

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00324

# 中国家驴的非洲起源研究

卢长吉<sup>1</sup>, 谢文美<sup>1</sup>, 苏锐<sup>1</sup>, 葛庆兰<sup>1</sup>, 陈宏<sup>1,3</sup>, 沈善义<sup>2</sup>, 雷初朝<sup>1</sup>

1. 西北农林科技大学动物科技学院, 杨凌 712100

2. 山东天龙驴产业研究院, 无棣 251900

3. 徐州师范大学细胞与分子生物学研究所, 徐州 221116

**摘要:** 对我国 13 个家驴品种 367 条序列(其中引用文献资料 241 条)的 mtDNA D-loop 区 399 bp 进行分析, 共检测到 96 种单倍型 57 个多态位点, 其单倍型多样性为 0.767~0.967, 核苷酸多样性为 0.014~0.032, 表明我国家驴的遗传多态性丰富。与 3 个努比亚野驴、3 个索马里野驴和 6 个亚洲野驴的序列构建 NJ 系统发育树, 证明我国家驴的母系起源为非洲野驴中的索马里野驴和努比亚野驴, 亚洲野驴不是中国家驴的母系祖先。

**关键词:** 中国家驴; mtDNA D-loop; 遗传多样性; 起源

## African origin of Chinese domestic donkeys

LU Chang-Ji<sup>1</sup>, XIE Wen-Mei<sup>1</sup>, SU Rui<sup>1</sup>, GE Qing-Lan<sup>1</sup>, CHEN Hong<sup>1,3</sup>, SHEN Shan-Yi<sup>2</sup>, LEI Chu-Zhao<sup>1</sup>

1. College of Animal Science and Technology, Northwest A & F University, Yangling 712100, China;

2. Shandong Tianlong Academy of Donkey, Wudi 251900, China;

3. Institute of Cellular and Molecular Biology, Xuzhou Normal University, Xuzhou 221116, China

**Abstract:** Analysis of the 367 mtDNA D-loop sequences (of which 241 sequences were collected from literature) of 399 bp in 13 Chinese domestic donkey breeds revealed 96 different haplotypes with 57 polymorphic sites. The haplotype diversity and the nucleotide diversity were 0.767–0.967 and 0.014–0.032, respectively, indicating abundant genetic diversity in Chinese domestic donkeys. The Neighbor-joining tree of Chinese domestic donkey sequences was constructed with 3 Nubian wild ass sequences, 3 Somali wild ass sequences and 6 Asian wild ass sequences. Our results suggest that the maternal ancestor of Chinese domestic donkeys is highly likely to be Somali and Nubian of African wild ass instead of Asian wild ass.

**Keywords:** Chinese domestic donkeys; mtDNA D-loop; genetic diversity; origin

我国的养驴历史悠久, 驴种资源丰富, 根据其体格大小可以分为大型、中型和小型驴 3 种类型。我国家驴多集中在属中温带和暖温带气候的西北、华北、西南以及东北的部分地区, 尤以黄河中下游的渭河、淮河、海河流域和新疆、甘肃的河西走廊

分布最多<sup>[1]</sup>。但由于与牛、羊、猪、鸡等相比其经济价值较低, 因而对家驴的研究甚少。家驴在广大农区曾作为主要的驮运动物, 为人类的农耕文明做出了重要贡献。但随着农业机械化的推进和运输业的快速发展, 我国家驴作为运输工具的作用日益降

收稿日期: 2007-08-10; 修回日期: 2007-11-03

基金项目: 教育部新世纪优秀人才支持计划, 西北农林科技大学青年学术骨干人才支持计划(编号: 01140304), 西北农林科技大学科研专项(编号: 07ZR004)资助[Supported by Program for New Century Excellent Talents in University, Youth Academic Talent Program of Northwest A&F University (No. 01140304) and Research Program of Northwest A&F University (No. 07ZR004)]

作者简介: 卢长吉(1985-), 男, 湖南人, 本科生, 专业方向: 动物生物科学

通讯作者: 雷初朝(1968-), 男, 博士, 副教授, 研究方向: 动物遗传资源。E-mail: leichuzhao1118@126.com

低, 驴群的数量和质量大幅度下滑, 目前正面临着严峻的形势。幸运的是, 近年来, 随着人们生活水平的提高, 肉驴业的开发与养殖有所发展。家驴为农民各家各户散养, 以草料为主食, 所产驴肉是纯天然的绿色食品, 非常受消费者的青睐。驴皮是制作我国传统中药——阿胶的原材料, 在一定程度上促进了养驴业的发展。

线粒体 DNA(mtDNA)D-loop 序列已被广泛用于家畜起源进化、亲缘关系和群体遗传结构研究<sup>[2~5]</sup>。在家驴研究方面, Ivankovic 等<sup>[2]</sup>首次研究了克罗地亚地区 3 个家驴品种的 mtDNA 遗传多样性, 共发现 3 个单倍型组, 分属于 2 个母系起源; Beja-pereira 等<sup>[3]</sup>对世界范围内 427 头(包括中国 10 头)家驴的 mtDNA D-loop 序列进行了系统研究, 证明家驴是非洲起源的。对中国家驴的母系起源与遗传多样性研究的报道不多<sup>[4~7]</sup>。本研究把我们在中国家驴 mtDNA 方面的研究结果与 GenBank 数据库有关中国家驴的相关资料结合在一起, 全面分析中国家驴的起源进化与遗传多样性, 为我国家驴遗传资源保护与利用提供科学依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 数据来源

本研究所用 367 条中国家驴代表 13 个品种, 其地理分布见表 1。这 367 条中国家驴的 mtDNA D-loop 序列中(表 2), 126 条来自雷初朝等<sup>[5,6]</sup>的研究, 另

外 241 条是从 GenBank 数据库引用的中国家驴资料<sup>[4,7]</sup>(DQ448878~DQ449023, EF056034~EF056128, 见表 2 样本数中括号内的数字)。

### 1.2 数据处理

本研究所用的 367 条中国家驴 mtDNA D-loop 序列的一致长度为 399 bp, 用 CLUSTALX<sup>[8]</sup>软件进行同源序列比对, 用分子进化遗传分析软件 MEGA2.0<sup>[9]</sup>确定单倍型数目与多态位点, 并用 Kimura 双参数法构建 NJ 系统树。单倍型多样度和核苷酸多样性用 Dnasp4.1.0 软件<sup>[10]</sup>进行统计。

## 2 结果与分析

### 2.1 中国家驴 mtDNA D-loop 遗传多样性

本研究共分析了 367 条中国家驴的 mtDNA D-loop 序列, 共发现 96 种单倍型, 57 个多态位点。在这些多态位点中忽略插入和缺失, 发现 44 个转换, 11 个颠换, 2 个转换与颠换共存, 表明碱基的替换以转换为主, 但转换与颠换之比很低, 达 4 : 1。中国 13 个家驴品种 367 条 mtDNA D-loop 序列中, 各品种的单倍型数目和遗传多样性指数见表 2。从表 2 可以看出, 中国家驴的单倍型数目在每个品种中分布范围为 3~44; 其单倍型多样度和核苷酸多样性分别为 0.767~0.967 和 0.014~0.032, 均以西藏驴最小, 德州驴最大。中国家驴的平均单倍型多样度和核苷酸多样性为 0.947 和 0.025, 表明中国家驴具有丰富的遗传多样性。

表 1 中国家驴品种的地理分布

Table 1 Geographical distribution of Chinese donkey breeds

品种及其代号 Donkey breeds and abbreviations	地理分布 Geographical distribution	品种及其代号 Donkey breeds and abbreviations	地理分布 Geographical distribution
关中驴 Guanzhong, GZ	陕西扶风县 Fufeng county, Shaanxi Province	淮北灰驴 Huaibei, HUB	安徽淮北市 Huaibei city, Anhui Province
德州驴 Dezhou, DZ	山东德州市 Dezhou city, Shandong Province	凉州驴 Liangzhou, LZ	甘肃武威市 Wuwei city, Gansu Province
蒙古驴 Mongolian, MG	内蒙古赤峰市 Chifeng city, Inner Mongolian Autonomous Region	太行驴 Taihang, TH	河北太行山脉 Taihang Mountain, Hebei Province
西吉驴 Xiji, XIJ	宁夏西吉县 Xiji county, Ningxia Autonomous Region	新疆驴 Xinjiang, XJ	新疆喀什地区 Kashi region, Xinjiang Autonomous Region
庆阳驴 Qingyang, QY	甘肃庆阳市 Qingyang city, Gansu Province	云南驴 Yunnan, YN	云南西部 West of Yunnan Province
佳米驴 Jiami, JM	陕西米脂县 Mizhi county, Shaanxi Province	西藏驴 Xizang, XZ	西藏日喀则地区 Rikaze region, Xizang Autonomous Region
泌阳驴 Beiyang, BY	河南泌阳县 Beiyang county, Henan Province		

表 2 13 个家驴品种的遗传多样性指数  
Table 2 Genetic diversity indices in 13 Chinese donkey breeds

品种 Breed	样本数 Samples	索马里支系 Lineage Somali		努比亚支系 Lineage Nubian		单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity
		单倍型 Haplotype	样本数 Samples	单倍型 Haplotype	样本数 Samples		
关中驴 GZ	56(43)	8	21	14	35	0.936 ± 0.015	0.023 ± 0.006
德州驴 DZ	16(9)	6	7	7	9	0.967 ± 0.036	0.032 ± 0.010
蒙古驴 MG	20	6	14	4	6	0.916 ± 0.040	0.021 ± 0.006
西吉驴 XIJ	7	3	3	3	4	0.952 ± 0.096	0.026 ± 0.011
庆阳驴 QY	10	5	6	3	4	0.956 ± 0.059	0.025 ± 0.008
佳米驴 JM	11	4	8	3	3	0.818 ± 0.119	0.021 ± 0.008
泌阳驴 BY	12	3	7	4	5	0.833 ± 0.100	0.026 ± 0.009
淮北灰驴 HUB	5	1	2	2	3	0.800 ± 0.164	0.027 ± 0.012
凉州驴 LZ	45(35)	10	29	13	16	0.904 ± 0.035	0.024 ± 0.006
太行驴 TH	12	5	8	2	4	0.909 ± 0.056	0.021 ± 0.007
新疆驴 XJ	95(85)	22	58	22	37	0.957 ± 0.009	0.026 ± 0.016
云南驴 YN	62(53)	6	23	13	39	0.939 ± 0.010	0.023 ± 0.006
西藏驴 XZ	(16)	2	3	4	13	0.767 ± 0.084	0.014 ± 0.005
总计 Total	367(241)	43	189	53	178	0.947 ± 0.006	0.025 ± 0.006

2.2 中国家驴单倍型间的系统发育分析

在构建系统发育树时，我们共引用 12 条野驴序列，分别为 3 条非洲索马里野驴(GenBank 号为：AY569545~AY569547)；3 条非洲努比亚野驴，这是由 Dr. Albano Beja-pereira 友好提供的；6 条亚洲野驴(GenBank 号为：AF220932~ AF220937)。对这 12 条野驴序列和中国家驴 96 种单倍型共同构建 NJ 系统发育树(图 1)。从图 1 可以看出，中国家驴的母系起源为非洲的两个支系即索马里野驴和努比亚野驴。在所分析的 367 条中国家驴序列中有 189 条属于索马里驴支系，代表 43 种单倍型，占中国家驴个体数的 51.50%(189/367)；有 178 条属于努比亚驴支系，代表 53 种单倍型，占 48.50%(178/367)。中国家驴的序列和亚洲野驴的序列没有聚在一起，说明亚洲野驴不是中国家驴的母系祖先。

3 讨论

3.1 关于中国家驴的遗传多样性

本研究对中国 13 个家驴品种 367 条序列的 mtDNA D-loop 区进行分析，发现 96 个单倍型 57 个多态位点，平均单倍型多样度和平均核苷酸多样度分别为 0.947 和 0.025，表明中国家驴具有丰富的遗传多样性。高雪<sup>[4]</sup>用 6 个血液蛋白座位和 LDH 同工酶对新疆驴、凉州驴与云南驴进行研究，发现它们

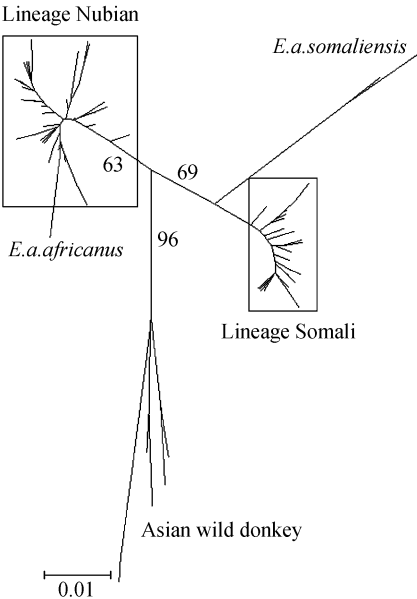


图 1 中国家驴 96 个单倍型和 3 条索马里野驴序列、3 条努比亚野驴序列、6 条亚洲野驴序列构建的 NJ 系统发育树  
图上的数字代表 1 000 次重复的 bootstrap 值。长方形框分别表示中国家驴的两个支系 Lineage Somali 和 Lineage Nubian, *E. a. somaliensis* 和 *E. a. africanus* 分别代表非洲野驴 Somali 和 Nubian 的序列。  
Fig. 1 NJ phylogenetic tree of 96 mtDNA D-loop haplotypes of Chinese donkey sequences, three Somali wild donkey sequences, three Nubian wild donkey sequences and six Asian wild donkey sequences  
Numbers at the two lineages denote the bootstrap percentages of 1 000 replications. Two rectangles denote two lineages Somali and Nubian of Chinese donkeys respectively. *E. a. somaliensis* and *E. a. africanus* stand for the sequences of African Somali and Nubian wild donkeys respectively.

在蛋白质水平上显示了丰富的遗传多样性。朱文进等<sup>[12]</sup>利用 24 对微卫星座位对我国 8 个地方驴种, 即: 广灵驴、庆阳驴、晋南驴、关中驴、泌阳驴、淮阳驴、德州驴和佳米驴进行分析, 发现中国家驴也具有丰富的遗传多样性。以上这些数据说明我国国家驴在蛋白质、微卫星和线粒体 DNA 水平上均具有较丰富的遗传多样性。

### 3.2 关于中国家驴的起源进化

人们对中国家驴的起源进化主要有两种观点: (1) 中国家驴起源于非洲野驴, 驯化后经阿拉伯地区进入中国<sup>[1]</sup>。研究证明<sup>[13]</sup>, 人们在非洲北部最早驯化了野驴, 其代表种为努比亚野驴和索马里野驴, 主要分布在非洲东北部的埃塞俄比亚高原、尼罗河及红海的沿岸。家驴被驯化后, 向东经埃及传到亚洲的西部, 再经伊朗、阿富汗、印度最后传入中国。由于埃及地处亚洲、欧洲和非洲交界处, 成了 3 大洲之间牲畜交易中心, 因此它对家驴向世界扩张起着极为重要的作用。Beja-pereira 等<sup>[3]</sup>发现埃及家驴的核苷酸多样性明显高于中东家驴的核苷酸多样性, 从分子水平证实了埃及在家驴扩张中确实起到了一个中转站的作用。(2) 中国驴种除起源于非洲野驴外, 还可能起源于亚洲野驴<sup>[1]</sup>。因为亚洲野驴的驯化中心伊朗、阿富汗和中国的新疆相邻, 青海、西藏和内蒙古又都是亚洲野驴重要的分布区, 中国家驴在皮毛颜色及其他外部特征上与亚洲野驴十分相似<sup>[1]</sup>。本研究没有发现中国家驴与亚洲野驴有直系亲缘关系, 因此, 我们支持中国家驴起源于非洲野驴的观点。非洲野驴的两个支系对中国 13 个家驴品种的影响基本一致。因为在历史上, 中国曾经历了几次大的民族大融合, 作为人类交通工具和生产工具之一的家驴必然会随着人类的迁徙和商业贸易而不同地域的家驴品种之间进行杂交。而且, 各地的人们均有选用其他地区优良驴品种与本地驴杂交, 以改进本地驴品质的习惯, 这也促进了家驴品种间的基因交流, 表明中国家驴存在着相当高的基因渐渗过程, 这和 Beja-pereira 等<sup>[3]</sup>的研究结果是一致的。

从本研究的结果可以看出, 亚洲野驴不可能是中国家驴的母性祖先。人们推测, 亚洲野驴在来自非洲的家驴传入亚洲之前可能曾被人们驯养, 但在来自非洲的家驴传入亚洲后, 驯养的亚洲野驴逐渐被取代, 原因可能有: (1) 非洲野驴被驯化成家驴后, 形成各种不同目的的类型和品种, 由于家驴在实用

性方面的优势, 逐渐淘汰了驯养的亚洲野驴; (2) 亚洲野驴在人类的长期捕杀下, 其种群数量大大减少, 只有少数亚洲野驴被驯化。这些被驯化的野驴往往成为富人的玩物或当权者炫耀其地位的标志, 从而妨碍了驯化的亚洲野驴在民间的普及; (3) 亚洲野驴和家驴染色体核型存在着很大差异, 使得亚洲野驴和家驴之间可能形成了生殖隔离, 它们之间难以交配, 或产下的后代没有生殖能力<sup>[14]</sup>。目前我们还没有发现中国早期有驯养野驴的记载, 但基于以上 3 点原因, 即使中国曾经驯养过亚洲野驴, 在来自非洲的家驴传入中国后, 驯养的亚洲野驴也被来自非洲的家驴所取代。至于我国某些家驴品种与亚洲野驴具有相似的毛色、形态等, 这可能是由于它们生活在相似的生态环境下表现的一种趋同进化现象。由于驴的毛色是由核基因决定的, 所以家驴与野驴的毛色基因是否存在同源性, 还有待于进一步研究。

### 参考文献(References):

- [1] XIE Cheng-Xia. Horse and ass breeds in China. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishing House, 1987.  
谢成侠. 中国马驴品种志. 上海: 上海科技出版社, 1987.
- [2] Ivankovic A, Kavar T, Caput P, Mioc B, Pavic V, Dovec P. Genetic diversity of three donkey populations in the Croatian region. *Anim Genet*, 2002, 33: 169–177. [DOI](#)
- [3] Beja-Pereira AP, England R, Ferrand N, Jordan S, Bakhiet AO, Abdalla MA, Mashkour MJ, Jordana J, Taberlet P, Luikart G. African origins of the domestic donkey. *Science*, 2004, 304: 1781. [DOI](#)
- [4] Chen SY, Zhou F, Xiao H, Sha T, Zhang YP. Mitochondrial DNA diversity and population structure of four Chinese donkey breeds. *Anim Genet*, 2006, 37: 427–429. [DOI](#)
- [5] Lei CZ, Ge QL, Zhang HC, Liu RY, Zhang W, Jiang YQ, Dang RH, Zheng HL, Hou WT, Chen H. African maternal origin and genetic diversity of Chinese domestic donkeys. *Asian-Aust J Anim Sci*, 2007, 20(5): 645–652.
- [6] LEI Chu-Zhao, CHEN Hong, YANG Gong-She, SUN Wei-Bin, LEI Xue-Qin, GE Qing-Lan, WANG Zhao-Feng, LV Ning, GAO Xue, HOU Wen-Tong. Study on mitochondrial DNA D-loop polymorphism in Chinese donkeys. *Acta Genetica Sinica*, 2005. 32(5): 481–486.  
雷初朝, 陈宏, 杨公社, 孙维斌, 雷雪芹, 葛庆兰, 王朝锋, 吕宁, 高雪, 侯文通. 中国驴种线粒体 DNA D-loop 多态性研究. *遗传学报*, 2005, 32(5): 481–486.
- [7] SUN Wei-Li, YANG Bo-Hui, CAO Xue-Liang, SUN Yong-Feng, LIANG Chun-Nian, LIU Jian-Bin. Phylogenetic relationship and genetic diversity of Chinese four domestic donkey breeds using mtDNA D-loop. *China*



- Herbivores*, 2007, 27(2): 7–10.
- 孙伟丽, 杨博辉, 曹学亮, 孙永峰, 梁春年, 刘建斌. 中国四个地方驴品种 mtDNA D-loop 部分序列分析与系统进化研究. *中国草食动物*, 2007, 27(2): 7–10.
- [8] Thompson JD, Gibson TJ, Pelewniak F. The Cluster-X Windows interface: Flexible strategies ed. for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25: 4876–4882. [\[DOI\]](#)
- [9] Kumar S, Tamura K, Jakobsen IB, Nei M. MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Software. USA: Arizona State University, Tempe, AZ, 2001.
- [10] Rozas J, Rozas R. Dnasp version3: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics*, 1999, 15: 174–175. [\[DOI\]](#)
- [11] GAO Xue. Studies on genetics of Chinese ass breed's originality[Dissertation]. Northwest A&F University, 2001. 高雪. 中国驴种来源的遗传学研究[学位论文]. 西北农林科技大学, 2001.
- [12] ZHU Wen-Jin, ZHANG Mei-Jun, GE Mu-Xiang, GUAN Xue-Min, SU Yong-Mei, JIANG Yu-Suo, ZHANG Gui-Xian, GUO Chuan-Jia. Microsatellite analysis of genetic diversity and phylogenetic relationship of eight donkey breeds in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(2): 398–405.
- 朱文进, 张美俊, 葛慕湘, 关学敏, 苏咏梅, 姜玉锁, 张桂贤, 郭传甲. 中国 8 个地方驴种遗传多样性和系统发生关系的微卫星分析. *中国农业科学*, 2006, 39(2): 398–405.
- [13] Reed CA. Origins of Agriculture. Mouton. Publ: The Hague, 1977.
- [14] ZHOU Feng. Study on genetic diversity in four Chinese donkey breeds[Dissertation]. Yunnan University, 2005. 周峰. 中国四个地方家驴品种的遗传多样性研究[学位论文]. 云南大学, 2005.

## “第二届发育和疾病表观遗传学上海研讨会/亚洲表观遗传组学联盟第三届年会”将在上海召开

“第二届发育和疾病表观遗传学上海研讨会/亚洲表观遗传组学联盟第三届年会”(The 2<sup>nd</sup> Shanghai Symposium of Epigenetics in Development and Diseases/The 3<sup>rd</sup> Annual Meeting of the Asian Epigenome Alliance)将于 2008 年 7 月 4–7 日在中国上海召开。

主办单位: 上海交通大学肿瘤研究所; 复旦大学生物医学研究院; 美国哈佛大学

协办单位: *Journal of Genetics and Genomics* 编辑部; Cell Research 编辑部

名誉主席: 陈竺, 裴刚, 朱作言, 沈岩, 赵国屏, 刘德培, 顾建人, 杨胜利, 王红阳, 杨焕明

会议主席: 朱景德, 贺林, 施阳

大会将有 35 位国际上知名的专家(通过大会发言的形式介绍他们最新研究成果)和约 165 名活跃在表观遗传学领域第一线的科学工作者汇聚一堂, 共同见证从现代生物医学的大局所体会到的表观遗传学研究领域最新的理念和技术的突破性进展, 分享对该领域的理论和应用研究发展的令人振奋的前景。除了 5 个连续进行的口头报告单元(由 7 个 30 分钟报告组成), 大会安排了两个墙报单元和 4 个有公司专家介绍最新的适用于表观遗传学研究的技术平台和试剂。将从提交墙报者中选择出数名与会者作报告。

为了最大限度地促进交流和讨论, 会议规模限制在 200 名以内。与会资格将由学术委员会根据上交摘要的相关性和学术质量的评定在 4 月 30 日前通知申请者。3 月 31 日前注册费标准如下: 本土: 800.00 RMB; 其他: 2400.00 RMB。

付费信息如下: 开户银行: 上海浦东发展银行徐汇支行; 帐号: 076415-4291317800; 开户名称: 复旦大学(枫林校区)。未提交注册费和上交摘要的申请不予受理。

请上网注册。http://www.bioon.com/shanghaiepigeneticssymposium200807/

如有问题, 可发电子邮件与朱景德教授联系: zhujingde@shsci.org; zhujingde@gmail.com