

[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: 二斑叶螨体内感染的 *Wolbachia* 的 *wsp* 基因序列测定与分析

作者: 苗慧, 洪晓月, 谢霖, 薛晓峰, 张春玲

摘要: 应用 *Wolbachia* 的 *wsp* 基因特异引物, 通过PCR扩增法检测了二斑叶螨 *Tetranychus urticae* Koch 12个地理种群(辽宁兴城、河北昌黎、湖南长沙、河南郑州、江苏徐州、甘肃兰州、云南昆明、山东泰安、新疆石河子、宁夏银川、陕西眉县和上海)感染 *Wolbachia* 的状况。结果表明, 12个地理种群全部感染了 *Wolbachia*。克隆分离得到了它们的 *wsp* 基因序列, 在GenBank的登录号依此为: AY585714、AY585712、AY785376、AY785375、AY585713、AY785374、AY785371、AY712954、AY712955、AY785372、AY785377和AY785373。对序列进行系统发育分析, 发现它们全部与B大组Ori组的 *Wolbachia* 株系十分相近或完全相同。总体来看, 它们的聚类关系基本上呈平行交叉分布, 在不同种群之间没有构成明显的地理分布聚集性。

关键词: 二斑叶螨; *Wolbachia*; *wsp* 基因; 序列分析; 系统发育分析

通讯作者: 洪晓月 (E-mail: xyhong@njau.edu.cn)。

这篇文章摘要已经被浏览 232 次, 全文被下载 113 次。

[下载PDF文件 \(493117 字节\)](#)

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>