

太行山猕猴种群 mtDNA 遗传多样性研究

谢东明¹, 路纪琪¹, 王建东²

(1. 郑州大学 生物多样性与生态学研究所 河南 郑州 450001;
2. 太行山猕猴国家级自然保护区济源管理局 河南 济源 454650)

摘要: 2007年11月~2008年2月,利用非损伤性取样法,在太行山猕猴国家级自然保护区采集到3个地理单元、5个野生种群猕猴个体的粪便样品,并从22份样品中提取到DNA,在此基础上,分析和探讨了野生太行山猕猴种群的遗传多样性状况及种群遗传结构。结果表明:①在341 bp的mtDNA控制区序列中发现11个变异位点,其中转换和颠换的位点分别为9个和2个;②在3个地理单元中,共定义了9种单倍型;③AMOVA分析结果表明88.02%和11.03%的遗传变异分别发生在各地理单元间和各种群间,而地理单元内的各种群间的遗传变异仅占0.95%,且济源、焦作和新乡3个地理单元间存在着显著的遗传分化($P < 0.01$),无共享单倍型;④济源黄楸树种群具有最多的单倍型数(3),最高的单倍型多样性(0.833),最高的核苷酸多样性(0.002 93)和最高的平均核苷酸差异数(1.000)。因此,从保护物种基因多样性的角度考虑,建议自然保护区管理部门将该种群列为优先保护单元。

关键词: 猕猴(*Macaca mulatta*); 线粒体DNA; 遗传多样性; 太行山

中图分类号: Q 16 **文献标志码:** A **文章编号:** 1671-6841(2011)04-0089-07

0 引言

濒危物种的种群遗传多样性研究对合理、科学地制定保护策略有十分重要的意义。但是,由于研究样品(尤其是动物样品)的采集困难,导致相关信息的获得十分有限,从而制约种群遗传多样性研究的发展^[1]。这一困难随着技术的不断进步而得以解决。采用mtDNA多态性分析方法,可从分子层面了解群体的遗传多样性信息,还可结合宏观生态学深入探讨形成该物种独特遗传结构的地理、气候和历史原因^[2]。因此,mtDNA是一种非常实用的遗传标记方法^[3]。

猕猴(*Macaca mulatta*),别名恒河猴、黄猴、广西猴,隶属于猴科(Cercopithecidae)猕猴属,是国家二级重点保护野生动物。分布于太行山区的猕猴常被称为太行山猕猴,为猕猴华北亚种(*M. m. tcheliensis*),也是我国特有的一个猕猴亚种,其形态、生理、代谢、生态和遗传等方面特征明显,现有数量约2 500只。以往对太行山猕猴的生态学研究主要集中在地理分布、种群数量调查等方面^[4-6],有关其种群遗传多样性研究尚无系统报道。作者利用mtDNA的特点,从分子生态学角度探讨生物多样性的保护问题,可为查清太行山猕猴的遗传背景、珍稀濒危物种的保护提供基础资料。

1 材料与方 法

1.1 样品采集

太行山猕猴为国家重点保护野生动物,因此,样品采集的原则是:1)以非损伤性取样为主,即仅采集太行山猕猴的粪便样品,尽量避免破坏性取样;2)各个样品应具有充分代表性,样品应来自该地区的不同地理种群,并尽可能使采样点散布于整个地区。为避免粪便样品中动物DNA的降解,采集到的新鲜粪样均用无水乙醇浸泡法并置冰箱-20℃保存。样品采集信息见表1。

收稿日期:2011-01-29

基金项目:国家自然科学基金资助项目,编号30770381;郑州大学引进人才科研基金资助项目。

作者简介:谢东明(1983-),男,硕士研究生,主要从事保护生物学研究;通讯作者:路纪琪(1964-),男,教授,博士,主要从事动物生态学, E-mail: lujq@zzu.edu.cn。

表1 太行山猕猴粪便样品采集信息表

Tab.1 Information of fecal sampling sites of *Macaca mulatta tcheliensis* in Mt. Taihangshan area

种群	采样地点	样品数	采样时间	样品代码
济源王屋山	十方院	2	2008-02	Wa2 ,Wa3
	铁梁庙	2	2008-02	Wa4 ,Wa5
	羊丹池	1	2008-02	Wa9
	黄背角	2	2007-11	H1 ,H2
济源黄楸树	小沟背	1	2007-11	H4
	黑龙沟	1	2007-11	H5
	愁儿沟	2	2007-10	Wu1 ,Wu3
济源五龙口	阳落山	1	2007-10	Wu4
	白涧沟	1	2007-10	Wu5
焦作沁阳	三皇殿	3	2007-12	J1 ,J2 ,J3
	云阳寺	2	2007-12	J8 ,J9
新乡辉县	羊州地	2	2007-12	X1 ,X3
	抱肚沟	1	2007-12	X4
	西新寺	1	2007-12	X2

1.2 方法

采用 QIAGEN 公司出品的粪便 DNA 提取试剂盒提取总 DNA. PCR 引物为 GH: 5'-AACTGGCATTCTATT-TAAACTAC-3'; GL: 5'-ATTGATTCACGGAGGATGCT-3'. PCR 反应体系(25 μ L): 10 \times Buffer 2.5 μ L; dNTPs (2.5 mmol/L) 2.5 μ L; Mg²⁺ (25 mmol/L) 1.5 μ L; BSA(10 mg/mL) 3 μ L; Taq DNA 酶(5 U/ μ L) (大连宝生物工程公司) 0.5 μ L; 引物各 1.25 μ L; 模板 DNA 2.5 μ L; 纯水 10 μ L. PCR 反应条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 6 min, 35 个循环(94 $^{\circ}$ C 变性 50 s, 55 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 50 s), 72 $^{\circ}$ C 再延伸 6 min, 4 $^{\circ}$ C 保存. PCR 扩增产物利用试剂盒(大连宝生物工程公司)回收. 回收产物委托北京诺赛基因组研究中心有限公司在全自动测序仪上完成单向测序反应.

1.3 数据处理

用 Clustal X^[7] 和 MEGA 4.0^[8] 对测定序列进行比对. 用 DnaSP 4.5 软件包^[9] 计算所获序列的单倍型多态性、核苷酸多态性及核苷酸差异均数和核苷酸歧异度. 依据 Nei 的模型^[10], Hudson 等^[11] 和 Slatkin 等^[12] 的计算方法, 用 Arlequin(version 3.0) 软件包^[13] 分别计算地理单元之间的遗传分化系数(G_{st})、迁移个体数(Nm)和遗传变异在种群内及种群间的分布 F_{st} 值, 并用排列测验法检验 F_{st} 值的显著性(重复次数为 1 000), 同时利用该软件包进行分子方差分析(AMOVA). 以分布于中国广西的猕猴指名亚种(*M. m. mulatta*) (GenBank: AF135287.1) 为外群, 用 MEGA 4.0 构建个体系统树^[8].

2 结果与分析

2.1 变异位点的分析

用 MEGA 4.0 软件分析 mtDNA 控制区片段序列变异位点后发现, 在所分析的 22 个猕猴个体的序列中, 共检测到 9 种单倍型, 11 个变异位点, 并且主要集中在序列的 1~305 个位点, 分别位于第 1, 6, 55, 83, 128, 162, 228, 255, 264, 266 和 305 位点(表 2). 11 个变异位点中有 9 个位点是碱基转换, 2 个位点是颠换.

2.2 群体遗传结构分析

不同地理种群中单倍型的分布见表 3. 在 5 个采样地区的种群中, 共发现 9 种单倍型, 其中王屋山种群的 5 个个体中, 有 4 个个体共享一种单倍型; 黄楸树种群的 4 个个体分属于三种单倍型, 其中两个个体与王

屋山种群的 4 个个体共享一种单倍型; 五龙口种群的 4 个个体分属于两种单倍型; 焦作沁阳种群的 5 个个体共享一种单倍型; 新乡辉县种群的 4 个个体分属于两种单倍型, 有 3 个个体共享一种单倍型。

表 2 太行山猕猴 D-loop 片段 9 种单倍型的变异位点分布

Tab. 2 Sites distribution of the nine haplotypes of D-loop region of rhesus macaques in Mt. Taihangshan area

单倍型	变异位点										
	1	1	2	2	2	2	2	2	3		
	5	8	2	6	2	5	6	6	0		
1	6	5	3	8	2	8	5	4	6	5	
Wa2	T	C	A	T	C	G	T	G	G	T	C
Wa4	A	G
H2	A
H4	A
Wu1	.	.	G	.	.	A	.	.	A	.	.
Wu4	A	.	G	.	.	A	.	.	A	.	.
J1	.	.	G	.	.	A	.	.	A	C	.
X1	.	.	.	C	T	A	C	.	.	C	T
X2	A	.	.	C	T	A	C	.	.	C	T

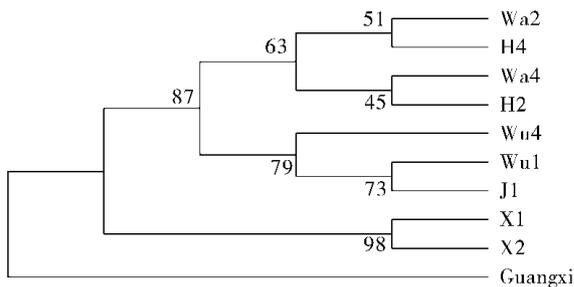
表 3 太行山猕猴 9 种单倍型在不同群体中的分布

Tab. 3 Distribution of the nine haplotypes among rhesus macaque groups in Mt. Taihangshan area

种群	单倍型编号								
	Wa2	Wa4	H2	H4	Wu1	Wu4	J1	X1	X2
济源王屋山	4	1							
济源黄楝树	2		1	1					
济源五龙口					2	2			
焦作沁阳							5		
新乡辉县								3	1
合计	6	1	1	1	2	2	5	3	1

2.3 系统树分析

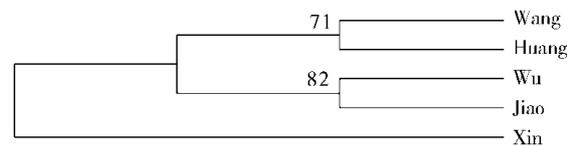
通过 MEGA 4.0 软件分析, 并依据 Kimura 2-Parameter 模型, 采用 Bootstrap 1000 检验分子系统树各分支的置信度^[8], 构建太行山猕猴总群体和 5 个地区种群间的 UPGMA (unweighted pair group method of arithmetic means) 分子系统树(图 1, 图 2)。



Guangxi: 广西猕猴, 作为外群

图 1 太行山猕猴 mtDNA 控制区 9 个单倍型的 UPGMA 系统树

Fig. 1 UPGMA phylogenetic tree of the nine mtDNA control region haplotypes of rhesus macaques in Mt. Taihangshan area



Wang: 济源王屋山; Huang: 济源黄楝树; Wu: 济源五龙口;

Jiao: 焦作沁阳; Xin: 新乡辉县

图 2 5 个地区太行山猕猴的 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 UPGMA phylogenetic tree among five sampling sites of rhesus macaques in Mt. Taihangshan area

由图1可见,各单倍型形成了以地理单元为特点的族群地理分布格局.由图2可见,王屋山种群和黄栌树种群聚在一起,五龙口种群和焦作沁阳种群聚在一起,新乡辉县种群独立成一支.因此将王屋山和黄栌树地区作为一个地理单元,命名为济源单元;五龙口和沁阳地区作为一个单元,命名为焦作单元;新乡辉县为一个独立单元,命名为新乡单元.

2.4 分子遗传变异分析

分子方差分析(AMOVA)结果表明(表4),显著差异主要存在于太行山猕猴不同的地理单元之间($\Phi_{CT} = 0.88021$, $P < 0.001$)和不同的种群之间($\Phi_{ST} = 0.88971$, $P < 0.001$).但是,同一地理单元内不同种群之间则不存在显著性差异($\Phi_{SC} = 0.07926$, $P = 0.107$).

2.5 不同群体之间的遗传多样性分析

利用DnaSP 4.5软件,分别对5个地区的太行山猕猴种群遗传多样性参数进行计算分析(表

5).结果表明,单倍型多样性(H)、核苷酸多样性(Pi)和平均核苷酸差异数(k)在济源黄栌树种群的数值明显高于其他4个地区,分别为0.833、0.00293和1.000.在上述分析的基础上,对中性进化假说进行检验,发现太行山猕猴5个地区种群的Tajima的 D 值和Fu and Li的 D 值均不存在显著性差异($P > 0.1$),符合中性突变,表明这些地区的太行山猕猴具有非常稳定的种群结构^[14].

表5 太行山猕猴 mtDNA 多样性信息表(种群内)

Tab.5 Tabulation of mtDNA diversity within geographic groups of rhesus macaques in Mt. Taihangshan area

参数	济源王屋山	济源黄栌树	济源五龙口	焦作沁阳	新乡辉县	总群体
序列数	5	4	4	5	4	22
单倍型数	2	3	2	1	2	9
单倍型多样性	0.400	0.833	0.667	0.000	0.500	0.827
多态位点数	2	2	1	0	1	11
突变数	2	2	1	0	1	11
核苷酸多态性	0.00235	0.00293	0.00196	0.00000	0.00147	0.01064
平均核苷酸差异数	0.800	1.000	0.667	0.000	0.500	3.628
Tajima 检测	-0.97256*	-0.70990*	1.63299*	—	-0.61237*	0.69970*
Fu and Li 检测	-0.95440*	-0.60427*	-0.60427*	—	-0.61237*	0.67223*

*: $P > 0.1$.

2.6 地理单元之间的遗传多样性

通过DnaSP 4.5分析软件,分别对济源(王屋山和黄栌树)、焦作(五龙口和沁阳)和新乡(辉县)三个地理单元之间进行比较(表6).结果表明,焦作-新乡地理单元间的核苷酸歧异度($D_{xy} = 0.02159$)和平均核苷酸差异数($k = 3.61538$)高于济源-新乡地理单元间的核苷酸歧异度($D_{xy} = 0.01931$)和平均核苷酸差异数($k = 3.46154$)及济源-焦作地理单元间的核苷酸歧异度($D_{xy} = 0.01046$)和平均核苷酸差异数($k = 2.17647$).

由表6可知,太行山猕猴在济源与焦作单元间的 F_{st} 值为0.82872,两单元间每代迁移个体数为0.05;济源与新乡单元间的 F_{st} 值为0.89873,两单元间每代迁移个体数为0.03;焦作与新乡单元间的 F_{st} 值为0.93962,两单元间每代迁移个体数为0.02.济源与焦作单元间的 G_{st} 值为0.73574;济源与新乡单元间的 G_{st} 值为0.80340;焦作与新乡单元间的 G_{st} 值为0.89372.可见三个地理单元间基因流和遗传分化系数的差异值均较高,地理单元间的每代迁移个体数几乎为零,表明太行山猕猴三个地理单元之间的遗传分化程度较

高,基本不存在有效的基因交流,尤以焦作和新乡两单元之间最为明显。

表6 太行山猕猴 mtDNA 多样性信息表(地理单元之间)

Tab. 6 Tabulation of mtDNA diversity between geographic groups of rhesus macaques in Mt. Taihangshan area

参数	济源 - 焦作	济源 - 新乡	焦作 - 新乡
共有的变异位点数	1	1	3
平均核苷酸差异数	2.176 47	3.461 54	3.615 38
核苷酸歧异度	0.010 46	0.019 31	0.021 59
基因流	0.828 72/0.05	0.898 73/0.03	0.939 62/0.02
遗传分化系数	0.735 74/0.09	0.803 40/0.06	0.893 72/0.03

3 讨论

3.1 单倍型和群体的遗传结构分化

对太行山猕猴 mtDNA 控制区序列的比对结果表明,22 个个体样品中存在 9 种单倍型。太行山猕猴群体的核苷酸多态性(0.010 64) 低于川金丝猴群体(0.033),大熊猫群体(0.06)^[15] 和白头叶猴群体(0.011 67)^[16] 的核苷酸多态性。从所检测的 5 个不同种群的单倍型多态性(H) 和核苷酸多态性(P_i) 来看,太行山猕猴不同地区的种群均存在高 H 值而低 P_i 值的特点(表 5)。其群体的单倍型多态性(H) 和核苷酸多态性(P_i) 分别为 0.827 和 0.010 64。这种高 H 、低 P_i 值的现象表明,整个太行山猕猴地理群体可能正在经历一个较小种群迅速扩增的过程。此外,在 22 只太行山猕猴个体中检出了 9 种单倍型,这一比例表明太行山猕猴不同个体间可能存在着广泛的遗传突变。在所得到的 9 种单倍型中,三个地理单元之间不存在相同的单倍型。但单倍型 Wa2 为济源地理单元内的王屋山群和黄楝树群所共享,即王屋山种群和黄楝树种群之间分化不显著。由此可知,太行山猕猴不同地理单元之间存在着明显的分化,而同一地理单元内不同种群之间的分化程度则要低一些;分子方差分析结果也支持这一结论^[13]。

分子方差分析结果表明,太行山猕猴不同地理种群的遗传差异主要由两部分组成,即不同地理单元之间(88.02%) 和不同种群之间的差异(11.03%),占全部遗传差异的 99.05% ($P < 0.001$); 而同一地理单元内不同种群间的遗传差异仅占总遗传差异的 0.95%,且差异未达显著性水平($P = 0.107$)。产生上述显著性差异的原因可能是猕猴栖息地之间的隔离,这种隔离使个体之间很难进行有效的基因交流从而产生明显遗传分化。但是,随着人口增长和经济的发展,人类与猕猴争夺生存空间的矛盾越来越突出,如开矿、砍伐林木、开荒种地、修建各种基础设施(铁路、公路、水库等)等活动给猕猴的栖息地环境造成了严重的破坏。栖息地的破碎化导致了不同地理单元之间缺乏有效的基因交流,从而产生了显著的遗传差异^[17]。

3.2 分子系统地理学分析

从 UPGMA 法构建的聚类树(图 2) 可见,黄楝树种群和王屋山种群聚为济源地理单元,五龙口种群和沁阳种群聚为焦作单元,辉县种群独立成为新乡单元。由此可知,自然环境加上人类频繁活动的影响,导致猕猴栖息地的破碎化,逐渐发生隔离,最终形成相互独立的地理单元。太行山猕猴 9 种单倍型的系统发育关系树表明(图 1),各单倍型在系统树中并非杂乱分布,而是形成明显的按照地理单元为特点的分布格局(地理族群)。造成 9 种单倍型的分布格局以及三个地理单元种群之间存在显著性遗传差异的主要原因,并不是原始自然地理环境的变迁,而在于人类的频繁活动、人类居住地的不断扩张以及人类活动对自然地理环境的改变。另外,单倍型 Wa2、Wa4、H2、H4 首先与其他单倍型产生分化,组成了单独的一支。济源地理单元中的黄楝树种群和王屋山种群共享一种单倍型,且单倍型在系统树中交叉分布,表明不存在依照不同群体聚集在一起的现象。据此推测,济源地理单元种群是三个地理单元种群中最古老的一个,而其余两个地理单元种群则形成较晚,或者可能是由济源单元种群迁移后分化而来。

3.3 太行山猕猴的遗传多样性

遗传多样性是物种进化的内在动力,遗传变异程度的高低直接影响着物种进化速度的快慢。研究中对三

个地理单元内5个群体的22个太行山猕猴个体的mtDNA控制区片段HVI区域进行分析, P_i 为0.01064,表明太行山猕猴的遗传多样性程度较低。

影响遗传多样性的主要因素是在济源单元(王屋山和黄楸树)、焦作单元(五龙口和沁阳神农山)和新乡单元(辉县八里沟和关山)间,太行山猕猴的栖息地被人为或自然地分成隔离区域,分布呈现严重的片段化趋势。种群间相距最近的有15 km,最远达140 km,猴群之间可能难以进行有效的基因交流。因此,太行山猕猴种群的大小与其自身的生活史、遗传进化程度、栖息地质量以及人类活动等诸多方面均有关。在物种保护时应综合考虑,制定科学合理的保护规划和实施计划。

本研究发现,太行山猕猴种群的遗传多样性程度很低,地理单元之间的遗传差异有的低(如济源与焦作单元)、有的高(如济源与新乡以及焦作与新乡单元),地理单元之间缺乏有效的基因交流,而且到目前为止并没有直接的证据表明各地理单元之间存在任何形式的基因交流。由彼此隔离的多个较小种群组成的太行山猕猴群体存在着因近亲繁殖而走向基因衰退,甚至物种灭绝的危险。建议自然保护区加大管理力度,建立生态走廊,促进各地理单元之间的有效基因交流,以保护太行山猕猴的遗传多样性水平、提高其适应能力。

总之,对单倍型地理分布情况和地理单元之间遗传差异水平的研究表明,太行山猕猴的遗传变异主要存在于地理单元之间,而同一地理单元内各种群之间的遗传变异并不显著,因此应对其分别进行保护^[18-19]。应在各地理单元之间和各种群之间建立“生态走廊”,为太行山猕猴提供更加适宜的生存环境,促进各群体间基因的有效交流,使物种遗传多样性得以保护。本研究初步分析了太行山猕猴遗传多样性及其空间分布,为太行山猕猴进化显著单元(evolutionarily significant units, ESUs)^[20-21]和管理单元^[21]的确定提供了依据。有关太行山猕猴与猕猴其他群体遗传多样性的比较尚待进一步探讨。

参考文献:

- [1] 潘登,符云新,张亚平. 基于线粒体控制区的滇金丝猴群体遗传学研究[J]. 遗传, 2006, 28(4): 432-436.
- [2] Li Ming, Rao Gang, Wei Fuwen, et al. Population genetic structure and geographic subdivision of the red panda (*Ailurus fulgens*) [J]. Acta Zoologica Sinica, 2002, 48(4): 487-493.
- [3] 周慧,李迪强,张于光,等. 藏羚羊 mtDNA D-loop 区遗传多样性研究[J]. 遗传, 2006, 28(3): 299-305.
- [4] 宋朝枢,瞿文元. 太行山猕猴自然保护区科学考察集[M]. 北京:中国林业出版社,1996:1-303.
- [5] Zhang Yaping, Shi Liming. Phylogeny of rhesus monkeys (*Macaca mulatta*) as revealed by mitochondrial DNA restriction enzyme analysis [J]. International Journal of Primatology, 1993, 14(4): 587-605.
- [6] Lu Jiqi, Hou Jinhui, Wang Haofeng, et al. Current status of *Macaca mulatta* in Taihangshan mountains area, Jiyuan, Henan, China [J]. International Journal of Primatology, 2007, 25(8): 1085-1091.
- [7] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [8] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [9] Rozas J, Sanchez J C. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods [J]. Bioinformatics, 2003, 19(18): 2496-2497.
- [10] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations [J]. PNAS, 1973, 70(12): 3321-3323.
- [11] Hudson R R, Boos D D, Kaplan N L. A statistical test for detecting geographic subdivision [J]. Molecular Biology and Evolution, 1992, 9(1): 138-151.
- [12] Slatkin M, Hudson R R. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequence variation in arboreal echymid rodents (*Caviomorpha*) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1991, 129(2): 555-562.
- [13] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005, 1: 47-50.
- [14] Tajima F. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations [J]. Genetics, 1983, 105(2): 437-460.
- [15] 缙敬轩. 川金丝猴(*Rhinopithecus roxellanae*) 种群遗传结构和分子系统地理学初步研究[D]. 西安:西北大学, 2004.
- [16] 曹华猛. 白头叶猴(*Trachypithecus leucocephalus*) 线粒体 DNA 遗传多样性的研究[D]. 桂林:广西师范大学, 2005.
- [17] 李明,蒙世杰,魏辅文,等. 羚牛的遗传多样性及其种群遗传结构分析[J]. 兽类学报, 2003, 23(1): 10-16.

- [18] Moritz C. Uses of molecular phylogenies for conservation [J]. *Philosophical Transactions: Biological Sciences*, 1995, 349 (1327): 113–118.
- [19] Eizirik E, Kim J H, Menotti-Raymond M, et al. Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, Mammalia, Felidae) [J]. *Molecular Ecology*, 2001, 10(1): 65–79.
- [20] Ryder O A. Species conservation and systematics: a dilemma of subspecies [J]. *Trend in Ecology and Evolution*, 1986, 1(1): 9–10.
- [21] Moritz C. Defining “evolutionarily significant unit” for conservation [J]. *Trend in Ecology and Evolution*, 1994, 9(10): 373–375.

MtDNA-based Population Genetic Diversity of Rhesus Macaques in Mt. Taihangshan Area, Henan, China

XIE Dong-ming¹, LU Ji-qi¹, WANG Jian-dong²

(1. *Institute of Biodiversity and Ecology, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China;*

2. *Administration of Taihangshan Macaque National Nature Reserve, Jiyuan 454650, China*)

Abstract: From November 2007 to February 2008, mtDNA-based population genetic diversity of rhesus macaques (*Macaca mulatta tcheliensis*) was investigated. Fecal samples were collected 5 separated groups among of 3 geographical units in Taihangshan Macaque National Nature Reserve (TMNRR) (35° 11' N, 112° 16' E) in Henan, China. Total 22 mtDNA were extracted and used for genetic diversity analysis among different populations. The results showed that: ①the length of D-loop of mtDNA genome within 22 samples was 341 bp. Total 11 mutation sites, 9 of transition and 2 of transversion, were identified among 22 samples; ②there 9 haplotypes were found from 22 sequences within 3 geographical units; ③the results from AMOVA indicated that 88.02% and 11.03% of the genetic variation happened among groups and within populations, respectively, while there 0.95% of the genetic variations occurred within groups. There were significant genetic differentiation, while no shared haplotypes being found, among Jiyuan, Jiaozuo and Xinxiang geographic units ($P < 0.01$); and ④among the tested groups, Huanglianshu group in Jiyuan exhibited the highest haplotype number (3), the most haplotype diversity (0.833), the most nucleotide diversity (0.00293) and the most average number of nucleotide differences (1.000). The results implied that Huanglianshu group should be protected with priority in the point of genetic diversity.

Key words: rhesus macaques (*Macaca mulatta*); mtDNA; genetic diversity; Mt. Taihangshan