



基于SSR标记的‘天山菜茶’遗传多样性和亲缘关系分析

赵翊暄, 俞滢, 梁子钧, 陈强, 陈言概, 雷荣杰, 张磊, 杨如兴

引用本文:

赵翊暄, 俞滢, 梁子钧, 等. 基于SSR标记的‘天山菜茶’遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 热带亚热带植物学报, 2026, 34(1): 53–62.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4955>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

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>

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>

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>

海南岛油茶种质资源遗传多样性的SRAP分析

Genetic Diversity Analysis of *Camellia oleifera* Resources Based on SRAP Markers in Hainan Island

热带亚热带植物学报. 2019, 27(6): 659–668 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4027>

向下翻页，浏览PDF全文

基于 SSR 标记的‘天山菜茶’遗传多样性和亲缘关系分析

赵翊暄^{1,2}, 俞滢², 梁子钧^{1,2}, 陈强^{1,2}, 陈言概³, 雷荣杰³, 张磊^{2*}, 杨如兴^{2*}

(1. 福建农林大学园艺学院, 福州 350028; 2. 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, 福州 350013; 3. 宁德市蕉城区茶叶技术推广站, 福建 宁德 352000)

摘要: 为探究茶树‘天山菜茶’(Camellia sinensis ‘Tianshancaicha’)种质资源的遗传多样性, 以宁德市其他产区的地方茶树种质资源为参照, 采用 SSR 分子标记技术对 143 份种质资源进行分子标记, 分析‘天山菜茶’种质资源的遗传背景及其与参照茶树种质资源的亲缘关系。结果表明, 6 对引物共扩增出 55 个等位基因, 平均 9.166 个; 观测杂合度平均值为 0.649; 期望杂合度平均值为 0.779; Shannon 指数平均值为 1.870; PIC 平均值为 0.742; 遗传聚类分析将不同产区的 143 份种质资源分为 5 个类群, 其中 112 份‘天山菜茶’种质资源(含蕉城野生苦茶树)分散在各个类群中, 说明其可能同属‘闽东菜茶’的遗传背景; 不同产区间基因流为 2.225, 表明‘闽东菜茶’之间的基因交流性较强。‘天山菜茶’种质资源间存在交叉遗传现象, 遗传差异较大, 遗传多样性较丰富, 可辅助核心和优异资源筛选。

关键词: 茶树; SSR 分子标记; 遗传多样性; 天山菜茶; 聚类分析

doi: 10.11926/jtsb.4955

CSTR: 32235.14.jtsb.4955

Analysis of Genetic Diversity and Relationship of ‘Tianshancaicha’ Germplasm Resources Based on SSR Markers

ZHAO Yixuan^{1,2}, YU Ying², LIANG Zijun^{1,2}, CHEN Qiang^{1,2}, CHEN Yangai³, LEI Rongjie³, ZHANG Lei^{2*}, YANG Ruxing^{2*}

(1. College of Horticulture, Fujian University of Agriculture and Forestry, Fuzhou 350028, China; 2. Tea Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fujian Branch of National Tea Tree Improvement Center, Fuzhou 350013, China; 3. Tea Technical Extension Station, Jiaocheng District, Ningde City, Ningde 352000, Fujian, China)

Abstract: To explore the genetic diversity of *Camellia sinensis* ‘Tianshancaicha’ germplasm resources, the genetic background of 143 ‘Tianshancaicha’ germplasm resources and their genetic relationship were analyzed by using SSR molecular marker technology, with local tea tree germplasm resources from other production areas in Ningde City as references. The results showed that 6 pairs of primers amplified a total of 55 alleles, with an average of 9.166; the average observed heterozygosity, expected heterozygosity, Shannon index and PIC were 0.649, 0.779, 1.870 and 0.742, respectively. The 143 germplasm resources from different production areas could be divided into 5 groups by genetic cluster analysis. Among them, 112 ‘Tianshancaicha’ germplasm resources

收稿日期: 2024-08-07 接受日期: 2024-12-05

基金项目: 国家茶叶产业技术体系项目(CARS-19); 农业基础性长期性科技工作国家作物种质资源数据中心观测监测(ZX01S140105); 福建省农业科学院科技重点项目(KJZD20250017)资助

This work was supported by the National Tea Industry Technology System Project of China (Grant No. CARS-19), and the Project for Observation and Monitoring of the National Crop Germplasm Resources Data Center for Basic Long-term Scientific and Technological Work in Agriculture (Grant No. ZX01S140105), and the Project for Key Science and Technology of Fujian Academy of Agricultural Sciences (Grant No. KJZD20250017).

作者简介: 赵翊暄(1999 年生), 女, 硕士研究生, 主要从事茶叶育种研究。E-mail: 805997437@qq.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: 79228061@qq.com; 649745878@qq.com

(including wild bitter tea trees in Jiaocheng) were scattered in different groups, indicating that they might share the same genetic background as 'Mindencacha'. The gene flow among different production areas was 2.225, suggesting that the gene exchange among 'Mindencacha' was relatively strong. So, there was a phenomenon of cross-inheritance among the 'Tianshancaicha' germplasm resources, with significant genetic differences and rich genetic diversity, which can assist in the selection of core and excellent resources.

Key words: *Camellia sinensis*; SSR molecular marker; Genetic diversity; 'Tianshancaicha'; Cluster analysis

茶树(*Camellia sinensis*)种质资源是品种创新、良种选育、生物学理论研究和茶叶生产的重要基础材料^[1], 优异茶树种质资源的挖掘、保护、鉴定是开展茶树品种资源利用的基础, 对促进茶产业高质量发展具有重要意义^[2]。闽东地区茶树种质资源丰富, 目前已从地方有性群体种单株育成'福鼎大白茶'(为核心种质和骨干亲本)、'福鼎大毫茶'、'福安大白茶'、'霞浦元宵茶'、'霞浦春波绿'、'早逢春'和'歌乐茶'等优异地方茶树品种应用于生产, 这些无性系良种的推广为福建茶产业高质量发展做出了重大贡献, 也取得了显著的社会经济效益^[3]。

SSR 分子标记技术是种质资源鉴定的重要手段之一, 具有多态性丰富、稳定性好等优点, 能简单快速鉴定出品种间的遗传关系, 在茶树种质资源保存与鉴定、茶树优良品种选育等方面发挥了重要作用^[5]。王留彬等^[8]通过 SSR 分子标记鉴定分析了广西梧州茶树种质资源的遗传多样性与亲缘关系, 结果表明梧州茶树遗传多样性较高, 南渡镇茶树群体与六堡镇茶树群体亲缘关系较远; 田悦等^[9]对陕西茶树紫阳群体种进行了 SSR 分子标记的遗传多样性研究, 结果表明 30 份茶树紫阳群体种种质资源具有丰富的遗传多样性, 相互间有着较远的遗传距离; 黄寿辉等^[10]使用 SSR 分子标记技术, 对 14 份广西野生茶树种质资源进行了研究, 结果表明广西野生茶树资源多样性丰富, 与国家级茶树良种间遗传差异较大、亲缘关系较远; 穆小婷^[11]对清远野生茶树种质资源进行了遗传多样性和亲缘关系的分析评估, 结果表明清远野生茶树具有较丰富的遗传多样性, 且与其余群体的亲缘关系较远。福建省宁德市蕉城区是历史名茶天山绿茶的原产地, 茶树种质资源十分丰富。'天山菜茶'为有性群体种, 属灌木型, 中迟芽种, 育芽能力较强, 抗寒性强, 主要分布在蕉城区际头、平湖、斑竹、白马山等地^[12]。目前对天山菜茶种质资源的遗传多样性研究未见报道。本研究利用 SSR 分子标记技术, 分析鉴定'天山菜茶'种质资源与宁德市地方优异茶树品种之间的遗传

信息和亲缘关系, 以及不同产区'天山菜茶'种质资源的遗传距离和遗传一致性, 以期对'天山菜茶'优异种质资源的筛选、保护、鉴定、利用和新品种选育提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 材料

供试材料主要来源于福建省宁德市蕉城区、福鼎市、福安市、周宁县和霞浦县等闽东茶区的 143 份茶树种质资源(包括已从地方有性群体中单株筛选育成的地方茶树品种'福鼎大白茶'、'福鼎大毫茶'、'歌乐茶'、'早逢春'、'霞浦元宵茶'、'霞浦春波绿'和'福安大白茶'共 7 份), 其中'天山菜茶'(含蕉城野生苦茶树 5 份)共 112 份(表 1), 供试材料样品采集后迅速放入 4 °C 冰箱保存备用。

1.2 方法

DNA 提取 将各份试验材料分别进行打样磨碎, 使用天根生化科技(北京)有限公司的多糖多酚植物 DNA 提取试剂盒(DP360)提取 DNA, 利用岛津企业管理(中国)有限公司的紫外可见分光光度计 BioSpec-nano (230V)测定 DNA 的纯度和浓度, 稀释至 30 ng/ μ L, -20 °C 保存备用。

SSR 引物和 PCR 扩增 从本课题组已设计的 21 对引物中, 筛选出多态性高、条带清晰的 6 对引物应用于本实验。所有引物的合成由福州中科新创生物技术有限公司完成。PCR 扩增反应在 PTC-200 型 PCR 仪上进行, 反应体系为 25 μ L, 包括上下游引物各 1 μ L, DNA 模板 1 μ L, 2 $\times$ Taq Master Mix(Dye Plus)12.5 μ L, 加 ddH₂O 至 25 μ L。PCR 反应程序为 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 50 °C~65 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 35 个循环; 72 °C 最终延伸 10 min, 4 °C 保存。扩增产物采用 10% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳检测, 150 V 电压下电泳 80 min, 银染法显色, 最终用凝胶成像仪拍照并记录。

表 1 143 份茶树种质资源信息

Table 1 Information of 143 tea germplasm resources

品种 Variety	数量 Number	编号 Code	材料来源 Material Source
‘天山茶菜’ ‘Tianshancaicha’	37	JT01~JT11、JT13~JT38	福建省宁德市蕉城区际头村
‘天山茶菜’ ‘Tianshancaicha’	32	PH02~PH06、PH08~PH14、PH16~PH20、PH24~PH38	福建省宁德市蕉城区平湖村
‘天山茶菜’ ‘Tianshancaicha’	31	BZ01~BZ20、BZ23~BZ32	福建省宁德市蕉城区斑竹村
‘天山茶菜’ ‘Tianshancaicha’	7	BMS01~BMS07	福建省宁德市蕉城区白马山
‘蕉城野生苦茶树’ ‘Jiaochengkucha’	5	KC00~KC04	福建省宁德市蕉城区姑娘坪
‘霞浦春波绿’ ‘Xiapuchunbolv’	1	XPCBL	福建省宁德市霞浦县溪南镇
‘霞浦元宵茶’ ‘Xiapuyuanxiaocha’	1	XPYXC	福建省宁德市霞浦县后溪岭村
‘福鼎大毫茶’ ‘Fudingdahaocha’	1	FDDHC	福建省福鼎市点头镇汪家洋村
‘福鼎大白茶’ ‘Fudingdabaicha’	1	FDDBC	福建省福鼎市点头镇柏柳村
‘福安大白茶’ ‘Fuandabaicha’	1	FADBC	福建省福安市康厝乡上高山村
‘坦洋菜茶’ ‘Tanyangcaicha’	13	TYCC1~TYCC11、TYCC18、TYCC21	福建省福安市社口村
‘官思菜茶’ ‘Guansicaicha’	10	GSCC1~GSCC9、GSCC15	福建省宁德市官思村
‘吴山清明早’ ‘Wushanqingmingzao’	1	WSQMZ	福建省福鼎市点头镇柏柳村
‘歌乐茶’ ‘Gelecha’	1	GLC	福建省福鼎市点头镇柏柳村
‘早逢春’ ‘Zaofengchun’	1	ZFC	福建省福鼎市桐城镇柯岭村

1.3 数据处理

采用人工读带的方法记录电泳结果，统计 SSR 扩增条带，在相同扩增位点上，有条带记为“1”，无条带记为“0”；利用 NTSYS-pc 2.10 软件中的 NTedit 数据编辑器，直接录入读带结果数据。通过 PopGene 分析软件统计每对引物在 143 份供试茶树种质资源的观察等位基因(N_a)、有效等位基因(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)和 Shannon 指数(I)。采用 PowerMarker^[14]软件计算 SSR 位点多态性信息量 (PIC), $PIC=1-\sum P_i^2$, 其中, P_i 代表第 i 个等位点出现的频率。利用 Mega^[15]软件，通过非加权平均法 (UPMGA)对 143 份供试茶树种质资源的遗传相似系数方阵进行聚类分析，并生成圆形聚类树。利用 NTSYS-pc 2.10 生成 PCoA 主坐标分析图。

2 结果和分析

2.1 供试茶树种质资源的 SSR 多态性

采用已筛选出多态性高、条带清晰的 6 对引物

(表 2)对 143 份供试茶树种质资源进行扩增，共扩增出 55 个等位基因，通过 PopGene 分析软件统计 N_a 、 N_e 、 H_o 、 H_e 和 I 。 H_o 最大为 0.867，最小为 0.436； H_e 最大为 0.913，最小为 0.627 (表 3)。 N_e 是反映群体遗传变异大小的指标，其数值越接近 N_a 的绝对数，表明该等位基因在群体中分布越均匀； N_e 和 N_a 差异越大，说明等位基因在群体中分布越不均匀。各引物对 143 份茶树种质资源扩增出的 N_a 分别为 8~12 个； N_e 为 5.835~8.670 个， N_a 平均为 9.166 个， N_e 平均为 6.904 个，说明等位基因在群体中分布较均匀。 I 反映不同种质间的遗传多样性的程度，其值越大表明群体离散度越高，遗传多样性越丰富。每对引物对 143 份茶树种质资源的 I 为 1.291~2.447，平均为 1.870，表明供试茶树种质资源的离散度较高，遗传多样性较丰富。PIC 值是衡量引物扩增位点多态性的重要指标，当 $PIC>0.5$ 时，表明扩增位点具有高度多态性，当 $0.25<PIC<0.5$ 时，为中度多态性， $PIC<0.25$ 时为低度多态性。6 对引物对 143 份茶树种

表 2 6 对 SSR 分子标记引物序列

Table 2 Sequence of 6 pairs of SSR molecular marker primer

引物 Primer	正向引物 Forward primer (5'~3')	反向引物 Reverse primer (5'~3')
P06	AAGGGGCTCTATGGGTCAAG	TGTGTAACCTGCCAAGACCA
TM213	CATTAAGTGAACAACCC	GCAACAAGCCAGCCTCC
TM341	CATGCTCCCATCCACCT	ATGCTGCTCATTCAAACCAACT
TM422	GGACTTCGTTGCTTCCTTTG	CCATTCTCGACGAATCCAGT
TM337	GTGCGGCAAAGCTGTCTT	ACCTCCATCTCAAACCC
TM547	GAGAGACAGAGATGGGCAA	TGACCACCACCAGACCACTA

表 3 6 对 SSR 引物在 143 份茶树种质资源中的扩增结果

Table 3 Amplification results of 6 pairs of SSR primer to 143 tea germplasm resources

引物 Primer	N_a	N_e	H_o	H_e	I	PIC
P06	8.000	6.804	0.785	0.886	2.224	0.844
TM213	7.000	6.307	0.593	0.793	1.840	0.795
TM341	7.000	6.827	0.698	0.806	1.939	0.800
TM422	10.000	5.835	0.436	0.627	1.291	0.532
TM337	11.000	6.984	0.514	0.646	1.476	0.607
TM547	12.000	8.670	0.867	0.913	2.447	0.876
平均 Mean	9.166	6.904	0.649	0.779	1.870	0.742

N_a : 观察等位基因数 ; N_e : 有效等位基因数; H_o : 观察杂合度; H_e : 期望杂合度; I : Shannon 多样性指数; PIC: 多态性信息量。
 N_a : Number of observe alleles; N_e : Number of effective alleles; H_o : Observed heterozygosity; H_e : Expected heterozygosity; I : Shannoninformation index; PIC: Polymorphic information content.

质资源的 PIC 为 0.532~0.876，平均为 0.742，均大于 0.500，具高度多态性。可见，本实验筛选出的 6 对引物可以适用于‘天山菜茶’的遗传多样性分析。

2.2 聚类分析

根据 143 份供试茶树种质资源扩出的 55 个 SSR 位点的谱带数据组成原始矩阵，计算所有种质之间的遗传相似性系数，绘制亲缘关系聚类图(图 1)。143

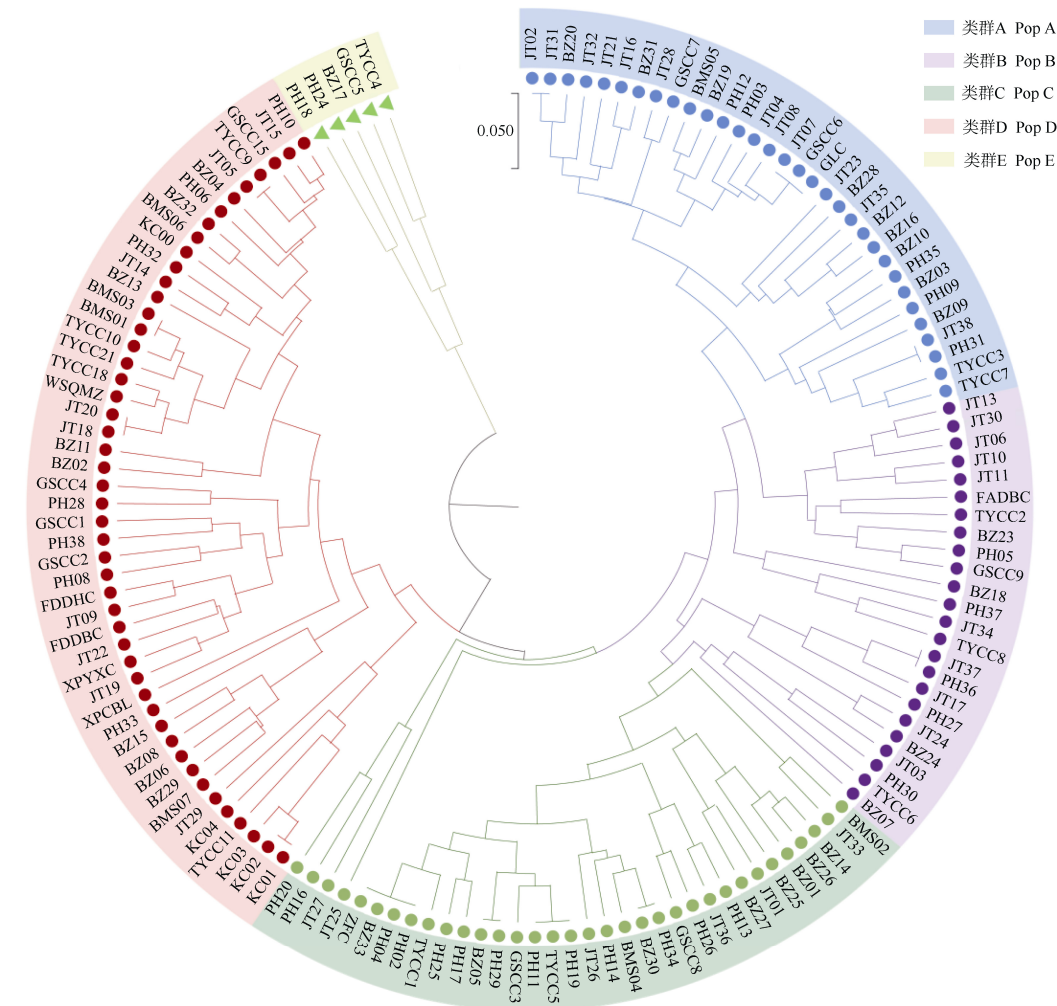


图 1 143 份茶树种质资源的 UPMGA 聚类树状图。编号见表 1。下同
Fig. 1 UPMGA cluster dendrogram of 143 tea germplasm resources. Code No. see Table 1. The same below

表 4 不同产区茶树种质资源的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity of tea germplasm resources from different origins								
地区 Area	数量 Number	N_a	N_e	H_o	H_e	I	基因流 Gene flow (N_m)	
际头村 Jitou	37	9.167	6.771	0.586	0.673	1.706		
平湖村 Pinghu	32	9.333	6.731	0.601	0.714	1.721		
白马山 Baimashan	7	7.166	6.276	0.506	0.585	1.122		
斑竹村 Banzhu	31	9.333	6.631	0.572	0.632	1.631		
姑娘坪 Guniangping	5	6.333	5.895	0.492	0.542	0.731		
霞浦县 Xiapu	2	6.333	5.942	0.605	0.578	0.806		
柏柳村 Bailiu	5	8.000	6.941	0.549	0.657	1.665		
官思村 Guansi	10	7.833	6.750	0.564	0.598	1.516		
社口村 Shekou	13	8.500	6.763	0.536	0.637	1.634		
总和 Total	143						2.225	

份供试材料可划分为 A、B、C、D、E 5 个大的类群，类群 A 包含 32 份种质资源、B 包含 24 份、C 包含 34 份、D 包含 48 份、而 E 仅有 5 份，且 A~D 4 个类群内部的聚类分支多样，可分成多个小的类群。类群 A 主要是 JT 群体 12 份、BZ 群体 9 份与 GLC 聚在一起。类群 B 主要是 JT 群体 10 份、BZ 群体 4 份、PH 群体 5 份与 FADBC 聚在一起。类群 C 主要是 PH 群体 13 份、BZ 群体 8 份与 ZFC 聚在一起。类群 D 中聚类的供试茶树种质资源数量最多，主要为 BZ 群体 9 份、TYCC 群体 5 份、GSCC 群体 4 份、KC 群体 5 份、BMS 群体 4 份、FDDHC、FDDBC、XPCBL、XPYXC、WSQMZ 在一起组成第 4 大类。聚在类群 D 的 5 份 KC 群体中，KC01、KC02、KC03、KC04 间的遗传距离较近，而 KC00 与其他 4 份 KC 种质资源遗传距离较远。此外，E 类群与 A、B、C、D 类群属于 2 个一级分支，比其他 4 个类群的遗传相似性系数更低。其中，3 份‘天山菜茶’种质资源 PH18、PH24 和 BZ17 与其他 109 份‘天山菜茶’种质资源存在较远的亲缘关系。

2.3 遗传多样性分析

采用 PopGene 分析软件统计 9 个产区茶树种质资源的 N_a 、 N_e 、 H_o 、 H_e 和 I (表 4)，斑竹村的 N_a 与 N_e 差异最大， N_a 为 9.333， N_e 为 6.631， N_a 与 N_e 的差值为 2.702，说明斑竹村的等位基因在群体中分布较不均匀；霞浦县的 N_a 与 N_e 差异最小，霞浦县的 N_a 为 6.333， N_e 为 5.942， N_a 与 N_e 的差值为 0.390，说明霞浦县的等位基因在群体分布中较均匀。不同产区间的 I 值为 0.731~1.721，不同产区的遗传多样性依次为平湖村>际头村>福鼎市>社口村>斑竹村>官思村>白马山>霞浦县>姑娘坪，其中遗传多样性最丰富的是平湖村， I 值最高，为 1.721；最低的是

姑娘坪， I 值最低，为 0.731，分析说明 5 份蕉城野生苦茶树同属一个遗传背景，为一个野生茶群落。遗传偏离指数 $D(H_o-H_e)$ 可以反映群体间 H_o 和 H_e 的平衡关系，当 $D>0$ 时，表明存在杂合子过剩的现象； $D<0$ 时，表明存在杂合子缺失的现象； D 值越接近 0 时，表明基因型分布越接近于平衡状态。对不同产区的 H_o 进行分析，显示 H_o 的变化范围分别是 0.492~0.601 和 0.542~0.714，9 个产区除霞浦县之外，其他产区的 D 均小于 0。基因流(N_m)为 2.225， $N_m>1$ 时，表明各产区种质资源之间的基因交流性强，在各产区间茶树种质资源的流通程度较高。

2.4 遗传距离和遗传一致性分析

遗传一致性越高，表明供试茶树种质资源间遗传距离越近，亲缘关系也越近。利用 NTSYS-pc 2.10 软件对来自际头村、平湖村等 10 个产区茶树种质资源间的遗传距离和遗传一致性进行分析(表 5)，各产区间间的种质资源遗传距离为 0.012~0.362，遗传一致性为 0.696~0.987，其中斑竹村和平湖村种质资源的遗传距离最近，仅为 0.012，遗传一致性最大，为 0.987，说明斑竹村和平湖村 2 个群体的遗传背景较为相似，亲缘关系较近；其次为白马山与斑竹村的 2 个群体，遗传距离为 0.019，遗传一致性为 0.981；上高山村与姑娘坪的种质资源遗传距离最远，为 0.362，遗传一致性最小，为 0.696，说明蕉城野生苦茶树与‘福安大白茶’之间遗传背景有较大差异，亲缘关系较远。总体来看，际头村、平湖村、白马山和斑竹村茶树种质资源之间的遗传一致性均大于 0.900，表明‘天山菜茶’种质资源之间的遗传相似程度较高，其遗传背景相似；而来自 10 个产区茶树种质资源的遗传一致性均在 0.65 以上，表明遗传分化程度较低，亲缘关系较近。

表 5 宁德市不同产区茶树种质资源的遗传距离和遗传一致性

地区 Area	际头村 Jitou	平湖村 Pinghu	白马山 Baimashan	斑竹村 Banzhu	姑娘坪 Guniangping	霞浦县 Xiapu	柏柳村 Bailiu	上高山村 Shanggaoshan	官思村 Guansi	社口村 Shekou
际头村 Jitou	****	0.970	0.962	0.977	0.883	0.813	0.953	0.798	0.977	0.968
平湖村 Pinghu	0.030	****	0.962	0.987	0.834	0.743	0.937	0.743	0.981	0.970
白马山 Baimashan	0.037	0.038	****	0.981	0.839	0.768	0.971	0.736	0.964	0.957
斑竹村 Banzhu	0.023	0.012	0.019	****	0.863	0.759	0.955	0.736	0.978	0.975
姑娘坪 Guniangping	0.124	0.180	0.174	0.146	****	0.830	0.865	0.696	0.855	0.868
霞浦县 Xiapu	0.206	0.296	0.263	0.274	0.185	****	0.824	0.798	0.787	0.771
柏柳村 Bailiu	0.047	0.065	0.029	0.045	0.144	0.192	****	0.831	0.952	0.940
上高山村 Shanggaoshan	0.225	0.296	0.306	0.305	0.362	0.225	0.184	****	0.784	0.739
官思村 Guansi	0.023	0.019	0.036	0.021	0.156	0.239	0.048	0.243	****	0.966
社口村 Shekou	0.031	0.030	0.043	0.025	0.140	0.259	0.061	0.301	0.034	****

对角线下方为遗传距离，对角线上方为遗传一致性。

Below the diagonal is Nei's genetic distance, and above the diagonal is Nei's genetic consistency.

利用 NTSYS-pc 2.10 软件对来自际头村、平湖村等 10 个产区间茶树种质资源进行群体聚类分析树状图绘制(图 2)，结果表明，10 个产区整体分为 2 个大的类群，际头村、平湖村、斑竹村、官思村、社口村、白马山和柏柳村聚为一类，与姑娘坪形成一个大分支，说明姑娘坪的蕉城野生苦茶树与蕉城‘天山菜茶’、福安‘坦洋菜茶’、‘福鼎大白茶’等茶树种质资源有相似的遗传背景；霞浦县与上高山村茶树种质资源单独聚为一类，说明‘霞浦元宵绿’、‘霞浦春波绿’和‘福安大白茶’的遗传背景相似，与其他群体的亲缘关系相对较远。‘天山菜茶’所分布的 4 个产区际头村、平湖村、斑竹村、白马山聚为一类，且遗传距离都很近，表明这 4 个产区的‘天山菜茶’种质资源间的遗传一致性较高，这与上述遗传距离和遗传一致性的分析一致，进一步验证了蕉城区茶树种质资源之间的亲缘关系较近。

2.5 PCoA 主坐标分析

采用 NTSYS-pc 2.10 软件分别对来自际头村、平湖村等 10 个不同产区间茶树种质资源，以及‘天山菜茶’种质资源的 4 个产区进行 PCoA 主坐标分析。第一主坐标、第二主坐标和第三主坐标分别解释了 19.57%、15.84%和 10.67%变异，整体来看，所有供试茶树种质资源在各个象限均有分布，大部分种质聚集于右下角，各产区之间分布较分散，且相互交叉(图 3: A)；蕉城区 4 个产区的的第一主坐标、第二主坐标和第三主坐标分别解释 20.30%、16.22%和 10.19%变异，4 个产区中除白马山的茶树种质资源外，其他 3 个产区在坐标轴右下角均有重叠(图 3: B)，说明‘天山菜茶’种质资源的遗传背景较复杂，每个产区之间的类群既存在一定的基因交流，又存在一定程度的基因分化，且个别与整体的差异较大，这与 UPGMA 聚类分析的结果相吻合。

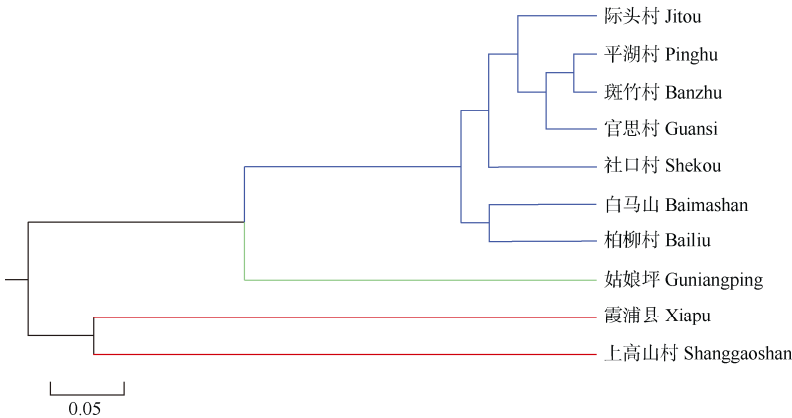


图 2 不同产区茶树种质资源的 Nei's 遗传距离聚类树状图

Fig. 2 Nei's genetic distance cluster dendrogram of tea germplasm resources in different area

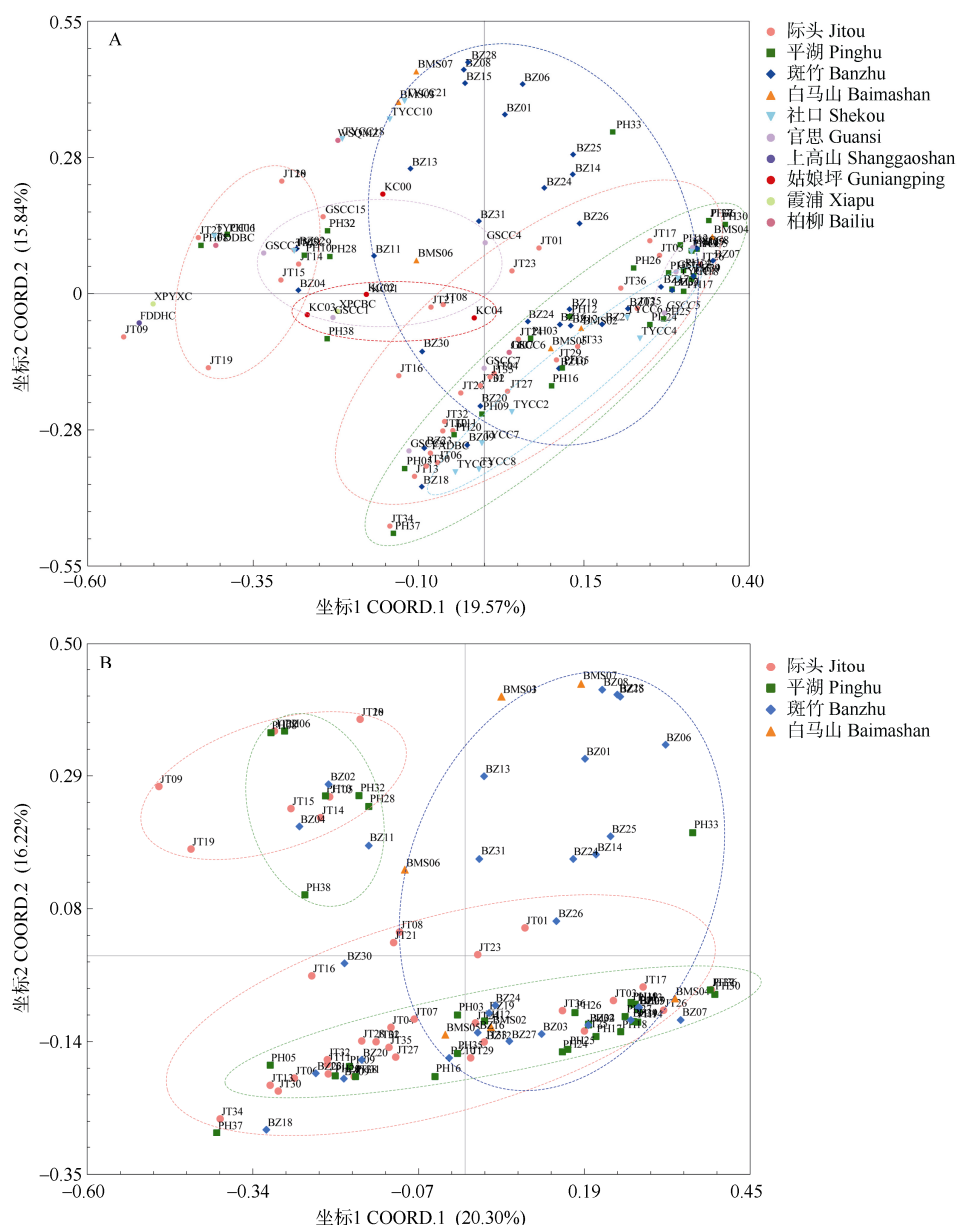


图3 茶树种质资源的PCoA主坐标分析。A: 10个产区茶树; B: 4个产区的‘天山菜茶’。

Fig. 3 PCoA principal coordinates analysis of tea germplasm resources. A: Tea germplasm resources from ten production areas; B: ‘Tianshancaicha’ germplasm resources from four production areas.

3 讨论和结论

3.1 ‘天山菜茶’种质资源具有丰富的遗传多样性

茶树种质资源和遗传育种研究以遗传多样性为基础, 茶树的遗传多样性研究已经从最开始的形态学标记转向为分子标记^[16]。目前, SSR分子标记技术已经广泛应用于茶树遗传多样性及种质鉴定研究等方面。遗传多样性作为生物所携带遗传信息的总和, 在分析重要性状和辅助育种方面发挥着不可或缺的作用, 因此研究人员越来越重视通过遗传

多样性分析来研究茶树种质资源并开展遗传育种工作^[17]。

本研究采用PowerMarker对143份供试茶树种质资源计算多态性信息含量, 筛选出的6对引物富有多态性, 而多态性是遗传多样性分析和品种鉴定的基础, 引物的多态性越高, 对茶树种质资源之间的鉴定能力越强^[20]。Shannon多样性指数(I)反映了不同种质间的遗传多样性的程度, I 值越大, 表明群体离散度越高, 遗传多样性越丰富, 有大量研究用于茶树种质资源的鉴定。杨军等^[21]利用EST-SSR

标记研究 82 个不同茶树自然杂交后代的遗传多样性, I 为 1.182; 崔清梅等^[22]利用 SSR 分子标记分析 26 份湖北巴东县野生茶树的遗传多样性, I 为 1.378; 蔡一鸣等^[23]分析豫南茶树种质资源的遗传多样性, I 为 0.665; 王松林等^[24]对白化和黄化茶树进行遗传多样性分析, I 为 0.790; 本研究中, I 值平均为 1.870, 均高于巴东野生茶树、豫南茶树与浙江白化和黄化茶树, 初步表明‘天山菜茶’有丰富的遗传多样性。

3.2 ‘天山菜茶’与闽东其他产区茶树的亲缘关系

现有研究表明, 越来越多的茶树优良品种或品系来源于少数育种骨干亲本, 在性状上表现出较高的相似性, 而仅使用传统的形态学来进行品种鉴定也难以进行有效的区分, 构建聚类树可以显示不同种质资源间的遗传关系, 能更简单直观地看到种质资源间的亲缘关系^[25]。亲缘关系是分析鉴定种质资源遗传背景的重要手段, 刘国豪等^[20]探明了茶树新品种‘戚家美铭’的亲缘关系, 确定其是‘鸠坑’的自然杂交后代; 刘娇等^[26]分析了云南南涧县古茶树资源亲缘关系, 得出 2 个产地间的亲缘关系较近; 王攀等^[27]对福建永泰的茶树种质资源进行亲缘关系分析, 得出梧桐产区与大田和尤溪产区的茶树资源亲缘关系较为密切, 浯口、丹云等地与永泰县北部产区的茶树资源亲缘关系更近; 为更好地保护、鉴定、筛选、利用优异和核心茶树种质资源, 本研究通过 UPGMA 聚类和 PCoA 主成分分析不同产区间的天山菜茶有性群体的亲缘关系, 2 种分析方法的结果相似, 均表明不同产区间的‘天山菜茶’亲缘关系较接近, 说明大部分茶树种质资源的区域特征不明显, 其聚类方式并非地理因素导致; 这些不同产区茶树种质资源遗传基因交流较频繁, 种质间存在着较相似的遗传背景和交叉遗传现象, 且进一步探明了‘天山菜茶’与‘坦洋菜茶’、‘官思菜茶’等茶树种质资源之间的亲缘关系较为接近, ‘坦洋菜茶’、‘天山菜茶’、‘官思菜茶’、‘福鼎大白茶’等有性群体种统称‘闽东菜茶’, 由此推测供试茶树种质资源可能同属‘闽东菜茶’一个大的遗传背景。为挖掘与优异地方茶树品种‘福鼎大白茶’、‘福鼎大毫茶’、‘歌乐茶’、‘早逢春’、‘霞浦元宵茶’、‘霞浦春波绿’和‘福安大白茶’亲缘关系最接近的‘天山菜茶’种质资源, 通过 UPGMA 聚类图分析表明, 际头村的 JT09、JT19、JT22 种质与‘福鼎大白茶’、‘福鼎大毫茶’等的遗传距离最为接近, 遗传相似系数最高; 5 份蕉城野生

苦茶都聚为一类。由此可锚定‘天山菜茶’JT09、JT19、JT22 和蕉城野生苦茶等可作为核心和优异种质资源进行创新利用, 也为‘天山菜茶’优异单株筛选利用奠定良好基础。

本研究初步分析了 143 份‘天山菜茶’与福建省宁德市地方培育筛选出的优异茶树品种之间的遗传信息和亲缘关系, 筛选出的 6 对引物富有多态性且适用于‘天山菜茶’的遗传多样性分析。UPMGA 表明, 143 份茶树种质资源可能同属于‘闽东菜茶’一个遗传背景, 不同产地间的‘天山菜茶’亲缘关系较近; PCoA 结果表明, 不同产地间的‘天山菜茶’存在一定的基因交流, 且遗传背景较复杂。可为‘天山菜茶’核心种质资源筛选、利用以及育种工作提供科学参考。

参考文献

- [1] CHEN L, YANG Y J, YU F L. Tea germplasm research in China: Recent progresses and prospects [J]. J Plant Genet Resour, 2004, 5(4): 389–392. [陈亮, 杨亚军, 虞富莲. 中国茶树种质资源研究的主要进展和展望 [J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(4): 389–392. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2004.04.019.]
- [2] NING G W, YANG S M, SONG W X, et al. Tea germplasm resources research in Yunnan for 60 years [J]. J Plant Genet Resour, 2023, 24(3): 587–598. [宁功伟, 杨盛美, 宋维希, 等. 云南茶树种质资源研究 60 年 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3): 587–598. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.20221026002.]
- [3] YANG R X, HE X Y, ZHANG L, et al. Current situation of new variety breeding and promotion for tea industry in Fujian [J]. Fujian J Agric Sci, 2017, 32(8): 909–916. [杨如兴, 何孝延, 张磊, 等. 福建茶树品种选育现状及其对茶产业的推动作用分析 [J]. 福建农业学报, 2017, 32(8): 909–916. doi: 10.19303/j.issn.1008-0384.2017.08.019.]
- [4] YANG R X, YOU Z M, HE X Y, et al. Conservation and utilization of Fujian indigenous tea germplasms [J]. Acta Tea Sin, 2015, 56(3): 126–132. [杨如兴, 尤志明, 何孝延, 等. 福建原生茶树种质资源的保护与创新利用 [J]. 茶叶学报, 2015, 56(3): 126–132. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2015.03.001.]
- [5] POWELL W, MACHRAY G C, PROVAN J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats [J]. Trends Plant Sci, 1996, 1(7): 215–222. doi: 10.1016/1360-1385(96)86898-1.
- [6] WANG L W, SHEN Z J, LI H H, et al. Analysis of genetic diversity of 79 cultivars based on SSR fluorescence markers for peach [J]. Sci Agric Sin, 2022, 55(15): 3002–3017. [王璐伟, 沈志军, 李贺欢, 等. 基于 SSR 荧光标记的 79 份桃种质遗传多样性分析 [J]. 中国农业科学, 2022, 55(15): 3002–3017. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2022.15.]

- 011.]
- [7] HUANG Z Q, WU L Y, GAO X Y, et al. Genetic diversity analysis of *Handroanthus impetiginosus* populations by SSR markers [J]. *J Trop Subtrop Bot*, 2024, 32(1): 125–133. [黄稚清, 吴林源, 高筱钰, 等. 基于 SSR 标记的紫花风铃木群体遗传多样性分析 [J]. *热带亚热带植物学报*, 2024, 32(1): 125–133. doi: 10.11926/jtsb.4697.]
- [8] WANG L B, HUANG L Y, TENG C Q, et al. Genetic and phylogenetic analysis for germplasm resources of *Camellia sinensis* from Wuzhou City [J]. *J Tea Sci*, 2022, 42(5): 601–609. [王留彬, 黄丽蕴, 滕翠琴, 等. 梧州茶树种质资源的遗传多样性及亲缘关系分析 [J]. *茶叶科学*, 2022, 42(5): 601–609. doi: 10.3969/j.issn.1000-369X.2022.05.001.]
- [9] TIAN Y, ZHANG Y, ZHAO W G, et al. Genetic diversity of *Camellia sinensis* Ziyang population germplasm resources based on SSR markers [J]. *Acta Agric Jiangxi*, 2023, 35(12): 69–75. [田悦, 张垚, 赵卫国, 等. 基于 SSR 标记对茶树紫阳群体种质资源的遗传多样性研究 [J]. *江西农业学报*, 2023, 35(12): 69–75. doi: 10.19386/j.cnki.jxnyxb.2023.12.010.]
- [10] HUANG S H, WEN L X, PENG J R, et al. Genetic relationship analysis of wild tea tree germplasm resources in part of Guangxi based on EST-SSR markers [J]. *Guihaia*, 2019, 39(6): 821–830. [黄寿辉, 温立香, 彭静茹, 等. 广西部分地区野生茶树遗传关系 EST-SSR 标记分析 [J]. *广西植物*, 2019, 39(6): 821–830. doi: 10.11931/guihaia.gxzw.201809022.]
- [11] MU X T, LIAO Z C, LING C J, et al. Genetic diversity and relationship analysis of 55 wild tea germplasm from Qingyuan based on SSR markers [J]. *China Tea*, 2023, 45(2): 36–43. [穆小婷, 廖侦成, 凌彩金, 等. 基于 SSR 标记的 55 份清远野生茶树种质资源遗传多样性和亲缘关系分析 [J]. *中国茶叶*, 2023, 45(2): 36–43. doi: 10.3969/j.issn.1000-3150.2023.02.006.]
- [12] FENG C Q. Conservation measures and effectiveness of tea tree germplasm resources in Jiaocheng District, Ningde, Fujian [J]. *Agric Eng Technol*, 2021, 41(17): 95–96. [冯昌强. 福建宁德蕉城区茶树种质资源保护措施与成效 [J]. *农业工程技术*, 2021, 41(17): 95–96. doi: 10.16815/j.cnki.11-5436/s.2021.17.057.]
- [13] ZHENG K L, FANG C, WU H X. Quality and process of Tianshan Hong Gongfu black tea [J]. *Chin Tea*, 2011, 33(9): 28. [郑康麟, 方晨, 吴洪新. 天山红工夫红茶的品质与工艺 [J]. *中国茶叶*, 2011, 33(9): 28. doi: 10.3969/j.issn.1000-3150.2011.09.017.]
- [14] LIU K J, MUSE S V. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis [J]. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 2005, 21(9): 2128–2129. doi: 10.1093/bioinformatics/bti282.
- [15] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. *Mol Biol Evol*, 2011, 28(10): 2731–2739. doi: 10.1093/molbev/msr121.
- [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: 10.13305/j.cnki.jts.2020.03.005.]
- [17] YAO Y X, ZHANG M Z, LIU L P, et al. Genetic diversity analysis and DNA fingerprinting construction with SSR markers for tea germplasm resources from Duyun [J]. *Mol Plant Breed*, 2021, 19(11): 3653–3660. [姚玉仙, 张明泽, 刘丽萍, 等. 都匀茶树种质资源遗传多样性 SSR 分析及指纹图谱构建 [J]. *分子植物育种*, 2021, 19(11): 3653–3660. doi: 10.13271/j.mpb.019.003653.]
- [18] MUDITH MEWAN K, ABEYSINGHE I S B. Recent advances in molecular biological applications in Sri Lankan tea (*Camellia sinensis*) industry: An overview on the achievements during last ten years [J]. *J Tea*, 2013, 39(4): 267–278. doi: 10.3969/j.issn.0577-8921.2013.04.015.
- [19] YANG J, KONG X R, WANG R J, et al. EST-SSR marker-based genetic diversity analysis on wild tea germplasms from Yunxiao and Youxi Counties in Fujian [J]. *Acta Tea Sin*, 2022, 63(1): 11–19. [杨军, 孔祥瑞, 王让剑, 等. 基于 EST-SSR 标记的福建云霄县和尤溪县野生茶树遗传多样性分析 [J]. *茶叶学报*, 2022, 63(1): 11–19. doi: 10.3969/j.issn.1007-4872.2022.01.003.]
- [20] LIU G H, YANG Q, YU S H, et al. Genetic relationship analysis of a new tea variety ‘Qijameiming’ based on SSR molecular markers [J]. *Chin Wild Plant Resour*, 2023, 42(3): 67–73. [刘国豪, 杨倩, 余速航, 等. 基于 SSR 分子标记的茶树新品种‘戚家美铭’的亲缘关系分析 [J]. *中国野生植物资源*, 2023, 42(3): 67–73. doi: 10.3969/j.issn.1006-9690.2023.03.011.]
- [21] YANG J, YOU X M, CHEN C S. Genetic background identification of the natural hybrid progenies of tea on fluorescently labeled SSR [J]. *Acta Bot Boreali-Occid Sin*, 2023, 43(12): 1981–1993. [杨军, 游小妹, 陈常颂. 利用荧光 SSR 标记鉴定茶树自然杂交后代遗传背景 [J]. *西北植物学报*, 2023, 43(12): 1981–1993. doi: 10.7606/j.issn.1000-4025.2023.12.1981.]
- [22] CUI Q M, LIANG J B, MA H J, et al. Genetic diversity and population structure relationship analysis of wild tea germplasm resources in Badong County, Hubei Province [J]. *J Tea Sci*, 2024, 44(2): 193–206. [崔清梅, 梁金波, 马会杰, 等. 湖北巴东县野生茶树种质资源遗传多样性及种群结构亲缘关系分析 [J]. *茶叶科学*, 2024, 44(2): 193–206. doi: 10.13305/j.cnki.jts.2024.02.002.]
- [23] CAI Y M, JIANG S F, MAO G Z, et al. 41 tea germplasm resources: Genetic diversity and relationship analysis based on SSR molecular

- markers [J]. Chin Agric Sci Bull, 2023, 39(30): 54–60. [蔡一鸣, 蒋双丰, 毛光志, 等. 基于 SSR 分子标记的 41 份茶树种质资源遗传多样性及亲缘关系分析 [J]. 中国农学通报, 2023, 39(30): 54–60. doi: 10.11924/j.issn.1000-6850.casb2022-0862.]
- [24] 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: 10.13305/j.cnki.jts.2018.01.006.]
- [25] CHEN L, ZHOU Z X, YANG Y J. Genetic improvement and breeding of tea plant (*Camellia sinensis*) in China: From individual selection to hybridization and molecular breeding [J]. Euphytica, 2007, 154(1/2): 239–248. doi: 10.1007/s10681-006-9292-3.
- [26] LIU J, YANG X W, HE S C, et al. EST-SSR analysis of genetic diversity of ancient tea tree resources in Nanjian County, Yunnan Province [J]. J Trop Subtrop Bot, 2024, 33(3): 261–268. [刘娇, 杨雄伟, 何胜聪, 等. 云南南涧县古茶树资源遗传多样性的 EST-SSR 分析 [J]. 热带亚热带植物学报, 2024, 33(3): 261–268. doi: 10.11926/jtsb.4882.]
- [27] WANG P, YU W T, LÜ S Y, et al. Genetic diversity and DNA fingerprints of tea germplasms in Yongtai, Fujian [J]. Fujian J Agric Sci, 2024, 39(1): 66–74. [王攀, 于文涛, 吕水源, 等. 福建永泰茶树种质资源遗传多样性分析及 DNA 指纹图谱构建 [J]. 福建农业学报, 2024, 39(1): 66–74. doi: 10.19303/j.issn.1008-0384.2024.01.009.]