

植物保护

用两个微卫星标记分析云南马铃薯晚疫病菌的遗传多样性

赵志坚, 曹继芬, 杨明英, 孙道旺, 李先平, 杨万林

云南省农业科学院农业环境资源研究所植物病理实验室

收稿日期 2007-11-5 修回日期 2008-2-2 网络版发布日期 2008-11-10 接受日期 2008-12-1

摘要

**【目的】**检测不同马铃薯产区晚疫病菌基因型的特征, 揭示马铃薯晚疫病菌群体的进化潜能和演替。**【方法】**用已开发出来的微卫星标记(SSR)对云南省23个马铃薯产区的晚疫病菌群体的遗传结构进行研究。**【结果】**在两个SSR位点Pi4B和Pi4G上共检测到8个等位基因, 占优势的等位基因是218和161, 基因频率分别为84.02%、32.52%。在分析的235个云南晚疫病菌菌株中, 检测到18个不同的SSR基因型, 其中8个新的SSR基因型谱系H-03、H-04、H-05、H-06、H-07、I-01、J-01和K-01被首次检测到; SSR基因型D-03、D-05、H-01和H-05是云南马铃薯晚疫病菌群体的优势谱系, 在云南的群体中所占的比例分别为20.85%、22.98%、15.32%和19.57%, 分布于云南的大部分马铃薯产区。**【结论】**云南马铃薯晚疫病菌群体遗传多样性在地理分布上差异明显, 滇中多季作种植区晚疫病菌群体显示了较高的遗传多样性, 滇南冬播作一季种植区群体结构单一。有证据表明中国云南晚疫病菌群体与其它国家20世纪80年代后出现的晚疫病菌群体在遗传上存在关联。

关键词 [马铃薯](#) [致病疫霉](#) [微卫星标记](#) [遗传多样性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

赵志坚; 曹继芬; 杨明英; 孙道旺; 李先平; 杨万林

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(319KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“马铃薯”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [赵志坚, 曹继芬, 杨明英, 孙道旺, 李先平, 杨万林](#)