

榴莲全基因组学研究进展与育种应用展望

来泽森, 杨继芬, 荣渝虹, 熊 岫, 穆洪军*
(云南省热带作物科学研究所, 云南景洪 666100)

[摘要] 榴莲是全球经济价值最高的热带特色果树之一, 近年来中国榴莲产业呈爆发式增长, 海南、云南和广东等热区已逐步实现规模化、商业化栽培。然而, 当前产业发展仍面临种质资源匮乏、品种真实性鉴定困难及自主育种技术滞后等核心瓶颈。基因组学技术的快速发展为榴莲种质资源的精准鉴定、品种溯源及分子标记辅助育种提供了关键支撑。文章系统梳理了榴莲基因组学的研究进展: 在全基因组测序方面, 从猫山王品种草图到干尧品种染色体级组装, 再到 Chuongbo 品种端粒到端粒(T2T)无间隙基因组的发布, 组装质量实现了跨越式提升; 在比较基因组学方面, 榴莲特有的近期全基因组三倍化事件对果刺发育、木质素合成及高温适应性等性状形成的进化驱动机制已逐步阐明; 在分子标记开发方面, 基于重测序数据的 SSR、SNP 及功能性标记体系已基本建立; 在多组学整合方面, 转录组与代谢组联合分析深化了对果实成熟和风味形成的分子机制理解。该文对榴莲图形泛基因组构建、表观基因组学及基因组编辑育种等前沿方向进行了展望, 以期为我国榴莲种质资源创新利用与育种研究提供参考。

[关键词] 榴莲; 全基因组测序; 比较基因组学; 分子标记; 种质资源鉴定

中图分类号: S667.9 文献标识码: A 文章编号: 1672-450X(2026)04-0074-07

Advances in Durian Whole-Genome Research and Breeding Application Prospects

LAI Zesen, YANG Jifen, RONG Yuhong, XIONG Shen, MU Hongjun*

Yunnan Institute of Tropical Crops, Jinghong 666100, China

Abstract: *Durio zibethinus* L. is one of the most economically valuable tropical fruit crops worldwide. In recent years, China's durian industry has experienced explosive growth, and large-scale commercial cultivation has been gradually realized in tropical regions such as Hainan, Yunnan and Guangdong. However, the industry still faces core bottlenecks including scarce germplasm resources, difficult variety authenticity identification and lagging independent breeding technologies. The rapid development of genomics technology has provided key support for precise germplasm identification, variety traceability and molecular marker-assisted breeding of *D. zibethinus*. This review systematically summarizes the research progress in *D. zibethinus* genomics: in terms of whole-genome sequencing, assembly quality has achieved a leap-forward improvement from the Musang King draft genome to the Kan Yao chromosome-level assembly, and ultimately to the release of the Chuongbo telomere-to-telomere (T2T) gap-free genome; in comparative genomics, the evolutionary driving mechanisms of durian-specific recent whole-genome triplication events on trait formation such as thorn development, lignin biosynthesis and high-temperature adaptability have been gradually elucidated; in molecular marker development, SSR, SNP and functional marker systems based on resequencing data have been basically established; in multi-omics integration, joint analysis of transcriptome and metabolome has deepened the understanding of the molecular mechanisms underlying fruit ripening and flavor formation. Finally, this review prospects frontier directions including *D. zibethinus*

收稿日期: 2026-06-03

基金项目: 云南省热带作物科学研究所博士启动项目(YITC2025-1); 云南省乡村振兴科技专项-科技特派员项目(202504BK090090); 云南省热带作物科技创新体系建设专项(RF2025-19)

作者简介: 来泽森(1989—), 男, 副研究员, 博士, 研究方向为热带作物分子调控机制与遗传育种。E-mail: zesenlai@163.com

*通信作者: 穆洪军(1974—), 男, 正高级农艺师, 硕士, 研究方向为榴莲和橡胶等热带作物的种质资源、品种选育、产业经济状况。E-mail: mhjyitc@139.com

graph-based pan-genome construction, epigenomics and genome editing breeding, aiming to provide theoretical references for the innovative utilization of *D. zibethinus* germplasm resources and independent molecular breeding research in China.

Key words: *Durio zibethinus*; whole-genome sequencing; comparative genomics; molecular marker; germplasm identification

榴莲 (*Durio zibethinus* L.) 隶属锦葵科 (Malvaceae) 榴莲属 (*Durio*), 是东南亚热带农业体系中经济价值极高的特色果树作物^[1]。其果实富含糖分、脂质及特征性含硫挥发性化合物, 兼具独特风味与丰富营养价值, 深受全球消费市场青睐, 在国际高端水果贸易中占据重要地位。我国是全球榴莲消费增长最快的市场, 也是连续多年全球最大的榴莲进口国, 2025 年鲜榴莲进口额超 600 亿元人民币^[2]。近年来, 为缓解进口依赖、保障产业链安全, 海南、云南、广东等我国热带适宜区已逐步推进榴莲规模化、商业化栽培, 产业发展进入快车道。但当前我国榴莲产业仍面临两大核心瓶颈: 一是种质资源基础薄弱, 主栽品种几乎全部依赖国外引进, 来源混杂且遗传背景不清; 二是缺乏标准化的品种分子鉴定体系, 同名异种、异名同种现象普遍, 严重制约了种质资源的精准评价与产业的健康有序发展^[3]。

基因组学技术的快速发展为破解上述产业困境提供了有效途径。2017 年, Teh 等^[4]利用 PacBio 单分子实时测序结合 CHiCAGO 染色质构象捕获技术, 首次完成猫山王 (Musang King) 品种基因组草图绘制, 标志着榴莲研究正式迈入基因组时代。此后, 以 Oxford Nanopore 超长读长和 PacBio HiFi 高精度长读长为代表的第三代测序技术不断迭代, 推动榴莲基因组组装质量实现跨越式提升——从最初 Contig N50 仅 11.7 kb 的碎片化草图, 发展到如今实现 28 条染色体端粒到端粒 (T2T) 无间隙覆盖的完整基因组水平^[5]。这一技术跃迁不仅大幅提升了基因注释的精确度, 更为比较基因组学、种内遗传变异解析及分子标记开发等下游研究奠定了坚实的数据基石。

基于基因组数据的分子标记技术具有准确性高、稳定性好、不受环境条件影响等优势, 可实现对榴莲种质资源的精准鉴定与溯源, 有效解决品种混淆问题。同时, 基因组学研究成果可为分子标记辅助选择育种提供理论依据, 加速优良性状

的定向改良, 对于提升我国榴莲自主育种能力、保障产业可持续发展具有重要战略意义。本文系统梳理了榴莲全基因组测序与组装、比较基因组学与进化、种内基因组变异与遗传多样性、基于基因组的分子标记开发与育种应用 4 个方面的研究进展, 并对未来前沿方向进行展望, 以期为我国榴莲种质资源创新利用与育种研究提供参考。

1 榴莲全基因组测序与组装进展

1.1 草图阶段的开拓性工作

Teh 等^[4]发表的猫山王 (Musang King) 基因组是榴莲基因组学的奠基性成果, 也是首个公布的榴莲基因组序列。该研究首次采用 PacBio RSII 单分子实时测序平台, 辅以 CHiCAGO 染色质构象捕获技术辅助染色体挂载, 最终组装获得大小约 738 Mb 的基因组草图。受当时测序和挂载技术分辨率限制, 该草图将序列锚定至 30 条伪染色体 (pseudomolecules), 后续基于更高精度技术的组装结果已修正为 28 条染色体。基因注释结果显示, 该基因组共预测到约 45 335 个基因模型, 其中蛋白质编码基因约 35 800 个, 约 92% 的基因可获得功能注释。尤为重要的是, 该研究通过同义替换率 (Ks) 分析和共线性比对, 证实榴莲与棉花 (*Gossypium* spp.) 共享一次古老的全基因组复制 (WGD) 事件; 同时发现甲硫氨酸 γ -裂解酶 (MGL) 基因家族在榴莲中发生了特异性扩张, 为后续解析榴莲特征性含硫香气的遗传基础提供了首个基因组层面的关键线索^[4]。

但受限于当时测序技术的读长与精度, 该草图仍存在 Contig 碎片化程度较高、复杂重复序列区域覆盖不足等缺陷, 难以支撑等位基因特异性表达、结构变异精细解析等后续深入研究。

1.2 染色体级与 T2T 无间隙基因组组装

随后, Li 等^[5]报道了干尧 (Kan Yao) 品种的染

色体级参考基因组。该研究整合 PacBioHiFi 高精度长读长、Oxford Nanopore 超长读长、Illumina 短读长校正及 Hi-C 染色质互作图谱四种技术联合组装,最终获得大小为 777.8 Mb 的高质量基因组,所有序列均成功挂载至 28 条伪染色体。与 2017 年的猫山王草图相比,其 Contig 连续性提升了两个数量级,BUSCO 基因组完整性评分超过 98%,显著改善了重复序列富集区和着丝粒区域的组装效果^[5]。

在此基础上,Ji 等^[6]进一步完成了干尧品种的单倍型解析染色体级基因组组装,获得 2 套大小分别为 737.2 Mb 和 763.8 Mb 的高质量单倍体基因组,其中 19 条染色体实现了无间隙组装。该研究为高度杂合的榴莲基因组单倍型分型提供了重要方法学参考。

最新研究中,Wang 等^[7]发布了 Chuongbo 品种的端粒到端粒(T2T)无间隙参考基因组。该基因组总大小达 824.78 Mb,共注释得到 44 024 个蛋白质编码基因,28 条染色体中绝大多数实现了端粒到端粒的无间隙覆盖,共鉴定到 53 个端粒和 28 个完整着丝粒,基因组质量值(QV)达到 40,BUSCO 完整性评分高达 99.0%。这是目前榴莲乃至锦葵科果树中最为完整的参考基因组,为无盲区解析着丝粒、端粒及复杂重复序列区域的基因组成与顺式调控元件分布提供了可能。

2 比较基因组学与榴莲进化及重要性状形成

2.1 锦葵科榴莲核型重塑与染色体进化

榴莲与可可(*Theobroma cacao*)、棉花同属锦葵科,但三者在染色体数目和核型结构上存在显著差异。Li 等^[5]基于干尧品种的高质量染色体级基因组开展比较基因组学分析,发现榴莲与棉花共享大量古多倍化事件遗留的共线性区块,但后续的染色体融合与断裂演化模式截然不同。具体而言,榴莲基因组经历了更为剧烈的核型重塑过程,多个古共线性区块在榴莲中发生拆分和重排,最终形成了现今单倍体组含 28 条染色体的核型特征($2n=56$)。这种剧烈的核型重塑可能改变了基因调控网络的空间排布,进而参与了榴

莲果刺、大型果实等特有形态性状的演化形成^[5]。

2.2 全基因组三倍化事件的鉴定及其进化生物学意义

全基因组三倍化又称古六倍化(paleohexaploidization),是榴莲进化史上关键的谱系特异性基因组进化事件。Wang 等^[8]于 2019 年首次通过跨物种比较基因组学分析,系统论证了榴莲基因组经历过一次近期全基因组三倍化(WGT)事件,并基于同义替换率(Ks)分析将其发生时间精准估算为距今 1 900 ~ 2 100 万年前;该研究同时明确此事件为榴莲谱系独有,远晚于榴莲与锦葵科其他物种共享的古老全基因组复制(WGD)事件,纠正了此前认为该事件与棉花共享的推论。后续 Li 等^[5]利用干尧品种的高质量染色体级基因组对该事件进行了进一步验证,结合共线性区块分析将发生时间范围细化为 1 700 ~ 2 400 万年前,同时深入解析了该进化事件对榴莲物种适应性与重要性状形成的驱动作用,主要体现在以下 3 个方面。

第一,WGT 事件直接导致多个关键基因家族发生显著扩张。其中,与苯丙烷代谢、木质素生物合成相关的基因家族(如 PAL、CAD、LAC)拷贝数大幅增加,可能促进了榴莲果刺的木质化沉积。榴莲果实表皮特有的密布尖刺形态在锦葵科其他物种中并不常见,推测正是 WGT 驱动木质素合成基因家族扩张的结果^[5]。

第二,热激因子(HSF)和热激蛋白(HSP)基因家族的扩增,显著增强了榴莲对热带高温环境的适应能力。榴莲原产于年平均气温高于 25 °C 的热带地区,HSP 家族扩张有助于维持高温胁迫下的蛋白质稳态,保障细胞正常生理功能,是榴莲适应热带气候的重要遗传基础^[5]。

第三,细胞色素 P450 超家族、WRKY 转录因子家族及 NBS-LRR 类抗病基因类似物(RGAs)的扩张,分别参与次生代谢物合成和生物胁迫响应,为榴莲在复杂的热带生态系统中建立化学防御和病原防御体系提供了丰富的遗传素材^[5]。

2.3 果刺木质素沉积的基因组基础

榴莲果刺是其最具辨识度的形态学标记。Li

等^[5]结合比较基因组学与转录组分析发现,苯丙烷代谢通路中参与阿魏酰-CoA 形成及木质素生物合成的多个关键酶基因在榴莲基因组中发生了显著扩张,且在果皮组织中呈现优先表达模式。这些基因编码的羟基肉桂酰转移酶(HCT)、咖啡酰辅酶 AO-甲基转移酶(CCoAOMT)及过氧化物酶(PER)等关键酶,可协同催化愈创木基木质素(G-lignin)和紫丁香基木质素(S-lignin)单体的合成与聚合。研究者据此推测,榴莲果刺的木质素组成以 G 型和 S 型为主,这与果刺坚硬、耐磨损的表型特征相符,但该结论仍需通过木质素单体定量分析和基因功能验证进一步证实^[5]。

目前榴莲果刺发育的分子机制研究仍停留在基因表达关联分析阶段,尚未通过基因编辑、稳定遗传转化等手段开展因果性功能验证。未来若能建立榴莲高效稳定的遗传转化体系,将为直接验证木质素合成相关基因家族在果刺形成中的调控作用提供关键技术支撑。

3 种内基因组变异与种质资源遗传多样性

3.1 榴莲品种的基因组比较

Nawae 等^[9]对泰国三大主栽品种(金枕 Monthong, 甲仑 Kradumthong, 普曼尼 Puangmanee, 国内俗称托曼尼)进行了全基因组重测序,系统鉴定了品种间的全基因组遗传变异。该研究根据基因在不同品种中的分布频率,将榴莲基因组基因划分为 3 类:核心基因(core genes, 约占 68%)、可变基因(dispensable genes, 约占 24%)和品种特异性基因(private genes, 约占 8%)。

这是首次在榴莲中系统揭示基因存在/缺失变异(PAV)的广泛存在,研究共鉴定出 39 个与果实品质、抗病性和环境适应性密切相关的 PAV 基因。例如,多个类胡萝卜素合成关键基因在金枕品种中存在大片段缺失,这可能是导致该品种果肉颜色偏浅的重要遗传基础^[9]。

3.2 结构变异与调控元件重排

除基因存在/缺失变异(PAV)外,基因组比较分析还揭示了榴莲种质间广泛存在的结构变异(SV),主要包括大片段插入、缺失、倒位和易位 4 种类型。这些结构变异不仅通过改变基因剂量

效应影响基因表达,还可能破坏或重塑启动子、增强子等顺式调控元件,进而改变基因的时空表达模式。例如,在金枕(Monthong)品种中检测到一段约 50 kb 的缺失片段,该片段不仅包含多个类胡萝卜素合成关键基因,还删除了其上游的核心调控序列,可能是导致金枕果肉颜色偏浅的重要遗传原因^[9]。

但目前榴莲结构变异研究仍存在明显瓶颈:传统短读长测序技术在基因组复杂重复区域的 SV 检测灵敏度较低,而长读长测序成本较高,短期内难以实现大规模榴莲种质资源的结构变异全景扫描。未来随着长读长测序成本的持续下降,基于图形泛基因组构建榴莲全基因组结构变异图谱将成为必然趋势。

3.3 基因组水平的群体遗传学与核心种质构建

核心种质(core collection)的构建旨在以最小的样本量保留种质资源群体的最大遗传多样性,对于榴莲这类高度杂合、遗传背景复杂的多年生果树而言尤为重要。早期,Siew 等^[10]利用 ISSR(简单序列重复区间)标记对马来西亚 27 个榴莲品种开展遗传多样性评估,成功为其中 21 个品种构建了 DNA 指纹图谱,为榴莲品种真实性鉴定提供了最早的分子依据。随后,Lin 等^[11]基于已发表的榴莲基因组序列,在我国海南栽培的多个榴莲基因型中开发了全基因组分布的 SSR 标记位点,覆盖了榴莲全部 28 条染色体,显著拓展了榴莲分子标记的可用资源库。近年来,随着全基因组重测序技术的普及,Zhong 等^[12]通过对 114 份中国栽培榴莲种质的群体结构分析,初步筛选出由 26 份种质组成的代表性核心集合,该集合可保留原始群体 95% 以上的等位基因多样性。上述研究从不同技术层面为榴莲核心种质的系统筛选与构建奠定了坚实基础。

4 基于基因组的分子标记开发与应用

4.1 SSR 与 SNP 分子标记的开发及应用

基于全基因组序列开发的分子标记是榴莲种质资源鉴定、遗传多样性分析与分子标记辅助育种的核心工具,目前应用最广泛的类型为简单序

列重复 (SSR) 标记与单核苷酸多态性 (SNP) 标记, 二者在检测通量、开发成本与适用场景上各有侧重。

SSR 标记因多态性高、共显性遗传、操作简便等优势, 是榴莲研究中最先实现规模化应用的分子标记类型。早期基于简单重复序列的分子标记以 ISSR (简单序列重复间区) 标记应用为主。Siew 等^[10]利用 7 对 ISSR 引物对马来西亚 27 个榴莲品种进行扩增, 筛选得到 5 对多态性引物, 成功为 21 个品种构建了 DNA 指纹图谱, 为品种真实性鉴定提供了早期分子依据。Lin 等^[11]基于已发表的榴莲参考基因组序列, 在海南栽培种质中系统挖掘并开发了覆盖全基因组 28 条染色体的 SSR 标记位点, 显著拓展了榴莲 SSR 标记的资源库。但目前 SSR 标记仍存在从生物信息学预测到实验验证的转化瓶颈, 大量预测位点易受引物二聚体、非特异性扩增等因素干扰而失效, 建立高效的标记验证流程仍是提升其应用效率的关键。

随着榴莲全基因组重测序数据的不断积累, SNP 标记凭借基因组分布广、密度高、易于高通量自动化检测的固有优势, 已逐步成为榴莲分子标记开发的主流方向。Nawae 等^[9]通过对泰国 3 个主栽品种的全基因组比较分析, 鉴定出海量 SNP 变异位点, 其中 1%~2% 位于基因编码区, 且多为非同义突变, 可能通过改变编码氨基酸序列影响基因功能。目前, 这些 SNP 标记已初步应用于榴莲品种真实性鉴定、遗传多样性评估与群体结构解析。相较于传统 SSR 标记, SNP 标记可通过竞争性等位基因特异性 PCR (KASP)、基因芯片等技术实现高通量检测, 未来若能开发出包含数万个位点的榴莲专属中高密度 SNP 芯片, 将大幅提升分子标记辅助选择 (MAS) 的效率, 加快高产、优质、抗逆等多个优良性状的聚合育种进程。

4.2 功能性标记开发: 从随机筛选到靶向挖掘

功能性分子标记直接来源于控制目标性状的基因序列, 能够与目标性状共分离, 是分子标记辅助育种中最精准的标记类型。目前榴莲中已开发出多个具有应用潜力的功能性标记: 基于甲硫氨酸 γ -裂解酶 (MGL) 基因家族序列变异开发

的标记, 可用于预测不同品种的风味强度^[4]; 基于几丁质酶和病程相关蛋白 (PR) 基因序列开发的标记, 与榴莲对棕榈疫霉 (*Phytophthora palmivora*) 的抗性相关; 基于 Dof 转录因子基因多态性开发的标记, 则可用于判断果实的成熟进程^[13]。

这些功能性标记的出现, 标志着榴莲分子标记研究正式从“随机扫描”进入“靶向挖掘”的新阶段。但目前绝大多数功能性标记仍停留在基因型与表型的关联分析阶段, 尚未在独立的育种群中进行验证。未来需要在更大规模的杂交分离群体和自然群体中, 系统验证这些标记的预测准确性, 并评估其不同遗传背景下的稳定性, 才能真正应用于榴莲的分子育种实践。

5 问题与展望

榴莲基因组学研究在过去 10 年实现了跨越式发展, 但仍存在四大核心瓶颈亟待突破。

第一, 参考基因组代表性不足, 亟需构建基于图形基因组的榴莲超级泛基因组。现有高质量参考基因组仅基于猫山王 (草图)、干尧 (染色体级) 及 Chuongbo (T2T 无间隙) 等少数商业化栽培品种, 难以覆盖榴莲种质的高度遗传异质性。泰国、马来西亚、印尼及越南等地拥有丰富的地方品种和野生近缘种 (如 *D. kutejensis*、*D. graveolens*), 蕴含的独特遗传变异远未被充分挖掘。传统线性参考基因组存在固有缺陷, 无法有效表示种内广泛存在的大片段插入、缺失、倒位等结构变异, 导致变异检测存在盲区, 进而降低复杂性状的遗传解析精度。而基于图形基因组的超级泛基因组则可通过节点-边的拓扑结构, 整合多个代表性品种的完整基因组序列和结构变异信息, 实现对榴莲属遗传多样性的无偏覆盖^[14]。苹果 (*Malus domestica*)^[15] 和 莴苣 (*Lactuca sativa*)^[16] 等作物的研究已证实, 该技术路线可显著提升结构变异检测的灵敏度和准确性, 为挖掘与重要农艺性状相关的因果变异位点提供更可靠的参照。构建包含核心栽培品种、地方品种及野生近缘种的榴莲图形超级泛基因组, 将全面揭示榴莲属的遗传多样性全景, 为后续的功能基因挖掘和分子育种奠定坚实基础。

第二,基因型-表型转化链条断裂,从基因组到田间(genome-to-phenome)的应用通道尚未打通。尽管已鉴定出大量与果实品质、生物/非生物抗性相关的候选基因和QTL位点,但由于缺乏稳定的遗传转化体系和成熟的基因编辑平台,绝大多数候选基因的功能无法得到验证。榴莲组织培养再生效率低、遗传转化周期长、转化效率极低,是当前制约榴莲功能基因组学研究和分子育种应用的关键技术障碍^[17-18]。

第三,表观基因组学研究完全空白,果实发育的表观调控机制未知。DNA甲基化、组蛋白修饰及染色质三维构象对榴莲果实成熟、香气合成、糖分积累等关键过程的调控作用尚未见报道。考虑到榴莲果实成熟过程中存在全基因组范围的剧烈基因表达重编程^[19],表观遗传调控很可能在其中扮演核心角色。

第四,榴莲属野生近缘种的全基因组解析深度不足。目前仅栽培种 *D. zibethinus* 的核基因组被深入解析,而 *D. kutejensis*、*D. graveolens*、*D. testudinarius* 等具有重要育种价值的野生种,研究仍仅限于叶绿体基因组和DNA条形码水平^[20-21]。这些野生种在果实颜色、风味、抗病性及抗逆性等方面表现出丰富的表型多样性^[22],是榴莲遗传改良的宝贵基因库。开展野生近缘种的全基因组测序和比较基因组学分析,将为解析榴莲驯化过程中的基因组变异与性状选择提供关键证据。

针对上述瓶颈,未来榴莲基因组学研究应着力推进以下5个方向:(1)在我国榴莲核心种质重测序的基础上^[12],启动全球榴莲核心种质全基因组重测序计划,构建包含至少50个代表性品种的图形超级泛基因组;(2)攻克榴莲遗传转化技术瓶颈,建立基于农杆菌介导或基因枪法的高效稳定转化体系,为CRISPR/Cas9基因编辑技术的应用提供平台;(3)系统开展果实发育不同阶段的表观基因组学分析,绘制DNA甲基化和组蛋白修饰的动态调控图谱;(4)开发榴莲专属中高密度SNP芯片及功能性InDel标记,建立从标记筛选到育种应用的完整技术链条^[23];(5)启动榴莲属野生近缘种全基因组测序计划,构建属级比较基因组学框架。随着这些研究的深入推进,榴莲基因

组学将真正从基础研究走向田间应用,为我国自主培育高产、优质、抗逆的榴莲新品种提供坚实的理论和技术支撑。

参考文献:

- [1] SUBHADRABANDHU S, KETSA S. Durian: king of tropical fruit[M]. Wellington, N.Z.: Daphne Brasell Associates, 2023.
- [2] 中华人民共和国海关总署. 2025年全国进出口商品主要统计数据[EB/OL]. 2026-01-15. http://www.customs.gov.cn/customs/2026-01/14/article_2026012219105963044.html.
- [3] LESTARI T, ZASARI M, MUSTIKARINI ED. Morphological and molecular characterization of bangka local durian[J]. IOP Conference Series Earth and Environmental Science, 2026, 1601(1): 012005.
- [4] TEH BT, LIM K, YONG CH, et al. The draft genome of tropical fruit durian (*Durio zibethinus*)[J]. Nature Genetics, 2017, 49(11): 1633-1641.
- [5] LI W, CHEN X, YU J, et al. Upgraded durian genome reveals the role of chromosome reshuffling during ancestral karyotype evolution, lignin biosynthesis regulation, and stress tolerance[J]. Science China Life Sciences, 2024, 67(6): 1-14.
- [6] JI X, ZHONG Y, ZHENG D, et al. Chromosome-scale haploid genome assembly of *Durio zibethinus* KanYao[J]. Scientific Data, 2025, 12(1): 384.
- [7] WANG S, ZHANG J, GUO G, et al. Gap-free genome of *Durio zibethinus* cv. Chuongbo[J]. Tropical Plants, 2026, 5(1): e004.
- [8] WANG J, YUAN J, YU J, et al. Recursive paleohexaploidization shaped the durian genome[J]. Plant Physiology, 2019, 179(1): 209-219.
- [9] NAWAE W, NAKTANG C, CHAROENSRI S, et al. Re-sequencing of durian genomes reveals large genetic variations among different cultivars[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1137077.
- [10] SIEW GY, NG WL, SALLEH MF, et al. Assessment of the genetic variation of Malaysian durian varieties using inter-simple sequence repeat markers and chloroplast DNA sequences[J]. Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science, 2018, 41(1): 321-332.
- [11] LIN X, LIU X, CHEN M, et al. Assessment of genetic diversity and discovery of molecular markers in durian (*Durio zibethinus* L.) in China[J]. Diversity, 2022, 14(9):

- 769.
- [12] ZHONG YW, DENG HD, JI XH, et al. Genomic resequencing reveals genetic diversity, population structure, and core collection of durian germplasm [J]. Communications Biology, 2025, 8(1): 1273.
- [13] KHAKSAR G, SANGCHAY W, PINSORN P, et al. Genome-wide analysis of the Dof gene family in durian reveals fruit ripening-associated and cultivar-dependent Dof transcription factors [J]. Scientific Reports, 2019, 9(1): 1-13.
- [14] PRIHATINI R, ANGGRAENI L, HADIATI S, et al. Genomic research on the king of fruit (*Durio* spp.): a systematic literature review [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2025, 72(7): 7619-7638.
- [15] WANG T, DUAN S, XU C, et al. Pan-genome analysis of 13 *Malus* accessions reveals structural and sequence variations associated with fruit traits [J]. Nature Communications, 2023, 14(1): 7377-7392.
- [16] CAO S, SAWETTALAKE N, SHEN L. *Lactuca* superpangenome provides insights into lettuce genome evolution and domestication [J]. Nature Communications, 2025, 16(1): 7257.
- [17] WIANGSAMUT B, TILARUX P, WATTANA K. Effects of sterilizing agents, phenolic compound inhibitors, and plant hormones in vitro on lateral bud explant culture of three durian varieties [J]. International Journal of Agricultural Technology, 2025, 21(2): 767-788.
- [18] XUAN NUY, HOA BT, DIEP PH, et al. In vitro apical shoot culture and callus formation of durian (*Durio zibethinus* Murray) [J]. Asian Journal of Biotechnology and Bioresource Technology, 2024, 10(3): 1-14.
- [19] WISUTIAMONKUL A, AMPOMAH- DWAMENA C, ALLAN AC, et al. Carotenoid accumulation and gene expression during durian (*Durio zibethinus*) fruit growth and ripening [J]. Scientia Horticulturae, 2017, 220: 233-242.
- [20] THI TTN, NGHIEP TN, NHU HTT, et al. Assessing genetic distinctiveness of Vietnamese genotypes using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers and chloroplast DNA barcoding [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2025, 72(8): 9809-9820.
- [21] TRAN GH, PHAM TP, NGUYEN PAT, et al. The comparative study on molecular phylogenetics and development of microsatellite primers from durian chloroplast genomes [J]. Ecology and Evolution, 2025, 15(10): e72245.
- [22] VEGA KS, NURVITTA PAI, RIZA YR. Assessment of morphological, molecular diversity, proximate and sensory properties of superior local durian in Jember District, East Java, Indonesia [J]. Asian Journal of Agriculture, 2026, 10(1): 1-11.
- [23] PONSIT S, PHASSORN SW, JIRATCHAYA N, et al. Development of gene-based InDel markers on putative drought stress-responsive genes and genetic diversity of durian (*Durio zibethinus*) [J]. Biochemical Genetics, 2024, 62(6): 4396-4407.