

新疆3种雅罗鱼线粒体DNA控制区序列的差异和系统进化关系

胡文革¹, 段子渊², 王金富³, ①, 盛金良³, 马润林², ①

1.石河子大学生物工程学院;石河子832003;2.中国科学院遗传与发育生物学研究所;北京100101; 3.石河子大学动物科技学院;石河子832003

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对分布在新疆的准噶尔雅罗鱼 (*Leuciscus merzbacheri*)、贝加尔雅罗鱼 (*Leuciscus leuciscus baicalensis*) 和高体雅罗鱼 (*Leuciscus idus*) 3个鱼种共24尾个体的线粒体DNA D-loop控制区核苷酸序列进行了测定, 获得24条长度为667~669 bp的同源基因序列。3种雅罗鱼之间的序列差异在6.39%~9.89%之间, 贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间序列同源性高, 变异程度小; 贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间序列同源性最低, 变异程度最大。所采集的贝加尔雅罗鱼两个地理群体(赛里木湖和额尔齐斯河)内mtDNA的平均核苷酸碱基序列差异为1.07%和1.08%; 两群体间的序列差异为1.07%, 显示两个地理群体间无明显分化。DNA序列数据显示, 这3种鱼类线粒体DNA D-loop序列变异丰富, 24尾个体呈现独自的单倍型。同源基因序列平均含AT碱基64.1%, GC碱基35.9%, 显示准噶尔雅罗鱼、贝加尔雅罗鱼、高体雅罗鱼的线粒体DNA D-loop区核苷酸组成的不均一性。分子系统树提示, 贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼亲缘关系较近, 准噶尔雅罗鱼是3种雅罗鱼中较古老的鱼种。

关键词 [雅罗鱼](#) [线粒体DNA D-loop控制区](#) [系统进化](#)

分类号

1.Bio-Engineering College; Shihezi University; Shihezi 832003;China; 2.Institute of Genetics and Developmental Biology;Chinese Academy of Sciences; Beijing 100101; China; 3.Animal Science Technique College; Shihezi University; Shihezi 832003;China

Abstract

Key words [Leuciscus species](#) [mitochondrial DNA D-loop control region](#) [systematical evolutionary](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(271KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“雅罗鱼”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [胡文革](#)
- [段子渊](#)
- [王金富](#)
-
- [盛金良](#)
- [马润林](#)
-