

遗传繁育

中国南方地区7个山羊群体的遗传分化与基因流分析

杨章平¹, 毛永江¹, 马月辉², 汪志国¹, 王庆华¹, 常洪¹, 常国斌¹, 孙伟¹, 李树春¹

1.扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京 100193

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 利用23对微卫星标记分析了中国南方7个山羊群体的遗传分化、基因流、遗传分化程度与地理距离之间的关系, 同时利用DC遗传距离构建系统树和STRUCTURE进行动态聚类。结果表明: 7个山羊群体总近交系数(Fit)为-7.73%, 群体内近交系数(Fis)为-26.5%, 群体间基因分化系数(Fst)为14.84%, 3个指标均达到极显著水平($P < 0.001$), 说明这7个山羊群体总体上和群体内杂合度较高, 群体间遗传分化较明显, 14.84%的遗传变异来自于群体间, 85.16%遗传变异来自于群体内个体间的差异。7个山羊群体每世代两群体间有效迁移个体数(Nem)变化范围为0.831 3(宜昌白山羊与黄淮山羊)到3.410 3(马头山羊与湘东黑山羊), 平均为1.577 0。7个山羊群体间的基因分化程度与地理距离和遗传距离相关不显著($P > 0.05$)。宜昌白山羊、马头山羊、湘东黑山羊、福清山羊、戴云山羊、黄淮山羊、长江三角洲白山羊群体中属于各自采样群体的概率分别为99.1%、98%、96.2%、96.6%、98.7%、98.7%和98.7%。同时, STRUCTURE软件通过变化的分群数体现的聚类情况与用DC遗传距离所构建的系统聚类图结果一致。研究结果表明: 这7个山羊群体间的遗传分化主要是自然选择作用的结果。

关键词 [山羊](#); [微卫星](#); [遗传分化](#); [基因流](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [杨章平¹](#); [毛永江¹](#); [马月辉²](#); [汪志国¹](#); [王庆华¹](#); [常洪¹](#); [常国斌¹](#); [孙伟¹](#); [李树春¹](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(385KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“山羊; 微卫星; 遗传分化; 基因流”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [杨章平](#)
- [毛永江](#)
- [马月辉](#)
- [汪志国](#)
- [王庆华](#)
- [常洪](#)
- [常国斌](#)
- [孙伟](#)
- [李树春](#)