

研究论文

五种索科线虫RAPD亲缘关系分析

徐芬,王国秀,查玉平,刘朋,曹文博

华中师范大学 生命科学学院, 湖北 武汉 430079

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 采用RAPD技术构建了索科线虫4属5种的指纹图谱。从47个引物中筛选出12个稳定性好、多态性高的引物,共扩增出161条谱带,其中150条谱带具遗传多态性,占93.17%。所获片段长度大小为200~3 200 bp,单个引物扩增的条带数在11~16之间,平均为13.42条。采用RAPDistance软件及MEGA程序,计算Nei氏相似系数和遗传距离,建立UPGMA和NJ聚类图,两个聚类图拓扑结构相同,将5种索科线虫分为两大分支:同属于蚊幼寄生罗索属线虫的食蚊罗索线虫(*Romanomermis culicivorax*)与武昌罗索线虫(*R. wuchangensis*)亲缘关系最近,先聚在一起,再与同翅目(Homoptera)寄生长沙多索线虫(*Agamermis changshaensis*)聚为一支;鳞翅目(Lepidoptera)寄生中华卵索线虫(*Ovomermis sinensis*)和同翅目寄生两索属线虫(*Amphimermis* sp.)亲缘关系较近,两者聚为一支。5种索科线虫属内种间的遗传距离较小,食蚊罗索线虫与武昌罗索线虫之间遗传距离仅为0.1789;而属间遗传距离较大,在0.4471~0.5488之间。上述结果表明:RAPD技术可以应用于索科线虫亲缘关系的分析,能够反映出不同线虫间的遗传差距,从而成功地进行属、种的分类及进化问题研究。

**关键词** [昆虫病原线虫](#) [索科](#) [RAPD](#) [亲缘关系](#)

**分类号** [Q959.174](#); [Q75](#)

**DOI:**

通讯作者:

作者个人主页: 徐芬;王国秀;查玉平;刘朋;曹文博

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (285KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [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](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“昆虫病原线虫”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [徐芬](#)
- [王国秀](#)
- [查玉平](#)
- [刘朋](#)
- [曹文博](#)