

陕西省境内 5 个山羊品种遗传背景的 RAPD 分析*

刘长国¹, 罗 军², 杨公社², 郑新民³

(1 江苏省家禽科学研究所, 江苏 扬州 225003; 2 西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西 杨陵 712100;

3 湖北省农业科学院 畜牧兽医研究所, 湖北 武汉 430064)

[摘 要] 从 20 个随机引物中筛选出 4 个具有多型性片段的引物, 分析了陕西省境内 5 个山羊品种(陕南白山羊、莎能奶山羊、关中奶山羊、安哥拉山羊、波尔山羊)的遗传变异及遗传关系, 共产生 16 个稳定的 RAPD 标记。结果表明, 陕南白山羊、关中奶山羊、波尔山羊的遗传变异较高, 遗传纯度低, 而莎能奶山羊与安哥拉山羊遗传纯度更高; 同时也表明山羊群体的遗传变异主要分布于品种之间, 品种内所占比例很少。2 种遗传距离算法(Nei 氏遗传距离指数, "clust" 软件包)所得结果均表明, 莎能羊品种较远; 根据这 2 种遗传距离所作的 3 种聚类图(NJ、UPGMA 聚类图及"clust"聚类图)均揭示了陕南白山羊、关中奶山羊、莎能奶山羊的亲缘关系更近, 聚为一支, 波尔山羊与安哥拉山羊聚为另一支。

[关键词] 山羊; RAPD; 遗传变异; 遗传关系

[中图分类号] S813.3; S826.2

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2003)03-0019-06

我国是进行野山羊驯养的国家之一, 不少品种属原始品种; 加上我国地域辽阔, 长期以来积累了丰富的基因资源。但由于管理方式落后, 尤其是时代经济的要求, 不断的引种冲击着我国地方品种, 导致一些珍贵遗传材料面临消失。因此, 在开发山羊品种资源的同时, 应该合理保护品种资源, 以维持山羊遗传多样性。许多学者也指出畜禽品种遗传多样性是人类社会发展的基础, 特别是畜牧业持续发展的基础^[1~3]。近年来, 一些学者利用各种生物技术研究了我国山羊的一些地方品种、培育品种及引进品种的遗传变异及亲缘关系^[4~6]。本研究利用 RAPD 生物技术对陕西省境内的莎能奶山羊、安哥拉山羊、关中奶山羊、陕南白山羊及新引进品种波尔山羊的遗传多样性进行了分析, 以期在分子水平上监测这几个品种的遗传变异程度及亲缘关系, 试图揭示其遗传结构与遗传背景, 为品种资源的保护及利用提供理

论依据, 为引入外血的育种方案提供参考资料。

1 材料与方法

试验材料 13 只安哥拉山羊血样采于西北农林科技大学动物科技学院动物房; 14 只西农萨能奶山羊血样按家系采于该校种羊场; 陕南白山羊、关中奶山羊、波尔山羊血样均采自丹凤县种羊场, 按系谱分别采集 11, 5, 17 个血样。每个家系以 1 只个体为代表。于颈静脉处采血 1 mL, 装在预先加有 2 mL 裂解液的 7 mL Ep 管中, 盖严, 快速振荡混匀, 常温下带回实验室, 置 4℃ 备用。

DNA 提取 参照卢圣栋的方法进行^[7]。

RAPD 引物设计与合成 参考有关资料^[8~10], 自行设计引物 20 个, 在大连宝生物工程公司 (TaKaRa) 合成。序列如下:

RB 01	g g a g g a g a g g	RA 02	a c t c c g c a g t
RB 03	g a g t g c g c a g	RA 04	c t a g c t g a c g
RB 05	a c g g a t c c t g	RA 06	a a t c g a t a c g
RB 07	t t a g t g c g g g	RA 08	a a g c g g c a g
RB 09	g g a c c c a a c c	RA 10	c a a a g c g c t c

RB 01	g g a g g a g a g g	RB 02	c t g g a c g t c a
RB 03	g a g t g c g c a g	RB 04	a g c a c t t c g g
RB 05	a c g g a t c c t g	RB 06	g g t c t a c a c c
RB 07	t t a g t g c g g g	RB 08	g g a a g c t c t c
RB 09	g g a c c c a a c c	RB 10	c c g a t a t c c c

PCR 反应体系 每个反应体积为 25 μ L, 其中含 2.5 μ L PCR 缓冲液, 1.5~2.5 mmol/L MgCl₂, 0.2 mmol/L dNTPs, 0.4 μ mol/L 引物, 1.5 单位 Taq 聚合酶, 约 6 ng 模板 DNA。反应程序为: 95

预变性 4 min; 94℃ 变性 45 s, 37℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 3 min, 2 个循环; 94℃ 变性 45 s, 36℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 2 min, 38 个循环; 72℃ 保温 8 min。反应产物在 2.0% 琼脂糖凝胶中电泳分离, EB 染

* [收稿日期] 2002-06-04

[基金项目] 教育部回国人员专项基金(1999 年)

[作者简介] 刘长国(1973-), 男, 江西南丰人, 助理研究员, 硕士, 主要从事家禽遗传资源研究。

色, 照相记录结果。

统计分析方法 只记录电泳后清晰的 RA PD 片段。根据 Southern 介绍的方法, 自己采用 QBasic 编程, 比较精确地估测各扩增片段的分子量。根据 Nei 和 Li 的公式^[11]计算任意两山羊品种间片段共享度(F)和遗传距离指数(D)。根据 Shannon 多样性指数公式^[12]计算遗传多样性。根据 Nei 氏遗传距离指数(D), 运用 PHYLIP version 3.5c 软件程序^[13], 分别按照 NJ (Neighbor Joining) 法和 UPGMA 法(非加权组平均法)对各品种进行聚类分析。将各品种的片段系数(1, 0)输入“clust-宏(M)”软件程序进行遗传距离计算和 UPGMA 法聚类分析。

2 试验结果

2.1 引物筛选

分别从莎能奶山羊、安哥拉山羊、波尔山羊中取

出 7 个个体的 DNA, 制成各自品种的混合 DNA, 作为筛选引物模板。20 个随机引物共有 18 个可扩增出 RA PD 带型, 其中只有 4 个随机引物(RA 01、RA 09、RB 02、RB 08)不同程度地产生多态性片段。其余引物筛选结果各位点均为单态。各引物产生的 RA PD 条带数在 2~ 11, 共记录到 111 个 RA PD 片段, 片段大小为 0.5~ 2.0 kb, 与 Williams 等^[14]、Welsh 等^[15]的研究结果一致。从引物筛选结果可粗略看出, 山羊的 DNA 序列比较保守。

2.2 筛选的引物 RA PD 扩增

用筛选出的引物 RA 01、RA 09、RB 02、RB 08 依次对陕南山羊、莎能奶山羊、安哥拉山羊、关中奶山羊、波尔山羊进行 RA PD 扩增。用 Southern 计算片段长度的方法计算各引物 RA PD 片段的大小, 并进行统计, 结果见表 1。

表 1 4 个随机引物对 5 个山羊品种 RA PD 的扩增结果

Table 1 The RA PD result of the five goat breeds using the 4 screened arbitrary primers

引物 Primer	片段/bp Fragment	陕南山羊 Shannan white goat	莎能奶山羊 Sannon dairy goat	安哥拉山羊 Angora goat	关中奶山羊 Guanzhong dairy goat	波尔山羊 Bore goat
RA 01	509	+	+	+	+	+
	619	* (0.4)	* (0.846)	* (0.583)	* (0.8)	* (0.818)
	740	+	+	+	+	+
	851	*	* (0.308)	-	* (0.6)	-
	968	+	+	+	+	+
	1 069	+	+	+	+	+
RB 02	1 201	+	+	+	+	+
	570	-	-	-	-	* (0.133)
	663	+	+	-	+	+
	708	+	+	+	* (0.8)	* (0.6)
	782	+	+	+	+	+
	885	* (0.2)	-	-	-	-
	955	+	+	* (0.818)	+	+
	1 066	+	+	+	+	+
	1 227	-	-	+	-	* (0.4)
	1 312	+	+	+	+	* (0.533)
	1 580	+	+	+	+	+
	2 014	* (0.9)	+	+	+	+
RB 08	568	+	* (0.3)	+	+	+
	689	+	* (0.7)	+	+	+
	837	+	+	+	+	+
	937	+	+	+	+	+
	1 051	+	+	+	* (0.8)	* (0.75)
	1 168	+	+	+	* (0.8)	+
	1 303	+	+	+	* (0.2)	+
	1 817	-	+	-	-	+
	739	+	+	+	+	+
	867	+	+	+	+	+
RA 09	985	* (0.3)	-	-	-	* (0.357)
	1 063	+	+	+	+	* (0.857)
	1 306	+	+	+	+	+
	1 493	+	+	+	+	+
	1 620	+	+	+	+	+

注: 表中“+”表示该片段存在对应品种;“-”表示无;“*”表示该片段在对应品种中呈多态, 括弧中数值为频率。

Note: “+” means the goat breed can amplify the fragment, and “-” means the goat breed can't amplify the fragment. “*” means the fragment is polymorphic, and the value in the bracket means the polymorphic frequency.

2.3 各品种间遗传距离

分别利用 2 种方法计算出的各品种间的片段共

享度和遗传距离指数见表 2。由“clust”软件程序计算而来的品种间遗传距离见表 3。

表 2 品种间片段共享度和遗传距离指数

Table 2 The genetic distance indexes and comparability indexes between goat breeds

品种 Breed	陕南白山羊 Shaannan white goat	莎能奶山羊 Sannon dairy goat	安哥拉山羊 Angora goat	关中奶山羊 Guanzhong dairy goat	波尔山羊 Boer goat
陕南白山羊 Shaannan white goat	* * *	0.050	0.083	0.034	0.095
莎能奶山羊 Sannon dairy goat	0.095	* * *	0.067	0.027	0.066
安哥拉山羊 Angora goat	0.917	0.933	* * *	0.051	0.064
关中奶山羊 Guanzhong dairy goat	0.966	0.983	0.950	* * *	0.083
波尔山羊 Boer goat	0.905	0.934	0.936	0.917	* * *

注: 左下角为品种间片段共享度, 右上角为品种间遗传距离指数。

Note: The genetic distance indexes between goat breeds are at the top right corner; and the genetic comparability indexes are at the other corner

表 3 品种间遗传距离

Table 3 The genetic distance between goat breeds

品种 Breed	陕南白山羊 Shaannan white goat	莎能奶山羊 Sannon dairy goat	安哥拉山羊 Angora goat	关中奶山羊 Guanzhong dairy goat	波尔山羊 Boer goat
陕南白山羊 Shaan'nan white goat	* * *	0.052	0.092	0.035	0.086
莎能奶山羊 Sannon dairy goat	0.052	* * *	0.074	0.018	0.069
安哥拉山羊 Angora goat	0.092	0.074	* * *	0.056	0.072
关中奶山羊 Guanzhong dairy goat	0.035	0.018	0.056	* * *	0.089
波尔山羊 Boer goat	0.086	0.069	0.072	0.089	* * *

由表 2 和表 3 可以看出, 用 2 种方法计算出的遗传距离有所差异, 但却有很强的相似性。从总体上看, 5 个山羊品种间遗传变异不大, 这与杨澜^[5]的研究结果一致。表 2 显示, 各山羊品种间的遗传距离指数为 0.027~ 0.095, 其中关中奶山羊与莎能奶山羊的遗传距离最小, 为 0.027; 表 3 中各品种间遗传距离为 0.018~ 0.091, 其中莎能奶山羊与关中奶山羊

遗传距离最小, 为 0.018。两表均显示波尔山羊、安哥拉山羊与其他山羊品种遗传距离较大。

2.4 各品种内的遗传多样性指数

各品种内的遗传多样性指数(H_o)、5 个品种总的遗传多样性指数(H_{sp})和各品种平均遗传多样性指数(H_{pq})如表 4 所示。

表 4 遗传多样性指数在品种内和品种间的分布

Table 4 The distribution of the genetic diversity

引物 Primer	H_o					H_{sp}	H_{pq}	H_{pq}/H_{sp}	$(H_{sp} - H_{pq})/H_{sp}$
	a	b	c	d	e				
RA 01	0.616	0.504	0.314	0.485	0.164	0.613	0.417	0.680	0.320
RB 02	0.417	0	0.164	0.179	1.277	1.858	0.407	0.219	0.781
RB 08	0	0.250	0	0.679	0.216	1.417	0.229	0.162	0.839
RA 09	0.361	0	0	0	0.450	0.626	0.172	0.275	0.725
平均 Average	0.349	0.188	0.120	0.336	0.539	1.129	0.306	0.334	0.666

注: a, b, c, d, e 分别代表陕南白山羊, 莎能奶山羊, 安哥拉山羊, 关中奶山羊和波尔山羊。

Note: a, b, c, d, e means Shaannan white goat, Sannon dairy goat, Angora goat, Guanzhong dairy goat and Boer goat respectively.

从表 4 可以看出, 这 5 个品种总的遗传多样性指数(H_{sp})平均为 1.129, 说明在这几个品种间有丰富的遗传多样性。各品种平均遗传多样性指数(H_{pq})的均值为 0.306; 而遗传多样性在品种内所占比例(H_{pq}/H_{sp})的均值为 0.334, 遗传多样性在品种间所占比例($(H_{sp} - H_{pq})/H_{sp}$)的均值为

0.666, 这说明山羊群体中, 遗传变异主要存在于品种间。表 4 另外还显示, 来自西北农林科技大学种羊场的莎能奶山羊和该校动物科技学院的安哥拉山羊, 其遗传多样性指数分别为 0.188 和 0.120, 较其他 3 个品种低, 表明这 2 个品种在自群选育过程中种群内遗传变异程度低, 种质均匀性较好, 遗传纯度

高,而其余 3 个品种的山羊遗传多样性指数偏高,其中波尔山羊最高,为 0.539,说明 3 个来自丹凤县种羊场的品种种群内遗传变异程度较高,遗传纯度相对较低。据该种羊场负责人介绍,这 3 个品种中每个品种都来自几个不同群体。由此可见,本研究所显示的遗传多样性指数与事实相符合。但本研究还认为,一些地方种羊场由于市场需求而对种羊的血源管理较放松以致品种间可能有血液交流,因此,各种羊场应当加强管理,以保证品种纯度;或者由此可推测改良的波尔山羊遗传背景比较复杂。

2.5 5 个山羊品种的聚类

根据各种遗传距离(指数)对 5 个山羊品种的聚类结果如图 1,图 2,图 3 所示。

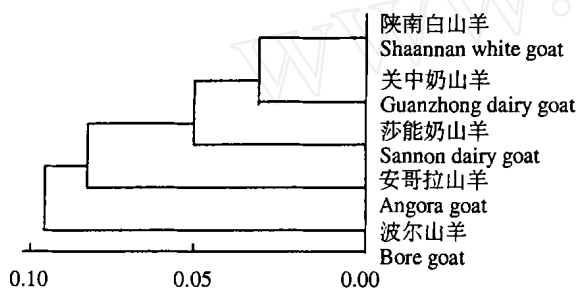


图 1 根据 Nei 氏遗传距离指数的 UPGMA 聚类结果

Fig 1 The UPGMA cluster tree based on the Nei's genetic distance coefficients

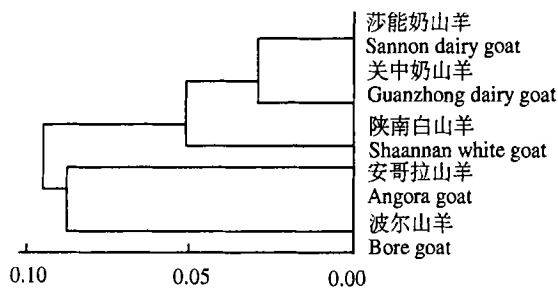


图 2 根据 Nei 氏遗传距离指数的 NJ 聚类结果

Fig 2 The NJ cluster tree based on the Nei's genetic distance coefficients

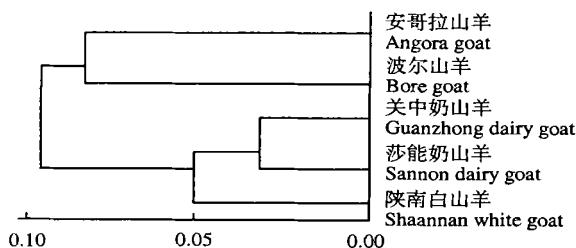


图 3 根据“Clust”遗传距离的 UPGMA 聚类结果

Fig 3 The UPGMA cluster tree based on the “Clust” genetic distance

聚类树状图可直观地了解各品种间的遗传背景

(如培育历史及地理关系)。图 1 是根据 Nei 氏^[11]遗传距离指数用 PHYLIP 软件所做的 UPGMA 聚类图。该聚类图首先将陕南白山羊与关中奶山羊聚为一类,然后依次与莎能奶山羊、安哥拉山羊、波尔山羊相聚。另一方面,根据聚类距离,该聚类图将 5 个品种粗略地归为 2 支:陕南白山羊、关中奶山羊、莎能奶山羊为一支;安哥拉山羊、波尔山羊为一支。

图 2 和图 3 分别为根据 Nei 氏遗传距离指数所做的 NJ 聚类分析图和由“clust”软件自行分析遗传距离,而后所做的聚类分析图。这两个聚类分析图结果一致,均将 5 个山羊品种分为 2 支。莎能奶山羊与关中奶山羊首先相聚,然后与陕南白山羊聚为一支;安哥拉山羊与波尔山羊聚为一支,然后两支相聚。由此可以看出,这两种聚类图均准确地显示了 5 个山羊品种的遗传关系。

3 讨论

3.1 关于遗传多样性研究的影响因素

Barker^[16]指出,决策保种计划时,遗传距离的信息应作为群体遗传结构和品种分化的最基本指标。因此,要保护一个物种的遗传多样性,首先得研究各品种的遗传距离。张继全等^[17]指出,样本大小和位点多少是影响遗传距离估算的 2 个因素。

样本大小实际是等位基因包含在样品中概率的函数。Hedrick^[18]认为,在很多等位基因频率较低时,随机取 50~100 个样本,在大多数情况下可以满足要求。陈幼春等^[19]认为,在随机抽样时,品种内样本含量在 60 以上时,可信度可达 95%。Barker^[16]认为,抽样设计应尽可能减少样品数,但应对该畜种地理范围内的遗传多样性进行充分抽样。就某一物种而言,至少应有 25% 的品种被抽作样本,品种内个体尽可能 3 代无血统关系,公母各半,最好各 25 个,并且具备品种外貌特征。但杨宁等^[20]认为,10~15 个个体已基本可以反映群体的遗传信息。在本研究实施时,虽尽可能扩大样品数量,但一方面由于时间因素,另一方面由于样品来源问题,限制了样品规模。实际上每个品种基本上包含 10 个以上的家系。

大量理论研究、计算机模拟和实例分析均表明,位点(标记)数目对于所研究物种的遗传距离及系统发生树的精确性与可靠性极其重要。Nei^[21]通过对遗传杂合度和遗传距离抽样方差分析表明,位点数目相对样本含量更重要。当有大量位点(标记)信息,遗传杂合度比较低以及品种间遗传距离较大时,可以弥补小样本的不足。张继全等^[17]模拟结果认为,

随着所有位点和等位基因数的增多, 遗传距离的测定精度增高; 而使用一、两个位点进行品种的聚类和亲缘关系的研究是不可靠的。Barker^[22]在研究东南亚水牛群体时, 分别使用14个位点和其中7个位点进行聚类, 得到不同的结果, 前者与地理分布及其他资料能较好地吻合, 而后者则有所出入。RAPD谱带中, 每一多态性带代表一位点。因此, 从扩增结果可以看出, 本研究具有16个位点。

3.2 山羊品种内的遗传变异情况

群体内遗传变异是指群体中任两个核苷酸序列间, 每个核苷酸位点差异的平均数目。本研究用Shannon信息多样性指数进行衡量, 结果表明山羊群体中, 遗传变异主要存在于品种间, 这与李祥龙^[6, 23]用山羊mtDNA, 核DNA为材料所获得的结论一致, 但与孙金梅等^[24]根据山羊血液蛋白位点得出的结论相反。本研究认为, 有几种可能因素造成这种差异: 一方面是分析方法的不同; 另一方面可能是样本含量及标记数所致; 再一方面可能与研究中所选用各品种间本来的血缘关系远近有关, 当血缘关系更远时, 彼此在遗传结构上差距较大, 从而品种间分化程度更高。总之, 本研究显示山羊遗传多样性较丰富。

3.3 5个山羊品种间的遗传关系

《中国羊品种志》^[25]记载, 陕南山羊是我国地方品种, 系肉用性能较好的品种, 产于陕西南部地区, 分布于汉江两岸的安康、洛南、山阳等县。关中奶

山羊是我国培育的奶用山羊品种。于20世纪30年代起, 主要用莎能奶山羊同当地山羊杂交, 经过长期发展和群众选育形成, 主要产于渭南、咸阳、宝鸡、西安地区。莎能奶山羊原产瑞士, 是我国引进的奶用山羊品种, 分布较广。安哥拉山羊原产土耳其, 是我国陕西省最先于1985年从澳大利亚引进的马海毛用品种, 之后陕西省还从新西兰引进过该品种, 主要分布于米脂、南泥湾和榆林^[26]。波尔山羊是世界著名的肉用山羊品种, 原产于南非, 现已分布于澳大利亚、新西兰、德国、美国 and 非洲的一些国家。1995~1997年, 我国从南非引进改良波尔山羊千余只, 分布于陕西等省, 此外我国还从德国、澳大利亚和新西兰引入了一部分^[27]。

不同的遗传距离方法和不同的聚类原理得到的结果不尽相符, 但它们之间又存在一定的相关性^[28, 29]。在本研究中, 根据Nei氏遗传距离指数所做的NJ聚类图与“clust UPGMA”聚类图一致, 比Nei-UPGMA聚类图更准确地反映了各品种的亲缘关系。这与杨澜^[5]、樊斌^[30]所得结论一致。但这3个聚类图又存在一定相关性, 即均将陕南山羊、关中奶山羊、莎能奶山羊归为一支, 说明这3个品种在长期选育、改良过程中曾有过血液交流。另外, 图2和图3将波尔山羊和安哥拉山羊同时聚为一支, 说明本研究中的2个引进品种与陕西省其他3个山羊品种具有较远的亲缘关系, 与实际情况相符合。

[参考文献]

- [1] 盛志廉. 论保护家畜多样性[A]. 李 宁. 中国动物遗传育种研究[C]. 北京: 中国农业科技出版社, 1995: 1-6
- [2] 郭中伟, 李典谟. 生物多样性的经济价值[J]. 生物多样性, 1998, 6(3): 180-185
- [3] Notter D R. The importance of genetic diversity in livestock population of the future[J]. Journal of Animal Science, 1999, 77: 61-69
- [4] Chung E R, Kim W T. Breed identification of Korean native goats using DNA markers[J]. Korean Journal of Animal Science, 1999, 41(3): 257-270
- [5] 杨 澜. 利用微卫星标记分析五个中国地方山羊品种的遗传多样性[D]. 武汉: 华中农业大学, 1999
- [6] 李祥龙, 田庆义, 马国强, 等. 波尔山羊杂交后代及其亲本随机扩增多态DNA研究[J]. 遗传, 2000, 22(2): 75-77
- [7] 卢圣栋. 现代分子生物学实验技术[M]. 北京: 高等教育出版社, 1993
- [8] Pemberton J M, Colman D W, Wolf L L, et al. Microsatellite as a marker of fitness in free-living population[J]. Animal Genetics, 1998, 29(suppl): 11-18
- [9] 代江生, 刘云芳, 高健峰, 等. 五个绵羊品种的RAPD初步分析[J]. 草食家畜, 1998, (1): 11-13
- [10] 刘守仁, 高健峰. 中国美利奴羊不同品系随机扩增多态性DNA(RAPD)分析[J]. 草食家畜, 1998, (4): 1-3
- [11] Nei M, Li W H. Mathematical models for studying genetic distance in terms of restriction endonuclease[J]. Proceeding of the National Academy of Science, 1979, 76: 5269-5273
- [12] Wachira, Waugh F N, Portier P, et al. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD marker[J]. Genome, 1995, 38: 201-209
- [13] Felsenstein J. PHYLIP (phylogeny inference package), Version 3.5c[CP/DK]
- [14] Williams J G K, Kubelick A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J].

- Nucleic Acids Research, 1990, 18: 6531- 6535
- [15] Welsh J, McClelland M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers[J]. Nucleic Acids Research, 1990, 18: 7213- 7218
- [16] Barker J S F. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds[A]. Proceedings 5th World Congress Genetic Applied Livestock Production[C]. Guelph, Ontario, 1994
- [17] 张继全, 邵春荣, 陈幼春, 等. Nei 氏标准遗传距离的估测精定[J]. 畜牧兽医学报, 1998, 29(1): 27- 32
- [18] Hedrick P W. Population Biology[M]. Boston: Jones and Bartlett Publishers, 1984
- [19] 陈幼春, 王雅春. 中国黄牛生态种特征及其利用方向[M]. 北京: 农业出版社, 1990
- [20] 杨宁, 吴常信. 用 DNA 指纹估计遗传变异的抽样统计研究[A]. 中国遗传育种研究——第八次全国遗传育种学术讨论会论文集[C]. 北京: 中国农业出版社, 1995 291- 294
- [21] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89: 483- 490
- [22] Barker J S F. Animal breeding and conservation genetics[A]. Loescheke V. Conservation Genetics[C]. Switzerland: Switzerland University Press, 1994 381- 395
- [23] 李祥龙. mtDNA 及其在畜禽遗传多样性研究中的用途[D]. 四川雅安: 四川农业大学, 1996
- [24] 孙金梅, 常洪, 秦国庆, 等. 山羊群体血液蛋白位点遗传分化研究[J]. 西北农业大学学报, 1998, 26(1): 21- 25
- [25] 《中国羊品种志》编写组. 中国羊品种志[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1989 55- 58
- [26] 汪少波. 我国安哥拉山羊区域化的初步研究[J]. 家畜生态, 1999, 20(2): 21- 24
- [27] 范必勤. 南非波尔山羊的经济性状与管理[J]. 江苏农业科学, 1999, (1): 59- 61
- [28] Takezaki N, Nei M. Construction distance and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA [J]. Genetics, 1996, 144: 389- 399
- [29] 吕雪梅, 杨关福, 张细权. RAPD 分析中遗传距离计算方法的比较[J]. 华南农业大学学报, 1997, 18(增刊): 90- 97
- [30] 樊斌. 微卫星标记评估中国猪遗传多样性与标记[D]. 武汉: 华中农业大学, 1999

Study on the genetic background of five goat breeds in Shaanxi Province using RAPD

L IU Zhang-guo¹, L UO Jun², YANG Gong-she², ZHENG Xin-m in³

(1 Jiangsu Institute of Poultry Science, Yangzhou, Jiangsu 225003, China; 2 College of Animal Sciences and Technology,

Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China;

3 Institute of Animal Husbandry, Hubei Academy of Agriculture Science, Wuhan, Hubei 430064, China)

Abstract: The study investigated the genetic variability and genetic relationships of five goat breeds in Shaanxi province (Shaanan white goat, Sannon dairy goat, Guanzhong dairy goat, Angora goat, Boer goat) using 4 arbitrary primers. The 4 primers were screened from 20 ones and founded 16 RAPD markers in the study. Results showed that the genetic variability of Shaanann white goat, Guanzhong dairy goat, Boer goat was higher, and their genetic purity was lower; but the genetic purity of Sannon dairy goat and Angora goat was higher. On the other hand, the study showed the genetic variability of goat mainly distributed among breeds, but not in breed. The results of two genetic distance method (Nei's method and "clust" Microsoft program) all showed: the genetic distance between Sannon dairy goat and Guanzhong dairy goat was the closest, but the distances between Angora goat and other breeds or Boer goat and other breeds were higher. Based on the mean genetic distance coefficients from Nei's method and "clust" software, the cluster trees were constructed by UPGMA and NJ methods using PHYLIP Microsoft program and by UPGMA method using "clust" software. And the cluster trees all showed that Shaannan white goat, Guanzhong dairy goat and Sannon dairy goat were grouped together, but Boer goat and Angora goat were grouped together.

Key words: goat; RAPD; genetic variability; genetic relationship