

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,
undefined - undefined 页

题目: 黄山短尾猴mtDNA控制区序列变异及种群遗传多样性分析

作者: 柳 杨 李进华 赵健元

安徽大学生命科学学院

摘要: 短尾猴属灵长目(Primates)猴科(Cercopithecidae)猕猴属(*Macaca*), 是我国特有的国家二级保护动物。为了更有效地保护其野生种群, 本文研究了黄山短尾猴种群内的遗传多样性, 并对黄山短尾猴与四川短尾猴种群间的遗传差异进行了分析。共测定了黄山短尾猴7个群体中的30个样本的mtDNA控制区5' 端493 bp的序列, 只发现了7个变异位点, 定义了3种单倍型, 单倍型序列之间缺乏变异, 种群中的核苷酸多样性很低(0.006); 3种单倍型相应地将黄山种群分为了3个亚群, 不同亚群之间呈现出一定的片断化分布, 从分子水平上初步揭示了短尾猴黄山种群的遗传多样性。与四川短尾猴的相应序列相比, 黄山短尾猴控制区序列存在很大差异, 共有59个变异位点, 而且存在大片段的碱基插入/缺失, 有78%的遗传变异发生在两个种群之间, 两个种群间的核苷酸歧异度已达8.21%。进一步分析表明黄山短尾猴与四川短尾猴之间存在着极显著的遗传分化($F_{ST} = 0.399$, $P < 0.001$), 基于最大似然法和邻接法构建的系统发生树均将两者聚为不同的类群, 支持将它们归入各自的管理单元[动物学报52(4): 724 - 730, 2006]。

关键词: 短尾猴 mtDNA控制区 遗传多样性 序列变异

通讯作者: 李进华 (E-mail: jhli@ahu.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 635 次, 全文被下载 306 次。

[下载PDF文件 \(902234 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kcxb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>