

菜用和观赏甘薯种质资源遗传多样性分析

苏一钧, 董玲霞, 王 娇, 戴习彬, 张 安, 赵冬兰, 周志林, 唐 君, 曹清河

(中国农业科学院甘薯研究所/江苏徐淮地区徐州农业科学研究所/
农业部甘薯生物学与遗传育种重点实验室, 徐州 221131)

摘要:为了发掘菜用和观赏甘薯优异种质资源,通过对国家种质徐州甘薯试管苗库中 1000 余份资源材料进行鉴定,筛选了 96 份优异种质。利用 30 对 SSR 引物对入选材料进行了遗传多样性和群体结构分析,明确了这些材料遗传差异;并对入选材料 12 个表型质量性状进行主成分和聚类分析。结果表明:扩增的总条带数为 275 条,其中多态性条带为 269 条,多态率 97.8%;利用 DPS 软件计算入选材料间的 Nei72 遗传距离为 0.15~0.76,平均遗传距离 0.66;群体结构分为 3 个组群,与分子标记聚类结果相似,表明入选材料有较大的遗传差异性;表型质量性状主成分分析得到 5 个主要成分,其累计贡献率达到 80.50%;利用表型质量性状,可聚为 8 个组群。本研究通过分子标记与表型质量性状分析为下一步杂交选育菜用和观赏甘薯新品种提供了亲本选择信息。

关键词:菜用和观赏用甘薯;SSR 标记;表型质量性状;遗传多样性

Genetic Diversity in Vegetable and Ornamental Sweetpotato Germplasm

SU Yi-jun, DONG Ling-xia, WANG Jiao, DAI Xi-bin,

ZHANG An, ZHAO Dong-lan, ZHOU Zhi-lin, TANG Jun, CAO Qing-he

(Institute of Sweet Potato, Chinese Academy of Agricultural Sciences/

Jiangsu Xuhuai Regional Agricultural Academy of Sciences/Key Laboratory for Biology and Genetic Breeding of
Sweetpotato, Ministry of Agriculture, Xuzhou 221131)

Abstract: In order to explore vegetable and ornamental sweetpotato germplasm resources, we identified more than 1000 accessions in Xuzhou national sweetpotato genebank, and selected 96 outstanding germplasm. 30 pairs of SSR primers were used to analyze genetic diversity and population structure, and genetic differences information of these selected materials was clearly got. 12 phenotypic quality traits data from all the accessions were also analyzed with principal components and clustering analysis. Results were as follows: the total number of amplified bands was 275, in which 269 with polymorphism, and polymorphic rate was 97.8%; Nei72 genetic distance was between 0.15 and 0.76 computed by DPS software with average distance 0.66; population structure was divided into three groups, which was similar to the clustering results by molecular marker, indicating that those accessions had a greater genetic difference; 5 items, 80.50% of cumulative contribution rate, were obtained from phenotypic quality traits principal components analysis; 96 accessions could be clustered into eight groups by phenotypic quality traits. Molecular and phenotypic quality traits markers analysis results in this article provided a good reference for the parents selection information for new variety development of vegetable and ornamental sweetpotato.

Key words: vegetable and ornamental sweetpotato; SSR marker; phenotypic quality traits; genetic diversity

收稿日期: 2017-04-10 修回日期: 2017-06-13 网络出版日期: 2017-12-26

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20171226.1511.014.html>

基金项目: 国家自然科学基金(31461143017); 国家甘薯产业技术体系资源评价岗(CARS 2017-11-B-02); 国家农作物种质资源平台徐州甘薯子平台(NICGR-062); 江苏省重点研发项目(BE2016394); 江苏省“333”人才培养项目(BRA2016269)

第一作者主要从事作物种质资源与生物技术研究。E-mail: 642081290@qq.com

通信作者: 曹清河, 主要从事甘薯基因组学与种质创新工作。E-mail: cqhe75@yahoo.com

甘薯 (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) 是我国重要的粮食作物,在我国南方有食用甘薯茎尖、叶柄的习惯。菜用甘薯以其丰富的营养价值、保健功能,深受老百姓的欢迎^[1]。研究表明,储藏甘薯茎叶中的蛋白质、脂肪、膳食纤维、多酚均高于块根^[2]。甘薯叶提取物可以治疗直肠癌并有效降低癌细胞增殖^[3];提高体内胰高血糖素样肽-1 分泌,降低高血糖^[4];其中的花色苷和黄酮类等抗氧化混合物可以治疗乳腺癌^[5];甘薯叶提取物 α -葡萄糖苷酶可以用于治疗糖尿病^[6]。菜用甘薯与其他绿叶蔬菜相比还有着极强的抗病性、抗虫性、抗旱耐涝等特点^[1]。国内从 2003 年开始,已经育成并鉴定了一系列菜用型甘薯新品种,如福薯 18、广菜薯 1 号、薯绿 1 号等。观赏甘薯研究起始于美国育成的 Carolina 系列和 Black Heart 品种^[7],国内尚未见有观赏甘薯品种通过审(鉴)定或 DUS 测试。

有关甘薯的遗传多样性,前人已经做了很多研究分析^[8],主要集中在利用 RAPD、ISSR、AFLP 等分子标记和农艺性状^[9-12]相结合的方法。然而, AFLP、RAPD、ISSR 这些分子标记可靠性相对较低,且 RAPD 标记的可重复性不高,在分析遗传关系相近的品种时显得乏力。SSR 是当前植物分子生物学研究中广泛运用的分子标记技术,具有高分辨率、高稳定性、重复性好、共显性和操作简单等特点,已经有少量在甘薯应用中的研究报道。赵冬兰等^[13]应用 SSR 分子标记对国家种质徐州甘薯试管苗库中离体保存 5 年和 8 年的 24 份种质资源进行了遗传多样性分析。罗凯等^[14]利用 61 个 SSR 分子标记、13 个农艺性状和 6 个品质性状,对 82 份我国西南地区主要甘薯育种亲本材料进行遗传多样性分析,建议结合分子标记和多种表型性状,进行深入的遗传多样性和群体结构分析。杨新笋^[15]分别基于 SSR、SNP 和形态学标记对 380 份甘薯材料进行了遗传多样性分析。但利用 SSR 分子标记在菜用甘薯中的遗传多样性分析尚未见报道。

刘中华等^[16]提出了赏食兼用型这一概念,赏食兼用型甘薯也是家庭园艺、都市农业的发展方向。近年来随着大众消费观念的逐渐转变,保健食品和家庭园艺受到社会追捧。菜用和观赏甘薯也以其营养保健价值和观赏价值而越来越受到社会关注。开发具有高附加值的盆栽菜用和观赏甘薯也已经开始实施^[17]。然而菜用和观赏甘薯的研究仍处于起步

阶段,难以满足现有育种和产业发展需求。针对菜用和观赏甘薯研究现状,亟需对我国当前种质资源进行调查摸底,分析其遗传多样性,以期开拓遗传背景培育优良品种提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

材料取自国家种质徐州甘薯试管苗库田间圃。以本课题组前期提出的营养保健、优质、高产、抗病虫害的 4 个方面^[2]作为菜用甘薯筛选方法,并将菜用甘薯细分为叶柄型^[18]和茎尖型 2 种^[2]。观赏甘薯筛选借鉴美国北卡罗莱纳州立大学的标准:观赏性、耐热性、耐旱性、繁殖力等^[16]。

2016 年 8 月,从 1000 余份的种质资源中筛选到 96 份表型特征优异的菜用和观赏甘薯材料(表 1)。定植后 70 d,对入选材料取顶端叶片,提取 DNA 进行 SSR 分析并调查其表型质量性状。

1.2 方法

1.2.1 SSR 标记分析 基因组 DNA 制备参照吴秋云等^[19]的 CTAB 法。用 NanoDrop_2000c 测定 DNA 浓度,稀释至工作液浓度 50 ng/ μ L,放到 -40 $^{\circ}$ C 冰箱备用。本试验使用了 X. S. Yang 等^[20]报道的 30 对多态性好表现稳定的引物。用康为世纪 2 \times Taq Master-Mix(Dye) 构建 20 μ L PCR 反应体系,反应条件为 94 $^{\circ}$ C 5 min;94 $^{\circ}$ C 30 s,55 $^{\circ}$ C 30 s,72 $^{\circ}$ C 1 min,35 Cycles,72 $^{\circ}$ C 5 min,4 $^{\circ}$ C 保存。产物在 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳、硝酸银染色、拍照。本研究选用 30 对 SSR 引物对 96 份入选材料的基因组 DNA 进行 PCR 扩增。扩增条带用 GenenMarker V1.6 结合人工读带,有带赋值为 1,无带为 0^[13]。

1.2.2 农艺性状调查 2016 年 9 月,对种植在江苏徐州中国农业科学院甘薯研究所种质资源圃中的 96 份入选材料进行了茎端绒毛、茎端缠绕度、顶叶色、叶色、叶形、叶缺刻、叶缘类型、叶脉、脉基色、柄基色、茎主色、茎次色共 12 种地上部表型质量性状测量。赋值标准参照 Z. Huaman^[21]的方法。

1.2.3 数据分析 经整理将 SSR 分析数据导入 DPS 中,选择 Nei 72 算法^[14]输出遗传距离矩阵,将上述得到的 96 份材料遗传距离矩阵,导入 MEGA 6.06 中使用 Phylogeny-Neighbor-Joining tree 聚类法对 SSR 分子标记聚类。按 Structure 格式要求将 0-1 数据导入运算,将结果上传至 Structure Harvester 在线工具确定的 K 值图^[22]。

表 1 试验材料

Table 1 The list of trial materials

编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	类型 Type	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	类型 Type	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	类型 Type
c20	不论春	中国广东	菜用 ^a	c49	漳浦 1 号	中国福建	观赏	c60	紫 A-6	中国江苏	菜用 ^a
c21	日本薯	中国广东	观赏	c94	桂薯 6 号	中国广西	菜用 ^a	c52	红隼人	日本	观赏
c22	红茎种	中国广东	菜用 ^a	c85	皖苏 61	中国安徽	菜用 ^a	c33	南丰	日本	观赏
c23	青心企龙	中国广东	菜用 ^a	c87	湘薯 18	中国湖南	观赏	c58	CIP94-21	CIP	菜用 ^a
c84	棉花种	中国广东	兼用 [*]	c89	洛薯 9816-1	中国河南	菜用 ^a	c25	阿根廷	阿根廷	观赏
c44	福薯 87	中国福建	菜用 ^a	c95	黔薯 2 号	中国贵州	观赏	c28	AISI35-2	亚蔬中心	观菜
c53	豎番薯薯芋	中国福建	观赏	c96	南瑞茗	美国	菜用 ^a	c4	岩 88-242-7	中国福建	菜用 ^b
c91	福薯 21	中国福建	菜用 ^a	c37	清徐河西薯	中国山西	菜用 ^a	c5	金华 5-35	中国浙江	观赏
c86	南薯 010	中国四川	观赏	c69	铁裂仔	中国台湾	兼用 [*]	c8	南紫薯 008	中国四川	菜用
c68	遂宁 3 号	中国四川	兼用 [*]	c70	华北 244	中国北京	菜用 ^a	c13	济黑 1 号	中国山东	观赏
c93	浙 255	中国浙江	菜用 ^a	c71	冀 77-98	中国河北	菜用 ^a	c30	白皮山药	中国云南	观赏
c66	温岭红皮	中国浙江	观菜	c72	辽薯 44	中国辽宁	观赏	c34	渝 2-12-8	中国重庆	菜用 ^a
c7	富硒 11 选	未知	观菜	c74	农林 31 号	日本	观赏	c43	福薯 1 号	中国福建	菜用 ^a
c18	526417	中国贵州	观菜	c56	尚志 12	中国黑龙江	菜用 ^a	c45	蒲 186	中国福建	观赏
c19	西蒙一号	巴西	菜用 ^a	c57	永胜斯纳	中国云南	观赏	c11	B3F1058-3	中国徐州	菜用 ^a
c27	冀-1	中国河北	菜用 ^a	c1	浙 80-花 2-13	中国浙江	菜用 ^a	c12	B3F1058-27	中国徐州	菜用 ^b
c35	渝紫 7 号	中国重庆	观赏	c2	甜脆薯	中国广西	观赏	c62	背不起	中国广东	观赏
c50	青农 1 号	中国山东	菜用 ^a	c54	南瓜薯	中国广西	菜用 ^a	c80	学老薯	中国广东	观赏
c59	三角拧	中国海南	兼用 [*]	c9	B3F1058-33	中国徐州	菜用 ^a	c32	靖西优质种	中国广西	观赏
c64	DAJIA	未知	兼用 [*]	c10	B3F1058-50	中国徐州	菜用 ^a	c39	细叶红皮薯	中国广西	观赏
c65	台农 63	中国台湾	兼用 [*]	c31	万紫 56	中国重庆	菜用 ^b	c17	宾阳白薯	中国广西	观赏
c92	秦薯 10 号	中国陕西	菜用 ^a	c40	CIP 440185	CIP	兼用 [*]	c6	鲁薯 4 号	中国山东	菜用 ^a
c81	白肚薯	中国广东	兼用 [*]	c55	蒲薯 53	中国福建	菜用 ^a	c14	济薯 18	中国山东	菜用 ^a
c82	潮汕白	中国广东	兼用 [*]	c67	黑节薯	中国广东	菜用 ^a	c48	烟 83-406	中国山东	菜用 ^a
c83	竹头	中国广东	观赏	c41	豫薯 3 号	中国河南	菜用 ^a	c29	郑红 ZA-1	中国河南	菜用 ^a
c88	湛 1196-42	中国广东	观赏	c61	黎佬婆	中国广东	观赏	c42	商薯 19 号	中国河南	菜用 ^a
c36	5145	中国广东	观赏	c78	红皮 60 日	中国广东	菜用 ^a	c3	豫薯 10 号	中国河南	菜用 ^a
c63	汕薯	中国广东	菜用 ^a	c79	柴乐薯	中国广东	菜用 ^a	c24	冀薯 3 号	中国河北	菜用 ^a
c75	蓬尾	中国广东	观赏	c15	海南红	中国广东	菜用 ^a	c26	安平 1 号	中国安徽	菜用 ^a
c76	禺北白	中国广东	兼用 [*]	c38	红皮白心薯	中国广西	菜用 ^a	c46	台湾紫秧	中国台湾	观赏
c77	菊花薯	中国广东	菜用 ^a	c16	富川薯	中国广西	观赏	c51	黔 1	中国贵州	观赏
c90	龙薯 24	中国福建	观赏	c47	徐 55-2	中国江苏	菜用 ^a	c73	美 24	美国	观赏

菜用^a:茎尖型;菜用^b:叶柄型;兼用^{*}:菜用观赏兼用;CIP:国际马铃薯中心

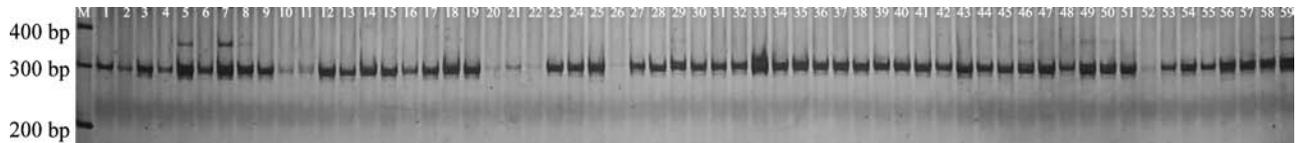
Vegetable genotypes^a:Stem tip type, Vegetable purpose^b:Petiole type, Dual-purpose genotypes^{*}:Vegetable and ornamental dual-purpose, CIP:International potato center

利用 SAS 9.2 对采集到的 12 个表型特征进行 PCA 主成分分析。用 DPS 对表征数据标准化转换,计算欧氏距离,将结果导入 MEGA 6.06 中用 UPGMA 类平均法聚类。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性分析

按照 1.2.1 的方法,选取在 100 ~ 700 bp 之间



M: Marker DL2000; 1 ~ 59: 甘薯种质编号

M: Marker DL2000, 1-59: Sweetpotato varieties listed in Table 1

图 1 引物 C51 对 59 份甘薯种质的 SSR 分析结果

Fig. 1 SSR analysis of 59 sweetpotato germplasm with primer C51

2.2 SSR 标记聚类分析

按照 1.2.3 进行数据分析,得出遗传距离分布在 0.16 ~ 0.77 范围内,平均遗传距离为 0.66;表明入选材料遗传距离较大。聚类在遗传距离 0.272 处分为 3 个组群(I、II、III),其中第 3 组群在遗传距

的扩增产物读带,各引物扩增的条带数在 2 ~ 19 条之间。30 对引物共扩增出 275 条带,其中 269 条带具有多态性,平均多态率为 97.8%,表明这 30 对引物可完全用于入选材料的遗传多样性分析。其中引物 Z37 多态性条带最好为 19 条,引物 C56 多态性最差为 2 条,多数引物如 C51 条带清晰稳定(图 1)。

离 0.267 处可划分为 3 个亚群(III-1、III-2、III-3), 聚类结果如图 2。结合表 1 和图 2 可知:组群 I 含有来自 11 个省的品种和 1 个巴西品种共 22 份材料,主要有不论春、日本薯、红茎种、青心企龙、福薯 87、遂宁 3 号、浙 255、三角拧、渝紫 7 号、台农 63、

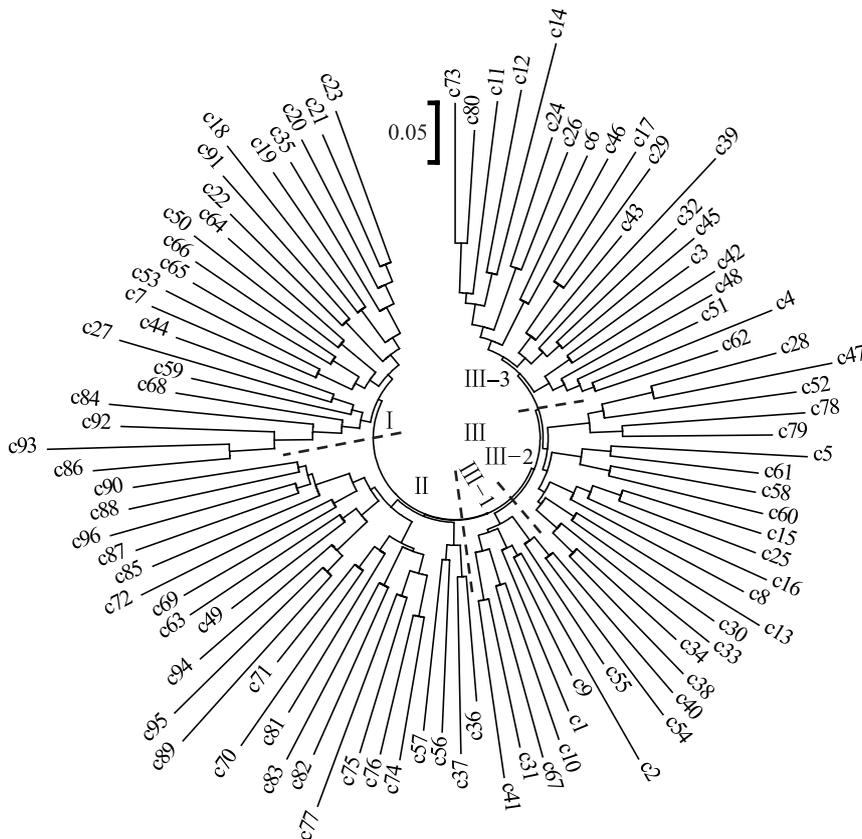


图 2 基于 Neighbor-Joining tree 聚类法对 SSR 分子标记的分析

Fig. 2 Analysis of SSR molecular markers based on Neighbor-Joining clustering method

西蒙一号等;组群 II 包含国内 14 个省和 2 个国外引进品种共计 25 份,有龙薯 24、菊花薯、华北 244、辽薯 44、农林 31 号、永胜斯纳等;组群 III 含有 12 个省的品种、品系和来自 5 个国家地区的引进品种共计 49 份。以上结果说明入选材料遗传多样性较为广泛,即使地理来源相同的材料也具有较显著遗传差异。

2.3 群体结构分析

K 值的确定参照罗凯等^[14]的方法。由于 $K = 1 \sim 10$ 时,由图 3 可知 $K = 3$ 时 ΔK 值最大,所以可将 96 份菜用和观赏甘薯材料分为 3 个组群^[23]。分类结果见图 4,图中上部为 SSR 聚类结果,不同形状品种颜色对应群体结构图分组颜色。由图 4 可得出分子标记聚类与群体结构分析均可将入选材料分成 3 个组群。虽然聚类颜色对应区域不一致,但是组群 I、II 聚类较为集中。第 3 组群中均涵盖较多品种,其遗传组分比较复杂。

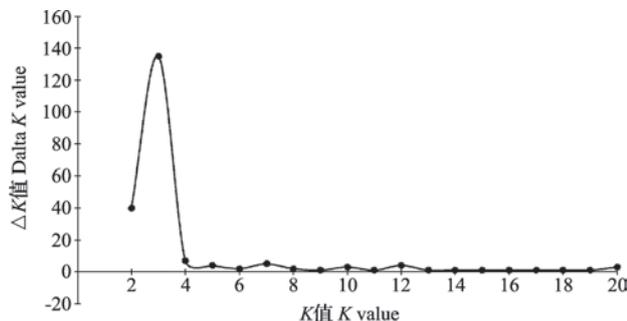


图 3 群体结构 K 值图

Fig. 3 K value of population structure

2.4 表型质量性状分析

通过 PCA 分析,如图 5 可以知道哪些品种表型特征比较接近。例如在图 5 中围绕台农 63 有比较密集的品种聚集,这也证实了台湾品种正好属于南方地区的菜用集中地区。结果得到了 5 个主成分,其累计贡献率达到 80.50%。基于表型质量性状的相关矩阵分析结果如表 2。

表型质量性状聚类在遗传距离为 2.095 处分为 8 个组群(图 6)。其中组群 I 的台湾紫秧、组群 II 的皖苏 61、组群 IV 的湛 1196-42 和组群 VI 的金华 5-35,这 4 个品种的表型质量性状与其他组群差异较大。而组群 V、VII、VIII 所含品种较多,说明组内表型质量性状差异较小。材料菊花薯、桂薯 6 号、5145、海南红表型质量性状聚类时聚在一起没有彻底分开。因此,进一步证实形态学标记在聚类分析应用中的局限。

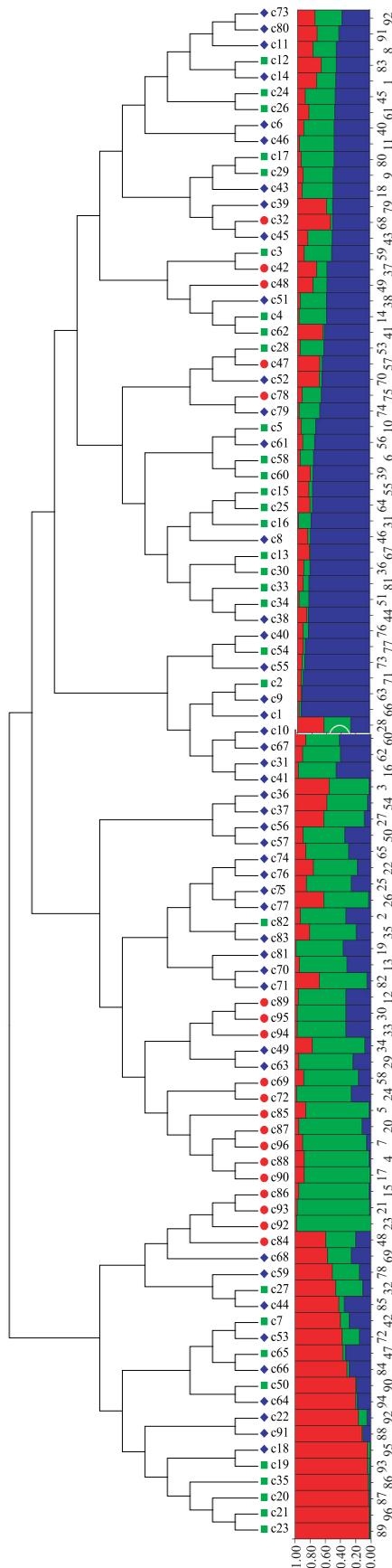


图 4 SSR 聚类图与群体结构图

Fig. 4 Dendrogram of SSR and population structure

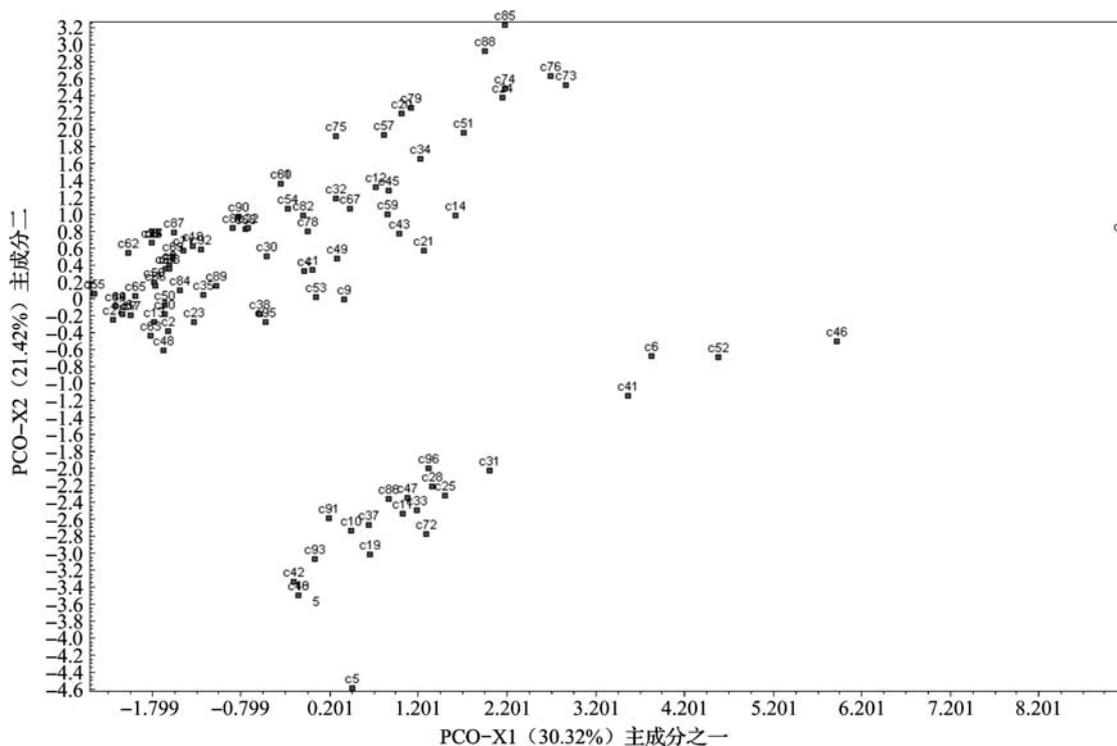


图 5 基于菜用和观赏用甘薯资源表型质量性状的主成分分析

Fig. 5 PCA of sweetpotato based on phenotypic quality traits

表 2 菜用和观赏用甘薯表型质量性状的主成分分析

Table 2 Principle components analysis of sweetpotato based on phenotypic quality traits

项目 Items	主成分 Principle components				
	X1	X2	X3	X4	X5
特征值 Initial eigenvalue	3.6379	2.5070	1.3080	1.1201	1.0240
累计贡献率(%) Cumulative contribution rate	30.3200	51.7400	62.6400	71.9700	80.5000
茎端茸毛 Vine tip pubescence	0.1721	-0.1100	0.3561	-0.4047	0.5248
茎端缠绕度 Twining	0.0701	0.0928	-0.2353	0.7113	0.4947
顶叶色 Color of top leaf	0.1942	0.1422	0.4359	-0.1043	0.4119
叶色 Leaf color	0.3091	0.0477	0.3523	0.1669	-0.3640
叶片形状 Shape of leaf	-0.2676	0.5027	0.1057	-0.0474	0.0273
叶缺刻类型 Type of leaf split	-0.2819	0.4982	0.1177	-0.0222	0.0045
叶齿类型 Type of leaf teeth	-0.3004	0.4348	0.1402	0.0259	-0.0680
叶主脉色 Mian vien pigmentation color	0.3434	0.2928	-0.3162	-0.2583	0.1037
脉基色 Pigmentation of basic leaf vein	0.2177	0.2203	-0.5380	-0.3461	-0.0730
柄基色 Pigmentation of basic petiole	0.3715	0.2754	-0.1557	0.0095	0.0973
茎主色 Predominant color of vine	0.4115	0.2116	0.1334	0.3178	-0.0760
茎次色 Secondary color of vine	0.3437	0.1095	0.2511	0.0258	-0.3750

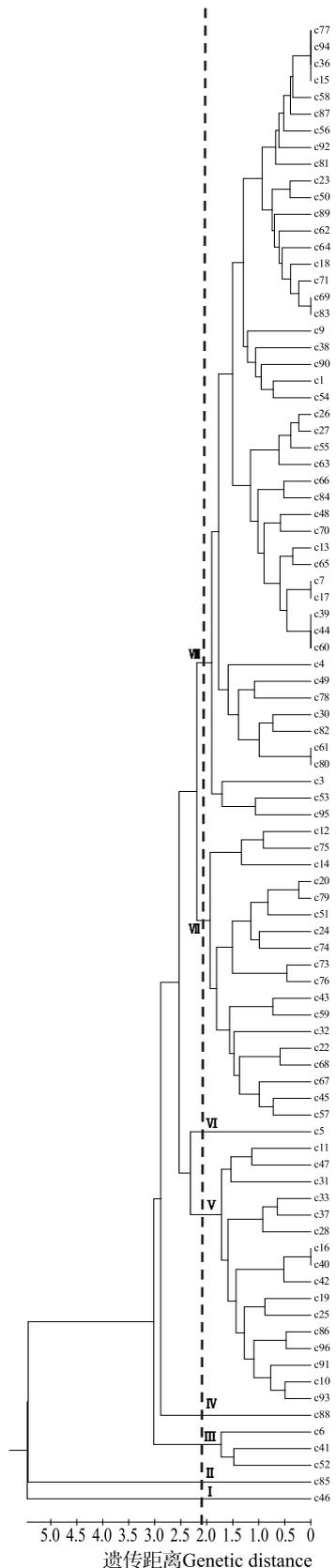


图6 菜用和观赏甘薯资源基于表型质量性状数据的聚类图
Fig.6 Cluster dendrogram of vegetable and ornamental sweetpotato germplasm based on phenotypic quality traits

3 讨论

3.1 菜用和观赏用甘薯优异材料挖掘

本研究参照菜用和观赏甘薯的筛选标准,在来源地事先不了解的情况下对国家甘薯种质资源田间圃中资源进行盲筛,筛选出96份来源于多达18个省或地区的材料,其主要来源地集中在我国华南地区,尤其是广东省有21个入选品种。长期以来由于华南地区老百姓喜欢吃甘薯茎尖、叶柄的生活习惯,从而使其人工选择和定向杂交育种走在了全国的前列。但是,这类资源或品种遗传距离较近,遗传基础较窄,在以后的育种实践中建议与南方薯区以外遗传距离远的品种进行杂交配组,选育新的菜用品种。综合表型质量性状和DNA分子标记(遗传距离)结果,可为菜用和观赏甘薯亲本选配提供部分参考:万紫56可作为叶柄型菜用甘薯亲本^[18],浙255可作为茎尖菜用甘薯亲本^[2],这2个材料都可以与广东品种进行菜用型杂交配组;富川薯、背不起可作为竹叶观赏甘薯亲本,靖西优质种可作为深缺刻、皱叶型观赏甘薯亲本,阿根廷可作为黄瓜叶型观赏甘薯亲本,华北244可作为桐树叶型观赏甘薯亲本,金华5-35可作为变态叶观赏甘薯亲本;CIP440185可作为茎尖叶柄兼用型亲本;DAJIA可作为菜观两用型甘薯亲本^[16]。

3.2 分子标记和表型性状在本研究中的作用与不足

本研究采用X. S. Yang等^[20]的引物,其扩增产物丰富,在不同试验材料间均有很好的多态性。但相同引物所扩增出的多态性信息略有不同。研究对象的不同是造成结果差异的主要原因。分子标记聚类 and 群体结构分析基本对应,在2组分析中均得到3个组群且聚类集中。其中用蓝色标注的SSR组群呈分散分布,与其遗传成分复杂相对应。此组群中遗传变异较大表明这些材料可用于下一步杂交育种的亲本。红绿标注未能与群体结构完全对应,笔者认为是由软件算法的不同所造成的。

表型质量性状的聚类结果中有13%材料没有彻底区分清楚。表型标记易受环境型影响,从而降低了其表型学标记的丰富程度。PCA分析结果仅用5组性状就可组成主要成分,说明了表型标记区分度不明显容易受到调查者的主观臆断而造成较大的人为误差,进一步证实表型性状在甘薯聚类分析准确性、科学性不足^[24]。除此之外,通过对材料来源地的比较分析也得出了与前人研究相似的结果,

即菜用和观赏甘薯遗传差异与品种来源地无必然联系^[9,14]。

参考文献

- [1] 孙红男,木泰华,席利莎,等. 新型叶菜资源-甘薯茎叶的营养特性及其应用前景[J]. 农业工程技术:农产品加工业,2013(11):45-49
- [2] 曹清河,刘义峰,李强,等. 菜用甘薯国内外研究现状及展望[J]. 中国蔬菜,2007,1(10):41-43
- [3] Taira J, Uehara M, Tsuchida E, et al. Inhibition of the β -catenin/Tcf signaling by caffeoylquinic acids in sweet potato leaf through down regulation of the Tcf-4 transcription[J]. J Agric Food Chem,2014,62(1):167-172
- [4] Nagamine R, Ueno S, Tsubata M, et al. Dietary sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) leaf extract attenuates hyperglycaemia by enhancing the secretion of glucagon-like peptide-1 (GLP-1)[J]. Food Funct,2014,5:2309-2316
- [5] Ghasemzadeh A, Talei D, Jaafar H Z E, et al. Plant-growth regulators alter phytochemical constituents and pharmaceutical quality in Sweet potato (*Ipomoea batatas* L.). ghasemzadeh et al[J]. BMC Complem Altern,2016,16:152
- [6] Zhang L, Tu Z C, Yuan T, et al. Antioxidants and α -glucosidase inhibitors from *Ipomoea batatas* leaves identified by bioassay-guided approach and structure-activity relationships [J]. Food Chem,2016,208:61-67
- [7] Pecota K, Yenko G C, Pierce C. Ornamental sweet potato plant named sweet Carolina sweetheart purple [P]. US Patent, 2004:14912
- [8] 黄立飞,房伯平,陈景益,等. 甘薯种质资源遗传多样性研究进展[J]. 广东农业科学,2008,25(S1):63-74
- [9] 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
- [10] 胡玲,李强,王欣,等. 甘薯地方品种和育成品种的遗传多样性[J]. 江苏农业学报,2010,26(5):925-935
- [11] 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]. 江苏农业科学,2009,25(2):253-259
- [12] Wang Z Y, Li J, Luo Z, et al. Characterization and development of EST-derived SSR markers in cultivated sweetpotato (*Ipomoea batatas*) [J]. BMC Plant Biol,2011,11(5):1-9
- [13] 赵冬兰,郑立涛,唐君,等. 甘薯种质资源遗传稳定性及遗传多样性 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(3):389-395
- [14] 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):593-608
- [15] 杨新笋. 基于 SSR、SNP 和形态学标记的甘薯种质资源遗传多样性研究[D]. 北京:中国农业大学,2016
- [16] 刘中华,李华伟,许泳清,等. 赏食兼用型甘薯及其应用前景[J]. 作物杂志,2016(1):7-11
- [17] 史新敏,赵冬兰,唐君,等. 盆栽观赏甘薯品种资源的筛选与应用[J]. 中国农学通报,2006,22(6):401-403
- [18] 史新敏,唐君,张允刚,等. 叶柄菜用甘薯品种资源的筛选与应用[J]. 安徽农业科学,2008,36(6):2299-2300
- [19] 吴秋云,罗文彬,邱永祥,等. 一种快速提取甘薯基因组 DNA 方案的建立[J]. 山西农业大学学报:自然科学版,2006,26(2):119-120,124
- [20] Yang X S, Su W J, Wang L J, et al. Molecular diversity and genetic structure of 380 sweetpotato accessions as revealed by SSR markers[J]. J Integr Agr,2015,14(4):633-641
- [21] Huaman Z. Descriptors for sweetpotato [M]. Rome, Italy: CIP, AVRDC, IBPGR. International Board for Plant Genetic resources, 1991:8-18
- [22] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study [J]. MOL Ecol,2005,14(8):2611-2620
- [23] 易燧波,岑亮,郭小路,等. 甘薯种质资源的遗传多样性分析[J]. 西南大学学报:自然科学版,2008,30(4):156-162