

长江口及其南部邻近地区大弹涂鱼种群遗传结构及种群历史分析
刘至治, 杨金权, 王正琦, 唐文乔

上海海洋大学 鱼类研究室, 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 200090

收稿日期 2008-6-25 修回日期 网络版发布日期 2009-1-22 接受日期 2008-11-18

摘要

应用随机扩增多态性DNA (RAPD) 技术及细胞色素b (Cyt b) 基因序列, 分析了长江口及其南部邻近地区大弹涂鱼 (*Boleophthalmus pectinirostris*) 群体遗传结构及种群历史, 结果显示这一区域大弹涂鱼群体的遗传多样性水平很高。(1) RAPD分析结果: 从100个10碱基随机引物中筛选出30个多态性引物, 对长江口九段沙湿地、浙江舟山定海、福建霞浦群体各20个体进行RAPD分析, 3个群体分别获得236、270、274条带, 共301个有效位点。3群体多态位点比例 (P)、Nei基因多样性指数 (H)、Shannon多样性指数 (I) 分别在93.02%—96.35%、0.3890—0.4219、0.5618—0.6044。分子方差分析 (AMOVA) 表明, 大弹涂鱼群体间存在显著的遗传分化 ($F_{st} = 0.03004-0.03254$, $P < 0.05$), 但仅3.2%的遗传变异来自群体间。(2) Cyt b 基因序列分析结果: 从采自九段沙、定海、霞浦及浙江慈溪的42尾大弹涂鱼样本中, 共获得33个Cyt b 基因单倍型 (序列长1 141 bp)。4群体的平均单倍型多样性 (h)、核苷酸多样性 (π) 分别为0.9814、0.0048。4群体间的遗传分化指数 F_{st} 为0.00043—0.07814, 仅1.93%的变异来自群体间 (AMOVA分析), 而基因交流值却达14.50—30.79, 群体间K2-P遗传距离为0.0040—0.0056, 从而显示大弹涂鱼群体间没有发生明显的地理分化。以Cyt b 基因序列构建的NJ树揭示4个群体的个体组成2个谱系, 但这2个谱系与地理分布并不相关。中性检验、错配分析和网络亲缘关系分析皆表明大弹涂鱼群体有过种群扩张, 扩张时间约在更新世末期的0.057—0.023百万年前。

关键词 [大弹涂鱼; 细胞色素b; RAPD, 种群遗传结构; 长江口](#)

分类号

DOI: 10.3724/SP.J.1141.2009.01001

通讯作者:

唐文乔 wqtang@shou.edu.cn

作者个人主页:

刘至治; 杨金权; 王正琦; 唐文乔

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(640KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“大弹涂鱼; 细胞色素b; RAPD, 种群遗传结构; 长江口” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [刘至治](#)
- [杨金权](#)
- [王正琦](#)
- [唐文乔](#)