



中国农业科学院
CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES

牦牛线粒体基因组遗传多样性和母系起源 Mitogenomic Diversity and Maternal Origins of Yak (*Bos grunniens*)

汇报人：王兴东

组 员：陈博雯，扶雅芬，单银雪

报告内容

- ① 研究背景和意义
- ② 研究方法思路
- ③ 前期研究结果
- ④ 后期实验安排

第 1 部分

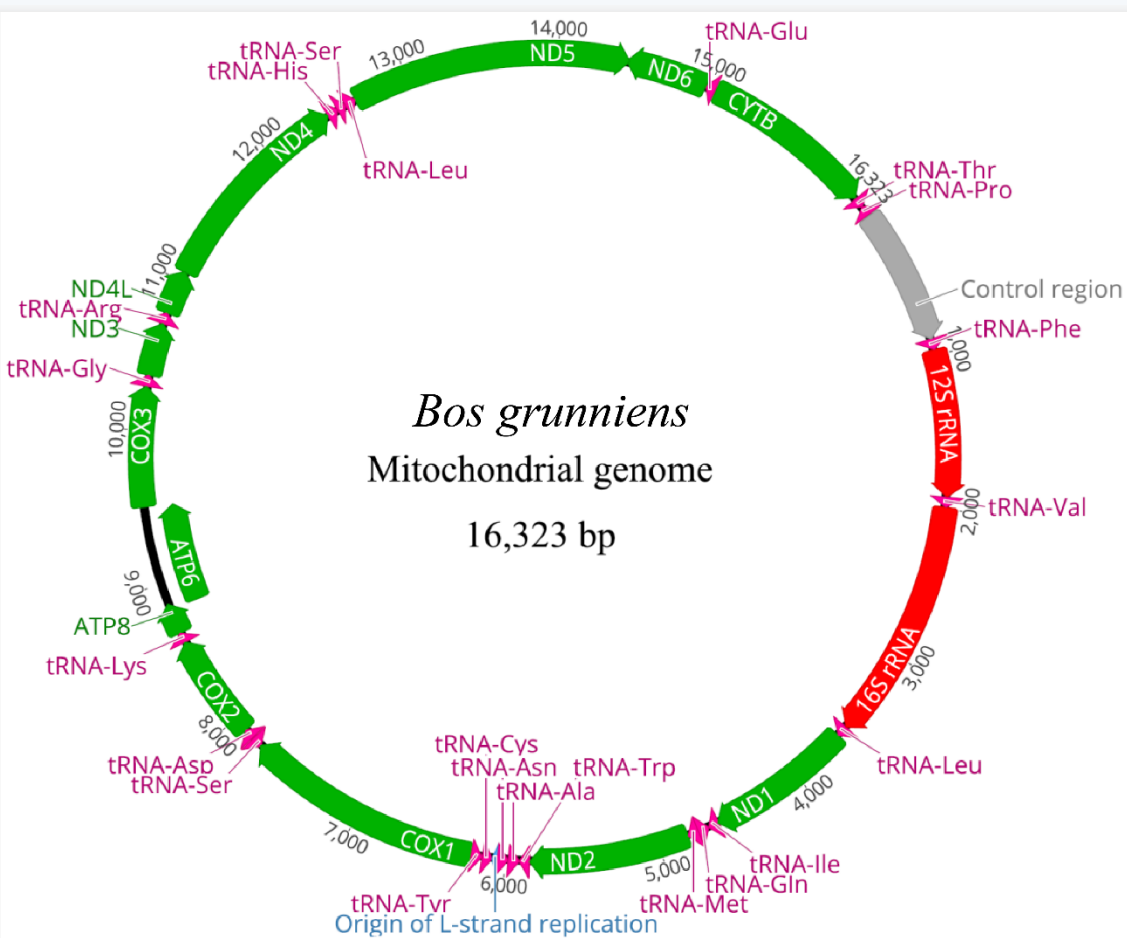
研究背景和意义

牦牛



牦牛是一种多用途的高海拔牛科动物，不仅能为当地牧民提供重要的经济产品，如牛奶、肉类、毛皮和燃料，还能作为当地的交通工具被牧民使用。被高原牧民称为“高原之舟，全能家畜”。

线粒体DNA



线粒体DNA因其基因组较小、进化速率较快、结构简单稳定、以及单性母系遗传等特点，成为研究近缘种间和种内群体间遗传分化的重要分子标记。

研究目的

01

以牦牛**线粒体DNA**为研究对象，研究中国各牦牛品种的遗传多样性。通过系统发育分析，探究牦牛有几大母系支系。

02

通过谱系地理分析，结合牦牛的母系支系以及牦牛化石信息，推测牦牛的末次冰期潜在避难所。

03

通过分析牛亚科所有属的线粒体DNA，确定牦牛的分类学地位。

研究意义



本实验旨在探究中国牦牛的遗传多样性及母系起源。为后期牦牛复壮，改良，新品种培育奠定基础。

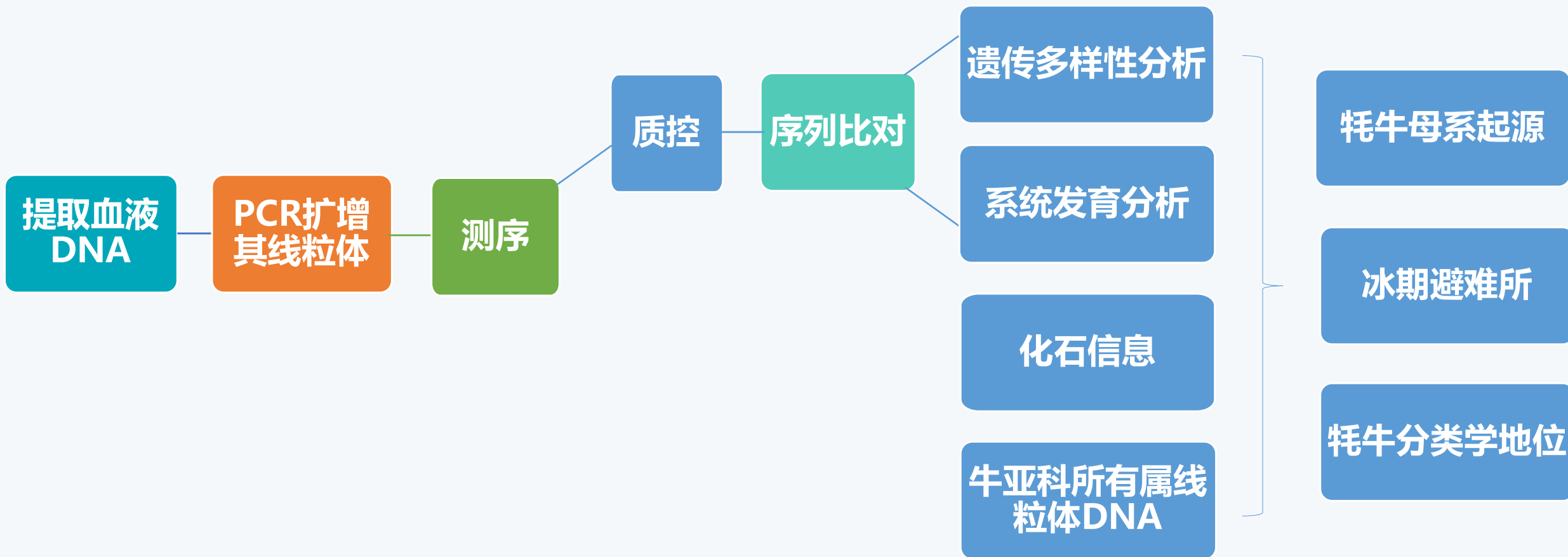


第 2 部分

研究方法及思路

研究方法及思路

技术路线



第 3 部分

前期研究成果

研究结果及分析

碱基组成分析

表1 牦牛线粒体D-Loop区碱基组成

群体	N	T	C	A	G	A+T	C+G
环湖牦牛	21	28.6%	25.2%	32.5%	13.7%	61.1%	38.9%
帕米尔牦牛	70	28.6%	25.1%	32.6%	13.6%	61.2%	38.7%
祁连牦牛	89	28.5%	25.3%	32.5%	13.7%	61%	39%
天峻牦牛	50	28.6%	25.2%	32.7%	13.5%	61.3%	38.7%
雪多牦牛	69	28.6%	25.2%	32.4%	13.8%	61%	39%
玉树牦牛	73	28.5%	25.3%	32.4%	13.7%	61%	39%
总计	372	28.6%	25.2%	32.5%	13.7%	61.1%	38.9%

研究结果及分析

碱基组成分析

表2 牦牛线粒体碱基组成

群体	N	T	C	A	G	A+T	C+G
环湖牦牛	21	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%
帕米尔牦牛	25	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%
祁连牦牛	22	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%
雪多牦牛	23	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%
玉树牦牛	20	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%
总计	111	27.3%	25.8%	33.7%	13.2%	61%	39%

单倍型共享分析

6个牦牛群体372个牦牛个体mtDNA D-Loop区共定义了91种单倍型，**6个牦牛群体均具有共享的单倍型**；其中5个牦牛群体111个牦牛个体的完整mtDNA序列共定义了78种单倍型，**青海4个牦牛群体之间有共享的单倍型，而新疆的帕米尔牦牛与青海4个牦牛群体之间均没有共享的单倍型。**

研究结果及分析

遗传多样性分析

表3 牦牛线粒体D-Loop区遗传多样性

群体	数量	可变位点数量	单倍型数量	平均核苷酸差异	单倍型多样性	核苷酸多样性
环湖牦牛	21	42	15	11.562	0.943 ± 0.039	0.01317 ± 0.00473
帕米尔牦牛	70	40	17	14.785	0.829 ± 0.033	0.01657 ± 0.00278
祁连牦牛	89	52	37	11.207	0.909 ± 0.024	0.01255 ± 0.00321
天峻牦牛	50	47	18	15.981	0.929 ± 0.018	0.01792 ± 0.00362
雪多牦牛	69	56	26	10.424	0.915 ± 0.024	0.01171 ± 0.00377
玉树牦牛	73	37	16	8.483	0.823 ± 0.031	0.00951 ± 0.00256
总计	372	83	91	12.375	0.909 ± 0.012	0.0139 ± 0.00318

研究结果及分析

遗传多样性分析

表4 牦牛完整的线粒体遗传多样性

群体	数量	单倍型			变异位点	单倍型数量	平均核苷酸差异	单倍型多样性	核苷酸多样性
		A	B	C					
环湖牦牛	21	17	4	0	114	12	35.943	0.905±0.048	0.00220±0.00061
帕米尔牦牛	25	13	11	1	105	22	50.447	0.990±0.014	0.00309±0.00018
祁连牦牛	22	15	7	0	105	16	44.610	0.948±0.036	0.00273±0.00043
雪多牦牛	23	18	4	0	122	21	37.921	0.992±0.015	0.00232±0.00051
玉树牦牛	20	13	5	1	115	16	45.005	0.963±0.033	0.00276±0.00047
总计	111	76	31	2	150	78	44.470	0.981±0.007	0.00272±0.00019

单倍型相似性分析

表5 牦牛线粒体D-Loop区单倍型相似性

群体	环湖牦牛	帕米尔牦牛	祁连牦牛	天峻牦牛	雪多牦牛
帕米尔牦牛	0.188				
祁连牦牛	0.27	0.26			
天峻牦牛	0.122	0.172	0.182		
雪多牦牛	0.146	0.232	0.254	0.228	
玉树牦牛	0.13	0.182	0.188	0.118	0.19

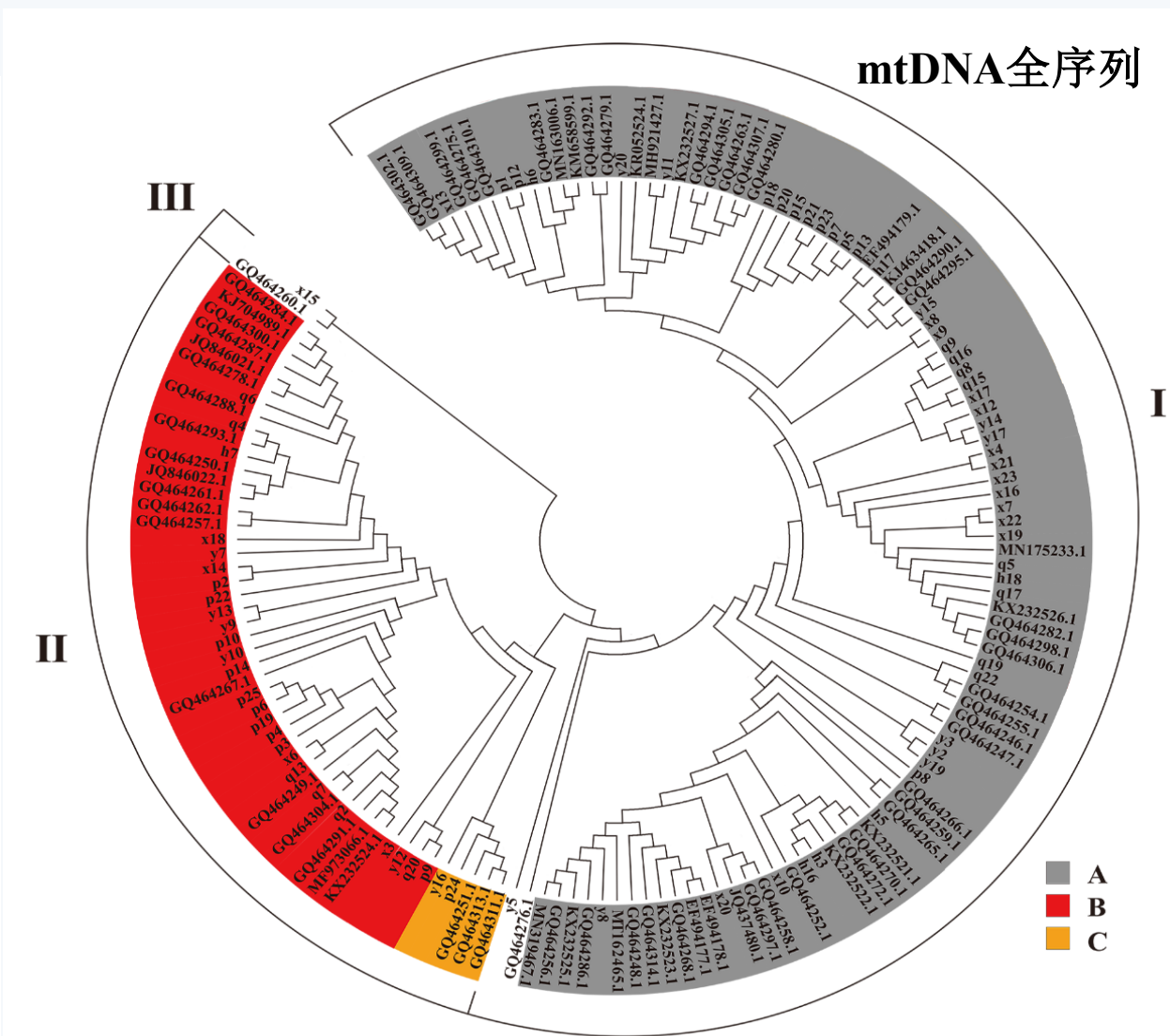
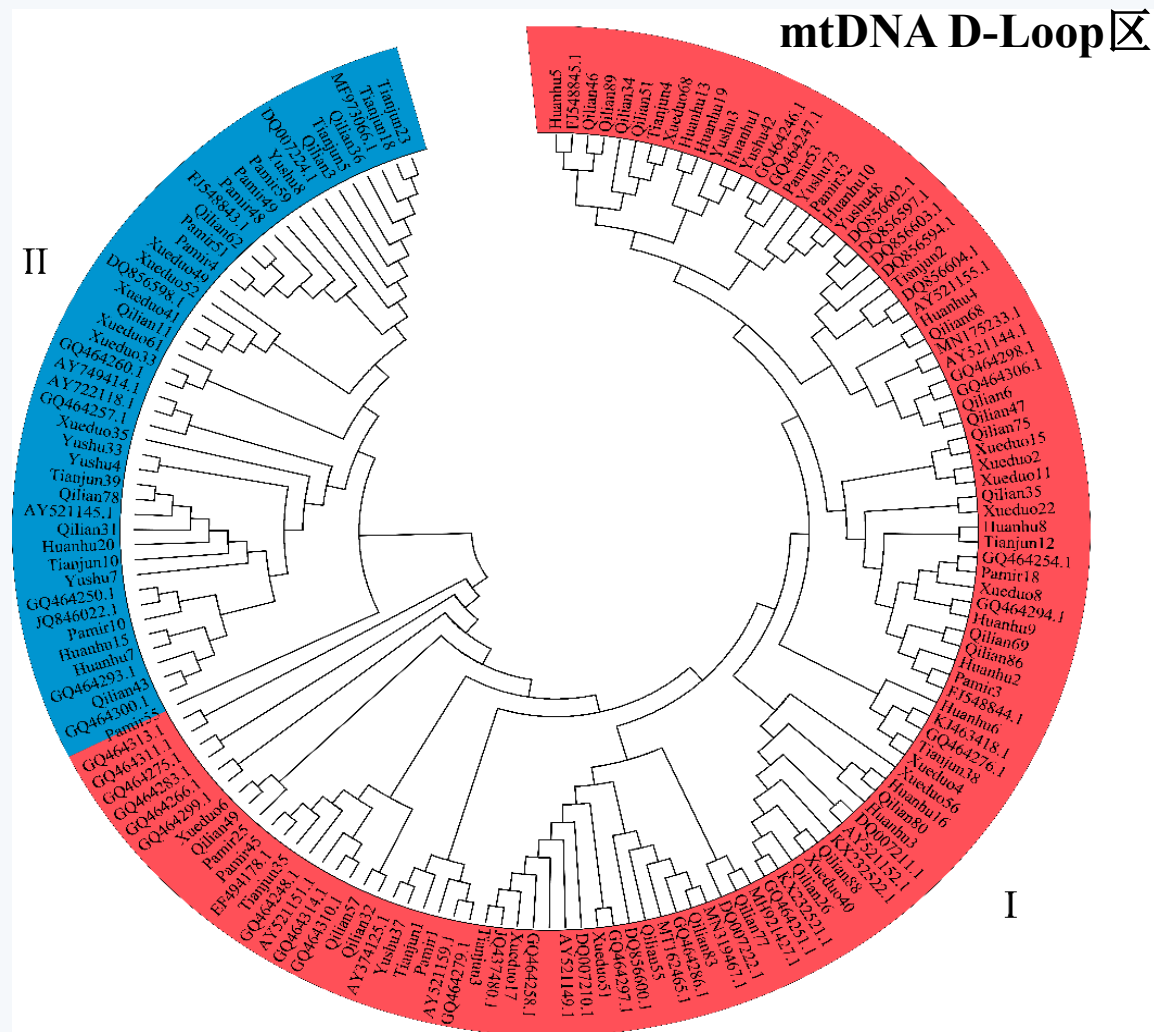
单倍型相似性分析

表6 牦牛完整的线粒体单倍型相似性

群体	环湖牦牛	帕米尔牦牛	祁连牦牛	雪多牦牛
帕米尔牦牛	0			
祁连牦牛	0.286	0		
雪多牦牛	0.121	0	0.108	
玉树牦牛	0.143	0	0.063	0.108

研究结果及分析

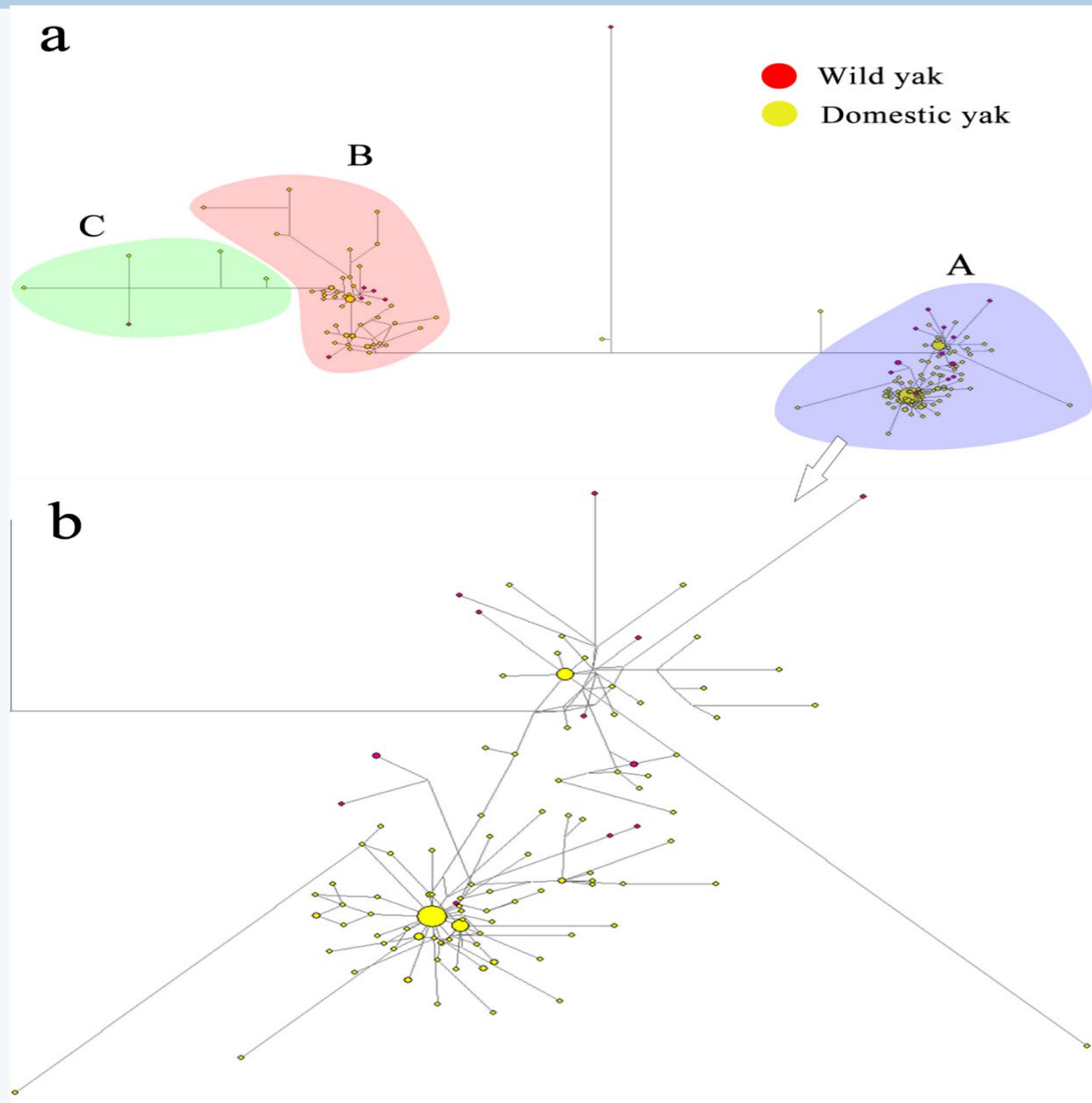
系统发育分析



研究结果及分析

网络关系分析

构建了5个牦牛群体（玉树牦牛、雪多牦牛、环湖牦牛、青海高原牦牛和帕米尔牦牛）和GenBank数据库下载的共计206个牦牛个体的网络图来研究牦牛的系统发育。该图主要包含三部分，分别对应牦牛的三大分支，从而验证了NJ树中分类的可靠性。确定了3个单倍型组（A - C），其中单倍型组A和B表现出星形系统发育关系，单倍型组C表现出树状系统发育关系。



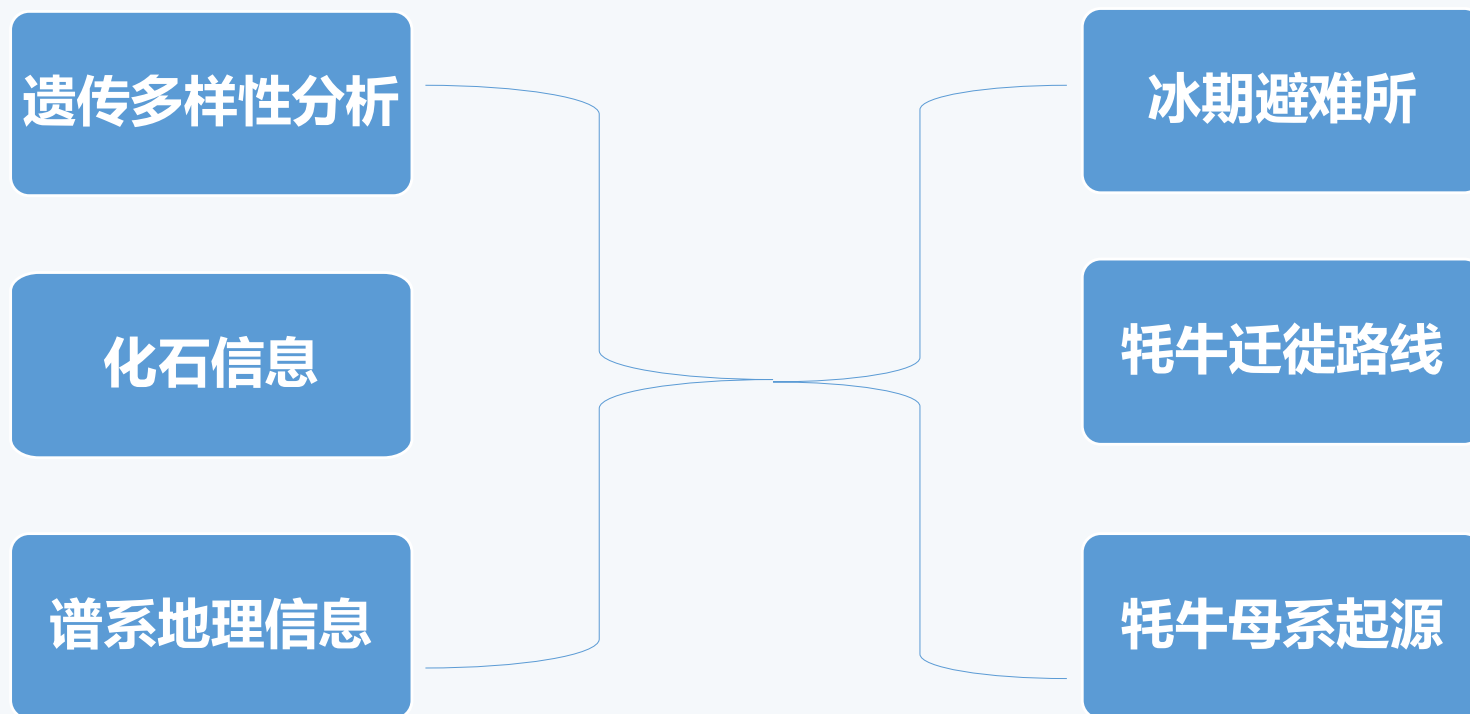
第 4 部分

后期实验安排

牦牛遗传多样性分析

通过前期实验，我们比较了牦牛线粒体DNA D-Loop区与线粒体全基因组在构建牦牛系统发育树及单倍型共享情况时，线粒体全基因组表现出更接近其地理位置信息。同时通过比较线粒体全基因组和13蛋白编码基因，发现全基因组和蛋白编码基因具有相似的系统发育关系。

母系起源



面临的问题

1 化石信息

目前牦牛化石较少，如何利用有限的化石尽可能多的挖掘牦牛的遗传信息较为困难。

2 遗传变异与时间的关系

目前线粒体包含信息较多，包括控制区以及13个编码蛋白，以及一些RNA信息，每一部分的进化突变率不一致，即便是在13个蛋白编码基因中，每个基因的进化突变率也不相同，因此如何解决这些问题，目前较为困难。

The background features a white central area with blue geometric accents. Large blue triangles are positioned in the top-right and bottom-left corners. In the top-right and bottom-right areas, there are thin, light blue diagonal lines. Two clusters of overlapping triangles, one dark blue and one light blue, are located on the left and right sides of the central text box.

THANKS!