

论著

应用同工酶技术研究我国湖北钉螺(腹足纲:鹿眼螺超科:圆口螺科)不稳定螺群内的遗传变异(续)(英文)

张仪¹, George M¹. Davis², 刘和香¹, 冯婷¹

中国预防医学科学院寄生虫病研究所!世界卫生组织疟疾、血吸虫病和丝虫病合作中心; 全国医学贝类分类学研究中心; 卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室; 上海200025; Academy of Natural Sciences of Philadelphia! Philadelphia PA 19103 美国;

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要

[目的] 研究我国湖北钉螺(腹足纲:鹿眼螺超科:圆口螺科)不稳定螺群内的遗传变异及作为不稳定螺群在哈笛-温伯期望值中的变化。[方法] 同工酶用微量水平淀粉胶电泳进行研究。两次采集于同一地点的同工酶数据按实验时间平均分成4部分,每个部分研究34个位点,每个位点研究72~180个钉螺。[结果] 4个部分每个位点的等位基因数平均1.5~1.9个;多态位点率38.2%~17.6%。平均杂合率低:0.033~0.049与哈笛-温伯期望值差异无显著性意义。去除第一部分的10个位点11个等位基因,多态位点数从19个降至10个。5个有数量较多等位基因的位点与哈笛-温伯期望值有显著性差异。Nei氏与Wright氏的遗传距离分别为 0.003 ± 0.001 和 0.054 ± 0.006 。[结论] 1在早期实验,最初的结果记录中有差错。此差错不能重复。2早期的差错发生在记录位点和较少出现的交互位点上。但这些差错对遗传距离无影响。3Wright氏遗传距离用于相对比较接近的群体的研究。4个部分间,Nei氏遗传距离差异无显著性意义;两次采集的螺群Wright氏遗传距离差异具有显著性意义。原因是长江每年的洪水引起不同地点的钉螺混杂。4主要多态位点不在哈笛-温伯期望值中,与预期的不稳定螺群模型一致。5研究种群遗传

关键词 [湖北钉螺](#) [同工酶](#) [不稳定群体](#) [遗传变异](#)

分类号

ALLOZYM E-BASED GENETIC VARIATION WITH IN AN UNSTABLE

ZHANG Yi¹, George M¹. Davis², LIU He-xiang¹, FENG Ting¹

1 Institute of Parasitic Diseases, Chinese Academy of Preventive Medicine, WHO Collaborating Center for Malaria, Schistosomiasis and Filariasis, Chinese National Center of Systematic Medical Malacology, Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Public Health, Shanghai 200025, China, 2 Academy of Natural Sciences of Philadelphia, Philadelphia, PA 19103, U.S.A.

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

作者个人主页 [张仪¹; George M¹. Davis²; 刘和香¹; 冯婷¹](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(369KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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“湖北钉螺”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
- [张仪](#)
- [GeorgeMDavis](#)
- [刘和香](#)
- [冯婷](#)