

贵州地方山羊品种的 RAPD 分析

陈祥¹, 廖正录², 李国红³, 张芸², 简承松¹, 魏泓^{4,*}, 李虹⁵

- (1. 贵州大学动物科学学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州省农业厅畜禽品种改良站, 贵州 贵阳 550001;
3. 贵州师范大学生物系, 贵州 贵阳 550001; 4. 第三军医大学实验动物中心, 重庆 400038;
5. 贵州省水城县畜牧局, 水城 553000)

摘要: 用 180 条引物对黔东南小香羊、贵州白山羊、贵州黑山羊和黔北麻羊 4 个贵州地方山羊品种 (种群), 以及南江黄羊和波尔山羊进行 RAPD 分析, 其中 27 条引物扩增出多态性图谱。这 27 条引物共扩增出 281 条带, 多态带为 115 条, 平均多态频率为 40.92% (范围 20% ~ 80%); 每条引物平均扩增条带为 10.41 条 (范围 4 ~ 16 条); 扩增带分子量在 210 ~ 2 800 bp。贵州白山羊与贵州黑山羊之间的遗传距离指数 (0.0605) 最小, 而波尔山羊与其他品种之间的遗传距离指数 (0.1059 ~ 0.1488) 最大。NJ 法聚类结果显示, 贵州白山羊与贵州黑山羊间的亲缘关系最近, 其次为黔北麻羊, 而黔东南小香羊与其他 3 个贵州地方品种的亲缘关系较南江黄羊还远。分析表明, 黔东南小香羊在遗传上为一独立的品种; 而贵州地方山羊品种间具有较近的亲缘关系, 遗传变异较小, 具有较高的遗传稳定性。

关键词: 贵州地方山羊; RAPD; 遗传多样性; 亲缘关系

中图分类号: Q959.842; Q953.5 文献标识码: A 文章编号: 0254 - 5853(2004)02 - 0141 - 06

RAPD Analysis on Guizhou Native Goat Breeds

CHEN Xiang¹, LIAO Zheng-lu², LI Guo-hong³, Zhang Yun²,
JIAN Cheng-song¹, WEI Hong^{4,*}, LI Hong⁵

- (1. College of Animal Science, Guizhou University, Guiyang 550025, China;
2. Guizhou Provincial Livestock Bureau, Guiyang 550001, China;
3. Department of Biology, Guizhou Normal University, Guiyang 550001, China;
4. Laboratory Animal Center, Third Military Medicinal University, Chongqing 400038, China;
5. Livestock Bureau of Shuicheng County, Shuicheng, Guizhou 553000, China)

Abstract: We used 180 primers in RAPD analysis of Guizhou native goats (the small-xiang goat, Guizhou white goat, Guizhou black goat and Qianbei-pockmarked goat), Nanjiang brown goats and Boer goats. Of the primers, 27 amplified polymorphic patterns, including 281 bands. Of the bands, 115 were polymorphic and their frequency was 40.92% on average (range 20% - 80%). Each of the 27 primers had 10.41 bands on average (range 4 - 16), and the fragment length of products was 210 - 2 800 bp. Genetic distance index appeared the lowest between the Guizhou black goat and Guizhou white goat (0.0605), and the highest between the Boer goat and the other goats (0.1059 - 0.1488). NJ tree indicated that the Guizhou white goat was closely related to the Guizhou black goat, and the next was the Qianbei-pockmarked goat; the small-xiang goat was farther from the other Guizhou native goats than Nanjiang brown goat from. The results analysis suggest that the small-xiang goat is a independent breed on genetics, and Guizhou native goat breeds have the close genetic relationship, low genetic variability and high genetic stability.

Key words: Guizhou native goat; RAPD; Genetic diversity; Relative relationship

随机扩增多态 DNA (random amplified polymorphic DNA, RAPD) 方法可以在事先对研究对象的

* 收稿日期: 2003 - 11 - 10; 接受日期: 2004 - 01 - 08

基金项目: 贵州大学校基金 (2000); 贵州省科学技术基金 [黔合计字 (2002) 305 号]; 国家自然科学基金资助项目 (30070120)

* 通讯作者 (Corresponding author), Tel: 028 - 68752053, E-mail: weihong@mail.tmmu.com.cn

遗传背景知识没有了解的情况下进行,目前在农业、畜牧业等领域中被广泛应用于品种(系)或种群间亲缘关系的研究(Ren et al, 2001),以及品种的鉴定(Bailey & Lear, 1994)等。

贵州山羊品种丰富,有贵州白山羊、贵州黑山羊、黔北麻羊和近年来发现的新的地方品种黔东南小香羊。这些品种具有可常年放牧、适应性强、繁殖力高、育肥性能好、肉质好、板皮质优等特点,在我国山羊品种资源中占有重要的地位(Chen, 1993)。尤其是黔东南小香羊具有成熟早、生长发育快、抗病力强、个体小等特点,更以肉质鲜嫩可口、膻味轻而著称,是山羊肉产品之上品。我们已进行过有关贵州山羊 mtDNA RFLP 的研究工作(Jia et al, 1999; Jian et al, 1999),本文旨在原来工作的基础上,应用 RAPD 技术,对黔东南小香羊及贵州其他山羊品种并以南江黄羊、波尔山羊为对照,进行各品种(种群)的核基因组研究,以揭示贵州地方山羊品种的遗传变异和亲缘关系,同时为亟待进行品种认定命名的黔东南小香羊提供更多的遗传学证据;据此,还提出了贵州地方山羊品种保种和开发利用的途径。

1 材料和方法

1.1 实验用羊血样来源

贵州黑山羊 39 头血样采自贵州省水城县,贵州白山羊 39 头血样采自贵州省桐梓县,黔北麻羊 36 头血样采自贵州省习水县,小香羊 30 头血样采自贵州省榕江县,南江黄羊 30 头血样采自重庆市酉阳县,波尔山羊 15 头血样采自重庆市江北区。

1.2 DNA 的提取及池 DNA 的制备

每只羊颈静脉采血 5 mL,置 15 mL 离心管中,加 5 mL 2 × ST (含 0.64 mol/L 蔗糖,0.02 mol/L Tris-HCl pH 7.6,0.01 mol/L MgCl₂,2% Triton-100),剧烈振荡,冰浴 15 min,破碎红细胞后,离心沉淀白细胞。重复 1~2 次。再加 5 mL STE (含 0.01 mol/L Tris-HCl pH 8.0,0.025 mol/L EDTA·2Na pH 8.0,0.1 mol/L NaCl),悬浮后加 250 μL 10% SDS 和 25 μL 蛋白酶 K 溶液(100 mg 蛋白酶 K/10 mL),56 °C 水浴 3 h,消化白细胞。再按常规酚、氯仿、异戊醇抽提,乙醇沉淀,TE 溶解 DNA。将每份 DNA 样品浓度稀释到 200 ng/μL,每个品种各个体的 DNA 样品等量混匀构建基因池。4 °C 保存备用。

1.3 仪器和试剂

PCR 仪型号 PTC-150,美国 MJ.RESEARCH,INC 生产。Taq DNA 聚合酶及相应的 10 × Buffer、MgCl₂、dNTP 购自 Promega 公司。DNA Marker、蛋白酶 K 购自华美生物公司。引物为美国 Operon Technologies 公司的产品。

1.4 PCR 反应及产物检测

用 180 条引物分别对 6 个种群的山羊池基因组 DNA 进行 PCR 扩增。25 μL 的 PCR 反应体系中含 10 × Buffer 2.5 μL,2.0 mmol/L MgCl₂,0.32 mmol/L dNTP,18.75 ng 引物,15 ng 基因组 DNA,2 U Taq DNA 聚合酶。扩增程序为:94 °C 预变性 3 min;接 40 个循环,包括 94 °C 变性 1 min,38 °C 退火 1 min,72 °C 延伸 2 min;然后再 72 °C 延伸 10 min。4 °C 保存。RAPD 产物用 1.5% 琼脂糖凝胶(含 0.5 μg/mL 的溴化乙锭)电泳分离,紫外线下观察拍照。

1.5 数据处理

根据各品种池基因组的 RAPD 电泳谱带构建 0、1 矩阵,采用 RAPDinstance package version 1.04 程序中的 Nei 氏公式计算品种间的遗传距离指数(D):

$$D = 1 - [2N_{XY} / (N_X + N_Y)]$$

其中 N_{XY} 是 X 个体和 Y 个体共有的片段数, N_X 是 X 个体扩增的片段总数, N_Y 是 Y 个体扩增的片段总数。

根据遗传距离采用程序中的 NJ 法构建 6 个品种的系统聚类图。

2 结果与分析

2.1 RAPD 扩增结果

用 180 条引物进行池 DNA 扩增,结果 27 条引物表现有多态(表 1),11 条引物表现为单态,142 条引物没有扩增出带。

27 条多态性引物共扩增出 281 条带,其中多态带为 115 条,平均多态频率为 40.92% (20% ~ 80%);每条引物平均扩增条带 10.41 条(4 ~ 16 条);扩增带分子量在 210 ~ 2 800 bp。多态片段在南江黄羊中的分布最高(64.34%),在波尔山羊中的最低(48.70%),在其他品种中的分布由低到高依次为:贵州白山羊 49.57%,小香羊 55.65%,黔北麻羊 62.61%,贵州黑山羊 63.48%。图 1 为引物 ABN-05 和 AB6-13 的基因组 DNA 扩增产物

表 1 6 个山羊品种的 RAPD 扩增结果
Table 1 RAPD results in six goat breeds

| 引物 Primers | 序列 5' - 3' Sequence 5'-3' | 标记数 No. of markers | 多态数 No. of polymors | 多态标记在种群中的分布 Polymorphism within populations | | | | | | 多态频率 Frequency of polymor (%) |
|-------------------------------|------------------------------|-----------------------|------------------------|--|-------|-------|-------|-------|-------|-------------------------------------|
| | | | | x | m | h | b | y | e | |
| ABN-03 | GGTACTCCCC | 15 | 3 | 1 | 2 | 1 | 3 | 3 | 0 | 20.00 |
| ABN-04 | GACCGACCCA | 9 | 4 | 3 | 1 | 3 | 1 | 2 | 3 | 44.44 |
| ABN-05 | ACTGAACGCC | 10 | 5 | 5 | 3 | 0 | 2 | 2 | 5 | 50.00 |
| ABN-09 | TGCCGGCTTG | 10 | 2 | 0 | 2 | 2 | 0 | 1 | 1 | 20.00 |
| ABN-10 | ACAACTGGGG | 13 | 5 | 4 | 4 | 4 | 3 | 2 | 1 | 38.46 |
| ABN-15 | CAGCGACTGT | 13 | 7 | 4 | 5 | 3 | 2 | 6 | 6 | 53.85 |
| ABN-20 | GGTGCTCCGT | 7 | 3 | 2 | 3 | 3 | 3 | 1 | 0 | 42.86 |
| AB3-10 | AAGCCCAGAG | 8 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | 2 | 2 | 25.00 |
| AB3-12 | GTCCCGTGGT | 12 | 4 | 2 | 3 | 2 | 0 | 2 | 0 | 33.33 |
| AB4-07 | CAGCACTGAC | 10 | 6 | 3 | 4 | 5 | 4 | 3 | 2 | 60.00 |
| AB4-10 | TCAGAGCGCC | 5 | 3 | 1 | 0 | 0 | 0 | 2 | 3 | 60.00 |
| AB4-11 | GACAGGAGGT | 8 | 3 | 3 | 0 | 3 | 2 | 1 | 2 | 37.50 |
| AB5-20 | GACCAATGCC | 13 | 3 | 3 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 | 23.08 |
| AB6-03 | ACAGCCTGCT | 14 | 6 | 3 | 5 | 5 | 5 | 6 | 1 | 42.86 |
| AB6-10 | CAAACGTGGG | 10 | 7 | 0 | 4 | 7 | 6 | 2 | 5 | 70.00 |
| AB6-11 | AGACGATGGG | 13 | 4 | 4 | 2 | 1 | 1 | 2 | 3 | 30.77 |
| AB6-13 | GGGTCTCGGT | 13 | 7 | 7 | 3 | 3 | 1 | 5 | 5 | 53.85 |
| AB7-01 | CAAAGGGCGG | 13 | 3 | 1 | 1 | 3 | 3 | 2 | 2 | 23.08 |
| AB7-02 | CTGAATFGCT | 10 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 20.00 |
| AB7-09 | TCGCTTCTCC | 7 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 4 | 0 | 57.14 |
| AB7-11 | CAATCGGGTC | 4 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 2 | 0 | 50.00 |
| AB7-19 | CTTGGCACGA | 9 | 6 | 3 | 4 | 5 | 4 | 0 | 3 | 66.67 |
| AB8-08 | AAGCCCCCA | 12 | 3 | 2 | 2 | 1 | 2 | 3 | 3 | 25.00 |
| AB8-09 | TCGCTGGTGT | 11 | 5 | 2 | 5 | 4 | 4 | 4 | 0 | 45.46 |
| AB8-10 | TCGGGGCATC | 16 | 4 | 1 | 3 | 2 | 2 | 3 | 0 | 25.00 |
| AB8-11 | ACGGCGATGA | 10 | 8 | 1 | 7 | 7 | 0 | 6 | 2 | 80.00 |
| AB8-16 | AAGGCACGAG | 6 | 4 | 0 | 0 | 0 | 0 | 4 | 3 | 66.67 |
| 总数 Total number | | 281 | 115 | 64 | 74 | 73 | 57 | 74 | 56 | |
| 多态频率 Frequency of polymor (%) | | | 40.92 | 55.65 | 62.61 | 63.48 | 49.57 | 64.34 | 48.70 | |

x：黔东南小香羊 (Small-xiang goat)；m：黔北麻羊 (Qianbei-pockmarked goat)；h：贵州黑山羊 (Guizhou black goat)；b：贵州白山羊 (Guizhou white goat)；y：南江黄羊 (Lanjiang brown goat)；e：波尔山羊 (Boer goat)

的电泳结果。

2.2 遗传距离及其聚类分析

表 2 是从 27 条多态性扩增引物结果计算出的品种间遗传距离指数，6 个品种间的平均遗传距离指数为 0.1013；其中贵州白山羊与贵州黑山羊的遗传距离 (0.0605) 最小；贵州黑山羊与黔北麻羊 (0.0783)、贵州白山羊与黔北麻羊 (0.0739) 的遗

传距离相对较小；南江黄羊与上述 3 品种间的遗传距离 (0.0796~0.0904) 相对也较小；小香羊除与南江黄羊遗传距离 (0.0883) 较小外，与黔北麻羊、贵州白山羊、贵州黑山羊之间的遗传距离 (0.0946~0.1111) 较大；波尔山羊则与所有品种间的遗传距离 (0.1059~0.1488) 最大。

图 2 为 6 个山羊品种的 NJ 聚类图。由图 2 可

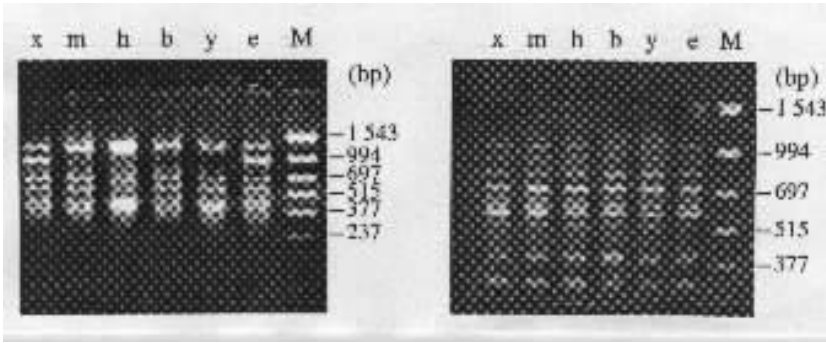


图 1 引物 ABN-05 (左) 和 AB6-13 (右) 随机扩增混合基因组 DNA 产物的电泳带结果

Fig.1 Electrophoresis patterns of RAPD products from mixed genomic DNA after random amplification with primers ABN-05 (left) and AB6-13 (right)

x, m, h, b, y, e: 同表 1 (See Table 1); M: 标准分子量 (Marker)

表 2 6 个山羊品种间的遗传距离指数

Table 2 Genetic distance indexes between six goat breeds

| | x | m | h | b | y |
|---|--------|--------|--------|--------|--------|
| m | 0.0946 | | | | |
| h | 0.1111 | 0.0739 | | | |
| b | 0.1047 | 0.0783 | 0.0605 | | |
| y | 0.0883 | 0.0796 | 0.0904 | 0.0836 | |
| e | 0.1059 | 0.1378 | 0.1370 | 0.1488 | 0.1254 |

x, m, h, b, y, e: 同表 1 (See Table 1)

以看出, 贵州白山羊与贵州黑山羊首先相聚在一起, 然后与黔北麻羊相聚, 再与南江黄羊相聚, 之后再与黔东南小香羊相聚在一起, 最后与波尔山羊相聚。

3 讨论

大量研究表明, RAPD 具有个体、种群、亚种、种等各层次水平的特异性, 且这种变异是按孟德尔方式遗传的, 因而是一类优良的遗传标记 Pan,

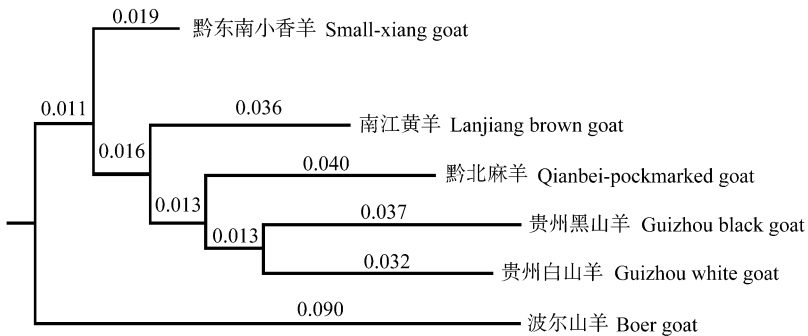


图 2 6 个山羊品种的 NJ 聚类图

Fig.2 NJ dendrogram in six goat breeds

2001) Cargill et al (1995) 利用 RAPD 标记分析了绵羊和山羊的遗传差异。Qin et al (1998) 用 21 条引物对亚东山羊、高原型山羊、吕梁山羊进行了 RAPD 分析, 并估计了类群间的遗传相似性指数。本研究从 180 条引物中筛选出 27 条多态性强、重复性好的引物对贵州 4 个山羊品种 (群) 及对照 2 个山羊品种的池基因组进行扩增, 结果能够将各品种区分开来。本结果中 6 个品种 RAPD 标记的平均

多态频率为 40.92%, 与 Li et al (2000) 对波尔山羊的报道一致; 而每条引物扩增获得的片段在 4 ~ 16 (平均 10.41) 条, 片段大小为 210 ~ 2 800 bp; 与 Yang et al (2001) 对乌羊和小香羊的报道一致, 可能是用同一套引物在同一个实验室条件下对同一物种研究的结果; 但与 Wu et al (2002) 对 5 个品系猪的研究结果不同, 显然主要是物种差异造成的。说明 RAPD 技术对核 DNA 遗传多样性的研究

具有较高的灵敏度和检出率，可作为一种有效的标记用于山羊品种之间遗传亲缘关系的分析。

6 个山羊品种中，贵州白山羊与贵州黑山羊的遗传距离最小，或者说它们的亲缘关系最近；而波尔山羊与贵州白山羊的遗传距离最大，亦即亲缘关系最远。贵州白山羊和贵州黑山羊是贵州两个主要的地方山羊品种，由于它们的地理分布较广且有交叉，基因交流机会多可能是造成它们之间亲缘关系最近的原因之一。此外，它们与黔北麻羊、南江黄羊的亲缘关系也较近，这可能与黔北麻羊的分布和南江黄羊的培育历史有关。黔北麻羊分布在贵州北部的仁怀、习水、赤水等县；而南江黄羊是贵州北部相邻的四川省近年来培育的肉用山羊品种，是由引进的四川铜羊和含努比羊基因的杂种公羊，与南江本地母羊和四川引进的金堂黑山羊，进行多品种复杂杂交育成的品种（Wang et al, 1996）。贵州北部地区与相邻的四川、重庆自古以来经济交往相对频繁，相邻两地的山羊之间可能发生基因交流；本研究结果显然与这些品种的地缘分布和培育历史有着密切关系的事实相符。

在 NJ 聚类图上，黔东南小香羊聚在南江黄羊之后，与贵州省内的 3 个山羊品种的亲缘关系较南江黄羊还远，表明黔东南小香羊应该是一个独立的品种。黔东南小香羊主要分布在贵州省黔东南的榕江、雷山等县，历史上这些地区交通闭塞，这使该品种与其他山羊发生基因交流的机会较少，长期处于闭锁繁育状态；故与上述 4 个山羊品种之间的亲缘关系相对较远。Jian et al (1999) 采用 mtDNA RFLP 方法研究发现，贵州白山羊和贵州黑山羊的亲缘关系最近，其次它们与黔北麻羊的亲缘关系较

近，而三者与黔东南小香羊的关系最远，与本研究结果完全吻合。至此，贵州山羊 4 个品种的亲缘关系无论是从核内遗传物质，还是从核外遗传物质，都得到相互印证，充分证明黔东南小香羊是一个在遗传上独立的品种。另外，Yang et al (2001) 利用 RAPD 技术，Li (2003) 利用微卫星 DNA 分析技术，分别对黔东南小香羊与分布于其相邻省区的共 7 个山羊品种（种群）的核基因组的遗传多样性做了比较，均获得相似的结果，也证明黔东南小香羊为一个独立的品种。这些研究，为黔东南小香羊的品种评价和认定工作，提供了可靠的分子生物学依据。

本研究通过与邻近地区南江黄羊及外来品种波尔山羊相对照的方法表明，贵州地方山羊品种间具有较近的亲缘关系，遗传变异较小，具有较高的遗传稳定性。这一方面反映了对这些品种长期坚持人工选择的成果，但另一方面也反映了这些品种在进一步的发展中自身存在的不足。因此，解决品种保种和开发利用的关键是在每一品种内尽量多建立一些支系，以丰富品种的遗传结构，提高其内在的发展活力。此外，也需要适当引入其他血统的基因，以迅速地扩展其遗传基础。当前贵州正引进南江黄羊及波尔山羊，以改良贵州地方山羊品种，本研究无疑为该改良工作的必要性和可行性提供了遗传学依据。

致谢：采样过程中得到了当地畜牧局的大力支持，第三军医大学实验动物中心商海涛博士和吴开平硕士在实验中提供了许多帮助，一并表示感谢。

参考文献：

- Bailey E, Lear TL. 1994. Comparison of thoroughbred and Arabian horse using RAPD markers [J]. *Animal Genetics*, **25** (suppl. 1): 105 - 108.
- Cargill SL, Andersson GB, Medrano JF. 1995. Development of a specific marker using RAPD analysis to distinguish between sheep and goats [J]. *Animal Biotechnol.*, **2** (6): 93 - 100.
- Chen YZ. 1993. Guizhou Province Poultry Variety Records [M]. Guizhou: Guizhou Science and Technology Press. [陈永泽. 1993. 贵州省畜禽品种志. 贵州: 贵州科技出版社.]
- Jia YH, Shi XW, Jian CS, Zhu WS, Zhang YP, He ZQ, Liao ZL, Yu YH, Li TQ. 1999. Mitochondrial DNA polymorphism of Guizhou goat breeds [J]. *Zool. Res.*, **20** (2): 88 - 92. [贾永红, 史宏伟, 简承松, 朱文适, 张亚平, 何正权, 廖正录, 余应准, 李通权. 1999. 贵州四个山羊品种 mtDNA 多态性及起源分化. 动物学研究, **20** (2): 88 - 92.]
- Jian CS, Zhang YP, Li TQ, Liao ZL, Shi XW, Jia YH, Zhu WS, Yu YH, He ZQ. 1999. Comparison of mtDNA polymorphism between small xiang goat of southeast region and other goat breeds in Guizhou province [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, **12** (4): 86 - 91. [简承松, 张亚平, 李通权, 廖正录, 史宏伟, 贾永红, 朱文适, 余应准, 何正权. 1999. 黔东南小香羊与贵州原有其它山羊品种的线粒体 DNA 多态性比较. 西南农业学报, **12** (4): 86 - 91.]
- Li GH. 2003. Microsatellites Markers Analysis the Genetic Diversity of Seven Goat Populations on Small-xiang Goat and so on [D]. Master's degree thesis, Guizhou University. [李国红. 2003. 利用微卫星标记分析黔东南小香羊等七个山羊品种的遗传多样性. 贵州大学硕士学位论文.]

- Li XL, Tian QY, Ma GQ, Liu JF, Feng MS, Niu YB, Sun YQ, Ma GX, Guo RM. 2000. Studies of random amplified poly morphic (RAPD) of different goat populations crossbred by Boer goat [J]. *Hereditas (Beijing)*, **22** (2): 75 - 77. [李祥龙, 田庆义, 马国强, 刘金福, 冯敏山, 牛一兵, 孙乃权, 马广星, 郭润民. 2000. 波尔山羊杂交后代及其亲本随机扩增多态 DNA 研究. *遗传*, **22** (2): 75 - 77.]
- Pan QJ. 2001. The Phylogenetic Relationship of Wulong Geese and so on Based on RAPD Analysis [D]. Ph. D. thesis, Chinese Northeast Agricultural University. [潘庆杰. 2001. 五龙鹅与其他鹅系统发育关系的 RAPD 分析. 东北农业大学博士论文.]
- Qin GQ, Chang H, Cheng GH, Li JF. 1998. RAPD and RFLP markers of Tibetan goat [J]. *Journal of Northwest Agricultural University*, **26** (1): 17 - 20. [秦国庆, 常洪, 陈国宏, 李建凡. 1998. 藏山羊 RAPD 及 RFLP 标记的初步研究. *西北农业大学学报*, **26** (1): 17 - 20.]
- Ren J, Gao J, Huang LS, Wu HH, Huang FY, Ai HS, Zhou LH, Zhong XF, Shu XF, Lin SM, Li L, Luo M. 2001. Study on population genetic relationships among Jiangxi native chicken breeds by RAPD analysis [J]. *Hereditas (Beijing)*, **23** (4): 301 - 305. [任军, 高军, 黄路生, 吾豪华, 黄峰岩, 艾华水, 周利华, 钟新福, 舒希凡, 林树茂, 李琳, 罗明. 2001. 江西省主要地方鸡种的 RAPD 分析及其群体遗传关系的研究. *遗传*, **23** (4): 301 - 305.]
- Wang WC, Jia ZG, He HZ. 1996. Studies on the meat-type new breads in Nanjiang brown goat [A]. In: Zhao YZ. *The Achievement and Progress of the Chinese Goat Raising* [M]. Beijing: Chinese Agriculture Publishing House. 17 - 20. [王维春, 贾正贵, 何焕周. 1996. 肉用型南江黄羊新品种的培育研究. 见: 赵有璋. *中国山羊业的成就和进展*. 北京: 中国农业出版社. 17 - 20.]
- Wu KP, Wu FC, Wei H, Wang AD, Gan SX, Zheng YZ. 2002. Analysis on phylogenetic relationship and selection of polymorphic primers to five breeds of pigs by RAPD of 190 arbitrary primers [J]. *Hereditas (Beijing)*, **22** (4): 217 - 220. [吴开平, 吴丰春, 魏泓, 王爱德, 甘世祥, 曾养志. 2000. 五种品系猪亲缘关系的 RAPD 分析. *遗传*, **22** (4): 217 - 220.]
- Yang JD, Jian CS, Wei H, Zhu WS, Wu KP, Yao JZ, Cai ZH. 2001. RAPD analysis to Wu goats and small xiang goats [J]. *Hereditas (Beijing)*, **23** (6): 521 - 525. [杨家大, 简承松, 魏泓, 朱文适, 吴开平, 姚家志, 蔡志华. 2001. 乌羊和小香羊的遗传分析. *遗传*, **23** (6): 521 - 525.]
- Zhang CS, Du LX. 2001. RAPD analysis technique application for sexing birds [J]. *Shandong Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, **1**: 38 - 39. [张传生, 杜立新. 2001. RAPD 技术在性别鉴定中的应用. *山东畜牧兽医*, **1**: 38 - 39.]