

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期,  
undefined - undefined 页

题目: 中国和美国大豆疫霉群体遗传结构的ISSR分析

作者: 王子迎<sup>1,2</sup> 王源超<sup>1</sup> 张正光<sup>1</sup> 郑小波<sup>1\*</sup>

1 南京农业大学植物病理系, 南京 210095

2 合肥师范学院生物系, 合肥 230061

摘要: 为探究中国和美国大豆疫霉的遗传关系, 采用简单序列重复区间扩增多态性(ISSR)技术, 对来自中国黑龙江省、福建省和美国的3个大豆疫霉地理群体的遗传多样性进行了分析。通过13个ISSR引物对供试的111株大豆疫霉菌株进行扩增, 共得到102个ISSR条带, 其中多态性条带为88个, 占86%。遗传变异分析表明, 美国群体具有更高的遗传变异度; Nei's 遗传相似性和主成分分析均显示, 中国福建群体与美国群体间的遗传相似性最高, 而福建群体与黑龙江群体间遗传相似性最低; 聚类分析显示, 供试菌株在88%的相似性水平上可区分为7个聚类组, 且美国群体分布于更多的聚类组中; Shannon-Wiener多样性指数也表明美国群体的遗传多样性最为丰富。综合分析表明, 本研究的结果不支持关于美国的大豆疫霉可能来源于中国的推测。

关键词: 大豆疫霉, 遗传多样性, 起源, 地理分布

通讯作者: 郑小波 (E-mail: [xbzheng@njau.edu.cn](mailto:xbzheng@njau.edu.cn)).

这篇文章摘要已经被浏览 228 次, 全文被下载 92 次。

[下载PDF文件 \(391781 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: [kxcb@ioz.ac.cn](mailto:kxcb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>