

内蒙古地区不同地理种群布氏田鼠遗传分化研究

魏文天¹ 王玉民² 何宏轩³ 魏磊^{2*}

(¹ 内蒙古农业大学生命科学院, 内蒙古呼和浩特 010018; ² 亳州学院生物与化学工程系; ³ 中国科学院动物研究所动物生态和保护生物学院重点实验室, 国家野生动物疫病研究中心)

摘要 [目的]探讨布氏田鼠地理种群的遗传分化。[方法]以 MHC 类基因第二外显子为分子标记进行序列分析和基因分型。结果:获得了内蒙古 8 个布氏田鼠地理种群 460 个样品的 MHC 类基因第二外显子基因的 261 bp 核苷酸序列,经单倍型分选后,共定义了 21 个单倍型,其中有 3 个单倍型为不同区域种群所共享,其余 19 个单倍型均为各区域种群所特有。单倍型网络进化关系分析显示,8 个布氏田鼠地理种群形成 3 个稳定的进化支,分别与采集的地理种群相吻合;同一地理种群内单倍型之间遗传差异小,而不同地理来源的单倍型之间存在较大区别。AMOVA 分析显示,遗传变异主要发生在区域类群间。对基因流和遗传分化系数、种群遗传距离和遗传相似性分析表明,布氏田鼠种群出现了一定的遗传分化,正镶白旗种群因浑善达克沙漠的阻碍而分化最明显。Mantel 检测揭示布氏田鼠的遗传分化与地理距离无显著相关性。[结论]栖息地的复杂地形和气候变化可能是影响布氏田鼠群体间遗传分化的主要因素,而种群间距离隔离对于布氏田鼠的遗传分化作用不明显。

关键词 布氏田鼠;地理种群;MHC 类基因;遗传分化;内蒙古

中图分类号 Q958.1 文献标识码 A 文章编号 1007-5739(2017)16-0220-04

Genetic Differentiation of *Lasiopodomys brandtii* from Different Geo-populations in Inner Mongolia

WEI Wen-tian¹ WANG Yu-min² HE Hong-xuan³ WEI Lei^{2*}

(¹ College of Life Sciences, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot Inner Mongolia 010018; ² Department of Biological and Chemical Engineering, Bozhou University; ³ National Research Center for Wildlife Born Diseases, Key Laboratory of Animal Ecology and Conservation Biology, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences)

Abstract [Objective]Explore the genetic differentiation of geographical populations of *Lasiopodomys brandtii*. [Methods]Sequences were analyzed based on MHC Class gene exon 2. [Results]261 bp nucleotide sequences of MHC Class exon 2 from 460 individuals of 8 *L. brandtii* populations were analyzed by the methods of polymerase chain reaction and direct sequencing. Result showed that 21 genotypes were detected from 460 individuals of 8 *L. brandtii* geo-populations in Inner Mongolia. Median-joining network grouped 21 haplotypes into three distinct clades, which corresponded to three geographic areas, indicating an obvious phylogeographic pattern. AMOVA showed that most of the genetic variation occurred among geographic groups. The analysis results of gene flow and F-Statistics, genetic similarity and genetic distance indicated that that genetic differentiation already occurred among geographic groups, Zhengxiangbaiqi population was separated geographically from all others, indicating that Hunshandake Sandy Land might make an effective barrier against gene flow. The result of Mantel test illustrated that there were no significant correlations between genetic distance and geographic distance. [Conclusions]Complex topographic configuration and climatic changes of habitat played the most important role and geographic distance was not significant in the genetic differentiation of *L. brandtii* populations.

Key words *Lasiopodomys brandtii*; geo-populations; MHC Class gene; genetic differentiation; Inner Mongolia

种群遗传学认为地理特征(地形障碍、空间距离等)或者历史事件(栖息地片段化、冰期隔离、种群扩张等)是限制基因流的重要因素,会影响种群遗传结构的形成过程,引起种群间的遗传分化^[1-2]。

内蒙古自治区地形地貌复杂。在其中部地区、东部地区分布着毛乌素沙地、浑善达克沙地、乌珠穆沁沙地、科尔沁沙地、呼伦贝尔沙地,且气候多变,具有降水量少而不匀、寒暑变化剧烈的显著特点。本区分布的物种遗传结构受到了复杂的地质历史和地理特征的影响^[3]。

布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii*)属啮齿目(Rodentia)仓鼠科(Cricetidae)田鼠亚科(Microtinae),为内蒙古草原代表性小型哺乳动物,是危害草原和鼠疫传播的宿主。种群呈现点状、片段化、间断性分布于内蒙古中部地区、东部地区,因其扩散能力弱,对栖息地环境有很强的依赖性,因而是研究复杂生境中环境压力对种群遗传影响的典型生物物种^[4-6]。

由于布氏田鼠长期受特定的地理环境条件胁迫和栖息地片段化的双重作用,有可能导致种群在分子水平上的差异而分化为不同的适应性种群,对草原的保护和疫病防治产生重要影响。Wang 等^[7]基于微卫星标记对内蒙古 4 个布氏田鼠地理种群遗传结构分析表明,受草原荒漠化的影响,种群内近交现象严重,基因流呈现海岛模式,正镶白旗种群与其他种群出现分化。

主要组织相容性复合体(major histocompatibility complex, MHC)作为分子标记已被广泛应用于物种间的系统关系、进化历史和种群遗传结构的研究^[8-10]。为得到布氏田鼠种群遗传分化的分子证据,为布氏田鼠的防治提供科学依据,本文基于 MHC 类基因探讨了内蒙古地区布氏田鼠不同地理种群的遗传相似性和遗传差异、遗传距离与地理距离之间的关系。

1 材料与方法

1.1 研究区域和样本采集

样品采自 8 个种群,分别来源于锡林浩特(XL, 44°50.351' N, 115°13.673' E; n=68)、二连浩特(EL, 43°53.245' N, 112°23.564' E; n=65)、东乌珠穆沁旗(DW, 44°59.454' N, 116°10.846' E; n=54)、西乌珠穆沁旗(XW, 44°5.211' N, 117°57.324' E; n=53)、新巴尔虎左旗(XZ, 49°18.152' N, 118°03.776' E; n=56)、陈巴

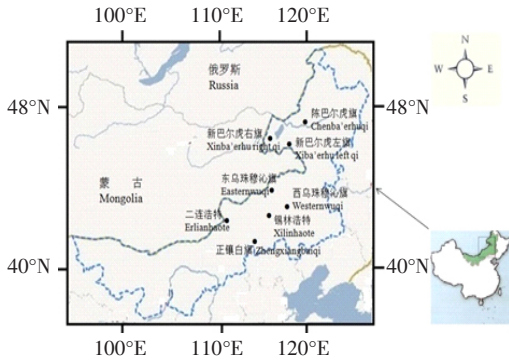
基金项目 安徽省高校学科(专业)拔尖人才学术资助重点项目基金(gxbjZD2016108);安徽省教育厅自然科学基金重点项目基金(KJ2012Z406);国家重点基础研究发展规划项目基金(9732007BC109103)。

作者简介 魏文天(1997-),男,河南永城人,在读本科。研究方向:生物技术。

* 通信作者

收稿日期 2017-07-19

尔虎旗(CB, 49°32.652'N, 119°44.735'E; n=52)、新巴尔虎右旗(XY, 48°21.625'N, 118°22.573'E; n=50)、正镶白旗(ZX, 42°25.611'N, 115°16.331'E; n=62)地区,共 460 只布氏田鼠,各取样点间的距离不低于 100 km。样品采集信息及种群分布见图 1。



注:●表示采样地点,地图数据来自中国资源环境数据库(1:400 万比例尺,中国科学院地理科学与资源研究所,2010),其中的数据由数字化中国地图集获得(中国地图出版社,2010)。

图 1 布氏田鼠采集地点的分布

1.2 基因组 DNA 提取与 PCR 扩增

用 DNA 试剂盒(TIANamp Genomic DNA Kit)提取基因组。从 GenBank 下载布氏田鼠亲缘种的 MHC 类基因第二外显子序列(AJ003232, AF084934, U88933, M73960, BC132163, K0012, AJ634270)作为参考序列,经 Blast 比对筛选出保守片段,通过软件 Primer premier 5.0 设计 1 对引物:5'-GGAA-TACGGTACATCTGAG-3'(上游引物 MF), 5'-CAACTCTCC-GCCGACAAGG-3'(下游引物 MR),并由上海生工生物工程技术有限公司合成。PCR 反应在 PTC-200 型 DNA 扩增仪上进行,PCR 反应体系总体积为 30 μ L,其中含有 1.0 mmol/L

Tris-HCl (pH 值 8.3)、1.5 mmol/L MgCl₂、50 mmol/L KCl、150 μ mol/L dNTPs,引物各 0.25 μ mol, 1U Taq DNA 聚合酶, 30 ng DNA。

反应程序为 94 °C 变性 45 s, 54 °C 复性 50 s, 72 °C 延伸 50 s, 共进行 30 个循环。循环前 95 °C 预变性 5 min, 循环后继续延伸 10 min。用 1.5% 琼脂糖电泳检测 PCR 产物,并送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行正反测序。

1.3 数据分析

用 Chromas 软件对测序原始结果进行人工校对,用 MEGA(version 5.0)软件进行序列比对分析;用 Network 4.6.0.0 软件^[11]构建布氏田鼠种群的中介网络图(median-joining network)。

利用 POPGENE version 1.32 软件分析计算种群的遗传距离(GD)和遗传相似度(GI);用 Arlequin 3.5 version^[12]软件计算区域种群间的基因流 Nm (gene flow)和遗传分化系数 Fst (F-Statistics),用该软件中的分子变异分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)检测地理种群内和地理种群间的遗传分化。以种群为单位,用 Arlequin 3.5 version 软件的 Mantel 检验(permutation=3 000)分析种群间遗传距离(GD)和地理距离(GGD)的相关性。

2 结果与分析

2.1 MHC 类基因第二外显子序列特征

本研究测定了 8 个地理种群的 460 只布氏田鼠的 MHC 类基因第二外显子序列,序列长 261 bp。经单倍型分选后,在 460 个样品中共存在 21 种单倍型,分别命名为 H01-21 (图 2)。以单倍型 H01 (Haplotype 01) 为标准进行多态位点分析,有 57 个突变位点,包括 10 个单突变位点、47 个简约信息位点,突变位点百分率为 21.84%。

H01.GG	—	CTTCAACAACGGGACGCAGCGGTACATCATGTGGACAGGTGCATCTT	TGACCGCGAGGAGTTTCATGCGCTTCGACAGCACCGTGGCGAGTTC
H02	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—
H03	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—A—
H04	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—A—
H05	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—A—
H06	—	T	G—GG—T—AGAA—ACA—G—A—A—
H07	—	T	G—GGT—AGAA—ACA—G—A—A—
H08	—	T	G—GG—T—AGAA—ACA—G—A—A—
H09	—	T	G—GG—T—AGAA—ACA—G—A—A—
H10	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—
H11	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—
H12	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—
H13	—	T	G—GGGG—AATA—ACA—G—A—
H14	—	T	G—GGT—AC—A—ACA—G—A—A—CA
H15	—	T	G—GGGG—AC—A—ACA—G—A—A—CA
H16	—	T	G—GGT—AC—A—ACA—G—A—A—CA
H17	—	T	G—GGT—AC—A—ACA—G—A—A—CA
H18	—	T	G—GGT—CT—T—AATA—ACA—G—G—CA
H19	—	T	G—GGT—CT—T—AATA—ACA—G—G—A
H20	—	T	G—GGT—CT—T—AATA—ACA—G—G—A
H21	—	T	G—GGT—CT—T—AATA—ACA—G—G—A
H01.GT	CGCTCACC	CCATGGGGCAGCGGTGGCCAGCTCTGGAACAGCCAGAAGGACTACATGGAACGACGGAGGGCCGAGGTGGACACCGTGT	GA
H02	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—AGAA—C—A—
H03	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—AGAA—C—A—
H04	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—AGAA—C—A—
H05	—	T—G—G—GAT—G—A—	G—AGAA—C—A—
H06	—	GTAC—G—G—GAC—G—A—TC—	GG—GAC—C—A—
H07	—	GTAC—G—G—GAC—G—A—TC—	GG—GAC—C—A—
H08	—	GTAC—G—G—GAC—G—A—TC—	GG—GAC—C—A—
H09	—	GTAC—G—G—GAC—G—A—TC—	GG—GAC—C—A—
H10	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—AGAA—C—A—
H11	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—AGAA—C—A—
H12	—	T—G—G—GAT—G—A—	G—AGAA—C—A—
H13	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—GAA—C—A—
H14	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—GAC—C—T—A—
H15	—	T—G—G—GAC—G—A—	G—GAC—C—T—A—
H16	—	T—G—G—GAT—G—A—	G—GAC—C—T—A—
H17	—	T—G—G—GAC—G—A—	GG—GAC—C—T—A—
H18	—	T—G—G—GAT—TG—GT—	GGACGCAC—T—CA—TAC—
H19	—	T—G—G—GAT—TG—T—	GGACGCAC—T—CA—TAC—
H20	—	T—G—G—GAT—TG—GT—	G—ACGCAC—T—CA—TAC—
H21	—	T—G—G—GAT—TG—GT—	GGACGCAC—T—A—TAC—

注:两端相同的序列被省略。

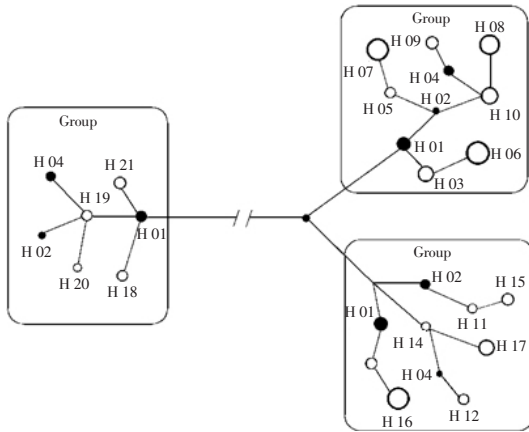
图 2 布氏田鼠样本序列变异位点及其定义的单倍型

2.2 单倍型网络进化关系分析

单倍型网络进化关系分析结果显示,21 个单倍型分为

Group、Group 和 Group 三进化枝。其中,位于内蒙古东北部的陈巴尔虎等 3 个种群有 10 个单倍型,位于内蒙古

中部的锡林浩特等4个种群10个单倍型,位于浑善达克沙漠南部的正镶白旗种群7个单倍型,8个地理种群有3个共享单倍型(图3)。3个进化枝分别与采集的地理种群相吻合。



注:圆代表不同的单倍型,圆的大小代表单倍型的频率,单倍型之间的枝长代表突变数。

图3 布氏田鼠MHC类基因第二外显子21个单倍型的中介网络图

2.3 布氏田鼠种群的遗传分化

作为影响种群遗传分化的重要因素——基因流,其流越弱,表明群体间的基因流水平较低,种群间遗传分化较大。按单倍型网络进化关系分析划分的3个区域类群之间的基因流(Nm)和遗传分化系数(Fst)值如表1所示。类群间的遗传分化指数FST值分析显示,区域类群Group与Group的Fst值为0.3646,区域类群Group与其他区域类群的Fst值为0.8232~0.8347,布氏田鼠类群Fst P值均<0.05的检验水平。区域类群Group与Group的Nm为0.2342,区域类群Group与其他区域类群的Nm为0.0988~0.1037,各种群间的基因交流均<1,尤其是类群Group与其他2个种群之间的基因交流值最小。

以上分析揭示区域类群Group与Group间出现了分化的趋势,但遗传分化水平相对较低,而Group的正镶白旗种群与其他种群之间有较高的遗传分化。根据地理分布及系统分析结果,将3个地理种群和8个小种群进行遗传变异的分子变异等级分析(AMOVA),结果见表2。区域类群

间的遗传变异占总变异比率的64.08%,区域内种群间的变异组分为7.78%,小群体内的变异组分为28.14%。区域内种群间小种群之间的遗传变异要小于区域类群间的遗传变异,布氏田鼠具有很高的遗传结构。遗传变异主要发生在区域之间和种群内,且P值显著。

表1 布氏田鼠3个类群的遗传分化系数(上三角)和基因流(下三角)

区域类群	Group	Group	Group
Group	-	0.364 6	0.823 2 [*]
Group	0.234 2	-	0.834 7 [*]
Group	0.103 7	0.098 8	-

注:*P<0.05。

表2 布氏田鼠MHC类基因第二外显子的分子变异分析

变异来源	变异组成	变异百分率/%	固定指数	显著性检验
区域类群之间	11.771 42	64.08	F _{ct} :0.640 16	P<0.01
群内各种群间	1.397 62	7.78	F _{sc} :0.203 71	P<0.01
种群内	5.263 52	28.14	F _{st} :0.697 72	P<0.01

注:F_{ct},F_{sc}和F_{st}分别反映组间、种群间和种群内的遗传分化。

种群间的遗传距离(GD)、遗传相似度(GI)和地理距离(GGD)见表3。各种群间亲缘关系的远近可以通过Nei's标准遗传距离(GD)和遗传相似度(GI)的大小反映,当GI≥0.6时,认为各种群间的基因交流非常频繁。遗传距离分析揭示,布氏田鼠种群之间的遗传距离最小值为0.0921,最大值为0.2467,其中正镶白旗种群与其他种群的遗传距离在0.1979~0.2467之间,遗传距离大,分化明显。遗传相似度分析显示,布氏田鼠种群之间的遗传相似度在0.5074~0.9211之间,除正镶白旗种群与其他种群遗传相似度均<0.6,其他种群之间的遗传相似度均>0.6。以上分析结果反映正镶白旗种群与其他种群间基因交流较低,与上述遗传分化的结果基本一致。

2.4 Mantel test 分析

种群间的遗传距离(GD)与地理距离(GGD)见表3。在地理距离隔离的Mantel检验中,统计遗传距离和地理距离后,将遗传距离同地理距离之间做相关性检验,判断布氏田鼠地理种群间是否存在地理隔离因素。应用SPSS对8个种群遗传距离与各采样点间地理距离做回归分析,得到了地理距离与遗传距离的关系图(图4)。可以看出,数据点比较分散的分布于折线周围,没有明显的规律性。Mantel检验结

表3 布氏田鼠种群遗传距离(下三角)、遗传相似度(上三角)和地理距离(上三角括号内)

种群	EL	XL	DW	XW	XZ	XY	CB	ZX
EL	-	0.921 1 (337.5)	0.892 1 (498.6)	0.881 3 (465.1)	0.586 8 (706.2)	0.576 9 (692.5)	0.573 8 (855.0)	0.541 3 (288.7)
XL	0.092 1	-	0.872 4 (187.5)	0.861 (137.4)	0.567 9 (512.4)	0.574 5 (512.5)	0.574 1 (649.8)	0.542 2 (202.5)
DW	0.104 3	0.121 3	-	0.910 3 (115.0)	0.567 5 (312.4)	0.564 3 (350.0)	0.571 9 (461.6)	0.5418 (390.2)
XW	0.113 9	0.114 7	0.094 3	-	0.571 2 (406.2)	0.567 6 (460.3)	0.567 3 (545.2)	0.540 9 (327.5)
XZ	0.154 2	0.158 7	0.150 7	0.151 6	-	0.915 8 (122.5)	0.918 1 (208.6)	0.511 8 (702.5)
XY	0.164 6	0.162 1	0.167 5	0.171 8	0.096 5	-	0.921 (208.7)	0.514 3 (720.0)
CB	0.175 3	0.172 4	0.176 8	0.177 5	0.094 7	0.095 4	-	0.507 4 (851.2)
ZX	0.215 8 [*]	0.211 2 [*]	0.197 9 [*]	0.198 7 [*]	0.239 2 [*]	0.246 2 [*]	0.246 7 [*]	-

果显示R²=0.3159,P>0.05,表明种群间的遗传距离和地理距离无显著相关性。

3 结论与讨论

遗传结构是种群中遗传变异分布的时空格局,它受突

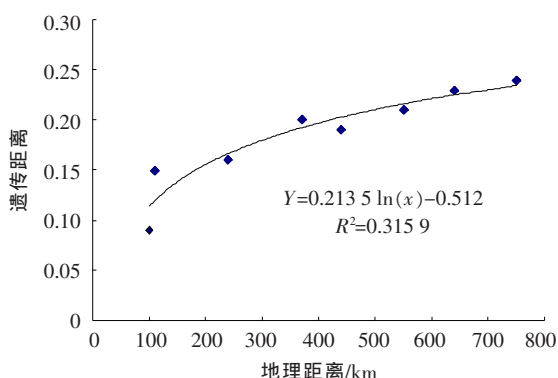


图4 8个种群遗传距离与地理距离的关系

变、基因流、自然选择和遗传漂变的影响,或者是取决于种群单位间的扩散规模^[13-15]。种群遗传结构的改变和种群分化是研究微进化过程的核心内容^[16-18],也是物种形成过程中具有决定意义的一步。Wang等^[7]对内蒙古3个布氏田鼠地理种群遗传结构分析显示,种群呈现较高水平的遗传分化,遗传分化与地理距离没有显著相关性,布氏田鼠有限的迁徙能力和栖息地破碎化是引起种群遗传分化的重要因素。

本研究采集来自内蒙古中部和东北部的8个布氏田鼠种群,构建的单倍型中介网络图直观的表明布氏田鼠种群21种单倍型分布于3个类群,分别与采集的地理种群相吻合;同一地理种群内单倍型之间遗传差异小,而不同区域种群间的单倍型之间存在较大区别。基于基因流、遗传分化系数等数据分析表明,正镶白旗种群与其他种群间的分化较显著,而Group和Group区域类群间已呈现分化趋势。导致种群分化可能有以下因素:首先,田鼠形成于8~7 MaBP以前,在第三纪(距今800万年至250万年前)田鼠栖息地呈广泛、连续分布^[19]。第四纪(距今248万年前)青藏高原抬升及多次冰期、间冰期的影响,使原连续分布的田鼠呈现隔绝、间断、点、片状、不连续分布^[19]。内蒙古高原为田鼠提供了冰期避难场所,而生物避难场所由于种群空间分离形成异域种群,为新种或新亚种形成提供条件^[20],这是引起种群遗传分化的地质因素。其次,布氏田鼠的迁徙在很大程度上受到内蒙古草原复杂多变的地形地貌的影响,削弱了种群间的基因交流。尤其是浑善达克沙地形成了布氏田鼠的迁徙地理屏障,逐渐把Group与其他区域类群隔离开来,在长期进化过程中产生遗传分化,这是引起种群遗传分化的地理因素。再次,内蒙古自治区地形狭长,不同地理区划内的气候、地形、植被条件对布氏田鼠的分布和生存有重要影响。因此,栖息地片段化和复杂多变的地理气候形成的生境隔离在很大程度上影响了本来就很有限制的布氏田鼠迁徙能力,从而削弱了种群间的基因交流,这是引起布氏田鼠种群遗传分化的生态因素。最后,布氏田鼠是一种营聚集生活的小型哺乳动物,虽然分布区域广、繁殖力强,但扩散能力相对较弱,因而可能较易受距离隔离的影响而限制了种群间基因交流,这是产生遗传分化的物种因素。距离隔离^[21]理论认为,空间距离因素会限制基因流在种群间发生,导致种群产生遗传分化,并随着种群间地理距离的增加,其遗传差异性也不断增大。

古生物学和生态学证据表明,一些小型啮齿类动物会强

烈地依赖特定的栖息地生境,环境的影响会改变其遗传模式^[22]。黄翔等^[23]对蒙新区子午沙鼠种群遗传结构的研究表明,子午沙鼠种群遗传结构与地理距离没有显著的相关性,而影响种群遗传结构的关键因素是蒙新干的海拔。

本文研究的8个布氏田鼠种群之间的地理距离基本超过200 km,遗传距离与地理距离的回归分析和Mantel检验显示,布氏田鼠种群遗传分化与地理距离没有显著相关性,表明地理距离对该研究区域的布氏田鼠种群分化格局影响微小,即使在地理上相距较远的种群间也没有显著的遗传差异,说明种群间隔距离对于布氏田鼠的遗传分化影响不是主要因素。

4 致谢

感谢中国科学院内蒙古锡林郭勒草原生态系统国家野外观测研究站,中科院动物所农业虫害鼠害国家重点实验室张强博士和郑州大学谢东明研究生在样品采集过程中的帮助。

5 参考文献

- [1] TABERLET P, FUMAGALLI L, WUST-SAUCY A G, et al. Comparative phylogeography and post-glacial colonization routes in Europe[J]. *Molecular Ecology*, 1998, 7(4): 453-464.
- [2] HEWITT G M. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences*, 2004, 359(1442): 183-195.
- [3] 梁君, 周立志, 赵天飙, 等. 长爪沙鼠线粒体细胞色素b基因的遗传变异及地理分化[J]. *兽类学报*, 2007, 27(2): 138-145. Ling J, Zhou L Z, Zhao T B, et al. Genetic variation and geographical differentiation of Cytochrome b gene of Clawed jird (*Meriones unguiculatus*) [J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2007, 27(2): 138-145.
- [4] Wang W J, REN B P. OnqinDaga desert and Korqin desert since the North Wei Dynasty[J]. *J Taiyuan Normal Univ (Nat Sci Ed)*, 2007, 6: 107-110.
- [5] Zhong W Q, Zhou Q Q, Sun C L. The basic characteristics of the rodent pests on the pasture in Inner Mongolia and the ecological strategies of controlling[J]. *Acta Theriol Sin*, 1985, 5: 241-249.
- [6] Shi D Z. A preliminary study on Brandt's voles' distribution region in China and its relation to vegetation and water-temperature condition [J]. *Acta Theriol Sin*, 1988, 8: 299-306.
- [7] Wang D, Guo Y W, Shi D Z. Genetic structure of Brandt's vole (*Lasiopodomys brandtii*) populations in Inner Mongolia, China, based on microsatellite analysis[J]. *Conserv Genet*, 2011, 12: 659-667.
- [8] 何珂. 红腹锦鸡 SSR 和 MHC 位点的分离及种群遗传结构分析[D]. 杭州: 浙江大学, 2012. He K. Isolation and Identification of SSR and MHC Class Genes and Analysis of Population Genetic Structure for the Golden Pheasant[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2012.
- [9] 代秋霞. 四川獼猴 MHC-DQB1 外显子 2 的多态性和适应性分析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2014. Dai Q X. Polymorphism and Adaption Analysis of MHC-DQB1 Gene Exon 2 in *Macaca mulatta* from Sichuan[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2014.
- [10] 李力, 罗斯特, 林清贤, 等. 白鹭 MHC DAB 基因第二外显子的多态性与进化[J]. *厦门大学学报(自然科学版)*, 2016, 55(1): 30-36. Li L, Luo S, Lin Q X, et al. Polymorphism and evolution of MHC DAB gene exon 2 in Little Egret (*Egretta garzetta*) [J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science)*, 2016, 55(1): 30-36.
- [11] BANDEL T H J, FORSTER P, ROHL A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies[J]. *Mol Biol Evol*, 1999, 16: 37-48.
- [12] EXCOFFIER L, LISCHER H E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2010, 10(3): 564-567.
- [13] SLATKIN M. Gene flow in natural Populations[J]. *Annual Review of Ecology and Systematics Research*, 1985, 16: 393-430.
- [14] BOHONAK A, JENKINS D G. Ecological and evolutionary significance of dispersal by freshwater in vertebrates[J]. *Ecology Letters*, 2003, 6: 783-796.
- [15] GAI J Y. A discussion on possible indicators related to genetic structure changes in Plant germ conservation[J]. *Agr Sci*, 2004, 3(11): 869-880.

(下转第 225 页)

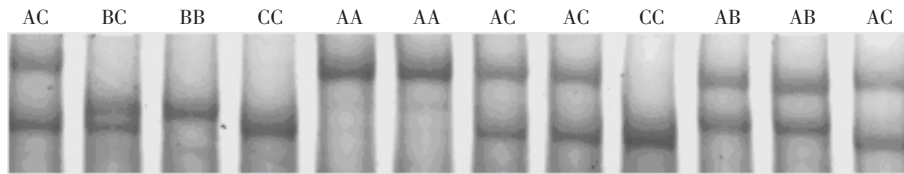


图 1 引物 P16 SSCP 分析结果

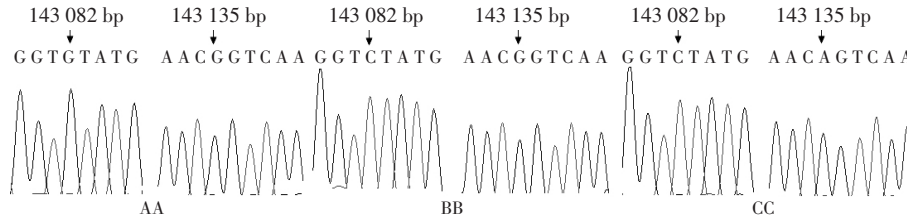


图 2 鸡中 P1 引物 AA、BB 和 CC 型的序列比较

表 1 P1 位点基因型与生产性能的相关性

基因型	初生重	4 周龄体重	8 周龄体重	12 周龄体重	16 周龄体重
AA	33.71±0.51b	190.51±3.24	480.38±8.93	893.67±16.15	1 123.63±11.32
AB	33.35±0.49b	189.74±3.68	475.63±9.36	879.63±15.37	1 147.80±13.69
AC	32.62±0.58b	187.43±3.89	481.47±10.30	887.12±18.96	1 148.63±14.85
BB	32.10±1.15b	194.87±7.86	496.37±20.31	938.42±37.82	1 169.36±31.32
BC	33.15±0.71b	187.46±5.84	463.54±13.62	872.65±22.39	1 117.87±18.69
CC	37.20±1.85a	198.53±11.21	499.37±31.69	889.63±50.36	1 189.63±47.56

(g)

注:同行数据不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

的体重小于 CC 基因型个体的体重,具有显著的差异性($P<0.05$)。

3 结论与讨论

在外显子 16 处发现 2 个 SNP 位点(C143082G 和 A143135G),位点全部位于编码区,突变都未导致氨基酸的改变。雷明明等^[8]发现 *IGF1R* 基因与生长和屠体性状显著相关,与初生重显著相关($P<0.05$);金崇富等^[3]发现 *IGF-1R* 基因 IGR2-1、IGR2-2(Alu)、IGR2-3、IGR3-2(Hin1)和 IGR16(IGR16-1、IGR16-2)位点显著影响着鸡的生长性状($P<0.05$);高凤华等^[9]发现肉鸡品系的 *IGF1R* 基因对 5 周龄体重有显著影响($P<0.05$);Moe 等^[10]发现 *IGF1R* 基因多态性与鹌鹑体重具有相关性,对 10 周龄体重有极显著的影响($P<0.01$)。

本研究发现,在 4、8、12、16 周龄体重均没有显著影响($P>0.05$),在初生重方面,CC 基因型个体的体重显著高于 AA、AB、AC、BB 和 BC 基因型个体的体重($P<0.05$)。2 个多态位点与生长性状关联分析结果推测 *IGF1R* 基因可能是影响鸡体重的主(效)基因或与影响体重主(效)基因紧密连锁^[1-2]。

4 参考文献

[1] 金崇富,葛兆建,杨智青,等.鸡 IGF1R 基因多态性及其与生产性能的相关性[J].江苏农业学报,2013,29(5):1075-1080.
 [2] 金崇富,时凯,陈应江,等.鸡胰岛素样生长因子 1 受体基因 G2633-6A、C111014A 多态位点的检测及其与生产性能的相关性[J].中国畜牧兽医,2012,39(5):141-145.
 [3] 金崇富,王金玉,赵秀华,等.京海黄鸡 *IGF1R* 基因 Alu₁Hin1 多态位点的发现及其与生产性能的相关性[J].中国畜牧杂志,2012,48(3):10-14.
 [4] 金崇富.京海黄鸡 *IGF-1R*、*IGFBP-3* 基因多态性及其与生产性能的相关性研究[D].扬州:扬州大学,2011.
 [5] ZHOU Q, LOU Y Z, MIAO Y W, et al. The relationship between blood protein polymer-phism and productive performance of Wuding chicken line [J]. Journal of Yunnan Agricultural University, 2002, 17(1): 33-37.
 [6] DENLEY A, COSGROVE L J, BOOKER G W, et al. Molecular interactions of the IGF system[J]. Cytokine and Growth Factor Reviews, 2005, 16: 421-439.
 [7] DE M P, WHITTAKER J. Structure biology of insulin and IGF-1 receptor: implications for drug design [J]. Nature View, 2002, 1: 769-783.
 [8] 雷明明,彭霞,张细权.鸡 *IGF1R* 型受体基因单核苷酸多态与鸡生长性能的相关分析[C]//第十次全国畜禽遗传标记研讨会论文集,2006: 121-124.
 [9] 高凤华,卞立红,李辉,等.鸡 *IGF1R* 基因多态性与生长和体组成性状的相关性研究[J].东北农业大学学报,2009,40(1):77-83.
 [10] MOE H H, SHIMOGIRI T, KAMIHIRAGUMA W, et al. Analysis of polymorphisms in the insulin-like growth factor 1 receptor (*IGF1R*) gene from Japanese quail selected for body weight[J]. Animal Genet, 2007, 38(6):659-661.

[11] RICE W R, HOSTER E E. Laboratory experiments on speciation: What have we learned in 40 years? [J]. Evolution, 1993, 47: 637-653.
 [12] FOSTER S A, SCOTT K J, CRESKO W A. Nested biological variation and speciation[J]. London: Phil Trans R Soc, 1998, 353: 207-218.
 [13] TURELLI M, BARTON N H, COYNE J A. Theory and speciation[J]. Trends Ecol Evo, 2001, 116: 330-343.
 [14] 杨海,雷新耀,王骥,等.试论田鼠起源和田鼠型鼠疫分布[J].现代预防医学,2009,36(24):4672-4674. Yang H, Lei X Y, Wang J, et al. The origin of the *Microtus* and the distribution of *Y. pestis* biovars *Microtus*[J]. Modern Preventive Medicine, 2009, 36(24): 4672-4674.
 [15] 沈浪,陈小勇,李媛媛.生物冰期避难所与冰期后的重新扩散[J].生态学报,2002,22(11):1983-1989. Shen L, Chen X Y, Li Y Y. Glacial refugia and postglacial recolonization patterns organisms[J]. Acta ecologica sinia, 2002, 22(11): 1983-1989.
 [16] WRIGHT S. Isolation by distance[J]. Genetics, 1943, 28: 114-138.
 [17] NICOLAS V, BRYJA J, AKPATOU B, et al. Comparative phylogeography of two sibling species of forest-dwelling rodent (*Praomys rostratus* and *P. tullbergi*) in West Africa: different reactions to past forest fragmentation[J]. Molecular Ecology, 2008, 17(23): 5118-5134.
 [18] 黄翔,周立志.蒙新区子午沙鼠种群的遗传多样性和遗传结构[J].兽类学报,2012,32(3):179-187. Huang X, Zhou L Z. Genetic diversity and genetic structure of the mid-day gerbil population in Inner Mongolia-Xinjiang Plateau[J]. Acta Theriologica Sinica, 2012, 32(3): 179-187.

(上接第 223 页)