黄河中下游流域固有山羊亲缘系统的研究

常　洪[1], Nozawa K[2], 刘小林[3], 耿社民[3], 任战军[3], 秦国庆[3]

([1] 扬州大学畜牧兽医学院, 江苏扬州　225009;　[2] Faculty of Liberal Arts, Chukyo University,
Nagoya, 460, Japan; [3] 西北农林科技大学)

摘要: 以黄河中、下游流域 9 个, 东北、西藏、长江流域 7 个地方山羊群体控制血液酶和其它蛋白质变异的 18 个基因座位 43 个等位基因的频率为基础, 搜集国内外 22 个群体的相同资料, 构建、合成了描述群体间遗传相似性的模糊等价关系矩阵, 对 38 个群体进行亲缘关系聚类. 研究表明: 黄河中游流域是中亚以东南家山羊的驯养、传播中心之一. 相对于这一广大区域的其它山羊群体而言, 蒙古高原西部、青藏高原和黄河中游流域的固有山羊群体有相同的起源. 黄河下游流域和中游流域的群体之间亲缘关系相对疏远. 中亚以东南固有山羊群体可划分为"东亚"、"南亚"两大亲缘系统, 东南亚各群体分别归属于这两大亲缘系统.

关键词: 亲缘关系; 固有山羊群体; 黄河流域

中图分类号: S858.27　文献标识码: A　文章编号: 0578-1752(2000)03-0079-09

家畜群体的亲缘系统分类是确定品种范围、估计特殊基因资源在特定群体中潜在分布的可能性、判断不同群体中的相似性状由相同基因(或基因群)控制的可能性、分析群体的遗传共适应特点, 预测杂交优势、制订育种战略的基本依据之一[1]. 中国有山羊 13592 万只[2]; 黄河中、下游流域山羊数量约占全国 35%, 分布着诸如中卫、内蒙古绒、济宁青等独具特色的重要地方品种. 本研究旨在揭示这一区域固有山羊群体间的系统关系, 为当地和全国山羊业的发展提供依据, 为世界山羊亲缘系统的研究成果补充一个重要环节.

1　材料与方法

1.1　材料、抽样方法和样本规模

以甘肃省黑山峡以下的黄河中、下游流域 9 个山羊群体为研究对象, 以东北、西藏、长江流域共 7 个地方山羊群体为对照, 对控制血液酶型和其它蛋白质变异的 33 个基因座位进行检测. 除辽宁绒山羊在集中引种地抽样外, 各群体均在原产地抽样.

在各群体均以 2 岁以上全部公、母、羯羊为总体; 避免有可追溯的亲缘关系的两个(及以上)个体一齐进入样本. 各群体的抽样方法、样本规模和抽样地点见表 1.

1.2　血样采集处理

颈静脉采血 8~ 10ml, 装入有抗凝剂的离心管, 离心(800r/min, 5~ 10min)分离血浆, 移入样品瓶; 加入 5ml 0.9% 的 NaCl、离心(800r/min, 5~ 10min)洗涤管中所剩血球 2~ 3 次, 最后一次离心后, 吸取上层血细胞, 装进另一样品瓶, 编号, 送- 20℃ 以下冰箱保存备用.

表 1 抽样方法和地点

Table 1 The sampling method and place

群体 Population	代号 Abbr.	抽样方法[1] Sampling method	样本规模 Size of sample	抽 样 地 点 Place of sampling
阿拉善内蒙古绒山羊 Inner Mongolia Cashmere Goat in Alashan	ARM	RCS	2 群共 80 2 groups total 80	阿拉善左旗锡林郭勒苏木扎汉布鲁格嘎扎,木仁高勒苏木跃进嘎扎 Zahanbrug-village of Xilingolo-township, Yuejing-village of Murengolo-township, Alashan Left Banner
中卫山羊 Zhongwei Goat	ZHW	SRCS	2 系统 2 群共 80 2 systems 2 groups total 80	中卫香山中卫山羊场, 阿拉善左旗厢根达莱苏木上海嘎扎 Zhongwei Goat Ranch in Xiangshan-township, Zhongwei County, Ningxia, Shanghai-village of Xianggendalai-township, Alashan Left Banner
子午岭西侧山羊 West Ziwuling Native	ZWX	RCS	2 群 共 80 2 groups total 80	甘肃省合水县太莪乡、华池县城关乡 Taie-township, Heshui County, Chengguan-township, Huachi County, Gansu Province
子午岭东侧山羊 East Ziwuling Native	ZWD	SRS	共 83 Total 83	陕西省志丹县、安塞县、甘泉县 Zhidan County, Ansai County, Ganquan County, Shaanxi Province
吕梁黑山羊 Lüliang Black Goat	LLH	SRCS	2 系统 4 群共 82 2 systems 4 groups total 82	山西省隰县城南乡、水堤乡、石楼县城关镇、罗城镇 Chengnan-township, Shuidi-township, Xi County, Chengquan-town, Luocheng-town, Shilou County, Shanxi Province
太行山羊 Taihang Goat	TAH	RCS	2 群共 72 2 groups total 72	河北省平山县苏家庄乡、武安市活水乡 Sujiazhuang-township, Pingshan County, Huoshui-township, Wuan-city, Hebei Province
伏牛山羊 Funiu Goat	FUN	RCS	2 群共 64 2 groups total 64	河南省洛宁县下峪乡、栾川县狮子庙乡 Xiayu-township, Luoning County, Shizimiao-township, Luanchuan County, Henan Province
济宁青山羊 Jining Grey Goat	JNQ	SRCS	2 系统 3 群共 75 2 systems 3 groups total 75	山东省曹县魏湾镇、梁堤头乡、仵楼乡 Weiwan-town, Liangditou-township, Wulou-township, Cao County, Shangdong Province.
洼地白山羊 Wadi White Goat	WDB	SRS	共 72 Total 72	山东省东营市河口区、利津县陈庄镇 Hekou-district, Dongying-city, Chenzhuang-town, Lijing County, Shandong Province
长江三角洲白山羊 Yangtze River Delta White Goat	CSB	SRCS	2 系统 4 群共 70 2 systems 4 groups total 70	江苏省扬中市西来桥岛, 上海市奉贤县胡桥乡 Xilaiqiao Island of Yangzhong-city, Jiangsu Province, Huqiao-township, Fengxian County, Shanghai Municipality
成都麻羊 Chengdu Grey Goat	CDM	RCS	3 群共 42 3 groups total 42	四川省大邑县悦来镇乡、丹凤乡、金星乡 Yuelaizhen-township, Danfeng-township, Jinxing-township, Dayi-county, Sichuan Province
陕南白山羊 Shaannan White Goat	SNB	SRCS	2 系统 7 群共 92 2 systems 7 groups total 92	陕西省西乡县古原村、莲花村、城郊丹凤县 Guyuan-village, Lianhua-village, outshirts of Xixiang County, Danfeng County, Shaanxi Province
辽宁绒山羊 Liaoning Cashmere Goat	LNR	RCS	3 群共 79 3 groups total 79	陕西省甘泉辽宁绒山羊场、贺庄乡、美泉村 Liaoning Cashmere Goat Ranch, Hezhuang-township, Meiquan-village, in Ganquan County, Shaanxi Province
亚东山羊 Yadong Goat	YAD	RCS	5 群共 45 5 groups total 45	西藏亚东县上亚东乡、堆纳乡 Upper Yadong-township, Duina-township, Yadong County, Tibet
聂拉木山羊 Nielamu Goat	NLM	RCS	5 群共 28 5 groups total 28	西藏聂拉木县充堆乡 Chongdui-township, Nielamu County, Tibet
西藏高原山羊 Tibet Plateau Goat	ZGY	RCS	6 群共 45 6 groups total 45	西藏江孜县江热乡 Jiangre-township, Jiangzi County, Tibet

[1] RCS: 随机整群抽样; SRCS: 系统随机整群抽样; SRS: (典型群)简单随机抽样

RCS: Random cluster sampling; SRCS: Stratified random cluster sampling; SRS: Simple random sampling in typical colony

1.3　多座位电泳

以淀粉凝胶电泳法测定编码血红蛋白 α 链II (H b-αII)、血红蛋白 β 链(H b-β)、血清白蛋白(A lb)、运铁蛋白(T f)、结合珠蛋白(H p)、α_2 球蛋白(α_2)、酯酶(Es)、铜蓝蛋白(CP)、亮氨酸氨肽酶(Lap)、前白蛋白 1(PA-1)、前白蛋白 2(PA-2)、前白蛋白 3(PA-3)、碱性磷酸酶(A lp)、淀粉酶(Am y) 以及血细胞酯酶(Es-D)、6 磷酸葡萄糖脱氢酶(6PGD)、磷酸己糖异构酶(PHI)、苹果酸脱氢酶(MDH)、心肌黄酶(D ia)、酸性磷酸酶(Acp)、四唑氧化酶(TO)、乳酸脱氢酶 A(LDH-A)、乳酸脱氢酶 B(LDH-B)、酯酶 1(CEs-1)、酯酶 2(CEs-2)、腺苷酸激酶(AK)、过氧化氢酶(Cat)、肽酶(Pep-B)、异柠檬酸脱氢酶(IDH)、谷草转氨酶(GOT)、磷酸葡萄糖变位酶(PGM)、葡萄糖 6 磷酸脱氢酶(G6PD)、乙二醛酶(Go-I) 的 33 个基因座上的变异; 按周边各国通用的标准判型。

1.4　统计分析

1.4.1　基因频率及其方差的估计　根据各群体的样本结构与规模进行估计[3], 分别按以下两式计算估计值不偏离实有值 0.5 倍的可靠性以及可靠性达到 0.9545 时的相对偏差:

$$\beta = \int_0^\lambda \frac{2e^{-\frac{\lambda^2}{2}}}{2\pi} d\lambda; \qquad \eta = 2\left| V(P)^{\frac{1}{2}} \right| \cdot P^{-1}$$

其中, 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, 适应于第一式的标准偏差为 $\lambda = 0.5 \div \left| V(P)^{\frac{1}{2}} \right|$。

1.4.2　亲缘关系聚类　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:

$$\mu_{\underset{\sim}{R}}(x, y) = \frac{1}{2} \ln\left(J_{x, y} / \overline{J_{x} \cdot J_{y}} \right) + 1$$

其中, J_x, J_y, $J_{x, y}$, 分别为从群体 x、群体 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; $\mu_{\underset{\sim}{R}}(x, y)$ 代表群体 x 和 y 之间隶属于模糊相容关系 $\underset{\sim}{R}$ 之隶属函数。

1.5　相关资料的引用　在上述亲缘关系聚类中, 引用表 2 所列其它学者以相同实验方法获得的 22 个群体 33 个基因座位的频率分布资料, 以作为分析背景[4-8]。表 2 中省略了 22 个群体均已固定的 18 个基因座。

2　结果与分析

2.1　16 个群体血液酶和其它蛋白质基因座的频率分布

所检测的 33 个座位中, 9 个座位存在多型, 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 0.9545 时的精确度(相对偏差) 如表 3。

从表 3 可见, 16 个群体 9 个基因座上累计 203 个非固定基因频率的样本估计值不偏离实有值 0.5 倍的可靠性有 165 个在 95.45% 以上, 占估计值的 83.1%, 其中多数(129/165) 接近100%(0.9999~ 1.0000)。 可靠性达到 95.45% 时的相对偏差 162 个在 0.5 以下, 占估计值总数的 79.8%; 其中多数(103/162) 在 0.2 以下。频率 0.10 以上的基因, 估计值可靠性的最低水平是 $\beta = 0.7383$(济宁青山羊, A lp⁰)。因此, 从总体上说, 16 个群体基因频率的抽样估计精确可靠, 可以作为亲缘关系分析的基础。 与表 2 所列 22 个群体一并观察, 共有 18 个基因座存在多型, 累计 43 个等位基因。

表 2 22 群体的基因频率[1]

Table 2 The gene frequencies in 22 populations quoted by this studies

群体 Population	HB-αII 1	2	3	Hb-β 1	2	3	Tf A	A'	B	C	Es A	B	Alp O	F	PA-3 1	2	Amy 1	2	3
Japan JS	1	0	0	.9547	.0453	0	.9163	0	.0837	0	.9980	.0020	.8207	.1793	.5714	.4286	.9979	.0021	0
长崎芝 Shiba	1	0	0	.9878	0	.0122	.9939	0	.0061	0	1	0	.9815	.0185	.8567	.1433	1	0	0
冲绳 Okinawa	1	0	0	.9643	.0262	.0095	.9638	0	.0339	.0023	.9942	.0058	.8979	.1021	.7275	.2725	.9707	.0293	0
吐噶喇 Tokara	1	0	0	1	0	0	.8594	0	.1406	0	1	0	.8660	.1340	.9531	.0469	1	0	0
小笠原 Ogasawara	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	.6786	.3214	.1296	.8704	.9643	.0357	0
云岭 Yunling	1	0	0	1	0	0	.9923	0	.0077	0	1	0	.7545	.2455	.6846	.3154	1	0	0
圭山 Guishan	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	.6901	.3099	.5467	.4524	1	0	0
Bangladesh JP	.8333	.1667	0	1	0	0	.4722	0	.5278	0	1	0	.9718	.0282	.6944	.3056	1	0	0
KJ	1	0	0	1	0	0	.2059	0	.7941	0	1	0	.8402	.1598	.2647	.7353	.9412	0	.0588
MY	.9878	0	.0122	1	0	0	.3780	0	.6220	0	1	0	.9627	.0373	.5244	.4756	1	0	0
Indonesia P3T	1	0	0	1	0	0	.3000	0	.7000	0	1	0	1	0	.3500	.6500	1	0	1
CA	1	0	0	1	0	0	.6470	0	.3530	0	1	0	1	0	.5588	.4412	1	0	0
CR	1	0	0	1	0	0	.3077	0	.6923	0	1	0	.8770	.1230	.6923	.3077	1	0	0
CG	1	0	0	1	0	0	.5250	0	.4750	0	1	0	.9486	.0514	.4000	.6000	1	0	0
KA	1	0	0	1	0	0	.7692	0	.2308	0	1	0	.7337	.2663	.4231	.5769	1	0	0
CS	1	0	0	1	0	0	.8529	0	.1471	0	1	0	.8043	.1957	.7059	.2941	1	0	0
PP	1	0	0	1	0	0	.8333	0	.1667	0	1	0	.6324	.3676	.3667	.6333	1	0	0
Sri Lanka UPE	1	0	0	1	0	0	.1667	0	.8333	0	1	0	1	0	.2667	.7333	1	0	0
GAL	1	0	0	.9000	0	.1000	.2167	.0833	.6500	.0500	1	0	.9129	.0871	.3500	.6500	1	0	0
NEG	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	.9487	.0513	.2000	.8000	.8000	0	.2000
HBT	1	0	0	.9667	0	.0333	.0167	.0333	.9000	.0500	1	0	.9832	.0168	.2833	.7167	1	0	0
SIG	1	0	0	1	0	0	.0833	0	.9167	0	1	0	.9280	.0720	.1389	.8611	1	0	0
Japan JS	.9975	.0225	1	0	1	0	.9959	.0041	.8837	.0055	.1108	.9980	.0020	.9713	.0103	.0184	1	0	
长崎芝 Shiba	.9939	.0061	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	.9780	.0189	.0031	1	0	
冲绳 Okinawa	.9603	.0397	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	.9891	.0109	0	1	0	
吐噶喇 Tokara	.9545	.0455	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
小笠原 Ogasawara	.9286	.0714	.9815	.0185	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	.9815	.0185	
云岭 Yunling	.6692	.3308	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	.7373	.2627	0	1	0	
圭山 Guishan	.9211	.0789	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	.9333	.0667	0	1	0	
Bangladesh JP	1	0	.9444	.0556	.9722	.0278	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
KJ	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
MY	1	0	1	0	.9756	.0244	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
Indonesia P3T	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	
CA	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
CR	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
CG	.9250	.0750	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
KA	.8446	.1154	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
CS	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
PP	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
Sri Lanka UPE	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
GAL	.8667	.1333	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
NEG	.9500	.0500	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
HBT	.9667	.0333	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	
SIG	.9444	.0556	.9861	.0139	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	

[1] JS: Japanes Saanen; JP: Jamnapari; KJ: Khulna Jessere; My: My mensingh; P₃T: Pusat penetitian dan pengembangan Ternac; CA: Cianjur; CR: Cirebon; CG: Cigombong; KA: Kiaralawang; CS: Ciangsa; PP: Pasar Padarg; UPE: University of Peradeniya; Gal: Galle; NEG: Negombo; HBT: Hambatota; SIG: Sigiriya

表 3 基因频率抽样估计值及其可靠性、精确度

Table 3 Sampling estimaters of gene frequencies and their raliability and precision

群 体 Population	参 数 Parameter	Tf A	Tf B	LAP A	LAP B	AlP O	AlP F	PA-3 1	PA-3 2	Amy 1	Amy 2
ARM	P	.8875	.1125	1.0000	0	.8625	.1375	.7750	.2250	.9937	.0063
	β	1.0000	.9756		1.0000	.9876	1.0000	.9996	1.0000	.8764	
	η	.0563	.4444		.0571	.4000	.0816	.2811	.0041	.6498	
ZHW	P	.9260	.0740	.8809	.1191	.9110	.0890	.6910	.3090	.9920	.0080
	β	1.0000	.9070	1.0000	.9720	1.0000	1.0000	1.0000	.9999	1.0000	.4060
	η	.0475	.5946	.0613	.4534	.0134	.1369	.1120	.2500	.0149	1.8750
ZWX	P	.8190	.1810	.8500	.1510	.6625	.3375	.6313	.3687	.9500	.0500
	β	1.0000	1.0000	1.0000	.8660	.9970	.8660	1.0000	1.0000	1.0000	.3830
	η	.0153	.0689	.2350	1.3330	.3395	.6670	.0990	.0500	.1050	2.0000
ZWD	P	.8720	.1280	1.0000	0	.8138	.1862	.5660	.4340	1.0000	0
	β	1.0000	.9580		1.0000	1.0000	1.0000	1.0000			
	η	.0722	.4918		.0297	.1305	.1793	.2338			
LLH	P	.8737	.1263	1.0000	0	.6250	.3750	.6387	.3613	.9939	.0061
	β	1.0000	.9850			1.0000	.9880	1.0000	.9950	1.0000	.4320
	η	.0597	.4128			.2370	.3950	.2000	.3536	.0114	1.9410
TAH	P	.9236	.0764	.8333	.1667	.6806	.3194	.4923	.5077	1.0000	0
	β	1.0000	.9230	1.0000	.9999	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000		
	η	.0585	.5656	.1103	.2036	.1190	.0745	.1619	.1186		
FUN	P	.9375	.0625	.7422	.2578	.5938	.4062	.4375	.5625	.8750	.1250
	β	1.0000	.8487	1.0000	.9989	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.9662
	η	.0465	.6969	.1067	.3071	.1496	.2187	.1965	.1528	.0673	.4712
JNQ	P	.9667	.0333	.9734	.0266	.2267	.7733	.4000	.6000	.9667	.0333
	β	1.0000	.5435	1.0000	.9840	.7383	.9997	1.0000	.9379	1.0000	.6636
	η	.0462	1.3430	.0113	.4149	.8910	.2791	.0274	.5359	.0358	1.0403
WDB	P	.9652	.0348	1.0000	0	.2778	.7222	.5319	.4681	.9722	.0278
	β	1.0000	.7815			.9998	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.6743
	η	.0293	.8129			.2694	.1036	.1594	.1924	.0291	.0174
CSB	P	.9767	.0233	.8733	.1267	.7534	.2466	.4736	.5264	.9057	.0943
	β	1.0000	.7512	1.0000	.9995	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.9772
	η	.0207	.8671	.0895	.2804	.0954	.2910	.1561	.1735	.0457	.4392
CDM	P	.7976	.2024	.7738	.2262	.5476	.4524	.7500	.2500	.9762	.0238
	β	1.0000	.9774	1.0000	.9856	1.0000	1.0000	1.0000	.9911	1.0000	.5204
	η	.1113	.4384	.1194	.4085	.2007	.2430	.1275	.3825	.0345	1.4145
SNB	P	.9582	.0418	1.0000	0	.4830	.5170	.6515	.3485	1.0000	0
	β	1.0000	.4453			1.0000	1.0000	1.0000	1.0000		
	η	.0739	1.6928			.3419	.3195	.1104	.2064		
LNR	P	.9250	.0750	1.0000	0	.8120	.1880	.6906	.3094	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	1.0000	1.0000	1.0000		
	η	.0206	.2544			.0348	.1500	.1086	.2425		
YAD	P	.8890	.1110	.9440	.0556	.5330	.4670	.5670	.4830	1.0000	0
	β	1.0000	.9025	1.0000	.7449	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000		
	η	.0753	.6034	.0519	.8786	.1996	.2278	.1863	.2206		
NLM	P	.8570	.1430	.9290	.0710	.7500	.2500	.5890	.4110	1.0000	0
	β	1.0000	.8666	1.0000	.6903	1.0000	.9661	1.0000	.9978		
	η	.1112	.6663	.0752	.9845	.1571	.4714	.2274	.3258		
ZGY	P	.8110	.1890	.9000	.1000	.7780	.2220	.4330	.5670	1.0000	0
	β	1.0000	.9764	1.0000	.8821	1.0000	.9878	1.0000	1.0000		
	η	.1029	.4416	.0711	.6396	.1139	.3991	.2339	.1863		

群　体 Population	参　数 Parameter	Es-D 1	2	Cat A	B	Pep-B A	B	C	Go-l 1	2
ARM	P	.3438	.6562	.9625	.0375	1.0000	0	0	1.0000	0
	β	.9747	1.0000	1.0000	.9576					
	η	.2647	.1386	.0192	.4964					
ZHW	P	.2380	.7620	.9920	.0080	.9630	.0370	0	.9750	.0250
	β	.9991	1.0000	1.0000	.4060	1.0000	.7623		1.0000	.7030
	η	.3000	.0937	.0149	1.8750	.0330	.8650		.0250	.9600
ZWX	P	.5250	.4750	1.0000	0	1.0000	0	0	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000							
	η	.0950	.1050							
ZWD	P	.4609	.5391	1.0000	0	1.0000	0	0	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000							
	η	.1466	.1253							
LLH	P	.5584	.4416	.5785	.2415	.9756	.0244	0	.9429	.0571
	β	1.0000	.9880	1.0000	.9748	1.0000	.9500		1.0000	.3940
	η	.3120	.3939	.9100	1.1770	.3900	1.5330		.1170	1.936
TAH	P	.6319	.3681	1.0000	0	.9931	.0069	0	1.0000	0
	β	1.0000	.4413							
	η	.0120	.2407			.0539	1.2321			
FUN	P	.6641	.3359	1.0000	0	.9808	.0716	.0017	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	.3109	.0322		
	η	.1269	.2509			.0379	1.9545	3.9412		
JNQ	P	.4931	.5069	1.0000	0	.9666	.0267	.0067	1.0000	0
	β	.9732	.9772			1.0000	1.0000	.7105		
	η	.4517	.4394			.0146	.2369	.9444		
WDB	P	.3472	.6528	1.0000	0	.9931	.0069	0	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	.1226			
	η	.1594	.1924			.0450	6.4814			
CSB	P	.8676	.1324	.9884	.0116	.9605	.0395	0	1.0000	0
	β	1.0000	.9628	1.0000	.5802	1.0000	.7141			
	η	.0738	.4798	.0145	1.2394	.0385	.9371			
CDM	P	.8810	.1190	1.0000	0	1.0000	0	0	1.0000	0
	β	1.0000	.9039							
	η	.0812	.6009							
SNB	P	.7603	.2397	1.0000	0	1.0000	0	0	1.0000	0
	β	1.0000	.9808							
	η	.1346	.4270							
LNR	P	.7415	.2585	1.0000	0	.9811	.0126	.0063	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	.6575	.2867		
	η	.0119	.0342			.0212	1.0534	2.7216		
YAD	P	.4890	.5110	1.0000	0	.9780	.0220	0	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	.0583			
	η	.2179	.2086			.0320	1.4215			
NLM	P	.4110	.5890	1.0000	0	.9670	.0330	0	1.0000	0
	β	.9978	1.0000			1.0000	.9901			
	η	.3258	.2274			.0503	.3878			
ZGY	P	.4560	.5440	1.0000	0	.9560	.0440	0	1.0000	0
	β	1.0000	1.0000			1.0000	.6856			
	η	.2329	.1952		.0457	.9938				

2.2   亲缘聚类

以上述模糊等价关系矩阵为根据的亲缘关系如图。 就黄河中、下游流域 9 个群体而言, 子午岭两侧的群体首先在 $\mu_{R37}(x, y) \geqslant 0.9990$ 的水平值聚为一体, 其次是太行山羊和伏牛山羊在 0.9989 的水平值聚集, 接着是中卫山羊和阿拉善内蒙古绒山羊在 0.9988 的水平值聚集。 黄河中游各群体除吕梁黑山羊外, 在 $\mu_{R37}(x, y) \geqslant 0.9982$ 的水平值全部合并, 但中游上段的中卫、阿拉善群体和泾渭流域以下、中游下段 4 群体的合并是其中最后一步。 黄河下游流域的济宁青、洼地白两群体聚合于 0.9987 的水平值; 两者直到 0.9971 的水平值才和中游流域的 6 群体汇合。

就全国 18 个群体而言, 西藏的聂拉木山羊, 高原山羊早在 0.9991 的水平值就已和黄河中游流域的子午岭东侧群体合拢; 西藏亚东山羊在 0.9987 的水平值也进入这一群落。 长江三角洲白山羊和云南路南地区的圭山山羊在 0.9989 的水平值聚类; 但当它们在 0.9978 的水平值和云南另一群体云岭山羊聚集时, 已先行汇合了起源于东北的辽宁绒山羊。 长江流域的陕南白山羊汇入群落是在长江流域与以南各群体跟黄河中游流域- 西藏的群体集聚之后 (0.9977)。 中亚以东南 38 个山羊群体在 $\mu_{R37}(x, y) \geqslant 0.9971$ 的水平值明显地划分为以南亚群体为主的集团和以中国、日本群体为主的东亚集团。 东南亚群体或者进入前者、或者进入后者, 关系疏散。 在该水平值, 成都麻羊和日本莎能山羊游离于所有集团。

3   讨论与结论

3.1   子午岭(两侧) 山羊、阿拉善内蒙古绒山羊是公认的蒙古系山羊。 黄河中游流域 6 群体和西藏 3 群体之间的密切关系说明: 相对于中国、中亚以东南其它山羊群体而言, 蒙古高原西部、青藏高原和黄河中游流域固有山羊群体在演化过程中是同源的。黄河中游流域群体和下游沿海区域的群体关系相对疏远。

3.2   本研究没有发现长江流域及以南地区的山羊群体之间的聚集趋势; 它们基本上是逐渐、分别向以黄河中游流域群体为中心的集团靠近的。

3.3   东亚和南亚的群体各成一体系; 东南亚的群体则是分散的, 它们不是和东亚集团聚类就是与南亚集团聚类, 本身始终没有聚集。

3.4   在 $\mu_{R37}(x, y) \geqslant 0.9971$ 的水平值, 日本莎能山羊游离于亚洲山羊的任何集团, 这吻合于已知的品种史; 而成都麻羊也如是, 原因值得进一步探讨。

以上事实说明: 黄河中游流域是中国和东亚家山羊的传播中心。这一地域家山羊始祖群体的血统, 来源于蒙古高原西部和青藏高原, 山羊在这一地域经历悠久的驯养后逐渐向东、向南播迁, 在东南方向最后进入东南亚诸岛屿, 并和来自印巴次大陆的基因流相遇。 与此有关的"断代"问题, 尚待从多种角度深入研究。
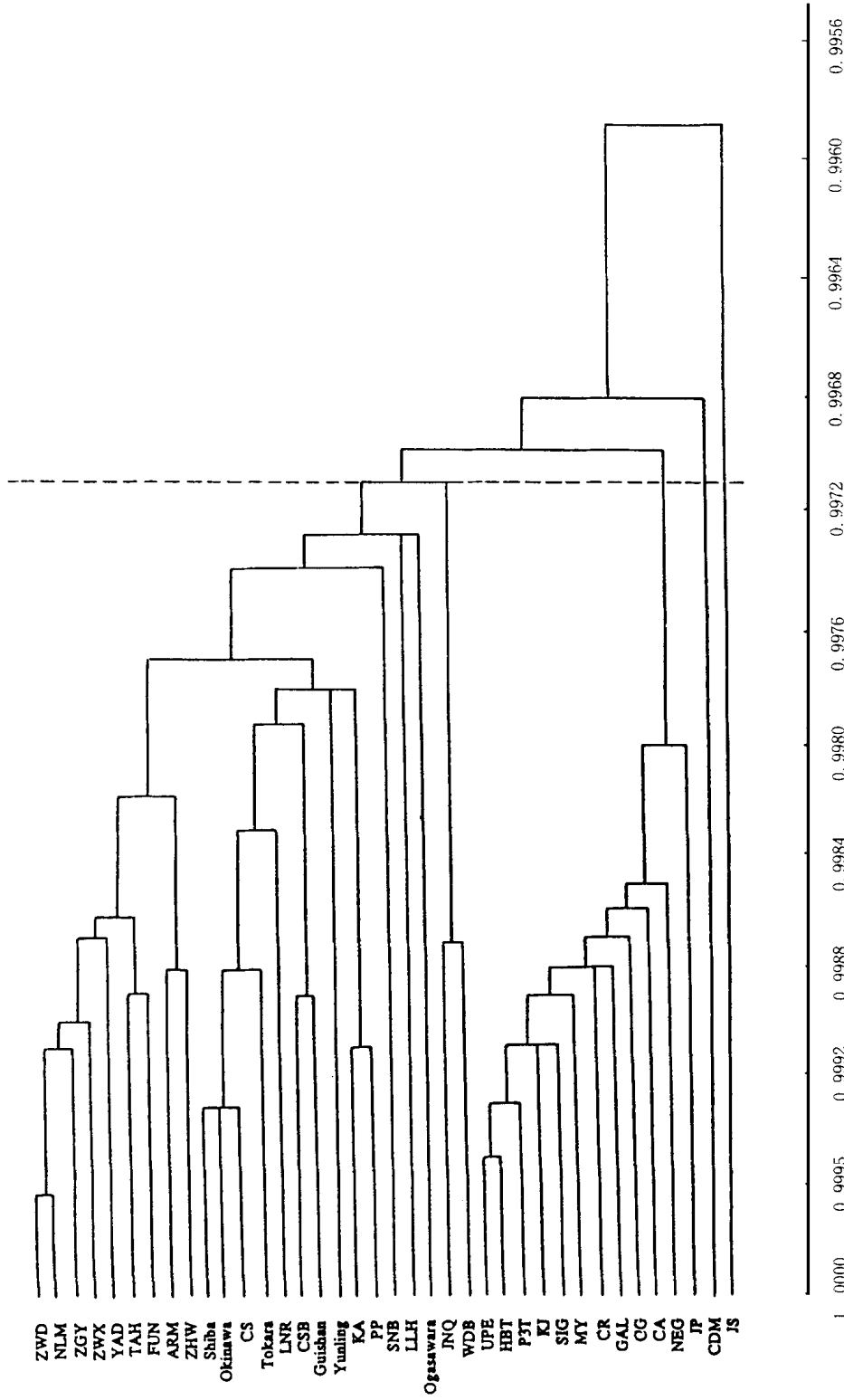
图 国内外 38 个山羊群体模糊聚类图

Fig. The fuzzy cluster figure of 38 internal and external goat popalations

参考文献:

〔1〕 常 洪, 等. 家畜遗传资源学纲要〔R〕. 北京: 中国农业出版社, 1995, 5: 93~133.

〔2〕 中国农业部. 中国农业发展报告, 96〔R〕. 北京: 中国农业出版社, 1996, 8: 118, 185.

〔3〕 常 洪, 等. 中国黄牛品种基因频率抽样估计效率的研究〔J〕. 西北农业大学学报. 1989, 17(3): 30~37.

〔4〕 Shotake, T. et al. Morphological characteristics and blood protein gene costitution of Sri Lankan goats〔J〕. Rep. Soc. Res. Native Livestock. 1986, 11: 155~163.

〔5〕 Nozawa K, et al. Japanes native goats〔A〕. Studies on Evaluation of Native Animals as Genetic Resources〔M〕. 1994: 34~49.

〔6〕 Nozawa K, et al. Coat-color polymorphism in the Black Bengal Goats〔J〕. Rep. Soc. Res. Native Livestock. 1988, 12: 187~198.

〔7〕 Katsumata M, et al. Morphological characteristics and blood protein gene constitution of Indonesian goats〔J〕. Rep. Soc. Native Livestock. 1983, 10: 146~154.

〔8〕 Nozawa K, et al. Gene-constitution of the Yunnan native goat in China〔J〕. Rep. Soc. Res. Native Livestock. 1995, 15: 131~142.

Study On Phylogenetic Relationship of Native Goat Populations Along the Middle and Lower Yellow River Valley

Chang Hong[1], Nozawa K[2], Liu Xiaolin[3],

Geng Shemin[3], Ren Zhanjun[3], Qin Guoqing[3]

([1]Yangzhou University, Yangzhou 225009; [2]Faculty of Liberal Arts, Chukyo University, Nagoya, 460, Japan; [3]Northwest Science and Technology University of Agriculture and Forestry)

Abstract: The phylogenetic relationship of 9 goat populations along the middle and lower Yellow River valley and 7 local goat populations in the northeast, Tibet and the Yangtze valley was studied. After collecting the same data about the 22 goat colonies in China and other populations, it establishes and composes the matrix of fuzzy similarity relation describing the genetic similarties of different populations was established and composed. Thirty eight colonies were also clustered according to their phylogenetic relationship. The establishment of the matrix and the cluster are effective in terms of the frequency of 18 loci and 43 allelomorphs in blood enzyme and other protein variations. The study proves that the middle Yellow River valley is one of the taming and disseminating centers of domestic goat in the South and East of Central Asia. Compared with other goat population in this vast area, the native goat populations were originated from the west of Mongolian plateau, the Qinghai-Tibet Plateau and the middle Yellow River valley. The populations in the lower Yellow River valley and those in the middle valley, however, are relatively remote in their phylogenetic relationship. The native goat populations to the east and south of Central Asia can be classified into two genetic groups: "East Asia" and "South Asia" and the populations in Southeast Asia belong either to the former or to the latter.

Key words: Phylogenetic relationship; Native coat colonies; The Yellow River valley