

## 家兔遗传多样性及系统发生关系的微卫星分析

孙红梅<sup>\*</sup>, 邢秀梅, 荣敏, 丛波

(中国农业科学院特产研究所, 吉林左家 132109)

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**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, 其他品种聚为一大类。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](#)

分类号

**DOI: 10.3724/SP.J.1003.2008.08051**

通讯作者:

作者个人主页: [孙红梅<sup>\\*</sup>](#); [邢秀梅](#); [荣敏](#); [丛波](#)

### 扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (274KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (478KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“家兔”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
- [孙红梅](#)