

食用木薯“桂木薯 11 号”自交分离群体表型鉴定 与遗传多样性分析

陆柳英, 严华兵, 曾文丹, 曹升, 程冬, 肖亮, 施平丽, 龙紫媛, 李祥, 尚小红

(广西壮族自治区农业科学院, 南宁 530007)

摘要: 构建自交分离群体是木薯新品种选育的重要途径之一。为了研究食用木薯“桂木薯 11 号”品种自交分离群体的遗传差异, 筛选优异种质, 本研究通过表型性状鉴定、变异系数、遗传多样性指数、相关性主成分分析、SSR 多态性比例、遗传相似系数、聚类分析等对群体进行表型鉴定与遗传多样性分析。结果表明, 食用木薯品种“桂木薯 11 号”自交分离群体的 99 份资源, 在 43 个性状指标上表现差异。33 个质量性状变异系数范围为 7.14%~994.99%, 结实性变异系数最高, 叶柄生长方向最低; 遗传多样性指数范围为 0.06~1.59, 分叉级别遗传多样性指数最高, 叶柄生长方向最低。10 个数量性状变异系数范围为 13.49%~62.30%, 分叉高度变异系数最高, 节间距最低; 10 个数量性状遗传多样性指数范围为 1.78~2.09, 裂叶长度最高, 植株高度最低。43 个表型性状共提取了 15 个主成分, 主茎内皮颜色、幼茎颜色、叶脉颜色、顶端叶颜色等 27 个表型性状, 可作为该自交分离群体鉴定的主要指标。采用 SSR 分子标记进行遗传多样性分析, 25 对引物共扩增出 148 条条带, 多态性比例达 83.56%。该品种自交分离群体资源间基因变异幅度较大, 遗传相似系数范围为 0.48~0.91。94 号与亲本“桂木薯 11 号”遗传相似系数最高, 为 0.78; 143 号最低, 为 0.59。本研究通过对群体的鉴定评价, 筛选出一批特异性种质和中间材料, 丰富了我国木薯种质资源遗传多样性, 为食用型木薯新品种选育提供了研究基础。

关键词: 桂木薯 11 号; 自交分离群体; 表型鉴定; 遗传多样性分析

Phenotypic Identification and Genetic Diversity Analysis of Cassava Cultivar ‘Gui 11’ Selfing Population

LU Liuying, YAN Huabing, ZENG Wendan, CAO Sheng, CHENG Dong, XIAO Liang, SHI Pingli,

LONG Ziyuan, LI Xiang, SHANG Xiaohong

(Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007)

Abstract: Constructing selfing populations is one of the important pathways for breeding new cassava varieties. To investigate the genetic differences within the selfing populations of the edible cassava variety ‘Gui 11’ and to screen for superior germplasm, ‘Gui 11’ selfing populations were carried out through a phenotypic identification and genetic diversity analysis. These analyses included phenotypic trait evaluation, variation coefficient, genetic diversity index, correlation and principal component analysis, SSR polymorphism ratios, genetic similarity coefficients, and cluster analysis. The results indicated that the 99 resources of the edible cassava variety ‘Gui 11’ selfing populations exhibited differences in 43 phenotypic traits. The variation coefficient for 33 qualitative traits ranged from 7.14% to 994.99%, with the highest in fruit and the lowest in petiole growth orientation. The genetic diversity index ranged from 0.06 to 1.59, with the highest in branching level and the lowest in petiole growth orientation. The coefficient of variation for 10 quantitative traits ranged from 13.49% to 62.30%, with the highest in branching height and the lowest in internode spacing; the genetic diversity index for 10 quantitative traits

收稿日期: 2024-12-16 网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为薯类作物遗传育种, Email: luliuying2008@163.com

通信作者: 尚小红, 研究方向为木薯、葛根生物技术育种, Email: shxh789@gxaas.net

基金项目: 国家重点研发计划项目课题(2023YFD1600600); 广西自然科学基金项目(2024GXNSFAA010194); 广西农业科学院基本科研业务专项项目(桂农科 2024YP055)

Foundation projects: National Key Research and Development Program of China(2023YFD1600600); Guangxi Natural Science Foundation Project(2024GXNSFAA010194); Basic Research Business Special Project of Guangxi Academy of Agricultural Sciences (Guinongke2024YP055)

ranged from 1.78 to 2.09, with the highest in lobed leaf length and the lowest in plant height. A total of 15 principal components were extracted from the 43 phenotypic traits, with 27 phenotypic traits such as the color of the main stem inner bark, young stem color, vein color, and top leaf color, which can be used as the main indicators for the identification of this selfing population. Genetic diversity analysis using SSR molecular markers revealed that 25 pairs of primers amplified 148 bands, with a polymorphism ratio of 83.56%. The genetic variation among the resources of 'Gui 11' selfing populations was substantial, with genetic similarity coefficients ranging from 0.48 to 0.91. The highest genetic similarity coefficient was between line 94 and the parent 'Gui 11' at 0.78, and the lowest was between line 143 and the parent at 0.59. In this study, a batch of specific germplasm and intermediate materials have been selected through the identification and evaluation of the population, which enriched the genetic diversity of cassava germplasm resources in China and provided a research foundation for the breeding of new edible cassava varieties.

Key words: Gui 11; Selfing population; Phenotypic identification; Genetic diversity analysis

木薯 (*Manihot esculenta* Crantz) 是大戟科木薯属植物, 是世界三大薯类作物之一, 全球第六大粮食作物, 为世界热区近 10 亿人口提供碳水化合物来源^[1]。木薯可食用、饲用和加工成淀粉、变性淀粉、乙醇等, 在我国既是重要的经济能源作物, 也是特色薯类杂粮^[2], 在“南南合作”、“一带一路”中发挥着重要作用。

自交是种质创制的方式之一, 它可以使基因快速纯合, 且产生的加性效应, 使一些控制优异性状的基因对表型的贡献值叠加, 产生极端表型的个体。孙明茂等^[3]从水稻重组自交系群体 223 个家系中筛选出了 5 个高花青素的色稻家系, 李冉等^[4]通过自交系筛选玉米耐盐种质, 相关研究在辣椒^[5]、大白菜^[6]等多种作物上均有应用。木薯基因组具有高度杂合特征, 通过自交纯化基因型, 可创制出具有优良性状的新种质资源, 且木薯是收获营养器官(地下块根)、以成熟种茎作为繁殖材料的无性繁殖作物, 获得的优异性状可通过无性繁殖直接选择固定^[7]。因此, 通过构建自交系群体选育优良木薯品种是一种快速有效的育种方法。Kawuki 等^[8]以 6 个木薯的自交系群体为材料, 在自交系群体中筛选到支链淀粉含量, 收获指数和根干物质含量等农艺性状高于对应亲本的种质资源。Tadeo 等^[9]在 Tz/130 的第一代自交群体中筛选到抗木薯褐条病的材料。国际热带农业中心 (CIAT) 专家在自交系中发现了珍贵的糯木薯和小颗粒木薯种质资源^[10-11]。

“桂木薯 11 号”是 2022 年通过热带作物品种审定的食用型木薯新品种, 该品种株型紧凑, 结薯集中, 水平分布, 块根呈圆柱-圆锥形, 外皮褐色, 内皮乳黄色, 薯肉淡黄色; 其丰产性稳产性好, 块根氢氰酸含量低, 食用口感好, 营养品质高, 综合性状优良。本研究以“桂木薯 11 号”的 99 份自交分离群体资源为材料, 通过对 43 个差异表型性状的鉴定和 SSR 分子标记分析, 探讨该群体的遗传多样性, 目前尚未见文献报道。试验工作对研究木薯重要性状的自交分离及遗传机制有指导意义, 同时为食用木薯品种选育提供了中间材料和数据基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2021 年以食用木薯品种“桂木薯 11 号”(Gui11)为亲本材料, 在广西龙州地区进行开放自交(基地周边 5 公里内无其他木薯种植), 2022 年收获种子进行播种、育苗及单株评价, 2023 年建立了自交群体 99 份材料

的单行评价体系，每份材料种植 6-8 株。亲本（CK）及其 99 份自交群体材料均种植于广西农业科学院里建科学研究基地。

1.2 试验方法

1.2.1 表型性状鉴定 参考 NY/T1943-2010《木薯种质资源描述规范》进行群体表型性状鉴定。内容主要包括顶端叶颜色、顶端叶茸毛、叶保留、叶片裂叶数、裂叶形状等共 33 个主要质量性状；以及裂叶长度、裂叶宽度、叶柄长度、节间距、植株高度、主茎粗、分叉高度、分枝角度、块根数量、块根内皮层厚度等共 10 个主要数量性状，具体性状名称、鉴评标准与赋值见表 1。文中所述表型性状中所谓质量性状均为表型稳定的可赋值性状，数量性状数据均为连续测量 3 株计算平均值。

表 1 “桂木薯 11 号” 自交分离群体表型性状、鉴评标准与赋值

Table 1 Phenotypic characters, evaluation criteria, and assignment of cassava ‘Gui 11’ selfing population

序号 No.	性状 Characteristics	鉴评标准与赋值 Evaluation criteria and assignment
1	顶端叶颜色	植后 3 个月，观察记录并赋值：1.淡绿 2.深绿 3.淡紫绿 4.紫色；
2	顶端叶茸毛	植后 3 个月，观察记录并赋值：0.无 1.有；
3	叶保留	植后 6 个月，观察植株保留叶片占比情况，1-2 少于 1/2，3 占 1/2，4-5 多于 1/2；
4	裂叶形状	植后 6 个月，观察记录并赋值：1.椭圆披针形 2.长圆状披针形 3.披针形 4.线形 5.提琴形 6.线性提琴形；
5	叶柄颜色	植后 6 个月，观察记录并赋值：1.黄绿色 2.绿 3.红带绿 4.红带黄 5.绿带红 6.绿带紫红；
6	成叶颜色	植后 6 个月，观察记录并赋值：1.浅绿色 2.绿色；
7	裂叶数	植后 6 个月，观察记录植株中部叶片的裂叶数目；
8	裂叶边缘光滑度	植后 6 个月，观察记录并赋值：0.光滑 1.不光滑；
9	叶脉颜色	植后 6 个月，观察记录并赋值：1.浅绿色 2.绿色 3.浅红色/绿带红 4.紫红色；
10	叶柄生长方向	植后 6 个月，观察记录并赋值：1.向上倾斜 2.水平；
11	叶痕凸起	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.半凸起 2.凸起明显；
12	主茎内皮颜色	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.浅绿色 2.绿色 3.深绿色；
13	主茎外皮反面颜色	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.浅黄色 2.浅褐色 3.褐色 4.橙色；
14	主茎外皮颜色	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.灰白色 2.灰绿色 3.浅褐色 4.红褐色 5.深褐色；
15	末端分枝颜色	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.浅绿色 2.绿色 3.深绿色；
16	托叶长短	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.短（<1.0 cm） 2.长（≥1.0 cm）；
17	托叶边缘形态	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.完整 2.裂开状或叉状；
18	株型	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.直立型 2.紧凑型 3.圆柱型 4.伞型 5.开张型 6.丛生；
19	分叉级别	植后 9 个月，观察记录并赋值：0.无分叉 1.1 级 2.2 级 3.3 级 4.4 级 5.5 级；
20	分叉习性	植后 9 个月，观察记录并赋值：1.垂直无分叉 2.分叉 3.分叉 4.多分叉；
21	开花	植后 6、9 个月，观察记录并赋值：0.无 1.有；
22	结实	植后 6、9 个月，观察记录并赋值：0.无 1.有；
23	结薯集中度	收获期，观察记录并赋值：1.集中 2.分散；
24	块根分布	收获期，观察记录并赋值：1.水平伸长 2.无规则；
25	薯柄	收获期，观察记录并赋值：1.有柄型 2.混合型；
26	块根缢痕	收获期，观察记录并赋值：0.少或无（≤3） 1.一些（4-6）；
27	块根形状	收获期，观察记录并赋值：1.圆锥 2.圆锥-圆柱 3.圆柱 4.不规则；
28	块根外皮颜色	收获期，观察记录并赋值：1.浅褐色 2.黄褐色 3.红褐色 4.褐色 5.深褐色；
29	块根内皮颜色	收获期，观察记录并赋值：1.白色或乳黄色 2.黄色 3.粉红色；
30	块根肉质颜色	收获期，观察记录并赋值：1.白色 2.浅黄色 3.黄色 4.橘黄 5.其他（中间黄色，边沿白色）；

31	块根去皮难易程度	收获期, 观察记录并赋值: 1.易 2.难;
32	块根表皮粗糙程度	收获期, 观察记录并赋值: 1.光滑 2.适中 3.粗糙;
33	块根肉质口感	收获期, 观察记录并赋值: 1.甜 2.适中 3.苦;
34	裂叶长度(cm)	植后 6 个月, 植株中部叶片中间裂叶长度, 测量 3 片取平均值;
35	裂叶宽度(cm)	植后 6 个月, 植株中部叶片中间裂叶宽度, 测量 3 片取平均值;
36	叶柄长度(cm)	植后 6 个月, 植株中部叶片的叶柄长度, 测量 3 片取平均值;
37	节间距(节/50cm)	植后 9 个月, 记录主茎 50 cm 总节数, 计算 3 株取平均值;
38	植株高度(cm)	植后 9 个月, 从植株顶端到地面的垂直高度, 测量 3 株取平均值;
39	主茎粗(mm)	植后 9 个月, 主茎离地 20 cm 处茎粗, 测量 3 株取平均值;
40	分叉高度(cm)	植后 9 个月, 从地面到第一分枝的垂直高度, 测量 3 株取平均值;
41	主茎分枝角度(°)	植后 9 个月, 主茎与第一级分枝的夹角角度, 测量 3 株取平均值;
42	块根数量(条)	收获期, 记录能观察到明显膨大块根的数目, 计算 3 株取平均值;
43	内皮层厚度(mm)	收获期, 块根中部皮层厚度, 测量 3 株取平均值;

1.2.2 DNA 提取 采用 CTAB 改良法^[12]提取“桂木薯 11 号”品种及其自交分离群体 99 份资源的叶片基因组 DNA, 稀释至 40 ng/μL 存放于-20℃冰箱备用。

1.2.3 PCR 扩增与 SSR 分子标记检测 木薯 SSR-PCR 反应体系为 20 μL: DNA 40 ng, Buffer (含 Mg²⁺) 浓度 1.0 mmol/L, dNTPs 浓度 0.20 mmol/L, 引物浓度 0.4 μmol/L, Taq DNA 聚合酶 0.5 U。反应程序为: 94℃ 预变性 5 min, 94℃ 变性 30s→54℃ 退火 30 s→72℃ 延伸 1min, 进行 32 个循环; 72℃ 充分延伸 10 min, 4℃ 保存。PCR 扩增产物通过 6%聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离, 硝酸银染色, 拍照记录电泳结果并读取 DNA 条带。

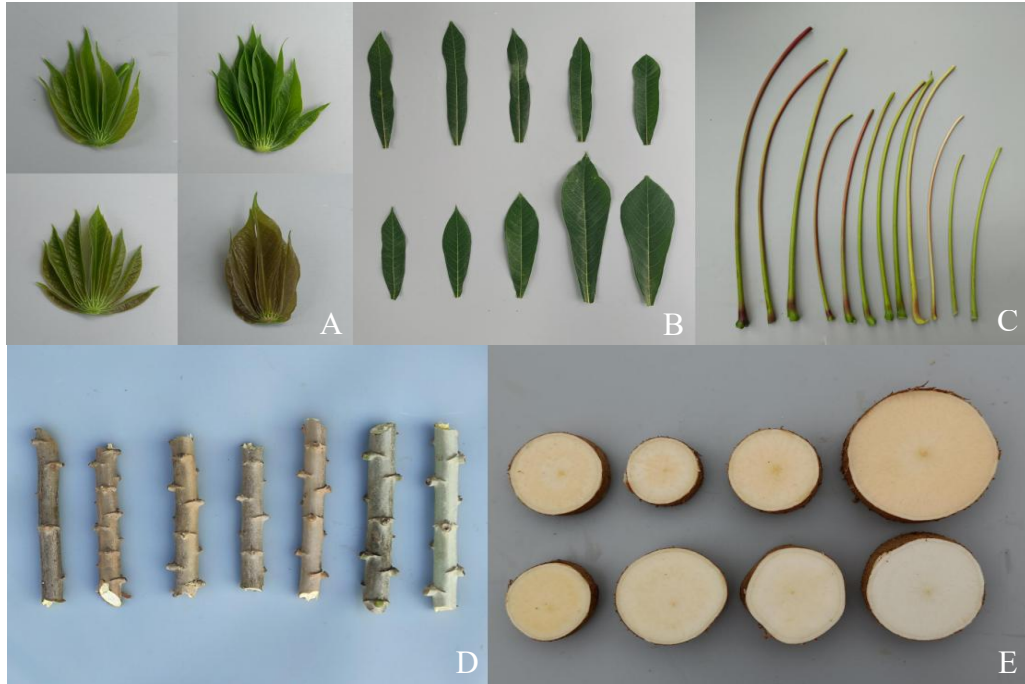
1.3 数据分析

采用 Microsoft Office Excel 2013、SPSS 22.0 软件进行试验数据处理、分析和作图。

2 结果与分析

2.1 “桂木薯 11 号”自交分离群体表型性状多样性分析

调查发现, “桂木薯 11 号”自交分离群体 99 份资源, 在 43 个性状指标上表现差异。图 1 为顶端叶颜色、叶片中心裂叶形状、叶柄颜色、主茎外皮颜色、块根肉质颜色性状分离情况。



A:顶端叶颜色; B:裂叶形状; C:叶柄颜色 D:主茎外皮颜色; E:块根肉质颜色

A:Color of apical leaves; B:Shape of central leaflet; C:Petiolo color; D:Color of stem epidermis; E:Color of root pulp

图1 “桂木薯11号”自交分离群体表型差异

Fig. 1 Phenotypic differences of cassava 'Gui 11' selfing population

经数据分析发现, 33个质量性状平均变异系数86.81%, 平均遗传多样性指数0.73(表2)。变异系数范围为7.14%~994.99%, 结实、裂叶边缘光滑度、开花、块根溢痕4个性状变异系数分别达到994.99%、395.70%、299.85%、148.86%, 叶柄生长方向变异系数仅为7.14%; 遗传多样性指数范围为0.06~1.59, 其中分叉级别、株型、叶柄颜色、块根肉质颜色4个性状遗传多样性指数分别达到1.59、1.54、1.49、1.33, 叶柄生长方向、末端分枝颜色、结实3个性状遗传多样性指数较低, 分别为0.06、0.10、0.10。

10个数量性状平均变异系数29.58%, 平均遗传多样性指数1.96(表3)。变异系数范围为13.49%~62.30%, 其中分叉高度、主茎分枝角度、块根数量3个性状变异系数分别达到62.30%、42.48%、39.23%, 而节间距变异系数仅为13.49%; 遗传多样性指数范围为1.78~2.09, 其中裂叶长度、叶柄长度、裂叶宽度、分叉高度、节间距5个性状遗传多样性指数分别达到2.09、2.05、2.02、2.02、2.01, 植株高度、主茎粗2个性状遗传多样性指数较低, 分别为1.78、1.90。

表2 “桂木薯11号”自交分离群体质量性状的遗传多样性分析

Table 2 Genetic diversity analysis of quality characters of cassava 'Gui 11' selfing population

质量性状 Quality characteristics	最小值 Min.	最大值 Max.	平均值 Average value	标准差 SD	变异系数 (%) CV	遗传多样性指数 Genetic diversity index
顶端叶颜色 CAL	1	4	2.32	1.09	46.76	1.14
顶端叶茸毛 PAL	0	1	0.70	0.46	66.27	0.61
叶保留 LR	1	5	2.41	0.83	34.51	0.99

裂叶形状 SCL	1	6	3.36	0.90	26.68	0.92
叶柄颜色 PC	1	6	4.32	1.58	36.62	1.49
成叶颜色 LC	1	2	1.96	0.20	10.10	0.17
裂叶数 NL	1	9	8.09	1.32	16.29	0.82
裂叶边缘光滑度 LM	0	1	0.06	0.24	395.70	0.23
叶脉颜色 CLV	1	4	1.69	0.79	46.88	1.06
叶柄生长方向 OPG	1	2	1.98	0.14	7.14	0.10
叶痕凸起 PLS	1	2	1.19	0.40	33.21	0.49
主茎内皮颜色 CSC	1	3	2.28	0.77	33.72	1.04
主茎外皮反面颜色 CSERS	1	4	2.16	1.13	52.33	1.33
主茎外皮颜色 CSE	1	5	1.79	1.53	85.79	0.74
末端分枝颜色 CEB	1	3	1.65	0.73	44.51	0.10
托叶长短 SL	1	2	1.74	0.44	25.46	0.58
托叶边缘形态 SEM	1	2	1.98	0.14	7.14	0.10
株型 SP	1	6	2.38	1.42	59.54	1.54
分叉级别 LB	0	5	2.39	1.26	52.64	1.59
分叉习性 BH	1	4	2.85	0.69	24.24	0.67
开花 FLO	0	1	0.10	0.30	299.85	0.33
结实 FRU	0	1	0.01	0.10	994.99	0.06
结薯集中度 COT	1	2	1.77	0.42	24.01	0.54
块根分布 RD	1	2	1.26	0.44	35.03	0.58
薯柄 ERP	1	2	1.13	0.34	30.01	0.39
块根缢痕 RCM	0	1	0.31	0.47	148.86	0.62
块根形状 RS	1	4	1.96	0.73	37.11	1.07
块根外皮颜色 ECSR	1	5	3.67	0.97	26.42	1.22
块根内皮颜色 CRC	1	3	1.27	0.57	44.64	0.64
块根肉质颜色 CRP	1	5	2.22	0.97	43.86	1.33
块根去皮难易程度 DPR	1	2	1.08	0.28	25.44	0.28
块根表皮粗糙程度 RRE	1	3	2.81	0.44	15.83	0.52
块根肉质口感 TRP	1	3	1.85	0.61	33.12	0.91
平均 Mean					86.81	0.73

CAL: Color of apical leaves; PAL: Pubescence apical leaves; LR: Leaf retention; SCL: Shape of central leaflet; PC: Petiole color; LC: Leaf color; NL: Number of leaflet; LM: Lobe margins; CLV: Color of leaf vein; OPG: Orientation of the Petiole growth; PLS: Protrusion of leaf scars; CSC: Color of stem cortex; CSERS: Color of stem epidermis reverse side; CSE: Color of stem epidermis; CEB: Color of end branch; SL: Stipule length; SEM: Stipule edge morphology; SP: Shape of plant; LB: Levels of branching; BH: Branching habit; FLO: Flowering; FRU: Fruiting; COT: Concentration of tubers; RD: Root distribution; ERP: Extent of root peduncle; RCM: Root constriction mark; RS: Root Shape; ECSR: External color of storage root; CRC:Color of root cortex; CRP: Color of root pulp; DPR: Difficulty in peeling root; RRE: Roughness of root epidermis; TRP: Taste of root pulp.

表 3 “桂木薯 11 号” 自交分离群体数量性状的遗传多样性分析

Table 3 Genetic diversity analysis of quantitative characters of cassava ‘Gui 11’ selfing population

数量性状 Quantitative characteristics	最小值 Min.	最大值 Max.	平均值 Average value	标准差 SD	变异系数 (%) CV	遗传多样性指数 Genetic diversity index
裂叶长度(cm)LLL	8.40	21.50	15.49	2.62	16.93	2.09
裂叶宽度(cm)WLL	1.70	5.70	3.24	0.71	21.75	2.02
叶柄长度(cm)PL	9.40	39.40	25.62	5.74	22.39	2.05
节间距 (节/50 cm) IL	15.00	29.67	23.58	3.18	13.49	2.01

植株高度(cm) PH	20.00	447.50	304.42	91.39	30.02	1.82
分叉高度(cm)HB	2.00	371.50	155.64	96.96	62.30	2.02
主茎粗(mm) SD	6.17	46.63	33.25	8.35	25.11	1.90
主茎分枝角度(°) AB	0.00	55.00	32.62	13.86	42.48	1.78
块根数量(条) NSR	0.00	13.30	6.55	2.57	39.23	1.92
内皮层厚度(mm)CT	1.04	3.52	1.91	0.42	22.09	1.96
平均 Mean					29.58	1.96

LLL: Length of leaf lobe; WLL: Width of leaf lobe; PL: Petiole length; IL: Internode length; PH: Plant height; HB: Height of branching; SD: Stem diameter; AB: Angle of branching; NSR: Number of storage roots per plant; CT: Cortex thickness.

2.2 “桂木薯 11 号” 自交分离群体表型性状相关性及其主成分分析

对“桂木薯 11 号”自交分离群体 99 份资源的 43 个性状，通过 Pearson 进行相关性分析发现，极显著相关 ($P < 0.01$) 的性状有 73 对，显著相关 ($P < 0.05$) 的性状有 71 对。其中极显著正相关 34 对，极显著负相关 39 对，显著正相关 40 对，显著负相关 31 对。其中数量性状间裂叶长度与叶柄长度相关性系数、植株高度与主茎粗，相关性系数达 0.80。质量性状间叶脉颜色与茎皮层颜色、茎皮层颜色与末端分枝颜色，相关性系数达 0.78。

对“桂木薯 11 号”自交分离群体的 99 份资源的 43 个表型性状进行主成分分析，得到特征值大于 1 的主成分 15 个 (PC1~PC15)，累计方差贡献率为 75.36% (表 4)。其中，第 1 主成分贡献率为 14.29%，包括主茎内皮颜色 (0.77)、幼茎颜色 (0.74)、叶脉颜色 (0.69)、顶端叶颜色 (0.58)、裂叶长度 (0.57)、叶柄长度 (0.57)、主茎粗 (-0.74)、植株高度 (-0.60)、薯柄有无 (0.51)；第 2 主成分贡献率为 9.29%，包括株型 (-0.58)、植株高度 (0.63)、分叉高度 (0.57)；第 3 主成分贡献率为 8.06%，包括分叉级别 (0.60)、分叉习性 (0.72)、主茎分枝角度 (0.65)；第 4 主成分贡献率为 6.47%，包括成叶颜色 (0.57)、叶柄生长方向 (0.67)；第 5 主成分贡献率为 4.77%，包括裂叶形状 (-0.77)；PC6~PC15 贡献率分别为：4.42%、3.96%、3.73%、3.56%、3.25%、3.15%、2.82%、2.70%、2.49%、2.41%，以顶端叶茸毛、结薯集中度、托叶长短、内皮层厚度、块根去皮难易程度、结实、块根缢痕、块根肉质口感、叶痕凸起为主要荷载因子。结果表明，PC1~PC15 中包含的 27 个表型性状，可以作为“桂木薯 11 号”自交分离群体鉴定的主要指标。

表 4 “桂木薯 11 号” 自交分离群体表型性状的主成分分析

Table 4 Principal component analysis of characters of cassava ‘Gui 11’ selfing population

性状 Characteristics	主成分 Principal component														
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14	PC15
顶端叶颜色 CAL	0.58	0.28	0.07	-0.04	-0.05	-0.32	0.09	0.26	0.06	-0.06	0.12	0.14	0.09	0.22	-0.19
顶端叶茸毛 PAL	0.04	-0.22	-0.04	-0.13	-0.03	0.61	0.07	-0.18	0.24	-0.09	0.20	0.07	-0.12	-0.30	0.08
叶保留 LR	0.46	0.08	-0.45	-0.41	0.17	0.02	-0.04	-0.11	-0.10	0.17	0.24	-0.06	0.03	0.10	-0.02
裂叶形状 SCL	-0.05	-0.03	-0.15	-0.04	-0.77	0.06	0.17	-0.01	0.09	0.04	0.04	0.13	0.27	0.30	-0.16
叶柄颜色 PC	0.28	0.30	0.00	0.31	0.06	0.11	0.17	0.21	0.18	0.30	-0.08	-0.14	-0.20	0.00	0.05
成叶颜色 LC	-0.30	-0.15	0.52	0.57	-0.19	-0.19	0.17	0.01	0.11	-0.04	-0.07	0.13	0.01	-0.02	0.09
裂叶数 NL	0.17	0.24	0.51	0.41	-0.09	0.16	-0.05	-0.23	-0.14	0.20	0.03	-0.06	-0.12	0.05	0.02
裂叶边缘光滑度 LM	0.27	-0.11	-0.12	0.22	0.24	-0.40	0.11	0.27	-0.29	0.24	0.08	0.27	0.10	0.08	0.16
叶脉颜色 CLV	0.69	0.42	0.06	-0.25	-0.02	-0.13	0.04	0.17	-0.09	0.01	-0.14	0.04	-0.06	-0.11	-0.02
叶柄生长方向 OPG	-0.20	-0.02	0.31	0.67	-0.26	-0.11	-0.03	-0.10	0.02	0.06	-0.04	0.10	0.00	0.01	0.01

叶痕凸起 PLS	-0.13	0.17	-0.01	0.07	-0.06	-0.05	-0.21	0.11	0.27	0.17	0.16	-0.38	-0.44	0.41	0.02
主茎内皮颜色 CSC	0.77	0.35	0.11	-0.06	0.01	-0.20	0.12	-0.01	-0.05	-0.07	0.01	-0.01	-0.08	-0.12	-0.06
主茎外皮反面颜色 CSERS	0.18	-0.07	-0.07	0.25	-0.07	-0.22	0.21	-0.27	0.00	-0.46	-0.06	0.32	-0.30	-0.12	0.09
主茎外皮颜色 CSE	0.45	0.26	-0.31	-0.28	0.19	0.08	0.11	-0.09	-0.16	-0.03	0.01	0.10	-0.12	-0.01	0.15
末端分枝颜色 CEB	0.74	0.35	0.26	-0.03	0.00	-0.22	0.00	-0.04	0.03	0.04	-0.19	-0.01	-0.04	-0.08	0.07
托叶长短 SL	0.29	0.08	0.37	0.00	-0.01	0.18	0.12	-0.48	-0.22	0.15	-0.10	-0.17	0.15	-0.17	-0.19
托叶边缘形态 SEM	-0.19	0.34	-0.07	0.07	0.37	0.08	0.17	-0.07	0.19	-0.27	-0.19	0.09	0.23	0.39	0.29
株型 SP	0.18	-0.58	0.35	-0.46	-0.01	-0.08	-0.04	-0.08	-0.03	0.02	0.04	0.01	0.12	0.13	0.09
分叉级别 LB	-0.41	-0.05	0.60	-0.44	0.18	-0.04	0.12	-0.04	0.03	-0.02	0.00	0.00	-0.11	0.13	0.01
分叉习性 BH	0.01	-0.16	0.72	-0.37	-0.13	-0.14	0.11	0.10	0.12	0.04	0.13	-0.10	0.11	-0.10	0.17
开花 FLO	-0.14	0.03	0.05	0.06	0.36	-0.20	-0.24	-0.01	0.49	0.31	0.04	0.20	0.13	-0.02	-0.28
结实 FRU	-0.17	-0.10	0.04	-0.10	0.21	0.09	0.08	-0.09	0.25	0.53	-0.15	0.43	0.01	-0.14	-0.24
结薯集中度 COT	-0.21	0.17	-0.07	0.04	0.22	0.12	0.47	0.07	0.04	-0.23	0.35	0.03	0.18	0.01	-0.44
块根分布 RD	0.27	-0.18	0.02	0.35	0.26	0.09	0.44	0.05	0.15	0.05	0.30	-0.28	0.14	0.16	0.07
薯柄 ERP	0.51	-0.44	0.07	0.35	0.35	0.05	-0.02	0.01	0.11	-0.16	-0.02	0.11	0.05	0.11	0.06
块根缢痕 RCM	-0.18	0.34	-0.11	0.11	-0.08	-0.14	0.04	-0.20	-0.06	-0.01	0.67	0.04	0.17	-0.18	0.18
块根形状 RS	-0.48	-0.39	0.01	0.03	0.07	0.11	-0.15	0.18	-0.30	0.11	0.03	0.13	0.25	0.01	0.22
块根外皮颜色 ECSR	-0.16	0.48	0.14	0.19	0.16	-0.28	-0.12	-0.36	0.00	-0.01	0.09	-0.25	0.14	-0.08	-0.13
块根内皮颜色 CRC	0.12	-0.08	0.28	0.09	0.06	0.35	-0.38	0.21	-0.24	-0.06	0.35	0.17	-0.17	0.16	-0.09
块根肉质颜色 CRP	-0.10	0.04	0.31	0.13	0.03	0.09	0.43	0.45	-0.39	0.02	0.04	-0.01	-0.19	-0.08	-0.22
块根去皮难易程度 DPR	-0.15	0.01	0.28	0.03	0.29	-0.15	-0.18	-0.24	-0.54	0.08	-0.07	-0.10	0.17	0.17	-0.12
块根表皮粗糙程度 RRE	-0.50	0.49	-0.05	-0.24	0.09	-0.25	0.15	-0.19	0.15	-0.13	-0.08	0.05	0.06	0.09	0.09
块根肉质口感 TRP	-0.22	0.30	0.10	-0.14	-0.18	-0.31	-0.28	-0.12	-0.03	0.01	0.38	0.39	-0.27	0.03	0.01
裂叶长度 LLL	0.57	0.39	0.28	0.00	-0.27	0.35	-0.14	-0.03	0.04	0.01	0.02	0.18	0.18	0.21	-0.02
裂叶宽度 WLL	0.25	0.29	0.36	0.17	0.50	0.28	-0.22	0.14	0.10	-0.08	0.07	0.17	0.07	-0.12	0.18
叶柄长度 PL	0.57	0.42	0.23	-0.04	-0.19	0.40	-0.01	-0.13	0.03	-0.01	-0.08	0.14	0.16	0.18	0.06
节间距 IL	-0.20	0.09	0.17	0.11	0.19	0.05	-0.42	0.04	0.03	-0.49	-0.06	-0.08	-0.02	0.01	-0.34
植株高度 PH	-0.60	0.63	0.03	-0.05	0.04	0.11	-0.02	0.04	-0.07	0.18	-0.06	-0.01	-0.01	-0.01	0.16
分叉高度 HB	-0.20	0.57	-0.45	0.36	-0.07	0.12	-0.08	0.11	-0.07	0.11	0.04	-0.07	0.07	-0.16	0.11
主茎粗 SD	-0.74	0.40	0.12	-0.11	0.01	0.14	0.20	0.00	-0.13	0.05	-0.03	0.09	0.00	0.06	0.07
主茎分枝角度 AB	-0.25	0.18	0.65	-0.35	0.04	-0.01	0.18	0.15	0.17	-0.04	0.13	-0.05	-0.10	-0.08	0.10
块根数量 NSR	-0.50	0.46	-0.06	-0.15	-0.02	0.17	0.02	0.28	-0.13	-0.10	-0.24	0.12	-0.03	-0.02	-0.13
内皮层厚度 CT	0.13	0.17	0.13	-0.04	-0.21	-0.15	-0.31	0.48	0.18	-0.14	0.01	-0.18	0.39	-0.30	0.06
贡献率 (%)	14.29	9.29	8.06	6.47	4.77	4.42	3.96	3.73	3.56	3.25	3.15	2.82	2.70	2.49	2.41
Contribution rate															
累计贡献率 (%)	14.29	23.58	31.64	38.11	42.88	47.29	51.25	54.98	58.54	61.80	64.94	67.76	70.45	72.95	75.36
Cumulative contribution rate															

2.3 “桂木薯 11 号” 自交分离群体 SSR 分子标记的多态性及遗传相似性分析

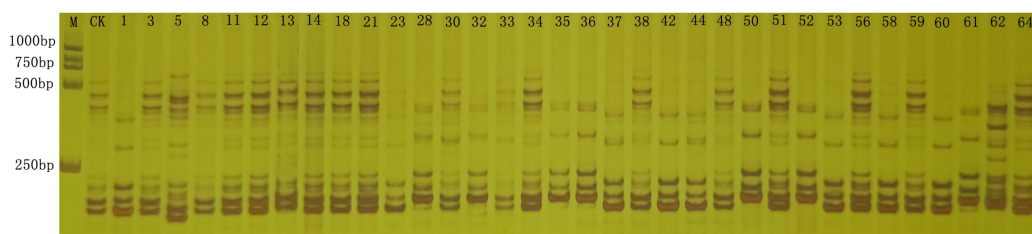
通过引物筛选，挑选出 25 对多态性较好、条带清晰且稳定的引物，对自交分离群体材料基因组 DNA 进行检测，引物信息及扩增条带多态性比例见表 5。检测结果表明，25 对引物共扩增出 148 条条带，单个引物检测条带数 3~9 条，多态性条带共 126 条，多态性比例达 83.56%。其中引物 C24 总条带数 9 条，多态性条数 9 条，其扩增图谱如图 2 所示。

读取扩增条带数据并进行遗传相似性分析发现，群体间各资源遗传相似系数变化范围为 0.48~0.91。52 号与 80 号遗传相似系数最大，为 0.91；其次是 18 号与 21 号，为 0.90；71 号与 143 号间遗传相似系数仅为 0.48。与亲本（CK）遗传相似系数最高的是 94 号，为 0.78；最低的是 143 号，为 0.59。

表 5 25 对 SSR 引物的扩增结果及多态性信息

Table 5 Amplification results and polymorphism information of 25 SSR primes

序号 No.	引物 Primer	正向引物 Sequence(5'-3')	反向引物 Sequence(3'-5')	总条带数 Total bands	多态性条带 数 Polymorphic bands	多态性条带比 例 (%) Polymorphism rate
1	C1	GCAATATCTTCTGGAGTTCAATTCT	CCAATATAAGCGGCGTCATT	7	7	100.00
2	C4	TTCAAAATTCAAACCGGTCC	TGAGCCATGACTGCAGAAAC	5	5	100.00
3	C11	GGCTTTGTGGATGCTTCAAT	CCTCTGTACTGGCTTGGCTC	9	9	100.00
4	C18	CAGCGTCTCTGCGTCAATAA	AGTCGACGATGAGGAAGACG	7	6	85.71
5	C24	GTCTGCGTGAGCAGTCTC	GAGTGAGACGACGAAACGTG	9	9	100.00
6	C27	GCCAATTTGTGTGGGTTAC	GCTGATGAACCTTCACGTT	7	6	85.71
7	C32	CTTCAAGCTTCCACTTGGG	GGGAGGTACCGATCAAAGGT	6	5	83.33
8	C39	CTGGCTCTTCCAGACACCTT	GGCAAGAGAAGCCATAAAGC	8	6	75.00
9	C49	GATTGAGCGTTGGATTGT	CCTGCACCTTGTGGAGAGAT	7	6	85.71
10	C52	GCTCAAGTGGCTTTGTAGGG	TTCCACAAGCATTCCAACA	6	6	100.00
11	C53	AGGGGCTTTGTCTACTGAGG	CTTAGTTCTCACTGCCTTCG	3	2	66.67
12	C54	GATCCATCTGCAACTTCGTG	TCAAATTAATGGAATCGCGTC	5	5	100.00
13	C58	CCAAGACTGCCAACGAAAGT	CGTTGAGGTTGTCTGAACGA	9	9	100.00
14	C78	GATACATAGATCGCTTCCTTGAA	TCAGTCGAAGAGGAAAGGGA	4	3	75.00
15	C79	CATCTCTCTGCAGTCCGTCA	GGTCGATGAGAGGAAATCA	6	5	83.33
16	C103	TGTTGGCCATATTTCCCAAT	TTGAACACACTTGCCAGAA	3	2	66.67
17	C105	TCTATCCCTCCTCCGGTCTT	TGCAAGAGGAAACTTCAGCA	9	7	77.78
19	C109	GCAAATGGGGGAATGTTTT	AAGACACGAAGACGGTTGCT	7	4	57.14
20	C114	CATCGTTTTGTGCGGTTCT	ACCAATGATCCCTGCTTCTG	5	4	80.00
21	C116	GCCATAAGAAATGCCGTTGT	ATCGTTTTCCCTTCCAGAT	4	2	50.00
22	C119	CAAACATCTGCACTTTTGGC	TCGAGTGGCTTCTGGTCTTC	6	3	50.00
23	C121	AACTTGGCTGAGAGTGTGCAT	ATTGGCTTCTGAAAAACACG	5	5	100.00
24	C122	GAGGCACAAAACAAGGAAA	CGAAGGGAGCTTGATTTCAC	6	5	83.33
25	C123	AGCATAGGAACCTGCGTCTC	TCCAGCTGTAGCTGTTGTGG	5	5	100.00
平均	Mean			6.17	5.25	83.56



M:DNA marker; CK:Gui11; 1~64:自交群体材料田间编号

1~64:Selfing population material number in the field

图 2 自交分离群体部分材料的 SSR 扩增结果 (引物 C24)

Fig. 2 SSR-PCR amplification results of partial materials of cassava selfing population (primer C24)

2.4 “桂木薯 11 号” 自交分离群体分子标记聚类分析

通过数据分析, 构建“桂木薯 11 号”自交分离群体的分子聚类图 (图 3)。聚类结果发现, 在遗传相似系数为 0.59 的水平上, 可以把群体分为两大类, I 类和 II 类, I 类包含 2 份资源, 133 号和 143 号; II 类包含其它所有资源; 在遗传相似系数 0.71 的水平上, 可以把 II 类分为 A、B、C、和 D 四个亚类群, A 亚群包含 79 号、101 号、103 号、116 号、119 号、102 号、110 号、112 号、118 号、106 号、117 号; B 亚群仅包含 44 号和 85 号; C 亚群仅包含 5 号和 62 号; D 亚群包含了亲本 (CK) 在内的 85 份资源。聚类分析结果表明, 自交分离群体资源间基因变异幅度较大, 可以通过 SSR 分子标记技术进行鉴定。

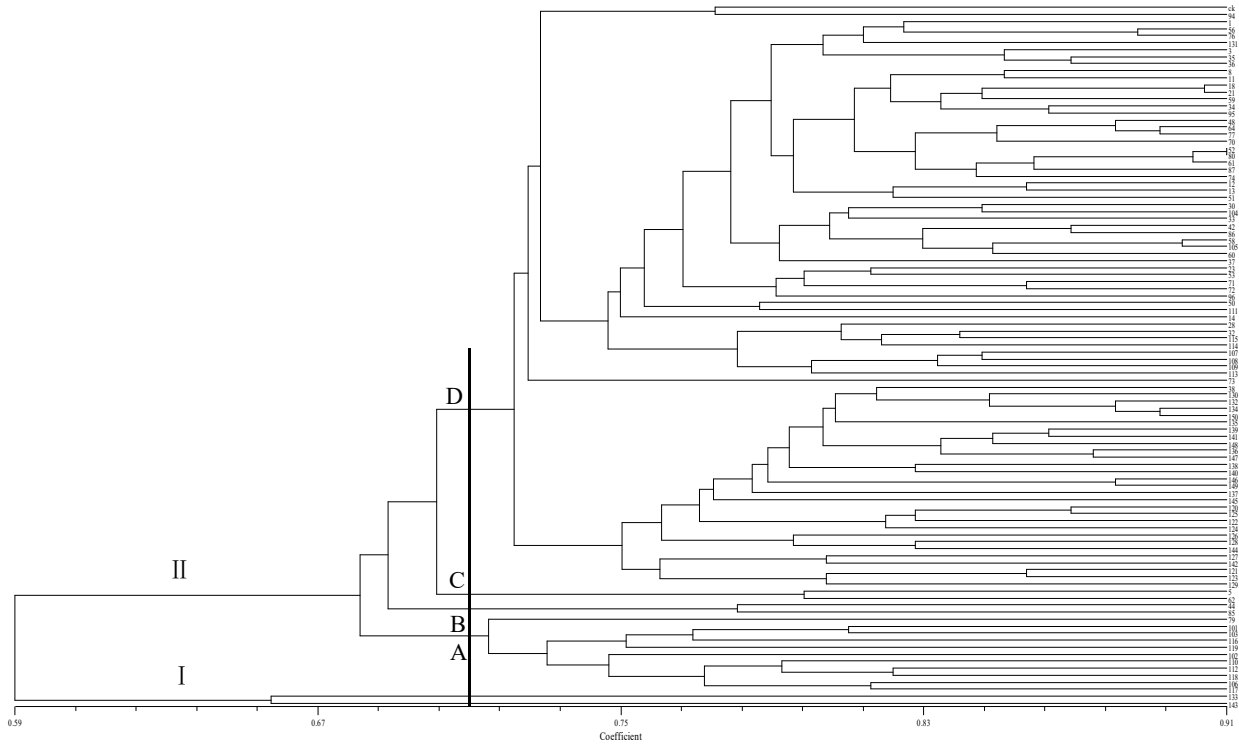


图 3 “桂木薯 11 号” 自交分离群体的 SSR 分子聚类图

Fig. 3 SSR molecular clustering map of cassava ‘Gui 11’ selfing population

3 讨论

遗传多样性主要表现在作物间和品种间表型、生理、分子等方面^[13]。表型鉴定利用了植物外部特征, 将不同种质资源区分开, 直观且操作简便, 罗小婷等^[14]通过 32 个表型性状对 56 份朱砂根种质资源进行多样性和聚类分析, 将其划分为 6 个类群; 谢向誉等^[15]对 31 份国内外引进收集的木薯资源进行分析, 发现其遗传多样性指数范围为 0.14~1.90, 并筛选出 2 份表型和品质优良的食用型种质。但是, 表型鉴定易受到环境及主观因素的

影响^[16-17], 结合分子标记法可更好地反映资源的遗传背景。汤翠凤等^[18]对 376 份稻种资源进行表型性状和 SSR 标记分析, 将分子标记与表型性状相关联, 并筛选出优异资源 36 份; 谢向誉等^[19]对 48 份地方食用木薯种质资源进行表型鉴定与 SSR 分子标记分析, 得出其遗传多样性指数范围为 0.17~1.84, 展现了食用木薯资源遗传多样性的丰富度。

通过自交可以增加种群中性状的分离, 这对于挖掘和研究控制特定性状的关键基因非常有利, 自交群体的构建有助于开发分子标记, 这些标记可以用于辅助育种, 提高选育效率。尚小红等^[20]对建立的木薯“新选 048”自交分离进行了表型和 SSR 标记分析, 同样发现了广泛和大量的性状分离, 24 个差异性性状变异系数 9.94%~157.74%, 遗传多样性指数 0.07~1.91, 群体遗传相似系数 0.40~0.90。基于构建的“新选 048”自交分离群体, 分别开发出了用于鉴定木薯薯肉氢氰酸含量的 SNAP 标记^[21]和鉴定木薯薯肉颜色的 SNAP 分子标记^[22]。对比本研究结果发现, “桂木薯 11 号”自交分离群体较“新选 048”自交分离群体, 发现了更多表型性状差异, 其中叶片边缘光滑度、开花、结实等质量性状变异系数较大, 主要原因是该群体中这部分性状离散程度较大, 仅在少量种质中发生了分离; “桂木薯 11 号”自交分离群体遗传多样性指数范围 0.06~2.09, 范围更广, 群体表型多样性丰富程度更高; 该群体遗传相似系数范围为 0.48~0.91, 群体遗传背景也与“新选 048”自交系存在差异。而群体内各资源与亲本“桂木薯 11 号”品种的遗传相似系数最高的达 0.78, 最低的为 0.59, 表明了该群体资源间的性状分离突破了与亲本差异, 产生了更多新的表型, 也侧面反映了木薯高度杂合的遗传背景。

木薯的高度杂合, 导致自交后一些隐性基因纯合可以使某些性状得以表现^[23], 这有助于在育种过程中更准确地评估和选择具有特定性状的个体。这对于木薯的遗传改良和新品种选育至关重要。在食用木薯选育种工作中, 株型直立或紧凑(分枝部位高、分枝角度小)更适宜密植与田间农事活动, 薯块有薯柄则易于采收且收获的鲜薯更耐贮藏, 薯形圆锥形或圆锥-圆柱形适宜机械采收, 块根表皮粗糙易去皮利于加工环节操作等。在“桂木薯 11 号”自交分离群体中发现了更多株型优良、有薯柄、薯形圆锥形或圆锥-圆柱形, 块根表皮粗糙易去皮, 肉质口感甜的中间材料, 对开发食用木薯重要性状分子标记及筛选食用木薯优异种质有着重要意义。

4 结论

食用木薯品种“桂木薯 11 号”自交分离群体的 99 份资源, 在 43 个性状指标上表现差异。33 个质量性状变异系数范围为 7.14%~994.99%, 结实最高, 叶柄生长方向最低; 遗传多样性指数范围为 0.06~1.59, 分叉级别最高, 叶柄生长方向最低。10 个数量性状变异系数范围为 13.49%~62.30%, 分叉高度最高, 节间距最低; 10 个数量性状遗传多样性指数范围为 1.78~2.09, 裂叶长度最高, 植株高度最低。43 个表型性状共提取了 15 个主成分, 主茎内皮颜色、幼茎颜色、叶脉颜色、顶端叶颜色等 27 个表型性状, 可作为该自交分离群体鉴定的主要指标。采用 SSR 分子标记进行遗传多样性分析, 25 对引物共扩增出 148 条条带, 多态性比例达 83.56%。各资源遗传相似系数范围为 0.48~0.91。与亲本“Gui11”遗传相似系数最高的是 94 号, 为 0.78; 最低的是 143 号, 为 0.59。该品种自交分离群体资源间基因变异幅度较大, 可以通过 SSR 分子标记技术进行鉴定。

参考文献

[1] 严华兵, 叶剑秋, 李开绵. 中国木薯育种研究进展. 中国农学通报, 2015, 31(15): 63-70

- Yan H B, Ye J Q, Li K M. Progress of cassava breeding in china. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2015,31(15):63-70
- [2] 陆柳英,王颖,曹升,尚小红,陈颖慧,肖亮,严华兵. 不同食用木薯品种(系)鲜食加工适宜性研究. 热带作物学报, 2021,42(6):1725-1734
Lu L Y, Wang Y, Cao S, Shang X H, Chen Y H, Xiao L, Yan H B. Fresh tuber processing suitability of different edible cassava cultivars. Chinese Journal of Tropical Crops, 2021,42(6):1725-1734
- [3] 孙明茂,刘丽霞,孙虎,崔迪. 水稻重组自交系群体花色苷及重要农艺性状分析. 作物杂志, 2024,(6):26-38
Sun M M, Liu L X, Sun H, Cui D. Analysis of anthocyanin and important agronomic traits in a population of recombinant inbred lines of rice. Crops, 2024,(6):26-38
- [4] 李冉,韩洁楠,上官小川,周婷芳,张泽,潘越,刘倩倩,杨波,郝转芳,翁建峰,张德贵,雍洪军,周志强,李新海,李明顺. 玉米苗期耐盐性鉴定技术研究及耐盐自交系筛选. 植物遗传资源学报, 2024,25(11):1882-1894
Li R, Han J N, Shanguan X C, Zhou T F, Zhang Z, Pan Y, Liu Q Q, Yang B, Hao Z F, Weng J F, Zhang D G, Yong H J, Zhou Z Q, Li X H, Li M S. Research on salt tolerance identification technique and salt tolerance inbred lines screening of maize seedling. Journal of Plant Genetic Resources, 2024,25(11):1882-1894
- [5] 杨铠玮,周莹莹,杜姣,蒋攀,罗功文,欧立军. 不同辣椒自交系抗疫病能力鉴定与植株功能性状关联分析. 西北植物学报, 2025, DOI:10.7606/j.issn.1000-4025.20240393
Yang K W, Zhou Y Y, Du J, Jiang P, Luo G W, Ou L J. Identification of phytophthora blight resistance of different pepper inbred lines and correlation analysis of plant functional traits. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2025, DOI:10.7606/j.issn.1000-4025.20240393
- [6] 龚颖,包永蓉,霍建宇,张鲁刚,聂姗姗. 72份紫橙色大白菜种质资源多样性分析. 中国蔬菜, 2024,(9):51-60
Gong Y, Bao Y R, Huo J Y, Zhang L G, Nie S S. Diversity analysis of 72 purple-orange chinese cabbage germplasm resources. China Vegetables, 2024,(9):51-60
- [7] 陆柳英, 谢向誉, 严华兵. 秋水仙素诱导木薯多倍体研究进展. 农学学报, 2014,4(1): 44-47
Lu L Y, Xie X Y, Yan H B. The progress of induction of polyploidy in cassava by colchicine. Journal of Agriculture, 2014, 4(1): 44-47
- [8] Kawuki R S, Nuwamanya E, Labuschagne M T, Herselman L, Ferguson M E. Segregation of selected agronomic traits in six SI cassava families. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 2011, 3(8):154-160
- [9] Tadeo K, Vincent K, Yona B, Robert K, Ferguson M. Inbreeding enhances field resistance to cassava brown streak viruses. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 2016, 8(8): 138-149
- [10] Ceballos H, Sánchez T, Denyer K, Tofiño A P, Rosero E A, Dufour D, Smith A, Morante N, Pérez J C, Fahy B. Induction and identification of a small-granule,high-amylose mutant in cassava(*Manihot esculenta* Crantz). Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2008, 56(16): 7215-7222
- [11] Ceballos H, Sánchez T, Morante N, Fregene M, Dufour D, Smith A M, Denyer K, Pérez J C, Calle F, Mestres C. Discovery of an amylose-free starch mutant in cassava(*Manihot esculenta* Crantz). Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2007, 55(18): 7469-7476
- [12] 李荣华,夏岩石,刘顺枝,孙莉丽,郭培国,缪绅裕,陈健辉. 改进的 CTAB 提取植物 DNA 方法. 实验室研究与探索, 2009,28(9):14-16
Li R H, Xia Y S, Liu S Z, Sun L L, Guo P G, Miao S Y, Chen J H. CTAB-improved method of DNA extraction in plant. Research and exploration in laboratory, 2009,28(9):14-16
- [13] 李春辉, 王天宇, 黎裕. 基于地方品种的种质创新: 现状及展望. 植物遗传资源学报, 2019,20(6):1372-1379
Li C H, Wang T Y, Li Y. Germplasm innovation of landraces: current status and future prospect, Journal of Plant Genetic Resources, 2019,20(6):1372-1379
- [14] 罗小婷,刘行发,蔡长福,廖柏林,张盛钟,张森行,蔡邦平. 福建武夷朱砂根种质资源表型性状遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2025,26(2):296-308
Luo X T, Liu H F, Cai C F, Liao B L, Zhang S Z, Zhang S H, Cai B P. Genetic diversity analysis of phenotypic traits in *ardisia crenata* germplasm resources in wuping, fujian. Journal of Plant Genetic Resources, 2025,26(2):296-308
- [15] 谢向誉,陆柳英,曾文丹,赖大欣,严华兵. 31份木薯种质资源的鉴定评价及遗传多样性分析. 南方农业学报, 2017,48(3):393-400
Xie X Y, Lu L Y, Zeng W D, Lai D X, Yan H B. Identification, evaluation and genetic diversity analysis of 31 cassava germplasm resources. Journal of Southern Agriculture, 2017,48(3):393-400
- [16] Mahato A, Shahi J, Singh P, Kumar M. Genetic diversity of sweet corn inbreds using agro-morphological traits and microsatellite markers. 3 Biotech, 2018,8:332
- [17] Malav P, Pandey A, Bhatt K, Krishnan S, Bisht I. Morphological variability in holy basil(*Ocimum tenuiflorum* L.) from India. Genetic Resources and Crop Evolution, 2015,62:1245-1256
- [18] 汤翠凤,阿新祥,董超,张斐斐,杨雅云,杨红梅,戴陆园,苏振喜. 云南边境地区稻种资源的 SSR 标记遗传多样性及其主要农艺性状关联性分析. 作物杂志, 2024, <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.S.20241129.1550.002.html>
Tang C F, A X X, Dong C, Zhang F F, Yang Y Y, Yang H M, Dai L Y, Su Z X. Analysis of genetic diversity by SSR markers and correlation of main agronomic traits of rice germplasm resources in border areas of yunnan. Crops, 2024, <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.S.20241129.1550.002.html>
- [19] 谢向誉,尚小红,严华兵,曹升,王颖,肖亮,陆柳英,曾文丹. 广西地方食用木薯种质资源遗传多样性分析. 核农学报, 2020,34(11):2397-2406
Xie X Y, Shang X H, Yan H B, Cao S, Wang Y, Xiao L, Lu L Y, Zeng W D. Genetic diversity analysis of edible cassava landraces in guangxi. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2020,34(11):2397-2406
- [20] 尚小红,谢向誉,曹升,严华兵,肖亮,王颖,曾文丹,陆柳英,陈会鲜. 木薯‘新选 048’自交系群体表型鉴定评价及遗传多样性分析. 植物生理学报,

2019,55(9):1277-1290

Shang X H, Xie X Y, Cao S, Yan H B, Xiao L, Wang Y, Zeng W D, Lu L Y, Chen H X. Phenotypic identification and genetic diversity of cassava cultivar 'Xinxuan 048' inbred lines. *Plant Physiology Journal*, 2019,55(9):1277-1290

[21] 肖亮,陈新,尚小红,严华兵,曾文丹,曹升,陆柳英,赖大欣. 用于鉴定木薯薯肉氢氰酸含量的 SNAP 引物组及应用. 2024-01-26, 中国, 专利号 ZL 2021 1 0912693.1

Xiao L, Chen X, Shang X H, Yan H B, Zeng W D, Cao S, Lu L Y, Lai D X. The SNAP primer set for identifying the content of hydrocyanic acid in cassava flesh and its application. 2024-01-26, China, Patent number ZL 2021 1 0912693.1

[22] 尚小红,严华兵,陈新,肖亮,朴朴森,曹升,谢向誉,王颖,曾文丹,陆柳英,赖大欣. 一种鉴定木薯薯肉颜色的 SNAP 分子标记方法. 2020-11-13, 中国, 专利号 ZL201911201895.4

Shang X H, Yan H B, Chen X, Xiao L, Pu P S, Cao S, Xie X Y, Wang Y, Zeng W D, Lu L Y, Lai D X. A SNAP molecular marker method for identifying the flesh color of cassava. 2020-11-13, China, Patent number ZL 2021 1 0912693.1

[23] 肖亮,吴正丹,陆柳英,施平丽,尚小红,曹升,曾文丹,严华兵. 木薯重要性状基因的研究进展. *生物技术通报*, 2023,39(6):31-48

Xiao L, Wu Z D, Lu L Y, Shi P L, Shang X H, Cao S, Zeng W D, Yan H B. Research progress of important traits genes in cassava. *Biotechnology Bulletin*, 2023,39(6):31-48