

doi:10.11937/bfyy.20170286

寒地李和杏遗传多样性 SSR 分析

孙莉莉, 牟蕴慧, 甄灿福, 叶万军

(黑龙江省农业科学院 园艺分院, 黑龙江 哈尔滨 150069)

摘 要:以 27 份适宜北方生长的李、杏品种为试材,采用 SSR 分子标记技术对其进行遗传多样性分析,并运用 UPGMA 聚类分析法,分析了 27 份试材的亲缘关系,为寒地李、杏种质资源保存和品种选育提供分子生物学依据。结果表明:筛选的 25 对 SSR 多态性引物共扩增等位点 245 个,其中多态性位点 240 个,多态性比率为 97.96%。每对引物的等位基因数量为 4~13,平均值为 9.8。有效等位基因数平均值为 2.740 5,Shannon's 信息指数平均值为 1.052 0,多态性信息含量平均值为 0.595 5,表明试材具有较高的遗传多样性。聚类分析结果表明,在遗传相似系数 0.612 处,27 份试材可以分为李和杏两大类群。

关键词:李;杏;SSR;遗传多样性;聚类分析

中图分类号:S 662.603.6 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)13-0050-06

李(*Prunus salicina* L.)、杏(*Prunus armeniaca* L.)均属蔷薇科(Rosaceae)植物,我国李有 8 个种,800 余个品种或类型;杏有 11 个植物种,2 000 余个品种或类型,资源种类、数量均居世界第一位^[1]。黑龙江省李、杏栽培历史比较悠久,适应范围广、经济效益高^[2]。由于黑龙江省位于我国东北部,具有特殊的地理和气候条件,抗寒种质资源丰富,对于选育优质的抗寒品种具有一定的优势。因此,研究寒地李、杏种质资源的亲缘关系及遗传多样性对李、杏育种、种质资源管理及其保护具有重要意义。

SSR 简单序列重复标记(simple sequence repeat, SSR)因其简单便捷、可重复性好、多态性

高及遗传共显性等优点,被广泛应用于葡萄^[3]、枸杞^[4]、人参^[5]、番茄^[6]等多种植物的遗传多样性研究。目前,通过 SSR 分子标记技术已经对仁用杏^[7]和华仁杏^[8-9]的遗传多样性进行了研究,同时对普通杏^[10-11]和新疆杏^[12]也进行了相关的分析,崔华蕾等^[13]对 168 份不同成熟期的杏品种进行了 SSR 分析。但是关于寒地李、杏的遗传多样性分析尚鲜有报道,因此,为了更好地探索寒地李、杏种质资源间的遗传多样性及亲缘关系,该研究利用 SSR 对 27 份李、杏的遗传多样性和亲缘关系进行了研究,以期为寒地李、杏种质资源保存和品种选育提供分子生物学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试的 27 份李、杏品种包括中国李、櫻桃李、美洲李及杏,均取自黑龙江省农业科学院园艺分院核果园。如表 1 所示,其中编号 1~23 为李品种,24 为不确定品种,25~27 为杏品种。

1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取

采集幼嫩、新鲜的李、杏叶片,利用天根植物

第一作者简介:孙莉莉(1983-),女,博士,助理研究员,研究方向为寒地李杏栽培与分子遗传育种。E-mail:sunlilineau@163.com.

责任作者:牟蕴慧(1965-),女,本科,研究员,研究方向为寒地核果类果树育种与栽培技术。E-mail:yunhuimu@163.com.

基金项目:“十二五”农村领域国家科技计划课题资助项目(2013BAD02B03);哈尔滨市科技局资助项目(2016RAXYJ011)。

收稿日期:2017-03-31

DNA 提取试剂盒对样品 DNA 进行提取,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 样品质量,于紫外分光光度计上测定其浓度,将 DNA 样品统一稀释成浓度为 20 ng · μL⁻¹, -80 ℃ 保存备用。

1. 2. 2 SSR 引物

参考已报道的相关文献^[14-19],从桃和杏的引物中随机合成 40 对 SSR 引物,筛选出 25 对多态性好、条带较清晰的引物,序列见表 2,由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

表 1 李和杏的种质资源
Table 1 Resources of plum and apricot

编号	品种名称	编号	品种名称	编号	品种名称	编号	品种名称
Code	Variety name	Code	Variety name	Code	Variety name	Code	Variety name
1	“俄罗斯黄李”	8	“吉红”	15	“矮甜李”	22	“龙园秋李”
2	“87-1”	9	“杜丰李”	16	“杜红甜李”	23	“李子梅”
3	“牛心李”	10	“紫叶李”	17	“红叶李”	24	“79-5-14”
4	“龙园早桃李”	11	“绥李 3 号”	18	“九台晚李”	25	“龙园黄杏”
5	“吉林 6 号”	12	“绥李 1 号”	19	“长李 15 号”	26	“龙园桃杏”
6	“小黄李”	13	“秋甜李”	20	“龙园蜜李”	27	“龙园甜杏”
7	“枣形李”	14	“绥李 5 号”	21	“龙园桃李”		

表 2 SSR 引物序列
Table 2 SSR primer sequences

编号	引物名称	正向引物(5'-3')	反向引物(5'-3')
No.	Primers name	Forward primer	Reverse primer
1	Aprigms18	TCTGAGTTCAGTGGGTAGCA	ACAGAAATGTGCGTTGCTTTA
2	AMPA100	TGTTTAGTTGAGGGTAAACTTTGG	CCCTTCCTTTTCTGTGTCTCAC
3	AMPA105	CTGCTCTCACTCAACTCAATGC	CTCCCTACCCCTCTGTATCTC
4	AMPA110	GATGTACAAAGGCAACATTCTAGC	GCAGATGCCAATCACTCTACTG
5	AMPA123	GGATAATGGATTTCATGGAAATGG	TTAAAAAGCCTCTGGCAAACCTC
6	BPPCT002	TCGACAGCTTGATCTTGACC	CAATGCCTACGGAGATAAAAGAC
7	BPPCT007	TCATTGCTCGTCATCAGC	CAGATTTCTGAAGTTAGCGGTA
8	BPPCT009	ATTCGGGTGCAACTCCCT	ACGAGCACTAGAGTAACCCCTCTC
9	BPPCT025	TCCTGCGTAGAAGAAGGTAGC	CGACATAAAGTCCAAATGGC
10	BPPCT029	GGACGGACAGAAATGAAGGT	CCTTAACCCACGCAACTCC
11	BPPCT030	AATTGTACTTGCCAAATGCTAT	CTGCCTTCTGCTCACACC
12	BPPCT034	CTACCTGAAATAAGCAGAGCCAT	CAATGGAGAATGGGGTGC
13	Pchgms3	ACGGTATGTCCGTACACTCTCCATG	CAACCTGTGATTGCTCCTATTAAAC
14	Pchgms4	ATCTTCACAACCCTAATGTC	GTTGAGGCAAAAGACTTCAAT
15	Pchcms4	CTCACGCTATTTCTCGG	CCTCGACGAAGAGCTCG
16	Pchcms5	CGCCCATGACAAACCTTA	GTCAAGAGGTACACCAG
17	SsrPaCITA17	CACGGGGAGAATTGGGTGGCCTTAG	GGAGTCTATAAATAAATGGTTGCGC
18	SsrPaCITA19	GACAAATACAATCAAGAAGTGTGCG	GAACAGCTAGCCCTTTGTCTATAC
19	UDP96-005	GTAACGCTCGCTACCACAAA	CCTGCATATCACCACCCAG
20	UDP96-008	TTGTACACACCCTCAGCCTG	TGCTGAGGTTTCAGGTGAGTG
21	UDP96-010	CCCATGTGTGTCCACATCTC	TTGATGATTCCATGCGTCTC
22	UDP97-401	TAAGAGGATCATTTTTCGCTTG	CCCTGGAGGACTGAGGGT
23	UDP98-406	TCGGAACTGGTAGTATGAACAGA	ATGGGTGCTATGCACAGTCA
24	UDP98-411	AAGCCATCCACTCAGCACTC	CCAAAAACCAAAACCAAGG
25	UDP98-412	AGGGAAAGTTTCTGCTGCAC	GCTGAAGACGACGATGATGA

1. 2. 3 PCR 扩增

PCR 反应体系为 10 μL: 2 × Taq PCR Mix 5 μL, ddH₂O 3 μL, 正反向引物各 0.5 μL, 模板 DNA 1 μL。PCR 反应程序: 95 ℃ 预变性 5 min; 95 ℃ 变性 10 s, 50~58 ℃ 退火 10 s, 72 ℃ 延伸 30 s,

30 个循环; 72 ℃ 延伸 10 min; 4 ℃ 保存。PCR 所用酶购于海基生物科技有限公司。

1. 2. 4 电泳检测

扩增产物用 6% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离, 在 PCR 产物中加入等体积的

ddH₂O进行稀释,然后再加入 1/2 体积的 6× loading buffer,点样 1~2 μL,260 V 恒压电泳 2 h,在 0.2%的 AgNO₃ 染液中染色 1 min,在显色液 (1.5% NaOH, 0.5% 甲醛)中显色,采用 BIO-RAD Gel Doc XR + 凝胶成像仪 (BIO-RAD Laboratories Inc, USA)成像,对图像进行拍照,保存,分析条带位置。

1.3 数据分析

采用 Quantity One 软件对电泳图进行判读,以电泳中的 100 bp DNA Marker 为标准,读取具有多态性的条带,统计各个样本的扩增条带情况,将条带按照大小导入 Excel 表格中,根据条带的有无,统计所有的二元数据,有带记作 1,无带记作 0。计算 SSR 位点的观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon's 信息指数(I)^[20]及多态性信息含量(PIC)。 $N_e = 1/\sum P_i^2$; $I = -\sum P_i \ln P_i$; $PIC = 1 - \sum P_i^2$, (P_i 为第 i 个等位基因在该位点出现的基因频率)。利用 NT-SYSpC 2.1 软件进行相似性系数计算和聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记多态性分析

25 对 SSR 引物在 27 份材料上的多态性结果如表 3 所示,共扩增等位位点 245 个,其中多态性位点 240 个,多态性比率为 97.96%。每对引物的等位基因数量为 4~13,平均值为 9.8,其中位点 UDP97-401 最少,有 4 个,位点 Pchgms4 和 UDP98-411 最多,有 13 个。有效等位基因数(N_e)变化范围在 1.426 7(AMPA123)~3.541 6(UDP98-411),平均值为 2.740 5 个。Shannon's 信息指数(I)变化范围在 0.476 0(AMPA123)~1.320 0(UDP98-411),平均值为 1.052 0。多态性信息含量(PIC)变化范围在 0.299 1(AMPA123)~0.717 6(UDP98-411),平均值为 0.595 5。由以上结果可以看出,所选的标记具有丰富的多态性,能够在分子水平上准确反映各品种间的遗传关系。

表 3 25 对 SSR 引物在 27 份材料的多样性指数

Table 3 Diversity index for 25 SSR primers among 27 materials

位点 Locus	来源 Origin	观测等位基因数 Observed number of alleles (N_a)	有效等位基因数 Effective number of alleles (N_e)	香农信息指数 Shannon's information index (I)	多态性信息含量 Polymorphic information content (PIC)
Aprigms18	杏	8	1.577 1	0.552 3	0.365 9
AMPA100	杏	6	1.761 7	0.623 9	0.432 4
AMPA105	杏	11	2.877 6	1.175 1	0.652 5
AMPA110	杏	8	1.803 2	0.637 5	0.445 4
AMPA123	杏	8	1.426 7	0.476 0	0.299 1
BPPCT002	桃	8	1.472 9	0.501 6	0.321 1
BPPCT007	桃	12	3.385 2	1.291 5	0.704 6
BPPCT009	桃	11	3.452 9	1.304 8	0.710 4
BPPCT025	桃	10	3.494 7	1.312 1	0.713 9
BPPCT029	桃	10	2.805 0	1.146 9	0.643 5
BPPCT030	桃	10	2.879 2	1.177 3	0.652 7
BPPCT034	桃	12	2.950 4	1.195 3	0.661 1
Pchgms3	桃	10	3.378 4	1.292 1	0.704 0
Pchgms4	桃	13	3.364 7	1.289 5	0.702 8
Pchcms4	桃	9	3.176 5	1.250 6	0.685 2
Pchcms5	桃	10	3.465 7	1.307 8	0.711 5
SsrPaCITA17	杏	11	2.880 1	1.177 1	0.652 8
SsrPaCITA19	杏	8	1.507 7	0.519 6	0.336 7
UDP96-005	桃	10	3.503 4	1.314 2	0.714 6
UDP96-008	桃	9	2.904 2	1.180 8	0.655 7
UDP96-010	桃	12	2.966 1	1.200 1	0.662 9
UDP97-401	桃	4	1.600 0	0.562 3	0.375 0
UDP98-406	桃	12	2.980 4	1.202 7	0.664 5
UDP98-411	桃	13	3.541 6	1.320 0	0.717 6
UDP98-412	桃	10	3.357 6	1.287 5	0.702 2
总和 Total		245	68.513 0	—	—
平均 Mean		9.8	2.740 5	1.052 0	0.595 5

2.2 基于 SSR 的亲缘关系分析

根据 25 对引物的扩增数据,采用 UPGMA 法对 27 份供试材料进行聚类分析,由图 1 可知,27 份供试材料的遗传相似系数为 0.612~0.865,平均遗传相似系数为 0.739。在遗传相似系数为 0.612 时,将 27 份材料分为两大类群。第一类群包括“龙园甜杏”“龙园桃杏”“龙园黄杏”及“79-5-14”;第二类群为李的 23 个品种。在遗传相似系数为 0.685 时,又可以将第二类群分为 2 个亚组:将“龙园秋李”“龙园桃李”“龙园蜜李”归为第一亚组,且均为黑龙江省农业科学院园艺分院品种;其余为第二亚组。

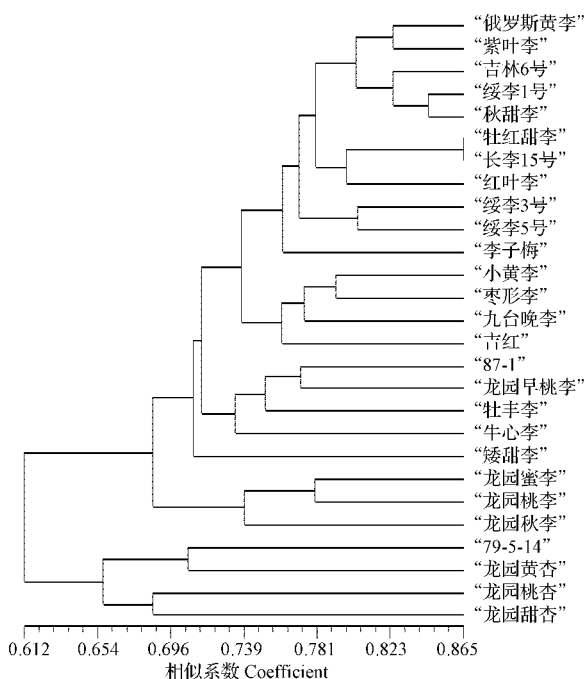


图 1 基于 SSR 标记构建的 27 份材料的聚类分析

Fig. 1 Clustering analysis of 27 materials based on SSR markers

当遗传相似系数为 0.708 时,将“矮甜李”与其它品种成功分开。在遗传相似系数为 0.713 处,将“牛心李”“牡丰李”“龙园早桃李”及“87-1”聚为一类。在遗传相似系数为 0.739 处,“吉红”“九台晚李”“枣形李”“小黄李”聚为一类。

当遗传相似系数为 0.764 时,将“李子梅”与其它剩余品种分开。遗传相似系数为 0.773 时,“绥李 5 号”“绥李 3 号”聚为一类。遗传相似系数为 0.781 时,“红叶李”“长李 15 号”“牡红甜

李”聚为一类,其中“长李 15 号”“牡红甜李”的遗传相似系数非常接近。遗传相似系数为 0.802 时,将“秋甜李”“绥李 1 号”“吉林 6 号”聚为一类,其中“秋甜李”和“绥李 1 号”亲缘关系更近;另外将“紫叶李”和“俄罗斯黄李”聚为一类。

3 讨论与结论

该试验从 40 对引物中筛选到 25 对多态性引物,其中包括桃属引物 18 对,杏属引物 7 对,在 27 份供试材料中,有 3 份材料为杏品种,23 份材料为李品种,1 份材料(“79-5-14”)为不确定品种。由 25 对 SSR 引物扩增出的清晰条带可以看出,SSR 标记在近缘物种间具有较好的通用性^[21]。

该研究基于 25 对 SSR 分子标记引物,对 27 份李、杏材料进行遗传多样性分析,共检测到 245 个等位基因,平均等位基因数量为 9.8,高于崔华蕾等^[13]的 7.06 个和秦玥等^[9]的 4.5 个,低于张淑青等^[10]的 11.36。Shannon's 信息指数(I)和多态性信息含量(PIC)均是描述引物多态性的指标。该研究中得到的 I 平均值为 1.052 0,高于张淑青等^[10]关于普通杏的 SSR 分析结果($I = 0.81$),低于包文泉等^[12]的关于新疆野杏群体的遗传多样性分析结果($I = 1.92$)。该研究计算得到的 PIC 平均值为 0.595 5,一般认为,当 $PIC > 0.5$ 时,该引物为高度多态性引物^[22],故所选引物为高度多态性引物。其中来自杏的引物 AMPA123 的 N_e 、 I 和 PIC 的数值均最低,而来自桃的引物 UDP98-41 的 N_e 、 I 和 PIC 的数值均最高,扩增的条带数也最多,为 13 条,因供试材料中有 23 份为李材料,因此可以将引物 UDP98-411 用于后续李属种质资源的研究。

在该研究中通过 UPGMA 法将 27 份供试材料进行聚类分析,主要分成两大类群,第一类群的“龙园甜杏”“龙园桃杏”“龙园黄杏”为杏的 3 个品种,“79-5-14”为有待确定的一个未知品种,由图 1 可以看出,其与杏品种亲缘关系比较近,另外从其形态学观察来看,也更接近杏的特征,因此可以初步确定“79-5-14”为杏的一个品种。第二类群主要为李材料。这一研究结果与梁敏等^[23]的研究结果一致,均是将李和杏各自聚为一组。在李组内将“紫叶李”和“俄罗斯黄李”(櫻桃李的一

种)聚在一起,这一研究结果也与梁敏等^[23]的研究结果相同,验证了“紫叶李”由中国李和櫻桃李杂交的说法。

综上所述,该研究选用的 25 对 SSR 引物对 27 份寒地李、杏品种进行遗传多样性和亲缘关系分析,结果表明所选材料具有较高的遗传多样性。聚类分析结果表明,将李和杏各自聚为一类,另外对李品种按照遗传相似系数进行了细化分类,为寒地李和杏种质资源保存和品种选育提供分子生物学基础。

参考文献

- [1] 张加延. 我国李杏种质资源调查研究的突破性进展[J]. 园艺与种苗, 2011(2): 7-10, 37.
- [2] 牟蕴慧, 甄灿福, 刘海军, 等. 黑龙江省李、杏生产现状及产业发展建议[J]. 中国园艺文摘, 2013(6): 44-47.
- [3] 郭印山, 牛早柱, 石广丽, 等. 基于 SSR 分子标记的葡萄品种遗传多样性分析[J]. 北方园艺, 2016(7): 89-92.
- [4] 胡秉芬, 张宝琳, 蔡国军, 等. 十七份中美枸杞材料的 SSR 遗传多样性[J]. 北方园艺, 2016(1): 90-94.
- [5] 侯志芳, 孟露露, 许世泉, 等. 不同产地人参种质资源 RAPD 和 SSR 分析[J]. 北方园艺, 2016(23): 96-101.
- [6] KUMAR D, SHUKLA N, KUMAR V, et al. Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes using SSR molecular markers[J]. Eco Env & Cons, 2016(22): 317-325.
- [7] 方闪闪. 仁用杏资源的 SSR 遗传多样性评价[D]. 石家庄: 河北科技大学, 2010.
- [8] 刘梦培. 华仁杏遗传多样性的 SSR 和 ISSR 分析[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2011.
- [9] 秦玥, 刘梦培, 傅大立, 等. 华仁杏 SSR 标记的筛选与评价[J]. 经济林研究, 2013, 31(3): 72-76.
- [10] 张淑青, 刘冬成, 刘威生, 等. 普通杏品种 SSR 遗传多样性分析[J]. 园艺学报, 2010, 37(1): 23-30.
- [11] 章秋平, 刘冬成, 刘威生, 等. 华北生态群普通杏遗传多样性与群体结构分析[J]. 中国农业科学, 2013, 46(1): 89-98.
- [12] 包文泉, 乌云塔娜, 王淋, 等. 基于 SSR 标记的新疆野杏群体遗传多样性及遗传结构[J]. 西北植物学报, 2016, 36(9): 1757-1763.
- [13] 崔华蕾, 刘兴菊, 赵思思, 等. 基于成熟期的杏品种遗传多样性 SSR 分析[J]. 北方园艺, 2016(12): 106-111.
- [14] CIPRIANI G, LOT G, HUANG W G. AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch): Isolation, characterization and cross-species amplification in 51 *Prunus* [J]. Theor Appl Genet, 1999, 99: 65-72.
- [15] HAGEN L S, CHAIB J, FADY B, et al. Genomic and cDNA microsatellites from apricot (*Prunus armeniaca* L.) [J]. Mol Ecol Notes, 2004, 4: 742-745.
- [16] TESTOLIN R, MARRAZZO M T, CIPRIANI G, et al. Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars[J]. Genome, 2000, 43: 512-520.
- [17] LOPES M S, SEFC K M, LAIMER M. Identification of microsatellite loci in apricot[J]. Mol Ecol Notes, 2002, 2: 24-26.
- [18] SOSINSKI B, GANNAVAPURU M, HAGER L D, et al. Characterization of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) [J]. Theor Appl Genet, 2000, 101: 421-428.
- [19] VILANOVA S, SORIANO J M, A LALLI D, et al. Development of SSR markers located in the G1 linkage group of apricot (*Prunus armeniaca* L.) using a bacterial [J]. Molecular Ecology Notes, 2006, 6: 789-791.
- [20] SHANNON C E, WEAVER W. The mathematical theory of communication[M]. Urbana: University of Illinois Press, 1949.
- [21] 李明芳, 郑学勤. 开发 SSR 引物方法之研究动态[J]. 遗传, 2004, 26(5): 769-776.
- [22] BOSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. American Journal of Genetics, 1980, 32: 314-331.
- [23] 梁敏, 董文轩, 甄睿, 等. 桃李杏资源亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 贵州农业科学, 2011, 39(5): 27-31.

Genetic Diversity of SSR Analysis of Plum and Apricot in Cold Region

SUN Lili, MU Yunhui, ZHEN Canfu, YE Wanjun

(Horticultural Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150069)

Abstract: To explore the genetic diversity of *Prunus salicina* L. and *Prunus armeniaca* L., the genetic diversity of 27 plum and apricot varieties grown in the north were analyzed by using SSR molecular marker technology, and the genetic relationship were analyzed by using UPGMA clustering analysis method in this study in order to provide molecular biological basis for the preservation and breeding of germplasm resources. The results showed that, 245 alleles were amplified by 25 pairs of SSR primers

doi:10.11937/bfyy.20164951

宁夏贺兰山东麓酿酒葡萄病毒病田间自然发病率调查及检测

吕苗苗, 纳莹, 孙牧笛, 徐全智, 顾沛雯

(宁夏大学 农学院, 宁夏 银川 750021)

摘 要:对宁夏贺兰山东麓 8 个酿酒葡萄种植地区 8 个葡萄品种的病毒病田间自然发病情况进行调查,采用 RT-PCR 方法,检测了 40 份样品中 GLRaV-1~5 这 5 种葡萄卷叶伴随病毒的感染率。结果表明:宁夏贺兰山东麓酿酒葡萄主要病毒病有葡萄卷叶病、扇叶病和栓皮病,其中葡萄卷叶病尤为严重;不同酿酒葡萄种植区和品种间葡萄卷叶病的感染存在着差异,老葡萄种植区中品种间葡萄卷叶病发病率明显高于新葡萄种植区的品种;“蛇龙珠”和“黑比诺”是感染葡萄卷叶病毒的主要品种,发病率高达 85.1%和 52.7%;利用 5 种葡萄卷叶伴随病毒引物进行 RT-PCR 检测,检出 3 种病毒类型,且 GLRaV-3 的检出率最高,为 87.5%。

关键词:宁夏贺兰山东麓;酿酒葡萄病毒病;田间自然发病率;葡萄卷叶伴随病毒(GLRaVs);RT-PCR 检测

中图分类号:S 436.631.1⁺9(243) **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)13-0055-08

宁夏贺兰山东麓地区是我国最佳酿酒葡萄生态区之一,按照宁夏回族自治区“十二五”发展规

第一作者简介:吕苗苗(1991-),女,硕士研究生,研究方向为生物防治与菌物资源利用。E-mail: miaomlv@163.com.

责任作者:顾沛雯(1969-),女,博士,教授,现主要从事植物病理学和生物防治及微生物资源利用的教学和科研工作。E-mail: gupeiwen2013@126.com.

基金项目:宁夏教育厅资助项目(NGY14011);宁夏“十三五”科技重大专项资助项目(NX2016)。

收稿日期:2017-02-09

划,6.67 万 hm² 葡萄长廊建设是重中之重。目前宁夏已建成葡萄基地 4.20 万 hm²,其中酿酒葡萄 3.80 万 hm²。为完成既定目标,宁夏大规模从国内外引进葡萄苗木,在检测体系极不完善的情况下,大面积引种推广,造成了近 10 年来宁夏酿酒葡萄病毒病前所未有的猖獗^[1]。

葡萄病毒病的种类繁多,分布广,至今已经报道的葡萄病毒病和类似病毒病已达到 30 多种,其中在经济上危害较大的有 4 种,即卷叶病毒(grapevine leafroll-associated virus,简称 GLRaV)、扇叶病毒(grapevine fan leaf virus,简称 GFLV)、

and including 240 polymorphic loci, the ratio of polymorphism was 97.96%, 4-13 alleles were amplified by per pairs of primer, with a mean of 9.8. The average of effective alleles was 2.740 5, the average of Shannon's information index was 1.052 0, the average of polymorphism information content was 0.595 5, illustrated the germplasms with high genetic diversity. The clustering analysis results showed that, when the genetic correlation coefficient was 0.612, the 27 resources could be divided into two big groups of plum and apricot.

Keywords: plum (*Prunus salicina* L.); apricot (*Prunus armeniaca* L.); SSR; genetic diversity; clustering analysis