

刘毅强,田再民,祁利潘,等. 20份马铃薯品种(系)指纹图谱构建和遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2022,50(21):41-46.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.21.006

20份马铃薯品种(系)指纹图谱构建和遗传多样性分析

刘毅强,田再民,祁利潘,龚学臣,冯琰,张云帅,翟鑫娜,苏晨晨,柴国柱,王然
(河北北方学院,河北张家口075000)

摘要:为明确马铃薯品种(系)的亲缘关系,研究马铃薯品种(系)遗传多样性,利用形态学鉴定和SSR分子标记鉴定,对20份马铃薯材料进行遗传多样性分析,并构建其指纹图谱。形态学聚类结果表明,20份马铃薯材料在欧氏距离19.6处可分为3个类群,第Ⅰ类包括4份材料,第Ⅱ类包括2份材料,第Ⅲ类包括14份材料。SSR分子标记聚类结果表明,12对多态性丰富、条带清晰的引物,共扩增出91个标记位点,其中多态性位点有87个,多态性比率95.6%。每对SSR引物扩增得到多态性位点1~19个,平均7.3个。20份马铃薯材料间的遗传距离范围为0.1481~0.6552,平均遗传距离0.4869,在遗传相似系数为0.51时可被分为3个类群,第Ⅰ类包括1份材料,第Ⅱ类包括8份材料,第Ⅲ类包括11份材料。选用引物STMI052和S25构建DNA指纹图谱,可对20份马铃薯材料进行区分。本试验可为马铃薯种质资源的利用、亲缘关系分析及品种鉴定提供理论依据。

关键词:马铃薯;遗传多样性;SSR标记;指纹图谱

中图分类号:S532.03 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)21-0041-06

马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)属于茄科(Solanaceae)茄属(*Solanum*)一年生草本植物,是以

块茎为食物的粮菜兼用作物。据2017年联合国粮食及农业组织(FAO)统计,中国马铃薯种植面积、产量分别占世界的29.88%、25.56%,是种植面积和产量最大的国家^[1]。马铃薯的遗传多样性可以从很多方面体现,包括形态特征、生理特征、细胞特征和DNA序列等,其中遗传多样性的本质是DNA多样性^[2],因此,应用分子标记技术对马铃薯进行DNA标记和遗传差异性分析显得至关重要。简单重复序列(simple sequence repeat,简称SSR)是一种应用较广泛的分子标记技术,该技术具有低成本、

收稿日期:2022-01-01

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-09);河北省现代农业产业技术体系(马铃薯品种筛选与繁育)项目(编号:HBCT2018080201);河北省马铃薯产业协同创新中心项目(编号:HB2018063602020002);河北省教育厅项目(编号:QN2018111)。

作者简介:刘毅强(1995—),男,河北张家口人,硕士研究生,主要从事马铃薯分子育种研究。E-mail:764060990@qq.com。

通信作者:田再民,博士,副教授,主要从事马铃薯育种与栽培研究。E-mail:nkxztm@163.com。

[M]. 北京:中国农业出版社,2006:13-22.

[10]雷雄,游明鸿,白史且,等. 川西北高原50份燕麦种质农艺性状遗传多样性分析及综合评价[J]. 草业学报,2020,29(7):131-142.

[11]黎松松,许文静,张威,等. 大豆种质资源主要农艺性状的评价与分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(19):35-38.

[12]万述伟,宋风景,郝俊杰,等. 271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2017,18(1):10-18.

[13]吕玲玲,李威,肖熙鸥. 茄子种质资源主要性状评价及其相关性分析[J]. 中国农学通报,2016,32(4):165-170.

[14]石建斌,周红,王宁,等. 陆地棉纤维品质与主要农艺性状的相关性分析[J]. 江苏农业学报,2019,35(4):770-775.

[15]徐东旭. 冀西北芸豆产量与主要农艺性状的灰色关联度分析[J]. 农业科技通讯,2015(5):133-135.

[16]闫锋. 绿豆品种高产稳产性的高稳系数法分析[J]. 湖南农业科学,2011(11):19-20.

[17]王丽侠,程须珍,王素华,等. 中国绿豆应用型核心样本农艺性状的分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(4):589-593.

[18]Lyu Y Y, Li T, Zhang M, et al. Correlation and principal component analysis on main agronomic traits of new waxy corn varieties[J]. Agricultural Science & Technology, 2017, 18(9):1732-1737.

[19]程晓明,程婧晔,胡文静,等. 23个小麦品种春化特性主成分分析及聚类分析[J]. 江苏农业科学,2019,47(8):64-68.

[20]张巩亮,李逸,魏媛媛,等. 寒地水稻抗旱相关性状主成分分析及综合评价[J]. 福建农业学报,2020,35(8):811-819.

[21]Wang B Q, Zhang L F, Dai H Y, et al. Genetic variation analysis, correlation analysis and principal component analysis on agronomic traits of summer sowing soybean (*Glycine max* Merr.) in Huang-Huai-Hai region[J]. Agricultural Biotechnology, 2013, 2(3):25-29.

[22]南铭,马宁,刘彦明,等. 燕麦种质资源农艺性状的遗传多样性分析[J]. 干旱地区农业研究,2015,33(1):262-267.

操作简单、重复性好、多态性高等优势,被广泛应用于新品种选育和遗传多样性研究^[3-4]。de Galarreta 等通过 SSR 分子标记聚类分析的方法,把西班牙当地 105 个马铃薯品种中具有相似特性的品种聚在了一起^[5]。de Haan 等利用 SSR 标记技术,比对了 1 162 份来自秘鲁中部的地方品种及外迁地方品种,通过 15 对 SSR 引物检测到 173 个等位位点^[6]。谷青等利用 5 对 SSR 引物对河北省、黑龙江省、辽宁省、宁夏回族自治区和内蒙古自治区 5 个地区的 74 株马铃薯早疫病病菌进行 SSR 标记,共检测到 26 个等位位点^[7]。李靓等利用 10 对 SSR 引物扩增 6 份马铃薯新品系,共扩增出 105 个等位位点,其中多态性位点 82 个,多态性比率为 78.1%^[8]。李建武等利用 11 对多态性高、谱带清晰 SSR 的引物分析了甘肃省 42 份马铃薯主栽品种的遗传多样性,结果表明,42 份马铃薯品种之间的遗传基础较狭窄,遗传相似性较高^[9]。李国彬等利用 SSR 引物和细胞质 DNA 引物对云南省 79 份马铃薯品种进行遗传多样性分析,分析了不同马铃薯品种的细胞质类型并构建了指纹图谱^[10]。种质资源鉴定、资源收集、种质保存和创新利用是拓展品种遗传基础、不断提高育种水平的重要条件和紧迫任务^[11-12]。SSR 分子标记技术在马铃薯的遗传多样性研究和种质资源鉴定的应用已逐渐成熟,本研究利用形态学鉴定和 SSR 分子标记鉴定技术对 20 份马铃薯材料进行遗传多样性分析,解析品种间的亲缘关系,并初步构建了 20 份马铃薯材料的指纹图谱,为马铃薯种质资源的保护利用、亲缘关系分析及品种鉴定提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

20 份马铃薯材料来自国际马铃薯研究中心(CIP)、中国农业科学院蔬菜花卉所、河北北方学院旱作农业研究中心等马铃薯选育单位(表 1)。

1.2 试验地点

试验于 2021 年 5—9 月在河北省张家口市河北北方学院马铃薯育种试验基地(114°21′20.69″)进行。该地区属中温带大陆性季风气候,海拔 1 600 ~ 1 800 m,年降水量 300 mm 左右。试验地为栗钙土,土壤肥力中等,年平均日照时数 2 897.8 h。

1.3 试验方法

选取 20 份马铃薯品种(系),随机排列种植,每

表 1 供试马铃薯品种(系)资源

编号	品种(系)名称	选育单位
1	夏坡蒂	加拿大
2	2014-89-61	河北北方学院旱作农业研究中心
3	万紫千红	河北北方学院旱作农业研究中心
4	2011-5-21	河北北方学院旱作农业研究中心
5	BJ16	国际马铃薯研究中心(CIP)
6	2014-89-47	河北北方学院旱作农业研究中心
7	陇薯 309	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
8	东农 311	东北农业大学
9	德薯 3 号	云南省农业科学院经济作物研究所
10	宣薯 4 号	宣威市农业技术推广中心
11	荷十四	HZPC 公司(荷兰)
12	青薯 168	青海省农业科学院作物研究所
13	定薯 1 号	定西市旱作农业科研推广中心
14	天薯 12 号	甘肃省天水农业科学研究所
15	毕薯 4 号	贵州省毕节地区农业科学研究所
16	晋薯 15 号	山西农业大学高寒作物研究所
17	蒙薯 19 号	呼伦贝尔市农业科学研究所
18	中薯 18 号	中国农业科学院蔬菜花卉所
19	丽薯 6 号	丽江市农业科学研究所
20	云薯 1 号	云南省农业科学院

份品种(系)种植面积 108 m² (30 m × 3.6 m),起垄种植,垄宽 90 cm,种植密度 52 500 株/hm²。播种前施复合肥(N:P₂O₅:K₂O = 1:0.5:2.5)1 500 kg/hm²,不追肥,正常田间管理,2021 年 5 月 7 日播种,9 月 18 日收获。

1.4 测定项目及方法

1.4.1 田间表型性状调查及赋值方法 参考《马铃薯种质资源描述规范和数据标准》^[13]和《马铃薯 DUS 测试指南》的分级标准^[14],对供试材料 19 个田间性状进行调查并赋值,具体性状及赋值方法见表 2。采用 SPSS 22.0 统计软件,通过描述统计模块,对所有形态学性状鉴定的数据进行标准化处理,之后将标准化的数据输入处理软件 SPSS 22.0,采用欧氏距离,利用 UPGMA 法对供试材料进行聚类,生成聚类图。

1.4.2 马铃薯基因组 DNA 的提取与 SSR-PCR 扩增 摘取未感病虫害的马铃薯幼嫩叶片,采用改良的 CTAB 法提取基因组 DNA。12 对 SSR 引物均来自段艳凤等马铃薯科研工作者公开发表的文献^[15],由英潍捷基(上海)贸易有限公司合成(表 3),用于对供试马铃薯材料进行扩增。PCR 扩增体系为 25 μL,包括模板 DNA 2 μL、Green Taq Mix 10 μL(来

表 2 19 个马铃薯田间性状及其赋值方法

编号	性状	性状记载赋值标准
1	株形	1 = 直立; 2 = 半直立; 3 = 平展
2	分枝多少	1 = 少; 2 = 中; 3 = 多
3	植株繁茂性	1 = 强; 2 = 中; 3 = 弱
4	茎色	1 = 绿; 2 = 褐; 3 = 紫; 4 = 深紫; 5 = 局部有色
5	叶色	1 = 浅绿; 2 = 绿; 3 = 深绿
6	花冠形状	1 = 星形; 2 = 近五边形; 3 = 近圆形
7	花冠颜色	1 = 白; 2 = 浅红; 3 = 红; 4 = 浅紫; 5 = 紫; 6 = 紫蓝; 7 = 蓝; 8 = 黄
8	开花繁茂性	1 = 无; 2 = 少; 3 = 中; 4 = 多
9	薯形	1 = 扁圆; 2 = 圆形; 3 = 卵形; 4 = 倒卵; 5 = 扁椭圆; 6 = 椭圆; 7 = 长椭
10	皮色	1 = 乳白; 2 = 浅黄; 3 = 黄; 4 = 褐; 5 = 浅红; 6 = 红; 7 = 紫; 8 = 深紫; 9 = 红杂色; 10 = 紫杂色
11	芽眼深浅	1 = 浅; 2 = 中; 3 = 深
12	芽眼多少	1 = 少; 2 = 中; 3 = 多
13	薯皮光滑度	1 = 光滑; 2 = 中; 3 = 粗糙
14	肉色	1 = 白; 2 = 乳白; 3 = 浅黄; 4 = 黄; 5 = 深黄; 6 = 部分红; 7 = 红; 8 = 部分紫; 9 = 紫
15	叶绿素含量	原始数据
16	淀粉含量	原始数据
17	主茎粗	原始数据
18	株高	原始数据
19	单株质量	原始数据

自南京诺唯赞生物科技有限公司)、上下游引物各 1 μL 、ddH₂O 11 μL 。扩增程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 30 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测扩增产物, 恒定电压 1 800 V, 电泳时间 90 min, 并用硝酸银染色, 氢氧化钠显色, 拍照记录结果。

1.4.3 SSR 分子标记聚类分析 以 12 对 SSR 引物对供试材料进行扩增, 采取人工的方法对扩增出的条带进行统计, 在相同的位置, 扩增迁移出条带的记为“1”, 无条带或条带模糊的记为“0”, 构成 (1, 0) 矩阵。使用软件 NTSYS 2.10 进行遗传距离分析, 计算供试材料之间的遗传距离, 并使用 UPGMA 进行聚类分析, 绘制聚类图。

2 结果与分析

2.1 基于 19 个表型性状的聚类分析

基于欧氏距离按 UPGMA 方法, 对 20 份马铃薯品种 (系) 的 19 个基本形态学性状进行聚类分析研究 (图 1)。结果表明, 在欧氏距离 19.6 处可将供试材料分为 3 个类群。第 I 类包括 4 份材料, 分别为万紫千红、BJ16、陇薯 309、宣薯 4 号; 第 II 类包括 2 份材料, 分别是东农 311、云薯 1 号; 其他 14 份材料聚为第 III 类。

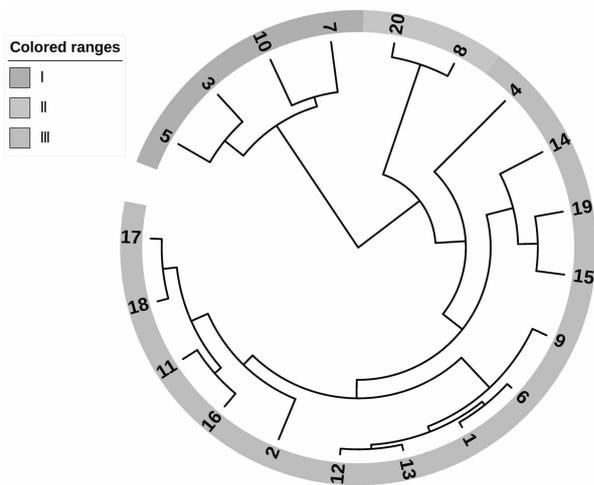
表 3 12 对 SSR 引物信息

编号	引物名称	正向引物 (5'→3')	反向引物 (5'→3')	退火温度 ($^{\circ}\text{C}$)
1	STM1064	GTTCTTTTGGTGGTTTTCCT	TTATTTCTCTGTTGTGCTG	55
2	STM1053	TCTCCCCATCTTAATGTTTT	CAACACAGCATSCAGATCATC	55
3	STM004	GAAACTGCTGCCGGTGC	TGGGGTTCCATCAAAC	55
4	STM1049	CTACCAGTTTGTGATTGTGGTG	AGGGACTTTAATTTGTTGGACC	55
5	STM1052	CAATTTGCTTTTTTCATGTGACAC	ATGGCGTAATTTGATTTAATACGTAA	55
6	STI008	CATCTCCTTCACCTGCTCCT	CGACAAAGGAGGAAATCCAA	55
7	STI018	CCACTACTGCTTCTCCACC	GCAGCAAACAAGCTCAAC	55
8	STI013	CCACTTCTCCACTTCCAAA	CCATGGTTGCACCAACTAGA	55
9	STI009	GCGAAAACCTTGAAGCAACT	CTGCTGTTGCTGTTGATGGT	55
10	S25	GCGAATGACAGGACAAGAGG	TGCCACTGCTACCATAACCA	55
11	S184	TCATCACAACGTGACCCCA	GGGCTTGAATGATGTGAAGCTC	55
12	S118	AGAGATCGATGTAAAACACCT	GTGGCATTTTGTATGGATT	55

2.2 12 对 SSR 引物扩增结果分析

以 20 份马铃薯品种 (系) 的 DNA 为模板, 利用 12 对多态性丰富、条带清晰的 SSR 引物对其 DNA 进行扩增, 结果见图 2 和表 4。12 对 SSR 引物共扩

增多 91 个等位位点, 其中多态性位点 87 个, 多态性比率 95.6%, 平均每对引物扩增 7.6 个等位位点, 7.3 个多态性位点。12 对 SSR 引物扩增出的等位位点在 3 ~ 20 个之间, 多态性位点在 1 ~ 19 个之间,



图中 1~20 为表 1 中材料编号。图 3 同
图 1 20 份马铃薯材料的表型聚类分析结果

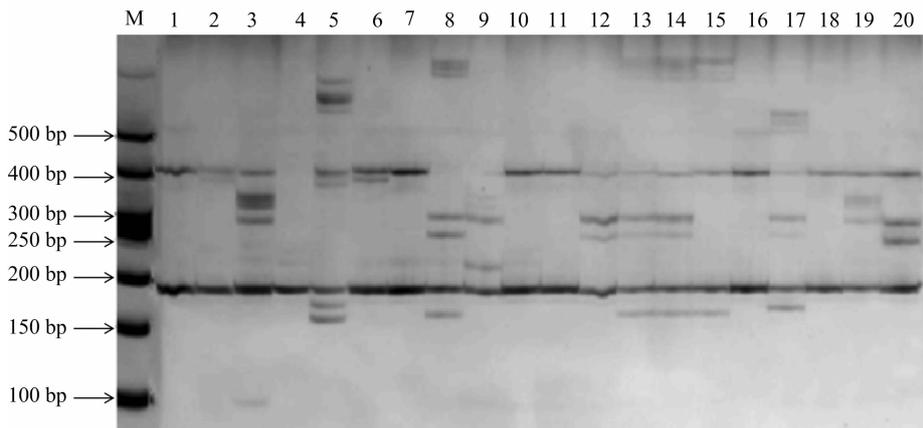
多态性比率在 33.3% ~ 100.0% 之间。

2.3 20 份马铃薯材料的遗传距离分析

使用 NTSYS 2.10 软件计算遗传距离(表 5), 20 份马铃薯品种(系)间的遗传距离范围在 0.148 1 ~ 0.655 2, 平均遗传距离 0.486 9, 说明供试材料的遗传背景差距明显。其中遗传距离最近的是荷十四、中薯 18 号, 遗传距离为 0.148 1, 遗传距离最远的是 2014-89-47、丽薯 6 号, 遗传距离为 0.655 2。

2.4 基于 SSR 分子标记的聚类分析

SSR 分子标记聚类分析(图 3)结果表明, 20 份马铃薯品种(系)的聚类结果与其遗传关系基本保持一致, 在遗传相似系数为 0.51 时, 可将供试材料分为 3 个类群。第 I 类包括万紫千红 1 份材料; 第



M—500 bp DNA Marker; 1~20—表 1 中材料编号

图 2 引物 S25 的 PCR 扩增产物电泳图谱

表 4 12 对 SSR 引物扩增结果

编号	引物名称	扩增位点数	多态性位点数	多态性比率 (%)
1	STM1064	5	4	80.0
2	STM1053	3	1	33.3
3	STM004	3	3	100.0
4	STM1049	5	5	100.0
5	STM1052	6	6	100.0
6	STI008	6	6	100.0
7	STI018	7	7	100.0
8	STI013	3	3	100.0
9	STI009	10	10	100.0
10	S25	20	19	95.0
11	S184	8	8	100.0
12	S118	15	15	100.0
总数		91	87	95.6
平均值		7.6	7.3	—

II 类包括 2014-89-61、2014-89-47、2011-5-21、BJ16、宣薯 4 号、荷十四、晋薯 15 号、中薯 18 号 8 份材料; 第 III 类包括夏坡蒂、陇薯 309、东农 311、德薯 3 号、青薯 168、定薯 1 号、天薯 12 号、毕薯 4 号、蒙薯 19 号、丽薯 6 号、云薯 1 号 11 份材料。

2.5 20 份马铃薯材料的指纹图谱构建

根据 SSR 引物标记结果, 挑选出多态性好、条带清晰、重复性高的 SSR 引物, 构建 20 份马铃薯材料指纹图谱。引物 STM1052 可以鉴别夏坡蒂、2014-89-61、万紫千红、BJ16、东农 311、德薯 3 号、宣薯 4 号、天薯 12 号、毕薯 4 号、蒙薯 19 号、中薯 18 号、丽薯 6 号 12 份供试材料; 引物 S25 可以鉴别万紫千红、2011-5-21、BJ16、东农 311、德薯 3 号、毕薯 4 号、蒙薯 19 号、丽薯 6 号 8 份供试材料; 结合引物 STM1052 和引物 S25 的扩增结果构建指纹图谱(表 6), 可以把 20 份供试材料完全区分开。

表 5 20 份马铃薯供试材料的遗传距离

材料编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
2	0.438 6																			
3	0.424 2	0.451 0																		
4	0.407 4	0.487 2	0.541 7																	
5	0.432 4	0.525 4	0.647 1	0.535 7																
6	0.432 8	0.423 1	0.606 6	0.469 4	0.391 3															
7	0.313 4	0.538 5	0.573 8	0.469 4	0.420 3	0.516 1														
8	0.428 6	0.612 9	0.549 3	0.525 4	0.544 3	0.472 2	0.500 0													
9	0.403 0	0.538 5	0.541 0	0.387 8	0.478 3	0.451 6	0.483 9	0.333 3												
10	0.441 2	0.396 2	0.580 6	0.520 0	0.371 4	0.365 1	0.428 6	0.506 8	0.396 8											
11	0.303 0	0.411 8	0.466 7	0.416 7	0.441 2	0.311 5	0.475 4	0.493 0	0.344 3	0.387 1										
12	0.433 3	0.600 0	0.518 5	0.476 2	0.548 4	0.636 4	0.418 2	0.446 2	0.381 8	0.607 1	0.555 6									
13	0.403 0	0.576 9	0.442 6	0.591 8	0.594 2	0.548 4	0.548 4	0.333 3	0.548 4	0.523 8	0.344 3	0.563 6								
14	0.369 9	0.586 2	0.582 1	0.490 9	0.573 3	0.441 2	0.529 4	0.359 0	0.441 2	0.420 3	0.432 8	0.475 4	0.352 9							
15	0.454 5	0.568 6	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.442 6	0.508 2	0.352 1	0.475 4	0.580 6	0.433 3	0.518 5	0.442 6	0.462 7						
16	0.432 8	0.538 5	0.606 6	0.469 4	0.449 3	0.451 6	0.419 4	0.583 3	0.451 6	0.333 3	0.475 4	0.563 6	0.580 6	0.500 0	0.541 0					
17	0.360 0	0.600 0	0.507 2	0.543 9	0.480 5	0.542 9	0.457 1	0.475 0	0.542 9	0.577 5	0.449 3	0.492 1	0.400 0	0.500 0	0.623 2	0.542 9				
18	0.400 0	0.422 2	0.481 5	0.428 6	0.580 6	0.418 2	0.563 6	0.507 7	0.418 2	0.500 0	0.148 1	0.541 7	0.381 8	0.475 4	0.481 5	0.600 0	0.460 3			
19	0.365 1	0.583 3	0.578 9	0.600 0	0.600 0	0.655 2	0.448 3	0.470 6	0.482 8	0.593 2	0.543 9	0.529 4	0.551 7	0.531 2	0.614 0	0.551 7	0.515 2	0.607 8		
20	0.441 2	0.509 4	0.548 4	0.480 0	0.428 6	0.428 6	0.492 1	0.452 1	0.492 1	0.406 2	0.354 8	0.571 4	0.333 3	0.449 3	0.580 6	0.460 3	0.408 5	0.428 6	0.491 5	

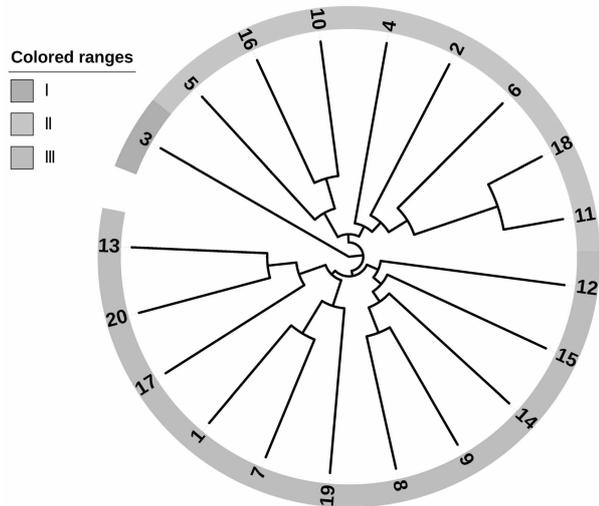


图 3 20 份马铃薯材料的 SSR 标记聚类分析结果

表 6 20 份供试马铃薯材料的 SSR 指纹图谱

编号	品种(系)名称	指纹图谱	
		STM1052	S25
1	夏坡蒂	101110	000000001000001000
2	2014-89-61	010101	000000001100001000
3	万紫千红	110000	0000000010111001001
4	2011-5-21	010100	0000000000000001000
5	BJ16	110100	0001110001100001110
6	2014-89-47	011110	000000001100001000
7	陇薯 309	100101	000000001000001000
8	东农 311	111111	1110000000001101010
9	德薯 3 号	101111	0000000000001011000
10	宣薯 4 号	111100	000000001000001000
11	荷十四	011110	000000001000001000
12	青薯 168	100101	0000000010001101000
13	定薯 1 号	111000	1110000010001101010
14	天薯 12	011010	1110000010001101010
15	毕薯 4 号	110101	111000001000001010
16	晋薯 15	111000	000000001000001000
17	蒙薯 19	111110	0000011110001101100
18	中薯 18	011111	000000001000001000
19	丽薯 6 号	001111	0000000010111001000
20	云薯 1 号	010100	0000000010001101000

3 讨论与结论

表型性状聚类结果表明,表型性状聚类分析可以较为准确地地区分具有显著形态差异的马铃薯材料,如在表型聚类中,类群 I 的材料花繁茂、薯皮光滑、分支数少等;类群 III 的材料绝大多数植株高、单株产量高、叶绿素含量高。在徐敏的研究结果

中,表型聚类的群体 3 中的材料薯形圆形、薯皮黄色、芽眼较深,群体 4 花繁茂性强、花粉量大、薯肉为白色^[16],本研究结果与之相似。

SSR 分子标记聚类结果表明,地理来源不同的马铃薯材料,在聚类图中也可能被聚合为一类,如荷十四、晋薯 15 号、中薯 18 号被聚合在类群 II;德薯 3 号、天薯 12 号、蒙薯 19 号被聚合在类群 III,与王鹏等的研究中,天薯 12 号、蒙薯 19 号被聚合在一个类群结果^[17]相似。同一育种单位选育的马铃薯材料遗传差异较小,如由河北北方学院旱作农业研究中心育成的材料 2014-89-61、2014-89-47、2011-5-21 亲缘关系较近,张招娟等研究发现,品种间亲缘关系的远近程度与育种单位有一定的相关性^[18],本试验结果与之相近。

大多数马铃薯材料在表型性状聚类图上和 SSR 标记聚类图上都被聚到一个类群当中,如青薯 168、定薯 1 号、天薯 12 号、毕薯 4 号、蒙薯 19 号、丽薯 6 号在 2 种聚类图中都聚合到一起,2014-89-61、2014-89-47、2011-5-21 在 2 种聚类图中也都聚合到一起。表明 SSR 分子标记聚类分析结果和表型性状聚类分析结果具有一定的一致性,植物表型性状的差别也能够相应反映基因水平的差别。部分马铃薯材料在 2 种聚类分析结果上表现出差异,刘福翠等研究认为,外界环境的改变容易使马铃薯性状发生改变,从而使马铃薯基因型发生变异,表现型发生变化,最终导致 SSR 分子标记结果与形态学标记结果产生差别^[19]。段绍光等研究表明,马铃薯是同源四倍体,其高度杂合的特性,决定了表型性状聚类分析不能从本质上反映马铃薯的遗传差异,只能反映出不同材料之间表型性状的差异^[20]。本试验 SSR 分子标记聚类图中万紫千红与其他材料亲缘关系较远,单独聚为一类,而在表型性状聚类图中万紫千红、BJ16、陇薯 309、宣薯 4 号则被聚为一个类群,产生此结果的原因可能是土壤、水、气候等不同环境因素共同影响了植物的形态学性状,导致 2 种聚类分析结果产生差异。

本试验采用 20 份马铃薯品种(系)为供试材料,通过 19 个表型性状和 12 对 SSR 引物对供试材料进行了表型性状聚类分析和 SSR 分子标记聚类分析,并利用 2 对核心引物(STM1052 和 S25)构建了供试材料的 DNA 指纹图谱,为马铃薯种质资源的利用、亲缘关系分析及品种鉴定提供了理论依据。

参考文献:

- [1] 罗其友,高明杰,刘洋,等. 马铃薯产业与健康消费(2019)[M]. 哈尔滨:黑龙江科学技术出版社,2019:30-33.
- [2] 沈浩,刘登义. 遗传多样性概述[J]. 生物学杂志,2001,18(3):5-7,4.
- [3] 周延清. DNA 分子标记技术在植物研究中的应用[M]. 北京:化学工业出版社,2005:131-136.
- [4] 朱岩芳. 作物品种分子标记鉴定及指纹图谱构建研究[D]. 杭州:浙江大学,2013:11-12.
- [5] de Galarreta J I R, Barandalla L, Rios D J, et al. Genetic relationships among local potato cultivars from Spain using SSR markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution,2011,58(3):383-395.
- [6] de Haan S, Núñez J, Bonierbale M, et al. A simple sequence repeat (SSR) marker comparison of a large *in*- and *ex*-situ potato Landrace cultivar collection from Peru reaffirms the complementary nature of both conservation strategies[J]. Diversity,2013,5(3):505-521.
- [7] 谷青,赵冬梅,张岱,等. 北方一作区马铃薯早疫病病菌群体 SSR 遗传结构分析[J]. 江苏农业科学,2018,46(19):88-92.
- [8] 李靛,于卓,肖夏,等. 6 个马铃薯新品系的细胞学及 SSR 分析[J]. 华北农学报,2021,36(2):74-80.
- [9] 李建武,文国宏,李高峰,等. 甘肃省主栽马铃薯品种的 SSR 遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2017,15(5):1951-1962.
- [10] 李国彬,王伟伟,史聪仙,等. 云南省马铃薯品种资源鉴定及分子指纹图谱的建立[J]. 分子植物育种,2019,17(14):4679-4691.
- [11] 耿雷跃,张薇,邹拓,等. 河北水稻地方种质品质多样性分析[J]. 作物杂志,2018(1):49-55.
- [12] 赵凌霄,邓逸桐,衡曦彤,等. 106 份特色甘薯品种资源品质性状评价与分析[J]. 江苏农业学报,2021,37(4):839-847.
- [13] 刘喜才,张丽娟. 马铃薯种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006.
- [14] 寇淑君,纪军建,付国庆,等. 基于 DUS 测试性状对马铃薯测试品种的遗传多样性分析[J]. 种子,2020,39(12):50-54.
- [15] 段艳凤,刘杰,卞春松,等. 中国 88 个马铃薯审定品种 SSR 指纹图谱构建与遗传多样性分析[J]. 作物学报,2009,35(8):1451-1457.
- [16] 徐敏. 中国马铃薯审定品种系谱分析及遗传多样性研究[D]. 北京:中国农业科学院,2007:38-39.
- [17] 王鹏,李芳弟,郭天顺,等. 马铃薯种质资源遗传关系分析及指纹图谱构建[J]. 农业生物技术学报,2020,28(5):794-810.
- [18] 张招娟,邓跃,黄隽健,等. 福建省马铃薯主栽品种 SSR 遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2019,17(22):7420-7427.
- [19] 刘福翠,谭学林,郭华春. 云南省马铃薯品种资源的 RAPD 分析[J]. 西南农业学报,2004,17(2):200-204.
- [20] 段绍光,金黎平,李广存,等. 马铃薯品种遗传多样性分析[J]. 作物学报,2017,43(5):718-729.