

文章摘要

申欣, 王海青, 王敏晓, 刘斌. 磷虾类线粒体基因组的特征和基因排列比较. 渔业科学进展, 2012, 33 (2): 49-55

磷虾类线粒体基因组的特征和基因排列比较

Comparison of the characteristics and gene order in mitochondrial genomes of krills

投稿时间: 2011-07-09 最后修改时间: 2011-12-01

DOI:

中文关键词: [磷虾](#) [长PCR](#) [线粒体基因组](#) [基因重排](#) [分子标记](#)

英文关键词: [Krill](#) [Long PCR](#) [Mitochondrial genome](#) [Gene rearrangement](#) [Molecular marker](#)

基金项目: 江苏省“青蓝工程”人才基金(苏教师[2010]27号)、江苏省海洋生物技术重点实验室基金(2009HS13)和淮海工学院自然科学基金(Z2009046)共同资助

作者 单位

[申欣](#) [淮海工学院海洋学院, 连云港 222005](#); [中国科学院海洋研究所, 青岛 266071](#)

[王海青](#) [中国科学院海洋研究所, 青岛 266071](#)

[王敏晓](#) [中国科学院海洋研究所, 青岛 266071](#)

[刘斌](#) [中国科学院海洋研究所, 青岛 266071](#)

摘要点击次数: 164

全文下载次数: 129

中文摘要:

利用长PCR扩增获得太平洋磷虾的线粒体DNA, 结合鸟枪法和引物步移法测定太平洋磷虾的线粒体基因组。结果表明, 太平洋磷虾线粒体基因组全长为16 898 bp, 在最大非编码区中存在一个串联重复区域(4.7×154 bp)。在15个主编码基因中, 变异位点数最多的是nad5基因(319~321个), 其次为nad4基因(284~285个)和cox1基因(232~233个)。因此, nad5基因和nad4基因可以作为候选的分子标记, 用于分析磷虾类不同的物种和群体之间的生物多样性。对比泛甲壳动物的原始排列, 太平洋磷虾和南极磷虾线粒体基因组共享3个转运RNA基因(tRNA^{Leu}(CUN)、tRNA^{Leu}(UUR)和tRNA^{Trp})的易位。与太平洋磷虾线粒体基因组相比, 南极磷虾线粒体基因组存在1个转运RNA基因(tRNA^{Asn})的重复和1个转运RNA基因(tRNA^{Ile})的易位。太平洋磷虾和南极磷虾之间的基因排列并不完全一致, 说明在磷虾类内部线粒体基因组的基因排列顺序并不保守。

英文摘要:

The mitochondrial genomic DNA of *Euphausia pacifica* was obtained by long PCR amplification, and was then sequenced using shotgun and primer-walking strategies. The mitochondrial genome of *E. pacifica* is 16,898 bp in length. The largest non-coding region in *E. pacifica* mitochondrial genome contains one section with tandem repeats (4.7×154 bp). Nad5 gene has the largest number of different loci (319~321), followed by nad4 (284~285) and cox1 (232~233) gene. Therefore, nad5 and nad4 genes can be used as alternative molecular markers to analyze genetic diversity among krills species and populations. Translocation of three tRNAs (tRNA^{Leu}(CUN), tRNA^{Leu}(UUR) and tRNA^{Trp}) is shared by *E. pacifica* and *E. superba* mitochondrial genomes when compared with the pancrustacean ground pattern. The duplication of tRNA^{Asn} and translocation of tRNA^{Ile} were found in the mitochondrial genome of *E. superba* when compared with the *E. pacifica* mitochondrial genome. Gene orders are not identical between *E. pacifica* and *E. superba* mitochondrial genomes, indicating that gene order is not conserved among euphausiids mitochondrial genomes.

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)

关闭

版权所有 《渔业科学进展》编辑部

主管单位：中华人民共和国农业部 主办单位：中国水产科学研究院黄海水产研究所 中国水产学会

地址：青岛市南京路106号, 黄海水产研究所《渔业科学进展》编辑部 邮编：266071

电话：0532-85833580 E-mail: yykxjz@ysfri.ac.cn

技术支持北京勤云科技发展有限公司