

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期, undefined - undefined 页

题目: 中国东亚飞蝗四个地理种群遗传结构的比较研究

作者: 李春选^{1,2}, 马恩波^{1*}, 郑先云¹, 郭亚平¹

摘要: 利用水平切片淀粉凝胶电泳技术, 分析了不同蝗区东亚飞蝗四个地理种群的遗传结构。在检测的20个酶基因座位中, 四个种群均表现出一定的遗传多态性, 多态位点的百分率普遍偏高 ($P=70\% \sim 80\%$), 但由于杂合子数目较少而使每个位点的平均杂合度观察值偏低 ($H_o=0.023 \sim 0.032$)。对每个基因座位的各基因型进行 χ^2 检验, 除 Adk-1、Gdh-1、G3pd-1和Pgm-1在部分种群符合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。从F统计量看, 四个种群之间的遗传分化较低 ($F_{st}=0.0606$)。它表明: 东亚飞蝗较强的长距离迁飞行为增加了种群之间的基因交流, 降低了种群之间的遗传分化。根据Nei的遗传一致度 (I) 和Roger的遗传距离 (D) 进行分析, 在山西临猗与山西永济 ($I=0.964$, $D=0.175$)、河南中牟与江苏沛县种群 ($I=0.957$, $D=0.160$) 之间, 呈现出较高的遗传一致度和较小的遗传距离。结果表明: 迁飞性蝗虫东亚飞蝗种群之间的遗传分化与地理距离呈正相关。

关键词: 东亚飞蝗; 种群; 遗传分化; 等位酶; 中国

这篇文章摘要已经被浏览 36 次, 全文被下载 25 次。

[下载PDF文件 \(370985 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kxcb@ioz.ac.cn

网 址: <http://www.insect.org.cn>