

“十四五”实验动物重点专项成果专栏

# 实验用羊微卫星检测方法建立及群体遗传质量分析\*

王洪<sup>1</sup> 谢元志<sup>1</sup> 梁春南<sup>1</sup> 邢进<sup>1</sup> 袁宝<sup>2</sup> 杜崇涛<sup>2</sup> 马丽颖<sup>1</sup> 付瑞<sup>1</sup>

(1. 中国食品药品检定研究院实验动物资源研究所, 国家啮齿类实验动物资源库, 北京 102629)

(2. 吉林大学动物科学学院, 长春 130062)

**摘要:**目的 应用微卫星技术对实验用羊群体的遗传质量进行分析。方法 筛选 36 个微卫星位点对 1 个实验用羊群体的 40 头份 DNA 样本进行 PCR 扩增和基因测序, 并应用 Popgen1.32 软件分析测序数据。结果 该实验用羊群体遗传结构为 257 个等位基因数, 香隆指数为 1.447 2, 多态性信息含量是 0.636 2, 群体平均杂合度为 0.671 4。表明该群体的遗传质量符合封闭群实验动物遗传质量标准。结论 该方法覆盖的 36 个位点呈高度多态性, 可有效反映群体遗传多样性; 平均杂合度处于较高水平, 提示该群体基因杂合程度良好、遗传变异丰富, 无明显近交衰退现象, 该实验羊群体遗传结构合理、遗传稳定性佳。

**关键词:** 实验用羊; 遗传质量; 微卫星; 实验动物

中图分类号: Q95-3 文献标志码: A 文章编号: 1006-6179(2026)01-0016-07

DOI: 10.3969/j.issn.1006-6179.2026.01.003

## Establishment of Microsatellite Detection Method and Population Genetic Quality Analysis for Experimental Sheep

Wang Hong<sup>1</sup>, Xie Yuanzhi<sup>1</sup>, Liang Chunnan<sup>1</sup>, Xing Jin<sup>1</sup>,  
Yuan Bao<sup>2</sup>, Du Chongtao<sup>2</sup>, Ma Liying<sup>1</sup>, Fu Rui<sup>1</sup>

(1. National Rodent Laboratory Animal Resources Center, Institute for Laboratory Animal Resources, National Institutes for Food and Drug Control, Beijing 102629, China) (2. College of Animal Sciences, Jilin University, Changchun 130062, China)

**Abstract: Objective** To analyze the genetic quality of an experimental sheep population by using microsatellite markers. **Methods** Thirty-six microsatellite loci were selected for PCR amplification and genotyping in 40 experimental sheep DNA samples. Sequencing data were analyzed using Popgen 1.32 software. **Results** A total of 257 alleles were detected in the experimental sheep population, with a Shannon index of 1.447 2, a polymorphic information content (PIC) of 0.636 2, and an average heterozygosity of 0.671 4. These results indicate that the genetic quality of the experimental sheep population conforms to the standard requirements for an outbred population. **Conclusion** The 36 microsatellite loci used in this study exhibit high polymorphism and can effectively evaluate population genetic diversity. The population shows high average heterozygosity, rich genetic variation, and no obvious inbreeding depression, indicating a reasonable genetic structure and favorable genetic stability.

**Key words:** experimental sheep; genetic quality; microsatellites; laboratory animals

收稿日期: 2025-03-17

\* 基金项目: 国家重点研发计划(2022YFF0710500)。

作者简介: 王洪(1977—), 女, 研究员, 研究方向为实验动物质量控制。E-mail: wanghong@nifdc.org.cn。

通信作者: 马丽颖(1972—), 女, 主任技师, 研究方向为医学免疫学。E-mail: maliyinglw@sina.com。

付瑞(1978—), 男, 研究员, 研究方向为实验室质量管理。E-mail: furui78@nifdc.org.cn。

实验动物遗传质量控制是保障实验结果可靠性、重复性及可比性的核心前提,其一般原则涵盖遗传标准化管理与质量监测体系构建两大维度。在遗传标准化管理层面,需基于实验目的明确动物的遗传背景,如近交系、封闭群、杂交群等,并通过规范的引种、繁育及饲养流程,避免遗传漂变与污染;在质量监测体系构建层面,需建立常态化的遗传检测机制,结合形态学标记、生化标记、分子遗传标记等技术,定期评估动物的遗传纯度与一致性,及时淘汰遗传变异个体<sup>[1-6]</sup>。

以小鼠、大鼠为代表的啮齿类实验动物,其遗传质量监测已形成成熟且完善的体系。在近交系小鼠的监测中,常用皮肤移植法鉴定组织相容性抗原的一致性,借助同工酶电泳检测生化多态性,并通过简单重复序列(simple sequence repeat, SSR)、单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)等分子标记技术分析基因组的遗传稳定性;封闭群大鼠则需重点监测群体的遗传多样性,通过控制繁育规模、优化交配方式维持群体的遗传平衡,同时利用高通量测序技术开展全基因组水平的遗传评估。目前,小鼠、大鼠的遗传质量控制已被纳入国际及国内实验动物标准化体系,相关检测方法与判定标准均有明确的法规依据,为生命科学研究提供了稳定的动物模型支撑<sup>[7-10]</sup>。

相比之下,实验用羊的遗传质量控制与监测研究尚处于起步阶段。作为重要的大动物模型,实验用羊在器官移植、生殖生物学、药物安全性评价等领域具有不可替代的优势,但其遗传背景复杂、繁育周期长、标准化饲养难度大,缺乏统一的遗传质量检测标准与监测体系。因此,开展实验用羊的遗传质量控制研究,既是填补大动物实验标准化空白的关键举措,也能为相关领域研究提供更可靠的动物模型,对推动生命科学与生物医药产业发展具有重要的理论与实践意义。本研究将目光锁定在我国东北地区的实验用羊种群之上,运用微卫星标记这一前沿技术,深入且细致地对实验用羊群体的遗传结构展开系统评估。期望能够为吉林地区实验用羊遗传质量的标准化体系构建,夯实坚实的理论根基。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

1.1.1 实验动物:实验用羊群体来源于延边韩贞畜

牧发展有限责任公司,湖羊品种,群体构成时间 2022 年。随机采集实验用羊个体 40 只,雌雄各半。实验动物生产许可证号为 SCXK(京)2022-0002,实验动物使用许可证号为 SYXK(京)2022-0014。采用 2%EDTA 抗凝管收集颈静脉血,使用 DNA 提取试剂盒(长春市志昂生物科技有限公司)进行基因组 DNA 提取。福利伦理审批号为中检动(福)第 2021(A)006 号。

1.1.2 主要试剂与仪器:DNA 提取试剂盒(批号:178026501, QIAamp); PCR 扩增试剂(批号:AN82446A, TaKaRa);琼脂糖凝胶(批号:20250924, 上海神鹿生物科技有限公司);100 bp DNA Ladder(批号:AO11005A, TaKaRa);电泳缓冲液(批号:1002, 上海神鹿)。

全自动蛋白核酸收集纯化系统(型号:Flex, Kingfisher);基因扩增仪(型号:Veriti96, ABI);电泳仪(型号:PowerPac Basic, Bio-Rad)。

### 1.2 方法

1.2.1 微卫星位点的引物:使用联合国粮农组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO),国际遗传学会(International Society for Animal Genetics, ISAG),中华人民共和国农业行业标准 NY/T1673—2008 和文献推荐的 36 个微卫星位点,合成 FAM 荧光标记引物(表 1)。

1.2.2 PCR 扩增:PCR 扩增反应的组成包括 DNA 1  $\mu\text{L}$  (50~100 ng), Taq 酶(5 U/ $\mu\text{L}$ ) 0.2  $\mu\text{L}$ , 10 $\times$ 缓冲液(含有镁离子) 2  $\mu\text{L}$ , 脱氧核苷三磷酸(deoxyribonucleoside triphosphates, dNTPs) (25 mmol/L) 1  $\mu\text{L}$ , 上下游 10  $\mu\text{mol/L}$  引物各 1  $\mu\text{L}$ , ddH<sub>2</sub>O 13.8  $\mu\text{L}$ , 总体积 20  $\mu\text{L}$ 。PCR 扩增程序:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 退火(温度根据表 1 中具体位点调整) 30 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 共 35 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  终延伸 7 min;4  $^{\circ}\text{C}$  保存。

1.2.3 琼脂糖电泳:2%琼脂糖凝胶,电压 120 V,时间 30 min。

1.2.4 测序:基因测序由北京天一辉远生物科技有限公司完成。

### 1.3 观察指标

使用专业软件 Popgene1.32 分析关键的遗传学指标。(1)观测杂合度(observed heterozygosity, Ho):直观反映实际样本群体中所观测到的杂合子所占的比例情况。(2)期望杂合度(expected heterozygosity, He):在理想的随机交配状态下群体

表 1 用于实验用羊遗传质量检测的 36 个微卫星 DNA 标记

Table 1 36 microsatellite DNA markers specific for genetic quality studies in experimental sheep

序号	位点名称	染色体位置	引物序列(5'→3')	退火温度/℃	等位基因/bp
1	MAF65	OAR15	AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG	60	95~135
2	OarFCB193	OAR11	TTCATCTCAGACTGGGATTCAGAAAGGC GCTTGAAATAAACCTCCTGCATCCC	54	96~136
3	OarJMP29	OAR24	GTATACACGTGGACACCGCTTTGTAC GAAGTGGCAAGATTCAGAGGGGAAG	56	96~150
4	OarJMIP58	OAR26	GAAGTCATTGAGGGTGCCTAACC CTTCATGTTACAGGACTTTCTCTG	58	141~169
5	OarFCB304	OAR19	CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	56	150~188
6	BM8125	OAR17	CTCTATCTGTGAAAAGGTGGG GGGGTTAGACTTCAACATACG	50	104~130
7	OarFCB128	OAR2	ATTAAAGCATCTTCTTTTATTCCTCGC CAGCTGAGCAACTAAGACATACATGGC	55	96~130
8	OarCP34	OAR3	GCTGAACAATGTGATATGTTTCAGG GGGACAATACTGTCTTAGATGCTGC	50	110~130
9	OarVH72	OAR25	GGCCTCTCAAGGGGCAAGAGCAG CTCTAGAGGATCTGGAATGCAAAGCTC	57	121~145
10	OarHH47	OAR18	TTTATTGACAACTCTCTTCCCTAACCC GTAGTTATTTAAAAAATATCATACCTCTTAAGG	58	124~152
11	DYMS1	OAR20	AACAACATCAAACAGTAAAGAG CATAGTAACAGATCTTCCTACA	59	159~211
12	SRCRSP1	CHI13	TGCAAGAAGTTTTCCAGAGC ACCCTGGTTTCACAAAAGG	54	116~148
13	SRCRSP5	OAR18	GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG GTTTCTTTGAAATGAAGCTAAAAGCAATGC	56	126~158
14	SRCRSP9	CHI12	AGAGGATCTGGAAATGGAATC GCACTCTTTTCAGCCCTAATG	55	99~135
15	MCM140	OAR6	GTTGCTACTTCTGGTACTGGTCTC GTCCATGGATTTGCAGAGTCAG	60	167~193
16	MAF33	OAR9	GATCTTTGTTCAATCTATTCCAATTTc GATCATCTGAGTGTGAGTATATACAG	60	121~141
17	MAF209	OAR17	GATCACAAAAGTTGGATACAACCGTGG TCATGCACTTAAGTATGTAGGATGCTG	63	103~135
18	INRA063	OAR14	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAAG	58	157~199
19	OarFCB20	OAR2	AAATGTGTTTAAAGATTCATACAGTG GGAAAACCCCATATATACCTATAC	56	94~120
20	BM1329	OAR6	TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC AACACCGCAGCTTCATCC	50	160~182
21	MAF214	OAR16	GGGTGATCTTAGGGAGGTTTTGGAGG AATGCAGGAGATCTGAGGCAGGGACG	58	174~282
22	ILSTS11	OAR9	GCTTGCTACATGGAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	55	256~294
23	MCM527	OAR5	GTCCATTGCCTCAAATCAATTC AAACCACTTGACTACTUCAA	58	165~187
24	OarFCB226	OAR2	CTATATGTTGCCCTTCCCTTCCTGC GTGAGTCCCATAGAGCATAAGCTC	60	117~153
25	ILSTS28	OAR3	TCCAGATTTGTACCAGACC GTCATGTCATACCTTTGAGC	53	105~177
26	MAF70	OAR4	CACGGAGTCAAAAGAGTCAGACC GCAGGACTCTACGGGGCCTTTGC	60	124~166

续表 1

序号	位点名称	染色体位置	引物序列(5'→3')	退火温度/℃	等位基因/bp
27	BM1824	OAR1	GAGCAAGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAACGTCTCCTTG	58	166~240
28	OarAE129	OAR5	AATCCAGTGTGTAAAGACTAATCCAG GTAGATCAAGATATAGAATATTTTTCAACACC	54	133~179
29	HUJ616	OAR13	TTCAAACACACATTGACAGGG GGACCTTTGGCAATGGAAGG	54	114~160
30	OarCP38	OAR10	CAACTTTGGTGCATATTCAAGTTGC GCAGTCGCAGCAGGCTGAAGAGG	52	115~129
31	HSTSS	OAR7	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTGTAAAGC	55	174~218
32	OarFCB48	OAR17	GACTCTAGAGGATCGCAAAGAACCAG GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAC	58	141~159
33	SR-CRSP-3	Unknown	CGGGGATCTGTTCTATGAAC TGATTAGCTGGCTGAATGTCC	52	164~182
34	SR-CRSP-7	OAR6	TCTCAGCACCTTAATTGTCTCT GGTCAAACACTCCAATGGTGAG	52	162~182
35	SR-CRSP-8	Unknown	TGCGGTCTGTCTGATTTTCAC CCTGCATGAGAAAGTCGATGCTTA	52	210~228
36	CSR47	Unknown	GGACTTGCCAGAACTCTGCAAT CACTGTGTTTGTATTATGTCAGG	55	218~236

所应具备的杂合度水平。(3)等位基因数目(number of alleles,  $N_a$ ):代表特定基因座上所出现的不同等位基因的总数量。(4)有效等位基因数(effective number of alleles,  $N_e$ ):反映真实遗传多样性。(5)香隆指数:准确反映群体遗传多样性程度。(6)Hard-Weinberg 平衡(HWE):检验群体是否处于随机交配、等位基因频率和基因型频率不随世代交替而改变的理想平衡状态。

使用 PIC-Cal 软件分析多态信息含量(polymorphism information content, PIC), PIC 是评估遗传标记多态性优劣的关键指标,其数值高低直接关联到标记在遗传分析中的有效性。

## 2 结果

### 2.1 等位基因数

在对 36 个微卫星位点进行测序分析时,发现其中 1 个位点 P20 的扩增结果不佳,没有提供测序数据。因此,剔除该位点,利用 35 个微卫星标记位点进行群体遗传结构分析。该实验用羊群体中,存在 257 个等位基因,其中 P18(INRA063)位点数量最多,共发现 15 个,而 P14(SRCRSP9)、P16(MAF33)和 P20(MAF214)位点数量较少,发现了 4 个。35 个微卫星标记位点的等位基因平均值为 7.342 9。

### 2.2 实验用羊群体的遗传结构特征

该实验用羊群体  $H_o$  和  $H_e$  分别为 0.470 5 和

0.682 7,  $H_o < H_e$ 。香隆指数平均值为 1.447 2,有 6 个位点的香隆指数  $< 1$ 。PIC 的平均值为 0.636 2,属于高度多态性,且 29 个位点的 PIC  $> 0.5$ 。平均等位基因数为  $(7.342 9 \pm 2.436 8)$ ,有效等位基因数为  $(3.598 9 \pm 1.535 2)$ ,平均观测杂合度为  $(0.470 5 \pm 0.194 3)$ ,平均期望杂合度为  $(0.682 7 \pm 0.144 3)$ ,平均杂合度为  $(0.671 4 \pm 0.141 9)$ ,表明该群体可提供较丰富的遗传结构信息。详见表 2。

## 3 讨论

目前国内缺乏实验用羊群体遗传质量评价方法,严重阻碍实验用羊的标准化研究进展。本研究通过优选微卫星位点,建立了适用于实验用羊的遗传质量控制微卫星 DNA 标记检测法,并利用该方法对实验用羊群体进行了遗传质量分析。本研究不仅建立了用于有效评估实验用羊的遗传检测方法,还明确了我国标准化过程中的实验用羊群体的遗传质量,并为丰富和完善实验动物遗传质量检测相应标准提供了数据支持。实验动物群体的遗传背景评价,其可靠性主要取决于个体样本对于群体总体的代表程度和微卫星标记位点对于整个基因组的代表性。本研究随机选取了 40 只实验用羊作为研究对象,样本充分代表了群体。本研究最终采用了 35 个微卫星位点,从文献中选取以多态性丰富为原则的

表 2 实验用羊群体遗传结构(含 35 个微卫星标记)

Table 2 Genetic structure of 35 microsatellite loci in experimental sheep population

序号	微卫星位点	等位基因数	有效等位基因数	观测杂合度	期望杂合度	平均杂合度	香隆指数	多态性信息含量	多态程度	P 值
1	MAF65	9.000 0	3.838 0	0.300 0	0.752 0	0.739 4	1.656 2	0.709 2	高	<0.01
2	OarFCB193	6.000 0	3.871 0	0.733 3	0.754 2	0.741 7	1.510 4	0.700 3	高	>0.05
3	OarJMP29	6.000 0	1.785 7	0.433 3	0.447 5	0.440 0	0.935 0	0.415 9	中	>0.05
4	OarJMP58	7.000 0	3.092 8	0.633 3	0.688 1	0.676 7	1.403 5	0.637 2	高	>0.05
5	OarFCB304	6.000 0	1.426 3	0.233 3	0.304 0	0.298 9	0.701 4	0.289 7	中	<0.01
6	BM8125	6.000 0	1.659 0	0.300 0	0.404 0	0.397 2	0.878 7	0.379 4	中	<0.01
7	OarFCB128	10.000 0	4.864 9	0.800 0	0.807 9	0.794 4	1.911 7	0.774 7	高	>0.05
8	OarCP34	5.000 0	2.553 2	0.266 7	0.618 6	0.608 3	1.160 4	0.560 4	高	<0.01
9	OarVH72	6.000 0	3.383 5	0.600 0	0.716 4	0.704 4	1.333 9	0.647 2	高	<0.01
10	OarHH47	10.000 0	5.980 1	0.566 7	0.846 9	0.832 8	2.023 3	0.814 1	高	<0.01
11	DYMS1	11.000 0	5.625 0	0.766 7	0.836 2	0.822 2	1.948 7	0.800 2	高	>0.05
12	SRCRSP1	5.000 0	2.834 6	0.100 0	0.658 2	0.647 2	1.192 8	0.586 2	高	<0.01
13	SRCRSP5	5.000 0	3.750 0	0.200 0	0.745 8	0.733 3	1.410 6	0.685 7	高	<0.01
14	SRCRSP9	4.000 0	2.352 9	0.400 0	0.584 7	0.575 0	1.001 9	0.505 7	高	<0.01
15	MCM140	8.000 0	5.504 6	0.600 0	0.832 2	0.818 3	1.848 1	0.794 4	高	<0.01
16	MAF33	4.000 0	2.155 7	0.433 3	0.545 2	0.536 1	0.876 9	0.438 0	中	>0.05
17	MAF209	8.000 0	3.255 0	0.600 0	0.704 5	0.692 8	1.577 5	0.670 0	高	<0.01
18	INRA063	15.000 0	8.867 0	0.766 7	0.902 3	0.887 2	2.400 7	0.877 3	高	>0.05
19	OarFCB20	6.000 0	4.401 0	0.566 7	0.785 9	0.772 8	1.615 0	0.739 3	高	<0.05
20	MAF214	4.000 0	1.925 1	0.500 0	0.488 7	0.480 6	0.885 5	0.431 0	中	<0.01
21	ISTS11	5.000 0	3.789 5	0.633 3	0.748 6	0.736 1	1.400 0	0.688 5	高	>0.05
22	MCM527	7.000 0	4.774 5	0.533 3	0.804 0	0.790 6	1.731 5	0.763 8	高	<0.01
23	OarFCB226	10.000 0	3.703 7	0.600 0	0.742 4	0.730 0	1.653 1	0.700 0	高	<0.01
24	ILSTS28	8.000 0	6.020 1	0.300 0	0.848 0	0.833 9	1.897 8	0.812 7	高	<0.01
25	MAF70	10.000 0	3.765 7	0.400 0	0.746 9	0.734 4	1.745 3	0.712 2	高	<0.01
26	BM1824	5.000 0	2.834 6	0.366 7	0.658 2	0.647 2	1.221 3	0.592 1	高	<0.01
27	OarAE129	11.000 0	4.306 2	0.500 0	0.780 8	0.767 8	1.792 3	0.737 1	高	<0.01
28	HUJ616	6.000 0	3.130 4	0.033 3	0.692 1	0.680 6	1.357 3	0.636 3	高	<0.01
29	OarCP38	8.000 0	2.439 0	0.200 0	0.600 0	0.590 0	1.266 9	0.553 2	高	<0.01
30	ILSTS5	7.000 0	3.345 7	0.400 0	0.713 0	0.701 1	1.455 4	0.662 0	高	<0.01
31	OarFCB48	10.000 0	4.044 9	0.700 0	0.765 5	0.752 8	1.739 3	0.727 9	高	>0.05
32	SR-CRSP-3	8.000 0	2.975 2	0.566 7	0.675 1	0.663 9	1.465 4	0.633 1	高	<0.01
33	SR-CRSP-7	6.000 0	1.537 1	0.333 3	0.355 4	0.349 4	0.793 9	0.335 9	中	<0.01
34	SR-CRSP-8	7.000 0	3.742 2	0.500 0	0.745 2	0.732 8	1.543 4	0.691 9	高	<0.01
35	CSRD47	8.000 0	2.425 9	0.600 0	0.597 7	0.587 8	1.317 6	0.562 8	高	>0.05

标志物,以确保标志物具有代表性,能够客观体现群体的遗传结构,从而提高研究结果的可靠性。

在遗传学研究范畴内,有效等位基因数扮演着极为关键的角色,它能够精准衡量理想群体状态下(即所有等位基因频率均相等)特定基因座上,为达成与实际群体相同纯合度水平所必需的等位基因数量。作为反映群体遗传变异程度大小的一项重要指标,有效等位基因数所呈现出的值越趋近于所实际检测到的等位基因的绝对数量,便意味着等位基因在群体之中的分布越发趋向于均匀状态。本研究聚

焦实验用羊群体,深入探究后发现,该群体的平均等位基因数达到了 7.342 9,然而有效等位基因数均值为 3.598 9。显而易见,该群体的有效等位基因数与观测等位基因数存在差异,说明在所检测的基因位点内,等位基因在该群体的基因组中分布尚不够均衡,存在一定程度的离散倾向。由于封闭群动物大多是借助人工定向培育手段孕育而生,在此过程中,群体原本的遗传多样性以及遗传平衡态势往往难以避免地遭到破坏。这种人为干预下的培育模式,极有可能是导致观测等位基因数与有效等位基因数之

间产生偏差的关键因素之一,后续研究当围绕此点进一步深挖,探寻更为精准的矫正路径,以优化实验用羊群体的遗传结构。

在群体遗传学的研究中,PIC 无疑是衡量群体遗传多样性的关键指标之一。从多态性判定标准来看,当  $PIC > 0.5$  时,不仅能够为后续连锁分析提供坚实的数据基础,更彰显出极为显著的多态性特质;当 PIC 为  $0.25 \sim 0.5$  时,该标记位点基本能够稳定地为遗传研究提供合理且必要的信息,维持一定的多态性水准;而  $PIC < 0.25$  时,标记位点所提供的信息量少,难以支撑连锁分析,仅具有微弱的多态性表现。本研究中,该实验用羊群体的 PIC 值达到  $0.6362$ ,拥有极为强大的提供信息的潜能,能够源源不断地为遗传研究输送关键资料。

在遗传学研究中,群体杂合度是核心评价指标,具有重要意义。群体杂合度指检测位点上群体内杂合子的出现频率,可准确反映群体整体杂合水平,群体平均杂合度高低可直观体现其遗传一致性状况。当群体杂合度呈现出较高数值时,表明群体内部包含着更为丰富的遗传变异,其遗传多样性程度也处于一个较高的水准。对于一个理想状态下构建良好的封闭群体而言,其平均杂合度理应维持在  $0.5 \sim 0.7$  这一特定区间范围之内。2007 年仲涛等<sup>[7]</sup>进行 10 个绵羊品种的微卫星 DNA 多态性研究,发现其中 8 个品种的平均杂合度  $> 0.7$ ,仅有 2 个品种的杂合度处于  $0.5 \sim 0.7$ 。2020 年赵志达等<sup>[8]</sup>应用微卫星标记鉴定湖羊家系,发现平均杂合度  $> 0.733$ 。2022 年李丹阳等<sup>[9]</sup>利用微卫星标记分析湖羊群体遗传多样性,发现湖羊群体的平均杂合度处于  $0.5 \sim 0.7$ 。2019 年朱兰等<sup>[10]</sup>利用微卫星标记分析云南省 10 个山羊品种的遗传多样性,发现 10 个群体的平均杂合度处于  $0.5 \sim 0.7$ 。早期的研究结果中群体的杂合度经常脱离  $0.5 \sim 0.7$  这个范围,而近年来的研究结果显示群体的杂合度多处于  $0.5 \sim 0.7$ 。本研究中的实验用羊群体,经精确测算,其平均杂合度为  $0.6714$ ,符合封闭群体所应具备的遗传结构典型特征。该区间杂合度属于中等偏上水平,说明群体当前的遗传多样性良好,隐性有害基因纯合概率较低,群体整体适应性和抗病能力较强,处于遗传健康的理想状态。此杂合度水平意味着群体尚未出现严重近交衰退,但需警惕杂合度下降趋势。一旦杂合度  $< 0.5$ ,近交系数会快速上升,群体繁殖性能、生存能力等性状将显著退化。

关于实验用羊群体后续遗传管理,有如下建议。(1) 遗传监测体系构建。定期(每代或每半年)检测群体杂合度、近交系数及主效基因频率,核心指标需维持杂合度在  $0.5$  以上,个体近交系数控制在  $0.1$  以下。采用 SSR 或 SNP 技术进行全基因组扫描,精准追踪遗传多样性变化趋势。(2) 交配制度优化。实施随机交配或循环交配:为避免亲缘关系较近的个体交配,可将群体划分为多个亚群,亚群间定期交换种公羊,以降低近交积累速率。建立系谱档案:完整记录每只羊的亲本、子代信息,利用系谱数据计算个体间亲缘系数,指导交配方案制定。(3) 群体规模与结构调控。维持有效群体规模  $\geq 50$ :根据实验需求,合理确定核心群数量,避免因群体过小导致遗传漂变加剧。优化性别比例:核心群种公羊与母羊比例建议为  $1:10 \sim 1:15$ ,保证充足的遗传贡献来源。(4) 引种与更新策略。当群体杂合度出现持续下降趋势时,可从遗传背景相似的外群体引入无血缘关系的种公羊,通过杂交提升群体遗传多样性。定期淘汰繁殖性能低下、遗传价值低的个体,补充年轻个体,保持群体遗传活力。(5) 遗传资源保存。建立冷冻精液、胚胎基因库,保存核心种公羊的遗传资源,为后续群体复壮或遗传改良提供材料。

综上所述,本研究成功建立了适用于实验用羊遗传质量检测的微卫星检测方法,凭借这一关键性方法,可将研究视野聚焦于东北地区的实验用羊群体,全方位、深层次地对其遗传多样性展开严谨且细致的评估工作。

## 参 考 文 献

- [1] 王帆,张杰民,刘天文,等. 一种磁液悬浮心室辅助装置主动停工在体实验动物研究[J]. 中国实验动物学报,2021,29(4):482-489.
- [2] 徐灿,杨光,王东进,等. 国产微型可植入式左心室辅助装置安全性和有效性的动物实验研究[J]. 中国医药,2024,19(2):181-184.
- [3] 章沿锋,蔡世宏,柳成江,等. 国产脊髓电刺激系统在小尾寒羊植入的长期安全性和组织相容性研究[J]. 中国疼痛医学杂志,2024,30(8):568-577.
- [4] 李远,徐海荣,单华超,等. 新型可吸收骨蜡在骨损伤修复中的动物实验研究[J]. 中国医学装备,2022,19(11):190-195.
- [5] 翁昌梅,李冠梅,甘惠方,等. 密闭巷道内气体爆炸致动物急性肺损伤的实验研究[J]. 局解手术学杂志,2022,31(10):843-849.