

牦牛种质资源的研究进展

张军霞^{1,2}, 杨葆春¹

(1. 青海大学 农牧学院 西宁 810016; 2. 甘肃农业大学 动物科学技术学院 兰州 730070)

中图分类号: S823.8⁺⁵

文献标识码: A

文章编号: 1004-7034(2012)01-0028-03

牦牛是高寒地区的特有牛种,生活在海拔3 500 m以上的青藏高原及其毗邻的高寒地区。适应高寒草地生态环境条件,能在空气稀薄、昼夜温差大、牧草生长期短、寒冷的恶劣环境条件下生存并繁衍后代。目前,全世界牦牛数量约1 500万头,其中93.7%分布于我国青藏高原,构成了当地居民最重要的生产生活资料 and 物质基础。牦牛可为牧民提供奶、肉、毛、役力、燃料等生产和生活必需品,是当地畜牧业经济不可缺少的畜种,素有高原之舟的美名。然而,由于受分布地区自然条件及无系统生产性能和系谱记录等因素影响,牦牛品种至今仍属于生产性能较低的原始品种^[1]。畜牧工作者一直在不断努力,试图全面揭示其生理特性并提高其生产性能。文章对牦牛的研究概况及现状进行了综述,以期为牦牛资源的保护及开发利用提供理论参考。

1 牦牛种质资源的形态学研究

1.1 牦牛种质资源现状及其复壮工程

牦牛是我国珍贵的畜禽种质资源之一,对维持遗传多样性及提供育种原材料起着重要的作用;因此,只有对牦牛遗传资源的合理保护,才不会使这一畜种消失,并在未来的畜牧业经济中得到更好地利用。目前,由于受社会、自然、经济等因素的影响,牦牛生产发展总体水平低,生产方式原始、粗放,在一定程度上牦牛品种退化严重,个体生产性能不断下降。据统计,2000年牦牛在畜种资源中所占比例已由1980年的27.24%下降到12.31%,下降了近15%,胴体重、产绒量、产奶量、屠宰率均有不同程度的下降^[2]。我国牦牛遗传种质资源丰富,具有14个优良的不同生态类型的牦牛地方品种和1个国家级新品种。由于牦牛生产方式落后,个体生产性能低,且品种退化严重。为了保护该种质资源和提高其生产性能,近年来通过导入野血牦牛种公牛,对家牦牛进行提纯复壮,提高良种化程度,从而获得了较好的社会效益和经济效益。范涛^[3]采用导入野血牦牛种公牛法来提高家牦牛的生产性能,结果表明引入野血牦牛种公牛

后的杂交品种初生体尺、体重各项指标均高于当地家牦牛。常明华^[4]用1/4野血牦牛改良当地牦牛,后代适应性强,加快了牦牛后代的生长发育。张予辉等^[5]用新疆当地牦牛与甘肃省天祝白牦牛、青海大通牦牛进行杂交。结果发现,导入外血后,犏牛生长发育明显加快,抵抗力增强、成活率提高、畸形率下降,复壮的效果明显;因此,在目前状况下,导入野血牦牛是更新复壮家牦牛群体行之有效的途径之一。

1.2 牦牛生产性能

牦牛初生重小,与产肉性能有直接关系的肌肉、脂肪组织及体躯发育较差。12月龄前生长速度较快,以后逐渐降低。每年温暖季节增重,寒冷季节减重^[6],产肉性能受肥育程度、性别、屠宰季节等影响较大。牦牛肉蛋白质含量高、脂肪少,色泽呈深红色,富含维生素和矿物质,但肌纤维较大、肉质较粗。牦牛乳中干物质和脂肪含量较高,乳中多种营养成分为标准乳的1.5~2.0倍^[1]。牦牛产粗毛和绒毛,年采毛1次,其中粗毛和绒毛各占50%。研究表明:唐古拉山地区高原成年阉牦牛平均体重为(380.6±33.8)kg,屠宰率为52.0%,净肉率为41.5%;牦牛的产奶量与胎次、挤奶次数、草场的草质有关,经测定成年牛日产奶量为(1.86±0.04)kg,初产母牦牛日平均产乳量为(1.25±0.23)kg,乳脂率为6.42%,泌乳期约为150d;7月份产奶量低,乳脂率高;8~9月份产奶量高,乳脂率相应较低。成年牦牛年产量公牛为(2.09±0.17)kg,母牛为(0.83±0.09)kg;幼年牦牛剪毛量公牛为(0.92±0.14)kg,母牛为(0.88kg±0.19)kg。帕里公母牦牛平均体重分别为318.30kg和200.85kg;眼肌面积分别为74.46cm²和47.72cm²;平均屠宰率为50.84%;平均净肉率为42.36%;眼肌肉含粗蛋白22.56%,粗脂肪2.06%,肋肌肉含粗蛋白17.82%,粗脂肪25.29%;8月份日平均产奶量为1.22kg,乳脂率为5.95%,牦牛绒毛产量(0.15~1.00)kg,平均实际收绒量为0.25kg^[7]。王冬林^[8]的研究表明,甘南牦牛平均初生重公犏牛为13.35kg,母犏牛为12.87kg。牦牛屠宰率为46.08%,胴体重106.32kg,净肉率为33.46%;膘情达到最好时(9~10月底)屠宰率为49.81%,胴体重127.10kg,净肉率为36.74%。一般4月中旬开始

收稿日期:2011-01-29;修回日期:2011-03-30

作者简介:张军霞(1975-),女,副教授,博士研究生,zhangjunxia999@sina.com.

产犊5月初挤奶,10月底结束;泌乳期约为170 d,年产乳量为315.00~334.80 kg,乳脂率为6.0%。甘南牦牛一般6月中旬剪毛,玛曲县对种公牦牛通常不剪毛,驮用阉牦牛只剪裙毛,平均剪毛量为1.0 kg,母牦牛为0.7~0.9 kg。毛长19.2~20.5 cm,粗毛占70%,绒毛占30%。牛尾每2年剪1次,公牛尾毛重约0.5 kg,母牛尾毛重约0.10~0.39 kg^[8]。

1.3 本种选育与杂交改良

牦牛是生长、繁衍在海拔3500 m以上特殊生态环境下的稀有牛种,是高寒牧区不可缺少的优良畜种,但因其生产性能较低,长期以来人们采用本种选育和杂交改良来提高牦牛的生产潜力。

1.3.1 牦牛的本种选育 主要采取牦牛本种内的选种选配,使其逐渐提高产肉、产乳性能。把本种选育同科学饲养管理、疫病防治结合起来,确立适合我国草原牧区情况的完整的繁育体系,以提高当地种群的品质和生产性能。中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所在青藏高原自然生态条件下,以野牦牛为父本、当地家牦牛为母本,育成含1/2野牦牛基因的肉用型牦牛新品种——大通牦牛,这是世界上人工培育的第1个牦牛新品种。不同品种间的杂交效果差异较大。王裕昌^[9]对天祝白牦牛经过7年的选育,使其体重增加了9.49 kg,产绒量增加了0.2 kg,产肉量增加了5.58 kg。用大通牦牛对青海牦牛、甘肃牦牛、新疆牦牛进行改良,使当地牦牛生产性能都得到了提高。用九龙牦牛与四川理县的麦洼牦牛杂交,杂种优势明显,但九龙牦牛与青海牦牛、甘肃牦牛杂交效果不够理想^[10]。

1.3.2 牦牛的杂交改良 选用乳、肉性能好的普通牛品种与牦牛进行杂交,利用杂交优势提高其生产力。牦牛与普通牛种的杂交称为种间杂交,所产杂种雄性不育,雌性能正常生育;因此,优良性状不能自繁遗传。普通牛与牦牛进行种间杂交的后代——犏牛具有明显的杂种优势,可以作为提高商品生产的主要手段^[11]。阿秀兰对280头西藏当地牦牛进行同期发情处理后,再用娟姗牛冻精人工配种,杂交1代犏牛比牦犏牛初生重提高了1.53 kg,6月龄重提高了12.69 kg^[12]。罗光荣用含1/2荷斯坦奶牛血液的杂种藏黄公牛与牦牛自然交配繁殖的F1代公牛的整体发育良好,充分体现了生长快,体格大的特性。F1公牛的屠宰率、净肉率均较高,具有较大眼肌面积,非胴体部分占活重的百分比与牦牛相比低2.18个百分点。将F1公牛的产肉性能与牦牛及其他犏牛进行比较分析,结果表明F1公牛产肉性能较高^[13]。利用杂种藏黄公牛与牦牛杂交的F1代母犏牛各年龄段的体尺、体重杂种优势明显^[14]。犏牛第1胎次的产乳性能,183 d产奶量为(659.36±41.34) kg,比牦×牦F1代提高了1.65倍;乳脂总量为36.07 kg,比牦×牦F1

代提高1.2倍^[15]。用中国草原红牛杂交改良甘南牦牛的试验结果表明,草原红牛在甘南地区有良好的适应性,与甘南牦牛自然交配,繁殖成活率达46.99%,比用荷斯坦奶牛冻精人工授精生产的犏牛提高10.84%,比当地黄牛与甘南牦牛杂交品种提高6.99%^[16]。

2 牦牛种质资源在细胞水平的研究进展

细胞水平上的研究多集中于遗传多样性的研究,遗传多样性来源于染色体的遗传变异。研究染色体的变异可以为研究动物的起源、进化和鉴别亲缘关系提供可靠的细胞遗传学证据;因此,对牦牛染色体大小、形态结构及带型进行遗传多样性分析,将有助于了解不同牦牛类群的种质特性,以及牦牛的起源、分类、遗传分化和系统发育。钟金城等^[17]从牦牛的染色体、血液蛋白、体型外貌多态性,以及分布区的生态因子等方面对牦牛类群的分类进行了分析。结果发现,中国牦牛可分为以九龙牦牛和麦洼牦牛为代表的2个类群,这与蔡立等将中国牦牛分为“青藏高原型”和“横断高山型”的结果一致,但与其他学者的分类结果有较大的差异,说明牦牛类群的形成受遗传和环境的共同作用,生态气候因子对牦牛体型大小有着直接的影响,牦牛种群的分类既要考虑遗传因素,又要考虑它所处的生态条件。

3 牦牛种质资源在分子水平上的研究

自20世纪70年代起,随着分子生物技术的蓬勃发展,生物技术对牦牛上的应用也日趋广泛。目前,对牦牛分子水平的研究主要集中在遗传多态性及与生产性能相关的功能基因方面。遗传多态性研究的结果可反映牦牛遗传多样性的丰富程度,确定遗传的独特性,了解牦牛品种的起源、演化和分类,以及牦牛种间及牦牛与其他普通牛种间的亲缘关系,进而为合理开发利用牦牛种质资源提供重要的理论依据。与生产性能相关的功能基因的研究是通过对功能基因的克隆、定位和基因多态性与生产性能的相关性分析,为分子育种提供理论依据,进而提高牦牛的生产性能,培育出优良的牦牛新品种。

3.1 遗传多样性的研究

自20世纪80年代以来,国内外已开展了牦牛功能基因的比较基因组学、牦牛的种质特性及起源、演化和分类等学科的研究,并取得了较为丰硕的成果^[1]。肖玉萍等^[18]采用RAPD分子标记技术对麦洼牦牛、九龙牦牛、大通牦牛和天祝白牦牛4个品种的124头牦牛进行了遗传多样性分析。结果发现4个牦牛品种聚为2大类,九龙牦牛为1类,其他3个牦牛品种聚为1类。常国斌等^[19]对20头巴州牦牛Cytb基因部分序列进行分析,共发现7个变异位点,定义了4种单倍型;再结合GenBank中*bos*属普通牛、瘤牛、牦牛、印度野牛和爪哇野牛5个近缘种,以

及沼泽水牛的 *Cytb* 基因同源区序列进行分析,以绵羊作为外群,分别采用邻接(NJ)法和最大简约(MP)法构建分子系统发育树,得到基本一致的拓扑结构。研究表明,巴州牦牛的系统地位在牛亚科中介于属与种之间,将其定义为 *bos* 属或者 *Poephagus* 属均有其一定的依据,但他们认为将其归属为 *bos* 属中的一个亚属可能更为合理,分析结果表明巴州牦牛可能具有2种母系起源。陈雪梅对巴州牦牛、大通牦牛和九龙牦牛促红细胞生成素(EPO)基因多态性检测的结果表明,大通牦牛、巴州牦牛、九龙牦牛具有较丰富的遗传多样性,表现为AA、AB和BB3种基因型,AB为优势基因型,A为优势等位基因,同时发现随着海拔高度的增加,A等位基因频率逐渐升高,BB型的频率则降低,群体杂合度和多态信息含量也逐渐降低,这种变化可能与牦牛对低氧的适应能力有一定的关系。L. L. Janecek等^[20]采用线粒体细胞色素C氧化酶亚基II序列来分析牛亚科家畜系统发育与进化的关系。结果表明,牦牛与普通牛关系较近,而与野牛关系较远。

3.2 与生产性能相关的功能基因的研究

与牦牛生产性能相关的功能基因研究主要集中在与生长发育、产乳性状、肉质性状、繁殖性状和抗病性状等相关的功能基因的研究。姚玉妮等^[21]采用PCR-SSCP方法分析了牦牛胰岛素样生长因子-1(IGF-1)基因在天祝白牦牛、甘南牦牛、青海高原牦牛和大通牦牛中的遗传多态性。结果表明:牦牛IGF-1基因的第1外显子不存在遗传多态性;第2外显子在4个品种中检测到了AA、AB和BB基因型,而且A等位基因为4个牦牛群体的优势等位基因,分布较高。在4个品种中,天祝白牦牛AA基因型频率最高,而大通牦牛、甘南牦牛和青海高原牦牛则相对较低,大通牦牛与天祝白牦牛,青海高原牦牛与甘南牦牛基因和基因型相近,其他牦牛群体之间基因和基因型存在差异。王丁科等^[22]用PCR-SSCP方法检测天祝白牦牛、甘南牦牛、大通牦牛、青海高原牦牛和新疆牦牛胰岛素样生长因子-2(IGF-2)基因内含子8的多态性,并分析其对体重、体高、胸围和体长的遗传效应。扩增到牦牛IGF-2基因内含子8的部分序列,其长度为438bp,存在AA、AB和BB3种基因型,其中AA型是由BB型330位G→C和358位A→G转换造成的。除新疆牦牛以外,以上3种基因型在其他牦牛群体中均处于Hardy-Weinberg平衡状态。AA和AB基因型个体体重极显著高于BB基因型个体($P < 0.01$),AA与BB基因型个体在体高、体长和胸围性状上差异不显著($P > 0.05$)。IGF-2基因有可能作为体重性状的候选基因用于标记辅助选择,且有不依赖于骨骼增长而增加体重的作用。

4 结束语

牦牛是适合青藏高原生态环境的特有种质资源,是一个珍贵的基因库。随着繁殖控制技术、遗传标记技术和现代育种技术的发展及应用,牦牛种质资源保护、生产性能提高、品种选育及开发利用的研究和应用将迈上一个新的台阶,充分发挥牦牛的种质资源特性,促进牧区畜牧业的发展,提高牧民的生活水平。

参考文献:

- [1] 钟金城,陈智华,马志杰.牦牛分子育种的理论与实践[J].西南民族大学学报:自然科学版,2006,32(1):11-19.
- [2] 董春兰.野牦牛复壮家牦牛的效果测定[J].中国牛业科学,2005,35(3):21-22.
- [3] 范涛.导入外血提高家牦牛生产性能[J].畜牧兽医杂志,1999(8):4-5.
- [4] 常明华.用1/4野血牦牛改良当地牦牛效果初探[J].中国牛业科学,2009,35(1):60-61.
- [5] 张予辉,张永安.导入外血对本地牦牛复壮的效果分析[J].中国牛业科学,2006,32(5):28-29.
- [6] 王丁科.牦牛IGF-1及其受体基因多态与生长性状相关性研究[D].兰州:甘肃农业大学,2009.
- [7] 姬秋梅,普穷,达娃央拉,等.帕里牦牛生产性能的研究[J].中国草食动物,2000,2(6):3-5.
- [8] 王冬林.浅谈甘南牦牛资源现状及开发对策[J].甘肃畜牧兽医,2010,213(4):25-48.
- [9] 王裕昌.中国天祝白牦牛[J].草食家畜,1995(3):3-5.
- [10] 陈勇,何志琼,陈志远.对牦牛杂交改良的理论性研讨[J].西南民族大学学报:自然科学版,2007,33(6):1326-1330.
- [11] 蔡立.四川牦牛[M].成都:四川民族出版社,1989.
- [12] 阿秀兰,达瓦洛桑,张新慧,等.娟姗牛与西藏当雄牦牛杂交效果观察[J].黑龙江动物繁殖,2010,18(2):12-14.
- [13] 罗光荣.杂种藏黄公牛与牦牛杂交的F1公牛产肉性能[J].四川草原,1999(3):60-62.
- [14] 高景福.杂种黄公牛与牦牛杂交的F1代生长发育测定[J].四川草原,2003(3):33-35.
- [15] 高景福.杂种藏黄公牛与牦牛杂交的F1产乳性能测定报告[J].四川草原,1999(2):63-64.
- [16] 杨勤,石红梅,马登录,等.中国草原红牛与甘南牦牛杂交试验研究[J].中国牛业科学,2007,33(3):1-5.
- [17] 钟金城,陈智华,字向东,等.牦牛品种的聚类分析[J].西南民族学院学报:自然科学版,2001,27(1):92-94.
- [18] 肖玉萍,钟金城,金双.4个牦牛品种的RAPD遗传多样性研究[J].中国牛业科学,2007,33(6):5-10.
- [19] 常国斌,常洪,陈国宏,等.基于Cytb基因部分序列分析巴州牦牛遗传多样性及其系统地位[J].中国畜牧杂志,2010,46(17):19-21.
- [20] JANEECK L L, HONEYCUTT R L, ADKINS R M, et al. Mitochondrial gene sequences and the molecular systematics of the artiodactyl subfamily boviniae[J]. Mol Phylogenet Evol, 1996, 6(1): 107-119.
- [21] 姚玉妮,阎萍,梁春年,等.不同地方品种牦牛IGF-1基因的PCR-SSCP分析[J].中国草食动物,2008,28(3):9-11.
- [22] 王丁科,梁春年,阎萍,等.牦牛IGF-2内含子8的遗传多态性及其遗传效应分析[J].西北农林科技大学学报:自然科学版,2009,37(5):40-42.

(006)