

湖羊起源及系统地位的研究^{*}

耿荣庆¹, 常 洪¹, 杨章平¹, 孙 伟¹, 王兰萍¹, 鲁生霞¹, 角田健司²

(1 扬州大学 畜牧兽医学院, 江苏 扬州 225009; 2 昭和大学 医学部, 日本东京都 品川区 旗の台 1-5-8 142-8555)

[摘 要] 应用中心产区典型群简单随机抽样法, 检测控制血液酶和其他蛋白质变异的 14 个结构基因座上 31 个等位基因的频率, 并引用国内外 22 个绵羊群体 11 个座位的研究资料, 以探讨湖羊的起源及系统地位。研究表明, 湖羊与蒙古利亚的绵羊群体亲缘关系相对较近, 两者可能在更早的世代具有共同的起源。这个结果与已知的历史事实吻合。

[关键词] 湖羊; 起源; 系统地位; 亲缘关系

[中图分类号] S826.2 [文献标识码] A

[文章编号] 1000-2782(2002)03-0021-04

湖羊是我国东南近海湿热农区特有的绵羊品种, 也是亚洲绵羊分布的东极, 目前约 100 万只, 主要分布于浙江省、江苏省和上海市的部分地区。长期以来, 我国学术界对于湖羊的起源存在着不同的观点, 有人认为来自元代蒙古羊, 有人认为来自南宋蒙古羊或山东寒羊, 也有人认为来自五代十国的北方羊等。本研究以控制血液酶和其他蛋白质变异的结构基因座上的等位基因频率分布为检测内容, 为探讨湖羊的起源及系统地位增添新的遗传学依据。

1 材料与方法

1.1 抽样方法

在湖羊的中心产区(浙江省湖州市)采用典型群简单随机抽样方法, 抽取 63 只羊, 血样的采集和处理参照文献[1, 2]进行。

1.2 多座位电泳

以淀粉凝胶多座位电泳法检测编码血红蛋白 β 链(Hb- β)、血清白蛋白(A1)、后白蛋白(Po)、运铁蛋白(Tf)、碱性磷酸酶(Ap)、亮氨酸氨肽酶(Lap)、酯酶(Ary-Es)以及血细胞 X-蛋白(X-P)、碳酸酐酶(CA)、苹果酸脱氢酶(MDH)、过氧化氢酶(Cat)、葡萄糖磷酸异构酶(GPI)、赖氨酸(Ly)、红细胞钾型(Ke)的 14 个结构基因座上的变异, 按周边各国通用的标准判型。

1.3 统计分析

1.3.1 基因频率及其方差的估计 群体基因频率及其方差的估计参照文献[3]进行, 分别按以下两式

计算估计值不偏离实际值 0.5 倍的可靠性以及可靠性达到 0.954 5 时的相对偏差:

$$\eta = 2[V(P)^{\frac{1}{2}}] \cdot P^{-1}, \quad (1)$$

$$\beta = \int \frac{\lambda 2e^{-\frac{\lambda^2}{2}}}{\sqrt{2\pi}} d\lambda \quad (2)$$

式中, $P, V(P)$ 分别代表基因频率及其方差; λ 为估计值的标准偏差, 适应于(2)式标准偏差为

$$\lambda = 0.5/[V(P)^{\frac{1}{2}}]$$

1.3.2 亲缘关系聚类 引用国内外 22 个群体 11 个结构基因座(A1, Tf, Ap, Ary-Es, Lap, Hb- β , X-P, CA, Cat, GPI 和 Ly)的频率分布资料^[4~8], 作为分析亲缘关系的基础。根据各群体各基因座位的频率, 以下式构造描述群体间相似性的模糊相容关系矩阵, 并以之合成模糊等价关系, 进行群体聚类:

$$\mu_R(x, y) = \frac{1}{2} \ln(J_{x,y} / \sqrt{J_x \cdot J_y}) + 1,$$

其中, $J_x, J_y, J_{x,y}$ 分别为从群体 x 和 y 以及同时从两者随机获得相同等位基因的概率之座位间平均值; $\mu_R(x, y)$ 代表群体 x 和 y 之间隶属于模糊相容 R 之隶属函数。

2 结果与分析

2.1 结构基因座上的频率分布

所检测的 14 个座位中, 13 个座位存在多型, 未发现新的变异体。群体基因频率的样本估计值及其不偏离实际值 0.5 倍的可靠性, 以及可靠性达 0.954 5 时的精确度(相对偏差)见表 1。从表 1 可见,

* [收稿日期] 2001-12-03

[基金项目] 国家自然科学基金国际合作项目资助(30213009)

[作者简介] 耿荣庆(1976-), 男, 江苏盐城人, 硕士, 主要从事动物遗传资源的评价、保护和利用研究。

在湖羊群体中除 Po^F , Tf^A , Tf^F , $Hb-\beta^F$, CA^F , Ke^L 基因频率估计值可靠性分别为 0.522 2, 0.741 6, 0.522 2, 0.615 6, 0.899 0, 0.905 0 外, 其余 25 个等位基因频率估计值不偏离实际值的可靠性均在

95% 以上。因此, 从总体上来说, 群体基因频率的抽样估计精确可靠, 这些资料可以用于分析亲缘关系^[9]。

表 1 湖羊结构基因座基因频率的抽样估计

Table 1 Estimation of gene frequencies in structural loci of Hu Sheep population					
座 位 Loci	等位基因 A llele	基因频率 Gene frequency	方 差 Variance	精确度 Accuracy	可靠性 Reliability
A l Po	C	1.000 0	0	0	1.000 0
	F	0.016 7	$1.391\ 6\times10^{-4}$	1.412 8	0.522 2
	S	0.983 3	$1.391\ 6\times10^{-4}$	0.024 0	1.000 0
T f	A	0.041 6	$3.378\ 8\times10^{-4}$	0.883 7	0.741 6
	B	0.150 0	$1.080\ 5\times10^{-3}$	0.438 3	0.977 4
	C	0.300 0	$1.779\ 7\times10^{-3}$	0.281 2	0.999 7
	D	0.341 7	$1.906\ 3\times10^{-3}$	0.255 6	0.999 9
	E	0.150 0	$1.080\ 5\times10^{-3}$	0.438 3	0.977 4
	F	0.016 7	$1.391\ 6\times10^{-4}$	1.412 8	0.522 2
	B ⁺	0.394 5	$2.024\ 3\times10^{-3}$	0.228 1	1.000 0
A lp	B ⁻	0.605 5	$2.024\ 3\times10^{-3}$	0.148 6	1.000 0
A ry-Es	Es ⁺	0.329 2	$1.871\ 4\times10^{-3}$	0.262 8	0.999 9
	Es ⁻	0.670 8	$1.871\ 4\times10^{-3}$	0.129 0	1.000 0
L ap	A	0.437 3	$2.085\ 3\times10^{-3}$	0.208 9	1.000 0
	B	0.562 7	$2.085\ 3\times10^{-3}$	0.162 3	1.000 0
Hb-β	A	0.023 8	$1.873\ 7\times10^{-4}$	1.150 3	0.615 6
	B	0.976 2	$1.873\ 7\times10^{-4}$	0.028 0	1.000 0
X-P	X	0.254 6	$1.530\ 5\times10^{-3}$	0.307 3	0.999 0
	x	0.745 4	$1.530\ 5\times10^{-3}$	0.105 0	1.000 0
CA	F	0.079 4	$5.894\ 8\times10^{-4}$	0.611 6	0.899 0
	S	0.920 6	$5.894\ 8\times10^{-4}$	0.052 7	1.000 0
MDH	F	0.500 0	$2.016\ 1\times10^{-3}$	0.179 6	1.000 0
	S	0.500 0	$2.016\ 1\times10^{-3}$	0.179 6	1.000 0
Cat	B	0.444 4	$1.991\ 2\times10^{-3}$	0.200 8	1.000 0
	C	0.555 6	$1.991\ 2\times10^{-3}$	0.160 6	1.000 0
CPI	1	0.785 7	$1.357\ 9\times10^{-3}$	0.093 8	1.000 0
	2	0.214 3	$1.357\ 9\times10^{-3}$	0.343 9	0.996 4
Ly	A	0.718 3	$1.631\ 8\times10^{-3}$	0.112 5	1.000 0
	a	0.281 7	$1.631\ 8\times10^{-3}$	0.286 8	0.999 4
Ke	L	0.082 8	$6.124\ 5\times10^{-4}$	0.597 8	0.905 0
	h	0.917 2	$6.124\ 5\times10^{-4}$	0.054 0	1.000 0

2 2 亲缘关系聚类

为了确定湖羊的起源及系统地位, 引用国内外其他 22 个群体 11 个结构基因座位上的等位基因频率资料, 合成的模糊相容关系矩阵 R 和模糊等价关系矩阵 R_{23} 分别见表 2 的右上角和左下角。以表 2 模糊等价关系矩阵为根据的亲缘关系如图 1 所示。

在 $\lambda=0.978\ 3$ 水平上, 湖羊与蒙古利亚的 Kha-KH 和 Kha-UB、云南的 Yun-LN 群体聚为一类, 说明它们的亲缘关系较近。考力代羊未与欧洲群体聚为一类, 而是在 $\lambda=0.983\ 7$ 水平上与亚洲的 7 个群体聚为一类; 芬兰兰德瑞斯羊在 $\lambda=0.973\ 5$ 水平上游离于亚洲和欧洲的部分群体。

3 讨论与结论

3 1 模糊聚类分析的特点

模糊聚类分析可以定量地探讨物种以内品种或群体间亲缘关系的相对密切程度, 是当前广泛应用

于分析畜禽品种起源系统的基本研究方法之一。它代表了一种新的思想, 弥补了经典聚类法所忽视的品种差异的连续性, 表现出了相对性, 以置信水平值表征品种在多大程度上相对隶属于某类, 分类随置信水平值而形成了一个动态聚类, 可以更客观地反映畜禽品种的动态血统归属。

3 2 关于湖羊的历史形成

一般认为, 湖羊是由蒙古羊演化而来的。本研究也证明湖羊与蒙古利亚的绵羊群体亲缘关系较近, 表明它们可能在更早的世代具有共同的起源。这个结果与已知的历史事实吻合。据史料记载, 蒙古羊最早都生活在蒙古草原, 随着历史的变迁, 有大批蒙古羊南迁太湖地区, 《十国春秋》中南唐列传、吴越王·忠懿王世家、南唐·节宗本纪等章节中均有明确记载^[10]。在太湖地区自然、经济、社会条件等诸多因素的影响下, 其经历缓慢、长期发展的历史过程, 逐渐形成了独具特色的绵羊品种——湖羊。

表 2 模糊相容关系矩阵 R (右上) 和模糊等价关系矩阵 R_{13} (左下)
Table 2 Fuzzy resemblance relation R (upper right) and fuzzy similarity relation R_{13} (lower left)

HY	Kha-KH	Kha-UB	Vie-NS	Yun-LF	Yun-LN	Bar-SO	Bar-KO	Bar-KG	Kag-KT	Kag-CH	Bar-JK	Bar-MY	Bar-NO	Bhy-KO	Bhy-KG	Lam-NS	Lam-L	Suf	Che	Cor	Bor	Fin
1	0.9783	0.9605	0.9342	0.9302	0.9600	0.9366	0.9362	0.9065	0.9234	0.9493	0.9673	0.9317	0.9137	0.9142	0.9257	0.9315	0.9280	0.9674	0.9558	0.9317	0.9575	0.9260
1	0.9783	1	0.9596	0.9509	0.9786	0.9397	0.9512	0.9370	0.9334	0.9562	0.9624	0.9217	0.9041	0.9605	0.9659	0.9455	0.9242	0.9618	0.9572	0.9432	0.9669	0.9516
0.9783	0.9923	1	0.9491	0.9506	0.9614	0.9224	0.9244	0.9069	0.9028	0.9273	0.9508	0.9137	0.8961	0.9429	0.9416	0.9231	0.9156	0.9351	0.9309	0.9135	0.9413	0.9198
0.9764	0.9764	0.9764	1	0.9349	0.9617	0.9177	0.9474	0.9516	0.9522	0.9659	0.9756	0.9255	0.8874	0.9745	0.9545	0.9848	0.9557	0.9659	0.9680	0.9565	0.9713	0.9507
0.9509	0.9509	0.9509	0.9509	1	0.9442	0.9441	0.9492	0.9451	0.9481	0.9498	0.9475	0.9417	0.9028	0.9299	0.9020	0.9358	0.9291	0.9255	0.9327	0.9180	0.9156	0.9029
0.9783	0.9786	0.9786	0.9764	0.9509	1	0.9421	0.9761	0.9508	0.9443	0.9737	0.9678	0.9088	0.9098	0.9518	0.9597	0.9590	0.9468	0.9747	0.9596	0.9490	0.9764	0.9261
0.9764	0.9764	0.9764	0.9766	0.9509	0.9764	1	0.9766	0.9649	0.9659	0.9730	0.9760	0.9723	0.9690	0.8965	0.8927	0.9503	0.9004	0.9275	0.9134	0.9392	0.9328	0.9166
0.9764	0.9764	0.9764	0.9843	0.9509	0.9764	0.9766	0.9857	1	0.9587	0.9917	0.9718	0.9375	0.9359	0.9426	0.9406	0.9673	0.9402	0.9578	0.9410	0.9509	0.9640	0.9835
0.9764	0.9764	0.9764	0.9843	0.9509	0.9764	0.9766	0.9858	0.9857	1	0.9858	0.9624	0.9376	0.9392	0.9390	0.9459	0.9759	0.9023	0.9352	0.9391	0.9690	0.9471	0.9581
0.9764	0.9764	0.9764	0.9843	0.9509	0.9764	0.9766	0.9917	0.9857	0.9858	1	0.9673	0.9659	0.9210	0.9440	0.9204	0.9798	0.9434	0.9444	0.9321	0.9661	0.9480	0.9545
0.9764	0.9764	0.9764	0.9848	0.9509	0.9764	0.9766	0.9843	0.9843	0.9843	0.9843	1	0.9823	0.9477	0.9310	0.9469	0.9399	0.9843	0.9411	0.9756	0.9630	0.9742	0.9796
0.9723	0.9723	0.9723	0.9723	0.9509	0.9723	0.9723	0.9723	0.9723	0.9723	0.9723	0.9723	1	0.9640	0.8834	0.8898	0.9496	0.9337	0.9089	0.9499	0.9667	0.9664	0.9363
0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	0.9509	0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	0.9690	1	0.8399	0.8405	0.9196	0.8945	0.8965	0.8885	0.9298	0.9050	0.9642
0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9509	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9723	0.9690	1	0.8881	0.9560	0.9166	0.9331	0.9416	0.9439	0.9505	0.9678
0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9509	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9745	0.9723	0.9690	0.9690	1	0.9403	0.8878	0.9350	0.9403	0.9306	0.9493	0.9628
0.9764	0.9764	0.9764	0.9848	0.9509	0.9764	0.9766	0.9843	0.9843	0.9843	0.9843	0.9861	0.9723	0.9690	0.9745	0.9745	1	0.9486	0.9684	0.9594	0.9837	0.9682	0.9589
0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9509	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	0.9557	1	0.9406	0.9047	0.9082	0.9278	0.8745
0.9764	0.9764	0.9764	0.9796	0.9509	0.9764	0.9766	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9723	0.9690	0.9745	0.9745	0.9796	0.9557	1	0.9826	0.9707	0.9865	0.9417
0.9764	0.9764	0.9764	0.9796	0.9509	0.9764	0.9766	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9723	0.9690	0.9745	0.9745	0.9796	0.9557	0.9826	1	0.9784	0.9798	0.9574
0.9764	0.9764	0.9764	0.9837	0.9509	0.9764	0.9766	0.9837	0.9837	0.9837	0.9837	0.9837	0.9723	0.9690	0.9745	0.9745	0.9837	0.9657	0.9796	0.9796	1	0.9780	0.9735
0.9764	0.9764	0.9764	0.9796	0.9509	0.9764	0.9766	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9796	0.9723	0.9690	0.9745	0.9745	0.9796	0.9557	0.9865	0.9826	0.9796	1	0.9556
0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	0.9509	0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	0.9723	0.9690	0.9735	0.9735	0.9735	0.9557	0.9735	0.9735	0.9735	0.9735	1

注(Notes): 1. HY (湖羊); 2. Khalkhas Kharthorin (蒙古国的绵羊类群); 3. Khalkhas Ulaanbaatar (蒙古国的绵羊类群); 4. Vietnamese Ninh Son (越南的绵羊类群); 5. Yunnan Lufeng (云南禄丰绵羊); 6. Yunnan Lunan (云南路南绵羊); 7. Baruwai Solu (尼泊尔绵羊类群); 8. Baruwai Kodari (尼泊尔绵羊类群); 9. Baruwai Kali Gandaki (尼泊尔绵羊类群); 10. Kagi Kathmandu (尼泊尔绵羊类群); 11. Kagi Chitlang (尼泊尔绵羊类群); 12. Bangladesh Jessore Khulna (孟加拉国的绵羊类群); 13. Bangladesh Mymensingh (孟加拉国的绵羊类群); 14. Bangladesh Noakhali (孟加拉国的绵羊类群); 15. Bhyanglung Kodari (尼泊尔绵羊类群); 16. Bhyanglung Kali Gandaki (尼泊尔绵羊类群); 17. Lampuchhre Narayangath Sonmath Parasi (尼泊尔绵羊类群); 18. Large Lampuchhre (孟加拉国的绵羊类群); 19. Suffolk Sheep (萨福克羊, 英格兰); 20. Cheviot Sheep (雪维特羊, 英格兰和苏格兰边区); 21. Corriedale Sheep (考力代羊, 新西兰); 22. Border Leicester Sheep (边区莱斯特羊, 英格兰和苏格兰边区); 23. Finnish Landrace Sheep (芬兰兰德瑞斯羊)。

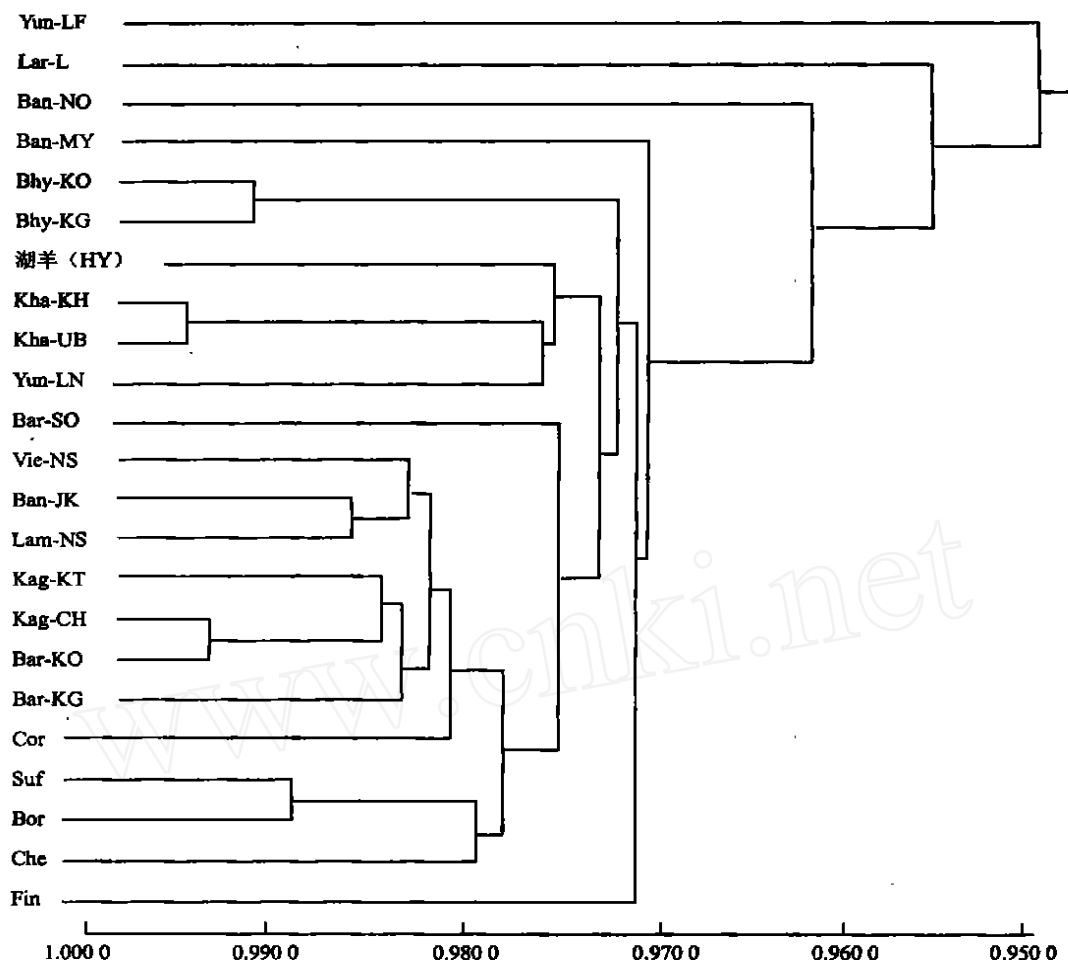


图 1 国内外 23 个绵羊群体模糊聚类图

Fig 1 The fuzzy cluster figure of 23 internal and external sheep populations

[参考文献]

- [1] 张细权, 李加琪, 杨关福 动物遗传标记[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 1997. 90- 94
- [2] 佐佐木清纲 家畜的血型及其应用[M]. 李世安译 上海: 上海科学技术出版社, 1982. 42- 51.
- [3] 常 洪 中国家畜遗传资源研究[M]. 西安: 陕西人民教育出版社, 1998. 190- 191.
- [4] Tsunoda K, Amano T, Nozawa K, et al Morphological characters and blood protein polymorphism of sheep in Bangladesh and genetic relationship with European sheep breeds[J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1988, 12: 161- 185
- [5] Tsunoda K, Doge K, Yanamoto Y, et al Morphological traits and blood protein variation of the native Nepalese sheep[J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1992, 14: 15- 183
- [6] Tsunoda K, Nozawa K, Okamoto S, et al Blood protein and non-protein variation in native sheep populations in Yunnan province of China[J]. Anim Sci Technol (Jpn), 1995, 66: 585- 596
- [7] Tsunoda K, Okabryashi H, Amano T, et al Morphologic and genetic characteristics of sheep raised by the Cham tribe in Vietnam[J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1998b, 16: 63- 73
- [8] Tsunoda K, Nozawa K, Maeda Y, et al External Morphological characters and blood protein and non-protein polymorphisms of native sheep in Central Mongolia[J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1999, 17: 63- 82
- [9] 常 洪 家畜遗传资源学纲要[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995. 99- 133
- [10] 吴任臣(清). 十国春秋[M]. 南唐列传、吴越王忠懿王世家、南唐节宗本纪

(下转第 28 页)

Efficacy of chicken feces disposed ham lessly through fermentation with microbials

YANG Zeng-qí¹, ZHANG Shu-xi¹, WANG Zhi-jie², ZHAO Yu-fang¹, LI Dong-cheng¹

(1 College of Animal Science and Technology, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry,

Yangling, Shaanxi 712100, China; 2 Xichang Agricultural School, Xichang, Sichuan 615000, China)

Abstract: Fresh chicken feces were disposed through fermentation with microbials. The temperature of the feces during fermentation process, the acidity before and after fermentation, the total number of bacteria, the total quantity of protein as well as the character of sense organ and the adaptability of feeding animals, etc were tested. The results indicated that fermented with microbials could decrease the number of bacteria and increase the total quantity of protein in chicken feces. Chicken feces after being disposed by fermentation with microbials had rich aromatic-acid odor and good adaptability for feeding pigs and chickens. The test proved that fermentation with microbials was a good way in the hamless disposition and effective utilization of chicken feces.

Key words: chicken feces; microbials; fermentation; hamless disposition

(上接第 24 页)

Study on origin and phylogeny status of Hu Sheep

GENG Rong-qing¹, CHANG Hong¹, YANG Zhang-ping¹, SUN Wei¹,

WANG Lan-ping¹, LU Sheng-xi¹, Kenji TSUNODA²

(1 College of Animal Science and Veterinary Medical, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; 2 School of Medicine, Showa University, Tokyo 142, Japan)

Abstract: Applying simple random sampling in typical colony method in the central area of habitat, 14 structural loci and 31 alleles in blood enzyme and other protein variations of Hu Sheep population are examined. By collecting the same data of 11 loci about 22 sheep colonies in China and other populations, the origin and phylogeny status are investigated. The study proves that the phylogenetic relationship between Hu Sheep population and Mongolia populations is relatively closer. The result obtained is shown to conform to the historical data.

Key words: Hu Sheep; origin; phylogeny status; phylogenetic relationship