

43 个福建省茶树品种指纹图谱构建及遗传多样性分析

陈志辉, 单睿阳, 游小妹, 林郑和, 钟秋生, 陈常颂*

(福建省农业科学院茶叶研究所, 福建 福安 355015)

摘要: 为了解福建省茶树品种的遗传多样性, 从 38 对 SSR 引物中筛选出扩增条带清晰, 多态性较好的引物 23 对, 对 43 个茶树品种的遗传多样性进行了分析, 并选取扩增条带少、多态性较高的 7 对 SSR 引物构建茶树品种指纹图谱。聚类结果表明, 43 个茶树品种可聚成 10 个类群, 遗传距离最远的品种是‘八仙茶’, 距离最近的品种是‘福鼎大毫茶’与‘九龙大白茶’; 福建省选育的乌龙茶品种比绿茶品种的遗传多样性丰富; 同时来源于共同亲本品种表现出较高的相似系数, 聚为一类; 来源地相同的品种也因有较高的相似系数而聚为一类; 地理距离越远的品种, 遗传距离也越大。这为茶叶生产选种和茶树遗传改良提供参考依据。

关键词: 茶树; SSR 分子标记; 指纹图谱; 遗传多样性

doi: 10.11926/jtsb.3743

Constructing Fingerprints and Analyzing Genetic Diversity of 43 Tea Cultivars in Fujian Province

CHEN Zhi-hui, SHAN Rui-yang, YOU Xiao-mei, LIN Zheng-he, ZHONG Qiu-sheng, CHEN Chang-song*

(Tea Research Institute of Fujian Academy of Agricultural Science, Fu'an 355015, Fujian, China)

Abstract: In order to understand the relationships of tea cultivars in Fujian Province, the genetic diversities of 43 tea (*Camellia sinensis*) cultivars were analyzed by using 23 pairs of primers selected from the 38 pairs of SSR markers. Seven pairs of SSR primers with less amplification bands and relatively high polymorphisms were further selected to construct the fingerprints of tea cultivars. Cluster analysis showed that the 43 tea cultivars could be divided into ten groups. The farthest genetic distance is ‘Baxiancha’ and the closest genetic distance is between ‘Fuding-dahaocha’ and ‘Jiulongdabaicha’. The genetic diversity of Oolong tea cultivars was higher than that of green tea cultivars. There was high similar coefficient among cultivars originated from common parents, and usually clustered into the same group. Similarly, the cultivars originated from the same region were usually formed into the same group, while the cultivars with farther geographical distance showed large genetic distance. These would provide references for cultivars selection and genetic improvement of tea tree.

Key words: Tea; SSR molecular marker; Fingerprint; Genetic diversity

茶树(*Camellia sinensis*)遗传多样性研究已从早期的形态学标记进入分子标记时代。随着生物技术

的发展, 分子标记技术经历了 RFLP、RAPD、AFLP、ISSR、SSR 和 SNP 等发展阶段, 其中 SSR 分子标

收稿日期: 2017-03-27

接受日期: 2017-06-30

基金项目: 国家茶叶产业技术体系项目(CARS-23); 福建省自然科学基金项目(2015J01097); 福建省属公益类科研院所基本科研专项(2015R1012-2, 2016R1011-7)资助

This work was supported by the Project for National Tea Industry Technology System (Grant No. CARS-23), the Natural Science Foundation of Fujian Province (Grant No. 2015J01097), and the Special Projects for Basic Scientific Research of Public Welfare Scientific Research Institute of Fujian Province (Grant No. 2015R1012-2, 2016R1011-7).

作者简介: 陈志辉(1975~), 男, 博士, 副研究员, 研究方向为茶树遗传育种与分子生物学。E-mail: chen-zhihui75@sina.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: ccs6536597@163.com

记技术,因其具有重复性好、多态性高、呈共显性、易于检测和鉴别能力高等优点,而被广泛应用。分子标记技术在茶树种质资源研究中的应用快速发展^[1-8],利用 SSR 分子标记技术对茶树种质资源遗传多样性的研究报道较多^[9-15],促进了茶叶生产选种和茶树遗传改良工作。SSR 分子标记已成为指纹图谱构建及亲子鉴定的重要手段。利用 SSR 分子标记构建茶树指纹图谱的报道也不断增多^[16-21]。同时 SSR 标记是茶树遗传连锁图构建及 QTL 定位的重要工具^[1-2,22]。

福建是我国的产茶大省,产制乌龙茶、红茶、白茶、绿茶四大茶类和再加工类的茉莉花茶,除绿茶外,均由福建首创。福建省茶园面积居全国第五位,但毛茶产量、产值均位居全国第一。福建省茶产业发达的物质基础是拥有丰富的茶树种质资源,茶树品种位居全国前列,但当前对福建省茶树品种的遗传多样性研究报道极少^[5,18,23]。至 2016 年底,

福建省选育的国家级、省级茶树品种共 45 个(绿茶品种 16 个,乌龙茶品种 29 个),其中国家审(认、鉴)定品种 26 个;福建省审(认)定品种 19 个。本研究通过 SSR 分子标记技术,构建 43 个(缺 2 个品种:大叶乌龙、春闰)福建省选育的国家级与省级审(认、鉴)定品种的指纹图谱,以及分析其遗传多样性和亲缘关系,较系统地了解福建省茶树品种的遗传背景,从而为茶树品种遗传改良与亲本选配及栽培选种提供参考依据。

1 材料和方法

1.1 材料

材料为 43 个福建省选育的国家级、省级品种(表 1),所有参试品种于 2014 年 11 月采自福建省农业科学院茶叶研究所 2 号山种质资源圃,每个品种采摘 1 片叶子提取 DNA。

表 1 参试品种

Table 1 Cultivars tested

编号 No.	品种 Cultivar	茶类 Tea type	编号 No.	品种 Cultivar	茶类 Tea type	编号 No.	品种 Cultivar	茶类 Tea type
1	福云 6 号 Fuyun 6	绿茶 Green tea	16	榕春早 Rongchunzao	绿茶 Green tea	31	毛蟹 Maoxie	乌龙茶 Oolong tea
2	福云 7 号 Fuyun 7	绿茶 Green tea	17	黄观音 Huangguanyin	乌龙茶 Oolong tea	32	铁观音 Tieguanyin	乌龙茶 Oolong tea
3	福云 10 号 Fuyun 10	绿茶 Green tea	18	悦茗香 Yuemingxiang	乌龙茶 Oolong tea	33	黄旦 Huangdan	乌龙茶 Oolong tea
4	福云 595 Fuyun 595	绿茶 Green tea	19	茗科 1 号(金观音) Mingke 1 (Jinguan Yin)	乌龙茶 Oolong tea	34	福建水仙 Fujian-shuixian	乌龙茶 Oolong tea
5	早春毫 Zaochunhao	绿茶 Green tea	20	黄奇 Huangqi	乌龙茶 Oolong tea	35	本山 Benshan	乌龙茶 Oolong tea
6	福云 20 号 Fuyun 20	绿茶 Green tea	21	朝阳 Chaoyang	乌龙茶 Oolong tea	36	八仙茶 Baxiancha	乌龙茶 Oolong tea
7	福鼎大白茶 Fuding-dabaicha	绿茶 Green tea	22	丹桂 Dangui	乌龙茶 Oolong tea	37	肉桂 Rougui	乌龙茶 Oolong tea
8	福鼎大毫茶 Fuding-dahaocha	绿茶 Green tea	23	九龙袍 Jiulongpao	乌龙茶 Oolong tea	38	佛手 Foshou	乌龙茶 Oolong tea
9	福安大白茶 Fuan-dabaicha	绿茶 Green tea	24	春兰 Chunlan	乌龙茶 Oolong tea	39	白芽奇兰 Baiya-qilan	乌龙茶 Oolong tea
10	政和大白茶 Zhenghe-dabaicha	绿茶 Green tea	25	金牡丹 Jinmudan	乌龙茶 Oolong tea	40	凤圆春 Fengyuanchun	乌龙茶 Oolong tea
11	九龙大白茶 Jiulongdabaicha	绿茶 Green tea	26	瑞香 Ruixiang	乌龙茶 Oolong tea	41	杏仁茶 Xingrencha	乌龙茶 Oolong tea
12	霞浦元宵茶 Xiapu-yuanxiaocha	绿茶 Green tea	27	黄玫瑰 Huangmeigui	乌龙茶 Oolong tea	42	大红袍 Dahongpao	乌龙茶 Oolong tea
13	霞浦春波绿 Xiapu-chunbolv	绿茶 Green tea	28	紫牡丹 Zimudan	乌龙茶 Oolong tea	43	金萱 Jinxuan	乌龙茶 Oolong tea
14	歌乐茶 Gelecha	绿茶 Green tea	29	紫玫瑰 Zimeigui	乌龙茶 Oolong tea			
15	早逢春 Zaofengchun	绿茶 Green tea	30	梅占 Meizhan	乌龙茶 Oolong tea			

1.2 SSR 引物和方法

本试验所用 38 对 SSR 引物均来自 Ma 等和 Tan 等^[1-2]。茶树基因组 DNA 提取使用天根生化

科技(北京)有限公司的植物基因组 DNA 提取试剂盒(TIANGEN, DP305)。PCR 反应总体积为 20 μ L, 其成分为: 模板 DNA 1 μ L, 10 \times PCR buffer 2 μ L,

2 mmol L⁻¹ dNTPs 1.5 μL, 25 mmol L⁻¹ MgCl₂ 1.2 μL, 10 μmol L⁻¹ SSR 正反向引物各 0.3 μL, 1U *Taq* DNA 聚合酶, 用 ddH₂O 补齐 20 μL。PCR 扩增程序为: 94℃ 预变性 5 min, 94℃ 变性 45 s, 57℃

退火 45 s, 72℃ 延伸 50 s, 共 35 个循环, 最后 72℃ 延伸 7 min。PCR 产物用 10% 聚丙烯酰胺凝胶 (PAGE) 电泳检测^[1-3]。用于构建指纹图谱的引物序列见表 2。

表 2 构建指纹图谱所用 SSR 引物序列

Table 2 Primer sequences of SSR used to construct fingerprints

引物 Primer	正向引物 Forward primer (5'~3')	反向引物 Reverse primer (5'~3')	退火温度 Ta (°C)	大小 Size (bp)
CSR088	AAGGAAAATCTATGGTGAA	ATGGTCAATGCTTGGAG	54	174
CSR994	TCCAACCATGTATTCCCGTT	GATTAGCGAGAGCAGAAGCG	52	138
CSR1391	TCAATCACCTCCATTGAAA	CGTATACCATGGTCGGAAGG	52	190
CSR1381	TTCAAAGTCATGACAGCCAAA	GCCACTCTCCAACCTCCATA	52	179
TP5138	TGTGCTGTTATGTTTACCTGCAA	CCGATTTCGAAATAGATGGA	52	100
TP1683	AGTTGTTTCATGGAGGCAAGG	ACTTGCCCTCTTCTTAGGC	52	183
A134	ACCCAAAATATGAAACAACATG	TGACTACTGCACTGACTGCTA	52	201

1.3 条带统计及聚类分析方法

根据 PAGE 胶电泳图统计条带, 对于同一引物的扩增产物, 迁移位置相同的条带记为 1 个位点, 即扩增阳性(有较为清晰条带出现)赋值为“1”, 扩增阴性(无条带或者弱带)赋值为“0”, 所得数据输入 Excel 建立原始数据矩阵。其中任一位置若有 1 个或 1 个以上个体不同于其他个体即为一个多态位点。以上所得数据按 SHAN 邻接法对供试种质资源进行 UPGMA 遗传相似性聚类, 并绘制树状聚类图。数据统计分析在 NTSYS 软件中进行。

2 结果和分析

2.1 SSR 指纹图谱构建

本试验共采用 38 对 SSR 引物对 43 个福建省选育茶树品种进行 PCR 扩增, 剔除扩增效果差的引物后, 选取 23 对扩增条带清晰, 多态性较好的引物进行数据统计和分析。图 1 为 SSR 引物 A134 对 43 个参试品种 PCR 扩增电泳图。为了准确而高效地区分 43 个福建省选育的茶树品种, 最终选取扩增条带少、多态性较高的 7 对 SSR 引物, 用于构建 43 个福建省选育茶树品种指纹图谱(表 3)。



图 1 SSR 引物 A134 对 43 个茶树品种的 PCR 扩增

Fig. 1 PCR amplification of 43 cultivars by A134 primer

2.2 遗传聚类分析

基于福建省 43 个茶树品种的 SSR 标记的 PCR 扩增结果进行遗传聚类分析(图 2)。结果表明, 在相

似系数为 0.75 处, 43 个品种可以划分为 10 个类群 (a~j), 其中 a 和 b 类群都只有 1 个品种, 分别为‘八仙茶’和‘大红袍’, 遗传距离最远的是‘八仙茶’, 其

表 3 43 个福建省选育茶树品种的 SSR 指纹图谱

Table 3 SSR fingerprints of 43 tea cultivars in Fujian Province

编号 No.	引物 Primer						
	TP5138	TP1683	A134	CSR088	CSR994	CSR1391	CSR1381
1	0 1 1 0	0 0 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 0 1 1	0 0 1 0 1	0 1 0
2	0 1 0 0	0 0 1 1	0 1 0 0 1	0 0 0 1 1	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
3	0 1 1 0	0 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 0 1 1	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
4	0 1 0 1	0 0 1 1	0 0 1 0 1	0 0 0 1 1	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
5	0 1 0 1	0 0 1 1	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 0 1 1	0 0 1 0 1	1 0 1
6	0 1 0 1	0 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 0 1 1	0 0 1 1	0 0 1 0 0	0 1 1
7	0 1 0 0	0 0 1 1	0 0 0 0 1	0 0 0 1 0	0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0
8	0 1 0 0	0 1 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0
9	0 1 1 1	0 0 1 1	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0 1	0 1 1 0 0	0 1 1
10	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 0 1 0	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
11	0 1 0 0	0 1 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0
12	0 1 1 0	0 1 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 0 0	1 0 0 0	0 0 1 0 0	0 1 1
13	0 1 1 0	0 0 0 1	0 0 0 0 1	0 0 1 0 0	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
14	0 1 1 0	0 0 1 1	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1
15	1 1 0 0	0 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 0
16	0 0 1 1	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1 0	0 0 1 0 0	0 1 1
17	0 0 0 1	0 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 0 0	1 1 0 0	0 1 1 0 0	0 0 1
18	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 1 1	0 0 0 1 0	0 0 1 0	0 1 0 0 0	0 1 1
19	0 0 0 1	1 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 1 0 0	0 1 1 0	1 0 0 1 0	0 1 0
20	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 0 1 0	0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1
21	0 1 1 0	0 0 0 1	1 0 0 0 1	0 0 1 0 0	0 1 0 1	0 0 1 0 1	0 1 0
22	0 1 0 1	0 1 0 0	0 0 1 0 1	0 0 0 1 0	0 0 1 1	1 0 1 0 0	0 1 0
23	0 0 1 0	0 0 0 1	0 1 0 0 1	0 1 0 1 0	0 0 1 0	0 1 1 0 0	0 1 0
24	0 1 0 1	1 0 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 0 0	0 1 1 0	1 1 0 0 0	0 1 0
25	0 1 0 1	1 0 0 1	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 0 1 1	1 0 0 1 0	0 1 0
26	0 1 0 1	1 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 0 0	0 0 1 1	0 1 0 1 0	0 1 1
27	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 1 0 0	0 1 0 0	0 1 0 0 0	0 1 1
28	0 1 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 0 1 0	0 0 1 1	0 1 0 1 0	0 1 0
29	0 1 1 0	1 0 1 0	0 0 0 0 1	0 0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 1 0 0	0 0 1
30	0 1 1 1	1 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	1 0 1 1	1 1 1 0 0	0 1 1
31	0 1 1 0	0 0 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	1 0 0 1	1 0 1 0 0	0 1 1
32	0 1 0 0	0 0 1 0	0 1 0 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1 0	0 1 1 0 0	0 1 1
33	0 0 0 1	0 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 0 0	0 1 0 1	0 1 0 1 0	0 1 1
34	0 1 1 1	0 0 1 0	0 0 1 0 1	1 0 1 0 0	0 1 0 1	0 1 1 0 0	0 1 1
35	0 1 0 1	1 0 1 0	0 0 0 0 1	0 0 1 1 0	0 0 0 1	1 1 0 0 0	0 1 1
36	0 1 0 0	0 0 0 1	0 0 0 1 1	0 0 1 1 0	0 0 1 1	0 1 0 0 0	1 0 1
37	0 1 1 0	1 0 1 0	0 0 0 1 1	0 0 0 1 0	0 0 1 0	1 1 0 0 0	0 1 0
38	0 0 0 1	0 1 0 0	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 0 0	1 0 1 0 0	0 1 0
39	0 0 1 1	1 0 1 0	0 0 1 0 1	0 0 1 1 0	0 1 1 0	0 1 1 0 0	0 1 0
40	0 1 0 1	0 1 0 1	0 0 0 0 1	0 0 0 1 0	0 0 0 1	1 1 0 0 0	0 1 1
41	0 1 0 0	0 1 0 0	0 1 0 1 1	0 0 1 0 0	0 1 1 0	1 1 0 0 0	0 1 0
42	0 0 1 1	0 1 0 1	0 1 0 0 1	0 0 0 1 0	0 1 0 0	0 1 1 0 0	0 0 1
43	0 1 0 1	0 0 1 1	0 1 0 0 1	0 0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 1	0 0 1

次是‘大红袍’。c 类群含有 2 个乌龙茶品种，为‘福建水仙’和‘朝阳’。其余 39 个茶树品种分别聚为 d、e、f、g、h、i、j 共 7 个类群。从图 2 中可见 16 个绿茶品种有 11 个聚在 j 类群，其中‘福鼎大毫茶’与‘九龙大白茶’是遗传距离最近的两个品种。27 个乌龙茶品种中有 16 个聚在 d、e 两个类群，其中 d 类群 5 个品种，e 类群 11 个品种。而介于 e 类群(乌龙茶)与 j 类群(绿茶)之间的 4 个小类群(f、g、h、i 类

群共有 12 个品种)既有绿茶品种也有乌龙茶品种。总体而言，SSR 标记能够把绿茶品种和乌龙茶品种进行模糊区分。

2.3 遗传多样性分析

从图 2 可以直观地看出 43 个品种的遗传多样性，进一步分析表明，品种间的遗传距离及遗传多样性与品种的发源地、品种的亲本来源、品种形态

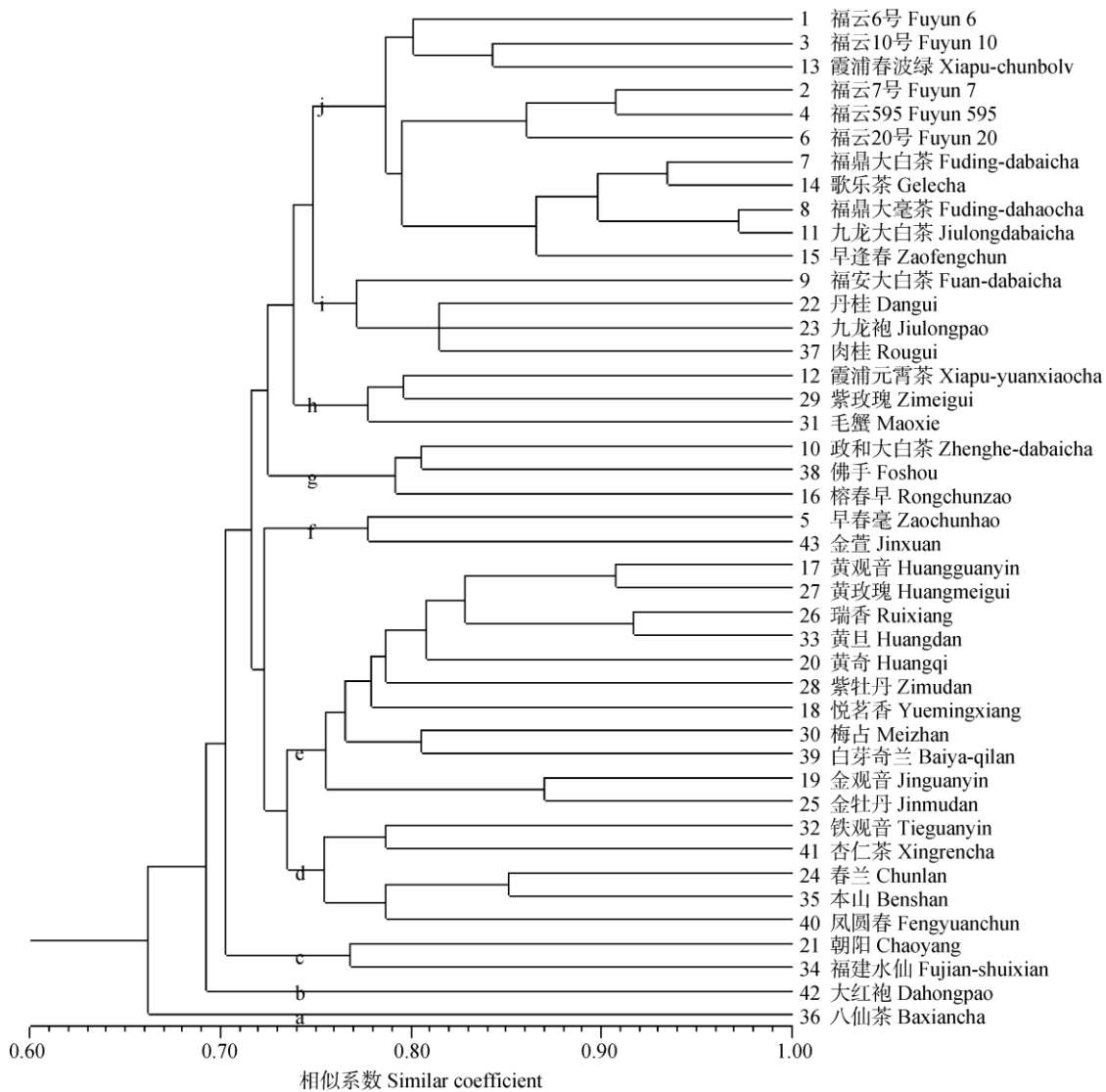


图 2 43 个福建省选育茶树品种的 SSR 分子标记遗传聚类图

Fig. 2 Genetic clustering diagram of 43 tea cultivars in Fujian Province based on SSR molecular markers

特征等有很强的相关性。

遗传距离最远的 4 个品种为‘八仙茶’、‘大红袍’、‘福建水仙’及‘朝阳’，这与他们的发源地及特殊的生物学特征有关，‘八仙茶’是从福建省诏安县秀篆镇寨坪村采用单株育种法选育而成，诏安与广东潮汕地区毗邻，由于‘八仙茶’形态特征和茶叶内质都与广东凤凰种群相似，推测可能是凤凰单枞的后代。而‘朝阳’是从四川的‘崇庆枇杷茶’有性后代中采用单株育种法育成。‘八仙茶’和‘朝阳’这两个品种与其他品种的地理距离都较远。‘大红袍’和‘福建水仙’分别发源于闽北茶区的武夷山市与建阳市，有独特的形态和种性特征，‘福建水仙’株型高大，分枝稀少、叶片宽大肥厚、结实率极低；‘大红袍’为武

夷四大名枞之首，制茶品质独特。

乌龙茶品种比绿茶品种的遗传多样性丰富。16 个绿茶品种有 11 个聚于 j 类群，主要为福云系列品种(如‘福云 6 号’、‘福云 10 号’、‘福云 7 号’、‘福云 595’、‘福云 20 号’等)以及来源于福鼎市的品种(如‘福鼎大白茶’、‘歌乐茶’、‘福鼎大毫茶’、‘早逢春’等)，遗传背景较为接近，相似系数较高。而 27 个乌龙茶品种的聚类结果则表现得更为多样，距离最远的 4 个品种全部为乌龙茶品种，而且乌龙茶品种的遗传距离整体比绿茶品种远。乌龙茶品种遗传多样性比绿茶品种高的原因主要有两个，首先乌龙茶品种中来自地方品种的比例高，这些地方品种发源地各不相同，遗传背景差异较大；第二，在人工选

育品种中,绿茶品种的杂交亲本基本都是‘福鼎大白茶’和‘云南大叶种’,而乌龙茶品种的杂交亲本相对要更加丰富,有‘铁观音’、‘黄旦’、‘大红袍’、‘肉桂’、‘白芽奇兰’等。

相同亲本来源的品种表现出更高的相似系数,从而聚于一簇。如绿茶品种中的福云系列,‘福云 6 号’、‘福云 10 号’、‘福云 7 号’、‘福云 595’、‘福云 20 号’等,都聚于 j 类群,其亲本均为‘福鼎大白茶’和‘云南大叶种’。乌龙茶品种中亲本为‘黄旦’的品种有‘黄观音’、‘黄玫瑰’、‘瑞香’、‘黄奇’等,这 5 个品种不仅形态特征有相似之处,而且呈现出极高的遗传相似系数,从而聚在一起(e 类群),聚类结果与亲缘关系和形态特征相互印证。

发源地相同的品种,也表现出较高的相似系数而聚于一簇。如来源于福鼎市的品种‘福鼎大白茶’、‘歌乐茶’、‘福鼎大毫茶’、‘早逢春’等聚为一类(j 类群)。而同样来源于安溪的品种如‘铁观音’、‘杏仁茶’、‘本山’、‘凤圆春’等也聚为一类(d 类群)。

3 讨论

SSR 分子标记技术在茶树种质资源遗传多样性和指纹图谱构建中已被广泛应用。如应用 SSR 标记对云南^[12,15]、广西^[7]、浙江^[10]和江北^[11]茶区茶树资源的遗传多样性和遗传结构进行了研究。在指纹图谱构建方面,构建了云南^[17]、黔南^[20]、广西^[21]等地的茶树分子指纹图谱。目前利用分子标记研究福建茶树种质资源的报道极少,陈常颂等用 RAPD 分子标记对福建省选育的茶树品种进行遗传多样性分析^[23],由于 RAPD 技术存在重复性较差、条带多、无法构建指纹图谱等缺点,现已很少使用。但对比其实验结果发现,大部分结论仍与本文是一致的,如来源地相同的品种亲缘关系较近,有共同亲本的品种遗传相似性较高等。这可能是实验中采用较多的 RAPD 引物,获得了数量较多的条带,弥补了 RAPD 技术不稳定的缺陷,从而降低了实验误差。王让剑等利用 SSR 标记对福建省的 15 个茶树品种进行遗传差异分析,并构建了 15 个品种的 SSR 指纹图谱^[18]。由于文章中参试品种少,而且使用的引物数量也少(6 对),获得的可用条带太少(26 个位点),所以在比较品种间的遗传多样性时误差较大。但是其中某些结论与本文是一致的,如黄观音、黄旦、黄玫瑰等 3 个品种遗传相似性高,离金观音最近的

品种是金牡丹,以及地理距离远的品种遗传距离也远。但以上两篇文章没有对福建省选育的品种进行广泛的指纹图谱构建和充分的遗传多样性分析。

本研究共用 7 对 SSR 引物构建了 43 个福建省选育的茶树品种指纹图谱,能够清楚地区分不同茶树品种。但由于实验中采用 PAGE 胶电泳,其分辨能力有限,造成等位基因丰富的引物在统计条带时难以区分,加之参试品种较多更是增加了统计的难度,所以为了减少试验误差,试验选择等位基因少、条带清晰、间隔明显的引物,而把条带多、密集、多态性丰富的引物淘汰。最后用了相对多的引物(7 对)构建指纹图谱,这还与参试品种中部分品种的遗传相似性太高有关,需要用更多的引物才能区分开。当然如果采用分辨率和灵敏度更高的毛细管电泳是解决以上问题的最好办法,由于毛细管电泳可以明确的知道每条带的碱基数,从而可以使用等位基因丰富的引物,然后用更少的 SSR 标记构建指纹图谱。所以后续开展指纹图谱构建的相关工作,将会使用毛细管电泳方法,建立更精准的指纹图谱。茶树 SSR 分子标记指纹图谱的构建对品种鉴别、真假品种鉴定、苗木纯度检测、品种权保护等都有重要的意义。

遗传相似系数和聚类分析表明,福建省选育的茶树品种中,乌龙茶品种比绿茶品种的遗传多样性丰富;共同亲本的茶树品种表现出较高的相似系数而聚为一簇;发源地相同的品种,也表现出较高的相似系数而聚为一簇,可见地理距离与遗传距离呈现出很高的正相关性。因此也对福建省选育的茶树品种的遗传多样性、亲缘关系、遗传背景有了较系统的认识。

当前福建省人工选育茶树品种遇到遗传背景狭窄的问题,如早期的‘福鼎大白茶’与‘云南大叶种’杂交选育的福云系列品种,还有‘铁观音’与‘黄旦’杂交选育的一系列茶树新品种,都由于亲本来源狭窄造成品种间的遗传距离太近。通过对福建省茶树品种的遗传多样性分析,为茶树品种的遗传改良提供一定的参考依据,特别是在育种过程中选择遗传距离更远的亲本,不仅能够提高品种的遗传多样性,也有利于杂种优势的利用,对改变当前遗传背景狭窄状况有重要的作用。同时对茶树生产过程中的选种和引种都有指导意义,通过选择亲缘关系远的品种,不仅有利于提高当地茶园的遗传多样性,还对提高茶产品种类以及病虫害抗性都有重要的作用。

参考文献

- [1] MA J Q, YAO M Z, MA C L, et al. Construction of a SSR-based genetic map and identification of QTLs for catechins content in tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. PLoS One, 2014, 9(3): e93131. doi: 10.1371/journal.pone.0093131.
- [2] TAN L Q, WANG L Y, WEI K, et al. Floral transcriptome sequencing for SSR marker development and linkage map construction in the tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. PLoS One, 2013, 8(11): e81611. doi: 10.1371/journal.pone.0081611.
- [3] ZHANG C C, LIU Y, JIANG Y H, et al. Application of SSR markers in cultivar identification of clonal tea plant in Zhejiang Province, China [J]. J Plant Genet Resour, 2014, 15(5): 926–931. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2014.05.002.
- 张成才, 刘园, 姜燕华, 等. SSR 标记鉴定浙江省主要无性系茶树品种的研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(5): 926–931. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2014.05.002.
- [4] ZHANG J R, WEI C L. Establishment a SSR-PCR system of tea plant [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] based on the 4300 DNA analysis system [J]. J Tea Sci, 2014, 34(5): 481–488. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2014.05.009.
- 张洁茹, 韦朝领. 基于 4300 DNA 分析系统的茶树 SSR 发掘方法优化与建立 [J]. 茶叶科学, 2014, 34(5): 481–488. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2014.05.009.
- [5] CHEN Z H, SHAN R Y, LIN Z H, et al. Genetic diversity of Fuyun half-sib teas from Fujian determined by using SSR markers [J]. Acta Tea Sin, 2015, 56(4): 238–243. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2015.04.007.
- 陈志辉, 单睿阳, 林郑和, 等. 利用 SSR 标记分析福建省选育福云半同胞系茶树品种遗传多样性 [J]. 茶叶学报, 2015, 56(4): 238–243. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2015.04.007.
- [6] JIN J Q, CUI H R, GONG X C, et al. Studies on tea plants (*Camellia sinensis*) germplasms using EST-SSR marker [J]. Hereditas, 2007, 29(1): 103–108. doi: 10.3321/j.issn:0253-9772.2007.01.019.
- 金基强, 崔海瑞, 龚晓春, 等. 用 EST-SSR 标记对茶树种质资源的研究 [J]. 遗传, 2007, 29(1): doi: 10.3321/j.issn:0253-9772.2007.01.019.
- [7] ZHOU Y H, QIAO X Y, MA C L, et al. Genetic diversity and structure of tea landraces from Guangxi based on EST-SSR analysis [J]. Sci Silv Sin, 2011, 47(3): 59–67. doi: 10.11707/j.1001-7488.20110310.
- 周炎花, 乔小燕, 马春雷, 等. 广西茶树地方品种遗传多样性和遗传结构的 EST-SSR 分析 [J]. 林业科学, 2011, 47(3): 59–67. doi: 10.11707/j.1001-7488.20110310.
- [8] ZHOU M, LI Y Y, SUN X M, et al. Genetic diversity analysis of Xiangzhuqing tea king and other tea trees based on EST-SSR markers [J]. SW China J Agric Sci, 2016, 29(2): 231–239. doi: 10.16213/j.cnki.scjas.2016.02.005.
- 周萌, 李友勇, 孙雪梅, 等. 基于 EST-SSR 分子标记对香竹箐茶树王的遗传多样性分析 [J]. 西南农业学报, 2016, 29(2): 231–239. doi: 10.16213/j.cnki.scjas.2016.02.005.
- [9] WANG L Y, JIANG Y H, DUAN Y S, et al. Genetic diversity of tea landraces using SSR markers [J]. Acta Agron Sin, 2010, 36(12): 2191–2195. doi: 10.3724/SP.J.1006.2010.02191.
- 王丽鸾, 姜燕华, 段云裳, 等. 利用 SSR 分子标记分析茶树地方品种的遗传多样性 [J]. 作物学报, 2010, 36(12): 2191–2195. doi: 10.3724/SP.J.1006.2010.02191.
- [10] QIAO T T, MA C L, ZHOU Y H, et al. EST-SSR genetic diversity and population structure of tea landraces and developed cultivars (lines) in Zhejiang Province, China [J]. Acta Agron Sin, 2010, 36(5): 744–753. doi: 10.3724/SP.J.1006.2010.00744.
- 乔婷婷, 马春雷, 周炎花, 等. 浙江省茶树地方品种与选育品种遗传多样性和群体结构的 EST-SSR 分析 [J]. 作物学报, 2010, 36(5): 744–753. doi: 10.3724/SP.J.1006.2010.00744.
- [11] YAO M Z, LIU Z, CHEN L, et al. Genetic diversity and structure of tea germplasm originated from region of north Yangtze River based on EST-SSR markers [J]. J Tea Sci, 2009, 29(3): 243–250. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2009.03.008.
- 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. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2009.03.008.
- [12] JIANG H B, SONG W X, YI B, et al. Genetic diversity of tea germplasm resources in Yunnan province based on phenotypic characteristics [J]. Acta Agron Sin, 2013, 39(11): 2000–2008. doi: 10.3724/SP.J.1006.2013.02000.
- 蒋会兵, 宋维希, 矣兵, 等. 云南茶树种质资源的表型遗传多样性 [J]. 作物学报, 2013, 39(11): 2000–2008. doi: 10.3724/SP.J.1006.2013.02000.
- [13] WU Q H, ZHUANG D H, ZHU H, et al. Genetic diversity of Fenghuang-Dancong tea plant germplasms by ISSR markers [J]. Chin J Trop Crops, 2015, 36(3): 499–503. doi: 10.3969/j.issn.1000-2561.2015.03.009.
- 吴清韩, 庄东红, 朱慧, 等. 凤凰单丛茶树资源遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 热带作物学报, 2015, 36(3): 499–503. doi: 10.3969/j.issn.1000-2561.2015.03.009.
- [14] HUANG X X, TANG T, JIANG Y L, et al. Genetic diversity of wild tea plant in different altitude in Qianjianghai [J]. J Tea Sci, 2015, 35(4): 347–353. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2015.04.009.
- 黄晓霞, 唐探, 姜永雷, 等. 千家寨不同海拔野生茶树的 EST-SSR

- 遗传多样性研究 [J]. 茶叶科学, 2015, 35(4): 347–353. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2015.04.009.
- [15] ZHOU M, LI Y Y, SUN X M, et al. Genetic diversity assessment of ancient tea plants in Yunnan Province of China revealed by EST-SSR markers [J]. *Acta Agric Boreali-Sin*, 2013, 28(S1): 91–96.
周萌, 李友勇, 孙雪梅, 等. 基于 EST-SSR 标记的云南大茶树遗传多样性分析 [J]. 华北农学报, 2013, 28(S1): 91–96.
- [16] ZHANG Z F, MA J Q. Analysis of genetic diversity and construction of molecular fingerprinting for new tea tree varieties based on SSR markers [J]. *Hunan Agric Sci*, 2012(19): 1–4. doi: 10.3969/j.issn.1006-060X.2012.19.001.
章志芳, 马建强. 基于 SSR 标记的茶树新品种遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. 湖南农业科学, 2012(19): 1–4. doi: 10.3969/j.issn.1006-060X.2012.19.001.
- [17] LIU B Y, SUN X M, LI Y Y, et al. Analysis of genetic diversity and construction of DNA fingerprinting with EST-SSR markers for improved clonal tea cultivars in Yunnan Province [J]. *J Tea Sci*, 2012, 32(3): 261–268. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2012.03.011.
刘本英, 孙雪梅, 李友勇, 等. 基于 EST-SSR 标记的云南无性系茶树良种遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. 茶叶科学, 2012, 32(3): 261–268. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2012.03.011.
- [18] WANG R J, YANG J, KONG X R, et al. Genetic variances and DNA fingerprints of 15 teas in Fujian [J]. *Fujian J Agric Sci*, 2014, 29(10): 970–975. doi: 10.3969/j.issn.1008-0384.2014.10.008.
王让剑, 杨军, 孔祥瑞, 等. 福建 15 个茶树品种 SSR 遗传差异分析与指纹图谱建立 [J]. 福建农业学报, 2014, 29(10): 970–975. doi: 10.3969/j.issn.1008-0384.2014.10.008.
- [19] HUANG D J, MA J Q, CHEN L. Research progress on DNA molecular fingerprinting of tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. *J Tea Sci*, 2015, 35(6): 513–519. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2015.06.001.
黄丹娟, 马建强, 陈亮. 茶树 DNA 分子指纹图谱研究进展 [J]. 茶叶科学, 2015, 35(6): 513–519. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2015.06.001.
- [20] CHEN S J, ZHANG M Z, YAO Y X, et al. Establishment of DNA fingerprinting for tea germplasm from Qiannan prefecture by SSR markers [J]. *J Plant Genet Resour*, 2017, 18(1): 106–111. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2017.01.013.
陈世军, 张明泽, 姚玉仙, 等. 基于 SSR 标记的黔南茶树种质资源 DNA 指纹图谱构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1): 106–111. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2017.01.013.
- [21] CHEN Y Y, YUAN S S, WU C L, et al. Molecular fingerprint and diversity analysis of wild tea trees in Jinxiu County, Guangxi Province [J]. *Guangdong Agric Sci*, 2016, 43(3): 60–65. doi: 10.3969/j.issn.1004-874X.2016.03.013.
陈莹玉, 袁思思, 吴春兰, 等. 广西金秀野生茶遗传多样性及分子指纹图谱研究 [J]. 广东农业科学, 2016, 43(3): 60–65. doi: 10.3969/j.issn.1004-874X.2016.03.013.
- [22] Ma J Q, Huang L, Ma C L, et al. Large-scale SNP discovery and genotyping for constructing a high-density genetic map of tea plant using specific-locus amplified fragment sequencing (SLAF-seq) [J]. *PLoS One*, 2015, 10(6): e0128798. doi: 10.1371/journal.pone.0128798.
- [23] CHEN C S, CHEN Z H, ZHONG Q S, et al. Comparison of growth period and biochemical composition on Fujian tea cultivars and genetic diversity analysis [J]. *J Tea Sci*, 2014, 34(2): 172–179. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2014.02.012.
陈常颂, 陈志辉, 钟秋生, 等. 闽育茶树品种生育期与生化成分比较及遗传多样性分析 [J]. 茶叶科学, 2014, 34(2): 172–179. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2014.02.012.