中国农业科学杂志 2003 36 (12): 1483 ISSN: 0578-1752 CN: 11-1328/S

无栏目

稻瘟病菌群体的分子遗传学研究——由5个亚群体组成的广东省稻瘟病菌群体遗传结构的分析

胡铁柱,王玲,冯熙路,潘庆华

华南农业大学资源环境学院植物抗病遗传学研究室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为了从不同角度和手段来了解稻瘟病菌群体遗传结构的特征，笔者利用一种新型的PCR标记SRAP(sequence relatedamplifiedpolymorphism)对广东省２０００和２００１年度５个地点的稻瘟病菌亚群体组成的试验群体的遗传结构进行了描述；进而计算各个亚群体的宗谱频率和特异性宗谱频率，对各个亚群体的遗传多样性和特异性进行了比较分析。从稻作区层面来看，本试验群体的遗传结构呈现南北分离、中间交汇的区域性特征；粤北稻区的遗传特异性明显地高于粤中稻区和粤南稻区。从供试地点层面来看，5个供试亚群体之间的遗传多样性和特异性存在较大的差异，即便是同为粤北稻区的乳源县和仁化县、以及粤南稻区的信宜县和廉江县，亚群体之间也存在较大的差异。从年份层面看，2个年度供试亚群体之间的遗传多样性和特异性极为相似。从生长季层面来看，2个生长季节供试亚群体间的遗传多样性和特异性也较相似。试验结果表明，以较小地理范围选择和构成的试验群体，是从不同角度深入地了解稻瘟病菌群体遗传结构特征的有效途径之一。

关键词 稻瘟病菌 SRAP 亚群体 遗传多样性 遗传特异性

分类号

DOI:

扩展功能

本文信息

Supporting info

PDF(426KB)

[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

相关信息

本刊中 包含“稻瘟病菌”的 相关文章

本文作者相关文章

· 胡铁柱

· 王玲

· 冯熙路

· 潘庆华

通讯作者:

作者个人主页: 胡铁柱;王玲;冯熙路;潘庆华