

【作者】	徐建荣, 韩晓磊, 郁建锋, 黄佳
【单位】	常熟理工学院生物与食品工程系, 江苏常熟
【卷号】	36
【发表年份】	2008
【发表刊期】	31
【发表页码】	13561 - 13563
【关键字】	福寿螺; 遗传多样性; ISSR 分析
【摘要】	<p>[目的] 探讨我国不同地区福寿螺的遗传多样性和遗传结构。[方法] 应用ISSR分子标记技术对我国江苏苏州、福建漳州、广东珠海3个不同地理群体福寿螺的遗传多样性和遗传结构进行了分析。[结果] 从77个ISSR引物中筛选出3个引物对福寿螺3个群体60个样品进行扩增, 得到33个清晰的扩增位点, 多态位点为31个。江苏、福建和广东3个福寿螺群体的Shannon's 指数分别为0.3536、0.4247、0.2796, 由此分析, 其遗传变异主要来自于群体内个体间。福寿螺UPGMA聚类图显示, 广东群体和福建群体首先聚在一起, 再与江苏群体聚类。3个群体的遗传多样性处于相同水平上, 且遗传多样性高低依次为福建群体&gt;江苏群体&gt;广东群体。[结论] 3个地区福寿螺群体产生一定的遗传分化, 表明福寿螺具有广适性的遗传特性。</p>
【附件】	 <a href="#">PDF下载</a> <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭