

金华猪遗传结构及其与太湖猪遗传分化的研究

赵晓枫¹ 吴俊红¹ 徐宁迎^{1*} 胡晓湘² 李 宁²

1 (浙江大学动物科学学院, 杭州 310029)

2 (中国农业大学农业与生物技术国家重点实验室, 北京 100094)

摘要: 本研究利用65个微卫星标记结合荧光标记检测技术, 对金华猪I系、II系、III系共271个个体以及嘉兴黑猪、中梅山猪、小梅山猪和二花脸猪等4个太湖猪品种和嵊县花猪各30头的基因型进行了检测, 统计分析了金华猪各品系的遗传结构及各猪种群间的遗传分化。结果显示: 金华猪品系间具有丰富的遗传变异, 平均有效等位基因数以金华猪I系最高, 为3.5; 其次是II系和III系, 分别是2.8和2.5, 金华猪3个品系的平均多态信息含量均高于0.5; I、II、III系的平均观察杂合度分别是0.381、0.399和0.442。金华猪3个品系偏离Hardy-Weinberg平衡的程度不一: I系偏离较大, III系次之, II系相对较小。分析认为金华猪各品系存在一定程度的近交, 品系间存在不同的等位基因。遗传分化结果显示: 金华猪II系和III系间遗传分化相对较小($F_{ST}=0.1883$), 但它们与I系间的遗传分化较大, F_{ST} 值分别是0.3663和0.3619。同时, 金华猪各品系与太湖猪的遗传关系较近, 其中与中梅山猪群体遗传分化相对较小, F_{ST} 值分别为0.3581、0.3560和0.3572。而金华猪各品系与嵊县花猪的遗传分化最大, F_{ST} 值分别为0.4499、0.4654和0.4801, 由此可见, 金华猪不同于其他浙江省地方品种, 有着独立的起源和驯化进程。

关键词: 金华猪, 微卫星, 多态信息含量, 杂合度, 遗传多样性

Genetic structure of Jinhua pig and genetic differentiation of Jinhua pig and Taihu pig breeds based on microsatellite DNA markers

Xiaofeng Zhao¹, Junhong Wu¹, Ningying Xu^{1*}, Xiaoxiang Hu², Ning Li²

1 College of Animal Science, Zhejiang University, Hangzhou 310029

2 State Key Laboratory for Agrobiotechnology, China Agriculture University, Beijing 100094

Abstract: The genotypes of Jinhua (lines I, II, and III), Shengxianhua, and four Taihu pigs (Jiaxing Black, Middle Meishan, Small Meishan, Erhualian) were investigated using 65 microsatellite DNA markers through fluorescence PCR. Our objectives were to investigate the genetic structure within Jinhua pigs as well as genetic differentiation of Jinhua pigs from the other five breeds. We found a large range of genetic variation in Jinhua pigs. Line I had the highest average number of effective alleles ($N_e = 3.5$), followed by Line II ($N_e = 2.8$), and Line III ($N_e = 2.5$). The average polymorphism information content (PIC) in each line was above 0.5, with an average observed heterozygosity of 0.381, 0.399, and 0.442, in lines I, II, and III, respectively. Furthermore, a decreasing number of microsatellite loci that deviated from Hardy-Weinberg equilibrium were found in lines I, III, and II, respectively. Inbreeding has occurred to some extent in each of the Jinhua lines. Analyses showed that differentiation between Jinhua lines III and II was relatively small ($F_{ST} = 0.1883$). However, greater differentiation was found between line I and lines II and III (F_{ST} -value 0.3663 and 0.3619, respectively). Moreover, the genetic relationship between Jinhua pigs and Taihu pigs were close. The Taihu pig breed with the smallest differentiation from Jinhua pigs was Middle Meishan, but a high degree of genetic differentiation existed in Shengxianhua pig and each Jinhua line. In conclusion, Jinhua pig has a unique evolution process in terms of the origin and domestication history, which is different from other Zhejiang native breeds.

收稿日期: 2008-01-09; 接受日期: 2008-05-27

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(2006CB102100)和浙江省科技厅重大项目(2005C12005-2)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: nyxu@zju.edu.cn

Key words: Jinhua pig, microsatellite, polymorphism information content, heterozygosity, genetic differentiation

江浙地区有着丰富的地方猪种资源,按照传统的分类划分,该地区猪种主要分为华中型和江海型。其中不乏优良品种,例如分布于该地区的太湖猪品种嘉兴黑猪、梅山猪、二花脸猪及浙江省优良地方品种金华猪。金华猪是在浙江省金华市特定的地理、自然、农业生产和社会条件下,经过长期选育和较好饲养管理而逐渐形成与发展的优良猪种,具有悠久的历史。金华猪具有皮薄骨细、早熟易肥、肉质优良、繁殖力高等优良特性,是腌制火腿的重要原料。1979年,在浙江农业大学主持下,金华种猪场、金华市农业科学研究所、东阳县良种场同时开展了金华猪I、II、III品系的选育工作,根据金华猪产区历史上形成的大、中、小3个类群,按照类群建系原则,采用群体继代选育法,改进培育条件,使金华猪的各项性能得到了较大提高。金华猪建系至今已有将近30年的时间,对其3个品系的研究主要集中在基因多态对金华猪经济性状的遗传效应上(赵丽莉等, 2006; 赵晓枫等, 2007),关于金华猪的3个品系的遗传背景、遗传结构及遗传分化尚未见系统的研究报告。我们对金华猪的遗传多样性进行了研究,为了解该品种的进化历史、合理利用和保护该生物资源提供理论依据。

微卫星又称简单重复序列(simple sequence repeat, SSR),其引物具有通用性即能够在相近科、属、种之间扩增出相同的重复序列,使该标记有效地应用于研究物种遗传多样性、构建近缘物种系统发育树和绘制高密度遗传图谱等方面(王建民和岳文斌, 2008)。因此,本文利用65个微卫星标记对金华猪各品系的遗传结构及其相同地理分布的4个太湖猪品种和1个浙江省地方猪品种间的遗传分化进行了研究。

1 材料与方法

1.1 基因组提取

本实验共采用金华猪271头。其中I系173头采自金华种猪场,II系42头采自金华农校,III系56头采自东阳县良种场。嵊县花猪和嘉兴黑猪各30头,分别采自浙江省嵊县良种场及嘉兴双桥农场。每个个体采

集前腔静脉血5 mL, EDTA抗凝冻藏。用传统酚/氯仿抽提法提取基因组DNA。此外,二花脸猪、中梅山猪、小梅山猪各30头的基因组DNA由中国农业大学农业与生物技术国家重点实验室提供。所有猪种群体根据其谱系资料选取亲缘关系较远的个体进行采样。基因组DNA纯度约在80–97%左右, TE溶解后稀释到终浓度40 ng/ μ L。

1.2 微卫星位点

根据微卫星标记信息,选取了等位基因数目较多的65个微卫星位点。这65个微卫星位点覆盖了猪的所有染色体。用于PCR扩增的荧光标记引物全部由美国“猪基因组合作计划”组提供(http://www.animalgenome.org/pigs/resources/fprimer_intr.html)(表1)。

1.3 PCR扩增

PCR扩增反应体系为15 μ L, 组成为: 40 ng基因组DNA, 1 \times PCR buffer, 1.5 mM MgCl₂, 0.2 pM dNTPs和5 U *Taq*酶, 正反向引物各0.2 μ M, 其中正向5'端标有FAM、TET或HEX荧光基团。PCR扩增条件为: 94 $^{\circ}$ C预变性5 min; 然后94 $^{\circ}$ C变性40 s, 复性40 s, 复性温度根据微卫星位点不同而异(表1), 范围在55–60 $^{\circ}$ C, 72 $^{\circ}$ C延伸40 s, 30个循环, 最后是72 $^{\circ}$ C延伸7 min, 4 $^{\circ}$ C保存。利用2%浓度琼脂糖凝胶电泳检测。

1.4 产物的检测分析

用灭菌去离子水将PCR扩增产物稀释20–30倍, 取少量稀释产物, 加入等量的上样缓冲液。上样前94 $^{\circ}$ C变性5 min, 取出后立即插置于冰上。变性的PCR产物用4.5%的聚丙烯酰胺凝胶在ABI377序列分析仪GS-Run-36C-2400-module中电泳3 h, 收集凝胶图像。应用GenescanTM 3.0软件进行数据收集、泳道线校正、分子量内标校正和迁移片段大小测量, 后用GenotyperTM 2.0软件进行基因分型。

1.5 统计处理

利用GENEPOP 3.4 (Raymond & Rousset, 1995) 和CERVUS 2.0 (Marshall *et al.*, 1998)软件计算基因频率及基因型频率、多态信息含量(PIC)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、有效等位基因数(N_e)、基因流(N_m)、 F -统计量、基因分化系数(F_{ST})。

表1 65个微卫星座位的荧光标记、退火温度及其所在染色体

Table 1 The fluorescence, annealing temperature and chromosome location of 65 microsatellite loci

位点 Locus	荧光标记 Fluorescent dye	退火温度 Annealing temperature (°C)	所在染色体 Chromosome	位点 Locus	荧光标记 Fluorescent dye	退火温度 Annealing temperature (°C)	所在染色体 Chromosome
S0155	Fam	55	01	SW951	Hex	58	10
SW1828	Fam	60	01	SWR67	Hex	60	10
SWR2516	Hex	60	02	S0392	Fam	58	11
SW1564	Fam	58	02	SW2008	Hex	60	11
S0226	Fam	55	02	SW1377	Tet	60	11
SW72	Fam	58	03	SW66	Fam	62	11
SW902	Fam	55	03	SW168	Hex	62	12
SW717	Tet	58	03	S0090	Fam	55	12
S0227	Hex	55	04	SW452	Hex	60	13
S0301	Fam	55	04	SW1030	Tet	58	13
SW969	Fam	60	04	SW769	Fam	55	13
S0217	Tet	62	04	S0215	Hex	55	13
SW332	Hex	58	05	SW295	Tet	55	14
S0005	Tet	58	05	SW886	Tet	58	14
SW1987	Fam	58	05	SW55	Fam	58	14
IGF1	Fam	58	05	SW1111	Tet	55	15
SW1302	Tet	58	06	SW1945	Tet	58	15
S0228	Tet	55	06	SW936	Fam	58	15
SW2155	Fam	65	07	SW1510	Hex	60	15
SW175	Hex	55	07	SW742	Hex	60	16
SW632	Tet	58	07	SW1897	Fam	62	16
S0101	Hex	60	07	SWR1004	Fam	60	17
SW1816	Tet	60	07	SW24	Tet	58	17
SW1843	Hex	62	08	SWR1120	Fam	62	17
SW790	Hex	62	08	SW2142	Tet	60	17
S0178	Tet	58	08	SW1023	Fam	55	18
SW911	Fam	55	09	SW787	Fam	55	18
SW174	Tet	55	09	SW1682	Tet	58	18
SW1349	Fam	58	09	S0177	Tet	50	18
SW830	Fam	55	10	SW2476	Hex	62	X
SWR136	Tet	58	10	SW1943	Tet	62	X
S0351	Hex	55	10	S0218	Tet	55	X
S0070	Hex	55	10				

2 结果

2.1 金华猪各品系微卫星等位基因及基因频率

本研究共检测了金华猪3个品系271个个体在65个微卫星位点上的遗传多样性,所有位点在各品系中均为多态。其中在金华猪I系中位点S0090等位基因最多,达到17个;金华猪II系中位点S0215的等位基因达到21个;在金华猪III系中位点S0101等位基因达到了20个。在3个品系中,出现10个等位基因以上的微卫星位点均达到35个以上,占检测的微卫

星位点总数的50%以上(图1)。总体来看,样本量最小的金华猪II系群体的等位基因数要多于其他两个品系,而样本量最大的金华猪I系群体等位基因数最少(图1)。从等位基因片段在金华猪各品系中的分布(图2)可见,除68–100 bp和200–250 bp等位基因片段在3个品系中差别不大外,不同品系间相同微卫星位点等位基因片段大小存在较大差异:在100–150 bp范围内,金华猪III系的等位基因数要高于I系和II系;然而在150–200 bp范围内,III系的等位基因数则远远小于I系和II系。另外,在250–300 bp

等位基因片段范围内, 金华猪II系等位基因的分布要少于其他两个品系。所有微卫星位点等位基因片

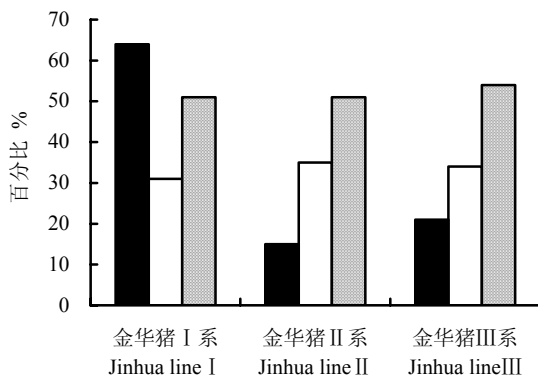


图1 微卫星等位基因在金华猪群体中的分布。图中黑色柱子代表品系样本量占群体总数的百分比, 白色柱子代表品系等位基因总数占群体总数的百分比, 网格状柱子代表品系出现10个以上等位基因的位点数占位点总数的百分比。
Fig. 1 The distribution of microsatellite alleles in Jinhua pig population. The black columns represent the percentage of sample size of each line in the total population, the white columns represent the percentage of allele number of each line in total alleles of the whole population, and the grid columns represent the percentage of loci possessing 10 or more alleles in the total loci.

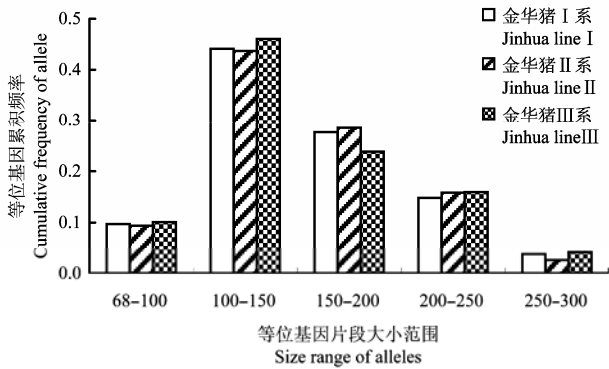


图2 不同大小的微卫星等位基因片段在金华猪群体中的分布
Fig. 2 The distribution of allele size range for microsatellites in Jinhua pig population

段接近正态分布(图2)。

2.2 金华猪群体内遗传变异

我们分析了群体内的平均等位基因数(N_A)、有效等位基因数(N_e)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、多态信息含量(PIC)等参数, 以及Hardy-Weinberg平衡检验(表2)。结果表明, 3个品系都有着数量相当的平均等位基因数, 其中金华猪I系平均等位基因数最小($N_A = 8.9$), 而有效等位基因数却最大($N_e = 3.5$), 以下依次为金华猪II系($N_e = 2.8$)和金华猪III系($N_e = 2.5$)。I系、II系和III系的平均杂观察合度分别是0.381、0.399和0.442; 平均多态信息含量分别达到了0.558、0.514和0.586, 从金华猪总群体来看, 65个微卫星位点中 $PIC > 0.50$ 的标记占多数(图3)。

对65个微卫星位点进行Hardy-Weinberg平衡检验, 发现金华猪I系群体中只有8个位点(SW168、S0178、SW911、S0217、S0070、SW295、SW72、S0155)达到了Hardy-Weinberg平衡; 在II系群体中则有28个位点达到了平衡, 分别是SW1682、SW168、SW969、S0392、SW1377、SW452、SW1897、SW524、SW1302、SW332、S0090、SW1989、SW1030、SW2155、S0177、SWR1004、S0226、IGF1、

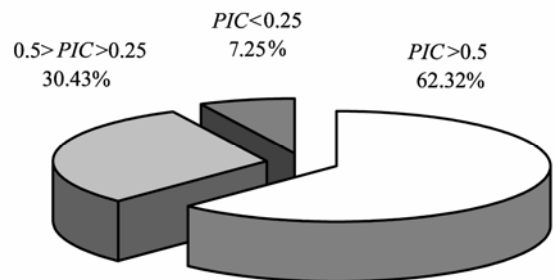


图3 微卫星位点多态信息含量(PIC)比例图
Fig. 3 The proportion of polymorphism information content (PIC) of microsatellite loci

表2 金华猪的65个微卫星位点平均遗传变异参数

Table 2 Estimation of mean genetic variability of Jinhua pigs at 65 microsatellite loci

品系 Breed	等位基因数 N_A	有效等位基因数 N_e	期望杂合度 H_e	观察杂合度 H_o	多态信息含量 PIC
金华猪I系 Jinhua line I	8.9	3.5	0.591	0.381	0.558
金华猪II系 Jinhua line II	10.0	2.8	0.549	0.399	0.514
金华猪III系 Jinhua line III	9.7	2.5	0.626	0.442	0.586

N_A , No. of alleles; N_e , Effective number of alleles; H_e , Expected heterozygosis; H_o , Observed heterozygosis; PIC , Polymorphism information content.

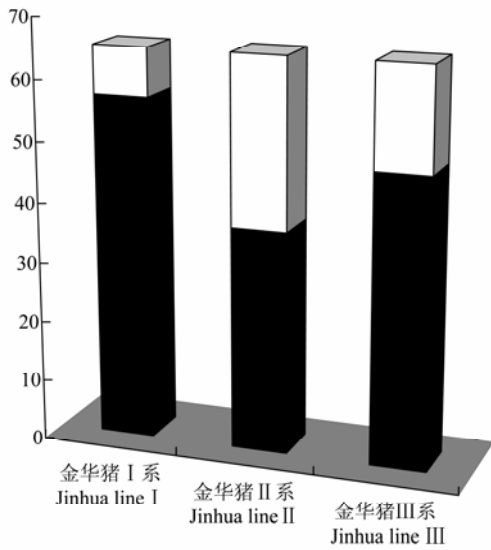


图4 金华猪各系微卫星位点Hardy-Weinberg平衡检验。黑色部分代表偏离Hardy-Weinberg平衡的位点数。
Fig. 4 Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) test for microsatellite loci in each Jinhua pig line. Black region represents the number of loci that deviate from H-W Equilibrium.

S0228、SW2008、S0227、SW911、SW632、S0101、S0070、SW1111、SW830、S0005; III系中达到平衡的位点(W969、SW1377、SW452、SW1897、SW2142、SWR1120、SW1843、SW1030、SW2155、S0177、SW1564、S0101、S0217、SW295、SW1111、S0005、S0026)共17个。其余位点均处于不平衡状态。可见金华猪3个品系的大部分位点都偏离了Hardy-

Weinberg平衡, 其中金华猪II系达到平衡和偏离平衡的位点数相差不大(图4)。

2.3 金华猪品系及江浙地区5个地方猪品种间的遗传分化

根据欧盟项目资助的“欧洲猪遗传多样性研究计划”推荐的30个微卫星位点(S0101、S0215、SW24、SW632、SW911、SW936、S0178、S0218、S0225、S0228、SW951、S0002、S0026、S0155、SW72、SW857、S0070、S0226、S0217、SW902、SW1111、SW2476、SW295、SW742、SWR1004、S0143、SW1067、SW2410、SW769、SW830)对金华猪及嵊县花猪、二花脸猪、中梅山猪、小梅山猪、嘉兴黑猪各群体进行微卫星多态性检测, 计算出群体间的遗传分化系数 F_{ST} 和基因流 N_m (表3)。结果显示, 中梅山猪和小梅山猪间的遗传分化最小, 只有0.1028; 它们与二花脸猪的遗传分化系数也较小, 分别是0.1503和0.1765; 但与其他群体间的遗传分化较大。在金华猪品系中, II系和III系间遗传分化相对较小($F_{ST} = 0.1883$), 但它们与I系间遗传分化较大。金华猪I系、II系和III系都与嵊县花猪间的遗传分化最大, 而与中梅山猪间遗传分化相对较小。从基因流的数据来看, 小梅山猪和中梅山猪间较大($N_m = 2.1819$), 另外它们与二花脸猪间的基因流也较大(分别是1.1664和1.4133)。金华猪II系和III系间的基因流($N_m = 1.0777$)大于它们与I系间的基因流(分别为0.4325和0.4408)。

表3 3个金华猪品系和其他5个地方猪品种间的遗传分化值(F_{ST} , 左下角)及基因流(N_m , 右上角)

Table 3 Genetic differentiation (F_{ST} , below the diagonal) and the number of migrants per generation (N_m , above the diagonal) among Jinhua pig and other pig breeds

	金华猪I系 Jinhua I	金华猪II系 Jinhua II	金华猪III系 Jinhua III	二花脸 Erhualian	嘉兴黑 Jiaxing Black	小梅山 Small Meishan	中梅山 Middle Meishan	嵊县花 Shengxianhua
金华猪I系 Jinhua I		0.4325	0.4408	0.3855	0.3410	0.3799	0.4481	0.3057
金华猪II系 Jinhua II	0.3663		1.0777	0.3910	0.3272	0.3722	0.4522	0.2872
金华猪III系 Jinhua III	0.3619	0.1883		0.3656	0.3205	0.3734	0.4499	0.2707
二花脸 Erhualian	0.3934	0.3900	0.4061		0.8075	1.1664	1.4133	0.5166
嘉兴黑 Jiaxing Black	0.4230	0.4331	0.4382	0.2364		0.6684	0.7809	0.3666
小梅山 Small Meishan	0.3969	0.4018	0.4010	0.1765	0.2722		2.1819	0.3388
中梅山 Middle Meishan	0.3581	0.3560	0.3572	0.1503	0.2425	0.1028		0.3076
嵊县花 Shengxianhua	0.4499	0.4654	0.4801	0.3261	0.4319	0.4879	0.5627	

3 讨论

3.1 群体内遗传变异

本研究采用的微卫星位点覆盖了整个金华猪的19条染色体共65个位点,实验结果能较好地代表金华猪的全基因组水平。微卫星等位基因的检测采用荧光标记结合ABI377自动基因分析仪收集数据,确保了实验结果能客观准确地反映群体的固有遗传信息和遗传特征(Simianer & Meyer, 2003)。平均观察杂合度是估测群体内遗传变异程度的一个重要指标,它作为群体中被检测位点杂合子频率的衡量指标,被认为是度量群体内遗传变异的一个最适参数(陈红菊等, 2004),群体的平均观察杂合度越高,表明该群体的遗传多样性越高,群体的一致性越低(黄胜海等, 2006)。张桂香等(2003)利用与本研究相同的26个微卫星座位测得中国地方猪种的平均杂合度为0.44–0.87。在本研究中金华猪的65个微卫星标记的平均观察杂合度在不同品系中为0.381–0.442,可见金华猪品系内遗传变异程度较低,群体一致性较高,大多数等位基因为纯合子。另一项指标是多态信息含量(PIC), PIC是衡量基因座位多态性的理想指标,根据Botstein等(1980)提出的衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标,当 $PIC > 0.50$ 时,位点为高度多态;当 $0.25 < PIC < 0.50$ 时,位点为中度多态;当 $PIC < 0.25$ 时,位点为低度多态。本研究中金华猪3个品系的微卫星位点平均多态信息含量高于0.5,说明所用位点均为高度多态的,位点的变异程度较高。该结果与各位点在金华猪不同品系具有不同的等位基因情况相一致,从分子水平验证了金华猪各品系的不同育种方向。

统计结果还显示金华猪3个品系的大部分位点都偏离了Hardy-Weinberg平衡(图4)。理论上,造成不平衡的原因主要有三方面:研究群体不够大、群体内存在近交积累和遗传漂变。本研究的金华猪3个品系样本量都达到了统计学意义,而上述多态信息含量和杂合度的结果也证明了群体中存在着近交积累和等位基因丢失的情况。因此,我们推断不平衡的原因来源于金华猪保种过程中一定程度的近交和遗传漂变(Li, 2002; Zenger & Richardson, 2003),这与金华猪后期的品种改良有关。20世纪60年代初,为加快金华猪育种进展,浙江省农科院畜

牧兽医研究所与金华种猪场等单位协作,开展了本品种选育,建立了核心群。在建系过程中采用了适度的近交和随机交配相结合的交配制度,并且为了促进优良基因的纯合,组建基础群后的父母代和子一代均采用了较高程度的近交。但是,根据本研究的结果,为避免群体遗传多样性下降以及种质退化的风险,今后金华猪的育种工作应作相应调整,适当采用家系间随机交配或保种群体内随机交配的手段,或选取遗传多样性丰富的个体作为亲本进行扩繁和再引入,减小群体同质性。

3.2 群体间遗传变异

由表征群体间的遗传分化程度 F 统计量(Nei, 1978)来看,金华猪II系和III系群体间遗传分化相对较小,而与I系群体间的遗传分化较大。II系和III系间的基因流要大于它们与I系间的基因流。这说明金华猪I系与II系、III系分化较早,而II系和III系分化较晚,且II系和III系间有基因交流。另外,金华猪与江苏省地方猪种二花脸和梅山猪间遗传分化较小且有较大的基因流,相对于同省地方品种嘉兴黑猪和嵊县花猪,金华猪与二花脸和梅山猪的遗传关系更近。这与国内一些研究结果相一致:张桂香等(2003)利用29个微卫星基因位点分析了56个中国地方猪种,结果显示,金华猪先与安徽及江苏的地方品种聚为一类,然后再与本省地方猪种聚为一类。王昕等(2005)利用10个微卫星位点对中国10个地方猪种进行系统聚类,发现金华猪和二花脸猪聚为一类。张冬杰等(2005)通过线粒体D-Loop区序列构建的系统发育树结果也证实金华猪与江苏省一些地方品种有较近的母系遗传关系。另外从《中国猪品种志》(张仲葛, 1986)中我们可以看到金华猪对本省其他猪种有着截然不同的历史和特性,这也从侧面提供了一些证据。

总之,在遗传结构和遗传分化上金华猪3个品系各有特点,并且金华猪在浙江地区的起源和驯化进程中与同一地理地区的地方品种处在不同路线上,有着独特的进化历程。

参考文献

- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, **32**, 314–331.
- Chen HJ (陈红菊), Yue YS (岳永生), Fan XZ (樊新忠), Zhang

- CS (张传生), Du LX (杜立新) (2004) A comparative study of genetic distance and clustering analysis among Shandong indigenous chicken breeds. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica* (畜牧兽医学报), **35**, 33–36. (in Chinese with English abstract)
- Huang SH (黄胜海), Li HF (李慧芳), Chen KW (陈宽维), Tang QP (汤青萍), Tu YJ (屠云洁), Yang N (杨宁) (2006) Study on genetic structure and evolution of five domestic white goose breeds. *Animal Husbandry and Veterinary Medicine* (畜牧与兽医), **38**, 20–22. (in Chinese with English abstract)
- Li N (李宁) (2002) *Animal Genetics* (动物遗传学), 2nd edn. Chinese Agricultural Press, Beijing. (in Chinese)
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM (1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*, **7**, 639–655.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, **8**, 583–590.
- Raymond M, Rousset F (1995) GENEPOP version 3.2: population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, **86**, 248–249.
- Simianer H, Meyer JN (2003) Past and future activities to harmonize farm animal biodiversity studies on a global scale. *Archivos de Zootecnia*, **52**, 1–5.
- Wang JM (王建民), Yue WB (岳文斌) (2008) Genetic relationships of domestic sheep and goats in the lower reaches of the Yellow River based on microsatellite analysis. *Biodiversity Science* (生物多样性), **16**, 53–62. (in Chinese with English abstract)
- Wang X (王昕), Chen H (陈宏), Cao HH (曹红鹤) (2005) Phylogenesis analysis of 10 Chinese indigenous pig populations. *Hereditas (Beijing)* (遗传), **27**, 715–718. (in Chinese with English abstract)
- Zerger KR, Richardson BJ (2003) A rapid population expansion retains genetic diversity within European rabbit in Australia. *Molecular Ecology*, **12**, 789–794.
- Zhang DJ (张冬杰), Yang GW (杨国伟), Liu D (刘娣) (2005) Origin and domestication of northeast wild boar. *Jiangsu Agricultural Science* (江苏农业科学), **5**, 92–94. (in Chinese with English abstract)
- Zhang GX (张桂香), Wang ZG (王志刚), Sun FZ (孙飞舟), Chen WS (陈伟生), Yang GY (杨国义), Guo SJ (郭式健), Li YJ (李拥军), Zhao XL (赵小丽), Zhang Y (张沅), Sun J (孙军), Fan B (樊斌), Yang SL (杨述林), Li K (李奎) (2003) The genetic diversity of microsatellite loci in 56 Chinese native pig breeds. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), **30**, 225–233. (in Chinese with English abstract)
- Zhang ZG (张仲葛) (1986) *Pig Breeds in China* (中国猪品种志). Shanghai Scientific and Technical Publishers, Shanghai.
- Zhao XF (赵晓枫), Xu NY (徐宁迎), Hu XX (胡晓湘), Li N (李宁) (2007) Effects of microsatellite in the regulatory region of IGF1 on growth traits in Jinhua swine. *Hereditas (Beijing)* (遗传), **29**, 206–210. (in Chinese with English abstract)
- Zhao LL (赵丽莉), Nie GJ (聂光军), Guo XL (郭晓令), Xu NY (徐宁迎) (2006) Polymorphism of growth hormone gene and its effect on economic traits in Jinhua pigs. *Chinese Journal of Animal Science* (中国畜牧杂志), **42**(5), 8–11. (in Chinese with English abstract)

(责任编辑: 张细权 责任编辑: 时意专)