



论文检索

关键词: 请选择年份 请选择刊期 

GO

高级查询

[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: 利用ITS1和Cytb位点的DNA单链空间构型多样性研究黑脚硬蜱种群结构(英文)

作者: Tonya R. MIXSON\*\*, Quentin Q. FANG\*\*\*, D. Kelly McLAIN, James H. OLIVER

Georgia Southern University, Department of Biology and Institute of Arthropodology and Parasitology, PO Box 8042, Statesboro, GA 30460-8042, USA

摘要: 黑脚硬蜱(*Ixodes scapularis*)是莱姆病的主要传毒媒介。本文利用从12个不同地点采集的853个样本,采用DNA单链构型多样性分子技术(DNA single strand conformation polymorphisms)对黑脚硬蜱的种群结构进行了分析。线粒体细胞色素*b*(Cyt *b*)和核糖体rRNA基因的内部转录空间ITS1被用为种群目标分子标记位点。在Cyt *b*位点上,总共发现7个单倍基因型。在ITS1位点上,共发现13个基因型。基因型频率分析结果显示,沿美国东海岸分布的黑脚硬蜱隶属于两个不同的南北种群,但是基因流在地理区域间频繁发生。尽管蜱自身的迁徙扩散能力有限,但地理区域内个体间的遗传变异程度仍然较大,这可能与黑脚硬蜱寄主动物的频繁迁移有关。另外,本研究资料显示,南方种群的遗传变异程度明显大于北方种群[动物学报 50(2): 176-186, 2004]。

关键词: 黑脚硬蜱 种群遗传 遗传变异 基因流 SSCP

这篇文章摘要已经被浏览 1120 次,全文被下载 969 次。

[下载PDF文件 \(334059 字节\)](#)您是第: **48389** 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: [kcxb@ioz.ac.cn](mailto:kcxb@ioz.ac.cn)网 址: <http://www.insect.org.cn>

《昆虫学报》版权所有© 2005