

[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: 不同致害性褐飞虱种群的DNA多态性研究

作者: 关秀杰<sup>1</sup>, 傅强<sup>1\*</sup>, 王桂荣<sup>2</sup>, 赖凤香<sup>1</sup>, 张志涛<sup>1\*</sup>

摘要: 采用RAPD-PCR方法, 对分别在水稻品种TN1、Mudgo和ASD7上纯化82代的3个不同致害性褐飞虱种群的基因组DNA多态性进行了分析。从205个RAPD引物中筛选出了具种群特异性的引物10个, 结果表明: 尽管未达到统计意义上的显著差异, 雌、雄两性试虫种群间的遗传多样性一般高于种群内, 种群内的多样性则以未经抗性品种筛选的TN1种群最高。用相似性系数进行类平均距离法聚类, 能将同一致害性种群的各个个体与其他致害种群分开, 雌、雄虫均无一例外, 表明不同致害性种群间存在明显的遗传分化; 同时雌、雄两性试虫分别归为2组, 提示褐飞虱致害性遗传可能与性染色体连锁。不同致害性种群存在特有条带, 有可能用于进一步建立褐飞虱个体致害性检测的分子标记。

关键词: 褐飞虱; 致害性; 生物型; DNA多态性; RAPD-PCR

这篇文章摘要已经被浏览 57 次, 全文被下载 32 次。

[下载PDF文件 \(535108 字节\)](#)

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](mailto:kxcb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>