

中国绒山羊遗传多样性现状和系统发生关系的微卫星分析

狄 冉^{1,2} 何晓红¹ 韩建林¹ 关伟军¹
浦亚斌¹ 赵倩君¹ 傅宝玲¹ 马月辉^{1*}

1 (中国农业科学院—国际家畜研究所畜禽与牧草遗传资源联合实验室, 北京畜牧兽医研究所, 北京 100094)

2 (中国农业科学院研究生院, 北京 100081)

摘要: 为了调查中国绒山羊遗传资源现状, 作者应用联合国粮农组织和国际家畜研究所推荐的19对微卫星引物并结合荧光PCR技术, 对9个中国地方产绒山羊群体和1个西非山羊品种进行了遗传多样性检测。14个微卫星座位在10个山羊群体中显示为高度多态, 可作为山羊遗传多样性分析的有效标记。多态信息含量和遗传杂合度等数据表明: 目前中国地方产绒山羊群体的遗传多样性较为丰富, 并且大部分保种场较好地保存了这些地方资源。采用非加权配对算术平均法构建的聚类图和采用主成分分析法得到的散点图均显示, 中国山羊与西非山羊为不同的2类; 中国产绒山羊中河谷山羊、河西绒山羊与其他山羊的遗传距离较远; 其他山羊又大致分为2类: 一类由辽宁绒山羊、新疆山羊、柴达木山羊、陕北山羊组成, 另一类由内蒙古绒山羊组成。此研究结果为开展我国地方绒山羊种质特性研究及资源保护和利用提供了科学依据。

关键词: 绒山羊, 微卫星, 遗传多样性, 系统发生

Genetic diversity and phylogenetic relationship of Chinese cashmere goats based on microsatellite DNA markers

Ran Di^{1,2}, Xiaohong He¹, Jianlin Han, Weijun Guan¹, Yabin Pu¹, Qianjun Zhao¹, Baoling Fu, Yuehui Ma^{1*}

1 Chinese Academy of Agricultural Sciences—International Livestock Research Institute Joint Laboratory on Livestock and Forage Genetic Resources, Institute of Animal Sciences, Beijing 100094

2 Graduate School of the Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081

Abstract: Genetic diversity of nine indigenous Chinese cashmere goat populations and one West African breed were investigated using 19 microsatellite DNA markers and fluorescence PCR. The aim was to investigate the status of the genetic resources of Chinese cashmere goats. Fourteen of the microsatellite loci were highly polymorphic and effective markers for analysis of genetic diversity and relationship among goat populations. Analysis of polymorphic information content and genetic heterozygosity showed that the Chinese goat populations have high genetic diversity. Both UPGMA dendrogram and scatter plots of estimates from principal component analyses showed that the Chinese and African goat populations belong to different clades. Among the Chinese goat populations the Hegu and Hexi populations were genetically more distant from the other goat populations. The remaining seven Chinese goat populations were clustered into two clades. The first clade contained Liaoning, Xinjiang, Chaidamu and Shanbei goat populations, while the second clade was made up of goat populations from Inner Mongolia. These results may provide a scientific basis for the characterization, conservation and utilization of Chinese cashmere goats.

Key words: cashmere goat, microsatellite, genetic diversity, phylogenetic relationship

绒山羊是一种重要的经济动物, 所产的绒纤维 细、软、轻而保暖, 被誉为“纤维宝石”。绒山羊主

收稿日期: 2007-05-22; 接受日期: 2007-08-05

基金项目: 国家科技基础条件平台建设项目(2005DKA21101)和“十一五”科技支撑计划(2006BAD13B08)

*通讯作者 Author for correspondence. E-mail: yuehui.ma@263.net

要分布在中国、蒙古、伊朗、阿富汗等国家,其中以我国的数量居多,我国原绒出口量约占国际羊绒贸易量的50%。我国幅员辽阔,自然生态条件复杂多样,育种方向各有侧重,因此逐渐形成了具有不同遗传特性的地方产绒山羊品种。其中,辽宁绒山羊、内蒙古绒山羊(阿拉善型、二郎山型)、西藏山羊等已被列入国家级畜禽遗传资源保护名录中。

近些年来,不少农场为了追求经济效益而对家养动物进行连续定向选择,而且利用亲本数目有限,致使动物的群体遗传结构逐渐改变,总体遗传多样性下降,最终导致种质退化。因此,目前我国地方产绒山羊资源的遗传多样性状况及如何最大限度地保持其遗传多样性,已成为山羊育种者关注的问题之一。近几年,国内学者已经对部分绒山羊品种进行了遗传多样性评价(Yang *et al.*, 1999; 李祥龙等, 2000; Li *et al.*, 2002; 陈世林等, 2002; Jin *et al.*, 2006),但尚未系统地阐述中国产绒山羊品种的遗传多样性问题。

本文采用微卫星分子标记对中国9个地方产绒山羊群体和1个西非山羊群体进行了遗传多样性分析,以期对种质资源的有效保护和利用提供理论依

据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

本实验样本来自10个山羊群体共计417只,每个群体随机采集约50只(其中公羊不少于10只),采集地及样本数目见表1。要求采样个体具备品种的典型特征,并且在三代或二代内没有血缘关系。西非山羊采血数滴均匀地滴在FTA纸的圆圈内,干燥后运回;其他山羊群体均采集面积约0.5 cm²的耳组织块,置于装有70%乙醇的灭菌离心管中。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组DNA提取

参考罗玉柱等(2005)的方法从FTA纸中提取DNA,耳组织采取常规的酚抽提法提取DNA。具体参考《分子克隆实验指南》(第3版)。用分光光度计测定基因组DNA溶液的浓度,然后将浓度调整为50 ng/ μ L左右。

1.2.2 PCR扩增

所用19对引物由世界粮农组织(FAO)(<http://www.fao.org>)和国际家畜研究所(ILRI)推荐,由

表1 10个绒山羊群体来源和采样情况表

Table 1 Names, sampling locations, and sample sizes of 10 goat populations

代码 Code	群体 Population	采集地 Collection location	样本数 Sample size
lkg	辽宁绒山羊 Liaoning cashmere goat	辽宁省宽甸县、盖州市 Kuandian County and Gaizhou City, Liaoning	44
hx	河西绒山羊 Hexi cashmere goat	甘肃省天祝县、肃南县 Tianzhu and Sunan County, Gansu	47
xj	新疆山羊 Xinjiang goat	新疆乌鲁木齐市 Urumqi City, Xinjiang	40
hg	河谷山羊 Hegu cashmere goat	西藏江孜地区 Gjance County, Tibet	46
als	阿拉善绒山羊 Alashan cashmere goat	内蒙古阿拉善盟 Alashan League, Inner Mongolia	38
els	二郎山绒山羊 Erlangshan cashmere goat	内蒙古巴彦淖尔盟 Bayannaor League, Inner Mongolia	43
wz	乌珠穆沁绒山羊 Wuzhumuqin cashmere goat	内蒙古锡林郭勒盟 Xilingol League, Inner Mongolia	35
cdm	柴达木山羊 Cadamu goat	青海省德令哈市 Delingha City, Qinghai	45
sb	陕北山羊 Shanbei goat	陕西省榆林市 Yulin City, Shaanxi	38
westafr	西非山羊 West Africa goat	几内亚比绍国巴法塔市、加布市 Bafata and Gabu City, Guinea Bissau	41

ABI公司合成。

PCR扩增体系为12 μL ，含基因组模板30–50 ng、*Taq*聚合酶(宝生物公司) 1.25 U、2.5 mmol/L dNTP 1 μL 、10 $\mu\text{mol/L}$ 引物0.25 μL 、25 mmol/L Mg^{2+} 1 μL 、10 \times buffer 1.2 μL ，用水补齐至12 μL 。按各引物条件在TAKARA梯度扩增仪上进行扩增。反应程序：95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性5 min，94 $^{\circ}\text{C}$ 变性30 s，50–60 $^{\circ}\text{C}$ 退火30 s，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸30 s，35个循环，72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸10 min。

1.2.3 片段长度测定

PCR产物用ABI3130全自动基因分析仪进行检测，片段长度用仪器自带软件GeneMapper Version 3.7进行分析。

1.2.4 统计分析

采用POPGENE VERSION 1.31计算等位基因频率、杂合度；利用EXCEL MICROSATELLITE TOOLKIT计算多态信息含量(polymorphic information content, *PIC*)；根据FSTAT程序计算*F*-statistics固定指数，并由Benferroni程序计算其显著性；用DISPAN软件包计算Nei's标准遗传距离(D_S)和Nei's遗传距离(D_A)。采用邻接法(neighbor-joining, NJ)和非加权配对算术平均法(unweighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析，利用Bootstrap Test检验所得聚类结果可靠性。用MVSP软件进行主成分分析，验证聚类结果。

2 结果

2.1 微卫星座位多态性

19个微卫星座位中有4个座位(INRA132、SRCRSP7、ILSTS005、ETH10)为中度多态，其多态信息含量(*PIC*)在0.25–0.5之间；MAF209为低度多态，*PIC*<0.25；其余14个座位均为高度多态(表2)，可作为有效的遗传标记用于绒山羊遗传多样性和系统发生关系分析。

2.2 Hardy-Weinberg平衡检验

微卫星DNA本身是选择中性的，不受选择的压力，因此在一个理想群体中各等位基因在群体中的分布频率应该是稳定的。利用Hardy-Weinberg定律检验10个山羊群体的基因平衡状态(所得具体数据略)，发现每个群体均有1/4–1/2的基因座位处于不平衡状态；用*P*值的无偏估测对各座位进行多群体

检测，发现10个群体只在座位SRCRSP3和BM1818上处于平衡状态，而在其他座位都不同程度地偏离平衡。

2.3 群体遗传多样性

以微卫星等位基因频率为基础分析期望杂合度(*He*)、多态信息含量(*PIC*)和有效等位基因数(*E*)(表2)。10个群体的平均多态信息含量均大于0.5，杂合度均值都高于0.55，表明被研究群体的遗传多样性较为丰富。其中新疆山羊的*PIC*最高(0.6584)，西藏河谷山羊的*PIC*最低(0.5090)；共有6个群体的*PIC*值高于西非山羊。但10个群体的平均观察杂合度均明显低于期望杂合度(数值略)。

2.4 群体间遗传关系

2.4.1 *F*-统计量

F-统计量是用来测量群体间遗传分化程度的指标，分析结果见表3。对于整个群体而言存在着极显著的遗传分化，群体间遗传分化系数达到0.085 ($P<0.001$)，并且所有座位都显著地贡献于这一结果 ($P<0.001$)；整个群体内杂合子缺失极显著，群体内近交系数为0.028 ($P<0.01$)。大多数群体表现出极显著的杂合子缺失，这反映了群体内存在一定水平的近交。

2.4.2 聚类分析

根据Nei's的方法计算标准遗传距离(D_S) (Nei, 1972)和遗传距离(D_A)(Nei *et al.*, 1983) (表4)。可见西藏河谷山羊与西非山羊之间的遗传距离最远($D_S = 0.5463$; $D_A = 0.3439$)；就国内群体而言，辽宁绒山羊与河谷山羊遗传距离最远($D_S = 0.2303$; $D_A = 0.2242$)。由群体间遗传距离分析得到的UPGMA聚类图能够更直观地体现群体间关系，而NJ聚类图(文中未列出)自检值较低，不能真实反映群体间亲缘关系。系统进化树(见图1)把中国山羊与西非山羊分为2支；中国山羊中河谷山羊单独为一支，河西绒山羊与其余群体聚为一类。其余群体又可细分为2类：辽宁绒山羊、新疆山羊、柴达木山羊、陕北山羊聚为一类，内蒙古绒山羊为一类。

基于等位基因频率对10个山羊群体进行主成份分析，前5个特征根的累计贡献率分别为：36.478%、54.497%、68.369%、80.167%、87.863%。从前三个主成分的三维坐标图(图2)可以看出，第一主成分把西非山羊独立出来，第二主成分则把河谷

表2 10个山羊群体的19个微卫星座位遗传变异分析结果

Table 2 Estimation of genetic variability of 10 goat populations at 19 microsatellite loci

座位 Locus	指数 Index	群体 Population									
		als	cdm	els	hg	hx	lkg	sb	wz	xj	westafri
BMS1494	<i>He</i>	0.6244	0.5810	0.6227	0.3683	0.4107	0.6120	0.6031	0.6372	0.7419	0.5670
	<i>PIC</i>	0.5593	0.5249	0.5629	0.3267	0.3701	0.5444	0.5570	0.5591	0.6860	0.5253
	<i>E</i>	2.60	2.35	2.59	1.57	1.68	2.53	2.47	2.70	3.73	2.27
FCB304	<i>He</i>	0.8738	0.8947	0.8323	0.7520	0.8417	0.8433	0.8526	0.8968	0.8579	0.7779
	<i>PIC</i>	0.8470	0.8738	0.8004	0.7186	0.8137	0.8149	0.8219	0.8767	0.8289	0.7431
	<i>E</i>	7.24	8.64	5.61	3.90	5.98	6.01	6.29	8.85	6.54	4.30
ILSTS029	<i>He</i>	0.7360	0.3929	0.5824	0.6110	0.3938	0.6432	0.5446	0.5214	0.7282	0.8375
	<i>PIC</i>	0.6830	0.3710	0.5567	0.5245	0.3623	0.5657	0.4974	0.4970	0.6971	0.8066
	<i>E</i>	3.65	1.64	2.35	2.53	1.64	2.75	2.16	2.06	3.56	5.76
INRA132	<i>He</i>	0.3506	0.4353	0.5381	0.5863	0.5843	0.3795	0.4832	0.3950	0.6025	0.6667
	<i>PIC</i>	0.3223	0.3781	0.4832	0.4896	0.4906	0.3047	0.3630	0.3563	0.5284	0.5918
	<i>E</i>	1.53	1.76	2.13	2.38	2.37	1.60	1.91	1.64	2.47	2.92
SRCRSP7	<i>He</i>	0.2696	0.4511	0.5417	0.2644	0.5054	0.5660	0.4851	0.5748	0.5207	0.6201
	<i>PIC</i>	0.2423	0.4030	0.5075	0.2519	0.3749	0.4900	0.4239	0.5433	0.4812	0.5471
	<i>E</i>	1.36	1.81	2.15	1.35	2.00	2.27	1.92	2.32	2.06	2.57
CSR247	<i>He</i>	0.6723	0.8092	0.8238	0.6364	0.7648	0.8783	0.8404	0.8421	0.8563	0.7506
	<i>PIC</i>	0.6223	0.7776	0.7895	0.5835	0.7195	0.8540	0.8090	0.8123	0.8274	0.7119
	<i>E</i>	2.97	5.01	5.38	2.70	4.10	7.59	5.86	5.99	6.48	3.86
FCB20	<i>He</i>	0.7222	0.7913	0.7691	0.5397	0.7378	0.6722	0.6964	0.7977	0.8174	0.6194
	<i>PIC</i>	0.6597	0.7492	0.7213	0.4686	0.6846	0.6280	0.6470	0.7602	0.7808	0.5726
	<i>E</i>	3.47	4.59	4.17	2.15	3.70	2.98	3.19	4.74	5.19	2.57
ILSTS005	<i>He</i>	0.3849	0.5960	0.5616	0.3213	0.3837	0.4898	0.4358	0.5815	0.6137	0.2066
	<i>PIC</i>	0.3586	0.5351	0.4977	0.2943	0.3585	0.4242	0.3894	0.5066	0.5546	0.1910
	<i>E</i>	1.61	2.44	2.25	1.47	1.61	1.94	1.75	2.35	2.54	1.26
MCM527	<i>He</i>	0.6335	0.7800	0.7335	0.7762	0.7320	0.7481	0.8016	0.7242	0.7766	0.5338
	<i>PIC</i>	0.5988	0.7424	0.6962	0.7318	0.6748	0.6992	0.7619	0.6835	0.7325	0.4871
	<i>E</i>	2.67	4.37	3.63	4.30	3.62	3.83	4.76	3.52	4.28	2.11
SPS113	<i>He</i>	0.7090	0.8180	0.8095	0.7398	0.7333	0.8076	0.7530	0.8380	0.7822	0.6829
	<i>PIC</i>	0.6431	0.7817	0.7706	0.6842	0.6816	0.7699	0.7080	0.8072	0.7390	0.6390
	<i>E</i>	3.32	5.23	5.00	3.72	3.64	4.94	3.89	5.82	4.39	3.07
ETH10	<i>He</i>	0.4943	0.2529	0.2137	0.2759	0.2016	0.1133	0.0775	0.2417	0.3440	0.5187
	<i>PIC</i>	0.4353	0.2239	0.1989	0.2357	0.1897	0.1057	0.0749	0.2241	0.3135	0.4451
	<i>E</i>	1.95	1.33	1.27	1.38	1.25	1.13	1.08	1.31	1.51	2.05
FCB48	<i>He</i>	0.7883	0.8655	0.8777	0.6280	0.5852	0.8115	0.8630	0.8693	0.8775	0.7112
	<i>PIC</i>	0.7412	0.8397	0.8535	0.5968	0.5476	0.7791	0.8356	0.8436	0.8523	0.6574
	<i>E</i>	4.47	6.93	7.55	2.64	2.38	5.05	6.73	7.14	7.49	3.36
ILSTS011	<i>He</i>	0.6284	0.6505	0.7415	0.6183	0.7300	0.6162	0.6491	0.7790	0.6320	0.5763
	<i>PIC</i>	0.5430	0.6061	0.6878	0.5720	0.6718	0.5403	0.5991	0.7375	0.5770	0.5083
	<i>E</i>	2.63	2.80	3.74	2.57	3.60	2.56	2.78	4.35	2.66	2.32
MAF70	<i>He</i>	0.8093	0.8224	0.8687	0.5530	0.7863	0.8231	0.7750	0.8223	0.6301	0.7541
	<i>PIC</i>	0.7734	0.7897	0.8432	0.4834	0.7468	0.7882	0.7318	0.7903	0.5900	0.7256
	<i>E</i>	4.96	5.35	7.07	2.21	4.50	5.37	4.24	5.36	2.65	3.92

表2(续) Table 2 (continued)

座位 Locus	指数 Index	群体 Population									
		als	cdm	els	hg	hx	lkg	sb	wz	xj	westafri
SRCRSP3	<i>He</i>	0.6448	0.7723	0.6824	0.6871	0.6669	0.7445	0.6842	0.6881	0.6737	0.6116
	<i>PIC</i>	0.5857	0.7287	0.6237	0.6114	0.6154	0.6878	0.6220	0.6245	0.6125	0.5286
	<i>E</i>	2.75	4.23	3.07	3.12	2.94	3.79	3.08	3.13	2.99	2.53
SRCRS5	<i>He</i>	0.8074	0.7958	0.8471	0.7203	0.8110	0.8245	0.8149	0.8245	0.8365	0.7648
	<i>PIC</i>	0.7682	0.7588	0.8226	0.6594	0.7808	0.7926	0.7770	0.7943	0.8029	0.7197
	<i>E</i>	4.92	4.69	6.14	3.48	5.06	5.41	5.10	5.41	5.74	4.09
MAF209	<i>He</i>	0.2509	0.1061	0.0949	0.0000	0.0000	0.1586	0.1326	0.1039	0.3725	0.4733
	<i>PIC</i>	0.2169	0.0994	0.0910	0.0000	0.0000	0.1517	0.1251	0.0975	0.3087	0.3696
	<i>E</i>	1.33	1.12	1.10	1.00	1.00	1.19	1.15	1.11	1.58	1.88
SRCRS9	<i>He</i>	0.6957	0.8315	0.8389	0.7112	0.7879	0.6862	0.7582	0.7882	0.7804	0.4962
	<i>PIC</i>	0.6475	0.8025	0.8078	0.6620	0.7468	0.6394	0.7158	0.7452	0.7357	0.4641
	<i>E</i>	3.19	5.63	5.85	3.37	4.54	3.11	3.96	4.53	4.35	1.96
BM1818	<i>He</i>	0.7456	0.8424	0.8516	0.8147	0.8199	0.8041	0.7068	0.8691	0.8851	0.7699
	<i>PIC</i>	0.6958	0.8133	0.8231	0.7769	0.7864	0.7731	0.6627	0.8430	0.8613	0.7248
	<i>E</i>	3.78	5.99	6.30	5.15	5.30	4.87	3.29	7.10	7.94	4.17
杂合度均值 Mean of <i>He</i>		0.6232	0.6617	0.6767	0.5609	0.6052	0.6447	0.6309	0.6790	0.7049	0.6284
多态信息含量均值 Mean of <i>PIC</i>		0.5760	0.6210	0.6388	0.5090	0.5587	0.5975	0.5854	0.6370	0.6584	0.5768
平均有效等位基因数均值 Mean of <i>E</i>		3.18	3.99	4.07	2.68	3.21	3.63	3.45	4.18	4.11	3.00

He: 期望杂合度; *PIC*: 多态信息含量; *E*: 平均有效等位基因数。群体代号见表1

He, Expected heterozygosity; *PIC*, Polymorphic information content; *E*, Mean number of effective alleles. Population codes see Table 1.

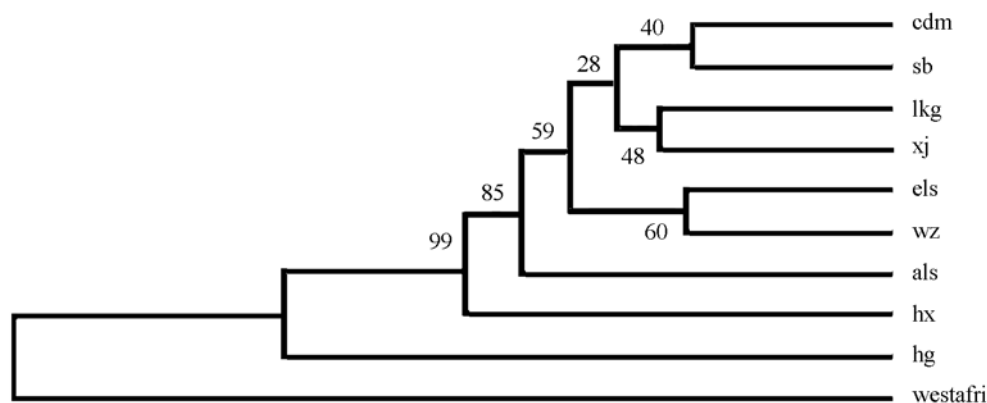


图1 基于Nei's遗传距离(D_A)的10个山羊群体UPGMA聚类图(群体代号见表1)

Fig. 1 UPGMA dendrogram of 10 goat populations based on Nei's genetic distances (D_A). Population codes see Table 1.

山羊与国内其他品种分开, 第三主成分可把河西绒山羊分离开来。第一、四主成分的二维散点图(图3)中第四主成分可将剩余群体分为两类: 内蒙古绒山

羊为一类, 柴达木山羊、新疆山羊、陕北山羊、辽宁绒山羊为一类。这一聚类结果较好地验证了上述系统发生树的可靠性。

表3 10个山羊群体19个微卫星座位的*F*-统计检验

Table 3 *F*-statistics for 10 goat populations at 19 microsatellite loci

基因座位 Locus	所有群体 All population			<i>FIS</i>									
	<i>FIT</i>	<i>FST</i>	<i>FIS</i>	als	cdm	els	hg	hx	lkg	sb	wz	xj	westafri
BMS1494	0.199**	0.136***	0.073*	0.271*	0.010	-0.130	-0.087	-0.221 [#]	0.089	0.014	0.129	0.311**	0.166
FCB304	0.120**	0.091***	0.032	0.104	0.012	-0.022	-0.100	-0.139 [#]	0.085	0.018	0.129*	0.127*	0.133
ILSTS029	0.174**	0.103***	0.080**	0.231*	0.192*	0.079	-0.042	-0.188 [#]	-0.049	0.229*	0.042	0.143*	0.122
INRA132	0.439**	0.078***	0.392**	0.464**	0.469***	0.479***	0.320**	0.165	0.564***	0.500**	0.461***	0.827***	-0.067
SRCRSP7	0.319**	0.068***	0.273**	0.074	0.800***	0.553***	0.240**	-0.594 ^{###}	0.708***	0.143	0.539***	0.040	0.015
CSRD247	0.031	0.072***	-0.043	-0.097	-0.016	-0.045	-0.145	-0.076	-0.036	0.061	0.045	-0.052	-0.129
FCB20	0.079**	0.087***	-0.008	-0.069	0.140	0.094	-0.048	-0.302 ^{###}	-0.049	0.069	-0.008	0.022	0.090
ILST005	-0.025	0.047***	-0.075	0.250*	-0.234	0.045	-0.152	0.058	-0.209	0.008	-0.047	-0.215 [#]	-0.090
MCM527	0.074**	0.063***	0.012	-0.024	0.107	0.036	-0.110	-0.010	0.031	0.047	0.037	-0.091	0.137
SPS113	0.069**	0.050***	0.021	0.130	0.132	0.059	-0.128	-0.092	-0.027	0.128	0.029	-0.050	0.049
ETH10	0.198**	0.247***	-0.065	-0.206	-0.144	-0.089	-0.184	-0.079	-0.051	-0.018	0.267	0.056	-0.061
FCB48	0.081**	0.100***	-0.020	0.040	0.108	-0.007	-0.179 [#]	-0.092	-0.032	0.061	-0.051	0.061	-0.168 [#]
ILSTS011	0.111**	0.139***	-0.032	0.080	0.057	-0.035	-0.091	-0.050	-0.145	0.016	0.030	-0.029	-0.174
MAF70	0.068**	0.076***	-0.008	0.066	0.005	0.010	-0.142	-0.166 ^{##}	0.146*	-0.076	0.075	-0.032	-0.028
SRCRSP3	0.038	0.051***	-0.014	0.096	0.022	0.184*	-0.205 [#]	-0.118	-0.095	-0.027	0.157	-0.153	0.043
SRCRSP5	0.065**	0.049***	0.017	0.121	-0.090	0.067	-0.241 ^{###}	-0.076	0.008	0.240**	0.036	0.050	0.108
MAF209	0.194**	0.152***	0.053	-0.156	0.374	0.231	-	-	0.252	0.375	-0.047	0.061	-0.057
SRCRSP9	0.110**	0.110***	-0.003	-0.050	0.011	0.086	-0.195 [#]	-0.136 [#]	-0.086	0.048	-0.033	0.022	0.512** *
BM1818	0.055**	0.058***	-0.004	0.022	0.051	0.026	-0.092	-0.144 [#]	0.163*	0.043	-0.020	-0.074	0.035
ALL	0.110**	0.085***	0.028**	0.068**	0.076***	0.070***	-0.099	-0.124	0.049**	0.083***	0.075***	0.049**	0.034

FIT: 整个群体的个体固定系数; *FST*: 所有群体内各个亚群体的固定系数; *FIS*: 亚群体内的个体固定系数。群体代码同表1。杂合度缺乏的显著性水平: * $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$; 杂合度增加的显著性水平: # $P < 0.05$; ## $P < 0.01$; ### $P < 0.001$ 。

FIT, Fixation indices of total population; *FST*, Fixation index resulting from comparing subpopulations to the total population; *FIS*, Fixation indices of subpopulation. Significant levels of deficit in heterozygotes: * $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$; Significant levels of excess in heterozygotes: # $P < 0.05$; ## $P < 0.01$; ### $P < 0.001$. Population codes see Table 1.

表4 10个山羊群体间的Nei's标准遗传距离(D_s , 对角线上方)和Nei's遗传距离(D_A , 对角线下方)Table 4 Nei's standard genetic distance (D_s , above the diagonal) and Nei's genetic distance (D_A , below the diagonal) among 10 goat populations

	als	cdm	els	hg	hx	lkg	sb	wz	xj	westafri
als		0.1032	0.0922	0.1960	0.2226	0.1380	0.1059	0.1264	0.1412	0.4495
cdm	0.1103		0.0495	0.1678	0.1399	0.0913	0.0521	0.0741	0.0888	0.4856
els	0.1006	0.0679		0.1830	0.1434	0.1063	0.0653	0.0424	0.1036	0.4382
hg	0.1927	0.1730	0.1884		0.2754	0.2303	0.1749	0.2293	0.2293	0.5463
hx	0.1638	0.1165	0.1362	0.2222		0.1843	0.1591	0.1766	0.1968	0.4120
lkg	0.1538	0.0941	0.1061	0.2242	0.1478		0.0539	0.1745	0.0959	0.4999
sb	0.1156	0.0637	0.0844	0.1973	0.1512	0.0702		0.1341	0.0965	0.4753
wz	0.1215	0.0843	0.0677	0.2100	0.1418	0.1510	0.1266		0.1228	0.4561
xj	0.1422	0.0980	0.1061	0.2224	0.1509	0.0781	0.0995	0.1190		0.4889
westafri	0.2908	0.2879	0.2713	0.3439	0.2875	0.3195	0.2885	0.2614	0.2944	

群体代码同表1 Population codes see Table 1

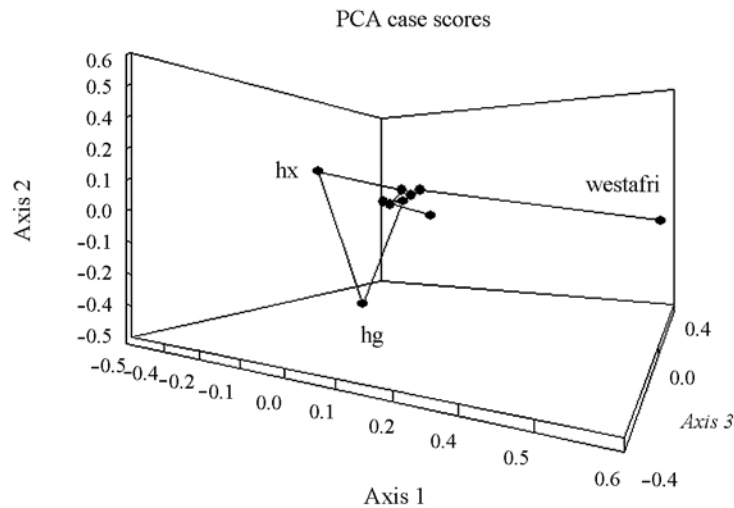


图2 10个山羊群体前三个主成分的三维散点图。Axis 1、Axis 2、Axis 3分别代表第1主成分、第2主成分、第3主成分。hg: 西藏河谷山羊; hx: 河西绒山羊; westafri: 西非山羊。

Fig. 2 Three-dimensional scatter plot of the first three principal factors for 10 goat populations. Axis 1, Axis 2, and Axis 3 represent the first three principal factors, respectively. hg, Hegu cashmere goat; hx, Hexi cashmere goat; westafri, West Africa goat.

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

本研究的样本中有4个品种被列入国家级畜禽遗传资源保护名录中, 分别是以产绒量大著称的辽宁绒山羊, 绒纤维品质优良的阿拉善绒山羊、二郎山绒山羊和适应能力较强的西藏河谷山羊。保护这些种质资源的首要工作是进行遗传多样性评估, 本研究结果表明中国绒山羊群体的遗传多样性较为丰富, 具有很大的保种潜力; 同时也反映出各个保种场较好的保种效果, 实现了尽量保留未来可利用

遗传基因的保种初衷。本研究所得遗传多样性指标的范围与国内其他山羊品种基本一致(Li *et al.*, 2002; 汪志国等, 2006; 张爱玲等, 2006), 但和国外山羊品种有一定差异。Canon (2006)报道, 土耳其3个山羊品种的杂合度在0.75以上, 而欧洲山羊品种杂合度在0.59–0.765之间; Saitbekova等(1999)检测的8个瑞士山羊平均期望杂合度为0.51–0.58; 印度地方山羊的杂合度则在0.45–0.69之间(Aggarwal, 2007)。由此可见, 中国绒山羊的遗传多样性低于中东山羊品种, 但高于亚洲、欧洲和非洲的部分品种。鉴于绒山羊品质优异且遗传基础较广泛, 中国绒山

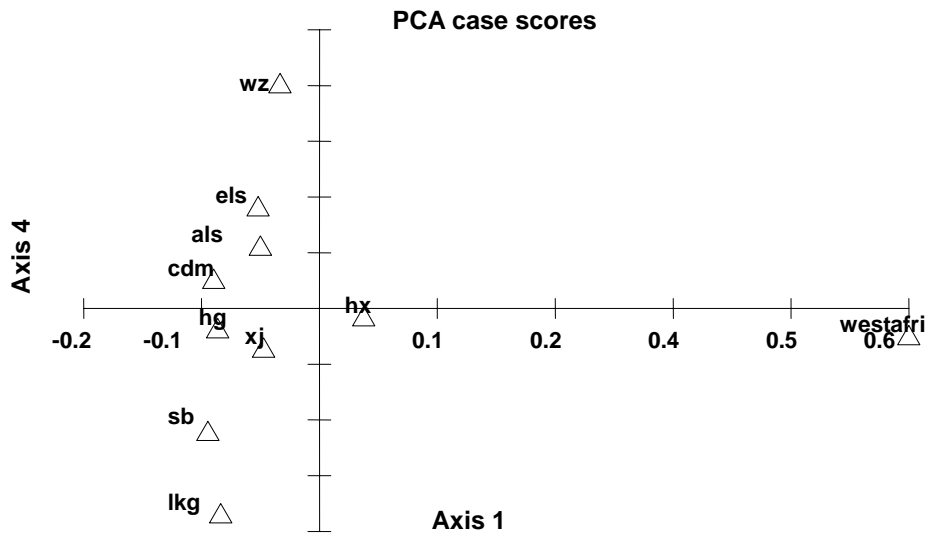


图3 10个山羊群体第1、4主成分二维散点图(Axis 1、Axis 4分别代表第1主成分、第4主成分。图中英文代码所对应的群体名称同表1)

Fig. 3 Two-dimensional scatter plot of the first and fourth factors for 10 goat populations. Axis 1 and Axis 4 represent the first and the fourth principal factor, respectively. Population codes see Table 1.

羊作为特色种质资源应该得到有效的保护和利用。

本研究中新疆山羊的遗传多样性最高,这可能与它的培育历史和非定向选育有关。新疆各地自古以来就有饲养山羊的历史。公元2世纪中期丝绸之路开通后,新疆成为我国和中亚进行经济、文化交流的枢纽,这也为大量引进中亚地区的山羊提供了可能。从育种角度来说,新疆山羊是一个在民间广泛饲养,肉、毛、绒、乳兼用的地方品种,这些因素都可能成为新疆绒山羊遗传多样性高的原因。张爱玲等(2006)利用19个微卫星标记分析南疆山羊的多态信息含量为0.6856,与本研究结果相吻合。

西藏河谷山羊遗传多样性相对低,并且有5个座位不符合Hardy-Weinberg平衡,表明该品种资源的多样性已受到一定程度的破坏。出现这种现象的原因可能是长期的地理隔离和生殖隔离,加之保种群数量较小,导致群体的同质性加大。

3.2 群体结构

中国产绒山羊群体的平均观察杂合度明显低于期望杂合度,大多数基因座处于Hardy-Weinberg不平衡状态且群体表现出一定程度的杂合子缺失,这些都暗示群体内可能存在一定程度的近交。在相近生态区域内山羊品种分布界线有时不太分明,尤其是放牧和市场交易过程中基因交流机会较多,加

之公母混养的自由配种方式,易表现出纯合化效应(陈幼春, 2001);另一方面,当种群数量较少时公羊血统来源比较单一,会造成近交程度不断升高,致使微卫星基因座有效等位基因数目较少、观察杂合度较低(Li *et al.*, 2002; Zenger & Richardson, 2003)。

3.3 群体间遗传关系

本研究运用两种聚类方法得到的结果基本一致,而且这一聚类结果与山羊的地理分布和育成史相吻合。据《中国羊品种志》介绍,西藏山羊是高原、高寒地区的一个古老地方品种;又据《巴协》(公元815–857年)记载,北后恋之库(藏文地名)处处牦牛鼻吼,马在嘶鸣,山羊喷嚏。可见西藏山羊有很长的饲养历史。另外,西藏山羊产于青藏高原地区,地理位置比较偏僻,与外界交流较少,因此与国内其他群体间的遗传关系较远。陈世林(2002)利用RAPD技术对西藏绒山羊、内蒙绒山羊、辽宁绒山羊的遗传距离的测定结果也支持这一观点。由于河谷山羊与辽宁绒山羊遗传距离最远,所以在育种实践中可充分发挥它们的杂交优势进行配套利用,培育新品种(系),以提高我国绒山羊品种的生产性能。

在聚类图中,辽宁绒山羊、柴达木山羊、新疆山羊、陕北山羊聚为一类,这一结果可从近些年绒山羊的培育历史中得到解释:20世纪80年代以来,

陕西、新疆、山西、宁夏、青海等省区相继开展了利用辽宁绒山羊改良本地山羊的工作,因此辽宁绒山羊与其他几个群体的遗传距离较近。赵艳红(2007)通过分析30个微卫星座位将内蒙古绒山羊聚为一类,辽宁绒山羊与陕南山羊聚为一类,与本实验结论一致。

3.4 绒山羊遗传改良和保护策略

我国绒山羊资源较为丰富,但长期以来对优良性状的选择育种已使绒山羊的群体结构有所改变,表现出不同程度的近交。因此保种场应该利用家系间随机交配或保种群体内随机交配的手段,通过采取保种场间和保种区间个体交换的办法来增加保种群体的遗传基础,同时保种场内尽量不作有方向性的选择。对于一些被隔离的小种群,应扩大其分布区域,相互建立起一定的基因交流,改善现存的种群状况;另外应选取遗传多样性丰富的个体作为亲本进行扩繁和再引入。另外,针对绒山羊遗传变异主要来源于群体内部但群体间分化已达显著这一特性,我们必须在重视保存群体内不同类型个体的同时保存不同区域的群体。

参考文献

- Aggarwal RAK, Dixit SP, Verma NK, Ahlawat SPS, Kumar Y, Kumar S, Chander R, Singh KP (2007) Population genetics analysis of Mehsana goat based on microsatellite markers. *Current Science*, **92**, 1133–1137.
- Canon J, García D, García-Atance MA, Obexer-Ruff G, Lenstra JA, Ajmone-Marsan P, Dunner S (2006) Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics*, **37**, 327–334.
- Chen SL (陈世林), Zhao SH (赵书红), Zhu MJ (朱猛进), Li YJ (李永军), Yu M (余梅), Li MH (李孟华), Li K (李奎) (2002) Studies on random amplified polymorphic DNA (RAPD) of cashmere goats. *Hubei Agricultural Science* (湖北农业科学), **41**, 76–78. (in Chinese with English abstract)
- Chen YC (陈幼春), Cao HH (曹红鹤), Li HB (李宏滨) (2001) Application of random-locating sampling in subpopulation of animal breed. *Journal of Yellow Cattle Science* (黄牛杂志), **27** (1), 1–3. (in Chinese with English abstract)
- Jin M, Guo CL, HU JH, Gao WB, Wang W (2006) Correlation analysis of economic traits in Liaoning new breed of cashmere goats using microsatellite DNA markers. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), **33**, 230–235.
- Li MH, Zhao SH, Bian C, Wang HS, Wei H, Liu B, Yu M, Fan B, Chen SL, Zhu MJ, Li SJ, Xiong TA, Li K (2002) Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genetics Selection Evolution*, **34**, 729–744.
- Li N (李宁) (2002) *Animal Genetics* (动物遗传学), 2nd edn. Chinese Agricultural Press, Beijing. (in Chinese)
- Li XL (李祥龙), Zhang YP (张亚平), Chen SO (陈圣偶), Zeng FT (曾凡同), Qiu XP (邱祥聘), Liu XM (刘相模) (2000) Study on the random amplified polymorphic DNA (RAPD) of main native goat breeds in China. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica* (畜牧兽医学报), **31**, 416–422. (in Chinese with English abstract)
- Luo YZ (罗玉柱), Cheng SR (成述儒), Lkhagva B, Badamdorj D, Hanotte O, Han JL (韩建林) (2005) Origin and genetic diversity of Mongolian and Chinese sheep using mitochondrial DNA D-loop sequences. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), **32**, 1256–1265. (in Chinese with English abstract)
- Nei M (1972) Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, **106**, 283–292.
- Nei M, Tajima F, Tatenno Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, **19**, 153–170.
- Saitbekova N, Gaillard C, Obexer-Ruff G, Dolf G (1999) Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, **30**, 36–41.
- Wang ZG (汪志国), Yang ZP (杨章平), Ma YH (马月辉), Wang QH (王庆华), Mao YJ (毛永江), Chang H (常洪), Zhou QL (周群兰), Xu M (许明) (2006) Analysis of genetic diversity among seven goat population in the middle and lower Yangtze River valley and east and south mainland near the sea. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica* (畜牧兽医学报), **37**, 1–6. (in Chinese with English abstract)
- Yang L, Zhao SH, Li K, Peng ZZ, Montgomery GW (1999) Determination of genetic relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. *Animal Genetics*, **30**, 452–455.
- Zerger KR, Richardson BJ (2003) A rapid population expansion retains genetic diversity within European rabbit in Australia. *Molecular Ecology*, **12**, 789–794.
- Zhang AL (张爱玲), Ma YH (马月辉), Li HB (李宏滨), Guan WJ (关伟军), Pu YB (浦亚斌), Zhang YH (张英汉), Chen H (陈宏), Zhao QJ (赵倩君), He XH (何晓红) (2006) Genetic diversity of six Chinese indigenous goat breeds using microsatellite analysis. *Journal of Agricultural Biotechnology* (农业生物技术学报), **14**, 38–44. (in Chinese with English abstract)
- Zhao YH (赵艳红), He XH (何晓红), Guan WJ (关伟军), Pu YB (浦亚斌), Li JQ (李金泉), Ma YH (马月辉) (2007) Analysis of genetic diversity of Chinese six goat breeds by microsatellite markers. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica* (畜牧兽医学报), **38**, 20–24. (in Chinese with English abstract)

(责任编辑: 张细权 责任编辑: 时意专)