

基于 SSR 分子标记的油棕遗传多样性 及群体遗传结构分析

刘加能^{1,2},程秋如^{1,2},潘登浪¹,李炜芳¹,彭小芸^{1,2},周若茹^{1,2},
周丽霞³,曾宪海^{1,3},刘子凡^{1,2}

(1. 中国热带农业科学院 橡胶研究所,海南 儋州 571737; 2. 海南大学 热带农林学院,海口 570208;
3. 热带作物生物育种全国重点实验室,海南 三亚 572025)

摘要:旨在为挖掘油棕优异种质提供参考,筛选 30 对 SSR 引物对 605 份油棕种质资源的遗传多样性和群体遗传结构进行分析。结果显示:30 对 SSR 引物在所有资源中观察等位基因数(N_a)平均值为 11.933,有效等位基因数(N_e)平均值为 4.116,多态性信息含量(PIC)平均值为 0.711,表明 SSR 引物多态性较高,且种质间遗传多样性丰富;Structure 分析将 605 份油棕种质分为 2 个组群,与主坐标分析结果一致,其中组群 1 的遗传多样性较组群 2 高,组群 2 的自交程度较组群 1 明显;个体非加权配对法聚类分析将 605 份油棕种质划分为 3 个组群,两两种质间遗传距离介于 0.4 ~ 0.8 的占 94%,说明该群体的遗传组成简单;分子方差分析表明个体内变异(85%)高于个体间变异(10%)和群体间变异(5%),与两组群间遗传分化系数(0.025)低和基因流(9.613)高的结果相一致。综上,参试油棕种质群体遗传结构简单,群体水平上遗传分化程度较低,个体水平上遗传变异丰富,亟需重视对变异优株选择创制。

关键词:油棕;遗传多样性;SSR;群体遗传结构

中图分类号:TS222+.1;S792.91 文献标识码:A 文章编号:1003-7969(2025)04-0111-08

Analysis of genetic diversity and population genetic structure in oil palm based on SSR markers

LIU Jianeng^{1,2}, CHENG Qiuru^{1,2}, PAN Denglang¹, LI Weifang¹, PENG Xiaoyun^{1,2},
ZHOU Ruoru^{1,2}, ZHOU Lixia³, ZENG Xianhai^{1,3}, LIU Zifan^{1,2}

(1. Institute of Rubber, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Danzhou 571737, Hainan, China;
2. College of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Haikou 570208, China;
3. National Key Laboratory of Tropical Crop Biological Breeding, Sanya 572025, Hainan, China)

Abstract: In order to provide reference for the exploration of excellent oil palm germplasm, 30 pairs of SSR primers were screened to detect and analyze the genetic diversity and population genetic structure of 605 oil palm germplasm resources. The results showed that the mean value of number of observed alleles (N_a) was 11.933, the mean value of effective number of alleles (N_e) was 4.116, and the mean value of polymorphism information content (PIC) was 0.711 for the 30 pairs of SSR primers across all resources,

收稿日期:2023-12-21;修回日期:2024-12-25

基金项目:海南省自然科学基金项目(322RC787);中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(1630152023011)

作者简介:刘加能(1996),男,硕士研究生,研究方向为油棕种质资源评价(E-mail)927671251@qq.com。

通信作者:曾宪海,研究员(E-mail)zxh200888@126.com;
刘子凡,教授(E-mail)jiangxilaobiao@163.com。

indicating that SSR primers were highly polymorphic and rich in genetic diversity among germplasm. The 605 germplasms were divided into two groups by Structure analysis, which was consistent with the results of principal coordinate analysis. The genetic diversity was higher in cluster 1 than that in cluster 2, and the degree of self-fertilization was significantly higher in

cluster 2 than that in cluster 1. The 605 germplasms were divided into three groups by UPGMA cluster analysis, and 94% of the genetic distance between the two germplasm ranged from 0.4 to 0.8, indicating that the genetic composition of the population was simple. The molecular variance analysis showed that the intra-individual variation (85%) was higher than the inter-individual variation (10%) and inter-population (5%), which was consistent with the results of low genetic differentiation coefficient (0.025) and high gene flow (9.613) between the two groups. In general, the genetic structure of the tested germplasm population in this study is simple, the degree of genetic differentiation at the population level is low, and the genetic variation at the individual level is rich, which is urgent to pay attention to the selection and creation of mutant superior plants.

Key words: *Elaeis guineensis* Jacq.; genetic diversity; SSR; population genetic structure

油棕 (*Elaeis guineensis* Jacq.) 是棕榈科油棕属木本油料作物,原产于热带非洲和南美洲,有非洲油棕和美洲油棕 2 个种,二者均具有悠久的栽培历史^[1]。长期以来,在人为因素和自然地理因素的影响下,不同国家和地区形成了大量具有不同特色的油棕种质。国内油棕存在栽培品种缺乏、现有品种栽培适应性弱等突出问题,随着国内对油料产业的发展需求,亟需对优异油棕种质资源进行深度挖掘利用。

前人利用同工酶、分子标记、形态学等技术对局部地区的油棕进行了多样性和遗传关系的鉴定^[2-3]。Maizura 等^[4]基于简单序列重复 (SSR) 标记技术对非洲 11 国 359 份油棕材料进行分析发现,所分析的油棕材料平均等位基因数和稀有等位基因数较高,遗传变异丰富,总体遗传多样性丰富。丁灿等^[5]利用简单重复间序列扩增 (ISSR) 技术对来自云南和海南的 85 份油棕种质进行扩增,通过聚类分析发现,采自不同地方的种质材料能根据来源相对集中在一起,可按采集地对油棕种质材料进行分类。曾宪海等^[6]采用 SSR 标记技术分析 38 份广东油棕材料,认为油棕遗传多样性较低,遗传相似度高,通过聚类分析和主坐标分析显示 38 份材料可能来自同一个群体。Zhou 等^[7]运用 SSR 标记技术分析来自中国和马来西亚的油棕种质,认为中国的油棕与马来西亚的油棕遗传背景相似。Barcelos 等^[8]利用 SSR 标记技术对非洲油棕和美洲油棕进行分析发现,美洲油棕遗传多样性较非洲油棕更丰富。由此可见,SSR 分子标记技术在油棕遗传背景评估中发挥了重要作用。然而,经过不断地引种栽培,我国不同分布地的油棕资源混杂,缺乏系统的整合研究,导致育种材料难以选择,因此对油棕的遗传背景进行评估显得尤为重要。本文基于 SSR 分子标记技术对我国 605

份油棕种质的遗传多样性和群体遗传结构进行分析,以期为挖掘油棕优异种质提供理论参考,同时为保护油棕种质资源提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

1.1.1 原料与试剂

605 份油棕种质,均取自海南儋州农业农村部油棕种质资源圃。采集过程中,选取新鲜幼嫩健康叶放入封口袋中,按硅胶与样品质量比 5:1 加入硅胶,密封保存。

2 × Taq PCR Master Mix, 美国基因工程科技公司; GeneScan™ 500 LIZ 分子量内标、Hi-Di™ Formamide、POP-7™ Polymer、3730 Running Buffer (10 ×), Applied Biosystem 公司; 普通引物/荧光标记引物, 上海生工生物工程有限公司; 植物基因组 DNA 提取试剂盒, 天根生化科技有限公司。

1.1.2 仪器与设备

MIKRO 台式离心机; 聚合酶链式反应 (PCR) 仪、ABI 3730XL 测序仪, Applied Biosystem 公司; 电泳仪, 北京六一生物技术有限公司; 紫外分光光度计, 美国 Bio-Rad 公司。

1.2 实验方法

1.2.1 DNA 的提取

采用改良 CTAB 法^[9]提取油棕幼嫩叶片总 DNA, 分别用琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计进行 DNA 质量、纯度和浓度检测, 然后将 DNA 浓度稀释至 20 ng/μL, 作为 SSR 电泳的模板。

1.2.2 SSR 引物选择与合成

根据前人公布的 SSR 引物, 经过一次初筛和一次复筛得到 89 对引物, 从中挑选 30 对 (见表 1) 多态性信息含量 (PIC) 大于 0.65 的引物送至上海生工生物工程有限公司合成。

表 1 30 对 SSR 引物信息
Table 1 Information of 30 pairs of SSR primers

引物	上游引物序列	下游引物序列	参考文献
YW4	CCGTGATTAAGTTCAGAGCTTTC	CAGAAACCTGACCACCGTAAATA	[6]
YW61	CCCCAAAACAGCAACTTCAATA	GACAGTGGAGCTGAGGGAATAG	[10]
YW63	TCTTGCTCCCTGTCTTTCTTTC	ACCTCGGATCTGTTGTTTTGAT	[10]
YW70	CCGAATTTTATGGGCTTTTCTC	CATCGTGATCCTCCTCCATC	[10]
YW73	GACTGGGAGTTTTAGGGCTTCT	GTTGAAGAACTTGAGGAGGACG	[10]
YW76	TATCGCTAGAAAACCTCGCCT	ACCTGAGACCAAAGTACAGCCT	[10]
YW77	TCCTCTCCTCTTTTCTTTGC	AATAAACTGGTCGGCATGGTAT	[10]
YW100	TTGCTCCAACCTGACTGATGC	ACATTCCAGATCCCAGCAAG	[11]
YW113	TACACAACCCATGCACAT	AAAAACATCCAGAAATAAAA	[12]
YW122	AGAGAGAGAGAGTGCCTATG	GTCCCTGTGGCTGCTGTTTC	[12]
YW124	ACCTTGTATTAGTTTGTCCA	CTTCCATTGTCTCATTATTCTCTTA	[12]
YW132	ACTGATGCAGGAAAGAGGAA	GAAGTACACAAGGTAAGTTCATAG	[13]
YW136	GTCACCGAACCCTAATAAAAAT	ATGCAGTTGAGGACAAAAAAG	[13]
YW154	GGCATTTCAGATAACGACAAA	GCACCCAAGTCTCTCTACCTC	[14]
YW169	ACTGTTTCGTCAAGCATTTC	ATCAAGAGAAGGTCGTGTCAG	[14]
YW170	CATACCCTGCTTATCTTTC	GTAGATACCCGTTAGTTGAC	[15]
YW173	GGTGTGATAACTTCGTTGTTGCT	ATGCTCAAAAAGTGGGTTTCTCTC	[15]
YW180	GATCAATGCGAGAAATCAGG	GATCATGCTTATCCTTTCCAAGT	[15]
YW184	CACCTAAAAACGGCAAGGAAC	GGAGGAGAGAAAATGGAAGACG	[15]
YW188	CTCCTTTGGCGTATCCTTFA	TACGTGCAGTGGGTTCTTTC	[16]
YW195	CCCATCATCTGCTCAGGATAGAC	ACCCTCTCCTCTTGGGAAGA	[16]
YW198	GCCTATCCCCTGAACTATCT	TGCACATACCAGCAACAGAG	[16]
YW200	AAGCAATATAGGTTCAAGTTC	TCATTTTCTAATTCCAAAACAAG	[16]
YW201	TTCTAGGGTCTATCAAAGTCATAAG	AGCCACCACCACCATCTACT	[16]
YW206	TCTATGGCTCTGTCGTGAT	CGAGCCGGTAGAAAATAT	[17]
YW212	ACATTCCCTCTATTATTCTCAC	GTTTTGTTTGGTATGCTTGT	[17]
YW215	GGGGATGAGTTTGTTTGTTC	CCTGCTTGGCGAGATGA	[17]
YW218	GAAGGGGCATTGGATT	TACCTATTACAGCGAGAGTG	[17]
YW219	TAGCCGCACTCCACGAAGC	CCAGAATCATCAGACTCGGACAG	[17]
YW220	AGCAGGGCAAGAGCAATACT	TTCAGCAGCAGGAAACATC	[17]

1.2.3 PCR 扩增与毛细管荧光电泳检测

PCR 反应体系: 总体积 10.0 μL , 其中 $2 \times \text{Taq PCR Master Mix}$ 5.0 μL 、基因组 DNA (20 $\text{ng}/\mu\text{L}$) 1.0 μL 、上下游引物 (10 $\text{pmol}/\mu\text{L}$) 各 0.5 μL 、双蒸水 3.0 μL 。

PCR 扩增条件: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 52 ~ 62 $^{\circ}\text{C}$ 梯度退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 运行 10 个循环; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 52 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 运行 25 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 20 min, 于 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。

使用 ABI 3730XL 测序仪对 PCR 产物进行检测并以 .fsa 格式下机, 下机后采用 GeneMapper Ver. 3.7 软件对原始数据进行读取和统计, 读出每个样品各位点的等位变异片段大小数据。

1.2.4 数据统计与分析

利用 GenAlEx 和 PowerMarker 3.25 软件计算

每对引物的观察等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、香农信息指数 (I)、观察杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、PIC (C_{pi})、基因多样性指数 (H)、近交系数 (F) 和 Nei 氏遗传距离 (D), 并按非加权配对法 (UPGMA) 进行聚类分析。利用 GenAlEx 软件进行分子方差分析 (AMOVA) 及遗传分化系数 (F_{st})、基因流 (N_m) 计算。利用 Structure 软件完成 605 份油棕资源群体遗传结构剖析及参试材料的群体划分。

2 结果与讨论

2.1 油棕 SSR 位点多态性分析

为了反映 SSR 引物对油棕遗传多样性分析的有效性, 进行引物的多态性分析。表 2 显示了 30 对 SSR 引物在 605 份油棕样本中的多态性指标信息。

表 2 30 对 SSR 引物的多态性指标信息

Table 2 Polymorphism index information of 30 pairs of SSR primers

引物	N_a	N_e	I	H_o	H_e	C_{PI}
YW100	10	5.077	1.729	0.643	0.803	0.774
YW113	11	3.870	1.579	0.680	0.742	0.702
YW122	13	3.392	1.509	0.637	0.705	0.663
YW124	12	5.796	1.943	0.794	0.827	0.806
YW132	12	4.784	1.708	0.715	0.791	0.760
YW136	21	4.667	2.023	0.714	0.786	0.763
YW154	8	2.932	1.297	0.609	0.659	0.608
YW169	7	4.217	1.583	0.702	0.763	0.727
YW170	12	2.021	1.170	0.489	0.505	0.486
YW173	18	4.833	1.898	0.772	0.793	0.766
YW180	7	3.005	1.283	0.334	0.667	0.618
YW184	15	4.574	1.804	0.695	0.781	0.751
YW188	12	4.151	1.721	0.629	0.759	0.731
YW195	17	4.449	1.838	0.705	0.775	0.752
YW198	14	4.544	1.808	0.732	0.780	0.751
YW200	17	4.354	1.762	0.716	0.770	0.735
YW201	12	4.221	1.713	0.715	0.763	0.729
YW206	8	4.195	1.577	0.567	0.762	0.723
YW212	13	4.570	1.791	0.722	0.781	0.752
YW215	12	2.560	1.356	0.536	0.609	0.580
YW218	13	3.641	1.579	0.641	0.725	0.683
YW219	10	5.196	1.804	0.735	0.808	0.782
YW220	9	4.435	1.691	0.770	0.775	0.743
YW4	12	3.320	1.620	0.611	0.699	0.670
YW61	10	4.586	1.649	0.734	0.782	0.748
YW63	9	3.573	1.438	0.685	0.720	0.673
YW70	6	3.776	1.405	0.659	0.735	0.688
YW73	7	3.698	1.461	0.240	0.730	0.686
YW76	19	5.663	2.028	0.672	0.823	0.801
YW77	12	3.381	1.545	0.590	0.704	0.664
平均值	11.933	4.116	1.643	0.648	0.744	0.711

由表 2 可知:605 份样品共检测出观察等位基因数(N_a)范围为 6~21,平均值为 11.933;有效等位基因数(N_e)范围为 2.021~5.796,平均值为 4.116;香农信息指数(I)范围为 1.170~2.028,平均值为 1.643;观察杂合度(H_o)范围为 0.240~0.794,平均值为 0.648;期望杂合度(H_e)范围为 0.505~0.827,平均值为 0.744;PIC(C_{PI})范围为 0.486~0.806,平均值为 0.711。从有效等位基因数(N_e)、香农信息指数(I)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)结果看出,30 对 SSR 引物在油棕种质中出现不同程度的等位变异,且等位变异中个体的杂合性强。另外,有效等位基因数(N_e)和 PIC(C_{PI})是反映引物多态性的 2 项最重要的指标^[18]。本研究所筛选的 SSR 引物与国外 Okoye 等^[15,19]研究的引物的多态性相似(PIC 为 0.660、0.723 5),并高于国内周丽霞等^[20]开发的 SSR 引

物的(PIC 为 0.435)。依据 Botstein 等^[21]提出的 PIC 的衡量理论,当 PIC 大于 0.5 时,该引物为高多态性引物,本研究中 30 对 SSR 引物中 PIC 大于 0.5 的占 96.67%,且 PIC 平均值也大于 0.5,表明本次筛选出的 30 对 SSR 引物的多态性总体偏高,是油棕种质材料中特异的等位基因位点,对后续遗传多样性挖掘起着关键作用,应加强挖掘应用。结合观察等位基因数(N_a)发现,其中 YW136 和 YW76 引物的多态性最佳[PIC 分别为 0.763 和 0.801,观察等位基因数(N_a)分别为 21 和 19]。另外,虽然部分引物的观察等位基因数(N_a)较低,但其 PIC 仍高于某些观察等位基因数(N_a)较高的引物,同时杂合性也较高,足以说明该引物在参试种质资源中具有更多的等位变异类型,能更有效地反映遗传多样性,从一定程度上也说明 PIC 更能反映引物的多态性。

2.2 群体结构分析

2.2.1 Structure 分析

在群体遗传结构分析中, K 值是指将研究群体划分为亚群的数量。根据 Evanno 等^[22]提出的方法, 当 ΔK 随 K 值变化出现最大值时, 对应的 K 值为最佳亚群数。本研究中 K 值与 ΔK 折线关系图如图 1 所示。

由图 1 可知, 当 K 值为 2 时, ΔK 达到最大值, 说明该群体最佳亚群数为 2。根据 Structure 软件输出的种质在 2 个亚群中的 Q 值(成员系数), 将每份种质依据 Q 值最大的原则划分到相应亚群中。 K 值为

2 时 605 份油棕种质的群体遗传结构分析如图 2 所示。

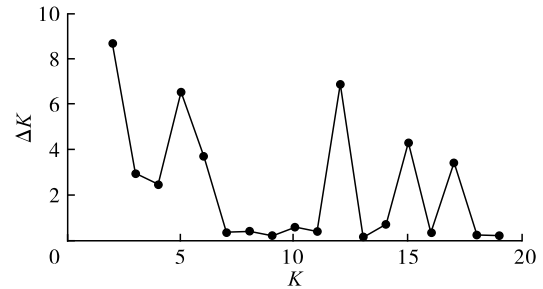


图 1 K 值与 ΔK 折线关系图

Fig. 1 Plot of K -value versus ΔK folded line

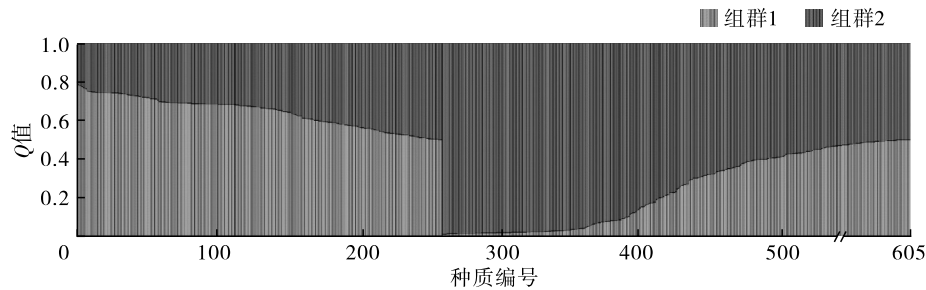


图 2 $K=2$ 时 605 份油棕种质的群体遗传结构分析

Fig. 2 Populations genetic structure analysis of 605 oil palm germplasms at $K=2$

由图 2 可知, 605 份油棕种质被划分为 2 个亚群, 组群 1 包含 265 份种质, 组群 2 包含 340 份种质。当某份种质在某一亚群中的 Q 值不小于 0.6 时, 认为该种质血缘比较单一; 当 Q 值小于 0.6 时, 则认为该种质具有混合来源^[23]。对 Q 值进行统计发现, 605 份油棕种质中 117 份 Q 值小于 0.6, 说明 19.3% 的油棕具有混合来源, 488 份 Q 值不小于 0.6, 说明 80.7% 的油棕血缘比较单一。

2.2.2 主坐标分析

利用 GenAlEx 软件对油棕种质进行主坐标分析, 材料在二维平面上位置的远近反映了其亲缘关系的远近程度。605 份油棕种质主坐标分析二维散点图如图 3 所示。

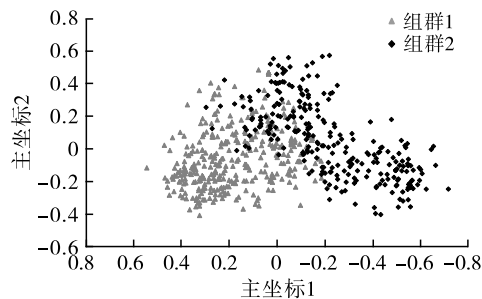


图 3 605 份油棕种质主坐标分析二维散点图

Fig. 3 Two-dimensional scatter plot of principal coordinate analysis of 605 oil palm germplasms

由图 3 可知, 2 个亚群有少部分种质不能明显

分开, 亲缘关系较近, 大部分种质能明显分开, 亲缘关系较远, 充分验证了群体遗传结构的分析结果。

2.2.3 UPGMA 聚类分析

根据 Nei 氏遗传距离将供试的 605 份油棕种质根据 UPGMA 进行聚类分析, 结果如图 4 所示。

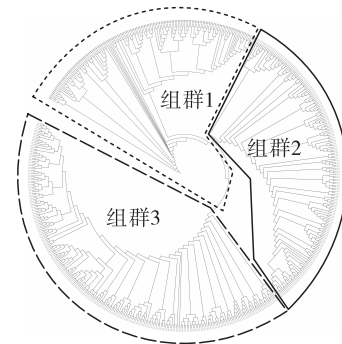


图 4 605 份油棕种质的 UPGMA 聚类结果

Fig. 4 UPGMA clustering results of 605 oil palm germplasms

由图 4 可知, 605 份油棕种质被分成 3 个组群, 这一结果与主坐标分析结果基本一致, 与群体遗传结构分析中 K 值为 3 时的结果相似, 各组群有明显的基因池存在。

综上, 在遗传结构层面, 3 种聚类结果基本一致, 存在的略微差异可能与不同方法依据的遗传距离不同有关, 3 种方法印证结果都呈现出总群体中遗传背景较为简单。Mayes 等^[24]将非洲有壳油棕种质材料遗传结构分为 2 个组群; Okoye 等^[15]将马

来西亚和尼日利亚混合油棕材料的遗传结构分为2个组群;Tay等^[25]将Deli型、AVROS型油棕混合材料的遗传结构分为2个组群:以上3项研究与本研究的群体结构分组相似,说明国内目前储存的油棕材料与马来西亚、非洲部分有壳种质遗传来源相似,这部分可能是前期引种的结果。Wong等^[26]将马来西亚和印度尼西亚的油棕混合材料的群体遗传结构分为3个组群;Sarimana等^[17]将非洲无壳油棕材料的遗传结构分为6个组群:说明本研究所分析油棕材料的基因池与非洲、东南亚无壳种质存在一定差异,本次所收集的油棕种质数量虽多但未包含全球油棕基因库。另外,从本研究群体遗传结构分析中发现,当K值为3、4、5时,也存在明显的基因池现象,进一步说明总群体遗传组分较为单一。

2.3 个体间遗传距离分析

基于Nei氏遗传距离法分析605份油棕种质两两间遗传距离,统计个体间遗传距离频率分布,结果如表3所示。

表3 个体间遗传距离频率分布

Table 3 Frequency distribution of genetic distances between individuals

区间	频率
(0,0.2]	0.000 60
(0.2,0.4]	0.026 55
(0.4,0.6]	0.422 36
(0.6,0.8]	0.516 80
(0.8,1.0]	0.033 70

由表3可知,遗传距离在0.4以下的种质约占3%,遗传距离在(0.8,1.0]的约占3%,约94%的种质遗传距离在(0.4,0.8],表明油棕种质间遗传距离远。与Okoye^[15]、丁灿^[27]等报道的油棕个体间遗传距离远的结果相一致,表明目前国内油棕的变异主要体现在个体上,个体变异导致种质间遗传距离较远。

2.4 群体结构分组遗传多样性分析

基于Structure分组结果,利用30对引物分别对各组群个体进行遗传多样性分析,结果如表4所示。

表4 30对引物下各亚群体遗传参数

Table 4 Genetic parameter of each subpopulation under 30 pairs of primers

项目	N_a	N_e	I	H_o	H_e	H	F	C_{PI}
组群1	11.400	4.352	1.712	0.699	0.757	0.759	0.082	0.729
组群2	9.600	3.540	1.477	0.608	0.700	0.701	0.130	0.621
平均值	10.500	3.946	1.594	0.653	0.728	0.730	0.106	0.675

由表4可知,观察等位基因数(N_a)、有效等位

基因数(N_e)、香农信息指数(I)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、基因多样性指数(H)、PIC均表现为组群1 > 组群2,近交系数(F)表现为组群1 < 组群2。这说明组群1的遗传多样性较组群2高,组群2的自交程度较组群1明显,但2个群体都表现出较高的变异性。组群1与组群2的观察等位基因数(N_a)平均值为10.500,有效等位基因数(N_e)平均值为3.946,香农信息指数(I)平均值为1.594,观察杂合度(H_o)平均值为0.653,期望杂合度(H_e)平均值为0.728,近交系数(F)平均值为0.106,基因多样性指数(H)平均值为0.730,PIC平均值为0.675。本文605份油棕的香农信息指数(I)、基因多样性指数(H)、观察杂合度(H_o)平均值均高于Bakoumé^[28]、Arias^[29]、Zhou^[7]、Taeprayoon^[30]等的研究结果,表明605份油棕种质遗传信息量较丰富,个体杂合性的变异程度高于国外研究材料,说明本研究样品存在大量的遗传变异,且这些变异主要来自个体内变异,这可能与本研究所选材料经过长期的人工杂交选择以及复杂的地形和海拔适应,出现了大量等位变异有关。

2.5 群体间遗传分化与遗传变异分析

分子方差分析(AMOVA)是Excoffier等^[31]提出的一种通过进化距离来度量并计算基因型间遗传变异的方法。基于Structure分组结果,605份油棕种质的分子方差分析如表5所示。

表5 分子方差分析

Table 5 Molecular variance analysis

项目	自由度	方差	均方	偏均方	变异比例/%
群体间	1	339.919	339.919	0.550	5
个体间	603	7 305.752	12.116	1.204	10
个体内	605	5 873.000	9.707	9.707	85
总体	1 209	13 518.670		11.462	100
群体间 F_{st} 0.025, 群体间 N_m 9.613, 群体间 D 0.068					

由表5可知,组群1与组群2群体间遗传分化系数(F_{st})为0.025($p < 0.05$),基因流(N_m)为9.613,遗传距离(D)为0.068,10%的变异来源于个体间,5%的变异来源于群体间,85%的变异来源于个体内。Wright^[32]认为当遗传分化系数(F_{st})为0~0.05时,群体间遗传分化很小。基因流(N_m)是影响群体间遗传分化的重要因素,当基因流(N_m)大于1时,其会阻碍近交程度及近交引起的遗传分化^[33]。因此,本研究中组群1和组群2两群体间表现出高基因流,群体间遗传分化较低,遗传距离较近,结合仲小茹等^[34]的研究结论可知,群体间丰富

的基因流抑制了遗传分化。来自马来西亚群体^[25]、美洲群体^[35]、塞内加尔群体^[36]、非洲无壳群体^[17]、非洲有壳群体^[37]的油棕,群体间的变异和分化程度均高于本研究,其变异主要来自群体内和群体间,且出现了多群体分化,与国内宋记明等^[38]的研究结果相一致,但与本研究有差异,说明国外油棕种质遗传背景丰富,国内现存油棕种质同质化严重,可能是同类材料经过等位变异获得,导致在基因池中类别相似性较高。

结合遗传结构分组结果来看,与国外材料遗传背景相比,我国现有圃存油棕种质资源遗传组成简单,加之群体内材料间基因流高,抑制了油棕种质资源的基因分化,遗传背景有变窄的趋势,但国外个体变异却极其丰富,后续还需继续引入新的油棕种质进一步丰富遗传组成。

3 结 论

本研究利用 SSR 引物对 605 份油棕种质进行遗传多样性和群体结构分析,605 份种质中存在 2 个基因池,遗传组分比较单一,与聚类分析和主坐标分析基本一致,在一定程度上解释了 605 份种质的亲缘关系和遗传组成。分子方差分析表明,遗传变异主要来源于个体内,群体间基因流水平明显高于遗传分化水平,抑制了群体的分化和近交程度。综上,参试群体遗传组成相对简单,在群体水平上分化程度低,但个体水平上变异丰富且遗传距离较远,在后续的油棕育种工作中应重视单株优树选择和新种质的创制。

参考文献:

[1] 曾宪海,潘登浪,邹积鑫,等. 油棕组织培养[J]. 中国热带农业, 2012(5): 35-42.

[2] PURBA A R, NOYER J L, BAUDOUIN L, et al. A new aspect of genetic diversity of Indonesian oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) revealed by isoenzyme and AFLP markers and its consequences for breeding[J]. Theor Appl Genet, 2000, 10(1): 956-961.

[3] 曾宪海,焦云飞,廖子荣,等. 广东不同地区油棕叶片解剖结构观察与评价[J]. 热带作物学报, 2018, 39(11): 2176-2185.

[4] MAIZURA I, RAJANAIDU N, ZAKRI A H, et al. Assessment of genetic diversity in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) using restriction fragment length polymorphism (RFLP) [J]. Genet Resour Crop Evol, 2006, 53(1): 187-195.

[5] 丁灿,郎南军,林位夫. 海南、云南油棕种质材料遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 种子, 2011, 30(7): 45-48.

[6] 曾宪海,曾精,程秋如,等. 基于 EST-SSR 分子标记

的广东油棕种质资源的遗传多样性分析[J]. 中国热带农业, 2019(6): 66-73.

- [7] ZHOU L X, XIAO Y, XIA W, et al. Analysis of genetic diversity and population structure of oil palm (*Elaeis guineensis*) from China and Malaysia based on species-specific simple sequence repeat markers [J]. Genet Mol Res, 2015, 14(4): 16247-16254.
- [8] BARCELOS E, AMBLARD P, BERTHAUD J, et al. Genetic diversity and relationship in American and African oil palm as revealed by RFLP and AFLP molecular markers [J]. Pesq Agropec Bras, 2002, 37(8): 1105-1114.
- [9] 李金璐,王硕,于婧,等. 一种改良的植物 DNA 提取方法[J]. 植物学报, 2013, 48(1): 72-78.
- [10] 肖勇,杨耀东,夏薇,等. 25 个油棕 SSR 标记的开发及应用这些标记评估油棕资源的遗传多样性[J]. 江西农业学报, 2013, 25(12): 27-31.
- [11] SINGH R, ZAKI N M, TING N C, et al. Exploiting an oil palm EST database for the development of gene-derived SSR markers and their exploitation for assessment of genetic diversity [J]. Biologia, 2008, 63(2): 227-235.
- [12] BILLOTTE N, RISTERUCCI A M, BARCELOS E, et al. Development, characterisation, and across-taxa utility of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) microsatellite markers [J]. Genome, 2001, 44(3): 413-425.
- [13] TING N C, ZAKI N M, ROSLI R, et al. SSR mining in oil palm EST database: Application in oil palm germplasm diversity studies[J]. J Genet, 2010, 89(2): 135-145.
- [14] ZAKI N M, SINGH R, ROSLI R, et al. *Elaeis oleifera* genomic-SSR markers: Exploitation in oil palm germplasm diversity and cross-amplification in Arecaceae [J]. Int J Mol Sci, 2012, 13(4): 4069-4088.
- [15] OKOYE M N, UGURU M I, BAKOUMÉ C, et al. Assessment of genetic diversity of NIFOR oil palm main breeding parent genotypes using microsatellite markers [J]. Am J Plant Sci, 2016, 7(1): 218-237.
- [16] BAKOUMÉ C, WICKNESWARI R, RAJANAIDU N, et al. Allelic diversity of natural oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) populations detected by microsatellite markers: Implications for conservation[J]. Plant Genet Res, 2007, 5(2): 104-107.
- [17] SARIMANA U, HERRERO J, ERIKA P, et al. Analysis of genetic diversity and discrimination of oil palm DxP populations based on the origins of pisifera elite parents [J]. Breed Sci, 2021, 71(2): 134-143.
- [18] 张曼,任佳佳,王钦,等. 基于 SSR 标记的朝天椒种质遗传多样性分析[J]. 河南农业科学, 2020, 49(7): 101-109.
- [19] OKOYE M N, BAKOUMÉ C, UGURU M I, et al.

- Genetic relationships between elite oil palms from Nigeria and selected breeding and germplasm materials from Malaysia via simple sequence repeat (SSR) markers [J/OL]. *J Agric Sci*, 2016, 8(2): 159 [2023 - 12 - 21]. <https://doi.org/10.5539/jas.v8n2p159>.
- [20] 周丽霞, 吴翼, 肖勇. 基于 SSR 分子标记的油棕遗传多样性分析 [J]. *南方农业学报*, 2017, 48(2): 216 - 221.
- [21] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. *Am J Hum Genet*, 1980, 32(3): 314 - 331.
- [22] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: A simulation study [J]. *Mol Ecol*, 2005, 14(8): 2611 - 2620.
- [23] 刘有春, 刘成, 杨艳敏, 等. 基于 EST - SSR 标记的越橘栽培种和几个中国野生种的遗传结构分析 [J]. *果树学报*, 2017, 34(8): 956 - 967.
- [24] MAYES S, JACK P L, CORLEY R H. The use of molecular markers to investigate the genetic structure of an oil palm breeding programme [J]. *Heredity (Edinb)*, 2000, 85(3): 288 - 293.
- [25] TAY C C. Genetic diversity and inbreeding level in Deli Dura and AVROS advanced breeding materials in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) using microsatellite markers [J/OL]. *J Oil Palm Res*, 2018: 44 [2023 - 12 - 21]. <https://doi.org/10.21894/jopr.2018.0044>.
- [26] WONG W C, TUNG H J, FADHILAH M N, et al. Genetic diversity and gene flow amongst admixed populations of *Ganoderma boninense*, causal agent of basal stem rot in African oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) in Sarawak (Malaysia), Peninsular Malaysia, and Sumatra (Indonesia) [J]. *Mycologia*, 2021, 113(5): 902 - 917.
- [27] 丁灿, 郎南军, 林位夫. 12 个新引进油棕品种遗传多样性研究 [J]. *中国粮油学报*, 2012, 27(5): 60 - 64, 69.
- [28] BAKOUMÉ C, WICKNESWARI R, SIJU S, et al. Genetic diversity of the world's largest oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) field genebank accessions using microsatellite markers [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2015, 62(3): 349 - 360.
- [29] ARIAS D, GONZÁLEZ M, PRADA F, et al. Genetic and phenotypic diversity of natural American oil palm (*Elaeis oleifera* (H. B. K.) Cortés) accessions [J/OL]. *Tree Genet Genomes*, 2015, 11(6): 122 [2023 - 12 - 21]. <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0946-y>.
- [30] TAEPRAYOON P, TANYA P, LEE S H, et al. Genetic background of three commercial oil palm breeding populations in Thailand revealed by SSR markers [J]. *Aust J Crop Sci*, 2015, 9(4): 281 - 288.
- [31] EXCOFFIER L, SMOUSE P E, QUATTRO J M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data [J]. *Genetics*, 1992, 131(2): 479 - 491.
- [32] WRIGHT S. The interpretation of population structure by F - statistics with special regard to systems of mating [J]. *Evolution*, 1965, 19(3): 395 - 420.
- [33] GOVINDARAJU D R. Relationship between dispersal ability and levels of gene flow in plants [J]. *Oikos*, 1988, 52(1): 31 - 35.
- [34] 仲小茹, 柯叮, 黄献峰, 等. 基于 SSR 标记的江西省枫香古树遗传多样性评价 [J]. *植物遗传资源学报*, 2023, 24(2): 523 - 531.
- [35] ITHNIN M, TEH C K, RATNAM W. Genetic diversity of *Elaeis oleifera* (HBK) Cortes populations using cross species SSRs: Implication's for germplasm utilization and conservation [J/OL]. *BMC Genet*, 2017, 18(1): 37 [2023 - 12 - 21]. <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0505-7>.
- [36] MYINT K A, YAAKUB Z, RAFII M Y, et al. Genetic diversity assessment of MPOB - Senegal oil palm germplasm using microsatellite markers [J/OL]. *Biomed Res Int*, 2021, 2021: 6620645 [2023 - 12 - 21]. <https://doi.org/10.1155/2021/6620645>.
- [37] COCHARD B, ADON B, REKIMA S, et al. Geographic and genetic structure of African oil palm diversity suggests new approaches to breeding [J]. *Tree Genet Genomes*, 2009, 5(3): 493 - 504.
- [38] 宋记明, 姜太玲, 段春芳, 等. 油棕在云南保山干热河谷区引种适应性初步评价 [J]. *中国油脂*, 2022, 47(12): 131 - 134, 140.