

唐丹,涂艺义,黄展倩,等. 莴苣全基因组 InDel 标记开发及应用[J]. 华中农业大学学报, 2026, 45(2): 99-112.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.02.011

莴苣全基因组 InDel 标记开发及应用

唐丹¹,涂艺义¹,黄展倩¹,肖慧玲¹,朱雪冰²,王昕¹,陈炯炯¹

1. 果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室/华中农业大学园艺林学学院, 武汉 430070;
2. 青海省农林科学院, 西宁 810016

摘要 为明确莴苣主要栽培类型(结球生菜、油麦菜、莴笋)的品种遗传差异并解决同物异名问题,通过比对生菜 Salinas 与莴笋 YL1 的基因组序列,在全基因组范围鉴定出 23 901 个潜在 InDel 位点;随机选取 80 个位点设计引物,在 6 份莴笋和 6 份生菜中进行 PCR 筛选,获得 42 个稳定多态性标记,并进一步对 57 份商品品种(10 份结球生菜、24 份莴笋、23 份油麦菜)进行基因型分析。结果显示,42 个标记中 14 个适用于结球生菜区分,17 个适用于莴笋,35 个适用于油麦菜;10 份结球生菜被划分为 8 组,24 份莴笋划分为 20 组,23 份油麦菜划分为 12 组,品种间存在遗传差异及同物异名现象。结果表明,该 InDel 标记体系可直接用于莴苣品种快速鉴定与遗传背景厘清。

关键词 莴苣; InDel 标记; 多态性; 品种鉴定; 聚类分析

中图分类号 S636.2 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)02-0099-14

莴苣是菊科莴苣属的一年生或二年生草本植物,由野莴苣 *Lactuca serriola* 驯化而来。原产于地中海地区,已有 1 000 多年的栽培历史,在汉隋时期传入我国^[1-3]。莴苣营养丰富,富含矿物质、膳食纤维和维生素等多种有益成分,根据食用部位可分为叶用莴苣(包括生菜和油麦菜)和茎用莴苣(莴笋)。截至 2021 年,我国已收集保存 4 000 余份莴苣种质资源,并在此基础上选育出了一批优良品种,丰富了我国的莴苣品种类型^[4]。由于莴苣栽培历史悠久且种质资源丰富,早期育种家主要依据表型特征对其命名。不同科研单位或公司可能重复从国外引种并赋予不同品种名,加上国内各地区频繁引种,导致莴苣种质资源混杂和亲缘关系混乱。截至目前,莴苣生产完全使用常规种。受品种权保护意识薄弱、市场监管不足等因素的影响,莴苣存在同物异名或同名异物现象,给莴苣种质资源收集鉴定、育种过程及育种积极性等带来了严峻挑战。为了有效地区分和鉴定莴苣品种,亟待构建一套全面的莴苣品种分子鉴定方法,以实现品种的快速精准鉴定,进而强化对新品种的保护。

分子标记在植物育种中扮演着关键角色,常见

的分子标记主要包括简单序列重复(simple sequence repeats, SSR)、单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)、相关序列扩增多态性(sequence-related amplified polymorphism, SRAP)、酶切扩增多态性(cleaved amplified polymorphic sequences, CAPS)、目标区域扩增多态性(target region amplified polymorphism, TRAP)以及竞争性等位基因特异性 PCR(kompetitive allele specific PCR, KASP)等,这些分子标记也应用于莴苣的各种分析中^[5-10]。在莴苣种质资源的鉴定方面,SRAP^[11]和 TRAP 两种分子标记^[12]均被成功应用。此外,SSR 分子标记也被用于构建莴苣品种的指纹图谱数据库^[13-14]。除了随机标记外,基于已知的 QTL、遗传定位位点或者功能基因开发功能基因标记也具有重要的意义。例如,Simko 等^[15]通过连锁分析鉴定出控制生菜采后腐烂主要数量性状基因座(QTL)*qSL4*,并开发了相应的 SNP 分子标记,可准确预测采后腐败的速率,为生菜的分子辅助育种提供了有效工具。Su 等^[16]利用 CAPS 标记进行精细定位,成功克隆了 4 个调控生菜叶色的基因。KASP 作为一种新型 SNP 分型方法,基于等位基因特异性的寡核苷酸延伸和荧光共

收稿日期:2025-02-20

基金项目:国家自然科学基金项目(32372719);青海省中央引导地方专项(2024ZY041)

唐丹,E-mail:1120049821@qq.com

通信作者:陈炯炯,E-mail:jjchen@mail.hzau.edu.cn

振能量转移(FRET)原理,可高效检测SNP和InDel等遗传变异^[10]。该技术具有准确性高、成本低、通量高、灵活性强等优势,特别适合大规模群体基因分型。上述分子标记虽然在莴苣中得到了应用,但是普遍存在技术要求高、试验过程相对繁琐等问题。相较于上述标记,InDel标记具备更高的便捷性,此技术借助设计特异性引物开展PCR扩增,通过识别插入/缺失位点两侧的序列,以检测目的片段长度的多态性^[17]。InDel是仅次于SNP的第二大常见遗传变异类型,在基因组中分布广泛且变异位点长度差异明显,便于区分^[18]。InDel标记具有稳定性好、多态性高、分型简单等优点^[19]。现有研究多集中于SSR和SNP标记,但InDel标记较SSR标记具有条带清晰、结果更准确的优势^[20]。相较于SNP标记,InDel标记的检测方法更为简单、成本更低。

InDel作为一种高通量分子标记,在萝卜、油菜、水稻、白菜、玉米、番茄等作物上得到一定程度的应用。Lu等^[21]利用45个InDel位点进行水稻籼粳属性鉴定,发现其中34个InDel位点与籼粳属性分化密切相关;进一步对来自亚洲11个国家的42个栽培品种和12个野生稻材料进行标记鉴定,成功确定了它们的籼粳属性。Luo等^[22]在萝卜遗传资源研究中,利用40个InDel位点对32个品种进行了遗传多样性分析。许玉富等^[23]借助RAD重测序与比对分析方法,于4份菜心种质内鉴定出84 510个InDel位点,并从中筛选出80个InDel标记,经研究发现其中58个位点呈现多态性。这些具有多态性的标记被成功运用于55份菜心种质材料的遗传多样性分析,为菜心种质资源的遗传图谱构建以及分子标记辅助育种提供了关键支撑。

莴苣存在多种不同栽培类型如结球生菜、莴笋和油麦菜,不同类型之间表型上存在较大差异,可肉眼区分。然而,同一类型的不同品种间表型相似,仅凭形态学特征难以准确鉴别。本研究拟通过实验室自主开发的生物信息学软件,对已公布的生菜Salinas和莴笋YL1基因组序列进行比较,鉴定它们之间的InDel,进而开发高效、准确并易于使用的InDel标记,旨在将这些标记用于莴苣品种鉴定、遗传分析和标记辅助选择,同时为莴苣新品种测试指南的制定提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 植株材料

用于InDel分子标记多态性筛选所用材料包括6

个莴笋材料和6个生菜材料。其中6个莴笋材料来源于中国市场和武汉市农科院,分别为YL1、Wo111、中华青、四季红莴笋、泰国罗汉王和Wo46。6个生菜材料分属于主要的5种栽培类型:Salinas和PI536839都为结球生菜、意大利为半结球生菜、PI64570A为奶油生菜、PI59155A为罗马生菜、S1为散叶生菜,收集于美国种质资源库USDA GRIN(<http://www.ars-grin.gov/>)和中国市场。

选取了中国市场上最常见且叶色存在红绿差异的品种,包括10个结球生菜、24个莴笋和23个油麦菜进行品种鉴定,以“JQ”为结球生菜命名的前缀、“Wo”为莴笋命名的前缀和“Y”为油麦菜的命名前缀(表1)。

1.2 全基因组层面InDel标记的开发

采用minimap2^[24]序列比对软件对莴笋YL1^[25]和生菜Salinas v.8^[26]2个基因组进行比对,调用参数-x asm5以优化对近似同源全长序列的快速准确映射;同时,添加--secondary=no选项以过滤掉次级比对结果,仅保留最佳匹配,避免冗余比对对下游分析的干扰,通过perl脚本分析2个品种之间存在的InDel位点,提取序列差异(InDel)在25~600 bp的比对结果。

1.3 引物设计

根据鉴定的全基因范围内的InDel,在莴苣9条染色体上选取相应的序列,将序列导入到软件Primer Premier 5,在InDel两侧设计PCR引物^[27]。设置引物长度范围为20~25 bp,GC含量为40%~60%,T_m值为54.1~61.3 °C,产物大小为98~423 bp,共80个InDel标记,命名为InDel 1~80(表2)。所有引物均由北京擎科生物科技有限公司武汉分公司合成。

1.4 InDel标记的多态性检测

利用CTAB法提取结球生菜、莴笋、油麦菜基因组DNA。PCR反应的体系总体积为10 μL,包含5 μL的2×Es Taq Master Mix(Dye)、1 μL的模板DNA、3 μL的ddH₂O、0.5 μL的Primer F(10 μmol/L)和0.5 μL的Primer R(10 μmol/L)。PCR反应程序:94 °C下预变性3 min;94 °C变性30 s,55~58 °C退火30 s,72 °C延伸30 s,循环35次;72 °C下延伸5 min,4 °C下冷却5 min。取5 μL PCR产物在1.5%~2%琼脂糖凝胶电泳中分离,溴化乙锭(EB)显色,凝胶成像仪上观察、标记并记录。

表1 本试验中不同莴苣品种

Table 1 Different lettuce varieties used in this experiment

编号 Number	品种名 Variety name	编号 Number	品种名 Variety name
JQ1	绿翡翠结球生菜 Lüfeicui Crisphead Lettuce	Wo752	中华青 Zhong Hua Qing Stem Lettuce
JQ2	神禾结球生菜 Shenhe Crisphead Lettuce	Wo757	金品二白皮 Jinpin Erbaipi Stem Lettuce
JQ3	寿禾结球生菜 Shouhe Crisphead Lettuce	Wo762	青竹绿香笋 Qingzhu Lüxiang Stem Lettuce
JQ4	哈力森欧特结球生菜 Harrison Crisphead Lettuce	Wo763	根根青 Gengenqing Stem Lettuce
JQ5	常利结球生菜 Changli Crisphead Lettuce	Wo766	旭日东升 Xuri Dongsheng Stem Lettuce
JQ6	绿剑结球生菜 Lüjian Crisphead Lettuce	Y701	绿农大颗无斑香油麦菜 Lünong Dake Wuban Xiang Youmaicai
JQ7	美国结球生菜 U.S. Crisphead Lettuce	Y702	合丰大颗甜脆油麦菜 Hefeng Dake Tian Cui Youmaicai
JQ8	瑞丽结球生菜 Ruili Crisphead Lettuce	Y703	寿禾高产甜脆油麦菜 Shouhe Gaochan Tian Cui Youmaicai
JQ9	瓦纳斯结球生菜 Vanas Crisphead Lettuce	Y704	农点赞甜脆油麦菜 Nongdianzan Tian Cui Youmaicai
JQ11	奥森结球生菜 Aosen Crisphead Lettuce	Y705	寿禾四季米香油麦菜 Shouhe Siji Mixiang Youmaicai
Wo502	嫩茎莴笋 Nenjing Stem Lettuce	Y706	寿禾四季香油麦菜 Shouhe Siji Xiang Youmaicai
Wo508	绿园香翠 Lüyuan Xiangcui Stem Lettuce	Y707	寿禾米香油麦菜 Shouhe Mixiang Youmaicai
Wo509	耐热尖叶笋 Naire Jianye Stem Lettuce	Y708	大禹四季香油麦菜 Dayu Siji Xiang Youmaicai
Wo510	云南 Yunnan Stem Lettuce	Y709	永红四季速生油麦菜 Yonghong Siji Susheng Youmaicai
Wo511	寒香翠 Hanxiang Crisp Stem Lettuce	Y710	理想农业四季无斑甜脆香油麦菜 Lixiang Nongye Siji Wuban Tian Cui Xiang Youmaicai
Wo513	京冠王 Jingguan Wang Stem Lettuce	Y711	美满香麦菜 Meiman Xiang Youmaicai
Wo701	红皮莴笋 Hong Pi Stem Lettuce	Y712	聚萍美冠无斑油麦菜 Juping Meiguan Wuban Youmaicai
Wo702	绿皮莴笋 Lü Pi Stem Lettuce	Y713	高德玉金香无斑油麦菜 Gaode Yujinxiang Wuban Youmaicai
Wo704	特大白尖叶莴笋 Teda Baijianye Stem Lettuce	Y714	中蔬纯香油麦菜 Zhongshu Chunxiang Youmaicai
Wo708	绿竹香笋 Lüzhu Xiang Stem Lettuce	Y715	冯子龙脆香丫丫开甜油麦菜 Feng Zilong Cuixiang Yaya Kai Tian Youmaicai
Wo710	极品红 Jipin Hong Stem Lettuce	Y716	理想农业爽口香油麦菜 Lixiang Nongye Shuangkou Xiang Youmaicai
Wo715	种都高科五号 Zhongdu Gaoke No.5 Stem Lettuce	Y717	农点赞紫丫油麦菜 Nongdianzan Ziya Youmaicai
Wo717	大地红君 Dadi Hongjun Stem Lettuce	Y718	农点赞紫油麦菜 Nongdianzan Zi Youmaicai
Wo722	十里清香莴笋 Shili Qingxiang Stem Lettuce	Y719	绿东方紫油麦菜 Lüdongfang Zi Youmaicai
Wo729	6斤棒莴笋 Liu jin Bang Stem Lettuce	Y720	寿禾红油麦菜 Shouhe Hong Youmaicai
Wo735	红悦莴笋 Hong Yue Stem Lettuce	Y721	三千四季红油麦菜 Sanqian Siji Hong Youmaicai
Wo739	科光二号 Keguang No.2 Stem Lettuce	Y722	澳洲抗热无斑甜脆红油麦菜 Aozhou Kangre Wuban Tian Cui Hong Youmaicai
Wo743	香笋6号 Xiangsun No.6 Stem Lettuce	Y723	大禹紫脆香油麦 Dayu Zi Cui Xiang Youmaicai
Wo746	红运来 Hong Yun Lai Stem Lettuce		

表2 本研究设计的80对InDel标记

Table 2 Details of the 80 pairs of InDel markers designed in this study

标记名称 Markers name	引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	预测片段长度/bp Length of predicted fragment	退火温度/°C Annealing temperature
InDel1	1-10009039F	GTTTCGTTAGTGCTTGGCACG	121/164	57
	1-10009039R	CCGTTGTACATGGCCAATTG		
InDel2	1-21366028F	GACATCCTCATCTAGTCGTCG	300/371	55
	1-21366028R	CTTCTTGAGGTCCTTGGTCAC		
InDel3	1-38237537F	CGTACAACACCAACGCATGAAC	149/183	57
	1-38237537R	CCCAGGAAAATGTGACATTGC		
InDel4	1-40787565F	GGATTCTTGTGGTTGTAGGAGTTG	185/313	57
	1-40787565R	GGGCTCTTATCGACGTTTTG		
InDel5	1-54931268F	GATTGCTTTGGGCATACGAC	171/197	57

续表2 Continued Table 2

标记名称 Markers name	引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	预测片段长度/bp Length of predicted fragment	退火温度/°C Annealing temperature
InDel6	1-54931268R	GTCCGAAAAGTTCTGGTCGG	423/197	57
	1-60569974F	GGTTGAAGGGTAATGAGGC		
	1-60569974R	CTCTCTTAGACCGCACGGAG		
InDel7	1-71213856F	CCAACGTA CTACAAGCCTAAC	120/167	57
	1-71213856R	GGTTCTAGTGGGGGAGAATTG		
InDel8	1-84469696F	GAGGATGGCCCTAAGGACAC	142/107	57
	1-84469696R	CCAGGACGTAATCATCTCAAGG		
InDel9	1-96264648F	CTCGGGTCTCGTATCGTCAC	141/102	57
	1-96264648R	GATCTTCAGTGTGAGTTCCCG		
InDel10	1-100301963F	GCAAACAAGACTGGCAAAGG	384/164	57
	1-100301963R	CTTAGTATCTTCCCGTCTGCG		
InDel11	1-111350065F	CTGACCCACACTGTCTCTCCC	143/108	57
	1-111350065R	GGGACATGACTTGCTGTTGTC		
InDel12	1-120576037F	GCCCTATAATGGAGACAGAAGC	133/104	56
	1-120576037R	CTCATCGAACGGTTGAGATG		
InDel13	1-151620109F	GCCTTTGCAGTACCAGAAGC	116/188	56
	1-151620109R	GTACCGCTCCTCTGTTTATG		
InDel14	1-164260718F	CCAACCTAAACCAGACTCGC	242/340	57
	1-164260718R	CGGCTTGATTCGTACACACAC		
InDel15	2-17963160F	CCTTCACCAGGTCCCCTAACG	230/162	56
	2-17963160R	GTGTCGGTGAAGTGCAACC		
InDel16	2-39329743F	CAGACTGTT CAGACGGTCATTG	134/215	57
	2-39329743R	CAGTCTGTCTTGTCTTGTC		
InDel17	2-56954113F	GTATCTGATACGGGGGCATG	207/302	57
	2-56954113R	GTGAGCATCTCAACCGTTGC		
InDel18	2-90655443F	CGATCCAAAGCGAAACTCAG	131/191	58
	2-90655443R	GCTTGACCGATTGATGATC		
InDel19	2-115252396F	GCCCAGTCATAAAGAGAGACG	191/121	56
	2-115252396R	CAGGGGCTTTCTTGATACGC		
InDel20	2-140852848F	GAAACTGCTCCCTTTCCAC	279/192	58
	2-140852848R	GTGGAGTCCTTATGGGTGTGG		
InDel21	3-11882791F	CACCAATCACCATCCA ACTCC	183/105	58
	3-11882791R	GGTGGTGGAAGTTGTTGGTG		
InDel22	3-47643231F	GGTAGCGATGATCTTGGTTCAC	113/151	58
	3-47643231R	CTTGAGTCATCGTCGCCTTC		
InDel23	3-67755535F	CAAGCGCTTAGGGTGT CATC	118/168	58
	3-67755535R	GGATATCGCACCATCAAACG		
InDel24	3-111845108F	CGGCACGAAGTCCATAGTTG	162/131	57
	3-111845108R	GTCTGCCCTGACGACTATGC		
InDel25	3-142481861F	CTCGTAGTATGCAGGCATTCC	145/225	57
	3-142481861R	GAGGAGCGGTACTATCACGC		
InDel26	3-156715385F	GCATTGATTCCACCAAGTCC	187/143	57
	3-156715385R	GTA CTAGGGTGC GCCCTAGTAC		
InDel27	3-181102681F	CCGTGGTGATGAATACCTAGC	151/177	57
	3-181102681R	GCTAGGGATT CAGCACAAACG		
InDel28	4-85825822F	CGTGGCAGTAGTCTCGTATCTG	147/180	57
	4-85825822R	GCGACTCAATACACGACCTAGAG		
InDel29	4-100154092F	CCTTGATCACCCACGTCATG	137/101	58

续表 2 Continued Table 2

标记名称 Markers name	引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	预测片段长度/bp Length of predicted fragment	退火温度/°C Annealing temperature
InDel30	4-100154092R	GGTTTCTTGATTCGGGTTGG	357/305	57
	4-114175782F	GCGTGAGCATCATCTATGGG		
InDel31	4-114175782R	GGCTTGAATGTACTCTCCGG	303/248	58
	4-135178622F	GAGAACTCTGTCGCACCTTGTC		
InDel32	4-135178622R	GCGTATCCCATCGCTATGTG	176/202	58
	4-160162822F	CATGCTCCACTTCCTCACATTC		
InDel33	4-160162822R	CAGGACTTGAAGGAAGGCAAG	98/125	56
	4-181936932F	CTTGGTCCCCTAGCTAGTACG		
InDel34	4-181936932R	CCTCGCATACTCCATGTGAG	189/162	57
	4-191966263F	CGGTCGATGTGACATTGAGTC		
InDel35	4-191966263R	GCATCATCAGTTGTGGGACC	367/313	58
	4-213270117F	CACGCACCACTGGAATACTCTAC		
InDel36	4-213270117R	GGTTACGACACGTGAATGCG	226/277	56
	4-223836634F	CTGGTACAACCTGGTGAATGAC		
InDel37	4-223836634R	GTCGTTCAACAGCTCAACCC	195/234	57
	4-240546805F	CTACTTGAAGGGGAGCCATC		
InDel38	4-240546805R	GGAGGAGGTCACACTCAACAAG	192/138	58
	5-2680604F	CTCGCATGTCATGGAATCTTC		
InDel39	5-2680604R	CGCGGTTACACAAAACCTCACAC	166/107	57
	5-34737441F	GGATTTTGTAGAATCGGAAACC		
InDel40	5-34737441R	CCAGAGTGTATTTTAGAGTTTGTGC	285/204	58
	5-44870602F	CCCTAAACTTCCTCATACCATAACAC		
InDel41	5-44870602R	CTTAACATGAAGTCATCCACCC	149/111	57
	5-67173576F	GAAGAATGTGTGAGTGTGAAAGAG		
InDel42	5-67173576R	GTCTATGCAACCCTCAATGTTTC	201/273	56
	5-89893518F	CCTGATATATCTTGGTGGCTC		
InDel43	5-89893518R	GTTTTCTCCACACAGCACCAAC	291/236	56
	5-124356878F	CAAGACTCGAGGTGTTACATTC		
InDel44	5-124356878R	GGATGTTCTTATGACCATAACCC	208/263	56
	5-145108496F	GTATTAATAGGCTTTGGACCCTC		
InDel45	5-145108496R	CTTGTACCTTTCTGACAGATCG	292/208	57
	5-157203549F	CCACAAGGCTATTGGTTAGTCG		
InDel46	5-157203549R	GTAACCTAGTACGAATACGAATACG	282/207	58
	5-182340270F	GAACCCTGCTGTCTCTAATCATG		
InDel47	5-182340270R	CGAATATAGAGCTGGGAGAAGG	187/121	57
	6-23240748F	GGAATTACTCGAAAAACCGG		
InDel48	6-23240748R	GTGTAGGGATGAGCAAAAAGAACC	241/309	58
	6-44900867F	GAAAGGCCCTTTTGCAAGTC		
InDel49	6-44900867R	GGTAGCAACTAGCATGCTATATAGG	260/193	57
	6-54829445F	GACAGCCATCATGTTCCACC		
InDel50	6-54829445R	CGCCGCCTTAACTCATATATG	218/162	57
	6-75422889F	CCATTCAAATTAATGAGTGGGG		
InDel51	6-75422889R	GGATAAGGTGCACATAGTCTGC	230/320	56
	6-85056052F	GATCTAGGGTTTATAGTCTTGATG		
InDel52	6-85056052R	CACATTTTGATCTCCTACACCAC	277/214	56
	6-95579601F	CATGCTTGCCCTTGGTACTC		
	6-95579601R	CTCCTATTGCCCTGACCAAAG		

续表2 Continued Table 2

标记名称 Markers name	引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	预测片段长度/bp Length of predicted fragment	退火温度/°C Annealing temperature
InDel53	6-126395035F	GTGACTCAATGAGTCGGAAGC	272/208	57
	6-126395035R	G TTCAGAGCACTTCATGAGTTAGG		
InDel54	6-135553510F	GAGGGTAATTATTGCACCAAGC	211/270	57
	6-135553510R	GAAAAGCTCACGGATCTAACC		
InDel55	6-157156236F	GCTAACTTTCTTTGGTTTCCAG	219/288	56
	6-157156236R	CAACTGTCAGCCAATTTTGC		
InDel56	7-11534339F	GAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG	267/197	55
	7-11534339R	GTCCTCCGTGTCTACATCCAC		
InDel57	7-24555707F	GGTTTACTACCCATTAGGCC	216/276	55
	7-24555707R	CAGAAGAGTTACACCGACCG		
InDel58	7-40200864F	GCAACCACATGCTGATTCC	177/111	57
	7-40200864R	GGATGTTGGAGGTGATGCAG		
InDel59	7-73365145F	CATGGCTCAACACCTTCATG	226/152	55
	7-73365145R	CCTCAGACTCGTCGAGTAGATC		
InDel60	7-100320731F	GAGAAGAGAGGGGAGGAAAG	167/115	55
	7-100320731R	CTTGATCCGCAACACCTTAG		
InDel61	7-125864383F	GTACACAATGTTGTGGGAGCC	179/255	56
	7-125864383R	GGGTCTGGATTAATCATCCC		
InDel62	7-152409092F	CAACTCGTCGAGTCCATTTG	120/213	57
	7-152409092R	GACACCTGGATTTCCCATCTC		
InDel63	7-162121754F	GATAAAGAATGGGTCGGGAG	229/145	55
	7-162121754R	GTTACTACTCGCGCTACAAGG		
InDel64	7-189406451F	CTCTCTCTCTCCATGTGTGTG	200/262	56
	7-189406451R	CATGTGTTTGTGTGTGCGTG		
InDel65	8-33403281F	GGAGATGTTGTGCAGTCACG	133/190	56
	8-33403281R	GTTGGGACCAATGTACGAGC		
InDel66	8-44407343F	CATGCACCATCGAGTCAAGTAC	211/181	57
	8-44407343R	GTTGCGTTCATTCAGGGAAC		
InDel67	8-73120200F	CCTGTGATAGTTGAACCGCTC	175/146	57
	8-73120200R	GGTTGAGCAATGGTGAGAGAG		
InDel68	8-95187288F	GGAGTGGTTCATACTCCCTCTC	192/250	57
	8-95187288R	CAGAACTATGGCGCATGTTG		
InDel69	8-124158755F	CCAAACAATCTGGATCACGC	159/199	57
	8-124158755R	GTCTGAGGACACTTCTGAGCG		
InDel70	8-148400514F	CCTCTATGGGTTCGATGTAC	200/228	56
	8-148400514R	CTTGATACGATTGCGTGTC		
InDel71	9-25528853F	CCAATTCAAACCTCACACAACC	244/187	57
	9-25528853R	GCACCATATTCGTATCAAGTGTG		
InDel72	9-34872335F	GGAGAGAGAAAGTGGGGTGG	180/233	57
	9-34872335R	CCATTCCTTGTACGAGGAGG		
InDel73	9-55192232F	GTAAGGTAGTGTGGTTGCTACAAGC	270/341	57
	9-55192232R	GTGAGTTTAGTCCCGAACACG		
InDel74	9-76353162F	CTATTTATAGCTGAGGGTTGTGC	147/235	56
	9-76353162R	GAGCTTGATGCGAAAGTTACG		
InDel75	9-85260662F	GCAAGGGATTTACCAATGTTAG	202/277	57
	9-85260662R	GATGCTCGCACCCTTTATAGG		

续表2 Continued Table 2

标记名称 Markers name	引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	预测片段长度/bp Length of predicted fragment	退火温度/℃ Annealing temperature
InDel76	9-103303834F	CACCAACTAGCAAAATGGTTC	209/139	56
	9-103303834R	CTGTTAGGGTTTATAAACCAGGTG		
InDel77	9-123400382F	CATTGAAGCCTCAACCACTG	324/227	57
	9-123400382R	CTAGCTGCCAGAGGCTTTCAG		
InDel78	9-133548720F	GGGTGTGGAATGGTAAGTCC	151/237	56
	9-133548720R	CGCTTACCTGAGTACATTTACATAG		
InDel79	9-143412182F	CCTTGGCCTTCTTCATAAACTC	220/283	58
	9-143412182R	CCATTCTTTTCGCTTTCATTAGC		
InDel80	9-151519414F	GGTATCACTTATGCAACAAGAGATAC	198/293	55

1.5 莴苣品种聚类分析

记录 InDel 分子标记数据,利用 Excel 2019 软件进行统计。使用 IBM SPSS Statistics 27.0 软件对分子标记的基因型进行聚类,进而获得聚类结果的系谱图。

2 结果与分析

2.1 莴苣基因组中插入-缺失事件的确定

Salinas 和 YL1 基因组中总共发现 23 901 个 InDel,其中 Salinas 相比于 YL1 显示出 16 095 个缺失和 7 806 个插入位点。Salinas 与 YL1 基因组中 InDel 的平均密度为 10.4 InDel/Mb(表3)。Salinas 和 YL1 基因组中,长度为 25~50 bp 的 InDel 数目有 11 401 个,所占比例为 47.7%;长度为 51~100 bp 的 InDel 数目有 7 547 个,所占比例为 31.6%;长度为 101~200 bp 的 InDel 数目有 2 451 个,所占比例为 10.2%;而长度大于 200 bp 的 InDel 有 2 502 个,占 10.5%。

表3 Salinas 与 YL1 之间 InDel 的数量和频率

Table 3 The number and frequency of InDel between Salinas and YL1

染色体 Chromosome	染色体大小/Mb Chromosome length	InDel 数量 InDel number	频率/ (InDel/Mb) Frequency
Chr1	214.8	2 571	12.0
Chr2	217.2	2 410	11.1
Chr3	257.9	2 091	8.1
Chr4	377.5	4 049	10.7
Chr5	339.6	3 458	10.2
Chr6	193.1	1 709	8.9
Chr7	195.7	2 416	12.3
Chr8	309.7	2 976	9.6
Chr9	204.3	2 221	10.9

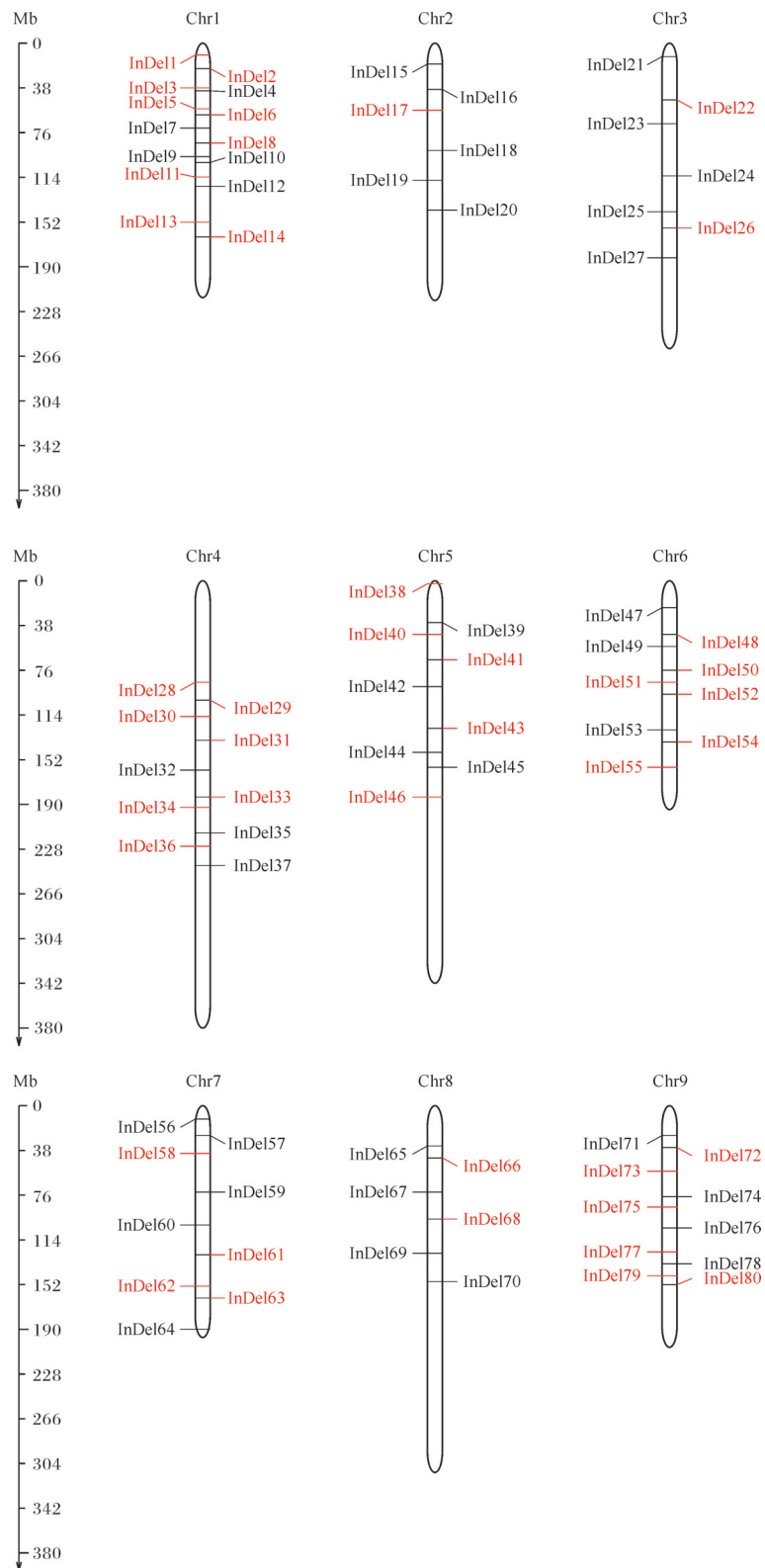
2.2 部分 InDel 的实验验证

基于生物信息学分析,在 9 条染色体上随机挑选 80 个 InDel 位点(图1),设计相应的 PCR 扩增引物,

命名为 InDel1~InDel80。选取包括 YL1 和 Salinas 在内的 6 个莴苣和 6 个生菜品种对上述 80 个位点的多态性进行验证。结果显示,80 个 InDel 引物中有 42 个引物在 YL1 和 Salinas 基因组中能扩增出与预测产物大小相同的片段(图2),存在多态性。其中,Chr1~Chr9 染色体上分别有 9、1、2、7、5、6、4、2、6 个 InDel 标记。对上述 42 个具有多态性标记结果进行分析,结果显示,23 个 InDel 标记在 6 个生菜品种间呈现多态性,18 个 InDel 标记在 6 个莴苣品种间呈现多态性,8 个标记(InDel3, InDel5, InDel13, InDel22, InDel30, InDel33, InDel63 和 InDel73)仅在莴苣和生菜之间呈现多态性。

2.3 结球生菜品种的鉴定

由于结球品种外观相似度较高,难以直接利用外观表型判定品种间是否存在异名同品种的情况。本研究利用 6 个生菜品种间具有多态性的 23 个 InDel 标记,对市场上 10 个结球生菜品种进行基因型鉴定,使用 IBM SPSS Statistics 27.0 软件进行聚类分析。结果表明,9 个 InDel 标记(InDel6、InDel17、InDel36、InDel46、InDel48、InDel62、InDel66、InDel68 和 InDel77)在 10 个结球生菜中基因型一致(即没有多态性);14 个 InDel 标记(InDel1、InDel14、InDel26、InDel28、InDel34、InDel38、InDel40、InDel41、InDel43、InDel50、InDel51、InDel55、InDel58 和 InDel75)在 10 个结球生菜中具有多态性,其中 InDel43 和 InDel51 能检测出 3 种基因型。根据 14 个多态性标记将 10 个不同的结球生菜品种划分为 8 个不同的组别(图3)。同一组内的结球生菜 JQ-1、JQ-3 和 JQ-4,在具有多态性的 14 个标记位点上均呈现完全一致的基因型,因而初步推断 JQ-1、JQ-3 和 JQ-4 存在同品种异名的情况,而其他组别之间至少存在 1 个分子标记位点的差异。



具有多态性的 InDel 标记用红色字体显示。InDel markers with polymorphisms are shown in red.

图 1 标记 InDel1~InDel80 在莴苣全基因组上的分布

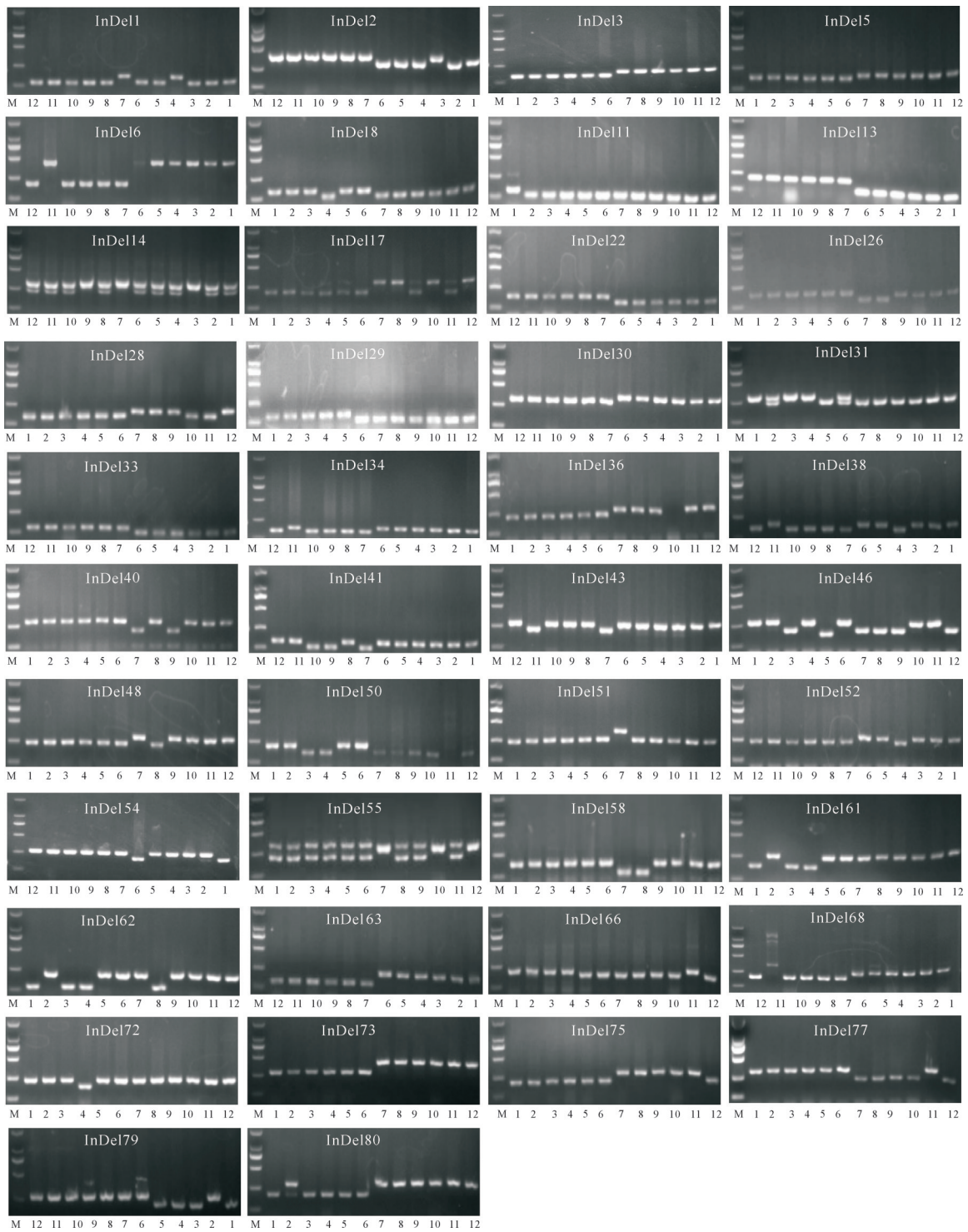
Fig. 1 Distribution of markers InDel1-InDel80 on the nine chromosomes of lettuce

2.4 不同莴笋品种间鉴定

利用莴笋间具有多态性的 18 个 InDel 标记,对

24 个莴笋品种进行基因型鉴定,并使用 IBM SPSS

Statistics 27.0 软件进行聚类分组。结果显示,仅 In-



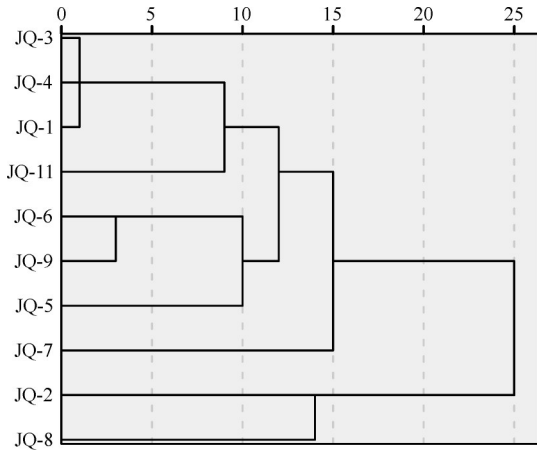
M: Marker DL2000, 1: YL-1; 2: Wo111; 3: 中华青 Zhonghuaqing; 4: 四季红莴笋 Sijihongwosun; 5: 泰国罗汉王 Thailand Luohanwang; 6: Wo46; 7: Salinas; 8: PI64570A; 9: PI59155A; 10: 意大利 Italy; 11: S1; 12: PI536839.

图2 具有多态性的42对 InDel 标记

Fig. 2 Forty-two polymorphic InDel markers

Del29在24个莴笋品种间表现出完全一致的基因型, 不具备多态性; 其余17个 InDel 标记(InDel1、InDel 2、InDel8、InDel11、InDel14、InDel31、InDel38、InDel46、InDel50、InDel52、InDel54、InDel61、InDel62、

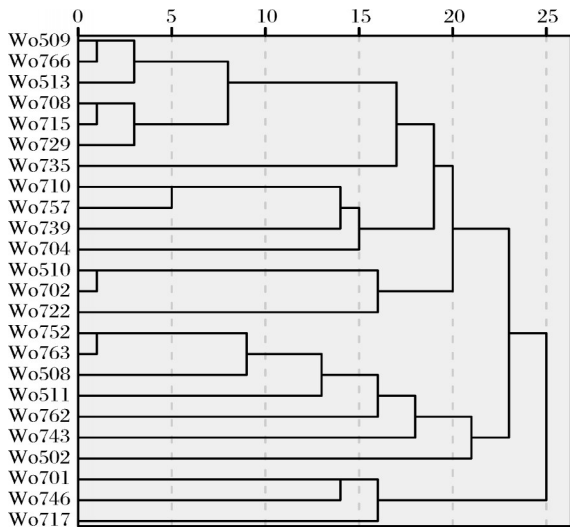
InDel66、InDel72、InDel79 和 InDel80)在24个莴笋品种间均表现出良好的多态性, 其中 InDel31、InDel46 和 InDel66 能检测出3种基因型。这17个具有多态性的标记将24个莴笋品种划分为20个不同的组别



使用平均联接(组间)的谱系图。Using average connection (between groups) pedigree chart.

图3 结球生菜品种聚类图

Fig. 3 The distance trees of crisphead lettuce varieties (图4)。4组内2品种间(Wo509和Wo766、Wo708和Wo715、Wo510和Wo702、Wo752和Wo763)存在同品种异名的可能性。同一组内莴笋品种在具有多态性的17个分子标记位点上均呈现完全一致的基因型,而不同组别之间至少存在一个分子标记位点的差异。



使用平均联接(组间)的谱系图。Using average connection (between groups) pedigree chart.

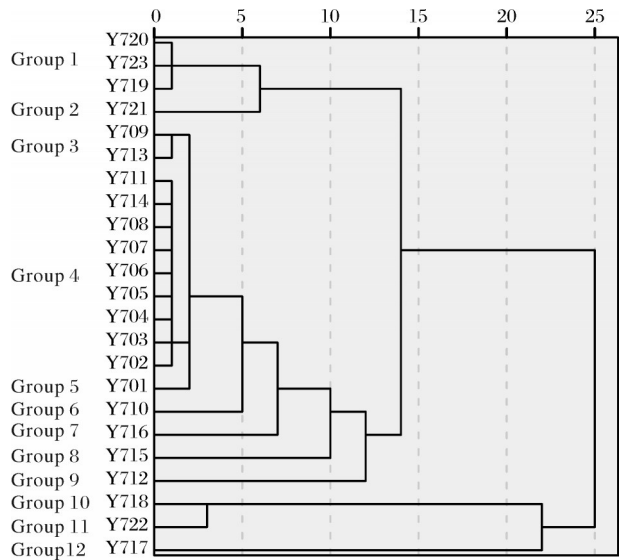
图4 莴笋品种聚类图

Fig. 4 The distance trees of stem lettuce varieties

2.5 不同油麦菜的品种鉴定

利用莴苣间具有多态性的42个InDel标记,对23个油麦菜品种进行了基因型鉴定,并使用IBM SPSS Statistics 27.0软件进行聚类分组。结果显示,有7个InDel标记(InDel14、InDel26、InDel40、InDel41、InDel51、InDel52和InDel58)在23个油麦菜中基

因型一致(即没有多态性);有35个InDel标记(InDel1、InDel2、InDel3、InDel5、InDel6、InDel8、InDel11、InDel13、InDel17、InDel22、InDel28、InDel29、InDel30、InDel31、InDel33、InDel34、InDel36、InDel38、InDel43、InDel46、InDel48、InDel50、InDel54、InDel55、InDel61、InDel62、InDel63、InDel66、InDel68、InDel72、InDel73、InDel75、InDel77、InDel79和InDel80)在油麦菜不同品种间具有多态性,其中InDel17、InDel46和InDel68能检测出3种基因型。这35对具有多态性的标记将23个油麦菜品种划分为12个不同的组别(图5),其中有9种不同名字的绿色油麦菜其基因型均相同。进一步结合种植表型,发现同一组内的品种在表型特征如叶片形态、叶片颜色、叶缘类型等方面均无差异(图6)。基因型结合表型数据发现,部分油麦菜存在相同品种使用不同名字的情况,如第1组的Y719、Y720和Y723,第3组的Y709和Y713,第4组的Y702、Y703、Y704、Y705、Y706、Y707、Y708、Y711和Y714。



使用平均联接(组间)的谱系图。Using average connection (between groups) pedigree chart.

图5 不同油麦菜品种聚类图

Fig. 5 The distance trees of Youmaicai varieties

3 讨论

近年来,随着我国经济的快速发展,莴苣种植面积持续扩大,产业进入稳定发展阶段。然而,随着栽培规模的扩大,市场上的莴苣品种也日益增多,同名异种和同种异名现象频发,给生产和育种工作带来诸多困扰。常用的KASP、SNP和SSR等分子标记在进行莴苣品种鉴定时存在一定的局限性或复杂



A~C:第1组 Group 1,D:第2组 Group 2;E、F:第3组 Group 3;G~O:第4组 Group 4;P:第5组 Group 5;Q:第6组 Group 6;R:第7组 Group 7;S:第8组 Group 8;T:第9组 Group 9;U:第10组 Group 10;V:第11组 Group 11;W:第12组 Group 12.

图6 12组油麦菜的生长形态

Fig. 6 Phenotypes of 12 groups of Youmaicai varieties

性。KASP技术虽然具有高通量、自动化程度高等优势,但该技术存在设备投入成本较高、对DNA质量要求严格等不足^[28]。SSR标记检测过程复杂,需要使用PAGE胶电泳或者特定的电泳仪器检测。相比之下,InDel标记技术展现出显著优势:首先,其基于PCR扩增和常规琼脂糖凝胶电泳的分析方法,实验设备要求简单,运行成本低廉;其次,InDel标记的扩增产物带型清晰明确,结果判读直观可靠;再者,该

技术对DNA质量要求相对宽松,更适合基层实验室开展。特别值得注意的是,InDel标记的检测通量可根据实际需求灵活调整,既适用于小规模快速检测,也能满足大批量样品分析需求。实践表明,将InDel标记与表型鉴定相结合,可建立高效、经济的品种鉴别体系,为莴苣产业的可持续发展提供可靠的技术支撑。

本研究通过分析莴笋YL1和生菜Salinas序列差

异,设计了80对引物,从中筛选验证了42个稳定的多态性标记,多态性为52.5%,利用InDel标记在莴苣不同品种间进行基因型鉴定,发现有14个标记在结球生菜不同品种中具有多态性,17个标记在莴笋品种间存在多态性,35个标记在油麦菜不同品种中具有多态性。其中有4个标记(InDel1、InDel14、InDel38和InDel50)在结球生菜和莴笋不同品种鉴定中均存在多态性,有8个标记(InDel1、InDel28、InDel34、InDel38、InDel43、InDel50、InDel55和InDel75)在结球生菜和油麦菜不同品种鉴定中都有多态性,有15个标记(InDel1、InDel2、InDel8、InDel11、InDel31、InDel38、InDel46、InDel50、InDel54、InDel61、InDel62、InDel66、InDel72、InDel79和InDel80)在莴笋和油麦菜不同品种鉴定中均有多态性,且有3个标记(InDel1、InDel38和InDel50)在结球生菜、莴笋和油麦菜3个类型内部均具有多态性。与其他作物相比,这一效率相对较低:许玉富等^[23]在菜心中开发的InDel标记的多态性比例为72.5%;Yang等^[29]在番茄中开发的InDel标记,多态性为82.4%;徐颖超等^[30]在南瓜中开发的InDel标记的多态性比例高达87.5%。InDel标记在莴苣中开发的效率较低,原因可能是莴苣的基因组较大、重复序列较多和测序的基因组不完整,导致在识别2个品种之间的InDel位点时受重复序列影响较大,使得有效性大大降低。后续应根据组装程度更精确的基因组序列,完善相应的分析程序,进行更精细的序列筛选。

参考文献 References

- [1] DE VRIES I M. Origin and domestication of *Lactuca sativa* L. [J]. Genetic resources and crop evolution, 1997, 44 (2) : 165-174.
- [2] WEI T, VAN TREUREN R, LIU X J, et al. Whole-genome resequencing of 445 *Lactuca* accessions reveals the domestication history of cultivated lettuce [J]. Nature genetics, 2021, 53 (5): 752-760.
- [3] ZHANG L, SU W Q, TAO R, et al. RNA sequencing provides insights into the evolution of lettuce and the regulation of flavonoid biosynthesis [J/OL]. Nature communications, 2017, 8 (1) : 2264 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-02445-9>.
- [4] 凌晨,王雨,庞雪兵,等.我国莴苣品种选育和新品种保护进展[J].中国蔬菜,2022(2):5-12.LING C, WANG Y, PANG X B, et al. Progress in breeding of lettuce varieties and protection of new varieties in China [J]. China vegetables, 2022(2) : 5-12 (in Chinese).
- [5] SIMKO I. Development of EST-SSR markers for the study of population structure in lettuce (*Lactuca sativa* L.) [J]. Journal of heredity, 2009, 100(2): 256-62.
- [6] STHAPIT K J, PENG H, HAYES R J, et al. Genome-wide association mapping reveals loci for shelf life and developmental rate of lettuce [J]. Theoretical and applied genetics, 2020, 133(6): 1947-1966.
- [7] LIU L J, LIU Z C, CHEN H R, et al. SRAP Markers and morphological traits could be used in test of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of lettuce (*Lactuca sativa*) varieties [J]. Journal of agricultural science, 2011, 4(3): 11832-11832.
- [8] HAYASHI M, UJIE A, SERIZAWA H, et al. Development of SCAR and CAPS markers linked to a recessive male sterility gene in lettuce (*Lactuca sativa* L.) [J]. Euphytica, 2011, 180 (3): 429-436.
- [9] HU J, OCHOA E O, TRUCO J M, et al. Application of the TRAP technique to lettuce (*Lactuca sativa* L.) genotyping [J]. Euphytica, 2005, 144(3): 225-235.
- [10] ALEX B. *Lactuca georgica* is a wild species belonging to the secondary lettuce gene pool: additional evidence, obtained by KASP genotyping [J]. Genetic resources and crop evolution, 2022, 70(4): 1289-1304.
- [11] 刘丽娟,刘灶长,陈海荣,等.莴苣属蔬菜资源SRAP标记PCR体系的构建与优化[J].植物遗传资源学报,2008,9(2): 157-162.LIU L J, LIU Z C, CHEN H R, et al. Optimization for SRAP-PCR reaction system in *Lactuca sativa* L. [J]. Journal of plant genetic resources, 2008, 9(2) : 157-162 (in Chinese with English abstract).
- [12] 王亚楠,韩莹琰,范双喜,等.紫色叶用莴苣遗传多样性及亲缘关系的TRAP分析[J].中国蔬菜,2015(3):25-32.WANG Y N, HAN Y Y, FAN S X, et al. Analysis of genetic diversity and relationship in purple lettuce by TRAP technique [J]. China vegetables, 2015(3) : 25-32 (in Chinese with English abstract).
- [13] 魏仕伟,陈海荣,葛国军,等.SSR和形态标记在叶用莴苣品种鉴定上的应用[J].分子植物育种,2020,18(13):4350-4360.WEI S W, CHEN H R, GE G J, et al. Application of SSR and morphological markers for identification on lettuce varieties [J]. Molecular plant breeding, 2020, 18(13) : 4350-4360 (in Chinese with English abstract).
- [14] 凌晨,赵洪,颜军,等.基于SSR标记的莴苣品种鉴定体系的建立及应用[J].华北农学报,2022,37(4):34-44.LING C, ZHAO H, YAN J, et al. Establishment and application of variety identification system based on SSR markers for lettuce [J]. Acta agriculturae boreali-sinica, 2022, 37(4) : 34-44 (in Chi-

- nese with English abstract).
- [15] SIMKO I, HAYES R J, TRUCO M J, et al. Molecular markers reliably predict post-harvest deterioration of fresh-cut lettuce in modified atmosphere packaging[J/OL]. Horticulture research, 2018, 5: 21 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1038/s41438-018-0022-5>.
- [16] SU W Q, TAO R, LIU W Y, et al. Characterization of four polymorphic genes controlling red leaf colour in lettuce that have undergone disruptive selection since domestication [J]. Plant biotechnology journal, 2020, 18(2): 479-490.
- [17] HYTEN D L, CANNON S B, SONG Q J, et al. High-throughput SNP discovery through deep resequencing of a reduced representation library to anchor and orient scaffolds in the soybean whole genome sequence[J/OL]. BMC genomics, 2010, 11: 38 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-38>.
- [18] PENA H B, PENA S D J. Automated genotyping of a highly informative panel of 40 short insertion-deletion polymorphisms resolved in polyacrylamide gels for forensic identification and kinship analysis[J]. Transfusion medicine and hemotherapy, 2012, 39(3): 211-216.
- [19] JANDER G, NORRIS S R, ROUNSLEY S D, et al. *Arabidopsis* map-based cloning in the post-genome era [J]. Plant physiology, 2002, 129(2): 440-450.
- [20] 冯芳君, 罗利军, 李荧, 等. 水稻 InDel 和 SSR 标记多态性的比较分析[J]. 分子植物育种, 2005, 3(5): 725-730. FENG F J, LUO L J, LI Y, et al. Comparative analysis of polymorphism of InDel and SSR markers in rice [J]. Molecular plant breeding, 2005, 3(5): 725-730 (in Chinese with English abstract).
- [21] LU B R, CAI X X, XIN J. Efficient *indica* and *japonica* rice identification based on the InDel molecular method: its implication in rice breeding and evolutionary research[J]. Progress in natural science, 2009, 19(10): 1241-1252.
- [22] LUO X B, XU L, LIANG D Y, et al. Comparative transcriptomics uncovers alternative splicing and molecular marker development in radish (*Raphanus sativus* L.) [J/OL]. BMC genomics, 2017, 18(1): 505 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3874-4>.
- [23] 许玉富, 黄依琳, 李荣华, 等. 基于 RAD-seq 的菜心 InDel 标记开发及应用[J]. 广东农业科学, 2024, 51(3): 91-102. XU Y F, HUANG Y L, LI R H, et al. Development and application of InDel markers in flowering Chinese cabbage based on RAD-seq[J]. Guangdong agricultural sciences, 2024, 51(3): 91-102 (in Chinese with English abstract).
- [24] LI H. Minimap2: pairwise alignment for nucleotide sequences [J]. Bioinformatics, 2018, 34(18): 3094-3100.
- [25] GUO Z L, LI B, DU J J, et al. LettuceGDB: the community database for lettuce genetics and omics[J/OL]. Plant communications, 2023, 4(1): 100425 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2022.100425>.
- [26] REYES-CHIN-WO S, WANG Z W, YANG X H, et al. Genome assembly with *in vitro* proximity ligation data and whole-genome triplication in lettuce[J/OL]. Nature communications, 2017, 8: 14953 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2022.100425>.
- [27] 任亮, 朱宝芹, 张轶博, 等. 利用软件 Primer Premier 5.0 进行 PCR 引物设计的研究[J]. 锦州医学院学报, 2004, 25(6): 43-46. REN L, ZHU B Q, ZHANG Y B, et al. The research of applying primer premier 5.0 to design PCR primer[J]. Journal of Jinzhou Medical College, 2004, 25(6): 43-46 (in Chinese with English abstract).
- [28] DIPTA B, SOOD S, MANGAL V, et al. KASP: a high-throughput genotyping system and its applications in major crop plants for biotic and abiotic stress tolerance[J/OL]. Molecular biology reports, 2024, 51(1): 508 [2025-02-20]. <https://doi.org/10.1007/s11033-024-09455-z>.
- [29] YANG J J, WANG Y Y, SHEN H L, et al. In silico identification and experimental validation of insertion-deletion polymorphisms in tomato genome [J]. DNA research, 2014, 21(4): 429-438.
- [30] 徐颖超, 张思程, 薛舒丹, 等. 南瓜叶黄素基因紧密连锁的 InDel 分子标记开发及应用[J]. 江苏农业学报, 2024, 40(2): 348-358. XU Y C, ZHANG S C, XUE S D, et al. Development and application of closely linked InDel molecular markers of lutein gene in *Cucurbita moschata* Duch [J]. Jiangsu journal of agricultural sciences, 2024, 40(2): 348-358 (in Chinese with English abstract).

Development and application of genome-wide InDel markers in lettuce

TANG Dan¹, TU Yiyi¹, HUANG Zhanqian¹, XIAO Huiling¹,
ZHU Xuebing², WANG Xin¹, CHEN Jiongjiong¹

1. National Key Laboratory for Germplasm Innovation & Utilization of Horticultural Crops/
College of Horticulture & Forestry Sciences, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

2. Qinghai Province Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Xining 810016, China

Abstract The genome sequences of Salinas (lettuce) and YL1 (stem lettuce) were compared to elucidate the genetic differences among the main cultivated types of lettuce (*Lactuca sativa*) including crisphead lettuce, Youmaicai, and stem lettuce and resolve the issue of synonymy. 23 901 potential InDel loci were identified across the whole genome. 80 loci were randomly selected for designing primers. 42 stably polymorphic markers were obtained from screening with PCR across six accessions of stem lettuce and six accessions of lettuce. 57 commercial varieties including 10 crisphead lettuce, 24 stem lettuce, and 23 Youmaicai were subsequently genotyped with polymorphic markers obtained. The results showed that the number of markers suitable for distinguishing crisphead lettuce, stem lettuce, and Youmaicai was 14, 17, and 35 out of the 42 polymorphic markers, respectively. The 10 varieties of crisphead lettuce were classified into 8 groups, the 24 varieties of stem lettuce into 20 groups, and the 23 varieties of Youmaicai into 12 groups, meaning that there are genetic differences and synonymy among varieties. It is indicated that the developed InDel marker system can be directly used for the rapid identification and clarification of genetic background in varieties of lettuce.

Keywords lettuce (*Lactuca sativa*); InDel marker; polymorphisms; variety identification; cluster analysis

(责任编辑:葛晓霞)