西北植物学报,2021,41(8):1302－1314
Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin.

doi:10.7606/j.issn.1000-4025.2021.08.1302 http://xbzwxb.alljournal.net

基于全基因组重测序 SNP 标记的 148 份马铃薯种质遗传多样性分析

韩志刚[1,2],郝文胜[2],谢　锐[2],郭景山[2],伊六喜[1],侯建华[1*]

(1 内蒙古农业大学 农学院,呼和浩特 010019; 2 内蒙古自治区农牧业科学院,呼和浩特 010031)

摘　要:为了解 148 份国内外四倍体马铃薯普通栽培种的遗传背景和亲缘关系,该研究通过第三代高通量测序手段进行全基因组重测序,以 SNP 为分子标记、遗传相似系数为指标,结合系谱信息,利用群体结构与聚类分析相结合的方法,分析该群体遗传多样性。结果表明:(1)通过有效过滤筛选后获得 1 209 969 个高质量 SNP 位点,明确定位在染色体水平上的 SNP 位点为 1 192 472 个,占比 98.55%;除 11 号染色体没有位点分布外,5 号染色体分布位点最多,7 号染色体最少。(2)各品种间遗传相似系数在 0.784～0.958 之间,平均为 0.842,且主要集中于 0.800～0.880(有 10 604 个),占 97.5%。(3)群体结构分析显示,将 148 份材料分为 6 个群组,Q 值>0.6 的品种有 36 个,占比 24.3%,遗传背景较单一的品种中,华北区育成品种有 16 个占 44.4 %,国外品种有 13 个占 36.1%,二者共占 80.5%,说明华北区育成品种及国外品种的遗传组分相对单一而且比例高于其他区域品种。(4)聚类分析结果表明 148 份马铃薯品种被划分为 3 个类群,'中薯系列'、'陇薯系列'及'冀张薯系列'品种聚在一起有着一定的地理区域性,其他不同地理来源的马铃薯品种相互交错分布,说明育成区域的差别与亲缘关系并无必然联系,同时也说明各育种单位相互引种频繁,新品种选育过程中存在基因交流情况。群体结构分析与聚类分析分群结果基本吻合,相互验证。研究认为,马铃薯绝大部分普通栽培种品种间遗传相似性很高,遗传背景不够丰富,在育种中亟待引入新型种质,拓宽遗传基础。

关键词:马铃薯;种质资源;SNP;遗传多样性

中图分类号:Q789　　**文献标志码**:A

Analysis of Genetic Diversity of 148 Potato Germplasm Based on SNP Markers from Whole Genome Resequencing

HAN Zhigang[1,2], HAO Wensheng[2], XIE Rui[2], GUO Jingshan[2], YI Liuxi[1], HOU Jianhua[1*]

(1 Institute of Agronomy, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010019, China; 2 Inner Mongolia Academy of Agriculture and Husbandry Sciences, Hohhot 010031, China)

Abstract: In order to understand the genetic background and genetic relationship of 148 *S. tuberosum* of tetraploid potato at home and abroad, the whole genome was re-sequenced through the third-generation high-throughput sequencing method. Using SNP as molecular markers, genetic similarity coefficient as indicator and pedigree information, we analyzed the genetic diversity of the population by using a combination of population structure and cluster analysis. The results showed that: (1) 1 209 969 high-quality SNP

收稿日期:2021-04-22;**修改稿收到日期**:2021-07-15

基金项目:国家马铃薯产业技术体系(CARS-09-ES03);内蒙古自治区科技创新引导项目(KCBJ2018057);内蒙古自治区重大专项(ZDZX2018019);内蒙古农牧业科学院青年创新基金(2019QNJJ06)

作者简介:韩志刚(1983－),男,博士研究生,主要从事马铃薯遗传育种研究。E-mail:840503358

* 通信作者:侯建华,教授,博士生导师,主要从事作物遗传育种研究。E-mail:houjh68@163.com

loci were obtained after effective filtering and screening. The number of SNP loci clearly located at the chromosome level was 1 192 472, accounting for 98.55%. Except for chromosome 11, which has no loci distribution, chromosome 5 has the most, Chromosome 7 is the least. (2) The genetic similarity coefficients among various breeds ranged from 0.784 to 0.958, with an average of 0.842, mainly concentrated in the range of 0.800 to 0.880, with 10 604, accounting for 97.5%. (3) The structure analysis showed that 148 materials were divided into 6 groups, 36 varieties with Q value> 0.6, accounting for 24.3%. Among varieties with a relatively single genetic background, 16 varieties bred in North China accounted for 44.4%. 13 foreign varieties accounted for 36.1%, and the two together accounted for 80.5%, indicating that the genetic components of bred varieties in North China and foreign varieties have a higher percentage of genetic components than other regional varieties. (4) The results of cluster analysis showed that 148 potato varieties were divided into 3 groups. The varieties of 'Zhongshu Series', 'Longshu Series' and 'Jizhangshu Series' clustered together have a certain geographic region, and other varieties of different geographic origin. The interlaced distribution of potato varieties shows that the differences in breeding areas are not necessarily related to genetic relationships. Breeding units frequently introduce each other, and there are gene exchanges between different areas during the selection and breeding of new varieties. The results of structure analysis and cluster analysis are basically consistent and mutually verify. Studies have shown that most *S. tuberosum* have a high genetic similarity, and the genetic background is not rich enough. It is urgent to introduce new germplasm in breeding to broaden the genetic basis.

Key words: potato; germplasm resources; SNP; genetic diversity

中国的马铃薯研究始于 20 世纪 30 年代，在 40 年代分批次从美国、日本等国家引种，50 年代利用这些引进的资源开始了有规模的自主育种工作[1]。经历半个多世纪，中国的马铃薯育种工作从无到有，从传统育种到现在的与分子标记辅助育种相结合的发展经历，取得了长足的进步。截止 2020 年利用前人引进的资源中国的马铃薯育种家们选育审定登记的新品种 873 份，而这些自主选育的新品种在中国的不同生态地区发挥着各自的优势，为当地老百姓带来了实惠，同时，有些国外种质资源至今仍在大面积种植，例如，美国的'布尔班克'、'大西洋'，加拿大的'夏波蒂'，荷兰的'费乌瑞它'等品种。'白头翁'、'卡它丁'等老品种更是育种家们沿用已久的经典亲本[2]。因此，对国外引进的马铃薯种质资源及国内选育新品种的充分利用就显得十分必要，而要有效合理地利用这些资源，就必须了解其遗传背景、亲缘关系，对其遗传多样性进行研究[3]。分子标记无疑是对各种生物群体的遗传多样性研究中最常用的方法。邸宏[4]利用 AFLP 和 RAPD 分子标记对国内主栽品种、地方品种、新型栽培种及抗 PVY 品种等 4 类资源种植共 157 份品种进行了遗传多样性分析，表明新型栽培种和地方品种的遗传基础丰富于普通栽培种，普通栽培种与新型栽培种在遗传组成上有明显区别，而地方品种与普通栽培种无明显差异。徐敏[1]用 SSR 分子标记对国内审定的 203 份品种遗传多样性分析发现，中国马铃薯审定品种遗传多样性较低。程永芳[5]基于 SRAP 标记通过 UPGMA 法可将 54 份种质资源分为 6 大类群。单核苷酸多态性（single nucleotide polymorphism，SNP）指相同或不同的物种个体间的基因组 DNA 序列同一区间上的单个核苷酸存在差别的现象，是由美国学者 Lander 提出的 DNA 遗传分子标记，起初应用于医学[6]。随着测序技术的不断发展 SNP 标记以广泛应用于各类植物的遗传学研究，而马铃薯 SNP 标记的研究还处于初级阶段[7-10]。王舰[11]基于简化基因组 SNP 标记对 288 份种质资源的遗传多样性研究发现，马铃薯种质资源地域间差异不明显。Sofia 等[12]用 SNP 标记对 231 个不同基因型马铃薯品种做了群体结构分析和主成分分析。Li 等[13]用 6 487 006 个高质量 SNPs 构建了有根邻接系统发育树，以 *S. chomatophilum* Bitter 作为外群，对'clade 4'成员和栽培种进行了主成分分析，这两个分析得到类似的结果，将野生马铃薯分成两个亚群，其中一个亚群的物种位于秘鲁，为北方野生亚组；而另一亚群的物种位于阿根廷，玻利维亚和智利，为南方野生亚组，这些分析得到了一致的结果，相对于南方野生亚组，栽培马铃薯与北方野生群体的亲缘关系更近。以上研究报道表明利用分子标记技术分析马铃薯不同品种间的遗传多样性是可行的。

本研究以内蒙古农牧业科学院马铃薯课题组多年收集的国内外 500 余份马铃薯种质资源为基础，筛选出性状稳定、表现优良、系谱明确的 148 份核心

种质资源，通过全基因组重测序，以全基因组范围内的 SNP 标记，全面挖掘遗传变异信息，进一步了解 148 份种质资源的亲缘关系和遗传多样性，旨在提高马铃薯种质资源的利用效率，为马铃薯定向育种提供依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料

材料为四倍体马铃薯普通栽培种 148 个（表 1），国内品种 108 个，其中华北地区 48 个、西北地区 22 个、东北地区 16 个、华中地区 4 个、西南地区 15 个以及华东地区 3 个品种；国外品种 40 个，包括欧洲 22 个、美洲 17 个及亚洲日本的 1 个品种。这些材料为系谱明确且田间表型稳定的马铃薯优良品种。

1.2 方 法

1.2.1 试验材料的种植 各试验材料种植于呼和浩特市武川县国家马铃薯产业技术体系呼和浩特试验站试验田内，各品种种植 5 株，行长 1.5 m，株距 0.3 m，行距 0.9 m，机器开沟人工点种覆土，前作葵花。

1.2.2 样品 DNA 的提取 供试材料 148 个种植出苗后，选择健壮无退化表现的植株取新鲜嫩叶 2.0 g，参照 Stewart 等[14]提出的 CTAB 法提取基因组 DNA，用 NanoDrop 核酸蛋白测定仪检测 DNA 的纯度，Qubit 对 DNA 浓度进行精确定量。

1.2.3 SNP 标记检测 148 个样品基因组 DNA 送至诺禾致源公司进行高通量重测序。高通量 IlluminaHiSeq™ 测序得到的原始图像数据经转化为序列数据，去除未测出的碱基等干扰信息后得到有效数据。通过 BWA 软件，将这些有效数据与已公布的马铃薯参考基因组（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Solanum+tuberosum+L.）进行比对。SAMTOOLS 软件进行群体 SNP 的检测，贝叶斯模型检测群体中的多态性位点，通过有效过滤（测序深度>5X；最小等位基因频率 MAF>0.1；Call rate>90%），获得高质量的 SNPs 用于遗传多样性分析。

1.2.4 群体结构分析和聚类分析 本研究以群体结构分析和聚类分析 2 种方法来探究 148 个马铃薯种质资源各品种间群体结构和亲缘关系，两者的结果可以相互验证。运用 TreeBestv1.9.2 软件计算距离矩阵，以此为基础换算成遗传相似系数，通过邻接法（neighbor-joining method）构建群体聚类图，引导值（bootstrap values）经过达 1 000 次计算获得。采用 PLINK 进行群体结构分析，首先创建 PLINK 的输入文件—Ped 文件，然后利用 admixture 软件构建群体遗传结构和群体世系信息。PLINK（http://pngu.mgh.harvard.edu/-purcell/plink/）。

1.2.5 部分骨干亲本杂交后实生种子统计 2018 和 2019 年间按照育种目标对 148 份种质资源内筛选出的部分骨干亲本于马铃薯盛花期进行杂交授粉，待坐果成熟后对浆果内实生种子（True Potato Seed TPS）有无、数量等进行统计分析，并结合各品种间

表 1 基于 SNP 分析的四倍体马铃薯品种名称来源及系谱

Table 1 Tetraploid potato varieties used in this study

序号 No.	取样代号 Sample code	品种名称 Variety name	系谱（♀×♂） Pedigree	地区分类 Area classification	育成地区 Origin
1	162	中薯 17 号 Zhongshu17	881-19×中薯 6 号 881-19×Zhongshu6	华北 North China	北京 Beijing
2	C34	中薯 19 号 Zhongshu19	92.187×C93.154	华北 North China	北京 Beijing
3	151	中薯 21 号 Zhongshu21	92.187×C93.154	华北 North China	北京 Beijing
4	170	中薯 18 号 Zhongshu18	C91.628×C93.154	华北 North China	北京 Beijing
5	C29	中薯 10 号 Zhongshu10	F79055×ND860-2	华北 North China	北京 Beijing
6	68	中蔬 613 Zhongshu613	坎度尔×约翰河蓝 Kondor×RiverJohnBlue	华北 North China	北京 Beijing
7	157	中薯 20 号 Zhongshu20	LR93.050×92.187	华北 North China	北京 Beijing
8	83	中蔬 9518-15 Zhongshu9518-15	夏波蒂×DP85 Shepody×DP85	华北 North China	北京 Beijing
9	43	中薯 9 号 Zhongshu9	夏波蒂×中薯 3 号 Shepody×Zhongshu3	华北 North China	北京 Beijing
10	28	中薯 12 号 Zhongshu12	W953×FL475	华北 North China	北京 Beijing
11	C25	中薯 4 号 Zhongshu4	东农 3012×85T-13-8 Dongnong3012×85T-13-8	华北 North China	北京 Beijing
12	194	中薯 3 号 Zhongshu3	京丰 1 号×BF77AJingfeng1×BF77A	华北 North China	北京 Beijing
13	82	中薯 5 号 Zhongshu5	中薯 3 号天然结实后代选育 Zhongshu3 Breeding of natural fruiting	华北 North China	北京 Beijing
14	122	冀张薯-88 Jizhangshu-88	3 号×金冠 No.3×Jinguan	华北 North China	河北 Hebei
15	195	冀张薯-59 Jizhangshu-59	3 号×金冠 No.3×Jinguan	华北 North China	河北 Hebei

续表 1　Continued Table 1

序号 No.	取样代号 Sample code	品种名称 Variety name	系谱(♀×♂) Pedigree	地区分类 Area Classification	育成地区 Origin
16	11-59	冀张薯 20 号 Jizhangshu20	3 号×金冠 No. 3×Jinguan	华北 North China	河北 Hebei
17	02A3	冀张薯 14 号 Jizhangshu14	3 号×金冠 No. 3×Jinguan	华北 North China	河北 Hebei
18	J8	冀张薯 8 号 Jizhangshu8	720087×X4. 4	华北 North China	河北 Hebei
19	224	庄薯 3 号 Zhuangshu3	87-46-1×青 85-5-1 87-46-1×Qing85-5-1	华北 North China	河北 Hebei
20	G22-1	冀张薯 22 号 Jizhangshu22	90-2-10×99-33-17	华北 North China	河北 Hebei
21	J5	冀张薯 5 号 Jizhangshu5	肯达天然结实 Konda Breeding of natural fruiting	华北 North China	河北 Hebei
22	J12	冀张薯 12 号 Jizhangshu12	大西洋×99-6-36 Atlantic×99-6-36	华北 North China	河北 Hebei
23	228	坝薯 9 号 Bashu9	多子白×疫不加 Duozibai×Epoka	华北 North China	河北 Hebei
24	2004-42-117	冀张薯 2 号 Jizhangshu2	虎头×燕子 Hutou×Swallow	华北 North China	河北 Hebei
25	2007-42-45	冀张薯 24 号 Jizhangshu24	冀张薯 8 号×伊丽萨 Jizhangshu8×Elles	华北 North China	河北 Hebei
26	12	虎头 Hutou	紫山药×小叶子 Zishanyao×Xiaoyezi	华北 North China	河北 Hebei
27	101	乌盟 851 Wumeng851	474-7-9×Schwalbe	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
28	16	1533	F1533 系选而成 F1533 Breeding of natural fruiting	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
29	88	蒙薯 18 号 Mengshu18	费乌瑞它×3-4-4 Favorita×3-4-4	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
30	×J2	兴佳 2 号 Xingjia2	Gloria×21-36-27-31	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
31	HM	红美 Hongmei	Ns-3×LT301	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
32	218	尤佳 70 Youjia70	夏波蒂×本 420 Shepody×Ben420	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
33	165	内农薯 1 号 Neinongshu1	大西洋×陇薯 6 号 Atlantic×Longshu6	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
34	156	内薯 7 号 Neishu7	呼单 80-298×呼 8206 Hudan80-298×Hu8206	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
35	8	乌兰一号 Wulan1	燕子×疫不加 Swallow×Epoka	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
36	C100	华颂 7 号 Huasong7	尤金×金冠 Youjin×Jinguan	华北 North China	内蒙古 Inner mongolia
37	02A2	晋薯 24 号 Jinshu24	004-5×G13	华北 North China	山西 Shanxi
38	175	晋薯 7 号 Jinshu7	6401-3-35×Schwalbe	华北 North China	山西 Shanxi
39	85	05-69-9	9902-12×9665-7	华北 North China	山西 Shanxi
40	01A3	大同里外黄 Datongliwaihuang	9908-5×9333-10	华北 North China	山西 Shanxi
41	63	同薯 20 号 Tongshu20	Ⅱ-14×NS78-7	华北 North China	山西 Shanxi
42	131	晋薯 1 号 Jinshu1	阿兰峰×德友六号 Arranpeak×Deyou6	华北 North China	山西 Shanxi
43	32	晋薯 11 号 Jinshu11	H319-1×NT/TBULK	华北 North China	山西 Shanxi
44	JS16	晋薯 16 号 Jinshu16	NL94014×9333- 11	华北 North China	山西 Shanxi
45	34	系薯 1 号 Xishu1	多子白(292-20)天然实生种子后代选育而成 Duozibai(292-20)Breeding of natural fruiting	华北 North China	山西 Shanxi
46	64	同薯 22 号 Tongshu22	晋薯 11 号×晋薯 7 号 Jinshu11×Jinshu7	华北 North China	山西 Shanxi
47	113	晋薯 5 号 Jinshu5	晋薯 2 号×SchwalbeJinshu2×Schwalbe	华北 North China	山西 Shanxi
48	86	晋薯 22 号 Jinshu22	五薯 1 号×底西芮 Wushu1×Desiree	华北 North China	山西 Shanxi
49	01A10	陇薯 3 号 Longshu3	35-131×73-21-1	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
50	L9	陇薯 9 号 Longshu9	93-10-237×大同 G-13-1 93-10-237×DatongG-13-1	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
51	C84	甘农薯 5 号 Gannongshu5	Cardinal×杂 5 单选-10Cardinal×Za5danxuan-10	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
52	L13	陇薯 13 Longshu13	K299-4×L0202-2	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
53	L11	陇薯 11 号 Longshu11	L9712-2×远杂 22 L9712-2×Zayuan22	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
54	L14	陇薯 14 号 Longshu14	L9712-2×L0202-2	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
55	L12	陇薯 12 号 Longshu12	L9712-2×L0202-2	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
56	L8	陇薯 8 号 Longshu8	大西洋×L9705-9 Atlantic×L9705-9	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
57	C106	天薯 1 号 Tianshu1	反修 6 号×渭会 2 号 Fanxiu6×Weihui2	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
58	L10	陇薯 10 号 Longshu10	固薯 83-33-1×119-8 Gushu833-33-1×119-8	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
59	L6	陇薯 6 号 Longshu6	武薯 85-6-14×陇薯 4 号 Wushu85-6-14×Longshu4	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
60	L5	陇薯 5 号 Longshu5	小白花×119-8 Xiaobaihua×119-8	西北 Northwest China	甘肃 Gansu

续表 1 Continued Table 1

序号 No.	取样代号 Sample code	品种名称 Variety name	系谱(♀×♂) Pedigree	地区分类 Area Classification	育成地区 Origin
61	10	渭会四号 Weihui4	长薯四号×62-1-10 Changshu4×62-1-10	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
62	L7	陇薯 7 号 Longshu7	庄薯 3 号×菲多利 Zhuangshu3×Feiduoli	西北 Northwest China	甘肃 Gansu
63	98	宁薯 6 号 Ningshu6	Beson 的自交材料中经单株选育 Beson Breeding of natural fruiting	西北 Northwest China	宁夏 Ningxia
64	103	宁薯 4 号 Ningshu4	蓝洋芋×阿普它 Lanyangyu×Aputa	西北 Northwest China	宁夏 Ningxia
65	Q9	青薯 9 号 Qingshu9	387521.3×Aphrodite	西北 Northwest China	青海 Qinghai
66	41	青薯 168 Qingshu168	辐深 6-3×底西芮 Fushen6-3×Desiree	西北 Northwest China	青海 Qinghai
67	148	青薯 2 号 Qingshu2	高原 4 号×Magura Gaoyuan4×Magura	西北 Northwest China	青海 Qinghai
68	191	青薯 6 号 Qingshu6	固 33-1×92-9-44 Gu33-1×92-9-44	西北 Northwest China	青海 Qinghai
69	110	青薯 4 号 Qingshu4	牛头×底西芮 Niutou×Desiree	西北 Northwest China	青海 Qinghai
70	B28	沙杂十五号 Shaza15	АраньалЬма×292-20	西北 Northwest China	陕西 Shaanxi
71	01A12	克新 1 号 Kexin1	374-128×疫不加 374-128×Epoka	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
72	K22	克新 22 号 Kexin22	Amylex×8y-220/1	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
73	11	克新 18 号 Kexin18	疫不加×374 -128 Epoka×374-128	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
74	30	克新 17 号 Kexin17	F81109×B5141-6	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
75	K13	克新 13 号 Kexin13	米拉自交 2 代 a Selfing generation2	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
76	65	克新 6 号 Kexin6	S41956×96-56	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
77	K27	克新 27 号 Kexin27	克 200210-11×扎列瓦 Ke200210-11×Zhaliewa	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
78	K19	克新 19 号 Kexin19	克新 2 号×KPS92-1 Kexin2×KPS92-1	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
79	K25	克新 25 号 Kexin25	克新 4 号×AulaKexin4×Aula	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
80	K23	克新 23 号 Kexin23	克新 4 号×AulaKexin4×Aula	东北 Northeast China	黑龙江 Heilongjiang
81	7	春薯 3 号 Chunshu3	S. demissumA6×克新 3 号 S. demissumA6×Kexin3	东北 Northeast China	吉林 Jilin
82	A44	春薯 1 号 Chunshu1	白公主×卡它丁 Baigongzhu×Katahdin	东北 Northeast China	吉林 Jilin
83	46	延薯 4 号 Yanshu4	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 Moskoletsky variation	东北 Northeast China	吉林 Jilin
84	90	春薯 4 号 Chunshu4	文胜 4 号×克新 2 号 Wensheng4×Kexin2	东北 Northeast China	吉林 Jilin
85	38	图强二号 Tuqiang2	早普利×黑龙江三号 Zaopuli×Heilomgjiang3	东北 Northeast China	吉林 Jilin
86	47	早大白 Zaodabai	五里白×74-128 Wulibai×74-128	东北 Northeast China	辽宁 Liaoning
87	129	郑薯 6 号 Zhengshu6	高原 7 号×762-93 Gaoyuan7×762-93	华中 Central China	河南 Henan
88	C59	鄂马铃薯 5 号 Eshu5	392143-12×Ns51-5	华中 Central China	湖北 Hubei
89	60	鄂马铃薯 3 号 Eshu3	7914-33×59-5-86	华中 Central China	湖北 Hubei
90	C61	鄂薯 10 号 Eshu10	文胜 11 号×Dorita5186 Wensheng11×Dorita5186	华中 Central China	湖北 Hubei
91	B43	威 06-2 Wei06-2	克疫×克疫 Keyi×Keyi	西南 Southwest China	贵州 Guizhou
92	B44	威 176 选 2 Wei176xuan2	米拉株选 Mira Selfing generation	西南 Southwest China	贵州 Guizhou
93	212	毕薯 4 号 Bishu4	昭绿 88×白引 3 号 Zhaolv88×Baiyin3	西南 Southwest China	贵州 Guizhou
94	182	川芋 39 号 Chuanyu39	379645.4×7×Y-1	西南 Southwest China	四川 Sichuan
95	123	川芋 10 号 Chuanyu10	44-4×凉薯三号 44-4×Liangshu3	西南 Southwest China	四川 Sichuan
96	48	川芋 117 Chuanyu117	65-ZA-5×DTO-28	西南 Southwest China	四川 Sichuan
97	17	凉薯 3 号 Liangshu3	Schwalbe×凉薯 97Schwalbe×Liangshu97	西南 Southwest China	四川 Sichuan
98	13	川凉薯 1 号 Chuanliangshu1	Serrena×Apat	西南 Southwest China	四川 Sichuan
99	196	川凉薯 2 号 Chuanliangshu2	川芋 8 号×Apat Chuanyu8×Apat	西南 Southwest China	四川 Sichuan
100	44	云薯 401 Yunshu401	3258×白花大西洋 3258×Baihuadaxiyang	西南 Southwest China	四川 Sichuan
101	180	云薯 506 Yunshu506	BS×S297	西南 Southwest China	四川 Sichuan
102	5	宣薯 2 号 Xuanshu2	ECSort×CFK69.1	西南 Southwest China	四川 Sichuan
103	200	云薯 606 Yunshu606	f88007×lenape	西南 Southwest China	四川 Sichuan
104	117	合作 88 Hezuo88	I-1085×BLK2	西南 Southwest China	四川 Sichuan

续表 1　Continued Table 1

序号 No.	取样代号 Sample code	品种名称 Variety name	系谱(♀×♂) Pedigree	地区分类 Area Classification	育成地区 Origin
105	109	紫云一号 Ziyun1	合作 23×会泽小乌洋芋 Hezuo23×Huizexiaowuyangyu	西南 Southwest China	四川 Sichuan
106	87	希森 3 号 Xisen3	费乌瑞它-F3×K9304 Favorita-F3×K9304	华东 East China	山东 Shandong
107	184	XS-06YH-03	夏波蒂×S9304 Shepody×S9304	华东 East China	山东 Shandong
108	54	双丰 Shuangfeng	10770×卡它丁 10770×Katahdin	华东 East China	上海 Shanghai
109	26	斯特里尼诺 S. t. Lenino	波兰原始栽培种 Original cultivation in Poland	欧洲 Europe	波兰 Poland
110	204	燕子 Swallow	阿奎啦×Capella Aquila×Capella	欧洲 Europe	德国 Germany
111	C122	德友二号 Fruhnudel	B. R. A. Stamm4×KnehdenerStamm45	欧洲 Europe	德国 Germany
112	59	北斗星 Fortuna	Industrie×Wildling	欧洲 Europe	德国 Germany
113	206	帕尔瓦格涅 Paulwagner	Industriet×Jubel	欧洲 Europe	德国 Germany
114	214	黄金薯 Agria	Quarta×Semlo	欧洲 Europe	德国 Germany
115	B127	白头翁 Anemon	Viola×Flava	欧洲 Europe	德国 Germany
116	2	强壮 Strong	Wildrasse×Kultursorte	欧洲 Europe	德国 Germany
117	57	维雷巴耶夫 ВиРилаеВскид	Lorch×Jubel	欧洲 Europe	俄罗斯 Russia
118	C84(10n)	艾皮库尔 Epicure	MagnumBonum×EarlyRegent	欧洲 Europe	俄罗斯 Russia
119	E143	西贝利亚人 Сибиряк	天然授粉种子育成 Natural pollinated seeds	欧洲 Europe	俄罗斯 Russia
120	94	拉莫斯 Ramos	黄金薯×VK69-491 Agria×VK69-491	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
121	79	斯凡特 Spunta	Bea×USDA96-56	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
122	155	金冠 Jinguan	费乌瑞它体细胞无性变异株 Favorita somaclonal variation	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
123	F305	荷兰薯 Saskia	罗德爱尔斯德林×Herald RodeEersteling×Herald	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
124	4	麦肯一号 Innovator	夏波蒂×RZ-84-2580 Shepody×RZ-84-2580	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
125	29	巴拉卡 Baraka	SVP50-358×Avenir	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
126	112	底西瑞 Desiree	Urgenta×Depesche	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
127	201	克努科特 Concorde	Y66-13-636×M69864	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
128	FWRT	费乌瑞它 Favorita	ZPC50-35×ZPC55-37	欧洲 Europe	荷兰 Netherlands
129	137	金苹果 Aranyalma	ZwickamerFrüheGelb×Hindenburg	欧洲 Europe	匈牙利 Hungary
130	33	爱尔斯德林 Eersteling	EarlyPrimrose×KingKidney	欧洲 Europe	英国 Britain
131	143	蒙塞拉特 Monserrate	Tbr×Tdg	美洲 America	哥伦比亚 Columbia
132	141	贝勒斯勒 Belleisle	834(29)(Black)×F4724	美洲 America	加拿大 Canada
133	C151	亨特 Hunter	F4823×834(c)	美洲 America	加拿大 Canada
134	127	猎人亨特 Hunter	F4823×834(c)	美洲 America	加拿大 Canada
135	C195	吉姆舍 Jemseg	F55069×萨贝尔 F55069×Sable	美洲 America	加拿大 Canada
136	×PD	夏波蒂 Shepody	F58050×贝克金 F58050×BakeKing	美洲 America	加拿大 Canada
137	D107	诺尔契普 Norchip	ND4731-1×M5009-2	美洲 America	加拿大 Canada
138	121	阿旺 Avon	U. S. D. A. 96-56×1464-26	美洲 America	加拿大 Canada
139	01A8	康尼贝克 Kennebec	B-127×96-56	美洲 America	美国 U. S. A
140	25	Lenape	DeltaGold×B3672-3	美洲 America	美国 U. S. A
141	C171	男爵 Irishcobbler	早玫瑰芽变种 Early Rose variation	美洲 America	美国 U. S. A
142	1	契福特 Chieftain	LA1354×LA1027-18	美洲 America	美国 U. S. A
143	D×Y	大西洋 Atlantic	Lenape×Wauseon	美洲 America	美国 U. S. A
144	185	胜利者 Superior	Minn59. 44×B96-59	美洲 America	美国 U. S. A
145	D7	卡它丁 Katahdin	U. S. D. A4056×U. S. D. A24642	美洲 America	美国 U. S. A
146	72	比尔契普 Belchip	Wauseon×Lenape	美洲 America	美国 U. S. A
147	229	多子白 Duozibai	火玛×96-28 Huoma×96-28	美洲 America	美国 U. S. A
148	227	丰白 Fengbai	北海 19 号×惠庭 Beihai19×Huiting	亚洲 Asia	日本 Japan

遗传相似系数即亲缘关系远近，为不同亲本间杂交组合选配提供参考。

2 结果与分析

2.1 DNA 样本检测与重测序质量评估

148 份马铃薯种质资源提取到的 DNA 浓度在 20.6～166.0 μg/μL 之间，平均为 92.88 μg/μL，总量在 2.47～17.42 μg 范围内，平均为 7.44 μg，表明 DNA 质量符合后续重测序的要求。经每样本重测序数据与参考基因组比对 Q20 值（错误率 1%以下）在 95.77%～98.04%，平均为 96.92%，错误率在 Q30 值（错误率 0.1%以下）在 89.27%～94.16%之间，平均值为 91.77%，GC 含量在 35.44%～36.34%之间，平均为 35.79%。与参考基因组的比对率最高 96.51%，最低 93.53%，平均 95.66%，测序深度最高 21.91X，最低 11.93X，平均深度为 15.12X，平均覆盖度为 95.55%。以上数据表明各样本与参考基因组的相似度达到重测序标准，并且足以满足该群体的遗传多样性分析。

2.2 多态性 SNP 位点的分布

经重测序 148 个马铃薯样本共获得 2 315 860 个 SNP 位点，过滤筛选后获得 1 209 969 个高质量 SNP 位点，其中被明确定位在染色体水平上的 SNP 位点为 1 192 472 个，比例为 98.55%，这些 SNP 位点将用于 148 份种质资源的遗传多样性分析。

SNP 位点从染色体分布情况来看差距较大，11 号染色体没有 SNP 位点，而最多的是 5 号染色体有 258 909 个位点占总数的 21.71%，其次为 1 号染色体的 194531 个位点占比为 16.08%，之后依次为 2 号、10 号、6 号、4 号、9 号、8 号以及 3 号和 12 号染色体，SNP 位点数量分别为 153 224、149 793、133 432、123 134、58 965、54 202、30 106、27 671 个，占比依次为 12.17%、12.38%、11.03%、10.17%、4.87%、4.48%、2.49%和 2.29%，除了 11 号染色体外的 7 号染色体 SNP 分布数量最少为 8 485 个，仅占 0.70%（图 1）。

2.3 各品种间的遗传相似系数

利用国内外 148 个马铃薯品种全基因组重测序获得的 SNP 标记，通过 TreeBestv1.9.2 软件计算出各品种间遗传相似系数，共获得 10 878 个遗传相似值，范围为 0.784～0.958，平均值为 0.842。遗传相似系数最低的是华北地区山西省农科院高寒区作物所育成的‘系薯 1 号’和同为华北地区内蒙古农业大学育成的‘内农薯 1 号’之间的 0.784，遗传相似系数最高的是华北地区河北省张家口农科院育成的 2 个品种‘冀张薯-59’和‘冀张薯 20 号’之间的 0.958。各品种间遗传相似系数主要集中于 0.800～0.880 之间，有 10 604 个，占 97.5%，小于 0.800 的有 55 个，占 0.5%，大于 0.88 的有 219 个，占 2.0%（图 2）。

按照各品种育成地区将中国马铃薯品种划分为华北、西北、东北、华中华东、西南等 5 个区域，国外品种划分为欧洲、美洲、亚洲（日本）等 3 个区域。对各区域内育成品种间遗传相似性进行分析发现（表 2），中国华北地区平均遗传相似系数为 0.841，西北地区为平均系数为 0.843，东北地区为 0.842、华中华东地区是 0.845，西南地区各品种间平均遗传相似系数最高为 0.848，国外欧洲品种间平均遗传相似系数为 0.844，美洲品种间平均遗传相似系数为 0.850。数据结果表明无论是国内还是国外各区域品种间平均遗传相似系数差距不明显。

2.4 群体结构分析

将 148 个马铃薯品种通过 PLINK 和 admixture 软件构建群体遗传结构和群体世系信息。进行

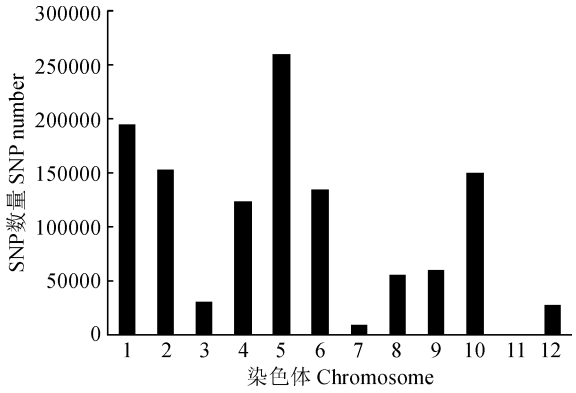


图 1 SNP 位点在染色体上的分布

Fig. 1 Distribution of polymorphic SNPs on chromosomes

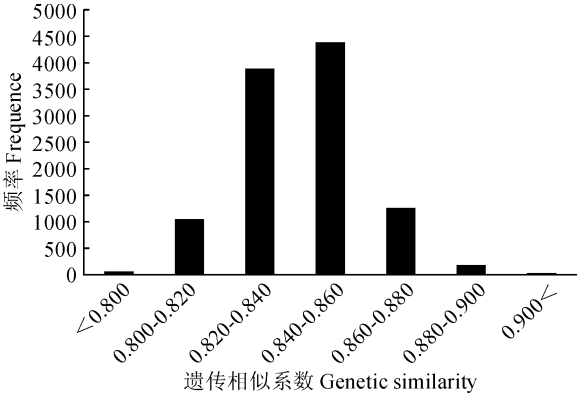


图 2 品种间遗传相似系数的次数分布

Fig. 2 Distribution of genetic similarity between varieties

表 2　不同地区育成品种间遗传相似系数

Table 2　Genetic similarity coefficient of varieties from different areas

地区 Region	品种数量 No. of Varieties	遗传相似系数 Genetic similarity	
		变幅 Range	平均值 Average
华北地区 North China	48	0.784－0.958	0.841
西北地区 Northwest China	22	0.804－0.942	0.843
东北地区 Northeast China	16	0.802－0.909	0.842
华中华东地区 Central and East China	7	0.821－0.894	0.845
西南地区 Southwest China	15	0.803－0.955	0.848
欧洲 Europe	22	0.796－0.951	0.844
美洲 America	17	0.811－0.945	0.850
亚洲(日本)Asia(Japan)	1	－－	－－
总计 Total	148	0.784－0.958	0.842

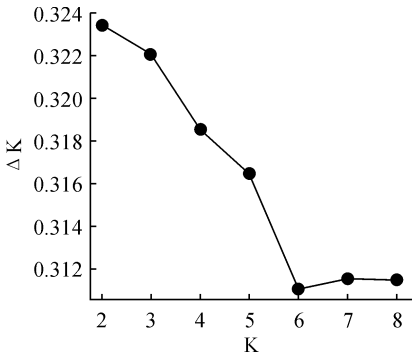


图 3　交叉验证错误率 ΔK 值随 K 值的变化

Fig. 3　The variation of cross validation error rate ΔK with K value

群体结构分析时将分群数 K 值设置为 2－8。根据各品种间的交叉验证错误率 ΔK 最小时 K＝6，说明最佳分群 K 值为 6(图 3)，因此 148 个品种分为 6 个群最为接近于群体的真实情况(图 4)，图中每一个直方柱子代表 1 个品种，每根柱子的颜色代表遗传组分的构成。利用 admixture 软件对每个个体的遗传背景进行分组并计算相应的 Q 值，即某一材料基因组变异源于某个群体的概率，Q 值＞0.6 视为来源较单一、遗传背景较纯，Q 值＜0.6 视为来源混合，遗传背景较为杂[15-16]。

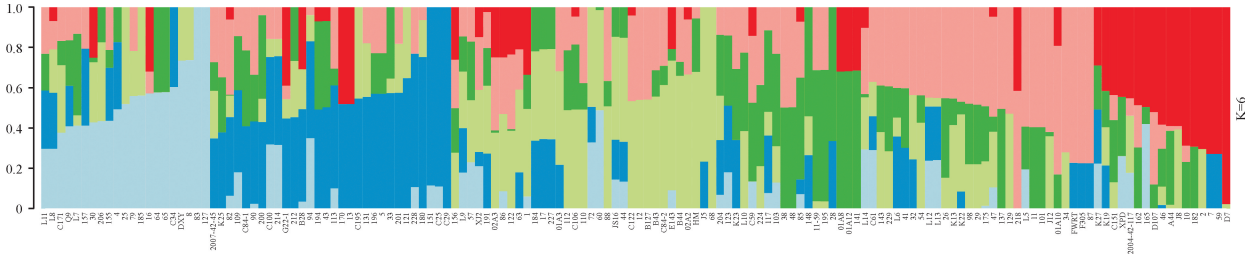
本次分析的 6 个群组主色段分别为浅蓝、蓝、浅绿、绿、粉以及红色。第一群组(Pop1)包括 21 个品种，主色段为浅蓝色，其中 5 个品种的遗传背景较纯，分别为中国农科院蔬菜花卉研究所的‘中薯 19 号’、‘中蔬 9518-15’，内蒙古乌兰察布市农科院的‘乌兰一号’以及国外美洲地区加拿大的‘亨特’、美国的‘Atlantic’，其他品种含有多种遗传组分，属于混合型。第二群组(Pop2)蓝色为主色段，包括 30 个品种，其中 6 个品种的遗传背景较纯，分别是华北区中国农科院蔬菜花卉研究所的‘中薯 10 号’、‘中薯 4 号’及‘中薯 21 号’，河北省张家口农科院的‘坝薯 9 号’，西南地区云南省农科院经济作物所的‘云薯 506’，美洲地区加拿大的‘阿旺’。其他品种均为混合型。第三群组(Pop3)有 33 个品种，主色段是浅绿，其中华北区山西省高寒区作物所的‘晋薯 24 号’、内蒙古农牧业科学院的‘红美’、河北省张家口市农业科学院的‘冀张薯 5 号’、中国农科院蔬菜花卉研究所的‘中蔬 613’，西南地区贵州省威宁地区农科所的‘威 176 选 2’以及欧洲地区俄罗斯的‘Epicure’和‘Сибиряк’等 7 个品种的遗传背景较纯，其他品种为混合型。第四群组(Pop4)共 18 个品种，主色段为绿色，其中包括华北地区的‘中薯 12 号’、‘冀张薯-59’、‘冀张薯 20 号’，东北地区黑龙江省农科院克山分院的‘克新 1 号’以及美洲地区加拿大的‘贝勒斯利’和美国的‘Kennebec’等 6 个品种的遗传背景较纯。第五群组(Pop5)包括 29 个品种，主色段是粉色，其中 6 个品种遗传背景较纯分别是华北地区的‘冀张薯 12 号’和‘系薯 1 号’，西北地区甘肃省农业科学院马铃薯研究所的‘陇薯 3 号’，华东地区山东省希森集团的‘希森 3 号’以及欧洲地区荷兰的‘荷兰薯’和‘Favorita’，其余品种为混合型。第六群组(Pop6)包括 17 个品种，主色段为红色，其中 6 个品种较遗传背景较纯，分别为西北地区甘肃省农业科学院马铃薯研究所的‘渭会四号’，西南地区四川省农科院作物所的‘川芋 39 号’，东北地区吉林省蔬菜花卉科学研究所的‘春薯 3 号’，欧洲地区德国的‘强壮’、‘北斗星’，以及美洲地区美国的‘Katahdin’，其他品种为混合型。

2.5 聚类分析

为探明 148 个马铃薯品种间的亲缘关系，本研究以遗传相似系数为基础，通过邻接法构建 NJ 聚类图。结果表明(图 5)，148 个马铃薯品种被划分为 3 个类群。

第Ⅰ类有 6 个品种，也是 3 个类群中品种数最少的一个群，遗传相似系数在 0.852～0.956 之间。包含华北地区的 3 个品种，西北及东北地区各 1 个品种，国外美洲的 1 个品种。‘蒙薯 18 号’的父本‘3-4-4’和‘乌盟 851’的母本‘474-7-9’有野生种的亲缘，据此推测仅这 6 个品种在 148 个群体中形成独立分支很可能与野生种亲缘有关。

第Ⅱ类有 80 个品种，分为 3 个亚类，遗传相似系数在 0.784～0.956 之间，平均为 0.843，其中华北地区内蒙古华颂公司育成的‘华颂 7 号’与欧洲德国的‘Agria’遗传相似系数最高为 0.956，华北区内蒙古农业大学育成的‘内农薯 1 号’与山西省高寒区作物所育成的‘系薯 1 号’相似系数最低为 0.784。Ⅱ-1 亚类有 18 个品种，主要包括华北地区 5 个品种，西北地区 5 个品种，国外美洲的 5 个品种，其中西北地区甘肃农科院育成的‘陇薯系列’5 个品种紧相邻，美洲 5 个品种中除了‘亨特’为加拿大品种外，其他 4 个均为美国品种。从系谱上看，此亚类 18 个品种亲本大多为国外引进品种，尤其是‘Shepody’、‘疫



浅蓝色代表群组 1；蓝色代表群组 2；浅绿色代表群组 3；绿色代表群组 4；粉色代表群组 5；红色代表群组 6

图 4 148 份四倍体马铃薯种质 SNPs 群体结构分析(K=6)

Light blue blocks represent Pop1; Blue blocks represent Pop2; Light green blocks represent Pop3; Green blocks represent Pop4; Pink blocks represent Pop5; Red blocks represent Pop6

Fig. 4 Population structure analysis of 148 tetraploid potato varieties (K=6) by using identified SNPs

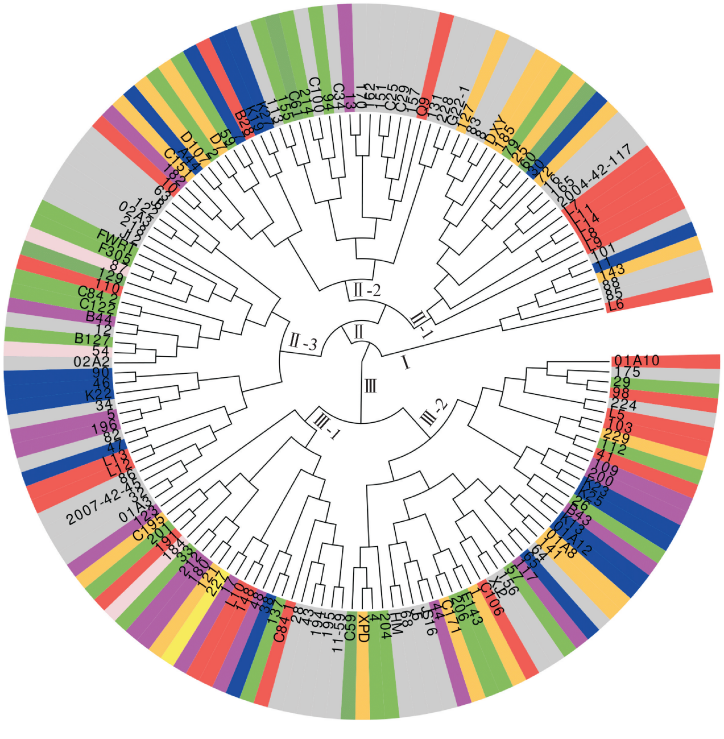


图 5 基于 SNP 标记的 148 份四倍体马铃薯种质的进化树

Fig. 5 Neighbor-joining tree for 148 tetraploid potato varieties based on SNP markers

不加'、'燕子'、'菲多利'等都是国外的老品种。'Lenape'是'Atlantic'的母本也是'Belchip'的父本，因此'Lenape'与'Atlantic'相似系数较高为 0.895，与'Belchip'的相似系数为 0.889。'内农薯 1 号'与'陇薯 8 号'的母本同为'Atlantic'，两者相似系数较高为 0.896，'陇薯 11 号'和'陇薯 14 号'母本为'L9712-2'，两者遗传相似系数也为较高的 0.881。Ⅱ-2 亚类共有 30 个品种，此亚类较为典型的是中国农科院蔬菜花卉研究所育成的'中薯系列'7 个品种聚在此亚群，其中'中薯 19'号与'中薯 21'号父母本相同，为同胞关系，两者相似系数为 0.899。'中薯 19 号'、'中薯 21 号'、'中薯 18 号'的父本同为'C93.154'，此类半同胞关系的遗传相似值也较高，'中薯 18 号'与'中薯 19 号'之间为 0.854，与'中薯 21 号'之间为 0.876。'中薯 20 号'的父本与'中薯 19 号'和'中薯 21 号'的母本同为品系'92.187'，因此'中薯 20 号'与'中薯 19 号'的遗传相似系数为 0.858，与'中薯 21 号'的相似值为 0.868。欧洲德国品种'Agria'为荷兰品种'Ramos'的母本，两者遗传相似系数为 0.890。Ⅱ-3 亚类有 32 个品种，为第Ⅱ类群中品种数最多的亚类，华北区品种有 14 个，其他品种无明显的地域性，育成地区比较混杂。从系谱角度观察，'冀张薯 14 号'和'冀张薯-88'为同胞关系，具有相同的父母本，两者遗传相似值是此亚群最高的 0.955，'陇薯 12 号'和'陇薯 13 号'的父本同为'L0202-2'属半同胞关系相似值为 0.942，'冀张薯 8'号是'冀张薯 24 号'的母本，其相似值是 0.905。

第Ⅲ类共有 62 个品种，分为 2 个亚类，遗传相似值在 0.789～0.958 之间，平均值是 0.847，其中华北区中国农科院蔬菜花卉研究所育成的'中蔬 613'和西北区甘肃农科院育成的'陇薯 5 号'之间遗传相似系数最低为 0.789，最高的是'冀张薯-59'和'冀张薯 20 号'之间的 0.958，也是 148 群体各品种间遗传相似值最高的 2 个品种。Ⅲ-1 亚类有 22 个品种，从聚类图上看华北区中国农科院蔬菜花卉研究所育成的'中薯系列'3 个品种相邻，河北张家口农科院育成的'冀张薯-59'和'冀张薯 20'号相邻，其他品种无明显育成地区的一致性。由各品种系谱关系看，'冀张薯-59'和'冀张薯 20 号'为父母本相同的同胞关系，'中薯 3 号'是'中薯 9 号'的父本，两者之间的相似值为 0.949。'凉薯 3 号'是'川芋 10 号'的父本，相似值为 0.856。'中薯 9 号'和'XS-06YH-03'的母本同为'Shepody'，两者的相似值为 0.873。Ⅲ-2 亚类共有 40 个品种，包括华北地区 9 个品种、西北地区 6 个品种、东北地区 5 个品种、西南地区 5 个品种、华中地区 1 个品种、欧洲 8 个品种及美洲的 6 个品种，品种育成区域较为混杂。东北地区 5 个品种均为黑龙江省农业科学院克山分院育成的'克新系列'品种，其中'克新 23 号'与'克新 25 号'为同胞关系，在聚类图上紧相邻，遗传相似值为 0.909。'Desiree'是'青薯 168'的父本，两者聚类位置也是紧相邻，相似值为 0.884，另外'Shepody'是'Innorvator'的母本，两者相似值为 0.886，其他品种在系谱上无明显亲缘关系。

2.6　TPS 情况统计分析

2018 至 2019 年间按照"鲜食、高产（3 000 kg 以上）"育种目标，筛选出骨干亲本 38 份，配制 349 个杂交组合，坐果并有 TPS 的组合（视为成功组合）32 个，占 9.17%。杂交成功组合中'中薯 12 号'（♀）与'早大白'（♂）之间的遗传相似系数最低为 0.807，'费乌瑞它'（♀）与'冀张薯 12 号'（♂）的遗传相似系数最高为 0.895，32 个组合平均为 0.843（表 3）。

3　讨　论

种植资源是作物基础研究和遗传改良的基础物质，其数量和质量是定向育种的两大制约因素[17]。而种质资源的遗传多样性是育种工作中各品种间的杂交选配、亲缘关系远近、杂种优势强弱的重要指标，因此，对种质资源的遗传背景，各品种间的遗传相似系数的了解显得格外重要[18]。随着测序技术的发展从起初的第一代测序到现在第三代高通量测序使得各作物的起源、驯化、传播，各群体间的遗传多样性研究更加深入明了。相对于简化基因组测序，全基因组重测序理论上应该覆盖整个基因组，测序深度 10X 以上可覆盖整个基因组的 90%～99%，足以达到群体遗传多样性分析。分子标记从最初的限制性片段长度多态性（RFLP）经历了随机扩增多态性 DNA（RAPD）及简单序列重复（SSR）直到现在的 SNP，可谓层出不穷[19]。SNP 作为第三代分子标记是基于第二代 SSR 等分子标记发展起来的新型标记技术，近年来已广泛应用于水稻、玉米、小麦、棉花等各类作物的品种鉴定、遗传图谱构建以及全基因组关联分析等研究工作[20-22]。相对于其他分子标记，SNP 在基因组上做到了单个核苷酸水平，且具有分布广泛、数量多、遗传稳定性强等优点；其缺点是做到全基因组水平的 SNP 标记的话测序成本较高，易发生假阳性、错误率高等[23]。因此，为

表 3 2018 和 2019 年部分骨干亲本杂交选配 TPS 统计

Table 3 2018 and 2019 parental hybrid TPS statistics

品种名称 Variety name	亲本方式(♂/♀) Parent	组合次数 Number of participations	成功次数 Number of successes	亲本间遗传相似值 Genetic similarity
中薯 3 号 Zhongshu3	♂ ♀	19 17	1 1	0.849 0.828
1533	♂	19	6	0.828－0.844
康尼贝克 Kennebec	♂	19	2	0.860,0.873
内薯 7 号 Neishu7	♂	19	4	0.821－0.850
陇薯 3 号 Longshu3	♀	17	1	0.869
早大白 Zaodabai	♂ ♀	19 17	2 3	0.807,0.834 0.815－0.837
青薯 168Qingshu168	♂	19	3	0.840－0.865
中薯 9 号 Zhongshu9	♂ ♀	19 17	2 2	0.815,0.837 0.821,0.829
大西洋 Atlantic	♀	17	4	0.833－0.840
冀张薯 8 号 Jizhangshu8	♀	17	1	0.850
冀张薯 12 号 Jizhangshu12	♂ ♀	19 17	2 1	0.869,0.895 0.865
冀张薯 5 号 Jizhangshu5	♂	19	3	0.834－0.867
同薯 22 号 Tongshu22	♂	20	1	0.841
青薯 9 号 Qingshu9	♂	20	5	0.833－0.853
红美 hongmei	♂	20	1	0.833
郑薯 6 号 Zhengshu6	♀	18	2	0.843,0.844
丰白 fengbai	♀	18	2	0.833,0.849
青薯 2 号 Qingshu2	♀	18	3	0.841－0.873
中薯 12 号 Zhongshu12	♀	18	1	0.807
中薯 18 号 Zhongshu18	♀	18	1	0.853
费乌瑞它 Favorita	♀	18	2	0.833,0.895
陇薯 13 号 Longshu13	♀	18	1	0.834
陇薯 14 号 Longshu14	♀	18	1	0.850

了确保获得高质量的 SNPs 一定要严格把控测序深度、最小等位基因频率、比对率等过滤标准。本研究中，为了获得高质量的 SNPs，148 份样品的平均测序深度为 15.12、Q30 值为 91.77%、最小等位基因频率高于 10%，正是因为高标准的过滤参数使得低质量的 SNPs 被去除掉，这也许就是导致 11 号染色体未能检出高质量 SNP 的原因。

群体结构分析主要是能够明确该群体的分群合理性及每个个体遗传组分的多少。本研究中，148 份马铃薯品种被划分为 6 个群组，Q 值＞0.6 的品种有 36 个，占比 24.3%，说明遗传背景纯、来源较单一的品种占比不大，大部分品种遗传组分混杂程度较高，基因交流较多。这 36 个品种中来源为华北地区品种有 16 个占 44.4%，国外品种有 13 个占 36.1%，二者共占 80.5%，说明华北区育成品种及国外品种的遗传背景纯正比例相对高于其他区域品种。这可能是由于中国马铃薯北方一季作区气温较低、降雨量少、无霜期短适宜生长的品种较少，供育种者们选择的骨干亲本较少有关。聚类分析呈现的是群体样本 DNA 序列间的差异，也就是各品种间的亲缘远近关系。148 份种质资源被划分为 3 个群，遗传相似系数 0.784～0.958 之间，平均 0.842。按照品种来源即育成单位地理位置划分为 8 个区域，各区域相似值在 0.841～0.850 之间，区域间平均相似系数差距不明显。从聚类图上看，西北地区‘陇薯系列’的 7 个品种集中在Ⅱ-1 亚群，华北地区的‘中薯系列’6 个品种则集中在Ⅱ-2 亚群，‘冀张薯系列’的 5 个品种集中于Ⅱ-3 亚群，而‘中薯系列’的 3 个品种和‘冀张薯系列’的 2 个品种相邻于Ⅲ-1 亚群，由此看出北方一季作区育成的部分品种聚在

一起有着一定的地理区域性与段绍光等[24]利用 SSR 标记分析马铃薯品种遗传多样性结果相一致。华北区品种在聚类图上显示相邻的结果与群体结构分析遗传组分单一，遗传背景狭窄相互验证。其他区域品种总体上看来并无明显的地理区域性，不同地理来源的马铃薯品种相互交错分布，说明品种来源的地理差别与亲缘关系并无必然联系，此结果与王舰[11]分析结果一致。究其原因：首先，各育种单位相互引种频繁，在长期的选育过程中存在基因交流的情况；其次，不同区域引种品种为适应当地环境，逐渐减少了遗传差异所致。

群体结构分析与聚类分析对比发现，群体结构分析的 Pop1（21 个品种）与聚类分析的Ⅱ-1 亚群（18 个品种）有 12 个品种相同，Pop2（30 个品种）和Ⅱ-2 亚群（30 个品种）有 13 个品种相同，Pop3（33 个品种）与Ⅱ-3 亚群（32 个品种）的相同品种有 13 个，Pop4（18 个品种）的 8 个品种聚在Ⅲ-1 亚群（22 个品种），Pop5（29 个品种）与 Pop6（17 个品种）共 46 个品种和Ⅲ-2 亚群（40 个品种）与Ⅰ群（6 个品种）的 46 个品种相对应有 15 个品种相同，以上结果说明群体结构分析与聚类分析分群结果基本吻合，也相互验证了 148 份种质资源分群的合理性。

系谱分析与全基因组 SNP 标记的聚类分析相结合发现，同胞关系的品种基本聚在一起。例如：‘冀张薯 14 号’、‘冀张薯 20 号’、‘冀张薯-59’及‘冀张薯-88’为父母本完全相同的同胞关系，聚类结果显示‘冀张薯 14 号’和‘冀张薯-88’相邻于Ⅱ-3 亚群，‘冀张薯 20 号’和‘冀张薯-59’相邻在Ⅲ-1 亚群。‘克新 23 号’与‘克新 25 号’也是同胞关系，二者相邻在Ⅲ-2 亚群，‘中薯 19 号’和‘中薯 21 号’聚在Ⅱ-2 亚群。半同胞关系的品种也基本聚在同一亚群中，在聚类分析结果中已举例说明。由此可见，本次筛选到的 SNPs 可以揭示马铃薯品种资源的遗传差异以及品种间的亲缘关系。当然，系谱信息与聚类结果不一致的现象是存在的，例如：‘燕子’是‘乌兰一号’的母本，‘Favorita’是‘蒙薯 18 号’的母本，‘Innovator’和‘XS-06YH-03’母本相同，‘陇薯 8 号’与‘冀张薯 12 号’母本相同，系谱信息显示以上品种间确实存在亲缘关系，但并未聚在同一个亚群。出现此类现象可能与以下几点有关：一是马铃薯普通栽培种为同源四倍体，有 48 条染色体，形成配子多样性高，遗传分离较大；二是育种者往往注重高产、抗病等性状，长期的定向育种造成某个性状位点过于集中，从而造成其他性状位点逐渐丢失；三是往往育种单位种质资源品种较多，在引种、繁种、保种时难免会出现系谱或品种名称记载偏差的可能，导致同物异名、同名异物的结果。

马铃薯有别于其他主粮作物的最大特点是无性繁殖。优点在于只要获得综合性状优良的个体后，通过无性繁殖的方式可以将其稳定下来，从而获得稳定的品种品系；但是，由于无性繁殖的特征也使得现有马铃薯普通栽培种处于遗传杂合状态，而这对于新品种选育来说是不利的[25]。马铃薯普通栽培种均为同源四倍体材料，四体遗传和高度杂合的特点提高了性状分离的复杂程度，使得马铃薯杂交组合必须要有相当大的群体，从而提高优选率。育种工作中亲本的选配对于是否能得到优良后代是至关重要的。父母本的遗传背景差异大、亲缘关系较远的组合其杂种优势更强，变异类型更多，优选几率也会更高一些。本研究中通过 2 年部分骨干亲本的杂交情况看出，马铃薯普通栽培种的杂交成功率很低，349 个杂交组合中仅有 32 个组合杂交成功，占比仅为 9.17%，从遗传学角度考虑这与近缘杂交形成的杂种优势不强、变异类型不多、遗传背景狭窄等因素有着密切的关系。32 个成功组合的平均父母本遗传相似系数为 0.843，因此推断制定杂交组合选配时可以考虑 0.843 为父母本的遗传相似参考值，育种目标相同情况下，应该考虑遗传相似值在 0.843 以下的 2 个品种作为优选，以便提高杂交成功率。

本研究以国内外 148 份四倍体马铃薯普通栽培种为群体，通过第三代高通量测序手段进行全基因组重测序，以 SNP 为分子标记，遗传相似系数为指标，利用群体结构分析与聚类分析相结合的方法，参照系谱信息，初步明确了各品种间的遗传背景和亲缘关系及群体的遗传多样性。旨在现有条件下尽可能避免亲缘关系过近品种间杂交，有助于丰富育成品种的遗传多样性，为马铃薯普通栽培种育种工作的亲本选配提供参考。本研究相对于同类研究，首次采用全基因组重测序技术，获得的高质量 SNP 数量较大、各品种系谱信息较全，为分析结果的可靠性提供了保障。

研究发现，以 SNP 为分子标记的遗传多样性分析结果显示，部分马铃薯品种间亲缘关系具有一定的地理区域性，但并非必然关系。148 份种质资源中大部分品种间遗传相似系数较高，遗传背景不够丰富，杂交成功率低，因此，在育种中亟需引入新型种质资源，继而为种质创新提供更丰富的遗传基础。

参考文献：

[1] 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.

[2] 孙秀梅. 国外种质资源在我国马铃薯育种中的利用[J]. 中国马铃薯，2000，**14**(2)：110-111.
SUN X M. Utilization of foreign germplasm resources in potato breeding in China[J]. *Chinese Potato Journal*，2000，**14**(2)：110-111.

[3] 赵光磊，张雅奎，吴凌娟，等. 引进国外马铃薯种质资源的遗传多样性分析[J]. 中国农学通报，2017，**33**(15)：21-24.
ZHAO G L，ZHANG Y K，WU L J，*et al*. Genetic diversity analysis of potato germplasm resources from abroad[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*，2017，**33**(15)：21-24.

[4] 邸 宏，陈伊里，金黎平. 中国马铃薯部分栽培品种遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 园艺学报，2006，**33**(6)：1 349-1 352.
DI H，CHEN Y L，JIN L P. Genetic diversity analysis of some Chinese potato varieties using AFLP markers[J]. *Acta Horticulturae Sinica*，2006，**33**(6)：1 349-1 352.

[5] 程永芳，张 明，慧巩楯，等. 马铃薯种质资源遗传多样性分析及杂交子代 SRAP 鉴定[J]. 分子植物育种，2015，**13**(8)：1 757-1 765.
CHENG Y F，ZHANG M，*et al*. Genetic diversity analysis and hybrids identification of *Solanum tuberosum* L. by SRAP molecular marker[J]. *Molecular Plant Breeding*，2015，**13**(8)：1 757-1 765.

[6] LANDER E S. The new genomics：global views of biology[J]. *Science*，1996，274：536-539.

[7] LIU J J，LUO W，QIN N N. A 55 K SNP array-based genetic map and its utilization in QTL mapping for productive tiller number in common wheat[J]. *Theor Appl Genet*，2018，131：2 439-2 450.

[8] CHEN H，XIE W，HE H. A high-density SNP genotyping array for rice biology and molecular breeding[J]. *Molecular Plant*，2014，7：541-553.

[9] WANG S，WONG D，FORREST K. Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90000single nucleotide polymorphism array [J]. *Plant Biotechnology Journal*，2014，12：787-796.

[10] GANAL M W，DURSTEWITZ G，POLLEY A. A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping array：Development and germplasm genotyping，and genetic mapping to compare with the B73 reference genome[J]. *PLoSOne*，2011，6：e28334.

[11] 王 舰. 马铃薯种质资源遗传多样性研究及块茎性状的全基因组关联分析[D]. 北京：中国农业大学，2017.

[12] SOFÍA. I. DEPERI，MARTÍN. E. TAGLIOTTI，M. Cecilia Bedogni. Discriminant analysis of principal componentsand pedigree assessment of genetic diversity and population structure in a tetraploid potato panel using SNPs[J]. *PlosOne*，2018，**13**(3)：e0194398.

[13] LI Y P，CHRISTOPHE C，ZHANG J J. Genomic analyses yield markers for identifying agronomically important genes in potato[J]. *Molecular Plant*，2018，11：473-484.

[14] STEWART C N JR，VIA L E. A rapid CTAB DNA isolation technique useful for RAPD finger printing and other PCR applications[J]. *Bio-techniques*，1993，**14**(5)：748-750.

[15] 高玉坤，崔江慧，项晓冬，等. 65 个马铃薯品种(系)指纹图谱构建和遗传多样性分析[J]. 农业生物技术学，2020，**28**(8)：1 363-1 378.
GAO Y K，CUI J H，XIANG X D，*et al*. Fingerprint construction and genetic diversity analysis for 65 potato (*Solanum tuberosum*) varieties (Lines) [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*，2020，**28**(8)：1 363-1 378.

[16] 包文泉，乌云塔娜，王 淋，等. 内蒙古西伯利亚杏群体遗传多样性和遗传结构分析[J]. 西北植物学报，2016，**36**(11)：2 182-2 191.
BAO W Q，WU Y T N，WANG L，*et al*. Genetic diversity and population genetic structure of Siberian Apricot in Inner Mongolia[J]. *Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin*，2016，**36**(11)：2 182-2 191.

[17] 黎 裕，李英慧，杨庆文，等. 基于基因组学的作物种质资源研究：现状与展望[J]. 中国农业科学，2015，**48**(17)：3 333-3 353.
LI Y，LI Y H，YANG Q W，*et al*. Genomics-based crop germplasm research：advances and perspectives[J]. *Scientia Agricultura Sinica* 2015，**48**(17)：3 333-3 353.

[18] 刘易科，朱展望，陈 泠，等. 基于 SNP 标记揭示我国小麦品种(系)的遗传多样性[J]. 作物学报，2020，**46**(2)：307-314.
LIU Y K，ZHU Z W，CHEN L，*et al*. Revealing the genetic diversity of wheat varieties (lines) in China based on SNP markers[J]. *Acta Agronomica Sinica*，2020，**46**(2)：307-314.

[19] 苏 睿，林 峻，陈鲤群，等. 高通量自动化 SNP 检测技术研究进展[J]. 中国细胞生物学学报，2019，**41**(7)：1 412-1 422.
SU R，LIN J，CHEN L Q，*et al*. Research progress on high-throughput automated SNP detection technology[J]. *Chinese Journal of Cell Biology*，2019，**41**(7)：1 412-1 422.

[20] 孙 凯，李冬秀，杨 靖，等. 水稻耐淹成苗率相关性状全基因组的关联分析[J]. 中国农业科学，2019，**52**(3)：385-398.
SUN K，LI D X，YANG J，*et al*. Genome-wide association analysis for rice submergence seedling rate[J]. *Scientia Agricultura Sinica*，2019，**52**(3)：385-398.

[21] 郭子锋，徐孝洁，刘小刚，等. 温热带玉米株高的全基因组关联分析[J]. 玉米科学，2020，**28**(1)：31-36.
GUO Z F，XU X J，LIU X G，*et al*. Genome-wide association study of plant height in temperate and tropical maize[J]. *Journal of Maize Sciences*，2020，**28**(1)：31-36.

[22] 马艳明，娄鸿耀，陈朝燕，等. 新疆冬小麦地方品种与育成品种 SNP 芯片的遗传多样性分析[J]. 作物学报，2020，**46**(10)：1 539-1 556.
MA Y M，LOU H Y，CHEN C Y，*et al*. Genetic diversity assessment of winter wheat landraces and cultivars in Xinjiang via SNP array analysis [J]. *Acta Agronomica Sinica*，2020，**46**(10)：1 539-1 556.

[23] 李巧英，郑戈文. SNP 分子标记技术在农作物种子检测中的研究与应用[J]. 中国种业，2019，16：16-17.
LI Q Y，ZHENG G W. Research and application of SNP molecular marker technology in crop seed detection[J]. *China Seed Industry*，2019，16：16-17.

[24] 段绍光，金黎平. 马铃薯品种遗传多样性分析[J]. 作物学报，2017，**43**(5)：718-729.
DUAN S G，JIN L P. Genetic diversity analysis of potato varieties[J]. *Acta Agronomica Sinica* 2017，**43**(5)：718-729.

[25] 孙慧生. 马铃薯育种学[M]. 北京：中国农业出版社，2003：61-62.

(编辑：宋亚珍)