

甘薯品种的 SRAP 遗传多样性分析

郝玉民^{1,2}, 郭兰³, 韩延闯¹, 刁英^{1,4}, 杨新笋^{2*}, 胡中立^{1*}

(1. 武汉大学生命科学院 植物发育生物学教育部重点实验室, 武汉 430072; 2. 湖北省农业科学院粮食作物研究所, 武汉 430064; 3. 湖北省农业厅, 武汉 430070; 4. 重庆文理学院生命科学系, 重庆永川 400068)

摘要: 利用分子标记 SRAP 技术, 对 36 个甘薯品种进行了 DNA 多态性分析。选取 6 对引物扩增甘薯基因组 DNA, 共获得 112 条带, 其中 110 条为多态性条带, 平均每对引物提供 18 个标记信息。由 UPMGA 方法得到的聚类分析结果表明了 36 个品种间的遗传关系。相似系数在 0.62~0.92 之间, 品种间有较高的遗传相似性; 在聚类树中, 亚洲品种和美洲品种之间没有明显的遗传分化, 表明甘薯品种间没有明显的地理差异; 近缘野生种与育成品种聚在一起, 没有明显的遗传分化, 这意味着它们之间有较高的遗传相似性; 中国育成品种聚在一起, 表明它们之间的遗传相似性很高。

关键词: 遗传相似性; 分子标记; 多态性; 相似系数; SRAP 标记; 甘薯

中图分类号: Q943

文献标识码: A

文章编号: 1000-470X(2007)04-0406-04

Genetic Diversity Analysis of Sweet Potato Based on SRAP Markers

HAO Yu-Min^{1,2}, GUO Lan³, HAN Yan-Chuang¹, DIAO Ying^{1,4}, YANG Xin-Sun^{2*}, HU Zhong-Li^{1*}

(1. Key Laboratory of the Ministry of Education for Plant Developmental Biology, Wuhan University, Wuhan 430072, China; 2. Food Crops Research Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China; 3. Agricultural Department of Hubei Province, Wuhan 430070, China; 4. Department of Life Sciences, Chongqing University of Arts and Sciences, Yongchuan, Chongqing 400068, China)

Abstract: A molecular marker SRAP (sequence-related amplified polymorphism) was used to detect DNA polymorphism among the 36 sweet potato (*Ipomoea batatas*) accessions from different regions. Six pairs of primers with polymorphism among 36 accessions were used to amplify the genomic DNA. A total of 112 polymorphic bands were generated, 110 of them were polymorphic bands, with an average of 18 maker bands per pair of primers. The dendrogram generated by UPMGA showed the genetic relationship among 36 accessions. The genetic similarity among 36 accessions varied from 0.62 to 0.92. In the dendrogram, there was no obvious genetic diversity between Asian accessions and American accessions, indicating that there was not geographic differentiation in sweet potato. Wild relative *I. trifida* (6×) clustered together with other sweet potato cultivars without distinct genetic differentiation, which suggested there was high genetic coefficient between them. And there was high genetic similarity among Chinese cultivars because they clustered together.

Key words: Genetic similarity; Molecular marker; Polymorphism; Similarity coefficient; SRAP; Sweet potato (*Ipomoea batatas*)

甘薯 (*Ipomoea batatas*) 起源于南美洲的秘鲁、厄瓜多尔、墨西哥一带, 在中国有 400 多年的栽培史^[1,2], 是我国重要的粮食作物。从 20 世纪五六十年代以来, 我国已经育成多个甘薯品种, 并进行了大面积种植。但其中近 94% 品种具有‘南苕瑞’和‘胜利百号’的血缘^[3], 狭窄的遗传基础造成品种遗传多样性减低, 选育突破性的新品种相当困难。

甘薯育种中特别重视优良亲本的培育, 20 世纪

60 年代末又开展了种间杂交育种^[1]。本研究中所采用的材料包括一些在我国广泛种植的优良品种和野薯品种, 分析它们之间的亲缘关系和多样性, 有助于优良亲本的选择和辅助育种。

SRAP 标记 (sequence-related amplified polymorphism, SRAP) 是一种新型的基于 PCR 的标记系统, 由美国加州大学 Li 与 Quiros 博士于 2001 年提出^[4], 该标记具有简便、稳定、产率高、便于克隆目标片段

收稿日期: 2007-01-24, 修回日期: 2007-03-29。

基金项目: 湖北省科技攻关重点项目 (2006AA201B20) 资助。

作者简介: 郝玉民 (1982-), 男, 硕士研究生, 主要从事植物遗传学、植物资源生物学与生物技术研究。

* 通讯作者 (Author for correspondence. E-mail: yangxins67@yahoo.com.cn; huzhongli@whu.edu.cn)。