

# 油橄榄品种表型和 SSR 标记的多样性及聚类分析<sup>\*</sup>

秦倩<sup>1</sup>, 王楠楠<sup>1</sup>, 李金花<sup>1\*\*</sup>, 苏光灿<sup>2</sup>

(1. 林木遗传育种国家重点实验室 国家林业局林木培育重点实验室 中国林业科学研究院林业研究所, 北京 100091;  
2. 凉山州中泽新技术开发有限责任公司, 四川 西昌 615000)

**摘要:** [目的] 利用表型性状和分子标记, 对我国油橄榄品种进行鉴定和遗传多样性研究, 有利于种质资源保存和利用, 对了解油橄榄品种的组成结构及未来的引种和育种工作都具有重要意义。[方法] 以甘肃省陇南市 17 个油橄榄品种为研究材料, 利用表型上 15 个数量性状、18 个质量性状和 8 个 SSR 荧光标记分别进行多样性和聚类分析。[结果] 各性状在品种间存在显著差异, 数量性状和质量性状的表型多样性指数分别介于 1.579~2.089 和 0.362~1.091, 8 个 SSR 位点共检测到 51 个等位基因变异, 平均每个位点等位基因数为 6.375 个, 利用表型性状和 SSR 标记可以将 17 个品种完全区分开。[结论] 17 个油橄榄品种具有较丰富的表型和遗传多样性, 基于表型数量性状、质量性状和 SSR 标记的聚类分析结果, 判别品种间遗传关系的结果有一致的, 也存在一定差异。对于表型性状相似的品种, 需结合 SSR 标记进行品种鉴定。

**关键词:** 油橄榄; 表型性状; SSR 荧光标记; 遗传多样性; 聚类分析

中图分类号: S565.7

文献标识码: A

## Diversity and Cluster Analysis on Phenotypic Traits and SSR of Olive Cultivars

QIN Qian<sup>1</sup>, WANG Nan-nan<sup>1</sup>, LI Jin-hua<sup>1</sup>, SU Guang-can<sup>2</sup>

(1. State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China;  
2. Liangshan Zhongze New Tech Development Co. Ltd., Xichang 615000, Sichuan, China)

**Abstract:** [Objective] With genetic markers and phenotypic data to identify olive cultivars and evaluation their genetic diversity. [Method] Taking 11 olive cultivars from Longnan, Gansu Province, as samples, the genetic diversity analysis and cluster analysis were conducted with 15 quantitative traits, 18 quality phenotypic traits and 8 SSR markers. [Result] For all the phenotypic traits, significant variability was found among the cultivars. The phenotypic diversity index of quantitative traits ranged from 1.579 to 2.088 as those of quality traits ranged from 0.362 to 1.091. A total of 51 alleles were detected for 8 SSR markers, while the number of alleles per locus reached an average of 5.9. With the phenotypic traits and SSR markers, 17 cultivars can be completely identified and distinguished. [Conclusion] The result of genetic distance analysis based on phenotypic traits and SSR markers showed similar genetic relationships between cultivars with somewhat differences between them. The SSR markers should be combined to identify cultivars with similar phenotypic traits.

**Keywords:** *Olea europaea* L., phenotypic data, SSR, genetic diversity, clustering analysis

收稿日期: 2015-03-20

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资助“油橄榄主栽品种授粉习性及其杂交的研究”(CAFYBB2014MA001)

作者简介: 秦倩(1990—), 女, 江苏张家港人, 林木遗传育种专业硕士研究生, 从事油橄榄育种研究。

\* 致谢: 本文调查和取样工作中得到了陇南田园油橄榄科技开发有限公司白小勇先生的大力协助, 特此致谢。

\*\* 通讯作者: lijinh@caf.ac.cn.

油橄榄 (*Olea europaea* L.) 属于木犀科 (*Oleaceae*) 木犀榄属 (*Olea* L.) 常绿乔木, 是世界著名的优质木本油料树种之一。橄榄油可作为食用、工业、药用油的原料, 有着很高的经济价值, 在国际上被誉为“飘香的软黄金”<sup>[1-2]</sup>。近年来, 我国橄榄油消费需求急剧增长, 国际橄榄油协会预测我国是“未来世界最大的潜在消费市场”。油橄榄原产于地中海地区, 已有 4 000 年的栽培历史。我国自 20 世纪 60 年代初期开始大规模引种, 已在甘肃、四川、云南、陕西、湖北等 9 省区引种, 尤以甘肃、四川、云南种植和发展面积最大, 总种植面积达 4 万  $\text{hm}^2$  以上, 约 1 500 万株<sup>[1-2]</sup>。在长期引种驯化和人工选择过程中, 形成了遗传变异丰富并具有优良性状的油橄榄品种, 对这些品种的正确鉴定和特异性状的鉴别, 了解品种间遗传变异和多样性, 是油橄榄品种资源利用和育种工作的重要前提<sup>[1-3]</sup>。

早先对油橄榄品种的鉴定和遗传变异等研究, 都是基于表型或农艺性状<sup>[1-5]</sup>。由于油橄榄主要为异花授粉, 导致其具有高度杂合性和多态性, 一些形态分类性状不稳定, 而品种选择和性状评价多农艺性状为主, 包括连续变异的数量性状, 易受环境影响, 测定也受季节限制<sup>[1,3-6]</sup>。近年来, 分子标记技术如 RAPD、AFLP、SSR 标等, 已被广泛用于油橄榄研究, 其中 SSR (Simple Sequence Repeat) 标记以其多态性高、重复性好、共显性明显, 操作简单等优点, 在油橄榄种质资源遗传多样性分析、品种鉴别和育种工作中的有效性已经得到证实<sup>[6-14]</sup>。Trujillo 等 (2014) 对西班牙科尔多瓦国际油橄榄种质资源库中来自 21 个国家的 499 份资源 824 株树, 利用 33 个 SSR 标记和 11 个果核表型性状进行分析, SSR 标记鉴定出了 130 个新品种, 其在表型上与 48 个品种差异甚微, 表型性状为依据的品种命名存在同名、混名现象<sup>[15]</sup>。虽然利用分子标记技术可以准确鉴定油橄榄品种和了解遗传信息, 但难以与表型性状结合, 缺乏分子标记与表型性状的验证分析, 基于表型性状和分子标记的油橄榄品种遗传多样性、遗传相似性分析及比较已有一些研究报道<sup>[16-19]</sup>。Corrado 等 (2009) 利用 SSR 标记和 AFLP 标记以及表型性状对意大利 14 个油橄榄品种分析, 发现两种分子标记所得的遗传距离之间显著相关, 与表型数量性状所得的遗传距离之间相关性较低<sup>[19]</sup>。Zaher 等 (2011) 利用 SSR 标记和表型性状对 19 个油橄榄基因型进行分析, 发现 SSR 标记的聚类分析结果与表型性状

的聚类分析结果之间高度正相关<sup>[17]</sup>。

本研究选取了甘肃省陇南市武都区 17 个主要油橄榄品种, 对果实、果核和叶片的 33 个表型性状进行了调查分析, 并结合 SSR 标记, 进行性状多样性和聚类分析, 以期生产中油橄榄品种的鉴定评价和选择利用提供参考依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

试验园位于在甘肃省陇南市武都区下黄坝村田园公司油橄榄加工厂内, 于 1999 年以 2 年生扦插苗定植, 常规管理。于 2013—2014 年连续进行了表型性状的测定, 材料编号、名称、起源和用途见表 1。

表 1 供试油橄榄品种及其起源和用途

编号	品种	起源	用途	编号	品种	起源	用途
1	佛奥	意大利	油用	10	格洛桑	法国	油用
2	科拉蒂	意大利	油用	11	胡耶特	法国	油用/果用
3	莱星	意大利	油用	12	戈达尔	西班牙	果用
4	配多灵	意大利	油用	13	九峰 6	湖北	油用/果用
5	阿斯	意大利	果用	14	鄂植 8	湖北	油用
6	克罗莱卡	希腊	油用	15	城固 32	陕西	油用/果用
7	卡拉蒙	希腊	油用/果用	16	城固 53	陕西	油用/果用
8	马斯特	希腊	油用/果用	17	中山 24	江苏	油用/果用
9	皮削利	法国	油用/果用				

### 1.2 表型性状测定

参考国际植物新品种保护联盟 (UPOV) 的《植物新品种 DUS 测试指南 油橄榄》(TG/99/3 1985 - 11 - 13)<sup>[20]</sup> 的相关标准和国际橄榄油理事会 (IOC) 出版的《World Catalogue of Olive varieties》<sup>[5]</sup> 中对油橄榄品种的形态描述, 结合油橄榄生长的实际情况, 每个品种从树冠南侧齐肩高处, 选取代表性 1 年生枝条 8 ~ 10 根, 在枝条中部共取 40 片正常叶, 测定叶片长度、叶片宽度、叶片形状、叶片纵向弯曲度、叶片厚度、叶面积、叶周长等 7 个性状; 在果实成熟期, 每株从同一部位最具代表性的结果枝的中部, 选取发育正常并完成转色的果共计 40 粒, 测定果横径、果纵径、单果重、果形状、果对称性、果最大横截面位置、果顶形状、果基形状、果顶部乳头、果皮皮孔数量、果皮皮孔大小等 11 个性状; 剥去果肉后, 将果核洗净、晾干, 测定果核横径、核纵径、单核重、核形状、核对称性、核最大横截面位置、核顶形状、核基形状、核表面粗糙度、核沟纹数量、核顶端点形状等 11 个果核性状。数量性状采用测量法, 其中叶面积和叶周长用 Yaxin-1241 型叶面积仪测定; 质量性状采用目测观察法并赋值, 观测方法见表 2。

表2 油橄榄品种18个表型质量性状及其描述分级

性状	描述分级
叶片形状	由叶片长( $L$ )宽( $W$ )比来确定:1 = 椭圆形( $L/W < 4$ ), 2 = 椭圆披针形( $L/W 4 \sim 6$ ), 3 = 披针形( $L/W > 6$ )
叶片纵向弯曲度	叶片侧面纵轴扭曲程度:1 = 向上弯曲, 2 = 平展, 3 = 向下弯曲, 4 = 螺旋
果形状(方位 A)	由果实长( $L$ )宽( $W$ )比来确定:1 = 球形( $L/W < 1.25$ ), 2 = 卵形( $L/W 1.25 \sim 1.45$ ), 3 = 细长( $L/W > 1.45$ )
果对称性(方位 A)	由纵轴剖开后两部分的对称程度来确定:1 = 对称, 2 = 稍不对称, 3 = 不对称
果最大横截面位置(方位 B)	果实最大横截面的位置(指方位 B):1 = 偏基部(近果柄), 2 = 中部, 3 = 偏顶部
果顶形状(方位 A)	果实顶部的形态:1 = 尖, 2 = 圆
果基形状(方位 A)	果实基部的形态:1 = 截尾, 2 = 圆
果顶部乳头	果实顶部有无乳头:1 = 无, 2 = 有
果皮皮孔数量	指果实发育完全但尚未转色时的皮孔数量情况:1 = 少许, 2 = 很多
果皮皮孔大小	指果实发育完全但尚未转色时的皮孔大小情况:1 = 小, 2 = 大
核形状(方位 A)	由果核长( $L$ )宽( $W$ )比来确定:1 = 球形( $L/W < 1.4$ ), 2 = 卵圆形( $L/W 1.4 \sim 1.8$ ), 3 = 椭圆形( $L/W 1.8 \sim 2.2$ ), 4 = 细长型( $L/W > 2.2$ )
核对称性(方位 A)	由纵轴剖开后两部分的对称程度来确定:1 = 对称, 2 = 稍不对称, 3 = 不对称
核最大横截面位置(方位 B)	果核最大横截面的位置:1 = 偏基部(近果柄), 2 = 中部, 3 = 偏顶部
核顶形状(方位 A)	果核顶部的形态:1 = 尖, 2 = 钝
核基形状(方位 A)	果核基部的形态:1 = 平截, 2 = 尖, 3 = 钝圆
核表面粗糙度(方位 B)	果核表面维管束的深度和多少来描述:1 = 光滑, 2 = 多皱, 3 = 粗糙
核沟纹数量	由果梗辐射出的沟纹的数量:1 = 低( $< 7$ ), 2 = 中等( $7 \sim 10$ ), 3 = 高( $> 10$ )
核顶端点形状	果核顶部形状:1 = 有尖, 2 = 无尖

注:方位 A 是指用食指和拇指持果实或果核两端,纵轴上最不对称时的观察方位;方位 B 是指果实或果核由方位 A 依纵轴旋转 $90^\circ$ 、生长发育最饱满的部分面对观察者时的观察方位;下同。

### 1.3 SSR 标记分析

1.3.1 总 DNA 提取 2014 年春季在选择部位采集 1 年生枝条顶端幼嫩叶片,采用改良的 CTAB 法提取总 DNA<sup>[9]</sup>,利用 NanoDrop 8000 型分光光度计和 1% 琼脂糖电泳检测 DNA 纯度,置于 $-20^\circ\text{C}$ 冰箱保存。

1.3.2 SSR 引物 8 对 SSR 引物分别为:DCA3、DCA5、DCA17、DCA18<sup>[12]</sup>、GAPU101<sup>[8]</sup>、UD006、UD011<sup>[7]</sup>和 OLEH6<sup>[21]</sup>。

1.3.3 PCR 反应 PCR 体系为 $10\ \mu\text{L}$ :50~60 ng 样品 DNA,1×PCR 缓冲液(Tris-HCl 20 mmol·L<sup>-1</sup> pH 8.0, KCl 100 mmol·L<sup>-1</sup>, MgCl<sub>2</sub> 1.5 mmol·L<sup>-1</sup>),正反向引物各 0.3 mmol·L<sup>-1</sup>, dNTP 0.2 mmol·L<sup>-1</sup>, rTaq 聚合酶 0.25 U(TaKaRa 公司)。扩增程序为:94℃变性 5 min,30 个循环(94℃ 30 s, T<sub>a</sub> 30 s, 72℃ 30 s), 72℃延伸 7 min, 4℃保温,不同引物的 T<sub>a</sub> 不同。PCR 产物用 ABI 3730 DNA 分析仪进行毛细管电泳检测<sup>[14]</sup>。

### 1.4 数据统计分析

利用 Excel 2007 对表型性状数据和 SSR 数据进行录入。利用 SPSS20 计算表型数量性状均值、变异系数(CV)、标准差、方差分析。基于表 2,对表型质量性状进行分级和赋值,并统计各性状频率。数量性状根据平均值( $X$ )和标准差( $\delta$ )分为 10 级,1 级 $< X - 2\delta$ ,10 级 $\geq X + 2\delta$ ,每级间相差 $0.5\delta$ ,统计各性状在 10 个级别中的分布概率。采用 Shannon's 信息

指数( $H'$ )进行各性状的遗传多样性评价。 $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ,  $P_i$  表示第  $i$  种变异类型出现的频率<sup>[22]</sup>。利用 PowerMarker V3.25 软件<sup>[23]</sup>计算 SSR 标记的多态性信息含量(PIC)、等位基因数、最大等位基因频率。数量性状原始数据经标准化后计算欧式距离,质量性状原始数据计算 Rogers-Tanimoto 系数,SSR 标记以基因型数据录入,并计算 Simple Matching 系数,分别利用加权无根分析(NJ)进行聚类分析。利用 DARwin 6.0.5 软件<sup>[24]</sup>(<http://darwin.cirad.fr/darwin>)进行上述聚类分析和绘制树状图。

## 2 结果与分析

### 2.1 油橄榄品种表型性状评价

2.1.1 数量性状多样性 17 个油橄榄品种的果实横径、果实纵径、果形指数、单果质量、果核横径、果核纵径、果核形指数、单果核质量、果肉率、叶长、叶宽、叶形指数、叶厚、叶面积、叶周长的变异系数介于 4.46%~54.83%,多样性指数介于 1.579 0~2.088 5(表 3),说明供试油橄榄品种的表型数量性状的变异丰富。性状方差分析的结果表明,不同品种之间 15 个数量性状的差异均达到了极显著水平( $P < 0.01$ ),说明其遗传差异极其明显,具有极大的选择潜力。

表3 油橄榄品种 15 个表型数量性状多样性统计分析

性状	平均值	最大值	最小值	标准误	极差	变异系数/%	F 值	Shannon's 指数 H'
果横径/cm	2.32	3.12	1.60	0.38	0.15	16.83	66.088**	1.758 2
果纵径/cm	1.60	2.33	1.08	0.29	0.08	17.47	52.290**	1.809 0
果形指数	1.47	1.71	1.20	0.14	0.2	11.96	29.592**	1.870 6
单果质量/g	4.22	11.01	1.04	2.33	5.42	54.83	91.070**	1.579 2
核横径/mm	1.72	2.15	1.18	0.29	0.08	17.36	48.631**	1.874 6
核纵径/mm	7.82	9.32	5.72	1.02	1.05	12.18	6.888**	1.789 0
核形指数	2.14	2.75	1.35	0.33	0.11	18.46	43.166**	1.675 0
单核质量/g	0.72	1.45	0.23	0.29	0.08	39.15	53.346**	1.870 6
果肉率/%	81.53	86.6	75.8	3.67	13.50	4.46	37.399**	1.711 6
叶长/cm	6.38	8.02	4.84	0.89	7.93	13.46	71.267**	1.870 6
叶宽/cm	1.497	2.12	1.13	0.23	0.51	13.46	72.659**	1.793 1
叶形指数	4.37	3.23	6.36	0.75	0.56	16.48	49.249**	1.839 8
叶厚/mm	0.36	0.44	0.27	0.05	0.002	11.73	49.358**	1.762 3
叶面积/cm <sup>2</sup>	6.70	11.42	4.56	1.63	2.66	21.98	86.736**	1.723 4
叶周长/cm	13.256	16.77	10.25	1.788	3.196	12.92	75.381**	2.088 5

注: \*\* 表示  $P < 0.01$  水平差异极显著。

2.1.2 质量性状多样性 基于表2,对 17 个品种的 18 个表型质量性状进行分级和赋值,统计各性状的频数和多样性指数,结果表明(表4),18 个质量性状在参试品种中共检测到 49 个变异类型,每个性状的平均变异类型为 2.7 个,其中以果核形状的变异类型最为丰富,共检测到 8 个果核表型性状的 23 个变异类型,每个果核性状的变异类型平均为 2.9 个。18 个质量性状的多样性指数介于 0.362 2 ~ 1.091 之间,说明油橄榄品种表型质量性状变异较大,表现出丰富的遗传多样性。在 17 个油橄榄品种中,10 个品种的叶片纵向平展,仅有 1 个品种的叶片向上

表4 油橄榄品种 18 个表型质量性状频数分布及多样性

性状	频数				Shannon's 指数 H'
	1	2	3	4	
叶片形状	7	9	1		0.868 7
叶片纵向弯曲度	1	10	3	3	1.091 0
果形状(方位 A)	2	11	4	0	0.873 9
果对称性(方位 A)	2	10	5	0	0.923 8
果最大横截面位置(方位 B)	1	14	2	0	0.578 3
果顶形状(方位 A)	5	12	0	0	0.605 8
果基形状(方位 A)	12	5	0	0	0.605 8
果顶部乳头	12	5	0	0	0.605 8
果皮皮孔数量	7	10	0	0	0.677 5
果皮皮孔大小	15	2	0	0	0.362 2
核形状(方位 A)	0	4	6	7	1.073 4
核对称性(方位 A)	3	12	2	0	0.803 7
核最大横截面位置(方位 B)	0	9	8	0	0.691 4
核顶形状(方位 A)	9	8	0	0	0.691 4
核基形状(方位 A)	2	6	9	0	0.974 1
核表面粗糙度(方位 B)	1	9	7	0	0.868 7
核沟纹数量	1	5	11	0	0.808 3
核顶端点形状	13	4	0	0	0.545 6

弯曲;11 个品种的果实形状为卵形,10 个品种的果实稍不对称,果顶和果基为圆形、果顶部无乳头的品种数量均为 12 个,仅有 2 个品种的果皮皮孔较大,其它品种的果皮皮孔较小;11 个品种的果核沟纹数量较多(多于 10 条),13 个品种的果核顶端点有尖。

2.2 基于油橄榄品种表型性状的聚类分析

2.2.1 数量性状聚类分析 基于 15 个表型数量性状(表2)计算品种间的欧式距离,对 17 个油橄榄品种的 NJ 聚类分析结果(图1)表明,17 个品种被分成 3 组,第 1 组为佛奥、城固 32、阿斯、戈达尔、卡拉蒙、胡耶特和中山 24,第 2 组包括鄂植 8、九峰 6、城固 53、格洛桑、配多灵、科拉蒂、马斯特、莱星、克罗莱卡,第 3 组是皮削利。17 个品种中没有表型数量性状完全一致的,佛奥与城固 32 之间的遗传距离最小,为 0.264 1,表明利用 15 个表型数量性状可以将 17 个品种区分开。

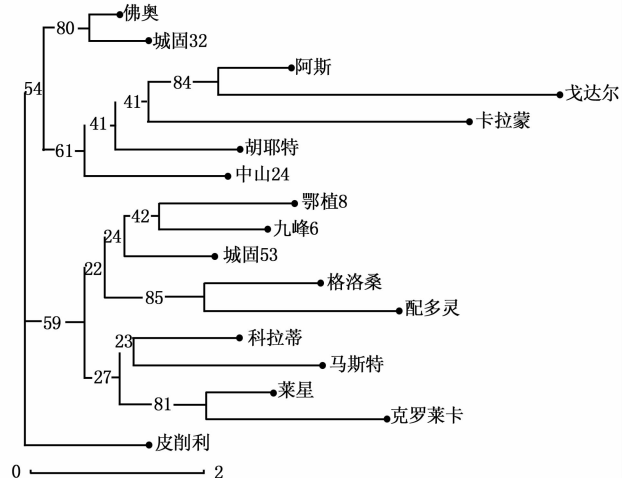


图1 数量性状聚类分析的无根 NJ 树状图

2.2.2 质量性状聚类分析 基于18个表型质量性状(表3)计算品种间的 Rogers-Tanimoto 系数,对17个油橄榄品种的李J聚类分析结果(图2)表明,17个品种被分成3组,第1组为佛奥、中山24、阿斯、马斯特、莱星、克罗莱卡、九峰6和卡拉蒙,其中佛奥、中山24和阿斯均表现为叶片扁平,果实卵圆形,横径最宽处位于果实中部,果顶圆,果基截尾,果顶无乳头,果皮皮孔多,果核横径最宽在核中部,核顶尖且核顶端点无尖;马斯特、莱星、克罗莱卡、九峰6和卡拉蒙均表现为果顶尖,果基截尾,果顶有乳头,果皮皮孔小,果核细长形,第2组为鄂植8、格洛桑、皮削利、城固53和科拉蒂,均表现为果实最大横截面位于果实中部,果顶圆,果顶无乳头,果皮皮孔小,第3组为胡耶特、配多灵、城固32和戈达尔,均表现为果实稍不对称,果顶圆,果基截尾,果顶无乳头,果核核顶钝,沟纹多。在17个品种中尚无表型数量性状完全一致的,佛奥与中山24之间的相异系数差异最小,为0.2857,表明利用18个表型质量性状可以将17个品种区分开。

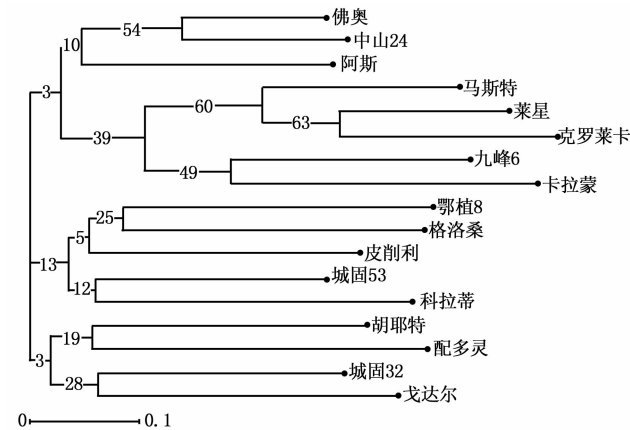


图2 质量性状聚类分析的无根NJ树状图

### 2.3 基于SSR标记的多样性和聚类分析

8个SSR位点在17个品种中的检测结果(见表5),共检测到51个等位基因变异,平均每个位点等位基因数为6.375个。其中DCA18位点产生10个等位基因变异,DCA5位点产生4个等位基因变异。最大等位基因频率平均为0.241,多态性信息量平均为0.827。这表明8对SSR引物可将17个油橄榄品种完全区分开,可用于17个油橄榄品种的DNA指纹图谱鉴定。

根据SSR标记计算品种间的Jaccard系数,对17个油橄榄品种的李J聚类分析结果(图3)表明,17个品种被分成3组,第1组为阿斯、皮削利、中山24、

表5 8对SSR引物的多态性分析

SSR引物	目的片段大小	等位基因数	最大等位基因频率	多态性信息量(PIC)
UDO06	148~182	6	0.294	0.837
UDO11	100~127	8	0.177	0.883
DCA3	231~252	6	0.177	0.883
DCA5	197~207	4	0.529	0.567
DCA17	104~142	5	0.235	0.834
DCA18	160~185	10	0.294	0.803
OLEH6	139~189	6	0.235	0.843
GAPU101	185~219	6	0.177	0.858
平均	-	6.375	0.241	0.827

格洛桑、戈达尔、鄂植8、配多灵、克罗莱卡、马斯特和卡拉蒙,第2组包括佛奥、城固53、城固32、胡耶特、莱星和九峰6,第3组为科拉蒂。

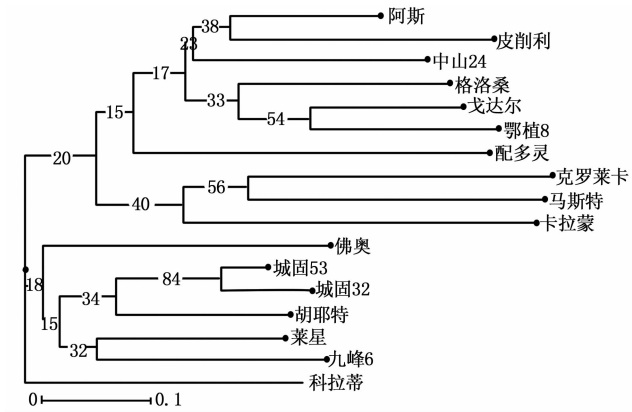


图3 SSR标记聚类分析的无根NJ树状图

## 3 讨论

油橄榄种质资源的多样性是育种工作的基础,生产上选择适宜的品种的前提是能够对品种进行准确鉴定。分子标记可以精确鉴定油橄榄品种,而表型鉴定和性状描述仍然是最基本的方法和途径<sup>[13,15,17]</sup>。本文对17个油橄榄品种的33个表型性状和8个SSR标记的多样性分析结果表明,17个品种具有较丰富的表型和遗传多样性。表型性状揭示基因与环境互作关系受环境影响,而SSR标记揭示DNA序列差异,能够比较真实地反映品种间的亲缘关系<sup>[6-14]</sup>,本文选用的8对SSR引物可以将17个油橄榄品种完全区分开,可用于油橄榄的品种鉴定。

本文利用15个表型数量性状、18个表型质量性状和8对SSR标记对17个油橄榄品种的聚类分析,结果表明基于表型性状与基于SSR标记的遗传距离判别品种遗传关系的结果存在一定差异<sup>[17-19]</sup>,例如中山24号<sup>[2]</sup>在表型性状(数量性状和质量性

状)聚类中与阿斯均分为一类,辨别能力有限。但是,在 SSR 标记聚类中,中山 24 号与阿斯却被分在了不同的两类。这可能是由于中山 24 号是利用阿斯经实生选育而获得,在基因型上发生了改变。因此,表型性状相似的品种需结合 SSR 标记进行进一步品种鉴定,以增加结果的可靠性<sup>[15,17-18]</sup>。

17 个油橄榄品种叶片表型数量性状(除叶型指数和叶厚)在品种内具有较大的差异,这说明叶片表型性状是不稳定的。本文并未对表型数量性状进行多年分析比较,但叶片的大小和形态会随着树龄而变化,果实和果核的大小在“大小年”也存在很大的差异<sup>[3]</sup>,所以表型数量性状仅能作为品种鉴定的参考。此外,数量性状与丰产性、抗性和“童期”长短相关,可以作为实生选优早期鉴定的依据<sup>[3]</sup>。

## 4 结论

17 个油橄榄品种表型性状和 SSR 标记具有较丰富的表型和遗传多样性,基于 SSR 标记和表型性状分析的品种间遗传关系存在一致性和一定差异性,基于表型数量性状、质量性状和 SSR 标记的三个聚类的相似系数矩阵间正相关很低,而对于表型性状相似的品种需结合 SSR 标记进行品种鉴定。

## 参考文献:

- [1] 徐纬英. 中国油橄榄种质资源与利用[M]. 长春:长春出版社. 2001.
- [2] 邓明全,俞宁. 油橄榄引种栽培技术[M]. 北京:中国农业出版社. 2011.
- [3] 贺善安,顾姻. 油橄榄驯化引种[M]. 南京:江苏科学技术出版社. 1984.
- [4] Bartolini G, Prevost G, Messeri C, et al. Olive germplasm. Cultivars and World-Wide collections [M]. FAO, Rome. 1998.
- [5] Barranco D, Cimato A, Fiorino P, et al. World catalogue of olive varieties [M]. International Olive Council, Madrid. 2000.
- [6] Hannachi H, Breton C, Msallem M, et al. Differences between native and introduced olive cultivars as revealed by morphology of drupes, oil composition and SSR polymorphisms: a case study in Tunisia [J]. Scientia Horticulturae, 2008, 116(3): 280-290.
- [7] Cipriani G, Marrazzo M, Marconi R, et al. Microsatellite markers isolated in olive (*Olea europaea* L.) are suitable for individual fingerprinting and reveal polymorphism within ancient cultivars [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 104(2-3): 223-228.
- [8] Carriero F, Fontanazza G, Cellini F, et al. Identification of simple sequence repeats (SSRs) in olive (*Olea europaea* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 104(2-3): 301-307.
- [9] De la Rosa R, James C, Tobutt K. Isolation and characterization of polymorphic microsatellites in olive (*Olea europaea* L.) and their

transferability to other genera in the Oleaceae[J]. Molecular Ecology Notes, 2002, 2(3): 265-267.

- [10] Belaj A, Satovic Z, Cipriani G, et al. Comparative study of the discriminating capacity of RAPD, AFLP and SSR markers and of their effectiveness in establishing genetic relationships in olive [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107(4): 736-744.
- [11] Muzzalupo I, Stefanizzi F, Salimonti A, et al. Microsatellite markers for identification of a group of Italian olive accessions [J]. Scientia Agricola, 2009, 66(5): 685-690.
- [12] Sefc K, Lopes M, Mendonça D, et al. Identification of microsatellite loci in olive (*Olea europaea*) and their characterization in Italian and Iberian olive trees [J]. Molecular Ecology, 2000, 9(8): 1171-1173.
- [13] Haulane H, El Bakkali A, Moukhli A, et al. Genetic structure and core collection of the World Olive Germplasm Bank of Marrakech: towards the optimized management and use of Mediterranean olive genetic resources [J]. Genetica, 2011, 139: 1083-1094.
- [14] 李金花,俞宁. 利用荧光 SSR 标记分析中国油橄榄品种遗传多样性[J]. 林业科学,2012,48(6):47-55.
- [15] Trujillo I, Ojeda M A, Urdiroz N M, et al. Identification of the worldwide olive germplasm bank of Córdoba (Spain) using SSR and morphological markers [J]. Tree Genetics & Genomes, 2014, 10(1): 141-155.
- [16] Rao R, La Mura M, Corrado G, et al. Molecular diversity and genetic relationships of southern Italian olive cultivars as depicted by AFLP and morphological traits [J]. J Hort Sci Biotechnol, 2009, 84(3): 261-266.
- [17] Zaher H, Boulouha B, Baaziz M, et al. Morphological and genetic diversity in olive (*Olea europaea* subsp. *europaea* L.) clones and varieties [J]. Plant Omics J, 2011, 4(7): 370-376.
- [18] Caruso T, Marra F, Costa F, et al. Genetic diversity and clonal variation within the main Sicilian olive cultivars based on morphological traits and microsatellite markers [J]. Scientia Horticulturae, 2014, 180: 130-138.
- [19] Corrado G, La Mura M, Ambrosino O, et al. Relationships of Campania olive cultivars: comparative analysis of molecular and phenotypic data [J]. Genome, 2009, 52(8): 692-700.
- [20] UPOV. Olive: Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability [M]. TG/99/4. 2010
- [21] De la Rosa R, Belaj A, Muñoz-Mérida A, et al. Development of EST-derived SSR markers with long-core repeat in olive and their use for paternity testing [J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2013, 138(4): 290-296.
- [22] 王业社,侯伯鑫,索志力,等. 紫薇品种表型多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(1): 71-79
- [23] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data [J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2121-2129.
- [24] Perrier X, Jacquemoud-Collet J P. 2006. DARwin software <http://darwin.cirad.fr/darwin>.