

9 个山羊品种微卫星 DNA 遗传多样性分析

贾小姣, 陈亚乐, 王诗佳, 卢振涛, 张苍龙, 张子军, 任春环*

(安徽农业大学动物科技学院, 合肥 230036)

摘要: 为了研究湘东黑山羊、川东白山羊、云岭山羊、板角山羊、黄淮山羊、圭山山羊、贵州白山羊、安徽白山羊和波尔山羊 9 个山羊品种的遗传多样性, 利用微卫星标记技术检测了 4 个微卫星座位 (OarAE101、OarHH55、BM1329、BM143) 的多态性。结果表明, 9 个山羊品种的 4 个微卫星座位中共检测到 53 个等位基因, 9 个山羊品种的期望杂合度 (He) 和观察杂合度 (Ho) 均在 0.850 以上, 属于高杂合群体; 9 个山羊品种 4 个微卫星座位的 PIC 均值在 0.820 以上, 属于高度多态微卫星 DNA 座位, 可提供大量的遗传信息, 具有遗传多样性评价优势, 其中 PIC 值最高的是圭山山羊 (PIC=0.857); 主成分分析与 UPGMA 聚类分析结果显示贵州白山羊、云岭山羊与圭山山羊亲缘关系较近, 川东白山羊与板角山羊亲缘关系较近, 湘东黑山羊、黄淮山羊与安徽白山羊亲缘关系较近, 引入的波尔山羊自成一类, 它与其他山羊亲缘关系较远。综上, 9 个山羊品种均具有较高的遗传多样性, 其中圭山山羊的遗传多样性最丰富, 贵州白山羊遗传多样性最低; 各品种之间的亲缘关系符合不同品种的地理位置与育成史。

关键词: 山羊; 微卫星; 遗传多样性

中图分类号: S827.2

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2019)05-0779-06

Genetic diversity analysis of microsatellite DNA of nine goat breeds

JIA Xiaojiao, CHEN Yale, WANG Shijia, LU Zhentao, ZHANG Canglong, ZHANG Zijun, REN Chunhuan
(School of Animal Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036)

Abstract: In order to study the genetic diversity of 9 goat breeds including Xiangdong black goat, Chuandong white goat, Yunling goat, Banjiao goat, Huanghuai goat, Guishan goat, Guizhou white goat, Anhui white goat and Boer goat, The diversity of four microsatellite loci (OarAE101, OarH55, BM1329, BM143) was detected by microsatellite marker technique. The results showed that a total of 53 alleles were detected at 4 loci of the 9 goat breeds mentioned above, and He and Ho of the 9 goat breeds were all above 0.850, belonging to the high Heterozygote population. The average PIC of 4 microsatellite loci in 9 goat breeds was above 0.820, belonging to the highly polymorphism microsatellite DNA loci, which can provide a large amount of genetic information and has the advantage of genetic diversity evaluation. The PIC with the highest value is Guishan goat (PIC=0.857). In addition, the results of principal component analysis and UPGMA cluster analysis showed that Guizhou white goat, Yunling goat and Guishan goat were closely related, Chuandong white goat and Banjiao goat were closer, Xiangdong black goat, Huanghuai goat and Anhui white goat were closer. The introduced Boer goat belonged to a group, and it was far from other goats. In summary, The genetic diversity of the 9 goat breeds was higher, among which the genetic diversity of Guishan goat was the most abundant and the genetic diversity of Guizhou white goat was the lowest; the genetic relationship between the goat breeds was consistent with the geographical distribution of the goat breeds and the breeding history of the breeds.

Key words: goat; microsatellite; genetic diversity

微卫星 (microsatellite), 又称为简单序列重复 (simple sequence repeat, SSR) 或短串联重复序列 (short tandem repeats, STR), 主要指存在于真核生物基因组中并随机分布于染色体和内含子编码区

收稿日期: 2019-03-19

基金项目: 国家重点研发计划 (2018YFD0502001) 和国家重点研发计划 (2018YFD0502005) 共同资助。

作者简介: 贾小姣, 硕士研究生。E-mail: 2225781229@qq.com

* 通信作者: 任春环, 高级实验师。E-mail: renchunhuan@126.com

域的以少数几个(1~10个)核苷酸为核心单位的高度重复序列^[1-2]。微卫星遗传标记存在多态性高、一致性强、选择压力小和共显性的优点,因此,在测量品种遗传多样性、估计物种间的遗传距离和构建系统发育树等方面具有较高的应用价值。微卫星高度多态性以核心序列重复数的差异为基础且大量存在于基因组中,呈共显性遗传的特点,是研究遗传多样性和群体遗传结构的有效工具^[3-6]。

山羊产羔性状是由多基因控制的数量性状,属于低遗传力(0.09~0.14)的区域性状^[7]。传统选育技术很难在短时间内迅速提高该类性状的遗传进度,而分子标记辅助选择则为改进山羊产羔数性状提供了新的思路。因此,筛选与繁殖性状基因座高度连锁的标记位点为实现山羊产羔数分子标记辅助选择提供了可能。目前,研究者已在国内外的一些绵羊品种研究中发现了与绵羊产羔数直接相关的部分主效基因包括 BMPR1B、GDF9 和 BMP15 等基因^[8-16]。其中, BMPR1B 基因的 FecB 突变主要通过微卫星 OarAE101、OarHH55、BM1329 和 BM143 等座位进行定位^[17-19],并且 OarAE101 微卫星标记已被应用到标记辅助选择中,对提高绵羊多胎性具

有实际意义^[20]。本研究选择9个山羊品种(湘东黑山羊、川东白山羊、云岭山羊、板角山羊、黄淮山羊、圭山山羊、贵州白山羊、波尔山羊和安徽白山羊),利用已在绵羊上被证明与控制产羔数主效基因 FecB 存在连锁遗传的 OarAE101、OarHH55、BM1329 和 BM143 座位为检测对象,分析目标微卫星位点在所选山羊群体中的多态性分布,并评估其遗传多样性和群体遗传结构,为选育山羊高产羔数性状提供分子遗传基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

研究共采集8个地方山羊品种(湘东黑山羊、川东白山羊、云岭山羊、板角山羊、黄淮山羊、圭山山羊、贵州白山羊、安徽白山羊)和1个引入山羊品种(波尔山羊)血样235份,各样本来源及数量详见表1。颈静脉采集血液(5 mL·只⁻¹)至含有抗凝剂的采样管中,并做标记,带入实验室后-20℃冰箱保存,待所有样本血液采集结束后,利用血液基因组DNA提取试剂盒(北京天根生物有限公司)提取DNA,TE缓冲液稀释后备存于4℃冰箱。

表1 试验山羊群体基本信息

Table 1 The basic information of experimental goat population

代码 Code	品种 Breed name	来源 Locality	数量 Sample size/只
X	湘东黑山羊	湖南长沙	24
C	川东白山羊	重庆云阳	24
Y	云岭山羊	云南寻甸	24
BJ	板角山羊	重庆巫溪	25
H	黄淮山羊	河南沈丘	21
G	圭山山羊	云南石林	24
GB	贵州白山羊	贵州贵阳	24
AB	安徽白山羊	安徽肥东	24
B	波尔山羊	云南寻甸	45

表2 4个微卫星引物序列及退火温度

Table 2 Sequence and annealing temperature of four microsatellite makers

基因座 Loci	引物序列 (5'→3')	登录号 Accession no.	退火温度/℃ Tm
OarAE101	F:TTCTTATAGATGCACTCAAGCTAGC	L13692	62
	R:TAAGAAATATATTTGAAAAACTGTATCTCCC		
BM1329	F:TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC	G18422 (AF394444)	63
	R:AACACCCGCAGCTTCATCC		
OarHH55	F:GTTATTCCATATCTTTCTCCATCATAAGC	L13693	58
	R:CCACACAGACAACTAAAACCCAGC		
BM143	F:ACCTGGGAAGCCTCCATATC	G18387 (AF394448)	61
	R:CTGCAGGCAGATTCTTTATCC		

1.2 引物、PCR扩增及多态性检测

本试验选择在绵羊上已被证明的与产羔数相关

的主效基因 FecB 存在连锁遗传的 OarAE101、OarHH55、BM1329 和 BM143 共4个座位为检测对

象,这 4 个微卫星座位信息均来自 GenBank 数据库,引物信息详见表 2。

PCR 扩增体系为 25.0 μL , 其中 10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的上、下游引物各 0.5 μL , Hotstart Taq Master Mix (包含 Taq DNA 聚合酶、dNTPs、 MgCl_2 、反应缓冲液、PCR 反应的增强剂和优化剂以及稳定剂,浓度为 2 \times ,北京天根生物有限公司) 10 μL , DNA 模板 1.0 μL , 去离子水 13 μL 。反应程序为 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min, 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 退火温度 61 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 扩增 30 个循环, 72 $^{\circ}\text{C}$ 继续延伸 10 min, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物。取 7 μL PCR 反应产物于 12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳后判型并记录结果数据。

1.3 数据统计与分析

本试验利用凝胶分析软件 GEIQUANT 获得等位基因的片段大小, 再通过 Excel Microsatellite

Toolkit V3.1 软件分析获得 9 个品种的平均等位基因数 (MAN)、期望杂合度 (H_e)、观测杂合度 (H_o) 和多态信息含量 (PIC) 等^[3]。利用 R 3.2.1 (<https://cran.r-project.org/bin/windows/base>) 对群体间遗传分化的主成分进行分析, 并用聚类分析软件 NTSYSpc2.1 分析产生 9 个山羊品种间的系统发育树。

2 结果与分析

2.1 电泳图谱

通过 PCR 扩增 4 个微卫星座位, 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物。图 1 所示代表不同山羊品种的 FecB 基因微卫星 BM1329 座位 PCR 扩增产物琼脂糖凝胶电泳检测结果。12% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分析 PCR 产物, 部分检测结果见图 2 和图 3。

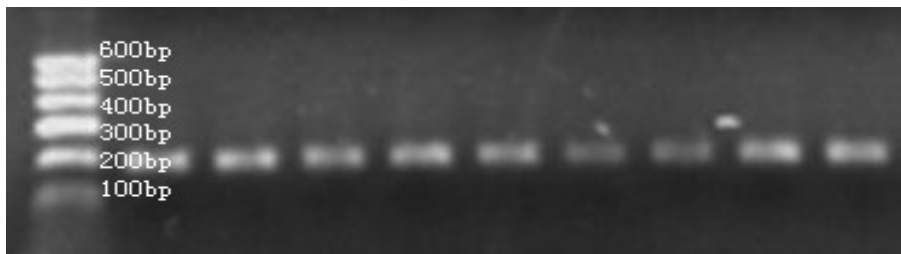


图 1 微卫星 BM1329 的 PCR 产物检测

Figure 1 The detection of microsatellite BM1329 DNA fragment after PCR

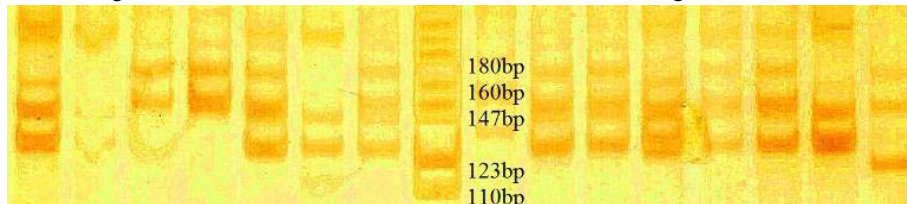


图 2 微卫星 OarHH55 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳图

Figure 2 The PAGE of microsatellite OarHH55

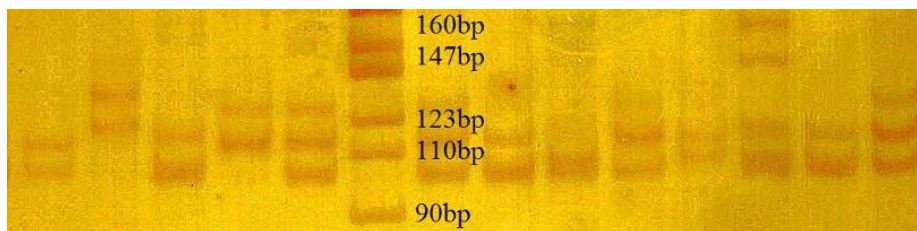


图 3 微卫星 OarAE101 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳图

Figure 3 The PAGE of microsatellite OarAE101

2.2 等位基因分布

9 个品种的 4 个座位等位基因信息详见表 3。从表 3 看出, 在 BM143 座位检测到的等位基因数最多, 达到 20 个, 9 个品种的 4 个座位共发现 53 个等位基因, 4 个座位的平均等位基因数达 13.3。对于相同的微卫星位点, 不同品种基因分布的等位基因数之

间有差异, 如在 OarHH55 座位上, 波尔山羊、安徽白山羊、圭山山羊、湘东黑山羊、板角山羊、川东白山羊、贵州白山羊、云岭山羊、黄淮山羊检测到的等位基因数分别为 10、9、9、7、9、10、8、9、9。

2.3 品种内的遗传变异检测

2.3.1 观测杂合度和期望杂合度 表 4 显示了 9 个

山羊品种中目标微卫星座位的期望杂合度 (He) 和观测杂合度 (Ho) 结果, 就座位而言, 每个微卫星座位点的平均 Ho 和 He 在 0.800 以上, OarHH55 座位的 He 均值最高 (0.857), OarAE101 座位的 Ho 均

值最高 (0.986); 就品种而言, 9 个山羊品种的 Ho 和 He 均在 0.750 以上, 圭山山羊 He (0.821) 和 Ho (1.000) 最高, 属于高度杂合子群体; 波尔山羊 BM143 座位的 He (0.857) 和 Ho (0.890) 最高。

表 3 9 个品种中 4 个位点的等位基因数

Table 3 The alleles of microsatellite makers of the 9 goat populations with 4 microsatellite loci

座位 Loci	品种 Breed									等位基因数 Number of alleles
	B	AB	G	X	BJ	C	GB	Y	H	
OarHH55	10	9	9	7	9	10	8	9	9	11
BM143	14	12	10	10	8	10	8	9	9	20
BM1329	6	8	8	8	10	6	6	9	8	11
OarE101	9	5	8	6	7	8	5	7	8	11

表 4 9 个山羊品种在 4 个微卫星位点上的遗传变异参数

Table 3 The genetic variation parameters of the 9 goat populations with 4 microsatellite loci

位点 Loci	遗传指标 genetic variation parameter	B	AB	G	X	BJ	C	GB	Y	H	Mean
		OarHH55	PIC	0.837	0.861	0.840	0.767	0.838	0.848	0.815	
	He	0.862	0.893	0.875	0.815	0.873	0.881	0.853	0.856	0.808	0.857
	Ho	1.000	0.958	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.958	0.857	0.975
BM143	PIC	0.901	0.811	0.789	0.859	0.763	0.807	0.773	0.855	0.849	0.823
	He	0.918	0.843	0.826	0.890	0.802	0.842	0.819	0.887	0.885	0.857
	Ho	1.000	0.750	1.000	1.000	0.480	0.875	1.000	1.000	0.905	0.890
BM1329	PIC	0.713	0.834	0.835	0.821	0.834	0.746	0.757	0.841	0.846	0.803
	He	0.757	0.870	0.871	0.858	0.868	0.796	0.806	0.876	0.883	0.843
	Ho	0.511	0.958	1.000	0.917	0.680	0.833	0.792	0.833	0.952	0.831
oarE101	PIC	0.821	0.619	0.819	0.714	0.762	0.816	0.721	0.760	0.757	0.754
	He	0.849	0.688	0.856	0.767	0.807	0.855	0.777	0.804	0.804	0.801
	Ho	0.956	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.917	1.000	0.986
Mean	PIC	0.847	0.823	0.857	0.832	0.838	0.844	0.814	0.856	0.845	0.839
	He	0.818	0.781	0.821	0.790	0.799	0.804	0.767	0.819	0.805	0.800
	Ho	0.867	0.917	1.000	0.979	0.790	0.927	0.948	0.927	0.929	0.920

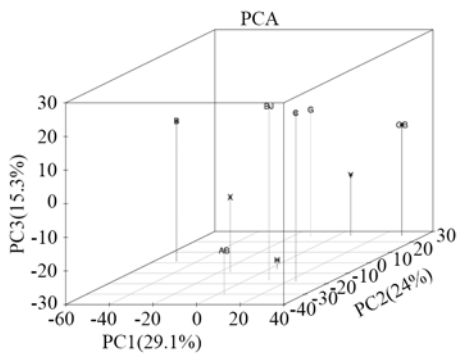


图 4 主成分分析

Figure 4 Principal components analysis

2.3.2 多态信息含量 (PIC) 从表 4 可以看出, 对于微卫星座位来说, 4 个微卫星座位平均 PIC 值为 0.750~0.850, 表现为高度多态, BM143 座位的 PIC 均值最大 (0.823)。4 个微卫星标记呈较强

的多态性, 能够提供大量的遗传信息, 可作为有效的分子标记用于群体多样性分析。就品种而言, 9 个山羊品种 PIC 值在 0.820~0.860 之间, 说明各山羊品种的遗传多样性较高, 其中 PIC 值最高的是圭山山羊 (0.857)。

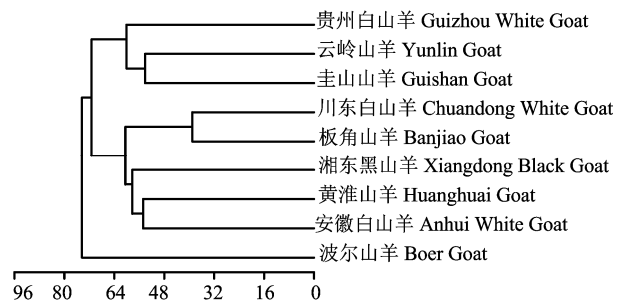


图 5 9 个山羊品种 UPGMA 聚类分析

Figure 5 The phylogenetic tree that constructed by UPGMA method of 6 meat goat populations

2.4 群体间遗传关系

主成分分析 (principal components analysis; PCA) 是揭示群体间遗传分化程度和遗传关系的一种聚类方法, 研究群体间在多个标记座位上的差异性。应用 R 3.2.1 (<https://cran.r-project.org/bin/windows/base>), 基于等位基因频率对 9 个山羊群体进行主成分分析, 前 3 个主成分的比重分别是 29.1%、24%、15.3%, 累积贡献率达到 68.4%, 由主成分 PC1-PC2-PC3 的三维空间分析结果可看出 (图 4), 贵州白山羊、云岭山羊与圭山山羊空间坐标距离都较近, 说明这三个群体具有相似的主要成分, 川东白山羊与板角山羊空间坐标距离较近, 表明具有相似的主要成分, 湘东黑山羊、黄淮山羊与安徽白山羊也表现为具有相近的主要成分, 波尔山羊在三维空间坐标中远离 8 个地方山羊品种, 这个引入山羊品种与其他 8 个山羊在主成分上具有较大的差异。通过 UPGMA 聚类分析得到聚类图 (图 5) 与主成分分析结果基本一致。

3 讨论与结论

3.1 山羊群体内遗传多样性

微卫星作为一种分子遗传标记, 具有数量多且均匀分布在大多数真核及少数原核生物的基因组中、丰富的多态性、易于检测、具有保守性、等显性遗传等突出优点^[1-3]。同一个微卫星座位检测到的等位基因数越多, 说明遗传多态性越丰富。在山羊遗传多样性的研究方面, 潘建文等利用 8 个微卫星座位, 对 11 个山羊群体进行遗传多样性检测, 共检测到 69 个等位基因, 平均每个座位为 8.60 个^[21]。本研究在 9 个山羊品种的 4 个座位上共检测到 53 个等位基因, 平均每个座位等位基因数 13.25 个, 最多的为 BM143 (20 个), 4 个微卫星座位都显示出高度多态, 可作为有效的分子标记分析群体遗传多样性。

3.2 群体内遗传变异参数

多肽信息含量 (PIC) 是群体内遗传变异的某种测度, 可显示较好的多态性, 主要用来显示微卫星位点变异。Botstein 等人提出了一种多肽信息含量指标衡量基因变异程度: 当 $PIC > 0.5$, 该位点是一个高度多态性位点; 当 $0.25 < PIC < 0.5$ 时, 它是一个中度多态性位点; 当 $PIC < 0.25$ 时, 它是一个低度多态性位点。张爱玲等利用微卫星标记技术分析了 6 个地方山羊品种的遗传多样性, 发现 19 个位点的 PIC 为 0.685 90~0.708 32, 属于高度多态位点^[22]。张娜娜等通过 9 个微卫星标记对太行黑山羊

进行遗传多样性检测, 共得到 69 个等位基因, PIC 均为 0.67, 平均杂合度为 0.81^[23]。本研究检测到 4 个微卫星座位平均 PIC 值在 0.750~0.850 之间, 各微卫星座位的 H_o 、 H_e 均值在 0.800 以上。由此表明, 本试验中的各标记均都存在较强的多态性, 能够在山羊遗传多样性检测中使用。

本研究中, 9 个山羊品种的多态信息含量 (PIC) 值在 0.820~0.860 之间, 表现为高度多态, 其中圭山山羊 PIC 值 (0.857) 最高, 各山羊品种群体 H_e 、 H_o 均在 0.850 以上。陈李鹏等利用 6 个位点研究了我国 6 个绵羊品种的遗传多样性, 所得平均杂合度 0.599~0.691, 平均多态信息含量 0.609~0.680, 表现为高度多态^[24]。赵艳红等利用 30 个微卫星座位, 对中国 6 个群体山羊的遗传多样性进行了分析, 发现各群体的平均杂合度 (H_e) 为 0.367~0.467, 平均多态信息含量 (PIC) 为 0.533~0.639^[25]。与其他学者发现的结果相比, 此试验选择的 9 个品种具有较强的遗传多样性。

3.3 山羊群体间的遗传关系

主成分分析是用来聚类分析的另外一种方法, 揭示了群体间在多个标记座位上的差异性, 反映了群体间遗传分化程度和遗传关系, 能将大量变异数据转变为少量变异数据, 前提是前 3 种主要成份至少包括大量变异数据的 60% 以上, 否则, 不能进行主成分分析^[26], 首要的成分即 PC1 尽可能包含较多的变异数据, 接下来的成分 (PC2, PC3 等) 也要尽可能地包含所剩余的大量变异数据。第一、二主成分占总变异的程度对主成分分析有较大影响, 其占总变异的趋势越大, 主成分分析越能准确地反映群体间的关系。本研究经过主成分分析, 发现贵州白山羊、云岭山羊与圭山山羊坐标距离都较近, 说明这三个群体具有相似的主要成分, 川东白山羊与板角山羊坐标距离较近, 表明具有相似的主要成分, 湘东黑山羊、黄淮山羊与安徽白山羊也表现为具有相近的主要成分, 波尔山羊在主成分坐标系中远离 8 个地方山羊品种, 这个引入山羊品种与其他 8 个山羊在主成分上具有较大的差异, 此结果与 UPGMA 聚类法分析结果一致。贵州白山羊、云岭山羊与圭山山羊大部分存在于云贵高原, 川东白山羊、板角山羊则大部分存在于四川盆地, 大巴山南麓也有分布, 湘东黑山羊、黄淮山羊、安徽白山羊则在长江中下游和黄淮平原地区分布广泛, 此结果符合不同山羊品种的地理位置与育成史。刘益平等^[27]在研究中国部分山羊的线粒体 DNA D-loop 序列遗传多样性时, 经聚类分析发现川东白山羊与板角山羊先聚在

一块, 再与贵州白山羊聚在一块, 这与本研究结论相同。凌英会等^[28]利用聚类分析 9 个山羊品种, 研究表明, 9 个山羊品种有一定的差异, 其中波尔山羊与另外 8 个品种差异显著, 8 个地方山羊品种形成了 2 个方向, 与本试验相符。

本研究利用 4 个微卫星座位分析了 9 个山羊品种的遗传多样性, 4 个微卫星座位均表现出高度多态性, 可作为有效的分子标记用于群体多样性分析。平均多态信息含量和杂合度等遗传参数表明 9 个山羊品种均具有丰富的遗传多样性。研究发现, 贵州白山羊、云岭山羊与圭山羊具有较强的亲缘性, 川东白山羊与板角山羊亲缘关系较近, 湘东黑山羊、黄淮山羊与安徽白山羊亲缘关系较近, 波尔山羊与其他山羊亲缘关系较远。这与山羊品种的地理分布和品种的育成历史相符合。

参考文献:

- [1] 李宁. 动物遗传学[M]. 北京:中国农业出版社, 2003.
- [2] 朱广琴, 王利心, 孙瑞萍, 等. 6 个微卫星基因座与西农萨能奶山羊产羔数相关性的研究[J]. 中国农业大学学报, 2008, 13(3): 63-69.
- [3] 张子军, 凌英会, 任春环, 等. 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[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2013, 41(8): 31-37.
- [4] 张扬, 陈阳, 朱振, 等. 我国 6 个地方鸭种的群体结构分析[J]. 中国畜牧杂志, 2014, 50(1): 1-5.
- [5] TAKAHASHI H, NIRASAWA K, NAGAMINE Y, et al. Brief communication. Genetic relationships among Japanese native breeds of chicken based on microsatellite DNA polymorphisms[J]. J Hered, 1998, 89(6): 543-546.
- [6] 郭立平, 徐丽, 朱淼, 等. 西门塔尔牛微卫星亲子鉴定体系的优化[J]. 畜牧兽医学报, 2013, 44(6): 871-879.
- [7] ZHANG C Y, CHEN S L, LI X, et al. Genetic and phenotypic parameter estimates for reproduction traits in the Boer dam[J]. Livest Sci, 2009, 125(1): 60-65.
- [8] 马晓丽, 刘开东, 程明, 等. BMPR-IB、BMP15 和 GDF9 基因多态性与崂山奶山羊产羔数的相关研究[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2014(1): 55-57.
- [9] MULSANT P, LECERF F, FABRE S, et al. Mutation in bone morphogenetic protein receptor-IB is associated with increased ovulation rate in Booroola Merino ewes[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2001, 98(9): 5104-5109.
- [10] CHU M X, LIU Z H, JIAO C L, et al. Mutations in BMPR-IB and BMP-15 genes are associated with litter size in Small Tailed Han sheep (*Ovis aries*)1[J]. J Animal Sci, 2007, 85(3): 598-603.
- [11] 储明星, 狄冉, 叶素成, 等. 绵羊多胎主效基因 Fec-B 分子检测方法的建立与应用[J]. 农业生物技术学报, 2009, 17(1): 52-58.
- [12] VÅGE D I, HUSDAL M, KENT M P, et al. A missense mutation in growth differentiation factor 9 (GDF9) is strongly associated with litter size in sheep[J]. BMC Genet, 2013, 14(1): 1.
- [13] SILVA B D M, CASTRO E A, SOUZA C J H, et al. A new polymorphism in the Growth and Differentiation Factor 9 (GDF9) gene is associated with increased ovulation rate and prolificacy in homozygous sheep[J]. Animal Genet, 2011, 42(1): 89-92.
- [14] MARTINEZ-ROYO A, JURADO J J, SMULDERS J P, et al. A deletion in the bone morphogenetic protein 15 gene causes sterility and increased prolificacy in Rasa Aragonesa sheep[J]. Animal Genet, 2008, 39(3): 294-297.
- [15] MONTEAGUDO L V, PONZ R, TEJEDOR M T, et al. A 17bp deletion in the bone morphogenetic protein 15 (BMP15) gene is associated to increased prolificacy in the rasa aragonesa sheep breed[J]. Animal Reproduction Sci, 2009, 110(1/2): 139-146.
- [16] DEMARS J, FABRE S, SARRY J, et al. Genome-wide association studies identify two novel BMP15 mutations responsible for an atypical hyper prolificacy phenotype in sheep[J]. PLoS Genet, 2013, 9(4): e1003482.
- [17] MONTGOMERY G W, CRAWFORD A M, PENTY J M, et al. The ovine Booroola fecundity gene (FecB) is linked to markers from a region of human chromosome 4q[J]. Nat Genet, 1993, 4(4): 410-414.
- [18] MONTGOMERY G W, LORD E A, PENTY J M, et al. The booroola fecundity (FecB) gene maps to sheep chromosome 6[J]. Genomics, 1994, 22(1): 148-153.
- [19] LORD E A, DAVIS G H, DODDS K G, et al. Identification of Booroola carriers using microsatellite markers[J]. Wool Tech Sheep Bree, 1998, 46(3):249-254.
- [20] GOOTWINE E, YOSSEFI S, ZENOU A, et al. Marker assisted selection for FecB carriers in Booroola Awassi crosses[C]//Proc 6th World Cong Genet Appl Livest Prod. Armidale, Australia, 1998: 161-164.
- [21] 潘建文, 梁学武, 刘庆华, 等. 用微卫星标记分析福建地方山羊品种及波尔山羊的遗传多样性[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2009, 38(2): 144-149.
- [22] 张爱玲, 马月辉, 李宏滨, 等. 利用微卫星标记分析 6 个山羊品种遗传多样性[J]. 农业生物技术学报, 2006, 14(1): 38-44.
- [23] 张娜娜, 王玉琴, 王清义, 等. 9 个微卫星基因座在太行黑山羊中的遗传多样性研究[J]. 中国畜牧杂志, 2012, 48(3): 18-21.
- [24] 陈李鹏, 黄勇富, 赵永聚, 等. 采用 6 个微卫星位点研究 6 个绵羊品种遗传多样性[J]. 生物技术通报, 2016(5): 91-98.
- [25] 赵艳红, 何晓红, 关伟军, 等. 中国 6 个山羊群体微卫星标记的遗传多样性分析[J]. 畜牧兽医学报, 2007, 38(1): 20-24.
- [26] 成述儒, 王欣荣, 曾玉峰. 甘肃境内 6 个牦牛群体微卫星标记遗传多样性及遗传结构分析[J]. 农业生物技术学报, 2012, 20(12): 1424-1432.
- [27] 刘益平, 曹少先, 傅泽红, 等. 中国部分山羊品种线粒体 DNAD-loop 序列遗传多样性分析[J]. 畜牧兽医学报, 2007, 38(4): 313-320.
- [28] 凌英会, 张晓东, 丁建平, 等. 运用荧光标记微卫星分析 6 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.