

# 利用结构基因座分析中国蒙古羊系统内部分不同生态型绵羊品种遗传分化关系及距离隔离机制

孙伟<sup>1,2</sup>, 常洪<sup>2</sup>, 廖信军<sup>3</sup>, 角田健司<sup>4</sup>, 杨章平<sup>2</sup>, 关伟军<sup>1</sup>, 马月辉<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193, 中国; <sup>2</sup>扬州大学动物科学与技术学院, 江苏扬州 225009, 中国;

<sup>3</sup>井冈山大学生命科学学院, 江西吉安 343009, 中国; <sup>4</sup>日本昭和大学医学部, 东京 142-8555, 日本)

**摘要:** 【目的】探讨蒙古羊系统内部分品种间的遗传分化关系, 揭示蒙古羊系统内主要不同生态型地方绵羊品种形成的地理距离隔离机制。【方法】以中国蒙古羊系统内 5 个地方绵羊品种, 湖羊、同羊、小尾寒羊、滩羊和洼地绵羊为研究对象, 以多座位电泳法检测 5 个地方绵羊品种的 20 个结构基因座 (包括 Al、Gc、Tf、Cp、Alp、Ary-Es、Lap、Hb- $\alpha$ 、Hb- $\beta$ 、Xp、CA、Dia-I、Dia-II、MDH、GPI、EsD、 $\alpha_2$ -M、Cat、Ly 和 Ke) 的变异。【结果】5 个绵羊群体间的系统发生关系不满足距离隔离模式, 绵羊群体间的遗传分化关系的远近与其地理分布并未表现出紧密的线性相关。【结论】5 个绵羊品种分别起源于不同时期的蒙古羊始祖群体, 同时在品种间存在一定程度的基因交流, 并在各自特有的生态环境中经历不同程度的自然选择和人为选择培育而成。

**关键词:** 蒙古羊系统; 不同生态型; 遗传分化; 距离隔离

## Analysis on Genetic Diversity and Isolation Mechanism by Distance of Some Different Ecological Type Sheep Breeds in Mongolia Group Using Structural Loci

SUN Wei<sup>1</sup>, CHANG Hong<sup>2</sup>, LIAO Xin-jun<sup>3</sup>, TSUNODA Kenji<sup>4</sup>, YANG Zhang-ping<sup>2</sup>, GUAN Wei-jun<sup>1</sup>, MA Yue-hui<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China; <sup>2</sup>Animal Science & Technology College, Yangzhou University, Yangzhou 225009, Jiangsu, China; <sup>3</sup>Life Science College of Jinggangshan University, Ji'an 343100, Jiangxi, China; <sup>4</sup>School of Medicine Showa University, Tokyo 142-8555, Japan)

**Abstract:** 【Objective】 The objective of this study was to discuss the genetic differentiation and the isolation mechanism by distance of some different ecological type sheep breeds in Mongolia Group. 【Method】 Five populations including Hu sheep, Tong sheep, small-tailed Han sheep, Tan sheep and Wadi sheep were determined electrophoretically and iondensitometrically the constitution of allele frequencies at twenty blood protein and no-protein loci (Al, Gc, Tf, Cp, Alp, Ary-Es, Lap, Hb- $\alpha$ , Hb- $\beta$ , Xp, CA, Dia-I, Dia-II, MDH, GPI, EsD,  $\alpha_2$ -M, Cat, Ly and Ke); 【Result】 The phylogenetic relationships of five sheep populations in this study did not meet the mechanism of isolation by distance, and the genetic differentiation relationships among 5 sheep populations were not closely linearly correlative with their geography distribution; 【Conclusion】 The findings supported the related records in literature, the five populations originated on different time stage from the primogenitor population and communicated genetically with each other thereafter in the process of natural and artificial selection and on different ecological environment.

**Key words:** mongolia sheep group; different ecological type; genetic differentiation; isolation by distance

## 0 引言

【研究意义】按照经典动物学分类, 中国固有绵

羊品种分为 3 大系统: 蒙古羊系统、西藏羊系统和哈萨克羊系统<sup>[1]</sup>。蒙古羊系统中各绵羊品种在中国地方绵羊基因库中居于重要位置, 对其它绵羊品种的选育、

收稿日期: 2008-04-17; 接受日期: 2008-10-29

基金项目: 国家科技基础条件平台项目 (2005DKA21101)、国家自然科学基金国际合作项目 (30410103150)、中国博士后科学基金项目 (20080430470)、江苏省自然科学基金项目 (BK2007556)、“十一五”国家科技支撑计划重点项目 (2008BADB2B04)、江苏省政府留学奖学金、江苏省高校“青蓝工程”培养基金和扬州大学“新世纪人才工程”培养基金项目

作者简介: 孙伟 (1972—), 江苏睢宁人, 副教授, 博士, 研究方向为羊品种遗传资源与分子标记育种。E-mail: dxmsunwei@163.com。通信作者马月辉 (1964—), 男, 吉林伊通人, 研究员, 博士, 研究方向为动物遗传资源。E-mail: yuehui.ma@263.net; 常洪 (1939—), 男, 四川成都人, 教授, 研究方向为动物遗传资源。E-mail: hoch@yzcn.net

改良具有一定影响力,也是进一步培育中国特有的、具有国际竞争力的地方绵羊品种的主要遗传素材。揭示蒙古羊系统内主要地方绵羊品种的遗传分化关系,对于蒙古羊系统内各品种遗传评价、亲缘关系的界定,进一步合理利用与保护具有重要参考价值。【前人研究进展】以有的研究主要针对蒙古羊系统内部分地方绵羊群体的形态及生态特征、遗传多样性、亲缘关系、品种形成的考证等方面<sup>[2-18]</sup>,其中涉及部分品种的遗传多样性和遗传分化探讨,但由于采用的标记和判型标准不同,文献资料间相互借鉴时存在一定的局限性。

【本研究切入点】蒙古羊系统内地方绵羊品种各异,分布地域极广,各品种分布的自然生态条件差异较大,就其起源与分化而言,说法不一,有许多未解决的问题,如蒙古羊系统内各绵羊品种间的关系,蒙古羊影响其它地方品种形成的趋势,蒙古羊系统内主要地方绵羊品种形成的地理距离隔离机制等,这些问题需进一步研究。【拟解决的关键问题】本试验利用多种电泳法检测 20 个结构基因座上的遗传变异,根据国际通用的标准判型,探讨蒙古羊系统内 5 个地方绵羊品种的遗传结构,探讨各品种间的遗传分化关系,揭示蒙古羊系统内主要地方绵羊品种形成的地理距离隔离机制。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

在山东省济宁市梁山县(小尾寒羊中心产区)、宁夏回族自治区盐池县滩羊保种场(滩羊中心产区)、山东省东营市(洼地绵羊中心产区)、浙江省湖州市炼市镇长港村和建新村(湖羊中心产区)和陕西省白水善化乡(同羊中心产区),采用典型群随机抽样的方法,避免有可追溯亲缘关系的 2 个及 2 个以上个体一并进入样本。其中小尾寒羊样本规模 60 只,滩羊 73 只,洼地绵羊 76 只,湖羊 63 只,同羊 65 只。颈静脉采血 8 ml,装入有抗凝剂的离心管,离心(3 000 r/min, 5~10 min)分离血清,加入与剩余血样等体积的 0.85%生理盐水洗涤,离心(3 000 r/min, 5~10 min) 2~3 次,最后加入 1~1.5 倍体积的蒸馏水制成溶血液,装瓶,4℃低温带回实验室,-20℃保存备用。

### 1.2 检测方法

按照参考文献<sup>[19~29]</sup>,以淀粉凝胶电泳法检测血清白蛋白(Alb)、后白蛋白(Gc)、转铁蛋白(Tf)、碱性磷酸酶(Alp)、亮氨酸氨肽酶(Lap)、芳香基酯酶(Ary-Es)、编码血红蛋白 $\alpha$ 链(Hb- $\alpha$ )、编码血红蛋白 $\beta$ 链(Hb- $\beta$ )、X-蛋白(X-p)、碳酸酐酶

(CA)、过氧化氢酶(Cat)、慢- $\alpha_2$ -巨球蛋白( $\alpha_2$ -M)、铜蓝蛋白(Cp)、心肌黄酶-I(Dia-I)、心肌黄酶-II(Dia-II)、苹果酸脱氢酶(MDH)、葡萄糖磷酸异构酶(GPI)和酯酶D(EsD);以干燥的醋酸纤维薄膜作为支持体检测赖氨酸(Ly);原子吸收法检测血钾(Ke),共计 20 个血液蛋白质和酶座位,采用周边各国通用的判型标准判型<sup>[22-23,29]</sup>。

### 1.3 统计分析

1.3.1 各品种座位基因频率估计、精确度和可靠性分析 等位基因频率的计算采用平方根法及计数法<sup>[29]</sup>,中对于结构基因座中 Ary-Es、Alp、Lap、Ly、X-p、Ke 6 个座位采用平方根法,其它座位如 Alb、Tf、Hb- $\beta$ 、MDH、Cat、EsD、Gc、CA、Dia-I、Dia-II、Hb- $\alpha$ 、Cp、 $\alpha_2$ -M 14 个座位采用计数法。

1.3.2 可靠性及相对偏差计算 按下列公式计算估计值不偏离实有值 0.5 倍的可靠性( $\beta$ )以及可靠性达到 0.9545 时的相对偏差( $\eta$ )<sup>[30]</sup>

$$\beta = \int_0^{\lambda} \frac{2e^{-\lambda^2}}{\sqrt{2\pi}} d\lambda \quad \eta = 2 \left[ V(p)^{\frac{1}{2}} \right] P^{-1}$$

$P$ 、 $V(p)$  分别为基因频率及其方差; $\lambda$  为估计值的标准偏差,适合于第一式的标准偏差  $\lambda = 0.5 \div [V(p)]^{\frac{1}{2}}$ 。

1.3.3 聚类分析 分别利用 NTSYSpc 软件<sup>[31]</sup>UPGMA 聚类分析,探讨群体间遗传分化关系。

1.3.4 距离隔离分析 以标准遗传距离<sup>[32-33]</sup>作为自变数( $x$ ),对数地理距离作为依变数( $y$ ),进行距离隔离分析<sup>[34]</sup>,并利用 SPSS 软件<sup>[35]</sup>,建回归方程  $y = \alpha + \beta x$ ,求出两个参数值,对回归方程作差异显著性测验。

## 2 结果与分析

### 2.1 各群体各基因座位频率估计值及其精确度和可靠性估计

由表 1~5 可知,所检测的 5 个绵羊群体 20 个座位中,未发现新的变异体,Alb、Cp、Ca、EsD、 $\alpha_2$ M、Hb- $\alpha$ 、Dia-II、GPI 等 7 个座位在所有群体中已经固定。

所检测的湖羊 20 个座位中,13 个座位存在多型,群体基因频率的样本估计值及其不偏离实际值 0.5 倍的可靠性、可靠性达 0.9545 时的精确度(相对偏差)见表 1。从表 1 可知,湖羊 20 个基因座共计 39 个等位基因,Gc<sup>F</sup>、Tf<sup>B</sup>、Tf<sup>K</sup>、Hb- $\beta^A$ 、CA<sup>F</sup>和 Ke<sup>L</sup>基因频率估计值可靠性分别为 0.5222、0.6922、0.6922、0.8262、

表 1 湖羊各座位基因频率估计、精确度和可靠性

Table 1 The estimates of gene frequencies and their reliability and precision of Hu sheep

座 位 Locus	等位基因 Allele gene	基因频率 $P$ Gene frequencies	方差 $V(p)$ Variance	标准偏差 $\lambda$ Standardized deviation	可靠性 $\beta$ Reliability
Alb	Alb <sup>C</sup>	1	0	$\infty$	1
Gc	Gc <sup>F</sup>	0.0167	$1.368 \times 10^{-4}$	0.7137	0.5222
	Gc <sup>S</sup>	0.9833		42.021	1
Tf	Tf <sup>A</sup>	0.0982	$7.9068 \times 10^{-4}$	1.7461	0.9198
	Tf <sup>B</sup>	0.0357	$3.0737 \times 10^{-4}$	1.0181	0.6922
	Tf <sup>C</sup>	0.2857	$1.8221 \times 10^{-3}$	2.3465	1
	Tf <sup>D</sup>	0.2054	$1.4572 \times 10^{-3}$	2.6903	1
	Tf <sup>E</sup>	0.1518	$1.1496 \times 10^{-3}$	2.2385	0.975
	Tf <sup>F</sup>	0.1875	$1.3602 \times 10^{-3}$	2.5420	0.9889
	Tf <sup>K</sup>	0.0357	$3.0737 \times 10^{-4}$	1.0181	0.6922
Cp	Cp <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Alp	B <sup>+</sup>	0.3945	$1.990 \times 10^{-3}$	4.423	1
	B <sup>-</sup>	0.6055		6.788	1
Ary-Es	Es <sup>+</sup>	0.3292	$1.840 \times 10^{-3}$	3.837	1
	Es <sup>-</sup>	0.6708		7.818	1
Lap	Lap <sup>A</sup>	0.4373	$2.05 \times 10^{-3}$	4.827	1
	Lap <sup>B</sup>	0.5627		6.211	1
Hb- $\beta$	A	0.0574	$4.4349 \times 10^{-4}$	1.3628	0.8262
	B	0.5492	$2.0293 \times 10^{-3}$	6.0957	1
	X	0.3934	$1.9560 \times 10^{-3}$	4.4475	1
X-p	X	0.0993	$8.4377 \times 10^{-4}$	1.7093	0.9128
	x	0.9007		15.5038	11
Dia- I	Dia <sup>F</sup>	0.5084	$1.9838 \times 10^{-3}$	5.7076	1
	Dia <sup>S</sup>	0.4916		5.5186	1
MDH	MDH <sup>F</sup>	0.5	$1.984 \times 10^{-3}$	5.612	1
	MDH <sup>S</sup>	0.5		5.612	1
Cat	Cat <sup>B</sup>	0.2128	$1.7821 \times 10^{-3}$	2.5204	0.9883
	Cat <sup>C</sup>	0.7872		9.3238	1
CA	CA <sup>F</sup>	0.0794	$5.801 \times 10^{-4}$	1.648	0.899
	CA <sup>S</sup>	0.9206		19.111	1
GPI	GPI <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Es-D	Es-D <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Ly	Ly <sup>A</sup>	0.7183	$1.606 \times 10^{-3}$	8.962	1
	Ly <sup>a</sup>	0.2817		3.515	1
Ke	Ke <sup>L</sup>	0.0828	$6.027 \times 10^{-4}$	1.6857	0.9070
	Ke <sup>h</sup>	0.9172		18.6726	1
$\alpha_2M$	MG <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Hb- $\alpha$	Hb- $\alpha^A$	1	0	$\infty$	1
Dia- II	Dia- II <sup>2F</sup>	1	0	$\infty$	1

表2 同羊各基因座位频率估计值、精确度和可靠性

Table 2 The estimates of gene frequencies and their reliability and precision of Tong sheep

座位 Locus	等位基因 Allele gene	基因频率 $P$ Gene frequencies	方差 $V(p)$ Variance	标准偏差 $\lambda$ Standardized deviation	可靠性 $\beta$ Reliability
Alb	Alb <sup>C</sup>	1	0	$\infty$	1
Gc	Gc <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Tf	Tf <sup>A</sup>	0.0781	$5.6250 \times 10^{-4}$	1.6465	0.901
	Tf <sup>B</sup>	0.0625	$4.5776 \times 10^{-4}$	1.4606	0.8558
	Tf <sup>C</sup>	0.25	$1.4648 \times 10^{-3}$	3.2660	1
	Tf <sup>D</sup>	0.0469	$3.492 \times 10^{-4}$	1.2549	0.7888
	Tf <sup>E</sup>	0.4922	$1.9526 \times 10^{-3}$	5.5693	1
	Tf <sup>F</sup>	0.0313	$2.3688 \times 10^{-4}$	1.0168	0.6922
	Tf <sup>K</sup>	0.0234	$1.7853 \times 10^{-4}$	0.8756	0.5222
	Tf <sup>M</sup>	0.0156	$1.1997 \times 10^{-4}$	0.7121	0.9901
Cp	Cp <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Alp	B <sup>+</sup>	0.1497	$9.792 \times 10^{-4}$	2.392	0.9832
	B <sup>-</sup>	0.8503		13.587	1
Ary-Es	Es <sup>+</sup>	0.5196	$1.920 \times 10^{-3}$	5.929	1
	Es <sup>-</sup>	0.4804		5.482	1
Lap	Lap <sup>A</sup>	0.4886	$1.922 \times 10^{-3}$	5.572	1
	Lap <sup>B</sup>	0.5114		5.832	1
Hb- $\beta$	A	0.1746	$1.1438 \times 10^{-3}$	2.5813	0.9901
	B	0.4762	$1.9796 \times 10^{-3}$	5.3514	1
	X	0.3492	$1.8036 \times 10^{-3}$	4.1112	1
X-p	X	0.1129	$8.2093 \times 10^{-3}$	1.9702	0.9512
	x	0.8871		15.4807	1
Dia- I	Dia <sup>F</sup>	0.5218	$1.9184 \times 10^{-3}$	5.9551	1
	Dia <sup>S</sup>	0.4782		5.4589	1
MDH	MDH <sup>F</sup>	0.3615	$1.776 \times 10^{-3}$	4.390	1
	MDH <sup>S</sup>	0.6385		7.576	1
Cat	Cat <sup>B</sup>	0.2846	$1.5662 \times 10^{-3}$	3.5957	1
	Cat <sup>C</sup>	0.7154		9.0385	1
CA	CA <sup>F</sup>	0.0462	$3.390 \times 10^{-4}$	1.255	0.7924
	CA <sup>S</sup>	0.9538		25.903	1
GPI	GPI <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Es-D	Es-D <sup>S</sup>	1	0	0	1
Ly	Ly <sup>A</sup>	0.7519	$1.435 \times 10^{-3}$	9.924	1
	Ly <sup>a</sup>	0.2481		3.275	1
Ke	Ke <sup>L</sup>	0.1773	$1.122 \times 10^{-3}$	2.647	0.9920
	Ke <sup>H</sup>	0.8227		12.280	1
$\alpha_2$ M	MG <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Hb- $\alpha$	Hb- $\alpha^A$	1	0	$\infty$	1
Dia- II	Dia- II <sup>2F</sup>	1	0	$\infty$	1

表 3 小尾寒羊各基因座位频率估计值、精确度和可靠性

Table 3 The estimates of gene frequencies and their reliability and precision of Han sheep

座位 Locus	等位基因 Allele gene	基因频率 $P$ Gene frequencies	方差 $V(p)$ Variance	标准偏差 $\lambda$ Standardized deviation	可靠性 $\beta$ Reliability
Alb	Alb <sup>c</sup>	1	0	$\infty$	1
Gc	Gc <sup>F</sup>	0.0167	$1.3684 \times 10^{-4}$	0.7138	0.5222
	Gc <sup>S</sup>	0.9666	$2.6904 \times 10^{-4}$	29.4653	1
	Gc <sup>V</sup>	0.0167	$1.3684 \times 10^{-4}$	0.7138	0.5222
Tf	Tf <sup>A</sup>	0.1379	$1.0249 \times 10^{-3}$	2.1538	0.9684
	Tf <sup>B</sup>	0.0172	$1.4573 \times 10^{-4}$	0.7124	0.5222
	Tf <sup>C</sup>	0.2500	$1.6164 \times 10^{-3}$	3.1091	0.9981
	Tf <sup>D</sup>	0.2155	$1.4574 \times 10^{-3}$	2.8224	0.9950
	Tf <sup>E</sup>	0.3535	$1.9701 \times 10^{-3}$	3.9821	0.9999
	Tf <sup>F</sup>	0.0172	$1.4573 \times 10^{-4}$	0.7124	0.5222
Cp	Cp <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Alp	B <sup>+</sup>	0.0351	$2.9709 \times 10^{-4}$	1.0182	0.6914
	B <sup>-</sup>	0.9649		27.9903	1
Ary-Es	Es <sup>+</sup>	0.4748	$2.1874 \times 10^{-3}$	5.0759	1
	Es <sup>-</sup>	0.5252		5.6148	1
Lap	Lap <sup>A</sup>	0.6784	$1.9138 \times 10^{-3}$	7.7537	1
	Lap <sup>B</sup>	0.3216		3.6757	0.9998
Hb- $\beta$	Hb- $\beta^A$	0.2917	$1.7509 \times 10^{-3}$	3.4855	0.9995
	Hb- $\beta^B$	0.3583	$1.9485 \times 10^{-3}$	4.0585	1
	Hb- $\beta^X$	0.3500	$1.9280 \times 10^{-3}$	3.9856	0.9999
X-p	X	0.1800	$1.3924 \times 10^{-3}$	2.4119	0.9840
	x	0.8200		10.9874	1
Dia- I	Dia <sup>F</sup>	0.5917	$2.0474 \times 10^{-3}$	6.5384	1
	Dia <sup>S</sup>	0.4083		4.5118	1
MDH	MDH <sup>F</sup>	0.5500	$2.0975 \times 10^{-3}$	6.0046	1
	MDH <sup>S</sup>	0.4500		4.9128	1
Cat	Cat <sup>B</sup>	0.5833	$2.0598 \times 10^{-3}$	6.4261	1
	Cat <sup>C</sup>	0.4167		4.5907	1
CA	CA <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
GPI	GPI <sup>I</sup>	1	0	$\infty$	1
EsD	EsD <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Ly	Ly <sup>A</sup>	1	0	$\infty$	1
Ke	Ke <sup>L</sup>	0.1056	$8.004 \times 10^{-4}$	1.8663	0.9380
	Ke <sup>H</sup>	0.8944		15.8068	1
$\alpha_2M$	MG <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Hb- $\alpha$	Hb- $\alpha^A$	1	0	$\infty$	1
Dia- II	Dia- II <sup>2F</sup>	1	0	$\infty$	1

表4 滩羊各基因座位频率估计值、精确度和可靠性

Table 4 The estimates of gene frequencies and their reliability and precision of Tan sheep

座位 Locus	等位基因 Allele gene	基因频率 $P$ Gene frequencies	方差 $V(p)$ Variance	标准偏差 $\lambda$ Standardized deviation	可靠性 $\beta$ Reliability
Alb	Alb <sup>c</sup>	1	0	$\infty$	1
Gc	Gc <sup>F</sup>	0.0274	$1.8506 \times 10^{-4}$	1.0071	0.6861
	Gc <sup>S</sup>	0.9726		35.7473	1
Tf	Tf <sup>A</sup>	0.0685	$4.3704 \times 10^{-4}$	1.6383	0.8990
	Tf <sup>B</sup>	0.0479	$3.1237 \times 10^{-4}$	1.3551	0.8262
	Tf <sup>C</sup>	0.3288	$1.5116 \times 10^{-3}$	4.2285	1
	Tf <sup>D</sup>	0.1644	$9.4091 \times 10^{-4}$	3.6798	0.9926
	Tf <sup>E</sup>	0.3836	$1.6195 \times 10^{-3}$	4.7660	1
	Tf <sup>G</sup>	0.0068	$4.6259 \times 10^{-5}$	0.4999	0.383
Cp	Cp <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Alp	B <sup>+</sup>	0.0208	$1.4144 \times 10^{-4}$	0.8745	0.6182
	B <sup>-</sup>	0.9792		41.1676	1
Ary-Es	Es+	0.5946	$1.6740 \times 10^{-3}$	7.2664	1
	Es-	0.4054		4.9543	1
Lap	Lap <sup>A</sup>	0.4148	$1.6857 \times 10^{-3}$	5.0515	1
	Lap <sup>B</sup>	0.5852		7.1266	1
Hb- $\beta$	Hb- $\beta^A$	0.1575	$9.2148 \times 10^{-4}$	2.5942	0.9905
	Hb- $\beta^B$	0.3630	$1.6058 \times 10^{-3}$	4.5293	1
	Hb- $\beta^X$	0.4795	$1.7332 \times 10^{-3}$	5.7588	1
X-p	X	0.0844	$5.6821 \times 10^{-4}$	1.7703	0.9216
	x	0.9156		19.2053	1
Dia- I	Dia <sup>F</sup>	0.5959	$1.6722 \times 10^{-3}$	7.2861	1
	Dia <sup>S</sup>	0.4041		4.9409	1
MDH	MDH <sup>F</sup>	0.5274	$1.7309 \times 10^{-3}$	6.3383	1
	MDH <sup>S</sup>	0.4726		5.6797	1
Cat	Cat <sup>B</sup>	0.5753	$1.6967 \times 10^{-3}$	6.9832	1
	Cat <sup>C</sup>	0.4247		5.1552	1
CA	CA <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
GPI	GPI <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
EsD	EsD <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Ly	Ly <sup>A</sup>	0.6903	$1.4846 \times 10^{-3}$	8.9578	1
	Ly <sup>a</sup>	0.3097		4.0189	1
Ke	Ke <sup>L</sup>	0.0589	$4.0167 \times 10^{-4}$	1.4694	0.8583
	Ke <sup>H</sup>	0.9411		23.4785	1
$\alpha_2M$	MG <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Hb- $\alpha$	Hb- $\alpha^A$	1	0	$\infty$	1
Dia- II	Dia- II <sup>2F</sup>	1	0	$\infty$	1

表 5 洼地绵羊各基因座位频率估计值、精确度和可靠性

Table 5 The estimates of gene frequencies and their reliability and precision of WD sheep

座位 Locus	等位基因 Allele gene	基因频率 $P$ Gene frequencies	方差 $V(p)$ Variance	标准偏差 $\lambda$ Standardized deviation	可靠性 $\beta$ Reliability
Alb	Alb <sup>c</sup>	1	0	$\infty$	1
Gc	Gc <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Tf	Tf <sup>A</sup>	0.0800	$4.9067 \times 10^{-4}$	1.8058	0.9298
	Tf <sup>B</sup>	0.0333	$2.1461 \times 10^{-4}$	1.1366	0.7458
	Tf <sup>C</sup>	0.3200	$1.4507 \times 10^{-4}$	4.2008	1
	Tf <sup>D</sup>	0.1267	$7.3764 \times 10^{-4}$	2.3325	0.9802
	Tf <sup>E</sup>	0.3600	$1.536 \times 10^{-3}$	4.5928	1
	Tf <sup>F</sup>	0.0200	$1.3067 \times 10^{-4}$	0.8748	0.6156
	Tf <sup>H</sup>	0.0067	$4.4367 \times 10^{-5}$	0.5029	0.383
	Tf <sup>K</sup>	0.0467	$2.9679 \times 10^{-4}$	1.3554	0.823
Cp	Cp <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
	Alp	B <sup>+</sup>	0.2391	$1.1969 \times 10^{-3}$	3.4556
Ary-Es	B <sup>-</sup>	0.7609		10.9968	1
	Es <sup>+</sup>	0.4265	$1.6092 \times 10^{-3}$	5.3160	1
Lap	Es <sup>-</sup>	0.5735		7.1482	1
	Lap <sup>A</sup>	0.719	$1.3292 \times 10^{-3}$	9.8606	1
Hb- $\beta$	Lap <sup>B</sup>	0.281		3.8537	1
	Hb- $\beta^A$	0.2434	$1.2116 \times 10^{-3}$	3.4964	1
	Hb- $\beta^B$	0.3553	$1.5070 \times 10^{-3}$	4.5763	1
X-p	Hb- $\beta^X$	0.4013	$1.5806 \times 10^{-3}$	5.0469	1
	X	0.0541	$3.3987 \times 10^{-4}$	1.4673	0.8584
CA	x	0.9549		25.8984	1
	CA <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Dia-I	F	0.3158	$1.4215 \times 10^{-3}$	4.1880	1
	S	0.6842		9.0736	1
MDH	F	0.4868	$1.6436 \times 10^{-3}$	6.0038	1
	S	0.5132		6.3294	1
Cat	B	0.8467	$8.6533 \times 10^{-4}$	14.3916	1
	C	0.1533		2.6057	0.99094
CA	CA <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
GPI	GPI <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
EsD	EsD <sup>S</sup>	1	0	$\infty$	1
Ly	Ly <sup>A</sup>	1	0	$\infty$	1
Ke	Ke <sup>L</sup>	0.0472	$2.9587 \times 10^{-4}$	1.3720	0.8294
	Ke <sup>H</sup>	0.9528		27.6963	1
$\alpha_2M$	MG <sup>1</sup>	1	0	$\infty$	1
Hb- $\alpha$	Hb- $\alpha^A$	1	0	$\infty$	1
Dia-II	Dia-II <sup>2F</sup>	1	0	$\infty$	1

0.899 和 0.9070，其余 33 个等位基因频率估计值不偏离实有值的可靠性均在 95%以上（占全部的 82.05%）。

所检测的同羊 20 个座位中，12 个座位存在多型，群体基因频率的样本估计值不偏离实际值 0.5 倍的可靠性、可靠性达 0.9545 时的精确度（相对偏差）见表 2。从表 2 可知，同羊 20 个基因座位共计 39 个等位基因， $Tf^A$ 、 $Tf^B$ 、 $Tf^D$ 、 $Tf^E$ 、 $Tf^K$  和  $CA^F$  基因频率估计值可靠性分别为 0.901、0.8558、0.7888、0.6922、0.522 和 0.7924 外，其余 33 个等位基因频率估计值不偏离实有值的可靠性均在 95%以上（占全部的 84.62%）。

所检测的小尾寒羊 20 个座位， $Gc^F$ 、 $Gc^V$ 、 $Tf^B$ 、 $Tf^E$ 、 $B^+$  和  $Ke^L$  基因频率估计值不偏离实有值的 0.5 倍的可靠性较低，分别为 0.5199、0.5199、0.7428、0.5199、0.6914 和 0.9380，其余基因频率的可靠性均在 95%以上。

所检测的滩羊 20 个座位， $Gc^F$ 、 $Tf^A$ 、 $Tf^B$ 、 $Tf^G$ 、 $B^+$  和  $Ke^L$  基因频率估计值不偏离实有值的 0.5 倍的可靠性较低，分别为 0.6861、0.7858、0.9132、0.3805、0.6182 和 0.8583，其余基因频率的可靠性均在 99%以上。

所检测的洼地绵羊 20 个座位中， $Tf^A$ 、 $Tf^B$ 、 $Tf^E$ 、 $Tf^H$ 、 $Tf^K$ 、 $Tf^L$ 、 $X-p^X$  及  $Ke^L$  基因频率估计值可靠性分别为 0.9298、0.7458、0.6156、0.383、0.383、0.8584 及 0.8294，其余 29 个等位基因频率估计值不偏离实际值 0.5 倍的可靠性均在 95%以上。

采用中心产区典型群随机抽样，基因频率估计准确可靠，可以用样本较好地估计品种特性，作为群体遗传分析的依据，个别等位基因实际基因频率低是造成其可靠性低的主要原因。

表 6 5 个绵羊群体间距离隔离分析

Table 6 Standard genetic distance (below diagonal) and geographical distance,  $\ln(d)$  (above diagonal) for all pairs of 5 population

群体 Population	湖羊 Hu sheep	同羊 Tong sheep	小尾寒羊 Small-tailed Han sheep	滩羊 Tan sheep	洼地绵羊 Wadi sheep
湖羊 Hu sheep		7.1507	6.6067	7.5858	6.8701
同羊 Tong sheep	0.0154		6.9007	6.4615	7.1107
小尾寒羊 Small-tailed Han sheep	0.0352	0.0194		7.2724	5.8749
滩羊 Tan sheep	0.0287	0.0130	0.0141		7.2731
洼地绵羊 Wadi sheep	0.0469	0.0359	0.0145	0.0276	

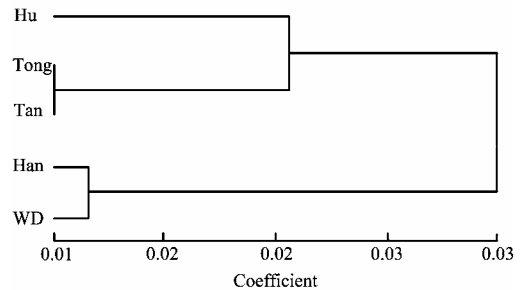
对角线下方为标准遗传距离，对角线上方对数地理距离  $\ln(d)$  值

Standard genetic distance below the diagonal and geographical distance,  $\ln(d)$  above the diagonal

5 个绵羊群体间标准遗传距离与对数地理距离的散点图，见图 2。以群体间标准遗传距离作为自变数 ( $x$ )，对数地理距离  $\ln(d)$  作为依变数 ( $y$ )，进行

## 2.2 群体间遗传分化关系分析

根据 20 个结构基因座等位基因频率得到的 5 个绵羊群体间  $Nei^{(33)}$  遗传距离系数，利用 NTSYSpc 软件 UPGMA 法构建的系统发生关系如图 1。



Hu: 湖羊; Tong: 同羊; Han: 小尾寒羊; Tan: 滩羊; WD: 洼地绵羊  
Hu: Hu sheep; Tong: Tong sheep; Han: Small-tailed Han sheep; Tan: Tan sheep; WD: Wadi sheep

图 1 基于结构基因座资料的 5 个绵羊群体间聚类

Fig. 1 The dendrogram of multiple populations based on structural loci data

从图 1 可以看到，5 个群体明显地分为 2 大类，小尾寒羊与洼地绵羊最先聚为一类（遗传距离系数为 0.01），在另一类先是滩羊、同羊聚为一类，而后与湖羊聚为一类，接下来是这两大类聚在一起，与它们同属于蒙古羊系统的血统背景一致，符合以往畜牧史学资料。

## 2.3 距离隔离分析

5 个绵羊群体间标准遗传距离及其对数地理距离列于表 6。

距离隔离的线性回归分析。

结果表明，结构基因座层次的距离隔离分析的线性回归方程的拟合度  $R^2=0.051$ ，回归方程  $y=6.670+$

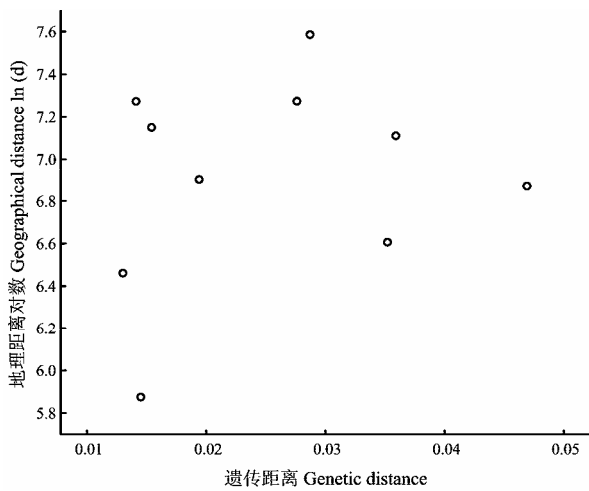


图 2 5 个绵羊群体间标准遗传距离与对数地理距离散点图  
Fig. 2 Plot of relationship between Standard genetic distance and geographical distance,  $\ln(d)$  for all pairs of 5 population

9.599x, 不具有统计学的回归意义 ( $F=0.434$ ,  $P=0.529 > 0.05$ ), 说明就本试验涉及的中国蒙古羊系统内 5 个绵羊群体而言, 绵羊群体间的遗传分化关系不满足距离隔离模式, 5 个绵羊群体间遗传分化关系的远近与其地理分布并未表现出紧密的线性相关。

### 3 讨论

#### 3.1 中国蒙古羊系统内地方绵羊品种距离隔离分析结果的认识

本试验中结构基因座层次的距离隔离分析回归方程拟合度  $R^2=0.051$ , 而在另一研究中微卫星标记层次的拟合度  $R^2=0.095$  ( $F=0.878$ ,  $P=0.387$ )<sup>[36]</sup>, 表明无论是结构基因座层次的数据, 还是微卫星标记层次的数据, 这 5 个绵羊群体的遗传分化关系均不满足距离隔离模式, 与地理分布并未表现出紧密的线性相关。说明它们起源于不同时期的蒙古羊始祖群体, 同时在品种间存在一定程度的基因交流, 在各自特有的生态环境中经历不同程度的自然选择和人为选择, 品种间亲缘关系远近程度与其地理分布的远近没有必然的规律性联系, 这也与遗传贴近度的分析<sup>[37]</sup>是一致的。

#### 3.2 中国蒙古羊系统内主要地方绵羊品种的历史渊源及系统地位

中国养羊业历史悠久, 驯养历史可追溯到 8 000 年前。根据考古发掘的文物和骨骸, 中国学者指出, 中国绵羊不是在一个地区被驯化后逐渐展开的, 而是

略有先后地在不同的几个地区各自发展起来的<sup>[1,38]</sup>, 且认为是由北向南发展<sup>[39]</sup>。谢成侠等认为, 中国古代北方草原游牧民族饲养的绵羊与现今的蒙古羊是同源品种<sup>[1]</sup>, 事实上, 中国北方脂尾羊 (主要是今蒙古羊) 向中原、东北以及江南地区的传播是十分复杂, 与中国古代战争、民族迁移、部落贸易及民族交往等密切相关, 这些历史记载表明了北方脂尾羊 (指蒙古羊) 进入中原地区的方式及植根中原的可能性。

据考证, 湖羊是蒙古羊南迁, 经漫长的风土驯化, 与太湖地区自然、经济、社会条件融合的产物, 是中国特有的羔皮用绵羊。在本研究中, 湖羊并没有首先与小尾寒羊聚为一类, 湖羊与小尾寒羊的遗传贴近度低于湖羊与蒙古羊的遗传贴近度, 说明小尾寒羊不是湖羊的主要血统来源<sup>[37]</sup>, 这与湖羊的历史比小尾寒羊更长的考证相吻合, 从而否定了湖羊是来自淮羊 (山东小尾寒羊) 的观点<sup>[6]</sup>。

同羊育成于至今 1 200~1 500 年前的西魏至唐代期间的陕西省大荔县沙苑地区, 是甘肃地区的蒙古羊输入沙苑后, 经长期风土驯化和人工选育形成的一个地方品种, 选育自陇右诸牧牛羊进入沙苑的西魏开始, 至唐代育成。清乾隆五十一年《大荔县志》记载, “《图书编》同州沙苑出 (羊) 耳小味美; 《府志》云茧耳羊出同州, 或他处羊畜于此, 大耳亦生小耳羊, 盖其地脉所产然耳”, 说明茧耳羊产于同州 (即今大荔) 沙苑, 所谓茧耳羊即同州羊之别名, 对其体型、性能之描述均与现代同羊相似, 且当地再无其它绵羊品种资料记述。时至今日, 大荔县官池镇的帖家、拜家 2 个村子, 村址正好是当年沙苑牧场所在地, 贴、拜二姓都是蒙古族后裔, 说明同羊来源于蒙古羊<sup>[40]</sup>。

小尾寒羊起源于宋朝中期, 当时中国北方契丹、女真、蒙古等少数民族迁移中原时, 把蒙古羊带到黄河流域。在特定的社会背景及生态条件, 经过千余年的选种繁育, 逐步把蒙古羊选育成肉质品质好、具有许多优良特性、遗传性能稳定的小尾寒羊<sup>[41]</sup>。

滩羊是历史上分布于宁夏的蒙古羊, 在当地自然生态条件下, 经过人民长期精心的选育, 从蒙古羊中分化出来的一个独特的裘皮用绵羊品种<sup>[42-43]</sup>。滩羊历史可追溯到隋唐时代的盐州羊牧, 是 1 200 年前在西北的羊场, 在宋明各代所产裘皮已是著名的土贡品。滩羊是蒙古羊的一支, 长期以来始终有别于蒙古羊<sup>[2]</sup>。

据品种志和历史考证<sup>[44-45]</sup>, 洼地绵羊饲养历史悠久, 山东省《滨州志》记载, 1 308~1 311 年, 蒙古人在滨州一带“兴牧场、废农田”, 建立屯田制, 引

来了大批蒙古羊; 1368年, 朱元璋建立明朝后则提倡“田野辟”、“户口增”, 鼓励垦荒、奖励农桑, 从河北省枣强县、山西省洪桐县向滨州大量移民, 移民中的回民随身带来了脂尾绵羊, 即所谓“回民所及, 羊蹄随至”, 在滨州毗邻的阳信和无棣县现仍有回民村17个, 居民近万人。枣强县属大尾寒羊产区, 洪洞县离同羊产区仅100 km。单乃铨<sup>[7]</sup>考证, 大尾寒羊和同羊都出于阿拉伯的脂尾羊, 是宋元时代回教徒大量东下移入中国时带进的。回民移入滨州地区, 脂尾羊也随之在此定居, 与元朝蒙古人留下的绵羊杂交, 在滨海盐碱生态条件下, 经过400多年的闭锁繁殖、自然选择与人工选育, 形成了繁殖率较高、产肉性能好、耐盐碱潮湿、抗腐蹄病、宜放牧等独具特色的洼地绵羊。本研究发现洼地绵羊与小尾寒羊的遗传距离最近, 为0.0145, 而与其它品种相对较远, 基本符合史实。

## 4 结论

本研究涉及的5个绵羊群体间的系统发生关系不满足距离隔离模式, 绵羊群体间遗传分化关系的远近与地理分布无紧密的线性相关; 5个绵羊品种分别起源于不同时期的蒙古羊始祖群体, 同时在品种间存在一定程度的基因交流, 在各自特有的生态环境中经历不同程度的自然选择和人为选择品种培育而成。

## References

- [1] 国家畜牧家禽品种志编委会, 《中国羊品种志》编写组. 中国羊品种志. 上海: 上海科学出版社, 1989: 6-19.  
Editorial section of “Records of Sheep and Goat Breeds in China”. *Records of Sheep and Goat Breeds in China*. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publish House, 1989: 6-19. (in Chinese)
- [2] 谢成侠. 中国羊牛羊史(附养鹿简史). 北京: 农业出版社, 1985: 144-167, 173-179.  
Xie C X. *History of Raising Cattle, Sheep and Goat in China (Attached History of Raising Deer)*. Beijing: Agricultural Press, 1985: 144-167, 173-179. (in Chinese)
- [3] 李志农. 中国养羊学. 北京: 中国农业出版社, 1993: 44-55.  
Li Z N. *Sheep Science in China*. Beijing: China Agriculture Press, 1993: 44-55. (in Chinese)
- [4] 安志云, 李有龙. 关于湖羊饲养历史的查证. 中国农史, 1995, 1: 102-103.  
An Z Y, Li Y L. Research of feeding history for Hu sheep. *Agricultural History of China*, 1995, 1: 102-103. (in Chinese)
- [5] 李群. 湖羊的来源及历史再探. 中国农史, 1997, 16(2): 91-95.  
Li Q. Second discuss of origin and history for Hu sheep. *Agricultural History of China*, 1997, 16(2): 91-95. (in Chinese)
- [6] 邹介正, 王铭农, 牛家藩. 中国古代畜牧兽医史. 北京: 中国农业科技出版社, 1994: 113-118.  
Zou J Z, Wang M N, Niu J P. *The History of Animal and Veterinary in Ancient Time of China*. Beijing: Chinese Agricultural Science & Technical Press, 1994: 113-118. (in Chinese)
- [7] 单乃铨. 寒羊来源初探. 中国半细毛羊, 1983, (3): 15-17.  
Shan N Q. Primary discuss of history for Han sheep. *China Semifine-wool*, 1983, (3): 15-17. (in Chinese)
- [8] 庞有志, 邹继业, 徐廷生, 张宏文, 王道寅. 河南小尾寒羊的染色体组型分析. 中国畜牧杂志, 1998, 34(2): 29-30.  
Pang Y Z, Zou J Y, Xu Y S, Zhang H W, Wang D Y. Study on the Karyotypes in small-tailed sheep of Henan province. *Chinese Journal of Animal Science*, 1998, 34(2): 29-30. (in Chinese)
- [9] 雷雪芹, 陈宏, 刘波, 宋述荣, 陈玉林, 雷初朝, 孙维斌. 蒙古羊、兰州大尾羊和哈萨克羊随机扩增多态DNA分析. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2003, 31(4): 59-62.  
Lei X Q, Chen H, Liu B, Song S R, Chen Y L, Lei C Z, Sun W B. Study on random amplified polymorphic DNA fingerprints in Mongolian, Lanzhou big tail and Kazak sheep breeds. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Natural Science Edition)*, 2003, 31(4): 59-62. (in Chinese)
- [10] 李祥龙, 田庆义, 刘铮铸, 孙乃权, 马广星. 几个绵羊品种线粒体DNA限制性片段长度多态性比较研究. 畜牧兽医学报, 2001, 32(4): 295-298.  
Li X L, Tian Q Y, Liu Z Z, Sun Na Q, Ma G X. Study on the RFLP of mtDNA in several native sheep breeds. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 2001, 32(4): 295-298. (in Chinese)
- [11] Li X L, Gong Y F, Zhang J W, Liu Z Z, Valentini A S. Study on polymorphisms of microsatellites DNA of six Chinese indigenous sheep breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2004, 31(11): 1203-1210.
- [12] 李祥龙, 张增利, 巩元芳, 刘铮铸, 贾青, 王小娟. 我国主要地方绵羊品种遗传亲缘关系. 中国兽医学报, 2004, 124: 508-511.  
Li X L, Zhang Z L, Gong Y F, Liu Z Z, Jia Q, Wand X J. Random amplified polymorphic DNA of Chinese main indigenous sheep breeds. *Chinese Journal of Veterinary Science*, 2004, 24: 508-511. (in Chinese)
- [13] 巩元芳, 李祥龙, 刘铮铸, 李金泉. 我国主要地方绵羊品种随机扩增多态DNA研究. 遗传, 2002, 24: 423-426.  
Gong Y F, Li X L, Liu Z Z, Li J Q. Studies of random amplified polymorphic DNA(RAPD) of main indigenous sheep breeds in China. *Hereditas*, 2002, 24(4): 423-426. (in Chinese)

- [14] Sun W, Chang H. Study on genetic relationship of sheep populations from east and south of central Asia. *Asian-Australian Journal of Animal Science*, 2002, 15: 1398-1402.
- [15] 孙 伟, 常 洪, 任战军, 杨章平, 耿荣庆, Tsunoda Kenji. 中国部分绵羊群体形态及生态特征多元统计分析. *中国农业科学*, 2004, 37(2): 286-291.
- Sun W, Chang H, Ren Z J, Yang Z P, Geng R Q, Tsunoda K. Multivariate statistic analysis of morphological and ecological characters of some sheep populations in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2004, 37(2): 286-291. (in Chinese)
- [16] 鲁生霞, 常 洪, 杜 垒, 角田健司, 孙 伟, 杨章平, 常国斌, 王慧影, 徐 伟, 毛永江, 王庆华, 许 明. 东亚近海大陆绵羊群体遗传分化研究. *畜牧兽医学报*, 2004, 35(2): 129-133.
- Lu S X, Chang H, Du L, Tsunoda K, Sun W, Yang Z P, Chang G B, Wang H Y, Xu W, Mao Y J, Wang Q H, Xu M. Study on genetic differentiation of sheep populations from near-sea mainland in east Asia. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 2004, 35(2): 129-133. (in Chinese)
- [17] 鲁生霞, 常 洪, 杜 垒, 角田健司, 任战军, 杨章平, 孙 伟, 常国斌, 王庆华, 徐明, 郭小雅, 任湘莲. 我国农区及农牧交错区绵羊与蒙古羊遗传分化研究. *畜牧兽医学报*, 2005, 36(6): 540-544.
- Lu S X, Chang H, Du L, Tsunoda K, Ren Z J, Yang Z P, Sun W, Chang G B, Wang Q H, Xu M, Guo X Y, Ren X L. Study on genetic differentiation among sheep from agricultural area and the juncture regions of agriculture and husbandry in China and Mongol sheep. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 2005, 36(6): 540-544. (in Chinese)
- [18] 鲁生霞, 常 洪, 角田健司, 任战军, 孙 伟, 杨章平, 任湘莲, 常国斌. 利用结构基因座分析小尾寒羊、滩羊群体遗传分化水平. *中国农业科学*, 2005, 38(9): 1890-1897.
- Lu S X, Chang H, Tsunoda K, Ren Z J, Sun W, Yang Z P, Ren X L, Chang G B. The Levels of genetic differentiation of small tailed Han sheep and Tan sheep populations using structural loci. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38(9): 1890-1897. (in Chinese)
- [19] Tsunoda K, Nozawa K, Madeda Y, Tanabe Y, Taserenbatin T, Rajbhandry H B. External morphological characters and blood protein and non-protein polymorphisms of native sheep in central mongolia. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1999, 17: 63-82.
- [20] Tsunoda K, Nozawa K, Okamoto S, Zhu J, Hashiguchi T, Liu A, Lin S, Xu W B, Shi L M. Blood protein variation of native sheep populations in Lufeng and Lunan in Yunnan province of China. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1995, 15: 119-129.
- [21] Tsunoda, K, Okabayashi H, Amano T, Kuroki K, Namikawa T, Yamagata T, Yamamoto Y, Xun V T, Loc C B. Morphologic and genetic characteristic of sheep raised by the cham tribe in Vietnam. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1998, 16: 63-73.
- [22] Tsunoda K, Amano K, Nozawa K, Hasnath M A. Morphological characters and blood protein polymorphism of sheep in Bangladesh and genetic relationship with European sheep breeds. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1988, 12: 161-185.
- [23] Tsunoda K, Doge K, Yamamoto Y, Kurosawa Y, Shotake T, Nishida T, Rajbhandry H B. Morphological traits and blood protein variation of the native nepalese sheep. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1992, 14: 155-183.
- [24] Tsunoda K, Amano K, Nozawa K, Hasnath M A. Morphological traits and biochemical polymorphisms of Myanmar sheep. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 2004, 21: 155-169.
- [25] Tsunoda K, Doge K. Distribution of ovine hemoglobin  $\beta$ -Chain alleles in nepal and its neighboring countries. *Japanese Journal of Sheep Science*, 1994, 31: 28-33.
- [26] Katsumata M, Amano T, Nozawa K. Body measurements and blood protein variations of native goats in Bangladesh. *Report of the Society for Research on Native Livestock*, 1998, 12: 199-210.
- [27] Gahne B, Juneja R K, Grolmus J. Horizontal polyacrylamide gradient gel electrophoresis for the simultaneous phenotyping of transferrin, post-transferrin, albumin and post-albumin in the blood plasma of cattle. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 1977, 8: 127-137.
- [28] Tsunoda K, Nozawa K, Hasnath M. A. Genetic polymorphism of plasma vitamin D-binding protein (Gc) in some asian sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 1998, 11: 318-322.
- [29] Tsumoda K, Amano T, Nozawa K, Hasnath M A. Genetic characteristics of Bangladeshi sheep as based on biochemical variations. *Japanese Journal of Zootechnical Science*, 1990, 61(1): 54-66.
- [30] 常 洪, 耿社民, 武 彬, 李写一, 陈幼春. 中国黄牛品种基因频率抽样效率的研究. *西北农业大学学报*, 1989, 17(3): 30-37.
- Chang H, Geng S M, Wu B, Li X Y, Chen Y C. Studies of efficiency of sampling estimation for gene frequencies in Chinese cattle breeds. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry*, 1989, 17(3): 30-37. (in Chinese)
- [31] Rohlf J F. NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2. 1, Users Guide. Exeter Software, Setauket, New

- York., 2000.
- [32] Ota T. DISPAN: Genetic distance and phylogenetic analysis. *Pennsylvania State University, University Park, PA*. 1993.
- [33] Nei M. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 1972, 106: 283-291.
- [34] Rousset F. Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 1997, 145: 1219-1228.
- [35] 张文彤. SPSS 统计分析教程. 北京: 高等教育出版社, 2004: 210-340.
- Zhang W T. *A Course in Statistical Analysis*. Beijing: Higher Education Press, 2004: 210-340. (in Chinese)
- [36] Sun W, Chang H, Ji D J, Liao X J, Du L, Lu S X, Tsunoda Kenji. Analysis on genetic diversity and isolation mechanism by distance of different ecological type sheep breeds in Mon-golia group. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 34(11): 1-9.
- [37] 孙伟. 中亚以东南不同生态型绵羊品种的群体遗传学的研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2006.
- Sun W. Population genetics of different ecological type sheep breeds in the region to the east and south of central Asia [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2006. (in Chinese)
- [38] 薄吾成. 藏羊渊源初探. 农业考古, 1987, (1): 380-385.
- Bo W C. Primary discuss of history for tibetan sheep. *Agriculture Archaeology*, 1987, (1): 380-385. (in Chinese)
- [39] 冯维祺. 我国古代绵羊品种形成初考. 农业考古, 1991, (3): 338-345.
- Feng W Q. Primary discuss of breeding history for ancient sheep in China. *Agriculture Archaeology*, 1991, (3): 338-345. (in Chinese)
- [40] 雷兆勤. 陕西同羊. 畜牧兽医杂志, 1999, 18(3): 35-36.
- Lei Z Q. Tong sheep in Shaanxi. *Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 1999, 18(3): 35-36. (in Chinese)
- [41] 山东省畜牧局《山东省畜禽品种志》编写委员会. 山东省畜禽品种志. 深圳: 海天出版社, 1999: 51-53.
- Animal Bureau of Shandong Province, Editorial Committee of the "Breeds of Domestic Animal and Poultry in Shandong". *Breeds of Domestic Animal and Poultry in Shandong*. Shenzhen: Haitian Publishers, 1999: 51-53. (in Chinese)
- [42] 宁夏畜禽品种志编委会编. 宁夏回族自治区畜禽品种志、图谱. 宁夏回族自治区农牧厅畜牧局印, 1984: 1-5.
- Animal Bureau of Ningxia Province. *Editorial Committee of the "Breeds of Domestic Animal and Poultry in Ningxia"*. Breeds of Domestic Animal and Poultry in Ningxia, 1984: 1-5. (in Chinese)
- [43] 甘肃省畜牧厅主编. 甘肃省畜禽品种志. 兰州: 甘肃人民出版社, 1986: 69-71.
- Animal Bureau of Gansu Province. *Breeds of Domestic Animal and Poultry in Gansu*. Lanzhou: People Publishing House of Gansu, 1986: 69-71. (in Chinese)
- [44] 山东省畜牧局、《山东省畜禽品种志》编写委员会. 山东省畜禽品种志. 深圳: 海天出版社, 1998: 56-59.
- Animal Bureau of Shandong Province Editorial. Committee of the "Breeds of Domestic Animal and Poultry in Shandong". *Breeds of Domestic Animal and Poultry in Shandong*. Shenzhen: Haitian Publishers, 1998: 56-59. (in Chinese)
- [45] 冉汝俊, 李光兰, 徐德范, 李龙才. 洼地绵羊形成历史考证. 中国养羊, 1998, 3: 13-14.
- Ran R J, Li G L, Xu D F, Li L C. Research of history for Wadi sheep. *China Semifine-wool*, 1983, 3: 13-14. (in Chinese)

(责任编辑 高雨, 林鉴非)