

中国大陆黑斑侧褶蛙基于mtDNA控制区序列的种群遗传结构

张雄飞, 周开亚^①, 常青

南京师范大学生命科学学院遗传资源研究所; 南京 210097

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 用分子遗传数据研究了黑斑侧褶蛙*Pelophylax nigromaculata* (Anura: Ranidae) 种群的遗传结构和分化。标本采自中国大陆的12个地点。每个种群测定10只或少于10只蛙的mtDNA控制区5'端685 bp的序列。112只蛙的序列比对后, 共发现111个变异位点, 定义了67种单元型, 其中7种单元型为地方种群间共享单元型, 多数单元型为地方种群内特有。12个地方种群合并成一个大种群分析时表明, 中国大陆黑斑侧褶蛙的线粒体单元型多样性相当高 ($h=0.98\pm 0.005$), 总体核苷酸多样性也较高 (0.0303 ± 0.0029)。这样高的单元型多样性和核苷酸多样性与黑斑侧褶蛙作为古北界和东洋界的广布种, 种群大是相应的。基于最大简约法 (maximum parsimony, MP) 的单元型系统发生树和基于邻接法 (neighbor joining, NJ) 的地方种群系统发生分析中, 吉林通化和辽宁辽阳种群与中国大陆其他地方种群构成姐妹群。分子变异分析 (AMOVA) 表明, 吉林和辽宁种群代表的吉辽组 (Jilin-Liaoning group) 和其余10个地方种群代表的综合组 (multi-population group) 间出现了显著的种群分化 ($F_{ct}=0.809$, $P<0.001$), 各地方种群间成对的 F_{st} 及种群间的核苷酸歧异度 (D_{xy}) 也均表明两者之间出现了显著的遗传分化。吉辽组与综合组间的遗传分化最可能的原因就是受第四纪冰川的影响。文中还探讨了综合组总体上没有出现明显地理结构及部分地方种群存在一定程度遗传分化的可能原因。

关键词 [黑斑侧褶蛙](#) [mtDNA控制区](#) [遗传结构](#) [种群分化](#)

分类号

Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Aquacultural Ecosystem ;Ministry of Agriculture; Shanghai Fisheries University; Shanghai 200090;China

Abstract

Key words [red common carp](#) [CO II gene](#) [genetic variability](#) [relationship](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(360KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“黑斑侧褶蛙”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [张雄飞](#)
- [周开亚](#)
- [常青](#)