

中图分类号: S532 文献标识码: A 文章编号: 1672-3635(2020)05-0268-07

西藏自治区马铃薯地方品种遗传多样性分析

祁驰恒, 许娟妮, 尼玛卓嘎, 曾钰婷*

(西藏自治区农牧科学院蔬菜研究所, 西藏 拉萨 850032)

摘要: 为了探讨西藏自治区马铃薯地方品种的遗传多样性水平和遗传差异, 利用基因测序分型 (Genotyping-by-sequencing, GBS) 技术对24个马铃薯地方品种和1个主栽品种进行遗传多样性分析。25个马铃薯品种观测杂合度(H_o)为0.24, 期望杂合度(H_e)为0.19, 有效等位基因数(N_e)为1.29, 多态性信息含量(PIC)为0.16, 核苷酸多态性(PI)为0.19, 显示马铃薯的遗传多样性水平较低。遗传分化系数、遗传距离、群体进化树和主成分分析显示所有参试品种分为3个类群, 遗传分化水平整体较高, 但部分品种间的遗传分化系数较低。

关键词: 西藏; 马铃薯; GBS技术; 遗传多样性; 遗传分化

Genetic Diversity Analysis of Local Potato Varieties in Tibet

QI Chiheng, XU Juanni, NI Mazhuoga, ZENG Yuting*

(Vegetable Institute, Tibet Academy of Agriculture and Animal Husbandry Sciences, Lhasa, Tibet 850032, China)

Abstract: The genetic diversity of 24 local potato varieties and one main potato variety were analyzed by genotyping-by-sequencing (GBS) technology in order to explore the level of genetic diversity and genetic differences of local potato varieties in Tibet. The observed heterozygosity (H_o) of 25 potato varieties was 0.24, the expected heterozygosity (H_e) was 0.19, the effective number of alleles (N_e) was 1.29, the polymorphism information content (PIC) was 0.16, and the nucleotide diversity (PI) was 0.19, indicating that the level of genetic diversity of potatoes was low. The genetic differentiation coefficient, genetic distance, phylogenetic tree, and principal components analysis (PCA) showed that all the varieties were divided into three groups. There were a high level of genetic differentiation, but some varieties were low.

Key Words: Tibet; potato; GBS technology; genetic diversity; genetic differentiation

马铃薯是西藏自治区继青稞、小麦之后的第三大粮食作物, 是重要的粮菜兼用和工业原料作物, 马铃薯产业在脱贫攻坚、农牧民增收、农业结构调整等方面具有重要的作用^[1]。西藏自治区马铃薯主栽品种仍以地方品种为主, 存在品种单一、退化严重等问题, 迫切需要加强种质资源的开发与利用, 选育与引进高产、高抗、优质、适宜西藏自治区生

态条件的马铃薯新品种, 以促进马铃薯产业健康发展。因此, 明确西藏自治区马铃薯地方品种的遗传多样性、遗传差异, 对新品种引进与新品种选育过程中的亲本选配具有重要意义。

随着高通量测序技术的发展, 基因分型的成本持续降低, 基因测序分型 (Genotyping-by-sequencing, GBS) 技术作为第二代深度测序基础上发展起来的

收稿日期: 2020-03-31

基金项目: 西藏自治区自然科学基金项目(XZ2018ZRG-52(Z)); 现代农业产业技术体系专项资金(CARS-10-ES30)。

作者简介: 祁驰恒(1990-), 男, 硕士, 助理研究员, 从事马铃薯育种及栽培工作。

*通信作者(Corresponding author): 曾钰婷, 硕士, 副研究员, 从事马铃薯育种及栽培工作, E-mail: zyt14916@126.com。

简化基因组测序技术, 通过采用酶切加标签的方法, 使多样本高通量平行测序得以实现^[23], 目前, GBS技术已在遗传学研究、图谱构建和种质鉴定等领域广泛应用^[45]。国内对马铃薯遗传多样性分析报道较多, 而针对西藏自治区马铃薯遗传多样性研究则鲜见报道^[6-8]。本研究利用GBS技术对西藏自治区24份马铃薯地方品种和1个主栽品种的遗传多样性展开研究, 以揭示西藏自治区马铃薯地方品种的亲缘关系及遗传特性, 探讨其遗传多样性水平, 为西藏自治区马铃薯种质资源开发与利用、新品种引进与选育提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为24个西藏自治区地方品种和1个主栽品种(‘青薯9号’), 见表1。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA提取和GBS文库构建

每个供试品种选取5株, 共125个样本。利用天根生化科技有限公司的基因组DNA提取试剂盒(DNAsecure Plant Kit)提取DNA。经浓度及纯度检测

后的高质量DNA用于GBS文库的构建和测序, 采用限制性内切酶PstI-HF/MspI对DNA进行酶切, 酶切后的片段两端用T4连接酶加接头和Barcode, 回收300~500 bp的DNA片段, 对回收片段使用高保真酶进行PCR扩增, 使用Qubit测定PCR产物浓度, 浓度需大于5 ng/μL, 将混好的文库上机(Illumina Hiseq Xten, PE150)测序。

1.2.2 SNP鉴定

为了保证分析质量, 将混池下机Raw Reads使用FastQC(v0.11.7)软件对多样品混池下机Raw Reads进行质控; 使用了Stacks(v2.1)软件包中的process_radtags程序(主要参数-r--renz_1--adapter_mm1), 剔除混池下机Raw Reads含有接头序列的Reads, 并依据建库样品与Barcode对应关系拆分为单样品Raw Reads; 使用FASTX Toolkit(v0.0.14)软件包中的fastx_trimmer程序(主要参数-f-l), 移除酶切位点序列以及3'端FastQC质控质量分数小于20的所有碱基, 得到Clean Reads。使用Bowtie2软件将Clean Reads比对到参考基因组上(http://solanaceae.plantbiology.msu.edu/data/potato_dm_v404_all_pm_un.fasta.zip), 基于样品与参考基

表1 试验材料
Table 1 Test materials

品种 Variety	来源 Source	名称 Variety	来源 Source
查果白 Chaguobai	日喀则市定日县	昌果红 Changguohong	山南市贡嘎县昌果乡
拉多 Laduo	林芝市朗县拉多乡	吉隆吉普 Jilongjipu	日喀则市吉隆县吉普村
芒康 Mangkang	昌都市芒康县曲孜卡乡	吉德秀 Jidexiu	山南市贡嘎县吉德秀镇
琼林白 Qionglinbai	林芝市米林县南伊乡	赛帮白 Saibangbai	日喀则市萨迦县赛乡帮白村
察隅 Chayu	林芝市察隅县竹瓦根镇	琼林红 Qionglinhong	林芝市米林县南伊乡
普兰科白 Pulankebai	阿里地区普兰县科加村	洛扎 Luozha	山南市洛扎县色乡
下亚东 Xiayadong	日喀则市亚东县下亚东乡	青薯9号 Qingshu 9	青海农林科学院
米林 Milin	林芝市米林县	隆子切巴 Longziqieba	山南市隆子镇切巴村
普兰科红 Pulankehong	阿里地区普兰县科加村	陈塘红 Chentanghong	日喀则市定结县陈塘镇
堆龙 Duilong	拉萨市堆龙德庆区	觉拉 Juela	山南错那县觉拉乡
亚东 Yadong	日喀则市亚东县	昌都 Changdu	昌都市
艾玛红 Emmahong	日喀则市南木林县艾玛岗乡	艾玛白 Emmabai	日喀则南木林县艾玛岗乡
工布 Gongbu	林芝市工布江达县加兴乡		

因组的比对结果, 利用GATK软件HaplotypeCaller程序生成每个样品中的gVCF文件, 再通过GATK软件GenotypeGVCFs程序进行群体单核苷酸多态性(Single nucleotide polymorphism, SNP)检测。对得到的群体SNP数据使用GATK软件SelectVariants程序对预测结果进行筛选。为了降低SNP和INDEL检测的错误率, 使用VCFtools软件对获得SNP和INDEL分型结果进行过滤。过滤条件如下: Reads支持数(DP)不低于4; 剔除MAF小于0.01的位点; 剔除SNP或者INDEL分型缺失率高于20%的位点。

1.2.3 遗传数据统计

期望杂合度(He)、多态信息含量(PIC), 有效等位基因数(Ne)分别由以下公式计算获得:

$$He = 1 - \sum_{i=1}^k x_i^2$$

式中 x_i^2 为第*i*个等位基因的频率, *k*为等位基因数。

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i^2 P_j^2$$

式中*i*, *j*为第*i*、*j*个等位基因; P_i 和 P_j 分别为群体中第*i*个和第*j*个等位基因频率, *n*为等位基因数。

$$Ne = 1 / \sum_{i=1}^n P_i^2$$

式中 P_i 为第*i*个有效等位基因的频率, *n*为等位基因数。

采用VCFtools软件计算核苷酸多样性(P_i)、计算哈温平衡*P*值, 使用R包Genepop计算群体间的遗传分化系数(Fst), 群体间的Reynolds'遗传距离(Reynolds' genetic distance, DR)则由Fst估算得出, $DR = -\ln(1 - Fst)$ 。采用邻接法(Neighbor-joining method)构建进化树, 通过TreeBeST软件计算距离矩阵, 进化树的可靠性通过Bootstrap法进行检验(重复1 000次), 使用Plink2软件对获得的SNP标记进行PCA分析。

2 结果与分析

2.1 测序质量

GBS测序得到的原始图像数据文件经碱基识别分析转化为原始测序序列, 125个马铃薯样本的总测序数据量为140.64 Gb, 去除低质量的序列后,

产生的高质量序数据量为130.22 Gb, 平均每个样本数据量为1 042 Mb, 测序质量较高($Q20 \geq 94.63\%$, $Q30 \geq 87.16\%$), GC含量分布正常。全部样本与参考基因组的比率为76.0%~85.39%, 平均测序深度为56.26 \times , 覆盖度为1.05%~3.08%。经过SNP calling并过滤, 共获得93 435个SNP位点, 4 653个INDEL位点。

2.2 供试品种遗传多样性

25个马铃薯品种的观测杂合度(H_o)为0.24, 期望杂合度(H_e)为0.19, 与 H_o 相差不大。观测等位基因数(N_a)为2, 有效等位基因数(N_e)为1.29, 多态性信息含量(PIC)为0.16, 核苷酸多态性(PI)为0.19, 哈温平衡*P*值为0.61, $P > 0.05$ 说明达到了遗传平衡。

2.3 品种间遗传分化和遗传距离分析

由表2可知, 各品种间Fst值小于0.05占10%, 0.05~0.15的占5%, 0.15~0.25的占36%, 大于0.25的占49%。品种间分化系数Fst值越低对应遗传距离越近, Fst值越高则对应遗传距离越远。‘艾玛白’、‘拉多’、‘琼林白’、‘察隅’、‘普兰科白’、‘亚东’、‘赛帮白’和‘洛扎’8个品种间Fst值在0.000 6~0.005 4, ‘艾玛白’与其他17个品种的Fst值在0.206 8~0.301 4, ‘青薯9号’与其他品种的Fst值在0.155 8~0.246 0, 平均为0.218 9, ‘陈塘红’与其他品种的Fst值在0.215 6~0.316 7, 平均Fst值最高, 为0.289 4。‘陈塘红’(0.289 4)、‘芒康’(0.271 1)、‘下亚东’(0.252 6)、‘普兰科红’(0.257 8)、‘艾玛红’(0.267 9)、‘工布’(0.269 0)、‘昌果红’(0.278 1)、‘吉隆吉普’(0.268 6)、‘吉德秀’(0.272 8)和‘米林’(0.263 1)10个品种的平均Fst值大于0.25, 遗传距离DR值在0.291 9~0.342 5。‘艾玛白’(0.172 2)、‘拉多’(0.172 1)、‘琼林白’(0.171 8)、‘察隅’(0.173 0)、‘普兰科白’(0.173 1)、‘亚东’(0.172 5)、‘赛帮白’(0.172 8)和‘洛扎’(0.173 3)8个品种的平均Fst值小于0.18, DR值在0.197 9~0.199 7。‘隆子切巴’和‘觉拉’的平均Fst值分别为0.180 5和0.189 9, 其他5个品种的平均Fst值在0.20~0.25, DR值在0.240 2~0.253 6。

2.4 进化树分析

由图1可知, 可将25个马铃薯品种划分为3个类群。第I类群和第II类群各包括10个马铃薯品种, 第

表 2 部分品种间的遗传分化系数 (Fst) 和遗传距离 (DR) between some varieties

品种 Variety	查果白 Chaguobai	拉多 Laduo	芒康 Mangkang	琼林白 Qionglinbai	察隅 Chayu	普兰科白 Pulankebai	下亚东 Xiayadong	米林 Milin	普兰科红 Pulankehong	堆龙 Duilong	亚东 Yadong	艾玛红 Emmyhong	工布 Gongbu	昌果红 Changguohong
查果白 Chaguobai	-	0.155 4	0.345 9	0.155 4	0.156 4	0.157 0	0.314 3	0.320 8	0.320 6	0.002 7	0.156 1	0.335 3	0.362 4	0.371 1
拉多 Laduo	0.143 9	-	0.331 6	0.000 9	0.001 3	0.002 2	0.294 0	0.298 3	0.305 0	0.153 9	0.001 1	0.328 4	0.339 5	0.345 6
芒康 Mangkang	0.292 4	0.282 2	-	0.331 4	0.333 4	0.333 7	0.318 7	0.341 6	0.326 1	0.339 8	0.333 2	0.333 5	0.315 3	0.331 4
琼林白 Qionglinbai	0.143 9	0.000 9	0.282 1	-	0.002 1	0.001 3	0.292 8	0.297 6	0.304 2	0.153 7	0.000 8	0.328 1	0.339 7	0.344 2
察隅 Chayu	0.144 8	0.001 3	0.283 5	0.002 1	-	0.002 0	0.295 0	0.299 3	0.307 1	0.154 0	0.001 7	0.330 6	0.342 1	0.347 7
普兰科白 Pulankebai	0.145 3	0.002 2	0.283 7	0.001 3	0.002 0	-	0.295 4	0.301 2	0.306 5	0.155 1	0.002 5	0.330 3	0.341 9	0.347 3
下亚东 Xiayadong	0.269 7	0.254 7	0.272 9	0.253 8	0.255 5	0.255 8	-	0.308 3	0.322 8	0.309 4	0.294 2	0.318 3	0.310 9	0.342 3
米林 Milin	0.274 4	0.257 9	0.289 4	0.257 4	0.258 7	0.260 1	0.265 3	-	0.332 0	0.315 0	0.299 2	0.339 8	0.350 6	0.368 5
普兰科红 Pulankhong	0.274 3	0.262 9	0.278 3	0.262 3	0.264 4	0.264 0	0.275 9	0.282 5	-	0.316 6	0.305 8	0.309 1	0.331 7	0.324 8
堆龙 Duilong	0.002 7	0.142 6	0.288 1	0.142 5	0.142 7	0.143 7	0.266 1	0.270 2	0.271 4	-	0.153 6	0.330 5	0.357 1	0.365 1
亚东 Yadong	0.144 5	0.001 1	0.283 4	0.000 8	0.001 7	0.002 5	0.254 9	0.258 6	0.263 5	0.142 4	-	0.329 5	0.341 2	0.346 2
艾玛红 Emmahong	0.284 9	0.279 9	0.283 6	0.279 7	0.281 5	0.281 3	0.272 6	0.288 1	0.265 9	0.281 4	0.280 7	-	0.320 9	0.319 7
工布 Gongbu	0.304 0	0.287 9	0.270 4	0.288 0	0.289 7	0.289 6	0.267 2	0.295 7	0.282 3	0.300 3	0.289 1	0.274 5	-	0.306 7
昌果红 Changguohong	0.310 0	0.292 2	0.282 1	0.291 2	0.293 7	0.293 4	0.289 9	0.308 2	0.277 3	0.305 9	0.292 6	0.273 6	0.264 1	-
吉隆吉普 Jilongjiyu	0.287 4	0.266 6	0.298 2	0.265 6	0.267 7	0.267 9	0.271 8	0.266 6	0.297 1	0.283 6	0.267 3	0.290 3	0.276 8	0.303 7
吉德秀 Jidexiu	0.294 4	0.275 6	0.293 5	0.275 3	0.276 9	0.277 7	0.274 2	0.279 8	0.292 9	0.290 5	0.276 2	0.285 6	0.298 8	0.299 1
赛帮白 Saibangbai	0.144 6	0.002 2	0.282 9	0.001 8	0.002 3	0.001 7	0.255 0	0.258 9	0.263 1	0.144 1	0.002 7	0.280 6	0.289 4	0.292 4
琼林红 Qionglinhong	0.235 2	0.228 7	0.239 2	0.227 7	0.229 1	0.229 6	0.222 0	0.234 2	0.234 9	0.232 0	0.228 9	0.242 6	0.248 1	0.263 2
洛扎 Luozha	0.145 5	0.004 2	0.283 2	0.004 7	0.004 3	0.005 4	0.255 5	0.258 5	0.263 4	0.142 1	0.002 7	0.281 0	0.289 0	0.291 8
青薯9号 Qingshu 9	0.233 7	0.218 1	0.244 8	0.217 4	0.219 1	0.218 1	0.169 4	0.234 3	0.237 1	0.232 3	0.218 4	0.234 7	0.240 4	0.247 3
隆子切巴 Longziqueba	0.207 6	0.199 1	0.189 9	0.198 9	0.200 6	0.200 0	0.186 5	0.203 9	0.141 4	0.206 5	0.200 4	0.187 6	0.101 8	0.194 8
陈塘红 Chentanghong	0.316 7	0.301 3	0.311 9	0.301 0	0.302 7	0.302 9	0.299 4	0.310 4	0.306 8	0.312 9	0.302 3	0.304 8	0.314 2	0.303 0
觉拉 Juela	0.213 2	0.206 8	0.195 1	0.206 2	0.207 9	0.207 1	0.197 1	0.211 2	0.155 8	0.211 2	0.207 0	0.178 8	0.183 0	0.163 3
昌都 Changdu	0.224 9	0.217 3	0.212 0	0.216 8	0.219 0	0.218 5	0.221 8	0.232 7	0.207 6	0.222 1	0.217 9	0.234 9	0.222 5	0.249 5
艾玛白 Emmabai	0.144 2	0.001 4	0.282 5	0.001 5	0.001 5	0.000 7	0.254 6	0.258 2	0.262 7	0.142 5	0.000 6	0.280 4	0.289 1	0.292 3

注：下三角为品种间遗传分化系数 (Fst)，上三角为品种间遗传距离 (DR)。

Note: The lower triangle is the genetic differentiation coefficient (Fst), and the upper triangle is the genetic distance (DR) between varieties.

Ⅲ类群包括5个马铃薯品种。西藏自治区当地主栽品种‘艾玛白’与‘查果白’、‘堆龙’、‘洛扎’、‘亚东’、‘察隅’、‘琼林白’、‘拉多’、‘赛帮白’、‘普兰科白’聚集到第Ⅰ类群, ‘青薯9号’与‘昌果红’、‘觉拉’、‘隆子切巴’、‘工布’、‘艾玛红’、‘芒康’、‘普兰科红’、‘昌都’、‘下亚东’聚集到第Ⅱ类类群, ‘陈塘红’、‘琼林红’、‘吉德秀’、‘吉隆吉普’和‘米林’聚集到第Ⅲ类群。每一类群都有不同地理来源的马铃薯品种, 同一地理来源的地方品种分散聚集于不同类群, 表明类群聚集与地理来源无明显相关性。

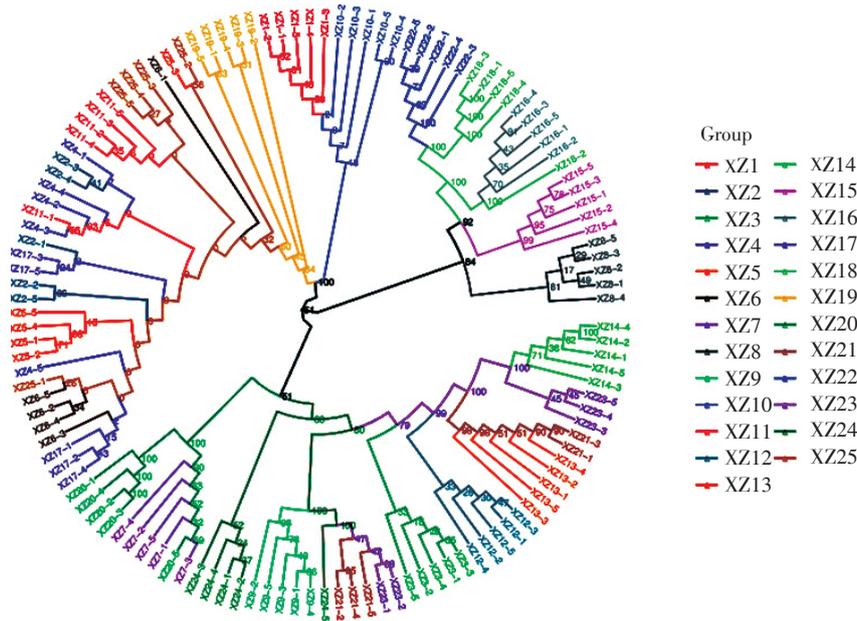
2.5 主成分分析

主成分分析是基于个体基因组 SNP 差异程度, 按照不同性状特征将个体按主成分进行聚类成不同

的亚群, 同时与其他聚类方法的结果相互验证。由图2可知, ‘查果白’和‘堆龙’聚集, 与第Ⅰ类群的其他品种相距较近, 第Ⅰ类群的10个品种首先与其他品种分开; 第Ⅱ类群中的品种间相距较远, ‘普兰科红’、‘隆子切巴’和‘觉拉’聚集, 与其他品种相距较远; 第Ⅲ类群中的5个品种比较分散, ‘米林’和‘基隆吉普’与第Ⅱ类群的多数品种相距较近, ‘陈塘红’与所有参试品种距离较远。由此可看出, 这与系统进化树的分类结果基本一致。

3 讨论

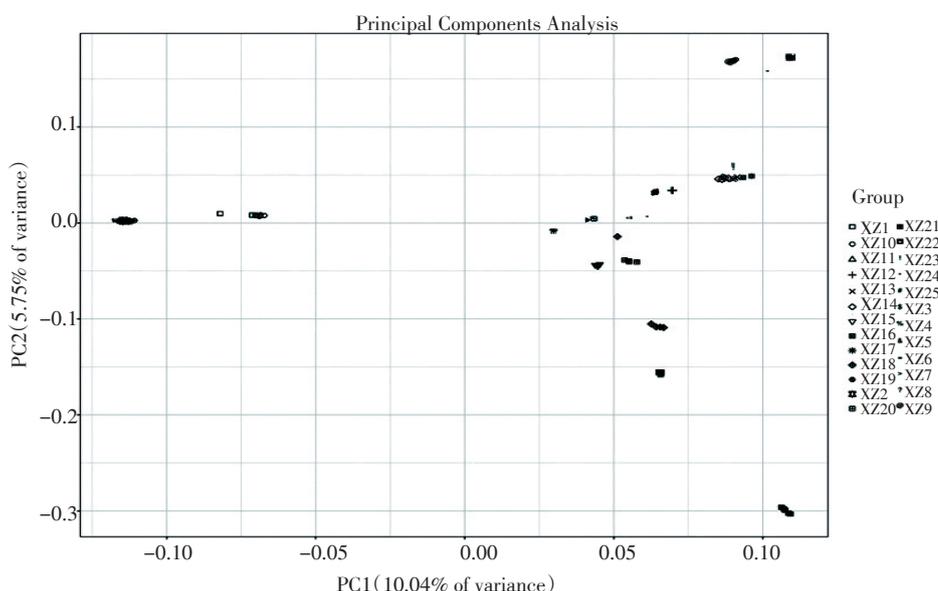
马铃薯遗传多样性分析研究方法以 Amplified fragment length polymorphism (AFLP)、Simple sequence



内部节点处的数字表示 Bootstraps 值, 其值的大小表示分支的可靠程度; 编号 XZ1-XZ25 依次为‘查果白’、‘拉多’、‘芒康’、‘琼林白’、‘察隅’、‘普兰科白’、‘下亚东’、‘米林’、‘普兰科红’、‘堆龙’、‘亚东’、‘艾玛红’、‘工布’、‘昌果红’、‘吉隆吉普’、‘吉德秀’、‘赛帮白’、‘琼林红’、‘洛扎’、‘青薯9号’、‘隆子切巴’、‘陈塘红’、‘觉拉’、‘昌都’、‘艾玛白’。下同。

The number at the internal node indicates the Bootstraps value, and the size of the value indicates the reliability of the branch. From XZ1 to XZ25: 'Chaguobai', 'Laduo', 'Mangkang', 'Qionglinbai', 'Chayu', 'Pulankebai', 'Xiayadong', 'Milin', 'Pulankehong', 'Duilong', 'Yadong', 'Emmahong', 'Gongbu', 'Changuohong', 'Jilongjipu', 'Jidexiu', 'Saibangbai', 'Qionglinhong', 'Luozha', 'Qingshu 9', 'Longziqieba', 'Chentanghong', 'Juella', 'Changdu', and 'Emmabai'. The same below.

图1 系统进化树
Figure 1 Phylogenetic tree



横纵坐标分别代表两个主成分，每一个点为一个样品，不同的形状表示不同的组别。
 Abscissa and ordinate represent two principal components, respectively. Each point is a sample, and different shapes represent different groups.

图2 PCA 结果图

Figure 2 PCA results

repeats(SSR)、Random amplified polymorphic DNA(RAPD)和 Inter-simple sequence repeat (ISSR)标记较为多见。这些分子标记方法技术成熟, 支持文献丰富, 但存在试验过程繁琐、所选标记在基因组中的覆盖度低等不足^[9]。GBS技术相比传统分析方法, 选用的遗传标记数量多, 能够覆盖全基因组, 可全面、准确地揭示研究物种的遗传特征。目前该方法已在柑橘^[10]、烟草^[11]、玉米^[12]、托氏珥螺^[9]等物种进行了群体多样性分析, 具有更高的准确性和稳定性。本研究通过GBS技术对125个马铃薯样本进行测序, 产生的高质量序列数据量为130.22 Gb, 共获得93 435个高质量的SNP位点用于后续遗传多样性分析。

遗传多样性是生物遗传物质DNA的多样性, 生物遗传多样性越高, 包含的基因就越丰富, 该物种的抗病性、抗逆性及对环境变化的适应能力就越强^[13]。众多研究发现, 中国马铃薯品种都不同程度存在亲缘关系较近和遗传多样性不足的情况。李建武等^[6]利用11对SSR引物对42份甘肃省主栽的马铃薯品种进行了遗传多样性分析, 结果表明甘肃省主栽马铃薯品种之间的遗传相似性较高, 遗传基础较

狭窄; 滕长才等^[7]利用30对SSR引物对12份青海省马铃薯主栽品种进行了遗传多样性分析, 认为遗传多样性水平较低; 赵光磊等^[8]利用20对SRAP引物对34份黑龙江马铃薯主栽品种遗传多样性进行分析, 显示遗传相似性较高, 遗传多样性程度较低。

等位基因数(N)、杂合度(H)是评估遗传多样性的主要指标, 值越高, 说明其受到的选择压力越小, 其遗传多样性越丰富^[14]。Ghislain等^[15]通过将PIC数值划分为3个区间 $PIC > 0.5$, $0.25 < PIC < 0.5$ 和 $PIC < 0.25$ 来对应引物多态性程度的高、中和低, 以此来衡量基因变异程度的高低。刘易科等^[16]利用SNP芯片技术分析小麦品种的遗传多样性, 结果表明, PIC值的变幅为0.01~0.38, 平均值为0.26, 育成的品种遗传基础不够丰富, 蔡露等^[11]利用GBS技术对92份烟草种质资源进行遗传多样分析, N_a 为1.27~1.93, H_o 为0.22~0.76, H_e 为0.32~0.59, 整体遗传多样性偏低。本研究中供试马铃薯品种的 H_o 为0.24, H_e 为0.19, N_e 为1.29, PIC为0.16, PI为0.19, 均表现较低, 表明参试品种的遗传多样性较低。

西藏自治区地域广阔, 东西跨度大, 边境线长, 马铃薯地方品种间应更易产生遗传分化, 但随着交通的便利, 各地品种间的交流越来越频繁, 从而导致部分品种资源的浪费及遗传分化的较少。Wright^[17]提出, 遗传分化指数 F_{st} 介于 0~0.05 的种群遗传分化很小, 0.05~0.15 的种群遗传分化中等, 0.15~0.25 的种群遗传分化很大, 大于 0.25 表明种群遗传分化极大。本研究中 10 个马铃薯品种的 F_{st} 值大于 0.25, 与其他参试品种有很大的遗传分化, 遗传距离大, 遗传背景差异较大, 亲缘关系较远。平均值较小的 8 个品种间 F_{st} 值小于 0.05, 遗传分化很小, 遗传距离短。本研究中 25 个马铃薯品种的遗传分化水平整体较高, 遗传距离较远, 但部分品种间的遗传分化很低, 遗传距离近, 可能与地方品种间的交流有关。

基于遗传分化系数、进化树和主成分分析, 25 个马铃薯品种划分为 3 个类群。第 I 类群中品种间遗传分化较小, 遗传距离较近, 亲缘关系较近; 第 II 类群中的品种遗传分化较大, 遗传距离较远; 第 III 类群中的品种遗传分化很大, 遗传距离远, 每个品种单独聚集, 亲缘关系较远; 且类群聚集与地理来源无明显相关性。系统进化树中部分品种的 5 株并没有聚合在一起, 表明 5 个样品间存在差异, 这与地方品种的混乱有关, 5 个样品的表型性状相同或相似, 但在基因层面却存在一定差异, 地方品种间存在同名异物与同物异名的现象。

综上所述, 西藏自治区马铃薯地方品种遗传多样性较低, 部分品种间亲缘关系较近。本研究结果有助于了解西藏自治区马铃薯地方品种的遗传多样性水平, 为丰富马铃薯种质资源, 利用及保护马铃薯地方品种提供依据。

[参 考 文 献]

- [1] 曾钰婷, 许娟妮, 尼玛卓嘎, 等. 不同施肥组合对马铃薯产量及品质的影响 [J]. 安徽农业科学, 2019, 47(24): 165-166, 212.
- [2] Elshire R J, Glaubitz J C, Sun Q, *et al.* A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species [J]. PLoS ONE, 2011, 6(5): e19379.
- [3] Sonah H, Bastien M, Iquira E, *et al.* An improved genotyping by sequencing (GBS) approach offering increased versatility and efficiency of SNP discovery and genotyping [J]. PLoS ONE, 2013, 8 (1): e54603.
- [4] Lin M, Cai S, Wang S, *et al.* Genotyping-by-sequencing (GBS) identified SNP tightly linked to QTL for pre-harvest sprouting resistance [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(7): 1385-1395.
- [5] Bajaj D, Das S, Badoni S, *et al.* Genome-wide high-throughput SNP discovery and genotyping for understanding natural (functional) allelic diversity and domestication patterns in wild chickpea [J]. Scientific Reports, 2015, 5: 12468.
- [6] 李建武, 文国宏, 李高峰, 等. 甘肃省主栽马铃薯品种的 SSR 遗传多样性分析 [J]. 分子植物育种, 2017, 15(5): 1951-1962.
- [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(3): 555-561.
- [8] 赵光磊, 张雅奎, 吴凌娟, 等. 黑龙江省主栽马铃薯品种遗传多样性的 SRAP 分析 [J]. 西北农业学报, 2015, 24(2): 66-72.
- [9] 高磊, 鲍相渤, 于思梦, 等. 基于 GBS 技术的黄渤海沿岸托氏珧螺遗传特征分析 [J]. 中国水产科学, 2020(2): 204-212.
- [10] 王小柯, 江东, 孙珍珠. 利用 GBS 技术研究 240 份宽皮柑橘的系统演化 [J]. 中国农业科学, 2017, 50(9): 1666-1673.
- [11] 蔡露, 杨欢, 王勇, 等. 利用 GBS 技术开发烟草 SNP 标记及遗传多样性分析 [J]. 中国烟草科学, 2018, 39(5): 17-24.
- [12] Zhou Z, Zhang C, Zhou Y, *et al.* Genetic dissection of maize plant architecture with an ultra-high density bin map based on recombinant inbred lines [J]. BMC Genomics, 2016, 17(1): 178.
- [13] 李辉, 李德芳, 向世鹏. 地方晒烟种质资源遗传多样性分析与评价 [J]. 云南农业大学学报: 自然科学版, 2019, 34(6): 915-921.
- [14] 吴明林, 崔凯, 李海洋, 等. 不同体色翘嘴鲈 (*Siniperca chuatsi*) 群体遗传结构研究 [J/OL]. 安徽农业大学学报: 1-7 [2020-03-09]. <https://doi.org/10.13610/j.cnki.1672-352x.20200113.023>.
- [15] Ghislain M, Spooner D M, Rodríguez F. *et al.* Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108 (5): 881-890.
- [16] 刘易科, 朱展望, 陈冷, 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.
- [17] Wright. Evolution and the genetics of populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978.