

# 凉山州马铃薯栽培品种的遗传多样性分析

李佩华<sup>1</sup>, 余水洋<sup>2,3</sup>, 蔡光泽<sup>1</sup>, 龙海<sup>3</sup>, 邓光兵<sup>3</sup>, 夏明忠<sup>1</sup>, 余懋群<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>西昌学院, 西昌 615013; <sup>2</sup>中国科学院大学, 北京 100049; <sup>3</sup>中国科学院成都生物研究所, 成都 610000)

**摘要:** 利用 SSR 分子标记技术对栽培的 60 份马铃薯品种进行了遗传多样性分析, 包括凉山州地方品种、自育品种和各地育成品种, 筛选出 16 对有效 SSR 引物。采用筛选的 16 对引物在供试材料中共检测到 65 个位点, 其中多态性位点 42 个, 占总扩增位点的 64.62%, 平均 PIC 值为 0.4717。通过 NTSYSpc 2.0 对所有材料间的遗传距离进行计算, 平均遗传距离在 2.43 ~ 3.96 cM 之间。使用 MEGA4 分析软件将供试材料分成 3 大类, 2 个凉山州地方品种在聚类图中最先被分离出来。利用 PoPGEN 将凉山州地方种和其余材料分成了 2 类。试验结果表明部分凉山州地方种与试验中其他品种的遗传基础差异较大, 是较好的资源材料。该研究为凉山州地方马铃薯品种在今后育种中的应用提供了部分参考依据。

**关键词:** 凉山州; 马铃薯; SSR; 遗传多样性

## Analysis of Genetic Diversity on Liangshan Cultivated Potatoes

LI Pei-hua<sup>1</sup>, YU Shui-yang<sup>2,3</sup>, CAI Guang-ze<sup>1</sup>, LONG Hai<sup>3</sup>, DENG Guang-bing<sup>3</sup>,  
XIA Ming-zhong<sup>1</sup>, YU Mao-qun<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>Xichang College, Xichang 615013; <sup>2</sup>University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049;  
<sup>3</sup>Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610000)

**Abstract:** The genetic diversity of 60 cultivated potatoes which contained Liangshan landraces, varieties bred by xichang college, and varieties bred by other places were analyzed by SSR molecular marker technology. We had screened out 16 effective SSR primers and found 65 loci employing those markers in the test materials. There were 42 polymorphic loci which accounted for 64.62%. The average value of PIC was 0.4717. The genetic distances among all materials were between 2.43 to 3.96 which had been calculated by NTSYSpc 2.0. The test materials had been divided into 3 categories by MEGA4 software and two Liangshan landraces was first separated out in the dendrogram. The Liangshan landraces and other accessions were classified into two groups by PoPGEN software. Those results indicated definite difference between several Liangshan landraces and other materials in the genetic basis and suggested that several Liangshan landraces were useful resources for breeding. This study provided partial references for application of Liangshan landraces in the further potatoes breeding.

**Key words:** Liangshan; potato; SSR; genetic diversity

马铃薯 (*Solanum tuberosum* L.) 为茄科茄属马铃薯组基上节亚组植物, 又名洋芋、土豆、山药蛋等, 普通马铃薯栽培种为四倍体。马铃薯是继水稻、玉米和小麦后的第 4 大世界性粮食作物<sup>[1-3]</sup>。

马铃薯栽培种主要起源于秘鲁和玻利维亚交界处的 Titicaca 湖盆地中心地区, 在马铃薯的原产地南美洲分布着许多马铃薯种, 从 40°S 以北到赤道以南, 从海平面到高达 4000 m 以上的安第斯山都有种

收稿日期: 2013-05-06 修回日期: 2013-06-03 网络出版日期: 2013-10-22

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20131022.1537.007.html>

基金项目: 四川省科技厅“十二五”攻关项目(2011NZ0098-4); 四川省教育厅“十二五”育种专项(11LD002)

第一作者主要从事马铃薯育种、栽培、良繁的研究。E-mail: Lipeihua\_2004@sina.com; 余水洋为共同第一作者。E-mail: yusy@cib.ac.cn

通信作者: 夏明忠, 研究方向为攀西特色粮经作物。E-mail: XCC.XMZ@126.com

余懋群, 研究方向为麦类作物遗传育种。E-mail: yumq@cib.ac.cn

植<sup>[3]</sup>。马铃薯在世界各地广泛种植约有 400 多年的历史,明朝万历年间引入中国,凉山州种植马铃薯已有 100 余年历史<sup>[2-3]</sup>。凉山州因其得天独厚的自然环境,被誉为全国最佳马铃薯种植区域之一,孕育出许多凉山州特异的马铃薯品种资源,对这些资源的深入挖掘利用,不仅能扩大马铃薯育种的遗传背景,起到保护物种遗传多样性的作用,同时也是发展凉山州特色马铃薯产业的基础。

遗传多样性研究是作物种质资源保护和开发利用的基础,同时对作物育种具有重要的指导作用。物种遗传多样性的研究通常基于遗传标记的多态性。遗传标记包括形态学标记、细胞学标记、生物化学标记、免疫学标记和分子标记 5 种类型。SSR 分子标记技术因其多态性好、结果稳定、操作简单、经济可靠等优点被广泛用于物种遗传多样性的

研究<sup>[4]</sup>。近几年,国内学者利用 SSR 分子标记技术对马铃薯育成品种和地方品种的遗传多样性研究和指纹图谱的建立开展了大量的工作<sup>[5-10]</sup>,但利用该技术对凉山州地方马铃薯品种的遗传多样性研究还未见报道,本研究利用 SSR 分子标记技术对凉山州地方品种、自育品种和国内外的部分育成品种进行遗传多样性对比分析,以期为进一步开发利用凉山州地方品种的育种实践提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

试验材料为凉山州地方品种、自育品种<sup>[11-12]</sup>和国内外育成品种共计 60 份,详见表 1。

表 1 供试材料及来源

Table 1 The test materials and its place of origin

编号 Code	材料名称 Accession name	来源 Origin	编号 Code	材料名称 Accession name	来源 Origin
1	B2-2-1	云薯 2 号辐射诱变	31	AS135	云南
2	B4-4-2	云薯 2 号辐射诱变	32	HB0389-18	云南
3	D18	国际马铃薯中心(CIP)	33	PH-19	云南
4	F-5-6	国际马铃薯中心(CIP)	34	YS03-1263	云南
5	合作 23	CIP、云南会泽	35	YS03-2685	云南
6	KX-5	成都市农林科学院	36	丽薯 7 号	云南
7	Mira 米拉	德国	37	S033349	云南
8	Z85	凉山州地方种	38	丽薯 6 号	云南
9	L85	凉山州地方种	39	L18-04-2	自育
10	地方种	凉山州地方种	40	L18-2	自育
11	牛角洋芋	凉山州地方种	41	L18-3	自育
12	乌洋芋	凉山州地方种	42	Lx2-2	自育
13	内蒙古洋芋	凉山州地方种	43	29-1	自育
14	越西	凉山州地方种	44	LX10-11	自育
15	川 LS06-56	凉山州地方种	45	266	自育
16	凉薯 97	凉山州地方种	46	278	自育
17	陇薯 3 号	甘肃省	47	307	自育
18	新大坪	甘肃省	48	804	自育
19	威芋 3 号	贵州	49	05-1-2	自育
20	Serrena	国际马铃薯中心(CIP)	50	05-06-1	自育
21	坝薯 10 号	河北	51	0905N36-1	自育
22	克新 1 号	黑龙江	52	21-2	自育
23	紫花白	黑龙江	53	N74	自育
24	鄂薯 5 号	湖北	54	S24-08-1	自育
25	青薯 9 号	青海省农科院	55	S24-08-3	自育
26	康 0102-2	陕西	56	国西-1	自育
27	康 0102-5	陕西	57	南无 08-1	自育
28	川芋 56	四川省农科院	58	云会 10-08	自育
29	川凉薯 10 号	凉山州西昌农科所	59	08HB	自育
30	320	自育	60	09-07P10-5	自育

## 1.2 试验方法

**1.2.1 DNA 的提取** 试验材料基因组 DNA 的提取参考 S. Rogers 等<sup>[13]</sup>于 1985 年提出的 CTAB 法并有所修改。DNA 提取完后,加入无菌水溶解使其浓度为 20 ~ 100 ng/ $\mu$ L,放入 4  $^{\circ}$ C 保存。

表 2 试验中所用引物

Table 2 Primers used in the study

引物名称 Primer name	染色体定位 Chromosome location	退火温度( $^{\circ}$ C) Annealing temperature	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer
Sti062	1 号短臂	55	GGGTCAAGCTCCATACG	ACTAAAACCACAACCCATGAGC
Sti009	1 号长臂	55	GCGAAAACCTTGAAGCAACT	CTGCTGTTGCTGTTGATGGT
Sti052	2 号短臂	55	TCATCACAAACGTGACCCCA	GGGCTTGAATGATGTGAAGCTC
Sti056	2 号长臂	55	GACAGAGAATATGGGACCACCA	GCAGCACCTAAATGGCTGAC
STM1053	3 号短臂	55	TCTCCCATCTTAATGTTTC	CAACACAGCATSCAGATCATC
Sti060	3 号长臂	55	ACTTCTGCATCTGGTGAAGC	GGTCTGGATTCCCAGGTTG
Sti055	4 号短臂	55	CCGTTGATGGGATTGCACA	TGATATTAACCATGGCAGCAGC
Sti001	4 号长臂	55	CAGCAAATCAGAACCCGAT	GGATCATCAAATTCACCGCT
Sti058	5 号短臂	55	CAAGCACGTTACAACAAGCAA	TTGAAGCATCACATACACAAACA
STM1031	5 号长臂	55	TGTGTTTGTCTTCTGTAT	AATTCTATCCTCATCTCTA
Sti011	6 号短臂	55	TGGTGTGCACAACTTAAGAGG	GAGGAGATCACAAATTCCTTTGA
Sti041	6 号长臂	55	CTCTGTTTCTCTAATCGGCCGTA	AAGCGTTGGCCACCGCCA
STM2013	7 号短臂	55	TTCGGAATTACCCTCTGCC	AAAAAAGAACGCGCACG
Sti040	7 号长臂	55	TCTTTCCCTTTTTATGCTCACTG	GGGATTGGGTTTGAAGTAGTTG
STM1016	8 号短臂	53	TTCTGATTTATGCATGTTTCC	ATGCTTGCCATGTGATGTGT
Sti003	8 号长臂	55	ACCATCCACCATGTCAATGC	CTCATGGATGCTGTCAATTGG
Sti002	9 号短臂	55	ACAGGAATCACACCTGCACA	TTCAACATCCGCTGTGCATA
Sti014	9 号长臂	55	AGAAACTGAGTTGTGTTGGGA	TCAACAGTCTCAGAAAACCCCTCT
STM2012	10 号短臂	60	GCGGCCGCTTCTCAGCCAA	TTCGGAATTACCCTCTGCC
Sti023	10 号长臂	55	GCGAATGACAGGACAAGAGG	TGCCACTGCTACCATAACCA
Sti028	11 号短臂	60	ATACCCTCCAATGGGTCTT	CTTGAGATTGCAAGAAGAA
Sti018	11 号长臂	55	CCACTACTGCTTCTCCACC	GCAGCAACAACAAGCTCAAC
Sti051	12 号短臂	55	GGTCTCCATTAGCCCTCTGAG	ACATAAATGGATCACACA
Sti007	12 号长臂	55	TATGTTCACGCCATTCAG	ACGGAAACTCATCGTGCATT

**1.2.3 PCR 扩增** PCR 体系含 DNA 1  $\mu$ L (20 ~ 100 ng)、10  $\times$  Buffer 2.5  $\mu$ L (50 mmol KCl; 10 mmol Tris-HCl, 1.5 mm MgCl<sub>2</sub>, pH 8.3)、上下游引物各 1  $\mu$ L (10  $\mu$ mol)、0.75 U *Taq* DNA 聚合酶,以 ddH<sub>2</sub>O 调整至 25  $\mu$ L。PCR 反应程序为 94  $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 94  $^{\circ}$ C 变性 30 s, 55 ~ 60  $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72  $^{\circ}$ C 复性 30 s, 30 个循环; 72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min; 4  $^{\circ}$ C 保存。PCR 产物使用 10% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,参考 M. H. Tixter 等<sup>[16]</sup>方法进行银染显色,并观察和结果统计。

**1.2.4 数据分析** 根据电泳图结果依次统计电泳条带,同一位点上有带计为 1,无带计为 0。计算不同引物的多态性信息指数 (*PIC*, polymorphism infor-

**1.2.2 SSR 引物的选择** 根据 S. Feingold 等<sup>[14]</sup>和 D. Milbourne 等<sup>[15]</sup>公布的马铃薯 SSR 引物,选择每条染色体上长短臂引物各 1 对(表 2)。序列由上海英骏生物技术有限公司合成。

mation content); 利用 NTSYSpc 2.2<sup>[17]</sup>和 MEGA4<sup>[18]</sup>数据分析软件分别进行遗传距离计算和聚类图的绘制;利用 POPGEN 1.32<sup>[19]</sup>计算凉山州地方品种、自育品种和其他各地育成品种的有效等位基因数 (*N<sub>e</sub>*), Shannon 信息指数 (*I*), Nei's 基因多样性 (*H*)。

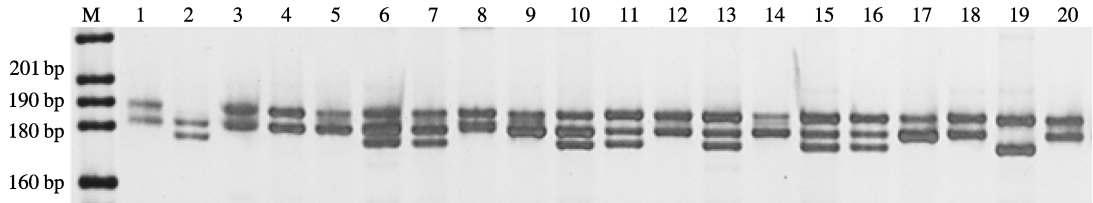
## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 引物的多态性分析

对初步选用的 24 对引物筛选后发现,16 对引物能在所有材料中扩增出清晰的条带,并具有多态性(图 1)。利用上述 16 对 SSR 引物对 60 份材料进行 PCR 扩增后,共检测到 65 个位点(表 3),其中多

态性位点 42 个, 占总扩增位点的 64.62%, 每对引物检测到 2~7 个位点, 平均 4 个, 片段大小介于 100~308 bp 之间。根据 D. Bostsein 等<sup>[20]</sup> 首先提出的衡量基因变异程度高低的 多态性信息含量 ( $PIC$ ),  $PIC > 0.5$ , 为高度多态性位点;  $0.25 \leq PIC \leq 0.5$ , 为中度多态性位点;  $PIC < 0.25$ , 为低度多态性位点。 $PIC$  可以反映某个引物的多态性水平和该引

物区分群体的能力。本试验中 16 对 SSR 引物的平均  $PIC$  值为 0.4717, 最小为 0.2791 (表 3)。其中 9 对引物的  $PIC$  值超过 0.5, 属于高度多态性位点, 其余 7 对引物属于中度多态性位点。说明所选用的 16 对 SSR 引物标记具有较高的多态性, 检测效率高, 能够较真实地反应出整个供试材料的遗传多样性。



M: DNA marker pBR322; 1: F-5-6; 2: Z85; 3: DF; 4: L85; 5: 乌洋芋; 6: 陇薯 3 号; 7: 新大坪; 8: 威芋 3 号; 9: Serrena; 10: 坝薯 10 号; 11: 紫花白; 12: 克新 1 号; 13: 鄂薯 5 号; 14: 内蒙古洋芋; 15: 越西; 16: 凉薯 97; 17: 川 LS06-56; 18: 青薯 9 号; 19: 康 0102-2; 20: 康 0102-5  
M:DNA marker pBR322, 1:F-5-6, 2:Z85, 3:DF, 4:L85, 5:Wuyangyu, 6:Longshu No.3, 7:Xindaping, 8:Weiyu No.3, 9:Serrena, 10:Bashu No.10, 11:Zibaihua, 12:Kexin No.1, 13:Eshu No.5, 14:Neimengguyangyu, 15:Yuexi, 16:Liangshu97, 17:ChuanL-S06-56, 18:Qingshu No.9, 19:Kang0102-2, 20:Kang0102-5

图 1 引物 StI018 扩增部分材料结果

Fig. 1 Partly PCR results of the primer StI018

表 3 16 对 SSR 引物 PCR 扩增结果与  $PIC$  统计

Table 3 The PCR amplification and  $PIC$  Statistics result of 16 pairs of SSR primers

引物 Primer	总位点数 No. of locus	多态性位点数 No. of polymorphic locus	片段大小 (bp) Products size	$PIC$
StI009	4	3	250~280	0.5837
StI052	3	3	162~180	0.5917
StI056	7	2	180~240	0.3285
StI060	3	2	170~190	0.5451
StI055	7	3	225~310	0.5700
StI001	6	3	190~308	0.5534
StI041	2	2	130~147	0.3748
STM2013	4	3	147~170	0.5803
StI040	2	2	190~200	0.2791
STM1016	4	4	242~260	0.6366
StI003	6	2	100~180	0.3615
StI014	3	3	125~130	0.5115
StI023	4	2	155~200	0.3047
StI028	3	2	190~190	0.3148
StI018	3	3	178~200	0.5459
StI051	4	3	160~195	0.4654

## 2.2 遗传距离和聚类分析

通过 NTSYSpc 2.0 对所有材料两两间的遗传距离计算, 发现所有材料间的平均遗传距离在 2.43~3.96 cM 之间, 凉山州地方种乌洋芋 (编号 12) 与试验中其他材料的平均遗传距离最大 (表 4), 处于第 2 位的为凉山州地方种牛角洋芋 (编号 11), 平均遗传距离为 3.87。其他品种与凉山州地方种存在最大遗传距离的材料中, 凉山州地方种牛角洋芋出现了 7 次; 同时所有品种与自育品种间存在最大遗传距离的材料中, 自育品种 09-07P10-5 (编号 60) 出现 9 次, 频率最高, L18-3 (编号 41) 出现的频率居于第 2 位。以上说明, 凉山州地方种乌洋芋<sup>[2]</sup>、牛角洋芋和自育品种 09-07P10-5、L18-3, 与供试材料的遗传距离较远, 遗传基础差异较大, 并且牛角洋芋薯块呈现牛角形、薯肉维管束组织呈红心, 乌洋芋薯肉维管束组织呈现紫环, 自育品种 09-07P10-5 和 L18-3 均抗晚疫病。这些都是马铃薯育种中的优质资源, 值得在今后的育种中着重运用。

采用 MEGA4 分析软件中的非加权组平均法 (UPGMA, unweighted pair-group method with arithmetic means) 进行聚类分析。从图 2 中可知, 供试材料在遗传相似系数为 0.642 处被分成了 3 个分支, 分别命名为 A、B 和 C。A 分支在聚类图中首先被分离出来, 说明这些材料与试验中其他品种的遗传差异最大, 包含 B2-2-1 (编号 1)、凉山州地方种牛角洋芋

和乌洋芋 3 个材料,这与用 NTSYS 软件计算遗传距离后得出的结果一致。B 分支中只含自育品种和其他各地育成的品种,并且自育品种占大部分,说明这部分自育品种与其他各地育成品种的遗传差异较大。在聚类图中与米拉(编号 7)邻近的材料基本上来源于云、贵、川等地区的育成品种和凉山州地方

种,这是由于米拉引进我国后,特别是在上述地区,与地方品种做过很多杂交,所以现在的育成品种中仍有米拉的血缘,因此遗传关系较近。而凉山州位于四川,在地理位置上与上述等地毗邻,资源收集方便,因此在上述地方育成的品种中很可能含有图中 4 个凉山州地方种的血缘。

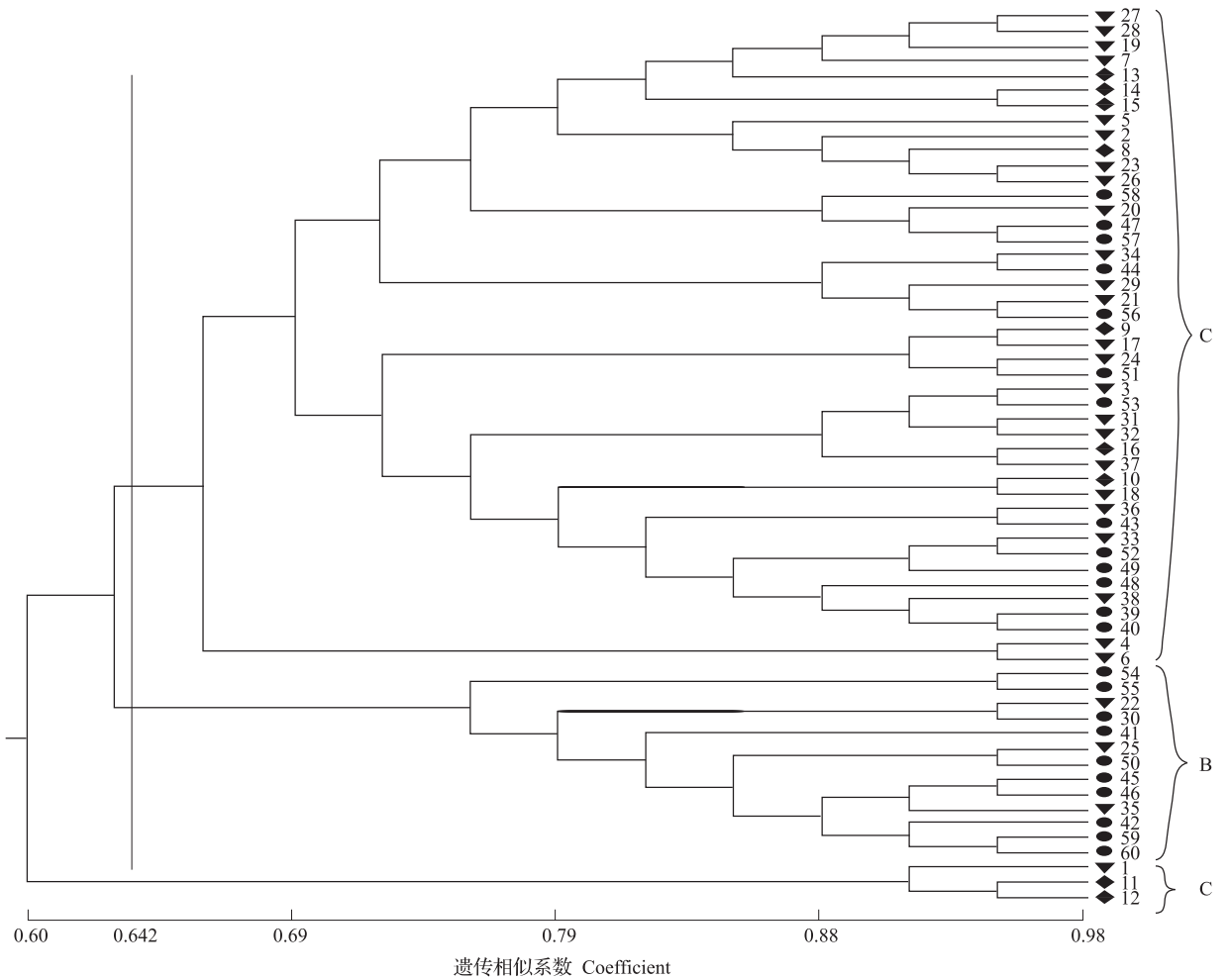
表 4 供试材料间遗传距离统计

Table 4 Statistics of the genetic distance among the accessions

材料编号 Accession code	最大遗传距离 Maximum genetic distance	平均遗传距离 Average genetic distance	材料编号 Accession code	最大遗传距离 Maximum genetic distance	平均遗传距离 Average genetic distance
1	5.85(18)*	3.79	31	6.13(30)	3.41
2	9.51(5)	2.96	32	6.87(34)	3.40
3	9.16(53)	3.09	33	9.51(52)	2.88
4	5.38(11)	3.41	34	6.87(32)	3.52
5	9.51(2)	3.02	35	4.84(58)	2.90
6	4.66(41)	2.99	36	5.38(12)	2.71
7	5.39(19)	2.97	37	4.61(11)	3.07
8	5.59(2)	2.64	38	5.06(1)	2.66
9	4.41(55)	2.84	39	4.43(46)	2.73
10	4.79(50)	2.92	40	5.10(60)	2.83
11	6.31(60)	3.87	41	6.28(11)	3.78
12	5.90(34)	3.96	42	4.04(60)	2.66
13	5.03(12)	2.85	43	4.45(30)	2.87
14	4.20(41)	2.72	44	5.47(31)	3.19
15	4.18(11)	2.60	45	4.41(58)	2.63
16	9.04(28)	2.62	46	5.59(52)	3.27
17	5.68(60)	3.20	47	5.21(41)	2.83
18	5.85(1)	3.21	48	5.17(11)	2.82
19	5.39(7)	2.71	49	5.04(1)	2.95
20	4.82(30)	2.88	50	5.04(48)	3.37
21	5.99(60)	3.40	51	5.91(30)	3.57
22	5.10(31)	3.27	52	9.51(33)	3.00
23	4.56(41)	2.61	53	9.16(3)	2.73
24	4.45(30)	2.89	54	4.43(11)	3.00
25	4.22(60)	2.97	55	5.76(11)	3.62
26	4.39(41)	2.55	56	5.68(60)	2.90
27	4.35(51)	2.46	57	4.04(60)	2.43
28	9.04(16)	3.04	58	5.54(41)	3.56
29	5.10(60)	2.89	59	4.56(34)	2.75
30	6.13(31)	3.85	60	6.31(11)	3.84

\*:括号内数据表示与左边材料存在最大遗传距离的材料编号。下同

\*:Figure in the bracket indicates the material accession code which has the maximum genetic distance with the left material. The same as below



●: 自育品种; ◆: 凉山州地方种; ▼: 各地育成品种;

图中阿拉伯数字表示的材料编号与表1中编号一致

●: Varieties bred by xichang college, ◆: Liangshan landraces, ▼: Varieties bred by other places  
Material number represents with arabic numerals in the map are the same with the table one

图2 基于UPGMA的供试材料聚类图

Fig. 2 The UPGMA dendrogram based on the tested accessions

### 2.3 遗传多样性分析

利用POPGEN计算后,从表5中可知,其他地方育成品种的有效等位点、 $N_e$ 基因多样性指数和Shannon多样性指数均最高( $N_e = 1.6142$ ,  $H = 0.3571$ ,  $I = 0.5840$ ),凉山州地方种上述3个方面的数据均处于最低状态。说明供试材料的3个群体间的遗传多样性较丰富,其他地方育成的品种涉及全国各地甚至国外其遗传多样性必然最丰富,然而凉山州地方品种由于地域限制没有外来种的杂交,多样性必然较其他2个类群低。POPGEN分析得到3个类群的聚类图(图略),凉山州地方种首先从聚类图中分离出来,由此可知凉山州地方种与其他2个类群存在较大的遗传差异。

表5 供试材料遗传多样性

Table 5 Genetic diversity of the tested accessions

分类群 Taxon	$N_e$	$H$	$I$
凉山州地方种	1.5416	0.3118	0.4594
其他各地育成品种	1.6142	0.3571	0.5840
自育品种	1.5803	0.3402	0.5061

## 3 讨论

### 3.1 SSR标记分析马铃薯遗传多样性的有效性

SSR分子标记技术作为一种分子生物学的常规试验方法,已经被广泛运用于小麦<sup>[21]</sup>、玉米<sup>[22]</sup>、水稻<sup>[23]</sup>、高粱<sup>[24]</sup>等农作物的基础育种研究中,使得传

统育种在资源选择和品种鉴定中的劣势得以弥补,让现在的育种过程变得更加有效、可靠和经济。本研究利用 SSR 分子标记技术对凉山州地方马铃薯品种、自育品种和各地的育成品种的遗传多样性进行了初步分析,所选用的 SSR 分子标记对马铃薯的扩增具有较高的效率, PIC 指数较高,多态性较好,能如实反映出试验材料的基本信息,这为后续的数据分析打下了坚实的基础。从后面的遗传距离和聚类图的分析结果来看,也证明了本研究中利用 SSR 技术获得的试验数据在进行遗传多样性分析中是真实、可靠和有效的。再次说明 SSR 分子标记技术是马铃薯品种鉴定和分子标记辅助育种中的有力工具。

### 3.2 供试材料的遗传多样性

通过 NTSYSY、MEGA 和 POPGEN 软件对试验获得的数据进行统计分析后发现,存在多方面的共性。材料来源、遗传距离和遗传背景差异较大的首先在聚类图中被分离出来,如材料 1、11 和 12。来源相同或相同育种单位的育成材料,往往遗传差异较小,距离较近,在聚类图中也常常聚类在一起,如在聚类图的 B 分支中,大部分为自育品种;C 分支中的 31、32、33、36、37、38 这些材料都来自于云南也被聚类在一个小分支中。当然也有不同来源的材料被聚类在一起,如材料 21、29、34、44、56 等,这很可能是不同育种单位间相互引种,使得在这些品种中存在共同的血缘。

从试验结果总体来看,凉山州地方种与试验中其他品种的遗传差异较大,自育品种与其他地方育成品种也存在较大差异,相同育种单位或相同来源的材料间的遗传差异较小。在聚类图中总的来看凉山州地方种大多分布于聚类图的两端,在 9 个凉山州地方种中只有 2 个品种率先从聚类图中分离出来(A 类),而其他凉山州地方种聚类在 C 类中,这很可能是由于引物使用量低和所检测到的多态性位点较少造成的,如果加大引物使用量很可能会获得更加理想的试验结果。在 B 分支中自育品种占大部分,说明这部分自育品种与各地育成品种的遗传差异较大。

我国不是马铃薯的起源地,种质资源十分有限。通过对凉山州栽培品种的遗传多样性分析,发现部分凉山州地方种和部分自育品种是较好的资源材料,应加大其在今后的育种中的应用,加快育种进程,以期早日投入生产。

### 参考文献

- [1] 陈红梅,李金花,柴兆祥,等. 35 个马铃薯品种对镰刀菌干腐优势病原的抗病性评价[J]. 杂粮作物,2006,26(3):185-186
- [2] 李佩华,蔡光泽,王安虎,等. 高山乌洋芋特色种质资源生产性能研究及运用[J]. 种子,2009,28(8):65-67
- [3] 孙慧生. 马铃薯育种学[M]. 北京:中国农业出版社,2003:1-50
- [4] Hokanson S C, Szewc-McFadden A K, Lamboy W F, et al. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus × domestica* Borkh. core subset collection[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97:671-683
- [5] 唐铭霞,何卫,胡建军,等. 四川省马铃薯主栽品种的遗传多样性分析[J]. 西南农业学报,2010,23(6):1805-1808
- [6] 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
- [7] 滕长才,张永成,张凤军. 青海省马铃薯主要栽培品种的 SSR 遗传多样性[J]. 分子植物育种,2009,7(93):555-561
- [8] 李飞,邓宽平,段艳凤,等. 8 个马铃薯新品种(系)的遗传分析和指纹图谱构建[J]. 贵州农业科学,2010,38(9):9-10
- [9] 石景,宋波涛,金开建,等. SSR 标记的彩色马铃薯遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 农业生物技术学报,2012,20(4):362-371
- [10] 张自强,于肖夏,鞠天华,等. 36 个马铃薯品种的 SSR 分析[J]. 华北农学报,2012,27(1):93-97
- [11] 李佩华. 马铃薯新型栽培种后代材料改良鉴定[J]. 西南农业学报,2013,26(2):460-463
- [12] 李佩华,李世林,潘韬,等. <sup>60</sup>Co-γ 射线辐射马铃薯块茎 M<sub>2</sub> 代群体的诱变效应[J]. 安徽农业科学,2009,37(27):13007-13009
- [13] Rogers S, Bendich A. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues[J]. Plant Mol Biol, 1985, 5(2):69-76
- [14] Feingold S, Lloyd J, Norero N, et al. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2005, 111:456-466
- [15] Milbourne D, Meyer R C, Collins A J, et al. Isolation, characterization and mapping of simple sequence repeat loci in potato[J]. Mol Gen Genet, 1998, 259:233-245
- [16] Tixier M H, Sourdille P, Leroy P, et al. Detection of wheat microsatellites using a non radioactive silver-nitrate staining method (*Triticum aestivum*) [J]. J Genet Breeding, 1997, 52(2):175-177
- [17] Rohlf F J. NTSYSpc: numerical taxonomy system, Ver. 2. 20[M]. Setaukit, NY, USA; Exeter Publishing Ltd, 2008
- [18] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. Mol Biol Evol, 2007, 24:1596-1599
- [19] Yeh F C, Boyle T J B. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits [J]. Belg J Bot, 1997, 129:157
- [20] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3):314-331
- [21] 郭银萍,彭忠华,赵致,等. 基于 SSR 标记的贵州薏苡种质资源的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(2):317-320
- [22] Chen J T, Hu L Z, Zhu L Y, et al. Diversity, structure, and marker-trait association analysis of the maize recombinant inbred line population [J]. Agr Sci China, 2011, 10(7):975-986
- [23] 张恩来,徐福荣,汤翠凤,等. 云南当前种植地方稻种 SSR 遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(6):890-895
- [24] 张亦红,张京,赵会英,等. 应用 SSR 标记对 61 个国家大麦遗传多样性的研究[J]. 植物遗传资源学报,2008,9(1):15-19