

[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: 基于线粒体细胞色素b基因的中国大沙鼠系统地理格局

作者: 宁恕龙 周立志 张保卫 赵天飙 邹桂祯
安徽大学生命科学学院

摘要: 通过内蒙、新疆、甘肃的41个大沙鼠样品和1个伊朗撒拉克大沙鼠的mtDNA Cyt b基因全序列的遗传分析, 对我国大沙鼠(*Rhombomys opimus*)的分子系统地理学进行了初步探讨。结果表明, 我国41个大沙鼠样品的Cyt b基因包含了50个核苷酸变异位点(占全序列的4.39%), 其中转换48个, 颠换2个, 共定义23个单倍型。在四个地理种群中, 内蒙古中部半荒漠区和阿拉善荒漠区的单倍型多样性最高, 甘新荒漠区的单倍型多样性最低; 北疆荒漠区的核苷酸多样性最高, 内蒙古中部半荒漠区的核苷酸多样性最低。分子变异分析(AMOVA)表明, 种群间的遗传变异占51.68%, 种群内的遗传变异占48.32%。 F_{ST} 统计结果表明, 除内蒙古中部半荒漠区与阿拉善荒漠区地理种群之间差异显著外($P < 0.05$), 其它地理种群间的差异均极显著($P < 0.01$)。基于单倍型的系统树显示, 42只大沙鼠形成三支。其中, 伊朗撒拉克地区大沙鼠和中国地区大沙鼠之间的亲缘关系比中国两支大沙鼠之间的亲缘关系远; 分析表明, 中国分布的大沙鼠两支之间分歧时间估计在0.093 Ma前。嵌套支分析表明, 大沙鼠历史种群曾发生过异域片段化、受阻碍基因流和持续种群扩张事件。种群扩张分析提示大沙鼠在0.0119 Ma前曾经历过一次种群扩张事件, 种群可能受到末次冰期波动的影响[动物学报53(4): 630 - 640, 2007]。

关键词: 大沙鼠 细胞色素b基因 线粒体DNA 遗传结构 系统地理学 嵌套支分析

通讯作者: 周立志 (E-mail: zhoulz@ahu.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 581 次, 全文被下载 103 次。

[下载PDF文件 \(923989 字节\)](#)

您是第: **248389** 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: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>