

基于InDel标记分析305份中国甘薯 登记品种遗传多样性

唐芬^{1,2,3}, 赵路宽², 苏一钧², 肖世卓², 袁蕊², 翁宗宽², 戴习彬²,
周志林², 陈艳丽^{1,3}, 曹清河²

¹海南大学南繁研究院(三亚南繁研究院), 三亚 572025; ²江苏徐淮地区徐州农业科学研究所/江苏徐州甘薯研究中心, 徐州 221131;

³海南大学热带农林学院/海南省热带园艺作物品质调控重点实验室, 海口 570228)

摘要: 对甘薯育成品种进行亲缘关系评价, 是了解其遗传背景并有效利用种质资源的重要前提。利用本课题组前期开发的23对InDel引物对305份中国甘薯登记品种进行基因型分析, 共扩增出56个条带, 其中53个条带具有多态性, 多态率达94.6%。多态信息量(PIC)、Nei's遗传多样性指数(H)、观测杂合度(Ho)和期望杂合度(He)的平均值分别为0.4098、0.4451、0.6003、0.4460。群体结构分析表明, 群体数在K=2时 ΔK 达到最大值, K=4时有个小高峰; 北方薯区和长江流域薯区在2个组群内均匀分布, 南方薯区大部分(72.97%)汇聚在组群2。主坐标分析(PCoA)中南方薯区有部分汇聚, 整体没有划分出明显的簇群。聚类结果将群体划分为4个主要类群, 北方薯区和长江流域薯区的品种在类群I、II、III和IV中均匀分布, 南方薯区主要(77.03%)集中于类群IV, 这一聚类结果与群体结构研究、主坐标分析基本一致。通过系谱分析筛选出登记品种的13个主要亲本材料, 各育种单位存在重复利用亲本进行正反交培育的情况。本研究将分子标记结果与系谱信息相结合, 初步表明中国甘薯登记品种的亲缘关系较近, 遗传背景狭窄, 为甘薯的种质创新、新品种选育提供参考。

关键词: 甘薯; 登记品种; InDel; 遗传多样性; 群体结构

Genetic Diversity Analysis of 305 Registered Sweetpotato Varieties in China Based on InDel Markers

TANG Fen^{1,2,3}, ZHAO Lukuan², SU Yijun², XIAO Shizhuo², YUAN Rui², WENG Zongkuan²,
DAI Xibin², ZHOU Zhilin², CHEN Yanli^{1,3}, CAO Qinghe²

¹Nanfan College of Hainan University (Sanya Nanfan Research Institute), Sanya 572025; ²Xuzhou Institute of Agricultural Sciences in Xuhuai District/Jiangsu Xuzhou Sweetpotato Research Center, Xuzhou 221131; ³College of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University/Key Laboratory for Quality Control of Tropical Horticultural Crops in Hainan Province, Haikou 570228)

Abstract: Evaluating the genetic relationship of sweetpotato varieties is an important prerequisite for understanding their genetic background and effectively utilizing germplasm resources. Using 23 pairs of InDel primers developed by our research group, genotype analysis was conducted on 305 registered sweetpotato varieties in China. A total of 56 bands were amplified, of which 53 bands were polymorphic, with a polymorphism rate of 94.6%. The average values of polymorphic information content (PIC), Nei's genetic diversity index (H), observed heterozygosity (Ho), and expected heterozygosity (He) are 0.4098, 0.4451,

收稿日期: 2023-09-28 修回日期: 2023-11-22 网络出版日期: 2023-12-08

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230928002>

第一作者研究方向为甘薯种质资源学, E-mail: tang_fen0@163.com

通信作者: 曹清河, 研究方向为甘薯种质资源鉴定、评价与创新, E-mail: caoqinghe@jaas.ac.cn

陈艳丽, 研究方向为甘薯生物学, E-mail: chen_rose_79@163.com

基金项目: 国家甘薯产业技术体系(CARS-10-GW); 江苏省种业振兴“揭榜挂帅”项目(JBGS(2021)010)

Foundation projects: China Agriculture Research System (CARS-10-GW); 'JBGS' Project of Seed Industry Revitalization in Jiangsu Province (JBGS(2021)010)

0.6003 and 0.4460, respectively. Group structure analysis indicates that ΔK reaches maximum at the number of groups $K=2$, with a small peak at $K=4$. The northern and Yangtze River sweetpotato zone are evenly distributed within the two groups, while the majority (72.97%) of the southern sweetpotato zone converge in group 2. The principal coordinate analysis (PCoA) shows that there is some convergence in the southern sweetpotato zone, but there is no clear cluster division overall. The clustering results divided the population into four main groups. The varieties in the northern sweetpotato zone and the Yangtze River sweetpotato zone were evenly distributed in groups I, II, III and IV, while the southern sweetpotato zone (77.03%) was mainly concentrated in group IV. This clustering result is basically consistent with population structure research and principal coordinate analysis. Genealogy analysis identified the main parental materials of 13 registered varieties, and there was a situation of repeated use of parents for forward and reverse breeding in each breeding unit. This article combines molecular marker results with pedigree information, preliminarily indicating that the registered varieties of sweetpotatoes in China have close genetic relationships and narrow genetic backgrounds, providing reference for germplasm innovation and new variety selection of sweetpotatoes.

Key words: sweetpotato; registered variety; InDel; genetic diversity; population structure

甘薯(*Ipomoea batatas* (L.) Lam., $2n=6x=90$)是继小麦、水稻、玉米、马铃薯、大麦、木薯之后的世界第七大粮食作物,在粮食安全方面发挥着突出的作用^[1]。甘薯的根、茎和叶富含类胡萝卜素、花青素、多酚和维生素等物质,良好的药用价值和营养价值逐渐被人们认识和喜爱,促进了甘薯的生产和消费^[2]。世界粮农组织(<http://www.fao.org/faostat/en/>)统计数据显示,2021 年全球甘薯种植面积和产量分别为 741 万公顷和 8886.79 万吨,中国是世界上最大的甘薯生产国,甘薯种植面积为 220.61 万公顷,产量为 4783.49 万吨,分别占全球甘薯种植面积和产量的 29.77% 和 53.83%。为服务于我国甘薯育种研究,了解育成种亲缘关系和遗传背景,对中国甘薯登记品种的遗传多样性进行评估十分必要。

作为农业的“芯片”,种业持续健康发展是一个国家粮食安全的前提条件。2017 年中国开始实施《非主要农作物品种登记办法》,登记目录包括薯类作物、油料作物、糖料、蔬菜、果树、茶树、热带作物,其中甘薯位列其中^[3]。通过公开的登记品种信息平台 and 规范化的种质资源保存体系,建立种业信用体系和可追溯体系,促进种业持续健康的发展。种质资源的收集、保存、鉴定和利用是拓宽作物遗传多样性的基础,遗传背景信息的揭示有助于促进甘薯育种的研究发展。

分子标记技术的应用不受植物的生长环境、时期和器官影响,可从基因组水平揭示其遗传背景,已成为作物遗传研究的有力工具^[4],包括 SSR、

ISSR、AFLP、SNP 和插入/缺失(InDel, insertion-deletion)等标记。InDel 标记是新开发的第三代分子标记技术之一,广泛分布于整个基因组中,具有良好的共显性、稳定性、多态性和高重复性等特点,可应用于植物的遗传多样性分析、亲缘关系测定、遗传图谱构建、品种鉴定和核心种质筛选等^[5-6]。

Jin 等^[7]利用 56 个 InDel 标记有效检测了 324 份番茄自交系的遗传变异,证明了自交系在杂种优势群体发育方面具有多样性。Noda 等^[8]开发的 InDel 标记,可以对柑橘的 3 种不同基因型(2 种纯合子和 1 种杂合子)进行区分,有效地揭示柑橘品种遗传结构信息和鉴定杂交种,为简便、快速的柑橘品种鉴定提供了依据。Sahu 等^[9]利用 42 个 InDel 多态性标记分析了印度恰蒂斯加尔邦 190 个水稻地方品种之间的亲缘关系、群体结构和遗传多样性,并基于 InDel 分子指数法将水稻地方品种进行了籼稻和粳稻基因型划分。Zhang 等^[10]基于重测序,开发并验证了藜麦的 85 个 InDel 二态标记,对 129 份材料进行了基因分型,结合群体结构、系统发育树和主成分分析,确认安第斯高原型藜麦和智利沿海型藜麦之间存在显著的遗传分化。

InDel 标记成功地应用于许多作物的遗传研究,但在甘薯的遗传多样性分析中鲜有报道。因此本研究利用课题组通过重测序设计开发的 23 对 InDel 引物,对 305 份中国甘薯登记品种进行遗传多样性分析和群体结构研究,评估其亲缘关系和遗传背景,为进一步了解中国甘薯育成种遗传背景打下基础,为未来新品种选育提供参考,并验证 InDel 分子

标记在甘薯遗传多样性分析中的适用性。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

本研究所用的305份试验材料取自国家甘薯种质资源试管苗库(徐州)收集保存的国家登记品种标样,其中安徽4份、北京4份、河北28份、河南13份、吉林2份、江苏47份、辽宁7份、山东32份、山西9份、陕西3份、湖北9份、重庆20份、四川34份、浙江7份、湖南5份、贵州2份、江西5份、福建53份、广东10份、广西9份、海南2份,涉及中国21个省(自治区)。根据305份材料的地理分布,以甘薯的传统种植区域^[11]划分为北方薯区129份、长江流域薯区102份和南方薯区74份(详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230928002>,附表1)。

1.2 DNA提取、PCR扩增和荧光毛细管电泳

采集甘薯试管苗2个月苗龄的嫩叶放入装有钢珠的1.5 mL离心管,浸入液氮5 s取出后摇晃至样品呈粉末状,采用改良的CTAB法^[12]提取DNA,并使用NanoDrop 1000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, 美国)检测DNA样品的浓度和质量,将DNA样品稀释至50 ng/ μ L的工作液浓度,放入-20 °C保存备用。PCR总反应体系为10 μ L,含5 μ L的2 \times Taq Mix (CW BIO, 江苏泰州)、正向引物0.1 μ L、M13通用引物0.4 μ L、反向引物0.5 μ L、DNA模板1.0 μ L和3 μ L无菌水。PCR扩增程序为:94 °C预变性5 min;94 °C变性30 s,55 °C退火30 s,72 °C延伸40 min,35个循环;72 °C再延伸5 min,最后在4 °C条件下保存5 min。PCR产物通过荧光毛细管电泳进行分离,仪器为ABI 3730XL DNA analyzer (Applied Biosystem)。23对引物由本课题组Xiao等^[13]根据314份甘薯重测序数据开发设计,上海生工有限公司合成(详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230928002>,附表2)。

1.3 数据分析

目前遗传群体研究的数据分析软件大多服务于二倍体,作为六倍体的甘薯在遗传分析中遇到了挑战,难以确认的遗传模式也使得分析更加复杂,对科研人员来说,分子标记数据的“二倍体化”成为一种选择^[14]。

本研究使用GeneMarker v2.2.0软件读取毛细管电泳结果,无峰为0,有峰为1,获得0/1数据库。用POPGENE 1.32版软件^[15]计算得到等位基因数

(Na)、有效等位基因数(Ne)、Nei's遗传多样性指数(H)、观测杂合度(Ho)和期望杂合度(He)6个遗传多样性参数,并使用PIC_CALC软件计算得出引物的多态信息量(PIC, polymorphism information content)。

利用Structure2.3.4^[16]对305份中国甘薯登记品种进行群体结构分析,设置群体数K值范围1~10,运行10次,Length of burnin period设置为10000;重复次数设置为10000。将结果文件上传到Structure Harvester在线软件(<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>),确定最可能的K值。采用GenAlex 6.503版软件^[17]进行主坐标分析(PCoA, principal co-ordinates analysis),Origin软件绘制三维散点图。

0/1数据库导入Darwin软件选择Jaccard计算方式获得遗传距离矩阵,将矩阵导入MEGA 11选择邻接法(NJ, neighbor-joining)构建进化树得到初始的聚类结果,用进化树美化网站(iTOL, interactive tree of life)在线平台(<https://itol.embl.de>)对系统发育树进行注释。

系谱分析使用的亲本数据主要从中国种业大数据平台(<http://202.127.42.47:6010/index.aspx>)获取,并利用Cytoscape3.10.1软件绘制网络系谱图^[18]。

2 结果与分析

2.1 InDel引物多态性和遗传多样性分析

利用23对InDel引物对305份材料进行分析,扩增共获得56个条带,其中53个具有多态性,多态率达94.6%。每对引物的条带数为2~4条,平均2.3条,呈现出良好的二态性,其中引物F8-7和F12-4得到的多态性条带最多,为4条(详见<https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230928002>,附表2)。

遗传多样性分析的结果显示(表1),每个位点有效等位基因数在1.1963~2.9353个之间,平均为1.8614个。Nei's遗传多样性指数(H)、观测杂合度(Ho)、期望杂合度(He)和多态信息量(PIC)4个参数中,引物F8-1的整体数值最小,分别为0.1641、0.1738、0.1643、0.2215,引物F9-1的整体数值较大,分别为0.6593、0.7317、0.6609、0.5865,4个参数的平均值分别为0.4451、0.6003、0.4460和0.4098。结果表明,23对InDel引物能得到良好的遗传多样性参数,适用于305份甘薯材料的遗传多样性评价。

表 1 305 份中国甘薯登记品种的遗传多样性参数

Table 1 Genetic diversity parameters of 305 registered sweetpotato varieties in china

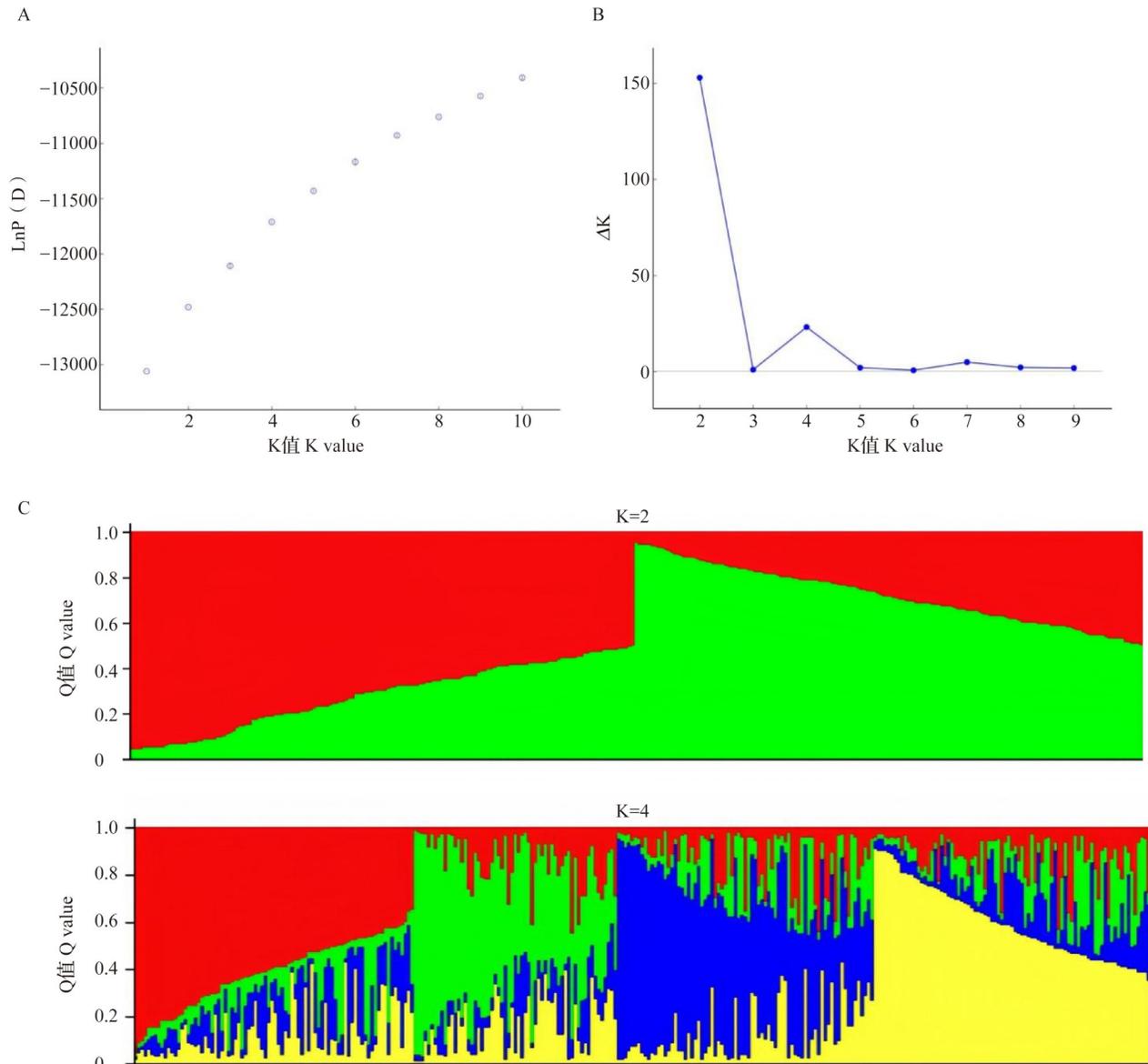
引物编号 Primer code	等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Nei's 遗传多样性 指数 H	观测杂合度 Ho	期望杂合度 He	多态信息量 PIC
F1-4	3	2.0211	0.5052	0.9860	0.5061	0.4265
F2-2	2	1.6593	0.3973	0.2812	0.3981	0.5402
F3-1	2	1.9146	0.4777	0.7888	0.4785	0.3711
F4-1	2	1.6405	0.3904	0.3262	0.3911	0.3399
F4-3	2	1.9201	0.4792	0.7500	0.4800	0.3733
F5-2	2	1.9029	0.4745	0.7741	0.4753	0.3708
F5-3	2	1.5278	0.3455	0.4441	0.3460	0.3369
F5-4	2	1.5979	0.3742	0.4984	0.3748	0.3444
F6-5	2	1.9936	0.4984	0.9097	0.4992	0.3748
F8-1	2	1.1963	0.1641	0.1738	0.1643	0.2215
F8-7	3	2.3390	0.5725	0.8643	0.5739	0.6016
F9-1	3	2.9353	0.6593	0.7317	0.6609	0.5865
F9-3	2	1.9922	0.4980	0.9175	0.4989	0.3748
F10-5	2	1.9659	0.4913	0.2562	0.4922	0.3720
F10-7	2	1.9623	0.4904	0.8086	0.4912	0.3736
F11-4	3	2.1643	0.5380	0.8571	0.5393	0.5547
F11-7	2	1.6129	0.3800	0.1566	0.3810	0.4924
F12-1	3	1.6004	0.3752	0.4440	0.3759	0.4997
F12-4	3	1.9652	0.4912	0.4379	0.4920	0.4698
F14-2	2	1.4740	0.3216	0.4026	0.3221	0.3247
F14-5	2	1.4997	0.3332	0.4224	0.3338	0.3294
F15-3	2	1.9997	0.4999	0.8152	0.5007	0.3750
F15-5	2	1.9274	0.4812	0.7599	0.4820	0.3720
平均值 Mean value	2.2607	1.8614	0.4451	0.6003	0.4460	0.4098

PIC: Polymorphism information content

2.2 群体结构分析和主坐标分析

根据贝叶斯算法将群体数的K值设置为1~10, $\text{LnP}(D)$ 随着K值的增加逐渐上升,无明显拐点,无法确定最佳群体数(图1A)。用 ΔK 确认最佳数目,在K=2时达到最大值,并在K=4有个小高峰,根据K=2将305个品种划分为2个组群(图1B)。组群1共有139份材料,其中北方薯区64份,长江流域薯区55份,南方薯区20份;组群2共有166份材料,

其中北方薯区65份,长江流域薯区47份,南方薯区54份(图1C)。群体结构结果显示,北方薯区和长江流域薯区在两个组群内几乎均匀分布,而南方薯区品种大部分(72.97%)汇聚在组群2中,少部分(27.03%)在组群1。在本研究的305份品种中,Q值以0.6为界限^[19], $Q \geq 0.6$ 的229份品种遗传组成相对单一,遗传相似性较高,而 $Q < 0.6$ 的76份品种具有混合来源,材料之间存在一定的基因交换和渗透频率。



A为不同假设种群的 $\text{LnP}(D)$ 平均值;B表示不同假设群体的 ΔK 值;C显示K=2和K=4时的Q值,横坐标每条竖线代表一份种质

A represents the average value of $\text{LnP}(D)$ for different hypothetical populations; B represents different hypothetical groups ΔK value; C displays the Q values at K=2 and K=4, with each vertical line on the horizontal axis representing a germplasm

图1 305份中国甘薯登记品种的群体结构图

Fig. 1 The population structure map of 305 registered sweetpotato varieties in china

在主坐标分析中(图2),3个主坐标分别解释了11.08%、10.31%和9.29%的分子变异,总计30.68%。坐标内南方薯区有部分汇聚,但整体各个品种分散

较为均匀,没有划分出明显的簇群,与群体结构研究结果基本一致。

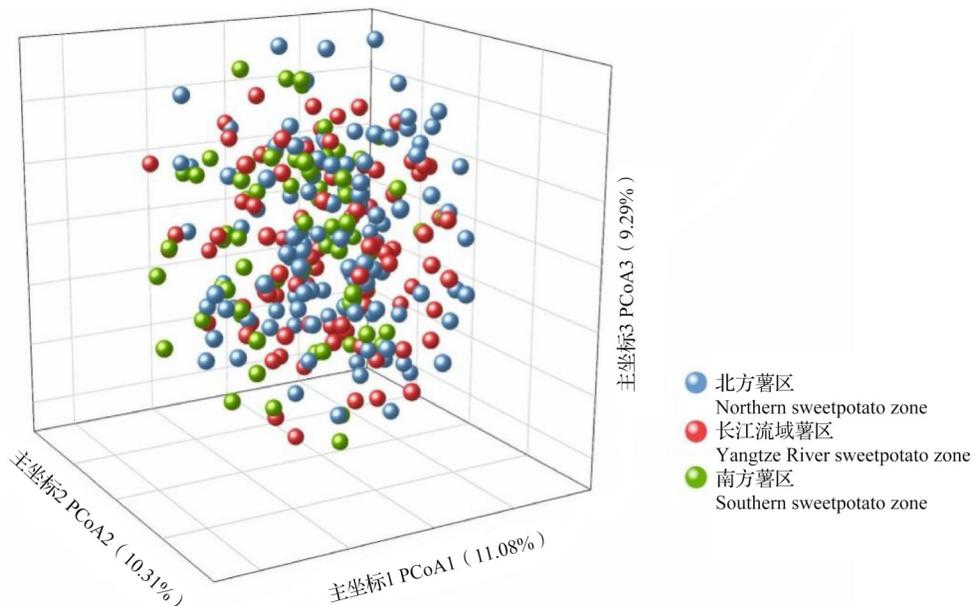


图2 305份中国甘薯登记品种的主坐标分析

Fig. 2 Principal coordinate analysis of 305 registered sweetpotato varieties in China

2.3 聚类分析

305份材料的遗传距离矩阵结果显示,种质间遗传距离最小为0.1111,遗传距离最大为0.6977,平均遗传距离为0.3624。利用MEGA11软件计算不同薯

区间甘薯登记品种的遗传差异(表2),结果显示南方薯区和北方薯区甘薯登记品种的遗传距离最大(0.373),长江流域薯区和北方薯区次之(0.370),南方薯区和长江流域薯区遗传距离最小(0.360)。

表2 三大薯区甘薯品种间遗传距离

Table 2 Genetic distance of sweetpotato varieties in three different sweetpotato zones

薯区 Sweetpotato planting zones	北方薯区 Northern sweetpotato zone	长江流域薯区 Yangtze River sweetpotato zone	南方薯区 Southern sweetpotato zone
北方薯区 Northern sweetpotato zone			
长江流域薯区 Yangtze River sweetpotato zone	0.370		
南方薯区 Southern sweetpotato zone	0.373	0.360	

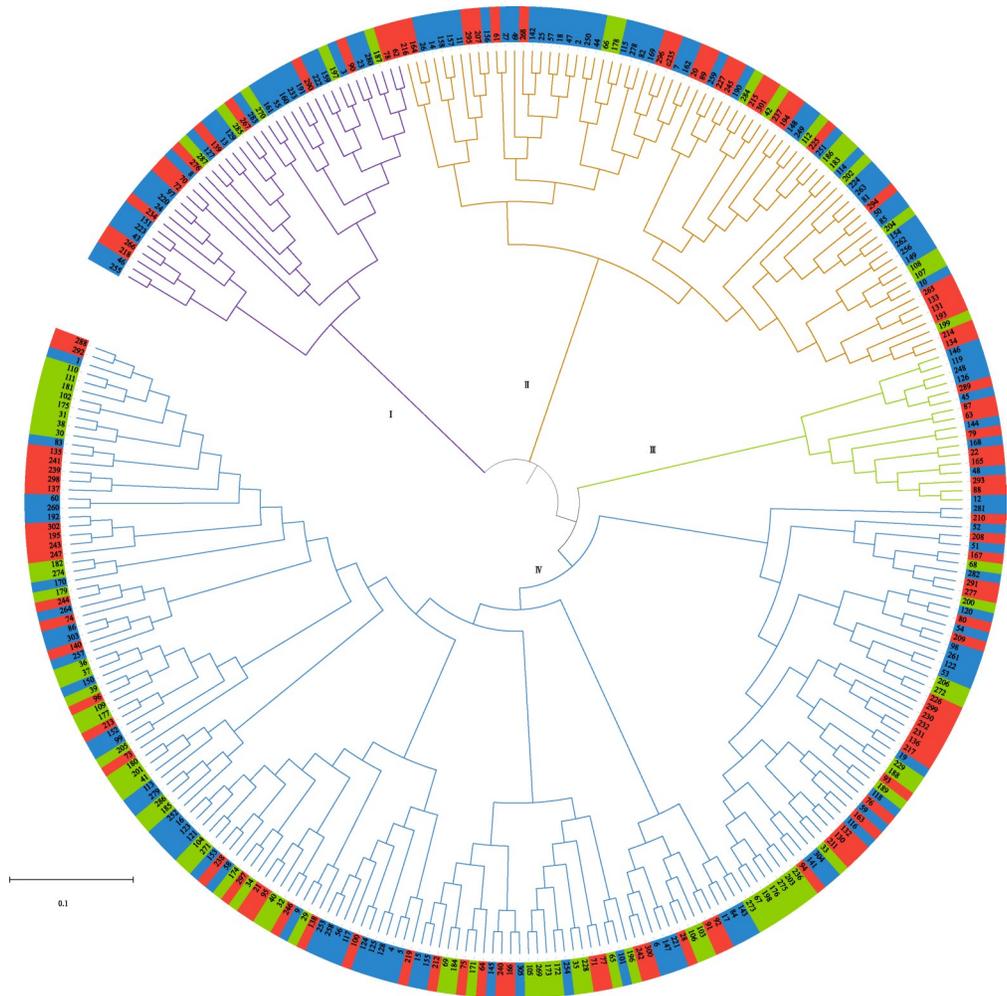
根据305份中国甘薯登记品种的Nei's遗传距离构建系统发育树(图3)。图中将材料划分为4个类群(I、II、III、IV),类群I有40份材料,类群II有74份材料,类群III有17份材料,类群IV有174份材料,50%以上的材料被汇聚在类群IV中。北方薯区和长江流域薯区品种在类群I、II、III和IV中分布较为均匀,而南方薯区品种大部分(77.03%)集中在类群IV中,各个薯区的品种聚类分布与群体结构研究、主坐标分析结果基本一致。

2.4 系谱分析

甘薯登记品种的主要育种方式为定向杂交、集团杂交等,将登记品种的亲本数据进行整理,以5个及以

上品种的亲本为标准,筛选出13个登记品种的主要亲本材料(表3)。其中徐薯18、浙薯13和龙薯9号是用作培育登记品种最多的3个亲本,由它们作为亲本分别培育出19个、12个和10个品种,且普遍作为母本利用,徐781、渝紫薯7号和Y-6则更多作为父本利用。

网络系谱图可清晰地展示登记品种间亲缘关系以及主要亲本(图4),也揭示了育种单位有重复利用同一个亲本材料进行正反交培育的情况,如渝紫薯7号培育出宁紫薯6号、宁紫薯7号和宁紫薯8号等5个品种;南薯99培育出苏薯16号、苏薯17号和苏薯24等5个品种;龙薯9号培育出龙薯31号、龙薯116和龙薯599等7个品种。



使用 iTOL 在标签部分进行颜色编码;蓝色、红色和绿色分别代表北方薯区、长江流域薯区和南方薯区;品种编号同附表 1
Use iTOL to color code the label section;Blue, red and green representing the northern sweetpotato zone, the Yangtze River sweetpotato zone and the southern sweetpotato zone, respectively;The variety number is the same as schedule 1

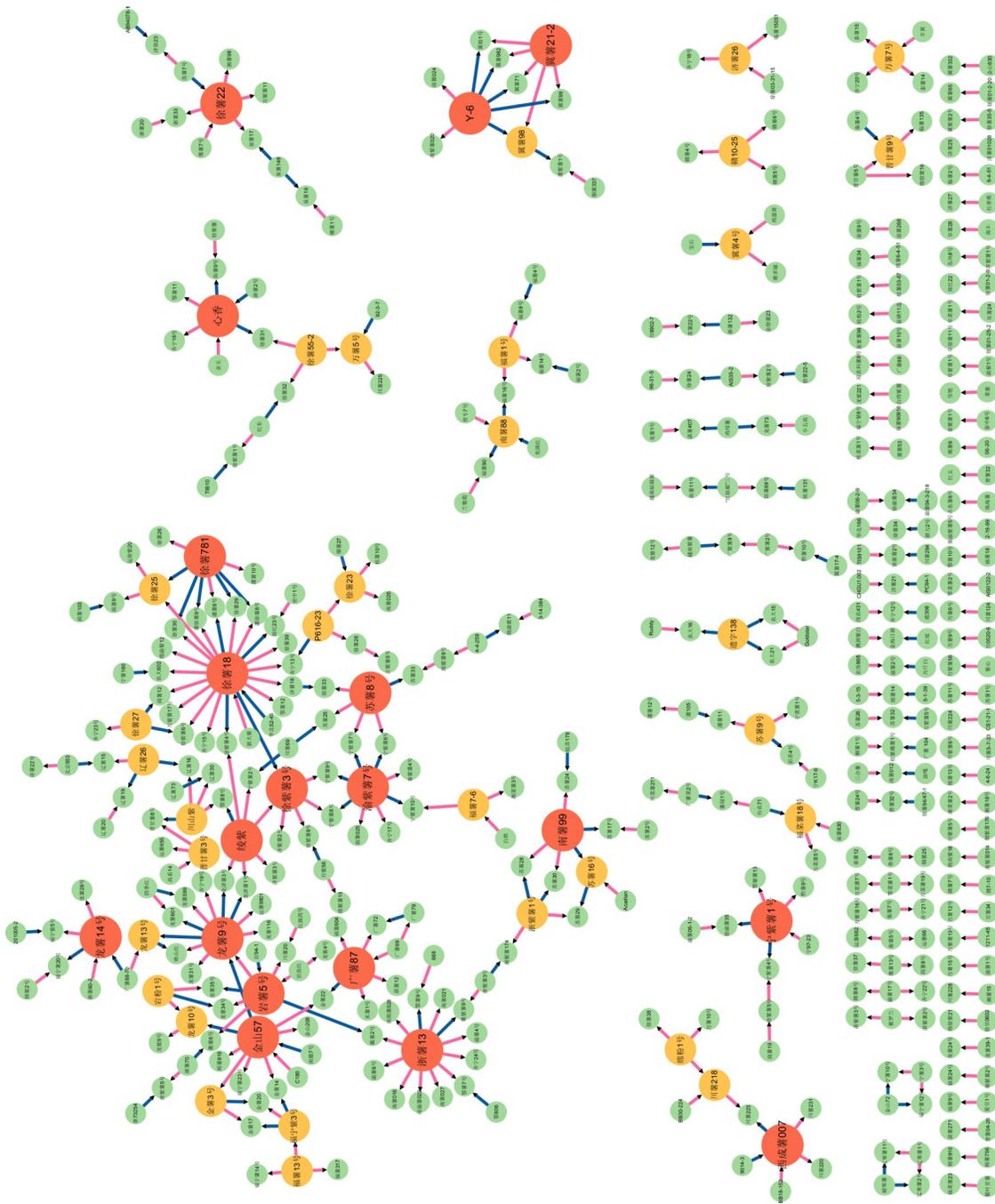
图3 305份中国甘薯登记品种系统发育树

Fig. 3 The phylogenetic tree of 305 registered sweetpotato varieties in China

表3 甘薯登记品种的13个主要亲本材料

Table 3 13 main parental materials for registered sweetpotato varieties

序号 Number	材料名称 Material name	材料来源 Material source	母本数 Female parent quantity	父本数 Male parent quantity	共计 Total
1	徐薯 18	江苏徐淮地区徐州农业科学研究所	15	4	19
2	浙薯 13	浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所	10	2	12
3	龙薯 9号	龙岩市农业科学研究所	6	4	10
4	徐薯 781	国际马铃薯中心	3	5	8
5	金山 57	福建农林大学	6	2	8
6	渝紫薯 7号	西南大学	3	5	8
7	Y-6	河北省农业科学院粮油作物研究所	2	5	7
8	绫紫	日本	6	1	7
9	岩薯 5号	龙岩市农业科学研究所	4	2	6
10	广薯 87	广东省农业科学院作物研究所	4	1	5
11	苏薯 8号	南京市农业科学研究所	4	1	5
12	冀薯 21-2	河北省农业科学院粮油作物研究所	5	0	5
13	南薯 99	南充市农业科学院	3	2	5



粉色线为母本, 蓝色线为父本; 绿色圆为有 1~2 条关联线的材料; 黄色圆为有 3~4 条关联线的材料; 红色圆为有 5 条以上关联线的材料

The pink line represents the parent; The green circle represents the material with 1-2 related lines, the yellow circle represents the material with 3-4 related lines, and the red circle represents the material with 5 or more related lines

图 4 甘薯登记品种网络系谱图

Fig. 4 Network genealogy of registered sweetpotato varieties

3 讨论

本研究基于本课题组甘薯基因组重测序开发的 InDel 标记进行中国甘薯登记品种遗传多样性分析,23 对 InDel 引物能够完全区分开 305 个甘薯品种,并表现出较高的多态性和良好的遗传多样性参数。本研究 InDel 标记具有 2 个或 3 个等位基因,呈现出良好的二态性,与 Liu 等^[20]在二倍体番茄和 Zhang^[10]在四倍体藜麦的发现相似,验证了 InDel 标记在甘薯遗传多样性分析中的适用性。

基于 InDel 标记的 305 份中国甘薯登记品种材料平均遗传距离为 0.3624,略高于赵路宽等^[21]利用 28 对 SSR 引物对 115 份甘薯登记品种进行遗传多样性分析得到的平均遗传距离 0.3126,明显低于中国甘薯地方品种的遗传距离 0.564^[22],引进种 0.552^[23],表明中国甘薯的育成种遗传距离低于地方品种和引进种,这可能与育成种亲本选择有关。Liu 等^[24]利用 30 对多态性高的 SSR 引物对 617 份甘薯材料(包括地方品种、育成品种和引进种)进行遗传多样性分析也得出类似结论。在不同薯区之间的遗传距离中,北方薯区与南方薯区遗传距离最远,长江流域薯区与南方薯区遗传距离最近,这可能与生态区距离及选育亲本亲缘关系有关,也为下一步甘薯育种亲本的选择提供参考。

群体结构分析、系统发育分析和主坐标分析是进行种质资源遗传多样性分析、亲缘关系和遗传背景研究的有效手段,是种质资源保护和有效利用的重要依据^[25]。本研究结果显示,北方薯区和长江流域薯区在聚类中均匀分散,聚类模式与其地理来源无明显相关性,可能与中国各省间甘薯材料的频繁交换利用有关。南方薯区则出现材料的汇集,利用系谱信息进一步分析发现,南方薯区的 74 份材料中,来自福建的有 53 个品种,且较多利用金山 57、龙薯 9 号、岩粉 1 号和岩薯 5 号等材料作为亲本定向杂交或集团杂交,导致福建甘薯育成种遗传距离较近,与相关研究结果一致^[26]。在育种工作中,优良亲本得到跨区域的交流使用,加快了新品种培育的速度,但同一亲本的重复利用往往会导致新品种的遗传多样性降低,甚至无法获得重大品种的突破。

从网络系谱图可看出材料之间存在的直接或间接亲缘关系,是登记品种遗传背景狭窄的直观体现。将系谱信息与基因组信息对照,亲本及其子代在聚类图中出现汇集,两者得到进一步的相互验证,据此可将集团杂交和自然杂交中无法确认的父

本信息,通过遗传距离得到的聚类结果进行推断,完善材料的系谱信息^[27]。本研究也存在系谱关系中较近而聚类中遗传距离较远的情况,可能是因为甘薯的基因型复杂或存在需要进一步考证的亲缘关系。在后续的育种工作中应该将系谱信息与基因组信息相结合进行亲本的选择,从而正确评估材料的遗传距离。

在甘薯登记品种中,没有 Nancy Hall 和 Okinawa 100 的直接子代,但大部分材料与其存在亲缘关系^[28-29],如培育得到的大品种徐薯 18、遗薯 138 等,作为其衍生的骨干亲本影响着我国甘薯育种的发展,然而有限亲本的使用是导致甘薯育成品种遗传背景狭窄的重要原因^[30]。因此,在甘薯育种中应重视地方品种、国外引进种和近缘野生种的利用,这将是培育大品种和提高我国甘薯遗传多样性的重要途径。

参考文献

- [1] Yang J, Moeinzadeh M H, Kuhl H, Helmuth J, Xiao P, Haas S, Liu G, Zheng J, Sun Z, Fan W, Deng G, Wang H, Hu F, Zhao S, Fernie A R, Boerno S, Timmermann B, Zhang P, Vingron M. Haplotype-resolved sweet potato genome traces back its hexaploidization history. *Nature Plants*, 2017, 3(9): 696-703
- [2] Wang S, Nie S, Zhu F. Chemical constituents and health effects of sweet potato. *Food Research International*, 2016 (89): 90-116
- [3] 袁蕊,曹清河,周志林. 中国菜用甘薯品种登记现状分析(2018-2020年). *中国种业*, 2021(10): 19-22
Yuan R, Cao Q H, Zhou Z L. Analysis on the current situation of vine-vegetable sweetpotato variety registration in China (2018-2020). *China Seed Industry*, 2021(10): 19-22
- [4] Krieger A, Cervantes J C, Burg K, Mwangi R O M, Zhang D. A genetic linkage map of sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] based on AFLP markers. *Molecular Breeding*, 2003, 11(3): 169-185
- [5] Parida S K, Jain A, Roorkiwal M, Kale S, Garg V, Yadala R, Varshney R K. InDel markers: An extended marker resource for molecular breeding in chickpea. *PLoS ONE*, 2019, 14(3): e0213999
- [6] Wu D H, Wu H P, Wang C S, Tseng H Y, Hwu K K. Genome-wide InDel marker system for application in rice breeding and mapping studies. *Euphytica*, 2013, 192(1): 131-143
- [7] Jin L, Zhao L, Wang Y, Zhou R, Song L, Xu L, Cui X, Li R, Yu W, Zhao T. Genetic diversity of 324 cultivated tomatogermplasm resources using agronomic traits and InDel markers. *Euphytica*, 2019, 215(4): 69
- [8] Noda T, Daiou K, Mihara T, Nagano Y. Potential application of simple easy-to-use insertion-deletion (InDel) markers in

- citrus cultivar identification. *Breeding Science*, 2021, 71(5): 601-608
- [9] Sahu P K, Mondal S, Sharma D, Vishwakarma G, Kumar V, Das B K. InDel marker based genetic differentiation and genetic diversity in traditional rice (*Oryza sativa* L.) landraces of Chhattisgarh, India. *PLoS ONE*, 2017, 12(11): e0188864
- [10] Zhang T, Gu M, Liu Y, Lv Y, Zhou L, Lu H, Liang S, Bao H, Zhao H. Development of novel InDel markers and genetic diversity in *Chenopodium quinoa* through whole-genome resequencing. *BMC Genomics*, 2017, 18(1):685
- [11] 马代夫, 刘庆昌, 张立明. 中国甘薯. 南京: 江苏凤凰出版社, 2021:2-4
Ma D F, Liu Q C, Zhang L M. Sweetpotato of China. Nanjin: Jiangsu Phoenix Publishing House, 2021:2-4
- [12] 李强, 揭琴, 刘庆昌, 王欣, 马代夫, 翟红, 王玉萍. 甘薯基因组 DNA 高效快速提取方法. *分子植物育种*, 2007(5):743-746
Li Q, Jie Q, Liu Q C, Wang X, Ma D F, Zhai H, Wang Y P. An efficient and rapid method for sweetpotato genomic DNA extraction. *Molecular Plant Breeding*, 2007(5):743-746
- [13] Xiao S, Dai X, Zhao L, Zhou Z, Zhao L, Xu P, Gao B, Zhang A, Zhao D, Yuan R, Wang Y, Wang J, Li Q, Cao Q. Resequencing of sweetpotato germplasm resources reveals key loci associated with multiple agronomic traits. *Horticulture Research*, 2023, 10(1): uhac234
- [14] Anglin N L, Robles R, Rossel G, Alagon R, Panta A, Jarret R L, Manrique N, Ellis D. Genetic identity, diversity, and population structure of CIP's sweetpotato (*I. batatas*) germplasm collection. *Frontiers in Plant Science*, 2021, (12): 660012
- [15] Quardokus E. Modeling population genetics. *Science*, 2000, 288(5465): 458
- [16] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: Dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*, 2007, 7(4): 574-578
- [17] Peakall R, Smouse P E. GenA1Ex 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 2012, 28(19): 2537-2539
- [18] Otasek D, Morris J H, Bouças J, Pico A R, Demchak B. Cytoscape automation: Empowering workflow-based network analysis. *Genome Biology*, 2019, 20(1):185
- [19] Zawedde B M, Ghislain M, Magembe E, Amaro G B, Grumet R, Hancock J. Characterization of the genetic diversity of Uganda's sweet potato (*Ipomoea batatas*) germplasm using microsatellites markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2015, 62(4): 501-513
- [20] Liu X, Geng X, Zhang H, Shen H, Yang W. Association and genetic identification of loci for four fruit traits in tomato using InDel markers. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8:1269
- [21] 赵路宽, 苏一钧, 戴习彬, 王珧, 袁蕊, 曹清河. 中国甘薯登记品种 SSR 标记遗传多样性分析. *西北植物学报*, 2019, 39(7):1212-1220
Zhao L K, Su Y J, Dai X B, Wang Y, Yuan R, Cao Q H. Genetic diversity of the registered sweetpotato varieties in China by SSR markers. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2019, 39(7): 1212-1220
- [22] 苏一钧, 王娇, 戴习彬, 唐君, 赵冬兰, 张安, 周志林, 曹清河. 303 份甘薯地方种 SSR 遗传多样性与群体结构分析. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(2): 243-251
Su Y J, Wang J, Dai X B, Tang J, Zhao D L, Zhang A, Zhou Z L, Cao Q H. Genetic diversity and population structure analysis of 303 sweetpotato landraces using SSR markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(2): 243-251
- [23] 苏一钧, 王娇, 霍恺森, 赵路宽, 赵冬兰, 唐君, 陈艳丽, 曹清河. 甘薯引进种 SSR 遗传多样性分析. *江苏农业学报*, 2018, 34(5): 984-997
Su Y J, Wang J, Huo K S, Zhao L K, Zhao D L, Tang J, Chen Y L, Cao Q H. Genetic diversity analysis of introduced sweetpotato germplasm collections. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 34(5): 984-997
- [24] Liu C, Zhao N, Jiang Z C, Zhang H, Zhai H, He S Z, Gao S P, Liu Q C. Analysis of genetic diversity and population structure in sweetpotato using SSR markers. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(11):3408-3415
- [25] Bai X, Zhang S, Wang W, Chen Y, Zhao Y, Shi F, Zhu C. Genetic relationships of 118 castanea specific germplasms and construction of their molecular ID based on morphological characteristics and SSR markers. *Plants*, 2023, 12(7):1438
- [26] 武小霞, 崔纪超, 钟玉扬, 余金姜, 颜墩炜, 朱锦乐, 郑建扬, 中奕. 福建省甘薯育成品种的遗传多样性分析. *热带农业科学*, 2021, 41(7): 57-62
Wu X X, Cui J C, Zhong Y Y, Yu J J, Yan D W, Zhu J L, Zhen J Y, Zhong Y. Genetic diversity analysis of sweetpotato varieties bred in Fujian. *Chinese Journal of Tropical Agriculture*, 2021, 41(7): 57-62
- [27] 王心怡. 基于全基因组变异的中国甘薯系谱及遗传结构分析. 上海: 上海师范大学, 2023
Wang X Y. Genealogy and genetic structure analysis of Chinese sweetpotato based on whole genome variations. Shanghai: Shanghai Normal University, 2023
- [28] 李强, 刘庆昌, 翟红, 马代夫, 王欣, 李雪琴, 王玉萍. 中国甘薯主要亲本遗传多样性的 ISSR 分析. *作物学报*, 2008(6): 972-977
Li Q, Liu Q C, Zhai H, Ma D F, Wang X, Li X Q, Wang Y P. Genetic diversity in main parents of sweetpotato in China as revealed by ISSR marker. *Acta Agronomica Sinica*, 2008(6): 972-977
- [29] Liu D G, Zhao N, Zhai H, Yu X X, Jie Q, Wang L J, He S Z, Liu Q C. AFLP fingerprinting and genetic diversity of main sweetpotato varieties in China. *Journal of Integrative Agriculture*, 2012, 11(9): 1424-1433
- [30] Yang X S, Su W J, Wang L J, Lei J, Chai S S, Liu Q C. Molecular diversity and genetic structure of 380 sweetpotato accessions as revealed by SSR markers. *Journal of Integrative Agriculture*, 2015, 14(4): 633-641