



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: 我国中华按蚊群体分子遗传多态研究

作者: 马雅军^{1*}, 瞿逢伊¹, 徐建农¹, 郑哲民²

摘要: 利用RAPD-PCR技术研究了采自我国9省10个代表点的中华按蚊*Anopheles sinensis*自然群体的遗传多态现象, 根据23个RAPD等位基因位点进行了分析。结果显示: ①多态位点比例为68.2%~86.4%, 期望平均杂合度为0.249~0.348, 说明中华按蚊群体具广泛的遗传多态现象; ②利用3种方法计算Fst和θ, 平均值为0.069~0.111, 相应的迁移率Nm为2.0~3.4, 表明基因流水平较低; ③中华按蚊各自然群体间的遗传一致性达0.8795~0.9973, 平均遗传距离为0.041±0.033, 属种内变异范围。聚类分析显示, 群体间遗传距离与地理位置无对应关系。

关键词: 中华按蚊; 群体; 分子遗传多态

这篇文章摘要已经被浏览 59 次, 全文被下载 0 次。

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>