

网络出版时间:2013-07-18 15:59

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20130718.1559.007.html>

甘肃 5 个肉用绵羊品种的微卫星遗传多样性及其 与生产性能的关联性分析

张子军^{1,2}, 凌英会¹, 任春环^{1,2}, 程 箫^{1,2}, 郭晓飞¹,
黄桢峰¹, 陈家宏¹, 赵有璋², 章孝荣¹

(1 安徽农业大学 动物科技学院, 安徽 合肥 20036; 2 甘肃农业大学 动物科技学院, 甘肃 兰州 730070)

[摘 要] 【目的】研究甘肃主要肉用绵羊品种(波德代羊、无角陶赛特、蒙古羊、滩羊、小尾寒羊)DNA 分子水平上的遗传多样性。【方法】利用世界粮农组织和国际家畜联合会推荐的 11 对微卫星引物(CSRD0298、RM0509、URB0038、MCM0130、ILSTS004、MCMA008、MNS0094、CSSM0004、OarAE101、BM1329 和 OarFCB11), 对 5 个肉用绵羊品种分子水平上的遗传多样性及其与生产性能的关联性进行研究。【结果】11 个微卫星位点在 5 个肉用绵羊品种间均呈现高度多态性, 构建的系统进化树 NJ 聚类图将国内的 3 个肉用绵羊品种(蒙古羊、滩羊、小尾寒羊)与引进的 2 个肉用绵羊品种(波德代羊、无角陶赛特)分为 2 支; 系统进化树 UPGMA 聚类图和主成分的二维散点图进一步证实了 NJ 聚类结果的可靠性。生产性能关联性分析结果显示, 绵羊群体的平均产羔数与微卫星位点 OarAE101 存在关联性, 与位点 BM1329 没有关联性; 绵羊初生质量与微卫星位点 ILSTS004 和 CSSM0004 存在关联性。【结论】5 个肉用绵羊品种具有丰富的遗传多样性, 有很大的选育潜力。

[关键词] 肉用绵羊; 微卫星标记; 生产性能; 关联性

[中图分类号] S826.2

[文献标志码] A

[文章编号] 1671-9387(2013)08-0031-07

Microsatellite markers genetic diversity and growth traits correlation of five meat sheep breeds in Gansu

ZHANG Zi-jun^{1,2}, LING Ying-hui¹, REN Chun-huan^{1,2}, CHEN Xiao^{1,2}, GUO Xiao-fei¹,
HUANG Ya-feng¹, CHEN Jia-hong¹, ZHAO You-zhang², ZHANG Xiao-rong¹

(1 College of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei, Anhui 230036, China;

2 College of Animal Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: 【Objective】This study aimed to study the genetic diversity of main meat sheep (Borderdale, Poll Dorset, Mongolian Sheep, Tan-Sheep, and Small Tail Han sheep) in Gansu. 【Method】11 microsatellite DNA markers (CSR0298, RM0509, URB0038, MCM0130, ILSTS004, MCMA008, MNS0094, CSSM0004, OarAE101, BM1329 and OarFCB11) recommended by FAO and the international federation of livestock were used to detect the genetic variation and the association of growth performance in the five sheep breeds. 【Result】Eleven of all the microsatellite loci were highly polymorphic. Neighbour-joining (NJ) dendrogram clustered Chinese indigenous meat sheep breeds and introduced breeds into two groups. The clas-

* [收稿日期] 2013-02-05

[基金项目] 国家现代肉羊产业技术体系专项(11004986); 国家“863”高技术研究发展计划项目(SQ2010AA1000688008)

[作者简介] 张子军(1971—), 男, 甘肃武威人, 副教授, 博士, 硕士生导师, 主要从事绵山羊遗传育种与繁殖研究。

E-mail: zhangzijun6666@163.com

[通信作者] 凌英会(1981—), 男, 安徽安庆人, 博士, 主要从事动物遗传资源保护与开发利用研究。E-mail: caaslyh@163.com

章孝荣(1954—), 男, 安徽枞阳人, 教授, 博士, 博士生导师, 主要从事动物繁育及胚胎技术研究。

E-mail: zhangxiaorong01@163.com

sification was further supported by both UPGMA dendrogram and scatter plots of estimates from principal component analyses. Association of growth performance revealed that the average litter size was related to OarAE101 microsatellite loci rather than BM1329. Both microsatellite loci ILSTS004 and CSSM0004 were related to lamb birth weight. 【Conclusion】 These results would benefit resource protection and development of these meat sheep breeds.

Key words: meat sheep; microsatellite DNA; growth performance; relevance

在国际市场上,中国绵羊和山羊的饲养量、出栏量、羊肉产量、羊皮产量、羊绒产量均居世界首位^[1]。绵羊主要分布在中国北方牧区,2010 年北方牧区年存栏量约 9 904.7 万只,共拥有 47 个绵羊品种,其中波德代羊、无角陶赛特、蒙古羊、滩羊、小尾寒羊是北方牧区绵羊品种的典型代表,也是近年来甘肃育成的肉用绵羊新类群。

微卫星分子标记(SSR)为共显性标记,稳定性好,具有丰富的多态性,近年来被广泛用于各种动物遗传多样性^[2-6]和遗传分化^[7-9]研究。从而使在 DNA 分子水平上寻找与绵羊、山羊生产性能相关的标记成为可能。李祥龙等^[10]对青龙本地山羊 RAPD 与体质量、体尺的相关性进行了研究,结果显示,多态标记 KOB、P14D 和 Q14D 及其互作效应对山羊体质量、体尺有显著影响。王杰等^[11]对安哥拉山羊及建昌黑山羊杂种羊 DNA 指纹图谱的分析表明,在安哥拉山羊中,23 和 8.6 kb 特异谱带出现的频率为 100%,而在建昌黑山羊中出现的频率则为 0,推测这 2 条特异谱带可能与马海毛性状相关。但目前,利用荧光标记微卫星分析甘肃肉羊遗传多样性及其与生产性能关联性的研究相对较少。

本试验利用世界粮农组织(FAO)和国际家畜联合会(ISAG)推荐的 11 对微卫星引物,通过荧光标记 PCR 对甘肃省 5 个肉羊品种的等位基因进行了扩增,结合基因分析仪检测所获得的等位基因数据,研究 5 个肉羊品种的遗传多样性,评估其遗传变异和群体结构情况,并筛选、分析了遗传多样性位点

与生产性能的关联性,旨在为甘肃省肉羊品种资源的遗传改良提供分子遗传学依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集与 DNA 提取

本试验样本来自 5 个甘肃肉用绵羊品种共 550 只,其中无角陶赛特 100 份(经产母羊 50 只、6 月龄母羔 30 只、6 月龄公羔 20 只),波德代羊 100 份(经产母羊 50 只、6 月龄母羔 30 只、6 月龄公羔 20 只),小尾寒羊 200 份(均为经产母羊),蒙古羊 100 份(均为经产母羊),滩羊 50 份(均为经产母羊)。无角陶赛特和波德代羊由甘肃永昌肉用种羊场提供,小尾寒羊来自于山东梁山县城郊农户及甘肃武威和永昌农户(从山东梁山引入个体),蒙古羊由甘肃红光园艺场和甘肃永场肉用种羊场提供,滩羊在甘肃条山农场农户中分散饲养。各群体均为纯种,个体间无血缘关系,并且各具突出优点。

采用抗凝剂真空抽血管进行负压采血。用酚-氯仿抽提法从全血中提取基因组 DNA。用 SBECKMAN ND-1000 自动分光光度计测定样本 DNA 的浓度和纯度,并将所有样本 DNA 的质量浓度调整至 50 ng/ μ L 左右。

1.2 引物、PCR 扩增及多态性检测

所用 11 对微卫星 DNA 标记引物由 FAO 和 ISAG 推荐,由上海生工合成,引物上游 5'端采用荧光修饰,荧光集团有 FAM 和 HEX,引物序列及相关信息见表 1。

表 1 11 对微卫星引物的序列及退火温度

Table 1 Sequence and annealing temperature of 11 pairs of microsatellite primers			
位点 Loci		引物序列(5'→3') Primer sequences(5'→3')	退火温度/℃ Annealing temperature
CSR0298	上游 F	GATCCCAATCAAACCAACAACAAG	48
	下游 R	GCCAGCACACCGCCATTTTAATTA	
RM0509	上游 F	GCTTGAGGTAGGTAGAATTC	54
	下游 R	CAGATAACTAGGTTATGGGAAT	
URB0038	上游 F	CAGTAGCTGAGCGAGAAGGTGAG	56
	下游 R	AAACGAGAGGTGCCAGGGCTGT	
MCM0130	上游 F	AAACTTTGTGCTGTTGGGTGTATC	60
	下游 R	CTCACCTCTGCCTTTCTATCTCTCT	

续表 1 Continued table 1

位点 Loci		引物序列(5'→3') Primer sequences(5'→3')	退火温度/℃ Annealing temperature
ILSTS004	上游 F	CTTAAA ATCTGTCTTTCTTCC	50
	下游 R	TAGTGTGTATTGGTTTCTCC	
MCMA008	上游 F	TATTGACATTTTTTATTCATTTGC	52
	下游 R	AGGAATTCCCTTTTGTATGG	
MNS0094	上游 F	ATATTCTTAAGCCAGCATTCC	54
	下游 R	GCCTCAAGGATCTAAGGTCTG	
CSSM0004	上游 F	ATGCGTCCTAGA AACTTGAGATTG	55
	下游 R	GAA ATCATCTGGTCATTATCAGTG	
OarAE101	上游 F	TTCTTATAGATGCACTCAAGCTAGG	61
	下游 R	TAAGAAATATATTTGAAAAAACTGTATCTCCC	
BM1329	上游 F	TTGTTTtaggCAAGTCCAAAGTC	52
	下游 R	AACACCGCAGCTTCATCC	
OarFCB11	上游 F	GCAAGCAGGTTCTTTACCACTAGCACC	61
	下游 R	GGCCTGAACTCACAAGTTGATATATCTATCAC	

PCR 扩增体系为 15 μL^[12],反应程序为:95 ℃ 预变性 5 min;94 ℃ 变性 30 s,48~60 ℃ 退火 35 s,72 ℃ 延伸 305 s,30 个循环;72 ℃ 延伸 10 min。通过琼脂糖凝胶电泳对扩增产物进行检测,用 ABI3130 基因分析仪及 GeneMapper 3.7 软件进行片段收集和统计分析。

1.3 数据统计与分析

采用 Excel Microsatellite Toolkit V3.1 软件计算 5 个绵羊品种的平均等位基因数(MNA)、多态信息含量(PIC)、观测杂合度(Ho)、期望杂合度(He)等^[13]。通过 POPGENE 1.31 软件统计 11 个微卫星位点的有效等位基因数(NEA)。采用 GDA program 程序统计私有等位基因(Pa)。采用软件 FSTAT 计算等位基因丰富度(Allelic richness, AR),并进行显著性分析^[14]。采用 DISPAN 软件计算 Nei's 遗传距离(DA)和 Nei's 标准遗传距离(DS)^[15-16],并进行聚类分析。利用 Multivariate Statitital Package Version 3.13 分析软件(<http://www.kovcomp.com/mvsp>)对群体间遗传分化的主成分进行分析,用以验证聚类结果。记录统计等位基因、基因型、第 1 胎产羔数、第 2 胎产羔数;平均产羔数计算公式为: $X=(X_1+X_2)/2$,其中 X 代表平均产羔数,X₁ 代表第 1 胎产羔数,X₂ 代表第 2 胎产羔数。对相应的统计数据进行方差分析和 t 检验。

2 结果与分析

2.1 5 个肉用绵羊品种微卫星 DNA 位点的遗传变异分析

本研究检测了所有个体在 11 对微卫星 DNA 位点的等位基因,共检测到 236 个等位基因。检测到等位基因最多的位点为 MNS0094 (31),其次为

CSSM0004 (30),最少的为 ILSTS004 (16)和 OarAE101 (16)。11 个微卫星位点都表现出了高度多态性,多态信息含量(PIC)在 0.739~0.93,其中多态信息含量最高的位点为 MNS0094 (0.93),最低的位点为 BM1329 (0.739)。

2.2 5 个肉用绵羊品种群体的遗传多样性分析

表 2 显示,5 个肉用绵羊品种平均等位基因数(MNA)最高的是滩羊(15.45),最低的为蒙古羊(13.73);有效等位基因数(NEA)最高的是滩羊(9.23),最低为无角陶赛特(8.53);私有等位基因(Pa)最高的为滩羊(11),其次为小尾寒羊(10),无角陶赛特最少(2)。

以微卫星等位基因频率为基础,分析期望杂合度(He)、观测杂合度(Ho)、多态信息含量(PIC)和等位基因丰富度(AR)等品种遗传多样性指标,结果见表 2。由表 2 可知,5 个品种的平均多态信息含量和杂合度均值都高于 0.5,表明被研究品种的遗传多样性较为丰富,其中小尾寒羊的多态信息含量最高(0.881),蒙古羊的多态信息含量最低(0.877);5 个肉用绵羊品种的平均观测杂合度均低于期望杂合度。

2.3 5 个肉用绵羊品种间的遗传距离分析

表 3 列出了 5 个肉用绵羊品种的 Nei's 标准遗传距离值(DS)和遗传距离(DA)。以 Nei's 标准遗传距离值为准,蒙古羊与滩羊的遗传距离最近(0.086 9),与波德代羊遗传距离最远(0.493 7)。整体看来,国内的绵羊品种(蒙古羊、滩羊和小尾寒羊)与国外的绵羊品种(无角陶赛特、波德代羊)遗传距离相对较远,而所研究的国内 3 个绵羊品种遗传距离相对较近。Nei's 标准遗传距离值所能反映出的群体间的亲缘关系与 Nei's 遗传距离基本一致。

表 2 5 个肉用绵羊品种的遗传变异分析

Table 2 Analysis of genetic variation among 5 meat sheep breeds

品种 Breeds	等位基因差异 Allelic diversity			群体遗传多样性 Genetic diversity			
	MNA	NEA	Pa	He	Ho	PIC	AR
无角陶赛特 Poll Dorset	13.91	8.53	2	0.906	0.873	0.878	7.732
蒙古羊 Mongolian sheep	13.73	8.65	7	0.905	0.812	0.877	7.921
滩羊 Tan sheep	15.45	9.23	11	0.915	0.883	0.878	8.282
波德代羊 Borderdale	14.36	8.75	8	0.907	0.873	0.879	8.242
小尾寒羊 Small Tail Han sheep	14.27	8.86	10	0.909	0.826	0.881	8.000

表 3 5 个肉用绵羊品种的 Nei's 标准遗传距离(DS)及 Nei's 遗传距离(DA)

Table 3 Nei's standard genetic distance (DS) and Nei's genetic distance (DA) among the 5 meat sheep breeds

品种 Breeds	无角陶赛特 Poll Dorset	蒙古羊 Mongolian sheep	滩羊 Tan-sheep	波德代羊 Borderdale	小尾寒羊 Small Tail Han sheep
无角陶赛特 Poll Dorset	—	0.310 3	0.243 8	0.236 6	0.297 9
蒙古羊 Mongolian sheep	0.124 5	—	0.182 2	0.355 7	0.270 3
滩羊 Tan sheep	0.336 6	0.086 9	—	0.295 7	0.256 2
波德代羊 Borderdale	0.173 1	0.493 7	0.419 7	—	0.338 9
小尾寒羊 Small Tail Han sheep	0.346 6	0.289 2	0.294 8	0.465 5	—

注:表内左下侧为 Nei's 标准遗传距离(DS),右上侧为 Nei's 遗传距离值(DA)。

Note:In each cell,left value is DS while the right one is DA.

2.4 5 个肉用绵羊品种在微卫星 DNA 水平的系统发育分析

以 Nei's 遗传距离值得出的系统进化树 NJ 聚类图(图 1),将甘肃的 3 个肉用绵羊品种与国外的 2 个肉用绵羊品种分为 2 支;所研究的国内肉用绵羊又被分为 2 个分支,蒙古羊和滩羊聚在一起。以

Nei's 遗传距离得出的系统进化树 UPGMA 聚类图(图 2)与 NJ 聚类图聚类结果基本一致。这 2 种聚类结果自检值比较高,均能真实地反映群体间的亲缘关系。以 Nei's 标准遗传距离得出的系统进化树 NJ 聚类图和 UPGMA 聚类图基本与以上两图一致。



图 1 基于 Nei's 遗传距离(DA)的 5 个肉用绵羊品种系统进化树 NJ 聚类图

Fig.1 Neighbour-joining dendrogram of 5 meat sheep populations based on Nei's genetic distances (DA)

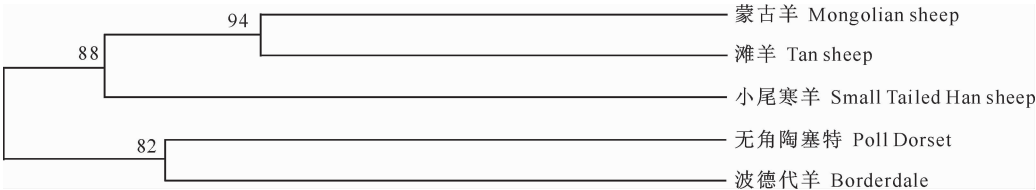


图 2 基于 Nei's 遗传距离(DA)的 5 个肉用绵羊品种系统进化树 UPGMA 聚类图

Fig.2 UPGMA dendrogram of 5 meat sheep populations based on Nei's genetic distances (DA)

2.5 5 个肉用绵羊品种在微卫星 DNA 水平的主成分分析

主成分分析(Principal component analysis, PCA)能将大量的变异数据转变为少量的变异数据但不丢失太多的信息,是一种常用的基于变量协方差矩阵对信息进行处理、压缩和抽提的有效方法^[17]。利用 Multivariate Statitical Package Version 3.13 分析软件对 5 个肉用绵羊品种进行主成

分分析,结果显示,前 3 个特征根的累计贡献率分别为 35.194%,50.38%和 62.76%。基于 5 个肉用绵羊品种等位基因频率构建的第 1、2 主成分二维散点图见图 3,构建的第 1、3 主成分二维散点图见图 4。由图 3 和图 4 可以看出,在 2 个二维散点图中,国外品种在 PC 坐标系中均远离 3 个中国的绵羊群体;中国绵羊在 2 个二维散点图中都具有较近的坐标距离,因此中国绵羊相对于另 2 个引进羊群体具有相

近的主要成分;在 2 个二维散点图中,蒙古羊和滩羊群体具有更相近的主要成分。这与系统发育分析所

得的结果一致。

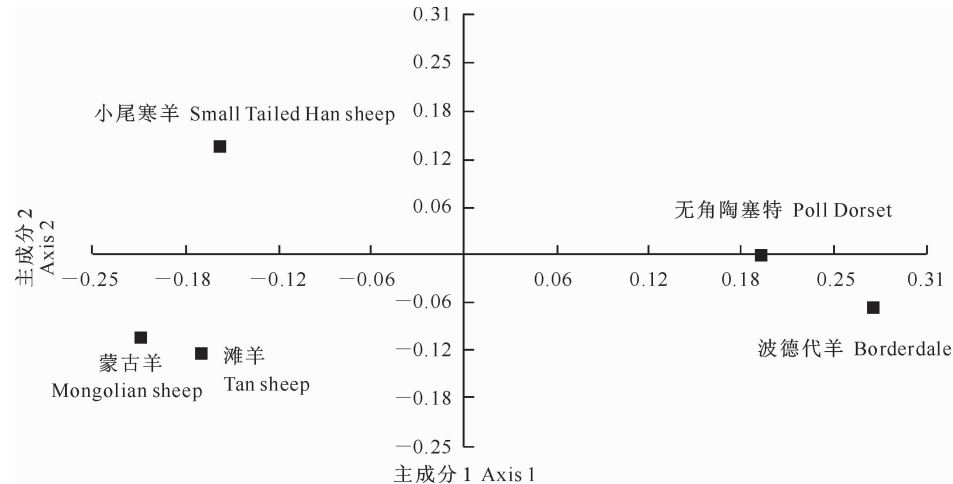


图 3 基于等位基因频率构建的 5 个肉用绵羊品种第 1、2 主成分的二维散点图

Fig. 3 Two-dimensional scatter plot for the first two principal factors of 5 meat sheep breeds based on allele frequencies

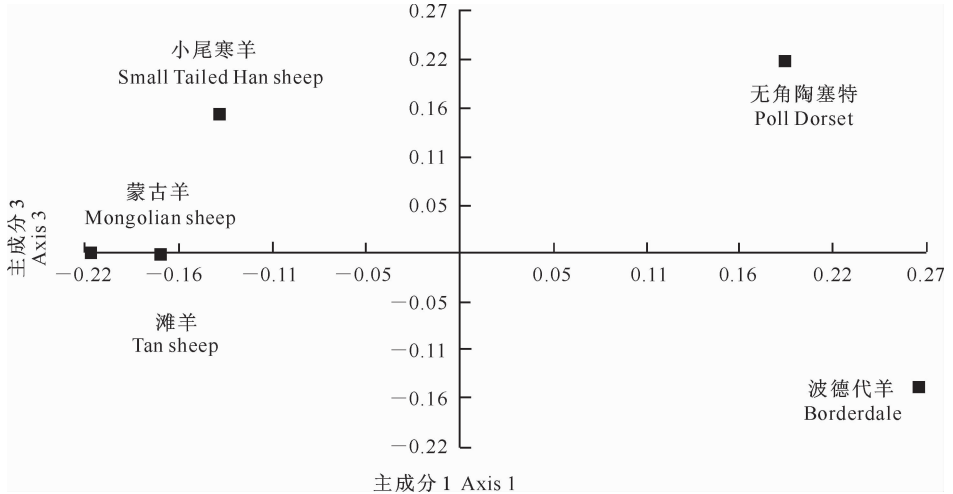


图 4 基于等位基因频率构建的 5 个肉用绵羊品种第 1、3 主成分的二维散点图

Fig. 4 Two-dimensional scatter plot for the first and third principal factors of 5 meet sheep breeds based on allele frequencies

2.6 微卫星 DNA 位点与肉用绵羊产羔数和初生质量的相关性分析

选择与 Booroola 羊高繁殖力主效基因 *FecB* 紧密连锁的 2 个微卫星位点 OarAE101、BM1329, 分析其等位基因和等位基因型与 50 只波德代羊和无角陶赛特群体产羔数(平均产羔数为 1.47 只)之间相关性。统计 OarAE101 和 BM1329 2 个位点的各个等位基因携带个体和各种基因型个体的平均产羔数,经方差分析和 *t* 检验,发现微卫星 DNA 位点 OarAE101 等位基因 107 和 113 与绵羊产羔数呈极显著正相关($P<0.01$);等位基因 103 和基因型 103/117 与绵羊产羔数呈显著负相关($P<0.05$)。在位点 BM1329 上未发现个体平均产羔数与群体平均产羔数有显著差异的等位基因携带者和基因型个体。

选择 2 个与绵羊体质量、体尺密切相关的微卫星位点 ILSTS004、CSSM0004, 分析其等位基因和等位基因型与 88 只波德代羊和无角陶赛特群体初生质量(平均初生质量为 4.796 1 kg)之间相关性。统计 ILSTS004 和 CSSM0004 2 个位点的各个等位基因携带个体和各种基因型个体的平均初生质量,经方差分析和 *t* 检验,发现微卫星 DNA 位点 ILSTS004 等位基因 95、103、105 和基因型 091/105、093/107、103/117,与绵羊初生质量呈极显著负相关($P<0.01$),等位基因 93 和基因型 093/103、093/105 与绵羊初生质量呈显著负相关($P<0.05$),等位基因 99 和 101 与绵羊初生质量呈极显著正相关($P<0.01$),等位基因 89 与绵羊初生质量呈显著正相关($P<0.05$);微卫星位点 CSSM0004 等位基因

234 与绵羊初生质量呈显著负相关($P < 0.05$)。

3 讨 论

3.1 绵羊微卫星标记的选择

选择合适的微卫星标记对遗传多样性进行研究是十分关键的一步^[18]。本研究所选用的 11 个微卫星标记是由 FAO 和 ISAG 推荐的,结果 11 个微卫星标记表现出了高度多态性,其中微卫星位点 OarAE101、BM1329 与波德代羊高繁殖力主效基因 *FecB* 紧密连锁;微卫星位点 ILSTS004、CSSM0004 与绵羊体质量、体尺密切相关。本试验结果为中国地方肉用绵羊品种资源的遗传改良奠定了分子遗传学基础。

3.2 绵羊群体的遗传多样性分析

遗传多样性研究是探讨生物适应、物种形成及进化机制的基础,同时也是生物保护研究的核心内容之一,而微卫星标记是种群遗传结构多样性分析的有效分子标记之一^[19]。本试验研究的 11 个微卫星位点在 5 个绵羊群体中均可检测到 10 个以上等位基因,符合微卫星标记的选择标准,可用于遗传多样性评估。群体平均杂合度反映了群体的遗传一致性情况,群体的杂合度越小,该群体的遗传一致性越高,遗传变异程度越低,群体的遗传多样性越差^[20]。本试验中的 11 个微卫星位点在 5 个绵羊品种中的平均杂合度都高于 0.8,但均略低于任春环等^[21]所选 5 个绵羊群体的平均杂合度,说明本试验所选的 5 个绵羊群体遗传变异程度稍低。

多态信息含量是等位基因频率和等位基因数的变化函数,是衡量所测位点多态性的一个重要指标^[22]。本研究的微卫星位点在 5 个绵羊群体中都呈现出了高度多态性,这与任春环等^[21]和储明星等^[23]的研究结论相似。基于 5 个绵羊群体的 Nei's 标准遗传距离和遗传距离构建的系统进化树结果均显示,所选的 3 个国内肉用绵羊品种与引进的 2 个国外肉用绵羊品种间存在明显的遗传差异。品种间的遗传分化是多个品种间在不同遗传标记位点上的差异性表现,具有多变量特征。利用主成分进行多变量分析,可以进一步揭示群体间的遗传分化程度和系统发生关系^[24]。本研究的聚类 and 主成分分析结果与 5 个绵羊品种的育成史^[25]基本吻合。

3.3 微卫星 DNA 位点与绵羊生产性能的关联性分析

标记与性状之间的连锁分析,是根据标记位点的基因型以及数量性状的表型对个体进行显著性检

验,差异显著则说明标记与性状之间存在关联^[26]。本研究的微卫星位点 OarAE101 与波德代羊和无角陶赛特群体的平均产羔数存在显著或极显著的关联,而在位点 BM1329 上没有产羔关联性。微卫星位点 ILSTS004 和 CSSM0004 与波德代羊和无角陶赛特群体的羔羊初生质量都具有一定的关联性。本研究结果为提高绵羊生产性能的标记辅助选择和 QTL 定位提供了一定的理论依据。

[参考文献]

- [1] 浦亚斌,马月辉,何晓红,等.我国绵羊与山羊品种资源的研究进展[J].中国牧业通讯,2008(1):11-14.
Pu Y B, Ma Y H, He X H, et al. The research progress on the breeds resource of sheep and goat in China [J]. China Animal Industry, 2008(1): 11-14. (in Chinese)
- [2] 任坤刚,于成江,康 康,等.4 个微卫星座位多态性与萨福克羊体尺指标相关性的初步研究[J].西北农林科技大学学报:自然科学版,2008,36(1):43-48.
Ren K G, Yu C J, Kang K, et al. Preliminary study on correlation between four micro-satellite locus polymorphism and body traits in Suffolk sheep [J]. Journal of Northwest A&F University: Natural Science Edition, 2008, 36(1): 43-48. (in Chinese)
- [3] 雒林通,杨博辉,史兆国,等.甘肃高山细毛羊优质毛品系微卫星标记与经济性状的相关性分析[J].江苏农业学报,2010,26(2):331-338.
Luo L T, Yang B H, Shi Z G, et al. Correlation analysis of microsatellite DNA markers with some substantial economic traits in fine-wool breeding line of Gansu Alpine Fine-wool Sheep [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2010, 26(2): 331-338. (in Chinese)
- [4] Dixita S P, Verma P A K, Aggarwala M K, et al. Genetic diversity and relationship among southern Indian goat breeds based on microsatellite markers [J]. Small Ruminant Research, 2010, 91(2): 153-159.
- [5] 曲鲁江,刘 伟,侯卓成,等.利用微卫星和线粒体标记分析北京鸭的起源与驯化[J].中国科学 C 辑:生命科学,2008,38(12):1160-1165.
Qu L J, Liu W, Hou Z C, et al. Analysis of the origin of Peking duck using microsatellite and mitochondria markers [J]. Science in China (Series C): Life Sciences, 2008, 38(12): 1160-1165. (in Chinese)
- [6] 仲 涛,马月辉,关伟军,等.10 个绵羊品种的微卫星 DNA 多态性研究[J].畜牧兽医学报,2008,39(5):555-561.
Zhong T, Ma Y H, Guan W J, et al. Genetic diversity of microsatellite DNA among ten sheep breed [J]. Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences, 2008, 39(5): 555-561. (in Chinese)
- [7] Ling Y H, Ma Y H, Guan W J, et al. Evaluation of the genetic diversity and population structure of Chinese indigenous horse breeds using 27 microsatellite markers [J]. Animal Genetics,

- 2011,42(1):56-65.
- [8] 毕伟伟,陈维云,王 慧,等.鲁西牛群体遗传多样性与生长发育性状的微卫星标记研究[J].畜牧兽医学报,2011,42(4):481-488.
- Bi W W, Chen W Y, Wang H, et al. Studies on population genetic diversity and microsatellite markers for growth traits in Luxi cattle [J]. Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences, 2011, 42(4): 481-488. (in Chinese)
- [9] 王 斌, 咎林森, 杨彦杰, 等. 陕南水牛微卫星 DNA 遗传多样性研究 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2010, 38(8): 1-7.
- Wang B, Zan L S, Yang Y J, et al. Study on genetic diversity of microsatellite DNA in Shaannan buffalo [J]. Journal of Northwest A&F University: Natural Science Edition, 2010, 38(8): 1-7. (in Chinese)
- [10] 李祥龙, 田庆义, 马国强, 等. 波尔山羊杂交后代及其亲本随机扩增多态 DNA 研究 [J]. 遗传, 2000, 22(2): 75-77.
- Li X L, Tian Q Y, Ma G Q, et al. Studies of random amplified polymorphic DNA (RAPD) of different goat populations cross-bred by Boer goat [J]. Hereditas, 2000, 22(2): 75-77.
- [11] 王 杰, 沈富军, 欧阳熙, 等. 安哥拉山羊与建昌黑山羊及其杂种后代的 DNA 指纹分析 [J]. 中国畜牧杂志, 2001, 37(3): 13-15.
- Wang J, Shen F J, Ouyang X, et al. DNA fingerprint analysis of Angora goat and Jianchang black goat and their cross offspring [J]. Chinese Journal of Animal Science, 2001, 37(3): 13-15.
- [12] 狄 冉, 何晓红, 关伟军, 等. 中国 4 个绒山羊品种微卫星 DNA 遗传多样性和亲缘关系的初步分析 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2008, 36(4): 15-22.
- Di R, He X H, Guan W J, et al. Initial analysis of genetic diversity status and phylogenetic relationship of Chinese cashmere goats breeds using microsatellite makers [J]. Journal of Northwest A&F University: Natural Science Edition, 2008, 36(4): 15-22. (in Chinese)
- [13] Nei M. Molecular evolutionary genetics [M]. New York: Columbia University Press, 1987.
- [14] Weir B S, Cockerham C C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure [J]. Evolution, 1984, 38: 1358-1370.
- [15] Nei M, Tajima F, Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data [J]. Journal of Molecular Evolution, 1983, 19(2): 153-170.
- [16] Nei M. Genetic distances between populations [J]. The American Naturalist, 1972, 106(3): 283-292.
- [17] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. Genetics, 2000, 155(2): 945-959.
- [18] 曲鲁江, 李显耀, 徐桂芳, 等. 利用微卫星标记分析中国地方鸡种的遗传多样性 [J]. 中国科学 C 辑: 生命科学, 2006, 36(1): 17-26.
- Qu L J, Li X Y, Xu G F, et al. Analysis of genetic diversity among Chinese native chickens using microsatellite marker [J]. Science in China (Series C): Life Sciences, 2006, 36(1): 17-26. (in Chinese)
- [19] 段修军, 董 飏, 王日君, 等. 太湖鹅微卫星标记与体重的相关性 [J]. 江苏农业学报, 2011, 27(3): 597-601.
- Luan X J, Dong B, Wang R J, et al. Correlation analysis of body weight in Taihu goose using microsatellite markers [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2011, 27(3): 597-601. (in Chinese)
- [20] 王利刚, 虞德兵, 王 健, 等. 中国部分家鸭和野鸭遗传多样性及亲缘关系的微卫星分析 [J]. 江苏农业学报, 2012, 28(4): 809-814.
- Wang L G, Yu D B, Wang J, et al. Analysis of genetic diversity and relationship among some Chinese domestic ducks and wild ducks using microsatellite marker [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2012, 28(4): 809-814. (in Chinese)
- [21] 任春环, 张子军, 吴建平, 等. 5 个绵羊群体微卫星标记的遗传多态性分析 [J]. 安徽农业大学学报, 2010, 37(3): 436-439.
- Ren C H, Zhang Z J, Wu J P, et al. Analysis on genetic polymorphism at five microsatellite loci in five sheep populations [J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2010, 37(3): 436-439. (in Chinese)
- [22] 欧阳叙向, 施启顺, 邓灶福, 等. 微卫星标记 OarAE101 和 BM143 在 4 个山羊品种中的研究 [J]. 畜牧兽医学报, 2006, 37(7): 640-645.
- Ouyang X X, Shi Q S, Deng Z F, et al. Studies of microsatellite markers OarAE101 and BM143 in 4 goat breeds [J]. Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences, 2006, 37(7): 640-645. (in Chinese)
- [23] 储明星, 王吉振, 王爱国, 等. 小尾寒羊 5 个微卫星基因座遗传多态性研究 [J]. 遗传学报, 2002, 29(6): 502-506.
- Chu M X, Wang J Z, Wang A G, et al. Genetic polymorphisms of five microsatellite loci in Small Tail Han sheep [J]. Acta Genetica Sinica, 2002, 29(6): 502-506. (in Chinese)
- [24] 凌英会, 张晓东, 丁建平, 等. 运用荧光标记微卫星分析六个肉山羊品种遗传多样性 [J]. 安徽农业大学学报, 2012, 39(2): 159-164.
- Ling Y H, Zhang X D, Ding J P, et al. Genetic diversity of six meat goat breeds revealed by fluorescent microsatellite markers [J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2012, 39(2): 159-164. (in Chinese)
- [25] 国家畜禽遗传资源委员会. 中国畜禽遗传资源志: 羊志 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- China National Commission of Animal Genetic Resources. Animal genetic resource in China: Sheep and goat [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2007. (in Chinese)
- [26] 王高富, 吴登俊. 凉山半细毛羊微卫星标记与羊毛性状的相关分析 [J]. 遗传, 2006, 28(12): 1505-1512.
- Wang G F, Wu D J. Correlation analysis of microsatellite DNA markers with wool traits in Liangshan semi-fine wool sheep [J]. Hereditas, 2006, 28(12): 1505-1512. (in Chinese)