

植物保护

建立以lipA和purH为靶基因的RTQ-PCR方法对水稻白叶枯病菌侵染过程进行定量分析

孙 蕾, 吴茂森, 何晨阳

中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害生物学国家重点实验室

收稿日期 2006-8-24 修回日期 网络版发布日期 2007-8-10 接受日期

**摘要** 【目的】建立水稻白叶枯病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo) 的分子定量法, 测定Xoo侵染水稻植株后不同时间的种群量及其变化。【方法】选用以lipA和purH为靶基因序列的引物P4和P5, 用SYBR Green I实时定量PCR (RTQ-PCR) 分析在水稻接种植株内的病菌种群量。【结果】与细菌平板计数法相比, RTQ-PCR法定量结果基本相近或略高 ( $\leq 10$ 倍), 变化趋势基本相似, 用2对引物P4和P5进行RTQ-PCR定量无显著差异。接种3 d的植株内已有菌量积累, 但不显症; 从接种5 d开始, 细菌明显增加, 植株显症并逐渐加重; 接种9~14 d菌量增加到峰值, 并进入稳定平台期, 植株显症严重。病菌种群量与植株显症间的关系可能与细菌群体感应机制有关。【结论】用RTQ-PCR分子定量法可以直接对水稻植株内的Xoo进行动态定量研究; 提出了水稻病害分子定量“病菌靶基因拷贝数—DNA总量—种群量—植物病症”的研究模式。

**关键词** [水稻白叶枯病菌](#) [lipA: purH](#) [实时定量 PCR](#) [病菌种群量](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

何晨阳 [cyhe@caas.net.cn](mailto:cyhe@caas.net.cn)

作者个人主页: [孙 蕾](#); [吴茂森](#); [何晨阳](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (546KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (OKB)

▶ [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“水稻白叶枯病菌” 的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [孙 蕾](#)

· [吴茂森](#)

· [何晨阳](#)