

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.01451

## 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

段艳凤 刘 杰 卞春松 段绍光 徐建飞 金黎平\*

中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081

**摘 要:** 为对马铃薯品种鉴别、优良杂交组合选配提供分子水平上的依据, 利用 SSR 标记构建了中国 2000—2007 年审定的 88 个马铃薯品种的指纹图谱并进行了遗传多样性分析。以 138 对 SSR 引物对 16 份遗传差异较大的马铃薯材料的基因组 DNA 进行了扩增, 筛选出 10 对多态性高、谱带清晰的引物。利用 10 对 SSR 引物对全部供试材料进行扩增及电泳检测, 共检测到 135 个等位位点, 其中 133 个为多态性位点, 多态性比率达 98.52%。每对 SSR 引物扩增出的等位位点数 7~22 个, 平均 13.5 个, 多态性信息量变化范围为 0.7604~0.9375, 平均 0.8501。通过对电泳检测结果的统计分析, 利用 S180、S25、S7、S151、S184 及 S192 共 6 对引物构建了 88 份供试材料的 SSR 指纹图谱。聚类分析表明, 在相似系数 0.620 处, 所有供试材料被聚为一类, 在相似系数 0.652 处, 81.8% 的材料仍然聚在一起, 从分子水平上表明供试材料遗传基础非常狭窄。聚类分析结果与供试材料系谱来源有较好一致性, 同一栽培区域育成的品种在不同程度上聚在一类。

**关键词:** 马铃薯; 审定品种; SSR 标记; DNA 指纹图谱; 遗传多样性

## Construction of Fingerprinting and Analysis of Genetic Diversity with SSR Markers for Eighty-Eight Approved Potato Cultivars (*Solanum tuberosum* L.) in China

DUAN Yan-Feng, LIU Jie, BIAN Chun-Song, DUAN Shao-Guang, XU Jian-Fei, and JIN Li-Ping\*

Institute of Vegetables and Flowers of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

**Abstract:** Potato (*Solanum tuberosum* L.) is one of the most important food crops in the world. Approved potato cultivars have contributed a lot not only to potato production but also to varietal improvement as germplasm resource, and about 110 potato cultivars were approved during 2000–2007 in China. It is necessary to make potato cultivar identification and genetic relationship analysis for seed production, germplasm management, plant variety protection, and breeding practice. Currently, the simple sequence repeats (SSRs) are preferred as molecular markers due to their highly desirable properties. In this study, for the purpose of cultivar identification and parents combination at the molecular level, SSR markers were employed to analysis on fingerprinting and genetic diversity of 88 potato cultivars approved in China during 2000–2007. Ten of 138 pairs of SSR primers were screened out based on 16 accessions distinct in genetics. The 10 primer pairs amplified a total of 135 alleles (including 133 polymorphic alleles) among the 88 cultivars, and the ratio of polymorphism was as high as 98.52%. Alleles amplified by each pair of primers ranged from 7 (primer S7) to 22 (primer S189), with a mean of 13.5. The polymorphic information content values (PIC) ranged from 0.7604 (primer S192) to 0.9375 (primer S189), with a mean of 0.8501. The fragment size varied from 80 to 380 bp. The fingerprinting of 88 cultivars was constructed by 6 pairs of primers of S180, S25, S7, S151, S184, and S192. Eighty-seven out of 88 cultivars were univocally identified using only five SSR primers (S180, S25, S7, S151, and S184). UPGMA cluster analysis of genetic similarity showed that all the materials were clustered in to one group at the genetic similarity of 0.620, and 81.8% of the cultivars were still clustered together at the genetic similarity of 0.652. The genetic relationships of cultivars were identical to the

本研究由国家“十一五”科技支撑计划项目(2007BAD49B01), 引进国际先进农业科学技术计划(948 计划)项目(2006-G12), 农业部园艺作物遗传改良重点开放实验室资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 金黎平, Tel: 010-82109543

第一作者联系方式: E-mail: duanyanfeng1110@163.com; Tel: 13810761380

Received(收稿日期): 2008-12-29; Accepted(接受日期): 2009-04-25.

family tree basically. It is indicated that the genetic basis of potato cultivars in China is narrow, and the genetic relationship of the potato cultivars derived from the same district is similar. The fingerprinting and analysis of genetic diversity in this study give a basis for exploration and utilization of approved potato cultivars as germplasm resources.

**Keywords:** Potato; Approved cultivars; SSR markers; DNA fingerprinting; Genetic diversity

马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)是粮、菜、饲和工业原料兼用的主要农作物,其适应性广、丰产性好、营养丰富、经济效益高、适于加工,在促进农民增收和维护国家粮食安全中发挥着重要作用。我国是世界马铃薯生产第一大国,据《中国农业年鉴统计》,2005年种植面积为488.09万公顷,总产量为7 086万吨。我国马铃薯育种仍以常规方法为主,即品种间或种间杂交。据不完全统计,自20世纪40年代到2000年间,我国共育成马铃薯品种170多个<sup>[1]</sup>。近年来,随着我国马铃薯育种进程加快,育成的品种数量迅速增加,2000—2007年省级(含直辖市)以上共审定品种近110个。由于早期对马铃薯品种缺乏系统完善的鉴定方法,致使出现同种多名和同名多种等现象,品种混乱问题给马铃薯生产造成很大损失。马铃薯品种鉴定一直基于传统的形态学特征,如块茎性状、叶类型、花色及芽外观等<sup>[2]</sup>,这些性状容易受环境条件影响,并且对植物及块茎成熟度等都有一定的要求<sup>[3]</sup>。此外,我国育成马铃薯品种的亲本基本上是五、六十年代引自欧洲的四倍体栽培品种,亲缘关系近,后代的遗传变异停留于近交水平<sup>[4]</sup>,从而加大了利用传统形态学鉴定马铃薯品种的难度。因此,如何快速准确鉴别马铃薯品种和选配优良杂交组合培育新品种,已成为当前马铃薯生产及科研中急需解决的问题。

SSR (simple sequence repeat)标记在基因组间广泛分布,由于其具有共显性、重复性好、多态性高、扩增结果稳定、检测手段简便易行,被广泛应用于马铃薯品种指纹图谱绘制、遗传关系分析<sup>[5-9]</sup>。本研究采用SSR标记构建我国2000—2007年审定的88个马铃薯品种的指纹图谱,并进行遗传多样性分析,以期马铃薯种薯生产、种质资源管理、育种实践、品种审定及知识产权保护等方面提供一定科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

88个马铃薯品种均在2000—2007年通过省级

(含直辖市)以上审定,由全国18个省市22个育种单位提供(表1)。

### 1.2 DNA提取

取苗期植株幼嫩、健壮且新鲜的叶片,利用CTAB法<sup>[10]</sup>结合高通量的Retsch细胞破碎仪(Retsch Inc., Haan, Germany)快速提取基因组DNA,以1%琼脂糖凝胶电泳检测。样品稀释到25 ng  $\mu\text{L}^{-1}$ ,置 $-20^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存。

### 1.3 SSR标记分析

SSR引物序列信息来源于公开发表的文献<sup>[11-12]</sup>(表2),引物均由上海生工生物工程技术有限公司合成。

PCR扩增体系20  $\mu\text{L}$ ,含25 ng  $\mu\text{L}^{-1}$  DNA模板2.0  $\mu\text{L}$ 、10 pmol  $\mu\text{L}^{-1}$ 上游primer 0.8  $\mu\text{L}$ 、10 pmol  $\mu\text{L}^{-1}$ 下游primer 0.8  $\mu\text{L}$ 、2.5 mmol  $\text{L}^{-1}$  dNTPs 1.6  $\mu\text{L}$ 、10 $\times$ PCR buffer 2.0  $\mu\text{L}$ 、*Taq* DNA聚合酶(2.5 U  $\mu\text{L}^{-1}$ ) 0.4  $\mu\text{L}$ 、ddH<sub>2</sub>O 12.4  $\mu\text{L}$ 。*Taq* DNA聚合酶为Tiangen公司产品。反应程序为94 模板预变性5 min; 94 变性30 s,退火30 s(退火温度范围在53~64 $^{\circ}\text{C}$ ),72 延伸45 s,35个循环;最后72 下延伸7 min,4 保存。

PCR产物用8%的变性PAGE电泳检测。电泳结束后用硝酸银染色观察结果。

### 1.4 数据分析

SSR扩增谱带在相同迁移率位置上有带记为1、无带记为0,组成原始矩阵。多态性位点百分率 $p = (k / n) \times 100\%$ ,其中 $k$ 是多态位点数目; $n$ 为所测位点总数。多态性信息量 $PIC = 1 - \sum_{i=1}^i f_i^2$ ,其中, $f_i$ 为基因座位上第 $i$ 等位基因的频率。

用NTSYS-pc2.11软件的SAHN程序和UPGMA方法进行聚类分析,并通过Tree plot模块生成聚类图。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR标记多态性分析

通过系谱分析,选用16份遗传差异较大的材料对138对SSR引物进行筛选,获得10对多态性高、

表 1 供试马铃薯品种材料  
Table 1 Potato accessions used in this study

编号 Code	材料名称 Accession	编号 Code	材料名称 Accession	编号 Code	材料名称 Accession
1	克新 19 Kexin 19	31	早大白 Zaodabai	61	张薯 7 号 Zhangshu 7
2	克新 20 Kexin 20	32	冀张薯 8 号 Jizhangshu 8	62	克新 17 Kexin 17
3	春薯 4 号 Chunshu 4	33	合作 88 Hezuo 88	63	延薯 4 号 Yanshu 4
4	青薯 2 号 Qingshu 2	34	合作 23 Hezuo 23	64	宁薯 11 Ningshu 11
5	秦芋 30 Qinyu 30	35	合作 001 Hezuo 001	65	宁薯 9 号 Ningshu 9
6	中薯 7 号 Zhongshu 7	36	合作 002 Hezuo 002	66	青薯 6 号 Qingshu 6
7	青薯 8 号 Qingshu 8	37	鄂马铃薯 5 号 Emalingshu 5	67	晋薯 16 Jinshu 16
8	青薯 5 号 Qingshu 5	38	天薯 8 号 Tianshu 8	68	晋薯 17 Jinshu 17
9	青薯 7 号 Qingshu 7	39	中薯 6 号 Zhongshu 6	69	晋薯 11 Jinshu 11
10	川芋 10 号 Chuanyu 10	40	丽薯 2 号 Lishu 2	70	晋薯 13 Jinshu 13
11	东农 305 Dongnong 305	41	同薯 23 Tongshu 23	71	晋薯 15 Jinshu 15
12	大西洋 Atlantic	42	蒙薯 10 号 Mengshu 10	72	秦芋 31 Qinyu 31
13	川芋 6 号 Chuanyu 6	43	蒙薯 12 Mengshu 12	73	川芋 5 号 Chuanyu 5
14	双丰 5 号 Shuangfeng 5	44	克新 15 Kexin 15	74	川芋 8 号 Chuanyu 8
15	中薯 5 号 Zhongshu 5	45	云薯 101 Yunshu 101	75	中甸红 Zhongdianhong
16	中薯 9 号 Zhongshu 9	46	云薯 201 Yunshu 201	76	会-2 号 Hui-2
17	坝薯 10 号 Bashu 10	47	克新 14 Kexin 14	77	合作 003 Hezuo 003
18	双丰 6 号 Shuangfeng 6	48	鄂马铃薯 4 号 Emalingshu 4	78	丽薯 1 号 Lishu 1
19	蒙薯 13 Mengshu 13	49	中薯 13 Zhongshu 13	79	云薯 102 Yunshu 102
20	晋薯 12 Jinshu 12	50	中薯 14 Zhongshu 14	80	云薯 301 Yunshu 301
21	晋薯 14 Jinshu 14	51	中薯 3 号 Zhongshu 3	81	中薯 4 号 Zhongshu 4
22	凉薯 8 号 Liangshu 8	52	Favorita	82	中薯 8 号 Zhongshu 8
23	凉薯 17 Liangshu 17	53	东农 306 Dongnong 306	83	中大 1 号 Zhongda 1
24	同薯 20 Tongshu 20	54	东农 307 Dongnong 307	84	中薯 10 号 Zhongshu 10
25	青薯 3 号 Qingshu 3	55	新大坪 Xindaping	85	中薯 11 Zhongshu 11
26	郑薯 7 号 Zhengshu 7	56	陇薯 5 号 Longshu 5	86	中薯 12 Zhongshu 12
27	宁薯 10 号 Ningshu 10	57	陇薯 6 号 Longshu 6	87	云薯 501 Yunshu 501
28	克新 16 Kexin 16	58	青薯 4 号 Qingshu 4	88	渝马铃薯 1 号 Yumalingshu 1
29	鄂马铃薯 3 号 Emalingshu 3	59	天薯 9 号 Tianshu 9		
30	克新 18 Kexin 18	60	威芋 3 号 Weiyu 3		

表 2 SSR 引物序列与名称  
Table 2 SSR primer sequences used in this study

编号 Code	染色体上的位置 Map location	SSR 基序 SSR motif	正向引物 Forward primer (5'–3')	反向引物 Reverse primer (5'–3')	引物来源 Primer origin
S180	VIII	(TAA) <sub>n</sub>	ACTGCTGTGGTTGGCGTC	ACGGCATAGATTTGGAAGCATC	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S25	X	(GGC) <sub>n</sub> (GGT) <sub>n</sub>	GCGAATGACAGGACAAGAGG	TGCCACTGCTACCATAACCA	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S7	II	(CA) <sub>imp</sub> (TC) <sub>imp</sub>	GACTGGCTGACCCTGAAGTC	GACAAAATTACAGGAAGTGC AAA	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S151	VI	(AAG) <sub>n</sub>	GCTGTCTAAACACTCAAGCAGAA	CAACTACAAGATTCATCCACAG	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S184	II	(CTT) <sub>n</sub>	TCATCACAACGTGACCCCA	GGGCTTGAATGATGTGAAGCTC	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S192	III	(ATA) <sub>n</sub>	ACTTCTGCATCTGGTGAAGC	GGTCTGGATTCCCAGGTTG	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S170	VIII	(GAA) <sub>n</sub>	CGCAAATCTTCATCCGATTC	TCCGGCGGATAATACTTGTT	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S174	VII	(AGG) <sub>n</sub>	TGAGGGTTTTGAGAAAGGGA	CATCCTTGCAACAACCTCCT	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>
S118	XII	Compound (GT/GC)(GT) <sub>8</sub>	AGAGATCGATGTAAAAACAGT	GTGGCATTTTGATGGATT	Ghislain M et al. <sup>[11]</sup>
S189	IX	(AAG) <sub>n</sub>	CCTTGTAGAACAGCAGTGGTC	TCCGCCAAGACTGATGCA	Feingold S et al. <sup>[12]</sup>

带型容易识别的引物, 引物代号为 S192、S184、S25、S7、S151、S170、S174、S118、S189 和 S180。用于引物筛选的 16 份材料分别是 Katahdin、Epoka、Mira、Anemone、小叶子、系薯 1 号、虎头、Schwalbe、克新 2 号、高原 7 号、川芋 6 号、鄂马铃薯 3 号、Favorita、中薯 3 号、蒙薯 10 号和 DTO-33。

利用 10 对 SSR 引物对 88 份供试材料进行扩增, 共扩增出 135 个等位位点, 其中 133 个为多态性位点, 占 98.52%。每个位点的等位基因数目不等, 变幅为 7(S7)~22(S189)。平均多态性信息量为 0.8501, 变幅为 0.7604(S192)~0.9375(S189)。扩增产物片段大约在 80~380 bp 之间(表 3)。

表 3 SSR 引物扩增情况  
Table 3 The result of amplifying by selected primers

引物编号 Primer code	退火温度 Annealing temperature( )	等位位点数 No. of alleles	多态性位点数 No. of polymorphic alleles	多态性比率 Ratio of polymorphic alleles (%)	扩增片段范围 Range of allele size (bp)	多态性信息量 PIC
S180	55	15	15	100	130–200	0.8971
S25	55	13	12	92.31	180–380	0.8185
S7	55	7	7	100	135–160	0.7885
S151	55	12	12	100	80–153	0.8428
S184	55	17	17	100	160–290	0.8681
S192	55	9	8	88.89	160–250	0.7604
S170	58	15	15	100	116–270	0.8355
S174	64	14	14	100	120–195	0.8773
S118	53	11	11	100	115–190	0.8755
S189	55	22	22	100	180–380	0.9375
合计 Total	—	135	133	—	—	—
平均 Average	—	13.5	13.3	98.52	—	0.8501

2.2 品种指纹分析

通过对 10 对 SSR 引物的扩增谱带进行统计分析, 综合考虑 PIC 值大小、扩增带型统计的难易及引物的重复性高低, 确定 S180、S25、S7、S151、S184 和 S192 共 6 对引物用于构建 88 份供试材料的指纹图谱。其中, S180 可鉴别克新 20、秦芋 30、青薯 5 号等 38 个品种; S25 可鉴别春薯 4 号、青薯 7 号、中薯 9 号等 33 个品种; S7 可鉴别东农 305、大西洋、川芋 6 号等 16 个品种; S151 可鉴别克新 19、坝薯 10 号、蒙薯 10 号等 13 个品种; S184 可鉴别双丰 5 号、晋薯 14、合作 88 等 11 个品种; S192 可鉴别克新 20、合作 001、中薯 13 及中甸红 4 个品种。

根据上述 6 对 SSR 引物的 0、1 统计结果, 以

S180 一对引物进行鉴定, 可将 43.2% (38 个)的品种区分开; 结合 S180、S25 两对引物进行鉴定, 可将 85.2% (75 个)的品种区分开; 结合 S180、S25、S7 三对引物进行鉴定, 可将 93.2% (82 个)的品种区分开; 结合 S180、S25、S7、S151 四对引物进行鉴定, 可将 95.5% (84 个)的品种区分开; 结合 S180、S25、S7、S151、S184 五对引物进行鉴定, 可将 98.9% (87 个)的品种区分开; 结合 S180、S25、S7、S151、S184、S192 六对引物进行鉴定, 可将 88 个品种完全区分开。本研究按照 S180/S25/S7/S151/S184/S192 组合, 构建了 88 份供试材料的指纹图谱(本文未列出)。图 1 为引物 S184 对部分马铃薯审定品种的扩增结果。

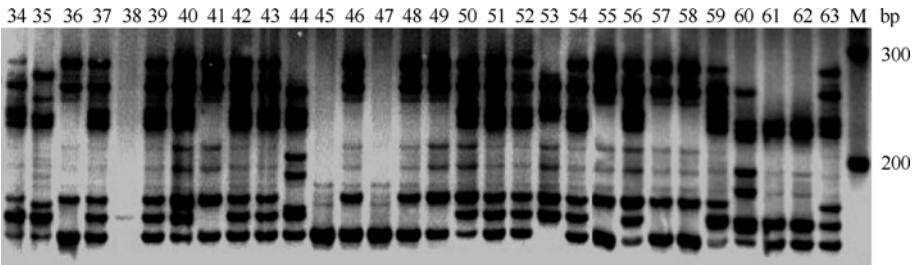


图 1 引物 S184 在部分马铃薯审定品种中的扩增结果  
Fig. 1 DNA fragments amplified by SSR primer S184 in some potato cultivars  
M: 分子量标准; 34~63: 对应供试材料编号(编号与表 1 相同)。  
M: marker; 34–63: the codes of cultivars corresponding with those in Table 1.

### 2.3 聚类分析

按照 UPGMA 进行聚类分析, 得到 88 份供试材料的遗传关系树状图(图 2)。以遗传相似系数 0.640 为标准, 可将所有供试材料分为 4 个类群, 一个大类 A 和 3 个较小的 B、C、D 类。聚类结果与系谱来源有较好一致性, 且品种的亲缘关系与来源地区有较为明显的关系, 即同一栽培区域育成的品种在不同程度上聚在一起。

A 类包括 79 份品种, 占有供试材料的 89.8%, 在相似系数 0.652 处可被分为 3 个亚类, 即 A1、A2 和 A3。其中 A1 亚类包括 72 份品种, 且可进一步划分为 6 组。I 组 50 份品种中, 74% 来自北方和西北一季作区, 其中包括中薯系列 10 份品种、克新系列 5 份品种、晋薯系列 4 份品种、青薯系列 4 份品种及东农系列的 3 份品种。本组中含有美国品种 Katahdin、小叶子血缘的品种占 28%, 含有德国品种工业、Jubel 血缘的品种占 28%, 含有新型栽培种血缘的品种占 12%, 含有波兰、加拿大、荷兰品种血缘的分别占 6%、8%、6%, 由国际马铃薯中心(CIP)种质资源育成的品种占 8%。II 组包括 7 份品种, 其中 5 份来自西南一二季作垂直分布区。云薯 201、云薯 101、云薯 102 含有新型栽培种血缘, 均为 S95-105 与内薯 7 号杂交后代系统选育而成。III 组包括 7 份品种, 6 份来自北方一季作区, 1 份来自南方冬作区。其中 3 份含有美国品种早玫瑰、小叶子的血缘。IV 组延薯 4 号来自北方一季作区, 是由莫斯科列思基茎尖剥离组织培养过程中产生的自然芽变单株系统选育而成, 与其他品种亲缘关系较远, 单独分为一组。V 组包括川芋 10 号和晋薯 17 两份品种, 分别来自西南一二季作垂直分布区和北方一季作区, 均含有德国品种德友 7 号的血缘。VI 组 5 份品种, 其中北方一季作区 4 份。该组中 3 份品种含有德国品种工业和 Jubel 的血缘。A2 亚类包含 6 份品种, 3 份来自北方和西北一季作区, 3 份来自西南一二季作垂直分布区。其中丽薯 2 号和蒙薯 10 号由新型栽培种资源育成, 合作 88 号和合作 003 由 CIP 资源育成。A3 亚类则只包含双丰 6 号一个品种, 来自中原二季作区, 由 CIP 资源育成。

B 类包括 6 份品种即青薯 2 号、中薯 7 号、凉薯 8 号、青薯 6 号、冀张薯 8 号及大西洋。5 份属于北方和西北一二季作区。大西洋为美国引进品种, 青薯 2 号、中薯 7 号均含有美国品种 Katahdin 的血缘。

C 类包括合作 001 和川芋 5 号两个品种, 均来

自西南一、二季作垂直分布区, 均由 CIP 种质资源选育而成。

D 类只包含克新 15 一个品种, 来自北方一季作区, 由新型栽培种种质资源选育而成。

在聚类分析中, 同一育种单位培育的品种多聚在相同类群, 如中国农业科学院蔬菜花卉研究所培育的中薯 3 号、中薯 8 号、中薯 12、中薯 13 聚在 A1 亚类第 1 组; 云南省农科院经济作物研究所培育的云薯 201、云薯 301、云薯 101、云薯 102 聚在 A1 亚类第 2 组; 陕西省安康市农业科学研究所培育的秦芋 30 和秦芋 31 聚在 A2 亚类。

### 3 讨论

本研究从筛选出的 10 对遗传多态性较强的 SSR 引物中, 选取扩增谱带稳定性较好、分辨率较高的 6 对, 利用它们的指纹组合构成了供试马铃薯材料特有的 DNA 指纹, 将这些材料逐一区分开。SSR 标记的高分辨力特性及共显性的遗传方式使其成为品种 DNA 指纹分析较为理想的技术。马铃薯 SSR 标记的不断开发及引物序列的公开发表, 极大地促进了 SSR 技术在马铃薯品种鉴定及种质资源研究中的应用。Norero 等<sup>[12]</sup>利用 4 对 SSR 引物对 37 个马铃薯品种进行分子鉴定, 其中 3 对引物可将其中的 36 个品种区分开, 4 对引物可将所有品种完全区分; Kawchuk 等<sup>[13]</sup>利用 3 对引物区分 95 份马铃薯材料中的 73 份; Ashkenazi 等<sup>[14]</sup>利用其开发的 30 个 SSR 标记中的 7 个来鉴定 12 个不同的马铃薯栽培品种, 结果表明 2 个 SSR 标记即可将所有品种完全区分。SSR 标记在马铃薯材料鉴定上的成功应用, 将十分有助于马铃薯遗传资源的进一步挖掘和利用, 对知识产权保护也起到了积极作用。

本研究表明, 我国近年审定的马铃薯品种从遗传组成上差异小, 遗传基础狭窄, 与邱宏等<sup>[15]</sup>的研究结论一致。我国育成品种的亲本资源绝大多数是从国外引入的, 属于普通栽培种类型(*S. tuberosum*), 少数含有原始栽培种及野生种血缘<sup>[16]</sup>, 后代遗传变异停留于近交水平。本研究聚类分析表明品种的遗传关系与来源的四大栽培区域有较为明显的关系, 同一栽培区域育成的品种在不同程度上聚在一起, 且同一育种单位育成的品种多聚在相同类群, 这可能与同一栽培区域及各育种单位集中化利用亲本有关, 此研究结果与邱宏等<sup>[17]</sup>的研究不符。这可能由于邱宏等研究其遗传关系利用的是 RAPD 和 AFLP 技

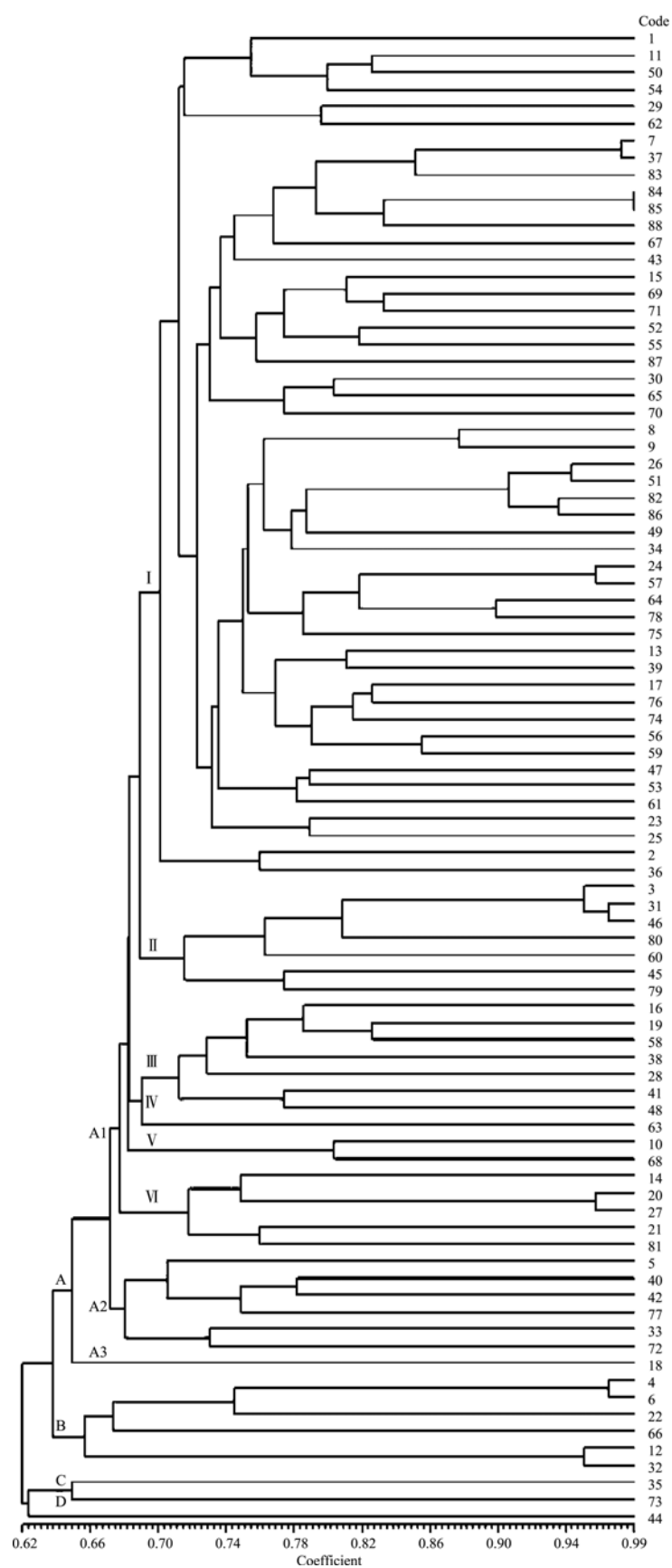


图 2 88 份马铃薯供试材料的聚类结果

Fig. 2 Dendrogram of 88 cultivars based on SSR analysis

术, 而我国现有栽培马铃薯属于染色体基数为 12 的四倍体( $2n=4x=48$ )品种, 遗传上有极其复杂的异质性, 染色体重组频率高, 后代分离程度大, 在某些性状上表现为四体遗传, 而另一些可能表现为二体遗传, 其遗传组成复杂<sup>[16-18]</sup>。四体遗传就某个基因位点而言, 具有 4 个等位基因, RAPD 和 AFLP 主要为显性标记, 其谱带只能反映不同马铃薯种质基因组上的部分差异, 不能反映控制某一性状的全部基因情况<sup>[15]</sup>; 而本研究应用的是 SSR 标记, 是共显性标记, 以孟德尔方式遗传, 能较好地揭示供试材料个体或群体内完整的遗传信息。本研究中有聚类分析结果与实际的亲缘关系不符合, 如中薯 9 号、中薯 13 和中薯 14 均由夏波蒂和中薯 3 号后代系统选育而成, 却被分在不同的组中, 其可能原因是所用引物数量少, 扩增获得的多态性条带有限, 不能充分表现材料本身的特异性。

#### 4 结论

以 6 对 SSR 引物组合构建了我国 2000—2007 年审定的 88 个马铃薯品种的指纹图谱。发现近年来我国审定的马铃薯品种遗传基础狭窄, 并且同一地区育成的品种亲缘关系相近。

**致谢:** 对云南省农业科学院经济作物研究所、山西省农业科学院高寒作物研究所、黑龙江省农业科学院克山分院等 22 个育种单位提供试验材料表示感谢。

#### References

- [1] Jin L-P(金黎平), Qu D-Y(屈冬玉), Xie K-Y(谢开云), Bian C-S(卞春松), Duan S-G(段绍光). Research progress of Chinese potato germplasm and breeding technology. *Seed (种子)*, 2003, (5): 98–100 (in Chinese)
- [2] Norero N, Malleville J, Huarte M, Feingold S. Cost efficient potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivar identification by microsatellite amplification. *Potato Res*, 2002, 45: 131–138
- [3] Demeke T, Kawchuk L M, Lynch D R. Identification of potato cultivars and clonal variants by random amplified polymorphic DNA analysis. *Am Potato J*, 1993, 70: 561–570
- [4] Jin G-H(金光辉). Germplasm analysis of main potato cultivars in China. *Crop Germplasm Res (作物品种资源)*, 1999, (4): 12–13 (in Chinese)
- [5] Milbourne D, Meyer R C, Collins A J, Ramsay L D, Gebhardt C, Waugh R. Isolation, characterization and mapping of simple sequence repeat loci in potato. *Mol Gen Genet*, 1998, 259: 233–245
- [6] McGregor C E, Lambert C A, Greyling M M, Louw J H, Warnich L. A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm. *Euphytica*, 2000, 113: 135–144
- [7] McGregor C E, Greyting M, Warnich L. The use of simple sequence repeats (SSRs) to identify commercially important potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars in South Africa. *South Africa J Plant Soil*, 2000, 17: 177–180
- [8] Barandalla L, Galarreta J I R D, Rios D, Ritter E. Molecular analysis of local potato cultivars from Tenerife Island using microsatellite markers. *Euphytica*, 2006, 152: 283–291
- [9] Ispizúa V N, Guma I R, Feingold S, Clausen A M. Genetic diversity of potato landraces from northwestern Argentina assessed with simple sequence repeats (SSRs). *Genet Resour Crop Evol*, 2007, 54: 1833–1848
- [10] Jones J R, Walker R T. Isolation and analysis of the deoxyribonucleic acid of *Mycoplasm amycoides* var. *capri*. *Nature*, 1963, (198): 588–589
- [11] Ghislain M, Spooner D M, Rodríguez F, Villamón F, Núñez J, Vásquez C, Waugh R, Bonierbale M. Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 881–890
- [12] Feingold S, Lloyd J, Norero N, Bonierbale M, Lorenzen J. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum* L.). *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 456–466
- [13] Kawchuk L M, Lynch D R, Thomas J, Penner B, Sillito B, Kulcsar F. Characterization of *Solanum tuberosum* simple sequence repeats and application to potato cultivar identification. *Am Potato J*, 1996, 73: 325–335
- [14] Ashkenazi V, Chani E, Lavi U, Levy D, Hillel J, Veilleux R E. Development of microsatellite markers in potato and their use in phylogenetic and fingerprinting analyses. *Genome*, 2001, 44: 50–62
- [15] Di H(邸宏), Chen Y-L(陈伊里), Jin L-P(金黎平). Genetic diversity analysis of chinese main potato cultivars by RAPD and AFLP makers. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2006, 32(6): 899–904 (in Chinese with English abstract)
- [16] Jin L-P(金黎平). Genetic dissection of processing quality and important agronomic traits in diploid potato (*Solanum tuberosum* L.). PhD Dissertation of Graduate School of Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2006 (in Chinese with English abstract)
- [17] Di H(邸宏), Chen Y-L(陈伊里), Jin L-P(金黎平). Genetic diversity analysis of some Chinese cultivated potato varieties using AFLP markers. *Acta Hort Sin (园艺学报)*, 2006, 33(6): 1349–1352 (in Chinese with English abstract)
- [18] Spooner D M, Bamberg J B. Potato genetics resources: Sources of resistance and systematics. *Am Potato J*, 1994, 71: 325–337