

中国东亚飞蝗两个种群遗传分化的研究

李春选^{1, 2}, 马恩波^{1, ①}, 郭亚平¹

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

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, 分析了我国河北平山、辽宁葫芦岛两个蝗区东亚飞蝗自然种群的遗传结构。在酶谱分析的19个位点中, 多数位点的等位基因数目较少, 而位点Aat-1、Pgi和Mdh-2的等位基因数目相对较多。由于杂合子数目较少而使每个基因位点的平均杂合度降低($H_o=0.024$ 和 0.028)。对每个位点的各基因型进行 χ^2 检验, 绝大多数位点的基因型频率偏离Hardy-Weinberg平衡。较低的Fst值 ($F_{st}=0.021$) 表明两个种群的遗传分化程度不高。两个种群间较高的遗传一致度 ($I=0.991$) 和较小的遗传距离 ($D=0.092$) 也证实了上述结果。由此推测, 该蝗虫较强的迁飞能力有可能增强种群间的基因交流, 降低种群间的遗传分化。然而, 在一些等位酶指标如位点Ao-2、Fbp-1、Mdh-2的等位基因频率分布、每个位点的平均等位基因数 ($A=2.5$ 和 2.7) 和多态位点百分率 ($P=52.6\%$ 和 57.9%) 等, 两个种群之间呈现出明显的差异。这也许与两个种群之间不同的生态环境条件和较远的地理距离有关。

关键词 [东亚飞蝗](#) [种群](#) [遗传分化](#) [等位基因酶](#) [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

Abstract

Key words [Locusta migratoria manilensis](#) [population](#) [genetic differentiation](#) [allozyme](#) [China](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(336KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“东亚飞蝗”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [李春选](#)
- [马恩波](#)
- [郭亚平](#)