

无栏目

稻瘟病菌群体的分子遗传学研究——广东省与云南省稻瘟病菌群体遗传及致病型结构的比较分析

@吴伟怀\$华南农业大学资源环境学院植物抗

@吴伟怀\$华南农业大学资源环境学院植物抗病遗传学研究室!广州510642 @王玲\$华南农业大学资源环境学院植物抗病遗传学研究室!广州510642 @程贯忠\$华南农业大学资源环境学院植物抗病遗传学研究室!广州510642 @朱有勇\$云南农业大学云南植物病理学实验室!昆明650201 @潘庆华\$华南农业大学资源环境学院植物抗病遗传学研究室!广州510642

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 通过基于SRAP标记的分子指纹分析法对由广东省和云南省各40个菌株构成的试验群体进行了遗传结构分析。在相似性系数取0.83时,80个供试菌株被分为25个宗谱;其中广东群体9个宗谱,宗谱频率为22.5%;云南群体16个宗谱,宗谱频率为40.0%,由此说明,后者比前者的遗传多样性高。有趣的是,在25个宗谱中并不存在两个群体共有的宗谱,由此推测它们之间存在明显的遗传特异性或异质性。另一方面,利用中国、日本和IRRI的3套鉴别品种分别对80个供试菌株进行了致病型结构分析。结果表明,在上述3套鉴别品种中,广东群体分别

关键词 [稻瘟病菌](#) [遗传多样性](#) [遗传特异性](#) [致病型多样性](#) [致病型特异性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: @吴伟怀\$华南农业大学资源环境学院植物抗

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (577KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“稻瘟病菌”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [@吴伟怀\\$华南农业大学资源环境学院植物抗](#)