DOI:10.16861/j.cnki.zggc.2025.0742

基于 Super-GBS 测序的茄子种质资源遗传多样性分析及核心种质库构建

潘佳伟[1],祁 航[1],张爱冬[1],肖 凯[1],查丁石[1],陈红辉[2],吴雪霞[1]

(1.上海市农业科学院设施园艺研究所 上海 201403; 2.上海市金山区农业技术推广中心 上海 201599)

摘 要:为提高茄子种质资源的利用效率并挖掘其优异种质资源,采用 Super-GBS 测序技术对 72 份国内外茄子材料进行基因组重测序。通过对高质量 SNP 标记的鉴定,计算观察杂合度(H_o)、核苷酸多样性(P_i)、近交系数(F_{is})及遗传分化系数(F_{st})等遗传统计量,系统分析了茄子种质的遗传多样性与群体结构。结果显示,共鉴定得到 5497 个高质量 SNP 标记,遗传聚类分析将 72 份材料划分为 4 个类群,POP1 包括 16 份种质资源,POP2 包括 15 份种质资源,POP3 包括 29 份种质资源,POP4 包括 12 份种质资源。其中,POP4 类群的遗传多样性最高,POP1 类群的遗传多样性相对较低;POP1 和 POP2 类群的近交系数(F_{is})较高。群体结构分析结果显示,最优分群数为 4,各类群之间存在相互交叉现象,表明各类群之间有很近的亲缘关系。最后利用 R 包 Core Hunter 软件成功构建了分别包含 5 份和 10 份种质的核心种质库,为茄子种质资源的高效利用与育种提供了理论依据。

关键词:茄子;Super-GBS;遗传多样性;群体结构;核心种质

中图分类号:S641.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1673-2871(2026)10-024-11

Genetic diversity analysis of eggplant germplasm resources based on Super-GBS sequencing and construction of core germplasm collections

Pan Jiawei[1], Qi Hang[1], Zhang Aidong[1], Xiao Kai[1], Zha Dingshi[1], Chen Honghui[2], Wu Xuexia[1]

(*1. Protected Horticultural Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 2. Shanghai Jinshan District Agricultural Technology Extension Center, Shanghai 201599, China*)

Abstract: To improve the utilization efficiency of eggplant germplasm resources and identify superior germplasm, this study employed Super-GBS sequencing technique to perform genome resequencing of 72 eggplant accessions from China and abroad. By identifying high-quality SNP markers, genetic statistics including observed heterozygosity (H_o), nucleotide diversity (P_i), inbreeding coefficient (F_{is}), and genetic differentiation coefficient (F_{st}) were calculated, and the genetic diversity and population structure of eggplant germplasm were systematically analyzed. A total of 5497 high-quality SNP markers were identified. Genetic clustering analysis divided the 72 accessions into four groups, with POP1, POP2, POP3, and POP4 containing 16, 15, 29, and 12 accessions, respectively. Among them, POP4 had the highest genetic diversity, whereas POP1 had relatively lower genetic diversity. The inbreeding coefficients (F_{is}) of POP1 and POP2 were the highest. Population structure analysis showed that the optimal number of subgroups was four, and admixture was observed among the groups, including close genetic relationships among them. Finally, core collections containing 5 and 10 germplasm were successfully constructed using the R package Core Hunter, providing a theoretical basis for the efficient utilization of eggplant germplasm resources and breeding.

Key words: Eggplant; Super-GBS; Genetic diversity; Population structure; Core collection

茄子(*Solanum melongena* L.)是茄科(Solanaceae)茄属(*Solanum*)一年生草本植物,起源于东南亚热带地区。由于各地消费习惯存在差异,在长期栽培与选育过程中形成了类型丰富、性状多样的地方种质资源[1-2]。种质资源是作物遗传改良和品种选育的重要物质基础,系统评价与精准鉴定种质资源是提高其利用效率、推动育种创新的关键前提[3-4]。因此,明确茄子种质群体结构与亲缘关系,可为茄

收稿日期:2025-10-29;**修回日期:**2025-12-15

基金项目:国家大宗蔬菜产业技术体系上海综合试验站(CARS-21)

作者简介:潘佳伟,女,助理研究员,研究方向为设施园艺作物的抗逆性与分子生物学。E-mail:2250154065@qq.com

通信作者:吴雪霞,女,研究员,研究方向为茄果类蔬菜育种。E-mail:wuxuexiarose@sohu.com

陈红辉,男,高级农艺师,研究方向为蔬菜绿色高产高效生产技术的集成与推广。E-mail:ChenHonghui@sohu.com

子种质创新研究、品种改良育种提供理论依据。

随着分子生物学技术的深入发展，基于分子标记的方法已广泛应用于高效评估茄子种质的遗传多样性及其亲缘关系与群体结构。基于33对优良SRAP引物的分析，183份茄子种质被划分为4个组（遗传距离0.345 6）[5]。柯常姣等[6]利用27对重复性强的SSR引物，对73份国内外茄子种质进行遗传多样性评估，发现其群体间遗传分化不显著，但可聚类为5个主要类群。此外，齐东霞等[3]使用25对SSR引物分析了105份中俄茄子种质，发现其表型与分子聚类结果一致，并进一步揭示了类群划分主要取决于果实性状，而非地理来源。

Super-GBS是在基因分型测序（genotyping-by-sequencing，GBS）基础上发展起来的一种简化基因组测序技术，可在较低成本下实现全基因组范围内单核苷酸多态性（SNP）标记的高通量开发，并在标记重现性、稳定性和分型准确性等方面优于传统GBS方法[7-9]。该技术已成功应用于高粱、玉米、茶树、菊花、非洲菊等多种作物的遗传多样性分析，被证明在种质资源分类、核心种质库构建及功能基因定位方面具有高效性与可靠性[10-15]。然而，目前利用Super-GBS技术进行茄子遗传多样性分析的研究仍鲜见报道。

传统育种评价多依赖于形态学性状或少量分子标记，难以全面、精准地揭示材料在基因组水平的遗传差异。鉴于此，本研究利用Super-GBS技术对72份茄子高代自交系进行测序，构建高密度SNP数据集，系统解析种质资源的群体遗传结构、遗传多样性、群体分化和群体基因交流模式，以期为茄子亲缘关系鉴定与遗传育种研究提供理论支持。

1　材料与方法

1.1　材料

供试的72份茄子种质资源材料均来源于国内高代自交系，由上海市农业科学院提供（材料信息详见表1）。供试材料于2024年3月在上海市农业科学院庄行试验站统一种植。

1.2　基因组DNA提取

将各份材料的种子播种于发芽盒中，每份材料选择5株生长良好的单株，待幼苗长至2叶1心时，分别剪取幼茎组织，保存于−80 ℃超低温冰箱中，用于后续基因组DNA的提取。

基因组DNA提取采用改良CTAB法[16]，然后利用1%琼脂糖凝胶电泳进行完整性检测，并使用ND2000紫外分光光度计测定浓度。

1.3　酶切建库及SNP质控

采用Super-GBS技术对72份茄子种质进行简化基因组测序。使用限制性内切酶*Dpn*II和*Bfa*I对全基因组DNA实施双酶切，回收220~450 bp的片段以构建文库，基于Illumina Nova Seq测序平台（由天门翰林基因科技有限公司完成），采用第二代测序技术（next-generation sequencing, NGS）对文库进行测序。

对下机原始数据进行过滤与质量评估，具体标准包括：（1）去除含接头序列的reads；（2）剔除低质量reads（指质量值Q≤20的碱基占该read总长50%以上者）。最终获得各样品的高质量Clean reads。

1.4　数据处理与分析

采用MEGA 5软件（http://www.atgc-montpellier.fr/phyml/）中的Neighbour-Joining算法构建系统发育树，引导值（bootstrap values）经过1000次计算获得。

群体遗传结构分析使用structure软件（http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure.html）并依据ΔK分布图确定最优群体数（K值）。

利用PopGen软件计算观察杂合度（H_o）、近交系数（F_{is}）和群体分化指数（F_{st}）。基于SNP数据（剔除次要等位基因频率MAF<0.05的位点），采用GCTA软件进行主成分分析（PCA）。选择信号分析通过PLINK软件完成，并利用R语言ggplot2软件包绘图。

2　结果与分析

2.1　SNP数据的质量控制

通过将样本与参考基因组比对，并调用GATK4的HaplotypeCaller模块进行SNP识别。为获取高质量SNP数据集，进行了严格过滤：首先，基于质量深度（QD≥10.0）筛选位点；随后，利用vcftools做进一步处理，保留测序深度（DP）不低于4、最小等位基因频率（MAF）不小于0.01且在至少80%的个体中成功分型（即缺失率不高于20%）的位点。

由图1可见，经过滤后保留的SNPs，其MAF值分布于0.00至0.50之间，且频率分布呈现缓慢下降的趋势。

2.2　SNP的检测与统计分析

经质控过滤后，共获得5497个高质量SNPs，

表 1　72 份茄子种质资源信息

Table 1　Information of 72 *Solanum melongena* L. germplasm resources

编号 No.	资源名称 Resource name	果实形状 Fruit shape	果皮颜色 Fruit peel color	萼片颜色 Sepal color
E1	0811	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E2	0821	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E3	107 粗 107 thick	短棒 Short rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E4	211-1-1 细多 211-1-1 thin	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E5	23-6（h）	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E6	765-2-1-1	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E7	765 后 765 Hou	短棒 Short rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E8	P8 果②-2-7-1 P8fruit②-2-7-1	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E9	黑 33 Black 33	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E10	绿柄黑龙④1 Green-handled black dragon ④1	长棒 Long rod	紫黑色 Purplish black	绿色 Green
E11	308131-1-1-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E12	308131-2-1-1 直 308131-2-1-1 straight	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E13	308131-3-1-1 直 308131-3-1-1 straight	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E14	308131-6-1-3	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E15	308131-7-2-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E16	308131-8-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E17	E24-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E18	E32-2	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E19	E34-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E20	紫母 41211 Zimu 41211	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E21	广名 4111 Guangming 4111	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E22	G61 ⑤ 1-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E23	308221-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E24	308232-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E25	308241-13-2-1	线茄 Line-type	紫黑色 Purplish black	黑红色 Black red
E26	25-5-2-6-3	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E27	256 细 256 thin	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E28	308③-3-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black

表1（续）
Table 1（Continued）

编号 No.	资源名称 Resource name	果实形状 Fruit shape	果皮颜色 Fruit peel color	萼片颜色 Sepal color
E29	3-1-8-5-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E30	308341-232-2-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E31	福 2-2 Fu 2-2	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E32	江茄 Jiangqie	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E33	喀 2211 Ka 2211	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E34	江杂 3-1 Jiangza 3-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E35	E2 玫红 E2 Red	条茄 Long-type	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E36	红 11131 细长 Red 11131 thin and long	线茄 Line-type	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E37	紫魁 12111 Zikui 12111	线茄 Line-type	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E38	E22 混收-1 E22 combination harvest-1	条茄 Long-type	紫红色 Purplish red	紫黑色 Purplish black
E39	红 231111 Red 231111	条茄 Long-type	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E40	E2623-1-1	条茄 Long-type	紫红色 Purplish red	紫黑色 Purplish black
E41	E3511-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E42	E3612-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E43	308313-1	条茄 Long-type	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E44	杭红-2-1 Hang red-2-1	线茄 Line-type	紫红色 Purplish red	紫黑色 Purplish black
E45	田⑤-1-1 Tian⑤-1-1	长棒 Long rod	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E46	广 23111-1 Guang 23111-1	长棒 Long rod	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E47	V5211-1	长棒 Long rod	紫红色 Purplish red	绿色 Green
E48	7-1-1	长棒 Long rod	绿色 Green	绿色 Green
E49	青万 14111 Qingwan 14111	长棒 Long rod	绿色 Green	绿色 Green
E50	崇陈 21111 Chongchen 21111	长棒 Long rod	绿色 Green	绿色 Green
E51	29-1-1-2-1	长棒 Long rod	绿色 Green	绿色 Green
E52	1939/2/2	条茄 Long-type	绿色 Green	绿色 Green
E53	Ge1	条茄 Long-type	白色 White	绿色 Green

表 1 （续）
Table 1 （Continued）

编号 No.	资源名称 Resource name	果实形状 Fruit shape	果皮颜色 Fruit peel color	萼片颜色 Sepal color
E54	绿茄④1	灌茄	绿色	绿色
	Green eggplant④1	Oval-shaped	Green	Green
E55	驻 911	灌茄	绿色	绿色
	Zhu 911	Oval-shaped	Green	Green
E56	江白 1111	长棒	白色	绿色
	Jiangbai 1111	Long rod	White	Green
E57	崇⑤1	长棒	绿色	绿色
	Chong⑤1	Long rod	Green	Green
E58	改新⑤1-3	灌茄	绿色	绿色
	Gaixin⑤1-3	Oval-shaped	Green	Green
E59	武汉绿茄-1	灌茄	绿色	绿色
	Wuhan green eggplant-1	Oval-shaped	Green	Green
E60	金本 121111	长棒	绿色	绿色
	Jinben 121111	Long rod	Green	Green
E61	洛 1111-3	灌茄	绿色	绿色
	Luo 1111-3	Oval-shaped	Green	Green
E62	海门大青茄	长棒	绿色	绿色
	Haimen big green eggplant	Long rod	Green	Green
E63	秦青⑤1 Qinqing⑤1	灌茄 Oval-shaped	绿色 Green	绿色 Green
E64	P 小董-4-3-1-1 P Xiaodong-4-3-1-1	长棒 Long rod	绿色 Green	绿色 Green
E65	盐 111-2 Yan 111-2	线茄 Line-type	绿色 Green	绿色 Green
E66	G69④	圆茄 Spherical	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E67	早露⑥ Zaolu⑥	长灌茄 Long-fruited and oval-shaped	紫红色 purplish red	紫黑色 Purplish black
E68	圆冠⑥ Yuanguan⑥	圆灌茄 Round-fruited and oval-shaped	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E69	萧②-1 Xiao②-1	圆茄 Spherical	紫黑色 Purplish black	紫黑色 Purplish black
E70	安吉⑥ Anji⑥	短棒 Short rod	白底紫色条纹 White background with purple stripes	绿色 Green
E71	Ch1	梭子棒形 Shuttle stick shape	白底紫色条纹 White background with purple stripes	绿色 Green
E72	阳宅 Yangzhai	鸡蛋形 Egg-shaped	白底绿色条纹 White background with green stripes	绿色 Green

分布在 Chr 0~12 条染色体上。其中，Chr1 染色体所含 SNP 数量最多，为 748 个，Chr12 染色体所含 SNP 数量最少，仅为 309 个（图 2，表 2）。

2.3 聚类分析

基于邻接法构建的系统进化树表明，72 份茄子种质可分为 4 个主要类群（图 3）。其中，POP1 由 16 份种质构成（E49、E50、E54、E55、E57、E58、E59、E60、E61、E62、E63、E64、E66、E67、E68、E69）；POP2 主要包括 15 份种质（E1、E2、E3、E4、E5、E6、E7、E8、E9、E10、E33、E48、E51、E52、E70）；POP3 主要包括

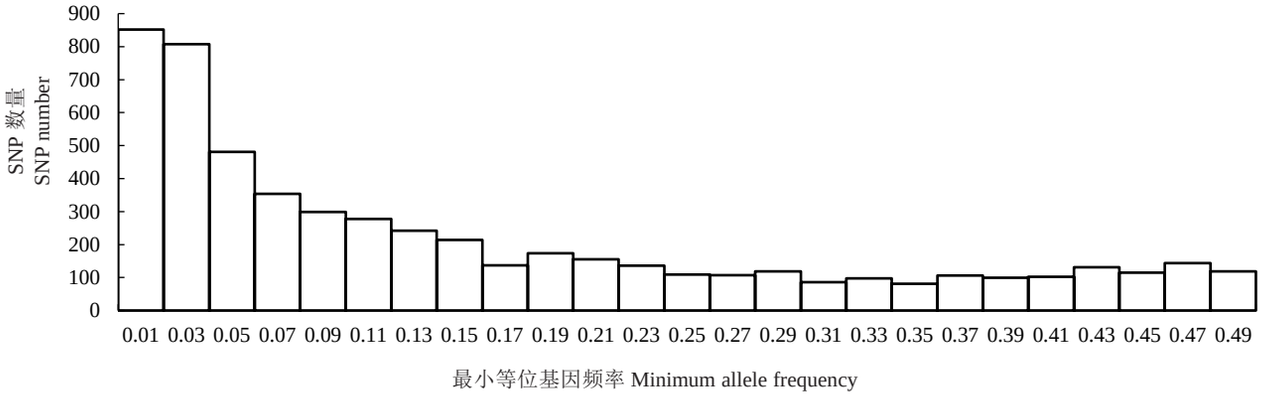
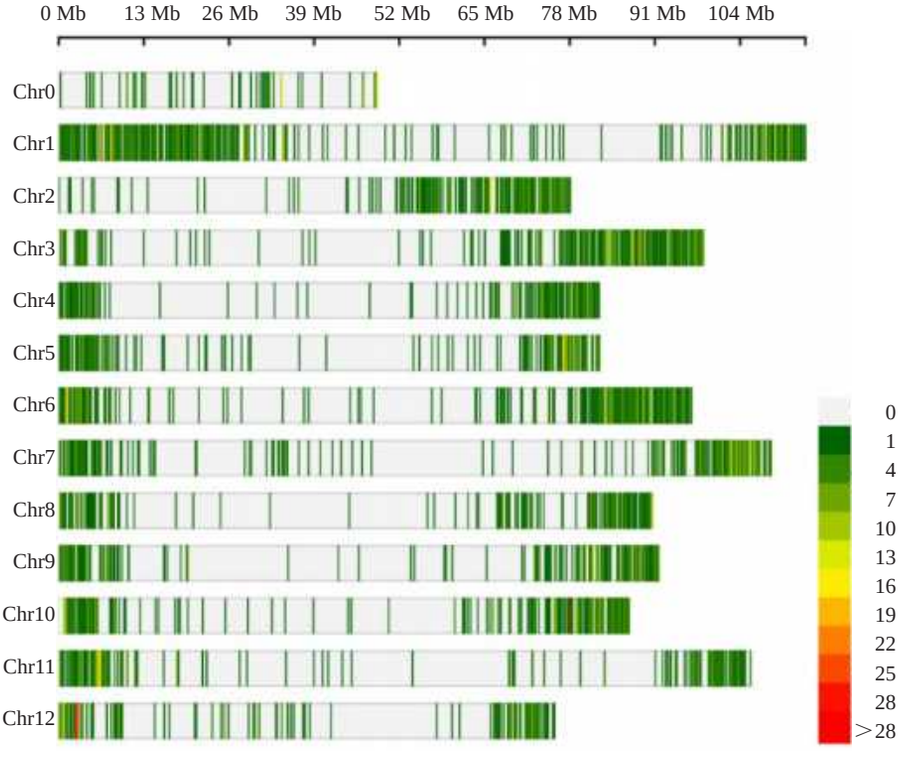


图 1　SNP 位点在茄子自交系中的最小等位基因频率

Fig. 1　MAF of SNPs in eggplant inbred lines



注：图中表示茄子基因组中 SNP 位点在 0.1 Mb 窗口大小的密度分布，检测到的 SNP 密度根据右侧颜色标尺进行表示。

Note: The figure shows density distribution of SNP sites within 0.1 Mb window size in the eggplant genome. The detected SNP density is color-coded according to the scale on the right.

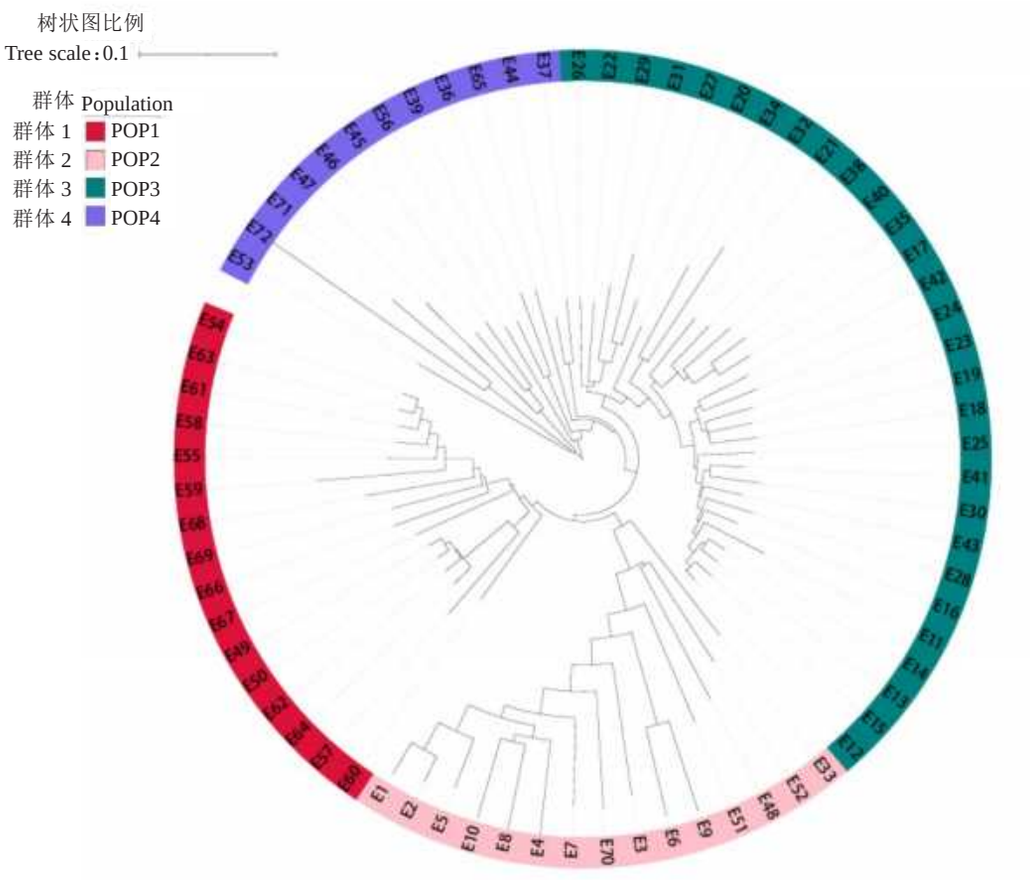
图 2　SNPs 在茄子样品中的分布

Fig. 2　Distribution of SNPs in eggplant samples

表 2　不同染色体上 SNPs 数量统计

Table 2　Statistics of the number of SNPs on different chromosomes

染色体 Chromosome	SNPs 位点数 SNPs No.	染色体 Chromosome	SNPs 位点数 SNPs No.	染色体 Chromosome	SNPs 位点数 SNPs No.
Chr0（0-99）	99	Chr5（2184-2553）	370	Chr10（4395-4815）	421
Chr1（103-850）	748	Chr6（2555-3159）	605	Chr11（4817-5201）	385
Chr2（852-1277）	426	Chr7（3161-3651）	491	Chr12（5203-5511）	309
Chr3（1279-1871）	593	Chr8（3653-4015）	363	总数 Total	5497
Chr4（1873-2182）	310	Chr9（4017-4393）	377		



注：图中各分支代表一份种质材料，其长度反映了种质间的进化距离（遗传差异程度）；节点处的数字为 Bootstrap 支持率，表示该分支结构的置信水平，其值越高，所对应分支的聚类结果越可靠。

Note: The length of each branch, which represents a germplasm accession, reflects the evolutionary distance (the extent of genetic divergence) among accessions. The numbers indicated at the nodes represent Bootstrap support values, which reflect the confidence level of the branching pattern. Higher values indicate greater reliability of the corresponding clade in the clustering result.

图 3　基于 SNP 标记的 72 份茄子种质系统发育树

Fig. 3　The phylogenetic tree of 72 eggplant accessions

29 份种质（E11、E12、E13、E14、E15、E16、E17、E18、E19、E20、E21、E22、E23、E24、E25、E26、E27、E28、E29、E30、E31、E32、E34、E35、E38、E40、E41、E42、E43）；POP4 主要包括 12 份种质（E36、E37、E39、E44、E45、E46、E47、E53、E56、E65、E71、E72）。

对 72 份茄子种质资源的遗传多样性进行统计分析后发现（表 3），POP4 群体在观察杂合度（H_o）和核苷酸多样性（P_i）上均为最高，分别为 0.078 3 和 0.287 2，表明其遗传多样性最为丰富。相比之下，POP1 群体的遗传多样性水平较低，其 H_o 值为 0.043 6，P_i 值为 0.195 4。此外，POP1 和 POP2 群体表现出较高的近交系数（F_{is}），分别为 0.862 9、0.844 8。

2.4　群体遗传结构分析

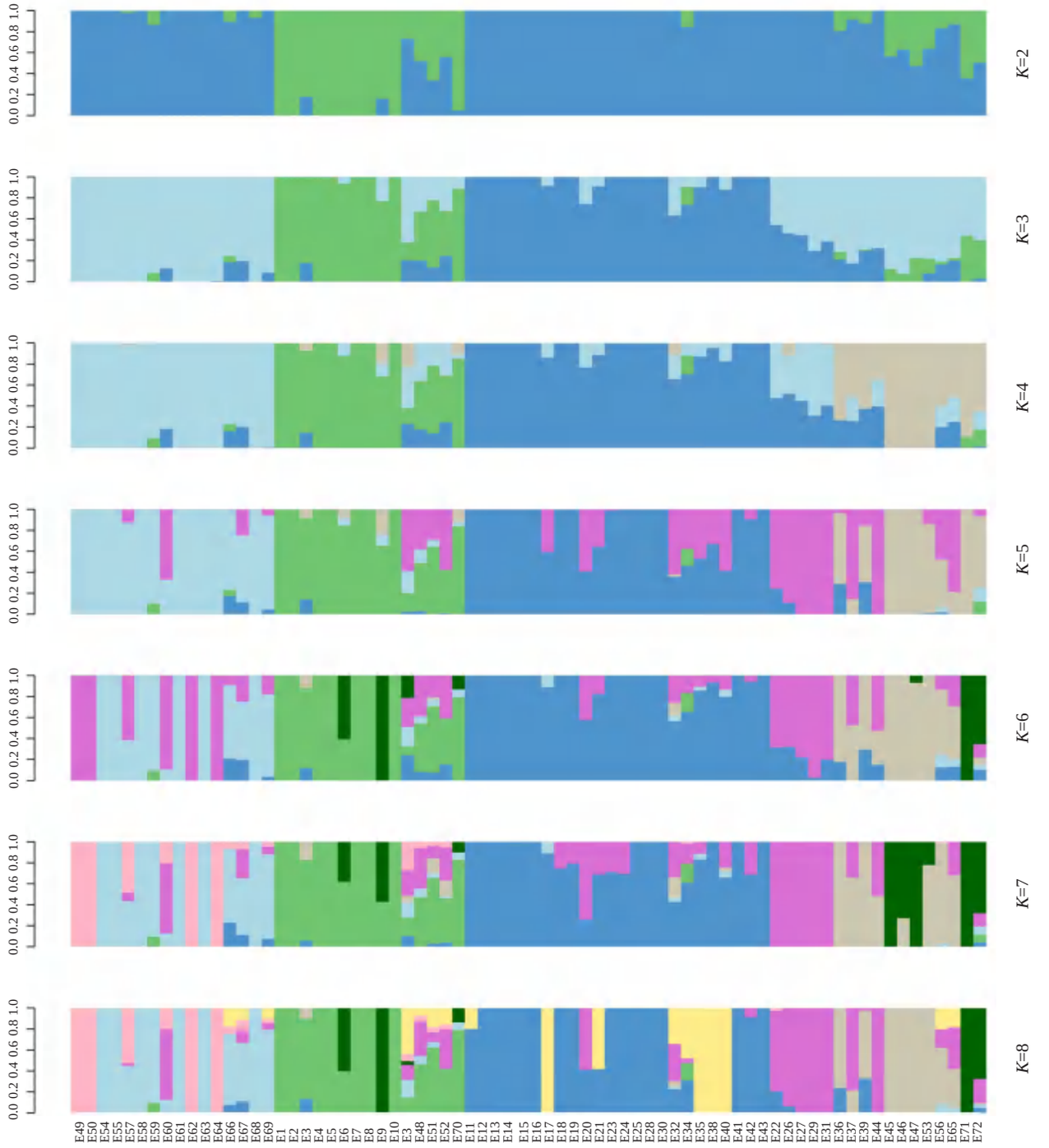
基于筛选所得高质量 SNP，采用 Structure 软件并结合 ΔK 分布图，对 72 份茄子种质在基因组水平进行群体结构分析（图 4）。群体结构分析结果显

表 3　不同茄子群体间遗传多样性分析

Table 3　Summary of genetic diversity estimates for different eggplant populations

群体名称 Population name	观测杂合度 Observed heterozygosity（H_o）	核苷酸多样性 Nucleotide diversity（P_i）	近交系数 Fixation index within subpopulations（F_{is}）
POP1	0.043 6	0.195 4	0.862 9
POP2	0.049 4	0.284 0	0.844 8
POP3	0.052 7	0.188 7	0.834 4
POP4	0.078 3	0.287 2	0.754 0

示，当 *K*=4 时，72 份材料可划分为 4 个类群：POP1 包括 E49、E50、E54、E55、E57、E58、E59、E60、E61、E62、E63、E64、E66、E67、E68 和 E69；POP2 包括 E1、E2、E3、E4、E5、E6、E7、E8、E9、E10、E33、E48、E51、E52 和 E70；POP3 包括 E11、E12、E13、E14、E15、E16、E17、E18、E19、E20、E21、E22、E23、E24、E25、E26，E27，E28、E29、E30、E31、E32、E34、E35、E38、E40、E41、E42、E43；POP4 包括 E36、E37、E39、E44、E45、E46、E47、E53、E56、E65、E71 和 E72。各类群间普遍存在个体交叉，揭示了其相对较近的亲



注：图中每一列代表一个个体，各颜色片段的长度直观地反映了该个体基因组中不同祖先血缘成分的占比。

Note: Each column represents an individual, with the length of each colored segment indicating the proportion of the genome assigned to a specific ancestral group.

图 4　基于 SNP 标记的茄子群体遗传结构

Fig. 4　The genetic structure of eggplant populations based on SNP markers

缘关系。

群体间遗传分化系数（F_{st}）分析结果（表 4）显示，POP1 与 POP2、POP2 与 POP3、POP2 与 POP4 之间的 F_{st} 值均处于 0.15~0.25 之间，表明这些群体间存在较大的遗传分化。而 POP1 与 POP3、POP1 与 POP4 及 POP3 与 POP4 之间的 F_{st} 值均小于 0.15，表明这些群体间存在中等或较低程度的遗传分化，这可能是自然选择等因素导致遗传分化的结果。该结论与聚类分析的结果相互印证。

表 4　72 份茄子种质群体间的遗传分化系数

Table 4　Genetic differentiation coefficients among the 72 eggplant germplasm populations

编号 No.	POP1	POP2	POP3
POP1			
POP2	0.225 8		
POP3	0.108 2	0.240 2	
POP4	0.128 3	0.174 8	0.128 8

2.5　主成分分析

主成分分析将 72 份茄子种质划分为 4 个类群（图 5），此结果与群体结构分析一致。其中，POP1 与 POP4 之间存在少量个体混杂，证实了两类群间存在基因交流。

2.6　核心种质构建

平均代表性（mean representation, MR）是评价核心种质库对所保存种质资源整体遗传多样性代表程度的重要指标，其值越高，表明核心种质对原始种质资源的代表性越好[17-18]。

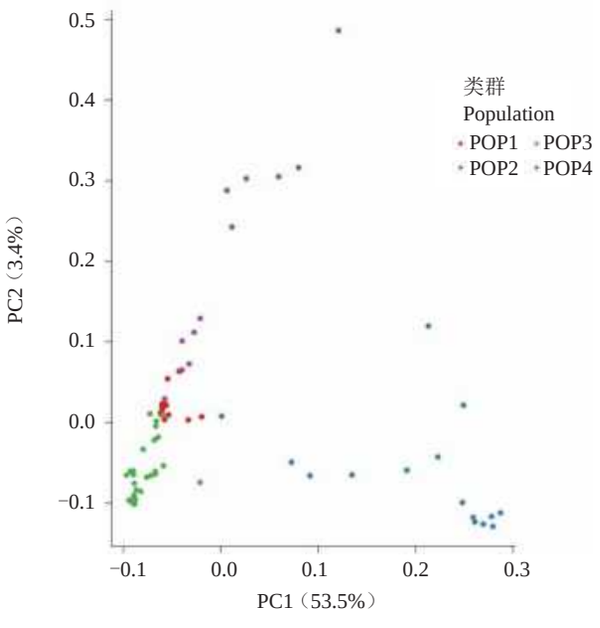


图 5　72 份茄子种质资源的主成分分析

Fig. 5　Principal component analysis of 72 eggplant germplasm resources

本研究基于 72 份茄子株系的 5497 个高质量 SNP 标记，参照 Thachuk 等[19]提出的方法，采用 R 软件包 Core Hunter 在默认参数设置下进行核心种质构建。结果表明，当 MR 值为 0.393 4 时，筛选得到 10 个核心种质，分别为 E3、E9、E11、E31、E32、E47、E48、E53、E59 和 E72；当 MR 值提高至 0.413 8 时，获得 5 个代表性更优的核心种质，包括 E10、E31、E32、E59 和 E72。

3　讨论与结论

茄子是茄科茄属的重要蔬菜作物，起源于亚洲热带地区[20]。中国作为全球茄子生产第一大国，种质资源类型丰富，但由于长期人工选择与地域性消费偏好，许多地方品种遗传背景狭窄[21-22]。种质资源是作物遗传改良的基础，因此，系统评价茄子种质资源的遗传多样性，对挖掘优异等位基因、指导杂交亲本选配及培育突破性品种具有重要实践意义[23]。

笔者利用 Super-GBS 简化基因组测序技术对 72 份茄子高代自交系进行深度基因分型，成功开发出 5497 个高质量 SNP 标记。与传统的 SSR 和 AFLP 分子标记相比，SNP 标记具有数量多、覆盖广、分型准确等优势，尤其适用于群体遗传结构解析和全基因组关联分析（GWAS）[24-26]。本研究开发的 SNP 位点分布于 12 条染色体及部分未定位

scaffold（Chr0）上，其在染色体上的不均匀分布特征与 Xu 等[27]在番茄、Dube 等[28]在玉米中的报道一致，可能与染色体结构、重组率及自然/人工选择压力密切相关。

群体遗传结构分析结果表明，72 份茄子种质可划分为 4 个遗传类群，存在明显的群体分化，同时类群间存在基因交流现象，尤以 POP1 与 POP4 之间最为明显。这一结果表明，尽管各类群具备独立的遗传背景，但可能由于历史上的人工引种或自然杂交事件，部分种质出现遗传成分混杂，这与 Alatawi 等[29]在番茄种质资源、刘晓慧等[30]在茄子种质资源中的发现类似。进一步通过遗传分化系数（F_{st}）分析发现，POP2 与其他类群间分化程度最高（F_{st}：0.174 8~0.240 2），表型可能具有独特适应性或地理起源，而其他类群间 F_{st} 值多低于 0.15，说明其遗传连续性较好，群体结构相对松散。

在遗传多样性方面，POP4 拥有最高的观察杂合度（H_o=0.078 3）和核苷酸多样性（P_i=0.287 2），表明其遗传变异最为丰富，是潜在的优良基因供体，可用于拓宽现有育种材料的遗传基础。相比之下，POP1 的遗传多样性水平最低（H_o=0.043 6，P_i=0.195 4），且与 POP2 均表现出较高的近交系数（F_{is} > 0.84），说明这 2 个群体可能经历了遗传漂变或高强度的人工选择，导致遗传多样性下降。说明在今后的育种中需注意对这类群体进行遗传补充，避免近交衰退。

基于平均代表性（MR）指标，笔者采用 Core Hunter 软件成功构建了包含 5 份和 10 份种质的核心库，这些材料能够高效代表总体资源的遗传变异，极大程度提高了种质评价和使用效率。该结果与 Thachuk 等[19]提出的最优抽样策略以及付曼曼等[14]在菊花核心种质构建中的实践一致，表明基于多指标优化的核心种质抽样方法在园艺作物中具有广泛适用性。

综上所述，本研究利用 Super-GBS 技术，对 72 份茄子种质开展群体结构与遗传多样性分析。共获得 5497 个高质量 SNP 标记，聚类结果将材料划分为 4 个类群（POP 1~POP 4），其中 POP4 遗传多样性最高，POP1 与 POP2 近交系数较高。群体结构分析进一步支持 4 个类群划分，且各类群间存在个体交叉。基于分析结果，成功构建了分别包含 5 份和 10 份种质的核心种质库，为后续茄子功能基因挖掘与分子育种提供了重要材料基础。未来可结合多环境表型数据，进一步解析关键性状的遗传机制，推动茄子精准育种技术的发展。

参考文献

[1] 谢鑫鑫，黄建都，林翮飞，等.茄子种质资源表型遗传多样性分析[J].中国瓜菜，2025，38（4）：53-61.

[2] 王艺琏，张志博，杜雪晶，等.北方地区茄子抗黄萎病、青枯病分子标记筛选与种质资源评价[J].中国蔬菜，2025（8）：158-164.

[3] 齐东霞，张映，刘富中，等.中俄茄子种质资源遗传多样性研究[J].植物遗传资源学报，2017，18（3）：404-412.

[4] 焦文娟，白斌，谢克莱•依拉木，等.295 份国内外小麦种质资源条锈病抗性评价及抗病基因分子检测[J].作物学报，2025，51（11）：2886-2898.

[5] 谢立峰，李宁，李烨，等.茄子种质遗传多样性及群体结构的 SRAP 分析[J].植物学报，2019，54（1）：58-63.

[6] 柯常姣，官文祥，吴为人，等.利用微卫星标记分析国内外茄子种质资源的遗传多样性[J].分子植物育种，2018，16（22）：7395-7402.

[7] Zhang B，Jia L，He X X，et al. Large scale SNP unearthing and genetic architecture analysis in sea-captured and cultured populations of *Cynoglossus semilaevis*[J]. Genomics，2020，112（5）：3238-3246.

[8] 沈琳，周利，张亚利.作孚连蕊茶的形态特征观测和 SNP 位点分析[J].植物资源与环境学报，2022，31（6）：90-92.

[9] Cao N，Ding Y Q，Xu J X，et al. QTL analysis of sorghum grain traits based on high-density genetic map[J]. Journal of Applied Genetics，2025，66（3）：1-11.

[10] 丁延庆，徐建霞，汪灿，等.基于 Super-GBS 技术的高粱籽粒酿造相关性状 QTL 定位[J].核农学报，2023，37（2）：241-250.

[11] 徐建霞，丁延庆，冯周，等.基于 Super-GBS 的高粱株高和节间数 QTL 定位[J].生物技术通报，2023，39（7）：185-194.

[12] 冷益丰，罗樊，陈从顺，等.基于 GBS 测序的全基因组 SNP 揭示大凉山玉米地方品种资源的亲缘关系与遗传分化[J].浙江农业学报，2024，36（1）：32-47.

[13] 王小萍，刘飞，李明红，等.基于 GBS 测序的古蔺野生茶树遗传多样性与群体遗传结构分析[J].西南农业学报，2023，36（6）：1141-1149.

[14] 付曼曼，叶琪明，吴超，等.基于 GBS 测序的不同来源菊花种质遗传结构分析[J].分子植物育种，2023，21（1）：67-79.

[15] 曹奕鸯，夏朝水，甘玮欣，等.基于 Super-GBS 测序的非洲菊种质遗传多样性与遗传结构分析[J].西南农业学报，2025，38（10）：2129-2137.

[16] 李金璐，王硕，于婧，等.一种改良的植物 DNA 提取方法[J].植物学报，2013，48（1）：72-78.

[17] Su W J，Wang L J，Lei J，et al. Genome-wide assessment of population structure and genetic diversity and development of a core germplasm set for sweet potato based on specific length amplified fragment（SLAF）sequencing[J]. PLoS One，2017，12（2）：e0172066.

[18] Bai Q S，Cai Y L，He B X，et al. Core set construction and association analysis of *Pinus massoniana* from Guangdong province in southern China using SLAF-seq[J]. Scientific Reports，2019，

9(1):13157.

[19] Thachuk C,Crossa J,Franco J,et al.Core Hunter:An algorithm for sampling genetic resources based on multiple genetic measures[J].BMC Bioinformatics,2009,10(1):243.

[20] 黄月琴,廖秋石,陈学军,等.茄子种质遗传多样性及群体结构分析[J].种子,2023,42(2):43-50.

[21] 朱蔡红,杨旭.茄子远缘杂交研究进展[J].中国瓜菜,2025,38(4):10-16.

[22] 孙婷婷,赵明辉,李淑敏,等.茄子黄萎病研究进展[J].中国瓜菜,2021,34(4):8-14.

[23] Fallahi F,Abdossi V,Bagheri M,et al.Genetic diversity analysis of eggplant germplasm from iran:Assessments by morphological and SSR markers[J].Molecular Biology Reports,2022,49(12):11705-11714.

[24] Wang Y,Liu W,Xu L,et al.Development of SNP markers based on transcriptome sequences and their application in germplasm identification in radish(*Raphanus sativus* L.)[J].Molecular Breeding,2017,37(3):26.

[25] An K,Zhou C,Tong B,et al.Population genetic differentiation and structure of rare plant *Anemone shikokiana* based on genotyping-by-sequencing(GBS)[J].BMC Plant Biology,2024,24(1):995.

[26] 陈坤,黄安霞,周锦国,等.基于SNP分子标记的广西玉米种质材料类群结构分析及核心种质构建[J].西南农业学报,2025,38(9):1813-1821.

[27] Xu W J,Gong C,Mai P,et al.Genetic diversity and population structure analysis of 418 tomato cultivars based on single nucleotide polymorphism markers[J].Frontiers in Plant Science,2024,15:1445734.

[28] Dube S P,Sibiya J,Kutu F.Genetic diversity and population structure of maize inbred lines using phenotypic traits and single nucleotide polymorphism(SNP)markers[J].Scientific Reports,2023,13(1):17851.

[29] Alatawi I,Xiong H Z,Alkabkabi H,et al.Genetic diversity and population structure of tomato(*Solanum lycopersicum*)from the USDA-GRIN germplasm collection[J].Agronomy,2025,15(1):22.

[30] 刘晓慧,张爱冬,尚静,等.基于RAD-seq简化基因组测序的青皮茄子遗传多样性分析[J].分子植物育种,2022,20(17):5692-5702.