

研究简报

中国牛亚科家畜GH基因编码区序列的遗传变异研究

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

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

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 采用PCR产物直接双向测序法, 分段扩增普通牛、瘤牛、牦牛、大额牛和亚洲水牛共5个牛种的GH基因, 并拼接成编码区全序列, 分析中国牛亚科家畜不同牛种GH基因编码区序列变异及其分子进化特征。结果表明, 牛GH基因编码区序列全长654 bp, 种间核苷酸突变率在0.1%~1.84%。5个牛种编码区序列定义了10种单倍型, 瘤牛的单倍型多样性最高, 大额牛和水牛均无单倍型多样性。GH基因编码区序列的密码子使用存在偏倚性, 共发现了25个偏好性密码子。核苷酸的替代以转换为主, 转换明显高于颠换, 转换/颠换比为3.0。非同义突变位点远远少于同义突变位点, 同义与非同义替代发生的速率比都小于或等于1, 表明GH基因编码区序列不受达尔文正选择的影响。以GH基因单倍型序列为基础的分子进化树表明, 水牛与普通牛、瘤牛、牦牛、大额牛间分化很明显; 普通牛、瘤牛、牦牛、大额牛间序列分化并不明显, 并且它们共同拥有一条相同的祖先核苷酸序列。说明中国牛亚科家畜GH基因编码区序列的变异相当贫乏, 并且由于功能的约束表现得相当保守, 进化速率相当缓慢。

关键词 [牛亚科](#); [生长激素基因](#); [编码区序列](#); [分子进化](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

常洪 hoch@yzcn.net

作者个人主页: 耿荣庆^{1,2}; 常洪^{2*}; 李永红²; 冀德君²; 常春芳²; 王兰萍¹; 常国斌²

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(381KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“牛亚科; 生长激素基因; 编码区序列; 分子进化”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [耿荣庆](#)
- [常洪](#)
- [李永红](#)
- [冀德君](#)
- [常春芳](#)
- [王兰萍](#)
- [常国斌](#)