辣椒种质资源ITS 与系统进化分析

徐小万，李 颖*，王恒明*，徐晓美，李 涛，罗少波

广东省农业科学院蔬菜研究所，广州 510640

Analysis on the Internal Transcribed Spacers （ITS） Sequences and Phylogenetic of Pepper

XU Xiao-wan，LI Ying*，WANG Heng-ming*，XU Xiao-mei，LI Tao，and LUO Shao-bo

Vegetable Research Institute，Guangdong Academy of Agricultural Sciences，Guangzhou 510640，China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (240KB)   HTML (1KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS)   Supporting Info

摘要 以核糖体DNA 内转录间隔区（Internal Transcribed Spacer，rDNA ITS 区）作为DNA 条形码对辣椒进行系统进化分析。利用收集的17 份辣椒资源，提取总DNA，进行PCR 扩增和测序，并从GenBank 下载辣椒属的主要栽培种浆果状椒（Capsicum baccatum）、茸毛椒（C. pubescens）、灌木状辣椒（C. frutescens）和野生种（C. eximium）、野生种（C. lycianthoides）的ITS 序列，进行系统进化与亲缘关系分析。结果表明，以野生种（C. eximium）的ITS 序列为参考序列，利用Clustalx 2.1 软件进行比对，发现3 个中华辣椒、茸毛椒和灌木状辣椒在ITS1 区有15 个碱基缺失。以茄科番茄属（lycopersicon）栽培种'上海906'作为外类群，在进化树标尺约0.11 处，22 个辣椒属ITS 序列可分为6 个分支。全部一年生辣椒（14 个）聚在一支。中华辣椒（3 个）和灌木状辣椒聚在一支，表明中华辣椒与灌木状辣椒亲缘关系相对较近。野生种（C. eximium）、浆果状椒、茸毛椒和野生种（C. lycianthoides）分别单独为一支。

关键词： 辣椒   ITS 序列   系统进化

Abstract： Based on the emerging field of molecular systematics as a powerful classification tool，a phylogenetic analysis was conducted using sequences of the Internal Transcribed Spacer of nuclear ribosomal DNA（rDNA ITS）as DNA bar-codes for phylogenetic analysis of Capsicum plants. Seventeen pepper（Capsicum）resources were collected from different localities and sequenced ITS for all samples by sanger dideoxy method. Furthermore，other ITS sequences of Solanum lycopersicum（Shanghai906），C. baccatum，C. pubescens，C. frutescens，C. eximium and C. lycianthoides were downloaded from GenBank and aligned with the sequences obtained in this study by Clustalx 2 software. Then，the（G + C）content，divergence and similarity among sequences were analyzed by DNAstar software. Finally，based on the ITS sequences，phylogenetic tree was reconstructed by MEGA5.1 software using Solanum lycopersicon（Shanghai 906）as an outgroup to root the tree. The alignment result indicated a 15-base deletion in the ITS1 region for C. chinense（No. 6，7，8），C. pubescens（No. 20）and C. frutescens（No. 22）but not in C. annuum，C. baccatum，C. eximium and C. lycianthoides. According to the analysis of phylogeny，the 22 Capsicum samples were divided into 6 clustered，all of C. annuum samples were clustered together. C. chinense and C. frutescens were clustered together. The result indicated that the genetic relationships of C. chinense and C. frutescens were close. C. eximium，C. baccatum，C. pubescens and C. lycianthoides represent entirely different branches.

Keywords： Capsicum， ITS sequence， phylogenetic analysis

Service
- 把本文推荐给朋友
- 加入我的书架
- 加入引用管理器
- Email Alert
- RSS

作者相关文章
- 徐小万
- 李 颖
- 王恒明
- 徐晓美
- 李 涛
- 罗少波

链接本文:

http://www.ahs.ac.cn//CN/　　　或　　　http://www.ahs.ac.cn//CN/Y2014/V41/I5/881

[1]　　　　　　　　　　　　　　　　　　　　　null

[1]　　丁筑红, 刘海, 郑文宇, 李小鑫, 王晓芸.红辣椒"花皮"致病菌对果实细胞结构的影响[J]. 园艺学报, 2014,41(3): 479-488

[2]　　刘峰, 谢玲玲, 弭宝彬, 欧阳娴, 茆振川, 邹学校, 谢丙炎.辣椒转录组SNP挖掘及多态性分析[J]. 园艺学报, 2014,41(2): 343-348

[3]　　葛菊芬*，颜 彤, 欧阳炜, 高方雨, 努丽艳木古丽?木明江.辣椒新品种'新椒23号'[J]. 园艺学报, 2014,41(2): 393-394

[4]　　王述彬, 刘金兵, 潘宝贵, 刁卫平, 戈 伟.辣椒新品种'苏椒 17 号'[J]. 园艺学报, 2013,40(9): 1853-1854

[5]　　翁 伟, 罗晓文, 杨 旭, 成玉富.茄果类蔬菜抗根结线虫分子育种研究进展[J]. 园艺学报, 2013,40(9): 1741-1751

[6]　　申顺善1，赵玉华1，张利敬1，常淑娴1，王晶晶1，朴凤植2,*.绿针假单胞菌HG28-5对辣椒疫病的抑制活性及其根际定殖特性的研究[J]. 园艺学报, 2013,40(8): 1574-1582

[7]　　黄 炜, 巩振辉*, 李大伟, 逯明辉, 陈儒钢, 李 征.辣椒新品种'碧螺 6 号'[J]. 园艺学报, 2013,40(4): 793-

[8]　　付 玲, 白小梅, 杨显贺, 吴帼秀, 艾希珍.嫁接辣椒光合特性及其对产量和品质的影响[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 449-457

[9]　　孙春英, 毛胜利, 张正海, 王立浩, 张宝玺*.辣椒抗炭疽病遗传与育种研究进展[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 579-590

[10]　张国斌, 郁继华, 冯 致, 马彦霞, 吕 剑.NO 和ABA 对辣椒幼苗自毒作用缓解的生理生化机制[J]. 园艺学报, 2013,40(3): 458-466

[11]　魏兵强, 刘飞云, 马宗桓, 陈灵芝, 张 茹, 王兰兰, 侯 栋.辣椒EST-SSRs 的分布特征及在品种多样性研究中的应用[J]. 园艺学报, 2013,40(2): 265-274

[12]　黄欣阳, 刘志恒, 杨 红, 亓 烨, 胡积祥, 王世维.辣椒叶斑病的病原菌生物学特性研究[J]. 园艺学报, 2013,40(2): 275-282

[13]　周坤华, 陈学军, 方 荣, 陈丽珍, 宗洪霞, 缪南生.辣椒种间（*Capsicum annuum × C. frutescens*）遗传图谱的构建与分析[J]. 园艺学报, 2013,40(11): 2171-2179

[14]　魏兵强, 王兰兰*, 陈灵芝, 张 茹.辣椒胞质雄性不育恢复性的主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 园艺学报, 2013,40(11): 2263-2268

[15]　卢文佳1，李智军1，龙卫平1，韩福光2，谢 景1，郑锦荣2,*.辣椒新品种'皇冠'[J]. 园艺学报, 2013,40(10): 2087-2088