

畜牧·兽医·资源昆虫

中国境内不同地理型东方蜜蜂线粒体DNA tRNA<sup>Leu</sup>~CO II 基因多态性研究

姜玉锁, 赵慧婷, 姜俊兵, 曹果清, 张桂贤, 朱文进, 郭传甲

山西农业大学动物科技学院

收稿日期 2006-7-20 修回日期 网络版发布日期 2007-7-10 接受日期

**摘要** 【目的】从线粒体水平上探讨中国境内不同地理型东方蜜蜂的系统发育关系, 为东方蜜蜂亚种分化的研究及我国境内东方蜜蜂资源的保护与合理开发利用提供基础资料。【方法】采用公开的E2、H2引物对11个不同地理型东方蜜蜂线粒体DNA tRNA<sup>Leu</sup>~CO II 基因进行了PCR扩增、测序, 并利用相关软件和网站进行了序列比较分析。【结果】该序列长度为471bp; 序列中共有9个位点发生变异; 序列相似性均在99%以上; 限制性酶切分析表明: 云南保山东方蜜蜂缺少一个Swa I 酶切位点; 部分编码蛋白序列比对表明, 海南海口和吉林安图东方蜜蜂各有一个氨基酸发生变异。与GeneBank上公开登录的国内外有关东方蜜蜂相关序列的比较表明, 单纯利用非编码区序列对比, 不能把日本蜜蜂同中国大陆的东方蜜蜂区别开来; CO II 基因部分序列对比显示, 东方蜜蜂的线粒体类型包括: 日本-韩国型、中国大陆型、中国台湾型、马来西亚沙巴州-印度黑色蜜蜂型、中国海南型、印度黄色蜜蜂型、泰国南部型和印度黑色蜜蜂型。【结论】中国境内不同地理型东方蜜蜂存在着较明显的遗传分化, 其中海南东方蜜蜂由于长期的海岛隔离形成了一个独特的类群, 支持了通过形态学认定的海南东方蜜蜂为东方蜜蜂的一个新亚种的观点。本研究部分测序结果已在美国国家生物信息中心 (NCBI) 网站GeneBank上登录, 登录号为: DQ385854, DQ388602~DQ388609。

**关键词** [东方蜜蜂, 线粒体DNA, 非编码区, 细胞色素氧化酶II, 序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

郭传甲 [guochj695124@sohu.com](mailto:guochj695124@sohu.com)

作者个人主页: 姜玉锁; 赵慧婷; 姜俊兵; 曹果清; 张桂贤; 朱文进; 郭传甲

## 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(548KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(OKB\)](#)

▶ [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“东方蜜蜂, 线粒体DNA, 非编码区, 细胞色素氧化酶II, 序列分析” 的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [姜玉锁](#)

· [赵慧婷](#)

· [姜俊兵](#)

· [曹果清](#)

· [张桂贤](#)

· [朱文进](#)

· [郭传甲](#)