网络出版时间:2025-12-05 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.06.001

基于微卫星标记分析同羊种公羊的遗传多样性

邱彦博[1],江钧益[2],易晓华[2],王淑辉[2],孙秀柱[1]
(1 西北农林科技大学 草业与草原学院,陕西 杨凌 712100;2 西北农林科技大学 动物科技学院,陕西 杨凌 712100)

[摘 要] 【目的】基于微卫星标记分析同羊种公羊的遗传多样性,为同羊养殖业提供科学的家系鉴定与遗传管理方法。【方法】以36只同羊种公羊为对象,提取其血液DNA,使用荧光基团标记的9个微卫星[1个Y染色体微卫星位点(SRYM18)和8个常染色体微卫星位点(MAF65、AE129、ILSTS5、JMP29、SRCRSP9、FCB304、MCM140、BM8125)]引物进行PCR扩增,经CERVUS软件完成基因分型分析,利用R 4.4.1软件中的Poppr包计算个体间Nei氏遗传距离,并采用非加权配对算术平均法构建系统聚类图,进而分析同羊种公羊的遗传多样性特征。【结果】除了位于Y染色体的SRYM18外,其余8个位于常染色体的微卫星位点都具有高度多态性;双亲基因型未知时的单亲累计排除概率为95.27%,单亲基因型已知时的累计排除概率为99.54%,双亲基因型未知时的双亲累计排除概率为99.99%;36只同羊被划分为9个家系。【结论】对同羊种公羊的家系进行了鉴定与划分,为种公羊的选择和管理提供了科学依据,有利于促进同羊育种工作的可持续发展和遗传改良。

[关键词] 同羊;种公羊;微卫星标记;亲缘关系;遗传多样性
[中图分类号] S826.8+9 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)06-0001-07

Genetic diversity analysis of Tong sheep rams based on microsatellite markers

QIU Yanbo[1],JIANG Junyi[2],YI Xiaohua[2],WANG Shuhui[2],SUN Xiuzhu[1]
(1 *College of Grassland Agriculture,Northwest A&F University,Yangling,Shaanxi* 712100,*China*;
2 *College of Animal Science and Technology,Northwest A&F University,Yangling,Shaanxi* 712100,*China*)

Abstract:【Objective】This study aims to assess the genetic diversity of breeding rams of the Tong sheep breed using microsatellite markers,in order to provide a scientific basis for pedigree identification and genetic management in Tong sheep farming.【Method】A total of 36 rams of the Tong sheep breed were selected for analysis. Genomic DNA was extracted from blood samples of the rams,and PCR amplification was performed using nine fluorescently labeled microsatellite primers,including one Y-chromosome-specific marker (SRYM18) and eight autosomal markers (MAF65,AE129,ILSTS5,JMP29,SRCRSP9,FCB304,MCM140,BM8125). Genotyping analysis was completed by using CERVUS software. Nei's genetic distances between individuals were calculated by using the Poppr package in R 4.4.1 software,and a systematic cluster diagram was constructed by using the UPGMA method to analyze the genetic diversity characteristics of Tong sheep rams.【Result】Except for the Y-linked locus SRYM18,all the other eight autosomal microsatellite loci exhibited high polymorphism. The cumulative exclusion probability for single-parent exclusion was 95.27% when both parental genotypes were unknown,the cumulative exclusion probability for single-parent exclusion was 99.54% when one parental genotype was known,and the cumulative exclusion probability for both-parent exclusion was

[收稿日期] 2025-03-25 [修回日期] 2025-05-10
[基金项目] 国家牧草产业技术体系项目(CARS-34)
[作者简介] 邱彦博(1999—),女,山东潍坊人,在读博士,主要从事草畜耦合研究。E-mail:qiuyanbo1999@163.com
[通信作者] 孙秀柱(1976—),男,黑龙江望奎人,教授,博士,博士生导师,主要从事草畜耦合研究。E-mail:sunxiuzhu@nwafu.edu.cn

99.99% when both parental genotypes were unknown. The 36 rams were classified into nine distinct paternal lineages based on UPGMA clustering.【Conclusion】This study successfully identified and categorized the pedigrees of Tong sheep rams, providing a scientific foundation for ram selection and management, thereby promoting the sustainable development and genetic improvement of Tong sheep breeding programs.

Key words: Tong sheep; breeding rams; microsatellite markers; genetic relationship; genetic diversity

同羊(*Ovis aries*)是我国特有的地方性绵羊品种,原产于陕西省,具有肉质优良、羊毛半细、脂尾独特及"珍珠花"裘皮等特征[1]。作为世界稀有的绵羊遗传资源,同羊在肉用种质创新与遗传改良领域具有重要的育种价值[2]。该品种具备较强的适应西北干旱-半干旱地区生态环境的能力,其羔羊皮形成的独特"珍珠花"毛被结构更是我国重要的羔皮专用型绵羊遗传资源,兼具毛用、肉用与裘皮用的多元经济价值[3]。然而,当前畜禽养殖场普遍存在系谱记录缺失的问题,这一现状可能导致群体近交系数升高,引发繁殖性能下降、抗病力减弱等近交衰退风险,严重制约种质资源遗传多样性的可持续利用。因此,开发一种高效、精准的家系鉴定方法,对同羊遗传资源的科学保护和育种优化至关重要。

微卫星标记又被称为短串联重复序列(short tandem repeats, STRs)或简单重复序列(simple sequence repeats, SSR),是一类均匀分布于真核生物基因组的短核苷酸重复序列[4]。这类标记具有多态性丰富、呈共显性遗传以及检测技术成熟等优势,广泛用于畜禽遗传多样性评估[5]、亲缘关系鉴定[6]、群体遗传结构分析[7]以及分子标记辅助育种[8]等领域。微卫星标记核心优势在于能够通过荧光标记毛细管电泳实现快速分型,且对试验设备要求相对较低,适合大规模群体筛查,可为畜禽群体的遗传管理提供可靠工具。例如,已有研究利用SSR技术对动物的不同品种开展遗传表征分析,解析品种间遗传特征的差异[9-10];也有研究借助SSR对特定区域内的某一种群进行遗传结构分析[11-12],揭示地理环境、繁育历史等因素对种群遗传结构的塑造作用。

近年来,随着高通量测序技术的发展,微卫星标记与其他分子标记的联合应用成为趋势[13-14]。单核苷酸多样性(single nucleotide polymorphism, SNP)标记虽具有密度高、适合自动化检测的优势,但在亲缘关系较近的群体中,其鉴别力可能低于微卫星标记。目前,同羊种公羊家系鉴定体系尚不完善。本研究通过优化微卫星位点组合与分析流程,构建适用于同羊种公羊的高精度家系鉴定体系,为同羊良种登记、核心群构建及杂种优势利用提供技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验动物

以陕西白水同羊原种场36只成年健康、生长情况良好的同羊种公羊(T1~T36)为研究对象,于颈部腹侧颈静脉沟定位采血点,使用含EDTA抗凝剂的真空采血管完成静脉穿刺采血。采集的血液样本于-80 ℃超低温冰箱中冻存备用。

1.2 同羊血液基因组DNA的提取

采用血液基因组DNA抽提试剂盒(Sangon,上海)提取同羊种公羊血液DNA,通过1.5%的琼脂糖凝胶电泳(电压120 V,电泳时间40 min)检测DNA完整性,DNA呈明亮的单一条带,表明完整性良好。采用NanoDrop2000分光光度仪在260和280 nm处检测吸光度(OD_{260}和OD_{280}),OD_{260}/OD_{280}为1.8~2.0表明DNA质量检测合格,然后使用超纯水将DNA溶液统一稀释至50 ng/μL,备用。

1.3 同羊微卫星位点的筛选及引物设计

从已发表的文献[15-17]中筛选了8个常染色体微卫星标记和1个Y染色体微卫星标记。根据引物扩增片段长度和退火温度,将9对微卫星标记划分为3组,分别在5′端标记六氯荧光素(hexachlorofluorescein, HEX)、羧基荧光素(carboxyfluorescein, FAM)或四甲基罗丹明(tetramethylrhodamine, TAMRA)荧光基团。同羊微卫星标记的引物序列及荧光标记信息详见表1。

1.4 同羊种公羊遗传多样性微卫星检测

PCR反应体系为25 μL,其中包含10 μmol/L上下游引物各0.5 μL、2×*Taq* PCR Mix 12.5 μL、50 ng/μL DNA模板1 μL及ddH_2O 10.5 μL。扩增程序(Touch Down模式):95 ℃预变性5 min;95 ℃ 30 s,65~55 ℃(梯度退火,每循环降低1 ℃)30 s,72 ℃ 40 s,循环10次;95 ℃ 30 s,58 ℃ 30 s,72 ℃ 40 s,循环25次;72 ℃终延伸10 min。扩增产物通过ABI 3730XL基因分析仪进行分型,基因型数据采用GeneMarker V1.91软件分析。

表 1　同羊种公羊微卫星位点及引物信息

Table 1　Microsatellite loci and primer information of Tong sheep rams

位点 Locus	引物序列（5′→3′） Primer sequence (5′→3′)	染色体位置 Chromosome location	5′端荧光基团 Fluorescent groups at the 5′-end
MAF65	F：AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG，R：CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG	OAR15	HEX
AE129	F：AATCCAGTGTGTGAAAGACTAATCCAG，R：GTAGATCAAGATATAGAATATTTTTCAACACC	OAR5	HEX
ILSTS005	F：GGAAGCAATGAAATCTATAGCC，R：TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	OAR10	HEX
JMP29	F：GTATACACGTGGACACCGCTTTGTAC，R：GAAGTGGCAAGATTCAGAGGGGAAG	OAR24	FAM
SRCRSP9	F：AGAGGATCTGGAAATGGAATC，R：GCACTCTTTTCAGCCCTAATG	OAR12	FAM
FCB304	F：CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG，R：CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	OAR19	FAM
MCM140	F：TCTGGGTACTGTCTCCCCA，R：GCTATAGTCCATGGATTTGCAGAGT	OAR6	TAMRA
BM8125	F：CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG，R：GGGGGTTAGACTTCAACATACG	OAR17	TAMRA
SRYM18	F：GGCATCACAAACAGGATCAGCAAT，R：GTGATGGCAGTTCTCACAATCTCCT	Y	TAMRA

1.5　数据统计分析

使用 CERVUS 3.0.7 软件分析微卫星位点的等位基因频率，计算等位基因数目、期望杂合度（H_e）、观察杂合度（H_o）、多态信息含量（PIC）、非亲权排除概率及无效等位基因频率。根据公式“排除概率＝1－非排除概率”计算累计排除率，以评估微卫星标记鉴定的准确性。

采用 R 4.4.1 软件 Poppr 包中的 nei.dist 函数，根据等位基因频率计算个体间的 Nei 氏遗传距离。利用 Ape 包中的 upgma 函数，通过非加权配对算术平均法构建系统发育树，开展同羊家系的遗传聚类分析。

2　结果与分析

2.1　同羊种公羊微卫星位点遗传多样性分析

图 1 显示，T3 个体在 JMP29 位点表现为 122 和 132 bp 的双峰信号，符合杂合子特征；T5 个体也在该位点扩增出了 124 和 132 bp 的杂合片段，表明 JMP29 位点在同羊种公羊中存在等位基因变异。同羊个体常染色体上的微卫星位点均表现出不同程度的等位基因多样性（表 2），但位于同羊 Y 染色体上的 SRYM18 微卫星位点未检测到多态性。

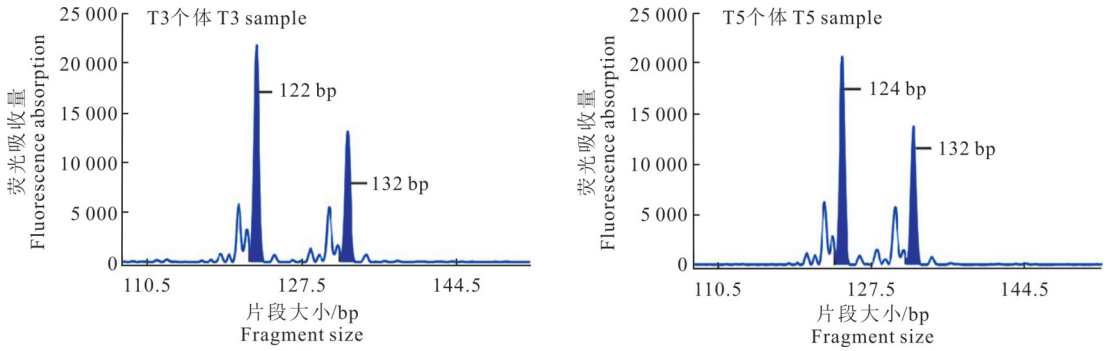


图 1　同羊种公羊 T3 和 T5 个体在微卫星位点 JMP29 的毛细管电泳检测图谱

Fig. 1　Capillary electrophoresis profiles of microsatellite locus JMP29 in Tong sheep rams T3 and T5 samples

表 2　36 只同羊种公羊在常染色体 8 个微卫星位点的等位基因分布

Table 2　Allele distribution at 8 autosomal microsatellite loci in 36 Tong sheep rams

个体 Individual	等位基因长度/bp Length of allele							
	MAF65	AE129	ILSTS5	JMP29	SRCRSP9	FCB304	MCM140	BM8125
T1	124/127	148/148	195/195	134/134	109/109	164/179	171/183	115/115
T2	126/129	148/148	194/194	124/132	110/116	—	179/183	—
T3	126/129	148/148	195/195	122/132	109/109	164/166	183/183	115/115
T4	127/127	146/146	194/196	133/135	109/109	164/166	179/181	—
T5	126/129	146/148	193/195	124/132	109/116	164/164	173/179	115/115
T6	126/126	148/148	190/195	122/124	109/109	164/179	169/179	116/119

表2(续) Table 2(continued)

个体 Individual	等位基因长度/bp Length of allele							
	MAF65	AE129	ILSTS5	JMP29	SRCRSP9	FCB304	MCM140	BM8125
T7	126/133	148/148	195/195	132/134	109/116	166/170	171/171	115/119
T8	129/133	146/146	194/194	136/136	109/120	164/176	179/179	115/121
T9	124/133	148/148	194/194	124/124	109/116	164/179	169/179	119/119
T10	129/133	148/148	194/194	130/132	109/116	164/164	177/179	112/116
T11	126/133	146/148	196/196	134/136	109/109	166/179	170/179	115/115
T12	133/133	146/146	193/201	132/134	116/120	166/166	183/183	115/115
T13	128/133	146/148	195/201	132/132	120/120	166/176	179/181	115/115
T14	126/133	146/146	195/195	122/134	109/115	164/179	179/183	116/116
T15	126/133	146/148	193/195	134/136	109/109	164/164	168/179	119/119
T16	126/133	146/148	193/196	124/132	109/109	164/179	179/187	115/119
T17	129/129	146/148	195/195	130/132	109/109	166/166	183/183	116/119
T18	126/133	134/134	194/194	132/136	109/116	166/179	179/183	114/115
T19	126/128	146/148	190/194	132/134	116/116	164/166	179/181	112/119
T20	126/126	146/146	194/196	133/133	110/116	162/166	179/181	—
T21	120/126	146/148	194/194	124/124	109/109	179/179	179/183	108/112
T22	128/133	131/151	189/195	134/134	109/116	164/164	179/181	116/119
T23	126/133	146/148	194/196	122/124	109/109	164/179	179/181	116/119
T24	126/129	146/148	193/195	124/132	109/109	164/164	179/183	114/115
T25	126/126	146/148	195/201	124/132	109/109	164/166	179/183	115/119
T26	128/128	146/148	193/195	122/132	109/109	164/166	179/179	115/115
T27	127/127	146/148	194/194	123/132	109/120	164/164	173/179	—
T28	126/126	146/148	194/194	134/136	116/116	164/179	169/183	112/115
T29	126/126	134/146	190/194	132/134	109/116	164/164	179/183	116/116
T30	126/128	134/146	193/196	122/132	109/116	162/166	181/183	115/119
T31	126/129	134/134	193/193	132/134	116/116	164/164	179/179	108/115
T32	126/133	134/148	194/194	132/134	109/109	166/170	170/183	115/119
T33	133/133	134/146	193/196	132/132	115/120	179/181	168/179	108/119
T34	126/129	134/146	193/196	122/130	109/109	164/164	179/181	119/119
T35	126/133	134/146	193/193	122/124	109/109	164/164	168/183	115/119
T36	126/133	134/134	195/195	134/136	116/116	164/164	168/183	115/115

进一步对同羊种公羊常染色体上的微卫星位 点进行分析,结果见表3。

表3 同羊种公羊常染色体8个微卫星标记遗传多样性指标与排除概率数据统计

Table 3 Statistics data of genetic diversity indices and exclusion probabilities for 8 autosomal microsatellite markers in Tong sheep rams

项目 Item	等位基因数 Number of alleles	观察杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态信息含量 PIC	1P	2P	PP	无效等位基因频率 Null allele frequency
MAF65位点 MAF65 locus	7	0.694	0.746	0.698	0.338	0.517	0.707	0.013 3
AE129位点 AE129 locus	5	0.583	0.656	0.576	0.219	0.367	0.526	0.041 1
ILSTS5位点 ILSTS5 locus	7	0.500	0.780	0.733	0.377	0.556	0.740	0.225 5
JMP29位点 JMP29 locus	9	0.778	0.821	0.785	0.455	0.631	0.813	0.012 0
SRCRSP9位点 SRCRSP9 locus	5	0.417	0.573	0.508	0.171	0.319	0.485	0.167 2
FCB304位点 FCB304 locus	7	0.600	0.675	0.620	0.256	0.429	0.615	0.067 2
MCM140位点 MCM140 locus	10	0.806	0.758	0.715	0.365	0.544	0.740	−0.054 1
BM8125位点 BM8125 locus	7	0.594	0.727	0.673	0.312	0.487	0.677	0.100 9
累计排除率 Cumulative exclusion probability					0.952 7	0.995 4	0.999 9	

注:1P指双亲基因型未知时的单亲累计排除率;2P表示单亲基因型已知时的累计排除率;PP代表双亲基因型未知时的双亲累计排除率。

Note: 1P refers to the cumulative exclusion probability for a single parent when both parental genotypes are unknown; 2P denotes the cumulative exclusion probability for a single parent when one parental genotype is known; PP represents the cumulative exclusion probability for both parents when both parental genotypes are unknown.

由表3可知,8个常染色体位点共检测到57个 等位基因,各位点的等位基因数为5~10个,平均为

7.125个，表明所选的微卫星位点具有丰富的等位基因信息，在反映群体遗传多样性方面具有较高的分辨率；H_o值为0.417～0.806，平均值为0.622；H_e值为0.573～0.821，平均值为0.717；PIC为0.508～0.785，平均值为0.664；无效等位基因频率均低于0.25，表明所选的8个微卫星位点均具有高度多态性，研究群体具有较高的遗传多样性，适合用于群体遗传结构的深入分析。此外，累计排除率计算结果显示，当双亲基因型未知时，单亲、双亲累计排除率分别为95.27%和99.99%（表3），说明这些微卫星位点在系谱分析中的排除能力较强，适用于亲缘关系鉴定。

2.2　同羊种公羊家系划分

基于Nei氏遗传距离进行非加权配对算术平均法聚类分析，对36只同羊个体进行了遗传关系评估。结果显示，这些个体被划分为Ⅰ～Ⅸ共9个家系（图2），结果为后续育种工作提供了清晰的亲缘关系参考。

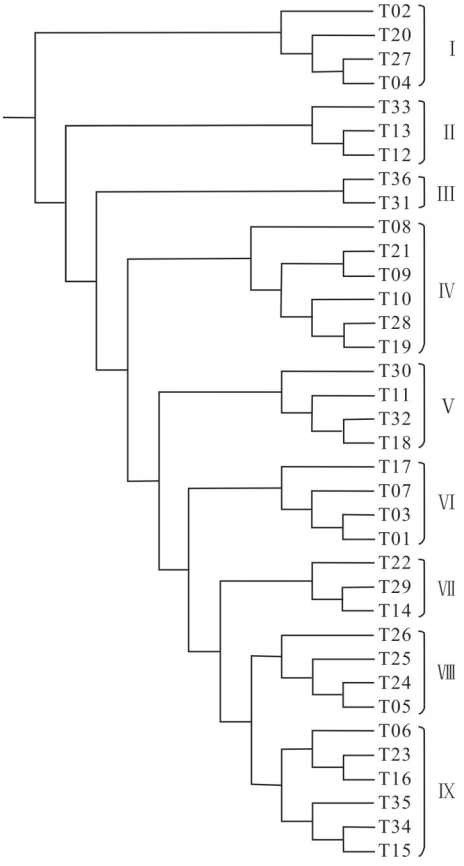


图2　基于Nei氏遗传距离的同羊种公羊非加权配对算术平均法聚类分析

Fig. 2　UPGMA clustering analysis of Tong sheep rams based on Nei's genetic distance

3　讨　论

微卫星是由短串联重复序列组成的DNA标记，于1982年首次在人心肌肌动蛋白基因（λHa-25）中被鉴定[18]。相较于其他分子标记技术，微卫星标记技术具备全基因组覆盖度高、多态性位点丰富、遗传模式呈现共显性特征。大量研究表明，微卫星标记能够准确揭示不同畜禽群体间的遗传差异。郭徽力等[19]在织金白鹅公鹅和母鹅群体中分别筛选出2个和6个可作为体尺性状分子标记的微卫星位点。姚莹莹等[20]利用15个微卫星位点对也迷里鸡公鸡和母鸡的2个世代共4个群体进行遗传多样性评估，依据遗传距离成功将这4个群体分为2类，展现了不同群体间的遗传关系和分化情况；ZHUANG等[21]利用微卫星标记方法证明了越南鸡与中国云南省的一些当地鸡品种有很强的亲缘关系。此外，研究者通过30个微卫星标记对安徽地方猪种和引进猪种（各5个品种）的遗传结构进行分析发现，地方猪种和引进猪种明显聚为2类，且地方品种内部基因交流程度更高[22]，揭示了不同来源猪种间的遗传差异，也为猪的遗传资源管理、品种改良以及杂交育种等工作提供了理论依据。

微卫星标记与重要经济性状的关联分析可为分子育种提供靶点，使育种工作能够更加精准地针对目标性状进行选择，加速优良品种的培育进程，提高育种效率。例如，*FecB*作为羊繁殖性状的主效基因，其6个微卫星座位中的300 U（基因型148/160 bp）和GC101（基因型200/238 bp）可以用于高繁绵羊的初步辅助选择[23]。早胜牛作为甘肃省优良的地方牛种，具有丰富的遗传多态性，目前研究人员已通过关联分析筛选出6个与其体高、体长等经济性状存在关联的微卫星位点，用作选育复壮的早期选择标记[24]。

微卫星标记在野生动物种群研究中也展现出重要价值。唐小澄等[11]对北京松山地区野猪种群的研究发现，该地区野猪种群总体呈现中度近交状态，这可能对种群的发展产生一定的抑制作用；彭文杰等[25]对黑龙江茴鱼种群的研究发现，位于松江河、根河、呼玛河以及诺敏河中的黑龙江茴鱼种群表现出较高的遗传多样性水平，并产生了一定程度的遗传分化。这些研究结果对于野生动物的保护和管理具有重要的指导意义。另外，微卫星标记还被用于监测人工保种计划的效果。在人工保种过

程中,种群的遗传结构会随着时间和保种措施的实施发生变化,而微卫星标记的等位基因频率、杂合度等参数能够反映这些遗传结构的改变。通过定期检测这些参数,可以评估保种计划是否有效地维持了种群的遗传多样性。例如,刘刚[26]对普氏野马的10个微卫星座位进行检测分析后,将126匹马划分为3个遗传结构有差异的类群,提示在普氏野马的圈养管理及放归过程中,需定期整合谱系记录与分子标记数据,以规避圈养种群遗传多样性丧失的风险。本研究采用非加权配对算术平均法聚类分析,将36只同羊公羊划分为9个家系,揭示了同羊的遗传结构和家系关系,有助于优化配种方案,避免近亲交配,培育优良品系。

微卫星标记技术作为成熟的亲缘关系鉴定技术体系在畜禽研究领域应用广泛。赵志达等[27]通过该技术对甘肃地区30只湖羊种公羊进行鉴定,将其划分为6个家系。AGAPITO等[28]通过10个微卫星标记分析了秘鲁不同地理区域329只羊驼群体的亲子关系,结果表明,平均每个基因座有14.5个等位基因,平均PIC值为0.795 1,仅已知后代基因型时排除任意候选亲本与后代亲子关系的总概率为0.999 456,已知后代和另一亲本基因型时该概率为0.999 991,证实这10个微卫星多重体系具有较高的排除能力,说明该检测方法在羊驼亲子关系确定方面具有实用价值。PIC是评估基因位点多态性程度的核心指标,当PIC值大于0.5时,表明该位点具有高度多态性[29]。在本研究选取的9个微卫星位点中,8个位于常染色体上的微卫星位点均呈高度多态性,说明这些位点在长期进化过程中可能受到了自然选择和人工选育的双重作用,蕴含丰富的遗传多样性。亲缘关系分析显示,在双亲基因型未知时得到了0.999 9的累计排除率,证实上述位点在同羊的亲缘鉴定中具有极高的可靠性和实用性。

2020年陕西省畜禽遗传资源普查数据显示,同羊作为国家级保护品种,目前仅存于陕西省白水同羊原种场,现存种群规模为335只,具有极高的遗传资源保护价值[30]。然而,长期闭锁保种过程中,种群可能面临近交衰退、遗传漂变等风险,进而引发遗传多样性衰减,威胁种群可持续发展。H_o反映了群体中实际杂合子的比例,H_e则是在理想遗传平衡状态下的理论杂合子比例。杂合度越高表明群体的遗传变异越大,本研究中同羊群体的H_o值平均为0.622,H_e平均值为0.717,均处于较高水平,且H_e高于H_o,说明该同羊群体依然保有较高的遗传多样性。同时也暗示群体可能已经受到一定程度的近交、选择作用或遗传漂变的影响,导致实际杂合子比例低于理论预期值。

尽管基于微卫星标记的同羊亲缘鉴定技术可实现对其遗传资源的动态监测,但本研究受限于样本规模以及种公羊群体内家系划分的研究设计,未引入外群对照,未来研究拟进一步整合外群遗传数据,以全面解析同羊在更广泛物种遗传背景中的进化位置与群体关系。现阶段,同羊保种工作仍面临诸多待解问题,一方面需制定科学化保种策略,通过构建完善的亲缘关系档案实现遗传资源的精准保护;另一方面可依托基因编辑、胚胎工程等现代生物技术,结合微卫星标记辅助选择技术,构建高效的育种优化体系。

4 结 论

确定了8个(MAF65、AE129、ILSTS5、JMP29、SRCRSP9、FCB304、MCM140、BM8125)可用于同羊种公羊亲缘关系鉴定的常染色体微卫星位点,明确了Y染色体上的SRYM18位点不适用于同羊种公羊亲缘关系鉴定。本研究为开展同羊育种及亲缘关系分析的相关研究工作提供了重要基础,有助于同羊遗传资源保护和产业的可持续发展。

[参考文献]

[1] 国家畜禽遗传资源委员会办公室. 国家畜禽遗传资源品种名录(2021年版)[Z/OL]. [2025-03-25]. https://zypc.nahs.org.cn/pzml/classify.html
Office of the China National Committee of Animal and Poultry Genetic Resources. Catalogue of national animal and poultry genetic resource breeds (2021 Edition) [Z/OL]. [2025-03-25]. https://zypc.nahs.org.cn/pzml/classify.html.

[2] 杨晓明,马章全,任李俊,等. 同羊保种选育基本方向的再思考[J]. 畜牧兽医杂志,2017,36(6):51-52.
YANG X M, MA Z Q, REN L J, et al. Reconsideration on the basic direction of sheep breeding[J]. Journal of Animal Science and Veterinary Medicine, 2017, 36(6): 51-52.

[3] 马章全,杨师珍. 著名同羊与我国肉羊产业的发展[C]//中国畜牧业协会. 2005中国羊业进展:第二届中国羊业发展大会会刊. [出版地不详][出版者不详],2005:152-155.
MA Z Q, YANG S Z. Famous sheep and the development of meat sheep industry in China[C]//China Animal Agriculture Association. 2005 Progress in China's Sheep Industry: Proceedings of the Second China Sheep Industry Development Conference. [s.l.][s.n.], 2005: 152-155.

[4] ALVES S I A, DANTAS C W D, MACEDO D B, et al. What

are microsatellites and how to choose the best tool: a user-friendly review of SSR and 74 SSR mining tools[J]. Frontiers in Genetics, 2024, 15: 1474611.

[5] SALAS-CASTAÑEDA M R, SAAVEDRA-SOTELO N C, CRUZ-BARRAZA J A, et al. Novel microsatellite markers suggest significant genetic isolation in the Eastern Pacific sponge *Aplysina gerardogreeni*[J]. Molecular Biology Reports, 2024, 51(1): 87.

[6] WANG J, SUN Z W, JIANG L L, et al. Developing microsatellite duplex PCR reactions for sterlet (*Acipenser ruthenus*) and their application in parentage identification[J]. Scientific Reports, 2022, 12: 12036.

[7] 蔡欣，泽让东科，赵芳芳，等. 麦洼牦牛群体4个新微卫星位点遗传多态性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版)，2014，42(5)：29-32.
CAI X, MIPAM Tserang-donko, ZHAO F F, et al. Genetic polymorphism of four novel microsatellite loci of Maiwayak[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2014, 42(5): 29-32.

[8] 王斌，昝林森，杜宝民，等. 西镇牛微卫星DNA与生长发育性状的关联性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版)，2017，45(3)：7-16.
WANG B, ZAN L S, DU B M, et al. Association of microsatellite DNA with growth traits of Xizhen cattle[J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 2017, 45(3): 7-16.

[9] RAHAL O, AISSAOUI C, ATA N, et al. Genetic characterization of four algerian cattle breeds using microsatellite markers [J]. Animal Biotechnology, 2021, 32(6): 699-707.

[10] D'ANGELO F, ALBENZIO M, SEVI A, et al. Genetic variability of the Gentile di Puglia sheep breed based on microsatellite polymorphism [J]. Journal of Animal Science, 2009, 87(4): 1205-1209.

[11] 唐小澄，杨婧，董艳民，等. 北京松山国家级自然保护区野猪种群遗传结构初步分析[J/OL]. 兽类学报，2025：1-18.(2025-01-07). https://doi.org/10.16829/j.slxb.150924.
TANG X C, YANG J, DONG Y M, et al. Preliminary analysis on genetic structure of wild boar population in Songshan National Nature Reserve, Beijing[J/OL]. China Industrial Economics, 2025: 1-18. (2025-01-07). https://doi.org/10.16829/j.slxb.150924.

[12] 周明亮，庞倩，陈明华，等. 微卫星标记分析勒通绵羊的遗传多样性[J]. 家畜生态学报，2024，45(9)：16-20.
ZHOU M L, PANG Q, CHEN M H, et al. Analysis of genetic diversity of Letong sheep with microsatellite markers[J]. Journal of Domestic Animal Ecology, 2024, 45(9): 16-20.

[13] 殷彬，岳书俭，俞英，等. 奶牛分子系谱构建或亲权鉴定的微卫星标记筛选[J]. 畜牧兽医学报，2017，48(4)：595-604.
YIN B, YUE S J, YU Y, et al. Selection of microsatellite markers used for pedigree tree construction and/or paternity testing in Chinese Holstein cows[J]. Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences, 2017, 48(4): 595-604.

[14] SHEN X F, LI R, LI H X, et al. Noninvasive prenatal paternity testing with a combination of well-established SNP and STR markers using massively parallel sequencing[J]. Genes, 2021, 12(3): 454.

[15] NIU L L, LI H B, MA Y H, et al. Genetic variability and individual assignment of Chinese indigenous sheep populations (*Ovis aries*) using microsatellites[J]. Animal Genetics, 2012, 43(1): 108-111.

[16] E G X, ZHONG T, MA Y H, et al. Conservation genetics in Chinese sheep: diversity of fourteen indigenous sheep (*Ovis aries*) using microsatellite markers[J]. Ecology and Evolution, 2016, 6(3): 810-817.

[17] ZHANG M, PENG W F, YANG G L, et al. Y chromosome haplotype diversity of domestic sheep (*Ovis aries*) in northern Eurasia[J]. Animal Genetics, 2014, 45(6): 903-907.

[18] HAMADA H, KAKUNAGA T. Potential Z-DNA forming sequences are highly dispersed in the human genome[J]. Nature, 1982, 298(5872): 396-398.

[19] 郭徵力，赵中龙，杨红，等. 织金白鹅微卫星标记遗传多样性及其与体尺指标的关联分析[J]. 农业生物技术学报，2023，31(11)：2341-2357.
GUO Z L, ZHAO Z L, YANG H, et al. Genetic diversity of microsatellite markers in Zhijin white geese (*Anser cygnoides orientalis*) and its association analysis with body size indexes [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2023, 31(11): 2341-2357.

[20] 姚莹莹，李家辉，李海英，等. 也迷里鸡微卫星遗传多样性分析[J]. 新疆农业科学，2023，60(10)：2574-2582.
YAO Y Y, LI J H, LI H Y, et al. Analysis of genetic diversity of Yemili chicken by microsatellite[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2023, 60(10): 2574-2582.

[21] ZHUANG Z, ZHAO L, ZONG W C, et al. Genetic diversity and breed identification of Chinese and Vietnamese local chicken breeds based on microsatellite analysis[J]. Journal of Animal Science, 2023, 101: skad182.

[22] 李庆岗，王重龙，杨家军，等. 5个安徽地方猪种和5个引进猪种微卫星标记遗传多样性分析[J]. 养猪，2018(3)：67-72.
LI Q G, WANG C L, YANG J J, et al. Genetic diversity analysis based on microsatellite markers in five Anhui local and five introduced pig breeds [J]. Swine Production, 2018(3): 67-72.

[23] 宋德荣，吴瑛，林如涛，等. 毕节地区6个绵羊品种*FecB*基因微卫星座位多态性研究[J]. 西南大学学报(自然科学版)，2023，45(9)：76-84.
SONG D R, WU Y, LIN R T, et al. Study on microsatellite polymorphism of *FecB* gene of six sheep breeds in Bijie[J]. Journal of Southwest University (Natural Science Edition), 2023, 45(9): 76-84.

(下转第30页)