

园艺—研究报告

甘薯和巴西牵牛18S rRNA基因的克隆和序列分析

王振东¹, 王晓华¹, 乔奇², 张德胜¹, 秦艳红², 田雨婷¹, 张振臣²

1. 河南省农业科学院植物保护研究所
2. 河南省农业科学院植物保护研究所

摘要:

【研究目的】为甘薯和侵染甘薯病毒的基因表达研究提供内参基因序列信息。**【方法】**分别以‘商薯19’、‘北京553’两甘薯品种和巴西牵牛的基因组DNA为模板, 利用PCR方法克隆甘薯和巴西牵牛18S rRNA基因序列。**【结果】**测序结果表明, 获得的供试两甘薯品种和巴西牵牛的18S rRNA基因序列长度均为1630 bp; 序列比对结果表明, 甘薯和巴西牵牛与裂叶牵牛、烟草等双子叶植物的18S rRNA基因相应序列的一致性均达98%以上, 与单子叶植物Lilium superbum的18S rRNA基因序列也有较高的一致性。**【结论】**从两甘薯品种和巴西牵牛的基因组中克隆出了18S rRNA基因部分序列, 研究结果不仅为利用18S rRNA基因作为内参基因分析甘薯和侵染甘薯病毒基因的表达研究提供了序列依据, 而且可为甘薯和巴西牵牛的系统学研究提供序列参考。

关键词: 序列分析

Cloning and Sequence Analysis of 18S rRNA Gene in Ipomoea batatas and Ipomoea setosa

Abstract:

[Objective] to supply sequence information of internal control gene for analyzing gene expression of *I. batatas* and viruses infecting *I. batatas*. [Method] Sequences of 18S rRNA gene were cloned using PCR method from genomic DNA of *I. batatas* cultivar ‘Shangshu19’, ‘Beijing553’ and *I. setosa*, respectively. [Result] The sequencing of the DNA fragments all generated a total of 1630 bp nucleotide sequence. The obtained 18S rRNA gene sequences of *I. batatas* and *I. setosa* shared more than 98% identity with *I. hederacea* and *Nicotiana tabacum* among dicotyledons, and shared high identity with *Lilium superbum* among monocotyledons. [Conclusion] Partial sequences of 18S rRNA gene were cloned from genomic DNA of *I. batatas* cultivar ‘Shangshu19’, ‘Beijing553’ and *I. setosa*, which provided sequence information not only for analyzing gene expression of *I. batatas* and viruses infecting *I. batatas* using 18S rRNA gene as internal control, but for molecular systematic research of *I. batatas* and *I. setosa*.

Keywords: sequence analysis

收稿日期 2010-08-18 修回日期 2010-10-29 网络版发布日期 2011-03-31

DOI:

基金项目:

国家甘薯产业技术体系建设项目资助

通讯作者: 王振东

作者简介:

作者Email: zhendongwang1212@yahoo.com.cn

参考文献:

扩展功能

本文信息

- Supporting info
- PDF(668KB)
- [HTML全文]
- 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

本文关键词相关文章

- 序列分析

本文作者相关文章

- 王振东
- 王晓华
- 乔奇
- 张德胜
- 秦艳红
- 田雨婷
- 张振臣

PubMed

- Article by Yu,Z.D
- Article by Yu,X.H
- Article by Qiao,a
- Article by Zhang,D.Q
- Article by Qin,Y.H
- Article by Tian,Y.T
- Article by Zhang,Z.C

本刊中的类似文章

1. 薛霖莉 董常生 赫晓燕 范瑞文 王海东 曹靖 郝欢庆.羊驼垂体催乳素(PRL)基因全长cDNA的克隆及序列分析[J]. 中国农学通报, 2011,27(第1期(1月)): 356-361
2. 任艳芳 刘厚宇 何俊瑜.脐橙离区 β -甘露聚糖酶基因片段克隆和序列分析[J]. 中国农学通报, 2011,27(第2期1月): 119-122
3. 王伟杰, 郭豫杰, 李卫华, 林茂旺, 赵蕾, 杨国宇.猪Musclin基因片段克隆与序列分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(6): 72-72
4. 黄必旺 蔡文旋 黄志鹏 关雄.苏云金芽孢杆菌肠毒素基因entFM的定位与序列分析[J]. 中国农学通报, 2009,25(19): 213-218
5. 李文梅 覃志豪 李文娟.基于MODIS-NDVI时序数据的南方冬闲田信息提取[J]. 中国农学通报, 2010,26(4月份07): 324-329
6. 赵相娟,张 静,魏绍冲.桃果实乙烯反应因子PpERF1全长基因的克隆及序列分析[J]. 中国农学通报, 2009,25(08): 38-41
7. 鹿连明 姚锦爱 张利平 胡秀荣 黄振东 陈国庆.柑橘黄龙病菌亚洲种16S rDNA和16S-23S rDNA间隔区的PCR-RFLP及序列分析[J]. 中国农学通报, 2010,26(24): 226-232
8. 陈卫国, 杨进文, 王继亮, 王金明.家稗丙酮酸磷酸双激酶序列分析及三维结构建模[J]. 中国农学通报, 2007,23(12): 73-73
9. 王 岩, 王宪文, 侯春彬, 王新卫.猪圆环病毒II型ZZ株ORF1基因的扩增测序与序列分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(9): 7-7
10. 赵月兰, 郭红斌, 张磊, 秦建华, 张宁, 张保宁.牛病毒性腹泻病毒HB-DCZ株NS2-3区基因克隆及序列分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(6): 1-1
11. 靳玉芬, 郝贵增, 何宏轩.猪圆环病毒1型ORF2基因的克隆与序列分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(9): 3-3
12. 郑嫩珠,王安静,陈晖,朱志明,缪中纬,李盛霖,董晓宁,王光瑛.半番鸭和北京鸭MC1R基因的克隆与序列分析[J]. 中国农学通报, 2008,24(11): 38-43
13. 台玉磊, 王艳玲, 王伟杰, 韩立强, 张志强, 臧 猛, 王 静, 杨国宇.猪干扰素IFNE1基因克隆及重组表达载体的构建[J]. 中国农学通报, 2008,24(11): 60-64
14. 王静.猪脂肪特异性蛋白27基因的克隆与序列分析[J]. 中国农学通报, 2008,24(10): 39-42
15. 沈万宽, 周国辉, 邓海华, 周凌云.甘蔗宿根矮化病菌PCR检测及目的片段核苷酸序列分析[J]. 中国农学通报, 2006,22(12): 413-413