

基于 SSR 荧光标记的杧果核心种质构建

唐玉娟, 赵 英*, 宋恩亮, 张 宇, 郭丽梅, 黄国弟, 李 翔**, 罗世杏**

广西亚热带作物研究所/广西杧果产业绿色高效发展工程研究中心/广西亚热带特色水果质量安全控制重点实验室, 广西南宁 530001

摘 要: 种质资源是杧果新品种培育与产业持续发展的关键物质支撑, 其高效保存与利用对杧果研究具有重要意义。本研究以 431 份杧果种质为材料, 结合不同取样策略和遗传距离, 通过 UPGMA 聚类法筛选杧果核心种质构建的最优取样策略组合, 并构建核心种质。结果显示: 12 对引物的平均有效等位基因数 (N_e) 为 4.0993、平均 Shannon's 信息指数 (I) 为 1.534、平均 Nei's 多样性指数 (H) 为 0.7361, 表明杧果种质具有丰富的遗传多样性。遗传多样性参数 t 检验结果表明, 位点优先取样策略与 Nei & Li 遗传距离组合构建的核心种质中, N_e 、 H 、 I 在所有测试群体中均最高, 分别为 4.2603、0.7486 和 1.5855, 说明该组合是构建杧果核心种质的最优方法; 构建的核心种质包含 85 份种质, 占原种质比例的 19.72%, 其 N_e 、 I 、 H 的保留率分别达 103.93%、103.35%、101.45%, 说明核心种质虽在数量上远少于原种质, 但在遗传多样性相关指标上表现更优。主坐标轴分析显示, 核心种质的分布较均匀地覆盖了原种质在主坐标空间中的分布范围, 表明核心种质能够较为全面地保留原种质的遗传多样性特征, 具有良好的代表性。

关键词: 杧果; SSR; 核心种质; 位点优先取样策略; 遗传距离

中图分类号: S667.7

文献标志码: A

Construction of Core Germplasm of Mango Based on SSR Fluorescent Markers

TANG Yujuan, ZHAO Ying*, SONG Enliang, ZHANG Yu, GUO Limei, HUANG Guodi, LI Xiang**, LUO Shixing**

Guangxi Subtropical Crops Research Institute / Guangxi Engineering Research Center of Green and Efficient Development for Mango Industry / Guangxi Key Laboratory of Quality and Safety Control for Subtropical Fruits, Nanning, Guangxi 530001, China

Abstract: Germplasm resources are the key material support for the breeding of new mango varieties and the sustainable development of the industry, and the efficient conservation and utilization are of great significance for mango research. In the study, 431 mango germplasm accessions were used. Combining different sampling strategies and genetic distances, the optimal sampling strategy combination for constructing the mango core collection was screened by the UPGMA clustering method, and the core collection was subsequently established. The results showed that the average effective number of alleles (N_e), average Shannon's information index (I), and average Nei's diversity index (H) of 12 pairs of primers was 4.0993, 1.534 and 0.7361, respectively, indicating that the mango germplasm possessed rich genetic diversity. The t -test results of genetic diversity parameters revealed that the core collection constructed by the combination of the locus priority sampling strategy and Nei & Li genetic distance had the highest N_e , H and I among all tested groups, with value of 4.2603, 0.7486 and 1.5855, respectively, demonstrating that the combination was the optimal method for constructing the mango core collection. The established core collection comprised 85 accessions, accounting for 19.72% of the original germplasm. The retention rate of N_e , I and H in the core collection reached 103.93%,

收稿日期 2025-11-02; 接受日期 2025-11-25

基金项目 广西自然科学基金项目 (No. 2021GXNSFBA196011); 广西农业科学院基本科研业务专项 (桂农科 2025YP132); 广西创新驱动发展专项 (桂科 AA22068098-1)。

作者简介 唐玉娟 (1987—), 女, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 杧果遗传育种; *同等贡献作者: 赵 英 (1980—), 女, 硕士, 高级农艺师, 研究方向: 杧果遗传育种。**通信作者 (Corresponding author): 罗世杏 (LUO Shixing), E-mail: 89192196@qq.com; 李 翔 (LI Xiang), E-mail: 42859433@qq.com。

103.35% and 101.45%, respectively, indicating that although the core collection was much smaller in quantity than the original germplasm, it exhibited superior performance in genetic diversity-related indicators. Principal coordinate analysis (PCoA) showed that the distribution of the core collection uniformly covered the distribution range of the original germplasm in the principal coordinate space, suggesting that the core collection could comprehensively retain the genetic diversity characteristics of the original germplasm and had good representativeness.

Keywords: mango; SSR; core germplasm; locus-priority sampling strategy; genetic distance

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2026.03.006

芒果 (*Mangifera indica* Linnaeus) 凭借其品质与营养价值, 享有“热带果王”的美誉。近年我国芒果产业迅猛发展, 2023 年全国种植面积达 39.5 万 hm^2 (农业农村部农垦局), 芒果产业已成为热带地区经济发展的重要支柱。种质资源是芒果新品种培育与产业持续发展的关键物质支撑, 近年来, 研究人员持续开展国内芒果种质资源的系统性考察与收集, 同时积极推进国外优质种质的规模化引进, 截至目前我国芒果种质资源的保存总量约 1000 份, 规模位列世界第二^[1]。丰富的种质资源为芒果遗传改良研究提供了充足材料, 但庞大的数量也给资源的长期保存管理及高效开发利用带来了诸多挑战。核心种质的构建是解决资源收集量与深入评价及有效利用之间矛盾的有效途径。因此, 针对我国现有芒果种质资源构建核心种质, 对于芒果种质的保存、新品种选育和开发利用具有重要的理论价值与实践指导意义。

核心种质的概念最早由 FRANKEL^[2-3]提出, 随后 BROWN^[4]对该概念进行了完善: 即以最小的资源样本量, 最大限度地涵盖整个种质库的遗传多样性。近年来, 核心种质研究蓬勃发展, 国内外学者成功构建了水稻^[5]、高粱^[6]、玉米^[7]、小麦^[8]、大麦^[9]、大豆^[10]、谷子^[11]、马铃薯^[12]等主要粮食作物的核心种质。随着研究推进, 园艺作物核心种质的构建研究也逐步展开, 葡萄^[13]、荔枝^[14]、山杏^[15]、番茄^[16]、苹果^[17]、梨^[18]等也相继构建了核心种质。核心种质的构建数据主要依赖形态标记与分子标记两大类。对于树体高大、生长周期长的果树而言, 表型数据的获取需要耗费大量时间, 而基于 DNA 多态性开发的分子标记, 不会受到植物生长阶段与环境条件的影响, 在遗传多样性评估及核心种质构建工作中具有突出的适用性。当前, 芒果分子标记研究的重点主要集中在遗传多样性分析领域^[19-21], 未见有关分子标记构建芒果核心种质的相关研究报道。SSR 荧光技术作为针对 SSR 扩增产物的荧光测序检测

体系, 能够精准测定目标 DNA 片段的大小, 甚至可区分仅 2 bp 差异的片段。相较于目前广泛应用的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测技术, 该技术具有更高的准确性与重复性, 可用于高通量 DNA 指纹图谱的构建^[22-24]。

本研究选取 431 份芒果种质资源作为试验材料, 运用 SSR 荧光标记技术, 系统对比不同取样策略与遗传距离的遗传多样性参数, 筛选构建芒果核心种质的最优策略组合, 在此基础上完成核心种质的构建与检验, 为芒果种质资源的高效保存、新品种选育及开发利用提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 材料

431 份供试种质芒果均种植于国家芒果种质资源保护广西创新基地, 其地理来源分布如下: 广西 227 份、云南 100 份、四川 17 份、贵州 15 份、台湾 8 份、海南 2 份、广东 2 份, 国外 60 份 (含美国、澳大利亚、印度、缅甸、越南、泰国等)。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 于 2023 年 5 月采集健康芒果叶片, 参照王家保等^[25]的方法提取 DNA 并进行检测。

1.2.2 引物合成 课题组前期通过全基因组重测序技术成功开发了芒果 SSR 标记, 从合成的 200 对 SSR 引物中筛选出 12 对 SSR 引物。在筛选出的每对 SSR 引物 5' 端添加荧光标记 FAM (6-carboxy-fluorescein)。试验所用荧光引物由上海英骏生物技术有限公司合成。

1.2.3 PCR 扩增 PCR 扩增体系及程序参照本课题组唐玉娟等^[26]的方法。PCR 扩增产物经过纯化后在美国 ABI3730 基因测序仪上进行荧光检测, 收集原始数据。

1.2.4 数据统计与分析 利用 Gene Mapper 3.0 软件分析 ABI3730 收集的数据, 利用 PopGen 32

和 Power Marker 3.25 软件计算遗传多样性指标和多态性信息含量。

1.2.5 核心种质构建 采用 SM 和 Nei&Li 相似性系数，利用 NTSYSpc-2.10 软件，通过 UPGMA 聚类法对不同种质群进行抽样并构建聚类图，具体抽样流程参照 HU 等^[27]的研究方法。NLA：采用 Nei&Li 遗传距离、位点优先取样法构建的种质群；NLR：采用 Nei&Li 遗传距离、随机取样法构建的种质群；SMA：采用 SM 遗传距离、位点优先取样法构建的种质群；SMR：采用 SM 遗传距离、随机取样法构建的种质群。

1.2.6 核心种质的评价与确认 利用相关软件对核心种质和原种质的遗传多样性参数进行 *t* 检验，评价核心种质的代表性；利用 NTSYSpc-2.10 软件中的 EIGEN 模块对核心种质进行主坐标分析。

2 结果与分析

2.1 杧果种质资源遗传多样性分析

本研究从课题组前期获得的重测序数据中开发出 200 对 SSR 引物，以表型差异较大的 5 份杧果种质的基因组 DNA 为模板进行 PCR 扩增，根据条带清晰度、多态性、稳定性及特异性筛选引

物（图 1），最终筛选出 12 对荧光引物用于 431 份杧果种质的遗传多样性分析（表 1）。

由表 2 可知，12 对引物的观测等位基因数在 4~11 之间，平均等位基因数为 7.5833；有效等位基因数在 2.4785~6.3256 之间，平均值为 4.0993；shannon’s 指数变异范围介于 1.003~1.9459 之间，平均值为 1.534；Nei’s 基因多样性指数介于 0.5965~0.8419 之间，平均值为 0.7361。多态信息含量 PIC 分布范围在 0.5243~0.8226 之间，平均值为 0.6962。上述结果表明，本研究筛选的引物在 431 份种质中的多态性较高，说明杧果种质具有丰富的遗传多样性。

2.2 核心种质的构建

由图 2 可知，随着取样阶段的推进，所有组合保留的多态性位点数均呈下降趋势。第 1 次取样后，NLA、SMA、NLR、SMR 这 4 个种质群分别丢失 2、3、5、6 个多态性位点；第 2 次取样后，丢失数量分别增至 6、6、13、13 个；第 3 次取样后，丢失数量进一步分别上升至 10、13、21、21 个。由此可见，位点优先取样策略构建的核心种质能保留更多多态性位点。这一结果表明，该策略更适用于杧果核心种质的构建。

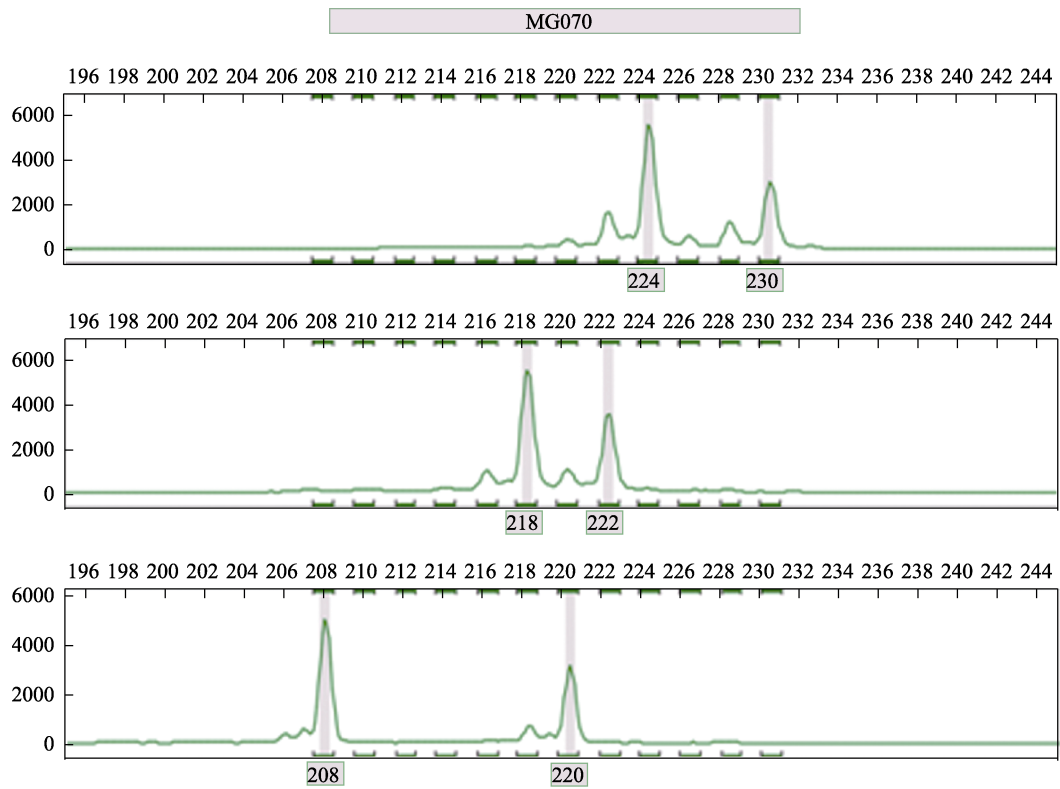


图 1 部分种质在 MG070 引物中的扩增图
Fig. 1 Amplification maps of some germplasms in primer MG070

表 1 引物相关信息
Tab. 1 Information related to primers

编号 No.	引物名称 Primer name	正向引物序列 (5'-3') Forward primer sequence (5'-3')	反向引物序列 (5'-3') Reverse primer sequence (5'-3')
1	MG027	GAGGCCAACTCAAACAAGGA	TGGCTTCTGTCTCTCTGGGT
2	MG061	CAAAATCCGACTTACCCGAA	TCCACCATCATCTTCACCAA
3	MG070	TGGAATTGTGGTTGCAGTGT	GTTACCTGCAGATGGGTTT
4	MG085	ATGGTGGTTCAAGATTCGGA	CGTTTCTGGGTTTCTGCAAT
5	MG106	AATCTTTCTCAGCAGGGGGT	ATCTCCACCAATGAAGTCCG
6	MG129	CATAAGCAGAGCGAAGGGAG	TTGGTACTTGATCTGCGTGG
7	MG131	TTAACTTGCTCCACCCAACC	GGGACCTTGTTTCTTGACAA
8	MG137	CATGGGAAAATTTGGGACAC	TCAGAATCCCATGCACAAAA
9	MG155	GAGGATAGCCACTTCCACCA	ACCTTCACCCACCTCCTTCT
10	MG158	ACTTTCGCTACCGTGAAGA	TTTAGGATGATGAGGTCGGC
11	MG166	TTCATGAGGTGCTGGTGAAG	ACGAACCAGGATCAGGAAGA
12	MG178	ACACCTCCCTGGGAACTTT	CTTGAGCAAAGGGTGCAAAT

表 2 基于 SSR 标记的 431 份芒果种质资源遗传多样性
Tab. 2 Genetic diversity of 431 mango germplasm accessions based on SSR markers

引物名称 Primer name	观测等位 基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	Shannon's 指数 I	Nei's 基因多样 性指数 H	多态信息 含量 PIC
MG027	10	3.8771	1.5799	0.7421	0.7025
MG037	4	2.4785	1.0030	0.5965	0.5243
MG070	10	4.8641	1.8401	0.7944	0.7706
MG085	8	6.3256	1.9459	0.8419	0.8226
MG106	6	3.0039	1.2172	0.6671	0.6019
MG129	10	5.9400	1.9193	0.8316	0.8111
MG131	5	2.9821	1.2218	0.6647	0.6115
MG145	11	3.9715	1.7044	0.7482	0.7184
MG150	9	3.8720	1.5467	0.7417	0.7077
MG158	5	2.8425	1.2117	0.6482	0.5948
MG166	7	4.4228	1.5907	0.7739	0.7391
MG178	6	4.6119	1.6274	0.7832	0.7502
Mean	7.5833	4.0993	1.5340	0.7361	0.6962

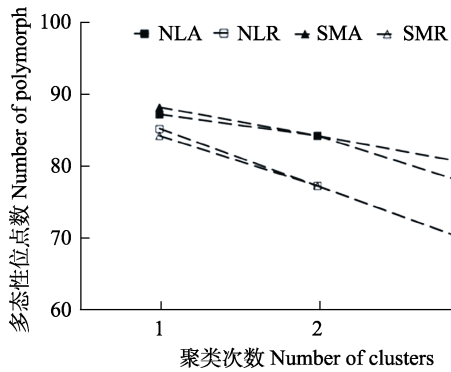


图 2 不同聚类次数下不同取样组合的多态性位点数
Fig. 2 Number of polymorphic loci of different sampling combinations under different number of clusters

由表 3 可知, 衡量遗传多样性的关键参数 N_e 、 H 、 I 在各种质群中的排序为 $NLA > SMA > NLR > 原种质 > SMR$ 。从聚类策略与取样方式来看, 基于 SM 遗传距离聚类时, 位点优先取样的 SMA 群体的 N_e 、 H 、 I 均优于原种质, 随机取样的 SMR 群体则反之; 基于 Nei&Li 遗传距离聚类的 2 个群体 (NLA、NLR), 其 3 项参数均高于原种质; NLA 策略构建的含有 85 份材料的种质群中, 其 N_e 、 H 和 I 在所有群体中最高, 分别为 4.2603、0.7486、1.5855。因此, 最终确定 NLA 为本研究的核心种质。

表 3 原种质与各取样组合种质群的遗传多样性比较
Tab. 3 Comparison of genetic diversity between original germplasms and germplasm population of different sampling combinations

种质 Germplasms	种质数量 Number of germplasms	有效等位基 因数 N_e	Nei's 基因多 样性指数 H	Shannon's 指数 I
原种质	431	4.0933	0.7361	1.5340
SMR	85	4.0431	0.7343	1.5254
SMA	88	4.2418	0.7468	1.5761
NLR	85	4.2061	0.7431	1.5729
NLA	82	4.2603	0.7486	1.5855

2.3 核心种质的评价

由表 4 可知，在核心种质与原种质的 t 检验结果中，核心种质的 N_e 、 H 、 I 这三项指标与原种质无显著差异，但其数值均高于原种质，说明核心种质保留了原种质的遗传多样性且代表性良好。

表 4 核心种质与原种质 t 检验
Tab. 4 T-test results between core germplasms and original germplasms

种质 Germplasms	有效位点等位 基因 N_e	Nei's 多样性 指数 H	Shannon's 指数 I
原种质	4.0933±1.2086	0.7361±0.0767	1.5340±0.3073
核心种质	4.2603±1.2234	0.7486±0.0734	1.5855±0.3022
t	0.324	0.413	0.349

由表 5 可知，核心种质占原种质的 19.72%，保留种质占原种质的 80.28%；核心种质的 N_e 为 4.2603，较原种质（4.0993）有所增加，保留率达 103.93%；保留种质的 N_e 为 4.0342，略低于原种质，保留率为 98.41%；核心种质的 H 为 0.7468，高于原种质的 0.7361，保留率为 101.45%；保留种质的 H 为 0.7316，稍低于原种质，保留率为

表 5 原种质、核心种质和保留种质遗传多样性对比
Tab. 5 Comparison of genetic diversity among original germplasms, core germplasms and reserved germplasms

种质 Germplasms	种质数量 Number of germplasms	有效等位基 因数 N_e	Nei' 基因多 样性指数 H	Shannon's 指数 I
原种质	431.0000	4.0993	0.7361	1.5340
核心种质	85.0000	4.2603	0.7486	1.5854
保留率/%	19.72	103.93	101.45	103.35
保留种质	346.0000	4.0342	0.7316	1.5113
保留率/%	80.28	98.41	99.39	98.52

99.39%；核心种质的 I 为 1.5854，高于原种质的 1.5340，保留率为 103.35%；保留种质的 I 为 1.5113，略低于原种质，保留率为 98.52%。综上，核心种质虽在数量上远少于原种质，但在遗传多样性相关指标上均表现更优。

2.4 核心种质的确认

由图 3 可知，核心种质的分布较为均匀，覆盖了原种质在主坐标空间中的分布范围，表明通过位点优先取样策略基于 Nei & Li 遗传距离所构建的核心种质，能够较为全面地保留原种质的遗传多样性特征，具有良好的代表性。

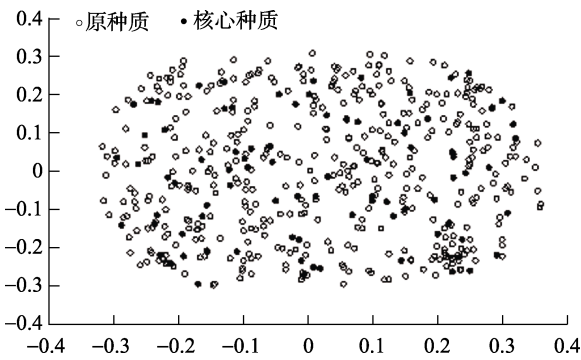


图 3 核心种质与原种质的主坐标分布
Fig. 3 Coordinate distribution of core germplasms and original Germplasms

2.5 核心种质聚类分析

本研究构建的核心种质包含 85 份材料（表 6），其地理来源分布如下：广西来源最多，共 46 份，占核心种质总数的 54.1%；云南次之，共 16 份，占比 18.8%；其余材料分别来自贵州（6 份）、四川（2 份）、海南（1 份）、台湾（1 份）以及国外（13 份）。核心种质各来源地占各地取样数的抽样比分别为 20.6%、15.1%、21.7%、40%、11.8%、50%、12.5%。利用 SSR 荧光标记对上述 85 份核心种质进行扩增和聚类分析，结果（图 4）显示：核心种质的相似系数变异范围在 0.69~0.89 之间，当遗传相似性系数为 0.69 时，核心种质可划分为 2 个类群，其中葡萄杧单独聚为一类，剩余 84 份材料聚为另一类；当遗传相似性系数提高至 0.70 时，第一类群又细分为 2 个亚群：第一亚群包含 78 份材料，涵盖广西、云南、贵州、国外等各来源地；第二亚群包含 6 份材料，全部来自广西。该核心种质的聚类结果呈现出各地区间种质交叉相聚特征。

表 6 核心种质
Tab. 6 Core germplasms

序号 No.	种质名称 Germplasm name	来源 Origin	序号 No.	种质名称 Germplasm name	来源 Origin
1	田丁 20-2 Tian ding 20-2	中国云南	44	桂热杧 276 号 Gui re 276	中国广西
2	百东 18-4 Bai dong 18-4	中国广西	45	桂热杧 282 号 Gui re 282	中国广西
3	龙圩 20-1 Long xu 20-1	中国广西	46	桂热杧 71 号 Gui re 71	中国广西
4	百东 18-15 Bai dong 18-15	中国广西	47	桂热杧 78-1 Gui re 78	中国广西
5	百东 19-32 Bai dong 19-32	中国广西	48	红花 Hong hua	中国广西
6	百东 18-21 Bai dong 18-21	中国广西	49	金蜜香杧 Jin mi xiang mango	中国广西
7	百色 20-21 Bai se 20-21	中国广西	50	葡萄杧 Pu tao mango	中国云南
8	百东 18-16 Bai dong 18-16	中国广西	51	三合 2 号 San he 2	中国贵州
9	平孟 20-2 Ping meng 20-2	中国云南	52	云霞杧 Yun xia mango	中国云南
10	富宁 20-7 Fu ning 20-7	中国云南	53	海顿 Haydn	美国
11	百东 19-32 Bai dong 19-32	中国广西	54	吉尔 Gil	美国
12	印度 903 号 Indian Mango 903	印度	55	布鲁斯 Blues	美国
13	百东 18-31 Bai dong 18-31	中国广西	56	台农 1 号 Tao nong 1	中国台湾
14	田丁 20-4 Tian ding 20-4	中国云南	57	红苹杧 Hong ping mango	中国广西
15	望谟 20-29 Wang mo 20-29	中国贵州	58	勐底红杧 Meng di hong mango	中国云南
16	百林大道西 20-2 Tian lin da dao 20-2	中国广西	59	兴热 1 号 Xing re 1	中国贵州
17	望谟 20-4 Wang mo 20-4	中国贵州	60	黄玉 Huang yu	中国海南
18	勐醒官寨 19-4 Meng xing guan zhai 19-4	中国云南	61	金龙杧 Jin long mango	中国四川
19	望谟 20-5 Wang mo 20-5	中国贵州	62	椰香 Ye xiang	印度
20	曼达鸠新寨 18-2 Man da jiu xin zhai 18-2	中国云南	63	水英达 Shui ying da	缅甸
21	百城 1 号 Bai cheng 1	中国广西	64	秋杧 Qiu mango	缅甸
22	甘庄 18-2 Gan zhuang 18-2	中国云南	65	瓦城红杧 Wa cheng hong mango	缅甸
23	望谟 20-12 Wang mo 20-5	中国贵州	66	金水仙 Jin shui xian	泰国
24	百东 19-33 Bai dong 19-33	中国广西	67	泰引 3 号 Tai ying 3	泰国
25	百东 18-14Z Bai dong 18-14	中国广西	68	帕拉英达 Pa la ying da	缅甸
26	百东 19-5 Bai dong 19-5	中国广西	69	新德隆杧 Xin de long mango	缅甸
27	元江 21-4 Yuan jiang 21-4	中国云南	70	印度杧 2 号 Indian Mango 2	印度
28	百色 21-6 Bai se 21-6	中国广西	71	龙州泰国杧 Long zhou tai guo mango	中国广西
29	那光紫花 Na guang zi hua	中国广西	72	渡口吕宋杧 Du kou lv song mango	中国广西
30	弄南电站土杧 Nong nan dian zhan tu mango	中国广西	73	串杧 Chuan mango	中国广西
31	百色 20-4 Bai se 20-4	中国广西	74	大三年杧 1 号 Da san nian 1	中国云南
32	田林恩林良余 Tian lin en lin liang yu	中国广西	75	香花杧 Xiang hua mango	中国广西
33	拉域 14-4 号 La yu 14-4	中国广西	76	绿皮杧 Lv pi mango	中国广西
34	等嘎 4 号 Deng ga 4	中国云南	77	白皮杧 Bai pi mango	中国广西
35	云县 1 号 Yun xian 1	中国云南	78	玉杧 Yu mango	中国四川
36	云县 2 号 Yun xian 1	中国云南	79	田东 20-13 Tian dong 20-13	中国广西
37	苹果杧 Ping guo mango	中国广西	80	百东 19-26 Bai dong 19-26	中国广西
38	白象牙杧 Bai xiang ya mango	中国广西	81	望谟 20-25 Wang mo 20-25	中国广西
39	百兰实生 1 号 Bai lans shi sheng 1	中国广西	82	保安 19-2 Bao an 19-2	中国广西
40	百育 1 号 Bai yu 1	中国广西	83	恒公 19-7 Heng gong 19-7	中国广西
41	百育 2 号 Bai yu 1	中国广西	84	东坪 19-5 Dong ping 19-5	中国广西
42	甘庄 13-1 号 Gan zhuang 13-1	中国云南	85	恒宁广场 19-2 Heng ning guang chang 19-2	中国广西
43	桂热杧 272 号 Gui re 272	中国广西			

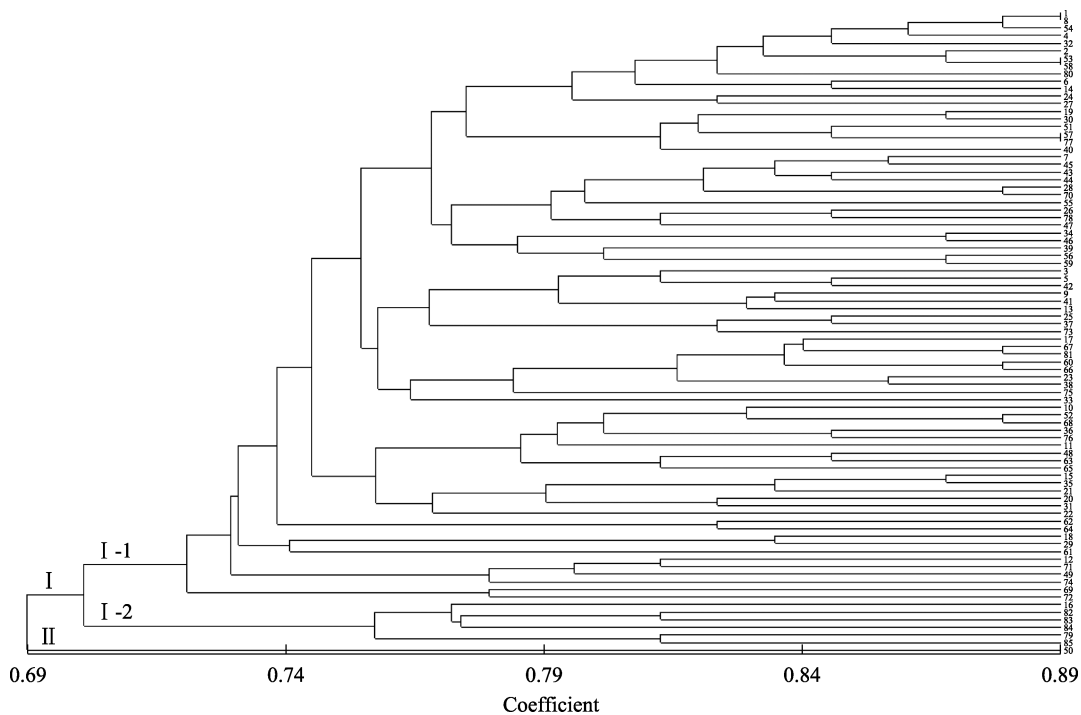


图 4 85 份核心种质遗传聚类图

Fig. 4 Genetic cluster diagram of 85 core germplasms

3 讨论

核心种质作为种质资源高效保存、优异基因挖掘及育种应用的重要群体，其数据来源主要基于形态标记和分子标记两类。在果树种质研究中，分子标记凭借不受生长发育阶段和环境因素影响等优势，已成为果树遗传多样性解析及核心种质构建的重要技术手段，有效弥补了形态标记的局限性。在分子标记应用体系中，SSR 标记的荧光检测技术显著提升了基因型判定的准确性与重复性，目前已在毛白杨^[28]、睡莲^[29]及杧果^[26]等的研究中得到有效验证。本研究基于前期开发的 12 对 SSR 荧光引物对杧果种质资源进行扩增，遗传多样性参数分析结果表明，这些引物可有效揭示杧果种质间的遗传差异与亲缘关系；基于此构建的 85 份核心种质，经代表性验证证实能够全面覆盖原群体的遗传多样性特征。本研究结果可为杧果种质资源的初步精简、保存及后续研究提供分子水平的基础支撑。

随着高通量测序技术与分子标记技术的迭代升级，SNP 标记在核心种质构建中展现出优越的应用潜力。SNP 标记比 SSR 标记具有更高的基因组覆盖密度，可更全面地捕捉基因组层面的遗传变异，能够显著提升种质间遗传关系评估的精准度。目前，SNP 标记已在番茄^[16]、玉米^[30]、甜

瓜^[31]等多物种的核心种质构建中成功应用，为果树核心种质的高效构建提供了成熟技术体系，因此可作为未来杧果核心种质优化构建的重要技术选择。本研究构建的杧果核心种质仅基于分子标记数据，未纳入表型性状数据，存在一定的局限性。表型性状变异是遗传多样性在形态、生理及功能层面的直接体现，是选育种中优良性状定向筛选的核心依据；而仅依赖分子标记的核心种质，虽能反映种质间的遗传物质差异，却难以精准反映表型性状变异规律，这在后续育种应用中会限制优良性状的高效挖掘与利用，降低核心种质的实用价值。因此，未来杧果核心种质优化构建研究应采用“分子标记+表型性状”的整合数据库，以此保留遗传多样性与表型多样性，提升核心种质对遗传背景的覆盖度与育种应用的实用性。

适宜的取样策略是核心种质构建的关键步骤。目前多数学者认为，构建核心种质时，应尽可能保存各位点的等位基因数与等位基因频率，以实现最大化保留原始种质遗传多样性的目标。位点优先取样策略会优先选择含稀有等位基因更多的种质进行下一轮聚类，该策略能够有效减少等位基因的丢失，保留更多遗传多样性。因此，位点优先取样策略在基于 DNA 分子标记数据构建核心种质时优势显著。本研究进一步验证，在

构建芒果核心种质时,位点优先取样策略保留的等位基因数显著多于随机取样,显示出更高的适用性。前人的多项研究也证实此观点,例如张春雨等^[32]指出位点优先取样策略更适用于新疆野苹果核心种质构建;刘娟等^[33]在南疆杏研究中也得出类似结论。

确定合理的取样比例对于以最少资源覆盖最大遗传变异的目标至关重要。目前,核心种质的取样比例普遍设定在原始种质的 5%~30%之间。具体比例因物种而异:如小麦、水稻等主要作物多采用 5%~10%,而园艺作物等则常以 20%左右为宜,如吴超等^[34]在构建澳洲坚果核心种质时保留了初始种质 20%的样品,核心种质与原始种质的遗传多样性等相关参数均显示出较高的一致性;温景辉^[35]在构建山葡萄核心种质时保留了初始种质 21.9%的样品,有效等位基因数等遗传多样性参数保留率达 102.2%~106.3%。综合现有研究,各类作物核心种质取样比例多集中于 10%~30%之间,本研究芒果核心种质的取样比例为 19.7%,该比例符合常规实践,并具有物种特异性依据。

在构建方法上,聚类分析被广泛采用,该方法通过不同遗传距离对个体间的遗传相似性进行分组,能够有效筛除冗余材料。遗传距离的选择会直接影响核心种质的材料筛选。前人研究表明不同遗传距离可能适用不同标记类型,如 SM 遗传距离多用于 AFLP、RAPD 等显性标记, Jaccard 与 Nei & Li 遗传距离则更适用于 SSR、RFLP 等共显性标记。本研究采用 SSR 荧光标记(共显性标记)开展聚类分析,结果显示 Nei & Li 遗传距离的表现最优。该结论与刘娟等^[33]在新疆野杏研究中的结果一致,但与马玉敏^[36]的研究存在差异,马玉敏认为多种遗传距离在野生板栗中均适用。这一差异表明,核心种质构建的最优遗传距离方法会因物种遗传背景的不同而产生变化。综上所述,核心种质的构建应结合具体物种的遗传结构与多样性特点,通过系统比较不同遗传距离与取样策略的组合,筛选出最适合的技术路线,从而构建出能够全面代表原始种质遗传变异的核心资源。

参考文献

- [1] 陈业渊,党志国,林电,胡美姣,黄建峰,朱敏,张贺,韩冬银,高爱平,高兆银,黄媛媛. 中国芒果科学研究 70 年[J]. 热带作物学报, 2020, 41(10): 2034-2044.
- [2] CHEN Y Y, DANG Z G, LIN D, HU M J, HUANG J F, ZHU M, ZHANG H, HAN D Y, GAO A P, GAO Z Y, HUANG Y Y. 70 years of scientific research on mango in China[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2020, 41(10): 2034-2044. (in Chinese)
- [3] FRANKEL O H. Genetic perspectives of germplasm conservation[M]//ARBER W K, LLIMENSEE K, PEACOCK W J, STARLINGER P. Genetic manipulation: its impact on man and society. Cambridge: Cambridge University Press, 1984: 161-170.
- [4] FRANKEL O H, BROWN A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal[M]//HOLDEN J H W, WILLIAMS J T. Crop genetic resources: conservation and evaluation. London: George Allen and Unwin, 1984: 249-257.
- [5] BROWN A H D. Isozymes, plant population genetic structure and genetic conservation[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1978, 52(4): 145-157.
- [6] 李自超,张洪亮,曹永生,裴宗恩,魏兴华,汤圣祥,余萍,王象坤. 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.
- [7] LI Z C, ZHANG H L, CAO Y S, QIU Z E, WEI X H, TANG S X, YU P, WANG X K. Sampling strategy of primary core germplasm of local rice seed resources in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2003, 29(1): 20-24. (in Chinese)
- [8] 李萌,秦慧彬,王宇楠,穆志新,杜慧玲. 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.
- [9] LI M, QIN H B, WANG Y N, MU Z X, DU H L. Construction of core germplasm of Shanxi sorghum landraces based on agronomic trait indicators[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2021, 22(1): 174-182. (in Chinese)
- [10] 常利芳,白建荣,李锐,张丛卓,张效梅,杨瑞娟. 基于 SSR 标记构建甜玉米群体的核心种质[J]. 玉米科学, 2018, 26(3): 40-49.
- [11] CHANG L F, BAI J R, LI R, ZHANG C Z, ZHANG X M, YANG R J. Core germplasm construction of sweet maize populations based on SSR markers[J]. Maize Science, 2018, 26(3): 40-49. (in Chinese)
- [12] BALFOURIER F, ROUSSEL V, STRELCEK P, EXBRAYAT-VINSON F, SOURDILLE P, BOUTET P, KOENIG J, RAVEL C, MITROFANOVA A, BECKERT M, CHARMET G. A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 114(7): 1265-1275.
- [13] 胥婷婷,林峰,华为,汪军妹,朱靖环,贾巧君,尚毅,杨建明. 我国大麦选育品种核心种质的初步构建[J]. 浙江农

- 业学报, 2011, 23(3): 483-488.
- XU T T, LIN F, HUA W, WANG J M, ZHU J H, JIA Q J, SHANG Y, YANG J M. Preliminary construction of core germplasm of barley varieties in China[J]. Zhejiang Journal of Agricultural Sciences, 2011, 23(3): 483-488. (in Chinese)
- [10] 邱丽娟, 李英慧, 关荣霞, 刘章雄, 王丽侠, 常汝镇. 大豆核心种质和微核心种质的构建、验证与研究进展[J]. 作物学报, 2009, 35(4): 571-579.
- QIU L J, LI Y H, GUAN R X, LIU Z X, WANG L X, CHANG R Z. Establishment, representative testing and re-search progress of soybean core collection and mini core collection[J]. Acta Agronomica Sinica, 2009, 35(4): 571-579. (in Chinese)
- [11] 王海岗, 温琪汾, 乔治军, 穆志新. 山西谷子地方品种初选核心种质构建[J]. 农学学报, 2019, 9(4): 26-31.
- WANG H G, WEN Q F, QIAO Z J, MU Z X. Construction of primary core germplasm of Shanxi millet local varieties[J]. Journal of Agriculture, 2019, 9(4): 26-31. (in Chinese)
- [12] 赵欣蕊, 陈啸天, 薛薇, 汪磊, 蔡心汝, 林柏松, 刘晓静, 崔江慧. 基于表型性状分析构建冀北地区马铃薯核心种质[J]. 核农学报, 2024, 38(5): 805-818.
- ZHAO X R, CHEN X T, XUE W, WANG L, CAI X R, LIN B S, LIU X J, CUI J H. Construction of potato core germplasm in northern Hebei region based on phenotypic trait analysis[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2024, 38(5): 805-818. (in Chinese)
- [13] 郭大龙, 刘崇怀, 张君玉, 张国海. 葡萄核心种质的构建[J]. 中国农业科学, 2012, 45(6): 1135-1143.
- GUO D L, LIU C H, ZHANG J Y, ZHANG G H. Construction of grape core germplasm[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2012, 45(6): 1135-1143. (in Chinese)
- [14] 黄小凤, 韦阳连, 袁叶, 余金昌, 袁志永, 王伟山. 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.
- HUANG X F, WEI Y L, YUAN Y, YU J C, YUAN Z Y, WANG W S. Genetic diversity analysis and core germplasm bank construction of 221 litchi varieties (strains) based on SNP molecular markers[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2022, 31(4): 74-84. (in Chinese)
- [15] AYOUB J, ELATERI I, ALAMI M, HARRAK H, BENICHO M. Genetic diversity assessment towards core collection construction of Moroccan apricot (*Prunus armeniaca* L.) germplasm using genomic SSR markers[J]. South African Journal of Botany, 2025, 180: 21-34.
- [16] CHEN X, LIU Y Y, ZHENG F S, CHEN G X, GUO M, LI J S, WANG X M. Construction of a core collection of tomato (*Solanum lycopersicum*) germplasm based on phenotypic traits and SNP markers[J]. Scientia Horticulturae, 2025, 339: 113855.
- [17] 刘遵春, 刘大亮, 崔美, 李敏, 焦其庆, 高利平, 陈学森. 整合农艺性状和分子标记数据构建新疆野苹果核心种质[J]. 园艺学报, 2012, 39(6): 1045-1054.
- LIU Z C, LIU D L, CUI M, LI M, JIAO Q Q, GAO L P, CHEN X S. Construction of core germplasm of wild apple in Xinjiang by integrating agronomic traits and molecular marker data[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39(6): 1045-1054. (in Chinese)
- [18] IRISARRI P, URRESTARAZU J, RAMOS-CABRER A, PEREIRA-LORENZO S, VELÁZQUEZ-BARRERA M E, DÍAZ-HERNÁNDEZ M B, BELEN M, HERNANDEZ D, DAPENA E, URINA V, DALMASES J, DOMINGO R M, SARA C M, LOIDI M, LUIS G S, JAVIER A E, ERREA P, MIRANDA C, PINA A. Unlocking Spanish pear genetic diversity: strategies for construction of a national core collection[J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 26555.
- [19] 黄丽芳, 闫林, 范睿, 姚全胜, 刘洋, 雷新涛. 杧果实生资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 热带作物学报, 2011, 32(10): 1828-1832.
- HUANG L F, YAN L, FAN R, YAO Q S, LIU Y, LEI X T. SSR analysis of genetic diversity of mango seedling resources[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2011, 32(10): 1828-1832. (in Chinese)
- [20] 周立, 罗聪, 何堂熹, 余海霞, 何新华. 基于 EST-SSR 标记的杧果品种遗传多样性与亲缘关系分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(11): 3797-3806.
- ZHOU L, LUO C, HE T X, YU H X, HE X H. Genetic diversity and genetic relationship analysis of mango varieties based on EST-SSR markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2020, 18(11): 3797-3806. (in Chinese)
- [21] 毛常丽, 刘紫艳, 龙青姨, 郑诚, 柳颀, 牛迎凤. 基于 AFLP 标记技术的杧果种质资源遗传多样性分析[J/OL]. 热带亚热带植物学报, (2025-07-14)[2025-09-23]. <https://link.cnki.net/urlid/44.1374.Q.20250712.1615.002>.
- MAO C L, LIU Z Y, LONG Q Y, ZHENG C, LIU J, NIU Y F. Genetic diversity analysis of mango germplasm resources based on AFLP marker technology[J/OL]. Journal of Tropical and Subtropical Botany, (2025-07-14)[2025-09-23]. <https://link.cnki.net/urlid/44.1374.Q.20250712.1615.002>. (in Chinese)
- [22] 程本义, 夏俊辉, 龚俊义, 杨仕华. SSR 荧光标记毛细管电泳检测法在水稻 DNA 指纹鉴定中的应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 672-676.
- CHENG B Y, XIA J H, GONG J Y, YANG S H. Application of SSR fluorescent marker capillary electrophoresis detection method in rice DNA fingerprint identification[J]. Chinese

- Journal of Rice Science, 2011, 25(6): 672-676. (in Chinese)
- [23] 陈雅琼, 李凤霞, 李锡坤, 徐军, 张磊, 王绍美, 孙玉合. 烟草 SSR 荧光标记与毛细管电泳检测技术研究[J]. 中国烟草科学, 2011, 32(2): 66-70.
CHEN Y Q, LI F X, LI X K, XU J, ZHANG L, WANG S M, SUN Y H. Study on SSR fluorescent marker and capillary electrophoresis detection technology of tobacco[J]. Chinese Tobacco Science, 2011, 32(2): 66-70. (in Chinese)
- [24] 李超, 杨英, 郑贺云, 杨建丽, 陈伟, 杨咪, 孙玉萍. 基于 SSR 荧光标记分析新疆甜瓜种质资源遗传多样性与群体结构[J]. 新疆农业科学, 2024, 61(11): 2614-2625.
LI C, YANG Y, ZHENG H Y, YANG J L, CHEN W, YANG M, SUN Y P. Analysis of genetic diversity and population structure of Xinjiang melon germplasm resources based on SSR fluorescent markers[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2024, 61(11): 2614-2625. (in Chinese)
- [25] 王家保, 王令霞, 刘志媛, 杜中军, 易小平, 徐碧玉. 芒果 DNA 提取方法比较及 ISSR 反应体系的优化[J]. 生物技术, 2005(5): 37-41.
WANG J B, WANG L X, LIU Z Y, DU Z J, YI X P, XU B Y. Comparison of genomic DNA extraction methods and optimization of ISSR-PCR reaction systems for mango (*Mangifera indica* L.)[J]. Biotechnology, 2005(5): 37-41. (in Chinese)
- [26] 唐玉娟, 罗世杏, 黄国弟, 宋恩亮, 李日旺, 赵英, 张宇, 莫永龙, 唐莹莹. 基于 SSR 荧光标记的芒果种质资源遗传多样性分析及分子身份证构建[J]. 热带作物学报, 2023, 44(11): 2292-2304.
TANG Y J, LUO S X, HUANG G D, SONG E L, LI R W, ZHAO Y, ZHANG Y, MO Y L, TANG Y Y. Genetic diversity analysis and molecular ID construction of mango germplasm resources based on SSR fluorescent markers[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2023, 44(11): 2292-2304. (in Chinese)
- [27] HU J, ZHU J, XU H M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 101: 264-268.
- [28] 毛秀红, 朱士利, 李善文, 华辉, 田书勇, 仲伟国, 董玉峰, 安新民. 基于荧光 SSR 标记的毛白杨核心种质构建[J]. 北京林业大学学报, 2020, 42(7): 40-47.
MAO X H, ZHU S L, LI S W, HUA H, TIAN S Y, ZHONG W G, DONG Y F, AN X M. Construction of core germplasm of *Populus tomentosa* based on fluorescent SSR markers[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2020, 42(7): 40-47. (in Chinese)
- [29] 苏群, 王虹妍, 刘俊, 李春牛, 卜朝阳, 林玉玲, 卢家仕, 赖钟雄. 基于 SSR 荧光标记构建睡莲核心种质[J]. 园艺学报, 2023, 50(10): 2128-2138.
SU Q, WANG H Y, LIU J, LI C N, BU C Y, LIN Y L, LU J S, LAI Z X. Construction of water lily core germplasm based on SSR fluorescent markers[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2023, 50(10): 2128-2138. (in Chinese)
- [30] SONG Y F, WANG J H, MA Y W, WANG J X, BAO L L, SUN D Q, LIN H, FAN J S, ZHOU Y, ZENG X, WANG Z H, ZHANG L, LI C X, DI H. Genetic diversity and construction of salt-tolerant core germplasm in maize (*Zea mays* L.) based on phenotypic traits and SNP markers[J]. Plants, 2025, 14(14): 2182.
- [31] SHIGITA G, DUNG T P, PERVIN M N, DUONG T T, IMOHO N, MON DEN Y, NISHIDA H, TANAKA K, SUGIYAMA M, KAWAZU Y, TOMOOKA N, KATO K. Elucidation of genetic variation and population structure of melon genetic resources in the NARO Genebank, and construction of the World Melon Core Collection[J]. Breeding Science, 2023, 73(3): 269-277.
- [32] 张春雨, 陈学森, 张艳敏, 苑兆和, 刘遵春, 王延龄, 林群. 采用分子标记构建新疆野苹果核心种质的方法[J]. 中国农业科学, 2009, 42(2): 597-604.
ZHANG C Y, CHEN X S, ZHANG Y M, YUAN Z H, LIU Z C, WANG Y L, LIN Q. Method for constructing core germplasm of wild apple in Xinjiang by molecular markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2009, 42(2): 597-604. (in Chinese)
- [33] 刘娟, 廖康, 赵世荣, 曹倩, 孙琪, 刘欢. 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.
LIU J, LIAO K, ZHAO S R, CAO Q, SUN Q, LIU H. Construction of core germplasm resources of wild apricot in Xinjiang using ISSR molecular markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2015, 48(10): 2017-2028. (in Chinese)
- [34] 吴超, 李志强, 陶亮, 马静, 李婷玉, 李扬, 耿建建, 宫丽丹. 澳洲坚果核心种质的初步构建[J]. 热带农业科技, 2025, 48(2): 1-7.
WU C, LI Z Q, TAO L, MA J, LI T Y, LI Y, GENG J J, GONG L D. Preliminary construction of core germplasm of macadamia[J]. Tropical Agricultural Science & Technology, 2025, 48(2): 1-7. (in Chinese)
- [35] 温景辉. 基于 SSR 分子标记的山葡萄种质遗传多样性研究与核心种质构建[D]. 长春: 吉林农业大学, 2011.
WEN J H. Study on genetic diversity of *Vitis amurensis* germplasm and construction of core germplasm based on SSR molecular markers[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2011. (in Chinese)
- [36] 马玉敏. 中国野生板栗 (*Castanea mollissima* Blume) 群体遗传结构和核心种质构建方法[D]. 泰安: 山东农业大学, 2009.
MA Y M. Population genetic structure and core germplasm construction method of Chinese wild chestnut (*Castanea mollissima* Blume)[D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2009. (in Chinese)