

47 个亚、欧、美洲野生、地方和培育猪群的 AFLP 多态性及群体遗传关系研究

高 军¹, 任 军¹, Ken Siggens², 艾华水¹, Gary Evens², 黄路生^{1*}

(1. 江西农业大学动物生物技术国家重点实验室培育基地, 南昌 330045;

2. Sygen molecular biology laboratory, Department of Pathology,
University of Cambridge, CB2 1QP, United Kingdom)

摘 要: 采用双色荧光标记技术, 检测 21 个中国地方猪类群、19 个欧美商业猪类群、5 个亚欧美野猪类群、1 个中国培育猪种、1 个杜洛克×中国野猪杂种群体总共 47 个类群基因组 DNA 池的 AFLP 多态性, 22 种引物组合产生 312 个 AFLP 多态标记。根据多态标记信息, 计算 47 个类群间的遗传相似系数, 并构建 UPMGA 聚类关系图。结果表明, 中国地方猪、中国野猪与欧美商业猪群、欧美野猪间存在明显的遗传分化, 提示中国地方猪起源于亚洲野猪, 而欧美商业猪种由欧美野猪驯化而来。杜洛克猪、长白猪和大白猪不同类群间的遗传相似性较高, 但也存在一定的遗传分化。南昌白猪与大白猪、PIC L95 系与太湖猪有着很近的亲缘关系, 真实反映了其育成历史。嘉兴黑猪与梅山猪、冠朝猪、藤田花猪、上犹花猪和万安花猪等地方猪群遗传关系的研究结果与其形态学、地理分布和现行分类情况相一致, 认为 AFLP 技术是遗传多样性和群体遗传学研究的一项有效的技术手段。

关键词: 猪; AFLP; 群体遗传关系

中图分类号: S828; S813.1

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2009)03-0285-06

The Population Genetic Relationships among 47 Chinese and Western Pig Populations Inferred by AFLP Markers

GAO Jun¹, REN Jun¹, KEN Siggens², AI Hua-shui¹, GARY Evens², HUANG Lu-sheng^{1*}

(1. *Candidate of National Key Laboratory for Animal Biotechnology, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China*; 2. *Sygen Molecular Biology Laboratory, Department of Pathology, University of Cambridge, CB2 1QP, United Kingdom*)

Abstract: AFLP markers were detected by the two-color fluorescent detection in a sample of DNA pool of 21 Asian native pig populations, 19 European and American commercial pig populations, 5 wild pig populations, 1 Duroc×Chinese wild pig hybrid population and 1 Chinese sythetic pig breed. 312 polymorphic markers were detected by a total of 22 AFLP primer combinations. The genetic similarity coefficients of 47 pig populations were calculated from AFLP data, and molecular phylogenetic tree was constructed by UPMGA method. The results showed that Chinese native and wild pig populations had remarkable genetic differentiation with European and American commercial pig populations and wild pig populations, indicating that Chinese native pig populations may originate from Asian wild pigs, while European and American commercial pig populations were domesticated from European and American wild pigs. Although different populations of commercial pig breeds including Duroc, Landrace and Large White had close relationship with each other, they also, to some extent, displayed genetic differentiation. Nanchang White pig and

收稿日期: 2008-01-14

基金项目: 国家自然科学基金项目“猪基因组 AFLP 指纹图谱构建研究”(39860063)资助

作者简介: 高 军(1969-), 女, 江西为宜人, 副教授, 主要从事动物遗传与育种研究, E-mail: jungaochina@hotmail.com

* 通讯作者: 黄路生, 教授, 博士生导师, 主要从事动物分子生物学与育种研究, E-mail: lushenghuang@hotmail.com

Large White, L95 dam line from PIC and Meishan pig had intimate genetic relationships with each other, which were consistent with its breeding history. Moreover, the cluster results of many other Chinese native pig breeds, including Meishan, Jiaxing Black, Guanchao, Tengtian Spotted, Shangyou Spotted and Wanan Spotted, were consistent with morphology, geographical distribution and exiting classification. It was concluded that AFLP provided a valuable tool for assaying genetic diversity and population genetic relationships in farm animals.

Key words: pig; AFLP analysis; population genetic relationships

随着养猪生产体系的高度集约化,少数几个高度培育的品种(系)在全球养猪生产中占据主导地位,使得全球猪种数量锐减,品种资源日趋匮乏,猪种资源的合理保护和利用显得日益紧迫和重要。国内外学者从形态学特性、生产性能、血液蛋白、同工酶和线粒体多态性、DNA 标记等途径研究了中外猪种资源的遗传多样性,推动了猪种资源的合理保存和利用。

扩增片段长度多态性(Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP)是由 Vos 等人创建的 1 种分子标记检测技术,为物种遗传多样性评估提供了新的手段^[1]。AFLP 技术可在不了解基因组序列信息的条件下,经济、快捷地产生大量的分子标记。目前 AFLP 标记已应用于猪、牛、羊、狗、鸡等畜禽遗传资源多样性的研究^[2-5]。本研究中,利用 AFLP 双色荧光标记检测技术,对 47 个亚、欧、美洲的野猪、地方猪种和培育猪类群的基因组混合 DNA 的遗传变异进行检测,旨在进一步了解和揭示受试猪种群的遗传多样性、种群间的亲缘关系及遗传分化,为地方猪种资源的客观评价、合理保护和利用提供新的科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

包括 21 个中国地方猪类群、19 个欧美商业猪类群、5 个亚欧美野猪类群、1 个中国培育猪种、1 个杜洛克 × 中国野猪 F1 群体的混合基因组 DNA,各猪群的混合基因组 DNA 由各群体中所有个体的基因组 DNA 等量混合构建而成。各猪群的采样数量、采样地点及采样方式见表 1。

1.2 AFLP 分析

1.2.1 基因组 DNA 的双酶切和接头连接 利用 *EcoR* I 和 *Taq* I 双酶切混合基因组 DNA,酶切片段与相应的 *EcoR* I 和 *Taq* I 接头连接。*EcoR* I 和 *Taq* I 接头序列为:*EcoR* I 接头:5'-CTCGTAGAC-

TGCGTACC; *Taq* I 接头:5'-GACGATGAGTC-CTGAC; 3'-CATCTGACGCATGGTTAA; 3'-TACTCAGGACTGGC。

1.2.2 预扩增和选择性扩增 根据接头序列,设计合成 3'末端带 1 个选择性碱基的预扩增引物,采用 2 种引物组 E01/T01(*EcoR* I + A/*Taq* I + A)和 E01/T02(*EcoR* I + A/*Taq* I + C)预扩增酶切-连接产物。PCR 反应体系为 25 μ L,其中 10 × PCR buffer 2.5 μ L, 25 mmol · L⁻¹ MgCl₂ 1.5 μ L, 2 mmol · L⁻¹ dNTP 2.5 μ L, 50 ng · μ L⁻¹ 引物 E01、T01 或 T02 各 0.75 μ L, 0.5 U *AmpliTaq* 酶, 1 : 10 稀释的酶切-连接产物 2.5 μ L, 加超纯水至 25 μ L。反应程序为:94 °C 预变性 30 s; 94 °C 30 s, 56 °C 60 s, 72 °C 60 s, 20 个循环; 72 °C 延伸 5 min。预扩增产物 1 : 20 稀释后,用作选择性扩增模板。

选择性扩增引物 5'和 3'端各带有 3 个选择性碱基,其中与 *EcoR* I 接头序列相对应的单条引物(EXX)末端标记上 IRD700 或 IRD800 荧光染料。选择性扩增反应体系为 15 μ L:预扩增产物 3.75 μ L, 10 × PCR buffer 1.5 μ L, 25 mmol · L⁻¹ MgCl₂ 0.9 μ L, 2 mmol · L⁻¹ dNTP 1.5 μ L, 50 ng · μ L⁻¹ 引物 EXX(IRD700 标记)0.3 μ L 或 EXX(IRD800 标记)0.15 μ L, 50 ng · μ L⁻¹ 引物 TXX 0.45 μ L, 0.5 U *AmpliTaq* 酶,加超纯水至 15 μ L。PCR 程序为:94 °C 预变性 30 s; 94 °C 30 s, 65 °C 30 s, 72 °C 120 s, 13 个循环,每个循环退火温度降低 0.7 °C; 94 °C 30 s, 56 °C 30 s, 72 °C 120 s, 20 个循环。PCR 反应均在 PE9700 PCR 仪上进行。

1.2.3 凝胶电泳和荧光检测 取选择性扩增产物 4 μ L,加入 2 μ L 反应终止液,混匀后取 1.5 μ L 上样于 6%聚丙烯酰胺凝胶,在 1 500 V、40 mA、25 W、45 °C 恒温条件下电泳 3 h,利用 LICOR 4200 DNA 遗传分析仪检测 AFLP 标记指纹图谱。

1.3 数据处理

选取 LICOR 4200 DNA 遗传分析仪检测结果

表 1 样品种类、数量和采样方式、地点

Table 1 List of pig samples for AFLP analysis

品种 Breed	类群 Population	数量 No. of individual	采样方式 Sample collection	采样地点 Location
野猪 Wild pig	中国 Chinese	2	系统随机抽样	浙江象山 Xiangshan
	英国 UK	16	系统随机抽样	英国 PIC 公司 UK PIC
	美国 USA	4	系统随机抽样	英国 PIC 公司 UKPIC
	比利时 Belgium	4	系统随机抽样	英国 PIC 公司 UK PIC
	西班牙 Spain	2	系统随机抽样	英国 PIC 公司 UK PIC
杜洛克×中国野猪 F1 (Duroc×Chinese Wild pig)		22	系统随机抽样	浙江象山 Xiangshan
长白猪 Landrace	1	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 10 系 UK PIC
	2	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 11 系 UK PIC
	3	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 12 系 UK PIC
	4	30	系统随机抽样	东乡良友畜牧有限公司 Dongxiang
大白猪 Large White	1	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 05 系 UK PIC
	2	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 06 系 UK PIC
	3	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 07 系 UK PIC
	4	22	系统随机抽样	东乡良友畜牧有限公司 Dongxiang
	5	22	系统随机抽样	江西省种猪场(双肌臀) Nanchang
	6	30	系统随机抽样	江西省种猪场 Nanchang
	7	12	系统随机抽样	东乡县畜牧所猪场 Dongxiang
杜洛克猪 Duroc	1	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 02 系 UK PIC
	2	18	系统随机抽样	东乡县畜牧所猪场 Dongxiang
	3	12	系统随机抽样	东乡良友畜牧有限公司 Dongxiang
皮特兰猪 Pietrain	1	11	系统随机抽样	江西省农科院畜牧所猪场 Nanchang
	2	50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 04 系 UK PIC
汉普夏猪 Hampshire		50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 UK PIC
南昌白猪 Nanchang White		60	系统随机抽样	进贤县畜牧良种场 Jinxian
PIC L95 合成系 PIC L95		50	系统随机抽样	英国 PIC 原种猪场 L95 系 UK PIC
拉康比猪 Lacombe		50	系统随机抽样	英国 PIC 公司原种猪场 UK PIC
嘉兴黑猪 Jiaying Black		45	系统随机抽样	嘉兴市种猪场 Jiaying
二花脸猪 Erhualian	1	6	无相关个体*	江西农大科研猪场 Nanchang
梅山猪 Meishan	1	5	系统随机抽样	江西农大科研猪场 Nanchang
	2	50	系统随机抽样	英国 PIC 公司 UK PIC
嵯县花猪 Sheng Spotted		58	系统随机抽样	嵯县 Sheng
金华猪 Jinhua		59	系统随机抽样	金华市种猪场 Jinhua
上高两头乌 Shanggao		5	无相关个体*	上高市畜牧良种场 Shanggao
玉山黑猪 Yushan Black		6	无相关个体*	玉山黑猪原种场 Yushan
铅山黑猪 Qianshan Black		9	无相关个体*	铅山县畜牧良种场 Qianshan
星子黑猪 Xingzi Black		12	无相关个体*	星子县畜牧良种场 Xingzi
南城黑猪 Nancheng Black		4	无相关个体*	南城县畜牧良种场 Nancheng
乐平花猪 Leping Spotted		7	无相关个体*	乐平花猪原种场 Leping
东乡花猪 Dongxiang Spotted		5	无相关个体*	东乡县畜牧良种场 Dongxiang
杭猪 Hang		5	无相关个体*	修水杭猪原种场 Ruijin
藤田花猪 Tengtian Spotted		8	无相关个体*	永丰县畜牧良种场 Yongfeng
冠朝猪 Guanchao		7	无相关个体*	吉安市畜牧良种场 Jian
万安花猪 Wanan Spotted		30	系统随机抽样	万安县畜牧良种场 Wanan
上犹花猪 Shangyou Spotted		7	系统随机抽样	上犹县油石乡 Shangyou
资溪黑猪 Zixi Black		9	系统随机抽样	资溪县畜牧良种场 Zixi
德兴花猪 Dexing Spotted		11	系统随机抽样	德兴县畜牧良种场 Dexing
瑞金三花猪 Ruijin San Spotted		10	系统随机抽样	瑞金县畜牧良种场 Ruijin

* . 根据系谱记载 3 代内无任何血缘关系的个体

* . Unrelated individuals in three generations according to pedigree

中 50~500 bp 扩增片段,应用 Keygene 公司的 Quanta 遗传分析软件,确定样本间的多态变异条带;有带的为 1,无带的为 0,建立数据库。利用 SSPS 软件,按公式 $GS = 2a / (2a + b + c)$ 计算猪群间的遗传相似系数(Genetic Similarity, GS),其中 a 为 2 个猪群都有的多态带数目,b 为 X 猪群特有条带数,c 为 Y 猪群特有条带数;各猪群间的遗传距离指数(D)按公式 $D = 1 - GS$ 计算^[2]。根据 D 值,利用 PHYLIP(Version 3.6a)软件包^[6],按照非加权组平均法(Unweighted pair group method with arithme-

tic mean, UPGMA)进行聚类分析,构建聚类关系图。

2 结果

2.1 AFLP 多态标记检测结果

采用 22 种引物组合进行选择扩增,1 种引物组合可产生 50~100 条 AFLP 条带,分子量范围 50~500 bp(图 1)。22 种引物组合共检测到 312 条多态带,平均每种引物组合产生 14.2 条多态带,变化范围 5~28 条(表 2)。

表 2 22 种 AFLP 引物组合及检测结果

Table 2 Amplification results of 22 AFLP primer combinations

预扩增引物组合 Preamplification primer combination	选择性扩增引物组合 Selective amplification primer combination	引物序列(5'-3') Primer sequence	多态条带数量 Number	
E01/T01	E31/T39	GACTGCGTACCAATTCAAA// GATGAGTCCTGACCGAAGA	15	
	E31/T40	GACTGCGTACCAATTCAAA// GATGAGTCCTGACCGAAGC	17	
	E31/T41	GACTGCGTACCAATTCAAA// GATGAGTCCTGACCGAAGG	8	
	E31/T42	GACTGCGTACCAATTCAAA//GATGAGTCCTGACCGAAGT	25	
	E32/T32	GACTGCGTACCAATTCAAC// GATGAGTCCTGACCGAAAC	28	
	E32/T33	GACTGCGTACCAATTCAAC// GATGAGTCCTGACCGAAAG	17	
	E32/T35	GACTGCGTACCAATTCAAC// GATGAGTCCTGACCGAACA	14	
	E32/T38	GACTGCGTACCAATTCAAC// GATGAGTCCTGACCGAACT	16	
	E33/T40	GACTGCGTACCAATTCAAG// GATGAGTCCTGACCGAAGC	14	
	E39/T33	GACTGCGTACCAATTCAGA// GATGAGTCCTGACCGAAAG	13	
	E43/T40	GACTGCGTACCAATTCATA// GATGAGTCCTGACCGAAGC	14	
	E45/T32	GACTGCGTACCAATTCATG// GATGAGTCCTGACCGAAAC	10	
	E01/T02	E32/T49	GACTGCGTACCAATTCAAC// GATGAGTCCTGACCGACAG	19
		E33/T47	GACTGCGTACCAATTCAAG// GATGAGTCCTGACCGACAA	15
E33/T49		GACTGCGTACCAATTCAAG//GATGAGTCCTGACCGACAG	9	
E33/T62		GACTGCGTACCAATTCAAG//GATGAGTCCTGACCGACTT	9	
E35/T48		GACTGCGTACCAATTCACA // GATGAGTCCTGACCGACAC	5	
E39/T48		GACTGCGTACCAATTCAGA// GATGAGTCCTGACCGACAC	14	
E42/T48		GACTGCGTACCAATTCAGT// GATGAGTCCTGACCGACAC	10	
E42/T49		GACTGCGTACCAATTCAGT// GATGAGTCCTGACCGACAG	8	
E45/T49		GACTGCGTACCAATTCATG// GATGAGTCCTGACCGACAG	15	
E46/T48		GACTGCGTACCAATTCATT // GATGAGTCCTGACCGACAC	17	
总计 Total	22		312	

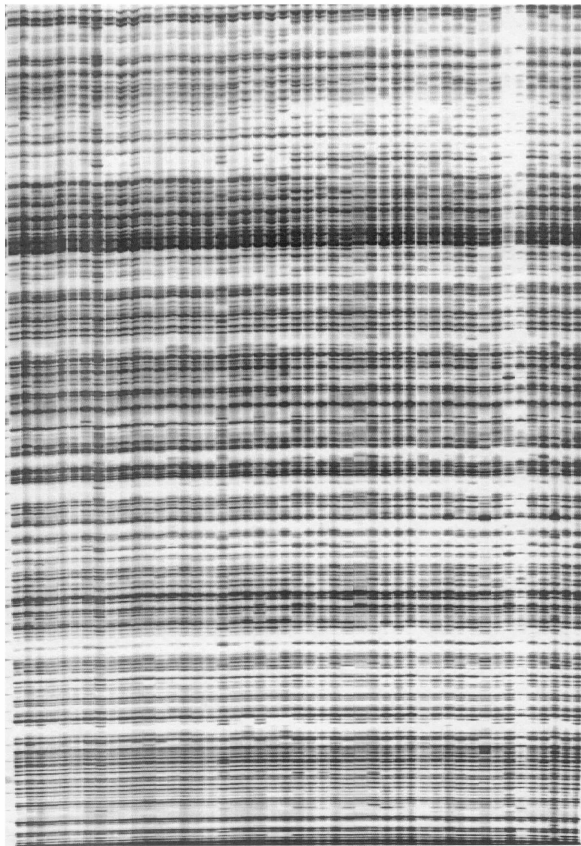
2.2 遗传相似系数统计结果

2 个 PIC 专门化品系 LR11 和 LR12 在 47 个受试猪群中遗传相似系数最高(0.850),西班牙野猪与嘉兴黑猪的遗传相似系数最低(0.313)。整体而言,欧美商业猪群与欧美野猪和培育猪种之间、中国地方猪与中国野猪之间的遗传相似系数较高,而欧美

商业猪种、欧美野猪、培育猪种与中国地方猪、中国野猪之间的遗传相似系数较低(遗传相似系数统计结果数据庞大,在此就不再列出)。

2.3 聚类分析

47 个猪群整体上分为 2 大类群:欧美野猪、商业猪群和培育猪种聚为一类,中国野猪、中国地方猪



从左到右的泳道代表 47 个猪群的池 DNA, 预扩增引物组 E01/T01, 选择性扩增引物组 E31/T39
Lanes from left to right indicate the DNA pool of 47 pig populations, the preamplification primer combination is E01/T01, and the selective amplification primer combination is E31/T39

图 1 47 个猪群 AFLP 指纹图谱

Fig. 1 AFLP fingerprinting pattern of 47 pig populations

种和含有中国地方猪种血缘的 PIC 合成系 L95 聚为另一类群(图 2)。

3 讨论

3.1 受试猪种(群)的遗传多样性

47 个受试猪群中包括中国地方猪、欧美商业猪种以及亚欧美洲的野猪类群, 其形态外貌、生产特性、地理分布和种质特性等相差十分悬殊, 遗传背景差异较大。从 AFLP 标记检测结果看, 22 种 AFLP 引物组合检测到的多态标记多达 312 条, 平均每个引物组合产生 14.2 条。这表明 AFLP 多态检测效率高, 一次扩增能产生大量的多态标记, 另外, 也反映出 47 个受试猪群有着丰富的遗传多样性。

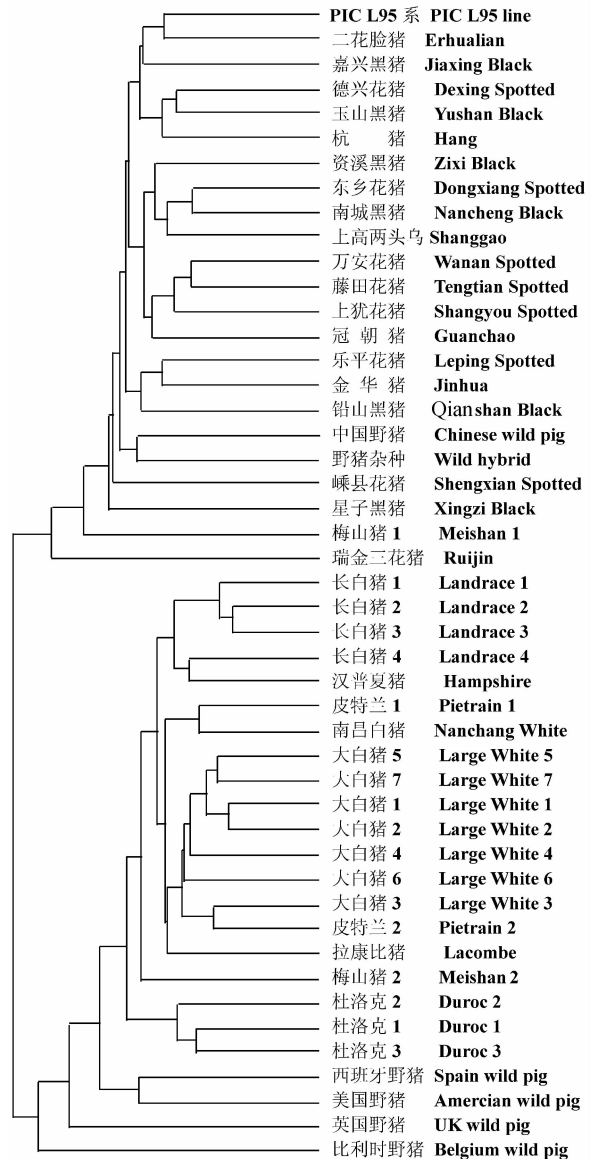


图 2 47 个猪群的 UPGMA 聚类关系图

Fig. 2 Molecular phylogenetic tree of 47 pig populations constructed by the UPGMA method

3.2 猪种的起源和分化

家猪的始祖为野猪, 中国地方猪种被认为起源于亚洲野猪, 而欧美商业猪种是欧美野猪的后代^[7], 有关血液蛋白多态性、线粒体 DNA 多态性和 RAPD 分子标记等研究结果也表明中国地方猪有着与欧美商业猪种不同的起源, 它可能起源于亚洲野猪^[8-10]。研究结果也表明, 中国地方猪与中国野猪之间有更近的亲缘关系, 而欧美商业猪群与欧美野猪的亲缘关系更近。在 UPGMA 聚类图中, 中国野猪类群与中国地方猪明显地聚为一大类, 而欧美商业猪群与欧美野猪聚成另一大类, 这提示中国地方猪起源于中

国野猪,而欧美商业猪种中虽然有部分在其培育过程中可能使用过少量中国地方猪的血缘,但其整体起源仍可明显看出是由欧美野猪驯化而来。

3.3 47 个猪种(群)的群体遗传关系研究

AFLP 的分析结果较好地反映了 47 个受试猪种群的种质特性和育成历史。长白猪 4 个类群、大白猪 7 个类群、杜洛克猪 3 个类群分别聚为一类,这体现了同一猪种不同类群间有共同的起源,亲缘关系很近,遗传背景相似度高。从长白猪来看,3 个 PIC 长白猪专门化品系有着很近的亲缘关系,它们首先聚在一起,东乡良友的长白猪群再与它们聚为一类。这体现了不同品系的长白猪由于选择性状和选择方向的差异,经长期选择,不同类群间产生了一定的遗传分化。大白猪、杜洛克猪与长白猪有着类似的情况。

南昌白猪是培育品种,含大白猪的血缘比例很高(75%),因而与大白猪的遗传关系很近^[11]。在聚类图中,南昌白猪与大白猪的 7 个类群及皮特兰猪聚在一起。在现行的地方猪种分类中,嘉兴黑猪和二花脸猪同属太湖猪的 2 个类群^[7],RAPD、mtDNA 等分子标记的研究结果也表明,它们有着很近的亲缘关系^[9-10]。在聚类关系图中,嘉兴黑猪与二花脸猪、PIC L95 系聚为一类。PIC L95 系为合成系,在它的选育过程中导入了较多的太湖猪血缘,因而与太湖猪的亲缘关系很近。试验中的中国野猪和野猪×杜洛克杂种群体的样品采自浙江象山的同一猪场,根据系谱记录,野猪×杜洛克杂种群含 50%~75%的野猪血缘,显然与野猪的亲缘关系很近,在 UPGMA 聚类关系图中,这 2 类猪也聚在一起,遗传相似性较高。冠朝猪、藤田花猪、上犹花猪、万安花猪、瑞金三花猪等是分布于赣中、赣南地区的地方花猪类群,这些猪群产地毗邻,生态环境和社会经济条件相似,外型特征和种质特性大同小异,故在现行的猪种分类中,这些猪群归为同一品种—赣中南花猪^[7]。血液蛋白多态性和 RAPD 分析结果也基本支持这一分类^[12-13]。从 AFLP 分析结果看,除瑞金三花猪,其他 4 个赣中南花猪的地方类群都聚为一类,体现出较近的亲缘关系,支持现行的分类情况。

本研究结果中也出现了部分地方猪种群的聚类关系与现行的分类情况和事实记载不一致的情况,如梅山猪的 2 个群体与二花脸猪、嘉兴黑猪表现出较远的亲缘关系;瑞金三花猪与同属赣中南花猪的其他 4 个地方猪群遗传距离较远,遗传分化明显等。

出现这种情况的原因可能有:(1)受试猪种因现存群体数量较少或采样困难,采样个体数较少,一定程度上引起了系统误差;(2)试验误差;(3)这些猪种在长期的选育进化过程中有着未见记载的种群迁移和基因流动情况;这些需要进一步深入研究。

致谢:本研究在样品采集过程中得到了各相关县(市)农(牧)业局及采样单位的大力支持和帮助,一并谨表谢意。

参考文献:

- [1] VOS P, HOGERS R, BLEEKER M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucleic Acids Res*, 1995, 21:4407-4414.
- [2] OVILO C, CERVERA M T, CASTELLANOS C, et al. Characterization of Iberian pig genotypes using AFLP markers[J]. *Anim Genet*, 2000, 31:117-122.
- [3] AJMONE-MARSON P, VALENTINI A, CASSANDRO M, et al. AFLP™ marker for DNA fingerprinting in cattle [J]. *Anim Genet*, 1997, 28:418-426.
- [4] AJMONE-MARSON P, NEGRINI R, CREPALDI P, et al. Assessing genetic diversity in Italian goat populations using AFLP markers[J]. *Anim Genet*, 2001, 32:281-288.
- [5] HERBERGS J, SIWEK M, CROOIJMANS R P M A, et al. Multicolour fluorescent detection and mapping of AFLP markers in chicken (*Gallus domesticus*) [J]. *Anim Genet*, 1999, 30:274-285.
- [6] SNEATH P H A, SOKAL R R. Numerical Taxonomy[M]. Freeman, San Francisco, 1973.
- [7] 《中国猪品种志》编写组. 中国猪品种志 [M]. 上海:上海科学技术出版社,1986.
- [8] 黄路生,高 军,林树茂,等. 21 个野生、培育及地方猪种免疫及生化遗传标记基因位点的遗传分化研究 [J]. *遗传学报*, 1999, 26: 315-323.
- [9] 兰 宏,王 文,施立明. 西南地区家猪和野猪 mtDNA 遗传多样性研究 [J]. *遗传学报*, 1995, 22: 28-33.
- [10] 常 青,周开亚,王义权,等. 太湖猪遗传多样性和系统发生关系的 RAPD 分析 [J]. *遗传学报*, 1999, 26: 480-488.
- [11] 赖以斌. 南昌白猪选育研究专辑[J]. *江西农业大学学报*, 1997,19(增刊).
- [12] 任 军,黄路生,高 军,等. 赣中南花猪的随机扩增多态 DNA 与群体遗传关系研究 [J]. *遗传*, 2000,22: 69-72.
- [13] 黄海根,邹 峰. 华东南地区部分家猪地方种群的亲缘关系及其起源分化初探 [J]. *江西农业大学学报*, 1988, 10: 31-35.