

基于 ISSR 的油茶品种遗传变异及亲缘关系研究

曹翠萍 1* 张华莲 1 詹文勇 2

(1 安徽农业大学林学与园林学院, 合肥 230036; 2 安徽德昌苗木有限公司, 舒城 231340)

摘要: 油茶 (*Camellia* spp.) 是我国南方特有的木本食用油料树种, 然而, 油茶品种的同物异名和同名异物现象对品种分类造成了困扰, 对油茶育种和生产造成了巨大损失。本研究基于 ISSR 标记对来自安徽、江西、湖南、湖北、浙江和广西共 6 个原产地的共 90 个油茶品种 (优良单株) 的遗传变异和亲缘关系进行了研究, 研究结果为油茶品种分类、鉴定、种质资源保护利用策略提供可靠的理论依据和实践指导。采用天根 (TIANGEN) 植物基因组 DNA 提取试剂盒和细胞破碎仪 (TissueLyser II, 德国) 提取油茶品种的叶片 DNA。运用筛选出的 16 条 ISSR 有效引物进行 ISSR-PCR 实验分析。对全部应试油茶品种 PCR 产物的琼脂糖凝胶电泳图谱进行判读, 形成 (0, 1) 二元式矩阵。运用软件 POPGENE ver. 1.32 计算各遗传多样性参数, 即多态性位点数 N 、多态性位点百分率 PPL、有效等位基因数 n_e 、期望杂合度 H_e 、Shannon 多态性信息指数 I 和品种间遗传相似度。运用软件 NTSYS-pc ver.2.0, 基于以原产地为组的品种间的 Nei' s 遗传距离和非加权配对算数平均法 (UPGMA, unweighted pairgroup method using arithmetic average) 构建不同产地油茶品种聚类图。运用软件 PAUP, 基于 Dice' s 遗传相似性系数和邻接法 NJ (Neighbour-Joining) 构建油茶品种聚类图。共检测出 410 个多态性位点, 多态性位点百分率 PPL = 100.00%, 有效等位基因数 $n_e = 1.330$, 期望杂合度 $H_e = 0.225$, Shannon 信息指数 $I = 0.368$, 油茶品种表现出较高的遗传多样性。以原产地为组的油茶品种组间 Nei' s 遗传距离变动在 0.008 (江西-浙江) - 0.067 (安徽-湖北) 之间, 平均遗传距离为 0.034, 产地间遗传分化系数 $G_{st} = 0.133$, 基因流 $N_m = 3.258$ 。基于邻接法 NJ (Neighbour-Joining) 的油茶品种聚类分析将 90 个油茶品种明显地区分开来, 且大部分品种分组情况与产地基本一致, 部分品种聚类情况没有规律。