



茶树品种‘金牡丹’自然杂交后代遗传鉴定

杨军, 孔祥瑞, 郑国华, 邱陈华, 王让剑

引用本文:

杨军,孔祥瑞,郑国华,邱陈华,王让剑. 茶树品种‘金牡丹’自然杂交后代遗传鉴定[J]. 热带亚热带植物学报, 2023, 31(1): 69–80.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4557>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

43个福建省茶树品种指纹图谱构建及遗传多样性分析

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

热带亚热带植物学报. 2017, 25(6): 579–586 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3743>

19个茶树杂交新品系主要性状比较及其遗传多样性分析

Main Agronomic Characters and Genetic Diversity of 19 Cross New Lines of Tea Cultivars

热带亚热带植物学报. 2021, 29(6): 649–659 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4376>

云南莲瓣兰主栽品种SSR指纹图谱的构建和遗传差异分析

Construction of SSR Fingerprint and Genetic Variance Analysis on Cymbidium tortisepalum Cultivars in Yunnan Province

热带亚热带植物学报. 2015(3): 236–244 <https://doi.org/10.11926/j.issn.1005-3395.2015.03.002>

广东省猴耳环遗传多样性研究

Genetic Diversity of *Archidendron clypearia* in Guangdong Province

热带亚热带植物学报. 2021, 29(5): 539–546 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4337>

基于SSR标记的广东栽培益智群体遗传多样性分析

Genetic Diversity of Cultivated Populations of *Alpinia oxyphylla* in Guangdong Based on SSR Marker

热带亚热带植物学报. 2022, 30(3): 329–335 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4433>

向下翻页，浏览PDF全文

茶树品种‘金牡丹’自然杂交后代遗传鉴定

杨军, 孔祥瑞, 郑国华, 邱陈华, 王让剑*

(福建省农业科学院茶叶研究所/国家茶树改良中心福建分中心/农业部福建茶树及乌龙茶加工科学观测实验站, 福州 350000)

摘要: 为了对‘金牡丹’茶树自然杂交后代进行遗传鉴定, 利用 EST-SSR 毛细管电泳荧光标记技术对 65 个金牡丹自然杂交后代进行研究。结果表明, 28 对 SSR 标记共扩增出 192 个等位片段, 平均等位基因数(Na)、平均观测杂合度(Ho)及遗传多态信息量(PIC)分别为 6.86、0.540、0.532。单亲基因型已知时的累积排除概率为 0.999, 说明选择的 28 对 SSR 标记位点具有高度的多态性和较高的排除概率, 适用于遗传分析和个体的亲子鉴定。15 个‘金牡丹’自然杂交后代的遗传鉴定结果表明, MD44、JMD45、JMD47、JMD32 为早生绿茶类型; JMD51、JMD53 为闽北肉桂乌龙茶类型; MD2、JMD56 为闽南‘铁观音’乌龙茶类型; JMD24、JMD26、JMD29、JMD55、JMD59、JMD27、JMD61 为‘黄骅’乌龙茶类型。

关键词: 茶树; 自然杂交; EST-SSR; 遗传鉴定; 模拟分析

doi: 10.11926/jtsb.4557

Genetic Identification of the Natural Hybrid Progenies of ‘Jinmudan’ Tea Varieties

YANG Jun, KONG Xiangrui, ZHENG Guohua, QIU Chenhua, WANG Rangjian*

(Tea Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences/Fujian Branch, National Center for Tea Improvement/Scientific Observing and Experimental Station of Tea Tree and Oolong Tea Processes in Fujian, Ministry of Agriculture, Fuzhou 350000, China)

Abstract: In order to analyze the genetic identification of the natural hybrid progenies of tea, EST-SSR capillary electrophoresis fluorescence marker technique was used to analyze 65 the natural hybrid progenies of ‘Jinmudan’ tea. The results showed that a total of 192 polymorphic alleles were detected by 28 SSR markers, the average number of alleles (Na), observed heterozygosity (Ho) and polymorphism information content (PIC) was 6.86, 0.540 and 0.532, respectively. When the parental genotype was known, the combined exclusion probability was all reached 0.999, indicating that the 28 selected SSR marker sites had high polymorphism and high probability of exclusion, which were suitable for genetic analysis and paternity identification of individuals. The results of genetic identification showed that the 15 natural hybrid progenies of ‘Jinmudan’ tea could be divided into 4 types, JMD44, JMD45, JMD47 and JMD32 were early green tea, JMD51 and JMD53 were ‘Rougui’ oolong tea in northern Fujian, MD2 and JMD56 were ‘Tieguanyin’ oolong tea in southern Fujian, JMD24, JMD26, JMD29, JMD55, JMD59 and JMD27 were ‘Huangdan’ oolong tea.

Key words: Tea tree; Natural hybrid; EST-SSR; Genetic identification; Simulation analysis

茶树是山茶科(Theaceae)山茶属(*Camellia*)茶组 (sect. *Thea*) 的多年生常绿木本植物^[1], 且为常异花授粉植物, 具有高度杂合性, 杂交结实率低^[2], 自

然杂交收获种子比人工杂交收获种子相对容易, 但缺乏对其父本信息了解, 对自然杂交后代父本的模拟鉴定有助于提高茶树育种者对茶树自然杂交后

收稿日期: 2021-11-02 接受日期: 2022-02-07

基金项目: 福建省现代农业(茶叶)产业技术体系项目(闽农综 2019[144 号]); 公益类科研院所专项(2021R1029008)资助

This work was supported by the Project for Modern Agriculture (Tea) Industry Technology System in Fujian (Grant No. 2019[144]), and the Special Project for Public Welfare Research Institutes in Fujian (Grant No. 2021R1029008).

作者简介: 杨军(1981 年生), 男, 硕士, 助理研究员, 主要从事茶树种质资源与遗传育种研究。E-mail: 99258768@qq.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wangrj@faas.cn

代的选择。EST-SSR 具有共显性、多态性高、重复性好等特点^[3-8],被应用在不同生物上进行模拟亲本鉴定。用于亲本模拟分析的软件主要有 CERVUS、COLONY 和 PAPA,李博等^[9]对比了这 3 个软件的准确率,认为 CERVUS 亲本模拟分析的准确率可达 81.2%,鉴定效果较好。不同作物都有大量采用 CERVUS 软件进行亲本模拟分析的报道,艾畅等^[10]通过马尾松(*Pinus massoniana*)自由授粉子代模拟父本分析,建立遗传多样性与同父本组成之间的联系,为种子园集约生产种子提供理论依据;张冬梅等^[11]利用 SSR 对油松(*P. tabulaeformis*)种子进行父本分析,结合油松在园内的分布,明确种子园内花粉传播的最大距离和花粉活力;冯源恒等^[12]对广西马尾松第 2 代育种群体进行父本分析,表明个体间的近交程度较低,为开展马尾松高世代杂交育种奠定了基础;王建忠等^[13]从桉树(*Eucalyptus robusta*)候选父本中鉴定出 D2、D4、D11、D19、D20 等 7 个子代的父本,探究了桉树自交不亲和与近交衰退机制,并准确进行子代父本鉴定和杂交亲本重建;邵文豪等^[14]认为高多态性和高累积排除概率的 SSR 位点适用于对油橄榄(*Canarium oleosum*)品种子代进行父本分析,‘城固 32’具有一定的自交亲和性,这为品种建园时授粉品种的选择和配置提供重要依据;何勇凤等^[15]准确找出了圆口铜鱼子 1 代(*Coreius guichenoti*)的父母本,为圆口铜鱼的家系管理、种群遗传管理和增殖放流效果评估提供了科学依据;余书平等^[16]对开化县茶树种质资源进行父本分析,了解茶树种质资源的遗传背景。同时,利用 CERVUS 软件对子代模拟亲本鉴定在黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)^[17]、鳙(*Aristichthys nobilis*)^[18]、羊(*Caprinae*)^[19]、黄喉拟水龟(*Mauremys mutica*)^[20]、许氏平鲉(*Sebastes schlegelii*)^[21]和唇鲷(*Hemibarbus labeo*)^[22]等生物上有较多的报道。总的来说,亲本模拟分析主要用于分析亲本的遗传方式(花粉传播距离、自交不亲性)、后代群体遗传差异评估(遗传多样性、种群遗传管理、遗传背景、近交程度)、辅助杂交后代选择等方面。

茶树品种‘金牡丹’为“九五”国家科技攻关的一级优异茶树种质资源^[23],适制性广,制优率高,制乌龙茶香气馥郁芬芳,滋味醇厚甘爽,“韵味”显,制红、绿茶花香显、味醇厚。本试验以 42 个福建茶树良种为候选父本对‘金牡丹’自然杂交后代进行分子鉴定,并调查其节间长度、叶片长度、叶片宽度

等叶片性状,旨在分析‘金牡丹’自然杂交后代亲缘关系与遗传差异,为茶树品种选育提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

2015 年 11 月收取福建省茶树种质资源圃内‘金牡丹’成熟茶果,2016 年 1 月播种。2016 年 11 月选取生长正常的实生苗,与福建省茶树种质资源圃邻近种植,位于福建省农业科学院茶叶研究所二号山(27°12'58" N, 119°34'31" E)。种植规格为行距 1.5 m,株距 0.3 m,按顺序编号 JMD1~JMD65。2019 年分别采集 65 个‘金牡丹’自然杂交后代和 42 个福建省茶树品种(福建省茶树种质资源圃内)的嫩叶,用液氮冷冻处理,于-70 °C 冰箱中保存备用(表 1)。

1.2 方法

基因组 DNA 的提取 采用改进的 CTAB 法^[24]提取茶树基因组 DNA。采用 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测,用 756-MC 型紫外分光光度计测定 OD₂₆₀ 和 OD₂₈₀,检测茶树基因组 DNA 的纯度。

引物合成 参照 Ma 等^[25]的引物序列,序列由上海 Sangon 公司合成,引物信息见表 2。

PCR 扩增和产物鉴定 PCR 反应体系为:双蒸水 18.8 μL, 2.5 μL 10×Buffer (Mg²⁺), 0.5 μL dNTP (10 mmol/L), 正、反向引物(10 μmol/L)各 0.5 μL, Taq 聚合酶 0.2 μL (0.5 U), 模板 DNA 1 μL。PCR 反应于美国 ABI-9600 型扩增仪上进行,反应程序为:94 °C 预变性 4 min; 然后 94 °C 变性 45 s, 不同温度下退火 60 s, 72 °C 延伸 75 s, 共 35 次循环; 最后 72 °C 延伸 10 min。反应产物于 4 °C 保存。统一在反向引物(R)的 5' 段标记荧光(FAM/TAMRA), 由上海百力格生物科技有限公司合成。扩增产物 0.5 μL, GeneScan™ 500 ROX™ 0.5 μL, HiDi 9 μL, 混匀后使用 ABI 公司 3730XL 进行毛细管电泳。

叶片性状测量 测量 17 个‘金牡丹’自然杂交后代(父本模拟达到显著性)与 40 个福建良种的主要叶片性状,主要有第 1~3 叶芽梢的长度、第 1~3 节间长度、叶齿数、叶脉对数、第 1~4 叶片长度与宽度,每个性状调查重复 5 次。

1.3 数据处理

采用 ABI 公司的 GeneMapper 4.0 软件,选择 GeneScan™ 500 ROX™ 作为分子量标准,对每条扩增条带记录大小。使用 Cervus 3.0^[26]软件计算多态

信息含量、期望杂合度、等位基因频率与非父排除概率等参数。利用 SAS9.3 进行叶片性状聚类。运用 NTSYSpc 2.1 对参试材料进行遗传距离计算, 利用 MEGA7 进行 UPGMA 聚类分析, 并利用网站 <https://itol.embl.de/> 进行图片优化。

1.4 亲子鉴定模拟分析

使用 Cervus 3.0 软件进行亲子鉴定模拟分析, 分别运行 Simulation 程序与 Parentage Analysis 程

序中的 paternity 子程序, 模拟 10 000 次亲子鉴定, candidate fathers 的设置为 42, 候选亲本检测率为 80%, 位点检测率为 90%, 基因型判别错误率为 0.01, 计算候选亲本基因型似然对数比 (LOD) 值和 95% 置信水平, 根据 LOD 值判定亲子关系。对福建省农业科学院茶叶所审 (鉴) 定品种、65 个 ‘金牡丹’ 自然杂交后代分别进行双亲模拟分析与单亲模拟分析。

表 1 供试材料

Table 1 Materials in test

编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name
1	‘矮脚乌龙’ ‘Aijiaowulong’	16	‘福云 595’ ‘Fuyun 595’	31	‘梅占’ ‘Meizhan’
2	‘八仙茶’ ‘Baxiancha’	17	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’	32	‘榕春早’ ‘Rongchunzao’
3	‘白芽奇兰’ ‘Baiya Qilan’	18	‘福云 7 号’ ‘Fuyun 7’	33	‘肉桂’ ‘Rougui’
4	‘朝阳’ ‘Chaoyang’	19	‘歌乐茶’ ‘Rongchunzao’	34	‘瑞香’ ‘Ruixiang’
5	‘春兰’ ‘Chunlan’	20	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	35	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’
6	‘大红袍’ ‘Dahongpao’	21	‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’	36	‘霞浦春波绿’ ‘Xiapu Chunbolv’
7	‘大叶乌龙’ ‘Dayewulong’	22	‘黄奇’ ‘Huangqi’	37	‘霞浦元宵茶’ ‘Xiapu Yuanxiaocha’
8	‘丹桂’ ‘Dangui’	23	‘黄棣’ ‘Huangdan’	38	‘杏仁茶’ ‘Xingrencha’
9	‘凤圆春’ ‘Fengyuanchun’	24	‘茗科 1 号’ ‘Mingke 1’	39	‘悦茗香’ ‘Yuemingxiang’
10	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’	25	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	40	‘早春毫’ ‘Zaochunhao’
11	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	26	‘金萱’ ‘Jinxuan’	41	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
12	‘福鼎大毫茶’ ‘Fuding Dahaocha’	27	‘九龙大白茶’ ‘Jiulong Dabaicha’	42	‘紫牡丹’ ‘Zimudan’
13	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’	28	‘九龙袍’ ‘Jiulongpao’	43~107	JMD1~JMD65
14	‘福云 10 号’ ‘Fuyun10’	29	‘绿芽佛手’ ‘lvya Foshou’		
15	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’	30	‘毛蟹’ ‘Maoxie’		

表 2 SSR 引物信息

Table 2 Sequences of 28 primer pairs

引物 Primer	重复序列 Repeated sequence	正向序列 (5'~3') Forward sequence	反向序列 (5'~3') Reverse sequence
TM241	(GAGAA) ₃	ATCGGCGACGGTGGAAAGT	GCCAGCGGAGAGGAGAAG
TM262	(CT) ₂₁	CGACCAGACGGTGAAT	AGGCTTGTGAGCAAATC
TM324	(TTTTTG) ₅	CATCGTTTCATTGCTTATT	ATTTTCGGCATTGTCTT
TM337	(CCAATT) ₆	GTGCGGCAAAGCTGTCTT	ACCTCCATCTCCAAACCC
TM341	(TA) ₁₀	CATGCTCCCATCCCACCT	ATGCTGCTCATTCAAACCAACT
TM345	(CT) ₁₂	TTCTTGTCTTCATGGAAGTCA	GGAAATCTTATGGCACGGAA
TM351	(GGAGAA) ₃	GGGTGAGAGTAAAGGGGGAG	AAACACAAAATCAAATTTGTCAGAA
TM352	(GAGGTG) ₄	CTTCTTCTGTGCGGGTTGAG	GTCAACGGCCTATAACGGAA
TM369	(GAA) ₈	CGGAGCTGGAATCTGAAGAG	GGAAGGGTTGCAAATCTGA
TM395	(TCTTTT) ₄	GATTGTAGGACAGCCGTGGT	AAGTTGGGGCTTGTTAAAGGA
TM397	(CAT) ₆	CTCAGCATCATCCCCAGAAT	TGACGAAGATGACGACGAAG
TM415	(CCTTC) ₃	TCCACCCAAAACCTACTCTCTC	TATTTTCGGAAACGAGCCATC
TM422	(TTC) ₇	GGACTTCTGTGCTTCCTTTG	CCATTCTCGACGAATCCAGT
TM426	(AGA) ₁₁	TGAGAGTGCTTGTCTGGGTG	CAACTACCCCTTTTCCCACAT
TM428	(CAC) ₇	TCTCCTCCTCGATCCTCAGA	CCCTCTTCTCGGATCCTTC
TM440	(TTTGC) ₃	TTGACCCGAATAAAATGGGA	CCTCAAACATGCTTTTCTTAATC
TM442	(ATACAC) ₃	CAAGCCAAACCTTGCTGAAT	CTGTCCTGTGTCTGGTGGTG
TM445	(GTA) ₅	CCCAAATCCCAAGCTGTAGA	ACGATCGAGCCTGCAATACT

续表(Continued)

引物 Primer	重复序列 Repeated sequence	正向序列 (5'~3') Forward sequence	反向序列 (5'~3') Reverse sequence
TM447	(AAAAG) ₅	TGTTGTTAACGGTGTTCGGA	GCATTTGTTTTCTCTCTGCC
TM461	(ATTTTT) ₆	GGCTAGGGTTTCTCCACTT	GAAGGTCGAAGCGATGTTGT
TM493	(AGG) ₆	GATAGGGACAGAGATCGGCA	TTTCCAACCTTGCTCAAACC
TM499	(AGA) ₅	AACTGTGACACCGATTGCAG	AAGTTTCACTTGCCAGCACC
TM502	(AGAT) ₄	TGTCTTTTGTGGTTTCGTGC	GGGAGACGATGGATCAGAAA
TM513	(AG) ₁₀	CAAGCGATCAACAACAATGG	TTGAGAAATCAACCCCTTGG
TM569	(GTGA) ₅	GCAAATTCGTAAGGCGAGAG	CTGACGTTTACCCTCGTTCC
TM576	(TTTT) ₃	CGCTCTTCTTGTCTTCTGG	CACAAGCCATTGTAGAGAGAGAAA
TM589	(CTCCT) ₃	CACCACTGCCAACAAACT	GAGGATGATGATTCGGGAGA
TM601	(GGA) ₅	TTGCACTGGAGTGCATAAG	CATCGCCACCAACTCTTCT

2 结果和分析

2.1 遗传多样性分析

对 65 个‘金牡丹’自然杂交后代与 42 个模拟亲本进行扩增, 28 个 SSR 位点的平均等位基因数 6.86 个(表 3), 其中, TM422 位点上的等位基因数目最多(14 个), TM499 和 TM589 最少(3 个), 均满足利用 SSR 标记进行父本分析所需等位基因数要求。28 个 SSR 位点的平均观测杂合度和期望杂合度分别为 0.540 和 0.583, 变异范围分别为 0.247~0.794 和 0.240~0.805。Ho 与 HE 均值相近, 表明茶树品种受选择及近交等因素的影响较小, 平均杂合度较高, 等位基因在群体中分布较均匀。

2.2 多态信息含量及排除概率

28 个 SSR 位点的平均多态信息含量(PIC)为 0.532, 其中, TM499 位点最低(0.221), TM262 位点最高(0.778)。28 个 SSR 位点具有丰富的多态性, 能够为研究提供足够的多态信息。

当双亲基因型皆未知时, 单个 SSR 位点的非父排除概率(NE-1P)为 0.551~0.972, 均值 0.793; 当 1 个亲本基因型已知时, 单个 SSR 位点的非父排除概率(NE-2P)为 0.375~0.882, 均值 0.645; 当双亲基因型已知时, 单个 SSR 位点的非父排除概率(NE-PP)为 0.187~0.793, 均值 0.485(表 4)。

依据 PIC 由高至低次累积计算 28 个 SSR 位点的排除概率, 随着 SSR 位点数增加, 累积排除概率增大(图 1)。对于单亲已知类 NE-2P, 基于前 6 个 SSR 位点累积排除概率 0.975, 基于前 13 个 SSR 位点累积排除概率 0.999, 而基于全部 28 个 SSR 位点累积排除概率接近 1。因此, 28 对引物适合于亲本鉴定分析。

2.3 亲子模拟鉴定分析

从表 4 可见, 18 个福建省农业科学院茶叶所审(鉴)定品种的亲子鉴定可分为 2 个类型, 类型 I 真实亲本不在实验模拟亲本中, ‘悦茗香’(母本为‘赤叶观音’)、‘早春毫’(母本为‘迎春’)、‘朝阳’(母本为‘崇庆枇杷茶’)未能找到显著性模拟亲本; 类型 II 真实亲本在实验模拟亲本中, ‘福云 6 号’、‘福云 7 号’、‘福云 10 号’、‘福云 20 号’和‘福云 595’的真实亲本之一为‘福鼎大白茶’, 另一真实亲本(‘云南大叶种’)未在 42 个模拟亲本中; ‘黄奇’、‘春兰’、‘瑞香’、‘丹桂’、‘紫牡丹’的真实亲本之一分别为‘黄桢’、‘铁观音’、‘黄桢’、‘肉桂’、‘铁观音’, 单一亲本鉴定模拟结果与真实亲本相一致; ‘茗科 1 号’、‘金牡丹’真实亲本为母本(‘铁观音’)、父本(‘黄桢’), 双亲亲本模拟鉴定结果与真实亲本相一致; ‘黄玫瑰’、‘黄观音’的真实亲本与模拟鉴定结果不完全一致, 能准确模拟到其中之一亲本为‘黄桢’; ‘九龙袍’模拟亲本之一为‘肉桂’, 且达到显著性水平, ‘九龙袍’真实父本未知, 推测‘肉桂’为‘九龙袍’真实父本。类型 II 中的 12 个品种能找到真实亲本, 准确率 80%, 因此, 模拟亲本结果较为准确。

65 个‘金牡丹’自然杂交后代中的 25 个子代的 LOD 值均大于 0, 且置信度均达到 95%, 说明 25 个‘金牡丹’自然杂交后代均能准确地找到显著性模拟父本。后代中模拟父本为‘茗科 1 号’的有 14 个, 占 56%, 其次模拟父本为乌龙茶品种的有‘丹桂’、‘黄桢’和‘黄奇’, 模拟父本为绿茶品种的有‘福鼎大白茶’、‘福云 6 号’和‘福云 7 号’(表 5)。

2.4 ‘金牡丹’自然杂交后代亲缘关系分析

为进一步解读‘金牡丹’自然杂交后代的遗传信息, 将模拟父本结果标注在 107 个参试材料遗传距

表 3 28 对 SSR 引物遗传多样性与鉴定排除率

Table 3 Genetic diversity and exclusion rate of 28 SSR loci

位点 Locus	等位基 因数 Number of allele (Na)	观测杂合度 Observed heterozy- gosity (Ho)	期望杂合度 Expected Heterozy- gosity (He)	多态信息 含量 (PIC) Polymorphism information content	哈迪温伯格 平衡 Hardy- Weinberg equilibrium (HWE)	无效等位 基因频率 Null allele (F)	非父排除概率 Non-exclusion probability		
							亲本基因型 未知 Parental genotypes unknown (NE-1P)	已知 1 个亲本 基因型 One parent genotype known (NE-2P)	双亲基因型 已知 Parent genotype known (NE-PP)
TM337	9	0.698	0.600	0.558	NS	-0.095	0.795	0.625	0.434
TM395	5	0.673	0.616	0.558	NS	-0.064	0.798	0.640	0.470
TM569	4	0.724	0.674	0.601	NS	-0.038	0.769	0.617	0.462
TM351	6	0.523	0.513	0.468	NS	-0.028	0.861	0.709	0.544
TM589	3	0.570	0.569	0.494	NS	-0.002	0.840	0.705	0.560
TM513	12	0.604	0.604	0.530	NS	-0.001	0.803	0.663	0.499
TM369	9	0.664	0.665	0.603	NS	0.001	0.752	0.592	0.414
TM493	8	0.584	0.599	0.541	NS	0.012	0.805	0.650	0.476
TM428	8	0.767	0.795	0.759	NS	0.013	0.589	0.411	0.230
TM422	14	0.654	0.681	0.657	NS	0.028	0.700	0.508	0.290
TM241	4	0.566	0.646	0.578	NS	0.067	0.777	0.625	0.458
TM426	8	0.600	0.739	0.704	NS	0.080	0.656	0.473	0.276
TM345	11	0.850	0.758	0.722	***	-0.077	0.626	0.447	0.251
TM461	6	0.794	0.669	0.615	*	-0.099	0.753	0.584	0.406
TM440	5	0.743	0.612	0.544	*	-0.118	0.802	0.653	0.488
TM502	4	0.288	0.253	0.229	ND	-0.073	0.968	0.880	0.793
TM601	5	0.356	0.321	0.292	ND	-0.072	0.948	0.839	0.726
TM499	3	0.247	0.24	0.221	ND	-0.029	0.972	0.882	0.793
TM352	5	0.364	0.343	0.306	ND	-0.022	0.941	0.832	0.720
TM576	5	0.252	0.322	0.306	ND	0.099	0.946	0.821	0.688
TM397	8	0.458	0.561	0.519	NS	0.109	0.828	0.663	0.483
TM324	9	0.551	0.691	0.627	NS	0.112	0.743	0.582	0.416
TM445	4	0.495	0.620	0.549	NS	0.116	0.798	0.652	0.490
TM442	4	0.442	0.568	0.469	*	0.126	0.839	0.730	0.596
TM415	6	0.524	0.677	0.609	*	0.132	0.759	0.603	0.441
TM341	10	0.505	0.707	0.659	***	0.173	0.703	0.529	0.341
TM447	4	0.260	0.481	0.403	***	0.299	0.884	0.775	0.651
TM262	13	0.369	0.805	0.778	***	0.374	0.551	0.375	0.187
平均 Mean	6.86	0.540	0.583	0.532	-	0.036	0.793	0.645	0.485

NS: $P>0.05$; *: $P<0.05$; ***: $P<0.001$; ND: 未检验。

NS: $P>0.05$; *: $P<0.05$; ***: $P<0.001$; ND: Not detected.

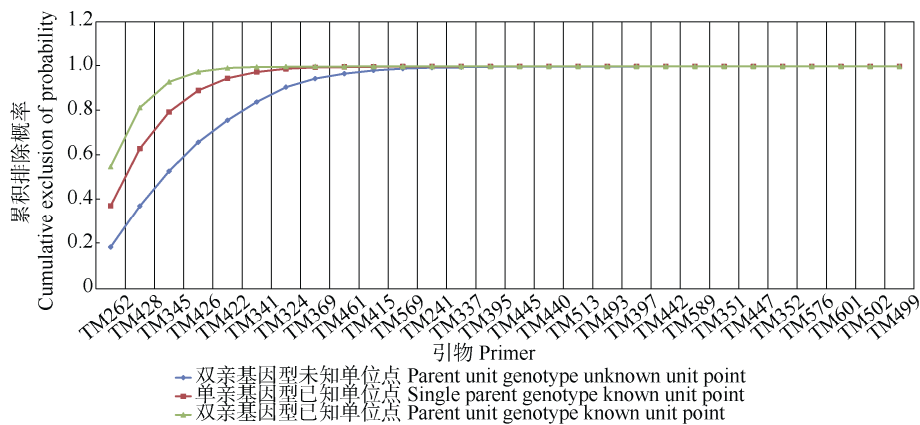


图 1 28 个 SSR 位点的累积排除概率

Fig. 1 Cumulative exclusion probability of the 28 SSR loci

表 4 18 个茶树品种的亲子鉴定结果

Table 4 Paternity analysis result of 18 tea varieties

子代 Progeny	真实母本 Real female parent	真实父本 Real male parent	模拟母本 Simulate female parent	LOD	置信度 Confidence /%	模拟父本 Simulation male parent	LOD	置信度 Confidence /%
‘早春毫’ ‘Zaochunhao’	‘迎春’ ‘Yinchun’	-	‘绿芽佛手’ ‘lvya Foshou’	-81.459		‘肉桂’ ‘Rougui’	-70.812	
‘朝阳’ ‘Chaoyang’	‘崇庆枇杷茶’ ‘Chongqing Pipacha’	-	‘黄棧’ ‘Huangdan’	-73.666		‘福安大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’	-79.217	
‘悦茗香’ ‘Yuemingxiang’	‘赤叶观音’ ‘Chiyeguanyin’	-	‘大叶乌龙’ ‘Dayewulong’	21.517	95	‘杏仁茶’ ‘Xingrencha’	-4.384	
‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	‘云南大叶种’ ‘Yunan Dayezhong’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	12.119	95	‘绿芽佛手’ ‘lvya Foshou’	-68.603	
‘福云 7 号’ ‘Fuyun 7’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	‘云南大叶种’ ‘Yunan Dayezhong’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	7.724	95	‘朝阳’ ‘Chaoyang’	-61.182	
‘福云 10 号’ ‘Fuyun10’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	‘云南大叶种’ ‘Yunan Dayezhong’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	22.704	95	‘白芽奇兰’ ‘Baiya Qilan’	-50.530	
‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	‘云南大叶种’ ‘Yunan Dayezhong’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	16.475	95	‘朝阳’ ‘Chaoyang’	-79.989	
‘福云 595’ ‘Fuyun 595’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	‘云南大叶种’ ‘Yunan Dayezhong’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’	21.150	95	‘朝阳’ ‘Chaoyang’	-47.990	
‘黄奇’ ‘Huangqi’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	-	‘黄棧’ ‘Huangdan’	18.933	95	‘大叶乌龙’ ‘Dayewulong’	-5.741	
‘瑞香’ ‘Ruixiang’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	-	‘黄棧’ ‘Huangdan’	11.534	95	‘肉桂’ ‘Rougui’	12.199	95
‘丹桂’ ‘Dangui’	‘肉桂’ ‘Rougui’	-	‘肉桂’ ‘Rougui’	13.837	95	‘福安大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’	-31.011	
‘春兰’ ‘Chunlan’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	-	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	-13.404		‘肉桂’ ‘Rougui’	-17.600	
‘紫牡丹’ ‘Zimudan’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	-	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	-0.127		‘梅占’ ‘Meizhan’	-3.170	
‘茗科 1 号’ ‘Mingke 1’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	-12.669		‘黄棧’ ‘Huangdan’	24.839	95
‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	3.336	95	‘黄棧’ ‘Huangdan’	10.482	95
‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘铁观音’ ‘Tie guanyin’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	‘梅占’ ‘Meizhan’	-10.837		‘黄棧’ ‘Huangdan’	2.952	95
‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	‘黄棧’ ‘Huangdan’	38.553	95	‘梅占’ ‘Meizhan’	-27.617	
‘九龙袍’ ‘Jiulongpao’	‘大红袍’ ‘Dahongpao’	-	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’	8.591	95	‘肉桂’ ‘Rougui’	21.122	95

表 5 65 个茶树品种的父亲本

Table 5 Male parent of 65 tea varieties

子代 Progeny	候选父本 Candidate male parent	LOD	置信度 /% Confidence	子代 Progeny	候选父本 Candidate male parent	LOD	置信度 /% Confidence
JMD54	‘黄棧’‘Huangdan’	-10.158		JMD41	‘黄棧’‘Huangdan’	1.307	*
JMD57	‘铁观音’‘Tie guanyin’	-12.734		JMD8	‘铁观音’‘Tie guanyin’	-14.672	
JMD59	‘黄棧’‘Huangdan’	0.152	95	JMD14	‘黄棧’‘Huangdan’	-1.425	
JMD42	‘杏仁茶’‘Xingrencha’	-6.939		JMD21	‘政和大白茶’‘Zhenghe Dabaicha’	-14.327	
JMD2	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	4.156	95	JMD38	‘政和大白茶’‘Zhenghe Dabaicha’	-5.868	
JMD22	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	9.955	95	JMD23	‘榕春早’‘Rongchunzao’	-5.981	
JMD37	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	5.178	95	JMD39	‘政和大白茶’‘Zhenghe Dabaicha’	-0.418	
JMD10	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	7.493	95	JMD62	‘黄奇’‘Huangqi’	-11.061	
JMD25	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	0.366	95	JMD44	‘福云 6 号’‘Fuyun 6’	14.970	95
JMD17	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	6.660	95	JMD45	‘福云 6 号’‘Fuyun 6’	6.644	95

续表(Continued)

子代 Progeny	候选父本 Candidate male parent	LOD	置信度 /% Confidence	子代 Progeny	候选父本 Candidate male parent	LOD	置信度 /% Confidence
JMD56	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	9.445	95	JMD5	‘政和大白茶’‘Zhenghe Dabaicha’	-11.691	
JMD55	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	8.738	95	JMD6	‘黄观音’‘Huangguanyin’	-23.219	
JMD48	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	2.431	95	JMD28	‘绿芽佛手’‘lvya Foshou’	-14.805	
JMD49	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	-0.168		JMD34	‘绿芽佛手’‘lvya Foshou’	-16.084	
JMD19	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	1.329	95	JMD36	‘矮脚乌龙’‘Aijiaowulong’	-22.356	
JMD43	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	-4.833		JMD12	‘毛蟹’‘Maoxie’	-13.781	
JMD11	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	-0.200		JMD61	‘黄奇’‘Huangqi’	1.434	95
JMD58	‘肉桂’‘Rougui’	-6.055		JMD4	‘福鼎大白茶’‘Fuding Dabaicha’	-10.621	
JMD29	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	5.496	95	JMD15	‘福云 6 号’‘Fuyun 6’	-1.815	
JMD16	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	2.921	95	JMD50	‘福云 10 号’‘Fuyun10’	-11.433	
JMD60	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	-4.685		JMD32	‘福鼎大白茶’‘Fuding Dabaicha’	6.312	95
JMD24	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	7.046	95	JMD47	‘福云 7 号’‘Fuyun 7’	0.670	95
JMD26	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	5.563	95	JMD30	‘铁观音’‘Tie guanyin’	-12.137	
JMD27	‘黄棧’‘Huangdan’	4.253	95	JMD64	‘铁观音’‘Tie guanyin’	-13.490	
JMD18	‘丹桂’‘Dangui’	-21.046		JMD31	‘歌乐茶’‘Gelecha’	-16.431	
JMD35	‘毛蟹’‘Maoxie’	-11.047		JMD33	‘福云 6 号’‘Fuyun 6’	-14.027	
JMD1	‘毛蟹’‘Maoxie’	-15.129		JMD40	‘铁观音’‘Tie guanyin’	-21.084	
JMD13	‘福安大白茶’‘Fuan Dabaicha’	-19.871		JMD3	‘梅占’‘Meizhan’	-0.860	
JMD52	‘福安大白茶’‘Fuan Dabaicha’	-18.768		JMD9	‘白芽奇兰’‘Baiya Qilan’	-11.558	
JMD46	‘丹桂’‘Dangui’	12.051	95	JMD51	‘丹桂’‘Dangui’	0.905	95
JMD65	‘黄棧’‘Huangdan’	-3.295		JMD53	‘丹桂’‘Dangui’	7.727	95
JMD7	‘矮脚乌龙’‘Aijiaowulong’	-15.598		JMD63	‘福云 595’‘Fuyun 595’	-5.864	
JMD20	‘福建水仙’‘Fujian Shuixian’	-15.601					

离聚类图上(图 2)。“金牡丹”自然杂交后代的显著性模拟父本(天蓝色)为“黄棧”、“茗科 1 号”、“丹桂”、“福鼎大白茶”与“福云 6 号”等,为福建省主要种植乌龙茶和绿茶品种,模拟父本来源广泛,遗传多样性丰富。“金牡丹”为“铁观音”(母本)与“黄棧”(父本)的人工杂交后代,大多数“金牡丹”自然杂交后代受双亲的影响,分别与祖母、祖父、母本、模拟父本聚类在一起,形成 5 个类群。5 个类群分别为“铁观音”(祖母)与“金牡丹”自然杂交后代类群(草绿色)、“黄棧”(祖父)与“金牡丹”自然杂交后代类群(深蓝色)、“金牡丹”(母本)与“金牡丹”自然杂交后代类群(红色)、“茗科 1 号”(模拟父本)与“金牡丹”自然杂交后代类群(金黄色)、“丹桂”(模拟父本)与“金牡丹”自然杂交后代类群(浅紫色);JMD51、JMD53 模拟父本为“丹桂”,与“丹桂”(模拟父本)形成一个类群。少部分“金牡丹”自然杂交后代未与亲本聚类在一起,JMD44、JMD45 模拟父本为“福云 6 号”,遗传聚类分别未与“金牡丹”(母本)、“福云 6 号”(父本)聚类在一起,推测 JMD44、JMD45 遗传信息受双亲共同作用影响。另外,JMD9、JMD3 未能模拟到显著性父本,从遗传距离看分别与“白芽奇兰”、“杏仁茶”遗传距离较近,推测 JMD9、

JMD3 的真实父本与“白芽奇兰”、“杏仁茶”亲缘关系较近,且遗传信息偏向未知父本。

2.5 ‘金牡丹’自然杂交后代遗传多样性分析

将 107 份试验材料按来源与是否找到显著性父本进行分类,分为 4 个类群进行遗传多样性分析。从表 6 看出,参试材料的 Shannon 信息指数为 0.828~1.245,类群的遗传多样性为:类群 D>所有材料>类群 C>类群 B>类群 A,说明 65 个“金牡丹”自然杂交后代降低参试材料整体的遗传多样性水平,且遗传多样性略低于福建省茶树品种。 H_o 和 H_e 分别为 0.497~0.587 和 0.481~0.625。其中,类群 C 的 H_o 与 H_e 相当,属于基因型的分布就越接近于平衡状态,说明 65 个“金牡丹”自然杂交后代群体基因型相对稳定;类群 A 的 H_o 大于 H_e ,说明存在杂合子过剩,推测类群 A 基因型杂合性较高;类群 D 的 H_o 小于 H_e ,说明存在杂合子缺失现象,福建省茶树品种间遗传交流较少。

2.6 ‘金牡丹’自然杂交后代叶片性状辅助鉴定

基于叶片长宽、叶齿数、叶脉对数等性状,利用 SAS 软件对父本模拟显著性的“金牡丹”自然杂交后代与福建主要茶树品种进行叶片性状聚类(图 3)。

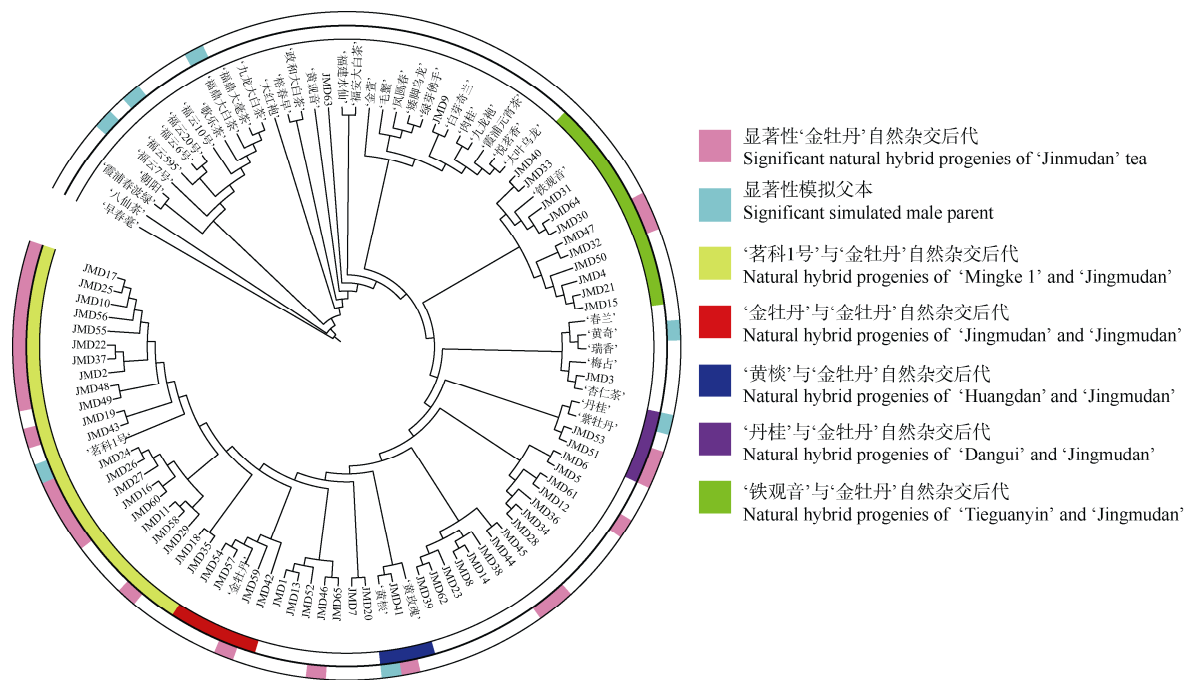


图 2 遗传距离聚类图

Fig. 2 Cluster diagram of genetic distance

表 6 4 个群体的遗传多样性

Table 6 Genetic diversity of 4 groups

类群 Group	数量 Number	观测等位基因数 Observed number of alleles	有效等位基因数 Effective number of alleles	观测杂合度 Observed heterozygosity (H_o)	期望杂合度 Expected heterozygosity (H_e)	Shannon 多样性指数 Shannon's information index	Nei's 基因多样性 指数 Nei's gene diversity index
A	25	3.571	2.045	0.497	0.481	0.828	0.471
B	40	5.000	2.262	0.515	0.516	0.970	0.509
C	65	5.178	2.225	0.507	0.512	0.958	0.508
D	42	6.178	3.117	0.587	0.625	1.245	0.617
总和 Total	107	6.857	2.692	0.540	0.583	1.151	0.580

模拟父本为‘福云 6 号’、‘福云 7 号’的‘金牡丹’自然杂交后代 JMD44、JMD45、JMD47 都聚类在类群 I 中，且类群 I 中主要为‘福云 6 号’、‘福云 7 号’、‘福云 10 号’、‘福云 20 号’等绿茶品种，推测 JMD44、JMD45、JMD47 叶片主要性状偏向于模拟父本，可优先进行绿茶、白茶加工品质鉴定。

类群 III 内 JMD51、JMD53 模拟父本为‘丹桂’，叶片性状与‘丹桂’的母本‘肉桂’聚类在一起，叶片性状更偏向‘肉桂’(祖母)。JMD61 模拟父本为‘黄奇’，叶片性状更偏向‘黄奇’(祖母)。JMD59 模拟父本为‘黄棪’，叶片性状与‘黄棪’聚类在一起，叶片性状偏向于模拟父本‘黄棪’。MD24、JMD26、JMD29、JMD55 与 JMD27、JMD41 的模拟父本分别为‘茗科 1 号’与‘黄棪’，叶片性状与‘黄棪’聚类在一起，叶片性状更偏向于‘黄棪’(祖父、模拟父本)，可优先进行

乌龙茶加工品质鉴定。

类群 IV 中 JMD56、JMD2 模拟父本为‘茗科 1 号’，叶片性状与‘茗科 1 号’的母本‘铁观音’聚类在一起，叶片性状更偏向‘铁观音’(祖母)，可优先进行乌龙茶加工品质鉴定。

3 结论和讨论

3.1 影响模拟父本筛选的因素

本试验选择的候选父本为 42 个福建省鉴定审(鉴)定品种，引物 28 对，在 95%置信水平下为 25 个自然杂交后代找到模拟父本，显著性模拟父本的概率为 38.4%，与其他植物的模拟父本概率(37.67%^[10]、34.5%^[11]、36.2%^[14])相近。影响模拟父本筛选的因素较多，耿瑞静等^[27]认为无效等位基因的存在是影

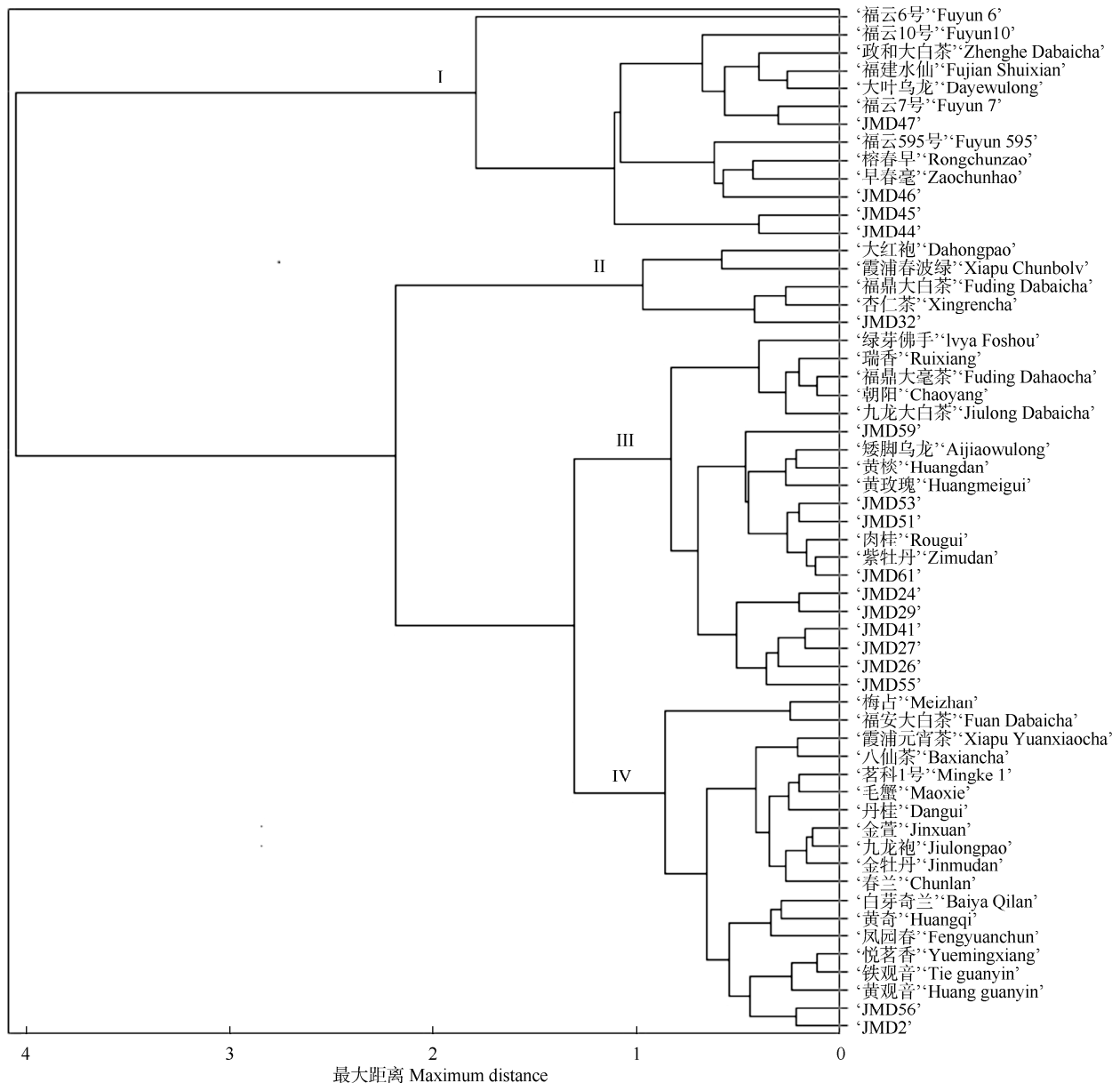


图 3 叶片性状最大距离法聚类图

Fig. 3 Cluster dendrogram based on leaf characters by maximum distance

响亲子鉴定结果准确性的首要因素；祝招玲等^[28]研究表明无效等位基因是影响亲权鉴定准确性的基础因素；朱克诚等^[17]认为无效等位基因与等位基因的缺失导致低质量的 DNA 序列是影响准确性的主要原因。基因分型错误也会导致子代与亲本的错配，一方面是实验操作包括 PCR 扩增、电泳等诸多因素影响，使得条带扩增不清导致分型错误，另一方面是数据处理过程中的人为分型错误^[29]；亲子关系鉴定试验中应尽可能降低标记基因型在扩增和判定时的错误率，有些微卫星基因座在扩增时可能产生无效基因，导致某些等位基因无法出现，本可

能为杂合子的个体可能出现为纯合子，这会影 响鉴定的准确性^[30]；进行排除法亲本分析时，群体中候选亲本数量不宜大于 100，否则很难为大多数子代确定亲本来源^[31]。本试验认为，无效等位基因是不可避免的，只能尽可能的降低；候选父本的数量不是越多越好，而是模拟父本代表性越强越好，在理论上，选择相同母本与亲缘关系相近的品种作为父本，杂交后代可能为基因型一致的或极其相似的，因此，增加亲缘关系相近的品种作为模拟父本数量会影响到软件鉴定的结果；同时构建核心种质与确定核心引物有利于提高模拟亲本鉴定结果准确性。

3.2 ‘金牡丹’自然杂交后代鉴定与辅助筛选

本研究中父本模拟分析达到显著性的‘金牡丹’自然杂交后代一共有 25 个,其中 8 个模拟父本为‘茗科 1 号’的自然杂交后代种植 4 a 后,树势衰弱或自然死亡,不能满足叶片性状调查的需要,可能由于‘茗科 1 号’与‘金牡丹’杂交组合属于近亲杂交,部分杂交后代生长势弱。对父本模拟达到显著性的‘金牡丹’自然杂交后代需进一步分析。

模拟父本相同的‘金牡丹’自然杂交后代,亲缘关系聚类可能有差异。JMD59、JMD27、JMD41 模拟父本同为‘黄桫’,叶片性状与‘黄桫’相似,但亲缘关系聚类显示有所不同,JMD59 与‘金牡丹’(母本)亲缘关系更接近,JMD41 与‘黄桫’(模拟父本)亲缘关系更接近,JMD27 与‘茗科 1 号’亲缘关系更接近。JMD51、JMD53 与 JMD46 的模拟父本相同,JMD51、JMD53 与‘丹桂’(模拟父本)亲缘关系更接近,叶片性状更接近‘肉桂’(祖母);JMD46 与‘金牡丹’(母本)亲缘关系更接近,叶片性状更接近福云系列绿茶品种,叶片性状遗传可能来自于‘丹桂’(模拟父本)的未知父本。

模拟父本相同的试验材料,叶片性状聚类可能有差异。JMD24、JMD26、JMD29、JMD55 与 MD2、JMD56 模拟父本同为‘茗科 1 号’,JMD24、JMD26、JMD29、JMD55 的叶片性状聚类与‘黄桫’(祖父)在一起,后代可能与‘黄桫’(祖父)品质性状相似;MD2、JMD56 的叶片性状聚类与‘铁观音’(祖母)在一起,后代可能与‘铁观音’(祖母)品质性状相似。

因此,‘金牡丹’自然杂交后代在相同模拟父本的情况下,叶片性状可以分别与父本、母本、祖父、祖母相似。进行初步辅助选种,选种目标为早生优质绿茶品系的可以选择 JMD32、MD44、JMD45、JMD46 和 JMD47 进行鉴定;选种目标为闽北高香岩茶乌龙茶品系可以选择 JMD51 和 JMD53 进行鉴定;选种目标为闽南‘铁观音’乌龙茶品系可以选择 MD2 和 JMD56 进行鉴定;选种目标为与‘黄桫’相似的早生高香乌龙茶类型可以选择 JMD24、JMD26、JMD27、JMD29、JMD41、JMD55 和 JMD59。

参考文献

- [1] YU F L. Discussion on the originating place and the originating center of tea plant [J]. J Tea Sci, 1986, 6(1): 1–8. [虞富莲. 论茶树原产地和起源中心 [J]. 茶叶科学, 1986, 6(1): 1–8. doi: 10.13305/j.cnki.jts.1986.01.001.]
- [2] QIAN Y H, PANG D D, WEI K, et al. Research progress on fertility of tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. Tea Commun, 2020, 47(2): 185–191. [钱因红, 庞丹丹, 韦康, 等. 茶树育性相关的研究进展 [J]. 茶叶通讯, 2020, 47(2): 185–191. doi: 10.3969/j.issn.1009-525X.2020.02.002.]
- [3] WANG S L, MA C L, HUANG D J, et al. Analysis of genetic diversity and construction of DNA fingerprints of chlorophyll-deficient tea cultivars by SSR markers [J]. J Tea Sci, 2018, 38(1): 58–68. [王松琳, 马春雷, 黄丹娟, 等. 基于 SSR 标记的白化和黄化茶树品种遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. 茶叶科学, 2018, 38(1): 58–68. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2018.01.006.]
- [4] JIANG X H, FANG K X, CHEN D, et al. Genetic diversity and relationship of two historical famous *Camellia sinensis* groups in Guangdong by capillary electrophoresis detection with fluorescent EST-SSR marker [J]. Chin J Trop Crops, 2018, 39(1): 46–54. [姜晓辉, 方开星, 陈栋, 等. 基于 EST-SSR 毛细管电泳荧光标记技术分析广东 2 个历史名茶群体遗传多样性 [J]. 热带作物学报, 2018, 39(1): 46–54.]
- [5] MAO J, JIANG H J, LI C X, et al. Genetic diversity analysis of tea plant in Baiyingshan Mountain of Yunnan [J]. J Tea Sci, 2018, 38(1): 69–77. [毛娟, 江鸿键, 李崇兴, 等. 云南白鹫山地区茶树遗传多样性研究 [J]. 茶叶科学, 2018, 38(1): 69–77. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2018.01.007.]
- [6] JIANG X H, LI H J, LI C X, et al. Genetic diversity and population structure of tea germplasm from Baiying Mountain in Yunnan [J]. Chin Agric Sci Bull, 2019, 35(14): 68–76. [姜晓辉, 李红建, 李崇兴, 等. 云南白鹫山茶树种质资源遗传多样性及群体结构分析 [J]. 中国农学通报, 2019, 35(14): 68–76.]
- [7] ZHOU B, WANG L B, XU X T, et al. Analysis of genetic diversity and genetic relationship of Leibo wild tea resources [J]. J Yunnan Agric Univ (Nat Sci), 2020, 35(1): 122–129. [周斌, 王留彬, 徐新涛, 等. 雷波野生茶树遗传多样性及亲缘关系分析 [J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2020, 35(1): 122–129. doi: 10.12101/j.issn.1004-390X(n).201904037.]
- [8] ZHANG H Y, YANG T, LIU R, et al. Assessment of genetic diversity by using EST-SSR markers in *Lupinus* [J]. Acta Agron Sin, 2020, 46(3): 330–340. [张红岩, 杨涛, 刘荣, 等. 利用 EST-SSR 标记评价羽扇豆属(*Lupinus* L.)遗传多样性 [J]. 作物学报, 2020, 46(3): 330–340. doi: 10.3724/SP.J.1006.2020.94077.]
- [9] LI B, PAN W T, LI K Q, et al. A comparison among three softwares of parentage analysis (CERVUS, COLONY and PAPA): A case study on parentage analysis of control pollination progenies in *Liriodendron* [J]. Mol Plant Breed, 2013, 11(2): 241–248. [李博, 潘文婷, 李康琴, 等. 三种常用亲本分析软件效率的比较——以鹅掌楸属树种控

- 制授粉子代亲本分析为例 [J]. 分子植物育种, 2013, 11(2): 241–248.]
- [10] AI C, XU L A, LAI H L, et al. Genetic diversity and paternity analysis of a seed orchard in *Pinus massoniana* [J]. *Sci Silv Sin*, 2006, 42(11): 146–150. [艾畅, 徐立安, 赖焕林, 等. 马尾松种子园的遗传多样性与父本分析 [J]. 林业科学, 2006, 42(11): 146–150. doi: 10.3321/j.issn:1001-7488.2006.11.026.]
- [11] ZHANG D M, SUN P G, SHEN X H, et al. Paternity analysis of open- and control-pollinated seeds collected from a seed orchard of *Pinus tabulaeformis* [J]. *Chin J Plant Ecol*, 2009, 33(2): 302–310. [张冬梅, 孙佩光, 沈熙环, 等. 油松种子园自由授粉与控制授粉种子父本分析 [J]. 植物生态学报, 2009, 33(2): 302–310. doi: 10.3773/j.issn.1005-264x.2009.02.007.]
- [12] FENG Y H, LI H G, YANG Z Q, et al. Construction of second generation breeding population of *Pinus massoniana* in Guangxi [J]. *Sci Silv Sin*, 2017, 53(1): 54–61. [冯源恒, 李火根, 杨章旗, 等. 广西马尾松第 2 代育种群体的组建 [J]. 林业科学, 2017, 53(1): 54–61. doi: 10.11707/j.1001-7488.20170107.]
- [13] WANG J Z, LAN J, LU Z X, et al. Study on using SSR markers for paternal identification in eucalyptus [J]. *Eucalypt Sci Technol*, 2019, 36(2): 1–8. [王建忠, 兰俊, 陆珍先, 等. 基于 SSR 分子标记的桉树父本鉴定技术研究 [J]. 桉树科技, 2019, 36(2): 1–8. doi: 10.3969/j.issn.1674-3172.2019.02.001.]
- [14] SHAO W H, WANG Z S, ZHANG J G. Paternity analysis of main olive cultivars progenies based on SSR markers [J]. *For Res*, 2020, 33(3): 22–30. [邵文豪, 王兆山, 张建国. 基于 SSR 标记的油橄榄主要栽培品种子代父本分析 [J]. 林业科学研究, 2020, 33(3): 22–30. doi: 10.13275/j.cnki.lykxyj.2020.03.003.]
- [15] HE Y F, ZHU Y J, WU X B, et al. Parentage analysis of coreius guichenoti using microsatellites [J]. *Acta Hydrobiol Sin*, 2019, 43(6): 1216–1223. [何勇凤, 朱永久, 吴兴兵, 等. 基于微卫星标记的圆口铜鱼亲缘关系鉴定技术 [J]. 水生生物学报, 2019, 43(6): 1216–1223. doi: 10.7541/2019.144.]
- [16] YU S P, XU L Y, WU R M, et al. Genetic and phylogenetic analysis for resources of *Camellia sinensis* from Kaihua County in Zhejiang Province [J]. *J Tea Sci*, 2020, 40(3): 341–351. [余书平, 徐礼羿, 吴荣梅, 等. 浙江开化县茶树种质资源的遗传多样性及亲缘关系分析 [J]. 茶叶科学, 2020, 40(3): 341–351. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2020.03.005.]
- [17] ZHU K C, SONG L, LIU B S, et al. Establishment of parentage determination in yellowfin seabream (*Acanthopagrus latus*) [J]. *J Fish China*, 2020, 44(3): 351–357. [朱克诚, 宋岭, 刘宝锁, 等. 黄鳍棘鲷家系亲缘关系鉴定 [J]. 水产学报, 2020, 44(3): 351–357. doi: 10.11964/jfc.20181011480.]
- [18] FENG X T, ZHANG G N, XUE X P, et al. Current germplasm situation of bighead carp (*Aristichthys nobilis*) candidate parent and parent from hatchery in the lower reaches of Changjiang River based on SSR markers [J]. *J Fish Sci China*, 2020, 27(5): 589–597. [冯晓婷, 张桂宁, 薛向平, 等. 基于 SSR 标记的长江下游原良种场鳊亲本和后备亲本种质资源现状分析 [J]. 中国水产科学, 2020, 27(5): 589–597. doi: 10.3724/SP.J.1118.2020.19266.]
- [19] LI B, REN T T, QIU M Y, et al. Paternity identification of Texel×Kazakh sheep based on microsatellite multiple PCR technology [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2020, 47(7): 2171–2180. [李彬, 任亭亭, 邱梅玉, 等. 基于微卫星多重 PCR 技术的特克塞尔×哈萨克杂交羊亲缘关系鉴定 [J]. 中国畜牧兽医, 2020, 47(7): 2171–2180. doi: 10.16431/j.cnki.1671-7236.2020.07.022.]
- [20] WEN P, ZHAO J, LI W, et al. The parentage assignment of *Mauremys mutica* using multiplex PCR of microsatellites [J]. *Acta Hydrobiol Sin*, 2015, 39(6): 1134–1141. [文萍, 赵建, 李伟, 等. 基于微卫星多重 PCR 技术的黄喉拟水龟亲缘关系鉴定 [J]. 水生生物学报, 2015, 39(6): 1134–1141. doi: 10.7541/2015.149.]
- [21] HAN H Z, LIU Y, WANG T T, et al. Development of multiplex PCR systems of microsatellite and evaluation of parental contribution to offsprings in black rockfish (*Sebastes schlegelii*) [J]. *Chin Fish Qual Stand*, 2018, 8(4): 48–57. [韩慧宗, 刘阳, 王腾腾, 等. 许氏平鲷微卫星多重 PCR 体系构建及亲本对子代贡献率 [J]. 中国渔业质量与标准, 2018, 8(4): 48–57. doi: 10.3969/j.issn.2095-1833.2018.04.006.]
- [22] QUE Y F, XU X, XU N, et al. Parentage analysis of *Hemibarbus labeo* based on microsatellite markers [J]. *J Dalian Ocean Univ*, 2019, 34(5): 643–648. [阙延福, 胥贤, 徐念, 等. 基于微卫星标记的唇鲮亲缘关系鉴定技术研究 [J]. 大连海洋大学学报, 2019, 34(5): 643–648. doi: 10.16535/j.cnki.dlhyxb.2018-258.]
- [23] YANG Y J, LIANG Y R. Clonal Tea Varieties of China [M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 2014: 111. [杨亚军, 梁月荣. 中国无性系茶树品种志 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2014: 111.]
- [24] 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. [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): 103–108. doi: 10.3321/j.issn:0253-9772.2007.01.019.]
- [25] 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.
- [26] KALINOWSKI S T, TAPER M L, MARSHALL T C. Revising how the

- computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment [J]. *Mol Ecol*, 2007, 16(5): 1099–1106. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x.
- [27] GENG R J, XIE M H, WANG W M, et al. Microsatellite paternity of *Megalobrama amblycephala* [J]. *Freshwater Fish*, 2018, 48(4): 9–15. [耿瑞静, 谢明辉, 王卫民, 等. 团头鲂的微卫星亲子鉴定 [J]. *淡水渔业*, 2018, 48(4): 9–15. doi: 10.3969/j.issn.1000-6907.2018.04.002.]
- [28] ZHU Z L, LIU Z S, GAO H, et al. Parentage verification and mating system of *Pseudois nayaur* in Helan Mountains based on Faecal DNA [J]. *Acta Ecol Sin*, 2019, 39(22): 8639–8647. [祝招玲, 刘振生, 高惠, 等. 基于粪便 DNA 的贺兰山羊亲权鉴定和婚配制研究 [J]. *生态学报*, 2019, 39(22): 8639–8647. doi: 10.5846/stxb201806261410.]
- [29] GU Y, LI C, LU C Y, et al. Microsatellite markers for parentage identification in Jian carp (*Cyprinus carpio* var. *jian*) [J]. *Hereditas*, 2012, 34(11): 1447–1455. [顾颖, 李超, 鲁翠云, 等. 建鲤(*Cyprinus carpio* var. *jian*)微卫星 DNA 亲权鉴定 [J]. *遗传*, 2012, 34(11): 1447–1455. doi: 10.3724/SP.J.1005.2012.01447.]
- [30] WANG M, ZHANG X H, CUI R, et al. Parentage testing of Dezhou donkey with microsatellite marker [J]. *China Anim Husb Vet Med*, 2019, 46(7): 2003–2011. [王敏, 张新浩, 崔冉, 等. 利用微卫星标记鉴定德州驴亲子关系 [J]. *中国畜牧兽医*, 2019, 46(7): 2003–2011. doi: 10.16431/j.cnki.1671-7236.2019.07.015.]
- [31] HE T H, GE S. Mating system, paternity analysis and gene flow in plant populations [J]. *Acta Phytoecol Sin*, 2001, 25(2): 144–154. [何田华, 葛颂. 植物种群交配系统、亲本分析以及基因流动研究 [J]. *植物生态学报*, 2001, 25(2): 144–154.]