

广东番茄曲叶病毒 G2 分离物基因组 DNA-A 的分子特征

何自福 虞 皓 罗方芳

(广东省农业科学院植物保护研究所 广东省植物保护新技术重点实验室 广州 510640)

摘 要: 从采集于广东的番茄曲叶病病株上分离到病毒分离物 G2, 序列分析结果表明, 其 DNA-A 为单链环状, 全长 2744nt, 共有 6 个 ORF, 其中病毒链上编码 AV1(CP)、AV2, 互补链上编码 AC1、AC2、AC3 和 AC4。BLAST 结果显示, 与 G2 基因组有同源关系的病毒均属双生病毒科菜豆金色花叶病毒属。序列比较结果显示, G2 与菜豆金色花叶病毒属病毒的 DNA-A 序列同源率均不超过 83%, 其中同源率最高的是 PaLCuCNV-[G10] (82.8%)。进一步比较发现, 它们的基因间隔区(IR)变异最大(同源率为 30.9% ~ 81.8%) ;CP 氨基酸序列的同源率较高(77.6% ~ 99.2%), AC4 蛋白氨基酸序列的同源率较低(43.5% ~ 78.8%)。系统进化关系分析结果也显示, G2 与已报道的菜豆金色花叶病毒属病毒的亲缘关系均较远。因此, G2 可能是双生病毒科菜豆金色花叶病毒属中一个未报道的新种, 命名为广东番茄曲叶病毒(Tomato leaf curl Guangdong Virus, ToLCGDV)。

关键词: 广东番茄曲叶病毒, DNA-A, 序列分析, 分子特征

中图分类号 S432.41, Q75 文献标识码 A 文章编号 0001-6209 (2005) 01-0048-05

烟粉虱传双生病毒(Whitefly-transmitted geminiviruses)病是热带、亚热带地区作物上重要病害, 已在美洲、非洲、亚洲和澳大利亚等地区造成了严重经济损失, 该病原病毒是一类具有孪生颗粒形态的单链环状 DNA 植物病毒, 属双生病毒科(Geminiviridae)菜豆金色花叶病毒属(*Begomovirus*), 其基因组由 2 个组分(DNA-A 和 DNA-B)组成, 每个组分的大小为 2.5 ~ 2.8kb, 少数病毒为单组分, 基因组只含 DNA-A, 约 2.8kb^[1]。近年来的研究还发现, 部分单组分菜豆金色花叶病毒属病毒还伴随着卫星分子(DNA β), 该分子是症状相关因子, 但其复制、包装、移动和传等依赖辅助病毒的 DNA-A^[2-4]

该类病毒病已在我国的广西、云南、海南等省的烟草、番茄、南瓜等作物上发生, 并给生产上造成较大的损失。近年来, 广东番茄产区也发生了烟粉虱传双生病毒病, 我们初步研究结果表明, 其与已报道的烟粉虱传双生病毒存在明显差异^[5]。为了弄清发生在广东番茄上的双生病毒种类及发生情况, 进而开展该病毒病害综合治理对策研究, 我们在广东番茄主要产区分别采集似烟粉虱传双生病毒病的样本, 并对其中部分代表分离物的基因组进行了克隆和序列分析。本文报道了广东番茄曲叶病毒分离物 G2(Tomato leaf curl Guangdong virus-[G2], ToLCGDV-

[G2])基因组 DNA-A 的全序列及其分子特征。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 毒源 病毒分离物 G2 采自广东省广州市花都区的番茄产区, 田间病株表现为曲叶、叶脉增厚和植株矮化等症状, 经无毒烟粉虱或嫁接传毒到健康番茄上, 并表现同样症状。

1.1.2 试剂和仪器 dNTPs、琼脂糖、DNA 分子量标准(MBI)等均购自上海生工生物技术工程服务有限公司, *Taq* 酶购自广州华美公司, Perfectprep Gel Cleanup 凝胶回收试剂盒(Eppendorf 公司)购自广州基因有限公司, pGEM-T 载体为 Promega 公司产品。9700 型 PCR 仪为美国应用生物系统公司产品, 全自动凝胶成像系统为 SYNGENE 公司产品。

1.2 PCR 扩增、克隆和序列测定

采用 NaOH 法^[6]提取接种病株样品总 DNA, 作为 PCR 模板。

比较 GenBank 中已报道为害番茄的烟粉虱传双生病毒 DNA-A 序列, 在其序列保守区, 我们设计了 1 对简并引物, 引物的序列分别为: TA 5'-TGCCADTCYCBYTGCGCCCC-3' (位于 1758nt ~ 1777nt), TB 5'-CTNGSATGHGTRCADGCCATATA-3'

基金项目 广东省自然科学基金(031992) 广东省重点实验室二期建设启动项目(2003B60128)

作者简介 何自福(1966-), 男, 安徽人, 博士, 副研究员, 主要从事植物病毒学研究。Tel 86-20-87597476 ;Fax 86-20-85201471 ;E-mail hezf@gdppri.com

收稿日期 2004-06-14, 修回日期 2004-10-25

(位于 1004nt ~ 982nt) (D = A, C 或 T; Y = C 或 T; B = C, G 或 T; N = A, C, G 或 T; S = C 或 G; H = A, C 或 T; R = A 或 G), 用于 PCR 扩增 DNA-A 约 2.0kb 片段, 并进行克隆和序列测定。

根据测出的序列再设计 3 条特异引物 TC、TD 和 TG2, 其中 TC 和 TD 用于 PCR 扩增上述环状 DNA-A 的剩余片段, 而 TC 和 TG2 用于扩增近全长 DNA-A 核苷酸序列, 以相互验证获得的全长序列准确性。特异引物序列分别为: TC: 5'-GTGGTCAGTATGCAAGTAAGGAGC-3' (位于 857nt ~ 880nt), TD: 5'-TATGTGGTCACCTGGACTTGAGTC-3' (位于 1861nt ~ 1884nt), TG2: 5'-TGACAGTCGCCTGAAATCGACGA-3' (互补于 853nt ~ 831nt)。上述各引物均由上海生工生物技术工程服务有限公司合成。

1.3 序列分析

通过上述方法获得 G2 DNA-A 全序列。利用 BLAST 程序对该序列进行同源性检索。在此基础上, 利用 DNASTar MegAlign 5.01 (DNASTAR Inc.) Clustal W 法进行多序列比较分析, 系统进化树构建采用 MEGA version 3.0^[7] 的邻近相连法 (Neighbor-Joining method)。

2 结果和分析

2.1 G2 基因组 DNA-A 全序列及其特征

利用简并引物 TA 和 TB, PCR 扩增获得 1 条预期大小约 2.0kb 的特异片段。在对该特异片段进行克隆和序列测定的基础上, 又设计出 1 对特异引物 TC 和 TD, PCR 扩增出 1 条预期大小约 1.0kb 的特异片段, 健康对照均无条带出现, 2 个特异片段重叠部分核苷酸序列完全一致, 拼接后得到 G2 DNA-A 全序列长为 2744nt; 而 TC 和 TG2 扩增出预期大小为 2741bp 的特异片段, 该片段序列与上述全序列重叠部分的碱基也全部一致。因此, G2 DNA-A 全长为 2744nt (GenBank 登录号为 AY602165)。

该序列具有菜豆金色花叶病毒属病毒基因组典型特征, 为闭合环状单链 DNA, 有 6 个 ORFs, 分别是位于病毒链上的 AV1 基因 (292nt ~ 1065nt, 编码 CP)、AV2 基因 (132nt ~ 482nt, 编码与病毒移动相关蛋白) 及位于互补链上的 AC1 基因 (1520nt ~ 2602nt)、AC2 基因 (1207nt ~ 1614nt)、AC3 基因 (1062nt ~ 1466nt) 和 AC4 基因 (2188nt ~ 2445nt); 在基因 AV2 与 AC1 之间有 273nt (2603nt ~ 131nt) 的非编码区 (intergenic region, IR), 该区中含有病毒复制和转录所需的调控元件, 包括 11nt 茎和 11nt 环的茎

环结构 (2725nt ~ 13nt)、保守的 TAATATTAC 序列等。

2.2 G2 与已报道的双生病毒 DNA-A 同源性分析

BLAST 检索结果表明, G2 DNA-A 有较高同源率的病毒有 41 种 (暂定种或分离物), 它们均为 *Begomovirus* 病毒; 进一步比较结果 (表 1) 显示: G2 与这 41 种 *Begomovirus* 病毒的 DNA-A 全序列同源率最高为 82.8%, 其中 IR 的变异最大 (同源率为 30.9% ~ 81.8%), 而 AV1、AV2、AC1、AC2、AC3、AC4 基因的同源率分别为 74.6% ~ 92.1%、65.7% ~ 92.4%、74.7% ~ 83.7%、70.2% ~ 85.6%、71.5% ~ 85.0%、68.8% ~ 89.6% (表 1 中数据未显示); 在 DNA-A 编码的 6 个蛋白中, CP 氨基酸序列的同源率均较高 (77.6% ~ 99.2%), AC4 氨基酸序列的同源率均相对较低 (43.5% ~ 78.8%), 变异也最大。

从 DNA-A 全序列系统进化关系树 (图 1) 可以发现 G2 与 ToLCTWV 的亲缘关系稍近, 并形成一支, 与 PaLCuCNV 的 7 个分离物 ([G2]、[G4]、[G7]、[G8]、[G10]、[G12]、[G30])、ToLCVV 和 PepLCV-[MY] 这 9 个 *Begomovirus* 病毒形成一个大的分支, 而与其它 31 个 *Begomovirus* 病毒的亲缘关系均较远。

3 讨论

对分离自广东的番茄曲叶病毒分离物 G2 基因组 DNA-A 全序列进行了分析, 其具有菜豆金色花叶病毒属病毒基因组 DNA 典型特征, 且与其有同源关系的病毒均为该属病毒, 这说明 G2 也是菜豆金色花叶病毒属的成员; 但 G2 与目前世界上已报道的菜豆金色花叶病毒属病毒 DNA-A 的同源率均不超过 83%。双生病毒科病毒全基因组核苷酸序列同源率小于 89% 往往定名为不同病毒, 大于 89% 则被认为是同一病毒的不同株系^[8]。参考国内外在双生病毒鉴定与分类上众多研究^[3,4,6,9-13], 我们认为, G2 是双生病毒科菜豆金色花叶病毒属中一个先前未报道的新种, 定名为广东番茄曲叶病毒 (Tomato leaf curl Guangdong Virus, ToLCCDV)。我们也会用双生病毒 DNA-B 组分特异引物^[14] 和 DNA β 分子特异引物^[3] 分别进行 PCR, 试图获得 G2 的 DNA-B 组分及 DNA β , 均未获得成功, 因此该病毒可能为单分体双生病毒。

DNA-A 系统进化关系分析结果显示, G2 与已报道的 *Begomovirus* 病毒的亲缘关系均相对较远, 这进一步支持了 G2 是菜豆金色花叶病毒属一个新种的结论。

与 G2 DNA-A 有较高同源关系的 41 种烟粉虱

表 1 G2 与 41 种 *Begomovirus* 病毒 DNA-A、IR 及各基因编码的氨基酸序列同源性比较(%)

Table 1 Percentages of nucleotide or amino acid sequence identities between G2 and 41 other begomoviruses (%)

Virus	Accession number	DNA-A	IR	CP ^a	AV2 ^a	AC1 ^a	AC2 ^a	AC3 ^a	AC4 ^a
PaLCuCNV-[G10]	AJ558125	82.8	72.6	99.2	94.0	80.0	75.6	76.9	47.1
PaLCuCNV-[G4]	AJ811914	82.2	74.2	97.7	95.7	79.7	80.0	73.9	45.9
PaLCuCNV-[G12]	AJ558116	82.2	73.5	98.8	94.0	80.6	75.6	76.1	47.1
PaLCuCNV-[G8]	AJ558124	82.0	72.7	99.2	94.8	79.4	76.3	74.6	45.9
PaLCuCNV-[G30]	AJ558117	82.0	74.2	98.8	95.7	79.7	77.8	75.4	47.1
ToLCLV	AF195782	81.9	81.8	94.2	76.7	80.3	68.9	73.1	49.4
PaLCuCNV-[G7]	AJ811439	81.7	70.6	98.8	92.2	80.0	74.1	75.4	48.2
PaLCuCNV-[G2]	AJ558123	81.5	69.7	98.4	92.2	78.9	79.3	73.1	47.1
PepLCV-[MY]	Af414287	81.2	71.7	97.7	91.4	75.3	76.3	82.1	51.8
ToLCVV	AF264063	81.2	77.1	98.1	94.0	77.5	65.2	65.7	43.5
ToLCTWV	U88692	81.1	61.9	94.2	86.7	78.6	74.8	78.4	51.8
AYVV	X74516	80.2	65.9	89.1	77.6	84.2	76.3	75.4	65.9
AYVCNV-[Hn2]	AJ495813	80.1	65.6	89.1	77.6	84.2	76.3	75.4	65.9
ToLCMV	AF327436	80.1	63.1	90.3	68.1	83.1	76.3	76.9	63.5
ToLCV-[JV]	Ab100304	79.8	68.0	89.1	75.0	83.3	74.8	74.6	65.9
SbCLV-[JP]	AB050781	79.5	65.2	89.1	75.0	78.9	74.8	76.1	63.5
AYVTV-[Tai]	AF30786	79.2	70.2	86.0	77.6	78.3	76.9	74.6	45.9
PaLCuCNV-[GZ]	AY650283	79.1	57.8	95.7	76.7	80.0	68.9	74.6	48.2
AYVTV-[TaiPD]	AF327902	79.0	70.2	87.9	76.7	77.2	75.6	74.6	45.9
TbLCYNV-[Y143]	AJ512762	78.7	69.1	83.2	76.7	79.6	72.6	75.4	63.5
TbLCYNV-[Y161]	AJ566744	78.7	69.1	82.8	75.9	83.6	73.3	74.6	64.7
TbLCYNV-[Y3]	AF240674	78.5	69.5	81.6	75.9	78.6	72.6	74.6	64.7
TbLCYNV-[Y136]	AJ512761	78.5	68.0	82.8	76.7	80.3	73.3	75.4	64.7
PaLCuCNV-[GD2]	AJ558122	78.4	52.0	94.2	76.7	80.3	68.9	73.1	49.4
TYLCCNV-Tb[Y36]	AJ420316	77.8	74.3	82.4	81.7	77.2	78.4	74.6	45.9
TYLCCNV-Tb[Y38]	AJ420317	77.7	74.3	82.8	81.7	76.4	76.9	75.4	45.9
TYLCCNV-[Y64]	AJ457823	77.7	73.2	82.8	81.7	76.9	77.6	75.4	45.9
TYLCCNV-Tb[Y8]	AJ319677	77.6	74.0	82.4	80.9	72.5	76.1	74.6	45.9
TYLCCNV	AF311734	77.5	71.4	83.2	80.9	76.1	76.1	77.6	47.1
ToLCBDV	AF188481	77.1	64.7	83.6	76.7	78.1	64.2	67.9	55.3
TYLCTHV-[1]	X63015	76.5	68.4	80.9	75.9	76.9	74.6	78.4	-
TYLCTHV-[2]	AF141922	76.5	68.4	80.5	72.3	76.4	74.1	78.4	48.2
ELCV-[G35]	AJ558121	75.9	71.6	82.0	67.2	79.7	64.2	67.9	51.8
TbCSV-[Y1]	AF240675	75.5	68.4	83.6	76.7	71.9	60.4	67.2	47.1
TbLCJV	AB028604	75.5	57.8	77.6	75.9	80.6	54.1	64.2	52.9
ToLCV-[AU]	S53251	75.4	67.3	84.0	65.2	81.1	63.0	62.7	50.6
TbLCZV	AF350330	75.3	47.2	77.8	75.0	80.2	60.7	67.9	78.8
TYLCV-[DO]	AF024715	75.0	47.3	80.2	75.0	79.0	63.7	67.2	50.6
SLCYV	AJ420319	74.8	65.5	80.9	71.4	72.8	67.2	63.4	43.5
ToCSV-[SA]	AF261885	74.6	53.5	79.8	76.1	80.2	63.0	67.9	-
ToLCPV	AB050597	73.1	30.9	85.6	51.8	79.4	74.1	79.7	48.2

PaLCuCNV : *Papaya leaf curl China virus* ; ToLCLV : *Tomato leaf curl Laos virus* ; PepLCV : *Pepper leaf curl virus* ; ToLCVV : *Tomato leaf curl Vietnam virus* ; ToLCTWV : *Tomato leaf curl Taiwan virus* ; AYVV : *Ageratum yellow vein virus* ; AYVCNV : *Ageratum yellow vein China virus* ; ToLCMV : *Tomato leaf curl Malaysia virus* ; ToLCV-[JV] : *Tomato leaf curl virus-[Java]* ; SbCLV-[JP] : *Soybean crinkle leaf virus-[Japan]* ; AYVTV : *Ageratum yellow vein Taiwan virus* ; TbLCYNV : *Tobacco leaf curl Yunnan virus* ; TYLCCNV : *Tomato yellow leaf curl China virus* ; ToLCBDV : *Tomato leaf curl Bangladesh virus* ; TYLCTHV : *Tomato yellow leaf curl Thailand virus* ; ELCV : *Euphorbia leaf curl virus* ; TbCSV : *Tobacco curly shoot virus* ; TbLCJV : *Tobacco leaf curl Japan virus* ; ToLCV-[AU] : *Tomato leaf curl virus-[Australia]* ; TbLCZV : *Tobacco leaf curl Zimbabwe virus* ; TYLCV-[DO] : *Tomato yellow leaf curl virus-[Dominican Republic]* ; SLCYV : *Squash leaf curl Yunnan virus* ; ToCSV-[SA] : *Tomato curly stunt virus [South Africa]* ; ToLCPV : *Tomato leaf curl Philippine virus* . “a” : Amino acid “-” : No comparable ORF is available .

传双生病毒中有 36 种来自亚洲地区,这可能暗示, G2 与亚洲地区烟粉虱传双生病毒有共同的祖先,并在其后的进化过程中又发生了广泛的遗传物质交换与重组。

G2 与来自广西、云南等地 26 种中国烟粉虱传双生病毒 DNA-A 的同源率为 74.8% ~ 82.8%,其中 IR、AV1、AV2、AC1、AC2、AC3、AC4 的核苷酸序列同源率分别为 52.0% ~ 74.3%、75.4% ~ 91.0%、

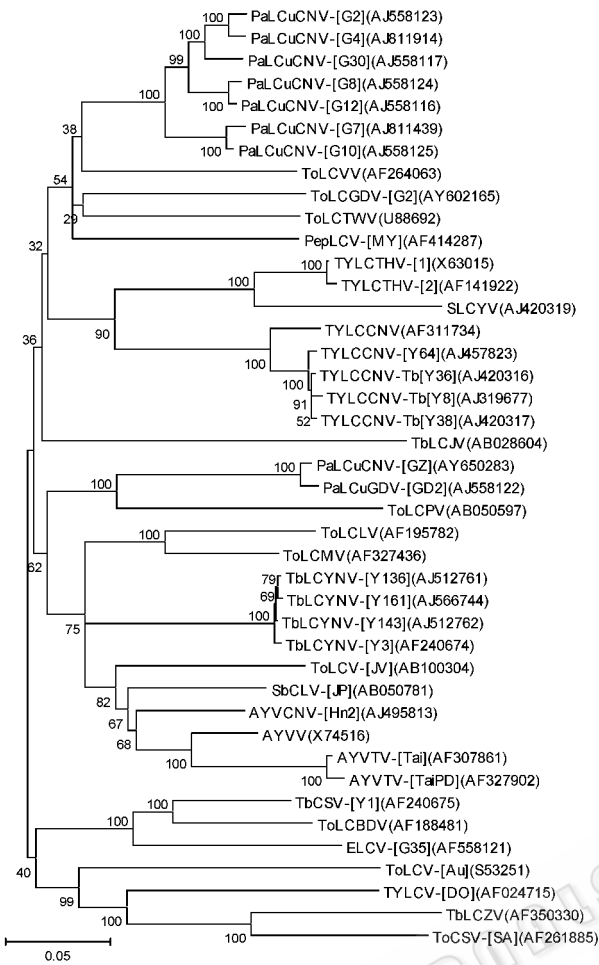


图 1 ToLCGDV-[G2] 与 41 种 Begomoviruses DNA-A 的系统关系树

Fig.1 Phylogenetic tree of DNA-A of G2 and 41 other begomoviruses using the MEGA version 3.0 software

The tree was constructed by the neighbor-joining method with bootstrap 1050 repetitions. Bootstrap values are indicated as percentages at all branches. GenBank accession numbers of the begomoviruses are in brackets. (Bar, 5% sequence divergence)

74.8% ~ 92.1%、74.7% ~ 82.1%、74.2% ~ 85.6%、73.2% ~ 83.8%和 68.8% ~ 83.1%，说明 G2 与它们存在明显的差异。在双生病毒的基因组中最保守的 ORF 是编码 CP 的 AV1 基因，同一地区双生病毒的 CP 同源性相当高^[10,15]，推测是适应同一地区烟粉虱种群传毒而进化的结果^[16]。ToLCGDV-[G2] 与分离自广东番木瓜上的 PaLCuCNV-[GZ] 和 PaLCuCNV-[GD2] 这 2 个病毒的 AV1 核苷酸序列同源率 (86.1%、85.7%) 及其编码的 CP 氨基酸序列同源率 (95.7%、94.2%) 较高，但与分离自广西番木瓜上的 PaLCuCNV 7 个分离物的同源率更高，分别为 89.7% ~ 91.0% 和 97.7% ~ 99.2%，这说明 ToLCGDV-[G2] 的 AV1 基因与 PaLCuCNV 7 个分离物的亲缘关系更

近(系统进化关系分析结果也是如此)。因此，关于广东与中国其它地区烟粉虱传双生病毒间的关系及其演化规律，还需要做进一步研究。

致谢 在序列分析过程中得到浙江大学生物技术研究所李正和博士的帮助和支持，特此致谢！

参 考 文 献

[1] van Regenmorte M H V, Fauquet C M, Bishop D H L, et al. Virus Taxonomy. Seventh report of the international committee on taxonomy of viruses. New York : Academic Press, 2000, 285 – 297.

[2] Saunders K, Bedford I K, Briddon R W, et al. A unique virus complex causes ageratum yellow vein disease. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2000, **97** :6890 – 6895.

[3] 谢 艳,周雪平,李正和,等. 与烟草曲叶病毒伴随的新型 DNA 分子鉴定. *科学通报*, 2002, **47**(10) :768 – 771.

[4] 彭 燕,谢 艳,张仲凯,等. 侵染稀硷的中国番茄黄化曲叶病毒及其卫星 DNA 全基因组结构特征. *微生物学报*, 2004, **44** (1) 29 – 33.

[5] 何自福,虞 皓,罗方芳. 番茄上烟粉虱传双生病毒 PCR 检测. *中国病毒学*, 2004, **19**(1) :67 – 69.

[6] 刘玉乐,蔡健和,李冬玲,等. 中国番茄黄化曲叶病毒——一个双生病毒新种. *中国科学*, 1998, **28**(2) :148 – 153.

[7] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3 : Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 2004, **5**(2) :150 – 163.

[8] Fauquet C M, Bisaro D M, Briddon R W, et al. Revision of taxonomic criteria for species demarcation in the family Geminiviridae, and an updated list of Begomovirus species. *Arch Virol*, 2003, **148** :405 – 421.

[9] Dry I B, Rigden J E, Krake L R, et al. Nucleotide sequence and genome organization of tomato leaf curl geminivirus. *J of Gen Virol*, 1993, **74** :147 – 151.

[10] Padidam M, Beachy R N, Fauquet C M. Classification and identification of geminiviruses using sequence comparisons. *J Gen Virol*, 1995, **76** :249 – 263.

[11] Zhou X P, Xie Y, Zhang Z K. Molecular characterization of a distinct begomovirus infecting tobacco in Yunnan, China. *Arch Virol*, 2001, **146** :1599 – 1606.

[12] 李正和,李桂新,谢 艳,等. 云南番茄曲叶病是由烟草曲茎病毒引起的. *病毒学报*, 2002, **18**(4) :355 – 361.

[13] 周雪平,彭 燕,谢 艳,等. 蓼黄萎脉病毒 :一种含有卫星 DNA 的双生病毒新种. *科学通报*, 2003, **48**(16) :1801 – 1805.

[14] Rojas M R, Gilbertson R L, Russel D R, et al. Use of degenerate primers in the polymerase chain reaction to detect whitefly-transmitted geminiviruses. *Plant Disease*, 1993, **77** :340 – 347.

[15] Hong Y G, Harrison B D. Nucleotide sequences from tomato leaf curl viruses from different countries : evidence for three geographical separate branches in evolution of the coat protein of whitefly-transmitted geminiviruses. *J Gen Virol*, 1995, **76** :2043 – 2049

[16] Harrison B D, Robinson D J. Natural genomic and antigenic variation in whitefly-transmitted geminivirus (Begomoviruses). *Annu Rev Phytopathol*, 1999, **37** :369 – 398

Molecular characteristics of DNA-A of Tomato leaf curl Guangdong virus isolate G2

HE Zi-fu* YU Hao LUO Fang-fang

(Institute of Plant Protection, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640, China)

Abstract: Virus isolate G2 was isolated from tomato plants showing leaf curl symptoms in Guangdong. The complete nucleotide sequence of G2 DNA-A was determined to be 2744 nucleotides encoding six potential ORFs, with two (AV1 and AV2) in virus sense and four (AC1, AC2, AC3 and AC4) in complementary sense. G2 DNA-A has a typical characteristics of *Begomovirus* genome organization. BLAST results showed that G2 DNA-A belonged to the *Begomovirus* of *Geminiviridae*. Pairwise comparisons of G2 DNA-A with those of other 41 begomoviruses indicated that G2 DNA-A was most closely related to that of Papaya leaf curl China virus isolate G10 (PaLCuCNV-[G10]) (82.8% sequence identity). The intergenic region (IR) of G2 differed to great extent with other begomoviruses (30.9% ~ 81.8% nucleotide sequence identity); when individual encoded proteins were compared, the CP of G2 had relatively high amino acid sequence identity (77.6% ~ 99.2%) with other begomoviruses whereas the AC4 of G2 had less amino acid sequence identity (43.5% ~ 78.8%). Phylogenetic analysis based on the DNA-A sequences also showed that G2 was less related to the reported begomoviruses. These results revealed that G2 infecting Guangdong tomato might be a previously unreported species of *Begomovirus*, for which the name Tomato leaf curl Guangdong Virus (ToLCGDV) is proposed.

Key words: Tomato leaf curl Guangdong virus-[G2]; DNA-A; Sequence analysis; Molecular characteristics

Foundation item: Guangdong Province Natural Science Foundation (031992)

* Corresponding author. Tel 86-20-87597476; Fax 86-20-85201471; E-mail: hezf@gdppri.com

Received date: 06-14-2004

《微生物学报》投稿要求

1. 投稿范围: 凡有关微生物学基础研究、应用基础研究及其高技术创新等领域的研究成果, 包括普通微生物学, 工业、农业、医学和兽医微生物学, 免疫学以及与微生物学有关的生物工程等方面的研究报告、简报等, 本刊均欢迎投稿。
 2. 应首次发表: 所有来稿均应未在公开出版的刊物上发表过。要求论点明确、数据可靠、行文简练、用词规范、图表清晰、结论合理。
 3. 投稿方式: 本刊中英文稿件均收, 采用邮寄投稿, 并同时要求提供电子版(附软盘或 E-mail 传来 actamicro@sun.im.ac.cn)。要求五号宋体、A4 纸单面打印稿 2 份。(注: 若事先已通过 E-mail 投稿, 请您在邮寄纸稿时注明字样——已 E-mail 投稿)
 4. 介绍信: 所有来稿要求一式两份。论文是否涉及保密、署名是否无误, 请出示研究内容所属单位(即: 第一署名单位)的介绍信。若是与国外作者合写的论文, 应出示国外作者同意以中文形式发表及署名顺序的信函说明。
 5. 审稿费: 投稿时请随寄 100 元审稿费, 可通过邮局汇来。(务请在汇款单上注明稿件第一作者、发票应开单位、发票邮寄地址和收信人。)
 6. 作者联系方式: 请在投稿时提供通讯作者或第一作者的 Tel、Fax 和 E-mail 地址。
 7. 投稿及汇款地址: (100080) 北京中关村中国科学院微生物研究所内 《微生物学报》编辑部
- 欲知更详细的投稿要求请登陆我刊的网址: [Http://www.im.ac.cn/journals](http://www.im.ac.cn/journals)