



枸杞种间杂交 F₁群体的 SSR 鉴定及遗传分析

尹 跃,赵建华,何昕孺,梁晓婕,安 巍,秦小雅,曹有龙

(宁夏农林科学院 国家枸杞工程技术研究中心,银川 750002)

摘 要 以黄果枸杞(*Lycium bararum* var. *auranticarpum*, 用 P₁ 表示)为父本,北方枸杞(*L. chinense* var. *potaninii*, 用 P₂ 表示)为母本,杂交获得 F₁群体 91 个单株。从 66 对 SSR 引物中筛选出具有双亲互补型杂合位点 6 对引物,对 91 个 F₁单株进行杂种鉴定和遗传变异分析。结果表明:6 对引物在 91 个单株进行扩增检测结果中有 83 个单株在 6 个 SSR 位点上表现为双亲互补型杂合位点,可被认定为真杂种,杂种率为 91.2%,另外 8 个单株出现异常 SSR 基因型,需要结合细胞学进一步验证。UPGMA 聚类分析结果显示:在遗传距离为 0.712 处,83 个 F₁单株被划分为 2 大类,第 I 大类包括 38 个 F₁单株,占 45.8%,第二大类包括 45 个 F₁单株,占 54.2%。杂交后代遗传变异大,遗传多样性丰富。

关键词 枸杞;F₁群体;杂种鉴定;SSR 标记;遗传多样性

中图分类号 S567.1⁺9

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2019)12-2027-08

中国是枸杞(*Lycium bararum* L.)原产地和最大生产国。枸杞属于异花授粉,存在杂合度较高、杂交后代性状不稳定等问题。目前,通过人工杂交选育的品种仅有‘宁杞菜 1 号’^[1],而推广种植面积大的品种‘宁杞 1 号’‘宁杞 5 号’‘宁杞 7 号’和‘宁农杞 9 号’等^[2-5]新品种都是通过群体选优,使得枸杞品种资源间的遗传结构狭窄,遗传多样性较低^[6-8]。杂交育种是常规育种手段,促进亲本基因重组,创造丰富的遗传变异。相比较其他茄科植物,如番茄、辣椒等^[9-10],枸杞杂交育种还存在育种方法和技术的滞后,育成中间材料少等问题。因此,要充分重视枸杞杂交育种工作,创制更多育种中间材料,充分挖掘和利用中国野生枸杞资源的优势。

杂种鉴定是杂交育种一项重要工作环节,其主要目的是降低育种成本,提高育种效率。传统的杂种鉴定方法有形态学和细胞学等^[11-12],这些方法具有周期长及成本高等特点。随着高通量测序技术和生物信息学快速发展,分子标记(SSR 和 SNP)技术日趋完善,为快速完成杂种鉴定提供技术支撑。SSR 标记具有共显性遗传、多态性高和重复性好等优点,已广泛应用于龙眼、沙田

柚、月季、老芒麦、黄麻和马铃薯等^[13-17]植物杂交后代鉴定,但在枸杞杂交种鉴定方面还没有报道。本研究以黄果枸杞(P₁)为父本,北方枸杞(P₂)为母本,进行人工杂交获得 91 个 F₁单株遗传分离群体。采用 SSR 分子标记技术对该群体进行杂种真实性鉴定和遗传变异分析,以期为进一步利用该群体开展遗传学研究和分子辅助育种提供材料和理论支撑。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

杂交亲本材料以黄果枸杞(*L. bararum* var. *auranticarpum*, 以 P₁ 表示)为父本,北方枸杞(*L. chinense* var. *potaninii*, 以 P₂ 表示)为母本,二者杂交获得 F₁代 91 个单株(用 F₁-2, F₁-3, …… , F₁-187 表示),全部定植于宁夏农林科学院国家枸杞种质库(38°38'49"N, 106°9'10"E)。2017 年 4 月采集幼嫩叶片,立即放入液氮中保存,带回实验室提取 DNA。

66 对 SSR 引物序列来源枸杞全基因组测序所开发,由国家枸杞工程技术研究中心功能基因实验室提供。

收稿日期:2019-03-27 **修回日期:**2019-05-30

基金项目:国家自然科学基金地区基金(31760218);宁夏农林科学院科技创新先导资金(NKYJ-17-17);第三批宁夏青年科技人才托举工程(TJGC2018022);全产业链创新示范(QCYL-2018-05)。

第一作者:尹 跃,男,助理研究员,从事枸杞分子标记育种辅助育种研究。E-mail:yueyin0112@aliyun.com

通信作者:曹有龙,男,研究员,主要从事枸杞遗传育种研究。E-mail:youlongchk@163.com

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取及检测 采用试剂盒法(天根, DP305-02)提取基因组 DNA, 10 g/L 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性, 用分光光度计(Eppendorf, BioPhotometer plus)将工作液质量浓度稀释至 100 ng/ μ L, -20 $^{\circ}$ C 保存备用。

1.2.2 PCR 扩增检测体系 PCR 扩增反应在 ABI Gene Amp 9600 PCR 扩增仪上进行。扩增体系 15 μ L: DAN 模板 1 μ L, 10 \times Buffer 1.5 μ L, dNTP 0.6 μ L, 上下游引物各 0.2 μ L, Taq 酶 0.1 μ L, M13 引物 1 μ L, 最后用 ddH₂O 补足至 15 μ L。扩增程序: 94 $^{\circ}$ C 变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 57 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 25 个循环; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 53 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 15 个循环; 最后 60 $^{\circ}$ C 延伸 30 min。

扩增产物检测: 取 1 μ L PCR 扩增产物, 加入到含有 9 μ L (0.5 : 8.5) 分子量内标和甲酰胺混合液的 96 孔板中, 95 $^{\circ}$ C 变性 3 min, ABI3730 上机检测。

1.2.3 杂交后代的 SSR 鉴定 利用 66 对 SSR 引物对亲本及随机挑选 2 个 F₁ 单株进行扩增, 筛选出具有双亲互补型杂合位点的引物用于杂交后代鉴定, 扩增结果中具有双亲特异位点杂交后代即为真杂种^[13], 对于双亲位点缺失杂交后代需要进行重复性验证。

1.2.4 杂交后代遗传分析 利用 GeneMapper 4.0 软件获取扩增产物片段大小, 用 DataFormatter 2.7 软件^[18]进行标准化整理并转化为 NT-SYS-pc 2.10 软件^[19]输入格式, 并由该软件计算 Nei 72 遗传距离。将 Nei 72 遗传距离矩阵导入 MEGA 6.06^[20]软件, 采用 UPGMA 法构建聚类图, 最后使用 iTOL 软件 (<https://itol.embl.de/>) 在线编辑美化。

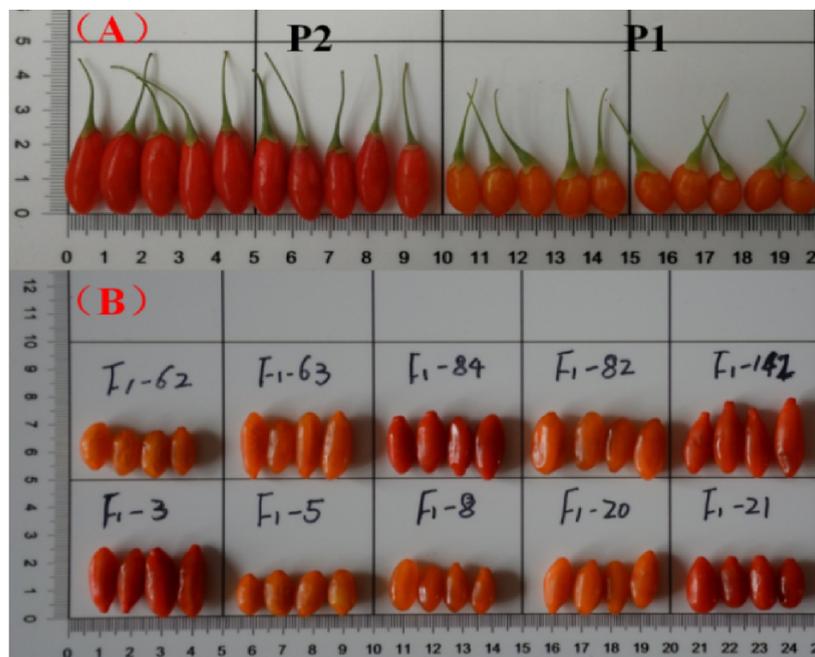
2 结果与分析

2.1 杂交后代获得

2015 年 5—6 月采用常规杂交方法进行杂交, 以‘黄果枸杞’为父本, ‘北方枸杞’为母本, 将获得杂交种子于 2015 年 11 月在温室进行催芽、播种和穴盘育苗。2016 年 4 月移栽至田间, 株行距为 0.5 m \times 3 m, 统一肥水管理水平。从定植幼苗到结果期间有部分杂交后代死亡, 最后获得成活杂交后代 91 个 F₁ 单株。观察其果实性状变异, 果实有红色长柱形、黄色长柱形、黄色近圆形和红色近圆形等, 表型变异丰富(图 1)。

2.2 特异性引物筛选

66 对 SSR 引物在父母本及随机挑选的 4 个子代中进行扩增, 筛选出双亲互补型特异位点引物 6 对(表 1, 图 2), 利用这 6 对引物进行杂交后代鉴定分析。



A 为杂交亲本 Parents, P₁ 为父本 Male, P₂ 为母本 Female; B 为部分杂交后代 Some of hybrid offspring

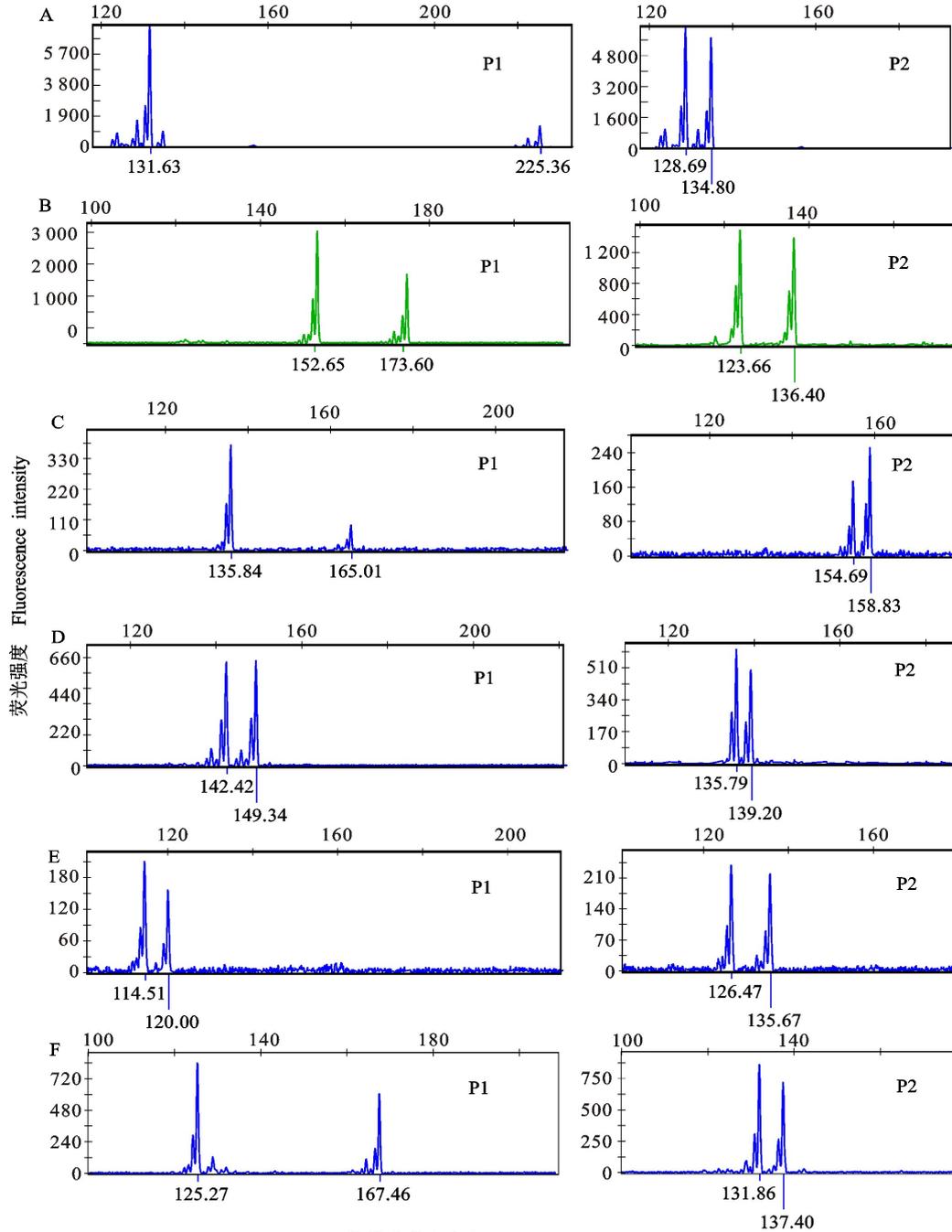
图 1 亲本与杂交后代的果实形态

Fig. 1 Fruit morphology of parents and hybrid offspring

表 1 6 对 SSR 引物信息

Table 1 The information of six primerpairs

引物名称 Primer name	重复单元 Repeats	上游引物序列(5'→3') Forward primer sequence	下游引物序列(5'→3') Reverse primer sequence
LBSSR0001	(AGA)17	TTTCTATGCTGGATAGGATTCTAG	ACCCAAATACTGCCTTCTTAACC
LBSSR0046	(ATG)13	TTCGAGTCCATGTTTACTAAGAGC	TTCATAAGCTTCGGAGTCTCTG
LBSSR0103	(ATA)16	GGTTCAACATACAGACAGTCTTACA	ACTAGAACTTCCGATCCTTCCAG
LBSSR0249	(TTC)14	CTCTGAGTGCCTCCACTTGAG	ACAATGGTTGAACGAGTGAGAAG
LBSSR0256	(TTC)21	TCATCTTCTCACTTGCAATTACAG	TGATGAACTGCTAGTGAGCTTGA
LBSSR0276	(GAA)16	GAAGATAAAGGGAAAGACATGGT	TTTACTTCCAATTCACGCTCA



扩增片段大小/bp The size of amplified bands

A 为引物 LBSSR0001 Primer LBSSR0001; B 为引物 LBSSR0046 Primer LBSSR0046; C 为引物 LBSSR0103 Primer LBSSR0103; D 为引物 LBSSR0249 Primer LBSSR0249; E 为引物 LBSSR0256 Primer LBSSR0256; F 为引物 LBSSR0276 Primer LBSSR0276

图 2 双亲互补型杂合位点

Fig. 2 Parental complementary heterozygous loci

2.3 F₁群体 SSR 的鉴定

利用筛选出 6 对双亲互补特异位点的引物对 91 个单株进行扩增,扩增结果显示:91 个单株中,

其中有 83 个单株在 6 个 SSR 位点上都有双亲互补型杂合位点(图 3),可被认定为真杂种,杂种率为 91.2%,8 个单株出现异常 SSR 基因型(表 2)。

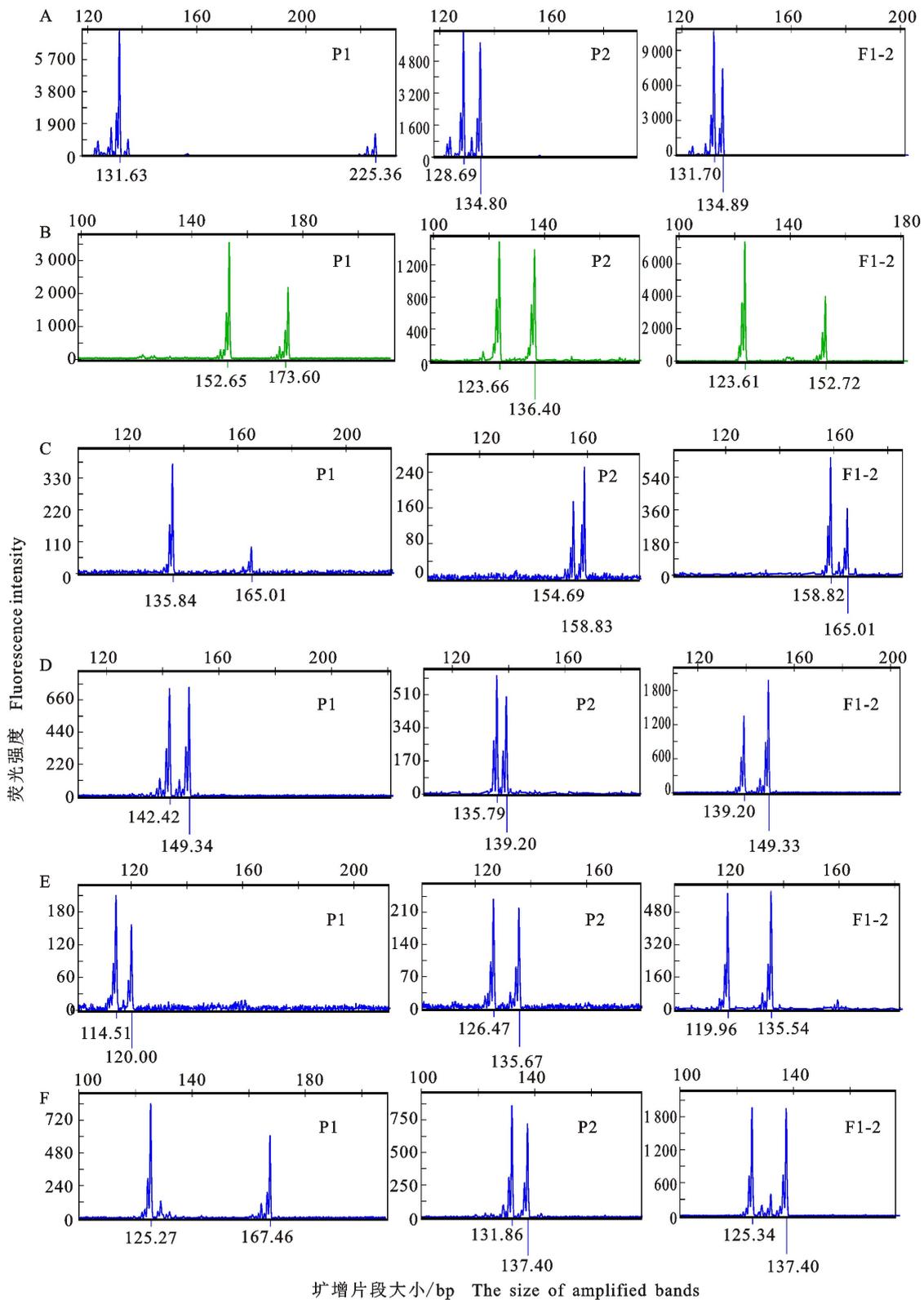


图 3 6 对 SSRs 引物对单株 F₁-2 扩增结果

Fig. 3 Amplification results of six pairs of SSRs primer for F₁-2

在 8 个 F₁ 单株基因型中,有 5 株在引物 LBSSR0256 出现一条带为父本带,另一条带为新扩增条带;2 株(F₁-29、F₁-104)在引物 LBSSR0046 和 LBSSR0276 中出现一条为母本带,另一条为新扩增条带;1 株 F₁-173 号在 LBSSR0046、LBSSR0249、LBSSR0256 和 LBSSR0276 这 4 个位点中均出现 1 个亲本 1 条带,另一个亲本 2 条带,推测其可能为 3 倍体或非整倍体,需要结合细胞学实验进一步验证。

2.4 亲本与 F₁ 群体的聚类分析

根据 SSR 鉴定结果,剔除出现异常基因型的 8 个单株。根据 6 对引物在 2 个亲本和 83 个单

株扩增结果构建(0,1)矩阵,计算供试材料间 Nei72 遗传距离,采用 UPGMA 法构建聚类图(图 4)。结果显示:2 个亲本间的遗传背景较大,遗传距离为 0.98;83 株 F₁ 杂种间的遗传距离为 0.00~0.75。在遗传距离为 0.712 处可将 83 株 F₁ 划分为 2 大类:第 I 大类与父本聚类在一起,共 38 株,占 45.8%;第 II 大类与母本聚类在一起,共 45 株,占 54.2%。在遗传距离为 0.636 处可进一步将第 I 类 F₁ 细分为 2 个亚类,第 II 类 F₁ 细分为 2 个亚类。聚类分析结果表明,杂交后代产生了广泛的遗传变异,多样性丰富。

表 2 6 对引物检测到杂交后代异常基因型

Table 2 Six pairs of primers detected abnormal genotypes of hybrid offspring

亲本及子代 Parents and progenies	SSR 引物 SSR primers					
	LBSSR0001	LBSSR0046	LBSSR0103	LBSSR0249	LBSSR0256	LBSSR0276
父本 Male	132/225	153/174	136/165	142/149	115/120	125/167
母本 Female	129/135	124/136	155/159	136/139	126/136	132/137
F ₁ -8					115/139	
F ₁ -29		136/177				
F ₁ -41					120/139	
F ₁ -45					115/139	
F ₁ -104	129/135				117/136	129/137
F ₁ -120					115/139	
F ₁ -156					115/139	
F ₁ -173		136/153/174		136/139/149	115/120/126	125/132/137

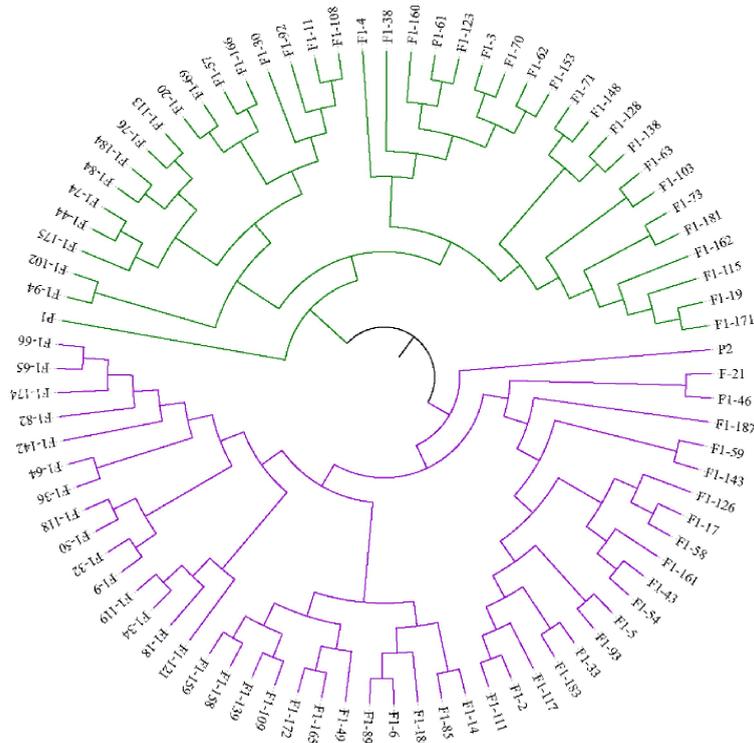


图 4 杂交亲本与 F₁ 代聚类图

Fig. 4 Dendrogram of parents and eighty-three progenies

3 讨论

3.1 杂交后代真实性鉴定

随着高通量测序技术和生物信息学技术快速发展,大量 SSR 标记被开发及应用于杂交后代鉴定^[16-17],由于 SSR 标记呈现共显性,理论上选用 1 对特异性引物就可以鉴定出真假杂种,真杂种表现为双亲互补型^[13]。本试验利用筛选出 6 对杂合显性引物对 91 个 F₁ 单株鉴定,其中 8 个 F₁ 单株出现异常基因型(父本特异条带缺失或新增条带),其余 83 株均为真杂种,杂种效率为 91.2%。条带缺失可能是由于配子形成过程中染色体的交换及 DNA 分子碱基修饰引起的突变^[13]。另外, F₁-173 在 4 个 SSR 位点(LBSSR0046、LBSSR0249、LBSSR0256 和 LBSSR0276)出现 1 个亲本 1 条带,另一个亲本 2 条带,其推测可能为非整倍体,需要结合细胞学进行鉴定证实。本试验首次基于枸杞全基因组序列开发的 SSR 标记对枸杞杂交后代鉴定,将为杂交群体保存及开展高密度遗传图谱构建奠定基础。

3.2 亲本与杂交后代遗传多样性分析

性状遗传分离是杂交育种的重要基础。枸杞杂交育种工作起步较晚,杂交后代性状遗传规律研究滞后。何军等^[21]研究表明,枸杞杂交后代果实大小性状属于数量性状。本试验中 2 个亲本间的遗传差异较大,遗传距离为 0.98。这与本课题组前期利用 iPBS 进行枸杞种质资源多样性分析中‘北方枸杞’与‘黄果枸杞’亲缘关系较远的结果相一致^[22]。北方枸杞果色为黄色,果形为长柱形,平均单果质量为 0.7 g,果形指数为 2.5;黄果枸杞果色为黄色,果形为圆形,平均单果质量为 0.34 g,果形指数为 1.4。通过杂交,其杂交后代产生了显著的遗传变异。在遗传距离为 0.712 处,将 83 个真杂种分为 2 大类,第 I 大类与父本聚为一类,占 45.8%,第 II 大类与母本聚为一类,占 54.2%。杂种间存在丰富遗传多样性。田间表型观察结果, F₁ 代果实表现为黄色长柱形、红色近圆形等,果实性状分离明显。这将为下一步利用该群体构建高密度分子遗传图谱,开展果色性状精细定位和相关基因挖掘研究提供参考,以期解析枸杞果实颜色性状遗传调控。

参考文献 Reference:

[1] 李润淮,石志刚,安巍,等. 菜用枸杞新品种宁杞菜 1 号

[J]. 中国蔬菜,2002(5):48.

LI R H, SHI ZH G, AN W, *et al.* A new wolfberry cultivar of vegetables ‘Ningqicai 1’ [J]. *China Vegetables*, 2002(5): 48.

[2] 钟铨元,李健,樊梅花,等. 枸杞新品种“宁杞 1 号”的选育 [J]. 宁夏农林科技,1988(2):21-24.

ZHONG SH Y, LI J, FNA M H, *et al.* A new wolfberry cultivar ‘Ningqi 5’ [J]. *Ningxia Journal of Agriculture and Forestry Science and Technology*, 1988(2):21-24.

[3] 秦昱,戴国礼,刘元恒,等. 鲜干两用枸杞新品种‘宁杞 5 号’ [J]. 园艺学报,2012,39(10):2099-2100.

QIN K, DAI G L, LIU Y H, *et al.* A new wolfberry cultivar ‘Ningqi 5’ [J]. *Acta Horticulture Sinica*, 2012, 39(10): 2099-2100.

[4] 秦昱,戴国礼,曹有龙,等. 制干用枸杞新品种‘宁杞 7 号’ [J]. 园艺学报,2012,39(11):2331-2332.

QIN K, DAI G L, CAO Y L, *et al.* A new wolfberry cultivar ‘Ningqi 7’ [J]. *Acta Horticulture Sinica*, 2012, 39(11): 2331-2332.

[5] 戴国礼,曹有龙,雷志荣,等. 耐热枸杞新品种‘宁农杞 9’ [J]. 园艺学报,2015,42(S2):2975-2976.

DAI G L, CAO Y L, LEI ZH R, *et al.* A new resistant wolfberry cultivar ‘Ningnongqi 9’ [J]. *Acta Horticulture Sinica*, 2015, 42(S2):2975-2976.

[6] 马利奋,尹跃,赵建华,等. 17 个枸杞品种的 SCoT 遗传多样性 [J]. 浙江农业学报,2018,30(10):1665-1670.

MA L F, YIN Y, ZHAO J H, *et al.* Analysis on genetic diversity of 17 wolfberry cultivars by SCoT markers [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2018, 30(10):1665-1670.

[7] 樊云芳,尹跃,安巍,等. TP-M13-SSR 技术在枸杞遗传多样性研究中的应用 [J]. 西北农业学报,2017,26(6):890-896.

FAN Y F, YIN Y, AN W, *et al.* TP-M13-SSR technique and its application in analysis of genetic diversity of wolfberry germplasm resources [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2017, 26(6):890-896.

[8] 李彦龙,樊云芳,戴国礼,等. 枸杞种质遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 中草药,2011,42(4):770-773.

LI Y L, FAN Y F, DAI G L, *et al.* Analysis of genetic diversity for wolfberry germplasms by AFLP technology [J]. *Chineses Traditional and Herbal Drugs*, 2011, 42(4):770-773.

[9] FENTIK D A. Review on Genetics and Breeding of Tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill) [J]. *Advances in Crop Science and Technology*, 2017, 5(5):1-6.

[10] HENRIQUE K M P, ROSA L B. Plant breeding of chili peppers (*Capsicum*, *Solanaceae*) — A review [J]. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 2016, 10(15): 148-154.

[11] 康黎芳,王云山,张超,等. 3 个红掌品种杂交后代的部分植物学性状及分子鉴定 [J]. 西北农业报,2013,22(11): 152-157.

- KANG L F, WANG Y SH, ZHANG CH, *et al.* Botanical characters and molecular identification of hybrids from three anthurium varieties[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2013, 22(11): 152-157.
- [12] 李淑娟, 尉 倩, 尚煜东, 等. 王莲(Victoria)杂交后代代表型观察分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(5): 974-983.
- LI SH J, YU Q, SHANG Y D, *et al.* Phenotype observation and analysis of *Victoria hybrid* progenies[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, 18(5): 974-983.
- [13] 胡文舜, 黄爱萍, 姜 帆, 等. 龙眼正反交后代的 SSR 鉴定及遗传多样性分析 [J]. 园艺学报, 2015, 42(10): 1899-1908.
- HU W SH, HUANG A P, JIANG F, *et al.* Identification and genetic diversity of reciprocal hybrids in Longyan(*Dioscarpus longan*) by SSR[J]. *Acta Horticulture Sinica*, 2015, 42(10): 1899-1908.
- [14] 韩国辉, 向素琼, 汪卫星, 等. 沙田柚杂交后代群体的 SSR 鉴定与遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2010, 43(22): 4678-4686.
- HAN G H, XIANG S Q, WANG W X, *et al.* Identification and genetic diversity of hybrid progenies from shantian pummelo by SSR[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(22): 4678-4686.
- [15] 周宁宁, 李淑斌, 李远波, 等. 二倍体月季 F₁ 群体的 SSR 鉴定与遗传分析 [J]. 园艺学报, 2017, 44(1): 151-160.
- ZHOU N N, LI SH B, LI Y B, *et al.* Hybrids identification and genetic analysis in diploid roses population(F₁) using SSR markers[J]. *Acta Horticulture Sinica*, 2017, 44(1): 151-160.
- [16] ZHAO X, ZHANG J, ZHANG Z, *et al.* Hybrid identification and genetic variation of *Elymus sibiricus* hybrid populations using EST-SSR markers[J]. *Hereditas*, 2017, 154(15): 1-7.
- [17] SAHA D, RANA R S, CHAKRABORTY S, *et al.* Development of a set of SSR markers for genetic polymorphism detection and interspecific hybrid jute breeding [J]. *The Crop Journal*, 2017, 5(5): 416-429.
- [18] 樊文强, 盖红梅, 孙 鑫, 等. SSR 数据格式转换软件 DataFormater[J]. 分子植物育种, 2016, 14(1): 265-270.
- FAN W Q, GAI H M, SUN X *et al.* DataFormater, a software for SSR data formatting to develop population genetic analysis[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2016, 14(1): 265-270.
- [19] ROHLF F J. NTSYS-pc version 2. 1. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System[M]. Applied Biostatistics Inc. , Exeter Software. Setauket, New York; 2000.
- [20] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D S, *et al.* MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis Version 6. 0 [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [21] 何 军, 李晓莺, 焦恩宁, 等. 枸杞杂交 F₁ 代叶片及果实性状分离规律[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(7): 227-229.
- HE J, LI X J, JIAO E N, *et al.* Separation analysis of leaf and fruit traits in F₁ progenies of wolfberry [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2016, 44(7): 227-229.
- [22] 尹 跃, 安 巍, 赵建华, 等. 枸杞种质资源遗传多样性的 iPBS 分析 [J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2017, 46(6): 612-617.
- YIN Y, AN W, ZHAO J H, *et al.* Genetic diversity analysis of wolfberry germplasm using iPBS markers [J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 2017, 46(6): 612-617.

Hybrid Identification and Genetic Analysis in Wolfberry F₁ Population Using SSR Markers

YIN Yue, ZHAO Jianhua, HE Xinru, LIANG Xiaojie, AN Wei,
QIN Xiaoya and CAO Youlong

(National Wolfberry Engineering Research Center, Ningxia Academy of Agriculture
and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, China)

Abstract A total of 91 plants of F₁ population were obtained by crossing *L. barbarum* var. *auranti-carpum* as a male parent (expressed in P₁) with *L. chinense* var. *potaninii* as a female parent (expressed in P₂). Six pairs of SSR primers with parental complementary heterozygous loci were screened out from 66 pairs of SSR primers for hybridization identification and genetic variation analysis of those 91 plants. Six pairs of primers were used for amplification experiments. The results indicated that 83 of 91 plants showed parental complementary heterozygous loci on these 6 SSR loci with the heterozygous rate of 91.2%, which could be identified as true hybrids. The other 8 plants showed abnormal SSR genotypes, which needed further verification with cytology. Further UPGMA cluster analysis revealed that the 83 plants of F₁ population were divided into two groups at genetic distance of 0.712. The first group included 38 plants (45.8%) and the second group included 45 plants (54.2%). Hybrid progenies have great genetic variation and rich genetic diversity.

Key words Wolfberry; F₁ population; Hybrid identification; SSR markers; Genetic diversity

Received 2019-03-27

Returned 2019-05-30

Foundation item The National Natural Science Foundation of China (No. 31760218); the Program of Technology Innovation of Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences (No. NKYJ-17-17); the Third Batch of Ningxia Youth Talents Supporting Program (No. TJGC2018022); the Demonstration Project of Whole Industry Chain Innovation (No. QCYL-2018-05).

First author YIN Yue, male, assistant research. Research area: molecular marker breeding assisted breeding research of wolfberry. E-mail: yueyin0112@aliyun.com

Corresponding author CAO Youlong, male, research fellow. Research area: genetics and breeding of wolfberry. E-mail: youlongchk@163.com

(责任编辑:潘学燕 **Responsible editor: PAN Xueyan**)