



利用荧光 SSR 标记鉴定茶树自然杂交后代遗传背景

杨 军, 游小妹, 陈常颂*

(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:为研究茶树自然杂交后代遗传背景, 分析不同茶树自然杂交后代遗传差异, 利用 24 对 EST-SSR 标记对 82 个茶树自然杂交后代和 34 个福建主要栽培品种进行分子标记, 研究茶树自然杂交后代的亲缘关系、群体遗传多样性并进行亲本模拟分析。结果表明, (1) 24 对 SSR 标记共检测到 157 个多态性位点, 平均等位位点数为 6.542 个, Nei's 多样性指数平均为 0.588, Shannon's 信息指数平均为 1.182, 平均观测杂合度和期望杂合度分别为 0.577 和 0.591; (2) 遗传距离聚类将各供试样品划分为 4 类, 群体 1 主要为‘丹桂’及其自然杂交后代; 群体 2 主要为‘丹桂’、‘黄观音’自然杂交后代与福建省乌龙茶品种; 群体 3 主要为‘白鸡冠’及其自然杂交后代; 群体 4 主要为福建省绿茶品种; (3) ‘丹桂’、‘白鸡冠’和‘黄观音’自然杂交后代群体与福建主要栽培品种的遗传距离分别为 0.079、0.117、0.107; (4) 群体 1 亚群 b 内‘丹桂’自然杂交后代模拟亲本准确率为 77.8%, 模拟父本主要为福建乌龙茶品种, 与群体 2 (亚群 a) 的遗传相似度、遗传分化系数、基因流分别为 0.899、0.043、5.480; (5) AMOVA 分析结果显示, 有 88.52% 的遗传变异来自群体内部的个体间, 表明遗传变异主要发生在群体内。

关键词: 茶树; 亲缘关系; 亲本模拟; 自然杂交; 遗传背景

中图分类号: Q346.5; Q789; S571.1 **文献标志码:** A

Genetic Background Identification of the Natural Hybrid Progenies of Tea on Fluorescently Labeled SSR

YANG Jun, YOU Xiaomei, CHEN Changsong*

(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 differences and genetic background of natural hybrid progenies of tea, the molecular markers research was carried out based on 82 natural hybrid progenies of tea and 34 main cultivated varieties in Fujian by using 24 simple repeat sequence marks to study the genetic relationship, population genetic diversity and parental simulation analysis. The results indicated that, (1) a total of 157 polymorphic sites were detected, with an average of 6.542 alleles, an average of 0.588 for Nei's diversity index and 1.182 for Shannon's information index, the mean values of observed and expected heterozygosity were 0.577 and 0.591, respectively. (2) The method of genetic distance clustered all the accessions into four groups, group one were mainly ‘Dangui’ and the natural hybrid progenies of ‘Dangui’,

收稿日期: 2023-06-09; **修改稿收到日期:** 2023-08-20

基金项目: 农业高质量发展超越创新工程专项 (XTXGCG2021004); 福建省农业科学院科技创新团队项目 (CXTD2021006-1); 福建省公益类科研院所专项 (2021R1029007)

作者简介: 杨 军 (1981—), 男, 助理研究员, 主要从事茶树资源与育种研究。E-mail: 99258768@qq.com

* 通信作者: 陈常颂, 研究员, 硕士生导师, 主要从事茶树新品种选育研究。E-mail: ccs6536597@163.com

group two were mainly the Oolong tea varieties in Fujian and the natural hybrid progenies of ‘Dangui’, ‘Huangguanyin’, group three were mainly ‘Baijiguan’ and the natural hybrid progenies of ‘Baijiguan’, group four were mainly the green tea varieties in Fujian. (3) The genetic distance between the natural hybrids of ‘Dangui’, ‘Baijiguan’, ‘Huangguanyin’, and the main cultivar in Fujian were 0.079, 0.117 and 0.107 respectively. (4) In subgroup a of population 1, the accuracy of simulating parents for the natural hybrid offspring of ‘Dangui’ were 77.8%. The simulated parents were mainly the Oolong tea variety in Fujian, the genetic identity, genetic differentiation index and gene flow between subgroup b of group one and subgroup a of group two were 0.899, 0.043 and 5.480 respectively. (5) AMOVA attributed about 88.52% of the variance to individuals within populations, indicating that the main genetic variation existed within populations.

Key words: tea plants; genetic relationship; parent simulation; natural hybridization; genetic background

茶树[*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze]属山茶科(Theaceae)山茶属(*Camellia* L.),起源于中国西南地区,至今已有 3 000 多年的栽培历史,并先后传入日本、印度、斯里兰卡等 50 多个国家,目前已成为全世界三大饮料作物之一^[1]。茶树是多年生、常绿木本、异花授粉植物,在遗传组成上高度异质杂合,在品种选育初期通过早期鉴定和准确选择目标性状提高育种效率尤为重要^[2-3]。分子标记技术是茶树种质资源鉴定的重要手段之一^[4-5]。余继忠等^[6]比较‘福鼎大白茶’、云南大叶茶杂交后代遗传多样性与亲缘关系,显示以云南大叶茶为母本比以福鼎大白茶为母本遗传多样性更高;姜晓辉等^[7]鉴定结果显示,5 个云南白莺山茶树种质资源亚群间存在基因交流;陈立杰等^[8]分析贵阳花溪古茶树资源,结果表明贵阳花溪古茶树资源由乔木型向灌木型进化;安红卫等^[9]对贵州茶树种质资源进行鉴定,贵州茶树种质资源间亲缘关系、遗传距离与取样的海拔高度与密切相关;毛娟等^[10]认为野生大理茶居群大雪山与栽培大理茶居群香竹箐和白莺山遗传距离相对较大,大理茶栽培居群和阿萨姆茶通过渐渗杂交,可能造成大理茶栽培居群的遗传背景较复杂;张明泽等^[11]分析黔南野生茶树种质资源来源地间遗传距离与地理距离不存在显著相关性。以分子标记技术对多个茶树自然杂交后代进行亲缘关系、遗传多样性、亲本模拟分析的相关研究较少,利用分子标记辅助多个茶树自然杂交后代进行鉴定,对于明确茶树自然杂交后代遗传组成上的差异,加快茶树品种选育进程,具有重大的意义。

亲本模拟分析是了解自然杂交后代遗传背景的重要手段之一,主要用于分析亲本的遗传方式(花粉传播距离、自交不亲性)。常用的亲本模拟分析软件有 PAPA、CERVUS、FAM0Z、和 COLONY,其中李博等^[12]对比 PAPA、CERVUS、COLONY 亲本模

拟鉴定的准确率,认为 CERVUS 亲本模拟分析的准确率最高。近些年,在不同的植物与动物研究中都有大量利用 CERVUS 软件亲本模拟分析,分别确定了马尾松 25 粒种子^[13]、油松 126 粒种子^[14]、桉树 7 个半同胞子代^[15]、油橄榄 29 个子代^[16]、圆口铜鱼 297 尾子一代^[17]、许氏平鲈 18 个子代^[18]、鲮 42 尾子代^[19]、长鳍吻鲈 96 个子代^[20]的亲本。茶树上利用 CERVUS 软件对茶树自然杂交后代进行模拟分析,并将其结果与遗传距离、遗传多样性分析相结合,研究茶树自然杂交后代遗传背景的报道较少。试验以福建省主要栽培品种为参照,对‘丹桂’、‘白鸡冠’、‘黄观音’自然杂交后代进行亲本模拟、亲缘关系、遗传多样性、基因流等研究,旨在对茶树自然杂交后代进行初步鉴定,确定自然杂交后代遗传背景,为茶树育种、茶树自然杂交后代筛选提供初步依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料包括福建主要栽培品种与茶树自然杂交后代种质资源一共 116 个,其中‘丹桂’(母本)自然杂交后代 58 个,‘白鸡冠’(母本)自然杂交后代 15 个,‘黄观音’(母本)自然杂交后代 9 个,福建省主要栽培品种 34 个(表 1)。2021 年 10 月在福建省农业科学院茶叶研究所采集 116 个材料的 1 芽 2 叶嫩叶后用液氮保存带回实验室,保存在-70℃冰箱中备用。

1.2 样品 DNA 提取与 SSR 扩增

1.2.1 基因组 DNA 提取与检测

采用金基强等^[21]的方法,利用 CTAB 法提取茶树嫩叶的总 DNA。用 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳进行茶树基因组分子量大小检测,用 756-MC 型紫外分光光度计测定茶树基因组 DNA 的纯度(OD_{260/280} 比值)。

表 1 116 份供试材料的名称与来源

Table 1 Name and origin of 116 materials used in this study

编号 Code	材料编号 Material number	材料来源 Material Source	主要加工茶类 Main processing tea	编号 Code	材料编号 Material number	材料来源 Material Source	主要加工茶类 Main processing tea
1	FT1	‘福云 7 号’‘Fuyun 7’	绿茶 Green tea	20	FT20	‘福鼎大毫茶’‘Fuding Dahaocha’	绿茶 Green tea
2	FT2	‘金牡丹’‘Jinmudan’	乌龙茶 Oolong tea	21	FT21	‘福鼎大白茶’‘Fuding Dabaicha’	绿茶 Green tea
3	FT3	‘福云 10 号’‘Fuyun10’	绿茶 Green tea	22	FT22	‘金萱’‘Jinxuan’	乌龙茶 Oolong tea
4	FT4	‘黄玫瑰’‘Huangmeigui’	乌龙茶 Oolong tea	23	FT23	‘福建水仙’‘Fujian Shuixian’	乌龙茶 Oolong tea
5	FT5	‘瑞香’‘Ruixiang’	乌龙茶 Oolong tea	24	FT24	‘毛蟹’‘Maoxie’	乌龙茶 Oolong tea
6	FT6	‘大叶乌龙’‘Dayewulong’	乌龙茶 Oolong tea	25	FT25	‘茗科 1 号’‘Mingke 1’	乌龙茶 Oolong tea
7	FT7	‘福云 20 号’‘Fuyun20’	绿茶 Green tea	26	FT26	‘福云 595’‘Fuyun 595’	绿茶 Green tea
8	FT8	‘春兰’‘Chunlan’	乌龙茶 Oolong tea	27	FT27	‘绿芽佛手’‘lvya Foshou’	乌龙茶 Oolong tea
9	FT9	‘凤圆春’‘Fengyuanchun’	乌龙茶 Oolong tea	28	FT28	‘肉桂’‘Rougui’	乌龙茶 Oolong tea
10	FT10	‘铁观音’‘Tie guanyin’	乌龙茶 Oolong tea	29	FT29	‘悦茗香’‘Yuemingxiang’	乌龙茶 Oolong tea
11	FT11	‘黄观音’‘Huangguanyin’	乌龙茶 Oolong tea	30	FT30	‘政和大白茶’‘Zhenghe Dabaicha’	绿茶 Green tea
12	FT12	‘九龙袍’‘Jiulongpao’	乌龙茶 Oolong tea	31	FT31	‘白芽奇兰’‘Baiya Qilan’	乌龙茶 Oolong tea
13	FT13	‘福安大白茶’‘Fuan Dabaicha’	绿茶 Green tea	32	FT32	‘大红袍’‘Dahongpao’	乌龙茶 Oolong tea
14	FT14	‘黄奇’‘Huangqi’	乌龙茶 Oolong tea	33	FT33	‘白鸡冠’‘Bai Jiguan’	乌龙茶 Oolong tea
15	FT15	‘歌乐茶’‘Gelecha’	绿茶 Green tea	34	FT34	‘紫玫瑰’‘Zi Meigui’	乌龙茶 Oolong tea
16	FT16	‘黄桫’‘Huangdan’	乌龙茶 Oolong tea	35—92	DG1-58	‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dangui’	
17	FT17	‘丹桂’‘Dangui’	乌龙茶 Oolong tea	93—107	BJG1-15	‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Baijiguan’	
18	FT18	‘福云 6 号’‘Fuyun 6’	绿茶 Green tea	108—116	HGY1-9	‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	
19	FT19	‘梅占’‘Meizhan’	乌龙茶 Oolong tea				

1.2.2 引物合成

参照文献[22]引物序列(上海 Sangon 公司合成),引物信息见表 2。

1.2.3 PCR 扩增和产物鉴定

PCR 反应体系为:ddH₂O 18.8 μL,10×Buffer 2.5 μL(Mg²⁺),dNTP(10 mmol/L)0.5 μL,上、下游引物(10 μmol/L)各 0.5 μL,Taq 聚合酶 0.2 μL(0.5 U/μL),模板 DNA 1.0 μL。PCR 反应于美国 ABI-9600 型扩增仪上进行,热循环程序为:94 ℃预变性 4 min,使模板 DNA 充分变性,然后进入下列温度循环:94 ℃变性 45 s,不同温度条件退火 60 s,72 ℃延伸 75 s,重复 35 个热循环;72 ℃延伸 10 min,最后 4 ℃保存。引物统一在反向引物(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 9.0 μL,混匀后使用 ABI 公司 3730XL 进行毛细管电泳。

1.2.4 数据处理

采用 ABI 公司的 GeneMapper4.0 软件,选择 Ge-

neScan™ 500 ROX™ 作为分子量标准,对每 1 个扩增出的条带记录大小。运用 PopGen3.2 软件计算等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e),Shannon's 信息指数(I)和 Nei's 基因多样性指数(H);群体间遗传分化系数(F_{st})、基因流(N_m),遗传相似度(G_1)、遗传距离(G_D)。使用 PIC-CALC 软件计算各引物的多态性信息含量指数(PIC)。运用 NTSYSpc2.1 计算材料间遗传距离,利用 MEGA7.0 进行 UPGMA 聚类分析,并采用网站 <https://itol.embl.de/> 进行图片优化。

1.2.5 亲本模拟分析

利用 CERVUS 3.0 软件对子代模拟亲本鉴定。对‘丹桂’、‘白鸡冠’和‘黄观音’自然杂交后代,34 个候选亲本进行亲子鉴定分析,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,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,计算候选父本基因型似然对数比(LOD)值和 95%置信水平,根据 LOD 值大小判定亲子关系。

表 2 24 对 SSR 引物及其序列

Table 2 Nucleotide sequences of the 24 primer pairs

引物名称 The name of the primer	重复序列 Repeated sequence	正向引物序列 Forward primer sequence(5'→3')	反向引物序列 Reverse primer sequence(5'→3')
TM262	(CT)21	CGACCAGACGGTGAAT	AGGCTTGTGAGCAAAATC
TM324	(TTTTTG)5	CATCGTTTCATTGCTTATT	ATTTTCGGCATTGTCTT
TM337	(CCAATT)6	GTGCGGCAAAGCTGTCTT	ACCTCCATCTCCAAACCC
TM351	(GGAGAA)3	GGGTGAGAGTAAAGGGGGAG	AAACACAAAATCAAATTTGTCAGAA
TM352	(GAGGTG)4	CTTCTTCCTGTCGGGTTGAG	GTCAACGCCTATAACGGAA
TM369	(GAA)8	CGGAGCTGGAATCTGAAGAG	GGAAGGGTTGCAAATTCTGA
TM395	(TCTTTT)4	GATTGTAGGACAGCCGTGGT	AAGTTGGGGCTTGTTAAAGGA
TM397	(CAT)6	CTCAGCATCATCCCAGAAT	TGACGAAGATGACGACGAAG
TM415	(CCTTC)3	TCCACCCAAAACCTACTCTCTC	TATTTTCGAAACGAGCCATC
TM422	(TTC)7	GGACTTCGTTGCTTCCTTTG	CCATTCTCGACGAATCCAGT
TM426	(AGA)11	TGAGAGTGCTTGTCTGGGTG	CAACTACCCCTTTCCCAT
TM428	(CAC)7	TCTCTCCTCGATCCTCAGA	CCCTCTTCTTCGGATCCTTC
TM440	(TTTGC)3	TTGACCCGAATAAAATGGGA	CCTCAAAACATGCTTTTCTTAATC
TM442	(ATACAC)3	CAAGCCAAACCTTGCTGAAT	CTGTCTGTGTCTGGTGGTG
TM445	(GTA)5	CCCAAATCCCAAGCTGTAGA	ACGATCGAGCCTGCAATACT
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	(TTTTC)3	CGTCTTTCCTTGTTTCTGG	CACAAGCCATTGTAGAGAGAGAAA
TM589	(CTCCT)3	CACCACTGCCCAACAAACT	GAGGATGATGATTTCGGGAGA
TM601	(GGA)5	TTGCACTGGAGTGCATAAG	CATCGCCACCAAACCTTTCT

2 结果与分析

2.1 引物的多态性信息量

从表 3 看出,24 对 SSR 引物在供试样品中共获得 157 个等位基因,如图 1 为毛细管电泳对引物 TM352 扩增片段进行分析的部分结果,其中最多的为 16 个,最少为 3 个,平均为 6.542;有效等位基因数(N_e)的变化范围是 1.235~6.166,平均为 2.959。本试验中 PIC 值变化范围在 0.226~0.819,平均大于 0.5(PIC 值平均值=0.542),因此,24 对引物整体多态性较高。Shannon's 多样性指数(I)变化范围在 0.398~2.073,平均值为 1.182,说明供试样品具有较高的遗传多样性。

2.2 茶树自然杂交后代亲缘关系与亲子模拟分析

从遗传距离聚类(图 2)看出,供试材料主要分布在 4 个群体。群体 1 主要为‘丹桂’及其自然杂交后代;群体 2 主要为‘丹桂’、‘黄观音’自然杂交后代与福建省乌龙茶品种;群体 3 主要为‘白鸡冠’及其自然杂交后代;群体 4 主要为福建省绿茶品种,‘福

鼎大毫茶’、‘歌乐茶’与‘福鼎大白茶’及其杂交后代,其中‘福鼎大毫茶’、‘歌乐茶’与‘福鼎大白茶’均为福鼎市当地品种;从 4 个群体茶树品种分布看出,茶树品种自然杂交后代大多与其母本亲缘关系较近,遗传基础受母本遗传信息影响较大。群体 1 中主要为‘丹桂’及其自然杂交后代,按亲缘关系分为 3 个亚群。将遗传距离聚类与亲子分析结果(表 4)相结合可以看出,亚群 a 由‘丹桂’及其 29 个自然杂交后代与 BJG5 组成,亲子模拟母本(‘丹桂’)与真实母本(‘丹桂’)相符合为 26 个,准确率为 89.6%,不符合的 DG26、DG34 模拟父本为‘肉桂’(‘肉桂’为‘丹桂’的母本),亲子模拟受祖母‘肉桂’遗传基础的影响;BJG5 真实母本(‘白鸡冠’)与模拟母本(‘白鸡冠’)相符合,模拟父本为‘丹桂’,BJG5 与‘丹桂’聚类在一起,说明 BJG5 遗传基础更偏向父本‘丹桂’;29 个‘丹桂’自然杂交后代模拟父本中 21 个为绿茶品种,8 个为乌龙茶,推测亚群 a 整体遗传基础与同母本‘丹桂’的自然杂交后代具有更多绿茶属性。

表 3 24 对引物多样性信息

Table 3 Diversity information of 24 SSR primers

引物 Primer	等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	Shannon's 多样性指数 I	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态性信息量 PIC	Nei's 基因多样性指数 H
TM262	15.000	6.166	2.073	0.496	0.842	0.819	0.837
TM369	8.000	3.557	1.559	0.690	0.722	0.690	0.718
TM422	16.000	6.187	2.091	0.817	0.842	0.820	0.838
TM426	10.000	5.575	1.826	0.733	0.824	0.795	0.820
TM428	8.000	4.510	1.710	0.711	0.782	0.751	0.778
TM440	5.000	3.368	1.346	0.724	0.706	0.652	0.703
TM442	4.000	2.586	1.090	0.609	0.616	0.540	0.613
TM461	5.000	2.574	1.135	0.707	0.614	0.559	0.611
TM499	4.000	1.318	0.497	0.252	0.242	0.226	0.241
TM513	9.000	2.902	1.390	0.655	0.658	0.607	0.655
TM569	6.000	2.738	1.205	0.713	0.638	0.579	0.634
TM589	5.000	2.770	1.147	0.682	0.642	0.573	0.639
TM601	5.000	1.465	0.666	0.323	0.319	0.299	0.317
TM352	3.000	1.966	0.769	0.504	0.494	0.397	0.491
TM324	6.000	2.635	1.098	0.578	0.623	0.554	0.620
TM395	3.000	2.180	0.864	0.776	0.544	0.447	0.541
TM397	6.000	2.471	1.179	0.504	0.598	0.552	0.595
TM576	3.000	1.571	0.569	0.474	0.365	0.301	0.363
TM337	10.000	4.530	1.706	0.767	0.783	0.747	0.779
TM415	6.000	2.192	1.028	0.322	0.546	0.489	0.543
TM502	4.000	1.235	0.398	0.209	0.191	0.179	0.190
TM493	7.000	1.882	1.016	0.491	0.471	0.443	0.468
TM351	5.000	1.973	0.922	0.534	0.495	0.448	0.493
TM445	4.000	2.649	1.061	0.578	0.625	0.544	0.622
平均 Mean	6.542	2.959	1.182	0.577	0.591	0.542	0.588

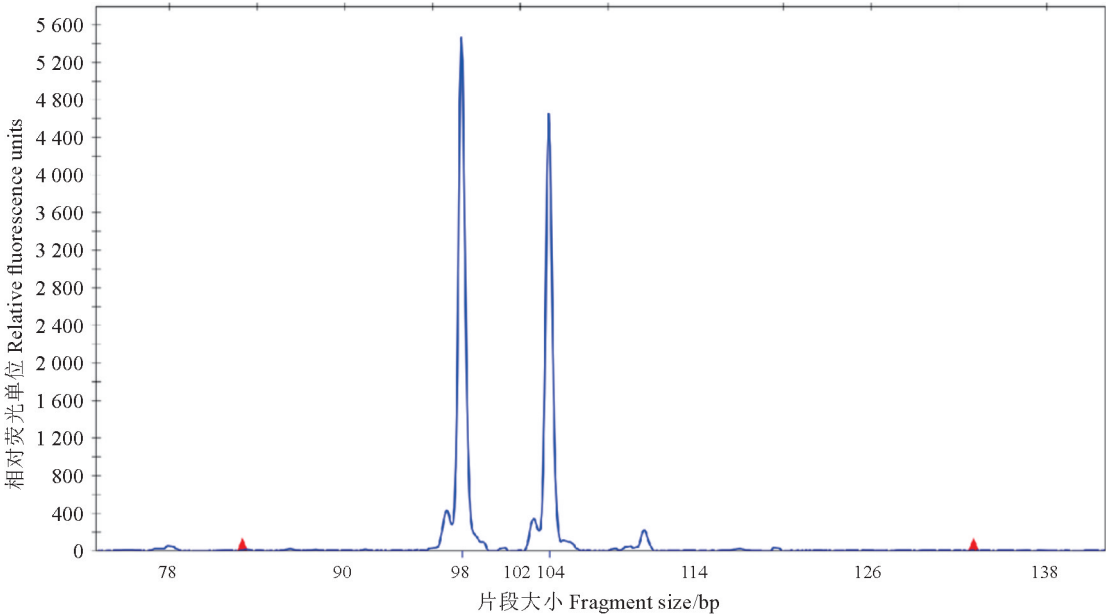


图 1 引物 TM352 的部分毛细管电泳图谱

Fig. 1 Partial capillary electrophoresis patterns of TM352

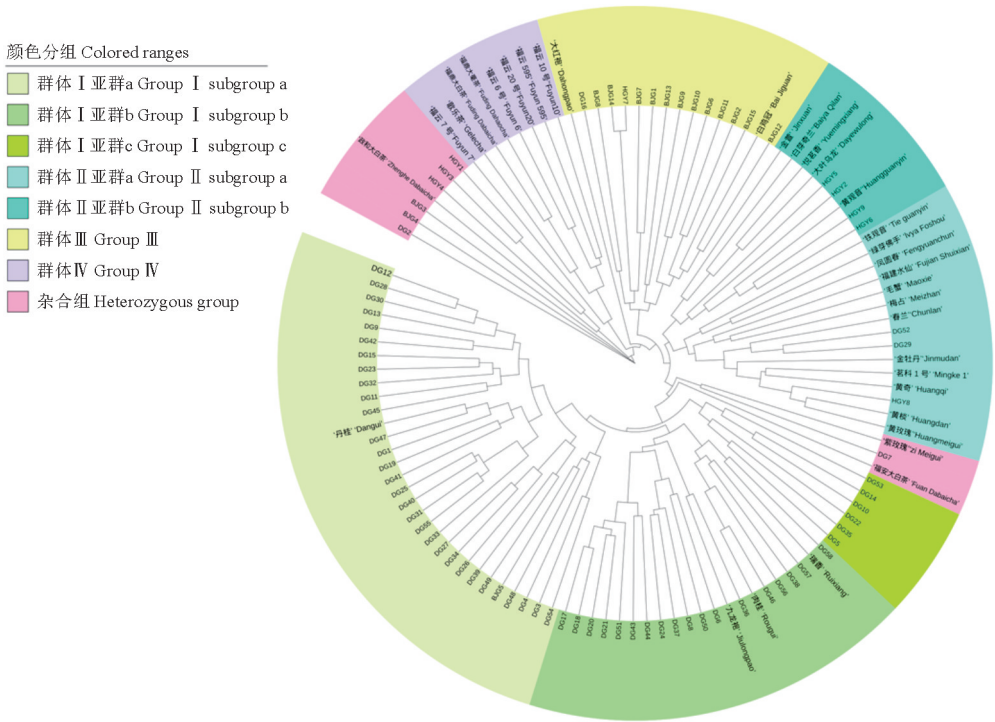


图 2 遗传距离聚类图
Fig. 2 Cluster diagram of genetic distance

亚群 b 由 18 个‘丹桂’自然杂交后代组成, 亲子模拟母本(‘丹桂’)与真实母本(‘丹桂’)相符合为 14 个, 准确率为 77.8%; 18 个‘丹桂’自然杂交后代模拟父本中 17 个为乌龙茶品种, 1 个为绿茶品种, 推测亚群 b 整体遗传基础与同母本‘丹桂’的自然杂交后代具有更多乌龙茶属性。亚群 c 由 6 个‘丹桂’自然杂交后代组成, 亲子模拟母本(‘丹桂’)与真实母本(‘丹桂’)相符合为 6 个, 准确率为 100%, 6 个‘丹桂’自然杂交后代 4 个为乌龙茶品种, 2 个为绿茶品种。

群体 2 由 5 个‘黄观音’、2 个‘丹桂’自然杂交后代与 17 个乌龙茶品种组成, 按亲缘关系分为 2 个亚群。5 个‘黄观音’自然杂交后代亲子模拟母本(‘黄观音’)与真实母本(‘黄观音’)相符合为 4 个, 准确率为 80.0%, 4 个与母本‘黄观音’亲缘关系较近, HGY8 与‘黄旦’(‘黄观音’的父本)亲缘关系较近。DG29、DG52 与乌龙茶品种‘春兰’亲缘关系较近, 未与母本‘丹桂’聚类在一起, 可能遗传基础受父本影响较大。

群体 3 由 12 个‘白鸡冠’自然杂交后代, 2 个乌龙茶品种, DG16、HGY7 组成。12 个‘白鸡冠’自然杂交后代亲子模拟母本(‘白鸡冠’)与真实母本(‘白鸡冠’)相符合为 12 个, 准确率为 100%, 10 个模拟父本为乌龙茶品种, 且母本‘白鸡冠’聚类在一起, 说明‘白鸡冠’自然杂交后代多具有乌龙茶品种特征,

遗传基础主要来自于母本‘白鸡冠’。DG16、HGY7 模拟父本均为‘白鸡冠’, 与‘白鸡冠’亲缘关系较近, 说明 DG16、HGY7 受模拟父本遗传基础影响较大。

2.3 茶树自然杂交后代遗传多样性分析

Hardy-Weinberg 遗传偏离指数 D 与 Shannon’s 遗传多样性指数是衡量群体结构的重要指标之一。从表 5 看出, 按材料来源分析, ‘丹桂’、‘白鸡冠’、‘黄观音’自然杂交后代遗传偏离指数 D 值均大于 0, 均表现为杂合子过剩现象, 属于亲本单一, 基本遗传信息主要来自与其自然杂交后代母本, ‘丹桂’、‘白鸡冠’、‘黄观音’自然杂交后代间 Shannon’s 遗传多样性指数相当, 遗传多样性均低于福建参照品种群体; 福建参照品种遗传偏离指数 D 值小于 0, 存在杂合子缺失现象, 材料遗传来源复杂, Shannon’s 遗传多样性指数最较高, 遗传多样性高。按遗传距离聚类群体分析, 8 个群体(包含亚群与杂合组)遗传偏离指数 D 值均大于 0, 说明 8 个群体遗传信息较为一致; 其中群体 3 与杂合组 Shannon’s 遗传多样性指数较高, 群体 3 主要为‘白鸡冠’自然杂交后代, 推测‘白鸡冠’父本的遗传多样性强于‘丹桂’、‘黄观音’的父本; 杂合组的遗传来源丰富, 遗传杂合度高。116 个材料整体遗传偏离指数 D 值小于 0, Shannon’s 遗传多样性指数为 1.181, 说明整体遗传多样性丰富。

表 4 82 个茶树品种亲子分析结果

Table 4 Parentage analysis result of the 82 tea varieties

群体名称 Group name	子代编号 Progeny number	候选母本 Candidate female parent	候选父本 Candidate male parent
群体 1 Group 1	DG42	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’
	DG48	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG15	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 10 号’ ‘Fuyun10’
	DG9	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 10 号’ ‘Fuyun10’
	DG12	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’
	DG28	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’
	DG32	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’
	DG11	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG13	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG30	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG23	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
	DG25	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG33	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG40	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG47	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG55	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG31	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG19	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘歌乐茶’ ‘Gelecha’
	DG41	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄奇’ ‘Huangqi’
	DG1	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG27	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG39	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG49	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’
	DG4	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’
	DG3	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’
	DG26	‘肉桂’ ‘Rougui’	‘金萱’ ‘Jinxuan’
	DG34	‘肉桂’ ‘Rougui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG45	‘福云 6 号’ ‘Fuyun 6’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG54	‘毛蟹’ ‘Maoxie’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’
	BJG5	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘丹桂’ ‘Dangui’
亚群 a Sub-group a	DG56	‘春兰’ ‘Chunlan’	‘肉桂’ ‘Rougui’
	DG17	‘黄奇’ ‘Huangqi’	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’
	DG51	‘大红袍’ ‘Dahongpao’	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’
	DG44	‘黄桫’ ‘Huangdan’	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’
	DG57	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘福鼎大白茶’ ‘Fuding Dabaicha’
	DG37	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄桫’ ‘Huangdan’
	DG6	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄桫’ ‘Huangdan’
	DG8	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄桫’ ‘Huangdan’
	DG24	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’
	DG43	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’
	DG18	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
	DG20	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘金牡丹’ ‘Jinmudan’
	DG36	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘九龙袍’ ‘Jiulongpao’
	DG21	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘梅占’ ‘Meizhan’
	DG38	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘梅占’ ‘Meizhan’
	DG46	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘肉桂’ ‘Rougui’
	DG50	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG58	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘瑞香’ ‘Ruixiang’
亚群 b Sub-group b	DG14	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG53	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG10	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘大红袍’ ‘Dahongpao’
	DG22	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG5	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG35	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’
亚群 c Sub-group c	DG14	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG53	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
	DG10	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘大红袍’ ‘Dahongpao’
	DG22	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG5	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
	DG35	‘丹桂’ ‘Dangui’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’

续表 4 Continued table 4

群体名称 Group name		子代编号 Progeny number	候选母本 Candidate female parent	候选父本 Candidate male parent
群体 2 Group 2	亚群 a Sub-group a	DG29	‘九龙袍’ ‘Jiulongpao’	‘黄奇’ ‘Huangqi’
		DG52	‘梅占’ ‘Meizhan’	‘茗科 1 号’ ‘Mingke 1’
		HGY8	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘黄桫’ ‘Huangdan’
	亚群 b Sub-group b	HGY5	‘黄玫瑰’ ‘Huangmeigui’	‘丹桂’ ‘Dangui’
		HGY2	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’
		HGY6	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’
群体 3 Group 3		HGY9	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’
		BJG12	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘茗科 1 号’ ‘Mingke 1’
		BJG15	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’
		BJG2	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘黄桫’ ‘Huangdan’
		BJG11	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘春兰’ ‘Chunlan’
		BJG6	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘黄奇’ ‘Huangqi’
		BJG10	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’
		BJG9	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘丹桂’ ‘Dangui’
		BJG13	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’
		BJG1	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘丹桂’ ‘Dangui’
		BJG7	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘毛蟹’ ‘Maoxie’
		BJG14	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘梅占’ ‘Meizhan’
		BJG8	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘肉桂’ ‘Rougui’
		DG16	‘肉桂’ ‘Rougui’	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’
未分组 Ungrouped		HGY7	‘梅占’ ‘Meizhan’	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’
		BJG3	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘九龙袍’ ‘Jiulongpao’
		BJG4	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’	‘福云 20 号’ ‘Fuyun20’
		HGY1	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘白鸡冠’ ‘Bai Jiguan’
		HGY3	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘紫玫瑰’ ‘Zi Meigui’
		HGY4	‘黄观音’ ‘Huangguanyin’	‘政和大白茶’ ‘Zhenghe Dabaicha’
		DG2	‘福安大白茶’ ‘Fuan Dabaicha’	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’
		DG7	‘歌乐茶’ ‘Gelecha’	‘福建水仙’ ‘Fujian Shuixian’

2.4 遗传距离与遗传相似度分析

从表 6 遗传距离看出, ‘丹桂’ 自然杂交后代与福建主要栽培品种遗传距离数值最小, 亲缘关系最近; 3 个自然杂交后代群体中, ‘丹桂’ 与 ‘白鸡冠’ 的遗传距离最小, 亲本模拟分析结果显示 DG16 的模拟父本为 ‘白鸡冠’, BJG1、BJG9 的模拟父本为 ‘丹桂’, ‘丹桂’ 与 ‘白鸡冠’ 自然杂交后代亲缘关系较近, 受互为其模拟父本的影响。

群体 2(亚群 a)、群体 2(亚群 b) 内主要材料为福建省乌龙茶品种, 群体 4 主要材料为福建省绿茶

品种; ‘丹桂’ 自然杂交后代分布在群体 1(亚群 a、b、c) 内, 群体 1(亚群 b) 与群体 2(亚群 a)、群体 2(亚群 b) 的遗传相似度分别为 0. 899、0. 822, 高于群体 1(亚群 a)、群体 1(亚群 c), 群体 1(亚群 b) 优先进行乌龙茶品种筛选; 群体 1(亚群 a) 与群体 4 的遗传相似度为 0. 805, 群体 1(亚群 a) 优先进行绿茶品种筛选。

群体 3 主要为 ‘白鸡冠’ 自然杂交后代, 除杂合组外, 与其遗传相似度最高的为群体 1(亚群 b), 亲缘关系较近(表 7)。

表 5 4 个群体遗传多样性对比

Table 5 Contrasting the genetic diversity of 4 groups

群体名称 Population name	材料个数 N	等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	Shannon's 多态性信息指数 I	Nei's 遗传多样性指数 H
‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dangui’	58	5.250±2.641	2.536±1.092	0.554±0.221	0.541±0.187	1.029±0.435	0.536±0.185
‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Bai Jiguan’	15	4.458±1.910	2.608±1.109	0.5950±0.2446	0.557±0.219	1.044±0.464	0.538±0.211
‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	9	4.041±2.010	2.662±1.153	0.601±0.240	0.583±0.208	1.035±0.458	0.551±0.196
福建主要栽培品种 The main cultivar in Fujian	34	5.458±2.686	2.991±1.387	0.596±0.147	0.610±0.164	1.187±0.429	0.601±0.162
群体 1 Group 1	亚群 a Subgroup a	31	4.000±2.000	2.243±0.885	0.536±0.270	0.489±0.218	0.880±0.436
	亚群 b Subgroup b	21	3.458±1.413	2.316±0.867	0.550±0.253	0.523±0.172	0.894±0.361
	亚群 c Subgroup c	6	3.166±1.464	2.268±1.134	0.585±0.273	0.519±0.221	0.842±0.438
群体 2 Group 2	亚群 a Subgroup a	15	3.875±1.361	2.456±0.955	0.592±0.202	0.560±0.160	0.980±0.343
	亚群 b Subgroup b	9	3.708±1.366	2.313±0.763	0.569±0.260	0.546±0.185	0.940±0.360
群体 3 Group 3		16	4.291±1.781	2.564±1.096	0.584±0.247	0.547±0.217	1.024±0.457
群体 4 Group 4		8	3.416±1.316	2.224±0.695	0.625±0.241	0.543±0.153	0.897±0.321
杂合组 Heterozygous group		10	5.000±2.359	3.177±1.854	0.681±0.223	0.638±0.202	1.213±0.488
所有材料 All materials		116	6.541±3.438	2.958±1.443	0.577±0.170	0.591±0.179	0.588±0.178

表 6 4 个群体间遗传距离和遗传相似度

Table 6 Genetic distance and genetic identity among 4 groups

群体名称 Population name	‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dangui’	‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Bai Jiguan’	‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	福建主要栽培品种 The main cultivar in Fujian
‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dangui’	—	0.875	0.823	0.923
‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Bai Jiguan’	0.132	—	0.861	0.889
‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	0.193	0.149	—	0.898
福建主要栽培品种 The main cultivar in Fujian	0.079	0.117	0.107	—

注:遗传距离(对角线以下)和遗传相似度(对角线以上),“—”为对角线。
Note: Genetic distance (below diagonal) and genetic identity (above diagonal), “—” were diagonal.

表 7 8 个群体间遗传距离和遗传相似度

Table 7 Genetic distance and genetic identity among 8 groups

群体名称 Population name	群体 1 Group 1			群体 2 Group 2		群体 3 Group 3	群体 4 Group 4	杂合组 Heterozygous group
	亚群 a Subgroup a	亚群 b Subgroup b	亚群 c Subgroup c	亚群 a Subgroup a	亚群 b Subgroup b			
群体 1 Group 1	亚群 a Subgroup a	—	0.883	0.861	0.769	0.770	0.835	0.867
	亚群 b Subgroup b	0.123	—	0.867	0.899	0.822	0.842	0.839
	亚群 c Subgroup c	0.149	0.142	—	0.766	0.778	0.806	0.790
群体 2 Group 2	亚群 a Subgroup a	0.261	0.106	0.266	—	0.837	0.809	0.817
	亚群 b Subgroup b	0.260	0.195	0.250	0.177	—	0.824	0.866
群体 3 Group 3		0.179	0.171	0.215	0.211	0.193	—	0.855
群体 4 Group 4		0.216	0.286	0.400	0.334	0.309	0.314	—
杂合组 Heterozygous group		0.141	0.175	0.235	0.201	0.142	0.155	0.221

注:遗传距离(对角线以下)和遗传相似度(对角线以上),“—”为对角线。
Note: Genetic distance (below diagonal) and genetic identity (above diagonal), “—” were diagonal.

2.5 遗传分化与基因流分析

参考 Wright 等^[23]对遗传分化系数 F_{st} 值大小对种群的分化程度高低进行评估,‘黄观音’自然杂交后代与‘丹桂’、‘白鸡冠’自然杂交后代的 F_{st} 值分别为 0.065、0.054,达到中度分化,其他组合间几乎无分化(表 8)。从表 9 中可以看出,群体间 F_{st} 值范围 0.043~0.144 之间,群体 1(亚群 b)与群体 2(亚群 a)小于 0.05,两群体几乎无分化外,其他群体间均达到了中度分化,因此,按遗传距离分类群体能使群体分化更为显著,群体代表的遗传信息特征更为明显。群体间的基因流大小是衡量群体间遗传差异的重要指标, $N_m > 4$,说明群体间基因流充分; $N_m < 1$,说明群体间可能发生遗传漂变,基因交流较少^[24]。本试验中‘丹桂’、‘白鸡冠’、‘黄观音’自然杂交后代与福建主要栽培品种的基因流分别为 8.331、5.806、6.706,说明‘丹桂’自然杂交后代与福

建主要栽培品种基因交流最为充分,‘白鸡冠’自然杂交后代与福建主要栽培品种基因交流为最低。按遗传距离分类 8 个群体,群体间 N_m 值为 1.476~5.480,群体 1(亚群 c)与群体 4 间基因交流值为 1.476,基因流最少,按遗传距离分类群体能使群体基因交流降低。

2.6 分子方差分析

从表 10 中可以看出,供试材料取样来源与遗传距离聚类分类的群体内遗传变异分别为 88.52%、79.53%,群体内遗传变异主要来自于材料间个体差异。遗传距离聚类分类与材料取样来源分类相比,群体内个体间遗传变异变小,群体间遗传变异增加。说明遗传距离聚类分类比自然杂交后代群体来源分类,在一定程度降低自然杂交后代未知父本带来遗传的影响,能够更清晰、准确掌握自然杂交后代的遗传背景。

表 8 4 个群体间遗传分化系数和基因流
Table 8 Genetic differentiation index and gene flow among 4 groups

群体名称 Population name	‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dangui’	‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Bai Jiguan’	‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	福建主要栽培品种 The main cultivar in Fujian
‘丹桂’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Dagui’	—	4.756	3.570	8.331
‘白鸡冠’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Bai Jiguan’	0.049	—	4.346	5.806
‘黄观音’自然杂交后代 The natural hybrid progenies of ‘Huangguanyin’	0.065	0.054	—	6.706
福建主要栽培品种 The main cultivar in Fujian	0.029	0.041	0.035	—

注:遗传分化系数(对角线以下)和基因流(对角线以上),“—”为对角线。
Note: Genetic differentiation index (below diagonal) and gene flow (above diagonal), “—” were diagonal.

表 9 8 个群体间遗传分化系数和基因流
Table 9 Genetic differentiation index and gene flow among 8 groups

群体名称 Population name	群体 1 Group 1			群体 2 Group 2		群体 3 Group 3	群体 4 Group 4	杂合组 Heterozygous group
	亚群 a Subgroup a	亚群 b Subgroup b	亚群 c Subgroup c	亚群 a Subgroup a	亚群 b Subgroup b			
群体 1 Group 1	亚群 a Subgroup a	—	4.217	3.288	2.282	2.210	3.104	2.537
	亚群 b Wubgroup b	0.056	—	3.648	5.480	2.997	3.444	2.081
	亚群 c Subgroup c	0.070	0.064	—	2.167	2.206	2.576	1.476
群体 2 Group 2	亚群 a Subgroup a	0.098	0.043	0.103	—	3.448	3.034	1.957
	亚群 b Subgroup b	0.101	0.077	0.101	0.067	—	3.122	1.983
群体 3 Group 3		0.074	0.067	0.088	0.076	0.074	—	1.991
群体 4 Group 4		0.089	0.107	0.144	0.113	0.112	0.111	—
杂合组 Heterozygous group		0.055	0.060	0.084	0.063	0.051	0.052	0.074

注:遗传分化系数(对角线以下)和基因流(对角线以上),“—”为对角线。
Note: Genetic differentiation index (below diagonal) and gene flow (above diagonal), “—” were diagonal.

表 10 群体内和群体间 AMOVA 分析结果

Table 10 AMOVA results for within and among population variations

分类 Classification	变异来源 Source of variation	自由度 Degrees of freedom	平方和 Sum of squares	方差分量 Variance component	方差分量比 Ratio of variance/%
按材料来源分组 Group by sampling location	群体间 Among populations	3	179.022	1.836	11.48
	群体内 Within population	112	1 585.418	14.156	88.52
	总计 Total	115	1 764.440	15.991	100.00
按遗传聚类分组 Group by genetic clustering	群体间 Among populations	7	403.788	3.242	20.47
	群体内 Within population	108	1 360.652	12.599	79.53
	总计 Total	115	1 764.440	15.841	100.00

3 讨 论

3.1 茶树自然杂交后代遗传背景分析

亲缘关系分析是鉴定种质资源遗传背景的重要手段之一。郭俊等^[25]对 32 份油梨资源进行亲缘关系分析,亲缘关系与地理分布有一定的关系;王鑫等^[26]明确了 17 个类群的野生铁线莲亲缘关系,部分铁线莲形态上十分相似,亲缘关系较远,尤其是瓣叶铁线莲与其他 16 种亲缘关系较远;王留彬等^[27]鉴定表明广西南渡镇茶树群体与六堡镇茶树群体、栽培种间亲缘关系较远,材料间亲缘关系远近与栽培种、野生种关系密切。宋艳画等^[28]分析没有血缘记录的黑山羊亲缘关系,依据利用 CERVUS 软件以父权分为 11 个群体,得出整个群体的亲缘关系,为群体的选育选配提供参考。试验按照材料间遗传距离进行分类,显示多数自然杂交后代都与其母本亲缘关系较近。‘丹桂’自然杂交后代多数与‘丹桂’聚类在群体 1,‘丹桂’的自然杂交后代亲缘关系都较为接近;群体 1 中的 3 个亚群,按模拟父本(父权)分类群体 1 亚群 a 的模拟父本主要为绿茶品种,可以优先进行早生、高香绿茶鉴定筛选;群体 1 亚群 b 的模拟父本主要为乌龙茶品种,可以优先进行高香乌龙茶筛选。说明同一母本遗传背景情况下,亲缘关系分析与按模拟亲本(父权)分群结果具有相关性,且亲本模拟分析比亲缘关系分析能更深刻了解供试材料的遗传

背景,有助于利于分子标记进行辅助育种选择。

3.2 茶树自然杂交后代遗传多样性分析

Shannon’s 多样性指数是衡量植物遗传多样性重要指标之一,在茶树种质资源鉴定上进行大量研究。杨阳等^[29]利用 EST-SSR 标记研究黄金茶群体遗传多样性,结果显示湖南黄金茶 38 个材料的 Shannon’s 多样性指数为 0.550;王松琳等^[30]采用 SSR 标记对 16 个白化和黄化茶树品种遗传多样性分析,Shannon’s 信息指数 0.790;杨军等^[31]对‘金牡丹’、‘悦茗香’、‘紫玫瑰’自然杂交后代进行遗传多样性分析,结果显示 Shannon’s 信息指数分别为 0.899、1.041、1.010。彭靖茹等^[32]分析 14 份广西德保县和隆林县野生古茶树遗传多样性,茶树种质资源 Shannon’s 多样性指数 0.970;周萌等^[33]对 122 个云南野生茶树种质资源进行遗传多样性分析,Shannon’s 多样性指数为 0.880;姜晓辉等^[34]分析广东曲江罗坑茶与丰顺马图茶的 Shannon’s 多样性指数分别为 1.217 与 1.228;本试验中,‘丹桂’、‘黄观音’、‘白鸡冠’3 个群体的 Shannon’s 多样性指数分别为 1.029、1.035、1.044,与前人研究相比,高于黄金茶群体、浙江白化和黄化茶、云南野生茶树,与‘金牡丹’、‘悦茗香’、‘紫玫瑰’自然杂交后代相当,低于广东曲江罗坑茶与丰顺马图茶,初步说明‘丹桂’、‘黄观音’和‘白鸡冠’3 个群体遗传多样性丰富。

参考文献:

[1] 马建强,姚明哲,陈 亮. 茶树种质资源研究进展[J]. 茶叶科学, 2015, 35(1): 11-16.
MA J Q, YAO M Z, CHEN L. Research progress on germ-plasms of tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. *Journal of Tea Science*, 2015, 35(1): 11-16.

[2] 虞富莲. 论茶树原产地和起源中心[J]. 茶叶科学, 1986, 6

(1): 1-8.
YU F L. Discussion on the originating place and the originating center of tea plant[J]. *Journal of Tea Science*, 1986, 6 (1): 1-8.

[3] 乔婷婷,姚明哲,周炎花,等. 植物关联分析的研究进展及其在茶树分子标记辅助育种上的应用前景[J]. 中国农学通报, 2009, 25(6): 165-170.

QIAO T T, YAO M Z, ZHOU Y H, *et al.* Research progress of association analysis in plants and the application prospects in breeding of tea plant [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze][J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2009, **25** (6): 165-170.

[4] 任 重, 白 倩, 苏淑钗. 基于 SSR 分子标记的中国黄连木遗传多样性分析[J]. 西北植物学报, 2023, **42**(9): 1 530-1 539.

REN Z, BAI Q, SU S C, *et al.* Genetic diversity analysis of *Pistacia chinensis* Bunge based on SSR markers[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2023, **42**(9): 1 530-1 539.

[5] 赵路宽, 苏一钧, 戴习彬, 等. 中国甘薯登记品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 西北植物学报, 2019, **39**(7): 1 212-1 220.

ZHAO L K, SU Y J, DAI X B, *et al.* Genetic diversity of the registered sweetpotato varieties in China by SSR markers[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2019, **39**(7): 1 212-1 220.

[6] 余继忠, 黄海涛, 姚明哲, 等. 基于 EST-SSR 的福云(半)同胞系茶树品种(系)遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 茶叶科学, 2010, **30**(3): 184-190.

YU J Z, HUANG H T, YAO M Z, *et al.* Analysis of genetic diversity and relationship of half-sib tea cultivars related to Fuding Dabai and Yunnan Daye using EST-SSR markers[J]. *Journal of Tea Science*, 2010, **30**(3): 184-190.

[7] 姜晓辉, 李红建, 李崇兴, 等. 云南白莺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.

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]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, **35**(14): 68-76.

[8] 陈立杰, 张素勤, 尹 杰, 等. 贵阳花溪古茶树遗传进化的 SNP 分析[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2019, **41**(8): 33-40.

CHEN L J, ZHANG S Q, YIN J, *et al.* SNP analysis of the genetic evolution of ancient *Camellia sinensis* trees from Hua-xi, Guiyang[J]. *Journal of Southwest University* (Natural Science Edition), 2019, **41**(8): 33-40.

[9] 安红卫, 宋勤飞, 牛素贞. 贵州茶树种质资源遗传多样性、群体结构和遗传分化研究[J]. 浙江农业学报, 2021, **33**(7): 1 234-1 243.

AN H W, SONG Q F, NIU S Z. Study on genetic diversity, population structure and genetic differentiation of tea germplasm in Guizhou [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2021, **33**(7): 1 234-1 243.

[10] 毛 娟, 江鸿键, 李崇兴, 等. 云南白莺山地区茶树遗传多样性研究[J]. 茶叶科学, 2018, **38**(1): 69-77.

MAO J, JIANG H J, LI C X, *et al.* Genetic diversity analysis of tea plant in Baiyingshan Mountain of Yunnan [J]. *Journal of Tea Science*, 2018, **38**(1): 69-77.

[11] 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): 1 117-1 124.

ZHANG M Z, YAO Y X, CHEN S J. Genetic diversity analysis of tea germplasm in qiannan prefecture by SSR markers [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2016, **36** (6): 1 117-1 124.

[12] 李 博, 潘文婷, 李康琴, 等. 3 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.

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]. *Molecular Plant Breeding*, 2013, **11**(2): 241-248.

[13] 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.

AI C, XU L, LAI H L, *et al.* Genetic diversity and paternity analysis of a seed orchard in *Pinus massoniana*[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2006, **42**(11): 146-150.

[14] 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.

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]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2009, **33**(2): 302-310.

[15] 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.

WANG J Z, LAN J, LU Z X, *et al.* Study on using SSR markers for paternal identification in *Eucalyptus*[J]. *Eucalypt Science & Technology*, 2019, **36**(2): 1-8.

[16] 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.

SHAO W H, WANG Z S, ZHANG J G. Paternity analysis of main olive cultivars progenies based on SSR markers[J]. *Forest Research*, 2020, **33**(3): 22-30.

[17] 何勇凤, 朱永久, 吴兴兵, 等. 基于微卫星标记的圆口铜鱼亲子鉴定技术[J]. 水生生物学报, 2019, **43**(6): 1 216-1 223.

HE Y F, ZHU Y J, WU X B, *et al.* Parentage analysis of *Coreius guichenoti* using microsatellites[J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2019, **43**(6): 1 216-1 223.

[18] 韩慧宗, 刘 阳, 王腾腾, 等. 许氏平鲈微卫星多重 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.

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]. *Chinese Fishery Quality and Standards*, 2018, **8**(4): 48-57.

[19] 冯晓婷, 张桂宁, 薛向平, 等. 基于 SSR 标记的长江下游原良种场鲌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.

- FENG X T, ZHANG G N, XUE X P, *et al.* Current germ-plasm situation of bighead carp (*Aristichthys nobilis*) candi-date parent and parent from hatchery in the lower reaches of Changjiang River based on SSR markers[J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2020, **27**(5): 589-597.
- [20] 陈 亮,汪登强,何勇凤,等. 基于微卫星多重 PCR 技术的长鳍吻鲈亲子鉴定[J]. 农业生物技术学报, 2017, **25**(9): 1 526-1 537.
- CHEN L, WANG D Q, HE Y F, *et al.* Parentage assign-ment of *Rhinogobio ventralis* using multiplex PCR of micro-satellites[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2017, **25**(9): 1 526-1 537.
- [21] 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.
- 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.
- [22] 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.
- [23] WRIGHT S. Evolution and the genetic populations variability within and among natural populations[J]. *Chicago and Lon-don: University of Chicago Press*, 1978, **4**: 79-103.
- [24] WHITLOCK M C, MCCAULEY D E. Indirect measures of gene flow and migration: $F_{st} \neq 1/(4N_m + 1)$ [J]. *Heredity*, 1999, **82**(2): 117-125.
- [25] 郭 俊,朱 婕,谢尚潜,等. 油梨转录组 SSR 分子标记开-发与种质资源亲缘关系分析[J]. 园艺学报, 2020, **47**(8): 1 552-1 564.
- GUO J, ZHU J, XIE S Q, *et al.* Development of SSR mo-lecular markers based on transcriptome and analysis of genet-ic relationship of germplasm resources in avocado[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2020, **47**(8): 1 552-1 564.
- [26] 王 鑫,李明阳,田 琳,等. 利用 ISSR 标记及 rDNA-ITS 序列分析河北省野生铁线莲的亲缘关系[J]. 园艺学报, 2021, **48**(9): 1 755-1 767.
- WANG X, LI M Y, TIAN L, *et al.* ISSR and rDNA-ITS se-quence analysis of the genetic relationship of *Clematis* in He-bei Province[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2021, **48**(9): 1 755-1 767.
- [27] 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.
- WANG L B, HUANG L Y, TENG C Q, *et al.* Genetic di-versity and genetic relationship analysis of tea germplasm re-sources in Wuzhou[J]. *Journal of Tea Science*, 2022, **42**(5): 601-609.
- [28] 宋艳画,宋善道,孙 燕,等. 应用微卫星对大足黑山羊进-行亲缘关系鉴定[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2007, **29**(7): 121-125.
- SONG Y H, SONG S D, SUN Y, *et al.* Parentage analysis of Dazu black goats via microsatellite technology[J]. *Journal of Southwest University* (Natural Science Edition), 2007, **29**(7): 121-125.
- [29] 杨 阳,刘 振,赵 洋,等. 利用 EST-SSR 标记研究黄金-茶群体遗传多样性及遗传分化[J]. 茶叶科学, 2009, **29**(3): 236-242.
- YANG Y, LIU Z, ZHAO Y, *et al.* Genetic diversity and re-lationship of Huangjinchu cultivar based on EST-SSR mark-ers[J]. *Journal of Tea Science*, 2009, **29**(3): 236-242.
- [30] 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.
- WANG S L, MA C L, HUANG D J, *et al.* Analysis of ge-netic diversity and construction of dna fingerprints of chloro-phyll-deficient tea cultivars by SSR markers[J]. *Journal of Tea Science*, 2018, **38**(1): 58-68.
- [31] 杨 军,王让剑,孔祥瑞,等. 4 个茶树品种自交后代群体遗-传结构分析[J]. 茶叶学报, 2016, **57**(2): 59-63.
- YANG J, WANG R J, KONG X R, *et al.* Genetic structure of natural hybrids of four tea varieties[J]. *Acta Tea Sinica*, 2016, **57**(2): 59-63.
- [32] 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): 1-7.
- PENG J R, LI C C, TAN Y W, *et al.* Clustering analysis for wild ancient tea germplasm resources in Debao county and Longlin county, Guangxi based on SSR molecular markers [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2019, **50**(1): 1-7.
- [33] 周 萌,李友勇,孙雪梅,等. 基于 EST-SSR 标记的云南野-生茶树遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2013, **41**(12): 22-27.
- ZHOU M, LI Y Y, SUN X M, *et al.* Genetic diversity anal-ysis of wild tea plants in Yunnan based on EST-SSR markers [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2013, **41**(12): 22-27.
- [34] 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.
- JIANG X H, FANG K X, CHEN D, *et al.* Genetic diversity and relationship of two historical famous *Camellia sinensis* groups in Gugangdong by capillary electrophoresis detec-tion with fluorescent EST-SSR marker[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2018, **39**(1): 46-54.

(编辑:韦青侠)