



用SSR和AFLP技术分析花生抗青枯病种质遗传多样性的比

摘要由*Ralstonia solanacearum* E. F. Smith引起的青枯病是若干亚洲和非洲国家花生生产的重要限制这一病害最好的措施。虽然一大批抗青枯病花生种质资源材料已被鉴定出来,但对其遗传多样性没有足有效利用。本研究以31份对青枯病具有不同抗性的栽培种花生种质为材料,通过简单序列重复(SSR)和技术分析了它们的遗传多样性。通过78对SSR引物和126对AFLP引物的鉴定,筛选出能显示抗青枯病种质P引物32对。所选用的29对多态性SSR引物共扩增91条多态性带,平均每对引物扩增3.14条多态性带;32条多态性带,平均扩增2.25条多态性带。在所筛选引物中,4对SSR引物(14H06, 7G02, 3A8, 16C6)和1对A态性的效果优于其他引物。SSR分析获得的31个花生种质的遗传距离为0.12-0.94,平均为0.53,而AFLP% 0.57,平均为0.25,基于SSR分析的遗传距离大于基于AFLP分析的遗传距离,疏枝亚种组的遗传分化相对分析方法所获得的聚类结果基本一致,但SSR数据聚类结果与栽培种花生的形态分类系统更为吻合。根性遗传图谱群体的核心亲本和抗性育种策略提出了建议。

[存档文本](#)