

用 4 个微卫星标记分析 7 个绵羊群体之间的遗传关系

王吉振¹, 储明星², 王爱国¹, 李 宁³, 傅金恋¹, 谢 芳⁴, 陈国宏⁴

(1. 中国农业大学动物科技学院, 北京 100094; 2. 中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094;

3. 中国农业大学农业生物技术国家重点实验室, 北京 100094; 4. 扬州大学动物科技学院, 扬州 225009)

摘要:分析了 4 个微卫星基因座 *BM143*、*OarHH35*、*OarAE101*、*BMS2508* 在 7 个绵羊群体(小尾寒羊、湖羊、乌珠穆沁羊、萨福克羊、多赛特羊、夏洛来羊、多赛特公羊 × 小尾寒羊母羊 F₁ 代杂种羊)286 只绵羊中的遗传多态性。结果表明,这 4 个微卫星标记在 7 个绵羊群体中的等位基因数分别为 9、11、14 和 9, 其多态信息含量/有效等位基因数/杂合度分别为 0.7073/3.7231/0.7314、0.8267/6.4399/0.8447、0.5743/2.5178/0.6028、0.6172/3.0712/0.6744, 其中 *OarHH35* 的遗传变异最大, *OarAE101* 最小。7 个绵羊群体中小尾寒羊的遗传变异最大, 湖羊的最小。基于 Nei 氏 D_A 距离和 D_S 标准遗传距离, 采用 UPGMA 方法构建了系统发生树。该发生树将中国地方品种(小尾寒羊、乌珠穆沁羊、湖羊)和法国的夏洛来羊归为一类, 将 F₁ 杂种羊、英国品种(萨福克羊和多赛特羊)归为另一类。绵羊微卫星基因分型技术为检查品种(群体)之间的遗传关系提供了一个有用的工具。

关键词: 绵羊; 微卫星; 遗传多态性; 分子系统发生

中图分类号: S813.1

文献标识码: A

文章编号: 0253-9772(2004)05-0637-07

Genetic Relationships Among Seven Sheep Populations Using Four Microsatellite Markers

WANG Ji-Zhen¹, CHU Ming-Xing², WANG Ai-Guo¹, LI Ning³, FU Jin-Lian¹, XIE Fang⁴, CHEN Guo-Hong⁴

(1. College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

2. Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China;

3. National Laboratories for Agrobiotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

4. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

Abstract: The genetic polymorphisms of four microsatellite loci *BM143*, *OarHH35*, *OarAE101*, and *BMS2508* were analyzed in 286 sheep of seven sheep populations (Small Tail Han sheep, Hu sheep, Ujumqin sheep, Suffolk sheep, Dorset sheep, Charolais sheep, F₁ of Dorset ♂ × Small Tail Han sheep ♀). The numbers of alleles for *BM143*, *OarHH35*, *OarAE101*, and *BMS2508* are 9, 11, 14 and 9 in seven sheep populations, respectively. The polymorphism information content/number of effective alleles/ heterozygosity of *BM143*, *OarHH35*, *OarAE101* and *BMS2508* were 0.7073/3.7231/0.7314, 0.8267/6.4399/0.8447, 0.5743/2.5178/0.6028, 0.6172/3.0712/0.6744 in 286 sheep, respectively. The results revealed the greatest genetic variation at *OarHH35* locus and the lowest at *OarAE101*, the greatest genetic variation in Small Tail Han sheep and the lowest in Hu sheep among seven sheep populations. In the unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) dendrograms based on Nei's D_A distance and Nei's D_S standard genetic distance, the Chinese native breeds (Small Tail Han sheep, Ujumqin sheep, Hu sheep) were grouped together,

收稿日期: 2003-07-29; 修回日期: 2003-11-08

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(批准号: 30300248 和 39770541) [Supported by National Natural Science Foundation of China (No. 30300248 and No. 39770541)]

作者简介: 王吉振(1976-), 男, 安徽人, 硕士, 研究方向: 动物分子遗传学。Tel: 010-62893743; E-mail: jwang27@uic.edu

通讯作者: 储明星(1968-), 男, 安徽贵池人, 博士, 副研究员, 研究方向: 分子数量遗传学。Tel: 010-62816001, E-mail: mxchu@263.net

then with Charolais sheep. The F_1 crossbred sheep, and the two British native sheep (Suffolk sheep, Dorset sheep) also clustered together. Microsatellite genotyping in sheep provided a useful tool for examining the genetic relationships among breeds (populations).

Key words: sheep; microsatellites; genetic polymorphism; molecular phylogenetics

微卫星 (microsatellite) 一般由 2~6bp 组成核心序列, 重复 10~20 次左右, 首尾相接组成短串联重复 (short tandem repeat, STR), 又称为简单序列重复 (simple sequence repeat, SSR)。普遍存在于真核生物的基因组中, 平均每 10kb 就出现一个 STR。微卫星因数量多、分布广、多态性丰富、呈共显性遗传方式以及检测快速方便等优点而倍受推崇。储明星等分析了几个微卫星标记在小尾寒羊中的多态性^[1~4], 杜立新等分析了 4 个微卫星标记在小尾寒羊中的多态性^[5]。本研究分析 4 个微卫星基因座 *BM143*、*OarHH35*、*OarAE101*、*BMS2508* 在 7 个绵羊群体 (小尾寒羊、湖羊、乌珠穆沁羊、萨福克羊、多赛特羊、夏洛来羊、多赛特公羊 × 小尾寒羊母羊 F_1 代杂种羊) 286 只绵羊中的遗传多态性, 并利用这 4 个微卫星基因座的多态性计算的遗传距离构建了这 7 个群体之间的系统发生树, 以期为绵羊的

分子研究积累基础资料。

1 材料和方法

1.1 供试羊群及基因组

采集 77 只小尾寒羊 (XW) 母羊、30 只余杭湖羊 (H) 母羊、55 只乌珠穆沁羊 (WZ) 母羊、17 只夏洛来羊 (X)、41 只多赛特羊 (DS)、25 只萨福克羊 (SF)、41 只多赛特公羊 × 小尾寒羊母羊杂一代羔羊 (ZZH) 的血样。血样用 ACD 抗凝, -20℃ 冻存。用酚仿抽提法提取基因组, 溶于 TE 中, 4℃ 保存。

1.2 引物合成及 PCR 条件

根据相关文献^[6~9]提供的微卫星引物序列, 由上海生工生物工程技术有限公司合成以下 4 对引物 (表 1)。本研究建立的最佳 PCR 条件见表 1。

表 1 微卫星的引物序列及 PCR 条件

Table 1 Primer sequences and PCR conditions of microsatellite DNA

| 基因座 Loci | 引物序列 (5'→3') | PCR 条件 PCR conditions |
|-----------------|--|--|
| | Primer sequences (5'→3') | |
| <i>OarAE101</i> | P ₁ TTCTTATAGATGCACTCAAGCTAGG | 95℃ 5min, (94℃ 30s, 63℃ 30s, 72℃ 30s) × 7cycles, |
| | P ₂ TAAGAAATATATTTGAAAAAAGCTGTATCTCCC | (90℃ 30s, 61℃ 30s, 72℃ 30s) × 25cycles, 72℃ 7min |
| <i>OarHH35</i> | P ₁ AATTGCATTTCAGTATCTTTAAACATCTGGC | 95℃ 5min, (95℃ 30s, 62℃ 30s, 72℃ 1min) × |
| | P ₂ ATGAAAATATAAGAGAATGAACCACACGG | 35cycles, 72℃ 7min |
| <i>BM143</i> | P ₁ ACCTGGGAAGCCTCCATATC | 95℃ 5min, (95℃ 30s, 63℃ 30s, 72℃ 30s) × 5cycles, |
| | P ₂ CTGCAGGCAGATTCTTTATCG | (95℃ 30s, 62℃ 30s, 72℃ 30s) × 25cycles, 72℃ 7min |
| <i>BMS2508</i> | P ₁ TTTCTGGGATTACAAAATGCTC | 95℃ 5min, (95℃ 30s, 58℃ 40s, 72℃ 1min) × |
| | P ₂ TTTCTTAGGGGAGTGTGATTC | 35cycles, 72℃ 7min |

1.3 PCR 结果的电泳检测和基因型的判定方法

12%~15% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳适于分辨 90~150bp 的微卫星 DNA。用美国 Alpha Innotech 公司的凝胶成像系统携带的 Alphamager 软件 (Version 5.1) 计算微卫星等位基因大小, 并用测序结果校正。

1.4 群体内遗传变异分析^[10,11]

计算等位基因频率、多态信息含量 (polymorphism information content, PIC)、有效等位基因数、

基因杂合度。

1.5 群体间遗传变异分析

分别计算群体之间的 D_s 标准遗传距离^[12] 和 D_A 距离^[13]。

构建系统发生树: 本文采用 Ota 等 (1993) 编写的 DISPAN 程序, 利用 UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) 构建系统发生树。

续表 1

| 基因座 Locus | 等位基因 Allele(bp) | 群体 Population | | | | | | | | |
|----------------|--------------------|---------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | | XW | ZZH | H | WZ | DS | SF | X | Total | |
| <i>OarHH35</i> | 116 | | | | 0.0306 | | | | 0.0053 | |
| | 122 | 0.1838 | 0.0375 | 0.0577 | 0.0918 | 0.0270 | 0.2600 | 0.2000 | 0.1104 | |
| | 124 | 0.1618 | 0.0125 | 0.2500 | 0.0204 | 0.0811 | | | 0.0825 | |
| | 126 | 0.1765 | 0.0375 | 0.0577 | 0.2551 | 0.0541 | 0.1000 | 0.3000 | 0.1281 | |
| | 128 | 0.1985 | 0.2250 | 0.5000 | 0.2857 | 0.2432 | 0.0600 | | 0.2526 | |
| | 130 | 0.0074 | 0.0125 | 0.1154 | 0.1837 | 0.1622 | 0.0800 | 0.3667 | 0.1211 | |
| | 132 | 0.0515 | | | 0.0102 | 0.0541 | | | 0.0281 | |
| | 134 | 0.1544 | 0.0250 | | 0.0204 | 0.0135 | 0.1800 | | 0.0614 | |
| | 140 | 0.0661 | 0.6500 | | 0.0715 | 0.3243 | 0.3200 | | 0.1912 | |
| | 142 | | | | 0.0204 | 0.0405 | | 0.1333 | 0.0158 | |
| | 144 | | | 0.0192 | 0.0102 | | | | 0.0035 | |
| | | 96 | | | | 0.0095 | | | | 0.0017 |
| | | 100 | 0.0738 | 0.1750 | 0.0517 | 0.1509 | 0.1410 | 0.1956 | 0.0588 | 0.1171 |
| | | 104 | 0.0902 | 0.0750 | 0.0345 | 0.1509 | | | 0.2353 | 0.0752 |
| | 106 | 0.0738 | | | 0.0189 | | | | 0.0192 | |
| <i>BM143</i> | 108 | 0.3689 | 0.4875 | 0.6552 | 0.4245 | 0.2821 | 0.6522 | 0.3824 | 0.4668 | |
| | 110 | 0.1967 | 0.0375 | 0.2586 | 0.1132 | 0.0513 | | 0.1765 | 0.1294 | |
| | 116 | 0.1639 | 0.1125 | | 0.1132 | | 0.0652 | 0.0588 | 0.0804 | |
| | 118 | 0.0246 | 0.0500 | | | 0.1026 | | | 0.0262 | |
| | 120 | 0.0081 | 0.0625 | | 0.0189 | 0.4230 | 0.0870 | 0.0882 | 0.0840 | |
| | | 91 | | 0.0125 | | | | | | 0.0017 |
| <i>BMS2508</i> | 93 | 0.0866 | 0.5250 | | 0.0273 | 0.8625 | 0.8000 | 0.1786 | 0.2848 | |
| | 95 | | | | | 0.0125 | | | 0.0017 | |
| | 99 | 0.5200 | 0.2625 | 0.8036 | 0.4908 | 0.1125 | 0.2000 | 0.4286 | 0.4487 | |
| | 101 | | 0.0375 | | 0.0182 | | | | 0.0083 | |
| | 109 | 0.0067 | | | 0.0182 | | | | 0.0050 | |
| | 111 | 0.3600 | 0.1000 | 0.0714 | 0.3818 | 0.0125 | | 0.3928 | 0.2036 | |
| | 113 | | | | 0.0364 | | | | 0.0066 | |
| | 115 | 0.0267 | 0.0625 | 0.1250 | 0.0273 | | | | 0.0396 | |

4 个微卫星在 7 个绵羊群体中的统计学指标见表 3, 7 个绵羊群体的平均遗传多态性见表 4。

由表 3 可知, 在 7 个绵羊群体组成的大群体中, 4 个微卫星基因座多态信息含量、有效等位基因数和杂合度的大小顺序为 *OarHH35* > *BM143* > *BMS2508* > *OarAE101*。

由表 4 可知, 7 个绵羊群体中小尾寒羊的遗传变异最大, 湖羊的最小。另外, 乌珠穆沁羊和小尾寒羊的平均等位基因数目也最多 (分别为 8.75 和 7.75), 这可能一方面与这两个品种选育程度较低、遗传变异较高有关, 另一方面与本研究检测的这两个品种的个体数较多有关。

表 3 4 个微卫星基因座在 7 个绵羊群体中的统计学指标

Table 3 Statistical indices of four microsatellite loci in seven sheep populations

| 基因座 Loci | 多态信息含量 PIC | 有效等位基因数 Number of effective alleles | 杂合度 Heterozygosity |
|-----------------|---------------|--|-----------------------|
| <i>OarAE101</i> | 0.5743 | 2.5178 | 0.6028 |
| <i>BM143</i> | 0.7073 | 3.7231 | 0.7314 |
| <i>BMS2508</i> | 0.6172 | 3.0712 | 0.6744 |
| <i>OarHH35</i> | 0.8267 | 6.4399 | 0.8447 |

表 4 7 个绵羊群体的平均遗传多态性

Table 4 Average genetic polymorphisms in seven sheep populations

| 群体 Population | 多态信息含量 PIC | 有效等位基因数 Number of effective alleles | 杂合度 Heterozygosity | 平均等位基因数 Mean number of alleles |
|------------------|---------------|--|-----------------------|-----------------------------------|
| XW | 0.6403 | 3.7818 | 0.6751 | 7.75 |
| ZZH | 0.6038 | 2.9673 | 0.6477 | 6.75 |
| H | 0.3944 | 1.9449 | 0.4291 | 4.50 |
| WZ | 0.6054 | 3.3221 | 0.6404 | 8.75 |
| DS | 0.5610 | 3.0907 | 0.5955 | 5.75 |
| SF | 0.5192 | 2.7322 | 0.5681 | 4.00 |
| X | 0.5386 | 2.8960 | 0.5823 | 4.25 |

2.3 7 个绵羊群体之间的遗传关系分析

7 个绵羊群体之间的遗传距离见表 5。7 个绵羊群体基于 D_A 距离的系统聚类图见图 2, 7 个绵羊群体基于 D_S 标准遗传距离的系统聚类图见图 3。

表 5 7 个绵羊群体之间的 D_S 标准遗传距离 (上三角) 和 D_A 距离 (下三角)

Table 5 The D_S standard genetic distance (above diagonal) and D_A distance (below diagonal) among seven sheep populations

| | XW | ZZH | H | WZ | DS | SF | X |
|-----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| XW | | 0.4825 | 0.1038 | 0.0345 | 1.1822 | 0.5172 | 0.0918 |
| ZZH | 0.1970 | | 0.5742 | 0.4898 | 0.2300 | 0.1084 | 0.6092 |
| H | 0.1649 | 0.3439 | | 0.0993 | 1.3212 | 0.6519 | 0.2197 |
| WZ | 0.0806 | 0.2166 | 0.1366 | | 1.2053 | 0.5631 | 0.0427 |
| DS | 0.3803 | 0.1756 | 0.5091 | 0.3921 | | 0.1722 | 1.1607 |
| SF | 0.2665 | 0.1213 | 0.4256 | 0.2831 | 0.1637 | | 0.5293 |
| X | 0.1836 | 0.3324 | 0.2575 | 0.1216 | 0.4429 | 0.3218 | |

由表 5 可见,无论是 D_S 标准遗传距离还是 D_A 距离,湖羊与多赛特羊之间的遗传距离都最大,小尾寒羊与乌珠穆沁羊之间的遗传距离都最小;中国地方品种(小尾寒羊、乌珠穆沁羊、湖羊)与引进品种(多赛特羊、萨福克羊、夏洛来羊)的遗传距离关系均是多赛特羊 > 萨福克羊 > 夏洛来羊,这预示多赛特羊与中国地方品种(小尾寒羊、乌珠穆沁羊、湖羊)杂交会产生最大的杂种优势,对肉羊杂交组合筛选具有指导作用。

由图 2 和图 3 可见,7 个绵羊群体可以分为两类。第一类是中国地方品种(小尾寒羊、乌珠穆沁羊、湖羊)和法国的夏洛来羊;第二类是杂种羊、萨福克羊和多赛特羊。提示现代绵羊品种在起源上存在两种主要的进化途径,这与赵兴波等通过绵羊线粒体 DNA 控制区左功能域(5'端序列) PCR-SSCP 和序列分析获得的结果是一致的^[14]。

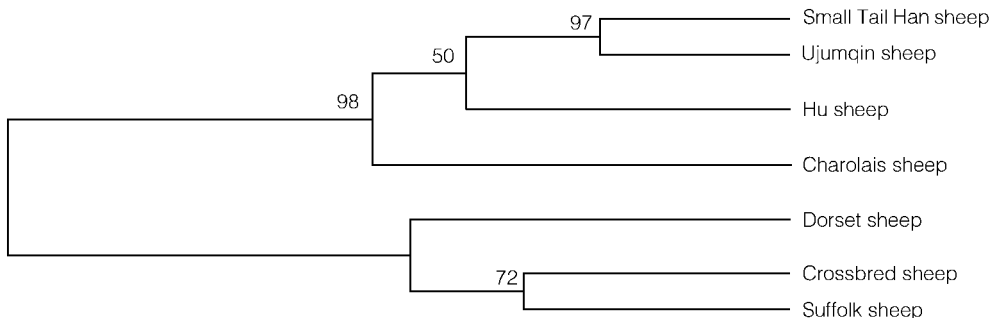


图 2 7 个绵羊群体基于 D_A 距离的系统聚类图

Fig. 2 Dendrograms of seven sheep populations based on D_A distance using UPGMA method

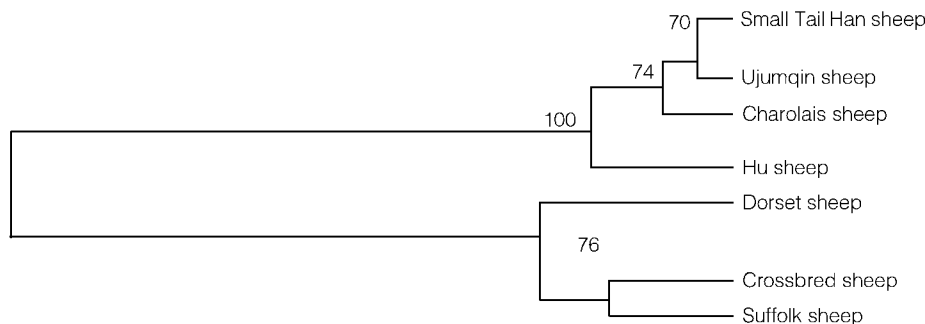


图3 7个绵羊群体基于 D_s 标准遗传距离的系统聚类图

Fig.3 Dendrograms of seven sheep populations based on D_s standard genetic distance using UPGMA method

3 讨论

3.1 关于绵羊群体之间的遗传关系

本研究的系统聚类图中,中国地方品种和英国品种(萨福克、多赛特)分属两类,与实际情况相符。产于法国的夏洛来羊(20世纪80年代引入我国)和中国地方品种聚在一起,而没有与英国品种(1999年引入我国)聚在一起,其原因可能是夏洛来羊已经退化。多赛特羊和小尾寒羊的杂种羊先与萨福克羊聚在一起,再和多赛特羊聚在一起,这种情况表明杂种羊可能在遗传上更相似于萨福克羊。Buchanan等使用8个微卫星基因座分析了5个新西兰绵羊品种之间的进化关系^[15],Arranz等使用19个微卫星基因座分析了5个西班牙本地绵羊品种之间的遗传关系^[16],加拿大Farid等使用10个微卫星基因座对10个绵羊品种进行了遗传分析^[17],贾斌等利用10个微卫星基因座分析了新疆8个绵羊品种的系统发生关系^[18],他们的研究表明:根据微卫星多态性计算的品种间的遗传距离构建的系统发生树,均能准确地反映这些绵羊品种的遗传起源(或地理分布)以及它们之间的遗传关系。可见,绵羊微卫星基因分型技术为检查品种(群体)之间的遗传关系提供了一个有用的工具。

3.2 关于绵羊群体之间的遗传距离

本研究中,7个绵羊群体基于 D_A 距离和基于 D_S 标准遗传距离的系统聚类略有不同,其中基于 D_A 距离的系统聚类更可靠一些。Takezaki和Nei用计算机模拟了10种遗传距离对于构建关系密切群体的系统发生的效果,结果表明用 D_A 构建系统发生树比用 D_S 更有效^[19],本研究也证实了这一点。

Behara等对加拿大马品种间的遗传关系的研究显示每品种不同的检测个体数或使用不同的遗传距离公式可产生不同的聚类模式^[20]。

增加检测个体数和基因座数都能提高遗传距离估计精度,但检测大量基因座比检测单个基因座大量个体更重要。研究表明对于估计遗传距离和构建系统发生树,检测大量的多态基因座更可靠^[21]。另外,资料的类型也有影响。如Barker等在研究11个亚洲山羊群体的遗传变异时发现,相对于单独由微卫星基因座或蛋白质基因座资料构建的发生树,由蛋白质基因座和微卫星基因座联合的38个基因座构建的系统发生树与品种的地理资料更吻合,bootstrap值也更高^[22]。

参考文献(References):

- [1] CHU Ming-Xing, CHENG Jin-Hua, GUO Wei. Preliminary studies of microsatellite markers OarAE101 and BM1329 in five sheep breeds. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(6): 510~517.
储明星,程金华,过伟. 微卫星标记 OarAE101 和 BM1329 在五个绵羊品种中的初步研究. *遗传学报*, 2001, 28(6): 510~517.
- [2] CHU Ming-Xing, WANG Ji-Zhen, WANG Ai-Guo, LI Ning, FU Jin-Lian. Cloning and sequencing of four microsatellite loci in Small Tail Han sheep. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(5): 402~405.
储明星,王吉振,王爱国,李宁,傅金恋. 小尾寒羊4个微卫星座位的克隆及序列分析. *遗传学报*, 2002, 29(5): 402~405.
- [3] CHU Ming-Xing, WANG Ji-Zhen, WANG Ai-Guo, LI Ning, FU Jin-Lian. Genetic polymorphisms of five microsatellite loci in Small Tail Han sheep. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(6): 502~506.
储明星,王吉振,王爱国,李宁,傅金恋. 小尾寒羊五个微卫星座位遗传多态性研究. *遗传学报*, 2002, 29(6): 502~506.
- [4] Chu M X, Wang J Z, Wang A G, Li N, Fu J L. Association analysis between five microsatellite loci and litter size in Small Tail Han sheep. *Asian-Aust J Anim Sci*, 2003, 16(11): 1555~1559.

- [5] DU Li-Xin, CAO Ding-Guo. Studies on microsatellite and RAPD markers in Little-tailed Han sheep. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(11): 1041~1044.
杜立新, 曹顶国. 小尾寒羊微卫星与 RAPD 标记的研究. *遗传学报*, 2003, 30(11): 1041~1044.
- [6] Montgomery G W, Crawford A M, Penty J M, Dodds K G, Ede A J, Henry H M, Pierson C A, Lord E A, Galloway S M, Schmack A E, Sise J A, Swarbrick P A, Hanrahan V, Buchanan F C, Hill D F. The ovine Booroola fecundity gene (FecB) is linked to markers from a region of human chromosome 4q. *Nature Genetics*, 1993, 4: 410~414.
- [7] Henry H M, Penty J M, Pierson C A, Crawford A M. Ovine microsatellites at the OarHH35, OarHH41, OarHH44, OarHH47 and OarHH64 loci. *Animal Genetics*, 1993, 24: 222.
- [8] Montgomery G W, Lord E A, Penty J M, Dodds K G, Broad T E, Cambridge L, Sunden S L F, Stone R T, Crawford A M. The Booroola fecundity (FecB) gene maps to sheep chromosome 6. *Genomics*, 1994, 22: 148~153.
- [9] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/GenBank> accession number G18959.
- [10] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 1980, 32: 314~331.
- [11] van Zeveren A, Peelman L, van de Weghe A, Bouquet Y. A genetic study of four Belgian pig populations by means of seven microsatellite loci. *J Anim Breed Genet*, 1995, 112: 191~204.
- [12] Nei M. Genetic distance between populations. *Am Nat*, 1972, 106: 283~291.
- [13] Nei M, Tajima F, Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J Mol Evol*, 1983, 19: 153~170.
- [14] ZHAO Xing-Bo, CHU Ming-Xing, LI Ning, GONG Guo-Chun, WU Chang-Xin. PCR-SSCP and sequencing analysis on 5' terminal region of mtDNA control region in sheep. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(3): 225~228.
- 赵兴波, 储明星, 李 宁, 龚国春, 吴常信. 绵羊线粒体 DNA 控制区 5' 端序列 PCR-SSCP 与序列分析. *遗传学报*, 2001, 28(3): 225~228.
- [15] Buchanan F C, Adams L J, Littlejohn R P, Maddox J F, Crawford A M. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. *Genomics*, 1994, 22: 397~403.
- [16] Arranz J J, Bayon Y, San Primitivo F. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. *Animal Genetics*, 1998, 29: 435~440.
- [17] Farid A, O'Reilly E, Dollard C, Kelsey Jr. C R. Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. *Can J Anim Sci*, 2000, 80: 9~17.
- [18] JIA Bin, CHEN Jie, ZHAO Ru-Qian, LUO Qiu-Jiang, YAN Gen-Qiang, CHEN Jie. Microsatellite analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships of eight sheep breeds in Xinjiang. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(9): 847~854.
贾 斌, 陈 杰, 赵茹茜, 雒秋江, 剌根强, 陈 杰. 新疆 8 个绵羊品种遗传多样性和系统发生关系的微卫星分析. *遗传学报*, 2003, 30(9): 847~854.
- [19] Takezaki N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 1996, 144: 389~399.
- [20] Behara A M P, Colling D T, Cothran E G, Gibson J P. Genetic relationships between horse breeds based on microsatellite data: applications for livestock conservation. In: Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. *Armidale, Australia*. 1998, 28: 119~122.
- [21] Moazami-Guodarzi K, Laloe D, Furet J P, Grosclaude F. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics*, 1997, 28: 338~345.
- [22] Barker J S F, Tan S G, Moore S S, Mukherjee T K, Matheson J L, Selvaraj O S. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra bircus*). *J Anim Breed Genet*, 2001, 118: 213~233.

欢迎订阅 2005 年《中国农业科学》(中、英文版)

《中国农业科学》(中、英文版)2005 年均为月刊,大 16 开,国内外公开发行。中文版国内统一刊号:CN11-1328/S,国际标准刊号:ISSN 0578-1752,邮发代号:2-138,国外代号:BM43。每期 216 页,定价 39.50 元,全年定价 474.00 元;英文版国内统一刊号:CN11-4720/S,国际标准刊号:ISSN 1671-2927。邮发代号 2-851,国外代号:1591M。每期 80 页,国内定价 20.00 元,全年 240.00 元,国外定价 20.00 美元,全年定价 240.00 美元。广告经营许可证:京海工商广字第 0178 号。编辑部地址:北京中关村南大街 12 号。邮政编码:100081;电话:(010)68919808 62191637 68975146 68976244;传真:68976244;电子信箱:zgnykx@mail.caas.net.cn;网址:<http://www.ChinaAgriSci.com>