

# 宽翅曲背蝗两个地理种群等位酶的比较

李春选<sup>1, 2</sup>, 马恩波<sup>1, ①</sup>, 郭亚平<sup>1</sup>, 段毅豪<sup>3</sup>

1.山西大学生命科学与技术学院; 太原 030006; 2. 运城学院生命科学系; 运城 044000; 3.山西大学环境与资源学院; 太原 030006

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 采用水平淀粉凝胶电泳技术及应用等位酶分析方法, 研究我国河北黄骅、辽宁葫芦岛宽翅曲背蝗两个自然种群的遗传多样性和遗传分化。在检测的11种酶15个酶基因座位中, Adk-1、Fbp-1、G3pd-1 和Mdh-2 基因座位的等位基因少, 而Fbp-2、Me-1 和 Mdh-1基因座位的等位基因多。对每个基因座位的各基因型进行 $\chi^2$ 检验, 除Mdh-1在辽宁葫芦岛种群、Adk-1在河北黄骅种群分别符合Hardy-Weinberg平衡外, 其余绝大多数基因座位的基因型频率显著偏离Hardy-Weinberg平衡。两个种群之间存在明显的遗传多样性和分化: 多态位点百分率分别为100%和93.3%, 等位基因平均数分别为3.1和2.5, 平均杂合度观测值分别为0.086和0.061。与其他非迁飞性蝗虫如中华稻蝗 (*Oxya chinensis*) 比较, 这种蝗虫种群的平均杂合度较低但遗传多态性较高。结果表明: 该蝗虫较强的跳跃能力可使个体暴露于各种不同环境, 有利于维持种内遗传多态性的动态平衡, 而种群保持较高的遗传多态性能增强该物种在不同栖息地的生存和繁殖能力。F-统计量表明两个种群之间的遗传分化相对较小, 但这种分化显著高于迁飞性蝗虫如东亚飞蝗 (*Locusta migratoria manilensis*)。Nei的遗传一致度 (I) 和Roger的遗传距离 (D) 的结果分析揭示了两个种群之间较高的遗传一致度 (I =0.904) 和较小的遗传距离 (D =0.256)。然而, 在一些酶基因座位如Acp-1 (Fst=0.462) 和Pgi-1 (Fst=0.182), F-统计值相对较大, 遗传分化比较明显。

**关键词** [宽翅曲背蝗](#) [种群](#) [等位酶](#) [遗传分化](#) [中国](#)

分类号

1.College of Life Science and Technology; Shanxi University; Taiyuan 030006; China; 2. Department of Life science; Yuncheng University; Yuncheng 044000; China; 3. College of Environmental Science and Resources; Shanxi University; Taiyuan 030006; China

## Abstract

**Key words** [Pararcyptera microptera meridionalis](#) [population](#) [allozyme](#) [genetic differentiation](#) [China](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(252KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“宽翅曲背蝗” 的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [李春选](#)
- [马恩波](#)
- [郭亚平](#)
- [段毅豪](#)