

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个族群内均匀分布, 南方薯区大部分(72.97%)汇聚在族群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

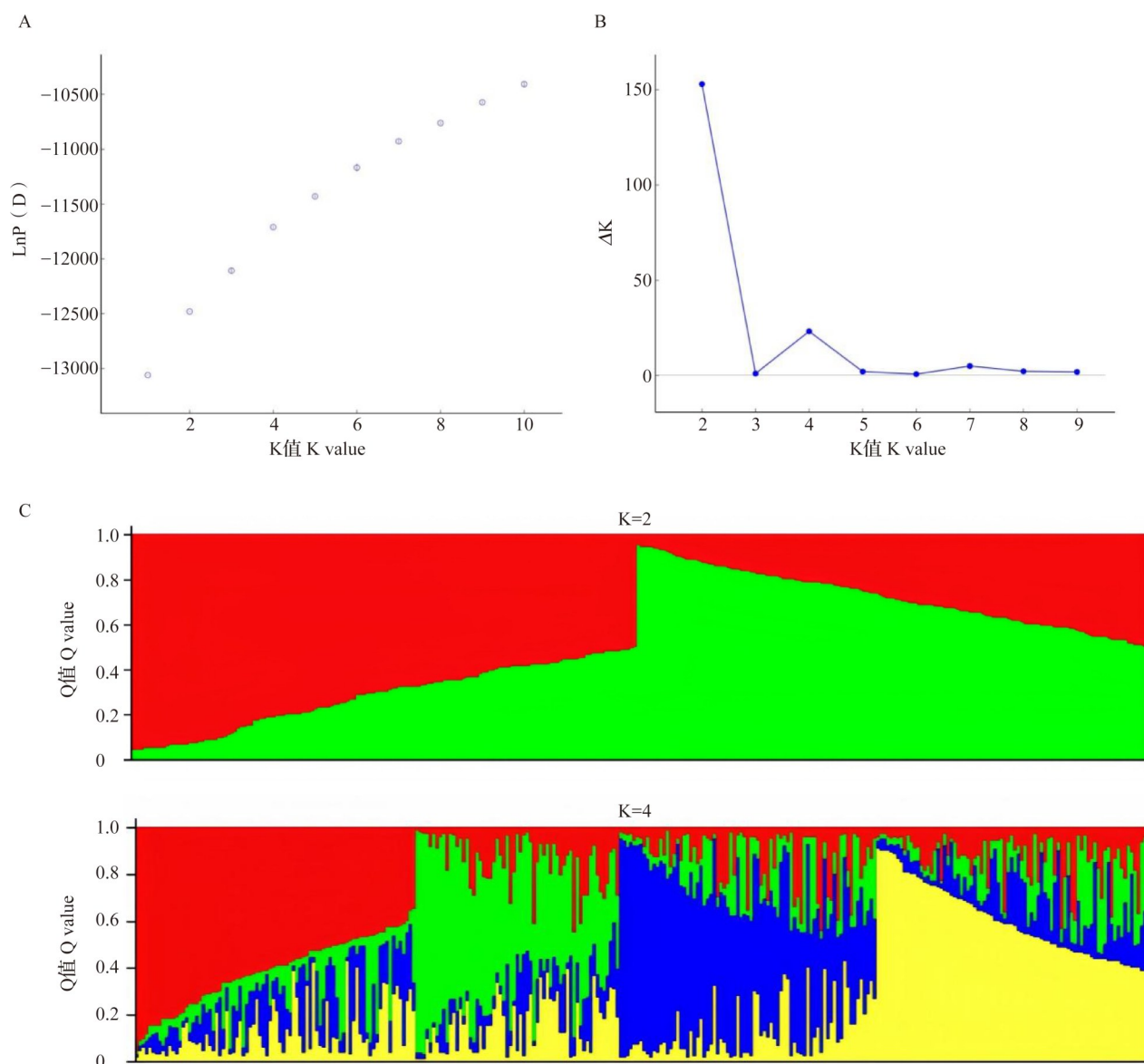
引物编号 Primer code	等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Nei's 遗传多样性 指数 H	观测杂合度 Ho	期望杂合度 He	多态信息量 PIC
F1-4	3	2.0211	0.5052	0.9860	0.5061	0.4265
F2-2	2	1.6593	0.3973	0.2812	0.3981	0.5402
F3-1	2	1.9146	0.4777	0.7888	0.4785	0.3711
F4-1	2	1.6405	0.3904	0.3262	0.3911	0.3399
F4-3	2	1.9201	0.4792	0.7500	0.4800	0.3733
F5-2	2	1.9029	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。

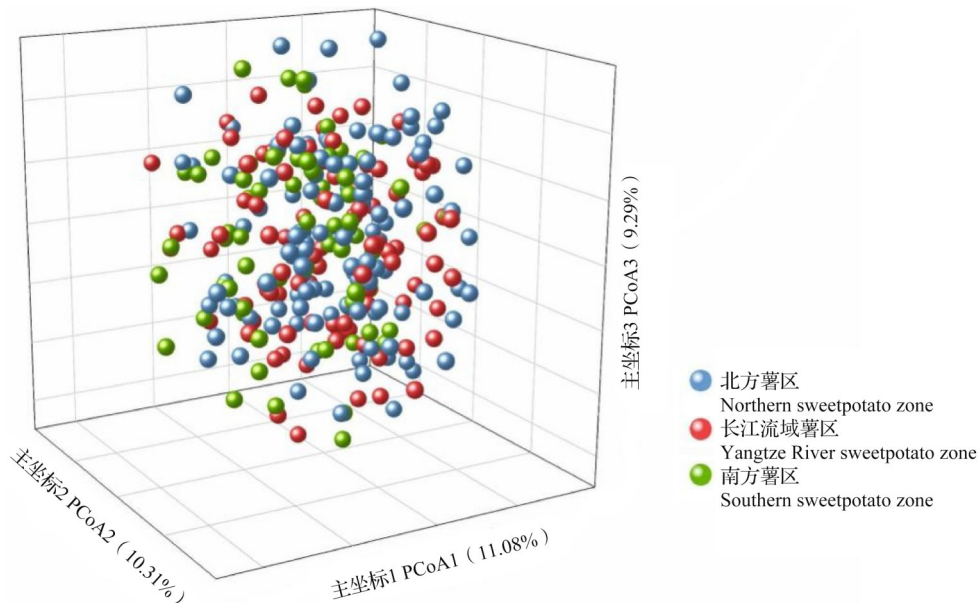


图2 305份中国甘薯登记品种的主坐标分析

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

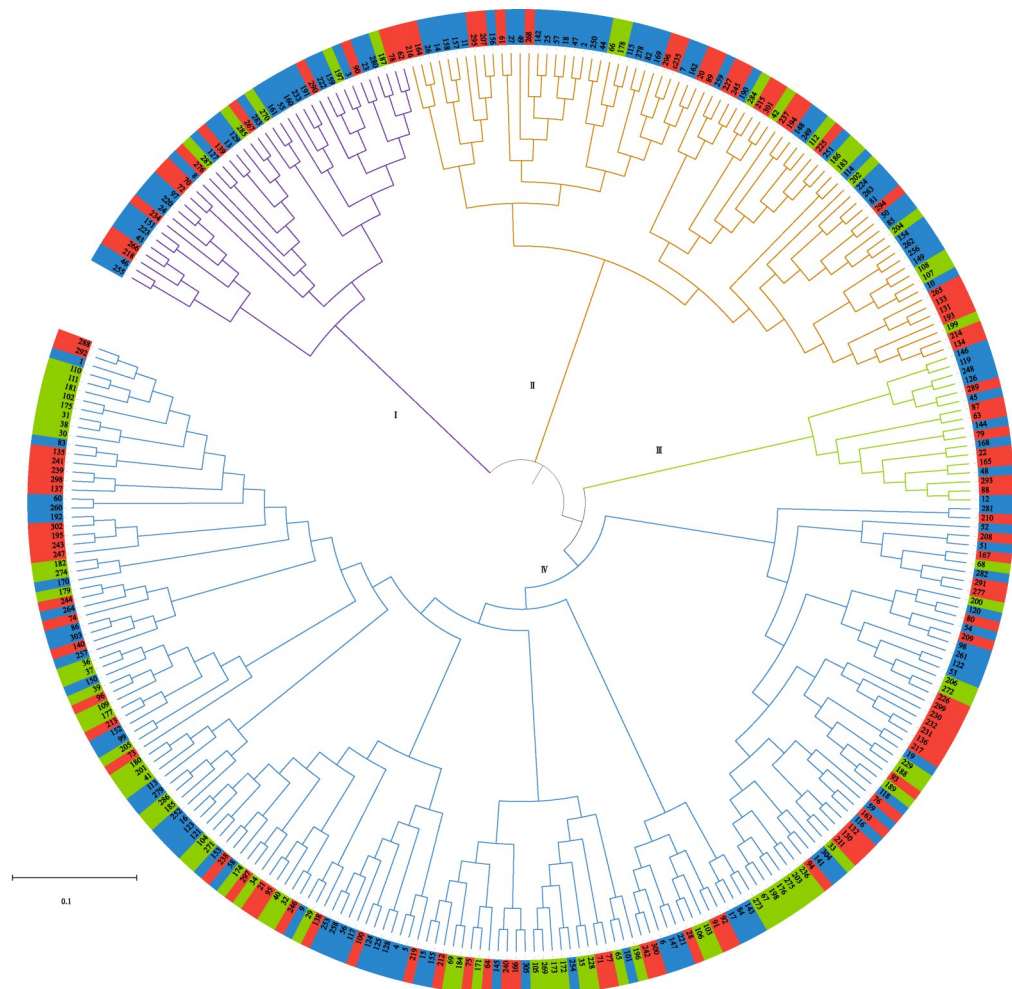
薯区 Sweetpotato planting zones	北方薯区 Northern sweetpotato zone	长江流域薯区 Yangtze River sweetpotato zone	南方薯区 Southern sweetpotato zone
北方薯区 Northern sweetpotato zone			
长江流域薯区 Yangtze River sweetpotato zone	0.370		
南方薯区 Southern sweetpotato zone	0.373	0.360	

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

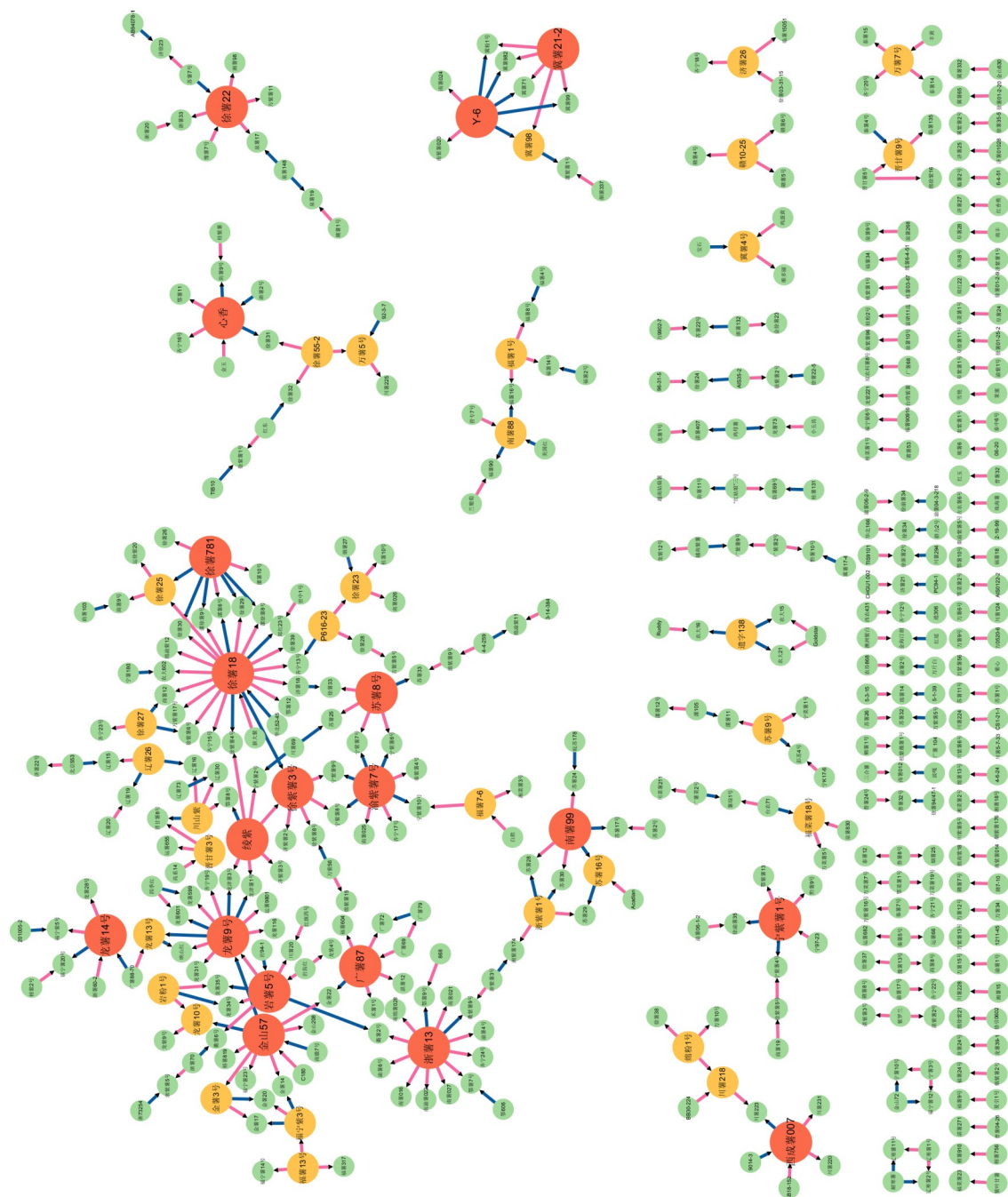
图3 305份中国甘薯登记品种系统发育树

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 blue 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, Moenazadeh 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, Mwanga 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 re-sequencing. *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. GenAlEx 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

附表 1 甘薯登记品种资源清单

Appendix 1 List of registered sweetpotato variety resources

编号 Number	材料名称 Material name	育种方式 Breeding methods	母本 Female parent	父本 Male parent	来源地 Origin	编号 Number	材料名称 Material name	育种方式 Breeding methods	母本 Female parent	父本 Male parent	来源地 Origin
1	冀薯 332	开放授粉	金山 630	-	河北	154	徐薯 26	开放授粉	徐薯 781	-	江苏
2	冀粉 1 号	定向杂交	冀薯 21-2	Y-6	河北	155	徐薯 23	定向杂交	P616-23	烟薯 27	江苏
3	冀薯 982	定向杂交	冀薯 21-2	Y-6	河北	156	徐薯 25	定向杂交	徐薯 18	徐薯 781	江苏
4	冀薯 99	定向杂交	冀薯 21-2	Y-6	河北	157	徐紫薯 1 号	定向杂交	红东	TIB10	江苏
5	冀薯 98	定向杂交	冀薯 21-2	Y-6	河北	158	徐紫薯 2 号	定向杂交	AIS35-2	徐薯 22-5	江苏
6	冀薯 71	定向杂交	冀薯 21-2	Y-6	河北	159	徐紫薯 3 号	定向杂交	绫紫	徐薯 18	江苏
7	冀薯 4 号	定向杂交	鸡蛋黄	宝石	河北	160	徐紫薯 5 号	开放授粉	商薯 19	-	江苏
8	维多丽	开放授粉	冀薯 4 号	-	河北	161	徐紫薯 4 号	定向杂交	绫紫	徐薯 18	江苏
9	冀薯 65	开放授粉	徐薯 01-2-20	-	河北	162	徐薯 30	定向杂交	徐薯 18	徐薯 781	江苏
10	冀紫薯 2 号	开放授粉	徐薯 35-5	-	河北	163	宁菜薯 1 号	开放授粉	苏薯 9 号	-	江苏
11	辽薯 15	定向杂交	辽薯 26	北京 553	辽宁	164	苏薯 11 号	开放授粉	苏薯 1 号	-	江苏
12	徐薯 32	定向杂交	徐薯 55-2	红东	江苏	165	浙薯 33	定向杂交	徐薯 22	浙薯 20	浙江
13	薯绿 1 号	定向杂交	台农 71	广薯菜 2 号	江苏	166	衢紫薯 9 号	定向杂交	浙紫薯 3 号	浙薯 13	浙江
14	徐紫薯 6 号	定向杂交	徐薯 18	徐薯 27	江苏	167	浙紫薯 5 号	定向杂交	浙薯 70	浙 73254	浙江
15	徐薯 31	定向杂交	徐薯 55-2	心香	江苏	168	阜菜薯 1 号	开放授粉	阜薯 24	-	安徽
16	徐薯 33	定向杂交	苏薯 8 号	济薯 18	江苏	169	阜徐薯 11 号	开放授粉	徐薯 01-25-2	-	安徽
17	徐渝薯 34	定向杂交	渝薯 06-2-9	渝薯 04-3-218	江苏	170	阜紫薯 1 号	开放授粉	渝紫 1 号	-	安徽
18	徐渝薯 35	定向杂交	渝薯 06-1-2	宁紫薯 1 号	江苏	171	龙薯 73	定向杂交	小五齿	鸡母薯	福建
19	徐紫薯 8 号	定向杂交	徐紫薯 3 号	万紫 56	江苏	172	龙薯 601	定向杂交	四季红	龙薯 9 号	福建
20	苏薯 16 号	定向杂交	Acadian	南薯 99	江苏	173	福菜薯 23	集团杂交	紫叶甘薯	-	福建
21	苏薯 25	定向杂交	苏薯 8 号	川薯 69	江苏	174	福薯 317	集团杂交	福薯 13 号	-	福建
22	宁紫薯 4 号	定向杂交	徐紫薯 5 号	宁紫薯 1 号	江苏	175	泉薯 9 号	开放授粉	泉薯 268	-	福建
23	徐薯 34	定向杂交	华北 166	群力 2 号	江苏	176	福薯 90	定向杂交	兰葡萄	南薯 88	福建
24	徐薯 22	定向杂交	豫薯 7 号	苏薯 7 号	江苏	177	金薯 20	定向杂交	福宁紫 3 号	金薯 3 号	福建
25	徐薯 24	定向杂交	96-31-5	AIS35-2	江苏	178	福薯 34	集团杂交	绵薯 6-4-51	-	福建
26	徐薯 18	定向杂交	新大紫	华北 52-45	江苏	179	龙薯 28 号	集团杂交	龙薯 14 号	-	福建
27	徐新薯 2 号	定向杂交	TIS9101	川薯 294	江苏	180	龙薯 10 号	定向杂交	岩粉 1 号	金山 57	福建
28	苏薯 22 号	定向杂交	万 9902-7	浙薯 132	江苏	181	龙薯 13 号	定向杂交	广薯 88-70	龙薯 9 号	福建
29	龙薯 24 号	开放授粉	龙薯 39-1	-	福建	182	龙薯 14 号	定向杂交	浙薯 60-2	广薯 88-70	福建
30	福薯 24 号	集团杂交	烟紫薯 2 号	-	福建	183	龙紫 9 号	开放授粉	龙薯 10 号	-	福建
31	榕薯 819	开放授粉	金山 57	-	福建	184	金薯 17	定向杂交	金薯 3 号	福宁紫 3 号	福建
32	福薯 604	集团杂交	广薯 87	-	福建	185	龙薯 34 号	定向杂交	岩薯 5 号	岩粉 1 号	福建
33	福菜薯 18 号	定向杂交	泉薯 830	台农 71	福建	186	龙薯 116	开放授粉	龙薯 9 号	-	福建
34	福薯 9 号	集团杂交	夏引 1 号	-	福建	187	龙薯 599	定向杂交	龙薯 9 号	四季红	福建
35	福薯 7-6	集团杂交	白胜	-	福建	188	福薯 16 号	定向杂交	福薯 1 号	南薯 88	福建
36	龙薯 9 号	定向杂交	岩薯 5 号	金山 57	福建	189	福薯 14 号	定向杂交	福薯 1 号	福薯 2 号	福建
37	金薯 3 号	开放授粉	金山 57	-	福建	190	雪艳	开放授粉	莱蜜	-	山东
38	金山 208	开放授粉	金山 57	-	福建	191	泰紫薯 1 号	开放授粉	泰中 6 号	-	山东
39	金山 57	定向杂交	C180	南徽 7 号	福建	192	泰薯 15	开放授粉	万薯 7 号	-	山东
40	岩薯 5 号	定向杂交	岩齿红	岩 94-1	福建	193	湘菜薯 3 号	集团杂交	福薯 7-6	-	湖南

41	龙薯 31 号	开放授粉	龙薯 9 号	-	福建	194	湘薯 99	芽变	浙紫薯 1 号	-	湖南
42	龙紫 4 号	集团杂交	岩齿红	-	福建	195	湘紫薯 174	定向杂交	浙紫薯 1 号	浙紫薯 3 号	湖南
43	烟薯 25	开放授粉	鲁薯 8 号	-	山东	196	广薯 72	定向杂交	广薯 87	广薯 79	广东
44	济薯 21	定向杂交	CHGU1.002	PC94-1	山东	197	普薯 32 号	定向杂交	普薯 24 号	徐薯 94/47-1	广东
45	济徐 23	定向杂交	苏薯 7 号	AB94078-1	山东	198	广薯 79	集团杂交	广薯 69	-	广东
46	济薯 25	开放授粉	济薯 01028	-	山东	199	广紫薯 9 号	定向杂交	广紫薯 2 号	越南紫薯	广东
47	济薯 18	开放授粉	徐薯 18	-	山东	200	湛紫薯 3 号	集团杂交	紫罗兰	-	广东
48	泰薯 14	开放授粉	万薯 7 号	-	山东	201	东皇薯 1 号	变异	外婆藤	-	广西
49	济紫薯 3 号	开放授粉	绫紫	-	山东	202	桂薯 10 号	开放授粉	徐薯 23	-	广西
50	济薯 26	开放授粉	徐薯 03-31-15	-	山东	203	桂紫微薯 1 号	定向杂交	糊薯 1 号	广薯 104	广西
51	临薯 2 号	开放授粉	6-4-51	-	山东	204	桂紫薯 1 号	开放授粉	桂薯 03-67	-	广西
52	济薯 27	开放授粉	红香蕉	-	山东	205	桂粉 2 号	集团杂交	富硒 11 选	-	广西
53	齐宁 13 号	定向杂交	徐薯 18	P616-23	山东	206	三角宁	-	-	-	海南
54	齐宁 12 号	定向杂交	西农 431	遗 306	山东	207	渝薯 2 号	定向杂交	农珍 868	万斤白	重庆
55	漯薯 10 号	集团杂交	徐薯 781	-	河南	208	渝薯 6 号	集团杂交	浙薯 13	-	重庆
56	漯紫薯 1 号	定向杂交	烟薯 337	冀薯 98	河南	209	渝薯 4 号	集团杂交	浙薯 13	-	重庆
57	漯薯 11	定向杂交	苏薯 9 号	漯 105	河南	210	万菜薯 1 号	-	-	-	重庆
58	商薯 9 号	定向杂交	徐薯 25	商薯 103	河南	211	万菜薯 5 号	集团杂交	福菜薯 18 号	-	重庆
59	商薯 12	定向杂交	徐薯 18	徐薯 27	河南	212	川薯 224	开放授粉	CS1-21-1	-	四川
60	商薯 8 号	开放授粉	豫薯 13 号	-	河南	213	川薯 225	开放授粉	万薯 5 号	-	四川
61	鄂薯 10 号	开放授粉	福薯 18	-	湖北	214	川紫薯 6 号	开放授粉	川薯 5-7-33	-	四川
62	三峡红心王薯	-	-	-	湖北	215	绵薯 13 号	开放授粉	4-6-24	-	四川
63	鄂菜薯 2 号	集团杂交	AIS0122-2	-	湖北	216	绵薯 14	定向杂交	5-3-15	5-1-39	四川
64	鄂薯 8 号	定向杂交	川山紫	绫紫	湖北	217	绵紫薯 15	集团杂交	万紫 56	-	四川
65	湛薯 12	集团杂交	广薯 87	-	广东	218	绵徐紫 16	集团杂交	晋甘薯 5 号	-	四川
66	湛紫薯 2 号	集团杂交	紫罗兰	-	广东	219	黔薯 9 号	集团杂交	宁紫薯 1 号	-	贵州
67	湛薯 271	集团杂交	普薯 04-26	-	广东	220	廊薯 6	集团杂交	06-20	-	河北
68	湛薯 407	定向杂交	龙薯 1 号	鸡母薯	广东	221	映山红	定向杂交	龙薯 9 号	龙薯 13 号	河北
69	广薯 87	集团杂交	广薯 69	-	广东	222	红玉	开放授粉	普薯 32	-	河北
70	万薯 5 号	定向杂交	徐薯 55-2	92-3-7	重庆	223	运徐紫 20	集团杂交	徐薯 25	-	山西
71	万薯 6 号	集团杂交	川薯 124	-	重庆	224	辽薯 36	变异	美国紫薯	-	辽宁
72	万薯 7 号	集团杂交	丰黄	-	重庆	225	苏薯 33	定向杂交	绵紫薯 9 号	苏薯 8 号	江苏
73	万薯 9 号	集团杂交	万 0520-6	-	重庆	226	宁紫薯 10 号	定向杂交	福薯 7-6	渝紫薯 7 号	江苏
74	万薯 10 号	集团杂交	绵粉 1 号	-	重庆	227	宁紫薯 9 号	定向杂交	徐紫薯 3 号	渝紫薯 7 号	江苏
75	万紫薯 56	集团杂交	紫心	-	重庆	228	金薯 22	定向杂交	金山 57	广薯 87	福建
76	彭苏 4 号	定向杂交	宁 K17-6	苏薯 9 号	重庆	229	泉紫薯 96	开放授粉	泉薯 10 号	-	福建
77	遂薯 524	-	-	-	四川	230	赣薯 4 号	集团杂交	赣 10-25	-	江西
78	绵紫薯 9 号	集团杂交	4-4-259	-	四川	231	赣薯 5 号	集团杂交	赣 10-25	-	江西
79	绵渝紫 11	定向杂交	3-14-384	4-4-259	四川	232	赣薯 6 号	集团杂交	赣 10-25	-	江西
80	绵渝紫 12	集团杂交	徐薯 18	-	四川	233	济紫薯 2 号	开放授粉	徐紫薯 3 号	-	山东
81	石甘薯 1 号	-	-	-	河北	234	湘菜薯 2 号	集团杂交	湘薯 18 号	-	湖南
82	慧谷 2 号	变异	心香	-	河北	235	湘薯 98	集团杂交	徐薯 22	-	湖南
83	紫菁 2 号	变异	紫罗兰	-	河北	236	琼农科薯 8 号	集团杂交	广薯 68	-	海南
84	慧谷 100	-	-	-	河北	237	南薯 016	集团杂交	浙薯 13	-	四川

85	晋甘薯 3 号	集团杂交	高系 14	-	山西	238	川紫薯 2 号	-	-	-	四川
86	晋甘薯 9 号	定向杂交	晋甘薯 5 号	秦薯 4 号	山西	239	川薯 231	开放授粉	西成薯 007	-	四川
87	宁紫薯 1 号	开放授粉	宁 97-23	-	江苏	240	川紫薯 5 号	开放授粉	烟紫薯 176	-	四川
88	宁紫薯 2 号	定向杂交	绫紫	川薯 69	江苏	241	南紫薯 020	集团杂交	Y-6	-	四川
89	宁紫薯 6 号	定向杂交	苏薯 8 号	渝紫薯 7 号	江苏	242	南薯 021	集团杂交	浙薯 13	-	四川
90	苏薯 29	定向杂交	浙紫薯 1 号	苏薯 16 号	江苏	243	西成薯 007	定向杂交	BB18-152	9014-3	四川
91	苏薯 28	定向杂交	南薯 99	浙紫薯 1 号	江苏	244	绵南紫 18	集团杂交	南紫薯 014	-	四川
92	苏薯 30	定向杂交	南薯 99	浙紫薯 1 号	江苏	245	南渝薯 022	集团杂交	浙薯 13	-	四川
93	宁紫薯 8 号	定向杂交	徐紫薯 3 号	渝紫薯 7 号	江苏	246	南薯 026	集团杂交	徐薯 23	-	四川
94	宁紫薯 7 号	定向杂交	苏薯 8 号	渝紫薯 7 号	江苏	247	黔薯 10 号	定向杂交	广紫薯 2 号	冀薯 17-4	贵州
95	苏薯 17 号	定向杂交	苏薯 2 号	南薯 99	江苏	248	农大 21	定向杂交	Goldstar	遗字 138	北京
96	苏薯 24	定向杂交	南薯 99	皖苏 178	江苏	249	农大 15	定向杂交	Goldstar	遗字 138	北京
97	徐薯 29	定向杂交	徐薯 18	徐薯 781	江苏	250	农大 602	定向杂交	徐薯 18	宁薯 180	北京
98	徐薯 28	开放授粉	P616-23	-	江苏	251	冀元 1 号	集团杂交	-	-	河北
99	徐薯 39	开放授粉	徐薯 18	-	江苏	252	冀粉 2 号	集团杂交	-	-	河北
100	心香	定向杂交	金玉	浙薯 2 号	浙江	253	冀粉 3 号	集团杂交	-	-	河北
101	阜薯 28	开放授粉	南丰	-	安徽	254	冀元 2 号	集团杂交	-	-	河北
102	泉薯 19	定向杂交	潮薯 1 号	泉薯 148	福建	255	冀元 3 号	集团杂交	-	-	河北
103	金薯 14	定向杂交	金山 57	福宁紫 3 号	福建	256	冀紫薯 3 号	集团杂交	-	-	河北
104	泉薯 17	定向杂交	徐薯 22	泉薯 148	福建	257	冀薯 7 号	集团杂交	-	-	河北
105	榕薯 910	集团杂交	榕薯 756	-	福建	258	冀薯 8 号	集团杂交	-	-	河北
106	龙津薯 1 号	定向杂交	绫紫	龙薯 9 号	福建	259	卢选 1 号	变异	丰薯 1 号	-	河北
107	龙津薯 3 号	定向杂交	绫紫	龙薯 9 号	福建	260	禾薯 1 号	开放授粉	广薯 87	-	河北
108	福宁紫 3 号	集团杂交	福薯 13 号	-	福建	261	临薯 135	集团杂交	晋甘薯 9 号	-	山西
109	福宁紫 5 号	定向杂交	龙薯 14 号	201005-2	福建	262	辽寒薯 2 号	定向杂交	辽寒薯 1 号	耐寒薯	辽宁
110	宁薯 10 号	定向杂交	宁薯 3 号	金山 72	福建	263	辽寒薯 11 号	定向杂交	辽寒薯 1 号	耐寒薯	辽宁
111	福宁薯 12 号	定向杂交	宁薯 3 号	金山 72	福建	264	吉农薯 6 号	集团杂交	珠海薯	-	吉林
112	福宁薯 14 号	集团杂交	福薯 13 号	-	福建	265	苏薯 32	定向杂交	苏薯 26	万紫薯 5 号	江苏
113	齐宁 16 号	集团杂交	心香	-	山东	266	衢薯 6 号	定向杂交	岩薯 5 号	浙薯 70	浙江
114	齐宁 18 号	开放授粉	济薯 26	-	山东	267	衢薯 2 号	定向杂交	浙薯 13	岩薯 5 号	浙江
115	东风 8 号	开放授粉	济紫薯 1 号	-	山东	268	金徐薯 23	集团杂交	浙薯 132	-	浙江
116	泰薯 12	开放授粉	鲁薯 8 号	-	山东	269	福薯 8 号	定向杂交	福薯 1 号	福薯 4 号	福建
117	齐宁 15 号	集团杂交	徐薯 18	-	山东	270	龙紫 221	开放授粉	台湾紫薯	-	福建
118	齐宁 17 号	集团杂交	渝紫薯 7 号	-	山东	271	龙薯 35 号	定向杂交	岩粉 1 号	岩薯 5 号	福建
119	齐宁 20 号	集团杂交	万薯 7 号	-	山东	272	福宁紫 6 号	集团杂交	福薯 90916	-	福建
120	齐宁 21 号	集团杂交	秦薯 7 号	-	山东	273	福宁薯 23 号	集团杂交	金山 57	-	福建
121	济薯 22 号	开放授粉	北京 553	-	山东	274	福宁薯 20 号	定向杂交	榕紫 2 号	龙薯 14 号	福建
122	思维特	变异	遗字 138	-	山东	275	龙紫 12 号	开放授粉	越南紫薯	-	福建
123	郑薯 20	芽变	苏薯 8 号	-	河南	276	赣薯 7 号	集团杂交	赣 7-10	-	江西
124	郑红 23 号	定向杂交	世中 1 号	徐薯 18	河南	277	赣薯 8 号	开放授粉	渝薯 17 号	-	江西
125	郑红 22	开放授粉	徐薯 01-2-9	-	河南	278	齐宁 22 号	集团杂交	渝薯 17 号	-	山东
126	漯薯 6 号	定向杂交	徐薯 781	徐薯 18	河南	279	齐宁 19 号	开放授粉	龙薯 9 号	-	山东
127	漯徐薯 8 号	定向杂交	徐薯 18	徐薯 781	河南	280	齐宁 23 号	集团杂交	徐薯 27	-	山东
128	漯徐薯 9 号	定向杂交	徐薯 18	徐薯 781	河南	281	齐宁 24 号	集团杂交	浙薯 13	-	山东

129	漯薯 12 号	开放授粉	漯 105	-	河南	282	临薯 15051	开放授粉	济薯 26	-	山东
130	鄂薯 7 号	定向杂交	浙薯 13	鄂 606	湖北	283	金海汀甜	定向杂交	澳洲紫白	红瑶	山东
131	鄂薯 9 号	定向杂交	868	浙薯 13	湖北	284	桂菜薯 1 号	开放授粉	莆薯 53	-	广西
132	鄂薯 11	开放授粉	心香	-	湖北	285	防薯 11 号	定向杂交	越南姑娘薯	红姑娘三号	广西
133	鄂紫薯 13	开放授粉	宁紫薯 1 号	-	湖北	286	防薯 69 号	定向杂交	红姑娘三号	桂薯 131	广西
134	鄂薯 12	集团杂交	徐薯 18	-	湖北	287	防薯 9 号	定向杂交	桂紫薯	心香	广西
135	万菜薯 19 号	集团杂交	鄂菜薯 1 号	-	重庆	288	万菜薯 7 号	集团杂交	鄂菜薯 1 号	-	重庆
136	万紫薯 11	集团杂交	徐薯 22	-	重庆	289	万薯 12 号	集团杂交	万薯 34	-	重庆
137	川薯 220	开放授粉	西成薯 007	-	四川	290	万紫薯 13 号	集团杂交	1211-45	-	重庆
138	川薯 20	定向杂交	岩薯 5 号	红旗四号	四川	291	万薯 15 号	集团杂交	渝薯 1 号	-	重庆
139	川菜薯 211	开放授粉	广薯菜 2 号	-	四川	292	万紫薯 16 号	集团杂交	秦薯 7 号	-	重庆
140	川薯 218	定向杂交	绵粉 1 号	BB30-224	四川	293	万紫薯 17 号	集团杂交	徐薯 18	-	重庆
141	农大 16	定向杂交	Ruddy	遗字 138	北京	294	南薯 027	集团杂交	浙薯 13	-	四川
142	红遥	变异	徐薯 18	-	河北	295	南薯 012	定向杂交	三合薯	波嘎	四川
143	晋甘薯 8 号	定向杂交	晋甘薯 3 号	川山紫	山西	296	南薯 025	集团杂交	渝紫薯 7 号	-	四川
144	运薯 655	集团杂交	晋甘薯 3 号	-	山西	297	川薯 228	开放授粉	湘薯 15	-	四川
145	运薯 9801	集团杂交	龙薯 9 号	-	山西	298	川薯 223	定向杂交	川薯 218	西成薯 007	四川
146	运薯 66	集团杂交	秦薯 5 号	-	山西	299	南绵薯 028	集团杂交	浙薯 13	-	四川
147	运薯 682	集团杂交	秦薯 5 号	-	山西	300	南薯 024	集团杂交	Y-6	-	四川
148	辽薯 16	定向杂交	川山紫	辽薯 26	辽宁	301	南薯 88	定向杂交	晋专 7 号	美国红	四川
149	辽薯 19	定向杂交	辽薯 20	辽薯 26	辽宁	302	绵徐紫 21	开放授粉	徐引 0602	-	四川
150	辽薯 30	定向杂交	川山紫	辽薯 73	辽宁	303	秦紫薯 4 号	开放授粉	渝紫薯 7 号	-	陕西
151	吉紫薯 5 号	集团杂交	徐薯 28	-	吉林	304	绥薯 1 号	-	-	-	陕西
152	徐薯 37	开放授粉	豫薯 13 号	-	江苏	305	秦渝紫薯 5 号	集团杂交	2-19-99	-	陕西
153	徐薯 38	开放授粉	绵粉 1 号	-	江苏						

- 代表无数据
- represent no date

附表 2 23 对 InDel 引物信息清单

Appendix 2 23 List of InDel primer information

引物编号	引物原名称	引物序列 (5'-3')	片段大小 (bp)	条带数	多态性条带数
Primer code	Primer original name	Primer sequence (5'-3')	Fragment size	Bands	Polymorphic bands
				number	number
F1-4	Iba_chr01a_26227412_26227812	F: TAAGAAGCGCAAAACAGAGCTC R: GGTGTAGCTGAAGAGGAAAAGC	177-207	3	3
F2-2	Iba_chr02a_7497019_7497419	F: CACCATAAGACGCGCTTTTCAA R: GGGAGGCGATGAAGACAGAAAT	166-178	3	2
F3-1	Iba_chr03a_2150584_2150984	F: GTTCAGGGCCTGGATTCACTAT R: TCTTTACAAGAGCAAGAGCCGT	182-190	2	2
F4-1	Iba_chr04a_36815_37215	F: AAAGTAGTGAAGCCAAGCCAGA R: GCCAATGCAGTTGCTTCTAAGT	197-204	2	2
F4-3	Iba_chr04a_2827664_2828064	F: GCTCCTCCTGATAGATATCGCC R: ACTCTCTACTTTGATACACGCA	187-194	2	2
F5-2	Iba_chr05a_20138349_20138749	F: AGAGCTGTTTCAGGTTCTCATGT R: ACCAATTTGCCTAGTCTTCCCA	193-203	2	2
F5-3	Iba_chr05a_20406483_20406883	F: TAGGATTCCGACGATGTTTGCT R: GGACAGATAGGCCCATGAATTT	172-180	2	2
F5-4	Iba_chr05a_20590340_20590740	F: TGTATGTAGTGTTGGCTGCAGT R: GACCAAAATTGTGCTTGAGGCT	145-154	2	1
F6-5	Iba_chr06a_3486955_3487355	F: TAAAGCCAAGTGCTCCCAACA R: TCATTTTGATGGACATGCAGGC	155-160	2	2
F8-1	Iba_chr08a_3896050_3896450	F: CCCACATAGGCAAAGGAGCAAT R: GCCTAATGCACACAAATGCTTAGT	92-203	2	2
F8-7	Iba_chr08a_8138104_8138504	F: TGCCATTTCTGCCATCAATTCC R: CCACAACGTCACAAAGTCCTTG	212-233	4	4
F9-1	Iba_chr09a_3400919_3401319	F: TGAGAATAGGCGACTCCCATTG R: GAATTCCTCTACCTCCTGCACC	119-202	3	3
F9-3	Iba_chr09a_4595801_4596201	F: TGCTTAAGTAGTCGTTGTTTGA R: ATGGTCGTTGCATGTCGTTTTT	137-150	2	2
F10-5	Iba_chr10a_3743582_3743982	F: TGATGCGCGTTTAGCCATTAA R: TCGTAGGGAGTAAAGTACCATATTTTC	180-186	2	2
F10-7	Iba_chr10a_8264614_8265014	F: ACCAAGACTAAGCTAGCACTTCA R: AAGATGGCCCTCTGGTGTTAAG	208-218	2	2
F11-4	Iba_chr11a_5855336_5855736	F: AAGAAGGAACATTTTGGCTGCG R: AGAGAGATATCGGCGGAGAGAA	150-159	3	3
F11-7	Iba_chr11a_22192894_22193294	F: ATTGACATGCACGAGCCTTCTA R: CTTTGCCAGTAAAAGCTGACC	164-181	3	2
F12-1	Iba_chr12a_31984609_31985009	F: ACTCACCAAACCACTTGTACCA R: TGCCCTGCAATTTGAGAAAAGG	144-162	3	3
F12-4	Iba_chr12a_33327278_33327678	F: TCTGAGCCTCGATTCTTTGAGT R: GGGTTTCCTCTCTTCCCTGATG	187-215	4	4

F14-2	Iba_chr14a_3255443_3255843	F: ATTTGTGTTGGAGCATACCAGC R: GTGACGAGCCTAACTCTCATCA	109-121	2	2
F14-5	Iba_chr14a_29237539_29237939	F: GGGAATGAGCACGAAATAGACG R: TCGATGGGAAAAGTCAGGTGTT	101-113	2	2
F15-3	Iba_chr15a_1033916_1034316	F: ACCACAACTACACTACTACGTCT R: AGAGAGTTATGTCCAACTTCGTGT	135-140	2	2
F15-5	Iba_chr15a_1679750_1680150	F: TCGGGAGAAATTAACCATAGGCT R: CTGACCAGCATCCGACATAGAA	186-195	2	2
