

遗传繁育

中国家鸡和红色原鸡mtDNA控制区遗传多态性及系统进化分析

包文斌¹, 束婧婷¹, 王存波¹, 张红霞¹, Steffen Weigend², 陈国宏^{1*}

1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009;
2. 德国联邦农业研究中心动物育种研究所, Mariensee 31535

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 通过线粒体DNA控制区的结构和多态性来研究中国家鸡和红色原鸡的遗传多态性与系统进化。测定14个中国地方鸡种和红色原鸡2个亚种的256个个体线粒体DNA控制区部分序列约560 bp, 结果表明, A、C、G、T这4种核苷酸的平均比例分别为25.00%、37.40%、4.40%和33.20%。共发现44个变异位点, 约占分析位点总数的7.86%, 没有观测到插入/缺失, 颠换和转换之比为0.13; 共具有32种单倍型, 9种为共享单倍型; 16个群体内单倍型多样性从0到0.964, 单倍型变异度总体为 0.909 ± 0.014 , 整体的平均核苷酸差异数为7.276, 核苷酸多样性为1.851%。群体间核苷酸分歧度(Dxy)在0.747%~3.125%之间变化, 核苷酸净遗传距离(Da)为0.015%~2.633%。16个群体表现出较高水平的遗传多态性, 群体间表现出显著的遗传分化。群体遗传多态性和亲缘关系分析表明, 一些中国家鸡的群体(如固始鸡和仙居鸡)起源于泰国红色原鸡Gallus gallus gallus亚种, 一些中国家鸡的群体(如茶花鸡和藏鸡等)起源于中国红色原鸡Gallus gallus spadiceus亚种, 在一些中国地方鸡种还同时具有这2种红色原鸡的遗传贡献; 认为中国家鸡起源于泰国或单纯起源于中国的观点都是不全面的。

关键词 [红色原鸡](#); [家鸡](#); [线粒体DNA控制区](#); [遗传多样性](#); [起源](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

陈国宏 ghchen@yzu.edu.cn

作者个人主页: [包文斌¹](#); [束婧婷¹](#); [王存波¹](#); [张红霞¹](#); [Steffen Weigend²](#); [陈国宏^{1*}](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(669KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“红色原鸡; 家鸡; 线粒体DNA控制区; 遗传多样性; 起源”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [包文斌](#)
- [束婧婷](#)
- [王存波](#)
- [张红霞](#)
-
- [陈国宏](#)