

# 宁强矮马生长激素基因 (GH) 的遗传变异分析

张涛, 路宏朝, 陈锐, 周建军

(陕西理工学院生物科学与工程学院, 陕西汉中 723001)

**摘要:** 【目的】通过分析不同动物和中国几个地方马种生长激素基因序列, 为宁强矮马起源和矮化形成机制的研究提供分子水平的试验依据。【方法】通过 PCR 扩增宁强矮马生长激素基因并进行测序, 用 DNAMAN 软件对不同动物的生长激素基因序列进行比对分析。【结果】马品种间 29 个位点发生遗传变异, 编码区 11 个位点发现遗传多态现象。以蒙古马生长激素氨基酸序列为标准, 宁强矮马仅在 1 765 位点的变异导致氨基酸发生改变。以生长激素的 mRNA 序列为基本数据进行聚类分析, 宁强矮马和德保马 67 的同源性为 100%, 与百色马的同源性为 99.8%, 与蒙古马的同源性为 99.7%。【结论】马属动物生长基因序列与猪和狗的同源性较高, 宁强矮马 1 765 位的 G→A 可能影响到宁强矮马的生长发育。

**关键词:** 宁强矮马; 生长激素基因; 序列分析; 遗传变异

## Genetic Variation of Growth Hormone Gene on Ningqiang Pony

ZHANG Tao, LU Hong-zhao, CHEN Rui, ZHOU Jian-jun

(School of Biological Science and Engineering, Shaanxi University of Technology, Hanzhong 723000, Shaanxi)

**Abstract:** 【Objective】 In order to provide a scientific basis for the origin and dwarfish mechanism of Ningqiang pony, the sequence of GH of different animals and some China horse breeds were studied. 【Method】 The PCR amplification, sequencing and DNAMAN software were used. 【Result】 There were 29 genetic variation, 11 loci were found in the coding region. Taking the AA sequence of GH of Mongolia horse as standard, there was 1 amino acid variation in Ningqiang pony. Through clustering analysis based on the sequence of mRNA of GH, the homology was 100%, 99.8%, 99.7%, between Ningqiang and Debao 67, Baise and Mongolia. 【Conclusion】 The homology level of GH was higher among *Equus caballus*, *Sus scrofa* and dog in present study, and the mutation of G→A affects the growth of Ningqiang pony.

**Key words:** Ningqiang pony; growth hormone gene; sequence analysis; genetic variation

## 0 引言

【研究意义】宁强马 (Ningqiang horse) 是陕西地方品种, 属西南马种, 主产区在秦岭南坡巴山北麓, 分布于嘉陵江上游和汉水流域的宁强县广坪、阳平关、代家坝和燕子砭等地, 相传是春秋战国以前古羌人从青海游牧南下, 进入宁强时遗留下的马种<sup>[1-2]</sup>。宁强马中存在一种体高低于 106 cm 的矮马群体, 称为宁强矮马 (Ningqiang pony), 是中国五大矮马品种之一, 也是中国濒临绝迹的珍惜矮马品种。本试验通过分析宁强矮马与其它马种生长激素 (GH) 基因序列, 为宁强

矮马起源进化和矮化机制提供试验依据。【前人研究进展】宁强矮马处在中国矮马分布的最北端, 为古羌人的居聚地和南迁经过之地, 推测矮马原种可能产于陕西南部的羌族起源地<sup>[3]</sup>; 侯文通等<sup>[4]</sup>通过血液蛋白遗传标记对陕西马种进行聚类研究, 认为宁强马与中型马来源一致, 属西南马系统最北的马种; 邓涛<sup>[5]</sup>通过骨骼比较认为中国矮马与普氏野马有亲缘关系; 王振山<sup>[6]</sup>研究血液蛋白多态性后认为西南马和矮马地方类型间有相近的遗传关系; 张焱如等<sup>[7-10]</sup>认为中国部分马 GH 基因序列在进化上是保守的。【本研究切入点】生长激素是垂体分泌的单链多肽, 具有促进细胞分裂、

收稿日期: 2009-04-17; 接受日期: 2009-08-27

基金项目: 陕西省教育厅科研项目 (07JK212)、陕西理工学院科研项目 (SLGQD0513)

作者简介: 张涛 (1978-), 男, 陕西大荔人, 讲师, 研究方向为分子遗传学。Tel: 13571631892; E-mail: zl780823@sina.com

有利于肠内钙的吸收、促进骨骼生长、加快蛋白质合成等作用，是调节动物生长最主要的激素之一<sup>[11-15]</sup>。本试验通过对宁强矮马生长激素基因的研究，探讨宁强矮马形成的分子机制和系统进化关系。【拟解决的关键问题】本试验利用 PCR 技术扩增宁强矮马生长激素基因全序列并进行测序，与 GenBank 其它马种和动物的序列进行比对，探讨宁强矮马的系统地位和矮化机制。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料及 DNA 提取

陕西省汉中市宁强县宁强矮马保种场采用随机抽样法采集 12 匹宁强矮马血样，ACD 抗凝，-72℃保存，采用酚-氯仿抽提法<sup>[16]</sup>提取基因组 DNA，4℃保存。

### 1.2 引物序列和引物序列

根据 GenBank 所查 GH 基因序列（登录号 AY837571）（表 1），Primer Premier 5.0 软件设计，由上海生物工程技术服务有限公司合成（表 2）。

### 1.3 PCR 扩增反应体系及程序

PCR 反应总体积 12 μl：10×PCR 缓冲液 1.5 μl，MgCl<sub>2</sub> (25 mmol·L<sup>-1</sup>) 1.2 μl，dNTP (25 mmol·L<sup>-1</sup>) 0.75 μl，上下游引物 (10 pmol) 各 0.5 μl，Taq DNA 聚合酶 (0.5 U·μl<sup>-1</sup>) 1 μl，DNA 模板 (50 ng·μl<sup>-1</sup>) 0.5 μl，超纯水 6.05 μl。PCR 扩增条件：94℃预变性 2 min，94℃变性 30 s，X℃退火 30 s（表 2），72℃延伸 45 s，35 个循环，72℃延伸 10 min，4℃保存。

表 1 各种动物的 GH 序列

Table 1 GH sequences of animals

种属 Species	GenBank 登录号 GenBank accession number	品种 Breed
原鸡 Gallus gallus	NC_006114	红色原鸡 Red jungle fowl
猪种 Sus scrofa (mRNA)	NM_213869	猪 Pig
绵羊 Ovis aries (mRNA)	NM_001009315	绵羊 Sheep
人 Homo sapiens	NC_000017	人 Human
家牛 Bos Taurus	NC_007317	牛 Cattle
犬属 Canis	NC_006591	狗 Dog
马 Equus caballus	AY837571	蒙古马 Mongolia horse
马 Equus caballus	FJ604598	百色马 Baise horse
马 Equus caballus	EU939446	德保马 46 Debao horse 46
马 Equus caballus	EU939446	德保马 67 Debao horse 67

表 2 5 个外显子的扩增引物序列

Table 2 Five primers sequences for PCR

名称 Name	引物序列 Sequence of primer (5'-3')	退火温度 Annealing temperature (°C)
引物 1 Primer 1 (44-252)	F: CATGGCAGTTGGGTGAGCT R: GGATGAGTGGGAGGAGGTT	59
引物 2 Primer 2 (321-841)	F: TCATCACCGAGATTCTTTGGA R: AGATGGATGACGGCACTAACCC	56
引物 3 Primer 3 (605-1134)	F: CCTTACCCCGTCACCCCTACAC R: CTGTTTGCCCAACGCTGTGCTC	62
引物 4 Primer 4 (1114-1692)	F: GTGTAGGGTGACGGGTAAGG R: TTGTCGTAGGTTTGCTTGAGG	58
引物 5 Primer 5 (1439-1916)	F: ACATAGGCTGGGGAAGACA R: GGAAAGATGGGTAGGCACT	58

### 1.4 统计分析

采用 DNAMAN 分析软件对 GH 序列进行比对分析和聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 中国地方马生长激素基因列比对分析

马属动物生长激素基因全序列总长 1 923 bp，共 5 个外显子。本试验比对 4 个马种共 5 匹马生长基因 GH 序列，发现不同马匹间有 29 个 SNP 位点，包括 27 处碱基置换，2 处碱基插入。碱基插入仅发生在德保马 67 和宁强矮马上，其中德保马 67 在 179 位插入一个 G，宁强矮马在 330 位插入一个 T，使这两种马 GH 基因序列总长为 1 924 bp。5 匹马 GH 基因的 27 处突变有 16 个位点发生碱基转换，10 处发生碱基颠换，在 1 840 位点蒙古马为 T，德保马 46 为 G，其余 3 匹马为 C。这些遗传变异有 4 处在 5-UTR 区，有 1 处在 3-UTR 区，13 处在内含子区，11 处在编码区（图 1）。

### 2.2 不同物种生长基因 mRNA 序列聚类分析

本试验聚类分析表明（图 2），蒙古马、宁强矮马、百色马和德保马 67 首先聚为一类，然后再与德保马 46 据为一类，说明马属动物 GH 基因 mRNA 序列虽然保守性高，但不同的生长环境对动物进化和发育有很大的影响，不同地方品种间发生一定的遗传变异，即使在同一种品种内部由于遗传漂变和人工选择等原因也会发生较大的遗传差异。在与其它物种的聚类分析发现，马属动物与猪和狗的亲缘关系最近，与禽类的亲缘关系最远，绵羊和牛的 GH 基因 mRNA 序列同源性较高，与马的关系较猪和狗要远，人的生长基因 mRNA 序列在所选的哺乳动物中与马最远。

NQ	CTGCTCTGCCTGCCCTGGCCTCAGGATGTGGGCGCTTCCCCGCCATGCCGTTGTCTAGCCTGTTGCCAACGCTGTG	623
MG	-----	622
BS	-----	622
DB46	-----a	622
DB67	-----	623
GH 外显子 2 部分序列 Partial sequences of GH exon 2		
NQ	CAGGCTGCCTTCTGCTTCTCCGAGACCATCCCGCCCCACGGCAAGGATGAGGCCAGCAGAGATCTGTGAGTGGC	1013
MG	-----g-----	1012
BS	-----	1012
DB46	-----	1012
DB67	-----	1013
GH 外显子 3 部分序列 Partial sequences of GH exon 3		
NQ	TGCGCCTGCGCACCCACTGCGCCCTCCCGCAGGACATGGAGTCTCCGCTTCTCGCTGCTCATCCAGTCGTG	1247
MG	-----	1246
BS	-----	1246
DB46	-----t-----	1246
DB67	-----	1247
NQ	GCTCGGGCCCGTGCAGTTGCTCAGCAGGGTCTTACCAACAGCCTGGTGTGGCACCTCGGACCGCGTCTATGAGAA	1325
MG	-----	1324
BS	-----	1324
DB46	-----t-----c-----	1324
DB67	-----	1325
GH 外显子 4 部分序列 Partial sequences of GH exon 4		
NQ	GATGATGCACTGCTCAAGAATACTACGGGCTCTCTCTGCTTCAAGAAGGACCTGCACAAGGCTGAGACGTACCTGCGG	1793
MG	-----g-----	1792
BS	-----a-----	1792
DB46	-----c-----a-----a-----c-----	1792
DB67	-----	1793
GH 外显子 5 部分序列 Partial sequences of GH exon 5		

图 1 中国地方马生长激素基因外显子区部分序列比对分析  
 Fig. 1 The align of GH mRNA partial sequences of China native horses

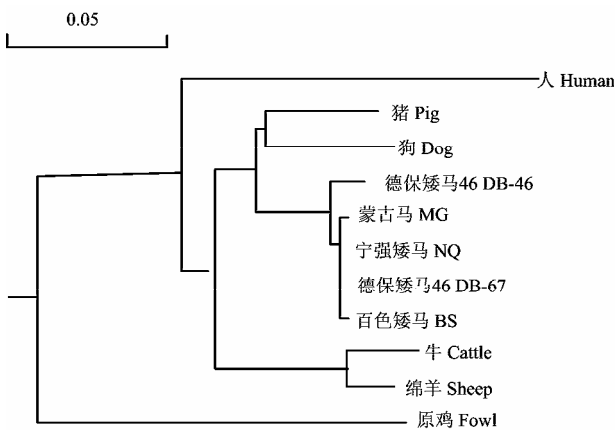


图 2 基于 GH 基因序列的不同物种聚类图  
 Fig. 2 The dendrogram of 11 kinds of species based on the GH sequence

2.3 不同动物 GH 基因序列的同源性和遗传距离比较分析

通过序列分析计算了不同动物 GH 基因序列之间的同源性和遗传距离（表 3）。宁强矮马和德保马 67 的同源性为 100%，与德保马 45 的同源性为 98.8%，与百色马的同源性为 99.8%，与蒙古马的同源性为 99.7%。马属动物 GH 基因序列同源性极高，与猪和狗的同源性较高（92%以上），与绵羊的同源性在 90% 以上，与人同源性也达到了 80% 以上，与禽类的同源性较低，仅为 76%。

2.4 马 GH 的遗传变异分析

马属动物 GH 由 216 个氨基酸组成。本试验发现 GH mRNA 在编码区 11 个位点有遗传多态现象，其中 7 个位点的遗传变异未引起氨基酸组成的改变。以蒙古马 GH 氨基酸序列为标准，宁强矮马、百色马、德保马 67 和德保马 64 均在 1 765 位点发生变异，导致氨基酸改变，百色马在 1 740 位点发生一处变异，德保马 46 在 1 288 和 1 310 位点发生 2 处变异（表 4）。

表 3 各种物种生长基因序列的同源性和遗传距离

Table 3 The homology and distance of GH sequences among the 11 kinds of species

种属 Species	宁强矮马 NQ	蒙古马 MG	百色矮马 BS	德保矮马 67 DB-67	德保矮马 46 DB-46	猪 Pig	狗 Dog	人 Human	牛 Cattle	绵羊 Sheep	红色原鸡 Red jungle fowl
宁强矮马 NQ	-	0.003	0.002	0.000	0.012	0.064	0.069	0.192	0.104	0.091	0.231
蒙古马 MG	99.7%	-	0.005	0.003	0.015	0.067	0.072	0.192	0.106	0.094	0.235
百色矮马 BS	99.8%	99.5%	-	0.002	0.014	0.066	0.071	0.193	0.106	0.092	0.233
德保矮马 67 DB-67	100.0%	99.7%	99.8%	-	0.012	0.064	0.069	0.192	0.104	0.091	0.231
德保矮马 46 DB-46	98.8%	98.5%	98.6%	98.8	-	0.073	0.077	0.193	0.111	0.100	0.238
猪 Pig	93.6%	93.3%	93.4%	93.6%	92.7%	-	0.075	0.207	0.114	0.105	0.229
狗 Dog	93.1%	92.8%	92.9%	93.1%	92.3%	92.5%	-	0.208	0.123	0.120	0.239
人 Human	80.8%	80.8%	80.7%	80.8%	80.7%	79.3%	79.2%	-	0.210	0.223	0.317
牛 Cattle	89.6%	89.4%	89.4%	89.6%	88.9%	88.6%	87.7%	79.0%	-	0.035	0.243
绵羊 Sheep	90.9%	90.6%	90.8%	90.9%	90.0%	89.5%	88.0%	77.7	96.5%	-	0.239
红色原鸡 Red jungle fowl	76.9%	76.5%	76.7%	76.9%	76.2%	77.1%	76.1%	68.3%	75.7%	76.1%	-

表 4 不同马 GH 氨基酸组成的遗传变异

Table 4 The genetic variation of AA composing growth hormone in 5 China native horses

种属 Species	不同品种间遗传变异位点氨基酸变化 AA change of genetic variation Loci of different breeds										
	623	981	1227	1288	1310	1721	1727	1740	1744	1765	1778
宁强矮马 NQ	Val	Lys	Ser	Ser	Asn	Asn	Leu	Gly	Leu	Asn	Ala
蒙古马 MG	Val	Lys	Ser	Ser	Asn	Asn	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala
百色马 BS	Val	Lys	Ser	Ser	Asn	Asn	Leu	Arg	Leu	Asn	Ala
德保矮马 67 DB-67	Val	Lys	Ser	Ser	Asn	Asn	Leu	Gly	Leu	Asn	Ala
德保矮马 46 DB-46	Val	Lys	Ser	Cys	Ala	Asn	Leu	Gly	Leu	Asn	Ala

### 3 讨论

目前仅对蒙古马等北方马种的遗传多样性和一些功能基因进行了研究<sup>[17-21]</sup>, 安丽萍等<sup>[22]</sup>通过细胞色素 b 探讨了普氏野马与蒙古马的遗传多态性。除英国设特兰矮马 (Shetland pony) 外, 中国矮马是世界最大的原始矮马资源库, 主要分布于西南地区, 分别为广西矮马 (Guangxi pony)、贵州矮马 (Guizhou pony)、云南矮马 (Yunnan pony)、四川矮马 (Sichuan pony) 和陕西矮马 (Shaanxi pony), 这些马种受外来品种入侵较小, 保持了较为完整的基因库, 遗传资源丰富, 具有较高的研究和开发价值。孙玉江等<sup>[23]</sup>系统分析了中国西南马群体遗传资源特征, 认为西南马的形成受到环境和地域文化的影响, 未将宁强矮马列入研究的范围。侯文通等<sup>[24]</sup>利用血清 LDH 同工酶分析宁强矮马亲缘关系, 发现西南马系统的 4 个马种在 4.0197 值

时聚为一类 (宁强矮马和中型马为 0.2296, 建昌马和安宁果下马为 3.2315), 伊吾马在 13.659 值时与西南马聚为一类, 认为中国各地矮马自成品种, 与西南马关系密切, 均源自古羌马。杜丹等<sup>[25]</sup>研究了宁强矮马与蒙古马的遗传多样性, 发现两者虽然在外形和性能上有很大差异, 但在品种形成和进化上有较近的遗传关系。Forsyth 等<sup>[26]</sup>研究了不同动物生长激素和泌乳激素的变异, 发现哺乳动物中兔子、马、大象和狗的 GH 序列同源性最高。本试验以蒙古马 GH 基因序列为标准, 发现宁强矮马在 1 765 位点发生变异, 百色马发生 1 处变异, 德保马 46 发生 2 处变异, 导致氨基酸改变。以 GH mRNA 为基础的聚类分析表明, 宁强矮马和德保马 67 的同源性为 100%, 与百色马的同源性为 99.8%, 与蒙古马的同源性为 99.7%, 但是与德保马 46 的同源性为 98.8%, 分析认为虽然中国马的 GH 基因保守性很强, 但由于受到环境、社会文化和人工选

择的影响,在不同种群间和种群内部发生一定的变异,导致同一地区的不同个体在聚类分析中存在一定差异,也表明中国矮马的形成存在较为复杂的遗传机制和起源进化的多型性。宁强矮马处于西南马的最北端,在遗传进化过程中可能受到蒙古马和西南马的共同影响。

## 4 结论

本试验发现宁强矮马和德保矮马 67 的同源性为 100%,与百色矮马的同源性为 99.8%,与蒙古马的同源性为 99.7%,与德保矮马 46 的同源性为 98.8%,马属动物生长基因序列与猪和狗的同源性较高,其次为牛、绵羊、人和原鸡。同时发现宁强矮马在 1 765 位点的变异导致氨基酸发生改变,这可能是影响宁强矮马的生长发育的一个主要因素。

## References

- [1] 陕西省家畜家禽品种志编辑委员会. 陕西省家畜家禽品种志. 西安: 三秦出版社, 1988: 44-46.  
The edit committee of Shaanxi livestock and poultry. *Breed Records of Shaanxi Livestock and Poultry*. Xi'an: Sanqing Press, 1988: 44-46. (in Chinese)
- [2] 王 勤. 中国矮马. 马业杂志, 1995, 20(3): 28-20.  
Wang Q. China pony. *Horse Industry*, 1995, 20(3): 28-20. (in Chinese)
- [3] 李勤荣, 张文成. 宁强矮马资源及保护利用对策. 汉中科技, 2006, 5: 30-31.  
Li Q R, Zhang W C. Protecting and countermeasure of Ningqiang Pony. *Hanzhong Science and Technology*, 2006, 5: 30-31. (in Chinese)
- [4] 侯文通. 陕西马种血液蛋白遗传标记特征及聚类分析. 畜牧兽医杂志, 1996, 15(4): 1-3.  
Hou W T. Genetic characteristic and cluster analysis on blood protein of Shaanxi horse breeds. *Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 1996, 15(4): 1-3. (in Chinese)
- [5] 邓 涛. 中国矮马与普氏野马的亲缘关系. 畜牧兽医学报, 2000, 31(1): 28-33.  
Deng T. Phylogenetic relationship of the Chinese miniaturepony *toequus przewalskii* (Perissodactyla, Equidae). *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2000, 31(1): 28-33. (in Chinese)
- [6] 王振山, 岳高峰. 中国矮马血液遗传标记的初步研究. 黑龙江畜牧兽医, 2002, 10: 3-5.  
Wang Z S, Yue G F. Preliminary study on blood genetic markers in Chinese miniature horses. *Heilongjiang Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 2002, 10: 3-5. (in Chinese)
- [7] 张焱如, 乌尼尔夫, 芒 来. 蒙古马生长激素基因的克隆与序列分析. 中国畜牧杂志, 2006, 42 (9): 10-12.  
Zhang Y R, Wu N E F, Mang L. Study on cloning and sequence analysis of growth hormone gene in Mongolian horse. *Chinese Journal of Animal Science*, 2006, 42(9): 10-12. (in Chinese)
- [8] 张焱如, 孟青龙, 芒 来. 马生长激素基因的 PCR-RFLP 分析. 内蒙古农业大学学报, 2006, 27(2): 1-4.  
Zhang Y R, Meng Q L, Mang L. Analysis of horse growth hormone (GH) gene by PCR-RFLP. *Journal of Inner Mongolia Agricultural University*, 2006, 27(2): 1-4. (in Chinese)
- [9] 张焱如. 马生长激素(GH)基因序列、分子进化及其多态性的研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2005.  
Zhang Y R. Study on sequences, molecular evolution and polymorphism of horse growth hormone gene[D]. Huhhot: *Inner Mongolia Agricultural University*, 2007. (in Chinese)
- [10] 张焱如, 乌尼尔夫, 芒 来. 三河马生长激素基因的克隆与序列分析. 华北农学报, 2006, 21 (4): 110-113.  
Zhang Y R, Wu N E F, Mang L. Cloning and sequences analysis of growth hormone gene from Sanhe horse. *Acta Agriculture Boreali-Sinica*, 2006, 21 (4): 110-113. (in Chinese)
- [11] Burton J L, McBride B W, Block E, Glimm D R, Kenelly J J. A review of bovine growth hormone. *Canadian Journal of Animal Scienc*, 1994, 74: 167-201.
- [12] Gluckman P D, Breier B H, Davis S R. Physiology of the somatotrophic axis with particular reference to the ruminant. *Journal of Dairy Science*, 1987, 70: 442-466.
- [13] Boyd R D, Baumann D E. Mechanism of action of somatotropin in growth. In: *Current Concepts of Animal Growth Regulation* (Ed. Champion D R, Haesman G J, Martin R J). New York: Plenum Press, 1989: 257-293.
- [14] 马细兰, 张 勇, 黄卫人, 刘晓春, 叶 卫. 尼罗罗非鱼生长激素及其受体的 cDNA 克隆与 mRNA 表的雌雄差异. 动物学报, 2006, 52: 924-933.  
Ma X L, Zhang Y, Huang W R, Liu X C, Ye W. cDNA cloning of growth hormone, growth hormone receptor and the different expression between male and female Nile tilapia *oreochromis niloticus*. *Acta Zoologica Sinica*, 2006, 52: 924-933. (in Chinese)
- [15] Hou Z F, Li Y, Zhang Y P. Fast evolution of growth hormone receptor in primates and ruminants. *Chinese Science Bulletin*, 2005, 50: 997-1003.
- [16] David W, Sambrook R J. *Molecular Cloning*, 3rd edn. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2002: 463-481.
- [17] 孟青龙, 李金莲, 芒 来, 张焱如. 中国蒙古马 mtDNAD-Loop 高

- 变区序列分析. 畜牧与饲料科学, 2004, 5: 35-37.
- Meng Q L, Li J L, Mang L, Zhang Y R. Sequence analysis of mtDNA-Loop Varied region in Chinese Mongolian horse. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2004, 5: 35-37. (in Chinese)
- [18] 李金莲. 中国蒙古马遗传多样性和分子系统进化研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2006.
- Li J L. Study on genetic diversity and molecular phylogeny evolution in Chinese Mongolian horse[D]. Huhhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2006. (in Chinese)
- [19] 李金莲, 芒 来, 石有斐. 利用微卫星标记对蒙古马和纯血马遗传多样性的研究. 畜牧兽医学报, 2005, 36(1): 6-9.
- Li J L, Mang L, Shi Y F. Evaluation of genetic diversity of Mongolian horse and Thoroughbred horse using microsatellite markers. *Acta Veterinaria et Zootechnia Sinica*, 2005, 36(1): 6-9. (in Chinese)
- [20] 布仁其其格. 六个马品种的 ssR 遗传多样性分析[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2007.
- Bu R Q Q G. Analysis of genetic diversity of six horse breeding population by SSR[D]. Huhhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2007. (in Chinese)
- [21] 李金莲, 石有斐, 布仁其其格, 芒 来. 三大不同品种马 mtDNA Cytb 基因 PCR-RFLP 分析. 遗传, 2006, 28: 933-938.
- Li J L, Shi Y F, Bu R Q Q G, Mang L. PCR-RFLP analysis of mtDNA Cytb gene in three different horse breeds. *Hereditas*, 2006, 28: 933-938. (in Chinese)
- [22] 安丽萍, 李正先, 于景文, 成述儒, 王 川, 罗玉柱. 从细胞色素 b 基因序列探讨普氏野马与蒙古马的遗传多态性. 甘肃农业大学学报, 2006, 41(5): 10-13.
- An L P, Li Z X, Yu J W, Cheng S R, Wang C, Luo Y Z. Investigation on genetic diversity between Przewalski horses and Mongolian horses using cytochrome b sequence. *Journal of Gansu Agricultural University*, 2006, 41(5): 10-13. (in Chinese)
- [23] 孙玉江, 闵令江, 陈建兴, 芒 来. 中国西南马群体遗传资源特征分析. 华北农学报, 2009, 24(2): 94-98.
- Sun Y J, Min L J, Chen J X, Mang L. Analysis on genetic resource characteristics of southwest horse population in China. *Acta Agriculture Boreali-Sinica*, 2009, 24(2): 94-98. (in Chinese)
- [24] 侯文通, 李相运, 李勤荣. 应用血清 LDH 同工酶对宁强矮马亲缘关系的分析. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 1993, 4: 50-54.
- Hou W T, Li X Y, Li Q R. An Analysis of the blood relationship among Ningqiang ponies with serum LDH isozyme marker gene. *Journal of Sci-Tech University of Northwest Agriculture and Forestry (Natural Science Edition)*, 1993, 4: 50-54. (in Chinese)
- [25] 杜 丹, 邓 亮, 赵春江, 韩国才, 吴常信. 利用微卫星标记对宁强矮马和蒙古马遗传多样性的研究. 中国畜牧杂志, 2009, 45(5): 10-13.
- Du D, Deng L, Zhao C J, Han G C, Wu C X. Study on the genetic diversity of Ningqiang pony and Mongolian horse using microsatellite markers. *Chinese Journal of Animal Science*, 2009, 45(5): 10-13. (in Chinese)
- [26] Forsyth I A, Wallis M. Growth hormone and prolactin-molecular and functional evolution. *Journal of Mammary Gland Biology and Neoplasia*, 2002, 7: 291-311.

(责任编辑 高 雨, 林鉴非)