



基于基因组的SNP和ROH的河套大耳猪群体遗传结构解析

田明¹, 王文清², 程士哲³, 何鑫森¹, 王文涛¹, 吴赛辉¹, 王坤⁴, 李虎山⁵, 王玮婕⁵,
张龙超^{6*}, 刘娣^{1*}

(1. 黑龙江省农业科学院畜牧研究所, 哈尔滨 150086; 2. 五原县畜牧工作站, 巴彦淖尔 015000;
3. 巴彦淖尔市农牧局, 巴彦淖尔 015000; 4. 东北农业大学动物科学技术学院, 哈尔滨 150086;
5. 巴彦淖尔市畜牧业服务中心, 巴彦淖尔 015000; 6. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193)

摘要: 旨在通过基因组学方法系统评估河套大耳猪的群体遗传特征, 为其种质资源保护提供科学依据。本研究基于50K SNP芯片数据, 采用plink (v1.90)、GCTA软件(v1.93)、MEGAX (v10.0)等软件进行分析获得PCA、遗传距离、亲缘关系、近交系数以及系统发育树信息, 利用多维度分析方法对78头河套大耳猪进行检测。群体结构分析表明, 该群体可划分为4个亚群, 平均遗传距离为0.793, 6个公猪血统构成其家系基础。基因组纯合片段(ROH)分析共检测到2601个片段, 个体平均携带21个ROH, 平均长度7.77 Mb, 群体近交系数(F_{ROH})为0.13。综合分析显示, 该群体具有家系数量有限、公畜血统较少、中等亲缘关系、低近交水平等特点。这些基因组层面的研究结果为河套大耳猪的种群优化和遗传改良提供了重要参考。

关键词: 河套大耳猪; 群体结构; 基因组纯合片段(ROH); 单核苷酸多态性(SNP); 遗传多样性

中图分类号: S828.2

文献标志码: A

文章编号: 0366-6964(2026)02-0659-09

Genetic Structure Analysis of Hetao Big-ear Pig Population Based on Genomic SNP and ROH

TIAN Ming¹, WANG Wenqing², CHENG Shizhe³, HE Xinmiao¹, WANG Wentao¹, WU Saihui¹,
WANG Kun⁴, LI Hushan⁵, WANG Weijie⁵, ZHANG Longchao^{6*}, LIU Di^{1*}

(1. Institute of Animal Science, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China;
2. Wuyuan County Livestock Workstation, Bayannur 015000, China; 3. Bayannur Agriculture and Animal Husbandry Bureau, Bayannur 015000, China; 4. College of Animal Science and Technology, Northeast Agricultural University, Harbin 150086, China; 5. Bayannur Livestock Service Center, Bayannur 015000, China; 6. Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

Abstract: This study aimed to systematically evaluate the population genetic characteristics of Hetao Big-ear pigs using genomic approaches, providing scientific basis for the conservation of their germplasm resources. Based on 50K SNP chip data, Using software such as plink (v1.90), GCTA

收稿日期: 2025-06-18

基金项目: 国家重点研发计划(2021YFD1200303-03); 黑龙江省重点研发计划(2022ZX02B10); 国家生猪产业技术体系(CARS-35)

作者简介: 田明, 博士, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: tianming@haas.cn

* 通信作者: 刘娣, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: liudi1963@163.com; 张龙超, 主要从事猪遗传育种研究, E-mail: zhlchias@163.com

(v1.93), and MEGAX (v10.0) for analysis, PCA, genetic distance, kinship relationship, inbreeding coefficient, and phylogenetic tree information were obtained. Multi-dimensional analysis methods were used to detect 78 Hetao Big-ear pigs. Population structure analysis revealed that the population could be divided into 4 subgroups, with an average genetic distance of 0.793, and 6 sire lineages forming the foundation of its pedigree. Analysis of genomic runs of homozygosity (ROH) detected a total of 2 601 segments, with individuals carrying an average of 21 ROHs and an average length of 7.77 Mb. The population inbreeding coefficient (F_{ROH}) was 0.13. Comprehensive analysis indicated that this population exhibits characteristics including a limited number of lineages, relatively few sire bloodlines, moderate kinship relationships, and low inbreeding levels. These findings at the genomic level provide important references for the population optimization and genetic improvement of Hetao Big-ear pigs.

Keywords: Hetao Big-ear pig; population structure; runs of homozygosity (ROH); single nucleotide polymorphism (SNP); genetic diversity

* **Corresponding authors:** LIU Di, E-mail: liudi1963@163.com; ZHANG Longchao, E-mail: zhlchias@163.com

中国地方猪种质资源丰富,约占全球猪种质资源的1/3左右^[1]。中国地方猪种具有丰富的遗传多样性,比如高繁殖性能^[2]、高抗逆抗病性^[3-4]、肉质好^[5]等。但是由于20世纪80年代外三元白猪的引入以及近年非洲猪瘟疫病^[6]的发生,多重因素叠加,导致我国地方猪品种的数量逐年递减,许多地方猪品种面临保种困境,部分猪种的宝贵遗传资源几近消失^[7],且存在家系不清,群体管理混乱等问题,因此通过基因型信息,重新准确构建群体,维持群体遗传多样性是一项重要工作。近年来,随着测序成本不断降低、固态和液态基因芯片设计日趋完善,已经可以高效快捷的提供个体基因型数据^[8],经过构建群体遗传关系的分析,基因评估可以准确指导地方猪品种的保护工作。基于此,人们陆续对剑白香猪^[9]、丫杈猪^[10]、金华猪^[11]、宁乡猪^[12]、里岔黑猪^[13]、安庆六白猪^[14]、莱芜猪^[15]、大蒲莲猪^[16]、梅山猪^[17]等地方品种进行了群体的遗传多样性和结构研究。程昕琰等^[18]对广东省4类地方猪(蓝塘猪、大花白猪、粤东黑猪、小耳花猪)群体结构进行分析,发现蓝塘猪、大花白猪两个群体的近交程度极高,遗传多样性极低;小耳花猪遗传多样性偏低;粤东黑猪受瘦肉型猪血缘影响较大。

河套大耳猪是我国珍贵的地方猪品种遗传资源,原产于河套平原的“后套地区”,中心产区在内蒙古五原县等地。河套大耳猪被毛全黑、皮厚、有褶皱;面直而长,面部有倒八字形皱纹;耳大、下垂过嘴;背腰平直,腹大下垂,体窄胸深,尻斜;四肢粗壮,

尾粗长;乳头一般7对^[19]。河套大耳猪是由100多年前陕西、山西移民进入河套平原时带入的地方猪种与当地猪种及野猪之间杂交,经长期自然选择和人工选育后逐渐形成的地方品种,是我国华北型猪分布在内蒙古西部地区的一个优良地方猪种。河套大耳猪繁殖性能处于中等生产水平,抗逆性强、耐粗饲,发情明显、易配、护子性强。是我国重要的遗传资源之一。受非洲猪瘟影响,河套大耳猪群体数量从2018年开始骤减。2021年末,河套大耳猪存栏种公猪2头,能繁母猪59头、后备母猪13头。存栏数量极少,存在消失灭绝的风险,已经属于濒危品种^[20]。目前,对于河套大耳猪群体遗传结构的研究还未见报道。本研究使用基因芯片检测分析当前河套大耳猪群体的遗传多样性和群体结构,为河套大耳猪的种业安全和群体复壮提供重要的理论依据和数据支持。

1 材料与方法

1.1 试验动物

采集内蒙古自治区巴彦淖尔市五原县养殖户养殖的78头河套大耳猪耳组织样本,其中公猪13头,母猪65头。将采集的耳组织样本放入盛有75%酒精的冻存管中,并放入-20℃冰箱中保存,用“苯酚-氯仿法”,经过裂解、离心后提取样品DNA。

1.2 基因分型与数据质控

利用Illumina公司的Porcine SNP50 BeadChip

(United States)芯片对上述 78 个 DNA 样品进行杂交检测,将数据导入官方分析软件,共计获得 50 697 个 SNPs。通过 plink (v1.90) 软件对已经分型的 SNPs 数据进行质量控制,保证 SNP 检出率 $\geq 90\%$,最小等位基因频率进行质控大于 0.05,哈迪温伯格平衡小于 0.000 1。质控后合计得到 19 608 个 SNPs 可用于数据分析。

1.3 方法

1.3.1 主成分分析 主成分分析 (principal component analysis, PCA) 作为统计学中的特征提取技术,通过正交变换将多维特征转换为具有最大解释力的少数正交变量,在保证数据信息完整性的前提下实现特征压缩,这一特性使其在多元统计方法体系中占据重要地位^[21]。主成分是由原始变量经线性组合构建的新变量,且互不相关,能够最大限度保留原始数据集的关键信息。在当代畜牧科学领域,该技术已在动物种群遗传结构解析、品种进化溯源研究、选育指标优化等核心环节得到深度应用。本研究采用 GCTA 软件 (v1.93) 对河套大耳猪样本进行前 10 个主成分的提取,随后基于 R 语言平台 (v4.2) 构建二维散点分布模型以实现种群结构的直观展示。

1.3.2 遗传距离分析 遗传距离是表征生物类群间基因组差异的度量指标,其数值受系统发育分歧时长和遗传漂变强度的共同影响。状态一致性 (identity by state, IBS) 作为分子亲缘关系评估的重要参数,通过量化群体内个体间等位基因序列的匹配度,构建非系谱依赖的遗传相似性评价体系^[22]。与传统系谱分析不同,IBS 指标仅关注基因型状态的相似性特征,无需谱系追踪即可实现基于加权等位基因频率的遗传距离模型。本研究采用 Plink 软件 (v1.90) 进行 IBS 距离矩阵的构建,通过 R 语言平台 (v4.2) 构建热图。

1.3.3 亲缘关系分析 亲缘关系是基因组水平上的标准化度量指标,既是解析种群系统发育架构的核心分析维度,也是种质资源筛选决策和遗传多样性保护策略制定的理论依据。本研究整合 SNP 芯片数据,运用 Plink (v1.90) 进行全基因组关联分析,结合 GCTA (v1.93) 构建基于混合线性模型框架的遗传协方差矩阵 (G 矩阵)。

1.3.4 系统发育分析 使用 MEGAX (v10.0) 软件构建 78 个河套大耳猪个体的进化树。按照选育原则,按个体间的亲缘系数小于 0.062 5 的标准划

分家系。

1.3.5 ROH 分析 基于 Plink (v1.90) 平台的基因组同源区域识别算法,本研究进行连续性纯合片段 (ROH) 检测,主要参数如下:20 个 SNPs 的滑动窗口沿染色体滑动、每个滑动窗口的杂合子个数 ≤ 1 、最小片段长度阈值为 500 kb、最大标记间隔限值 1 000 kb、连续 SNP 密度指标 >30 个/Mb^[23]。继而应用 R 语言平台 (v4.2) 计算近交系数 (F_{ROH}),近交系数 (F_{ROH}) 的计算遵循公式如下所示^[24]:

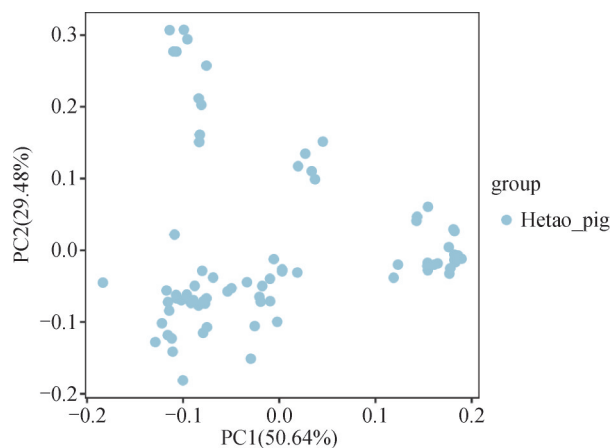
$$F_{ROH} = \frac{\sum L_{ROH}}{L_{AUTO}}$$

式中, $\sum L_{ROH}$ 为单个个体中所有检测到的 ROH 长度之和, L_{AUTO} 为基因型数据覆盖的常染色体基因组总长度。

2 结 果

2.1 主成分分析

使用 GCTA 软件计算河套大耳猪群体的 PCA,绘制的 PCA 图见图 1,河套大耳猪群体大致可以划分为 4 个部分;分析中 PC1 和 PC2 主成分可以解释的遗传变异分别为 50.64% 和 29.48%,可解释河套大耳猪中绝大部分变异。



PCA 图用第一个主成分和第二个主成分绘制

Plot the PCA graph using the first and second principal components of the computed results

图 1 河套大耳猪 PCA 分析结果

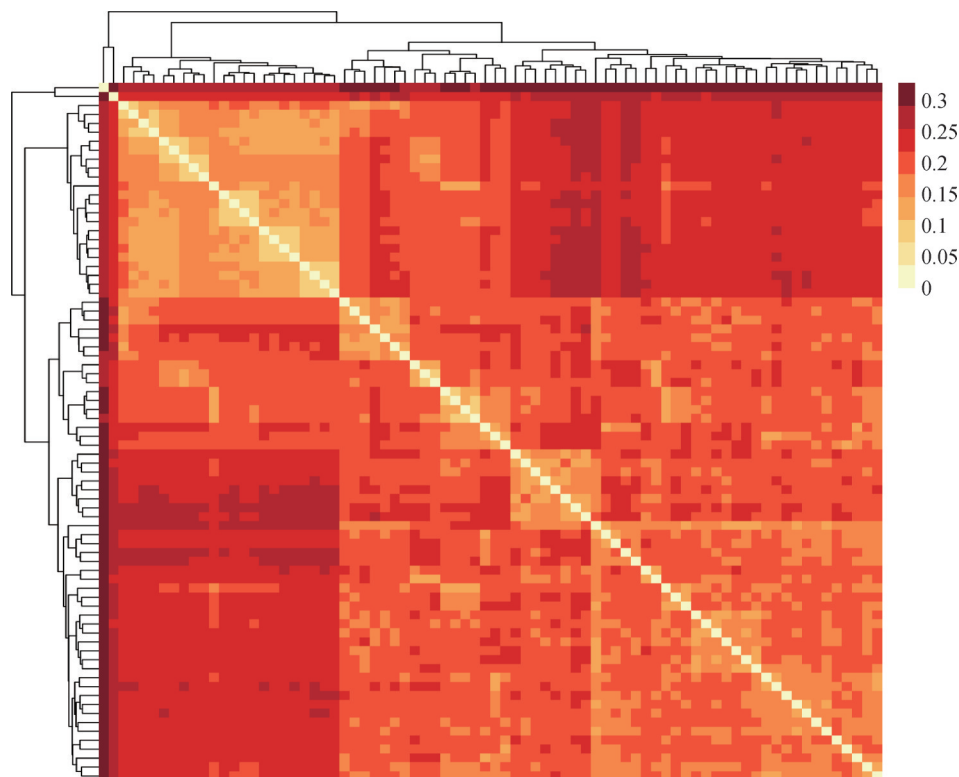
Fig. 1 PCA analysis results of Hetao Big-ear pig

2.2 遗传距离和亲缘关系分析

遗传距离和亲缘系数的分析结果显示,河套大耳猪群体呈显著的遗传多样性特征。遗传距离矩阵 (图 2) 显示个体间差异明显,其数值分布介于

0.672 至 0.923 之间,群体平均遗传距离达到 0.793,表明多数个体具有较远的遗传背景。亲缘关系矩阵(图 3)进一步揭示,虽然主要个体间表现

为中等亲缘程度,但仍存在一定比例的近亲个体。这一遗传结构特征提示在育种管理中需特别关注近交防控,以避免潜在的近交衰退风险。



图中每一个小方格代表第一个到最后一个个体两两之间的遗传距离,该值越大,小方格越接近红色,该值越小,小方格越接近黄色

Each small square in the figure represents the genetic distance between the first and last individuals in pairs, the larger the value, the closer the small square is to red, and the smaller the value, the closer it is to yellow

图 2 遗传距离矩阵

Fig. 2 Result of genetic distance matrix

2.3 河套大耳猪进化树分析

使用 plink(v1.90)及 MEGA X(v10.0)软件对 78 头河套大耳猪进行遗传聚类分析,并构建系统发育树,以解析该群体的家系结构和亲缘关系。结果如图 4 所示,78 头河套大耳猪共划分为 6 个家系,每个家系内的猪只数量不等,编号尾号为单数的代表公猪,尾号为双数的代表母猪。

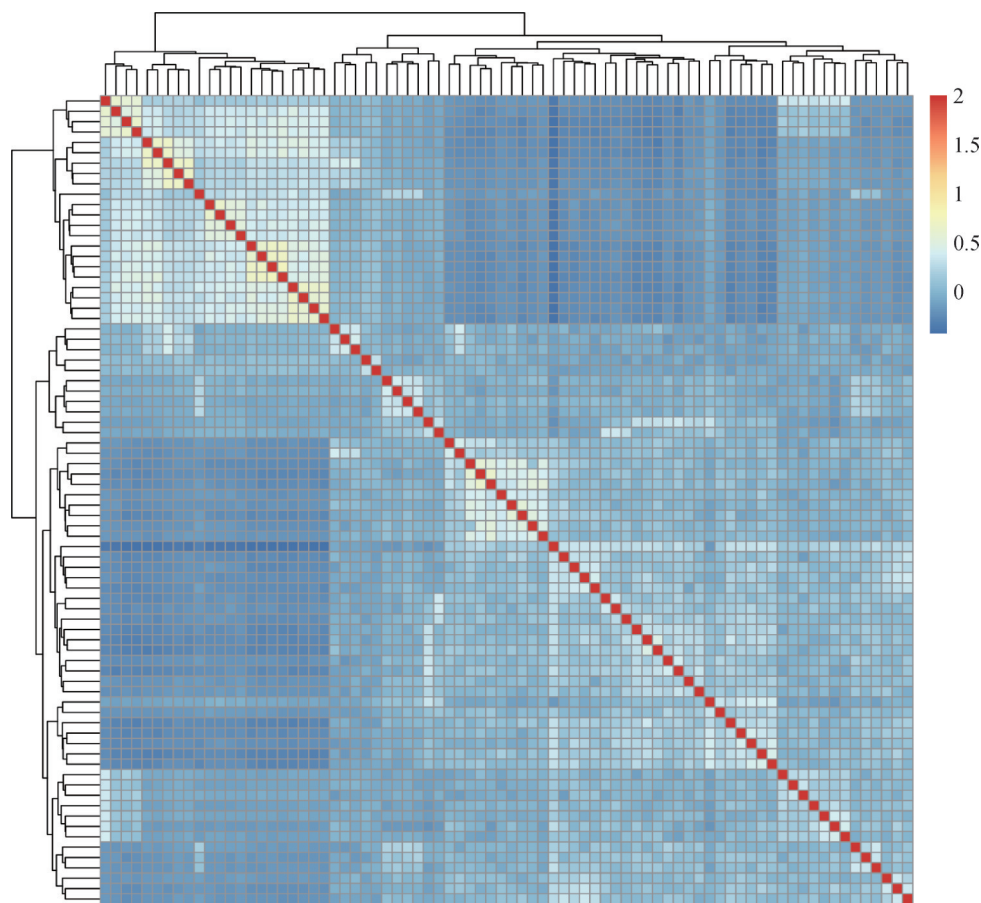
2.4 ROH 分析

ROH 长度越长表示在减数分裂过程中被重组的概率仍然很小,这意味着它们具有较近的亲缘关系,相反 ROH 越短则表示他们之间有较长的时代间隔。基于全基因组数据对 78 头河套大耳猪进行连续纯合片段(ROH)分析,共检测到 2 601 个 ROH。结果显示,个体平均携带 21 个 ROH,平均总

长度约 7.77 Mb,片段大小介于 1.10~155.63 Mb 之间(图 5A)。从染色体分布来看,6 号染色体 ROH 数量最多(278 个),而 17 号染色体最少(62 个)(图 5B)。个体间 ROH 数量差异较大,介于 6~63 个(图 5C)。其中,1~25 Mb 的短片段占比最高(58%)(图 5D)。此外,基于 F_{ROH} 计算的群体平均近交系数为 0.13,表明河套大耳猪存在一定程度的近交现象。

3 讨论

本研究通过多维分析方法揭示了河套大耳猪群体的遗传结构特征。主成分分析表明该群体未出现显著的分层现象。遗传距离分析显示个体间差异范围为 0.672~0.923(均值 0.793),反映出群



图中每一个方格代表第一个到最后一个个体的两两之间的亲缘关系值,该值越大越接近橙色,反之越接近蓝色

Each square in the figure represents the kinship value between the first to last individuals in pairs, with a larger value closer to orange and a smaller value closer to blue

图3 亲缘关系 G 矩阵

Fig. 3 Result of genetic relationship G matrix

体整体处于中等遗传分化水平,但存在部分亲缘关系较近的个体。在育种实践中,公猪对群体遗传结构具有决定性影响,其家系构成直接影响种群遗传多样性^[25]。本研究发现该群体可划分为6个主要家系。基于此构建种猪分子系谱更准确,可以弥补系谱不清的缺陷,明晰种群血缘和家系。

在近交评估方面,ROH分析已成为现代育种研究的重要工具^[26-27]。比较分析显示,我国地方猪种的ROH平均长度存在显著差异,从金华猪的4.11 Mb到滇南小耳猪的168 Mb不等^[28]。本研究中,河套大耳猪的ROH平均值为7.77 Mb,这表明河套大耳猪可能存在较远世代的近亲交配。本研究分析得出河套大耳猪群体的平均近交系数为0.13。与其他中国地方猪种相比,这一数值略高于里岔黑猪(0.11)^[29]和大蒲莲猪(0.108)^[16],但显著低于淳安

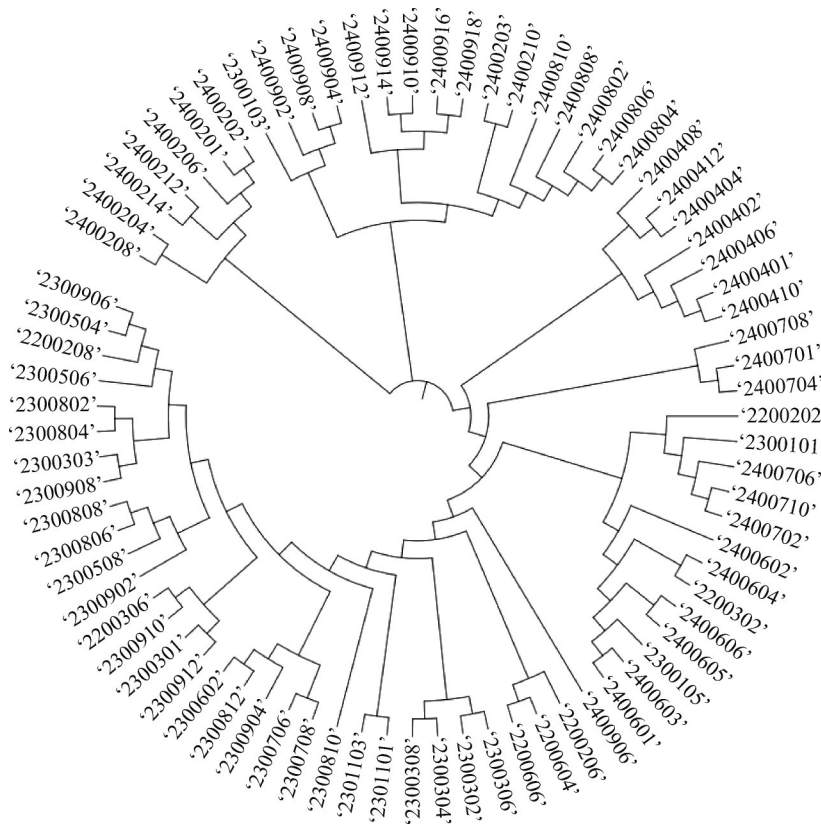
花猪(0.199)^[30],与嘉定梅山猪(0.148)^[17]相近。这些比较结果表明,河套大耳猪群体保持着中等偏低的近交水平,具有相对丰富的遗传多样性。这种遗传特征可能源于其较广的遗传基础和相对开放的繁育历史。

4 结 论

本研究采用Illumina公司的Porcine SNP50 BeadChip芯片对78头河套大耳猪进行全基因组SNP分型。由于该物种已经认定为濒危物种,样本量有限,只能进行少样本分析,本课题组将参考本研究分析结果,对河套大耳猪保种进行科学指导。通过主成分分析(PCA)发现,群体内个体分布较为分散,公猪未出现明显的遗传聚集现象。基于IBS遗传距离和 G 矩阵的亲缘关系分析均显示,该群体

具有中等程度的遗传分化和亲缘关系。系统发育分析(NJ聚类)将群体划分为6个独立家系,各家系间不存在重叠个体。ROH分析结果显示,群体平均

ROH长度和 F_{ROH} 值均维持在较低水平,说明近期末发生显著的近交现象。同时,较低的 F_{ROH} 值也反映出该群体具有较高的遗传多样性水平。

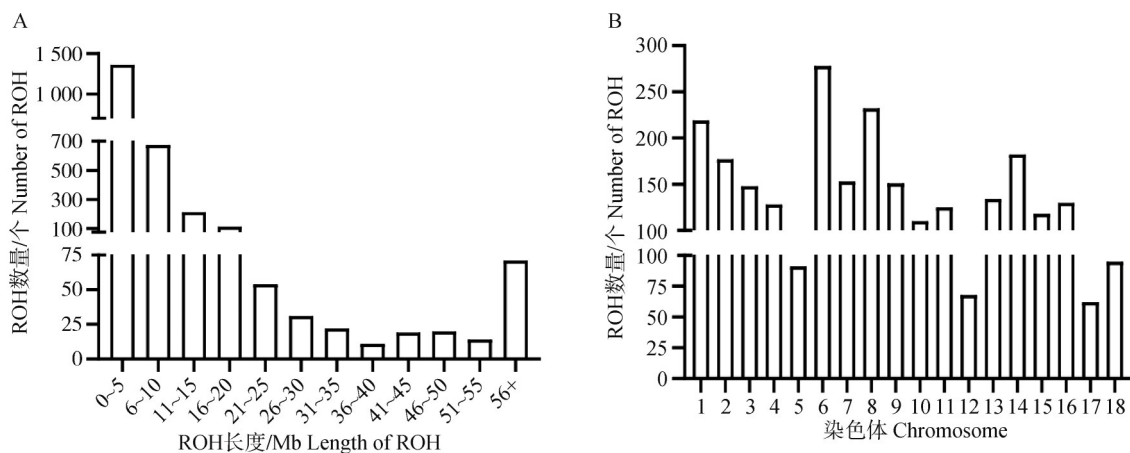


图中数字代表样品编号,编号尾号为单数的代表公猪,尾号为双数的代表母猪

The numbers in the figure represent the sample number, with odd numbered ones representing boars and even numbered ones representing females

图4 系统发育树

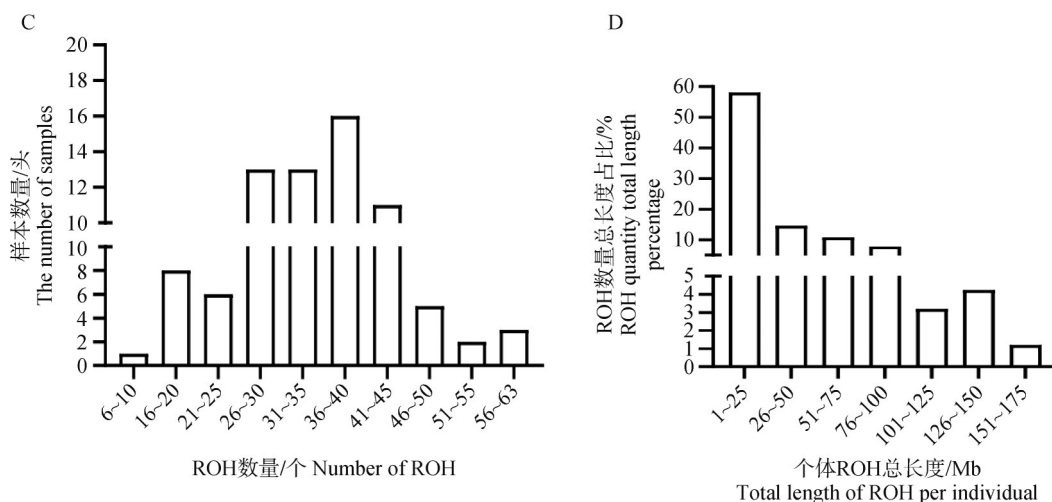
Fig. 4 Phylogeny tree



(图5 Fig.5)

(转下页 Carried forward)

(续图 5 Continued)



A. ROH 的长度区间统计; B. 各染色体上的 ROH 分布频率; C. 个体间 ROH 数量的变异情况; D. 不同长度区间的 ROH 占比分析

A. Size range statistics of ROH; B. Frequency distribution of ROH across chromosomes; C. Variation in ROH counts among individuals; D. Proportion analysis of ROH in different length categories

图 5 河套大耳猪 ROH 分布

Fig. 5 ROH distribution of Hetao Big-ear pig

参考文献 (References):

- [1] 魏 菁, 张子群, 王 琦, 等. 中国地方猪种种质资源的保护与利用探讨[J]. 畜禽业, 2021, 32(3): 43-44.
WEI J, ZHANG Z Q, WANG Q, et al. Conservation and utilization of germplasm resources of local pig breeds in China[J]. *Livestock and Poultry Industry*, 2021, 32(3): 43-44. (in Chinese)
- [2] 李平华, 马 翔, 张叶秋, 等. 影响二花脸猪高产仔性能的生理及遗传机制研究进展[J]. 遗传, 2017, 39(11): 1016-1024.
LI P H, MA X, ZHANG Y Q, et al. Progress in the physiological and genetic mechanisms underlying the high prolificacy of the Erhualian pig[J]. *Hereditas (Beijing)*, 2017, 39(11): 1016-1024. (in Chinese)
- [3] 徐 航. PRRSV 感染对通城猪和大白猪靶细胞和外周免疫器官等位基因特异性表达的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2020.
XU H. Analysis of allele specific expression of target cells and peripheral immune organs after PRRSV infection in Tongcheng and Large white pigs [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2020. (in Chinese)
- [4] 张冬杰, 汪 亮, 王文涛, 等. 冷处理对民猪皮下脂肪组织基因表达模式的影响[J]. 中国畜牧杂志, 2023, 59(8): 207-213.
- [5] 贾万里, 王继英, 李菁璇, 等. 基于转录组测序技术鉴别影响莱芜猪滴水损失的关键基因[J]. 畜牧兽医学报, 2025, 56(3): 1134-1146.
JIA W L, WANG J Y, LI Q X, et al. Identification of key genes affecting drip loss in Laiwu pigs based on transcriptome sequencing technology [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2025, 56(3): 1134-1146. (in Chinese)
- [6] 张总平, 杜新平, 牛培培, 等. 疫情压力下江苏省地方猪遗传资源保护及产业化发展[J]. 畜牧与兽医, 2023, 55(1): 139-144.
ZHANG Z P, DU X P, NIU P P, et al. Conservation and industrialization development of local pig genetic resources under epidemic pressure in Jiangsu province [J]. *Animal Husbandry & Veterinary Medicine*, 2023, 55(1): 139-144. (in Chinese)
- [7] 田 明, 刘 娣. 中国生猪育种历史与进程[J]. 中国畜禽种业, 2024, 20(12): 10-18, 3.
TIAN M, LIU D. History and progress of pig breeding in China [J]. *The Chinese Livestock and Poultry Breeding*, 2024, 20(12): 10-18, 3. (in Chinese)

ZHANG D J, WANG L, WANG W T, et al. Effects of cold treatment on the gene expression profile of subcutaneous adipose tissue in Min pig [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2023, 59(8): 207-213. (in Chinese)

- [8] AI H, HUANG L, REN J. Genetic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in Chinese and western pigs revealed by genome-wide SNP markers [J]. *PLoS One*, 2013, 8(2): e56001.
- [9] 胡紫平, 王立刚, 宗文成, 等. 基于基因组 SNP 和 ROH 的剑白香猪群体遗传结构解析[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(10): 4117-4125.
HU Z P, WANG L G, ZONG W C, et al. Genetic structure analysis of Jianbai Xiang pig population based on genomic SNP and ROH [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2023, 54 (10) : 4117-4125. (in Chinese)
- [10] 陶璇, 杨雪梅, 梁艳, 等. 基于 SNP 芯片的丫杈猪保种群体遗传结构研究[J]. 畜牧兽医学报, 2023, 54(6): 2308-2319.
TAO X, YANG X M, LIANG Y, et al. Analysis of genetic structure of conservation population in Yacha pig based on SNP chip [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2023, 54 (6) : 2308-2319. (in Chinese)
- [11] CHEN Z, YE X, ZHANG Z, et al. Genetic diversity and selection signatures of four indigenous pig breeds from eastern China [J]. *Anim Genet*, 2022, 53 (4) : 506-509.
- [12] GAO Z, ZHANG Y, LI Z, et al. Genomic breed composition of Ningxiang pig via different SNP panels [J]. *J Anim Physiol AN N*, 2022, 106(4): 783-791.
- [13] 李晓, 崔超, 王源, 等. 基于 SNP 芯片对里岔黑猪进行遗传多样性与遗传结构分析的研究[J]. 中国畜牧杂志, 2022, 58(11): 117-122.
LI X, CUI C, WANG Y, et al. Analysis of genetic diversity and genetic structure in Licha black pigs based on SNP chips [J]. *Chinese Journal of Animal Science*, 2022, 58(11): 117-122. (in Chinese)
- [14] WU X, ZHOU R, WANG Y, et al. Genome-wide scan for runs of homozygosity in asian wild boars and Anqing six-end-white pigs [J]. *Anim Genet*, 2022, 53 (6): 867-871.
- [15] WANG X, ZHANG H, HUANG M, et al. Whole-genome SNP markers reveal conservation status, signatures of selection, and introgression in Chinese Laiwu pigs [J]. *Evol Appl*, 2020, 14(2): 383.
- [16] 张鑫, 张婷, 王怀中, 等. 基于基因组信息的大蒲莲猪遗传多样性和群体结构变化分析[J]. 农业生物技术学报, 2024, 32(5): 1093-1101.
ZHANG X, ZHANG T, WANG H Z, et al. Analysis of genetic diversity and population structure changes of Dapulian pigs (*Sus scrofa*) based on genomic information [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2024, 32(5): 1093-1101. (in Chinese)
- [17] 涂尾龙, 王洪洋, 张莺莺, 等. 基于 SNP 芯片分析嘉定梅山猪遗传多样性和群体结构及其应用[J]. 上海农业学报, 2025, 41(2): 89-95.
TU W L, WANG H Y, ZHANG Y Y, et al. Analysis of genetic diversity and population structure of Jiading Meishan pigs based on SNP chips and its applications [J]. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2025, 41(2) : 89-95. (in Chinese)
- [18] 程昕琰, 王诗媛, 吉叶标, 等. 基于 50K SNP 芯片评估广东省四类地方猪保种群体的遗传结构[J]. 畜牧兽医学报, 2024, 55(12): 5464-5477.
CHENG X Y, WANG S Y, JI Y B, et al. Evaluation of the genetic structure of conservation populations of four major local pig breeds in Guangdong province based on a 50K SNP chip [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica sinica*, 2024, 55 (12) : 5464-5477. (in Chinese)
- [19] 敖明, 乌达巴拉. 内蒙古河套大耳猪品种资源调查及保种建议[J]. 当代畜禽养殖业, 2013(11): 47-49.
AO M, WUDA B L. Investigation of the genetic resources of the Inner Mongolia Hetao Big-ear pig breed and suggestions for conservation [J]. *Contemporary Livestock and Poultry Breeding*, 2013(11) : 47-49. (in Chinese)
- [20] 王文涛, 程士哲, 田明, 等. 河套大耳猪种质资源保护现状及发展建议[J]. 猪业科学, 2024, 41(9): 109-110.
WANG W T, CHENG S Z, TIAN M, et al. The current situation and development suggestions for the conservation of the Hetao Big-ear pig genetic resources [J]. *Swine Industry Science*, 2024, 41 (9) : 109-110. (in Chinese)
- [21] 杨前勇. 地方品种遗传多样性和群体结构的分析与统计方法[J]. 江西畜牧兽医杂志, 2017(5): 1-4.
YANG Q Y. Analysis and statistical methods of genetic diversity and population structure of local breeds [J]. *Jiangxi Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2017(5): 1-4. (in Chinese)
- [22] 杨坤, 安瑞, 杨雪梅, 等. 川乡黑猪重要经济性状 SNP 位点分型及分子系谱构建[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(6): 133-137.
YANG K, AN R, YANG X M, et al. Genotyping of SNP loci for important economic traits in Chuanxiang black pigs and construction of molecular pedigree [J].

- Chinese Journal of Animal Science*, 2024, 60(6): 133-137. (in Chinese)
- [23] PERIPOLLI E, MUNARI D P, SILVA M V G B, et al. Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock[J]. *Anim Genet*, 2017, 48(3): 255-271.
- [24] ZHANG Q, CALUS M P L, GULDBRANDTSEN B, et al. Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds[J]. *BMC Genet*, 2015, 16:88.
- [25] 刘晨龙, 卢 丹, 周泉勇, 等. 利用高密度 SNP 芯片分析杭猪的群体遗传结构[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(8): 2502-2513.
- LIU C L, LU D, ZHOU Q Y, et al. Analysis of population genetic structure of Hang pigs by high density SNP chip[J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2022, 53(8): 2502-2513. (in Chinese)
- [26] MARRAS G, GASPA G, SORBOLINI S, et al. Analysis of runs of homozygosity and their relationship with inbreeding in five cattle breeds farmed in Italy[J]. *Anim Genet*, 2015, 46(2): 110-121.
- [27] ZHAN H, ZHANG S, ZHANG K, et al. Genome-wide patterns of homozygosity and relevant characterizations on the population structure in Piétrain Pigs[J]. *Genes*, 2020, 11(5): 577.
- [28] XU Z, SUN H, ZHANG Z, et al. Assessment of autozygosity derived from runs of homozygosity in Jinhua pigs disclosed by sequencing data [J]. *Front Genet*, 2019, 10: 274.
- [29] WANG Y, DONG R, LI X, et al. Analysis of the genetic diversity and family structure of the Licha black pig population on Jiaodong peninsula, Shandong province, China[J]. *Animals*, 2022, 12(8): 1045.
- [30] 戴丽荷, 褚晓红, 陈晓宇, 等. 利用 SNP 标记分析淳安花猪群体遗传多样性和群体结构[J]. 养猪, 2021(6): 59-64.
- DAI L H, CHU X H, CHEN X Y, et al. Analysis of genetic diversity and genetic structure in Chun'an spotted pigs conserved population based on SNP chip [J]. *Swine Production*, 2021(6): 59-64. (in Chinese)

(编辑 郭云雁)