

10 个绵羊品种的微卫星 DNA 多态性研究

仲涛^{1,2}, 马月辉^{1*}, 关伟军¹, 凌英会¹, 郭军¹, 赵倩君¹, 何晓红¹

(1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193; 2. 中国农业科学院研究生院, 北京 100081)

摘要: 本研究利用 FAO 和 ILRI 推荐的 21 个微卫星引物, 结合荧光标记 PCR, 检测了中国 9 个地方绵羊 (*Ovis aries*) 品种和 1 个外来绵羊品种的遗传多样性。21 个微卫星座位均呈现出高度多态, 多态性信息含量和杂合度均表明我国地方绵羊品种有着丰富的遗传多样性。本研究共检测到 342 个等位基因, 有效等位基因数在 2.175 2~9.499 7 之间, 座位平均杂合度在 0.524 8~0.855 1 之间, 品种平均杂合度在 0.633~0.761 之间。聚类关系和主成分分析结果与其起源、育成历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: S826.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2008)05-0555-07

Genetic Diversity of Microsatellite DNA among Ten Sheep Breeds

ZHONG Tao^{1,2}, MA Yue-hui^{1*}, GUAN Wei-jun¹,

LING Ying-hui¹, GUO Jun¹, ZHAO Qian-jun¹, HE Xiao-hong¹

(1. *Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China*; 2. *Graduate School of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China*)

Abstract: In order to investigate the genetic diversity of Chinese indigenous sheep breeds, genetic variation of 9 Chinese indigenous sheep breeds and one introduced breed were examined using 21 microsatellite DNA markers and fluorescence PCR. All the 21 markers are highly polymorphic. The polymorphism information content (PIC) and genetic heterozygosity showed that the Chinese local breeds have high genetic diversity. A total of 342 alleles were detected, and the effective allele number ranged from 2.175 2 to 9.499 7. The average heterozygosity of loci varied from 0.524 8 to 0.855 1, and the average heterozygosity of breeds were from 0.633 to 0.761. The phylogenetic trees (NJ and UPGMA) analysis were generally in accordance with their origins, breeding history and localities.

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

我国的绵羊分为 3 大系, 即蒙古羊系、藏绵羊系和哈萨克绵羊系^[1]。在漫长的历史过程中, 在不同的生态环境下, 经过闭锁繁育, 形成了许多地方品种, 分布在各自特定的环境中, 经过人们的选育形成了具有独特优点的品种。这些品种都是我国绵羊遗传资源开发和利用的宝贵财富。

分子标记在畜禽育种中的研究很多、技术成熟。

Barker 等在“全球畜禽品种遗传距离测定的协定”中, 提出了在 FAO 组织下开展全球畜禽遗传资源研究的方案, 建议应用微卫星标记, 对各国的畜禽品种进行遗传距离测定, 为世界各国今后进行动物遗传资源的有效保护和可持续利用提供理论基础^[2]。本研究旨在运用微卫星标记, 结合荧光引物 PCR 技术, 利用 ABI3130XL 自动测序仪进行基因型判定,

收稿日期: 2007-04-28

基金项目: “十一五”科技支撑计划(2006BAD13B08); 国家自然科学基金(30371026); 国际原子能机构研究项目(130071R0)资助

作者简介: 仲涛(1981-), 男, 河北保定人, 硕士生, 主要从事畜禽遗传资源保护与利用研究, E-mail: zhongtao04@yahoo.com.cn

* 通讯作者: 马月辉, 博士, 研究员, 博导, Tel/Fax: 010-62813463, E-mail: yuehui.ma@263.com

来评估我国地方绵羊品种的遗传变异和群体结构情况,并为下一步保护和利用我国特有的绵羊品种资源、进行杂交育种工作提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

10 个绵羊品种共计 469 个个体,样品具体信息

表 1 样品采集信息表及在 21 个微卫星座位上的平均遗传参数

Table 1 Sample information and estimation of average H and PIC on 21 loci

品种名称 Breeds	采集地 Sampling location	样品数量 Sample size		平均杂合度 Average H	平均多态信息含量 Average PIC
		公 Male	母 Female		
湖羊 Hu sheep (HU)	浙江苏州	25	23	0.743	0.698
哈萨克羊 Hazakh (HZK)	新疆哈密	25	17	0.771	0.733
昭通绵羊 Zhaotong sheep (ZT)	云南昭通	37	11	0.722	0.688
乌珠穆沁羊 Ujumqin (UQ)	内蒙古锡林浩特盟	20	28	0.740	0.702
滩羊 Tan sheep (TAN)	宁夏盐池	30	18	0.745	0.706
小尾寒羊 Small-tailed Han (STH)	山东菏泽	26	22	0.729	0.684
安多绵羊 Anduo sheep (AD)	西藏安多	25	22	0.739	0.698
岗巴绵阳 Gangba sheep (GB)	西藏岗巴	4	40	0.689	0.643
呼伦贝尔绵羊 Hulunbeier (HBR)	内蒙古呼伦贝尔盟	31	17	0.761	0.724
无角陶塞特 Poll Dorset (PD)	北京昌平	24	24	0.630	0.574

参照《分子克隆实验指南》,并稍加改动。上游引物 5'末端分别用不同的荧光素(6FAM、PET、NED、VIC)修饰,PCR 反应体系为 12 μ L,按下列程序进行:95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,50~60 $^{\circ}$ C 退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s,35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min;4 $^{\circ}$ C 保存。经琼脂糖电泳抽检后,用 ABI3130XL 测序仪进行分析。用 GeneMapper 软件进行数据提取和 PCR 产物片段大小的分析。

1.4 统计分析

使用 Excel Microsatellite Toolkit 计算等位基因频率、等位基因大小范围和进行数据格式转化。PIC 利用 Cervus 软件计算。等位基因数和有效等位基因数用 POPGENE 软件计算。群体遗传分化的主成分分析采用 PCAGEN 软件。用 Dispan 软件计算群体间 D_A 遗传距离并构建 Neighbour-joining (NJ)和 UPGMA 聚类图。

2 结果

2.1 等位基因的检测及各品种的平均杂合度和平均多态性信息含量

见表 1。全部样品均为随机采样,采样个体具有该品种的明显特征,个体间没有亲缘关系。

1.2 微卫星引物的选择

21 对微卫星引物来源于 FAO 和国际家畜所,由美国 ABI 公司合成。27 对引物的信息见表 2。

1.3 微卫星 DNA 多态性分析

基因组 DNA 提取采用酚/氯仿抽提的方法。

采用微卫星标记来研究绵羊遗传多样性,PCR 扩增结果通过非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离,硝酸银染色,经成像后分析结果。在扩增结果中,往往有一些显色较浅的影子带,难免会影响数据分析^[3-4]。10 个绵羊群体的 21 个微电等位基因的获得都是通过 ABI3130XL 测序仪分析获得,数据用 GeneMapper 软件分析,结果比银染更加可靠、准确,电泳检测的部分结果见图 1。

中国地方绵羊品种的遗传变异范围很大,在 10 个绵羊品种中的 21 个微卫星座位,共检测到 342 个等位基因,平均每个座位有 16 个,在 HUI616、OarFCB304 和 MAF214 座位检测到的等位基因数目超过 20,分别达到 24、23、22 个,其片段范围分别在 121~169、147~195 和 169~261 bp 之间,等位基因数目最少的座位是 SRCRSP5,检测到 5 个,片段范围在 148~158 bp(表 2)。

利用 Nei 公式根据各微卫星座位等位基因频率计算各品种的群体平均杂合度和平均多态信息含量(表 1)。10 个品种中,平均杂合度高低顺序为哈萨克羊 > 呼伦贝尔羊 > 滩羊 > 湖羊 > 乌珠穆沁羊 > 安

表 2 21 个微卫星座位的信息

Table 2 Information of 21 microsatellite loci

引物 Primers	引物序列 (5'-3') Primer sequence Forward(above) and Reverse(below)	等位基因数目 Allele number /Ne number	平均多态 信息含量 Average PIC	退火温度/°C Annealing temperature	片段大小/bp Fragments size
HUJ616	PET-TTCAAACACTACACATTGACAGGG GGACCTTTGGCAATGGAAGG	24 / 5.298 9	0.796	58	121~169
SRCRSP5	VIC-GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG GTTTCTTTGAAATGAAGCTAAAGCAATGC	6 / 2.626 4	0.567	55	148~158
MCM527	NED-GTCCATTGCCTCAAATCAATTC AAA CCACTTGACTACTCCCCAA	12 / 5.601 9	0.798	56	161~183
ILSTS5	6FAM-GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAAGC	12 / 2.175 0	0.516	55	186~214
OarFCB226	VIC-CTA TAT GTT GCCTTTCCTTCCTGC GTG AGT CCC ATA GAG CAT AAGCTC	19 / 6.008 6	0.819	58	112~158
DYMS1	NED-AACAACATCAAACAGTAAGAG CATAGTAACAGATCTTCCTACA	19 / 8.054 5	0.864	递减 PCR	159~205
ILSTS11	6FAM-GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	14 / 4.313 6	0.734	61	239~289
SRCRSP9	6FAM-AGA GGA TCT GGA AATGGA ATC GCA CTC TTT TCA GCC CTA ATG	12 / 2.122 8	0.489	55	104~136
OarCP34	PET-GCTGAACAATGTGATATGTTTCAGG GGGACAATACTGTCTTAGATGCTGC	10 / 4.301 5	0.732	57	112~128
OarVH72	NED-GGCCTCTCAAGGGGCAAGAGCAGG CTCTAGAGGATCTGGAATGCAAAGCTC	9 / 4.533 2	0.752	递减 PCR	125~145
MAF214	6FAM-GGGTGATCTTAGGGAGGTTTTGGAGG AAT GCA GGA GAT CTG AGG CAG GGA CG	22 / 4.258 3	0.732	递减 PCR	169~261
TGLA53	VIC-GCT TTC AGA AAT ATG TTG CAT TCA ATC TTC ACA TGA TAT TAC AGC AGA	17 / 9.162 0	0.881	48	138~168
OarFCB129	NED-GCG ACT TAG CAG CAG CAG CAT CC CAT CAAGAGATGAATGAGTAAAGAAGATG	18 / 7.711 3	0.858	57	118~136
OarFCB11	VIC-GCAAGCAGGTTCTTTACCACTAGCACC GGACTGAACTCACAAGTTGATATATCTATCAC	13 / 5.266 8	0.786	60	123~149
OarFCB304	VIC-CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	23 / 4.311 5	0.758	60	147~195
HSC	6FAM-CTG CCA ATG CAG AGA CAC AAGA GTC TGT CTC CTG TCT TGT CAT C	19 / 9.499 7	0.886	61	258~296
MAF209	VIC-GATCACAAA AAGTTGGATACAACCGTGG TCA TGC ACT TAA GTA TGT AGG ATG CTG	14 / 3.970 7	0.729	65	105~133
OarJMP29	PET-GTA TAC ACG TGG ACACCGCTTTGTAC GAA GTG GCA AGA TTC AGA GGG GAA G	19 / 4.966 1	0.775	56	116~158
ILSTS49	VIC-CAA TTT TCT TGT CTC TCC CC GCT GAA TCT TGT CAA ACA GG	12 / 4.111 9	0.717	56	149~173
MAF65	NED-AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG CCACTCCTCTGAGAATATAACATG	15/4.596 2	0.753	56	106~140
ILSTS28	6FAM-TCCAGATTTTGTACCAGACC GTCATGTCATACCTTTGAGC	20 / 6.737 5	0.835	53	128~176

每个上游引物的 5'端均标有 ABI 荧光染料集团(6FAM、NED、VIC 和 PET)

Each forward primers were end-labeled with a ABI compatible phosphoramidite dye (6FAM、NED、VIC and PET)

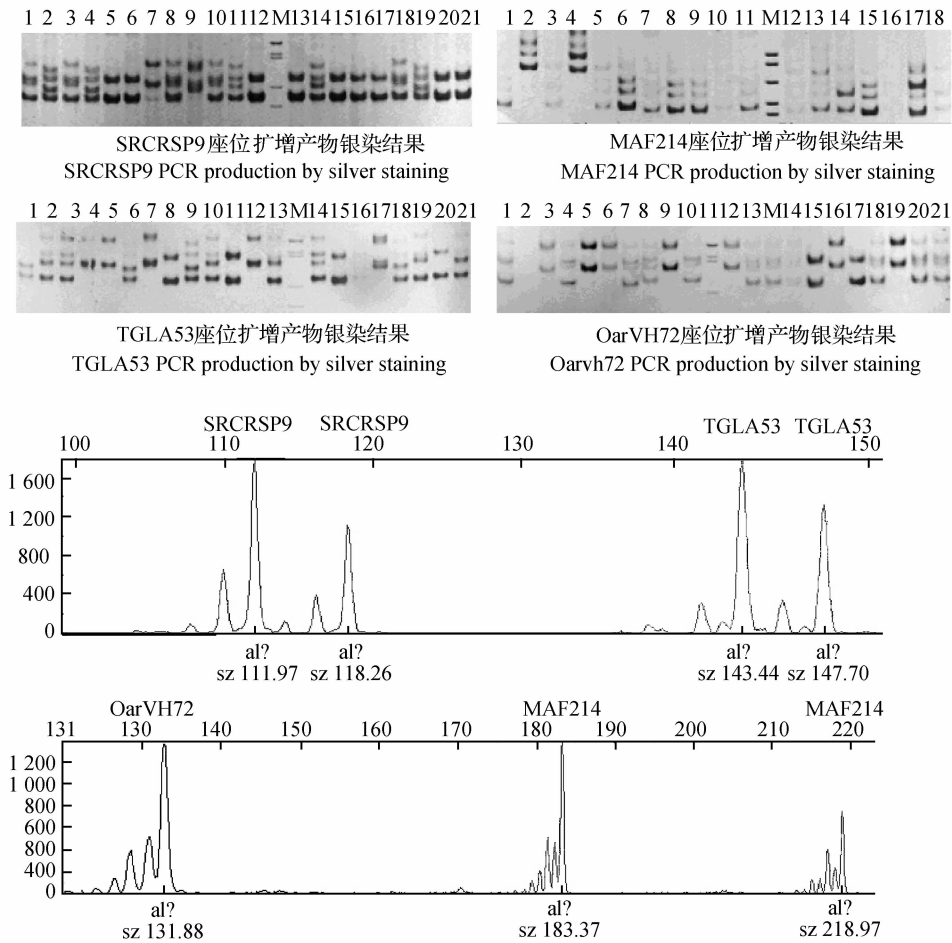


图 1 4 个不同座位 PCR 产物银染结果与 ABI3130XL 检测结果的对比

Fig. 1 Contrast the result of silver and ABI3130XL on four loci

多绵羊 > 小尾寒羊 > 昭通绵羊 > 岗巴绵羊 > 无角陶塞特羊。各品种的平均多态信息含量的高低与群体平均杂合度的计算结果完全一致。

2.2 品种间的遗传距离

基于等位基因频率用 Dispan 软件计算出各品

种间的 D_A 遗传距离,从表 3 中可以看出:哈萨克和呼伦贝尔绵羊的遗传距离最近,乌珠穆沁和呼伦贝尔羊、湖羊和乌珠穆沁羊的距离次之,小尾寒羊和滩羊之间的遗传距离最远。

表 3 10 个绵羊品种间的遗传距离 D_A

Table 3 D_A genetic distance between ten sheep breeds

品种 Breeds	安多 AD	无角陶塞特 PD	岗巴 GB	哈萨克 HZK	湖羊 HU	呼伦贝尔 HBR	小尾寒羊 STH	滩羊 TAN	乌珠穆沁 UQ
无角陶塞特 PD	0.264 2								
岗巴 GB	0.157 9	0.313 3							
哈萨克 HZK	0.131 6	0.247 2	0.172 9						
湖羊 HU	0.166 3	0.289 2	0.204 9	0.157 5					
呼伦贝尔 HBR	0.107 6	0.233 7	0.139 1	0.096 8	0.133 5				
小尾寒羊 STH	0.159 3	0.283 5	0.232 2	0.163 2	0.195 6	0.159 9			
滩羊 TAN	0.203 0	0.347 1	0.243 3	0.216 0	0.163 9	0.191 0	0.254 5		
乌珠穆沁 UQ	0.134 1	0.256 9	0.182 1	0.130 6	0.105 1	0.098 0	0.162 2	0.158 0	
昭通 ZT	0.172 4	0.264 3	0.220 5	0.162 3	0.206 3	0.130 7	0.208 4	0.240 0	0.158 6

2.3 群体间遗传分化的主成分分析

群体间遗传分化研究的是多个群体间在多个标记座位上的差异性,具有多变量的特征,因而通过主成分分析可以揭示群体间遗传分化程度并反映群体间的遗传关系^[5-6]。利用 PCAGEN 软件,对所研究的 10 个绵羊群体遗传变异进行了主成分分析,结果见图 2 和 3 所示。

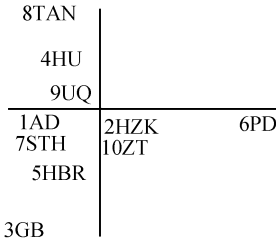


图 2 10 个绵羊群体间遗传分化的第 1 主成分和第 2 主成分散点图

Fig. 2 Scatter plot of showing the first and the second principal components of genetic differentiation among 10 sheep breeds

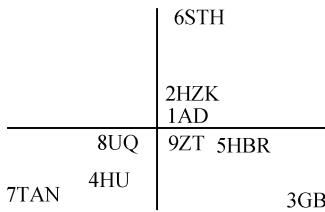


图 3 9 个绵羊群体间遗传分化的第 1 主成分和第 2 主成分散点图

Fig. 3 Scatter plot of showing the first and the second principal components of genetic differentiation among 9 sheep breeds

图 2 是对 10 个绵羊品种的群体分析,其中第 1 主成分和第 2 主成分分别占总变异的 28.78% 和 18.98%,从散点图可以看出,无角陶塞特与其它绵羊群体明显分开,相比而言其它绵羊群体间遗传分化比较低,基本聚集在坐标平面的中心。图 3 是除去无角陶塞特后剩余 9 个地方绵羊群体的主成分分析,第 1 主成分和第 2 主成分分别占总变异的 25.97% 和 19.96%,散点图显示出蒙古羊系的湖羊、滩羊、乌珠穆沁羊位于左下区;西藏系的小尾寒羊、安多、岗巴、昭通分布在 Y 轴左侧。

2.4 10 个绵羊品种的聚类分析

根据 10 个品种间的遗传距离,采用 DTSPAN 软件,进行 NJ 和 UPGMA 聚类。结果见图 4 和 5。

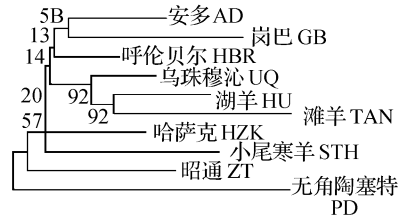


图 4 运用 21 个微卫星标记构建的 10 个绵羊品种的 D_A /NJ 树

Fig. 4 Dendrogram of relationships among 10 breeds using D_A genetic distance and the neighbor-joining method

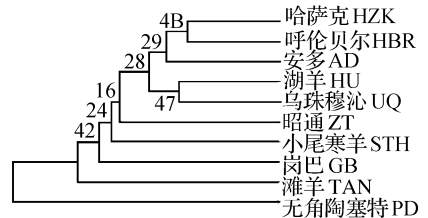


图 5 运用 21 个微卫星标记构建的 10 个绵羊品种的 D_A /UPGMA 树

Fig. 5 Dendrogram of relationships among 10 breeds using D_A genetic distance and the UPGMA method

图 4 表明,进行 NJ 法聚类后,湖羊和滩羊聚为一类,再和乌珠穆沁羊聚到一起;安多绵羊和岗巴绵羊聚为一类,再和呼伦贝尔羊聚到一起;然后在同哈萨克羊、小尾寒羊和昭通绵羊聚到一起,最后和对照品种,无角陶塞特聚到一起。

图 5 表明,根据 UPGMA 法聚类后的结果和 NJ 法的聚类结果有很大的不同,首先由哈萨克羊和呼伦贝尔羊聚为一类,然后再同安多绵羊聚到一起;湖羊和乌珠穆沁羊聚为一类,然后和哈萨克、呼伦贝尔、安多绵羊聚到一起,然后再依次同昭通绵阳、小尾寒羊、岗巴绵羊、滩羊,无角陶塞特聚到一起。

3 讨论

3.1 样本采用典型群随机抽样

样本的采集在整个试验过程中占有相当重要的地位。Barker 等提出每个品种应分析 25 个样品,如果样品含量达到 50,则可弥补可能的失误^[2]。本研究采用典型群随机抽样法,选取代表品种特征特性的典型群,在典型群内进行随机取样,样品数在 40 以上,符合以上条件,研究结果基本能反映群体

的全部遗传信息。

3.2 群体遗传多样性和遗传分化分析

多态信息含量(PIC)和平均杂合度是群体内遗传变异的量度,可以用来描述微卫星座位的变异程度。本研究中 21 个微卫星座位除 SRCRSP9 为中度多态座位外,其余均为高度多态座位。其中以 HSC 座位的 PIC 最高,达到 0.886;SRCRSP9 座位的 PIC 最低,达到 0.489。在地方绵羊品种中,哈萨克羊在所有 21 个座位的平均 PIC 最高(0.733),岗巴绵羊在所有座位的平均 PIC 最低(0.643),而引进品种无角陶塞特羊的平均 PIC(0.574)。与引进品种无角陶塞特羊相比,地方品种的平均期望杂合度都比较高(表 1)。Ma 等利用 30 个微卫星标记分析了 12 个地方绵羊品种的遗传多样性 PIC 在 0.519~0.666 之间^[7];吕慎金等利用 30 个微卫星标记对 8 个绵羊群体的研究结果得出平均杂合度在 0.539 0~0.713 5 之间^[8];杨章平等^[9]利用微卫星标记得出同样的群体内遗传多样性平均为 0.911 6^[9];赵艳红等分析了云南绵羊的遗传多样性, PIC 在 0.8 以上,多态性丰富^[10]。上述结果与本研究结果表明:(1)微卫星标记的数量越多,结果的可靠性可能越大。本研究所选的 21 个微卫星标记均可用于遗传多样性的研究。(2)本研究中 9 个绵羊品种资源全部群体的平均杂合度为 0.737,平均 PIC 为 0.697,这两点都表明了我国的地方绵羊品种具有非常丰富的遗传多样性。

目前,利用微卫星标记,分析群体遗传结构遗传分化的研究也很多。Worley 等分析了美洲绵羊的群体遗传结构^[11],Tapio 等利用 21 个微卫星标记采用贝叶斯方法分析了波罗的海地区绵羊的遗传结构^[12]。李祥龙等研究发现中国地方绵羊品种与欧洲品种具有相似的遗传多样性,但具有较高的近交系数。遗传分化(Fst)与西班牙绵羊品种接近,但明显小于欧洲其他绵羊品种^[13]。本研究中,不同绵羊群体间的遗传分化有明显的地理特征。其中,呼伦贝尔羊较为特殊。形成和繁衍于蒙古高原的东北部边缘,主要分布于呼伦贝尔草原的主体区域,是蒙古羊的一个优良类群。在图 3 中可以看出,同其它蒙系绵羊乌珠穆沁等了有明显的遗传差异,并且群体间遗传分化明显。若今后能够结合呼伦贝尔羊表型及抗病性信息等分析,就可以为开展其遗传资源管理工作提供更为详细的参考。

3.3 遗传距离和聚类分析

本研究采用 21 个微卫星座位,运用 D_A 遗传距离,将 9 个地方绵羊品种进行分类,研究结果表明可分为 5 类:属于蒙古羊系的乌珠穆沁羊、呼伦贝尔羊、滩羊和湖羊聚为一类;藏系绵羊岗巴和安多聚为一类,然后同哈萨克羊、小尾寒羊、昭通绵羊聚到一起,最后同试验对照品种无角陶塞特聚到一起。这与陶赛特本身遗传特性、生存地域及引入时间等有很大关系。品种间的遗传距离和聚类图与品种的历史演化和资料记载基本符合,反映了 9 个绵羊品种的分子进化关系。据介绍,小尾寒羊起源于宋朝中期,当时我国少数民族迁移中原时,把蒙古羊带到黄河流域,在自然选择和人工选择的双重压力下形成的这一优良品种^[14]。因此,在体型、外貌、生产性能和生态适应性等与其他蒙系绵羊都有明显的差别,聚类结果也可以理解。昭通绵羊,属于山地型绵羊,没有和藏系绵羊安多、岗巴聚到一起,遗传距离也较远。就昭通绵羊的起源有可能是云南本土或是由西藏的野生绵羊驯化而来,兰蓉等对云南绵羊进行了线粒体 DNA、血液蛋白多态性研究,结果发现昭通绵羊和印度绵羊、尼泊尔绵羊关系较近,而与西藏绵羊关系较远,但其起源还有待于深入研究^[15]。管松等对西南地区绵羊品种进行了线粒体 DNA 的研究,系统进化分析结果表明云南绵羊母系祖先比西藏少 1 个,只存在 2 个母系来源;且云南绵羊遗传多样性相对较低^[16]。

迄今为止,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。虽然本研究的品种对这 3 大系绵羊都有所涉及,但是品种较少,限制了对 3 大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系统了解,也难以准确区分其品种(类型)。因此今后很有必要对我国 3 大系绵羊的遗传多样性进行更深入的研究,以期发现和评价目前我国绵羊品种遗传资源现状,从而提出切实可行的保存和利用措施。

参考文献:

- [1] 中国羊品种志编写组. 中国羊品种志[M]. 上海:上海科技出版社,1988.
- [2] BARKER J S, BRADLEY D G, FRIES R, et al. An integrated global programme to establish the genetic relationships among the breeds of each domestic animal species[M]. Rome: FAO Report, 1993.

- [3] MURRAY V, MONCHAWIN C, ENGLAND P R. The determination of the sequences present in the shadow bands of a dinucleotide repeat PCR[J]. *Nucleic Acids Research*, 1993, 21(10): 2 395-2 398.
- [4] 武 辉,张思仲,肖翠英. 三核苷酸重复序列 PCR 扩增中影子带的产生及其消除的方法[J]. *中华医学遗传学杂志*, 1998, 15(1): 42-45.
- [5] MUKESH M, SODHI M, BHATIA S, et al. Microsatellite-based diversity analysis and genetic relationships of three Indian sheep breeds[J]. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2006, 123(4): 258-264.
- [6] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P. Inference of population structure using multilocus genotype data[J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [7] MA Y H, RAO S Q, LU S J, et al. Phylogeography and origin of sheep breeds in Northern China[J]. *Conservation Genetics*, 2006, 7(1): 117-127.
- [8] 吕慎金,马月辉,杨 燕,等. 中国西部 7 个地方绵羊群体微卫星 DNA 的遗传多样性研究[J]. *家畜生态学报*, 2006, 26(4): 18-22.
- [9] 杨章平,常 洪,孙 伟,等. 结构基因座和微卫星标记应用于绵(山)羊群体遗传分化的比较研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2003, 34(5): 427-433.
- [10] 陈红艳,马月辉,叶绍辉. 云南地方绵羊品种遗传多样性的微卫星分析[J]. *当代畜牧*, 2007, 1: 29-30.
- [11] WORLEY K, STROBECK C, ARTHUR S, et al. Population genetic structure of North American thinhorn sheep (*Ovis dalli*) [J]. *Molecular Ecology*, 2004, 13(9): 2 545-2 556.
- [12] TAPIO I, TAPIO M, GRISLIS Z, et al. Unfolding of population structure in Baltic sheep breeds using microsatellite analysis[J]. *Heredity*, 2005, 94(44): 448-456.
- [13] 李祥龙,巩元芳,张建文,等. 我国 6 个地方绵羊品种微卫星 DNA 多态性研究[J]. *遗传学报*, 2004, 31(11): 1 203-1 210.
- [14] 山东省畜牧局. 山东省畜禽品种志[M]. 深圳:海天出版社, 1999.
- [15] 兰 蓉,洪琼花,张 俊,等. 云南不同地区绵羊血液蛋白多态性研究[J]. *草食家畜*, 2002, 3(1): 43-47.
- [16] 管 松,何晓红,浦亚斌,等. 中国西南地区 5 个地方绵羊群体 mtDNA 遗传多样性及系统进化研究[J]. *畜牧兽医学报*, 2007, 38(3): 219-224.

动物疫情速递

莫桑比克发生口蹄疫

2008 年 4 月 1 日,莫桑比克首席兽医官 Zacarias Elias Massicame 博士向 OIE 报告了口蹄疫疫情。疫情始于 2008 年 3 月 26 日,于 3 月 31 日确诊。本次疫情属于临床发病,依靠临床检查作出诊断,南非 Onderstepoort 兽医研究所的 ELISA 检测尚在进行中。病原是口蹄疫病毒。疫区位于加扎省 Xai-Xai 县的 Nhamavila 地区,疫情涉及易感动物 5 000 头,11 例病例,未出现死亡。感染群来自 Tete 省 45 头牛,患畜舌上出现水泡,现已销毁。感染来自合法的动物移运和引入新动物。莫桑比克采取的控制措施有检疫、国内控制移运和紧急免疫,即将进行感染房舍/设施消毒。莫桑比克未禁止免疫,未对动物进行治疗。莫桑比克上一次发生口蹄疫是 2003 年 8 月。

韩国发生高致病性禽流感

2008 年 4 月 2 日,韩国向 OIE 报告了高致病性禽流感疫情。疫情始于 2008 年 4 月 1 日,于 2 日得到确诊。疫区位于全罗北道 Kimje 地区的养殖场,感染动物为蛋鸡,有易感禽 150 570 只,死亡 2 380 只,病例数不详,未予销毁和宰杀。本次疫情属于临床发病,从 3 月 29 日开始,该养殖场鸡只出现食欲不振和嗜睡症状,死亡率缓慢上升。4 月 1 日死亡 1 000 多只后畜主报告了当地兽医部门。依靠怀疑和实验室检测作出诊断,国家兽医科学检疫院(国家实验室)的 RT-PCR 结果为阳性,检测到 H5 型禽流感病毒 RNA,还未有最终的诊断结果。病原是禽流感病毒,血清型待定。感染来源还不清楚。韩国采取的控制措施有检疫、国内控制移运和筛选,并禁止免疫,未对动物进行治疗;即将进行扑杀、区域化和感染房舍/设施消毒。韩国上一次发生高致病性禽流感是 2007 年 6 月。

(摘译自 OIE 网站)