

# 我国甘薯种质资源研究现状及展望

赵凌霄<sup>1</sup>, 王 珧<sup>1</sup>, 姚祝芳<sup>2</sup>, 肖世卓<sup>1</sup>, 戴习彬<sup>1</sup>, 周志林<sup>1</sup>, 张 安<sup>1</sup>, 杨天妮<sup>1</sup>, 王章英<sup>2</sup>, 曹清河<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>江苏徐淮地区徐州农业科学研究所, 徐州 221131; <sup>2</sup>广东省农业科学院作物研究所, 广州 510640)

**摘要:** 甘薯 [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] 作为全球重要的粮食作物, 其种质资源的创新与利用对保障粮食安全、提升产业效益和应对环境挑战具有重要意义。然而, 当前甘薯种质资源的研究与利用仍面临诸多问题。首先, 甘薯种质资源的收集与保存尚未完全覆盖其遗传多样性, 部分地方品种和野生近缘种面临流失风险; 其次, 评价体系尚不完善, 传统表型鉴定方法效率较低, 难以满足大规模育种需求; 此外, 尽管分子生物学与基因组学技术发展迅速, 但其在甘薯种质资源创新中的应用仍处于起步阶段, 重要性状相关基因的挖掘与利用亟待加强。本文系统综述了甘薯种质资源的研究进展, 主要内容包括以下三个方面: 一是甘薯种质资源的多样性、收集与保存现状, 分析了现有种质库的覆盖范围及保护策略; 二是鉴定与评价技术体系, 重点探讨了表型与基因型相结合的高效鉴定方法; 三是新种质的创新与利用, 包括远缘杂交、分子标记辅助选择和基因编辑等技术的最新进展及其在育种中的应用。本文通过总结现有研究成果与不足, 旨在为甘薯种质资源的精准鉴定与高效利用提供参考。

**关键词:** 甘薯; 种质资源; 遗传多样性; 评价体系; 创新与利用

## Research Proceeding and Prospects of Sweetpotato Germplasm Resources in China

ZHAO Lingxiao<sup>1</sup>, WANG Yao<sup>1</sup>, YAO Zhufang<sup>2</sup>, XIAO Shizhuo<sup>1</sup>, DAI Xibin<sup>1</sup>, ZHOU Zhilin<sup>1</sup>,  
ZHANG An<sup>1</sup>, YANG Tianni<sup>1</sup>, WANG Zhangying<sup>2</sup>, CAO Qinghe<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Xuzhou Institute of Agricultural Sciences in Jiangsu Xuhuai District, Xuzhou 221131; <sup>2</sup>Crops Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640)

**Abstract:** Sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.], as a globally important food crop, holds significant value in ensuring food security, enhancing industrial productivity, and addressing environmental challenges through the innovation and utilization of its germplasm resources. However, current research and utilization of sweetpotato germplasm resources still face multiple challenges. Firstly, the collection and conservation of germplasm have not yet fully captured its genetic diversity, with risks of losing landraces and wild relatives. Secondly, the evaluation system remains incomplete, as traditional phenotypic characterization methods are inefficient and inadequate for large-scale breeding demands. Additionally, despite rapid advancements in molecular biology and genomics, their application in sweetpotato germplasm innovation is still in its infancy, requiring urgent efforts to identify and utilize key trait-related genes. This review systematically summarizes recent research progress in sweetpotato germplasm resources, focusing on three key aspects: (1) The diversity, collection, and conservation status of sweetpotato germplasm, including an analysis of the coverage and preservation strategies of existing germplasm repositories; (2) Identification and evaluation systems and technologies, emphasizing integrated phenotypic-genotypic approaches for efficient identification; (3)

收稿日期: 2025-03-28 网络出版日期: 2025-04-28

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250328001>

第一作者研究方向为甘薯品质分析, E-mail: zhaolixiao2019@163.com

通信作者: 曹清河, 研究方向为甘薯种质创新与基因组学, E-mail: caoqinghe@jaas.ac.cn

**基金项目:** 国家重点研发计划(2023YFD1202702); 现代农业产业技术体系专项(CARS-10); 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目[JBGS(2021)010]

**Foundation projects:** National Key Research and Development Program of China (2023YFD1202702); The Earmarked Fund for China Agriculture Research System (CARS-10); The 'JBGS' Project of Seed Industry Revitalization in Jiangsu Province [JBGS(2021)010]

Innovation and application of novel germplasm, highlighting advances in distant hybridization, molecular marker-assisted selection, and gene editing for breeding. By synthesizing current research advancements and existing limitations, this review aims to provide critical insights into the precise characterization and optimized utilization of sweetpotato germplasm resources.

**Key words:** sweetpotato; germplasm resources; genetic diversity; evaluation system; innovation & application

甘薯 [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] 作为全球重要的粮食作物之一,因其高产、适应性强和营养丰富而备受关注<sup>[1]</sup>。根据联合国粮农组织 (FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations) 统计,2021年,中国甘薯种植面积约为220.6万公顷,成为世界上最大的甘薯种植国,占世界种植面积的29.80%,产值占世界总产值的53.80%<sup>[2]</sup>。甘薯不仅是重要的能量来源,还富含维生素、矿物质和抗氧化物质,尤其在发展中国家,其在保障粮食安全和改善营养状况方面发挥着关键作用<sup>[3]</sup>。然而,随着全球气候变化、耕地资源减少及病虫害频发,甘薯生产面临严峻挑战<sup>[4]</sup>。尽管传统育种在安全性认可和物种适应性上具有优势,但在效率、精准度和适用范围上仍存在显著局限<sup>[5]</sup>。此外,在长期有针对性的人工选育和自然选择过程中,甘薯品种间同质性增加,种质资源遗传多样性降低,限制了甘薯重大品种的培育<sup>[6]</sup>。因此,如何通过种质资源的挖掘与创新利用提升甘薯的抗逆性、产量及营养价值,已成为当前研究的重点。

甘薯种质资源是品种改良和遗传研究的物质基础,其多样性为育种提供了丰富的基因库<sup>[7]</sup>。近年来,随着分子生物学和基因组学技术的快速发展,甘薯种质资源研究取得了较大进展。全基因组测序技术的应用为甘薯遗传多样性分析提供了新视角,而分子标记辅助选择和基因编辑技术则为精准育种提供了有力工具<sup>[8]</sup>。与国际先进水平相比,我国在甘薯种质资源的高效利用和功能基因挖掘方面仍存在一定差距。本文综述了近年来甘薯种质资源在收集保存、遗传多样性、基因组学及分子育种等领域的研究进展,以期对未来甘薯种质资源创新与利用提供理论依据和实践指导。

## 1 甘薯种质资源的分布和保存概况

### 1.1 甘薯种质资源的分类及其分布概况

甘薯种质资源具有丰富的遗传多样性,其分类和分布情况是研究其遗传背景和利用价值的基础。根据来源,甘薯种质资源可分为野生种、地方种、引

进种和育成种<sup>[9]</sup>。野生种质资源主要分布在拉丁美洲地区,如 *Ipomoea trifida* 和 *Ipomoea triloba* 等近缘野生种,具有强抗逆性但没有产量<sup>[10]</sup>;地方种是经过长期自然选择和人工驯化形成的,适应特定生态环境,广泛分布于非洲、亚洲和拉丁美洲;甘薯引种是指通过国际或地区间交流,从原产地或育种国家引入到本地种植的甘薯品种,这些品种通常具有高产、抗病、适应性强或特殊营养成分等特点,例如日本紫薯 *Ayamurasaki* 和 *Beauregard*;育成种则是通过传统或分子育种手段选育的高产、优质品种,适应性强,广泛应用于商业化种植。

甘薯种质资源的分布与其起源和传播密切相关。甘薯起源于中南美洲,随着人类活动和贸易传播,逐渐扩散到全球各地<sup>[11]</sup>。拉丁美洲的野生资源和栽培种质资源极为丰富<sup>[7]</sup>;非洲是甘薯的重要种植区,东非和西非的地方品种具有较强的抗逆性<sup>[12]</sup>;亚洲则是甘薯的主要生产和消费地区,中国和印度尼西亚等国拥有大量高产、优质品种<sup>[13]</sup>;大洋洲的甘薯种质资源主要集中在巴布亚新几内亚和太平洋岛屿,以地方种为主<sup>[14]</sup>。

### 1.2 甘薯种质资源的收集和保存现状

甘薯种质资源的收集和保存是全球农业资源保护的重要组成部分,各国和国际机构通过多种技术手段系统保存了丰富的甘薯种质资源。根据 Kim 等<sup>[15]</sup>在2018年的统计,总部位于秘鲁首都利马的国际马铃薯中心 (CIP, International Potato Center) 保存的栽培种甘薯资源和野生种质资源最多。近年来,各国和国际机构通过不断努力进一步增加了保存的资源数目,其国际马铃薯中心依然是全球甘薯种质资源保存的重要机构,保存了超过7000份甘薯属种质资源,包括6000余份栽培种和1000余份野生近缘种,能够应用于全球甘薯育种和遗传改良研究<sup>[7]</sup>。据美国农业部 (USDA, United States Department of Agriculture) 网站 (<https://www.ars-grin.gov/>, 2025年3月29日访问) 信息,目前其下属的保存机构共有甘薯种质资源2469份,属于109个种,其中栽培种1725份、野生种744份。另外,美国

农业部保存的甘薯种质资源包含606份离体克隆材料和461份以种子形式保存的近缘野生种<sup>[16]</sup>。中国作为世界上甘薯种植面积和产量最大的国家,也拥有丰富的甘薯种质资源,其中国家甘薯种质资源试管苗库(徐州)和国家甘薯种质资源圃(广州)等单位保存了3300余份甘薯种质资源,通过国家试管苗库和田间圃及配套温室大棚等保存设施,系统保存了地方种、育成种、野生种等不同类型种质资源,很多材料具有优质、抗逆等特性,为我国甘薯遗传育种提供了重要材料保障<sup>[17]</sup>。现有甘薯种质资源的多样性、系统收集与科学保存,为后续精准鉴定与深度评价奠定了坚实基础。

## 2 甘薯种质资源的鉴定与评价体系

甘薯种质资源的鉴定与评价技术体系是指通过系统化的方法和技术手段,对甘薯种质资源的农艺性状、品质性状和抗逆性等方面进行全面鉴定和评价,以发掘具有优良性状(如高产、优质、抗逆性强等)的种质资源,为甘薯育种、栽培和推广提供科学依据和材料基础<sup>[18]</sup>。农艺性状是指甘薯在田间生长过程中的形态特征、生长发育特性以及产量相关性状,一般包含叶片形状、叶色、叶主脉色、茎主色、株型、茎直径、基部分枝和最长蔓长等地上部性状及薯形、薯皮主色和薯肉主色等地下部性状<sup>[18]</sup>。品质性状主要包括可食用部位的干物率(干物质含量)、胡萝卜素、淀粉、总糖、可溶性糖、花青素、膳食纤维等营养保健物质的含量<sup>[19]</sup>。抗逆性是指甘薯在逆境条件下的适应能力和抗性表现,一般包括生物逆境(如病虫害)和非生物逆境(如干旱、盐碱、低温等)<sup>[20]</sup>。

### 2.1 甘薯种质资源的鉴定与评价相关标准

我国甘薯种质资源的鉴定评价已形成多层次标准体系。行业标准NY/T 2429-2013《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 甘薯》规定了甘薯特异性、一致性和稳定性(DUS, distinctness, uniformity and stability)测试的方法指南(<https://www.nybjkfzxx.cn/RESOURCES/ZBFiles/2015250556224.pdf>), NY/T 2939-2016《甘薯种质资源描述规范》系统规定了形态、农艺及品质性状的观测指标(<http://www.mydoc123.com/p-282793.html>), NY/T 1320-2007《甘薯种质资源鉴定技术规程》则明确了抗病性(如黑斑病、茎线虫病)和抗逆性田间试验方法(<http://down.foodmate.net/standard/sort/5/18125.html>), NY/T 402-2016《脱毒甘薯种薯(苗)病毒检测

技术规程》规定了脱毒甘薯种薯(苗)病毒检测技术的术语定义、检测对象、抽样、检测方法和脱毒种薯(苗)的质量标准(<http://down.foodmate.net/standard/sort/15/61650.html>)。我国农业农村部种业管理司提出的NY/T 2594-2016《植物品种鉴定 DNA 分子标记法 总则》为甘薯遗传多样性分析提供了标准化流程(<http://down.foodmate.net/standard/sort/5/48948.html>)。地方标准则针对区域特性细化技术方案,例如湖北省DB 42/T 1438-2018《甘薯品种真实性鉴定 ISSR 法》规定了甘薯品种真实性鉴定 ISSR 法(<http://down.foodmate.net/standard/sort/15/59101.html>),浙江省杭州市DB 3301/T 1089-2018《甘薯脱毒种苗标准化生产技术规程》聚焦脱毒组培苗的病毒清除与扩繁流程(<http://www.mydoc123.com/p-1506982.html>)。

国际上的相关标准文件相对较少,国际植物遗传资源研究所与联合国粮农组织联合制定并发布的《甘薯种质资源描述符》[Descriptors for Sweet Potato (*Ipomoea batatas*)]为性状分类提供了通用框架<sup>[21]</sup>。国际马铃薯中心发布的甘薯种质管理技术指南进一步整合了田间评价与分子标记方法<sup>[12]</sup>。然而,标准动态更新与区域适应性差异仍是挑战,未来需强化基因组学、人工智能辅助表型鉴定等新技术与现有标准的融合应用。

### 2.2 农艺和品质性状评价和快速筛选模型的构建

长期以来,甘薯的农艺性状评价主要依赖于田间试验,即直接观测和测量各种性状,如植株高度、分枝数、块根形状和大小等<sup>[22]</sup>。Burbano-Erazo 等<sup>[23]</sup>建立了一种描述株型和形态的28个参数和生理生态参数相结合的评价方法,对生长于不同海拔高度的34份甘薯基因型进行表征和评估,证实某些农艺性状能够通过调整生理过程,从而提高甘薯对低海拔条件的耐受能力。Rosero 等<sup>[24]</sup>建立了一种基于多性状、多环境数据的基因型选择方法,使用一个包含多性状指数(总鲜根产量、商品鲜根产量以及存活率等)的R工具CropInd评估了119份品种在多环境评价中的农艺表现。但是目前针对甘薯农艺性状的快速、高通量的评价筛选办法仍然未见报道,这可能与受多因素影响、技术不成熟和投入有限等因素有关。

甘薯的可食用或可加工部位主要包含薯块(薯肉、薯皮)和茎尖(叶片、叶柄和茎秆)。除薯肉外,甘薯皮是薯块加工过程中产生的主要副产物,含有丰富的营养元素、生物活性物质和其他高附加值的

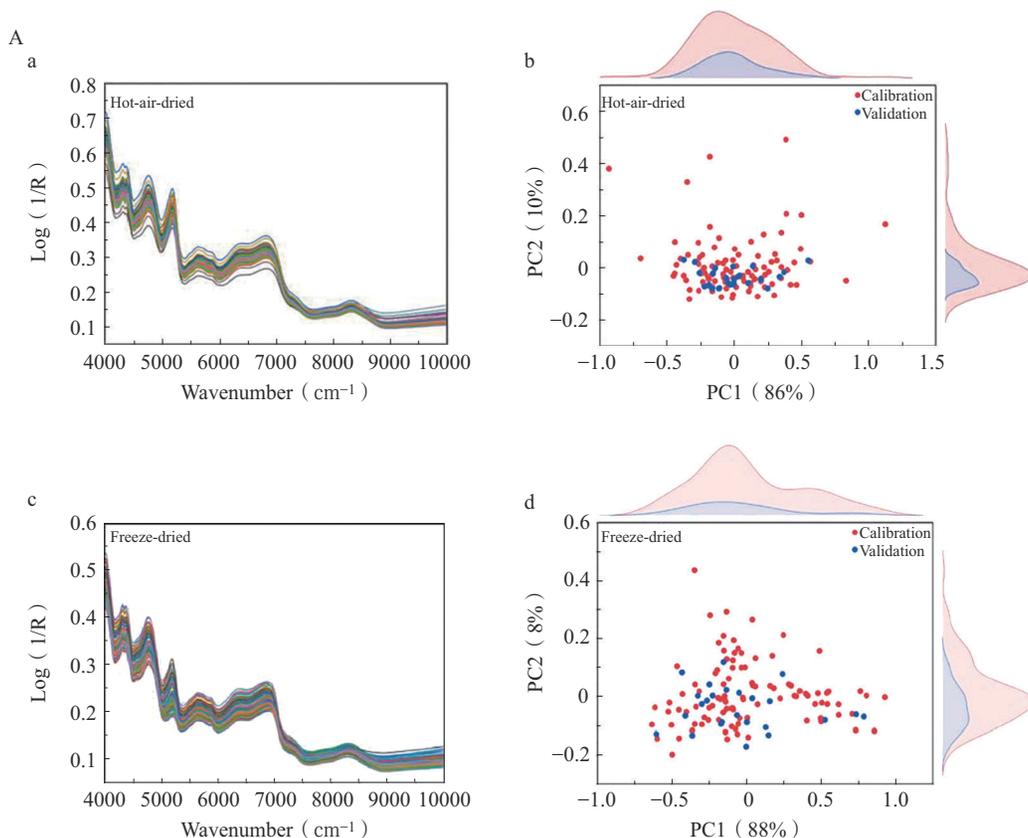
物质<sup>[25]</sup>。甘薯茎尖口感较好,富含膳食纤维、蛋白质、维生素和矿物质<sup>[26]</sup>。分光光度法被广泛用来测定甘薯不同部位中大量和微量矿物质、总多酚、总黄酮、总花青素、类胡萝卜素、淀粉及直链淀粉等的含量,能够对大量的种质资源特定的品质性状进行评价筛选<sup>[27]</sup>。高效液相色谱法能够检测甘薯类胡萝卜素和花青素等生物化学成分的组成和含量,对不同品种的甘薯进行评价。基于高效液相色谱结合质谱(HPLC-MS, high performance liquid chromatography-mass spectrometry)的方法,本团队建立了针对生物化学成分组成和含量的测试体系或平台,可进一步实现其精确分析<sup>[28]</sup>。

为实现甘薯品质性状的综合鉴定、评价,服务于甘薯品质育种, Tang等<sup>[29]</sup>基于近红外光谱(NIRS, near-infrared spectroscopy)检测方法,借助双优化策略进行近红外光谱建模,建立了8个最优方程,包含总淀粉、直链淀粉、可溶性糖、粗蛋白、总黄酮和总酚含量等营养品质指标,为甘薯块根品质的高通量分析和今后育种中大规模筛选优异种质提供了可能(图1A)。针对菜用型甘薯, Tang等<sup>[30]</sup>又建立了一种快速分析茎尖中基本营养成分(纤维

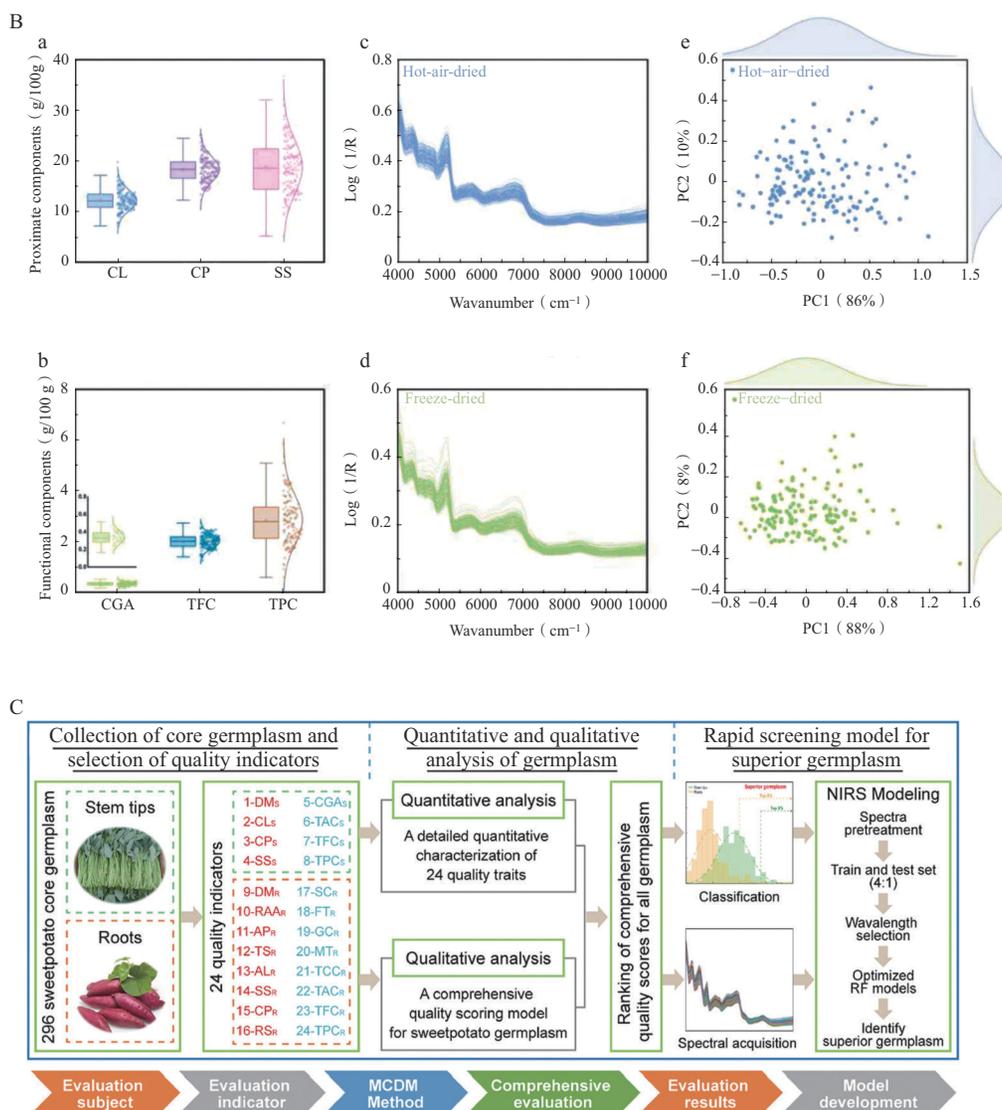
素、粗蛋白和可溶性糖)和功能成分(绿原酸、总黄酮含量和总酚)含量的近红外光谱模型,有助于对茎尖中的营养成分进行高通量分析,从而快速筛选适用于菜用甘薯生产的优异种质资源(图1B)。基于此, Tang等<sup>[31]</sup>进一步将近红外光谱法与随机森林算法相结合,建立了快速、准确的综合品质系统性评分模型,茎尖和根的预测准确率分别为97%和98%,筛选出适用于茎尖菜用和块根用的理想候选材料(图1C)。挥发性化合物决定着甘薯的特征香气,为有效分析甘薯的挥发性化合物, Zhang等<sup>[32]</sup>通过优化提取条件,建立了顶空固相微萃取结合气相色谱-质谱的方法,为评价不同品种挥发性化合物和筛选气味丰富种质打下了基础,有助于在育种实践中有针对性地改良甘薯风味。

### 2.3 抗逆性鉴定与筛选技术体系的建立

传统甘薯抗逆性鉴定与筛选技术体系主要依赖于田间试验和生理生化分析,这些方法是抗逆性评价的基石<sup>[33]</sup>。田间逆境模拟通过人工控制条件模拟逆境环境(如干旱、盐碱胁迫、病虫害侵染等),直接观察甘薯的生长表现和产量变化,虽然直观可靠,但周期长、效率低<sup>[34]</sup>。生理生化指标测定则通



(图1)



A: 用于高通量分析甘薯块根品质的近红外光谱测定方法的建立, a~d 分别表示烘干和冻干样品的原始近红外光谱图和主成分分析得分图; B: 用于快速分析茎尖中基本和功能性成分的 NIRS 方法的建立, a~f 分别表示基本和功能性成分, 烘干和冻干样品的原始近红外光谱图和主成分分析得分图; C: 核心甘薯种质的定量和定性分析, 近红外光谱结合随机森林算法实现了优异种质的快速筛选, 茎尖预测准确率达 97%, 块根预测准确率达 98%

A: The establishment of the near-infrared spectroscopy (NIRS) assay for high-throughput analysis of sweetpotato root quality, a-d indicated the original NIRS spectra and principal component analysis (PCA) scores of the hot-air-dried and freeze-dried samples, respectively; B: The establishment of the NIRS methodology for rapid analysis of proximate and functional components in the stem tips, a-f indicated the proximate and functional components, original NIRS spectra, and PCA scores of the hot-air-dried and freeze-dried samples, respectively; C: The quantitative and qualitative analysis of the core sweetpotato accessions, NIRS and a random forest algorithm, enabled rapid screening of superior germplasm, achieving prediction accuracies of 97% for stem tips and 98% for roots

图 1 甘薯种质资源品质性状评价及筛选技术体系<sup>[29-31]</sup>

Fig. 1 Evaluation and screening techniques for quality traits of sweetpotato germplasm resources<sup>[29-31]</sup>

过实验室手段测定逆境下甘薯的生理生化响应, 如光合作用效率、叶绿素含量和渗透调节物质等, 这些指标能反映植株的抗逆能力, 但成本高、技术要求复杂, 难以大规模应用<sup>[35]</sup>。

随着生物技术和信息技术的进步, 现代高通量技术体系在甘薯抗逆性评价中逐渐发挥重要作用。遥感与光谱技术利用无人机或卫星搭载的多光谱、

高光谱传感器, 快速获取甘薯田间的生长状况和逆境响应信息, 通过光谱特征分析间接评估甘薯的抗逆性<sup>[36]</sup>。自动化表型组学技术通过机器人和成像平台等对甘薯的生长形态(如株高、叶面积和根系结构)和生理状态进行无损、连续地监测, 结合图像分析和机器学习算法快速筛选抗逆性强的种质资源, 提高了准确性和生产率<sup>[37]</sup>。分子标记辅助筛选

利用高通量测序技术(简化基因组测序等)开发与抗逆性相关的分子标记,通过基因分型技术[如竞争性等位基因特异性聚合酶链式反应(KASP, kompetitive allele-specific PCR)、芯片检测]对大量甘薯种质进行快速筛选,缩短育种周期<sup>[38]</sup>。

新兴技术体系结合了基因组学、基因编辑和人工智能等前沿技术,为甘薯抗逆性评价研究提供了新的工具和方法。全基因组测序和转录组分析技术能够用于挖掘甘薯抗逆性相关基因及其调控网络<sup>[39]</sup>。基因编辑技术利用CRISPR/Cas9系统(Clustered regularly interspaced short palindromic repeats/CRISPR-associated systems)等基因编辑工具对甘薯抗逆性相关基因进行定向敲除或修饰,创制抗逆新种质<sup>[40]</sup>。人工智能与大数据分析利用机器学习算法(如深度学习、随机森林)对高通量表型数据和基因组数据进行整合分析,预测甘薯的抗逆性表现,构建甘薯抗逆性评价的数字化模型,实现精准筛选和预测<sup>[41]</sup>。

#### 2.4 遗传多样性的评价分析

传统的甘薯遗传多样性评价分析主要依赖于形态学和细胞学标记,如通过观察甘薯的形态特征(如叶形、花色、薯块形状和颜色等)来评估遗传多样性,以及利用染色体核型分析和带型分析研究甘薯的染色体结构和变异<sup>[42]</sup>。这些方法虽然直观且操作简单,但易受环境影响,分辨率低,且技术复杂,难以大规模应用。

分子标记技术是甘薯遗传多样性评价的核心工具,具有高通量、高分辨率的优势。基于PCR的分子标记如随机扩增多态性DNA(RAPD, randomly amplified polymorphic DNA)和简单重复序列标记技术(SSR, simple sequence repeats),以及基于测序的分子标记如插入缺失(InDel, insertion and deletion),为甘薯遗传多样性研究提供了新的工具<sup>[43]</sup>。基因组学技术,包括全基因组测序、简化基因组测序和转录组测序(RNA-seq),为甘薯遗传多样性研究提供了全新的视角和手段<sup>[44]</sup>。生物信息学分析技术在甘薯遗传多样性数据分析中发挥了重要作用,除了常用的系统发育分析、主成分分析和聚类分析等方法外,基于测序的基因分型方法多样性芯片技术(DArTseq, diversity arrays technology sequencing)能在不同作物物种中实现高密度单核苷酸多态性(SNP, single nucleotide polymorphism)的基因分型,基于逆转座子的插入多态性(RBIP, retrotransposon-based insertion polymorphism)是研

究植物物种遗传多样性的高通量标记体系<sup>[45-46]</sup>。基于已建立的甘薯种质资源鉴定评价技术体系,筛选出的优良性状转化为育种实践,将成为甘薯种质创新和利用领域的关键命题。

### 3 甘薯种质资源的创新与利用

#### 3.1 传统杂交育种技术

基于鉴定筛选出的优异种质,传统杂交育种技术进一步实现了目标性状的整合。甘薯遗传背景高度复杂,染色体数较多( $2n=6x=90$ ),且存在自交不亲和现象<sup>[47]</sup>。传统的杂交育种方法,如不同品系间的杂交、后代的初步评估以及选择代数,已被广泛应用于甘薯育种,能够培育出具有产量提升、营养成分改良、抗性增加的新品种<sup>[48]</sup>。这些育种成果为甘薯产业的可持续发展提供了重要支撑,同时也凸显了传统育种方法在甘薯种质资源创新中的重要作用。但是传统育种方法存在着劳动密集的缺点,通常需要评估极为庞大的后代群体。与传统作物相比,甘薯育种面临着更多的挑战,其高度杂合的六倍体特性使得杂交后代表型难以预测,育种过程犹如“开盲盒”。甘薯的交配不亲和性导致杂交育种中需使用多亲本组合,从而增加了优良亲本鉴定的难度<sup>[49]</sup>。此外,甘薯在某些环境中花朵发育不良和不育现象也增加了育种的难度<sup>[50]</sup>。这些挑战和困难制约着甘薯高品质、高抗性新种质的创制,影响着甘薯产业的发展。

#### 3.2 远缘杂交技术

远缘杂交是指亲缘关系较远或分类学上差异较大的生物个体之间的杂交,需通过桥梁物种法、胚拯救技术、体细胞杂交以及分子辅助选择等策略克服生殖隔离,成功获得具有目标性状的远缘杂种,是甘薯种质资源创新的重要手段<sup>[51]</sup>。崔纪超等<sup>[52]</sup>借助常规有性杂交技术开展甘薯与木薯远缘杂交试验,获得的杂交后代外观差、产量低,但是能够作为育种材料进一步进行种质创新。本团队先后以徐薯18为母本,分别与*I. grandifolia*、*I. purpurea*、*I. hederacea*、*I. muricata*、*I. lonchophylla*等多个野生种进行种间杂交,成功克服了六倍体栽培甘薯与二倍体野生种的杂交障碍,分别获得了四倍体、五倍体种间杂种,并以这些杂种作为桥梁种先后获得了一系列回交渐渗系<sup>[53-55]</sup>。邓逸桐等<sup>[56]</sup>通过*I. trifida*(2X)与*I. trifida*(6X)杂交获得了四倍体杂交后代,并进行倍性鉴定和减数分裂行为研究,以期在细胞学水平揭示物种的遗传信息,为其在育种上的利用

提供借鉴。翁宗宽<sup>[57]</sup>成功获得人工合成三倍体 *I. tabascanan* × *I. trifida*, 为人工合成六倍体打下了材料基础。作为远缘杂交的关键技术手段, 体细胞杂交可用于克服甘薯与其野生近缘种之间的杂交不亲和性, 并将有用和理想的基因从野生近缘种转移到栽培植物中<sup>[58]</sup>。例如, Jia 等<sup>[59]</sup>利用原生质体融合技术获得了徐薯 18 与 *I. triloba* 的种间体细胞杂种 XT1, 其耐旱性和品质得到了提升。远缘杂交为甘薯种质资源的创新提供了重要途径, 未来需要进一步发掘优良野生资源, 开发高效育种技术, 并结合生物信息学与大数据分析等现代生物技术手段, 培育更多高产、优质、抗逆的甘薯新品种。

### 3.3 分子标记辅助育种技术

分子标记辅助育种是一种高效的现代育种技术, 通过利用与目标性状紧密连锁的分子标记, 在早期世代对目标性状进行选择, 从而加速育种进程, 提高育种效率, 在甘薯种质资源创新与利用中发挥着越来越重要的作用<sup>[60]</sup>。基于 PCR 的分子标记有 SSR、简单序列重复区间分子标记 (ISSR, inter-simple sequence repeats)、相关序列扩增多态性 (SRAP, sequence-related amplified polymorphism) 和 KASP 分子标记等<sup>[61]</sup>。这些标记具有多态性高、重复性好、操作简便等优点, 广泛应用于甘薯遗传多样性分析、遗传图谱构建、基因定位等研究<sup>[62]</sup>。基于测序的分子标记有 SNP 和 InDel 等, 随着高通量测序技术的发展, SNP 标记以其数量多、分布广、检测效率高优势, 成为甘薯分子标记辅助育种的主流标记<sup>[63]</sup>。

分子标记辅助育种在甘薯中的应用主要体现在目标性状的基因定位与克隆、分子标记辅助选择、分子标记辅助回交育种以及分子设计育种等方面。研究发现, SSR 或 SNP 等分子标记被广泛应用于甘薯遗传多样性分析、起源探究和育种研究, 有助于实现对甘薯高产、优质、抗病等性状的快速筛选<sup>[63-64]</sup>。Yang 等<sup>[61]</sup>基于候选 SNP 的稳定性和多态性, 开发了 274 个 KASP 标记, 对甘薯种质进行基因型鉴定, 评价其在种质资源评价、遗传多样性和群体结构分析中的应用价值。Haque 等<sup>[65]</sup>发现某些 SSR 或 SNP 标记与甘薯块根产量、淀粉含量和抗病性显著相关。基于构建高密度遗传图谱, Yan 等<sup>[66]</sup>和 Zhao 等<sup>[67]</sup>利用 QTL 定位和关联分析成功定位了与甘薯农艺性状、品质性状和商品性等相关的基因或 QTL, 可以在早期世代对育种材料进行筛选, 显著提高育种效率。此外, 分子标记技术还被用于构建甘薯核心种质资源库, 简化了种质资源的管理和

利用, 为高效育种提供了重要平台<sup>[68]</sup>。

### 3.4 功能基因的挖掘及其在育种中的应用

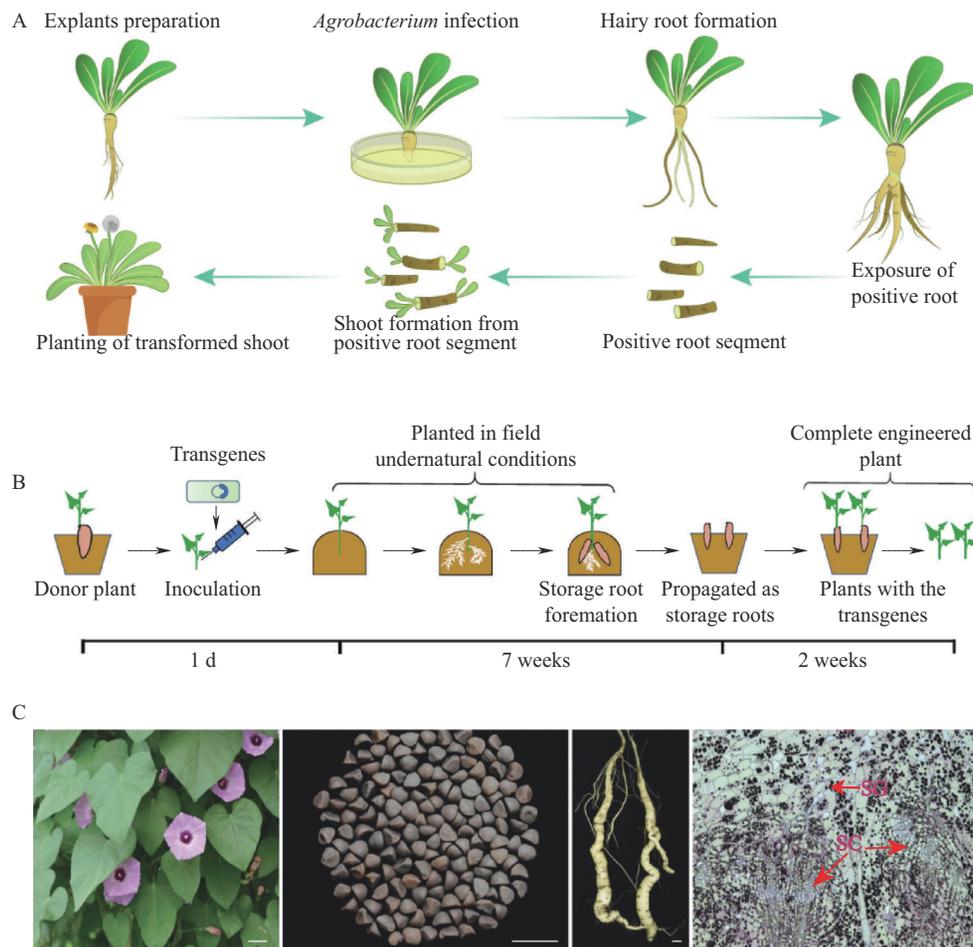
在分子标记辅助定位的基础上, 功能基因的挖掘和编辑进一步推动了甘薯育种技术的进步。功能基因的挖掘与利用是甘薯种质资源研究的核心内容之一。近年来, 基因组学的快速发展在甘薯种质资源创新与利用中发挥了重要作用, 为甘薯育种和种质资源的保护等提供了强有力的技术支持<sup>[69]</sup>。基于此, 甘薯的基因组结构、基因功能和进化历史均被深度解析, 大量与块根发育、淀粉合成和抗病性相关的基因也被挖掘和发现<sup>[70]</sup>。比较基因组学研究进一步揭示了甘薯在驯化过程中的遗传变化, 为挖掘优异基因提供了线索<sup>[71]</sup>。转录组测序技术和功能基因组学技术的应用有助于鉴定与甘薯块根发育、品质形成和抗性相关的关键基因。例如, Zhang 等<sup>[72]</sup>的研究发现甘薯中的 *IbMYB1* 基因调控叶片和块根中花青素的合成, 为培育高花青素品种提供了基因资源。Zhang 等<sup>[73]</sup>通过代谢组和转录组的联合分析进一步验证了 *IbMYB1* 基因对花青素积累的调控作用。Lin 等<sup>[74]</sup>利用 RNA-seq 技术分析甘薯在不同环境条件下的基因表达谱, 揭示了其响应逆境或调控品质的分子机制。

上述研究手段结合基因编辑技术, 进一步推动了甘薯种质资源的精准改良, 这种精准育种方法不仅缩短了育种周期, 还提高了育种的效率和成功率。Watanabe 等<sup>[75]</sup>首次运用 CRISPR/Cas9 技术成功编辑了花青素相关基因 *DFR-B*, 培育出花色突变的白花品种。Wang 等<sup>[76]</sup>首次在六倍体甘薯中实现了定点编辑, 靶向淀粉生物合成途径基因, 获得直链淀粉含量增加的株系。Yu 等<sup>[77]</sup>利用 CRISPR/Cas13 技术, 通过靶向甘薯褪绿矮化病毒 (SPCSV, sweet potato chlorotic stunt virus) 的 *RNase3* 基因, 有效抑制病毒 RNA 的沉默抑制活性, 显著提高了转基因甘薯对甘薯病毒病 (SPVD, sweet potato virus diseases) 的抗性。这些研究表明, 在甘薯中实现基因编辑是可行的。

然而, 由于甘薯复杂的倍性结构和庞大的基因组, 基因编辑技术的应用仍处于起步阶段。此外, 甘薯转基因体系较为复杂, 通常需借助愈伤组织的再生过程, 通过组织培养的方式来实现转化, 转化周期长, 并且这一体系在很大程度上依赖于特定的基因型。Cao 等<sup>[78]</sup>提出了不受基因型依赖的新型递送系统 Cut-dip-budding (CDB), 将 3~4 周龄的幼苗切下作为外植体, 报告基因或基因编辑载体通过

*A. rhizogenes* 传递到切割位点附近的植物细胞中,数周后形成毛状根,绿色荧光蛋白阳性的根被分割和培养,以产生转基因阳性或基因编辑的芽,成功实现甘薯 *PDS* 基因敲除,获得白化苗(图 2A)。同时,Zhang 等<sup>[79]</sup>提出了一种无需组培的快速转基因操作方法,为甘薯遗传转化提供了另一种选择(图 2B)。这两种转化体系均具备快捷简便的特点,解决了甘薯转化体系复杂且周期长的问题,为甘薯的分子育种工作带来了便利与突破。随后,

Xiao 等<sup>[80]</sup>挖掘出适合作为甘薯遗传模式系统的二倍体野生种小薯,公布了小薯完整无间隙的(T2T, telomere-to-telomere)基因组,并开发了简单高效的遗传转化体系(图 2C)。唐维等<sup>[81]</sup>克隆出甘薯 U6 启动子,提高了基因编辑效率。以上研究不仅为甘薯及其野生近缘种利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术创制优良新种质打下了坚实基础,也为甘薯的遗传改良和分子育种提供了新的思路和方法。



A: Cut-dip-budding 传送系统的操作流程; B: 利用根瘤农杆菌一步法生成可遗传的转基因甘薯流程; C: 甘薯(小薯)的简单遗传模型系统,小薯的叶片、花、种子和膨胀根形态及膨胀根横切面的显微观察; SG: 淀粉粒, SC: 次生形成层; 比例尺 = 1 cm

A: The workflow of cut-dip-budding delivery system; B: The overview of one-step generation of heritable genetically modified sweetpotato with *Agrobacterium rhizogenes*; C: The simple genetic model system for sweetpotato, *Xiaoshu*; Morphology of the leaves, flowers, seeds, and swollen roots of *Xiaoshu*, and microscopic observation of cross sections of the swollen roots; SG: Starch granules, SC: Secondary cambiums; Scale bar = 1 cm

图 2 甘薯种质资源遗传转化技术体系<sup>[78-80]</sup>

Fig. 2 Genetic transformation technology system of sweetpotato germplasm resources<sup>[78-80]</sup>

## 4 总结与展望

甘薯种质资源的研究在过去几十年中取得了显著进展,从种质资源的多样性研究、收集保存到评价筛选技术体系的完善,再到分子生物学与基因组学技术的应用,为甘薯育种和产业发展提供了重

要支撑。然而,目前我国甘薯种质资源研究仍面临三大核心挑战:地方品种和野生近缘种的收集保存体系存在显著缺口,遗传多样性覆盖不足导致种质流失风险加剧;表型-基因型协同鉴定技术尚未贯通,传统评价方法效率低下;其三,分子育种技术受限于六倍体基因组复杂性和遗传转化周期长等问

题,规模化应用仍处于瓶颈阶段。未来,应加强种质资源的收集与保存,完善精准鉴定与评价技术体系,深化基因组学与功能基因研究,推动基因编辑与分子设计育种,同时加强国际合作与多学科交叉,为甘薯产业的可持续发展提供强有力的科技支撑。通过不断创新与突破,我国甘薯种质资源研究将为全球粮食安全和农业可持续发展做出更大贡献。

#### 参考文献

- [1] Xiao Y, Zhu M K, Gao S P. Genetic and genomic research on sweet potato for sustainable food and nutritional security. *Genes*, 2022, 13(10): 1833
- [2] Xu Y, Wang L X, Chen C, Ma S S, Zhou R, Xiong A S. Virus-free sweet potato industry: Development status and production suggestions. *Horticulturae*, 2024, 10(9): 979
- [3] Amagloh F C, Yada B, Tumuhimbise G A, Amagloh F K, Kaaya A N. The potential of sweetpotato as a functional food in sub-Saharan Africa and its implications for health: A review. *Molecules*, 2021, 26(10): 2971
- [4] Junaid M D, Gokce A F. Global agricultural losses and their causes. *Bulletin of Biological and Allied Sciences Research*, 2024, 2024(1): 66
- [5] Martínez-Fortún J, Phillips D W, Jones H D. Natural and artificial sources of genetic variation used in crop breeding: A baseline comparator for genome editing. *Frontiers in Genome Editing*, 2022, 4: 937853
- [6] Luo Z X, Yao Z F, Yang Y L, Wang Z Y, Zou H D, Zhang X J, Chen J Y, Fang B P, Huang L F. Genetic fingerprint construction and genetic diversity analysis of sweet potato (*Ipomoea batatas*) germplasm resources. *BMC Plant Biology*, 2023, 23(1): 355
- [7] Anglin N L, Robles R, Rossel G, Alagon R, Panta A, Jarret R L, Manrique N, Ellis D. Genetic identity, diversity, and population structure of CIP's sweetpotato (*I. batatas*) germplasm collection. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 660012
- [8] Xiao S Z, Dai X B, Zhao L X, Zhou Z L, Zhao L K, Xu P, Gao B Q, Zhang A, Zhao D L, Yuan R, Wang Y, Wang J, Li Q L, Cao Q H. Resequencing of sweetpotato germplasm resources reveals key loci associated with multiple agronomic traits. *Horticulture Research*, 2022, 10(1): uhac234
- [9] Lindqvist-Kreuzer H, Bonierbale M, Grüneberg W J, Mendes T, De Boeck B, Campos H. Potato and sweetpotato breeding at the International Potato Center: Approaches, outcomes and the way forward. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 137(1): 12
- [10] Wu S, Lau K H, Cao Q H, Hamilton J P, Sun H H, Zhou C X, Eserman L, Gemenet D C, Olukolu B A, Wang H Y, Crisovan E, Godden G T, Jiao C, Wang X, Kitavi M, Manrique-Carpintero N, Vaillancourt B, Wiegert-Rininger K, Yang X S, Bao K, Schaff J, Kreuze J, Gruneberg W, Khan A, Ghislain M, Ma D F, Jiang J M, Mwanga R O M, Leebens-Mack J, Coin L J M, Yencho G C, Buell C R, Fei Z J. Genome sequences of two diploid wild relatives of cultivated sweetpotato reveal targets for genetic improvement. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 4580
- [11] Zhang D P, Cervantes J, Huamán Z, Carey E, Ghislain M. Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2000, 47(6): 659-665
- [12] Grüneberg W J, Ma D, Mwanga R O M, Carey E E, Huamani K, Diaz F, Eyzaguirre R, Guaf E, Jusuf M, Karuniawan A, Tjintokohadi K, Song Y S, Anil S R, Hossain M, Rahaman E, Attaluri S I, Somé K, Afuape S O, Adofe K, Lukonge E, Karanja L, Ndirigwe J, Ssemakula G, Agili S, Randrianaivoarivony J M, Chiona M. Advances in sweetpotato breeding from 1992 to 2012. *CABI*, 2015: 3-68
- [13] Liu C, Zhao N, Jiang Z C, Zhang H, Zhai H, He S Z, Gao S P, Liu Q C. Analysis of genetic diversity and population structure in sweetpotato using SSR markers. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(11): 3408-3415
- [14] Jennings D. Tropical root and tuber crops. Cassava, sweet potato, yams and aroids. *Experimental Agriculture*, 2009, 45(3): 382-382
- [15] Kim H S, Lee C J, Kim S E, Ji C Y, Kim S T, Kim J S, Kim S Y, Kwak S S. Current status on global sweetpotato cultivation and its prior tasks of mass production. *Journal of Plant Biotechnology*, 2018, 45(3): 190-195
- [16] George J, Reddy G V P, Wadl P A, Rutter W, Culbreath J, Lau P W, Rashid T, Allan M C, Johanningmeier S D, Nelson A M, Wang M L, Gubba A, Ling K S, Meng Y, Collins D J, Ponniah S K, Gowda P H. Sustainable sweetpotato production in the United States: Current status, challenges, and opportunities. *Agronomy Journal*, 2024, 116(2): 630-660
- [17] Feng J Y, Li M, Zhao S, Zhang C, Yang S T, Qiao S, Tan W F, Qu H J, Wang D Y, Pu Z G. Analysis of evolution and genetic diversity of sweetpotato and its related different polyploidy wild species *I. trifida* using RAD-seq. *BMC Plant Biology*, 2018, 18(1): 181
- [18] 姚祝芳, 张雄坚, 杨义伶, 黄立飞, 陈新亮, 姚肖健, 罗忠霞, 陈景益, 王章英, 房伯平. 177份甘薯地方资源表型性状的遗传多样性分析. *作物学报*, 2022, 48(9): 2228-2241  
Yao Z F, Zhang X J, Yang Y L, Huang L F, Chen X L, Yao X J, Luo Z X, Chen J Y, Wang Z Y, Fang B P. Genetic diversity of phenotypic traits in 177 sweetpotato landrace. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(9): 2228-2241
- [19] 姚祝芳, 吴柔贤, 张雄坚, 戴彰言, 杨义伶, 黄立飞, 刘军, 房伯平. 广东甘薯种质资源系统收集与鉴定评价. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(6): 1498-1508  
Yao Z F, Wu R X, Zhang X J, Dai Z Y, Yang Y L, Huang L F, Liu J, Fang B P. Systematic field collection and identification of sweetpotato resources in Guangdong. *Journal*

- of Plant Genetic Resources, 2021, 22(6): 1498-1508
- [20] 陈永先, 陈瑞江, 都艺芝, 术钧捷, 陈晚霞, 赵梓含, 王季春, 杜康, 张凯. 耐旱甘薯种质资源的筛选与鉴定. 中国农业科学, 2025, 58(2): 214-237
- Chen Y X, Chen R J, Du Y Z, Zhu J J, Chen W X, Zhao Z H, Wang J C, Du K, Zhang K. Screening and identification of drought-tolerant sweet potato germplasm resources. Scientia Agricultura Sinica, 2025, 58(2): 214-237
- [21] Huaman Z. Descripteurs pour la patate douce//Italie: International Board for Plant Genetic Resources Conseil. International des ressources phylogénétiques. Rome: International Board for Plant Genetic Resources Conseil, 1991: 85-113
- [22] 吕长文, 蒋亚, 张凯, 唐道彬, 王季春. 基于农艺性状与光合特性的甘薯耐荫性评价. 西南大学学报: 自然科学版, 2023, 45(10): 32-42
- Lyu C W, Jiang Y, Zhang K, Tang D B, Wang J C. The evaluation of shade tolerance based on agronomic traits and photosynthetic characteristics in sweetpotato. Journal of Southwest University: Natural Science Edition, 2023, 45(10): 32-42
- [23] Burbano-Eraza E, Cordero C, Pastrana I, Espitia L, Gomez E, Morales A, Pérez J, López L, Rosero A. Interrelation of ecophysiological and morpho-agronomic parameters in low altitude evaluation of selected ecotypes of sweet potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam.). Horticulturae, 2020, 6: 99
- [24] Rosero A, Burgos-Paz W, Araujo H, Pastrana-Vargas I J, Martínez R, Pérez J-L, Espitia L. Sweet potato varietal selection using combined methods of multi-trait index, genetic gain and stability from multi-environmental evaluations. Horticulturae, 2023, 9(9): 974
- [25] Liu T G, Xie Q T, Zhang M, Gu J, Huang D J, Cao Q H. Reclaiming agriculturals from sweetpotato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam.) by-products. Foods, 2024, 13(8): 1180
- [26] Tang C C, Ameen A, Fang B P, Liao M H, Chen J Y, Huang L F, Zou H D, Wang Z Y. Nutritional composition and health benefits of leaf-vegetable sweet potato in South China. Journal of Food Composition and Analysis, 2021, 96: 103714
- [27] Lin Y H, Li Y P, Zhu H L, Tang L Q, Xu J. Comparative transcriptome and metabolome analysis of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) tuber development. Frontiers in Plant Science, 2025, 15: 993682
- [28] Zhao L X, Wang J, Dai W W, Du M J, Dai X B, Zhou Z L, He H, Yuan B, Zhao D L, Cao Q H. Comprehensive characterization of nutritional components in sweetpotato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam.) during long-term post-harvest storage. Journal of Plant Physiology, 2025, 304: 154404
- [29] Tang C C, Jiang B Z, Ejaz I, Ameen A, Zhang R, Mo X Y, Wang Z Y. High-throughput phenotyping of nutritional quality components in sweet potato roots by near-infrared spectroscopy and chemometrics methods. Food Chemistry: X, 2023, 20: 100916
- [30] Tang C C, Jiang B Z, Ejaz I, Ameen A, Zhang R, Mo X Y, Li M, Wang Z Y. High-throughput near-infrared spectroscopy analysis of nutritional composition in sweet potato stem tips. Microchemical Journal, 2024, 205: 111267
- [31] Tang C C, Xu Y, Zhang R, Mo X Y, Jiang B Z, Wang Z Y. Comprehensive quality assessment of 296 sweetpotato core germplasm in China: A quantitative and qualitative analysis. Food Chemistry: X, 2024, 24: 102009
- [32] Zhang R, Tang C C, Jiang B Z, Mo X Y, Wang Z Y. Characterization of volatile compounds profiles and identification of key volatile and odor-active compounds in 40 sweetpotato (*Ipomoea Batatas* L.) varieties. Food Chemistry: X, 2025, 25: 102058
- [33] Chen S P, Kuo Y W, Lin J S. Review: Defense responses in sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.) against biotic stress. Plant Science, 2023, 337: 111893
- [34] Zhou Z L, Tang J, Cao Q H, Li Z Y, Ma D F. Differential response of physiology and metabolic response to drought stress in different sweetpotato cultivars. PLoS ONE, 2022, 17(3): e0264847
- [35] Li Q, Kuo Y W, Lin K H, Huang W Q, Deng C S, Yeh K W, Chen S P. Piriformospora indica colonization increases the growth, development, and herbivory resistance of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.). Plant Cell Reports, 2021, 40(2): 339-350
- [36] Kreuze J F, Ramírez D A, Fuentes S, Loayza H, Ninanya J, Rinza J, David M, Gamboa S, De Boeck B, Diaz F, Pérez A, Silva L, Campos H. High-throughput characterization and phenotyping of resistance and tolerance to virus infection in sweetpotato. Virus Research, 2024, 339: 199276
- [37] Kaya C. Optimizing crop production with plant phenomics through high-throughput phenotyping and AI in controlled environments. Food and Energy Security, 2025, 14(1): e70050
- [38] Wadl P A, Olukolu B A, Branham S E, Jarret R L, Yencho G C, Jackson D M. Genetic diversity and population structure of the USDA sweetpotato (*Ipomoea batatas*) germplasm collections using GBSpoly. Frontiers in Plant Science, 2018, 9: 1166
- [39] Arisha M H, Aboelnasr H, Ahmad M Q, Liu Y J, Tang W, Gao R F, Yan H, Kou M, Wang X, Zhang Y G, Li Q. Transcriptome sequencing and whole genome expression profiling of hexaploid sweetpotato under salt stress. BMC Genomics, 2020, 21(1): 197
- [40] Zhang X B, Tang C C, Jiang B Z, Zhang R, Li M, Wu Y Y, Yao Z F, Huang L F, Luo Z X, Zou H D, Yang Y L, Wu M Y, Chen A, Wu S, Hou X L, Liu X, Fei Z J, Fu J J, Wang Z Y. Refining polyploid breeding in sweet potato through allele dosage enhancement. Nature Plants, 2025, 11(1): 36-48
- [41] Liu H J, Hunt S, Yencho G C, Pecota K V, Mierop R, Williams C M, Jones D S. Predicting sweetpotato traits using machine learning: Impact of environmental and agronomic factors on shape and size. Computers and Electronics in

- Agriculture, 2024, 225: 109215
- [42] Sun J Y, Zhang Q, Xu M L, Yan M X, Liu X Y, Sun J, Cao Q H, Wang H X, Yang J, Li Z Y, Han Y H. Comparative karyotype analysis provides cytogenetic evidence for the origin of sweetpotato. *Chromosome Research*, 2024, 32(4): 14
- [43] Zhao L K, Qi Z H, Xiao S Z, Tang F, Liu Y, Deng Y T, Dai X B, Zhou Z L, Ou W J, Cao Q H. Genetic diversity assessment of sweetpotato germplasm in China using InDel markers. *Agronomy*, 2022, 12(12): 3074
- [44] Arisha M H, Ahmad M Q, Tang W, Liu Y J, Yan H, Kou M, Wang X, Zhang Y G, Li Q. RNA-sequencing analysis revealed genes associated drought stress responses of different durations in hexaploid sweet potato. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 12573
- [45] Mahaman Mourtala I Z, Gouda A C, Baina D, Maxwell N I I, Adje C O A, Barag  M, Happiness O O. Genetic diversity and population structure studies of West African sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] collection using DArTseq. *PLoS ONE*, 2025, 20(1): e0312384
- [46] Meng Y S, Su W J, Ma Y P, Liu L, Gu X G, Wu D X, Shu X L, Lai Q X, Tang Y, Wu L H, Wang Y. Assessment of genetic diversity and variety identification based on developed retrotransposon-based insertion polymorphism (RBIP) markers in sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 17116
- [47] 杨义伶, 张雄坚, 姚祝芳, 罗忠霞, 邹宏达, 王章英, 黄立飞, 房伯平. 甘薯杂交不亲和性研究进展. *广东农业科学*, 2018, 45(8): 16-24
- Yang Y L, Zhang X J, Yao Z F, Luo Z X, Zou H D, Wang Z Y, Huang L F, Fang B P. Progress of sweetpotato cross-incompatibility research. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2018, 45(8): 16-24
- [48] 兰孟焦, 肖满秋, 王崇, 潘皓, 葛瑞华, 侯怡君, 吴问胜. 紫色甘薯新品种赣薯10号的选育. *中国蔬菜*, 2025 (1): 154-157, 171
- Lan M J, Xiao M Q, Wang C, Pan H, Ge R H, Hou Y J, Wu W S. A new purple sweet potato variety- 'Ganshu No. 10'. *China Vegetables*, 2025(1): 154-157, 171
- [49] Yan M X, Nie H Z, Wang Y Z, Wang X Y, Jarret R, Zhao J M, Wang H X, Yang J. Exploring and exploiting genetics and genomics for sweetpotato improvement: Status and perspectives. *Plant Communications*, 2022, 3(5): 100332
- [50] Silva J R D, Fernandes A C G, Valadares N R, Alves R A, Faria S E S, Rodrigues C H O, Azevedo A M. Flowering, production and seed quality in sweet potato clones cultivated under staking. *Horticultura Brasileira*, 2023, 41: e2522
- [51] Rogo U, Fambrini M, Pugliesi C. Embryo rescue in plant breeding. *Plants*, 2023, 12(17): 3106
- [52] 崔纪超, 余金姜, 中奕, 钟玉扬, 郑建扬. 甘薯×木薯远缘杂交与甘薯种质创新. *热带农业科学*, 2018, 38(12): 56-63
- Cui J C, Yu J J, Zhong Y, Zhong Y Y, Zheng J Y. Distant hybridization between sweetpotato and cassava and enhancement of sweet potato germplasm. *Chinese Journal of Tropical Agriculture*, 2018, 38(12): 56-63
- [53] 曹清河, 张安, 李鹏, 李洪民, 谢逸萍, 李秀英, 王欣, 马代夫. 甘薯近缘野生种的抗病性鉴定与新型种间杂种的获得. *植物遗传资源学报*, 2009, 10(2): 224-229
- Cao Q H, Zhang A, Li P, Li H M, Xie Y P, Li X Y, Wang X, Ma D F. Identification of the wild elite resistant resources and breeding of novel interspecies hybrids. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2009, 10(2): 224-229
- [54] Cao Q, Tang J, Li A, Gruneberg W, Huamani K, Ma D. Ploidy level and molecular phylogenetic relationship among novel *Ipomoea* interspecific hybrids. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 2014, 50(1): 32-38
- [55] Cao Q, Zhang A, Ma D, Li H, Li Q, Li P. Novel interspecific hybridization between sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) and its two diploid wild relatives. *Euphytica*, 2009, 169(3): 345-352
- [56] 邓逸桐, 王珧, 张安, 孙建英, 戴习彬, 孙健, 唐君, 曹清河. 甘薯近缘种人工合成四倍体的倍性鉴定和减数分裂行为观察. *江苏师范大学学报: 自然科学版*, 2020, 38(4): 34-38, 2
- Deng Y T, Wang Y, Zhang A, Sun J Y, Dai X B, Sun J, Tang J, Cao Q H. Ploidy identification and meiotic behavior observation of artificial synthesized tetraploid of sweetpotato relative species. *Journal of Jiangsu Normal University: Natural Science Edition*, 2020, 38(4): 34-38, 2
- [57] 翁宗宽. 番薯属 *Ipomoea tabascanana* (4x) 与 *Ipomoea trifida* (2x) 种间杂种鉴定和分析. 北京: 中国农业科学院, 2024
- Weng Z K. Identification and analysis of interspecific hybrids between *Ipomoea tabascanana* (4x) and *Ipomoea trifida* (2x). Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2024
- [58] Jia L C, Zhai H, He S Z, Yang Y F, Liu Q C. Analysis of drought tolerance and genetic and epigenetic variations in a somatic hybrid between *Ipomoea batatas* (L.) Lam. and *I. triloba* L. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(1): 36-46
- [59] Jia L C, Yang Y F, Zhai H, He S Z, Xin G S, Zhao N, Zhang H, Gao S P, Liu Q C. Production and characterization of a novel interspecific somatic hybrid combining drought tolerance and high quality of sweet potato and *Ipomoea triloba* L. *Plant Cell Reports*, 2022, 41(11): 2159-2171
- [60] 吴胜男, 孙凯, 张海, 刘峰, 王凤. 甘薯分子标记辅助育种研究进展. *黑龙江农业科学*, 2022(9): 111-115
- Wu S N, Sun K, Zhang H, Liu F, Wang F. Research progress of sweet potato molecular marker-assisted breeding. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2022(9): 111-115
- [61] Yang F Y, Lang T, Wu J Y, Zhang C, Qu H J, Pu Z G, Yang F, Yu M, Feng J Y. SNP loci identification and KASP marker development system for genetic diversity, population structure, and fingerprinting in sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.). *BMC Genomics*, 2024, 25(1): 1245
- [62] Li A X, Qin Z, Hou F Y, Dong S X, Wang Q M.

- Development of molecular linkage maps in sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) using sequence-related amplified polymorphism markers. *Plant Breeding*, 2018, 137 (4) : 644-654
- [63] Haque E, Tabuchi H, Monden Y, Suematsu K, Shirasawa K, Isobe S, Tanaka M. QTL analysis and GWAS of agronomic traits in sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.) using genome wide SNPs. *Breeding Science*, 2020, 70(3): 283-291
- [64] Zheng C X, Jiang Z C, Meng Y S, Yu J, Yang X S, Zhang H, Zhao N, He S Z, Gao S P, Zhai H, Liu Q C. Construction of a high-density SSR genetic linkage map and identification of QTL for storage-root yield and dry-matter content in sweetpotato. *The Crop Journal*, 2023, 11(3): 963-967
- [65] Haque E, Shirasawa K, Suematsu K, Tabuchi H, Isobe S, Tanaka M. Polyploid GWAS reveals the basis of molecular marker development for complex breeding traits including starch content in the storage roots of sweet potato. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1181909
- [66] Yan H, Ma M, Ahmad M Q, Arisha M H, Tang W, Li C, Zhang Y G, Kou M, Wang X, Gao R F, Song W H, Li Z Y, Li Q. High-density single nucleotide polymorphisms genetic map construction and quantitative trait locus mapping of color-related traits of purple sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 12: 797041
- [67] Zhao D L, Xiao S Z, Zhang A, Zhao L X, Dai X B, Yuan R, Wang J, Wang Y, Li Q L, Zhou Z L. Construction of high-density genetic map based on SLAF-seq and QTL analysis of major traits in sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 211: 108647
- [68] Slonecki T J, Rutter W B, Olukolu B A, Yencho G C, Jackson D M, Wadl P A. Genetic diversity, population structure, and selection of breeder germplasm subsets from the USDA sweetpotato (*Ipomoea batatas*) collection. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 13: 1022555
- [69] Yang J, Moeinzadeh M H, Kuhl H, Helmuth J, Xiao P, Haas S, Liu G L, Zheng J L, Sun Z, Fan W J, Deng G F, Wang H X, Hu F H, Zhao S S, Fernie A R, Boerno S, Timmermann B, Zhang P, Vingron M. Haplotype-resolved sweet potato genome traces back its hexaploidization history. *Nature Plants*, 2017, 3(9): 696-703
- [70] Yan M X, Li M, Wang Y Z, Wang X Y, Moeinzadeh M H, Quispe-Huamanquispe D G, Fan W J, Fang Y J, Wang Y Q, Nie H Z, Wang Z Y, Tanaka A, Heider B, Kreuze J F, Gheysen G, Wang H X, Vingron M, Bock R, Yang J. Haplotype-based phylogenetic analysis and population genomics uncover the origin and domestication of sweetpotato. *Molecular Plant*, 2024, 17(2): 277-296
- [71] Ahmed S, Khan M S S, Xue S L, Islam F, Ikram A U, Abdullah M, Liu S, Tappiban P, Chen J. A comprehensive overview of omics-based approaches to enhance biotic and abiotic stress tolerance in sweet potato. *Horticulture Research*, 2024, 11(3): uhae014
- [72] Zhang D W, Tan Y J, Dong F, Zhang Y, Huang Y L, Zhou Y Z, Zhao Z J, Yin Q, Xie X H, Gao X W, Zhang C F, Tu N M. The expression of *IbMYB1* is essential to maintain the purple color of leaf and storage root in sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 688707
- [73] Zhang R, Li M, Tang C C, Jiang B Z, Yao Z F, Mo X Y, Wang Z Y. Combining metabolomics and transcriptomics to reveal the mechanism of coloration in purple and cream mutant of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.). *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 877695
- [74] Lin Y L, Zou W K, Lin S Q, Onofua D, Yang Z J, Chen H Z, Wang S L, Chen X Y. Transcriptome profiling and digital gene expression analysis of sweet potato for the identification of putative genes involved in the defense response against *Fusarium oxysporum* f. sp. *batatas*. *PLoS ONE*, 2017, 12 (11): e0187838
- [75] Watanabe K, Kobayashi A, Endo M, Sage-Ono K, Toki S, Ono M. CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the *dihydroflavonol-4-reductase-B* (*DFR-B*) locus in the Japanese morning glory *Ipomoea* (*Pharbitis*) *nil*. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 10028
- [76] Wang H X, Wu Y L, Zhang Y D, Yang J, Fan W J, Zhang H, Zhao S S, Yuan L, Zhang P. CRISPR/Cas9-based mutagenesis of starch biosynthetic genes in sweet potato (*Ipomoea Batatas*) for the improvement of starch quality. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(19): 4702
- [77] Yu Y C, Pan Z Y, Wang X, Bian X F, Wang W C, Liang Q, Kou M, Ji H T, Li Y J, Ma D F, Li Z Y, Sun J. Targeting of SPCSV-RNase3 via CRISPR-Cas13 confers resistance against sweet potato virus disease. *Molecular Plant Pathology*, 2022, 23(1): 104-117
- [78] Cao X S, Xie H T, Song M L, Lu J H, Ma P, Huang B Y, Wang M G, Tian Y F, Chen F, Peng J, Lang Z B, Li G F, Zhu J K. Cut-dip-budding delivery system enables genetic modifications in plants without tissue culture. *The Innovation*, 2023, 4(1): 100345
- [79] Zhang W, Zuo Z D, Zhu Y X, Feng Y X, Wang Y, Zhao H Q, Zhao N, Zhang H, He S Z, Liu Q C, Xu R, Zhai H, Gao S P. Fast track to obtain heritable transgenic sweet potato inspired by its evolutionary history as a naturally transgenic plant. *Plant Biotechnology Journal*, 2023, 21(4): 671-673
- [80] Xiao S Z, Wang Y, Zhou Z L, Zhao L X, Zhao L K, Gao B Q, Dai X B, Xu P, Cao Q H. *Xiaoshu*, a simple genetic model system for sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23: 674-676
- [81] 唐维, 后猛, 宋炜涵, 闫会, 王欣, 李臣, 高闰飞, 张允刚, 李强. 甘薯U6启动子克隆及其转录活性分析. *江苏农业学报*, 2024, 40(6): 969-974
- Tang W, Kou M, Song W H, Yan H, Wang X, Li C, Gao R F, Zhang Y G, Li Q. Cloning and transcriptional activity analysis of U6 promoter in sweetpotato. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 40(6): 969-974