

雷波野生茶树遗传多样性及亲缘关系分析*

周 斌¹, 王留彬¹, 徐新涛², 胡 灿¹, 刘琴玲¹, 唐 茜¹, 谭礼强^{1**}

(1. 四川农业大学 园艺学院, 四川 成都 611130; 2. 玉竹春茶厂, 四川 雷波 616561)

摘要:【目的】了解和利用雷波野生茶树资源, 并探究其演化地位。【方法】采用 SSR 荧光标记引物, 结合毛细管电泳检测技术, 首次系统分析雷波野生茶树群体的遗传多样性及其与其他 5 个野生茶树群体的亲缘关系。【结果】15 对 SSR 标记在 108 份供试材料中共检测到 89 条等位基因和 221 种基因型, 其中 50 份雷波茶树材料中共检测到 76 条等位基因、29 条特有等位基因和 143 种基因型。以群体为单位比较时, 雷波野生茶树群体的等位基因数 (A)、平均单个标记基因型数、基因多样性 (H) 和多态性信息含量 (PIC) 在 7 个茶树群体中均为最高, 分别为 76、9.533 3、0.597 6 和 0.545 5, 杂合度处于较低水平 (H_e) 为 0.451 1。不同野生茶树群体间的遗传距离为 0.081 8~0.255 2, 雷波野生茶树群体与四川大邑野生茶树群体遗传距离最小, 其次是荣经野生茶树群体, 与云南凤庆野生茶树群体遗传距离最大。108 份材料个体聚类分析表明: 大部分来自雷波的材料聚在一起, 但也有少量单株分散在四川 5 个野生茶树群体中; 栽培型茶树品种与野生型茶树整体亲缘关系较远。【结论】雷波野生茶树群体具有丰富的遗传多样性, 本研究结果为进一步开发利用该资源奠定了基础。

关键词: 雷波野生茶树; 遗传多样性; SSR 分子标记

中图分类号: S 571.101

文献标识码: A

文章编号: 1004-390X (2020) 01-0122-08

Analysis of Genetic Diversity and Genetic Relationship of Leibo Wild Tea Resources

ZHOU Bin¹, WANG Liubin¹, XU Xintao², HU Can¹, LIU Qinling¹,TANG Qian¹, TAN Liqiang¹

(1. College of Horticulture, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China;

2. Yuzhuchun Tea Factory, Leibo 616561, China)

Abstract: [Purpose] The purpose was to understand and utilize the resources of Leibo wild tea tree and explore its evolutionary status. [Method] We systematically analyzed the genetic diversity of Leibo wild tea and their genetic relationship with other five wild tea tree populations based on SSR fluorescent-labeled primers combined with capillary electrophoresis detection technology in this study for the first time. [Result] A total of 89 alleles and 221 genotypes were detected in 108 samples with 15 pairs of SSR markers. Among the 50 Leibo tea tree samples, 76 alleles, 29 private alleles and 143 genotypes were detected. When compared by population, the alleles number (76), genotypes per marker (9.533 3), genetic diversity (0.597 6) and polymorphism information content (PIC, 0.545 5) of Leibo wild tea were the highest among the seven tea populations. The genetic distance between different wild tea tree populations was 0.081 8-0.255 2. The closest population to Leibo wild

收稿日期: 2019-04-12

修回日期: 2019-10-23

网络首发时间: 2020-01-07 11:34:35

*基金项目: 四川省重点研发项目 (2018SZ0275); 四川省“十三五”农畜育种攻关公益性育种研究专项。

作者简介: 周斌 (1994—), 男, 河南漯河人, 在读硕士研究生, 主要从事茶树栽培及遗传育种研究。

E-mail: 306199251@qq.com

**通信作者 Corresponding author: 谭礼强 (1987—), 男, 重庆人, 博士, 副教授, 硕士生导师, 主要从事茶树遗传育种及分子生物学研究。E-mail: 14223@sicau.edu.cn

网络首发地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/53.1044.S.20200106.1306.002.html>

tea is Sichuan Dayi wild tea, followed by Yingjing, while the farthest is Yunnan Fengqing wild tea population. Individual cluster analysis of 108 samples showed that most of Leibo wild tea samples were clustered together, but a small number of individual plants were dispersed in five Sichuan wild tea tree groups, and the cultivated tea tree varieties were far from the wild-type tea trees. [**Conclusion**] The Leibo wild tea tree population has rich genetic diversity, and the results of this study laid the foundation for further development and utilization of this wild tea resource.

Keywords: Leibo wild tea; genetic diversity; SSR markers

中国西南地区是茶树的起源中心, 拥有丰富的野生茶树种质资源^[1]。四川境内的野生茶树有两片比较集中区域, 一片沿长江、金沙江两岸分布, 包括雷波、宜宾、泸州和合江等地区, 另一片位于四川盆地的西部, 包括崇州、荥经、邛崃和大邑等市县^[2]。加强对野生茶树的保护和研究可以丰富育种材料、维持物种遗传多样性, 特别是对抗逆基因的保存和利用具有重要意义。关于四川地区野生茶树群体的多样性, 刘邵杰等^[3]、王春梅^[4]、黄福涛^[5]和 TAN 等^[6]分别对古蔺牛皮茶、崇州枇杷茶、南江大叶茶和北川苔子茶等野生茶树做了相关的调查研究。

目前关于雷波的野生茶树资源还尚未见报道。雷波县位于四川省西南的凉山州地区, 地处金沙江下游北岸, 动植物资源丰富, 是野生茶树的集中分布地之一^[2]。根据课题组的前期考察及当地茶企的介绍, 在雷波县罗沙溪乡银厂沟村

(N28°30'10", E103°29'5", 海拔 1 200~1 300 m) 有超过 133.3 hm² 的野生茶树集中分布区, 其中部分茶树高近 10 m, 主干直径在 20 cm 以上的有近百株; 以大叶种、小乔木型为主, 也有少量小叶种、灌木型。大部分茶树叶片表面光滑, 叶面隆起无或弱; 春季发芽期在 3 月中下旬, 盛花期在 9 月中下旬, 花瓣白色, 花柱 3~4 裂, 裂位中或高, 结实率较低 (图 1)。从外部形态来看, 这片野生茶树资源类型独特而丰富, 因此具有较为重要的研究价值。

SSR 分子标记具有多态性高、稳定性好、共显性等特点, 在茶树群体亲缘关系和遗传多样性分析中已被广泛应用。例如: TANIGUCHI 等^[7]利用 23 对 SSR 标记分析了来自 14 个国家和地区的 788 份茶树种质资源, 发现来源于中国的茶树资源遗传多样性最高, 也印证了中国是茶树的起源中心。FANG 等^[8]利用 58 对 SSR 标记研究了



图 1 雷波野生茶树形态照片

Fig. 1 Morphological features of wild tea trees located in Leibo

中国 10 个省份和地区 185 份无性系茶树品种的遗传多样性及其亲缘关系, 并且得出结论中国主要无性系茶树品种的遗传变异比水稻、大豆和番茄等作物丰富得多。ZHAO 等^[9]利用 14 对高多态性 SSR 引物, 以野生、栽培和近期驯化的 587 份云南西部大理茶树 (*Camellia taliensis*) 材料为样本, 进行遗传多样性和种群结构的分析, 探究了茶树在驯化过程中种群遗传多样性的变化。

为了解雷波野生茶树的遗传多样性及其与其他野生茶树群体之间的亲缘关系, 本研究采用 SSR 分子荧光标记结合毛细管电泳技术, 将雷波野生茶树和四川其他主要野生茶树群体、云南野生茶树以及一些栽培品种同时进行比较分析。研究结果为雷波野生茶树资源的保护和利用提供参

考, 为茶树育种、杂交亲本选择提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2018 年 4 月对雷波银厂沟区的野生茶树群落进行实地考察, 按照地形分布将野生茶树集中分布区域划分为 4 个片区, 每个片区随机选取 10~17 株具有代表性的茶树采样并编号。另外从课题组前期研究积累的四川崇州 (CZ)、大邑 (DY)、古蔺 (GL)、荣经 (YJ) 及云南凤庆 (FQ) 等野生茶树群体样本中分别抽取 7~11 份样品, 以及福鼎大白茶等 12 个栽培无性系品种为比较对象, 共计 108 份材料。所用材料详细信息及编号见表 1。

表 1 试验所用材料信息
Tab. 1 The detailed information of samples used in this study

试验材料 experiment materials	群体 population	纬度 latitude	经度 longitude	样本数 number of samples
LB101-LB110, LB201-LB210, LB301-LB317, LB401-LB413	四川, 雷波县 Leibo Couty, Sichuan	N28°30'	E103°29'	50
CZ1-CZ7	四川, 崇州市 Chongzhou City, Sichuan	N30°37'	E103°40'	7
DY1-DY9	四川, 大邑县 Dayi Couty, Sichuan	N30°25'	E103°28'	9
GL1-GL9	四川, 古蔺县 Gulin Couty, Sichuan	N28°02'	E105°48'	9
YJ1-YJ10	四川, 荣经县 Yingjing Couty, Sichuan	N29°48'	E102°49'	10
FQ1-FQ11	云南, 凤庆县 Fengqing Couty, Yunnan	N24°34'	E99°55'	11
福鼎大白茶、川茶 2 号、龙井 43、中茶 108、福选 9 号、铁观音、紫嫣茶、紫娟茶、马边绿、川沐 217、黄金芽和安吉白茶 Fudingdabaicha, Chuangcha 2, Longjing 43, Zhongcha 108, Fuxuan 9, Tieguanyin, Ziyang, Zijuan, Mabianlv, Chuanmu 217, Huangjinya and Anjibaicha	无性系栽培种 clonal cultivar	—	—	12

1.2 DNA 提取及检测

采用植物 DNA 提取试剂盒提取 DNA (DP350, 北京天根), 用 ScanDrop[®]100 超微量核酸蛋白检测仪 (Analytikjena, 德国) 检测其质量浓度及纯度, 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性, 用超纯去离子水将 DNA 质量浓度稀释到约 30 ng/μL, 保存于-20 ℃ 冰箱备用。

1.3 SSR-PCR 扩增及毛细管电泳

从课题组之前构建的茶树 SSR 标记遗传图谱上^[10]选择 15 对多态性高、特异性强的 SSR 引物用于本试验, 在每条上游引物的 5'端加 FAM、HEX 或 TAMRA 荧光标记 (北京擎科生物技术有限公司合成), 引物信息见表 2。PCR 反应体系

参照王丽鸳^[11]的方法稍做调整, 即反应总体系 15 μL: DNA 模版 (30 ng/μL) 2 μL, 上下游引物 (10 μmol/L) 各 0.3 μL, 2×Tsingke[®]Master Mix 7.5 μL, ddH₂O 4.9 μL。扩增条件: 94 ℃ 预变性 4 min; 94 ℃ 变性 30 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 35 个循环; 72 ℃ 延伸 7 min, 最后 4 ℃ 保存。扩增产物采用测序仪 (ABI-3730XL) 进行毛细管电泳和荧光信号检测。

1.4 数据处理

利用 PowerMarkerV3.25 软件^[12]计算每个位点的等位基因数 (*A*)、多态信息含量 (PIC)、基因多样性指数 (*H*)、Nei's^[13]遗传距离等。利用 Excel 软件统计每个群体的特有等位基因 (仅在特定群

表 2 试验所用 15 对引物基本信息
Tab. 2 The 15 pairs of primers used in the study

分组 group	标记位点 marker locus	引物序列 (5'→3') primer sequence	荧光染料 fluorescent dyes
1	CsFM1051	AACCCATTTCTGCTTTGTGC AGAATCAACAACACCCTGGC	FAM
	CsFM1384	CGAATCATGATGACCCACTG CAGCGAGGGAGAAGAATGAG	HEX
	CsFM1058	CCCCTCCATCTATCTCCCTC GGACTGTTGTTGGGAAGAA	TAMRA
2	CsFM1550	CGAGACATCGAACACCACAG CGTATCGTAGCGGTGAAGGT	FAM
	CsFM1158	CGTGCCTGCATTGCTAATAA GTACCAGTAACTGCGGGGAA	HEX
	CsFM1504	TGGTAAACGGAAGAATGGC AGCTAGCCCTGTGAAAACCA	TAMRA
3	CsFM1604	AGGGTTTTAGGGCTACGAGG TGATTGGAGAACACAACCGA	FAM
	CsFM1509	GACGATGGACCCTTCTTTGA CATCATCATCATCCTACCG	HEX
	CsFM1599	GGCCCTGTTTTTACACTCCA GATTGGTTTCTGGTTCGCAT	TAMRA
4	CsFM1609	GCAAAGAATTCAGCTCAGCC CCCCCAAAGTTCATTCTTCA	FAM
	TM200	TTATCCAGCCAGCTTTGT TATTGAAACCGCTTGTCG	HEX
	TM056	TTGTGGGTAGCTTTACTTGC TCAGGACGATTATGAGGATTA	TAMRA
5	TM162	ATCGCACAGACTCTCACG AGGCTTTTACTTCTCACAAC	FAM
	CsFM1349	TGGGCCAGAAGAGAAAAGAA GGTGTCTCTGGCACTTCAAT	HEX
	TM618	CTGCGATTGCTGTTGTGTGTT TGATCGTGGTCACAGACGTT	TAMRA

体中检测到)。基于遗传距离,按非加权类平均法 (unweighted pair group method with arithmetic averaging, UPGMA) 进行聚类,绘制聚类图。MEGA 4.0 用于查看 PowerMarker 3.25 中实现的聚类图。

2 结果与分析

2.1 雷波野生茶树遗传多样性比较与分析

如表 3 所示: 15 对引物在 108 份茶树资源中共获得 89 条等位基因和 221 种基因型, 平均每个位点检测到 5.933 3 条等位基因, 14.733 3 种基因型, 其中引物 TM618 和 CsFM1058 分别检测

到的等位基因和基因型数最多, 为 9 条和 29 种, 说明其扩增多态性较好。扩增位点的多态性信息含量 (PIC) 为 0.183 5~0.816 9, 平均为 0.586 7。

将 12 个无性系栽培种 (ZP) 视为 1 个群体, 与其他 6 个野生茶树群体共同进行遗传多样性分析。为尽可能减小样本数量差异对结果造成的影响, 我们从 50 个雷波群体中随机抽取 10 个样本视为 1 个群体, 单独计算遗传参数, 不放回抽取 5 次, 结果取平均值。结果 (表 4) 显示: 雷波野生茶树群体的等位基因数 (*A*) 为 76 条, 特有等位基因 29 条, 平均每对引物检测到 9.533 3 种基因型, 基因多样性 (*H*) 为 0.597 6, 多态性信息含量

表 3 15 对引物对 108 份茶树资源 DNA 的扩增结果
Tab. 3 Amplification results of 15 pairs of primers on the 108 samples

位点 locus	等位基因数 (<i>A</i>) allele numbers	基因型 genotypes	基因多样性 (<i>H</i>) gene diversity	杂合度 (<i>H_e</i>) heterozygosity	多态性信息含量 (PIC) polymorphism information content
CsFM1051	6	19	0.767 9	0.621 4	0.733 8
CsFM1058	8	29	0.837 1	0.777 8	0.816 9
CsFM1384	4	7	0.553 5	0.268 5	0.482 3
CsFM1550	6	15	0.689 3	0.629 6	0.637 6
CsFM1158	4	8	0.543 7	0.351 9	0.480 3
CsFM1504	5	15	0.660 1	0.311 3	0.604 7
CsFM1509	8	18	0.794 4	0.738 3	0.764 8
CsFM1599	7	20	0.777 4	0.719 6	0.744 2
CsFM1604	6	11	0.498 9	0.388 9	0.463 1
CsFM1609	5	12	0.600 5	0.555 6	0.544 4
TM200	3	4	0.360 6	0.171 4	0.307 9
TM056	8	17	0.716 8	0.349 5	0.665 5
TM162	3	5	0.194 7	0.120 4	0.183 5
CsFM1349	7	15	0.640 4	0.457 9	0.594 9
TM618	9	26	0.803 8	0.685 2	0.776 6
总计 total	89	221	—	—	—

表 4 7 个茶树群体的遗传多样性分析
Tab. 4 Analysis of genetic diversity of 7 tea tree populations

群体 population	等位基因数 (<i>A</i>) allele number	特有等位基因 private allele	基因型数 genotypes	基因多样性 (<i>H</i>) gene diversity	杂合度 (<i>H_e</i>) heterozygosity	多态性信息含量 (PIC) polymorphism information content
LB(50)/LB(10)	76/59.4	29/8.2	9.533 3/4.906 6	0.597 6/0.569 8	0.451 1/0.451 4	0.545 5/0.516 0
FQ	55	10	4.800 0	0.545 5	0.461 8	0.490 3
GL	54	3	4.266 7	0.487 9	0.524 1	0.444 2
DY	59	4	4.533 3	0.478 6	0.466 7	0.446 7
YJ	54	7	4.866 7	0.511 5	0.507 4	0.471 5
CZ	51	2	3.733 3	0.449 0	0.447 6	0.410 7
ZP	62	22	5.400 0	0.577 9	0.562 1	0.525 2

注：“/”后值为随机抽取雷波群体 10 个样本 5 次结果的平均值。
Note: The value of “/” is the average value of 5 results of 10 samples of random population.

(PIC) 为 0.545 5。雷波野生茶树群体杂合度 (H_e) 较低为 0.451 1, 仅高于崇州野生茶树 (0.447 6)。

2.2 野生茶树群体亲缘关系分析

计算 7 个茶树群体两两间的遗传距离, 结果为 0.081 8~0.382 5 之间 (表 5)。在 6 个野生茶树群体间, 雷波 (LB) 与大邑 (DY) 野生茶树群体的遗传距离最小 (0.081 8), 说明二者之间的亲缘关系最近, 与凤庆 (FQ) 的遗传距离最大 (0.174 1), 说明雷波与凤庆的野生茶树亲缘关系最远; 栽培茶树整体与野生茶树遗传距离较大, 亲缘关系都较远。

基于群体之间的遗传距离利用 UPGMA 法进行聚类分析, 如图 2 所示: 栽培种茶树聚为一

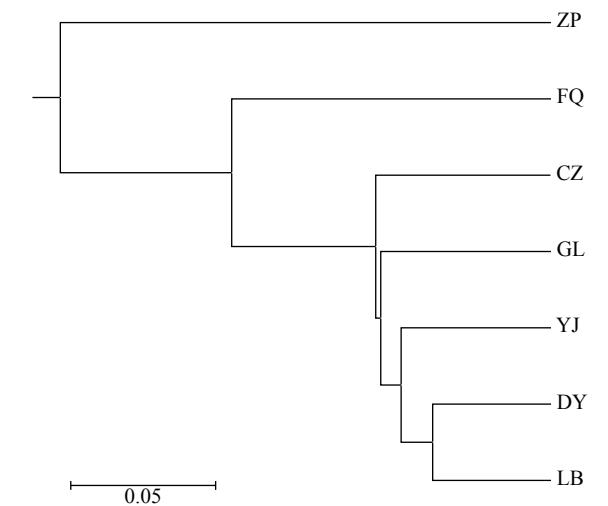
类, 云南凤庆县的野生茶树聚为一类, 四川境内 5 个地区 (崇州、古蔺、荃经、大邑和雷波) 的野生茶树被聚为一类, 说明本研究分析的野生茶树样与栽培种茶树之间存在较大差异, 四川境内的野生茶树和云南的野生茶树亲缘关系较远。

2.3 材料个体间的聚类关系

为了进一步探究雷波野生茶树的遗传学地位, 我们基于 Nei's 遗传距离, 用 UPGMA 法进行个体间的聚类分析, 结果如图 3 所示。大部分来自雷波的材料聚在了一起, 但也有少量单株分散在四川其他野生茶树群体中, 如 LB206、LB412、LB316 与荃经野生茶树混在了一起, 而 LB208、LB314、LB209 与崇州枇杷茶聚在了一起。栽培

表 5 7 个茶树群体间的遗传距离
Tab. 5 Genetic distance among 7 tea tree populations

群落 populations	CZ	DY	FQ	GL	LB	YJ	ZP
CZ	****	0.111 4	0.255 2	0.121 2	0.131 3	0.119 6	0.382 5
DY	0.111 4	****	0.234 9	0.126 9	0.081 8	0.105 6	0.357 7
FQ	0.255 2	0.234 9	****	0.210 3	0.174 1	0.228 2	0.318 0
GL	0.121 2	0.126 9	0.210 3	****	0.112 3	0.113 5	0.348 3
LB	0.131 3	0.081 8	0.174 1	0.112 3	****	0.101 5	0.265 6
YJ	0.119 6	0.105 6	0.228 2	0.113 5	0.101 5	****	0.361 9
ZP	0.382 5	0.357 7	0.318 0	0.348 3	0.265 6	0.361 9	****



注: FQ. 凤庆; GL. 古蔺; CZ. 崇州; DY. 大邑; YJ. 荃经; LB. 雷波; ZP. 栽培种。
Note: FQ. Fengqing; GL. Gulin; CZ. Chongzhou; DY. Dayi; YJ. Yingjing; LB. Leibo; ZP. cultivar.

图 2 基于遗传距离的 7 个茶树群体 UPGMA 聚类图
Fig. 2 UPGMA clustering map of 7 tea populations based on genetic distance

种茶树与野生茶树差异较为明显,除了紫嫣与 LB317 材料,紫娟与凤庆材料具有较近外,其余的各自聚为 2 个不同的类。凤庆 (FQ) 的野生茶树与其他茶树有较少的交叉,除了 FQ10 其余的材料单独聚为一类。

3 讨论

3.1 雷波野生茶树遗传多样性及育种价值

茶树种质资源及遗传育种研究以遗传多样性为基础,了解茶树群体遗传多样性是评价鉴定该群体的重要方面。群体遗传多样性高能够最大限度地避免育种过程中的近亲繁殖及遗传背景变窄的问题^[14]。本研究利用 15 对 SSR 标记在 108 份供试材料中共检测到 89 条等位基因和 221 种基

因型,其中 50 份雷波茶树材料中检测到 76 条等位基因和 143 种基因型。与其他茶树群体进行比较,显示雷波野生茶树群体的各项遗传参数均处于较高水平 ($H=0.597\ 6$, $PIC=0.545\ 5$),接近云南茶树遗传多样性水平 ($H=0.609$, $PIC=0.578$),高于四川茶树遗传多样性水平 ($H=0.525$, $PIC=0.492$)^[15]。雷波野生茶树群体杂合度 (H_e) 在 7 个茶树群体中处于较低水平为 0.451 1,高于云南西双版纳地区野生茶树的杂合度 ($H_e=0.353$)^[16]。从特有等位基因数来看,50 份雷波野生茶树群体有 29 条特有等位基因,在各个茶树群体中最高,说明该群体具有较大的育种价值和育种潜力。

ZHAO 等^[9]研究发现:野生茶树的过度开发和群落的破坏会导致野生群体中遗传多样性反而低于最近驯化的群体,本试验所用栽培型茶树材料来源于全国各地,在育种过程中不断的杂交选育,因此其基因多样性 (H) 处于较高水平,但是雷波野生茶树的遗传多样性仍高于栽培群体,从这个角度来看,雷波野生茶树群体遗传多样性处于较高水平,并且未受到过多的破坏,多样性得到了较好的保存。依据阚能才^[2]对川渝地区野生茶树分布的研究,两片野生茶树集中分布的交汇处正是位于雷波附近,而川南盆沿也是茶树原产地的一部分^[17],四川境内 5 个野生茶树群体遗传多样性 (H) 由高到低依次是雷波、荃经、古蔺、大邑和崇州,表现为以雷波为中心由南向北、由西向东递减,与茶树演化方向相吻合,据此我们推测雷波地区附近有可能是四川野生茶树的发源中心,而其杂合度处于较低水平也说明该群体较为原始。

3.2 雷波野生茶树群体与其他群体的亲缘关系
群体间的聚类结果表明:四川境内 5 个地区 (崇州、古蔺、荃经、大邑和雷波) 的野生茶树被

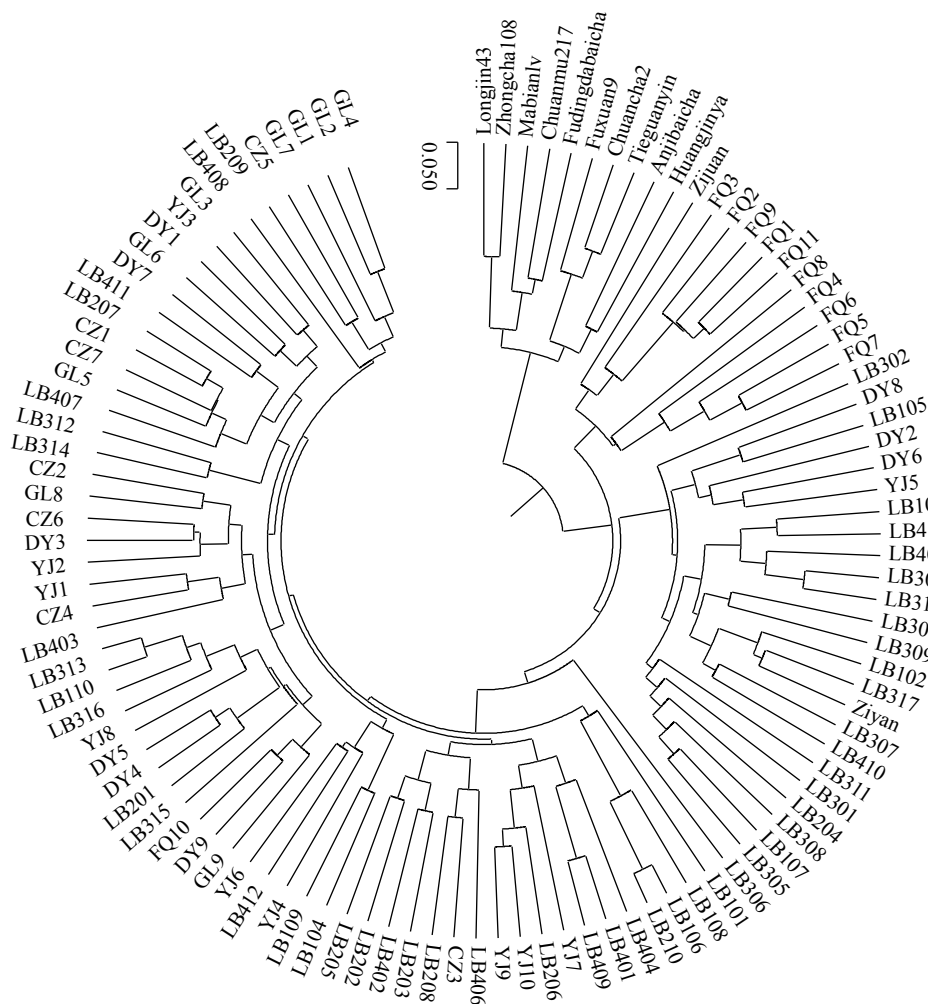


图 3 108 份茶树资源亲缘关系图

Fig. 3 The relationship diagram of 108 tea tree resources

聚为一类，云南凤庆的野生茶树单独聚为一类，说明云南凤庆与四川境内的野生茶树群体之间存在较大差异。虽然从地理位置上看雷波处于云南和四川的交界区域，本研究结果不支持雷波野生茶树为四川野生茶树和云南野生茶树的过渡类型。钟渭基^[17]指出四川野生大茶树系本地原产，并非云南大叶茶北移次生。云南凤庆与四川由于横断山脉的阻隔，使云南野生茶树并没有向北演化至四川，使得四川与云南的野生茶树群落相互独立，亲缘关系远。

四川的 5 个野生茶树群体中，雷波与大邑的野生茶树遗传距离最小 (0.081 8)，亲缘关系最近。四川境内各个野生茶树群体之间的亲缘关系与地理位置并无较大关联，造成这一结果的原因可能在于不同群落间除了自然条件的迁移杂交，还存在人为引种使不同地域间的茶树不断异交，

导致不同的群体间和不同种质类型的茶树基因交流频繁，群体亲缘关系接近^[18-20]。

通过个体聚类分析结果表明：野生种与栽培种在亲缘关系上存在较大的差异，紫娟茶与凤庆的野生茶树具有较近的亲缘关系，因为两者都来自云南。四川境内的野生茶树各群体相对独立，也交叉分布，说明它们之间有差异但并没有清晰的分化界限。雷波野生茶树不同区块之间差异不大，不同样本聚类并未因采样区块的不同而有差异，可能因各区块地理距离相近，尚未形成分化。

3.3 雷波野生茶树的利用及保护策略

本研究表明：雷波野生茶树资源丰富，遗传多样性水平高，具有重要的利用价值。该群体保留大量在其他群体中未检测到的特有等位基因，可能与其较强的抗病虫害、抗寒等特异性状有关，因此具有较大育种潜力。雷波野生茶树与

常见的栽培品种遗传距离远, 用该群体的材料和栽培品种进行杂交育种可能会产生较好的杂种优势^[21], 增加栽培茶树品种的遗传基础。另外从本研究所分析的雷波野生茶树上采摘鲜叶试制的红茶品质较好(数据未发表), 因此也可以直接从该群体中选择优异单株, 进行无性扦插繁殖和驯化栽培。

野生茶树是雷波的特色资源, 要加以重视和保护, 近几年消费市场对于纯天然有机茶需求的加大, 野生茶价格不断攀升, 导致部分野生茶树遭到过度采摘, 随意砍伐, 造成了一些茶树资源的流失。如果持续遭到破坏, 将威胁着整个茶树群落的生存繁衍, 从而影响到雷波野生茶树资源的遗传多样性和种群规模。因此, 需要进一步加强保护, 可采用就地保护与异地保存相结合的办法, 在当地划定核心保护区并做好野生茶树保护的宣传工作, 同时对于有代表性的优良或特色资源材料应剪取穗条, 异地扦插繁育, 确保重要种质资源不丢失。

[参考文献]

- [1] 虞富莲. 论茶树原产地和起源中心[J]. 茶叶科学, 1986, 6(1): 1. DOI: [10.13305/j.cnki.jts.1986.01.001](#).
- [2] 阚能才. 茶树起源与川渝野生茶树分布研究[J]. 西南农业学报, 2013, 26(1): 382. DOI: [10.3969/j.issn.1001-4829.2013.01.080](#).
- [3] 刘绍杰, 迟琳, 谢文钢, 等. 古藁牛皮茶树种质资源遗传多态性[J]. 作物学报, 2014, 40(12): 2118. DOI: [10.3724/SP.J.1006.2014.02118](#).
- [4] 王春梅. 四川崇州枇杷茶野生大茶树种质资源调查研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2012
- [5] 黄福涛. 应用 ISSR 分子标记研究崇州枇杷茶和荣经枇杷茶种质资源遗传多样性与亲缘关系[D]. 成都: 四川农业大学, 2015.
- [6] TAN L Q, WANG X Y, LI H, et al. Systematic evaluation of Landrace tea populations in Northern Sichuan, China, based on morphology, DNA markers, and biochemistry analyses[J]. HortScience, 2018, 53(8): 1095. DOI: [10.21273/hortsci13116-18](#).
- [7] TANIGUCHI F, KIMURA K, SABA T, et al. World-wide core collections of tea (*Camellia sinensis*) based on SSR markers[J]. Tree Genetics and Genomes, 2014, 10(6): 1555. DOI: [10.1007/s11295-014-0779-0](#).
- [8] FANG W, CHENG H, DUAN Y, et al. Genetic diversity and relationship of clonal tea (*Camellia sinensis*) cultivars in China as revealed by SSR markers[J]. Plant Systematics and Evolution, 2012, 298(2): 469. DOI: [10.1007/s00606-011-0559-3](#).
- [9] ZHAO D W, YANG J B, YANG S X, et al. Genetic diversity and domestication origin of tea plant *Camellia taliensis* (Theaceae) as revealed by microsatellite markers[J]. BMC Plant Biology, 2014, 14(1): 14. DOI: [10.1186/1471-2229-14-14](#).
- [10] TAN L Q, WANG L Y, XU L Y, et al. SSR-based genetic mapping and QTL analysis for timing of spring bud flush, young shoot color, and mature leaf size in tea plant (*Camellia sinensis*)[J]. Tree Genetics and Genomes, 2016, 12(3): 52. DOI: [10.1007/s11295-016-1008-9](#).
- [11] 王丽鹭. 基于 EST 数据库和转录组测序的茶树 DNA 分子标记开发与应用研究[D]. 杭州: 中国农业科学院, 2011
- [12] LIU K, MUSE S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128. DOI: [10.1093/bioinformatics/bti282](#).
- [13] NEI M, TAJIMA F, TATENO Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data[J]. Journal of Molecular Evolution, 1983, 19(2): 153. DOI: [10.1007/bf02300753](#).
- [14] YAO M Z, CHEN L, LIANG Y R. Genetic diversity among tea cultivars from China, Japan and Kenya revealed by ISSR markers and its implication for parental selection in tea breeding programmes[J]. Plant Breeding, 2008, 127(2): 166. DOI: [10.1111/j.1439-0523.2007.01448.x](#).
- [15] 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 Genetics and Genomes, 2012, 8(1): 205. DOI: [10.1007/s11295-011-0433-z](#).
- [16] 杨金玲, 赵艳娟, 黄光福, 等. 西双版纳地区古茶树遗传多样性分析[J]. 植物学研究, 2018, 7(4): 442. DOI: [10.12677/br.2018.74054](#). DOI: [10.12677/BR.2018.74054](#).
- [17] 钟渭基. 四川野生大茶树与茶树原产地问题[J]. 今日种业, 1980(2): 32.
- [18] 张明泽, 姚玉仙, 陈世军. 黔南 60 份茶树种质资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 西北植物学报, 2016, 36(6): 1117. DOI: [10.7606/j.issn.1000-4025.2016.06.1117](#).
- [19] 唐探. 基于 EST-SSR 标记的云南镇沅县野生型茶树和栽培型茶树的遗传多样性研究[D]. 昆明: 西南林业大学, 2016.
- [20] 彭靖茹, 李朝昌, 檀业维, 等. 基于 SSR 分子标记的广西德保县和隆林县野生古茶树聚类分析[J]. 南方农业学报, 2019, 50(1): 1. DOI: [10.3969/j.issn.2095-1191.2019.01.01](#).
- [21] 姚雪倩, 叶乃兴. 杂种优势在茶树育种中的应用[J]. 茶叶学报, 2016, 57(3): 113. DOI: [10.3969/j.issn.1007-4872.2016.03.002](#).

责任编辑: 何承刚