

## 生物多样性

### 牛生长激素基因 (bGH) 编码区的遗传变异特征\*

耿荣庆<sup>1, 2</sup>, 王兰萍<sup>1</sup>, 冀德君<sup>2</sup>, 李永红<sup>2</sup>, 常春芳<sup>2</sup>, 常洪<sup>2\*\*</sup>

1. 盐城师范学院 生命科学与技术学院, 江苏 盐城 224051;

2. 扬州大学 动物科学与技术学院, 江苏 扬州 225009

收稿日期 2008-9-27 修回日期 2008-10-27 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 以普通牛、瘤牛、牦牛、大额牛、沼泽型水牛和河流型水牛的代表牛种为对象, 探讨不同牛种 (或亚种) GH基因编码区序列的遗传变异特征。结果表明, 6个群体的GH基因编码区序列全长均为654 bp, 共检测到16个SNP位点, 外显子1无变异位点, 外显子2、外显子3、外显子4和外显子5分别有3个、5个、1个和7个变异位点, 表明外显子5是编码区的高变区域, 而且SNP位点在不同牛种 (或亚种) 中的分布存在明显差异。16个核苷酸替代位点中有13个为同义突变, 仅有3个非同义突变位点, 分别位于第2外显子、第4外显子和第5外显子处, 并造成其所编码的氨基酸发生改变。

**关键词** [牛](#); [GH基因](#); [编码区](#); [单核苷酸多态性](#)

**分类号** [S 823.2](#)

**DOI:**

通讯作者:

常洪 [hoch@yzcn.net](mailto:hoch@yzcn.net)

作者个人主页: 耿荣庆<sup>1,2</sup>; 王兰萍<sup>1</sup>; 冀德君<sup>2</sup>; 李永红<sup>2</sup>; 常春芳<sup>2</sup>; 常洪<sup>2\*\*</sup>

## 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(718KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“牛; GH基因; 编码区; 单核苷酸多态性”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [耿荣庆](#)

·

· [王兰萍](#)

· [冀德君](#)

· [李永红](#)

· [常春芳](#)

· [常洪](#)