

小尾寒羊与滩羊系统地位的模糊性模式判别^{*}

杜 奎^{1,2}, 常 洪², 角田健司³, 刘太宇¹

(1 郑州牧业工程高等专科学校 畜牧工程系, 河南 郑州 450011; 2 扬州大学 动物科技学院, 江苏 扬州 225009;

3 昭和大学 医学部, 日本 东京 142-8555)

[摘 要] 用系统地位已知的16个地方绵羊群体10个结构基因座位上的33个等位基因频率, 验证了中亚以东南绵羊群体血统地位判别式, 并对滩羊和小尾寒羊基因频率抽样估计值的可靠性、精确度进行了统计学分析和认定, 分别以“一般贴适度”和“遗传贴适度”模糊性判别模式, 根据滩羊和小尾寒羊的相应基因频率数据对两者的系统地位作了判别。结果表明, 滩羊和小尾寒羊在血统上归属于“蒙古羊”集团, 这些都符合史料记载。本研究结果再次确认“遗传贴适度”模糊性判别模式适用于地方绵羊系统地位的判别, 也适合于对其他种群的血统研究, 以及对微卫星等其他遗传标记的血统研究。

[关键词] 小尾寒羊; 滩羊; 血统; 遗传贴适度; 模式判别

[中图分类号] S826.2

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2005)08-0051-07

在一个广阔的地域内, 当大多数群体间的亲缘关系已经基本清楚并且积累了一些可以借鉴的资料时, 若是仅仅因为要判别个别或少数品种的血统, 便对全部品种重新进行聚类分析, 就显得较为繁琐。对于这种情况, 现有一类更为严谨、简洁的方法, 即模式判别, 该方法是通过模式对群体和不同群体集团的贴适度进行比较, 以择近判别群体的相对归属^[1,2]。据此, 常洪^[2]在“中亚以东南牛群血统判别式的研究”中就系统地位论证了模糊性模式判别的数学模型, 并以中亚以东南家牛的已知资料进行检验, 从而确认了以遗传贴适度为根据的判别式; 孙伟^[3]以遗传贴适度模式较好地拟定了中亚以东南绵羊群体的血统判别数据。从20世纪80年代起, 在国际上关于亚洲绵羊群体血统聚类研究已有多例^[4~9], 大致是将亚洲广大地区的绵羊群体划分为“蒙古羊”、“南亚羊”和“欧洲羊”三大集团^[3]。

本研究根据已有资料, 以小尾寒羊和滩羊为研究对象, 旨在进一步论证畜禽的模糊性模式判别的可行性, 同时揭示这2个绵羊群体的血统类别及相互系统地位。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 已知材料 “蒙古羊”、“南亚羊”和“欧洲羊”

三大集团的10个结构基因座位上的33个等位基因频率的平均值, 受模拟判别的10个已知群体对应座位上的各等位基因频率, 这些已知群体集团和已知群体为本研究进行亲缘系统聚类的原材料, 详见表1。

1.1.2 有待检测的材料 (1) 群体检测。采用中心产区典型群随机抽样法, 分别在小尾寒羊的中心产区河南省与山东省交界的济宁市梁山县、滩羊的中心产区宁夏回族自治区盐池县, 随机抽取具有独立血统的60只小尾寒羊和73只滩羊。(2) 结构基因座位检测。采用周边国家通用的判型标准进行判别^[4~10]。

1.2 统计分析

1.2.1 各个等位基因的数理统计 (1) 简单随机抽样基因频率 P_S 及方差 V_{P_S} 的估计。

$$P_S = P(K_{ii}) + \frac{1}{2}P(K_i \cdot),$$

$$V_{P_S} = \frac{P_S(1-P_S)}{2(n-1)} \cdot \frac{N-n}{N}.$$

式中, $P(K_{ii})$ 为K座位含基因纯合子的频率, $P(K_i \cdot)$ 为K座位含基因所有杂合子的频率之和, N 为总体规模, n 为样本规模。

(2) 精确度和可靠性(估计值偏差不超过实际值0.5倍的概率)。

* [收稿日期] 2004-11-29

[基金项目] 国家自然科学基金国际合作项目(30213001); 河南省科技攻关重大项目(0422011100)

[作者简介] 杜 奎(1979-), 男, 河南平顶山人, 讲师, 硕士, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。E-mail: du-lei2008@sohu.com

$$\eta=\frac{2\sqrt{V_{Ps}}}{P},$$

$$\beta=\int\frac{2e^{-\frac{\lambda^2}{2}}}{\sqrt{2\pi}}d\lambda_0$$

式中, P 和 V_{Ps} 分别代表基因频率和方差, η 为估计值可靠性达到 0.954 5 时的相对偏差, λ 为估计值的标准偏差, 适应于第 2 式的标准偏差 $\lambda=0.5P\div[V_{Ps}]^{1/2[11]}$ 。

表 1 3 个已知群体集团频率均值及 21 个群体基因频率

Table 1 Means of gene frequencies in 3 known groups and the gene frequencies in 21 populations																	
群体 Population	A l				Tf								A p				
	A	B	C	X	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	B ⁺	B ⁻
滩羊 Tan sheep	0	0	1	0	0.041 1	0.075 3	0.321 9	0.164 4	0.390 4	0	0.006 8	0	0	0	0	0.202 7	0.797 3
小尾寒羊 Small-Tailed Han sheep	0	0	1	0	0.129 3	0.043 1	0.25	0.319	0.017 2	0	0	0	0	0	0	0.035 1	0.964 9
云南羊 Yunnan	0	0	1	0	0.071 4	0.214 3	0	0.028 6	0.685 7	0	0	0	0	0	0	0.282 9	0.717 1
Bhy	0	0	1	0	0.073 2	0.061	0.365 8	0.121 9	0.353 7	0.012 2	0.012 2	0	0	0	0	0.076 1	0.923 9
Bar	0	0	1	0	0.011 6	0.023 3	0	0	0.965 1	0	0	0	0	0	0	0	1
Kag	0	0	1	0	0	0	0.158 5	0.012 2	0.792 7	0.012 2	0.012 2	0.012 2	0	0	0	0.05	0.95
Lam	0	0	1	0	0	0	0.295 5	0.113 6	0.590 9	0	0	0	0	0	0	0	1
孟加拉国羊 Ban	0.197	0	0.803	0	0.039	0.013	0.178	0	0.757	0.013	0	0	0	0	0	0.02	0.98
哈拉和林绵羊 Kh	0	0	1	0	0.085 9	0.126 3	0.313 1	0.176 8	0.197	0.040 4	0	0.005	0.010 1	0.010 1	0.035 3	0.215	0.785
乌兰巴托 绵羊 Ub	0	0	1	0	0.123 7	0.056 7	0.360 8	0.134	0.268	0.025 8	0.010 3	0.052	0	0	0	0.200 5	0.799 5
越南羊 Viet	0	0	1	0	0	0	0.544 1	0	0.382 4	0.073 5	0	0	0	0	0	0	1
萨福克羊 Suf	0	0	1	0	0.122	0	0.265	0.187	0.135	0.291	0	0	0	0	0	0.334	0.666
夏洛莱羊 Che	0	0	1	0	0	0.052	0.276	0.586	0.069	0.017	0	0	0	0	0	0.475	0.525
考力代羊 Cor	0	0	1	0	0.175	0.042	0.15	0.425	0.142	0.066	0	0	0	0	0	0.051	0.949
兰德瑞斯羊 Fin	0	0	1	0	0.038	0	0.482	0.404	0.038	0.038	0	0	0	0	0	0.097	0.903
波德代羊 Bor	0	0	1	0	0.26	0.02	0.42	0.22	0.08	0	0	0	0	0	0	0.041	0.959
湖羊 Hu sheep	0	0	1	0	0.041 7	0.15	0.3	0.341 7	0.15	0.016 6	0	0	0	0	0	0.394 5	0.605 5
同羊 Tong sheep	0	0	1	0	0.092 3	0.261 5	0.338 5	0.276 9	0.030 8	0	0	0	0	0	0	0.149 7	0.850 3
蒙古羊 Mongolia	0	0	1	0	0.241 3	0.136 8	0.243 5	0.170 3	0.325 2	0.020 7	0.002 6	0.001 3	0.002 5	0.002 5	0.008 8	0.273 2	0.726 8
南亚羊 South-A sia	0.039 4	0	0.960 6	0	0.010 1	0.007 3	0.235 2	0.025 2	0.697 6	0.019 7	0.019 7	0.002 4	0	0	0	0.014	0.986
欧洲羊 European	0	0	1	0	0.111 4	0.029 2	0.326 5	0.324 0	0.136 3	0.070 7	0.002 0	0	0	0	0	0.259 4	0.740 6
群体 Popula- tion	Ary-Es		Lap		Hb-β		X-p		CA		Cat			Ly			
	Es ⁺	Es ⁻	A	B	A	B	X	X ⁺	x ⁻	A	B	A	B	C	A	a	
滩羊 Tan sheep	0.594 6	0.405 4	0.414 8	0.585 2	0.157 5	0.363	0.479 5	0.578	0.422	0	1	0	0.575 3	0.424 7	0.690 3	0.309 7	
小尾寒羊 Small- Tailed Han sheep	0.474 8	0.525 2	0.678 4	0.321 6	0.291 7	0.358 3	0.350 0	0.225 4	0.774 6	0	1	0	0.583 3	0.416 7	1	0	
云南羊 Yunnan	0.189 4	0.810 6	0.414 5	0.585 5	0.157 1	0.585 7	0.257 2	0.043 8	0.956 2	0	1	0	0.757 1	0.242 9	0.707 2	0.292 8	
Bhy	0.558 3	0.441 7	0.415 6	0.584 4	0.780 5	0.012 2	0.207 3	0	1	0	1	0	0.975 6	0.024 4	0.779 1	0.220 9	
Bar	0.318	0.682	0.953 5	0.046 5	0.139 5	0.093 0	0.767 5	0.011 7	0.988 3	0	1	0	0.744 2	0.255 8	1	0	
Kag	0.234 9	0.765 1	0.843 8	0.156 2	0.170 7	0.719 5	0.109 8	0.203 7	0.796 3	0	1	1	0.963 4	0.036 6	0.779 1	0.220 9	

续表 1 Continued Table 1

群体 Popula- tion	A ry~Es		L ap		Hb~β		X~p			CA		Cat			L y	
	Es ⁺	Es ⁻	A	B	A	B	X	X ⁺	x ⁻	A	B	A	B	C	A	a
L am	0 070 7	0 929 3	0 786 8	0 213 2	0 454 6	0 522 7	0 022 7	0 435 9	0 564 1	0 045 4	0 954 6	0	0 444 4	0 555 6	0 582 1	0 417 9
孟加拉 国羊 Ban	0 089	0 911	0 719	0 281	0 190 8	0 809 2	0	0 372	0 628	0 007	0 993	0	0 414	0 586	0 771	0 229
哈拉和林 绵羊 Kh	0 414	0 586	0 414	0 586	0 151 5	0 515 2	0 333 3	0 518	0 482	0	1	0	0 545 5	0 454 5	0 770 6	0 229 4
乌兰巴 托绵羊 Ub	0 303 9	0 696 1	0 303 9	0 696 1	0 159 8	0 324 7	0 515 5	0 031 4	0 968 6	0	1	0	0 366	0 634	0 695 4	0 3046
越南羊 V iet	0	1	0 457 7	0 542 3	0 602 9	0 397 1	0	0 272 4	0 727 6	0	1	0	0 897 1	0 102 9	0 552 8	0 447 2
萨福克羊 Suf	0 095	0 905	0 502	0 498	0 074	0 926	0	0 29	0 71	0	1	0 013	0 94	0 047	1	0
夏洛莱羊 Che	0 035	0 965	0 646	0 354	0 31	0 69	0	0 035	0 965	0	1	0	0 977	0 023	1	0
考力代羊 Cor	0 017	0 983	1	0	0 392	0 608	0	0 204	0 796	0	1	0	0 977	0 023	1	0
兰德 瑞斯羊 Fin	0 57	0 43	1	0	0 556	0 444	0	0 118	0 882	0	1	0	0 944	0 056	0 781	0 219
波德代羊 Bor	0 083	0 917	0 553	0 447	0 100	0 900	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0
湖羊 Hu sheep	0 329 2	0 670 8	0 437 3	0 562 7	0 023 8	0 976 2	0	0 225 5	0 745 4	0 079 4	0 920 6	0	0 444 4	0 555 6	0 718 3	0 281 7
同羊 Tong sheep	0 519 6	0 480 4	0 488 6	0 511 4	0 353 8	0 646 2	0	0 276 8	0 723 2	0 046 2	0 953 8	0	0 461 5	0 538 5	0 751 9	0 248 1
蒙古羊 Mongolia	0 309 1	0 690 9	0 392 4	0 607 6	0 123 1	0 600 5	0 276 5	0 222 9	0 777 1	0 019 9	0 980 2	0	0 528 3	0 471 7	0 722 9	0 277 1
南亚羊 South- A sia	0 142 5	0 857 5	0 752 2	0 247 8	0 311 7	0 508 3	0 18	0 259 1	0 740 9	0 010 5	0 989 5	0	0 692 6	0 697 4	0 737	0 263
欧洲羊 Europe n	0 226 4	0 773 6	0 686 1	0 313 9	0 368 8	0 596 7	0 034 5	0 107 8	0 892 2	0	1	0 002 2	0 968 9	0 028 9	0 967	0 037

注: Bhy, Bar, Kag, L am 为尼泊尔国饲养在不同地区的 4 种羊。

Note: Bhy, Bar, Kag and L am are 4 species in different parts of Nepal

1.2.2 血统模糊性模式判别的理论验证 将已知集团和未知群体皆视为有限地域中的模糊子集, 所有被研究的基因视作元素, 将各等位基因在集团或群体中的频率作为各元素对模糊子集的隶属函数。

(1) 根据贴近度的思想以及 2 个模糊子集的内积和外积表示的 2 个模糊子集的贴近度, 可得判别式^[1]:

$$\begin{aligned} (I, X) &= \frac{1}{2} [I \circ X + 1 - (I \odot X)], \\ I \circ X &= \bigvee_{p_j \in p} [\mu_I(P_j) \wedge \mu_X(P_j)], \\ I \odot X &= \bigwedge_{p_j \in p} [\mu_I(P_j) \vee \mu_X(P_j)]. \end{aligned}$$

式中, $\vee, \wedge$ 分别表示取大(上界)和取小(下界)。

(2) 因为基因频率是基因库遗传特征的标志, 已知集团与未知群体之间基因频率的线性模糊度合乎逻辑的可定义为“线性遗传模糊度”, 1- “线性遗传

模糊度”之差就是“遗传贴近度”。因此, 被识别群体与已知集团的遗传贴近度为^[1]:

$$(I, X) = 1 - \xi(I, X) =$$

$$1 - \frac{2}{K} \sum_{j=1}^K |\mu_I(P_j) - \mu_X(P_j)|。$$

上式为判别式 2, 式中, $\mu_I(P_j), \mu_X(P_j)$ 分别代表第 j 等位基因对于第 I 个已知集团和未知的 X 群体的隶属函数(即各自的等位基因频率), K 为所研究的等位基因数^[1, 2]。

2 结果与分析

2.1 滩羊和小尾寒羊结构基因座基因频率的抽样估计

滩羊和小尾寒羊结构基因座基因频率的抽样估计结果见表 2, 3。

表 2 滩羊结构基因座基因频率的抽样估计

Table 2 Estimate of gene frequencies in structural loci of Tan Sheep

座位 Locus	等位基因 Pheno type	基因频率(P) Gene frequencies	方差(V _P) (×10 ⁻⁴) Variance	标准偏差(λ) Standarized deviation	精确度(η) A ccuracy	可靠度(β) Reliability
A l	A f ^c	1 000	0 000	0 000	0 000	1 000
	T f ^A	0 041 1	2 737	1 242	0 805	0 786
	T f ^B	0 075	4 835	1 712	0 584	0 913
T f	T f ^C	0 322	1 516	4 134	0 242	1 000
	T f ^D	0 165	9 540	2 662	0 376	0 992
	T f ^E	0 390	16 527	4 801	0 208	1 000
	T f ^G	0 007	0 469	0 497	2 014	0 380
A lp	A lp ^{B+}	0 797	11 223	11 905	0 084	1 000
	A lp ^{B-}	0 203		3 026	0 331	0 998
A ry-Es	A ry-Es ⁺	0 596	16 740	7 267	0 138	1 000
	A ry-Es ⁻	0 404		4 941	0 211	1 000
L ap	L ap ^A	0 415	16 857	5 051	0 198	1 000
	L ap ^B	0 585		7 128	0 140	1 000
Hb-β	Hb-β ^A	0 158	9 215	2 594	0 386	0 991
	Hb-β ^B	0 363	1 606	4 529	0 221	1 000
	Hb-β ^C	0 479	17 332	5 760	0 174	1 000
X p	X p ^{X+}	0 578	16 939	7 023	0 142	1 000
	X p ^{X-}	0 422		5 126	0 195	1 000
Cat	Cat ^B	0 575	16 967	6 983	0 143	1 000
	Cat ^C	0 425		5 155	0 194	1 000
CA	CA ^B	1 000	0 000	0 000	0 000	1 000
L y	L y ^a	0 310	14 856	16 151	0 062	1 000
	L y ^A	0 690		8 958	0 112	1 000

表 3 小尾寒羊结构基因座基因频率的抽样估计

Table 3 Estimate of gene frequencies in structural loci of Small-Tailed Han Sheep

座位 Locus	等位基因 Pheno type	基因频率(P) Gene frequencies	方差(V _P) (×10 ⁻⁴) Variance	标准偏差(λ) Standarized deviation	精确度(η) A ccuracy	可靠度(β) Reliability
A l	A f ^c	1 000	0 000	0 000	0 000	1 000
	T f ^A	0 129	9 876	2 057	0 486	0 960
	T f ^B	0 043	3 618	1 133	0 883	0 743
T f	T f ^C	0 250	16 417	3 181	0 314	0 998
	T f ^D	0 242	16 064	3 011	0 332	0 997
	T f ^E	0 319	19 056	3 654	0 274	1 000
	T f ^F	0 017	1 483	0 706	1 416	0 520
A lp	A lp ^{B+}	0 035	2 97	1 018	0 982	0 691
	A lp ^{B-}	0 965		28 011	0 036	1 000
A ry-Es	A ry-Es ⁺	0 475	21 87	5 076	0 197	1 000
	A ry-Es ⁻	0 525		5 615	0 178	1 000
L ap	L ap ^A	0 678	19 14	7 752	0 129	1 000
	L ap ^B	0 322		3 675	0 272	1 000
Hb-β	Hb-β ^A	0 292	17 509	3 486	0 287	1 000
	Hb-β ^B	0 358	19 485	4 058	0 246	1 000
	Hb-β ^C	0 350	19 28	3 986	0 251	1 000
X p	X p ^X	0 225	14 8	2 929	0 341	0 997
	X p ^X	0 775		10 071	0 099	1 000
Cat	Cat ^B	0 583	20 6	6 427	0 156	1 000
	Cat ^C	0 417		4 591	0 218	1 000
CA	CA ^B	1 000	0 000	0 000	0 000	1 000
L y	L y ^A	1 000	0 000	0 000	0 000	1 000

由表 2 可知,在所检测的滩羊 10 个结构基因座共计 23 个等位基因中,除 T f^A, T f^B 和 T f^C 基因频率估计值的可靠度分别为 0 786, 0 913, 0 380 外,其余 19 个等位基因频率的估计值可靠度不偏离实际值的可靠性均在 95% 以上(占全部的 86%)。由表 3 可知,在所检测的小尾寒羊群体中,除 T f^B, T f^F 和

A_{lp}^{B+} 基因频率估计值的可靠度分别为 0.743, 0.520, 0.691 外, 其余 19 个等位基因频率的估计值可靠度不偏离实际值的可靠性均在 95% 以上(也占全部的 86%)。综上所述可以看出, 中心产区典型群随机抽样法是一种较为有效的方法, 可以用于很多

畜禽群体的抽样, 并且这里所得各项资料可作为亲缘系统研究的基础。

2.2 绵羊群体模拟判别结果与实际血统的比较

绵羊群体模拟判别血统与实际血统对照结果见表 4。

表 4 绵羊群体模拟判别血统与实际血统对照

群体 Popula- tion	遗传贴近度 Genetic approach degree						血统 Extraction		
	判别式 1 Discriminant 1			判别式 2 Discriminant 2			判别式 1 Discriminant 1	判别式 2 Discriminant 2	实际血统 Practical extraction
	“蒙古羊” “Mongolia”	“南亚羊” “South- Asia”	“欧洲羊” “European”	“蒙古羊” “Mongolia”	“南亚羊” “South- Asia”	“欧洲羊” “European”			
滩羊 Tan sheep	1	0.994 75	1	0.845 6	0.735 6	0.686 9	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
小尾寒羊 Small Tailed Han sheep	1	0.994 75	1	0.822 3	0.795 1	0.807	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
湖羊 Hu sheep	1	0.980 3	1	0.863 7	0.721 6	0.755 3	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
同羊 Tong sheep	1	0.994 75	1	0.835 9	0.758 1	0.777 9	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
云南羊 Yunnan	1	0.994 75	1	0.850 6	0.775 8	0.744 7	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
Bhy	1	0.994 75	1	0.744 1	0.697 9	0.761 3	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”
Bar	1	0.994 75	1	0.661 5	0.729 8	0.692 2	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”
Kag	1	0.994 75	1	0.756 2	0.883 3	0.861 4	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”
Lan	1	0.993	1	0.738 3	0.868	0.716 4	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”
孟加拉国羊 Ban	0.901 5	0.994 75	0.996 5	0.736 9	0.868 7	0.701 5	“南亚羊”“欧洲羊” “South-A sia sheep”; “European sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”
哈拉和林绵羊 Kh	1	0.994 75	1	0.909 9	0.764 1	0.763 6	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
乌兰巴托绵羊 Ub	1	0.994 75	1	0.868 9	0.730 5	0.733 2	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”	“蒙古羊” “Mongolia sheep”
越南羊 Viet	1	0.994 75	1	0.722 7	0.810 3	0.749 6	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”	“南亚羊” “South-A sia sheep”
萨福克羊 Suf	1	0.994 75	1	0.763 8	0.719 1	0.855	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”
夏洛莱羊 Che	1	0.994 75	1	0.708 9	0.717 3	0.885 9	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”
考力代羊 Cor	1	0.984 5	1	0.686 6	0.764 9	0.868	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”
兰德瑞斯羊 Fin	1	0.994 75	1	0.679 6	0.708 8	0.779 4	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”
波德代羊 Bor	1	0.994 75	1	0.729 4	0.790 5	0.852 8	“蒙古羊”“欧洲羊” “Mongolia sheep”; “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”	“欧洲羊” “European sheep”

由表 4 可以看出, 根据判别式 1 所计算的判别结果或者与实际血统不符或者不明确, 其原因是在各个群体集团均出现了某些等位基因频率为 0, 或某些等位基因频率近乎为 1 的现象, 这 2 个因素决定了判别式 1 的贴近度较高。判别式 1 的判别结果不能全面反映受判别群体与已知集团之间基因频率的异同, 且等位基因频率的极端值对结果影响极大, 不能真实地反映每个群体的血统归属问题, 所以, 判别式 1 不适用。而对于判别式 2 来说, 其判别结果全部与群体的实际血统一致。这是因为判别式 2 涉及到了受判别群体与已知群体集团所有基因频率的差别, 其遗传学实质就是 1 减去已知集团与受判别群体的平均遗传距离, 采用该式既能使遗传贴近度符合物种以内各群体血统归属处于动态的模糊性这一客观事实, 又能根据模糊集合理论中的择近原则判别受鉴别群体的血统归属。

2 3 滩羊和小尾寒羊群体的血统判别结果

通过判别式 2 计算的滩羊与小尾寒羊群体的血统判别结果见表 5。由表 5 可以看出, 小尾寒羊和滩

羊与“蒙古羊”的遗传贴近度分别为 0.822 和 0.846, 因而滩羊和小尾寒羊均归属于“蒙古羊”集团, 这基本上符合各个品种的育成过程, 也说明这 3 个群体有共同的起源, 蒙古羊是它们共同的祖先, 这符合既有的历史资料记载。对于小尾寒羊来说, 随着时代的推移, 民族的迁徙, 商品的往来以及生活习惯的影响等, 将生长在草原地区终年放牧的、被毛粗劣的蒙古羊由蒙古地区带入中原地区, 经饲养, 选育最终形成了小尾寒羊。而滩羊的主要产区位于西北地区的宁夏及其周边省份的交界地带, 这些地区在古时也属于蒙古羊的主产地之一(因为汉代时匈奴南迁入这些地区, 蒙古羊也随之迁入), 而就宁夏来说, 大部分地区位于贺兰山的东南麓, 因而把此地的蒙古羊群体与蒙古地区的蒙古羊群体分隔开, 又经过劳动人民长期定向选育而形成一个裘皮羊品种^[12]。如清乾隆 20 年(公元 1755 年)《银川小志》记载:“宁夏各州, 俱产羊皮, 灵州出长毛麦遂, 狐皮亦随处多产”^[13]。

表 5 滩羊与小尾寒羊的血统判别结果

Table 5 Judgement of extraction for Tan sheep and Small Tailed Han sheep in China

群体 Population	集团 Group	遗传贴近度 Genetic approach degree	血统归属 Belonging of extraction
滩羊 Tan sheep	“蒙古羊”Mongolia	0.846	“蒙古羊” Mongolia
	“南亚羊”South-A sia	0.731	
	“欧洲羊”European	0.687	
小尾寒羊 Sm all-Tailed Han sheep	“蒙古羊”Mongolia	0.822	“蒙古羊” Mongolia
	“南亚羊”South-A sia	0.795	
	“欧洲羊”European	0.807	

3 结 论

本研究结果表明, 遗传贴近度可作为一种较为有效地判别群体血统归属问题的方法, 尤其判别式 2 计算精确度高, 贴近各个绵羊群体的历史形成原因, 而且所得的各个绵羊群体的遗传贴近度是中亚以东南绵羊群体血统判别的可靠依据, 同时, 此判别式对畜禽群体遗传标记的亲缘判别也同样适用。因

此, 利用判别式 2 所得遗传贴近度可以较为真实地反映小尾寒羊和滩羊等其他绵羊群体的血统育成过程, 且此判别式不仅可用于血液蛋白酶等生化位点遗传标记的判别, 也可用于微卫星等遗传标记系统模式的判别。因而模糊性模式判别式 2 对于今后其他畜禽的血统判别, 不失为一种较为有效的判别方法。

[参考文献]

- [1] 常 洪. 家畜遗传资源学纲要[M]. 北京: 中国农业出版社, 1998. 58- 62; 152- 158.
- [2] 常 洪. 中亚以东南牛群血统判别式的研究[J]. 畜牧兽医学报, 1998, 27(4): 297- 300.
- [3] 孙 伟. 湖羊、同羊遗传检测的研究[D]. 江苏扬州: 扬州大学, 2002.
- [4] Kenji Tsunoda, KoichiDoge, Yoshio Yamamoto, et al Morphologic traits and blood proteins variation of the native nepalese sheep[J]. Rep Soc Native Livestock, 1992, 14: 155- 183.
- [5] Kenji Tsunoda, TakashiAmano, Ken Nozawa, et al Genetic characteristics of Bangladeshi sheep as based on biochemical variations[J]. Jpn Zootech Sci, 1990, 61(1): 54- 66.

- [6] Kenji Tsunoda, Hisato Okabayashi, Takashi Amano, et al Morphologic and genetic characteristics of sheep raised by the Cham Tribe in Vietnam [J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1998, 16: 636- 673
- [7] Kenji Tsunoda, Ken Nozawa, Yoshio Yamamoto, et al Blood Protein variation of Native sheep populations in Lufeng and Lunan in Yunnan Province of China [J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1995, 15: 119- 129
- [8] Kenji Tsunoda, Takashi Amano, Ken Nozawa, et al Morphologic characteristics 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
- [9] Kenji Tsunoda, Ken Nozawa, Yoshizane Maeda, et al External morphological characters and blood protein and non-protein polymorphism of native sheep in central Mongolia [J]. Rep Soc Res Native Livestock, 1999, 17: 63- 82
- [10] 张细权 动物遗传标记 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 90- 94
- [11] 耿荣庆, 常 洪, 杨章平 湖羊遗传检测与形态学特征的研究 [J]. 扬州大学学报, 2002, (3): 37- 40
- [12] 李志农 中国养羊学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1993: 51- 54
- [13] 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: 50- 52; 55- 58

The discriminant for fuzzy pattern of Small-Tailed Han Sheep and Tan sheep's systematic status

DU Lei^{1,2}, CHANG Hong², TSUNODA Kenji³, LIU Tai-yu¹

(1 Department of Animal Science, Zhengzhou College of Animal Husbandry and Engineering, Zhengzhou, Henan 450011, China;

2 Animal Science and Technology College, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China;

3 Department of Legal Medicine, Showa University School of Medicine, Tokyo, 142-8555, Japan)

Abstract Based on the information using the 33 allele frequencies on 10 loci 16 native sheep populations, whose systematic status have been known, the discriminant of extractional status of sheep population in Middle and South-East Asia were detected, the reliability, precision of sampling valuation of the genetic frequencies were analyzed and cognized. Then the genetic frequencies of Tan sheep and Small Tailed Han sheep were used to discriminate their systematic status with two discriminant of fuzzy pattern respectively. General approach degree and Genetic approach degree. The results showed that: Tan sheep and Small Tailed Han sheep are thought to belong to "Mongolia sheep" group, which corresponds with the historical records exactly. At the same time, the research confirms again that the discriminant of fuzzy pattern based on Genetic approach degree can be suited to discriminate the local sheep population's extractional status. Of course, it may be used to research other breed's extraction and other genetic markers extraction too, such as microsatellite.

Key words: small-tailed Han sheep; Tan sheep; extraction; genetic approach degree; discriminant of pattern