
研究构建迄今为止荔枝最全面的遗传变异图谱

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/34728.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究构建迄今为止荔枝最全面的遗传变异图谱。近日，广东省农业科学院果树研究所研究员欧良喜团队与华南农业大学教授夏瑞团队合作，在荔枝资源群体遗传和果实性状形成研究方面取得重要进展，成功构建了迄今为止荔枝（乃至整个无患子科）最全面的遗传变异图谱。相关成果发表于《基因组生物学》（Genome Biology）。

研究团队在国家荔枝龙眼产业技术体系荔枝种质资源与评价岗位、国家自然科学基金、广东省重点领域研发计划、广东省农业科学院果树研究所自主培育等项目的资助下，对来自国家荔枝种质资源圃（广州）从全球收集的276份具有代表性荔枝种质资源进行了重测序，构建了迄今为止荔枝（乃至整个无患子科）最全面的遗传变异图谱。通过对21个果实品质相关性状进行表型分析，进一步结合全基因组关联研究，鉴定了总计460个与果实性状显著相关的SNP和1,807个候选基因。

此外，研究团队利用高效液相色谱（HPLC）方法测定了190个荔枝品种果实的糖组分和含量，通过比较LcSAI蔗糖和还原糖种质中的差异，开发了一个与糖组分和含量紧密连锁的分子标记，可用于荔枝育种的早期筛选，缩短育种周期。

该研究揭示了荔枝的遗传多样性和群体结构，通过全面的基因组分析和表型分析，阐明了果实品质的遗传基础。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-025-03693-5>

作者：欧良喜等 来源：《基因组生物学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发