

中国荷斯坦牛微卫星基因座遗传多态性研究

严林俊^{1,3}, 陈 宏^{1,2}, 房兴堂¹, 张润锋², 鲍 斌¹, 张海军¹

(1 徐州师范大学 细胞与分子生物学研究所, 江苏 徐州 221116;

2. 西北农林科技大学 动物科技学院, 陕西省农业分子生物学重点实验室, 陕西杨凌 712100;

3. 南通农业职业技术学院, 江苏 南通 226007)

[摘 要] 利用 PCR 技术和复合电泳银染技术检测了中国荷斯坦牛 *ETH225*、*BM1824*、*BM2113* 和 *ETH152* 4 个微卫星座位的多态性分布, 计算了各个基因座的杂合度 (*H*)、有效等位基因数 (*Ne*)、Shannon 信息熵 (*S*)、多态信息含量 (*PIC*) 和固定指数 (*F*)。结果显示, 4 个微卫星基因座的基因型分布均不符合 Hardy-Weinberg 平衡, 其中, 基因座 *ETH225* 的 *H*、*Ne*、*S*、*PIC*、*F* 均为最高, 分别为 0.913 0, 11.488 2, 2.574 4, 0.906 6 和 -0.095 3, 表明该座位的遗传多态性比其他座位丰富, 具有更大的选择潜力。

[关键词] 微卫星; 中国荷斯坦牛; 遗传多态性

[中图分类号] S823.9⁺12

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2007)07-0023-05

Polymorphism distributions of microsatellite loci in Chinese Holstein cattle

YAN Lin-jun^{1,3}, CHEN Hong^{1,2}, FANG Xin-tang¹, ZHANG Run-feng²,
BAO Bin¹, ZHANG Hai-jun¹

(1 Institute of Cellular and Molecular Biology, Xuzhou Normal University, Xuzhou, Jiangsu 221116, China; 2 College of Animal Science and Technology, Northwest A & F University, Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Yangling, Shaanxi 712100, China; 3 Nantong Agriculture College, Nantong, Jiangsu 226007, China)

Abstract: The polymorphism distributions of microsatellite loci, *ETH225*, *BM1824*, *BM2113* and *ETH152* were detected in Chinese Holstein cattle by Polymerase Chain Reaction and multiplex gel electrophoresis followed by silver staining. Heterozygosity (*H*), effective number of alleles (*Ne*), Shannon's information index (*S*), polymorphism information content (*PIC*) and fixation index (*F*) were calculated. Results showed that all loci did not obey Hardy-Weinberg equilibrium. *H*, *Ne*, *S*, *PIC* and *F* of *ETH225* locus were the highest, and they were 0.913 0, 11.488 2, 2.574 4, 0.906 6, -0.095 3, respectively, which showed that the polymorphism of *ETH225* locus was richer than that of the others and this locus had more possibilities to be chosen.

Key words: microsatellite; Chinese Holstein Cattle; polymorphism

利用生化、分子等遗传标记分析畜禽品种的遗传多样性, 对阐明品种的起源、分化、遗传变异等具

有十分重要的意义, 同时也可为畜禽品种遗传资源的保护和利用提供科学依据。20 世纪 80 年代, 主

* [收稿日期] 2006-06-01

[基金项目] 江苏省高校自然科学基金项目 (03KJD203216); 陕西省自然科学基金项目 (2004C122); 国家“863”计划项目 (2003AA243051); 西北农林科技大学拔尖人才支持计划项目

[作者简介] 严林俊 (1981 -), 男, 江苏南通人, 讲师, 硕士, 主要从事分子遗传学研究。E-mail: ylj_23@sohu.com

[通讯作者] 陈 宏 (1955 -), 男, 陕西西安市人, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事分子生物技术与动物育种研究。
E-mail: chen hong1212 @263. net

要通过蛋白质结构基因座多态性分析畜禽品种的遗传结构,随着分子生物技术的发展,尤其是 PCR 技术的发展,国内外学者利用 RFLP、RAPD 和微卫星等技术来分析畜禽品种的遗传结构。与其他分子标记技术相比,微卫星由于具有数量大、分布广而均匀、多态性丰富、共显性遗传以及分析方法简便、快捷等优点,目前已在动、植物的基因组作图、群体遗传变异分析、群体起源系统、亲子鉴定、QTL 检测与定位等研究中得到广泛应用^[1-3]。

中国荷斯坦牛是从 19 世纪 60 年代起,先后由美国、加拿大、日本、澳大利亚、新西兰、俄罗斯、德国、意大利等国引进的荷斯坦牛进行纯种繁育或与当地黄牛进行高代级杂交经长期选育而成的一个培育品种,其结构匀称,乳用特征明显,是优良的乳用品种。研究中国荷斯坦牛遗传变异的详细信息对其经济性状的选育是至关重要的,利用微卫星进行群体遗传分析具有巨大的潜力。为此,本研究选用了 ISA G(www.ri.bbsrc.ac.uk/cdir/www.markers.htm)推荐用于牛遗传多样性研究的 4 个微卫星座

位,分析了中国荷斯坦牛群体 4 个微卫星基因座的遗传差异,揭示了各个基因座的遗传多态性,旨在为科学评价中国荷斯坦牛的遗传资源价值和良种选育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 样品 从徐州云龙湖奶牛场和蟠桃奶牛场随机采取血样 152 份,颈静脉采血,ACD 抗凝,置于冰盒带回实验室,-80 保存备用。参考 Chen H 等^[4]的方法提取血样基因组 DNA。

1.1.2 试剂 本研究所用的 Taq DNA 聚合酶、dNTPs 等分子生物学试剂,均购自上海生物工程有限公司。

1.1.3 PCR 引物 用于本研究的牛微卫星标记是 ISA G(www.ri.bbsrc.ac.uk/cdir/www.markers.htm)推荐用于牛遗传多样性研究的微卫星座位,引物序列及微卫星所在染色体位置见表 1。

表 1 4 个微卫星座位的性质及 PCR 反应条件

Table 1 Characterization of the four microsatellite loci and conditions of PCR

座位 Loci	引物序列 Primer sequences	Mg ²⁺ / (mmol · L ⁻¹)	退火温度/ Neal temperature	染色体位置 Chromosome No.
BM1824	F: 5'-GAGCAAAGGTGTTTTCCTCAATC R: CATTCCTCCAAGTCTTCCTTG	1.5	58.5	1
BM2113	F: GCTGCCTTCTACCAAAATACCC R: CTTCTCTGAGAGAAACCAACAC	1.5	56.4	2
ETH152	F: TACTCGTAGCGCAGGCTGCCTG R: GAGACCTCAGGGTTGGTGATCAAG	1.5	65.9	5
ETH225	F: GATCACCTTGCCACTATTTTCCT R: ACATGACAGCCAGCTGCTACT-3'	1.5	65.9	9

1.2 微卫星座位的 PCR 扩增和结果记录

PCR 反应总体系为 12.0 μL,其中包括 0.5 U Taq DNA 聚合酶,25 mmol/L MgCl₂ 1.5 μL,10 × Buffer 1.2 μL,2.5 mmol/L dNTPs 0.75 μL,100 ng 基因组 DNA,上、下游引物各 10 pmol。PCR 反应条件为:94 预变性 3 min;94 变性 30 s,退火 30 s,72 延伸 45 s,重复循环 35 次;72 延伸 5 min (每个反应相应的退火温度和 Mg²⁺ 浓度见表 1)。

PCR 产物用 80 g/L 的聚丙烯酰胺凝胶分离,然后用硝酸银染色、显色,并用 BIO-RAD 凝胶成像分析系统照相并分析。根据标准 pBR322 DNA/MspI 计算扩增片段大小,确定个体基因型。

1.3 数据统计与处理

1.3.1 基因频率、基因型频率的计算及 χ² 检验 计算中国荷斯坦牛群体在 4 个微卫星座位各等位基因的基因频率以及基因型频率,并对各个座位是否

处于 Hardy-Weinberg 平衡状态进行检验。

设某一基因座位上有 A 和 B 2 个等位基因,基因频率为 p 和 q,则:

$$p = (2AA + AB) / 2N, q = (2BB + AB) / 2N。$$

$$\chi^2 \text{ 适合性检验: } \chi^2 = (O_i - E_i)^2 / E_i。$$

式中:AA 为 AA 基因型个体数,BB 为 BB 基因型个体数,AB 为 AB 基因型个体数,N 为个体数,O_i 为实际次数,E_i 为理论次数。

1.3.2 杂合度 (Heterozygosity, H)^[5] 计算公式为:

$$H = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2。$$

式中:p_i 为等位基因的频率,m 为等位基因数。

1.3.3 多态信息含量 (Polymorphism Information Content, PIC)^[6] 计算公式为:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2 - \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m 2 p_i^2 p_j^2。$$

式中:p_i 和 p_j 分别为第 i 和第 j 个等位基因在群体

中的频率, m 为等位基因数。

1.3.4 有效等位基因数 (Effective number of alleles, N_e)^[7] 计算公式为:

$$N_e = 1 / \sum_{i=1}^m p_i^2。$$

1.3.5 Shannon 信息熵 (Shannon's information index, S)^[8] 计算公式为:

$$S = - \ln \sum_{i=1}^m p_i \ln p_i。$$

1.3.6 固定指数 (Fixation index, F)^[9] 计算公式为:

$$F = (H - H_o) / H_o。$$

式中: H 为随机交配情况下杂合子的期望频率, H_o

为群体杂合子的观察频率。

2 结果与分析

2.1 中国荷斯坦牛 4 个微卫星座位的 PCR 扩增结果与多态性

图 1 为中国荷斯坦牛 4 个微卫星 DNA 座位 PCR 扩增产物的部分电泳结果。电泳结果表明, 在中国荷斯坦牛群体的 4 个微卫星座位上共发现了 54 个等位基因; 在微卫星座位 *BM2113* 上发现的等位基因最多, 为 16 个; 在座位 *ETH152* 发现的等位基因最少, 为 8 个。

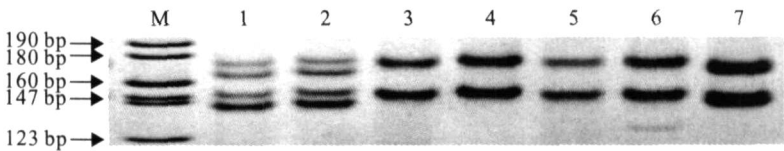


图 1 中国荷斯坦牛微卫星的聚丙烯酰胺凝胶电泳结果
1 ~ 7. 中国荷斯坦牛的样本号; M. pBR322 DNA/ *Msp*I marker

Fig. 1 PAGE electrophoresis of microsatellite in Chinese Holsteins
1 - 7. Sample number of Chinese Holstein; M. pBR322 DNA/ *Msp*I marker

2.2 中国荷斯坦牛的等位基因频率和基因型频率

由表 2 可看出, 在座位 *BM1824* 上检测到 15 个等位基因, 变异范围为 190 ~ 224 bp, 其中 212 bp 的等位基因频率最高, 为 0.219 0; 在该座位发现了 19 种基因型, 其中 194-212 属于优势基因型, 基因型频率为 0.299 3。在座位 *BM 2113* 上检测到 16 个等位基因, 变异范围为 130 ~ 168 bp, 132 bp 的等位基因频率最高, 为 0.154 1; 在该座位发现的 16 种基因型中, 132-152 的基因型频率最高, 为 0.239 7。在座位 *ETH152* 上检测到 8 个等位基因, 变异范围为

198 ~ 226 bp, 202 bp 的等位基因频率最高, 为 0.308 7; 在该座位仅发现 5 种基因型, 其中 202-220 基因型占绝对优势, 基因型频率为 0.610 7。在座位 *ETH225* 上检测到 15 个等位基因, 变异范围为 140 ~ 178 bp, 174 bp 的等位基因频率最高, 为 0.157 7; 该座位共发现了 17 种基因型, 148-174 bp 的基因型频率最高, 为 0.275 2。

经 χ^2 适合性检验, 中国荷斯坦牛群体在 4 个微卫星座位均处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态。

表 2 中国荷斯坦牛 4 个微卫星座位的基因频率和基因型频率

Table 2 Allele and genotype frequencies of four microsatellite loci of Chinese Holstein

座位 Loci	等位基因/ bp Allele	等位基因频率 Allele frequencies	基因型 Genotypes	基因型频率 Genotype frequencies	位点平衡 χ^2 测验 Loci equilibrium χ^2 test
BM1824	190	0.025 5	190-204	0.007 3	288.410 5 * *
	192	0.087 6	190-208	0.043 8	
	194	0.178 8	192-208	0.007 3	
	196	0.094 9	192-210	0.167 9	
	198	0.069 3	194-206	0.014 6	
	202	0.018 2	194-210	0.043 8	
	204	0.025 5	194-212	0.299 3	
	206	0.014 6	196-212	0.124 1	
	208	0.025 5	196-214	0.058 4	
	210	0.105 8	196-216	0.007 3	
	212	0.219 0	198-212	0.007 3	
	214	0.069 3	198-214	0.080 3	
	216	0.029 2	198-216	0.051 1	
	222	0.018 2	202-206	0.007 3	
	224	0.018 2	202-212	0.007 3	
			202-222	0.021 9	
			204-222	0.014 6	
			204-224	0.029 2	
			206-224	0.007 3	

续表 2 Continued of the table 2

座位 Loci	等位基因/ bp Allele	等位基因频率 Allele frequencies	基因型 Genotypes	基因型频率 Genotype frequencies	位点平衡 χ^2 测验 Loci equilibrium χ^2 test
BM2113	130	0.113 0	130-138	0.006 8	639.209 3 * *
	132	0.154 1	130-148	0.123 3	
	134	0.017 1	130-150	0.089 0	
	136	0.013 7	130-152	0.006 8	
	138	0.099 3	132-148	0.013 7	
	140	0.078 8	132-150	0.054 8	
	142	0.027 4	132-152	0.239 7	
	148	0.068 5	134-154	0.034 2	
	150	0.071 9	136-160	0.027 4	
	152	0.123 3	138-160	0.020 5	
	154	0.017 1	138-162	0.164 4	
	160	0.024 0	138-164	0.006 8	
	162	0.082 2	140-164	0.137 0	
	164	0.071 9	140-166	0.020 5	
	166	0.034 2	142-166	0.047 9	
	168	0.003 4	142-168	0.006 8	
ETH152	198	0.040 3	198-218	0.080 5	429.778 2 * *
	202	0.308 7	202-218	0.006 7	
	204	0.100 7	202-220	0.610 7	
	206	0.050 3	204-222	0.201 3	
	218	0.043 6	206-226	0.100 7	
	220	0.305 4			
	222	0.100 7			
	226	0.050 3			
ETH225	140	0.043 6	140-164	0.087 2	646.739 1 * *
	142	0.083 9	142-164	0.033 6	
	144	0.047 0	142-166	0.120 8	
	146	0.050 3	142-168	0.013 4	
	148	0.144 3	144-166	0.006 7	
	150	0.063 8	144-168	0.040 3	
	152	0.067 1	144-170	0.047 0	
	164	0.060 4	146-170	0.060 4	
	166	0.063 8	146-172	0.040 3	
	168	0.030 2	148-168	0.006 7	
	170	0.053 7	148-172	0.006 7	
	172	0.026 8	148-174	0.275 2	
	174	0.157 7	150-172	0.006 7	
	176	0.077 2	150-174	0.040 3	
	178	0.030 2	150-176	0.080 5	
			152-176	0.073 8	
			152-178	0.060 4	

注：* *表示差异极显著 ($P<0.01$)。
Note: * * means the loci were not at the Hardy-Weinberg equilibrium ($P<0.01$).

2.3 中国荷斯坦牛的群体遗传变异分析

表 3 表明,中国荷斯坦牛群体在座位 *ETH225* 的杂合度、有效等位基因数、Shannon 信息熵、多态信息含量和固定指数均最高,分别为 0.913 0, 11.488 2,2.574 4,0.906 6 和 - 0.095 3,在 4 个座位中,中国荷斯坦牛在该座位具有最为丰富的遗传多样性;相反在座位 *ETH152*,中国荷斯坦牛的各项指标均为最低。4 个座位的杂合度、有效等位基因数、

Shannon 信息熵、多态信息含量和固定指数的排序均为:*ETH225* > *BM2113* > *BM1824* > *ETH152*。4 个座位的固定指数都小于 0,表明中国荷斯坦牛群体杂合子缺陷度不高,即偏离 Hardy-Weinberg 平衡的程度不大;但相对而言,在 4 个座位中,中国荷斯坦牛 *ETH225* 座位的实际杂合子比例最高,遗传多态性更丰富。

表 3 中国荷斯坦牛 4 个微卫星座位的遗传多态性指标

Table 3 Genetic diversity indices of four microsatellite loci of Chinese Holstein

座位 Loci	杂合度 Heterozygosity	有效等位基因数 Effective number of alleles	Shannon 信息熵 Shannon's information index	多态信息含量 Polymorphism information content	固定指数 Fixation index
BM1824	0.878 6	8.233 8	2.350 1	0.867 5	- 0.138 2
BM2113	0.907 1	10.768 4	2.510 9	0.899 7	- 0.102 4
ETH152	0.782 6	4.599 3	1.754 2	0.753 3	- 0.277 8
ETH225	0.913 0	11.488 2	2.574 4	0.906 6	- 0.095 3

3 讨 论

微卫星又称为短串联重复序列长度多态性、简单序列长度多态性,属于高度重复序列,在真核生物

中广泛分布。微卫星座位由 1~5 bp 重复序列构成的微卫星本体和两侧的侧翼序列所构成,侧翼序列使微卫星特异性地定位在基因组的某一位置。微卫星本体的拷贝数在物种间,甚至种内不同个体间存

在差异而具有长度多态性,这是形成微卫星多态性的基础^[10-12]。在本研究中,中国荷斯坦牛在4个微卫星座位上的多态性存在差异,表明在长期的选择过程中,各个微卫星座位所承受的选择压力并不相同。在分析各个座位的基因和基因型频率时发现,在座位 *ETH152* 中,202-220 这种基因型的频率明显高于其他基因型,推测该基因型可能对中国荷斯坦牛的产奶性能存在着正效应,所以在长期的选育过程中受到了正向选择而成为优势基因型。中国荷斯坦牛在4个微卫星座位均处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态,造成这种不平衡的原因可能是长期人工选择的结果。中国荷斯坦牛的杂合度又称基因多样性,反映群体在数个座位上的遗传变异,一般认为其是度量群体遗传变异的一个最适参数。本研究结果表明,所分析的4个微卫星座位在中国荷斯坦牛群体中都具有较高的多态性,群体遗传多样性较为丰富,具有较高的选择潜力。

PIC 是衡量微卫星座位多态性高低的较好指标。当 $PIC > 0.5$ 时,该座位为高度多态性座位; $0.25 < PIC < 0.5$ 时,为中度多态性座位; $PIC < 0.25$ 时,为低度多态性座位^[13]。本研究发现,中国荷斯坦牛4个微卫星座位的多态信息含量均大于0.7,属于高度多态性座位。另外,在遗传连锁分析中,*PIC* 值大于0.7的微卫星DNA为最理想的选择标记,本研究所分析的微卫星DNA标记都可作为进一步连锁分析的候选遗传标记。*PIC* 还关系到座位的可用性和使用效率,*PIC* 越大,在一个群体中,该座位杂合子比例则越高,提供的遗传信息就越多,选择潜力也越大。在本研究的4个座位中,座位 *ETH225* 的多态信息含量最高,为0.9066,表明中国荷斯坦牛在该座位具有更为丰富的遗传信息,比其他座位有着更大的选择潜力。贾名威等^[14] 研究奶牛和肉牛群体的6个微卫星座位多态性时发现,在纯种荷斯坦奶牛和西门塔尔肉牛群体中,*BM2113* 座位的杂合度与多态信息含量分别为0.7962和0.7694,而本研究中发现中国荷斯坦牛该座位的杂合度与多态信息含量分别为0.9071和0.8997,这与中国荷斯坦牛因导入中国地方牛的血统使其杂合度有所提高的事实相符合。

等位基因在群体中分布越均匀,有效等位基因数越接近所检测到的等位基因的绝对数,有效等位基因数值为纯合度的倒数^[15]。本研究中,座位 *ETH152* 的有效等位基因数为4.5993,明显低于其他3个座位,表明在座位 *ETH152* 上,等位基因

分布较不均匀。推测在中国荷斯坦牛长期的选育过程中,*ETH152* 比其他3个座位受到了更大的选择压力,从而造成了该基因座位等位基因分布的不均匀。孙维斌^[16] 对中国地方牛品种秦川牛、南阳牛、鲁西牛、晋南牛和延边牛进行了研究,结果显示其在座位 *ETH152* 上的有效等位基因数分别为15.1783,10.7959,9.3444,9.1351和10.7561,而本研究中中国荷斯坦牛在该座位的有效等位基因数仅为4.5993,远远小于地方牛品种,这表明中国荷斯坦牛作为一个人工选育的优良乳用品种,相对于中国地方牛品种受到了更大的人工选择压力。

固定指数是群体中杂合子频率差异的估计值,其通过杂合子频率偏差反映群体在某个座位的遗传分化程度。相比较而言,本试验所研究的4个座位中,座位 *ETH225* 杂合子频率较高,中国荷斯坦牛在该座位的杂合性也较为丰富,而在座位 *ETH152* 的杂合性则最低。经 χ^2 适合性检验,中国荷斯坦牛群体在所研究的4个微卫星座位均处于 Hardy-Weinberg 不平衡状态,但4个座位的固定指数都是负值,这表明中国荷斯坦牛群体杂合子缺陷度不高,即偏离 Hardy-Weinberg 平衡的程度不大。提示在对中国荷斯坦牛的人工选育过程中,还需要加大选择力度,坚决淘汰生产性能不高的个体,使中国荷斯坦牛群体能更进一步偏离 Hardy-Weinberg 平衡,从而选育出更为优良的高生产性能品种。

[参考文献]

- [1] Arranz J J, Bayon Y, Primitivo J S. Comparison of protein markers microsatellites in differentiation of cattle Populations[J]. *Animal Genetics*, 1996, 7: 415-419.
- [2] Barker J S F, 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.
- [3] Goudariz K M, Lsloe D, Furet J P, et al. Analysis of genetic relationship between 10 cattle breeds with 17 microsatellite[J]. *Animal Genetics*, 1997, 8: 338-345.
- [4] Chen H, Leibenguth F. Studies on multiloci fingerprints RAPD markers and mitochondrial DNA of a gynogenetic fish (*Carassius auratus gibelio*) [J]. *Biochem Genet*, 1995, 33: 297-306.
- [5] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. *Genetics*, 1978, 89: 583-590.
- [6] Bostein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. *Am J Hum Genet*, 1980, 32: 317-331.

(下转第32页)

- [16] Fraga J, Rodriguez J, Fuentes O, et al. Optimization of random amplified polymorphic DNA techniques for use in genetic studies of *Cuban Triatominae* [J]. Rev Inst Med Trop Sao Paulo, 2005, 47(5): 295-300.
- [17] Quintaes B R, Leal N C, Reis E M, et al. Optimization of randomly amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction for molecular typing of *Salmonella enterica serovar Typhi* [J]. Rev Soc Bras Med Trop, 2004, 37(2): 143-147.
- [18] 陈宏, 孙维斌, 雷初朝, 等. RAPD 标记稳定性的影响因素探析[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2003, 31(5): 139-142.
- [19] 柳淑芳, 杜立新, 朱靖, 等. 正交法整体优化差异显示反应体系[J]. 遗传, 2004, 26(6): 836-840.
- [20] 王彦华, 侯喜林, 徐明宇. 正交设计优化不结球白菜 ISSR 反应体系研究[J]. 西北植物学报, 2004, 24(5): 899-902.

(上接第 27 页)

- [7] Kimura M, Ohta T. Mutation and evolution at the molecular level [J]. Genetics, 1973, 73(suppl): 19-35.
- [8] 郭满才. 群体遗传变异的信息学模型研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 2002.
- [9] Wright S. Variability within and among natural populations [M]. Chicago: The Univ of Chicago Press, United States, 1978: 35-49.
- [10] Arranz J J, Bayon R, San Primitivo F. Genetic variation of five microsatellite loci in four breeds of cattle [J]. Journal Agriculture Science, 1996(27): 533-538.
- [11] Bachanan F C, Adamas L J, Littejohn R P, et al. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellite [J]. Genomics, 1994(22): 397-403.
- [12] Weigend S, Romanov M N. Current strategies for the assessment and revolution of genetic diversity in chicken resources [J]. World Poultry Science Journal, 2001, 57(3): 275-288.
- [13] Vaiman D, Mecier D, Moazami-Gou D, et al. A set of 99 cattle microsatellites characterization synteny mapping and polymorphism [J]. Mammalian Genome, 1994, 5: 288-297.
- [14] 贾名威, 杨利国, 管峰, 等. 奶牛和肉牛 6 个 STR 基因座遗传多态性研究 [J]. 遗传, 2004, 26(3): 309-314.
- [15] 野泽谦, 常洪, 任战军. 驯化对动物群体变异水平的影响 [J]. 畜牧兽医杂志, 1996(3): 55-56.
- [16] 孙维斌. 八个黄牛品种种质特性的 DNA 分子标记研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 2003.