

寄生蠕虫的群体遗传学研究 The Study of Helminth Population Genetics

罗海燕, 聂品 LUO Hai-yan, NIE Pin

中国科学院水生生物研究所鱼病学实验室; 淡水生态与生物技术国家重点实验室, 武汉 430072
State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology, and Laboratory of Fish Diseases, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, Hubei 430072, China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 寄生蠕虫群体遗传学研究常用的遗传标记有等位酶、线粒体DNA、随机扩增多态性DNA或扩增性片段长度多态性和微卫星DNA等。应用这些遗传标记的研究表明, 大多数寄生蠕虫群体遗传结构有不同水平的变异, 这些变异的产生主要与寄生虫的生活史和群体生态、宿主的地理分布和环境等因素有关, 并因此提出了有关遗传变异的一些假说。本文对寄生蠕虫群体遗传学的研究作一综述。

Abstract: Genetic markers including allozyme, mtDNA, RAPD/RFLP and micro DNA have been used in the research of helminth population genetics. Available data on helminth genetic variability have shown that most helminth populations exhibit different levels of genetic variation resulting mainly from the pattern of life cycle, geographical distribution and parasite-host interaction, and several hypotheses have been proposed to explain the genetic variation.

关键词 [蠕虫](#) [遗传标记](#) [群体遗传学](#) [综述](#) Key words [elminth](#) [genetic markers](#) [population genetics](#) [review](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“蠕虫”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [罗海燕](#)
- [聂品LUO Hai-yan](#)
- [NIE Pin](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者