

王统苗,张莘,刘本帅,等.我国部分地方蛋鸭品种鉴定[J].江西农业大学学报,2020,42(1):143-149.



我国部分地方蛋鸭品种鉴定

王统苗¹,张莘¹,刘本帅¹,陈博雯¹,常国斌¹,白皓²,
江勇¹,张扬¹,王志秀¹,陈国宏^{1*}

(1.扬州大学 动物科学与技术学院,江苏 扬州 225009;2.扬州大学 农业科技发展研究院/教育部农业与农产品安全国际合作联合实验室,江苏 扬州 225009)

摘要:【目的】研究选取我国部分地方蛋鸭品种(攸县麻鸭、三穗鸭、金定鸭、麻旺鸭、绍兴鸭、荆江麻鸭、山麻鸭),对其5个微卫星位点进行多态性分析,利用Microsatellite-Toolkit分析软件和Excel表格,实现对7个鸭品种的初步鉴别。【方法】以这7种鸭为试验对象,对所选取的5个微卫星DNA座位进行STR分型测序,统计品种间有效等位基因数(N_e)、多态信息含量(PIC)、群体杂合度(H_e),辅以各品种共有的基因型对7个鸭品种进行初步鉴别。【结果】STR分型检测结果发现5个微卫星位点共检测到62个等位基因,多态信息含量(PIC)介于0.29~0.622,其中,3个座位为高度多态位点($PIC > 0.50$),2个座位为中度多态位点($0.25 < PIC < 0.50$);7个鸭品种在微卫星座位的平均杂合度在0.27~0.61;有效等位基因数在1.330~2.762;聚类分析结果表明:金定鸭先与绍兴鸭聚为一类,再与荆江鸭聚为一类;山麻鸭与麻旺鸭聚为一类,攸县麻鸭与三穗鸭聚为一类;5个微卫星位点在7个鸭品种中均有共有基因型,统计不同位点共有基因型频率,绘制柱形图,从图中可以明显的看出7个鸭品种的基因型频率各不相同。【结论】可以通过所选微卫星标记的有效等位基因数,辅以各品种共有的基因型,从而达到初步鉴别7个鸭品种的目的。

关键词:鸭;微卫星标记;共有基因型;品种鉴定

中图分类号:S879.3 文献标志码:A 文章编号:1000-2286(2020)01-0143-07

Identification of Egg Breeds in Some Places in China

WANG Tong-miao¹,ZHANG Xin¹,LIU Ben-shuai¹,CHEN Bo-wen¹,
CHANG Guo-bin¹,BAI Hao²,JIANG Yong¹,ZHANG Yang¹,
WANG Zhi-xiu¹,CHEN Guo-hong^{1*}

(1.College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China;
2.Joint International Research Laboratory of Agriculture and Agri-Product Safety, the Ministry of Education of China Institutes of Agricultural Science and Technology Development, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China)

Abstract: [Objective] This study selected some local duck breeds in China (Youxian mallard duck, Sansui duck, Jinding duck, Mawang duck, Shaoxing duck, Jingjiang duck and Shanma duck) and 5 microsatellite lo-

收稿日期:2019-06-26 修回日期:2019-10-18

基金项目:国家重点研发计划项目(2018YFD0501503)和江苏省农业科技自主创新资金项目(CX(18)1004)

Project supported by the National Key Research and Development Plan Project (2018YFD0501503) and Jiangsu Agricultural Science and Technology Independent Innovation Fund Project (CX(18)1004)

作者简介:王统苗, orcid.org/0000-0001-8250-1375, 2034786676@qq.com; *通信作者:陈国宏,教授,博士,主要从事动物遗传资源育种研究, orcid.org/0000-0002-2413-5589, ghchen@yzu.edu.cn。

ci. The polymorphism analysis was carried out, and the Microsatellite-Toolkit analysis software and Excel spread sheet were used to realize the preliminary identification of 7 duck breeds. [Method] Using these 7 ducks as test subjects, STR typing and sequencing of 5 selected microsatellite DNA loci were performed to count the number of effective alleles (N_e), polymorphic information content (PIC), and population diversity among the breeds. By means of H_e degree (H_e), supplemented with genotypes common to all breeds, 7 duck breeds were identified. [Result] STR typing results revealed that 62 alleles were detected in 5 microsatellite loci, and the polymorphic information content (PIC) was between 0.29 and 0.622, of which 3 loci were highly polymorphic loci ($PIC > 0.50$), 2 loci were moderate polymorphic loci ($0.25 < PIC < 0.50$); the average heterozygosity of the 7 duck breeds at microsatellite loci was 0.27–0.61; the number of effective alleles was 1.330–2.762. The results of cluster analysis showed that: Jinding ducks were first grouped with Shaoxing ducks, and then with Jingjiang ducks; Shanma ducks and Mawang ducks were grouped into one group, and Youxian mallard ducks and Sansui ducks were gathered in one group; 5 microsatellite loci had common genotypes in the 7 duck breeds, statistics of common genotype frequencies at different loci were plotted, and a bar chart was drawn. The genotype frequencies varied in the 7 duck breeds, which could be clearly seen from the figure. [Conclusion] The number of effective alleles of the selected microsatellite markers can be supplemented by the genotypes common to each breed, so as to achieve the purpose of preliminary identification of the 7 duck breeds.

Keywords: duck; microsatellite marker; common genotype; cultivar identification

【研究意义】微卫星(Microsatellite)也称简单重复序列,是一种短串联重复序列,包括核心序列和侧翼序列,核心序列重复数是2~7 bp,重复数的不同就形成了微卫星高度的多态性,微卫星标记因其多态性高、共显性遗传且易于检测,现已经大量应用于品种品系的鉴定^[1]。我国是世界上鸭品种资源分布最为丰富的国家,但是因为大量引入外来品种,许多地方品种与其杂交,纯种不断减少,我国地方鸭品种资源的保种亟需改善。为了解引进品种的遗传特征,更有效地保证纯种鸭的资源,有必要对引进品种进行遗传学分析,而微卫星标记已成为遗传多样性常用的方法^[2]。与其他形态学和生化标记相比,微卫星分子标记能够直接反映DNA水平上的变化,它的遗传不受环境和基因表达的限制,是动物品种鉴别的理想选择^[3]。【前人研究进展】陈赢男等^[4]利用10对微卫星引物鉴别油茶品种;李智军等^[5]对5对微卫星位点多态性进行分析,并通过对有效等位基因数的差异显著性分析辅以各品种特有基因型可以初步鉴别3个马匹品种;韩宏晓等^[6]利用65个微卫星位点主要包括的15个基因座位基于贝叶斯方法、位点频率法和遗传距离法等遗传分析方法进行个体归类准确性分析,发现筛选出的微卫星位点可用于纯种犬的品种鉴定,完成了对常见宠物犬品种鉴定的初步应用研究;李显耀^[7]从20个微卫星标记中筛选出7个标记可以达到鉴定H蛋鸡配套系品系鉴定的目的;张丽娟等^[8]利用10个微卫星标记,对引进国外的w-98白壳蛋鸡配套系的四个系进行了品系鉴定。【拟解决的关键问题】本研究对攸县麻鸭、三穗鸭、金定鸭、麻旺鸭、绍兴鸭、荆江麻鸭、山麻鸭等7个品种进行品种鉴定,主要因为这7个品种都属于蛋鸭品种,且均为麻鸭,仅仅用肉眼难以辨认出正确的品种,因此本文利用微卫星分子标记,实现对这7个鸭品种的初步鉴定。

1 材料与方法

1.1 样本采集

7个鸭品种分别是三穗鸭、麻旺鸭、绍兴鸭(福建省石狮国家级水禽基因库)、荆江麻鸭、攸县麻鸭、山麻鸭、金定鸭(泰州国家级水禽基因库),每个品种各30只,公母各半。这些鸭品种采用家系保种法进行“家系等量随机选配”的继代繁育。每一世代的保种群规模70个家系(其中40个家系为保种核心群),每一家系饲养14♀,2♂,其中2♀1♂作为备用,下一世代留种时每家系保持12♀1♂。

1.2 样本量确定

本研究通过从70只麻旺鸭分别抽取10、20、30、40、50、60只样本量,每个样本量重复抽样10次,取其

平均值,统计基因型频率,确定样本量。

1.3 鸭基因组DNA提取

于鸭翅静脉处采血,用传统酚-氯仿法提取基因组总DNA^[9],测DNA浓度和纯度,将浓度稀释到100 ng/L,保存在-20℃冰箱中。

1.4 微卫星位点

根据文献[10-11]提供的5对微卫星位点AJ515884、CMO11、AJ515898、AJ515893、AJ272579作为试验位点,引物由北京擎科新业生物技术有限公司合成。

1.5 PCR反应体系与产物扩增

PCR反应体系: *Taq* Master Mix(Dye Plus)10 μ L,超纯水7 μ L,10 pmol/ μ L上下游引物各1 μ L,100 ng/L DNA模板1.0 μ L。PCR扩增程序:95℃预变性5 min,95℃变性30 s,53~73℃退火30 s(因座位而异),72℃延伸30 s,共30~35个循环,72℃延伸10 min,4℃保存。

1.6 STR分型测序

将PCR产物送至北京擎科新业生物技术有限公司,利用ABI-3730XL DNA Analyzer全自动测序仪进行STR分型测序。

1.7 统计分析

GeneMapper4.0软件生成独立的图谱文件并读出峰值的大小、片段长度的大小、峰面积的大小,同时判断纯合子(单峰)或杂合子(双峰)。利用Microsatellite-Toolkit软件计算等位基因频率、期望杂合度与观察杂合度,根据Botstein等^[12]的公式计算每个品种的多态信息含量。利用Excel表格构建柱状图。

1.8 聚类方法

采用了UPGMA聚类方法,以奈氏遗传距离(DA)为依据,构建系统发育进化树。

2 结果与分析

2.1 样本采集量

从图1中可以看出,当样本量为10时,离散程度最大,变异最大;随着样本量的增大,离散程度不断减小。不同样本量抽样10次的平均基因型频率相近。

2.2 微卫星标记

5个微卫星标记最优化条件见表1。

2.3 STR分型测序图

基于ABI-3730XL型DNA测序平台对扩增产物进行扫描。部分位点的扩增分型效果见图2。

2.4 所选微卫星标记的遗传多样性

5对微卫星标记在个体层面上的遗传学参数

见表2,5对引物在7个群体中共检测到62个等位基因,平均每个位点12.4个,其中有3个位点的等位基因数超过10个,其中CMO11位点检测到的等位基因数最多,为17个;AJ515898位点检测到的等位基因数最少,为8个,7个鸭品种各个微卫星基因座的有效等位基因数的变化范围为1.330~2.762,其中微卫星标记AJ515898的有效等位基因数最多,达2.762;最少的微卫星标记是AJ272579,只有1.330个。5个微卫星标记均为中高度多态位点,其中AJ515884、AJ515898标记为高度多态位点,其它3个标记为中度多态位点。

2.5 5个微卫星基因座在各品种中的多态信息含量(PIC)、有效等位基因数(Ne)和群体杂合度(H)

从表3可以看出,麻旺鸭的多态信息含量最高,其次是荆江鸭、山麻鸭、绍兴鸭、攸县麻鸭、三穗鸭,而

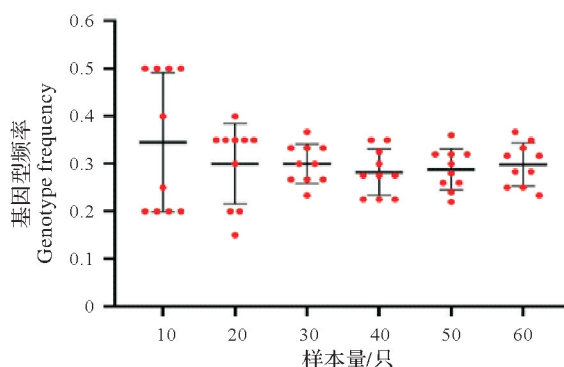


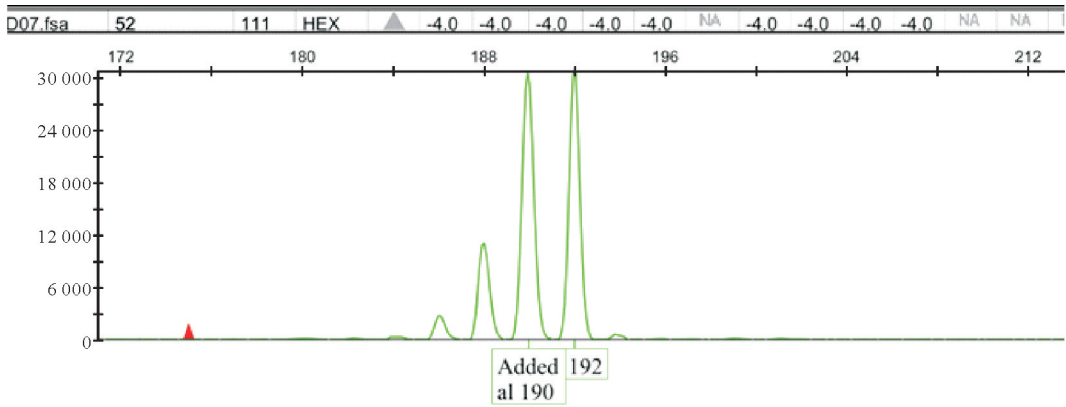
图1 基因型频率

Fig.1 Genotype frequency

表 1 5 对荧光引物的最优化反应条件

Tab.1 The optimize reaction conditions of 5 pairs fluorescence primers

引物名称 Primer	标记类型 Maker	定位染色体 Positioning chromosome	基因长度/bp Gene length	退火温度/℃ Anneal T
AJ515884	HEX	Chr12	187~200	55
AJ515893	FAM	Chr15	245~253	55
AJ515898	FAM	—	198~208	57
AJ272579	HEX	Chr5	218~238	55
CMO11	FAM	—	221~271	57



该个体的基因型为 190/192

图 2 金定鸭 D07 个体在 AJ515884 位点的 STR 分型结果

Fig.2 STR genotyping result of AJ515884 locus of Jin Ding duck individual D07

表 2 5 对微卫星标记的遗传学参数

Tab.2 Genetic parameters of 5 pairs of SSR primers

微卫星标记 SSR	等位基因数 Allele number	有效等位基因数 Ne	期望杂合度 Exp He	观察杂合度 Obs He	多态信息含量 PIC
AJ515884	12.000	1.896	0.683	0.473	0.622
AJ515898	8.000	2.762	0.626	0.638	0.579
AJ515893	15.000	1.569	0.466	0.363	0.41
CMO11	17.000	1.504	0.431	0.335	0.388
AJ272579	10.000	1.330	0.316	0.246	0.29
平均值 Average	12.400	1.812	0.504	0.411	0.458

金定鸭最低;麻旺鸭的有效等位基因数最多,攸县麻鸭最少;麻旺鸭群体杂合度最大,攸县麻鸭群体杂合度最小。由此可知麻旺鸭的遗传变异最大。

2.6 7个鸭品种的基因型频率

表 4 列出了 7 个鸭品种的基因型频率。

2.7 7个鸭品种间的聚类分析

从图 3 可以看出,这 7 个鸭品种总共分为三大类,金定鸭先与绍兴鸭聚为一类,再与荆江鸭聚为一类;山麻鸭与麻旺鸭聚为一类,攸县麻鸭与三穗鸭聚为一类。

2.8 鸭品种的初步鉴定

图 4 分别是攸县麻鸭、三穗鸭、金定鸭、麻旺鸭、绍兴鸭、荆江麻鸭、山麻鸭根据等位基因型频率作的柱状图,Y 轴为基因型频率,从图中可以看出,7 个鸭品种的柱状图完全不同,可以明显的区分这 7 个鸭品种。

表 3 5 个微卫星座位在各品种中的多态信息含量(PIC)、有效等位基因数(Ne)和群体杂合度(H)

Tab.3 Polymorphism information content,the number of effective alleles and heterozygosity of 5 microsatellite loci in each breeds

基因座 Locus	群体 Population							
		金定鸭	绍兴鸭	荆江鸭	山麻鸭	麻旺鸭	攸县麻鸭	三穗鸭
		JD	SX	JJ	SM	MW	YX	SS
AJ515884	PIC	0.431 0	0.642 5	0.668 9	0.522 6	0.863 5	0.5993	0.627 1
	Ne	1.764 7	1.875 0	2.727 3	3.333 3	1.764 7	1.875 0	1.764 7
	H	0.173 9	0.433 3	0.466 7	0.633 3	0.700 0	0.433 3	0.466 7
AJ515898	PIC	0.422 5	0.498 3	0.655 4	0.684 5	0.606 0	0.490 3	0.695 9
	Ne	2.000 0	2.142 9	3.333 3	10.000 0	1.578 9	10.000 0	2.000 0
	H	0.565 2	0.500 0	0.533 3	0.700 0	0.900 0	0.366 7	0.900 0
AJ515893	PIC	0.220 1	0.759 9	0.421 4	0.371 9	0.525 5	0.147 1	0.421 2
	Ne	1.578 9	4.285 7	1.764 7	2.727 3	1.034 5	1.153 8	1.578 9
	H	0.173 9	0.366 7	0.766 7	0.433 3	0.633 3	0.033 3	0.133 3
CMO11	PIC	0.476 4	0.345 6	0.385 8	0.449 6	0.507 3	0.412 4	0.141 1
	Ne	1.500 0	1.666 7	1.500 0	1.666 7	1.304 3	1.200 0	1.500 0
	H	0.478 3	0.333 3	0.400 0	0.333 3	0.400 0	0.233 3	0.166 7
AJ272579	PIC	0.308 5	0.032 2	0.351 4	0.323 2	0.580 8	0.341 1	0.093 6
	Ne	1.034 5	1.666 7	1.153 8	1.764 7	1.428 6	1.034 5	1.034 5
	H	0.391 3	0.033 3	0.400 0	0.133 3	0.433 3	0.300 0	0.033 3
平均值	PIC	0.371 7	0.455 7	0.496 6	0.470 4	0.616 6	0.398	0.395 8
	Ne	2.583 1	1.575 6	2.327 4	2.095 8	3.898 4	1.4222	3.052 7
	Average	H	0.356 5	0.333 3	0.513 3	0.446 7	0.613 3	0.2733

表 4 7 个鸭品种的基因型频率

Tab.4 Genotypic frequencies of 7 duck breeds

微卫星标记 SSR	基因型 Genotype	金定鸭 JD	绍兴鸭 SX	荆江鸭 JJ	山麻鸭 SM	麻旺鸭 MW	三穗鸭 SS	攸县麻鸭 YX
AJ515884	190/190	0.174	0.200	0.333	0.200	0.100	0.133	0.033
AJ515898	204/208	0.271	0.100	0.300	0.033	0.033	0.200	0.033
AJ515893	255/255	0.619	0.233	0.067	0.367	0.233	0.067	0.933
CMO11	225/225	0.435	0.700	0.577	0.533	0.433	0.900	0.600
AJ272579	230/230	0.591	0.977	0.577	0.733	0.333	0.933	0.633

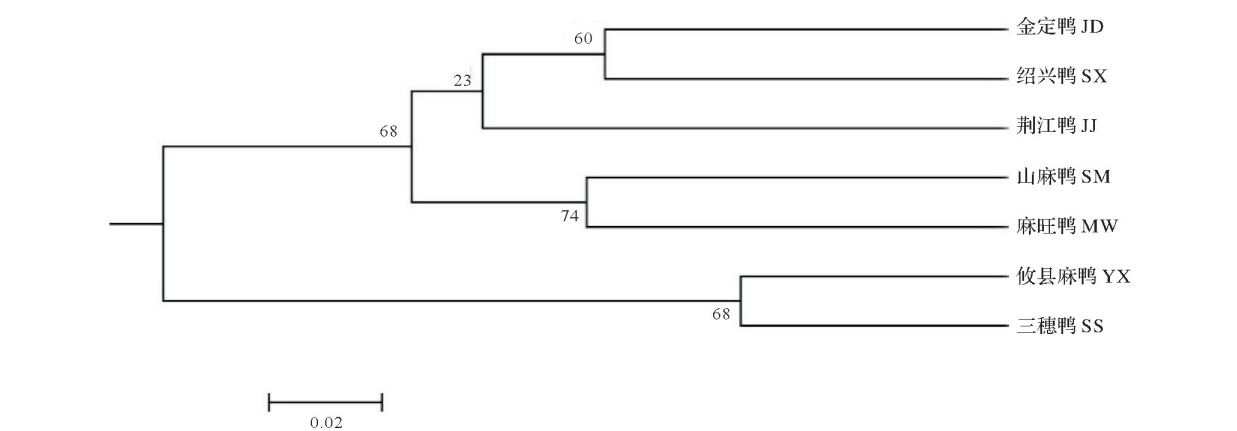


图 3 基于 Da 遗传距离构建的 7 个群体的 UPGMA 聚类分析

Fig.3 Phylogenetic tree of 7 duck breeds by UPGMA based on Da genetic distance

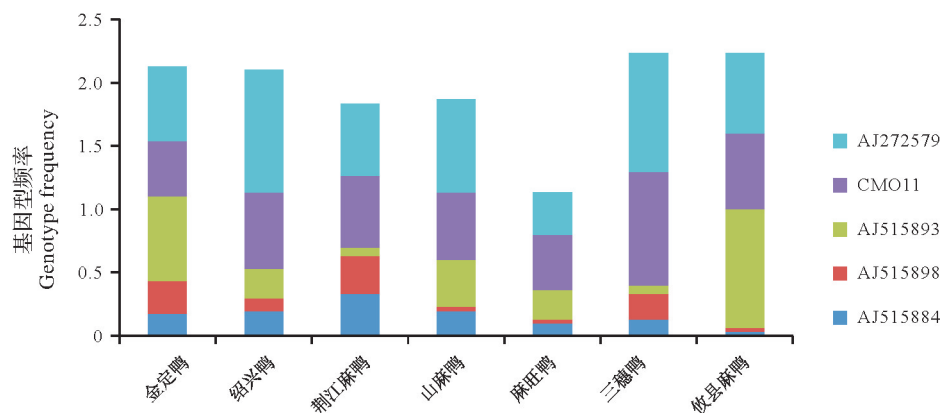


图4 鸭品种鉴定

Fig.4 Identification of duck breeds

3 讨论

3.1 样品采集

Mathur(1994)通过模拟2~10 000个个体的DNA指纹后指出在应用DNA指纹标记时,每个品种有15~20个个体就可获得遗传变异合理的估计值^[13]。本研究通过计算不同样本量的基因型频率,发现样本量越多,基因型频率越能代表整个群体的基因型频率,本研究选取样本量为30进行试验,基本可以获得群体基因型频率的合理估计值。

3.2 遗传参数分析

有效等位基因数(N_e)、杂合度(H_e)和多态信息含量(PIC)都可用于估算群体内的遗传变异,其值的高低显示了群体内个体的遗传变异程度,其值越高,变异程度越大^[14]。每个微卫星位点具有高多态性,能够准确地反映各品种内的遗传结构,对品种的鉴定结果有很强的说服力^[15]。有效等位基因数(N_e)是反映不同群体间和群体内不同基因位点间遗传变异程度的一个指标^[17]。实验5个微卫星标记,通过STR分型测序,7个鸭品种在5个微卫星位点中检测到等位基因数范围为8~17,且平均有效等位基因数为1.812,根据微卫星位点选择标准:每个微卫星标记等位基因数大于或等于4非常适合用于遗传多样性评估。试验所选取的5个微卫星标记,在7个鸭品种中均达到了中高度多态,因此上述选择的微卫星标记利于遗传多样性分析,为品种鉴定奠定基础。

3.3 聚类分析

遗传距离是体现各品种间遗传差异程度的重要指标。本研究基于Da遗传距离构建的系统发育树。从系统发育树来看,金定鸭、绍兴鸭和荆江鸭聚为一类,可能是因为金定鸭是福建地方鸭品种、绍兴鸭为浙江地方鸭品种,荆江鸭则因为这三个地方地理位置较近,过去可能发生过基因交流。山麻鸭与麻旺鸭聚为一类,攸县麻鸭与三穗鸭聚为一类。

3.4 品种鉴别

传统品种鉴定是根据动物的形态学、细胞学等特征来鉴定。分子标记是根据蛋白质、核酸分子的变异,检测遗传结构及其变异直接反映了DNA水平上遗传变异,这种标记数量很多,分布整个基因组,不受环境和基因表达的影响,分子标记常用于畜禽品种鉴定,而微卫星标记是分子标记的一种常用方法^[3]。中国猪品种志中写到,遗传稳定性是品种必须具备的,所以品种鉴定必须基于基因型特征^[17]。试验将这种方法,运用到攸县麻鸭、三穗鸭、金定鸭、麻旺鸭、绍兴鸭、荆江麻鸭、山麻鸭的鉴定中。选择的5个微卫星位点在7个鸭品种中都具有共有基因型,但是由于一些微卫星标记在不同品种间的等位基因频率具有明显差异,因此可以用这些标记对各品种区分。文中利用不同的基因型频率绘制的柱状图可以明显的看出这7个品种各不相同可以很好的鉴别这7个品种。

参考文献:

- [1] 宋国华,刘田福.微卫星标记在实验动物中的应用[C]//中国实验动物学会学术年会,2004.

- Song G H, Liu T F. Application of microsatellite markers in experimental Animals [C]//Academic Annual Meeting of Chinese Society of Laboratory Animals, 2004.
- [2] 鄢绯寰, 左正宏, 吕良炬, 等. 我国几种野鸭和家鸭遗传多样性的 SSR 分析[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2009(3): 435-440.
- Yang F H, Zuo Z H, Lü L J, et al. SSR analysis of genetic diversity of several wild ducks and domestic ducks in China [J]. Journal of Xiamen University (Natural Science Edition), 2009(3): 435-440.
- [3] 李何君, 刘炜, 吴昊旻, 等. 微卫星标记在畜禽品种品系鉴定上的应用 [C]//上海市畜牧兽医学学会学术年会, 2011.
- Li H J, Liu W, Wu H W, et al. Application of microsatellite markers in identification of livestock and poultry breeds [C]//Shanghai Annual Meeting of Animal Husbandry and Veterinary Society, 2011.
- [4] 陈赢男, 张新叶, 戴晓港. 利用微卫星标记鉴别油茶品种 [J]. 经济林研究, 2014(4): 140-143.
- Chen Y N, Zhang X Y, Dai X G. Identification of *Camellia oleifera* varieties using microsatellite markers [J]. Economic Forest Research, 2014(4): 140-143.
- [5] 李智军, 刘武军, 祁居中, 等. 利用微卫星多态性鉴别不同马品种试验 [J]. 新疆农业科学, 2013, 50(9): 1692-1703.
- Li Z J, Liu W J, Qi J Z, et al. Identification of different horse breeds using microsatellite polymorphism [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2013, 50(9): 1692-1703.
- [6] 韩宏晓, 赵秋华, 孙安帮, 等. 微卫星标记在常见宠物犬品种鉴定中的初步应用研究 [J]. 上海畜牧兽医通讯, 2017(7): 47-48.
- Han H X, Zhao Q H, Sun A B, et al. Preliminary application of microsatellite markers in identification of common pet dog breeds [J]. Shanghai Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2017(7): 47-48.
- [7] 李显耀. 微卫星标记在蛋鸡品系鉴定中的应用研究 [D]. 北京: 中国农业大学, 2003.
- Li X Y. Application of microsatellite markers in identification of laying hens [D]. Beijing: China Agricultural University, 2003.
- [8] 张丽娟, 张保军, 杨长锁, 等. 10 个微卫星位点在白壳蛋鸡品系鉴定中的应用研究 [C]//全国动物生物技术学术研讨, 2004.
- Zhang L J, Zhang B J, Yang C S, et al. Application of 10 microsatellite loci in the identification of white-shell chickens [C]//National Symposium on Animal Biotechnology, 2004.
- [9] Sambrook J, Russell D W, Molecular cloning: a laboratory manual [M]. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- [10] 张燕, 方琪, 陈兴勇, 等. 利用微卫星标记分析 4 个番鸭品系的遗传多样性 [J]. 浙江农业科学, 2015, 57(4): 558-570.
- Zhang Y, Fang Q, Chen X Y, et al. Analysis of genetic diversity of four muscovy duck strains using microsatellite markers [J]. Zhejiang Agricultural Sciences, 2015, 57(4): 558-570.
- [11] 张扬, 朱振, 黄种彬, 等. 福建省 5 个地方鸭品种的遗传多样性分析 [J]. 中国畜牧志, 2013, 49(23): 18-22.
- Zhang Y, Zhu Z, Huang Z B, et al. Genetic diversity analysis of five local duck breeds in Fujian Province [J]. Chinese Journal of Animal Science, 2013, 49(23): 18-22.
- [12] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. Am J Hum Genet, 1980, 32: 313-331.
- [13] Mathur P K, Ponsuksili S, Groen A F, Horet P estimation of genetic variability within and between population using DNA fingerprints [C]. Proc 5th World Conger Genet ApplLivest Prod, 1994, 21: 528-532.
- [14] 张剑, 初芹, 张尧, 等. 利用微卫星标记分析北京油鸡遗传多样性的研究 [J]. 中国家禽, 2014, 37(7): 47-49.
- Zhang J, Chu Q, Zhang Y, et al. Analysis of genetic diversity of Beijing oil chicken using microsatellite markers [J]. China National Poultry, 2014, 37(7): 47-49.
- [15] 郭军. 西瓜种质资源的遗传亲缘关系与品种的分析鉴定研究 [D]. 杭州: 浙江大学, 2001.
- Guo J. Genetic relationship of watermelon germplasm resources and analysis and identification of varieties [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2001.
- [16] Nei M. Genetic distance between populations [J]. American Naturalist, 1972, 107(949): 283-292.
- [17] 《中国家畜家禽品种志》编委会《中国猪品种志》编写组. 中国猪品种志 [M]. 上海: 上海科学出版社, 1987: 3-4.
- "China's livestock and poultry breeds" editorial board "Chinese pig breeds" writing group. Chinese pig breed quality [M]. Shanghai: Shanghai Science Press, 1987: 3-4.