

婆罗门牛mtDNA D-loop变异及其遗传背景

QU 开兴^{1,2}, 吴桂生², 廖祥龙¹, 金显栋¹, 赵刚¹, 杨国荣¹, 袁希平¹, 黄必志¹, 文际坤¹, 张亚平^{2,*}

1. 云南省肉牛和牧草研究中心, 云南 昆明 650212; 2. 中国科学院昆明动物研究所 云南省畜禽分子生物学重点实验室、分子进化与基因组多样性实验室, 云南 昆明 650223

收稿日期 2006-5-18 修回日期 网络版发布日期 2006-12-22 接受日期 2006-8-14

摘要 对10头原种婆罗门牛mtDNA D-loop全序列912 bp测序, 婆罗门牛遗传多样性丰富, 检测到的9种单倍型兼有瘤牛(*B. indicus*)与普通牛(*B. taurus*)的遗传背景, 核苷酸变异率为6.25%, 单倍型多态度为 0.978 ± 0.054 , 核苷酸多态度为 $0.014 \pm 0.008 \pm 0.008 \pm 0.008$ 。所有单倍型聚为明显的两大分支, 婆罗门牛的大部分单倍型为普通牛单倍型类群, 并占绝对优势(90%), 仅Brah-6与亚洲瘤牛聚在一起, 属于亚洲瘤牛线粒体单倍型, 表明婆罗门牛的确是集亚洲瘤牛、欧洲普通牛等优良特性于一身(易产犊、产肉性能好、耐热与体表寄生虫等)的瘤牛品种之一。育种学家引种瘤牛的目的是改善当地牛的生产力与适应性, 现代普通牛表现出明显又普遍的瘤牛渐渗现象。对现代的瘤牛品种而言, 除亚洲瘤牛品种外, 普通牛对其他瘤牛品种育成的贡献同样高。支持瘤牛(*B. indicus*)为独立驯化、起源于印度次大陆的假说。

关键词 [婆罗门牛; mtDNA D-loop多态性; 遗传背景](#)

分类号 [Q959.842](#) [Q953](#)

DOI:

通讯作者:

张亚平 zhangyp@public.km.yn.cn

作者个人主页: [QU 开兴^{1;2}](#); [吴桂生²](#); [廖祥龙¹](#); [金显栋¹](#); [赵刚¹](#); [杨国荣¹](#); [袁希平¹](#); [黄必志¹](#); [文际坤¹](#); [张亚平^{2;*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(636KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“婆罗门牛; mtDNA D-loop多态性; 遗传背景” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [QU 开兴](#)
- [吴桂生](#)
- [廖祥龙](#)
- [金显栋](#)
- [赵刚](#)
- [杨国荣](#)
- [袁希平](#)
- [黄必志](#)
- [文际坤](#)