

王晓民,胡晓丽,许爱玲,等.基于ISSR分子标记的山药种质资源遗传多样性分析[J].山西农业科学,2026,54(2):27-34.

WANG X M, HU X L, XU A L, et al. Genetic diversity analysis of yam germplasm resources based on ISSR molecular markers[J].

Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2026, 54(2):27-34.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2026.02.04

基于ISSR分子标记的山药种质资源遗传多样性分析

王晓民,胡晓丽,许爱玲,韩丽丽,关望辉,张鹏飞,上官晓霞,杨琴丽

(山西农业大学 棉花研究所,山西 运城 044000)

摘要:为明确山药种质资源的遗传多样性并指导品种选育,利用简单重复序列间扩增(ISSR)分子标记技术对34份山药种质的Nei's基因多样性指数(H)、Shannon信息指数(I)、有效等位基因数(Ne)等遗传多样性指标进行了分析,并进一步开展了群体结构分析、聚类分析和主成分分析。结果显示,34份山药材料共检测出109条多态性条带,多态率为95.94%,有效等位基因数为1.4305,Nei's基因多样性指数为0.2670,Shannon指数为0.4173,表明这些山药种质具有较高的分子多态性。群体结构分析结果显示,34份种质材料中存在4个基因库,其中,基因库1和基因库2为优势来源,基因组成占比分别为47.06%和29.41%。聚类分析结果显示,34份山药材料遗传相似系数(GS)为0.54~0.91,其中,GS为0.64时,34份山药种质聚为4大类。主成分分析结果显示,34份山药材料被分为4个相互独立的类群,群体分布较分散,不同群体间无明显重叠现象,表明山药种质资源遗传结构清晰,群体间存在显著的遗传差异。

关键词:山药;种质资源;ISSR;群体结构分析;主成分分析;聚类分析;遗传多样性分析

中图分类号:S632.1 文献标识码:A 文章编号:1002-2481(2026)02-0027-08

Genetic Diversity Analysis of Yam Germplasm Resources based on ISSR Molecular Markers

WANG Xiaomin, HU Xiaoli, XU Ailing, HAN Lili, GUAN Wanghui,
ZHANG Pengfei, SHANGGUAN Xiaoxia, YANG Qinli

(Institute of Cotton, Shanxi Agricultural University, Yuncheng 044000, China)

Abstract: To clarify the genetic diversity of yam(*Dioscorea opposita* Thunb.) germplasm resources and guide variety selection, in this study, the genetic diversity(including Nei's gene diversity index H, Shannon information index I, and effective allele number Ne) of 34 yam germplasms was analyzed using Inter Simple Sequence Repeat(ISSR) molecular marker technology. Further, population structure analysis, cluster analysis, and principal component analysis were conducted. The results showed that a total of 109 polymorphic bands were detected in 34 yam materials, with a polymorphism rate of 95.94%, effective allele number was 1.4305, Nei's gene diversity index was 0.2670, and Shannon index was 0.4173. These results indicated that the yam materials had a high level of molecular polymorphism. Population structure analysis revealed that there were 4 gene pools among the 34 materials, with gene pool 1 and 2 being the dominant sources, accounting for 47.06% and 29.41% respectively. The results of cluster analysis revealed that the genetic similarity coefficients of 34 yam materials ranged from 0.54 to 0.91, and when GS was 0.64, 34 yam germplasms were clustered into four major groups. Principal component analysis revealed that the 34 yam materials were divided into four independent groups with a relatively dispersed population distribution and no obvious overlap among different groups. This indicated a clear genetic structure of the tested materials and significant genetic differences between populations.

Keywords: yam(*Dioscorea opposita* Thunb.); germplasm resource; ISSR; group structure analysis; principal component analysis; cluster analysis; genetic diversity analysis

收稿日期:2025-04-16

基金项目:国家中药材产业技术体系山药运城综合试验站项目(CARS-21);运城市科技计划(YCKJ-2023014)

作者简介:王晓民,副研究员,硕士,主要从事中药材育种及栽培研究,E-mail:mhswxm@163.com

通信作者:胡晓丽,副研究员,硕士,主要从事中药材遗传育种研究,E-mail:huxiaoli209@126.com

山药(*Dioscorea opposita* Thunb.)是我国重要的药食同源作物,具有丰富的营养价值和药用功效^[1-3]。其块茎富含蛋白质、淀粉、氨基酸、维生素以及多种矿物质,包括铁、锌和铜^[4]。山药因其突出的营养和药用价值,是我国重要的出口创汇农产品,被中国卫生部列于其发布的食品和药品名录前列。在传统中医理论中,山药具有健脾养胃、促进消化、补肾益精、润肺止咳、辅助降糖等多种功效^[5]。我国山药种质资源丰富,几乎在全国所有省份均有种植,区域差异显著,形成了众多地方品种。然而,近年来因跨地区引种导致品种名称混乱,给品种的引种、保护与遗传改良带来不利影响,而遗传多样性是育种的基础。因此,评估山药的遗传多样性对于种质管理、保护和新品种选育至关重要^[6-8]。

自 20 世纪 90 年代起,分子标记技术的发展为山药遗传学研究提供了新的手段^[9-10]。目前,多种分子标记已被广泛应用于评估山药的遗传多样性研究中^[3,11-14]。其中,ISSR 有着处理简单、成本低、多态性高、稳定性高等特点,已被广泛用于多种植物的遗传多样性研究,例如小麦、灵芝、藏红花、南瓜、茶薪菇等^[15-19]。目前已有一些研究利用分子标记技术对山药种质材料进行遗传多样性研究。蔡

锦玲等^[11]利用 RAPD 标记对 7 份德化淮山材料进行分析,验证了分子标记结果与传统分类方法的一致性,但未涵盖北方地区的种质资源。陈阳等^[13]利用 ISSR 标记技术对 44 份山药种质资源进行了评估,发现这些种质材料可以分为 4 个类群,在遗传距离 0.561 8 处可划分为 5 类,其中,薯蓣和褐苞薯蓣的亲缘关系最近。然而,用于进行山药遗传多样性分析的分子标记引物筛选效率较低和多态性存在不足,且样本主要集中于长江流域,未能全面反映我国山药种质资源的遗传全貌。

为解决山药种质鉴定标准不统一、品种混杂缺乏分子证据等产业痛点,本研究通过优化 ISSR 引物筛选流程,对涵盖我国 7 个主要产区的 34 份核心种质进行了多维度分析,旨在为建立全国统一的山药品种鉴定标准提供分子依据,进而指导山药新品种选育。

1 材料和方法

1.1 试验材料

34 份山药种质材料均来自山西农业大学棉花研究所南花试验基地(表 1)。于 2023 年 7 月采集了 34 份山药材料幼嫩叶子,置于 -80 °C 冰箱中保存备用。

表 1 供试山药材料编号及来源

Tab.1 Codes and sources of tested yam materials

编号 Number	山药材料 Yam materials	来源 Source	编号 Number	山药材料 Yam materials	来源 Source
3	山东菏泽山药(<i>D. opposita</i> Shandongheze)	山东省菏泽市	55	河南野地山药(<i>D. opposita</i> Henanyedi)	河南省三门峡市
6	山东莘县山药(<i>D. opposita</i> Shandongshenxian)	山东省聊城市	57	鸡皮山药(<i>D. opposita</i> Jipi)	河南省焦作市
11	新城细毛山药(<i>D. opposita</i> Xinchengximao)	山东省淄博市	58	2018 加倍(<i>D. opposita</i> 2018jiabei)	山西省汾阳市
12	江苏丰县山药(<i>D. opposita</i> Jiangsufengxian)	江苏省徐州市	59	团城山药(<i>D. opposita</i> Tuancheng)	山西省长治市
13	江西吉安山药(<i>D. opposita</i> Jiangxijian)	江西省吉安市	61	闻喜山药(<i>D. opposita</i> Wenxi)	山西省运城市
14	镇平优选山药(<i>D. opposita</i> Zhenpingyouxuan)	河南省南阳市	62	垆土铁棍(<i>D. opposita</i> Hututiegun)	河南省焦作市
23	太谷地方种 1(<i>D. opposita</i> Taigu-1)	山西省晋中市	64	山东白玉山药(<i>D. opposita</i> Shandongbaiyu)	山东省菏泽市
25	孝义仁顺山药(<i>D. opposita</i> Xiaoyirenshun)	山西省吕梁市	77	紫药 2(<i>D. opposita</i> Ziyao-2)	山西省临汾市
34	平遥岳北山药(<i>D. opposita</i> Pingyaoyuebei)	山西省晋中市	80	山东细毛山药(<i>D. opposita</i> Shandongximao)	山东省菏泽市
39	铁棍山药 1(<i>D. opposita</i> Tiegun-1)	山西省运城市	81	汾阳山药(<i>D. opposita</i> Fenyang)	山西省汾阳市
40	铁棍山药 2(<i>D. opposita</i> Tiegun-2)	山西省运城市	82	日本白玉山药(<i>D. opposita</i> Japanesebaiyu)	河南省焦作市
41	铁棍山药 3(<i>D. opposita</i> Tiegun-3)	山西省运城市	83	河北麻山药 1(<i>D. opposita</i> Hebeima-1)	河北省保定市
42	铁棍山药 4(<i>D. opposita</i> Tiegun-4)	山西省运城市	84	双棒山药(<i>D. opposita</i> Shuangbang)	河北省保定市
43	牛腿山药(<i>D. opposita</i> Niutui)	云南省曲靖市	85	15-8-4(<i>D. opposita</i> 15-8-4)	山西省汾阳市
46	太谷地方种 2(<i>D. opposita</i> Taigu-2)	山西省晋中市	87	黄皮山药(<i>D. opposita</i> Huangpi)	河北省保定市
47	太谷地方种 3(<i>D. opposita</i> Taigu-3)	山西省晋中市	88	江西山药(<i>D. opposita</i> Jiangxi)	江西省瑞昌市
51	太谷地方种 4(<i>D. opposita</i> Taigu-4)	山西省晋中市	89	紫药 1(<i>D. opposita</i> Ziyao-1)	山西省临汾市

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 34 份山药种质材料的总 DNA

的提取是按照 TIANGEN 植物基因组 DNA 提取试剂盒(型号:DP432)说明书进行的。DNA 提取完

成后,使用 ND 2000 光谱仪(NanoDrop Technologies, Wilmington, USA)测定 DNA 的浓度和纯度。

1.2.2 PCR 扩增 以山东菏泽山药基因组总 DNA 为模板进行 PCR 反应,筛选出 13 条能扩增出清晰稳定条带的引物(表 2)。PCR 反应体系为 2 μ L 1 \times PCR Buffer、20 ng DNA 模板、2.5 mmol/L

MgCl₂、1.5 U *Taq* DNA 聚合酶、0.4 μ mol/L 引物, 0.4 mmol/L dNTP, ddH₂O 补足至 20 μ L。将扩增好的 PCR 产物进行 3% 琼脂糖凝胶电泳检测:取 2 μ L PCR 产物与 6 μ L 溴酚蓝上样缓冲液混合, 300 V 电压电泳 12 min, 根据凝胶电泳胶图确定引物是否具有多态性。

表 2 13 条 ISSR 引物编号及序列
Tab.2 13 ISSR primer numbers and sequences

引物编号 Primer number	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	引物编号 Primer number	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')
ISSR-1	TGTGTGTGTGTGTGTGGC	ISSR-835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC
ISSR-2	TGTGTGTGTGTGTGTGGA	ISSR-841	GAGAGAGAGAGAGAGAYC
ISSR-3	GAGAGAGAGAGAGAGAKT	ISSR-845	CTCTCTCTCTCTCTRG
ISSR-4	CACACACACACACART	ISSR-853	TCTCTCTCTCTCTCRT
ISSR-6	ACACACACACACACKT	ISSR-857	ACACACACACACACYG
ISSR-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	ISSR-867	GGCGGCGGCGGCGGC
ISSR-809	AGAGAGAGAGAGAGAGG		

1.3 统计分析

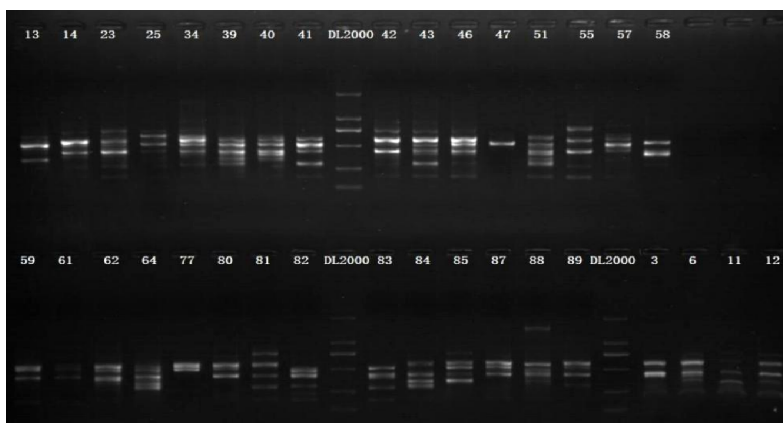
利用 0、1 矩阵的方式构建 ISSR 数据库。采用 GenAlEx (Genetic Analysis in Excel) 6.5 软件和 Popgen 32 软件分别计算 ISSR 位点的 Nei's 基因多样性指数(H)、Shannon 指数(I)、有效等位基因数(Ne)遗传多样性指标。群体遗传结构分析采用基于贝叶斯模型的 STRUCTURE 软件进行,将检测到的多态性位点数据格式化后,导入 STRUCTURE 软件,采用马尔科夫链蒙特卡罗(Markov Chain Monte Carlo, MCMC)方法进行分析,预设群体分组数(K),并根据个体等位基因频率进行计算、抽样和分组。同时,利用 NTSYS 软件的 similarity 模

块计算遗传相似性或距离矩阵,并通过 clustering 模块构建聚类树状图。

2 结果与分析

2.1 ISSR 引物多态性及山药群体遗传多样性分析

本研究以山东菏泽山药基因组总 DNA 为模板进行 PCR 反应,筛选出 13 条能扩增出清晰稳定条带的引物。利用这 13 条引物对 34 份材料进行了 PCR 扩增。其中,引物 ISSR-1 在 PCR 扩增后,34 个材料均得到了清楚、优质的条带,能够用于后续试验(图 1)。其他引物也获得了类似的多态性条带。



DL 2000 为 DNA Marker;泳道上的编号为山药种质材料的编号
DL 2000 was a DNA Marker. The numbers on the lanes represented the numbers of yam germplasm materials

图 1 引物 ISSR-1 对 34 份山药材料的 PCR 扩增结果
Fig.1 PCR amplification products of 34 yam materials by primer ISSR-1

从表 3 可以看出,13 条引物在 34 份山药种质资源中共检测出 113 个等位基因位点,其中,多态性位点 109 个,平均每条引物检测到的多态性位点数为 8.384 6,不同引物检测能力差异明显,其中,ISSR-1 检测位点最多(14 个),ISSR-857 最少(5 个)。多态性条带比例高达 95.94%,表明 13 条引物的多态性非常丰富。观测等位基因数为 1.959 4,接近最大值 2.0,说明群体内存在的等位基因种类非常丰富。有效等位基因总数为 18.596 3,

数值为 1.189 9(ISSR-3)~1.639 2(ISSR-867),平均每个位点有效等位基因数目为 1.430 5,说明等位基因的分布不均匀。Nei's 基因多样性指数(H)的平均值为 0.267 0,Shannon 指数(I)的平均值为 0.417 3,表明这些山药在物种水平上具有中等偏上的遗传多样性。对于以无性繁殖为主的山药而言,这 34 份种质资源的遗传背景相对较为丰富。

表 3 13 条 ISSR 引物的多态性分析
Tab.3 Polymorphism analysis of 13 ISSR primers

引物 Primer	位点数/个 Number of loci	多态性位点数/个 Number of poly- morphic loci	多态性条带比例/% Polymorphic band ratio	Na	Ne	H	I
ISSR-1	14	14	100.00	2.000 0	1.392 3	0.260 6	0.416 7
ISSR-2	9	9	100.00	2.000 0	1.198 5	0.152 9	0.274 9
ISSR-3	9	8	88.89	1.888 9	1.189 9	0.142 6	0.250 4
ISSR-4	12	12	100.00	2.000 0	1.520 9	0.319 2	0.487 2
ISSR-6	8	7	87.50	1.875 0	1.271 5	0.183 8	0.309 4
ISSR-808	9	9	100.00	2.000 0	1.338 7	0.243 5	0.403 3
ISSR-809	8	8	100.00	2.000 0	1.594 5	0.346 9	0.520 4
ISSR-835	8	8	100.00	2.000 0	1.510 0	0.315 3	0.483 5
ISSR-841	8	8	100.00	2.000 0	1.568 7	0.340 3	0.515 4
ISSR-845	8	8	100.00	2.000 0	1.491 4	0.296 8	0.459 8
ISSR-853	6	6	100.00	2.000 0	1.403 4	0.237 1	0.372 7
ISSR-857	6	5	83.33	1.833 3	1.477 3	0.270 3	0.405 6
ISSR-867	8	7	87.50	1.875 0	1.639 2	0.361 2	0.525 5
平均值 Mean	8.692 3	8.384 6	95.94	1.959 4	1.430 5	0.267 0	0.417 3
标准差 SD				0.185 6	0.312 7	0.151 1	0.195 4

2.2 群体遗传结构分析

STRUCTURE 软件进行分析,结果如图 2 所示。

2.2.1 STRUCTURE 分析 群体遗传结构采用

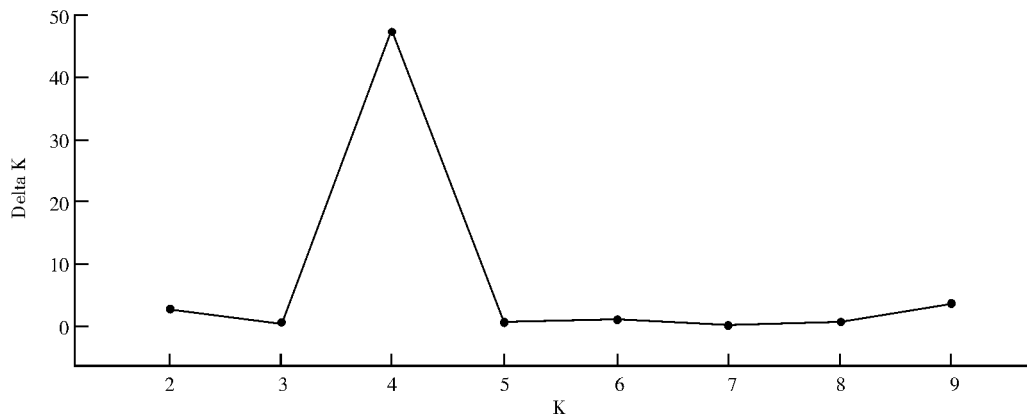


图 2 群体分组数 K 值变化

Fig.2 Change in the number of K value of group division

从图 2 可以看出,在 STRUCTURE 中根据 EVANNO 等^[20]的方法计算得出最佳 delta K 值,对应 K 值为 4,表明 34 份山药种质材料有 4 个类型的基因组成分。从图 3 可以看出,按照主要祖先成分比例大于 50% 的标准进行分类,种质材料 64、43、62、46、81、89、87、34、14、59、84、80、85、83、23、55 来自基因库 1(红色);种质材料 82、13、57、25、58、51、

61、47、77、88 来自基因库 2(黄色);来自基因库 3(蓝色)的种质材料为 3、6、11、12 的样本;来自基因库 4(绿色)的种质材料为 39、40、41、42。从表 4 可以看出,当 K 为 4 时,34 份种质材料的基因组成主要来源于基因库 1 和 2,占比分别为 47.06% 和 29.41%;其次为基因库 3 和 4,占比均为 11.77%。

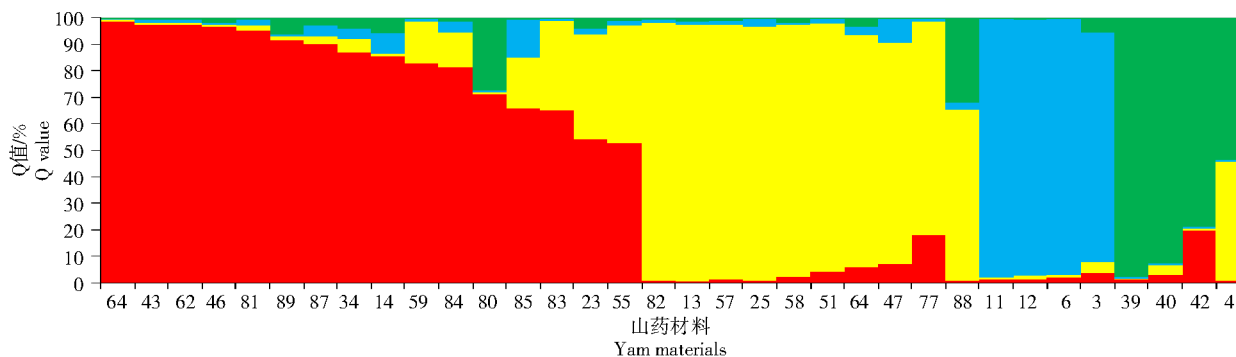


图 3 群体分组数为 4 时 34 个山药种质资源的 STRUCTURE 分析结果

Fig.3 STRUCTURE analysis results of 34 yam germplasm materials at the number of group divisions of 4

表 4 群体分组数 K 为 4 时各群体的样本比例

Tab.4 Sample ratio of each population when the number of group divisions is 4

项目	Item	基因库 1	Gene bank 1	基因库 2	Gene bank 2	基因库 3	Gene bank 3	基因库 4	Gene bank 4
样本比例	Sample proportion	47.06		29.41		11.77		11.77	

2.2.2 遗传距离和聚类分析 基于遗传相似矩阵,构建了个体的 UPGMA 树,结果显示(图 4),遗传相似系数(GS)为 0.54~0.91,其中,种质材料 11 与

12、43 与 46 的 GS 均为 0.91,表明这 2 对材料各自具有较近的亲缘关系。

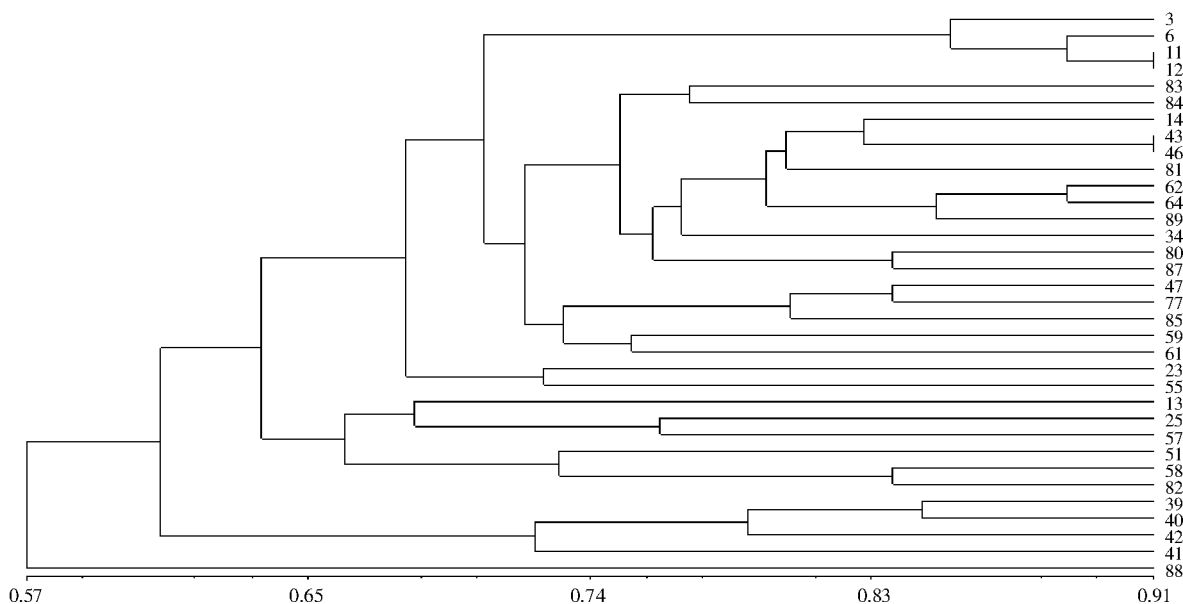


图 4 34 份山药种质材料的 UPGMA 聚类结果

Fig.4 UPGMA clustering results of 34 yam germplasm materials

34 份山药种质材料在 GS 为 0.57 处分为 2 个亚类,第 1 亚类只包括江西山药(88)1 份种质材料,而其余种质材料属于第 2 亚类。34 份山药种质在 GS 为 0.64 时分为 4 个亚类,其中,铁棍山药 1(39)、铁棍山药 2(40)、铁棍山药 3(41)、铁棍山药 4(42) 属于一类;江西吉安山药(13)、孝义仁顺山药(25)、鸡皮山药(57)、太谷地方种 4(51)、2018 加倍(58)、日本白玉山药(82)属于一类,江西山药(88)

独自属于一类,剩余其他种质属于一类。

2.2.3 主成分分析 从图 5 可以看出,编号分布的疏密代表了山药之间遗传关系的远近。结合 STRUCTURE 分析和聚类分析可以发现,34 份山药材料在原始群体中几乎没有重叠,且较为分散,提示该山药材料有较高的代表性,能够代表原始群体的遗传多样性。

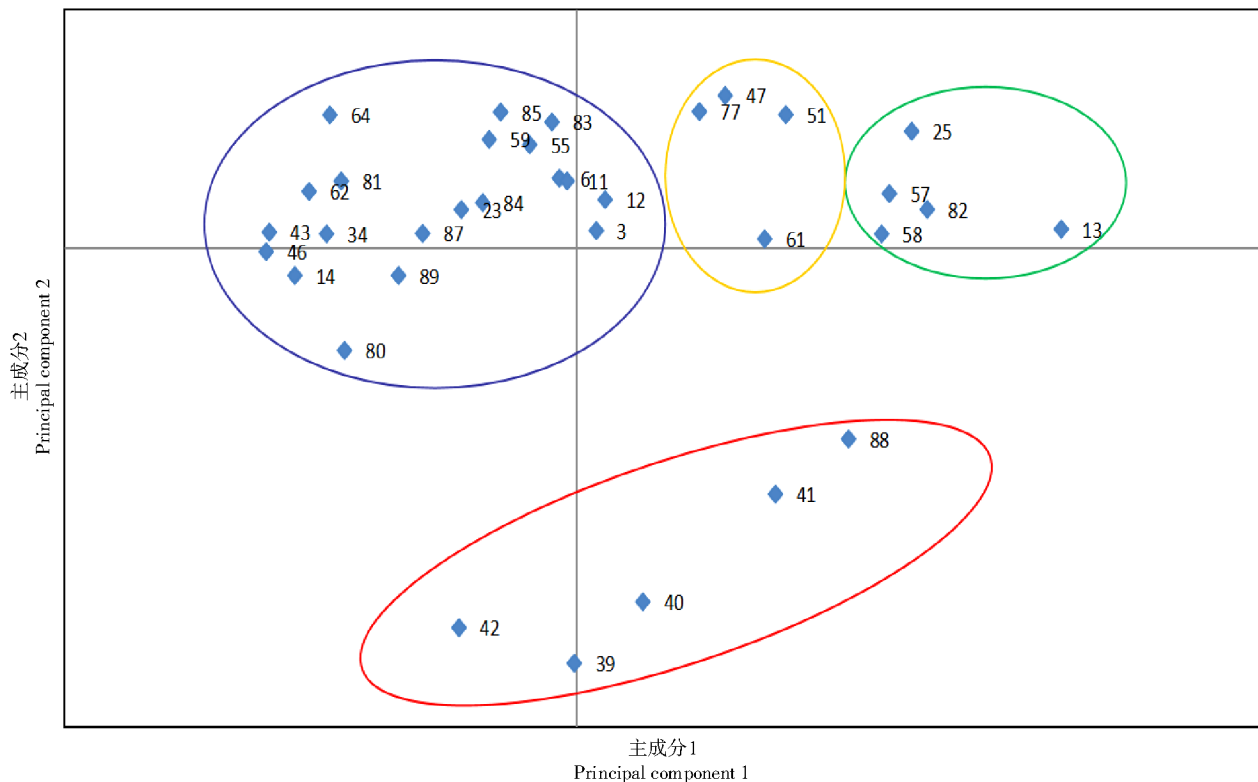


图 5 34 份山药种质材料的主成分分析

Fig.5 Principal component analysis of 34 yam germplasm materials

3 结论与讨论

种质资源是作物遗传育种的物质基础,而遗传多样性分析则是高效利用种质资源的必要前提。山药种质资源极为丰富,作为一种重要的药食同源作物,为世界人民的健康与营养作出了巨大贡献^[21]。山药的品种体系复杂,单一的分类方法难以对其进行准确鉴别,这导致记录和命名方法纷杂不一,甚至造成部分物种的分类混乱。这些因素严重阻碍了山药资源的节约和进一步利用^[22]。因此,了解山药种质材料的群体结构和遗传多样性,对其种质评价和选育新品种具有重要的指导意义。本研究利用 ISSR 分子标记分析了 34 份山

药种质材料的遗传多样性及群体结构,结果显示,这些山药种质材料具有丰富的遗传多样性,研究结果可为山药的育种和遗传改良提供依据。

本研究筛选出的 13 条引物多态性比例高达 95.94%,与刘向宇等^[23](ISSR 多态性比例为 97.18%)及杨帆等^[24](ISSR 多态性比例为 98.43%)的研究结果一致。

本研究通过群体结构分析发现,34 份山药材料存在 4 个基因库,其中,基因库 1 和基因库 2 所包含的种质材料占总数的 40.75% 和 33.25%,这与 UPGMA 聚类分析(GS=0.64 时,分为 4 亚类)和主成分分析结果高度一致,表明中国山药种质具有显著的遗传分化。ZHOU 等^[25]利用 ISSR 分子标

记对 28 份山药资源进行遗传多样性分析,将 28 个山药品种分成 4 组,CAO 等^[14]结合表型特征和 SSR-SRAP 分子标记将 112 个山药品种分为 6 组,本研究的分类数目差异可能源于种质材料地理分布差异或标记方法的不同(ISSR vs SSR/SRAP)。

本研究通过聚类分析,在 GS 为 0.64 时将 34 份山药种质分为 4 个亚类,江西山药单独归为一类,且与其他山药种质遗传距离较远,同时,群体结构分析显示江西山药存在 2 类基因库(基因库 2 和基因库 4)的基因,推测其可能是在进化或人工选择中发生了 2 类基因组重组而形成的新品种,但基因组重组究竟源于自然杂交还是人工定向选择还有待进一步验证。后续可开展以下研究:全基因组关联分析(GWAS)定位重要性状位点;扩大样本量,构建涵盖野生一栽培种的泛基因组图谱;结合历史栽培记录解析人类活动对山药遗传结构的影响。这将为山药种质创新提供更精准的分子设计育种方案。

一般来说,种群的遗传多样性水平与种质资源潜力呈正相关关系,种群的遗传多样性越高,说明种质资源潜力越大^[26],种群中的个体受其他外部因素的影响越小,就越能适应环境,促进其对异质性生境的生态位分化与扩张,进而提升种群的增长速率与分布范围。相比之下,遗传多样性较低的种群适应性较差,更容易受到环境影响^[27]。尽管本研究和曾昭清等^[28]均证实山药具有较高的遗传多样性(GS 范围 0.54~0.91),但地理距离与遗传距离的关联性仍存在矛盾,栽培山药和野生山药之间存在遗传差异。另外,CAO 等^[14]对山药的起源和遗传关系分析表明,山药可能起源于中国,而本研究的基因库分布模式却未呈现明显地理聚类。这种分歧可能不仅源于不同标记系统对基因流的敏感度差异,也与现代品种跨区域引种扰乱了自然遗传结构有关。

综上,本研究选取的 34 份山药资源的遗传多样性十分丰富,为山药资源的分类、育种、种质创新、利用和品种保护提供了理论参考。

参考文献:

- [1] CHEN Y, ZHOU X Z, MA L N, et al. Chinese yam yield is affected by soil nutrient levels and interactions among N, P, and K fertilizers[J]. Chinese Herbal Medicines, 2023, 15 (4) : 588-593.
- [2] 许兰杰,梁慧珍,余永亮,等. 山药品种特征特性、适应性及栽培技术研究进展[J]. 山西农业科学,2022,50(6):909-916.
- [3] XU L J, LIANG H Z, YU Y L, et al. Research progress of characteristics, adaptability and cultivation technology of yam varieties[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2022, 50 (6) :909-916.
- [4] 赵圆,张艳芳,杨帆,等. 基于形态标记和 AFLP 标记的山药种质资源遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2023,51(6):47-54.
- [5] ZHAO Y, ZHANG Y F, YANG F, et al. Genetic diversity analysis of yam germplasm resources based on morphological markers and AFLP markers[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2023,51(6):47-54.
- [6] TAMIRU M, NATSUME S, TAKAGI H, et al. Genome sequencing of the staple food crop white Guinea yam enables the development of a molecular marker for sex determination[J]. BMC Biology, 2017, 15(1):86.
- [7] LEBOT V, FALOYE B, OKON E, et al. Simultaneous quantification of allantoin and steroidal saponins in yam (*Dioscorea* spp.) powders[J]. Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants, 2019, 13: 100200.
- [8] ZHANG Z D, GAO W Y, WANG R F, et al. Changes in main nutrients and medicinal composition of Chinese yam (*Dioscorea opposita*) tubers during storage[J]. Journal of Food Science and Technology, 2014, 51(10): 2535-2543.
- [9] 龚菲菲. 山药活性成分及营养功能研究进展[J]. 工业微生物, 2024, 54(1): 107-109.
- [10] GONG F F. Research progress on active components and nutritional functions of Chinese yam[J]. Industrial Microbiology, 2024, 54(1): 107-109.
- [11] ONDA Y, MOCHIDA K. Exploring genetic diversity in plants using high-throughput sequencing techniques[J]. Current Genomics, 2016, 17(4): 358-367.
- [12] MULUALEM T, MEKBIB F, SHIMELIS H, et al. Genetic diversity of yam (*Dioscorea* spp.) Landrace collections from Ethiopia using simple sequence repeat markers[J]. Australian Journal of Crop Science, 2018, 12(8): 1223-1230.
- [13] AGRE P A, DASSOU A G, LOKO L E Y, et al. Diversity of white Guinea yam (*Dioscorea rotundata* Poir.) cultivars from Benin as revealed by agro-morphological traits and SNP markers[J]. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, 2021, 19(5): 437-446.
- [14] 蔡锦玲,凌永胜,林文磊,等. 应用 RAPD 标记检测淮山种质资源的遗传多样性[J]. 安徽农业科学,2019,47(12):120-122.
- [15] CAI J L, LING Y S, LIN W L, et al. Analyzing the genetic diversity of *Dioscorea opposita* Thunb. germplasm resources by RAPD markers[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2019, 47(12): 120-122.
- [16] MASSAWE J I, TEMU G E. Unravelling the genetic diversity of water yam (*Dioscorea alata* L.) accessions from Tanzania using simple sequence repeat (SSR) markers[J]. PLoS One, 2023, 18(5): e0286480.
- [17] 陈阳,周先治,马丽娜,等. 基于 ISSR 分子标记的 44 种山药种质资源遗传多样性分析[J]. 福建农业科技,2023,54(2): 1-7.
- [18] CHEN Y, ZHOU X Z, MA L N, et al. Analysis of the genetic

- diversity of 44 yam germplasm resources based on ISSR molecular markers[J]. Fujian Agricultural Science and Technology, 2023, 54(2): 1-7.
- [14] CAO T X, SUN J Y, SHAN N, et al. Uncovering the genetic diversity of yams (*Dioscorea* spp.) in China by combining phenotypic trait and molecular marker analyses[J]. Ecology and Evolution, 2021, 11(15): 9970-9986.
- [15] JABARI M, GOLPARVAR A, SORKHILALEHLOO B, et al. Investigation of genetic diversity of Iranian wild relatives of bread wheat using ISSR and SSR markers[J]. Journal, Genetic Engineering & Biotechnology, 2023, 21(1): 73.
- [16] 纪伟, 苏文英, 刘晓梅, 等. 基于 ISSR 标记分析连云港地区野生灵芝种质资源遗传多样性及亲缘关系[J]. 中国农学通报, 2024, 40(6): 128-134.
- JI W, SU W Y, LIU X M, et al. Wild *Ganoderma lingzhi* resources in Lianyungang area: genetic diversity and genetic relationship analysis based on ISSR markers[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2024, 40(6): 128-134.
- [17] MIR M A, MANSOOR S, SUGAPRIYA M, et al. Deciphering genetic diversity analysis of saffron (*Crocus sativus* L.) using RAPD and ISSR markers[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2021, 28(2): 1308-1317.
- [18] LIU J H, DING F H, SONG H Y, et al. Analysis of genetic diversity among Chinese *Cyclocybe chaxingu* strains using ISSR and SRAP markers[J]. PeerJ, 2022, 10: e14037.
- [19] 王加龙, 马坤, 周静, 等. 基于 ISSR 标记的南瓜遗传多样性与 DNA 指纹图谱研究[J]. 河南农业科学, 2024, 53(12): 119-130.
- WANG J L, MA K, ZHOU J, et al. Study on genetic diversity and DNA fingerprint Map of pumpkin based on ISSR markers [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2024, 53(12): 119-130.
- [20] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study[J]. Molecular Ecology, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [21] EGESI C N, ODU B O, OGUNYEMI S, et al. Evaluation of water yam (*Dioscorea alata* L.) germplasm for reaction to yam anthracnose and virus diseases and their effect on yield[J]. Journal of Phytopathology, 2007, 155(9): 536-543.
- [22] 曾晓璇. 山药种质资源整理研究[D]. 武汉: 湖北中医药大学, 2021.
- ZENG X X. Study on germplasm resources arrangement of Shanyao[D]. Wuhan: Hubei University of Chinese Medicine, 2021.
- [23] 刘向宇, 霍秀文, 杨明, 等. 山药种质资源的 ISSR 分析及初级核心种质库的构建[J]. 西北植物学报, 2015, 35(5): 915-921.
- LIU X Y, HUO X W, YANG M, et al. Genetic diversity analysis and primary core collection construction in yam (*Dioscorea opposita* Thunb.) by ISSR marker[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2015, 35(5): 915-921.
- [24] 杨帆, 张艳芳, 王锦华, 等. 山药种质资源 SSR 分析及初级核心种质库的构建[J]. 北方农业学报, 2022, 50(2): 18-27.
- YANG F, ZHANG Y F, WANG J H, et al. SSR analysis of Chinese yam (*Dioscorea opposita* Thunb.) germplasm resources and construction of primary core collection[J]. Inner Mongolia Agricultural Science and Technology, 2022, 50(2): 18-27.
- [25] 周延清, 景建洲, 李振勇, 等. 用 ISSR 标记技术分析山药品种遗传多样性[J]. 实验生物学报, 2005, 38(4): 54-60.
- ZHOU Y Q, JING J Z, LI Z Y, et al. Genetic diversity of yam (*Dioscorea opposita* Thunb.) detected by ISSR markers[J]. The Chinese Journal of Experimental Biology, 2005, 38(4): 324-330.
- [26] 王铁娟, 李伟琼, 张淑艳, 等. 差不嘎蒿自然种群的遗传多样性与遗传分化[J]. 林业科学, 2010, 46(12): 171-175.
- WANG T J, LI W Q, ZHANG S Y, et al. Genetic diversity and differentiation of five natural populations of *Artemisia halodendron*[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2010, 46(12): 171-175.
- [27] NYBOM H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants[J]. Molecular Ecology, 2004, 13(5): 1143-1155.
- [28] 曾昭清, 高慧新, 朱华, 等. 基于 ISSR 的野生和栽培的褐苞薯蓣遗传多样性分析[J]. 世界科学技术—中医药现代化, 2020, 22(10): 3781-3787.
- ZENG Z Q, GAO H X, ZHU H, et al. Genetic diversity analysis of wild and cultivated *Dioscorea persimilis* based on ISSR [J]. World Science and Technology-Modernization of Traditional Chinese Medicine, 2020, 22(10): 3781-3787.