

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,  
undefined - undefined 页

题目: 利用线粒体DNA控制区序列分析细鳞鲑种群的遗传结构

作者: 夏颖哲<sup>1,2</sup> 盛 岩<sup>1\*</sup> 陈宜瑜<sup>3</sup>

1 中国科学院动物研究所, 北京 100080

2 中国科学院研究生院, 北京 100049

3 中国科学院, 北京 100864

摘要: 细鳞鲑(*Brachymystax lenok*)是我国重要的经济鱼类, 由于过度捕捞、环境污染及其他因素的影响, 其种群已处于濒危状态。研究细鳞鲑种群的遗传结构对于探讨这一物种的形成与演化及其有效保护等问题具有十分重要的意义。本文测定了我国东部水系的细鳞鲑7个种群71个个体的线粒体DNA控制区序列片段(835 bp), 发现43个变异位点, 共计15个单倍型。AMOVA分析结果表明, 不同的地理区域之间存在显著的遗传分化(63.55%), 而区域内和种群内的遗传变异分别只有24.17%和12.28%。采用邻接法(NJ)构建分子系统树, 结果表明, 单倍型被分成3个与各自的地理区域相对应的族群, 各地理区域之间没有共享的单倍型。细鳞鲑的这种独特的遗传结构与其进化历史(例如地理隔离造成基因流的长期中断)和生物学特性(例如有限的散布能力和基因交换能力)有密切的关系。根据上述研究结果, 我们建议对这3个遗传分化显著的地理区域加以保护, 并按照不同的水系来保护种群, 避免不同区域的种群之间发生基因交流。

关键词: 遗传变异, 单倍型, 基因流, *Brachymystax lenok*

通讯作者: 盛 岩 (E-mail: [wawa4257@hotmail.com](mailto:wawa4257@hotmail.com)).

这篇文章摘要已经被浏览 619 次, 全文被下载 487 次。

[下载PDF文件 \(309482 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: [kxcb@ioz.ac.cn](mailto:kxcb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>