

华北2蝗区东亚飞蝗种群遗传结构的比较研究

郑先云1, 段毅豪2, 李春选1, 马恩波1

1.山西大学生命科学与技术学院;太原 030006; 2.山西大学环境科学系;太原 030006

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 利用水平淀粉凝胶电泳对采自天津北大港和河北黄骅两个相临蝗区的东亚飞蝗(*Locusta migratoria manilensis*)种群进行等位酶基因频率分析,比较了这两个种群的遗传结构.等位酶谱分析表明,19个基因座中4个基因座(Mdh-1, Pgm, Adk, G3pd)的等位基因频率变化很小,常见等位基因的频率均高于0.95.其他基因座有2~4个等位基因,但是两个种群的等位基因频率除两个基因座(Fbp, Got-2)外都很相似.多态位点的27个 χ^2 检验表明,由于常见等位基因纯合子的高频率和相应杂合子的缺乏,仅有北大港种群的2个基因座(Pgi, Got-1)符合Hardy-Weinberg平衡.在每个种群内的蝗虫存在明显的遗传变异,但在种群间遗传结构极为相似,多态位点的百分数P分别为73.7%和78.9%,每个基因座的平均等位基因数A为2.9和3.1,平均每个基因座的实际杂合度几乎相等(约为0.138).F-统计量(FST=0.053)也表明了两个种群间的遗传一致性,遗传相似性系数(I)高达0.938.这些结果提示,这两个种群可能属于1个大种群.在两个种群的一定位点上的遗传多态性和分化可能都与迁飞因素有关.因为东亚飞蝗的高度扩散能力有利于遗传结构的连续分布,高度的迁飞能力也导致个体暴露于各种不同的环境,而在种群水平上的可遗传变异能增强种群在各种生态条件生存和繁殖能力.因此,迁飞有利于维持东亚飞蝗种群的遗传多态性的动态平衡.

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

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(289KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)

- [郑先云](#)
- [段毅豪](#)
- [李春选](#)
- [马恩波](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者