

茶花鸡群体遗传多样性

叶朗惠^① 苗永旺^{①②*} 霍金龙^① 魏红江^① 刘建平^③ 刘丽仙^④ 朱胜全^⑤ 陈涛^①

(① 云南农业大学动物科学技术学院 昆明 650201; ② 云南大学生物资源保护与利用国家重点实验室 昆明 650091;

③ 云南省西双版纳州畜牧兽医工作站 景洪 666100; ④ 云南农业职业技术学院畜牧兽医系 昆明 650212;

⑤ 云南省种羊场 寻甸 655205)

摘要:茶花鸡是我国具有独特遗传特性的地方家禽品种,为了进一步阐明其群体遗传变异和遗传结构状况,采用了33个家鸡特异性的微卫星标记对该鸡种自然群体中30个个体进行了多态性电泳检测。33个微卫星座位共检测到105个等位基因,所有座位都呈现出多态性,每个座位的等位基因数在2~5个之间,平均每个座位等位基因数3.20个。群体平均杂合度和平均多态信息含量分别为0.6129和0.5276。结果表明,茶花鸡自然群体遗传多样性较丰富。

关键词:微卫星标记;茶花鸡;遗传多样性;杂合度;多态信息含量

中图分类号:Q95 文献标识码:A 文章编号:0250-3263(2006)02-37-06

Genetic Diversity of Chahua Chicken Based on Microsatellite Markers

YE Lang-Hui^① MIAO Yong-Wang^{①②} HUO Jin-Long^① WEI Hong-Jiang^①
LIU Jian-Ping^③ LIU Li-Xian^④ ZHU Sheng-Quan^⑤ CHEN Tao^①

(① Faculty of Animal Science and Technology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201;

② Laboratory for Conservation and Utilization of Bio-resources, Yunnan University, Kunming 650091;

③ Xishuangbanna Animal Husbandry and Veterinary Station of Yunnan Province, Jinghong 666100;

④ Department of Animal Husbandry & Veterinary Medicine, Yunnan Agricultural Poly-technical College, Kunming 650212;

⑤ Sheep Breeding Farm of Yunnan Province, Xundian 655205, China)

Abstract: Chahua chicken is a unique Chicken Breed in China. In order to assess its genetic variability and population structure further, 33 chicken-specific microsatellite loci were analyzed for a total of 30 individuals from small remote villages by using polyacrylamide gel electrophoresis. A total of 105 alleles were detected across the 33 loci assayed. All the loci were polymorphic and the number of alleles varied from two to five, giving a mean number of 3.20 alleles per locus. The average heterozygosity and polymorphism information content of 33 microsatellite loci were 0.6129 and 0.5276, respectively. The results indicate that Chahua Chicken breed has high genetic diversity.

Key words: Microsatellite markers; Chahua Chicken; Genetic diversity; Heterozygosity; Polymorphism information content

茶花鸡是我国著名的地方鸡种,是在云南南部独特的自然和社会环境下,由原始森林里的红色原鸡(*Gallus gallus*)经长期驯化、选育而成的珍稀热带原始鸡种。该鸡主要分布于云南南部西双版纳州和思茅地区的热带雨林、季雨林植被类型及南亚热带植被类型地区,产地海拔一般在1000 m以下,气候炎热。该鸡属小

型鸡种,体型矮小细致,肌肉结实,骨骼细,体躯匀称,近似卵圆形,成年公鸡体重1.1 kg左右,

基金项目 云南省教育厅科学基金(No. 5Y0196B);

* 通讯作者, E-mail: yongwangmiao999@yahoo.com.cn;

第一作者介绍 叶朗惠,女,硕士,研究方向:分子遗传学。

收稿日期:2005-08-08,修回日期:2006-01-19

成年母鸡体重 0.8~0.9 kg。公鸡多为赤红色,母鸡羽毛除翼羽、尾羽多数是黑色外,全身是麻花色,翼羽比一般家鸡长而微下垂。雄鸡叫声似“茶花两朵”,故名茶花鸡。该鸡与当地的红色原鸡一直有基因交流,红色原鸡雄性在啼声、体型外貌等方面都与茶花鸡相似,在当地有“野茶花鸡”之称^[1]。茶花鸡具有性早熟、耐粗饲、抗病力强、肉嫩味美等特点,是非常珍贵的鸡种资源。过去,对茶花鸡遗传背景的揭示虽然已做了一些有价值的工作^[2-5],但对其群体遗传变异的研究还有必要深入。为了进一步从分子水平上阐明茶花鸡自然群体的遗传结构及其遗传多样性状况,为其有效保种和选育利用提供理论依据和遗传背景资料,我们选取了 33 个微卫星标记并利用 PCR 及非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳技术对其群体遗传变异进行了分析。

随着分子遗传学和基因组研究的进展,遗传多样性检测技术得到了突飞猛进的发展,DNA 多态标记为遗传多样性及遗传关系的检测提供了强有力的技术支持。微卫星标记是继 RFLPs 之后出现的第二代分子遗传标记,与其他分子标记相比,它具有在基因组中数量大、分布广而均匀、多态性丰富、等显性遗传以及分析方法简便、快捷等特点。因此,近年来微卫星标记被广泛应用于家养动物群体遗传多样性和遗传关系的检测研究^[3-15]。

1 材料与方法

1.1 实验材料 实验共采集了 30 只(♀:15,♂:15)茶花鸡的血液样品。实验样品均来自该鸡种产地西双版纳地区的景洪市、勐海县、勐腊县傣家村寨,并认真调查系谱,个体间避免存在血缘关系。每只鸡翅下静脉取血 2 ml,肝素钠抗凝,然后与等体积的 DNA 保存液混合,带回实验室 -20℃ 冰箱保存。

1.2 基因组 DNA 的制备 解冻样品,参照苗永旺等^[16]的方法提取基因组 DNA。提取的基因组 DNA 经琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度法双重检测其纯度及浓度,然后稀释成 25 ng/ μ l, -20℃ 冰箱保存备用。

1.3 微卫星多态检测 实验所用 33 个微卫星引物均取自 <http://iowa.thearkdb.org> 网站,由上海生工生物工程技术有限公司合成。其序列、退火温度及分布的染色体等信息见表 1。

微卫星多态性检测采用常规法进行,即先进行 PCR 扩增,再进行 PCR 产物的电泳分析。PCR 反应体系为 25 μ l,含鸡基因组模板 DNA 30~50 ng, Mg^{2+} 浓度为 1.5~2.5 mmol/L (因座位而异), $10\times$ buffer 2 μ l, dNTP 200 μ mol/L, Taq 酶 1.25 U, 引物 0.1~1.0 μ mol/L, 按各引物条件于德国 Biometra T gradient PCR 仪上进行扩增。PCR 产物先在 2% 的琼脂糖凝胶上进行 PCR 效果检测,然后取效果好的 PCR 产物 5 μ l 与 2 μ l 上样缓冲液混合后,上样于 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶上,300 V 电压下电泳 4~5 h。银染显色,凝胶成像系统照像。

1.4 数据统计及分析 利用与凝胶成像系统配套的 Labwork 4.5 软件,根据电泳结果确定每个扩增条带的长度,判断出个体的基因型,计算各微卫星座位的等位基因频率,按照 Botstein 等^[17]的公式计算多态信息含量 (polymorphism information content, PIC), Nei^[18]的公式计算某一位点的杂合度 (heterozygosity, h) 和群体平均杂合度 (heterozygosity, H)。

2 结果

2.1 PCR 扩增产物检测 利用 33 对微卫星引物进行 PCR 扩增和电泳检测,所有座位均表现出明显的多态性。图 1 为 1~14 号样品的 PCR 扩增产物 (MCW0104 座位) 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳结果。

2.2 微卫星座位的等位基因频率 33 个微卫星座位在茶花鸡中共检测到 105 个等位基因,检测的所有座位都呈现出多态性,每个座位的等位基因数在 2~5 个之间,平均每个座位的等位基因数为 3.2 个。MCW0029 座位的等位基因数最多,有 5 个;而 ADL0251、ADL0190、MCW0122 等 10 个座位等位基因数最少,各有 2 个,其他座位有 3~4 个等位基因。各座位的等位基因数及其频率见表 2。

表 1 所用引物的信息

Table 1 The information of the primers used

染色体 Chr.	座位 Locus	引物序列 Sequences of the primers	退火温度 Anneal temperature ($^{\circ}\text{C}$)	染色体 Chr.	座位 Locus	引物序列 Sequences of the primers	退火温度 Anneal temperature ($^{\circ}\text{C}$)
1	ADL0251	TTTGCTTAGGGTGATGCTG CGTGCTCCACACAGGAATGT	56	12	MCW0198	GATCTTTGCTACCATCCACTG ACCCATCTGGTGGACTATGC	57
1	ADL0188	CACCTCCAGTATTAACGTGA GTGGACACAATGAGTTCTCTC	53	13	MCW0104	TAGCACAACCTCAAGCTGTGAG AGACTTGGACAGCTGTGTACC	56
2	ADL0257	ATCTTGAACCTCACAAAGC TCTTCCAACCTATTTTTAGT	50	14	LEI0098	AAAAGACAATGCAATTGGTGC CTGCCACTGATGCTGTGACT	60
2	ADL0190	TCAGCTTTCAGGCAAAAAG AACTTGGACCACAATCTTAT	50	15	MCW0080	GAAATGGTACAGTGCAGTTGG CCGTGCATTCTTAATTGACAG	58
3	MCW0252	CTGCTCAAGCCCATCAAATGG CGATAACATCTGACACTGCC	56	17	MCW0330	TGGACCTCATCAGTCTGACAG AATGTTCTCATAGAGTTCTCTG	56
3	MCW0224	ATTACCTTTCATTAAACGCC TTCATAGACTTGAAGCAGGAC	56	18	MCW0217	GATCTTTCTGGAACAGATTTC CTGCCACTTGGTTCAGGTTCTG	56
4	MCW0122	TCCITTTGGAGCACGGAGGAAC AGATGCACAGGCAGAGCTCCA	57	19	MCW0094	GGAGCTGGTATTTGTCTTAAG GCACAGCCTTTTGACATGTAC	60
4	MCW0170	TTGTGAAACTCACAGCAGCTG TTATAGCAGGCTGGCCTGAAG	60	23	MCW0165	CAGACATGCATGCCAGATGA GATCCAGTCTGCAGGCTGC	55
4	MCW0005	ACCTCCTGTGGCAAATAAATTGC TGACTTTAGCTCCATCAGGATTCA	60	26	MCW0285	AGTTGGAGGTTATATTA CGGG TATGACATAATCCACGCTGAG	58
4	MCW0240	CAAAACCGGTGTACCTACTG GGTTATTTCTTCAGTGACTTCC	58	27	MCW0328	ATGGAAAACAGATGGAGCTGGC CTCCAATCCCAGGCTCCAAC	57
5	MCW0029	CATGCAATTCAGGACCGTGCA GTGGACACCCATTTGTACCCATG	56	28	ADL0284	CAGAGTTCATCCGCCACTGC CCTCCCCACTAACATTGGAA	60
6	MCW0176	AAAGAGAAGTATAAAACATGCC TCCATTCCTGGCAGTGCATAG	58	Z	LEI0075	CTATGCTATCATTGAAAACACAGC ATCCAGTGCCTGTCTGGTCTGAG	58
7	MCW0120	CTATGTAAGCTTGAATCTTCA ATTCCTGGGTGCTAAATTTACC	54	Z	MCW0294	ACTGAACAGAAAACAGTCTTCC CTTCTCTAGATGTCCACTACC	55
8	ADL0121	CTGGAACAAGAGGGCTTTGC GGATGTGAAAAATCTCCTGG	56	Z	MCW0154	GATCTGTTTTATCACACACAC CCAFTTCCTTTGTATCAGGC	55
9	MCW0134	GGAGACTTCATTGTGTAGCAC ACCAAAGACTGGAGGTCAAC	56	Z	LEI0254	AGACCACTGGATCCAATC GTCTGGAACCTCATCCCTTCATC	55
10	MCW0035	CAGAAACATTTGGACTTGGCTT TTGCTTCATTTCTAGTCTCCAGTT	60	E47W24	MCW0119	TGTGCTGCTCCACAGGCCAG GATCTGTCTGCTGCCATTGTGT	60
11	MCW0097	GGAGAGCATCTGCCCTTCCTAG TGCTCTTCCAGTCTATGTTAG	56				

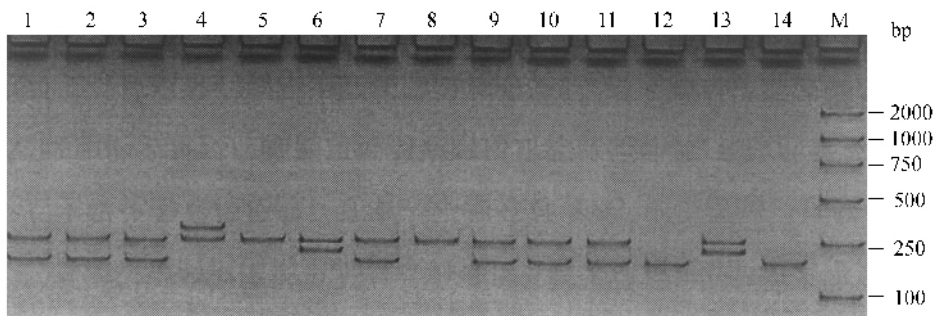


图 1 MCW 0104 座位 PCR 产物的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测结果

Fig. 1 The PAGE image of PCR products at MCW 0104 locus (M :Marker-DL2000)

2.3 各座位的杂合度及多态信息含量 根据各微卫星座位的等位基因频率计算出各座位的杂合度及多态信息含量(表 2)。各座位的杂合

度在 0.391 1~0.744 4 之间,群体平均杂合度为 0.612 9;各座位的多态信息含量范围在 0.314 6~0.699 9 之间,群体平均值为 0.527 6。

表 2 各座位的等位基因频率、杂合度和多态信息含量

Table 2 Allele frequencies, heterozygosity and polymorphism information content at each locus assayed

座位 Locus	等位基因频率 Allele frequencies					等位基因数 No. of allele	杂合度 H (H)	多态信息 含量 PIC
	p_1	p_2	p_3	p_4	p_5			
ADL0251	0.413 8	0.586 2				2	0.485 1	0.367 5
ADL0188	0.266 7	0.300 0	0.233 3	0.200 0		4	0.744 4	0.699 0
ADL0257	0.333 3	0.300 0	0.266 7	0.100 0		4	0.717 8	0.667 9
ADL0190	0.483 3	0.516 7				2	0.499 4	0.374 7
MCW0252	0.120 7	0.362 1	0.137 9	0.379 3		4	0.691 4	0.661 2
MCW0224	0.283 3	0.266 7	0.450 0			3	0.646 1	0.577 1
MCW0122	0.500 0	0.500 0				2	0.500 0	0.375 0
MCW0170	0.116 7	0.450 0	0.366 7	0.066 7		4	0.645 0	0.526 9
MCW0005	0.200 0	0.216 7	0.416 7	0.166 7		4	0.711 6	0.646 3
MCW0240	0.266 7	0.066 7	0.350 0	0.316 7		4	0.701 6	0.625 1
MCW0029	0.066 7	0.283 3	0.133 3	0.366 7	0.150 0	5	0.740 6	0.695 6
MCW0176	0.291 7	0.270 8	0.250 0	0.187 5		4	0.743 9	0.699 9
MCW0120	0.116 7	0.700 0	0.183 3			3	0.462 8	0.383 6
ADL0121	0.275 9	0.103 4	0.379 3	0.241 4		4	0.711 0	0.653 0
MCW0134	0.571 4	0.428 5				2	0.489 9	0.370 0
MCW0035	0.733 3	0.266 7				2	0.391 1	0.526 0
MCW0097	0.200 0	0.350 0	0.450 0			3	0.635 0	0.314 6
MCW0198	0.300 0	0.366 7	0.333 3			3	0.664 4	0.580 5
MCW0104	0.200 0	0.266 7	0.216 7	0.316 6		4	0.741 7	0.693 9
LEI0098	0.233 3	0.216 7	0.550 0			3	0.596 1	0.534 2
MCW0080	0.300 0	0.500 0	0.200 0			3	0.620 0	0.535 0
MCW0330	0.266 7	0.483 3	0.250 0			3	0.632 8	0.541 2
MCW0217	0.466 7	0.533 3				2	0.497 8	0.373 9
MCW0094	0.083 3	0.416 7	0.400 0	0.100 0		4	0.649 4	0.526 3
MCW0165	0.500 0	0.500 0				2	0.500 0	0.375 0
MCW0285	0.316 7	0.216 7	0.466 7			3	0.634 9	0.584 6
MCW0328	0.133 3	0.150 0	0.500 0	0.216 7		4	0.662 8	0.569 0
ADL0284	0.150 0	0.350 0	0.150 0	0.350 0		4	0.710 0	0.676 9
LEI0075	0.431 0	0.569 0				2	0.490 5	0.370 2
MCW0294	0.500 0	0.500 0				2	0.500 0	0.375 0
MCW0154	0.283 3	0.483 3	0.233 3			3	0.631 7	0.543 4
LEI0254	0.600 0	0.400 0				2	0.480 0	0.364 8
MCW0119	0.133 3	0.366 7	0.366 7	0.133 3		4	0.695 5	0.604 1
群体平均数及 标准误($\bar{X} \pm SE$)						3.200 0 ± 0.157 6	0.612 9 ± 0.017 9	0.527 6 ± 0.022 1

p_i 代表某一座位第 i 个等位基因的频率 (p_i is the frequency of the i th allele at a locus), $i = 1, 2, 3, 4, 5$ 。

3 讨论

近几年来,国内采用微卫星标记对地方鸡群体遗传多样性进行的研究,所选的微卫星标

记座位数多在 5~30 个范围内,这些微卫星标记座位多位于 2~18 条染色体上^[3-5,11-14]。汤青萍等^[14]认为,利用微卫星标记进行群体变异和遗传关系检测时,选择的引物应尽可能地分散到被检测物种的所有染色体上,检测的引物

数量应不低于 20 对,才能得到较准确的结果。联合国粮食与农业组织(FAO)建议^{*},在对家养动物进行遗传多样性检测时,每个品种检测的个体数量至少应达到 25 个个体,最好达到 50 个个体以上,检测的微卫星座位数应在 25~30 之间^[19]。根据曾养志等^[20,21]的研究,家鸡的一个染色体组有 39 条染色体。本研究采用 33 个微卫星标记,对茶花鸡自然群体 30 个个体进行了遗传多样性分析,这 33 个微卫星座位分布于家鸡基因组至少 23 条染色体上,即位于第 1~15 号、17~19 号、23 号、26~28 号常染色体以及性染色体 Z 等染色体上。可见,本研究从分析的个体数量、所选择的微卫星座位数以及这些座位在整个家鸡基因组的覆盖程度上,都基本达到了遗传多样性检测的要求,具有一定的可靠性。

群体的平均杂合度(H)是度量群体变异程度的一个最适参数,其高低反映了群体的遗传一致性程度。平均杂合度越高,群体的遗传一致性就越低,其遗传多样性越高。本研究得到茶花鸡群体的平均杂合度为 0.612 9,属于高杂合度。这与已报道的我国其他地方鸡^[11~14]群体的平均杂合度相比,杂合度较高,但略低于汤青萍等^[14]对云南西双版纳斗鸡的检测结果(0.662)。Hillel 等^[15]采用 22 个微卫星标记对来自欧洲国家的具有广泛代表性的家鸡群体的 DNA 池进行了检测分析。他们所检测的 50 个鸡品种(品系)群体中,除 2 个群体(Yurlov crower, in Russia; Broiler dam line D)的杂合度(均为 0.62)与本研究的结果比较接近外,其他 48 个群体的杂合度均小于茶花鸡。以上分析显示,茶花鸡自然群体的遗传多样性水平较高,群体的遗传一致性较低。

多态信息含量(PIC)是表示微卫星座位变异程度高低的一个指标。当微卫星座位 $PIC > 0.5$ 时,为高度多态性座位;当 $0.25 < PIC < 0.5$ 时,为中度多态性座位;当 $PIC < 0.25$ 时,为低度多态性座位。本研究 33 个微卫星座位的 PIC 分析结果在 0.314 6~0.699 9 之间,其中,有 22 个座位 $PIC > 0.5$,为高度多态性座位;其他 11

个座位 $0.25 < PIC < 0.5$,为中度多态性座位,群体的平均多态信息含量为 0.527 6。可见,多态信息含量指标的分析与群体平均杂合度分析的结果一致,即提示茶花鸡群体的遗传多态性较高。

王得前等^[3]、吴信生等^[4]利用 7 对微卫星引物对中国 12 个地方鸡种间的亲缘关系和遗传结构进行的研究显示,茶花鸡群体的平均杂合度和多态信息含量分别为 0.351 4、0.314 3,遗传多样性较低。与我们的检测结果有较大差异,这可能与分析的样本来源、检测的微卫星座位数量和座位差异有关。高玉时等^[5]采用 20 个微卫星标记对我国家禽品种资源库中保存的 11 个地方鸡品种保种群进行的遗传检测显示,茶花鸡保种群的遗传多样性较高,其群体平均杂合度和多态信息含量分别为 0.733 4、0.693 3。我们的研究结果与之相比,虽较低,但两者存在一定的一致性。本研究所用样品来自茶花鸡产地农村的自然群体,以上比较显示,茶花鸡的保种群比自然群体的遗传多样性丰富,两者已出现一定的遗传差异,也提示我们茶花鸡保种群实施的保种措施效果良好。

茶花鸡的遗传多样性较高与张廷钦等^[2]利用血液蛋白及同工酶分析的结果一致。茶花鸡的遗传多样性较高,主要有两方面的可能原因,一是该鸡种饲养管理粗放,育种目标不明确,所受的人工选择强度低,属选育程度较低的原始地方品种;二是该鸡种与红色原鸡长期以来有一定的基因交流^[1,22]。茶花鸡是处于红色原鸡与培育型鸡种中间状态的原始地方鸡种^[22],群体遗传变异大,保持了较多原始性状,这非常有利于其保种和选育利用。应加强对该鸡种资源的保护,除建立保种核心群外,可在其产地农村建立茶花鸡自然保种区,扩大其群体数量,避免近交,防止外来鸡种的侵入。

* FAO. 1998. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): Original working group report (A). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. (<http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/workgrp.pdf>.)

参 考 文 献

- [1] 云南省畜牧局. 云南省家畜家禽品种志. 昆明: 云南科技出版社, 1987, 229 ~ 232, 241 ~ 245.
- [2] 张廷钦, 邹平. 茶花鸡血型及血液蛋白多态研究. 云南畜牧兽医, 1991 (1): 22 ~ 24.
- [3] 王得前, 陈国宏, 吴信生等. 运用微卫星技术分析中国地方鸡品种的亲缘关系. 扬州大学学报(农业与生命科学版) , 2003, 24 (2): 1 ~ 6.
- [4] 吴信生, 陈国宏, 王得前等. 利用微卫星技术分析中国部分地方鸡种的遗传结构. 遗传学报, 2004, 31 (1): 43 ~ 50.
- [5] 高玉时, 杨宁, 李慧芳等. 我国地方鸡品种保种群微卫星多态性分析与分子标记档案的建立. 遗传, 2004, 26 (6): 859 ~ 864.
- [6] Zhou H, Lamont S J. Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal Genetics*, 1999, 30: 256 ~ 264.
- [7] Vanhala T, Tuiskula-haavisto M, Elo K, et al. Evolution of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science*, 1998, 77: 783 ~ 790.
- [8] Kim K S, Yeo J S, Choi C B. Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Animal Genetics*, 2002, 33: 201 ~ 204.
- [9] Saitbekova N, Gaillard C, Obexer-Ruff G, et al. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 1999, 30: 36 ~ 41.
- [10] Mukesh M, Sodhi M, Bhatia S, et al. Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *J Anim Breed Genet*, 2004, 121: 416 ~ 424.
- [11] 陈红菊, 岳永生, 杜立新等. 利用微卫星标记分析山东地方鸡品种的遗传多样性. 遗传学报, 2003, 30 (9): 855 ~ 860.
- [12] 曲鲁江, 吴桂琴, 李显耀. 采用微卫星 DNA 标记分析部分地方鸡种保种场的保种效果. 遗传学报, 2004, 31 (6): 591 ~ 595.
- [13] 朱庆, 李亮. 不同地方乌骨鸡种群遗传多样性的微卫星 DNA 分析. 畜牧兽医学报, 2003, 34 (3): 213 ~ 216.
- [14] 汤青萍, 陈宽维, 李慧芳等. 中国斗鸡遗传分化的微卫星标记分析. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2005, 33 (3): 19 ~ 23.
- [15] Hillel J, Groenen M A, Tixier-Boichard M, et al. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet Sel Evol*, 2003, 35 (5): 533 ~ 557.
- [16] 苗永旺, 霍金龙, 李莲军等. 从鸡血中快速提取高质量基因组 DNA 方法的研究. 黑龙江畜牧兽医, 2005 (12): 10 ~ 12.
- [17] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 1980, 32: 314 ~ 331.
- [18] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978, 89: 583 ~ 590.
- [19] Baumung B, Simianer H, Hoffmann I. Genetic diversity studies in farm animals—a survey. *J Anim Breed Genet*, 2004, 121: 361 ~ 373.
- [20] 曾养志, 何芬奇. 中国原鸡 (*Gallus gallus*) 的染色体研究. 云南农业大学学报, 1986, 1 (1): 81 ~ 86.
- [21] 曾养志. 家鸡 (*Gallus domesticus*) 和原鸡 (*Gallus gallus*) 的染色体及 G-带带型比较研究. 云南农业大学学报, 1987, 2 (2): 34 ~ 37.
- [22] 刘如笋, 俞清, 程光潮等. 家鸡起源研究. 动物学报, 1996, 42 (Suppl.): 165 ~ 167.