

C型斜纹夜蛾核型多角体病毒X₁₇病毒株部分基因的序列分析

刘艳荷, 郭慧芳, 方继朝

江苏省农业科学院植物保护研究所, 南京 210014

Sequence analysis of some genes in X₁₇ strain of *Spodoptera litura* multinucleocapsid nucleopolyhedrovirus C genotype

LIU Yan-He, GUO Hui-Fang, FANG Ji-Chao

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (4500 KB) HTML (1 KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

摘要 斜纹夜蛾核型多角体病毒 (*Spodoptera litura* multinucleocapsid nucleopolyhedrovirus, SpltMNPV) X₁₇ 株是采用活体克隆法自SpltMNPV日本小笠原株分离的病毒克隆。为了揭示X₁₇病毒株基因型, 根据已发表的SpltMNPV II 基因组全序列 (GenBank登录号: NC_011616) 设计引物, PCR扩增多角体蛋白基因 (*polh*), 并与SpltMNPV不同基因型及37种其他核型多角体病毒 (NPV) 作分子进化比较。系统发育树显示: SpltMNPV分为SpliNPV (A) 型、SpltMNPV (B) 型和SeMNPV (C) 型3种基因型, 此结果与前人利用基因组酶切图谱的研究结果一致。X₁₇与SpltMNPV-1和SpltMNPV II 处于一个分支, 属于SeMNPV (C) 基因型, 与A型和B型相距较远。此外, 扩增了X₁₇病毒基因 *38.7kD*, *Lef-1*, *Lef-9*, *fp*, *p10*和*p74*, 并与SpltMNPV, SpltMNPV II, SeMNPV和SfNPV的同种基因进行同源性比较。结果表明, 基于这6个ORF, X₁₇与SpltMNPV同源性最低, 其中Lef-9的氨基酸序列一致性最高, 也仅为69%, 38.7kD的氨基酸序列一致性仅为26%。多数基因X₁₇与SpltMNPV II 和SeMNPV的同源性较高, 其中fp25K的氨基酸序列一致性最高, 分别达95%和96%; 但也有些基因同源性较低, 如38.7kD的氨基酸序列一致性均为64%。因此, X₁₇应是SpltMNPV C基因型的一种新毒株, 命名为SpltMNPV II-1。该研究为X₁₇病毒株的进一步研究利用奠定基础。

关键词: 斜纹夜蛾核型多角体病毒 C基因型 基因 同源性 系统发育

Abstract: SpltMNPV X₁₇ was isolated from the stock collected in Ogasawara Island, Japan, by in vivo cloning techniques. In order to reveal its genotype, the primer was designed according to the complete genome sequence deposited in GenBank under accession no. NC_011616. The polyhedrin gene of X₁₇ was amplified by PCR, and then the neighbor-joining tree based on nucleotide sequences of the polyhedron gene between SpltMNPV different genotypes including X₁₇ and 37 NPVs was constructed. The phylogenetic tree indicated that SpltMNPVs were broadly divided into three groups, i.e., SpliNPV (A) type, SpltMNPV (B) type and SeMNPV (C) type, which is consistent with other reported research results by DNA restriction endonuclease analysis. X₁₇, SpltMNPV-1 and SpltMNPV II clustered into one clade, which was genetically away from the other SpltMNPV genotypes and belonged to SpltMNPV C genotype. Moreover, the genes *38.7kD*, *Lef-1*, *Lef-9*, *fp*, *p10* and *p74* of X₁₇ were also cloned by PCR amplification, and homologous analyses of the genes between X₁₇ and SpltMNPV, SpltMNPV II, SeMNPV and SfNPV were performed. The results showed that based on the six cloned ORFs the homology between X₁₇ and SpltMNPV is the lowest. The identity for amino acid sequence of the late expression factor 9 (*lef-9*) is the highest (69%), but that of the 38.7 kD amino acid sequence is only 26%. The homology of the most genes amplified between X₁₇ and SpltMNPV II or SeMNPV is higher than that between X₁₇ and another NPV analyzed here. The identities of the fp25K amino acid sequence between X₁₇ and SpltMNPV II or SeMNPV are both high (up to 95% and 96%, respectively), but that of the 38.7kD amino acid sequence is the lowest of the six ORFs (64%). It is reasonably concluded that X₁₇ is a new strain of SpltMNPV C genotype, named as SpltMNPV II-1. This study provides some theoretical basis for further study and utilization of X₁₇ strain.

Key words: *Spodoptera litura* multinucleocapsid nucleopolyhedrovirus (SpltMNPV) C genotype gene homology phylogeny

收稿日期: 2011-04-02; 出版日期: 2011-09-20

基金资助:

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

- ▶ 刘艳荷
- ▶ 郭慧芳
- ▶ 方继朝

通讯作者: 方继朝 E-mail: fangjc@jaas.ac.cn

作者简介: 刘艳荷, 女, 1965年生, 河北迁安人, 博士, 副教授, 研究方向为昆虫病毒分子生物学, E-mail: yanheliu@yahoo.com.cn

引用本文:

刘艳荷, 郭慧芳, 方继朝. C型斜纹夜蛾核型多角体病毒X₁₇病毒株部分基因的序列分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(9): 1010-1017.

LIU Yan-He, GUO Hui-Fang, FANG Ji-Chao. Sequence analysis of some genes in X₁₇ strain of *Spodoptera litura* multinucleocapsid nucleopolyhedrovirus C genotype[J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2011, 54(9): 1010-1017.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2011/V54/I9/1010>

没有本文参考文献

- [1] 汪泰初, 李瑞雪, 郭秋红, 谭安江. 哺乳动物N-糖基化途径中关键酶唾液酸合酶和CMP-唾液酸合成酶基因在转基因家蚕中的表达[J]. 昆虫学报, 2011, 54(8): 853-858.
- [2] 陈茜, 吴仲南, 杜永均, 诸葛启钊. 斜纹夜蛾嗅觉受体基因II的表达谱分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(8): 881-886.
- [3] 朱洋铿, 方琦, 胡萃, 叶恭银. 菜粉蝶丝氨酸蛋白酶基因Pr-SP1的克隆及其表达谱分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(8): 859-868.
- [4] 孙洁茹, 李燕, 闫硕, 张青文, 徐环李. 微卫星标记分析中国梨木虱种群的遗传多样性[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 820-827.
- [5] 钟金凤, 曹广力, 薛仁宇, 贡成良. 家蚕Aly/REF的基因克隆、序列分析及其细胞定位[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 746-753.
- [6] 陈永, 龚亮, 左洪亮, 钟国华. 斜纹夜蛾线粒体复合物III Fe-S蛋白基因克隆、序列分析及在不同发育阶段的表达特征[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 762-768.
- [7] 张元臣, 安世恒, 李为争, 郭线茹, 罗梅浩, 原国辉. 烟夜蛾精氨酸激酶基因的克隆及mRNA表达分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 754-761.
- [8] 杨新影, 李亮, 安世恒, 罗梅浩, 原国辉, 郭线茹. 烟夜蛾谷胱甘肽S-转移酶基因的克隆、序列分析与表达[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 648-656.
- [9] 杨微, 齐登伟, 余泉友, 张泽. 家蚕羧酸酯酶基因Bmae35的克隆、序列分析及表达[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 634-641.
- [10] 查宏贤, 刘罡, 张晨, 王彦云, 卫正国, 李兵, 陈玉华, 许雅香, 沈卫德. 家蚕丝氨酸蛋白酶抑制剂4 (serpin-4) 的基因克隆、原核表达和多克隆抗体制备[J]. 昆虫学报, 2011, 54(6): 642-647.
- [11] 夏靖, 胡静, 朱国萍, 朱朝东, 郝家胜. 大卫绢蚬蝶线粒体基因组全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 555-565.
- [12] 周志军, 尚娜, 黄原, 石福明, 韦仕珍. 斑翅草蛉线粒体基因组序列测定与分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 548-554.
- [13] 申建梅, 胡黎明, 宾淑英, 林进添. 桔小实蝇肌球蛋白轻链2基因的克隆及表达分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 508-514.
- [14] 黄晓磊, 刘琳, 乔格侠. 蚜虫与其初级内共生菌进化关系: 假说及演化机理[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 582-588.
- [15] 李珣, 刘晶晶, 龚亮, 陈永, 钟国华. 小菜蛾气味受体蛋白PlxyOr83b基因的克隆及表达[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 502-507.

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