

【作者】	兰小平, 郭宪, 陈永昌, 鄢珣
【单位】	天水师范学院生命科学与化学学院, 甘肃天水
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	33
【发表页码】	16274-16276
【关键字】	藏獒; 血液蛋白多态性; 有效等位基因数; Nei氏平均预期基因杂合度
【摘要】	<p>[目的] 了解藏獒血液蛋白基因座的遗传变异状况, 为藏獒品种资源保护及合理开发利用提供理论依据。[方法] 采用不连续垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳技术, 对河曲藏獒、青海藏獒、青海藏狮犬和青海土种犬共4个群体103只犬的7个血液蛋白基因座(Tf、Po、Sa₂、Hb、Alb、Pr、Amy)的多态性进行研究, 并分析不同群体的群体内遗传变异。[结果] 4个犬群中, Tf、Po和Sa₂ 3个基因座上存在多态性, 其中Tf和Po分别由3个等位基因控制, Sa₂ 由2个等位基因控制, Hb、Alb、Pr和Amy基因座均呈现单态; 藏獒群体的有效等位基因数(N_e)和Nei氏平均预期基因杂合度(H)分别为1.532 4和0.230 3, 均高于其他犬群。[结论] 藏獒群体内在血液蛋白位点上存在丰富的遗传变异。</p>
【附件】	 PDF下载 PDF阅读器下载

关闭