

曹朝, 宋超然, 陈都, 陈晓峰. 基于 SSR 技术的山东烟台樱桃种质资源遗传多样性分析 [J]. 广东农业科学, 2025, 52 (1) : 24–36.

CAO Zhao, SONG Chaoran, CHEN Du, CHEN Xiaofeng. Analysis of genetic diversity of cherry germplasm resources in Shandong Yantai based on SSR technology [J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2025, 52 (1) : 24–36.

# 基于 SSR 技术的山东烟台樱桃种质资源遗传多样性分析

曹朝, 宋超然, 陈都, 陈晓峰

(中国农业大学烟台研究院, 山东 烟台 264670)

**摘要:** 【目的】分析山东烟台樱桃种质资源的遗传多样性水平和亲缘关系, 为樱桃种质资源的鉴定和利用提供科学依据。【方法】以山东烟台 31 份主栽甜樱桃品种及 5 份野生毛樱桃种质为试材, 通过 PCR 技术初步筛选出多态性良好的引物, 采用简单重复序列 (Simple Sequence Repeat, SSR) 荧光标记技术, 对 36 份供试樱桃种质进行检测, 构建樱桃种质的 DNA 分子身份证和指纹图谱, 并进行遗传多样性和遗传结构聚类分析。【结果】从 36 份供试樱桃种质中, 筛选出 8 对具有较好多态性的 SSR 引物, 共检测到 73 个等位基因, 平均每对引物扩增出 9.12 个, Shannon's 指数为 1.25, Nei's 基因多样性指数为 0.58, 多态性信息含量 (PIC) 平均为 0.55, 表明供试山东烟台樱桃种质具有显著的遗传差异和丰富的遗传多样性。对 SSR 扩增条带进行分析并编码, 成功构建 36 份樱桃种质的分子身份证和指纹图谱。利用 UPGMA 法构建聚类分析图, 在遗传系数 0.170 处, 可将 36 份樱桃种质划分为甜樱桃和野生毛樱桃 2 类, 表明野生毛樱桃与甜樱桃种质的亲缘关系较远; 在遗传系数 0.556 处, 可将 36 份樱桃种质划分为 7 类, 验算得出  $r$  值为 0.93, 且分析结果与指纹图谱相符合。对于 31 个山东烟台樱桃种质, 在遗传系数 0.611 处可重新划分成 5 类, 其聚类结果与以农艺形态特征和成熟季节的类别聚类大体一致。【结论】筛选的引物多态性良好, 在樱桃种质的遗传多样性分析、指纹图谱构建和聚类分析中, 可优先选用。本研究结果可为烟台地区甜樱桃种质的鉴定和遗传多样性的保护提供有力支撑, 为其育种选择和遗传结构分析提供重要参考。

**关键词:** 山东烟台; 甜樱桃; SSR 技术; 分子身份证; 聚类分析; 指纹图谱

中图分类号: S662.5

文献标志码: A

文章编号: 1004-874X (2025) 01-0024-13

## Analysis of Genetic Diversity of Cherry Germplasm Resources in Shandong Yantai Based on SSR Technology

CAO Zhao, SONG Chaoran, CHEN Du, CHEN Xiaofeng

(Yantai Institute of China Agricultural University, Yantai 264670, China)

**Abstract:** 【Objective】The genetic diversity and genetic relationship of cherry germplasm in Shandong Yantai were analyzed, with an aim to provide a scientific basis for the identification and utilization of sweet cherry germplasm resources.

【Method】Thirty-one main sweet cherry varieties and 5 wild nanking cherry germplasms in Yantai area were used as test materials, and primers with good polymorphism were preliminarily screened by PCR amplification technology; 36 cherry germplasms in Yantai were detected by simple sequence repeat (SSR) technology, the DNA molecular ID cards and fingerprints of cherry germplasms were constructed, and the genetic diversity and genetic structure cluster analysis were carried out.

【Result】Among the 36 tested cherry germplasms, 8 pairs of SSR primers with good polymorphisms were screened, a total

收稿日期: 2024-11-13

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFE0206900); 烟台市校地融合发展项目 (2023XDRHXMPT12)

作者简介: 曹朝 (2003—), 男, 在读本科生, 研究方向为设施农业科学与工程, E-mail: caozhaolyj@163.com

通信作者: 陈晓峰 (1979—), 男, 博士, 副教授, 研究方向为现代农业及作物分子生物学, E-mail: cauyf2022@126.com

of 73 alleles were detected, an average of 9.12 were amplified in each pair of primers, the Shannon index was 1.25, the Nei's gene diversity index was 0.58, and the polymorphism information content (*PIC*) was 0.55 on average, indicating that the cherry germplasm in Yantai area had significant genetic differences and rich genetic diversity. The SSR amplification bands were analyzed and encoded, and the molecular ID cards and fingerprints of 36 cherry germplasms were successfully constructed. The UPGMA method was used to construct a cluster analysis map, and the 36 cherry germplasms were divided into two categories: Sweet cherry and wild nanking cherry at the genetic coefficient of 0.170, indicating that the genetic relationship between wild nanking cherry and sweet cherry germplasm was obviously distant; at the genetic coefficient of 0.556, the 36 cherry germplasms could be divided into 7 categories, the r-value was 0.93, and the analysis results were consistent with the fingerprint. For the 31 sweet cherry germplasms in Yantai area, at the genetic coefficient of 0.611, they could be redivided into 5 categories, and the clustering results were in good agreement with the clustering of categories based on agronomic morphological characteristics and ripening season.【Conclusion】The polymorphisms of the selected primers were good, and they could be preferred in the genetic diversity analysis, fingerprint construction and cluster analysis of cherry germplasm. The results of this study can provide strong support for the identification of sweet cherry germplasms and the conservation of genetic diversity in Yantai area, and provide an important reference for its breeding selection and genetic structure analysis.

**Key words:** Yantai of Shandong; *Prunus avium* L.; SSR technology; molecular identity card; cluster analysis; fingerprint

【研究意义】甜樱桃(*Prunus avium* L.)是蔷薇科李属樱桃亚属落叶果树。甜樱桃果粒大、颜色鲜艳、营养丰富、酸甜可口且经济价值高,被誉为“黄金种植业”<sup>[1-2]</sup>。山东烟台作为我国栽培时间最早、产业化规模最大、产量最高的甜樱桃主产地,截至2024年甜樱桃栽培面积已达22 988 hm<sup>2</sup>,年产量为20.58万t,分别占全国的9.9%、15.3%<sup>[3]</sup>。但随着种植范围和生产规模持续扩大,甜樱桃种质的真实性及纯度、异物同名、同物异名、变种及遗传倍性等问题,逐渐增多,严重影响了甜樱桃种质保护和育种工作,限制了对甜樱桃种植的科学评价和合理利用<sup>[4-5]</sup>。为防止烟台地区甜樱桃种质资源进一步流失,亟需开展针对甜樱桃种质资源多样性的调查与研究。

【前人研究进展】遗传多样性研究是种质资源评价保护及开发利用工作的基础。其中,分子标记因不受外界条件和植物发育阶段的影响,逐渐取代了表型差异鉴定的方式,成为研究种质遗传多样性和分析鉴别品种的主流技术<sup>[6]</sup>,如RFLP、ISSR、AFLP、SSR等逐渐广泛应用于植物遗传育种、种质资源保护与鉴定、基因库构建等领域<sup>[7-11]</sup>。SSR(Simple Sequence Repeat)又称简单重复序列标记技术,具有单基因座、多态性丰富、信息含量高、操作简单、经济方便等优点<sup>[12]</sup>,已被广泛用于植物群体分析<sup>[13-14]</sup>、品种鉴定<sup>[15]</sup>、指纹图谱构建<sup>[16]</sup>以及性状关联位点分析<sup>[17]</sup>等

研究。近5年来,在甜樱桃种质和遗传多样性研究领域,王晶等<sup>[18]</sup>筛选出11个SSR基因标记,构建了北京地区48个甜樱桃品种的指纹图谱库;王丹丹等<sup>[4]</sup>筛选出24对SSR引物,用40个不同产地的甜樱桃品种为材料,进行分子鉴别及分析不同种质间的亲缘关系,其聚类结果与品种特性及成熟期具有较高的一致性。【本研究切入点】随着种植范围和生产规模持续扩大,山东烟台的甜樱桃种质资源日益丰富,既有科研院所、企业等自主研发育种,也有大量果农生产繁育种质,导致甜樱桃种质资源杂乱和种质杂合的程度加剧,因此需要加强对甜樱桃种质资源的收集和鉴定,分析并保护烟台地区樱桃种质资源的多样性。【拟解决的关键问题】本研究筛选出8对多态性良好的SSR引物,通过对其扩增条带进行分析并编码,构建36个樱桃种质的分子身份证并进行聚类分析,以期了解烟台地区樱桃种质资源间的遗传相似性和差异性,分析其相关基因型、群体结构及可能的亲缘关系,为甜樱桃种质遗传育种、鉴定和保护提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料为31个烟台地区主栽的甜樱桃品种和5份野生毛樱桃种质(共36份樱桃种质),分别种植于山东烟台市沃土农场和中国农业大学

烟台研究院樱桃种质资源圃, 具体品种、种质编号和果实特性(成熟期、果皮颜色、果实形状)见表 1。

## 1.2 试验方法

**1.2.1 基因组 DNA 提取与检测** 取幼嫩樱桃真叶 0.5 g, 采用 CTAB (2%) 方法提取样品基因

表 1 36 份山东烟台樱桃种质及果实特性

Table 1 36 cherry germplasm and their fruit characteristics in Shandong Yantai

编号 No.	种质名称 Germplasm name	种质来源 Origin of germplasm	果实性状 Fruit characteristics
T-1	美早	美国	中早熟、深红色、心脏形
T-2	布鲁克斯	美国	早熟、深红色、扁圆形
T-3	萨米脱	加拿大	中晚熟、紫红色、心脏形
T-4	辉煌 1-5	中国	中早熟、黄红色、心脏形
T-5	玲珑脆	中国	早熟、浅黄色、宽肾形
T-6	火箭	美国	早熟、鲜红色、心脏形
T-7	红手球	日本	极晚熟、鲜红色、心脏形
T-8	弗利斯科	西班牙	中早熟、紫黑色、心脏形
T-9	俄罗斯 8 号	俄罗斯	中早熟、紫黑色、心脏形
T-10	格雷斯星	意大利	中早熟、淡红色、呈肾形
T-11	密露	中国	早熟、紫红色、椭圆形
T-12	鲁樱 3 号	中国	中早熟、紫红色、心脏形
T-13	佳红	中国	中晚熟、浅黄色、心脏形
T-14	珊瑚香槟	美国	中早熟、珊瑚红、心脏形
T-15	奇早	中国	特早熟、紫红色、心脏形
T-16	塔玛拉	捷克	中晚熟、紫红色、心脏形
T-17	柯迪亚	捷克	中晚熟、紫红色、心脏形
T-18	黑珍珠	中国	中晚熟、紫黑色、心脏形
T-19	福瑞纳	俄罗斯	早熟、紫黑色、心脏形
T-20	黑金	中国	中熟、暗红色、心脏形
T-21	黄蜜	中国	中熟、金黄色、心脏形
T-22	甜心	加拿大	晚熟、鲜红色、心脏形
T-23	桑提娜	加拿大	早熟、紫黑色、心脏形
T-24	马什哈德	伊朗	晚熟、深红色、心脏形
T-25	鲁樱 4 号	中国	中晚熟、深红色、心脏形
T-26	鲁樱 8-5	中国	中熟、紫红色、心脏形
T-27	鲁宾	罗马尼亚	晚熟、淡红色、心脏形
T-28	秦樱	中国	早熟、紫红色、心脏形
T-29	加拿大巨人	加拿大	中熟、深红色、心脏形
T-30	图雷拉	美国	早熟、深红色、心脏形
T-31	美国红	美国	中晚熟、深红色、心脏形
M-1	毛樱桃 -1	中国	早熟、深红色、心脏形
M-2	毛樱桃 -2	中国	早熟、深红色、心脏形
M-3	毛樱桃 -3	中国	早熟、深红色、心脏形
M-4	毛樱桃 -4	中国	早熟、深红色、心脏形
M-5	毛樱桃 -5	中国	早熟、深红色、心脏形

组 DNA, 利用紫外分光光度计测定浓度, 经 1.4% 琼脂糖凝胶电泳法检测 DNA 的完整性, 再用分光光度计检测样本纯度, 保证 OD<sub>260/280</sub> 在 1.8 以上, 然后将所有 DNA 样本稀释至 20 ng/μL, 置于 -25℃

冰箱保存备用。

**1.2.2 SSR 引物筛选** 参考文献[4]和文献[18-21], 初步筛选出 10 对扩增结果多态性良好的引物(表 2)。

表 2 用于甜樱桃遗传多样性分析的 SSR 引物  
Table 2 SSR primers for genetic diversity analysis of sweet cherry

引物 Primer	正向引物 Forward primer (5'-3')	反向引物 Reverse primer (5'-3')	参考文献 Reference
C-1	AGCCACCCGTTAAGGAGATT	AATCACCCCTTTGGAACCC	[18]
C-2	GAACCTTGTGTGGCTTGGAT	TATGAACGGTGACGATGGAA	[18]
C-3	CCAGCAATTGATGAGGTGAA	CTCTCTGCCCACTCAGCTCT	[18]
C-4	TCCACTGGAGAAGGAACCAC	GGACCACCGTTCTCACTCTC	[18]
C-5	TGTGCTAATGCCAAAAATACC	ACATGCATTCAACCCACTC	[19]
C-6	GCTAGGACTTGTGGCACTCC	TACCCCTCACCACACTCCACTT	[4]
C-7	ACGATCACAAACCTTCGTTCC	GCTTCAGCACCTTGAAGAGG	[4]
C-8	ATGATGCTACCACAAGGGACTCGT	GTTCAGCTGCACATAACGTTTACCTCC	[20]
C-9	GTACACGGACCCAATCCTG	TCTAACATCATGTTAACATCG	[21]
C-10	TGTGCTAATGCCAAAAATACC	TGTGCTAATGCCAAAAATACC	[21]

**1.2.3 PCR 扩增** 利用常规 PCR 扩增检测各引物对样本的多态性区别度是否符合试验要求, 选取多态性好、条带清晰的引物用于后续试验。PCR 反应体系: DNA 模板 1.0 μL, 2×Taq PCR mix 12.5 μL, 上、下游引物各 0.5 μL, dNTP 0.5 μL, 10×Taq Buffer 2.5 μL, Taq 酶 0.2 μL, ddH<sub>2</sub>O 补足至 30 μL。采用 Touch-down PCR 反应程序: 94℃预变性 5 min; 93℃变性 30 s, 60℃退火 30 s, 72℃延伸 30 s, 10 次循环; 93℃变性 30 s, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 30 s, 30 次循环; 72℃延伸 10 min; 4℃保存<sup>[22]</sup>。

**1.2.4 SSR 荧光检测** 取 96 孔反应板, 记录试验日期并制作 SSR 检测表。将奇数连锁群的正向引物 5' 端添加 6-FAM 荧光标记, 将偶数连锁群的正向引物 5' 端添加 HEX 荧光标记。使用连续加样器, 吸取 990 μL HIDI 和 10 μL LIZ500 混合物, 加入至 96 孔反应板中、每孔 10 μL, 然后置于平板离心机中、2 000 r/min 离心 15 s。对照 SSR 检测表, 在 96 孔反应板中加入 1 μL 对应样品, 2 000 r/min 离心 15 s 后, 使用封板膜密封, 振荡, 1 200 r/min 离心 30 s, 进行 PCR 扩增。变性程序为 98℃ 5 min, 然后将 96 孔反应板置于

冰水混合物上急速冷却, 2 000 r/min 离心 30 s。使用 3730 xl 分析仪进行毛细管电泳及扩增产物荧光检测。

### 1.3 统计分析

统计 3730 xl 分析仪毛细管电泳数据, 使用 DataFormater5.0 软件获得各扩增片段的长度, 用 PopGen32 计算有效等位基因(Effective number of alleles, Ne)、等位基因( Number of alleles, Na)、期望杂合度( Expected heterozygosity, He)、观测杂合度( Observed heterozygosity, Ho)、Shannon's 指数(I) 和 Nei's 多样性指数(H); 利用 Power Marker 3.2 软件统计多态性信息含量(PIC)和基因型数量, 用 UPGMA 法对 36 份樱桃种质进行聚类分析。

### 1.4 DNA 分子身份证构建

参考钟世超等<sup>[23]</sup>和满孝源等<sup>[24]</sup>方法, 先将种质鉴别核心引物扩增的条带组合, 得到二进制的 DNA 指纹图谱; 再将 n 对引物的扩增带型数按从小到大顺序排列, 从“1~9”按顺序赋值; 当带型数大于 9 时分别用小写英文字母表示, 如 a 代表第 10 个带型, 依次类推; 将未检测出结果的赋值为“0”, 得出 9 位独特的字符串。将

基本信息输入二维码转换软件, 构建出樱桃种质的 DNA 分子身份证。

## 2 结果与分析

### 2.1 36 份山东烟台樱桃种质 DNA 提取及引物筛选

樱桃叶片 DNA 电泳如图 1A 所示, 样本 DNA 主条带明亮清晰、无拖尾及杂带, 无 RNA 污染、DNA 提取完整度较好, 可满足后续试验要求。10 对 SSR 引物的 PCR 扩增结果表明, 引物 C-6 和 C-10 的扩增条带较模糊, 不符合试验要求; 剩余 8 对引物多态性良好, 条带清晰可以作为试验引物 (图 1B)。

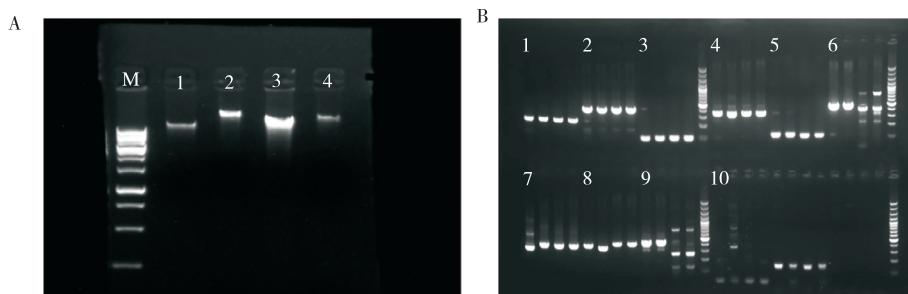
### 2.2 36 份山东烟台樱桃种质多态性分析

由表 3 可知, 利用筛选的 8 对 SSR 引物在 36 份樱桃种质中共检测出 73 个基因位点, 平均每对引物等位基因数为 9.12 个, 表明筛选的引物多态

性良好。其中引物 C-5 检测出的等位基因数目最多 (19 个), 引物 C-4 次之 (12 个), 而引物 C-7 最少 (2 个)。其次, 8 对 SSR 引物在 36 份樱桃种质中, 检测出有效等位基因数 ( $Ne$ ) 在 1.03~8.22、平均为 3.41; 观测纯合度 ( $O-Ho$ ) 的变化范围为 0.17~0.97; 群体平均 Shannon's 指数和 Nei's 多样性指数分别为 1.25 和 0.58; 期望杂合度 ( $E-He$ ) 的平均值为 0.59; 引物的多态性信息含量 (PIC) 在 0.03~0.87, 平均值为 0.55, 表明 36 份供试樱桃种质有较丰富的遗传多样性。其中 C-5 的 PIC 值最大, 表明该引物具有较高的樱桃种质鉴别能力。部分樱桃种质的 SSR 扩增结果见图 2。

### 2.3 36 份山东烟台樱桃种质指纹图谱及分子身份证构建

利用筛选到的 8 对 SSR 引物进行品种材料的鉴定。对毛细管电泳数据进行人工校正, 并整



M: DNA marker; 图 A 1~4: 部分樱桃种质 DNA; 图 B 1~10: 10 对 SSR 引物在部分樱桃种质中的扩增结果  
M: DNA marker; Figure A 1~4: DNA of some cherry germplasms; Figure B 1~10: SSR amplification results of 10 pairs of primers

图 1 樱桃种质 DNA 检测 (A) 及 10 对 SSR 引物扩增结果 (B) 电泳图

Fig. 1 DNA detection (A) of cherry germplasms and electrophoresis diagram of SSR amplification results (B) of 10 pairs of primers

表 3 36 份山东烟台樱桃种质的 SSR 标记结果

Table 3 SSR marker results of 36 cherry germplasms in Shandong Yantai

引物 Primer	基因型数 Genotype	有效等位基因 / 等位基因 $Ne/Na$	期望杂合度 / 观测杂合度 $He/Ho$	Nei's 多 样性指数 $H$	Shannon's 指数 $I$	多态性信息 含量 PIC
C-1	8.00	3.24/7.00	0.70/0.17	0.69	1.40	0.64
C-2	8.00	3.18/7.00	0.69/0.33	0.69	1.40	0.64
C-3	12.00	3.76/9.00	0.74/0.22	0.73	1.63	0.70
C-4	13.00	4.15/8.00	0.77/0.22	0.76	1.60	0.72
C-5	19.00	8.22/11.00	0.89/0.22	0.88	2.23	0.87
C-7	2.00	1.03/2.00	0.03/0.97	0.03	0.07	0.03
C-8	4.00	1.50/3.00	0.34/0.78	0.33	0.63	0.31
C-9	7.00	2.17/5.00	0.55/0.72	0.54	1.04	0.49
平均 Average	9.12	3.41/6.50	0.59/0.45	0.58	1.25	0.55

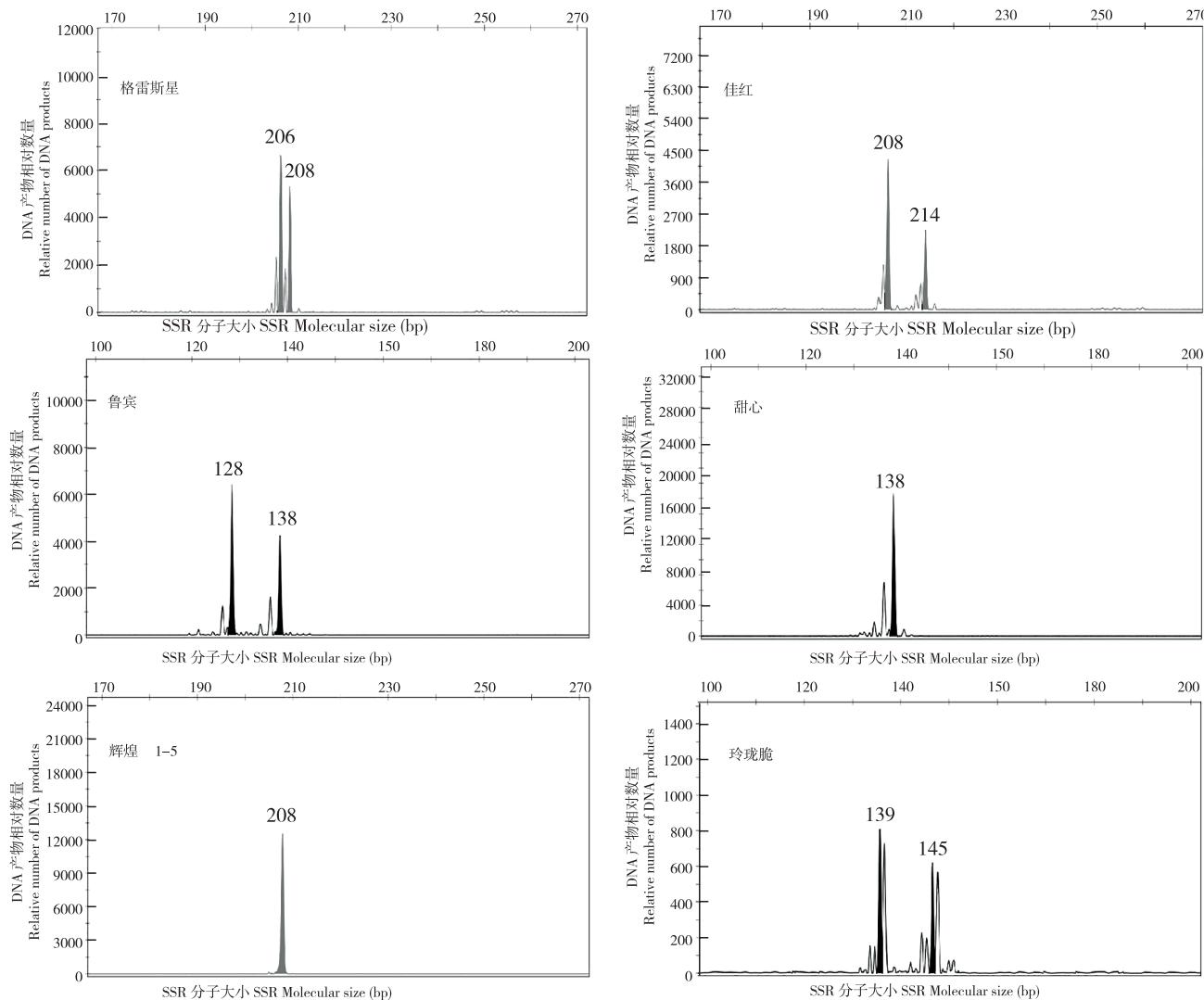


图 2 部分山东烟台樱桃种质的 SSR 扩增结果  
Fig. 2 Partial SSR amplification results of cherry germplasms in Shandong Yantai

理电泳峰图, 读取等位基因条带<sup>[25]</sup>, 人工整理并获得 36 份樱桃种质在不同位点的等位基因片段大小, 建立 DNA 指纹图谱(表 4)。按照二进制方法, 以“0, 1”阵列为基础, 将表 4 中的条带转化为数字“0, 1”, 其中“0”表示相应扩增位点无扩增条带, “1”则表示有扩增条带; 若无扩增条带, 则用“999”代替, 同时按引物编号和扩增条带片段从小到大排序组成一串数字代码<sup>[26]</sup>, 制作 DNA 数字指纹图谱(表 5)。

根据扩增条带数量, 将 8 对 SSR 引物在不同样品上扩增得到的带型由少到多排列, 并将其编码串联得到带型编号(表 6)。将各品种名称、分子身份证编号、农艺性状等信息导入草料二维码快速生成器, 构建出 36 份烟台樱桃品种身份

证二维码(表 7)。由表 7 可见, 36 份樱桃种质的分子身份证均不相同, 表明 8 对 SSR 引物能够区分 36 个样本, 采用的 8 对 SSR 引物合理且有效。

#### 2.4 36 份山东烟台樱桃种质聚类分析

采用非加权组平均法(UPGMA)对 36 份供试樱桃种质进行聚类分析, 并构建遗传关系聚类分析图(图 3)。其中, 验算  $r$  值为 0.93, 表明聚类分析结果精确。在遗传系数 0.170 处, 36 份供试樱桃种质分为甜樱桃和野生毛樱桃两大类, 表明野生毛樱桃与甜樱桃种质亲缘关系较远; 在遗传系数 0.556 处, 36 份樱桃种质可划分为 7 类: I 类所含种质最多、有 23 份其中, T-20 和 T-23 几乎无遗传差异, 遗传系数接近 1.00, 需要进一步选择其他遗传方式进行分析; II 类有 4 份甜樱

表 4 36 份山东烟台樱桃种质的 DNA 指纹图谱  
Table 4 DNA fingerprints of 36 cherry germplasms in Shandong Yantai

种质 Germplasm	引物 Primer							
	C-1	C-2	C-3	C-4	C-5	C-7	C-8	C-9
T-1 美早 Tieton	253/277	206/208	128/138	133	146	208	287/290	148
T-2 布鲁克斯 Brooks	252	206	134/138	140/142	145/148	208	287/290	148
T-3 萨米脱 Summit	252/277	206/214	138	137/142	136/145	208	287	148
T-4 辉煌 1-5 Huihuang 1-5	252/277	206	128/138	133/142	136/144	208	287	142/148
T-5 玲珑脆 Linglongcui	252/277	206	132/138	137/142	139/145	208	287	142/148
T-6 火箭 Rocket	252/277	253/277	128/138	133/137	136/147	208	287	148
T-7 红手球 Hongshouqiu	253/277	206/214	128/141	127/133	136/138	208	287/290	142
T-8 弗利斯科 Frisco	252/277	206	128/139	133/142	136/144	208	287	148
T-9 俄罗斯 8 号 Russian-8	252/277	208/214	138	133	145/148	208	287	148
T-10 格雷斯星 Grace Star	252/277	206/208	128/138	137/140	144/146	208	287/290	148
T-11 密露 Milu	252/277	208	128/138	133	136/146	208	287/290	148
T-12 鲁樱 3 号 Luying-3	253/277	206/214	128/138	133/137	136	208	287	142/148
T-13 佳红 Jiahong	254/277	206/214	128/141	133/138	137/139	208	287	148
T-14 珊瑚香槟 Coral Champagne	253/277	206	128/132	137/142	137/139	208	287	142/148
T-15 奇早 Qizao	252	206/208	128/138	133/142	136/147	208	287	148
T-16 塔玛拉 Tamara	252/277	206	128/138	133/142	144/147	208	287	142/148
T-17 柯迪亚 Attika	252/277	206/214	128/134	133/137	139/145	208	287	135
T-18 黑珍珠 Black Pearl	252/277	206	138	137	136/146	208	287	148
T-19 福瑞纳 Furuna	252/277	208/214	134/138	133/137	136/144	208	287	142
T-20 黑金 Black Gold	252	206/208	128/138	133/142	137/148	208	287	148
T-21 黄蜜 Huangmi	252/277	206/214	128/132	133/137	138	208	287	142/148
T-22 甜心 Sweet Heart	252/277	206/214	138	133/137	144	208	287	142/148
T-23 桑提娜 Santina	252	206/208	128/138	133/142	137/148	208	287	148
T-24 马什哈德 Manhaleb	253/277	208/214	134/138	133/138	139/145	208	287	142
T-25 鲁樱 4 号 Luying-4	253/277	206	128/138	133	137/148	208	287	148
T-26 鲁樱 8-5 Luying8-5	252/277	206/208	138	133/138	144/147	208	287/290	148
T-27 鲁宾 Rubin	252/277	206/214	128/138	133/142	144	208	287	148
T-28 秦樱 Qinying	252/277	208/214	128/132	133/138	138/147	208	287	148
T-29 加拿大巨人 Canada Giant	252/277	206/214	138	137/142	136/144	208	287	148
T-30 图雷拉 Tulare	252/277	206	128/132	137/142	136/138	208	287	148
T-31 美国红 American Red	253/277	206/214	128/138	133/142	144	208	287	142/148
M-1 毛樱桃 -1 Maoyingtao-1	272	205/207	134/145	130/138	118/137	208	284/287	132
M-2 毛樱桃 -2 Maoyingtao-2	254/276	206/208	134/143	138	137	208	284	132/142
M-3 毛樱桃 -3 Maoyingtao-3	253/275	205/207	147	138/146	118/137	208	284/287	135
M-4 毛樱桃 -4 Maoyingtao-4	254/277	205	134/143	138	137	207	284	124/132
M-5 毛樱桃 -5 Maoyingtao-5	276	205	145	138	118/126	208	284	132

表 5 36 份山东烟台樱桃种质的数字指纹图谱  
Table 5 Digital fingerprints of 36 cherry germplasms in Shandong Yantai

表 6 8 对引物对 36 份山东烟台樱桃种质带型编号

**Table 6** Band numbers of 36 cherry germplasms in Shandong Yantai by 8 pairs of primers

表 7 36 份山东烟台樱桃种质的分子身份证

Table 7 Molecular identity of 36 cherry germplasms in Shandong Yantai

种质 Germplasm	分子身份证 Marker ID number	二维码 QR code	种质 Germplasm	分子身份证 Marker ID number	二维码 QR code
T-1 美早 Tieton	2474433j		T-19 福瑞纳 Furuina	23552745	
T-2 布鲁克斯 Brooks	247317di		T-20 黑金 Black Gold	2374137b	
T-3 萨米脱 Summit	23752ba6		T-21 黄蜜 Huangmi	2365214c	
T-4 辉煌 1-5 Huihuang 1-5	23632375		T-22 甜心 Sweet Heart	23652b4f	
T-5 玲珑脆 Linglongcui	236326ae		T-23 桑提娜 Santina	2374137b	
T-6 火箭 Rocket	23782348		T-24 马什哈德 Manhaleh	2357475e	
T-7 红手球 Hongshouqiu	24554514		T-25 鲁樱 4 号 Luying-4	2373433b	
T-8 弗利斯科 Frisco	23732475		T-26 鲁樱 8-5 Luying 8-5	24742b5h	
T-9 俄罗斯 8 号 Russian-8	23772b3i		T-27 鲁宾 Rubin	2375237f	
T-10 格雷斯星 Grace Star	2474239g		T-28 秦樱 Qinying	2377215d	
T-11 密露 Milu	24762337		T-29 加拿大巨人 Canada Giant	23752ba5	
T-12 鲁樱 3 号 Luying-3	23654343		T-30 图雷拉 Tulare	237321a4	
T-13 佳红 Jiahong	2475655a		T-31 美国红 American Red	2365437f	
T-14 珊瑚香槟 Coral Champagne	236341aa		M-1 毛樱桃 -1 Maoyingtao-1	22228922	
T-15 奇早 Qizao	23741378		M-2 毛樱桃 -2 Maoyingtao-2	213478b9	
T-16 塔玛拉 Tamara	2363237h		M-3 毛樱桃 -3 Maoyingtao-3	22425dc2	
T-17 柯迪亚 Attika	2345224e		M-4 毛樱桃 -4 Maoyingtao-4	111168b9	
T-18 黑珍珠 Black Pearl	23732b87		M-5 毛樱桃 -5 Maoyingtao-5	21219cb1	

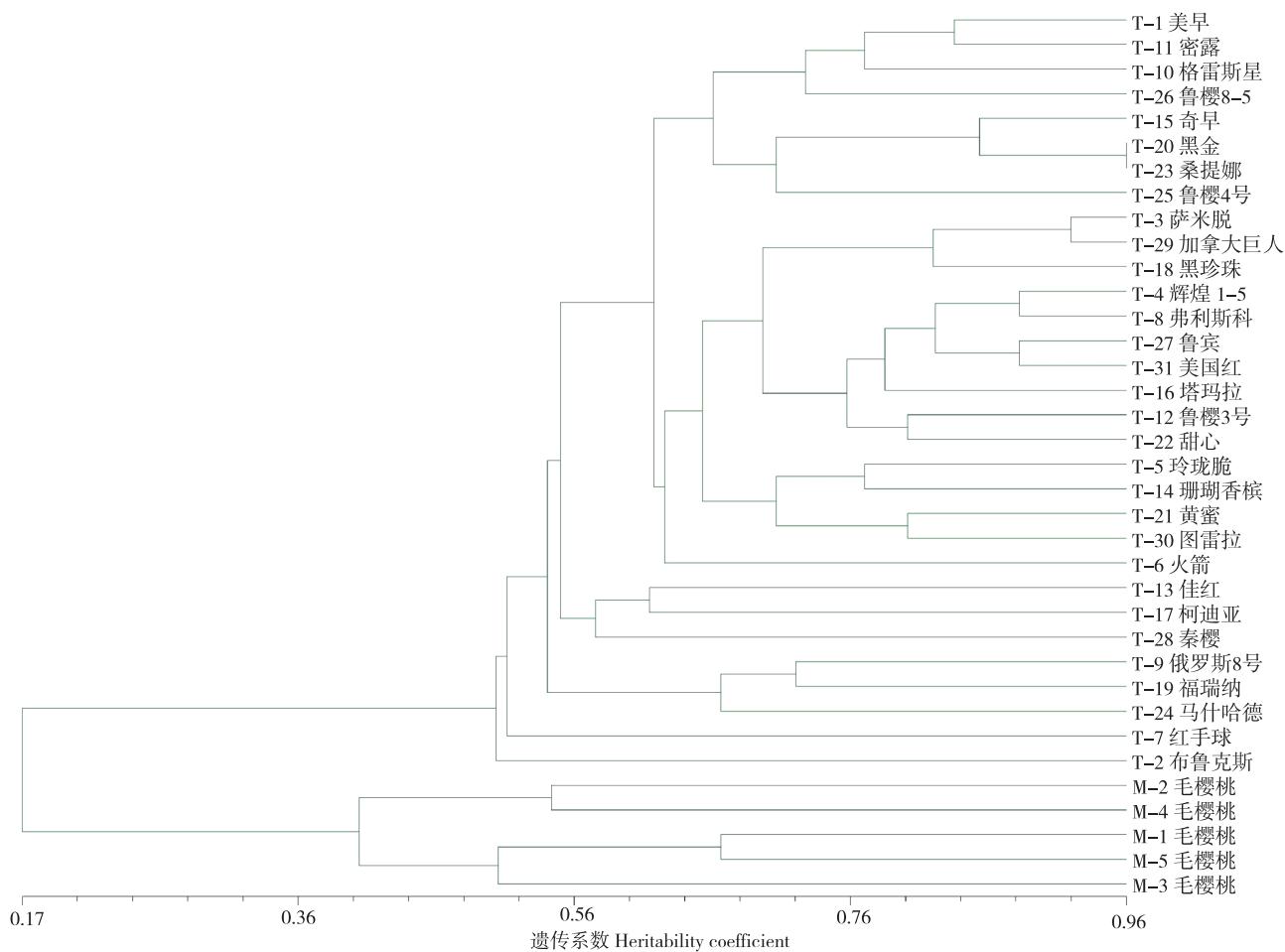


图 3 基于 SSR 分子标记的山东烟台樱桃种质资源聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of cherry germplasm resources in Shandong Yantai based on SSR molecular markers

桃种质;Ⅲ类有3份甜樱桃品种;Ⅳ类只有T-2,且在遗传系数为0.496时与其余30份甜樱桃品种分离,表现出明显的遗传差异性,亲缘关系较远;V、VI、VII类均为中国农业大学烟台研究院的野生毛樱桃种质,与烟台地区甜樱桃种质有明显区别。

对山东烟台的31份甜樱桃种质,在遗传系数为0.611处可重新分成5类。(1)第1类有23份樱桃种质,在遗传系数0.642处可细分为A、B、C3组。A组T-1、T-11、T-10、T-26、T-15、T-20、T-23和T-25均属于偏早熟的甜樱桃种质。B组含14份甜樱桃种质,其中有5个我国培育品种(T-4、T-5、T-12、T-18和T-21)、3个美国培育品种(T-14、T-30和T-31)、3个加拿大品种(T-3、T-22和T-29);B组中T-3和T-29遗传相似系数最大、遗传差异最小。C类只有T-6,

由美国SMS无限种质公司培育,我国于2018年引进并在山东烟台栽培,其亲缘关系与第1类中其他甜樱桃种质相隔较远。(2)第2类由T-9、T-19和T-24构成。其中,T-9和T-19均从俄罗斯引进到我国,二者亲缘关系较近。(3)第3~5类由捷克引进的T-17、日本引进的T-7、我国培育的T-13和T-28、美国引进的T-2共5个甜樱桃品种构成,其种质间遗传差异大,与其他甜樱桃种质亲缘关系较远。

### 3 讨论

遗传多样性代表某个地区种质的适应能力和进化潜力,其水平的高低与种质的分布范围和发展潜力密切相关<sup>[27]</sup>,对种质未来的发展和保护具有重要意义<sup>[28]</sup>。分子标记技术因不受外界条件和植物发育阶段的影响逐渐取代过去依靠形

态标记的方法，现已成为研究遗传多样性和种质资源的主要工具<sup>[29]</sup>。在众多分子标记技术中，SSR 荧光标记因多态性丰富、经济方便等优点，被广泛应用<sup>[30]</sup>。采用此技术研究种群遗传多样性和遗传结构时，通常将杂合度作为评价种群遗传多样性和反映群体中等位基因的丰富度和均匀程度的重要指标<sup>[31-32]</sup>。在本试验中，36 份樱桃种质材料的观测纯合度 ( $H_o$ ) 的变化范围为 0.17~0.97；群体平均 Shannon's 遗传多样性指数和 Nei's 多样性指数分别为 1.25 和 0.58；期望杂合度 ( $H_e$ ) 的平均值为 0.59，表明 36 份供试樱桃种质遗传信息丰富，同时等位基因丰富度和均匀度均较高。

多态信息含量 (PIC) 是反映 DNA 变异程度的一个指标，能反映 DNA 多态性高低。姚陆铭等<sup>[32]</sup>通过对扁豆种质资源的 SSR 标记分析，认为当 PIC 值  $>0.5$  时，SSR 标记具有高度可供信息性；当  $0.50 > PIC > 0.25$  时，SSR 标记能比较合理地提供信息；当 PIC 值  $<0.25$  时，SSR 标记的可供信息性较差。本试验筛选出的 8 对 SSR 标记的 PIC 值在 0.03~0.87、平均 0.55，具有高度多态性，且对 36 份供试樱桃种质区分率达到 100%。本试验成功构建了 36 份樱桃种质的分子身份证，并采用二维码将每份种质的名称、分类、来源地和指纹代码信息等转换生成二维码，构建了 36 份樱桃种质 SSR 分子指纹图谱，可为甜樱桃种质资源鉴定提供有力支撑。

基于 Nei's 遗传距离的 UPGMA 聚类分析结果中，在遗传系数 0.170 处，36 份樱桃种质分为甜樱桃和野生毛樱桃两类，表明野生毛樱桃与甜樱桃种质亲缘关系较远；在遗传系数 0.556 处，可将 36 份樱桃种质划分为 7 类；31 份烟台地区甜樱桃种质在遗传系数 0.611 处可重新分成 5 类，其聚类结果与农艺形态特征和成熟季节的类别聚类大致符合<sup>[30]</sup>。其中，来自同一产地的种质聚类现象较为普遍，表明目前生产上同一地区反复使用同一授粉系配种的现象较普遍。例如，‘俄罗斯 8 号’和‘福瑞纳’均产于俄罗斯，遗传差异较小；‘萨米脱’‘甜心’和‘加拿大巨人’均由加拿大夏地农研究所育成，这 3 个品种聚为一类。观测杂合度 ( $H_o=0.45$ ) 略低于期望杂合

度 ( $H_e=0.59$ )，性状相似现象亦较为普遍，造成同一地区遗传基础较差。此外，来自国外不同品种也可以聚在一起，如原产于美国的‘黑金’和选育于加拿大的‘桑提娜’几乎无遗传差异，进一步表明可以继续深化推进国际合作育种工作，以培育出更优良的甜樱桃品种。

## 4 结论

本研究筛选出 8 对稳定性好、条带清晰、多态性高的 SSR 引物，从 36 份樱桃种质资源中共检测到 73 个等位基因，平均每对引物扩增出 9.12 个，Shannon's 指数和 Nei's 多样性指数分别为 1.25 和 0.58，具有丰富的遗传多样性；同时，构建出 36 份樱桃种质的 DNA 身份证和指纹图谱并将其种质信息溯源至二维码中，为樱桃种质资源鉴定提供参考；在遗传系数 0.170 处，36 份樱桃种质分为甜樱桃和野生毛樱桃两类；在遗传系数 0.611 处，山东烟台的 31 份甜樱桃种质分成 5 类，聚类结果与其种质农艺特征聚类相符合。本研究结果可为烟台地区甜樱桃的种质资源鉴定与遗传多样性分析、优良亲本选育提供理论和技术支持。

### 参考文献 ( References ) :

- [1] 钟景勇. 甜樱桃品种遗传关系的 SSR 分析 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2009.
- ZHONG J Y. Genetic relationship of sweet cherry based on SSR markers [D]. Ya'an:Sichuan Agriculture University, 2009.
- [2] 洪莉, 董军, 陈令会, 阮梦雅, 洪小玲. 30 份甜樱桃种质资源果实性状的调查研究 [J]. 中国南方果树, 2023, 52(4):165-170. DOI:10.13938/j.issn.1007-1431.20220585.
- HONG L, DONG J, CHEN L H, RUAN M T, HONG X L. Investigation of fruit traits of thirty sweet cherry germplasm resources [J]. South China Fruits, 2023, 52(4):165-170. DOI:10.13938/j.issn.1007-1431.20220585.
- [3] 张序, 李延菊, 李芳东, 王玉霞, 田长平, 李公存. 烟台甜樱桃产业现状及发展展望 [J]. 落叶果树, 2024, 56(3):6-9, 2.
- ZHANG X, LI Y J, LI F D, WANG Y X, TIAN C P, LI G C. Development status and prospects of sweet cherry industry in Yantai City [J]. Deciduous Fruits, 2024, 56(3):6-9, 2.
- [4] 王丹丹, 付化瑞, 张彦文. 甜樱桃栽培种指纹图谱构建及遗传多样性分析 [J]. 西北农业学报, 2017, 26(12):1813-1820. DOI:10.7606/j.issn.1004-1389.2017.12.010.
- WANG D D, FU H R, ZHANG Y W. Establishment of DNA fingerprinting and analysis of genetic diversity among *Prunus avium* cultivar [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2017, 26(12):1813-1820. DOI:10.7606/j.issn.1004-1389.2017.12.010.

- [5] 蔡青, 姜立杰, 马焕普, 张开春, 张晓明, 闫国华. 甜樱桃品种的 SSR 鉴定 [J]. 生物技术通报, 2007(5):170–172,178. DOI:10.3969/j.issn.1002-5464.2007.05.042.
- CAI Q, JIANG L J, MA H P, ZHANAG K C, ZHANG X M, YAN G H. SSR analysis for cherry cultivars [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2007(5):170–172,178. DOI:10.3969/j.issn.1002-5464.2007.05.042.
- [6] 杨姝琦, 杨彦伶, 彭婵, 张新叶, 李振芳. 基于 SSR 标记的紫薇分子鉴定及遗传分析 [J]. 安徽农业大学学报, 2024, 51(3): 397–403.
- YANG S Q, YANG Y L, PENG C, ZHANG X Y, LI Z F. Molecular identification and genetic analysis of *Lagerstroemia indica* based on SSR markers [J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2024, 51(3): 397–403.
- [7] 李满桥, 王前, 李葵秀, 钟峰, 陈中坚, 王勇, 魏富刚, 杨生超, 刘冠泽. 基于 SSR 标记与农艺性状对三七集团选择群体的评价 [J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(10):1673–1684. DOI:10.13430/j.cnki.jngr.20240131008.
- LI M Q, WANG Q, LI K X, ZU F, CHEN Z J, WANG Y, WEI F G, YANG S C, LIU G Z. Evaluation of mass selected populations of *Panax notoginseng* based on SSR markers and agronomic traits [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(10):1673–1684. DOI:10.13430/j.cnki.jngr.20240131008.
- [8] 史辉, 陈美霞, 李萍萍, 叶祖云. 基于 ISSR 和 RAPD 标记的太子参种质遗传多样性研究 [J]. 河南农业科学, 2022, 51(8): 64–73. DOI:10.15933/j.cnki.1004.
- SHI H, CHEN M X, LI P P, YE Z Y. Genetic diversity analysis of *Pseudostellaria heterophylla* based on issr and rapd molecular markers [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2022, 51(8): 64–73. DOI:10.15933/j.cnki.1004.
- [9] 张萌, 单玉莹, 杨业波, 翟飞飞, 王兆山, 巨关升, 孙振元, 李振坚. 中国石斛属植物遗传资源的 AFLP 分析 [J]. 园艺学报, 2022, 49(6):1339–1350. DOI:10.16420/j.issn.0513-353x.2021-0625.
- ZHANG M, SHAN Y Y, YANG Y B, ZHAI F F, WANG Z S, JU G S, SUN Z Y, LI Z J. AFLP analysis of genetic resources of *Dendrobium* from China [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2022, 49(6):1339–1350. DOI:10.16420/j.issn.0513-353x.2021-0625.
- [10] 许娜丽, 余慧霞, 姚明明, 王彦青, 李清峰, 刘彩霞, 孙刚. 基于 SSR 和 SRAP 分子标记小麦品种资源遗传多样性及农艺品质性状分析 [J]. 中国农业科技导报, 2023, 25(3):30–46.
- XU N L, YU H X, YAO M M, WANG Y Q, LI Q F, LIU C X, SUN G. Analysis of genetic diversity based on SSR and SRAP markers and agronomic traits of wheat resources [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2023, 25(3):30–46.
- [11] 罗冉, 吴委林, 张旸, 李玉花. SSR 分子标记在作物遗传育种中的应用 [J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(1):137–143. DOI:10.3969/j.issn.1002-2481.2010.03.004.
- LUO R, WU W L, ZHANG Y, LI Y H. SSR marker and its application to crop genetics and breeding [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2010, 29(1):137–143. DOI:10.3969/j.issn.1002-2481.2010.03.004.
- [12] 罗群凤, 冯源恒, 吴东山, 杨章旗. 基于 SSR 标记的大明松天然群体遗传多样性分析 [J]. 广西植物, 2022, 42(8):1367–1373.
- LUO Q F, FENG Y H, WU D S, YANG Z Q. Genetic diversity of *Pinus taiwanensis* var. *Damingshanensis* natural populations by SSR markers [J]. *Guizhou Botany*, 2022, 42(8): 1367–1373.
- [13] 王芝懿, 李振芳, 彭婵, 陈英, 张新叶. 基于 SSR 标记的紫薇核心种质构建及取样策略对比 [J/OL]. 分子植物育种, 1–13 [2024-08-17]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220916.1035.008.html>.
- WANG Z Y, LI Z F, PENG C, CHEN Y, ZHANG X Y. Construction of *Lagerstroemia indica* core collection based on SSR Markers and comparison of sampling strategies [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, 1–13 [2024-08-17]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220916.1035.008.html>.
- [14] 刘海燕, 陆建农, 殷学贵, 顾帅磊, 谢钰, 张柳琴, 黄冠荣, 刘朝裕, 张肖肖, 左金鹰. 莼麻根腐病抗性鉴定及其 SSR 标记的初步建立 [J]. 广西植物, 2023, 43(7):1326–1334.
- LIU H Y, LU J N, YIN X G, GU S L, XIE Y, ZHANG L Q, HUANG G R, LIU Z Y, ZHANG X X, ZUO J Y. Identification of resistance to root rot and preliminary establishment of its SSR markers in castor bean [J]. *Guizhou Botany*, 2023, 43(7): 1326–1334.
- [15] 雷刚, 陈学军, 周坤华, 黄月琴, 袁欣捷, 李歌歌, 方钰, 方荣. 60 份辣椒骨干亲本的 SSR 遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(8):1321–1335.
- LEI G, CHEN X J, ZHOU K H, HUANG Y Q, YUAN X J, LI G G, FANG Y, FANG R. Genetic diversity and fingerprint analysis in 60 founder parents of pepper based on SSR markers [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(8):1321–1335.
- [16] 刘丽, 王培, 王传之, 陈先连, 宁可君, 杨雪, 舒英杰, 惠雪, 何庆元. 基于 SSR 标记黄淮海地区夏大豆区域试验参试品系遗传多样性及粒形性状关联位点分析 [J]. 江苏农业学报, 2024, 40(5):785–795.
- LIU L, WANG P, WANG C Z, CHEN X L, NING K J, YANG X, SHU Y J, HUI X, HE Q Y. Analysis of genetic diversity and associated loci of grain shape traits in summer soybean regional test lines in Huang-Huai-Hai region based on SSR markers [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 40(5):785–795.
- [17] 董超, 张斐斐, 汤翠凤, 阿新祥, 甘树仙, 杨雅云, 刘自单, 戴陆园. 利用 SSR 标记分析普通野生稻遗传多样性 [J]. 广东农业科学, 2024, 51(11):28–38. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2024.11.003.
- DONG C, ZHANG F F, TANG C F, A X X, GAN S X, YANG Y Y, LIU Z D, DAI L Y. Genetic diversity analysis of common wild rice by using SSR markers [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2024, 51(11):28–38. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2024.11.003.
- [18] 王晶, 张开春, 张晓明, 闫国华, 周宇, 段续伟, 陈玲. 甜樱桃品种中新多态性 SSR 的鉴定、指纹图谱构建及聚类分析 [J]. 果树学报, 2019, 36(12): 1619–1629. DOI:10.13925/j.cnki.gsxb.20190134.
- WANG J, ZHANG K C, ZHANG X M, YAN G H, ZHOU Y, DUAN X W, CHEN L. Identification of new polymorphic SSRs, fingerprinting and cluster analysis in sweet cherry [J]. *Journal of Fruit Science*, 2019, 36(12): 1619–1629. DOI:10.13925/j.cnki.gsxb.20190134.
- [19] 宛甜, 蔡宇良, 冯瑛, 张雪, 何恒流. 野生毛樱桃 SSR 遗传多样性及遗传结构分析 [J]. 西北植物学报, 2013, 33(8):1544–1550.
- WAN T, CAI Y L, FENG Y, ZHANG X, HE H L. Genetic diversity and genetic structure of wild *Prunus tomentosa* Thunb. based on simple sequence repeats markers [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalis*

- Sinica*, 2013,33(8):1544–1550.
- [20] 付涛, 严春风, 林乐静, 王志龙, 林立, 袁冬明, 徐梁. 我国南方野生樱属植物的 SSR 亲缘关系分析 [J]. 核农学报, 2018,32(10):1949–1954,1959. DOI:10.11869/j.issn.1000–8551.2018.10.1949.
- FU T, YAN C F, LIN L J, WANG Z L, LIN L, YUAN D M, XU L. Analysis of genetic relationship of wild *Cerasus* in South China with SSR markers [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2018,32(10):1949–1954,1959. DOI:10.11869/j.issn.1000–8551.2018.10.1949.
- [21] 高天翔, 蔡宇良, 冯瑛, 赵晓军. 中国樱桃 14 个自然居群遗传多样性和遗传结构的 SSR 评价 [J]. 园艺学报, 2016,43(6):1148–1156. DOI:10.16420/j.issn.0513–353x.2015–0815.
- GAO T X, CAI Y L, FENG Y, ZHAO X J. Genetic diversity and genetic structure of *Prunus pseudocerasus* populations from China as revealed by SSR markers [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2016,43(6):1148–1156. DOI:10.16420/j.issn.0513–353x.2015–0815.
- [22] 王宇晴, 李乔乔, 阚文亮, 邱植, 吴则东. 利用 SSR 分子标记构建甜菜登记品种的分子身份证件 [J]. 江苏农业科学, 2022,50(18):289–294. DOI:10.15889/j.issn.1002–1302.2022.18.045.
- WANG Y Q, LI Q Q, KAN W L, PI Z, WU Z D. Molecular identification cards of registered varieties of sugar beet were constructed using SSR molecular markers [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2022,50(18):289–294. DOI:10.15889/j.issn.1002–1302.2022.18.045.
- [23] 钟世超, 李潇萱, 樊铭玺, 谭浩然, 陈晓峰. 应用 STR 荧光标记法分析大白菜品种遗传多样性 [J]. 中国蔬菜, 2023(11):22–33.
- ZHONG S C, LI X X, FAN M X, TAN H R, CHEN X F. Genetic diversity of chinese cabbage analyzed by STR Fluorescence Labeling Method [J]. *China Vegetables*, 2023(11):22–33.
- [24] 满孝源, 王湘懿, 张凯歌, 胡凌, 陈晓峰. 应用 SSR 分子标记分析烟台地区黄瓜种质资源遗传多样性 [J]. 中国瓜菜, 2023,36(11):24–32. DOI:10.16861/j.cnki.zgge.2023.0222.
- MAN X Y, WANG X Y, ZHANG K G, HU L, CHEN X F. Genetic diversity of cucumber germplasm resources in Yantai region was analyzed by SSR Molecular Markers [J]. *China Cucurbits and vegetables*, 2023,36(11):24–32. DOI:10.16861/j.cnki.zgge.2023.0222.
- [25] 胡文斌, 洪青梅, 李婧, 潘文辉, 何云, 李洪立, 李琼. 火龙果主要商业品种 SSR 指纹图谱构建和遗传多样性分析 [J]. 热带作物学报, 2021,42(5):1310–1317. DOI:10.3969/j.issn.1000–2561.2021.05.016.
- HU W B, HONG Q M, LI J, PU W H, HE Y, LI H L, LI Q. Genetic diversity analysis and SSR fingerprint construction of pitaya cultivars [J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2021,42(5):1310–1317. DOI:10.3969/j.issn.1000–2561.2021.05.016.
- [26] 林朦婕, 温慧萍, 肖建中, 郑强. 四十八份青花菜品种 SSR 指纹图谱构建 [J]. 浙江农业学报, 2021,33(12):2304–2312.
- LIN M J, WEN H P, XIAO J Z, ZHENG Q. Construction of DNA fingerprint for 48 broccoli cultivars [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2021,33(12):2304–2312.
- [27] MARCHESEA, GIOVANNINID, LEONEA, MAFRICAR, PALASCIANOM, CANTINIC, DIVAIOC, DESALVADORFR, GIACALONEG, CARUSOT, MARRAFP. S-genotype identification, genetic diversity and structure analysis of Italian sweet cherry germplasm [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2017,13(5): 1–20.
- [28] HE Z Z, STOTZ G C, LIU X. A global synthesis of the patterns of genetic diversity in endangered and invasive plants [J]. *Biological Conservation*, 2004,291: 110473.
- [29] ELLEGREN H, GALTIER N. Determinants of genetic diversity [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2016,17(7): 422–433.
- [30] 李乔乔, 王宇晴, 邱植, 吴则东. 基于 SSR 分子标记的甜菜种质资源遗传多样性分析 [J]. 中国糖料, 2023, 45(1): 1–7.
- LI Q Q, WANG Y Q, PI Z, WU Z D. Genetic diversity analysis of sugar beet germplasm resources based on SSR Molecular Markers [J]. *Sugar Crops of China*, 2023, 45(1): 1–7.
- [31] 向盈盈, 唐绍清, 卢永彬. 基于 SSR 标记淡黄金花茶的遗传多样性和遗传结构研究 [J/OL]. 广西植物, 1–9 [2024–12–30]. <https://link.cnki.net/urlid/45.1134.Q.20240724.1155.002>.
- XIANG Y Y, TANG S Q, LU Y S. Genetic diversity and genetic structure of *Camellia flava* based on SSR markers [J/OL]. *Guighaia*, 1–9 [2024–12–30]. <https://link.cnki.net/urlid/45.1134.Q.20240724.1155.002>.
- [32] 姚陆铭, 袁娟, 马晓红, 王彪. 基于表型性状及 SSR 标记的扁豆种质资源遗传多样性分析 [J/OL]. 作物杂志, 1–11 [2024–11–30]. <https://link.cnki.net/urlid/11.1808.S.20240617.1505.004>.
- YAO L M, YUAN J, MA X H, WANG B. Genetic diversity analysis of lablab purpureus germplasm resources based on morphological traits and SSR markers [J/OL]. *Crops*, 1–11 [2024–11–30]. <https://link.cnki.net/urlid/11.1808.S.20240617.1505.004>.

【责任编辑 陈丽娥】