

绒山羊

孙晓萍 郎侠 刘建斌 主编

甘肃科学技术出版社

图书在版编目 (C I P) 数据

绒山羊 / 孙晓萍 郎侠 刘建斌主编. -- 兰州 : 甘肃科学技术出版社, 2011. 11

ISBN 978-7-5424-1523-3

I. ① 绒… II. ① 孙 … III. ① 山羊: 毛用羊—饲养管理 IV. ① S827.9

中国版本图书馆CIP数据核字 (2011) 第226115号

责任编辑 韩 波 (0931-8773230 gskjhb@126.com)

封面设计 刘 杰

出版发行 甘肃科学技术出版社(兰州市读者大道568号 0931-8773237)

印 刷 甘肃新新包装彩印有限公司

开 本 880mm×1230mm 1/16

印 张 23.5

字 数 632 千

插 页 1

版 次 2011年12月第1版 2011年12月第1次印刷

印 数 1~1 000

书 号 ISBN 978-7-5424-1523-3

定 价 48.00 元

编 委 会 名 单

主 编: 孙晓萍 郎 侠 刘建斌

副主编: 石国庆 蒲万霞 李维红 冯瑞林

编 委: 孙晓萍 郎 侠 刘建斌 石国庆

蒲万霞 李维红 冯瑞林 杨博辉

郭 健 王 凡 魏云霞 程胜利

李文辉 王天翔 李桂英 李思敏

郭婷婷 王宏博 岳耀敬 王艳萍

前 言

绒山羊发展源远流长,在草食动物中,数量较多,分布广泛,是最具有发展潜力的畜种之一,绒山羊产品及其形成的产业链条与广大人民生活息息相关、密不可分,具有不可替代的作用,它是畜牧业可持续发展中的支柱产业。目前,随着市场经济的日益发展,被称为“纤维中宝石”的山羊绒,誉满全球,成为国内外绒毛市场最紧俏商品,羊毛绒织成的织品,轻柔、美观、大方深受消费者的欢迎。绒山羊板皮是制革的优良原料,随着板皮加工分层技术的应用,其用途更为广阔。

我国产绒山羊主要分布在东北、华北、西北及青藏高原等地区,这些地区大体集中在东经 $70^{\circ}\sim 121^{\circ}$ 、北纬 $35^{\circ}\sim 41^{\circ}$ 之间的中温带、南温带、青藏高原地区,包括北方农区、北方牧区、农牧交错区等。产区四季分明,年平均气温均 14°C 以下,冷季大多 $120\sim 300\text{d}$ 。除东部农区外均为降水量较低的干旱地区和植被覆盖率较低的荒漠、半荒漠地区。大多数绒山羊产区地形复杂、坡度较大、是灌木丛生的山区,海拔在 1000m 以上。生态条件均较脆弱,极易遭到破坏并难以很快恢复。然而绒山羊对这些气候条件具有极强的适应性,也正是在这些特定的生态环境下,培育出了许多优良的绒山羊品种。绒山羊是一个与恶劣的生态环境相关联,一直容易被人误解的一个物种。而实际生产中却与一般认识相反:绒山羊在改良草场生产水平上完全与其他家畜相当,但在环境严酷、管理粗放的生产体系中,绒山羊的生产能力远远超过其他反刍动物,这与绒山羊所具有的独特生物学特征是分不开的。

目前国内外相对绒山羊的研究著作比较少,《绒山羊》一书全面系统地论述了绒山羊的起源、动物分类学的地位及其生物学特性,介绍了国内外绒山羊品种,探讨了不同生态、经济类型下的绒山羊品种资源保护利用

途径,详细论述了绒山羊的饲养管理、繁殖技术及遗传育种新方法和新理论,介绍了绒山羊的产品特征、加工以及疫病的防治,理论联系实际,方法切实可行,内容丰富充实,文字简明通畅。

本书的作者均为从事养羊事业多年的科研、教学人员,有深厚的理论造诣,在多年的科研和教学中积累了大量的实践经验,发表论文、著作颇多。在编写过程中,得到了许多同仁的关心和支持,并引用了许多专家和学者的研究成果及相关的书刊资料,鉴于文献庞杂,未一一列出,恳请谅解。谨致以诚挚的谢意!虽然尽编者的最大努力完成了该书,但由于编者水平有限、缺乏编辑经验、时间仓促等原因,书中的疏漏和不当之处在所难免,敬请同仁及广大读者批评指正。

编 者

2011 年 5 月

目 录

第一章 绒山羊的起源、动物分类学的地位及其生物学特性	1
一、绒山羊的起源	1
(一) 考古学与形态学的研究	1
(二) 细胞遗传学的研究	2
(三) 生化遗传学的研究	3
(四) 分子遗传学的研究	4
二、绒山羊在动物分类学上的地位	8
三、绒山羊的生物学特性	8
(一) 绒山羊独特的放牧采食行为特点	9
(二) 绒山羊的消化生理特点	9
(三) 绒山羊的生活习性	11
(四) 山羊绒的特性	12
第二章 绒山羊品种	14
一、国内主要绒山羊品种	14
(一) 河西绒山羊	14
(二) 陇东黑山羊	17
(三) 陕南白山羊	24
(四) 陕北黑山羊	29
(五) 中卫山羊	33
(六) 柴达木绒山羊	40
(七) 柴达木山羊	48
(八) 新疆山羊	54
(九) 新疆白绒山羊(北疆型)	59
(十) 西藏山羊	64
(十一) 辽宁绒山羊	67
(十二) 内蒙古绒山羊	75
(十三) 罕山白绒山羊	82
(十四) 乌珠穆沁白绒山羊	87
(十五) 太行山羊	92
(十六) 沂蒙黑山羊	96
(十七) 牙山黑绒山羊	102

(十八) 济宁青山羊	105
(十九) 承德无角山羊	111
(二十) 吕梁黑山羊	115
二、国外主要绒山羊品种资源	119
(一) 奥伦堡山羊(Orenburg)	119
(二) 顿河山羊(Don, 又称波里顿山羊)	120
(三) 阿尔泰山地山羊(AltalMountain)	120
(四) 切古山羊(Chigu)	120
(五) 昌什吉山羊(Changthangi)	120
(六) 喜马拉雅山羊(Himalayan)	120
(七) 戈壁古尔斑赛汗绒山羊	120
(八) 顿河·吉尔吉斯绒山羊(DON - Kirgiz)	120
(九) 乌兹别克黑山羊(UzbekBlack)	120
(十) 野化山羊	120
(十一) 开士哥拉山羊(Cashgora)	120
第三章 绒山羊的营养与饲养管理	122
一、绒山羊的营养特点	122
(一) 绒山羊的生物学特性和消化特点	122
(二) 绒山羊的营养特点	124
二、绒山羊的营养需要	126
(一) 能量需要	126
(二) 蛋白质需要	127
(三) 矿物质营养	127
(四) 维生素需要	130
(五) 水的需要	132
三、绒山羊的饲养标准	133
四、绒山羊的饲料	133
(一) 绒山羊饲料特性	133
(二) 绒山羊饲料的加工、调制	145
(三) 绒山羊的日粮配合	150
五、绒山羊的饲养管理	155
(一) 绒山羊饲养管理的一般原则	155
(二) 种公羊的饲养管理	156
(三) 母羊的饲养管理	158
(四) 羔羊的饲养管理	159
(五) 育成羊的饲养管理	160
(六) 不同季节的饲养管理	160
(七) 绒山羊的一般管理要求	161
(八) 绒山羊标准化养殖	162

第四章 绒山羊繁殖性能及繁殖控制技术	172
一、繁殖性能	172
(一) 生殖细胞的发生	172
(二) 生殖细胞的形态及构造	175
(三) 精子	176
(四) 精液	180
(五) 发情	182
(六) 排卵	185
(七) 受精	187
(八) 繁殖力	192
二、繁殖控制技术	199
(一) 发情鉴定技术	199
(二) 发情控制技术	200
(三) 妊娠诊断与分娩助产技术	204
(四) 胚胎移植技术	208
(五) 繁殖免疫技术	218
(六) 腹腔镜技术	219
(七) 胚胎工程及相关技术	220
第五章 绒山羊遗传育种	231
一、绒山羊经济性状的遗传育种	231
(一) 绒山羊主要经济性状的遗传	231
(二) 绒山羊经济性状选育技术	240
(三) 绒山羊经济性状选配方法	244
(四) 绒山羊纯种繁育	247
二、绒山羊遗传资源保护利用	249
(一) 绒山羊遗传资源保护的总体目标和基本内容	249
(二) 绒山羊群体遗传多样性保持的措施	250
(三) 绒山羊群体遗传多样性保持的原理及保种方案的制订	251
(四) 绒山羊品种特征的保持	258
三、绒山羊资源数据库	264
(一) 绒山羊资源数据库系统建设的目标	264
(二) 绒山羊资源数据库的基本概念	264
(三) 绒山羊资源数据库的价值	265
第六章 绒山羊产品特征及加工	267
一、山羊绒	267
(一) 山羊绒的形态学结构	267
(二) 山羊绒的组织学结构	268

(三) 山羊绒的主要性能	269
(四) 山羊绒的分类及等级	274
(五) 山羊绒的鉴别方法	275
二、山羊肉	277
(一) 羊肉的成分及营养价值	277
(二) 羊肉的分级与分块	278
(三) 山羊产肉力的测定	279
(四) 羊肉的品质评定	279
(五) 羊肉的新鲜度检查	281
(六) 绵羊肉与山羊肉的鉴别	282
三、山羊皮	282
(一) 山羊皮的剥取方法	282
(二) 生皮的防腐	283
(三) 生皮的贮藏和运输	284
(四) 羊皮的鞣制	285
(五) 山羊皮的特征与质量要求	285
(六) 山羊皮与绵羊皮的区别	285
四、山羊乳	287
(一) 山羊奶的营养价值	287
(二) 山羊奶的物理特性	289
五、山羊绒产品及其加工	290
(一) 羊绒加工前的预处理	290
(二) 羊绒的粗加工	291
(三) 羊绒的精加工	291
(四) 半精纺系统	291
第七章 绒山羊疫病防治	292
一、疫病防控措施	292
(一) 疫病的综合防疫	292
(二) 免疫接种	293
(三) 药物预防	294
(四) 消毒、杀虫和灭鼠	295
二、主要传染性疾病	296
(一) 炭疽	296
(二) 山羊痘	297
(三) 口蹄疫	298
(四) 蓝舌病	299
(五) 羊快疫	300
(六) 羊肠毒血症	301
(七) 羊黑疫	302

(八) 羔羊痢疾	303
(九) 羔羊大肠杆菌病	304
(十) 羔羊传染性口膜炎	305
(十一) 羊破伤风	307
(十二) 羊链球菌病	307
(十三) 巴氏杆菌病	308
(十四) 羊布氏杆菌病	309
(十五) 羊沙门氏菌病	310
(十六) 李氏杆菌病	311
(十七) 传染性角膜结膜炎	312
(十八) 山羊传染性胸膜肺炎	314
三、主要寄生虫病	315
(一) 羊螨病	315
(二) 羊片形吸虫病	316
(三) 羊脑多头蚴病	318
(四) 夏伯特线虫病	320
(五) 羊鼻蝇病	321
(六) 羊血吸虫病	322
(七) 羊球虫病	323
(八) 羊莫尼茨绦虫病	324
(九) 羊捻转血矛线虫病	325
(十) 山羊泰勒虫病	326
(十一) 肺线虫病	327
四、主要消化系统疾病	329
(一) 口炎	329
(二) 食道阻塞	330
(三) 前胃弛缓	331
(四) 瘤胃积食	332
(五) 急性瘤胃臌气	333
(六) 瓣胃阻塞	334
(七) 创伤性网胃及心包炎	335
(八) 胃肠炎	336
(九) 羔羊消化不良	337
五、主要呼吸系统疾病	339
(一) 感冒	339
(二) 肺炎	339
六、主要营养代谢性疾病	341
(一) 维生素 A 缺乏症	341
(二) 佝偻病	341
(三) 食毛症	342

(四) 酮尿病	343
(五) 羔羊白肌病	344
七、主要中毒性疾病	345
(一) 氢氰酸中毒	345
(二) 有机磷中毒	345
(三) 有机氯中毒	347
(四) 过食精料中毒	348
(五) 蓖麻中毒	349
(六) 醉马草中毒	350
(七) 青杠树叶中毒	351
(八) 尿素等含氮物中毒	352
(九) 慢性氟中毒	353
(十) 蛇毒中毒	354
(十一) 蜂毒中毒	335
八、主要外、产科疾病	356
(一) 流产	356
(二) 难产	357
(三) 阴道脱	358
(四) 胎衣不下	359
(五) 生产瘫痪	359
(六) 子宫炎	360
(七) 乳房炎	361
(八) 创伤	362
(九) 腐蹄病	363
(十) 关节扭挫	364
(十一) 结膜炎	365

第一章 绒山羊的起源、动物分类学的地位及其生物学特性

一、绒山羊的起源

绒山羊也称开士米山羊(Cashmeregoat) 或克什米尔山羊,是以生产羊绒为主的山羊。“开士米”是克什米尔地区的谐音,自公元 1757 年印度逐步沦为英国殖民地后,首先在克什米尔地区发现这一珍贵的绒山羊品种,因而克什米尔绒山羊的名称逐渐传入西方,其绒毛成为开士米,其制品成为开士米制品,风行世界。绒山羊在动物分类学上属偶蹄目(Artiodactyla)、牛科(Bovidae)、羊亚科(Caprinae)、山羊属(Ovis),染色体数目是 30 对。根据考古学、形态学、生态学、解剖学和细胞学等方面的考证,动物学家研究表明,绒山羊起源于螺旋羊(Capra falconeri)。螺旋羊分布于喜马拉雅山,该品种山羊角直立,呈螺旋形扭曲,公羊角高达 90cm 以上,母羊角稍小。体大强壮,被毛颜色随季节而变化,夏、秋呈灰褐色,冬季呈灰色。螺旋羊经过长期的自然和人工选择,形成了克什米尔山羊。据报道,典型的克什米尔山羊中等大,头小,颜面平直,耳小,直立或半下垂。公、母羊均有髯和角,呈扁平状。体重公羊 50 ~ 60kg,母羊 30 ~ 40kg。体躯被毛由很厚的外层粗毛和较短的绒毛组成。绒纤维细度 14.5 ~ 16.5 μm ,产绒量 100 ~ 200g。被毛颜色较杂,有白、黄、褐、灰、黑褐杂色。在克什米尔地区,典型的克什米尔山羊数量并不多。克什米尔山羊主要分布在中亚的所有山区,国外学者认为把分布于这些地区的山羊称为“中亚绒山羊”比较恰当。大致分为三个产区:一是青藏高原地区,包括我国西藏、青海、伊朗、阿富汗及克什米尔东北部地区的绒山羊;二是我国新疆天山地区和吉尔吉斯斯坦、哈萨克斯坦、俄罗斯南部的绒山羊;三是我国内蒙古自治区和蒙古地区。这三个地区的绒山羊以中国最多,其次是蒙古,第三是伊朗。

现代绒山羊是由野生的螺旋羊经人类长期驯化和自然选择而来的。远在旧石器时代末期和新石器时代初期,原始人类以渔猎为生,在长期狩猎过程中,逐渐掌握了野羊的特性并改进了狩猎的工具,捕得的活羊越来越多,发现其中幼龄羊更易于驯服,于是便把它留养起来,这便是驯化的开始。家畜驯化的早晚,也同人类文化的发展历史有密切的关系,中国是古文化较早发源地,故所驯化的家畜种类繁多,时间也较早。河北武安磁山遗址出土的大量羊骨,经放射性碳测试表明,中国养羊业历史当在 8000 年前。由此推定,羊的驯化时间,至少也应在这个时期或更早些。一般说来,山羊的驯化略早于绵羊而晚于狗,黄河流域是中国最早驯养山羊的地区之一。

绵、山羊在古代统称为羊,但为了区别起见,绵羊亦称为羊、白羊,山羊称为羊、黑羊、投羊。直到宋代,羊种才逐渐明确分出绵羊和山羊两个名称,但至今我国仍习惯统称羊。家山羊经过人类长期的饲养和选择,逐渐分化成各种类型,成为人类生活中的主要畜种之一。

(一) 考古学与形态学的研究

家山羊的野生始祖是野山羊(Capra aegagrus)。野山羊中的塔尔羊(C. tahr 或 C. jemalaica)、羴羊(C. prisca),在漫长的驯养过程中可能参与了现代家山羊的形成。这些野山羊分布在以西亚为

中心,南至北非,北至中、北欧的广大山地。野山羊包括 3 个亚种:弯角^羴即 Bezoar(*Capra aegagrus*, 分布在小亚细亚半岛到伊朗高原)、旋角^羴即 Markhol(*Capra falconeri*, 分布在喀喇昆仑山脉、克什米尔、阿富汗)、羴羊即 Ibes(*Capra ibes*, 分散分布在埃塞俄比亚、阿尔卑斯山地、西亚、中亚以及我国新疆、青海)。三者长期被认为独立种,后来发现它们核型相似,彼此也没有生殖障碍,所以认定为同种。目前一般认为弯角^羴是全世界家山羊的共同祖先;也有一些学者主张中亚家山羊可能也曾受到过旋角^羴血统的影响。家山羊在西亚初步驯化后先后形成 3 个型。

1. 原始型

亦称 Bezoar 即弯角^羴型,保留着耳立、刀状角等许多原始特征,多小型种。广泛分布于亚洲、欧洲及非洲大陆。

2. 旱原(Savannah) 型

旋角(两侧对旋或顺旋)。分布于亚、非两洲干旱地带。

3. 努比亚(Nubian) 型

凸颜(罗马鼻)、大垂耳,卷角或无角,多为大型乳用种。分布于北非和南亚。

我国有原始型和旱原型及其混血类型。前者包括东南、湘鄂赣、闽粤 3 个文化区和西南部分的品种,其半驯化的祖先早在新石器时代已进入我国;后者主要分布于东北、内蒙古、新疆、青海 4 个文化区,进入我国的时期大约在有史时代开始的前后,各绒毛品种均属这个类型。这 4 个文化区同时存在一些混血群体,其余品种也多为混血类型。20 世纪 80 年代以后关于血液蛋白型的研究结果都吻合于全世界家山羊单一起源的学说,系统分化是人类选择的结果。绒用山羊的野祖先主要是^羴羊(Harris, 1962; Misharev, 1963; Epstein, 1969; Roberts, 1969) 和 *C. hircusblythi*(Kiyathin, 1968)。

考古发现的最早家养山羊的例证包括在亚洲中部的约旦(公元前 7000 至 6000 年前, Zeuner, 1963) 和伊朗(公元前 7500 至 6750 年以前, Higgs and Jerman, 1972) 分别发现的山羊遗骸。据此推断,在一万多年前的新石器时期,人类已经开始了驯化山羊的历史。我国境内最早养羊的考古学证据出在(河北武安) 8000 年前的磁山文化遗址。在距今 8000 年前的裴李岗遗址中,出土有羊的牙齿、头骨及陶塑的羊头。甘肃秦安大地湾遗址出土有 10 多个羊的头骨。陕西西安半坡遗址也出土有羊的牙齿及残骨,还有诸如河北武安磁山及云南元谋大墩子等 20 多个省、市、自治区的遗址中均有羊的遗址出现,这充分证明了黄河流域是我国最早驯化山羊的地区之一。

判断某种野山羊是否为现代家山羊的野祖,传统上主要依据野山羊与现代家山羊的头骨构造、角型和弯曲方向,以及现存的野山羊是否可以与家山羊产生有繁殖力的后代。但是羊角的形状在家养山羊中很容易发生变异,有的退化成短小的角痕,有的甚至完全消失成为无角山羊,以致野生山羊原来的这一特征在家山羊品种中已不多见。不仅如此,即使是螺旋形羊角,家养山羊和野生山羊也有较大差别,家养山羊有各种不同的螺旋形角,而且有的向同侧弯曲,而野生山羊的螺旋形角却是向异侧弯曲的,这种反常的现象也曾引起过很多争论。由此看来,虽然羊角可以作为一个主要特征来区分镰刀形羊角和螺旋形羊角山羊的野生祖先,但这并非是一个十分令人满意的特征。而且,由于古代野山羊的不少类群在近代以至现代相继灭绝,所以根据考古及形态学来判断山羊的野生祖先有一定的局限性。

(二) 细胞遗传学的研究

Sokolov 首先报道山羊的二倍体染色体数为 $2n = 60$ 。58 条常染色体由逐渐呈现大小不同的 29 对端着丝粒染色体组成; X 染色体也是端着丝粒的,其长度与 1~3 号常染色体相似,不用显带染色很难区分; Y 染色体是最小的中着丝粒染色体(张武学, 1991)。^羴羊、螺角^羴羊和廉角^羴羊等野生种,它们的染色体数都是 $2n = 60$,核型和家山羊相似,难于区分(村松晋等, 1988)。Makino(1943)

在观察绵、山羊染色体数目和形态时,发现绵、山羊染色体的形态之间存在很大的相似性,提出了绵、山羊可能起源于共同祖先这一假说。Wurster 等(1968)报道过绵、山羊染色体之间存在着密切联系,并指出它们染色体组型变化是由于罗伯逊易位造成;Dain 认为绵、山羊以共同祖先进化来时,染色体组型进化上除罗伯逊易位外其他易位也起作用。然而,这些仅通过数目和形态来观察染色体的相似性是有局限性的,无法对物种之间的染色体分化等问题进行深入研究。Evan 等曾用 Q 带、G 带、C 带技术对牛科的山羊、绵羊和家牛的染色体同源性进行研究,认为绵羊和山羊的 X 染色体之间以及所有染色体之间在 Q 带、G 带、C 带上具有高度的相似性,为绵、山羊可能来源于同一祖先提供了又一证据。Kaftanovskay 进一步用 G 带染色法证实,绵羊和山羊的常染色体和性染色体没有差异,但由于山羊的 1 号与 3 号,2 号与 8 号以及 5 号与 11 号染色体发生罗伯逊易位,分别形成了绵羊的 1 号、2 号和 3 号 3 对中部着丝点染色体。近年出现的核型分析,特别是核型进化的研究中,Ag-NOR 的数目和分布是一项重要的数据。Henderson 等(1979)用银染分带方法分析牛科动物带纹的同源性时指出,山羊、绵羊的 Ag-NOR 都分布在染色体端部,绵羊 Ag-NOR 分布在第 1 对染色体短臂,第 2、3、4、25 对染色体长臂端部,山羊的 Ag-NOR 分布在第 2、3、4、5、28 对染色体端部。这说明在进化过程中,这两种动物的 Ag-NOR 数目和分布是稳定的,没有出现大的染色体重排现象。

关于绵羊与山羊染色体的同源性问题,从染色体核型进化角度看,一般认为,山羊和绵羊是从 $2n=60$ 的共同祖先进化而来,比较山羊属和绵羊属各条染色体 G 带带型,发现相互间有显著的同源性。绵羊属中所出现的几条大的染色体中或亚种着丝粒染色体 M_1 、 M_2 、 M_3 、 M_4 分别是有相当于山羊核型中的 1/5、3/10、4/9、11/17 罗伯逊融合所致。因而认为,山羊和绵羊由同一祖先进化而来,山羊的核型更接近于祖先的核型。后来,端着丝粒染色体之间发生罗伯逊融合,染色体数朝着减少方向发展, $2n$ 由 60 变为 54,并分化为绵羊的核型。

(三) 生化遗传学的研究

蛋白质多态(protein polymorphism)是指不同品种内不同个体功能相同的蛋白质有两种或两种以上的遗传变异型。它受显性等位基因控制,遵循孟德尔遗传规律,易于识别和检测,能反映群体遗传组成,标记品种(系)的遗传特征,可用于估计品种之间亲缘关系,考证品种的起源、进化和驯化过程。

近年来,山羊血液蛋白多型性的研究工作在各国学者的共同努力下取得了可喜的进展。野泽谦等(1984)研究了东南亚地区 42 个山羊群共计 1196 个个体的血液蛋白和酶的多型性,结果在所研究的 33 个遗传位点中发现 15 个位点具有多型性,其多型性位点百分比(Ppoly)为 6.1%~24.2%,平均杂合度(H)为 0.4%~0.5%,而绵羊的 Ppoly 和 H 值分别为 16%~27%和 7%~18%,相对而言,山羊的这些数值显得极低,这说明家山羊的分化程度极低,很可能意味着家养山羊的起源单一。我国学者对山羊血液蛋白多型性的研究工作起步较晚但进展迅速。

欧阳叙向等(1993)采用聚丙烯酰胺凝胶电泳法对我国 5 个地方山羊品种的 8 个血液蛋白位点进行了检测。通过计算遗传距离,聚类分析将 5 个山羊品种分为 3 类,湘东黑山羊和武雪山羊聚为一类,内蒙古绒山羊和盖县绒山羊聚为一类,马头山羊单独聚为一类。为了解羊的起源,他们还引进国外一些山羊品种的资料用 Hb, Tf, Alb, Am 4 个血液蛋白位点,计算彼此间的亲缘关系,进行聚类分析,结果表明中国地方山羊品种与含有安哥拉山羊的外国品种各为一类,同时他们还发现我国的地方山羊品种在 Am 位点的分布上与东南亚某些地方山羊品种相似,说明亚洲山羊起源于共同的祖先。这些结果与已知羊种的发展历史、生态环境、地理位置、自然选择和人工选择以及形态学观察的结果相吻合。

孙金梅等(1998)利用血液蛋白多态型,研究了陕西境内的陕北黑山羊及辽宁绒山羊群体及其系统间的遗传分化,表明辽宁绒山羊群体的遗传变异程度较低,这可能与其在品种形成过程中外血侵入的程度大小有关;而陕北黑山羊群体的遗传变异程度相对较高,因为陕北黑山羊属于相对古老的品种,在其起源进化及选育过程中可能混入外血的程度较高。

叶绍辉等(2000)对云南龙陵黄山羊、宁蒗黑头山羊、马关无角山羊和路南圭山羊等4个保种山羊120只个体共39个基因座的基因多态性进行了研究,结果表明:云南4个保种山羊品种在AKP、CES-I、ESD、GOI、LAP、MDH、ME和NP基因座出现多态,多态座基因在不同保种山羊中分布不同;多态基因座百分比在4个保种山羊中分别为0.2051、0.1538、0.1282和0.1538,平均杂合度分别为0.095、0.0614、0.0467和0.0662;聚类分析表明,云南保种山羊具有地理分布及品种特点,龙陵黄山羊和其他三个品种的遗传距离最远。

常洪等(2000)以黄河中下游流域9个地方山羊和东北、西藏、长江流域7个地方山羊群体控制血液酶和其他蛋白质变异的18个基因座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。研究结果表明:黄河中下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他山羊群体而言,蒙古高原西部、青藏高原和黄河中下游流域的固有山羊群体有相同的起源。黄河中下游流域和下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”两大亲缘关系,东南亚各群体分别归属于这两大亲缘关系。

邓灶福等(2007)采用聚丙烯酰胺凝胶电泳法对我国5个地方山羊品种的8个血液蛋白位点进行了多态性检测,结果发现Hb、Alb、Tf、Po、Am等5个位点为多态位点,Cp、Es、Sa2等3个位点为单态位点。通过遗传距离的聚类分析将5个山羊品种分成三类:湘东黑山羊和武雪山羊聚为一类;内蒙古白绒山羊和辽宁盖县绒山羊聚为一类;马头山羊单列为一类。

方畴鑫等(2009)随机测定10只陇东绒山羊、10只陇东黑山羊血液总蛋白、球蛋白、白蛋白、血糖、尿素氮、 K^+ 、 Na^+ 、 Ca^{2+} 含量,进行差异显著性检验。结果表明:总蛋白、球蛋白、尿素氮、 Na^+ 含量差异极显著($P < 0.01$);白蛋白、血糖、 K^+ 、 Ca^{2+} 差异不显著($P > 0.05$)。

不过,由于血液蛋白和酶的多态性反映的主要是核基因组中常染色体基因所控制的性状,这些性状频率的变化很容易受杂交及其他因素的影响。因此用其来推断山羊品种的起源与分化,在一定程度上容易出现与实际情况不一致的结论。

(四) 分子遗传学的研究

李祥龙等利用Apa I、BamH I、Bgl I、Bgl II、Cal I、Dra I、EcoR I、EcoRV、Hae II、Hind III、Kpn I、Pst I、Pvu II、Sac I、Sal I、Sma I和Xho I共计18种限制性核酸内切酶,研究了来自欧洲、非欧及国内的5个山羊品种共计33个个体的mtDNA,共检测出27种限制性型,可归结为8种单倍型。结果表明:国内两个山羊品种的基本单倍型为BamH I - A、Bcl I - B、Cla I - A、EcoR I - A、EcoRV - A、Hae II - A、Hind III - C、Pvu II - A、BamH - I - A、Bcl I - B、Cla I - A、EcoR I - A、EcoRV - A、Hae II - A、Hind III和Pvu - A,而欧洲及非洲3个山羊品种基本的单倍型为BamH - I - A、Bcl I - B、Cla I - A、EcoR I - A、EcoRV - A、Hae II - A、Hind III - C和Rvu II - A,这一结果表明本研究几个受试山羊品种可能有两种不同的母系起源。同时,各品种的分子聚类图也表明国内两个山羊品种间具有较近的亲缘关系。而欧洲品种和非洲3个品种间的亲缘关系较近,这一结果也支持上述几个受试山羊品种可能有不同野生祖先的推断。

贾永红等采用15种限制性内切核酸酶,研究贵州省4个山羊品种共93个个体的线粒体DNA多态性,共检测到18种限制性多态型,归结为3种mtDNA单倍型,推测贵州山羊mtDNA单倍型I

和单倍型 II 可能来源于两个母系祖先,其分化时间约在 19 万年前。一些研究支持家山羊混合起源学说。但叶绍辉等采用碱变性法,提取来自云南省不同地区 4 个保种山羊的 13 个个体的 mtDNA,用 Apa I、Ava I、BamH I、Bcl I、Bgl I、Bet II、Cla I、Dra I、EcoR I、EcoRV、Hae I、Hind III、Kpn I、Pst I、Pvu II、Sac I、Sal I、Sma I、Stu I 和 Xho I 20 种限制性核酸内切酶进行酶切分析。结果表明不同限制性内切核酸酶的酶切位点分别为 Dra I 有 7 个酶切位点, Ava I 有 6 个酶切位点, EocRV 和 Stu I 共有 5 个酶切位点, Hind III 和 Hae I 有 4 个酶切位点, BamH I、Bgl I、Pst I 和 Pvu II 有 3 个酶切位点, Apa I 和 Cla I 有 2 个酶切位点, 其余有一个酶切位点, 各保种山羊间未发现变异, 说明云南的 4 个保种山羊极可能来自于共同的母性祖先。

按照哺乳动物线粒体 DNA 的碱基突变率为每百万年 1% ~ 2% 计算(Brow, 1983), 山羊 mtDNA 两种基本的基因单倍型的分歧时间发生在 248 万 ~ 124 万年前, 平均为 186 万年。衡量一个群体 mtDNA 的遗传变异程度有两个指标, 其中一个是单倍型间平均遗传距离(P), 大多数哺乳动物的 P 值都在 0.01 以上(兰宏, 1993)。李祥龙等利用 14 种识别 6 碱基的限制性核酸内切酶, 研究我国 12 个省(自治区) 共计 12 个地方山羊品种 218 只个体 mtDNA 的 RFLP, 研究结果表明: 山羊的 P 值为 0.00436, 接近猪的 0.004, 整个群体的平均遗传多型性值为 0.0487%, 表明我国地方山羊品种 mtDNA 遗传多样性比较贫乏, 分化程度较低。

李祥龙等(2000) 利用随机扩增多态 DNA 技术研究了我国主要山羊品种及部分国外品种共计 23 个山羊品种 251 个山羊个体的随机扩增多态 DNA, 结果表明: 总群体平均遗传多样性指数为 0.7084, 群体遗传分化指数为 0.8583。山羊平均间平均遗传距离指数(AIGD) (0.0810 ~ 0.2044) 明显大于品种间的 AIGD(0.0444 ~ 0.1112)、不同山羊品种的遗传多样性指数除安哥拉山羊和承德无角山羊大于 50% 外, 其他各品种均低于 50%, 上述结果说明所研究山羊群体不仅具有较为丰富的遗传多样性, 而且山羊核基因组遗传变异主要存在于品种间, 我国地方山羊品种间遗传分化比较明显, 中卫山羊(0.3140) 和辽宁绒山羊(0.2589) 的遗传多样性指数明显低于各品种的平均值(0.3881); 雷州山羊(0.0566)、中卫山羊(0.0564) 和辽宁绒山羊(0.0444) 的 AIGD 值也明显低于各群体平均值(0.0749), 说明辽宁绒山羊、中卫山羊和雷州山羊核基因组的遗传多样性相对其他品种来说较为贫乏, 应作为重点保护对象。

李祥龙等(2000) 利用 12 种识别 6 碱基的限制性核酸内切酶分别研究了河北省 5 个山羊品种或类群共计 61 只个体和我国北方地区 9 个山羊品种和类群共计 110 个个体的 mtDNA 的 RFLP, 结果检测到 33 个酶切位点, 14 种限制性多态型, 可归结为 3 种基因单倍型, 其中 EcoR I 和 Cal I 表现出多态; 基因单倍型间平均遗传距离为 0.0039, 群体平均遗传多态性 π 值为 0.08%, 表明其遗传分化程度较低。各山羊群体间的分子聚类关系与其他地理位置关系基本一致。

孙允东等(2003) 利用 27 个微卫星标记位点对山东 4 个地方山羊品种(济宁青山羊、崂山奶山羊、鲁北白山羊、莱芜黑山羊) 进行了遗传多样性评价, 发现 4 个山羊品种的遗传分化系数(*Gst*) 较高平均达到 0.302927, 说明 0.697073 的遗传变异发生在群体内, 但是群体间的变异也较高。平均 *Fst* 为 0.230385, 说明 0.769615 的变异是由于群体内的遗传分化。近交系数最小的为济宁青山羊(0.216115), 说明 4 个山羊品种内近交严重。4 个山羊品种不同位点的多态信息含量(PIC) 普遍较高, 大部分大于 0.5, 表明选择的位点能较好地体现 4 个山羊品种的遗传多样性。利用 DISPAN 计算的遗传距离为: 济宁青山羊与鲁北白山羊为一类, 其次是莱芜黑山羊, 距离最远的是崂山奶山羊。

张红平等(2003) 测定了我国的 16 个家养山羊品种(包括 4 个引进品种) 96 只个体大的线粒体 DNA 的控制区(D 环) 全序列, 结果表明控制区全序列长度为 1212bp 或 1213bp, 共检测到 90 个变异位点, 占分析位点总数的 7.43%。群体核苷酸不配对分布曲线是一条不规则的多峰波浪形曲

线,且所有序列 TajimaD 中性检验结果不显著,说明序列均为选择性中性,表明中国山羊在过去没有出现群体扩张。无论中国山羊,还是引进品种均表现出较高的核苷酸多型性和单倍型多型性。整个家山羊群体的平均核苷酸差异数为 19.475,核苷酸多样性为 $(1.608 \pm 0.09)\%$,这些差异共定义了 54 种单倍型,单倍型多样性为 0.977。其中,中国家养山羊 11 个品种有 41 种单倍型,引进的 4 个山羊品种有 11 种单倍型。中国山羊的单倍型多样性(0.973)比引进品种(0.913)高,但引进品种的核苷酸多样性(1.731%)、单倍型间的平均遗传距离(0.0187)、单倍型间的平均核苷酸差异数(20.96)高于中国山羊品种(分别为 1.531%、0.0151、18.554),但差异均不显著,表明中国家养山羊的遗传多样性较为丰富。用 Alrequin2.0 软件进行了方差分析(ANOVA),品种间的方差组分只占总变异的 24.22%,经检验差异不显著,表明家养山羊品种(系)间还没有出现显著的遗传分化。

武艳平等(2005)利用微卫星 DNA 标记,分析了安哥拉山羊、山东莱芜黑山羊、罕山白绒山羊、太行山羊、乌珠穆沁绒山羊 5 个山羊品种的分子水平上的遗传多样性,探讨了各品种内的遗传变异及群体间的遗传关系,结果引进品种安哥拉山羊与其他 4 个国内品种内的基因流值较小,内蒙古的罕山白绒山羊和乌珠穆沁绒山羊有较大的基因流值,聚类分析中内蒙古的罕山白绒山羊和乌珠穆沁绒山羊总能聚到一起。

张爱玲等(2006)利用微卫星标记技术,分析了黎城大青羊、吕梁黑山羊、阳城白山羊、新疆南疆山羊以及宁夏中卫山羊 6 个地方山羊品种的分子水平上的遗传多样性,以 Nei 氏遗传距离为基础的 UPGMA 法德聚类结果与前人研究结果一致,吕梁黑山羊与阳城白山羊具有较近的亲缘关系,此外,UPGMA 和 N-J 图中黎城大青羊与新疆南疆山羊亲缘关系较近,其他 4 个品种聚类较为复杂,但是从 4 个聚类结果可以看出山西地方山羊与新疆山羊有可能存在一定的基因交流。

王杰(2007)对中国 10 个山羊品种(柴达木山羊、黄淮山羊、济宁青山羊、辽宁绒山羊、陇东黑山羊、南疆绒山羊、内蒙古绒山羊、西藏山羊、陕南白山羊和太行山羊) 167 只个体的线粒体 DNA 控制区 HVI 序列,结合 GenBank 上部分世界山羊品种资料进行分析,研究其遗传多样性与起源分化,结果表明:①中国 10 个山羊品种 167 只个体 mtDNA D-loop 区 HVI 序列长度为 481bp 或 480bp,有 3 条序列长度为 480bp,主要是由于在序列的第 239 碱基处有 1 个碱基缺失,涉及 2 只内蒙古绒山羊和 1 只陇东黑山羊。②中国山羊品种的 167 条 mtDNA D-loop HVI 序列共有 126 个多态位点,其中单一多态位点为 27 个,两碱基的简约信息位点为 97 个,三碱基的简约信息位点为 2 个,这表明中国山羊 mtDNA D-loop HVI 核苷酸变异丰富。③中国山羊品种的 167 条 mtDNA D-loop HVI 序列中,A、C、T 和 G 的平均含量分别为 30.86%、22.13%、30.89% 和 16.14%。供试山羊各品种间核苷酸含量有差异且不显著。A+T 含量为 61.73%,G+C 含量为 38.27%,A+T 含量明显高于 G+C 含量,说明中国山羊 GC 含量符合哺乳动物核苷酸的组成比例。④中国山羊品种的 167 条 mtDNA D-loop HVI 序列共定义了 121 种单倍型,92 种为品种特有单倍型,11 种为品种间单倍型,18 种为品种内单倍型。品种间和品种内单倍型的分布不平衡,H43、H68、H90 和 H107 是较为古老的单倍型类型,中国山羊没有主流单倍型。⑤中国山羊品种 mtDNA D-loop HVI 序列的 121 种单倍型共有颠换位点 8 个,转换位点 118 个,转换/颠换率为 15:1,说明中国山羊具有很强的转换偏倚性。但是山羊各品种内没有颠换,只有转换。⑥中国 11 个山羊品种的单倍型多样性范围为 0.909~1.000,核苷酸的多样性范围为 0.01810~0.03821,太行山羊不论是单倍型的多样性还是核苷酸的多样性,在供试山羊品种中数值都是最高的。山羊各品种间平均核苷酸差异数较大,变异范围为 9.289~18.563,且品种间的 Kimura 双参数距离变异范围为 0.021~0.047,说明中国山羊品种遗传多样性丰富。⑦中国山羊的 121 种 mtDNA D-loop HVI 单倍型聚类成 A、B、C、D 和一个新支系。新支系位于支系 D 和支系 B 之间,是由长度为 480bp 的单倍型聚类而成。中国山羊为