

【作者】	孙文秀，张修国
【单位】	长江大学生命科学学院，湖北荆州
【卷号】	36
【发表年份】	2008
【发表刊期】	16
【发表页码】	6695 - 6697
【关键字】	辣椒疫霉菌；遗传多样性；DNA 指纹图谱
【摘要】	<p>[目的] 探索来自辣椒寄主和土壤的辣椒疫霉的遗传多样性。[方法] 通过利用12个10碱基随机引物对来自我国4个不同地理区域的22个辣椒疫霉菌株的亲缘关系进行RAPD分析。[结果] 受试22个菌株共产生101条谱带，其中多态性为99条，占98.02%，说明受试辣椒疫霉菌具有丰富的遗传多样性。根据引物扩增的DNA指纹图谱，运用UPGMA分析法，以遗传相似系数0.5为阈值，将供试22个菌株划分为3个遗传聚类组（I、II、III）。RAPD标记技术分析表明，来辣椒寄主和土壤的菌株的全基因组DNA扩增图谱差异很大。[结论] 供试菌株具有丰富的遗传多样性，来自不同遗传背景的菌株差异显著，聚类组的划分与菌株的来源有一定的相关性。</p>
【附件】	 <a href="#">PDF下载</a> <a href="#">PDF阅读器下载</a>

关闭