生物技术通报
· 技术与方法 · BIOTECHNOLOGY BULLETIN 2026, 42(10):27-36

基于重测序的番茄全基因组InDel分子标记开发与应用

苏晓梅 刘淑梅 吕宏君 杨宗辉 侯丽霞*
（山东省农业科学院蔬菜研究所 农业农村部黄淮设施园艺工程重点实验室 山东省大宗露地蔬菜育种重点实验室，济南 250100）

摘 要： 【目的】开发覆盖番茄全基因组、多态性高且便于琼脂糖凝胶电泳检测的InDel分子标记，为番茄种质资源遗传多样性分析、DNA指纹图谱构建及品种鉴定等提供高效实用的技术工具。【方法】基于已公开的番茄重测序数据，通过生物信息学方法筛选符合目标的InDel变异位点并设计引物。利用涵盖普通鲜食番茄、口感番茄、加工番茄及樱桃番茄4大类型的商业品种，对所开发标记进行多态性验证、筛选与应用分析。【结果】成功开发84个在番茄全基因组均匀分布且多态性良好的InDel标记。利用该标记体系对288份番茄品种进行分析，结果显示品种间遗传相似系数变幅为0.369–0.994，平均值为0.667。基于遗传距离的聚类分析和主成分分析将供试番茄品种划分为4大类群，其中樱桃番茄表现出最高的遗传多样性并形成独立分支，普通鲜食番茄与口感番茄遗传背景最为相近，在聚类图中呈交叉混合分布。根据标记在不同类型番茄中的多态性差异，分别筛选出适用于普通鲜食番茄、口感番茄、加工番茄和樱桃番茄的核心鉴定标记组合，分别包含48、36、48和48对引物，并据此构建了品种DNA指纹图谱。应用案例表明，利用亲本间多态性标记可实现杂交种纯度的快速鉴定，利用核心标记组合可有效区分不同品种，证实了该标记体系的实用性与可靠性。【结论】开发的全基因组InDel标记体系多态性高、检测简便，能够有效揭示番茄商业品种的遗传多样性与群体结构，并成功应用于品种指纹图谱构建、真实性鉴定及杂交种纯度检测，可为番茄种质资源管理、分子育种及品种权保护提供技术支撑。

关键词： 番茄；InDel标记；群体结构；指纹图谱；品种鉴定；纯度鉴定；全基因组

DOI: 10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2026-0100

Development and Application of Insertion-deletion（InDel）Markers in Tomato Based on Whole-genome Re-sequencing Data

SU Xiao-mei LIU Shu-mei LYU Hong-jun YANG Zong-hui HOU Li-xia*
（*Institute of Vegetables, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Huang Huai Protected Horticulture Engineering, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shandong Key Laboratory of Bulk Open-field Vegetable Breeding, Jinan* 250100）

Abstract: 【Objective】This study aims to develop a set of genome-wide, highly polymorphic insertion-deletion (InDel) markers that are easily detectable via conventional agarose gel electrophoresis, thereby providing efficient and practical technical tools for analyzing genetic diversity in tomato germplasm, constructing DNA fingerprint databases, and conducting cultivar identification. 【Method】Target InDel loci were screened from publicly available tomato resequencing data using bioinformatic methods, and primers were designed accordingly. The developed markers were validated, screened, and applied using commercial tomato varieties encompassing four major market types: fresh, flavor, processing and cherry tomatoes. 【Result】A total of 84 well-distributed and highly polymorphic InDel markers were successfully developed across the tomato genome. Analysis of 288 tomato varieties revealed pairwise genetic similarity coefficients ranging from 0.369 to 0.994, with an average of 0.667. Both cluster analysis and principal component analysis based on genetic distance consistently classified the tested varieties into four major genetic groups. Cherry tomatoes exhibited the highest genetic diversity and formed a distinct cluster, while fresh and flavor tomatoes shared the closest genetic background, showing overlapping patterns in the clustering. Considering the differential polymorphism of

收稿日期：2026-01-22
基金项目：山东省重点研发计划农业良种工程（2024LZGC006），东西部科技协作专项（25CXNA026），国家现代农业产业技术体系建设专项资金（CARS-23-G13）
*通信作者：侯丽霞 houlx2006@163.com

markers across tomato types, core marker sets for identification were refined for fresh, flavor, processing and cherry tomatoes, consisting of 48, 36, 48, and 48 primer pairs, respectively. DNA fingerprint profiles were subsequently constructed using these core sets. Case studies demonstrated that polymorphic markers between parental lines enabled rapid assessment of hybrid seed purity, and the core marker combinations effectively differentiated between varieties, confirming the practicality and reliability of this marker system.【Conclusion】The genome-wide InDel marker system exhibits high polymorphism and ease of detection. It effectively reveals the genetic diversity and population structure of commercial tomato varieties and has been successfully applied in varietal fingerprint construction, authenticity verification, and hybrid purity testing. This system provides technical support for tomato germplasm resource management, molecular breeding, and plant variety protection.

Keywords: tomato; InDel markers; population structure; fingerprint; variety identification; purity test; whole-genome

番茄（*Solanum lycopersicum* L.）是茄科（Solanaceae）茄属（*Solanum*）一年或多年生草本植物，起源于南美洲安第斯山脉地区[1]。因其果实营养丰富，现已成为全球广泛种植的重要蔬菜作物。根据联合国粮食及农业组织（FAO）的统计数据，2024年全球番茄年产量已达约1.88亿t，在蔬菜生产中位居首位。中国是全球最大的番茄生产国，产量约占世界总产量的1/3，同时也是重要的番茄育种与种子生产国。近年来，随着国内种业科技的快速发展，番茄育种水平显著提高，自主选育品种在生产中的应用比例持续上升[2]。在此背景下，实现番茄种质资源的科学管理与高效利用，已成为支撑产业可持续发展的关键。

准确、高效的品种鉴定是推动育种创新、保障种子品质、维护品种权人合法权益的重要基础。传统的鉴定方法主要依赖植株、叶片、果实等形态学性状，但这些性状易受环境条件与人为评估主观性的影响，导致同一品种在不同生长环境下可能表现明显的表型差异，影响鉴定结果的稳定性和可靠性。相比之下，基于分子标记的DNA指纹图谱技术具有遗传稳定性高、不受环境干扰、检测通量高等优势，已成为现代品种鉴定的重要辅助手段[3-7]。

随着高通量测序技术成本的不断下降，基于全基因组重测序开发的新型分子标记，如单核苷酸多态性（SNP）和插入/缺失（insertion-deletion, InDel）标记，得到了广泛应用。在基因组中，InDel标记的多态性频率仅次于SNP标记[8-9]，且可通过聚合酶链式反应（PCR）结合常规琼脂糖凝胶电泳或聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测，在分型简便性和实验成本上具有显著优势[9]。因此，InDel标记被视为在全基因组范围内开发实用分子标记的理想来源，已在番茄[10-11]、黄瓜[12-13]、辣椒[14-15]、茄子[16]、豇豆[17]、大白菜[18]等多种蔬菜作物的遗传研究与品种鉴定中发挥重要作用。然而，目前番茄中已报道的InDel标记数量有限，且已开发的标记大多基于几个至十几个碱基的微小片段差异，通常需借助分辨率更高的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳或高浓度琼脂糖凝胶电泳进行分离[10-11, 19]，这在一定程度上限制了其在常规育种实验室中的普及应用。因此，开发一套覆盖番茄全基因组、多态性高且便于通过常规琼脂糖凝胶电泳快速检测的InDel标记体系，对于提升番茄品种鉴定的效率与准确性、深化种质资源遗传评价以及支撑分子标记辅助育种实践，均具有重要的理论意义与应用价值。

本研究基于已公开发表的番茄重测序数据，通过生物信息学方法筛选并开发一套符合上述要求的InDel分子标记。利用该标记体系对288份代表性商业番茄品种进行系统的遗传多样性分析与群体结构解析，旨在阐明不同类型番茄的遗传分化特征，并验证该标记在品种真实性鉴定、杂交种纯度检测等实际育种环节中的应用效能，以期为番茄种质资源的科学管理、高效利用与育种创新提供可靠的技术支撑与理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料共288个番茄商业品种，来源于国内外不同育种单位和种子公司，包括普通鲜食番茄（B）、口感番茄（K）、加工番茄（P）、樱桃番茄（Y）4种类型，每种类型各72个品种。这些品种涵盖F_1杂交种和常规品种，广泛应用于商业化生产，具有较好的代表性。所有材料均于山东省农业科学院蔬菜研究所培养室内育苗，幼苗期室温控制在26-28 ℃。品种详细信息见附表1。

1.2　方法

1.2.1　基因组DNA提取　每个番茄品种随机选取5株单株，采集幼嫩叶片混合后，采用CTAB法提取基因组DNA。使用NanoDrop分光光度计检测DNA质量和浓度，确保A_{260}/A_{280}值在1.8–2.0之间，DNA浓度调整至30–50 ng/μL，-20 ℃保存备用。

1.2.2　InDel标记开发　基于公开发表的番茄重测序数据[20]，筛选符合目标条件的变异位点并设计引物。筛选条件如下：（1）插入/缺失碱基数为50–150 bp；（2）最小等位基因频率（minor allele frequency, MAF）>0.2；（3）多态性信息含量（polymorphism information content, PIC）>0.25；（4）位点基因型缺失率<10%，个体杂合率<15%。利用Perl语言自编脚本提取变异位点上、下游各300 bp的参考基因组碱基序列，利用Primer 5.0软件设计引物。设计参数为：引物长度18–24 bp，GC含量40%–60%，退火温度55–65 ℃，预期扩增产物大小100–300 bp。引物由北京六合华大基因科技有限公司合成。

1.2.3　标记筛选及验证　每种类型番茄选取24个品种，以番茄基因组DNA为模板，对开发设计的标记进行验证和筛选。

PCR扩增体系为10 μL，包括DNA模板2 μL，2×Taq Master Mix 5 μL，上、下游引物（10 μmol/L）各0.25 μL，ddH_2O 2.5 μL。扩增程序为：94 ℃预变性3 min；94 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸30 s，共32个循环；72 ℃延伸5 min，4 ℃保存。采用1.5%–1.8%琼脂糖凝胶电泳分离扩增产物，用Bio-Rad凝胶成像系统采集图像。根据条带大小进行基因型判读，编码为：a（纯合参考型）、h（杂合型）、b（纯合变异型）及NA（未知）。

1.2.4　数据处理　使用R软件计算各标记的观测杂合度（observed heterozygosity, Ho）、期望杂合度（expected heterozygosity, He）、多态性信息含量（PIC）和次要等位基因频率（MAF）。采用基于状态一致性（identity by state, IBS）的方法计算品种间的遗传相似系数。基于此，进一步换算为遗传距离，公式为：遗传距离=1–遗传相似系数。基于遗传距离矩阵，采用非加权组平均法（unweighted pair-group method with arithmetic means, UPGMA）构建系统发育树，使用R语言ggtree包进行树的可视化。对标准化后的基因型矩阵进行主成分分析（principal component analysis, PCA），使用R语言prcomp函数计算各主成分解释的变异百分比，并绘制PC1–PC2散点图。分别计算各类型内和类型间的平均遗传距离，并采用非参数检验评价差异显著性。以上所有统计分析和作图均在R 4.4.2环境中完成。

基于“用最少标记区分最多品种”的原则，用贪婪算法筛选核心InDel标记集。筛选过程从空标记集开始，在每一轮迭代中，选择能够使最多未区分品种对转变为可区分状态的标记加入核心标记集。品种对的区分判定标准为：两个品种在至少一个标记位点上的基因型不同即视为可区分，筛选过程持续迭代，直至所有品种对均可区分，或在剩余标记中已不存在能够进一步提高区分度的标记为止。

2　结果

2.1　标记的开发与筛选

根据筛选条件，全基因组范围内共检测到2 268个符合目标的InDel变异位点，平均每条染色体189个。其中4号染色体最多为490个，1号染色体最少，为118个。每条染色体选择分布相对均匀的10–12个位点设计成InDel引物，并利用4种不同类型番茄进行多态性验证和筛选。经过严格筛选和补充，共获得84个多态性不同的InDel标记，平均每条染色体7个。这些标记在染色体上的分布如图1所示，在不同类型番茄中的信息见附表2。

2.2　番茄遗传多样性分析和聚类分析

利用84个InDel标记对288个番茄品种进行基因型分析，计算各品种和各类型的遗传多样性参数和遗传距离（表1、表2）。总体而言，288个番茄品种的平均期望杂合度（He）为0.369 3，平均观测杂合度（Ho）为0.253 6。不同类型番茄中，樱桃番茄的遗传多样性最高，平均He为0.360 6，平均Ho为0.337 0，平均PIC为0.284 9，显著高于其他3种类型番茄。聚类分析结果表明，288份番茄品种主要划分为4大类群（图2），基本与番茄类型相对应，品种间遗传相似系数变幅为0.369–0.994，平均值为0.667。各类型内部遗传相似系数分别为：普通鲜食番茄（B）：0.589 3–0.970 2；口感番茄（K）：0.644 8–0.994；樱桃番茄（Y）：0.5–0.964 3；加工番茄（P）：

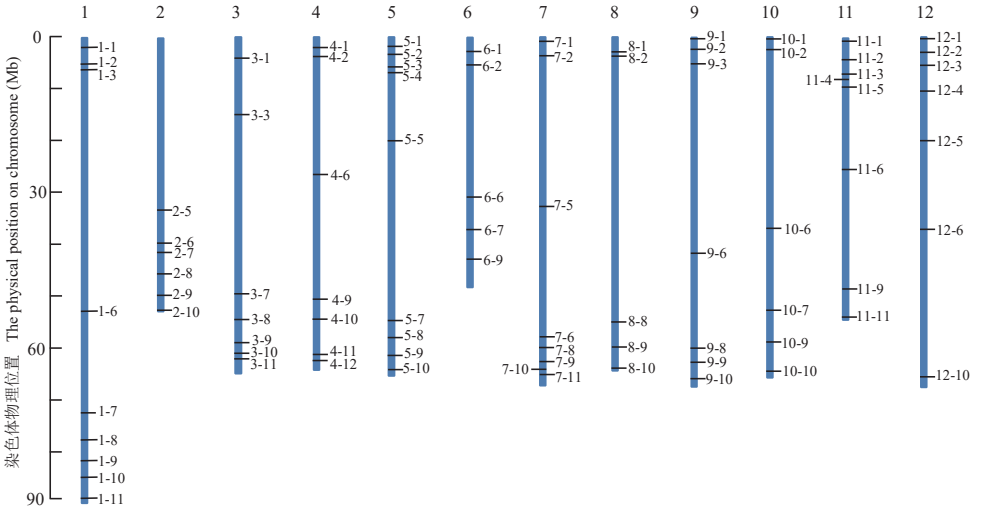


图1 84个InDel标记在番茄参考基因组的位置（SL4.0）

Fig. 1 Physical positions of 84 InDel markers on the tomato reference genome (SL4.0)

表1 不同类型番茄遗传多样性信息

Table 1 Genetic diversity parameters of different tomato types

群体类型 Group type	平均次要等位基因频率 Mean MAF	平均观测杂合度 Mean Ho	平均期望杂合度 Mean He	平均多态信息含量 Mean PIC
普通鲜食番茄 Fresh tomato（B）	0.207 4	0.254 8	0.264 0	0.208 8
口感番茄 Flavor tomato（K）	0.168 0	0.242 7	0.232 4	0.190 1
加工番茄 Processing tomato（P）	0.205 1	0.179 7	0.282 3	0.227 2
樱桃番茄 Cherry tomato（Y）	0.279 1	0.337 0	0.360 6	0.284 9
总计 Total	0.279 8	0.253 6	0.369 3	0.294 5

注：总体指标（总计）是基于288个品种整体重新计算各标记的MAF、Ho、He、PIC后取均值

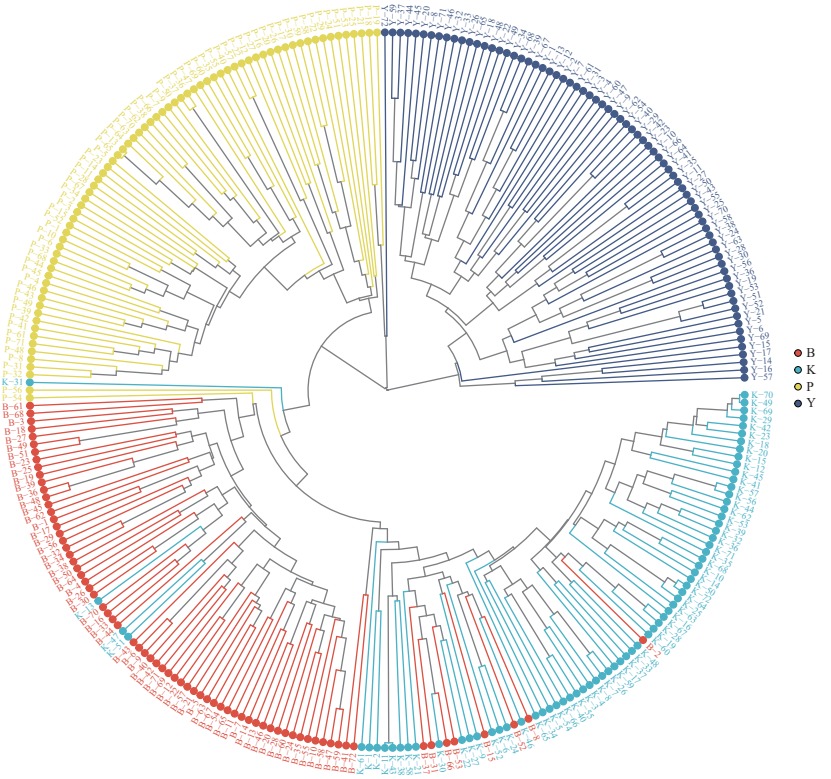
Note: The overall metrics (Total) were calculated as the mean values after recalculating the MAF, Ho, He, and PIC for each marker across all 288 varieties

表2 不同类型番茄间遗传距离矩阵

Table 2 Genetic distance matrix among different tomato types

群体类型 Group type	普通鲜食番茄 Fresh tomato（B）	口感番茄 Flavor tomato（K）	加工番茄 Processing tomato（P）	樱桃番茄 Cherry tomato（Y）
普通鲜食番茄 Fresh tomato（B）	0.213 2	—	—	—
口感番茄 Flavor tomato（K）	0.261 9	0.185 5	—	—
加工番茄 Processing tomato（P）	0.315 3	0.345 7	0.259 9	—
樱桃番茄 Cherry tomato（Y）	0.412 2	0.429 0	0.420 8	0.296 8

0.511 9–0.994，表明部分品种间遗传关系极为相近，可能为极相似品种。由表2可知，樱桃番茄与普通鲜食番茄、口感番茄、加工番茄的平均遗传距离分别为0.412 2、0.429 0和0.420 8，均明显高于其他类型间的遗传距离，这与PCA分析结果（图3）一致，进一步证实了樱桃番茄具有独特的遗传背景。此外，普通鲜食番茄与口感番茄的遗传距离最小，为0.261 9，显著低于其与樱桃番茄或加工番茄的遗传距离，且二者在系统发育树和PCA空间中存在明显重叠，表明二者具有相近的遗传关系。综上所述，本研究中开发的InDel标记能有效划分不同类型的番茄品种或种质资源，可用于遗传多样性分析。

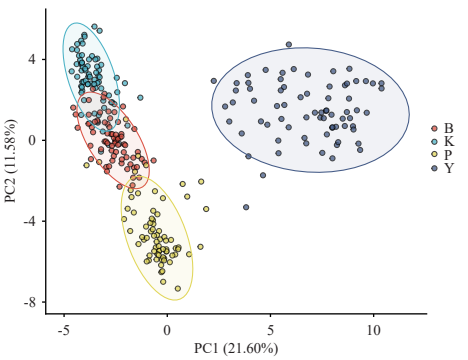


B:普通鲜食番茄;K:口感番茄;P:加工番茄;Y:樱桃番茄。下同

B: Fresh tomato. K: Flavor tomato. P: Processing tomato. Y: Cherry tomato. The same below

图2　基于84个InDel标记构建的288个番茄品种UPGMA系统发育树

Fig. 2　Phylogenetic tree of 288 tomato varieties based on 84 InDel markers using the UPGMA method



PC1:解释21.60%的遗传变异;PC2:解释11.58%的遗传变异

PC1: Explained 21.60% of the total genetic variation; PC2: explained 11.58% of the total genetic variation

图3　基于84个InDel标记的288份番茄品种主成分分析(PCA)

Fig. 3　Principal component analysis (PCA) of 288 tomato varieties based on 84 InDel markers

2.3　InDel鉴定组合的筛选

基于“用最少标记区分最多品种”的原则，筛选出能够区分288份番茄品种所需要的最少引物数，一共为13对（图4），具体标记见附表2。

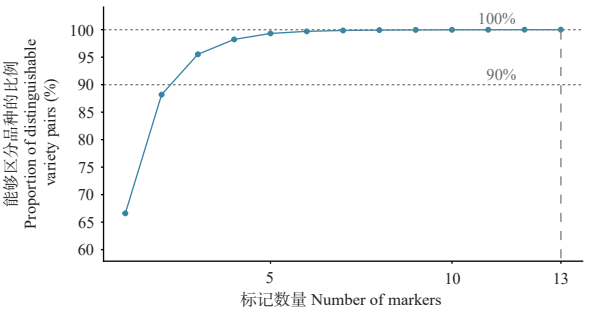
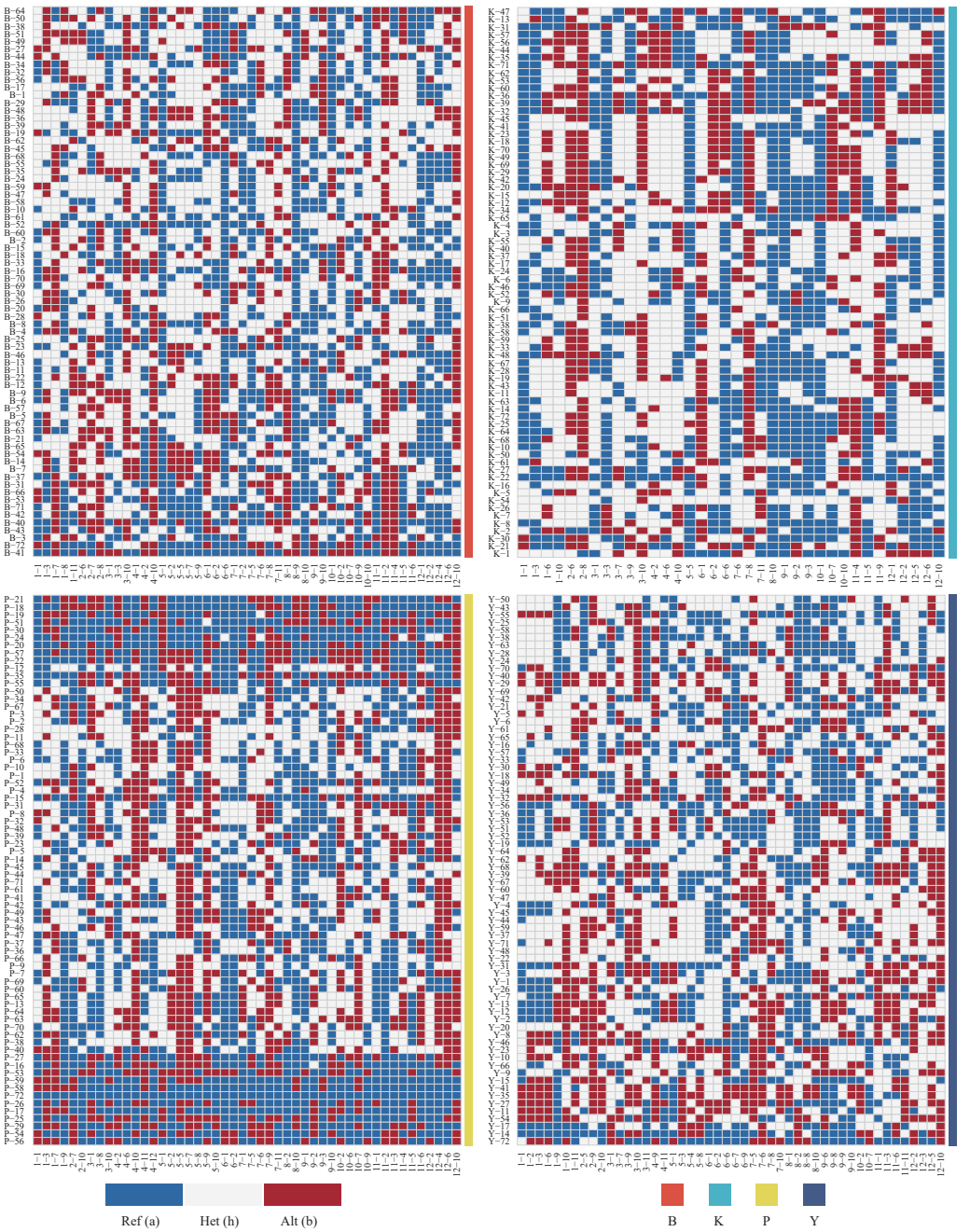


图4　InDel位点数对番茄品种的鉴定效率

Fig. 4　Efficiency of tomato variety identification using different numbers of InDel markers

鉴于标记多态性存在类型间差异，依据高PIC值、染色体均匀分布及非紧密连锁的原则，针对不同类

型番茄分别精简了核心标记组合。最终适用于鉴定普通鲜食番茄的核心标记为48对，口感番茄36对，加工番茄48对，樱桃番茄48对，所有标记信息详见附表2。利用这些核心标记组合能够有效区分不同番茄品种（图5），为番茄品种的鉴定提供了有效工具。



指纹图谱中不同颜色分别表示与参考基因组一致的纯合型(a,蓝色)、杂合型(h,白色)、纯合变异型(b,红色)

In the fingerprint, different colors represent the homozygous type consistent with the reference genome (a, blue), heterozygous type (h, white) and variant homozygous type (b, red), respectively

图5 基于核心标记的4种类型番茄指纹图谱

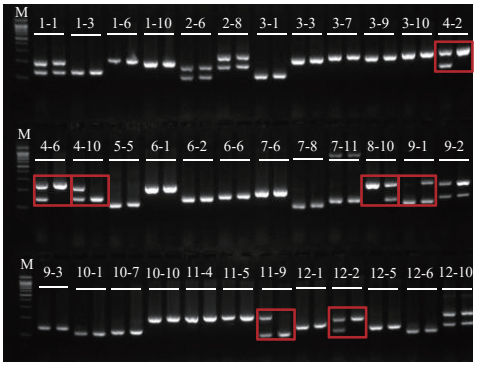
Fig. 5 DNA fingerprints of four tomato types based on core markers

2.4　InDel标记在番茄品种真实性鉴定中的应用

利用精简的标记组合对番茄品种真实性进行验证。以2个口感番茄品种‘高品1918’和‘高品2718’为材料，利用筛选获得的36对口感番茄核心标记进行分析，结果（图6）显示，在36个标记中有7个表现出差异，表明‘高品1918’和‘高品2718’为2个不同的番茄品种。以上结果表明，利用筛选的InDel核心标记组合可有效进行番茄品种真实性鉴定。

2.5　InDel标记在番茄杂交种纯度鉴定中的应用

以新品种‘品番1933’的亲本DNA为模板，对口感番茄核心标记组合进行多态性筛选，选取亲本间有差异的InDel标记对杂交种进行鉴定。在亲本间条带单一且具有多态性的标记共14对，随机选取其中条带清晰且位于不同染色体的3个标记，即标记1-10、标记3-9和标记11-5，对94株F_1进行鉴定（图7）。结果表明，除62号单株与母本基因型一致外，其他单株均具有双亲带型，杂交种纯度为98.94%。以上结果表明，InDel标记可用于番茄杂交种纯度的高效检测。

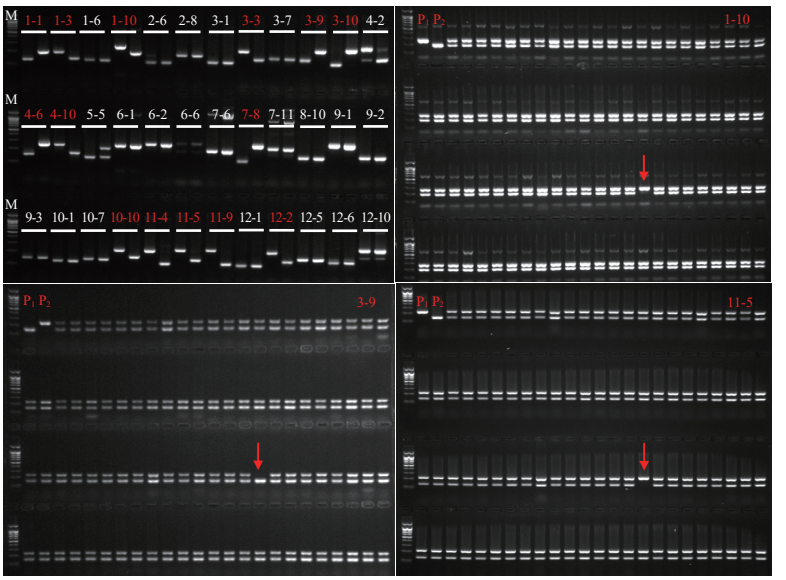


红框表示2个品种间具有差异的标记

The red box indicates polymorphic markers between the two varieties. M: 100 bp DNA marker

图6　基于36个核心标记的2个口感番茄品种真实性鉴定

Fig. 6　Authenticity identification of two flavor tomato varieties based on a core set of 36 markers



P_1：母本，P_2：父本；红色箭头表示杂株；红色数字表示可用于纯度鉴定的标记

P_1: The female parent. P_2: The male parent. The red arrows indicate the off-type plants. The red numbers indicate the markers that can be used for purity identification

图7　基于分子标记的‘品番1933’杂交种纯度鉴定

Fig. 7　Purity identification of the hybrid ‘Pinfan 1933’ based on molecular markers

3　讨论

3.1　InDel标记的开发策略与技术优势

InDel标记的开发主要依赖于全基因组重测序所揭示的序列变异。由于基因组同一位点发生不同长度插入/缺失变异的几率较小，开发过程中多态性位点相对较少[21]，这与SSR标记形成鲜明对比。因

此，InDel标记具有基因分型准确、遗传稳定、共显性遗传等特点[21-22]，尤其适用于品种鉴定和指纹图谱构建等对位点可靠性要求较高的应用场景。

番茄基因组中InDel变异虽然广泛存在，但多数仅为数个碱基的微小差异，难以通过常规琼脂糖凝胶电泳有效区分。为此，本研究将筛选目标聚焦于片段差异长度为50-150 bp的InDel位点，并通过不同类型番茄进行多态性筛选。本研究所开发的标记不仅具有较高的PIC值和良好的扩增稳定性，更重要的是其长度多态性可通过1.5%-1.8%琼脂糖凝胶电泳清晰分辨，大幅降低了技术操作门槛。与依赖聚丙烯酰胺凝胶电泳或荧光毛细管电泳的标记体系相比，本研究的InDel标记体系在基层育种单位和资源有限的实验室中更具推广性。

3.2 InDel标记在番茄遗传研究中的应用

本研究所构建的包含84个标记的InDel检测体系，主要用于种质资源遗传多样性评估与系统发育关系分析等常规育种实践。对于全基因组关联分析或基于连锁不平衡的遗传解析，通常需要数百甚至上千个标记[23]。但对于核心种质构建、品种真实性鉴定以及杂交亲本选配等常规育种实践，几十至百余个多态性高、分布均匀的标记已足以提供可靠的遗传信息[24-25]。本研究综合采用遗传距离计算、聚类分析、主成分分析等多种方法，结果相互印证，揭示了288份商业品种可分为4个主要遗传类群，其中樱桃番茄独立成支，而鲜食与口感番茄遗传背景高度重叠，证明该套标记在解析群体遗传结构方面可行有效。

更重要的是，该标记体系展现了良好的应用潜力。本研究针对鲜食、口感、加工、樱桃4大类型番茄分别优化出更具效率的专用鉴定组合，并构建了相应的DNA指纹图谱。应用案例验证表明，该体系可成功用于品种区分与杂交种纯度鉴定，为番茄品种DNA身份证构建、种子质量检测、育种材料知识产权保护提供了可行的技术方案。

3.3 番茄品种的遗传多样性特征

本研究中288份商业番茄品种的平均期望杂合度为0.369 3，处于中等水平，与国际上对现代栽培番茄多样性水平的评估一致，但明显低于番茄野生种及地方品种[26]。这种差异是人工驯化与高强度育种选择的直接反映：现代育种在提升目标性状的同时，也带来了遗传瓶颈效应，导致栽培种群的遗传基础趋于狭窄。不同育种目标的选择强度差异进一步塑造了类型间的遗传分化格局。加工番茄因育种目标高度集中于番茄红素含量高、果皮易脱、成熟一致等性状[27]，长期定向选择导致其遗传多样性降低，在聚类分析中形成相对独立的分支。与之相对，樱桃番茄表现出最高的遗传多样性，且形成了独立的系统发育分支，这与前人研究一致[28-30]。该特征归因于樱桃番茄育种过程中对野生种质的基因渗入，保留了更为丰富的遗传变异，为其丰富的果实形态和色泽变异提供了遗传基础[30-31]。

值得注意的是，普通鲜食番茄与口感番茄之间遗传相似度较高，在聚类分析和PCA中呈交叉混合分布。可能原因如下：其一，两者的市场分类主要依据风味、糖酸度等感官品质，这些性状可能由少数主效基因或QTL控制，未引起基因组背景的广泛分化；其二，口感番茄作为市场细分产物，其育种材料多源于鲜食品种的改良选育，两者间种质交流频繁；其三，风味评价具有一定主观性，其分类标准不如果实大小、颜色等形态性状客观明确。

本研究利用所开发的标记体系对番茄群体进行系统分析并探索其在育种中的应用潜力，结果表明该标记体系具有较好的应用价值。然而，本研究仍存在以下局限：其一，供试材料以商业品种为主，缺乏对野生种质及地方品种的系统覆盖，在一定程度上限制了遗传多样性解析的广度与深度；其二，所开发标记均为全基因组背景标记，尚未与具体性状建立直接关联。后续研究可结合表型数据进行标记-性状关联分析，以提升其在育种实践中的指导价值。

4 结论

基于番茄重测序数据，开发了一套覆盖全基因组、多态性高且便于琼脂糖凝胶电泳检测的InDel分子标记体系，利用该标记体系系统评价了供试番茄品种的遗传多样性和群体结构，同时验证了该套InDel标记在番茄育种中的应用效果，可为番茄种质资源及品种遗传多样性分析、DNA指纹图谱构建、杂交种纯度检测及品种真实性鉴定等方面提供参考。

文章所有附表请点击链接获取（https://biotech.aiijournal.com/fileup/1002-5464/NEWS/2026101509362 6_NewsFile_82.pdf）。

参考文献

[1] Blanca J, Montero-Pau J, Sauvage C, et al. Genomic variation in tomato, from wild ancestors to contemporary breeding accessions [J]. BMC Genom, 2015, 16: 257.

[2] 李君明, 项朝阳, 王孝宣, 等. “十三五”我国番茄产业现状及展望 [J]. 中国蔬菜, 2021(2): 13-20.
Li JM, Xiang CY, Wang XX, et al. Current situation of tomato industry in China during ‘the thirteenth Five-Year Plan’ period and future prospect [J]. China Veg, 2021(2): 13-20.

[3] 李剑, 谢昊, 豆丹丹, 等. DNA分子标记在作物品种鉴定中的应用展望 [J]. 安徽农业科学, 2026, 54(7): 5-9.
Li J, Xie H, Dou DD, et al. Prospects of DNA molecular markers in crop variety identification [J]. J Anhui Agric Sci, 2026, 54(7): 5-9.

[4] Zhang J, Ren J, Yang JJ, et al. Evaluation of SNP fingerprinting for variety identification of tomato by DUS testing [J]. Agric Commun, 2023, 1(1): 100006.

[5] 苏国钊, 李媛媛, 刘中华, 等. 苦瓜品种SSR分子标记鉴定技术体系构建与应用 [J]. 中国农业科学, 2024, 57(11): 2227-2242.
Su GZ, Li AA, Liu ZH, et al. Construction and application of SSR marker identification system for bitter gourd varieties [J]. Sci Agric Sin, 2024, 57(11): 2227-2242.

[6] 朱海峰, 王天鹏, 全瀚仪, 等. 基于KASP标记的芥菜种质资源分子身份证构建 [J]. 中国蔬菜, 2025(3): 34-45.
Zhu HF, Wang TP, Quan HY, et al. Construction of molecular identity card for mustard germplasm resources based on KASP markers [J]. China Veg, 2025(3): 34-45.

[7] 胡娜, 魏庆镇, 庞鸿涛, 等. 茄科作物DNA指纹图谱研究进展及其在遗传育种的应用 [J]. 中国蔬菜, 2025(10): 34-44.
Hu N, Wei QZ, Pang HT, et al. Research progress of DNA fingerprinting of Solanaceae crops and its application in genetic breeding [J]. China Veg, 2025(10): 34-44.

[8] 洪晓如, 吴智明, 陈汉才, 等. 基于重测序的芥蓝(*Brassica alboglabra*)全基因组InDel标记开发 [J]. 分子植物育种, 2021, 19(4): 1190-1201.
Hong XR, Wu ZM, Chen HC, et al. Development of InDel markers for *Brassica alboglabra* based on whole-genome re-sequencing data [J]. Mol Plant Breed, 2021, 19(4): 1190-1201.

[9] Zhang YY, Shi J, Shen CQ, et al. Discovery of DNA polymorphisms via genome-resequencing and development of molecular markers between two barley cultivars [J]. Plant Cell Rep, 2022, 41(12): 2279-2292.

[10] Jin L, Zhao LP, Wang YL, et al. Genetic diversity of 324 cultivated tomato germplasm resources using agronomic traits and InDel markers [J]. Euphytica, 2019, 215(4): 69.

[11] 张辉, 李鑫, 王志敏, 等. 基于核心InDel标记樱桃番茄种质资源的遗传多样性分析与应用 [J]. 中国蔬菜, 2023(10): 26-36.
Zhang H, Li X, Wang ZM, et al. Genetic diversity analysis and application of cherry tomato germplasm based on core InDel markers [J]. China Veg, 2023(10): 26-36.

[12] Adedze YMN, Lu X, Xia YC, et al. Agarose-resolvable InDel markers based on whole genome re-sequencing in cucumber [J]. Sci Rep, 2021, 11: 3872.

[13] Yang JC, Meng PX, Mi H, et al. The development of ideal insertion and deletion (InDel) markers and initial indel map variation in cucumber using re-sequenced data [J]. BMC Genom, 2025, 26: 391.

[14] Guo GJ, Zhang GL, Pan BG, et al. Development and application of InDel markers for *Capsicum* spp. based on whole-genome re-sequencing [J]. Sci Rep, 2019, 9: 3691.

[15] Qureshi M, Ulusoy D, Kasapoğlu S, et al. Novel InDel marker development in pepper (*Capsicum annuum* L.) by ddRADSeq [J]. Trop Plant Biol, 2025, 18: 83.

[16] 尤园园, 王帅, 方莹莹, 等. 茄子全基因组InDel变异特征及分子标记开发和应用 [J]. 园艺学报, 2024, 51(3): 520-532.
You YY, Wang S, Fang YY, et al. Variation characteristics of insertion-deletion (InDel) and molecular markers development and application in eggplant based on whole genome re-sequencing data [J]. Acta Hortic Sin, 2024, 51(3): 520-532.

[17] 杨易, 黎庭耀, 李国景, 等. 基于重测序的长豇豆基因组InDel标记开发及应用 [J]. 园艺学报, 2022, 49(4): 778-790.
Yang Y, Li TY, Li GJ, et al. Development and application of insertion-deletion (InDel) markers in asparagus bean based on whole genome re-sequencing data [J]. Acta Hortic Sin, 2022, 49(4): 778-790.

[18] Liu KW, Men WJ, Feng JX, et al. Development and application of InDels and SNPs markers based on whole-genome resequencing in Chinese cabbage [J]. Hortic Environ Biotechnol, 2025, 66(5): 1073-1088.

[19] Yang JJ, Wang YY, Shen HL, et al. In silico identification and experimental validation of insertion-deletion polymorphisms in tomato genome [J]. DNA Res, 2014, 21(4): 429-438.

[20] Zhou Y, Zhang ZY, Bao ZG, et al. Graph pangenome captures missing heritability and empowers tomato breeding [J]. Nature, 2022, 606(7914): 527-534.

[21] 杨洁, 赫佳, 王丹碧, 等. InDel标记的研究和应用进展 [J]. 生物多样性, 2016, 24(2): 237-243.
Yang J, He J, Wang DB, et al. Progress in research and application of InDel markers [J]. Biodivers Sci, 2016, 24(2): 237-243.

[22] Duan Y, Gan P, Lin QY, et al. Genetic diversity analysis and core marker identification of shanlan upland rice landraces using highly

informative InDel markers [J]. Agriculture, 2026, 16(1): 2.

[23] Porras-Hurtado L, Ruiz Y, Santos C, et al. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings, and supporting software [J]. Front Genet, 2013, 4: 98.

[24] Wang Y, Wu XH, Li YW, et al. Identification and validation of a core single-nucleotide polymorphism marker set for genetic diversity assessment, fingerprinting identification, and core collection development in bottle gourd [J]. Front Plant Sci, 2021, 12: 747940.

[25] 田红丽, 杨扬, 范亚明, 等. 用于玉米品种真实性鉴定的最优核心SNP位点集的研发 [J]. 作物学报, 2024, 50(5): 1115-1123.
Tian HL, Yang Y, Fan YM, et al. Development of an optimal core SNP loci set for maize variety genuineness identification [J]. Acta Agron Sin, 2024, 50(5): 1115-1123.

[26] Wang T, Li HT, Zhu H, et al. Comparative analyses of genetic variation in a tomato (*Solanum lycopersicum* L.) germplasm collection with single nucleotide polymorphism and insertion-deletion markers [J]. Russ J Genet, 2019, 55(2): 204-211.

[27] Merk HL, Yarnes SC, Van Deynze A, et al. Trait diversity and potential for selection indices based on variation among regionally adapted processing tomato germplasm [J]. J Amer Soc Hort Sci, 2012, 137(6): 427-437.

[28] Phan NT, Kim MK, Sim SC. Genetic variations of F_1 tomato cultivars revealed by a core set of SSR and InDel markers [J]. Sci Hortic, 2016, 212: 155-161.

[29] Kim M, Jung JK, Shim EJ, et al. Genome-wide SNP discovery and core marker sets for DNA barcoding and variety identification in commercial tomato cultivars [J]. Sci Hortic, 2021, 276: 109734.

[30] Sim SC, Kim M, Chung SM, et al. Assessing the genetic variation in cultivated tomatoes (*Solanum lycopersicum* L.) using genome-wide single nucleotide polymorphisms [J]. Hortic Environ Biotechnol, 2015, 56(6): 800-810.

[31] Víquez-Zamora M, Vosman B, van de Geest H, et al. Tomato breeding in the genomics era: insights from a SNP array [J]. BMC Genom, 2013, 14: 354.

（责任编辑　高洁）