

北京鸭线粒体基因组全序列测定和分析

涂剑锋 黄银花 刘三凤 李 宁 *

(中国农业大学农业生物技术国家重点实验室 北京 100094; 中国农业科学院特产研究所 吉林 132109;
江西农业大学动物科技学院 南昌 330045)

摘要: 线粒体 DNA 作为遗传标记,已在家鸡 (*Gallus gallus*) 和家鹅 (*Anser anser*) 的研究中取得了重大进展,而对家鸭 (*Anas platyrhynchos domesticus*) 的研究却很少。本研究参照近源物种线粒体基因组序列设计 15 对引物,通过 PCR 扩增、测序、拼接,获得北京鸭 (*A. platyrhynchos*) 线粒体基因组全序列,初步分析其特点和各基因的定位。结果显示,北京鸭线粒体基因组全长 16 604 bp,碱基组成为 29.19% A、22.20% T、15.80% G、32.81% C,包含 13 个蛋白质编码基因、2 个 rRNA 基因、22 个 tRNA 基因和 1 个非编码控制区 (D-loop),基因组成及排列顺序与其他鸟类相似。基于线粒体 D-loop 区全序列,用 N-J 法构建了 7 种雁形目鸟类系统进化树,结果表明,北京鸭与绿头鸭 (*A. platyrhynchos*) 系统进化关系较近。

关键词: 北京鸭;线粒体基因组;序列分析;系统进化树

中图分类号: Q951 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2009)02-28-06

Complete Sequence Determination and Analysis of Beijing Duck Mitochondrial Genome

TU Jian-Feng HUANG Yin-Hua LIU San-Feng LI Ning *

(State Key Laboratory for AgroBiotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094;
Institute of Special Wild Economic Animal and Plant Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Jilin 132109;
College of Animal Science and Technology, Jiangxi Agriculture University, Nanchang 330045, China)

Abstract: The mitochondrial DNA (mtDNA) has been used as a genetic marker in *Gallus gallus* and *Anser anser*, but not in the *Anas platyrhynchos*. In this study, we designed 15 primers by referring to close species. Using PCR amplification, sequencing and assembling, we obtained the complete mitochondrial genome of Beijing Duck (*A. platyrhynchos*). The entire mitochondrial genome was 16 604 bp in length. It contained 37 genes (13 protein coding genes, 2 rRNA, and 22 tRNA) and a non-coding control region (D-loop). The composition of the nucleotides is 29.19% A, 22.20% T, 15.80% G, and 32.81% C. The genome organization including gene order resembled to that of other birds. Based on the sequence of D-loop region, the neighbor-joining method was adopted to examine the phylogenetic relationships among 7 Anseriform birds. The results indicated that Beijing duck and Mallard (*A. platyrhynchos*) had closer phylogenetic relationship.

Key words: Beijing Duck; Mitochondrial genome; Sequence analysis; Phylogenetic tree

我国是世界上鸭品种资源最丰富的国家,仅地方品种就有 27 个之多,其中北京鸭 (*Anas platyrhynchos*) 等品种已被列入国家重点保护品种^[1]。北京鸭在分类学上隶属鸟纲雁形目 (Anseriform) 鸭科 (Anatidae) 河鸭属,育成于明清时代。北京鸭生长速度快,繁殖率高,抗病力和

基金项目 国家重点基础研究发展计划项目 (No. 2006CB200100);

*通讯作者, E-mail: ningl@public3.bata.net.cn;

第一作者介绍 涂剑锋,男,硕士;研究方向:动物遗传学; E-mail: tujianfeng11@163.com.

收稿日期:2008-08-13,修回日期:2009-01-07

适应性强,肌间脂肪含量丰富。北京鸭和北京鸭型的杂交肉鸭是现代肉鸭业的主要鸭种,世界各地均广泛饲养。

目前,对北京鸭群体遗传结构及北京鸭与其他鸭品种亲缘关系的研究主要有蛋白电泳分析^[2,3]、核基因组 AHP^[4]和 RAPD^[5]分析、微卫星多态分析^[6,7]以及线粒体 DNA (mtDNA) 限制性酶切图谱分析^[8],而对北京鸭起源进化的研究主要集中于蛋白电泳分析。很少有以 mtDNA 作为遗传标记对北京鸭遗传多样性和起源进化的研究报道。动物 mtDNA 由于具有分子结构简单、母系方式遗传、进化速度快等特点,已成为从分子水平研究群体遗传多样性和起源进化的重要遗传标记^[9,10]。基于以上原因,我们测定了北京鸭 mtDNA 全序列,以期是北京鸭的起源进化研究及种质资源保护和合理利用提供资料。

1 材料与方法

1.1 实验动物 来自中国农业大学建立的北

京鸭资源群体。

1.2 总 DNA 的提取 在 1.5 ml 离心管中加入北京鸭血样 50 μ l,其他步骤参照 Huang 等^[11]的提取方法。0.7% 琼脂糖凝胶电泳检测, - 20 保存。

1.3 引物设计和 PCR 扩增 根据已公布的红头潜鸭 (*Aythya americana*) mtDNA 序列 (GenBank 登录号: AF090337)^[12] 设计 15 对引物 (表 1)。在设计引物时,保证相邻 PCR 产物之间有 100 bp 左右的重叠序列,以便序列拼接。PCR 扩增反应总体积为 25 μ l: 模板 DNA 2 μ l、10 \times buffer 2.5 μ l、dNTP (2.5 mmol/L) 2 μ l (TaKaRa)、上下游引物 (10 pmol/L) 各 1 μ l、0.5 μ l rTaq DNA 聚合酶 (TaKaRa), 加纯水补足。扩增条件: 94 预变性 5 min; 94 变性 30 s, 55 退火 30 s, 72 延伸 2 min, 33 个循环; 72 延伸 10 min。PCR 产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测, 于 - 20 保存。

表 1 北京鸭线粒体基因组扩增引物

Table 1 Primers used to amplify the mitochondrial genome of *Anas platyrhynchos*

编号 No.	扩增区域 Amplifying area	产物长度 (bp) Product length	上游引物 (5' - 3') Upstream primer	下游引物 (5' - 3') Downstream primer
1	16 547 ~ 1 128	1 186	CCACTACCCGAGACCTACG	TAA GIC TTTT GICCCGCA GGCAT
2	840 ~ 2 106	1 266	ATAGGGCTATTTA GTGAATGCT	TGA GTATICTAA GTACACCTTC
3	1 997 ~ 3 190	1 194	GTCACCTTCCTCATAAGCCA	GTTGCTGGA GATTGTGATTGT
4	3 017 ~ 5 121	2 105	TTACCAAAAACATAGCCTTCA G	GTTGCTGGA GATTGTGATTGT
5	4 944 ~ 7 091	2 048	GATCAAAACTCTCCATACTTCC	TCCGTCGGTATGATGATTGT
6	6 886 ~ 8 340	1 455	TGGCTATCTTCTCACTTCACCT	GGGTAGGATTGTTCAGATTAGT
7	8 210 ~ 9 346	1 137	ACCACGCTCTGATTGTGCCT	TTGTGTGGTGGGGTGAATGT
8	9 176 ~ 10 285	1 110	CGACTTTCACCATCCAAC T	CTTCGTGGTATCTATTGCCT
9	10 127 ~ 11 367	1 241	TACTAAACACAGCAATCTCTCT	GAATTTTGGTGGGGACAGTAC
10	11 347 ~ 12 062	716	CAATCATTATGCTCACCTTCTC	CAATCATTATGCTCACCTTCTC
11	11 944 ~ 12 925	982	TCTGACTACCAAAAACCCAC	GTGAGTAGTGTGAGGGAGTT
12	12 842 ~ 13 874	1 033	GTCTTAGGAGCCATCTATCTT	GATGTGTGAGAAATGCTAGTTGT
13	13 685 ~ 14 810	1 126	ACTAGCCACCAACCAACAG	CGAAGTTTCATCAGCCAGAG
14	14 702 ~ 15 767	1 066	ATGATCTTAACCAACAGACC	GTTGCCGATGATGATGAATG
15	15 533 ~ 32	1 104	CTATTCGCCTACCCATCTCT	GGGTCCTGAGACATTATTAG

注:引物退火温度均可用 55 $^{\circ}$ C。All Primers' anneal temperature used was 55 $^{\circ}$ C。

1.4 序列纯化、测序和拼接 用北京天为时代胶回收试剂盒对 PCR 扩增产物进行纯化, BigDye 测序试剂盒 (ABI 公司) 进行测序反应, ABI377 序列自动分析仪进行序列测定, Chromas 2.22 校对测序图, DNAMAN 拼接序列。

1.5 序列分析 DNASTAR 统计序列全长、碱基含量, 通过与 GenBank 已公布雁形目鸟类 mtDNA 比较及 DNASTAR 分析定位蛋白编码基因、12S rRNA 基因、16S rRNA 基因和 D-loop 区, tRNAScan SE1.21 ([http://www. lowelab. ucsc. edu/](http://www.lowelab.ucsc.edu/)

tRNAscan-SE)^[13] 及 RNAstructure 4.5 定位和分析 tRNA 基因, Clustal X1.81 序列比对, Mega 3.0 构建系统进化树。

2 结果

2.1 北京鸭线粒体基因组特征 北京鸭线粒体基因组全长 16 604 bp (GenBank 登录号:

EU755252), 由 22 个 tRNA, 2 个 rRNA, 13 个蛋白编码基因和 1 个非编码的控制区组成, 其结构非常紧凑, 除控制区外, 相邻基因之间很少或没有不编码的核苷酸, 有的相邻基因之间还有重叠现象, 在整个编码区的 37 个基因中, 共发现 35 bp 间隔序列和 35 bp 重叠序列(表 2)。

表 2 北京鸭线粒体基因组结构

Table 2 Characteristics of the mtDNA of *Anas platyrhynchos*

名称 Name	位置 Site	长度(bp) Length	间隔 Spacer	重叠 Overlap	起始密码子 Start codon	终止密码子 Stop codon	反密码子 Anti-codon
D-loop	1 ~ 1 049	1 049					
tRNA-Phe	1 050 ~ 1 119	70					GAA
12S rRNA	1 120 ~ 2 104	985					
tRNA-Val	2 105 ~ 2 175	71					TAC
16S rRNA	2 176 ~ 3 777	1 602					
tRNA-Leu (UUR)	3 778 ~ 3 851	74	4				TAA
<i>ND1</i>	3 856 ~ 4 833	978		2	ATG	AGG	
tRNA-Ile	4 832 ~ 4 903	72	7				GAT
tRNA-Gln *	4 911 ~ 4 981	71		1			TTG
tRNA-Met	4 981 ~ 5 049	69					CAT
<i>ND2</i>	5 050 ~ 6 090	1 041		2	ATG	TAG	
tRNA-Tip	6 089 ~ 6 164	76	3				TCA
tRNA-Ala *	6 168 ~ 6 236	69	2				TGC
tRNA-Asn *	6 239 ~ 6 311	73					GTT
tRNA-Cys *	6 312 ~ 6 377	66		1			GCA
tRNA-Tyr *	6 377 ~ 6 448	72	1				GTA
<i>COX1</i>	6 450 ~ 8 000	1 551		9	GTG	AGG	
tRNA-Ser (UCN) *	7 992 ~ 8 064	73	2				TGA
tRNA-Asp	8 067 ~ 8 135	69	1				GTC
<i>COX2</i>	8 137 ~ 8 823	687	1		GTG	TAA	
<i>tRNA-Lys</i>	8 825 ~ 8 893	69	1				TTT
<i>ATPase8</i>	8 895 ~ 9 062	168		10	ATG	TAA	
<i>ATPase6</i>	9 053 ~ 9 736	684		1	ATG	TAA	
<i>COX3</i>	9 736 ~ 10 519	784			ATG	T-	
tRNA-Gly	10 520 ~ 10 588	69					TCC
<i>ND3</i>	10 589 ~ 10 940	352	1		ATG	TAA	
tRNA-Arg	10 942 ~ 11 011	70					TCG
<i>ND4L</i>	11 012 ~ 11 308	297		7	ATG	TAA	
<i>ND4</i>	11 302 ~ 12 679	1 378			ATG	T-	
tRNA-His	12 680 ~ 12 748	69					GTG
tRNA-Ser (AGY)	12 749 ~ 12 814	66		1			GCT
tRNA-Leu (CUN)	12 814 ~ 12 884	71					TAG
<i>ND5</i>	12 885 ~ 14 708	1 824		1	GTG	TAA	
<i>Cyt b</i>	14 708 ~ 15 850	1 143	2		ATG	TAA	
tRNA-Thr	15 853 ~ 15 921	69					TGT
tRNA-Pro *	15 932 ~ 16 001	70	10				TGG
<i>ND6</i> *	16 012 ~ 16 533	522			ATG	TAG	
tRNA-Glu *	16 534 ~ 16 604	71					TTC

*表示由轻链(L)编码。Coded on complement (L) strand.

北京鸭 mtDNA 全序列含腺嘌呤(A) 4 849 bp、鸟嘌呤(G) 2 620 bp、胸腺嘧啶(T) 3 687 bp、胞嘧啶(C) 5 448 bp,分别占全长的 29.19%、15.80%、22.20%、32.81%,A+T 含量大于 C+G。7 种雁形目鸟类 mtDNA 序列比较稳定,其

长度都在 16.7 kb 左右,4 种碱基的百分比含量都非常接近,其中碱基 G 含量普遍较低,北京鸭最高,仅为 15.80%,而碱基 C 含量最高,最高为北京鸭的 32.81%,碱基 A+T 含量均大于 G+C(表 3)。

表 3 7 种雁形目鸟类 mtDNA 的比较

Table 3 Comparison of mtDNA among seven Anseriforms

物种 Species	登录号 GenBank No.	长度(bp) Length	碱基组成 Nucleotide composition (%)					
			A	G	T	C	A+T	G+C
北京鸭 <i>Anas platyrhynchos</i>	NC-009684	16 604	29.19	15.80	22.20	32.81	51.39	48.61
绿头鸭 <i>A. platyrhynchos</i>	NC-009684	16 606	29.19	15.80	22.21	32.80	51.41	48.59
红头潜鸭 <i>Aythya americana</i>	NC-000877	16 616	29.39	15.62	22.24	32.75	51.62	48.38
白额雁 <i>Anser albifrons</i>	NC-004539	16 737	30.15	15.18	22.63	32.05	52.78	47.22
加拿大雁 <i>Branta canadensis</i>	NC-007011	16 760	30.18	15.14	22.60	32.07	52.79	47.21
小天鹅 <i>Cygnus columbianus</i>	NC-007691	16 728	30.09	15.23	22.79	31.89	52.86	47.14
鹤雁 <i>Anseranas semipalmata</i>	NC-005933	16 870	30.92	14.20	23.49	31.38	53.96	46.04

2.2 蛋白编码基因 北京鸭线粒体基因组含 13 个蛋白编码基因,总长为 11 409 bp。在 13 个蛋白编码基因中,除 ND6 定位在轻链上,其他均定位在重链上;起始密码子除 COX1、COX2 及 ND5 为 GTG 外,其余均为 ATG;终止密码子除 ND1 和 COX1 为 AGG,ND2 和 ND6 为 TAG,COX3 和 ND4 为不完全密码子 T 外,其余均为 TAA。蛋白编码基因没有内含子,相邻基因之间有的还有重叠现象,例如:ATPase8 与 ATPase6 重叠 10 bp,ATPase6 与 COX3 重叠 1 bp,ND4L 与 ND4 重叠 7 bp,ND5 和 Cyt b 重叠 1 bp。

2.3 tRNA 基因和 rRNA 基因 北京鸭共有 22 种 tRNA 基因,它们大多数位于蛋白编码基因之间。22 种 tRNA 基因有 14 种位于重链上,8 种位于轻链上,碱基长度在 66~74 bp 之间,相邻 tRNA 之间存在着间隔和重叠现象。用 tRNA-Scan-SE 1.21 和 RNAstructure 4.5 分析发现,22 种 tRNA 的二级结构均为三叶草型。北京鸭的 12S rRNA 和 16S rRNA 基因长度分别为 985 bp 和 1 602 bp,它们具有较高的保守性。

2.4 D-loop 区 北京鸭 D-loop 区为非编码区,全长 1 049 bp,位于 tRNA(Gu) 和 tRNA(Phe) 基因之间,这个区域 A、T 含量丰富,在序列上最

易发生变异,是 mtDNA 长度变化最大的区域。D-loop 内含控制 mtDNA 复制和转录的重要元件(启动子 LSP 和 HSP、终止结合序列 TSA),控制着 mtDNA 的复制和转录。

2.5 基于 D-loop 区全序列构建系统进化树 基于 D-loop 区全序列,通过 N-J 法构建了 7 种雁形目鸟类的系统进化树(图 1)。其结果显示,北京鸭与绿头鸭亲缘关系较近,两者与红头潜鸭聚为一枝;白额雁(*Anser erythropus*)、加拿大雁(*Branta canadensis*)及小天鹅(*Cygnus columbianus*)聚为一枝;鹤雁(*Anseranas semipalmata*)单独为一枝。结果与传统的系统分类一致。

3 讨论

本实验通过 PCR 扩增、测序、再拼接的方法测定了北京鸭线粒体基因组全序列 16 604 bp,相邻 PCR 产物的重叠部分都在 50~120 bp 之间,在测序的过程中还增加了 7 对测序引物,使序列得以完整地拼接,与此同时,其他品种家鸭的测序工作也在进行,对存在多态性的位点进行了重复测序,以保证序列的可靠性。通过分析发现,北京鸭线粒体基因组的基因组成及排列顺序与大多数鸟类完全相同^[14~16],其线粒

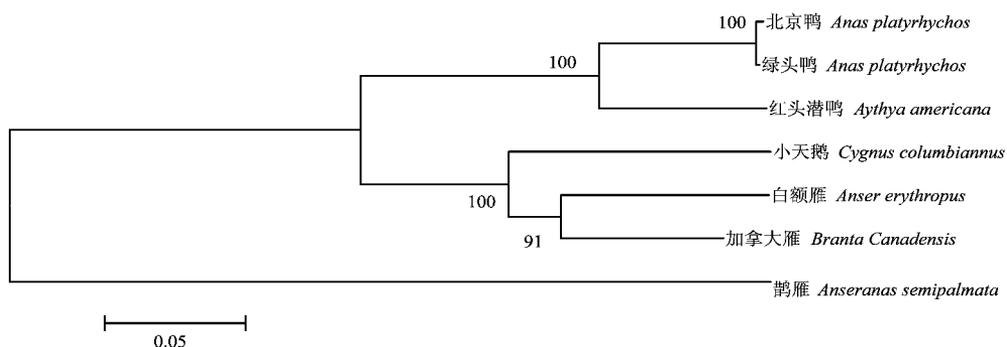


图 1 用邻接法构建的 D-loop 区系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic trees based on the D-loop region by Neighbor-Joining method

标尺 0.05 为枝长标准,表示遗传距离;枝上数值为 Bootstrap 1 000 次的支持率。

Bar of 0.05 means branch scale bar and shows genetic distance; Numbers above the branches indicate the Bootstrap percentage of 1 000.

体 D-loop 区位于 tRNA-Gu 和 tRNA-Phe 之间, Cyt b 和 ND5 基因是连续的, tRNA-Asn 和 tRNA-Cys 基因间缺少一个相当于轻链复制起始的发夹式结构^[17]。这些表明了鸟类线粒体基因组进化上的保守性。北京鸭线粒体基因组与其他鸟类线粒体基因组相比也存在一些差异,例如,基因组全长较小,碱基 G 和 C 含量相对较高,碱基 A 和 T 含量相对较低,在 D-loop 区未发现重复序列。

北京鸭的 13 个蛋白编码基因的起始密码子有 2 种,分别是编码甲硫氨酸 (Met) 的 ATG 及编码缬氨酸 (Val) 的 GTG,以 ATG 的使用频率最高。终止密码子有 4 种: AGG、TAG、TAA 和不完全的 T (COX3 和 ND4 的终止密码子为 T),以 TAA 最为常用。不完全终止密码子 T 是通过在转录后的加工过程中加接 PolyA 形成 TAA 而终止转译的^[18]。在蛋白编码基因 ND3 的 174 位点还存在一个插入的碱基 A,一般认为,这个额外的核苷酸在翻译过程中不表达,而是通过 RNA 自我剪切来恢复基因的功能,从而避免了移码变异导致 ND3 基因转译的提前终止^[19]。这种在 ND3 基因中插入核苷酸的现象在多种鸟类中被发现^[19,20]。

关于家鸭起源的研究,最早是基于生化方面的证据,如刘如笋等^[2]根据对卵清蛋白电泳的分析比较,认为北京鸭可能起源于绿头鸭;赖

垣忠等^[3]通过血清前蛋白型分析认为,绿头鸭与斑嘴鸭 (*Anas poecilorhyncha*) 同是家鸭的祖先。随着研究的不断深入,出现了以 RAPD 和 AHP 为标记的研究,如陈奕欣等^[5]对核基因组 RAPD 分析和鄢绯寰等^[4]对核基因组 AHP 分析,其结果认为在家鸭形成过程中,绿头鸭和斑嘴鸭都作出了贡献。本文基于线粒体 D-loop 区构建的系统进化树反映的系统进化关系与传统的系统分类是一致的,北京鸭线粒体基因组与绿头鸭的同源性高达 99.9%。目前,线粒体 DNA 已越来越多地用于起源进化研究,线粒体 DNA 已在家鸡^[21-25]、家鹅^[26-29]的起源进化研究中取得了重大进展,而对家鸭起源进化的研究却很少^[30],且存在着家鸭仅起源于绿头鸭与起源于绿头鸭和斑嘴鸭二者之争。因此,为了更好地阐明家鸭起源问题,还需要做更多、更系统、更深入的研究。

参 考 文 献

- [1] 邱祥聘,陈铿,陈育新. 中国家禽品种志. 上海: 上海科学技术出版社, 1988, 3~16.
- [2] 刘如笋, 钦俊德. 鸭属中几种鸭卵蛋白质的比较: 对北京鸭起源的探讨. 动物学报, 1979, 25(3): 288~291.
- [3] 赖垣忠, 张松踪. 鸭血清白蛋白型研究. 畜牧兽医学报, 1989, 38(11): 1168~1175.
- [4] 鄢绯寰, 左正宏, 陈美等. 我国部分家鸭和野鸭遗传多样性及亲缘关系的 AHP 分析. 厦门大学学报(自然科学版), 2005, 44(5): 729~733.

- [5] 陈奕欣, 左正宏. RAPD 技术探讨几种家鸭与野鸭遗传多样性及亲缘关系. 厦门大学学报(自然科学版), 2001, **40**(1): 141 ~ 145.
- [6] Su Y, Long R, Chen G, *et al.* Genetic analysis of six endangered local duck populations in China based on microsatellite markers. *J Genet Genomics*, 2007, **34**(11): 1 010 ~ 1 018.
- [7] 李慧芳, 李碧春, 陈宽维等. 中国地方鸭品种资源的分子遗传多样性. 畜牧兽医学报, 2006, **37**(11): 1 107 ~ 1 113.
- [8] 吴鹤龄, 林建生. 鸭类 mtDNA 限制性酶切图谱的比较研究. 遗传学报, 1987, **14**(3): 230 ~ 236.
- [9] Donne-Goussé C, Laudet V, Hänni C. A molecular phylogeny of anseriformes based on mitochondrial DNA analysis. *Mol Phylogenet Evol*, 2002, **23**(3): 339 ~ 356.
- [10] Stoneking M, Soodyall H. Human evolution and the mitochondrial genome. *Curr Opin Genet Dev*, 1996, **6**(6): 731 ~ 736.
- [11] Huang A M, Rehm E J, Rubin G M. Recovery of DNA sequences flanking P-element insertions: inverse PCR and plasmid rescue. In: Sullivan W, Ashburner M, Hawley R S, eds. *Drosophila Protocols*. Beijing: Science Press, 2004, 431 ~ 432.
- [12] Harlid A, Janke A, Arnason U. The complete mitochondrial genome of Rhea Americana and early avian divergence. *J Mol Evol*, 1998, **46**(6): 669 ~ 679.
- [13] Lowe T M, Eddy S R. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Res*, 1997, **25**: 955 ~ 964.
- [14] Slack K E, Janke A, Penny D, *et al.* Two new avian mitochondrial genomes (penguin and goose) and a summary of bird and reptile mitogenomic features. *Gene*, 2003, **302**(1-2): 43 ~ 52.
- [15] Desjardins P, Morais R. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. *J Mol Evol*, 1990, **212**: 599 ~ 634.
- [16] Mindell D P, Sorenson M D, Dimcheff D E. Multiple independent origins of mitochondrial gene order in birds. *Proc Natl Acad Sci*, 1998, **95**: 10 693 ~ 10 697.
- [17] Ramirez V, Savoiel P, Morais R. Molecular characterization and evolution of a duck mitochondrial genome. *J Mol Evo*, 1993, **37**(3): 296 ~ 310.
- [18] Clayton D A. Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. *Anna Rev Cell Biol*, 1991, **7**: 453 ~ 478.
- [19] Mindell D P, Sorenson M D, Dimcheff D E. An extra nucleotide is not translated in mitochondrial ND3 of some birds and turtles. *Mol Biol Evol*, 1998, **15**(11): 1 568 ~ 1 571.
- [20] Nishibori M, Hayashi T, Tsudzuki M, *et al.* Complete sequence of the Japanese quail (*Coturnix japonica*) mitochondrial genome and its genetic relationship with related species. *Anim Genet*, 2001, **32**(6): 380 ~ 385.
- [21] 童晓梅, 梁羽, 王威等. 藏鸡线粒体全基因组序列的测定和分析. 遗传, 2006, **28**(7): 769 ~ 777.
- [22] 傅衍, 牛冬, 罗静等. 中国家鸡的起源探讨. 遗传学报, 2001, **28**(5): 411 ~ 417.
- [23] Nishibori M, Shimogiri T, Hayashi T, *et al.* Molecular evidence for hybridization of species in the genus Gallus except for Gallus varius. *Animal Genetics*, 2005, **36**(5): 367 ~ 375.
- [24] Irina G M, Michael N R, Andrey A N, *et al.* Evolutionary relationships of Red Jungle Fowl and chicken breeds. *Genetics Selection Evolution*, 2003, **35**: 403 ~ 423.
- [25] Niu D, Fu Y, Luo J, *et al.* The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds. *Biochemical Genetics*, 2002, **40**(5): 163 ~ 174.
- [26] 王继文, 刘安芳, 陈艳荣等. 家鹅品种细胞色素 *b* 基因序列分析及其系统发育关系. 遗传, 2005, **27**(5): 741 ~ 746.
- [27] 史宏伟, 曾凡同, 邱祥聘等. 中国主要鹅品种的线粒体 DNA 多态性与起源分化研究. 遗传学报, 1998, **25**(6): 499 ~ 507.
- [28] Ruokonen M, Kvist L, Lumme J. Close relatedness between mitochondrial DNA from seven Anser goose species. *Journal of Evolutionary Biology*, 2000, **13**(3): 1 532 ~ 1 540.
- [29] Paxinos E E, Helen F J, Storrs L O, *et al.* mtDNA from fossils reveals a radiation of Hawaiian geese recently derived from the Canada goose (*Branta canadensis*). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2002, **99**(3): 1 399 ~ 1 404.
- [30] 张汤杰, 李慧芳, 陈宽维等. 利用线粒体 D-loop 区分析家鸭品种遗传多态性与系统进化. 畜牧兽医学报, 2007, **38**(11): 1 168 ~ 1 175.