

303 份甘薯地方种 SSR 遗传多样性与群体结构分析

苏一钧¹, 王 娇^{1,2}, 戴习彬¹, 唐 君¹, 赵冬兰¹, 张 安¹, 周志林¹, 曹清河^{1,2}

(¹江苏徐淮地区徐州农业科学研究所/中国农业科学院甘薯研究所, 徐州 221131; ²江苏师范大学生命科学学院, 徐州 221116)

摘要: 利用 SSR 分子标记, 对我国 303 份甘薯地方种进行了遗传多样性和群体结构分析。进一步明确了甘薯地方种间的遗传多样性和亲缘关系, 为优异资源挖掘和品种改良提供了参考。利用 SSR 建立研究材料的 0~1 数据库, 通过 NTSYS-pc 2.10 软件计算 Nei72 遗传距离矩阵, 将遗传距离矩阵导入 MEGA 6.06, 计算平均遗传距离和聚类分析; 并利用 STRUCTURE 2.3.4 对 303 份地方种进行群体结构分析。结果表明: 30 对 SSR 引物共检测出 203 条多态性位点, 每对引物检测到 1~14 条多态性条带, 平均每对引物获得 6.77 条。303 份材料的平均遗传距离为 0.564, 聚类分析在遗传距离为 0.477 处可以把 303 份材料分成 11 个类群, 其中第 XI 类群在遗传距离为 0.452 处可分为 3 个亚群。群体结构分析将 303 份材料划分成了 5 个稳定的群体, 群体结构划分与聚类有相似的结果, 其中 70 份材料 Q 值小于 0.6, 属于混合亚群。

关键词: 甘薯; 地方种; SSR; 遗传多样性; 群体结构

Genetic Diversity and Population Structure Analysis of 303 Sweetpotato Landraces Using SSR Markers

SU Yi-jun¹, WANG Jiao^{1,2}, DAI Xi-bin¹, TANG Jun¹, ZHAO Dong-lan¹,
ZHANG An¹, ZHOU Zhi-lin¹, CAO Qing-he^{1,2}

(¹Jiangsu Xuhuai Regional Agricultural Academy of Sciences/Sweetpotato Research Institute, China Agricultural Academy of Sciences, Xuzhou 221131; ²School of Life Sciences, Jiangsu Normal University, Xuzhou 221116)

Abstract: Genetic diversity and population structure of 303 sweetpotato landraces was analyzed by SSR markers. This study aims to understand the genetic relationship among sweetpotato landraces, and provide reference for the selection of excellent germplasm resource and the improvement of germplasm. **Method:** Using SSR to establish the 0~1 database of the trial materials; The ntsys-pc 2.10 software was used to calculate the Nei72 genetic distance matrix; The genetic distance matrix was imported into MEGA 6.06 to output average genetic distance and cluster analysis. The results showed that 203 polymorphic sites were detected by 30 SSR primers, and 1 to 14 polymorphic bands which average 6.77 polymorphisms were detected for each primer. The average genetic distance of 303 accessions was 0.564. Cluster analysis in 0.477 genetic distance can divide 303 accessions into eleven groups, of which the XI group in 0.452 genetic distance is divided into three subgroups. Population structure analysis of 303 accessions is divided into five groups. Clustering results coincide with the population structure. Q value of 70 accessions is less than 0.6, and these accessions were clustered into the mixed subgroup.

Key words: sweetpotato; landraces; SSR; genetic diversity; population structure

甘薯是重要的粮食、饲料、工业原料及新型能源作物, 广泛种植于世界上 100 多个国家, 是继水稻、玉米、小麦之后的重要粮食作物。中国是甘薯种植大国, 年产量占世界总产量的近 80%^[1]。中国的甘

收稿日期: 2017-06-05 修回日期: 2017-07-02 网络出版日期: 2018-02-09

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180209.0849.004.html>

基金项目: 国家自然科学基金(31461143017, 31371681); 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); 农业部作物品种资源保护费项目(111721301354052008); 农业基础性长期性科技工作(ZX01S1103)

第一作者: 苏一钧, 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: caoqinghe@jaas.ac.cn

薯资源相当丰富,到目前为止所收集保存的资源包括地方种、育成种、引进种和近缘野生种。但是,国内甘薯的遗传背景较为狭窄,育成的甘薯品种中近94%含有南瑞茗和胜利百号的血缘^[2]。因此,在甘薯中选择新的材料作为亲本显得尤为重要。遗传多样性分析不仅有利于亲本的选择,也有助于作物的保护和改良^[3]。关于甘薯的遗传多样性,前人做过很多研究。用到的分子标记主要有 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)^[4]、RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)^[5]、RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)^[6]、ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat)等。SSR 分子标记因其多态性高、重复性好、操作方便,已经成为植物和动物中最重要的分子标记^[7]。R. L. Jarret 等^[8]最先在甘薯上使用 SSR 分子标记研究了 30 份甘薯品种的遗传多样性。D. P. Zhang 等^[7]用 SSR 分子标记分析了拉丁美洲甘薯品种的遗传多样性,其中中美洲在等位基因总数、特异性等位基因数目以及杂合度这 3 个值上都是最高的,这一结果支持了中美洲可能是多样性的主要中心和甘薯的起源中心这一假说。E. A. Veasey 等^[9]首次使用 SSR 分子标记评价了巴

西甘薯地方种的遗传多样性,聚类分析结果表明品种内有很高的遗传多样性。张超凡等^[10]对湖南 31 份甘薯品种进行了遗传多样性分析,结果表明湖南甘薯地方种和育成种遗传多样性较丰富。罗凯等^[11]利用 SSR 分子标记结合表型性状和品质性状对我国西南甘薯的主要亲本进行了遗传多样性分析。虽然前人对甘薯遗传多样性研究较多,但通过 SSR 分子标记对中国地方种进行系统的遗传多样性和群体结构分析还未见报道。本文以国家种质徐州甘薯试管苗库保存的 303 份甘薯地方种为材料,运用 SSR 分子标记对其进行遗传多样性和群体结构分析,从而为甘薯育种亲本的选择、分子标记辅助育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

甘薯地方种质资源共计 303 份,包括华南:广东 95 份、广西 74 份、海南 5 份,华东:江苏 3 份、浙江 21 份、福建 20 份、安徽 5 份、山东 1 份,华中:湖北 6 份、湖南 2 份、河南 4 份,华北:河北 1 份、山西 11 份,西南:四川 9 份、云南 7 份、贵州 24 份,东北:黑龙江 7 份,西北:甘肃 2 份、陕西 3 份,台湾 3 份(表 1)。

表 1 试验材料

Table 1 The list of the trial materials

编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin
1	小红 70 日	福建	23	黄心香水	广东	45	白皮不论春	广东
2	蓬尾	广东	24	黑骨仔	广东	46	大叶母	广东
3	保亭种	广东	25	狗尾蓬	广东	47	蓬尾薯	广东
4	四季种	广东	26	青皮种	广东	48	潮汕白	广东
5	生毛龙	广东	27	白竹头	广东	49	文龙	广东
6	不论春	广东	28	柴乐薯	广东	50	竹头	广东
7	密草芦仔	广东	29	石灰贡	广东	51	湛江白	广东
8	接长冬	广东	30	九日薯	广东	52	小叶薯	广东
9	番薯香	广东	31	红藤白心	广东	53	三寸冬	广东
10	假山柚	广东	32	石灰贡	广东	54	五爪白	广东
11	赤皮不论春	广东	33	广西菜叶	广西	55	青藤仔	广东
12	解放薯	广东	34	鸡爪薯	广东	56	棉花种	广东
13	禺北白	广东	35	学老薯	广东	57	半夜富	广东
14	六十日	广东	36	多仔娘	广东	58	树薯企	广东
15	红藤	广东	37	七十日早	广东	59	老竹头	广东
16	香薯	广东	38	芋薯	广东	60	六叶缺	广东
17	红五丫	广东	39	白肚薯	广东	61	白芳	广东
18	日本薯	广东	40	白薯	广东	62	青心企龙	广东
19	菊花种	广东	41	日本薯	广东	63	老埔种	广东
20	槟榔薯	广东	42	利红	广东	64	寸藤	广东
21	白皮蓬尾	广东	43	红茎种	广东	65	黑骨仔	广东
22	红皮 60 日	广东	44	生毛薯	广东	66	黎佬婆	广东

表 1(续)

编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin
67	生毛薯	广东	115	黑节薯	广东	163	都匀红皮	贵州
68	狗爪薯	广东	116	江南苕	四川	164	凯里紫红皮红心	贵州
69	背不起	广东	117	大叶蛮	四川	165	翁安黄皮黄心	贵州
70	大佬薯	广东	118	紫花苕	四川	166	贵定褐红皮红心	贵州
71	铁丝薯	广东	119	遂宁 3 号	四川	167	贵州白皮苕	贵州
72	苏联薯	广东	120	沙根苕	四川	168	天柱黄心	贵州
73	红薯	广东	121	台湾秋	台湾	169	印江土黄苕	贵州
74	汕薯	广东	122	铁裂仔	台湾	170	独山绿茎红皮	贵州
75	红鸡母薯	广东	123	温岭黄皮	浙江	171	黄平紫红皮黄心	贵州
76	吴桥种	河北	124	黄皮娘姨	浙江	172	印江紫红皮白心	贵州
77	苏州红	江苏	125	葡萄叶	浙江	173	桐梓白皮红心	贵州
78	红菊花	江苏	126	文城金瓜薯	浙江	174	贵州紫红皮黄心	贵州
79	六十日	浙江	127	泰顺金瓜薯	浙江	175	松涛薯	福建
80	泰顺黄皮	浙江	128	大藤黄皮	浙江	176	红心海风尾	福建
81	金瓜薯	浙江	129	湖头本	福建	177	龙岩 70 日	福建
82	南田黄	浙江	130	电瓶薯	福建	178	黄薯	广东
83	黄心番	浙江	131	竖番番薯芋	福建	179	大头黄	福建
84	荸荠番	浙江	132	竹西本	福建	180	北蛟	福建
85	温岭红皮	浙江	133	猴毛红	福建	181	广园	福建
86	长藤白	浙江	134	脚筒种	福建	182	桔仔红	福建
87	铁丝薯	浙江	135	木冬瓜	福建	183	武平农家种 5	福建
88	杭州土种	浙江	136	铁丝薯	福建	184	黄红	广东
89	红毛	浙江	137	红心企	广西	185	大叶优质	广东
90	铁丝藤	浙江	138	过海薯	广西	186	五爪薯	广东
91	大藤番	浙江	139	红花心	广西	187	赤来薯	海南
92	雅潜黄皮	浙江	140	白尾梢	广西	188	八乡黄	海南
93	长藤红皮白心	浙江	141	南瓜薯	广西	189	金瓜黄	海南
94	红皮山芋	安徽	142	木瓜薯	广西	190	木冬	海南
95	小顶红芋	安徽	143	长藤	四川	191	六十日	海南
96	二红	安徽	144	洋红苕	四川	192	翼城丰收白	山西
97	宿县小花叶	安徽	145	乌尖苕	四川	193	夏县紫皮	山西
98	萧县小花叶	安徽	146	台湾碰	台湾	194	白尾梢	广西
99	连城黄心番薯	福建	147	南伏	福建	195	翼城红皮	山西
100	李村黄	山东	148	尚志 12	黑龙江	196	临猗红皮黄肉	山西
101	封丘内外红	河南	149	讷河 2	黑龙江	197	吉县紫茎	山西
102	大叶白	河南	150	讷河 4	黑龙江	198	清徐河西红薯	山西
103	粉红皮	河南	151	汤源 7	黑龙江	199	榆社红皮黄肉	山西
104	紫花头	河南	152	尚志 14	黑龙江	200	吉县粉皮	山西
105	红砂薯	湖北	153	肇源 15	黑龙江	201	浦县当地种	山西
106	四川薯	湖北	154	肇源 17	黑龙江	202	沁县黄心薯	山西
107	番瓜薯-1	湖北	155	蒙自洋红	云南	203	狗头本地薯	广西
108	春苕 2	湖北	156	勐腊紫红皮	云南	204	三十天	广西
109	红皮红心	湖北	157	勐腊红皮	云南	205	富川南瓜薯	广西
110	洋苕	湖北	158	腾冲本地种	云南	206	台湾薯	广西
111	绿茎黄心薯	湖南	159	斯纳小鸡脚	云南	207	称砣薯	广西
112	黄心薯	湖南	160	盈江红皮	云南	208	黄心薯 1	广西
113	大叶柳	广东	161	永胜斯纳	云南	209	四季薯	广西
114	大叶白	广东	162	福建红薯	福建	210	吃生薯	广西

表 1(续)

编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源地 Origin
211	十月薯	广西	242	湖光镇红皮	广东	273	红心软	广西
212	黄心薯 3	广西	243	5149	广东	274	甜芋薯	广西
213	海薯	广西	244	官井村	广东	275	姑娘薯	广西
214	黑藤薯	广西	245	徐 067715	江苏	276	松柏薯	广西
215	槟榔薯	广西	246	芭蕉薯	广西	277	五爪薯	广西
216	粉薯 2	广西	247	灌阳红薯	广西	278	南宁薯	广西
217	玻璃薯	广西	248	三江红薯 13	广西	279	钦南那丽	广西
218	白头六十薯	广西	249	红爪薯	广西	280	富川薯	广西
219	通红薯	广西	250	板岭薯	广西	281	黄心白薯	广西
220	红薯下蛋	广西	251	都安高产薯	广西	282	南瓜薯	广西
221	红皮白心薯	广西	252	无屋装	广西	283	马蹄叶薯	广西
222	甘薯	广西	253	红贵阳薯	广西	284	紫叶薯	广西
223	过山薯	广西	254	靖西优质种	广西	285	宾阳白薯	广西
224	南瓜薯	广西	255	假红姑娘	广西	286	上思怪味薯	广西
225	称砣薯	广西	256	面包薯	广西	287	黑节白	广西
226	淡红黄心薯	广西	257	红苹果	广西	288	乌鸦爪	广西
227	细叶红皮薯	广西	258	金瓜薯	广西	289	白皮冰糖薯	广西
228	襄汾红皮	山西	259	大白苕	贵州	290	都安粉薯	广西
229	甘肃 9502	甘肃	260	棒棒苕	贵州	291	红心企	广西
230	甘肃 9509	甘肃	261	冰淇淋	广东	292	乌骨	广西
231	陕西 9513	陕西	262	5145	广东	293	死不尽	广西
232	陕西 9514	陕西	263	洋青 1	广东	294	522533	贵州
233	陕西 9515	陕西	264	海南花	广东	295	523480	贵州
234	哈儿红苕	四川	265	海南红	广东	296	526417	贵州
235	黄皮紫肉薯	广东	266	黑骨薯	广西	297	523307	贵州
236	石灰贡	广东	267	那梭黄肉薯	广西	298	523474	贵州
237	锦莲薯	广东	268	白姑娘	广西	299	522357	贵州
238	珠海薯	广东	269	白骨红姑娘	广西	300	526416	贵州
239	四季红	广东	270	本地紫色薯	广西	301	524435	贵州
240	51410(紫红皮)	广东	271	糯米薯	广西	302	523306	贵州
241	海大齿叶	广东	272	五色薯	广西	303	526480	贵州

1.2 DNA 提取及 SSR 扩增

采集甘薯嫩叶放入 -80°C 的冰箱保存,用液氮研磨成粉末,参照李强等^[12]的方法,采用改良的 CTAB 法提取甘薯叶片的总 DNA。用 NanoDrop 分光光度计测量 DNA 的浓度和纯度,并将 DNA 稀释到 $50\text{ ng}/\mu\text{L}$ 。PCR 反应体系为 $20\ \mu\text{L}$,包括 $2\times\text{Taq MasterMix } 8\ \mu\text{L}$, $50\text{ ng}/\mu\text{L}$ DNA $1\ \mu\text{L}$, $10\ \mu\text{mol}$ 正反向引物各 $0.5\ \mu\text{L}$,加 ddH_2O 到 $20\ \mu\text{L}$ 。PCR 反应条件为 94°C 预变性 $5\ \text{min}$, 94°C 变性 $30\ \text{s}$, $55\sim 57^{\circ}\text{C}$ 退火 $30\ \text{s}$, 72°C 延伸 $1\ \text{min}$, 35 个循环; 72°C 继续延伸 $5\ \text{min}$, 4°C 保存;扩增产物用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染检测。30 对 SSR 引物序列信息来自中国农业大学^[13],引物全部由上海生工有限

公司合成(表 2)。

1.3 数据统计与分析

观察聚丙烯酰胺凝胶电泳结果,记录每个样品在每个引物位点上条带的有无,同一迁移位置有带的记为 1,无带的记为 0,缺失的记为 9。用 NTSYS-PC 2.10 软件计算品种间的 Nei72 遗传距离矩阵,然后将遗传距离矩阵导入 MEGA6.06 软件,采用 NJ 法进行聚类分析,并用在线绘图软件 iTOL (interactive tree of life)^[14]绘制。用 STRUCTURE 2.3.4 数据处理软件对 303 份材料进行群体结构分析,采用的数据模型为混合模型。设置群体数 K 值为 $2\sim 10$,每个参数运行 10 次,每次运行的 burn-in time 设置为 50000,重复次数为 10000。

表 2 30 对引物信息及其扩增结果

Table 2 The 30 primer pairs nucleotide sequences and amplification results

引物编号 Primers	前引物 Forward primer sequence	后引物 Reverse primer sequence	退火温度(℃) T _m	多态位点数 Polymorphic loci
C22	CCATTCCTCCATCGTTTCA	GGTCCCAACAGCTCAAATA	55.8	8
C24	GCACTCAAACCAGGGATCAT	TCCCACAGTTCTGACCATCA	57.8	1
C27	GAATCACAGCAAGCAACTAAGAGA	AGAAAACCCCGACGATCTTT	58.6	4
C30	GGCTTACGAGGTTGTTCCAA	ATAGTCGTCTTCGCCCTCAA	55.8	8
C32	GACCTGCGAATCGAAATCTT	CTTGACTTCCTCTGCCCTTG	57.8	3
C33	GCTTATATTGCCCATGGTT	TTGCCTCCAGAGCGTTATCT	55.8	3
C36	ATGGATTCCAAGAGCACCAG	TGTAGGGCACTTCCCTTTTG	57.8	2
C48	ATCCACTTCCGTTTCATCCAC	CGCAAATCCCAGGTCTTTTA	57.8	10
C5	GTGCCATCTGATCACCCAAT	TCCCAGGTGGTTAGGCATAC	59.8	12
C51	GAGGACTTCTCCGACCAGTG	ACCAGATCCGTGTTCTCTCTC	59.9	7
C52	CCAACAGGACTTCCGGTGTCT	ATAGTCGTCTTCGCCCTCAA	58.8	12
C53	ACCAGGCTTTTGTCTCTT	AGACTGCAGCATGGCTTCTT	57.8	5
C55	TACGCCTATCATCCACGTCA	CCTCTGGCAAGCACTTCATT	57.8	11
C56	CCACCTAAGACTGAAGAAGAAA	GCAAAGCAAACAAGCAAAA	58.8	7
C58	TTGTACCATTCCGTGATCCA	ATAGCCAAGCCTCGGGAAT	55.8	8
C59	CCCGTGATCAACATCCTCTT	AGACTGCAGCATGGCTTCTT	57.8	4
C6	ATGGATTCCAAGAGCACCAG	AGACTGCAGCATGGCTTCTT	57.8	9
C60	ATGGCGCCAATCTCTCTCTA	GATGAGTTGAGTTGCCCTGA	57.8	9
C66	ATGGATTCCAAGAGCACCAG	GAGCAGCCCATTCAGAACAT	57.8	9
C67	GGGCTTTCGCTCTCTTTCTT	CCTTTGGAACCTTCTTGCTG	57.8	5
C71	CCCCATGTTTAGGATGGATG	AAACAAAACAAGTTAGGATGGA	55.0	6
Z113	CTGTGCCCTTGACTTTGTTGG	CCTTGGCTTGAGCTAACCTCT	57.0	6
Z135	CGAGTTGGTTTTGAGGAACC	GAGTGTGCGTTGCGTTTATTT	57.0	11
Z25	AGCAGTTTCCCATATCCAG	CACCGTTTGAATCAGCAAA	55.7	14
Z37	GGCGACTGTAATGTGGTGAA	CGGGAGGTATCTTGGATTGA	58.7	11
Z57	AGCTGAGTGGAGGTGGAAGA	ATAATTGCTGTGGGGCTGTT	55.8	3
Z69	AATTTTCGGCTCTTCGAGTG	CGCCGTTGATCTTGATGAGT	57.8	3
Z71	AAGAGAAGGATGGGGAATGC	GCGAAGGGAATTAACAGACA	55.0	5
Z91	CACCAAGAAACGAAGCAGAA	CAAGTTTATTGTTGACATGGAGA	55.0	3
ZY5	TCGTCACCTTCTCTCTCTG	GCTCTCCTCCATCTCTTCTG	58.8	2

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性分析

采用 30 对具有明显多态性的引物对 303 份材料基因组 DNA 进行扩增,共扩增出 203 条多态性条带,每对引物的扩增范围为 1~14 条谱带,平均每对引物获得 6.77 条多态性条带。其中引物 Z25 获得的多态性条带最多,为 14 条;C24 获得的多态性条带最少,为 1 条(表 2)。

2.2 303 份种质聚类分析

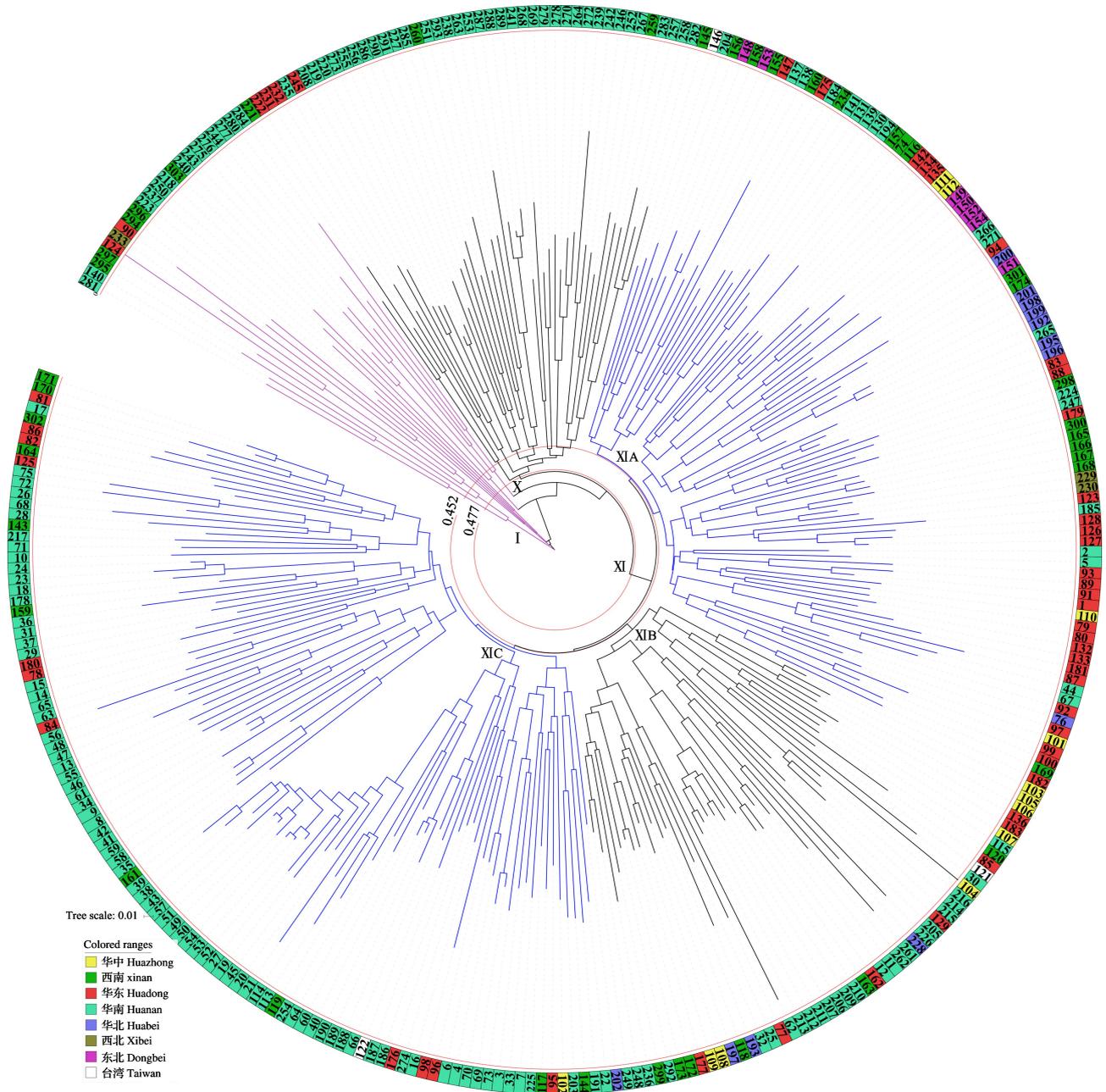
2.2.1 遗传距离分析 经过对 0-1 矩阵数据分析,303 份地方种材料的遗传距离为 0.028~0.947,平

均遗传距离为 0.564。为了揭示中国各省(地区)地方种之间的差异,省(地区)级之间遗传距离计算结果见表 3。从表 3 可以看出,陕西地方种与黑龙江地方种间遗传距离最大为 0.666,同时与其他省地方种间遗传距离也较大。海南与台湾地方种遗传距离最小为 0.362,同质性较大,这一结果可能是由于两省同为岛屿、环境相似、种质来源相似等原因造成。

2.2.2 聚类分析 在遗传距离 0.477 处,303 份材料可以分成 11 个类群(图 1)。其中类群 I~IX 遗传多样性丰富,与其他群体遗传距离较远。在遗传距离为 0.452 处可将第 XI 类群又分为 XIA、XIB、XIC

表3 各省(地区)地方种之间的遗传距离
Table 3 Genetic distance of sweetpotato landraces in different provinces

	福建 Fujian	广东 Guang dong	河北 Hebei	江苏 Jiangsu	浙江 Zhejiang	安徽 Anhui	山东 Shandong	河南 Henan	湖北 Hubei	湖南 Hunan	四川 Sichuan	台湾 Taiwan	广西 Guangxi	黑龙江 Heilong jiang	云南 Yunnan	贵州 Guizhou	海南 Hainan	山西 Shanxi	甘肃 Gansu	陕西 Shaanxi
福建																				
广东	0.538																			
河北	0.491	0.512																		
江苏	0.555	0.581	0.557																	
浙江	0.529	0.587	0.505	0.595																
安徽	0.488	0.544	0.409	0.542	0.522															
山东	0.457	0.535	0.387	0.554	0.505	0.409														
河南	0.508	0.596	0.553	0.577	0.587	0.469	0.463													
湖北	0.433	0.537	0.490	0.533	0.540	0.451	0.474	0.409												
湖南	0.476	0.577	0.545	0.524	0.547	0.465	0.528	0.474	0.439											
四川	0.478	0.532	0.522	0.569	0.569	0.485	0.514	0.528	0.451	0.502										
台湾	0.457	0.517	0.438	0.586	0.532	0.465	0.430	0.539	0.476	0.526	0.464									
广西	0.520	0.564	0.547	0.581	0.584	0.540	0.544	0.579	0.515	0.561	0.534	0.513								
黑龙江	0.514	0.583	0.540	0.558	0.583	0.471	0.569	0.555	0.478	0.484	0.491	0.492	0.572							
云南	0.461	0.527	0.475	0.544	0.541	0.493	0.472	0.547	0.460	0.496	0.470	0.456	0.515	0.478						
贵州	0.523	0.594	0.547	0.599	0.566	0.538	0.554	0.591	0.539	0.543	0.555	0.531	0.559	0.571	0.529					
海南	0.482	0.517	0.449	0.557	0.543	0.488	0.48	0.566	0.474	0.514	0.487	0.362	0.544	0.542	0.492	0.541				
山西	0.462	0.532	0.512	0.536	0.524	0.444	0.497	0.483	0.439	0.441	0.461	0.456	0.512	0.480	0.467	0.526	0.472			
甘肃	0.452	0.524	0.459	0.574	0.513	0.444	0.470	0.529	0.481	0.502	0.468	0.403	0.451	0.500	0.445	0.481	0.449	0.446		
陕西	0.605	0.651	0.594	0.640	0.646	0.610	0.610	0.638	0.608	0.556	0.606	0.571	0.572	0.666	0.590	0.602	0.592	0.582	0.488	



不同分枝颜色顺时针对应类群分类 I ~ XI C

Clockwise clade colors correspond to I ~ XI C groups

图 1 303 份地方种基于 SSR 遗传距离的 NJ 聚类图

Fig. 1 Cluster of 303 landraces based on SSR Neighbor-Joining clustering method

3 个亚群,每个类群的组成见表 4。从表 4 可以得出,每个类群中地方种的数量不同,地方种并没有按来源地划分为相应的类群。而从图 1 中可以看到,来自华南地区的地方种主要聚集在类群 X、XI C 中,华北地区的地方种主要集中在类群 XI A 中,推测不同地区地方种有趋同进化的趋势。在聚类图中可知,第 XI A 类群省份组成最为复杂,说明此类群地区差异较小。而类群 I ~ IX 中地方种与其他类群遗传距离最远,在品种改良过程中可以考虑采用该类群

品种作为亲本材料。

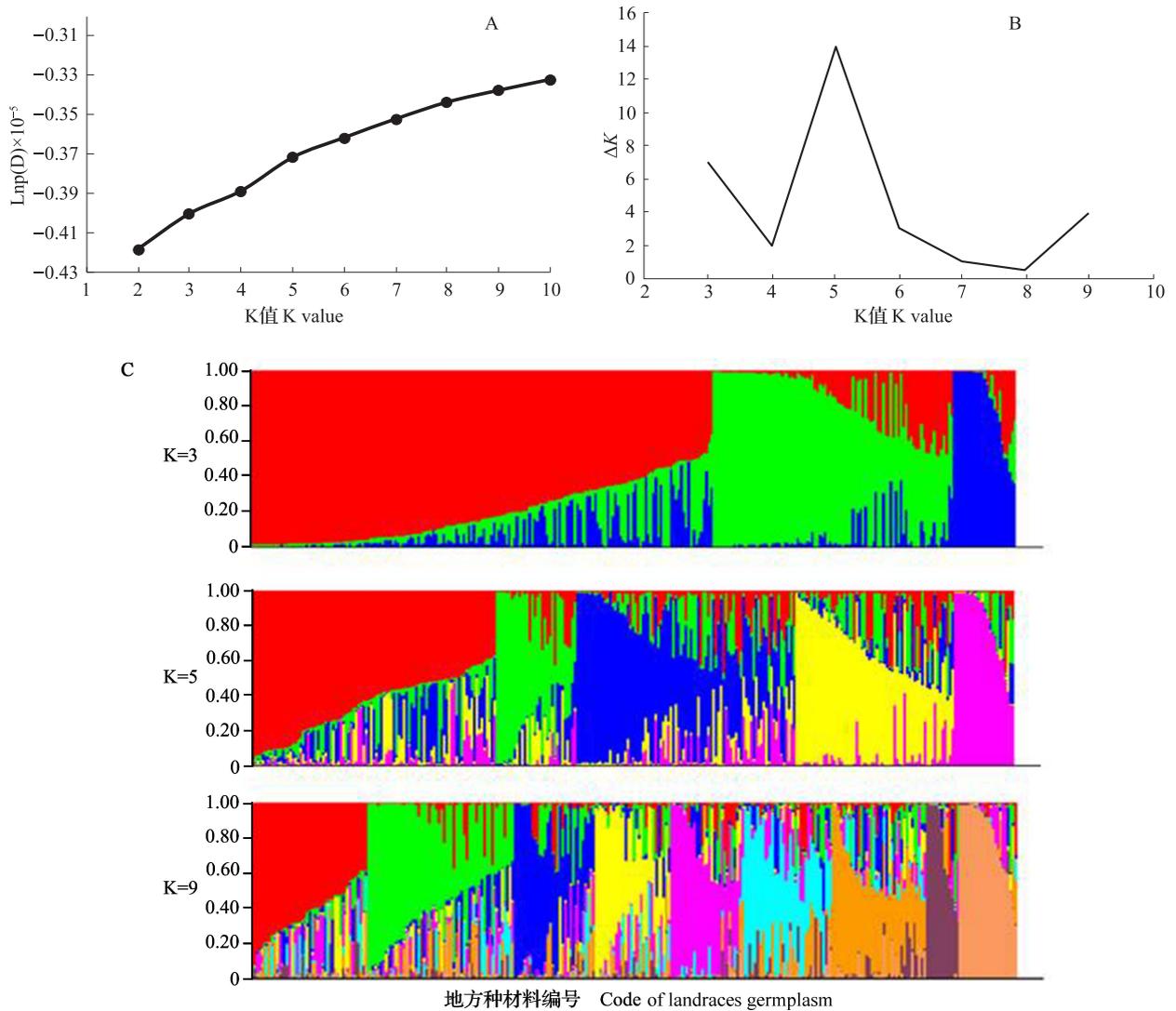
2.3 群体结构分析

基于 SSR 分子标记数据对 303 份甘薯材料进行群体结构分析,设置分析群体数 K 为 1 ~ 10,重复 10 次。根据得到的结果(图 2A),随着 K 值的增加,Lnp(D)一直上升,无明显拐点。因此,根据 G. Evanno 等^[15]的方法,用 ΔK 来确定 K 值,当 K = 5 时, ΔK 取得最大值(图 2B)。所以,可以将 303 份材料划分为 5 个群体。不同来源地的材料在群体中均有分布,

表 4 类群划分后 303 份甘薯地方种质资源的地理分布

Table 4 Groups regional distribution of 303 sweetpotato landraces germplasm

类群 Group	来源 Origin
I ~ IX	22 份; I: 广西 2 份, 贵州 1 份; II: 浙江 2 份, 贵州 3 份, 陕西 1 份; III: 广西 1 份; IV: 广东 1 份; V: 广西 1 份; VI: 广西 1 份; VII: 贵州 1 份; VIII: 广西 3 份, 广东 1 份; IX: 广西 3 份, 广东 1 份
X	44 份; 广西 32 份, 贵州 2 份, 广东 7 份, 江苏 1 份, 陕西 2 份
XIA	87 份; 广西 11 份, 福建 13 份, 贵州 9 份, 山东 1 份, 河南 1 份, 湖北 1 份, 山西 7 份, 云南 5 份, 四川 3 份, 台湾 1 份, 湖南 2 份, 浙江 13 份, 安徽 2 份, 河北 1 份, 广东 8 份, 甘肃 2 份, 黑龙江 7 份
XIB	49 份; 广西 15 份, 广东 10 份, 河南 2 份, 浙江 1 份, 台湾 1 份, 福建 5 份, 湖北 5 份, 贵州 4 份, 山西 3 份, 江苏 1 份, 四川 2 份
XIC	101 份; 广东 66 份, 海南 5 份, 四川 4 份, 广西 6 份, 山西 1 份, 安徽 3 份, 河南 1 份, 台湾 1 份, 福建 2 份, 浙江 5 份, 江苏 1 份, 贵州 4 份, 云南 2 份



A: 随着 K 值的增加 Ln p(D) 值的变化趋势; B: 群体结构 K 值曲线; C: 303 份甘薯地方种质资源基于模型的遗传结构图

A: Ln p(D) value change trend with the increase of K value, B: K value curve diagram of genetic structure, C: Population structure of 303 sweetpotato

图 2 303 份甘薯地方种质资源遗传结构分析

Fig. 2 Analysis on genetic structure of 303 sweetpotato landraces germplasm

未表现出明显的区域分化,且群体结构分析结果与 SSR 遗传多样性聚类结果一致。根据计算出来的各个群体中的 Q 值分布,当某一材料在某群体中的 $Q \geq 0.6$ 时,认为该材料血缘比较单一,本试验中有 233 份材料 $Q \geq 0.6$,说明大部分材料的血缘相对单一; $Q < 0.6$ 则认为该材料拥有混合来源^[16],303 份材料中拥有混合来源的材料占比为 23.1%。当 $K=5$ 时红色群体主要聚集在类群 XI A 中,而类群 XI A 来源地非常复杂说明该群体为我国地方种的代表性种质;绿色群体集中分布在类群 I ~ IX 中;蓝色群体对应类群 XI B;黄色群体主要对应类群 X,结合表 4 可知该群体主要以广西地方种为主,属于特殊基因群;粉红色群体主要对应类群 XI C,而这部分材料主要集中在华南和台湾地区,从 $K=3$ 、 $K=5$ 、 $K=9$ 中均可以看出此群体成分具有的独特性,值得进一步深入研究。

3 讨论

本研究中地方种间的平均遗传距离为 0.564,与前人研究结果^[2,11,17-19]相比,遗传多样性更为丰富。这可能是由于本研究的地方种来源地跨度大、分布广。其中,类群 XI A 来源地最为丰富,结合表 4 也得到了聚类结果和地理来源没有明显的关系^[20-21]。产生这种结果的原因可能是甘薯在种植过程中,人为引种、交换种植等造成某些省份地方种同质性加大。通过对不同区间遗传距离的分析,发现陕西和黑龙江之间的遗传距离最远,海南和台湾之间的遗传距离最近等,这将为我国不同地区的育种单位选择亲本提供参考。本试验中,来源于华南地区地方种有 174 份,而来源于其他地区的地方种合计为 129 份,表明我国华南地区甘薯遗传多样性丰富。从整个试管苗库(或资源圃)的来源地看,甘薯地方种呈现出南多北少的显著差异,可能与南方地区为我国甘薯最早引进区域和次级分化中心有关。因此在新品种选育过程中可适当引入遗传多样性丰富的华南地区地方种作亲本。

参考文献

- [1] 张鹏.我国薯类基础研究的动态与展望[J].生物技术通报,2015,31(4):65-71
- [2] 贺学勤.中国甘薯地方品种的遗传多样性分析[D].北京:中国农业大学,2004:69-72

- [3] Zawedde B M, Ghislain M, Magembe E. Characterization of the genetic diversity of Uganda's sweet potato (*Ipomoea batatas*) germplasm using microsatellites markers[J]. Genet Resour Crop Ev, 2015, 62(4):501-513
- [4] Zhang D P, Rossel G, Krieger A, et al. AFLP assessment of diversity in sweetpotato from Latin America and the Pacific region: Its implications on the dispersal of the crop[J]. Genet Resour Crop Ev, 2004, 51(2):115-120
- [5] 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(3):165-173
- [6] Jarret R L, Gowel N, Whittmore A. Phylogenetic relationships of the sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.][J]. J Am Soc Hortic Sci, 1992, 117(4):633-637
- [7] Zhang D P, Carbajulca D, Ojeda L, et al. Microsatellite analysis of genetic diversity in sweetpotato varieties from Latin America[J]. CIP Program Report, 1999, 1(1):295-301
- [8] Jarret R L, Bowen N. Simple Sequence Repeats (SSRs) for sweetpotato germplasm characterization [J]. Plant Genet Resour-C, 1994, 1(100):9-11
- [9] Veasey E A, Borges A, Rosa M S, et al. Genetic diversity in Brazilian sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam., Solanales, Convolvulaceae) landraces assessed with microsatellite markers [J]. Genet Mol Biol, 2008, 31(3):725-733
- [10] 张超凡, 黄艳岚, 周虹, 等. 湖南甘薯品种遗传多样性的 SSR 分析[J]. 湖南农业科学, 2011, (21): 1-2, 12
- [11] 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
- [12] 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
- [13] Zhao N, Yu X X, Jie Q, et al. A genetic linkage map based on AFLP and SSR markers and mapping of QTL for dry-matter content in sweetpotato[J]. Mol Breeding, 2013, 32(4):807-820
- [14] Letunic I, Bork P. Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees[J]. Nucleic Acids Res, 2016, 8(44):W242-W245
- [15] 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
- [16] 吴承来, 张倩倩, 董炳雪, 等. 我国部分玉米自交系遗传关系和遗传结构解析[J]. 作物学报, 2010, 36(11): 1820-1831
- [17] 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
- [18] Hwang S Y, Yu T T, Lo H F. Application of simple sequence repeats in determining the genetic relationships of cultivars used in sweetpotato polycross breeding in Taiwan[J]. Sci Hortic-Amsterdam, 2002, 93(3):215-224
- [19] 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
- [20] Elameen A, Larsen A, Klemsdal S S, et al. Phenotypic diversity of plant morphological and root descriptor traits within a sweet potato, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., germplasm collection from Tanzania[J]. Genet Resour Crop Ev, 2011, 58(3):397-407
- [21] Yada B, Tukamuhabwa P, Wanjala B, et al. Characterization of Ugandan sweetpotato germplasm using fluorescent labeled simple sequence repeat markers [J]. HortScience, 2010, 45(2):225-230