

植物保护

云南致病疫霉交配型、甲霜灵敏感性、mtDNA单倍型及其群体演替研究

赵志坚, 曹继芬, 李灿辉, 孙道旺, 杨明英, 王 军

云南省农业科学院农业环境资源研究所, 植物病理实验室<sup>1</sup>

收稿日期 2005-12-9 修回日期 网络版发布日期 2007-4-17 接受日期

**摘要** 【目的】对致病疫霉群体特征的认识, 是控制晚疫病危害的必要前提。【方法】对云南32个马铃薯和番茄产区的致病疫霉群体的交配型、甲霜灵敏感性、mtDNA单倍型进行了研究。【结果】云南马铃薯致病疫霉群体主要由A1交配型组成, 番茄致病疫霉全部为A1交配型。A2交配型和自育型菌株总体发生频率较低, 分别为3.4%和4.4%。自从2002年以后, 致病疫霉的群体结构发生了明显的变化, 没有检测到A2交配型或自育型菌株。致病疫霉对甲霜灵敏感性的离体测定显示马铃薯和番茄上均存在抗性、中抗和敏感菌株。甲霜灵抗性、中抗、敏感菌株分别占测定菌株的13.2%、9.4%和77.4%。分离自番茄的甲霜灵抗性菌株比例高于分离自马铃薯的菌株。Ia、IIa和Ib三种mtDNA单倍型被检测到, 马铃薯致病疫霉有Ia和IIa两种单倍型, 全部为第二次全球迁移后出现的“新”群体。Ia单倍型在群体中的比例为96%, 分布于所有马铃薯产区; 番茄致病疫霉则为Ia和Ib两种单倍型, “新”、“旧”群体共存。【结论】马铃薯和番茄致病疫霉群体的遗传结构有明显差异; 致病疫霉“新”、“旧”群体在云南已发生演替, 马铃薯致病疫霉“新”群体已成功替代了“旧”群体; 迁移和有限的有性生殖可能在云南致病疫霉群体的演替中担当了重要的作用。

**关键词** [交交配型](#), [自育性](#), [甲霜灵敏感性](#), [mtDNA单倍型](#), [晚疫病](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 赵志坚; 曹继芬; 李灿辉; 孙道旺; 杨明英; 王 军

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(433KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“交交配型,自育性,甲霜灵敏感性,mtDNA单倍型,晚疫病”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [赵志坚](#)

· [曹继芬](#)

· [李灿辉](#)

· [孙道旺](#)

· [杨明英](#)

· [王 军](#)