

# 基于 SSR 分子标记的 68 份柚类种质资源亲缘关系分析

王旭<sup>1</sup>, 彭洁<sup>2</sup>, 朱延松<sup>2</sup>, 杨胜男<sup>2</sup>, 张晓楠<sup>2</sup>, 余洪<sup>2</sup>, 江东<sup>2\*</sup>, 梁大成<sup>1\*</sup>

(1. 长江大学农学院, 湖北荆州 434025; 2. 西南大学柑桔研究所, 重庆 400712)

**摘要** [目的] 用 17 对 SSR 引物对 68 份柚类种质资源进行遗传背景研究, 推演其亲缘关系, 为更好地利用这 68 份材料提供参考。[方法] 17 对 SSR 引物进行 PCR 扩增; 用 Power Marker V3.25 软件计算观测等位变异数(Na)、有效等位变异数(Ne)、观测杂合度(Ho)、期望杂合度(He)、香农多样性指数(I)和引物多态信息含量(PIC); 用 Ntsys2.0 计算材料间的遗传距离并进行聚类; 用 Structure2.3.4 推导群体遗传结构。[结果] 17 对引物扩增出 62 条多态性条带, 平均为 3.647 0 条。计算得出这 62 个多态性标记位点的平均等位变异数 Na 为 3.470 6, 平均有效等位变异数 Ne 为 2.152 3, 平均观测杂合度 Ho 为 0.454 2。平均期望杂合度 He 和香农多样性指数 I 分别为 0.481 0 和 0.848 2, 多态信息含量(PIC)平均值为 0.419 8。在遗传距离 0.36 处将材料分成 5 个类群, 结构分析中将材料分成 4 个组群, 聚类分析和结构分析结果基本一致。[结论] 所选材料具有丰富的遗传多样性, 聚类和结构分析的结果能直观地了解这 68 份材料的亲缘关系, 并对其中可能的同物异名品种进行筛选。

**关键词** 柚; SSR 分子标记; 亲缘关系

中图分类号 Q943 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2021)04-0100-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2021.04.027



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

## Analysis of Genetic Relationship of 68 Pummelo Germplasm Resources Based on SSR Molecular Marker

WANG Xu<sup>1</sup>, PENG Jie<sup>2</sup>, ZHU Yan-song<sup>2</sup> et al (1. School of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025; 2. Citrus Research Institute of Southwest University, Chongqing 400712)

**Abstract** [Objective] 17 pairs of SSR primers were used to study the genetic background of 68 pummelo germplasm resources and deduced their genetic relationship, so as to provide reference for better use of these 68 materials. [Method] 17 PCR amplification was performed on SSR primers; Power Marker V3.25 software was used to calculate the observed allelic variance (Na), effective allelic variance (Ne), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), Shannon diversity index (I) and primer polymorphism information content (PIC); use Ntsys2.0 to calculate the genetic distance between materials and clustering; use Structure 2.3.4 to derive population genetic structure. [Result] The 17 pairs of primers amplified 62 polymorphic bands, with an average of 3.647 0 bands. It is calculated that the average allelic variance Na of the 62 polymorphic marker loci is 3.470 6, the average effective allelic variance Ne value is 2.152 3, and the average observed heterozygosity Ho value is 0.454 2. The average expected heterozygosity He value and Shannon diversity index I value are 0.481 0 and 0.848 2, respectively. The average PIC value of polymorphic information content is 0.419 8. The material was divided into 5 groups at the genetic distance of 0.36, and the material was divided into 4 groups in the structure analysis. The results of cluster analysis and structure analysis were basically the same. [Conclusion] The selected materials have rich genetic diversity, and the results of clustering and structural analysis can intuitively understand the genetic relationship of these 68 materials, and filter possible synonymous varieties among them.

**Key words** Pummelo; SSR molecular marker; Genetic relationship

柚是柑橘属基本种之一, 在柑橘中具有重要的生物学地位, 同时在中国柑橘产业上也占有重要的经济地位<sup>[1]</sup>。中国是柚类的原产国和主要栽培国之一, 根据《禹贡》的记载, 柚在我国已有 4 000 多年的栽培历史<sup>[2]</sup>。柚多以实生繁殖, 且多为单胚, 在不同的地理环境下长期的自然变异和遗传育种产生了丰富的可遗传变异品种, 形成了丰富多样的种质资源<sup>[3]</sup>。人类的社会活动过程会导致不同地域之间的品种交流, 但在引种栽培过程中, 由于天然的杂交或者人为因素可能会造成品种混乱, 同一品种在不同区域可能会有不同的名称, 这给种质资源的保存和利用带来不便。引种过程一般是通过枝条嫁接, 但是单从叶片表型很难判断出具体的品种, 加上柑橘类果树的童期较长, 短时间内也很难得到果实, 在此期间, 如果品种错乱, 将会造成人力和财力损失, 因此从分子水平上对品种进行鉴定以及亲缘关系的推演显得极为重

要。简单重复序列 (simple sequence repeat, SSR) 分子标记技术, 其特点是等位基因变异数多、多态性高、稳定性和重复性好, 呈共显性遗传, 是果树上鉴定种质资源、分析遗传多样性及亲缘关系应用中最广泛的分子标记<sup>[4]</sup>。由于 SSR 分子标记不受植物生长时期以及环境因素的影响, 所以以其为基础的聚类分析能更好地反映品种间的亲缘关系。Ahmed 等<sup>[5]</sup>用 60 对 SSR 引物筛选出 26 对具有多态性位点的引物对来自印度的 14 份柚类种质资源进行分析, 发现虽然它们有很高的形态差异性, 但是在分子标记上表现出较低的遗传多样性, 因为这 14 份资源全是来自体细胞变异的品种。Kongsri 等<sup>[6]</sup>用 10 对 SSR 引物估算了泰国南部、中部和北部的商业品种和杂交品种之间的遗传距离, 共产生 33 个等位基因, 预期杂合性和多态性信息含量的平均值分别为 0.52 和 0.45, 结果显示泰国本地柚比商业品种有更高的遗传多样性。来自土耳其的学者用 SSR 分子标记将柚和葡萄柚进行了区分<sup>[7]</sup>。刘勇等<sup>[8]</sup>用 31 对引物从 122 份柚类材料中检测到 335 个等位基因变异, 用 UPGMA 方法将 122 份材料分成 7 个亚群, 18 个小的组群, 其结果分布主要呈沙田柚、文旦柚以及庞大的柚杂种群这三大类型。雷天刚等<sup>[9]</sup>从 105 对 SSR 引物中筛选出 5 对引物, 组合成 2 组引物构建了沙田柚、瑯

**基金项目** 国家重点研发计划子课题“果树优质高效品种筛选及配套栽培技术研究”(2019YFD1001400)。

**作者简介** 王旭(1993—), 男, 重庆人, 硕士研究生, 研究方向: 作物遗传育种。\* 通信作者, 江东, 副研究员, 硕士, 硕士生导师, 从事果树资源与遗传育种研究; 梁大成, 教授, 博士, 硕士生导师, 从事湿地作物远缘嫁接技术研究。

**收稿日期** 2020-10-14; **修回日期** 2020-11-02

溪蜜柚、晚白柚、强德勒柚、梁平柚的特征指纹图谱。刘冬峰等<sup>[10]</sup>用 23 对引物对浙江地方柚的遗传多样性进行研究,筛选出 4 对引物组合构建柚种质鉴定图,能对 18 份柚进行准确鉴定。国家果树种质重庆柑橘圃新引种一批柚类种质资源,尚未结果,从树形和叶形上难以对其亲缘关系准确判断。该试验用 17 对 SSR 引物对 68 份柚类种质资源进行遗传背

景研究,推演其亲缘关系,以期为更好地利用这 68 份材料提供参考。

## 1 材料与方法

**1.1 材料** 供试的 68 份材料,包括 64 份柚、4 份葡萄柚,均来自国家果树种质重庆柑橘圃,供试材料名称见表 1。

表 1 68 份材料名  
Table 1 68 material names

编号 No.	材料名 Material name	编号 No.	材料名 Material name	编号 No.	材料名 Material name
1	无核沙田柚	24	毛南本地柚	47	孟伦早柚
2	处红柚	25	垫江白柚杂种 2 号	48	曼赛龙
3	古巴柚	26	黄肉蜜柚	49	早熟柚
4	皋泄香柚	27	红肉蜜柚	50	绿肉柚
5	脆香甜柚	28	垫江周家白心柚	51	龙安柚
6	麻布文旦	29	垫江黄沙岩白心柚	52	泰国暹罗低酸柚
7	囊内柚	30	垫江白柚	53	泰国柚 Kitikl
8	酸柚	31	垫江白柚 3 号	54	泰国柚
9	木兰柚	32	垫江白柚 2 号	55	缅甸柚
10	平安柚	33	垫江曾家白心柚	56	福建文旦
11	杭红柚	34	蒲连柚	57	晚白柚
12	文成红心柚	35	梁平柚	58	孟古文旦柚
13	演柚	36	虎蜜柚	59	建阳橘柚
14	早香柚	37	蓬溪柚	60	平阳柚
15	桃溪特早蜜柚	38	长寿沙田柚	61	日本红肉文旦
16	梅州沙田柚	39	垫江红心实生 1 号	62	贡水红柚
17	永嘉红心柚	40	垫江红心实生 2 号	63	马家柚
18	真龙柚	41	垫江红心实生 3 号	64	丰城红囊柚
19	星路比	42	垫江红心实生 4 号	65	吉安无核沙田柚
20	红马叙	43	卫寺蜜柚	66	江坝柚
21	奥罗布郎柯	44	越南小柚	67	金兰柚 1
22	火焰	45	越南小甜柚	68	金兰柚 2
23	青田红柚	46	宜安倭柚		

## 1.2 方法

**1.2.1 基因组 DNA 提取。**采集 68 份材料的成熟叶片,利用改良 CTAB 法提取样品 DNA<sup>[11]</sup>,用 NanoDrop 2000 分光光度计测量其 DNA 浓度并统一稀释至 50 ng/μL 备用,1.5%琼脂

糖凝胶电泳检测其完整性。

**1.2.2 SSR 引物合成。**参试引物来自李益等<sup>[12]</sup>报道的 17 对柑橘品种鉴定的 SSR 引物,引物由北京六合华大基因有限公司合成,引物信息见表 2。

表 2 SSR 引物序列  
Table 2 SSR primer sequence

编号 No.	引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence(5'—3')	退火温度 Annealing temperature//℃
1	P4F/P4R	TAAAAACCAACGTCCCCTCA/CGGGCGAGGTAGAAGTAATG	60
2	P7F/P7R	GTTCGGCAGTTAATCTCAAA/CCGACCACTTTACCCACTG	60
3	P8F/P8R	TTGCCAAGAGATTTAAACGAACA/GACGAGAGGTCCAGAAATCG	60
4	P13F/P13R	ACTGAACTGTCCATTGGATTTTCG/GTGTGAATCCCGACCTTCTACC	60
5	P22F/P22R	GCCTTCTTGATTTACCGAC/TGCTCCGAACTTCATCATTG	60
6	P35F/P35R	CATCAGAAAACGAGATGCCAA/AAGGGCTAGAAGATTCCCCC	60
7	P69F/P69R	GTGTGGTCCAGACTCCGTTT/AAGATTCTTTAAACAAATCCAAGGC	60
8	P100F/P100R	CTTGTGTGTTGCAGCTCGAT/ATTCATTTAAACCGACTGCC	60
9	P114F/P114R	TCTCACGTCAAAAAGACGAGC/TCGGCCATAAACCGATACAT	60
10	P129F/P129R	TTCGTATCTCTCATCCATC/TCATCAAATCACCCAAACGA	60
11	P141F/P141R	CAGGCAGTAACCTCCCAGAC/AGCGAAAGCTAATGATGGTG	60
12	P190F/P190R	AACACCCCTTGAGAGGGAG/GCTGTTACACACACAAACCC	60
13	P235F/P235R	CACGCAGCTTGAGTTTGAAG/GTGCCGTTTAGGGTTTTCTCT	60
14	P238F/P238R	CGGGCTAGGCTGAGAGATA/TTCITTGGAGCCGAACAACCT	60
15	P268F/P268R	CGCAAATGACTTCCCAGAAT/GCTCCCTCCGATTCTCTCTC	60
16	P285F/P285R	GATACAAATTAGCATTTTGATTGAATGGA/ATCGGGACTCGCATTAGGGT	60
17	P294F/P294R	GTGAGGCCAAAACGGAAGAG/GGGCCATACAACGTAGAAG	60

**1.2.3 PCR 反应。**PCR 反应体系为 20  $\mu\text{L}$ , 其中  $2\times\text{Taq}$  PCR MasterMix(擎科生物公司) 10  $\mu\text{L}$ , 正、反向引物(1  $\mu\text{mol/L}$ ) 各 0.5  $\mu\text{L}$ , DNA 样品 100 ng, 用 ddH<sub>2</sub>O 补足。PCR 反应程序为 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 4 min, 94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 60  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 35 个循环; 最后 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 2 min, 4  $^{\circ}\text{C}$  保存。

**1.2.4 聚丙烯酰胺电泳。**根据王炯<sup>[13]</sup>方法进行聚丙烯酰胺电泳, 略有改动。检测合格的 DNA 用对应引物进行 PCR 扩增, 随后用 10% 聚丙烯酰胺胶进行电泳, 120 V 电泳 3 h, 用 0.1% 硝酸银进行染色, 1.1% 氢氧化钠显色, 然后拍照记录。

**1.2.5 数据统计及分析。**条带统计按 01 格式记录, 在相同迁移率位置的记成 1, 无条带的记成 0, 形成 01 矩阵。根据不同软件使用格式对数据转换。

用 Power Marker V3.25 软件分析观测等位变异数(Na)、有效等位变异数(Ne)、观测杂合度(Ho)、期望杂合度(He)、香农多样性指数(I)和引物多态信息含量(PIC)。

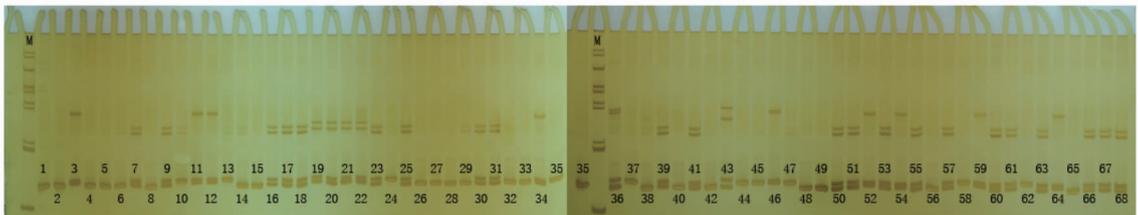
用 Ntsys2.0 计算材料间的遗传距离并进行聚类。

用 Structure2.3.4 推导群体遗传结构<sup>[14]</sup>, 使用混合模式并设定群体内等位基因频率相关模型进行群体遗传结构分析, 通过马尔可夫链蒙特卡洛方法对个体基因型进行反复抽

样, 从而判断个体来源。具体操作如下: 首先设定亚群数目  $K=[1, 8]$ , 每个  $K$  运行 10 次, 将 MCMC 的不作数迭代次数设为 20 000 次, 再将迭代后的 MCMC 设为 20 000 次, 利用在线 Structure Harvester([http://taylor0.biology.ucla.edu/struct\\_harvest/](http://taylor0.biology.ucla.edu/struct_harvest/)) 计算最佳  $K$  值, 即  $\Delta K$  最高时的  $K$  值。

## 2 结果与分析

**2.1 遗传多样性分析** SSR 标记片段的分子量主要集中于 200~500 bp, 选取引物 P13 电泳图进行展示(图 1)。试验所用 17 对引物共扩增出 62 条多态性条带, 平均多态性条带数为 3.647 0。其中引物 P22 扩增出多态性条带数最多, 为 6 条; 引物 P4、P100、P190、P294 扩增出多态性条带数最少, 为 2 条。用 Power Marker V3.25 软件统计发现, 这 62 个多态性标记位点的等位变异数 Na 为 2~5, 总平均值为 3.470 6; 有效等位变异数 Ne 为 1.076 2~3.504 4, 总平均值为 2.152 3; 观测杂合度 Ho 为 0.044 1~1, 总平均值为 0.454 2; 期望杂合度 He 为 0.071 4~0.764 8, 总平均值为 0.481 0; 香农多样性指数 I 为 0.157 5~1.517 3, 总平均值为 0.848 2; 多态信息含量(PIC) 为 0.068 3~0.723 0, 平均 PIC 值为 0.419 8, 各引物数据见表 3。



注: M 为 DL2000 Marker

图 1 引物 P13 在 68 份柚类种质资源间表现出的多态性

Fig.1 Polymorphism of primer P13 among 68 pummelo germplasm

表 3 17 对多态性引物用于 68 份柚类种质的测试结果

Table 3 Results of 17 pairs of polymorphic primers used in 68 pummelo germplasm

编号 Number	引物 Primer	条带数 Number of bands	引物多态信 息含量(PIC)	观测等位 变异数(Na)	有效等位 变异数(Ne)	观测杂 合度(Ho)	期望杂 合度(He)	香农多样 性指数(I)
1	P4	2	0.068 3	2	1.076 2	0.073 5	0.071 4	0.157 5
2	P7	3	0.146 3	3	1.179 1	0.088 2	0.153 1	0.336 6
3	P8	3	0.440 0	3	1.959 3	0.235 3	0.493 2	0.852 4
4	P13	3	0.446 3	3	2.187 3	0.411 8	0.546 8	0.864 6
5	P22	6	0.669 0	5	3.504 4	1.000 0	0.719 9	1.385 8
6	P35	5	0.371 0	5	1.636 5	0.044 1	0.391 8	0.835 0
7	P69	4	0.454 2	4	2.235 4	0.397 1	0.556 8	0.914 0
8	P100	2	0.373 6	2	1.989 2	0.367 6	0.501 0	0.690 4
9	P114	3	0.298 6	3	1.496 7	0.235 3	0.334 3	0.603 5
10	P129	4	0.497 3	4	2.297 1	0.455 9	0.568 8	1.009 4
11	P141	3	0.303 5	3	1.487 1	0.191 2	0.330 0	0.620 4
12	P190	2	0.325 4	2	1.692 2	0.397 1	0.412 1	0.599 2
13	P235	5	0.580 4	4	2.793 1	1.000 0	0.646 7	1.150 8
14	P238	5	0.560 7	4	2.713 6	1.000 0	0.636 2	1.107 9
15	P268	5	0.723 0	5	4.152 7	1.000 0	0.764 8	1.157 3
16	P285	5	0.504 9	5	2.193 0	0.452 0	0.548 0	1.082 1
17	P294	2	0.374 5	2	1.996 1	0.497 3	0.502 7	0.692 2
平均值 Mean	—	3.647 0	0.419 8	2.470 6	2.152 3	0.519 0	0.481 0	0.848 2

**2.2 聚类分析** 基于遗传距离对 68 份柚类种质资源聚类(图 2)。在遗传距离 0.36 处, 68 份材料被分成 5 个类群。类

群 I 由无核沙田柚(1)、麻布文旦(6)、黄肉蜜柚(26)、红肉蜜柚(27)、曼赛龙(48)、皋泄香柚(4)、脆香甜柚(5)、早香柚

(14)等 8 份材料组成;类群Ⅱ由处红柚(2)、福建文旦(56)、梁平柚(35)、虎蜜柚(36)等 51 份材料组成;类群Ⅲ由毛南本地柚(24)、越南小甜柚(45)组成;类群Ⅳ由越南小柚(44)、建阳橘柚(59)组成;类群Ⅴ由古巴柚(3)、星路比(19)、红马叙(20)、奥罗布郎柯(21)、火焰(22)组成。

**2.3 遗传结构分析** 基于 SSR 分子标记的数据分析群体结构表明,样本的等位变异频率特征类型数  $K$  呈折线图,当  $K=4$  时,  $\Delta K$  值最大,据此将 68 份材料分为 4 个组群(图 3)。

### 3 讨论

柑橘种间甚至属间易发生杂交,导致遗传背景复杂。本研究利用 17 对 SSR 引物对 68 份柚进行遗传背景研究,比较了 68 份样品的遗传亲缘关系,共检测到 62 条多态性条带,平均为 3.647 0 条。这 62 个多态性标记位点的等位变异数  $N_a$  为 2~5,总平均值为 3.470 6;有效等位变异数  $N_e$  为 1.076 2~3.504 4,总平均值为 2.152 3;观测杂合度  $H_o$  为 0.044 1~1,总平均值为 0.454 2;期望杂合度  $H_e$  为 0.071 4~0.764 8,总平均值为 0.481 0;香农多样性指数  $I$  为 0.157 5~1.517 3,总平均值为 0.848 2;多态信息含量(PIC)为 0.068 3~0.723 0,平均 PIC 值为 0.419 8。表明可以较好地揭示材料的遗传多样性。

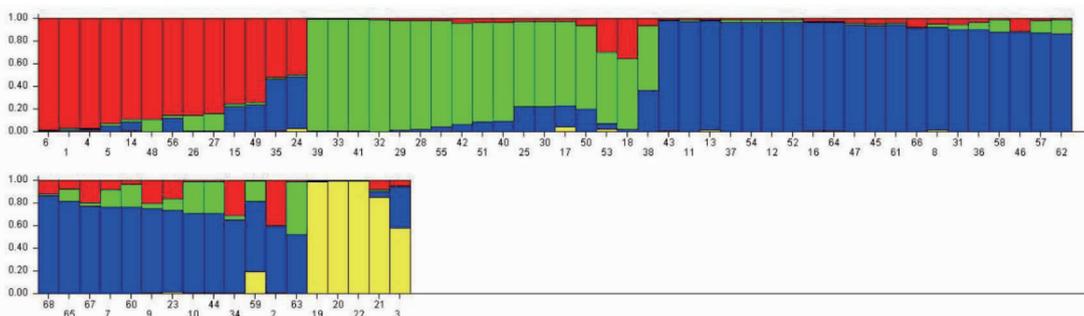


图 3 基于 SSR 标记的 68 份柚类种质群体遗传结构分析

Fig.3 Genetic structure analysis of 68 pummelo germplasm populations based on SSR markers

从聚类分析图和结构图能直观地看出各材料间的亲缘关系,可以较好地对材料遗传背景进行预判。聚类分析结果显示无核沙田柚(1)和麻布文旦(6)亲缘关系较近,结构分析表明无核沙田柚和麻布文旦基因型也很相似,说明无核沙田柚可能不是沙田柚类型。李先信等<sup>[15]</sup>用 SRAP 分子标记表明酸柚不能单独成为柚分类标准,此次试验结果酸柚(8)和梅州沙田柚(16)聚在一起,再次验证了前人的结论。在聚类分析中,泰国暹罗低酸柚(52)和泰国柚(54)遗传距离很近,并且都是扁圆形果形,果面光滑,低酸,推测这 2 个品种可能为同物异名的品种。黄肉蜜柚(26)和红肉蜜柚(27)亲缘关系较近,因为它们都是琯溪蜜柚的芽变品种<sup>[16]</sup>。前人根据表型数据进行主成分分析,显示垫江柚系列与沙田柚的亲缘关系较近<sup>[17]</sup>,此次研究结果显示垫江柚系列与长寿沙田柚具有很近的亲缘关系并有相同的基因型,从分子水平上说明了垫江柚系列可能属于沙田柚类型。经考证,梁平柚(35)最早从福建引入,此次试验中梁平柚和福建文旦(56)的亲缘关系比较近。聚类分析中,古巴柚(3)和 4 份葡萄柚(19、20、21、22)遗传距离很近,结构分析结果和聚类分析结

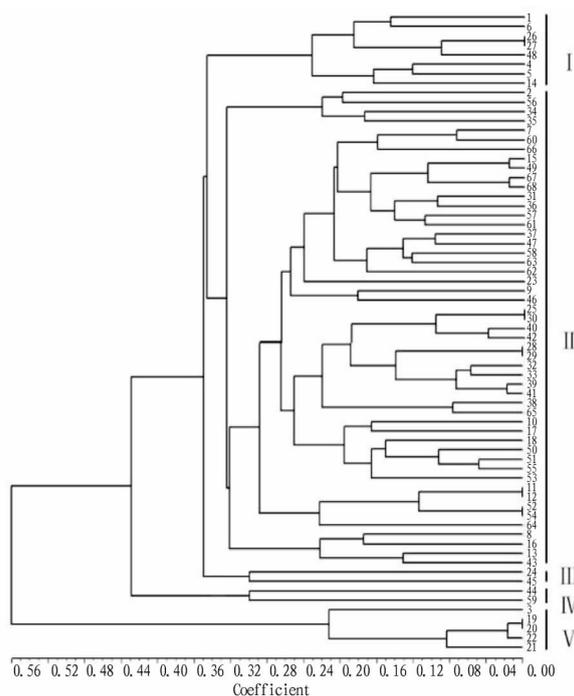


图 2 基于遗传距离构建的 68 份柚类种质资源的聚类结果

Fig.2 Clustering of 68 pummelo germplasm based on genetic distance

果基本一致,董美超等<sup>[18]</sup>在《葡萄柚品种及遗传育种研究进展》一文中提到古巴柚是由古巴引进的葡萄柚,此次试验结果从分子水平上提供了证据。

### 4 结论

所选材料具有丰富的遗传多样性,聚类和结构分析的结果能直观地了解这 68 份材料的亲缘关系,并对其中可能的同物异名品种进行筛选。

### 参考文献

- [1] 张太平,彭少麟.柚的起源、演化及分布初探[J].生态学杂志,2000,19(5):58-61,66.
- [2] 叶荫民.柚 *Citrus grandis* (L.) Osbeck 种质多样化中心的探讨[J].中国南方果树,1997,26(1):3-5.
- [3] 刘勇,刘德春,吴波,等.柚类资源及其近缘种 SSR 标记的分子评价[J].应用与环境生物学报,2006,12(5):628-634.
- [4] RANA M K, SINGH S. Assessment of genetic diversity and DNA profiling of linseed (*Linum usitatissimum* subsp. *usitatissimum* L.) germplasm using SSR markers[J]. J Plant Biochem Biotechnol, 2017, 26(3): 293-301.
- [5] AHMED S, RATTANPAL H S, SINGH G. Diversity, characterization and evaluation in Pummelo (*Citrus maxima* Merr.) cultivars using SSR markers and quality parameters[J]. Indian J Genet Pl Br, 2019, 79(3): 594-605.

(下转第 130 页)

表3 绿色防控示范区经济效益对比

Table 3 Comparison of economic benefits in green prevention and control demonstration area

年份 Year	试验地点 Test site	防控区域 Prevention and control area	上等烟比例 Proportion of superior tobacco//%	中等烟比例 Proportion of medium tobacco//%	下等烟比例 Proportion of lower tobacco//%	产量 Yield kg/hm <sup>2</sup>	均价 Average price 元/kg	产值 Output value 元/hm <sup>2</sup>	防控成本 Control cost 元/hm <sup>2</sup>	经济效益 Economic benefit 元/hm <sup>2</sup>
2018	兴国	示范区	51.40	47.22	2.27	2 070.00	24.75	51 232.50	2 010.00	49 222.50
		自防区	50.52	47.10	2.38	1 987.50	24.48	48 654.00	1 950.00	46 704.00
	瑞金	示范区	46.92	40.10	12.98	1 969.65	22.36	44 053.35	1 924.50	42 128.85
		自防区	44.74	41.84	13.42	1 845.60	22.06	40 705.50	1 800.00	38 905.50
2019	兴国	示范区	66.50	31.45	2.05	1 734.00	27.43	47 563.50	2 025.00	45 538.50
		自防区	63.20	34.49	2.31	1 662.00	27.12	45 073.35	1 980.00	43 093.35
	瑞金	示范区	73.45	21.28	5.27	1 579.65	28.39	45 161.10	1 924.50	43 236.60
		自防区	69.95	24.50	5.56	1 569.90	27.71	43 503.00	1 800.00	41 703.00

蜂防治烟粉虱技术,防治效果分别达 60% 以上和 65% 以上<sup>[9]</sup>;云南烟区针对烟叶产区虫害发生实际情况,创新实施了光诱防治金龟子技术<sup>[10]</sup>。赣州烟区实施的绿色防控技术与上述类似,即以“三深一高”(深翻、深栽、深沟、高垄)等农业防治为基础,以生物防治(烟蚜茧蜂、生物农药)、理化诱控(性/食诱剂、诱虫黄板、杀虫灯)、预测预报、精准施药等为核心,集成组装进行试验示范。

赣州烟区绿色防控示范区建设结果表明,一是相对于自防区,综合运用了绿色防控技术的示范区能够较好地控制病虫害的发生,降低病虫害对烟叶的为害;二是虽然示范区防控成本稍高于自防区防治成本,但示范区烤烟经济效益明显高于自防区。示范区病虫害防治效果及取得的经济效益与杜传印等<sup>[9-11]</sup>的研究结果类似,即在提高病虫害防治效果和烟叶质量安全的同时,能够显著提升烟农种烟效益。

因此,赣州烟区所实施推广应用的绿色防控技术体系,对提高病虫害防治效果、保障烟叶质量安全、提高烟农收益具有重要意义,值得推广。

### 参考文献

- [1] 曾维爱,周志成,谭琳,等.湖南烟草病虫害绿色防控技术研究现状与应用对策[J].中国烟草学报,2019,25(2):69-73.
- [2] 汪中,李学益,姜方荣,等.烟草病虫害绿色防控技术研究[J].农村经济与科技,2019,30(20):14-15.
- [3] 邱睿,王海涛,李成军,等.烟草病虫害绿色防控技术研究进展[J].河南农业科学,2016,45(11):8-13.
- [4] 钟秋瓚,廖忠辉,申昌优,等.赣州烟区烟草病虫害绿色防控体系的探索[J].农业科技通讯,2019(4):198-200.
- [5] 中国烟草总公司青州烟草研究所.烟草病虫害分级及调查方法:GB/T 23222—2008[S].北京:中国标准出版社,2008.
- [6] 赖荣洪,许威,任周营,等.一烤一方案与传统烘烤工艺对烟叶质量的影响[J].湖南农业科学,2018(2):78-80.
- [7] 何晓冰,王明鑫,马文辉,等.浓香型烟叶产区烟草病虫害绿色防控技术集成:以平顶山烟区为例[J].贵州农业科学,2018,46(7):48-52.
- [8] 裴洲洋,朱启法,张业辉,等.皖南烟区烟草病虫害绿色防控体系的探索[J].安徽农业学报,2015,21(18):73-74,142.
- [9] 杜传印,夏磊,王德权,等.潍坊烟草病虫害绿色防控体系建设实践与思考[J].中国烟草科学,2019,40(4):92-98.
- [10] 李江舟,余清,计思贵,等.云南优质烟区主要害虫绿色防控技术集成与应用[J].中国植保导刊,2018,38(5):77-80,87.
- [11] 杨芳,杨晋燕,王俊,等.三门峡烟草病虫害绿色防控技术的构建及推广[J].现代农业科技,2019(4):113-114.
- [12] 李益,马先锋,唐浩,等.柑橘品种鉴定的 SSR 标记开发和指纹图谱库构建[J].中国农业科学,2018,51(15):149-159.
- [13] 王炯.基于 COS Marker 构建柑橘连锁图谱及作图群体的光合特性研究[D].重庆:西南大学,2017.
- [14] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study[J]. Mol Ecol, 2005, 14(8):2611-2620.
- [15] 李先信,杨迎花,陈婕平,等.湖南柚种质资源的遗传多样性和亲缘关系[J].湖南农业大学学报(自然科学版),2013,39(4):363-370.
- [16] HE W Y, LI X Y, PENG Y, et al. Anti-oxidant and anti-melanogenic properties of essential oil from peel of pomelo cv. Guan Xi[J]. Molecules, 2019, 24(2):1-14.
- [17] 刘勇,孙中海,刘德春,等.部分柚类品种数值分类研究[J].果树学报,2006,23(1):35-40.
- [18] 董美超,李进学,周东果,等.葡萄柚品种及遗传育种研究进展[J].亚热带植物科学,2018,47(2):194-198.

(上接第 103 页)

- [6] KONGSRI S, BOONPRAKOB U. Assessment of genetic relationships among pummelo cultivars [ *Citrus maxima* (Burm.) Merrill ] using simple sequence repeat markers[J]. Maejo Int J Sci Tech, 2016, 10(2):209-219.
- [7] UZUN A, GULSEN O, YESILOGLU T, et al. Distinguishing grapefruit and pummelo accessions using ISSR markers[J]. Czech J Genet Plant, 2010, 46(4):170-177.
- [8] 刘勇,刘德春,吴波,等.利用 SSR 标记对中国柚类资源及近缘种遗传多样性研究[J].农业生物技术学报,2006,14(1):90-95.
- [9] 雷天刚,何永睿,吴鑫,等.利用 SSR 标记鉴定柚和杂柑品种[J].分子植物育种,2007,5(5):720-724.
- [10] 刘冬峰,陈巍,林绍生,等.基于 SSR 标记的浙江地方柚类种质资源遗传关系分析[J].果树学报,2017,34(2):166-174.
- [11] 谢上金,邓烈.一种适合 AFLP 分析的柑橘 DNA 提取方法[J].生物技术,2007,17(6):27-28.