

麦红吸浆虫唾腺EST-SSRs的信息分析及分子标记筛选

段云, 吴仁海, 罗礼智, 武予清, 蒋月丽, 苗进, 巩中军

Characterization of SSRs from the ESTs in the wheat midge, *Sitodiplosis mosellana* (Gehin) (Diptera: Cecidomyiidae)

DUAN Yun, WU Ren-Hai, LUO Li-Zhi, WU Yu-Qing, JIANG Yue-Li, MIAO Jin, GONG Zhong-Jun

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (3113 KB) HTML (1 KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

摘要 昆虫EST资源库的扩充为开发新的分子标记提供了宝贵的资源。本研究对NCBI的EST数据库中来源于麦红吸浆虫*Sitodiplosis mosellana*唾腺的1 217条EST序列进行了unigene组装、SSR信息分析和EST-SSR分子标记筛选。结果表明: 在1 047个unigenes中共找到141个SSR位点, 分布于106个(10.12%) unigenes中, 平均每3.49 kb出现一个SSR位点。在1~6碱基重复单元中, 1~3碱基是主要重复类型, 占总SSR的97.16%以上。A/T (31.21%), AC/GT (15.60%)和AAC/GTT (9.22%)分别是单、双和三碱基中占优势的重复单元类型。利用Primer Premier 5.0软件对查找的EST-SSRs进行引物设计, 并以麦红吸浆虫基因组DNA为模板, 对从中选出的26对SSR引物进行多态性检测。结果有20对(76.92%)引物能扩增出清晰的目的条带, 并且其中9对(45%)引物表现出多态性。多态性分析结果表明, 从9对EST-SSR引物中, 共检测到51个等位基因, 平均每个位点含有等位基因数为5.67, 平均期望杂合度为0.65, 平均多态信息含量为0.60。本研究能够为今后麦红吸浆虫的种群遗传结构与遗传多样性研究提供帮助。

关键词: 麦红吸浆虫 表达序列标签 EST-SSR 分子标记 多态性

Abstract: Insect expressed sequence tags (ESTs) database provides a valuable resource for developing well-characterized molecular markers. In this study, 1 217 ESTs from the salivary glands of the wheat midge, *Sitodiplosis mosellana*, were downloaded from NCBI database and assembled into unigenes. The characteristics of unigene-derived SSR were analyzed and partial EST-SSRs were screened. The results showed that 141 EST-SSRs distributed in 106 (10.12%) unigene sequences were detected, with an average of one SSR in every 3.49 kb of unigene sequence. Among 1-6 nucleotide repeat types, 1-3 nucleotide repeats are the main types, accounting for 97.16% of all SSR. A/T, AC/GT and AAC/GTT account for the highest proportion in mononucleotide, dinucleotide and trinucleotide, respectively. Furthermore, EST-SSR primer pairs were designed using the Primer Premier 5.0 program and 26 pairs were selected for marker development in *S. mosellana* adults. Of the 26 primer pairs, 20 pairs (76.92%) produced discernable polymerase chain reaction (PCR) products, and of these 20 primer pairs, 9 pairs (45%) displayed polymorphism. Fifty-one alleles were found in the 9 primer pairs, the mean number of alleles per locus was 5.67, the average expected heterozygosity was 0.65 and the average polymorphism information content (PIC) was 0.60. The SSRs identified in this study will help explore the population genetic structure and genetic diversity of *S. mosellana* in the near future.

Key words: *Sitodiplosis mosellana* expressed sequence tag EST-SSR molecular marker polymorphism

收稿日期: 2011-05-18; 出版日期: 2011-10-20

基金资助:

小麦吸浆虫防控岗位科学家(nycytx-03)

通讯作者: 罗礼智, 武予清 E-mail: lzluo@ippcaas.cn; yuqingwu36@hotmail.com

作者简介: 段云, 女, 1981年生, 安徽涡阳人, 博士研究生, 助理研究员, 研究方向为昆虫分子生物学, E-mail: duanyunhao@163.com

引用本文:

段云, 罗礼智, 武予清, 蒋月丽, 苗进, 巩中军. 麦红吸浆虫唾腺EST-SSRs的信息分析及分子标记筛选[J]. 昆虫学报, 2011, 54(10): 1147-1154.

服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2011/V54/I10/1147>

没有本文参考文献

- [1] 邹朗云, 曹广春, 张谦, 张彦, 梁革梅, 吴孔明, 郭予元. 棉铃虫中肠cDNA文库的构建及EST分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 739-745.
- [2] 苗进, 武予清, 郁振兴, 陈华爽, 刘顺通, 蒋月丽, 段云. 麦红吸浆虫随气流远距离扩散的轨迹分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(4): 432-436.
- [3] 谢磊, 刘宁, 黄勇平, 王倩. 台湾乳白蚁肠道鞭毛虫群落结构及三种研究方法的比较[J]. 昆虫学报, 2011, 54(10): 1140-1146.
- [4] Ravi PARKASH, Seema RAMNIWAS, Chanderkala LAMBHOD, Babita KAJLA. 不同气候适应类型果蝇体色黑化可塑性的适应性变化(英文)[J]. 昆虫学报, 2011, 54(10): 1155-1164.
- [5] 张云华, 王强, 刘静, 张鹏飞, 陈建群. 豌豆蚜基因组P450基因家族的分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(8): 849-856.
- [6] 刘玉娣, 侯茂林. 褐飞虱EST资源的微卫星信息分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(3): 239-247.
- [7] 赵亚周, 彭文君, 安建东, 胡长安, 国占宝. 中国意大利蜜蜂微卫星遗传多态性[J]. 昆虫学报, 2010, 53(3): 248-256.
- [8] 成卫宁, 李修炼, 李怡萍, 李建军, 作均祥. 麦红吸浆虫不同滞育期四种糖代谢酶活力分析[J]. 昆虫学报, 2009, 52(2): 133-139.
- [9] 何芳, 姜爱兰, 李神斌, 吴运梅, 王国秀. 中华卵索线虫线粒体基因组多态性分析[J]. 昆虫学报, 2009, 52(10): 1083-1089.
- [10] 聂瑞娥, 杨星科, 刘志琦. 日本通草蛉cDNA文库构建及部分ESTs分析[J]. 昆虫学报, 2008, 51(8): 792-797.
- [11] 张烈, 钱敏, 代方银, 赵爱春, 鲁成. 家蚕高密度AFLP连锁图谱的构建[J]. 昆虫学报, 2008, 51(3): 246-257.
- [12] 谢宪兵, 苏松坤, 黄康, 曾志将. 利用VNTR分子标记鉴定蜜蜂群内蜂王交配次数和雄蜂母系来源[J]. 昆虫学报, 2008, 51(1): 20-25.
- [13] 牛宝龙, 翁宏飏, 何丽华, 沈卫锋, 孟智启*. 棉铃虫性染色体两种分子标记的克隆及序列分析[J]. 昆虫学报, 2007, 50(7): 649-654.
- [14] 白羽, 吉坤美, 刘志刚*, 蔡成郁. 深圳地区粉尘螨II类变应原基因的多态性分析及其表达蛋白的变应原性鉴定[J]. 昆虫学报, 2007, 50(6): 560-566.
- [15] 李伟丰, 杨朗, 唐侃, 曾玲, 梁广文. 中国桔小实蝇种群的微卫星多态性分析[J]. 昆虫学报, 2007, 50(12): 1255-1262.

版权所有 © 2010 《昆虫学报》编辑部

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院5号中国科学院动物研究所 邮编: 100101

电话: 010-64807173 传真: 010-64807099 E-mail: kcxb@ioz.ac.cn 网址: <http://www.insect.org.cn>

本系统由北京玛格泰克科技发展有限公司设计开发 技术支持: support@magtech.com.cn

京ICP备05064604号