

沈川, 李夏, 覃剑锋, 等. 魔芋研究的现状和发展趋势分析[J]. 山西农业科学, 2025, 53(4): 149-158.

SHEN C, LI X, QIN J F, et al. Analysis of current status and development trends of konjac research[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(4): 149-158.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2025.04.17

## 魔芋研究的现状和发展趋势分析

沈川<sup>1</sup>, 李夏<sup>2</sup>, 覃剑锋<sup>3</sup>, 段龙飞<sup>3</sup>

(1. 安康学院 陕南生态经济研究中心, 陕西 安康 725000; 2. 安康学院 电子信息与工程学院, 陕西 安康 725000; 3. 安康市农业科学研究院, 陕西 安康 725000)

**摘要:** 魔芋是一种重要的药食两用植物资源, 因其富含葡甘露聚糖(Konjac glucomannan, KGM)等生物活性成分而具有重要的营养和药用价值。魔芋研究经历了不同的发展时代, 虽已取得了显著的成果, 但仍面临基因组信息不完善、KGM生物合成调控机制不明、抗病分子机制研究滞后、现代育种技术应用不足、优质种质资源匮乏等关键挑战, 严重制约了魔芋产业的高质量发展。旨在为魔芋基础研究和产业发展提供理论指导, 推动魔芋从传统农业向现代生物技术农业转型, 为实现魔芋产业的高质量可持续发展提供科学依据和技术支撑, 文章系统综述了魔芋研究的发展历程和最新进展, 包括基因组时代的分子标记开发、病害鉴定技术、功能基因挖掘、连作障碍机制、基因组测序、KGM合成通路研究等技术突破, 后基因组时代的多组学联合分析、基因家族鉴定、基因组适应性进化、病害抗性机制等创新发展, 并对基因组深度挖掘、现代育种技术融合、功能基因组学发展、生物农药研发、环境工业应用等未来发展趋势进行了预测。

**关键词:** 魔芋; 基因组; 生物信息学; 基因编辑; 多组学; 分子育种

**中图分类号:** S632.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1002-2481(2025)04-0149-10

## Analysis of Current Status and Development Trends of Konjac Research

SHEN Chuan<sup>1</sup>, LI Xia<sup>2</sup>, QIN Jianfeng<sup>3</sup>, DUAN Longfei<sup>3</sup>

(1. Shaannan Eco-Economy Research Center, Ankang University, Ankang 725000, China;

2. College of Electronic Information and Engineering, Ankang University, Ankang 725000, China;

3. Ankang Academy of Agricultural Sciences, Ankang 725000, China)

**Abstract:** *Amorphophallus konjac*, commonly known as konjac, represents a valuable dual-purpose medicinal and edible plant resource that possesses significant nutritional and pharmaceutical value due to its abundance of bioactive compounds, particularly konjac glucomannan(KGM). Konjac research has undergone distinct developmental epochs and, despite achieving remarkable progress, continues to face critical challenges including incomplete genomic information, unclear regulatory mechanisms governing KGM biosynthesis, lagging research on molecular disease resistance mechanisms, insufficient application of modern breeding technologies, and scarcity of high-quality germplasm resources, these factors severely constrain the high-quality development of the konjac industry. In order to provide theoretical guidance for fundamental konjac research and industrial development, facilitate the transformation of konjac cultivation from traditional agriculture to modern biotechnology-based agriculture, and furnish scientific foundations and technological support for achieving high-quality sustainable development of the konjac industry, in this review, the developmental trajectory and latest advances in konjac research, encompassing technological breakthroughs of the genomic era(molecular marker development, disease identification techniques, functional gene mining, continuous cropping obstacle mechanisms, genome sequencing, and KGM biosynthetic pathway studies), innovative developments of the post-genomic era(multi-omics integrated analyses, gene family identification, genomic adaptive evolution, and disease resistance mechanisms) were systematically examined, as well as future

收稿日期: 2024-08-05

基金项目: 陕西省科技厅创新人才推进计划(2024ZC-KJXX-056); 陕西省科技厅自然科学基金基础研究计划一般项目(2025JC-YBMS-213); 陕西省教育厅青年创新团队项目(23JP001); 安康市科学计划(AK2023PD-KJXX-07)

作者简介: 沈川, 副教授, 主要从事魔芋病虫害防治研究, E-mail: chuan\_shen@aku.edu.cn

developmental trend predictions(in-depth genomic exploration, integration of modern breeding technologies, functional genomics advancement, biopesticide development, and environmental-industrial applications) were predicted.

**Keywords:** *Amorphophallus konjac*; genome; bioinformatics; gene editing; multi-omics; molecular breeding

魔芋(*Amorphophallus konjac*)是一种原产于亚洲(包括中国、日本和东南亚)的天南星科多年生草本植物,因其用途广泛而长期受到重视<sup>[1]</sup>。其球茎富含膳食纤维KGM,具有很高的健康价值,包括控制体质量、降低胆固醇、控制血糖等<sup>[2]</sup>。此外,葡甘露聚糖的生物可降解性和黏度在食品技术、制药和环境领域发挥着重要的作用<sup>[3]</sup>。随着人们对健康食品需求的增长,魔芋产业的发展对提高农民收入、促进农业结构调整具有重要意义。因此,了解魔芋KGM生物合成的基因和分子基础已成为充分发挥其潜力的首要目标。

魔芋研究始于19世纪20年代,早期主要集中在栽培技术和营养价值研究。20世纪80年代,NISHINARI等<sup>[4]</sup>首次系统研究了KGM的理化性质。进入90年代,CHEN等<sup>[5]</sup>采用生化方法阐明了KGM的分子结构特征,为其工业应用奠定基础。2000年后,随着分子生物学技术的发展,GILLE等<sup>[6]</sup>通过转录组测序揭示了KGM生物合成的关键基因,ZHANG等<sup>[7]</sup>则解析了魔芋次生代谢物的组成。

以人类基因组计划的完成和高通量测序技术的出现为标志的后基因组时代极大地影响了植物研究,促进了基因功能解析、表型组学分析、分子标记辅助育种等新方法的出现<sup>[8]</sup>。DNA测序技术的进步促进了遗传信息的爆炸式增长,彻底改变了植物学研究,为从分子水平探索植物生物学提供了可能,进而推动了植物遗传多样性、进化和生物技术应用方面的研究<sup>[9]</sup>。在基因组时代之前,对魔芋的研究主要依赖于传统的研究方法,如杂交育种、表型观察和生化分析<sup>[10]</sup>,这些方法为了解魔芋的生长特性、营养价值和药用价值提供了基础<sup>[11-12]</sup>。然而,这些方法的适用范围往往很有限,不能对魔芋遗传基础和代谢过程进行深入解析。对于魔芋来说,基因组研究的出现标志着一个新的研究前沿,使科学家们能够揭开KGM合成的遗传奥秘,以及影响魔芋生长、抗病性和环境适应性的遗传因素,进而为定制满足不同需求的魔芋产品提供理论基础。

本研究总结魔芋研究的发展历程,分析当前研究中存在的问题和挑战,并对后基因组时代魔

芋研究的发展方向进行展望,旨在为魔芋产业的可持续发展提供理论指导。

## 1 前基因组时代的魔芋研究

在基因组时代到来之前,对魔芋的研究已持续了几十年,可称为魔芋研究的前基因组时代<sup>[6]</sup>。其中,日本对魔芋的研究较早,可追溯到20世纪20年代,我国发展较快的时期是20世纪80年代之后<sup>[13]</sup>。尽管当时的技术手段有限,但这些研究极大地促进了对魔芋种植、应用和功效的初步理解<sup>[14]</sup>。但是对于魔芋生长特性的遗传基础、病虫害抗性、KGM生物合成途径仍然知之甚少。

几个世纪以来,魔芋不仅是亚洲菜肴中的一部分,而且是重要的药用植物。早期研究主要集中在KGM特性及其对健康和营养的影响上,发现它在促进饱腹感、控制体质量和改善肠胃健康方面具有益处<sup>[15]</sup>。然而,这些研究主要是基于观察和经验方法,未能深入探讨其遗传和分子机制。

在亚洲,魔芋也被用于治疗哮喘、咳嗽、皮肤病、肿瘤等疾病。这些应用在草药汇编和传统医学典籍中都有记载,为魔芋的药用价值提供了实证<sup>[16]</sup>。然而,魔芋中这些具有药用效果的活性化合物和合成途径尚未被充分探索,有待利用分子生物学技术进一步研究。

魔芋的工业应用也是早期研究的重点。魔芋精粉的生产 and 提炼以及其作为食品添加剂和胶凝剂的使用都是食品科学和技术领域的研究内容。研究人员对魔芋KGM作为天然增稠剂和稳定剂的特性进行了研究,并为开发低热量膳食食品做出了贡献<sup>[17]</sup>。这些研究凸显了魔芋的工业应用潜力,推动了对魔芋的进一步研究。

此外,还有大量的研究集中在魔芋引种、栽培、种芋繁育、贮藏保种、病虫害防治技术等。重点研究了种芋规格、播期、种植密度、栽植方式、施肥、病虫害防治、收获时期等对魔芋产量的影响<sup>[18-19]</sup>。同时也探索了不同作物与魔芋间作套种的栽培模式,包括芋粮间套、林果魔芋间套等<sup>[20]</sup>。还研究了魔芋块茎组织培养快速繁殖体系的建立<sup>[21]</sup>。

## 2 基因组时代的魔芋研究

魔芋研究转向基因组学研究标志着其将从一门以经验为主的科学推进到现代分子生物学和遗传学领域。DNA测序技术和生物信息学的革命性进步促进了这一转变,并为深入研究魔芋特性的遗传基础提供了必要的工具。在魔芋基因组测序工作完成之前,主要的研究工作集中在分子标记开发、转录组测序、病原菌鉴定等。这一时期对魔芋的遗传多样性和种质特征的研究有很大贡献。

### 2.1 分子标记的开发及应用

分子标记开发有助于加速优良品种的选育和遗传改良,提高产量和抗逆性,促进作物种质资源的鉴定和保护。ZHENG等<sup>[22]</sup>利用高通量测序技术对花魔芋和珠芽魔芋进行简单重复序列SSR分子标记的开发,结果在魔芋中鉴定出了10 754个SSR标记,并在25个个体中成功验证了177个多态性标记。GHOLAVE等<sup>[23]</sup>采用质体DNA标记测序和DNA指纹图谱分析方法(RAPD和ISSR)对印度魔芋属16个种的分子系统进化进行了比较研究,揭示了印度魔芋属16个种存在显著的核型多样性。YIN等<sup>[24]</sup>利用限制性位点相关DNA测序(RAD-seq)技术开发了基因组SSR分子标记,对216份野生和栽培白魔芋种质资源的遗传多样性和群体结构进行了分析,结果表明,白魔芋遗传多样性水平中等,低于魔芋属其他物种。ZHAO等<sup>[25]</sup>利用6种DNA条形码对花魔芋、白魔芋和弥勒魔芋进行了鉴定,发现trnH-psbA可以对这3种魔芋进行有效的区分。YIN等<sup>[26]</sup>利用RAD-seq技术针对西盟魔芋开发了41个单核苷酸多态性标记(SNP),为后续群体遗传结构解析和种质资源鉴定提供了高分辨率分子工具。GAO等<sup>[27]</sup>采集了13个不同地方的白魔芋栽培群体,对87个个体进行了限制性位点相关DNA测序,得到了24 225个SNP,并对其群体结构和遗传分化进行了分析,结果发现,白魔芋群体存在显著的遗传分化,群体结构受地理隔离驱动。魔芋分子标记的开发不仅极大地推动了魔芋品种的选育、遗传改良及资源保护,而且在魔芋种质资源鉴定、遗传多样性分析及系统进化研究中广泛应用。

### 2.2 病害鉴定及检测技术研究

在魔芋病害研究领域,不仅成功鉴定了多种新病原并明确了其侵染途径,而且在病害检测技

术上取得了显著进展,为实现魔芋病害的早期快速诊断与防控奠定了坚实基础。比如,首次发现暹罗刺盘孢菌(*Colletotrichum siamense*)、胶孢炭疽病菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)和茶树炭疽病菌(*Colletotrichum camelliae*)可以引起魔芋炭疽病,胶孢炭疽病菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)可以引起弥勒魔芋叶斑病,三线镰刀菌(*Fusarium tricinctum*)可以引起花魔芋叶斑病,南方镰刀菌(*Fusarium meridionale*)和化腐镰刀菌(*Fusarium incarnatum*)可以引起魔芋干腐病,果胶杆菌(*Pectobacterium aroidearum*)可以引起魔芋软腐病,*Athelia rolfsii*可以引起弥勒魔芋白绢病<sup>[28-35]</sup>,病芋花叶病毒(Dasheen mosaic virus, DsMV)能够引发疣柄魔芋花叶症状<sup>[36]</sup>。此外,刘欢等<sup>[37]</sup>系统地综述了几种常见的魔芋病毒的发生与分布、病原生物学特性以及检测技术的发展,为魔芋病毒病的综合防控提供了思路。

在病害检测手段方面,PRAVI等<sup>[38]</sup>开发了一个巢式PCR体系来快速检测疣柄魔芋白绢病的病原*Sclerotium rolfsii*。PRAVI等<sup>[39]</sup>还基于核酸斑点杂交技术对疣柄魔芋的白绢病菌种进行了特异性检测。此外,PRASTIWI等<sup>[40]</sup>研究发现,利用可见近红外光谱可以对病害侵染的弥勒魔芋幼苗进行快速检测。

### 2.3 功能基因挖掘

BAN等<sup>[41]</sup>利用农杆菌介导的转基因技术将酰基高丝氨酸内酯酶(AiiA)转入魔芋愈伤组织中,转基因阳性植株展现出了对软腐病菌较高的抗性反应。雷珍珍等<sup>[42]</sup>和魏环宇等<sup>[43]</sup>分别从抗软腐病花魔芋植株中克隆了6个和4个NBS-LRR类抗病基因同源序列(RGA),并对其序列结构进行了分析,为魔芋中抗病基因的克隆和功能分析提供了帮助。GAO等<sup>[44]</sup>利用转录组测序对花魔芋的叶芽和花芽进行了分析,并鉴定了2个可能调控魔芋开花的开花位点T基因*AkFT1*和*AkFT2*,并在转基因拟南芥中进行了验证。YUE等<sup>[45]</sup>证明了在拟南芥中表达白魔芋的*AaHsfA1*基因,会提高拟南芥对高温胁迫的耐受性,而且*AaHsfA1*能够与响应高温蛋白*AaHSFA2a*和*AaHSP70*互作。王天喜等<sup>[46]</sup>对珠芽魔芋的脱落酸ABA合成过程中的限速酶基因*NCED5*进行了克隆,并发现*NCED5*在休眠期表达量最高,萌芽期表达量最低。综上所述,魔芋的遗传改良与功能基因研究取得了显著进展,

不仅通过转基因技术提高了魔芋的抗病性和抗逆性,还成功克隆并鉴定了多个关键功能基因,为魔芋的遗传育种和分子机制解析提供了重要依据。

#### 2.4 连作障碍研究

连作会导致土壤有害微生物的累积,因此,通常会选择套作、间作或轮作方式进行耕种,这点在魔芋这种需要遮阴的作物身上表现的更为突出。WU等<sup>[47]</sup>利用聚合酶链式反应温度梯度凝胶电泳(PCR-dgGE)分析发现,多年连续培养的魔芋样品中含有致病性和拮抗微生物。HE等<sup>[48]</sup>通过对软腐病感染的魔芋根际土壤进行分析发现,土壤有效P、K、NH<sub>4</sub>-N、有机质和水分含量较高,pH值较低。此外,软腐病会诱导一些微生物的增加,比如腐皮镰刀菌、尖孢镰刀菌、金色假单胞菌亚种和帕氏狭叶单胞菌。ZHANG等<sup>[49]</sup>对玉米/魔芋间作以及魔芋单作的叶片进行研究,发现间作叶片的氧自由基积累显著降低,叶绿素含量显著增加,以及间作叶片的谷胱甘肽含量和抗坏血酸过氧化物酶活性显著高于单作叶片。何斐等<sup>[50]</sup>对不同连作年限的魔芋软腐病株与健康株的根际丛枝菌根真菌进行了分析,发现病株根际土壤中该真菌的孢子密度、感染率、种数和多样性均降低。SIPRIYADI等<sup>[51]</sup>利用16S宏基因组测序对真菌感染的巨花魔芋的根际土壤微生物进行了分析,结果显示,厚壁菌门普遍存在于根际,并且从感病的块茎和根际土壤中分离出多种有害真菌。YANG等<sup>[52]</sup>对软腐病感染的弥勒魔芋和花魔芋的根际微生物进行测序分析,发现感染后根际有益细菌和真菌的相对丰度下降。此外,何斐等<sup>[53]</sup>还研究了间作刺槐对魔芋根际细菌群落结构的影响,发现间作可以增加魔芋根际细菌多样性和有益细菌丰度,从而降低软腐病的发病率。因此,采用套作、间作、轮作等耕种方式,并结合魔芋根际微生物群落结构的深入研究,可以有效改善土壤微生物环境,提高魔芋的抗病性和生长性能,为魔芋的可持续种植提供科学依据。

#### 2.5 基因组测序

在魔芋基因组测序前,LIU等<sup>[54]</sup>利用高通量测序技术完成了对珠芽魔芋、白魔芋、花魔芋和弥勒魔芋这4种魔芋全叶绿体基因组的测序,发现这些叶绿体基因组包含111个或113个基因。此外,系统进化分析表明,白魔芋和花魔芋聚在一起,珠芽魔芋和弥勒魔芋聚在一起。HU等<sup>[55]</sup>也对魔芋叶绿体基因组进行了测序,同样得到了131个基因,

进化分析发现,其与半夏和芋头具有较近的亲缘关系。GAO等<sup>[56]</sup>对桂平魔芋进行了叶绿体基因组测序,注释了133个基因,进化分析发现,与魔芋族和芋族亲缘关系较近。

魔芋基因组具有复杂度高、体积大和重复序列多等特性,导致测序和组装难度较大。但是,随着花魔芋基因组在染色体水平的测序完成,正式拉开了魔芋基因组时代的发展序幕。测序结果表明,花魔芋总基因组大小约为5.60 Gb,全面揭示了魔芋的基因组结构。这一突破促进了后续分析,包括基因注释、功能基因组元件的鉴定,KGM合成和代谢途径的鉴定。比较基因组分析表明,魔芋经历了2次快速连续的全基因组重复(WGD)事件<sup>[57]</sup>。不过参与KGM合成和其他关键性状的基因的功能特征需要不断的试验验证。

此外,还完成了白魔芋线粒体的基因组测序,共鉴定并注释了36个蛋白质编码基因,20个线粒体质粒DNA,21个tRNA基因和3个rRNA基因,并预测了676个C变为U的RNA编辑位点。随后开发了2个分子标记Ai156和Ai976,并对5个主栽的魔芋品种进行了鉴别试验,鉴别成功率为100%<sup>[58]</sup>。因此,魔芋叶绿体和基因组测序的完成不仅揭示了魔芋的遗传多样性和进化关系,还推动了魔芋功能基因组学的研究,为魔芋种质资源的改良和利用提供了宝贵的遗传信息和分子工具。

#### 2.6 KGM合成通路研究

深入研究魔芋KGM合成通路,不仅揭示了魔芋KGM生物合成的复杂机制,还为魔芋的遗传改良、高效栽培和新型功能产品的开发提供了重要的理论依据和实践指导。GILLE等<sup>[6]</sup>利用454 cDNA深度测序对魔芋中参与KGM生物合成的相关通路进行了鉴定,提出了从蔗糖到GDP-甘露糖和GDP-葡萄糖的KGM生物合成途径,以及ADP-葡萄糖淀粉生物合成途径。DIAO等<sup>[59]</sup>利用转录组测序对花魔芋和珠芽魔芋进行了测序,揭示了光合作用产生的蔗糖可以分解成淀粉和KGM(图1)。张万巧<sup>[60]</sup>和SHI等<sup>[61]</sup>分析了弥勒魔芋球茎膨大过程中淀粉合成相关基因ADP-葡萄糖焦磷酸化酶(AGP)基因的表达,结果表明,随着球茎的膨大,AGP的表达与实际KGM含量呈负相关,并且能够对温度和植物激素变化产生响应。GAO等<sup>[57]</sup>在完成了花魔芋的基因组测序的同时,对其KGM合成通路进行了分析,并鉴定到了97个

潜在的基因,提出魔芋主要在中期合成KGM,但在球茎发育的后期转向淀粉的生物合成。

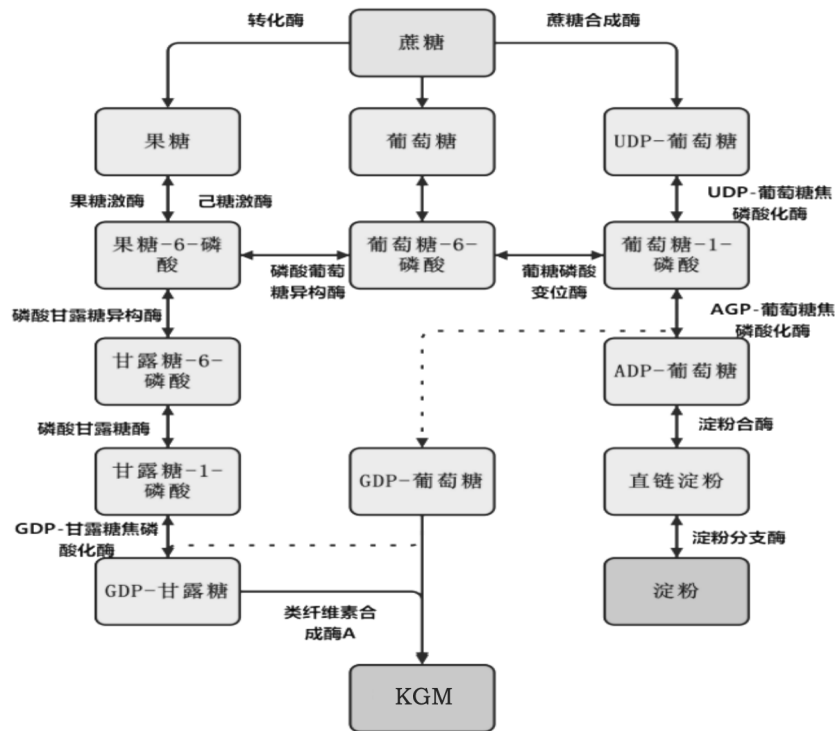


图1 魔芋KGM合成通路

Fig.1 Biosynthetic pathway of KGM in *A. konjac*

## 2.7 KGM提取技术

KGM的提取技术正在向简单、低成本、纯度高、杂质少等方向发展,传统以乙醇为主,现在发现了多种替代方法。NURLELA等<sup>[62]</sup>利用多级乙醇提取法在弥勒魔芋中分离出具有高纯度和极少量杂质的KGM,而且无需加热、重复提取和纯化。AZHAR等<sup>[63]</sup>利用微波辅助萃取技术对弥勒魔芋中的KGM进行分离和纯化,发现最佳的KGM提取条件是10 min和80%乙醇浓度,能够得到96%以上的KGM。同样,李思佳等<sup>[64]</sup>利用超声辅助酸性乙醇沉淀法制备高纯度白魔芋KGM,纯度高达97.08%,并且理化功能特性较好。AFIFAH等<sup>[65]</sup>分别采用天然深共晶溶剂(NADES)和乙醇这2种方法从弥勒魔芋中提取了KGM,发现氢键受体和氢键供体以不同的摩尔比形成的NADES浓度越高,KGM含量越高,粘度越高,完全可以替代乙醇分离方法。

## 3 后基因组时代魔芋的研究

### 3.1 多组学联合分析

多组学联合分析是指整合来自多个组学平台的数据,常见的有基因组、转录组、蛋白组、代谢组、

脂质组等,从而对不同层面的表达水平进行分析,筛选出潜在调控目标性状的代谢通路或者基因、代谢产物等。QI等<sup>[66]</sup>利用了代谢组学和RNA-seq比较了弥勒魔芋生长周期中母球茎和子球茎的碳水化合物组成和相关基因的表达,发现弥勒魔芋体内存在着2种不同的碳水化合物利用途径;鉴定了37个差异代谢产物和8 074个差异表达的基因,主要涉及淀粉和蔗糖代谢;其中,差异代谢产物倾向于在母球茎中积累,而KGM在子球茎中积累量较高。LI等<sup>[67]</sup>利用转录组和代谢组的联合分析对珠芽魔芋花芽形成的可能机制进行了探索,发现花芽发育受氨基酸、淀粉、ABA、ZT、iPA、IAA等的调控。

### 3.2 基因家族和KGM生物合成途径研究

基因家族分析有助于预测未知基因的功能并揭示基因的进化历程,还可以为植物育种和改良提供重要的分子标记和候选基因。李丽芳等<sup>[68]</sup>对编码花魔芋热激蛋白的*Hsp70*基因家族进行了鉴定,发现了4类共30个成员,其中,18个*Hsp70*在软腐病叶中高表达。通过对魔芋基因组的分析,发现了参与KGM生物合成和调控的关键基因家

族。这些基因包括纤维素合酶,蔗糖转化酶、蔗糖合成酶基因等,它们在葡萄糖和果糖聚合成KGM的过程中发挥着关键作用。朱思奕等<sup>[69]</sup>和李效贤等<sup>[70]</sup>对魔芋海藻糖-6-磷酸合成酶(TPS)和糖外排转运蛋白基因家族进行了鉴定,筛选出了与魔芋球茎生长发育及KGM积累密切相关的基因 *AkTPS14* 和 *AkSWEET9/13*。

### 3.3 基因组适应性和进化分析

魔芋基因组经历了多次全基因组复制事件,从而提高了其遗传复杂性和多样性。这些复制事件与应激反应、代谢过程和防御机制相关基因家族的扩大有关,很可能促进了魔芋对不同环境条件的适应性<sup>[54]</sup>。POUCHON等<sup>[71]</sup>首次揭示了魔芋属的进化历史,表明约2300万a前渐新世/中新世过渡期的气候转型以及同期迁徙鸟类从澳大利亚向亚洲的长距离扩散,可能共同驱动了魔芋在古热带地区(如东南亚)的物种多样性和分布格局。GAO等<sup>[72]</sup>利用RAD-seq对19个滇魔芋种群遗传变异的地理模式进行了分析,发现其遗传分化主要受地理隔离和局域适应性分化选择共同驱动,并通过基因型-环境关联分析鉴定出了89个可能的环境适应位点。

### 3.4 病害防治与抗性机制研究

沈川等<sup>[73]</sup>对中抗软腐病魔芋品种换头期前、后的内源激素进行测定,结果发现,感染初期激活了激素通路相关基因的表达,导致激素含量增加,但随后含量下降,推测是由于随着软腐病程度的加重,部分抗性基因表达被关闭。GAO等<sup>[74]</sup>对茄病镰刀菌(*Fusarium solani*)侵染弥勒魔芋的叶芽和花芽进行了转录组和代谢组测序,联合分析表明,多个抗病通路可能涉及抵御病菌的侵染,同时还发现阿魏酸能够抑制茄病镰刀菌的生长。GAO等<sup>[75]</sup>利用转录组学和代谢组学联合分析发现,软腐病感染后的魔芋中显著富集的通路包括植物激素、苯丙烷类生物合成、生物碱代谢等通路,进一步研究发现 *PAL*、*CYP73A16*、*CCOAOMT1*、*RBOHD* 和 *CDPK20* 基因参与了魔芋对软腐病的抗性反应。

通过内源激素测定、转录组和代谢组联合分析,揭示了魔芋对软腐病的抗性机制,并鉴定了关键抗性基因,为生物防治和抗病育种提供了理论依据。同时,生防菌组合的应用也为魔芋病害防控提供了新的有效方法。比如,ZHU等<sup>[76]</sup>应用贝莱斯芽胞杆菌BCP6与井冈霉素(JGM)的生防菌

组合防治魔芋软腐病,以6:4的体积比混合后,防治效率高达95.81%。

## 4 魔芋研究的趋势分析

后基因组时代释放出大量信息,为魔芋研究提供了新的视角并推动了创新。对健康与营养、可持续性、抗病性和技术创新的关注表明,魔芋具有多方面的潜力。随着研究的不断深入,遗传学、生物技术、营养学和材料科学的跨学科融合很可能将魔芋研究推向新的高度。

### 4.1 基因组的深入探索

由于已完成的花魔芋的全基因组测序只是染色体级别,因此,进一步开发没有缺口的基因组还需要端粒-端粒(T2T)测序。此外,如果要对不同魔芋的基因组进化进行分析,还需要对主栽的几种魔芋进行基因组测序,比如白魔芋、珠芽魔芋、弥勒魔芋等。李丽芳等<sup>[77]</sup>利用流式细胞术测定了3种珠芽魔芋的基因组大小,发现大小在8.5~9Gb之间,且不同珠芽魔芋之间并无显著性差异,可为珠芽魔芋的基因组测序提供理论依据。

除了探索基因组的进化以及与天南星科其他作物进行共线性分析外,还可以联合多组学对功能基因挖掘及调控机制进行揭示,比如控制魔芋花形态建成、抗病抗逆、KGM合成、代谢途径等方面的功能基因挖掘。

### 4.2 融入现代育种技术

随着作物育种技术进入以“生物技术+人工智能+大数据”为特征的4.0时代,而魔芋还处在从表型选择的育种2.0时代向分子育种的3.0时代的过渡阶段。因此,需要利用分子育种技术加速魔芋种质资源开发和新品种培育,使其更快地进入3.0时代。在种质资源的快速鉴定及分类方面,有必要建立魔芋品种的DNA指纹图谱<sup>[78]</sup>,这种方法可以克服仅依赖形态特征鉴定品种的局限性,对于精准鉴定种质资源、分析遗传多样性、研究亲缘关系、划分杂种优势群以及关联农艺性状等遗传育种工作具有重要意义<sup>[79]</sup>。

先进育种技术与生物技术的结合为魔芋品种的开发带来了革命性的变化。比如可以利用转基因、基因编辑、全基因组选择、智能设计育种技术等作物育种先进技术来促进魔芋现代育种体系的建立<sup>[80]</sup>。由于魔芋的生长对环境要求比较苛刻,不耐高温、高湿,喜半阴环境,对海拔也有要求。此

外,全生育期病害较多,种芋极易带毒,然后大面积传播病原菌。因此,现代育种技术可以用于增强魔芋特定抗逆性状,创造出适合特定环境条件的优良品种。魔芋育种还可以借助分子标记辅助选择(MAS)技术和全基因组关联分析(GWAS),通过分子标记筛选携带目标基因的个体,加速育种进程。此外,还可以通过开发数量性状基因座(QTL),定位魔芋控制产量、品质、抗病性等数量性状的基因区域。

#### 4.3 功能基因组学研究

通过功能基因组学和生物信息学的方法,研究魔芋中KGM合成和降解相关基因的功能,揭示KGM在魔芋生理生化过程中的作用。同时利用生物技术工程提高KGM的含量,优化其结构特性,并扩大魔芋产品的应用范围。

对与生物和非生物胁迫耐受性相关的关键基因进行鉴定和功能验证,有助于改善魔芋的生长和发育。CRISPR/Cas9基因编辑技术作为目前作物改良的一个重要工具,可以在魔芋上进行基因的敲入和敲除,从而增强魔芋在生物和非生物胁迫下的生长和产量,尤其是已经通过基因组和转录组鉴定的多个魔芋的潜在功能基因,因此,解析它们的功能显得至关重要。此外,还可以利用蛋白质组学、质谱分析等手段研究魔芋中的蛋白质组成和功能,鉴定与KGM代谢相关的关键酶和调控蛋白。也可以利用代谢组学分析魔芋中次生代谢产物的种类和含量,研究其代谢途径,了解KGM合成的生化过程及其调控机制。

#### 4.4 生物农药研发

魔芋特有的成分和特性为生物农药的开发提供了潜在的应用前景。KGM是一种天然的高分子多糖,具有较强的黏性和成膜性,可以作为生物农药的载体或增效剂。而且魔芋中含有多种生物活性物质,如生物碱、黄酮类化合物等,这些物质具有杀虫、抗菌、抗病毒等多种生物活性。

#### 4.5 环境和工业应用

魔芋在环境和工业应用方面的潜力也已成为一个重要的研究领域。将魔芋KGM用于水净化、生物可降解塑料和可再生材料方面的创新突出了魔芋对可持续技术的贡献。魔芋衍生物的生物相容性和无毒性使其成为包装、材料科学甚至医疗设备中极具吸引力的替代品,进一步拓宽了魔芋研究的范围,使其进入新的跨学科领域。

## 5 展望

在后基因组时代,魔芋的研究取得了显著进展,揭示了其复杂化合物的合成机制、遗传特征和潜在的健康益处。其中,多组学联合分析使我们能够全面了解魔芋的复杂生物过程,揭示了基因表达、蛋白质功能和代谢网络之间的关系。基因家族和KGM生物合成途径的研究为提高KGM产量和质量提供了新的思路。基因组适应性和进化分析帮助我们理解魔芋在不同环境中的适应机制,为魔芋的种植提供了理论支持。病害抗性机制的研究为开发抗病虫害的魔芋品种奠定了基础。通过这些研究,我们对魔芋的生物学特性有了更深入的理解,为其药用和营养价值的开发提供了坚实的科学基础。

未来,针对魔芋研究,科学家们将通过基因编辑技术如CRISPR/Cas9精确地改造魔芋基因,提高其抗病性和适应性。现代育种技术的应用将加速优良品种的培育,满足市场需求。功能基因组学的发展将进一步揭示魔芋的生物学机制,推动其在医药、食品和农业等领域的应用。总之,在后基因组时代,魔芋研究需要不断的技术创新和多学科协作,才能在未来发挥更大的作用。

#### 参考文献:

- [1] 牛义,张盛林,王志敏,等.中国魔芋资源的研究与利用[J].西南农业大学学报(自然科学版),2005,27(5):634-638.  
NIU Y,ZHANG S L,WANG Z M,et al. Research and utilization of konjac (*Amorphophallus*) resources in China[J]. Journal of Southwest Agricultural University(Natural Science Edition), 2005,27(5):634-638.
- [2] 谭熙蕾,徐燕,周才琼.魔芋葡甘露聚糖的功能特性及应用研究进展[J].食品研究与开发,2021,42(20):214-219.  
TAN X L,XU Y,ZHOU C Q. Research progress on the functional properties and application of konjac glucomannan[J]. Food Research and Development,2021,42(20):214-219.
- [3] SUN Y L,XU X W,WU Z Z,et al. Structure, merits, gel formation, gel preparation and functions of konjac glucomannan and its application in aquatic food preservation[J]. Foods,2023,12(6):1215.
- [4] NISHINARI K,WILLIAMS P A,PHILLIPS G O. Review of the physico-chemical characteristics and properties of konjac mannan[J]. Food Hydrocolloids,1992,6(2):199-222.
- [5] CHEN H L,SHEU W H,TAI T S,et al. Konjac supplement alleviated hypercholesterolemia and hyperglycemia in type 2 diabetic subjects: a randomized double-blind trial[J]. Journal of the American College of Nutrition,2003,22(1):36-42.
- [6] GILLE S,CHENG K,SKINNER M E,et al. Deep sequencing of voodoo lily (*Amorphophallus konjac*): an approach to iden-

- tify relevant genes involved in the synthesis of the hemicellulose glucomannan[J]. *Planta*, 2011, 234(3): 515-526.
- [7] ZHANG Y Q, XIE B J, GAN X. Advance in the applications of konjac glucomannan and its derivatives[J]. *Carbohydrate Polymers*, 2005, 60(1): 27-31.
- [8] AJEESH KRISHNA T P, MAHARAJAN T, CEASAR S A. Improvement of millets in the post-genomic era[J]. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2022, 28(3): 669-685.
- [9] SUN Y Q, SHANG L G, ZHU Q H, et al. Twenty years of plant genome sequencing: achievements and challenges[J]. *Trends in Plant Science*, 2022, 27(4): 391-401.
- [10] 王昊, 李昆志. 魔芋属植物分子生物学研究现状与展望[J]. *分子植物育种*, 2022, 20(5): 1530-1536.
- WANG H, LI K Z. Research status and prospect in molecular biology of *Amorphophallus*[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2022, 20(5): 1530-1536.
- [11] SHEN C, LI X. Research hotspots and development trends of konjac based on bibliometric analysis[J]. *HortScience*, 2022, 57(11): 1363-1376.
- [12] ISLAM F, LABIB R K, ZEHRABI M, et al. Genus *Amorphophallus*: a comprehensive overview on phytochemistry, ethnomedicinal uses, and pharmacological activities[J]. *Plants*, 2023, 12(23): 3945.
- [13] 周静舫, 谢笔钧. 基于文献计量学的国内外魔芋研究进展分析[J]. *食品科学技术学报*, 2020, 38(5): 91-99.
- ZHOU J F, XIE B J. Research progress of konjac study in China and abroad based on bibliometrics[J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2020, 38(5): 91-99.
- [14] 张盛林, 胡玲玉. 我国魔芋产业的发展现状及问题与建议[J]. *中国农村科技*, 2023(3): 47-50.
- ZHANG S L, HU L Y. Present situation, problems and suggestions of konjac industry in China[J]. *China Rural Science & Technology*, 2023(3): 47-50.
- [15] CHUA M, BALDWIN T C, HOCKING T J, et al. Traditional uses and potential health benefits of *Amorphophallus konjac* K. Koch ex N.E.Br[J]. *Journal of Ethnopharmacology*, 2010, 128(2): 268-278.
- [16] BEHERA S S, RAY R C. Konjac glucomannan, a promising polysaccharide of *Amorphophallus konjac* K. Koch in health care[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2016, 92: 942-956.
- [17] 谭小丹, 陈涵, 吴先辉, 等. 我国魔芋粉加工及利用现状研究[J]. *农产品加工*, 2015(16): 49-51.
- TAN X D, CHEN H, WU X H, et al. Konjac powder processing and utilization research in China[J]. *Farm Products Processing*, 2015(16): 49-51.
- [18] 白立伟, 牛义, 刘海利, 等. 魔芋种质资源及育种研究进展[J]. *南方农业*, 2016, 10(4): 48-52.
- BAI L W, NIU Y, LIU H L, et al. Research progress of konjac germplasm resources and breeding[J]. *South China Agriculture*, 2016, 10(4): 48-52.
- [19] 刁英, 滕彩珠, 吴金平, 等. 魔芋的研究进展[J]. *安徽农学通报*, 2006, 12(6): 137-139.
- DIAO Y, TENG C Z, WU J P, et al. Research progress of *Amorphophallus konjac*[J]. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2006, 12(6): 137-139.
- [20] 金鑫, 何翠, 曾旭. 国内魔芋栽培模式研究进展[J]. *农学学报*, 2022, 12(1): 65-69.
- JIN X, HE C, ZENG X. Advances on cultivation modes of *Amorphophallus konjac* in China[J]. *Journal of Agriculture*, 2022, 12(1): 65-69.
- [21] 徐刚, 王彩莲, 慎玫, 等. 魔芋块茎组织培养快速繁殖技术的研究[J]. *种子*, 1993, 12(5): 21-23.
- XU G, WANG C L, SHEN M, et al. A study on the tuber tissue culture and rapid reproduction on *Amorphophallus konjac* [J]. *Seed*, 1993, 12(5): 21-23.
- [22] ZHENG X F, PAN C, DIAO Y, et al. Development of micro-satellite markers by transcriptome sequencing in two species of *Amorphophallus*(Araceae)[J]. *BMC Genomics*, 2013, 14: 490.
- [23] GHOLAVE A R, PAWAR K D, YADAV S R, et al. Reconstruction of molecular phylogeny of closely related *Amorphophallus* species of India using plastid DNA marker and fingerprinting approaches[J]. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2017, 23(1): 155-167.
- [24] YIN S, YAN Y H, YOU L G, et al. Newly developed genomic SSRs reveal genetic diversity in wild and cultivated *Amorphophallus albus* germplasms[J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2019, 37(4): 365-375.
- [25] ZHAO C F, SHE X, LIU E X, et al. Screening of the candidate DNA barcodes for three important *Amorphophallus* species identification[J]. *Agronomy*, 2020, 10(9): 1366.
- [26] YIN S, DING X M, YAN Y H, et al. Development of SNP markers for conservation genetic monitoring of *Amorphophallus krausei* based on RAD sequencing[J]. *Conservation Genetics Resources*, 2020, 12(3): 423-426.
- [27] GAO Y, YIN S, CHU H L, et al. Genome-wide SNPs provide insights on the cryptic genetic structure and signatures of climate adaption in *Amorphophallus albus* germplasms[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 683422.
- [28] WU J P, ZHOU J, JIAO Z B, et al. *Amorphophallus konjac* anthracnose caused by *Colletotrichum siamense* in China[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2020, 128(1): 225-231.
- [29] CHENG L. Konjac anthracnose is caused by *Colletotrichum gloeosporioides* in Yunnan province of China[J]. *Plant Disease*, 2021, 105(12): 4165.
- [30] SUN L, WU S, LU Y Z, et al. First report of anthracnose caused by *Colletotrichum camelliae* on *Amorphophallus konjac* in Hunan province of China[J]. *Plant Disease*, 2023, 107(8): 2521.
- [31] YANG M, WEI H Y, HUANG F Y, et al. First report of leaf spot on *Amorphophallus muelleri* caused by *Colletotrichum gloeosporioides* in Yunnan, China[J]. *Journal of Plant Pathology*, 2020, 102(2): 583-584.
- [32] ZHANG T L, FAN Q J, DENG G L, et al. First report of *Fusarium tricinctum* causing leaf blight on *Amorphophallus konjac* in Hunan Province of China[J]. *Plant Disease*, 2024, 108(1): 228.
- [33] DING Z L, WU J P, YANG C Z, et al. First report of *Fusarium meridionale* and *Fusarium incarnatum* causing dry rot of konjac in China[J]. *Plant Disease*, 2018, 102(1): 247.
- [34] WEI H Y, YANG M, PEI W H, et al. First report of *Pectobacterium aroidearum* causing soft rot of *Amorphophallus konjac* in China[J]. *Plant Disease*, 2020, 104(3): 969.
- [35] GAO P H, WU Z X, WEI J X, et al. First report of *Athelia*

- rolfsii* causing southern blight on *Amorphophallus muelleri* in China[J]. Plant Disease, 2023, 107(10):3284.
- [36] BABU B, HEGDE V, MAKESHKUMAR T, et al. Molecular detection and identification of *Dasheen mosaic virus* infecting *Amorphophallus paeoniifolius*[J]. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 2011, 44(13):1248-1260.
- [37] 刘欢, 何斐, 李川. 魔芋病毒病研究进展[J]. 山西农业科学, 2023, 51(2):217-224.  
LIU H, HE F, LI C. Research advances on konjac virus disease[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2023, 51(2):217-224.
- [38] PRAVI V, JEEVA M L, ARCHANA P V. Rapid and sensitive detection of *Sclerotium rolfsii* associated with collar rot disease of *Amorphophallus paeoniifolius* by species-specific polymerase chain reaction assay[J]. Molecular Biotechnology, 2014, 56(9):787-794.
- [39] PRAVI V, JEEVA M L, ARCHANA P V. Nucleic acid spot hybridization based species-specific detection of *Sclerotium rolfsii* associated with collar rot disease of *Amorphophallus paeoniifolius*[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2015, 31(2):315-320.
- [40] PRASTIWI F D, ZAHRA A M, RAHAYOE S, et al. The rapid detection of the infected seedlings of *Amorphophallus muelleri* using Visible Near-Infrared spectroscopy[J]. Food Research, 2023, 7(4):289-296.
- [41] BAN H F, CHAI X L, LIN Y J, et al. Transgenic *Amorphophallus konjac* expressing synthesized acyl-homoserine lactonase (*aiiA*) gene exhibit enhanced resistance to soft rot disease[J]. Plant Cell Reports, 2009, 28(12):1847-1855.
- [42] 雷珍珠, 陈磊, 张瑶, 等. 花魔芋 NBS-LRR 类抗病基因同源序列的克隆和初步分析[J]. 分子植物育种, 2019, 17(8):2486-2491.  
LEI Z Z, CHEN L, ZHANG Y, et al. Cloning and preliminary analysis of the homologous sequences of NBS-LRR type resistance gene analogs in *Amorphophallus konjac*[J]. Molecular Plant Breeding, 2019, 17(8):2486-2491.
- [43] 魏环宇, 魏薇, 杨敏, 等. 花魔芋 NBS-LRR 类抗病基因同源序列的分离及分析[J]. 分子植物育种, 2019, 17(23):7721-7726.  
WEI H Y, WEI W, YANG M, et al. Isolation and analysis of the NBS-LRR resistance gene analogs of *Amorphophallus konjac*[J]. Molecular Plant Breeding, 2019, 17(23):7721-7726.
- [44] GAO H, ZHAO Y, HUANG L H, et al. Comparative analysis of buds transcriptome and identification of two flower gene *AkFTs* in *Amorphophallus konjac*[J]. Scientific Reports, 2022, 12:6782.
- [45] YUE Z Y, WANG Y H, ZHANG N, et al. Expression of the *Amorphophallus albus* heat stress transcription factor AaHsfA1 enhances tolerance to environmental stresses in *Arabidopsis*[J]. Industrial Crops and Products, 2021, 174:114231.
- [46] 王天喜, 张利娜, 谢雨琪, 等. 珠芽魔芋 *AbNCED5* 基因克隆及表达分析[J/OL]. 分子植物育种, 2024: 1-14[2025-06-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240508.0850.004.html>.  
WANG T X, ZHANG L N, XIE Y Q, et al. Cloning and expression analysis of *AbNCED* gene in *Amorphophallus bulbifer*[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2024: 1-14[2025-06-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240508.0850.004.html>.
- [47] WU J P, JIAO Z B, GUO, et al. Effects of cultivation duration and mode on the microbial diversity of the *Amorphophallus konjac* rhizosphere[J]. African Journal of Agricultural Research, 2017, 12(23):1970-1979.
- [48] HE F, ZHANG Z L, CUI M, et al. Soft rot disease alters soil characteristics and root-associated, culturable microbial community of *Amorphophallus konjac*[J]. Journal of General Plant Pathology, 2018, 84(1):44-57.
- [49] ZHANG J Y, SHUANG S P, ZHANG L, et al. Photosynthetic and photoprotective responses to steady-state and fluctuating light in the shade-demanding crop *Amorphophallus xiei* grown in intercropping and monoculture systems[J]. Frontiers in Plant Science, 2021, 12:663473.
- [50] 何斐, 田孝威, 雷雨俊, 等. 连作花魔芋软腐病株与健株根域丛枝菌根真菌群落多样性[J]. 微生物学报, 2022, 62(8):3092-3108.  
HE F, TIAN X W, LEI Y J, et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the root zone of *Amorphophallus konjac* with and without soft rot under continuous cropping[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(8):3092-3108.
- [51] SIPRIYADI S, KHAIRINA Y, MASRUKHIN M, et al. Bacterial community structure in the rhizosphere of fungi-infected *Amorphophallus titanum*[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2023, 69(11):439-448.
- [52] YANG M, QI Y, LIU J N, et al. Different response mechanisms of rhizosphere microbial communities in two species of *Amorphophallus* to *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* infection[J]. Plant Pathology Journal, 2023, 39(2):207-219.
- [53] 何斐, 刘欢, 李川, 等. 间作刺槐对魔芋根际细菌群落结构及软腐病发生的影响[J]. 核农学报, 2024, 38(4):755-766.  
HE F, LIU H, LI C, et al. Effects of intercropping with *Robinia pseudoacacia* on rhizosphere bacterial community structure and soft rot disease development in *Amorphophallus konjac*[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2024, 38(4):755-766.
- [54] LIU E X, YANG C Z, LIU J D, et al. Comparative analysis of complete chloroplast genome sequences of four major *Amorphophallus* species[J]. Scientific Reports, 2019, 9:809.
- [55] HU H, LIU J G, WANG B L, et al. Characterization of the complete chloroplast genome of *Amorphophallus konjac* (Araceae) and its phylogenetic analysis[J]. Mitochondrial DNA Part B, 2019, 4(1):1658-1659.
- [56] GAO Y, DONG K, XIAO P H, et al. Complete assembly of the chloroplast genome of *Amorphophallus coetaneus* S. Y. Liu & S. J. Wei 1986 (Araceae) from southwestern China[J]. Mitochondrial DNA. Part B, Resources, 2023, 8(7):766-770.
- [57] GAO Y, ZHANG Y N, FENG C, et al. A chromosome-level genome assembly of *Amorphophallus konjac* provides insights into konjac glucomannan biosynthesis[J]. Computational and Structural Biotechnology Journal, 2022, 20:1002-1011.
- [58] SHAN Y Y, LI J L, ZHANG X, et al. The complete mitochondrial genome of *Amorphophallus albus* and development of molecular markers for five *Amorphophallus* species based on mitochondrial DNA[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14:1180417.
- [59] DIAO Y, YANG C Z, YAN M, et al. *De novo* transcriptome and small RNA analyses of two *Amorphophallus* species[J]. PLoS One, 2014, 9(4):e95428.
- [60] 张万巧. 弥勒魔芋球茎膨大过程中葡甘聚糖的积累及其影

- 响因素[D]. 昆明:云南大学,2018.
- ZHANG W Q. Analysis of accumulation and influential factors of glucomannan during the corms enlarging in *Amorphophallus muelleri*[D]. Kunming:Yunnan University,2018.
- [61] SHI H D,ZHANG W Q,LU H Y, et al. Functional characterization of a starch synthesis-related gene *AmAGP* in *Amorphophallus muelleri*[J]. Plant Signaling & Behavior, 2020, 15(11):1805903.
- [62] NURLELA N, ARIESTA N, SANTOSA E, et al. Physicochemical properties of glucomannan isolated from fresh tubers of *Amorphophallus muelleri* Blume by a multilevel extraction method[J]. Food Research, 2022, 6(4):345-353.
- [63] AZHAR B, GUNAWAN S, FEBRIANA SETYADI E R, et al. Purification and separation of glucomannan from porang tuber flour (*Amorphophallus muelleri*) using microwave assisted extraction as an innovative gelatine substituent[J]. Heliyon, 2023, 9(11):e21972.
- [64] 李思佳,张祖丽,黄才真,等. 超声辅助酸性乙醇法制备高纯度魔芋葡甘聚糖的工艺优化及其理化分析[J]. 现代食品科技, 2024, 40(8):199-210.
- LI S J, ZHANG Z L, HUANG C Z, et al. Optimization of the preparation of high-purity konjac glucomannan using the ultrasound-assisted acid-ethanol precipitation method and analysis of its physicochemical properties[J]. Modern Food Science and Technology, 2024, 40(8):199-210.
- [65] AFIFAH N, SARIFUDIN A, PURWANTO W W, et al. Glucomannan isolation from porang (*Amorphophallus muelleri* Blume) flour using natural deep eutectic solvents and ethanol: a comparative study[J]. Food Chemistry, 2024, 453:139610.
- [66] QI Y, GAO P H, YANG S W, et al. Comparative metabolomics analysis reveals dynamic changes in carbohydrate profiles of corms during the "relay growth" of konjac (*Amorphophallus muelleri*) [J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14:1259561.
- [67] LI W C, XU P, QIAN C, et al. The combined analysis of the transcriptome and metabolome revealed the possible mechanism of flower bud formation in *Amorphophallus bulbifer*[J]. Agronomy, 2024, 14(3):519.
- [68] 李丽芳,魏环宇,刘佳妮,等. 花魔芋 *Hsp70* 基因家族鉴定及表达分析[J/OL]. 分子植物育种, 2022: 1-16. [2025-06-19]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220314.0909.002.html>
- LI L F, WEI H Y, LIU J N, et al. Identification and expression analysis of *Hsp70* gene family in *Amorphophallus konjac* [J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2022: 1-16. [2025-06-19]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220314.0909.002.html>
- [69] 朱思奕,曾周婷,冯雨欣,等. 魔芋海藻糖-6-磷酸合酶基因家族鉴定及表达分析[J]. 核农学报, 2024, 38(10):1847-1856.
- ZHU S Y, ZENG Z T, FENG Y X, et al. Genomic identification and expression analysis of trehalose-6-phosphate synthase gene family in *Amorphophallus konjac*[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2024, 38(10):1847-1856.
- [70] 李效贤,冉丹丹,曾周婷,等. 魔芋糖外排转运蛋白基因家族鉴定及表达分析[J]. 核农学报, 2024, 38(10):1857-1867.
- LI X X, RAN D D, ZENG Z T, et al. Genomic identification and expression analysis of sugars will eventually be exported transporters gene family in *Amorphophallus konjac*[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2024, 38(10):1857-1867.
- [71] POUCHON C, GAUTHIER J, PITTELOU C, et al. Phylogenomic study of *Amorphophallus* (Alismatales; Araceae): when plastid DNA gene sequences help to resolve the backbone subgeneric delineation[J]. Journal of Systematics and Evolution, 2023, 61(1):64-79.
- [72] GAO Y, DAI D Q, WANG H B, et al. Genomic insights into differentiation and adaptation of *Amorphophallus yunnanensis* in the mountainous region of Southwest China[J]. Ecology and Evolution, 2024, 14(1):e10861.
- [73] 沈川,李夏,覃剑锋. 软腐病对魔芋内源激素含量变化及相关基因转录水平的影响[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2023, 38(1):34-40.
- SHEN C, LI X, QIN J F. Effect of soft rot on changes in endogenous hormone content and transcript levels of related genes in konjac[J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2023, 38(1):34-40.
- [74] GAO P H, QI Y, LI L F, et al. *Amorphophallus muelleri* activates ferulic acid and phenylpropane biosynthesis pathways to defend against *Fusarium solani* infection[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14:1207970.
- [75] GAO P H, QI Y, LI L F, et al. Phenylpropane biosynthesis and alkaloid metabolism pathways involved in resistance of *Amorphophallus* spp. against soft rot disease[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15:1334996.
- [76] ZHU M J, REN S Y, CHEN C L, et al. The combined application of *Bacillus velezensis* BCP6 and Jinggangmycin (JGM) to control soft rot caused by *Pectobacterium aroidearum* on *Amorphophallus konjac*[J]. Plant Protection Science, 2024, 60(1):41-52.
- [77] 李丽芳,杨敏,齐颖,等. 基于流式细胞术测定三种珠芽魔芋种质资源基因组大小[J/OL]. 分子植物育种, 2024: 1-9[2025-06-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240527.0912.002.html>.
- LI L F, YANG M, QI Y, et al. Flow cytometric determination on genome size of three *Amorphophallus muelleri* germplasm[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2024: 1-9[2025-06-10]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240527.0912.002.html>.
- [78] 王加龙,马坤,周静,等. 基于 ISSR 标记的南瓜遗传多样性与 DNA 指纹图谱研究[J]. 河南农业科学, 2024, 53(12):119-130.
- WANG J L, MA K, ZHOU J, et al. Study on genetic diversity and DNA fingerprint map of pumpkin based on ISSR markers [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2024, 53(12):119-130.
- [79] 邢啸林,汪精磊,胡天华,等. DNA 指纹图谱技术发展及其在十字花科蔬菜育种中的应用[J]. 中国蔬菜, 2024(5):23-32.
- XING X L, WANG J L, HU T H, et al. Development of DNA fingerprinting technology and application to breeding of Brassicaceae vegetables[J]. China Vegetables, 2024(5):23-32.
- [80] 车雅丽,吴苏峻,王坤杨,等. 镉胁迫下野生大豆苗期性状全基因组关联分析及耐镉候选基因筛选[J]. 河南农业科学, 2025, 54(1):40-54.
- CHE Y L, WU S J, WANG K Y, et al. Genome-wide association analysis of wild soybean seedling traits and screening of candidate cadmium-tolerant genes[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2025, 54(1):40-54.