

利用COI基因序列分析长江与澜沧江水系日本沼虾群体的遗传结构(英文)

杨频¹, 张浩¹, 陈立侨^{1,*}, 叶金云², 禹娜¹, 顾志敏², 宋大祥^{1,*}

1. 华东师范大学 生命科学学院, 上海 200062 2. 浙江省淡水水产研究所, 浙江 湖州 313001

收稿日期 2006-12-28 修回日期 网络版发布日期 2007-4-22 接受日期 2007-2-6

摘要 测定了我国长江水系和澜沧江水系的日本沼虾9个群体, 共79个个体的线粒体COI基因序列片段(约450 bp), 结果发现有89个变异位点, 共计有46个单倍型。其中云南昆明(KM)群体具有较丰富的遗传多样性($h=1.000$, $\pi=0.028$), 而重庆(CQ)群体的遗传多样性最小($h=0.700$, $\pi=0.008$)。AMOVA分析表明, 群体间的遗传变异占总遗传变异的9.66%, 而90.34%的遗传变异源于群体内。采用邻接法(NJ)构建的分子系统树显示, 46个单倍型明显地聚为长江中下游和长江上游与澜沧江两个族群。其结果可以为合理开发和利用日本沼虾自然野生资源, 以及建立和保护日本沼虾种质资源库及基因库提供必要的参考。

关键词 [日本沼虾](#) [COI基因](#) [遗传结构](#) [遗传变异](#) [单倍型](#)

分类号 [Q959.223](#) [Q31](#)

DOI:

通讯作者:

陈立侨; 宋大祥 lqchen@bio.ecnu.edu.cn; dxsong@mail.hbu.edu.cn

作者个人主页:

杨频¹; 张浩¹; 陈立侨^{1,*}; 叶金云²; 禹娜¹; 顾志敏²; 宋大祥^{1,*}

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(567KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“日本沼虾”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [杨频](#)
- [张浩](#)
- [陈立侨](#)
-
- [叶金云](#)
- [禹娜](#)
- [顾志敏](#)
- [宋大祥](#)
-