

# 山东省地方绵羊品种间表型与遗传关系分析

苑存忠<sup>1</sup>, 马月辉<sup>2</sup>, 王建民<sup>1\*</sup>, 尚友国<sup>1</sup>, 张宁波<sup>1</sup>, 李建平<sup>1</sup>

(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:** 利用 24 个微卫星标记、7 个生长发育性状和 7 个血液常规指标, 构建了小尾寒羊、寒羊、山地绵羊、洼地绵羊 4 个山东地方绵羊品种及 1 个杂交羊(杜泊绵羊 × 小尾寒羊)群体的系统发生树, 研究了群体间的生物相似性和遗传进化关系。结果表明, 3 种聚类方法的涵义不同, 其结果有较大差异。从生物学性状上, 在较近的地理距离内, 不同绵羊品种生长性状和生理状态的差异显著 ( $P < 0.01$  或  $P < 0.05$ ), 证明生态环境、饲养条件和选择方式对品种的形成具有重要影响。从遗传关系上, 4 个绵羊品种的  $G_{ST}$  和  $D_{ST}$  值分别为 0.028 和 0.025, 群体组合的  $F_{ST}$  值较低 (0.025 5 ~ 0.039 0),  $F_{IS}$  值较高 (0.360 1 ~ 0.446 7), 说明品种间遗传分化程度不高, 亲缘关系较近, 群体内近交程度较高, 其基因流趋向与地理分布距离、遗传距离相一致, 故防止无控制的近交和杂交是保持每个品种纯度的主要措施。

**关键词:** 绵羊; 生长性状; 血液常规指标; 微卫星标记; 系统发生

中图分类号: S826.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2006)09-0858-06

## Analysis of Phenotype and Genetic Relationship between Four Indigenous Sheep Breeds in Shandong Province

YUAN Cun-zhong<sup>1</sup>, MA Yue-hui<sup>2</sup>, WANG Jian-min<sup>1\*</sup>, SHANG You-guo<sup>1</sup>,  
ZHANG Ning-bo<sup>1</sup>, LI Jian-ping<sup>1</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Shandong Agricultural University, Taian 271018, China; 2. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China)

**Abstract:** In this study, the dendrograms of four indigenous sheep breeds (Small Tailed Han sheep, Han sheep, Shandi sheep and Wadi sheep) and one crossing population (Dorper sheep × Small Tailed Han sheep) in Shandong province were constructed by using 24 microsatellite markers, 7 growth traits and 7 normal blood indexes, and the relationship of biological comparability and genetic evolution between populations were explored. The results showed that, on biological traits, the growth traits and physiological states of different sheep breeds which lived in a closer geographical location were significantly different ( $P < 0.01$  or  $P < 0.05$ ), suggesting that environment, feeding conditions and selected modes play an important role in a breed forming. On genetic relationship, the  $G_{ST}$  and  $D_{ST}$  value of four indigenous sheep was 0.028 and 0.025 individually, and  $F_{ST}$  (0.025 5 - 0.039 0) was lower and  $F_{IS}$  (0.360 1 - 0.446 7) was higher relatively, suggesting that the degree of genetic differentiation was not high. The relationship was closer. The degree of inbreeding was high. The trend of gene flow was consistent with geographical distribution and genetic distance. So preventing that inbreeding and crossbreeding was out of control was the key measure in order to preserve the purity of each breed.

收稿日期: 2005-08-19

基金项目: 山东省肉羊良种产业化开发(SD2003)

作者简介: 苑存忠(1979-), 山东肥城人, 硕士生, 主要从事为动物遗传多样性研究

\* 通讯作者: 王建民, E-mail: j. m. wang @263. net

**Key words:** indigenous sheep; growth trait; normal blood index; microsatellite marker; phylogenesis

山东省地处黄河下游,地势地貌类型复杂多样,为地方绵羊品种资源的形成奠定了基础。2003 年列入中国畜禽遗传资源名录的 4 个地方绵羊品种是小尾寒羊(Small Tailed Han sheep,ST)、(大尾)寒羊(Large Tailed han sheep,LT)、洼地绵羊(Wadi sheep,WD)和山地绵羊(Shandi sheep,SD),其在生态条件、饲养方式、生产性能、群体结构等方面存在着明显差异<sup>[1]</sup>。近年来,国外专门化肉羊品种引进及其杂交改良技术的广泛应用,严重影响到许多地方绵羊品种的生存状态和品种纯度,如小尾寒羊因高繁多胎特性适合作肉羊改良的母本,不仅其存养数量和品种质量得到提高,且在全国范围内得以广泛推广<sup>[2]</sup>,而其它品种却处于不同程度的濒危状态,主要致危因素是品种更换、无序杂交等,如肉脂性能突出的寒羊存栏量已不足万只。本文旨在利用山东

省 4 个地方绵羊品种的生长发育性状、血液常规指标和微卫星标记,分析其遗传关系和系统发育规律,为保护与利用绵羊种质资源提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验样本

采用中心产区系统随机抽样方式,分别在 4 个地方绵羊品种中心产区县市选 3~6 个乡镇,每个乡镇选 2~5 个村子,每个村子选 3~4 个羊群,每个羊群抽 3~4 只羊,每个品种总采样个体数在 30~50 只之间(表 1),并保证个体之间无亲缘关系。试验羊只均为 1.0~1.5 岁产过头胎的母羊,保持原有饲养条件。此外,在东营超大集团畜牧公司羊场选择杜泊绵羊×小尾寒羊杂交一代(DSST)16 只,用于验证遗传距离分析结果。

表 1 山东省 4 个地方绵羊品种的分布及生态条件

Table 1 The distribution and ecosystem of four sheep breeds in Shandong province

品种 Breed	分布及中心产区 Distributing region	生态条件 Ecosystem	饲养方式 Feeding shape	存栏只数 Total Num	采样群数(只数) Samples
(大尾)寒羊 LT	鲁西北,临清市	平原农区	舍饲加放牧	10 000	22(42)
山地寒羊 SD	沂蒙山区,莱芜市	丘陵山区	放牧加补饲	200 000	17(29)
洼地绵羊 WD	黄河三角洲	滨海草场	放牧	400 000	18(40)
小尾寒羊 ST	鲁西,嘉祥县	平原农区	舍饲	7 000 000	14(42)

### 1.2 研究内容

1.2.1 生长发育性状的测量 主要包括体重(kg)和体长、体高、胸围、管围、尻宽、尻长等体尺(cm)指标,均按照常规育种方法现场由一人独立测量完成。

1.2.2 血液常规指标测定 现场静脉采血,肝素钠粉末抗凝,-20℃冰壶低温带回实验室,立即利用 Sysmex F-820 血液分析仪(日本)测量。主要指标包括:白细胞计数(WBC)、红细胞计数(RBC)、血红蛋白浓度(HGB)、红细胞压积(HCT)、细胞平均体积(MCV)、红细胞平均血红蛋白量(MCH)、红细胞平均血红蛋白浓度(MCHC)。

1.2.3 微卫星座位的 PCR 扩增和片段分析 血液基因组 DNA 的提取主要参考文献[3]方法并加以改进。

24 个具有多态性的微卫星座位为:bm4 311, maf70, bms1 004, agla269, bms1 248, bm6 404,

bms574, bms1 714, bms1 724, bms875, mb009, bm3 413, bm3 501, bm1 341, bms1 678, bms710, bm1 225, bm203, mb023, bm3 033, bmc1 206, bm6 526, bm6 444, bm1 227, 全部来自网站 www. marc. usda. gov, www. roslin. ac. uk 和 www. thearkdb. org/ browser。所用引物由北京赛百盛生物工程公司合成。PCR 反应体系为 12 μL, 反应程序:95℃预变性 5min;94℃变性 30 s, 50~62℃退火 30 s, 72℃30 s, 33 个循环后;72℃延伸 10 min。

将扩增产物在 8%的聚丙烯酰胺凝胶中电泳分析,银染显色,利用 EASTMAN KODAK EDAS 电泳凝胶数字图像定量分析系统计算各微卫星座位的等位基因大小,分子量 Marker 为 PBR322/ MspI。

### 1.3 统计分析

1.3.1 生长发育性状和血液常规指标数据分析 采用一般线性模型:

$$Y_{ijm} = \mu + breed_i + marker_k + age + e_{ikm}$$

其中:  $Y_{ijl}$  为个体表型记录;  $\mu$  为均数;  $breed_i$  为品种效应;  $marker_k$  为标记基因型效应;  $age$  为年龄效应;  $e_{ikl}$  为随机误差。将品种和标记作为固定效应, 年龄作为连续性协变量, 运用 SAS8.02 软件计算生长发育性状和血液常规指标的最小二乘均值, 并作方差分析及多重比较, 采样类平均法构建系统发生树。

1.3.2 遗传关系分析方法 遗传分化系数 ( $G_{ST}$ )、 $F$ -统计量 ( $F_{ST}$ ) 和基因流 ( $N_m$ ) 均按文献[4]方法, 由

$$D_{COA} = - \ln(I)$$

$$I = 1 - \frac{\left\{ \frac{1}{2} \sum_u (p_{lu1} - p_{lu2})^2 - \frac{1}{2(2n-1)} [2 - \sum_u (p_{lu1}^2 + p_{lu2}^2)] \right\}}{1 - \sum_u p_{lu1} p_{lu2}}$$

应用 GDA1.1、POPGEN32 软件计算, 并进行邻位相连法(NJ)法和除权配对法(UPGMA)聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 4 个绵羊品种的生长发育性状及聚类分析

生长发育性状反映出处于特定生态区域的某一

POPGEN 32 软件计算完成。

遗传距离主要包括 Nei 氏标准遗传距离 ( $D_S$ ) 和共祖距离 ( $D_{COA}$ ) 两种, 计算公式 (Nei, 1973, 1978) 如下:

$$D_S = - \ln(I)$$

$$I = \frac{(2n-1) \sum_l \sum_u p_{lu1} p_{lu2}}{\sqrt{\sum_l (2n - \sum_u p_{lu1}^2 - 1) \sum_l (2n - \sum_u p_{lu2}^2 - 1)}}$$

式中,  $I$  为 Nei's 遗传同一性,  $p_{lu1}$  和  $p_{lu2}$  分别是群体 1 和 2 的  $l$  基因座  $u$  等位基因的估计频率。

个品种的营养供应水平、饲养方式、选育趋向等方面的差异。山东省 4 个绵羊品种在生长发育性状上, 除管围以外的其它所有体重和体尺性状都表现出较大差异(表 2)。其中, 小尾寒羊的体重、体高、体长、胸围、尻宽和尻长均明显高于 ( $P < 0.05$ ) 其它品种; 山地绵羊的管围较大, 可能与山地绵羊经常在山地放牧相适应。

表 2 4 个绵羊品种生长发育性状的均值和方差分析

Table 2 The means and variance analysis of growth traits in four sheep breeds

品种 Breed	体重 Body weight	体高 Height at withers	体长 Body length	胸围 Heart girth	管围 Circumference of Cannon bone	尻长 Rump length	尻宽 Thurl width
ST	80.79 ±1.88 <sup>a</sup>	85.92 ±0.74 <sup>a</sup>	87.46 ±1.02 <sup>a</sup>	101.64 ±1.46 <sup>a</sup>	8.17 ±1.10 <sup>ab</sup>	23.31 ±0.30 <sup>a</sup>	27.74 ±0.41 <sup>a</sup>
LT	52.32 ±2.02 <sup>b</sup>	62.56 ±0.80 <sup>cb</sup>	67.29 ±1.09 <sup>c</sup>	81.96 ±1.56 <sup>b</sup>	7.23 ±1.18 <sup>a</sup>	20.15 ±0.33 <sup>b</sup>	22.29 ±0.44 <sup>cb</sup>
SD	42.85 ±2.23 <sup>c</sup>	64.31 ±0.85 <sup>b</sup>	71.04 ±1.16 <sup>b</sup>	85.93 ±1.65 <sup>b</sup>	10.37 ±1.25 <sup>ab</sup>	20.50 ±0.35 <sup>b</sup>	23.16 ±0.47 <sup>b</sup>
WD	34.69 ±2.13 <sup>d</sup>	60.72 ±0.84 <sup>cb</sup>	67.38 ±1.15 <sup>c</sup>	76.28 ±1.65 <sup>c</sup>	6.89 ±1.25 <sup>b</sup>	19.00 ±0.34 <sup>c</sup>	21.86 ±0.46 <sup>c</sup>

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 as below

由生长发育性状最小二乘均值构建的系统发生树(见图 1)表明, 小尾寒羊和寒羊首先聚合, 其原因可能是两者同处鲁西平原, 饲养管理方式和选育方向基本相同, 生产性能表现相似; 山地绵羊虽以山地放牧为主, 但受山区草场较差的影响, 舍饲仍是重要的补充饲料的方式, 故生产性能表现与小尾寒羊和寒羊比较相近; 而洼地绵羊所生存的滨海草场, 地处黄河三角洲, 饲养群体较大, 几乎完全依靠放牧饲养, 故与其它 3 个品种的生长发育性状存在更大差

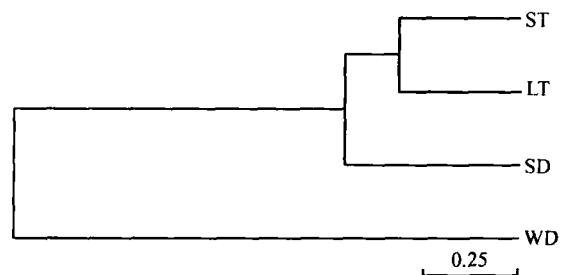


图 1 以生长性状为基础的 4 个绵羊品种聚类图

Fig. 1 Dendrogram of four sheep breeds by growth traits

异。由此推断,生长发育性状的系统发育树可以在总体上反应出不同绵羊品种生产性能的相似程度,也在一定程度上反应了饲养方式和人工选育对绵羊品种的塑造作用。

## 2.2 4 个绵羊品种的血液常规指标及聚类分析

血液生理指标与机体的生理状态、免疫功能及健康状况等有重要关系。本研究表明,除 RBC 和

MCH 指标外,其它血液生理指标存在着品种间差异,尤其是地处黄河两侧的小尾寒羊和寒羊(表 3)。但山东省 4 个绵羊品种的的白细胞数都明显高于正常水平<sup>[5]</sup>,原因可能是本研究采样时间处于春季,羊只饲养水平低,膘情较差,大部分羊只处于亚健康状态;而山地绵羊远高于其他品种,可能与其所处的山地生态环境春季较差有关。

表 3 4 个绵羊品种血液常规指标的均值及方差分析

Table 3 The means and variance analysis of normal blood indices in four sheep breeds

品种 Breed	白细胞计数 WBC /( $\times 10^9$ /L)	红细胞计数 RBC /( $\times 10^{12}$ /L)	血红蛋白浓度 HGB /(g/L)	红细胞压积 HCT /%	红细胞平均 体积 MCV /fl	红细胞平均 血红蛋白量 MCH/pg	红细胞平均血 红蛋白浓度 MCHC/(g/L)
ST	63.02 $\pm$ 10.20 <sup>b</sup>	4.239 $\pm$ 0.442	58.91 $\pm$ 1.81 <sup>a</sup>	0.1473 $\pm$ 0.0055 <sup>a</sup>	35.44 $\pm$ 1.18 <sup>b</sup>	12.93 $\pm$ 2.244	402.09 $\pm$ 13.91 <sup>a</sup>
LT	40.91 $\pm$ 10.11 <sup>b</sup>	3.882 $\pm$ 0.439	48.68 $\pm$ 1.79 <sup>b</sup>	0.1161 $\pm$ 0.0054 <sup>b</sup>	41.45 $\pm$ 1.17 <sup>a</sup>	13.48 $\pm$ 1.103	399.85 $\pm$ 13.80 <sup>ab</sup>
SD	106.25 $\pm$ 12.57 <sup>a</sup>	4.064 $\pm$ 0.545	53.41 $\pm$ 2.23 <sup>ab</sup>	0.1618 $\pm$ 0.0068 <sup>a</sup>	39.10 $\pm$ 1.46 <sup>ab</sup>	15.14 $\pm$ 0.956	331.23 $\pm$ 17.15 <sup>ab</sup>
WD	37.13 $\pm$ 10.93 <sup>b</sup>	3.584 $\pm$ 0.474	49.32 $\pm$ 1.94 <sup>b</sup>	0.1290 $\pm$ 0.0059 <sup>b</sup>	35.86 $\pm$ 1.27 <sup>b</sup>	14.51 $\pm$ 0.608	381.76 $\pm$ 14.91 <sup>b</sup>

由血液常规指标的最小二乘均值所建立聚类图(图 2)表明,洼地绵羊和大尾寒羊首先聚合,然后和小尾寒羊聚合,最后和山地绵羊。可能原因是,洼地绵羊和大尾寒羊同处黄河以北,生态环境相近;小尾寒羊主要分布在黄河以南的鲁西南平原,与大尾寒羊生态环境相近;而山地绵羊则分布在鲁中南山区,其生态环境较为特殊。因此,本研究认为血液常规指标可能与品种所处的生态环境相适应,其系统发生树可以在一定程度上说明不同绵羊品种所处生态环境的相似程度,反应了自然选择对绵羊品种的塑造作用。

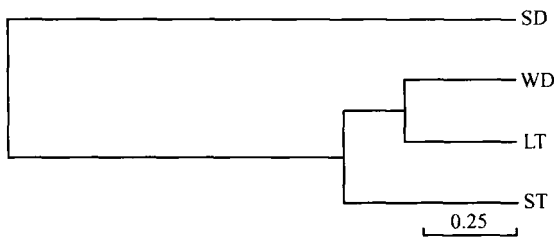


图 2 以血液常规指标为基础的 4 个绵羊品种聚类图

Fig. 2 Dendrogram of four sheep breeds by normal blood indices

## 2.3 4 个绵羊品种间遗传关系分析

2.3.1 遗传分化程度 把所有研究群体作为一个群体是分析群体间遗传分化的前提。从 24 个微卫星座位的统计结果分析,山东 4 个绵羊品种的总群体杂合度比较高,且大于亚群体杂合度(Ht 值

0.872 > H<sub>s</sub> 值 0.847);居群间变异(D<sub>ST</sub> 值为 0.025)较低,遗传分化程度不高,其 G<sub>ST</sub> 值仅为 0.028,表明 97.2% 的遗传变异是由群体内遗传多态现象引起的,只有 2.8% 来自品种间的差异<sup>[6-9]</sup>。

2.3.2 不同品种组合的近交测试 F - 统计量是指杂合性基因多样性的比率,可以看作是估计近交的参数,用来测量亚群体间的分化程度。由表 4 看出,山东 4 个地方绵羊品种不同群体组合的 F<sub>ST</sub> 值均较低,这与 G<sub>ST</sub> 值较低相一致,进一步证明这些绵羊种群间可能存在大量的基因迁移或者有较近的亲缘关系。而 F<sub>IS</sub> 值较高,说明群体内近交程度较高。

2.3.3 不同群体间的基因流 种群间的基因流动实质上是遗传物质的一种扩散方式,是阻止种群遗传分化的重要进化因子<sup>[10]</sup>。本研究表明,小尾寒羊和大尾寒羊间的基因流(N<sub>m</sub>)值最高(9.5390),依次为山地绵羊和洼地绵羊(9.3818)、小尾寒羊与山地绵羊(9.1420)、小尾寒羊与洼地绵羊(8.3438)和大尾寒羊与山地绵羊(7.4263),这与山东 4 个绵羊品种的分布距离的远近相一致。

2.3.4 4 个绵羊品种和 1 个杂交群体间的遗传距离及聚类分析 基于 24 个微卫星座位等位基因频率计算出的 D<sub>s</sub> 和 D<sub>coa</sub> 在群体间的大小顺序是一致的(表 5),即小尾寒羊和大尾寒羊的遗传距离最近,小尾寒羊与山地绵羊较近,大尾寒羊与洼地绵羊则最远,此结果与基因流动分析一致。利用 NJ 法和 UPGMA 法构建的 5 个群体的系统发生树<sup>[11]</sup>基

本相近(图 3),主要区别表现在杂交群体(DSST)的位置上,原因是 NJ 聚类方法聚树时以亲缘关系最近为基础,而 UPGMA 法则采用最小进化距离法聚

树。由此也表明,含有 50%小尾寒羊基因的杂交群体与小尾寒羊亲缘关系最近,但其进化距离却与山东省 4 个地方绵羊品种最远。

表 4 不同群体组合的近交检测

Table 4 The inbreeding test of different sheep populations with F-statistic

Compages	F <sub>IS</sub>	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>	Compages	F <sub>IS</sub>	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>
ST	0.406 0			LT / WD	0.419 0	0.438 8	0.034 1
LT	0.446 7			SD / WD	0.360 1	0.376 7	0.026 0
SD	0.328 5			ST / LT / SD	0.393 4	0.416 0	0.037 3
WD	0.391 6			ST / LT / WD	0.414 6	0.437 4	0.039 0
ST / LT	0.426 1	0.440 8	0.025 5	ST / SD / WD	0.375 4	0.397 9	0.036 0
ST / SD	0.367 4	0.384 2	0.026 6	LT / SD / WD	0.406 0	0.406 0	0.000 0
ST / WD	0.398 8	0.416 3	0.029 1	All pop	0.393 0	0.419 0	0.042 9
LT / SD	0.387 0	0.407 0	0.032 6				

表 5 5 个绵羊群体的 Nei 氏标准遗传距离和共祖遗传距离矩阵

Table 7 The Ds matrix and Dcoa matrix of four sheep populations

品种 Breeds	Ds 矩阵 ,Ds matrix					Dcoa 矩阵 ,Dcoa matrix				
	ST	LT	SD	WD	DSST	ST	LT	SD	WD	DSST
ST	****	1 018	1 089	1 273	1 354	****	0.033	0.032	0.039	0.035
LT	0.229	****	1 403	1 516	1 884	0.033	****	0.043	0.048	0.053
SD	0.245	0.316	****	1 010	2 083	0.033	0.044	****	0.010	0.057
WD	0.286	0.341	0.227	****	2 060	0.040	0.049	0.030	****	0.056
DSST	0.305	0.424	0.469	0.464	****	0.036	0.054	0.059	0.058	****

Ds 矩阵一栏,上为分化时间,下为遗传距离;Dcoa 矩阵一栏,上为遗传一致性,下为遗传距离

The values within same column of Ds matrix were gene differentiation time in top right corner and genetic distance in bottom left corner. The values within same column of Dcoa matrix were genetic coherence in top right corner and genetic distance in bottom left corner

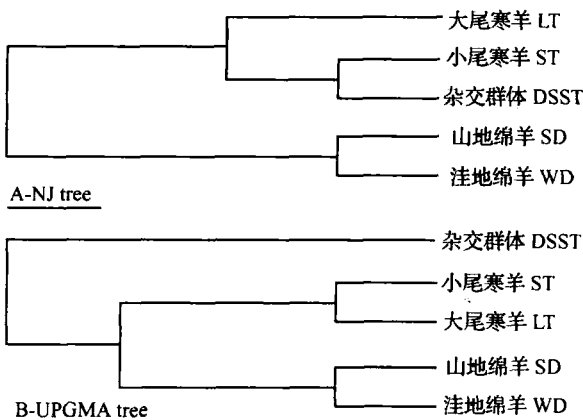


图 3 由 Nei 氏标准遗传距离构建的 5 个绵羊群体的系统发生树

Fig. 3 Dendrogram of relationships among five sheep populations by Nei 'standard genetic distance

Nei 标准遗传距离(表 5)计算的山东 4 个地方绵羊群体的遗传分化时间是从 1 018 年到 1 516 年之间,正是我国宋、元朝时期。此间,北方蒙古族的崛起,可能使蒙古羊随着贸易、战乱传播到黄河流域下游,对山东省地方绵羊品种的形成有极大的影响<sup>[12,13]</sup>;此后由于各地不同生态环境和人工选择差异的影响,形成了遗传结构和生产性能各异的地方绵羊品种。

### 3 讨论与结论

本研究对山东省地方绵羊品种分别基于微卫星座位等位基因频率、生长发育性状和血液常规指标所构建的系统发生树进行比较,发现这三种聚树结果相差很大,其原因是它们所表达的内涵有所不同。例如,由生长性状构建的系统发生树则表现出不同绵羊品种生产性能的相似程度,反映了人工选择对

#### 2. 3. 6 山东地方绵羊品种的遗传分化时间 通过

绵羊的塑造作用,此结果与杜立新等<sup>[14]</sup>利用 RAPD 标记聚类结果相似。而根据血液常规指标构建的系统发生树,则可以在一定程度上表现出生态环境对绵羊品种的作用,反映了自然选择对绵羊品种发展的影响,此结果与张传生<sup>[15]</sup>基于线粒体细胞色素 b 基因多态性核苷酸座位和王桂芝<sup>[16]</sup>基于血液蛋白质多态座位的聚类结果相似。由微卫星标记分析品种间的遗传距离是 FAO 和 ISA G 所推荐的首选标记,更加注重于说明种群间的亲缘关系和遗传进化关系。

从 4 个绵羊品种间遗传关系分析表明,其亲缘关系较近,遗传分化程度不高,基本证实这些品种存在着相似或相同来源的遗传基础,也说明其遗传结构和生产性能上存在的较大差异,可能与其长期适应不同生态环境和人工选择目标有关。近交测试证明这些绵羊种群间可能存在大量的基因迁移或者有较近的亲缘关系( $F_{ST}$  值较低),群体内近交程度较高( $F_{IS}$  值较高),其基因流趋向与地理分布距离、遗传距离相一致,可能原因:一是地方品种的传统公母混养方式、长期选择单一性状等因素,将导致群体内的血统狭窄;二是这些品种历史上都曾因毛用方向的杂交改良而使群体数量变小<sup>[2,17]</sup>,出现过瓶颈效应和始祖效应,造成遗传基础狭窄。因此,采用适宜的保护与保存措施,防止无控制的近交或杂交以保持每个品种纯度,研究开发地方品种的经济潜能<sup>[18]</sup>,是值得深入研究的重要课题。

#### 参考文献:

- [1] 齐景发. 中国畜禽遗传资源状况[M]. 北京:中国农业出版社,2003.
- [2] 司俊臣. 山东省畜禽品种志[M]. 深圳:海天出版社,1999.
- [3] Sambrook J, Fitch E F, Maniatis T, *et al.* 金冬雁,黎孟枫,侯云德,等,译校. 分子克隆实验指南(第 2 版). 北京:科学出版社,1998.
- [4] 季维智,宿兵. 遗传多样性研究的原理与方法[M]. 杭州:浙江科学技术出版社,1999.
- [5] 韩正康. 家畜生理学[M]. 北京:中国农业出版社,1996.
- [6] 鲁生霞,常洪,杜垒,等. 我国农区及农牧交错区绵羊与蒙古羊遗传分化研究[J]. 畜牧兽医学报,2005,36(6):540~544.
- [7] Buchanan F C, Adams L J, *et al.* Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites[J]. *Genomics*,1994,22(2):397~403.
- [8] 鲁生霞,常洪,杜垒,等. 东亚近海大陆绵羊群体遗传分化研究[J]. 畜牧兽医学报,2004,35(2):129~133.
- [9] Li M H, Zhao S H, Ci B, *et al.* Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis[J]. *Genet Sel Evo*,2002,34(6):729~744.
- [10] 陈小勇. 自然植物种群的亲本分析及其在生态学研究中的应用[J]. 生态学杂志,1999,18(2):30~35.
- [11] 李涛,赖旭龙,钟扬. 利用 DNA 序列构建系统树的方法[J]. 遗传,2004,26(2):205~210.
- [12] 薄吾成. 汉中短瘦尾绵羊的渊源[J]. 农业考古,1984,1:2~5.
- [13] 谢成侠. 中国养牛羊史[M]. 北京:农业出版社,1985.
- [14] 杜立新,曹顶国. 小尾寒羊微卫星与 RAPD 标记研究[J]. 遗传学报,2003,30(11):1041~1044.
- [15] 王桂芝,王建民. 山东地方绵羊品种血液蛋白质多态性研究[J]. 中国畜牧杂志,2001,37(1):8~10.
- [16] 张传生,耿立英,万海伟,等. 4 个绵羊品种线粒体细胞色素 b 基因序列差异和系统进化研究[J]. 畜牧兽医学报,2005,36(4):313~317.
- [17] 王建民,秦孜娟,曲绪仙,等. 山东小尾寒羊种质特性及其利用途径研究进展[J]. 草食家畜,1997,(3):6~10.
- [18] 马月辉. 畜禽种质资源遗传研究[D]. 北京:中国农业大学,2001.