

# 东方田鼠长江亚种和指名亚种基因组DNA序列比较分析

许冰1, 胡维新1, 杨榕1, 俞远京1, 王勇2, 刘新发1, 彭兴华1

1.中南大学湘雅医学院分子生物学研究中心;长沙410078; 2.中国科学院长沙农业现代化研究所;长沙 410128

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 根据东方田鼠基因组DNA序列片段 (GenBank登录号: AF277394), 通过PCR方法扩增东方田鼠长江亚种 (*Microtus fortis calamorum*) 和宁夏指名亚种 (*Microtus fortis fortis*) 基因组DNA, 得到~670 bp左右的特异扩增片段。将PCR扩增产物克隆到pGEM-Teasy载体, 进行DNA序列分析, 并用生物信息学方法比较东方田鼠长江亚种与指名亚种之间该序列的差异。结果表明: 在东方田鼠两个亚种中共发现19个不同的等位基因, 不同的个体在该序列存在广泛的单个核苷酸多态性 (SNP), 多态性位点多达25个; 变换类型包括: 转换 (G→A、A→G、T→C、C→T)、颠换 (G→T、A→T、T→A、C→A)、插入 (CA) 和缺失 (TGTTT)。东方田鼠长江亚种和指名亚种两个种群之间存在明显差别, 尤其是在146、192、223、224、235位, 但两种群间同源性仍高达98%。同时采用系统发育树 (phylogenetic tree) 分析方法, 对两个亚种的亲缘关系进行了分析和比较, 结果显示, 东方田鼠长江亚种和宁夏指名亚种基因组DNA明显的分为两大组别。

**关键词** [东方田鼠](#) [SNP](#) [生物进化](#)

分类号

1.Molecular Biology Research Center of Xiangya Medical College; Central South University; Changsha 410078; China; 2.Agricultural Modernization Institute of Changsha; Chinese Academy of Science; Changsha 410128;China

## Abstract

**Key words** [Microtus fortis](#) [SNP](#) [species evolution](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(342KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“东方田鼠”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [许冰](#)
- [胡维新](#)
- [杨榕](#)
- [俞远京](#)
- [王勇](#)
- [刘新发](#)
- [彭兴华](#)