

王泽涵, 于文涛, 方德音, 等. 基于 EST-SNP 的福建云霄茶树种质资源遗传多样性分析 [J]. 福建农业学报, 2021, 36 (12): 1431-1438.

WANG Z H, YU W T, FANG D Y, et al. EST-SNP Marker-based Genetic Analysis on Tea Germplasms of Yunxiao in Fujian [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 36 (12): 1431-1438.

基于 EST-SNP 的福建云霄茶树种质资源遗传多样性分析

王泽涵¹, 于文涛^{2*}, 方德音³, 蔡捷英³, 王金焕³,
樊晓静¹, 刘财国¹, 徐 飙⁴, 叶乃兴^{1*}

(1. 福建农林大学园艺学院, 福建 福州 350002; 2. 福州海关技术中心, 福建 福州 350001; 3. 云霄县茶叶科学研究所, 福建 云霄 363300; 4. 福建省亚热带作物学会, 福建 福州 350003)

摘 要:【目的】分析云霄县茶树种质资源的遗传多样性及群体结构, 为云霄茶树种质资源收集和提高优异种质利用率提供依据。【方法】利用 SNP 分子标记技术对云霄县 61 份茶树种质资源进行亲缘关系和遗传多样性的分析。【结果】云霄茶树种质资源 SNP 位点多态性信息指数为 0.415, 观测杂合度平均值为 0.309, 期望杂合度平均值为 0.260, 固定指数平均值为 -0.072, 次等位基因频率平均值为 0.197, 筛选出 66 个可以有效准确地鉴别云霄茶树种质遗传关系的高质量 SNP 位点。云霄县 6 个茶树群体的遗传距离为 0.150~0.926。构建了 61 份茶树种质的 DNA 指纹图谱。通过主坐标分析和聚类分析, 发现存在组群内分布相对集中, 组群间又相互交流的现象, 且小帽山群体的茶树种质资源最为丰富。【结论】云霄县茶树种质资源遗传多样性丰富; 云霄 6 个组群的茶树种质资源各自相对独立, 同时种群间存在基因交流现象。利用 SNP 分子标记技术可以有效地区分鉴定云霄茶树种质资源, 为云霄地方茶树种质资源的创新利用奠定基础。

关键词: 云霄; 茶树; 种质资源; 遗传多样性; SNP

中图分类号: S 571.1

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2021) 12-1431-08

EST-SNP Marker-based Genetic Analysis on Tea Germplasms of Yunxiao in Fujian

WANG Zehan¹, YU Wentao^{2*}, FANG Deyin³, CAI Jieying³, WANG Jinhuan³,
FAN Xiaojing¹, LIU Caiguo¹, XU Biao⁴, YE Naixing^{1*}

(1. College of Horticulture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. Technology Centre of Fuzhou Customs District P.R. China, Fuzhou, Fujian 350001, China; 3. Yunxiao Institute of Tea Science, Yunxiao, Fujian 363300, China; 4. Society of Subtropical Crops in Fujian Province, Fuzhou, Fujian 350001, China)

Abstract: 【Objective】Genetic diversity and structure of the tea germplasms in Yunxiao were studied to facilitate the collection and utilization of the natural resource. 【Method】SNP molecular marker was used to analyze the genetic relationship and diversity of 61 varieties of *Camellia sinensis* in Yunxiao, Fujian. 【Result】The mean polymorphism information index, observed and expected heterozygosity, fixed index, and minor allele frequency of the SNP marker were determined to be 0.415, 0.309, 0.260, -0.072, and 0.197, respectively. Sixty-six high quality loci that could effectively and accurately identify the genetic relationship of tea plants were obtained. The genetic distance of 6 populations ranged from 0.150 to 0.926. The DNA fingerprints of the germplasms were constructed. The principal coordinates analyses and cluster analyses showed the component distribution to be relatively close within a population and the exchanges among the groups evident. Of the varieties, Xiaomaoshan was the richest in genetic diversity. 【Conclusion】The genetic diversity of tea germplasms in

收稿日期: 2021-08-14 初稿; 2021-10-24 修改稿

作者简介: 王泽涵 (1998-), 女, 硕士生, 研究方向: 茶树栽培育种 (E-mail: 854514583@qq.com)

* 通信作者: 于文涛 (1984-), 男, 博士, 高级农艺师, 研究方向: 植物种质资源 (E-mail: wtyu@foxmail.com); 叶乃兴 (1963-), 男, 硕士, 教授, 研究方向: 茶树栽培育种与茶叶品质化学 (E-mail: ynxtea@126.com)

基金项目: 福建省科技计划农业科技引导性项目 (2021N0024); 福建农林大学横向课题 (FW2019051); 海关总署科研项目 (2020HK187); 福建张天福茶叶发展基金会科技创新基金 (FJZTF01)

Yunxiao was vast with populations of high geographic differentiation and in-between group exchanges. The SNP molecular marker-based technology was proven applicable for identifying the germplasms benefitting the utilization of local tea resource for selection and breeding.

Key words: Yunxiao; tea plant; germplasm resources; genetic diversity; SNP

0 引言

【研究意义】茶树 [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] 作为重要的经济作物，目前在全球 50 多个国家广泛种植^[1-2]。中国茶树种质资源丰富，有较高的遗传多样性^[3]。茶树遗传多样性是生物多样性的组成部分之一，对一些地区茶树遗传多样性和遗传结构的研究有助于对该地区茶树种质资源的认识和保护^[4]。福建省由于独特的地理位置和气候，使得该地区孕育了大量的茶树种质资源^[5]。云霄位于福建南部，云霄县地方茶树种质资源丰富，其主要分布在云霄大帽山、小帽山、梁山、乌山等地^[6-7]。利用 SNP 分子标记技术对云霄茶树资源亲缘关系、遗传多样性、群体结构的分析，对该地区地方茶树种质的认识、保护和开发具有重要意义。【前人研究进展】随着分子标记技术的发展，RAPD^[7]、AFLP^[8]、ISSR^[9]、SSR^[10]等技术已广泛应用于茶树。SNP 作为第三代分子标记技术，具有自动化、高通量、遗传稳定性高^[11]等优点。由于单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphisms, SNPs) 广泛存在于植物基因中，因此目前在植物鉴定中占据相对的优势^[12]。SNP 技术在茶树上也得到了有效的利用，如林浥等^[13]利用 SNP 技术对闽北、闽南、粤东、台湾等 4 个乌龙茶主产区茶树种质资源组群间的遗传关系进行了分析。陈立杰等^[14]采用 SNP 技术分析了贵阳花溪茶树资源的遗传多样性。樊晓静等^[15]以前期开发的 SNP 候选位点为基础，进一步筛选得到最优 SNP 位点，结合茶树品种基本信息构建茶树品种资源分子身份证。【本研

究切入点】本课题组前期在云霄县发现野生秃房茶树群体种质资源^[16]，但其亲缘关系有待深入探讨。【拟解决的关键问题】利用 SNP 分子标记技术对云霄县地方茶树种质资源进行亲缘关系的研究，以期在分子水平上分析云霄野生秃房茶树群体种间的遗传关系，为该地区地方种质的利用、开发和选育提供参考。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

供试材料共 62 份，包括福建云霄县的 61 份和云南的南糯山大茶树 1 份。南糯山大茶树是来源于茶树起源地中国西南部地区的乔木大叶种^[1]，为茶树种质资源演化的基部类群，适于作为置根参照来分析云霄茶树种质资源的亲缘关系。按照取样地，可将云霄的茶树种质资源分为 6 组，分别为组别 I、II、III、IV、V 和 VI。组别 I 为来源于南乌山的 9 份茶树种质，组别 II 为来源于乌山的 6 份茶树种质，组别 III 为来源于小帽山的 16 份茶树种质，组别 IV 为来源于大帽山的 20 份茶树种质，组别 V 为来源于鸡笼山的 1 份茶树种质，组别 VI 为来源于梁山的 9 份茶树种质 (表 1)。采集后的样品经过液氮固定后置于 -80 ℃ 冰箱保存。

1.2 样品 DNA 的提取

采用新型植物基因组 DNA 提取试剂盒 (TIANGEN, DP320, 北京) 提取样品 DNA。用超微量紫外分光光度计 (Implen, S60716, 德国) 测定 DNA 浓度和纯度。

1.3 SNP 位点的挖掘和选择

本课题组前期从国家生物信息中心 (national

表 1 供试云霄茶树种质资源基本信息
Table 1 Basic information on tea germplasms in Yunxiao

组别 Group	来源 Source	资源名称 Resource name	份数 Number of copies
I	南乌山Nanwushan	南乌山1号 (NWS1) ~南乌山9号 (NWS9)	9
II	乌山Wushan	乌山1号 (WS1) ~乌山6号 (WS6)	6
III	小帽山Xiaomaoshan	小帽山1号 (XMS1) ~小帽山15号 (XMS15)、云香茶 (YXC)	16
IV	大帽山Damaoshan	大帽山1号 (DMS1) ~大帽山20号 (DMS20)	20
V	鸡笼山Jilongshn	鸡笼山大茶树 (JLSDCS)	1
VI	梁山Liangshan	梁山1号 (LS1) ~梁山7号 (LS7)、梁山大树1号 (LSDCS1)、梁山大树2号 (LSDCS2)	9
	云南勐海Yunnanmenghai	南糯山大茶树 (NNSDCS)	1

center of biotechnology information, NCBI) 的数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中下载了茶树的表达序列标签 (express sequence tags, EST), 并经过装配、开发、验证, 最终筛选出 96 个可用于茶树种质资源的 SNP 标记位点^[13,17]。使用 Fluidigm 96.96Dynamic Array™IFC 芯片 (Integrated Fluidic Circuit; Fluidigm® Corp, USA) 进行基因分型, 参照 Fluidigm 96.96 SNPtype 基因分型参考书 (Fluidigm, PN100-3912) 进行试验, 并依后续样品情况进行改进。

1.4 数据分析

芯片上机后使用 EP1 仪器进行数据的收集。用 Fluidigm SNP Genotyping Analysis 软件 (<https://www.fluidigm.com/software>) 进行数据导出和分析, 随后用 GenAlEx6.503 软件^[18] 分析等位基因频率 (allele frequency)、信息指数 (information index, *I*)、观察杂合度 (observed heterozygosity, *Ho*)、预期杂合度 (expected heterozygosity, *He*)、固定指数 (fixation index, *F*) 和次等位基因频率 (minor allele frequency, *MAF*)。使用 GenAlEx6.503 软件进行遗传距离计算并进行主坐标分析 (principal coordinates analysis)。利用 MEGA X 软件, 用层次聚类的方法构建树状图, 使用南糯山大茶树置根。

2 结果与分析

2.1 云霄茶树种质资源的 SNP 多态性位点筛选及分析

通过对 96 个位点的筛选, 获得 66 个多态性强、适用于云霄茶树种质基因分型的特异性引物。试验筛选出的 66 个 SNP 位点及多态性信息见表 2。这些 SNP 标记多态性信息指数为 0.047~0.693, 平均值为 0.415。观测杂合度为 0.016~1.000, 平均值为 0.309。期望杂合度为 0.016~0.500, 平均值为 0.260。固定指数为-1.000~0.658, 平均值为-0.072。次等位基因频率为 0.050~0.500, 平均值为 0.197。观测杂合度平均值和期望杂合度平均值接近, 说明云霄茶树资源遗传多样性丰富。此外, 引物筛选时, 确保次等位基因频率 *MAF*≥0.05。本研究引物的次等位基因频率图如图 1 所示。云霄茶树资源的部分引物分型效果如图 2, 从图中可以看出本研究所选的位点分型效果良好, 供试样品在每一个引物中都得到了很好区分, 而且所选引物多态性强, 每个都包含有 3 种基因型 (XX、YY 和 XY)。

2.2 云霄茶树种质资源 SNP 基因图谱的构建

DNA 指纹图谱是指 DNA 样品用特定分子标记技术处理显示出具有特定 DNA 片段的总称, 其可以鉴别品种间的差异, 有高度的个体特异性和环境稳定

表 2 云霄茶树资源的 66 个茶树 SNP 位点多态信息
Table 2 Allele information of 66 polymorphic SNP markers in Yunxiao tea germplasms

位点 Locus	信息指数 <i>I</i>	观测杂合度 <i>Ho</i>	期望杂合度 <i>He</i>	固定指数 <i>F</i>	次等位基因频率 <i>MAF</i>
cs1	0.414	0.226	0.248	0.090	0.145
cs115	0.685	0.548	0.492	-0.115	0.435
cs15	0.467	0.226	0.292	0.226	0.177
cs201	0.143	0.065	0.062	-0.033	0.052
cs217	0.114	0.048	0.047	-0.025	0.054
cs3	0.428	0.242	0.259	0.068	0.153
cs40	0.524	0.435	0.341	-0.278	0.218
cs5	0.674	0.226	0.481	0.531	0.403
cs68	0.280	0.161	0.148	-0.088	0.081
cs84	0.318	0.065	0.175	0.631	0.097
cs10	0.685	0.871	0.492	-0.771	0.435
cs202	0.659	0.452	0.467	0.032	0.371
cs218	0.239	0.129	0.121	-0.069	0.065
cs30	0.260	0.113	0.135	0.161	0.073
cs51	0.385	0.161	0.225	0.282	0.129
cs7	0.143	0.065	0.062	-0.033	0.052
cs104	0.318	0.161	0.175	0.077	0.097
cs117	0.300	0.177	0.162	-0.097	0.089
cs131	0.579	0.306	0.391	0.215	0.266
cs207	0.083	0.032	0.032	-0.016	0.056
cs219	0.428	0.177	0.259	0.316	0.153
cs31	0.280	0.161	0.148	-0.088	0.081
cs44	0.688	0.903	0.495	-0.824	0.452
cs52	0.635	0.435	0.443	0.016	0.331
cs88	0.664	0.597	0.471	-0.268	0.379
cs105	0.693	0.984	0.500	-0.968	0.492
cs118	0.083	0.032	0.032	-0.016	0.056
cs132	0.300	0.177	0.162	-0.097	0.089
cs157	0.693	1.000	0.500	-1.000	0.500
cs208	0.217	0.113	0.107	-0.060	0.056
cs32	0.414	0.194	0.248	0.220	0.145
cs45	0.428	0.274	0.259	-0.057	0.153
cs54	0.524	0.339	0.341	0.006	0.218
cs9	0.400	0.210	0.237	0.114	0.137
cs119	0.693	0.984	0.500	-0.968	0.492
cs134	0.691	0.839	0.498	-0.684	0.468
cs16	0.442	0.194	0.271	0.285	0.161
cs190	0.047	0.016	0.016	-0.008	0.050
cs23	0.300	0.145	0.162	0.102	0.089
cs33	0.300	0.177	0.162	-0.097	0.089
cs46	0.217	0.113	0.107	-0.060	0.056
cs55	0.414	0.226	0.248	0.090	0.145
cs76	0.514	0.355	0.331	-0.071	0.210
cs91	0.169	0.081	0.077	-0.042	0.051
cs112	0.260	0.113	0.135	0.161	0.073
cs12	0.503	0.306	0.322	0.048	0.202
cs163	0.693	0.435	0.500	0.129	0.492
cs212	0.414	0.129	0.248	0.480	0.145
cs25	0.239	0.129	0.121	-0.069	0.065
cs36	0.691	0.484	0.498	0.028	0.468
cs47	0.692	0.952	0.499	-0.908	0.476
cs113	0.534	0.387	0.350	-0.107	0.226
cs122	0.455	0.339	0.281	-0.204	0.169
cs141	0.194	0.097	0.092	-0.051	0.058
cs198	0.114	0.016	0.047	0.658	0.054
cs213	0.595	0.435	0.405	-0.075	0.282
cs26	0.143	0.065	0.062	-0.033	0.052
cs66	0.194	0.097	0.092	-0.051	0.058
cs8	0.336	0.177	0.188	0.055	0.105
cs94	0.400	0.210	0.237	0.114	0.137
cs124	0.194	0.097	0.092	-0.051	0.058
cs146	0.353	0.226	0.200	-0.127	0.113
cs166	0.280	0.097	0.148	0.347	0.081
cs215	0.442	0.194	0.271	0.285	0.161
cs4	0.693	1.000	0.500	-1.000	0.500
cs95	0.693	1.000	0.500	-1.000	0.500

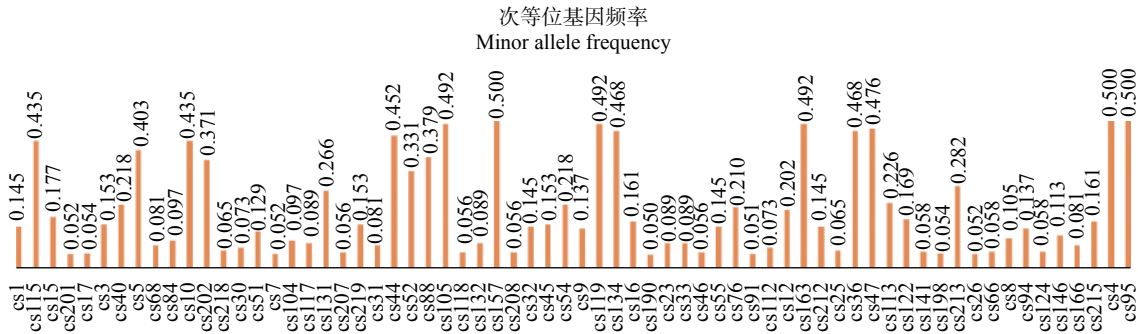


图 1 云霄茶树资源 66 个 SNP 位点的次等位基因频率

Fig. 1 Minor allelic frequencies of 66 SNP loci in Yunxiao tea germplasm

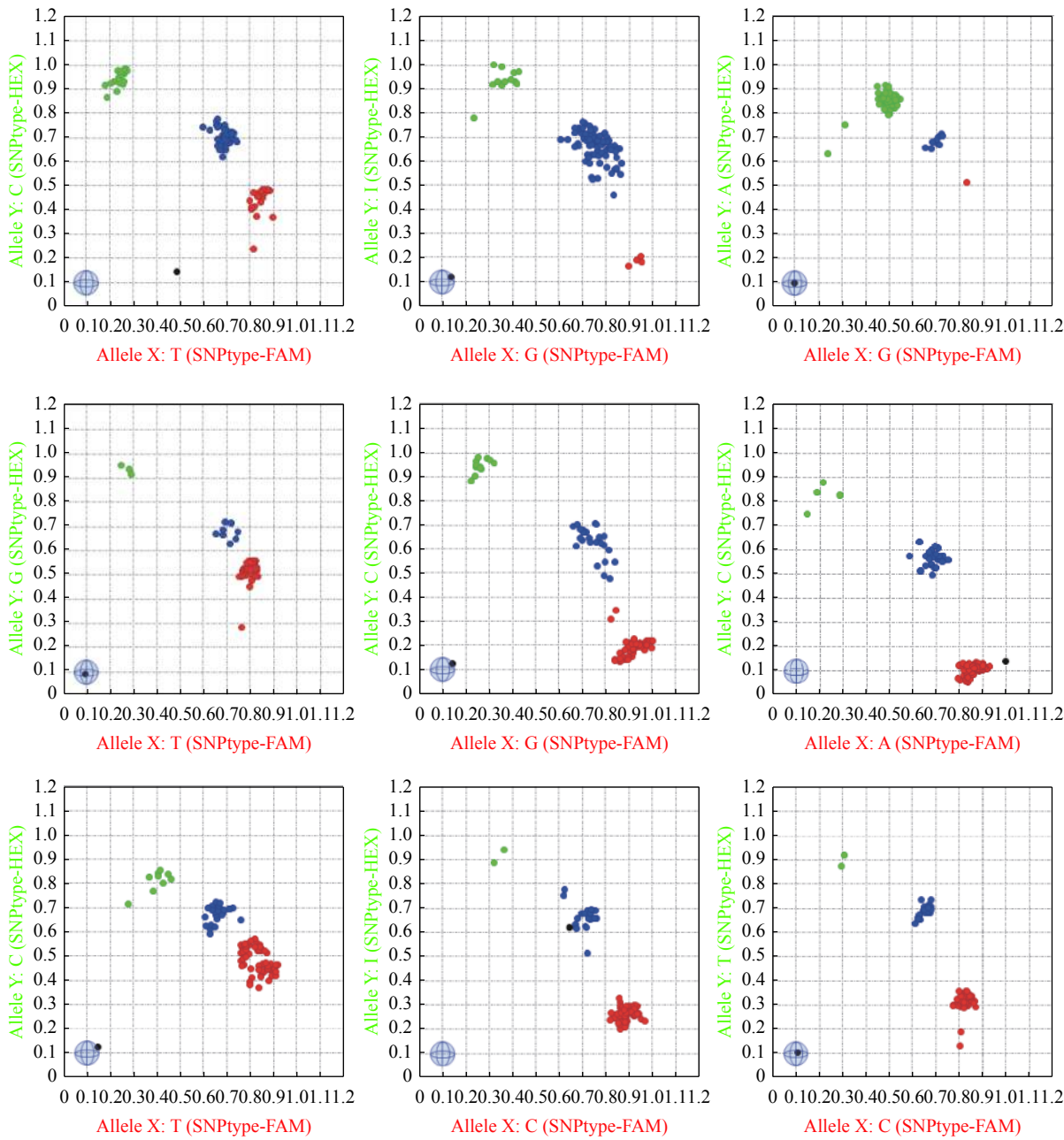


图 2 云霄茶树资源部分引物的分簇效果

Fig. 2 Clustering of primers in Yunxiao tea germplasm

性，具有良好的应用前景。本研究通过 Fluidigm SNP Genotyping Analysis 软件，可以确定每个 SNP 位点上每个样品的基因型，即 XX 型、XY 型和 YY 型 3 种。其中 XX 型和 YY 型为纯合子，包括 *AA*、*TT*、*CC*、*GG* 等 4 种等位基因；XY 型为杂合子，包括 *TC*、

AG、*CT*、*GA*、*AT*、*GC*、*GT*、*CG*、*AC*、*TG*、*CA*、*TA* 等 12 种等位基因。其中 A、G、T、C 分别代表腺嘌呤、鸟嘌呤、胸腺嘧啶和胞嘧啶。本研究通过 66 个高质量 SNP 位点分型，构建了云霄茶树及其他相关种质资源 EST 指纹图谱（图 3）。

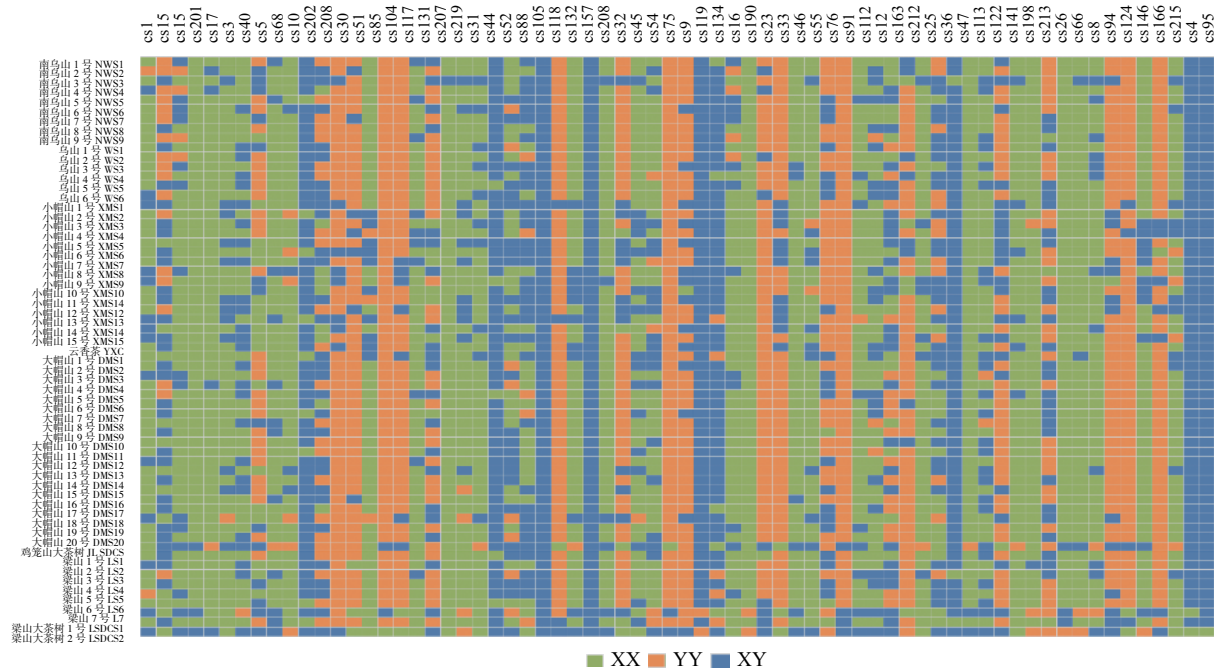


图 3 云霄茶树种质资源的 EST-SNP 指纹图谱

Fig. 3 EST-SNP fingerprints of Yunxiao tea germplasms

2.3 云霄茶树种质资源遗传关系

云霄茶种质资源遗传关系如图 4 所示。根据 PCoA 分析结果，第一主成分、第二主成分和第三主成分的贡献率分别为 29.29%、11.21%、9.57%。从图中可以明显看出，云霄地方茶树种质资源聚集在一起，各组皆存在交流现象。从组内集中程度来看，乌山、大帽山和南乌山组内分布相对集中；而小帽山和梁山分布相对分散，其中梁山组群中的梁山大树 1 号、梁山大树 2 号和梁山 7 号与其他茶树距离较远。此外，小帽山的茶树种质分布相对独立于其他组群。

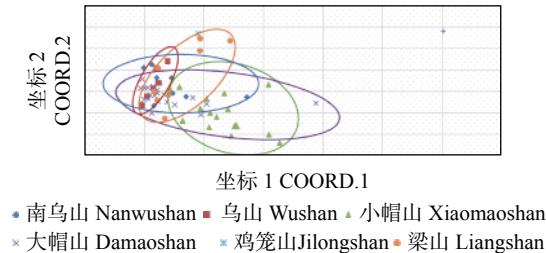


图 4 62 份茶树种质资源的主坐标分析

Fig. 4 Principal coordinates analysis of 62 tea germplasms

2.4 云霄茶树种质资源群体的遗传距离

用 GenAlEx6.503 软件计算 6 个种群间的遗传距离如图 3。群体间的遗传距离为 0.150~0.926，其中云霄南乌山云霄梁山的茶树群体遗传距离最近，为 0.926；大帽山和鸡笼山种质遗传距离最远，为 0.150（表 3）。

表 3 云霄茶树种质资源群体间遗传距离

Table 3 Genetic distance between populations of Yunxiao tea germplasms

项目 Item	南乌山 Nanwushan	乌山 Wushan	小帽山 Xiaomaoshan	大帽山 Damaoshan	鸡笼山 Jilongshan
乌山 Wushan	0.611				
小帽山 Xiaomaoshan	0.681	0.417			
大帽山 Damaoshan	0.606	0.267	0.413		
鸡笼山 Jilongshan	0.556	0.167	0.375	0.150	
梁山 Liangshan	0.926	0.685	0.708	0.683	0.667

2.5 云霄茶树种质资源的聚类分析

中国西南部地区是茶树的起源地，南糯山大树

树为采自云南的古老大乔木种，其为茶树种质资源演化过程中的基部类群，以其置根进行聚类分析可以更科学地反映出云霄茶树种质之间的遗传关系。本研究利用 MEGA 软件，构建云霄地方茶树种质间的遗传关系聚类图（图 5）。从图中可以看出小帽山组群与大帽山组群的亲缘关系相对最远；各组组群内的茶树种质大多在同一分支或相邻的几个分支，

如小帽山组群、梁山组群等；同时不同组群之间也有基因交流，如乌山 5 号、梁山大茶树 2 号、梁山 3 号、乌山 1 号、乌山 6 号、梁山 1 号、梁山 4 号和南乌山 8 号等分布在大帽山组群分支上。该聚类分析结果同 PCoA 结果一致。从图中还可以看出，小帽山组群的分支相对其他组最多，与其他 5 个组群的交流也相对较少。

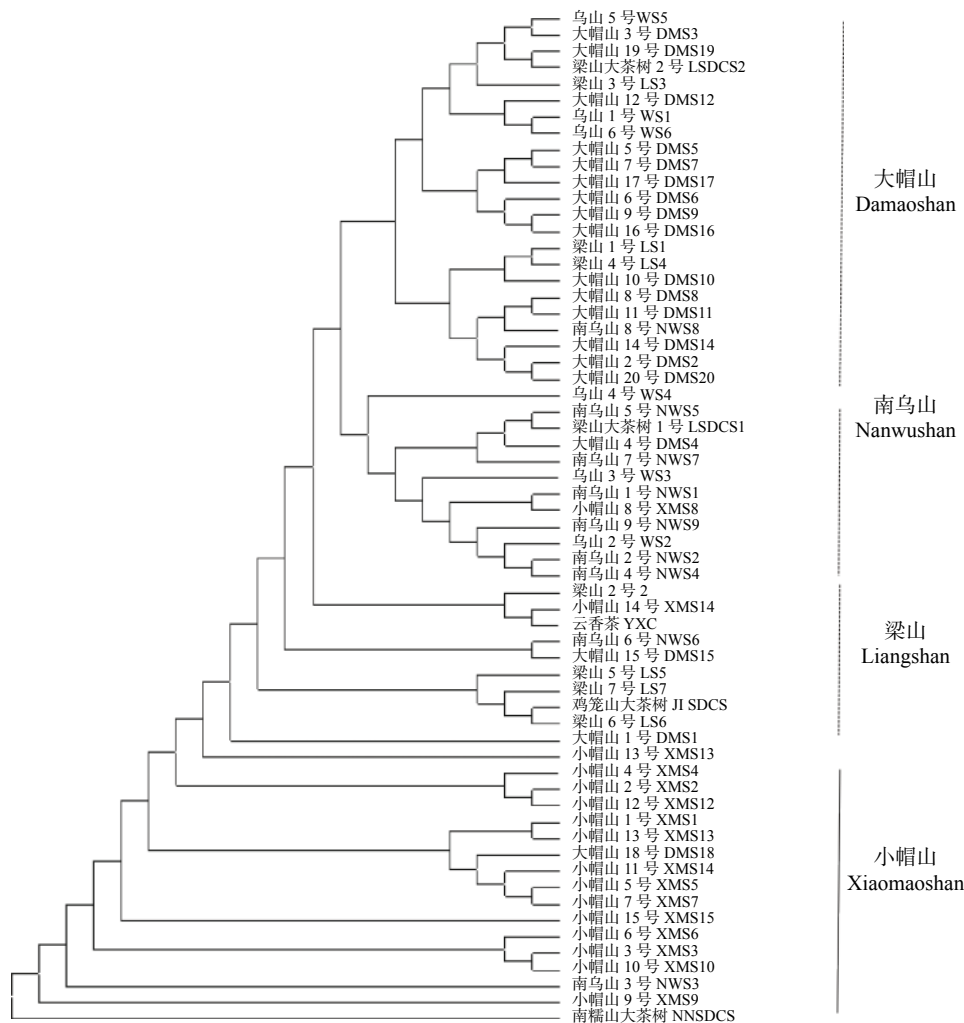


图 5 云霄茶树种质资源的聚类分析

Fig. 5 Clustering of Yunxiao tea germplasms

3 讨论与结论

3.1 云霄茶树种质资源的遗传多样性丰富

植物基因组中 SNP 出现的频率较高，使得 SNP 技术在植物的遗传多样性分析上更有优势^[13]。同一区域内的茶树资源，其遗传相似性相对较高，这要求 DNA 标记采用的引物分型效果好，多态性强^[19]。本研究利用 SNP 分子标记技术，对云霄茶树资源进行基因分型，从 96 个 SNP 引物中筛选出 66 个适用于云霄茶树种质遗传关系分析的 SNP 位点。茶树本

身具有高度的杂合性，加之其又是异花授粉，在长期杂交演化过程中产生大量不连续变异^[20]。观测杂合度值和期望杂合度值越接近，群体的遗传多样性程度越高^[21]。在本研究中，62 份茶树的观测杂合度平均值为 0.309，期望杂合度平均值为 0.260，说明供试的云霄茶树样品具有较高的遗传多样性。

3.2 云霄茶树种质资源的 DNA 指纹图谱

当前，对 DNA 指纹图谱的应用已逐渐广泛，如彭丁文等^[22]用 SSR 标记构建了中国南方应用面积较大的部分籼型两系不育系水稻的指纹图谱。陈亮等^[23]

通过 16 个 RAPD 对 24 份云南等地野生茶树进行了鉴定。樊晓静^[19]采用 SNP 标记, 构建了闽东茶树种质的 DNA 指纹图谱。云霄县的野生秃房茶树资源丰富^[7], 本研究以 SNP 分子标记技术为支持, 筛选 66 个 SNP 位点, 对 61 份云霄茶树种质构建了 DNA 指纹图谱, 可以用于云霄茶树种质资源的精准鉴定。

3.3 云霄茶树种质资源的研究展望

通过对云霄茶树种质资源进行主坐标分析和聚类分析可以发现, 云霄 6 个组群的茶树种质资源各自相对独立, 同时又存在基因交流现象。各个组群内分布相对集中, 组群间又相互交流, 该分析结果与李浩宇等^[24]的研究结果相似, 说明云霄茶树种质资源的遗传多样性丰富。值得注意的是, 小帽山组群内部茶树资源分布广泛, 表明该组群遗传多样性更为丰富。由于不同群体的茶树种质资源相对独立, 在云霄地方茶树种质资源的收集、保护和创新研究过程中, 应进一步扩大收集云霄县不同区域范围的茶树种质资源, 深入开展云霄县优特茶树种质资源的鉴定评价研究工作。

参考文献:

- [1] 叶乃兴. 茶学概论[M]. 第2版. 北京: 中国农业出版社, 2021.
- [2] MEEGAHAKUMBURA M K, WAMBULWA M C, LI M M, et al. Domestication origin and breeding history of the tea plant (*Camellia sinensis*) in China and India based on nuclear microsatellites and cpDNA sequence data [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 8: 2270.
- [3] 班秋艳, 潘宇婷, 潘铖, 等. 基于 EST-SSR 标记的陕西茶树种质资源遗传多样性研究 [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2021, 49 (11): 1-10.
BAN Q Y, PAN Y T, PAN C, et al. EST-SSR analysis on genetic diversity of tea germplasm resources in Shanxi province [J]. *Journal of Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry (Natural Science Edition)*, 2021, 49 (11): 1-10. (in Chinese)
- [4] SHEN C W, HUANG Y H, HUANG J A, et al. RAPD analysis on genetic diversity of typical tea populations in Hunan Province [J]. *Chinese Journal of Agricultural Biotechnology*, 2008, 5 (1): 67-72.
- [5] 叶乃兴, 郭吉春. 福建茶树品种资源的研究现状与展望 [J]. 福建茶叶, 1997, 19 (1): 42-45.
YE N X, GUO J C. Research status and prospect of tea variety resources in Fujian [J]. *Tea in Fujian*, 1997, 19 (1): 42-45. (in Chinese)
- [6] 蔡捷英, 钟秋生, 陈常颂. 云霄县古茶树保护与利用之我见 [J]. 福建农业科技, 2017 (6): 59-61.
CAI J Y, ZHONG Q S, CHEN C S. Opinion to protection and utilization of ancient tea tree in Yunxiao County [J]. *Fujian Agricultural Science and Technology*, 2017 (6): 59-61. (in Chinese)
- [7] CHEN L, YAMAGUCHI S. RAPD markers for discriminating tea germplasms at the inter-specific level in China [J]. *Plant Breeding*, 2005, 124 (4): 404-409.
- [8] PAUL S, WACHIRA F N, POWELL W, et al. Diversity and genetic differentiation among populations of Indian and Kenyan tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) revealed by AFLP markers [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 94 (2): 255-263.
- [9] LIU B Y, LI Y Y, TANG Y C, et al. Assessment of genetic diversity and relationship of tea germplasm in Yunnan as revealed by ISSR markers [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36 (3): 391-400.
- [10] 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 Genetics & Genomes*, 2015, 11 (5): 1-12.
- [11] 王富强, 樊秀彩, 张颖, 等. SNP 分子标记在作物品种鉴定中的应用和展望 [J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21 (5): 1308-1320.
WANG F Q, FAN X C, ZHANG Y, et al. Application and prospect of SNP molecular markers in crop variety identification [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21 (5): 1308-1320. (in Chinese)
- [12] SUN Z W, LI H L, ZHANG Y, et al. Identification of SNPs and candidate genes associated with salt tolerance at the seedling stage in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 1011.
- [13] LIN Y, YU W T, ZHOU L, et al. Genetic diversity of oolong tea (*Camellia sinensis*) germplasms based on the nanofluidic array of single-nucleotide polymorphism (SNP) markers [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2019, 16 (1): 1-14.
- [14] 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 Huaxi, Guiyang [J]. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 2019, 41 (8): 33-40. (in Chinese)
- [15] 樊晓静, 于文涛, 蔡春平, 等. 利用 SNP 标记构建茶树品种资源分子身份证 [J]. 中国农业科学, 2021, 54 (8): 1751-1772.
FAN X J, YU W T, CAI C P, et al. Construction of molecular ID for tea cultivars by using of single-nucleotide polymorphism(SNP) markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54 (8): 1751-1772. (in Chinese)
- [16] 王泽涵, 于文涛, 樊晓静, 等. 福建秃房野生茶种质资源新纪录及其子房微形态观察 [J]. 福建农业学报, 2020, 35 (8): 830-836.
WANG Z H, YU W T, FAN X J, et al. Micro-morphology of wild ovary-glabrous tea germplasms in Fujian [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2020, 35 (8): 830-836. (in Chinese)
- [17] FANG W P, MEINHARDT L W, TAN H W, et al. Identification of the varietal origin of processed loose-leaf tea based on analysis of a single leaf by SNP nanofluidic array [J]. *The Crop Journal*, 2016, 4 (4): 304-312.
- [18] PEAKALL R, SMOUSE P E. GenA1Ex 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research: An update [J].

- Bioinformatics*, 2012, 28 (19) : 2537–2539.
- [19] 樊晓静. 闽东茶树种质资源SNP多样性分析及微形态特征研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2021.
- FAN X J. SNP diversity analysis of tea germplasm by resources and micromorphological characteristics of wild tea in eastern Fujian[D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2021. (in Chinese)
- [20] 孙雪梅, 赵才美, 李友勇, 等. 云南茶树地方品种与野生茶遗传多样性的ISSR分析 [J]. 西南农业学报, 2018, 31 (5): 901–906.
- SUN X M, ZHAO C M, LI Y Y, et al. Genetic diversity of tea landraces and wild tea germplasms in Yunnan revealed by ISSR analysis [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31 (5) : 901–906. (in Chinese)
- [21] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations. 4: variability within and among natural populations[M]. Chicago: *The University of Chicago Press*, 1978.
- [22] 彭丁文, 朱智勇, 刘跃荣, 等. 南方主要两系不育系遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. 杂交水稻, 2021, 36 (4): 76–81.
- PENG D W, ZHU Z Y, LIU Y R, et al. Genetic diversity analysis and construction of fingerprinting of dominating two-line male sterile lines in Southern China [J]. *Hybrid Rice*, 2021, 36 (4) : 76–81. (in Chinese)
- [23] 陈亮, 王平盛, 山口聪. 应用RAPD分子标记鉴定野生茶树种质资源研究 [J]. *中国农业科学*, 2002, 35 (10): 1186–1191.
- CHEN L, WANG P S, SHAN K C. Identification of wild tea germplasm resources (*Camellia* sp.) using RAPD markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2002, 35 (10) : 1186–1191. (in Chinese)
- [24] 李浩宇, 杨大强, 王利芬, 等. 苏州东山茶树种质资源遗传多样性的ISSR分析 [J]. *亚热带植物科学*, 2020, 49 (3): 163–167.
- LI H Y, YANG D Q, WANG L F, et al. Genetic diversity analysis of *Camellia sinensis* in Dongshan, Suzhou by issr [J]. *Subtropical Plant Science*, 2020, 49 (3) : 163–167. (in Chinese)
- (责任编辑: 黄爱萍)