

【作者】	杨柯, 马春艳, 马凌波
【单位】	中国水产科学研究院东海水产研究所, 上海
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	25
【发表页码】	11895-11896, 11913
【关键字】	日本扇; 线粒体DNA; 细胞色素氧化酶亚基I; 遗传多样性
【摘要】	<p>[目的] 评估浙江省三门野生日本扇遗传多样性, 为日本扇的种质资源保护提供参考。[方法] 应用聚合酶链式反应 (PCR) 技术对采自三门的30个日本扇个体的mtDNA COI 基因进行扩增, PCR产物经纯化、测序后获得的序列用软件进行比对分析。[结果] 获得长度为547 bp的 COI 基因一致序列, 其中变异位点44个, 总变异为8.04%。在测得的547 bp目的DNA片段中, 碱基T、C、A、G平均组成分别为35.7%、19.5%、28.5%、16.3%, 其A+T含量 (64.2%) 远高于G+C含量 (35.8%)。在30个个体中, 共检测到7个单倍型, 单倍型多样性为0.772 7。根据Kimura遗传距离的计算结果, 日本扇个体间遗传距离为0.000~0.045。[结论] 与其他甲壳类相比, 三门野生日本扇的遗传多样性水平偏低, 应采取措施对其进行保护和合理利用。</p>
【附件】	 PDF下载 PDF阅读器下载

关闭