

我国斑鳊六个群体mtDNA Cyt b序列的遗传变异

王伟伟^{1,2}, 赵金良^{1,*}, 李思发¹

1. 上海水产大学 农业部水产种质资源与养殖生态重点开放实验室, 上海 200090; 2. 山西农业大学 动物科技学院, 山西 太谷 030801

收稿日期 2006-6-14 修回日期 网络版发布日期 2006-12-22 接受日期 2006-8-11

摘要 采用PCR技术扩增了鸭绿江、海河、长江、钱塘江、闽江、西江6个群体31尾斑鳊(*Siniperca scherzeri*) mtDNA Cyt b基因的部分序列。在长度为781 bp的同源序列中, 共检测到78个变异位点, 占分析位点数的9.6%, 碱基替换大都发生在密码子的第三位点上; 在31个个体中共检出16种单倍型。鸭绿江、海河群体与长江、钱塘江、闽江、西江群体间的遗传距离较大。分子方差分析表明, 斑鳊6个群体间总的遗传分化水平 F_{ST} 为0.9307($P < 0.01$), 差异极显著。构建的NJ分子系统发育树表明, 海河群体和鸭绿江群体构成了一支北方群体; 长江群体、闽江群体和西江群体构成了南方群体; 而钱塘江群体单独聚为一支。这表明我国斑鳊不同地理群体间已产生明显的遗传分化, 但未与其自然地理分布格局呈完全对应关系。

关键词 [斑鳊](#); [群体](#); [Cyt b基因](#); [遗传变异](#)

分类号 [Q959.483.09](#) [Q75](#)

DOI:

通讯作者:

赵金良 jlzhao@shfu.edu.cn

作者个人主页: 王伟伟^{1,2}; 赵金良^{1,*}; 李思发¹

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (1014KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“斑鳊; 群体; Cyt b 基因; 遗传变异” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [王伟伟](#)

•

• [赵金良](#)

•

• [李思发](#)