

我国主要驴品种亲缘关系研究^{*}

高 雪, 史明艳, 侯文通, 张英汉

(西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西 杨陵 712100)

[摘 要] 应用聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE)检测了新疆驴、凉州驴、云南驴、关中驴、庆阳驴、佳米驴、德州驴、晋南驴8个驴品种2个血液蛋白质位点,并用座位平均杂合度、平均有效等位基因数度量了8个群体的遗传变异程度。结果显示,新疆驴、凉州驴、云南驴的平均杂合度较高,分别为0.614、0.601和0.493,平均有效等位基因数较多,分别为2.96、2.85和1.99。这3个品种受人工选择影响小,遗传多样性好,而关中驴等5个大、中型驴平均位点纯合度较高,受人工选育影响较大。用最小距离法对8个驴种2个血液蛋白质多型座位基因频率进行聚类的结果显示,8个驴品种分为2大类,新疆驴、凉州驴和云南驴聚为一类,其中新疆驴和凉州驴的遗传距离最近;关中驴与晋南驴最先聚到一起,接下来与庆阳驴、德州驴、佳米驴依次聚到一起。这一结果与品种历史、生态地理分布以及驴种的传播路径相吻合。

[关键词] 驴种; 亲缘关系; 遗传变异; 聚类分析

[中图分类号] S852.23

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2003)02-0033-03

我国驴种分为大型驴、中型驴和小型驴。大型驴主要分布在农业发达、饲料条件优越的中部平原、丘陵地区,主要有关中驴、庆阳驴、德州驴、晋南驴等。小型驴主要有干旱沙漠生态类型的新疆驴,干旱半荒漠生态类型的凉州驴,黄土丘陵沟壑区的西吉驴,高寒沙地生态类型的滚沙驴,平原生态类型的东北驴,高原山地类型的西南驴。本研究选取了大、中、小3个类型驴的8大主要代表品种,研究其之间的亲缘关系,以探讨我国家驴的起源及其演化过程。

1 材料与方法

1.1 材料来源

新疆驴、云南驴、凉州驴的血液蛋白位点频率资料引自参考文献[1],德州驴资料引自参考文献[2],关中驴、晋南驴、庆阳驴、佳米驴资料引自参考文献[3]。

1.2 群体遗传变异的分析

1.2.1 座位杂合度(h)、平均杂合度(H)及平均纯合度(J) 采用下列各式进行计算:

$$h = 1 - \sum_{i=1}^k x_i^2, \quad H = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m h_i^2, \quad J = 1 - H$$

式中, m 为座位数; k 为某一座位的等位基因数; x_i 为 x 群体某座位上第 i 个等位基因的频率。

1.2.2 有效等位基因数(E)与平均有效等位基因

数($\bar{E}$) 采用下列各式进行计算:

$$E = 1 / \sum_{i=1}^{n_K} P_i^2, \quad \bar{E} = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r E_i$$

式中, P_i 为某一座位第 i 个等位基因的频率; r 为位点数; n_K 为 K 座位上的等位基因数。

1.2.3 聚类分析 采用SA S 6.12版软件对8个驴品种2个血液蛋白质座位基因频率进行最小距离系统聚类分析。

2 结果与分析

2.1 群体遗传变异程度分析

利用遗传多型分析群体的基因(或表型)变异是群体遗传变异研究的一个重要内容^[4],它反映的是群体内变异的一般规律,而不是例外现象。群体遗传变异通常用平均杂合度和多态座位百分数来表示。Nei^[5]的研究表明,平均杂合度或基因多样性是测量基因变异的最适参数,它适合于任何生物。本次研究利用平均基因杂合度和有效等位基因数来测量8个驴品种的基因变异。表1、表2分别列出了8个驴品种的血液蛋白座位的位点杂合度(h),平均位点杂合度(H),平均位点纯合度(J)和平均有效等位基因数($\bar{E}$)。

2.1.1 平均位点杂合度(H) 由表1可见,新疆驴

* [收稿日期] 2002-03-20

[作者简介] 高 雪(1976-),女,陕西城固人,在读博士,主要从事动物遗传资源研究。

的平均位点杂合度为 0.614, 凉州驴为 0.601, 较其他几个品种都高。这说明大中型驴与小型驴的群体差异较大, 其原因可能主要与选种选育有关。根据历史, 关中驴、晋南驴以及内地其他几个驴品种是古西域驴(即新疆驴)引入内地后, 在内地适宜的生态环境、丰富充足的饲料条件下, 通过人工选择培育而成的地方良种^[6], 因此他们的平均位点纯合度相对较高。

表 1 8 个驴品种基因平均杂合度(H)与纯合度(J)
Table 1 Mean heterozygosity and homozygosity in eight breeds

品种 Breed	h			H	J
	Tf	Alb	Pre		
新疆驴 Xinjiang donkey	0.755	0.453	—	0.614	0.386
凉州驴 Liangzhou donkey	0.737	0.466	—	0.601	0.399
云南驴 Yunnan donkey	0.548	0.442	0.490	0.493	0.507
佳米驴 Jiami donkey	0.665	0.102	0.352	0.373	0.627
德州驴 Dezhou donkey	0.699	0.139	0.385	0.408	0.592
庆阳驴 Qingyang donkey	0.642	0.125	0.322	0.363	0.627
晋南驴 Jinnan donkey	0.578	0.039	0.300	0.216	0.784
关中驴 Guanzhong donkey	0.601	0.075	0.398	0.291	0.709

2.1.2 平均有效等位基因数($\bar{E}$) 平均有效等位基因数是度量群体遗传变异的另一个重要指标, 它是每个位点基因纯合度的倒数。 $\bar{E}$ 表明其相对位点等位基因频率在群体中的重要性^[7]。表 2 列出 8 个驴品种血液蛋白质座位的等位有效基因数 E 和 $\bar{E}$ 。

表 2 8 个驴品种血液蛋白质座位有效基因数(E)和平均有效基因数($\bar{E}$)
Table 2 Allele diversity (the mean number of observed alleles per locus) in eight breeds

品种 Breed	Tf	Pre	Alb	$\sum E$	$\bar{E}$
新疆驴 Xinjiang donkey	4.08	-	1.83	5.91	2.96
凉州驴 Liangzhou donkey	3.80	—	1.90	5.70	2.85
云南驴 Yunnan donkey	2.21	1.96	1.80	5.97	1.99
佳米驴 Jiami donkey	2.98	1.54	1.10	5.62	1.87
德州驴 Dezhou donkey	2.30	1.63	1.20	5.13	1.71
庆阳驴 Qingyang donkey	2.80	1.47	1.10	5.37	1.79
晋南驴 Jinnan donkey	2.40	1.43	1.00	4.83	1.61
关中驴 Guanzhong donkey	2.50	1.66	1.10	5.26	1.75

由表 2 可见, 新疆驴、凉州驴、云南驴的平均有效等位基因数较高, 分别为 2.96, 2.85, 1.99。而关中驴、德州驴、佳米驴、庆阳驴、晋南驴的平均有效等位基因数较低, 分别为 1.75, 1.71, 1.87, 1.79, 1.61。这说明新疆驴、凉州驴受人工选择强度较小, 而基因数多、基因型复杂, 其遗传多样性好, 因此具有很高的基因利用价值; 而关中驴、德州驴、佳米驴、庆阳驴、晋南驴等大、中型驴由于受人工定向选择的

影响, 其选育程度相对较高, 因此他们的平均有效基因数较低。更进一步说明新疆驴和凉州驴的亲缘关系近, 而关中驴、德州驴、佳米驴、庆阳驴、晋南驴的遗传距离也较近。

2.2 8 个驴种 2 个血液蛋白质座位聚类分析

将 8 个驴品种的 2 个蛋白质座位(Tf、Alb)的基因频率最小距离计算结果列于表 3。然后根据最小距离进行聚类^[8,9](图 1)。

表 3 8 个驴品种 2 个血液蛋白质座位的基因频率分布
Table 3 Allele frequency at two protein loci in eight populations

品种 Breed	Tf ^A	Tf ^B	Tf ^C	Tf ^D	Tf ^H	Tf ^R	Alb ^C	Alb ^D
关中驴 Guanzhong donkey	0.539	0.263	0.198	0.000	0.000	0.000	0.961	0.039
德州驴 Dezhou donkey	0.138	0.356	0.206	0.000	0.000	0.000	0.125	0.075
晋南驴 Jinnan donkey	0.571	0.214	0.215	0.000	0.000	0.000	0.980	0.020
佳米驴 Jiami donkey	0.359	0.337	0.304	0.000	0.000	0.000	0.946	0.054
庆阳驴 Qingyang donkey	0.462	0.279	0.259	0.000	0.000	0.000	0.933	0.067
新疆驴 Xinjiang donkey	0.250	0.278	0.139	0.291	0.041	0.000	0.653	0.347
云南驴 Yunnan donkey	0.383	0.183	0.000	0.400	0.334	0.000	0.671	0.329
凉州驴 Liangzhou donkey	0.174	0.304	0.218	0.304	0.000	0.000	0.630	0.370

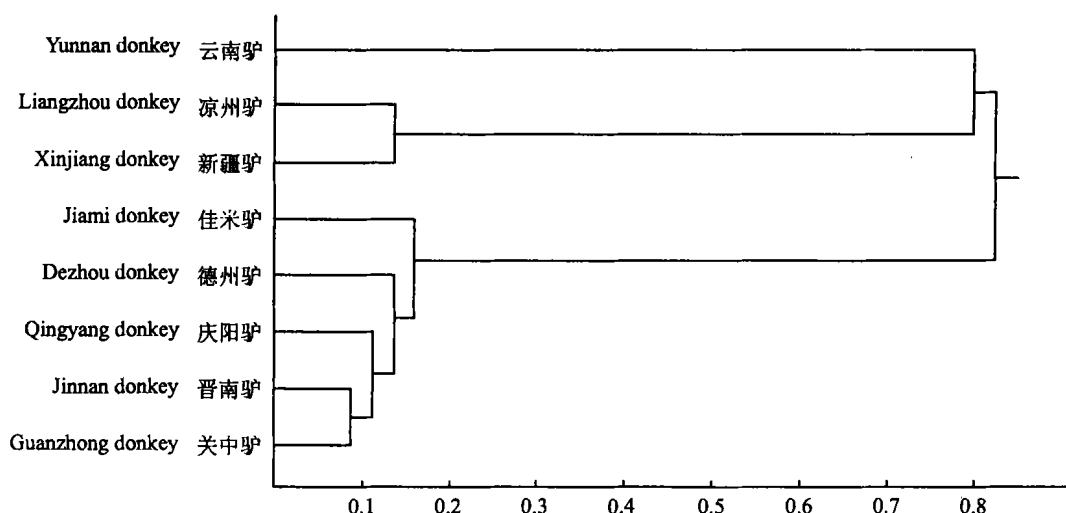


图1 8个驴品种2个血液蛋白质座位的最小距离聚类

Fig 1 Clustering map among eight breeds using the minimum distance

由图1可见,8个驴品种明显分为2类:新疆驴、云南驴、凉州驴聚为一类;关中驴、晋南驴、庆阳驴、德州驴及佳米驴聚为一类。在第一类中,新疆驴和凉州驴最先聚在一起,且距离较短,说明二者亲缘关系近。尽管云南驴与新疆驴、凉州驴聚在一起,但它们之间的最小距离则较大,说明云南驴与新疆驴、凉州驴的亲缘关系较远。这可能与云南驴受东南亚、南亚地区驴种影响有关。在第二类中,关中驴与晋南驴最先聚类,其次与庆阳驴、德州驴聚类,最后与佳米驴聚到一起。关中驴、晋南驴、庆阳驴、德州驴所在地区毗邻相连,生态环境相似。因此,它们之间的亲缘关系较近。图1中佳米驴处于大型驴与小型驴之间,是小型驴向大型驴过渡的中间品种。这也与佳米驴品种的形成历史是相一致的。

新疆驴平均座位杂合度和平均有效等位基因数分别为0.614, 2.96, 凉州驴分别为0.601, 2.85, 较云南驴0.493, 1.99以及黄河中下游几个大、中型驴的平均座位杂合度和平均有效等位基因数都高。这表明大、中型驴与小型驴的群体差异较大,新疆驴、凉州驴受人工选择程度低、基因数多、基因型复杂、遗传多样性好,具有较高的基因利用价值。

2)对8个驴品种2个血液蛋白质座位基因频率的最小距离系统聚类分析表明,8个驴品种分为2大类,新疆驴、凉州驴和云南驴聚为一类,其中新疆驴和凉州驴的遗传距离最近;关中驴与晋南驴最先聚到一起,接下来与庆阳驴、德州驴、佳米驴依次聚到一起。这一结果与品种历史、生态地理分布、史料记载以及驴种的传播路径是相吻合的。

3 结论

1)对8个驴品种群体遗传变异的分析表明,新

[参考文献]

- [1] 高雪. 中国驴种来源的遗传学研究[D]. 陕西杨陵: 西北农林科技大学, 2001.
- [2] 吴锦淑. 德州驴群体血液蛋白多型和系统地位研究[D]. 陕西杨陵: 西北农林科技大学, 1998.
- [3] 王永军. 中国部分驴品种血液蛋白多型和同工酶及其品种间遗传关系的初步研究[D]. 陕西杨陵: 西北农林科技大学, 1989.
- [4] Millar C, Libby W J. Strategies for conserving cline, ecotypic and disjunct population diversity in widespread species[A]. Falk D A, Holsinger K E. Genetic and conservation of Rare plants[C]. New York: Oxford University Press, 1986.
- [5] Nei M. Evolution of genes and proteins[J]. Evolution, 1965, 19: 256- 258.
- [6] 邓务国. 物种遗传多态性研究方法的进展[J]. 生物学通报, 1994, (1): 7- 9.
- [7] 周虞灿. 蛋白多态现象的研究及其应用[J]. 兽类学报, 1984, 4(4): 329- 339.
- [8] 袁志发, 孟德顺. 多元统计分析[M]. 陕西杨陵: 天则出版社, 1993.
- [9] 袁志发. 模糊数学及其在农林上的应用[M]. 陕西杨陵: 天则出版社, 1990.

(下转第40页)

- [3] 荣 俊, 赵阿勇 四种市售鸡饲料中铜、锌、铬含量的测定与分析[J]. 中国家禽, 1998, (10): 5- 6
- [4] 王丽娟, 单安山 中国蛋鸡营养研究热点[J]. 饲料博览, 1997, (5): 9- 14
- [5] 田允波 饲料营养与蛋壳品质[J]. 国外畜牧学(饲料), 1999, (2): 18- 21
- [6] National Academy of Science of the United States 家禽营养需要[M]. 第 9 版 蔡辉益, 文 杰, 杨禄良, 译 北京: 中国农业出版社, 1994
- [7] 杨 胜 饲料分析及饲料检测技术[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1993
- [8] 倪可德, 阎素梅, 郝俊玺, 等 农畜矿物质营养[M]. 上海: 上海科学技术文献出版社, 1994

Effects of dietary contents of trace elements on the performance and nutrient apparent metabolic energy of laying hens

YAO Jun-hu^{1,3}, ZHANG Xin-yang¹, ZHANG Tao¹, ZHANG Nong-tian², ZHANG Jin-xuan³

(1 College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2 Shaanxi Pinyuan Co Ltd., Fuping, Shaanxi 711700, China;

3 Shaanxi Yangling First Feed Co Ltd., Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: 540 laying hens were equally divided into 3 groups. 3 levels of trace elements were added into the same basal diet. The experiment showed that the dietary contents of trace elements do not affect ratio of laying, feed efficiency, egg yield and the apparent metabolic rate of air-dry matter and energy ($P > 0.05$). The highest level of trace elements could increase the apparent metabolic rate of crude protein, total amino acids and essential amino acids 13.87%, 4.30% and 4.30%, respectively ($P < 0.05$). The suggested dietary contents (mg/kg) of main trace elements be as following, Fe 160.72, Cu 16.80, Zn 102.00, Mn 80.61, Se 0.13 and I 0.25.

Key words: laying hens; trace elements; metabolic rate; dietary content

(上接第 35 页)

Study on affinity relation among main Chinese ass breeds

GAO Xue, SHI Ming-yan, HOU Wen-tong, ZHANG Ying-han

(College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: Genetic variations of three donkey populations were estimated by using average heterozygosity and efficient alleles. The results showed that average heterozygosity and efficient alleles were higher in Liangzhou and Xinjiang donkey ($H_{\text{Xinjiang donkey}} = 0.614$, $\bar{E}_{\text{Xinjiang donkey}} = 2.96$, and $H_{\text{Liangzhou donkey}} = 0.601$, $\bar{E}_{\text{Liangzhou donkey}} = 2.85$). This showed that Xinjiang and Liangzhou donkey seldom had artificial selection and their genetic diversity were better. The minimum distance system cluster map of gene frequencies at 2 blood protein polymorphic loci in 8 donkey breeds showed that the 8 breeds were classified as two groups. According to the results of blood protein polymorphism, Xinjiang donkey firstly spreaded to Liangzhou, Gansu province (Today's Wuwei) and formed Liangzhou donkey. Then some of them spreaded to Ningxia, North of Shaanxi, Shanxi, Inner Mongolia, Liaoning and formed equivalent breeds. Some reached to Guanzhong plain across Gansu province and lastly formed Guanzhong donkey. These donkeys of Guanzhong district gradually distributed to middle and eastern district, formed larger donkey. Perhaps Yunnan donkey was largely affected by breed of south-eastern and southern Asia.

Key words: ass breed; affinity relation; genetic variation; cluster analysis