植物遗传资源学报 2025，26（6）：1202-1214
Journal of Plant Genetic Resources DOI：10.13430/j.cnki.jpgr.20241211003

淀粉专用型马铃薯表型比较及遗传多样性分析

宋陆帅[1,2]，杨　欣[2]，夏俊俊[2]，于冠群[2]，彭锁堂[2]，段永红[2]，白小东[1]
（[1]山西农业大学高寒区作物研究所，大同 037008；[2]山西农业大学农学院，晋中 030801）

摘要：为明晰淀粉专用型马铃薯性状表现差异及亲缘关系远近，进而为淀粉专用型马铃薯新品种的选育与品质改良提供参考及育种材料。本研究以26份淀粉专用型马铃薯为材料，通过田间农艺性状、品质性状测定以及简单重复序列（SSR）标记分析，基于表型以及分子标记进行遗传多样性分析。结果表明，供试材料表型性状的变异系数介于9.15%~94.14%之间，其中分枝数最大，干物质含量最小；遗传多样性指数在1.71~2.09之间，其中主茎数最高，分枝数最低；基于表型性状将供试材料分为4类，类群I表现为淀粉含量高，类群II株高和主茎数较高，类群III的干物质和淀粉含量较低，类群IV的茎粗和分枝数表现最佳。31对SSR引物扩增出408个多态性位点，多态性位点比率为85.18%，平均每对引物扩增出13.16个多态性位点，各引物的多态性信息含量介于0.1016~0.4024之间。基于SSR标记检测结果将供试材料分为4个类群，类群I仅包括红色薯皮的青薯9号；类群II包含22份马铃薯材料，其中21份由甘肃、宁夏、山西、黑龙江省选育，均来源于北方一作区；类群III为定薯4号，表现为紫红色芽眼；类群IV为2份引进材料。两种聚类结果在群的划分上有一致性，但亚类的划分上有差异，其中有17份材料在两种聚类条件下均被划分到同一类群。本研究结合表型和SSR标记，可以更全面真实地反映种质资源之间的遗传差异。

关键词：马铃薯；淀粉专用型；品质性状；SSR标记；遗传多样性

Phenotypic Comparison and Genetic Diversity of the Starch-type Potatoes

SONG Lushuai[1,2]，YANG Xin[2]，XIA Junjun[2]，YU Guanqun[2]，PENG Suotang[2]，DUAN Yonghong[2]，BAI Xiaodong[1]
（[1]*Shanxi Agricultural University*，*High Latitude Crops Institute to Shanxi Academy*，*Datong 037008*；[2]*College of Agronomy*，*Shanxi Agricultural University*，*Jinzhong 030801*）

Abstract：To clarify the phenotypic differences and genetic relationships of the starch-type potatoes，and to provide a research basis and breeding materials for the breeding and quality improvement of new varieties of starch-type potato. This study used 26 starch-type potato germplasm resources as materials. Through field agronomic trait observation，quality trait measurement，and simple sequence repeats（SSR）marker analysis，genetic diversity was analyzed based on both phenotypic and molecular markers. The results showed that the coefficient of variation of the phenotypic traits ranged from 9.15% to 94.14%，with the highest coefficient of variation for the number of branches，and the lowest coefficient of variation for the dry matter content. The genetic diversity index ranged from 1.71 to 2.09，with the highest genetic diversity index for the number of main stems and the lowest for the number of branches. Based on phenotypic traits，the tested materials were divided

收稿日期：2024-12-11　　**网络出版日期：**2025-02-11
URL：https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20241211003
第一作者研究方向为现代育种与种质工程，E-mail：2037453821@qq.com
通信作者：段永红，研究方向为种质创新与遗传工程，E-mail：duanyonghongok@163.com
白小东，研究方向为现代育种与种质工程，E-mail：bxd5561@126.com
基金项目：山西省重点研发计划（202102140601004）；山西省基础研究计划（202203021211272）；山西农业大学农学院育种工程专项（YZ2021-04）；马铃薯遗传改良与种质创新山西省重点实验室项目（202304010921003）；山西省现代农业产业技术体系建设专项资金（2025CYJSTX06-10）
Foundation projects：Key R&D Program of Shanxi Province（202102140601004）；Basic Research Program of Shanxi Province（202203021211272）；Breeding Engineering Special Project of College of Agronomy，Shanxi Agricultural University（YZ2021-04）；Project of Shanxi Provincial Key Laboratory of Potato Genetic Improvement and Germplasm Innovation（202304010921003）；Special Funds for the Construction of Modern Agricultural Industry Technology System in Shanxi Province（2025CYJSTX06-10）

into four groups: Group I exhibited high starch content, Group II showed greater plant height and main stem number, Group III was characterized by lower dry matter and starch content, and Group IV performed best in terms of stem thickness and branch number. 31 pairs of SSR primers amplified 408 polymorphic loci, with a polymorphic locus rate of 85.18%. On average, each pair of primers amplified 13.16 polymorphic loci, and the polymorphic information content of the primers ranged from 0.1016 to 0.4024. Based on the SSR marker results, the materials were classified into 4 clusters. Cluster I included only Qingshu No. 9, with red tuber skin. Cluster II contained 22 materials, of which 21 were bred in Gansu, Ningxia, Shanxi, and Heilongjiang, all originating from the northern single-cropping zone. Cluster III consisted of Dingshu No. 4, characterized by purple-red tuber eyes. Cluster IV included two introduced materials. The two clustering results showed consistency in the grouping but differences in the classification of subgroups. 17 materials were classified into the same group under both clustering conditions. Combining phenotypic and SSR markers provides a more comprehensive and accurate reflection of the genetic differences among the germplasm resources.

Key words: potato; starch-type; quality traits; SSR markers; genetic diversity

马铃薯（*Solanum tuberosum* L.）起源于南美洲安第斯山脉，适应性广泛，可在全球多个气候区种植，是国家粮食安全的重要保障[1]。马铃薯具有多种用途，可作蔬菜、粮食和饲料，在淀粉、酒精、和生物基材料生产中也扮演着重要角色[2]。马铃薯淀粉因其独特的理化特性在食品和工业应用中被广泛认可[3]，其粒径相较于玉米、小麦和木薯等淀粉更大，平均为30~100 μm，具有优秀的凝胶化和膨润特性[4]。此外，马铃薯淀粉的支链淀粉含量较高，使其糊化温度较低而粘度较高，这在食品加工中尤为重要[5]。马铃薯淀粉还具有较高透明度与稳定性，尤其适用于需要良好质地和高黏性的产品[6]。马铃薯淀粉的这些优良特性使其成为食品工业、纸浆制造、纺织工业和制药工业中的重要资源。因此，筛选、培育具有高淀粉含量、优良糊化特性和较高干物质含量的马铃薯品种，能够显著提升工业加工效率和产品质量[7]。

近年来，已有不同学者采用多种方法筛选马铃薯种质资源，其中表型性状分析是一种传统且广泛应用的方法。可根据薯形、皮色、肉色、株高、干物质含量、淀粉含量、还原糖含量等性状的表现差异，明确各性状遗传变异特点[8]。李爽等[9]、徐晓等[10]基于表型性状，分析了马铃薯种质资源的遗传多样性。Seid等[11]、Dalamu等[12]通过表型数据分析了马铃薯遗传多样性并构建了核心种质。通过表型性状能够快速识别和利用具有优良性状的品种，进而提高选育效率。但表型性状易受环境因素影响，仅利用表型数据进行遗传多样性分析会影响结果的准确性，而分子标记技术以DNA作为研究对象，提供了一种更加精确和稳定的遗传多样性分析方法，其中简单重复序列（SSR，simple sequence sepeats）标记技术具有高度多态性、重复性高和共显性等特性，已成为马铃薯遗传育种研究中不可或缺的工具[13]。安苗等[14]、宋峥等[15]、Lee等[16]基于SSR标记对马铃薯种质资源遗传多样性进行分析，并构建了相应的指纹图谱。目前，也有将表型与分子标记联合用于遗传多样性研究的报道，张晓煜等[17]、孙邦升等[18]通过表型与SSR标记联合分析了马铃薯种质资源的遗传多样性。Chourasia等[19]以55份马铃薯品种为材料，通过2种标记分析了其遗传多样性和种间距离。可见，遗传标记能够有效地揭示不同种质资源之间的遗传差异，为亲本材料选择提供依据。

山西省是我国马铃薯的主产区，2022年山西省政府办公厅发布《山西省“土豆革命”行动方案》，连续3年提出按照市场需求，筛选培育不同用途的马铃薯新品种。因此，本研究以山西省引进的淀粉专用型马铃薯为材料，利用表型性状和SSR分子标记进行遗传多样性分析，以期揭示种质资源间的遗传背景差异，为选育高品质的淀粉加工专用型马铃薯新品种提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　试验材料

参照NY/T 1490-2007《农作物品种审定规范 马铃薯》[20]，以淀粉含量≥17%为依据，选用26个淀粉加工专用型马铃薯品种（系），品种淀粉含量由查阅农业农村部种业管理司品种登记信息（http://202.127.42.47:6010/index.aspx）获得，材料由山西农业大学高寒区作物研究所和山西蓬勃农业科技股份有限公司提供，材料信息见表1。

表1 试验材料信息

Table1 Test materials information

编号 Code	种质名称 Germplasm name	薯皮颜色 Skin color	薯肉颜色 Flesh color	选育单位 Breeding institution
1	青薯9号	红	黄	青海省农林科学院生物技术研究所
2	陇薯10号	黄	黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
3	陇薯11号	黄	黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
4	北薯1号	浅黄	白	黑龙江万田金农业科技发展有限公司
5	定薯3号	白	白	定西市农业科学研究院
6	宁薯18号	浅黄	浅黄	宁夏农林科学院固原分院
7	庄薯3号	黄	黄	甘肃省庄浪县农技中心
8	晋薯24号	黄	白	山西省农业科学院高寒区作物研究所
9	凯薯2号	浅黄	白	甘肃凯凯农业科技发展股份有限公司
10	同薯29号	黄	乳白	山西省农业科学院高寒区作物研究所
11	同薯31号	黄	黄	山西省农业科学院高寒区作物研究所
12	陇薯22号	浅黄	浅黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
13	维拉斯	浅黄	乳白	呼伦贝尔市农业科学研究所
14	陇薯9号	浅黄	浅黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
15	鄂马铃薯14号	浅黄	白	湖北恩施中国南方马铃薯研究中心
16	甘农薯9号	浅黄	浅黄	甘肃农业大学
17	定薯4号	浅黄	黄	定西市农业科学研究院
18	陇薯12号	浅黄	浅黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
19	陇薯14号	浅黄	浅黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
20	垦薯1号	浅红	白	黑龙江八一农垦大学
21	大同里外黄	黄	黄	山西省农业科学院高寒区作物研究所
22	东农310	浅黄	乳白	东北农业大学
23	陇薯15号	黄	黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
24	陇薯17号	黄	浅黄	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
25	16×17-7	浅红	黄	山西蓬勃农业科技股份有限公司
26	16×17-8	浅红	白	山西蓬勃农业科技股份有限公司

1.2 试验方法

1.2.1 田间种植 供试材料于2023年5月21日种植在山西省大同市左云县北十里村（112°34' E，39°44' N），试验地无霜期125 d，海拔1295 m。采用随机区组设计，每区组3次重复，以露地平播的方式播种，以单垄单行的方式种植，每行播种10株，株距40 cm，种植深度约10 cm，行距60 cm，采用常规方式进行田间管理。

1.2.2 马铃薯表型性状测定 在马铃薯盛花期，参照《马铃薯种质资源描述规范和数据标准》[21]调查株高、茎粗、主茎数、分枝数等农艺性状，每重复取3株，计算平均值；在马铃薯收获期，分别参照食品安全国家标准测定马铃薯块茎干物质含量[22]、淀粉含量[23]、蛋白质含量[24]、维生素C（VC，Vitamin C）含量[25]、还原糖含量[26]等品质性状，每个性状测定3次重复，取平均值。

1.2.3 马铃薯SSR标记分析 于苗期摘取试验材料的幼嫩鲜叶，利用改良CTAB法[27]提取DNA，超微量紫外可见分光光度计检测浓度及质量，并稀释至50 ng/μL，-20℃保存备用。根据相关马铃薯文献[28-29]，选择37对SSR标记，引物由上海捷瑞生物工程有限公司合成，引物信息见表2。

PCR扩增体系为10 μL：DNA 1 μL，上下游引物各1 μL，ddH_2O 2 μL，2×Taq PCR MasterMix 5 μL（中

科瑞泰（北京）生物科技有限公司）。扩增程序：94℃预变性5 min；94℃变性30 s，对应退火温度退火45 s，72℃延伸90 s，35个循环；72℃延伸10 min；4℃保存。扩增产物采用8%聚丙烯酰胺凝胶电泳分离，恒压200 V，电泳2 h，50 bp DNA Ladder Marker（北京索莱宝科技有限公司）作标记，银染后拍照。

表2　37对SSR引物碱基序列

Table 2　37 pairs of SSR primer base sequences

序号 No.	引物 Primer	正向引物（5'-3'） Forword primer（5'-3'）	反向引物（5'-3'） Reverse primer（5'-3'）	退火温度（℃） Annealing temperature
1	STM1104	TGATTCTCTTGCCTACTGTAATCG	GAAAGTGGTGTGAAGCTGTGA	57.15
2	STI049	TCATCACAACGTGACCCC	CGGGCTTGAATGATGTGAAGCT	59.05
3	S180	ACTGCTGTGGTTGGCGTC	ACGGCATAGATTTGGAAGCATC	58.90
4	PM0936	AGTTGTGTCTCAATCCTTTCACGA	TGCTTAAAAATCTGACTTTGGTGTTC	61.10
5	SSR0675	GCTGTGTTTTCAATTTCTTCAGCA	GTCTCGTTGTTCATCAAA	53.35
6	STM 1106	TCCAGCTGATTGGTTAGGTTG	ATGCGAATCTACTCGTCATGG	57.75
7	S25	AGAGATCGATGTAAAACACGT	GTGGCATTTTGATGGATT	48.49
8	C59	TCATCACAACGTGACCCCA	GGGCTTGAATGATGTGAAGCTC	55.11
9	STM0030	AGAGATCGATGTAAAACACGT	GTGGCATTTTGATGGATT	48.49
10	S118	AGAGATCGATGTAAAACACGT	GTGGCATTTTGATGGATT	48.49
11	C33	TCCCCTTACCCCTCTTCAAAT	AACCCGTGTCAACTTCYGCT	48.26
12	S184	TCATCACAACGTGACCCCA	GGGCTTGAATGATGTGAAGCTC	55.11
13	S151	GCTGCTAAACACTCAAGCAGAA	CAACTACAAGATTCCATCCACAC	54.72
14	STM3023	AAGCTGTTACTTGATTGCTGCA	GTTCTGGCATTTCCATCTAGAGA	54.74
15	STM1014	AGAAACTGAGTTGTGTGTTGGGA	TCAACAGTCTCAGAAACCCTCT	55.63
16	SSI	TCTCTTGACACGTGTCACTGAAAC	TCACCGATTACAGTAGGCAAGAGA	57.67
17	Patatin	CAACCAACAAGGTAAATGGTACC	TGGTCTGGTGCATTAGAAAAAA	53.37
18	C42	AGGCAAACCCCGTAAATCTT	TCTTCCTCACTCGTCCCCCACT	56.71
19	STM1052	CAATTTCGTTTTTTCATGTGACAC	ATGGCGTAATTTGATTTAATACGTAA	53.13
20	S25-2	GCGAATGACAGGACAAGAGG	TGCCACTGCTACCATAACCA	54.46
21	S174	TGAGGGTTTTCAGAAAGGGA	CATCCTTGCAACAACCTCCT	52.74
22	S153	TATGTTCCACGCCATTTCAG	ACGGAAACTCATCGTGCATT	52.83
23	S170	CGCAAATCTTCATCCGATTC	TCCGGCGGATAATACTTGTT	51.70
24	S7	GACTGGCTGACCCTGAACTC	GACAAAATTACAGGAACTGCAAA	54.13
25	C58	GCTGCTAAACACTCAAGCAGAA	CAACTACAAGATTCCATCCACAG	54.58
26	S192	ACTTCTGCATCTGGTGAAGC	GGTCTGGATTCCCAGGTTG	53.30
27	C3	CCGGGAGAATTAGACGATGA	TTTATGGGGAGCAGTTGAGG	52.49
28	STM-2022	GCGTCAGCGATTTCAGTACTA	TTCAGTCAACTCCTGTTGCG	54.16
29	C54	TGGCTGCAGAAATCAAGATG	TGAAACCACTGGGAGGACTT	53.03
30	STL003	ACCATCCACCATGTCAATGC	CTCATGGATGGTGTCATTGG	52.99
31	STM0019a	AATAGGTGTACTGACTCTCAATG	TTGAAGTAAAAGTCCTAGTATGTG	51.36
32	STG0016	AGCTGCTCAGCATCAAGAGA	ACCACCTCAGGCACTTCATC	56.30
33	SSR0707	AGAAATTGGCAGAGCATTTAGCTG	GGATTAGACAAACCTTCTTTTCCACA	62.45
34	STI0012	GAAGCGACTTCCAAAATCAGA	AAAGGGAGGATTAGAAACCAAAA	58.00
35	STM0037	AATTTAACTTAGAAGATTAGTCTC	ATTTGGTTGGGTATGATA	45.98
36	S189	CCTTGTAGTACAGCAGTGGTC	TCCGCCAAGACIGATGCA	53.97
37	SSR59	TTCGTTGAAGAAGATGATGGTC	CAAAGAGGGCAAGCATCCAAGA	54.92

1.3 数据分析

利用Excel 2019处理供试材料的表型数据，计算平均值、方差、标准差、极差、变异系数。将品质性状划分为10级，第1级<(X-2d)，第10级≥(X+2d)，每0.5 d为1级，其中X为平均值，d为标准差，每级的相对频率用于计算Shannon-weiner遗传多样性指数(H′)[30]。利用SPSS 22.0对所有表型数据进行标准化，采用欧氏遗传距离和系统聚类法中的组间连接法进行聚类分析并绘制聚类图。Shannon-weiner遗传多样性指数(H′)公式：$H' = -\sum p_i \ln p_i$，其中，i为某一性状的分级，p_i为该性状第i级的频率。

采取人工读带方式统计电泳结果，清晰可重复的条带用“1”表示，在同一位点上，缺失或弱带标记为“0”，建立“0”、“1”矩阵，用NTSYS pc version 2.00e软件的Qualitiative data模块计算遗传相似系数，SASYS模块以类平均法（UPGMA，unweighted pair group method with arithmetic mean）做聚类分析，Tree plot模块绘制聚类图，用Popgene32软件计算观测等位基因数、有效等位基因数、多态性信息含量、Shannon′s信息指数（I）和Nei′s遗传多样性指数（H）。

2 结果与分析

2.1 马铃薯表型性状遗传多样性分析

2.1.1 表型性状差异比较 对26个马铃薯品种(系)的9个表型性状进行统计分析(表3)，结果表明，各表型性状变异程度不同，变异系数差异较大，变异系数在9.15%~94.14%之间，平均变异系数为31.43%，其中分枝数最大，干物质含量最小。4个农艺性状的变异系数由大到小为分枝数(94.14%)>主茎数(29.05%)>株高(23.76%)>茎粗(15.51%)，5个品质性状的变异系数由大到小依次为还原糖含量(35.65%)>VC含量(31.45%)>蛋白质含量(24.24%)>淀粉含量(19.87%)>干物质含量(9.15%)。9个表型性状的遗传多样性指数在1.71~2.09之间，其中主茎数最高，分枝数最低，4个农艺性状的遗传多样性指数由大到小为主茎数(2.09)>茎粗(2.04)>株高(2.00)>分枝数(1.71)，5个品质性状的遗传多样性指数由大到小为淀粉含量(2.00)>干物质含量(1.88)>VC含量(1.85)>蛋白质含量(1.78)>还原糖含量(1.76)。

表3 各材料表型性状测定

Table 3 Measurement of phenotypic traits of each material

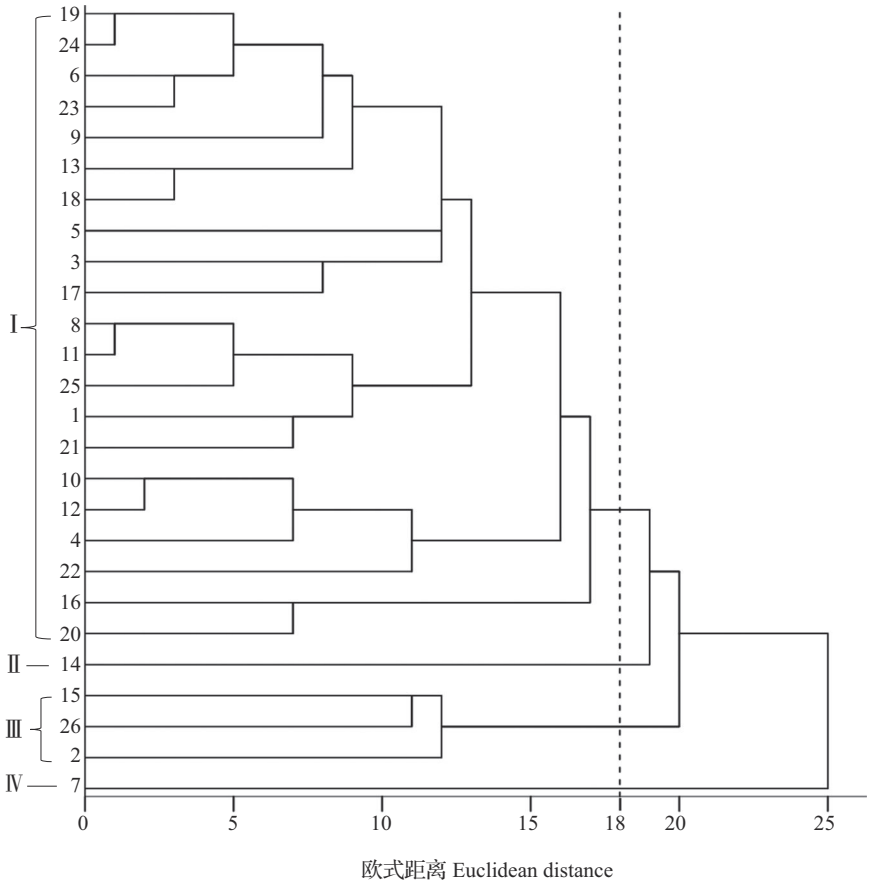
参数 Parameters	干物质含量(%) DM	淀粉含量(%) SC	蛋白质含量(%) PC	VC含量(mg/100 g) VC	还原糖含量(%) RS	主茎数 MS	分枝数 NB	株高(cm) PH	茎粗(mm) ST
最大值Max.	26.51	22.82	2.53	35.23	0.45	6.00	12.00	93.33	15.68
最小值Min.	18.25	9.12	0.98	8.20	0.10	2.00	0.00	29.40	8.71
平均值Mean	23.04	17.11	1.56	20.19	0.30	3.80	2.74	57.08	11.93
标准差*SD*	2.11	3.40	0.38	6.35	0.11	1.11	2.58	13.56	1.85
变异系数(%)*CV*	9.15	19.87	24.24	31.45	35.65	29.05	94.14	23.76	15.51
遗传多样性指数H′	1.88	2.00	1.78	1.85	1.76	2.09	1.71	2.00	2.04

DM：Dry matter content；SC：Starch content；PC：Protein content；VC：Vitamin C content；RS：Reducing sugar content；MS：Number of main stems；NB：Number of branches；PH：Plant height；ST：Stem thickness；The same as below

2.1.2 马铃薯表型性状聚类 依据马铃薯的表型性状，采用欧氏遗传距离和组间连接法对供试材料进行系统聚类分析(图1)，结果表明在欧氏距离为18处，可将26份供试材料聚为4类。各类群表型性状表现不同，测定结果见表4，第I类群包含21份供试材料，此类群马铃薯淀粉含量高，分枝数少；第II类群仅包含陇薯9号，该品种特点为还原糖含量最低，主茎数和株高表现最佳；第III类群包含16×17-8、鄂马铃薯14号和陇薯10号，表现为干物质含量和淀粉含量均最低、株高最矮的特点；第IV类群只有庄薯3号，特征为VC含量最低，分枝数最多，茎粗最粗。

2.2 马铃薯SSR分子标记的遗传多样性分析

2.2.1 SSR引物多态性分析 选用37对SSR引物扩增供试材料，从中筛选出可扩增出清晰条带、多态性较好的31对多态性引物，引物多态性比率为83.78%，其中引物C54的扩增结果见图2。31对多



品种编号同表1，下同

The variety number is the same as table 1, the same as below

图1　基于表型性状的26份马铃薯品种（系）聚类分析

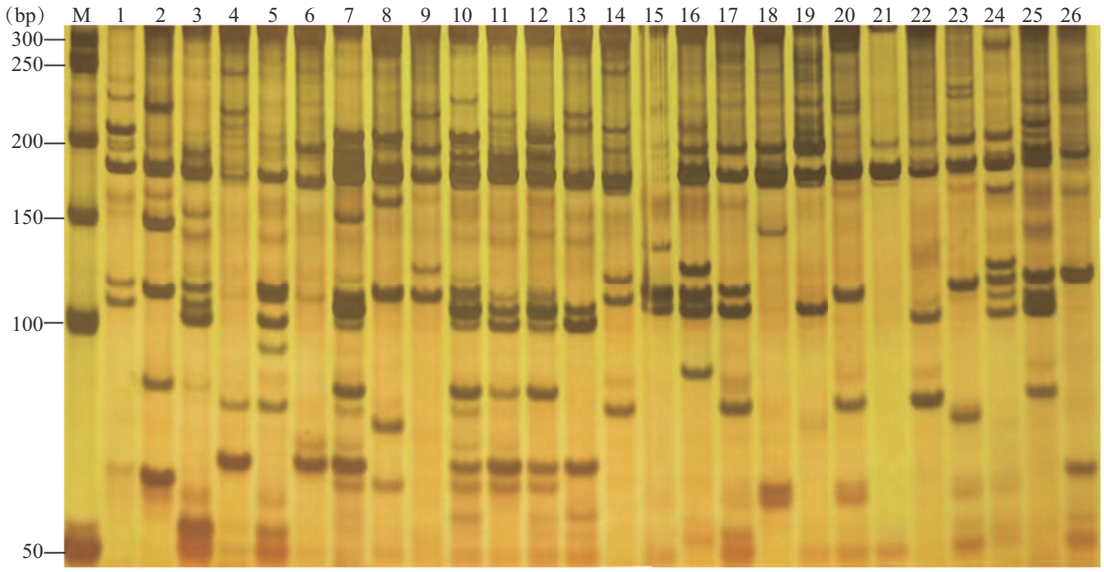
Fig. 1　Cluster analysis of 26 potato varieties (lines) based on phenotypic traits

表4　各类群表型性状数据

Table 4　Phenotypic trait data of each group

类群 Group	干物质含量（%） DM	淀粉含量（%） SC	蛋白质含量（%） PC	VC含量（mg/100 g） VC	还原糖含量（%） RS	主茎数 MS	分枝数 NB	株高（cm） PH	茎粗（mm） ST
I	23.56	18.27	1.61	20.59	0.29	3.86	2.23	56.21	11.90
II	23.58	17.00	1.36	16.02	0.10	5.33	5.00	93.33	13.71
III	18.74	10.94	1.35	20.58	0.40	3.53	2.47	46.53	10.27
IV	24.40	11.34	1.42	14.81	0.30	2.00	12.00	70.67	15.68

态性引物共扩增出479个等位位点，多态性位点408个，平均每对引物扩增出多态性位点13.16个。引物STM1106和S170扩增出的等位位点数最多，有22个；引物SSI和S25-2扩增出的等位位点数最少，为10个；引物S25、C59和S118扩增出的等位位点均为多态性位点，引物STM1104和STM2022所扩增位点的多态性比率最低，为50.00%。各引物的有效等位基因数介于1.1577~1.7268，平均为1.4846；观测等位基因数介于1.5000~2.0000，平均为1.8444；Shannon′s信息指数介于0.1657~0.5805，平均为0.4246；Nei′s遗传多样性指数介于0.1016~0.4024，平均为0.2831（表5）。各个引物的多态性信息含量介于0.1016~0.4024，平均为0.2831，其中，引物STL003的多态性信息含量最高，引物STM1104的多态性信息含量值最低。有22对引物均为中度多态位点（0.25≤多态性信息含量≤0.50）[31]。



M：DNA marker

图2 C54对供试材料DNA的扩增结果

Fig. 2 Amplification of genomic DNA from C54

表5 31对SSR引物扩增结果

Table 5 Amplification results of 31 pairs SSR primers

序号 No.	引物 Primer	等位位点数 Alleles number	多态位点数 Polymorphic alleles number	多态性比率(%) PPI	观测等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Nei′s遗传多样性指数 H	Shannon′s信息指数 I	多态性信息含量 PIC
1	STM1104	14	7	50.00	1.5000	1.1577	0.1016	0.1657	0.1016
2	STI049	11	8	72.73	1.7273	1.3312	0.2004	0.3098	0.2004
3	S180	13	11	84.62	1.8462	1.5625	0.3192	0.4679	0.3192
4	PM0936	14	9	64.29	1.6429	1.3774	0.2249	0.3380	0.2249
5	SSR0675	17	16	94.12	1.9412	1.3811	0.2340	0.3680	0.2340
6	STM1106	22	19	86.36	1.8636	1.4866	0.2935	0.4414	0.2935
7	S25	18	18	100	2.0000	1.6759	0.3900	0.5742	0.3900
8	C59	17	17	100	2.0000	1.6668	0.3847	0.5668	0.3847
9	STM0030	14	12	85.71	1.8571	1.4917	0.2833	0.4257	0.2833
10	S118	16	16	100	2.0000	1.6549	0.3693	0.5439	0.3693
11	C33	17	14	82.35	1.8235	1.6493	0.3499	0.4998	0.3499
12	S184	18	17	94.44	1.9444	1.5474	0.3290	0.4963	0.3290
13	S151	15	12	80.00	1.8000	1.3584	0.2179	0.3401	0.2178
14	STM3023	14	13	92.86	1.9286	1.4893	0.2892	0.4381	0.2892
15	STM1014	13	11	84.62	1.8462	1.4046	0.2518	0.3886	0.2518
16	SSI	10	8	80.00	1.8000	1.4455	0.2649	0.3987	0.2649
17	Patatin	16	15	93.75	1.9375	1.5165	0.3010	0.4529	0.3010
18	C42	15	14	93.33	1.9333	1.4189	0.2501	0.3858	0.2501
19	STM1052	11	10	90.91	1.9091	1.4446	0.2514	0.3824	0.2514
20	S25-2	10	9	90.00	1.9000	1.4625	0.2909	0.4489	0.2909
21	S174	18	14	77.78	1.7778	1.3747	0.2300	0.3546	0.2299
22	S153	16	14	87.50	1.8750	1.5414	0.3084	0.4565	0.3084
23	S170	22	20	90.91	1.9091	1.7053	0.3897	0.5617	0.3897

表5（续）

序号 No.	引物 Primer	等位位点数 Alleles number	多态位点数 Polymorphic alleles number	多态性比率（%） PPI	观测等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Nei′s遗传多样性指数 H	Shannon′s信息指数 I	多态性信息含量 PIC
24	S7	15	14	93.33	1.9333	1.6131	0.3509	0.5173	0.3509
25	C58	13	9	69.23	1.6923	1.3863	0.2338	0.3529	0.2338
26	S192	15	10	66.67	1.6667	1.4369	0.2508	0.3708	0.2508
27	C3	15	14	93.33	1.9333	1.3930	0.2407	0.3767	0.2406
28	STM2022	14	7	50.00	1.5000	1.2623	0.1594	0.2437	0.1594
29	C54	21	18	85.71	1.8571	1.3948	0.2529	0.3949	0.2529
30	STL003	17	16	94.12	1.9412	1.7268	0.4024	0.5805	0.4024
31	STM0019	18	16	88.89	1.8889	1.6665	0.3606	0.5194	0.3606
总计Total		479	408	85.18					
平均值Mean		15.45	13.16	84.44	1.8444	1.4846	0.2831	0.4246	0.2831

PPI：Percentage of polymorphic loci；Na：Number of observed alleles；Ne：Number of effective alleles；H：Nei′s genetic diversity index；I：Shannon′s information index；PIC：Polymorphism information contents

2.2.2　SSR分子标记的聚类分析　基于各供试材料间的遗传相似系数进行聚类分析，如图3所示，在遗传相似系数0.70处将材料分成4类。类群I仅包含品种青薯9号，与其他供试材料相比，青薯9号为红色薯皮。类群II包含22份材料，占供试材料的84.62%，其中12份由甘肃省选育，6份由山西省选育，2份由黑龙江省选育，其余2份分别来源于宁夏回族自治区与湖北省，大多数材料均来源于于北方

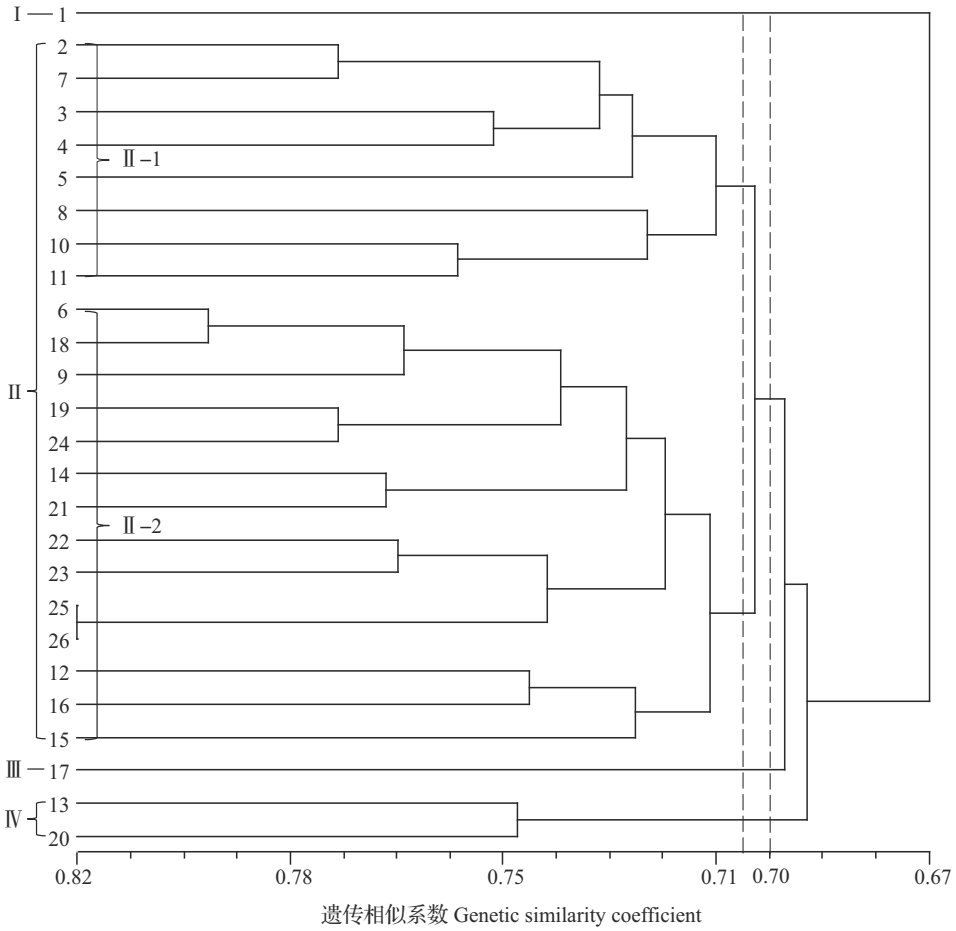


图3　基于SSR标记的26份供试材料聚类分析

Fig. 3　Cluster analysis of 26 tested materials based on SSR markers

一作区；在遗传相似系数0.705处类群II又被分为2个亚类，亚类II-1包含8份材料，薯皮多为黄色，其中3个品种为甘肃省农业科学院马铃薯研究所选育，2个品种分别为甘肃省庄浪县农业技术推广中心、北大荒薯业集团有限公司选育，山西农业科学院高寒区作物研究所选育品种3个；亚类II-2有14份材料，薯皮多为浅黄色，其中甘肃省农业科学院选育的品种6个，宁夏农业科学院、甘肃凯凯农业科技发展股份公司、山西农业科学院高寒区作物研究所以及东北农业大学、甘肃农业大学选育品种各1个，16×17-7与16×17-8是以陇薯16号与陇薯17号作亲本材料，由山西蓬勃农业科技股份有限公司选育的同一组合的2个不同株系，基因差异较小。另还包括湖北恩施中国南方马铃薯研究中心选育品种1个。类群III仅有定薯4号，与其他材料相比，定薯4号表现为紫红色芽眼。类群IV包含垦薯1号和维拉斯，垦薯1号的母本为гибрид128-6，父本为брянский надежный，由黑龙江八一农垦大学杂交选育，维拉斯是由白俄罗斯引进的脱毒试管苗的突变体，垦薯1号的亲本与维拉斯都属于引进品种。

3 讨论

3.1 马铃薯表型性状的遗传多样性分析

表型性状分析是马铃薯遗传多样性评价最基础的研究手段，如薯形、花色、分枝数、干物质含量、淀粉含量、还原糖含量等不仅是重要的性状，也是育种实践中最直观的选择依据。已有研究表明，马铃薯种质资源在这些性状上具有丰富的多样性[9]，为不同用途马铃薯新品种的选育提供了选择依据。本研究中26份供试材料的9个表型性状表现出丰富的遗传多样性，各性状的变异系数在9.15%~94.14%之间，变异最丰富的是分枝数。在5个品质性状中，干物质含量的变异系数最小，为9.15%，淀粉含量的变异系数为19.87%，二者均低于平均变异系数31.43%，还原糖含量的变异系数35.65%，在品质性状中最大。在吴琪滢等[32]和颉瑞霞等[33]对马铃薯主要品质性状的研究中，还原糖含量的变异系数均为各性状最大值，干物质和淀粉含量的变异系数均低于20.00%，且干物质含量的变异系数最低，与本研究中还原糖含量、淀粉含量和干物质含量的变异程度一致。9个表型性状中主茎数的Shannon′s遗传多样性指数最高，分枝数的最低，遗传多样性指数变幅在1.71~2.09，赵欣蕊等[34]分析冀北地区马铃薯各数量性状的遗传多样性指数区间为1.66~2.10，与本研究中遗传多样性指数变幅接近，表明各供试材料的表型性状具有较高的遗传多样性。

通过聚类分析一定程度上能反映各类群表型的特征[35]，基于表型数据进行聚类分析，供试材料在欧氏距离18处被划分为4类，各类群具有不同的表型特征，类群I包含21份供试材料，其中甘肃省农业科学院马铃薯研究所选育的陇薯12号淀粉含量达22.82%，高于平均值4.55%，可作为淀粉加工或淀粉专用型马铃薯选育的亲本材料；类群II的主茎数和株高最高，植株表现最佳；类群III的干物质含量、淀粉含量及株高表现不佳；类群IV的干物质含量最高，可作为全粉加工型马铃薯选育材料。邵国莉等[36]和张帆等[37]依据表型聚类筛选出适用于全粉、淀粉加工的马铃薯品种，与本研究结果相似，每一类群具有表型特征的相似性，但各类群的划分与地理来源并无明显相关。

3.2 马铃薯SSR标记的遗传多样性分析

在多种作物的遗传多样性研究中，SSR标记因其高度多态性、共显性、使用简单且成本较低等优点被广泛应用[38-40]，本研究以31对多态性SSR引物扩增供试材料DNA，平均每对引物扩增出多态性位点13.16个，共扩增出479个位点，李建武等[41]用11对引物扩增42份马铃薯DNA，多态性位点比率为89.5%，与本研究的结果相近。本研究有22对引物的多态性信息含量介于0.25~0.50，为中度多态性，王梓煦等[42]所用9对引物的多态性信息含量介于0.12~0.75，高于本研究结果，可能与供试材料的选择有关。

基于SSR标记结果在遗传相似系数0.70处将供试材料聚为4类，类群I为来自青海省的红色薯皮材料青薯9号，类群II包括22份材料，占供试材料的84.62%，材料大多来源于于北方一作区，由甘肃省、山西省、黑龙江省、宁夏回族自治区选育，花色多为白色，其余类群花色则为浅紫色或紫色。在遗传相似系数0.705处类群II又被分为2个亚类，亚类II-1包括8份材料，由甘肃省、黑龙江省以及山西省选育，表现为黄色薯皮；亚类II-2包括14份材料，为浅黄色薯皮，其中由山西蓬勃农业科技股份有限公司选育的高世代新品系16×17-7与16×17-8来自同一杂交组合，有较近的亲缘关系，认定为同一材料。类群III仅包含定薯4号，由定西市农业科学研究院选育，表现为紫红色芽眼。类群IV包括垦薯1号和维拉斯，垦薯1号亲本与维拉斯均属于引进品种。类群I和类群III虽然也来自北方，但与其他北方材料

具有较大遗传差异，类群I的青薯9号为红色薯皮，其余材料为浅黄、黄或浅红色。类群III的定薯4号为浅黄色薯皮、紫红色芽眼，其余材料芽眼色与薯皮色相同，因而被单独聚为一类，段绍光等[43]通过SSR标记对不同马铃薯品种进行聚类分析，结果表明类群以地理来源划分，与本研究结果一致。而李佩华等[44]对马铃薯亲本材料聚类时发现，来源于同一地区的自育亲本被划分到不同类群，与本研究结果相异。

3.3　表型和SSR标记结果比较

本研究中基于表型和SSR标记的聚类均将供试材料分为4个大类，但在亚类的划分上存在差异。供试材料中有65.38%的材料在两种聚类条件下均被划分到同一类群，表明基于表型性状的分析结果与基于SSR标记的分析结果具有部分一致性，表型性状一定程度上可以反映基因水平的差异。维拉斯与垦薯1号两份材料的表型性状具有差异，但其选育来源均与国外品种较为接近，与国内材料遗传差异较大，因此在SSR标记聚类中被聚为一类，在表型聚类中分属同一类群不同亚类；16×17-7与16×17-8的表型性状不同，但二者为同一杂交组合的不同株系，具有相同的遗传背景，在所有材料中二者遗传差异最小，因此在表型聚类中被划分到不同类群，但在SSR标记聚类中在遗传相似系数最大处被聚为一类。当环境因素不同时，即使遗传因素相同，表型也可能出现不同程度的改变，加上观察时的人为偏差，以及SSR标记检测到的多态性位点可能与表型性状的基因位点不同，最终导致表型性状与SSR标记聚类结果不一致。刘毅强等[45]对马铃薯材料进行聚类，大部分材料在两种聚类方法下都被聚到同一个类群中，部分材料被划分到不同类群，与本研究聚类结果相似，结合表型和SSR标记可以更全面真实地反映种质资源之间的遗传差异。

4　结论

本研究基于表型性状和SSR标记分析了26份淀粉加工专用型马铃薯的遗传多样性。淀粉含量的变异系数为19.87%，遗传多样性指数为2.00，两种聚类的聚类结果具有一定相似性，均将供试材料划分为4类，65.38%的材料在两种聚类中均在同一类群，为淀粉加工专用型马铃薯新品种选育与品质改良提供了研究基础。

参考文献

[1] Kui L, Majeed A, Ahmed S, Khan M S S, Islam F, Chen J, Dong Y. *Solanum tuberosum* (potato). Trends in Genetics, 2022, 38 (11): 1193-1195

[2] 胡宇微，邱俊凯，孙红男，木泰华. 咖啡酸/马铃薯淀粉可食性膜的制备及特性表征. 西南大学学报：自然科学版，2023，45 (10)：72-80
Hu Y W, Qiu J K, Sun H N, Mu T H. Preparation and characterization of caffeic acid/potato starch edible film. Journal of Southwest University: Natural Science Edition, 2023, 45 (10): 72-80

[3] Reyniers S, Ooms N, Gomand S V, Delcour J A. What makes starch from potato (*Solanum tuberosum* L.) tubers unique: A review. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2020, 19 (5): 2588-2612

[4] 郭佳欣，张慧君，刘鑫宇，徐雪晗，李萍，贺小惠. 玉米淀粉和马铃薯淀粉糊化后的流变性及热力学性质比较. 中国果菜，2022，42 (3)：1-5,39
Guo J X, Zhang H J, Liu X Y, Xu X H, Li P, He X H. Comparison of rheological and thermodynamic properties of gelatinized corn starch and potato starch. China Fruit & Vegetable, 2022, 42 (3): 1-5,39

[5] 李鑫，王鹏程，王紫雯，金光辉. 马铃薯淀粉理化特性对糊化特性的影响. 食品科技，2021，46 (6)：238-244
Li X, Wang P C, Wang Z W, Jin G H. Effect of potato starch and particle size on gelatinization characteristics. Food Science and Technology, 2021, 46 (6): 238-244

[6] 熊小青，车瑞彬，李利民，郑学玲. 氯化钠对马铃薯淀粉糊化特性的影响. 食品研究与开发，2020，41 (14)：1-5
Xiong X Q, Che R B, Li L M, Zheng X L. Effect of sodium chloride on pasting properties of potato starch. Food Research and Development, 2020, 41 (14): 1-5

[7] 付怡菁，胡祚，杨健康，马列，李周. 中国加工型马铃薯发展现状及展望//中国作物学会马铃薯专业委员会. 马铃薯产业与种业创新 (2023). 哈尔滨：黑龙江科学技术出版社，2023：95-99
Fu Y J, Hu Z, Yang J K, Ma L, Li Z. Development status and prospect of processed potato in China // Potato Committee of Crop Society of China. Innovation in the potato industry and seed industry (2023). Harbin: Heilongjiang Science and Technology Press, 2023: 95-99

[8] 余斌，杨宏羽，王丽，刘玉汇，白江平，王蒂，张俊莲. 引进马铃薯种质资源在干旱半干旱区的表型性状遗传多样性分析及综合评价. 作物学报，2018，44 (1)：63-74
Yu B, Yang H Y, Wang L, Liu Y H, Bai J P, Wang D, Zhang J L. Genetic diversity analysis and comprehensive assessment of phenotypic traits in introduced potato germplasm resources in arid and semi-arid area. Acta Agronomica Sinica, 2018, 44 (1): 63-74

[9] 李爽，李爽，王雅平，牟彬，赵艳菲，李婷婷，韩玉珠. 马铃薯种质资源表型性状遗传多样性分析. 吉林农业大学学报，2020，42 (3)：269-279
Li S, Li S, Wang Y P, Mou B, Zhao Y F, Li T T, Han Y Z. Genetic diversity analysis of phenotypic traits in potato germplasm resources. Journal of Jilin Agricultural University,

2020，42（3）：269-279

［10］ 徐晓，杨梦颖，满全财，李伟，苏润东，王莉莉，张振清，崔江慧. 195 份马铃薯种质资源表型性状综合评价. 核农学报，2023，37（9）：1710-1722
Xu X，Yang M Y，Man Q C，Li W，Su R D，Wang L L，Zhang Z Q，Cui J H. Comprehensive evaluation of phenotypic traits of 195 potato germplasm resources. Journal of Nuclear Agronomy，2023，37（9）：1710-1722

［11］ Seid E，Mohammed W，Abebe T. Genetic diversity assessment through cluster and principal component analysis in potato（*Solanum tuberosum* L.）genotypes for processing traits. International Journal of Food Science and Agriculture，2021，5（3）：440-447

［12］ Dalamu，Kaur R P，Kumar V，Kumar R，Bhardwaj V，Chaudhary B. Creation and validation of core subset of potato（*Solanum tuberosum*）germplasm. Indian Journal of Agricultural Sciences，2022，92（2）：164-168

［13］ Song X Y，Zhang C Z，Li Y，Feng S S. Yang Q，Huang S W. SSR Analysis of genetic diversity among 192 diploid potato cultivars. Horticultural Plant Journal，2016，2（3）：163-171

［14］ 安苗，王彤彤，付逸婷，夏俊俊，彭锁堂，段永红. 52 个马铃薯遗传多样性分析及 SSR 分子身份证构建. 生物技术通报，2023，39（12）：136-147
An M，Wang T T，Fu Y T，Xia J J，Peng S T，Duan Y H. Genetic diversity analysis and molecular identity card construction by SSR Markers of 52 *Solanum tuberosum* L. varieties（lines）. Biotechnology Bulletin，2023，39（12）：136-147

［15］ 宋峥，王崇，徐颖华，雷剑，柴沙沙，王连军，杨新笋. 马铃薯地方种质资源的 SSR 遗传多样性分析. 分子植物育种，2022，20（21）：7143-7153
Song Z，Wang C，Xu Y H，Lei J，Chai S S，Wang L J，Yang X S. SSR analysis on genetic diversity for local potato germplasm resources. Molecular Plant Breeding，2022，20（21）：7143-7153

［16］ Lee K J，Sebastin R，Cho G T，Yoon M，Lee G A，Hyun D Y. Genetic diversity and population structure of potato germplasm in RDA-Genebank：Utilization for breeding and conservation. Plants（Basel），2021，10（4）：752

［17］ 张晓煜，王仕鹏，曹昆山，李旭婧，叶晗，李小玉，汪奎，方玉川，刘柏林. 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）：1436-1447
Zhang X Y，Wang S P，Cao K S，Li X J，Ye H，Li X Y，Wang K，Fang Y C，Liu B L. Genetic diversity of potato germplasm based on phenotypic traits and SSR markers. Journal of Northwest Agricultural Sciences，2024，33（8）：1436-1447

［18］ 孙邦升，宋继玲，杨梦平，邢金月，胡尊艳，郝智勇，李菁华，刘春生. 高淀粉马铃薯初级核心种质资源的遗传多样性分析. 作物杂志，2024，https://link.cnki.net/urlid/11.1808.S.20240813.0846.002
Sun B S，Song J L，Yang M P，Xing J Y，Hu Z Y，Hao Z Y，Li J H，Liu C S. Genetic diversity analysis of primary core germplasm resources in high-starch potato. Crops，2024，https://link.cnki.net/urlid/11.1808.S.20240813.0846.002

［19］ Chourasia K N，Patil V U，Vanishree G，Kumar R V，Thribhuvan R，Meena J K，Bairwa R K，Bhardwaj V. Morphological and molecular characterization of Indian potato（*Solatium tuberosum* L.）cultivars. Cytology and Genetics，2023，57：246-257

［20］ 中华人民共和国农业部. NY/T 1490-2007 农作物品种审定规范 马铃薯. 北京：中国标准出版社，2007
Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. NY/T 1490-2007 Regulations for the evaluation of crop varieties potato. Beijing：Standards Press of China，2007

［21］ 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
Liu X C，Zhang L J. Specification and data standards for description of potato germplasm resources. Beijing：China Agriculture Press，2006

［22］ 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. GB 5009.3-2016食品安全国家标准 食品中水分的测定. 北京：中国标准出版社，2016
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. GB 5009.3-2016 National standard for foods safety-Determination of water in foods. Beijing：Standards Press of China，2016

［23］ 中华人民共和国国家卫生健康委员会，国家市场监督管理总局. GB 5009.9-2023 食品安全国家标准 食品中淀粉的测定. 北京：中国标准出版社，2023
National Health Commission of the People's Republic of China，State Administration for Market Regulation. GB 5009.9-2023 National standard for foods safety-Determination of starch in foods. Beijing：Standards Press of China，2023

［24］ 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会，国家食品药品监督管理总局. GB 5009.5-2016 食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定. 北京：中国标准出版社，2016
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China，State Food and Drug Administration. GB 5009.5-2016 National standard for foods safety-Determination of protein in foods. Beijing：Standards Press of China，2016

［25］ 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. GB 5009.86-2016 食品安全国家标准 食品中抗坏血酸的测定. 北京：中国标准出版社，2016
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. GB 5009.86-2016 National standard for foods safety-Determination of ascorbic acid in foods. Beijing：Standards Press of China，2016

［26］ 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. GB 5009.86-2016 食品安全国家标准 食品中还原糖的测定. 北京：中国标准出版社，2016
National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China. GB 5009.86-2016 National

standard for foods safety-Determination of reducing sugars in foods. Beijing：Standards Press of China，2016

[27] 李建武，巩迎春. 马铃薯叶片基因组 DNA 提取方法比较研究. 甘肃农业科技，2015（8）：25-28
Li J W，Gong Y C. Comparative study on extraction methods of genomic DNA from potato leaves. Gansu Agricultural Science and Technology，2015（8）：25-28

[28] 张海龙，于卓，祁娜，于肖夏，李景伟，岳东. 10 个马铃薯新育成品种的 SSR 分析. 种子，2022，41（6）：34-38
Zhang H L，Yu Z，Qi N，Yu X X，Li J W，Yue D. SSR analysis of 10 newly grown potato varieties. Seed，2022，41（6）：34-38

[29] 段艳凤. 中国马铃薯主要育成品种 SSR 指纹图谱构建与遗传关系分析. 北京：中国农业科学院，2009
Duan Y F. Construction of SSR fingerprint and genetic relationship analysis of major potato cultivars in China. Beijing：Chinese Academy of Agricultural Sciences，2009

[30] 于秋香，李扬，李颖，刘警，刘金利，白仲奎. 基于果实表型的核桃种质资源遗传多样性分析. 华北农学报，2021，36（S1）：53-61
Yu Q X，Li Y，Li Y，Liu J，Liu J L，Bai Z K. Genetic diversity analysis of walnut germplasm based on fruit phenotype. Journal of North China Agricultural Sciences，2021，36（S1）：53-61

[31] Zhu Y Z，Liang D Y，Song Z J，Tan Y，Guo X L，Wang D L. Genetic diversity analysis and core germplasm collection construction of *Camellia oleifera* based on fruit phenotype and SSR data. Genes，2022，13（12）:2351

[32] 吴琪滢，李德明，郭志乾，何萍. 西北地区不同马铃薯种质资源产量和营养品质综合分析与评价. 中国马铃薯，2021，35（6）：489-499
Wu Q Y，Li D M，Guo Z Q，He P. Comprehensive analysis and evaluation of yield and nutritional quality of different potato germplasm resources in northwest China. Chinese Potato，2021，35（6）：489-499

[33] 颉瑞霞，张小川，吴林科，郭志乾，张国辉，余帮强. 马铃薯种质资源主要品质性状分析与评价. 分子植物育种，2020，18（20）：6828-6836
Xie R X，Zhang X C，Wu L K，Guo Z Q，Zhang G H，Yu B Q. Analysis and evaluation of main quality characters of potato germplasm resources. Molecular Plant Breeding，2020，18（20）：6828-6836

[34] 赵欣蕊，陈啸天，薛薇，汪磊，蔡心汝，林柏松，刘晓静，崔江慧. 基于表型性状分析构建冀北地区马铃薯核心种质. 核农学报，2024，38（5）：805-818
Zhao X R，Chen X T，Xue W，Wang L，Cai X R，Lin B S，Liu X J，Cui J H. To construct potato core germplasm in northern Hebei province based on phenotypic trait analysis. Journal of Nuclear Agronomy，2024，38（5）：805-818

[35] Hu J，Mei M，Jin F，Xu J F，Duan S G，Bian C S，Li G C，Wang X Y，Jin L P. Phenotypic variability and genetic diversity analysis of cultivated potatoes in China. Frontiers in Plant Science，2022，13：954162

[36] 邵国莉，谭占明，程云霞，李文博，孙婉婷. 12 种马铃薯营养品质测定及综合评价. 食品与机械，2023，39（10）：146-149，174
Shao G L，Tan Z M，Cheng Y X，Li W B，Sun W T. Determination and comprehensive evaluation of nutritional quality of 12 kinds of potato. Food & Machinery，2023，39（10）：146-149，174

[37] 张帆，李源，陈梦茹，邢英英，王秀康. 20 个马铃薯品种品质比较与综合评价. 河南农业科学，2022，51（8）：28-36
Zhang F，Li Y，Chen M R，Xing Y Y，Wang X K. Quality comparison and comprehensive evaluation of 20 potato varieties. Henan Agricultural Sciences，2022，51（8）：28-36

[38] 高玉坤，崔江慧，项晓冬，薛薇，殷丛培，任根增，李峰，王维东，王志刚，魏世林，梁红凯，常金华. 65 个马铃薯品种（系）指纹图谱构建和遗传多样性分析. 农业生物技术学报，2020，28（8）：1363-1378
Gao Y K，Cui J H，Xiang X D，Xue W，Yin C P，Ren G Z，Li F，Wang W D，Wang Z G，Wei S L，Liang H K，Chang J H. Fingerprint construction and genetic diversity analysis of 65 potato varieties（lines）. Journal of Agricultural Biotechnology，2020，28（8）：1363-1378

[39] 陈丹，祝迪，周国雁，武晓阳，伍少云，蔡青. 滇西地区小麦地方品种SSR分子标记遗传多样性及亲缘关系分析. 植物遗传资源学报，2023，24（2）：445-457
Chen D，Zhu D，Zhou G Y，Wu X Y，Wu S Y，Cai Q. SSR markers genetic diversity analysis and genetic relationship analysis of wheat landraces from the west of Yunnan province. Journal of Plant Genetic Resources，2023，24（2）：445-457

[40] 白晓倩，陈于，张仕杰，赵玉强，王武，朱灿灿. 基于表型性状和SSR标记的板栗品种遗传多样性分析及分子身份证构建. 植物遗传资源学报，2022，23（4）：972-984
Bai X Q，Chen Y，Zhang S J，Zhao Y Q，Wang W，Zhu C C. Genetic diversity analysis and fingerprinting of chestnut varieties based on phenotypic traits and SSR markers. Journal of Plant Genetic Resources，2022，23（4）：972-984

[41] 李建武，文国宏，李高峰，张荣，马胜，齐恩芳，贾小霞. 甘肃省主栽马铃薯品种的SSR遗传多样性分析. 分子植物育种，2017，15（5）：1951-1962
Li J W，Wen G H，Li G F，Zhang R，Ma S，Qi E F，Jia X X. Genetic diversity of potato cultivars in Gansu province by SSR. Molecular Plant Breeding，2017，15（5）：1951-1962

[42] 王梓煦，曾郅涵，秦孝天，李子航，童宇航，刘克林，李庆卫. 基于SSR分子标记的沙枣遗传多样性分析和指纹图谱构建. 生物工程学报，2024，40（10）：3530-3547
Wang Z X，Zeng Z H，Qin X T，Li Z H，Tong Y H，Liu K L，Li Q W. Genetic diversity analysis and fingerprint construction of *Elaeagnus jujube* based on SSR markers. Journal of Bioengineering，2024，40（10）：3530-3547

[43] 段绍光，金黎平，李广存，卞春松，徐建飞，胡军，屈冬玉. 马铃薯品种遗传多样性分析. 作物学报，2017，43（5）：718-729

Duan S G, Jin L P, Li G C, Bian C S, Xu J F, Hu J, Qu D Y. Analysis of genetic diversity of potato varieties. Acta Agronomica Sinica, 2017, 43 (5): 718-729

[44] 李佩华, 张伦, 罗杰, 杜婷婷, 董攀, 彭正松, 刘登才. 四川山区63份马铃薯亲本材料的SSR指纹图谱构建及遗传多样性分析. 四川农业大学学报, 2024, 42 (4): 792-799
Li P H, Zhang L, Luo J, Du T T, Dong P, Peng Z S, Liu D C. Construction of SSR fingerprint and genetic diversity analysis of 63 parental potato accessions in Sichuan mountainous area. Journal of Sichuan Agricultural University, 2024, 42 (4): 792-799

[45] 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. 20份马铃薯品种(系)指纹图谱构建和遗传多样性分析. 江苏农业科学, 2022, 50 (21): 41-46
Liu Y Q, Tian Z M, Qi L P, Gong X C, Feng Y, Zhang Y S, Zhai X N, Su C C, Chai G Z, Wang R. Fingerprint construction and genetic diversity analysis of 20 potato varieties (lines). Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50 (21): 41-46