

## 运用荧光标记微卫星分析 6 个肉山羊品种遗传多样性

凌英会<sup>1,2,3</sup>, 张晓东<sup>1,2</sup>, 丁建平<sup>1,2\*</sup>, 张云海<sup>1,2</sup>, 陈宏权<sup>1,2</sup>,  
张子军<sup>1,2</sup>, 孙志辉<sup>4</sup>, 任春环<sup>1,2</sup>, 马月辉<sup>3</sup>, 章孝荣<sup>1,2\*</sup>

(1. 安徽农业大学动物科技学院, 合肥 230036; 2. 安徽地方畜禽遗传资源保护与生物育种省级实验室, 合肥 230036;  
3. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193; 4. 合肥博大牧业科技开发有限责任公司, 合肥 230036)

**摘要:** 为了研究安徽白山羊、贵州白山羊、陕南白山羊、宜昌白山羊、马头山羊和波尔山羊 6 个肉山羊品种 DNA 分子水平上的遗传多样性, 利用 10 个微卫星引物, 分析 6 个肉山羊品种分子水平上的遗传变异和群体关系。10 个微卫星位点均呈现高度多态, 其多态信息含量 (PIC) 在 0.531 ~ 0.812 之间。F 统计结果显示群体间存在极显著的遗传分化, 遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 为 0.082。系统进化树 NJ 图把中国 5 个肉山羊和波尔山羊分为 2 支; 中国肉山羊又被分成 2 个分支。系统进化树 UPGMA 图和主成分的二维坐标图进一步证实上述聚类结果的可靠性。此研究结果显示 6 个肉山羊品种遗传多样性丰富, 具有很大的选育潜力, 特别是中国地方品种, 是将来开发利用的宝贵原始材料。

**关键词:** 肉山羊; 微卫星; 遗传多样性; 遗传分化; 聚类关系

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2012)02-0159-06

## Genetic diversity of six meat goat breeds revealed by fluorescent microsatellite markers

LING Ying-hui<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Xiao-dong<sup>1,2</sup>, DING Jian-ping<sup>1,2\*</sup>, ZHANG Yun-hai<sup>1,2</sup>, CHEN Hong-quan<sup>1,2</sup>,  
ZHANG Zi-jun<sup>1,2</sup>, SUN Zhi-hui<sup>4</sup>, REN Chun-huan<sup>1,2</sup>, MA Yue-hui<sup>3</sup>, ZHANG Xiao-rong<sup>1,2</sup>

(1. School of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036;

2. Local Animal Genetic Resources Conservation and Bio-breeding Laboratory of Anhui Province, Hefei 230036;

3. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193;

4. Hefei Bo Da Livestock Technology Development CO, LTD, Hefei 230036)

**Abstract:** Genetic variation of 5 Chinese indigenous meat goat breeds and one introduced breed were examined using 10 microsatellite DNA markers. Ten of all the microsatellite loci were highly polymorphic and effective markers for analysis of genetic diversity and relationship among goat populations. The result showed that 6 meat goat breeds have high genetic diversity. The genetic differentiation was low between meat goat breeds which displayed only 8.2% of the total genetic variance among the different breeds. Neighbour-joining (NJ) dendrogram clustered Chinese indigenous meat goat breeds and Boer goat into different groups. Furthermore, Chinese indigenous meat goat breeds were grouped into several different phylogenetic clusters which corresponded to the geographic regions. This grouping pattern was further supported by both UPGMA dendrogram and scatter plots of estimates from principal component analyses. These results may provide a scientific basis for the characterization, conservation and utilization of Chinese meat goats.

**Key words:** meat goat; microsatellite; genetic diversity; genetic differentiation; phylogenetic relationship

中国山羊品种资源丰富, 分布遍及全国, 主要分布在农区的山区、丘陵地区和牧区的荒漠地区及灌木丛较多的山区, 其中农区高于牧区和半牧区。山羊品种多属于原有地方品种, 其中肉用山羊包括

收稿日期: 2011-10-20

基金项目: 转基因生物新品种培育重大专项(2009ZX08008-007B), 国家高技术研究发展计划(863)(2011AA100307), 安徽省技术创新工程试点省专项(11Z0101074)和安徽省科技计划项目(11010302108)共同资助。

作者简介: 凌英会, 男, 博士。E-mail: caaslyh@163.com

\* 通讯作者: 章孝荣, 男, 博士, 教授, 博士生导师。E-mail: zxr@ahau.edu.cn

丁建平, 男, 副教授。E-mail: hfbdmy@163.com

黄淮山羊（在安徽又称为安徽白山羊）、陕南山羊、马头山羊、宜昌山羊、成都麻羊、贵州山羊、福清山羊以及近期育成的南江黄羊等<sup>[1]</sup>。

微卫星分子标记（SSR）为共显性标记，多态性丰富，稳定性好，通过荧光标记 PCR 技术进行检测，其结果更加准确。因而近年来被广泛用于各种动物遗传多样性<sup>[2-4]</sup>和遗传分化的研究<sup>[5-7]</sup>。但目前，利用荧光标记微卫星分析中国多个肉山羊的遗传多样性和遗传分化的研究相对较少。作者利用世界粮农组织（FAO）和国际动物遗传学会（ISAG）推荐的 10 对微卫星引物，对 6 个肉山羊品种进行遗传多样性和遗传分化研究，评估中国主要肉山羊品种的

遗传变异和群体结构情况。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集与 DNA 提取

本试验样本来自 6 个肉山羊品种共计 235 只（每个品种中公羊不少于 10 只），其中中国地方肉山羊品种 5 个，国外引进肉山羊品种 1 个。样品来源地及数量见表 1。采用抗凝剂真空抽血管进行负压采血。用酚-氯仿抽提法从全血中提取基因组 DNA。用 SBECKMAN ND-1000 自动分光光度计测定样本 DNA 的浓度和纯度，并将所有样本 DNA 的浓度调整至  $50 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$  左右。

表 1 6 个肉山羊品种名称、代码、数量和采样信息  
Table 1 Name, codes, sample sizes and regions of 6 goat breeds

品种名称 Breed name	代码 Code	样本数 Sample size	来源地 Locality
贵州白山羊 Guizhou white goat	GZ	38	贵州遵义 Zunyi City, Guizhou
陕南山羊 Shannan white goat	SN	30	陕西安康 Ankang City, Shaanxi
宜昌白山羊 Yichang white goat	YC	45	湖北宜昌 Yichang City, Hubei
马头山羊 Matou goat	MT	42	湖南常德 Changde City, Hunan
安徽白山羊 Anhui white goat	AH	40	安徽肥东 Feidong County, Anhui
波尔山羊 Boer goat	BR	40	从南非引进 Introduced from South African

表 2 10 对微卫星引物序列、标记、组合及退火温度  
Table 2 Sequences, markers, sit and annealing temperature of 10 pairs of microsatellite primers

引物名称 Locus	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	荧光标记 Fluorescent dye	组合 Sit	退火温度/°C Tm
McM527	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC AAACCACTTGACTACTCCCCAA	HEX	1	55
ILSTS005	GGAAGCAATTGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	FAM	1	60
SRCRSP9	AGAGGATCTGAAAATGGAATC GCACTCTTTTCAGCCCTAATG	FAM	1	58
OarFCB20	GGAAAACCCCATATATACCTATAC AAATGTGTTTAAGATTCCATACATGTG	FAM	2	58
SRCRSP5	GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG TGAAATGAAGCTAAAGCAATGC	FAM	2	53
TGLA53	GCTTTCAGAAATAGTTTGCAATCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	HEX	2	55
SRCRSP23	TGAACGGGTAAAGATGTG TGTTTTTAATGGCTGAGTAG	FAM	3	58
SPS113	CCTCCACACAGGCTTCTCTGACTT CCTAACTTGCTTGAGTTATTGCC	FAM	3	60
SRCRSP7	TCTCAGCACCTTAATTGCTCT GGTCAACACTCCAATGGTGAG	HEX	3	55
INRA063	GACCACAAAGGGATTTGCACAAGC AAACCACAGAAATGCTTGAAG	HEX	3	58

### 1.2 引物、PCR 扩增及多态性检测

所用 10 对微卫星 DNA 引物是由 FAO 和 ISAG

推荐，由上海生工合成，引物上游 5'端采用荧光修饰，荧光集团有 FAM 和 HEX，引物序列及相关信

息见表 2。采用 12  $\mu\text{L}$  的 PCR 扩增体系, 反应程序为: 95 $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 94 $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 53~60 $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 32 个循环, 72 $^{\circ}\text{C}$  延伸 8 min。通过琼脂糖凝胶电泳对扩增产物进行检测, 用 ABI3130 基因分析仪及 GeneMapper3.7 软件进行片段收集和统计分析。

### 1.3 数据统计与分析

采用 POPGENE 1.31 软件统计总的等位基因数 (total number of alleles,  $TNA$ )、有效等位基因数 (number of effective alleles,  $NEA$ )、期望杂合度 (expective heterozygosity,  $He$ )。利用 Excel Microsatellite Toolkit V3.1 软件计算每个山羊品种的多态信息含量 (polymorphism information contents,  $PIC$ )、平均等位基因数 (mean number of alleles,  $MNA$ ) 和 Nei 氏无偏基因多样性 (unbiased gene diversity,  $\hat{H}$ ) 等<sup>[8]</sup>。利用 FSTAT 软件计算  $F$ -statistics 固定指数和等位基因丰富度 (Allelic richness,  $AR$ )<sup>[9]</sup>。利用 DISPAN 软件计算 Nei's 遗传距离 ( $DA$ ) 和 Nei's 标准遗传距离 ( $DS$ ) 并进行聚类分析<sup>[10-11]</sup>。同时采用 MVSP 3.1 软件进行群体间遗传分化的主成分分析, 进一步验证聚类结果。

## 2 结果与分析

### 2.1 微卫星 DNA 位点的遗传变异

本研究检测了所有个体在 10 对微卫星 DNA 位点的等位基因, 共检测到 93 个等位基因。检测到等位基因最多的为 TGLA53 (12), 最少的为 SRCRSP9 (6)。10 个微卫星位点都表现出高度多态, 其多态

信息含量 ( $PIC$ ) 在 0.531~0.812 之间, 其中最高的为 SRCRSP23 (0.812), 最低的为 ILSTS005 (0.531)。

微卫星 DNA 标记本身是中性选择的, 不受选择的压力, 因此在一个理想群体中各等位基因在群体中的分布频率应该是稳定的<sup>[12]</sup>。利用哈代温伯格平衡 (Hardy-Weinberg) 定律检验 6 个肉山羊群体的基因平衡状态, 结果显示每个群体均有部分微卫星位点处于不平衡状态 (约 1/4~1/3), 用  $P$  值的无偏估测对各微卫星位点进行多群体检测, 在 6 个山羊品种中只在 OarFCB20 和 BSRCRSP7 两个位点上处于平衡状态, 而在其他位点上都不同程度地偏离平衡。

### 2.2 6 个肉山羊品种群体遗传多样性

6 个肉山羊品种遗传参数统计分析结果显示 (表 3), 在等位基因差异指标中, 6 个肉山羊品种平均等位基因数最高的是陕南山羊 ( $MNA = 8.00$ ), 最低的为宜昌白山羊 ( $MNA = 6.70$ )。有效等位基因数最高的是马头山羊 ( $NEA = 5.15$ ), 最低为宜昌白山羊 ( $NEA = 4.14$ )。特有等位基因中最高的是陕南山羊 ( $Pa = 6$ ), 贵州白山羊和宜昌白山羊最少 ( $Pa = 2$ )。以微卫星等位基因频率为基础分析期望杂合度 ( $He$ )、观察杂合度 ( $Ho$ )、多态信息含量 ( $PIC$ ) 和等位基因丰富度 ( $AR$ ) 等品种遗传多样性指标 (表 3)。6 个品种的平均多态信息含量和杂合度均值都高于 0.6, 表明被研究品种的遗传多样性较为丰富。除了安徽白山羊, 其它 5 个肉山羊品种的平均观察杂合度均低于期望杂合度。

表 3 6 个肉山羊品种的遗传变异

Table 3 Basic genetic variation information of the 6 meat goat breeds

品种及代码 Breed and Code	等位基因差异 Allelic diversity			群体遗传多样性 Genetic diversity			
	$MNA$	$NEA$	$Pa$	$He$	$Ho$	$PIC$	$AR$
贵州白山羊 GZ	7.20	4.53	2	0.737	0.715	0.671	6.935
陕南山羊 SN	8.00	4.93	6	0.742	0.710	0.694	8.000
宜昌白山羊 YC	6.70	4.14	2	0.685	0.672	0.635	6.723
马头山羊 MT	7.50	5.15	5	0.762	0.767	0.713	7.249
安徽白山羊 AH	7.50	4.56	3	0.729	0.738	0.682	7.275
波尔山羊 BR	7.20	4.78	3	0.728	0.720	0.671	6.892

注:  $MNA$  为平均等位基因数;  $NEA$  为有效等位基因数;  $Pa$  为特有等位基因数;  $He$  为期望杂合度;  $Ho$  为观察杂合度;  $PIC$  为多态信息含量;  $AR$  为等位基因丰富度。

Note:  $MNA$ , mean number of alleles;  $NEA$ , number of effective alleles;  $Pa$ , number of private alleles;  $He$ , expected heterozygosity;  $Ho$ , observed heterozygosity;  $PIC$ , polymorphism information content  $AR$ , allelic richness.

### 2.3 6 个肉山羊品种群体间遗传关系

**2.3.1 固定指数的统计**  $Fis$  和  $Fit$  分别表示个体相对于群体和它所在亚群体的固定指数。 $Fst$  则表示随

机抽取每个亚群体两个配子间的相互关系, 用它来测量亚群体间的遗传分化程度<sup>[9]</sup>。对 6 个肉山羊的 10 对微卫星位点进行  $F$  统计, 结果显示 (表 4),

群体间存在极显著的遗传分化,遗传分化系数( $F_{st}$ )为0.082,并且在所有位上都呈现极显著性。总群体的个体固定系数( $F_{it}$ )为0.106( $P < 0.001$ )。6

个山羊品种中,4个品种出现显著的杂合子缺失,总群体内近交系数( $F_{is}$ )为0.031( $P < 0.001$ ),反映群体内少数个体存在近交。

表 4 6个肉山羊品种10对微卫星位点的F-统计检验  
Table 4 F-statistics for 6 meat goat breeds at 10 microsatellite loci

微卫星位点 Locus	所有群体 All goat populations			Fis					
	$F_{st}$	$F_{it}$	$F_{is}$	GZ	SN	YC	MT	AH	BR
McM527	0.055***	0.049**	0.004	0.008	-0.055	0.146*	0.144	0.035**	-0.301
ILSTS005	0.136***	0.199**	0.073**	0.025	0.043*	-0.029	0.000	-0.141	0.087
SRCRSP9	0.035***	0.052	0.017	0.046	0.239	0.010	-0.073	-0.036	-0.036
OarFCB20	0.032***	0.174	0.150	0.116	0.060	0.098*	0.149	-0.030	0.485*
SRCRSP5	0.028***	-0.038	-0.064	-0.08	-0.051	-0.092	-0.056	-0.013	-0.089
TGLA53	0.076***	0.068**	-0.008	-0.039	-0.001	0.069	-0.069	0.044	0.043
SRCRSP23	0.152***	0.194**	0.053*	0.026*	0.128	-0.028	-0.054	0.053	-0.025
SPS113	0.139***	0.111**	-0.032	0.168	0.018	0.041*	-0.031	-0.082	-0.024
SRCRSP7	0.136***	0.199**	0.073*	-0.020	0.172*	-0.126	0.004	-0.012	-0.083
INRA063	0.039***	0.093**	0.056**	0.034*	-0.054	0.182**	-0.024	0.026	0.140
ALL	0.082***	0.106***	0.031***	0.068***	0.062**	0.059***	-0.021	-0.014	0.033**

$F_{st}$ : 所有群体内各个亚群体的固定系数;  $F_{it}$ : 整个群体的个体固定系数;  $F_{is}$ : 亚群体内的个体固定系数。杂合度缺乏的显著性水平: \* $P < 0.05$ ; \*\* $P < 0.01$ ; \*\*\* $P < 0.001$ 。山羊品种代码同表1。

$F_{st}$ , Fixation index resulting from comparing subpopulations to the total population;  $F_{it}$ , Fixation index of total population;  $F_{is}$ , Fixation index of subpopulation. Significance levels of deficit in heterozygotes: \*  $P < 0.05$ ; \*\*  $P < 0.01$ ; \*\*\*  $P < 0.001$ . Population codes are shown at table 1.

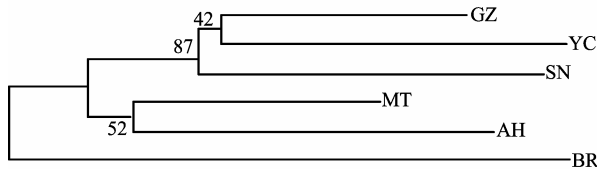


图 1 基于 Nei'遗传距离(DA) 6个肉山羊品种 NJ 聚类图  
Figure 1 A neighbour-joining dendrogram of 6 meat goat populations based on Nei's genetic distances (DA)

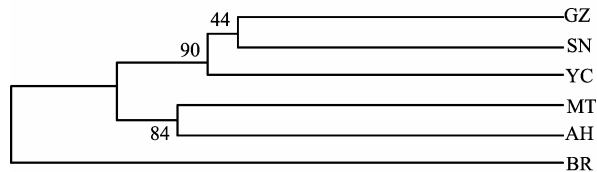


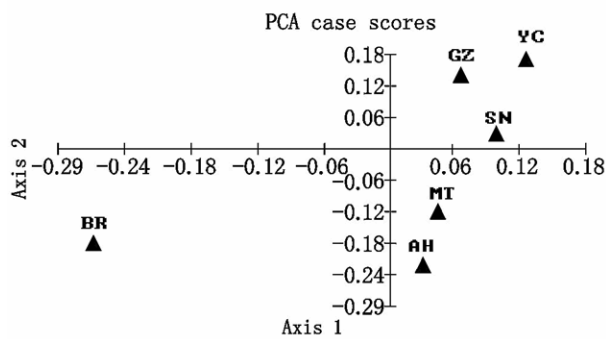
图 2 基于 Nei'遗传距离(DA)的6个肉山羊品种 UPGMA 聚类图  
Figure 2 UPGMA dendrogram of 6 meat goat populations based on Nei's genetic distances (DA)

2.3.2 聚类分析 根据 Nei's 方法计算遗传距离(DA)和标准遗传距离(DS),并依据 DA 构建进化树 NJ 聚类图(图1)和 UPGMA 聚类图(图2)。

计算结果表明(数据略),中国肉山羊品种与波尔山羊间的遗传距离相对较远。中国5个地方肉山

羊品种中,宜昌山羊与陕南山羊遗传距离最近(0.0604),安徽白山羊和陕南山羊之间(0.0979)遗传距离最远。标准遗传距离(DS)的趋势与遗传距离相似。系统进化树 NJ (Neighbor-joining) 聚类图(图1)把中国5个肉山羊与波尔山羊分为2支;中国肉山羊又被分为2个分支,安徽白山羊与马头山羊聚在一起,陕南山羊、宜昌白山羊与贵州白山羊聚到一起。系统进化树 UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic mean) 聚类图(图2)聚类结果基本一致。这两种聚类结果自检值比较高,能够真实反映群体间亲缘关系。

2.3.3 群体间遗传分化的主成分分析 主成分分析是一种常用的基于变量协方差矩阵对信息进行处理、压缩和抽提的有效方法<sup>[13]</sup>。利用 MVSP 软件对6个肉山羊品种进行主成分分析,结果显示前3个特征根的累计贡献率分别为35.9%,55.9%和62.8%。基于6个肉山羊品种的等位基因频率构建第一、二主成分的二维坐标图(图3)。首先,第一、二主成分的二维坐标图明显将波尔山羊同中国5地方肉山羊品种区分开来,中国5地方肉山羊品种依据第一主成分从上至下依次为宜昌白山羊,贵州白山羊,陕南山羊,马头山羊和安徽白山羊。



Axis 1 和 Axis 2 分别代表第 1 主成分和第 2 主成分  
Axis 1 and Axis 2 represent the first two principal factors, respectively

图 3 6 个肉山羊品种前 2 个主成分的三维散点图

Figure 3 Two-dimensional scatter plot for the first two principal factors for 6 meat goat populations

### 3 讨论

#### 3.1 等位基因差异与群体遗传多样性

微卫星 DNA 突变率较高, 近年来微卫星标记遗传变异被广泛应用于群体遗传结构分析、家畜品种鉴定、基因流、基因作图及群体分化研究等。在山羊遗传多样性的研究方面, 潘建文等利用 8 个微卫星座位, 对福清山羊、戴云山羊及波尔山羊 11 个群体 350 份样本进行遗传多样性检测, 共检测到 69 个等位基因, 平均每个座位为 8.60 个<sup>[14]</sup>。张爱玲等利用 19 个微卫星标记分析新疆山羊的多态信息含量为 0.685 6<sup>[15]</sup>。

本研究结果表明: 10 对微卫星标记共检测到 93 个等位基因, 平均每个位点 9.3 个等位基因, 最多的为 TGLA53 (12), 最少的为 SRCRSP9 (6)。其多态信息含量 (PIC) 在 0.531 (SRCRSP23) ~ 0.812 (SRCRSP23) 之间。10 个微卫星位点都显示出高度多态, 可作为有效的分子标记分析群体遗传多样性。

本研究的样本中 6 个品种的平均多态信息含量和杂合度均值都高于 0.6, 表明 6 个肉山羊品种具有较高的遗传变异, 具有很大的选育潜力, 其中马头山羊的 PIC 最高 (0.713), 宜昌白山羊的 PIC 最低 (0.635); 波尔山羊的 PIC 为 0.671。中国肉山羊中, 除了宜昌白山羊遗传多样性参数略低于波尔山羊外, 其它 4 个肉山羊品种都高于波尔山羊。在另一项研究中, 张英杰等利用 4 个微卫星标记对太行山羊、河北奶山羊和波尔山羊的等位基因频率、群体多态信息含量和杂合度进行了遗传检测。结果表明 4 个微卫星位点在 3 个品种中存在多态性, 其中太行山羊的遗传变异程度最大, 而波尔山羊的遗传变

异程度相对较小<sup>[16]</sup>。作者利用微卫星标记对 6 个肉山羊的遗传差异与遗传结构进行了全面分析, 研究表明这 6 个肉山羊品种中蕴含丰富的遗传多样性, 特别是中国地方品种, 是将来开发利用的宝贵原始材料。

#### 3.2 群体遗传分化和群体遗传结构分析

*F* 统计结果显示总的群体间遗传分化系数 *F*<sub>st</sub> 为 0.082。表明 6 个肉山羊品种主要的遗传变异来自于群体内部 (91.7%)。6 个山羊品种中, 4 个品种出现显著的杂合子缺失, 反映这些品种内存在一定的近交现象。本研究中除了安徽白山羊, 其它 5 个肉山羊品种的平均观察杂合度均低于期望杂合度, 并且表现出一定程度的杂合子缺失, 另外 10 个微卫星位点中大多数基因座处于哈代-温伯格不平衡状态, 这都表明这些品种内可能存在一定程度的近交。在相近生态区域之间山羊品种分布界线有时不太明确, 而且山羊放养和市场交易过程中基因交流机会较多, 以及公母混养的自由配种方式, 易表现出纯合化效应<sup>[12,17]</sup>。另一方面, 当种群规模较小时, 公羊血统来源比较单一会增加近交程度升高的机会, 致使微卫星基因座有效等位基因数目较少、观察杂合度较低<sup>[18]</sup>。在人工授精技术得到应用和推广以后, 部分公畜个体的后裔数量在群体中迅速扩大, 这会使原有群体的基因频率发生变化<sup>[17]</sup>。

系统进化树结果显示中国肉山羊品种与波尔山羊存在明显区别, 5 个中国地方肉山羊品种被分成了 2 个分支。品种间遗传分化是多个品种间在多个遗传标记位点上的差异性, 具有多变量的特征。利用主成分进行多变量分析可以进一步揭示群体间的遗传分化程度和系统发生关系。本研究的聚类 and 主成分分析结果与 6 个肉山羊品种的地理分布大致相符, 并且与品种育成历史记载相吻合<sup>[1]</sup>。

#### 3.3 肉山羊品种资源遗传改良和保护策略

中国是世界羊肉生产大国, 产量居世界之首, 且山羊肉所占比重较大, 特别是在中南部地区。肉山羊品种资源较为丰富, 但长期以来的选育, 已使肉山羊的群体结构有所改变, 一部分表现出不同程度的近交<sup>[16]</sup>, 而也有一部分杂交现象比较严重<sup>[14]</sup>, 近交或不合理的杂交都可能会导致地方肉山羊品种某些优良性状的丢失。因此对于保种场的优良纯种肉山羊, 应该利用家系间随机交配或保种群体内随机交配的手段, 通过采取保种场间和保种区间个体交换的办法来增加保种群体的遗传基础, 同时保种场内尽量不作有方向性的选择<sup>[12]</sup>。对于一些被隔离的山羊类群, 应挑选遗传多样性丰富的个体作为亲

本进行扩繁,扩大其分布区域,并建立起一定的基因交流,改善现存的种群状况。对于杂交现象比较严重而出现某些优良性状退化的肉山羊品种,应该在产区内选择优秀个体组建育种核心群和基础群,通过继代繁育、选育提高、横交固定等方法来进行地方优良肉山羊品种的提纯和复壮。

#### 4 结论

本研究利用 10 个荧光标记微卫星引物,分析了贵州白山羊、陕南山羊、宜昌白山羊、马头山羊、安徽白山羊和波尔山羊 6 个肉山羊品种分子水平上的遗传多样性。10 个微卫星位点均呈现出高度多态,可作为有效的分子标记分析群体遗传多样性。平均多态信息含量和杂合度等遗传参数表明 6 个肉山羊品种具有较高的遗传变异,具有很大的选育潜力,特别是中国地方品种,是我们将来开发利用的宝贵原始材料。 $F$  统计结果显示 6 个肉山羊品种主要的遗传变异来自于群体内部,部分品种内存在一定的近交现象。聚类分析和主成分分析显示中国肉山羊品种与波尔山羊存在明显的区别,5 个中国地方肉山羊品种被分成了 2 个分支。此研究结果为开展中国地方肉山羊品种资源遗传改良和保护提供了分子遗传学基础。

#### 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] Dixita S P, Vermaa P A K, Aggarwala M K, et al. Genetic diversity and relationship among southern Indian goat breeds based on microsatellite markers [J]. Small Ruminant Research, 2010, 91: 153-159.
- [3] 曲鲁江, 刘伟, 侯卓成, 等. 利用微卫星和线粒体标记分析北京鸭的起源与驯化[J]. 中国科学 C 辑: 生命科学, 2008, 38(12): 1160-1165.
- [4] 仲涛, 马月辉, 关伟军, 等. 10 个绵羊品种的微卫星 DNA 多态性研究[J]. 畜牧兽医学报, 2008, 39(5): 555-561.
- [5] Ling Y H, Ma Y H, Guan W J, et al. Evaluation of the genetic diversity and population structure of Chinese indigenous horse breeds using 27 microsatellite markers [J]. Animal Genetics, 2011, 42(1): 56-65.
- [6] 毕伟伟, 陈维云, 王慧, 等. 鲁西牛群体遗传多样性与生长发育性状的微卫星标记研究[J]. 畜牧兽医学报, 2011, 42(4): 481-488.
- [7] 孙红梅, 邢秀梅, 荣敏, 等. 家兔遗传多样性及系统发生关系的微卫星分析[J]. 生物多样性, 2008, 16(5): 492-497.
- [8] Nei M. Molecular Evolutionary Genetics [M]. New York: Columbia University Press, 1987.
- [9] Weir B S & Cockerham C C. Estimating  $F$ -statistics for the analysis of population structure [J]. Evolution, 1984, 38: 1358-70.
- [10] Nei M, Tajima R & Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data [J]. Journal of Molecular Evolution, 1983, 19: 153-70.
- [11] Nei M. Genetic distances between populations [J]. The American Naturalist, 1972, 106: 283-92.
- [12] 狄冉, 何晓红, 韩建林, 等. 中国绒山羊遗传多样性现状和系统发生关系的微卫星分析[J]. 生物多样性, 2007, 15(5): 470-478.
- [13] Pritchard J K, Stephens M & Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. Genetics, 2000, 155: 945-59.
- [14] 潘建文, 梁学武, 刘庆华, 等. 用微卫星标记分析福建地方山羊品种及波尔山羊的遗传多样性[J]. 福建农林大学学报: 自然科学版, 2009, 38(2): 144-149.
- [15] 张爱玲, 马月辉, 李宏滨, 等. 利用微卫星标记分析 6 个山羊遗传多样性[J]. 农业生物技术学报, 2006, 14(1): 38-44.
- [16] 张英杰, 赵有璋, 刘月琴, 等. 微卫星 DNA 标记在三个山羊品种中的遗传多态性研究[J]. 中国草食动物, 2003, 23(4): 7-9.
- [17] 陈幼春, 曹红鹤, 李宏滨. 品种内亚群定点随机抽样法的应用研究[J]. 黄牛杂志, 2001, 27(1): 1-3.
- [18] 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 Evolution, 2002, 34, 729-744.