

[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: 栗疫病菌低毒性病毒(CHV1)分子序列的多态性

作者: 刘福秀 丁平 徐陈贤 王克荣*
南京农业大学植物病理学系, 南京 210095

摘要: 为了探明欧洲栗疫病菌低毒性病毒(CHV1)病毒的起源, 采用序列测定方法对来自中国、日本和意大利的30个CHV1的遗传多样性进行了分析。测定了所有病毒的部分序列, 根据测序结果可将其分为29个单元型, 分属于3个不同的亚型: 中国菌株的病毒群体归属于亚型 I 和III; 日本病毒群体除Ja55属于亚型III外, 其余属于亚型 II; 意大利病毒群体除IT192属于亚型 I 外, 其余都属于亚型III。中国CHV1病毒群体的地理分布特点为: 亚型 I 主要分布在长江以北, 其中只有09344(来自湖南)例外; 而亚型III主要分布在长江以南, 但09228(北京)、09235(北京)、09277(辽宁)例外。这不同于欧洲主要以一种亚型为主的情况, 表明各群体之间存在着一定的基因流动。本研究的结果表明中国CHV1病毒群体的遗传多样性比日本群体和意大利群体都丰富。

关键词: 栗疫病, 真菌病毒, 双链RNA病毒, RT-PCR

通讯作者: 王克荣 (E-mail: wkr01@njau.edu.cn).

这篇文章摘要已经被浏览 627 次, 全文被下载 465 次。

[下载PDF文件 \(72179 字节\)](#)

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>