

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2014.12.007

重庆马铃薯致病疫霉(*Phytophthora infestans*) 的 SSR 基因型分析^①

石纹豪¹, 黄振霖², 杨水英³, 洪枫³,
李振轮¹, 欧建龙², 赵雨佳²

1. 西南大学 资源环境学院, 重庆 400715; 2. 重庆市农业技术推广总站, 重庆 400020;
3. 西南大学 植物保护学院, 重庆 400715

摘要: 利用从 Pi4B, Pi4G, Pi26, Pi02, PiG11 和 Pi16 6 个基因位点对应的 SSR 引物中筛选出的两对引物 Pi4G 和 Pi16 对重庆 134 个致病疫霉菌株进行了 SSR 基因型分析. Pi4G 位点扩增出 1 个大小为 201 bp 的清晰条带, Pi16 位点处扩增出 1 或 2 个清晰的条带, 大小为 217 bp 和 180 bp, 在这 2 个 SSR 基因位点共发现 3 个等位基因, 2 种基因型, 命名为 CQ-01, CQ-02. 其中, CQ-01 基因型数量占总数的 93.3%, CQ-02 基因型占 6.7%. 重庆各马铃薯主产区之间致病疫霉 SSR 基因型并未呈现出明显的差异, SSR 基因型较单一.

关键词: 致病疫霉; SSR; 等位基因; 基因型

中图分类号: Q933

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2014)12-0036-06

重庆是我国马铃薯的主产区之一, 截至 2011 年, 种植面积已达 36.7 万 hm^2 , 总产量约为 615.4 万 t, 居全国第四位^[1-3]. 但是, 近年来, 由致病疫霉(*Phytophthora infestans*)引起的晚疫病危害严重, 发生频繁, 严重威胁到了重庆马铃薯产业的发展^[3-8]. 据报道, 该病年均发生面积在 8 万 hm^2 左右, 每年造成 20%~30% 的产量损失, 严重时达 50% 以上. 2007 年全市晚疫病发生面积达 12.3 万 hm^2 , 成灾面积 3.9 万 hm^2 , 绝收 0.87 万 hm^2 . 晚疫病菌群体遗传结构的变化是导致马铃薯对晚疫病抗性丧失的重要原因^[8].

目前, 国内外学者利用多种分子标记技术 SSR, RAPD, AFLP, RFLP 等对不同地区致病疫霉的群体遗传结构展开了研究^[9-20]. SSR(简单重复序列, Simple Sequence Repeat)分子标记技术是通过普遍存在于真核生物中的重复序列进行 PCR 扩增, 通过确定扩增产物的多态性进行多态性分析的技术. 与 RAPD 相比, SSR 具有扩增产物的特异性更强、稳定性更高的优点. 2010 年黄振霖等^[8]利用 RAPD 分子标记技术对重庆晚疫病菌的群体结构进行了研究, 发现重庆地区遗传结构较单一, 病菌遗传多样性与地理来源具有一定的相关性, 但与其他研究者得出的结论有一定差异, 是否真正与采用不同的分子标记方法有关^[8], 为了进一步弄清重庆致病疫霉的群体遗传结构特征, 本研究利用 SSR 分子标记技术对重庆马铃薯主产区 134 个致病疫霉菌株进行了 SSR 基因型分析, 以期更好地指导重庆地区马铃薯晚疫病的防治, 保障马铃薯产业的健康、稳定发展.

① 收稿日期: 2013-10-29

基金项目: 国家现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS~10); 重庆市科委良种创新工程专项(cstc2012ggB8006); 重庆市薯类脱毒种薯快繁中心西南大学合作项目(2009064).

作者简介: 石纹豪(1988-), 男, 新疆昌吉州木垒人, 硕士研究生, 主要从事微生物学的研究.

通信作者: 李振轮, 教授.

1 材料与方法

1.1 供试菌株

2009 年于重庆北碚、奉节、开县、丰都、彭水、黔江、秀山、石柱、武隆、巫溪、酉阳、万州等 12 个马铃薯主产区采集马铃薯晚疫病标样,并通过单孢分离、纯化获得 134 个菌株。

1.2 培养基

黑麦培养基:称取 60 g 黑麦打碎,加 1 000 mL 自来水于 100 °C 煮沸 3 h 后,用两层纱布过滤,滤液加蒸馏水补足 1 000 mL,再加入琼脂粉 17 g,蔗糖 20 g,融化后分装于三角瓶中,121 °C 高压蒸汽灭菌 30 min。

1.3 SSR 引物

参考国内外文献^[12-21],共选用了 6 个 SSR 引物(由上海英潍捷基公司提供)对致病疫霉菌株 DNA 样品进行 PCR 扩增.引物名称以及碱基序列见表 1。

表 1 SSR 引物序列及退火温度

引物名称	引物序列 F	引物序列 R	退火温度
Pi4B ^[17]	5'-AAAATAAAGCCTTTGGTTCA-3'	5'-GCAAGCGAGTTTGTAGATT-3'	58 °C
Pi4G ^[17]	5'-CGCTGTGTGGATGACAATA-3'	5'-TCGACCTGACATACGAGCTA-3'	50 °C
Pi02 ^[18]	5'-CAGCCTCCGTGCAAGA-3'	5'-AAGGTGCGCGAAGACC-3'	58 °C
Pi26 ^[18]	5'-GCAGTAGCCGTAGTCCTCAG-3'	5'-GTTCCAAATCGTCAACCAAC-3'	58 °C
PiG11 ^[21]	5'-GCGAATTCCAACACCGATGCACACA-3'	5'-CGCGGATCCTAGGCAGCTCTTTAGG-3'	56 °C
Pi16 ^[22]	5'-CACAGCACGCGGAATC-3'	5'-ACGCCGAGTGTCTCTGA-3'	56 °C

1.4 病原菌基因组 DNA 的提取及浓度与纯度检测

致病疫霉菌基因组 DNA 的提取采用 CATB 法^[23].取纯化的致病疫霉菌株平板,刮下菌丝置于干净的研钵中,加液氮冻干后研磨成粉末,然后利用 CATB 法提取致病疫霉菌基因组 DNA.利用 Beckman DU800 分光光度计,检测 DNA 的纯度及浓度,用超纯水稀释至 50 ng/ μ L 备用。

1.5 SSR 引物筛选

SSR 引物的筛选主要通过使用选定的 SSR 引物(表 1)对样品进行 PCR 扩增,扩增产物进行琼脂糖凝胶电泳检测后对其进行聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,选择产生 1~2 个条带的 SSR 引物来完成整个实验。

PCR 扩增体系采用 25 μ L 反应体系,其中 10 \times PCR 缓冲液(pH 9.0, Tris-HCl 500 mM, TritonX-100 2.5 μ L), dNTPs 0.5 μ L(10mol/L), Taq 酶 0.15 μ L(5 U/ μ L), 正反向引物各 0.05 nmol, DNA 模板 50 ng,加超纯水补足 25 μ L。

由于不同的引物所用退火温度不同,所以本试验对其他条件不作更改,只对退火温度略作调整.修正后的程序如下:扩增程序:94 °C 40 s,预变性;94 °C 30 s,58 °C 40 s,72 °C 20 s,35 个循环;72 °C 10 min;4 °C 保存.退火温度参照表 1。

扩增产物先进行琼脂凝胶电泳检测,然后以 10%聚丙烯酰胺凝胶(PAGE)电泳^[24]对 PCR 产物进行 DNA 片段的精确分离,采用硝酸银染色法^[25]染色后,照像分析.以 PBR322/MspI 作为 Marker。

1.6 重庆致病疫霉(*Phytophthora infestans*)的 SSR 基因型测定

使用筛选出的引物对所有待测样品 DNA 进行 SSR-PCR 扩增,扩增程序参照引物筛选过程中相对应引物扩增程序.扩增结束后扩增产物先进行琼脂凝胶电泳检测,然后以 10%聚丙烯酰胺凝胶(PAGE)电泳^[26]对 PCR 产物进行特异性条带的检测,并对扩增条带进行记录.在特定带型位置上有带的计为 1,无带的计为 0,以便用于基因型分析。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物筛选结果

聚丙烯酰胺凝胶电泳结果得出 Pi4B, Pi02, Pi26 和 PiG11 4 个 SSR 基因位点的 PCR 扩增产物产生的条带都多于 3 条. 引物 Pi4G 处扩增出 1 个条带, 大小约为 201 bp. 引物 Pi16 扩增出 2 个差异性条带, 大小分别约为 217 bp, 180 bp. 但致病疫霉的营养菌丝体为二倍体. 理论上, 1 个菌株在 1 个基因座上可以产生 2 个条带, 代表杂合的等位基因^[21]. 因此, 选择 Pi4G 和 Pi16 2 个基因位点引物对重庆致病疫霉 SSR 基因型进行分析.

2.2 重庆不同马铃薯主产区致病疫霉 SSR 基因型的分布

通过 Pi4G 和 Pi16 2 个 SSR 引物对来自重庆市 12 个马铃薯主产区的 134 个样品进行了 SSR 基因型分析, 共检测出 3 个等位基因, 2 种基因型, 并以此命名为 CQ-01, CQ-02. 其中 CQ-01 为主要基因型, 出现频率达到 93.3%, 而 CQ-02 只达到 6.7%(表 2). 在 12 个被检测的地区中都能发现 CQ-01 基因型. 而 CQ-02 基因型只在秀山、彭水、开县、丰都、武隆 5 个地区有发现. 黔江、奉节、石柱、巫溪、北碚、酉阳、万州 7 个地区的样品检测结果都为 CQ-01 基因型. 而秀山的 7 个样品有 6 个为 CQ-01 基因型, 1 个为 CQ-02 基因型. 彭水的 12 个样品中, 也仅有 1 个为 CQ-02 基因型, 其余 11 个均为 CQ-01 基因型. 开县的 19 个样品中, 18 个为 CQ-01 基因型, 1 个为 CQ-02 基因型. 丰都的 9 个样品中, 8 个为 CQ-01 基因型, 1 个为 CQ-02 基因型. 武隆地区 16 个样品中, 11 个为 CQ-01 基因型, 5 个为 CQ-02 基因型, CQ-02 基因型在该地区出现的频率较大, 为 31.3%(见表 3).

表 2 微卫星分子标记引物 Pi16 和 Pi4G 划分的致病疫霉 SSR 基因型
(“×”代表在该位点扩增出了条带)

基因型	Pi4G(Fragment length bp)		Pi16(Fragment length bp)		菌株数量 /个	基因型比例 /%
	201		180	217		
CQ-01	×		×	×	138	93.3
CQ-02	×		×		9	6.7

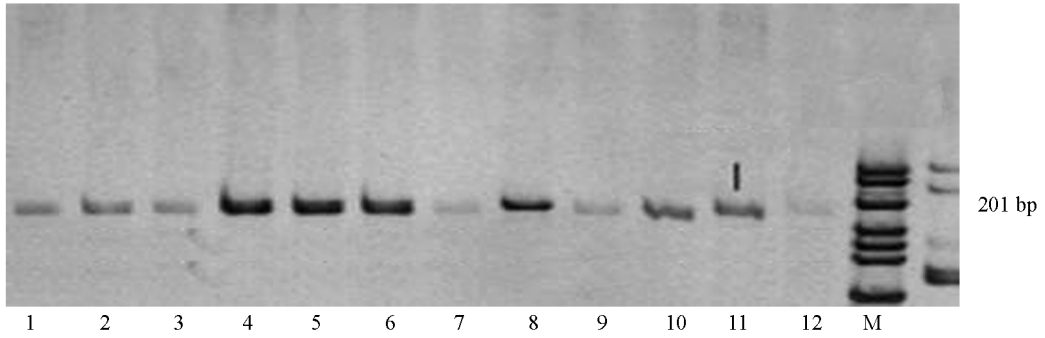
表 3 不同马铃薯主产区致病疫霉的 SSR 基因型

采集地点	基因型	菌株数量/个	采集地点	基因型	菌株数量/个
黔江	CQ-01	18	石柱	CQ-01	17
秀山	CQ-01	6	武隆	CQ-01	11
	CQ-02	1		CQ-02	5
彭水	CQ-01	11	巫溪	CQ-01	11
	CQ-02	1		北碚	CQ-01
开县	CQ-01	18	酉阳	CQ-01	7
	CQ-02	1		万州	CQ-01
奉节	CQ-01	9			
丰都	CQ-01	8			
	CQ-02	1			

2.3 重庆不同马铃薯主产区致病疫霉遗传多样性分析

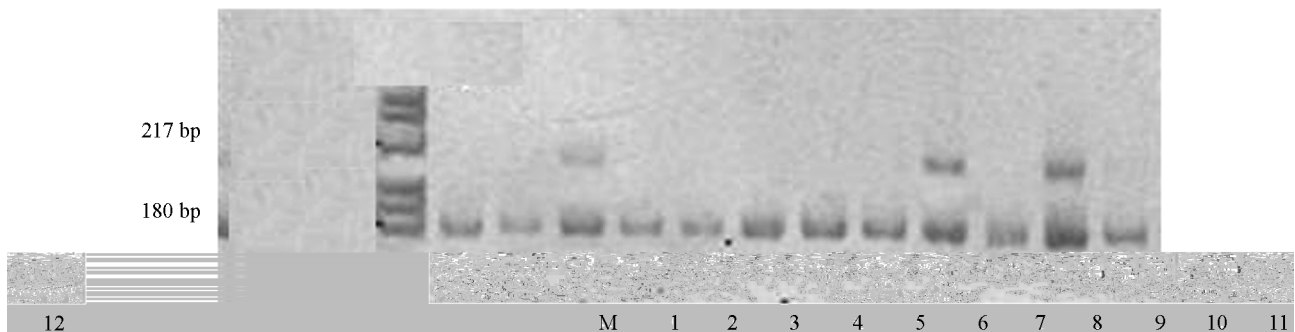
对重庆市黔江、秀山、彭水、开县等 12 个马铃薯主产区的 134 个致病疫霉菌株进行 SSR 基因型检测时, 在 Pi4G 基因位点上 12 个地区的 134 个样品都扩增出了大小约为 201 bp 的条带, 该等位基因的出现频率为 100%, 进一步说明该等位基因是重庆地区马铃薯晚疫病菌中一直存在的. 而在 Pi16 位点上 12 个地区的 134 个样品均扩增出了大小约为 180 bp 的条带, 125 个样品扩增出了 2 个大小分别约为 180 bp 和 217 bp 的条带, 只有来自秀山、彭水、开县、丰都、武隆 5 个地区的 9 个样品没有扩增出大小为 217 bp 的条带. 可见, 重庆市马铃薯致病疫霉菌中同时扩增出 180 bp, 217 bp 条带的等位基因位点普遍存在, 而扩增出 217 bp 条带的等位

基因出现的频率较少. 由是否扩增出 217 bp 条带的等位基因决定的基因型 CQ-02 出现率约为 6.7%, 故重庆市马铃薯晚疫病的 SSR 基因型多为 CQ-01. 且可以明显得出 SSR 基因型 CQ-01 存在于被检测的 12 个地区. 而 SSR 基因型 CQ-02 只在秀山、彭水、开县、丰都、武隆 5 个地区出现. 因此可推断, 酉阳、北碚、巫溪、石柱、奉节、黔江、万州 7 个地区之间的致病疫霉遗传多样性差异不大, 秀山、彭水、开县、丰都、武隆 5 个地区之间的致病疫霉遗传多样性差异不大. 酉阳、北碚、巫溪、石柱、奉节、黔江、万州 7 个地区与秀山、彭水、开县、丰都、武隆 5 个地区的致病疫霉之间遗传多样性差异较大. 总体而言, 重庆市马铃薯晚疫病 SSR 基因型比较单一, 各马铃薯主产区致病疫霉遗传差异性较小, 见图 1, 图 2.



1—12: 菌株 KX40, FD13, PS46, KX43, WL41, WL47, WL43, WL49, KX44, KX45, KX5, KX8. M: Marker PBR322/MspI.

图 1 部分致病疫霉菌株基于 SSR 基因座 Pi4G 的 DNA 指纹图谱



1—12: 菌株 KX40, FD13, PS46, KX43, WL41, WL47, WL43, WL49, KX44, KX45, KX5, KX8. M: Marker PBR322/MspI.

图 2 部分致病疫霉菌株基于 SSR 基因座 Pi16 的 DNA 指纹图谱

3 讨论

重庆地区地形复杂多样, 以丘陵、山地为主, 而且地势起伏大, 具有从东部、东南部和南部向长江河谷逐级降低的特征. 受地理位置及多变地形的影响, 重庆部分地区之间气候因素存在较大差异, 而气候因素对马铃薯晚疫病的发生及传播影响较大. 本研究针对重庆本地致病疫霉, 筛选出比较适合重庆市马铃薯晚疫病致病疫霉 SSR 基因型分析的引物, 以此来检测重庆市马铃薯主产区致病疫霉 SSR 基因型的变化, 探究重庆各马铃薯主产区致病疫霉的遗传多样性, 为今后马铃薯致病疫霉的遗传多样性监测奠定基础. 通过对引物的筛选, 确定了 Pi16 和 Pi4G 2 个基因位点引物, 比较适合用于重庆市马铃薯主产区晚疫病致病疫霉 SSR 基因型的检测.

目前, 国内利用微卫星标记技术对马铃薯上致病疫霉进行多样性分析时大多数采用 Pi4B 和 Pi4G 2 个引物. 姚国胜等^[13] (2008 年) 利用 Pi4B 和 Pi4G 2 个 SSR 引物对来自河北和黑龙江两个省份的 58 个马铃薯致病疫霉菌株基因组 DNA 进行 SSR 基因型鉴定, 其中河北省的菌株共鉴定出 4 个 SSR 基因型, 黑龙江的菌株共鉴定出 2 个 SSR 基因型; 并于 2009 年^[26] 利用同样的 SSR 引物 Pi4B 和 Pi4G, 测定了中国部分地区 66 个致病疫霉菌株 (其中包括 2 株采自重庆的菌株) 和 2 个参考菌株的 SSR 基因型, 在被测定的 66 个致病疫霉菌株中, 共产生了 7 种 SSR 基因型. 陈茜等^[27] (2010 年) 引用 2 个 SSR 引物 Pi4B 和

Pi4G, 对四川省 91 个菌株的基因型进行遗传多样性分析, 共鉴定出 8 个 SSR 基因型. 刘蕊等^[28] (2010 年) 利用 SSR 引物 Pi4B, Pi4G 分析了河北 33 株番茄晚疫病病菌和 12 株马铃薯晚疫病病菌的基因型, 发现 33 株番茄晚疫病病菌中有 2 种基因型, 12 株马铃薯只有 1 种基因型. 吴艳清等^[29] (2012 年) 利用 2 对 SSR 引物 Pi4B 和 Pi4G 对采自河北、黑龙江、辽宁和吉林的 373 株致病疫霉的 SSR 基因型进行分析, 4 个省份共鉴定出 16 种 SSR 基因型.

国内对马铃薯晚疫病病菌进行 SSR 基因型分析的时候大多采用引物 Pi4B 和 Pi4G, 并未针对所研究地区马铃薯晚疫病病菌的特点进行引物筛选. 本实验在总结前人基础上, 针对重庆地区马铃薯晚疫病病菌进行了引物筛选. 筛选出了能够清晰表现出重庆各马铃薯主产区致病疫霉之间遗传多样性的引物. 通过使用 Pi16 和 Pi4G 2 个基因位点引物进行检测, 获得了如下结论, 即重庆市马铃薯晚疫致病疫霉 SSR 基因型比较单一, 各马铃薯主产区致病疫霉遗传差异性较小, 这与黄振霖等^[8] 利用 RAPD 分子标记技术对重庆晚疫病病菌的群体结构进行研究的结果相一致, 说明重庆晚疫病病菌的群体遗传结构确实较单一, 与所采用的不同分子标记方法无关, 为此, 今后应更多地选用适合当地种植的马铃薯品种, 防止品种抗性的丧失. 同时, 应定期监测病菌群体遗传结构变化动态, 更好地指导马铃薯晚疫病的防治.

参考文献:

- [1] 欧建龙, 黄振霖, 赵雨佳, 等. 重庆马铃薯产业经济调研情况分析与建议 [J]. 中国马铃薯, 2012, 26(4): 251—254.
- [2] 刘保国, 白洁, 黄振霖. 重庆市马铃薯产业发展现状及对策 [J]. 南方农业, 2013, 7(26): 1—4.
- [3] 黄振霖, 李建华, 欧建龙, 等. 重庆马铃薯晚疫病发生原因及防治对策 [J]. 植物医生, 2008, 21(6): 11.
- [4] 丁海滨, 卢扬, 邓禄军. 马铃薯晚疫病发病机理及防治措施 [J]. 贵州农业科学, 2006, 34(5): 76—81.
- [5] 李汝刚, 伍宁丰, 范云六. 马铃薯抗晚疫病研究进展 [J]. 马铃薯杂志, 1997, 11(4): 243—250.
- [6] 邢兆光, 殷登科, 王桂娟. 马铃薯晚疫病发生原因及综合防治 [J]. 农业科技通讯, 2008(4): 96.
- [7] 何卫蓉, 罗贤芝, 蔡道辉. 马铃薯晚疫病大发生原因分析及综合防治 [J]. 中国园艺文摘, 2013, 29(3): 164—165.
- [8] 黄振霖, 张国臣, 杨水英, 等. 重庆马铃薯晚疫病病菌群体遗传结构研究 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2010, 32(6): 17—22.
- [9] 祝雯, 付海静, 杨丽娜, 等. 福建省部分地区马铃薯致病疫霉群体遗传多样性分析 [J]. 激光生物学报, 2013, 22(3): 267—272.
- [10] 朱小琼, 王英华, 国立耘. 中国不同地区致病疫霉遗传多样 RAPD 分析 [J]. 植物病理学报, 2006, 36(3): 249—258.
- [11] 张艺萍, 罗文富, 杨艳丽. 马铃薯和番茄晚疫病病菌全基因组 DNA 的 RAPD 多态性分析 [J]. 云南农业大学学报, 2007, 22(3): 352—357.
- [12] 赵志坚, 曹继芬, 杨明英, 等. 用两个微卫星标记分析云南马铃薯晚疫病病菌的遗传多样性 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(11): 3610—3617.
- [13] 姚国胜, 王俊山, 杨英茹, 等. 河北省和黑龙江省马铃薯晚疫病病菌 SSR 基因型分析 [J]. 科技导报, 2008, 26(5): 35—39.
- [14] 李本金, 吕新, 陈庆河, 等. 利用 SSR 和 RAPD 标记分析中国部分地区晚疫病病菌群体遗传多样性 [J]. 农业生物技术学报, 2009, 17(2): 347—354.
- [15] LI Y, COOKE D E L, JACOBSEN E, et al. Efficient Multiplex Simple Sequence Repeat Genotyping of the Oomycete Plant Pathogen *Phytophthora infestans* [J]. Journal of Microbiological Methods, 2013, 92(3): 316—322.
- [16] DELGADO R A, MONTEROS-ALTAMIRANO A R, LI Y, et al. Large Subclonal Variation in *Phytophthora infestans* Populations Associated with *Ecuadorian potato* Landraces [J]. Plant Pathology, 2013, 62(5): 1081—1088.
- [17] KNAPOVA G, GISI U. Phenotypic and Genotypic Structure of *Phytophthora infestans* Populations on Potato and Tomato in France and Switzerland [J]. Plant Pathology, 2002, 51(5): 641—653.
- [18] AKINO S, BABA Y, KONDO N. Use of Microsatellite Marker Pi26 for Rapid Discrimination of Five *Japanese genotypes* of *Phytophthora infestans* [J]. Journal of General Plant Pathology, 2009, 75(5): 349—352.
- [19] 刘朝贵, 李小孟, 须建, 等. 三大产区蔬菜遗传多样性及亲缘关系的 RAPD 分析 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2012, 34(10): 54—59.
- [20] 腾中华, 王晓雯, 张建, 等. 棉花栽培品种/品系的 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2014, 34(12): 20—26.

- [21] LI B, CHEN Q, LV X, et al. Phenotypic and Genotypic Characterization of *Phytophthora infestans* Isolates from China [J]. Journal of Phytopathology, 2009, 157(9): 558–567.
- [22] LEES A K, WATTIER R, SHAW D S, et al. Novel Microsatellite Markers for the Analysis of *Phytophthora infestans* Populations [J]. Plant Pathology, 2006, 55(3): 311–319.
- [23] MÖLLER K, DILGER M, HABERMEYER J, et al. Population Studies on *Phytophthora infestans* on Potatoes and Tomatoes in Southern Germany [J]. European journal of plant pathology, 2009, 124(4): 659–672.
- [24] 刘水平, 罗志勇. 琼脂糖凝胶电泳实验技巧 [J]. 实用预防医学, 2006, 3(4): 1068.
- [25] 霍金龙, 曾 嵘, 潘伟荣, 等. 微卫星 PCR 聚丙烯酰胺凝胶银染法影响因素的分析研究 [J]. 云南农业大学学报, 2005, 20(1): 11–15.
- [26] 姚国胜, 杨志辉, 朱杰华, 等. 中国部分地区马铃薯寄主上致病疫霉 SSR 基因型分析 [J]. 菌物学报, 2009, 28(2): 275–282.
- [27] 陈 茜, 李 颖, 张 敏, 等. 采用微卫星标记技术研究四川省马铃薯晚疫病病菌种群遗传多样性 [J]. 西南农业学报, 2010, 23(1): 91–97.
- [28] 刘 蕊, 钟进良, 饶小珍, 等. 番茄和马铃薯晚疫病病菌的 SSR 基因型分析 [J]. 广东农业科学, 2010, 37(10): 149–151.
- [29] 吴艳清, 蒋继志, 郑 旭, 等. 中国东北部与河北省致病疫霉 SSR 基因型的组成与分析 [J]. 中国农学通报, 2012, 28(14): 170–174.

SSR Genotypic Analysis of *Phytophthora infestans* on Potato Plants in Chongqing

SHI Wen-hao¹, HUANG Zhen-lin², YANG Shui-ying³,
HONG Feng³, LI Zhen-lun¹, OU Jian-long², ZHAO Yu-jia²

1. School of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China;

2. Chongqing Agricultural Technology Extension Centre, Chongqing 400020, China;

3. School of Plant Protection, Southwest University, Chongqing 400715, China

Abstract: The primers Pi4G and Pi16 were chosen from Pi4B, Pi4G, Pi26, Pi02, PiG11 and Pi16 to analyze the SSR genotypes of 134 isolates of *Phytophthora infestans* in Chongqing. One clear band about 201 bp was amplified from the gene locus Pi4G, and one or two clear bands of 217 bp and 180 bp were amplified from Pi16. Three alleles and two kinds of genotypes (CQ-01 and CQ-02) were identified from Pi4G and Pi16. The number of CQ-01 accounted for 93.3% of the total and that of CQ-02 accounted for only 6.7% of the total. In conclusion, no significant differences were detected between the different isolates of *P. infestans* from the main potato-cultivating regions of Chongqing and the SSR genotypes of the pathogen were relatively simple.

Key words: *Phytophthora infestans*; SSR; allele; genotype

责任编辑 周仁惠

