

无栏目

中国水稻条纹病毒两个亚种群代表性分离物全基因组核苷酸序列分析

@魏太云\$福建农林大学植物病毒研究所!福

@魏太云\$福建农林大学植物病毒研究所!福州350002 @林含新\$福建农林大学植物病毒研究所!福州350002

@吴祖建\$福建农林大学植物病毒研究所!福州350002 @林奇英\$福建农林大学植物病毒研究所!福州350002

@谢联辉\$福建农林大学植物病毒研究所!福州350002

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 首次测定了中国水稻条纹病毒(RSV)常年流行区云南楚雄 (CX)分离物及病害暴发区江苏洪泽 (HZ)分离物全基因组核苷酸序列,其中CX 分离物全长为17 093 nts,HZ分离物全长为 17 150 nts。与已报道的日本T分离物全长序列(17 145 nts)相比较,CX分离物变异较大。3个分离物基因组结构组成一致,5'端和3'末端非编码区最为保守;7个编码区保守性次之;变异主要发生在IR上。同源性分析表明,HZ分离物与日本T分离物的亲缘关系较中国2个分离物间的亲缘关系更为接近,这表明HZ和CX分离物基

关键词 [水稻条纹病毒,全长序列,亚种群](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: @魏太云\$福建农林大学植物病毒研究所!福

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(426KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(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“水稻条纹病毒,全长序列,亚种群”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [@魏太云\\$福建农林大学植物病毒研究所!福](#)