

遗传繁育

以GH基因多态性探讨中国南北黄牛及牦牛系统

李永红¹, 常洪^{1*}, 耿荣庆^{1, 2}, 常国斌¹, 宋光明¹, 常春芳¹, 冀德君^{1*}

1.扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009, 2.盐城师范学院生命科学与技术学院, 盐城 224051

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以中心产区典型群随机抽样的方法, 采用PCR产物直接测序的方法测定了18头雷琼牛、19头巴音郭楞州蒙古牛和18头巴音郭楞州牦牛GH基因外显子654 bp核苷酸碱基序列, 引用GenBank中牛属普通牛、瘤牛、牦牛以及亚洲水牛GH基因同源区资料, 作外类群以最大简约(MP)法与邻接(NJ)法构建分子系统发育树。旨在为探讨牛亚科家畜GH基因变异特点、牦牛跟我国南北黄牛关系的亲疏, 以及牛亚科物种进化特征提供部分客观依据, 适应进化与分子进化之间的关系提供局部的原始试验根据。结果发现雷琼牛GH基因序列中存在3个变异位点, 定义了5种单倍型。在巴音郭楞州蒙古牛GH基因序列中存在2个变异位点, 定义了4种单倍型。在巴音郭楞州牦牛GH基因序列中存在2个变异位点, 定义了3种单倍型。确认GH基因的分化早于普通牛, 瘤牛和牦牛的分化, 就GH基因本身而言, 牦牛与中国南北黄牛的关系无远近之分。

关键词 [GH基因](#); [中国南北黄牛](#); [牦牛](#); [系统树](#); [进化分化](#)

分类号

DOI:

通讯作者:
常洪, 冀德君

作者个人主页: [李永红¹](#); [常洪^{1*}](#); [耿荣庆^{1,2}](#); [常国斌¹](#); [宋光明¹](#); [常春芳¹](#); [冀德君^{1*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (515KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [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“GH基因; 中国南北黄牛; 牦牛; 系统树; 进化分化”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [李永红](#)

· [常洪](#)

· [耿荣庆](#)

· [常国斌](#)

· [宋光明](#)

· [常春芳](#)

· [冀德君](#)