

牦牛生态类型的分类

钟金城^{1,2}, 陈智华², 赵素君³, 肖玉萍⁴

(1. 电子科技大学, 成都 610054; 2. 西南民族大学生命科学与技术学院, 成都 610041;

3. 四川省畜牧科学研究院, 成都 610066; 4. 中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所, 兰州 730050)

摘要:为进一步弄清中国牦牛的遗传资源及其类型划分, 利用微卫星 DNA、随机扩增多态性 (RAPD)、扩增片段长度多态性 (AFLP) 等 3 种分子遗传标记技术研究了麦洼牦牛、九龙牦牛、大通牦牛和天祝白牦牛的分类; 并结合作者对牦牛染色体和血液蛋白多态性的研究结果探讨了中国牦牛类群的分类。结果: ①根据微卫星位点的等位基因频率进行聚类分析, 表明麦洼牦牛和九龙牦牛的遗传距离最大 (1.506), 麦洼牦牛 2 个群体之间的遗传距离最小 (1.062)。5 个牦牛群体被聚为两大类, 四川九龙牦牛单独成一大类, 其他牦牛群体聚为一类。②根据 RAPD 和 AFLP 两种分子遗传标记的分析, 表明天祝牦牛和大通牦牛的遗传距离最小 (0.0336), 九龙牦牛和天祝牦牛的遗传距离最大 (0.0414), 4 个牦牛品种被聚为两大类, 九龙牦牛品种聚为一类, 其它 3 个牦牛品种聚为一类。大通牦牛和天祝白牦牛在较近的水平上首先聚为一类, 然后在较远处与麦洼牦牛聚为一大类。③根据染色体特征和血液蛋白位点的基因频率进行聚类的结果与微卫星 DNA、RAPD、AFLP 的聚类结果相似。中国牦牛可分为以九龙牦牛和麦洼牦牛为代表的两个类群 (型)。这与蔡立等将中国牦牛分为“青藏高原型”和“横断高山型”的结果是一致的。而与其他学者的分类结果有较大的差异。结合中国牦牛品种 (群体) 的地理分布、生态条件、育成史及其分化的实际情况, 作者认为中国牦牛分为两个大的生态类型是合理的。

关键词: 牦牛; 生态类型; 分类

文章编号: 1000-0933(2006)07-2068-05 **中图分类号:** Q958 **文献标识码:** A

Classification of ecological types of the Chinese yak

ZHONG Jin-Cheng^{1,2}, CHEN Zhi-Hua², ZHAO Su-Jun³, XIAO Yu-Ping⁴ (1. University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 610054, China; 2. College of Life Science & Technology, Southwest University for Nationalities, Chengdu, 610041, China; 3. Sichuan Academy of Animal Science, Chengdu, 610066, China; 4. Lanzhou Institute of Animal and Veterinary Pharmaceutics Sciences Chinese Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, 730050, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(7): 2068 ~ 2072.

Abstract: To investigate the genetic resources and to clarify the classification status of the Chinese yak, the Maiwa, Jiulong, Datong and Tianzhu White yak were intensively studied using microsatellite DNA, RAPD and AFLP DNA markers on the basis of our previous work on the chromosomes and blood protein polymorphisms. The overall results showed that: (1) the genetic distance based on allelic frequencies at microsatellite loci between the Maiwa and Jiulong yak was the largest (1.506) and as expected that two populations of the Maiwa yak had the smallest genetic distance (1.062). The four yak breeds were clustered into two groups, the Jiulong yak alone in a group and the rest of three breeds in another; (2) the genetic distance between the Datong and Tianzhu White yak was the smallest (0.0336) while it was the largest between the Jiulong and Maiwa yak (0.0414) based on the data from RAPD and RFLP analysis. The four yak breeds again clustered into two groups with the Datong and Tianzhu White yak grouped together first followed by the Maiwa yak; (3) the chromosome and blood protein polymorphisms analysis arrived to a similar pattern of breed relationship. Therefore it was concluded that the Chinese yak can be considered as two types with the Jiulong and Maiwa yak as their representatives, respectively. This conclusion is in concordance with the proposal by later professor Cai Li and his

基金项目: 四川省自然科学基金资助项目

收稿日期: 2005-10-09; **修订日期:** 2006-05-27

作者简介: 钟金城 (1963 ~), 男, 云南人, 博士, 教授, 主要从事动物遗传学研究. E-mail: zhongjincheng518@sohu.com

Foundation item: The project was supported by Natural Science Foundation of Sichuan Province

Received date: 2005-10-09; **Accepted date:** 2006-05-27

Biography: ZHONG Jin-Cheng, Ph.D., Professor, mainly engaged in animal genetics. E-mail: zhongjincheng518@sohu.com

colleagues who classified the Chinese yak as two types of the ‘Qinghai-Tibetan Plateau yak’ and the ‘Hengduan Mountain Alpine yak’, but differs from other classifications proposed by others. Taking into account of the geographic distribution, ecological factors, history and development of the Chinese yak, we believe that this classification is reasonable.

Key words: Yak; ecological group; classification

牦牛 (*Bos grunniens*) 是分布于海拔 3000m 以上, 以我国青藏高原为中心及其毗邻高山地区的牛种之一。全世界现有牦牛 1470 多万头, 其中, 我国有 1400 多万头, 是世界上拥有牦牛数量和品种(群体)最多的国家, 约占世界牦牛总数的 95% 以上^[1]。牦牛对高寒草地的生态环境条件具有很强的适应性, 在空气稀薄、牧草生长期短、寒冷的恶劣环境条件下生活自如, 繁衍后代, 为牧民提供奶、肉、毛、役力、燃料等生产、生活必需品, 是当地畜牧业经济中不可缺少的畜种。在遗传上是一个极为宝贵的基因库。

牦牛品种的分类研究一直是牦牛科学研究的热点和重点, 自 20 世纪 70 年代末以来, 随着牦牛品种资源的多次调查研究, 学者们利用形态遗传标记、细胞遗传标记和生化遗传标记对牦牛品种的遗传多样性及分类进行了广泛的研究^[2], 对中国牦牛品种的分类提出了多种结果, 主要的有 3 种: ①中国牦牛类型划分考察组在对青海、甘肃、四川、云南四省的牦牛主要产区进行实地考察后, 根据产区的生态环境条件和牦牛的特征特性, 将中国牦牛分为: 横断高山型和青藏高原型 2 个类型^[3], 这是目前多数学者认为较合理的牦牛类型划分, 也是列入《中国牛品种志》的分类; ②陆仲磷依据牦牛的体型结构、毛色、发展历史、产区的生态环境等将中国牦牛分为: 西南高山峡谷型、青藏高原型和祁连山型 3 个类型^[4]; ③在《中国牦牛学》一书中, 根据牦牛产区的地形地貌特点划分为: 青藏高原型、横断高山型和羌塘型 3 个类型^[5]。但利用分子遗传标记研究牦牛遗传多样性及其牦牛品种分类的报道很少, 至今尚未进行系统地分析研究^[2]。因此, 为进一步弄清中国牦牛的遗传资源及其类型划分, 本研究利用微卫星 DNA、随机扩增多态性(RAPD)、扩增片段长度多态性(AFLP)等 3 种分子遗传标记技术研究了麦洼牦牛、九龙牦牛、大通牦牛和天祝白牦牛的分类; 并结合作者对牦牛染色体和血液蛋白多态性的研究结果^[6], 探讨了中国牦牛类群的分类。

1 材料和方法

1.1 试验动物

试验动物为随机抽取的健康成年牦牛, 其品种(群体)、样本数量及采样地点等见表 1。

表 1 供试牦牛品种、数量及采样地点
Table 1 List of samples used for analyses

品种 * Breeds	代码 * Code	样本数 The number of samples	采样地点 Sampling localities
麦洼牦牛 Maiwa yak	MW1	32	四川省红原县 Hongyuan county of Sichuan Province
麦洼牦牛 Maiwa yak	MW2	32	四川省若尔盖县 Ruoergai county of Sichuan Province
九龙牦牛 Jiulong yak	JL	32	四川省九龙县 Jiulong county of Sichuan Province
大通牦牛 Datong yak	DT	32	青海省大通牛场 Datong yak breeding farm of Qinghai Province
天祝白牦牛 Tianzhu white yak	TZ	28	甘肃省天祝白牦牛育种场 Tianzhu white yak breeding farm of Gansu Province

* 下同 the same below

1.2 分析指标

本研究的分析指标有: (1)微卫星 DNA 的基因频率; (2)基因组 DNA 的 RAPD、AFLP 标记; (3)常染色体的相对长度, X 和 Y 染色体的相对长度、臂比^[6]; (4)血液蛋白 Tf 和 Hb 位点的基因频率^[6]。

1.3 统计分析方法

资料经校正消除误差后, 计算遗传距离, 用最短距离法进行聚类分析^[7], 并根据分类原则^[8]进行分类。

2 结果与分析

2.1 微卫星 DNA 基因频率的聚类

本研究选用普通牛种的 9 个微卫星标记对麦洼牦牛(若尔盖和红原 2 个群体)、九龙牦牛、大通牦牛、天祝

白牦牛 5 个群体的遗传多样性进行了分析研究。根据微卫星位点的等位基因频率,计算了 5 个牦牛群体的欧氏遗传距离(表 2),并用最远距离法绘制了树系聚类图(图 1)。由结果可以看出,麦洼牦牛和九龙牦牛的遗传距离最大(1.506),麦洼牦牛两个群体之间的遗传距离最小(1.062)。5 个牦牛群体被聚为两大类,四川九龙牦牛单独成一大类,其他牦牛群体聚为一类。麦洼牦牛的两个群体在较近的水平上首先聚为一类,大通牦牛和天祝白牦牛在稍远的距离处聚为一类,然后这两类在较远处又聚为一大类。

表 2 5 个牦牛群体间的欧氏遗传距离

Table 2 Euclidean genetic distances between populations of yak					
品种 Breeds	欧氏遗传距离 Euclidean distance				
	MW1	MW2	JL	DT	TZ
MW1		1.062	1.506	1.349	1.289
MW2	1.062		1.222	1.251	1.121
JL	1.506	1.222		1.436	1.396
DT	1.349	1.251	1.436		1.191
TZ	1.289	1.121	1.396	1.191	

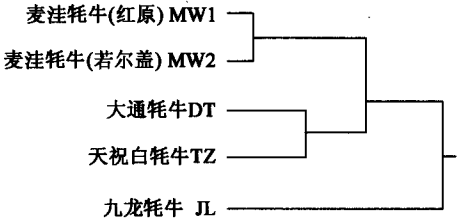


图 1 不同牦牛群体的树系聚类图

Fig.1 Clustering dendrogram map of different yak populations

2.2 基因组 DNA 的 RAPD 和 AFLP 标记的聚类

根据 RAPD 和 AFLP 两种分子遗传标记的分析结果,用 Rogers 的遗传距离公式计算了麦洼牦牛(若尔盖县)、九龙牦牛、大通牦牛和天祝白牦牛的 RAPD、AFLP 遗传距离 DR(表 3,表 4)。

根据 RAPD 分析结果,用 Rogers 遗传距离公式计算 4 个牦牛品种间的遗传距离,由表 3 可看出,麦洼牦牛与九龙牦牛、麦洼牦牛与大通牦牛、麦洼牦牛与天祝白牦牛、九龙牦牛与大通牦牛、九龙牦牛与天祝牦牛、大通牦牛与天祝白牦牛的遗传距离分别为 0.0412、0.0410、0.0383、0.0386、0.0414、0.0336。其中天祝牦牛和大通牦牛的遗传距离最小(0.0336),九龙牦牛和天祝牦牛的遗传距离最大(0.0414)。

表 3 牦牛群体间 RAPD 遗传距离

Table 3 Genetics distances between the five breeds for RAPD				
牦牛品种 Breeds	Rogers 的遗传距离 Genetics distances of Rogers			
	MW2	JL	DT	TZ
MW2		0.0412	0.0410	0.0383
JL	0.0412		0.0386	0.0414
DT	0.0410	0.0386		0.0336
TZ	0.0383	0.0414	0.0336	

表 4 牦牛群体间 AFLP 遗传距离

Table 4 Genetics distances between the five breeds for AFLP				
牦牛品种 Breeds	Rogers 的遗传距离 Genetics distances of Rogers			
	MW2	JL	DT	TZ
MW2		0.0268	0.0262	0.0259
JL	0.0268		0.0279	0.0282
DT	0.0262	0.0279		0.0253
TZ	0.0259	0.0282	0.0253	

根据 AFLP 分析结果,Rogers 遗传距离公式计算 4 个牦牛品种间的遗传距离,由表 4 可以看出,麦洼牦牛与九龙牦牛、麦洼牦牛与大通牦牛、麦洼牦牛与天祝白牦牛、九龙牦牛与大通牦牛、九龙牦牛与天祝牦牛、大通牦牛与天祝白牦牛的遗传距离分别为 0.0268、0.0262、0.0259、0.0279、0.0282、0.0253。其中,天祝白牦牛和大通牦牛的距离最小(0.0253),天祝牦牛和九龙牦牛距离最远(0.0282)。此结果与 RAPD 方法分析所得结果相一致。为了更直观地体现各牦牛品种间的亲缘关系,根据表 3、4 的数据,对 4 个牦牛品种进行 Neighbor-Joining 聚类分析(图 2,3),RAPD、AFLP 两种方法同时分析得到:4 个牦牛品种被聚为两大类,九龙牦牛品种聚为一类,其它 3 个牦牛品种聚为一类。大通牦牛和天祝白牦牛在较近的水平上首先聚为一类,然后在较远处与麦洼牦牛聚为一大类。该聚类结果与应用染色体特征聚类和利用微卫星 DNA 研究所得的结果一致,也同这些牦牛群体的地理分布、生态条件、品种育成史及其分化的实际情况基本一致^[8]。

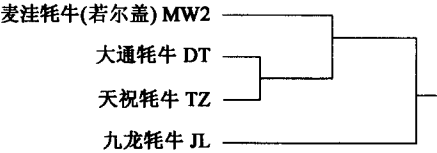


图 2 不同牦牛群体的 RAPD 聚类图

Fig.2 The RAPD clustering dendrogram graph of different yak breeds

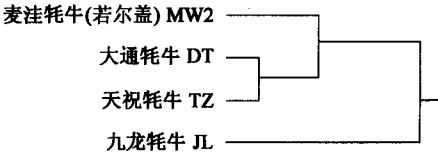


图 3 不同牦牛群体的 AFLP 聚类图

Fig.3 The AFLP clustering dendrogram graph of different yak breeds

2.3 染色体特征的聚类

用已作过染色体研究的九龙牦牛(Jiulong yak, JL)、麦洼牦牛(Maiwa yak, MW1)、中甸牦牛(Zhongdian yak, ZD)、环湖牦牛(Huanhu yak, HH)、西藏(拉萨)牦牛(Tibetan yak, TB)、野牦牛(Wild yak, WY)的染色体资料进行聚类分析,结果(表 5,图 4)表明:6 个牦牛类群可分为两类,九龙牦牛、中甸牦牛、西藏牦牛、野牦牛为一类;麦洼牦牛和环湖牦牛为另一类。

表 5 根据染色体特征计算的牦牛类群间的距离系数

Table 5 Distance coefficient on chromosome characteristics among yak

品种 Breeds	MW1	JL	HH	ZD	TB	WY
MW1		0.376	0.243	0.477	0.468	0.526
JL	0.376		0.411	0.313	0.358	0.256
HH	0.243	0.411		0.461	0.410	0.555
ZD	0.477	0.313	0.461		0.234	0.339
TB	0.468	0.358	0.410	0.234		0.366
WY	0.526	0.256	0.555	0.339	0.366	



图 4 牦牛类群依染色体特征聚类图

Fig.4 Cluster on chromosome characteristics for yak groups

2.4 血液蛋白 Tf 和 Hb 位点基因频率的聚类

作过血液蛋白多态性研究的中国牦牛有:九龙牦牛、麦洼牦牛、天祝牦牛、环湖牦牛、加黎牦牛(Jiali yak, JI)、亚东牦牛(Yadong yak, YD)。用这 6 个牦牛类群的 Tf 和 Hb 位点的基因频率进行聚类分析,结果(表 6,图 5)表明:九龙牦牛首先与加黎牦牛和亚东牦牛相聚在一起,然后再依次与环湖牦牛、天祝牦牛、麦洼牦牛相聚。

表 6 根据 Tf 和 Hb 位点基因频率计算的牦牛类群间的距离系数

Table 6 Distance coefficient on Tf and Hb gene frequencies among yak

品种 Breeds	JL	MW1	TZ	HH	JI	YD
JL		1.459	1.057	1.057	0.499	0.436
MW1	1.459		2.001	1.805	1.550	1.591
TZ	1.057	2.001		1.414	1.095	0.789
HH	1.057	1.805	1.414		0.560	0.789
JI	0.499	1.550	1.095	0.560		0.317
YD	0.436	1.591	0.789	0.789	0.317	

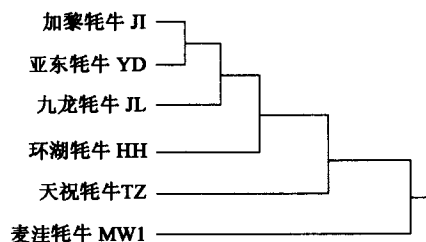


图 5 牦牛类群依 Tf 和 Hb 位点基因频率聚类图

Fig.5 Cluster on Tf and Hb gene frequencies for yak groups

3 讨论

家畜品种是畜牧业生产的工具,对品种资源的调查、正确分类有助于揭示各品种间的历史渊源及其亲缘关系,阐明品种的生物学特性,亦为在育种工作中充分发挥各品种的潜力作用,合理地利用和保存这些优良基因库提供正确的理论依据。

牦牛品种的正确分类对牦牛业的持续发展具有重要意义,一直是牦牛科学研究的热点。我国自 20 世纪 70 年代中期以来对中国牦牛遗传资源进行了广泛深入的调查和分类研究,提出了多种分类结果,主要的有以下 3 种:①蔡立等^[3]依据牦牛的形态和毛色特征、生产性能并结合产区的地形地貌、水热条件、草地类型、牧草种类以及经济结构、饲养水平、选育程度等自然和社会生态环境的不同,将中国牦牛分为横断高山型(谷地型)和青藏高原型(草地型)两大生态类型,共有 8 个地方品种或类群,其中有 5 个品种已列入《中国牛品种志》。横断高山型牦牛主要包括中甸牦牛、九龙牦牛、西藏的高山型牦牛等。青藏高原型牦牛主要包括麦洼牦牛、青海高原牦牛、巴州牦牛、天祝牦牛等。②陆仲璘^[4]引用苏联学者考莱斯尼“动物地区差异的标志不是动物的绝对大小,而是动物的体型”的原理,对中国 25 个地区牦牛群体的体尺、生产性能、毛色、角的有无等进行综合、归纳后按产地生态条件将牦牛分为 3 大类型,即西南高山峡谷型(主要包括九龙牦牛、中甸牦牛、西藏牦牛等)、青藏高原型(主要包括麦洼牦牛、果洛、玉树牦牛、甘南牦牛等)、祁连山型(主要包括天祝牦牛、青海北部牦牛和山丹牦牛等)。③在《中国牦牛学》一书中,根据牦牛产区的地形地貌特点划分为:青藏高原型、横断高

山型和羌塘型 3 个类型^[5]。

20 世纪 90 年代以后,随着生命科学的发展,人们对牦牛遗传多样性的研究逐渐从上述的形态遗传标记上升到细胞水平、生化水平和分子水平上。起光勇^[9]从生化水平上研究了牦牛血液蛋白遗传多样性,将前苏联的布里亚特牦牛、帕米尔牦牛,蒙古的杭爱山牦牛、阿尔泰牦牛,中国的青海牦牛、九龙牦牛、麦洼牦牛等 7 个不同生态类型的牦牛分为 3 类:前苏联的布里亚特牦牛与蒙古的杭爱山及阿尔泰牦牛为一类;前苏联的帕米尔牦牛、中国的青海牦牛和九龙牦牛为一类;麦洼牦牛独自为一类。涂正超^[10]根据 mtDNA 限制性片段长度多态性进行研究后,将中国牦牛聚为 3 类,A 类包括九龙牦牛、麦洼牦牛和青海环湖牦牛;B 类包括巴州牦牛;C 类包括中甸牦牛、青海高原牦牛和天祝白牦牛。以上研究结果表明不同作者的分类结果不尽相同。

在本研究中,根据微卫星 DNA 多态性、随机扩增多态性(RAPD)、扩增片断长度多态性(AFLP)等 3 种分子遗传标记技术进行研究的聚类结果,以及染色体和血液蛋白多态性的聚类结果可见,中国牦牛品种可分为以九龙牦牛和麦洼牦牛为代表的两个类群(型)。这与蔡立等将中国牦牛分为“横断高山型”和“青藏高原型”的结果是一致的^[3]。而与其他学者的分类结果有较大的差异。从两大类型所处的生态和地理条件^[11]来看,横断高山型牦牛分布地区:河流切割、地面起伏很大,山高谷深、地形破碎、岭谷高差达 1000~2500m 以上,岭端林带以上为牧场;热量垂直变化大,谷底温暖,岭端寒冷、干湿季分明、降水量及湿度较大,为寒冷半湿润型地区;草场以高山灌丛草场为主,局部地区为高山草甸草场,牧草以杂草类为主,植物覆盖度大,牧草生长期为 150~180d 左右;多为农牧结合区,冷季有林间草地和农副产品供补饲,牛场上有棚舍;因横断山脉阻隔,牦牛群体多为闭锁繁育群体,牦牛品种的人工选育程度较高。而青藏高原型牦牛分布地区:地势高亢,高原面完整,多丘原、河谷宽坦、山坡平缓,高原内部多内流水系、多湖泊,草地开阔;气候寒冷、热量不足,日照充沛,降水量较少,昼夜温差大,为寒冷半干旱型地区;草场以高山、亚高山草甸草场为主,有沼泽草场分布,牧草以禾本科和莎草科草为主,属矮草类草,牧草生长期为 120~150d 左右;该地区以纯牧业经济为主,牦牛数量大,牦牛终年放牧,冬春饲草紧缺,一般不补饲;牦牛品种的人工选育程度低。从以上的情况可见,“横断高山型”和“青藏高原型”牦牛分布区的生态和地理条件,以及牦牛品种的选育程度均有较大的差异。因此,作者认为中国牦牛分为两个大的生态类型是合理的。

References:

- [1] Committee of domestic Animal and Poultry Genetic Resources in China. Domestic Animal and Poultry Genetic Resources in China. Beijing: China Agriculture Press, 2004. 18.
- [2] Zhong J C, Ou J T, Chen Z H. A study on genetic marker in the yak. Journal of Southwest University for Nationalities (Natural Science Edition), 2003, 29(2):179~182.
- [3] Cai L. China yak. Beijing: China Agriculture Press, 1992. 45~47.
- [4] Li K L, Lu Z L eds. The selected paper of yak scientific research. Lanzhou: Gansu Nationalities Press, 1990. 27~30.
- [5] Chinese Yakology Committee. Chinese yakology. Chengdu: Sichuan Scientific & Technological Press, 1989. 4~74.
- [6] Zhong J C. Yak genetics and breeding. Chengdu: Sichuan Scientific and Technical Press, 1996. 24~68.
- [7] Chang H ed. Essentials of animal genetic resources. Beijing: China Agriculture Press, 1995. 99~134.
- [8] Lin L F. Genetic distance of quantitative characters and its estimation. Acta Genetica Sinica, 1979, 6(3):249~355.
- [9] Qi G Y, Cai L, Zhong G H. Preliminary studies on genetic polymorphism of proteins and their association with growth and hair quality in yak. Journal of Southwest University for Nationalities (Natural Science Edition), 1991, 17(3):8~19.
- [10] Tu Z C, Zhang Y P, Qiu H. Mitochondrial DNA polymorphism and genetic diversity in Chinese yaks. Acta Genetica Sinica, 1998, 25(3):205~212.
- [11] Committee of Bovine Breeds of China. Bovine Breeds of China. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Press, 1986. 30~60.

参考文献:

- [1] 《中国畜禽遗传资源状况》编委会.中国畜禽遗传资源状况.北京:中国农业出版社,2004.18.
- [2] 钟金城,欧江涛,陈智华.牦牛遗传标记的研究.西南民族大学学报(自然科学版),2003,29(2):179~182.
- [3] 蔡立.中国牦牛.北京:中国农业出版社,1992.45~47.
- [4] 李孔亮,陆仲臻主编.牦牛科学研究论文集.兰州:甘肃民族出版社,1990.27~30.
- [5] 《中国牦牛学》编写委员会.中国牦牛学.成都:四川科学技术出版社,1989.4~74.
- [6] 钟金城.牦牛遗传与育种.成都:四川科学技术出版社,1996.24~68.
- [7] 常洪主编.家畜遗传资源学纲要.北京:中国农业出版社,1995.99~134.
- [8] 刘来福.作物数量性状的遗传距离及其测定.遗传学报,1979,6(3):249~355.
- [9] 起光勇,蔡立,钟光辉.牦牛血液蛋白遗传多样性及其与生长发育和毛绒品质特性关系的初步研究.西南民族学院学报(自然科学版),1991,17(3):8~19.
- [10] 涂正超,张亚平,邱怀.中国牦牛线粒体 DNA 多态性及遗传分化.遗传学报,1998,25(3):205~212.
- [11] 《中国牛品种志》编写组.中国牛品种志.上海:上海科学技术出版社,1986.30~60.