

基于中国丝羽乌骨鸡和白洛克肉鸡资源家系的遗传连锁图谱的构建与分析*

高 宇^{1**} 杜志强^{1**} 黄银花¹ 费 菁¹ 徐慰倬¹
邓学梅² 冯继东¹ 胡晓湘^{1***} 李 宁^{1,2***}

1. 中国农业大学农业生物技术国家重点实验室, 北京 100094; 2. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100094

摘要 采用中国泰和丝羽乌骨鸡和白洛克肉鸡的正反交组合构建了中国农业大学(CAU)资源家系, 利用129个微卫星对资源群中的4个半同胞家系进行了大规模基因组扫描, 构建了微卫星标记的连锁图谱(CAU遗传图谱), 该图谱覆盖了23条常染色体(1—15、17—24, 26和27)、1条性染色体(Z染色体)和2个连锁群(E26C13和E50C23), 图谱总长为3307.5 cM; 雄性与雌性的遗传图谱差异为3.51%。CAU遗传图谱的标记顺序与2000年发表的鸡的整合图谱的标记顺序一致, 但是遗传长度有所不同。该图谱的构建为进一步的数量性状位点定位研究打下坚实基础。

关键词 鸡 遗传连锁图谱 微卫星标记

1908年Spliman揭示斑纹(barring)基因是性连锁的, 标志着鸡染色体图谱研究的开始。1936年, Hutt等构建了鸡的第一张经典连锁图谱, 该图谱包含5个连锁群的18个位点, 这张图谱同时也是畜禽品种中的第一张图谱^[1,2]。此后利用经典的形态学标记, 人们相继定位了许多常染色体和性染色体上的基因, 其中绝大多数为质量基因。1992年, Bumstead和Palyga使用限制性片段长度多态性(RFLP)分析, 发表了第一张鸡基因组图谱, 该图谱包含100个标记, 18个连锁群, 覆盖鸡基因组长度为585 cM^[3]。遗传连锁图谱是进行数量性状位点(QTL)定位的基础, 随着鸡的QTL定位研究的不断发展, 基于不同的资源群体又相应构建了不同的鸡的遗传连锁图谱。2000年, 通过国际合作, 美、英、荷三国科学家将the Compton population (C)^[3], the East Lansing (EL) population^[4-6]和the Wageningen (W) population^[7-9]三大资源家系所得

到的图谱完全整合, 得到的整合图谱包含1889个标记位点, 其中框架位点480个, 覆盖了26条染色体和24条位置未知的连锁群^[10], 长度达3800 cM。2005年, Takahashi等基于Hiroshima资源家系用188个新的微卫星标记构建了鸡的遗传连锁图谱^[11]。

构建遗传图谱对于定位数量性状位点非常重要, 而且基于不同的资源群体构建的遗传图谱也各有差异。我们利用中国地方鸡种——丝羽乌骨鸡和外来鸡种——白洛克肉鸡构建了中国农业大学(CAU)资源家系用于鸡重要经济性状的QTL定位研究, 并基于该家系利用129个微卫星标记绘制了鸡的遗传图谱, 这为进一步进行鸡的QTL定位打下了基础。

1 材料与方法

1.1 实验动物

CAU资源家系采用F₂设计, 亲本为丝羽乌骨

2006-05-24收稿, 2006-06-10收修改稿

* 国家重点基础研究发展计划(批准号: 2006CB200100)和国家自然科学基金(批准号: 30221005)资助

** 同等贡献者

*** 通信作者, E-mail: huxx@cau.edu.cn; ninglbau@public3.bta.net.cn

鸡和白洛克肉鸡^[12]。丝羽乌骨鸡是中国地方鸡种, 在中国农业大学动物科技学院已经饲养繁育十几世代, 具有肉质鲜美, 但是生长速度慢, 饲料转化率低的特点; 白洛克肉鸡是引进鸡种, 生长迅速, 肉用价值高。CAU 资源家系由白洛克鸡(♂)×丝羽乌骨鸡(♀)和丝羽乌骨鸡(♂)×白洛克鸡(♀)正反交配产生 F₁ 代个体。F₁ 代横交产生 F₂ 代个体。本研究共选用 4 个半同胞家系用于遗传图谱的构建, 其中亲代个体 31 只、F₁ 代个体 19 只、F₂ 个体 238 只。

1.2 基因型分析

在微卫星标记的引物末端标记有 FAM 或 HEX 荧光基团, 通过 PCR 扩增, 其产物可以用 ABI 377 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) 测序仪检测。微卫星标记的信息参见附录 1。

多重 PCR 反应及微卫星标记基因型的获得见文献[13, 14]。

1.3 连锁分析

用 CRIMAP version 2.4 for DOS 软件^[15] 进行连锁分析。所有的微卫星标记的基因型都由 Genescan 和 Genotyper 软件 (Applied Biosystems, USA) 得到, 并且所有的数据都由两个人独立获得, 并加以核对。此外还用 CRIMAP 软件自带的功能进一步核对数据, 以消除由于输入造成的错误。数据用 Excel 软件整理成相应的格式, 输入 CRIMAP 分析程序中。首先, 通过计算得到标记间的两个分析值, 根据两点分析值将标记分为不同的连锁群, 然后再用 BUILD 命令构建遗传连锁图谱。

1.4 同鸡的基因组序列图谱进行比对

所用微卫星标记共 129 对, 其染色体位置、产物大小及荧光标记信息如附录所示, 有关引物的详细信息可从网址 <http://www.theardkb.com> 获得。鸡所有可用的标记数目有 2400 对, 我们从中所选取的微卫星引物覆盖了 23 条常染色体、1 条性染色体和 2 个小连锁群, 另外 4 对标记的位置未知。采用 BLAT 工具 (<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgBlat?command=start>) 将标记序列与鸡的基因组序列图谱 (UCSC Chicken Genome Browser Gateway 2004) 进行比对, 确定标记在鸡的染色体

上的物理位置。

2 结果

通过连锁分析, 其中 125 个标记可以找到 LOD 值大于 3 的连锁关系, 由此构建了 24 个连锁群, 通过与整合图谱的比对分析发现 24 个连锁群分别对应 23 条常染色体 1—15, 17—20, 23, 24, 26, 27 和 1 条性染色体 Z (图 1 和表 1)。另外还有 ROS0334, GCT0042, GCT0037 和 GCT0004 4 个标记虽通过连锁分析但没有得到定位结果。通过将 4 个标记同鸡的基因组序列图谱比对, 发现 ROS0334 位于 21 号染色体, GCT0042 位于 22 号染色体, GCT0037 位于 E26C13 连锁群, GCT0004 位于 E50C23 连锁群。因此 129 个标记分别被定位于 1—15, 17—24, 26 和 27, E26C13, E50C23 和 Z 染色体上。遗传图谱总长 3307.5 cM, 称之为 CAU 遗传连锁图谱。

表 1 CAU 遗传连锁图谱相关信息

染色体	标记数量	平均遗传长度/cM	雌性图谱长度/cM	雄性图谱长度/cM	雌雄图谱差异/%
1	17	621.2	654.1	630.9	3.68
2	17	526.5	527.9	559.8	-5.70
3	12	327.8	401.9	335.4	19.83
4	11	286.1	265.8	313.0	-15.08
5	7	210.1	223.6	204.3	9.45
6	4	97.1	52.6	101.0	-47.92
7	8	195.1	244.7	180.7	35.42
8	5	142.9	141.9	155.2	-8.57
9	4	95.9	89.6	103.5	-13.43
10	3	72.9	71.6	78.5	-8.79
11	3	54.4	56.7	54.4	4.23
12	4	79.4	80.8	79.0	2.28
13	3	69.1	61.4	86.2	-28.77
14	3	66.9	67.9	77.7	-12.61
15	3	65.7	55.9	84.9	-34.16
17	3	42.7	42.5	48.5	-12.37
18	2	44.6	58.0	32.6	77.91
19	2	35.2	28.3	40.8	-30.64
20	2	31.4	39.0	23.4	66.67
23	2	37.6	36.2	38.6	-6.22
24	3	35.7	32.7	38.9	-15.94
26	2	44.1	35.7	58.8	-39.29
27	2	28.8	31.9	25.3	26.09
Z	3	96.3	56.6	128.1	-55.82
Total	125	3307.5	3357.3	3479.5	-3.51

a) 雌雄图谱差异计算方法: (雌性图谱长度-雄性图谱长度)/雌性图谱长度

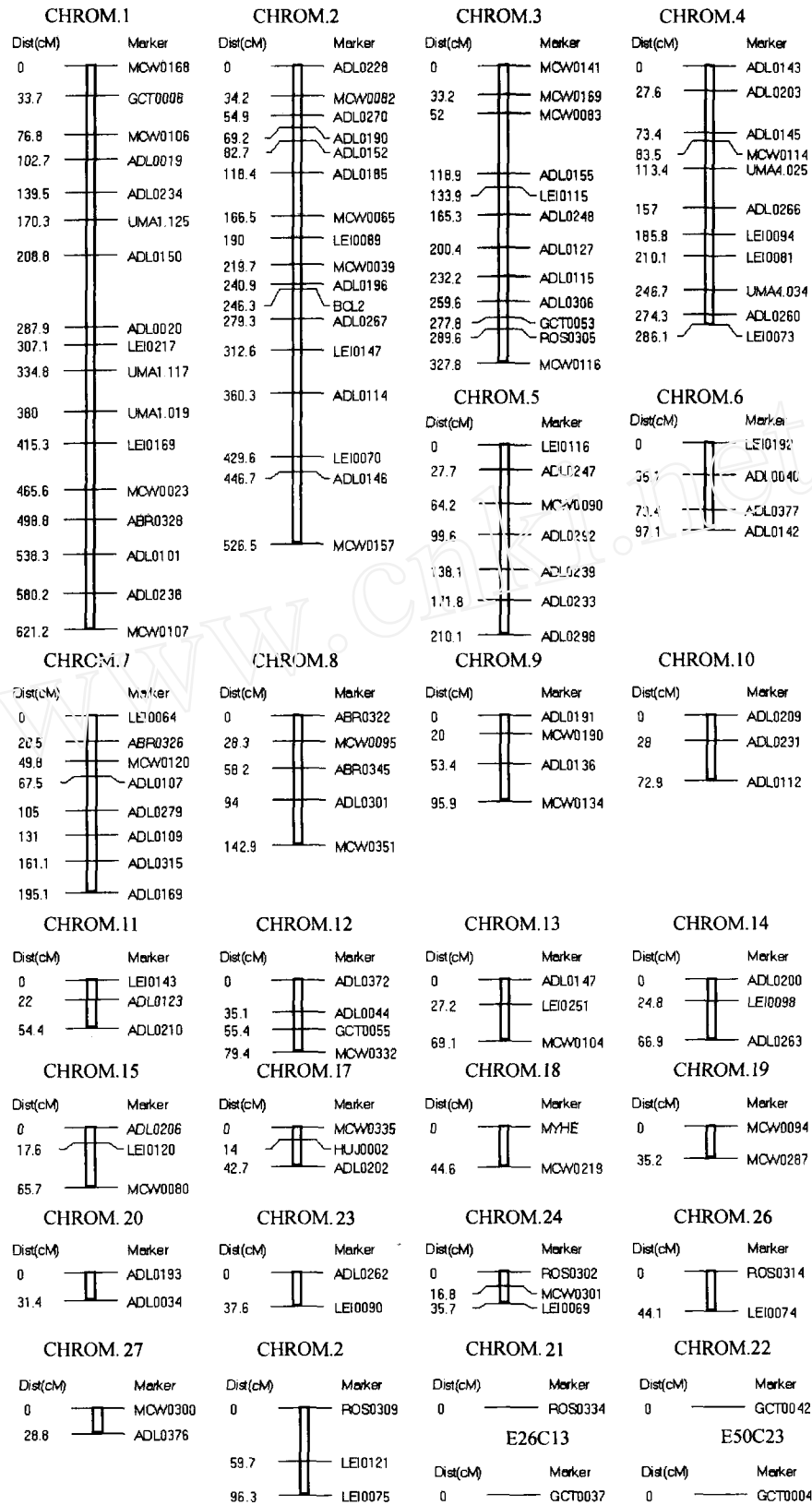


图 1 CAU 遗传连锁图谱

通过与整合图谱比较分析发现, CAU 遗传连锁图谱的标记排列顺序与整合图谱^[4,11]相同. 通过和鸡的基因组序列图谱比对, 我们将 E47 连锁群定位于 20 号染色体. 通过比对发现, 本研究所用的标记中有 7 个标记同基因组序列图谱的位置不一致, 但是通过连锁分析能够将其定位到 CAU 遗传连锁图谱(附录).

CAU 遗传连锁图谱在雄性和雌性中图谱长度不同(表 1), 雄性与雌性的遗传图谱差异为 3.51%.

3 讨论

CAU 遗传连锁图谱总长 3307.5 cM, 标记间平均间距 26.5 cM. 同整合图谱比较发现, 两张图谱中微卫星标记排列顺序是一致的, 但是 CAU 遗传图谱部分区域的遗传长度要比整合图谱的大^[11]. 究其原因, 主要是由于不同群体基于的亲本品种不同, 实验设计有所差异, 实验样本的多少不同等, 上述多方面的因素会导致标记之间的重组率发生变化而使得遗传图谱改变^[16]. Compton 资源家系的亲本选择考虑的是抗病性能, 杂交亲本采用白来航的不同抗病品系间的杂交, 构图时用了 52 个个体^[3]; Wageningen 资源家系的亲本选择考虑的是生长性能, 亲本采用白洛克肉鸡的不同配套系, 构图时用了 460 个个体^[7-9]. 由于资源家系是同一品种的两个不同品系的后代, 因而遗传距离较小. East Lansing 资源家系^[4-6], 选用的亲本虽然是远源的红色原鸡和白莱杭蛋鸡, 但是由于仅选用 56 个个体构图, 所以图距也相对较小. CAU 遗传连锁图谱是由丝羽鸡和肉鸡作为亲本构建的, 构图时用了 238 个 F₂ 后代, 由于其群体规模较大, 并且亲本亲缘关系较远, 所以导致标记间的距离相差较大.

对 CAU 遗传连锁图谱进一步的研究发现, 雄性图谱和雌性图谱的差异为 3.51%. 导致雄性图谱与雌性图谱间差异的原因可能有: (1) 在选择作用

下(包括自然选择与人工选择), 性别可能使重组率发生改变, 并且性别对重组率的作用在整个基因组水平并不均衡, 如 Morgan 发现雄性果蝇中没有重组现象, Luo 等发现在自然选择作用下, 性别也可能使重组率发生改变^[17]. (2) 性别对重组热点的影响, 有研究发现, 在人类整个基因组水平上, 存在着不同的重组热点, 而且其分布呈现镶嵌式分布, 或者说在基因组的某些区域连锁不平衡程度较高, 而在另一些区域则较低. 遗传距离可能由于 DNA 序列以及染色体重排的不同而不同^[18,19]; (3) 有信息的配子在雄性与雌性个体间存在差异; Wu 等^[20,21]考虑了这种性别间重组差异, 并用最大似然法来准确估计不同性别的重组率. 最终我们可以对准确预知连锁定位研究中标记的使用数目, 以及其使用位置.

将 CAU 遗传连锁图谱同鸡的基因组序列图谱标记发现 MCW0083 位置上存在差异. MCW0083 在 CAU 遗传连锁图谱中被定位在 3 号染色体上, 而在序列图谱中被定位在 14 号染色体上. Takahashi 等同样也发现类似的不同, 如 ABR0119 和 ABR0417^[11]. 此外有 5 个位点——MCW0157, LEI0081, ABR0322, ADL0210 和 LEI0069——在序列图谱中被定位在两个不同的位置上, 但是在 CAU 遗传连锁图谱得到了较确切的定位. 要确定这些标记的真正位置, 需要进一步的实验证据, 可以相信随着基因组序列的精确图谱的完成, 对于位置上有疑问的标记将能得以明确.

总之, 通过本项目的研究, 我们构建了 CAU 遗传连锁图谱, 为 QTL 定位打下了基础; 由于在雌性与雄性遗传图谱上存在不同, 应该采用不同的方法进行 QTL 分析将更为有效.

致谢 感谢 Hans H. Cheng 教授提供带有荧光标记的微卫星引物.

附录

本研究所用微卫星标记的相关信息

标记 序号	染色体	染色体上 标记序号	标记名称	正向引物(5'→3')	反向引物(5'→3')	在鸡序列图谱上的位置
1	1	1	MCW0168	GATCAGATTTATTTCCCTCA	CTGATTTCTAGAGCTGACTGA	chr1:1035527-1035637
2	1	2	GCT0006	ATTTCTATTCCCTCTC	CCAGAAAACATCACCAAC	chr1:19565045-19565230
3	1	3	MCW0106	GGCAACTAAGTTGTGGACTG	GCAGCATTCAGTGGGATAAT	chr1:30518901-30519028
4	1	4	ADL0019	TGCTGCCTAGACCAGTTCAA	TCTGCTGGGATTATGTGTCA	chr1:37422488-37422591
5	1	5	ADL0234	CTGGACGCGTGAAAAAGTTC	CCCTGGGGCTCCCTCAGCAC	chr1:46622805-46623101
6	1	6	UMA1.125	CCAGCATGTGATTCCCAAGT	AGTGTTCAGGGGCAAGGA	chr1:49939356-49939500
7	1	7	ADL0150	ATGCCAAGCATTACAGAAGC	CCTGCAGCACCTTTATCTCT	chr1:61584957-61585318
8	1	8	ADL0020	TAGATAAAAATCCTTCCCTT	GCACTCAAAGAAAACAAAT	chr1:84845809-84845907
9	1	9	LEI0217	GATGACTGAGAGAAATAACTTG	AAATTACTGAGGCACAGGAG	chr1:89587868-89588093
10	1	10	UMA1.117	TTAGAATGCACTGGACACAG	TGTTCTTTTGTAGGGATGATT	chr1:100881460-100881591
11	1	11	UMA1.019	ACACTGGCAGCGTGCTTAG	GCTGTAGGACAGGGGTCAGG	chr1:120877148-120877286
12	1	12	LEI0169	TTGCTTGTGGTGGCTTTTAG	ACAGTGTAGCATGGACAACAG	chr1:123602466-123602713
13	1	13	MCW0023	TAAAGCTGAGCCTGGGGAACCTAA	ATCCATTACTGTCAAGTGAACAG	chr1:144712131-144712292
14	1	14	ABR0328	CACCCATAGCTGTGACTTTG	AAAACCGGAATGTGTAACGT	chr1:161290914-161291028
15	1	15	ADL0101	CCCCAAGGAGAACTGATTAC	GAAAAGTCAAAACGCAACA	chr1:169088093-169088263
16	1	16	ADL0238	AAACCCAAACAAAGCAGAC	GCTCCTCATAAGCAAAATGC	chr1:173988254-173988413
17	1	17	MCW0107	GAACAGAACTCTGTTTACTG	TCGTCTTACCTCAACTGACA	chr1:186899174-186899284
18	2	1	ADL0228	CCGTTTTCTTTCTCTGATG	AGCCCTTGGGCACTTAGCAG	chr2:411500-411861
19	2	2	MCW0082	GATCTTTAAGGGGAAAGATAT	CTTTGTATGCCTCTCCATTTT	chr2:4863840-4863937
20	2	3	ADL0270	TGGGGTTGGGTGGTTTTA	CCCTGGCAGTTGGTTATTCT	chr2:9162389-9162478
21	2	4	ADL0190	TCAGCTCTCAGGCAAAAAG	AACCTGGACCACAATCTTAT	chr2:14699644-14699991
22	2	5	ADL0152	AGATTAGTGCAATCATCCA	TGTTTTGCCATTTCAGAAGC	chr2:16113808-16114115
23	2	6	ADL0185	CATGGCAGCTGACTCCAGAT	AGCGTTACCTGTCTGTTTGC	chr2:30250460-30250623
24	2	7	MCW0065	TCAGCAACAGAAAGTGAAGGGCAAT	CAGGCATTACTCAATAACGAGGC	chr2:42815581-42815713
25	2	8	LEI0089	GATCCAGGTGGCTCTAACACG	TTAGCTCCTGCTGTCACTGC	chr2:46367463-46367647
26	2	9	MCW0039	CATTGGACTGAGATGTCACTGCAG	ACATTTGTCTAATGGTACTGTTAC	chr2:62946959-62947100
27	2	10	ADL0196	TGTGTAGCAAAAAGCAAGC	TGATGAAAAGATGATGACAGC	chr2:66076407-66076762
28	2	11	BCL2	TCGCACCGTTAAGTTACACC	AGCATCAAAGCGTCGCGTTC	chr2:67598474-67598673
29	2	12	ADL0267	AAACCTCGATCAGGAAGCAT	GTTATTCAAAAGCCCCACCAC	chr2:85173718-85173902
30	2	13	LEI0147	TCAGGCCTCTTGAACCTCAGG	GCTATTAAGATACCTCAGCTC	chr2:97302074-97302198
31	2	14	ADL0114	GGCTCATAACTACCTTTTTT	GCTCTACATTCTTTCAGTCA	chr2:111343871-111344161
32	2	15	LEI0070	TGCGGAGAGCAATTAGTCTGC	GGAAAACAATCACTGCCTCG	chr2:132661416-132661686
33	2	16	ADL0146	TGCTTCTACCCATTCTCCT	GACCTGCATTGTCACTGACC	chr2:138483065-138483226
34	2	17	MCW0157	GTGTGATGTAGGCCAGATGTC	GTGTGCATTCTGCCAATAGG	chr2:147391493-147391784
35	3	1	MCW0141	GTATGAGTATAGCTGTATTG	CTGAAAGATCTAAGCTTTGT	chrUn:33041910-33042205
36	3	2	MCW0169	GATCCCACTTGTTAAGAAGTG	CCTGACCTTACTGAGCTTGGA	chr3:2467759-2468007
37	3	3	MCW0083	GCCTTTCACCCATCTTACTGT	TACATTTTCAAGGAATGTTGC	chr3:10430249-10430334
38	3	4	ADL0155	GGTCCGACTGAAAGCATTAT	TTAAGACTGAAGCCAACCAG	chr14:19150992-19151078
39	3	5	LEI0115	CCAAAATGACTACTTCCACCG	TAATACTGCCCTAGATTATGTC	chr3:32598468-32598572
40	3	6	ADL0248	TGTTCTGTGACATCTCTGT	TACTTGCTGTGGCTGTGTG	chr3:40906060-40906348
41	3	7	ADL0127	GAACCAGCAATTATATTAATA	TTAACACAAAAGAACCAGGCAG	chr3:53338162-53338521
42	3	8	ADL0115	GGATGAGAAGAAGAAAGGCA	CAATGGTGGTTCAGGTAATC	chr3:60317075-60317290
43	3	9	ADL0306	GTTACTGTATCTTGGCTCAT	TCAGTTTGACTTTCCTTCAT	chr3:68451548-68451865
44	3	10	GCT0053	CATCAGCATCAGCGTTGTTT	ATGTGCACCCCTCTCATACA	chr3:80340803-80340931
45	3	11	ROS0305	AATAGATCCCTTGGCTACAC	TGTGCAGCAACCTCAGATGT	chr3:93512464-93512613
46	3	12	MCW0116	GTATTTGAGTCTCAACAGCTC	TGTGCAGCAACCTCAGATGT	chr3:102906852-102907000
47	4	1	ADL0143	CCTGTCTCTGGTCTTTATCC	AGTTTACTTCTTTTCTTGC	chr3:105659740-105660021
48	4	2	ADL0203	ACCCCTCCCCATCTCACTGC	GCTCCACCCTGCTCGTGTG	chr4:363948-364099
49	4	3	ADL0145	CGTGGTGTGTGTATCATTT	CTCTTTTGCAGTCTCTAC	chr4:8064469-8064654
50	4	4	MCW0114	AGCAAAGTCTCAGTGCTGTG	GCGTTGAAAGTAGTCTTCCG	chr4:17500466-17500579
51	4	5	UMA4.025	GGGCATGATAGAACTTTACC	CATGCCAAATTGAGAAGAAA	chr4:17834399-17834685
52	4	6	ADL0266	AATGCATTGCAGGATGTATG	GTGGCATTACGGCAGAGCAG	chr4:36357826-36357975
53	4	7	LEI0094	GATCTCACCAGTATGAGCTGC	TCTCACACTGTAACACAGTGC	chr4:45879634-45879754
						chr4:50647928-50648188

续表

标记 序号	染色体	染色体上 标记序号	标记名称	正向引物 (5'→3')	反向引物 (5'→3')	在鸡序列图谱上的位置
54	4	8	LEI0081	ACTTACCTTTTCTTAGCTACTG	GATCCTTTCAATGCTCATGCT	chr4:60978864-60979095 chr4_random:1062919-1063172
55	4	9	UMA4.034	GGTGATTGGGGAGAATGAG	AGGGAGGAGGGGCTTTACTC	chr4:73617485-73617576
56	4	10	ADL0260	GGAGCTGTCATCCACTCTTG	ATCAGCCCATCCCAGTATCG	chr4:83161938-83162052
57	4	11	LEI0073	CCATATCATTTGTCAAGCACC	AAATTCCTGACCTCCATGATAC	chr4_random:1104804-1104969
58	5	1	LEI0116	CAGCGCTTCTTGCTTGCC	TGCACACGCGTTTCTATGAG	chr5:2827122-2827516
59	5	2	ADL0247	CTCTTGTTGTCTGTCTGTG	TGCATGTTGTGAGTTTTCAG	chr5:6987572-6987730
60	5	3	MCW0090	GATCCTTCTTCTCTCTCTG	CCTTCAACTTAAACATTATAGAG	chr5:13802692-13802813
61	5	4	ADL0292	CCAAATCAGGCAAACTTCT	AAATGGCCTAAGGATGAGGA	chr5:23605747-23606083
62	5	5	ADL0239	GAAAAAGCAGAGCAGTGTCT	GTGATGGGAAAATCTTCAGG	chr5:33972832-33973004
63		6	ADL0233	GCCCTTTAAACCAAGACTC	GGGGGAAAAGGATGCTTAGC	chr5:46061772-46061876
64		7	ADL0298	CAAGGCTGGGATTGATGAAA	TGGCGTGTGGGTTACAAAA	chr5:54348929-54349030
65	6	1	LEI0192	TGCCAGAGCTTCAGTCTGT	GTCATTACTGTTATGTTTATTGC	chr6:2416057-2416378
66		2	ADL0040	TTTCCCAGATTACAACCTT	GCCAGTGATACTCCAGCAGC	chr6:16923533-16923736
67		3	ADL0377	ATATTCTGGGGACATCTGTG	GTAGGATCCGTAGTTTITG	No matches
68		4	ADL0142	CAGCCAATAGGGATAAAAGC	CTGTAGATGCCAAGGAGTGC	chr6:28805732-28805960
69	7	1	LEI0064	TGGTTGTCTCAATACAACGTC	CTCTAAAGATTTCTCAGAAACAG	chr7:75259-75596
70	7	2	ABR0326	GCTCACAAGAAGGGTCACA	CCACCTCTGGTTCTCTCACC	chr7:26503837-26504063
71	7	3	MCW0120	CTATGTAAAGCTTGAATCTTCA	ATTCTCTGGGTGCTAATTACC	No matches
72	7	4	ADL0107	ATTATCCATCCACTTGAGAA	TATTTTTFGAACATTACCAG	chr7:12810021-12810180
73	7	5	ADL0279	CATGGCTGTTGCTTTACATA	GTGAACCCCAATGCTCTCTG	chr7:24462411-24462519
74	7	6	ADL0109	ATCTCCAATACTTCTGCTGC	AAAAATAAAATATCTCCAG	chr7:29885329-29885548
75	7	7	ADL0315	TCTTGGGCGAGTAGTTTCAA	CTGCCATGTTGCTTCTTTAG	chr7:31504797-31505153
76	7	8	ADL0189	CCACACCAAAGCTTCATA	ATTCCGCTCCCCATTAGTG	chr7:36989749-36989850
77	8	1	ABR0322	TGCGTTCTCCCTTGCTTGC	GCAGCAGCTCCCACGACACA	chr8:5340403-5340542
78	8	2	MCW0095	GATCAAAACATGAGAGACGAAG	TTCATAGCTTGAATTGCATAGC	chrUn:144034980-144035125
79	8	3	ABR0345	TTTACACGCGAGCCTTTCTC	TGCCTCCCTTGACAAAAAC	chr8:12426681-12426755
80	8	4	ADL0301	TCCTCCCTGAAGTCTTTACA	GGATGCGTTTGTGAAGTTTG	chr8:20883691-20883823
81	8	5	MCW0351	GTAAGGCTCTTTACAAACGG	GAGTAGGGCTTAGGAAGTAAG	chr8:24599355-24599488
82	9	1	ADL0191	AAAGGAAAGCCTATGTGAAT	AAAGCACCAAGCGAGATACA	chr8:28918935-28919084
83	9	2	MCW0190	GTGATCATTTCTACATGCAG	ACAACAGAACTAAACAAATA	chr9:9309153-9309296
84	9	3	ADL0136	TGTCAAGCCCATCGTATCAC	CCACCTCCTTCTCCTGTTCA	chr9:11255351-11255432
85	9	4	MCW0134	GGAGACTTCATTGTGTAGCAC	ACCAAAAGACTGGAGGTCAAC	No matches
86	10	1	ADL0209	GGTTAGTCCCTCCTTCCAG	TCACTCCAGCTTGAGACAGG	chr9:22646184-22646460
87	10	2	ADL0231	AAGGAAACAAAGAGAAATCC	ACTATTAGCCTGGGAGAGC	chr10:3960576-3960708
88	10	3	ADL0112	ATCTCAAATGTAATGCGTGC	GGCTTAAGCTGACCCATTAT	chr10:11885997-11886401
89	11	1	LEI0143	GATCAATGAGTGCAGGAGAG	CGGAGGTGATACGGATGGAG	chr10:20826234-20826364
90	11	2	ADL0123	GCTGTGTCAAGATTAGAATCAC	AACAATGAAAAACACTACCTGA	chr11:451279-451552
91	11	3	ADL0210	ACAGGAGGATAGTCACACAT	GCCAAAAAGATGAATGAGTA	chr11:5432529-5432634
92	12	1	ADL0372	CGCCCCGTTTACTGATTTG	GGCGCCGTTCAAGGAAGCAC	chr11:12226600-12227007
93	12	2	ADL0044	AAGTGGTTTATTGAAGTAGA	CTGTGGTGTGCGTTAGTTG	chrUn:80605496-80605896
94	12	3	GCT0055	GAACATGGGCAATGCTCTTT	TGTGTTCTCTCTCCATGCGTA	chr12:669541-669707
95	12	4	MCW0332	TGGGTTTGCAACGGGACATAG	GAACAATGGTGAGAGCACTGC	chr12:11972468-11972635
96	13	1	ADL0147	CTGGTGAATGAGAAGCGATG	GCTGCGGCAATAAACTCCCT	chr12:10837648-10837848
97	13	2	LEI0251	GGGTTACTCTTATGTTAATGATGT	GATCTAGAAATGGCTGACTGAC	chr12:10895637-10895832
98	13	3	MCW0104	TAGCACAACCAAGCTGTGAG	AGACTTGACACAGCTGTGACC	chr13:1077394-1077610
99	14	1	ADL0200	TGATGGACTGGAATAGTGTA	ACAGGAAATTGTGCTGGATT	No matches
100	14	2	LEI0098	CAGTTAGCAGAGATTTTCTTAC	TGCCACTGATGCTGTCACTG	chr13:16601033-16601222
101	14	3	ADL0263	AGAGTCAGAAAGTGGGAAGG	CTGTTCGGTTGGTTGTTGG	chr14:6127540-6127668
102	15	1	ADL0206	TTTCTATCCTTCATCTCCAG	AGACATCCTGCTTTCTCGTG	chr14:9416710-9416874
103	15	2	LEI0120	CGTAACACATGCAACTCAATG	TTAGAATGAAAAGGCTGTTCC	chr14:20338398-20338544
104	15	3	MCW0080	GAAATGGTACAGTGCAGTTGG	CCGTGCATTCTTAATTGACAG	chr15:1876113-1876227
105	17	1	MCW0335	GATCTCAGGTGCAGCTGCC	ATCTTACCTCTTCAGAGCTAG	chr15:3662361-3662669
106	17	2	HUJ0002	GAATCCTGGATGTCAAAGCC	ATCTCACAGAGCCAGCAGTG	chr15:10249387-10249666
107	17	3	ADL0202	CTGCTTGTTCTTCCCTTCA	CTCTGCTCTCTGTGCCTCAA	chr17:1404306-1404439
						chr17:5872987-5873171
						chr17:9960652-9961066

续表

标记 序号	染色体	染色体上 标记序号	标记名称	正向引物(5'→3')	反向引物(5'→3')	在鸡序列图谱上的位置
108	18	1	MYHE	AGGAAACAAATACTATACGA	GAAAACTGACACTGTGACT	No matches
109	18	2	MCW0219	CCACAGCTATAAATGCTATAGC	GACATGACTTACTGAAAAGTAG	chr18:6764007-6764231
110	19	1	MCW0094	GGAGCTGGTATTTGTCTAAG	GCACAGCCTTTTGACATGTAC	chr19:3121061-3121145
111	19	2	MCW0287	GCCGTGTGACATCAGTGCTC	TTGCACCAGCGCTGCAAAGT	chr19:6829194-6829451
112	20	1	ADL0193	TTGAGACCAGAACAGGAAAT	CAAACGCAGGCAGGAAGCAG	chr20:2091778-2091922
113	20	2	ADL0034	AACCTAAAACTCCTGCTGC	GGGAACCTGTGGGCTGAAAG	chr20:3035464-3035589
114	23	1	ADL0262	GTGCAGACACAGAGGAAAG	TCACATGCACACAGAGATGC	chr23:591536-591640
115	23	2	LEI0090	TAGTGCAGCCCTATGGAGCG	GGTGAGTGTGCGTTACACGC	chr23:4284181-4284398
116	24	1	ROS0302	CACAGACACCCCGTACAG	ACACAGCGTTGGTTATGCC	No matches
117	24	2	MCW0301	GGAGAGGAGACAACTGTATTC	AGGGTGAGAGGTAACAAGTGC	chr24:4421453-4422652
118	24	3	LEI0069	GCACTGGGGCTGAGCACTG	CGCAGGTGACAACTGCTTCA	chr24:4727847-4728125
						chr24:4723640-4723912
119	26	1	ROS0314	CAGCTCACATTTTAGCAGTC	TTTATTGATTTCTCCAACAA	chr26:94982-95116
120	26	2	LEI0074	AAACGTCTGCCTTCATGCGAG	CATCAATTAGAGCGAAGCCTC	chr26:4249100-4249411
121	27	1	MCW0300	CAGAGAAACGTGCATGTGGAC	TGTGCACATTTCTCTGCTGAC	chr27:223351-223480
122	27	2	ADL0376	GCCCCACGGAGATGGAACAC	CCTGCCCTGCTGCTGGAAGT	No matches
123	Z	1	ROS0309	GTGCCACCAATTAACAGAGG	GATCAGGAAAGGCTGTGAAG	chrZ:1646475-1646617
124	Z	2	LEI0121	TTGACGTCTGGATAGATTAC	ATTATCCAGAACTAACATCAAC	chrZ:21747638-21747957
125	Z	3	LEI0075	CTATGCTATCATTGAAACACAGC	ATCCACTCCGTGCTCTGTCAG	chrZ:31400659-31400882
126	未定位		ROS0334	TGGCATTTCAGTATTTCAAAAC	ACGTTAAGGAGGCACTTCTC	chr21:2342402-2342636
127	未定位		GCT0042	GGGTTTGTCACTCTCTGGT	TAGAGGCACGCGGAAGGTATG	chr22:2217515-2217652
128	未定位		GCT0037	AGCCACACACACACAGTTC	ATTGGTTTCTGATGGCCTG	E26C13:24697-25331
129	未定位		GCT0004	GTGATGCACACAAATG	CTTCTTCATCTACGCTGTC	E50C23:20357-20494

参 考 文 献

- Schmid M, Nandra I, Burt DW. First report on chicken genes and chromosomes 2000. Cytogenetics and Cell Genetics, 2000, 90: 169—218
- Hutt F. Genetics of the fowl VI. A tentative chromosome map. Neue Fors Chungen in Tierzucht und Abstammungslehre, 1936, 105—112
- Bumstead N, Palyga J. A preliminary linkage map of the chicken genome. Genomics, 1992, 13: 690—697
- Levin I, Crittenden LB, Dodgson JB. Genetic map of the chicken Z chromosome using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. Genomics, 1993, 16(1): 224—230
- Levin I, Santangelo L, Cheng H, et al. An autosomal genetic linkage map of the chicken. J Hered, 1994, 85(2): 79—85
- Cheng HH. Mapping the chicken genome. Poult Sci, 1997, 76(8): 1101—1107
- Crooijmans RP, van Oers PA, Strijk JA, et al. Preliminary linkage map of the chicken (Gallus domesticus) genome based on microsatellite markers; 77 new markers mapped. Poult Sci, 1996, 75(6): 746—754
- Groenen MA, Crooijmans RP, Veenendaal A, et al. A comprehensive microsatellite linkage map of the chicken genome. Genomics, 1998, 49(2): 265—274
- Herbergs J, Siwek M, Crooijmans RP, et al. Multicolour fluorescent detection and mapping of AFLP markers in chicken (Gallus domesticus). Anim Genet, 1999, 30(4): 274—285
- Schmid M, Nanda I, Guttentbach M, et al. First report on chicken genes and chromosomes. Cytogenet Cell Genet, 2000, 90(3—4): 169—218
- Takahashi H, Tsudzuki M, Sasaki O, et al. A chicken linkage map based on microsatellite markers genotyped on a Japanese Large Game and White Leghorn cross. Animal Genetics, 2005, 36: 463—467
- 邓学梅, 李俊英, 李 宁, 等. 基于 F-2 群体的鸡重要生长性状遗传分析. 遗传学报, 2001, 28(9): 801—807
- Huang YH, Hu XX, Deng XM, et al. Chicken QTL mapping by multiplex PCR. Progress in Natural Science, 2002, 12(1): 73—76
- 胡晓湘, 黄银花, 高 宇, 等. 对中国农业大学鸡资源群进行基因组扫描的初步分析. 遗传学报, 2003, 30(12): 1001—1106
- Green P, Falls K, Crook S. Documentation for CRI-MAP, version 2.4, Washington School of Medicine, St. Louis, MO, 1990
- de Massy B. Distribution of meiotic recombination sites. Trends Genet, 2003, 19(9): 514—522
- Luo ZW, Tao SH, Zeng ZB. Inferring linkage disequilibrium between a polymorphic marker locus and a trait locus in natural populations. Genetics, 2000, 156(1): 457—467
- Goldstein DB. Islands of linkage disequilibrium. Nat Genet, 2001, 29(2): 109—111
- Reich DE, Cargill M, Bolk S, et al. Linkage disequilibrium in the human genome. Nature, 2001, 411(6834): 199—204
- Wu R, Zeng ZB. Joint linkage and linkage disequilibrium mapping in natural populations. Genetics, 2001, 157(2): 899—909
- Wu R, Ma CX, Wu SS, et al. Linkage mapping of sex-specific differences. Genet Res, 2002, 79(1): 85—96