

应用线粒体DNA D-loop区遗传多样性分析云南4个少数民族的遗传关系

钱亚屏¹, 褚嘉佑¹, 初正韬¹, 卫灿东¹, 戴青¹, S Horai²

1.中国协和医科大学中国医学科学院医学生物学研究所;昆明 650118; 2.National Institute of Genetics;Mishima 411; Japan

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对傣、佤、拉祜和藏族4个群体的99名个体mtDNA非编码区(D-loop)高变区I 16048~16569及1~41的563bp片段进行序列分析。计算了核酸多态度,并用Neighbor-Joining法构建系统进化树,在进化树中,99个mtDNA序列分别聚在4个群中。所有在CO II/tRANLys基因间序列存在9bp缺失的个体均聚在C1群中,C2群由1个佤族个体和4个藏族个体组成,C3群中除2个藏族个体外均为其他3个民族个体,4个群体的大部分个体聚在C4群。根据核酸多态度计算的净遗传距离重建的进化树显示,傣族、佤族和拉祜族的亲缘关系较接近,与藏族距离较远。结果表明遗传距离与他们的地理分布是非常一致的。而拉祜族与相传同为氐羌后裔并有相近语言的藏族遗传距离却较远,这一结果提示这两个民族可能具有不同的起源。

关键词 [mtDNA](#) [D-loop](#) [多态性](#) [云南少数民族](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(441KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“mtDNA”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [钱亚屏](#)
- [褚嘉佑](#)
- [初正韬](#)
- [卫灿东](#)
- [戴青](#)
- [S Horai](#)