

植物保护

枣疯病和酸枣丛枝病植原体16S rDNA和tuf基因的序列同源性分析

王海妮, 吴云锋, 安凤秋, 顾沛雯, 张昭亮

西北农林科技大学植物保护学院/陕西省农业分子生物学重点实验室¹

收稿日期 2006-9-4 修回日期 网络版发布日期 2007-10-10 接受日期

摘要 【目的】枣疯病是枣树上由植原体引起的一种毁灭性病害, 遍布于中国华北、西北、华东、华南等25个省(市)的枣区, 造成了巨大的经济损失。【方法】经PCR扩增, 分别对中国陕西的彬县、阎良、武功、佳县、杨凌, 河北沧州和山东德州7个枣区的枣疯病样品和杨凌4个酸枣丛枝病样品植原体16S rDNA基因保守序列和延伸因子tuf基因进行克隆和测序。【结果】获得枣疯病和酸枣丛枝病植原体的16S rDNA基因片段均为1 239 bp, tuf基因均为851 bp。通过序列同源性比较, 结果表明中国陕西、河北、山东的枣疯病的病原一致, 归属于植原体16S rV-B组。由于枣疯病和酸枣丛枝病的植原体16S rDNA有5个碱基的差异, tuf基因的同源性为99.6%, 推测为同一个种的不同寄主生物学型。【结论】首次报道了中国枣疯病和酸枣丛枝病植原体16S rDNA和延伸因子tuf基因的序列, 确定了枣疯病和酸枣丛枝病植原体的分类地位, 为研究枣疯病植原体的致病分子机理、遗传本质提供理论依据。

关键词 [枣疯病, 酸枣丛枝病, 植原体, 16S rDNA序列, tuf基因, 序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

吴云锋 wuyf@nwsuaf.edu.cn

作者个人主页: 王海妮; 吴云锋; 安凤秋; 顾沛雯; 张昭亮

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(417KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“枣疯病, 酸枣丛枝病, 植原体, 16S rDNA序列, tuf基因, 序列分析”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [王海妮](#)

· [吴云锋](#)

· [安凤秋](#)

· [顾沛雯](#)

· [张昭亮](#)