

甘肃省主栽马铃薯品种遗传多样性的 AFLP与SSR分子标记分析

李建武^{1,2}, 李灏德¹, 文国宏^{1,2}, 李高峰^{1,2}, 马 胜^{1,2}, 张 荣^{1,2}, 贾小霞^{1,2}, 齐恩芳^{1,2}
(1. 甘肃省农业科学院马铃薯研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 农业部西北旱作马铃薯科学观测实验站, 甘肃 渭源 748201)

摘要: 利用 AFLP 和 SSR 分子标记技术, 对甘肃省的 16 个马铃薯主栽品种进行了遗传多样性分析, 结果表明: 在 AFLP 标记分析中, 16 个马铃薯品种间的遗传距离介于 0.244 9~0.649 6, 平均值为 0.401 2; SSR 标记分析中, 16 个马铃薯品种间的遗传距离介于 0.135 9~0.801 4, 平均值为 0.477 0。AFLP 标记具有丰富的多态性和较高的检测效率, SSR 标记具有共显性、重复性好、扩增结果稳定等特点, 两种技术均被应用于马铃薯品种遗传多样性分析、遗传图谱构建和基因定位等方面。

关键词: 马铃薯; AFLP; SSR; 遗传多样性; 甘肃

中图分类号: S532 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2016)07-0001-06

doi: 10.3969/j.issn.1001-1463.2016.07.001

Genetic Diversity of Leading Potato Cultivars Revealed by AFLP and SSR Marker in Gansu Province

LI Jianwu^{1,2}, LI Haode¹, WEN Guohong^{1,2}, LI Gaofeng^{1,2}, MA Sheng^{1,2}, ZHANG Rong^{1,2}, JIA Xiaoxia^{1,2}, QI Enfang^{1,2}

(1. Institute of Potato, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Scientific Observing and Experimental Station of Potato Dry Farming in Northwest China, Ministry of Agriculture, Weiyuan Gansu 748201, China)

Abstract: In this paper, the AFLP and SSR marker are used to study the genetic diversity of 16 potato Cultivars in Gansu province. The study shows that the analysis of AFLP marker the genetic distance of 16 potato cultivars is from 0.244 9 to 0.649 6 with average value being 0.401 2, and the genetic distance of 16 potato cultivars is between 0.135 9~0.801 4 with average valuebeing 0.477 0. AFLP markers with rich polymorphism and high detection efficiency, and SSR markers withcodominant, good repeatability, and stable amplification results are applied to the analysis of genetic diversity, genetic map construction, gene mapping.

Key words: Potato; AFLP; SSR; Genetic diversity; Gansu

马铃薯作为甘肃省的第三大粮食作物, 在全省农业和农村经济中占有重要的地位。2015 年全省马铃薯种植面积为 68.2 万 hm^2 , 生产鲜薯 1 197.5 万 t。根据气候类型及产业布局, 全省形成了高寒阴湿区种薯繁育、旱作雨养区高淀粉及菜用型、河西及沿黄灌区全粉及薯片(条)加工型、陇南天水早熟菜用型等四大优势生产区域。马铃薯产业的快速发展需要不同类型的马铃薯品种提供支撑, 全省马铃薯育种研究工作主要由甘肃省农业科学院、甘肃农业大学、天水市农业科学研

究所、定西市农业科学院、临夏州农业科学研究所、庄浪县农业技术推广中心及部分企业承担, 先后育成了陇薯系列、天薯系列、庄薯系列、甘农薯系列、定薯系列、临薯系列等新品种(系)五十多个。

随着分子生物学技术的快速发展, 分子标记技术成为马铃薯基因型鉴定、亲本选配、目标基因标记的有利工具。AFLP (Amplified Framents Length Polymorphism, 扩增片段长度多态性)是由荷兰科学家 Vos 等人^[1]于 1995 年在 RELP 和 RAPD

收稿日期: 2016-06-03

基金项目: 国家自然科学基金(31160299); 甘肃省青年科技基金计划(1308RJYA047); 甘肃省农业科学院农业科技创新专项(2013GAAS43)

作者简介: 李建武(1978—), 男, 甘肃陇西人, 副研究员, 主要从事马铃薯遗传育种研究工作。E-mail: ljw0931@163.com。

基础上建立起来的新型 DNA 标记技术,它是通过对基因组限制性酶切片段进行选择扩而揭示多态性的,具有多态性高、DNA 用量少、结果稳定性好等优点,在水稻、黄瓜、小麦、马铃薯、冰草等植物种质资源遗传多样性分析、遗传图谱构建、基因定位、亲缘关系鉴定等研究中得到了广泛的应用^[2-6]。SSR(Simple Sequence Repeat, 简单重复序列)又称微卫星 DNA(Microsatellite DNA),作为第 2 代基于 PCR 的一种新型 DNA 分子标记,其原理是根据 SSR 两端的特定顺序序列设计互补的寡聚核苷酸引物,对 SSR 进行 PCR 扩增,经聚丙烯酰胺凝胶电泳,即可显示 SSR 位点在不同个体间的多态性,具有多态性高、重复性好、分布于整个基因组、共显性遗传等优点;自 1991 年创立以来,在马铃薯遗传图谱构建、遗传多样性分析、品种指纹图谱、目标性状筛选、基因定位等研究中得到了广泛应用^[7-10]。

我们利用 AFLP 和 SSR 标记技术对甘肃省的 16 个马铃薯主栽品种进行了遗传多样性分析,以期明确品种间的亲缘关系,为马铃薯品种鉴定、杂交育种亲本选配、种质资源评价、分子标记辅助育种提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 参试材料

参试材料为甘肃省 16 个马铃薯主栽品种(表 1),由农业部西北旱作马铃薯科学观测实验站提供。

1.2 AFLP 标记分析方法

按照植物基因组 DNA 提取试剂盒使用说明并加以优化的方法^[11]提取参试材料叶片基因组

DNA。采用 EcoR I 和 Mse I 双酶切组合,酶切和连接两步完成,酶切体系为 20 μ L,37 $^{\circ}$ C 酶切 4 h;连接体系为 20 μ L(含 10 μ L 酶切产物,10 μ L 连接反应液),37 $^{\circ}$ C 过夜。预扩采用 E-A/M-C 引物(由上海生工合成)组合,反应体系为 20 μ L;用 E+3/M+3 引物组合,反应体系为 20 μ L。PCR 扩增反应在 BIO-RAD T100 型 PCR 扩增仪上运行完成。AFLP 选扩产物在 95 $^{\circ}$ C 下变性 5 min,在 6% 聚丙烯酰胺变性凝胶上电泳分离,电泳缓冲液采用 1 \times TBE,恒功率 80 W,电泳 2.5 h,电泳结束后采用银染方法显影分析^[12]。

1.3 SSR 标记分析方法

参试材料叶片基因组 DNA 提取方法同上,并将各参试材料的 DNA 样品用 ddH₂O 调整至 25 ng/ μ L,筛选出 10 对 SSR 引物(由上海生工合成)用于多态性检测。PCR 反应体系为 20 μ L,PCR 反应在 BIO-RAD T100 型 PCR 扩增仪上运行完成。SSR 选扩产物在 95 $^{\circ}$ C 下变性 5 min,在 6% 聚丙烯酰胺变性凝胶上电泳分离,电泳缓冲液采用 1 \times TBE,恒压 1 000 V,电泳 1.5 h,电泳结束后采用银染方法显影分析^[12]。

1.4 数据统计及遗传多样性分析

待凝胶晾干后,开始统计带谱,有带的记为“1”,无带的记为“0”,组成 0,1 矩阵表。数据采用 NTSYS-pc Version 2.10e 软件分析,同过 Similarity 程序组件中的 Qualitative data 计算参试材料的相似系数,再通过该程序组件中的 Genetic distance 计算出各参试材料的遗传距离;使用 Clustering 程序组中的 SAHN 计算并按 UPGMA 方法进

表 1 甘肃省 16 个马铃薯主栽品种

序号	品种	亲本信息	选育单位
1	陇薯7号	庄薯3号/菲多利	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
2	陇薯5号	小白花/119-8	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
3	陇薯6号	武薯86-6-14/陇薯4号	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
4	陇薯10号	固83-33-1/119-8	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
5	陇薯3号	35-131/73-21-1	甘肃省农业科学院粮食作物研究所
6	LK99	Kennebec 变异株	甘肃省农业科学院马铃薯研究所
7	青薯9号	387521.3/APHRODITE	青海省农林科学院生物技术研究所
8	庄薯3号	87-46-1/青85-5-1	甘肃省庄浪县农业技术推广中心
9	大西洋	B5141-6/Wauseon	美国农业部
10	费乌瑞它	ZPC50-35/ZPC55-37	荷兰 ZPC 公司
11	新大坪		甘肃定西市安定区农业技术推广中心
12	克新2号	Mira/Epoka	黑龙江省农业科学院克山分院
13	早大白	五里白/74-128	辽宁省本溪马铃薯研究所
14	宕薯6号	陇薯3号/94-3-17	甘肃省宕昌县马铃薯开发中心
15	天薯11号	天薯7号/庄薯3号	甘肃省天水市农业科学研究所
16	冀张薯8号	720087/X4.4	河北省高寒作物研究所

行聚类分析, 通过 Tree plot 生成参试材料的树状聚类图。

2 结果与分析

2.1 多态性标记

2.1.1 AFLP 标记 用 64 对 EcoR I 和 Mse I 引物组合, 对 16 个马铃薯品种 DNA 酶切产物进行 PCR 扩增, 从中筛选出谱带清晰并呈现多态性的有效引物组合共 15 对, 然后对这 15 对引物 PCR 扩增的谱带进行分析。15 对引物组合共扩增出 785 条带, 每对 AFLP 引物组合扩增出 35–68 条带, 平均为 52.33 条带, 其中多态性条带有 234 条, 平均为 15.6 条带。

2.1.2 SSR 标记 从 110 对 SSR 引物中筛选出重复性好、条带清晰、目标片段符合要求的 33 对引物进行 PCR 扩增。33 对引物共扩增出 152 条带, 多态性条带为 127 条, 多态性比率为 83.6%。平均每个引物扩增出 4.61 条带, 多态性条带平均为 3.85 条。

2.2 基于 AFLP 和 SSR 标记的遗传距离分析

2.2.1 AFLP 标记分析 16 个马铃薯品种的遗传距离介于 0.244 9~0.649 6, 平均值为 0.401 2(表 2)。其中庄薯 3 号与宕薯 6 号的遗传距离最小, 为 0.244 9, 尽管这两个品种公开的资料表明其间没有亲缘关系, 但其植株农艺性状和块茎性状极为相似, AFLP 标记分析结果也表明其间亲缘关系非常接近。青薯 9 号与陇薯 10 号的遗传距离最大, 为 0.649 6, 表明其间亲缘关系最远, 与其他 15 个品种的平均遗传距离为 0.516 8, 远大于 16 个品种

间的平均遗传距离 0.390 4。青薯 9 号为青海农林科学院从国际马铃薯中心杂交组合(387521.3x APHRODITE)子代中选育而成。

2.2.2 SSR 标记分析 16 个马铃薯品种的遗传距离介于 0.135 9~0.801 4, 平均值为 0.477 0(见表 3)。其中仍以庄薯 3 号与宕薯 6 号的遗传距离最小, 为 0.135 9, 说明 SSR 标记与 AFLP 标记分析具有较好的稳定性与可靠性。青薯 9 号与天薯 11 号的遗传距离最大, 为 0.801 4, 其亲缘关系最远, 与其他 15 个品种的平均遗传距离为 0.614 7, 远大于 16 个品种间的平均遗传距离 0.477 0。青薯 9 号与其他品种间的亲缘关系较远, 适宜作为亲本在今后杂交育种工作中应用。

2.3 AFLP 和 SSR 标记的遗传多样性分析比较

研究表明, AFLP 标记检测到的位点和多态性位点远高于 SSR 标记, 平均每对引物组合检测到带谱为 52.33 条, 其中多态性位点为 15.6 个; 而 SSR 标记平均每对引物扩增出 4.61 条带, 多态性条带平均只有 3.85 个。AFLP 标记获得的 16 个马铃薯品种的平均遗传距离为 0.401 2, 大于 SSR 标记获得的平均遗传距离为 0.477 0; 两种标记的平均遗传距离相差 0.075 8, 两组遗传距离值相关系数为 0.769 2, 说明 AFLP 标记和 SSR 标记对 16 个马铃薯品种遗传多样性分析的结果具有较强的相关性, 能够反映出这些参试品种的遗传多样性及亲缘关系。

同时, AFLP 标记和 SSR 标记技术检测到的遗传多样性也存在一定的差异, 主要是由于两种技

表 2 16 个马铃薯品种 AFLP 分析的遗传距离^①

品种	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	0.000 0															
2	0.565 6	0.000 0														
3	0.434 4	0.587 9	0.000 0													
4	0.466 0	0.532 0	0.490 4	0.000 0												
5	0.394 1	0.413 4	0.298 5	0.442 0	0.000 0											
6	0.375 2	0.525 6	0.410 8	0.452 4	0.380 5	0.000 0										
7	0.530 4	0.589 3	0.458 1	0.649 6	0.409 0	0.582 2	0.000 0									
8	0.325 8	0.489 6	0.427 8	0.456 8	0.309 5	0.267 4	0.569 3	0.000 0								
9	0.424 4	0.487 9	0.304 5	0.373 8	0.366 3	0.372 0	0.516 6	0.370 7	0.000 0							
10	0.333 7	0.427 2	0.351 9	0.394 2	0.280 8	0.328 9	0.433 2	0.304 0	0.343 3	0.000 0						
11	0.355 6	0.487 4	0.472 1	0.441 1	0.438 2	0.361 6	0.582 2	0.359 2	0.391 2	0.337 8	0.000 0					
12	0.384 8	0.539 3	0.323 4	0.431 6	0.367 7	0.438 2	0.452 0	0.407 3	0.315 0	0.320 7	0.418 6	0.000 0				
13	0.345 4	0.456 7	0.390 1	0.472 6	0.355 7	0.436 2	0.508 2	0.332 0	0.319 9	0.325 1	0.377 9	0.381 7	0.000 0			
14	0.360 6	0.387 7	0.396 2	0.416 6	0.278 6	0.337 8	0.481 9	0.244 9	0.369 0	0.289 5	0.403 6	0.370 0	0.307 1	0.000 0		
15	0.378 2	0.493 1	0.374 6	0.456 9	0.324 9	0.412 5	0.548 6	0.339 4	0.371 5	0.339 8	0.312 4	0.380 0	0.399 7	0.346 2	0.000 0	
16	0.372 3	0.521 1	0.329 3	0.447 9	0.307 5	0.377 1	0.468 9	0.367 6	0.3044	0.3347	0.395 8	0.323 6	0.271 8	0.367 2	0.434 2	0.000 0

①1–16 代表甘肃省 16 个马铃薯主栽品种(下表同)。

表 3 16 个马铃薯品种 SSR 分析的遗传距离

品种	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	0.000 0															
2	0.373 3	0.000 0														
3	0.439 0	0.428 8	0.000 0													
4	0.311 3	0.576 9	0.446 0	0.000 0												
5	0.391 4	0.550 2	0.535 0	0.534 9	0.000 0											
6	0.513 0	0.389 5	0.474 3	0.576 9	0.550 2	0.000 0										
7	0.622 2	0.603 0	0.505 5	0.635 6	0.722 6	0.547 5	0.000 0									
8	0.152 0	0.416 8	0.463 2	0.250 1	0.395 8	0.416 8	0.448 0	0.000 0								
9	0.398 2	0.474 3	0.354 8	0.424 9	0.489 5	0.474 3	0.770 2	0.386 3	0.000 0							
10	0.504 9	0.381 3	0.489 7	0.516 1	0.624 3	0.535 5	0.653 8	0.474 6	0.420 7	0.000 0						
11	0.391 4	0.381 2	0.404 3	0.584 9	0.487 3	0.403 6	0.635 6	0.338 6	0.364 3	0.442 0	0.000 0					
12	0.577 9	0.474 1	0.554 3	0.506 6	0.593 7	0.662 2	0.626 8	0.505 7	0.526 9	0.283 7	0.534 8	0.000 0				
13	0.222 3	0.528 3	0.458 4	0.242 2	0.495 9	0.528 3	0.559 6	0.177 0	0.458 4	0.472 6	0.390 6	0.533 3	0.000 0			
14	0.196 0	0.477 9	0.452 7	0.306 0	0.562 7	0.454 4	0.533 3	0.135 9	0.432 1	0.543 9	0.364 3	0.562 6	0.236 0	0.000 0		
15	0.327 0	0.491 4	0.547 1	0.579 5	0.607 7	0.547 0	0.801 4	0.350 3	0.497 1	0.538 9	0.312 9	0.672 5	0.367 0	0.384 1	0.000 0	
16	0.496 3	0.551 6	0.505 8	0.434 6	0.584 9	0.497 5	0.555 5	0.383 1	0.579 9	0.725 8	0.612 3	0.636 3	0.358 1	0.485 9	0.555 0	0.000 0

术检测的基因组位点不同而导致的。此外，本研究使用的引物数量较少，所检测的基因组位点相对较少，也可能造成两种标记分析的结果出现偏差。

2.4 聚类分析

2.4.1 AFLP 标记聚类分析 通过 Ntsys 2.10e 软件中的 UPGMA 方法对甘肃省 16 个马铃薯主栽品种进行聚类，构建出树状图，以检测到的 234 个 AFLP 标记进行聚类分析(图1)。在相似系数为 0.544 4 时，16 个品种被聚为两大类，第 I 类仅包含 1 个品种，即青薯 9 号，与其他品种间的遗传距离较大，相似系数较小，亲缘关系较远，被聚为一类。其余 15 个品种被聚为第 II 类，在相似系数为 0.558 2 时，又被划分为 2 个亚类，表明这些

品种的亲缘关系较近，尤其是宕薯 6 号与庄薯 3 号亲缘关系极为接近难以鉴别。

2.4.2 SSR 标记聚类分析 利用上述方法，通过 Ntsys 2.10e 软件中的 UPGMA 方法对甘肃省的 16 个马铃薯主栽品种进行聚类，构建出树状图，以检测到的 127 个 SSR 标记进行聚类分析(图2)。在相似系数为 0.553 5 时，16 个品种被聚为两大类，第 I 类仅包含 1 个品种，即青薯 9 号，与其他品种间的遗传距离较大，亲缘关系较远，被聚为一类。其余 15 个品种被聚为第 II 类，表明各品种的亲缘关系较近，陇薯 7 号与庄薯 3 号被聚为同一亚类，与庄薯 3 号是陇薯 7 号的母本有密切关系，在同一小亚类中的宕薯 6 号与庄薯 3 号亲缘关系极为接近。

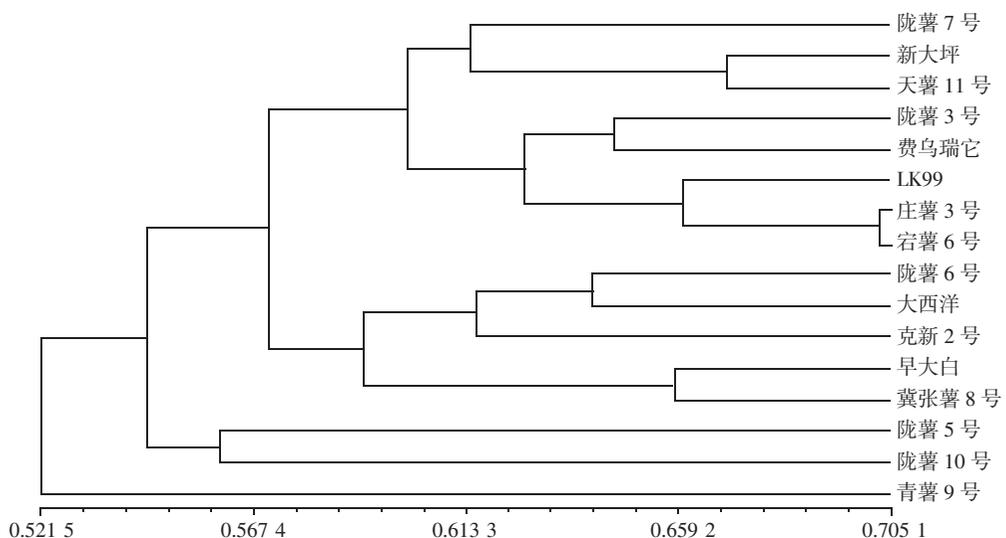


图 1 16 个马铃薯品种 AFLP 标记的 UPGMA 法聚类

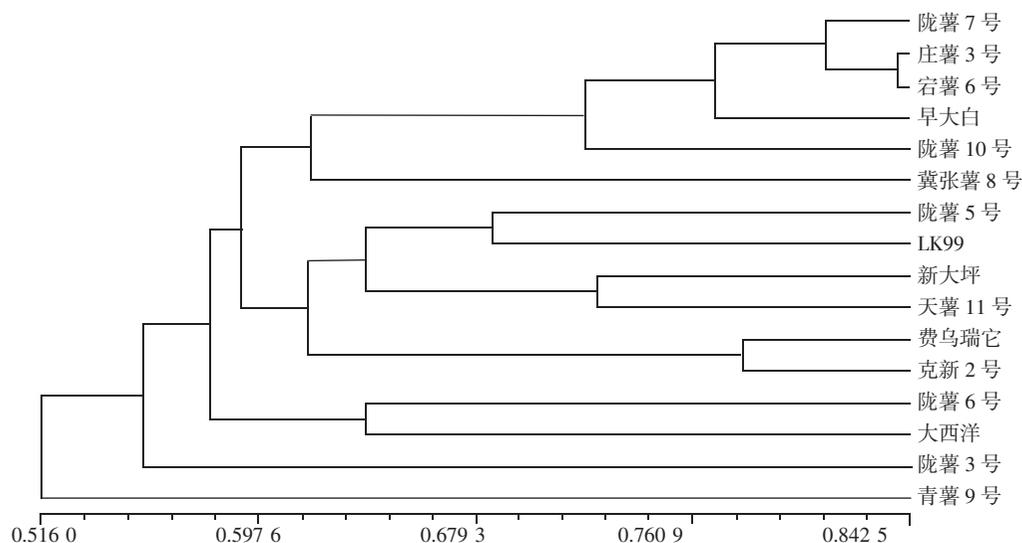


图 2 16 个马铃薯品种 SSR 标记的 UPGMA 法聚类

2.4.3 AFLP 和 SSR 标记的聚类分析比较 通过对比分析, AFLP 与 SSR 标记的聚类结果高度相似, 相似系数分别在 0.544 4 和 0.553 5 时, 参试品种均聚为两大类, 且第 I 类均仅包含青薯 9 号 1 个品种, 其余 15 个品种均被聚为第 II 类, 庄薯 3 号与宕薯 6 号均被划分在同一小亚类中。表明这两种分子标记技术都可以开展马铃薯种质遗传多样性分析、品种鉴别, 同时证明了本研究的可重复性与可靠性。但在第 II 类的亚类聚类分析中, AFLP 与 SSR 标记的聚类结果不完全相同, 尽管 AFLP 标记在相似系数 0.558 2 时又被划分为 2 个亚类, SSR 标记在相似系数为 0.574 8 时也可分为 2 个亚类, 但各亚类包含的品种也不尽相同。聚类结果的差异与标记技术的原理差异和马铃薯遗传组成的复杂性、以及所检测到的多态性位点较少有关。

3 讨论

马铃薯品种的形态学鉴定容易受到植株各器官发育阶段和外部环境条件的影响和制约, 而分子标记技术从 DNA 水平上鉴别马铃薯基因型间的遗传差异, 结果更为稳定可靠, 且不受马铃薯发育阶段和环境条件的影响。AFLP 标记具有较高的检测效率, 但该技术操作流程较长, 难度较大, 成本较高, 对实验室和实验人员的技术要求也较高, 其应用受到一定的限制, 在马铃薯遗传多样性研究^[13-15]、遗传图谱构建^[8, 16-17]、基因定位^[18-19]等方面有较多的应用。SSR 标记广泛存在于真核细胞的整个基因组中, 具有共显性、重复性好、扩

增结果稳定、操作简单等特点, 但没有 AFLP 标记的多态性高, 被广泛应用于马铃薯品种遗传多样性分析^[20-21]、遗传图谱构建^[17, 22-23]和基因定位^[22, 24-25]等方面。

本研究利用 AFLP 和 SSR 分子标记技术对甘肃省的 16 个马铃薯主栽品种进行了遗传多样性分析。结果表明: AFLP 和 SSR 标记技术均适于马铃薯品种遗传多样性分析, 且能够鉴别马铃薯亲缘关系。甘肃省的 16 个马铃薯主栽品种里面, 青薯 9 号与其他品种的亲缘关系较远, 这与腾长才等^[26]的结果一致, 可作为杂交亲本来拓宽遗传基础。其余 15 个品种均聚为一类, 其亲缘关系较为近, 遗传差异小; 其中 10 个品种为本地育成, 这与该区域各育种单位集中化利用亲本有关, 说明甘肃省主栽马铃薯品种遗传基础较为狭窄, 这与邱宏^[5]、段艳凤等^[27]的研究结果一致。国外引进品种大西洋和费乌瑞它与甘肃省育成品种被聚为同一大类, 这可能与这两个品种作为亲本利用、复杂的马铃薯四倍体遗传、较少的 AFLP 和 SSR 多态性标记有关。

参考文献:

- [1] VOS P, HOGERS R, BLEEKER M, *et al.* AFLP a new technique for DNA fingerprinting[J]. *Nucleic Acids Research*, 1995, 23(21): 4407-4414.
- [2] 张春庆, 贾继增. 水稻 AFLP 指纹图谱的引物选择研究[J]. *中国农业科学*, 2002, 35(7): 733-737.
- [3] 李锡香, 朱德蔚, 杜永臣, 等. 黄瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系的 AFLP 分析[J]. *园艺学报*,

- 2004, 31(3): 309–314.
- [4] 王立新, 常利芳, 黄 岚, 等. 小麦 AFLP 片段序列多态性分析和 AFLP-SCAR 标记的研究[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(6): 943–951.
- [5] 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): 1349–1352.
- [6] 姜志艳, 于肖夏, 于 卓, 等. 四倍体杂交冰草 AFLP 遗传连锁图谱的构建[J]. 麦类作物学报, 2015(4): 004.
- [7] SØRENSEN K K, KIRK H G, OLSSON K, *et al.* A major QTL and an SSR marker associated with glycoalkaloid content in potato tubers from *Solanum tuberosum* Á S. sparsipilum located on chromosome I[J]. Theor. Appl. Genet., 2008, 117(1): 1–9.
- [8] ZHAO N, YU X, JIE Q, *et al.* A genetic linkage map based on AFLP and SSR markers and mapping of QTL for dry-matter content in sweetpotato[J]. Mol. Breeding., 2013, 32(4): 807–820.
- [9] 刘建霞, 雷海英, 温日宇, 等. 山西省马铃薯主栽品种遗传多样性的 SSR 分析[J]. 华北农学报, 2012, 27(6): 72–77.
- [10] KANDEMIR N, GÜNGÖR YILMAZ, KARAN Y B, *et al.* Development of a simple sequence repeat (SSR) marker set to fingerprint local and modern potato varieties grown in central Anatolian Plateau in Turkey[J]. African Journal of Biotechnology, 2010, 9(34), 5516–5522.
- [11] 李建武, 李高峰, 胡新元, 等. 马铃薯 SSR-PCR 体系的优化与建立[J]. 中国马铃薯, 2013, 27(6): 331–335.
- [12] 李建武, 李 宁. SSR 标记变性聚丙烯酰胺凝胶快速银染方法的建立[J]. 中国马铃薯, 2015, 29(3): 136–140.
- [13] 李凤云, 盛万民, 刘昭军, 等. 马铃薯品种遗传多样性的 RAPD 和 AFLP 标记分析[J]. 中国马铃薯, 2007, 21(5): 266–271.
- [14] 李凤云, 盛万民, 刘昭军, 等. 马铃薯品种遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国农学通报, 2007, 23(8): 58–61.
- [15] WANG F, WANG J. Genetic diversity of Chinese and cIP potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm assessed by amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers[J]. Potato Res., 2013, 56(3): 167–178.
- [16] MEYER R C, MILBOURNE D, HACKETT C A, *et al.* Linkage analysis in tetraploid potato and association of markers with quantitative resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) [J]. Molecular and General Genetics MGG, 1998, 259(2): 150–160.
- [17] OS H V, ANDRZEJEWSKI S, BAKKER E, *et al.* Construction of a 10,000-marker ultradense genetic recombination map of potato: providing a framework for accelerated gene isolation and a genomewide physical map[J]. Genetics, 2006, 173(2): 1075–1087.
- [18] WANG H, WALLA J, MAGNUSSON V, *et al.* Construction of genetic linkage maps and QTL mapping for X-disease resistance in tetraploid chokecherry (*Prunus virginiana* L.) using SSR and AFLP markers[J]. Mol. Breeding., 2014, 34(1): 143–157.
- [19] D'HOOP B, KEIZER P C, PAULO M J, *et al.* Identification of agronomically important QTL in tetraploid potato cultivars using a marker trait association analysis [J]. Theor. Appl. Genet., 2014, 127(3): 731–748.
- [20] MCGREGOR C E, LAMBERT C A, GREYLING M M, *et al.* A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm [J]. Euphytica, 2000, 113(2): 135–144.
- [21] WANG H, WALLA J A, MAGNUSSON V A, *et al.* Construction of genetic linkage maps and QTL mapping for X-disease resistance in tetraploid chokecherry (*Prunus virginiana* L.) using SSR and AFLP markers [J]. Mol. Breeding., 2014, 34(1): 143–157.
- [22] BRADSHAW J E, HACKETT C A, PANDE B, *et al.* QTL mapping of yield, agronomic and quality traits in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* Subsp. tuberosum)[J]. Theor. Appl. Genet., 2008, 116(2): 193–211.
- [23] DANAN S, VEYRIERAS J-B, LEFEBVRE V. Construction of a potato consensus map and QTL meta-analysis offer new insights into the genetic architecture of late blight resistance and plant maturity traits [J]. BMC Plant Biology, 2011, 11(1): 16.
- [24] MCCORD P, GORDON V, SAHA G, *et al.* Detection of QTL for forage yield, lodging resistance and spring vigor traits in alfalfa (*Medicago sativa* L.)[J]. Euphytica, 2014, 200(2): 269–279.
- [25] ZHOU J, FANG H, SHAN J, *et al.* A major QTL located on chromosome V associates with in vitro tuberization in a tetraploid potato population[J]. Mol. Genet. Genomics., 2014, 289(4): 575–587.
- [26] 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.
- [27] 段艳凤, 刘 杰, 卞春松, 等. 中国 88 个马铃薯审定品种 SSR 指纹图谱构建与遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1451–1457.