

绿头鸭基因组微卫星分布规律研究^{*}

黄杰¹, 徐玉荣¹, 付红燕¹, 李毅¹, 杨波², 杨承忠³

(1. 商丘师范学院 生物与食品学院, 河南 商丘 476000; 2. 中国大熊猫保护研究中心, 四川 都江堰 611830;

3. 重庆师范大学 生命科学学院 重庆市动物生物学重点实验室, 重庆 401331)

摘要:【目的】研究绿头鸭(*Anas platyrhynchos*)的全基因组微卫星分布特征及规律。【方法】利用生物信息学方法对已报道的绿头鸭全基因组查询搜索并进行特征分析。【结果】在绿头鸭 1 070 Mbp 的基因组中, 1~6 个碱基重复的微卫星数量有 476 957 个, 总长度为 9 101 935 bp, 相对丰度为 445.77 个·Mb⁻¹, 占全基因长度的 0.83%。不同重复类型的微卫星中单碱基的数量最多, 有 326 468 个, 长度为 5 444 144 bp, 占基因组微卫星总数的 68.45%; 然后依次是四碱基、二碱基、三碱基、五碱基和六碱基, 数量分别为 66 753, 30 262, 29 712, 20 248 和 3 514 个, 长度分别为 1 504 868, 501 244, 527 310, 920 915 和 203 454 bp, 分别占基因组微卫星总数的 14%, 6.34%, 6.22%, 4.25% 和 0.74%。绿头鸭基因组中, 分布数量最多的 14 种拷贝类型按数量由多到少排列依次是 A, AAAC, AAAT, AT, AAT, AC, AAC, AAAAC, C, AG, AAAAT, AAAG, AAGG 和 AGG, 这些拷贝类型的数量均超过 2 500 个, 合计占基因组微卫星总数的 95.1%, 有明显的 A 偏倚。【结论】研究结果为绿头鸭微卫星的筛选和开展进一步的分子生物学研究奠定了基础。

关键词: 绿头鸭; 基因组; 微卫星; 特征分析

中图分类号: Q953

文献标志码: A

文章编号: 1672-6693(2021)05-0037-06

绿头鸭(*Anas platyrhynchos*)为雁形目(Anseriformes)鸭科(Anatidae)鸭属(*Anas*)游禽, 外形、大小和家鸭相似, 为中国国家养鸭的祖先, 形态上最为明显的特征是雄鸟头、颈呈绿色^[1]。绿头鸭在中国为最常见的河鸭种类, 分布广泛, 冬季飞往南方越冬, 春夏季在北方繁殖, 常见于水生植物较为茂盛的河流、湖泊、沼泽、池塘等区域; 沙洲、草地、江河以及开阔的水库也成为绿头鸭迁移期间常出现的场所^[2-3]。绿头鸭已于 2000 年 8 月 1 日被列入《国家保护的有益的或者有重要经济、科学研究价值的陆生野生动物名录》^[4]。

微卫星(Microsatellite)又被称作简单重复序列(Simple sequence repeats), 一般指 1~6 个核苷酸为重复单元构成的串联 DNA 重复序列, 在真核生物基因组中分布广泛, 有编码区和非编码区两部分^[5]。由于微卫星具有多态性高、数量大、便于检测、在基因组中广泛分布等诸多优点, 常被作为质量优良的分子遗传标记。目前, 微卫星已被广泛应用于群体遗传多样性^[6-7]、亲子鉴定^[8-9]、个体识别^[9]、遗传育种^[10]等方面的研究中。

已有的有关绿头鸭的研究主要集中于体内寄生虫鉴定^[2]、个体发育^[11]、巢址的选择^[12]、肌肉营养成分分析及评价^[13]、基因克隆及序列分析^[14-15]、线粒体基因组全序列分析^[3]等方面, 而绿头鸭基因组的微卫星分布情况还未见报道。本研究利用生物信息学方法搜索绿头鸭全基因组的微卫星, 随后对微卫星分布情况进行研究分析, 期望为今后绿头鸭微卫星功能的分析、微卫星标记筛选、遗传多样性等方面的研究提供基础数据信息。

1 材料与方法

绿头鸭全基因组序列下载于包含了多种生物基因组资源的网站(网址为 <http://www.diark.org/diark/species>), 序列全长 1 070 Mbp, 以 FASTA 格式保存。

^{*} 收稿日期: 2020-12-30 修回日期: 2021-04-10 网络出版时间: 2021-09-13 09:48

资助项目: 国家自然科学基金(No. 31501845); 重庆市自然科学基金(No. cstc2018jcyjAX0738); 重庆市留学人员回国创业创新支持计划(No. cx2018108); 重庆市教育委员会科学技术研究项目(No. KJQN201900505)

第一作者简介: 黄杰, 女, 讲师, 博士, 研究方向为动物分子生物学, E-mail: huangjie66666@163.com; 通信作者: 杨承忠, 男, 教授, 博士, E-mail: drczyang@126.com

网络出版地址: <https://kns.cnki.net/kcms/detail/50.1165.N.20210910.1644.004.html>

为了便于清晰描述基因组微卫星的分布,首先就与微卫星相关的术语进行如下说明。1) 重复类型:指每个微卫星的核心重复单元中碱基(bp)个数,将微卫星分为单碱基、二碱基、三碱基、四碱基、五碱基、六碱基等 6 种重复类型。2) 重复拷贝数:指每个微卫星的核心重复单元重复的次数,比如(AACG)₁₇的重复拷贝数就是 17。3) 重复拷贝类别:指每种重复类型的碱基组成,例如四碱基重复类型 AACG 和 AACA 属于不同重复拷贝类别,而 AAAG, AAGA 则属于相同重复拷贝类别。4) 相对丰度:指 1 Mb 基因组序列中微卫星的数量(单位:个·Mb⁻¹)。5) 相对密度:指 1 Mb 基因组序列中微卫星的长度(单位:bp·Mb⁻¹)。

绿头鸭基因组微卫星的搜索通过微卫星搜索及统计软件 Krait^[16]来完成。该软件是一个超快捷且操作界面非常友好的全基因组微卫星研究和引物设计软件。在本研究中,使用 Krait 软件默认搜索完美型微卫星的统计标准:单碱基重复拷贝数大于或等于 12;二碱基重复拷贝数大于或等于 7;三碱基重复拷贝数大于或等于 5;四碱基、五碱基和六碱基重复拷贝数大于或等于 4。此外,为避免起始碱基的排列差异和碱基互补配对原则的影响,本研究将所有可循环的序列及与之互补的序列视为同一类型,例如三碱基重复 AGC 与 GCA、CAG、TCG、CGT、GTC 等均归为一类。

2 结果

2.1 基因组微卫星的整体分布情况

表 1 显示:绿头鸭基因组有 476 957 个微卫星,平均长度为 19.09 bp,总长度为 9 101 935 bp,占全基因长度的 0.83%;绿头鸭基因组微卫星总的相对密度和相对丰度分别为 8 506.83 bp·Mb⁻¹和 445.77 个·Mb⁻¹;6 种重复类型中单碱基数量最多,四碱基数量次之,二碱基、三碱基、五碱基的数量依次减少,而六碱基数量最少。

表 1 微卫星各重复类型的数量及整体分布情况
Tab. 1 The numbers and distribution of microsatellites in the different types of repeats

重复类型	数量/个	长度/bp	比例/%	平均长度/bp	相对丰度/(个·Mb ⁻¹)	相对密度/(bp·Mb ⁻¹)
单碱基	326 468	5 444 144	68.45	16.68	305.12	5 088.19
二碱基	30 262	501 244	6.34	16.56	28.28	468.47
三碱基	29 712	527 310	6.22	17.75	27.77	492.83
四碱基	66 753	1 504 868	14.00	22.54	62.39	1 406.48
五碱基	20 248	920 915	4.25	45.48	18.92	860.70
六碱基	3 514	203 454	0.74	57.90	3.28	190.15
总计	476 957	9 101 935	100.00	19.09	445.77	8 506.83

2.2 主要重复拷贝类别的数量和比例

表 2 显示:绿头鸭基因组中数量最多的单碱基微卫星重复拷贝类别是 A,且占基因组微卫星总数的 66.89%;拷贝类别 C 数量则相对很少,占基因组微卫星总数的比例还不足 2%。二碱基重复类型中,数量最多的重复拷贝类别是 AT,其次是 AC 和 AG。三碱基重复类型中,最多的重复拷贝类别是 AAT,然后依次是 AAC, AGG, AGC, AAG, ATC 和 ACC。四碱基重复类型中,最多的两种重复拷贝类别是 AAAC 和 AAAT。五碱基重复类型中,最多的两种重复拷贝类别是 AAAAC 和 AAAAT。六碱基重复类型中,数量在 500 个以上的重复拷贝类别仅两种,即 AAAAAG 和 AAAAAC。

2.3 出现频率较高的微卫星重复拷贝类别

如图 1 所示,绿头鸭基因组中,分布数量最多的 14 种微卫星拷贝类别按数量由多到少排列依次是 A, AAAC, AAAT, AT, AAT, AC, AAC, AAAAC, C, AG, AAAAT, AAAG, AAGG 和 AGG,它们在基因组中的数量均超过 2 500 个,总数达 453 728 个,占绿头鸭基因组微卫星总数的 95.1%,其他拷贝类别仅占 4.9%。

表 2 主要重复拷贝类别的数量和比例

Tab.2 The number and percent of main repeat copy categories

重复类型	拷贝类别	数量/个	比例/%	重复类型	拷贝类别	数量/个	比例/%	重复类型	拷贝类别	数量/个	比例/%
单碱基	A	319 032	66.89	三碱基	ATC	1 169	0.25	五碱基	AAAAC	7 907	1.66
	C	7 436	1.56		ACC	1 111	0.23		AAAAT	3 887	0.81
二碱基	AT	12 678	2.66	四碱基	AAAC	27 877	5.84		AAGGG	1 589	0.33
	AC	10 893	2.28		AAAT	25 879	5.43		AAAAG	1 192	0.25
	AG	6 687	1.40		AAAG	3 600	0.75		AAAGG	965	0.20
三碱基	AAT	12 677	2.66		AAGG	3 316	0.70		AGAGG	685	0.14
	AAC	9 189	1.93		AACC	1 065	0.22		AAGAG	542	0.11
	AGG	2 670	0.56		ATAG	851	0.18	六碱基	AAAAAAG	585	0.12
	AGC	1 222	0.26		AGGG	709	0.15		AAAAAC	541	0.11
	AAG	1 182	0.25		ACAG	519	0.11				

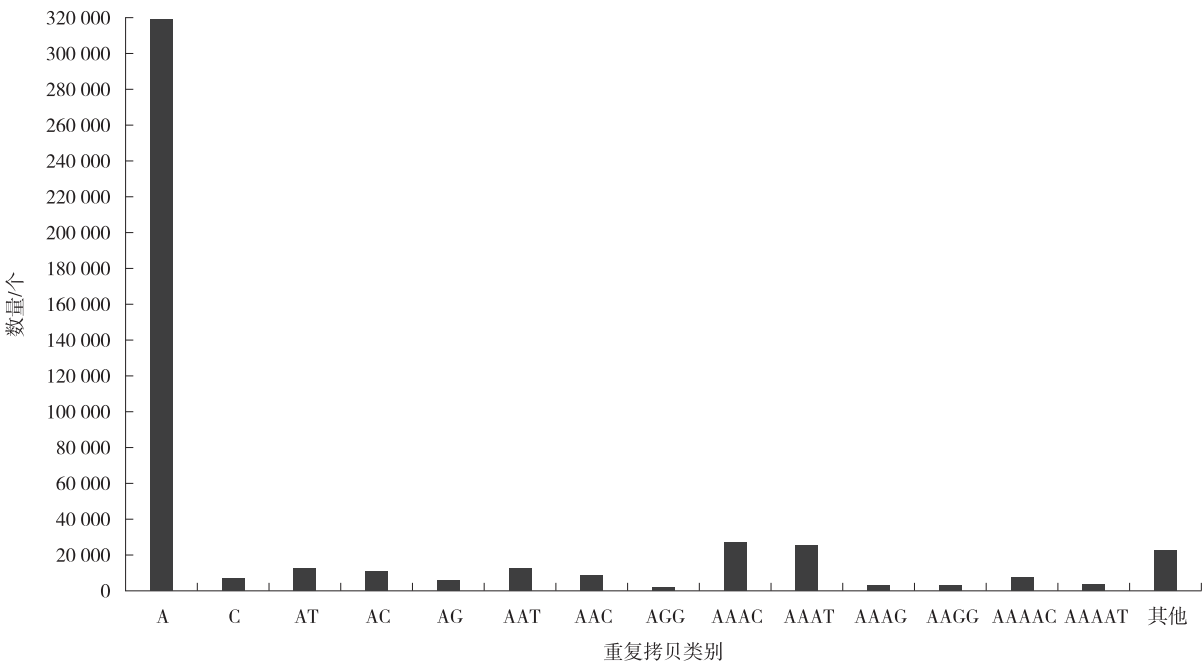


图 1 绿头鸭基因组微卫星分布数量最多的不同重复拷贝类别

Fig. 1 Distribution of the most frequent microsatellite motifs of *A. platyrhynchos*

3 讨论

在本研究中,全长为 1 070 Mbp 的绿头鸭基因组内共有 476 957 个微卫星被发现:它们总的相对密度为 8 506.83 bp · Mb⁻¹,平均长度为 19.09 bp,总长度为 9 101 935 bp,占全基因长度的 0.83%。与绵羊(*Ovis aries*)、人(*Homo sapiens*)和牛(*Bos taurus*)的基因组微卫星总长度占各自基因组总长度的比例(分别为 4.8%, 3%和 4.7%)^[17-18]相比,微卫星在绿头鸭基因组中的分布相对较少。哺乳动物基因组一般比鸟类基因组更大,而且重复序列也较多,这就可能导致它们的微卫星数量有较大差异。本研究结果也支持 Primmer 等人^[19]预测的鸟类基因组中微卫星数量低于人基因组中微卫星这一观点。此外,普通鸬鹚(*Phalacrocorax carbo*)^[20]、绿尾虹雉(*Lophophorus lhuysii*)^[21]、红原鸡(*Gallus gallus*)^[22]、虎皮鹦鹉(*Melopsittacus undulatus*)^[23]、四川山鹧鸪

(*Arborophila rufipectus*)^[7] 等鸟类的基因组中微卫星所占比例分别为 0.23%, 0.54%, 0.49%, 0.41% 和 0.43%; 与之相比, 绿头鸭基因组微卫星所占比例还要稍高一些。

绿头鸭基因组 6 种微卫星重复类型中, 单碱基重复类型最多, 占基因组微卫星总数的比例高达 68.45%, 单碱基重复类型中以 (A)_n 为主, 占基因组微卫星总数的 2/3 左右。这一结果与其他多种物种的情况一致, 如前述多种鸟类^[7,20-23] 以及植物天麻 (*Rhizoma gastrodiae*)^[24] 均出现了 (A)_n 偏移。基因组序列中 ployA 现象在真核生物中的普遍存在^[25] 可能是多数物种基因组微卫星出现强烈 (A)_n 偏倚的原因之一。进一步比较发现: 在多种鸟类基因组微卫星中出现重复次数最多的拷贝类型相同的情况依次均是 A, AT, AAT 和 AAAC^[21,23,26], 这可能是 A 碱基偏倚的表现。基因组微卫星中 GC 拷贝类型较少的现象在多个物种中也均有体现, 而且基因组中 GC 比例较高的物种微卫星通常也相对较少^[27]。这可能是因为基因组中 CpG 易发生甲基化, 甲基化的胞苷酸 C 易脱氨基成为胸腺嘧啶 T, 结果导致 GC 逐渐减少, 与之对应的 TG 比例则相对增加^[28]。此外, G 与 C 之间的氢键远比 A 与 T 之间的氢键更加难以断裂, 这也可能是基因组微卫星中 GC 较少的原因。尽管微卫星中 GC 比例相对较低, 但它们在基因组中起着非常重要的作用, 如保证 DNA 热力学性质^[29] 等。

除单碱基重复类型以外, 大多数脊椎动物都是二碱基重复类型数量最多, 但绿头鸭基因组中分布最多的微卫星重复类型是四碱基类型, 这与已公布的普通鸬鹚^[20], 绿尾虹雉^[21] 红原鸡^[22] 和四川山鹧鸪^[7] 中除单碱基重复外四碱基重复类型数量最多的特点相一致。但虎皮鹦鹉^[23] 和白鹭^[26] 的情况则与之不同, 二者基因组中二碱基重复类型是除单碱基类型以外的优势微卫星重复类型。因此, 鸟类基因组是否具有四碱基微卫星的偏好性还需要更多的证据。此外在绿头鸭基因组四碱基重复类型微卫星中, AAAX (X 代表除 A 以外的任何碱基) 重复拷贝类别的数量最多, 这一结果与上述鸟类的研究结果一致。研究表明, 四碱基微卫星因具有在 PCR 扩增时不易发生滑带或阴影带而导致基因型误差这一优点, 故被研究者认为是相比于二碱基、三碱基微卫星更加准确和有效的微卫星标记^[29]。因此, 本研究中发现的四碱基重复类型微卫星为将来筛选稳定有效的绿头鸭微卫星分子标记和开展进一步的分子生物学研究奠定了基础。

参考文献:

- [1] LI H F, ZHU W Q, SONG W T, et al. Origin and genetic diversity of Chinese domestic ducks[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2010, 57(2): 634-640.
- [2] 刘莹, 李杰, 李秀云, 等. 向海地区绿头鸭体内 1 膜壳属 (*Hymenolepis* spp.) 绦虫的分离鉴定[J]. 野生动物学报, 2019, 40(1): 138-141.
LIU Y, LI J, LI X Y, et al. Isolation and identification of a *Hymenolepis* spp. from infected mallard (*Anas platyrhynchos*) in the Xianghai area, China[J]. Chinese Journal of Wildlife, 2019, 40(1): 138-141.
- [3] 涂剑锋, 黄银花, 刘三凤, 等. 绿头鸭线粒体基因组全序列分析及河鸭类系统发育[J]. 农业生物技术学报, 2009, 17(6): 995-1000.
TU J F, HUANG Y H, LIU S F, et al. Complete mitochondrial genome sequence analysis of mallard and phylogeny of Anatini [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2009, 17(6): 995-1000.
- [4] 陈雪龙, 齐艳萍, 杨焕民, 等. 绿头鸭卵黄硒含量与禽流感新城疫病毒抗体滴度关系探讨[J]. 中国兽医杂志, 2012, 48(6): 38-40.
CHEN X L, QI Y P, YANG H M, et al. Relationship between selenium content and antibody of AIV, NDV in mallards' yolk[J]. Chinese Journal of Veterinary Medicine, 2012, 48(6): 38-40.
- [5] BECKMAN J S, WEBER J L. Survey of human and rat microsatellites[J]. Genomics, 1992, 12(4): 627-631.
- [6] LI S F, WANG B X, GUO Y J, et al. Genome-wide characterization of microsatellites and genetic diversity assessment of spinach in the Chinese germplasm collection[J]. Breeding Science, 2018, 68(4): 455-464.
- [7] HUANG J, ZHU D L, SONG X H, et al. High-throughput microsatellite markers discovery for the Sichuan hill partridge (*Arborophila rufipectus*) and assessment of genetic diversity in the Laojunshan population[J]. Biochemical Systematics & Ecology, 2015, 60: 266-272.
- [8] KOSHIISHI Y, UCHIYAMA H, MURATA-OKUBO M, et al. Development of 49 novel microsatellite markers from next-generation sequencing data and a robust method for parentage tests in the emu (*Dromaius novaehollandiae*) [J]. Gene, 2020, 769: 145238.

- [9] DIMITRIJEVIĆ V, RISTANIĆ M, STANISIC L, et al. Use of microsatellites in genetic diversity assessment, parentage testing and individual identification of the Kangal shepherd dog[J]. *Acta Veterinaria*, 2020, 70(2):170-181.
- [10] LLANES Q A, MARIA A G C, REINIER F C M, et al. Population genetics and mating system of cuban breeding colonies of roseate spoonbill (*Platalea ajaja*) [J]. *Waterbirds*, 2019, 42(3):343-351.
- [11] 邱焕璐, 王冠群, 姚茂林, 刘玉堂. 绿头鸭与番鸭个体发育过程中肠道黏膜表面形态观察[J]. *野生动物学报*, 2018, 39(4):953-957.
- QIU H L, WANG G Q, YAO M L, et al. Observation on the intestinal mucosal surface morphology of common mallard ducks and Muscovy ducks during their development[J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2018, 39(4):953-957.
- [12] 范培莉, 宋成祺, 李成绪等. 大庆龙凤湿地绿头鸭巢址选择[J]. *生态学杂志*, 2017, 36(8):2232-2236.
- FAN P L, SONG C Q, LI C X, et al. Nest-site selection of mallard (*Anas platyrhynchos*) in Daqing Longfeng wetland[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2017, 36(8):2232-2236.
- [13] 刘博, 赵明明, 吴琼, 等. 两种绿头鸭肌肉营养成分分析及评价[J]. *中国畜牧兽医*, 2020, 47(12):4166-4173
- LIU B, ZHAO M M, WU Q, et al. Analysis and evaluation of nutrient composition of muscles of two kinds of mallard[J]. *China Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2020, 47(12):4166-4173.
- [14] YUAN X Y, GUO Q X, BAI H, et al. Identification of key genes and pathways associated with duck (*Anas platyrhynchos*) embryonic skin development using weighted gene co-expression network analysis[J]. *Genome*, 2020, 63(12):11-14.
- [15] 李靖, 翟博宇, 朱晓艺, 等. 绿头鸭 *TLR7* 基因序列分析及其在组织中的表达谱[J]. *东北林业大学学报*, 2020, 48(6):66-68.
- LI J, ZHAI B Y, ZHU X Y, et al. Gene sequencing and expression profiles of *Anas platyrhynchos TLR7* gene[J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2020, 48(6):66-68.
- [16] DU L M, ZHANG C, LIU Q, et al. Krait: an ultrafast tool for genome-wide survey of microsatellites and primer design[J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(4):681-683.
- [17] 戚文华, 蒋雪梅, 肖国生, 等. 牛和绵羊全基因组微卫星序列的搜索及其生物信息学分析[J]. *畜牧与兽医学报*, 2013, 44(11):1724-1733.
- QI W H, JIANG X M, XIAO G S, et al. Seeking and bioinformatics of microsatellite sequence in the genomes of cow and sheep [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2013, 44(11):1724-1733.
- [18] SUBRAMANIAN S, MISHRA R K, SINGH L. Genome-wide analysis of microsatellite repeats in humans: their abundance and density in specific genomic regions[EB/OL]. [2020-12-30]. <https://link.springer.com/content/pdf/10.1186%2Fgb-2003-4-2-r13.pdf>.
- [19] PRIMMER C R, RAUDSEPP T, CHOWDHARY B P, et al. Low frequency of microsatellites in the avian genome[J]. *Genome Research*, 1997, 7(5):471-482.
- [20] 黄杰, 刘磊, 杨波, 等. 普通鸬鹚基因组微卫星分布规律研究[J]. *野生动物学报*, 2020, 41(1):108-114.
- HUANG J, LIU L, YANG B, et al. Distribution regularities of microsatellites in the genome of great cormorant (*Phalacrocorax carbo*) [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2020, 41(1):108-114.
- [21] 崔凯, 岳碧松. 绿尾虹雉全基因组微卫星分布规律研究[J]. *四川动物*, 2018, 37(5):533-540.
- CUI K, YUW B S. Distribution patterns of microsatellites in genome of *Lophophorus thuyssii* [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2018, 37(5):533-540.
- [22] 黄杰, 杜联明, 李玉芝, 等. 红原鸡全基因组中微卫星分布规律研究[J]. *四川动物*, 2012, 31(30):358-363.
- HUANG J, DU L M, LI Y Z, et al. Distribution regularities of microsatellites in *Gallus gallus* Genome[J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2012, 31(30):358-363.
- [23] 黄杰, 原宝东, 杨承忠. 虎皮鸚鵡全基因组中微卫星分布规律研究[J]. *野生动物学报*, 2017, 38(3):422-426.
- HUANG J, YUAN B D, YANG C Z. Distribution regularities of microsatellites in the *Melopsittacus undulatus* genome[J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2017, 38(3):422-426.
- [24] 周天华, 丁家玺, 田伟, 等. 天麻基因组微卫星特征分析与分子标记开发[J]. *西北植物学报*, 2017, 37(9):1728-1735.
- ZHOU T H, DING J X, TIAN W, et al. Genomic microsatellite characteristic analysis and molecular marker development for *Gastrodia elata* Bl. [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2017, 37(9):1728-1735.
- [25] GALLIE D R. The cap and poly (A) tail function synergistically to regulate mRNA translational efficiency[J]. *Genes & Development*, 1991, 5(11):2108-2116.

- [26] 黄杰,杨波,贾银平,等. 白鹭基因组微卫星分布规律研究[J]. 重庆师范大学学报(自然科学版),2019,36(5):66-71.
HUANG J,YANG B,JIA Y P,et al. The Distribution regularities of microsatellites in *Egretta garzetta* genome[J]. Journal of Chongqing Normal University (Natural Science),2019,36(5):71-76.
- [27] ZHAO X Y,TAN Z Y,FENG H P,et al. Microsatellites in different *Potyvirus* genomes:survey and analysis[J]. Gene,2011,488(1/2):52-56.
- [28] SCHORDERET D F,GARTER S M. Analysis of CpG suppression in methylated and nonmethylated species[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,1992,89:957-961.
- [29] ARCHIE E A,MOSS C J,ALBERTS S C. Characterization of tetranucleotide microsatellite loci in the African Savannah elephant (*Loxodonta africana africana*)[J]. Molecular Ecology Notes,2003,3(2):244-246.

Animal Sciences

Genomic Microsatellite Characteristic Analysis for *Anas platyrhynchos*

HUANG Jie¹, XU Yurong¹, FU Hongyan¹, LI Yi¹, YANG Bo², YANG Chengzhong³

(1. College of Biology and Food, Shangqiu Normal University, Shangqiu Henan 476000; 2. China Conservation and Research Centre for the Giant Panda, Dujiangyan SiHuan 611830; 3. Chongqing Key Laboratory of Animal Biology, College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China)

Abstract: [Purposes] It is focus on the distribution regularities of microsatellites in *Anas platyrhynchos*. [Methods] The whole genome sequences of *A. platyrhynchos* were analyzed by bioinformatics methods. [Findings] There were 476 957 perfect microsatellite with 1~6 bp nucleotide motifs were detected in the *A. platyrhynchos* genome (1 070 Mbp), which account for 0.83% of the whole genome sequences. The total microsatellites were 9,101,935bp p in length with the relative abundance of 445.77 loci • Mb⁻¹. Among the six repeat types of microsatellites, mononucleotide microsatellites were the most abundant one. There were 326,468 mononucleotide microsatellites with a total length of 5 444 144 bp, accounting for 68.45% of all the different types. Followed by tetranucleotide (66 753 loci, 1 504 868 bp, 14%), dinucleotide(30 262 loci, 501 244 bp, 6.34%), trinucleotide (29 712 loci, 527 310 bp, 6.22%), pentanucleotide (20 248 loci, 920 915 bp, 4.25%), hexanucleotide (3 514 loci, 203 454 bp, 0.74%) microsatellites, respectively. The top fourteen motifs in *A. platyrhynchos* genome were A, AAAC, AAAT, AT, AAT, AC, AAC, AAAAC, C, AG, AAAAT, AAAG, AAGG, AGG in a descending order. The number of each motif was more than 2 500, which accounted for 95.1% all microsatellites and showing an obvious A bias. [Conclusions] These data will give a light on screening microsatellites and genetic diversity for *A. platyrhynchos*.

Keywords: *Anas platyrhynchos*; genomic; microsatellite; characteristic analysis

(责任编辑 方 兴)