



吴胜男,孙凯,张海,等.甘薯分子标记辅助育种研究进展[J].黑龙江农业科学,2022(9):111-115.

甘薯分子标记辅助育种研究进展

吴胜男,孙 凯,张 海,刘 峰,王 凤

(吉林省农业科学院 经济植物研究所,吉林 公主岭 136105)

摘要:甘薯作为重要的粮食、饲料和工业原料,尽管传统育种在甘薯品种选育方面取得了一些成就,但并不能满足当前甘薯产业的需求。随着分子生物学和基因组学的发展,甘薯分子标记的开发利用、高密度遗传图谱的构建、重要性状的 QTL 定位和全基因组关联分析,均极大程度上解决了甘薯传统育种面临的困难,促进了甘薯育种的速度和效率。本文简要介绍了 AFLP 标记、RAPD 标记、SSR 标记、ISSR 标记等分子标记在甘薯研究中的应用,就国内外甘薯遗传连锁图谱构建、数量性状 QTL 定位、甘薯全基因组关联分析研究进展进行了综述,并对甘薯遗传育种研究中功能标记的开发,及深入开展甘薯基因组学、转录组学和蛋白组学相关研究进行了展望。

关键词:甘薯;分子育种;遗传图谱;QTL 定位

甘薯[*Ipomoea batatas*(L.) Lam.]是旋花科番薯属作物,全球年产量约 9 000 万 t 左右,被称为第七大作物,中国是主要的甘薯生产国,约占全球总产量的 60%左右^[1]。甘薯含有丰富的淀粉、膳食纤维、维生素、胡萝卜素和花青素等营养物质^[2]。甘薯传入我国已有 400 多年的历史,目前国内甘薯产区包括:北方春薯区、黄淮海平原春夏薯区、长江流域夏薯区、南方夏秋薯区和南方秋冬薯区^[3]。其中山东、山西、江苏、河南、陕西等黄淮平原地区广泛种植甘薯,吉林省于 1900 年前后在公主岭市范家屯镇和吉林郊区引入栽培。

甘薯是异源六倍体作物,遗传背景高度复杂,染色体数较多,且存在自交不亲和现象,直接导致甘薯育种困难^[4]。近年来随着分子生物学的发展和甘薯全基因组测序的完成^[5],分子标记的开发和利用、遗传图谱的构建、重要性状的 QTL 定位和全基因组关联分析,极大程度上能够解决甘薯传统育种面临的困难。本文就甘薯分子标记辅助选择育种研究现状进行论述,旨在为甘薯分子标记辅助选择育种提供理论基础。

1 分子标记在甘薯研究中的应用

分子标记作为分子辅助育种的基础,近年来在甘薯研究中的应用越来越多。在甘薯研究中常

用 AFLP、RAPD、SNP、SSR、ISSR 和 TRAP 等分子标记进行起源和进化、分类分析、品种鉴定、遗传图谱构建和基因定位等研究^[6]。

1.1 AFLP 标记在甘薯中的应用

扩增片段长度多态性(AFLP)是一项以 PCR 扩增为基础的 DNA 技术,其优点是可重复性强、多态性好,广泛应用于多种植物中^[7]。Zhang 等^[8]利用 10 个 AFLP 标记对来自秘鲁、厄尔多瓜、墨西哥和菲律宾等国家的 75 份甘薯地方品种进行了分析,发现大洋洲甘薯的遗传变异远大于秘鲁和厄尔多瓜的遗传变异。李强等^[9]使用 10 对 AFLP 标记对 43 份来自中国、韩国和日本等东亚地区甘薯品种进行遗传差异研究,结果显示品种间遗传距离为 0.093 8~0.335 9 cM,非加权组平均法(UPGMA)把 43 份甘薯品种分为 5 类,遗传多样性较为丰富。

1.2 RAPD 标记在甘薯中的应用

随机扩增多态性 DNA(RAPD)主要是对 DNA 的多态性进行检测,其优点是样品质量要求不高、速度快、结果可靠^[10]。Gichuki 等^[11]使用 71 个 RAPD 分子标记评估来自 23 个国家的 74 个甘薯品种之间的遗传关系,分子方差分析表明,93.4%的变异是由区域内不同品种间的差异引起的,地区间差异显著但其贡献率仅为 6.6%。遗传距离显示南美洲和中美洲的基因型形成了两个独立的组,东非品种具有不同于其他传统品种的独特特征,有别于南美洲和大洋洲的其他传统品种。周忠等^[12]利用 16 个 RAPD 标记对 21 份抗、感茎线虫病甘薯品种遗传多态性进行分析,共

收稿日期:2022-05-30

基金项目:吉林省地方科技创新引导项目(20210404013NC)。

第一作者:吴胜男(1993—),男,硕士,研究实习生,从事甘薯遗传育种研究。E-mail:wushengnan666@163.com。

通信作者:王凤(1965—),女,硕士,研究员,从事甘薯遗传育种和栽培技术研究。E-mail:wangfeng3871@163.com。

扩增出 119 条 DNA 片段,相似系数在 0.580~0.924 之间,聚类分析显示在 0.720 水平上,可分为 6 个 RAPS 指纹相似组。

1.3 SSR 标记在甘薯中的应用

简单重复序列(SSR)是指广泛存在于基因组中的 1~6 个核苷酸序列,且有多个重复,其优点是随机分布、数量丰富、操作方便简单和结果可靠^[13]。Yang 等^[14]利用 30 对 SSR 分子标记对来自国内外的 380 份甘薯资源的遗传多样性进行分析,系统发育和主成分分析把这些资源分为 P1、P2 和 P3 三个群体,固定指数(FST)表明 P1 和 P3 群体分化程度最高,P1 和 P2 群体分化程度最低。高闰飞等^[15]利用 124 个 SSR 分子标记对 76 个紫薯品种进行遗传多样性分析,共获得 750 条带,其中多态性条带为 676 条,平均等位变异 6.05 个,遗传距离在 0.044 2~0.601 0 之间,外引紫薯品种和国内紫薯品种遗传距离较远,因此可通过外引紫薯品种来丰富紫薯的遗传背景。

1.4 ISSR 标记在甘薯中的应用

简单重复区间序列(ISSR)是基于 SSR 技术开发的,其优点在于能同时扩增两个序列相同和方向相反的序列,特异性较强^[16]。Zhang 等^[17]使用 17 对 ISSR 引物对 240 份国内优异种质资源进行分子鉴定,计算出遗传相似系数为 0.730 2,Nei 氏多样性指数为 0.316 7,共享等位基因差异为 0.269 8。NJ 聚类结果显示分为 6 个亚类和 5 个亚群体,且存在明显的遗传关系。邓禄军等^[18]利用 6 条 ISSR 引物对 16 份迷你薯种质资源的遗传多样性进行分析,结果显示观测的等位基因 3 个,遗传距离相似性系数为 0.300 0~0.858 1,在遗传距离为 1.05 时 16 份迷你薯资源分为两类。

2 甘薯遗传连锁图谱构建研究进展

随着甘薯全基因组测序的完成和高通量测序技术的迅猛发展,甘薯高密度遗传图谱的构建越来越受到关注^[19]。Thompson 等^[20]以甘薯品种 Vardaman 和 Regal 作为亲本利用 124 个 RAPD 分子标记构建了第一张甘薯遗传图谱,由于标记在图谱上的密度较低,未能被大量引用。Cervantes-Flores 等^[21]利用 AFLP 分子标记对甘薯品种 Tanzania 和 Beauregard 构建的群体绘制了遗传连锁图谱,其中母本 Tanzania 的遗传图谱包括 947 个 AFLP 分子标记,图谱总长 5 792 cM,标记间平均距离 4.5 cM;父本 Beauregard 的遗传图谱包括 947 个 AFLP 分子标记,图谱总长 5 276 cM,

标记间平均距离 4.8 cM。马猛等^[22]利用 SSR 分子标记对徐紫 8 号和美国红杂交 F₁ 代 274 个单株组成的群体,构建甘薯遗传连锁图谱,其中母本徐紫 8 号遗传图谱上 144 个分子标记分布于 24 个连锁群,图谱总长 1 325.8 cM,平均距离 9.2 cM;父本美国红遗传图谱上 132 个分子标记分布于 21 个连锁群,图谱总长 1 088.6 cM,平均距离 8.2 cM。Meng 等^[23]使用 SSR 分子标记对漯薯 8 号和郑薯 20 杂交 F₁ 代群体,构建了漯薯 8 号的高密度遗传图谱,总长 13 299.9 cM,5 057 个 SSR 分子标记分布在 90 个连锁群;郑薯 20 的高密度遗传图谱总长 11 122.9 cM,3 009 个 SSR 分子标记分布在 90 个连锁群。Haque^[24]以 J-Red 和 Choshu 杂交的 52 个 F₁ 代群体为研究对象,利用 SNP 和 SSR 分子标记构建甘薯高密度遗传图谱,其中 5 952 个 SNP 标记和 161 个 SSR 标记分布在总长 13 247 cM 的 J-Red 图谱上,标记间平均距离为 2.09 cM;5 640 个 SNP 标记和 176 个 SSR 标记分布在总长 12 241.8 cM 的 Choshu 图谱上,标记间平均距离为 2.04 cM。此外 SRAP、SNP 等分子标记也多次应用于甘薯遗传图谱的构建^[25-31],为甘薯 QTL 定位和重要性状分子标记的开发奠定了理论基础(表 1)。

3 甘薯数量性状 QTL 定位

作物重要性状的 QTL 定位是开发连锁分子标记的基础^[32]。目前甘薯数量性状 QTL 定位研究主要集中在农艺性状、产量、抗病性和品质等方面。

3.1 农艺性状

甘薯农艺性状方面,Kim 等^[33]利用 SSR 分子标记以 Yeseumi 和 Annoben 的 F₁ 代为群体,共检测到 21 个 QTL 位点,其中 3 个与节间长度相关,1 个与薯皮厚度相关,15 个与薯皮主色相关,2 个与薯皮次色相关。孟羽莎等^[30]利用高淀粉品种漯薯 8 号和低淀粉品种郑薯 20 构建含 240 个单株的 F₁ 群体,在母本图谱上定位到 2 个干物质含量主效 QTL,均表现出负效应,分别可解释表型变异的 45.7%和 18.7%,在父本图谱上定位到 4 个干物质含量主效 QTL,其中 2 个表现出正效应,可解释表型变异的 29.7%和 29.0%。Haque 等^[24]利用 QTL-seq 对 0431-1 和 Mx23Hm 的 BC₁F₁ 群体鉴定二倍体野生甘薯根粗相关 QTL,仅在 6 号染色体 2.94~8.71 Mb 处检测到根粗的主效 QTL。

表 1 甘薯遗传图谱构建情况

作图群体	亲本	标记类型	图谱长度/cM	标记数	连锁群	标记间平均距离/cM	参考文献
Tanzania×Beauregard	母本	AFLP	5792.00	947	86	4.500	[21]
	父本	AFLP	5276.00	726	90	4.800	
红旗四号×绵粉一号	父、母本	AFLP	279.00	28	13	9.620	[25]
漯徐薯 8 号×郑薯 20	母本	SRAP	5313.67	494	64	10.760	[26]
	父本	SRAP	4968.62	480	57	10.350	
徐薯 18×徐 781	母本	AFLP、SSR	8184.50	2077	90	3.900	[27]
	父本	AFLP、SSR	8151.70	1954	90	4.200	
万薯 5 号×商丘 52-7	母本	EST-SSR	3826.07	215	74	17.800	[28]
	父本	EST-SSR	3955.00	252	80	15.700	
普宁菜种×台农 27	母本	EST-SSR	1075.50	121	31	8.888	[29]
	父本	EST-SSR	16496.00	128	50	12.888	
徐紫薯 8 号×美国红	母本	SSR	1325.80	144	24	9.200	[22]
	父本	SSR	1088.60	132	21	8.200	
漯徐薯 8 号×郑薯 20	母本	SSR	13299.90	5057	90	2.600	[30]
	父本	SSR	11122.90	3009	90	3.700	
冀紫薯 1 号×龙薯 9 号	母本	SSR	3974.24	484	90	8.230	[31]
	父本	SSR	5163.35	573	90	9.010	
漯薯 8 号×郑薯 20	母本	SSR	13299.90	5057	90	2.600	[23]
	父本	SSR	11122.90	3009	90	3.700	
J-Red×Choshu	母本	SNP、SSR	13247.00	6341	90	2.090	[24]
	父本	SNP、SSR	12241.80	6008	90	2.040	

3.2 抗性

甘薯抗性方面, Ma 等^[31]以冀紫薯 1 号和龙薯 9 号杂交后代为群体, 共鉴定到 7 个与根腐病相关的 QTL 位点, 其中 5 个位于冀紫薯 1 号图谱上, 可解释 52.6%~57.0%的变异, 2 个位于龙薯 9 号图谱上, 可解释 57.6%和 53.6%的变异, 这 7 个 QTL 位点均表现为正效应。Cervantes-Flores 等^[34]在 Tanzania 中检测到 7 个与抗根结线虫相关的 QTL 位点, 其中 4 个对抗根结线虫有积极作用, 可解释 21%的表型变异, 在 Beauregard 中检测到 3 个与抗根结线虫相关 QTL 位点, 可解释 6%的表型变异。

3.3 产量和品质

甘薯产量和品质方面, 李慧^[35]以徐薯 18 和徐 781 杂交后代 202 个单株的分离群体为材料, 共检测到与产量相关的 9 个主效 QTL, 其中 4 个位于徐薯 18 的连锁群, 可解释 36.3%~59.3%的表型变异, 5 个位于徐 781 的连锁群, 可解释 37.0%~51.2%的表型变异。吴洁等^[36]和唐茜等^[37]利用

SRAP 标记对高淀粉品种和低淀粉品种的自交后代进行 QTL 定位, 各检测到 1 个与淀粉含量相关的 QTL, 分别可解释 20.1%和 21.3%的淀粉含量变异。李爱贤等^[38]在漯徐薯 8 号上鉴定到 7 个与胡萝卜素相关的 QTL, 在郑薯 20 上鉴定到 10 个与胡萝卜素相关的 QTL, 可解释 33.1%~62.1%的表型变异。

4 甘薯全基因组关联分析研究进展

全基因组关联分析(GWAS)应用特殊的统计方法对群体内某个性状关联到的位点进行鉴定, 其主要特点是可用于自然群体, 大大缩短构建群体所有时间, 检测的 SNP 位点较多, 定位效率更高^[39]。Liu 等^[40]利用 567 828 个 SNP 分子标记对 76 个甘薯地方品种和 224 个育成品种进行全基因组关联分析, 与薯肉颜色相关的 5 个 SNP 位点被确定, 结合转录组和实时定量 PCR 显示 g55964 是薯肉颜色形成的关键基因。Obata 等^[41]以抗根结线虫甘薯品种 J-Red 和易感根结线虫甘薯品种 Choshu 及其杂交后代 F₁ 为材料, 使用

46 788个 SNP 标记进行全基因组关联分析,在 3 号和 7 号染色体上检测到两个抗性相关位点,并开发了相对应的分子标记。Zhang 等^[42]通过对 104 个甘薯种质资源的转录组和重测序数据整理,进行甘薯贮藏根中基因表达变异的全基因组关联,在 3 646 个基因中共鉴定出 4 408 个 eQTL,其中 39 个位点与类黄酮合成相关,仅发现 1 个位点与薯肉颜色相关,位于 12 号染色体的 17 809 090~23 930 961 bp 之间,区间内的 IbMYB1-2 不仅参与类黄酮合成也是控制薯肉颜色的候选基因。

5 展望

目前甘薯育种主要还是以传统杂交育种方法为主,包括集团杂交法、定向杂交法和放任授粉法,由于甘薯杂交结实率差异受环境影响较大,且杂交育种目标性不强,致使甘薯育种有一定的局限性,较难选育出突破性的新品种^[43]。近年来分子标记的开发利用、遗传图谱的构建、重要农艺性状的 QTL 定位和甘薯全基因组关联等快速发展为甘薯分子育种提供了理论基础,但甘薯的分子育种仍落后于小麦、水稻和玉米等粮食作物^[44-46]。在甘薯遗传育种研究中应更加重视产量和品质性状的 QTL 定位和功能标记的开发,进一步深入开展甘薯基因组学、转录组学和蛋白组学的相关研究,便于全方面深入了解甘薯,为甘薯分子育种提供完善的理论基础,有利于培育出高产优质抗病虫的甘薯新品种。

参考文献:

- [1] 王欣,李强,曹清河,等. 中国甘薯产业和种业发展现状与未来展望[J]. 中国农业科学,2021,54(3):483-492.
- [2] 刘庆昌. 甘薯在我国粮食和能源安全中的重要作用[J]. 科技导报,2004(9):21-22.
- [3] 陈喜,陆建珍,汪翔,等. 中国甘薯生产布局变迁及动因分析[J]. 中国农业资源与区划,2022,43(2):1-12.
- [4] 杨义伶,张雄坚,姚祝芳,等. 甘薯杂交不亲和性研究进展[J]. 广东农业科学,2018,45(8):16-24.
- [5] YANG J, MOEINZADEH M, KUHL H, et al. Haplotype-resolved sweet potato genome traces back its hexaploidization history[J]. Nature Plants, 2017, 3(9):696-703.
- [6] LIU Q. Sweet potato omics and biotechnology in China[J]. Plant Omics, 2011, 4(6):295-301.
- [7] 靳容,后猛,马代夫,等. 甘薯 AFLP 扩增产物的 PAGE 胶快速银染方法[J]. 江苏农业科学,2013,41(2):30-32.
- [8] ZHANG D P, ROSSEL G, KRIEGNER A, et al. AFLP assessment of diversity in sweetpotato from Latin America and the Pacific Region: Its implications on the dispersal of the crop[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2004, 51(2):115-120.
- [9] 李强,李鹏,刘庆昌,等. 东亚甘薯品种 AFLP 标记遗传差异研究[J]. 分子植物育种,2008(5):905-911.
- [10] 雷剑,杨新笋. 甘薯 RAPD-PCR 反应条件的优化[J]. 湖北农业科学,2009,48(10):2343-2346.
- [11] GICHUKI S T, BERENYI M, ZHANG D, et al. Genetic diversity in sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] in relationship to geographic sources as assessed with RAPD markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2003, 50(4):429-437.
- [12] 周忠,王欣,马代夫,等. 甘薯抗、感茎线虫病品种遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 江苏农业学报,2005(1):35-39.
- [13] 赵路宽,苏一钧,戴义彬,等. 中国甘薯登记品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 西北植物学报,2019,39(7):1212-1220.
- [14] YANG X, SU W, WANG L, et al. Molecular diversity and genetic structure of 380 sweetpotato accessions as revealed by SSR markers[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2015, 14(4):633-641.
- [15] 高闰飞,李强,苏在兴,等. 基于 SSR 标记的 76 份紫心甘薯品种的遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2020,18(11):3775-3785.
- [16] 崔晨珂,林涛,安艳波,等. 不同类型甘薯品种遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 中国农业科技导报,2022,24(5):68-75.
- [17] ZHANG K, WU Z, LI Y, et al. ISSR-based molecular characterization of an elite germplasm collection of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) in China [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2014, 13(11):2346-2361.
- [18] 邓禄军,吴巧玉,何天久,等. 基于形态学和 ISSR 分子标记的迷你甘薯遗传多样性分析[J]. 种子,2021,40(10):56-61.
- [19] 马猛,闫会,李强. 甘薯分子遗传图谱构建及 QTL 定位研究进展与展望[J]. 江苏师范大学学报(自然科学版),2020,38(4):41-45.
- [20] THOMPSON P G, HONG L L, UKOSKIT K, et al. Genetic linkage of randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in sweetpotato[J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 1997, 122(1):79-82.
- [21] CERVANTES-FLORES J C, YENCHO G C, KRIEGNER A, et al. Development of a genetic linkage map and identification of homologous linkage groups in sweetpotato using multiple-dose AFLP markers [J]. Molecular Breeding, 2008, 21(4):511-532.
- [22] 马猛. 紫甘薯 SSR 标记遗传图谱构建及主要农艺性状 QTL 定位[D]. 北京:中国农业科学院,2021.
- [23] MENG Y, ZHENG C, Li H, et al. Development of a high-density SSR genetic linkage map in sweet potato[J]. The Crop Journal, 2021, 9(6):1367-1374.
- [24] HAQUE E, TABUCHI H, MONDEN Y, et al. QTL analysis and GWAS of agronomic traits in sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.) using genome wide SNPs[J]. Breeding Science, 2020, 70(3):283-291.
- [25] 蒲志刚,王大一,谭文芳,等. 利用 AFLP 构建甘薯连锁图及淀粉含量 QTL 定位[J]. 西南农业学报,2010,23(4):1047-1050.
- [26] 李爱贤,申春云,王庆美,等. 甘薯 β -胡萝卜素含量的 QTL

- 定位[J]. 分子植物育种, 2014, 12(2): 270-277.
- [27] ZHAO N, YU X X, JIE Q, et al. A genetic linkage map based on AFLP and SSR markers and mapping of QTL for drymatter content in sweetpotato[J]. Molecular Breeding, 2013, 32(4): 807-820.
- [28] 唐道彬, 张凯, 吕长文, 等. 基于 EST-SSR 标记甘薯连锁图谱构建及淀粉性状的 QTL 定位[J]. 中国农业科学, 2016, 49(23): 4488-4506.
- [29] 易文斌. 甘薯 EST-SSR 遗传图谱构建[D]. 广州: 仲恺农业工程学院, 2018.
- [30] 孟羽莎. 甘薯高密度 SSR 分子连锁图谱的构建及干物质含量相关 QTL 的定位[D]. 北京: 中国农业大学, 2018.
- [31] MA Z M, GAO W C, LIU L F, et al. Identification of QTL for resistance to root rot in sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] with SSR linkage maps[J]. BMC Genomics, 2020, 21(1): 1-14.
- [32] 梅德圣, 李云昌, 王汉中. 作物产量性状 QTL 定位的研究现状及应用前景[J]. 中国农学通报, 2003(5): 83-88.
- [33] KIM J H, CHUNG I K, KIM K M. Construction of a genetic map using EST-SSR markers and QTL analysis of major agronomic characters in hexaploid sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] [J]. Plos One, 2017, 12(10): 0185073.
- [34] CERVANTES-FLORES J C, YENCHO G C, PECOTA K V, et al. Detection of quantitative trait loci and inheritance of root-knot nematode resistance in sweetpotato[J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2008, 133(6): 844-851.
- [35] 李慧. 甘薯 SSR 分子连锁图谱的构建和块根产量相关 QTL 的定位[D]. 北京: 中国农业大学, 2014.
- [36] 吴洁, 谭文芳, 何俊蓉, 等. 甘薯 SRAP 连锁图构建淀粉含量 QTL 检测[J]. 分子植物育种, 2005(6): 89-93.
- [37] 唐茜, 何凤发, 王季春, 等. 甘薯 SRAP 遗传图谱构建及淀粉含量 QTL 初步定位[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2010, 32(6): 40-45.
- [38] 李爱贤, 申春云, 王庆美, 等. 甘薯 β -胡萝卜素含量的 QTL 定位[J]. 分子植物育种, 2014, 12(2): 270-277.
- [39] 任生林, 吴才文, 经艳芬, 等. 全基因组关联分析在作物中的研究进展[J/OL]. 分子植物育种, 2021: 1-18 (2021-09-30) [2022-04-11]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210929.1449.008.html>.
- [40] LIU Y, PAN R, ZHANG W, et al. Integrating genome-wide association study with transcriptomic analysis to predict candidate genes controlling storage root flesh color in sweet potato[J]. Agronomy, 2022, 12(5): 991.
- [41] OBATA N, TABUCHI H, KURIHARA M, et al. Mapping of nematode resistance in hexaploid sweetpotato using a next-generation sequencing-based association study [J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 858747.
- [42] ZHANG L, YU Y, SHI T, et al. Genome-wide analysis of expression quantitative trait loci (eQTLs) reveals the regulatory architecture of gene expression variation in the storage roots of sweet potato[J]. Horticulture Research, 2020, 7: 90.
- [43] 易中懿, 汪翔, 徐雪高, 等. 品种创新与甘薯产业发展[J]. 江苏农业学报, 2018, 34(6): 1401-1409.
- [44] 于庆祥, 雷小利, 张静, 等. 小麦分子标记辅助育种研究进展[J]. 甘肃农业科技, 2015(6): 71-76.
- [45] 朱义旺, 林雅容, 陈亮. 我国水稻分子育种研究进展[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2016, 55(5): 661-671.
- [46] 李建生. 玉米分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2007(2): 10-13.

Research Progress of Sweet Potato Molecular Marker-Assisted Breeding

WU Sheng-nan, SUN Kai, ZHANG Hai, LIU Feng, WANG Feng

(Economic Plant Research Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136105, China)

Abstract: Sweet potato is an important food, feed and industrial raw material. Although traditional breeding has made some achievements in the selection of sweet potato varieties, it cannot meet the needs of the current sweet potato industry. With the development of molecular biology and genomics, the development and utilization of sweet potato molecular markers, the construction of high-density genetic maps, QTL mapping of important traits and genome-wide association analysis have all promoted the speed and efficiency of sweet potato breeding. This paper briefly introduced the application of AFLP markers, RAPD markers, SSR markers, ISSR markers and other molecular markers in sweet potato research, summarized the research progress of genetic linkage map construction, quantitative trait QTL mapping and whole genome association analysis of sweet potato at home and abroad. The development of functional markers in genetic and breeding research of sweet potato and the further research on genomics, transcriptomics and proteomics of sweet potato were prospected.

Keywords: sweet potato; molecular breeding; genetic map; QTL mapping