



### 19个茶树杂交新品系主要性状比较及其遗传多样性分析

余文权, 林郑和, 陈常颂, 钟秋生, 游小妹, 陈志辉, 单睿阳, 阮其春

#### 引用本文:

余文权, 林郑和, 陈常颂, 等. 19个茶树杂交新品系主要性状比较及其遗传多样性分析[J]. 热带亚热带植物学报, 2021, 29(6): 649–659.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4376>

---

### 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个枇杷杂交新品种(系)的SSR鉴定和指纹图谱构建

Identification and Fingerprint Construction of 19 New Hybrid Varieties (Lines) of Loquat by SSR  
热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 153–162 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4131>

#### 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>

#### 基于表型性状和SSR标记的57份辣椒种质遗传多样性分析

Genetic Diversity Analysis of 57 Germplasms of *Capsicum annuum* Based on Phenotypic Traits and SSR Markers  
热带亚热带植物学报. 2020, 28(4): 356–366 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4185>

#### 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>

向下翻页, 浏览PDF全文

# 19 个茶树杂交新品系主要性状比较及其遗传多样性分析

余文权<sup>1,2</sup>, 林郑和<sup>1\*</sup>, 陈常颂<sup>1</sup>, 钟秋生<sup>1</sup>, 游小妹<sup>1</sup>, 陈志辉<sup>1</sup>, 单睿阳<sup>1</sup>, 阮其春<sup>1</sup>

(1. 福建省农业科学院茶叶研究所, 福州 350013; 2. 福建省农业科学院, 福州 350003)

**摘要:** 为探讨茶树(*Camellia sinensis*)种质资源的遗传背景, 加快新品种选育进程, 对 19 份区试茶树新品系的农艺性状进行观测, 结合 SSR 标记进行遗传多样性分析。结果表明, 新品系 1001 (‘春绿 2 号’)、1017、46-6 为特早生种, 萌发期比对照‘福鼎大白’早 10 d 以上; 除 1001 是小乔木外, 其余品系均为灌木; 新品系叶形多为长椭圆形, 1017 品系为近圆形, 1011 与 1012 品系为近椭圆形。利用 48 对 SSR 引物对 19 个茶树新品系进行扩增, 共扩增出 231 个等位基因(Na), 每对引物平均扩增出 4.8 个; 多态性信息含量(PIC)为 0.14~0.85, 平均 0.55, PIC 超过平均值(0.55)的有 28 对引物, 占引物总数的 58.33%。聚类分析表明, 在遗传距离为 0.32 时, 29 份种质资源可分为 4 类, 第一类有 1009、‘黄玫瑰’、‘黄旦’和‘黄观音’等 4 个, 第二类有 1011、1008、1014 等 16 个, 第三类有‘福鼎大白’、‘福云 6 号’、1017、1019、1015 等 5 个; 第四类有 1001 与‘早春毫’。这为茶树新品种的选育提供了种质资源。

**关键词:** 茶树; 农艺性状; SSR; 遗传多样性

doi: 10.11926/jtsb.4376

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

YU Wenquan<sup>1,2</sup>, LIN Zhenghe<sup>1\*</sup>, CHEN Changsong<sup>1</sup>, ZHONG Qiusheng<sup>1</sup>, YOU Xiaomei<sup>1</sup>, CHEN Zhihui<sup>1</sup>, SHAN Ruiyang<sup>1</sup>, RUAN Qichun<sup>1</sup>

(1. Tea Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350013, China; 2. Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China)

**Abstract:** The aim was to explore the genetic background of tea (*Camellia sinensis*) germplasm for accelerate the breeding of new varieties, the agronomic traits of 19 tea germplasms were observed, and the genetic diversity were analyzed by using SSR markers. The results showed that the new lines 1001 (‘chunlv 2’), 1017 and 46-6 were extra early cultivars, which germination stage was earlier more than 10 days than that of control (‘Fudingdabai’). Except 1001 line (‘chunlv2’) was small tree, the others were shrubs. The leaf shape of most new cultivars was long ellipse, except that 1017, 1011 and 1012 were circular or nearly circular. A total of 231 alleles were amplified from 19 tea germplasms by 48 SSR primers, with an average of 4.8 alleles per SSR. The polymorphism information content (PIC) ranged from 0.14 to 0.85 with an average of 0.55. The PIC of 28 pairs of primers was more than 0.55, accounting for 58.33% to the total of primers. The cluster analysis indicated that 27 tea germplasms could be divided into 4 categories at the genetic distance of 0.32, the first category included lines

收稿日期: 2021-01-08

接受日期: 2021-03-19

**基金项目:** 福建省属公益专项(2020R1029002, 2021R1029006); 国家茶叶产业技术体系项目(CARS-19); 福建省农科院创新团队项目(CXTD0008)资助  
This work was supported by the Project for Public Welfare in Fujian (Grant No. 2020R1029002, 2021R1029006), the Project for National Tea Industry Technology System (Grant No. CARS-19), and the Project for Innovation Team of Fujian Academy of Agricultural Sciences (Grant No. CXTD0008).

作者简介: 余文权, 男, 博士, 研究员, 主要从事茶树遗传育种与生理生化。E-mail: 825938828@qq.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: linzhenghe@126.com

1009, ‘Huangmeigui’, ‘Huangdan’ and ‘Huangguanyin’; the second category had 16 lines, such as 1011, 1008, and 1014, etc; the third category had ‘Fudingdabai’, ‘Fuyun 6’, 1017, 1019 and 1015; and the fourth category had 1001 and ‘Zaochunhao’. Therefore, these provide germplasm resources for breeding of new tea varieties.

**Key words:** *Camellia sinensis*; Agronomic trait; SSR; Genetic diversity

福建有丰富的茶树资源、悠久的产茶历史、多茶类的共同发展, 茶树育种工作一直是茶产业发展的基础与重点工程。良种是提高茶叶质量、实现产品多样化的最有效措施, 尤其是无性系良种茶园具有发芽整齐, 品质稳定, 便于管理和加工等优点, 适宜于进行规模化生产, 其经济效益平均可比有性系茶园提高一倍以上。综合分析我国和世界其他产茶国的茶叶发展史, 茶叶生产的每一次飞跃总是与茶树新品种的育成和利用分不开<sup>[1]</sup>。茶(*Camellia sinensis*)是多年生木本植物, 属于山茶科(Theaceae)山茶属茶组, 复杂的遗传背景、基因型高度杂合及环境因素的影响, 使得传统育种方法耗时长和效率低<sup>[2-4]</sup>, 有的长达 20 a 以上。随着分子标记技术的飞速发展, 与以往的 RAPD 和 ISSR 标记相比, SSR 标记由于具有共显性、位点丰富、多态性好、稳定性高等诸多优点而备受青睐, 已广泛应用于 DNA 指纹图谱绘制<sup>[5-6]</sup>、亲缘关系分析<sup>[7-8]</sup>、连锁图谱构建<sup>[9-11]</sup>和品种鉴定<sup>[12-14]</sup>等研究。

茶树育种是为选育出符合社会发展需求的高效、优质品种。然而随着生产的发展与市场需求的改变, 茶树育种目标也随之改变。20 世纪 80 年代

前, 高产是主要的育种目标; 后来随着名优茶的崛起, 早生品种、高产成为育种目标; 进入 21 世纪, 高香(品质)育种成为首要目标; 目前育种开始向多样化方向发展, 高香、高功能性成份育种或者特异叶色育种将成为主流。

本研究以‘福云 6 号’、‘金牡丹’等 19 个 F<sub>1</sub> 代杂交创新种质为材料, 对其主要农艺性状进行分析(芽期、叶类、树型、生化等)和评价鉴定, 利用 SSR 标记技术对其遗传多样性进行分析, 旨在为今后茶树种质资源的开发和新品种选育提供参考。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

以茶树(*Camellia sinensis*)‘福云 6 号’、‘金牡丹’等品种为母本, 通过天然杂交获得杂交创新种质 100 个。经单株制样, 有 19 个新品系的香气独特、长势良好(表 1)。采用短穗扦插进行扩繁后, 建立品系比较试验, 以‘福鼎大白’(绿茶)及‘黄旦’(乌龙茶)为对照种。

表 1 新品系杂交亲本

Table 1 hybrid parent of new variety

品系 Line	亲本 Parent	品系 Line	亲本 Parent	品系 Line	亲本 Parent
1005	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1015	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	46-6	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
1001	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’	1007	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1013	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
1003	‘白鸡冠’ ‘Bajiguan’	‘黄 2’ ‘Yellow 2’	‘白鸡冠’ ‘Bajiguan’	‘黄 1’ ‘Yellow 1’	‘白鸡冠’ ‘Bajiguan’
1006	‘春闰’ ‘Chungui’	1010	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1008	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
1019	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1011	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1016	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
1017	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1012	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’		
1009	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	1014	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’		

### 1.2 方法

在同一块地, 相同的施肥条件, 每小区选定 10 株 5 a 生茶树, 按陈亮等<sup>[15]</sup>的标准观测春梢生育期、树型、树姿、叶色。在春茶采摘前, 茶树随机采摘一芽三叶初展新梢(留鱼叶采)和成熟叶, 测量新梢长度、新梢质量等。

于 2019 年采集春茶第一批新梢顶端一芽二叶约 100 g, 当蒸锅水沸腾(100℃)时, 将鲜叶平铺在蒸板上蒸 1 min, 然后快速吹风晾干表面水分, 最后置于 80℃烘箱中烘干(含水量低于 5%), 制成蒸青样, 装入密封袋或容器, 在低温(约 4℃)干燥条件下保存备用, 水浸出物总量测定参照 GB 8305-

2013 方法; 茶多酚总量参照 GB 8313-2008 酒石酸铁比色法测定; 可溶性糖参照蒽酮比色法<sup>[16]</sup>测定; 游离氨基酸含量测定参照 GB/T 8314-2013 方法<sup>[17]</sup>。

### 1.3 DNA 的提取和 PCR 扩增

取新稍嫩叶, 迅速用冰块冷冻, 置于 $-80^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存。DNA 提取参照天根生化科技有限公司生产的植物基因组试剂盒(型号: DP320)说明书操作。参考林郑和等<sup>[18]</sup>的方法, 利用琼脂糖凝胶电泳及紫外光/可见光分光光度计(Biochrom Libra S22)测定 DNA 浓度和纯度。

SSR 引物从已公开发表的茶树 SSR 特异性引物

网站(NCBI)上选取<sup>[19-20]</sup>, 共 60 对引物, 由上海生工有限公司合成。以亲本‘福云 6 号’、‘金牡丹’基因组 DNA 为模板, 进行 PCR 扩增, 筛选扩增条带清晰、多态性丰富、重复性好的 SSR 特异性引物 48 对(表 2)。PCR 反应体系共  $20\ \mu\text{L}$ : ddH<sub>2</sub>O  $12.4\ \mu\text{L}$ 、dNTP (10 nmol/L)  $0.4\ \mu\text{L}$ 、DNA  $2\ \mu\text{L}$ 、Taq 酶( $2\ \text{U}/\mu\text{L}$ )  $0.4\ \mu\text{L}$ 、 $10\times\text{PCR Buffer (Mg}^{2+})$   $2\ \mu\text{L}$ , 以及正反向引物( $10\ \mu\text{mol/L}$ )各  $0.4\ \mu\text{L}$ 。PCR 扩增程序为  $94^{\circ}\text{C}$  预变性 4 min; 然后  $94^{\circ}\text{C}$  变性 30 s,  $52^{\circ}\text{C}\sim 60^{\circ}\text{C}$  退火 30 s,  $72^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 共 35 个循环, 最后  $72^{\circ}\text{C}$  延伸 7 min,  $4^{\circ}\text{C}$  保存。扩增产物用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,  $140\ \text{V}$  电压下电泳 70 min, 银染法显色<sup>[21]</sup>, 用凝胶成像仪拍照并记录。

表 2 SSR 引物序列及特征

Table 2 Primer sequences and characteristics of SSR markers

引物 Primer	重复序列 Repetitive sequence	正向引物序列 Forward primer sequence (3'~5')	反向引物序列 Reverse primer sequence (3'~5')	退火温度 ( $^{\circ}\text{C}$ ) Annealing temperature	等位基因长度 Allele length (bp)
TM345	(CT) <sub>12</sub>	TTCTTGTCTTCATGGAACCTCA	GGAAATCTTATGGCACGGAA	52	196
TM426	(AGA) <sub>11</sub>	TGAGAGTGCTTGTCTGGGTG	CAACTACCCCTTTTCCCAT	52	245
TM341	(TA) <sub>10</sub>	CATGCTCCCATCCACCT	ATGCTGCTCATTCAAACCAACT	58	111
TM382	(CAT) <sub>6</sub>	TCTCAAAACCAATAGGCTCAA	TTGCGTTATGATTCTGGGA	52	162
TM369	(GAA) <sub>8</sub>	CGGAGCTGGAATCTGAAGAG	GGAAGGGTTGCAAATCTGA	52	196
TM461	(ATTTT) <sub>6</sub>	GGCTAGGGTTTCTCCCACTT	GAAGGTGCAAGCGATGTTGT	52	211
TM380	(TCAAGT) <sub>4</sub>	TCAACACCTCCCATCTTTC	TTGATCATGTTGAAGACGGC	52	193
TM343	(TGTTGA) <sub>3</sub>	ATCTTGGTAAGCTGCTCT	ATCATTGCTTTTGTCTG	56	179
TM535	(AAAACA) <sub>4</sub>	TCAATCACCTCCATTGAAA	CGTATACCATGGTCGGAAGG	52	190
TM346	(AGAT) <sub>4</sub>	GTTTCCAGTTCAGATCCCA	TCCGCGTTTCTTCTCTGT	52	232
TM530	(TCA) <sub>7</sub>	CCGTGTTTACCACCACCT	CCCTGGGAACAAGAAAGTGA	52	273
TM448	(CAC) <sub>5</sub>	CAGTCTCCTCTGCAACACCA	AAAGGTGCAAGTGGGAAACC	54	108
TM528	(TTG) <sub>7</sub>	TCTCTCATCTGCGTCCCTTT	ACAGTAACACGGGTGGCTTC	52	245
TM395	(TCTTTT) <sub>4</sub>	GATTGTAGGACAGCCGTGGT	AAGTTGGGGCTTGTTAAAGGA	52	266
TM607	(CTCAAG) <sub>5</sub>	CAGCAACAACAATCATCGCT	GCTGATTTGCGTGAGTTCAA	50	178
TM428	(CAC) <sub>7</sub>	TCTCTCCTCGATCCTCAGA	CCCTCTTCTCGGATCCTTC	52	195
TM422	(TTC) <sub>7</sub>	GGACTTCGTGCTTCCCTTG	CCATTCGACGAATCCAGT	52	167
TM241	(GAGAA) <sub>3</sub>	ATCGGCGACGGTGGAAGT	GCCAGCGGAGAGGAGAAG	58	130
TM476	(CAC) <sub>5</sub>	AGCCCGCTAGCACTCATAGA	TGCACGAGACAACAAAAGG	52	220
TM397	(CAT) <sub>6</sub>	CTCAGCATCATCCCAGAAT	TGACGAAGATGACGACGAAG	52	127
TM513	(AG) <sub>10</sub>	CAAGCGATCAACAACAATGG	TTGAGAAATCAACCCCTTGG	54	265
TM566	(ACC) <sub>7</sub>	ACAACCTCTTCTAGCCAAGTCT	ATGTAAGGCCAACCCATTGA	52	207
TM401	(ACC) <sub>5</sub>	TCAAGGGATAATACAGGCGG	TTTGTGGACTCTGTGGTGG	52	263
TM447	(AAAAG) <sub>5</sub>	TGTTGTAAACGGTGTTCGGA	GCATTTGTTTTCTCTCTGCC	54	156
TM337	(CCAAT) <sub>6</sub>	GTGCGGCAAAGCTGTCTT	ACCTCCATCTCCAAACCC	60	135
TM589	(CTCCT) <sub>3</sub>	CACCACTGCCAACAACAACT	GAGGATGATGATTCGGGAGA	52	211
TM349	(TTGGC) <sub>3</sub>	AAAGCAGTGAGGAAGCCAAA	GGGGCCTATCCACCTATGTT	52	217
TM442	(ATACAC) <sub>3</sub>	CAAGCCAAACCTTGCTGAAT	CTGTCTGTGTCTGGTGGTG	52	275
TM324	(CAAAA) <sub>3</sub>	GTCTGAAACCAAAACCCAC	AAGTTCTTCAAAGTGGC	58	205
TM582	(GGA) <sub>5</sub>	GAACCCACGACGAAGATGAT	CTTCTTCACACCACCCCAAT	52	279
TM351	(GGAGAA) <sub>3</sub>	GGGTGAGAGTAAAGGGGGAG	AAACACAAAATCAAATTTGTCAGAA	52	247
TM455	(TCG) <sub>6</sub>	ATCGCTTCAGTTCCTCTTCG	GAGGACCTAAATCCGAAGCC	52	216

续表(Continued)

引物 Primer	重复序列 Repetitive sequence	正向引物序列 Forward primer sequence (3'~5')	反向引物序列 Reverse primer sequence (3'~5')	退火温度 (°C) Annealing temperature	等位基因长度 Allele length (bp)
TM465	(ACC) <sub>7</sub>	GCATAAAGTCCAAAGCTCGC	GGTGGGTATTGTGTTCTGGG	52	201
TM457	(TTAGGG) <sub>5</sub>	AGTACCGACAACACTTCCGC	AACTTCCCCTTTCCTCCTC	52	186
TM540	(CCA) <sub>6</sub>	CTAGTGTGGCAAAGTCGCA	GGCTGAAAGATTGGGTGTGT	50	151
TM551	(CATCAG) <sub>3</sub>	TCCGATCTTCATTCCTCACC	AAGAGGGGTGGGTGAGACT	52	127
TM319	(AATG) <sub>4</sub>	ATCATCATCGTCACAGT	CAGCATAAGTTGTTTCAG	54	139
TM494	(ACC) <sub>9</sub>	AAATGCGACTCCAGTCACT	TTTTGGGAGGTCCAGTTTTG	52	224
TM596	(TCGAA) <sub>5</sub>	CGTACTTCAACGCTATAGCTCTCT	CTTCGGCATGGCTTCTAAAC	52	198
TM407	(CAAGAT) <sub>3</sub>	AACAACAGCAGCGAAGATGA	CCACCACTGATGACCCTTTT	52	251
TM580	(GTTGCT) <sub>3</sub>	ACTCTGGAGAGGCGAAACAA	CAACATCAACATCAGCAGCC	52	234
TM360	(CAT) <sub>5</sub>	TTCAGACTGGTGATGCTTGC	GCTGCTGAAAAACAACCCAT	52	134
TM347	(TTTG) <sub>4</sub>	GTCTGGTGTGTCTCTGCTGG	CGCAAAACAAAGCCTAACTCA	52	172
TM352	(GAGGTG) <sub>4</sub>	CTTCTTCTGTTCGGTTGAG	GTCAACGGCTATAACGGAA	52	108
TM584	(GAAGAT) <sub>3</sub>	GACGGAGCTCTCGAACAATC	TCTTCGCCTTTGTTTTGCT	52	166
TM557	(AGA) <sub>5</sub>	AATCAAACTCCCCAGCAGA	TCAGCACTCACAGTGAACCC	52	101
TM558	(CAAAGA) <sub>3</sub>	GAGGTCTCCGAAGCTTTTCC	GAGGAGCGAGAGATGGGTTT	52	130
TM579	(AAAAG) <sub>5</sub>	TCCTTCATGGAGATTCCACC	AAACGAACAAAACTAGCATCCA	52	250

#### 1.4 数据的统计和分析

试验数据采用 DPS 软件(V 15.50)进行差异显著性(LSD 法)分析,所有试验均重复 3~4 次(每个植株为 1 个重复)。采用 Excel 2007 和 SPSS 22.0 软件对数据进行统计分析,采用 UPMGA 方法进行聚类分析。

## 2 结果和分析

### 2.1 农艺性状的观察

**春梢萌发期** 气候条件、土壤肥力等是影响茶树萌发重要的外界因素。本研究所有新品种(系)都种植在同一块地,土壤经过深翻,肥力基本一致,且施肥、喷药等管控措施均一致。从表 3 可见,新品系 1001(‘春绿 2 号’)、1017 和 46-6 为特早生品种,与对照‘福鼎大白’相比,1001 一芽一叶初展期早 15 d,一芽二叶初长期早 16~17 d;新品系 1017 一芽一叶初长期早 16~18 d,一芽二叶初长期早 11~16 d;新品系 46-6 一芽一叶初长期早 13~14 d,一芽二叶初长期早 8~10 d。且属于早生种的还有 1015、1013、1016 和‘黄 2’,比‘福鼎大白’早 2~7 d;属于晚生种的有 1007、1011 和‘黄 1’等,其余为中生种。

**树形** 除 1001 是小乔木外,其余新品系均为灌木;除 1001 的树姿直立外,其余新品系均为半开张或者开张。从叶片大小来看,有 11 个新品系为中叶,分别为 1001、1003、1006、46-6、1013、‘黄 1’、‘黄 2’、1017、1012、1014 和 1016,其余 8 个新品

系均为小叶,没有大叶的。

**成熟叶片性状** 从表 4 可见,叶长与叶宽均超过‘福鼎大白’和‘黄旦’的新品系有 1001、‘黄 1’、‘黄 2’和 1016。大部分新品系叶形为长椭圆形,1017 为近圆形,1011 和 1012 为近椭圆形。叶脉对数最多的是 1013、1017 和‘黄 2’,均达 12 对以上。叶色除 1003、‘黄 1’、‘黄 2’为黄绿色外,其余均为绿色。叶表面除 1003、1012、1014 为光滑外,其余均为微隆;1007、1011、1012 叶尖为钝尖,其余均为渐尖;1007、1011、1012 叶基为近圆形,其余均为楔形。

**春季新梢性状** 从表 5 可见,发芽密度大的新品系有 1001 和 1006 等 9 个,除‘黄 1’发芽密度较稀疏外,其余发芽密度均为中等。新梢叶色为黄绿色的有 1003、‘黄 1’和‘黄 2’,紫色的有 1005、46-6、1013、1017、1009、1010、1011 和 1008,其余为绿色。一芽三叶最长的为 1006,质量最高的为 1001。

### 2.2 生化分析

从表 6 可见,春稍一芽二叶的可溶性糖含量变化较大,最高的为 1007 (7.1%),其次为 1001>1013>1015>1010>1011>1016,最低的为‘黄 1’ (3.7%),超过对照‘黄旦’与‘福鼎大白’的有 9 个;水浸出物总量最高的是 1009 (44.3%),超过对照的有 8 个;茶多酚含量最高的是 1017 和 1006,均为 16.6%。新品系一芽二叶的游离氨基酸含量为 2.0%~3.1%,其中最高的是 1019 (3.1%),咖啡碱含量为 0.1~0.3 g/kg。

表 3 新品种(系)的春梢萌发期(2019 和 2020 年)

Table 3 Germination period of spring shoot of new varieties (lines) in 2019 and 2020

序号 No.	品系 Line	一芽一叶期 (M/D) One bud one leaf		一芽二叶期 (M/D) One bud two leaves		一芽三叶期 (M/D) One bud three leaves		类型 Type
		2019	2020	2019	2020	2019	2020	
		1	‘福鼎大白’ ‘Fudingdabai’	3.22	3.27	3.26	3.31	
2	‘黄旦’ ‘Huangdan’	3.18	3.22	3.22	3.26	3.28	3.31	中生 Middle
3	1005	3.27	3.29	4.10	4.60	4.80	4.11	中生 Middle
4	1001	3.70	3.12	3.10	3.14	3.15	3.19	特早生 Extra early
5	1003	3.25	3.30	3.31	4.40	4.80	4.14	中生 Middle
6	1006	3.25	3.29	4.10	4.45	4.80	4.14	中生 Middle
7	1019	3.25	3.27	3.30	4.30	4.50	4.60	中生 Middle
8	1017	3.60	3.90	3.15	3.15	3.18	3.22	特早生 Extra early
9	1009	3.23	3.24	3.31	4.20	4.50	4.80	中生 Middle
10	1015	3.15	3.17	3.19	3.22	3.25	3.25	早生 Early
11	1007	4.80	4.80	4.15	4.12	4.23	4.16	晚生 Late
12	‘黄 2’ ‘Huang 2’	3.15	3.19	3.21	3.22	3.25	3.26	早生 Early
13	1010	3.25	3.24	3.31	3.29	4.80	4.40	中生 Middle
14	1011	4.80	4.90	4.15	4.15	4.30	4.24	晚生 Late
15	1012	3.28	3.26	4.30	4.40	4.80	4.13	中生 Middle
16	1014	3.25	3.26	4.10	4.40	4.50	4.90	中生 Middle
17	46-6	3.90	3.13	3.16	3.21	3.23	3.26	特早生 Extra early
18	1013	3.21	3.22	3.25	3.28	4.30	4.50	早生 Early
19	‘黄 1’ ‘Huang 1’	4.80	4.15	4.15	4.19	4.21	4.28	晚生 Late
20	1008	3.28	3.30	4.50	4.70	4.80	4.11	中生 Middle
21	1016	3.15	3.19	3.25	3.24	4.50	4.40	早生 Early
22	‘春围’ ‘Chungui’	3.29	3.30	4.30	4.50	4.11	4.12	晚生 Late
23	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’	3.50	3.90	3.80	3.12	3.13	3.15	特早生 Extra early
24	‘茗科 1 号’ ‘Mingke1’	3.12	3.17	3.17	3.21	3.23	3.27	早生 Early
25	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’	3.14	3.18	3.18	3.21	3.25	3.28	早生 Early
26	‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’	3.15	3.18	3.19	3.22	3.25	3.28	早生 Early
27	‘金玫瑰’ ‘Jinmeigui’	3.11	3.14	3.15	3.17	3.21	3.24	早生 Early
28	‘黄观音’ ‘Huangguangyin’	3.11	3.12	3.15	3.16	3.19	3.22	早生 Early
29	‘早春毫’ ‘Zaochunhao’	3.50	3.90	3.90	3.12	3.13	3.17	特早生 Extra early

22~29 为国家或者福建省审定过的品种。

22-29 are national or Fujian Province approved varieties.

表 4 新品系成熟叶片性状

Table 4 Characteristics of mature leaves

序号 No.	品系 Line	长 (cm) Length	宽 Width (cm)	叶脉数 Vein number	序号 No.	品系 Line	长 (cm) Length	宽 Width (cm)	叶脉数 Vein number
1	1005	7.8 ± 0.5f	3.3 ± 0.2cd	8.0 ± 0.5ef	12	1007	6.2 ± 0.1g	4.3 ± 0.2ab	9.3 ± 0.4d
2	1001	9.4 ± 0.6bc	4.7 ± 0.6a	9.0 ± 0.4d	13	‘黄 2’ ‘Yellow 2’	11.1 ± 0.4a	3.6 ± 0.2c	13.2 ± 1.1a
3	1003	8.7 ± 0.3e	3.3 ± 0.2d	7.5 ± 0.3def	14	1010	7.4 ± 0.3ef	3.1 ± 0.2cd	8.2 ± 0.5e
4	1006	8.8 ± 0.4e	3.7 ± 0.2c	11.2 ± 0.5c	15	1011	7.6 ± 0.2f	3.6 ± 0.3c	8.3 ± 0.4e
5	1019	7.5 ± 0.4f	2.6 ± 0.1e	9.3 ± 0.3d	16	1012	7.5 ± 0.5f	3.4 ± 0.2cd	8.5 ± 0.2e
6	Jun-46	8.8 ± 0.5e	3.3 ± 0.1cd	8.9 ± 0.3de	17	1014	7.7 ± 0.3f	3.8 ± 0.4c	8.3 ± 0.4e
7	1013	7.8 ± 0.5f	3.3 ± 0.3d	12.4 ± 0.5b	18	1008	6.5 ± 0.2g	3.1 ± 0.1cd	9.1 ± 0.2d
8	‘黄 1’ ‘Yellow 1’	9.8 ± 0.4b	3.5 ± 0.1cd	8.7 ± 0.3e	19	1016	9.4 ± 0.3bc	3.7 ± 0.4c	9.7 ± 0.4d
9	1017	9.2 ± 0.3cd	3.6 ± 0.1c	12.3 ± 0.6b	20	‘福鼎大白’ ‘Fudingdabai’	9.2 ± 0.5cd	3.5 ± 0.3cd	8.2 ± 0.3e
10	1009	6.6 ± 0.3g	2.9 ± 0.3cde	6.7 ± 0.2f	21	‘黄旦’ ‘Huangdan’	8.7 ± 0.4e	3.6 ± 0.3c	7.8 ± 0.4def
11	1015	7.5 ± 0.2f	3.1 ± 0.2cd	8.7 ± 0.4e					

表 5 春季新稍的芽叶性状

Table 5 Bud and leaf characteristics of spring shoots

序号 No.	品系 Line	发芽密度 Bud density	芽色 Bud colour	芽叶茸毛 Bud hair	一芽三叶 One bud three leaves	
					长 Length (cm)	质量 Weight (g)
1	1005	中 Medium	紫 Purple	多 Much	7.7 ±0.6cde	63.2 ±5.1def
2	1001	密 Thick	绿 Green	中等 Medium	8.2 ±0.7bc	88.6 ±4.1a
3	1003	中 Medium	黄绿 Yellow green	少 Few	6.9 ±0.4efg	63.2 ±5.1def
4	1006	密 Thick	紫 Purple	较少 Less	8.9 ±0.4a	51.2 ±3.2gh
5	1019	密 Thick	绿 Green	中等 Medium	8.2 ±0.3bc	55.0 ±6.2fg
6	46-6	密 Thick	紫 Purple	多 Much	8.8 ±0.5a	77.0 ±4.4bc
7	1013	稀 Dilute	紫 Purple	中等 Medium	7.3 ±0.3ef	54.5 ±2.3fg
8	‘黄 1’ ‘Yellow 1’	密 Thick	黄绿 Yellow green	较少 Less	6.2 ±0.4h	34.1 ±3.2i
9	1017	密 Thick	紫 Purple	较少 Less	8.1 ±0.6bc	61.2 ±4.1ef
10	1009	密 Thick	紫 Purple	中等 Medium	7.7 ±0.3cde	55.2 ±3.1fg
11	1015	中 Medium	绿 Green	较少 Less	6.3 ±0.7h	64.2 ±3.3de
12	1007	密 Thick	绿 Green	较少 Less	7.8 ±0.5bcd	75.3 ±4.4bc
13	‘黄 2’ ‘Yellow 2’	中 Medium	黄绿 Yellow green	较少 Less	5.5 ±0.3hi	38.2 ±4.1hi
14	1010	中 Medium	紫 Purple	中等 Medium	5.8 ±0.5ghi	42.0 ±4.9hi
15	1011	中 Medium	紫 Purple	中等 Medium	8.5 ±0.9ab	59.8 ±6.2ef
16	1012	密 Thick	绿 Green	多 Much	6.1 ±0.7gh	63.2 ±5.3def
17	1014	中 Medium	绿 Green	较少 Less	7.1 ±0.8ef	44.2 ±3.8h
18	1008	密 Thick	紫 Purple	中等 Medium	6.5 ±0.7fgh	59.4 ±3.6efg
19	1016	中 Medium	绿 Green	较少 Less	5.3 ±0.4i	42.0 ±3.7hi
20	‘福鼎大白’ ‘Fudingdabai’	密 Thick	绿 Green	多 Much	7.5 ±0.5cdef	79.7 ±5.6b
21	‘黄旦’ ‘Huangdan’	中 Medium	黄绿 Yellow green	较少 Less	6.8 ±0.5efg	69.8 ±5.3de

n=6

表 6 春季新稍的生化性质

Table 6 Biochemical characters of spring shoots

序号 No.	品系 Line	可溶性糖含量 Soluble sugar content /%	水浸出物总量 Amount of water extract /%	茶多酚含量 Tea polyphenol content /%	游离氨基酸含量 Free amino acid content /%	咖啡碱含量 /% Caffeine content
1	1005	5.3 ±0.6cdefgh	39.2 ±5.8a	12.9 ±2.1a	3.0 ±0.2ab	3.1 ±0.4a
2	1001	6.7 ±0.4ab	41.5 ±4.2a	15.8 ±3.1a	2.1 ±0.2c	2.3 ±0.3bc
3	1003	5.7 ±0.3cdefg	40.4 ±5.6a	14.6 ±2.3a	2.5 ±0.3abc	1.5 ±0.2de
4	1006	4.2 ±0.3ij	38.7 ±7.3a	16.6 ±1.8a	2.4 ±0.3abc	2.3 ±0.3bc
5	1019	4.9 ±0.6fghi	40.5 ±6.3a	14.8 ±2.1a	3.1 ±0.3a	2.6 ±0.1b
6	46-6	5.1 ±0.7fghi	41.8 ±5.1a	14.3 ±1.7a	2.4 ±0.3bc	1.8 ±0.0cd
7	1013	6.1 ±0.7abcde	38.4 ±4.3a	15.5 ±1.6a	2.1 ±0.4c	2.2 ±0.1bc
8	‘黄 1’ ‘Yellow 1’	3.7 ±0.5j	42.5 ±3.2a	15.4 ±2.3a	2.0 ±0.1c	1.3 ±0.3e
9	1017	5.3 ±0.6defgh	43.6 ±6.1a	16.6 ±2.6a	2.1 ±0.3c	2.5 ±0.2b
10	1009	4.8 ±0.5ghi	44.3 ±5.8a	15.8 ±3.1a	2.6 ±0.4abc	2.4 ±0.4b
11	1015	6.3 ±0.4abcd	42.7 ±4.4a	13.6 ±1.8a	2.3 ±0.4bc	2.1 ±0.1bc
12	1007	7.1 ±0.8a	38.2 ±5.6a	14.2 ±1.7a	2.1 ±0.3c	1.7 ±0.1de
13	‘黄 2’ ‘Yellow 2’	5.1 ±0.7efghi	39.5 ±6.3a	13.4 ±1.2a	2.8 ±0.3abc	2.3 ±0.1bc
14	1010	6.4 ±0.3abc	41.5 ±2.3a	15.4 ±2.1a	2.4 ±0.2abc	1.4 ±0.1de
15	1011	6.4 ±0.9abc	38.2 ±1.2a	16.1 ±2.5a	2.7 ±0.4abc	1.2 ±0.2e
16	1012	5.9 ±0.4bcdef	37.5 ±6.3a	14.5 ±3.1a	2.1 ±0.2c	2.4 ±0.1b
17	1014	5.3 ±1.1defg	40.1 ±3.3a	16.1 ±2.4a	2.3 ±0.2bc	2.5 ±0.3b
18	1008	4.5 ±0.7hij	39.2 ±5.3a	15.3 ±1.9a	2.1 ±0.1c	1.6 ±0.1de
19	1016	6.4 ±0.4abc	38.7 ±6.7a	14.2 ±1.3a	2.5 ±0.4abc	2.5 ±0.2b
20	‘福鼎大白’ ‘Fudingdabai’	5.3 ±0.9defgh	40.5 ±3.4a	14.6 ±2.4a	2.7 ±0.1abc	2.3 ±0.2bc
21	‘黄旦’ ‘Huangdan’	4.9 ±0.3fghi	39.1 ±2.8a	13.4 ±1.5a	2.4 ±0.3bc	2.6 ±0.1b

n=4; 同列数据后不同字母表示差异显著(P&lt;0.05)。

n=4; Data followed different letters indicate significant differences at 0.05 level.

### 2.3 SSR 标记分析

利用 48 对引物对 19 个茶树新品系进行 SSR 标记扩增, 总共扩增出 231 个等位基因(Na), 平均每对引物扩增出 4.8 个, 其中引物 TM345 和 TM341 分别扩增出 12 和 9 个等位基因(表 7)。扩增的有效等位基因为 1.17~7.36 个, 平均 2.94 个, 其中引物 TM345 扩增的有效等位基因达 7.36 个。引物的观测杂合度为 0.12~0.96, 其中 TM382 的最高(0.96), TM579 的最低(0.12)。期望杂合度为 0.15~0.88, 平均为 0.61, 最大为 0.88 (TM345), 最小为 0.15 (TM579)。Shannon 信息指数为 0.31~2.2, 平均为 1.15。多态性信息含量(PIC)为 0.14~0.85, 平均为 0.55, 其中 TM345 的最高(0.85), TM579 的最低(0.14), 超过平均值(0.55)的有 28 对引物, 占总数的 58.33%; 基因

多样性指数为 0.14~0.86, 以 TM345 的最大(0.864 2), TM579 的最小(0.144 2), 平均为 0.596。说明所选引物具有鲜明的代表性, 扩增出的多态性情况良好。

### 2.4 聚类分析

基于叶片性状与 SSR 标记数据对 29 个新品种(系)进行聚类分析。从图 1 可见, 在遗传距离为 0.32 处, 29 个新品种(系)可分为 4 类, 第 I 类有 1009、‘黄玫瑰’、‘黄旦’和‘黄观音’等 4 个, 第 III 类有‘福鼎大白茶’、‘福云 6 号’、1017、1019 和 1015 等 5 个; 第 IV 类仅有 1001 和‘早春毫’, 其余的均归为第 II 类。可见, 1001 与‘早春毫’的遗传关系较近, 1009 与‘黄观音’的遗传关系较近, 1017、1019、1015 与‘福鼎大白’的遗传关系较近。

表 7 19 个茶树新品系的 SSR 标记扩增

Table 7 Amplification of SSR markers of 19 tea lines

引物 Primer	等位基因数 Number of alleles	有效等位基因 Effective number of alleles	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	信息指数 Shannon's information index	多态性信息含量 Polymorphism information content	基因多样性指数 Nei's gene diversity
TM345	12	7.363 6	0.888 9	0.880 5	2.199 6	0.850	0.864 2
TM426	8	5.827 6	0.576 9	0.844 6	1.878 2	0.807	0.828 4
TM341	9	5.140 7	0.884 6	0.821 3	1.833 8	0.779	0.805 5
TM382	7	4.646 0	0.961 5	0.800 2	1.662 8	0.753	0.784 8
TM369	5	4.500 0	0.592 6	0.792 5	1.550 4	0.742	0.777 8
TM461	7	4.370 6	0.760 0	0.786 9	1.635 8	0.737	0.771 2
TM380	6	4.300 9	0.851 9	0.782 0	1.561 3	0.730	0.767 5
TM343	7	4.058 4	0.840 0	0.769 0	1.566 4	0.716	0.753 6
TM535	5	4.072 6	0.851 9	0.768 7	1.485 1	0.714	0.754 5
TM346	5	3.940 5	0.777 8	0.760 3	1.426 4	0.701	0.746 2
TM530	6	3.857 1	0.740 7	0.754 7	1.484 8	0.697	0.740 7
TM448	4	3.870 0	0.640 0	0.756 7	1.368 8	0.693	0.741 6
TM528	7	3.714 3	0.807 7	0.745 1	1.504 3	0.688	0.7308
TM395	5	3.645 0	0.740 7	0.739 3	1.433 6	0.686	0.725 7
TM607	5	3.719 4	0.888 9	0.744 9	1.401 7	0.686	0.731 1
TM428	6	3.438 7	0.777 8	0.722 6	1.424 9	0.667	0.709 2
TM422	8	3.313 6	0.666 7	0.711 4	1.521 2	0.663	0.698 2
TM241	4	3.358 6	0.750 0	0.717 2	1.276 0	0.646	0.702 3
TM476	4	2.919 7	0.800 0	0.674 4	1.185 7	0.593	0.657 5
TM397	4	2.882 7	0.692 3	0.665 9	1.174 9	0.590	0.653 1
TM513	7	2.803 8	0.703 7	0.655 5	1.311 1	0.588	0.643 3
TM566	3	2.957 4	0.888 9	0.674 4	1.091 2	0.588	0.661 9
TM401	3	2.945 5	0.730 8	0.673 5	1.089 0	0.586	0.660 5
TM447	5	2.680 1	0.444 4	0.638 7	1.167 6	0.563	0.626 9
TM337	5	2.631 8	0.703 7	0.631 7	1.159 2	0.558	0.620 0
TM589	3	2.698 6	0.653 8	0.641 8	1.043 4	0.557	0.629 4
TM349	4	2.488 1	0.851 9	0.609 4	1.101 9	0.548	0.598 1
TM442	3	2.488 1	0.518 5	0.609 4	0.989 7	0.522	0.598 1
TM324	3	2.526 9	0.629 6	0.615 7	0.988 8	0.520	0.604 3
TM582	6	2.195 8	0.703 7	0.554 9	1.140 8	0.514	0.544 6



续表(Continued)

引物 Primer	等位基因数 Number of alleles	有效等位基因 Effective number of alleles	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	信息指数 Shannon's information index	多态性信息含量 Polymorphism information content	基因多样性指数 Nei's gene diversity
TM351	4	2.4219	0.555 6	0.598 2	1.023 3	0.508	0.587 1
TM455	3	2.226 0	0.666 7	0.561 1	0.905 1	0.470	0.550 8
TM465	4	2.147 3	0.629 6	0.544 4	0.910 7	0.453	0.534 3
TM457	3	2.219 2	0.481 5	0.559 7	0.867 6	0.448	0.549 4
TM540	4	2.134 7	0.592 6	0.541 6	0.882 4	0.440	0.531 6
TM551	3	1.896 0	0.592 6	0.481 5	0.813 6	0.417	0.472 6
TM319	4	1.910 9	0.407 4	0.485 7	0.822 1	0.406	0.476 7
TM494	5	1.772 0	0.461 5	0.444 2	0.866 5	0.403	0.435 7
TM596	4	1.739 9	0.518 5	0.433 3	0.832 6	0.396	0.425 2
TM407	5	1.607 5	0.444 4	0.385 0	0.796 1	0.357	0.377 9
TM580	4	1.700 6	0.346 2	0.420 1	0.719 6	0.354	0.412 0
TM360	5	1.590 0	0.444 4	0.378 1	0.748 2	0.342	0.371 1
TM347	3	1.546 1	0.259 3	0.359 9	0.593 4	0.303	0.353 2
TM352	3	1.466 8	0.370 4	0.324 2	0.603 8	0.294	0.318 2
TM584	3	1.462 4	0.370 4	0.322 2	0.592 3	0.290	0.316 2
TM557	3	1.495 4	0.333 3	0.337 5	0.567 5	0.287	0.331 3
TM558	2	1.432 2	0.370 4	0.307 5	0.479 2	0.256	0.301 8
TM579	3	1.168 5	0.115 4	0.147 1	0.314 4	0.138	0.144 2
平均 Mean	4.8	2.944 0	0.630 8	0.607 8	1.145 8	0.547	0.596 2

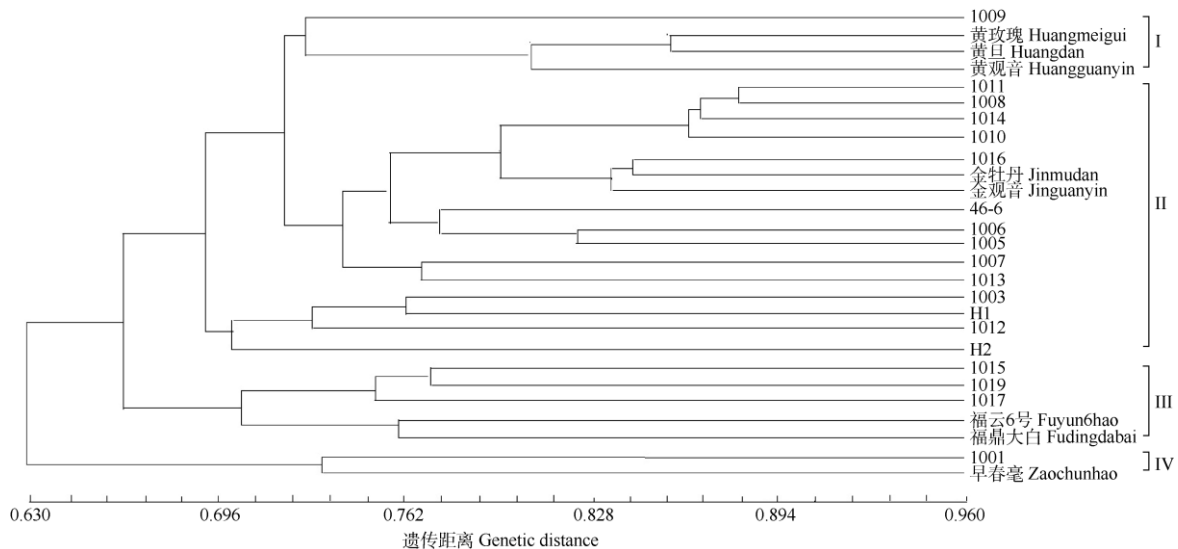


图 1 茶树种质聚类图

Fig. 1 UPGMA cluster diagram of tea germplasms

### 3 结论和讨论

茶树新品种的培育在茶产业发展中具有重要地位<sup>[1]</sup>, 而茶树种质资源是品种创新的基础, 我国作为茶树的原产地, 茶树种质资源非常丰富<sup>[22]</sup>。农艺性状的观测对茶树新品种鉴定、选育及其分类都具有重要作用, 是茶树种质资源最基础的评价指标<sup>[23]</sup>, 也是茶树进行分类的重要依据之一。本研究

结果, 19个新品系中特早生种有 1001、1017 和 46-6; 除 1001 为小乔木外, 其余品系均为灌木; 叶长与叶宽均较大的有 1001、‘黄 1’、‘黄 2’和 1016; 大部分新品系叶片为长椭圆形, 1017 为近圆形, 1011 和 1012 为近椭圆形, 遗传变异较大。李瑞等<sup>[24]</sup>调查了西北 50 份茶树种质资源的 20 个农艺性状, 均存在不同程度的变异, 筛选出 4 份表现优良的种质; 王飞权等<sup>[25]</sup>调查了 41 份武夷名丛茶树种质的 21 个

农艺性状, 认为地方种质‘金锁匙’、‘半天妖’、‘水金龟’和‘金罗汉’可在乌龙茶产品的开发与利用、优良品种的选育等方面加以利用。

EST-SSR 来自于基因的编码区域, 具有重现性好, 对模板 DNA 要求不高, 可提供基因组表达序列的差异, 是分析遗传多样性、直接与性状相关的有效标记, 并且可从 EST 数据库中直接获得, 不需耗费大量经费, 通用性好<sup>[26]</sup>, 已被广泛应用于多种作物的遗传多样性研究, 如黍稷(*Panicum miliaecum*)<sup>[27]</sup>、梨(*Pyrus sp.*)<sup>[28]</sup>、玉米(*Zea mays*)<sup>[29]</sup>、茶树<sup>[10,30-31]</sup>等。本研究筛选出 48 对引物, 每对引物可扩增出等位基因 4.8 个, 平均 PIC 为 0.55, 与福建茶树种质的平均 PIC (0.56)相当<sup>[32]</sup>, 高于云南茶树种质的平均 PIC (0.50)<sup>[33]</sup>。从分子水平上看, PIC 越高, 茶树品种之间的遗传差异越大, 遗传多样性越高, 同时也证明茶树的遗传背景相当复杂<sup>[30]</sup>。PIC 大于 0.5 时表明该基因为高度多态性;  $0.25 < \text{PIC} < 0.5$  时, 为中度多态性;  $\text{PIC} < 0.25$  时, 为低度多态<sup>[10]</sup>。多态性信息含量是选取核心引物的重要参考条件, 本文选用的 48 对 SSR 引物整体表现良好, 符合进行品种鉴定的要求。

聚类分析结果表明多数新品系可以与亲缘关系较近的母本聚在一起, 说明种质间具有较近的亲缘关系, 但也揭示了该新品系遗传相似性很高, 遗传基础较为狭窄, 应广泛收集地域相对较远、遗传距离相对较远的茶树种质进行创新种质。也可以通过积极引进国外的优异资源, 挖掘国内的野生资源, 扩大茶树育种的种质资源库, 加快我国茶树育种步伐。1001 未与母本‘福云 6 号’聚在一起, 可能是受到其他茶树品种的花粉影响。

目前, 对茶树种质资源创新、研究、评价通常以分子标记为主, 并结合传统的形态学。然而, 分子标记与形态学性状间不具备足够的相关性是当前分子标记单独应用于植物新品种特异性鉴定的瓶颈<sup>[34]</sup>。由于农艺学(形态学)性状大部分为数量性状, 受微效多基因控制, 而 SSR 标记通常位于基因组中的非转录区, 被认为是“中性”标记, 不具备明显的生物学功能。刘洪等<sup>[34]</sup>认为 SSR 标记无法取代形态学性状单独用于花生品种特异性鉴定, 理论上寻找与形态学性状高度相关的 SSR 标记存在很大难度。吴丽艳等<sup>[35]</sup>认为虽然农艺性状和 SSR 标记都将 37 份茄子(*Solanum melongena*)种质资源划分为 4 个类群, 但大部分种质的分子标记与农艺性状的聚

类结果一致性不高, 这可能是由于农艺(表型)性状易受环境等外界因素的影响而存在差异。胡文舜等<sup>[36]</sup>报道 19 个枇杷杂交新品种(系)的遗传相似系数为 0.728~0.969, 并未将红肉与白肉的枇杷品种(系)间明显划分开。

与以往研究不同, 本研究在明确茶树母本种质资源遗传背景的基础上, 经多年田间区域试验, 筛选出在福建试种表现良好、品质优异、香气独特的茶树种质资源, 符合福建当地消费需求, 这为福建的茶树发展提供了种质基础资料。

## 参考文献

- LIANG Y R, SHI M. Advances in tea plant genetics and breeding [J]. J Tea Sci, 2015, 35(2): 103–109. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2015.02.001.  
梁月荣, 石萌. 茶树遗传育种研究进展 [J]. 茶叶科学, 2015, 35(2): 103–109. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2015.02.001.
- JIANG C J. Tea Tree Breeding [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2011: 66.  
江昌俊. 茶树育种学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2011: 66.
- LUO Y P. Tea Cultivation [M]. 4th ed. Beijing: China Agricultural Press, 2008: 77–97.  
骆耀平. 茶树栽培学 [M]. 第 4 版. 北京: 中国农业出版社, 2008: 77–97.
- WAN X C. Tea Biochemistry [M]. 3rd ed. Beijing: China Agricultural Press, 2003: 68–162.  
宛晓春. 茶叶生物化学 [M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版, 2003: 68–162.
- JIANG X B, TANG D, GONG B C, et al. Genetic diversity and association analysis of local cultivars of Chinese chestnut based on SSR markers [J]. Acta Hort Sin, 2015, 42(12): 2478–2488. doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2015-0484.  
江锡兵, 汤丹, 龚榜初, 等. 基于 SSR 标记的板栗地方品种遗传多样性与关联分析 [J]. 园艺学报, 2015, 42(12): 2478–2488. doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2015-0484.
- YAO M Z, MA C L, QIAO T T, et al. Diversity distribution and population structure of tea germplasm in China revealed by EST-SSR markers [J]. Tree Genet Genom, 2012, 8(1): 205–220. doi: 10.1007/s11295-011-0433-z.
- LI S J, LEI Y, DUAN J H, et al. Analysis of genetic diversity and relationship of Qimen population of tea plants based on EST-SSR markers [J]. J Tea Sci, 2015, 35(4): 329–335. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2015.04.004.  
李赛君, 雷雨, 段继华, 等. 基于 EST-SSR 的祁门种群遗传多样

- 性和亲缘关系分析 [J]. 茶叶科学, 2015, 35(4): 329–335. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2015.04.004.
- [8] HUANG X X, TANG T, JIANG Y L, et al. Genetic diversity of wild tea plant in different altitude in Qianjiazhai [J]. J Tea Sci, 2015, 35(4): 347–353. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2015.04.006.
- 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: 10.13305/j.cnki.jts.2015.04.006.
- [9] 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 Genet Gen, 2015, 11: 90. doi: 10.1007/s11295-015-0914-6.
- [10] CHEN X, GONG Z M. Analysis of genetic diversity with EST-SSR markers for tea germplasm in Hubei Province [J]. Mol Plant Breed, 2017, 15(5): 1831–1838. doi: 10.13271/j.mpb.015.001831.
- 陈勋, 龚自明. 基于 EST-SSR 标记的湖北茶树种质资源遗传多样性分析 [J]. 分子植物育种, 2017, 15(5): 1831–1838. doi: 10.13271/j.mpb.015.001831.
- [11] VARSHNEY R K, GRANER A, SORRELLS M E. Genic micro-satellite markers in plants: features and applications [J]. Trends Biotechnol, 2005, 23(1): 48–55. doi: 10.1016/j.tibtech.2004.11.005.
- [12] 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.
- [13] HUANG D J, MA J Q, CHEN L. SSR identification and pedigree analysis of PVP application cultivars in tea plant [J]. J Tea Sci, 2016, 36(1): 68–76. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2016.01.009.
- 黄丹娟, 马建强, 陈亮. 茶树 PVP 申请品种的 SSR 分子标记鉴定和系谱关系分析 [J]. 茶叶科学, 2016, 36(1): 68–76. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2016.01.009.
- [14] HEUBL G. New aspects of DNA-based authentication of Chinese medicinal plants by molecular biological techniques [J]. Planta Med, 2010, 76(17): 1963–1974. doi: 10.1055/s-0030-1250519.
- [15] CHEN L, YANG Y J, YU F L, et al. Descriptors and Data Standard for Tea (*Camellia* spp.) [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2005: 1–50.
- 陈亮, 杨亚军, 虞富莲, 等. 茶树种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2005: 1–50.
- [16] LIN Z H, QI Y P, CHEN R B, et al. Effects of phosphorus supply on the quality of green tea [J]. Food Chem, 2012, 130(4): 908–914. doi: 10.1016/j.foodchem.2011.08.008.
- [17] LIN Z H, ZHONG Q S, CHEN C S, et al. Effects of nitrogen supply on the biochemical attributes of green tea [J]. Int J Agric Biol, 2020, 23(3): 573–581.
- [18] LIN Z H, ZHONG Q S, SHAN R Y, et al. Leaf characteristics and genetic diversity of half-sib lines bred from Baijiguan (*Camellia sinensis*) [J]. Acta Tea Sin, 2017, 58(3): 102–107. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2017.03.004.
- 林郑和, 钟秋生, 单睿阳, 等. ‘白鸡冠’半同胞系 F<sub>1</sub> 代新品系性状比较及遗传多样性分析 [J]. 茶叶学报, 2017, 58(3): 102–107. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2017.03.004.
- [19] CHEN Z H, SHAN R Y, YOU X M, et al. Constructing fingerprints and analyzing genetic diversity of 43 tea cultivars in Fujian Province [J]. J Trop Subtrop Bot, 2017, 25(6): 579–586. doi: 10.11926/jtsb.3743.
- 陈志辉, 单睿阳, 游小妹, 等. 43 个福建省茶树品种指纹图谱构建及遗传多样性分析 [J]. 热带亚热带植物学报, 2017, 25(6): 579–586. doi: 10.11926/jtsb.3743.
- [20] DUAN Y S, JIANG Y H, WANG L Y, et al. Analysis of genetic diversity and relationship of tea cultivars and lines suitable for making green and black tea using SSR markers [J]. Sci Agric Sin, 2011, 44(1): 99–109. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2011.01.012.
- 段云裳, 姜燕华, 王丽鸳, 等. 中国红、绿茶适制品种(系)遗传多样性与亲缘关系的 SSR 分析 [J]. 中国农业科学, 2011, 44(1): 99–109. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2011.01.012.
- [21] BAO S Y. Improvement of DNA denaturing polyacrylamide Gel electrophoresis in experiment teaching [J]. Exp Sci Technol, 2015, 13(2): 122–124. doi: 10.3969/j.issn.1672-4550.2015.02.040.
- 鲍思元. DNA 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳的实验教学改革 [J]. 实验科学与技术, 2015, 13(2): 122–124. doi: 10.3969/j.issn.1672-4550.2015.02.040.
- [22] QIAO X Y, WANG Q S, CHEN D. The progress of tea germplasm and black tea breeding in the major tea-producing countries [J]. J Plant Gen Resour, 2015, 16(6): 1135–1140. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2015.06.001.
- 乔小燕, 王秋霜, 陈栋. 主要产茶国茶树资源与红茶育种研究进展 [J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(6): 1135–1140. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2015.06.001.
- [23] ZHANG J, ZHANG L G. Diversity and cluster analysis of Chinese Kale germplasm resources [J]. Acta Agric Boreali-Occid Sin, 2008, 17(4): 285–289. doi: 10.3969/j.issn.1004-1389.2008.04.062.
- 张静, 张鲁刚. 芥蓝种质资源的多样性和聚类分析 [J]. 西北农业学报, 2008, 17(4): 285–289. doi: 10.3969/j.issn.1004-1389.2008.04.062.
- [24] LI R, XIAO B, SONG H X, et al. Agronomic traits and cluster analysis of 50 tea germplasm resources [J]. Acta Agric Boreali-Occid Sin, 2011,

- 20(10): 107–111. doi: 10.3969/j.issn.1004-1389.2011.10.022.
- 李瑞, 肖斌, 宋红霞, 等. 50份茶树种质资源农艺性状及其聚类分析[J]. 西北农业学报, 2011, 20(10): 107–111. doi: 10.3969/j.issn.1004-1389.2011.10.022.
- [25] WANG F Q, FENG H, LUO S C, et al. Diversity analysis of agronomic traits of Wuyi Mingcong tea plant germplasm resources [J]. J Agric Sci Technol, 2019, 21(6): 43–54. doi: 10.13304/j.nykjdb.2018.0665.
- 王飞权, 冯花, 罗盛财, 等. 武夷名丛茶树种质资源农艺性状多样性分析[J]. 中国农业科技导报, 2019, 21(6): 43–54. doi: 10.13304/j.nykjdb.2018.0665.
- [26] SU H, LIU J J, HE W, et al. Association analysis of traits related to tea (*Camellia sinensis*) quality with EST-SSRs in southern Henan area [J]. J Agric Biotechnol, 2016, 24(9): 1328–1336. doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2016.09.006.
- 苏会, 刘建军, 贺巍, 等. 豫南茶区茶品质相关性状与 EST-SSR 标记的关联分析[J]. 农业生物技术学报, 2016, 24(9): 1328–1336. doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2016.09.006.
- [27] XUE Y T, LU P, QIAO Z J, et al. Genetic diversity and genetic relationship of broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) germplasm based on SSR markers [J]. Sci Agric Sin, 2018, 51(15): 2846–2859. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2018.15.002.
- 薛延桃, 陆平, 乔治军, 等. 基于 SSR 标记的黍稷种质资源遗传多样性及亲缘关系研究[J]. 中国农业科学, 2018, 51(15): 2846–2859. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2018.15.002.
- [28] JIANG S, LUO J, WANG X Q, et al. A study on efficient screening of the primers for selecting polymorphic SSR markers based on the re-sequencing data in *Pyrus* [J]. J Fruit Sci, 2019, 36(2): 129–136. doi: 10.13925/j.cnki.gsx.20180335.
- 蒋爽, 骆军, 王晓庆, 等. 基于基因组重测序数据高效筛选梨 SSR 标记多态性引物[J]. 果树学报, 2019, 36(2): 129–136. doi: 10.13925/j.cnki.gsx.20180335.
- [29] LI L J, YANG K C, PAN G T, et al. Genetic diversity of maize populations developed by two kinds of recurrent selection methods investigated with SSR markers [J]. Agric Sci China, 2008, 7(9): 1037–1045. doi: 10.1016/S1671-2927(08)60144-3.
- [30] 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. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2018.01.006.
- 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.
- [31] WANG R J, YANG J, KONG X R, et al. Genetic analysis of full- and half-sib families of tea cultivar Jinguanyin based on SSR molecular markers [J]. J Tea Sci, 2017, 37(2): 139–148. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2017.02.003.
- 王让剑, 杨军, 孔祥瑞, 等. 利用 SSR 标记分析金观音(半)同胞茶树品种遗传差异[J]. 茶叶科学, 2017, 37(2): 139–148. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2017.02.003.
- [32] LIU Z, YAO M Z, WANG X C, et al. Analysis of genetic diversity and relationship of tea germplasms originated from Fujian Province based on EST-SSR markers [J]. Sci Agric Sin, 2009, 42(5): 1720–1727. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2009.05.027.
- 刘振, 姚明哲, 王新超, 等. 基于 EST-SSR 的福建地区茶树资源遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 中国农业科学, 2009, 42(5): 1720–1727. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2009.05.027.
- [33] LIU B Y. Application studies of EST-SSR and ISSR markers in tea germplasms (*Camellia* spp.) from Yunnan [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2009: 1–111.
- 刘本英. EST-SSR 和 ISSR 分子标记在云南茶树资源中的应用研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009: 1–111.
- [34] LIU H, XU Z J, RAO D H, et al. Genetic diversity analysis and distinctness identification of peanut cultivars based on morphological traits and SSR markers [J]. Acta Agron Sin, 2019, 45(1): 26–36. doi: 10.3724/SP.J.1006.2019.84060.
- 刘洪, 徐振江, 饶得花, 等. 基于形态学性状和 SSR 标记的花生品种遗传多样性分析和特异性鉴定[J]. 作物学报, 2019, 45(1): 26–36. doi: 10.3724/SP.J.1006.2019.84060.
- [35] WU L Y, DU G H, BAO R, et al. Analysis of genetic diversity of eggplant germplasms by agronomic characters and SSR markers [J]. J Yunnan Univ (Nat Sci), 2018, 40(4): 820–828. doi: 10.7540/j.ynu.20170585.
- 吴丽艳, 杜光辉, 鲍锐, 等. 茄子种质资源的农艺性状与 SSR 标记的遗传多样性研究[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2018, 40(4): 820–828. doi: 10.7540/j.ynu.20170585.
- [36] HU W S, DENG C J, XU Q Z, et al. Identification and Fingerprint construction of 19 new hybrid varieties (lines) of loquat by SSR [J]. J Trop Subtrop Bot, 2020, 28(2): 153–162. doi: 10.11926/jtsb.4131.
- 胡文舜, 邓朝军, 许奇志, 等. 19个枇杷杂交新品种(系)的 SSR 鉴定和指纹图谱构建[J]. 热带亚热带植物学报, 2020, 28(2): 153–162. doi: 10.11926/jtsb.4131.