

中国 6 个山羊群体微卫星标记的遗传多样性分析

赵艳红^{1,2},何晓红¹,关伟军¹,浦亚斌¹,李金泉²,马月辉^{1*}

(1. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所,北京 100094;2. 内蒙古农业大学动物科学与医学学院,呼和浩特 010018)

摘要: 利用 30 个微卫星座位,对中国 6 个群体山羊(阿尔巴斯、二狼山、乌珠穆沁、阿拉善、辽宁绒山羊和陕南山羊),共计 240 个个体的遗传多样性进行了分析。计算了各群体的等位基因频率,并以其为基础获得了各群体的平均杂合度(He)、平均多态信息含量(PIC)和平均有效等位基因数(Ne),分别为 0.367~0.467、0.533~0.639、2.571~4.915。分析了群体内和群体间的遗传变异,并根据遗传距离,进行了 NJ 聚类,结果将 6 个山羊群体分为两大类。为进一步对山羊品种的保存和利用提供科学的依据。

关键词: 微卫星;山羊;遗传多样性

中图分类号:S826.2

文献标识码:A

文章编号:0366-6964(2007)01-0020-05

Analysis of Genetic Diversity of Chinese Six Goat Breeds by Microsatellite Markers

ZHAO Yan-hong^{1,2}, HE Xiao-hong¹, GUAN Wei-jun¹, PU Ya-bin¹, LI Jin-quan², MA Yue-hui^{1*}

(1. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China; 2. College of Animal Science and Veterinary, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010018, China)

Abstract: Thirty microsatellite loci were used to analyze the genetic diversity of 240 goats of Chinese six populations including Aerbasi, Erlangshan, Wuzhumuqin, Alashan, Liaoning and Shan-nan white goat. Based on the allele frequency, we calculated that mean heterozygosity(He) were from 0.367 to 0.467; mean polymorphism information contents(PIC)from 0.533 to 0.639 and mean effective number of alleles(Ne)from 2.571 to 4.915. Genetic variation within breed and among breeds were analyzed in the study. We clustered the NJ tree according to the Nei standard genetic distances, the result showed that six goat breeds were divided into two clusters. The study provides some clue for conservation and utilization of goat breed in the future.

Key words: microsatellite; goat; genetic diversity

我国是野山羊驯化成家山羊的地区之一,不少属原始品种,山羊遗传资源十分丰富,是我国宝贵的基因库^[1]。然而近年来,由于商品经济的发展和人们的开发利用,不断引种改良,致使一些品种消失或数量急剧下降,因此,对我国山羊品种遗传多样性现状的研究、评估和保护,在现实中已是当务之急。

微卫星是一种新型 DNA 分子标记,具有数量多、广布于生物体整个基因组、多态性丰富,进化所

受选择压力小等特点,在度量品种遗传多样性、估测品种间遗传距离及构建系统发生树等研究中显示出巨大的优势。为此本研究采用 30 个微卫星座位,检测中国 6 个山羊群体在 DNA 水平上的变异,估测彼此间的遗传距离。据此,初步探讨这 6 个群体的遗传多样性和遗传分化关系,为揭示其遗传结构、遗传背景及开展下一步品种资源保存、遗传育种工作提供参考依据。

收稿日期:2006-01-16

基金项目:国家自然科学基金(30371026);国家科技部基础性工作(2001DE0006)

作者简介:赵艳红(1967-)女,内蒙古人,讲师,博士生,主要从事动物遗传育种研究

* 通讯作者:马月辉,E-mail:yuehui.ma@263.net

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试验样本 采自中国西部陕西省、青海省和内蒙古的 6 个山羊群体,共计 240 只山羊的耳组织,其中阿尔巴斯绒山羊采自内蒙古鄂托克旗阿白羊场(44 只)、二狼山绒山羊采自内蒙古巴盟同合泰种羊场(44 只)、乌珠穆沁绒山羊采自内蒙古东乌旗改良站种羊场(44 只)、阿拉善白绒山羊采自内蒙古阿盟改良站种羊场(44 只)、辽宁绒山羊采自青海省英德种羊场(20 只)、陕南山羊采自陕西安强县(44 只)。全部样品均为随机取样。

1.1.2 引物 共选取了 30 对微卫星引物,引物序列可网上查询(<http://www.usda.marc>)。微卫星引物全部由北京赛百盛公司合成。

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取 采用常规酚-氯仿抽提法^[2]。

1.2.2 PCR 扩增 采用 12 μ L 反应体系,其中各组分的终浓度分别为 dNTPs 0.2 mmol/L、 Mg^{2+} 1.5 mmol/L、混合上下游引物 0.5 mmol/L、*Taq* 酶 5U/ μ L、DNA 模板 1 μ L(约 60ng)。PCR 反应程序:95 预变性 5 min;94 变性 30 s,50~60 退火 30 s,72 延伸 30 s,经过 33 个循环后;于 72 延伸 10 min。PCR 扩增产物于 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.2.3 聚丙烯酰胺凝胶电泳 利用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测 PCR 扩增产物,用 *PBR322*DNA/*MspI* 作为标记,银染后对电泳结果进行照相、保存并分析。

1.3 数据的统计处理

利用 GDA 软件、GENEPOP 软件系统分析完成。

2 结果与分析

2.1 基因组 DNA 及微卫星位点产物凝胶检测

基因组 DNA 在琼脂糖(浓度为 0.8%)进行电泳,检测结果见图 1、2、3 为 PCR 产物用聚丙烯酰胺凝胶(浓度为 8%)检测结果。

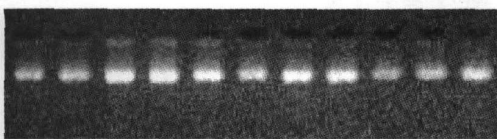


图 1 山羊基因组 DNA 检测

Fig. 1 Result of goat genomic DNA by electrophoresis

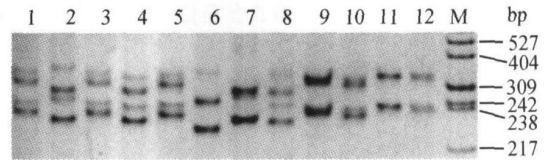


图 2 MBS1248 的部分检测

Fig. 2 Detection result of MBS1248

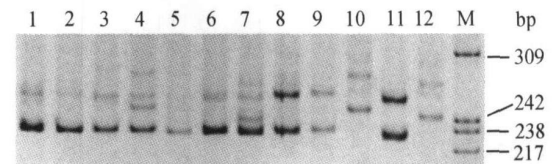


图 3 MBI225 的部分扩增

Fig. 3 Detection result of MBI225

2.2 群体内遗传变异分析

2.2.1 平均位点杂合度 表 1 计算出 6 个山羊群体在 30 个微卫星座位上的平均杂合度和平均座位杂合度。表 1 显示,我国山羊群体内的平均杂合度比较高,说明群体遗传变异较大,对环境的适应能力较强。不同微卫星座位在相同山羊群体、相同微卫星座位在不同山羊群体中变异程度也有很大差别。阿拉善绒山羊的平均杂合度最高为 0.467,乌珠穆沁绒山羊相对其它群体略低为 0.367。

2.2.2 多态信息含量 用多态信息含量来描述微卫星座位的变异程度,当 $PIC > 0.5$ 为高度多态; $0.25 < PIC < 0.5$ 为中度多态;当 $PIC < 0.25$ 为低度多态。从本研究的结果发现除 INEA063、BM023、BMS812、BM6444、BMS1714 5 个座位为中度多态外,其他 25 个座位均为高度多态,6 个群体平均多态信息含量值为 0.534(辽宁)~0.639(阿拉善)。这表明我国山羊群体具有丰富的遗传多样性(见表 2)。

2.2.3 有效等位基因数 有效等位基因数是纯合度的倒数,它表明等位基因间的相互影响。等位基因在群体中分布越均匀,有效等位基因数越接近检测的等位基因绝对数。从表 3 可以看出 6 个群体在 30 个座位的平均有效等位基因数为 2.571~4.915(见表 3)。

2.3 群体间的遗传变异 度量群体间遗传变异的统计量是遗传距离(包括相似系数等),许多学者根据不同的标记特点、结合不同的假设,提出了不同的计算遗传距离的公式。本试验采用标准遗传距离和共祖距离来进行分析(见表 4)。

表1 6个山羊群体在30个微卫星座位上的平均杂合度和平均座位杂合度

Table 1 The average heterozygosity and the mean locus heterozygosity of the 6 goat populations with 30 microsatellite loci

座位 Loci	平均杂合度 He					
	TA	TB	TC	TD	TE	TF
BM1818	0.954	1.000	0.775	0.932	1.000	1.000
INEA 063	0.000	0.022	0.000	0.000	0.200	0.050
BM 023	0.090	0.204	0.000	0.091	0.000	0.100
BMC 875	0.681	0.886	0.275	0.796	0.350	0.525
FCB 203	0.250	0.136	0.250	0.068	0.400	0.275
FCB 193	0.545	0.409	0.050	0.477	0.750	0.825
BMS6404	0.227	0.273	0.375	0.273	0.100	0.250
BMS812	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.375
BM6444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
BM6526	0.523	0.273	0.650	0.659	0.300	0.525
MB067	0.363	0.704	0.475	0.386	0.500	0.000
BM3033	0.944	0.977	0.675	0.977	0.600	0.975
BMS1678	0.568	0.545	0.000	0.114	0.300	0.300
BMS1714	0.182	0.273	0.175	0.523	0.150	0.450
BMS1943	0.455	0.432	0.400	0.591	0.350	0.400
BMS1248	0.477	0.523	0.225	0.386	0.100	0.250
BMS1290	0.091	0.205	0.225	0.227	0.100	0.525
MAF70	0.341	0.250	0.575	0.091	0.350	0.400
BMS1724	0.386	0.182	0.550	0.159	0.250	0.300
BMS1335	0.925	0.727	0.300	0.988	0.889	0.000
BM1236	0.933	0.897	0.988	0.955	0.850	0.899
BM315	0.864	0.977	0.825	0.500	0.900	0.725
BMS1206	0.523	0.977	0.500	0.886	0.000	0.975
MAF65	0.159	0.136	0.275	0.455	0.000	0.050
SRCRSP23	0.000	0.318	0.000	0.296	0.000	0.000
BMS1004	0.545	0.409	0.350	0.545	0.350	0.675
BM1225	0.977	1.000	0.925	0.886	1.000	0.825
BM3413	0.272	0.091	0.000	0.068	0.000	0.100
BMC3224	0.613	0.455	0.400	0.091	0.450	0.625
BMS574	0.613	0.614	0.400	0.727	0.600	0.675
Mean	0.456	0.467	0.367	0.439	0.398	0.439

H为品种内的平均杂合度,TA. 二狼山绒山羊, TB. 阿拉善绒山羊, TC. 乌珠穆沁绒山羊, TD. 阿尔巴斯绒山羊, TE. 辽宁绒山羊, TF. 陕南白绒山羊(下同)

H indicates the average heterozygosity within breeds, TA. Erlangshan cashmere goat, TB. Alashan cashmere goat, TC. Wuzhumuqin, TD. Aerbasi cashmere goat, TE. Liaoning cashmere goat, TF. Shannan cashmere goat (same with below)

遗传距离是研究物种遗传多样性的基础,它反映了群体的系统进化,被用以描述群体的遗传结构和品种间的差异。一般认为群体分化时间越短,遗传距离越小;群体间遗传变异越大,遗传距离就越大。由表可看出6个群体间的遗传距离变异较小,说明它们的亲缘关系较近。下图是根据Dcoa距离进行的NJ法聚类。

表2 6个山羊群体在30个微卫星座位上的多态信息含量
Table 2 The polymorphism information contents value of the 6 goat populations in the 30 microsatellite loci

座位 Loci	多态信息含量 PIC					
	TD	TB	TA	TF	TC	TE
BM1818	0.790	0.769	0.875	0.754	0.840	0.582
INEA 063	0.198	0.493	0.289	0.561	0.528	0.482
BM 023	0.554	0.474	0.441	0.651	0.442	0.406
BMC 875	0.398	0.713	0.722	0.770	0.720	0.655
FCB 203	0.344	0.719	0.371	0.396	0.607	0.645
FCB 193	0.630	0.713	0.748	0.591	0.618	0.477
BMS6404	0.599	0.665	0.549	0.628	0.658	0.306
BMS812	0.152	0.231	0.179	0.615	0.164	0.365
BM6444	0.562	0.526	0.182	0.409	0.548	0.406
BM6526	0.779	0.626	0.706	0.766	0.719	0.331
MB067	0.784	0.817	0.783	0.690	0.793	0.806
BM3033	0.739	0.792	0.781	0.719	0.817	0.646
BMS1678	0.645	0.670	0.776	0.477	0.000	0.337
BMS1714	0.756	0.225	0.451	0.550	0.559	0.360
BMS1943	0.601	0.595	0.656	0.602	0.559	0.247
BMS1248	0.853	0.767	0.647	0.610	0.601	0.247
BMS1290	0.559	0.665	0.578	0.617	0.615	0.593
MAF70	0.413	0.751	0.648	0.701	0.809	0.667
BMS1724	0.675	0.764	0.787	0.762	0.829	0.697
BMS1335	0.709	0.578	0.685	0.555	0.628	0.692
BM1236	0.779	0.795	0.774	0.589	0.691	0.603
BM315	0.679	0.617	0.503	0.798	0.604	0.748
BMS1206	0.826	0.643	0.757	0.746	0.712	0.685
MAF65	0.764	0.459	0.551	0.792	0.685	0.528
SRCRSP23	0.604	0.688	0.672	0.410	0.673	0.365
BMS1004	0.730	0.677	0.804	0.849	0.688	0.397
BM1225	0.817	0.711	0.847	0.842	0.787	0.753
BM3413	0.828	0.559	0.630	0.501	0.524	0.555
BMC3224	0.631	0.726	0.647	0.448	0.604	0.703
BMS574	0.709	0.746	0.735	0.716	0.687	0.406
Mean	0.637	0.639	0.626	0.637	0.624	0.533

根据Nei氏距离所得的NJ聚类结果表明:本研究的6个山羊群体可分为2个类群:阿尔巴斯绒山羊、二狼山绒山羊、乌珠穆沁绒山羊、阿拉善绒山羊4个群体为1个类群,陕南山羊和辽宁绒山羊为1个类群。

3 讨论

3.1 关于样本含量

关于样本是否代表总体,Barker^[3]提出每个品种应分析25个动物,如果样本含量达到50,则可弥补可能的失误。每个座位所研究的个体数多可减少平均杂合度的标准误,本研究基本符合以上条件。由于中国山羊选育系统不够完善,无法获得各群体内亲缘关系的具体资料,采样过程中的实际困难,都

将对研究产生一定的影响。

表 3 6 个山羊群体在 30 个微卫星座位上的有效等位基因数

Table 3 The effective numbers of allelic the 6 sheep populations on the 30 microsatellite loci

座位 Loci	TD	TB	TA	TF	TC	TE
BM1818	21.999	16.667	4.545	14.286	14.285	16.667
INEA 063	1.000	1.020	1.000	1.000	1.250	1.053
BM 023	1.100	1.250	1.000	1.111	1.000	1.111
BMC 875	3.143	8.333	1.389	5.000	1.563	2.127
FCB 203	1.333	1.163	1.333	1.073	1.667	1.389
FCB 193	2.200	1.695	1.053	1.754	4.167	5.882
BMS6404	1.294	1.298	1.613	1.429	1.111	1.333
BMS812	1.023	1.000	1.000	1.000	1.000	1.613
BM6444	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
BM6526	2.095	1.298	2.941	2.941	1.428	2.128
MB067	1.571	3.448	1.923	1.667	2.000	1.000
BM3033	17.930	20.000	3.125	16.667	2.500	13.158
BMS1678	2.316	2.222	1.000	1.136	1.429	1.428
BMS1714	1.222	1.389	1.219	2.128	1.176	1.818
BMS1943	1.833	1.786	1.667	2.500	1.538	1.667
BMS1248	1.913	2.128	1.299	1.667	1.111	1.333
BMS1290	1.100	1.266	1.298	1.299	1.111	2.128
MAF70	1.517	1.333	2.380	1.111	1.538	1.667
BMS1724	1.629	1.234	2.222	1.250	1.333	1.428
BMS1335	13.458	3.704	1.428	20.000	16.667	1.000
BM1236	14.970	16.667	12.820	20.000	12.315	11.111
BM315	7.333	16.667	6.250	2.000	6.667	3.704
BMS1206	2.095	14.285	2.000	8.333	10.000	16.667
MAF65	1.189	1.163	1.428	1.852	1.000	1.053
SRCSRSP23	1.000	1.471	1.000	1.429	1.000	1.000
BMS1004	2.200	1.695	1.538	2.222	1.538	3.125
BM1225	22.386	16.667	13.333	9.091	11.862	5.882
BM3413	1.375	1.111	1.000	1.073	1.000	1.111
BMC3224	2.588	1.852	1.667	1.111	1.818	2.703
BMS574	2.588	2.632	1.667	3.704	2.500	3.125
Mean	4.614	4.915	2.571	4.361	3.619	3.680

表 4 6 个山羊群体间的遗传距离

Table 4 Genetic distances between 6 sheep populations

群体 Populations	TA	TB	TC	TD	TE	TF
TA		0.544	0.607	0.488	0.531	0.521
TB	0.168		0.643	0.545	0.628	0.599
TC	0.153	0.133		0.608	0.604	0.514
TD	0.184	0.160	0.142		0.556	0.642
TE	0.164	0.134	0.147	0.154		0.478
TF	0.185	0.165	0.198	0.156	0.202	

上三角为奈氏标准遗传距离 D_s ; 下三角为共祖距离 D_{coa}
Above diagonal: Nei standard genetic distance (D_s); Below diagonal: Dcoa genetic distance (Dcoa)

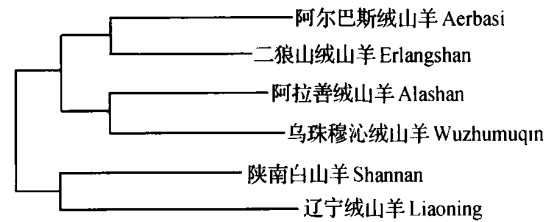


图 4 由 Dcoa 得出的 6 个山羊群体的 NJ 系统发生树
Fig. 4 NJ phylogenetic tree of 6 goat populations by Dcoa

3.2 微卫星座位的多态性

近年来,微卫星标记在群体遗传多样性研究、连锁分析和基因组定位方面发挥了越来越重要的作用^[4]。由其计算出的基因杂合度值在 0.3~0.8 之间,因此在估测遗传距离,尤其是亲缘关系较近的种群间,以及绘制系统发生树时显得更为精确和高效^[5]。本试验 30 个微卫星座位在 6 个群体中都有多态, BM1225 座位在 6 个群体中共检测到 59 个等位基因, BM812 和 BM6444S 座位都有 17 个等位基因。由于微卫星标记的自发突变率比较高,无规律可寻,因此在某些种群中突变的发生率很高,呈高度多态,而在某些种群中则可能很低,为低度多态或单态。如 BMS1714 位点在阿尔巴斯绒山羊上为高度多态,在阿拉善绒山羊上表现为低度多态; SRCSRSP23 在阿拉善绒山羊为中度多态而在辽宁绒山羊为单态。刘小林等用淀粉凝胶电泳法测定了 33 个阿拉善绒山羊血液蛋白座位,其中有 6 个座位发现多态^[6],而本试验共选 30 个微卫星座位,其中 28 个在不同群体间或同一群体的不同个体间均有多态,这说明微卫星座位比血液蛋白座位多态性更丰富。

3.3 微卫星的保守性

根井正利认为多态基因在一个群体中的保持时间要比种的寿命长得多,因此一个种的某一座位的基因多样性(杂合度)就可能和一个近缘种的基因多样性存在相关。微卫星侧翼序列的保守使之可应用于多个物种中,有利于物种内和物种间的分析,加快各物种遗传研究的发展。由于山羊微卫星的研究进展缓慢, Vaiman 等^[7]发表的第一个公山羊遗传图谱中仅发表了 10 个山羊微卫星座位。Gortari 等^[8]用 1036 个牛微卫星检测在绵羊中的保守性,发现绵羊与牛在等位基因数的差异极显著,在片段大小范围的差异显著。Saitbekova 等采用牛微卫星对瑞士山羊进行的主成分分析得出了与其育种历史相符合的结论。因此本研究采用了部分牛微卫星和绵羊微

卫星引物对山羊的遗传多样性进行了研究。

3.4 微卫星在遗传变异分析中的应用

微卫星具有丰富的多态性,与多态性较低的其他标记相比较,更适合分析近缘物种或品种间的遗传变异和遗传关系。许多研究对蛋白质多态和微卫星多态作了比较。Barker等^[9]用25个蛋白质标记和21个微卫星标记对水牛分别进行遗传多样性的研究。结果表明,两种标记重构的系统发生树相似,但微卫星所用的数量少,其杂合度和遗传距离的估计值也大于蛋白质标记。Buchanan等^[10]利用8个微卫星对6个绵羊群体进化关系的研究比Manwell等用30个血液蛋白多态位点对2个绵羊品种的研究更与事实相符合。刘小林等用淀粉凝胶电泳法测定了33个阿拉善绒山羊血液蛋白座位检测的平均杂合度为0.217,明显低于本试验采用微卫星标记所得的平均杂合度,而杨澜^[11]利用6个微卫星座位对辽宁绒山羊和内蒙古绒山羊进行遗传多样性检测,得到的基因杂合度分别为0.795、0.809。这说明微卫星标记是群体遗传多样性分析的理想工具。

3.5 关于遗传距离的估计

遗传距离的度量对品种间遗传变异提供了一个最佳的有效而客观的描述。本试验选用了Nei氏标准遗传距离(Ds)和共祖距离(Dcoa)进行聚类分析。

从山羊的地理分布和产品的生产用途来看,辽宁绒山羊、内蒙古绒山羊、乌珠穆沁绒山羊主要生活在中国北方的牧区或草原,均为绒用;陕南白山羊生活在陕西南部,为肉用。大量的研究表明:不同品种间的亲缘关系与其育成历史基本一致^[12]。从表4中的Ds可知:阿尔巴斯绒山羊与陕南白山羊遗传距离最大,而与二狼山绒山羊遗传距离最小,从本研究的遗传距离聚类结果也可看出,阿尔巴斯绒山羊、二狼山绒山羊、阿拉善绒山羊与乌珠穆沁绒山羊亲缘关系较近,而与陕南白山羊亲缘关系较远,这是因为内蒙古绒山羊主要生活在内蒙古草原,群体之间基因交流较大,互相间有一定的遗传漂变。而图4中出现了辽宁绒山羊和陕南白山羊聚在一起的分类结果,这与地理位置及品种形成并不完全一致,可能受近交培育或外来品种的影响。由于本试验中辽宁绒山羊DNA样品采自于青海省英德尔种羊场,从研究的结果可以得到提示,不能仅从地理位置和起源上来确定品种间的亲缘关系,还应考虑到迁移、突变、环境效应以及微卫星座位数目^[13]等其它因素的影响。

综上所述,利用30个微卫星座位分析了6个山

羊群体内、群体间的遗传变异,一方面表明群体间的遗传距离变异不大,说明我国6个山羊群体间亲缘关系较近。另一方面表明微卫星标记是研究品种内和品种间遗传变异的一种较优分子标记。本研究结果为进一步对山羊品种的保存和利用提供了科学依据。

参考文献:

- [1] 中国羊品种志[M]. 上海:上海科学技术出版社, 1988. 88~90.
- [2] 萨姆布鲁克J,弗里奇EF,曼尼阿蒂斯T,著. 分子克隆实验指南[M]. 金冬雁,黎孟枫,侯云德,等译. 第2版. 北京:科学出版社,1992. 63~481.
- [3] Barker J S F. A global protocol for determining genetic distance among domestic livestock breeds[J]. Proc th WCGALP, 1994, 21: 501~508.
- [4] Arranze J J, Bayon R, San Primitivo F, et al. Genetic variation of five microsatellite loci in four breeds of cattle [J]. Journal of Agricultural Science, 1996, 27: 533~538.
- [5] Nei M, Takezaki N. Estimation of genetic distances and phylogenetic trees from DNA analysis[A]. Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to livestock Production[C]. 1994, 21: 405~412.
- [6] 刘小林,常洪. 阿拉善盟内蒙古绒山羊遗传检测[J]. 中国家畜遗传资源研究, 1998, 82~86.
- [7] Vaiman D, Schibler L, Bourgeois F, et al. A genetic linkage map of the male goat genome[J]. Genetics, 1996, 144: 279~305.
- [8] Gortari M, Freking B A, Kappes S M, et al. Extensive genomic conservation of cattle microsatellite heterozygosity in sheep[J]. Animal Genetics, 1997, 28: 274~290.
- [9] Barker J S, Moore S S, Hetzel D J S, et al. Genetic diversity of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*): microsatellite variation and a comparison with protein-coding loci [J]. Animal Genetics, 1997, 28: 103~115.
- [10] Buchanan F C, Adams L J, Littlejohn R P, et al. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites[J]. Genomics, 1994, 22: 397~403.
- [11] 杨澜. 利用微卫星标记分析5个中国地方山羊品种的遗传多样性[D]. 武汉:华中农业大学, 1999. 35~38.
- [12] 常洪. 中国家畜遗传资源研究[M]. 西安:陕西人民出版社, 1998. 45~51.
- [13] 张爱玲,马月辉,陈秀梅,等. 不等微卫星座位数目对Nei氏标准距离估计精确度的影响[J]. 畜牧兽医学报, 2005, 36(5): 431~433.
- [14] 欧阳叙向,黄生强,施启顺,等. 微卫星标记BM2508在4个山羊品种中的遗传多样性研究[J]. 畜牧兽医学报, 2005, 36(12): 1351~1353.