

# 5 个山羊品种的遗传结构及多样性研究

武艳平<sup>1,2</sup>, 马月辉<sup>1\*</sup>, 韩俊文<sup>2</sup>, 赵倩君<sup>1</sup>, 何晓红<sup>1</sup>, 浦亚斌<sup>1</sup>, 关伟军<sup>1</sup>, 储明星<sup>1</sup>, 李奎<sup>1</sup>

(1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193;

2. 山西农业大学动物科技学院, 太谷 030801)

**摘要:** 用 25 个微卫星标记, 对 5 个山羊品种进行遗传多样性分析。共检测到 199 个等位基因, 并进行哈代-温伯格平衡检验, 5 个群体基本处于遗传不平衡状态。在 25 个座位中, 除 BMS1943 在罕山白绒山羊上 ( $PIC$  为 0.493) 表现为中度多态外, 其余座位均为高度多态。以等位基因为基础, 得出座位的平均杂合度为 0.436~0.820 之间, 群体平均杂合度在 0.592~0.738。对各微卫星标记进行  $F$ -统计分析,  $F_{st}$  的变化范围是从 BMC1206 的 0.011 到 BMS1943 的 0.078; 群体每代迁移数在 2.972~23.115, 平均值为 8.884。计算了遗传分化系数, 结果表明群体间变异程度不高。内蒙的罕山白绒山羊和乌珠穆沁绒山羊有较大的基因流值 (15.753), 说明其交流比较活跃。计算了共祖遗传距离, 并进行了 UPGMA 和 NJ 聚类分析, 内蒙的罕山白绒山羊和乌珠穆沁绒山羊聚到一起。

**关键词:** 山羊; 微卫星; 遗传多样性; 遗传距离; 聚类分析

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2008)06-0709-06

## Genetic Structure and Diversity Study on Five Goat Breeds

WU Yan-ping<sup>1,2</sup>, MA Yue-hui<sup>1\*</sup>, HAN Jun-wen<sup>2</sup>, ZHAO Qian-jun<sup>1</sup>,  
HE Xiao-hong<sup>1</sup>, PU Ya-bin<sup>1</sup>, GUAN Wei-jun<sup>1</sup>, CHU Ming-xing<sup>1</sup>, LI Kui<sup>1</sup>

(1. *Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China*; 2. *College of Animal Science and Technology, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China*)

**Abstract:** The genetic diversity of five goat breeds was surveyed using twenty-five microsatellite loci. 199 alleles were gotten in all the loci, and the Hardy-Weiberg equilibrium analysis revealed that almost the 5 breeds in the 25 loci showed a remarkable genetic disequilibrium. The  $PIC$  value (0.493) were less than 0.5 in BMS1943, the other loci were high diversity. The mean heterozygosity of different locus varied from 0.436 to 0.820, and of different population was from 0.592 to 0.738. The  $F$ -statistic analysis indicated that the  $F_{st}$  of different locus varied from 0.011 (in BMC1206) to 0.078 (in BMS1943). The  $N_m$  was from 2.972 to 23.115, and the mean value was 8.884. The result of the coefficient of gene differentiation showed it was not remarkable differentiation in all the breeds. Adopted the method of UPGMA with the  $D_{coa}$  genetic distance in the 5 goat breeds, the dendrograms were drawn, Hanshan White Cashmere goat and Wuzhumuqin Cashmere goat were in the close relationship each other.

**Key words:** goat; microsatellite; genetic diversity; genetic distance; dendrograms

遗传多样性的研究方法有很多, 如 DNA 指纹技术、限制酶切位点标记图谱、SSCP 和微卫星标

记, 发展非常迅速。微卫星由于其分布广泛、保守性强以及等显性等优点被得到广泛的应用。Martin-

收稿日期: 2007-06-14

基金项目: “十一五”科技支撑 (2006BAD13B08); “863”国家高技术研究与发展计划 (2006AA102Z198); 国家科技基础条件平台项目 (2005DKA21101); 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所“家畜种质资源研究与创新”科技创新团队项目 (ywf-td-1)

作者简介: 武艳平 (1976-), 女, 山西长治人, 博士生, 主要从事畜禽资源分子评价研究, E-mail: wuyanping0902@tom.com

\* 通讯作者: 马月辉, 研究员, E-mail: yuehui.ma@263.net

Burriel 等<sup>[1]</sup>用 30 个微卫星来分析西班牙本地牛品种的遗传多样性,其等位基因 PCR 扩增产物的范围与以前报道相一致。Mateus 等<sup>[2]</sup>利用 30 个微卫星来分析几个葡萄牙本地牛品种的遗传多样性,在 568 个动物样本中有 390 个等位基因被发现,基于遗传距离对 12 个牛品种利用 NJ 法构建系统发生树,可以清楚的表明这 12 个品种的遗传关系。Aranz 等<sup>[3]</sup>用 19 个微卫星 DNA 对 5 个西班牙本地绵羊进行遗传关系分析,其研究结果与西班牙本土绵羊的历史数据相一致。Chenyambuga 等<sup>[4]</sup>用 19 个微卫星标记对非洲的山羊品种遗传多样性进行分析,结果每个座位在山羊群体中均表现多态,每个标记的等位基因数均大于最小等位基因数(至少 4 个)。东非和南非品种有最小的遗传距离,而西非和南非品种的距离最大,这与以前报道的牛<sup>[5]</sup>和鸡<sup>[6]</sup>群体的地理起源相一致。赵艳红等<sup>[7]</sup>用 5 个微卫星座位 BMS1004、BMS574、SRCRSP23、BMS6404、BM1225 在 6 个山羊群体中都有特异性扩增产物,即都有多态。Li 等<sup>[8]</sup>用微卫星对 12 个中国本土山羊群体的遗传关系进行分析,在所有 26 个微卫星位点中有 17 个表现高的遗传多样性。还有许多国内学者利用微卫星标记对山羊的遗传多样性进行了研究<sup>[9-12]</sup>。本研究根据已发表的微卫星标记进行分析,以期揭示出所涉及品种的遗传多样性及其遗传关系。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

采用 5 个山羊品种,共计 214 份样品。其中有安哥拉山羊 39 只(公 19,母 20),山西的太行山羊 45 只(公 20,母 25),山东莱芜黑山羊 40 只(公 20,母 20),内蒙的罕山白绒山羊(公 21,母 24)45 只,乌珠穆沁绒山羊(公 23,母 22)45 只,用采样剪取耳组织块少许作为试验材料(-20℃冷冻保存)。

### 1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取及微卫星 DNA 标记的选择 提取基因组 DNA 用传统的酚-氯仿法,本试验所用的 25 对引物是由 GenBank 获得,微卫星引物由北京博亚生物技术有限公司合成。

1.2.2 PCR 反应程序及产物的检测 DNA 样品经过 95℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 30 s,50~60℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,33 个循环;72℃ 延伸 10

min;4℃ 保存。引物不同其程序略有不同。PCR 产物检测用聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE)结合银染法检测。

1.2.3 统计分析 利用 POPGEN32 软件计算 5 个山羊品种的等位基因频率、有效等位基因数,并以等位基因频率为基础利用 GDA 软件计算杂合度和  $D_{\text{out}}$  遗传距离;利用 POPGEN32 计算基因流、Nei 氏标准遗传距离和  $F$ -统计量;利用 Microsoft Excel 计算多态信息含量。

## 2 结果

### 2.1 群体等位基因数及多态信息含量分析

各座位的等位基因数见表 1,即使同微卫星座位,在不同的山羊品种间或同品种不同群体内,其等位基因频率和等位基因数目分布也是不均一的,如 BM203 座位,安哥拉山羊比其它 4 个国内品种多出了 204 和 206 bp 2 个基因片段,这就体现了品种遗传上的差异。如果 2 个群体在某座位上有相同的等位基因频率分布,则就该座位而言,它们之间的遗传距离为零,如果对于 1 个座位 2 个群体具有完全不同的等位基因,则遗传距离最大。

表 1 结果表明,在 25 个座位中,除 BMS1943 在罕山白绒山羊上(0.493)表现为中度多态外,其余座位均为高度多态。这表明 5 个品种在这 25 个座位上有丰富的遗传多样性。

### 2.2 群体杂合度和遗传分化分析

平均杂合度的大小可近似反映出遗传结构变异的高低,平均杂合度越大,表示品种变异程度越大,表 2 和 3 结果表明群体平均杂合度在 0.592~0.738 之间,座位的平均杂合度在 0.436~0.820 之间。 $F$ -统计量包括  $F_{\text{is}}$ 、 $F_{\text{it}}$  和  $F_{\text{st}}$ ,其中  $F_{\text{is}}$  和  $F_{\text{it}}$  分别表示个体相对于它所在的亚群体和总群体的固定指数, $F_{\text{is}}$  表示亚群体中基因型的实际频率和理论预期频率的离差, $F_{\text{it}}$  表示总群体中基因的实际频率和理论预期频率的离差,表示着群体的近交程度,也反映群体遗传多样性降低的程度。 $F_{\text{st}}$  则表示随机抽取每个亚群体两个配子间的相互关系,它可以用来测量亚群间的遗传分化程度和群体每代迁移数( $N_m$ )。对各微卫星标记进行  $F$ -统计,结果见表 3, $F_{\text{st}}$  的变化范围是从 BMC1206 的 0.011 到 BMS1943 的 0.078;群体每代迁移数在 2.972~23.115,平均值为 8.884。

表 1 5 个山羊品种观察等位基因数(A)、有效等位基因数(Ne)及多态信息含量(PIC)

Table 1 The number of allelic, the numbers effective and the PIC value of allelic in the 5 goat breeds on the 25 microsatellite loci

座位 Loci	安哥拉山羊 Angora			莱芜黑山羊 Laiwu Black			罕山白绒山羊 Hanshan			太行山羊 Taihangshan			乌珠穆沁绒山羊 Wuzhumuqin		
	A	Ne	PIC	A	Ne	PIC	A	Ne	PIC	A	Ne	PIC	A	Ne	PIC
	BM3413	7	2.69	0.585	11	6.18	0.819	9	5.35	0.788	9	4.79	0.766	8	4.44
BM574	9	5.90	0.896	10	6.96	0.900	12	6.85	0.881	13	9.78	0.905	11	5.56	0.925
BMS1004	12	9.91	0.890	12	7.76	0.858	14	10.72	0.899	14	9.49	0.886	13	10.22	0.894
BMS1724	7	4.14	0.721	12	9.50	0.885	12	8.77	0.875	12	9.42	0.884	12	9.68	0.888
BMS1248	12	7.12	0.845	11	6.69	0.834	13	9.20	0.882	12	8.22	0.868	13	10.88	0.901
BM6526	10	4.95	0.774	13	9.28	0.883	13	10.08	0.892	13	9.42	0.885	13	9.46	0.886
BMS1714	5	3.44	0.659	7	5.99	0.811	7	4.62	0.751	7	6.45	0.825	8	5.70	0.801
BM203	7	3.80	0.705	5	2.92	0.599	5	4.02	0.711	4	2.86	0.601	5	3.17	0.644
BMS1678	12	4.12	0.724	12	7.22	0.846	10	6.14	0.818	11	7.09	0.844	11	6.40	0.827
MB023	9	6.16	0.817	8	6.19	0.818	8	5.82	0.807	10	7.86	0.860	9	6.93	0.834
INRA063	7	4.38	0.735	4	3.13	0.622	7	5.46	0.791	5	3.57	0.670	6	4.88	0.766
BMC1206	7	3.58	0.685	5	3.64	0.674	6	3.54	0.667	6	3.63	0.658	4	3.51	0.663
BMS1290	5	3.75	0.677	5	4.71	0.760	5	5.70	0.805	4	3.45	0.777	4	5.81	0.807
MAF65	7	3.55	0.838	7	7.49	0.854	8	7.13	0.846	10	5.11	0.860	9	5.82	0.805
BMS1943	11	6.88	0.569	13	3.13	0.626	12	2.15	0.493	13	7.83	0.678	9	3.31	0.650
MAF70	5	2.75	0.745	5	5.24	0.783	4	4.20	0.727	4	3.66	0.789	4	3.74	0.695
BMS875	8	4.47	0.660	7	3.81	0.707	6	6.53	0.828	6	5.41	0.789	6	4.29	0.731
BM1225	8	3.48	0.668	8	6.48	0.827	9	4.07	0.720	9	5.39	0.851	8	7.16	0.845
BM315	10	3.48	0.554	10	2.70	0.559	8	2.98	0.602	12	7.39	0.659	12	2.64	0.549
FCB193	4	2.66	0.727	4	4.17	0.717	4	6.15	0.818	4	3.46	0.791	3	4.51	0.742
BM6404	8	4.27	0.852	5	5.54	0.798	11	7.12	0.843	7	5.46	0.795	6	6.88	0.839
BMS812	12	7.47	0.566	9	4.05	0.712	10	4.02	0.711	10	5.47	0.691	11	3.49	0.662
BM3033	5	2.74	0.844	5	8.67	0.873	5	6.60	0.832	6	3.74	0.861	4	10.31	0.889
BMC3224	10	7.12	0.677	12	3.54	0.667	12	3.80	0.693	14	8.00	0.677	15	3.26	0.641
BM1818	6	3.71	0.683	4	3.27	0.638	6	4.10	0.712	5	4.25	0.726	7	5.21	0.781
平均 Mean	8.1	4.66	0.724	8.2	5.53	0.763	8.6	5.80	0.776	8.8	6.05	0.784	8.4	5.89	0.777

表 2 观察杂合度和期望杂合度

Table 2 The objected and expected heterozygosity

座位 Loci	安哥拉山羊 Angora		莱芜黑山羊 Laiwu Black		罕山白绒山羊 Hanshan		太行山羊 Taihang		乌珠穆沁绒山羊 Wuzhumuqin	
	Obs_Het	Exp_Het	Obs_Het	Exp_Het	Obs_Het	Exp_Het	Obs_Het	Exp_Het	Obs_Het	Exp_Het
	平均杂合度 Mean	0.592	0.768	0.678	0.803	0.675	0.812	0.738	0.820	0.691

Obs\_Het 表示观察杂合度; Exp\_Het 表示期望杂合度。下同

Obs\_Het denoted objected heterozygosity; Exp\_Het denoted expected heterozygosity. The same as below

### 2.3 基因流及聚类分析

基因流是指任何携带有遗传物质的个体(或载体)在种群间的流动。利用 POPGENE 软件对亚群

之间的基因流进行分析见表 4, 结果表明, 因安哥拉是外来引进品种, 所以与本地品种基因流值小。遗传距离是研究物种遗传多样性的基础, 它反映了所

表 3 F-统计量表,观察杂合度和期望杂合度及遗传分化系数

Table 3 F-statistic analysis, the objected and expected heterozygosity, the coefficient of gene differentiation

座位 Loci	$F_{is}$	$F_{it}$	$F_{st}$	$N_m$	平均 Obs_Het	平均 Exp_Het	遗传分化系数 The coefficient of gene differentiation
BM3413	0.433	0.461	0.049	4.850	0.436	0.778	0.015
BM574	0.055	0.085	0.032	7.661	0.805	0.862	0.001
BMS1004	0.118	0.144	0.030	8.056	0.789	0.906	0.000
BMS1724	0.101	0.126	0.028	8.679	0.779	0.877	0.001
BMS1248	0.103	0.126	0.025	9.790	0.787	0.888	0.002
BM6526	0.063	0.096	0.036	6.753	0.820	0.886	0.000
BMS1714	0.079	0.127	0.052	4.567	0.736	0.809	0.001
BM203	0.633	0.644	0.030	8.083	0.256	0.704	0.005
BMS1678	0.103	0.156	0.059	3.980	0.747	0.842	0.006
MB023	0.058	0.084	0.028	8.647	0.798	0.857	0.002
INRA063	0.199	0.230	0.039	6.193	0.606	0.766	0.009
BMC1206	0.055	0.065	0.011	23.115	0.681	0.729	0.003
BMS1290	0.124	0.139	0.018	13.717	0.695	0.802	0.002
MAF65	0.065	0.097	0.034	7.103	0.801	0.867	0.001
BMS1943	0.228	0.288	0.078	2.972	0.506	0.663	0.006
MAF70	0.240	0.2701	0.039	6.160	0.592	0.788	0.003
BMS875	0.141	0.175	0.040	5.969	0.667	0.785	0.002
BM1225	0.182	0.224	0.051	4.642	0.660	0.817	0.008
BM315	0.136	0.146	0.012	20.758	0.575	0.673	0.005
FCB193	0.084	0.099	0.016	14.994	0.732	0.808	0.003
BM6404	0.094	0.109	0.017	14.543	0.764	0.853	0.003
BMS812	0.159	0.177	0.021	11.487	0.603	0.726	0.004
BM3033	0.132	0.156	0.028	8.743	0.759	0.885	0.003
BMC3224	0.143	0.197	0.063	3.725	0.616	0.727	0.002
BM1818	0.121	0.151	0.035	6.913	0.660	0.759	0.006
平均	0.154	0.183	0.035	8.884	0.675	0.802	0.004

表 4 25 个微卫星座位 5 个山羊品种间的遗传距离和基因流

Table 4 The genetic distance and the gene flow of the 5 goat populations in the 25 microsatellite loci

	安哥拉山羊 Angora	莱芜黑山羊 Laiwu Black	罕山白绒山羊 Hanshan	太行山羊 Taihang	乌珠穆沁山羊 Wuzhumuqin
安哥拉山羊 Angora		9.461	8.500	8.542	9.430
莱芜黑山羊 Laiwu Black	0.038		12.317	12.11	14.242
罕山白绒山羊 Hamshan	0.044	0.028		12.228	15.753
太行山羊 Taihang	0.044	0.028	0.028		12.836
乌珠穆沁山羊 Wazhumuqin	0.039	0.022	0.020	0.027	

上三角为基因流值,下三角为共祖遗传距离

Upper triangle was the gene flow, Lower triangle was the genetic distance of UPGMA method

研究群体的系统进化,用来描述群体的遗传结构和品种间的差异。本研究运用 GDA 和 POPGENE 软

件,采用共祖遗传距离分别进行 UPGMA 和 NJ 聚类分析(图 1),结果表明,两种方法得到的结论基本

一致。

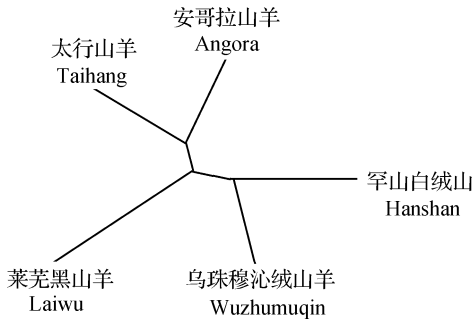


图 1 UPGMA 聚类辐射图

Fig. 1 The dendrogram of UPGMA method

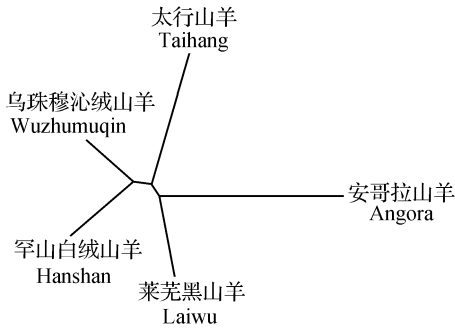


图 2 NJ 聚类辐射图

Fig. 2 The dendrogram of NJ method

## 3 讨论

### 3.1 哈代-温伯格平衡因素及群体的遗传分化

影响哈代-温伯格平衡的因素有:选择、突变、迁移、遗传漂变等,由于微卫星是短的高度重复序列,也许在某一时刻突然发生横向扩增而增加新的等位基因,从而使基因频率发生变化;群体和群体之间的基因流动也可能使基因频率改变;遗传漂变是客观存在的,对于小群体,其影响更大。对该样品进行卡方检验,结果是除 BM3033 座位上的太行山羊、BM1818 在罕山白绒山羊和 BM315 在山东莱芜黑山羊处于哈代-温伯格平衡外,其余均处于遗传不平衡状态。说明这 5 个品种在进化过程中可能经历过上述影响哈代-温伯格平衡的因素的之一或全部。遗传分化系数( $G_{ST}$ )用来表示基因分化的程度。当各群体的所有等位基因几乎相同时, $G_{ST}$  的值接近 0,各群体间几乎没有分化;群体间的遗传分化增大时,说明总遗传多样性几乎存在于各群体之间, $G_{ST}$  的值接近 1。本研究的分析结果,表明各群体间变异程度不高,分化不明显(表 3)。

### 3.2 关于取样及微卫星座位的选择

样本采集是开展种群遗传研究的首要步骤,对后续的研究有重要的影响。根据闫路娜等<sup>[13]</sup>对种群微卫星 DNA 分析中样本量对各种遗传多样性度量指标影响的分析,得出检测遗传多样性时所需采样量 30~50 个个体较为合适。在本试验中,样本量在 39~45 间,在研究遗传多样性最适样本量的范围之内。在微卫星座位的选择上,主要有两种方式进行微卫星多态性分析<sup>[14]</sup>:一种是在微卫星数据库中直接寻找适合的引物,另一种是直接从基因组文库中筛选寻找微卫星座位。Megleca 等<sup>[15]</sup>认为微卫星的优势将随标记数目的减少而降低。张继全等<sup>[16-17]</sup>指出,使用较多的座位和在品种间具有较高变异的非稀有等位基因进行品种间遗传关系的研究,得到的结果极为可信,而稀有等位基因和品种间的变异程度较低的基因则可以忽略。本研究所用微卫星座位是直接来自 GenBank 数据库筛选出来的,大部分为牛和绵羊的微卫星引物,这些引物在山羊上都有特异性扩增产物,在筛选中剔除了一些多态性低和有杂带的座位。

### 3.3 关于遗传距离和聚类方法的正确使用

Takezaki 等<sup>[18]</sup>通过计算机对不同遗传距离的估测方法进行模拟,结果表明,在检验无限等位基因模型和逐步突变模型的不同条件下,在物种内群体间的遗传变异中  $D_A$  和  $D_C$  是获得准确系统发生树的最有效方法。 $D_S$  用于估计群体分化时间上为最优。Geng 等<sup>[19]</sup>对国内外 23 个绵羊群体的模糊聚类分析表明湖羊群体与蒙古绵羊群体关系相对较近,这一结论与历史资料相吻合。Sun 等<sup>[20]</sup>利用系统聚类法分析了中亚的 15 个绵羊群体的结构基因座的基因频率,认为中亚的绵羊品种可以分为蒙古绵羊、南亚绵羊和欧洲绵羊 3 个系统。Chang 等<sup>[21]</sup>用模糊聚类分析了国内外 38 个山羊群体的编码血液及蛋白的 18 个基因座位 43 个等位基因频率,将中亚固有山羊群体划分为东亚和南亚两大亲缘系统。本研究选用了共祖遗传距离进行 NJ 和 UPGMA 聚类,内蒙的罕山白绒山羊和乌珠穆沁山羊聚到一起,安哥拉山羊是引入品种,所以与其它本地品种的关系较远,分析结果和品种的地理关系是一致的。

**致谢:**感谢本实验室的韩建林教授对本文初稿的修改建议

### 参考文献:

[1] MARTIN-BURRIEL I, CARCIA-MARO E, ZARA-

- GOZA P. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellite[J]. *Animal Genetic*, 1999,30:177-182.
- [2] MATEUS J C, ALVES V C, PENEDO M C T. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites [J]. *Animal Genetic*, 2004,35:106-113.
- [3] ARRANZ J J, BAYÓN Y, PRIMITIVE F S. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellite[J]. *Animal Genetic*,1998,29:435-440.
- [4] CHENYAMBUGA S W, HANOTTE O, HIRBO J, et al. Genetic characterization of indigenous goats of Sub-saharan Africa using microsatellite DNA markers [J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2004, 17(4): 445-452.
- [5] MACHUGH D E, LOFTUS R T, CUNNINGHAM P, et al. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers [J]. *Animal Genetic*, 1998,29:333-340.
- [6] WIMMERS K, PONSUKSILI S, HARDGE T, et al. Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens[J]. *Animal Genetics*,2000,31: 159-165.
- [7] 赵艳红,何晓红,关伟军,等. 中国6个山羊群体微卫星标记的遗传多样性分析[J]. *畜牧兽医学报*,2007, 38(1):20-24.
- [8] LI M H, ZHAO S H, BIAN C, et al. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis[J]. *Genetics Selection Evolution*,2002,347:29-744.
- [9] LI X L, VALENTINI A. Genetic diversity of Chinese indigenous goat breeds based on microsatellite markers[J]. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2004,121:350-355.
- [10] 张爱玲,马月辉,李宏斌,等. 利用微卫星标记分析6个山羊品种遗传多样性[J]. *农业生物技术学报*, 2006,14(1):38-44.
- [11] 王杰,陈明华,华太才让,等. 四川9个黑山羊品种微卫星 DNA 多态性研究[J]. *畜牧兽医学报*,2006,37 (11):1 124-1 129.
- [12] 王建民,孙允东,李宏滨,等. 探讨微卫星作为地方山羊品种生长性状的遗传标记[J]. *畜牧兽医学报*, 2006,37(11):961-966.
- [13] 闫路娜,张德兴. 种群微卫星 DNA 分析中样本量对各种遗传多样性度量指标的影响[J]. *动物学报*, 2004,50(2):279-290.
- [14] 孙少华,师守坤. 牛微卫星 DNA 的特性研究及其在遗传育种中的应用[J]. *黄牛杂志*,1999,25 (3):1-3.
- [15] MEGLECA E. Comparison of differentiation pattern at allozyme and microsatellite loci in *Parnassius mnemosyne* populations[J]. *Hereditas*,1998,128:95-103.
- [16] 张继全,邵春荣,王毓英. Nei 氏标准遗传距离的估测精度[J]. *畜牧兽医学报*,1998a,29(1):27-32.
- [17] 张继全,邵春荣,王毓英. 多位点基因型遗传距离的估测精度[J]. *畜牧兽医学报*,1998a,29(2):128-131.
- [18] TAKEZAKI N, NEI M. Genetic distances and reconstruction or phylogenetic trees from microsatellite DNA[J]. *Genetic*,1996,144:386-399.
- [19] GENG R Q, CHENG H, YANG Z P. Study on origin and phylogeny status of Hu sheep [J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2003, 16(5): 743-747.
- [20] SUN W H, CHANG Z, YANG P. Studies on the genetic relationships of sheep populations from east and south of central Asian[J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*,2002,15(10):1 398-1 402.
- [21] CHANG G B, CHANG H, ZHEN I. Study on phylogenetic relationship between wild Japanese quails in the Weisham lake area and domestic auails[J]. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 2001, 14 (5): 603-607.