

# 整合分生技術與數量遺傳之家禽育種

劉秀洲 胡怡浩 譯

鑿子：有關控制經濟效益、抗病性及特殊性狀等基因的辨識及複製，將大為改進家禽生產效益。其中最大的挑戰係來自於利用基因轉殖家禽來測試理論的正確與否。

二十世紀後期，不論在產肉及產蛋性狀上，選拔育種都帶來了長足的改進。這類進步大多有賴於體表型選拔而達成，即依據個體及其親屬之表現與體表型特徵而挑選出遺傳性能優良的種禽。然而，遺傳改進有其生物學上的極限，而一般咸信在 20 年後將達到這種極限。

舉例而言，當蛋及肉生產的改進達到極限後，家禽育種便應以降低生產成本及滿足消費者需求為首要目標。而較多的注意力將會集中在肉種雞飼料轉換率、受精能力及產蛋率的改善，以及降低跛腳、過多的腹脂、緊迫導致肉品質降低、腹水及骨質疏鬆等情況發生。家禽產品在市場上的接受度，使得較強的蛋殼強度及較佳的肉品質會顯的益形重要。在未來的肉雞育種計畫中，抗病育種亦需納入考量。而這些”新”的性狀的記錄在傳統遺傳選拔方法中是十分困難及昂貴的。然而隨著對家禽(雞)基因組的瞭解日深及生物技術革新的前題下，直接對種禽群進行基因型辨識而選拔出攜帶有最佳基因的種禽(亦即所謂基因型選拔)將是可行的。

## 基因與遺傳變異

雞基因組包含 38 對體染色體與 1 對性染色體，整個雞染色體約包含 6 萬個基因，分布於估計有 12 億個鹼基對的 DNA 序列中。子代分別自親代遺傳每一基因的雙套—除了位於性染色體上的基因—而這些雙套基因彼此的 DNA 序列可能有所差異。若視族群為一整體，整個基因組可能包含有幾百萬個基因座，而有些個體間會有變異出現。因此，在任何二隻挑選自遠親配種族群的個體基因組上可能存有為數眾多的基因座差異。許多這些差異並沒有可資區分的主效應，但是一旦交替對偶基因產生功能性蛋白質或控制基因的交替表現，那麼這些交替對偶基因就可能是造成個體間表現差異的因素之一。

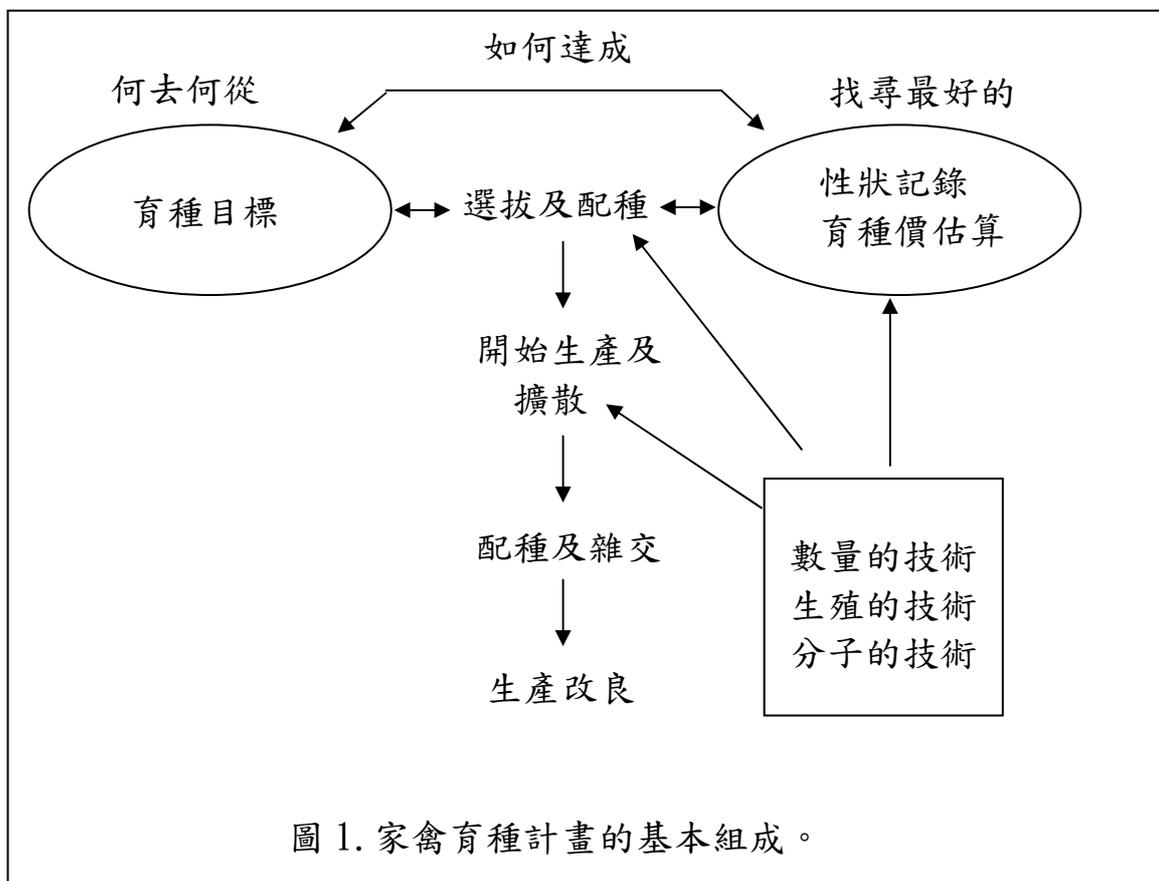
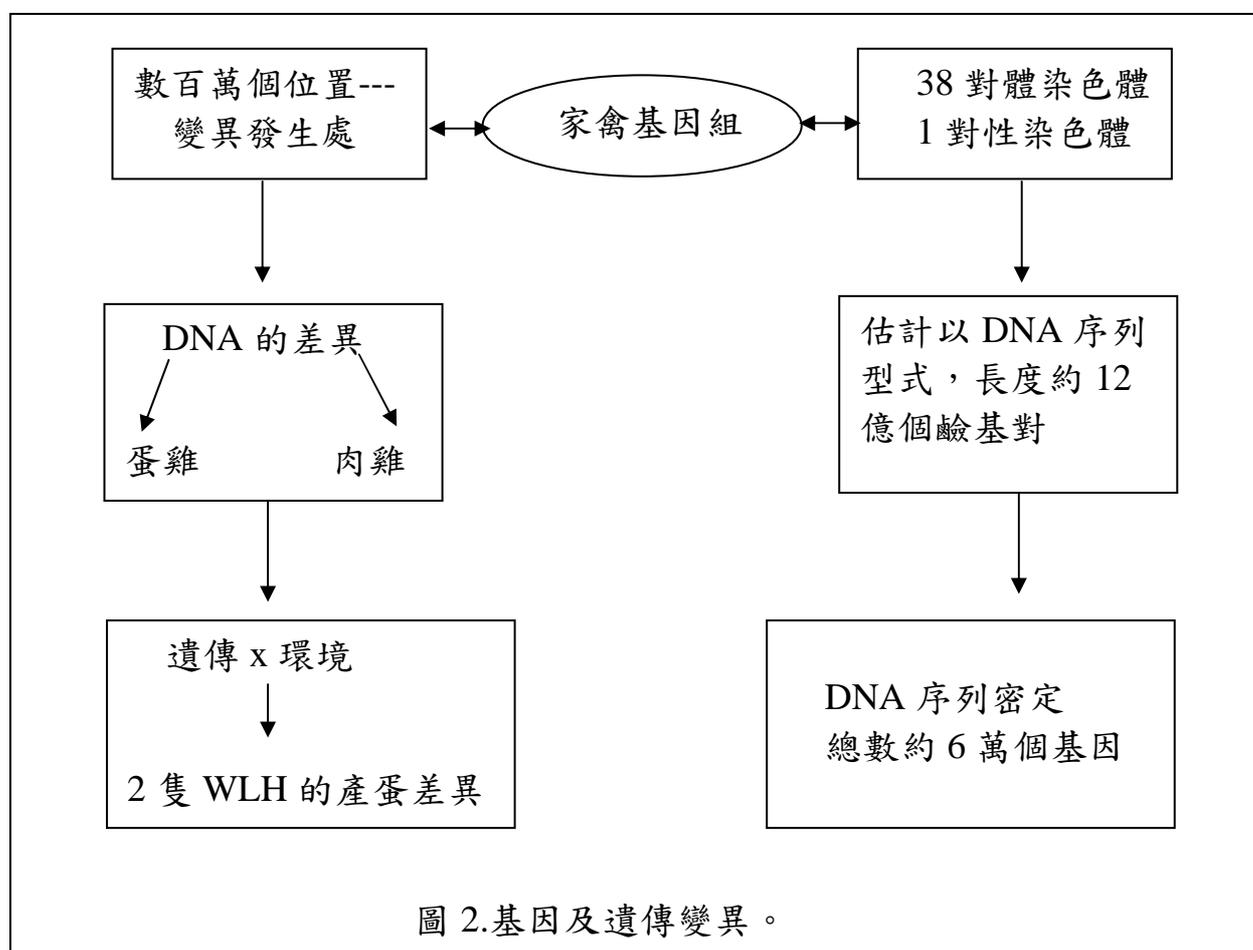


圖 1. 家禽育種計畫的基本組成。

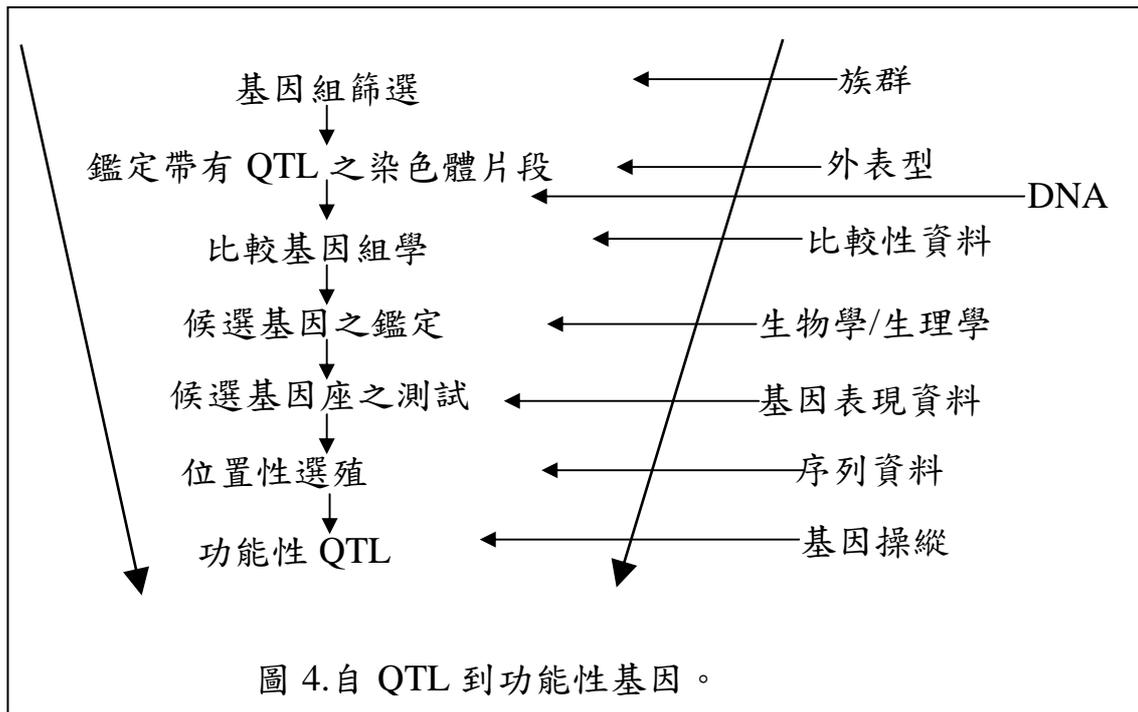
而 WLH(蛋雞)與 WPR(肉雞)的表現差異及作為肉用或蛋用品種都是 DNA 差異的結果。舉例而言，在一個特殊品種中，兩隻 WLH 在產蛋性能的差異部份來自遺傳，部份來自環境。大部份家禽經濟性狀係受幾個或眾多的基因變異所影響。綜合這些基因的效應將產生個體間諸如成長率、產蛋及抗病等性狀的數量(或連續性)變異，而那些成本高且難以測定的性狀—諸如蛋、肉品質及抗病性—單從個體表現是很難辨識何者帶有最佳的對偶基因。利用 DNA 為基礎的測試來辨識何者攜帶有價值對偶基因，將可提供更有效的選拔方式。第一步是利用基因組定位來檢視這些基因所在的位置。



## 基因組圖譜

基因圖譜表示基因在基因組的位置。家禽最終的基因圖譜將是完整的 DNA 序列且足以表示每一基因的位置。完整人類基因組序列近來已經完成，然而如此規模龐大的計畫目前不可能應用於家禽基因組研究上。控制數量性狀的”性狀—基因”已知位於數量性狀基因座(QTL)上，在適當系譜中藉由體表型與基因標記之傳遞資訊的結合，即可在基因組中找到 QTL 的位置。

最常用的標記是微衛星體(microsatellite)，微衛星體標記是以 1-6 個鹼基為逢機重複單位，這些標記以逢機重複的特定序列在基因組中出現。利用可辨識這些特定序列的 DNA 引子進行聚合酶連鎖反應(Polymerase Chain Reaction)可以為每一個基因座創造出特定的標記。微衛星體標記具有高度多態性，使得在一個系譜中追蹤交替對偶基因的傳遞成為可能。



兩種策略用於找尋這些性狀基因所在的位置，一種是候選基因接近法，另一種是整個基因組篩選。前者著重於有限的已知基因，而後者則是嘗試在整個基因組中篩選出與性狀變異有關的區域。

### 基因組篩選

利用遺傳連鎖的現象使得單一標記得以用於追蹤某一關聯性染色體片段的傳遞情形。理想的基因標記須具有均勻分布於整個基因組及在預計探討的族群中是具有多態性等特性。涵蓋整個基因組約需 100-150 個均勻分布的基因標記。基因圖譜學是研究整個基因組以應用於生物學系統的科學。目前在雞約有為數 2000 個基因座的遺傳連鎖圖譜，此圖譜涵蓋整個基因組的大半，計有 1200 Mb 及 3800 cM。超過 900 個微衛星體標記已被定位，而大多數染色體的遺傳性與物理

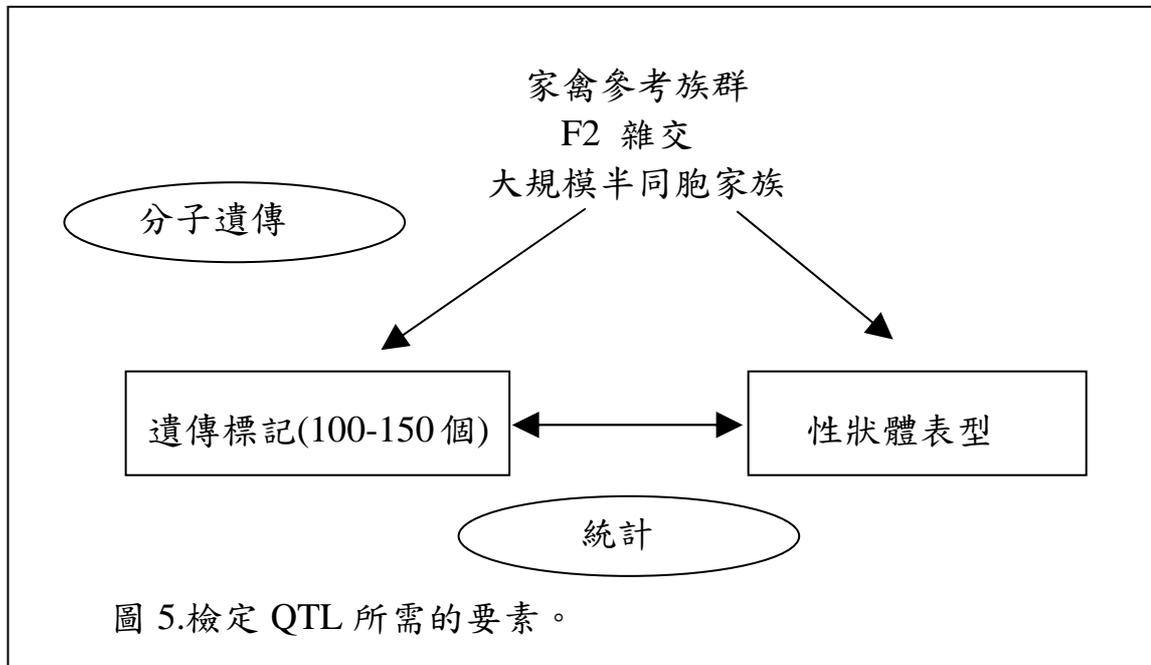
性圖譜也被完成。所有有關標記基因及圖譜的有效資訊都可以在 Arkdb 基因組資料庫中尋得。

QTLs 在此類圖譜中的解析度仍低，大約在 20-30 cM 之間。有一些關於肉雞及蛋雞的 QTL 研究目前正在展開，包含不同形態家禽間的雜交，例如肉雞與蛋雞之雜交、肥肉型與精肉型雜交等。目前在雞有關於體重、肌肉及體組成、抗沙門式桿菌及馬立克病易感性等性狀之 QTL 已被定位，且有數家家禽育種公司正利用標記輔助選拔系統 (marker assisted selection, MAS) 來測試這些 QTL 的應用性。一旦 QTL 被確定，最後一步就是建立候選基因與遺傳性狀間的關聯性。

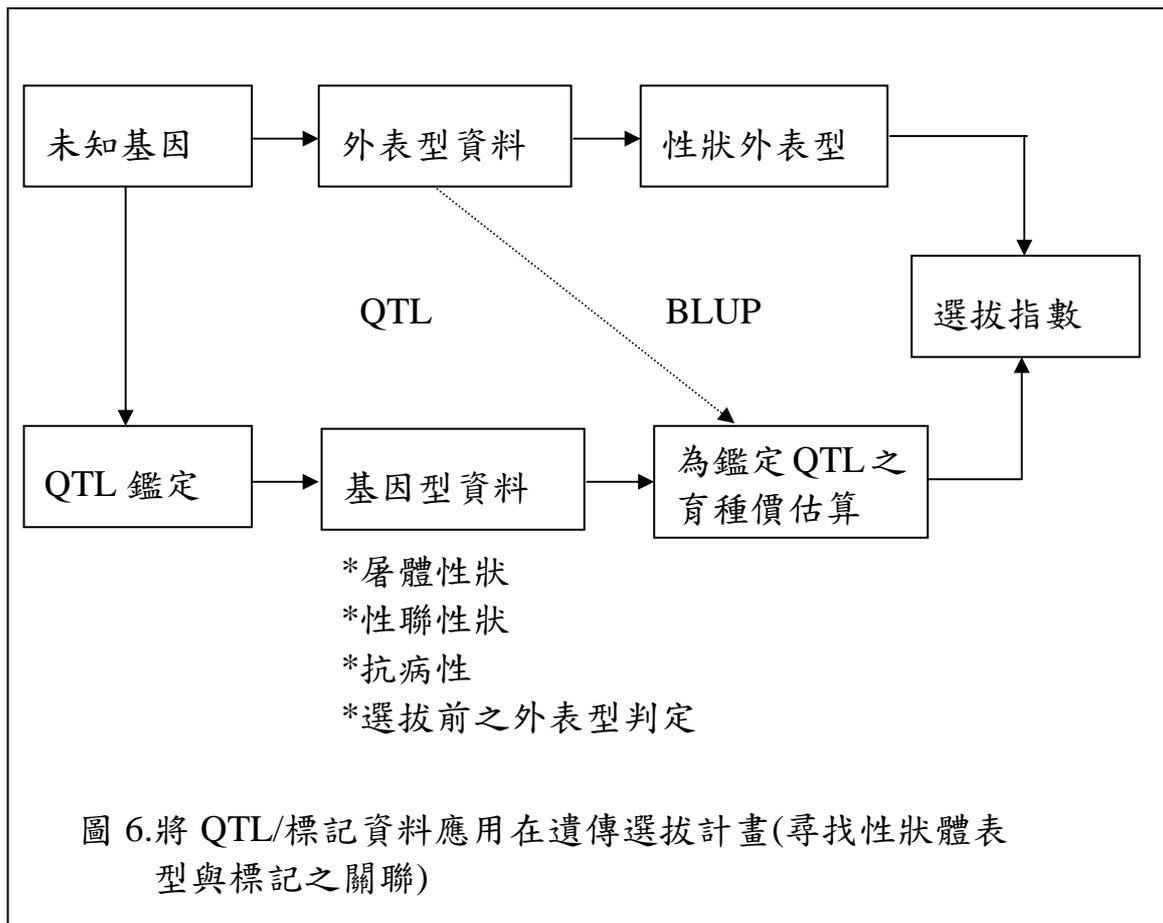
### **標記輔助家禽育種**

一旦遺傳標記與經濟性狀的關聯被確立，這些遺傳標記便可應用於商業性的育種計畫中。選拔已知與有益的 QTL 基因座連鎖之標記基因座將增加該項基因座出現之頻率並加強其表現。以標記資訊作為選拔指標的最大好處在於雛雞孵化時即可藉由血樣而進行標記基因型鑑定。藉由標記資訊可以在性狀表現前甚或從不表現該性狀之個體中，即可預測該個體相關性狀的基因型。舉例而言，我們可以很容易預測那隻雄禽攜有良好的雌禽繁殖性能(如蛋產量)，或是在屠宰前預測其肉品質。因此標記輔助選拔系統不僅能提升目前育種計畫的效率，同時也開啟選拔新性狀的可能性。在標記輔助選拔系統下，兩種概括性

策略可以被採用：一是選拔存在於家禽族群或品種中的最佳基因(或是移除”不良”基因)；二是將兩種品種或是多品種之最佳對偶基因結合起來。



而在族群選拔中，就遺傳變異所作的 DNA 測試應包含直接 DNA 測試、DNA 關聯測試及 DNA 連鎖測試，以便為 MAS 實際應用時提供足夠的資訊。除了在單一族群中使用標記資訊外，未來也可以將兩個族群或以上的最佳對偶基因加以結合，如此更能實際加速種禽的複製。MAS 於標記輔助型引種計畫中亦有其優點，除了在 MAS 計畫中提供的 DNA 資訊外，標記基因也可以在家禽育種中其它領域有卓越的貢獻，諸如系譜控制、系譜重建、歧異度估算、預測雜交優勢及產品有效性等。



譯自：B. P. Singh and S. P. Singh 2002. Integrating molecular approaches with quantitative genetics in breeding. Poultry International 41(4): 26-31.