

中国南方地区 7 个山羊群体的遗传分化与基因流分析

杨章平¹, 毛永江¹, 马月辉², 汪志国¹, 王庆华¹, 常洪¹, 常国斌¹, 孙伟¹, 李树春¹

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

摘要: 利用 23 对微卫星标记分析了中国南方 7 个山羊群体的遗传分化、基因流、遗传分化程度与地理距离之间的关系, 同时利用 DC 遗传距离构建系统树和 STRUCTURE 进行动态聚类。结果表明: 7 个山羊群体总近交系数 (F_{it}) 为 -7.73%, 群体内近交系数 (F_{is}) 为 -26.5%, 群体间基因分化系数 (F_{st}) 为 14.84%, 3 个指标均达到极显著水平 ($P < 0.001$), 说明这 7 个山羊群体总体上和群体内杂合度较高, 群体间遗传分化较明显, 14.84% 的遗传变异来自于群体间, 85.16% 遗传变异来自于群体内个体间的差异。7 个山羊群体每世代两群体间有效迁移个体数 (Nem) 变化范围为 0.831 3 (宜昌白山羊与黄淮山羊) 到 3.410 3 (马头山羊与湘东黑山羊), 平均为 1.577 0。7 个山羊群体间的基因分化程度与地理距离和遗传距离相关不显著 ($P > 0.05$)。宜昌白山羊、马头山羊、湘东黑山羊、福清山羊、戴云山羊、黄淮山羊、长江三角洲白山羊群体中属于各自采样群体的概率分别为 99.1%、98%、96.2%、96.6%、98.7%、98.7% 和 98.7%。同时, STRUCTURE 软件通过变化的分群数体现的聚类情况与用 DC 遗传距离所构建的系统聚类图结果一致。研究结果表明: 这 7 个山羊群体间的遗传分化主要是自然选择作用的结果。

关键词: 山羊; 微卫星; 遗传分化; 基因流

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2008)05-0562-08

Genetic Differentiation and Gene Flow among Seven Indigenous Goat Populations in South of China

YANG Zhang-ping¹, MAO Yong-jiang¹, MA Yue-hui², WANG Zhi-guo¹,
WANG Qing-hua¹, CHANG Hong¹, CHANG Guo-bin¹, SUN Wei¹, LI Shu-chun¹

(1. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; 2. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

Abstract: The genetic differentiation, gene flow, the relationship between geographical distance and genetic differentiation among seven indigenous goat populations in south of China were estimated using 23 microsatellites. The trees were constructed from DC distances and the data were analyzed by STRUCTURE (Ver 2.0). The global heterozygote excess across all populations (F_{it}) amounted to -7.73% ($P < 0.001$). The overall significant ($P < 0.001$) excess of heterozygotes within populations amounted to -26.5%. The 7 goat populations were highly differentiated ($F_{st} = 14.84\%$, $P < 0.001$) at all loci, which indicated that 14.84% of the total genetic variation came from breed differences, and the remaining 85.16% came from differences among individuals in each population. The average number of effective migrants exchanged per generation (Nem) ranged from 0.831 3 (Yichang White goat and Huanghuai goat) to 3.410 3 (Matou goat and Xiangdong Balck goat), and the average value was 1.577 0. No significant positive relationships between the level of genetic differentiation and geographical distance, genetic distances a-

收稿日期: 2007-05-14

基金项目: 国家自然科学基金(30371026); 江苏省自然科学基金(BK2003040); 科技部基础性工作专项(2001DEA10006)

作者简介: 杨章平(1965-), 男, 江苏扬州人, 博士, 教授, 博导, 主要从事动物遗传资源评价、保护与利用的研究, Tel: 0514-87979307, E-mail: zhangpy65@vip.sohu.com

mong 7 goat populations were detected. With the application of prior population information, cluster analysis by STRUCTURE (Ver. 2.0) achieved posterior probabilities 99.1%, 98%, 96.2%, 96.6%, 98.7%, 98.7% and 98.7% of correctly assigning sampling populations to different inferred clusters for Yichang White goat, Matou goat, Xiangdong Balck goat, Fuqing goat, Daiyun goat, Huanghuai goat and Yangtse River Delta White goat, respectively. The inferred clusters by STRUCTURE were similar with the trees constructed from DC distances. From the results it indicated that the reason for the genetic differentiation among seven indigenous goat populations in south of China is natural selection.

Key words: goat; microsatellite; genetic differentiation; gene flow

山羊在动物分类学上属于偶蹄目 (*Artiodactyla*)、牛科 (*Bovidae*)、绵羊山羊亚科 (*Caproviinae*)、山羊属 (*Capra*), 是一种适应性强、分布范围广泛的家畜。中国地域辽阔, 生境各异, 孕育了丰富的山羊遗传资源。据 20 世纪 80 年代的调查, 我国共有各类山羊地方品种 20 个^[1], 同时, 还有一些品种未被列入品种名录。另据联合国粮农组织遗传多样性信息网提供的数据, 中国共有各类山羊品种 62 个, 其中地方品种 60 个 ([http:// www. fao. org/ dad-is](http://www.fao.org/dad-is))。这些山羊品种为我国进一步培育新品种和畜牧业的可持续发展提供了遗传基础。

有关中国山羊遗传多样性及群体间亲缘关系的研究, 前人做了一些工作, 并取得了很有价值的成果。张爱玲等^[2]、汪志国等^[3]、Li 等^[4-5]、利用微卫星技术对中国部分山羊群体进行了研究, 李祥龙等^[6]、刘益平等^[7]、Chen 等^[8]对中国部分山羊群体线粒体 DNA 多态性进行了研究, 并探讨了中国山羊的母系起源, Li 等^[9]还利用 RAPD 技术对中国部

分山羊群体遗传多样性进行了研究。本研究是在汪志国等^[3]对中国南方地区 7 个山羊群体的遗传多样性研究数据基础上, 利用 FSTAT、STRUCTURE、GENECLASS 等多种统计软件, 分析各群体间遗传分化、基因流, 遗传分化程度与地理距离之间的关系, 以期分析品种间遗传分化的原因和我国南方地区山羊品种的资源保护工作提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 采样及 DNA 提取

采用中心产区典型群随机抽样方法分别采取长江中下游以及东南沿海 7 个山羊群体(宜昌白山羊、马头山羊、湘东黑山羊、福清山羊、戴云山羊、黄淮山羊、长江三角洲白山羊)共 345 个个体耳组织样, 用 75% 的酒精浸泡低温带回实验室, -20℃ 保存备用。采样时尽可能选择没有亲缘关系的个体, 各群体采样详细情况见表 1。DNA 提取及浓度测定按常规方法, 实际操作过程略有改进^[10]。

表 1 中国南方地区 7 个山羊群体的采样情况

Table 1 The details of sampling for 7 goat populations in south of China

群体 Populations	缩写 Abbr.	样本数 Sampling size	采样地点 Sampling location
宜昌白山羊 Yichang White goat	Yi	40	湖北省宜昌市 Yichang city, Hubei Prov.
马头山羊 Matou goat	Ma	60	湖南省石门县 Shimen county, Hunan Prov.
湘东黑山羊 Xiangdong Balck goat	Xiang	55	湖南省浏阳县 Liuyang county, Hunan Prov.
福清山羊 Fuqing goat	Fu	50	福建省福清县 Fuqing county, Fujian Prov.
戴云山羊 Daiyun goat	Dai	50	福建省德化县 Dehua county, Fujian Prov.
黄淮山羊 Huanghuai goat	Huang	50	江苏省响水县 Xiangshui county, Jiangsu Prov.
长江三角洲白山羊 Yangtse River Delta White goat	Chang	40	江苏省海门县 Haimen county, Jiangsu Prov.
总计 Total		345	

1.2 微卫星选择及 PCR 扩增

采用联合国粮农组织 (FAO) 及国际遗传学会 (ISAG) 联合推荐的用于山羊遗传多样性研究的 30 对引物中的 23 对^[11]。引物详细信息可从相关网站查询而得 (<http://locus.jouy.inra.fr>; <http://bos.cvm.tamu.edu>; <http://www.marc.usda.gov>; <http://www.roslin.ac.uk> 等)。PCR 扩增及产物基因型的鉴定详见参考文献[3]。

1.3 统计分析

群体间遗传分化的度量采用 Wright 提出的 3 个固定指数 F_{is} 、 F_{st} 和 F_{it} ^[12]。群体间这 3 个指数的计算及其显著性检验用 FSTAT (Ver. 2.9.3.2) 完成^[13]。应用 Slatkin 提出的岛屿模型理论 (Island model) 来计算群体间基因流程度^[14], 具体计算由群体遗传统计软件包 GENEPOP (V3.3) 先计算出两群体间的 F_{st} , 然后根据如下公式计算出每世代两群体间有效迁移个体平均数 (The average number of effective migrants exchanged per generation, Nem)^[15]。

$$Nem = (1 - F_{st}) / (4F_{st})$$

为检验各山羊群体地理分布与遗传分化程度之间的关系, 用 Slatkin^[14] 和 Rousset^[16] 提出的方法, 并用如下公式进行计算:

$$y = a + b \ln(D)$$

其中: y 为 $F_{st} / (1 - F_{st})$, D 为各群体间的地理距离 (公里) (表 4), 通过中国交通地图查询而得^[17]。 a 为常数, b 为回归系数。回归方程的构建和回归系数的显著性检验由 GENEPOP (V3.3) 完成^[15]。同时用 SPSS 计算地理距离和 DC 遗传距离相关性, 并进行显著性检验^[18]。

群体间遗传距离及亲缘树的构建由 Populations (1.2.28) 和 Treeview 完成^[19-20]。采用 DC 遗传距离, 同时用邻近给合法 (NJ) 和非加权组对算术平均法 (UPGMA) 构建亲缘树^[21]。采用 1 000 次自举检验 (Bootstrap) 所得的百分比评价亲缘树构建的准确性^[22]。

为更深入地了解群体遗传结构及它们之间的亲缘关系, 基于贝叶斯概率理论 (Bayesian theory), 分别使用 GENEGALSS (V2.0) 和 STRUCTURE (V2.0) 2 种软件对所有样本从个体和群体水平进行鉴定。GENEGALSS 分析采用 Rannala & Mountain 所用的方法^[23], STRUCTURE 分析采用混合模型 (Admixture model), 分群数 $K=2\sim7$ ^[24]。

2 结果

2.1 群体间遗传分化

Wright^[12] 提出的 3 个固定指数 F_{is} 、 F_{st} 和 F_{it} 均是反映群体近交程度或群体间遗传分化的指标, 其值越大, 表示偏离 Hardy-Weinberg 平衡程度越明显, 各亚群间遗传分化越大。从 7 个山羊群体 23 对微卫星引物 F -统计结果 (表 2) 可知: 所有微卫星位点这 3 个固定指数: F_{is} 、 F_{st} 和 F_{it} 均达到极显著水平 ($P < 0.001$), 且 F_{it} 和 F_{is} 值为负值, 说明这 7 个山羊群体从总体上和各群体内杂合度较高, 群体间遗传分化较明显, 14.84% 的遗传变异由于群体间引起的, 而 85.16% 遗传变异是由于各群体内个体间的差异引起的。

7 个山羊群体间遗传分化程度及其基因流分析结果见表 3。在该表中, 所有各群体间基因分化系数 F_{st} 均达到极显著水平 ($P < 0.001$), 说明这 7 个山羊群体间遗传分化极显著。其中宜昌白山羊与黄淮山羊之间 F_{st} 最大 (0.231 2), 从而导致所计算出来的每世代两群体间有效迁移个体数 (Nem) 最小 (0.831 3)。马头山羊与湘东黑山羊 F_{st} 最小 (0.068 3), 每世代两群体间有效迁移个体数也最大 (3.410 3)。7 个山羊群体每世代两群体间有效迁移个体数平均为 1.577 0。

基因分化系数和地理距离之间的关系用方程式表示如下:

$$F_{st} / (1 - F_{st}) = 0.143 5 + 0.005 6 \ln(D)$$

显著性检验表明, 基因分化系数和地理距离之间没有显著的相关关系 ($r = 0.089$, $P = 0.728$; $R^2 = 0.006 5$)。同时, 各山羊群体间的地理距离和 DC 遗传距离相关系数为 0.157, 相关不显著 ($P = 0.479$)。

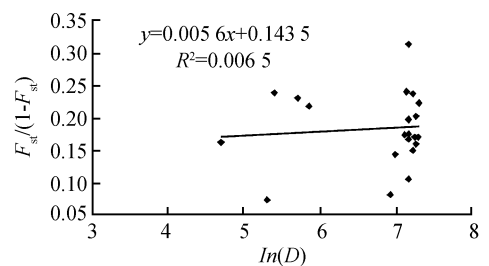


图 1 7 个山羊群体间基因分化系数和地理距离之间的关系

Fig. 1 The relationship between gene differentiation coefficient (F_{st}) and geographical distance, $\ln(D)$ for 7 goat populations in south of China

表 2 中国南方地区 7 个山羊群体 23 对微卫星引物的 F 统计结果Table 2 The results of F -statistics for each of 23 markers across 7 goat populations in south of China

座位 Loci	群体内近交系数 F_{is}	群体间基因分化系数 F_{st}	总群体近交系数 F_{it}
mb023	1.000 0 ⁺⁺⁺	0.422 0 ^{***}	-0.155 9 ⁺⁺⁺
maf70	-0.042 4 ⁺⁺⁺	0.057 2 ^{***}	0.017 2
bm1818	-0.151 6 ⁺⁺⁺	0.092 4 ^{***}	-0.045 3 ⁺⁺⁺
bm1290	-0.026 9 ⁺⁺⁺	0.118 5 ^{***}	0.094 7 ^{***}
inra063	-0.147 5 ⁺⁺⁺	0.097 9 ^{***}	-0.035 1 ⁺⁺
bm0203	1.000 0 ^{***}	1.000 0 ^{***}	1.000 0 ^{***}
maf65	-0.305 3 ⁺⁺⁺	0.115 0 ^{***}	-0.155 1 ⁺⁺⁺
bms1678	-0.195 4 ⁺⁺⁺	0.079 3 ^{***}	-0.100 6 ⁺⁺⁺
bm6444	0.387 9 ^{***}	0.170 4 ^{***}	0.492 2 ^{***}
bm1943	-0.031 5 ⁺⁺⁺	0.050 4 ^{***}	0.020 6
bm6404	-0.185 5 ⁺⁺⁺	0.084 4 ^{***}	-0.085 5 ⁺⁺⁺
bms875	-0.266 7 ⁺⁺⁺	0.051 8 ^{***}	-0.201 1 ⁺⁺⁺
bm3224	-0.238 1 ⁺⁺⁺	0.082 8 ^{***}	-0.135 7 ⁺⁺⁺
bm1248	-0.201 7 ⁺⁺⁺	0.024 3 ^{***}	-0.172 5 ⁺⁺⁺
oarfcbl93	-0.166 7 ⁺⁺⁺	0.103 1 ^{***}	-0.046 4 ⁺⁺
mb067	-0.204 8 ⁺⁺⁺	0.113 5 ^{***}	-0.068 0 ⁺⁺⁺
bm1724	-0.245 3 ⁺⁺⁺	0.091 8 ^{***}	-0.131 0 ⁺⁺⁺
fcbl48	-0.192 8 ⁺⁺⁺	0.073 4 ^{***}	-0.105 3 ⁺⁺⁺
bm315	-1.000 0 ⁺⁺⁺	0.135 1 ^{***}	-0.729 8 ⁺⁺⁺
bm812	-0.191 1 ⁺⁺⁺	0.110 8 ^{***}	-0.059 0 ⁺⁺⁺
bm1236	-0.220 7 ⁺⁺⁺	0.109 2 ^{***}	-0.087 4 ⁺⁺⁺
bm1206	-0.829 0 ⁺⁺⁺	0.405 5 ^{***}	-0.087 4 ⁺⁺⁺
tgla13	-1.000 0 ⁺⁺⁺	0.419 4 ^{***}	-0.161 1 ⁺⁺⁺
All	-0.265 0 ⁺⁺⁺	0.148 4 ^{***}	-0.077 3 ⁺⁺⁺

杂合度缺乏的显著性水平: ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$. 杂合度增加的显著性水平: ++ $P < 0.01$; +++ $P < 0.001$

Significant levels of deficit in heterozygotes are ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$. Significant levels of excess in heterozygotes are ++ $P < 0.01$; +++ $P < 0.001$

表 3 中国南方地区 7 个山羊群体间 F_{st} (下三角)及每世代 Nem (上三角)Table 3 Pairwise estimates of F_{st} (below the diagonal) and Nem (above the diagonal) of 7 goat populations in south of China

品种 Breeds	长江三角洲 白山羊 Chang	黄淮山羊 Huang	福清山羊 Fu	马头山羊 Ma	湘东黑山羊 Xiang	宜昌白山羊 Yi	戴云山羊 Dai
长江三角洲 白山羊 Chang		1.177 8	1.450 7	1.584 2	1.281 9	1.056 2	1.464 7
黄淮山羊 Huang	0.175 1 ^{***}		1.528 1	1.518 0	1.561 6	0.831 3	1.182 7
福清山羊 Fu	0.147 0 ^{***}	0.140 6 ^{***}		2.387 1	3.110 2	1.077 0	1.585 5
马头山羊 Ma	0.136 3 ^{***}	0.141 4 ^{***}	0.094 8 ^{***}		3.410 3	1.066 5	1.697 0
湘东黑山羊 Xiang	0.163 2 ^{***}	0.138 0 ^{***}	0.074 4 ^{***}	0.068 3 ^{***}		1.104 3	1.771 0
宜昌白山羊 Yi	0.191 4 ^{***}	0.231 2 ^{***}	0.188 4 ^{***}	0.189 9 ^{***}	0.184 6 ^{***}		1.271 6
戴云山羊 Dai	0.145 8 ^{***}	0.174 5 ^{***}	0.136 2 ^{***}	0.128 4 ^{***}	0.123 7 ^{***}	0.164 3 ^{***}	

所有群体间基因分化系数 F_{st} 均达到极显著水平 *** ($P < 0.001$) All F_{st} were significant ($P < 0.001$)

2.2 遗传距离及亲缘树的构建

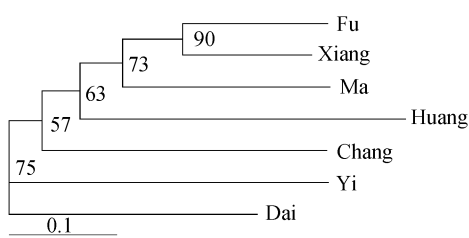
利用 23 对微卫星引物的基因频率计算 7 个山羊群体间的 DC 遗传距离(表 4),并在此基础上用 NJ 和 UPGMA 法构建 7 个山羊群体间的系统发生树(图 2)。由图 2 可知,当利用 NJ 法构建系统发生树时,福清山羊和湘东黑山羊最先聚在一起(自举检验的百分比为 90%),然后与马头山羊聚为一类,黄淮山羊和长江三角洲白山羊分列其后。宜昌白山羊和戴云山羊最后与其它 5 个山羊群体聚为一类,且

各结点处自举检验的百分比均高于 50%以上,平均为 71.6%。当利用 UPGMA 法构建系统发生树时,结果稍微有所不同:戴云山羊与福清山羊、湘东黑山羊和马头山羊表现出较近的亲缘关系,黄淮山羊和长江三角洲白山羊聚类的先后次序有所变化。同时,聚类图整体自上举检验值也比 NJ 法要低,平均仅为 48.33%。由此可以看出: NJ 法构建系统树的准确性高于 UPGMA 法。

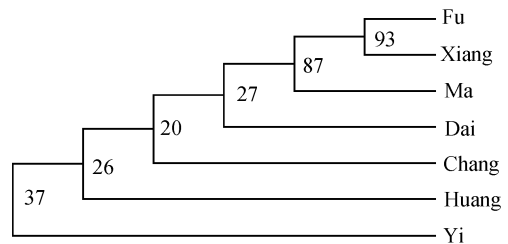
表 4 中国南方地区 7 个山羊群体的地理距离(上三角)及 DC 遗传距离(下三角)

Table 4 The geographical distance (above the diagonal) and the DC distances (below the diagonal) among 7 goat populations in south of China

品种 Breeds	长江三角洲 白山羊 Chang	黄淮山羊 Huang	福清山羊 Fu	马头山羊 Ma	湘东黑山羊 Xiang	宜昌白山羊 Yi	戴云山羊 Dai
长江三角洲 白山羊 Chang		350	1 230	1 420	1 300	1 260	1 300
黄淮山羊 Huang	0.587 5		1 400	1 450	1 300	1 300	1 480
福清山羊 Fu	0.556 0	0.513 5		1 300	1 010	1 360	110
马头山羊 Ma	0.522 8	0.549 8	0.404 9		200	220	1 360
湘东黑山羊 Xiang	0.563 9	0.508 9	0.255 3	0.347 6		300	1 080
宜昌白山羊 Yi	0.589 1	0.679 6	0.580 8	0.588 7	0.563 1		1 420
戴云山羊 Dai	0.528 3	0.598 4	0.511 0	0.529 5	0.507 8	0.527 1	



(a) DC-NJ



(b) DC-UPGMA

图中数字为 1 000 次自举检验所得的百分比

The numbers on the node were the bootstrap percentage value from 1 000 times

图 2 中国南方地区 7 个山羊品种的聚类图

Fig. 2 The trees constructed from DC distances among 7 goat populations in south of China

2.3 个体鉴定

运用贝叶斯概率理论(Bayesian theory),分别使用 GENEGALSS (V2.0) 和 STRUCTURE (V2.0) 2 种软件对所采样本从个体和群体水平上进行鉴定。结果表明:用 GENECLASS 不论从个体或是群体水平,其鉴定的准确性均为 100%。当使用 STRUCTURE 时,宜昌白山羊、马头山羊、湘东黑山羊、福清山羊、戴云山羊、黄淮山羊、长江三角洲白

山羊群体中采样个体属于所采样群体概率值低于 95% 的百分比分别为: 0%、3.51%、14.58%、3.85%、0%、1.89% 和 0%,平均鉴定所属群体概率分别为 99.1%、98%、96.2%、96.6%、98.7%、98.7% 和 98.7%(表 5)。结果表明,当分群数 K=7 时,由 GENEGALSS 所得的个体鉴定准确性高一些,同时湘东黑山羊杂合性最高。当分群数为 2 时(即 K=2),马头山羊、湘东黑山羊和福清山羊 3 个

群体为一类,而其它 4 个群体为一类。当分群数为 3~6 时,各山羊群体分别从各分类群中分离出来(表 5)。同时,此结果与利用 DC 遗传距离所得聚类

图大体一致,这从侧面也证明了本研所得聚类图的正确性。

表 5 中国南方地区 7 个山羊群体属于不同推测群体类群数下的概率百分比

Table 5 Estimated membership probabilities of 7 goat populations in south of China to different inferred clusters

分群数 K	长江三角洲 白山羊 Chang	黄淮山羊 Huang	福清山羊 Fu	马头山羊 Ma	湘东黑山羊 Xiang	宜昌白山羊 Yi	戴云山羊 Dai
K=2	0.996	0.993	0.003	0.004	0.003	0.997	0.994
	0.004	0.007	0.997	0.996	0.997	0.003	0.006
K=3	0.993	0.002	0.003	0.005	0.003	0.996	0.994
	0.003	0.002	0.994	0.993	0.995	0.002	0.004
	0.003	0.996	0.003	0.002	0.003	0.002	0.002
K=4	0.004	0.003	0.003	0.002	0.002	0.996	0.004
	0.002	0.994	0.003	0.002	0.003	0.001	0.002
	0.991	0.002	0.003	0.007	0.002	0.002	0.991
	0.003	0.002	0.991	0.989	0.993	0.001	0.003
K=5	0.986	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.989
	0.006	0.002	0.006	0.989	0.016	0.001	0.002
	0.003	0.003	0.002	0.002	0.002	0.994	0.004
	0.002	0.991	0.002	0.002	0.002	0.001	0.002
	0.002	0.002	0.987	0.006	0.977	0.002	0.004
K=6	0.989	0.002	0.003	0.003	0.002	0.001	0.002
	0.002	0.002	0.985	0.006	0.974	0.002	0.002
	0.002	0.989	0.002	0.002	0.002	0.001	0.002
	0.002	0.002	0.006	0.986	0.017	0.001	0.002
	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	0.993	0.003
	0.004	0.002	0.002	0.002	0.003	0.002	0.989
	0.002	0.987	0.003	0.002	0.003	0.001	0.002
K=7	0.002	0.002	0.020	0.007	0.962	0.002	0.002
	0.002	0.002	0.966	0.004	0.015	0.002	0.002
	0.002	0.002	0.004	0.98	0.014	0.001	0.002
	0.004	0.002	0.002	0.002	0.003	0.002	0.987
	0.987	0.002	0.003	0.003	0.002	0.001	0.002
	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	0.991	0.003

3 讨论

3.1 基因分化系数

本研究通过 23 对微卫星引物计算所得中国南方 7 个山羊群体的基因分化系数(F_{st})为 14.84%,且各群体间遗传分化极显著($P < 0.001$)。与国内利用微卫星技术所得各山羊群体间的基因分化系数相比较,远远大于中国北方 6 个山羊群体^[2]和中国 8 个山羊群体^[5],稍大于 Li 等所研究的 12 个中

国山羊群体^[4],低于山东省 4 个山羊群体^[25];但与 10 个非洲山羊群体^[26]、8 个瑞士山羊群体^[27]、11 个南亚山羊群体^[28]的遗传分化水平类似。说明经过长期自然选择、人工选择、遗传漂变及地理隔离等因素,本研究中的 7 个山羊群体已经产生了较大的遗传分化,同时也侧面证明了把它们划分为 7 个不同的山羊品种是正确的,它们之间不存在异名同品种的情况。

3.2 地理距离、遗传距离与基因分化系数

地理隔离是群体间基因交流的天然屏障,较容

易成为影响群体间遗传分化的重要因素^[29]。但在本研究中,虽然 7 个山羊群体间基因分化系数极显著,但它们之间的地理距离与遗传距离和基因分化系数相关性并不显著($P > 0.05$);除宜昌白山羊与黄淮山羊之间每世代两群体间有效迁移个体数(Nem)小于 1 外(0.831 3),其余所有群体间每世代有效迁移个体数均大于 1,但在地理距离较近的马头山羊与湘东黑山羊间基因流达到最大(3.410 3)。所以,从总体上说,中国南方 7 个山羊群体间的遗传分化不符合距离隔离模式。这可能主要是因为我国南方山羊群体各自所处的生境独特,纯粹的地理距离不能反应群体间潜在的交流或隔离,如戴云山羊与福清山羊,两群体间地理距离仅为 110 km,但两地间交通不便,加之两群体各自均处于相对封闭的环境中,因此其群体间分化较大,基因流较小。

群体遗传学研究认为,引起群体分化另外重要的原因是遗传漂变和选择的作用^[30]。Wright^[31]认为群体间基因流大于 1,则能发挥均质化作用,即能有效抑制由遗传漂变而引起的遗传分化。本研究表明,除宜昌白山羊与黄淮山羊外,其它所有山羊群体间基因流均大于 1(平均为 1.577 0),从而抵制了由遗传漂变导致的群体间遗传分化。而在这 7 个山羊群体中,基本上均没有经过系统的人工选育,因此,可以初步推断我国南方 7 个山羊群体间遗传分化主要是由于自然选择(生境异质性)作用的结果。

3.3 中国山羊起源问题

有关中国家山羊的起源问题,目前比较公认的看法是:中国家山羊主要起源于欧亚大陆的角呈镰刀状的羯羊(*Capra aegagrus*)和角呈螺旋状的羯羊(*Capra falconeri*)或是两个系统的混血种^[32-34]。这也与通过考古学证据、微卫星多态、RAPD 标记及线粒体变异所得聚类图分为两个明显的分支的结果是一致的^[1,4-9]。李祥龙等^[6]通过对 18 个中国地方山羊品种 mtDNA-RFLP 进行研究时发现:中国大多数山羊品种为角呈镰刀状羯羊和螺旋状羯羊的混血种,但 Chen 等^[8]对中国 18 个中国地方山羊品种 mtDNA 控制区第 1 高变片段(The first hypervariable segment, HVSI)481 bp 进行比较时,发现 4 种主要类型,说明除了角呈镰刀状羯羊和螺旋状羯羊外,中国山羊还可能由其它母系起源系统。在本研究的聚类图中,并没有分为明显的两个分支,更不能判定中国南方山羊群体主要起源于哪一个系统还是两者的混血种。所以,要想彻底弄清楚中国山羊的

起源问题,还有待用更多的标记对所有中国山羊品种(包括其近缘种)和周边国家主要山羊品种的遗传多样性进行研究,同时结合其它资料(考古学、史料记载等),才能做出较为准确的判断。

参考文献:

- [1] 中国羊品种志编写组. 中国羊品种志[M]. 上海:上海科学技术出版社,1988.
- [2] 张爱玲,马月辉,李宏滨,等. 利用微卫星标记分析 6 个山羊品种遗传多样性[J]. 农业生物技术学报, 2006,14(1):38-44.
- [3] 汪志国,杨章平,马月辉,等. 长江中下游以及东南沿海的 7 个山羊群体的遗传多样性分析[J]. 畜牧兽医学报,2006,37(1):1-6.
- [4] LI M H, ZHAO S H, BIAN C, et al. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis[J]. Genetics Selection and Evolution,2002,34:729-744.
- [5] LI X L, VALENTINI A. Genetic diversity of Chinese indigenous goat breeds based on microsatellite markers[J]. Journal of Animal Breeding and Genetics,2004,121:350-355.
- [6] 李祥龙,张亚平,陈圣偶,等. 山羊 mtDNA 多态性及其起源分化研究[J]. 畜牧兽医学报,1999,30(4):313-319.
- [7] 刘益平,曹少先,傅泽红,等. 中国部分山羊品种线粒体 DNA D-loop 序列遗传多样性分析[J]. 畜牧兽医学报,2007,38(4):313-320.
- [8] CHEN S Y, SU Y H, WU S F, et al. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2005,37:804-814.
- [9] LI X L, ZHANG Y P, CHEN S O, et al. Study on genetic relationship among main native goat breeds in China using random amplified polymorphic DNA [C] // Proceedings of 7th International Conference on Goats. Published Institut de l' Elevag et INRA, Tours, France, 2000: 728-730.
- [10] SAMBROOK J, FRITCH E F, MANIARTIS T. Molecular clone: A laboratory manual[M]. 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor Press, 1989.
- [11] FAO. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): recommended microsatellite markers, new microsatellite sets—recommendations of joint JSAG/FAO Standing Committee[M]. Rome, 2004.
- [12] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural

- populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978.
- [13] GOUDET J. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (Version 2.9.3.2) [EB/OL]. <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>, 2002.
- [14] SLATKIN M. Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium population [J]. *Evolution*, 1993, 47: 262-279.
- [15] RAYMOND M, ROUSSET F. Genepop (3.3). Population genetics software for exact tests and Ecu-menicism [EB/OL]. URL: Wbiomed.curtin.edu.au/genepop, 2001.
- [16] ROUSSET F. Genetic differentiation and estimation of gene flow from F -statistics under isolation by distance [J]. *Genetics*, 1997, 145: 1 219-1 228.
- [17] 任齐俊, 袁新芳. 新编中国交通地图册 [M]. 北京: 中国地图出版社, 2005.
- [18] CAVALLI-SFORZA L L, EDWARDS A W F. Phylogenetic analysis: Models and estimation procedures [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1967, 19: 233-257.
- [19] OLIVIER L. Populations (1.2.28) [EB/OL]. URL: www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations.
- [20] PAGE R D M. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computer [J]. *Computer Applications in the Biosciences*, 1996, 12: 357-358.
- [21] SAITOU N, NEI M. The neighbour-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. *Mol Bio Evol*, 1987, 4: 406.
- [22] FELSENSTEIN J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap [J]. *Evolution*, 1985, 39: 783-791.
- [23] RANNALA B, MOUNTAIN J L. Detecting immigration by using multilocus genotypes [J]. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the USA*, 1997, 94: 9 197-9 221.
- [24] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155: 945-959.
- [25] 孙允东, 马月辉, 王建民, 等. 山东省地方山羊品种群微卫星基因座的遗传多样性 [J]. *家畜生态学报*, 2006, 27(2): 19-27.
- [26] CHENYAMBUGA S W, HANOTTE O, HIRBO J, et al. Genetic characterization of indigenous goats of sub-saharan Africa using microsatellite DNA markers [J]. *Asian-Aust J Anim Sci*, 2004, 17: 445-452.
- [27] SAITBEKOVA N, GAILLARD C, OBEXER-RUFF G, et al. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis [J]. *Animal Genetics*, 1999, 30: 36-41.
- [28] BARKER J S F, TAN S G, MOORE S S, et al. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*) [J]. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2001, 118: 213-233.
- [29] 田风贵, 马志杰, 陈智华. 分子生态学与生物多样性研究 [J]. *西南民族大学学报(自然科学版)*, 2005, 31(1): 115-120.
- [30] 郑向忠, 徐宏发, 陆厚基. 动物种群遗传异质性研究进展 [J]. *生物多样性*, 1997, 5(3): 210-216.
- [31] WRIGHT S. Evolution in Mendelian population [J]. *Genetics*, 1931, 16: 91-159.
- [32] 常洪. 家畜遗传资源学纲要 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 19.
- [33] 谢成侠. 中国养牛羊史(附养鹿简史) [M]. 北京: 农业出版社, 1985: 140-142.
- [34] LIU R Y, YANG G S, LEI C Z. The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(5): 420-428.