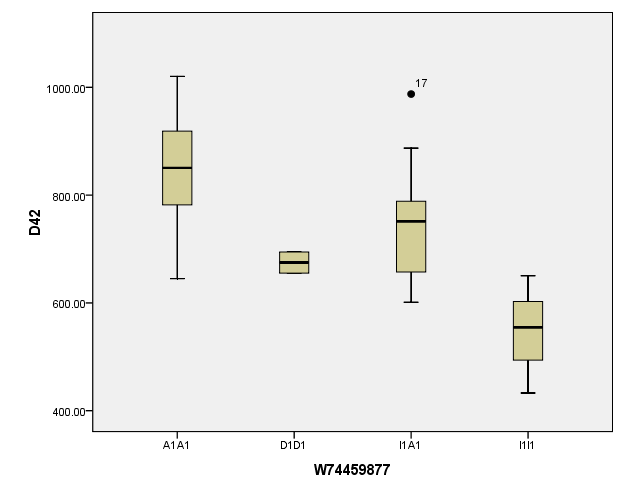
本发明提供一种与三穗鸭早期体重性状相关的分子标记及选育方法，属于选育育种方向领域。本发明对三穗鸭群体开展全基因组深度测序，与基因库中的北京鸭全基因组序列比较，发现在ALMS1基因的3’端有1个17bp的插入突变，在PBX1基因的第7内含子区域有1个51bp 的缺失突变，性状关联分析结果表明，上述突变显著影响三穗鸭早期体重。



指定图2为摘要附图

1. 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，其特征在于，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。
2. 根据权利要求1所述的应用，其特征在于，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。

1. 一种三穗鸭早期体重性状的选育方法，其特征在于，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，对权利要求1或2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；

步骤4，根据基因型结果进行个体选留并培育。

1. 根据权利要求3所述的选育方法，其特征在于，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。
2. 根据权利要求3所述的选育方法，其特征在于，所述步骤3中，分子标记位点A基因型为A1A1、I1I1、I1A1和D1D1，分子标记位点B基因型为I2I2、I2A2和D2D2。
3. 根据权利要求4或5所述的选育方法，其特征在于，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；

I1I1基因型的PCR产物相对于A1A1基因型，插入SEQ ID NO.3所示序列；

I1A1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I1I1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。

1. 根据权利要求3~6任一项所述的选育方法，其特征在于，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。

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 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；

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、I1I1、I1A1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；

I1I1基因型的PCR产物相对于A1A1基因型，插入SEQ ID NO.3所示序列；

I1A1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I1I1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：

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/>），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 agccaggtta tttttaagcc agtgttttta 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

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1μL，上下游引物各1μL，2×Taq PCR MasterMix 试剂10μL，加ddH2O 至20μL。PCR扩增反应程序：①预变性。95℃5 min，②扩增反应。95℃变性30s，60℃退火30s，72℃ 延伸30s，35个循环; 最后72℃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

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1μL，上下游引物各1μL，2×Taq PCR MasterMix 试剂10μL，加ddH2O 至20μL。PCR扩增反应程序：①预变性。95℃5 min，②扩增反应。95℃变性30s，60℃退火30s，72℃ 延伸30s，35个循环; 最后72℃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。

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 |
| 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。

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±97.77A | 745.38±113.33Ba | | 546.00±109.05Bb | | 674.90±27.72Bab |
| 性状 | 基因型 | | | | | |
| I2I2 | | I2A2 | | D2D2 | |
| D42/g | 837.99±102.28A | | 693.38±146.87B | | 673.50±77.03B | |

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。

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±79.95A | 3.12±1.07 | 1330.48±167.20A | 1221.88±158.52A |
| 淘汰 | 697.38±111.42B | 3.41±0.76 | 1202.66±141.28B | 1110.66±142.51B |
|  | 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±150.68A | 813.37±105.48a | 129.31±23.87 | 125.61±21.29a |
| 淘汰 | 1002.25±128.17B | 754.69±79.36b | 118.86±19.09 | 113.16±14.48b |

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。

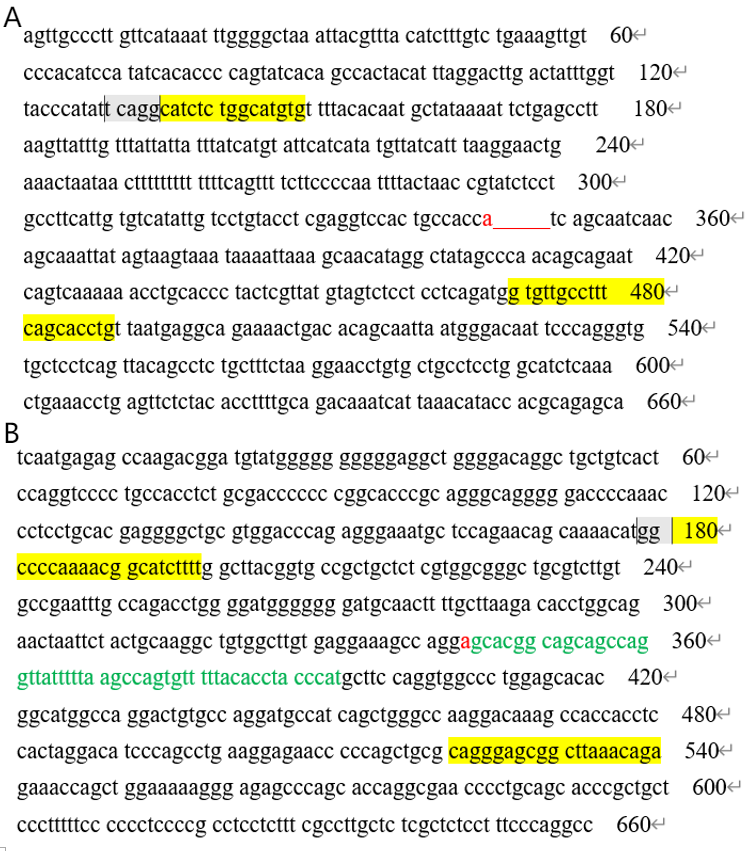


图1

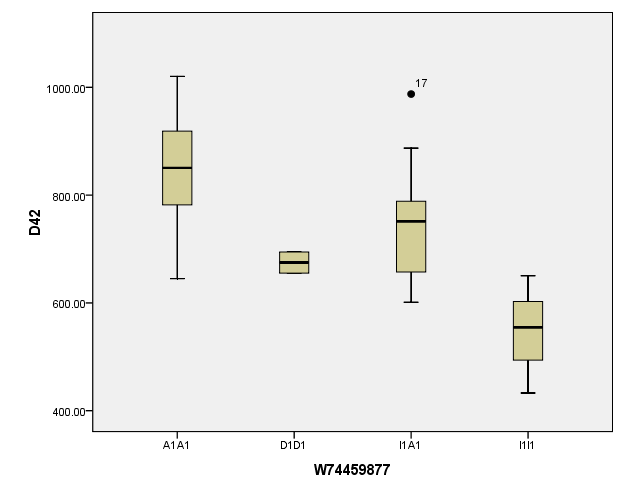


图2

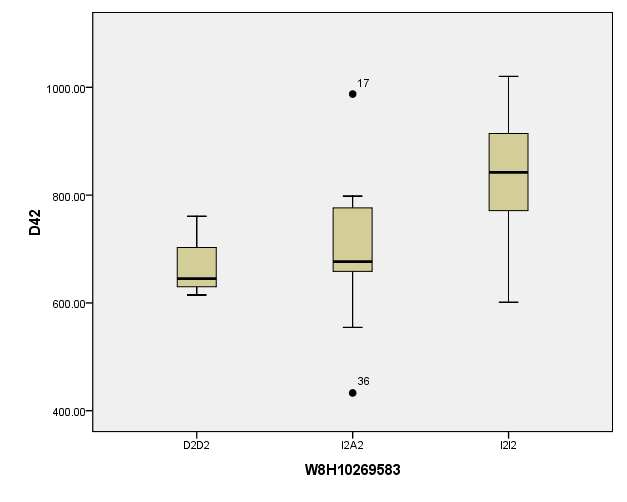


图3