

网络出版时间:2016-11-24 13:52

DOI:10.13207/j.cnki.jnwfufu.2017.01.020

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20161124.1352.040.html>

基于STR分型检测技术的89份茶树种质资源遗传多样性分析

黎 钊, 肖 斌, 余有本, 周天山, 高岳芳, 冉隆贵, 鲍 露

(西北农林科技大学 园艺学院, 陕西 杨凌 712100)

[摘要] **【目的】**正确评价茶树种质资源的遗传多样性, 为有效保护和利用茶树种质资源奠定基础。**【方法】**利用10对STR引物, 对来自中国华南、江南、江北和西南4大茶区的87份茶树种质, 以及来自日本的“藪北种”及来源不详的“箫”茶树品种共计89份茶树种质进行遗传多样性和亲缘关系分析。**【结果】**10对STR引物共检测到124个等位点, 平均每个引物检测到等位点12.4个, 扩增位点期望杂合度的平均值高于观察杂合度的平均值。等位点的观察杂合度平均为0.771 1, Shannon指数平均为1.978 0, 多态信息含量平均为0.81。聚类结果表明, 89份茶树种质资源遗传相似系数为0.77~0.98, 平均为0.80, 主要分成4个大类。**【结论】**89份茶树种质资源并未按地域严格分开, 通过茶树种质资源所在不同茶区进行聚类分析发现, 江北茶区茶资源与其他3大茶区亲缘关系较远。

[关键词] 茶树; STR; 遗传多样性; 种质资源; 茶区

[中图分类号] S571.103.2

[文献标志码] A

[文章编号] 1671-9387(2017)01-0140-07

Genetic diversity of 89 tea germplasm based on STR markers

LI Zhao, XIAO Bin, YU Youben, ZHOU Tianshan,

GAO Yuefang, RAN Longgui, BAO Lu

(College of Horticulture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: **【Objective】** This study evaluated diversity of tea germplasm resource to provide basis for protecting and using them. **【Method】** A total of 10 short tandem repeat (STR) markers were used to assess genetic diversity and relationship of 89 *Camellia sinensis* accessions, in which 87 were from Chinese tea areas (Huanan; south China, Jiangnan; areas south to the Yangtze River, Jiangbei; areas north to the Yangtze River, Xinan; southwest China), “Yabukita” was from Japan, and “Xiao” was unknown. **【Result】** A total of 124 putative alleles were detected from 10 primer-pairs with a mean of 12.4 putative alleles per locus. The average value of expected heterozygosity was higher than the average of observed heterozygosity. The average observed heterozygosity, Shannon information index and polymorphism information content were 0.771 1, 1.978 0 and 0.81, respectively. The Dice’s similarity coefficient between accessions ranged from 0.77 to 0.98 with a mean of 0.80. All accessions were divided into 4 groups. **【Conclusion】** The accessions were mainly divided into 4 groups but not according to origins. Tea accessions from area north to the Yangtze River were distant from the accessions from other areas.

Key words: tea; STR; genetic diversity; germplasm; tea area

[收稿日期] 2015-09-21

[基金项目] 陕西省科技攻关项目(K333021407); 西北农林科技大学试验示范站(基地)科技创新与成果转化项目(NYY2013-77)

[作者简介] 黎 钊(1990—), 女, 陕西汉中, 在读硕士, 主要从事茶种质资源及遗传育种研究。E-mail: 421985505@qq.com

[通信作者] 鲍 露(1979—), 女, 江西吉安人, 讲师, 博士, 主要从事园艺作物种质资源及遗传育种研究。

E-mail: baolu@nwsuaf.edu.cn

茶树为常绿乔木、小乔木或灌木,属于被子植物门(Division Angiospermae)、双子叶植物纲(Class Dicotyledoneae)、山茶目(Order Theales)、山茶科(Family Theaceae)、山茶属(Genus *Camellia* L.)、茶组(Sect. *Thea* (L.) Dyer),茶组内所有的种和变种统称为茶组植物。除茶 *Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze 为广布种外,其他茶组植物基本产于中国华南地区和西南地区,仅少数扩展到缅甸与越南^[1]。

已有研究表明,我国的西南地区是茶树的起源地^[2],该地孕育了丰富的茶树种质资源。茶树从原始种群演变成多个种(Species)、亚种(Sub-species)、变种(Variety)及变种以下的变型等,均经过了漫长的历史过程。茶树是高度异质性的异花授粉植物,变异体多,生态型复杂,这就给茶树种质资源的区分带来了很大难度。

正确评价茶树种质资源的遗传多样性,是有效保护和利用茶树资源的前提,目前利用分子标记技术对茶树种质资源进行亲缘关系和遗传多样性分析是行之有效的方法之一。Zhou 等^[3]利用 27 对 EST-SSR 引物,对云南 100 个野生茶种质资源和 22 个茶树品种进行分析,结果表明云南野生茶种质资源具有非常高的遗传多样性。Taniguchi 等^[4]用 23 对 SSR 引物对 788 份茶树种质资源进行分析,结果表明中国、印度、斯里兰卡茶种质资源的多样性大于其他地方,并因此确定了核心种质资源。Tan 等^[5]也采用 SSR 标记技术,对来自中国的 128 个茶无性系品种进行了亲缘关系分析。此外, RAPD^[6]、

RFLP^[7]、AFLP^[8]、ISSR^[9]等分子标记技术也先后被应用于茶种质资源及遗传多样性研究。

STR(Short tandem repeat)分子标记技术属于短串联重复序列,又称微卫星(Microsatellite)或简单重复序列 SSR(Simple sequence repeat)。STR 是生物基因组内 1~6 bp 长的重复 DNA 序列,在基因组内的编码区和非编码区都存在。Powell 等^[10]对该标记的优点进行了综述,如共显性、多态性相对丰富、基因组覆盖较多等。由于 STR 分子标记技术具有简便、快速、稳定性好和等位基因多样性高等特点,现已被广泛应用于遗传多样性分析、系统演化等领域,笔者也成功利用 STR 和 AFLP 技术对梨属植物的系统演化进行了较为全面的研究^[11-12]。

本研究采用全自动 STR 分型检测技术,对来自中国华南、江南、江北、西南 4 大茶区的 87 份茶树种质和来自日本的“薮北种”及来源不详的“箫”茶树品种共计 89 份茶树种质进行遗传多样性和亲缘关系分析,以期茶树种质资源的充分利用及育种研究提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材 料

89 份供试茶种质资源的名称及来源见表 1,取样地点为西北农林科技大学西乡茶叶试验站。采摘每份茶种质的幼嫩叶片,液氮迅速冷冻处理后于-70 ℃冰箱保存。

表 1 89 份茶种质资源的名称及来源

Table 1 Names and origins of the tested 89 tea germplasm resources

序号 No.	品种名称 Name	茶区 Tea area	序号 No.	品种名称 Name	茶区 Tea area
1	日本薮北种 Yabukita	日本 Japan	46	龙井长叶 Longjingchangye	江南 Jiangnan
2	箫 Xiao	未知 Unknown	47	茂绿 Maolü	江南 Jiangnan
3	福安大白 Fuan dabai	华南 Huanan	48	苹云 Pingyun	江南 Jiangnan
4	福鼎大白茶 Fuding dabaicha	华南 Huanan	49	祁门櫧叶种 Qimen zhuye	江南 Jiangnan
5	福鼎大毫 Fuding dahao	华南 Huanan	50	青峰 Qingfeng	江南 Jiangnan
6	福鼎群体 Fuding group	华南 Huanan	51	荣成 Rongcheng	江南 Jiangnan
7	福群 1 号 Fuqun 1	华南 Huanan	52	霜峰 Shuangfeng	江南 Jiangnan
8	福云 595 号 Fuyun 595	华南 Huanan	53	水古(1) Shuigu(1)	江南 Jiangnan
9	广东乐昌白毛茶 Guangdong lechang baimaocha	华南 Huanan	54	水古(2) Shuigu(2)	江南 Jiangnan
10	铁观音 Tieguanyin	华南 Huanan	55	太平柿大茶 Taipingshi dacha	江南 Jiangnan
11	甘肃大茶树 Gansu dachashu	江北 Jiangbei	56	乌牛早 Wuniuzao	江南 Jiangnan
12	岚皋大叶泡 Langao dayepao	江北 Jiangbei	57	锡茶 10 号 Xicha 10	江南 Jiangnan
13	南郑碑坝 4 号 Nanzheng beiba 4	江北 Jiangbei	58	锡茶 11 号 Xicha 11	江南 Jiangnan
14	南郑碑坝 5 号 Nanzheng beiba 5	江北 Jiangbei	59	香菇白毫 Xianggu baihao	江南 Jiangnan
15	南郑碑坝 6 号 Nanzheng beiba 6	江北 Jiangbei	60	休宁茗州种 Xiuning mingzhou	江南 Jiangnan
16	西乡大河 10 号 Xixiang dahe 10	江北 Jiangbei	61	宜昌大叶种 Yichangdaye	江南 Jiangnan
17	西乡大河 12 号 Xixiang dahe 12	江北 Jiangbei	62	迎霜(1) Yingshuang (1)	江南 Jiangnan

表 1(续) Continued table 1

序号 No.	品种名称 Name	茶区 Tea area	序号 No.	品种名称 Name	茶区 Tea area
18	西乡大河 1 号 Xixiang dahe 1	江北 Jiangbei	63	迎霜(2) Yingshuang(2)	江南 Jiangnan
19	西乡大河 4 号 Xixiang dahe 4	江北 Jiangbei	64	云台山大叶种 Yuntaishan daye	江南 Jiangnan
20	西乡大河 5 号 Xixiang dahe 5	江北 Jiangbei	65	彰科 1 号 Zhangke 1	江南 Jiangnan
21	西乡大河 6 号 Xixiang dahe 6	江北 Jiangbei	66	浙江木禾种 Zhejiang muhe	江南 Jiangnan
22	西乡大河 8 号 Xixiang dahe 8	江北 Jiangbei	67	浙江普陀佛茶 Zhejiang putuofocha	江南 Jiangnan
23	紫阳大叶泡 Ziyang dayepao	江北 Jiangbei	68	浙江紫笋 Zhejiang zisun	江南 Jiangnan
24	江西宁州种 Jiangxi ningzhou	江南 Jiangnan	69	浙农 113 Zhenong 113	江南 Jiangnan
25	安徽 3 号 Anhui 3	江南 Jiangnan	70	浙农 117 Zhenong 117	江南 Jiangnan
26	安徽 7 号 Anhui 7	江南 Jiangnan	71	浙农 139 Zhenong 139	江南 Jiangnan
27	碧云 Biyun	江南 Jiangnan	72	楮叶齐 12 号 Zhuyeqi 12	江南 Jiangnan
28	波毫 Bohao	江南 Jiangnan	73	楮叶种 <i>Camellia sinensis</i> var. <i>Sinensis</i> cv. Zhuye	江南 Jiangnan
29	垂柳 Chuiliu	江南 Jiangnan	74	崇庆枇杷种 Chongqing pipa	西南 Southwest
30	翠峰 Cuifeng	江南 Jiangnan	75	贵州大牛皮茶 Guizhou daniupicha	西南 Southwest
31	大柳黄 Daliuhuang	江南 Jiangnan	76	湄潭茗茶(1) Meitan mingcha (1)	西南 Southwest
32	大柳黄群体 Daliuhuang group	江南 Jiangnan	77	湄潭茗茶(2) Meitan mingcha (2)	西南 Southwest
33	恩施大茶树 Enshi dachashu	江南 Jiangnan	78	湄潭茗茶变种 Meitan mingcha variety	西南 Southwest
34	高桥早 Gaoqiaozao	江南 Jiangnan	79	南江 1 号 Nanjiang 1	西南 Southwest
35	寒绿 Hanlü	江南 Jiangnan	80	南江 4 号 Nanjiang 4	西南 Southwest
36	湖南大尖叶 Hunan dajianye	江南 Jiangnan	81	南江群体 Nanjiang group	西南 Southwest
37	黄山中叶 Huangshan zhongye	江南 Jiangnan	82	牛皮茶群体 Niupicha group	西南 Southwest
38	黄叶早(1) Huangyezao (1)	江南 Jiangnan	83	黔湄 303 Qianmei 303	西南 Southwest
39	黄叶早(2) Huangyezao (2)	江南 Jiangnan	84	黔湄 502 Qianmei 502	西南 Southwest
40	尖波黄 12 号 Jianbohuang 12	江南 Jiangnan	85	蜀永 906 号 Shuyong 906	西南 Southwest
41	江西长霖大叶 Jiangxi changlin daye	江南 Jiangnan	86	杂优 73227 Zayou 73227	西南 Southwest
42	劲峰 Jinfeng	江南 Jiangnan	87	杂优 74611 Zayou 74611	西南 Southwest
43	鸠坑大叶种 Jiukeng daye	江南 Jiangnan	88	杂优 79118 Zayou 79118	西南 Southwest
44	龙井 43 号 Longjing 43	江南 Jiangnan	89	早白尖 5 号 Zaobaijian 5	西南 Southwest
45	龙井群体 Longjing group	江南 Jiangnan			

1.2 方 法

1.2.1 DNA 提取和 STR 扩增体系 DNA 提取采用 CTAB 法^[13]。选择 10 对 STR 引物用于供试茶种质的 PCR 扩增,引物编号与序列参照 Fang 等^[14]并见表 2。PCR 扩增体系 20 μ L:模板 DNA (10 ng/ μ L)1 μ L,10 $\times$ PCR buffer (200 mmol/L Tris-HCl(pH 8.8),100 mmol/L KCl,体积分数 1%

Triton X-100, 20 mmol/L MgSO₄) 2 μ L, 10 mmol/L dNTPs 0.2 μ L,10 μ mol/L 上、下游引物各 0.1 μ L,Taq 聚合酶(5 U/ μ L) 0.1 μ L,超纯水 16.5 μ L。PCR 反应程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 4 min;94 $^{\circ}$ C 30 s,退火 30 s(不同引物的退火温度见表 2),72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s,35 次循环;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物取 5 μ L 用 1%琼脂糖凝胶进行电泳检测。

表 2 本研究用到的 10 对 STR 引物序列
Table 2 STR primers used in the study

引物 Primer	序列 Sequence	退火温度/ $^{\circ}$ C T _m	等位基因大小/bp Size
A18	F:ACGCTTCTGTTTGGTCTATT R:GATCTTGCTCATCCCTTCAC	54	173
A28	F:AATAAGAATCGGTGACCTCTG R:CTTCATTAACCCCTAAACTAAAAC	48.5	147
A38	F:CCAAAACCTAGTTTCACTCCA R:ATCAAACGCTCTGTATCGGTG	54	254
A55	F:GCTTCTCTTCTCCTTCCCC R:GATCTTGCTCATCCCTTCAC	60	133
A56	F:AACGCTTCACTCCCTCCC-A R:AACGCAGATCCGAACACGA	54	272

表 2(续) Continued table 2

引物 Primer	序列 Sequence	退火温度/℃ Tm	等位基因大小/bp Size
A58	F:GTGAAGTTAGTTGTTACTCTTTTTTGG	61	215
	R:AGGGGAAGTGAGGAGGCAT		
A76	F:CCTCTCCTTGCCCTTTCATTTTC	59	167
	R:GCCACGGTTTTCTTCTCCTC		
A80	F:GCTAATGATAGACCATCTGCTCCT	58~59	155
	R:GGCCATGCTCTCAATAGTAGAACT		
A90	F:GGGACACACACAAACCCTAGTC	54	113
	R:CATCTTTCACAGTTCTCGCAGC		
A211	F:ACTGCTCCTCTTTAGTCCTG	58	156
	R:CTCTTCAAATTCAAATCCCT		

1.2.2 数据处理 经过 1%琼脂糖凝胶电泳后,将扩增到的荧光 PCR 产物送至上海生工进行 STR 分型检测。采用 POPGENE version1.31^[15] 软件进行数据分析,计算等位基因数(Observed number of alleles,*Na*)、有效等位基因数(effective number of allele,*Ne*)、期望杂合度(Expected heterozygosity, *He*)、观察杂合度(Observed heterozygosity, *Ho*)和 Shannon 指数(Shannon’s index, *I*)。用 Excel 2007 计算每对引物的多态信息含量(Polymorphism information content, *PIC*): $PIC=1-\sum P_i^2$, 其中 P_i 表示第 i 个等位位点出现的频率。用 NTSYS 2.1 软件计算各个茶品种间的遗传相似系数,进行 UP-GMA(Unweighted pair group method using arithmetic averages)聚类并绘制聚类图。

2 结果与分析

2.1 10 对引物在供试茶品种中的多态性

由表 3 可以看出,10 对 STR 引物在 89 份茶树种质资源中共扩增出 124 个条带,也就是 124 个等位基因,每对引物检测到的等位基因为 5~16 个,平均为 12.4 个;每对可检测基因型 11~48 个,其中 A90 为 11 个,A211 为 48 个,平均为 33 个。Shannon 指数(*I*)为 1.213 4~2.346 9,平均为 1.978 0;多态信息含量(*PIC*)为 0.63~0.89,平均为 0.81;观察杂合度(*Ho*)为 0.588 9~0.900 0,平均为 0.771 1;期望杂合度(*He*)为 0.638 3~0.894 9,平均为 0.816 5。

表 3 10 对 STR 引物在 89 份茶种质中的多态性

Table 3 Polymorphisms of 10 pairs of STR markers in 89 tea germplasm

引物 Code	等位基因数 Alleles	有效等位基因数 Effective number of allele	基因型数 Genotype	观察杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	Shannon 指数 Shannon’s index	多态信息含量 Polymorphism information content
A18	13	6.50	35	0.633 3	0.850 8	2.071 8	0.85
A28	15	8.36	44	0.866 7	0.885 4	2.346 9	0.88
A38	15	7.32	41	0.844 4	0.868 3	2.251 5	0.86
A55	13	4.59	30	0.677 8	0.786 6	1.928 0	0.78
A56	12	9.09	45	0.933 3	0.894 9	2.325 3	0.89
A58	8	3.98	15	0.855 6	0.752 9	1.520 9	0.75
A76	18	6.52	42	0.588 9	0.851 3	2.259 5	0.85
A80	9	3.66	19	0.722 2	0.731 0	1.590 8	0.73
A90	5	2.74	11	0.688 9	0.638 3	1.213 4	0.63
A211	16	8.51	48	0.900 0	0.887 4	2.272 2	0.88
总计 Total	124	61.27	330				
平均 Average	12.4	6.13	33	0.771 1	0.816 5	1.978 0	0.81

由于 89 份茶树种质资源中的‘日本薮北种’不属于中国,‘箫’来源不明,故对其余的 87 份茶树种质资源按照所属四大茶区进行分组,茶树品种中 10 对引物共检测出 24~66 个基因型,平均为 49.9 个,其中华南茶区有基因型 4~8 个,平均 6.8 个;江北茶区有基因型 5~12 个,平均 9.0 个;江南茶区有基因型 8~34 个,平均 22.7 个;西南茶区有基因型

6~15 个,平均 11.4 个。

2.2 供试茶种质资源的遗传距离及聚类分析

89 份茶树种质的遗传相似性为 0.77~0.98,平均为 0.80。由图 1 可知,供试茶树种质在相似系数为 0.78 处被分成 4 个类群,其中Ⅰ类有 35 个,Ⅱ类有 49 个,高桥早、楮叶齐 12 号、楮叶种、福群 1 号为第Ⅲ类,铁观音自成第Ⅳ类。其中Ⅰ类的西乡大河

4 号和 8 号,南郑碑坝 4 号、南郑碑坝 5 号和西乡大河 10 号,湄潭茗茶(2)和湄潭茗茶变种,紫阳大叶泡和西乡大河 1 号,以及Ⅱ类的浙江普陀佛茶和龙井

43 号(选自龙井群体),因为原产地相同或接近而聚在一起。

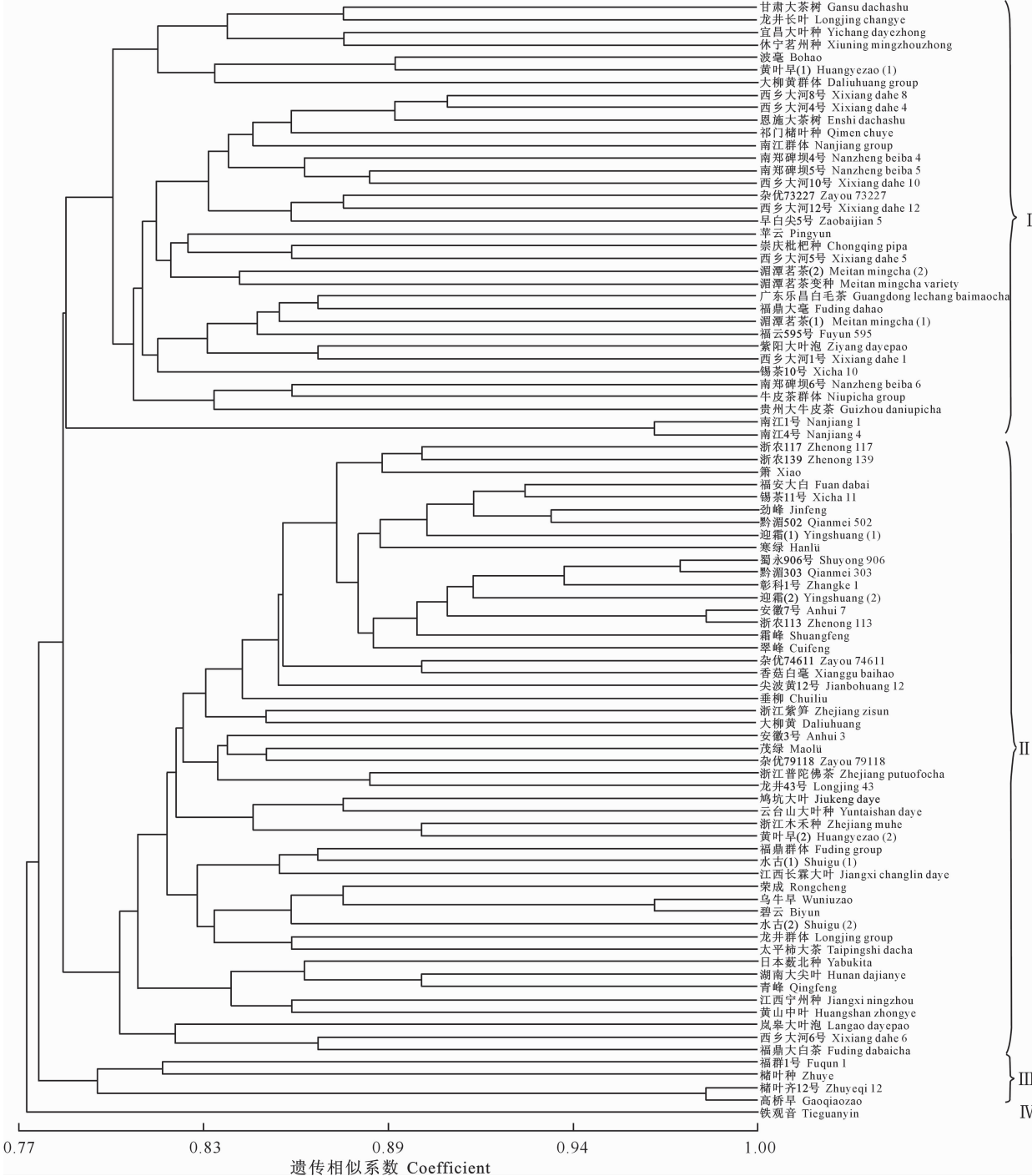


图 1 89 份茶树种质资源的树状聚类图
Fig. 1 Dendrogram of 89 tea accessions based on STR markers

另有一部分品种为育成品种,因为亲本亲缘关系接近而聚在一起,其中高桥早是湖南省农业科学院茶叶研究所从安化群体中采用单株育种法育成,櫛叶齐 12 号也是安化群体种的后代,所以二者聚成

一类;南江 1 号和南江 4 号都是从南江大叶群体种选育而来,因此也聚为同一类。蜀永 906(云茶×川茶)和黔湄 303(云南大叶×湄潭茗茶)亲本同属于西南茶区,二者也聚在一起。

I 类和 II 类茶树品种较多,对其各个茶区品种数所占比例进行统计可知,I 类群中江北茶区品种占 31.43%,占本茶区的 84.62%;江南茶区占 28.57%,占本茶区的 20.00%;西南茶区占 31.43%,占本茶区的 68.75%;华南茶区占 8.57%,占本茶区的 37.50%。II 类群中江北茶区品种占 4.08%,占本茶区的 15.38%;江南茶区占 75.51%,占本茶区的 74.00%;西南茶区占 10.20%,占本茶区的 31.25%;华南茶区占 6.12%,占本茶区的 37.50%。从以上统计结果可以看出,各供试茶树品

种虽然未严格地按地域关系分开,但江北、西南茶区的茶树品种大部分还是聚在第 I 类,江南茶区的茶树品种大多聚在第 II 类。

2.3 供试茶树种质资源基于四大茶区的亲缘关系

由图 2 可知,江南和西南茶区茶树亲缘关系最近,相似系数达到 0.85,主要原因是江南茶区的茶树品种大多都是由本地原产品种与西南原产品种杂交而来,尤其是福鼎大白和云南大叶种的后代较多;江北茶区独自成为一个分支,主要是因为江北茶区选择的品种大多是本地原产或是本地品种的衍生品种。

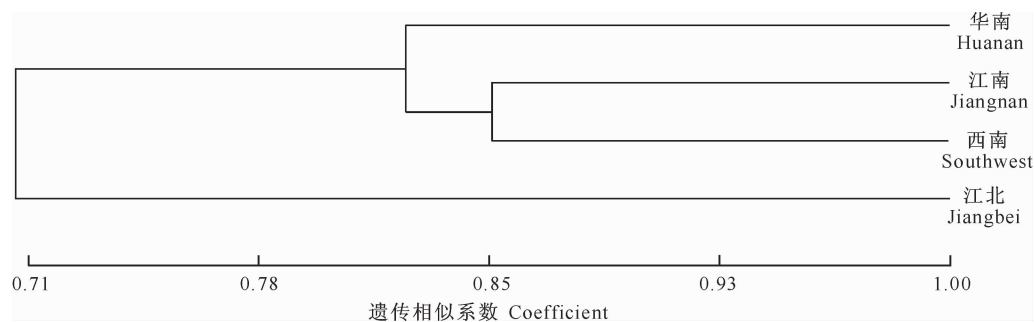


图 2 供试茶树种质资源基于四大茶区的树状聚类图
Fig. 2 Dendrogram of tea accessions from 4 regions

3 讨 论

从检测得到的引物多态性来看,本研究得到的引物多态性较前人研究^[14]得到的多态性更高,其原因除了供试茶树品种本身的遗传差异之外,本研究采用的非传统人工读带的 STR 分型方式也是原因之一。STR 分型检测较常规的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测更灵敏、更自动化,因而也更高效,分辨率能够达到 1 bp^[16],从而能够更精确地识别差异小的条带,检测到品种间更小的差异。

从聚类结果来看,铁观音独自聚为一类,因为其分别在引物 A18 扩增产物中同时存在 168 和 177 bp 的条带,在 A55 扩增产物中同时存在 106 和 120 bp 的条带,而在其他品种中则不存在该种基因型。铁观音这种独特的基因型是否与铁观音独特的“观音韵”有关,还需进一步研究。

有的茶种质虽然是同一亲本育成,但在树状图上却彼此分开,如浙农 113、浙农 117、福云 595 号、浙农 139、劲峰、迎霜、青峰、翠峰等,都是以福鼎大白与云南大叶种自然杂交后采用单株法选育而成的,但却未聚在一起。除此之外,锡茶 10 号、锡茶 11 号、蜀永 906 号、黔湄 303、霜峰、碧云也都是云南大叶种的杂交后代或直接选育的后代。究其原因主

要是因为云南大叶种是云南省西南部各种乔木型、大叶类茶树品种的习惯称呼^[17],包括地方几十种品种,如双江勐库种、勐海大叶茶、凤庆大叶茶等,遗传背景十分复杂,因而在树状图上分布很广。‘箫’这一种质来源不明,有可能是早期进行种质资源收集时记录者的失误,其是否为来源于福建省的‘箫绮’,还需要进一步证实。

不同茶区茶树品种间,尤其是华南、江南、西南茶区间交流广泛,导致树状图并未按地域分布而分开,如蜀永 906 号由云茶和川茶杂交而来,黔湄 303 由云南大叶与湄潭苔茶杂交而来,霜峰由平阳群体和云南大叶茶杂交而来等。陕西地方品种基本都是由当地原产品种选育而来,很少与其他茶区的茶树品种有基因上的交流,所以除了西乡大河 6 号和岚皋大叶泡外,其他均聚于 I 亚类。

从陕西茶树育种现状不难看出,陕西茶树发展仍然较其他省市更为落后,育种方面尤其突出,茶树品种的选育仅限于当地品种,几乎不存在人为干预的基因交流,从而导致茶树的遗传背景较其他茶叶生产地区更为单一。也正因为如此,江北茶区原产的茶树品种独自成为一个分支,与其他茶区原产品种遗传距离较远。姚明哲等^[18]采用 EST-SSR 对江北茶区种质资源遗传多样性的研究也表明,陕西茶

树种质资源在亲缘关系上远离其他地区。原因可能是陕西南部在地理位置上更接近于茶树传播的源头。此外,江北茶区处在茶树自然分布的北界,推测其在漫长的进化史中有着独特的进化方向,以应对有别于南方的温暖气候条件。根据前人的研究结果,陕南茶树较其他地方更耐低温^[19],EGCG(表没食子儿茶素没食子酸脂)含量更高^[20]。同时,本研究结果还表明,水古(1)、水古(2)和迎霜(1)、迎霜(2)是从不同地区收集来的茶树种质,但并未聚在一起,其可能是同名异物,课题组前期的研究结果也证实,STR 技术完全可以用于鉴别同物异名或者是同名异物^[11-12],因此对其的真实来源可以进一步进行分析。

茶树种质资源的遗传多样性和亲缘关系研究为茶树种质资源的遗传改良、开发利用提供了有力的依据,尤其对于陕西茶业而言,在充分利用地方品种的同时,还应该着重引入外源的遗传变异,以满足人们对茶叶产品的多元化需求。

[参考文献]

[1] 张宏达. 茶树的系统分类 [J]. 中山大学学报(自然科学版), 1981(1): 87-99.
Zhang H D. Thea: a section of beveragial tea-trees of the genus camellia [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sun-yatseni, 1981(1): 87-99.

[2] Hashimoto M, Takasi S. Morphological studies on the origin of the tea plant V, a proposal of one place of origin by cluster analysis [J]. Jpn J Crop Agr, 1978, 21: 93-101.

[3] Zhou M, Li Y Y, Sun X M, et al. Genetic diversity dnalysis of wild tea plants in Yunnan Province using EST-SSR markers [J]. Agricultural Biotechnology, 2015, 4(1): 9-15.

[4] Taniguchi F, Kimura K, Saba T, et al. Worldwide core collections of tea (*Camellia sinensis*) based on SSR markers [J]. Tree Genetics & Genomes, 2014, 10: 1555-1565.

[5] Tan L Q, Peng M, Xu L Y, et al. Fingerprinting 128 Chinese clonal tea cultivars using SSR markers provides new insights into their pedigree relationships [J]. Tree Genetics & Genomes, 2015, 11: 90.

[6] Kaundun S S, Zhyvoloup A, Park Y G. Evaluation of the genetic diversity among elite tea (*Camellia sinensis* var. *sinensis*) accessions using RAPD markers [J]. Euphytica, 2000, 115: 7-16.

[7] Matsumoto S, Kiriiwa Y, Takeda Y. Differentiation of Japanese green tea cultivars as revealed by RFLP analysis of phenylalanine ammonia-lyase DNA [J]. Theor Appl Genet, 2002, 104: 998-1002.

[8] Ni S, Yao M Z, Chen L, et al. Germplasm and breeding research of tea plant based on DNA marker approaches [J]. Front Agric China, 2008, 2: 200-207.

[9] Yao M Z, Chen L, Liang Y R. Genetic diversity among tea cul-

tivars from China, Japan and Kenya revealed by ISSR markers and its implication for parental selection in tea breeding programs [J]. Plant Breeding, 2008, 127: 166-172.

[10] Powell W, Morgante M, Ander C, et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis [J]. Mol Breed, 1996, 2: 225-238.

[11] Bao L, Chen K S, Zhang D, et al. Genetic diversity and similarity of pear cultivars native to East Asia revealed by SSR (Simple Sequence Repeat) markers [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2007, 54: 959-971.

[12] Bao L, Chen K S, Zhang D, et al. An assessment of genetic variability and relationships within asian pears based on AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) markers [J]. Scientia Horticulturae, 2008, 116: 374-380.

[13] 鲍露. 基于 SSR, AFLP 及 ITS 标记在梨和胡柚系统演化上的研究 [D]. 杭州: 浙江大学, 2006.
Bao L. Based on SSR, AFLP and ITS marker in phylogenetic analysis of pear and Huyou [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2006.

[14] Fang W, Cheng H, Duan Y, et al. Genetic diversity and relationship of clonal tea (*Camellia sinensis*) cultivars in China as revealed by SSR markers [J]. Plant Syst Evol, 2012, 298: 469-483.

[15] Yang R C, Yeh F C. Multilocus structure in *Pinus contora* Dougl [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1993, 87: 568-576.

[16] Lazaruk K, Walsh P S, Oaks F. Genotyping of forensic short tandem repeat (STR) systems based on sizing precision in a capillary electrophoresis instrument [J]. Electrophoresis, 1998, 1: 86-93.

[17] 《中国茶学辞典》编撰委员会. 中国茶学辞典 [M]. 上海: 上海科学出版社, 1995: 107-108.
Chinese Dictionary Compilation Committee. Chinese tea dictionary [M]. Shanghai: Shanghai Science Press, 1995: 107-108.

[18] 姚明哲, 刘振, 陈亮, 等. 利用 EST-SSR 分析江北茶区茶树资源的遗传多样性和遗传结构 [J]. 茶叶科学, 2009, 29(3): 243-250.
Yao M Z, Liu Z, Chen L, et al. Analysis of the genetic diversity and genetic structure of tea resources in Jiangbei District by EST-SSR [J]. Tea Science, 2009, 29(3): 243-250.

[19] 武艳, 肖斌, 游新才, 等. 陕西茶树种质资源抗寒性综合评价 [J]. 热带作物学报, 2012, 33(5): 792-798.
Wu Y, Xiao B, You X C, et al. Shaanxi tea germplasm resources comprehensive evaluation on cold resistance [J]. Chinese Journal of tropical crops, 2012, 33(5): 792-798.

[20] 蒋堃, 肖斌, 余有本, 等. 陕南地区高 EGCG 茶树资源筛选 [J]. 西北农业学报, 2010, 19(9): 193-197.
Jiang K, Xiao B, Yu Y B, et al. High EGCG tea tree resources in southern Shaanxi screening [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2010, 19(9): 193-197.