

探讨微卫星作为地方山羊品种生长性状的遗传标记

王建民¹, 孙允东^{1*}, 李宏滨², 王桂芝¹, 尚友国¹, 关伟军², 马月辉^{2*}

(1. 山东农业大学动物科技学院, 泰安 271018; 2. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100094)

摘要: 采用微卫星技术及最小二乘拟合线性模型, 利用崂山奶山羊、济宁青山羊、鲁北白山羊和莱芜黑山羊 4 个地方山羊品种中的 10 个多态性微卫星基因座, 分析了微卫星基因座及其等位基因对山羊生长性状的关联效应。结果表明: 与品种、性别和年龄等因子比较, 标记因子对山羊体重和体尺性状的影响较小, 但发现 BM6404、BM1818、BM812 和 BM6444 基因座对体重有显著影响 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$), BM6404、BM1818、BMS12484、MAF70 基因座对主要体尺性状有显著影响 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)。BM6404 基因座的等位基因 130 可能对山羊的胸围、体高、尻宽均有正效应; 120 对胸围有较强的负效应, 而对体高、尻长则有较强的正效应; 168 对尻长、尻宽均表现为负效应。MAF70 基因座的等位基因 142 对体长有正效应, 178 对体长有负效应。BMS1248 基因座的等位基因 128 对管围有正效应。

关键词: 山羊; 微卫星基因座; 等位基因; 生长性状; 遗传标记

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)10-0961-06

Study on Growth Traits of Local Goat Breeds Using Microsatellite Loci as Genetic Markers

WANG Jian-min¹, SUN Yun-dong^{1*}, LI Hong-bin², WANG Gui-zhi¹, SHANG You-guo¹, GUAN Wei-jun², MA Yue-hui^{2*}

(1. College of Animal Science, Shandong Agricultural University, Taian 271018, China;

2. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China)

Abstract: Ten polymorphic microsatellite loci among 4 local goat breeds (Laoshan dairy goat, Jining grey goat, Lubei white goat and Laiwu black goat) in China were used to analyse the relating effect between their alleles and growth traits, by using general linear model (GLM) and microsatellite analysis technique. The results showed that, compared with the breed, sex and age factors, microsatellite marker factor had less effect on body weight and body size traits, however, BM6404, BM1818, BM812 and BM6444 affected body weight significantly ($P < 0.05$ or $P < 0.01$), and BM6404, BM1818, BMS12484, MAF70 had significant effect on main body size traits ($P < 0.05$ or $P < 0.01$). We also found that, allele 130 of BM6404 had positive effect on heart girth, height at withers and thurl width, allele 120 had negative effect on heart girth, and positive effect on height at withers and rump length; allele 168 had negative effect on rump length and thurl width. For MAF70, allele 142 had positive effect and allele 178 had negative effect on body length respectively. For BMS1248, allele 128 had positive effect on circumference of cannon bone.

Key words: goat; microsatellite loci; allele; growth trait; genetic marker

收稿日期: 2005-08-19

基金项目: 山东省肉羊良种产业化项目(SD2002); 国家十五攻关项目(2002BA514A-4-2)

作者简介: 王建民(1963-), 男, 山东单县人, 教授, 主要从事动物遗传资源保护与利用研究

* 通讯作者: 孙允东, E-mail: jmwang@263.net; 马月辉, E-mail: yuehui@263.net

山羊是分布范围广、产品类型多、适应性较强的物种,因拥有更多的小生境而表现出丰富的遗传多样性。山东省已有 4 个地方山羊品种列入全国及山东省畜禽品种志^[1,2],其生产性能和经济类型存在明显差异,如济宁青山羊常年发情,繁殖率高,青猾子皮质地优良;莱芜(沂蒙)黑山羊适于山地放牧,耐粗饲,双羔率较高;鲁北白山羊适于滨海草场放牧,板皮质量好,生长速度较快;崂山奶山羊遗传性能稳定,泌乳性能好,适于丘陵山区的半放牧半舍饲养方式。但随着肉羊生产的快速发展,许多地方山羊品种生长速度缓慢成为其适应现代集约化饲养的限制因素。近年来,对牛生长和产奶性状的遗传标记研究较多^[3-7],主要研究方法是从功能性状和表型性状微卫星基因座的基因组扫描中,找到许多与生长性状相关的基因座以用于遗传标记辅助选择;利用微卫星基因座多用于研究山羊群体的遗传多样性^[8,9],而作为对山羊生长性状遗传标记的研究报道甚少。本研究利用山东地方山羊品种的体重和体尺性状测定资料,探讨了微卫星 DNA 基因座作为山羊生长性状遗传标记的可能性,为开展山羊分子育种提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 样品采集

根据品种分布区域,采用中心产区随机抽样的方法采集样品,其中崂山奶山羊来自临朐县畜牧局种羊场,济宁青山羊来自郓城县农户羊群,鲁北白山羊来自无棣县种羊场,莱芜(沂蒙)黑山羊来自莱芜黑山羊研究所种羊场。

采样羊只均为 1~2 岁之间,每个品种 40 只(公畜占 10%),具有明显的品种特征。前腔静脉采血,每头采血量 25 mL。新鲜血液用 1:1 的裂解液溶解,常温下运输,-20℃ 长期保存。采血之前,按常规方法逐只测定羊只的体重(kg,崂山奶山羊缺此数据)、体长(cm)、胸围(cm)、体高(cm)、尻长(cm)和尻宽(cm)。

1.2 微卫星标记的确定

因对山羊数量性状基因座的研究资料较少,故选用 Ashwell 等^[3-4]和 Schrooten 等^[5]发现的与牛生长性状相关的 42 个微卫星基因座,再通过微卫星多态性分析确定在 4 个山羊品种中都有扩增结果的 10 个基因座(BM6404、BM315、BM1818、BM6444、BMS1678、BMS1248、MAF70、ILIST021、BMS812

和 BMS1206)作为遗传标记。

1.3 微卫星多态性分析

基因组 DNA 提取采用常规的酚、氯仿抽提方法^[10]。

Taq 酶、dNTPs 购自华美生物技术有限公司。上下游引物来自以下 3 个网站:www.marc.usda.gov; www.roslin.ac.uk; www.thearkdb.org/browser。

微卫星 DNA 标记扩增的 PCR 反应体系为 12 μL。PCR 扩增条件:95℃ 预变性 5 min;95℃ 变性 1 min,48~60℃ 复性 30 s,72℃ 1 min,共 33 个循环,最后 72℃ 延伸 5 min。

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,利用 FOTODYNE 电泳凝胶数字图像定量分析系统软件(Gel Analyzer, Version 3.1),计算各微卫星座位的等位基因大小,对于带型模糊的个体,做 1~2 次重复检测。

1.4 统计分析方法

根据影响表型性状的因素,在对基因型效应进行分析时采用的固定模型是:

$$Y_{ijklm} = \mu + \text{breed}_i + \text{sex}_j + \text{marker}_k + \text{time}_l + \text{age} + e_{ijklm}$$

式中: Y_{ijklm} 为个体表型记录; breed_i 为品种效应; sex_j 为性别效应; marker_k 为标记基因型效应; time_l 为测定次数效应; age 为年龄效应,按连续变量处理,做回归校正; e_{ijklm} 为随机误差。

对于微卫星基因座而言,不存在测定次数效应,故对基因型效应进行分析时,模型为:

$$Y_{ijk} = \mu + \text{breed}_i + \text{sex}_j + \text{marker}_k + \text{age} + e_{ijk}$$

运用 SAS6.12 软件对数据进行分析,并用最小二乘法拟合线性模型,对各种基因型的效应和不同标记基因型间生产性状最小二乘均值差异进行显著性检验。

2 结果与分析

2.1 微卫星标记、品种、性别和年龄对体重性状的影响效应

通过 4 个影响因子对 3 个山羊品种体重性状的效应分析(见表 1),表明品种、性别和年龄因子均对体重有较大的影响效应($P < 0.001$ 或 $P < 0.01$);基因座标记的效应值较小,仅在 BM6404、BM1818、BM812 和 BM6444 微卫星基因座上达到显著水平($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)。

表1 不同因子对山羊体重性状的影响效应分析

Table1 The influencing effect analysis of various factors on body weight trait in goat

基因座 Locus	因子 Factor			
	品种 Breed	性别 Sex	年龄 Age	标记 Marker
BM6404	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	200. 433 ^b	193. 017 ^a
BM315	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	268. 543 ^c	85. 719
ILIST021	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	251. 349 ^c	143. 899
BM1818	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	250. 307 ^c	209. 599 ^a
BMC1206	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	234. 057 ^b	168. 670
BMS812	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	98. 328	246. 840 ^c
BM6444	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	239. 375 ^c	147. 242 ^a
BMS1678	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	258. 595 ^b	63. 381
BMS1248	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	229. 044 ^b	106. 993
MAF70	3 115. 424 ^c	1 246. 993 ^c	251. 303 ^b	70. 499

数值后的肩标字母代表显著水平, a < 0. 05; b < 0. 01; c < 0. 001。表3同

Superscript letters behind values represent significantly level, a < 0. 05; b < 0. 01; c < 0. 001. The same below table 3

2.2 微卫星标记 BM1818 与 BM6404 不同基因型体重性状的效应分析

基因座 BM1818 的基因型 230/246 的最小二乘均值(表2)显著大于 246/246 ($P < 0. 05$), 但由于比较样本少, 故不能说明等位基因 230 和 246 的效应。基因座 BM6404 的基因型 140/200 的最小二乘均值明显小于 116/130、120/130 和 130/130 ($P < 0. 05$), 且含有其它基因型没有的等位基因 200, 故可推测等位基因 200 对体重有负效应。

2.3 微卫星标记、品种、性别和年龄对体尺性状的影响效应

通过 4 个影响因子对 4 个山羊品种体尺性状的效应分析结果表明(见表3), 品种因子对除管围以外的生长性状, 都有极显著 ($P < 0. 001$ 或 $P < 0. 01$) 的影响; 除 BM6444、BMS1608 和 MAF70 微卫星基因座以外, 性别因子对尻宽的影响都达到显著水平 ($P < 0. 05$), 而对尻长的影响仅在 BM6404 和 BM1818 基因座上达到显著水平; 年龄因子对胸围的影响较大 ($P < 0. 01$), 其次是尻长 ($P < 0. 01$ 或 $P < 0. 05$); 微卫星标记因子对体长、胸围和体高的影响均表现出较大的效应值, 但仅在 BM6404、BM1818、BMS1248、MAF70 基因座上, 标记因子对某些生长性状的影响达到显著水平 ($P < 0. 05$ 或 $P < 0. 01$), 其中在 BM6404 上标记因子影响的性状最多, 包括胸围、体高、尻长和尻宽。

2.4 3 个微卫星基因座不同基因型对生长性状的效应分析

2.4.1 BM6404 基因座 在胸围性状中, 130/130

表2 BM1818 和 BM6404 基因座不同基因型山羊体重性状的方差分析

Table2 Variance analysis of BM1818 and BM6404 loci genotypes and body weight trait in goat

BM1818		BM6404	
Genotype	LSM	Genotype	LSM
220/230	49. 324	116/120	40. 965
220/246	40. 181	116/130	39. 398 ^b
230/246	44. 241 ^a	116/140	41. 911
246/246	37. 590 ^b	120/130	35. 153 ^b
276/276	27. 914	120/140	44. 240
276/286	55. 170	130/130	51. 183 ^a
		130/140	40. 577
		136/136	46. 603
		136/140	31. 910
		136/154	41. 983
		136/168	32. 533
		140/140	37. 943
		140/154	41. 408
		140/168	35. 189
		140/200	31. 507 ^c

同一列数值中, 肩标含相同字母者表示两种基因型之间差异不显著 ($P > 0. 05$), 不同小写字母代表差异显著 ($P < 0. 05$), 不同大写字母代表差异极显著 ($P < 0. 01$)。下表 4~6 同

The values with the same superscript letters within the same column were not significantly different ($P > 0. 05$) between two genotypes, and the different small letter represents $P < 0. 05$, the different capital letter represents $P < 0. 01$. The same below table 4 - 6

基因型羊只的最小二乘均值最大(见表4), 显著高于其它基因型, 由于其它基因型中很少含有等位基因 130, 由此推测等位基因 130 可能对胸围性状有正面效应。120/130 基因型羊只的最小二乘均值最小, 如果等位基因 130 的正效应存在, 等位基因 120 应该对胸围性状有较强的负面效应。

在体高性状中, 120/150 基因型羊只的最小二乘均值显著高于其它基因型的羊只, 由于其它基因型不含有等位基因 120, 以此推测等位基因 120 对表型性状体高有较强的正效应。130/136, 130/154 基因型羊只的均值明显高于 140/200, 136/140, 136/150, 136/154, 140/140 基因型, 考虑到这些基因型没有等位基因 130, 因此等位基因 130 可能有正效应。基因型 140/200 的均值显著低于其它基因型的均值, 且基因型 140/140, 140/154, 140/168 的均值也明显较小, 因此推测等位基因 140 可能有负效应。

表 3 不同因子对山羊体尺性状的影响效应分析

Table 3 The influencing effect analysis of various factors on body size traits in goat

座位 Locus	因子 Factor	体长 Body length	胸围 Heart girth	体高 Height at withers	管围 Circumference ofannon bone	尻长 Rump length	尻宽 Thurl width
BM6404	品种 Breed	269. 243 ^b	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630 ^a	13. 686 ^a
	年龄 Age	54. 254	91. 108 ^b	33. 618	31. 995	4. 248 ^a	3. 393
	标记 Marker	52. 959	104. 936 ^b	45. 135 ^a	35. 739	5. 524 ^b	5. 888 ^a
BM315	品种 Breed	235. 810 ^c	4 505. 566 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	19. 203 ^b
	性别 Sex	71. 032	79. 183	8. 3189	20. 683	10. 630	14. 558 ^a
	年龄 Age	71. 032	104. 635 ^b	39. 843	35. 506	5. 680 ^b	3. 635
	标记 Marker	30. 321	23. 044	18. 418	2. 761	0. 966	3. 827
IL IST021	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 9027	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	12. 502	113. 348 ^c	38. 498	38. 055	2. 186	3. 346
	标记 Marker	56. 171	92. 403	20. 337	36. 411	4. 992	2. 797
BM1818	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630 ^a	13. 686 ^a
	年龄 Age	53. 817	111. 771 ^b	39. 341	31. 087	5. 327 ^b	3. 055
	标记 Marker	22. 697	59. 267	32. 005	35. 235	6. 137 ^a	6. 011
BMC1206	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	9 569. 136 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	46. 884	104. 545 ^b	1021. 299	43. 183	4. 620	3. 581
	标记 Marker	53. 583	61. 652	176. 412	6. 551	3. 346	1. 364
BMS812	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	44. 810	111. 016 ^b	38. 316	33. 749	4. 978 ^a	3. 597
	标记 Marker	58. 127	42. 208	26. 777	5. 451	2. 355	2. 158
BM6444	品种 Breed	269. 242 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	40. 324	113. 570 ^b	40. 963	43. 801	4. 827 ^a	3. 081
	标记 Marker	87. 475	36. 357	27. 132	12. 592	3. 330	3. 311
BMS1678	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	52. 655	107. 983 ^b	35. 441	37. 899	4. 259	2. 952
	标记 Marker	32. 000	41. 643	29. 016	12. 667	2. 865	2. 537
BMS1248	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 775	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	52. 703	111. 276 ^b	38. 690	16. 454	4. 800 ^a	3. 359
	标记 Marker	24. 452	26. 018	11. 205	194. 371 ^c	2. 481	2. 395
MAF70	品种 Breed	269. 243 ^c	4 658. 950 ^c	3 189. 712 ^c	45. 774	84. 930 ^c	24. 801 ^c
	性别 Sex	57. 903	66. 144	8. 319	20. 683	10. 630	13. 686 ^a
	年龄 Age	59. 322 ^a	108. 337 ^b	38. 861	39. 599	4. 874 ^a	3. 419
	标记 Marker	63. 108 ^a	42. 680	35. 343	7. 406	2. 155	4. 850

在尻长性状中, 120/154 基因型羊只的最小二乘均值显著高于其它基因型羊只, 以此推测等位基因 120 可能有正效应。基因型 140/168 羊只的均值

明显低于其它基因型的均值, 并且含有其它基因型没有的等位基因 168, 因此推测等位基因 168 有负效应。

在尻宽性状中, 130/130 基因型羊只的最小二乘均值明显高于基因型 130/140, 136/140, 136/150, 136/154, 140/140, 140/168, 140/200 等基因型羊只, 且其它含有等位基因 130 的羊只的均值也较高, 以此推测基因型 130 有正效应。基因型 140/168 羊只的均值明显低于其它基因型, 且含有其它基因型没有的等位基因 168, 因此推测等位基因 168 有负效应。

表 4 BM1818 和 BM6404 基因座不同基因型山羊体尺性状的方差分析

Table 4 Variance analysis of BM6404 locus genotypes and body size traits in goat

基因型 (样本量) Genotype (N)	胸围 Heart girth	体高 Height at withers	尻长 Rump length	尻宽 Thurl width
116/120(7)	72.502	58.766	16.347	13.647
116/120(12)	75.037	61.578	17.005	14.256
116/140(7)	81.096 ^b	61.084	18.042	14.194
116/154(11)	80.574	62.083	17.840	14.716
120/120(10)	80.994	64.527	16.997	12.971
120/130(5)	68.126 ^{cb}	55.542	15.493	12.133
120/140(6)	81.217	60.541	16.725	13.093
120/150(5)	79.745	65.527 ^{aA}	19.425 ^A	13.602
130/130(5)	84.181 ^{aA}	62.634 ^A	18.184 ^{aA}	15.101 ^{aA}
130/136(7)	77.948 ^b	62.044 ^a	16.236	12.394
130/140(12)	74.417	58.344 ^b	16.088 ^b	12.786 ^b
130/154(12)	79.985 ^b	63.427 ^{aA}	17.167	14.046
136/136(9)	73.596 ^b	56.185 ^b	15.808	12.352
136/140(5)	70.068	50.893 ^b	16.176 ^b	10.357 ^b
136/150(7)	75.016 ^b	58.423 ^b	16.179 ^b	12.711 ^b
136/154(8)	70.802 ^{bb}	54.545 ^b	15.786 ^b	11.667 ^b
140/140(10)	72.412 ^b	56.277 ^b	16.049 ^b	10.996 ^b
140/154(6)	74.068 ^b	58.398 ^b	15.154	13.424
140/168(5)	70.998 ^B	56.263	14.345 ^{cb}	8.684 ^{cb}
140/200(11)	73.330 ^b	48.752 ^{bb}	16.367 ^b	11.050 ^b

2.4.2 MAF70 基因座 基因型 142/142 的最小二乘均值明显高于其它基因型(表 5), 由此推测等位基因 142 对体长有正效应; 基因型 178/178 的均值明显高于基因型 142/170, 150/150, 150/180, 156/156, 162/162, 166/166, 166/168, 168/168, 170/170, 174/174, 174/180, 180/180 基因型, 仅比基因型 142/142 的均值低, 因此等位基因 178 对体长也有正效应。

2.4.3 BMS1248 基因座 基因型 128/150 的最小二乘均值明显高于基因型 138/138, 138/168 140/140, 140/170, 146/146, 150/150, 142/142 和

表 5 MAF70 基因座不同基因型山羊体长性状的方差分析
Table 5 Variance analysis of MAF70 locus genotypes and body length trait in goat

基因型 Genotype	样本量 Number of sample	体长 Body length
142/142	12	66.711 ^{bA}
142/156	10	53.934 ^{ab}
142/170	11	52.095 ^{bb}
150/150	8	51.778 ^{cb}
150/180	11	52.091 ^{bb}
156/156	10	51.963 ^{cb}
156/174	6	56.462 ^{ab}
162/162	12	54.308 ^{ab}
166/166	13	53.350 ^{db}
166/168	10	43.934 ^{acC}
168/168	11	53.608 ^{db}
170/170	7	50.154 ^{cb}
174/174	6	47.914 ^{bcB}
174/180	10	52.147 ^{bb}
180/180	11	50.736 ^{cb}
178/180	7	55.058 ^{db}
178/178	5	64.291 ^{ca}

144/144, 并且也比其它基因型高, 因此推测等位基因 128 对管围有正效应。

表 6 BMS1248 基因座不同基因型山羊管围性状的方差分析

Table 6 Variance analysis of BMS1248 locus genotypes and Circumference of at cannon bone in goat

基因型 Genotype	样本量 Number of sample	管围 Circumference of at cannon bone
120/140	12	10.305 ^a
124/124	13	9.692 ^a
126/126	15	8.380 ^a
128/150	15	40.368 ^b
138/138	13	8.476 ^b
138/168	16	8.665 ^b
140/140	13	7.914 ^b
140/170	9	8.459 ^b
146/146	8	8.688 ^b
150/150	17	8.666 ^b
142/142	18	8.236 ^b
144/144	7	9.795 ^b

3 讨论与结语

利用与牛的生长发育性状相关联的微卫星基因

座上进行扩增,虽然大部分基因座由于种属差异没有扩增结果,但是仍有10个微卫星基因座在所有的山羊群体中表现出多态性,且发现一些基因座对山羊的生长性状有较大的关联度。例如,基因座BM6404对山羊的胸围、体高、体重、尻长和尻宽5个性状都有显著地影响,其中等位基因120和130是属于比较重要的基因。同时,研究还发现某些基因座(如BM1818、BM1724、BMS1290、BMS1943)对某些生长性状有显著地影响,但却没有找到与生长发育性状紧密相关的等位基因。

本研究以各种基因型的表型值不小于4为最小样本,以求获得可靠的对比数据。因此,需要加大样本数量或者更好的统计方法来提高统计的准确性。如在分析模型中单独把一个微卫星基因座作为一个影响因素,可能提高了基因座的效应;而把所有应用的基因座作为一个影响因素放到统计模型中会更好,但基因座之间还可能有连锁、显性、上位等效应,将使模型难以建立。由于各个基因座不位于同一条染色体上,故没有考虑基因座之间的互作问题,而这种互作效应还有待于进一步研究。

致谢:在采样过程中得到莱芜黑山羊育种研究所、郛城县畜牧局、临朐县畜牧局和滨州畜牧兽医研究所等单位领导和技术人员的大力支持,表示衷心感谢!

参考文献:

- [1] 涂友仁. 中国羊品种志[M]. 上海:上海科技出版社, 1988, 98~123.
- [2] 司俊臣. 山东省畜禽品种志[M]. 深圳:海天出版社, 1999, 61~72.
- [3] Ashwell M S, Van Tassell C P, Sonstegard T S. A genome scan to identify quantitative trait loci affecting economically important traits in a US Holstein population[J]. *J Dairy Sci*, 2001, 84(11): 2 535~2 542.
- [4] Van Tassell C P, Ashwell M S, Sonstegard T S. Detection of putative loci affecting milk, health, and conformation traits in a US Holstein population using 105 microsatellite markers[J]. *J Dairy Sci*, 2000, 83(8): 1 865~1 872.
- [5] Schrooten C, Bovenhuis H, Coppieters W, *et al.* Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle[J]. *J Dairy Sci*, 2000, 83(4): 795~806.
- [6] Napolitano F. Exploitation of microsatellite as genetic markers of beef-performance traits in Piemontese Chianina crossbred cattle[J]. *J Anim Breed Genet*, 1996, 113:157~162.
- [7] 杜立新, 万海伟, 王爱华, 等. 用 RAPD 技术筛选中国荷斯坦牛产奶量性状遗传标记[J]. *畜牧兽医学报*, 2005, 36(9): 882~886.
- [8] 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.
- [9] 欧阳叙向, 黄生强, 施启顺, 等. 微卫星标记 BMS2508 在4个山羊品种的遗传多样性研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2005, 36(12): 1 351~1 353.
- [10] 曹红鹤, 王雅春, 陈幼春. 探讨微卫星 DNA 作为皮埃蒙特牛和南阳杂交牛生长性状的遗传标记[J]. *遗传学报*, 1999, 26(6): 621~626.