

中国 7 个地方绵羊品种遗传多样性的微卫星分析

杨 燕^{1,2} 马月辉^{1*} 吕慎金³ 张英汉⁴

1 (中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094)

2 (扬州大学动物科技学院, 扬州 225009)

3 (临沂师范学院农林学院, 临沂 276000)

4 (西北农林科技大学动物科技学院, 杨凌 712100)

摘要: 利用 26 个微卫星标记分析了中国 7 个地方绵羊(*Ovis aries*)品种的遗传多样性。通过计算基因频率、平均杂合度(H)、多态信息含量(PIC)及有效等位基因数(N_e),并根据 Nei 氏标准遗传距离,利用 UPGMA 法进行了聚类分析,评估其种内遗传变异和品种间遗传关系。结果表明:26 个微卫星位点共检测到 278 个等位基因, N_e 在 2.1288–13.3924 之间;以等位基因频率为基础,得出位点的平均杂合度在 0.0629–0.5903 之间,品种平均杂合度在 0.3633–0.4489 之间。26 个位点均为高度多态位点, PIC 在 0.6628–0.8712 之间。聚类分析表明哈萨克羊、阿勒泰羊和巴音布鲁克羊遗传关系最近;然后与白藏羊、黑藏羊聚为一类;湖羊和晋中羊聚为一类。各绵羊品种的聚类关系与其来源、育成史及地理分布基本一致。

关键词: 绵羊,遗传多样性,遗传距离,聚类关系

中图分类号: S813 文献标识码: A 文章编号: 1005–0094(2004)06–0586–08

Genetic diversity in seven Chinese indigenous sheep breeds based on microsatellite analysis

YANG Yan^{1,2}, MA Yue-Hui^{1*}, LU Shen-Jin³, ZHANG Ying-Han⁴

1 Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094

2 College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009

3 College of Agriculture and Forestry, Linyi Normal University, Linyi, Shandong 276000

4 College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100

Abstract: Genetic diversity in seven Chinese indigenous sheep breeds was estimated using 26 microsatellite markers. The allele frequency, mean heterozygosity, polymorphism information content, effective number of alleles, genetic distance, and dendrogram analysis were used to assess the genetic variability and genetic relationships among the seven breeds. A total of 278 alleles were detected, and the 26 loci were highly polymorphic. The effective number of alleles ranged from 2.1288 to 13.3924, mean heterozygosity of loci from 0.0629 to 0.5903, mean heterozygosity of breeds from 0.3633 to 0.4489, and polymorphism information content from 0.6628 to 0.8712. In the Neighbor-Joining tree based on Nei's standard genetic distance, the seven sheep breeds formed two groups: Hazake sheep, Altay Fat-rumped sheep and Bayinbuluke sheep were closely related, then clustered with Baizang sheep and Heizang sheep; and the second group consisted of Hu sheep and Jinzhong sheep. The dendrogram relationship between different sheep breeds was generally in accordance with their origins, breeding history and localities.

Key words: sheep, genetic diversity, genetic distance, dendrogram relationship

我国拥有丰富的地方绵羊品种遗传资源,郑丕留等(1989)介绍了 35 个各具特色的地方羊品种,其中就有绵羊品种 15 个,这些品种是世界动物资源开发和利用的宝贵财富。开展地方绵羊品种的保存、种质特性研究和开发利用等工作,是解决当前养羊业中出现世界性遗传基因贫乏的最重要的手段之一。地方绵羊品种保种工作的发展,主要依靠对品种遗传特性的深入研究。对于畜禽,遗传多样性主要表现为品种间的变异,其遗传多样性的保护和利用也就是最大限度地保护和利用在遗传上最具有特异性的品种。这些品种的确认首先要建立在对各品种间遗传关系研究的基础上,并且一般通过两两品种间的遗传距离来客观地度量。

微卫星因具有分布广泛、多态信息含量高、共显性遗传及检测方便快捷等特点而倍受青睐。目前,国内外学者利用微卫星标记对家畜和濒危、稀有物种的遗传多样性做了大量研究。联合国粮农组织(FAO)在其持续发展和管理动物遗传资源的战略计划中,也将微卫星作为优先推荐的分析工具,并制定了家畜品种遗传距离测定的全球方案(Baker, 1994)。

本文旨在借助微卫星标记的分析,评估我国地方绵羊品种的遗传变异和群体结构情况,以期为我国制定地方绵羊品种的科学保护和合理利用策略提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

本实验共采用 7 个中国地方绵羊品种的 322 份耳组织样品。其中湖羊(Hu, 46 只)采自浙江,哈萨克羊(Hazake, 46 只)、巴音布鲁克羊(Bayinbuluke, 46 只)、阿勒泰羊(Altay Fat-rumped, 46 只)采自新疆,黑藏羊(Heizang, 46 只)、白藏羊(Baizang, 46 只)采自青海,晋中羊(Jinzhong, 46 只)采自山西。

1.2 微卫星 DNA 标记的选择

本实验所用的 26 个微卫星引物来源于 Gene Bank (www.marc.usda.gov/roslin.ac.uk/theark-db.org/browser),由北京赛百盛生物工程公司合成。26 个引物的信息见表 1。

1.3 微卫星 DNA 多态性分析

基因组 DNA 提取采用常规的酚、氯仿抽提方法¹⁾。

PCR 反应体系为 20 μ L,参考 Crawford(1995)的反应条件和程序。DNA 样品经过 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min 后,按下列过程进行反应:在 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 50 $^{\circ}$ -60 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45-60 s, 经 33-35 个循环,于 72 $^{\circ}$ C 延伸 5-10 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。引物不同程序略有不同。

采用 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离微卫星等位基因,银染后,根据等位基因片段大小,采用柯达数码凝胶成像系统进行分析。

1.4 统计分析

利用 POPGEN32 软件计算 7 个绵羊品种的等位基因频率和有效等位基因数,并以基因频率为基础利用 GDA 软件计算杂合度;用 Microsoft Excel 计算多态信息含量。根据 Nei(1972)计算了各品种间的标准遗传距离。利用 POPGEN32 软件,采用类平均聚类法(unweighted pair-group method with arithmetic averaging, UPGMA)(Sneath *et al.*, 1973)构建系统发生树。

2 结果

2.1 品种内的遗传变异

根据基因频率计算了平均杂合度(H)、多态信息含量(PIC)、有效等位基因数(N_e)(表 2)。中国地方绵羊品种的遗传变异范围很大,7 个品种在 26 个微卫星位点上共检测到 278 个等位基因,其中湖羊、哈萨克羊、巴音布鲁克羊、阿勒泰羊、黑藏羊、白藏羊、晋中羊分别具有 232、211、215、211、206、215、217 个等位基因,其中 119 个为各品种所共有。

地方绵羊品种在 26 个微卫星位点上拥有的有效等位基因数(N_e)非常丰富,在 2.1288-13.3924 之间,其中有 19 个微卫星位点的数目超过 4 个,可认为这些位点是最优势位点。7 个绵羊品种的有效等位基因数均超过 4 个,在 26 个位点上均表现为高度多态(表 2)。

优势等位基因是指某品种在特定的基因座位上相对集中的等位基因。7 个绵羊品种在 13 个微卫星位点上拥有 26 个优势等位基因,其中,除青海黑藏羊外的其他 6 个品种在 BM3033 位点上共有

1) Lü, S. J. (吕慎金). 2003. *Genetic Diversity Study with Microsatellite DNA on Seven Native Sheep Breeds in China* (中国七个绵羊群体微卫星 DNA 的遗传多样性研究). Master's thesis, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling.

表 1 26 个微卫星引物的信息
Table 1 The information of 26 microsatellite primers

位 点 Locus	引物序列 Primer sequence	染色体 Chromosome	等位基因数 Allele number		退火温度 Annealing temperature		来源 Source	等位基因 片断大小 Allele size (bp)
			A	B	C	D		
BMS574	ATGTTCTTTGACCACATGGATT CAACAAGCATTTCTGACCATAGC	1	8	13	58	57	绵羊 Sheep	139 – 163
BMS1678	TCTTCTCTGCACTTTGGTTGC ATAGCTGACATCCACTGGGC	9	–	9	58	57	绵羊 Sheep	153 – 173
BMS1341	CCTACCTACTGCACAGTTTTCG CTCCCATATAAGTTACCCACCC	2	9	12	56	59	绵羊 Sheep	115 – 137
BMS1248	GTAATGTAGCCTTTTGTGCCG TCACCAACATGAGATAGTGTGC	3	14	10	60	60	绵羊 Sheep	130 – 150
BMS1724	GACTTGCCCCAATCCTACTG ATTTCAGGTTTGTGTTCCC	8	11	11	58	53	绵羊 Sheep	164 – 184
BMS1714	TTTATCCCAAGAGGTTCCACC AGGTGCTTGCAGTGAATCTG	25	6	8	58	50	绵羊 Sheep	120 – 140
BMS875	TCCAGCTTGAATCCCTTCC AAGCAAAGGCTGGGAACAC	8	–	12	–	54	绵羊 Sheep	98 – 122
BMS710	TTCTACTCTCCAGCCTCCTCC GTTGGCTCCAAGAGCAAGTC	3	10	11	60	60	绵羊 Sheep	98 – 138
BMS1004	TTAAAAGTCAGAAAGGGAAGCC CTCGACCTCACATACTCAAAGC	15	13	10	60	62	绵羊 Sheep	153 – 183
BM3033	TGCTGGTGGTCTTTGAACAG GCAAAGTCTGGATAGGGAG	7	10	10	58	58	绵羊 Sheep	127 – 143
BM1225	TTTCTCAACAGAGGTGTCCAC ACCCCTATCACCATGCCTCTG	16	16	9	58	59	绵羊 Sheep	245 – 257
BM1227	CACCAGTGATATTGGCTTATGG GGAAGAAACACTTCCAAACCC	8	19	8	61	51	绵羊 Sheep	124 – 154
BM6404	TCCCTAATGTTGAATGGACTTC CGAAAAGAGTCAGACACCAGC	–	12	9	58	54.5	牛 Cattle	125 – 147
BM4311	TCCACTTCTTCCCTCATCTCC GAAGTATATGTGTGCCTGGCC	6	9	15	58	58	绵羊 Sheep	–
BM6526	CATGCCAAACAATATCCAGC TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC	26	12	6	56	53	绵羊 Sheep	161 – 175
BM6444	CTCTGGGTACAACACTGACTCC TAGAGAGTTCCCTGTCCATCC	2	7	12	56	52	绵羊 Sheep	–
BM203	GGGTGTGACATTTTGTTCCTC CTGCTCGCCACTAGTCTTTC	26	8	10	58	58	绵羊 Sheep	215 – 245
BM3413	TCCCTGGTAACCAATGAATTC CAATGGATTGACCCTCCC	18	14	9	58	60	绵羊 Sheep	176 – 196
BM3501	CCAACGGGTTAAAAAGCACTG TTCCTGTTCCTTCCTCATCTG	3	10	11	58	58	绵羊 Sheep	174 – 202
MB023	CACCTTCTATGCTTCCACTCTAG GCTTTAGGTAATCATCAGATAGC	25	9	6	58	50	绵羊 Sheep	138 – 162
MB066	ATCTGCCTGAAGCCAGTCAC GGTTTCTGCACCTGCATGA	11	11	13	56	54	绵羊 Sheep	111 – 141
MB009	GATCACCTTGCCACTATTTCTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	9	8	9	60	53	绵羊 Sheep	136 – 158
URB037	ACTGGAGACGACTGAAGCAACC GAGTGGCTGTTGCTAAATTGG	2	19	11	62	60	绵羊 Sheep	–
AGLA269	CTTTCAATGTATTTGCTTATTTGTT GACACTAGTAGATTGAAAACCA	23	15	18	54	52	绵羊 Sheep	228 – 286

表 1（续） Table 1（continued）

位 点 Locus	引物序列 Primer sequence	染色体 Chromosome	等位基因数 Allele number		退火温度 Annealing temperature		来源 Source	等位基因 片断大小 Allele size (bp)
			A	B	C	D		
MAF70	CACGGAGTCACAAAGAGTCAGAC GCAGGACTCTACGGGGCCTTTC	4	13	10	60	62	绵羊 Sheep	—
BMC1206	GGGTGGCTATGACTCCAGTG GGTCCAGCCTTCCACCAC	21	11	10	58	54	绵羊 Sheep	—

A：参考等位基因数；B：实际等位基因数；C：退火温度；D：实际退火温度
A, Reference allele number; B, Observed allele number; C, Annealing temperature; D, Actual annealing temperature

144 bp 这一片段；除青海白藏羊外的其他 6 个绵羊品种在 11 个位点上共检测到 15 个稀有等位基因（数据略）。

2.2 遗传距离及系统发生关系

基于等位基因频率计算出 Nei’s 标准遗传距离 (D_s)（表 3），根据标准遗传距离和等位基因频率数据构建了 UPGMA 树（图 1）。

从表 3 可以看出：哈萨克羊与阿勒泰羊的遗传关系最近 ($D_s = 0.2189$, $I = 0.8034$)；其次是哈萨克羊与巴音布鲁克羊 ($D_s = 0.2799$, $I = 0.7559$)。遗传关系最远的是白藏羊与晋中羊 ($D_s = 0.5674$, $I = 0.5670$)；白藏羊与湖羊的遗传距离也较远。

3 讨论

3.1 群体遗传多样性分析

多态信息含量 (PIC) 是群体内遗传变异的量度，可以用来描述微卫星位点的变异程度。当 $PIC > 0.5$ 时为高度多态位点； $0.25 < PIC < 0.5$ 时为中度多态位点；而当 $PIC < 0.25$ 时为低度多态位点 (Botstein *et al.*, 1980)。本研究中 26 个微卫星位点均为高度多态位点，其中以 AGLA269 位点的 PIC 最高，达到 0.8712；BM6444 位点的 PIC 最低，为 0.6628。湖羊在所有位点的平均 PIC 最高 (0.7822)，黑藏羊在所有位点的平均 PIC 最低 (0.7521)，这表明我国地方绵羊品种具有非常丰富的遗传多样性。贾斌等 (2003) 利用 10 个微卫星标记对新疆 8 个绵羊品种的研究结果得出平均 PIC 为 0.5631；储明星等 (2001) 利用两个微卫星标记对 5 个绵羊品种的研究结果得出平均 PIC 为 0.60；Lulikart 等 (1999) 用 22 个微卫星标记对 4 个蒙古山羊 (*Capra hircus*) 的研究结果得出平均 PIC 为 0.57。上述结果与本文研究表明，微卫星标记的数量越多，结果的可靠性可能越大。本实验所选的 26 个微卫

星标记均具有高度多态性，可作为有效的遗传标记用于绵羊品种之间遗传多样性和系统发生关系的分析。

杂合度又称基因多样性，反映群体在多个位点上的遗传变异。一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数。在 26 个微卫星位点中，位点平均杂合度 (H) 在 0.0629 (BM6444 位点) 和 0.5903 (BM4311 位点) 之间；品种平均杂合度在 0.3633 (巴音布鲁克羊) 和 0.4489 (晋中羊) 之间，属于中度杂合位点和中度杂合品种；7 个品种的平均杂合度为 0.3912 (表 2)。Gustavo 等 (1998) 对加拿大盘羊 (Bighom sheep) 10 个微卫星位点的研究结果为 $H = 0.51$ ，Arranz 等 (1998, 2001) 用 19 个微卫星对西班牙美利奴 (Merino)、曼彻加 (Manchega) 和阿华西 (Awassi) 等绵羊的研究结果为 $H = 0.74$ ，Stephen 等 (1995) 用 8 个微卫星对西班牙美利奴、英国罗姆尼 (Romney) 和以色列阿华西等绵羊的检测结果为 $H = 0.66$ 。说明本研究所用 7 个绵羊品种的遗传变异总体上低于国外其他品种的绵羊，遗传多样性相对较低。

3.2 群体系统发生关系分析

关于遗传距离的计算，许多学者提出了不同的概念和计算公式，但是这些公式和概念都有各自的局限性，目前还没有大家所公认的计算遗传距离的公式。更重要的是，微卫星本身具有极高的突变率，不同微卫星标记的突变率并不相同 (Slatkin, 1995)。Nei (1972) 提出了一个从大量位点的基因频率数据估算每个位点的平均密码子差数的统计方法。本研究根据 Nei’s 遗传距离和等位基因频率构建了 7 个绵羊品种的 UPGMA 系统树 (图 1)。其中湖羊与晋中羊聚为一类；而新疆的哈萨克羊、阿勒泰羊及巴音布鲁克羊先聚为一类，再分别与白藏羊及黑藏羊相聚。

表 2 7 个绵羊品种在 26 个微卫星位点上的遗传变异参数
Table 2 Estimators of genetic variability of seven sheep breeds at 26 microsatellite loci

位点 Locus	遗传指标 Index of genetics	品种 Breed							
		湖羊 Hu	哈萨克 Hazake	巴音布鲁克 Bayinbuluke	阿勒泰羊 Altay Fat-rumped	黑藏羊 Heizang	白藏羊 Baizang	晋中羊 Jinzhong	平均 Mean
BM4311	<i>H</i>	0.6957	0.8449	0.2444	0.3778	0.6087	0.7955	0.5652	0.5903
	<i>PIC</i>	0.8357	0.8165	0.7464	0.7913	0.7273	0.7928	0.8965	0.8009
	<i>Ne</i>	6.7821	6.0623	4.5151	5.4435	4.1860	5.3481	10.398	6.1050
URB037	<i>H</i>	0.4773	0.4651	0.4884	0.5217	0.4545	0.5909	0.5000	0.4997
	<i>PIC</i>	0.8596	0.7254	0.7968	0.8043	0.8049	0.7818	0.8113	0.7977
	<i>Ne</i>	7.8381	4.1738	5.4704	5.7657	5.8051	5.2113	5.9569	5.7459
MB066	<i>H</i>	0.5000	0.6444	0.6744	0.5455	0.6364	0.6087	0.4545	0.5806
	<i>PIC</i>	0.8674	0.8259	0.8370	0.8083	0.8657	0.8429	0.8650	0.8446
	<i>Ne</i>	8.2656	6.4082	6.6872	5.9024	8.1860	7.0651	8.1688	7.2405
MAF70	<i>H</i>	0.3043	0.3778	0.3111	0.4565	0.4130	0.3043	0.4565	0.3748
	<i>PIC</i>	0.7842	0.8306	0.7753	0.8209	0.8093	0.8374	0.8498	0.8154
	<i>Ne</i>	5.2118	6.5961	5.0816	6.2789	5.8860	6.8590	7.3728	6.1837
BMS1004	<i>H</i>	0.3864	0.5581	0.6364	0.5652	0.3864	0.4889	0.5778	0.5142
	<i>PIC</i>	0.7876	0.8307	0.7899	0.7340	0.7760	0.5820	0.7645	0.7521
	<i>Ne</i>	5.2896	6.6154	5.3481	4.2026	5.0681	5.9384	4.8503	5.3304
AGLA269	<i>H</i>	0.6304	0.6667	0.5455	0.4565	0.4222	0.3261	0.4348	0.4975
	<i>PIC</i>	0.9203	0.8845	0.8757	0.8294	0.8545	0.8262	0.9077	0.8712
	<i>Ne</i>	13.3924	9.4406	8.7800	6.4809	7.5701	6.3927	11.6264	9.0976
BMS1248	<i>H</i>	0.3261	0.4222	0.5556	0.3913	0.4348	0.1957	0.3043	0.3757
	<i>PIC</i>	0.8079	0.7299	0.7621	0.7963	0.7768	0.7995	0.7789	0.7788
	<i>Ne</i>	5.8942	4.2231	4.6767	5.5538	4.9730	5.6127	5.1484	5.1546
BM6404	<i>H</i>	0.4222	0.3256	0.3571	0.3864	0.7442	0.2174	0.4889	0.4203
	<i>PIC</i>	0.7849	0.7381	0.6982	0.7566	0.7323	0.6991	0.7933	0.7432
	<i>Ne</i>	5.2326	4.3763	3.8306	4.6877	4.3000	3.8473	5.5177	4.5417
BMS574	<i>H</i>	0.4545	0.4667	0.3333	0.4783	0.4130	0.5217	0.4651	0.4475
	<i>PIC</i>	0.8422	0.7597	0.7110	0.8564	0.8054	0.8740	0.7451	0.7991
	<i>Ne</i>	6.9515	4.7368	3.9474	7.6667	5.7500	8.6721	4.3660	6.0129
BMS1714	<i>H</i>	0.1778	0.1136	0.2326	0.1556	0.2000	0.3556	0.3778	0.2304
	<i>PIC</i>	0.5537	0.6540	0.6035	0.6734	0.6815	0.7426	0.7752	0.6691
	<i>Ne</i>	2.4122	3.3553	2.9095	3.5714	3.7054	4.4408	5.0943	3.6413
BMS1724	<i>H</i>	0.4783	0.6667	0.3778	0.3261	0.2391	0.3913	0.5217	0.4287
	<i>PIC</i>	0.8588	0.8339	0.8005	0.7732	0.7670	0.7323	0.6707	0.7766
	<i>Ne</i>	7.7794	6.6722	5.6882	4.9439	4.7928	4.1248	3.4351	5.3481
BMS875	<i>H</i>	0.3913	0.6222	0.4444	0.4130	0.6087	0.5000	0.5217	0.5002
	<i>PIC</i>	0.8498	0.8021	0.8659	0.8022	0.8505	0.8363	0.7996	0.8295
	<i>Ne</i>	7.3472	5.6802	8.1984	5.6805	7.4116	6.7389	5.5905	6.6639
MB009	<i>H</i>	0.0667	0.1136	0.0682	0.2174	0.1136	0.0227	0.1556	0.1083
	<i>PIC</i>	0.6573	0.7352	0.7360	0.7626	0.7603	0.6977	0.5553	0.7006
	<i>Ne</i>	3.2873	4.2737	4.3604	4.8644	4.6763	3.7998	2.6821	3.9920
BM3413	<i>H</i>	0.3913	0.3333	0.4667	0.6087	0.3043	0.2609	0.5435	0.4155
	<i>PIC</i>	0.7543	0.8025	0.8182	0.8093	0.8434	0.7220	0.6930	0.7775
	<i>Ne</i>	4.6000	5.7203	6.1832	5.9024	7.1126	4.0849	3.6389	5.3203
BM3501	<i>H</i>	0.2174	0.3636	0.4667	0.3043	0.0652	0.2391	0.4565	0.3018
	<i>PIC</i>	0.7454	0.7981	0.8355	0.7632	0.7003	0.7603	0.5824	0.7407
	<i>Ne</i>	4.4175	5.5954	6.7500	4.7127	3.7819	4.7179	2.7498	4.6750
BM1341	<i>H</i>	0.3182	0.2000	0.5111	0.4348	0.0455	0.1957	0.5870	0.3275
	<i>PIC</i>	0.6835	0.6843	0.7906	0.7830	0.6145	0.9166	0.6926	0.7379
	<i>Ne</i>	3.6255	3.5433	5.4435	4.6866	3.0203	2.8498	3.7286	3.8425
BMS1678	<i>H</i>	0.5000	0.5778	0.2444	0.5217	0.4783	0.4783	0.5435	0.4777
	<i>PIC</i>	0.8159	0.7996	0.8063	0.8149	0.8108	0.8224	0.7975	0.8096
	<i>Ne</i>	6.1245	5.5632	5.8106	6.0457	5.9774	6.3070	5.6352	5.9234
BMS710	<i>H</i>	0.6522	0.6222	0.5556	0.5870	0.2667	0.3913	0.6957	0.5387
	<i>PIC</i>	0.7876	0.7766	0.7331	0.8338	0.5470	0.6909	0.7629	0.7331
	<i>Ne</i>	5.2182	5.0562	4.3177	6.7175	2.3908	3.5033	4.7604	4.5663

表 2（续） Table 2（continued）

位点 Locus	遗传指标 Index of genetics	品种 Breed							
		湖羊 Hu	哈萨克 Hazake	巴音布鲁克 Bayinbuluke	阿勒泰羊 Altay Fat-rumped	黑藏羊 Heizang	白藏羊 Baizang	晋中羊 Jinzhong	平均 Mean
BM1225	<i>H</i>	0.2500	0.3111	0.1111	0.2609	0.3261	0.3864	0.3111	0.2795
	<i>PIC</i>	0.8097	0.7994	0.8032	0.7240	0.8051	0.7841	0.8088	0.7963
	<i>Ne</i>	5.9478	5.5939	5.7610	4.8255	5.7735	5.2824	5.9211	5.5865
BM203	<i>H</i>	0.4565	0.2667	0.4419	0.5217	0.6889	0.4565	0.4348	0.4297
	<i>PIC</i>	0.7897	0.7728	0.8433	0.8290	0.8075	0.8030	0.7951	0.8085
	<i>Ne</i>	5.4256	5.0186	7.0979	6.5816	5.8526	5.6578	5.5465	5.8829
MB023	<i>H</i>	0.5217	0.3721	0.3778	0.2826	0.2667	0.5333	0.4318	0.3980
	<i>PIC</i>	0.8009	0.8298	0.8417	0.8179	0.7573	0.8239	0.8356	0.8153
	<i>Ne</i>	5.6502	6.5336	7.0191	6.1691	4.6821	6.3679	6.7456	6.1668
BM3033	<i>H</i>	0.5217	0.3556	0.3778	0.5652	0.6957	0.5652	0.5870	0.5240
	<i>PIC</i>	0.7020	0.6916	0.7666	0.6147	0.7799	0.6577	0.7357	0.7069
	<i>Ne</i>	3.5864	3.5095	4.7816	2.8195	5.2054	3.1209	4.1695	3.8847
BMC1206	<i>H</i>	0.5435	0.5778	0.2667	0.2609	0.2609	0.2889	0.7778	0.4252
	<i>PIC</i>	0.7256	0.6793	0.6768	0.7304	0.7406	0.5604	0.6822	0.6850
	<i>Ne</i>	4.1943	3.6225	3.5936	4.2362	4.4831	2.6592	3.4734	3.7518
BM6526	<i>H</i>	0.4000	0.1395	0.3111	0.3864	0.4222	0.4000	0.4348	0.3563
	<i>PIC</i>	0.8324	0.7462	0.8316	0.8469	0.8281	0.8078	0.8480	0.8201
	<i>Ne</i>	6.6393	4.5263	6.5961	7.2645	6.4696	5.7528	5.6427	6.1273
BM6444	<i>H</i>	0.1087	0.0222	0.0455	0.0444	0.0444	0.1304	0.0444	0.0629
	<i>PIC</i>	0.7854	0.6733	0.6881	0.6864	0.4429	0.6969	0.6666	0.6628
	<i>Ne</i>	5.3367	3.6000	3.6289	3.7293	2.1288	3.7887	3.4091	3.6602
BM1227	<i>H</i>	0.2826	0.1302	0.1206	0.1205	0.1304	0.1739	0.1304	0.1555
	<i>PIC</i>	0.6957	0.7016	0.6681	0.6703	0.6654	0.8193	0.6623	0.6975
	<i>Ne</i>	3.8023	3.9784	3.5340	3.5864	3.3428	4.8644	3.4239	3.7903
平均 Mean	<i>H</i>	0.4029	0.3883	0.3633	0.3873	0.3702	0.3776	0.4489	0.3912
	<i>PIC</i>	0.7822	0.7662	0.7731	0.7758	0.7521	0.7657	0.7606	0.7679
	<i>Ne</i>	5.7876	5.1721	5.3851	5.3199	5.0974	5.1157	5.3482	5.3180

H: 平均杂合度; *PIC*: 多态信息含量; *Ne*: 有效等位基因数
H, Mean heterozygosity; *PIC*, Polymorphism information content; *Ne*, Number of effective alleles

表 3 7 个绵羊品种间的遗传一致度(对角线上方)及遗传距离(对角线下方)
Table 3 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among seven sheep breeds

	湖羊 Hu	哈萨克羊 Hazake	巴音布鲁克 Bayinbuluke	阿勒泰羊 Altay Fat-rumped	白藏羊 Baizang	黑藏羊 Heizang	晋中羊 Jinzhong
湖羊 Hu		0.6794	0.6023	0.6404	0.5729	0.6861	0.7144
哈萨克羊 Hazake	0.3865		0.7559	0.8034	0.6619	0.7270	0.6837
巴音布鲁克 Bayinbuluke	0.5069	0.2799		0.7408	0.6486	0.6780	0.5907
阿勒泰羊 Altay Fat-rumped	0.4457	0.2189	0.3000		0.6492	0.7199	0.6467
白藏羊 Baizang	0.5571	0.4127	0.4329	0.4320		0.6833	0.5670
黑藏羊 Heizang	0.3767	0.3189	0.3886	0.3286	0.3808		0.6827
晋中羊 Jinzhong	0.3363	0.3802	0.5264	0.4359	0.5674	0.3817	

湖羊原称吴羊(郑丕留等, 1989), 关于其系统来源, 许多学者都进行了研究。李群(1997)根据大量的古文献及考古资料研究表明湖羊应来源于蒙古羊, 这与郑丕留等(1989)的研究及安志云和李有龙(1995)的论证相一致; 耿荣庆等(2002)从分子生物学的水平上进一步论证了这个事实。据郑丕留等(1989)介绍, 晋中羊主要分布于山西, 来源于蒙古

羊。本文中湖羊与晋中羊的聚类与其形成历史一致。哈萨克羊是我国三大粗毛绵羊品种之一; 阿勒泰羊又称阿勒泰大尾羊, 是从哈萨克羊分化出来的一个当地品种, 以大的脂尾为特点; 巴音布鲁克羊又称茶腾羊, 属肉脂兼用粗毛羊品种。三者聚为一类, 聚类结果与这些羊的形成史、分化及地理分布一致。贾斌等(2003)用 10 个微卫星对 8 个新疆绵羊品种

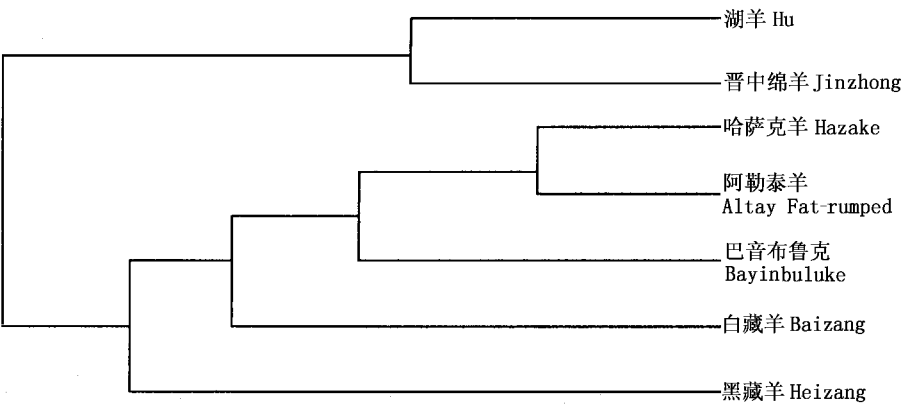


图 1 根据遗传距离构建的 7 个绵羊品种的 UPGMA 树
Fig. 1 The UPGMA dendrogram of seven sheep breeds based on genetic distance

的聚类结果表明, 哈萨克羊与阿勒泰羊的遗传关系很近, 这与本实验的结果相吻合。属于藏羊系的青海白藏羊及黑藏羊相继与新疆品种聚在一起, 与其地理分布也较一致。

迄今为止, 国内外研究者仍然没有对我国传统分类的哈萨克羊系、蒙古羊系和藏羊系绵羊放在一起进行系统研究。对属于蒙古羊系的湖羊品种, 其历史地位已不容置疑(耿荣庆等, 2002; 孙伟等, 2003a, b); 而藏系绵羊的基因组 DNA 的分子标记分析还未见系统报道(杨晓军等, 2002)。这种情况限制了对藏系绵羊各群体间的亲缘关系以及其起源和遗传分化的深入了解, 也难以准确区分其品种(类型), 更不利于定向培育新品种(系、群)和合理开发利用这种家畜的遗传资源。因此今后很有必要在各个水平上对藏系绵羊的遗传多样性进行更深入的研究。

鉴于以上结论, 我们认为有必要对我国传统的三大羊系统进一步运用其它分子生物学技术(比如线粒体 DNA, SNP, cSNP)进行系统研究, 然后结合微卫星标记技术综合分析, 提出更为可靠和确切的结论。

参考文献

An, Z. Y. (安志云) and Li, Y. L. (李有龙). 1995. Investigation and verification about feeding history of Hu sheep. *Agricultural History of China* (中国农史), **14**(1): 102 – 103. (in Chinese)

Arranz, J. J., Bayon, Y. and San Primitivo, F. 1998. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. *Animal Genetics*, **29**: 435 – 440.

Arranz, J. J., Bayon, Y. and San Primitivo, F. 2001. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellite.

Genetics Selection Evolution, **33**: 529 – 542.

Baker, J. S. F. 1994. A global protocol for determining genetic distance among domestic livestock breeds. *Proceedings of the 5th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production*, Aug. 7 – 12, Vol. 21, 501 – 508.

Botstein, D., White, R. L. and Skolnick, M. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, **32**: 314 – 331.

Crawford, A. M., Dodds, K. G. and Ede, A. J. 1995. An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. *Genetics*, **140**: 703 – 724.

Chu, M. X. (储明星), Cheng, J. H. (程金华) and Guo, W. (过伟). 2001. Preliminary studies of microsatellite markers OarAE101 and BM1329 in five sheep breeds. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), **28**: 510 – 517. (in Chinese with English abstract)

Geng, R. Q. (耿荣庆), Chang, H. (常洪), Yang, Z. P. (杨章平) and Sun, W. (孙伟). 2002. Study on origin and phylogeny status of Hu sheep. *Journal of Northwest Science-Technology University of Agriculture and Forestry* (西北农林科技大学学报), **30**(3): 21 – 28. (in Chinese with English abstract)

Gutiérrez-Espeleta, G. A., Kalinowski, S. T., Boyce, W. M. and Hedrick, P. W. 2000. Genetic variation and population structure in desert bighorn sheep: implication for conservation. *Conservation Genetics*, **1**: 3 – 15.

Jia, B. (贾斌), Chen, J. (陈杰), Zhao, R. X. (赵茹茜), Luo, Q. J. (雒秋江) and Yan, G. Q. (剡根强). 2003. Microsatellite analysis of genetic diversity and phylogenetic relationship of eight sheep breeds in Xinjiang. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), **30**: 847 – 854. (in Chinese with English abstract)

Li, Q. (李群). 1997. Discussion on the source and history of Hu sheep again. *Agricultural History of China* (中国农史), **16**(2): 91 – 95. (in Chinese)

- Luikart, G., Biju-Duval, M. P., Ertugrul, O., Zagdsuren, Y., Maudet, C. and Taberlet, P. 1999. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats. *Animal Genetics*, **30**: 431–438.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, **106**: 283–292.
- Slatkin, M. 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, **139**: 457–462.
- Sneath, P. H. A. and Sokal, R. R. 1973. *Numerical Taxonomy: the Principles and Practice of Numerical Classification*. Freeman, San Francisco.
- Stephen, H., Forbes, J., Hogg, T. and Fiona, C. 1995. Microsatellite evolution in congeneric mammals: domestic and bighorn sheep. *Molecular Biology and Evolution*, **12**: 1106–1113.
- Sun, W. (孙伟), Chang, H. (常洪), Ren, Z. J. (任战军) and Yang, Z. P. (杨章平). 2003. Studies on discriminants for phylogenetic extraction of sheep populations in east and south of central Asia. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*(畜牧兽医学报), **34**: 132–138. (in Chinese with English abstract)
- Sun, W. (孙伟), Chang, H. (常洪), Yang, Z. P. (杨章平) and Geng, R. Q. (耿荣庆). 2003. Studies on phylogenetic relationship of sheep population in east and south of central Asia. *Scientia Agricultura Sinica*(中国农业科学), **36**: 94–98. (in Chinese with English abstract)
- Yang, X. J. (杨晓军) and Zhao, Y. Z. (赵有璋). 2002. Review on the genetic diversity of Tibet sheep. *Journal of Gansu Agricultural University*(甘肃农业大学学报), **37**: 395–400. (in Chinese with English abstract)
- Zheng, P. L. (郑丕留), Tu, Y. R. (涂友仁), Jiang, Y. (蒋英) and Feng, W. Q. (冯维祺). 1989. *Sheep Breeds in China*(中国羊品种志). Shanghai Science and Technology Press, Shanghai, 1–26. (in Chinese)

(责任编辑: 周玉荣)

《动物行为原理与物种保护方法》简介

20 世纪末, 人们开始注意到动物行为研究在动物保护中的作用。然而, 关于动物行为与物种保护的研究才刚刚开始, 人们还不甚了解就地 (*in situ*) 保护或者迁地 (*ex situ*) 保护时需要考虑的动物行为学因素。中国的野生动物保护事业起步较晚, 尤其缺少行为学理论与动物保护方面的研究和实践。

2004 年, 由中国科学院动物研究所蒋志刚研究员主编的《动物行为原理与物种保护方法》一书由科学出版社出版。这是国内第一本关于动物行为理论与物种保护实践的著作。作者在查阅大量文献和总结多年研究工作的基础上, 介绍了动物行为学研究历史、行为学研究方法和技术以及行为的激素调节理论等; 详细阐述了动物的采食、繁殖、育幼、玩耍、通讯、聚群、领域、扩散和迁移等行为及其与物种保护的关系。该书还着重探讨了动物行为的时空结构与多样性, 总结了行为与生境元素之间的关系。结合我国诸多自然保护实例, 该书还介绍了行为学研究在自然保护区设计以及人工繁育野生动物放归中的应用。

Eberhard Curio 于 1996 年在 *Trends in Evolution and Ecology* 上发表文章指出, 物种保护离不开动物行为学研究。为了提高物种保护行动的成功, 应当把保证动物行为的正常发育与表达纳入到管理野生动物的工作中。作者结合了自己多年的科研工作经验, 融知识、思维方式、实验技能培养于一体, 重点阐述了学科新理论、新技术、新方法、新进展。适合从事生物学、自然保护、环境保护、行为学和实验生物学的科技工作者、大学生、研究生学习和参考; 对于野生动物保护站、动物园和自然保护区的管理工作者来说, 该书也有较高的参考价值。

(中国科学院动物研究所 李春旺)