

# 辽宁省辣椒疫病菌多态性及致病力 分化研究初探

王辉<sup>1,2</sup> 刘长远<sup>2</sup> 赵奎华<sup>2</sup> 孙军德<sup>1\*</sup>

(1. 沈阳农业大学 土地与环境学院 辽宁 沈阳 110866)

(2. 辽宁省农业科学院植物保护研究所 辽宁 沈阳 110161)

**摘 要:** 【目的】明确辽宁省辣椒疫病菌多态性及致病力分化与区域性关系。【方法】利用 SRAP 技术对辽宁省 25 个辣椒疫病菌菌株进行了 PCR 扩增及 NTSYS-PC 聚类分析, 用灌根法进行致病力分化试验并对试验结果进行 SPSS 11.5 分层聚类分析。【结果】利用筛选出的 27 组引物对 25 个菌株进行扩增, 得到 578 条条带, 每对引物多态性比率在 84%–100% 之间, 多态性丰富; 供试菌株间遗传相似性较高, 相似系数 0.56–0.91, 以相似系数 0.68 为阈值划分, 25 个菌株可聚为 4 组。试验菌株 80% 为中等致病力, 聚类结果较为分散。【结论】供试菌株没有表现出明显的区域性特征, 菌株致病力强弱分化区域特征性规律不明显。

**关键词:** 辣椒疫病菌, SRAP 技术, 多态性, 致病力

## Preliminary study on polymorphism and pathogenicity of *Phytophthora capsici* Leonian in Liaoning

WANG Hui<sup>1,2</sup> LIU Chang-Yuan<sup>2</sup> ZHAO Kui-Hua<sup>2</sup> SUN Jun-De<sup>1\*</sup>

(1. College of Land and Environment, Shenyang Agricultural University, Shenyang, Liaoning 110866, China)

(2. Institute of Plant Protection, Liaoning Academy of Agricultural Sciences,  
Shenyang, Liaoning 110161, China)

**Abstract:** [Objective] The definite relation was found between polymorphism, pathogenicity

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项经费项目(No. 201003004); 辽宁省教育厅科研项目(No. L2010497); 辽宁省科技攻关项目(No. 2010215003)

\*通讯作者: Tel: 86-24-88487155; 信箱: sunjunde108@163.com

收稿日期: 2011-05-31; 接受日期: 2011-11-29

differentiation of *Phytophthora capsici* Leonian and regionality in Liaoning Province. [Methods] Using Sequence related Amplified Polymorphism (SRAP) technology, the 25 strains of *Phytophthora capsici* Leonian in Liaoning were amplified in PCR method and evaluated by clustering analyses of NTSYS-PC. The pathogenic differentiation was researched by root-drenching method, and it was examined with hierarchical cluster combination by SPSS 11.5. [Results] The results showed that the DNA of 25 strains were amplified by 27 primer pairs. A total of 578 bands were identified, of which 548 bands were polymorphic. The percentages of polymorphic fragments of each primer pairs were ranged from 84% to 100%. There were abundant polymorphism clustering analysis showed that the genetic similarity among the 25 strains of *Phytophthora capsici* Leonian were very high. The similarity coefficients varied from 0.56 to 0.91. They were divided into four groups at 0.68 for similarity coefficient, significant correlations were not obvious among the sources of these strains, and there were not regional characteristics. 80% strains were intermediate pathogenicity. [Conclusion] The tested strains were not significantly regional characteristics, and there was no regularity of pathogenicity differentiation from different areas.

**Keywords:** *Phytophthora capsici* Leonian, SRAP technology, Polymorphism, Pathogenicity

辣椒疫病又称黑胫病, 是一种由鞭毛菌亚门真菌辣椒疫霉(*Phytophthora capsici* Leonian)引发, 具有毁灭性灾害的土传性病害<sup>[1]</sup>。它主要以卵孢子在土壤中和植株病残体上越冬, 环境适宜时卵孢子开始萌发, 随风、雨、水等传播, 温暖高湿可使病害急剧发生并迅速蔓延, 引致大片植株萎蔫直至枯死, 在我国和世界上许多国家造成重大损失<sup>[2-3]</sup>。受土壤复杂环境的影响, 疫病菌呈现不断地变异和演化, 并且随着杀菌剂的大量施用, 疫病菌表现出更丰富的遗传多样性和更强抗药性的特点<sup>[4]</sup>。近些年来, 辽宁省辣椒疫病危害日趋严重, 已成为制约辣椒生产的主要因素之一。

SRAP (Sequence related amplified polymorphism)技术是 2001 年由 Li 和 Quiros 在芸苔属植物上开发出的新型分子标记技术<sup>[5]</sup>, 是一种无需任何序列信息即可直接 PCR 扩增的新型分子标记技术, 直接从 DNA 水平上检测基因组 DNA 的多态性<sup>[6]</sup>, 具有快速、可靠、高效、中等产率等优点, 克服了 RAPD (Random amplification polymorphism DNA)稳定性差、重复性差、产率

低, 以及 AFLP (Amplified fragment length polymorphism)步骤复杂、成本昂贵等缺点<sup>[7]</sup>。SRAP 技术现已成功应用于油菜、棉花、番茄、马铃薯、黑木耳等多种植物遗传图谱和多样性分析的研究<sup>[8-14]</sup>。针对植物病害的研究多集中在抗病基因的标记, 如水稻抗稻瘟病基因定位<sup>[15]</sup>, 小麦抗叶锈病近等基因标记<sup>[16]</sup>。利用 SRAP 技术对辣椒疫病基因进行多态性分析少有报道, 本研究以辽宁省辣椒疫病菌为研究对象进行病菌基因组的 SRAP 多态性分析及致病力分化研究, 以期明确疫病菌的多态性及进化背景提供科学的理论依据, 有利于了解群体的遗传本质, 对于更好地认识病害的发生规律、预测病害发生程度和制定有效的防治措施有着重要的意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试菌株

对采自辽宁省内辣椒主产区的 25 个病样经分离、纯化和鉴定, 病原均为辣椒疫病菌(*Phytophthora capsici* Leonian) (表 1)。

1.2 供试菌株菌丝体的收集

将供试的 25 个疫病菌株分别移植于装有 100 mL PDA 培养液的 250 mL 三角瓶中。在 25℃、140 r/min 摇床中培养 5 d 后, 5 000 r/min 离心 5 min, 用无菌滤纸吸干多余水分, 冷冻抽干研磨成粉末状, -80℃ 保存备用。

1.3 疫病菌 DNA 的提取及检测

利用天根新型植物基因组 DNA 提取试剂盒

对 DNA 基因组进行提取, 将提取产物经 1.2% 琼脂糖凝胶 100 V 稳压电泳 30 min, 利用紫外分光光度计测定  $OD_{260/280}$ , 检测样品的纯度。

1.4 SRAP 扩增

1.4.1 引物的筛选: 本试验采用的 10 条正向引物及 10 条反向引物<sup>[5,17]</sup> (表 2)均由上海生工生物工程技术服务有限公司合成, 选取不同地区的 4 株代表性疫病菌 HDG、FSH、JBZ、BXXSL 进行

表 1 菌株编号及菌株来源					
Table 1 The strain number and source of strain					
地点 Locus	代表菌株 Strain	地点 Locus	代表菌株 Strain	地点 Locus	代表菌株 Strain
沈阳市 Shenyang	SFK	朝阳市 Chaoyang	CYK	抚顺市 Fushun	FSA
	SXM	锦州市 Jinzhou	JBZ		FSB
	SYT	葫芦岛市 Huludao	HDG		FSH
	FKA	营口市 Yingkou	YGM		FSI
	SAA	本溪市 Benxi	BXBL		FSK
鞍山市 Anshan	ASF		BXHL		FSX
	AKH		BXN		FSL
大连市 Dalian	DLW		BXXSL	铁岭市 Tieling	TQY
丹东市 Dandong	DDNL				

表 2 正反引物的序列			
Table 2 Sequences of forward and reverse primers			
正向引物 Forward primers (5'→3')		反向引物 Reverse primers (5'→3')	
Me1	TGAGTCCAAACCGGATA	Em1	GACTGCGTACGAATTAAT
Me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em2	GACTGCGTACGAATTTGC
Me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	Em3	GACTGCGTACGAATTGAC
Me4	TGAGTCCAAACCGGACC	Em4	GACTGCGTACGAATTTGA
Me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em5	GACTGCGTACGAATTAAC
Me6	TGAGTCCAAACCGGACA	Em6	GACTGCGTACGAATTGCA
Me7	TGAGTCCAAACCGGACG	Em7	GACTGCGTACGAATTCA
Me8	TGAGTCCAAACCGGACT	Em8	GACTGCGTACGAATTCAC
Me9	TGAGTCCAAACCGGAGG	Em9	GACTGCGTACGAATTCAT
Me10	TGAGTCCAAACCGGAAA	Em10	GACTGCGTACGAATTGTC

引物 PCR 扩增, 筛选出条带清晰、特异性条带多且稳定的引物。用筛选出的引物对辣椒疫病菌 25 个菌株进行 PCR 扩增。

**1.4.2 PCR 反应体系及程序:** 总反应体积为 25  $\mu\text{L}$ : 10 $\times$ PCR buffer ( $\text{Mg}^{2+}$  free) 2.5  $\mu\text{L}$ ,  $\text{Mg}^{2+}$  2.0  $\mu\text{L}$ , 10 mmol/L dNTPs (10 mmol/L Each) 1.0  $\mu\text{L}$ , 正反向引物(10  $\mu\text{mol/L}$ )各 1.0  $\mu\text{L}$ , *Taq* DNA polymerase (5 U/ $\mu\text{L}$ ) 0.25  $\mu\text{L}$ , 模板 DNA 1.0  $\mu\text{L}$ , 用 ddH<sub>2</sub>O 定容至 25  $\mu\text{L}$ ; 反应程序参照 Li 和 Quiros 的方法略加修改<sup>[5]</sup>, 95  $^{\circ}\text{C}$  5 min; 95  $^{\circ}\text{C}$  1 min, 35  $^{\circ}\text{C}$  45 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  1 min, 4 个循环; 95  $^{\circ}\text{C}$  1 min, 56  $^{\circ}\text{C}$  1 min, 72  $^{\circ}\text{C}$  1 min, 34 个循环; 72  $^{\circ}\text{C}$  10 min, 4  $^{\circ}\text{C}$  保存。

**1.4.3 扩增产物分析及数据统计:** PCR 产物经 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳 1.5 h (180 V)、0.2%  $\text{AgNO}_3$  染色 15 min、3% NaOH 与 0.8%  $\text{CH}_3\text{OH}$  显色 5 min 后记录条带, 利用在 Marker (DL2000)为标记, 200–2 000 bp 之间出现 DNA 扩增带记为“1”, 无扩增带记为“0”, 整理数据并建立二元数据矩阵, 利用 NTSYS-PC 软件对供试材料进行聚类分析及遗传距离分析。

## 1.5 供试菌株致病力测定

**1.5.1 供试辣椒品种:** 圆甜 1 (甜椒)、辽椒 19 (牛角椒)、辽椒 11 (麻辣椒)、日本天鹰(朝天椒)

**1.5.2 致病力测定:** 采用灌根接种法, 将各供试菌接种于 PDA 培养基 25  $^{\circ}\text{C}$  培养 5 d 后, 沿菌落边缘打成直径 7 mm 菌碟, 放于距辣椒根茎约 2 cm 处打一深约 1 cm 的小孔<sup>[18]</sup>, 之后敷土浇水, 每 20 株苗为一处理, 每处理 3 次重复<sup>[19]</sup>, 以不接菌为空白对照, 接种后于温室内正常管理, 始终保持湿润。接种 2 d 后开始观察发病情况, 10 d 后调查各处理的发病情况。

**1.5.3 调查方法:** 参照易图永灌根接种法分级标准<sup>[20]</sup>, 根据病情指数来评价各菌株的致病力差异。

0 级: 无任何症状;

1 级: 幼苗根茎部稍有变黑, 叶片不萎蔫或可恢复性萎蔫;

2 级: 幼苗根茎部变黑达 1 cm–2 cm, 叶片不可恢复性萎蔫, 下部叶片偶有脱落;

3 级: 幼苗根茎部变黑超过 1 cm–2 cm, 叶片明显萎蔫或落叶明显;

4 级: 幼苗根茎部变黑、皱缩, 生长点外部叶脱落或整株萎蔫;

5 级: 植株枯死。

病情指数 =  $[\sum (\text{病级数值} \times \text{该病级株数}) \times 100] / (\text{病级最高值} \times \text{调查株数})$

**1.5.4 致病力划分:** 按照李智军方法<sup>[21]</sup>将供试菌株划分为: 强致病性菌株(平均病指  $\geq 50$ )、中等致病性菌株( $50 > \text{平均病指} \geq 20$ )、弱致病性菌株(平均病指  $\leq 20$ ), 并利用 SPSS 11.5 分层聚类方法对试验菌株进行树状聚类组合。

## 2 结果与分析

### 2.1 SRAP 引物的筛选

选取 HDG、FSH、JBZ、BXXSL 菌株对 100 组 SRAP 引物进行筛选, 结果得到 27 组条带清晰、多态性好的引物组合。

### 2.2 SRAP 引物扩增

利用 27 组引物对 25 个菌株进行 SRAP 扩增(图 1), 扩增共产生了 578 个标记, 多态性带数 548 条, 特异性带数 115 条。每个引物组合的多态性带数 11–30 条, 特异性带数为 0–12 条, 不同引物的多态性比率 84%–100%, 多态性丰富(表 3)。

### 2.3 SRAP 聚类分析

根据引物对 25 个菌株扩增结果进行 SRAP 聚类分析(图 2), 供试菌株遗传相似性较高, 相似系数为 0.56–0.91, 遗传距离为 6.67–2.97(表 4)。其中葫芦岛菌株 HDG 与本溪菌株 BXBL、丹东菌株 DDNL 与抚顺菌株 FSL 相似系数最高, 均为

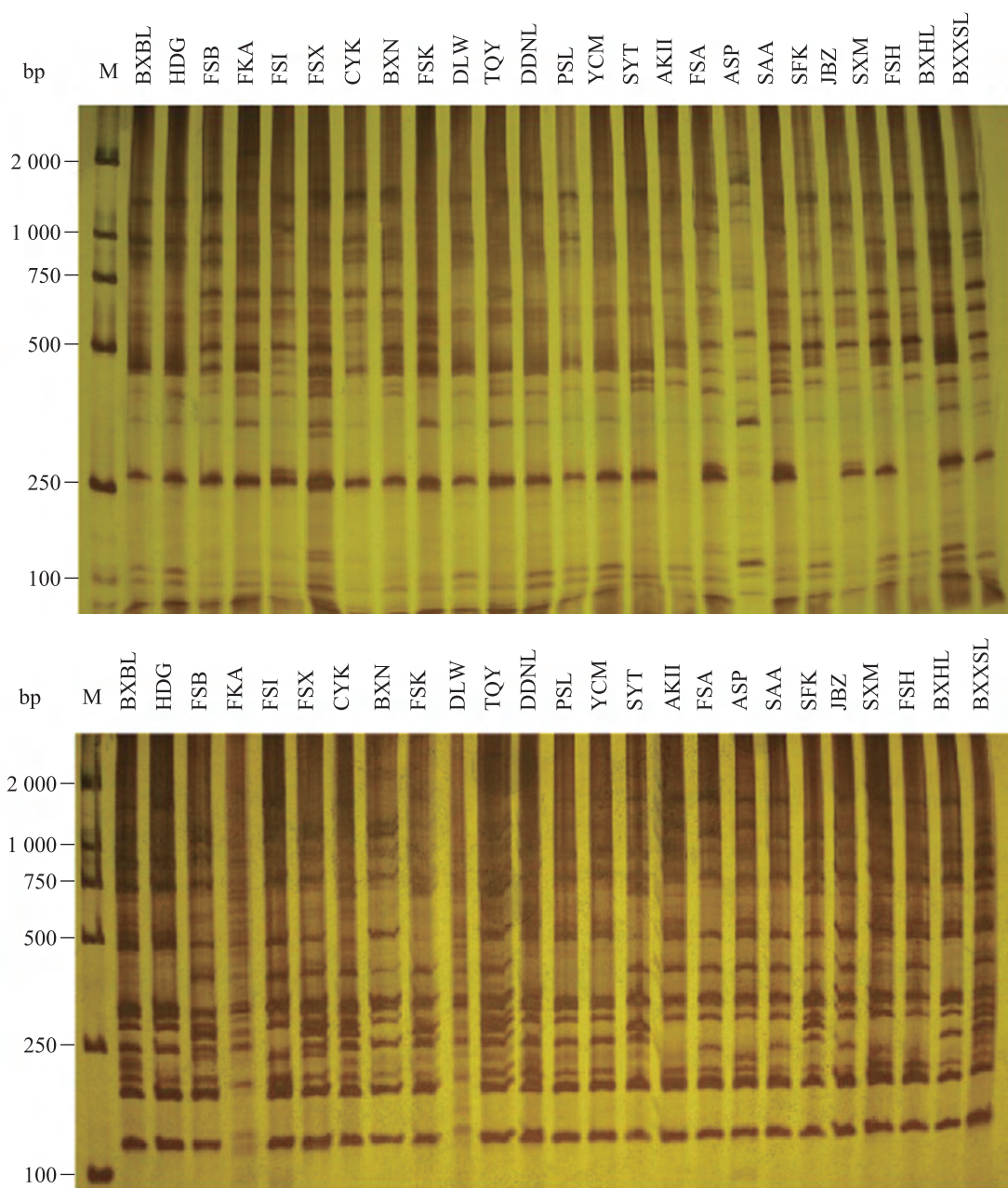


图1 Me4-Em2 和 Me8-Em2 引物组合对 25 个菌株 SRAP 扩增结果

Fig. 1 The amplifications of twenty-five strains by Me4-Em2 and Me8-Em2 primer pairs

0.91, 遗传距离最近, 均为 2.97; 鞍山菌株 ASF 与本溪菌株 BXHL 相似系数最低, 为 0.56, 遗传距离最远, 为 6.67。相似系数为 0.68 时划分为 4 组, 其中第 1 组包括 BXBL、HDG、DLW、DDNL、FSL、YGM 等 15 个菌株, FSI、FSA、SAA 3 个菌株聚为第 2 组, AKH、FSH、SFK、JBZ、SXM、

BXXSL 5 株菌聚为第 3 组, ASF 单独为第 4 组。同一个地区菌株分布的较为分散, 并没有聚在一起, 不同地区的菌株反而聚在一起, 25 个菌株间都没有表现出较为明显的区域性特征。

## 2.4 供试菌株致病力差异及聚类分析

健康辣椒植株从接种病菌第 7 天后开始陆续

发病, 试验结果可以看出(表 5) 接菌第 11 天平均病情指数在 5.83–51.67 之间, 其中营口菌株 YGM 致病力最强, 朝阳菌株 CYK 致病力最弱, 其中强致病力菌株 1 株, 弱致病力菌株 4 株, 其余均为中等致病力, 占试验菌株的 80%; FSX 等 7 株抚顺病菌病指 28.95–39.79, 均为中等致病力

菌株, 沈阳 5 株病菌病指 7.91–48.96, 差异较大, 聚类结果较为分散, 而鞍山、本溪等菌株聚类结果也未显示明显的区域相似特征(图 3)。由此可见, 辽宁省地区 辣椒疫病菌多数为中等致病力, 但省内各地区菌株致病力强弱分化的区域特征性规律不明显。

表 3 SRAP 引物组合对辣椒疫病菌扩增带数及多态性带数  
Table 3 The total and polymorphic fragments number per SRAP primer pair of *Phytophthora capsici* Leonian

序号 Code	引物组合 Primer combination	总带数 The number of total fragments	多态性带数 The number of polymorphic fragments	特异性带数 The number of special bands	多态性比率 Percentage of polymorphic fragments (%)
1	Me1-Em7	17	15	2	88.24
2	Me2-Em4	22	20	4	90.91
3	Me3-Em3	20	19	4	95.00
4	Me3-Em5	16	15	5	93.75
5	Me3-Em6	24	23	7	95.83
6	Me4-Em1	25	25	1	100
7	Me4-Em2	19	19	3	100
8	Me4-Em4	12	11	2	91.67
9	Me5-Em3	17	15	3	88.24
10	Me5-Em4	19	18	12	94.74
11	Me5-Em5	22	22	5	100
12	Me5-Em8	21	21	4	100
13	Me6-Em1	18	17	0	94.44
14	Me6-Em2	25	21	3	84.00
15	Me6-Em3	20	18	1	90.00
16	Me6-Em4	21	21	7	100
17	Me6-Em5	31	30	10	96.77
18	Me6-Em8	27	26	8	96.30
19	Me7-Em1	26	26	4	100
20	Me7-Em2	26	26	4	100
21	Me7-Em3	25	22	3	88.00
22	Me7-Em4	15	15	1	100
23	Me7-Em9	20	19	3	95.00
24	Me7-Em10	18	17	2	94.44
25	Me8-Em2	24	24	9	100
26	Me8-Em3	26	22	4	84.62
27	Me8-Em8	22	21	4	95.45

表 4 辣椒疫病菌 25 个菌株遗传距离  
Table 4 The genetic distances among twenty-five strains of *Phytophthora capsici* Leonian

	BXBL	HDG	FSB	FKA	FSI	FSX	CYK	BXN	FSK	DLW	TQY	DDNL	FSL	YGM	SYT	AKH	FSA	ASF	SAA	SFK	JBZ	SXM	FSH	BXHL	BXXSL
BXBL	0.00																								
HDG	2.97	0.00																							
FSB	5.06	4.80	0.00																						
FKA	5.20	5.21	4.32	0.00																					
FSI	5.52	5.34	5.16	5.20	0.00																				
FSX	5.55	5.38	3.99	4.85	5.33	0.00																			
CYK	5.36	5.08	4.16	4.32	5.39	4.12	0.00																		
BXN	5.72	5.49	4.87	5.21	5.50	4.90	4.87	0.00																	
FSK	5.38	5.13	5.11	5.21	5.44	5.11	5.08	5.33	0.00																
DLW	4.65	4.67	5.56	5.56	5.78	5.60	5.21	5.67	5.16	0.00															
TQY	5.58	5.31	5.26	5.06	5.79	5.42	5.20	5.24	4.83	5.14	0.00														
DDNL	4.44	4.34	5.42	5.36	5.42	5.46	5.26	5.34	4.97	3.92	4.89	0.00													
FSL	4.50	4.40	5.41	5.28	5.50	5.47	5.14	5.36	5.06	3.77	5.18	2.97	0.00												
YGM	4.71	4.54	5.33	5.33	5.58	5.55	5.23	5.50	5.14	4.01	5.03	3.86	3.55	0.00											
SYT	5.79	5.69	5.23	5.33	5.79	5.39	5.20	4.90	5.31	5.56	5.33	5.39	5.34	5.33	0.00										
AKH	6.16	6.06	5.90	5.81	6.01	6.01	5.69	5.94	5.73	5.88	5.66	5.72	5.67	5.50	5.72	0.00									
FSA	6.20	6.10	5.70	5.70	4.85	5.91	5.85	5.78	5.69	5.96	5.88	5.94	5.87	5.67	5.70	5.56	0.00								
ASF	6.56	6.52	6.10	6.24	6.27	6.48	6.29	6.34	6.25	6.47	6.38	6.35	6.28	6.29	6.38	6.14	6.07	0.00							
SAA	6.16	5.97	5.87	5.81	5.11	5.81	5.84	5.97	6.00	5.97	6.10	5.93	5.94	5.72	5.98	6.03	4.94	6.42	0.00						
SFK	6.08	5.96	5.64	5.58	5.46	5.79	5.26	5.60	5.87	5.47	5.39	5.73	5.66	5.64	5.67	5.08	5.46	6.21	5.63	0.00					
JBZ	6.10	6.08	5.56	5.78	4.90	5.84	5.60	5.79	5.64	5.61	5.87	5.75	5.58	5.63	5.66	5.70	5.08	6.17	5.06	4.83	0.00				
SXM	5.76	5.66	5.64	5.73	5.88	5.94	5.76	5.81	5.44	5.50	5.55	5.52	5.60	5.39	5.55	5.56	6.11	6.46	6.04	5.39	4.90	0.00			
FSH	6.08	5.98	5.85	5.64	5.94	6.08	5.64	5.96	5.98	5.78	5.67	5.82	5.56	5.61	6.00	4.69	5.85	6.04	5.87	4.92	5.28	5.33	0.00		
BXHL	4.99	5.41	5.85	6.03	6.00	6.00	5.79	6.10	5.69	5.01	5.85	4.85	4.83	5.20	5.91	5.78	6.14	6.67	6.04	5.76	5.50	5.67	5.33	0.00	
BXXSL	5.66	5.49	5.69	5.96	5.87	5.47	5.66	5.67	5.42	5.85	5.56	5.50	5.64	5.63	5.96	5.49	6.01	6.60	5.82	5.60	5.73	5.69	5.50	5.11	0.00

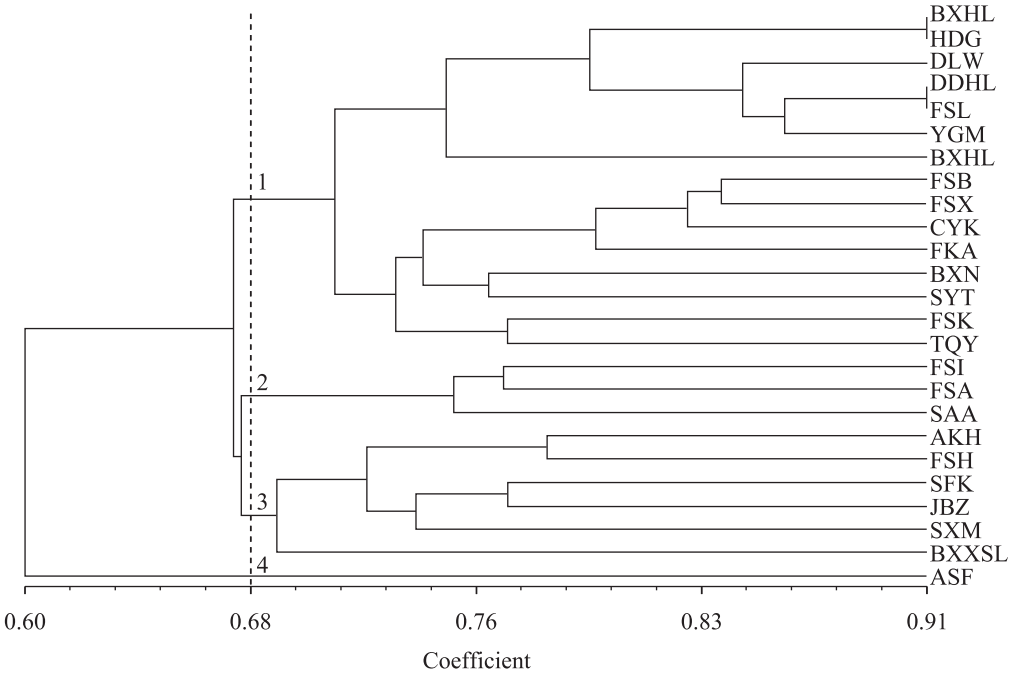


图 2 辣椒疫病菌 25 个菌株 SRAP 标记聚类分析

Fig. 2 The clustering analyses of SRAP for twenty five strains of *Phytophthora capsici* Leonian

### 3 结论与讨论

本研究利用 SRAP 技术对辽宁省不同地区辣椒疫病菌进行 PCR 扩增并进行聚类分析, 结果表明菌株群体的遗传相似性很高, 无论以哪个相似系数为阈值划分, 同一地区的菌株并没有聚在一起, 菌株来源相关性不明显, 而聚在一起的病样其 SRAP 条带仍存在一定的差异, 表现出丰富的多态性; 致病力试验结果表明, 试验菌株中 80% 表现出中等致病力, 聚类分析结果显示致病力的区域性特征不明显; 将 SRAP 聚类结果与病情指数聚类结果对比分析发现, 致病力一致或接近的菌株其遗传相似性并不高, 遗传相似性高的菌株致病力强弱有一定差异, 如 FSX、SAA、FSI、FSH 等菌株致病力极为接近, 但在 SRAP 聚类分析中却较为分散, 而 HDG 与 BXBL、DDNL 与 FSL

相似系数最高, 致病力却有所差异, 但都与地理位置无明显相关性。

孙文秀利用 RAPD 技术对广州、杭州、云南、山东等 7 个城市的辣椒疫病的遗传多样性研究结果表明, 同一区域的病样也表现出丰富的遗传多样性<sup>[22]</sup>; Dusabenyangasani 试验结果表明, 来自于不同地区的禾谷镰刀菌遗传多样性与菌株来源无关<sup>[23]</sup>; 李挺丹等应用 ISSR-PCR 分析了福建水稻纹枯菌的遗传多样性, 结果表明供试菌株的遗传聚类与致病力分化相关性不明显<sup>[24]</sup>, 均与本研究结果一致。近些年来研究发现, 辣椒疫病菌不同菌株不仅有明显的致病性差异, 而且存在生理小种分化现象, 各生理小种间致病力存在一定的差异<sup>[21]</sup>, 因此辣椒疫病菌的多态性、致病力强弱划分是否与生理小种分化有一定关系需进一步验证。



表 5 辣椒疫病菌在 5 个辣椒品种上的发病率及病情指数比较  
Table 5 Disease index of 17 strains of *Phytophthora capsici* Leonian on 5 varieties *Phytophthora capsici*

菌株 Strain	分离地区 Location	接种后 11 天病情指数 Index of disease 11 days after inoculation				平均值 Mean
		圆甜 1 Yuantian No1	辽椒 19 Liaojiao No19	辽椒 11 Liaojiao No11	日本天鹰 Tianying of Japan	
BXBL	本溪 Benxi	2.50 HR	10.00 HR	17.50 R	17.50 R	11.88 R
HDG	葫芦岛 Huludao	25.83 R	28.33 R	28.33 R	25.83 R	27.08 R
FSB	抚顺 Fushun	42.50 MR	46.68 MR	38.33 MR	21.68 R	37.29 MR
FKA	沈阳 Shenyang	34.18 MR	41.68 MR	44.18 MR	12.50 R	33.13 MR
FSI	抚顺 Fushun	30.83 MR	74.18 S	46.68 MR	7.50 HR	39.79 MR
FSX	抚顺 Fushun	42.50 MR	40.00 MR	40.00 MR	36.68 MR	39.79 MR
CYK	朝阳 Chaoyang	3.33 HR	3.33 HR	3.33 HR	13.33 R	5.83 HR
BXN	本溪 Benxi	22.50 R	31.68 MR	8.33 HR	16.68 R	19.79 R
FSK	抚顺 Fushun	31.68 MR	62.50 S	26.68 R	21.68 R	35.63 MR
DLW	大连 Dalian	60.00 S	40.83 MR	48.33 MR	30.00 R	44.79 MR
TQY	铁岭 Tieling	27.50 R	32.50 MR	25.00 R	35.83 MR	30.21 MR
DDNL	丹东 Dandong	47.50 MR	38.33 MR	37.50 MR	24.18 R	36.88 MR
FSL	抚顺 Fushun	38.33 MR	25.83 R	28.33 R	23.33 R	28.95 R
YGM	营口 Yingkou	53.33 S	51.68 S	51.68 S	50.00 MR	51.67 S
SYT	沈阳 Shenyang	64.18 S	51.68 S	70.00 S	10.00 HR	48.96 MR
AKH	鞍山 Anshan	55.00 S	40.00 MR	36.68 R	33.33 MR	41.25 MR
FSA	抚顺 Fushun	42.50 MR	65.00 S	45.00 MR	20.83 R	43.33 MR
ASF	鞍山 Anshan	41.68 MR	65.00 S	30.83 MR	31.68 MR	42.29 MR
SAA	沈阳 Shenyang	65.00 S	35.00 MR	51.68 S	7.50 HR	39.79 MR
SFK	沈阳 Shenyang	47.50 MR	26.68 R	20.83 R	26.68 R	30.42 MR
JBZ	锦州 Jinzhou	52.50 S	29.18 R	60.00 S	9.18 HR	37.71 MR
SXM	沈阳 Shenyang	3.33 HR	17.50 R	3.33 HR	7.50 HR	7.91 HR
FSH	抚顺 Fushun	40.00 MR	44.18 MR	69.18 S	2.50 HR	38.96 MR
BXHL	本溪 Benxi	47.50 MR	45.83 MR	45.00 MR	19.18 R	39.38 MR
BXXSL	本溪 Benxi	74.18 S	23.33 R	31.68 MR	15.00 R	36.04 MR

注: HR: 高抗(0<病情指数≤10); R: 抗病(10<病情指数≤30); MR: 中抗(30<病情指数≤50); S: 感病(病情指数>50).

Note: HR: Highly resistant (0<Disease index≤10); R: Resistant (10<Disease index≤30); MR: Moderate resistance (30<Disease index≤50); S: Susceptible (Disease index>50).

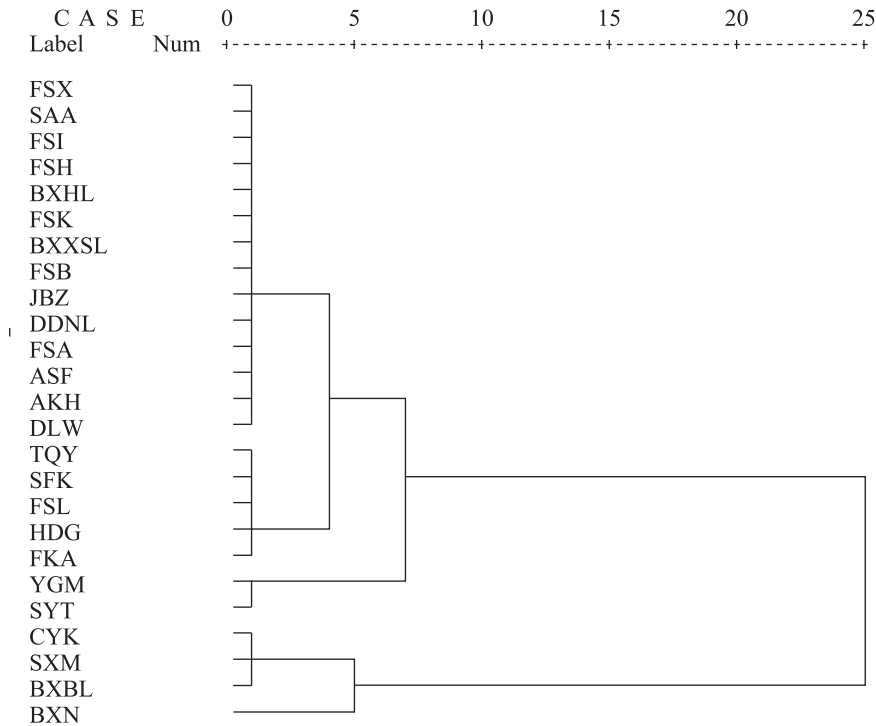


图 3 供试菌株致病力分层聚类组合图

Fig. 3 Synthetic map of the hierarchical clustering for tested strains' pathogenicity

参 考 文 献

[1] 易图永, 谢丙炎, 张宝玺, 等. 辣椒疫病的发生、危害及其防治研究进展[J]. 中国辣椒, 2002(2): 10-13.

[2] 罗德旭, 巩振辉, 李大伟. 辣椒疫病抗病性分子鉴定技术研究[J]. 西北农业学报, 2008, 17(5): 76-80.

[3] Silvar C, Merino F, Díaz J, et al. Diversity of *Phytophthora capsici* in Northwest Spain: analysis of virulence, metalaxyl response, and molecular characterization[J]. Plant Disease, 2006, 90(9): 1135-1142.

[4] Gisi U, Cohen Y. Resistance to phenylamide fungicides: a case study with *Phytophthora infestans* involving mating type and race structure[J]. Annual Review of Phytopathology, 1996, 34: 549-572.

[5] Li G, Quiros CF. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in *Brassica*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(2/3): 455-461.

[6] 柳李旺, 龚义勤, 黄浩, 等. 新型分子标记-SRAP 与 TRAP 及其应用. 遗传, 2004, 26(5): 777-781.

[7] 徐操, 赵宝华. SRAP 分子标记的研究进展及其应  
用[J]. 生命科学仪器, 2009, 7(4): 24-27.

[8] 陈碧云, 胡琼, Dixelius C, 等. 利用 SRAP 分析核  
盘菌遗传多样性[J]. 生物多样性, 2010, 18(5):  
509-515.

[9] 李媛媛, 沈金雄, 王同华, 等. 利用 SRAP、SSR  
和 AFLP 标记构建甘蓝型油菜遗传连锁图谱[J].  
中国农业科学, 2007, 40(6): 1118-1126.

[10] 林忠旭, 张献龙, 聂以春, 等. 棉花 SRAP 遗传连  
锁图谱构建[J]. 科学通报, 2003, 48(15): 1676-1679.

[11] Ruiz JJ, García-Martínez S, Picó B, et al. Genetic  
variability and relationship of closely related Spanish  
traditional cultivars of tomato as detected by SRAP  
and SSR markers[J]. Journal of the American Soci-  
ety for Horticultural Science, 2005, 130(1): 88-94.

[12] 李爱贤, 刘庆昌, 王庆美, 等. 利用 SRAP 标记构  
建甘薯分子连锁图谱[J]. 作物学报, 2010, 36(8):  
1286-1295.

[13] Tang LH, Xiao Y, Li L, et al. Analysis of genetic diversity among Chinese *Auricularia auricula* cultivars using combined ISSR and SRAP markers[J]. Current Microbiology, 2010, 61(2): 132-140.

[14] 刘华晶, 许修宏, 姜廷波. 大兴安岭地区野生黑木耳菌株 SRAP 的遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2011, 44(13): 2641-2649.

[15] 姜树坤, 张喜娟, 张丽. 水稻品种‘沈农 606’抗稻瘟病基因定位和连锁的 SRAP 片段分析[J]. 植物生理学通讯, 2007, 43(5): 852-855.

[16] 刘雅辉, 闫红飞, 杨文香, 等. 23 个小麦抗叶锈病近等基因系 SRAP 多态性[J]. 中国农业科学, 2008, 41(5): 1333-1340.

[17] 王瑜, 袁庆华, 李向林, 等. 与苜蓿褐斑病(CLS)抗性基因连锁的 SRAP 标记研究[J]. 中国农业科学, 2010, 43(2): 438-442.

[18] 王得元, 安康, 王汝贤. 广州市辣椒疫病菌原鉴定[J]. 广东农业科学, 2001(2): 37-39.

[19] 戚仁德, 丁建成, 顾江涛, 等. 辣椒疫霉致病力分化的初步研究[J]. 植物保护学报, 2002, 29(2): 189-191.

[20] 易图永, 张宝玺, 谢丙炎, 等. 辣椒疫病三种接种方法的比较[J]. 中国蔬菜, 2003(2): 16-18.

[21] 李智军, 龙卫平, 郑锦荣, 等. 广东辣椒疫霉菌分离鉴定及其致病力和生理小种分化研究[J]. 华南农业大学学报, 2007, 28(1): 50-54.





[22] 孙文秀, 张修国, 贾永健, 等. 不同地区辣椒疫霉菌遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 植物病理学报, 2005, 35(4): 340-344.

[23] Dusabenyagasani M, Dostatler D, Hamelin RC. Genetic diversity among *Fusarium graminearum* strains from Ontario and Quebec[J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 1999, 21(3): 308-314.

[24] 李挺丹, 彭世文, 王宗化, 等. 应用 ISSR-PCR 分析福建水稻纹枯菌的遗传多样性[J]. 植物病理学报, 2010, 40(2): 186-194.

征订启事

2012 年中科院微生物所期刊联合编辑部联合征订

	《微生物学报》月刊(每月 4 日出版), 单价 55.00 元, 全年定价 660 元。刊号: ISSN 0001-6209; CODEN WSHPA8。国内邮发代号: 2-504; 国外邮发代号: BM67。
	《生物工程学报》月刊(每月 25 日出版), 单价 65.00 元, 全年定价 780 元。刊号: ISSN 1000-3061; CODEN SGXUED。国内邮发代号: 82-13; 国外邮发代号: BM5608。
	《微生物学通报》月刊(每月 20 日出版), 单价 58.00 元, 年价 696 元。刊号: ISSN 0253-2654; CODEN WSWPDI。国内邮发代号: 2-817; 国外邮发代号: BM413。
	《菌物学报》双月刊(单月 15 日出版), 单价 80 元, 全年定价 480 元。刊号: ISSN 1672-6472; CODEN JXUUAЕ。国内邮发代号: 2-499; 国外邮发代号: Q723。
订阅	欢迎广大读者直接与本刊发行部联系订购, 我们将按期免费为您邮寄。
	汇款地址: (100101)北京市朝阳区北辰西路 1 号院 3 号中科院微生物所 B401
	收信人: 《                      》编辑部; 电话: 010-64806142; E-mail: bjb@im.ac.cn
	请在附言处注明“订刊费”及所订期刊名称、年代、卷、期和数量。