

贵州水族人群线粒体DNA序列多态分析

余跃生1, 2, 姚永刚1, 孔庆鹏1, 戎聚全2, 罗载刚2, 任光祥2, 张亚平1

1.中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放实验室;昆明 650223; 2.黔南民族医学高等专科学校;贵州都匀 558000

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 研究了我国贵州水族64个个体线粒体DNA控制区第一高变区序列的变异情况,在所测定的495bp序列中,共检测到73个位点存在变异,界定了48种不同的单倍型。单倍型的系统发育分析表明水族中存在一些古老的单倍型类型,并且其中的几个单倍型在欧亚人群中存在分布,来自群体历史动态分析估算的水族群体扩张时间距今约6万年,这些结果提示水族是一个古老的民族群体。结合前期测定的广西壮族以及其他报道的民族人群的比较分析发现,水族在总体上表现出与壮族相近,但又不同于壮族这一典型的南方民族群体。

关键词 [线粒体DNA](#) [水族](#) [亲缘关系](#) [古老群体](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(314KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“线粒体DNA”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [余跃生](#)

·

· [姚永刚](#)

· [孔庆鹏](#)

· [戎聚全](#)

· [罗载刚](#)

· [任光祥](#)

· [张亚平](#)