
中国热带农业科学院——基于叶片表型与 ISSR 标记的 *Litchi chinensis* var. *fulvosus* 遗传特征解析及核心种质构建 MDPI Horticulturae

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/40795.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！

中国热带农业科学院——基于叶片表型与 ISSR 标记的 *Litchi chinensis* var. *fulvosus* 遗传特征解析及核心种质构建 MDPI Horticulturae。论文标题：Genetic Characterization and Core Collection Development of *Litchi chinensis* var. *fulvosus* Using Leaf Phenotypic Traits and ISSR Markers

论文链接：<https://www.mdpi.com/2311-7524/12/5/556>

期刊名：Horticulturae

期刊主页：<https://www.mdpi.com/journal/horticulturae>

导读

Litchi chinensis var. *fulvosus* 是云南重要的野生荔枝资源，具有早花、早熟、一年多次开花和坐果率高等优良农艺性状，在早熟荔枝品种选育中具有重要利用潜力。然而，该资源的遗传多样性和群体结构长期缺乏系统研究。

近日，中国热带农业科学院等单位在 Horticulturae 期刊发表题为 Genetic Characterization and Core Collection Development of *Litchi chinensis* var. *fulvosus* Using Leaf Phenotypic Traits and ISSR Markers 研究论文，综合叶片表型性状与 ISSR 分子标记，对云南野生荔枝 *L. chinensis* var. *fulvosus* 的遗传特征进行系统评价，并构建核心种质集合，为其资源保护、评价利用和荔枝遗传改良提供了重要参考。

研究过程与结果

研究团队以云南野生荔枝 *Litchi chinensis* var. *fulvosus* 为研究对象，在云南省 10 个县采集了 192 份种质资源，系统分析其地理分布、叶片表型变异、分子多样性、群体结构及核心种质构成。研究数据包括 8 个描述性叶片性状、9 个数量性叶片性状，以及 7 条 ISSR 引物的分子标记结果，为综合评价该野生荔枝资源的遗传特征提供了多维度依据。

在资源分布方面，192 份材料主要来自云南红河州、文山州和玉溪市，其中红河州采集 141

份，文山州采集 15 份，玉溪市采集 36 份。采样点覆盖 $22^{\circ}40'N-24^{\circ}14'N$ 、 $101^{\circ}40'E-104^{\circ}53'E$ ，海拔范围为 169–1470 m，显示该资源虽然主要集中分布于云南特定区域，但生境条件具有明显差异。调查还发现，不同年龄个体在生境分布上存在一定分化，较老的大树多见于较高海拔区域，而较年轻个体更多分布在河边、农田边缘、道路旁和居民点附近。

在叶片表型分析中，研究团队首先对 8 个描述性状进行统计，包括小叶形状、叶缘、叶姿、复叶排列、叶基形状、叶尖形状、幼叶颜色和成熟叶颜色等（图1）。结果显示，不同性状的变异程度并不均衡：幼叶颜色仅观察到 2 种表型状态，变异较低；而叶尖形状、叶基形状、叶姿和复叶排列等性状表现出更丰富的类型。描述性状的 Shannon–Wiener 多样性指数为 0.05–1.73，平均值为 1.19，说明该资源在部分形态性状上具有较明显的多样性。

进一步分析 9 个数量性叶片性状后发现，供试材料在叶片大小、叶形和叶柄相关指标上同样表现出显著变异。其中叶长为 7.97–15.20 cm，叶宽为 2.41–5.36 cm，叶面积为 15.55–55.38 cm^2 ，叶周长为 19.10–51.95 cm；数量性状的变异系数为 10.12%–52.59%，平均值为 23.50%。其中叶柄面积变异最大，而叶形指数相对稳定。数量性状 Shannon–Wiener 多样性指数为 2.09–3.01，平均值为 2.76，表明叶片数量性状能够较好反映 *L. chinensis* var. *fulvosus* 种质间的表型差异。

在分子遗传多样性分析中，作者从 ISSR 引物中筛选出 7 条扩增清晰、重复性好的引物，用于 192 份材料的基因分型。这 7 条引物共产生 49 条可评分条带，其中 34 条为多态性条带，多态性比例为 68.45%。每条引物产生 4–9 条条带，平均 7 条；平均观测等位基因数为 1.68，平均有效等位基因数为 1.34，平均期望杂合度为 0.20，平均 Shannon–Wiener 多样性指数为 0.31。该结果说明，供试群体中存在可检测的分子遗传差异，但整体分子多样性水平相对有限。

在群体结构分析中，研究团队整合 17 个叶片表型性状和 7 条 ISSR 引物数据，开展聚类分析和主成分分析。结果显示，192 份材料可划分为 2 个主要亚群。Group 1 主要由红河州材料构成，表现为楔形叶基、披针形小叶和反卷叶姿等特征；Group 2 则包括较多文山州和玉溪市材料，主要表现为宽楔形叶基、长圆形小叶和平展叶姿。数量性状比较也支持这一分类结果，Group 1 在叶周长、叶长和叶形指数等指标上显著高于 Group 2。

基于表型与分子标记的综合数据，作者进一步构建了 *L. chinensis* var. *fulvosus* 核心种质集合。研究按照约 5%、10%、15% 和 20% 的取样比例，分别构建 CC1、CC2、CC3 和 CC4 四套候选核心种质，对应 10、20、30 和 40 份材料。比较结果显示，不同候选集合均能在一定程度上代表原始群体，但在取样效率和多样性保留能力之间存在差异。

综合评价后，CC3 被认为是最优核心种质方案。该集合由 30 份材料组成，约占原始群体的 15%，能够保留描述性状 75% 以上、数量性状 85% 以上，以及 4 个 ISSR 分子多样性参数 90% 以上的多样性。研究认为，CC3 在较小保存规模下较好地兼顾了表型代表性与分子遗传多样性，可作为后续 *L. chinensis* var. *fulvosus* 资源保存、鉴定评价和育种利用的重要材料基础。

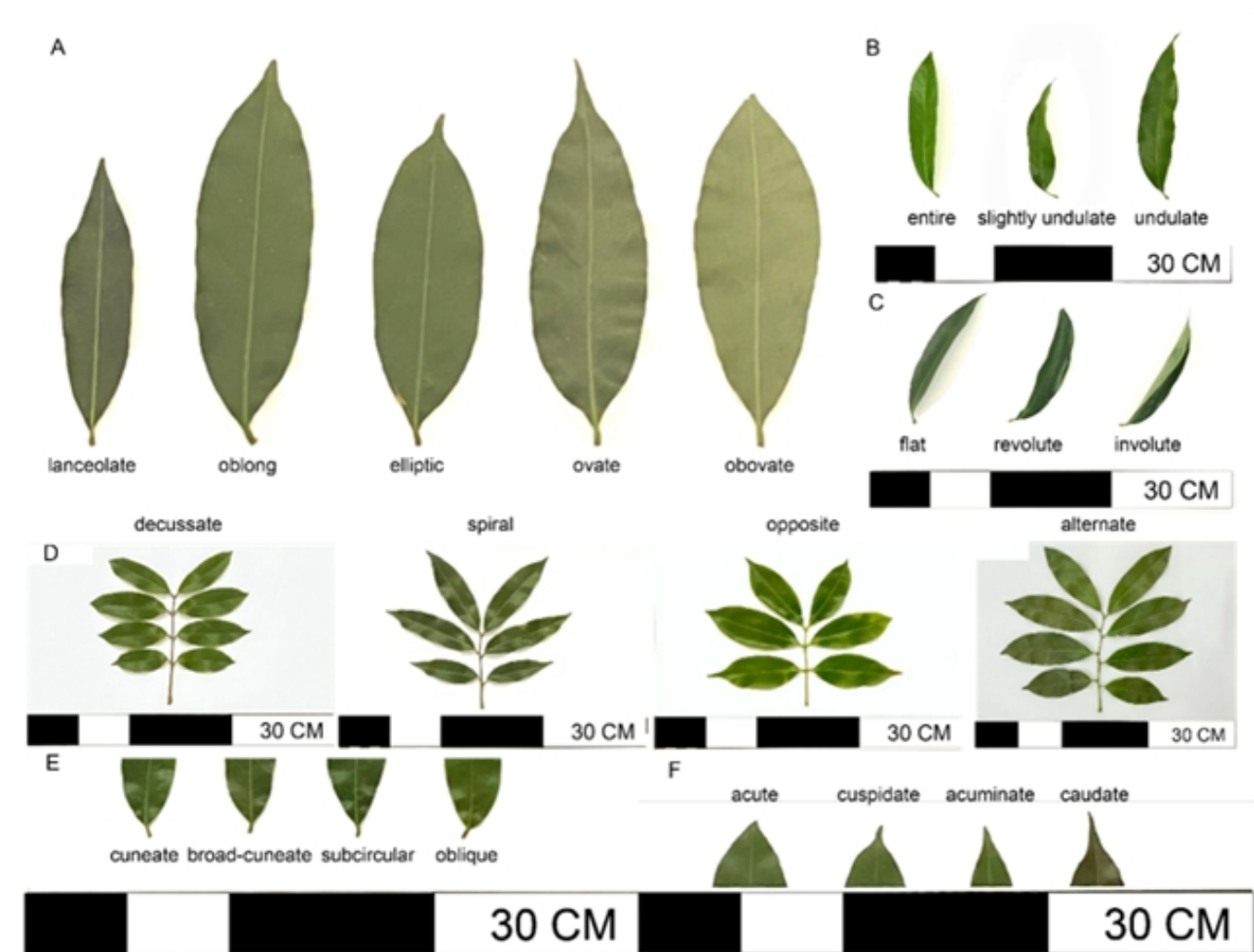


图1. *Litchi chinensis* var. *fulvosus* 叶片表型变异

研究总结

本研究将叶片表型评价与 ISSR 分子标记相结合，系统揭示了云南野生荔枝 *L. chinensis* var. *fulvosus* 的遗传多样性和群体结构，并构建了 30 份材料组成的核心种质集合。该成果有助于提高野生荔枝种质资源保存和利用效率，也为优异基因资源挖掘、早熟荔枝品种选育和荔枝种质创新提供了基础材料。

Horticulturae 期刊介绍

主编：Luigi De Bellis, Università del Salento, Italy

期刊重点关注温带到热带园艺的所有领域及相关学科，主题包括果树、蔬菜、花卉、苗圃和风景、以及草药和香料作物等，研究涉及整个园艺供应链。

2025 Impact Factor 3.4 2025 CiteScore 6.1 Time to First Decision 17.4 Days Acceptance to Publication 2.4

Days
来源：Horticulturae

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