

基于 SNP 分子标记的 221 份荔枝品种(品系)的遗传多样性分析及核心种质库构建

黄小凤, 韦阳连^①, 袁 叶, 余金昌, 袁志永, 王伟山

(东莞植物园, 广东 东莞 523086)

摘要: 以 221 份荔枝 (*Litchi chinensis* Sonn.) 品种(品系)为研究样本, 采用 SNP 分子标记对供试样本的遗传多样性和遗传结构进行分析, 在此基础上构建荔枝核心种质库并进行验证和评价。结果表明: 19 对 SNP 引物的观测等位基因数均为 2, 有效等位基因数为 1.1~2.0, Shannon's 信息指数为 0.236~0.692, 观测杂合度为 0.081~0.561, 期望杂合度为 0.119~0.499, 多态性信息含量为 0.112~0.374; 根据果实成熟期, 供试样本分为晚熟、中熟、早熟和特早熟 4 个品种(品系)群体, 其中, 早熟品种(品系)群体的遗传多样性最高, 晚熟品种(品系)群体的遗传多样性最低。供试样本个体间的遗传变异贡献率为 85%, 群体间和群体内的遗传变异贡献率分别为 10% 和 5%; 不同群体间的果实成熟时间相差越大, 其遗传分化系数和遗传距离越大, 其中, 晚熟品种(品系)群体与中熟、早熟和特早熟品种(品系)群体间的遗传距离依次增大, 遗传距离分别为 0.014、0.091 和 0.352。遗传结构分析和聚类分析结果基本一致, 通过遗传结构分析, 供试样本被分为 2 组, a 组包含 181 份样本, 主要为中熟和晚熟品种(品系)以及极少量的早熟品种(品系); b 组包含 40 份样本, 包括所有特早熟品种(品系)、大部分早熟品种(品系)、少部分中熟品种(品系)及极少部分晚熟品种(品系); a 组和 b 组的绝大部分样本分别对应聚类分析的 III 组及 I 组和 II 组。综合分析结果表明: 供试荔枝品种(品系)的遗传多样性水平较高, 且遗传变异主要发生在个体间; 群体间的遗传分化系数和遗传距离均与果实成熟期相关。按照不同取样比例构建核心种质库, 以 20% 取样比例构建的核心种质库[包含 44 份品种(品系)]的观测等位基因数、有效等位基因数、Shannon's 信息指数、观测杂合度、期望杂合度的保留率最高, 分别为 100%、100%、106%、103% 和 107%; 经检验, 构建的核心种质库能充分体现原有品种(品系)的遗传多样性, 较全面地保留供试荔枝品种(品系)的相关信息。

关键词: 荔枝; 品种(品系); SNP 分子标记; 遗传多样性; 遗传结构; 核心种质库

中图分类号: Q946-33; S667.1 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2022)04-0074-11

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2022.04.09

Genetic diversity analysis and core collection construction of 221 cultivars (strains) of *Litchi chinensis* based on SNP molecular markers HUANG Xiaofeng, WEI Yanglian^①, YUAN Ye, YU Jinchang, YUAN Zhiyong, WANG Weishan (Dongguan Botanical Garden, Dongguan 523086, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2022, 31(4): 74-84

Abstract: Taking 221 cultivars (strains) of *Litchi chinensis* Sonn. as research samples, the genetic diversity and genetic structure of the test samples were analyzed by using SNP molecular marker, on the basis, core collections of *L. chinensis* were constructed and then verified and evaluated. The results show that the numbers of observed alleles of 19 pairs of SNP primers are all 2, the numbers of effective alleles are 1.1-2.0, the Shannon's information indexes are 0.236-0.692, the observed heterozygosity are 0.081-

收稿日期: 2022-01-29

基金项目: 东莞市社会科技发展(重点)项目(2017507101423; 20185071011597); 东莞市 2021 年度省乡村振兴战略专项资金("大专项+任务清单")项目(20211800400072); 东莞市社会发展科技项目(20211800905142)

作者简介: 黄小凤(1979—), 女, 湖南桂东人, 硕士, 高级农艺师, 主要研究方向为果树和花卉的资源评价与开发利用。

^①通信作者 E-mail: yangshun1210@aliyun.com

引用格式: 黄小凤, 韦阳连, 袁 叶, 等. 基于 SNP 分子标记的 221 份荔枝品种(品系)的遗传多样性分析及核心种质库构建[J]. 植物资源与环境学报, 2022, 31(4): 74-84.

0.561, the expected heterozygosity are 0.119–0.499, and the polymorphic information contents are 0.112–0.374; the test samples can be divided into four cultivar (strain) populations namely late-maturing, mid-maturing, early-maturing, and extremely early-maturing according to fruit maturing stage, in which, the genetic diversity of early-maturing cultivar (strain) population is the highest, while that of late-maturing cultivar (strain) population is the lowest. The contribution rate of genetic variation among individuals of the test samples is 85%, and those among populations and within population are 10% and 5%, respectively; the greater the difference in fruit ripening time among different populations, the greater the genetic differentiation coefficient and genetic distance, in which, the genetic distances of late-maturing cultivar (strain) population with mid-maturing, early-maturing, and extremely early-maturing cultivars (strains) increase successively, and the genetic distances are 0.014, 0.091, and 0.352, respectively. The results of genetic structure analysis and cluster analysis are basically consistent, and the test samples can be divided into two groups *via* genetic structure analysis. Group a contains 181 samples, which are mainly mid-maturing and late-maturing cultivars (strains) as well as a very few early-maturing cultivars (strains); group b contains 40 samples, including all extremely early-maturing cultivars (strains), most early-maturing cultivars (strains), a few mid-maturing cultivars (strains), and a very few late-maturing cultivars (strains); most samples in group a and group b correspond to group III and group I and II of cluster analysis, respectively. The comprehensive analysis results show that the genetic diversity level of test cultivars (strains) of *L. chinensis* is relatively high, and the genetic variation mainly occurs among individuals; the genetic differentiation coefficient and genetic distance among populations are both correlated with fruit maturing stage. The core collections are constructed according to different sampling ratios, and the retention rates of number of observed alleles, number of effective alleles, Shannon's information index, observed heterozygosity, and expected heterozygosity of the core collection constructed with the sampling ratio of 20% are the highest, which are 100%, 100%, 106%, 103%, and 107%, respectively; after testing, the core collections can fully reflect the genetic diversity of original cultivars (strains), and retain relevant information of test cultivars (strains) of *L. chinensis*.

Key words: *Litchi chinensis* Sonn.; cultivar (strain); SNP molecular marker; genetic diversity; genetic structure; core collection

荔枝(*Litchi chinensis* Sonn.)起源于中国,属于特色农产品之一。目前,国内荔枝栽培面积约 5.3×10^5 hm²,形成了海南特早熟、粤桂西南早熟、粤桂中部中熟、粤东闽南晚熟、泸州特晚熟等特色优势产区^[1,2]。荔枝品种众多,表型多样性丰富。1982年,傅玲娟等^[3]在海南岛调查发现,野生荔枝的叶片、果实表型多样,根据果皮特征可分为3种类型;1986年,吴仁山以果皮特征为一级分类标准,果形为二级分类标准,其他性状为三级和四级分类标准,将广西的荔枝品种分为7大类^[4];吴淑娴^[5]在前人研究基础上,以成熟果实中部果皮上龟裂片和裂片峰的主要特征作为分类标准,将全国200余份荔枝品种分为果皮龟裂片尖突型、隆起型、平坦型3大类型,每个类型均包含多种形态的裂片峰。荔枝丰富的表型多样性是其遗传多样性在形态上的体现。

荔枝遗传多样性研究对其资源保护和开发利用具有重要意义。随着分子生物学技术的发展,DNA分子标记技术已成为遗传多样性研究的有效方法。目前,研究者已利用RAPD、AFLP、ISSR、EST-SSR、

SNP、SRAP等分子标记^[6-12]对荔枝品种资源进行了亲缘关系及遗传多样性研究,说明将分子标记方法用于荔枝种质资源研究具有较高的可行性和有效性。

栽培植物的核心种质库能以最小的品种数量和遗传重复,最大程度地代表整个物种资源的遗传多样性,核心种质库的构建能够提高种质资源的管理和利用效率,已成为国内外植物种质资源研究的重点^[13]。目前,已经利用分子标记构建了水稻(*Oryza sativa* Linn.)、核桃(*Juglans regia* Linn.)、杏(*Armeniaca vulgaris* Linn.)、木荷(*Schima superba* Gardn. et Champ.)、杉木[*Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook.]和建兰[*Cymbidium ensifolium* (Linn.) Sw.]等植物的核心种质库^[14-19]。荔枝树体高、占地面积大,其活植物保存需要占用大量土地。为了能够在有限的土地上尽可能多地保存荔枝品种资源,维持其遗传多样性,宜利用分子标记构建荔枝核心种质库。

作者所在课题组现收集到荔枝品种(品系)221份,且大多数品种(品系)的遗传多样性和亲缘关系未知。为客观评价荔枝品种资源的遗传多样性,弄清

品种间的遗传关系,作者利用 SNP 分子标记对收集的荔枝品种(品系)进行遗传多样性和遗传关系分析,并在此基础上构建荔枝核心种质库,以期高效保存荔枝种质资源的遗传多样性,有效提高其管理水平,为荔枝种质资源的管理与利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

供试样本为从广东、广西、福建、海南和四川收集的 221 份荔枝品种(品系),包括 154 份晚熟品种(品系)(编号 1~154)、50 份中熟品种(品系)(编号 155~204)、11 份早熟品种(品系)(编号 205~215)、6 份特早熟品种(品系)(编号 216~221),各品种(品系)的名称和来源地见附录 I。

供试品种(品系)均种植于东莞植物园荔枝种质资源圃内。该种质圃地处南亚热带季风气候区,光照充足、热量丰富、雨量充沛,圃内土壤为赤壤土。

每份样本选择 3 株单株,株龄为 4~14 a,在每株样株中上部的健康老熟枝条上各采集 1 枚老熟叶片,于-70 °C 保存、备用。

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取与检测 采用 CTAB 小样法^[20]提

取叶片 DNA 并进行纯度检测,于-20 °C 保存、备用。

1.2.2 SNP 分型 从 Liu 等^[11]开发的 155 对 SNP 引物中筛选出分型稳定、多态性高的 19 对 SNP 引物进行 PCR 扩增反应,供试引物基本信息见表 1。PCR 扩增体系总体积 10.0 μL ,包括 10 $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 基因组 DNA 2.0 μL 、5 $\text{U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ *rTaq* DNA 聚合酶[宝生物工程(大连)有限公司] 0.6 μL 、10 \times Buffer (含 Mg^{2+}) 1.0 μL 、10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ *dNTPs* 0.2 μL 、10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 正向和反向引物各 0.3 μL ,灭菌超纯水补足剩余体积。PCR 扩增程序为:95 °C 预变性 3 min;95 °C 变性 45 s、56 °C 退火 30 s、72 °C 延伸 1 min,共 50 个循环;最后 72 °C 延伸 5 min。PCR 产物于 4 °C 保存。SNP 基因分型及数据分析参考孙清明等^[21]。

1.2.3 遗传多样性和遗传结构分析 利用 GenAlEx 6.5 软件计算观测等位基因数、有效等位基因数、Shannon's 信息指数、观测杂合度、期望杂合度、遗传分化系数和遗传距离,并进行分子方差变异分析(AMOVA)。参照文献[22]划分群体遗传分化程度。

采用 PowerMarker V3.25 软件计算多态性信息含量;采用 STRUCTURE 2.3.4 软件对供试样本进行分组和群体遗传结构分析,根据 ΔK 值最大原则确定最佳分组数;最后,利用 MEGA 5.2 软件,基于遗传距离采用 UPGMA 法构建系统树。

表 1 供试 19 对 SNP 引物的基本信息

Table 1 Basic information of 19 pairs of SNP primers tested

引物编号 No. of primer	引物序列(5'→3') Primer sequence (5'→3')		SNP 位点 SNP loci
	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer	
SNP3	ACATGTGTGAACCTAAGCGACA	CTGTCTGGAGAGGCCATA	T/C
SNP7	GATTTCCGCTTCCGTCCT	ACGGGAGAGATTTCCGATTGT	T/C
SNP8	TTTGAGATATCCATTGGCATT	ATTTTGCTTGTCTCAGACTATTGC	A/G
SNP11	AGAGGAATCGTATGATCCCC	TTATCAACATCCGGGGTAG	A/G
SNP12	AGACTATCATATGAAGACGAAATT	GCTGATAATCCCAATAATGC	A/G
SNP14	GGTTCAGCAAAAACCAAAA	AAGCATAAGTAGAGAACCAAAATTATA	T/C
SNP17	AGAAGAATCTGCTGTTTATCAA	TTATTTACCAACCAATCAGCAC	T/C
SNP18	TGTGTGGTAATGAATGTGAT	GAAGTGTATCTGGTGAGTCTATTG	T/G
SNP19	GGGTTTCTGATAAATGAGTTTTC	TACTGGAAGCACTTCCCAG	T/C
SNP22	AGGTGGAAGGGTTGGTG	TATCTGAACCTGCTTGATGACA	T/G
SNP24	TGGATTTCAAAGGGTGAGTA	ACAATGGATGGACCAGACTC	C/T
SNP27	GAATGCTAGAGAGAAGAAGTGG	AAGTAACTCTCTCCGTTTCTCG	T/G
SNP29	ATCTGAATGCATTAAGAAGTACAC	CGCAACAATATGCTTTCCA	T/C
SNP30	GTTCCAAAATCCAAATGAGAT	TTAATCTACTAGCCTGAGTTTGC	T/G
SNP35	GAGTATTATGAGTATTTGGTCC	GGCAACATGAAGGTATAGTC	A/G
SNP37	GCITTACAGTTTGGAGAACAT	TTCTTCAACCTATAATCCTTCTT	A/G
SNP39	AGACGAAAGGAGGGAAGAT	TCCTCCTTCTGATCATAGTACAA	A/G
SNP43	TAACGAGAGACTCTTTGCTCTAAG	TTGCTGATGTTAGGAACCACTG	T/G
SNP52	GTTCAAGAAATTCCTCCGTC	TGAATATCTCGAAAGCTTCTCTG	T/C

1.2.4 核心种质库的构建与评价 按照供试荔枝品种(品系)的果实成熟期进行分组,参照文献[18]的方法筛选并构建核心种质库。运用 PowerMarker V3.25 软件设置取样比例为 10%、15%、20%、25% 和 30%,根据模拟退火算法(simulated annealing algorithm)以等位基因最大化(maximizing allelic richness)为标准构建核心种质库;利用 GenAEx 6.5 软件计算核心品种(品系)、原有品种(品系)和保留品种(品系)的遗传多样性参数,并通过计算遗传多样性参数的保留率[核心品种(品系)某一指标占原有品种(品系)同一指标的百分率]以及 t 检验评价核心品种(品系)、保留品种(品系)和原有品种(品系)的遗传多样性,同时运用主坐标分析法(PCoA)对构建的核心种质库进行确认。

2 结果和分析

2.1 SNP 引物和荔枝品种(品系)群体的遗传多样性分析

2.1.1 SNP 引物的遗传多样性参数分析 利用 19 对 SNP 引物对供试的 221 份荔枝样本进行扩增,各引物的遗传多样性参数见表 2。

由表 2 可见:每对 SNP 引物的观测等位基因数均为 2,有效等位基因数为 1.1~2.0,均值为 1.5;Shannon's 信息指数为 0.236~0.692,均值为 0.482;观测杂合度为 0.081~0.561,均值为 0.282;期望杂合度为 0.119~0.499,均值为 0.314;多态性信息含量为 0.112~0.374,均值为 0.256。其中,引物 SNP7 的有效等位基因数、Shannon's 信息指数、期望杂合度和多态性信息含量均最高。

2.1.2 荔枝品种(品系)群体的遗传多样性分析 基于 SNP 分子标记分析结果,对不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体的遗传多样性参数进行分析,结果见表 3。

由表 3 可见:供试荔枝品种(品系)群体的观测等位基因数、有效等位基因数、Shannon's 信息指数、观测杂合度和期望杂合度的均值分别为 1.9、1.6、0.487、0.372 和 0.327。在 4 个荔枝品种(品系)群体中,荔枝晚熟品种(品系)群体的有效等位基因数、Shannon's 信息指数、观察杂合度和期望杂合度均最小,早熟品种(品系)群体的上述遗传多样性指标均最大,表明荔枝早熟品种(品系)群体的遗传多样性最高,荔枝晚熟品种(品系)群体的遗传多样性最低。

表 2 用于 221 份荔枝样本 SNP 分子标记分析的 19 对引物的遗传多样性参数

Table 2 Genetic diversity parameters of 19 pairs of primers used for SNP molecular marker analysis of 221 samples of *Litchi chinensis* Sonn.

引物编号 No. of primer	观测等位基因数 Number of observed alleles	有效等位基因数 Number of effective alleles	Shannon's 信息指数 Shannon's information index	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态性信息含量 Polymorphic information content
SNP3	2	1.4	0.473	0.190	0.296	0.253
SNP7	2	2.0	0.692	0.407	0.499	0.374
SNP8	2	1.2	0.304	0.081	0.165	0.151
SNP11	2	1.9	0.666	0.507	0.473	0.361
SNP12	2	1.1	0.242	0.113	0.123	0.115
SNP14	2	1.2	0.339	0.176	0.190	0.172
SNP17	2	1.7	0.606	0.561	0.415	0.329
SNP18	2	1.2	0.304	0.154	0.165	0.151
SNP19	2	1.7	0.606	0.235	0.415	0.329
SNP22	2	1.7	0.617	0.425	0.426	0.335
SNP24	2	1.6	0.564	0.303	0.376	0.305
SNP27	2	1.8	0.624	0.326	0.433	0.339
SNP29	2	1.1	0.254	0.104	0.130	0.122
SNP30	2	1.7	0.593	0.380	0.404	0.322
SNP35	2	1.5	0.493	0.290	0.313	0.264
SNP37	2	1.1	0.236	0.100	0.119	0.112
SNP39	2	1.7	0.598	0.407	0.408	0.325
SNP43	2	1.2	0.309	0.140	0.168	0.154
SNP52	2	1.8	0.638	0.462	0.445	0.346
均值 Mean	2	1.5	0.482	0.282	0.314	0.256

表3 基于SNP分子标记的不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体的遗传多样性参数

Table 3 Genetic diversity parameters of cultivar (strain) populations of *Litchi chinensis* Sonn. with different fruit maturing stages based on SNP molecular markers

群体 Population	观测等位 基因数 Number of observed alleles	有效等位 基因数 Number of effective alleles	Shannon's 信息指数 Shannon's information index	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity
晚熟品种(品系) Late-maturing cultivar (strain)	2.0	1.5	0.423	0.248	0.277
中熟品种(品系) Mid-maturing cultivar (strain)	2.0	1.5	0.509	0.326	0.335
早熟品种(品系) Early-maturing cultivar (strain)	1.9	1.7	0.540	0.464	0.370
特早熟品种(品系) Extremely early-maturing cultivar (strain)	1.8	1.6	0.475	0.447	0.328
均值 Mean	1.9	1.6	0.487	0.372	0.327

2.2 荔枝品种(品系)群体的遗传分化和遗传结构

基于SNP分子标记分析结果,对不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体的遗传分化和遗传结构进行分析,结果分别见表4、表5和图1。

2.2.1 荔枝品种(品系)群体的遗传分化 分子方差分析(AMOVA)结果(表4)显示:供试荔枝品种(品系)样本个体间的遗传变异贡献率为85%,群体间和群体内的遗传变异贡献率分别为10%和5%,表明供试荔枝品种(品系)群体的遗传变异主要发生在个体间,群体间遗传变异不明显。

由表5可见:中熟品种(品系)群体与早熟和晚熟品种(品系)群体间的遗传分化程度很低,遗传分化系数分别为0.046和0.021;早熟品种(品系)群体与特早熟和晚熟品种(品系)群体间的遗传分化程度较低,遗传分化系数分别为0.081和0.096;特早熟品种(品系)群体与中熟和晚熟品种(品系)群体间的遗传分化程度中等,遗传分化系数分别为0.166和0.246。晚熟品种(品系)群体与中熟、早熟和特早熟品种(品系)群体间的遗传距离依次增大,遗传距离分别为0.014、0.091和0.352;特早熟品种(品系)群体

表4 荔枝品种(品系)群体的AMOVA分析结果

Table 4 Result of AMOVA analysis of cultivar (strain) populations of *Litchi chinensis* Sonn.

方差来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	平方和 Sum of squares	均方差 Mean square error	遗传方差成分估计 Estimated genetic variance component	遗传变异贡献率/% Contribution rate of genetic variation
群体间 Among populations	3	75.102	25.034	0.325	10
群体内 Within population	217	650.337	2.997	0.158	5
个体间 Among individuals	220	592.500	2.681	2.681	85

表5 基于SNP分子标记的不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体间的遗传距离和遗传分化系数¹⁾Table 5 Genetic distance and genetic differentiation coefficient among cultivar (strain) populations of *Litchi chinensis* Sonn. with different fruit maturing stages based on SNP molecular markers¹⁾

群体 Population	群体间的遗传距离(线上)和遗传分化系数(线下) Genetic distance (above the line) and genetic differentiation coefficient (below the line) among populations			
	P1	P2	P3	P4
P1	—	0.014	0.091	0.352
P2	0.021	—	0.049	0.240
P3	0.096	0.046	—	0.109
P4	0.246	0.166	0.081	—

¹⁾ P1: 晚熟品种(品系) Late-maturing cultivar (strain); P2: 中熟品种(品系) Mid-maturing cultivar (strain); P3: 早熟品种(品系) Early-maturing cultivar (strain); P4: 特早熟品种(品系) Extremely early-maturing cultivar (strain).

与早熟、中熟和晚熟品种(品系)群体间的遗传距离也依次增大,遗传距离分别为0.109、0.240和0.352。表明供试荔枝品种(品系)群体的果实成熟时间相差越大,其遗传距离越大。

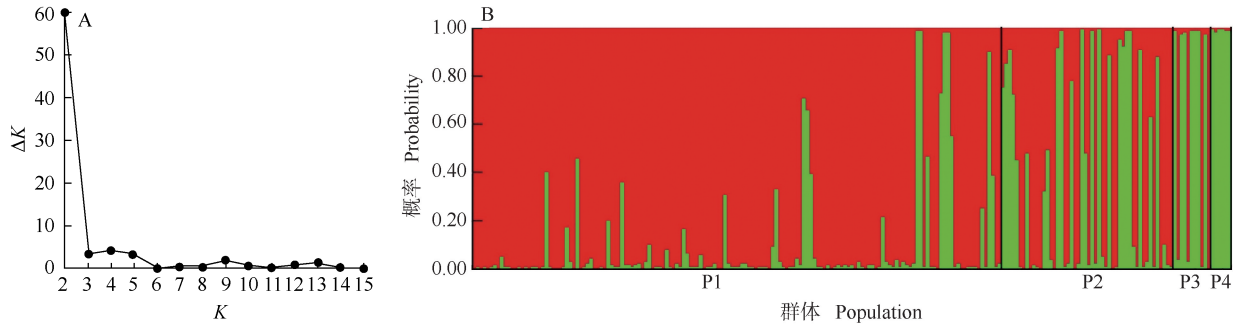
总体上看,供试荔枝品种(品系)群体间的遗传分化系数和遗传距离均与果实成熟期相关,果实成熟期相距越远,遗传分化系数和遗传距离越大。

2.2.2 荔枝品种(品系)群体的遗传结构 基于SNP分子标记的不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体的分组结果(图1-A)表明:在 $K=2$ 时, ΔK 达到最大值,说明供试荔枝品种(品系)群体在分成2组时遗传结构最明显。

遗传结构分析结果(图1-B)表明:供试的221份

荔枝品种(品系)适合划分为2组。其中,a组Q值为0.501~0.995,包含181份荔枝品种(品系),主要为中熟和晚熟品种(品系),分别为32和145份品种(品系),另包含4份早熟品种(品系);b组的Q值为

0.550~0.997,包含40份荔枝品种(品系),包括所有特早熟品种(品系)(6份)、大部分早熟品种(品系)(7份)、少部分中熟品种(品系)(18份)及极少部分晚熟品种(品系)(9份)。



K: 分组数 Cluster number. ■: a组 Group a; ■: b组 Group b. P1: 晚熟品种(品系) Late-maturing cultivar (strain); P2: 中熟品种(品系) Mid-maturing cultivar (strain); P3: 早熟品种(品系) Early-maturing cultivar (strain); P4: 特早熟品种(品系) Extremely early-maturing cultivar (strain).

图1 基于SNP分子标记的不同果实成熟期荔枝品种(品系)群体的分组(A)和遗传结构(B)
Fig. 1 Grouping (A) and genetic structure (B) of cultivar (strain) populations of *Litchi chinensis* Sonn. with different fruit maturing stages based on SNP molecular markers

2.3 荔枝品种(品系)群体的聚类分析

根据SNP分子标记分析结果、基于遗传距离对221份荔枝品种(品系)进行UPGMA聚类分析,结果见图2。

由图2可见:在遗传距离0.18处,可将供试荔枝品种(品系)分为3组。特早熟品种(品系)‘荷包荔’(‘Hebaoli’)(编号216)和‘三月红’(‘Sanyuehong’)(编号219)与绝大多数品种(品系)的遗传距离较远,二者聚为I组;另219份品种(品系)可划分为2组(II组和III组)。其中,II组包含39份品种(品系),包括4份特早熟品种(品系)、10份晚熟品种(品系)、18份中熟品种(品系)和7份早熟品种(品系);III组包含180份品种(品系),包括144份晚熟品种(品系)、32份中熟品种(品系)和4份早熟品种(品系)。

将图2中I组、II组和III组包含的品种(品系)分别与图1中基于遗传结构的分组结果进行比对,结果显示:I组和II组包含的41份品种(品系)中,有36份品种(品系)出现在图1的b组中;III组包含的180份品种(品系)中,有177份品种(品系)出现在图1的a组中。表明聚类分析和遗传结构分析结果基本一致。

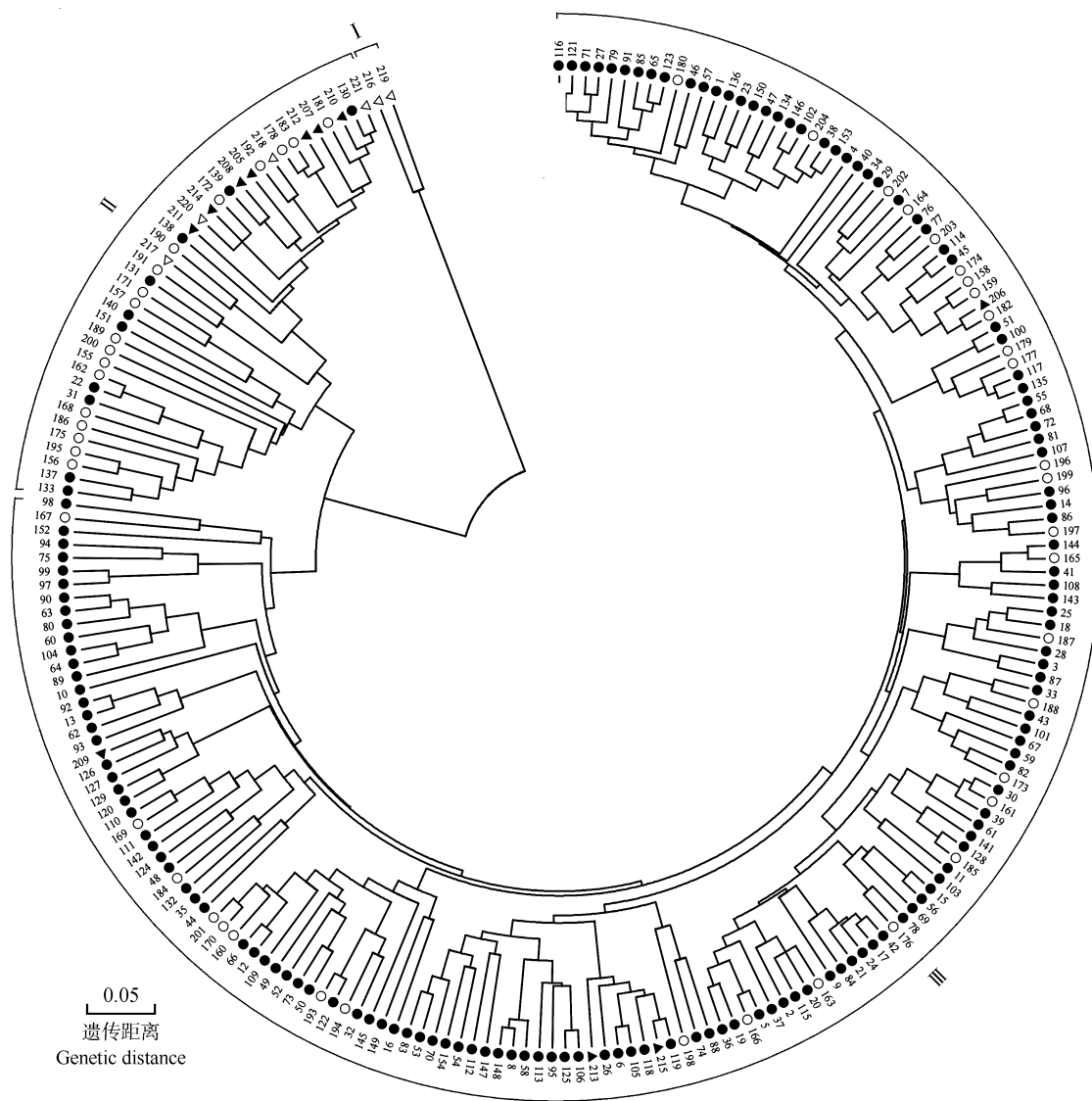
2.4 荔枝核心种质库的构建和评价

2.4.1 荔枝核心种质库构建 用PowerMarker V3.25

软件设置不同的取样比例并构建核心种质库,其遗传多样性参数见表6。

结果表明:取样比例为20%构建的核心品种(品系)群体能最大程度地保留原有品种(品系)群体的遗传多样性,其观测等位基因数、有效等位基因数、Shannon's信息指数、观测杂合度、期望杂合度的保留率分别为100%、100%、106%、103%和107%,表明该取样比例筛选出来的荔枝核心品种(品系)群体能充分体现原有品种(品系)群体的遗传多样性,可确作为荔枝核心种质库。

核心种质库包含44份品种(品系)(详见附录I),其中晚熟品种(品系)有31份,占晚熟品种(品系)总数的20.1%;主要为来源于海南的品种(品系)(18份),来源于福建和四川的品种(品系)分别有5和2份,来源于广东和广西的品种(品系)均有3份。中熟品种(品系)有8份,占中熟品种(品系)总数的16.0%;来源于广东、广西、福建和四川的品种(品系)各有2、3、1和2份。早熟品种(品系)有2份,分别来源于广东和福建,占早熟品种(品系)总数的18.2%;特早熟品种(品系)有3份,分别来源于广东、福建和四川,占特早熟品种(品系)总数的50.0%。总体上看,核心种质库包含的品种(品系)全面涵盖原有品种(品系)群体的果实成熟期和来源地,说明该核心种质库较全面地保留了供试荔枝品种(品系)的相关信息。



●: 晚熟品种(品系) Late-maturing cultivars (strains); ○: 中熟品种(品系) Mid-maturing cultivars (strains); ▲: 早熟品种(品系) Early-maturing cultivars (strains); △: 特早熟品种(品系) Extremely early-maturing cultivars (strains). 1-221: 品种(品系) 编号 Nos. of cultivars (strains).

图2 基于SNP分子标记的221份荔枝品种(品系)的UPGMA聚类图
Fig. 2 UPGMA clustering diagram of 221 cultivars (strains) of *Litchi chinensis* Sonn. based on SNP molecular markers

表6 按照不同取样比例构建的荔枝核心种质库的遗传多样性参数¹⁾
Table 6 Genetic diversity parameters of core collection of *Litchi chinensis* Sonn. constructed with different sampling ratios¹⁾

取样比例/% Sampling ratio	品种(品系)数 Number of cultivars (strains)	观测等位基因数 Number of observed alleles	有效等位基因数 Number of effective alleles	Shannon's 信息指数 Shannon's information index	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity
10	22	1.8(90%)	1.4(93%)	0.372(77%)	0.225(80%)	0.244(78%)
15	33	1.9(95%)	1.4(93%)	0.404(84%)	0.257(91%)	0.261(83%)
20	44	2.0(100%)	1.5(100%)	0.512(106%)	0.292(103%)	0.335(107%)
25	55	2.0(100%)	1.5(100%)	0.457(95%)	0.255(90%)	0.296(94%)
30	66	2.0(100%)	1.5(100%)	0.437(91%)	0.261(92%)	0.284(90%)
100	221	2.0	1.5	0.482	0.282	0.314

¹⁾ 括号内的百分数为保留率 The percentages in brackets are retention rates.

2.4.2 荔枝核心种质库评价 将荔枝核心种质库中包含的核心品种(品系)群体与原有品种(品系)群体和保留品种(品系)群体的遗传多样性参数进行对

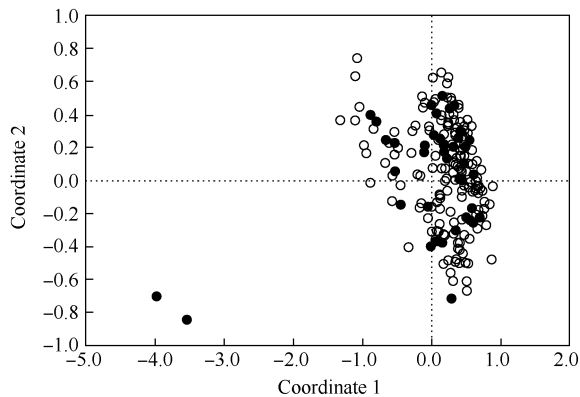
比,结果见表7;对荔枝核心品种(品系)群体与原有品种(品系)群体进行主坐标分析(PCoA),结果见图3。

表7 荔枝核心品种(品系)群体与其他品种(品系)群体的遗传多样性参数对比

Table 7 Comparison of genetic diversity parameters between core cultivar (strain) population and other cultivar (strain) populations of *Litchi chinensis* Sonn.

群体 ¹⁾ Population ¹⁾	品种(品系)数 Number of cultivars (strains)	观测等位基因数 Number of observed alleles	有效等位基因数 Number of effective alleles	Shannon's 信息指数 Shannon's information index	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity
C	44	2	1.5	0.512	0.292	0.335
I	221	2	1.5	0.482	0.282	0.314
R	177	2	1.5	0.471	0.280	0.307
t_{C-I}			0.7	0.521	0.834	0.589
t_{C-R}			0.7	0.413	0.800	0.493

¹⁾ C: 核心品种(品系) Core cultivar (strain); I: 原有品种(品系) Initial cultivar (strain); R: 保留品种(品系) Reserved cultivar (strain). t_{C-I} : 核心品种(品系)与原有品种(品系)间遗传多样性参数的 t 值 The t -value of genetic diversity parameters between core cultivar (strain) and initial cultivar (strain); t_{C-R} : 核心品种(品系)与保留品种(品系)间遗传多样性参数的 t 值 The t -value of genetic diversity parameters between core cultivar (strain) and reserved cultivar (strain).



●: 核心品种(品系) Core cultivar (strain); ○: 原有品种(品系) Initial cultivar (strain).

图3 荔枝核心品种(品系)与原有品种(品系)的主坐标分析结果
Fig. 3 Result of principal coordinates analysis on core cultivar (strain) and initial cultivar (strain) of *Litchi chinensis* Sonn.

由表7可见:核心品种(品系)群体的 Shannon's 信息指数、观测杂合度和期望杂合度均高于原有品种(品系)群体和保留品种(品系)群体,表明核心品种(品系)群体的遗传多样性相对较高。 t 检验结果显示:3个供试群体的遗传多样性参数均无显著差异,表明核心品种(品系)群体可以代表原有品种(品系)群体,且保留品种(品系)群体可作为核心种质库的备用资源。

由图3可见:核心品种(品系)均匀分布在整个供试群体中,且核心品种(品系)还包含特早熟品种

(品系)‘荷包荔’和‘三月红’,表明该荔枝核心种质库的代表性较强。

3 讨论和结论

3.1 荔枝品种(品系)的遗传多样性及变异来源

遗传多样性研究对植物种质资源的利用、保护和进化具有重要意义。本研究利用19对SNP引物对221份荔枝品种(品系)进行了遗传多样性研究,Shannon's 信息指数为0.236~0.692,观测杂合度为0.081~0.561,表明供试的荔枝品种(品系)样本具有较高的遗传多样性。荔枝群体遗传多样性丰富可能与其品种(品系)间的自然杂交有关。荔枝起源于云南,后沿着西江传播至海南,并在云南和海南分别驯化为特早熟和晚熟品种(品系),这2类品种(品系)进一步杂交形成早熟和中熟品种(品系)^[23];荔枝为异花授粉植物,遗传基础十分复杂,基因型为杂合型,荔枝品种(品系)间的自然杂交使其品种(品系)间的遗传物质交流频繁,引起遗传变异和遗传多样性的增加^[24]。

在基于SNP分子标记数据构建的UPGMA聚类图中,供试的221份荔枝样本可分为3组,I组的2份样本均属于特早熟品种(品系),Ⅲ组的绝大多数样本属于晚熟品种(品系);Ⅱ组中,靠近I组的样本多属于特早熟或早熟品种(品系),靠近Ⅲ组的样本

多属于中熟品种(品系)。在聚类图上,供试品种(品系)的分布整体呈现两端分别为特早熟和晚熟品种(品系)、中间为早熟和中熟品种(品系)的特点,基本符合“荔枝先独立驯化为特早熟和晚熟品种,这2类品种再进一步杂交形成早熟与中熟品种”^[23]的研究结论。但在聚类图中也出现少数不同果实成熟期的品种(品系)聚在同组的现象,这可能与不同区域之间的相互引种以及品种(品系)间的自然杂交有关。引种和自然杂交过程均可促进品种(品系)间的基因交流,进而产生具有多种遗传特性的后代,但若品种(品系)之间具有亲缘关系,则无论其果实成熟期是否一致,都有可能聚在一起。

3.2 荔枝品种(品系)的分类标准

目前,多根据果皮特征将荔枝品种(品系)分为尖突型、隆起型和平坦型3大类型,但这一分类体系并不能准确反映品种(品系)间的亲缘关系。随着分子生物技术的广泛应用,有研究者发现依据分子标记获得的荔枝样本的分组结果同时表现出依果实成熟期分组的特点,因而提出将果实成熟期作为荔枝品种资源分类的首要标准^[25]。Liu等^[26]基于RAPD分子标记技术,将60份荔枝样本按果实成熟期分为极早熟、早中熟和晚熟至极晚熟3组;基于SSR分子标记技术,傅嘉欣^[27]发现供试47份荔枝样本可分为3大组,分组结果与果实成熟期具有较好的一致性^[25];Liu等^[11]基于SNP技术,将96份荔枝样本按照果实成熟期聚为特早熟、早熟、中熟和晚熟4组。本研究中,供试221份荔枝品种(品系)的果实成熟期相差明显,且果实成熟期相差越大的荔枝群体,其遗传分化系数和遗传距离也越大,但在UPGMA聚类图中供试221份荔枝样本并未完全按照果实成熟期聚类,其中,Ⅲ组主要为晚熟和中熟品种(品系)并包含少量早熟品种(品系),而Ⅱ组中4个果实成熟期的品种(品系)均有。造成这一现象的原因可能与供试样本的数量有关,供试样本越多,携带的遗传信息越多,产生遗传变异的可能性越大,不确定的影响因子也更多。本研究中供试荔枝样本的期望杂合度(0.314)高于Liu等^[11]的研究结果(0.305),可见研究对象的有效样本量越大,产生遗传变异的可能性越大,其期望杂合度越高。

2021年,国家荔枝种质资源圃在茂名建成,收集了国内外700多份荔枝种源,今后应以尽可能多的种质资源为供试材料,开展多个分子标记和多个表型性

状的相关性研究,从整体上对荔枝种质的遗传背景和表型进行综合分析,以探讨将成熟期或其他性状作为荔枝种质分类新标准的科学性。

3.3 荔枝核心种质库的构建及其意义

保存大量的种质资源可为荔枝遗传改良和品种选育提供丰富的遗传基础,但荔枝为多年生乔木,树体高、占地面积大,这给荔枝种质资源的保存带来了一定的困难。构建荔枝核心种质库,可在有限的土地上保存更多的种质资源,实现遗传多样性保藏目标。

确定合理的取样比例是核心种质库构建面临的首要问题。目前,国内外不同植物核心种质库的取样比例为5%~30%,没有统一的标准。李自超等^[28]认为,构建核心种质库时的取样比例要根据原有样本的数量而定,原有样本数量大时核心种质库的取样比例可相对较小,反之,取样比例应相应增大。李冬波等^[29]对广西原产和引种的88份荔枝品种资源进行分析,构建了包含22份品种(品系)的核心种质库,占原有品种(品系)数的25%;Sun等^[30]分析了不同果实成熟期的96份荔枝样本,并筛选出22份核心样本,占原有样本数的23%;而本研究在供试的221份荔枝品种(品系)中筛选出44份样本构建了核心种质库,占原有品种(品系)数的20%。由此可见,随原有种质库中荔枝品种(品系)数的逐渐增多,核心种质库的取样比例逐渐减小,这在一定程度上佐证了李自超等^[28]的研究结论。

经PCoA主坐标分析和*t*检验,采用本研究方法构建的荔枝核心种质库包含的品种(品系)的遗传多样性参数与原有种质库无显著差异,且该核心种质库涵盖了原有种质库的所有品种(品系)的果实成熟期和来源地,说明构建的核心种质库具有很好的代表性,在实际育种工作中可优先考虑使用核心种质库的品种(品系)作为育种材料。当土地资源减少,无法保存所有供试品种(品系)的活植物时,应优先保存核心种质库的品种(品系),以维持其遗传多样性。

目前,早熟品种不优质是荔枝产业发展面临的主要问题之一,选育早熟优质荔枝品种(品系)是荔枝重要的育种目标。本研究表明:特早熟品种(品系)‘荷包荔’和‘三月红’与绝大多数品种(品系)的遗传距离较远,且为核心品种(品系),在早熟品种(品系)育种工作中可考虑选择‘荷包荔’和‘三月红’与优质荔枝品种(品系)进行杂交,以选育早熟优质荔枝品种(品系)。

参考文献:

- [1] 苏钻贤,杨胜男,陈厚彬,等. 2020年我国荔枝主产区的生产形势分析[J]. 南方农业学报, 2020, 51(7): 1598-1605.
- [2] 陈厚彬,苏钻贤. 2021年全国荔枝生产形势分析[J]. 中国热带农业, 2021(2): 5-18.
- [3] 傅玲娟,袁沛元. 广东海南野生荔枝多种类型的发现[J]. 中国果树, 1983(4): 21-25.
- [4] 吴仁山. 广西荔枝志[M]. 广州: 广东科技出版社, 1986: 104.
- [5] 吴淑娴. 中国果树志: 荔枝卷[M]. 北京: 中国林业出版社, 1998: 97.
- [6] 丁晓东,吕柳新,陈晓静,等. 利用RAPD标记研究荔枝品种的亲缘关系[J]. 热带亚热带植物学报, 2000, 8(1): 49-54.
- [7] 易干军,霍合强,陈大成,等. 荔枝品种亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 园艺学报, 2003, 30(4): 399-403.
- [8] 彭宏祥,曹辉庆,朱建华,等. 利用 AFLP 分子标记对广西荔枝优稀种质遗传多样性及分类研究[J]. 西南农业学报, 2006, 19(1): 108-111.
- [9] 沈庆庆,朱建华,彭宏祥,等. 桂西南早熟荔枝实生资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 广西植物, 2013, 33(2): 225-228.
- [10] 向旭,欧良喜,陈厚彬,等. 中国96个荔枝种质资源的 EST-SSR 遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(6): 1082-1092.
- [11] LIU W, XIAO Z D, BAO X L, et al. Identifying Litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) cultivars and their genetic relationships using single nucleotide polymorphism (SNP) markers[J]. PLOS ONE, 2015, 10(8): e0135390.
- [12] 胡福初,吴小波,陈哲,等. 基于 SRAP 分子标记的特早熟荔枝种质资源遗传多样性分析[J]. 热带作物学报, 2021, 42(4): 920-926.
- [13] 王建成,胡晋,黄歆贤,等. 植物遗传资源核心种质新概念与应用进展[J]. 种子, 2008, 27(5): 47-50.
- [14] ZHANG H L, ZHANG D L, WANG M X, et al. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 122(1): 49-61.
- [15] 王红霞,赵书岗,高仪,等. 基于 AFLP 分子标记的核桃核心种质的构建[J]. 中国农业科学, 2013, 46(23): 4985-4995.
- [16] 刘娟,廖康,曼苏尔·那斯尔,等. 利用 ISSR 分子标记构建南疆杏种质资源核心种质[J]. 果树学报, 2015, 32(3): 374-384.
- [17] 杨汉波,张蕊,王帮顺,等. 基于 SSR 标记的木荷核心种质构建[J]. 林业科学, 2017, 53(6): 37-46.
- [18] 李魁鹏,陈仕昌,程琳,等. 基于 SSR 标记构建广西杉木核心种质[J]. 广西科学, 2021, 28(5): 511-519.
- [19] 陈明堃,陈璐,孙维红,等. 建兰种质资源遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 园艺学报, 2022, 49(1): 175-186.
- [20] 宋健. 三个荔枝新品系的 DUS 测试及分子标记分析[D]. 广州: 华南农业大学园艺学院, 2016: 10-11.
- [21] 孙清明,李永忠,向旭,等. 利用 SNP 和 EST-SSR 分子标记鉴定荔枝新种质御全球[J]. 分子植物育种, 2013, 11(3): 403-414.
- [22] 聂传朋,陈丹丹,李焰焰. 基于 *matK* 部分序列福建茶树遗传多样性分析[J]. 生物学杂志, 2021, 38(6): 54-58.
- [23] HU G B, FENG J T, XIANG X, et al. Two divergent haplotypes from a highly heterozygous lychee genome suggest independent domestication events for early and late-maturing cultivars [J]. Nature Genetics, 2022, 54(1): 73-83.
- [24] 闫晓慧,胡世俊. 自然杂交对植物物种生存进化的影响[J]. 重庆师范大学学报(自然科学版), 2012, 29(2): 84-88, 107.
- [25] 刘伟,蒋依辉,袁沛元,等. SSR 和 SNP 标记在荔枝遗传育种中的应用[J]. 生物技术进展, 2017, 7(1): 7-12.
- [26] LIU C, MEI M. Classification of lychee cultivars with RAPD analysis[J]. Acta Horticulturae, 2005, 665: 149-159.
- [27] 傅嘉欣. 荔枝龙眼微卫星标记研发、育种应用及优异杂种单株选育[D]. 广州: 华南农业大学园艺学院, 2010: 50-68.
- [28] 李自超,张洪亮,曹永生,等. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 20-24.
- [29] 李冬波,徐宁,秦献泉,等. 广西原产和引种荔枝种质资源的遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 南方农业学报, 2020, 51(7): 1537-1544.
- [30] SUN Q M, BAI L J, KE L X, et al. Developing a core collection of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) based on EST-SSR genotype data and agronomic traits [J]. Scientia Horticulturae, 2012, 146: 29-38.

(责任编辑:吴蕊夷,惠红)

附录 I Appendix I

晚熟品种(品系) Late-maturing cultivars (strains)

来源地为广东 The origin is Guangdong: ‘雪怀子’ ‘Xuehuazi’ *; ‘罗二号’ ‘Luo 2’; ‘红荔’ ‘Hongli’; ‘七月青’ ‘Qiyueqing’; ‘红蜜荔’ ‘Hongmili’; ‘紫娘鞋’ ‘Ziniangxie’; ‘尚书怀’ ‘Shangshuhuai’; ‘香山鸡嘴荔’ ‘Xiangshan Jizuli’; ‘解放钟’ ‘Jiefangzhong’; ‘脆肉’ ‘Cuirou’ *; ‘新兴香’ ‘Xinxingxiang’; ‘岭丰糯’ ‘Lingfengnuo’; ‘脆绿’ ‘Cuilü’; ‘红灯笼’ ‘Hongdenglong’; ‘古村1号’ ‘Gucun 1’; ‘古村2号’ ‘Gucun 2’; ‘古村3号’ ‘Gucun 3’; ‘古村4号’ ‘Gucun 4’; ‘禾虾串’ ‘Hexiachuan’; ‘怀枝’ ‘Huazhi’; ‘井岗红糯’ ‘Jinggong Hongnuo’; ‘金银宝’ ‘Jinyinbao’; ‘糯米糍’ ‘Nuomici’; ‘粤北无核荔’ ‘Yuebei Wuheli’; ‘桂味’ ‘Guiwei’; ‘蜂糖罌’ ‘Fengtangying’; ‘桂红’ ‘Guihong’; ‘荷花大红荔’ ‘Hehua Dahongli’; ‘唐夏红’ ‘Tangxiahong’; ‘观音绿’ ‘Guanyinlü’; ‘庙种糯’ ‘Miaozhongnuo’; ‘美国糯’ ‘Meiyuannuo’; ‘小核淮枝’ ‘Xiaohu Huazhi’; ‘仙婆果’ ‘Xianpoguo’; ‘西园挂绿’ ‘Xiyuan Gualü’; ‘糯桂’ ‘Nuogui’; ‘凤山红灯笼’ ‘Fengshan Hongdenglong’; ‘英山红’ ‘Yingshanhong’; ‘仙进奉’ ‘Xianjinfeng’; ‘双肩玉荷包’ ‘Shuangjian Yuhebao’ *

来源地为广西 The origin is Guangxi: ‘灵山香荔’ ‘Lingshan Xiangli’; ‘贵妃红’ ‘Guifeihong’; ‘晚浦’ ‘Wanpu’; ‘钦州红’ ‘Qinzhouhong’ *; ‘范进明晚熟’ ‘Fanjinming Wanshu’; ‘鸡嘴荔’ ‘Jizuli’; ‘桂糯’ ‘Guinuo’; ‘绿驴’ ‘Lülv’; ‘糖驳’ ‘Tangbo’; ‘福玉’ ‘Fuyu’; ‘勾北’ ‘Goubei’; ‘范进明大红荔’ ‘Fanjinming Dahongli’; ‘北流尖叶’ ‘Beiliu Jianye’; ‘北流镇奉’ ‘Beiliu Zhenfeng’; ‘黄肉糯米糍’ ‘Huangrou Nuomici’ *; ‘广西丁香’

‘Guangxi Dingxiang’; ‘九龙荔’ ‘Jiulongli’ *

来源地为海南 The origin is Hainan: ‘鹅蛋荔’ ‘Edanli’ *; ‘大丁香’ ‘Dadingxiang’; ‘南岛无核荔’ ‘Nandao Wuheli’; ‘A4 无核荔’ ‘A4 Wuheli’; ‘新球蜜荔’ ‘Xinqiu Mili’; ‘海垦 21 号’ ‘Haiken 21’; ‘玉潭’ ‘Yutan’; ‘农美 9 号’ ‘Nongmei 9’; ‘澄迈’ ‘Chengmai’; ‘牛心’ ‘Niuxin’; ‘海垦 10 号’ ‘Haiken 10’; ‘临高 3 号’ ‘Lingao 3’; ‘海垦 24 号’ ‘Haiken 24’; ‘海垦 15 号’ ‘Haiken 15’; ‘琼山 6 号’ ‘Qiongshan 6’; ‘临高 1 号’ ‘Lingao 1’; ‘海垦 25 号’ ‘Haiken 25’ *; ‘青皮’ ‘Qingpi’ *; ‘青皮 1 号’ ‘Qingpi 1’; ‘岭南 39 号’ ‘Lingnan 39’ *; ‘美青’ ‘Meiqing’; ‘榆林丁香’ ‘Yulin Dingxiang’; ‘春腾’ ‘Chunteng’; ‘永 6’ ‘Yong 6’; ‘临高 2 号’ ‘Lingao 2’; ‘圆球’ ‘Yuanqiu’; ‘紫荔’ ‘Zili’; ‘海垦 18 号’ ‘Haiken 18’; ‘中山 5 号’ ‘Zhongshan 5’; ‘海垦 8 号’ ‘Haiken 8’; ‘海垦 4 号’ ‘Haiken 4’; ‘琼山 14 号’ ‘Qiongshan 14’; ‘新球’ ‘Xinqiu’; ‘海垦 6 号’ ‘Haiken 6’; ‘鸭姆笼’ ‘Yamulong’ *; ‘海垦 19 号’ ‘Haiken 19’; ‘海垦 22 号’ ‘Haiken 22’; ‘大果’ ‘Daguo’; ‘魁星 15 号’ ‘Kuixing 15’; ‘牛山’ ‘Niushan’; ‘白皮’ ‘Baipi’; ‘春 4’ ‘Chun 4’; ‘魁星 1 号’ ‘Kuixing 1’; ‘海垦 5 号’ ‘Haiken 5’; ‘岭南 15 号’ ‘Lingnan 15’; ‘春 25’ ‘Chun 25’; ‘魁星 2 号’ ‘Kuixing 2’; ‘魁星 12 号’ ‘Kuixing 12’; ‘海垦 11 号’ ‘Haiken 11’ *; ‘海垦 13 号’ ‘Haiken 13’ *; ‘苹果荔’ ‘Pingguoli’; ‘魁星 4 号’ ‘Kuixing 4’; ‘魁星 11 号’ ‘Kuixing 11’; ‘魁星 18 号’ ‘Kuixing 18’; ‘海垦 12 号’ ‘Haiken 12’; ‘魁星 9 号’ ‘Kuixing 9’; ‘魁星 3 号’ ‘Kuixing 3’ *; ‘魁星 7 号’ ‘Kuixing 7’ *; ‘佳圆’ ‘Jiayuan’ *; ‘胭脂红’ ‘Yanzhihong’ *; ‘魁星 13 号’ ‘Kuixing 13’ *; ‘昌洪’ ‘Changhong’ *; ‘魁星 6 号’ ‘Kuixing 6’ *; ‘魁星 16 号’ ‘Kuixing 16’ *; ‘海垦 26 号’ ‘Haiken 26’; ‘美蜜’ ‘Meimi’; ‘玉潭蜜荔’ ‘Yutan Mili’ *; ‘永 25’ ‘Yong 25’; ‘魁星 17 号’ ‘Kuixing 17’ *; ‘魁星 5 号’ ‘Kuixing 5’ *

来源地为福建 The origin is Fujian: ‘桶仔’ ‘Tongzai’; ‘四两果’ ‘Siliangguo’; ‘下邦枝’ ‘Xiabangzhi’ *; ‘乌叶舅’ ‘Wuyejiu’ *; ‘南海荔’ ‘Nanhaili’; ‘下番枝’ ‘Xiafanzhi’; ‘右叔公’ ‘Maoshugong’ *; ‘及第’ ‘Jidi’; ‘山枝’ ‘Shanzhi’; ‘蜜丁香’ ‘Midingxiang’; ‘蔡坑 2 号’ ‘Caikeng 2’; ‘黄埔荔’ ‘Huangpuli’; ‘蚝籽’ ‘Zhuizi’; ‘白荔枝’ ‘Bailizhi’; ‘尖叶’ ‘Jianye’ *; ‘皇帝舅’ ‘Huangdijiu’ *; ‘漳浦金钟’ ‘Zhangpu Jinzhong’; ‘绿荷包’ ‘Lühebao’; ‘香丸荔’ ‘Xiangwanli’; ‘小金钟’ ‘Xiaojinzhong’; ‘大金钟’ ‘Dajinzhong’; ‘扁荔’ ‘Bianli’; ‘霞浦荔’ ‘Xiapuli’; ‘水蜜’ ‘Shuimi’

来源地为四川 The origin is Sichuan: ‘合江糯米糍’ ‘Hejiang Nuomici’ *; ‘合江大红袍’ ‘Hejiang Dahongpao’ *; ‘楠木叶’ ‘Nanmuye’

中熟品种(品系) Mid-maturing cultivars (strains)

来源地为广东 The origin is Guangdong: ‘水晶球’ ‘Shuijingqiu’; ‘玫瑰露’ ‘Meiguilu’; ‘青皮甜’ ‘Qingpitian’; ‘白蜡’ ‘Baila’ *; ‘黑叶’ ‘Heiye’; ‘锦壳’ ‘Jinke’; ‘白油麻’ ‘Baiyouma’; ‘隔夜水’ ‘Geyeshui’; ‘金包银’ ‘Jinbaoyin’ *; ‘草莓荔’ ‘Caomeili’; ‘大红袍’ ‘Dahongpao’; ‘龙荔’ ‘Longli’

来源地为广西 The origin is Guangxi: ‘早埔’ ‘Zaopu’; ‘凤花’ ‘Fenghua’ *; ‘大锦种’ ‘Dajinzhong’; ‘下番荔 2 号’ ‘Xiafanli 2’; ‘葡萄荔’ ‘PutaoLi’; ‘普宁当地’ ‘Puning Dangdi’; ‘大果荔’ ‘DaguoLi’; ‘麻米’ ‘Mami’; ‘水荔’ ‘Shuili’ *; ‘青壳荔’ ‘QingkeLi’; ‘泰国荔’ ‘Taiguoli’; ‘越南荔’ ‘Yuenanli’; ‘北流冰糖荔’ ‘Beiliu Bingtangli’ *; ‘北流锦钟’ ‘Beiliu Jinzhong’; ‘玉荷包’ ‘Yuhebao’

来源地为海南 The origin is Hainan: ‘大果早熟’ ‘Daguo Zaoshu’

来源地为福建 The origin is Fujian: ‘兰竹’ ‘Lanzhu’; ‘九湖桂林’ ‘JiuHu Guilin’; ‘田家子’ ‘Tianjiazi’; ‘猪母乳’ ‘Zhumuru’; ‘蔡坑肉丸’ ‘Caikeng Rouwan’ *; ‘假桂荔’ ‘Jiaguili’; ‘无核珍珠’ ‘Wuhe Zhenzhu’; ‘台湾荔’ ‘Taiwanli’; ‘红蜜’ ‘Hongmi’; ‘桂花红’ ‘Guihuahong’; ‘硬枝早红’ ‘Yingzhi Zaohong’; ‘乌叶’ ‘Wuye’; ‘陈紫’ ‘Chenzi’; ‘十月荔’ ‘Shiyueli’; ‘踢死牛’ ‘Tasiniu’; ‘丛星’ ‘Congxing’

来源地为四川 The origin is Sichuan: ‘带绿’ ‘Dailu’; ‘绛纱兰’ ‘Jiangshalan’; ‘陀提’ ‘Tuoti’ *; ‘合江桂味’ ‘Hejiang Guiwei’ *; ‘乌泡’ ‘Wupao’; ‘合江妃子笑’ ‘Hejiang Feizixiao’

早熟品种(品系) Early-maturing cultivars (strains)

来源地为广东 The origin is Guangdong: ‘中山状元红’ ‘Zhongshan Zhuangyuanhong’ *; ‘水东黑叶’ ‘Shuidong Heiye’; ‘妃子笑’ ‘Feizixiao’; ‘大造’ ‘Dazao’

来源地为福建 The origin is Fujian: ‘状元红’ ‘Zhuangyuanhong’; ‘元红’ ‘Yuanhong’; ‘犀角子’ ‘Xijiaozi’; ‘白驳早红’ ‘Baibo Zaohong’ *; ‘马公壕’ ‘Magonghao’; ‘库林’ ‘Kulin’; ‘火烧本’ ‘HuoshaoBen’

特早熟品种(品系) Extremely early-maturing cultivars (strains)

来源地为广东 The origin is Guangdong: ‘早黑叶’ ‘Zaoheiye’; ‘三月红’ ‘Sanyuehong’ *

来源地为广西 The origin is Guangxi: ‘桂早荔’ ‘Guizaoli’; ‘广西三月红’ ‘Guangxi Sanyuehong’

来源地为福建 The origin is Fujian: ‘白北’ ‘Baibei’ *

来源地为四川 The origin is Sichuan: ‘荷包荔’ ‘Hebaoli’ *

*: 核心品种(品系) Core cultivar (strain).