

[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: 成都地区四种食尸性蝇类 mtDNA 中 CO I 基因序列检测

作者: 蔡继峰<sup>1</sup>, 刘敏<sup>1</sup>, 应斌武<sup>1</sup>, 董建国<sup>2</sup>, 邓振华<sup>1</sup>, 陶涛<sup>1</sup>, 潘洪富<sup>1</sup>, 张红霞<sup>1</sup>, 闫红涛<sup>1</sup>, 廖志钢<sup>1\*</sup>

摘要: 通过检测食尸性苍蝇线粒体DNA(mtDNA)上细胞色素氧化酶亚基 I (CO I) 中 278bp 基因序列, 鉴定食尸性苍蝇的种类, 解决依据形态学方法不能鉴定苍蝇卵的种类、很难鉴定幼虫种类的难题, 作为法医鉴别食尸性苍蝇及其幼虫、卵种类依据。随机采集放置在成都地区室外草地兔尸体上的 4 种 15 个食尸性苍蝇。利用改进的小型昆虫DNA匀浆方法提取上述苍蝇mtDNA; 通过 Perkin Elmer 9600 扩增仪进行 PCR 扩增; 聚丙烯酰胺非变性凝胶连续缓冲体系垂直电泳和银染显色技术进行扩增结果检测; PCR 胶回收试剂盒纯化; ABI 377 测序仪测序; MEGA2.1 软件包进行序列分析和构建系统发育树。在双翅目食尸性苍蝇的种内进化分歧均数小于 1%, 种间进化分歧均数大于 7%。mtDNA 上 CO I 序列分析能有效地对主要的食尸性苍蝇进行种类鉴定。该检测方法快速、简便和精确, 能作为法医鉴别食尸性苍蝇种类的可靠依据。

关键词: 食尸性苍蝇; 种类鉴定; 线粒体DNA; 细胞色素氧化酶亚基 I

这篇文章摘要已经被浏览 80 次, 全文被下载 33 次。

[下载PDF文件 \(378551 字节\)](#)

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](mailto:kxcb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>