中国大陆部分地区Drosophila immigrans 果蝇种群中mtDNA的遗传多态性研究

张文霞,陈 瑛,戴灼华

北京大学生命科学学院;北京 100871

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 选用14种限制性内切酶对分布在中国大陆部分地区的Drosophila immigrans果蝇种群的线粒体DNA)mtDNA)限制性片段长度多态性(RFLP)进行了分析。在6个地理种群的46个单雌系中仅检测到11种限制性类型。表征种群内均一程度的值平均为0.833。衡量种群间等同程度的J值平均为0.797。在整个种群中只有16 8%(Gst)的变异是由种群间变异所引起的。说明分布在中国大陆部分地区的D. immigrans果蝇的遗传组成均一程度高,遗传多态程度低,遗传变异贫乏。由UPG法分析6个种群的净遗传距离,显示了分布在秦岭华阳种群(HY)的特殊性。推测D. immigrans果蝇扩散到云南的高海拔地区可能是较晚发生的事件。并推测中国大陆的D. immigrans种群化分布在中国台湾,日本的种群原始。

关键词Drosophila immigrans线粒体DNA多态性遗传分化分类号

₩ ₩

扩展功能

- 本文信息
- ▶ Supporting info
- ▶ <u>PDF</u>(816KB)
- **▶[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

- ▶ <u>本刊中 包含"Drosophila</u> immigrans"的 相关文章
- ▶本文作者相关文章
- * 张文霞
- 陈 瑛
- 戴灼华

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者