

# 基于 SRAP 标记的甘薯遗传多样性与起源演化分析

刘中华, 林志坚, 李华伟, 许泳清, 李国良, 邱永祥, 邱思鑫, 汤浩

(福建省农业科学院作物研究所/农业部南方薯类科学观测试验站, 福州 350013)

**摘要:**以包含甘薯近缘野生种、地方品种和育成品种的 129 份种质为供试材料,采用 SRAP 分子标记对其进行遗传多样性分析,同时用 MEGA 软件结合 DPS 软件绘制甘薯及其近缘种进化树。结果表明:(1)基于 SRAP 标记的 124 份甘薯栽培种平均遗传距离为 0.1848,5 份野生种平均遗传距离为 0.4822,野生种与栽培种之间的遗传距离平均为 0.4135。(2)当遗传距离为 0.31 时,可以把近缘野生种和栽培品种完全区分开。124 份栽培种可以在遗传距离为 0.21 处划分为 8 个类别。(3)在基于 SRAP 标记绘制的进化树上,129 份甘薯及其近缘种种质按演化顺序分为 3 部分,分别为处于进化树最底端的由 5 个近缘野生种组成的第 I 部分、处于进化树中部的由 6 个育成品种和 1 个地方品种组成的第 II 部分,以及进化树上部由 117 份地方品种和育成品种组成的第 III 部分。(4)从进化时间来看,近缘野生种平均进化时间最长,地方品种次之,育成品种最短,与理论预期一致,同时菲律宾引入的品种与我国福建地方品种进化时间一致,验证了甘薯经由菲律宾引入我国福建地区这一传播途径。SRAP 标记可以有效的运用于甘薯遗传多样性及其起源与演化分析。

**关键词:**SRAP;甘薯;遗传多样性;起源;演化

## The Genetic Diversity, Origin and Evolution of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) Revealed by SRAP Markers

LIU Zhong-hua, LIN Zhi-jian, LI Hua-wei, XU Yong-qing, LI Guo-liang,

QIU Yong-xiang, QIU Si-xin, TANG Hao

(Crops Research Institute, Fujian Academy of Agriculture Sciences/Scientific Observing and Experimental Station of Tuber and Root Crops in South China, Ministry of Agriculture, Fuzhou 350013)

**Abstract:**The objective of this study is to make the genetic analysis and origin of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) by using sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers. 129 sweet potato accessions including wild relatives, landraces and cultivars were used. The phylogenetic trees of sweet potato and its wild relatives were constructed by MEGA and DPS softwares, and the genetic distance of sweet potato accession was calculated. The results showed that: (1) the average genetic distance of 124 cultivars and 5 wild relatives was 0.1848 and 0.4822, respectively. (2) The wild relatives were separated from cultivars at the level of  $L1 = 0.31$ , and 124 cultivars were classified into 8 different groups at the level of  $L2 = 0.21$ . (3) 129 sweet potato accessions were placed into 3 groups (I, II and III) on the SRAP phylogenetic tree. Group I included 5 wild relatives, and group II contained 1 landrace and 6 cultivars. There were 117 cultivars and landraces in the group III. (4) Being consistent with previous publication, the divergence time of the wild relatives was the longest, followed by local accessions, whereas cultivars were the shortest. Moreover, the divergence time of Fujian landraces and the cultivars from Philippines was same, indicating the evolution pathway of sweet potato from The Philippines to Fujian province of China is believable. In conclusion, SRAP is a useful method for detecting the genetic diversity and origin of sweet potato germplasm.

**Key words:**SRAP; sweet potato; genetic diversity; origin; evolution

收稿日期:2017-10-12 修回日期:2017-11-04 网络出版日期:2017-11-27

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.s.20171127.0909.002.html>

基金项目:福建省科技计划项目(2015R1026-12);国家现代农业产业技术体系(CARS-10-B14);福建省种业创新与产业化工程(fjzycxny2017005)

第一作者主要从事薯类作物遗传育种研究。E-mail:lh18620@163.com

通信作者:汤浩,主要从事薯类作物遗传育种及栽培研究。E-mail:tanghao918@sohu.com

甘薯(*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) 是世界上重要的粮食、饲料、工业原料及新型能源用块根作物,中国是世界上最大的甘薯生产国,2006–2010 年中国种植甘薯面积平均为  $3.67 \times 10^6 \text{ hm}^2$ , 占世界甘薯种植面积的 45.1%, 年均产量约  $7.8048 \times 10^7 \text{ t}$ , 占世界甘薯总产量的 75.3%<sup>[1]</sup>。甘薯传入中国已有 400 多年的历史,形形色色的地方品种层出不穷,这些地方农家品种都是自然选择或人工系统选育的结果<sup>[2]</sup>。1990 年前育成品种中约 94% 具有胜利百号和南瑞苕的血缘<sup>[3]</sup>, 品种遗传基础非常狭窄,不利于品种杂种优势的利用和具有突破性品种的选育。作物种质资源遗传多样性研究是作物育种研究的重要内容,决定了种质在今后育种实践中的有效利用<sup>[4]</sup>。因此开展甘薯种质资源遗传多样性研究,明确不同类型甘薯品种的亲缘关系对甘薯育种有着十分重要的意义。

甘薯起源于中南美洲,16 世纪中后期由广东、福建、云南等省经水、陆多渠道引入国内,后逐步向长江、黄河流域及台湾等地传播推广,直至北方<sup>[5]</sup>。但是至今尚未见通过分子标记技术对这一途径进行验证的报道,甘薯起源与演化方面的研究也尚未见

报道。分析甘薯遗传多样性,了解其演化过程对于收集甘薯种质资源、制订品种改良策略和亲本选择具有重要意义。近年来分子标记技术快速发展,在作物起源与演化研究上得到了广泛应用。国内外学者采用 RAPD、ISSR、AFLP、SRAP 和 SSR 等方法分析了水稻、大豆、花生、白菜型油菜、红黄麻等的起源与演化,为研究作物的起源与演化提供了科学的方法和依据<sup>[6-13]</sup>。本研究拟采用 SRAP 标记方法,应用 MEGA 软件结合 DPS 软件,计算 129 份甘薯及其野生种种质资源的进化时间,并绘制进化树,以期对甘薯的起源与演化提供分子生物学证据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料为包括育成品种、地方品种和二倍体近缘野生种在内的甘薯及其野生种种质共 129 份,分别来自中国、美国、菲律宾、日本、巴西、尼日利亚、澳大利亚、巴拉圭、委内瑞拉、秘鲁和多米尼加等国(表 1),种植于福建省农业科学院作物研究所苗圃内,取苗期顶端新鲜叶片,提取 DNA 备用。

表 1 供试甘薯材料信息

Table 1 Information of sweet potato germplasm in the study

编号 Code	品种名称 Name	类型 Type	来源 Origin	编号 Code	品种名称 Name	类型 Type	来源 Origin
1	新种花	地方品种	中国福建	66	丰收白	育成品种	中国江苏
2	金山 57	育成品种	中国福建	67	灌阳红薯	地方品种	中国广西
3	湘薯 75-55	育成品种	中国湖南	68	黄皮薯	地方品种	中国广西
4	广 87	育成品种	中国广东	69	徐 28	育成品种	中国江苏
5	福菜薯 18 号	育成品种	中国福建	70	广薯 155	育成品种	中国广东
6	瑞薯 1 号	育成品种	中国浙江	71	潮薯 1 号	育成品种	中国广东
7	豫薯 8 号	育成品种	中国河南	72	胜利百号	育成品种	日本
8	泉薯 16	育成品种	中国福建	73	东兴红姑娘	地方品种	中国广西
9	济薯 5 号	育成品种	中国山东	74	黄皮 9 号	育成品种	中国浙江
10	红姑娘	地方品种	中国广西	75	满村香	地方品种	中国广西
11	徐薯 25	育成品种	中国江苏	76	广薯 79	育成品种	中国广东
12	黄皮红心薯	地方品种	中国江西	77	桂薯 56	育成品种	中国广西
13	黄金薯	育成品种	日本	78	万紫 56	育成品种	中国重庆
14	绵粉 1 号	育成品种	中国四川	79	南薯 99	育成品种	中国四川
15	岩薯 15	育成品种	中国福建	80	苏薯 8 号	育成品种	中国江苏
16	济农 83	育成品种	中国山东	81	泉薯 17	育成品种	中国福建
17	乌骨仔	地方品种	中国福建	82	苦瓜老	地方品种	中国福建
18	皖苏 31	育成品种	中国安徽	83	商薯 19	育成品种	中国河南
19	一窝红	育成品种	中国江苏	84	广紫薯 8 号	育成品种	中国广东
20	南薯 88	育成品种	中国四川	85	白薯	地方品种	中国福建
21	北京 553	育成品种	中国北京	86	菜纤薯	地方品种	中国福建

表 1(续)

编号 Code	品种名称 Name	类型 Type	来源 Origin	编号 Code	品种名称 Name	类型 Type	来源 Origin
22	南瑞苕	地方品种	美国	87	福宁紫 3 号	育成品种	中国福建
23	昇平	地方品种	中国广东	88	热薯 1 号	育成品种	中国海南
24	抗旱种	育成品种	中国广东	89	龙薯 24	育成品种	中国福建
25	红皮薯	育成品种	中国四川	90	徐紫薯 2 号	育成品种	中国江苏
26	龙薯 22	育成品种	中国福建	91	龙薯 14 号	育成品种	中国福建
27	岩高糖	育成品种	中国福建	92	金薯 2 号	育成品种	中国福建
28	莆薯 17	育成品种	中国福建	93	岩齿红	育成品种	中国福建
29	西蒙 1 号	育成品种	巴西	94	龙紫 3 号	育成品种	中国福建
30	湛薯 118	育成品种	中国广东	95	桂粉 3 号	育成品种	中国广西
31	绵薯 5 号	育成品种	中国四川	96	福宁紫 2 号	育成品种	中国福建
32	鸡爪薯	地方品种	中国广东	97	普薯 34	育成品种	中国广东
33	胜南	育成品种	中国四川	98	龙薯 3 号	育成品种	中国福建
34	乌骨企龙	地方品种	中国广东	99	粉 1	育成品种	中国广西
35	禺白红	地方品种	中国福建	100	福薯 2 号	育成品种	中国福建
36	川山紫	育成品种	日本	101	金山 630	育成品种	中国福建
37	宁紫薯 1 号	育成品种	中国江苏	102	徐紫薯 3 号	育成品种	中国江苏
38	维多丽	育成品种	中国河北	103	徐薯 18	育成品种	中国江苏
39	浦农菜	地方品种	中国福建	104	徐紫 2001	育成品种	中国江苏
40	大南伏	育成品种	中国福建	105	徐 78-1	育成品种	秘鲁
41	岩薯 6 号	育成品种	中国福建	106	深圳引紫薯	地方品种	中国广东
42	广菜 1 号	育成品种	中国广东	107	川菜薯 211	育成品种	中国四川
43	徐薯 20	育成品种	中国江苏	108	木 3	育成品种	中国广东
44	小红 70 日	地方品种	中国福建	109	福薯 10 号	育成品种	中国福建
45	武平农家种	地方品种	中国福建	110	宁菜薯 2 号	育成品种	中国江苏
46	济薯 18	育成品种	中国山东	111	泉薯 10 号	育成品种	中国福建
47	龙薯 9 号	育成品种	中国福建	112	Kccane	育成品种	菲律宾
48	岩薯 5 号	育成品种	中国福建	113	DaJa	育成品种	菲律宾
49	桂薯 63	育成品种	中国广西	114	TIB10	育成品种	尼日利亚
50	九里香	地方品种	中国广东	115	浙薯 2 号	育成品种	中国浙江
51	伟祥 1 号	育成品种	中国山东	116	蓬薯 7 号	育成品种	中国广东
52	湘农黄皮	育成品种	中国湖南	117	日本 566	育成品种	日本
53	糯米薯	地方品种	中国湖北	118	台农 71	育成品种	中国台湾
54	六十月薯	地方品种	中国福建	119	广 205	育成品种	中国广东
55	四季红	地方品种	中国广东	120	晋薯 7 号	育成品种	中国山西
56	福宁紫 1 号	育成品种	中国福建	121	小日本	育成品种	日本
57	白姑娘	地方品种	中国广西	122	recano	育成品种	美国
58	日本紫美	育成品种	日本	123	杭香 1 号	育成品种	中国浙江
59	南灰 3 号	育成品种	中国四川	124	台农 63	育成品种	菲律宾
60	丁香薯	地方品种	中国广东	125	<i>I. nil</i> (L.) Roth	野生种(2x)	巴拉圭
61	鸡蛋黄	地方品种	中国湖南	126	<i>I. setosa</i> Ker - Gawl.	野生种(2x)	巴西
62	姑娘薯	地方品种	中国广东	127	<i>I. quamoclit</i> L.	野生种(2x)	澳大利亚
63	烟薯 11	育成品种	中国山东	128	<i>I. trifida</i> (Kunth) G. Don	野生种(2x)	委内瑞拉
64	烟薯 25	育成品种	中国山东	129	<i>I. triloba</i> L.	野生种(2x)	多米尼加
65	苏薯 5 号	育成品种	中国江苏				

## 1.2 试验方法

**1.2.1 甘薯基因组 DNA 的提取** 甘薯基因组 DNA 提取参照李强等<sup>[14]</sup>的方法。

**1.2.2 甘薯 SRAP 反应体系的建立与优化** SRAP 反应体系的总体积为 20  $\mu\text{L}$ , 其中上、下游引物各 1  $\mu\text{L}$ , 模板 DNA 1.5  $\mu\text{L}$ 、酶 10  $\mu\text{L}$ 、 $\text{ddH}_2\text{O}$  6.5  $\mu\text{L}$ 。SRAP 标记反应程序参照李爱贤等<sup>[15]</sup>的方法, 并根据不同引物加以优化, 最终的反应程序为: 94  $^\circ\text{C}$  5 min, 94  $^\circ\text{C}$  1 min, 35  $^\circ\text{C}$  1 min, 72  $^\circ\text{C}$  1 min, 5 个循环; 94  $^\circ\text{C}$  1 min, 55  $^\circ\text{C}$  1 min, 72  $^\circ\text{C}$  10 min, 35 个循环, 4  $^\circ\text{C}$  保存。PCR 产物经 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离检测。

**1.2.3 数据分析** 应用 DPS 统计软件, 按照扩增条带的有无计数, 当某一扩增带出现时赋值为 1, 不存在时赋值为 0, 从而把图形资料转换成数据资料。参照 M. Nei 等<sup>[16]</sup>的方法求得品种  $i$  和  $j$  之间的遗传距离 (GD, genetic distance):

$$\text{GD} = -\ln[2N_{ij} / (N_i + N_j)]$$

式中,  $N_i$  表示品种  $i$  的条带数目,  $N_j$  表示品种  $j$  的条带数目,  $N_{ij}$  表示品种  $i$  和  $j$  共有的条带数目, 然后用平均聚类法 (UPGMA) 对其进行聚类分析。

应用 MEGA 软件, 对数据进行处理之后, 对 129 份材料构建进化树。进化时间的计算和进化树的绘制参照文献<sup>[17]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 SRAP 标记引物筛选及扩增结果

用 12 条上游引物和 23 条下游引物 (表 2) 组成的 276 对 SRAP 引物组合对其中的 8 份材料 (①新种花、②金山 57、③广薯 87、④湘薯 75-55、⑤福菜薯 18 号、⑥南瑞苕、⑦苦瓜老、⑧武平农家种) 的基因组 DNA 进行扩增 (图 1), 共有 68 对引物组合能够扩增出多态性条带, 占所用引物组合的 24.6%。选择其中多态性理想的 23 对引物对甘薯基因组 DNA 进行扩增, 共扩增出条带 344 条, 平均每对引物扩增出 14.96 条条带, 其中引物组合 23F23R 扩增出 23 条条带 (图 2), 多态性条带比率达 100%。

### 2.2 甘薯种质资源遗传多样性分析

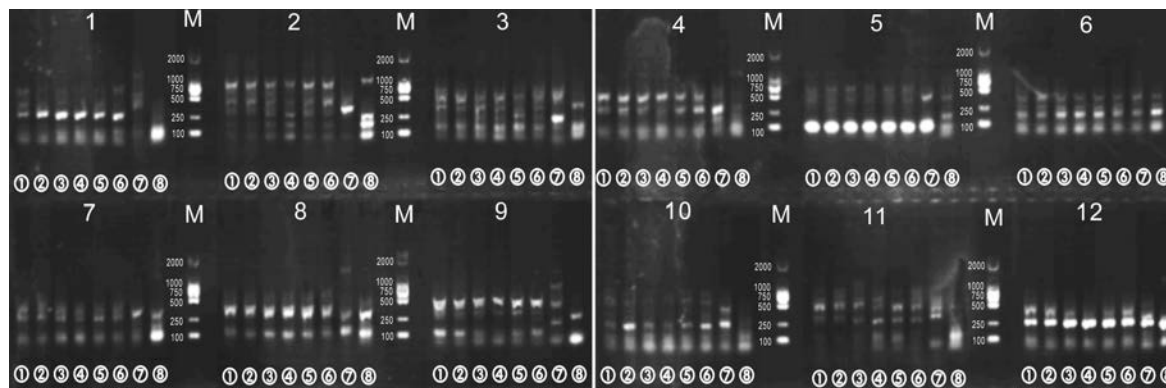
基于 SRAP 标记的 124 份甘薯栽培种平均遗传距离为 0.1848, 5 份野生种平均遗传距离为 0.4822。由图 3 可以看出, 在遗传距离 0.31 处 5 份野生种与 124 份栽培种能完全区分为 2 个不同的类群; 5 份野生种被划分为 4 个类群: 来自澳大利亚的二倍体材

表 2 SRAP 分析所用的引物

Table 2 The SRAP primers used in this study

引物 Primer	序号 Serial No.	序列 (5' - 3') Sequence (5' - 3')
上游引物 Up-stream primer	a1	TGAGTCCAAACCGGCAG
	a2	TGAGTCCAAACCGGTAA
	a3	TGAGTCCAAACCGGTTT
	a4	TGAGTCCAAACCGGTTG
	a5	TGAGTCCAAACCGGAGT
	a6	TGAGTCCAAACCGGTTT
	a7	TGAGTCCAAACCGGTCT
	a8	TGAGTCCAAACCGGAGG
	a9	TGAGTCCAAACCGGAGC
	a10	TGAGTCCAAACCGGCAC
	a11	TGAGTCCAAACCGGACC
	a12	TGAGTCCAAACCGGATT
下游引物 Down-stream primer	b1	GACTGCGTACGAATTACA
	b2	GACTGCGTACGAATTCTT
	b3	GACTGCGTACGAATTACAG
	b4	GACTGCGTACGAATTACC
	b5	GACTGCGTACGAATTATC
	b6	GACTGCGTACGAATTGAA
	b7	GACTGCGTACGAATTAAG
	b8	GACTGCGTACGAATTACA
	b9	GACTGCGTACGAATTCTA
	b10	GACTGCGTACGAATTACAC
	b11	GACTGCGTACGAATTGAT
b12	GACTGCGTACGAATTATA	
b13	GACTGCGTACGAATTCTC	
b14	GACTGCGTACGAATTGAA	
b15	GACTGCGTACGAATTCAA	
b16	GACTGCGTACGAATTCTA	
b17	GACTGCGTACGAATTGCA	
b18	GACTGCGTACGAATTCTG	
b19	GACTGCGTACGAATTCCG	
b20	GACTGCGTACGAATTGAG	
b21	GACTGCGTACGAATTCCC	
b22	GACTGCGTACGAATTGCG	
b23	GACTGCGTACGAATTCTT	

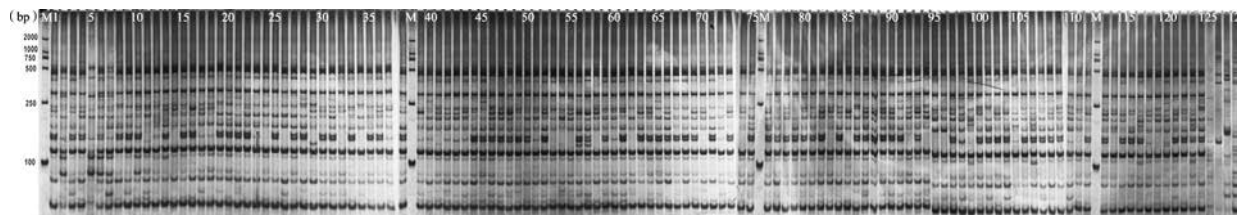
料 *I. quamoclit* L. 单独归为 1 个类群; 来自委内瑞拉的二倍体材料 *I. trifida* (Kunth) G. Don 和来自多米尼加的二倍体材料 *I. triloba* L. 归为 1 个小类; 来自巴西的二倍体材料 *I. setosa* Ker Gawl. 和来自巴拉圭的二倍体材料 *I. nil* (L.) Roth 分别归为 1 个类群。124 份包含育成品种和地方品种的甘薯栽培种在遗传距离为 0.20 时可以划分为 8 个类群, 其中地方品种新种花单独组成类群 I; 金山 57、瑞薯 1 号、



1 ~ 12 表示不同引物组合;①~⑧:8 个不同品种 DNA 模板;M:Marker  
1 - 12; Different SRAP primers, ① - ⑧; DNA of 8 sweet potato varieties, M: Marker

图 1 SRAP 标记引物筛选

Fig. 1 The identification of polymorphic SRAP markers



1 ~ 129 表示不同甘薯材料;M:Marker  
1 - 129; 129 sweet potato germplasm, M: Marker

图 2 引物组合 23F23R 的扩增结果

Fig. 2 The PCR amplification using the primer pair 23F23R

豫薯 8 号、福菜薯 18 号等 4 个育成品种组成类群 II; 湘薯 75-55、川山紫、TIB10、DaJa 等 112 份栽培种组成类群 III, 包含 23 个地方品种和 89 个育成品种; 地方品种东兴红姑娘单独为 1 个类群 IV; 地方品种红姑娘和育成品种维多丽组成类群 V; 育成品种南薯 88 和地方品种鸡爪薯各自成为类群 VI 和 VII; 广紫薯 8 号和宁菜薯 2 号 2 个育成品种组成类群 VIII。

124 份栽培种中第 I 类的新种花自然条件下极难开花, 难以有效地与其他品种进行传粉、结实形成后代, 所以使得其单独聚为一类, 与其他品种的遗传距离较远; 第 II 类中的瑞薯 1 号与豫薯 8 号距离最近, 这两个品种的母本均为广东地方种蓬尾; 第 III 类包含的品种数量最多, 组成最为复杂, 大部分品种也是按照亲缘关系聚在一起, 与育种实际较为一致。同时也发现, 有少数品种聚类结果与预期不同, 如第 II 类中的福菜薯 18 号与第 VIII 类的宁菜薯 2 号虽然含有共同亲本泉薯 830, 但是由于宁菜薯是以泉薯 830 放任授粉育成, 其父本组成相对复杂, 所以二者的遗传距离较远。第 V 类中维多丽的母本冀薯 4 号是由鸡蛋黄和美国品

种宝石杂交育成, 其与第 III 类中的鸡蛋黄虽然没有聚在一起, 但是其遗传距离也仅有 0.18 左右, 距离十分近。第 VI 类南薯 88 的亲本为晋专 7 号与美国红, 其与第 III 类中的日本 566 和台农 71 的遗传距离在 0.175 左右, 我国台湾地区和日本的品种有一部分从菲律宾或者美国引进, 亲本来源相近, 造成遗传距离很小。单独成为独立类群的 2 个地方种东兴红姑娘 (IV) 和鸡爪薯 (VII), 推测可能是历史上引进的其他品种。第 VIII 类的广紫薯 8 号和宁菜薯 2 号看似类别不同但却聚在一起, 原因可能是宁菜薯 2 号由泉薯 830 放任授粉选育而成, 其父本成分中极有可能包含广紫薯 8 号的亲本成分, 同时宁菜薯 2 号母本泉薯 830 的母本为漳州农科所育成品种龙 34, 漳州地区与广东地缘相近, 品种间可能有一定的亲缘关系。由图 3 还可以看出, 菲律宾引入的 2 个育成品种与我国的某些地方品种和育成品种遗传距离很近, 例如中国福建地方品种六十日薯 (54) 与菲律宾引进的品种 Kccane (112) 遗传距离仅为 0.082, 这也充分验证了甘薯经由菲律宾引入我国福建这一途径的真实性。

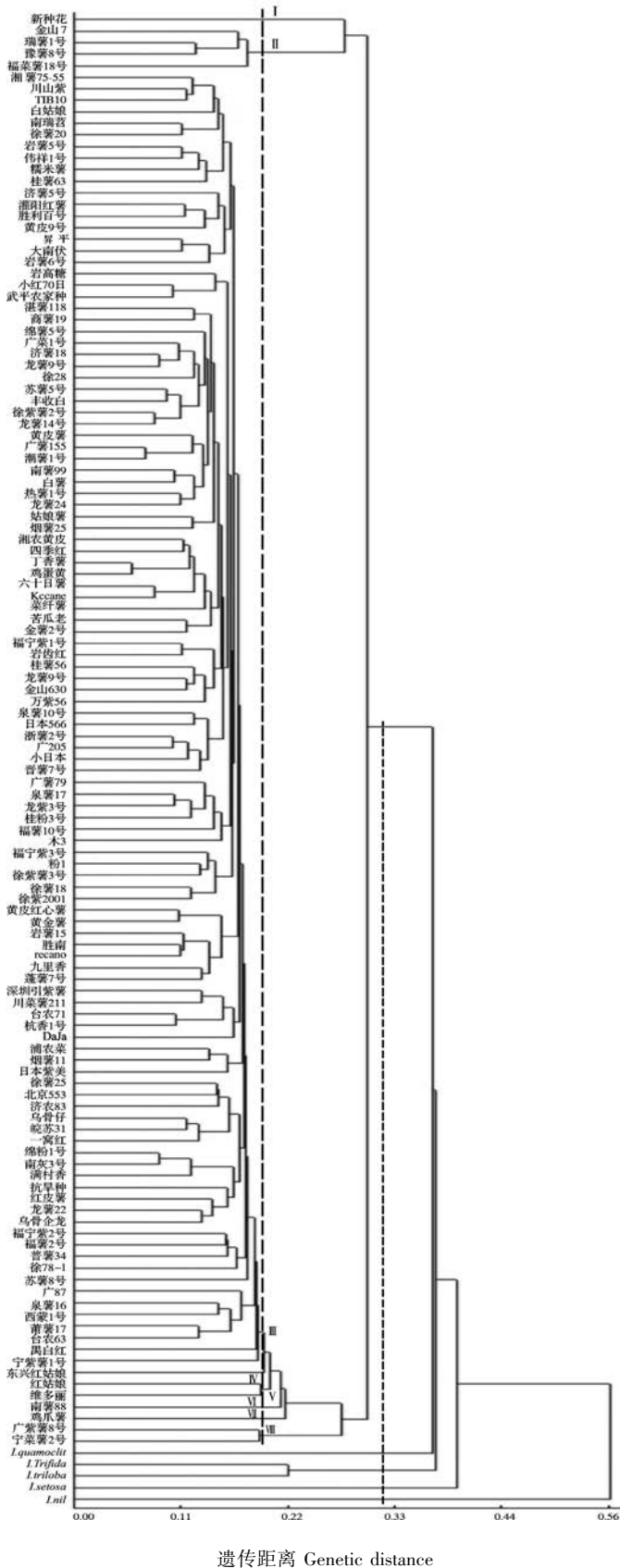


图3 基于 SRAP 数据的 129 份甘薯种质的聚类图  
 Fig. 3 UPGMA dendrogram of 129 germplasm potato germplasm based on SRAP

### 2.3 基于 SRAP 方法构建进化树的分析

根据 SRAP 数据构建甘薯进化树(图 4), 可将供试甘薯资源分为 3 部分, 分别为 5 个近缘野生种组成的第 I 部分, 处于进化树的最底端; 6 个育成品种和 1 个地方品种组成的第 II 部分, 处于进化树的中部位置; 以及由 117 个包含地方品种和育成品种的栽培种组成的第 III 部分, 处于进化树的最顶端。从图 4 可知, 129 份供试甘薯及其近缘野生种种质大致按演化顺序被区别开来, 进化分支长短各异, 进化时间的不同较好地体现在进化树上, 其起源早晚和演化趋势可以较明确、清晰地展现出来。其中第 I 部分的 *I. nil* (L.) Roth (编号为 125, 下同) 是来自巴拉圭的普通牵牛, 其起源最早, *I. setosa* Ker Gawl. (126) 是来自巴西的巴西牵牛, 起源也较早, 另外来自多米尼加、委内瑞拉和澳大利亚的 *I. triloba* L. (129)、*I. trifida* (Kunth) G. Don (128) 和 *I. quamoclit* L. (127) 起源时间相对较晚, 它们与同为栽培种的第 II 部分和第 III 部分起源时间相对较近, 这一结果也与 R. L. Jarret 等<sup>[18]</sup>的研究一致。R. L. Jarret 等利用 RAPD 标记就曾提出 *I. trifida* (Kunth) G. Don 是与栽培种六倍体甘薯 *I. batatas* 亲缘关系最近的野生种资源, *I. trifida* (Kunth) G. Don 可能为栽培种薯的祖先种。第 II 部分中的 6 个育成品种, 其有一个共同特点就是亲本是比较老的地方种或引进种, 其中豫薯 8 号、瑞薯 1 号拥有共同亲本地方种蓬尾, 蓬尾是广东比较早期的一个地方品种; 金山 57、福菜薯 18 号的遗传背景中均具有南瑞茗和胜利百号的血缘, 而南瑞茗和胜利百号也是我国早期引入的甘薯品种, 年代久远。而宁菜薯 2 号和广紫薯 8 号的亲本含有较多南方品种的背景, 我国南方是甘薯引入的重要地点, 南方品种起源较早, 导致这 2 个品种也处于进化树的较底端。新种花是广东饶平的地方品种“老新种”的变异株, 属于地方品种, 也是第 II 部分中的唯一一个地方品种。

包含 117 个品种的第 III 部分又可以分为 3 个部分, 其中第 i 部分由鸡爪薯、南薯 88、维多丽等 12 个栽培种组成, 这其中包含 4 个地方品种和 8 个育成品种, 除南薯 88 和宁紫薯 1 号为四川和江苏品种之外, 其余 10 个国内品种均为广东、福建、广西的品种, 说明我国南方的甘薯品种在进化上处于较早时期。第 ii 部分由福薯 2 号、普薯 34、南瑞茗、胜利百号等 76 个品种组成, 包含 15 个地方品种和 61 个育成品种, 育成品种几乎全部为南方



育成品种大都为新育成或年代较近的品种,它们按照一定的进化时间又可以分为多个类别,每个类别中既有地方品种又有育成品种。另外 7 个品种(包含 1 个地方品种和 6 个育成品种)的进化时间介于 117 份栽培种和 5 份野生种之间,这应该与它们本身或其亲本的遗传背景有关。例如瑞薯 1 号和豫薯 8 号拥有共同的亲本蓬尾,这是一个比较古老的广东地方品种;而金山 57 和福菜薯 18 号血统中含有南瑞苕、胜利百号、吉田等,同时福菜薯 18 号还含有福建地方品种小五齿的血缘。地方品种虽然平均进化时间长于育成品种,但是其最短时间却比育成品种短,造成这一结果的主要原因可能是有些收集时间较短的“地方品种”是某些育成品种经种植户引种后没有定名,后再次被科研单位收集后当做地方品种,也充分说明了我国甘薯资源收集来源复杂、混乱的现状。菲律宾、日本、美国的栽培种与我国栽培种进化时间差异不大,其中菲律宾引进种 Kccane 与我国福建地方品种六十日薯进化时间相同,均为 0.041,且澳大利亚的野生种与研究所用的栽培种甘薯进化时间最近,这说明甘薯通过太平洋传入澳洲进而传入东南亚后引入我国的传播途径是经得起分子验证的。个别中国地方品种如红姑娘、东兴红姑娘、鸡爪薯等进化时间比大部分日本、美国和菲律宾的引入品种进化时间更长,说明中国大陆也是甘薯次生传播中心之一。

表 3 各类型甘薯资源进化时间表

Table 3 Divergence time of sweet potato germplasm

甘薯资源类型 Categories of sweet potato germplasm	平均进化时间 Average divergence time	最短时间 Min. time	最长时间 Max. time
地方品种	0.066	0.03	0.14
育成品种	0.062	0.04	0.11
野生品种	0.210	0.19	0.28

### 3 讨论

#### 3.1 SRAP 方法分析甘薯遗传多样性

SRAP 标记技术是由 G. Li 等<sup>[19]</sup>研究提出的,与其他分子标记技术相比,SRAP 技术具有简便、稳定、产率高、共显性高、便于克隆目标片段以及在基因组中分布均匀等特点,已被应用于多种植物的图谱构建、基因标记与定位和遗传多样性分析<sup>[13,15]</sup>。在我国甘薯育种实践中,一直存在着主

要育成品种的遗传相似程度较高,遗传背景差异较小,遗传基础狭窄<sup>[20]</sup>等问题,给甘薯育种工作带来极大困难。目前全国甘薯品种的遗传组成主要以南瑞苕和胜利百号为主,现推广品种中 94% 含有南瑞苕和胜利百号的血缘<sup>[21]</sup>。因此运用 SRAP 标记开展甘薯遗传背景分析,对掌握现有甘薯材料的亲缘关系,开展甘薯高效杂交育种具有重要意义。本研究中对 124 份栽培种和 5 份野生种材料进行了遗传多样性分析,结果表明 124 份栽培种其遗传距离最大为 0.457,最小为 0.059,地方品种与育成品种之间的距离较远,育成品种之间距离较近,充分说明我国甘薯育成品种间遗传基础狭窄,与贺学勤等<sup>[22]</sup>、李强等<sup>[20]</sup>的研究结果一致。另外通过本研究也发现一些地方品种虽然名称相近,但遗传距离相对较远,如红姑娘(10)与东兴红姑娘(73)两者遗传距离为 0.207,在实际生产中也发现了这种现象,很多地方把表型特征特性相近的品种统称为一个名称,这也是造成目前甘薯地方品种名称比较混乱、不利于地方品种作为亲本开展杂交制种的原因之一。129 份甘薯及其野生种材料遗传距离最大的存在于野生种 *I. nil* (L.) Roth (125) 与育成品种龙薯 22 (26) 之间,达 0.629,充分表明甘薯野生种与栽培种之间存在着巨大差异。前人研究表明,SRAP 技术在生态型进化史上比 AFLP 更具有有一致性,在对育种目标性状的评价方面明显优于 RAPD 标记,有较高的多态性标记比率,是评价遗传多样性、品种鉴定和系统发生的有效工具<sup>[23]</sup>。SRAP 标记能够较好的开展甘薯遗传多样性分析,对育种工作具有一定的指导意义。

#### 3.2 SRAP 标记构建甘薯进化树探讨甘薯起源与演化的可行性

对于甘薯的起源曾有 3 种说法:美洲说、非洲说和亚洲说。目前,根据考古学、历史学和语言学的研究结果,人们公认美洲说。植物学研究也表明甘薯的大多数近缘植物自生于热带美洲,在该地区驯化出许多栽培品种<sup>[24]</sup>,近几十年来,分子标记方法被广泛应用于植物种群的遗传多样性、系统进化、构建系统树、基因流、物种地理起源及分布格局、迁移等研究,许多重要作物上都开展了利用分子标记方法探讨起源与进化的研究<sup>[22,25-27]</sup>。运用 SRAP 标记方法构建进化树开展起源与演化的研究在其他作物上已经成功开展<sup>[28-31]</sup>。本研究运用 SRAP 标记构建甘薯进化



树并对其进化时间进行分析,尚属首次。研究中  
对地方品种、育成品种和近缘野生种的进化时间  
分析结果较为理想,这可能与 SRAP 引物的扩增  
特点有关。SRAP 扩增的是 ORF 区域,而 ORF 区  
域是基因序列的重要组成部分,ORF 的识别决定  
或基本决定了基因对应的蛋白序列,是证明一个  
DNA 序列为特定的蛋白质编码基因的部分或全  
部的先决条件,亦是在不同品种之间呈现差别  
的重要因素<sup>[32]</sup>。SRAP 标记与其他标记相比提供  
的信息更准确,其可分析的位点覆盖整个基因  
组,并且不受季节和环境条件的影响,结果可靠,  
可提供完整的遗传信息<sup>[33]</sup>。随着分子标记技术  
的深入应用,研究表明:依靠单一标记技术进行  
种质鉴别其支持率、分辨率有限,难以体现种质  
分子遗传特征的原本内涵,需要选用具备各自特  
点的更多种类的分子方法联合起来进行遗传甄  
别<sup>[34-35]</sup>。本研究中也出现了地方品种的最短进  
化时间短于育成品种最短进化时间的结果,这一  
结果除与我国甘薯资源背景复杂、收集保存管理  
混乱有关外,也有可能 SRAP 标记数量太少有  
关,需要结合其他标记开展甘薯进化联合研究才  
更加准确,下一步研究应开展更多引物或者结合  
其他标记开展研究才能获得更为准确的结果。

### 3.3 试验材料的选择

以往进行甘薯遗传多样性分析时,大都以地方品  
种为供试材料<sup>[4,18-20]</sup>,这样做的优点是遗传背景简单,  
类别一致,数据较易分析。甘薯作为六倍体植物,是  
一种无性繁殖作物,杂交  $F_1$  通过无性繁殖即可将杂  
种优势固定下来<sup>[36]</sup>,从而育成可以直接用于生产  
的新品种。同时在实际育种实践中,甘薯无性系变异也  
是新品种的来源之一,说明甘薯的类别对其遗传多样  
性分析影响不大。通过基于 SRAP 标记的甘薯资源  
遗传多样性分析,本研究表明除野生种类群外每个类  
群中均包含不同地域来源的甘薯材料,表明甘薯的类  
群划分与品种的地域并无直接联系,这也与前人研究  
结果一致<sup>[4,20-22,24,36-39]</sup>。甘薯栽培种之间的平均遗传  
距离为 0.1848,遗传基础狭窄,而栽培种与野生种之  
间的平均遗传距离为 0.4135,差异较大。由于条件所  
限本研究中地方品种和国外引进品种相对较少,野生  
种数量也不够,可能是造成本研究遗传距离相对较  
近的原因之一。即使在这种情况下,本研究所选材料  
还是比较有代表性的,例如在系统聚类时引自菲律宾  
的品种 Kccane 与我国福建地方品种六十日薯聚在  
一起,遗传距离仅为 0.082,从进化时间上看他们的进化

时间也一致均为 0.041,充分验证了我国甘薯由菲律  
宾经水陆引入我国福建地区这一引种途径。

### 参考文献

- [1] 马代夫,李强,曹清河,等. 中国甘薯产业及产业技术的发展与展望[J]. 江苏农业学报,2012,28(5):969-973
- [2] 范泽民. 中国甘薯品种 30 年[J]. 中国种业,2015(8):6-9
- [3] 陆国权. 中国甘薯育成种系谱[J]. 中国甘薯,1990(4):26-28
- [4] 赵冬兰,唐君,曹清河,等. 中国甘薯地方种质资源遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(5):994-1003
- [5] 江苏徐州甘薯研究中心. 中国甘薯品种志[D]. 北京:农业出版社,1993:1-2
- [6] Fu Y B, Peterson G, Diederichsen A, et al. RAPD analysis of genetic relationships of seven flax species in the genus *Linum* L. [J]. Genet Resour Crop Ev, 2002, 49: 253-259
- [7] 何余堂,陈宝元,傅廷栋,等. 白菜型油菜在中国的起源与进化[J]. 遗传学报,2003,30(11):1003-1012
- [8] 盖钧镛,许东河,高忠,等. 中国栽培大豆和野生大豆不同生态类型群体间遗传演化关系的研究[J]. 作物学报,2000,26(5):513-520
- [9] Cheng Z, Lu B R, Sameshima K, et al. Identification and genetic relationships of kenaf (*Hibiscus cannabinus* L.) germplasm revealed by AFLP analysis[J]. Genet Resour Crop Ev, 2004, 51: 393-401
- [10] Bao Y, Ge S. Identification of *Oryza* species with the CD genome based on RFLP analysis of nuclear ribosomal ITS sequences[J]. Acta Botanica Sinica, 2003, 45(7):762-765
- [11] Roy A, Bandyopadhyay A, Mahapatra A K, et al. Evaluation of genetic diversity in jute (*Corchorus* species) using STMS, ISSR and RAPD markers[J]. Plant Breeding, 2006, 125(3):292-297
- [12] Kochert G, Stalker H T, Cimenes M, et al. RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut, *Arachis hypogaea* (Leguminosae) [J]. Am J Bot, 1996, 83(10):1282-1291
- [13] 陶爱芬,祁建民,李木兰,等. SRAP 结合 ISSR 方法分析黄麻属的起源与演化[J]. 中国农业科学,2012,45(1):16-25
- [14] 李强,揭琴,刘庆昌,等. 甘薯基因组 DNA 高效快速提取方法[J]. 分子植物育种,2007,5(5):743-746
- [15] 李爱贤,刘庆昌,王庆美,等. 利用 SRAP 标记构建甘薯分子连锁图谱[J]. 作物学报,2010,36(8):1286-1295
- [16] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979, 76:5269-5273
- [17] 李亚玲,韩国民,何沙娥,等. 基于 DNA 分子标记数据构建系统进化树的新策略[J]. 生物信息学,2008(4):168-170
- [18] Jarret R L, Austin D F. Genetic diversity and systematic relationships in sweetpotato (*Ipomoea Batatas* (L.) Lam.) and related species as revealed by RAPD analysis [J]. Genet Resour Crop Ev, 1994, 41:165-173
- [19] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103:455-461
- [20] 李强,刘庆昌,马代夫,等. 中国甘薯主要育成品种的遗传多样性及遗传趋势[J]. 江苏农业学报,2009,25(2):253-259
- [21] 蒲志刚,王大一,谭文芳,等. 南瑞苕 AFLP 指纹图谱的构建与聚类分析[J]. 西南农业学报,2007,20(5):1085-1087
- [22] 贺学勤,刘庆昌,翟红,等. 用 RAPD、ISSR 和 AFLP 分子标记分析系谱关系明确的甘薯品种的亲缘关系[J]. 作物学报,2005,31(10):1300-1304
- [23] Ferriol M, Pico B, Cordava P F. Molecular diversity of a germplasm collection of squash (*Cucurbita moschata*) determined by SRAP and AFLP makers[J]. Crop Sci, 2004, 44:653-664
- [24] 陆漱韵,刘庆昌,李惟基. 甘薯育种学[M]. 北京:中国农业大学出版社,1998:19-38

- [25] 闫华超,高岚,李桂兰. 分子标记技术的发展及应用[J]. 生物学通报,2006,41(2):17-19
- [26] Russell J R, Fuller J D, Macaulay M, et al. Direct comparison of levels of genetic variation among barley accessions detected by RFLPs, AFLPs, SSRs and RAPDs[J]. Theor Appl Genet, 1997, 95:714-722
- [27] Pejic I, Ajmone-Marsan P, Morgante M, et al. Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs and AFLPs[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97:1248-1255
- [28] 郭起荣,任立宁,牟少华,等. 毛竹种质分子鉴别 SRAP、AFLP、ISSR 联合分析[J]. 江西农业大学学报,2010,32(5):982-986
- [29] Fu X P, Ning G G, Gao L P, et al. Genetic diversity of *Dianthus* accessions as assessed using two molecular marker systems (SRAPs and ISSRs) and morphological traits[J]. Sci Hort, 2008, 117:263-270
- [30] 陶爱芬,祁建民,栗建光,等. SRAP 和 ISSR 及两种方法结合在分析黄麻属起源与演化上的比较[J]. 作物学报,2011,37(12):2277-2284
- [31] 陶爱芬,祁建民,栗建光,等. 黄麻种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 植物科学学报,2012,30(2):178-187
- [32] 刘建丰,王志德,刘艳华,牟建民. 应用 SRAP 标记研究烟草种质资源的遗传多样性[J]. 中国烟草科学,2007,28(5):49-53
- [33] 许先松,刘志钦,林晓丹,等. 基于形态及 SRAP 标记的辣椒资源遗传多样性及亲缘关系比较[J]. 福建农林大学学报,2011,40(1):48-53
- [34] 卢启泉. 四类平菇种质资源的分子标记分析[D]. 福州:福建农林大学,2004
- [35] 应正河. RAPD、SRAP 和 ISSR 标记在香菇种植资源的应用及其 SCAR 标记的建立[D]. 福州:福建农林大学,2006
- [36] 罗凯,卢会翔,吴正丹,等. 中国西南地区甘薯主要育种亲本的遗传多样性及群体结构分析[J]. 中国农业科学,2016,49(3):593-60
- [37] 陶爱芬,魏嘉俊,刘星,等. 应用 SRAP 标记绘制 88 份南瓜属种质资源 DNA 指纹图谱[J]. 植物遗传资源学报,2017,18(2):225-232
- [38] 刘星,祁建民,朱忠南,等. 应用 SRAP 标记分析金丝瓜(*Cucurbita pepo* L.) 种质资源遗传多样性与亲缘关系[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(6):1172-1178
- [39] 王志清,刘继永,李昌禹,等. 利用 ISSR 和 SRAP 标记分析细辛资源遗传多样性与亲缘关系[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(5):1035-1044