(microsatellite),又称为短串联重复(short tandem repeats, STRs)或简单重复序列(simple sequence repeats, SSRs),由 2-6 个核苷酸串联重复片段构成,由于重复单位的重复次数在个体和品种间呈高度变异而产生数量丰富的等位基因(或基因型),广泛应用于动植物优良性状的选育和标记,如稻米的淀粉品质、猪的主要经济性状的选育与标记^[9-11]。在家畜育种和亲子鉴定(包括个体来源、品种来源、个体或品种间的亲缘关系鉴定)^[12-14]中有着重要意义。

1 材料与方法

1.1 样品采集

98 份猪耳组织样本,引自加拿大,均来自中国农业科学院哈尔滨兽医研究所牧场。其中大白猪和长白猪各 49 头,所采耳组织样品均置于无菌的 1.5 mL EP 管中带回实验室, -20℃ 冰箱保存备用。

1.2 实验试剂

2 × Taq PCR Starmix 聚合酶购自 GenStar,小剂量基因组 DNA 提取试剂盒购自 Axygen 公司。引物根据联合国粮农组织(FAO)和国际动物遗传学会(ISAG)联合推荐的 30 对微卫星引物中,依据等位基因数的丰富程度、分布在不同染色体的原则,选取了其中的 19 个微卫星位点,实际实验扩增过程中部分位点的退火温度和扩增后分析范围进行微调(见表 1),由北京金唯智公司合成,其他试剂均为进口或国产分析纯。

1.3 基因组 DNA 的提取

按照 Axygen 小剂量基因组 DNA 提取试剂盒说明书提取猪耳组织基因组 DNA。将 DNA 溶于去离子水,用 NanoDrop-100 紫外分光光度计测定浓度和纯度,然后用去离子水稀释至 20 ng/μL,置于 -80℃ 冰箱冻存备用。

1.4 PCR 扩增与检验

根据扩增片段的理论值大小,每组位点中的片段大小相差至少 10~25 bp,并且标记的荧光颜色不发生重叠,将 19 对微卫星引物分为 6 组。PCR 反应体系为 20 μL:上、下游引物各 1 μL(10 mmol/L),2 × Taq PCR Starmix 聚合酶 10 μL,模板 DNA 1 μL,ddH₂O 7 μL。反应条件为:94℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 30 s,55℃~65℃ 退火(分组及不同引物的 T_m值见表 1)30 s,72℃ 延伸 30 s,30 个循环;最后 72℃ 延伸 7 min,10℃ 保存。扩增产物按组混合加样进行凝胶毛细管电泳检验,并用 GeneMapper V4.0 软件进行荧光数据提取、分子量标准设定和 PCR 产物片段大小的计算,最后根据核心碱基数完成基因型的判定。

1.5 统计分析

采用 Excel Microsatellite Toolkit V3.1 软件,计算大白猪和长白猪在 19 个微卫星位点上的等位基因数、杂合度、多态信息含量。利用 Genepop V1.2 软件进行群体间的遗传分化和基因型差异的分析^[15]。利用 FSTAT V2.9.3 进行 F-检验^[16]。利用 Structure V2.3 软件分析大白猪和长白猪的遗传分化结构图,所设参数“Burnin Period”和“After Burnin”均为 50 000 次,K 值为 2-5,然后利用 distruc-ture 软件显示图形。

表 1 19 对微卫星引物详细信息

Tab. 1 Detailed information of the 19 microsatellite loci primers

分组 Groups	位点 Loci	序列(5′-3′) Forward sequence (5′-3′)	扩增范围 Fragment length	染色体 Chromosomes	荧光标记 Fluorescence labeling	退火温度 Annealing Temperature
1	S0005	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA GCACTTCCTGATTCTGGGTA	203-278	5	HEX	65
	S0178	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	101-128	8	6FAM	60
	S0218	GTGTAGGCTGGCGGTGT CCCTGAAACCTAAAGCAAAG	158-205	X	TAMRA	58
2	S0068	CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC AGTGGTCTCTCTCCCTCTTGCT	211-262	13	TAMRA	57
	Sw2410	ATTTGCCCCCAAGTATTTTC CAGGGTGTGGAGGGTAGAAG	90-131	8	6FAM	58
	Sw830	AAGTACCATGGAGAGGGAATG ACATGGTTCCAAAGACCTGTG	168-230	10	HEX	60
3	S0097	GACCTATCTAATGTCATTATAGT TTCCTCCTAGAGTTGACAAACTT	209-250	4	6FAM	55
	S0143	ACTCACAGCTTGTCTGGGTGT CAGTCAGCAGGCTGACAAAAAC	150-168	12	TAMRA	57
	Sw122	CAAAAAAGGCAAAAGATTGACA TTGTCTTTTTATTTTGCTTTTGG	106-128	6	HEX	56
4	IGF1	GCTTGGATGGACCATGTTG CATATTTTCTGCATAACTTGAACCT	193-209	5	TAMRA	58
	Sw2406	AATGTCACCTTTAAGACGTGGG AATGCGAAACTCCTGAATTAGC	221-262	6	HEX	65
	Sw857	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC GATCCTCCTCCAAATCCCAT	140-159	14	6FAM	58
5	S0155	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTT AAAGTGAAAAGAGTCAATGGCTAT	142-162	1	6FAM	55
	Sw936	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC GTGCAAGTACACATGCAGGG	90-118	15	TAMRA	60
	Swr1941	AGAAAGCAATTTGATTGTCATAATC ACAAGGACCTACTGTATAGCACAGG	202-224	13	HEX	58
6	S0226	GCACTTTTAACTTTCATGATACTCC GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA	180-214	2	ROX	61
	S0228	GGCATAGGCTGGCAGCAACA AGCCCACCTCATCTTATCTACACT	220-230	6	TAMRA	57
	S0355	TCTGGCTCTACACTCCTTCTTGATG TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA	242-271	15	HEX	65
	Sw1067	TGCTGGCCACTGACTCTG CCGGGGGATTAAACAAAAAG	136-176	6	6FAM	62

2 结果

2.1 扩增结果

PCR 产物经 2% 的琼脂糖凝胶检测, 扩增片段大小与预期结果相符(图 1)。大白猪和长白猪在 19 个微卫星位点分别检测到 84 和 89 个等位基因, 两群体共享 57 个等位基因, 平均含有 4.42 和 4.63 个等位基因(表 2)。19 个位点中 S0005 位点等位基因最多有 14 个, Sw2406 和 S0218 位点等位基因最少各 3 个(表 3)。

2.2 等位基因和杂合度分析

19 个微卫星位点的平均杂合度相对较高, 其中长白猪略高于大白猪分别为 0.6066 和 0.5877, 均在 0.5~0.7 之间(表 2)。大白猪群中 S0005 位点

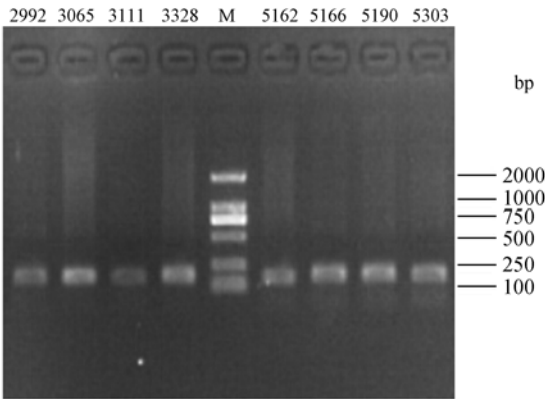
的杂合度最高为 0.8395 检测到杂合体 43 个, S0178 位点的杂合度最低为 0.1515 仅检测到 8 个。Sw2406 位点共检测到 221、233、251 bp 3 个等位基因, 而 251 bp 等位基因仅存在于大白猪群中, 在长白猪群中并没有检测到该等位基因, 表明 251 bp 等位基因为大白猪特有的等位基因; 长白猪 S0178 位点的杂合度最高为 0.7570, S0218 位点的杂合度最低为 0.0204, 在 S0218 位点仅检测到 167 bp 和 169 bp 两个等位基因而 169 bp 等位基因在长白猪群中只检测到一个。此外, Sw857 144 bp、Sw936 117 bp、S0143 168 bp、S0155 152 bp 和 S0178 109 bp 这 5 个位点在两群体间的分布和含量差异极显著。结果表明相同位点的等位基因个数和杂合度在不同群体差异极显著。

表 2 大白猪和长白猪两个群体在 19 个微卫星位点上的杂合度和多态信息含量

Tab. 2 Value of heterozygosities and polymorphism information content (PIC) in the pedigree Yorkshire and Landrace populations at 19 microsatellite loci

位点 Loci	大白猪 Yorkshire					长白猪 Landrace				
	等位基 因数 No. of a llele	有效等位 基因数 No. of effective allele	观测杂 合度 Observed heterozygosity	期望杂 合度 Expected heterozygosity	多态信 息含量 Polymorphism information content	等位基 因数 No. of allele	有效等位 基因数 No. of effective allele	观测杂 合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态信 息含量 Polymorphism information content
S0005	10.0000	6.2305	0.8776(43)	0.8395	0.8102	9.0000	4.0355	0.7347(36)	0.7522	0.7033
S0178	2.0000	1.1786	0.1633(8)	0.1515	0.1387	6.0000	4.1152	0.6531(32)	0.7570	0.7078
S0218	3.0000	2.3669	0.5102(25)	0.5775	0.5071	2.0000	1.0208	0.0204(1)	0.0204	0.200
S0068	5.0000	2.1151	0.5510(27)	0.5272	0.4784	3.0000	1.7109	0.4898(24)	0.4155	0.3732
Sw2410	2.0000	1.9904	0.6327(31)	0.4976	0.3712	4.0000	3.5842	0.8163(40)	0.7210	0.6613
Sw830	5.0000	2.4056	0.5306(26)	0.5843	0.5055	5.0000	3.7481	0.7959(39)	0.7332	0.6811
S0097	8.0000	2.2046	0.6531(32)	0.7099	0.6728	5.0000	1.3548	0.7551(37)	0.6863	0.6219
S0143	2.0000	2.2578	0.3061(15)	0.2897	0.2456	3.0000	3.9064	0.6939(34)	0.6205	0.5452
Sw122	4.0000	3.0048	0.6327(31)	0.6547	0.6003	4.0000	3.2873	0.5918(29)	0.5571	0.5114
IGF1	4.0000	3.4638	0.4898(24)	0.6808	0.6052	5.0000	3.5791	0.7959(39)	0.7423	0.6866
Sw2406	3.0000	2.4301	0.5510(27)	0.5464	0.4399	2.0000	3.0221	0.3061(15)	0.2619	0.2257
Sw857	5.0000	2.5471	0.5918(29)	0.5571	0.5214	6.0000	3.1066	0.7143(35)	0.7440	0.6942
S0155	3.0000	2.8225	0.7755(38)	0.6672	0.5862	6.0000	2.8944	0.6735(33)	0.6958	0.6389
Sw936	4.0000	3.8580	0.7143(35)	0.7113	0.6483	5.0000	1.8409	0.7755(38)	0.7206	0.6627
Sw1941	6.0000	2.4372	0.6531(32)	0.5885	0.5584	4.0000	2.7732	0.7347(36)	0.6691	0.6067
S0226	6.0000	3.4471	0.6735(33)	0.6074	0.5412	5.0000	3.1878	0.6327(31)	0.6781	0.6279
S0228	4.0000	1.4079	0.5714(28)	0.6457	0.5722	4.0000	2.6350	0.4694(23)	0.6545	0.5807
S0355	4.0000	2.8960	0.6735(33)	0.7408	0.6842	5.0000	2.2578	0.4694(23)	0.4568	0.4277
Sw1067	4.0000	3.1328	0.6122(30)	0.5897	0.5281	5.0000	3.8805	0.5714(28)	0.6394	0.5818
平均值 Average	4.4211	2.7472	0.5875	0.5877	0.5271	4.6315	2.9442	0.6156	0.6066	0.5652

注:()中数字表示杂合体个数



注: M: DNA marker 2000; 2992、3065、3111、5162、5166、5190、5303 为样品编号。

图 1 S0143 位点扩增产物

Note. M: DNA marker 2000. 2992, 3065, 3111, 5162, 5166, 5190, 5303 stand for different individuals.

Fig. 1 PCR amplification of the products of S0143 in agarose

2.3 多态信息含量

两个群体中 S0005 位点的多态信息含量最高为 0.8102, S0178 位点多态信息含量最低 0.1387, 大白猪和长白猪的平均多态信息含量分别为 0.5271 和 0.5652。S0005、S0218、S0068、Sw2410、S0097、Sw122、Sw2406、S0355 位点的多态信息含量在大白

猪群普遍高于长白猪群, 而其他 11 个位点则反之(表 2)。19 个微卫星位点中 S0005 位点的多态信息含量最高为 0.8696, Sw2406 位点多态信息含量最低为 0.3328, 平均多态信息含量为 0.6388(表 3)。结果表明大白猪和长白猪两个群体间的平均多态信息含量差异无显著性($P > 0.05$), 没有表现直接的线性关系。

2.4 F-统计和遗传结构分析

通过微卫星座位的 F-统计以及 Nm 来检验群体间的遗传分化程度和迁移率(表 3)。群体的固定指数 F_{st} 为 0.0273 - 0.5218, 均值为 0.2145, 而 F_{is} 和 F_{it} 指数有正有负, 如 S0178、S0218、IGF1、S0228、S0355、Sw1067 位点的 F_{is} 值均为正值, 而 F_{it} 除了 S0068 为负值外其他 18 个位点均为正值。 F_{is} 和 F_{it} 出现正值表明群体基因型分化显著。Nm 为 0.2291 - 8.9075, 平均值为 1.5320。Nm 越小表明群体的遗传结构越相似。群体遗传结构分析表明, 两猪群遗传分化结构稳定(图 2), 一方面可能因为它们是纯系品种, 另一方面则主要是因为两猪群在 19 个位点的等位基因较少, 共享极为有限的等位基因。

表 3 19 个微卫星座位的杂合度,多态信息含量和 *F*-统计

Tab. 3 The *F*-statistics and polymorphism information content (PIC) of the 19 microsatellite loci

位点 Loci	等位基因数 No. of allele	杂合度 Heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content	Fis	Fit	Fst	Nm
S0005	14. 0000	0. 8856	0. 8696	-0. 0131	0. 1727	0. 1834	1. 1131
S0178	8. 0000	0. 7144	0. 6791	0. 0954	0. 5674	0. 5218	0. 2291
S0218	3. 0000	0. 3607	0. 3292	0. 1136	0. 3710	0. 2904	0. 6109
S0068	6. 0000	0. 4778	0. 4463	-0. 1052	-0. 0751	0. 0273	8. 9075
Sw2410	5. 0000	0. 7020	0. 6570	-0. 1914	0. 0874	0. 2340	0. 8184
Sw830	5. 0000	0. 7400	0. 6958	-0. 0069	0. 1915	0. 197	1. 0190
S0097	9. 0000	0. 7349	0. 6933	-0. 0087	0. 0871	0. 0949	2. 3844
S0143	4. 0000	0. 5128	0. 4764	-0. 0998	0. 1226	0. 2022	0. 9864
Sw122	5. 0000	0. 7059	0. 6496	-0. 0105	0. 2393	0. 2473	0. 7609
IGF1	6. 0000	0. 7421	0. 6918	0. 0974	0. 1677	0. 0778	2. 9634
Sw2406	3. 0000	0. 4847	0. 3880	-0. 0611	0. 2407	0. 2844	0. 6290
Sw857	8. 0000	0. 7961	0. 7627	-0. 0039	0. 3054	0. 3081	0. 5614
S0155	6. 0000	0. 7616	0. 7203	-0. 0638	0. 1384	0. 1901	1. 0651
Sw936	5. 0000	0. 7529	0. 7082	-0. 0408	0. 0563	0. 0934	2. 4267
Swr1941	7. 0000	0. 7129	0. 6682	-0. 1048	0. 1285	0. 2112	0. 9337
S0226	6. 0000	0. 7756	0. 7345	-0. 0162	0. 2801	0. 2916	0. 6073
S0228	5. 0000	0. 7467	0. 6997	0. 1843	0. 3694	0. 2269	0. 8518
S0355	5. 0000	0. 6495	0. 6025	0. 0461	0. 1833	0. 1438	1. 4885
Sw1067	6. 0000	0. 7175	0. 6643	0. 0373	0. 2777	0. 2497	0. 7512
平均值 Average	6. 1052	0. 6828	0. 6388	0. 0080	0. 2059	0. 2145	1. 5320

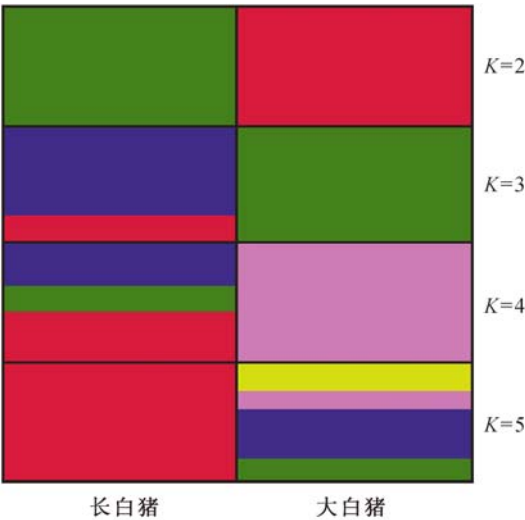


图 2 大白猪和长白猪的遗传结构
Fig. 2 Genetic structure of Yorkshire and Landrace pigs

3 讨论

3.1 群体的多样性

微卫星标记以其分析方法便捷、操作简单等优点,在亲子鉴定、辅助标记和群体遗传多样性等方面得到广泛应用。研究表明 19 个微卫星位点之间的多样性差异存在显著性 ($P > 0.05$),主要表现在相

同位点的等位基因频率在大白猪和长白猪群体中的分布差异有显著性 ($P > 0.05$),如在 S0178 位点 109 bp 的等位基因在大白猪种群出现的频率最高,而长白猪种群在 109 bp 处等位基因仅检测到 3 个。其中 19 个位点特异性等位基因出现在长白猪群的频率较高。如 S0178 位点处 121、123、125 bp 等位基因,Sw936 位点处 117 bp 等位基因,S0228 位点处 230 和 234 bp 等位基因和 S0155 位点处 152 bp 等位基因仅在长白猪种群中被检测到,而 Sw857 位点处 144 bp 和 S0143 位点处 168 bp 等位基因仅在大白猪被检测到,可能与长白猪具有较高的杂合度有关。可将 S0155、S0143、S0178、Sw857 和 Sw936 位点作为长白猪和大白品种鉴定的候选微卫星位点。李何君等^[17]和 Costa 等^[18]分别应用 12 和 14 对微卫星引物对美系、英系、法系大约克夏猪群体和欧洲野猪进行品系鉴定及个体鉴定,鉴定正确率均为 100%,本研究选取的 5 对候选品种鉴定引物均在两者的研究之列,说明该位点是准确、有效、可靠的品系鉴定位点。此外,分别对大白猪和长白猪群体的观测杂合度和期望杂合度进行卡方检验,表明两群体差异无显著性 ($P > 0.05$),符合封闭群条件(参照实验用小型猪遗传质量控制,北京地方标准:DB11/T 828.3 2011)。可从分子水平明确两种群的遗传背景,反映出大白猪和长白猪两群体之间的遗

传差异并作为“活的仪器”广泛应用于病毒的感染实验,疫苗的检定和评价,为遗传保种和实验动物化提供良好的分子基础。

遗传多样性的衡量指标通常为群体的平均杂合度和多态信息含量,大白猪的平均多态信息含量和平均杂合度分别为 0.5271 和 0.5877;长白猪的平均多态信息含量和平均杂合度分别为 0.5652 和 0.6066。大白猪和长白猪两个品种的平均杂合度与平均多态信息含量与赵振华等^[19]和巩元芳等^[20]对国内大白猪和长白猪的研究结果相比较低,表明该种群与国内纯系品种相比人工选育的程度更高,遗传结构更趋稳定。此外,19 个微卫星座位的平均杂合度比 Li 等^[21]对台湾欧洲纯系品种猪的研究结果略高,表明它们的选育程度非常接近,遗传结构比较稳定,更适合选用于标准的实验动物材料。

3.2 群体的遗传分化与变异

Fis 值和 Fit 值均有正有负,表明群体的等位基因和基因型分化显著,主要表现为相同位点的等位基因在不同品种间的分布差异显著($P > 0.01$)。而 Fst 值表示群体间的分化程度, Fst 的平均值为 0.2145 与赵振华等^[19]和杨彤彤等^[22]相比此次引进种群的分化程度显著($P > 0.01$)低于国内部分纯种猪群^[15]。Nm 值越小表示群体间的遗传结构越相似, Nm 的平均值为 1.5320 也显著($P > 0.01$)低于杨彤彤等^[22]对我国部分纯系猪的研究。与国内部分保存的纯系猪相比又一次证明了中国农业科学院哈尔滨兽医研究所引进的大白猪和长白猪两纯系种群群体内分化较小遗传结构稳定适合用于实验动物材料,这可能与该种群的长期人工选育有关。

参 考 文 献

- [1] Molina RM, Cha SH, Chittick S, et al. Immune response against porcine reproductive and respiratory syndrome virus during acute and chronic infection [J]. Vet Immunol Immunopathol, 2008, 126: 283–292.
- [2] Drew TW. The emergence and evolution of swine viral diseases: to what extent have husbandry systems and global trade contributed to their distribution and diversity? [J]. Rev Sci Tech, 2011, 30(1): 95–106.
- [3] Lunney JK, Ho CS, Wysocki M, et al. Molecular genetics of the swine major histocompatibility complex, the SLA complex [J]. Dev Comp Immunol, 2009, 33: 362–374.
- [4] 张德福,戴建军,吴彩凤,等. 小型猪实验动物化研究现状及其应用前景 [J]. 猪业科学, 2009, 3: 74–76.
- [5] Smith DM, Martens GW, Ho CS, et al. DNA sequence based typing of swine leukocyte antigens in Yucatan miniature pigs [J]. Xenotransplantation, 2005, 12: 481–488.
- [6] 徐玲玲,岳敏,吴艳,等. 花西藏小型猪群体遗传结构分析 [J]. 中国比较医学杂志, 2009, 19(2): 26–31.
- [7] Wang C, Xu LL, Wu YH, et al. Selected representative microsatellite loci for genetic monitoring and population structure analysis of miniature swine [J]. Genet Mol Res, 2015, 14(2): 3910–3920.
- [8] 潘晚平,申祥科,邱汉华,等. 美系长白猪“大白猪”杜洛克猪新品系的选育研究 [J]. 养猪, 2003, 5: 23–24.
- [9] 包劲松,舒庆尧,吴殿星,等. 水稻 Wx 基因 (CT)_n 微卫星标记与稻米淀粉品质的关系研究 [J]. 农业生物技术学报, 2000, 8(3): 241–244.
- [10] 樊斌,彭中镇,李奎,等. 微卫星标记及其在猪遗传育种中的应用 [J]. 河北农业大学学报, 1999, 33(2): 161–164.
- [11] 刘永祥,刘艳丽,朱宽佑,等. 小尾寒羊微卫星标记的多态性及其与繁殖性能的相关性研究 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36(6): 2233–2234.
- [12] 吴继法,吴登俊. 微卫星 DNA 在家畜亲子鉴定中的应用及研究进展 [J]. 国外畜牧科技, 2001, 28(5): 28–30.
- [13] 钱林东,张自芳,田应华,等. 利用微卫星 DNA 标记进行黄牛的亲子鉴定 [J]. 云南农业大学学报, 2010, 25(1): 69–73.
- [14] 张春雷,佟广香,匡友谊,等. 哲罗鱼微卫星亲子鉴定的应用 [J]. 动物学研究, 2010, 31(4): 395–400.
- [15] Raymond M, Rousset F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism [J]. Heredity, 1995, 86: 248–249.
- [16] Weir BS, Cockerham CC. Estimating F-statistics for the analysis of population structure [J]. Evolution, 1984, 38: 1358–1370.
- [17] 李何君,刘炜,吴昊旻,等. 12 个微卫星标记在大约克夏种猪品系鉴定中的应用研究 [J]. 上海畜牧兽医通讯, 2014, 6: 7–9.
- [18] Costa V, Pérez-González J, Santos P, et al. Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*) [J]. BMC Res Notes, 2012, 5: 479–485.
- [19] 赵振华,贾青,墨锋涛,等. 杜洛克、长白和大约克夏纯种猪微卫星多态性分析 [J]. 江苏农业学报, 2007, 23(2): 103–108.
- [20] 巩元芳,段玲欣,倪静,等. 长白猪微卫星标记的遗传多样性 [J]. 河北科技师范学院学报, 2012, 4(4): 1672–17983.
- [21] Li KY, Li KT, Cheng CC, et al. A genetic analysis of Taoyuan pig and its phylogenetic relationship to Eurasian pig breeds [J]. Asian-Australas Anim Sci, 2015, 28(4): 457–466.
- [22] 杨彤彤,赵族,张婷婷,等. 大约克和二花脸猪 5 个微卫星座位多态性分析 [J]. 畜牧与兽医, 2008, 40(9): 34–37.

[收稿日期] 2015–09–28