



孟翔, 胡俊杰, 李艳华, 等. 基于转录组数据的荔枝蒂蛀虫 SSR 位点信息分析 [J]. 环境昆虫学报, 2017, 39 (6): 1219 - 1224.

## 基于转录组数据的荔枝蒂蛀虫 SSR 位点信息分析

孟翔<sup>1\*</sup>, 胡俊杰<sup>2</sup>, 李艳华<sup>2</sup>, 欧阳革成<sup>1</sup>

(1. 广东省生物资源应用研究所, 广东省动物保护与资源利用重点实验室, 广东省野生动物保护与利用公共实验室, 广州 510260;  
2. 广州大学生命科学学院, 广州 510006)

**摘要:** 荔枝蒂蛀虫 *Conopomorpha sinensis* Bradley 是专一性危害我国荔枝和龙眼的重要害虫。简单重复序列标记 (Simple sequence repeat, SSR) 为短串联重复序列或微卫星标记, 其在荔枝蒂蛀虫偏嗜选择寄主的遗传进化机制研究和荔枝蒂蛀虫综合治理中具有重要意义。本研究基于高通量测序获得的荔枝蒂蛀虫转录组数据, 利用 MISA 软件从 68996 条转录组 unigenes 结果中发掘出 10521 个 SSR 位点, 出现频率为 15.25%。荔枝蒂蛀虫转录组中 SSR 的主要重复类型为单碱基重复, 占 SSR 总数的 66.22%。其次是三碱基重复, 占 SSR 总数的 24.94%。在发现的 33 种重复基元中共筛选获得 8 种优势重复基元, 其中 A/T 在单碱基重复基元中所占的比例达 98.55%。基于筛选的 SSR 设计的 9 对引物中, 有 4 对引物得到扩增预期大小的条带。荔枝蒂蛀虫 SSR 位点的信息分析将为探究荔枝蒂蛀虫种群遗传结构、遗传多样性和进化关系、害虫综合治理等研究提供重要科学依据。

**关键词:** 荔枝蒂蛀虫; 转录组; 简单重复序列; 重复类型; 重复基元

中图分类号: Q963; S433.4

文献标识码: A

文章编号: 1674-0858 (2017) 06-1219-06

### Analysis of SSR loci in transcriptome database of *Conopomorpha sinensis* Bradley (Lepidoptera: Gracilariidae)

MENG Xiang<sup>1\*</sup>, HU Jun-Jie<sup>2</sup>, LI Yan-Hua<sup>2</sup>, OUYANG Ge-Cheng<sup>1</sup> (1. Guangdong Institute of Applied Biological Resources, Guangdong Key Laboratory of Animal Conservation and Resource Utilization, Guangdong Public Laboratory of Wild Animal Conservation and Utilization, Guangzhou 510260, China; 2. College of Life Science, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China)

**Abstract:** *Conopomorpha sinensis* Bradley is a major and specific fruit borer pest of litchi and longan in China. Simple sequence repeat, SSR is short tandem repeats or microsatellite. It is important to the genetic evolution mechanism research of *C. sinensis* preference for host-plant and its integrated control. Based on the constructed transcriptome database in *C. sinensis* and the software MISA, 10521 SSR were explored from 68996 transcriptome unigenes, and the occurrence frequency was 15.25%. The majority of repeat type was nucleotide motif (66.22%) and the second was trinucleotide motif (24.94%). A total of 8 dominant repeat motif were screened in 33 kinds of repeat motif. A/T was the most dominant repeat motif (98.55%) in nucleotide motif. Based on the identified SSR, 9 pairs of SSR primers were randomized designed and 4 pairs produced amplification bands in line with expectations. The analysis of SSR in *C. sinensis* supplies a very important scientific evidence for its population genetic structure research, genetic diversity, evolutionary relationships and integrated control.

基金项目: 国家自然科学基金 (31301664); 广东省科技计划项目 (2014A020208079, 2015A020209091); 广州市科技计划项目 (201504290946316); 广东省科学院优秀青年科技人才基金项目 (rcjj2015); 广东省科学院科技发展专项 (2017GDASCX-0107)

作者简介: 孟翔, 女, 1982 年生, 山西太谷人, 博士, 副研究员, 研究方向为岭南特色果蔬害虫生物防治, E-mail: mengxiangxs@126.com

\* 通讯作者 Author for correspondence, E-mail: mengxiangxs@126.com

收稿日期 Received: 2016-11-03; 接受日期 Accepted: 2017-04-18

**Key words:** *Conopomorpha sinensis* Bradley; transcriptome analysis; simple sequence repeat (SSR); repeat type; motif type

简单重复序列标记 (simple sequence repeat, SSR), 又称为短串联重复序列或微卫星标记。是一类由几个核苷酸 (1–5 个) 为重复单位组成的长达几十个核苷酸的重复序列, 长度较短, 且广泛均匀分布于真核生物基因组中。由于重复单位的核苷酸不同以及重复次数不完全相同, 使 SSR 长度具有高度的变异性, 多态性十分丰富。已广泛应用于遗传图谱和物理图谱的构建、分子标记、辅助育种、品种鉴定、基因定位、遗传多样性、动植物分类和进化等方面的研究 (Powell *et al.*, 1996; Varshney *et al.*, 2005)。目前, 随着高通量测序技术的发展, 转录组测序为非模式生物 SSR 标记的大批量开发提供了一种经济、高效的途径, 也为非模式昆虫遗传多样性以及环境保护等研究提供了丰富的资源 (杨帆等, 2014)。

荔枝蒂蛀虫 *Conopomorpha sinensis* Bradley 隶属鳞翅目 Lepidoptera 细蛾科 Gracilariidae, 是专一性危害荔枝和龙眼的重要害虫 (Thanh *et al.*, 2006; 王少山等, 2008)。昆虫对寄主的选择和适应性是在长期进化过程中相互协同进化的结果 (Karban and Baldwin, 1997; 钦俊德和王琛柱, 2001; Will and van Bel, 2006; Walling, 2008)。荔枝蒂蛀虫作为一种狭食性昆虫可能代表寄主适应性的一个进化方向, 以较低的能量消耗占据有限的资源, 从而可以节省大量的能量用于其他方面的进化适应和改善, 以提高种群的综合竞争力。然而, 目前荔枝蒂蛀虫研究主要集中于基础生物学、生态学以及防治应用等方面 (冼继东等, 2006; 彭海辉等, 2006, 2007; 陈炳旭等, 2011)。而关于荔枝蒂蛀虫猖獗危害成因和种群遗传学研究甚少。荔枝蒂蛀虫 SSR 标记位点的开发有利于构建荔枝蒂蛀虫种群的遗传图谱, 从分子水平探究其偏嗜选择寄主的遗传进化机制, 对制定科学的检测及防控措施具有重要的理论和实践意义。

本研究基于荔枝蒂蛀虫转录组数据库 (孟翔等, 2016) 发掘其功能 SSR, 对其组成、分布及特征进行系统分析, 并对后续的 SSR 引物进行设计和验证, 以期获得荔枝蒂蛀虫遗传多样性和进化关系。研究可为开发荔枝蒂蛀虫功能基因提供有效的 SSR 分子标记, 也为荔枝蒂蛀虫的分子遗传进化研究提供理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试虫来源和 RNA 提取

荔枝蒂蛀虫成虫采集于广东省农业科学院果树研究所荔枝龙眼园。筛选活力充沛的个体, 采用 Trizol Reagent 方法提取荔枝蒂蛀虫总 RNA。1% 琼脂糖凝胶电泳检测总 RNA 的质量; Nanodrop 分光光度计 (IMPLEN, CA, USA) 检测 RNA 的纯度 (OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> 比值), 根据 Qubit RNA Assay Kit 说明对 Total RNA 浓度进行精确定量; 最后用 Agilent 2100 (Agilent Technologies, CA, USA) 精确检测 RNA 的完整性。

### 1.2 转录组测序及序列组装拼接

荔枝蒂蛀虫转录组数据由广东省生物资源应用研究所—虫鼠害生态控制研究中心前期测序获得。主要采用新一代高通量测序技术 Illumina HiSeq<sup>TM</sup>4000 对荔枝蒂蛀虫进行深度测序。对测序获得的原始 reads 进行去除接头、poly-N 和低质量的 reads, 并采用 Trinity 软件对 clean reads 进行拼接、过滤和组装后获得高质量的 unigenes。经测序和序列拼接获得 68996 条 unigenes (孟翔等, 2016)。

### 1.3 转录组 SSR 分析

利用 MISA 软件对荔枝蒂蛀虫转录组中的 unigene 独立基因序列进行 SSR 位点搜索, 对查找的 SSR 类型进行特征分析。搜索标准为: 单碱基重复、二碱基重复、三碱基重复、四碱基重复、五碱基重复、六碱基重复对应的各个 unigene 的最少重复次数分别为: 10、6、5、5、5、5。

### 1.4 SSR 引物设计与验证

基于荔枝蒂蛀虫 SSR, 应用 Primer 3 软件 (Untergrasser *et al.*, 2012) 设计 9 对 SSR 引物, 并由 Invitrogen 生物技术有限公司合成。以荔枝蒂蛀虫 DNA 为模板 (具体步骤参见 OMEGA Total DNA Kit 提取试剂盒说明书) 进行 PCR 扩增。反应体系为 25 μL: Taq DNA 聚合酶 0.5 μL; dNTP 2 μL; 10 × buffer 2.5 μL; 上游引物 1 μL; 下游引物 1 μL; DNA 模板 1 μL; ddH<sub>2</sub>O 17 μL。PCR 扩增反应在 Eppendorf Mastercycler ep 基因扩增仪中进行, SSR 的扩增程序为: 94℃ 变性 30 s, 58℃ 退

火 30 s, 72℃ 延伸 1 min, 扩增 35 个循环; 最后 72℃ 延伸 5 min; 反应结束后, 取 5 μL 反应液进行 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测。

## 2 结果与分析

### 2.1 荔枝蒂蛀虫 SSR 位点分布特征

利用 MISA 软件对荔枝蒂蛀虫转录组进行遗传多样性分析, 共在 68996 条 unigenes 中搜索获得 10521 个 SSR 位点, 出现频率为 15.25%。这些

SSR 基序包含 1–4 bp 的串联重复序列。在荔枝蒂蛀虫转录组 SSR 的所有碱基重复基元类型中, 单碱基重复基元的 SSR 含量最多, 占总数的 66.22%。其次是三碱基重复基元, 占总数的 24.94%。在发现的 33 种重复基元中, A/T、AC/GT、CCG/CGG 和 AAAT/ATTT 分别在单碱基、二碱基、三碱基和四碱基中出现频率最多, 它们在各自重复基元类型中的比例分别是 98.55%、43.24%、65.70% 和 39.68% (表 1)。

表 1 荔枝蒂蛀虫转录组 SSR 重复基元类型及优势重复基元的组成

Table 1 Constitue of SSR repeat motif types and dominant repeat motif in *Conopomorpha sinensis* transcriptome

重复基元类型 Repeat motif type	数量 Number	频率 (%) Frequency	优势重复基元 Dominant repeat motif
单碱基 Mononucleotide	6967	66.22	A/T (98.55%)
二碱基 Binucleotide	865	8.22	AC/GT (43.24%)
三碱基 Trinucleotide	2624	24.94	CCG/CGG (65.70%)
四碱基 Tetranucleotide	63	0.60	AAAT/ATTT (39.68%)
五碱基 Pentanucleotide	1	0.01	无
六碱基 Hexanucleotide	1	0.01	无

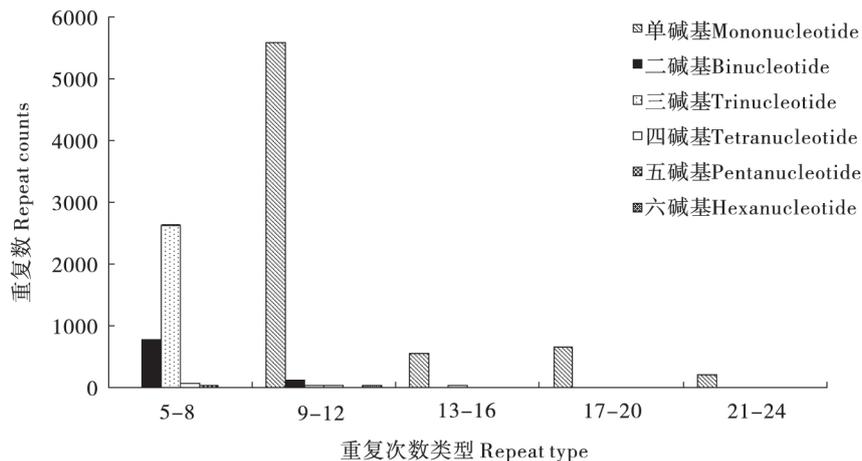


图 1 荔枝蒂蛀虫转录组不同碱基类型的 SSR 重复次数分布

Fig. 1 Distribution of SSR repeats among different motif types in *Conopomorpha sinensis* transcriptome

对不同碱基重复基元的重复次数进行统计发现 (图 1), 荔枝蒂蛀虫转录组 SSR 重复基元的重复次数分布在 5–24。其中, 单碱基重复次数主要集中在 9–12, 为 5599 个, 占总 SSR 的 53.22%; 二碱基、三碱基和四碱基重复次数主要集中在 5–8, 分别为 756、2621 和 62 个, 占总 SSR 的 7.19%、24.91% 和 0.59%; 五碱基和六碱基的 SSR 数量较少, 重复次数主要为 7 和 11。

### 2.2 荔枝蒂蛀虫 SSR 引物验证与 PCR 扩增

针对荔枝蒂蛀虫 SSR 随机设计 9 对引物 (见表 2) 对荔枝蒂蛀虫 DNA 进行扩增, 结果表明: 引物 2, 3, 6, 9 有明显的扩增条带且与预期目的片段大小接近; 引物 7, 8 也有明显扩增条带且小于预期目的片段大小; 引物 1, 5 扩增产物有大量非特异性条带产生; 引物 4 没有扩增产物。

表 2 荔枝蒂蛀虫筛选 SSR 引物特征  
Table 2 Characterization of selected SSR primers in *Conopomorpha sinensis*

No.	Unigene ID	基序和重复数 Motif and repeat number	引物序列 Primer sequence	产物大小 ( bp) Size
1	c50718_g2	( A ) 10	F: GAGAGAGGCTTATGTCCCGC R: GGAGCATCGACGGCATTTTC	125
2	c54951_g1	( T ) 11	F: ACCGAATTGCAATTTTGGCGT R: CGCTGCGATTGGCTAAACAA	275
3	c38630_g2	( T ) 10	F: AGTGATGACATTTTGTATCGGGAC R: CCCCAGCAATTGCCTTAGA	117
4	c52472_g1	( CGG ) 5	F: ATGCTTAGCAGAATCCGGGG R: CGCCAGCTGGATATCCCAAT	261
5	c56351_g1	( T ) 10	F: AATGAGCCACGGTAATCGCT R: GGTCCAGTCGTTCTCGTGT	224
6	c39029_g1	( GT ) 15	F: ATGGCGTCAACATGTTTGTGTTG R: CTATGCCTCAGATTCCATGATGAA	421
7	c75664_g1	( T ) 8	F: CCGAGCCAAGTGGTGAGAATGA R: GCGAATAAGGCGAGCAAGAAG	106
8	c28321_g1	( A ) 7	F: TTTCTTGGGCTGTTCTATTCTTACA R: CTGCGGTTACCAGAGTGTAGGG	131
9	c41167_g1	( CGG ) 4	F: CAGTTCGCTCAGGCTGGTCATT R: CACAAATCCAGTTTACAAGAGTTCA	501

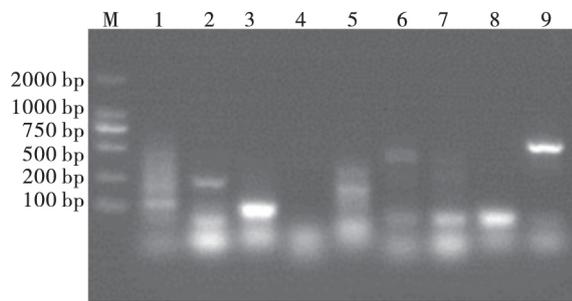


图 2 荔枝蒂蛀虫转录组 9 个功能 SSR 位点扩增电泳图  
Fig. 2 Agarose gel showing the amplification of 9 SSR loci in *Conopomorpha sinensis* transcriptome

### 3 结论与讨论

目前, 基于昆虫转录组数据库筛选功能 SSR 标记已有许多相关报道, 并在非模式生物种群遗传学中被广泛应用 (Schoebel *et al.*, 2013)。

本研究采用生物信息学方法, 从荔枝蒂蛀虫转录组中筛选获得 10521 个 SSR 位点, 出现频率为 15.25%。与其它昆虫相比较, 荔枝蒂蛀虫 SSR 出现的频率低于大垫尖翅蝗 *Epacromius coerulipes* Ivanov 44.17% (金永玲等, 2015), 高于扶桑绵粉蚧 *Phenacoccus solenopsis* Tinsleny 6.33% (罗梅等, 2014)、烟粉虱 *Bemisia tabaci* Gennadius 5.07% (Xie *et al.*, 2012)、桔小实蝇 *Bactrocera dorsalis* Hendel 4.23% (魏丹丹等, 2014) 和粘虫 *Mythimna separata* Walke 1.93% (胡艳华等, 2015)。出现这种频率差异的原因可能是与搜索序列标准、数据库大小和物种的特异性有关, 同时从某种程度上也表明荔枝蒂蛀虫转录组中 SSR 数量较为丰富, 多态性潜能较高。

一般认为, 短重复基序的大量存在表明该物种的进化水平相对较高 (Tóth *et al.*, 2000), 而长重复基序占绝大多数的物种一般具有较低的突变频率或具有较短的进化时间 (Sia *et al.*, 1997;

Harry and Schlötterer, 2000; 高亚梅等, 2008)。研究发现荔枝蒂蛀虫 SSR 序列以单碱基重复为主, 占总数的 66.22%。其次是三碱基和二碱基重复。这与研究报道的在转录组中, 除了单核苷酸重复最多以外的是三核苷酸重复的结果是一致的 (Xu *et al.*, 2012)。荔枝蒂蛀虫转录组中存在大量短重复基序, 表明其在生物进化与分类地位中处于相对较高的进化水平, 其遗传基因可能经历了较长的进化时间或具有较高的突变频率。

为验证转录组 SSR 的多态性和可用性, 本研究随机筛选的 9 对引物中有 4 对引物可以扩增到预期大小的条带, 但仍有 5 对引物未达到预期扩增或存在明显的非特异性。这可能与扩增片段中插入内含子有关 (罗梅等, 2014); 也可能是由于本研究设计引物的 SSR 序列在基因组中的覆盖率较低, 造成扩增产物很少以至于无法被检测到 (魏丹丹等, 2014); 而对于有些引物的扩增产物具有非特异性条带的情况, 很可能是因为这些 SSR 位于同源基因序列上的缘故。虽然我们对合成的引物进行了验证, 但仍需要对设计好的引物做进一步的甄选和遗传多样性分析, 以便于更好的开发基于功能 SSR 的分子标记。

本研究利用荔枝蒂蛀虫转录组数据库, 筛选获得大量荔枝蒂蛀虫 SSR, 并对荔枝蒂蛀虫 SSR 序列的基本特征和可用性进行了分析和评估, 为进一步开发荔枝蒂蛀虫功能基因 SSR 标记奠定了基础。同时对于荔枝蒂蛀虫功能基因的开发利用、遗传资源评价、丰富其分子标记和比较基因组学研究都具有重要的价值。

### 参考文献 (References)

- Chen BX, Zhang YJ, Dong YZ, *et al.* Advances in research on biological control of *Conopomorpha sinensis* [J]. *Journal of Fruit Science*, 2011, 28 (3): 493–497. [陈炳旭, 张英杰, 董易之, 等. 荔枝蒂蛀虫生物防治研究进展 [J]. 果树学报, 2011, 28 (3): 493–497]
- Gao YM, Han YQ, Tang H, *et al.* Analysis of simple sequence repeats in rhizobium genome [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41 (10): 2992–2998. [高亚梅, 韩毅强, 汤辉, 等. 根瘤菌基因组内简单重复序列的分析 [J]. 中国农业科学, 2008, 41 (10): 2992–2998]
- Harry B, Schlötterer C. Long microsatellite alleles in *Drosophila melanogaster* have a downward mutation bias and short persistence times, which cause their genome-wide underrepresentation [J]. *Genetics*, 2000, 155 (3): 1213–1220.
- Hu YH, Li M, Zhang HF, *et al.* The information analysis of SSR loci in the *Mythimna separate* (Walker) Transcriptome [J]. *Journal of Shanxi Agricultural University* (Nature Science Edition), 2015, 35 (5): 484–489. [胡艳华, 李敏, 张虎芳, 等. 基于转录组数据的桔小实蝇微卫星位点信息分析 [J]. 山西农业大学学报 (自然科学版), 2015, 35 (5): 484–489]
- Jin YL, Cong B, Wang LY, *et al.* An analysis of the transcriptome of *Epacromius coerulipes* (Orthoptera: Acrididae) [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2015, 58 (8): 817–825. [金永玲, 丛斌, 王丽艳, 等. 大垫尖翅蝗转录组分析 [J]. 昆虫学报, 2015, 58 (8): 817–825]
- Karban R, Baldwin IT. *Induced Responses to Herbivory* [M]. Chicago: The University of Chicago Press, 1997: 319.
- Luo M, Zhang H, Bin SY, *et al.* High-throughput discovery of SSR genetic markers in the mealybug, *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae), from its transcriptome database [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2014, 57 (4): 395–400. [罗梅, 张鹤, 宾淑英, 等. 基于转录组数据高通量发掘扶桑绵粉蚧微卫星引物 [J]. 昆虫学报, 2014, 57 (4): 395–400]
- Meng X, Hu JJ, Liu H, *et al.* Analysis of the transcriptome and olfaction-related genes of *Conopomorpha sinensis* Bradley (Lepidoptera: Gracilariidae) [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2016, 59 (8): 823–830. [孟翔, 胡俊杰, 刘慧, 等. 荔枝蒂蛀虫转录组及嗅觉相关基因分析 [J]. 昆虫学报, 2016, 59 (8): 823–830]
- Peng HH, Lu YY, Liang GW, *et al.* Oviposition attraction effect of host plants to the litchi fruit borer *Conopomorpha sinensis* [J]. *Chinese Bulletin of Entomology*, 2007, 44 (3): 361–363. [彭海辉, 陆永跃, 梁广文, 等. 寄主植物对荔枝蒂蛀虫产卵的引诱作用 [J]. 昆虫知识, 2007, 44 (3): 361–363]
- Peng HH, Xian JD, Zeng L, *et al.* Electrophysiological responses of *Conopomorpha sinensis* to the extracts of the host plants [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2006, 27 (2): 25–27. [彭海辉, 冼继东, 曾玲, 等. 荔枝蒂蛀虫对寄主植物提取物的触角电位反应 [J]. 华南农业大学学报, 2006, 27 (2): 25–27]
- Powell W, Machray GC, Provan J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats [J]. *Trends in Plant Science*, 1996, 1 (7): 215–222.
- Qin JD, Wang CZ. The relation of interaction between insects and plants to evolution [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2001, 44 (3): 360–365. [钦俊德, 王琛柱. 论昆虫与植物的相互作用和进化的关系 [J]. 昆虫学报, 2001, 44 (3): 360–365]
- Schoebel CN, Brodbeck S, Buehler D, *et al.* Lessons learned from microsatellite development for nonmodel organisms using 454 pyrosequencing [J]. *Journal of Evolutionary Biology*, 2013, 26 (3): 600–611.
- Sia EA, Kokoska RJ, Dominska M, *et al.* Microsatellite instability in yeast: Dependence on repeat unit size and DNA mismatch repair genes [J]. *Molecular and Cellular Biology*, 1997, 17 (5): 2851–2858.
- Thanh VN, Hai DA, Lachance MA. *Cryptococcus bestiolae* and *Cryptococcus dejecticola*, two new yeast species isolated from frass of

- the litchi fruit borer *Conopomorpha sinensis* Bradley [J]. *FEMS Yeast Research*, 2006, 6 (2): 298–304.
- Tóth G, Gáspári Z, Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis [J]. *Genome Research*, 2000, 10 (7): 967–981.
- Untergrasser A, Cutcutache I, Koressaar T, et al. Primer 3-new capabilities and interfaces [J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, 40 (15): e115.
- Varshney RK, Graner A, Sorrells ME. Genic microsatellite markers in plants: Features and applications [J]. *Trends in Biotechnology*, 2005, 23 (1): 48–55.
- Walling LL. Avoiding effective defenses: Strategies employed by phloem-feeding insects [J]. *Plant Physiology*, 2008, 146 (3): 859–866.
- Wang SS, Huang SS, Liang GW, et al. The rearing and the laboratory population life table of litchi fruit borer (*Conopomorpha sinensis* Bradley) [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28 (2): 836–841. [王少山, 黄寿山, 梁广文, 等. 荔枝蒂蛀虫 (*Conopomorpha sinensis* Bradley) 的饲养及其实验种群生命表 [J]. *生态学报*, 2008, 28 (2): 836–841]
- Wei DD, Shi JX, Zhang XX, et al. Analysis of microsatellite loci from *Bactrocera dorsalis* based on transcriptome dataset [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, 25 (6): 1799–1805. [魏丹丹, 石俊霞, 张夏瑄, 等. 基于转录组数据的桔小实蝇微卫星位点信息分析 [J]. *应用生态学报*, 2014, 25 (6): 1799–1805]
- Will T, van Bel AJE. Physical and chemical interactions between aphids and plants [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2006, 57 (4): 729–737.
- Xian JD, Liang GW, Zeng L. Suppressive effect of azadirachtin on litchi fruit borer (*Conopomorpha sinensis*) population [J]. *Chinese Bulletin of Entomology*, 2006, 43 (3): 327–330. [洗继东, 梁广文, 曾玲. 印楝素乳油对荔枝蒂蛀虫种群的控制作用 [J]. *昆虫知识*, 2006, 43 (3): 327–330]
- Xie W, Meng QS, Wu QJ, et al. Pyrosequencing the *Bemisia tabaci* transcriptome reveals a highly diverse bacterial community and a robust system for insecticide resistance [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7 (4): e35181.
- Xu Y, Zhou W, Zhou Y, et al. Transcriptome and comparative gene expression analysis of *Sogatella furcifera* (Horvath) in response to southern rice black-streaked dwarf virus [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7 (4): e36238.
- Yang F, Huang LH, Zhang AB. High-throughput transcriptome sequencing technology and its applications in Lepidoptera [J]. *Acta Entomologica Sinica*, 2014, 57 (8): 991–1000. [杨帆, 黄立华, 张爱兵. 高通量转录组测序技术及其在鳞翅目昆虫上的应用 [J]. *昆虫学报*, 2014, 57 (8): 991–1000]