

利用微卫星分子标记分析四个中华绒螯蟹群体的遗传多样性(英文)

马海涛^{1,2}, 常玉梅¹, 于冬梅^{1,2}, 孙效文^{1,*}

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070 2. 大连水产学院, 辽宁 大连 116023

收稿日期 2006-9-25 修回日期 网络版发布日期 2007-4-22 接受日期 2007-1-11

摘要

利用本实验室克隆的16个和国际上发表的8个微卫星标记, 对4个中华绒螯蟹群体(江苏、安徽、辽宁、天津)的遗传多样性进行检测。所检测到的扩增片段长度为80—445 bp, 在群体间扩增出2—10个等位基因, 共计155个等位基因, 平均等位基因6.458个。4个中华绒螯蟹群体的平均有效等位基因数(N_e)为4.3491—4.7234, 平均观察杂合度(H_o)为0.5690—0.6722, 平均期望杂合度(H_e)为0.7238—0.7546, 并通过基因型的P值, 确定了7个座位处于Hardy-Weinberg平衡; 同时对4个群体的遗传距离进行了估算, 聚类分析结果表明, 安徽、江苏、天津聚为一支, 属于长江河蟹类型, 辽河种群单独聚为一支。

关键词 [中华绒螯蟹](#) [微卫星](#) [群体多样性](#)

分类号 [Q959.223](#)

DOI:

通讯作者:

孙效文 sunxw2002@163.com

作者个人主页: [马海涛^{1;2}](#); [常玉梅¹](#); [于冬梅^{1;2}](#); [孙效文^{1;*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(659KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“中华绒螯蟹”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [马海涛](#)

•

• [常玉梅](#)

• [于冬梅](#)

•

• [孙效文](#)

•