

土壤肥料·农业生态

不同供氮水平下水稻稻瘟病菌群体遗传结构的SSR分析

钱玲<sup>1</sup>, 汤利<sup>1</sup>, 郑毅<sup>1</sup>, 李成云<sup>2</sup>, 何月秋<sup>3</sup>

1.云南农业大学 资源与环境学院, 云南 昆明 650201; 2.云南农业大学 植物保护学院, 云南 昆明 650201; 3.云南农业大学 农学与生物技术学院, 云南 昆明 650201

收稿日期 2008-5-19 修回日期 2008-6-26 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 研究不同供氮水平对稻瘟病菌群体遗传多样性和遗传结构的影响。用11对SSR引物对180 kg N/hm<sup>2</sup> (N<sub>180</sub>) 和300 kg N/hm<sup>2</sup> (N<sub>300</sub>) 下水稻黄壳糯的35个稻瘟病菌株进行遗传多样性分析。结果表明: 在N<sub>300</sub> 和N<sub>180</sub> 两施肥水平下, 稻瘟病菌居群的平均等位基因数分别为4.3636和2.9091, Nei's基因多样性指数分别为0.6497和0.4624, Shannon's信息指数基因分别为1.2206和0.7853。两个群体间的遗传相似系数为 0.6337, 遗传距离为0.4561, 基因分化系数为G<sub>st</sub> = 0.1355, 表明居群间有一定分化。用UPGMA方法聚类可知, 在45%的相似水平上, 稻瘟病菌被划为8个宗群, N<sub>300</sub> 条件下分离的稻瘟病菌株较N<sub>180</sub> 占有更多的宗群, 表明N<sub>300</sub> 条件下分离的稻瘟病菌株较N<sub>180</sub> 具有更丰富的遗传多样性。

**关键词**

分类号 [S 435.111.41](#)

**DOI:**

通讯作者:

郑毅 [yzheng@ynau.edu.cn](mailto:yzheng@ynau.edu.cn)

作者个人主页: 钱玲<sup>1</sup>; 汤利<sup>1</sup>; 郑毅<sup>1</sup>; 李成云<sup>2</sup>; 何月秋<sup>3</sup>

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(1004KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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 无 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [钱玲](#)
- [汤利](#)
- [郑毅](#)
- [李成云](#)
- [何月秋](#)