

# 荔枝资源收集、保存和利用现状

张蕾<sup>1</sup>, 徐立<sup>1</sup>, 李焕苓<sup>2</sup>, 洪继旺<sup>1</sup>, 杨子琴<sup>1</sup>, 李松刚<sup>1</sup>, 王家保<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所, 海口 571101

2. 中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海口 571101

**摘要** 简述了国内外荔枝种质资源情况, 介绍了中国荔枝种质资源的考察、收集、保存情况, 综述了近些年荔枝种质资源表型评价、遗传多样性研究、核心种质库的构建等进展, 并提出了改进荔枝种质资源工作的建议。

**关键词** 荔枝; 种质资源; 保存; 核心种质库; 创新利用

荔枝 (*Litchi chinensis* Sonn.) 为无患子科 (Sapindaceae) 荔枝属植物, 原产于中国南部、越南北部地区和马来西亚。在中国, 荔枝有 2300 多年的栽培历史, 也是由中国传播到世界各地。17 世纪末, 荔枝从中国传入缅甸, 大约 100 年后传入印度和泰国。荔枝于 1870 年左右到达马达加斯加和毛里求斯, 1873 年由中国人引入夏威夷。1870—1880 年间, 它从印度抵达佛罗里达州, 1897 年引入加利福尼亚州。荔枝 1954 年由中国移民带到澳大利亚的昆士兰州, 1930—1940 年间抵达以色列<sup>[1]</sup>。目前全世界有 20 多个国家和地区有商业栽培, 中国、越南、泰国、印度、南非、马达加斯加、毛里求斯和澳大利亚是世界上主要的荔枝生产国。全世界荔枝收获面积约为 80 万  $\text{hm}^2$ , 年产量 360 万 t, 而中国荔枝的面积为 54 万  $\text{hm}^2$ , 2021 年产量为 250 万 t, 均居世界首位, 其次是印度。

随着荔枝产业的不断发展, 对品种更新换代的要求也逐渐提高, 而种质资源是培育优质、高产、抗病(虫)、抗逆新品种的物质基础, 是产业发展的战略性资源<sup>[2]</sup>。在漫长的演化和驯化栽培过程中, 荔枝产生了丰富的遗传多样性, 形成了丰富的种质资源, 为荔枝品种的选育提供了坚实的物质基础。

本文综述荔枝种质资源的考察、收集和保存现状, 以及近些年来种质资源的鉴定、评价和创新利用情况, 以期荔枝种质资源创新利用提供参考。

## 1 荔枝种质资源调查

### 1.1 世界荔枝种质资源分布

除中国外, 世界上荔枝生产国主要分布在东南亚地区, 如越南、印度、泰国、菲律宾、孟加拉国、印尼、马来西亚等国家, 非洲国家有南非, 美洲国家有

收稿日期: 2022-06-23; 修回日期: 2022-08-22

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1200204)

作者简介: 张蕾, 副研究员, 研究方向为荔枝种质资源和育种, 电子信箱: zhangleizhuzhu@163.com; 王家保(通信作者), 研究员, 研究方向为荔枝生物技术育种, 电子信箱: fdabo@163.com

引用格式: 张蕾, 徐立, 李焕苓, 等. 荔枝资源收集、保存和利用现状[J]. 科技导报, 2023, 41(4): 50-57; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2023.04.006

美国、巴西等。

### 1.1.1 越南

越南是荔枝的原产地之一,1942年一位法国科学家在巴维山脚下发现了野生荔枝树;1970年, Vu Cong Hau等在 Vinh Phuc省和广滨省森林中发现了许多野生荔枝树,证明了越南是荔枝的原产地之一。越南水果和蔬菜研究所收集并评价了33份种质,主栽的品种有7个,其中6个为早熟品种。

### 1.1.2 印度

印度是世界上第二大荔枝生产国,生产面积9.2万hm<sup>2</sup>,年产量约67万t。其种质资源是由中国传入。印度目前的栽培品种有41个,主要商业栽培品种‘shahi’‘china’‘early bedana’‘late bedada’‘bombai’‘mandraji’‘dehrrrose’‘early large red’‘calcuttia’<sup>[3]</sup>。

### 1.1.3 泰国

泰国荔枝很可能是在拉塔那科辛时代(自1782年以来)由中国商人和移民带人。萨穆特松克拉姆省仍存有一些树龄超过100年的树木。此外,在东部边境的2个省份Trad和Chanthaburi茂密的热带雨林中发现了称为“Seeraaman”的当地荔枝。泰国存在较为丰富的荔枝资源,特别是低需冷量的荔枝品种,应是多年驯化衍生而来。

### 1.1.4 菲律宾

菲律宾是荔枝属菲律宾种的原产地,菲律宾种不能食用,但与荔枝嫁接亲和,可做为砧木资源。荔枝由中国引入菲律宾没有准确的日期,最早记录为1916年,第一个有记录的开花事件在1931年。菲律宾的荔枝主栽品种有‘毛里求斯’‘Sinco’。‘毛里求斯’从南非引进,而‘Sinco’是从中国引进的。

### 1.1.5 澳大利亚

澳大利亚是为数不多的种植荔枝的南半球国家,荔枝引入澳大利亚70余年,目前收获面积约为1500hm<sup>2</sup>,产量3500t。澳大利亚目前只有一个主栽品种,由于产业较小,育种工作也未曾开展。

### 1.1.6 南非

南非荔枝生产面积仅1500hm<sup>2</sup>,产量8000t左右,大部分用于出口。南非是荔枝研究比较活跃的国家,近些年开展资源的引进,实生选种,也开展了

杂交育种工作,并报道选育出了几个优株。近年来南非科学家利用CRISP-Cas(Clustered regularly interspaced short palindromic repeats/Cas)技术开展荔枝基因编辑育种,进行了荔枝抗褐变育种研究。

## 1.2 国内荔枝种质资源分布

中国是荔枝的原产地,在云南、海南、广西等地考察发现大量野生荔枝资源<sup>[4-5]</sup>。

中国开展了大量的荔枝种质资源调查研究工作。新中国成立之初,经多次的野外实地考察,已在海南省西南部、广东省西南部、广西壮族自治区东南部和云南省南部山区发现有野生荔枝的生长分布,并发现多处原始野生荔枝林。

广东省在1959—1961年进行果树种质资源普查时进行了荔枝考察工作,1963、1965和1967年又重新对部分品种进行了复查,至1978年出版了《广东荔枝志》,记载了含海南荔枝资源在内的荔枝品种57个。《中国果树志 荔枝卷》<sup>[6]</sup>记载了广东荔枝品种87个。

广西从1958年起先后多次开展荔枝考察,其中1958—1963年的3次考察记载了广西各地的荔枝品种25~37个;1975年调查广西玉林品种有59个,1986年《广西荔枝志》<sup>[7]</sup>的编著者收集到荔枝资源134份,鉴定为64个品种(系);1986年全区果树资源普查记录荔枝名称90个。《中国果树志 荔枝卷》记载了广西荔枝品种50个。吴仁山等<sup>[8]</sup>调查了广西六万大山山脉的野生荔枝,从其植株形态、果实性状等特征与栽培种进行比较,认为它们是野生的,而不是栽培种的逸野。这些结果表明,广西是荔枝的原产地之一。

新中国成立后,福建对全省的荔枝种质资源进行了大量的调查研究,较为重要的是20世纪50年代的品种普查及70年代的复查,为荔枝资源的收集整理打下良好的基础。在此基础上,20世纪80年代由福建农学院曾建华等多位研究者对荔枝品种进一步调查、描述、摄影等,编写成《福建荔枝图谱》,书中记录描述了52个品种、品系及单株,绝大部分为福建当地资源。《中国果树志 荔枝卷》中记载了福建荔枝资源58份。

1974年,裴盛基等<sup>[9]</sup>在云南勐伦发现了野生荔

枝新变种,定名为光头荔枝(*Litchi chinensis* var *spontaneus* Pei)。更早一些时候,研究者在云南红河流域考察时发现了褐毛荔枝(*Litchi chinensis* Sonn. var *fulvosus* YQ. Lee),也称石屏酸荔枝,属于荔枝属的一个变种<sup>[10]</sup>。研究表明,荔枝的起源分别源于2个独立的驯化事件,极早熟荔枝品种由云南野生荔枝种群驯化而来,而晚熟的荔枝品种由海南野生荔枝种群驯化而来<sup>[11]</sup>。

多次海南荔枝种质资源调查<sup>[12]</sup>发现海南荔枝资源具有更丰富的遗传多样性,在海南各地均有分布,半野生资源以海口周边的羊山地区分布最为集中,文昌、琼海、白沙、儋州等各县市也有较为集中的连片分布。野生荔枝以霸王岭林区分布最集中,吊罗山、黎母岭等山区也有连片分布,形成不同的居群<sup>[13]</sup>。

杨佳珍等<sup>[14]</sup>调查了贵州省荔枝栽培与资源状况,发现贵州的荔枝自500余年前引进,在赤水河、都柳江、北盘江、南盘江等流域的下游及红水河上游的赤水、习水、榕江、从江、罗甸、望漠、册亨、贞丰、镇宁、关岭等十几个县的河谷、低山地带有荔枝广泛分布,以赤水县最多,栽培品种主要是来自四川的酸枝与大红袍。

刘忠等<sup>[15]</sup>对岷江下游四川地区的荔枝资源进行调查,结果表明荔枝古树主要沿岷江及其支流青衣江、大渡河的河谷分布,从29°05'N~29°48'N,从海拔340~600 m均有栽植,现存数量658株,均为高大乔木,树龄在100~300 a。根据果实性状特征,初步将荔枝古树资源分为6个类型。此次调查将荔枝的分布向北延伸。

## 2 中国荔枝种质资源收集、保存情况

### 2.1 原生境保存

建立自然保护区是原生境保存的有效手段之一,也是保护野生荔枝多样性的有效途径。1982年,经广东省人民政府批准并专门发文,在海南岛文昌县霸王岭林区的金鼓岭建立了46.7 hm<sup>2</sup>的野生荔枝保护区。目前,在海南省有5个国家级自然保护区和23个省级自然保护区,大部分保护区中

都有野生荔枝分布,野生荔枝资源得到了一定的保护。但作为中国荔枝种质资源重要基因库的琼山永兴、石山地区的半野生荔枝却没有得到很好的保护,遭到严重破坏,多样性日益减少,很有必要建立半野生荔枝保护地加强保护。位于广东省阳江市的鼎湖国家级自然保护区是中国建立的第一个自然保护区,面积1138 hm<sup>2</sup>,主要保护对象为包括野荔枝、鸡毛松等在内的南亚热带常绿阔叶林及珍稀动植物。近几年广东廉江已将谢鞋山半野生荔枝林建成旅游风景区加以保护和利用。广州市提议设立广州市海珠果树保护区,通过控制工业与城市用地阻止对果树保护区的蚕食,阻止生活和工业污水向果树保护区的排放,并建立若干个具有城市生态功能的公园或生产区来保护果树的正常生长与发育,其保护的對象主要是荔枝,特别是尚书怀等荔枝优稀品种。广西目前有国家级自然保护区8处,自治区级23处,地市、县级自然保护区31处,部分野生植物及森林生态类型保护区有荔枝生长,但没有专门设立荔枝资源保护区。在云南建立的西双版纳自然保护区中也有野生荔枝分布。通过这些保护区的建设,使中国野生、半野生荔枝种质资源得到了一定保护,留下了宝贵的材料。

另外,对于优良荔枝古树,各地亦采取了一定的原生境保护措施。如福建的‘宋家香’‘宋荔’‘灵山香荔’‘糯米糍’等,各地政府均将其定为县级重点文化保护植物,采用修建围墙、栅栏,防治病虫害等方法加以保护。

### 2.2 建圃保存

科学家们在对中国荔枝资源考察的基础上,收集了大量的优异资源进行建圃保存和鉴定。

在广东省保存资源较多的是广东省农业科学院国家果树种质广州荔枝香蕉圃,保存荔枝种质近600份,包括从全国各产区收集的不同类型资源和少量国外资源;其次是华南农业大学自建荔枝圃,收集保存荔枝资源180余份;东莞植物园备份保存了各类荔枝资源约500余份;2021年建成的茂名国家荔枝种质资源圃目前已经收集、保存了荔枝资源700余份。广西自治区农业科学院园艺所收集保存荔枝资源160余份;广西玉林农科院保存60多

份,以广西原生荔枝资源为主。云南省农业科学院热带亚热带经济作物研究所目前保存资源 100 份左右,以特色的褐毛荔枝、光头荔枝为主。海南省荔枝资源保存主要集中在 2 个省级种质资源圃:中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所保存荔枝种质资源 324 份,入圃保存资源以海南原生、野生荔枝资源为主;海南省农业科学院热带果树研究所保存荔枝资源 200 余份,入圃保存的资源多来自于羊山地区的半野生资源。中国台湾的荔枝均为早期由华南地区引进,目前台湾嘉义农业试验分所与凤山热带园艺试验分所共保存荔枝品种 47 个<sup>[16]</sup>。

### 2.3 离体保存

南非学者以包括荔枝在内的 4 种顽拗性种子植物的外植体为实验材料,研究超低温保存所需条件及程序步骤等,并给出 4 种材料超低温保存需注意事项<sup>[17]</sup>。曾继吾等<sup>[18]</sup>系统地研究了荔枝离体培养和体胚发生条件,首次建立了荔枝胚性悬浮细胞玻璃化法超低温保存技术。

## 3 荔枝种质资源的鉴定评价与创新利用

### 3.1 鉴定评价

荔枝种质资源收集、保存工作开展的同时,对荔枝资源的评价鉴定研究也随之开展。对荔枝资源的研究有表型的鉴定、评价,遗传多样性的研究,核心种质库的建立等。

对荔枝表型的评价,多侧重于果实性状,如果实的成熟期、形状、大小、色泽、龟裂片、裂片峰、缝合线、种子性状等,荔枝品种的分类也多依照果实性状分类,如按照成熟期分为早熟、中熟和晚熟品种,按照种子发育情况分为焦核和大核品种,按照果实大小分为大果型、中果型和小果型品种,按照龟裂片性状分为平坦、隆起、尖突等类型,按照果皮的颜色分为青皮、黄皮、红皮等类型<sup>[19]</sup>。也有学者对荔枝资源授粉受精特性及坐果性状进行评价比较<sup>[20]</sup>。可溶性固形物、可滴定酸等是常用的内在品质评价指标,其他评价指标体系,如有机酸、氨基

酸、糖组分及含量等近年亦有少量研究<sup>[21-22]</sup>。胡福初等<sup>[23]</sup>对荔枝资源矮化性状的鉴定评价也开展了一些研究。对病虫害抗性的评价也有学者进行了初步研究,如曹璐璐等<sup>[24]</sup>评价了 15 个荔枝品种果实对霜疫霉侵染的抗性等级,张新春等<sup>[25]</sup>建立了以果实和叶片为材料鉴定荔枝炭疽抗性的研究方法,李芳等<sup>[26]</sup>利用荔枝叶片建立了荔枝对炭疽病室内抗病评价体系,为准确评价资源的抗病性提供方法,范鸿燕等<sup>[27]</sup>评价了部分荔枝品种对荔枝蚜的抗性差异。但这些研究尚处于初步阶段,未见有深入研究的报道。

随后开展生化标记和 DNA 分子标记的研究,研究内容以遗传多样性及亲缘关系为多,陆贵锋等<sup>[28]</sup>利用 ISSR (inter-simple sequence repeat) 标记对广西荔枝进行遗传多样性分析;向旭等<sup>[29]</sup>对全国 96 份资源进行 EST-SSR (expressed sequence tag-simple sequence repeat) 遗传多样性分析,刘忠<sup>[30]</sup>研究了岷江下游荔枝资源遗传多样性,李焕苓等<sup>[31]</sup>研究了福建荔枝古树的遗传多样性,刘伟等<sup>[32]</sup>、田婉莹等<sup>[33]</sup>利用 SNP (single nucleotide polymorphism) 标记鉴定荔枝杂种后代等。这些研究中采用的标记数量较少,各研究之间的结果不尽一致。也有学者利用分子标记技术鉴定荔枝新品种,如孙清明等<sup>[34]</sup>利用 SNP 标记鉴定荔枝新品种‘御金球’,向旭等<sup>[35]</sup>鉴定荔枝新品种‘红灯笼’等。对海南荔枝资源而言,已有若干关于遗传多样性的研究,如魏守兴等<sup>[36]</sup>采用 ISSR、王家保等<sup>[37-38]</sup>采用 RAPD (random amplified polymorphic DN)、李明芳等<sup>[39]</sup>采用 SSR (simple sequence repeat)、李焕苓等<sup>[40]</sup>用 SSR 标记和 InDel (insertion and deletion) 标记分析了海南不同荔枝种质资源的遗传多样性。邓穗生等<sup>[41]</sup>采集了 6 个野生荔枝分布区的各 10 个样本,用 RAPD 技术研究发现,聚类结果与地理分布大致一致。也有学者利用微卫星技术对越南栽培荔枝品种和野生无患子科资源进行遗传多样性的分型,并将越南的荔枝种群分为 3 个类群,其中早熟类群和中熟类群有交集,说明了荔枝驯化过程的杂交起源<sup>[42]</sup>。近几年随着生物技术方法的进步,针对与理想性状密切相关的分子标记开发也取得了一定进展,如 Liu

等<sup>[43]</sup>研究发现SNP51位点C/C纯合荔枝品种为极早熟品种,T/T纯合为晚熟品种,C/T杂合则为早熟品种,该标记的开发可用于资源熟期的评价,更可用于后代群体熟期性状的早期鉴定;Ding等<sup>[44]</sup>利用荔枝早、晚花品种*LcFT1*基因启动子的差异,开发出分子标记,应用于早、晚花荔枝种质资源的鉴定。

核心种质的研究主要集中在核心种质的构建方法和核心种质代表性检验上,一般情况下,核心种质的建立分为4步:数据收集,评价参数选择,取样策略选择(取样方法、聚类方法、取样比例等),代表性检验。

目前,核心种质库的构建主要依据表型数据和分子数据,从数据类型方面分为以下3种情况:第1种是仅依赖表型数据构建核心种质库,如樱桃番茄<sup>[45]</sup>、樟树<sup>[46]</sup>、高粱<sup>[47]</sup>、薏苡<sup>[48]</sup>等;第2种是依赖ISSR、AFLP(amplified fragment length polymorphism)、SRAP、SSR(sequence-related amplified polymorphism)等分子标记构建核心种质库,如柚类<sup>[49]</sup>、核桃<sup>[50]</sup>、新疆野杏<sup>[51]</sup>、荔枝<sup>[52]</sup>等;第3种是基于表型数据和分子标记2方面的评价,最终确定核心种质,也是近年来采用最多的、结果最可靠的,如新疆野苹果<sup>[53]</sup>、海岛棉<sup>[54]</sup>、毛花猕猴桃<sup>[55]</sup>、刺梨<sup>[56]</sup>等。

越来越多的研究发现,整合形态农艺性状和分子标记等各类数据能更准确地检测个体间的遗传差异,提高核心种质遗传多样性。在荔枝上,Sun等<sup>[57]</sup>报道了结合16个果实性状和30对EST-SSR引物扩增的282条片段构建核心种质库的结果:用EST-SSR标记为依据,96份资源中入选了18份核心种质,而结合果实性状和EST-SSR标记,则入选了22份,后者覆盖了所有96份资源的表型性状和分子标记分型结果,可以代表96份资源的遗传多样性,说明表型结合分子标记是构建核心种质库较好的依据。马文朝<sup>[58]</sup>利用34对核心EST-SSR引物对384份荔枝种质资源进行遗传分析构建核心种质库,首先采用UPGMA法进行聚类,根据聚类结果,用位点优先与逐步聚类相结合的方法构建荔枝核心种质,结果表明,取样比例为8.98%时(33份种质)所构建的核心种质对原种质各项参数的保留率基本都达到了100%以上,符合核心种质的构建要

求,且所构建的核心种质不仅在分子水平上差异较大,在表观生态学上差异也比较明显,具有代表性和异质性。Wang等<sup>[59]</sup>通过SSR标记,从127份资源中选出38份核心种质,发现核心种质和原种质的遗传多样性指数无显著差异。

国外未见关于荔枝核心种质研究的报道。

### 3.2 创新利用

实生资源调查评价是选育新品种的重要途径。中国栽培的荔枝品种大多数是由实生选育获得的,如‘妃子笑’‘白糖罂’‘黑叶’等,近10年新推出的品种也多数由实生选种获得,如华南农业大学选出的‘庙种糯’‘唐夏红’‘井岗红糯’‘冰荔’等,广西农业科学院园艺研究所选育的‘贵妃红’‘草莓荔’‘钦州红荔’‘桂荔1号’‘桂荔2号’等,广东省农业科学院果树研究所选育的‘翡翠’‘北园绿’等。海南荔枝品种‘紫娘喜’‘无核荔枝’‘新球蜜荔’等均通过实生选育而出。随着国家对荔枝育种科研工作投入的加大,各个机构利用实生选育的优异资源开展了定向杂交育种,杂交群体数量呈指数级增长,近些年也推出了一些优良的新株系,如‘9918’‘仙桃荔’‘双喜荔’等。同时分子标记辅助育种、转基因育种等也取得了一定的进展。

在国外,荔枝种质资源的研究也有零星开展,侧重在引进品种的性状评价、实生后代的生化与分子标记鉴定等方面,与中国相比总体上较为落后。越南通过实生选种,选育了一些荔枝新品种进行商业化栽培;泰国通过自然选择,形成了一类特殊的热带型荔枝资源,该类型资源成花对低温条件的要求较为宽泛,易于成花。采用分子标记开展荔枝资源遗传多样性及开发分子标记的研究也有若干报道,但总体而言,研究所用的样品数量及标记数量也较少。

## 4 荔枝种质资源工作的建议

中国是荔枝原产地之一,丰富的种质资源为中国和世界荔枝产业的发展提供了品种,同时也为荔枝资源利用和品种选育提供基础。中国荔枝种质资源的收集、保存、评价和新品种的选育方面取得

了一定的成果,在产业发展中发挥了重要的作用,但仍然存在资源考察不全面、保存力度不足、重复保存、评价不深入系统、利用不足等问题。

#### 4.1 加大荔枝种质资源的收集、保存力度

加强种植资源的收集,拓宽现有种质资源的遗传背景,是资源研究和优良品种选育的基础。建议开展全面系统的调查工作,促进各省区单位的联合协作,增加资源的收集、保存量,特别是珍贵、濒危资源、古树资源的保存;明确政府主体责任,加强监管力度,部分优质古树资源可以责任落实到人,采取群众参与式保护;加强宣传工作,建立教育基地,增加科普课程,提高人们对资源重要性的认识,提高保护意识。

#### 4.2 加快荔枝种质资源的精准评价工作

目前中国荔枝资源的评价以表型评价为主,资源的评价不全面,也不够精准,缺乏基因型水平的评价。建议开展多年、多点的表型评价,开展品质、特意成分等性状的精准评价,开展荔枝资源对生物及非生物胁迫抗性的评价,发掘具有重要经济价值的资源。开发与理想性状相关的分子标记,如抗性、矮化、早熟、高糖等性状,提高资源的评价效率,从而提高资源的利用效率。

#### 4.3 加强荔枝资源的创新利用

中国对荔枝资源的创新还处在初级阶段,目前生产上的主栽品种及近些年选出的大部分品种,均是通过实生选种选出的。近些年在杂交育种、转基因方面取得了一些进展,但由于起步晚,与苹果、柑橘等大宗果树还存在明显差距。建议加强传统育种方法技术的改进,改进杂交育种方法,提高杂交育种效率,引进倍性育种、细胞融合等技术方法,创制资源。采用传统育种方法与现代生物技术手段相结合,利用分子标记对创制资源进行早期鉴定,缩短传统育种的时间进程,提高育种效率;运用如CRISPR/Cas等基因编辑技术方法,对目标性状基因进行编辑,定向创制具有目标性状的材料。

#### 参考文献(References)

[1] Menzel C M. Origin, distribution, production and trade[C]//

- Lychee Production in the Asia-Pacific Region. Bangkok: Food and Agricultural Organization of the United Nations Regional Office for Asia and the Pacific. 2002: 1-6.
- [2] 董玉琛. 作物种质资源学科的发展和展望[J]. 中国工程科学, 2001, 3(1): 1-5, 43.
- [3] Ghosh B, Mitra S K, Sanyal D. Litchi cultivars of west bengal, India[J]. Acta Horticulturae, 2001, 558(558): 107-113.
- [4] 徐祥浩, 彭浙, 薛日辉, 等. 关于野生荔枝的发现[J]. 园艺学报, 1964(4): 415-416.
- [5] 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.
- [6] 吴淑娟. 中国果树志 荔枝卷[M]. 北京: 中国林业出版社, 1998.
- [7] 广西农业科学院广西农业学校. 广西荔枝志[M]. 广州: 广东科技出版社, 1986.
- [8] 吴仁山, 张国辉, 胡友群, 等. 广西荔枝品种资源研究[J]. 作物品种资源, 1986(2): 15-19.
- [9] 裴盛基. 云南发现野生荔枝[J]. 热带植物研究, 1974(9): 36-40.
- [10] 李永清. 褐毛荔枝 *Lichi chinensis* var. *fulvosus* Lee Yeong Quing var. nvo.——荔枝属内一个新变种[J]. 荔枝科技通讯, 1989(2): 21-22.
- [11] 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.
- [12] 王家保, 杜中军, 陈业渊, 等. 海南荔枝种质资源研究进展[J]. 园艺学报, 2006, 33(6): 1377-1382.
- [13] 陈业渊. 海南荔枝种质资源考察收集、鉴定评价及分析[D]. 海口: 海南大学, 2012.
- [14] 杨佳珍, 王刚, 杭朝平. 贵州省荔枝、龙眼资源调查及区划[J]. 贵州农业科学, 1991, 19(4): 41-46.
- [15] 刘忠, 廖明安, 任雅君, 等. 岷江下游四川地区荔枝资源调查[J]. 果树学报, 2011, 28(5): 903-908.
- [16] Chang J W, Teng Y S, Yen C R. Litchi breeding in Taiwan[C]//Ke L S, Yen C R. Proceedings of a Symposium on Breeding of Fruit Crops in Taiwan, Pingtiung. 2013: 115-129.
- [17] Cassandra D N. Towards ameliorating some of the stresses associated with the procedural steps involved in the cryopreservation of recalcitrant-seeded germplasm[D]. Durban: University of KwaZulu-Natal, 2017.
- [18] 曾继吾. 几种果树种质资源超低温保存技术体系研究与应用[R]. 广州: 广东省农业科学院果树研究所, 2017.

- [19] 方超, 唐轩, 胡桂兵, 等. 荔枝 DUS 测试数量性状分级研究[J]. 果树学报, 2020, 37(5): 635-644.
- [20] 严倩, 吴洁芳, 姜永华, 等. 43 份荔枝种质资源的雌花受精与坐果评价[J]. 广东农业科学, 2019, 46(1): 28-35.
- [21] 沈庆庆, 朱建华, 彭宏祥, 等. 桂西南早熟荔枝实生资源果实性状的模糊综合评价[J]. 西南农业学报, 2011, 24(4): 1419-1424.
- [22] 蒋依辉, 刘伟, 金峰, 等. 35 个荔枝品种抗氧化活性评价[J]. 果树学报, 2020, 37(4): 553-564.
- [23] 胡福初, 陈哲, 赵杰堂, 等. 荔枝种质资源矮化相关形态指标的鉴定及综合评价[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(3): 775-785.
- [24] 曹璐璐, 孙进华, 王家保. 荔枝果实对霜疫霉侵染抗性评价体系建设及初步应用[J]. 热带作物学报, 2017, 38(1): 126-130.
- [25] 张新春, 肖茜, 高兆银, 等. 不同来源荔枝炭疽菌致病性差异的测定[J]. 果树学报, 2014, 31(2): 296-301, 344.
- [26] 李芳, 张蕾, 林祺英, 等. 荔枝对炭疽病室内抗病评价体系的建立[J]. 植物病理学报, 2022, doi: 10.13926/j.cnki.apps.000835.
- [27] 范鸿雁, 王祥和, 张新春, 等. 6 个荔枝品种对荔枝蟠抗性的初步鉴定[J]. 中国南方果树, 2011, 40(1): 42-44.
- [28] 陆贵锋, 黄川, 刘钰, 等. 24 份古荔枝种质资源 ISSR 遗传多样性分析(英文)[J]. 南方农业学报, 2017(2): 197-201.
- [29] 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.
- [30] 刘忠. 岷江下游荔枝资源与引种研究及其遗传多样性分析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2012.
- [31] 李焕苓, 赖钟雄, 陈义挺, 等. 66 份荔枝古树遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 热带作物学报, 2009, 30(4): 450-455.
- [32] 刘伟, 肖志丹, 蒋依辉, 等. 利用 SNP 标记鉴定荔枝杂种后代[J]. 分子植物育种, 2016, 14(3): 647-654.
- [33] 田婉莹, 孙进华, 李焕苓, 等. 利用分子标记技术鉴定荔枝杂交后代的研究[J]. 分子植物育种, 2015, 13(5): 1045-1052.
- [34] 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金球[J]. 分子植物育种, 2013, 11(3): 403-414.
- [35] 向旭, 欧良喜, 白丽军, 等. 利用 EST-SSR 分子标记鉴别荔枝新品种红灯笼[J]. 广东农业科学, 2010, 37(12): 130-133.
- [36] 魏守兴, 罗海燕, 谢子四, 等. 海南羊山地区半野生荔枝种质的 ISSR 分析[J]. 热带作物学报, 2009, 30(4): 445-449.
- [37] 王家保, 邓穗生, 刘志媛, 等. 海南荔枝(*Litchi chinensis* Sonn.) 主要栽培品种的 RAPD 分析[J]. 农业生物技术学报, 2006, 14(3): 391-396.
- [38] 王家保, 刘志媛, 徐碧玉, 等. 用正交设计优化荔枝 RAPD 反应体系[C]//中国热带作物学会第七次全国会员代表大会暨学术讨论会论文集. 海口: 中国热带作物学会, 2004: 295-301.
- [39] 李明芳. 荔枝 SSR 标记的研究及其对部分荔枝种质的遗传多样性分析[D]. 海口: 华南热带农业大学, 2003.
- [40] 李焕苓, 田婉莹, 孙进华, 等. 基于 SSR 和 InDel 标记的海南荔枝种质资源遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2018, 16(4): 1343-1356.
- [41] 邓穗生, 陈业渊, 张欣. 应用 RAPD 标记研究野生荔枝种质资源[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(3): 3288-3291.
- [42] Tran H, Kanzaki S, Triest L, et al. Analysis of genetic diversity of lychee (*Litchi chinensis* Sonn.) and wild forest relatives in the Sapindaceae from Vietnam using microsatellites[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2019, 66(8): 1653-1669.
- [43] Liu W, Xiao Z, Fan C, et al. Cloning and characterization of a flavonol synthase gene from *Litchi chinensis* and its variation among litchi cultivars with different fruit maturation periods[J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9: 567.
- [44] Ding F, Zhang S W, Chen H B, et al. Functional analysis of a homologue of the *FLORICAULA/LEAFY* gene in litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) revealing its significance in early flowering process[J]. Genes & Genomics, 2018, 40(12): 1259-1267.
- [45] 牛玉, 刘维侠, 杨衍, 等. 樱桃番茄核心种质资源构建策略[J]. 热带作物学报, 2019, 40(12): 2356-2363.
- [46] 钟永达, 刘立盘, 李彦强, 等. 中国樟树初级核心种质取样方法与策略研究[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2020, 40(4): 1-13.
- [47] 李萌, 秦慧彬, 王宇楠, 等. 基于农艺性状指标的山西高粱地方品种核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2021, 22(1): 174-182.
- [48] 李秀诗, 付瑜华, 周祥, 等. 基于表型性状的薏苡初级核心种质库构建[J]. 热带作物学报, 2020, 41(4): 669-675.
- [49] 刘勇. 柚类资源分子系统学及其核心种质构建研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2005.

- [50] 吴涛, 陈少瑜, 肖良俊, 等. 基于 SSR 标记的云南省核桃种质资源遗传多样性及核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(3): 767-774.
- [51] 刘娟, 廖康, 赵世荣, 等. 利用 ISSR 分子标记构建新疆野杏核心种质资源[J]. 中国农业科学, 2015, 48(10): 2017-2028.
- [52] 白丽军. 荔枝 EST-SSR 分子标记开发应用及核心种质构建[D]. 雅安: 四川农业大学, 2010.
- [53] 张春雨. 新疆野苹果(*Malus sieversii*)群体遗传结构与核心种质构建方法[D]. 泰安: 山东农业大学, 2008.
- [54] 王莉萍. 海岛棉表型性状遗传多样性分析及核心种质构建方法的研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2016.
- [55] 邹梁峰. 毛花猕猴桃雄株核心种质构建及遗传多样性分析[D]. 南昌: 江西农业大学, 2019.
- [56] 鲁敏, 张怀山, 白静, 等. 基于果实品质与 EST-SSR 标记的刺梨居群遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 分子植物育种, 2020, 18(9): 3098-3106.
- [57] 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.
- [58] 马文朝. 荔枝种质遗传多样性分析与核心种质构建[D]. 广州: 华南师范大学, 2012.
- [59] Wang Y, Fu J X, Pan J, et al. Construction of core collection of lychee by ssr marker[J]. Acta Horticulturae, 2014(1029): 87-92.

## Collection, conservation and utilization of lychee (*Litchi chinensis* Sonn.) resources

ZHANG Lei<sup>1</sup>, XU Li<sup>1</sup>, LI Huanling<sup>2</sup>, HONG Jiwang<sup>1</sup>, YANG Ziqin<sup>1</sup>, LI Songgang<sup>1</sup>, WANG Jiabao<sup>1\*</sup>

1. Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China

2. Environment and Plant Protection Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China

**Abstract** The situation of lychee(*Litchi chinensis* Sonn.) germplasm resources abroad and the investigation, collection and preservation of lychee germplasms in China were introduced in this paper. The phenotypic evaluation, genetic diversity research and the construction of core collection of lychee germplasms in recent years were summarized, and some points for improving lychee germplasm research were recommended.

**Keywords** lychee; germplasms; conservation; core collection; innovation and utilization ●



(责任编辑 刘志远)