

植物保护—研究报告

福建省致病疫霉菌SRAP遗传多样性分析

兰成忠,李本金,陈庆河,翁启勇

福建省农业科学院植物保护研究所

摘要:

为了解福建省致病疫霉菌的群体遗传结构,为该病原菌的遗传进化提供理论依据,笔者应用SRAP分子标记技术对福建省致病疫霉菌的群体遗传多样性,及不同地区菌株间的关系进行比较分析。利用10个菌株从110对引物组合中筛选出多态性引物10对,对分离自福建省10个不同市(县)的62个致病疫霉菌菌株DNA进行PCR扩增,共产生92条谱带,其中多态性标记90条,多态检测率为97.8%。利用NTSYpc Version2.1软件对供试菌株间的遗传距离进行聚类分析并构建系统树状图。以遗传距离0.57为阈值,可将供试62个菌株划分为4个遗传聚类组,SRAP分组与菌株的地理来源、寄主均无明显相关性。聚类分析结果表明,福建省不同地区的致病疫霉菌整体亲缘关系相近,但各菌株间存在遗传差异。

关键词: 遗传多样性

Analysis on Genetic Diversity of Phytophthora infestans Based on SRAP in Fujian Province

Abstract:

In order to learn the genetic structure of Phytophthora infestans in Fujian province and provide a theoretical basis for genetic evolution of this pathogen. Sequence related amplified polymorphism (SRAP) analysis was used to detect the genetic variation in populations of Phytophthora infestans in Fujian province. Among 110 combinations of primer pairs screened, 10 primer pairs that amplified consistent polymorphic bands with DNA of 10 isolates were generated. They were further applied to amplify the genomic DNA of 62 isolates collected from different areas and hosts in Fujian province. In total, 92 SRAP markers were obtained. Among the bands, 90 were polymorphic, which accounted for 97.8%. Based on the genetic distance, a dendrogram was constructed with the software NTSYspc Version2.1. At genetic distance of 0.57, 62 isolates were divided into 4 SRAP groups. There was no correlation between SRAP group and the geographic origin or their hosts. The analysis showed that some strains from one area closely related to that from another area. Nonetheless, rich genetic variation existed among the tested strains in Fujian province.

Keywords: genetic diversity

收稿日期 2010-09-09 修回日期 2010-10-13 网络版发布日期 2011-04-25

DOI:

基金项目:

国家自然科学基金“致病疫霉菌的群体遗传结构及其变异机制”;马铃薯晚疫病病菌无毒基因的变异及分子进化机制;马铃薯晚疫病病菌无毒基因的变异及分子进化机制;重要作物疫病病菌毒性组成结构及其抗药性监测研究

通讯作者: 兰成忠

作者简介:

作者Email: lczhong7911@126.com

参考文献:

本刊中的类似文章

扩展功能

本文信息

- ▶ Supporting info
- ▶ PDF(749KB)
- ▶ [HTML全文]
- ▶ 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

本文关键词相关文章

- ▶ 遗传多样性

本文作者相关文章

- ▶ 兰成忠
- ▶ 李本金
- ▶ 陈庆河
- ▶ 翁启勇

PubMed

- ▶ Article by Lan,C.Z
- ▶ Article by Li,B.J
- ▶ Article by Chen,Q.H
- ▶ Article by Weng,Q.Y

1. 胡红菊,王友平,张靖国,田瑞,陈启亮,杨晓平.梨属植物等位酶遗传多样性研究[J]. 中国农学通报, 2008,24(11): 319-323
2. 陈文文 刘厚诚 陈日远 宋世威 孙光闻.基于RAPD标记的芥蓝种质资源遗传多样性分析[J]. 中国农学通报, 2011,27(第8期4月): 150-155
3. 李 单 孟庆瑞 沙翠芸 刘 冰 李盼华 李彦慧.红叶李与安哥诺李及其杂交子代的RAPD分析[J]. 中国农学通报, 2011,27(第8期4月): 194-198
4. 杨春勇 李学兰 王云强 唐德英 张忠廉 高微微.人工栽培石斛的ISSR标记分析[J]. 中国农学通报, 2011,27(第4期2月): 148-152
5. 凌 磊, 李廷春, 李正鹏, 蔡 沂, 孙 旭, 苏 翔, 林 毅, 蔡永萍.利用SRAP标记分析彩色棉与白色棉的遗传差异[J]. 中国农学通报, 2009,25(16): 32-38
6. 张安世, 张为民, 邢智峰, 刘永英, 韦慧彦, 辛泽华.RAPD和SRAP标记技术在苔藓植物亲缘关系研究中的比较分析[J]. 中国农学通报, 2010,26(2月份03): 32-36
7. 李风云, 盛万民, 刘昭军, 田国奎, 李庆全, 王立春, 吴 爽.马铃薯品种遗传多样性的AFLP分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(8): 58-58
8. 李红岩,高宝嘉,南宫自艳.河北省4个黄顶菊居群的遗传多样性和遗传分化[J]. 中国农学通报, 2009,25(10): 29-35
9. 孙黛珍.六倍体小黑麦品种资源的抗旱性聚类分析[J]. 中国农学通报, 2009,25(03): 283-287
10. 张敏莹.长江下游铜鱼线粒体DNA (mtDNA) 遗传多样性的PCR-RFLP分析[J]. 中国农学通报, 2009,25(22): 0-0
11. 韩雪芹 林延慧 张礼凤 高燕 张丽娟.山东省不同年代栽培大豆SSR标记遗传多样性分析[J]. 中国农学通报, 2008,24(1): 74-77
12. 钟凤林, 潘东明, 郭志雄, 林 琳, 李开拓.龙眼种质资源的RAPD分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(7): 558-558
13. 蒲娜娜, 杜国强, 李明媛, 张建文, 马宝焜.7种SH系苹果砧木的AFLP分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(6): 141-141
14. 徐启江, 崔成日, 贾铁金.洋葱种质资源遗传多样性的ISSR分析[J]. 中国农学通报, 2007,23(6): 126-126
15. 高玉梅, 张淑江, 章时蕃, 李 菲, 王晓武, 武 剑, 孙日飞.白菜类作物资源群体结构分析[J]. 中国农学通报, 2009,25(21): 332-334