

УДК 575.22:634.22

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА СЛИВЫ ДОМАШНЕЙ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ

© 2019 г. И. И. Супрун¹, *, И. В. Степанов¹, С. В. Токмаков¹, Г. В. Еремин²

¹Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, 350901 Россия

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений
им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция, Краснодарский край, Крымск, 353384 Россия

*e-mail: supruni@mail.ru

Поступила в редакцию 14.02.2018 г.

После доработки 06.06.2018 г.

Принята к публикации 04.07.2018 г.

Проведено исследование внутривидового генетического разнообразия и структуры вида слива домашняя на основе анализа 60 сортов по восьми SSR-локусам. В выборку изучаемых образцов вошли различные подвиды сливы домашней: мирабели, ренклоды, терносливы, венгерки. Выявленное в ходе исследования число аллелей на локус варьировало от 6 до 39, всего было идентифицировано 153 аллеля. Байесовский анализ позволил выявить четыре гипотетические панмиктические популяции. При этом вклад панмиктических популяций специфичен для каждого подвида сливы домашней. Основываясь на результатах кластеризации методом UPGMA и данных РСoA, можно заключить, что наиболее генетически обособленным подвидом сливы домашней являются терносливы. Наряду с этим большинство сортов отечественной и зарубежной селекции не образуют выраженных групп при кластеризации, это свидетельствует о единстве генофонда культурных форм сливы домашней.

Ключевые слова: слива домашняя, генетическое разнообразие, микросателлиты, SSR-маркеры.

DOI: 10.1134/S0016675819010144

Немалая доля представителей рода *Prunus* имеет хозяйственную ценность и выращивается в качестве плодовых и декоративных растений. В странах с умеренным климатом широко распространены настоящие сливы (*P. domestica* subsp. *domestica*), терносливы (*P. domestica* subsp. *insitita*), ренклоды (*P. domestica* subsp. *italiaca*) и мирабели (*P. domestica* subsp. *syriaca*), которые объединяются в один вид – слива домашняя (*Prunus domestica* L.). Согласно современной таксономии слива домашняя относится к подроду *Prunophora* рода *Prunus*, семейства Rosaceae. Этот вид предположительно возник путем спонтанной гибридизации между терном (*P. spinosa*) и алычой (*P. cerasifera*) и является гексаплоидным [1, 2].

В процессе накопления научных знаний, в частности по цитогенетике, возникает некоторое количество альтернативных точек зрения по вопросу видообразования и происхождения сливы домашней. Так, Zohary предполагает аутоплоидное происхождение сливы домашней от диплоидной и тетраплоидной алычи, основываясь на отсутствии у мирабели, ренклодов и тернослив признаков терна. Однако это утверждение является весьма спорным [3–5].

Нерешенным остается вопрос о статусе терносливы, которая согласно одной из точек зрения заслуживает выделения в отдельный вид [6]. Данная точка зрения базируется на существовании устойчивых переходных форм между терном и терносливой. Однако большинство исследователей считают терносливу подвидом сливы домашней.

Появление и развитие методов молекулярной биологии позволяет по-новому взглянуть на вопросы, связанные с систематикой и филогенией вида *Prunus domestica*. На данный момент существует ряд работ, связанных с изучением филогении и систематики рода *Prunus* с использованием методов молекулярной генетики. Самые ранние работы по сливе домашней использовали мультилокусные маркеры RFLP [7] и RAPD [8].

В сравнении с другими культурами рода *Prunus*, такими как персик, черешня, абрикос и миндаль [9–11], в исследованиях вида слива домашняя было задействовано меньшее число SSR-маркеров. Первое исследование с использованием микросателлитных маркеров было проведено на пяти балканских сортах и 10 наиболее известных сортах мировой селекции. Десять микросателлитов, использованных в данной работе, были выделены

из ядерного и хлоропластного геномов абрикоса [12]. Это исследование послужило началом изучения вида с помощью микросателлитов, определив перспективность их для изучения генофонда сливы домашней. В дальнейшем число сортов, использованных в работе, возрастало. Так, в генетическом исследовании трех видов *P. domestica*, *P. cerasifera* и *P. spinosa* были проанализированы 80 генотипов с помощью SSR-маркеров различного происхождения [13].

В 2014 г. опубликована работа, в которой микросателлитные маркеры были успешно применены в филогенетической оценке 24 генотипов в рамках подвида *P. domestica* subsp. *italic* [14]. В том же году осуществлен анализ сортов сливы домашней, возделываемых в Белоруссии, по 20 SSR-маркерам [15].

Также были проведены две крупные исследовательские работы на генофонде балканских и скандинавских сортов сливы домашней. В исследовании, проведенном на балканской генплазме, были изучены 62 образца, 42 из которых являются традиционными хорватскими сортами [16].

В свою очередь, в общей сложности 76 генотипов сливы домашней, включая норвежские и шведские сорта народной селекции, изучены с применением девяти SSR-маркеров [17].

В 2016 г. нами была проделана работа по предварительной генетической оценке сортов из коллекций Майкопской опытной станции и Крымской опытно-селекционной станции ВИР по восьми SSR-маркерам [18, 19].

В связи с тем, что среди большого числа микросателлитных маркеров, разработанных на видах рода *Prunus*, апробированные на сливе домашней составляют лишь малую часть, актуальным направлением видится проведение работ по апробации и поиску новых эффективных SSR-маркеров для *P. domestica*. Анализ результатов генотипирования большой выборки сортов сливы домашней может пролить свет на ряд вопросов, связанных с систематикой и внутривидовой структурой.

Целью настоящей работы послужил микросателлитный анализ обширной группы сортов, включающей различные подвиды и сортоотипы сливы домашней.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В качестве объектов исследования были взяты сорта сливы домашней из коллекций Майкопской опытной станции (МОС) и Крымской опытно-селекционной станции (КОСС) Всероссийского института растениеводства им. Н.И. Вавилова (ВИР). В выборку из 60 сортов вошли два сорта из группы мирабелей, семь ренклодов, девять тернослив, десять стародавних сортов, 32 сорта из группы венгерок (табл. 1).

Экстракцию ДНК проводили из молодых листьев с использованием метода ЦТАБ с модификациями [20].

Для генотипирования были отобраны восемь SSR-маркеров: для шести микросателлитных локусов характерны длинные нуклеотидные мотивы повторов RPPG1-017, RPPG1-032, RPPG3-026, RPPG4-059, RPPG2-011, RPPG1-037 [21]; остальные два локуса BPPCT007 [11] и CPSCCT004 [22] обладают динуклеотидными мотивами повторов. Все восемь SSR ранее были апробированы на четырех генотипах сливы домашней [23].

ПЦР проводили с выполнением предварительной оптимизации ряда параметров, таких как температура отжига праймеров, длительность циклов отжига праймеров и элонгации, общее число циклов, концентрация дезоксирибонуклеотрифосфатов, праймеров.

В состав ПЦР смеси общим объемом 25 мкл входили 50 нг ДНК, 0.25 мМ dNTPs, 0.2 мМ каждого праймера, 2.5 мкл 10-кратного реакционного буфера (ООО "Сибэнзим"), 1 ед. *Taq*-полимеразы. ПЦР-программу проводили по следующей схеме: 3 мин при 94°C — начальная денатурация; следующие 35 циклов: 45 с денатурации при 94°C, 45 с отжига праймеров при 58°C, 45 с синтеза при 72°C; последний цикл синтеза 4 мин 30 с при 72°C.

Анализ размеров амплифицированных фрагментов проводили на автоматическом генетическом анализаторе ABI prism 3130. Обработку данных осуществляли в программе Gene Mapper 4.1. Для статистической обработки результатов SSR-генотипирования и анализа генетических взаимосвязей изученного генофонда использовали пакеты программ PAST version 2.17c. Для оценки генетической структуры выборки использовалась программа Structure 2.3.4. В расчете были использованы различные значения гипотетических популяций от $K = 2$ до $K = 8$ (burn-in period = 200 000; 500 000 iterations). Оптимальные значения K были установлены с помощью онлайн программы Structure Harvester (<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>), основанной на принципе Evanno method.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Для использованных в работе SSR-маркеров на выборке из 60 генотипов сливы домашней число установленных аллелей на локус варьировало в значениях от 6 до 39. Наиболее высокополиморфными маркерами оказались RPPG3-026 (39 аллелей) и RPPG2-011 (34 аллеля). SSR-локус CPSCCT004 обладал наименьшим в наборе маркеров полиморфизмом (6 аллелей). В среднем у отобранных для работы микросателлитных маркеров было обнаружено 19.13 аллелей на локус, что сопоставимо с

Таблица 1. Сорта сливы домашней, отобранные для исследования

Номер п/п	Сорт	Подвид	Отбор из коллекции
1	Венгерка ВИРа	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	МОС ВИР
2	Венгерка местная	То же	»
3	Венгерка майкопская	»	»
4	Венгерка майкопчанка	»	»
5	Венгерка Шунтукская	»	»
6	Венгерка Шунтучка	»	»
7	Мирабель маленькая	<i>P. domestica</i> subsp. <i>syriaca</i>	»
8	Слива местная	Сорт народной селекции	»
9	Исполинская	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	КОСС ВИР
10	Персиковая	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
11	Астрахань 2	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	»
12	Гонгоша	То же	»
13	Президент	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
14	Милена	То же	»
15	Скороспелка красная	Сорт народной селекции	»
16	Дебют	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
17	Венгерка кавказская	То же	»
18	Стенлей	»	»
19	Баллада	»	»
20	Синяя птица	»	»
21	Кубанский карлик	»	»
22	Кабардинская ранняя	»	»
23	Кубанская легенда	»	»
24	Кубанская ранняя	»	»
25	Большой приз	»	»
26	Анна Шпет	»	»
27	Синичка	»	»
28	Ренклюд Альтана	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
29	Ренклюд зеленый	То же	»
30	Керасий кислая	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	»
31	Бромптон	Сорт народной селекции	»
32	Екатерина	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	МОС ВИР
33	Краснодарская ранняя	То же	КОСС ВИР
34	Ренклюд Яна	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
35	Мирабель крупная	<i>P. domestica</i> subsp. <i>syriaca</i>	МОС ВИР
36	Ренклюд фиолетовый	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
37	Метелка крупноплодная	Сорт народной селекции	»
38	Изюм Эрика крупноплодный	То же	»
39	Крымзы Эрика	»	»
40	Тернослива донецкая	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	КОСС ВИР
41	Тернослив Цареградский	То же	»
42	Тернослив Соляновский	»	»
43	Ренклюд Браги	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
44	Тернослив садовый	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	»

Таблица 1. Окончание

Номер п/п	Сорт	Подвид	Отбор из коллекции
45	Сочинская юбилейная	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
46	Джефферсон	То же	»
47	Тернослив Абинский	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	»
48	Изюм Эрика	Сорт народной селекции	»
49	Венгерка Ажанская	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
50	Чачакская ранняя	То же	»
51	Венгерка обыкновенная	»	»
52	Начанская	»	»
53	Дмонисий 10	Сорт народной селекции	»
54	Соперница	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
55	Ренклод Дизи	<i>P. domestica</i> subsp. <i>italiaca</i>	»
56	Лазоватский тернослив	<i>P. domestica</i> subsp. <i>insitita</i>	»
57	Венгерка венская	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
58	Зайнаб	Сорт народной селекции	»
59	Венгерка итальянская	<i>P. domestica</i> subsp. <i>domestica</i>	»
60	Очаковская желтая	Сорт народной селекции	»

Примечание. МОС ВИР – Майкопская опытная станция Всероссийского института растениеводства; КОСС ВИР – Крымская опытно-селекционная станция Всероссийского института растениеводства.

Таблица 2. Характеристика SSR-маркеров, отобранных для генетического анализа сортов сливы домашней

Маркер	Число аллелей	Диапазон размеров аллелей, пн	Число уникальных генотипов
RPPG1-017	10	167–183	24
RPPG1-032	11	186–236	15
RPPG3-026	39	183–335	55
RPPG4-059	7	150–171	10
RPPG2-011	34	164–231	59
RPPG1-037	19	222–253	43
CPSC004	6	123–129	9
VRPCT007	27	126–173	59
Среднее значение	19.13		

данными, полученными при изучении балканской (17.15 аллелей на локус) и скандинавской (18.7 аллелей на локус) генплазмы [16, 17]. В табл. 2 указана характеристика маркеров, полученная в ходе генотипирования 60 сортов: диапазон размеров аллелей маркеров и число аллелей, выявленных в изученной выборке сортов. Таким образом, совокупно по всем использованным в работе маркерам было получено 153 полиморфных аллеля. По маркерам VRPCT007 и RPPG2-011 уникальным аллельным набором обладали 59 генотипов из исследованной выборки. В свою очередь по

маркеру CPSC004 было установлено лишь девять сортов, обладающих уникальным набором аллелей. Для остальных SSR-маркеров были характерны промежуточные значения. В целом с использованием восьми маркеров получены уникальные наборы аллелей по всем сортам. Общее число аллелей по всем маркерам достаточно для проведения генетической оценки коллекции из 60 генотипов сливы домашней.

Байесовский анализ был проведен на 60 генотипах сливы домашней с использованием восьми SSR-маркеров. Применение Evanno method поз-

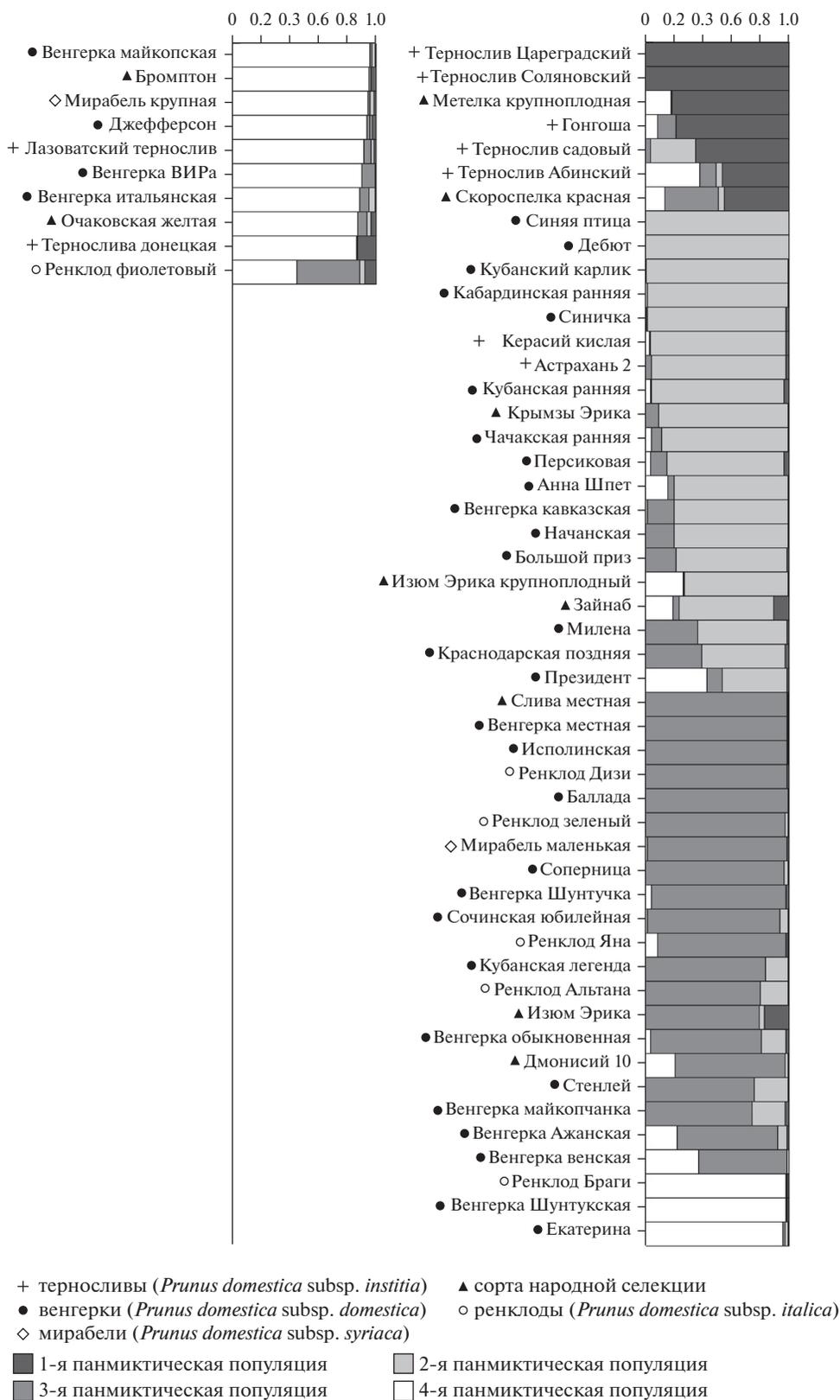


Рис. 1. Bar plot результатов Байесовского анализа ($K = 4$) по 60 генотипам сливы домашней.

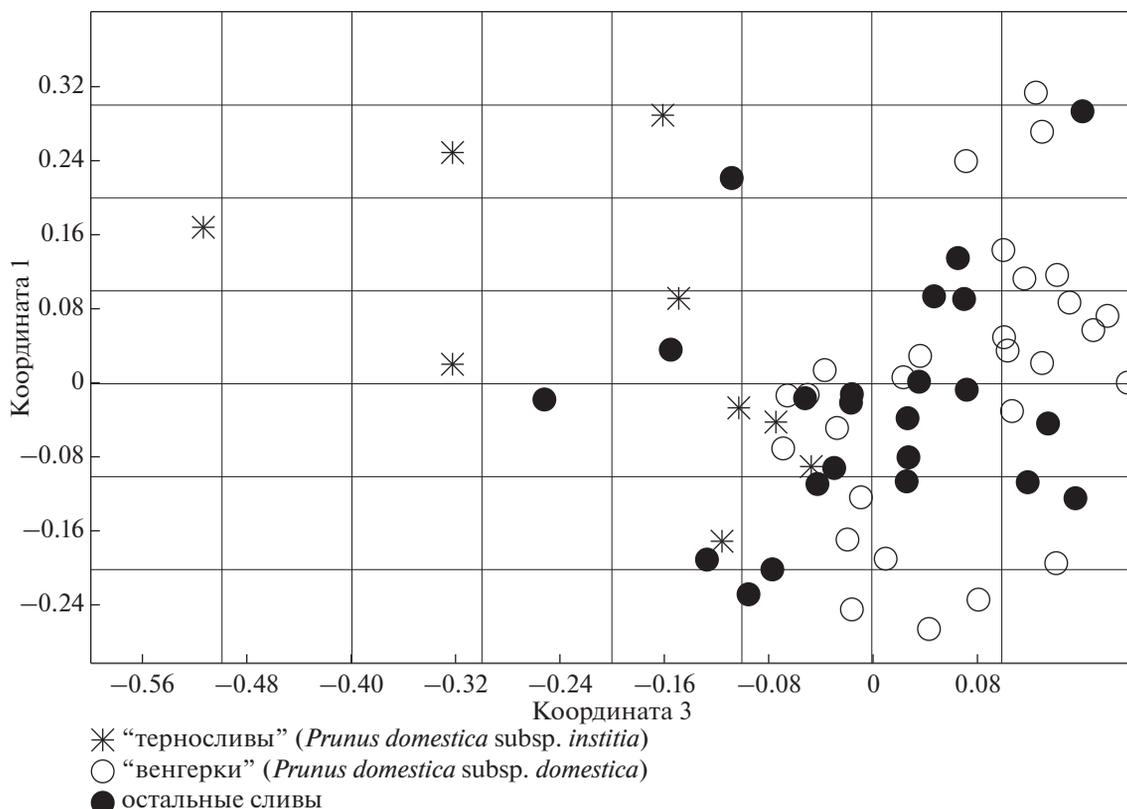


Рис. 2. Результаты PCoA на выборке из 60 генотипов сливы домашней.

волило выявить оптимальное значение K , равное 4 (рис. 1). Первая реконструированная панмиктическая популяция присутствует в соотношении от 50–100% у семи генотипов, пять из которых являются терносливами, а два – традиционными русскими сортами. У подавляющего большинства сортов вклад данной популяции не выявлен. Вторая реконструированная панмиктическая популяция широко представлена у венгерок отечественной и зарубежной селекции, а также тернослив (Жерасий кислая, Астрахань 2). Третья популяция преобладает у представленных в выборке ренклодов (за исключением Ренклода Браги и Персиковой), а также встречается у ряда сортов венгерок и сортов народной селекции. Четвертая популяция выявлена у всех групп сортов включая венгерки, ренклоды и терносливы (рис. 1). Также следует отметить, что если 2-я и 4-я популяции представлены у всех подвидов, то первая популяция характерна для терносливов и двух сортов народной селекции. Значительный для большинства ренклодов вклад популяции 3 отсутствует у терносливов. Таким образом, можно судить о наличии в генетической структуре тернослив редкого генетического компонента, отсутствующего у большинства слив за исключением нескольких сортов народной селекции. В наиболее обширных исследованиях, посвященных SSR-генотипированию генофонда

сливы домашней, терносливы сформированы отдельной предковой популяцией [13, 16]. Используемые в работе два генотипа мирабели происходят от двух различных гипотетических популяций, что согласуется с данными хорватских и скандинавских исследователей [16, 17] и контрастирует с результатами Horvath et al., по которым мирабели были сформированы одной популяцией [13].

Также можно отметить тенденцию различных генотипов тернослив к образованию внешних относительно основной выборки сортов кластеров при проведении PCoA (метода главных координат) с применением программы Past. Результаты анализа отображены на рис. 2.

Для исследуемых генотипов сливы домашней был проведен кластерный анализ на основе полученных с помощью SSR-генотипирования данных. Кластеризацию проводили методом UPGMA с применением коэффициента Dice. Дендрограмма, построенная по результатам кластеризации отобранных для исследования генотипов, отображена на рис. 3.

Наиболее обособленные от общей выборки генотипы были представлены терносливами: Тернослива донецкая, Тернослив Соляновский, Тернослив Цареградский, Гонгоша. При этом Тернослива донецкая является самым отдален-

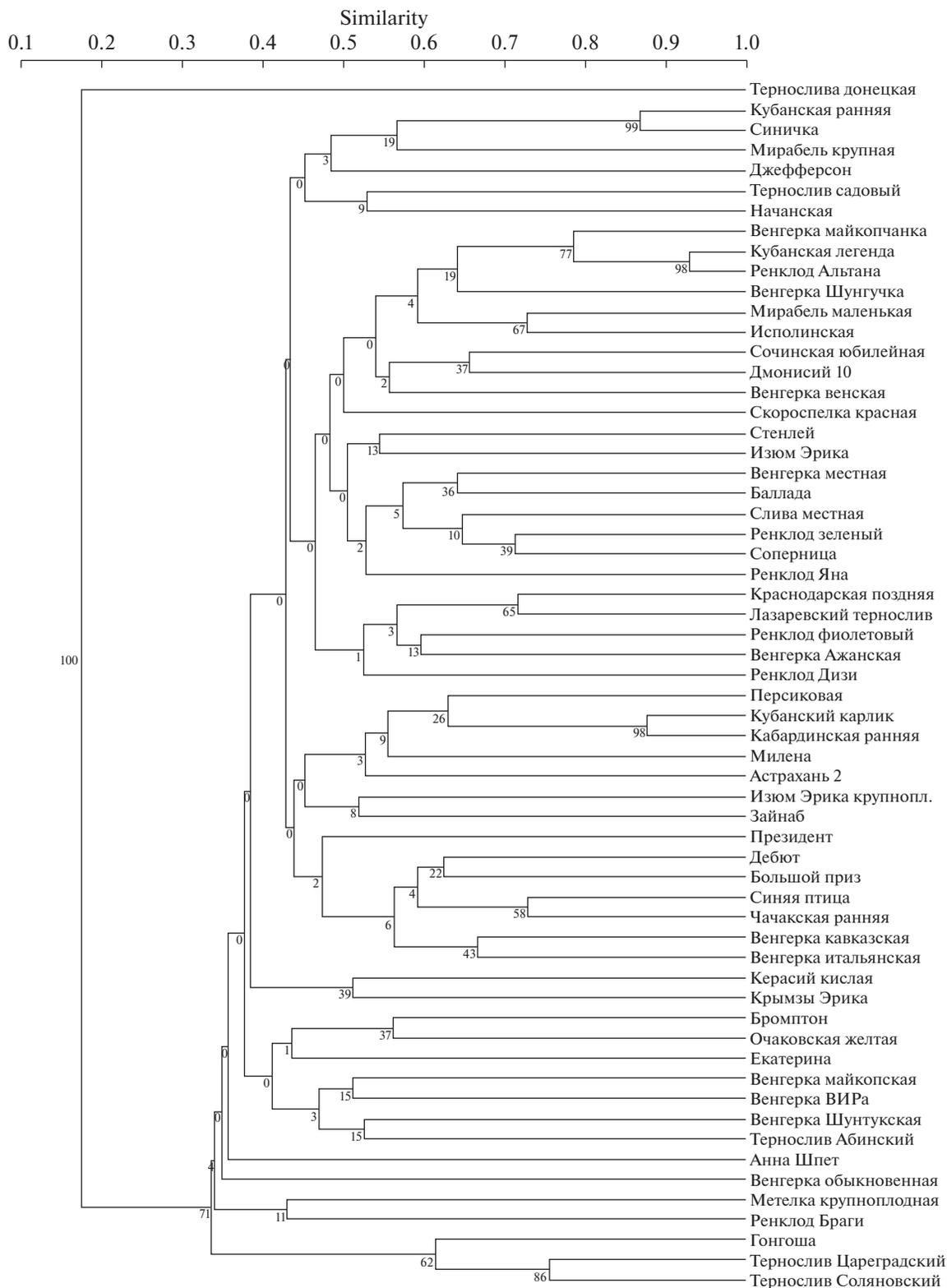


Рис. 3. Кластеризация сортов сливы домашней методом UPGMA с использованием коэффициента Dice.

ным генотипом. Однако несколько тернослив не выделяются из общего для большинства слив кластера.

Следует отметить, что зарубежные и отечественные сорта не формируют отдельных друг от друга групп, а представлены в работе единым цельным кластером, обособленным только от большей части терносливов, это свидетельствует об общности происхождения российских и европейских сортов сливы домашней.

Примечательно, что отобранные в работе ренклоды входят в различные кластеры, в которых превалирует сортотип венгерки. Отдельных групп не образуют и крымские автохтонные сорта Изюм Эрика, Крымзы Эрика и Изюм Эрика крупноплодный. Сорт, представляющий в выборке сортотип мирабели, Мирабель крупная, отнесен к кластеру генотипов различного происхождения, из чего следует предположение о генетической близости сортов, относящихся к разным подвидам/сортотипам. Данную генетическую близость, отраженную методом кластеризации, можно объяснить распространенной практикой скрещивания сортотипов между собой.

Данные кластеризации свидетельствуют о генетической удаленности большинства терносливов от основной массы сортов. В связи с этим можно предположить, что терносливы в виду своих морфологических особенностей (размер плода, терпкий вкус и наличие колючек на ветвях) не участвовали в создании большей части сортимента востребованных сортов сливы домашней. Так как обособление генотипов терносливы неполное, не затрагивающее часть образцов, нельзя исключать генетическую связь локальных форм терносливы с возделываемыми культурными сортами сливы домашней.

Исследование выполнено при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований – проект № 16-44-230260 p_a и Госзадания (тема № 0689-2018-0003).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Maynard C.K., Havanagh K., Fuernkranz H. Draw Black cherry (*Prunus serotina* Ehrh.) // Biotechnol. Agr. For. 1991. V. 16. P. 3–22.
2. Crane M.B., Lawrence W.J.C. Studies in sterility Intern. Hort. Congress. 1930. № 9. P. 100–116.
3. Salesses G. Some data on the cytogenetics of plums and the origin of plums // Acta Horticulturae. 1975. V. 1. № 48. P. 59–65.
4. Bajashvili E.I. Studies of some species of *Prunus* Mill. genus // Acta Horticulturae. 1990. № 283. P. 31–34. doi 10.17660/ActaHortic.1990.283.3
5. Zohary D. Is the European plum, *Prunus domestica* L., a *P. cerasifera* EHRH × *P. spinosa* L. allopolyploid // Euphytica. 1992. V. 60. P. 75–77. doi 10.1007/BF00022260
6. Woldring H. On the origin of plums: a study of sloe, damson, cherry plum, domestic plums and their intermediates // Palaeohistoria. 2000. № 39/40. P. 535–562.
7. Badenes M.L., Parfitt D.E. Phylogenetic relationships of cultivated *Prunus* species from an analysis of chloroplast DNA variation // Theor. Appl. Genet. 1995. V. 90. P. 1035–1041. doi 10.1007/BF00222918
8. Casas A.M., Igartua E., Balaguer G., Moreno M.A. Genetic diversity of *Prunus* rootstocks analysed by RAPD markers // Euphytica. 1999. V. 110. P. 139–149.
9. Downey S.L., Iezzoni A.F. Polymorphic DNA markers in black cherry *Prunus serotina* are identified using sequences from sweet cherry, peach and sour // J. Am. Soc. Hort. Sci. 2000. V. 125. № 1. P. 76–80.
10. Sosinski B., Gannavarapu M., Hager L.D. et al. Characterisation of microsatellite markers in peach *Prunus persica* (L.) Batsch. // Theor. Appl. Genet. 2000. V. 101. P. 421–428. doi 10.1007/s001220051499
11. Dirlewanger E., Cosson P., Tavaud M. et al. Development of microsatellite markers in peach *Prunus persica* (L.) Batsch. and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry *Prunus avium* L. // Theor. Appl. Genet. 2002. V. 105. № 1. P. 127–138. doi 10.1007/s00122-002-0867-7
12. Decroocq V., Hagen L.S., Fave M.-G. et al. Microsatellite markers in the hexaploid *Prunus domestica* species and parentage lineage of three European plum cultivars using nuclear and chloroplast simplesequence repeats // Mol. Breed. 2004. V. 13. № 2. P. 135–142. doi 10.1023/B:MOLB.0000018761.04559.b3
13. Horvath A., Balsemin E., Barbot J.-C. et al. Phenotypic variability and genetic structure in plum (*Prunus domestica* L.), cherry plum (*P. cerasifera* Ehrh.) and sloe (*P. spinosa* L.) // Sci. Horticulturae. 2011. V. 129. № 2. P. 283–293.
14. Gharbi O., Wunsch A., Rodrigo J. Characterization of accessions of ‘Reine Claude Verte’ plum using *Prunus* SRR and phenotypic traits // Sci. Horticulturae. 2014. V. 169. P. 57–65. doi 10.1016/j.scienta.2011.03.049
15. Урбанович О.Ю., Кузмицкая П.В., Козловская З.А. Исследование генетического разнообразия сортов слив с помощью молекулярных маркеров SSR-типа // Докл. Национальной академии наук Беларуси. 2014. № 58(5). С. 92–97.
16. Kazija D.H., Jelačić T., Vujević P. Plum germplasm in Croatia and neighboring countries assessed by microsatellites and DUS descriptors // Tree Genetics & Genomes. 2014. V. 10. № 3. P. 761–778.
17. Sehic J., Nybom H., Hjeltmes S.H. Genetic diversity and structure of Nordic plum germplasm preserved *ex situ* and on-farm // Sci. Horticulturae. 2015. № 190. P. 195–202.
18. Степанов И.В., Супрун И.И., Лободина Е.В. Анализ SSR-полиморфизма Северо-Кавказских сортов сливы домашней // Науч. тр. СКЗНИИСиВ. 2016. Т. 9. С. 78–84.
19. Степанов И.В., Супрун И.И., Токмаков С.В. Оценка генетического разнообразия сортов сливы домашней селекции МОС ВИР с использованием SSR-маркеров // Междун. саммит молодых ученых: Материалы конф. Краснодар, 2016. С. 193–197.

20. Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // Nucl. Acids Res. 1980. V. 8(19). P. 4321–4325.
21. Dettori M.T., Micali S., Giovinnazzi J. Mining microsatellites in the peach genome: development of new long-core SSR markers for genetic analyses in five *Prunus* species // Springer Plus. 2015. V. 4. P. 337–340.
22. Mnejja M., Garcia-Mas J., Howad W. et al. Simple-sequence repeat (SSR) markers of Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.) are highly polymorphic and transferable to peach and almond // Mol. Ecol. Notes. 2004. V. 4(2). P. 163–166.
23. Супрун И.И., Степанов И.В., Токмаков С.В. Апробация SSR-маркеров вида *Prunus persica* для генотипирования сливы домашней // Науч. журн. КубГАУ. 2016. № 124(10).

Study of *Prunus domestica* Genetic Diversity by Analysis of Microsatellite Loci

I. I. Suprun^{a,*}, I. V. Stepanov^a, S. V. Tokmakov^a, and G. V. Eremin^b

^aNorth-Caucasian Federal Scientific Center for Horticulture, Viticulture, Wine-Making, Krasnodar, 350901 Russia

^bBranch Krymsk Experiment Breeding Station Federal Research Centre, Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Krasnodar region, Krymsk, 353384 Russia

*e-mail: supruni@mail.ru

The present study investigated genetic diversity and structure within the *P. domestica* species on the basis of analysis of 60 varieties by 8 SSR loci. Various groups of domestic plums took part in the study: mirabelle, greengages, damson and zwetschge. The number of alleles in the locus obtained during the study varied from 6 to 39, in total 153 alleles were identified. Bayesian method allowed identifies 4 reconstructed panmictic populations. In this case, the contribution of reconstructed panmictic populations is specific for each groups of *P. domestica*. Based on the obtained data of the cluster analysis UPGMA and PCoA, the most remote from the other groups are the damson. On the other hand, no distinct clusters are grouped among cultivars of *P. domestica*. It indicates their close genetic relatedness and origination from common ancestral germplasm.

Keywords: domestic plums, genetic diversity, microsatellites, SSR markers.