

## 一种与三穗鸭早期体重性状相关的分子标记及选育方法

### 技术领域

本发明涉及畜禽育种技术领域，具体涉及一种与三穗鸭早期体重性状相关的分子标记及选育方法。

### 背景技术

三穗鸭是贵州省重要的地方鸭遗传资源，属于小型蛋用麻鸭品种，具有早熟、产蛋多、生活力强、肉质细嫩、风味独特等特点，同时具有生长缓慢等不利情况。三穗鸭等低脂类地方麻鸭品种。快速生长期在前 9-12 周，而北京鸭、樱桃谷鸭等肉鸭品种快速生长期在前 5 周。早期生长性能对鸭出栏重、日增重、饲料利用率和肉用性能等影响较大，是三穗鸭养殖的一个重要经济性状。为开展提高三穗鸭早期生长性能的选育，探索三穗鸭早期体重性状遗传机理，挖掘影响该性状的主效基因或遗传标记，构建遗传标记辅助选育技术，对提高三穗鸭早期生长性能和体重性状，最终提高其出栏重和屠宰肉用性能及降本增效等具有重要意义。本发明正是基于此展开相关研究。

### 发明内容

本发明对三穗鸭群体开展全基因组深度测序，与基因库中的北京鸭全基因组序列比较，发现在 ALMS1 基因的 3' 端有 1 个 17bp 的插入突变，在 PBX1 基因的第 7 内含子区域有 1 个 51bp 的缺失突变，性状关联分析结果表明，上述突变显著影响三穗鸭早期体重。

ALMS1 (centrosome and basal body associated protein, 中心体和基底体相关蛋白)，是一种在细胞质、细胞骨架、微管组织、细胞中心体以及纤毛基底部等部位均存在的蛋白质。研究认为其分布广泛，无处不在。一些研究认为其与能量代谢和体内平衡、细胞分化和细胞周期控制等有关，但其功能尚不完全清楚。ALMS1 基因突变可导致人鼠食欲失调、2 型糖尿病、心肌病、肾损害、雄性不育、青春期生长停止和身材矮小等多种症状。

PBX1 (PBX homeobox 1, 前 B 细胞白血病同源盒 1) 是一个三氨基酸环延伸 (Three Amino

## 说明书

acid Loop Extension, TALE) 转录因子, 其靶标基因包括普遍存在的多个发育基因如 PAX1/PAX9、WNT9B/WNT3、PITX3 等, 因此是一个重要的发育调节因子, 驱动细胞增殖、多能性和分化, 调节胚胎期肢体轴向发育、器官发生和造血等。PBX1 基因的突变与多种先天性疾病有关, 如先天性肾脏和泌尿道异常、骨骼畸形、先天性心脏病、胚胎性脾功能不全以及性别化障碍等。出生后, PBX1 在维持自我更新和多能性中起重要作用。

本发明利用在三穗鸭群体发现的 ALMS1 和 PBX1 基因插入缺失突变, 开展分子标记辅助选育, 可对三穗鸭早期体重性状进行选育, 淘汰劣质个体, 降本增效, 从遗传角度, 聚合优势基因型, 提高选育效率, 最终提高三穗鸭群体早期生长性能或体重性状, 间接提高成年体重和屠宰性状。因此, 提供一种与三穗鸭早期体重性状相关的分子标记及选育方法。

本发明的具体技术方案为:

第一方面, 本发明提供一种与三穗鸭早期体重性状相关的分子标记在三穗鸭早期体重性状选育上的应用, 所述分子标记为位点 A 和/或位点 B, 其中, 所述位点 A 位于 ALMS1 基因 3' 端 3426 位置, 并且对应 SEQ ID NO.1 所示核苷酸序列的 348 位置; 所述位点 B 位于 PBX1 基因第 7 内含子区域 68799 位置, 并且对应 SEQ ID NO.2 所示核苷酸序列的 344 位置。

优选地, 所述 348 位置存在插入缺失突变, 所述插入缺失突变包括三个等位基因 A1、I1 和 D1, 其中, A1 对应碱基 A, I1 对应碱基 A 及 SEQ ID NO.3 所示的序列, D1 对应缺失碱基 A 及如 SEQ ID NO.3 所示的序列;

所述 344 位置存在插入缺失突变, 所述插入缺失突变包括三个等位基因 A2、I2 和 D2, 其中, A2 对应碱基 A, I2 对应碱基 A 及 SEQ ID NO.4 所示的序列, D2 对应缺失碱基 A 及如 SEQ ID NO.4 所示的序列。

第二方面, 本发明提供一种三穗鸭早期体重性状的选育方法, 包括:

步骤 1, 提取待测三穗鸭基因组 DNA,

步骤 2, 利用引物对, 以所述待测三穗鸭基因组 DNA 为模板, 对第一方面所述的分子标记进行 PCR 扩增并测序;

步骤 3, 基于测序结果, 确定所述分子标记的基因型;

## 说明书

---

步骤 4，根据基因型结果进行个体选留并培育。

优选地，针对所述 A 位点检测用引物对序列如 SEQ ID NO:5 和 SEQ ID NO:6 所示；针对所述 B 位点检测用引物对序列如 SEQ ID NO:7 和 SEQ ID NO:8 所示。

优选地，所述步骤 3 中，分子标记位点 A 基因型为 A1A1、III1、IIA1 和 D1D1，分子标记位点 B 基因型为 I2I2、I2A2 和 D2D2。

进一步优选地，所述分子标记位点 A 中，A1A1 基因型的 PCR 产物包括 SEQ ID NO.1 所示序列的 130 到 489 位点，对应 GenBank 数据库鸭 4 号染色体序列上的 74459660 到 74460019 位点，ALMS1 基因的 3' 端 3208 到 3567 位点；

III1 基因型的 PCR 产物相对于 A1A1 基因型，插入 SEQ ID NO.3 所示序列；

IIA1 基因型的 PCR 产物序列同时包含两种，一种同 A1A1 基因型，另一种同 III1 基因型；

D1D1 基因型的 PCR 产物相对于 A1A1 基因型，对应 SEQ ID NO.1 序列的 348 位置、GenBank 数据库鸭 4 号染色体序列上的 74459877 位置、ALMS1 基因 3' 端 3426 位置缺失碱基 A；

所述分子标记位点 B 中，I2I2 基因型的 PCR 产物包括 SEQ ID NO.2 所示序列的 180 到 540 位点，对应 GenBank 数据库鸭 8 号染色体序列上的 10269420 到 10269780 位点，PBX1 基因的 68635 到 68995 位点；

I2A2 基因型的 PCR 产物同时包含两种，一种序列相对于 I2I2 基因型，缺失 SEQ ID NO.4 所示序列；一种序列同 I2I2 基因型；

D2D2 基因型的 PCR 产物相对于 I2I2 基因型，缺失 SEQ ID NO.4 所示序列，以及在对应 SEQ ID NO.2 序列的 344 位置、GenBank 数据库鸭 1 号染色体序列上的 10269583 位置、PBX1 基因的 68798 位置缺失碱基 A。

优选地，所述步骤 5 中，个体选留标准为：针对位点 A 选留 A1A1 基因型个体，淘汰其它基因型个体；针对位点 B 选留 I2I2 基因型个体，淘汰其它基因型个体。

和现有技术相比，本发明所具有的优点和有益效果是：

## 说明书

本发明通过研究位于 **ALMS1** 基因 3' 端 3426 位置, 并且对应 SEQ ID NO.1 所示核苷酸序列的 348 位置的分子标记 **A**, 以及位于 **PBX1** 基因第 7 内含子区域 68799 位置, 并且对应 SEQ ID NO.2 所示核苷酸序列的 344 位置分子标记 **B**, 发现上述两个标记存在插入/缺失突变, 通过对上述两位点的检测和基因分型, 进一步开发获得针对三穗鸭早期体重性状的选育方法。该方法不受年龄、性别等影响, 可在养殖任一阶段提取 DNA 开展检测和选育, 提高三穗鸭群体后代体重性状, 具有重要的经济价值和实践意义。同时, 该方法也不受饲养环境和饲料营养影响, 可从遗传本质上改善体重性状, 聚合优势基因型, 可快速提高选育进展。

### 附图说明

此处所说明的附图用来提供对本发明的进一步理解, 构成本发明的一部分, 本发明的示意性实施例及其说明用于解释本发明, 并不构成对本发明的不当限定。在附图中:

图 1 为本发明 SEQ ID NO.1 和 SEQ ID NO.2 中引物序列、插入突变、缺失序列等信息显示, 其中, A 图对应 SEQ ID NO.1, B 图对应 SEQ ID NO.2。

图 2 为 **ALMS1** 分子标记 **A** 不同基因型性能比较箱图。

图 3 为 **PBX1** 分子标记 **B** 不同基因型性能比较箱图。

图 2~3 中, 横坐标分别表示 **ALMS1** 和 **PBX1** 各基因型, 纵坐标表示 42 日龄体重性状。

### 具体实施方式

在本发明的描述中, 需要说明的是, 实施例中未注明具体条件者, 按照常规条件或制造商建议的条件进行。所用试剂或仪器未注明生产厂商者, 均为可以通过市售购买获得的常规产品。

下面将结合本发明实施例中的附图, 对本发明实施例中的技术方案进行清楚、完整地描述, 显然, 所描述的实施例仅仅是本发明一部分实施例, 而不是全部的实施例。基于本发明中的实施例, 本领域普通技术人员在没有做出创造性劳动前提下所获得的所有其他实施例, 都属于本发明保护的范围。

#### 实施例 1

本实施例提供三穗鸭 **ALMS1** 基因和 **PBX1** 基因分子标记的发现过程, 具体如下:

### 1. 试验材料

试验用 665 只三穗鸭（其中母鸭 483 只，公鸭 172 只），来自三穗县千里山食品科技有限公司种鸭场。同批孵化，同等饲养条件和饲养环境下，公母鸭混合放养。

### 2. 分子标记检测

鸭饲养到 160 日龄时，翅静脉采血 1.5mL，EDTA 抗凝处理，由北京康普森农业科技有限公司进行 10×深度的全基因组重测序。

深度测序及数据库基因组比较分析后发现，相对于北京鸭基因组（[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCA\\_015476345.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCA_015476345.1/)），三穗鸭 ALMS1（centrosome and basal body associated protein，中心体和基底体相关蛋白）基因 3' 端 3426 位置发现了 1 个 17bp 的插入突变。该位置还对应 SEQ ID NO.1 所示核苷酸序列的 348 位置。检测发现该位点包括三个等位基因 A1、I1 和 D1，其中，A1 对应碱基 A，I1 对应碱基 A 及 SEQ ID NO.3 所示的 17bp 插入序列，D1 对应缺失碱基 A 及如 SEQ ID NO.3 (tccaaacagctccaccg) 所示的 17bp 序列。

同时发现，相对于北京鸭基因组，三穗鸭在 PBX1（PBX homeobox 1，前 B 细胞白血病同源盒 1）基因的第 7 内含子区域 68799 位置发现有 1 个 51bp 的缺失突变。该位置还对应 SEQ ID NO.2 所示核苷酸序列的 344 位置。检测发现该位点包括三个等位基因 A2、I2 和 D2，其中，A2 对应碱基 A，I2 对应碱基 A 及 SEQ ID NO.4 所示的 51 bp 缺失序列，D2 对应缺失碱基 A 及如 SEQ ID NO.4 (gcacggcagc agccagggtta ttttaagcc agtggtttta cacctaccca t) 所示的 51 bp 缺失序列。

### 实施例 2

本实施例提供一种 ALMS1 和 PBX1 分子标记检测方法及性状关联分析，具体如下：

#### 1. 试验材料

试验用 65 只三穗鸭，来自三穗县千里山食品科技有限公司种鸭场。同批孵化，同等饲养条件和饲养环境下，公母鸭混合放养。

#### 2. ALMS1 基因分子标记检测

## 说明书

50 日龄左右进行翅静脉采血，利用 TIANamp Blood DNA Kit 试剂盒提取血样 DNA，利用 GenBank 数据库在线工具设计引物，合成引物序列（委托某生化科技有限公司完成）。

PCR 扩增引物序列信息如下：

上游引物 F：5'-TCAGGCATCTCTGGCATGTG-3'；（如 SEQ ID NO.5 所示）

下游引物 R：5'-CAGGTGCTGAAAGGCAACAC-3'；（如 SEQ ID NO.6 所示）。

PCR 反应体系：DNA 模板 1 $\mu$ L，上下游引物各 1 $\mu$ L，2 $\times$ Taq PCR MasterMix 试剂 10 $\mu$ L，加 ddH<sub>2</sub>O 至 20 $\mu$ L。PCR 扩增反应程序：①预变性。95 $^{\circ}$ C 5 min，②扩增反应。95 $^{\circ}$ C 变性 30s，60 $^{\circ}$ C 退火 30s，72 $^{\circ}$ C 延伸 30s，35 个循环；最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min。PCR 产物委托诺赛基因组研究中心有限公司测序。

测序后序列利用 DNAMAN 软件进行序列比对和基因分型。各基因型序列比对结果如下：

（1）A1A1 基因型的 PCR 扩增产物的核苷酸序列如 SEQ ID NO.1 所示，包括 130-489 区域，对应 GenBank 数据库鸭 4 号染色体序列上的 74459660 到 74460019 位点，ALMS1 基因的 3' 端 3208 到 3567 位点。SEQ ID NO.1 中引物序列、插入突变、缺失序列等信息如图 1 所示。

（2）I1I1 基因型的 PCR 产物长度为 377bp，相对于 A1A1 基因型，在 SEQ ID NO.1 所示 348 位置插入 SEQ ID NO.3 所示 17bp 序列。

（3）I1A1 基因型的 PCR 产物长度有两种，一种长度为 360bp，序列同 A1A1 基因型，一种长度为 377bp，序列同 I1I1 基因型。

（4）D1D1 基因型的 PCR 产物长度为 359bp，相对于 A1A1 基因型，对应 SEQ ID NO.1 序列的 348 位置、GenBank 数据库鸭 4 号染色体序列上的 74459877 位置、ALMS1 基因 3' 端 3426 位置缺失碱基 A。

ALMS1 分子标记检测基因分型结果见表 1。65 个三穗鸭样本最终检测到 A1A1 基因型个体 48 个，I1I1 基因型个体 3 个，I1A1 基因型个体 12 个，D1D1 基因型个体 2 个。

### 3. PBX1 基因分子标记检测

## 说明书

50 日龄左右进行翅静脉采血，利用 TIANamp Blood DNA Kit 试剂盒提取血样 DNA，利用 GenBank 数据库在线工具设计引物，合成引物序列（委托某生化科技有限公司完成）。

PCR 扩增引物序列信息如下：

上游引物 F：5'-GCCCCAAAACGGCATCTTTT-3'；（如 SEQ ID NO.7 所示）

下游引物 R：5'-TCTGTTTAAGCCGCTCCCTG-3'；（如 SEQ ID NO.8 所示）。

PCR 反应体系：DNA 模板 1 $\mu$ L，上下游引物各 1 $\mu$ L，2 $\times$ Taq PCR MasterMix 试剂 10 $\mu$ L，加 ddH<sub>2</sub>O 至 20 $\mu$ L。PCR 扩增反应程序：①预变性。95 $^{\circ}$ C 5 min，②扩增反应。95 $^{\circ}$ C 变性 30s，60 $^{\circ}$ C 退火 30s，72 $^{\circ}$ C 延伸 30s，35 个循环；最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min。PCR 产物委托诺赛基因组研究中心有限公司测序。

测序后序列利用 DNAMAN 软件进行序列比对和基因分型。各基因型序列比对结果如下：

（1）I2I2 基因型的 PCR 扩增产物的核苷酸序列如 SEQ ID NO.2 所示，共 361bp，包括 SEQ ID NO.2 所示序列的 180 到 540 位点，对应 GenBank 数据库鸭 8 号染色体序列上的 10269420 到 10269780 位点，PBX1 基因的 68635 到 68995 位点；SEQ ID NO.2 中引物序列、插入突变、缺失序列等信息如图 1 所示。

（2）I2A2 基因型的 PCR 产物长度有两种，一种是 310bp，相对于 I2I2 基因型，缺失 SEQ ID NO.2 所示 345-395 位置，即 SEQ ID NO.4 所示 51bp 序列；一种是 361bp，序列同 I2I2 基因型；

（3）D2D2 基因型的 PCR 产物长度为 309bp，相对于 I2I2 基因型，缺失 SEQ ID NO.2 所示序列，以及在对应 SEQ ID NO.2 序列的 344 位置、GenBank 数据库鸭 1 号染色体序列上的 10269583 位置、PBX1 基因的 68798 位置缺失碱基 A。

（4）PBX1 基因分子标记检测基因分型结果见表 1。从表 1 可知，65 个三穗鸭样本检测到 I2I2 基因型个体 52 个，D2D2 基因型个体 3 个，I2A2 基因型个体 10 个。

### 4. 生长数据测定

测定出生重，然后每隔 2 周测定三穗鸭体重，以 42 日龄体重（D42）作为早期体重性状指标开展关联分析，42 日龄体重（D42）数据结果见表 1。

# 说明书

表 1 各样本分子标记基因分型及 42 日龄体重（D42，单位 g）数据表

样本编号	D42	ALMS1	PBX1	样本编号	D42	ALMS1	PBX1
S9514	779.50	A1A1	I2I2	G099	650.50	I1I1	I2I2
S9617	763.20	A1A1	I2I2	S3910	668.10	A1A1	I2A2
A001	936.70	A1A1	I2I2	S3916	432.90	I1I1	I2A2
A006	1020.30	A1A1	I2I2	S3920	554.60	I1I1	I2A2
A013	837.90	A1A1	I2I2	S3929	601.30	I1A1	I2I2
A014	846.50	A1A1	I2I2	S3941	779.20	I1A1	I2I2
A018	985.40	A1A1	I2I2	S3944	645.10	A1A1	D2D2
A029	912.60	A1A1	I2I2	S3951	821.60	A1A1	I2I2
A035	966.10	A1A1	I2I2	S3956	837.40	A1A1	I2I2
A043	911.40	A1A1	I2I2	S3958	658.50	A1A1	I2A2
A055	921.30	A1A1	I2I2	S3979	614.70	I1A1	D2D2
A057	990.30	A1A1	I2I2	S3981	759.60	A1A1	I2I2
A059	813.50	A1A1	I2I2	S3995	669.30	I1A1	I2I2
A064	1014.20	A1A1	I2I2	S9502	750.50	A1A1	I2I2
A066	760.70	A1A1	D2D2	S9511	645.60	I1A1	I2I2
A067	836.70	A1A1	I2I2	S9518	887.30	I1A1	I2I2
A069	987.60	I1A1	I2A2	S9528	957.40	A1A1	I2I2
A075	886.50	A1A1	I2I2	S9536	805.90	A1A1	I2I2
A077	877.70	A1A1	I2I2	S9548	867.30	A1A1	I2I2
A085-F	655.30	D1D1	I2I2	S9554	930.40	A1A1	I2I2
A085-M	776.30	I1A1	I2A2	S9572	796.50	A1A1	I2I2
A090	704.60	A1A1	I2A2	S9576	670.40	A1A1	I2A2

## 说 明 书

A091	921.30	A1A1	I2I2	S9580	854.40	A1A1	I2I2
A093	968.20	A1A1	I2I2	S9585	862.70	A1A1	I2I2
A095	991.20	A1A1	I2I2	S9603	897.30	A1A1	I2I2
G003	784.50	A1A1	I2I2	S9605	758.10	A1A1	I2I2
G015	916.30	A1A1	I2I2	S9651	812.90	A1A1	I2I2
G042	858.90	A1A1	I2I2	S9655	809.50	A1A1	I2I2
G051	865.10	A1A1	I2I2	S9665	814.60	A1A1	I2I2
G053	753.40	I1A1	I2I2	S9675	684.20	A1A1	I2I2
G059	749.10	I1A1	I2I2	S9695	682.70	I1A1	I2A2
G066	864.70	A1A1	I2I2	S9696	694.50	D1D1	I2I2
G080	798.10	I1A1	I2A2				

本实施例以 42 日龄体重（D42）作为早期体重性状只是一种示例，70 日龄以下体重都可以作为早期体重性状，优选在 40-50 日龄。

### 5. 分子标记基因型与 D42 性状关联分析

利用 SPSS22.0 软件绘制 ALMS1 不同基因型箱图，见附图 2。从图 2 可以看出，四种基因型中，ALMS1 基因分子标记 A1A1 基因型个体的 42 日龄体重（D42）明显优于其它基因型个体。

利用 SPSS22.0 软件绘制 PBX1 不同基因型箱图，见附图 3。从图 3 可以看出，三种基因型中，PBX1 基因分子标记 I2I2 基因型个体的 42 日龄体重（D42）明显优于其它基因型个体。

不同基因型各性状的多重比较和显著性检验结果见表 2。表中平均值上面的肩标字母表示显著检验结果，不同小写字母表示差异显著（ $P < 0.05$ ），不同大些字母表示差异极显著（ $P < 0.01$ ），相同字母或无标注，表示差异不显著。

从表 2 可知，ALMS1 基因 A1A1 基因型 D42 性状极显著高于其它基因型个体，I1A1 与 I1I1 之间 D42 性状存在显著差异，而 D1D1 基因型个体与 I1A1、I1I1 基因型个体之间 D42 性状均无显著差异。

## 说 明 书

从表 2 可知, PBX 基因 I2I2 基因型 D42 性状极显著高于其它基因型个体, I2A2 与 D2D2 个体之间 D42 性状无显著差异。

表 2 各基因型 D42 性状比较结果

性状	基因型			
	A1A1	I1A1	I1I1	D1D1
D42/g	845.79±97.77 <sup>A</sup>	745.38±113.33 <sup>Ba</sup>	546.00±109.05 <sup>Bb</sup>	674.90±27.72 <sup>Bab</sup>
性状	基因型			
	I2I2	I2A2	D2D2	
D42/g	837.99±102.28 <sup>A</sup>	693.38±146.87 <sup>B</sup>	673.50±77.03 <sup>B</sup>	

### 实施例 3

本实施例利用 ALMS1 和 PBX1 分子标记进行 D42 性状的选育应用, 具体如下:

#### 1. 试验材料及生长数据测定:

试验材料来源同实施例 2, 65 个样本 D42 性状及分子标记基因型检测结果见表 1。

#### 2. 个体选留与淘汰

根据位点基因型进行个体选留和淘汰。选留 A 位点为 A1A1 基因型, 同时 B 位点为 I2I2 基因型的个体, 淘汰其它基因型个体。

65 个三穗鸭样本中, ALMS1 基因分子标记 A 位点为 A1A1 基因型的个体有 48 个, 但其中有 2 个个体 (A066 和 S3944) 的 PBX1 基因分子标记 B 位点为 D2D2 基因型, 有 4 个个体 (A090、S3910、S3958 和 S9567) 的 PBX1 基因分子标记 B 位点为 I2A2 基因型, 因此最后选留个体 42 个, 淘汰个体 23 个。

#### 3. 选留效果评估

为评估本方法选育效果, 上述鸭没有进行实际淘汰, 而是同样饲养管理条件下, 饲养到出栏时, 计算日增均重, 开展生长肉用性状屠宰测定, 测定指标包括日增均重、宰前活重、屠体重、半净膛重、全净膛重、胸肌重、腿肌重。指标测定参照《家禽生产性能名词术语和度量统计方法: 中华人民共和国农业行业标准 NY/T823-2004》进行。

## 说明书

对选留个体和淘汰个体进行性能比较。各指标数据以平均值±标准差表示，表中平均值上面的肩标字母表示显著检验结果，不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）不同大些字母表示差异极显著（ $P<0.01$ ），相同字母或无标注，表示差异不显著。比较结果见表3。

表3 各群体性状比较表

单位 g

	D42	日增均重	宰前活重	屠体重
全部	808.15±123.23	3.22±0.97	1285.25±169.01	1182.52±161.09
选留	868.82±79.95 <sup>A</sup>	3.12±1.07	1330.48±167.20 <sup>A</sup>	1221.88±158.52 <sup>A</sup>
淘汰	697.38±111.42 <sup>B</sup>	3.41±0.76	1202.66±141.28 <sup>B</sup>	1110.66±142.51 <sup>B</sup>
	半净膛重	全净膛重	胸肌重	腿肌重
全部	1070.98±151.06	792.61±100.45	125.62±22.71	121.21±19.96
选留	1108.61±150.68 <sup>A</sup>	813.37±105.48 <sup>a</sup>	129.31±23.87	125.61±21.29 <sup>a</sup>
淘汰	1002.25±128.17 <sup>B</sup>	754.69±79.36 <sup>b</sup>	118.86±19.09	113.16±14.48 <sup>b</sup>

从表3可知，选留群体的早期体重（D42）极显著高于淘汰群体，出栏后（160日龄），选留群体宰前活重、屠体重、半净膛重极显著高于淘汰群体，选留群体全净膛重、腿肌重显著高于淘汰群体。日增均重和胸肌重两者相差不显著。

综上所述，本发明通过全基因组深度测序及与性状的关联分析，发现了ALMS1基因3'端和PBX1基因第7内含子区域插入缺失突变与三穗鸭早期生长性状（42日龄体重）显著关联。本发明构建了一种基于ALMS1和PBX1基因的分子标记辅助选育方法，以提高三穗鸭早期生长性状，为三穗鸭肉用品系的选育提供了新的育种技术，由于早期生长性状可影响最终出栏肉用性状，该方法的应用间接提高了三穗鸭成年体重及屠宰性状，为加速三穗鸭遗传改良，挖掘其肉用性能潜力，培育低脂优质地方肉鸭新品系，对地方鸭的种质资源改良及降本增效等具有重要的经济价值和科学意义。

尽管已经示出和描述了本发明的实施例，对于本领域的普通技术人员而言，可以理解在不脱离本发明的原理和精神的情况下可以对这些实施例进行多种变化、修改、替换和变型，本发明的范围由所附权利要求及其等同物限定。以上所述实施例仅表达了本发明的几种实施

## 说 明 书

---

方式，其描述较为具体和详细，但并不能因此而理解为对本发明专利范围的限制。应当指出的是，对于本领域的普通技术人员来说，在不脱离本发明构思的前提下，还可以做出若干变形和改进，这些都属于本发明的保护范围。因此，本发明专利的保护范围应以所附权利要求为准。