

# 湖南等三地区东方田鼠遗传特性的分析比较

谢建云 潘漪清 邵伟娟 王胜昌 高 诚

(上海市实验动物质量监督检验站, 上海, 200032)

**摘要:** 用染色体 G 带核型分析、生化位点、随机扩增多态性 DNA (RAPD) 标记等方法, 对湖南洞庭湖湖滨、宁夏青铜峡市农田和黑龙江伊春市金山屯草甸 3 个地区的东方田鼠遗传特性进行了分析。结果表明, 湖南和宁夏地区东方田鼠染色体数均为  $2N = 52$ , 黑龙江东方田鼠染色体数则为  $2N = 42$ ; 生化位点结果显示 3 个地区的东方田鼠均呈遗传非均一性; 湖南、宁夏和黑龙江鼠的个体间 RAPD 遗传距离分别为 0.244 (0.143 ~ 0.353)、0.226 (0.161 ~ 0.294)、0.541 (0.357 ~ 0.692)。湖南和宁夏两地区鼠种群间的遗传距离为 0.367, 湖南和宁夏鼠杂交一代与其亲代的 RAPD 遗传距离在 0.310 以下; 但黑龙江鼠与湖南和宁夏鼠种群间的遗传距离分别为 0.619 和 0.633。总的表明, 3 个地区的东方田鼠均呈遗传非均一性, 但湖南与宁夏鼠在染色体、生化位点和 RAPD 标记等方面都具有相似性, 并可杂交, 而黑龙江鼠与其它两地的鼠不能杂交, 且黑龙江鼠在遗传特性方面与前二地鼠有很大差异, 因而后者的“种”级分类地位值得进一步研究。

**关键词:** 东方田鼠; 染色体; 生化位点; 随机扩增多态性 DNA (RAPD) 标记; 遗传特性

**中图分类号:** Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000 - 1050 (2003) 02 - 0153 - 08

## Analysis and Comparison of Hereditary Features of Field Vole (*Microtus fortis*) from Three Different Regions

XIE Jianyun PAN Yiqing SHAO Weijuan WANG Shengchang GAO Cheng  
(Shanghai Quality Monitoring Center for Laboratory Animals, Shanghai, 200032)

**Abstract:** We use methods of chromosome Gband, biochemical markers, and RAPD markers of DNA to analyze hereditary features of *Microtus fortis* from a) lakesides of Dongting Lake, Hunan province; b) field of Qingtongxia county, Ningxia Hui Autonomous Region; and c) grassy marshland of Jinshantun, Yichun county, Heilongjiang province. Results indicate that the chromosome number of voles from Hunan and Ningxia is  $2N = 52$ , while voles from Heilongjiang is  $2N = 42$ . Results of biochemical sites indicate that the voles from these three regions are all non-even in heredity; the individual RAPD genetic distance of voles from Hunan, Ningxia and Heilongjiang is 0.244 (0.143 - 0.353), 0.226 (0.161 - 0.294), 0.541 (0.375 - 0.692) respectively. The RAPD genetic distance of voles from Hunan and Ningxia is 0.367, while the genetic distance of the first hybridized generation (Hunan and Ningxia) and their parents is under 0.310; but the genetic distance between voles from Heilongjiang and voles from Hunan and Ningxia is 0.619, 0.633 respectively. In brief, the voles from these three different regions are all non-even in heredity, but voles from Hunan and Ningxia are similar in chromosome numbers, biochemical sites, and genome RAPD markers. The voles from Ningxia and Hunan may hybrid, while the voles from Heilongjiang can't hybrid with the voles from the other two regions. The heredity of voles from Heilongjiang is quite different from voles of the other two regions, Thus its species position should be studied further.

**Key words:** Field vole (*Microtus fortis*); Chromosome; Biochemical sites; Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers; Hereditary features

我国是东方田鼠 (*Microtus fortis*) 的主要分布区, 东北、黄河中游地区、长江流域和浙江、福建

等地都有分布<sup>[1~5]</sup>。由于东方田鼠具有天然的抗血吸虫特性, “九五”期间, 国家和上海市设立了专项基

基金项目: 上海市科学基金资助项目 (984419074)

作者简介: 谢建云 (1968 - ), 女, 汉, 硕士, 助理研究员, 主要从事实验动物的检测工作. E-Mail: xiejianyun@hotmail.com

收稿日期: 2002 - 01 - 15; 修回日期: 2003 - 01 - 20

金开展了相关的抗血吸虫病机制和实验动物化研究,并取得了一系列的进展。我们针对东方田鼠3个主要亚种——长江亚种(*M. f. calamorum*)、指名亚种(*M. f. fortis*)和东北[黑龙江]亚种(*M. f. pellicus*),分别采集了湖南、宁夏和黑龙江3地的鼠,进行了遗传特性的测定、分析。本文将从染色体G带核型分析、生化位点标记、RAPD标记等方面探讨上述3个地区东方田鼠在遗传特性上的异同。

## 1 材料和方法

### 1.1 动物来源

湖南地区的东方田鼠(长江亚种)采自洞庭湖湖滨,由中国科学院长沙农业现代化研究所驯养、提供;宁夏鼠(指名亚种)、黑龙江鼠(东北亚种)分别采自宁夏青铜峡市农田和黑龙江伊春市金山屯草甸,由上海西普尔-必凯实验动物有限公司饲养、提供;该公司还提供了新育成的湖南和宁夏两地区东方田鼠的杂交一代。

### 1.2 染色体G带核型分析

#### 1.2.1 染色体片制备

取每一地区5~9只鼠的骨髓细胞按常规制备染色体片<sup>[6]</sup>。

#### 1.2.2 结果观察

用油镜观察雌雄各30个中期分裂细胞,选染色体分散好的细胞进行显微摄影,将放大的染色体照片逐条裁剪,计数,并根据染色体形态特征,依长度递减顺序(性染色体除外)配对排列。

### 1.3 生化位点分析

标本制备:将动物的肝脏、肾脏、肺、红细胞样品1:4稀释,匀浆,匀浆液4:10 000 r/min离心40 min,取上清;血清的稀释度为1:1。

醋纤膜电泳:碱性磷酸酶、酯酶-3、酯酶-4、酯酶-6、酯酶-8、酯酶-9、酯酶-10、过氧化物酶、转铁蛋白、血红蛋白生化位点标记检查均采用醋纤膜电泳测定法,所用方法、试剂、显色液均参照国标GB/T14927-94<sup>[7]</sup>。

### 1.4 RAPD标记分析

基因组DNA提取:剪取约0.5 cm长的尾巴放入含300 μl提取缓冲液中,55℃水浴孵育过夜;14 000 r/min离心5 min,取上层加入300 μl酚氯仿异戊醇(25:24:1),轻轻混合,室温放置10 min;14 000 r/min离心5 min,取上层,重新用300 μl酚

氯仿异戊醇(25:24:1)抽提1次;取上层至含100 μl 3 mol/L醋酸钠中,再加入1 ml无水乙醇,混合后置-20℃放置2 h;14 000 r/min离心20 min后立即弃去乙醇;加入1 ml 70%乙醇,14 000 r/min离心5 min后立即弃去乙醇;室温干燥10~15 min;加入200 μl TE缓冲液溶解。用Spectronic Genesys 2型分光光度计测DNA浓度,调整至50 ng/μl,-20℃保存。

引物:10碱基随机引物,购自Sangon公司,引物序列见表1。

表1 用于三个地区东方田鼠基因组RAPD分析的引物

Table 1 Primers used to analyze the genome RAPD of <i>Microtus fortis</i> from three regions	
编号	引物(5' - 3')
Number	Primer (5' - 3')
P18	TCACGATCCA
S4	GGACTGGAAT
S12	CCTTGACGCA
S17	AGGGAACGAG
S65	GATGACCGCC
S80	ACTTCGCCAC
S143	CCAGATGCAC

PCR扩增基因组DNA:RAPD反应体系为25 μl,其中含2.5 μl ×10反应缓冲液,2.5 μl 25 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 1 μl 2.5 mmol/L dNTP, 1 μl 10 μmol/L引物, 2 μl DNA模板, 0.4 μl Taq酶, 15.6 μl H<sub>2</sub>O。DNA扩增采用Biometra梯度扩增仪。RAPD反应过程包括40个循环,首次循环前94℃预变性200 s,每个循环包括94℃变性1 min, 35℃退火1 min, 72℃延伸2 min,最后一个循环后72℃延伸5 min。扩增片段用1.5%琼脂糖凝胶(含0.5 μg/ml溴化乙锭)电泳1 h (50 V, 100 mA), Tanon UV-2000型紫外分析仪观察拍照。Gs软件分析。

共享度(F)分析:根据Nei等<sup>[8]</sup>的共享度分析公式进行个体间和地区间鼠的共享度分析:  $F = \frac{2N_{xy}}{N_x + N_y} \times 100\%$ , 其中N<sub>xy</sub>是x和y两个个体共享的标记数, N<sub>x</sub>和N<sub>y</sub>分别为x和y个体具有的RAPD标记数。

遗传距离(D)分析:根据共享度算出东方田鼠个体间和地区间的遗传距离,  $D = 1 - F$ ;对得到的遗传距离进行非加权配对算术平均法(UPGMA)聚类分析,构建遗传聚类图。

## 2 结果

### 2.1 染色体 G 带核型分析

#### 2.1.1 染色体数 A B C

湖南鼠、宁夏鼠及二地区的杂交一代鼠染色体

数目皆为  $2n = 52$ ，即二倍体数 26 对 52 条，其中常染色体 25 对，性染色体 1 对；黑龙江鼠染色体数目为  $2n = 42$ ，即二倍体数 21 对 42 条，其中常染色体 20 对，性染色体 1 对（图 1）。

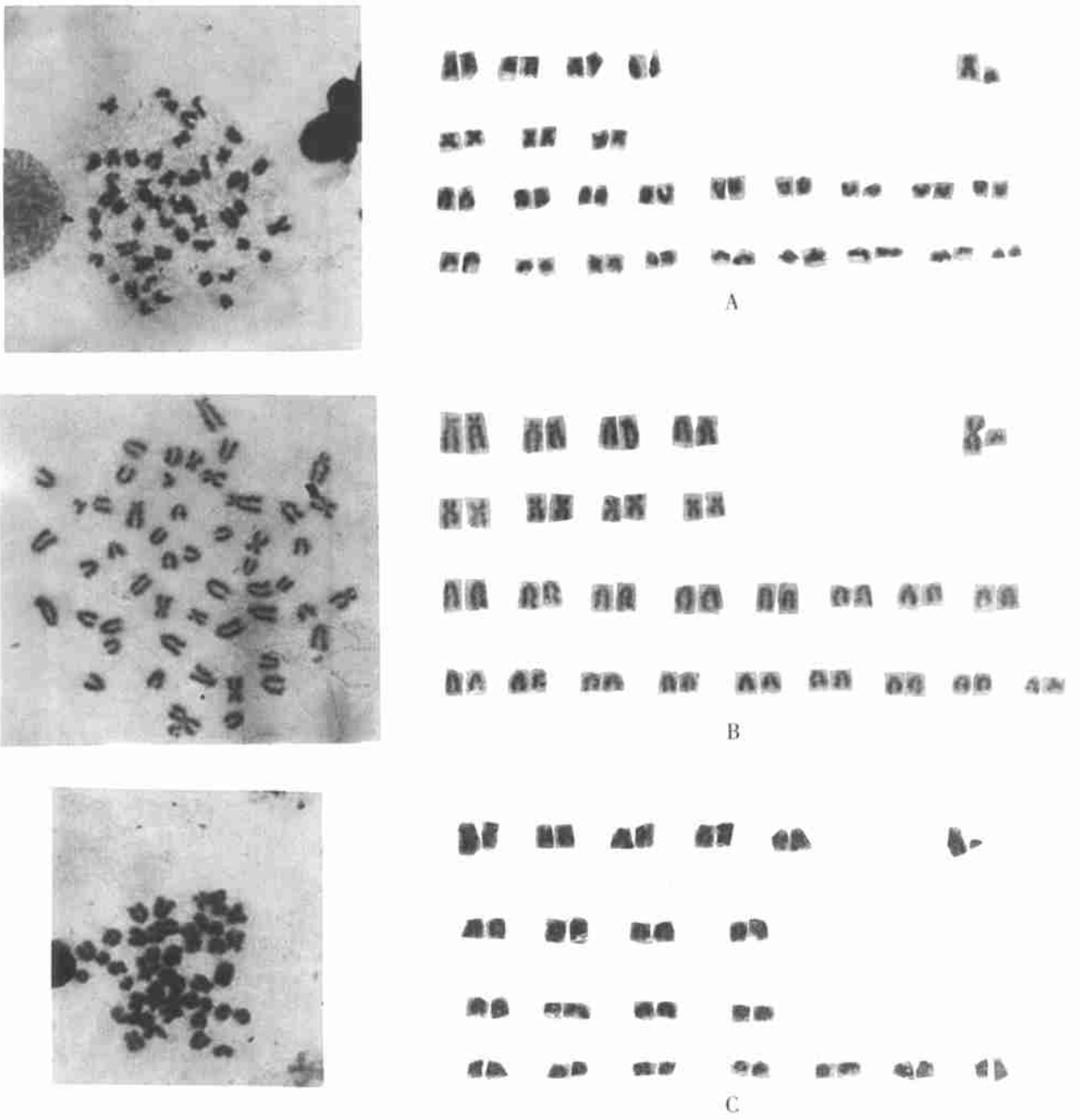


图 1 东方田鼠染色体核型图 (雄)

Fig. 1 Karyotype of *Microtus fortis* (Male)

A. 湖南鼠 Voles from Hunan; B. 宁夏鼠 Voles from Ningxia; C. 黑龙江鼠 Voles from Heilongjiang

2.1.2 核型分析

对所观察的各地区东方田鼠 30 个细胞中期分裂相, 及对部分中期分裂相进行 G 显带比较分析显示, 各地鼠染色体 G 显带可分辨的条带有所不同: 湖南鼠为  $2n = 52 = 14 (m. sm) + 36 (st. t) + xy (m. t)$ , G 带数为 242 条; 宁夏鼠为  $2n = 52 = 16 (m. sm) + 34 (st. t) + xy (m. t)$ , G 带数为 230 条; 黑龙江鼠为  $2n = 42 = 18 (m. sm) + 22 (st. t) + xy (t. t)$ , G 带数为 176 条 (表 2)。

2.2 生化位点分析

用醋酸纤膜法对 3 个地区鼠的 10 个遗传位点进行分析, 结果湖南和宁夏鼠的血红蛋白、转铁蛋白、酯酶 - 10、过氧化氢酶 4 个遗传位点无遗传多态性, 黑龙江鼠的酯酶 - 10、过氧化氢酶 2 个遗传位点无遗传多态性, 3 个地区鼠的碱性磷酸酶、酯酶 - 4、酯酶 - 6、酯酶 - 8、酯酶 - 9 有两个遗传多态性位点, 酯酶 - 3 有 3 个遗传多态性位点, 黑龙江鼠的血红蛋白、转铁蛋白也有两个遗传多态性位点 (图 2), 表明 3 地东方田鼠个体间遗传皆呈多态性。

表 2 东方田鼠染色体 G 带比较

Table 2 Comparison of chromosome G bands of *Microtus fortis*

染色体序号 Chromosome No.	湖南鼠 <i>M. fortis</i> from Hunan				宁夏鼠 <i>M. fortis</i> from Ningxia				黑龙江鼠 <i>M. fortis</i> from Heilongjiang			
	长臂 Long arm		短臂 Short arm		长臂 Long arm		短臂 Short arm		长臂 Long arm		短臂 Short arm	
	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands	深带数 No. of dark bands	浅带数 No. of light bands
1	3	2	1	1	3	2	2	2	3	2	2	2
2	3	2	1	1	3	2	2	1	3	2	2	2
3	3	2	2	1	3	2	1	1	3	2	2	2
4	2	1	1	1	3	2	1	1	2	1	1	1
5	2	1	2	1	2	1	1	1	2	1	1	1
6	2	1	2	1	2	1	1	1	2	1	1	1
7	2	1	2	1	2	1	1	1	2	1	1	1
8	3	2			2	1	1	1	1	1	1	1
9	3	2			4	3			1	1	1	
10	2	2			3	2			3	2		
11	2	2			3	2			3	2		
12	2	2			2	2			2	2		
13	2	2			2	2			2	2		
14	2	2			2	2			2	1		
15	2	1			2	2			1	1		
16	2	2			2	1			1	1		
17	2	1			2	1			1			
18	2	1			2	1			1			
19	2	1			2	1			1			
20	2	1			2	1			1			
21	2	1			2	1			x2	2		
									y1			
22	2	1			2	1						
23	1	1			2	1						
24	1	1			2	1						
25	1	1			2	1						
26	x2	1	1	1	2	1	1	1				
	y1				1							

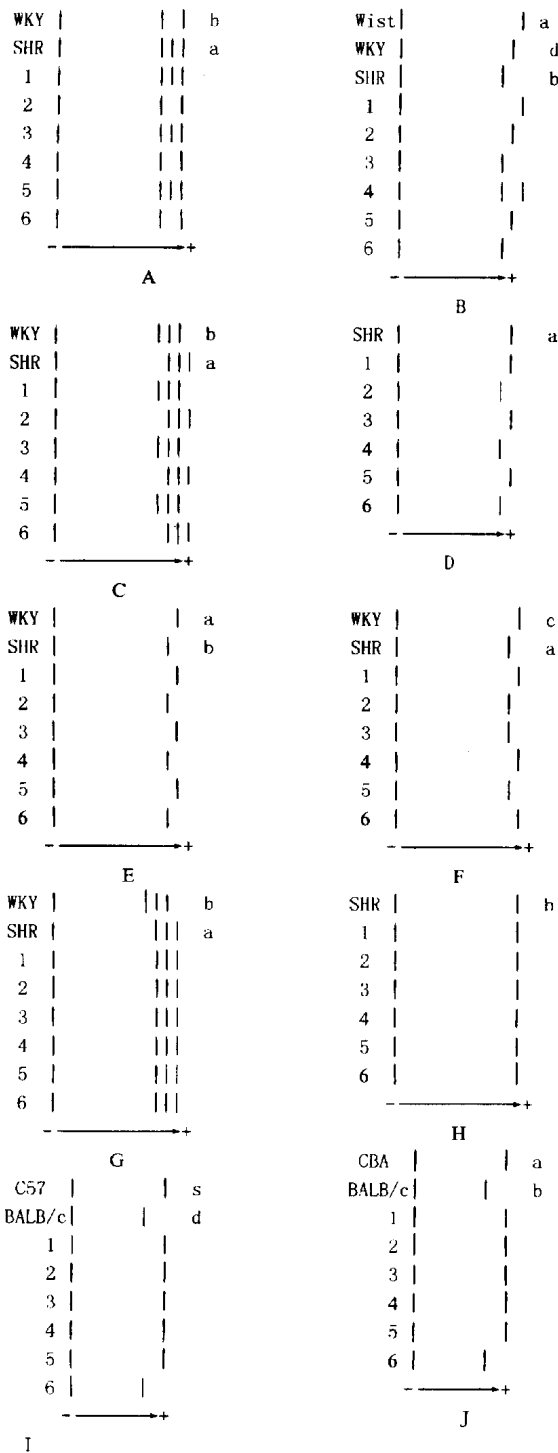


图2 醋纤膜法分析东方田鼠生化遗传位点结果

Fig.2 Biochemical Marker of *Microtus fortis* (field voles)

从A到J为碱性磷酸酶、酯酶-3、酯酶-4、酯酶-6、酯酶-8、酯酶-9、酯酶-10、过氧化物酶、血红蛋白、转铁蛋白；WKY、SHR、Wist、C57、BALB/c为对照鼠品系；1~2为湖南东方田鼠；3~4为宁夏东方田鼠；5~6为黑龙江东方田鼠；a、b、c、s、d为各生化位点的带型

From A to J was AKP, Es-3, Es-4, Es-6, Es-8, Es-9, Es-10, CAT, Hbb, Tif, respectively. WKY, SHR, Wist, C57, BALB/c are the strains of control; 1-2 Voles from Hunan; 3-4 Voles from Ningxia; 5-6 Voles from Heilongjiang; a, b, c, s, d are the bands of biochemical sites

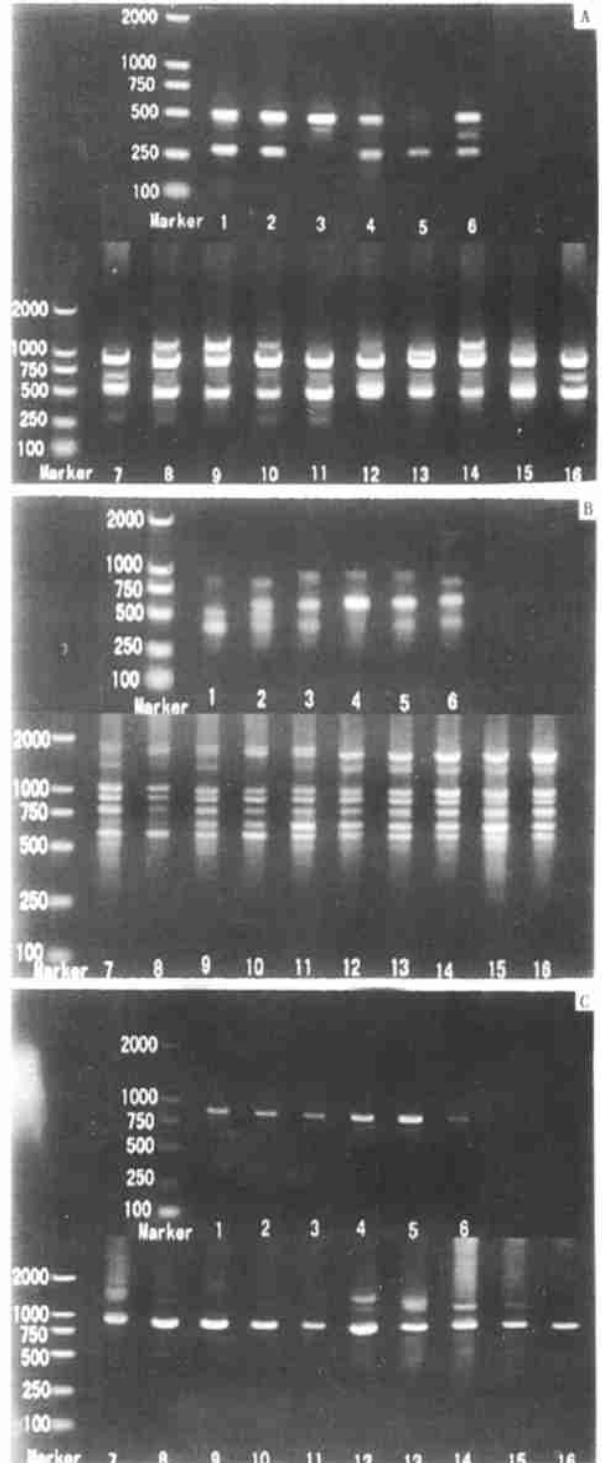


图3 三地区东方田鼠基因组随机扩增多态性结果

Fig.3 Genomic random amplified DNA polymorphism of

*Microtus fortis* from three regions

A: 引物 S17; B: 引物 S80; C: 引物 S65; 1~6 黑龙江鼠; 7~11 宁夏鼠; 12~16 湖南鼠; Marker: 100 bp, 250 bp, 500 bp, 750 bp, 1000 bp, 2000 bp. A: Primer S17; B: Primer S80; C: Primer S65; 1-6 *M. fortis* From Heilongjiang; 7-11 *M. fortis* from Ningxia; 12-16 *M. fortis* from Hunan

2.3 随机扩增 DNA 遗传多态性分析

2.3.1 3 个地区东方田鼠的 RAPD 扩增情况

实验选用 S4、S12、S17、S65、S80、S143 等 6 条引物扩增 5 只湖南鼠、5 只宁夏鼠和 6 只黑龙江鼠的基因组 DNA 时，其扩增片段分别在 2~10 条、2~9 条和 1~7 条之间，片段大小约分别在 200~1 810 bp、200~1 770 bp、150~2 200 bp 之间（图 3）。湖南鼠基因组显示较为清晰的 DNA 条带为 32~36 条，宁夏鼠为 31~36 条，黑龙江鼠为 14~22

条。东方田鼠基因组 DNA 遗传距离的结果分析表明：湖南鼠个体间基因组 RAPD 遗传距离为 0.244 (0.143~0.353)，宁夏鼠为 0.226 (0.161~0.294)，黑龙江鼠为 0.541 (0.357~0.692)（表 3）；湖南和宁夏两地区鼠种群间的遗传距离为 0.367，黑龙江鼠与湖南和宁夏鼠种群间的遗传距离分别为 0.619 和 0.633（表 4）。根据遗传距离进行 UPGMA 聚类分析，构建遗传聚类图（图 4）。

表 3 三个不同地区东方田鼠基因组 RAPD 扩增片段数及个体间遗传距离

Table 3 Genomic RAPD fragments and individual genetic distance of *Microtus fortis* from three regions

地区 Region	总 DNA 片段数 Total numbers of DNA fragments	个体间遗传距离 Individual genetic distance
湖南 Hunan	33.6	0.244
宁夏 Ningxia	33.4	0.226
黑龙江 Heilongjiang	16.7	0.541

表 4 三个不同地区间东方田鼠 RAPD 遗传距离

Table 4 Genetic distance of *Microtus fortis* from three different regions

种群来源 Species origin	宁夏 Ningxia	黑龙江 Heilongjiang
湖南 Hunan	0.367	0.619
宁夏 Ningxia		0.633
黑龙江 Heilongjiang		

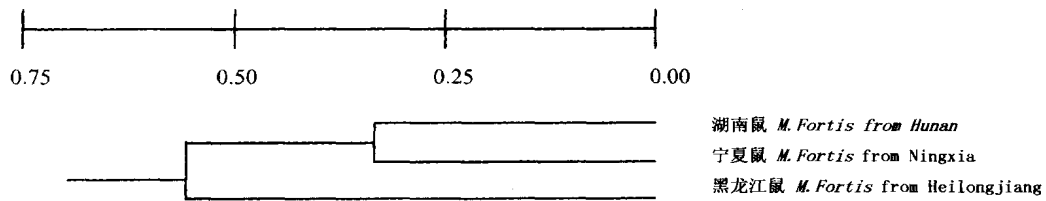


图 4 三地区东方田鼠遗传聚类分析图

Fig. 4 Dendrogram by cluster analysis of *Microtus fortis* from three regions

2.3.2 湖南和宁夏杂交一代鼠 RAPD 分析

选用 18 个引物对湖南鼠（）、宁夏鼠（）和其杂交一代鼠（共 3 胎：第 1 胎 F1a 4 只，第 2 胎 F1b 5 只，第 3 胎 F1c 5 只）进行 RAPD 分析，每个引物扩增的条带数为 2~8 条，大小为 130~2 500 bp 之间（图 5），最后选用 S17、S65、S80、

P18 等 4 个引物分析各胎次鼠与亲代鼠、各胎次之间的遗传距离，其中胎内的遗传距离较近为 0.175~0.240，各胎次与母代的遗传距离次之，在 0.212~0.277 之间，与父代的遗传距离为 0.296~0.330，各胎次之间的遗传距离为 0.305~0.387（表 5）。

表 5 亲代和子代东方田鼠基因组 DNA 扩增片段数及遗传距离

Table 5 Genomic DNA fragments and genetic distance of parent and offspring of *Microtus fortis*

个体 Individual	DNA 片段平均数 Numbers of DNA fragments	遗传距离 Genetic distance			
		亲代 Parent	F1a	F1b	F1c
亲代 Parent	15	0.210	0.277	0.212	0.268
亲代 Parent	13		0.312	0.296	0.330
F1a	22.8		0.175	0.387	0.308
F1b	10.8			0.182	0.315
F1c	14.2				0.240

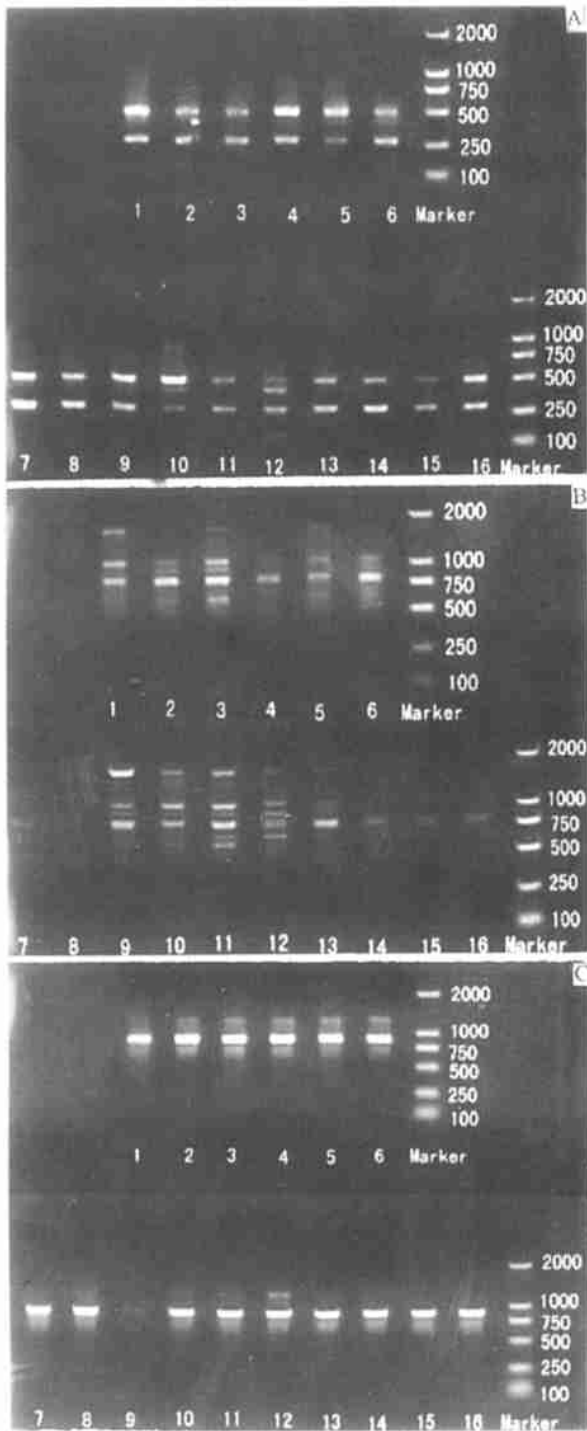


图5 东方田鼠杂交一代及亲代随机扩增多态性结果

Fig.5 Genomic random amplified DNA polymorphism of parents and children *Microtus fortis*

A: 引物 S17; B: 引物 S80; C: 引物 S65; 1 亲代 ( ), 2 亲代 ( ), 3~6 子代 F1a, 7~11 子代 F1b, 12~16 子代 F1c

A: Primer S17; B: Primer S80; C: Primer S65;

1 Parent ( ), 2 Parent ( ), 3 - 6 F1a, 7 - 11 F1b, 12 - 16 F1c

### 3 讨论

文献<sup>[3]</sup>记载东方田鼠 (*Microtus fortis*) 分布在俄罗斯西伯利亚东南、蒙古、朝鲜和中国, 共有 7 个亚种, 除指名亚种 (*M. f. fortis* Böhner, 1889)、长江亚种 (*M. f. calamorum* Thomas, 1902) 和福建亚种 (*M. f. fujianensis* Hong, 1981) 3 者较明确外, 对东北的东方田鼠说法不一, 一般统称为“东北亚种”。黄文几等<sup>[1]</sup>和温业新<sup>[2]</sup>将分布在黑龙江、吉林和内蒙古东北部的称作“黑龙江亚种”或“乌苏里江亚种” (*M. f. pelliceus* Thomas, 1911), 将分布在辽宁和吉林西部的称作“辽宁亚种”或“新民亚种” (*M. f. dollichodephalus* Mori, 1930), 计国内共有 5 个亚种; 马勇<sup>[9]</sup>则曾将黑龙江、吉林、内蒙古的 *M. f. pelliceus* 归为莫氏田鼠 (*Microtus maximowiczii*), 这些分类多是基于地理分布和形态、生态特征作出的。国内张新跃<sup>[6]</sup>、俞远京<sup>[10]</sup>等人曾以洞庭湖区东方田鼠为材料, 分别报道其核型为  $K=2N=2X=52=6M+4SM+4ST+36T+XY(M.T)$  和  $2N=52=6(M)+4(SM)+2(ST)+38(T)+(XX)$  或  $(XY)$ 。

本文对湖南、宁夏和黑龙江 3 地区的东方田鼠染色体、生化位点及 DNA 等特征作的测定, 结果显示, 湖南和宁夏东方田鼠的染色体数目相同, 均为  $2N=52$ , 但从细胞水平和形态上分析, 中或亚中及端着丝点型染色体数目不同, 形态也不同, X 性染色体均为中或亚中着丝点, 与文献报道一致; 而捕获于黑龙江的鼠染色体数目明显少于湖南和宁夏地区的东方田鼠, 为  $2N=42$ , 并且 X 性染色体为端着丝点型, 同其它两地东方田鼠染色体结果差异很大。本次共分析 10 个生化位点, 除湖南和宁夏地区鼠 4 个位点无遗传多态性, 黑龙江地区鼠 2 个遗传位点无多态性之外, 其它位点均呈多态性, 表明这 3 地鼠同种群的个体间也呈遗传多态性。

从 3 个地区东方田鼠的 RAPD 遗传距离分析来看, 湖南和宁夏地区鼠的群体内个体间的遗传距离较近, 黑龙江的鼠各受试个体基因组 DNA 遗传距离较远。另外, 湖南和宁夏两地区的东方田鼠种群间的遗传距离也较近, 为 0.367, 而黑龙江鼠与湖南和宁夏鼠的遗传距离则较远, 分别为 0.619 和 0.633, 这与生化位点和核型分析的结果相近。此外, 湖南和宁夏地区的东方田鼠可以杂交, 且子代

与亲代的 RAPD 遗传距离在 0.310 以下, 杂交子代既有父代的 DNA 标记, 也有母代的 DNA 标记, 这些皆说明该二地东方田鼠不同个体之间遗传背景有相似性。将黑龙江的鼠与其它两地鼠雌雄同居一笼, 未见杂交鼠出生, 说明该亚种鼠与其它两地的鼠出现了生殖隔离的现象。

在分析 3 个地区的东方田鼠染色体核型、生化位点标记和 RAPD 标记时发现, 湖南和宁夏地区的东方田鼠无论在染色体、LDH 同工酶分布<sup>[13]</sup>、生化位点和 RAPD 标记<sup>[11, 12]</sup>上都具有相似性, 而黑龙江的鼠则在这些方面与其它两地的东方田鼠皆有很大不同, 特别表现在染色体和 RAPD 标记方面的差别更大。因此我们认为黑龙江地区的 *M. f. pelliceus* 鼠是否确属 *Microtus fortis* Böhner (东方田鼠) 的一个亚种, 抑或如马勇<sup>[9]</sup>意见属莫氏田鼠 (*Microtus maximowiczii*) 或其他种, 值得进一步研究。

致谢: 中国科学院长沙农业现代化研究所陈安国、王勇研究员等考察和采集了东方田鼠, 上海西普尔-必凯实验动物有限公司柏熊、邢正弘等采集和饲养繁育实验用鼠; 在当地的采集工作还得到黑龙江省卫生防疫站梁志安教授和宁夏吴忠市林业站曹建军先生的大力帮助; 本文承陈安国研究员审阅并提出宝贵意见。谨此一并致谢。

#### 参考文献:

[1] 黄文几, 陈延熹, 温业新. 中国啮齿类 [M]. 上海: 复旦

大学出版社, 1995. 231 - 233.

- [2] 温业新. 东方田鼠 [A]. 见: 罗泽珣等编著. 中国动物志. 兽纲. 第六卷 [M]. 北京: 科学出版社, 2000, 221 - 232.
- [3] 陈安国, 郭聪, 王勇, 张美文, 李波, 刘辉芬. 东方田鼠的生态学及控制对策 [A]. 见: 张知彬, 王祖望主编. 农业重要害鼠的生态学及控制对策 [M]. 北京: 海洋出版社, 1998. 130 - 152, 172 - 174.
- [4] 何永康, 张新跃. 东方田鼠的研究进展 [J]. 上海实验动物学杂志, 1998, 8 (2): 116 - 119.
- [5] 洪震藩. 东方田鼠的一种新亚种——福建亚种 [J]. 动物分类学报, 1981, 6 (4): 444 - 445.
- [6] 张新跃, 何永康. 东方田鼠的核型分析 [J]. 实用预防医学, 1996, 3 (4): 212 - 214.
- [7] 中华人民共和国国家标准 GB/T 14927. 1 - 94. 实验动物近交系大鼠、小鼠生化标记检测方法 [M]. 北京: 中国标准出版社, 1995, 1 - 19.
- [8] Nei M, Wen HL. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1979, 76 (10): 5269 - 5273.
- [9] 马勇. 中国有害啮齿动物分布资料 [J]. 中国农业通报, 1986, (6): 76 - 82.
- [10] 俞远京, 苏志杰, 丁志刚. 人工繁殖的东方田鼠 G 带核型研究 [J]. 中国实验动物学报, 2001, 4: 255 - 256.
- [11] 邵伟娟, 谢建云, 王胜昌, 高诚. 两个不同地区东方田鼠杂交子代 RAPD 分析与比较研究 [J]. 中国实验动物学报, 2001, 9 (2): 93 - 99.
- [12] 王胜昌, 谢建云, 邵伟娟, 高诚. 二个地区东方田鼠基因 RAPD 分析与比较研究 [J]. 中国实验动物学报, 2001, 9 (1): 26 - 32.
- [13] 谢建云, 潘漪清, 高诚. 东方田鼠乳酸脱氢酶同工酶的研究 [J]. 中国实验动物学报, 2001, 9 (4): 221 - 223.