

# 高淀粉马铃薯初级核心种质资源的遗传多样性分析

孙邦升 宋继玲 杨梦平 邢金月 胡尊艳 郝智勇 李菁华 刘春生

(黑龙江省农业科学院克山分院, 161005, 黑龙江齐齐哈尔)

**摘要** 以来自 13 个国家和地区的 62 份高淀粉马铃薯资源为试验材料, 采用 54 个表型性状数据和 19 对多态性引物 SSR 分子数据, 分析了高淀粉马铃薯初级核心种质的遗传多样性。结果表明, 62 份初级核心种质资源包含了马铃薯描述规范的 54 个表型性状绝大多数描述符, 只有 8 个性状没有包含全部描述符, 缺少的描述符多为我国资源库中缺少的和稀缺资源类型; 47 个质量性状的多样性指数在 0.0633~1.3043, 平均多样性指数为 0.8197; 7 个数量性状的多样性指数在 1.0701~1.3152, 平均遗传多样性指数为 1.1630; 数量性状遗传多样性普遍高于质量性状, 变异较多, 有利于在实际应用中的种质资源选择; 通过 7 个数量性状的相关分析, 明确了淀粉含量与其他数量性状的相关性。19 对引物扩增出 116 条具有多态性的条带, 多态性百分率为 96.72%。平均每对引物扩增条带 6.26 条, 平均等位基因数 6.26 个, 平均有效等位基因数 3.9931 个。Nei's 基因多样性指数变化范围在 0.3735~0.8480, Shannon-Wiener 多样性指数变化范围在 0.6624~2.0123。分别用 54 个表型数据和 19 对多态性引物的 SSR 分子数据进行聚类分析, 都可以将 62 份高淀粉马铃薯初级核心种质分为 4 大类群。2 种数据基础的分类结果重合度在 50% 左右, 体现了表型和基因层面上 62 份材料的遗传多样性和亲缘关系。

**关键词** 马铃薯; 核心种质; 遗传多样性; 分子数据

马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 是茄科 (Solanaceae) 茄属 (*Solanum*) 一年生草本植物, 在中国有 20 多种别名, 如土豆、洋芋、山药蛋。马铃薯原产南美洲的安第斯山山区, 主要分布于南美沿安第斯山脉的哥伦比亚、厄瓜多尔、玻利维亚、秘鲁以及美国南部。马铃薯属多倍性作物, 染色体基数  $n=12$ , 包括二倍体 ( $2n=24$ )、三倍体 ( $2n=36$ )、四倍体 ( $2n=48$ )、五倍体 ( $2n=60$ ) 和六倍体 ( $2n=72$ ) 等, 种质资源非常丰富, 目前已被发现的野生种共有 228 个, 栽培种共 7 个, 能结块茎的种中约有 73% 为二倍体, 四倍体占 15%, 三倍体占 4%, 五倍体占 2%, 六倍体占 6%<sup>[1]</sup>。我国收集来自 31 个国家和地区的马铃薯种质资源 3500 余份, 主要包含了野生种、育成种、品系和遗传材料等。

马铃薯是世界上仅次于水稻、小麦、玉米的第四大粮食作物。中国的马铃薯栽培始于 16 世纪末至 17 世纪初的明朝万历年间, 由欧美传教士带入我国。中国的马铃薯育种研究经历了国外引种鉴定到品种间和种间杂交、生物技术育种的工作过程, 据统计, 截止到 2006 年, 我国育成了 300

多个品种<sup>[2-3]</sup>, “十一五”以来, 马铃薯又陆续审定 (登记) 新品种 482 个<sup>[4]</sup>, 虽然马铃薯育种取得了巨大成就, 但长期以来强调高产抗病育种, 忽略品质育种, 各种专用型品种尤其是加工品种奇缺, 不能满足加工业发展和出口创汇的需要。因此, 加强淀粉加工型种质资源研究、选育食品加工和淀粉加工等专用型品种是现阶段中国马铃薯育种工作的迫切任务。

分子生物技术在马铃薯淀粉含量研究的不断深入及相关 SSR 标记的不断开发使高淀粉马铃薯种质资源进行深入研究成为可能。现阶段对马铃薯的研究主要集中在通过生物技术方法对高淀粉马铃薯育种材料进行淀粉含量相关的分子标记和 QTL 定位等, 金兴红等<sup>[5]</sup>采用 BSA 法对马铃薯高淀粉相关 SSR 标记及候选基因进行了筛选; 张明飞<sup>[6]</sup>构建了四倍体马铃薯高密度分子遗传连锁图谱并对淀粉含量等重要性状进行了 QTL 定位; 李建武<sup>[7]</sup>对马铃薯块茎淀粉含量及植株熟性进行了 QTL 定位和遗传分析; 李佳奇等<sup>[8]</sup>开展了四倍体马铃薯淀粉含量性状相关 SSR 标记的开发与验证; 韩志刚<sup>[9]</sup>开展了马铃薯种质主要农艺性状及淀粉含量

作者简介: 孙邦升, 主要从事马铃薯种质资源收集、鉴定和保存研究, E-mail: sunbangsheng0451@163.com

基金项目: 国家马铃薯种质资源安全保存项目 (19230823); 黑龙江省农业创新跨越工程 (CX23TS24); 黑龙江省农业科学院院级课题 (2020YYF003)

收稿日期: 2024-03-04; 修回日期: 2024-07-23; 网络出版日期: 2024-08-13

的全基因组关联分析。不同作物对遗传多样性的研究多基于表型和分子数据进行，李赢等<sup>[10]</sup>对 398 份裸大麦种质资源表型性状遗传多样性进行分析；吴昊等<sup>[11]</sup>基于表型性状对枣种质果实性状进行多样性分析；韩志刚等<sup>[12]</sup>基于表型性状对 30 份马铃薯种质资源遗传多样性进行了分析；王楠等<sup>[13]</sup>基于 SSR 标记对不同粒色大麦品种（系）进行遗传差异分析；穆小婷等<sup>[14]</sup>基于 SSR 标记对 55 份清远野生茶树种质资源遗传多样性和亲缘关系进行了分析；王月影等<sup>[15]</sup>利用 EST-SSR 标记分析绿豆地方品种及育成品种的遗传多样性。本研究对已构建的 62

份高淀粉马铃薯初级核心种质基于表型性状和 SSR 分子标记数据进行遗传多样性分析，从表型和基因 2 个层面分析现有高淀粉种质资源的遗传多样性，为高淀粉马铃薯育种的亲本材料选择提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以国家马铃薯种质资源库中鉴定筛选的淀粉含量≥17%的 2013 年构建的 62 份材料高淀粉马铃薯初级核心种质为试验材料<sup>[16]</sup>（表 1）。

表 1 试验材料类型及来源  
Table 1 Types and sources of test materials

序号 Number	品种（系）Variety (line)	来源 Source	类型 Type	序号 Number	品种（系）Variety (line)	来源 Source	类型 Type
1	Atlantic	美国	选育品种	32	克新 12 号	中国	选育品种
2	Bia(Nex32)	CIP	选育品种	33	乌沟沟	中国	地方品种
3	BL-2.9	英国	品系	34	CFS-69.1	墨西哥	品系
4	Canus	CIP	选育品种	35	R2R4	CIP	遗传材料
5	CFR-69.1	墨西哥	品系	36	波 S	波兰	选育品种
6	F-7	CIP	品系	63	E86.695	CIP	品系
7	G7953-3	CIP	品系	38	合作 88	中国	选育品种
8	Gasore	卢旺达	选育品种	39	呼自 278	中国	品系
9	Schwalbe	东德	选育品种	40	晋薯 2 号	中国	选育品种
10	Wn630-5	美国	品系	41	蒙伊 7616-4	中国	品系
11	Yukon Gold	加拿大	选育品种	42	南中 552	中国	品系
12	安薯 56 号	中国	选育品种	43	胜利 1 号	中国	选育品种
13	白俄 3 号	白俄罗斯	选育品种	44	Attatic	CIP	选育品种
14	波 BR	波兰	品系	45	BZURA	CIP	选育品种
15	川 771-56	中国	品系	46	INIAP FRIPAPA 99	CIP	选育品种
16	狗头山药	中国	地方品种	47	Ns51-5	CIP	品系
17	晋薯 7 号	中国	选育品种	48	NS78-11-1	CIP	品系
18	克新 7 号	中国	选育品种	49	藏薯 1 号	中国	选育品种
19	宁薯 7 号	中国	选育品种	50	春薯 3 号	中国	选育品种
20	青薯 168	中国	品系	51	克 6717-36	中国	品系
21	信宜红皮	中国	地方品种	52	拉迪路塞塔	荷兰	选育品种
22	Atzimba	CIP	选育品种	53	陇薯 3 号	中国	选育品种
23	Beaty of Hebron	CIP	选育品种	54	日本高淀粉	中国	选育品种
24	Fortuna	西德	选育品种	55	Aquila	德国	选育品种
25	INIAP ROSITA	CIP	选育品种	56	CFK69.1	墨西哥	品系
26	M.Oueira	CIP	选育品种	57	Dorita	CIP	选育品种
27	Robusta	德国	选育品种	58	I-1085	CIP	品系
28	白麻洋芋	中国	地方品种	59	Wauseon	CIP	选育品种
29	波 PI	波兰	品系	60	ФИТОФТОРОУСТО	俄罗斯	选育品种
30	呼 8216-14	中国	品系	61	虎头	中国	选育品种
31	呼自 77-106	中国	品系	62	深眼窝	中国	地方品种

CIP: 国际马铃薯中心。  
CIP: International Potato Center.

1.2 试验方法

1.2.1 表型性状的调查与分析 各性状调查按照《马铃薯种质资源描述规范和数据标准》<sup>[1]</sup>进行,对 62 份高淀粉马铃薯种质资源的 47 个质量性状和 7 个数量性状进行系统调查和测定。所有供试材料播种于黑龙江省农业科学院克山分院试验地。采用高垄栽培,株距 25 cm,垄长 3 m,垄宽 80 cm,露地直播,每份材料定植 10 株,栽培管理同一般生产水平,全部性状均采用 2022 和 2023 年的平均数据。通过对表型性状中的质量性状和数量性状进行分类赋值,利用 SPSS 19.0 进行系统聚类分析,利用 Excel 2023 整理数据,统计分析各个性状的最大值、最小值、标准偏差和平均值,计算变异系数和 Shannon-Wiener 多样性指数 ( $H'$ ),分析其遗传多样性。数量性状进行质量化处理,即数量性状依均值 ( $\bar{X}$ ) 和标准差 ( $\sigma$ ) 分为 10 级,1 级  $X_i < \bar{X} - 2\sigma$ ,10 级  $X_i > \bar{X} + 2\sigma$ ,中间每级间差  $0.5\sigma$ 。 $H' = -\sum P_i \times \ln P_i$ ,其中  $P_i$  为某一性状第  $i$  级别时的频率<sup>[17]</sup>。

1.2.2 SSR 数据统计分析 19 对多态性引物电泳胶片采用有条带记为 1,无条带记为 0,数据缺失记为 9,将数据标准化,利用 NTSYS-pc 2.10 进行遗传距离计算,利用 UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) 程序进行聚类分析,绘制树状图。使用 PopGen 32 软件计算引物多态性百分率、观测等位基因数、有效等位

基因数、Nei's 遗传多样性指数和  $H'$ 。

2 结果与分析

2.1 质量性状多样性分析

通过对 62 份高淀粉马铃薯 47 个质量性状分析可以看出,有 39 个质量性状的描述符与现有描述符个数相同,包含率达到 100%,只有幼芽基部颜色、花冠颜色、顶小叶形状、薯形、皮色、肉色、熟性和食味 8 个性状没有包含全部描述符,性状包含率分别为 86%、75%、83%、41%、67%、45%、67%和 67%,其中幼芽基部颜色缺少深褐色、花冠颜色缺少红色和黄色、顶小叶形状缺少常春藤式,缺少的描述符为稀有表现型,在中国资源库中缺少或者极少,食味、薯形、皮色、肉色和熟性缺少的性状较多,这与高淀粉马铃薯品种选育方向有关,为了适应淀粉加工的需要,现有高淀粉马铃薯选育主要以薯形圆或椭圆、黄皮或浅黄皮、黄肉到乳白的肉色、食味中等以上为主,缺少极早熟性状,这也是高淀粉马铃薯育种的瓶颈,生产中一直缺少延长加工期的极早熟高淀粉马铃薯品种,也是今后资源收集和引进过程中需要重点收集的资源。47 个质量性状的多样性指数范围在 0.0633~1.3043,幼芽顶部形状最低为 0.0633,天然结实性最高,为 1.3043,平均多样性指数为 0.8197 (表 2),整体多样性指数较小,遗传多样性不够丰富。

表 2 质量性状多样性分析  
Table 2 Diversity analysis of quality traits

编号 Number	质量性状 Quality trait	规范描述 符个数 Number of specification descriptors	现有描述 符个数 Number of existing descriptors	性状 包含率 Trait inclusion rate (%)	多样性 指数 Diversity index	编号 Number	质量性状 Quality trait	规范描述 符个数 Number of specification descriptors	现有描述 符个数 Number of existing descriptors	性状 包含率 Trait inclusion rate (%)	多样性 指数 Diversity index
1	幼芽基部形状	5	5	100	0.2854	13	柱头形状	3	3	100	0.7719
2	幼芽基部颜色	7	6	86	0.1484	14	柱头颜色	3	3	100	0.5985
3	幼芽顶部形状	3	3	100	0.0633	15	柱头长短	3	3	100	0.6363
4	幼芽基部茸毛密度	3	3	100	0.1390	16	花药形状	3	3	100	0.5016
5	幼芽顶部茸毛	3	3	100	0.2526	17	花药颜色	3	3	100	0.5488
6	株形	3	3	100	0.9400	18	花粉育性	4	4	100	1.1089
7	分枝数	3	3	100	1.0530	19	天然结实性	5	5	100	1.3043
8	植株繁茂性	3	3	100	1.0462	20	薯形	17	7	41	1.2948
9	茎翼形状	3	3	100	1.0530	21	皮色	12	8	67	1.1319
10	茎色	5	5	100	0.9721	22	肉色	11	5	45	0.8354
11	叶色	3	3	100	0.5946	23	芽眼深浅	3	3	100	0.4862
12	叶表面光泽度	3	3	100	1.0709	24	芽眼色	2	2	100	0.4862

续表 2 Table 2 (continued)

编号 Number	质量性状 Quality trait	规范描述 符个数 Number of specification descriptors	现有描述 符个数 Number of existing descriptors	性状 包含率 Trait inclusion rate (%)	多样性 指数 Diversity index	编号 Number	质量性状 Quality trait	规范描述 符个数 Number of specification descriptors	现有描述 符个数 Number of existing descriptors	性状 包含率 Trait inclusion rate (%)	多样性 指数 Diversity index
25	叶缘	3	3	100	0.9400	37	芽眼数	3	3	100	0.8475
26	叶片茸毛数	4	4	100	1.0462	38	薯皮光滑度	3	3	100	1.0122
27	小叶着生密集度	3	3	100	0.9772	39	结薯集中性	3	3	100	0.9561
28	顶小叶宽度	3	3	100	0.6684	40	块茎整齐度	3	3	100	0.8638
29	顶小叶形状	6	5	83	1.0867	41	块茎大小	3	3	100	0.9400
30	顶小叶基部形状	3	3	100	0.6830	42	休眠性	4	4	100	0.7089
31	托叶形状	3	3	100	1.0985	43	熟性	6	4	67	1.0968
32	花冠形状	3	3	100	0.4862	44	食味	3	2	67	0.9453
33	花冠大小	3	3	100	0.9829	45	炸片品质	3	3	100	1.0709
34	花冠颜色	8	6	75	1.0855	46	炸条品质	3	3	100	1.0867
35	花柄节颜色	2	2	100	0.4862	47	晚疫病抗性	5	5	100	1.0855
36	开花繁茂性	4	4	100	1.0473						

2.2 数量性状的遗传多样性分析

对 62 份高淀粉马铃薯 7 个数量性状的最大值、最小值和平均值进行分析，淀粉含量在 17.00%~23.94%，均值 20.06%，干物质含量在 19.85%~29.69%，均值 22.90%，淀粉含量和干物质含量的变异系数较小，分别为 17.39%和 19.73%，性状离散度较好，分布均匀。株高、茎粗、主茎数、产量的极值与马铃薯全部种质资源的极值基本相符，包含了全部的变异区间，生育

期最小值为 93 d，最大值为 135 d，均值 108 d，表明高淀粉材料多为中晚熟品种，早熟品种欠缺，株高、茎粗、主茎数和生育期的变异系数都较小，在 14.81%~28.69%，产量变异系数为 42.49%，说明产量的变异较大，7 个数量性状的多样性指数在 1.0701~1.3152，茎粗的多样性指数最大，为 1.3152，淀粉含量的多样性指数最小，为 1.0701，7 个性状的平均遗传多样性指数为 1.1630（表 3）。

表 3 数量性状变异情况  
Table 3 Variation of quantitative traits

性状 Trait	最小值 Minimum	最大值 Maximum	平均值 Average	变异系数 Coefficient of variation (%)	多样性指数 Diversity index
淀粉含量 Starch content (%)	17.0	23.94	20.06	17.39	1.0701
干物质含量 Dry matter content (%)	19.85	29.69	22.90	19.73	1.2342
株高 Plant height (cm)	43	100	45	28.69	1.0733
茎粗 Stem diameter (cm)	0.52	1.99	0.96	21.77	1.3152
主茎数 Number of main stems	1	14	5.13	17.17	1.2372
生育期 Growth period (d)	93	135	108	14.81	1.0742
产量 Yield (kg/hm <sup>2</sup> )	8214	66643	25646	42.49	1.1365

2.3 数量性状的相关性分析

通过 7 个数量性状的相关性分析（表 4）看出，茎粗与生育期呈显著正相关；产量与株高呈极显著正相关，与主茎数呈显著正相关，与干物质含量、淀粉含量呈负相关；干物质含量与淀粉含量呈极显著正相关；生育期含量与产量和干物质含量呈极显著正相关，与茎粗和淀粉含量呈显著正相关。通过分析可以看出，生育期与淀粉含量为显著正相关，与产量为极显著正相关，但产量与淀粉含量为

负相关，生育期与茎粗为显著正相关，茎粗与淀粉含量为负相关，这与我们现阶段的高淀粉品种特性相吻合，即生育期较长、植株比较茂盛、产量中等偏下、中晚熟。因此，在今后的高淀粉材料选择时，要兼顾生育期、产量、茎粗、株高与高淀粉性状的相关关系，选择最优的性状组合体材料。

2.4 表型性状的聚类分析

通过表型性状聚类分析（图 1）发现，在遗传距离为 23.22 时，可以把 62 份高淀粉马铃薯种质

表 4 数量性状相关性分析  
Table 4 correlation analysis of quantitative traits

性状 Trait	株高 Plant height	主茎数 Number of main stems	茎粗 Stem diameter	产量 Yield	干物质含量 Dry matter content	淀粉含量 Starch content	生育期 Growth period
株高 Plant height	1.000						
主茎数 Number of main stems	0.079	1.000					
茎粗 Stem diamete	0.111	-0.096	1.000				
产量 Yield	0.417**	0.332*	0.065	1.000			
干物质含量 Dry matter content	0.100	0.176	-0.172	-0.031	1.000		
淀粉含量 Starch content	0.053	0.114	-0.179	-0.013	0.907**	1.000	
生育期 Growth period	0.189	0.147	0.346*	0.429**	0.401**	0.313*	1.000

“\*”、“\*\*” 分别表示在  $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$  水平上显著相关。  
“\*” and “\*\*” represent significant correlation at  $P < 0.05$  and  $P < 0.01$  levels, respectively.

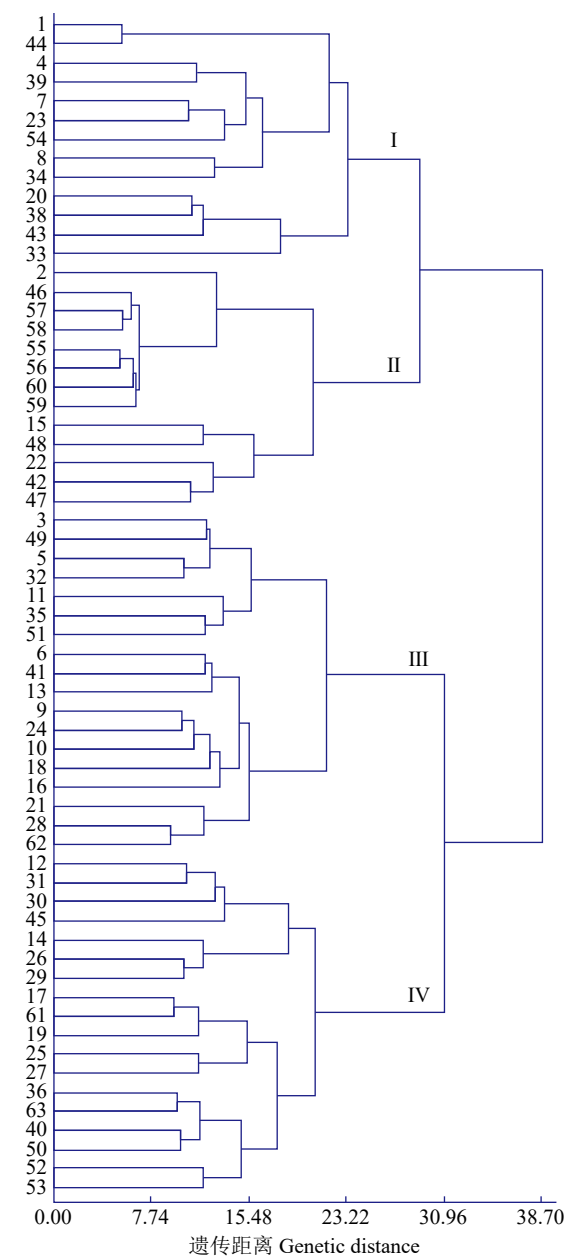


图 1 高淀粉马铃薯种质资源表型性状聚类分析  
Fig.1 Cluster analysis of phenotypic traits  
of high starch potato germplasm resources

资源分为 4 个类群，类群 I 包含来自 6 个国家和组织的 13 份资源，主要性状特点是平均株高 62.7 cm，薯形椭圆、皮色红色和紫色、肉色为乳白和白色、块茎以中大块茎为主，块茎较整齐，平均淀粉含量 19.01%、熟性多为中晚熟和晚熟。类群 II 包含来自 3 个国家和组织的 13 份资源，主要来源于国际马铃薯中心（CIP），主要性状特点是平均株高 45.3 cm，主茎数较多，薯形椭圆，皮色浅黄和乳白，表皮光滑，块茎以中小块茎为主，产量中等，平均淀粉含量为 19.15%，熟性多为中晚熟品种。类群 III 包含来自 5 个国家的 18 份资源，以我国地方品种为主，主要性状特点为平均株高 43.4 cm，主茎数较少，皮色黄、浅黄和乳白，肉色为浅黄和黄、表皮光滑，休眠期中等，块茎小，产量中等，平均淀粉含量 18.09%、晚疫病抗性多为中抗级别以上。类群 IV 包含来自 7 个国家和组织的 18 份资源，以我国自主选育的高淀粉材料为主，主要性状特点是平均株高 60.8 cm，平均茎粗为 1.08 cm，薯形为圆和扁圆，皮色黄和浅黄，肉色浅黄和白，块茎中等，休眠期长，中晚熟品种，平均淀粉含量 18.6%，晚疫病抗性多为抗病和高抗。

2.5 SSR 分子数据的遗传多样性分析

2.5.1 基于 SSR 分子数据的高淀粉马铃薯初级核心种质遗传多样性分析 利用筛选出的具有多态性的 19 对 SSR 引物对 62 份马铃薯高淀粉种质资源进行扩增，结果表明，19 对引物共扩增条带 119 条，其中 116 条具有多态性，多态性百分率为 96.72%，平均每条引物 6.11 个多态性位点，STM1053 最少，为 2 个，STM2022 和 STI034 最多，为 10 个，平均等位基因数 6.26，平均有效等位基因数 3.9931，Nei's 基因多样性指数变化范围

为 0.3735~0.8480，平均 Nei's 遗传多样性指数 1.4463（表 5）。以上结果表明，19 对引物多态性 0.7071， $H'$ 变化范围在 0.6624~2.0123，平均  $H'$ 为 较好，能较好地反映 62 份高淀粉马铃薯种质资源

表 5 分子数据遗传多样性分析  
Table 5 Genetic diversity analysis of molecular data

引物名称 Primer Name	多态性位点 Polymorphic loci	多态性位点百分率 Percentage of polymorphic loci (%)	等位 基因数 Number of alleles	有效等位基因数 Number of effective alleles	Nei's 基因 多样性指数 Nei's gene diversity Index	$H'$	引物序列 Primer sequence
STM0030	8	100	8	4.4743	0.7771	1.6527	AGAGATCGATGTAAAACACGT GTGGCATTGATGGATT
STM0037	9	100	9	5.0354	0.8013	1.7590	AATTTAACCTAGAAGATTAGTCTC ATTGGTTGGGTATGATA
STM1031	3	100	3	2.0484	0.5042	0.8364	TGTGTTTGTTTTCTGTAT AATTCTATCCTCATCTCTA
STM1049	5	100	5	3.3613	0.7034	1.3194	CTACCAGTTTGTGTATTGTGGTG AGGGACTTTAATTGTGGACG
STM1053	2	66.7	3	1.8228	0.4514	0.6840	TCTCCCCATCTTAATGTTTC TCTCCCCATCTTAATGTTTC
STM1104	6	100	6	3.8417	0.740	1.5173	TGATTCTCTGCCTACTGTAATCG CAAAGTGGTGTGAAGCTGTGA
STM2013	7	100	7	5.2743	0.8103	1.7655	TTCGGAATTACCTCTGCC AAAAAAGAACGCGCACG
STM3023a	4	100	4	2.7412	0.6352	1.1149	AAGCTGTTACTTGATTGCTGCA GTTCTGGCAITTCATCTAGAGA
STP0Ac58	3	100	3	1.5962	0.3735	0.6624	TTGATGAAAGGAATGCAGCTTGTC ACGTTAAAGAAGTGAGAGTACGAC
STI051	9	100	9	3.9370	0.7460	1.6712	GGTCTCCATTAGCCCTCTGAG ACATAAATGGATCACACA
SSR594	4	100	4	3.2981	0.6973	1.2556	TTCGTTGAAGAAGATGATGGTC CAAAGAGAACAAAGCATCCAAGA
SSR111	6	100	6	4.8780	0.7951	1.6865	TTCTTCCCTTCCATCAGTTCT TTTGCTGCTATACTGCTGACA
STM2022	10	90.9	11	6.5789	0.8480	2.0123	GCGTCAGCGATTTTCAGTACTA TTCAGTCAACTCCTGTTGCG
STM3012	4	100	4	3.1817	0.6863	1.2579	CAACTCAAACCAGAAGGCAAA GAGAAATGGGCACAAAAACA
STI034	10	100	10	4.4662	0.7764	1.9552	CAAGAAACCAAGAGCAAATTCA TGGCGAATGTGAGAAACAAA
STI033	8	100	8	5.7971	0.8280	1.8557	TGAGGGTTTTTCAGAAAGGGA CATCCTTGCAACAACCTCCT
STI027	9	100	9	4.9504	0.7984	1.7061	CGCAAATCTTCATCCGATTC TCCGGCGGATAATACTTGTT
STI025	4	80	5	3.6832	0.7291	1.3733	CTGCCGCAAAAAGTGAAAAC TGAATGTAGGCCAAATTTTGAA
STI017	5	100	5	3.7622	0.7344	1.3940	TATGGAAATTCGGGTGATGG GACGGTGACAAAGAGGAAGG
平均值 Average	6.11	96.72	6.26	3.9931	0.7071	1.4463	

的遗传多样性。

2.5.2 遗传群体亲缘关系聚类分析

在遗传距离为 0.47 处可以将 62 份高淀粉种质资源群体分为 4

类（图 2），第I类包含 17 份材料，其中包含表型性状分类中第I类资源 6 份和第IV类资源 6 份；第II类包含 18 份，其中包含表型性状分类中第III

资源 9 份、第 I 类资源 5 份和第 IV 类资源 4 份；第 III 类包含 16 份材料，其中包含表型性状分类中第 II 类资源 7 份和第 III、IV 类资源各 4 份；第 IV 类包

含 11 份材料，其中包含表型性状分类中第 IV 类资源 6 份和第 I 类和第 III 类共计 5 份。从分类结果可以看出，以 19 对多态性引物分子数据分类结果与表型数据分类没有完全吻合在一起，但从分子数据分类结果可以看出，4 类群体中除第 I 类资源比较分散外，其他 3 类中表型性状分类材料的某一类在其中的占比都接近或大于等于 50%，说明表型性状与分子数据的多态性有很强的关联度。

3 讨论

马铃薯种质资源的收集主要以国外引进和国内自主创新为主，国外引进资源遗传背景模糊，国内自主创新资源由于育种目标的限制，造成遗传基础狭窄，遗传丰富度不高，因此对马铃薯种质资源的遗传背景分析至关重要。分析马铃薯种质资源的遗传背景主要以分析遗传多样性为主，在分析物种的遗传多样性时，普遍以表型数据为研究基础<sup>[18]</sup>。随着生物技术的不断进步，在分子水平上分析物种的遗传多样性成为可能，在分子水平上研究马铃薯遗传多样性经历了 RAPD、AFLP、ISSR 和 SSR 标记的过程<sup>[19-22]</sup>。

表型性状分析可以揭示不同马铃薯材料间的形态差异，对品种（系）的分类有一定的参考价值，在实际育种工作中，可根据育种目标进行针对性的选择和改良<sup>[23]</sup>。本文通过 47 个表型性状的分布频率上看，性状主要集中在薯形圆、椭圆或扁圆，肉色乳白、浅黄或黄，块茎大小中等，生育期 100 d 以上，产量 3000 kg/hm<sup>2</sup> 左右，淀粉含量 17%~18.5%，整体遗传丰富度不高。通过表型数据聚类分析可以将材料分为 4 类，在第 I 类中典型性状是皮色为红色到紫色的种质资源材料，第 II 类以来自 CIP 和国外的材料为主，第 III 类以我国的地方品种和遗传材料为主，第 IV 类以我国育成的晚熟品种为主，聚类结果从材料特征和类型上对试验材料可以很好地区分。数量性状相关分析表明，淀粉含量与干物质含量呈极显著正相关，与生育期呈显著正相关，生育期与产量呈显著正相关，但淀粉含量与产量呈负相关。在今后应更好地结合性状相关关系选择马铃薯高淀粉育种亲本和后代材料。

在分子数据的多样性分析中，19 对多态性引

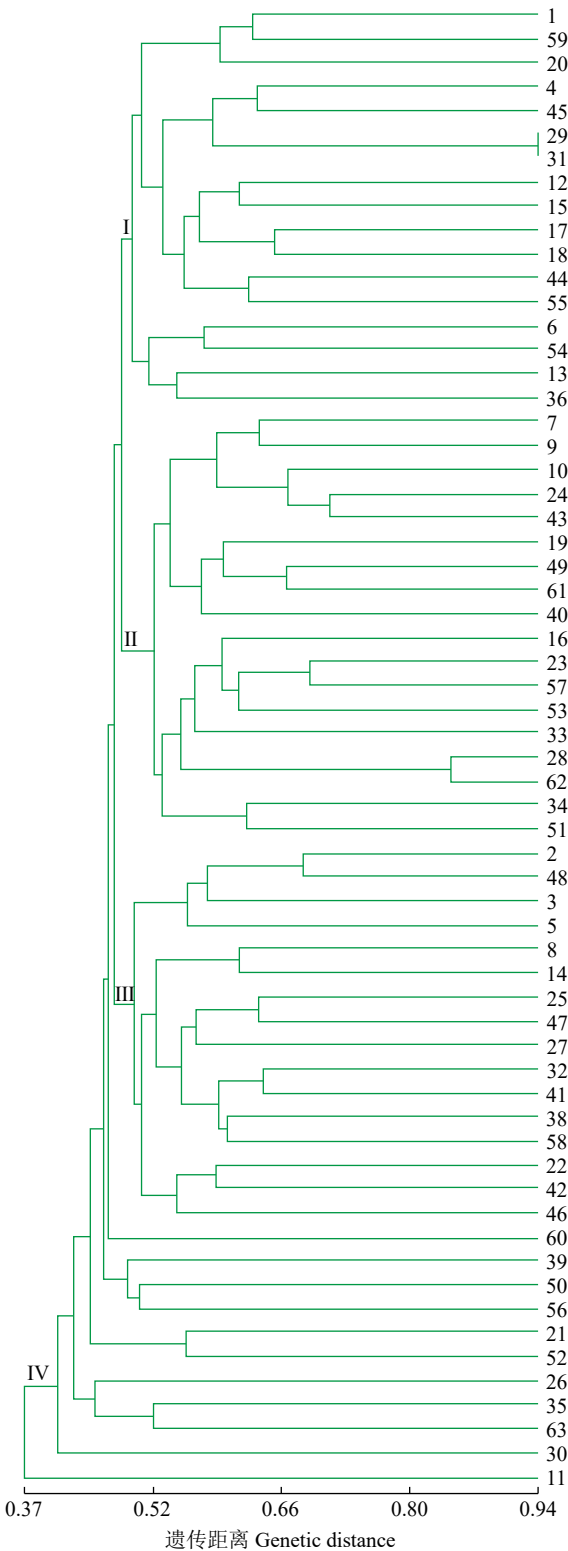


图 2 高淀粉马铃薯种质资源分子数据聚类分析  
Fig.2 Clustering analysis of high starch potato germplasm resources based on molecular data

物共扩增出 116 个多态性位点, 平均有效等位基因数为 3.9931, 平均 Nei's 基因多样性指数 0.7071,  $H'$  为 1.4463, 通过分子数据聚类分析结果发现, 分子与表型数据的分类结果并没有完全吻合, 这一结果可能与引物数量不够和在染色体上的分布均匀度有关, 分子数据的遗传多样性分析更能体现材料间的亲缘关系<sup>[24-28]</sup>。

由于马铃薯种质资源的来源多元化, 本文的材料选择中只体现了种质资源的来源地, 并没有全部材料的亲缘关系图, 通过表型数据的聚类分析, 只能从性状表现上看出材料的遗传相似性, 并不能直接反映材料间的亲缘关系, 通过与分子数据的结合, 更准确地分析出了材料间的亲缘关系。张晓煜等<sup>[29]</sup>对 176 份马铃薯资源基于表型和 SSR 分子标记数据的遗传多样性分析结果表明, 表型性状的差异只能在一定程度上反映基因水平的差异, 但不能从本质上反映马铃薯的遗传差异。因此, 以分子数据与表型性状相结合分析马铃薯种质资源遗传多样性, 能够更全面地了解 62 份高淀粉马铃薯初级核心种质资源的遗传丰富度和亲缘关系, 为高淀粉育种材料选择提供数据支撑。

## 4 结论

本文对 62 份高淀粉马铃薯初级核心种质的遗传多样性进行分析, 结果表明数量性状遗传多样性普遍高于质量性状的遗传多样性, 变异较多; 62 份马铃薯性状主要表现为薯形圆、椭圆和扁圆, 肉色乳白、浅黄和黄, 块茎大小中等, 生育期 100 d 以上, 产量 3000 kg/hm<sup>2</sup> 左右, 淀粉含量在 17%~18.5% 之间, 整体遗传丰富度不高。通过表型数据和分子数据分别将 62 份高淀粉马铃薯初级核心种质分为 4 大类群, 材料间遗传多样性和亲缘关系具有较高的一致性。

### 参考文献

- [1] 刘喜才, 张丽娟. 马铃薯种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [2] 金黎平, 屈冬玉, 谢开云, 等. 我国马铃薯种质资源和育种技术研究进展. 种子, 2003(5): 99-101.
- [3] 徐敏. 中国马铃薯审定品种系谱分析及遗传多样性研究. 北京: 中国农业科学院, 2007.
- [4] 徐建飞, 金黎平. 2006-2020 年中国审定(登记)马铃薯新品种分析. 哈尔滨: 黑龙江科学技术出版社, 2022.
- [5] 金兴红, 于卓, 张霞. 马铃薯淀粉含量相关 SSR 分子标记的开发及候选基因的初步确定. 分子植物育种, 2023, 21(8): 2671-2676.
- [6] 张明飞. 四倍体马铃薯高密度分子遗传连锁图谱构建及淀粉含量等重要性状的 QTL 定位, 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2020.
- [7] 李建武. 马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 块茎淀粉含量及植株熟性性状的 QTL 定位与遗传分析. 武汉: 华中农业大学, 2019.
- [8] 李佳奇, 于卓, 张胜. 四倍体马铃薯淀粉含量性状相关 SSR 标记的开发与验证. 农业生物技术学报, 2021, 29(8): 1630-1639.
- [9] 韩志刚. 马铃薯种质主要农艺性状及淀粉含量的全基因组关联分析. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2022.
- [10] 李赢, 刘海翠, 石晓旭, 等. 398 份裸大麦种质资源表型性状遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2023, 24(5): 1311-1320.
- [11] 吴昊, 苏万龙, 石美娟, 等. 枣种质果实性状多样性分析与综合评价. 植物遗传资源学报, 2022, 23(6): 1613-1625.
- [12] 韩志刚, 谢锐, 金晓蕾. 基于表型性状的马铃薯种质资源遗传多样性分析. 北方农业学报, 2021, 49(5): 9-17.
- [13] 王楠, 慕芳, 金子航, 等. 基于 SSR 标记的不同粒色大麦品种(系)的遗传差异分析. 云南农业大学学报(自然科学), 2023, 38(5): 739-745.
- [14] 穆小婷, 廖侦成, 凌彩金, 等. 基于 SSR 标记的 55 份清远野生茶树种质资源遗传多样性和亲缘关系分析. 中国茶叶, 2023, 45(2): 36-43.
- [15] 王月影, 范保杰, 曹志敏, 等. 利用 EST-SSR 标记分析绿豆地方品种及育成品种的遗传多样性. 作物杂志, 2024(1): 1-9.
- [16] 孙邦升. 高淀粉马铃薯核心种质的构建与验证. 北京: 中国农业科学院, 2013.
- [17] 全成哲, 李淑芳, 李鹤南, 等. 吉林省 73 份审定水稻品种的表型性状遗传多样性研究. 作物杂志, 2024(3): 64-75.
- [18] 段绍光. 马铃薯种质资源遗传多样性评价和重要性状的遗传分析. 北京: 中国农业科学院, 2023.
- [19] 李芳弟. 马铃薯种质资源遗传多样性的 AFLP 分析. 西宁: 青海大学, 2010.
- [20] 邸宏, 金黎平, 陈伊里. 马铃薯新型栽培种资源遗传多样性的 RAPD 分析. 园艺学报, 2004, 31(3): 384-386.
- [21] 邸宏, 陈伊里, 金黎平. RAPD 和 AFLP 标记分析中国马铃薯主要品种的遗传多样性. 作物学报, 2006, 32(6): 899-904.
- [22] 李建武, 李颢德, 文国宏. 甘肃省主栽马铃薯品种遗传多样性的 AFLP 与 SSR 分子标记分析. 甘肃农业科技, 2016(7): 1-6.
- [23] 杨春, 齐海英. 马铃薯种质资源表型性状的遗传多样性分析. 农学学报, 2019, 10(1): 13-21.
- [24] 时启冬. 东北地区部分马铃薯品种遗传多样性的 SSR 分析. 中国农学通报, 2014, 30(21): 240-245.
- [25] 石景, 宋波涛, 金开建. SSR 标记的彩色马铃薯遗传多样性分析及指纹图谱构建. 农业生物技术学报, 2012, 20(4): 362-371.
- [26] 李积升. 马铃薯品种资源遗传多样性的 SSR 分析. 青海农技推广, 2022(2): 59-64.
- [27] Wu W Q, Chen C, Zhang Q, et al. A comparative assessment of diversity of greater yam (*Dioscorea alata*) in China. Scientia Horticulturae, 2019, 243: 116-124.
- [28] Padhan B, Mukherjee A K, Mohanty S K, et al. Genetic variability and inter species relationship between wild and cultivated yams (*Dioscorea* spp.) from Koraput, India based on molecular and morphological markers. Physiology and Molecular Biology of Plants, 2019, 25(5): 1225-1233.
- [29] 张晓煜, 王仕鹏, 曹昆山, 等. 基于表型性状与 SSR 标记的马铃薯种质资源遗传多样性研究. 西北农业学报, 2024, 33(8): 1-12.



## Genetic Diversity Analysis of High Starch Potato Primary Core Germplasm Resources

Sun Bangsheng, Song Jiling, Yang Mengping, Xing Jinyue,  
Hu Zunyan, Hao Zhiyong, Li Jinghua, Liu Chunsheng

(Keshan Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161005, Heilongjiang, China)

**Abstract** A total of 62 high-starch potato primary core germplasm resources from 13 countries and organizations was used as experimental materials to analyze the genetic diversity of the high-starch potato primary core germplasms using 54 phenotypic trait data and SSR molecular data of 19 pairs of polymorphic primers. The results showed that the 62 primary core germplasm resources contained most of descriptors of the 54 phenotypic traits of the potato description specification, only eight traits did not contain whole descriptors, and the missing descriptors are mostly the types of lacking and scarce resources in China's resource pool. Diversity index for the 47 quality traits ranged from 0.0633 to 1.3043, and the average diversity index was 0.8197. Diversity indexes of the seven quantitative traits were between 1.0701 and 1.3152, and the average genetic diversity index was 1.1630. The genetic diversity of quantitative traits was generally higher than that of quality traits, with more variation, which was conducive to the selection of germplasm resources in practical application. By performing the correlation analysis of the seven quantitative traits, the correlation between the starch content and other quantitative traits were clarified. The 19 pairs of primers amplified 116 polymorphic bands, and the percentage of polymorphism was 96.72%. On average, each pair of primers amplified 6.26 bands, with an average of 6.26 alleles and 3.9931 effective alleles. Nei's gene diversity index varied from 0.3735 to 0.8480, and the Shannon-Wiener diversity index varied from 0.6624 to 2.0123. Cluster analysis was conducted using 54 phenotypic data and 19 pairs of polymorphic primer SSR molecular data, both of which were able to classify 62 high-starch potato primary core germplasms into four groups. The classification results based on the two data have an overlap degree of about 50%, reflecting the genetic diversity and genetic relationship of 62 germplasm resources at the two levels of phenotype and gene.

**Key words** Potato; Core germplasm; Genetic diversity; Molecular data