



钟立强, 张成锋, 周凯等. 四个鲤鱼种群ITS-1序列的遗传变异分析. 湖泊科学, 2011, 23(2): 271-276



最新动态

各期目录

投稿指南

分类下载

论文检索

有问必答

相关链接

四个鲤鱼种群ITS-1序列的遗传变异分析

[全文PDF下载](#)

钟立强^{1,2,3}, 张成锋¹, 周凯^{1,4}, 李冰¹, 王建新¹, 朱健^{1,3,4}

(1: 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 无锡214081)

(2: 江苏省淡水水产研究所, 南京210017)

(3: 上海海洋大学水产与生命科学学院, 上海201306)

(4: 南京农业大学无锡渔业学院, 无锡214081)

摘要: 对我国四个鲤鱼种群的核糖体DNA内转录间隔区ITS-1进行了PCR扩增、测序. 序列分析显示, 370bp的ITS-1序列中GC含量明显高于AT含量, 共检测到34个变异位点, 96个样本得到14个单倍型, 平均单倍型多样性为 0.637 ± 0.055 , 核苷酸多样性为 0.00857 ± 0.00200 , 遗传多样性表现较低. 黑龙江野鲤种群与建鲤种群间遗传距离最远, 为0.10129, 黑龙江野鲤种群与黄河鲤种群间遗传距离最近, 为0.02305. 分子方差分析(AMOVA)表明, 群体间遗传分化系数 F_{st} 为0.05373, 几乎所有变异都来自群体内, 群体间遗传分化极小. ITS-1序列构建系统进化树显示, 四个种群分为南北2支, 黑龙江野鲤和黄河鲤种群聚为北方支, 建鲤和荷包红鲤种群聚为南方一支.

关键词: 鲤鱼; 内转录间隔区1(ITS-1); 种质资源; 遗传变异

中国科学院南京地理与湖泊研究所

中国海洋湖沼学会

万方数据

中国期刊网

重庆维普