

陕西北部黄牛群体遗传检测研究简报*

耿社民 常 洪 秦国庆 邱 怀

(西北农业大学动物科学系, 陕西杨凌 712100)

摘 要 应用系统随机整群抽样方法对陕西北部黄牛群体进行了遗传抽样检测。结果表明,在检测的21个遗传位点中18个具有遗传多态性,所有频率估计值的误差均在7%以下;确认这一区域黄牛属秦川牛与蒙古牛的混血型,不同系统两者血统比例有明显差异。

关键词 黄牛群体,遗传检测,陕西北部

中图分类号 S823.812

陕西北部黄牛群体系指饲养在渭北高原到长城沿线一带所有黄牛,其分布遍及陕西省6个地区41个县(区),黄牛总存栏数达80余万头,占陕西黄牛总存栏数的30%以上。鉴于这一区域在地理位置上属我国北方黄牛与中原黄牛的交汇地带,因而本研究试图通过血液蛋白质、毛色及形态特征3个方面,对该区域黄牛群体进行系统遗传检测,旨在澄清本区域黄牛群体的遗传组成及北方黄牛与中原黄牛的基因交流状况,为进行全国黄牛区域分类以及该地域黄牛遗传资源的开发利用提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 资料来源及方法

根据前人提出的“系统随机整群抽样方法”^[1],以渭北高原北部(系统Ⅲ)、陕北丘陵沟壑区(系统Ⅰ)及长城沿线风沙区(系统Ⅱ)3个系统黄牛为样本资料,其抽样头数分别为62,58和51头。毛色及形态特征的描述现场进行。资料的统计处理用文献[1]的方法。

1.2 实验室分析

应用聚丙烯酰胺凝胶电泳测定血液中血红蛋白(Hb)、白蛋白(Alb)、谷蛋白(Pa)、运铁蛋白(Tf)、谷运铁蛋白(Ptf-I)和碱性磷酸酶(Akp)6个位点的多态性,分别根据意大利都灵遗传测试中心国际标准血清图谱、Gahne B等人^[2]及佐佐木清纲等人^[3]的方法判型。

2 结果与分析

2.1 血液蛋白多态性

陕西北部黄牛群体6个血液蛋白位点的检测结果(表1)表明:陕西北部黄牛群体在6个血液蛋白位点上均具有多态性。所有位点基因频率估计的误差均在6.5%以下,但在各系统间存在有基因频率的差异。总群所有基因频率估计值之可靠性(除Pa^c基因和Ptf-I^c基因外)都在95%以上,Pa^c基因和Ptf-I^c基因估计值的精确度偏离实际频率的0.5倍以

收稿日期:1994-12-28

* 国家教委博士点基金资助项目

上,说明要使这两个基因频率估计值可靠性达 95%以上时,必须加大抽样规模。

表 1 血液蛋白位点占基因频率的抽样估计

位点	基因型数	等位基因	频 率			总体频率	估计误差	可靠性	精确度	标准离散度
			I	II	III					
Hb	3	Hb ^A	0.873	0.804	0.686	0.734	9.3×10^{-4}	1.000	0.083	0.105
		Hb ^B	0.069	0.071	0.127	0.107	6.0×10^{-5}	1.000	0.145	0.273
		Hb ^C	0.059	0.125	0.186	0.159	1.3×10^{-3}	0.972	0.459	0.437
Alb	3	Alb ^A	0.725	0.656	0.686	0.682	4.6×10^{-4}	1.000	0.062	0.183
		Alb ^B	0.275	0.344	0.314	0.318	4.6×10^{-4}	1.000	0.135	0.392
Pa	6	Pa ^A	0.470	0.446	0.602	0.548	6.3×10^{-3}	1.000	0.290	0.264
		Pa ^B	0.431	0.518	0.398	0.434	6.5×10^{-3}	0.993	0.370	0.374
		Pa ^C	0.098	0.036	0.000	0.018	2.2×10^{-4}	0.450	1.678	8.220
Tf	10	Tf ^A	0.255	0.259	0.195	0.218	1.8×10^{-4}	1.000	0.123	0.273
		Tf ^{D1}	0.275	0.348	0.280	0.298	1.5×10^{-3}	1.000	0.263	0.284
		Tf ^{D2}	0.098	0.152	0.271	0.224	1.1×10^{-4}	0.995	0.123	0.139
		Tf ^E	0.373	0.241	0.254	0.260	1.7×10^{-3}	1.000	0.139	0.290
Ptf- I	6	Ptf- I ^A	0.402	0.438	0.551	0.508	3.9×10^{-3}	1.000	0.246	0.352
		Ptf- I ^B	0.549	0.455	0.449	0.458	3.4×10^{-3}	1.000	0.255	0.233
		Ptf- I ^C	0.049	0.107	0.000	0.034	4.3×10^{-4}	0.588	1.220	3.940
AKP	2	F ^A	0.686	0.375	0.576	0.529	2.5×10^{-3}	1.000	0.189	0.138
		F ^O	0.314	0.625	0.424	0.471	2.5×10^{-3}	1.000	0.213	0.358

2.2 毛色位点的多态性

表 2 毛色位点表型频率的估计

位点	基因型	频 率			总体频率	估计误差	可靠性	精确度	标准离散度
		I	II	III					
B	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	bb	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D	D	0.824	0.328	0.855	0.707	3.8×10^{-4}	1.000	0.055	0.064
	dd	0.176	0.672	0.145	0.293	3.8×10^{-4}	1.000	0.133	0.155
S	S-	0.922	0.983	0.904	0.927	3.5×10^{-3}	1.000	0.128	0.102
	ss	0.078	0.017	0.096	0.073	3.5×10^{-3}	0.461	1.620	1.290
In	In	0.373	0.017	0	0.035	1.0×10^{-4}	0.915	0.580	3.180
	inin	0.627	0.983	1.000	0.965	1.0×10^{-4}	1.000	0.021	0.115
Ps	Ps	0.157	0.241	0.306	0.276	1.7×10^{-3}	1.000	0.301	0.349
	psps	0.843	0.759	0.694	0.724	1.7×10^{-3}	1.000	0.115	0.133
W	W-	0.941	0.793	0.984	0.928	1.5×10^{-3}	1.000	0.083	0.152
	ww	0.059	0.207	0.016	0.072	1.5×10^{-3}	0.648	1.076	1.960
Br	Br	0.748	0.345	0.371	0.397	9.9×10^{-3}	0.954	0.501	0.391
	brbr	0.216	0.655	0.629	0.603	9.9×10^{-3}	1.000	0.330	0.258
Bs	Bs	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	1.000	0.000	0.000
	bsbs	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

在所检测的 8 个毛色位点中(表 2),陕西北部黄牛群体在 6 个位点上具有多态性,毛色主要表现为红黄两色,分别占 70.7%和 29.3%。其 S 基因、In 基因、Ps 基因、W 基因及 Br 基因分别以 0.27,0.018,0.15,0.27 和 0.776 的频率潜在陕西北部黄牛群体之中,各种毛色表型频率的估计误差均在 1%以下。除 3 种表型外,其余表型频率估计的可靠性均

在 94.45% 以上。

陕西北部黄牛群体在检测的 7 项形态特征中 6 项具有多样性(表 3),约 85% 的黄牛为小肩峰,胸垂有大小两种类型,脐垂表现为 3 种类型,头型和体型 表现为长窄和短宽两种类型,大多数无额毛,均为圆端耳。各种表型频率估计值的误差均在 3% 以下,估计值的精确度与可靠性(除两种表型外)相对较高。

表 3 形态特征表型频率的抽样估计

类别	表现型	频率			总体频率	估计误差	可靠性	精确度	标准离散度
		I	II	III					
肩峰	大	0.000	0.017	0.019	0.006	2.6×10^{-5}	0.44	1.710	4.790
	小	0.984	0.500	0.961	0.848	7.3×10^{-4}	1.00	0.064	0.185
	无	0.016	0.483	0.019	0.145	5.2×10^{-4}	1.00	0.310	0.895
头型	长窄	0.516	0.172	0.294	0.403	1.12×10^{-3}	1.00	0.166	0.430
	短宽	0.484	0.828	0.706	0.597	1.12×10^{-3}	1.00	0.112	0.290
耳型	圆端	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000	1.00	0.000	0.000
	尖端	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.00	0.000	0.000
体型	长窄	0.613	0.172	0.176	0.456	2.9×10^{-3}	1.00	0.112	0.290
	短宽	0.387	0.828	0.824	0.544	2.9×10^{-3}	1.00	0.236	0.412
额毛	有	0.000	0.276	0.098	0.084	8.5×10^{-4}	0.85	0.690	1.310
	无	1.000	0.724	0.902	0.916	8.5×10^{-4}	1.00	0.064	0.120
胸垂	大	0.629	0.552	0.235	0.575	4.1×10^{-4}	1.00	0.071	0.239
	小	0.371	0.448	0.765	0.425	4.1×10^{-4}	1.00	0.096	0.323
	无	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.00	0.000	0.000
脐垂	大	0.403	0.1897	0.039	0.315	5.4×10^{-4}	1.00	0.148	0.445
	小	0.145	0.3793	0.451	0.234	8.2×10^{-4}	1.00	0.224	0.433
	无	0.452	0.431	0.510	0.451	4.6×10^{-4}	1.00	0.095	0.107

3 讨 论

3.1 陕西北部黄牛群体的血统来源

在所检测的陕西北部黄牛群体 3 个抽样系统间,在血液蛋白质、毛色及外形特征的 21 个遗传位点上表现出了明显的遗传差异性,长城沿线风沙区(系统 I)和渭北高塬北部(系统 IV)的所有分布频率都与常洪等人^[4]报道的秦川牛相似;而陕北丘陵沟壑区(系统 II)的所有分布频率则与陈幼春^[5]报道的蒙古牛相近似。进一步调查结果表明,系统 I 用秦川牛进行杂交改良已有 30 余年历史,系统 III 位于秦川牛产区外围,长期以来就有秦川牛血统的陆续迁入。而系统 II 显然受秦川牛影响较小,这与陈宏^[6]报道的该系统牛具有与蒙古牛相近似的 Y 染色体中部着丝点的结论相吻合。由此可以确认陕西北部黄牛群体属秦川牛与蒙古牛相混血的中间类型,只是在不同区域两者的血统比例不同而异。

3.2 陕西北部黄牛群体资源的开发利用

由于这一群体所处位置属秦川牛与蒙古牛的混血区域,在不同的系统间也存在有一定差异,因而就其资源的开发利用上应予以区别对待。系统 I 和系统 III 因含有较高的秦川牛血液,其可通过在系统内进一步选育而形成有一个有别于秦川牛与蒙古牛的新类型。系统 II 则可进一步应用秦川牛来杂交改良以提高其生产性能水平,但在杂交改良中应避免代

数过高造成固有抗逆性的基因由群体中流失。

致谢:本研究承耀县畜牧站许学敏,甘泉县畜牧站任力,神木县畜牧站白从义等人的大力协作,在此谨表谢意

参 考 文 献

- 1 常 洪,耿社民,武 彬等.中国黄牛品种遗传检测抽样方法研究.黄牛杂志,1989(4):1~6;1990(1):1~5
- 2 Gahne B. Horizontal polyacrylamide gradient gelelectrophoresis for the simultaneous phenotyping of Tf, Ptf, Alb, Pa, in the blood plasma of cattle. Anim Blood Graps biochem Gent, 1977(8):127~137
- 3 佐佐木清纲著;李世安译.家畜血型及其应用.上海:上海科学技术出版社,1982:109~129
- 4 常 洪,耿社民,武 彬等.秦川牛抽样遗传检测报告.西北农业大学学报,1990(4):57~62
- 5 陈幼春主编.中国黄牛生态种特征及其利用方向.北京:农业出版社,1990:34~35
- 6 陈 宏.中国 4 个黄牛群体染色体的研究[学位论文].西北农业大学,1990:65~70

A Genetic Investigation of Yellow Cattle in North Shaanxi

Geng Shemin Chang Hong Qin Guoqing Qiu Huai

(Department of Animal Science, Northwestern Agricultural University, Yangling, Shaanxi, 712100)

Abstract A genetic sampling investigation was carried out on yellow cattle population from the north of Shaanxi by means of the stratified random cluster sampling. The result indicated that 18 genetic loci possessed genetic polymorphic types among 21 genetic loci of investigation, and that the error of all estimated value was below 0.7%. It was affirmed that the yellow cattle in this region belonged to the mixed blood of Qinchuan Cattle and Menggu Cattle, and that the two blood line proportion had distinct difference in the different system.

Key words Yellow Cattle population, genetic investigation, North Shaanxi