

[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: 鳞翅目昆虫基因组中微卫星DNA的特征以及对其分离的影响

作者: 吉亚杰 张德兴*

中国科学院动物研究所农业鼠害综合治理研究国家重点实验室, 北京 100080

摘要: 本文根据我们对鳞翅目昆虫棉铃虫和松毛虫以及其它动物(筏蜘蛛、朱鹮、鳕鱼和飞蝗)的微卫星富集性基因组DNA文库的筛选和分析结果, 结合其它实验室已发表的资料, 对鳞翅目昆虫基因组中微卫星DNA的丰度和结构特点进行了较为系统的分析。结果表明: 与其它类群相比, 尽管鳞翅目昆虫物种间存在差异, 但其基因组中存在明显偏多的侧翼序列重复的、以多拷贝形式存在的微卫星位点, 且其中相当一部分以基因家族的形式存在。微卫星DNA家族通常可以在序列分析阶段被识别出来, 但很多多拷贝位点只有通过一系列后续分析才能被检查出来。这应是鳞翅目昆虫中微卫星位点的优化率相对偏低的主要原因。棉铃虫和松毛虫基因组中三相重复微卫星丰度相对较高, 从而从某种程度上补偿了这些物种微卫星分离过程中因丰度低、多拷贝位点比例高所带来的困难。棉铃虫微卫星DNA家族侧翼序列中多聚T/A序列的存在表明, 逆转录转座或逆转录侵染可能是在基因组中形成多拷贝微卫星位点和微卫星DNA家族的重要机制之一 [动物学报 50 (4): 608 - 614, 2004]。

关键词: 鳞翅目昆虫 棉铃虫 松毛虫 微卫星DNA家族 逆转录转座

通讯作者: 张德兴 (E-mail: dxzhang@ioz.ac.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 1483 次, 全文被下载 713 次。

[下载PDF文件 \(679237 字节\)](#)

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>