

西藏绒山羊的微卫星多态性与部分经济性状的关联分析

德吉¹, 巴贵¹, 吴玉江¹, 索朗达¹, 袁超², 次仁德吉^{1*}

(1. 西藏自治区农牧科学院畜牧兽医研究所, 西藏 拉萨 850009; 2. 中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所, 甘肃 兰州 730050)

摘要: 为了解微卫星位点在西藏绒山羊群体中的多态性与经济性状的关联性, 试验采用 PCR-SSCP 技术对 340 只西藏绒山羊的 10 个微卫星位点进行多态性分析, 并采用 Duncan 氏法进行多重比较, 与体长、体高、胸围、羊绒长度、羊毛长度的关联性进行分析。结果表明, 除位点 BM6438 无多态性外, 其他 9 个位点都具有多态性, 基因型都在 5 个以上。与经济性状进行关联性分析发现在体长性状中, 位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$); 在体高性状中, 位点 BMS1248 的基因型 1 和位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型; 在胸围性状中, 位点 BMS1248 的基因型 2 和位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$); 在绒长性状中, 位点 BMS1788 的基因型 3 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$); 在毛长性状中, 位点 BM3413 的基因型 1 和基因型 2 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$)。本研究结果可为西藏绒山羊分子标记辅助选择提供参考依据。

关键词: 微卫星; PCR-SSCP; 经济性状; 多态性; 西藏绒山羊

中图分类号: S827

文献标识码: A

Correlation between Microsatellite Polymorphism and Economic Traits of Tibetan Cashmere Goat

Deji¹, Bagui¹, WU Yu-jiang¹, Suolangda¹, YUAN Chao², Cirendej^{1*}

(1. Institute of Animal Sciences, Tibet Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Tibet Lhasa 850009, China; 2. Lanzhou Institute of Husbandry and Pharmaceutical Sciences of CAAS, Gansu Lanzhou 730050, China)

Abstract: In order to investigate the feasibility of microsatellite loci to be selected as genetic markers of growth indexes for Tibetan Cashmere goat population, the polymorphism of 10 microsatellite markers were detected by PCR-SSCP and DNA sequencing technology in Tibetan Cashmere goat, analyzed and correlation between microsatellite markers and economic traits by Duncan's method for multiple comparisons were conducted. The results showed that loci microsatellite BM6438 was non-polymorphism loci, among the ten microsatellite markers, the other 9 loci were polymorphic, and the genotypes were more than 5 in Tibetan Cashmere goat. The correlation analysis results showed that as the body length genotype 6 of BM3033 was significantly higher than those of other genotypes ($P < 0.05$); as for body height genotype 1 of BMS1248 and genotype 6 of BMS3033 was significantly higher than of other genotype ($P < 0.05$); as for chest circumference, genotype 2 of BMS1248 and genotype 6 of BMS3033 were significantly higher than of other genotype ($P < 0.05$); as for Cashmere length, genotypes 3 of BMS1788 were significantly higher than those of other genotype ($P < 0.05$); as for goat hair length, genotypes 1 and 2 of BM3413 were significantly higher than of other genotype ($P < 0.05$). The results of this study provide a reference for genetic markers of growth indexes for Tibetan Cashmere goat population.

Key words: Microsatellite; PCR-SSCP; Economic traits; Polymorphism; Tibetan cashmere goat

微卫星 (Microsatellite) 是广泛分布于真核生物基因组中的简单重复序列 (Simple Sequence Repeat,

SSR), 一般由 2~6 个碱基组成核心单元, 重复类型分为单一型、复合型和间断型^[2]。微卫星 DNA 符合孟德尔遗传模式, 在真核生物基因组中广泛分布且数量庞大, 具有分布均匀、多态性丰富、易于检测等特点^[3], 作为优良遗传标记而广泛用于农作物和畜禽遗传育种领域^[4-5]。张建军等对陇东绒山羊 9 个微卫星多态性进行分析表明所选的微卫星标记显示为高度多态, 可用于遗传多样性评估^[6]。张延虎等

收稿日期: 2019-03-06

基金项目: 西藏科技厅“十三五”重大农业专项资助 (XZ201801NA03); 现代农业产业技术体系建设专项资金资助 (CARS-39-32)

作者简介: 德吉 (1989-), 女, 研究实习员, 研究方向为山羊育种, E-mail: 495838467@qq.com, * 为通讯作者: 次仁德吉 (1969-), 女, 硕士, 副研究员, 研究方向为山羊选育与健康养殖, E-mail: 464036137@qq.com。

利用 BM6438、BMS2782、BM1824 等 7 个微卫星标记在南疆绒山羊群体中进行多态性分析,表明所选的微卫星标记均为高度多态,可以成为与经济相关的遗传标记^[7]。古丽尼沙·吐拉甫等研究了 9 个微卫星在青格里绒山羊中的多态性,并与部分生产性能进行相关性分析,发现 OarHH35、BM3033、BM1824、BMS1788 可以作为青格里绒山羊细度或产绒量的分子标记^[8]。

西藏绒山羊是我国绒肉兼用型地方品种,是我国的一大宝贵家畜品种资源,主要分布在西藏阿里地区日土县、那曲地区尼玛县等羌塘草原地区^[1],具有耐粗放、抗逆性强、羊绒细长柔软、产绒性能好、品质优良、绒纤维细度在 14 μm 左右等特点。目前,国内外对绵、山羊的微卫星标记研究报道较多,但对西藏绒山羊的研究还未见报道。本研究利用 PCR-SSCP 技术对西藏绒山羊 10 个微卫星进行多态性分析,对其多态性与其产绒量、细度、长度等产绒性状的关联性进行系统分析,为西藏绒山羊标记辅助选择提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验动物

颈静脉采集 5 mL/只共计 340 份西藏自治区绒

山羊保种场(阿里地区日土县、措勤县和尼玛县)成年绒山羊血液,乙二胺四乙酸(EDTA)抗凝,-20℃保存。

体重、体长、绒长、产绒量等生产记录由各保种场提供。

1.2 主要仪器和试剂

PCR 仪(ProFlex™ PCR)、离心机(Eppendorf 5424)、电泳槽(Mini-Protean Tetra Electrophoresis System)等。以上仪器及设备由中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所动物育种实验室提供。

血液基因组 DNA 提取试剂盒(DP318-03)(购自天根生化科技<北京>有限公司)、Taq DNA 聚合酶(购自大连宝生物工程有限公司)、其他常规试剂均为进口或国产分析纯级产品(购自兰州博乐知生物科技有限公司)。

1.3 血液基因组 DNA 提取

血液样品基因组 DNA 的提取参照天根血液基因组 DNA 提取试剂盒说明书。提取的基因组 DNA 通过核酸蛋白分析仪测定其浓度,于-20℃保存。

1.4 引物设计

根据微卫星选择标准,并参考前人研究结果,在 Genbank 中查找绵、山羊的微卫星标记,筛选出 10 个微卫星标记引物序列,见表 1。

表 1 引物序列

Table 1 Primer sequences used for microsatellite amplification

引物名称 Primers names	引物序列(5'-3') Sequence (5'-3')	退火温度(℃) Annealing temperature
BMS1248	F:GTAATGTAGCCTTTTGTGCCG R:TCACCAACATGAGATAGTGTGC	54.5
BMS1724	F:GACTTGCCCCAATCCTACTG R:ATTTCAGGTTTGTGTGGTTCCC	57
MCM38	F:TGGTGAATGCTGCTCTCATACCG R:CAGCCAGCAGCCTCTAAAGGAC	56
BM3033	F:TGCTGGTGGTCTTTGAACAG R:GCAAACTGCTGGATAGGGAG	52.5
BM3413	F:TCCCTGGTAACCAATGAATTC R:CAATGGATTTGACCCTCCC	50.7
BM6438	F:TTGAGCACAGACACAGACTGG R:ACTGAATGCCTCCTTTGTGC	49
BM6506	F:GCACGTGGTAAAGAGATGGC R:AGCAACTTGAGCATGGCAC	52.2
LSCV15	F:GTACAAACCCTAAAGATTC R:CTGAGTGTAAATTTCTATCCT	49
BMS1788	F:ACGTCCAGATTGAGATTTCTTG R:GGAGAGGAATCTTGCAAAGG	49
BMS2782	F:TGT GCAGCAAT AAGACCCAG R:TCTAAGTGGGAGGGCAAGTC	53.4

1.5 PCR 扩增

PCR 反应体系为: Premix Taq 12.5 μ l, 上下游引物各 1 μ l (10 μ mol/L), DNA 1 μ l (20 ng/ μ l), ddH₂O 9.5 μ l, 共计 25 μ l。

反应程序为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 35 个循环 (94 $^{\circ}$ C 30 S, 退火温度 30 S, 72 $^{\circ}$ C 1 min); 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。

各 PCR 产物用 1 % 的琼脂糖凝胶电泳检测。

1.6 PCR-SSCP 分析

取 5 μ l 的 PCR 产物在 8 % 的非变性聚丙烯凝胶 100 V 电压条件下, 4 $^{\circ}$ C 电泳 4 h, 银染法显色后拍照。

根据最终的成像胶图分析各微卫星全部个体的基因型。

1.7 数据处理及统计分析

应用 EXCEL 软件计算基因型频率, 并采用 SPSS 20.0 软件对西藏绒山羊不同个体基因型数据与部分经济性状数据 (包括体长、体高、绒长、毛长等) 相关性进行分析。

2 结果与分析

2.1 DNA 提取

采用试剂盒法提取 340 份西藏绒山羊血液基因组 DNA, 提取的基因组 DNA 用 1 % 琼脂糖胶进行完整性检测 (图 1), 由图可见, 条带清晰, 均无拖带, 符合分子生物学实验要求, 用作后续试验。

2.2 PCR 扩增

以西藏绒山羊血液基因组 DNA 为模板, 用 10 对引物进行扩增, 扩增产物经 1 % 琼脂糖凝胶电泳检测, 结果如图 1。由图 1 可知, PCR 产物中均有清

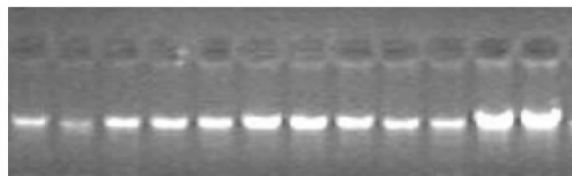


图 1 部分基因组 DNA 琼脂糖电泳

Fig. 1 Part of genomic DNA agarose electrophoresis results

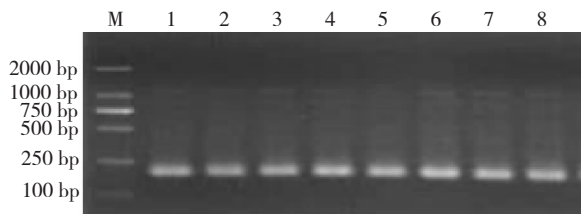


图 2 微卫星 BMS1248 扩增产物

Fig. 2 Agarose electrophoresis results of PCR product of microsatellite BMS1248

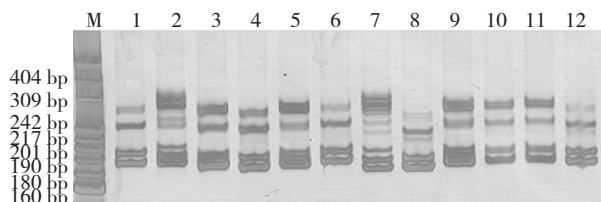
晰的 DNA 扩增条带大小为 100 ~ 250 bp 之间, 扩增条带单一。

2.3 PCR-SSCP 分析

对 340 份西藏绒山羊的 10 对微卫星扩增产物用 8 % 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳结合银染法判断等位基因的大小, 部分结果见图 3 ~ 4。10 对微卫星引物除 BM6438 无多态性, 其它都表现明显的多态性。通过带型进行基因分型, 并统计基因型频率, 结果见表 2, 9 个微卫星位点基因型在 5 个以上, 其中 BMS1788 位点有 9 个基因型。

2.4 9 个微卫星位点多态性与生产性状关联分析

利用 SPSS22.0 统计软件对每个基因型与经济性状进行关联分析, 其中基因型频率 10 % 以下的不做分析, 并采用 Duncan 氏法进行多重比较, 主要对体长、体高、胸围、羊绒长度、羊毛长度 5 项指标进行分析。由表 3 可见, 在体长性状中, 位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$), 其他位点基因型间差异不显著 ($P > 0.05$); 在体高性状中, 位点 BMS1248 的基因型 1 和位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型, 其他位点基因型间差异不显著 ($P > 0.05$); 在胸围性状中, 位点 BMS1248 的基因型 2 和位点 BM3033 的基因型 6 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$), 其他位点基因型间差异不显著 ($P > 0.05$); 在绒长性状中, 位点

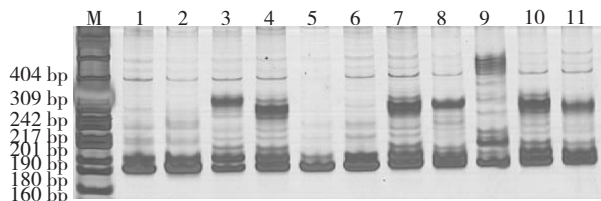


M: DNA Marker pBR322/Msp I; 1 ~ 12: 12 只西藏绒山羊个体

M: DNA Marker pBR322/Msp I; 1 ~ 12: 12 Tibetan Cashmere goats individuals

图 3 微卫星 BMS1248 的部分 PCR 产物 8 % PAGE 电泳检测

Fig. 3 Portion of 8 % PAGE results of BMS1248



M: DNA Marker pBR322/Msp I; 1 ~ 11: 11 只西藏绒山羊个体

M: DNA Marker pBR322/Msp I; 1 ~ 11: 11 Tibetan Cashmere goats individuals

图 4 微卫星 BM3033 的部分 PCR 产物 8 % PAGE 电泳检测

Fig. 4 Portion of 8 % PAGE results of BM3033

表 2 9 个微卫星位点的基因型特性
Table 2 Genotypic characteristics of 9 microsatellite loci

微卫星标记 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因型频率 Genotype frequency	个体数 Individuals	微卫星标记 Microsatellite loci	基因型 Genotype	基因型频率 Genotype frequency	个体数 Individuals
BMS1248	1	0.3294	112	BM6506	1	0.1235	42
	2	0.2593	88		2	0.1971	67
	3	0.0765	26		3	0.1647	56
	4	0.1481	50		4	0.1176	40
	5	0.0706	24		5	0.2765	94
	6	0.1147	39		6	0.0706	24
BMS1724	1	0.3029	103	LSCV15	1	0.1147	39
	2	0.2824	96		2	0.1912	65
	3	0.2765	94		3	0.1647	56
	4	0.0912	31		4	0.0971	33
	5	0.0471	16		5	0.3559	121
MCM38	1	0.2412	82	BMS1788	6	0.0559	19
	2	0.1905	65		7	0.0206	7
	3	0.2381	81		1	0.1529	52
	4	0.0952	32		2	0.0912	31
	5	0.1905	65		3	0.1382	47
	6	0.0476	16		4	0.1618	55
BM3033	1	0.1559	53	BMS2782	5	0.0853	29
	2	0.1235	42		6	0.1059	36
	3	0.0824	28		7	0.0794	27
	4	0.4382	149		8	0.0870	30
	5	0.0441	15		9	0.0971	33
	6	0.1559	53		1	0.2706	92
BM3413	1	0.1559	53		2	0.1853	63
	2	0.2265	77		3	0.3206	109
	3	0.1538	52		4	0.1324	45
	4	0.1941	66		5	0.0909	31
	5	0.2308	78				
	6	0.0385	13				

BMS1788 的基因型 3 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$), 其他位点基因型间差异不显著 ($P > 0.05$); 在毛长性状中, 位点 BM3413 的基因型 1 和基因型 2 显著高于其他基因型个体 ($P < 0.05$), 其他位点基因型间差异不显著 ($P > 0.05$); 位点 BMS1724、MCM38、BM6506、LSCV15、BMS2782 各基因型在体长、体高、胸围、绒长、毛长性状中差异不显著 ($P > 0.05$)。

3 讨 论

目前采用微卫星标记进行畜禽选种育种辅助选

择是速度最快、频率最高和可靠性最好的方法, 可以在最短的时间内对群体中不期望出现的基因变异个体进行淘汰^[9]。一般是先检测微卫星位点的多态性并进行基因型判定, 然后利用数学统计方法对个体表型值和基因型的关联程度进行分析, 最终找到和重要性状连锁的 DNA 标记。

古丽尼沙·吐拉甫选取 17 个微卫星位点在新疆山羊与青格里绒山羊进行多态性分析发现其中 13 个具有多态性且均为高度多态, 与两个绒山羊群体经济性状进行关联分析发现 MCM38 的 FH 型、MCM38 的 FI 型、MAF70 的 BF 型和 BMS1724 的 CC

表 3 微卫星位点的不同基因型与经济性状关联分析

Table 3 Correlation analysis between different genotypes and economic traits of microsatellite loci

微卫星标记 Microsatellite loci	基因型 Genotype	体长 (cm) Body length	体高 (cm) Body height	胸围 (cm) Chest circumference	绒长 (cm) Cashmere length	毛长 (cm) Goat hair length
BMS1248	1	64.08 ± 1.94	60.74 ± 1.43b	75.88 ± 2.34ab	4.14 ± 0.31	13.43 ± 2.17
	2	64.93 ± 2.07	57.89 ± 1.53ab	78.04 ± 2.50a	3.88 ± 0.33	12.58 ± 2.34
	4	62.33 ± 2.74	57.15 ± 2.02ab	71.28 ± 3.31ab	3.73 ± 0.41	9.58 ± 2.86
	6	59.33 ± 3.16	52.33 ± 2.33a	68.20 ± 3.82b	4.07 ± 0.47	11.33 ± 3.31
BMS1724	1	63.05 ± 1.99	59.03 ± 1.65	76.58 ± 2.39	3.91 ± 0.30	12.14 ± 2.16
	2	62.47 ± 2.13	57.54 ± 1.76	75.46 ± 2.55	4.17 ± 0.32	13.35 ± 2.34
	3	64.04 ± 2.12	58.26 ± 1.75	74.11 ± 2.54	3.71 ± 0.30	9.67 ± 2.16
	4	65.00 ± 3.25	61.67 ± 2.69	75.00 ± 3.90	3.47 ± 0.45	13.67 ± 3.30
MCM38	1	64.56 ± 2.57	60.76 ± 2.06	79.48 ± 3.13	3.68 ± 0.37	11.80 ± 2.73
	2	62.88 ± 2.88	59.63 ± 2.30	74.75 ± 3.49	3.75 ± 0.42	12.05 ± 3.05
	3	62.02 ± 2.57	56.72 ± 2.05	72.14 ± 3.12	3.93 ± 0.41	12.53 ± 3.04
	5	60.33 ± 3.32	61.33 ± 2.66	75.00 ± 4.03	3.80 ± 0.48	12.67 ± 3.52
BM3033	1	61.83 ± 2.29a	54.00 ± 2.05a	75.58 ± 3.22ab	4.40 ± 0.40	12.40 ± 2.77
	2	60.33 ± 2.65a	55.87 ± 2.36ab	68.67 ± 3.72a	3.83 ± 0.46	7.40 ± 3.20
	4	63.94 ± 1.38ab	60.35 ± 1.23b	76.24 ± 1.94ab	3.86 ± 0.25	14.00 ± 1.75
	6	69.40 ± 2.28b	61.52 ± 2.04b	79.42 ± 3.21b	3.50 ± 0.45	11.00 ± 3.19
BM3413	1	65.25 ± 2.58	57.20 ± 2.16	77.03 ± 3.01ab	3.97 ± 0.45	15.33 ± 2.73a
	2	64.47 ± 2.11	60.72 ± 1.77	77.60 ± 2.46ab	4.20 ± 0.32	15.30 ± 1.93a
	3	65.78 ± 2.57	60.95 ± 2.15	80.50 ± 3.02a	3.83 ± 0.44	14.00 ± 2.72ab
	4	61.00 ± 2.31	59.58 ± 1.94	70.32 ± 2.69b	3.32 ± 0.35	8.44 ± 2.12b
	5	62.68 ± 2.12	55.67 ± 1.78	72.22 ± 2.45b	4.00 ± 0.32	7.60 ± 1.92b
BM6506	1	62.75 ± 2.88	57.70 ± 2.44	73.65 ± 3.29	4.30 ± 0.40	14.70 ± 2.62
	2	64.11 ± 2.18	60.26 ± 1.84	75.40 ± 2.68	3.62 ± 0.36	11.75 ± 2.93
	3	65.43 ± 3.13	58.97 ± 2.82	76.20 ± 3.79	3.70 ± 0.47	11.00 ± 3.38
	4	59.00 ± 4.08	56.80 ± 3.45	70.33 ± 3.78	3.43 ± 0.45	10.80 ± 2.92
	5	63.18 ± 2.35	57.57 ± 1.99	78.47 ± 2.68	4.00 ± 0.37	11.52 ± 2.39
LSCV15	1	66.36 ± 2.40	61.76 ± 1.91	77.60 ± 2.95	3.64 ± 0.35	13.00 ± 2.47
	2	63.10 ± 2.39	56.94 ± 1.90	76.84 ± 2.97	4.25 ± 0.38	14.75 ± 2.76
	3	60.83 ± 2.68	59.75 ± 2.13	76.53 ± 3.32	4.00 ± 0.39	11.78 ± 2.67
	5	62.93 ± 2.19	58.53 ± 1.74	71.83 ± 2.71	3.92 ± 0.35	11.17 ± 3.19
BMS1788	1	60.67 ± 2.24	55.83 ± 1.63	74.58 ± 2.53	3.73 ± 0.37ab	12.67 ± 2.09
	3	61.40 ± 2.42	60.90 ± 2.01	71.50 ± 2.83	4.39 ± 0.28a	11.52 ± 2.15
	4	62.72 ± 2.74	58.97 ± 1.36	76.88 ± 2.31	3.17 ± 0.43b	12.60 ± 2.51
	6	65.75 ± 2.45	54.60 ± 1.79	78.85 ± 2.78	3.96 ± 0.33ab	12.05 ± 2.81
BMS2782	1	59.60 ± 2.28	54.56 ± 2.02	74.67 ± 2.90	4.15 ± 0.32	13.33 ± 2.17
	2	61.06 ± 1.81	58.09 ± 1.60	70.94 ± 3.17	3.17 ± 0.45	13.56 ± 1.88
	3	62.00 ± 3.61	58.00 ± 3.19	74.03 ± 2.51	3.96 ± 0.35	12.00 ± 3.16
	4	67.80 ± 3.25	61.30 ± 3.20	77.80 ± 3.02	3.70 ± 0.39	10.05 ± 3.76

注:同行数据肩标小写字母完全不同表示差异显著 ($P < 0.05$), 含相同小写字母或无肩标表示差异不显著 ($P > 0.05$)。

型可作为新疆山羊绒细度、绒长度、产绒量和含绒率 的候选标记的优势基因型, LSCV15 的 BD 型、BM3413

的CE型、BMS1788的DF型、BMS1248的BE型可望作为青格里绒山羊绒细度、绒长度、产绒量、含绒率的候选标记的优势基因型^[10]。本研究选取了10个微卫星位点在西藏绒山羊进行多态性分析,其中BMS6438位点在西藏绒山羊中未发现多态性,与古丽尼沙·吐拉甫在新疆山羊与青格里绒山羊的多态性分析结果相同,说明BMS6438微卫星位点在这3个品种中不存在多态性,在其他品种是否存在,有待进一步研究。具有多态性的9个微卫星位点的基因型与西藏绒山羊部分经济性状的关联性分析发现,BM3033的基因型6、BMS1248的基因型1和BM3033的基因型6、BMS1248的基因型2和BM3033的基因型6、BMS1788的基因型3、BM3413的基因型1和基因型2可分别作为西藏绒山羊体长、体高、胸围、绒长、毛长的候选标记优势基因型。这与古丽尼沙·吐拉甫在新疆山羊的研究结果存在相似性,也有不同之处,导致出现不同结果的原因可能是采样本身、生产数据的测量、仪器设备等方面的原因,但从动物起源进化和分类角度分析,出现不同结果的主要原因是不同品种之间与生态环境因素的差异。

本试验中选取了部分经济性状进行与微卫星基因型进行关联分析,初步得到的西藏绒山羊经济性状候选标记的优势基因型,为西藏绒山羊分子标记

辅助选择提供参考依据。

参考文献:

- [1]吴玉江,益西多吉,索朗达,等. 西藏绒山羊产业现状及发展对策[J]. 家畜生态学报, 2013,34(9): 82-85.
- [2]Beckmann J S, Weber J L. Survey of human and rat microsatellites[J]. Genomics, 1992, 12(4): 627-631.
- [3]Takezaki N, Nei M. Genetic Distances and Reconstruction of Phylogenetic Trees From Microsatellite DNA[J]. Genetics, 1996, 144(1): 389-399.
- [4]徐兴莉,杨虎. 微卫星DNA标记技术的特点及其在动物研究中的应用[J]. 畜禽业, 2011(12): 34-35.
- [5]张正义,邢秀梅,胡鹏飞,等. 微卫星标记及其在动物亲缘关系鉴定中的应用[J]. 基因组学与应用生物学, 2018, 37(4): 1406-1412.
- [6]张建军,薛科邦,史兆国,等. 陇东绒山羊微卫星多态性及其与部分经济性状相关性的研究[J]. 广东农业科学, 2009(8): 193-197.
- [7]张廷虎,黄锡霞,田可川,等. 南疆白绒山羊微卫星多态性及其与部分经济性状相关性的研究[J]. 中国畜牧兽医, 2008(8): 44-48.
- [8]古丽尼沙·吐拉甫,王琼,努孜古丽·图尔荪,刘武军. 青格里绒山羊微卫星标记遗传多态性及其与部分经济性状相关关系的研究[J]. 新疆农业科学, 2013, 50(4): 726-736.
- [9]孙业良,谢庄,刘守仁,等. 微卫星标记及其在绵羊遗传和育种研究中的应用[J]. 畜牧与兽医, 2005(11): 50-53.
- [10]古丽尼沙·吐拉甫. 新疆地方山羊品种微卫星标记遗传多态性与部分经济性状的关联性分析[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2013.