

家兔遗传多样性及系统发生关系的微卫星分析

孙红梅* 邢秀梅 荣 敏 丛 波

(中国农业科学院特产研究所, 吉林左家 132109)

摘要: 为了揭示我国家兔资源的遗传现状, 本文从30个微卫星位点中筛选出10个位点, 对22个家兔品种(系)的遗传变异进行了分析。结果表明: 22个家兔品种(系)在10个微卫星座位上的平均有效等位基因数为3.0–4.6; 平均多态信息含量在0.4997–0.7009之间, 多为高度多态, 说明家兔有丰富的遗传多样性。各品种之间的遗传距离(D_s)较近, 在0.0087–1.2712之间, 其中以美系獭兔和德系獭兔间距离最近, 为0.0087。德国大白兔与长毛兔之间距离最远, 为1.2712。根据遗传距离做聚类图, 可以看出中国22个家兔品种被分为三大类: 吉戎-I系和吉戎-II系成一类, 塞北兔、哈白兔聚为一类, 其他品种聚为一类。该研究结果将为中国家兔品种的保护和利用提供重要的科学依据。

关键词: 家兔, 微卫星标记, 遗传多样性, 系统发生关系

Genetic diversity and phylogenetic relationship of rabbit breeds based on microsatellite DNA markers

Hongmei Sun*, Xiumei Xing, Min Rong, Bo Cong

Institute of Special Economic Plants and Animals, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Zuojia, Jilin 132109

Abstract: Genetic diversity of 22 rabbit breeds were investigated using 10 microsatellite DNA markers. The results showed that the average number of effective alleles ranged from 3.0 to 4.6, and the polymorphism information content (PIC) ranged from 0.4997 to 0.7009, showing highly polymorphic. The lowest genetic distance (0.0087) was observed between American rex rabbit and Germany rex rabbit, while the highest genetic distance (1.2712) was observed between Germany white rabbit and Changm. UPGMA cluster analysis based on genetic distance showed that the 22 breeds could be divided into three groups. The first group contained Jirong-I and Jirong-II rabbit, Saibei rabbit and Habai rabbit comprised a second group, and the other populations in the third group. The results may provide theoretical basis for conservation and exploitation of rabbit breeds in China.

Key words: rabbit, microsatellite marker, genetic diversity, phylogenetic relationship

我国养兔业已有两千年的历史, 培育出了适合不同自然条件的家兔品种。目前已成为世界养兔最多的国家, 兔肉、兔毛出口量最大。但是, 近些年来不少养殖场为了追求经济利益而对家兔进行连续定向选择, 而且利用的亲本数目有限, 致使群体遗传结构逐渐改变, 总体遗传多样性下降, 最终导致种质退化。因此了解目前我国家兔资源的遗传多样性状况及如何最大限度地保持其遗传多样性已成为家兔育种者关注的问题。近几年国内、外学者

已经通过形态标记、生化标记、分子标记等方法对某些家兔品种进行了遗传多样性评价(杜立新, 1995; Chantry-Darmon *et al.*, 2005, 2006)。自联合国粮农组织将微卫星标记作为优先推荐的分析工具以来(Barker *et al.*, 1997), 国内学者也开始利用微卫星对部分家兔的遗传多样性进行了分析: 樊兆斌等(2007)利用微卫星标记对我国的5个引进品种的遗传多样性进行了分析; 朱玉峰等(2004a,b)对獭兔等几个品种的系统发生关系进行了分析。但目前已有

收稿日期: 2008-03-06; 接受日期: 2008-08-25

基金项目: 国家畜牧兽医总站基金项目(30370156)

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: sunhongmei123@yahoo.com.cn

的这些研究均未系统地阐述我国目前饲养家兔品种的遗传多样性问题, 不能对我国家兔资源进行总体评价。因此本文采用微卫星标记对我国饲养的22个家兔群体进行了遗传多样性分析, 以期揭示家兔的遗传多样性现状, 为家兔种质资源的有效保护和合理利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 样品的采集

本实验样本采自22个家兔品种, 每个品种随机采集约60只(公母各半), 要求采样个体具备品种的典型特征, 共计1,300只个体(表1)。耳缘静脉采血3–5 mL, ACD抗凝, -80°C 保存。

从30对引物中选择10对多态性较高的位点, 引物由华美生物工程公司合成。该10对引物的信息见表2。

1.2 基因组DNA的提取

采用常规的酚氯仿抽提法。具体参考《分子克

隆实验指南》(第3版)。用分光光度计测定基因组DNA溶液的浓度, 然后将浓度调整为50 ng/ μL 左右。

1.3 PCR扩增

25 μL 反应体系: 10 \times buffer缓冲液(含 Mg^{2+})2.5 μL , 4种dNTPs混合物(2.5 mM)2 μL , 引物(25 $\mu\text{M}/\text{L}$)1 μL , Taq聚合酶(-20°C 保存)1 μL , 模板DNA 1 μL , 灭菌的蒸馏水17.5 μL 。Taq酶和dNTPs均购自上海生工生物工程公司。

PCR反应程序: 94°C 预变性5 min; 94°C 变性30 s, $54\text{--}67^{\circ}\text{C}$ 退火30 s, 72°C 延伸30 s, 进行35个循环; 72°C 延伸7 min。

1.4 扩增产物的检测

PCR扩增产物先在2.0%的琼脂糖凝胶中进行电泳检测, 然后用12%的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分型。采用PBR322/Msp I作为分子量标记物(Hite *et al.*, 1996)。

1.5 统计分析

本研究采用POPGEN3.2统计分析软件计算等

表1 家兔品种名称、数量和采集地点

Table 1 Name, sample size and collecting location of the studied rabbit breeds

代号 Code	品种 Breeds	数量 Sample size	采集地点 Collecting location
Meita	美系獭兔 American rex rabbit	60	吉林梨树 Lishu, Jilin
Deta	德系獭兔 Germany rex rabbit	60	吉林辽源 Liaoyuan, Jilin
Fata	法系獭兔 French rex rabbit	48	山东莱州 Laizhou, Shandong
Changm	长毛兔 Angor	60	山东诸城 Zhucheng, Shandong
Jione	吉戎-I 系 Jirong-I rabbit	56	吉林大学兔场 Rabbit Farm of Jilin University
Jirtwo	吉戎-II 系 Jirong-II rabbit	63	吉林大学兔场 Rabbit Farm of Jilin University
Habai	哈白兔 Habai rabbit	40	吉林省农安县小城子乡 Xiaochengzi Town, Nongan, Jilin
Taihan	太行山兔 Taihangshan rabbit	55	江苏徐州 Xuzhou, Jiangsu
Mibai	密州白兔 Mizhou white rabbit	25	山东诸城 Zhucheng, Shandong
Mihuan	密州黄兔 Mizhou yellow rabbit	30	山东诸城 Zhucheng, Shandong
Saibei	塞北兔 Saibei rabbit	34	黑龙江省齐齐哈尔市 Qiqihaer, Heilongjiang
Fuhuan	福建黄兔 Fujian yellow rabbit	60	福建省连城县 Liancheng, Fujian
Jiangx	江西万载兔 Jiangxi wanzai rabbit	60	江西万载县 Wanzai, Jiangxi
Sichua	四川白兔 Sichuan white rabbit	60	四川成都市 Chengdu, Sichuan
Yila	伊拉兔 Yila rabbit	64	山东省安丘县 Anqiu, Shandong
Yipulv	伊普吕兔 Yipulv rabbit	66	吉林省镇赉 Zhenlai, Jilin
Bulie	布列塔尼亚兔 Bulietaniya rabbit	29	吉林省四平市 Siping, Jilin
Bilish	比利时兔 Belgium rabbit	60	吉林省镇赉 Zhenlai, Jilin
Deda	德国大白兔 Germany white rabbit	36	山西省农科院 Institute of Agriculture Sciences of Shanxi Province
Jialif	加利福尼亚兔 Califonia rabbit	60	中国农业大学兔场 Rabbit Farm of China Agriculture University
Ribend	日本大耳白兔 Japanese rabbit	60	江苏省徐州市 Xuzhou, Jiangsu
Xinxil	新西兰兔 New Zealand rabbit	60	吉林省农安县小城子乡 Xiaochengzi Town, Nongan, Jilin

表2 引物序列及退火温度
Table 2 Primer sequence and annealing temperature

座位 Locus	引物序列 (5'-3') Primer sequence	退火温度 Anneal- ing tem- perature (°C)
6L1F10	F: CAGAAGGGCATTGTTTG R: TGATTCTTCTCTGCCTCTTA	64
6L2H3	F: CAAATGAAATGAGGAGGGAGATA R: CATTGAGGACATTTGAGTAGTGAG	61
7L1B10	F: TTGGCAGGAAGAAAAGGAAGA R: TT TTTGTCATAAGCATTGGGAAGTG	64
12L1C2	F: AGGGGCCTCCATCCTCTACA R: ATTATGTGTCAGGCAGGCTGTGTC	67
12L1E11	F: AGTGGTAGCGCTTTGGTCTG R: GCTCCTGGGGCATTG	66
12L4A1	F: GCTAATTACCCAAAGGAACATACA R: CAGTGCAAATTTGGAAGGTCT	62
12L5A6	F: GGTGTGAACCACTAGATAGAA R: CAAAATTAGTCCCTTGTAGT	55
19L1G5	F: AGTTGCTCCCACCCGATTTTA R: TGCTGTTGGGAGTAGATTGACC	64
L7C11	F: ATGGCACCAATAATGTC R: TTTGGCAATAGATGAGG	54
L8B5	F: TGTATGCCATGCTTTTAGTATTA R: TTTGCCAATTCTTTGGTAT	60

位基因频率、杂合度(H)和有效等位基因数(N_e) (Garza *et al.*, 1995), 并以等位基因频率为基础, 利用SAS软件计算多态信息含量, 利用DISPAN软件计算Nei's标准遗传距离(D_S)。根据遗传距离利用PHYLP软件对所研究的群体进行聚类分析(张继全等, 1998)。

2 结果

2.1 群体遗传多样性

22个家兔群体在10个微卫星座位上的平均有效等位基因数为3.0–4.6。平均多态信息含量(PIC)在0.4997–0.7009之间, 加利福尼亚兔最低(0.4997), 吉戎-I系最高(0.7009)。除加利福尼亚兔为中度多态($0.25 < PIC < 0.5$)外, 其余为高度多态($PIC > 0.5$), 表明本研究的所有研究群体提供的遗传信息均较高, 有较大的利用潜力。观察杂合度在0.4884–0.9035之间, 期望杂合度在0.5885–0.7378之间, 其中有6个群体观察杂合度低于期望杂合度(表3)。

2.2 群体间的遗传变异

2.2.1 群体杂合度(H_i)和遗传分化系数(G_{st})

10个微卫星位点总群体杂合度和亚群体杂合度分别为0.7587和0.6526, 群体的遗传分化系数(G_{st})为0.1398, 即遗传变异的13.98%存在于品种间, 86.02%的存在于品种内。

2.2.2 遗传距离及聚类分析

根据Nei's计算 D_S 遗传距离(Nei *et al.*, 1983)(表4), 可以看出我国家兔各品种之间的遗传距离较近, 在0.0087–1.2712之间。其中以美系獭兔和德系獭兔间距离最近, 为0.0087, 德国大白兔与长毛兔之间距离最远, 为1.2712。由群体间遗传距离分析得到的UPGMA聚类图能够更直观地体现群体间关系。系统进化树把22个家兔群体分为3大类。首先由吉林大学培育的吉戎-I系和吉戎-II系自成一类, 塞北兔、哈白兔聚为一类, 其他品种通过多次聚类之后聚为一大类(图1)。

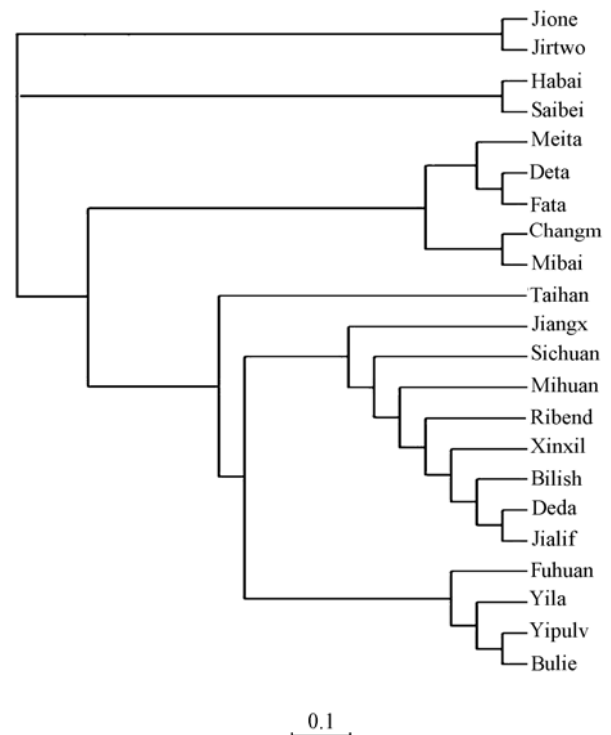


图1 22个家兔品种基于标准遗传距离(D_S)的系统聚类
Fig. 1 Dendrogram of 22 rabbit breeds based on standard genetic distance (D_S) using UPGMA method

表3 家兔品种(系)多态信息含量、杂合度及有效等位基因数

Table 3 Polymorphism information content, heterozygosity and the effective allele number of rabbit breeds(series)

品种 Breeds	多态信息含量 (PIC)	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	有效等位基因 (N_e)	品种 Breeds	多态信息含量 (PIC)	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	有效等位基因 (N_e)
美系獭兔 Meita	0.6246	0.8517	0.6888	3.3	福建黄兔 Fuhuan	0.6541	0.8133	0.7155	4.3
德系獭兔 Deta	0.6381	0.8333	0.6993	3.5	江西万载兔 Jiangx	0.6598	0.8133	0.7183	4.4
法系獭兔 Fata	0.6362	0.8688	0.6993	3.4	四川白兔 Sichua	0.6596	0.8384	0.7166	4.3
长毛兔 Changm	0.6263	0.8633	0.7038	3.5	伊拉兔 Yila	0.6552	0.8813	0.7145	4.0
吉戎-I系 Jione	0.7009	0.6268	0.5972	3.8	伊普吕兔 Yipulv	0.6848	0.9015	0.7378	4.6
吉戎-II系 Jirtwo	0.6527	0.6175	0.6671	4.1	布列塔尼亚兔 Bulie	0.6674	0.9035	0.7369	4.2
哈白兔 Habai	0.6937	0.6175	0.6826	3.9	比利时兔 Bilish	0.5704	0.8233	0.6418	4.0
太行山兔 Taihan	0.6351	0.5720	0.6512	4.2	德国大白兔 Deda	0.5336	0.7550	0.6028	3.6
密州白兔 Mibai	0.6361	0.5760	0.5885	3.5	加利福尼亚兔 Jialif	0.4997	0.7667	0.5897	3.0
密州黄兔 Mihuan	0.6158	0.6100	0.6539	4.2	日本大耳白兔 Ribend	0.5621	0.7583	0.6210	4.1
塞北兔 Saibei	0.6944	0.4884	0.6693	3.8	新西兰兔 Xinxil	0.5418	0.7667	0.6055	4.1

PIC, Polymorphism information content; H_o , Observed heterozygosity; H_e , Expected heterozygosity; N_e , Effective allele number
品种代号同表1 Codes of the breeds are the same as in Table 1

表4 各品种(系)间的遗传距离(D_s)

Table 4 Genetic distance (D_s) among breeds (series)

家兔品种 Breed	家兔品种 Breed																									
	Meita	Deta	Fata	Changm	Jione	Jirtwo	Habai	Taihan	Mibai	Mihuan	Saibei	Fuhuan	Jiangx	Sichua	Yila	Yipulv	Bulie	Bilish	Deda	Jialif	Ribend					
Deta	0.0087																									
Fata	0.0195	0.0123																								
Changm	0.0457	0.0155	0.0294																							
Jione	0.1145	0.0993	0.1450	0.1310																						
Jirtwo	0.0489	0.0368	0.0598	0.0512	0.1156																					
Habai	0.0818	0.1018	0.1054	0.0708	0.1199	0.0634																				
Taihan	0.1268	0.0822	0.1421	0.0604	0.0832	0.0338	0.0700																			
Mibai	0.1055	0.0822	0.0853	0.0904	0.1543	0.0707	0.1363	0.1057																		
Mihuan	0.1377	0.1221	0.1624	0.1076	0.1549	0.1270	0.0848	0.0894	0.0907																	
Saibei	0.0838	0.0838	0.0808	0.0883	0.1374	0.0485	0.0864	0.1282	0.0767	0.1716																
Fuhuan	0.0887	0.0932	0.1064	0.1235	0.1459	0.0651	0.0712	0.0938	0.1837	0.1577	0.1456															
Jiangx	0.1050	0.1126	0.1178	0.1774	0.1517	0.1076	0.0988	0.1467	0.1699	0.1582	0.1435	0.0226														
Sichua	0.1055	0.1402	0.1368	0.2003	0.2333	0.1186	0.1009	0.1984	0.2304	0.1614	0.2016	0.0204	0.0158													
Yila	0.0503	0.0550	0.0622	0.0764	0.1398	0.0770	0.0525	0.1275	0.1770	0.1269	0.1255	0.0256	0.0387	0.0569												
Yipulv	0.1160	0.1264	0.1576	0.1466	0.2154	0.1342	0.1074	0.1588	0.1771	0.0677	0.1893	0.0454	0.0583	0.0597	0.0406											
Bulie	0.0441	0.0712	0.0674	0.1038	0.1499	0.0747	0.0446	0.1460	0.1613	0.1352	0.0815	0.0121	0.1062	0.0162	0.0121	0.0230										
Bilish	0.9099	0.8996	0.8258	1.1054	1.1248	0.9319	1.1058	1.0426	1.2081	0.8881	1.0418	0.7780	0.7140	0.6957	0.6895	0.7051	0.6636									
Deda	1.0681	1.1471	1.0576	1.2712	1.0320	1.0828	1.0922	1.1075	1.1115	1.0171	1.1627	0.9233	0.8814	0.9330	0.9698	0.7245	0.8691	1.0303								
Jialif	0.6947	0.6981	0.7085	0.7652	0.6287	0.8046	0.7370	0.7273	0.7012	0.6321	0.5652	0.7223	0.5835	0.7186	0.7327	0.6724	0.6932	1.2710	0.9533							
Ribend	0.4404	0.5271	0.4329	0.5339	0.5731	0.5589	0.3586	0.6167	0.5380	0.5383	0.5004	0.4636	0.4768	0.3140	0.4620	0.4732	0.3307	1.0693	1.0027	0.6779						
Xinxil	0.6936	0.7311	0.7828	0.7769	0.7024	0.7171	0.6512	0.7869	0.8267	0.7285	0.8075	0.7642	0.7915	0.6991	0.6969	0.6714	0.6775	0.7915	1.0445	0.8888	0.8555					

代号含义同表1

Codes of the breeds are the same as in Table 1

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

本研究结果表明中国现有家兔群体的遗传多

样性较为丰富, 具有较大的保种潜力。布列塔尼亚兔的杂和度最高, 因此, 其遗传多样性最丰富, 这可能与它的培育历史有关, 布列塔尼亚兔是由比利时兔、公羊兔、青紫蓝兔、花巨兔、苏联白兔、德

国白兔、新西兰白兔、加利福尼亚兔等几个品种杂交而成的。塞北兔的遗传多样性最低,我们推测可能是长期的地理隔离和生殖隔离,加之群体数量较小,导致群体的同质性加大。

3.2 群体结构

期望杂合度是从一个基因库中随机抽出的一个位点的两个拷贝为非纯合基因的概率。此杂合度值越大表明群体内的遗传变异越大;观察杂合度是所有位点在各个品种中实际出现的杂合度。观察杂合度值越接近期望杂合度值说明该品种受外来选择及近交等因素的影响越小,群体处于遗传平衡状态(张继全等, 1998)。中国现有22个品种中,多数品种期望杂合度与观察杂合度之间的差异都较小,群体处于遗传平衡状态,如福建黄兔和江西万载兔的观察杂合度与期望杂合度分别只相差0.097和0.095(表3),说明福建黄兔和江西万载兔在品种培育过程中受外来选择及近交的影响较小,更接近于原始品种。6个群体的平均观察杂合度明显低于期望杂合度,暗示群体内可能存在一定程度的近交。一方面在相近生态区域内,家兔品种分布界线有时不太分明,尤其是市场交易过程中基因交流机会较多,易表现出纯化效应(陈幼春, 2001)。另一方面,当种群数量较少时,公兔血统来源比较单一,会造成近交程度不断升高,致使微卫星基因座有效等位基因数目较少、观察杂合度较低(李宁, 2002; Zerger & Richardson, 2003),如太行山兔就是由于种群数量较少时,公兔血统来源比较单一,造成近交程度较高。

3.3 群体间遗传关系

本研究运用UPGMA得出的聚类结果与家兔的地理分布或育种成史相吻合。如:长毛兔为毛用兔,与其他群体交流较少^①,因此与国内其他群体间的遗传关系较远。与龙继蓉(2001)利用mtDNA技术对我国家兔品种遗传多样性分析结果中中长毛兔与其他品种的遗传距离较远基本上相一致。德国大白兔与长毛兔间的遗传距离最远,所以在育种实践中可充分发挥它们的杂交优势进行配套利用,培育新品种(系),以提高我国家兔品种的生产性能。在聚类图中22个家兔品种被分为3大类,其中吉戎-I系和吉戎-II系兔聚为一类,这可以从它们的培育过程得

到解释。吉戎-I系是利用日本大耳白兔为母本、加利福尼亚短毛型的公獭兔为父本,在“八黑”短毛型纯合体中进行继代选育,后经5个世代选育而成。用于吉戎-II系选育的父、母本与吉戎-I系相同,只是选育出白花短毛型进行继代选育,所以二者亲缘关系最近,只是选育方向不同。吉戎-I系与吉戎-II系聚为一类与庞荣清等(2000)利用随机扩增多态性DNA分析,樊兆斌等(2007)利用微卫星分析所得的结论一致。

3.4 家兔的遗传改良和保护策略

我国家兔资源较为丰富,但塞北兔等个别群体遗传多样性较低,通过观察杂合度及期望杂合度对群体结构研究发现,长期以来对优良性状的选择育种已使家兔的群体结构有所改变,并表现出不同程度的近交。因此,为了避免群体结构的改变,改变群体的遗传平衡,减少不必要的近交,建议保种场应该利用家系间随机交配或保种群体内随机交配的手段,通过采取保种场间和保种区间个体交换的办法来增加保种群体的遗传基础,同时保种场内尽量不作有方向性的选择(贾艳梅等, 2004)。另外,对于一些被隔离的小种群,应扩大其分布区域,相互建立起一定的基因交流,改善现存的种群状况,另外应选取遗传多样性丰富的个体作为亲本进行扩繁和再引入。

参考文献

- Barker JSF, Moore SS, Hetzel DJS, Evans D, Tan SG, Byrne K (1997) Genetic diversity of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*) microsatellite variation and a comparison with protein-coding loci. *Animal Genetics*, **28**, 103–115.
- Chantry-Darmon C, Urien C, Hayes H, Bertaud M, Chadi-Taourit S, Chardon P, Vaiman D, Rogel-Gaillard C (2005) Construction of a cytogenetically anchored microsatellite map in rabbit. *Mammalian Genome*, **16**, 442–459.
- Chantry-Darmon C, Urien C, de Rochambeau H, Allain D, Pena B, Hayes H, Grohs C, Cribiu EP, Deretz-Picoulet S, Larzul C, Save JC, Neau A, Chardon P, Rogel-Gaillard C (2006) A first-generation microsatellite-based integrated genetic and cytogenetic map for the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) and localization of angora and albino. *Animal Genetics*, **37**, 335–341.
- Chen YC (陈幼春), Cao HH (曹红鹤), Li HB (李宏滨)(2001) Application of random-locating sampling in subpopulation of animal breed. *Journal of Yellow Cattle Science* (黄牛杂志), **27**(1), 1–3. (in Chinese with English abstract)
- Du LX (杜立新) (1995) Molecular markers and applications of

^① 谢光美 (2006) 长毛兔微卫星多态性及其与产毛量和体重的相关研究. 四川农业大学硕士学位论文

- its to animal breeding. *Journal of Yellow Cattle Science* (黄牛杂志), **22**(1), 31–33. (in Chinese with English abstract)
- Fan ZB (樊兆斌), Xing XM (邢秀梅), Yang FH (杨福合)(2007) Studies on the relations of five rabbit lines by microsatellite DNA marker. *Special Wild Economic Animal and Plant Research* (特产研究), **29**(1), 1–4. (in Chinese with English abstract)
- Garza JC, Slatkin M, Freimer NB (1995) Microsatellite allele frequencies in humans and chimpanzees, with implications for constraints on allele size. *Molecular Biology and Evolution*, **12**, 594–603.
- Hite JM, Eckert KA, Cheng KC (1996) Factors affecting fidelity of DNA synthesis during PCR amplification of $d(C-A)_n \cdot d(G-T)_n$ microsatellite repeats. *Nucleic Acids Research*, **24**, 2429–2434.
- Jia YM (贾艳梅), Chen LR (陈利荣), Han JW (韩俊文) (2004) Microsatellite markers and genetic breeding. *Jilin Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine* (吉林畜牧兽医), (10), 10–12. (in Chinese with English abstract)
- Li N (李宁) (2002) *Animal Genetics* (动物遗传学), 2nd edn. Chinese Agricultural Press, Beijing. (in Chinese)
- Long JR (龙继蓉)(2001) *Studies on the Genetic Diversity of Chinese Rabbits* (中国家兔遗传多样性研究). PhD dissertation, Sichuan Agricultural University, Ya'an. (in Chinese)
- Nei M, Tajima F, Tateno Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. *Journal of Molecular Evolution*, **19**, 153–170.
- Pang RQ (庞荣清), Chen CG (陈成功), Liu WC (刘万臣), Chen ZL (陈志龙) (2000) Analysis of random amplified polymorphic DNA in domestic rabbits. *Chinese Journal of Veterinary Science* (中国兽医学报), **20**, 195–197. (in Chinese with English abstract)
- Zerger KR, Richardson BJ (2003) A rapid population expansion retains genetic diversity within European rabbit in Australia. *Molecular Ecology*, **12**, 789–794.
- Zhang JQ (张继全), Shao CR(邵春荣), Wang YY (王毓英), Chen YC (陈幼春) (1998) Accuracy of the estimation of Nei's standard genetic distance. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences* (畜牧兽医学报), **29**(1), 27–32. (in Chinese with English abstract)
- Zhu YF (朱玉峰), Zhang JB (张嘉保), Ren WZ (任文陟), Wang YZ (王元占), Guo XM (郭雄明), Zhou LB (周立波) (2004a) Population genetic variation with microsatellite marker in domestic rabbit. *Chinese Journal of Veterinary* (中国兽医学报), **24**, 619–621. (in Chinese with English abstract)
- Zhu YF (朱玉峰), Ren WZ (任文陟), Zhang JB (张嘉保), Wang YZ (王元占), Guo XM (郭雄明), Zhou LB (周立波) (2004b) Construction of the speedy method to analyse the population genetic variation of domestic rabbit. *Chinese Journal of Comparative Medicine* (中国比较医学杂志), **14**, 363–367. (in Chinese with English abstract)

(责任编辑: 时意专, 闫文杰)