

# 我国茶树主要骨干亲本及其衍生品种(系)的 SSR 分析

段云裳<sup>1,2</sup>, 姜燕华<sup>1</sup>, 王丽鸳<sup>1</sup>, 成浩<sup>1</sup>, 房婉萍<sup>2</sup>, 黎星辉<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院茶叶研究所/国家茶树改良中心, 杭州 310008;

<sup>2</sup>南京农业大学茶叶科学研究所, 南京 210095)

**摘要:**铁观音、黄桢和福鼎大白茶分别是我国乌龙茶和红绿茶育种中的骨干亲本, 由它们衍生出了一系列的优良品种, 研究其遗传多样性及构建指纹图谱将有助于今后茶树育种工作中骨干亲本的合理利用和品种权的保护。本研究利用 40 对 SSR 引物对我国乌龙茶骨干亲本铁观音、黄桢及其衍生品种(系)和红绿茶骨干亲本福鼎大白茶及衍生品种进行了研究。结果表明, 34 份供试品种(系)的基因多样性指数( $H$ )为 0.54, 平均遗传距离 0.58, 表明我国茶树主要骨干亲本及其衍生品种(系)具有较高的遗传多样性水平和较大的遗传变异, 且 90% 的遗传多样性来自品种之间的遗传差异。聚类结果表明两套品种(系)各自聚为一类, 遗传结构分析也显示两套品种(系)之间存在明显的差异。利用其中稳定性和多态性俱佳的 5 对引物组合构建了供试材料的数码指纹图谱。

**关键词:**骨干亲本及衍生品种(系); 遗传多样性; 亲缘关系; 指纹图谱; SSR 标记

## Genetic Analysis of Main Parents of Tea and Their Derived Varieties in China Using SSR Markers

DUAN Yun-shang<sup>1,2</sup>, JIANG Yan-hua<sup>1</sup>, WANG Li-yuan<sup>1</sup>, CHENG Hao, FANG Wan-ping<sup>2</sup>, LI Xing-hui<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> National Center for Tea Improvement/Tea Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310008;

<sup>2</sup> Tea Science Research Institute, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095)

**Abstract:** Two tea cultivars, Tieguanyin and Huangdan, are used as main parents in Oolong tea breeding. Fuding Dabaicha is considered as one of core parents in breeding of green and black tea plants. So far, Many quality tea cultivars have been bred based on these cultivars. Therefore, research on the genetic diversity and fingerprint map of these parents and their superior derived varieties are considerably important, which can contribute to the selection of breeding materials and the protection of plant variety right. In this study, the genetic diversity and relationship of 13 Oolong tea varieties and 21 green tea varieties were analyzed by 40 SSR markers. The average genetic diversity( $H$ ) and genetic distance of 34 samples were 0.54 and 0.58, respectively, which means that the genetic diversity of the accessions tested were relatively high with rich variation. Furthermore, 90% genetic diversity came from genetic differences of tested materials. These samples were divided into two groups according to its breeding source using UPGMA method. Moreover, the genetic structure of two sets of varieties is different. In consideration of good stability and high polymorphism, 5 out of 40 pairs of SSR primers were selected and combined to construct the fingerprinting maps of 34 materials.

**Key words:** Main parents and derived varieties; Genetic diversity; Genetic relationship; Fingerprint map; SSR

收稿日期: 2010-06-16 修回日期: 2011-04-10

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金(nycytx-23); 国家科技基础条件平台建设计划(2005DKA21002); 江苏省科技支撑计划(BE2008320-2, BE2009313-1)

作者简介: 段云裳, 硕士, 研究方向: 茶树育种与栽培。E-mail: dys\_carol@163.com

通讯作者: 成浩, 博士, 研究员, 研究方向: 茶树生物技术。E-mail: chenghao@mail.tricaas.com

黎星辉, 博士, 教授, 研究方向: 茶树育种与栽培。E-mail: lxh@njau.edu.cn

杂交育种已成为我国茶树育种中的主要手段。其中,铁观音和黄桫是我国乌龙茶类茶树育种的主要骨干亲本,福鼎大白茶则是红绿茶类茶树育种中的骨干亲本,分别在我国不同茶类的育种工作中发挥着重要的作用。迄今为止,通过铁观音和黄桫自然杂交和人工杂交的方式衍生出了11个国家级或省级品种以及1个国家级优异种质,通过福鼎大白茶和云南大叶茶两者天然杂交和人工杂交衍生出了21个国家级或省级无性系良种<sup>[1]</sup>。这些骨干亲本品质优良,在生产上广泛栽培,取得了较好的育种成效,其中含有大量的有利基因资源,培育出了一批重要的品种(系)。因此,从分子层面上对其进行深入的研究将有助于排除环境、栽培条件等外界环境的影响,深入理解我国茶树育种主要骨干亲本及其衍生品种的遗传多样性水平和亲缘关系,进一步了解两类品种间的遗传差异,为今后茶树育种工作中骨干亲本的合理利用、亲本的选配以及进一步揭示骨干亲本携带的优异基因及其表达的分子机理提供分子方面的参考。

茶树上利用建立在DNA分子标记基础上的指纹图谱还处于起步阶段,并且主要是集中在RAPD<sup>[2-3]</sup>、ISSR<sup>[4-6]</sup>、AFLP<sup>[7]</sup>等分子标记上。利用第二代分子标记技术SSR进行茶树分子鉴定的研究较少<sup>[8]</sup>,指纹图谱的构建还尚未见报道。本研究利用易于操作的SSR分子标记在茶树上构建了SSR指纹图谱,可以排除环境、栽培管理等因素的干扰,区分表型上相似的材料,以期茶树杂交后代的鉴定、指纹图谱库的构建和品种权保护等提供分子依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

参照叶乃兴<sup>[9]</sup>绘制的我国部分茶树骨干亲本及其系谱图,共取34份茶树品种(系),分别来自中国农业科学院茶叶研究所的国家种质杭州茶树圃、福建省农业科学院茶叶研究所种质资源圃以及湖南省农业科学院茶叶研究所种质资源圃,均为无性系材料(表1)。采集一芽二叶新梢,液氮速冻处理后,将其保存在-70℃冰箱中备用。

表1 供试材料、亲本来源及原产地

Table 1 Name, breeding parents and origin of evaluated tea varieties

编号 Code	名称 Name	来源 Breeding parents	产地 Origin	编号 Code	名称 Name	来源 Breeding parents	产地 Origin
1	黄奇	黄旦与白奇兰自然杂交	福建	18	浙农113	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
2	黄观音	铁观音×黄桫	福建	19	浙农12	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
3	金观音	铁观音×黄桫	福建	20	浙农21	云南大叶茶有性后代单株选育	浙江
4	铁观音	地方品种	福建	21	浙农25	云南大叶茶有性后代单株选育	浙江
5	黄旦	地方品种	福建	22	银猴茶	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
6	凤圆春	铁观音自然杂交	福建	23	浙农121	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
7	春兰	铁观音自然杂交	福建	24	眉峰	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
8	金牡丹	铁观音×黄桫	福建	25	浙农117	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
9	瑞香	黄桫自然杂交	福建	26	浙农139	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江
10	黄玫瑰	黄观音×黄桫	福建	27	福云6号	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	福建
11	紫玫瑰	铁观音×黄桫	福建	28	福云7号	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	福建
12	紫牡丹	铁观音自然杂交	福建	29	福云10号	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	福建
13	金玫瑰	铁观音×黄旦+白奇兰(混合)	福建	30	福鼎大白茶	地方品种	福建
14	青峰	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江	31	福云20号	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	福建
15	翠峰	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江	32	福云595	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	福建
16	迎霜	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江	33	茗丰	福鼎大白茶×云南大叶茶	湖南
17	劲峰	福鼎大白茶与云南大叶茶自然杂交	浙江	34	碧香早	福鼎大白茶×云南大叶茶	湖南

### 1.2 方法

1.2.1 DNA的提取 采用改良的CTAB法<sup>[10]</sup>提取供试材料的基因组DNA,1%琼脂糖电泳检测

DNA的质量,用NanoDrop ND-1000分光光度计(Thermo Fisher Scientific, USA)测定DNA的浓度和纯度,将其稀释到约20~50ng/μl,4℃保存备用。

**1.2.2 引物筛选** 40 对 SSR 引物用于供试材料的扩增,其中实验室自主开发的 EST-SSR 引物 39 对<sup>[11]</sup>,基因组 SSR 引物 1 对<sup>[12]</sup>。所有引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。

**1.2.3 PCR 扩增和产物检测** PCR 反应在 Bio-Rad DNA Engine Dyad PCR 仪上进行,反应体系及反应程序参照刘振等<sup>[13]</sup>的方法。扩增产物用 10% 的聚丙烯酰胺凝胶在 C. B. S MGV-210-33 型电泳仪(C. B. S Scientific Company, USA)上进行电泳,电压 170V,时间 120min,电泳后参照 Charters 等<sup>[14]</sup>的方法银染显色。Flurochem 型凝胶成像仪(Alpha Innotech Corporation, San Leandro, CA, USA)拍照记录。

### 1.3 数据处理

采用人工读带的方法,将电泳图上可重复的、清晰的条带记为“1”,同一位置无带或不易分辨的弱带计为“0”建立原始数据矩阵。利用软件 Power-Marker V3.25<sup>[15]</sup>计算每对引物扩增位点的等位点数(Number of alleles)、基因型数(Number of genotype)、多态性信息量(Polymorphism information content, PIC)、基因多样性指数(Gene diversity,  $H$ )、观测杂合度(Observed heterozygosity,  $H_o$ )、遗传相似系数(Genetic identity,  $I$ )、遗传距离(Genetic distance);

根据 Nei 氏遗传距离,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;利用 Structure2.3 软件进行遗传结构分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 遗传多样性分析

40 对具有多态性位点的 SSR 引物(表 2)在 34 份茶树品种(系)中共扩增出 165 个等位基因,286 个基因型,平均每对引物可检测到 4.13 个等位点,7.15 个基因型,分别介于 2 (A25、A34、A41、A103、A124) ~ 7 (A28) 和 2 (A41、A103) ~ 15 (A211)之间。40 对引物的多态性信息含量(PIC)值变幅较大,在 0.1861 (A103) ~ 0.7342 (A28)之间,平均 0.4897。说明所选用的 40 对 SSR 引物在茶树上具有较高水平的多态性。34 份供试茶树品种(系)的 Nei 基因多样性指数( $H$ ) 在 0.2076 (A103) ~ 0.7682 (A28)之间,平均 0.5432;观测杂合度( $H_o$ ) 在 0.0323 (A242) ~ 0.7647 (A58)之间,平均 0.3865;遗传相似系数介于 0.2778 ~ 0.9985 之间,平均值为 0.5833,表明我国茶树主要骨干亲本及其衍生品种(系)具有丰富的遗传多样性。

表 2 40 对 SSR 引物在 34 个茶树品种(系)中的扩增结果

Table 2 The amplification information of 40 pairs of SSR primers in 34 tea varieties and pedigree

引物编号 Primer No.	等位基 因数 Allele No.	基因型数 Genotype No.	基因多样性 指数 $H$	观测杂 合度 $H_o$	多态性 信息量 $PIC$	引物编号 Primer No.	等位基 因数 Allele No.	基因型数 Genotype No.	基因多样 性指数 $H$	观测杂 合度 $H_o$	多态性 信息量 $PIC$
A10	5	11	0.6821	0.4412	0.6353	A76	5	10	0.5709	0.3235	0.5334
A17	5	9	0.5817	0.3030	0.5322	A78	5	9	0.5692	0.4412	0.5303
A18	5	8	0.6260	0.4063	0.5579	A80	5	12	0.7236	0.5294	0.6834
A21	3	5	0.5249	0.4375	0.4697	A87	4	7	0.6561	0.6061	0.5845
A25	2	3	0.3093	0.2059	0.2614	A88	4	8	0.6540	0.2903	0.5951
A28	7	13	0.7682	0.4118	0.7342	A90	4	7	0.6388	0.4706	0.5655
A32	4	5	0.4904	0.2121	0.4177	A103	2	2	0.2076	0.2353	0.1861
A34	2	3	0.4444	0.2424	0.3457	A114	3	4	0.4753	0.3824	0.3755
A35	4	5	0.5441	0.2941	0.4488	A121	4	7	0.5995	0.3529	0.5194
A38	6	9	0.6708	0.4412	0.6138	A124	2	3	0.4043	0.1875	0.3226
A41	2	2	0.3439	0.4412	0.2847	A133	4	6	0.4287	0.4375	0.3937
A44	5	9	0.6373	0.6667	0.5959	A142	3	5	0.4624	0.3824	0.3888
A47	4	5	0.2150	0.1765	0.2049	A150	5	9	0.7048	0.4848	0.6636
A48	5	8	0.6389	0.2581	0.5704	A157	3	6	0.5583	0.4828	0.4796
A53	3	6	0.6384	0.2059	0.5629	A166	3	4	0.2438	0.2121	0.2284
A54	5	10	0.6570	0.5000	0.6195	A182	3	4	0.4048	0.3438	0.3444
A55	6	9	0.5804	0.5588	0.5504	A190	4	6	0.4725	0.5455	0.4137
A56	5	11	0.7433	0.5000	0.7004	A206	4	6	0.3273	0.1613	0.2981
A57	5	11	0.5987	0.3939	0.5607	A211	6	15	0.7617	0.6970	0.7262
A58	5	9	0.7271	0.7647	0.6786	A242	4	5	0.4428	0.0323	0.4102
平均	4.13	7.15	0.5432	0.3865	0.4897						

将供试的衍生品种(系)分成两组进行分析,即铁观音、黄桫的11个衍生品种和福鼎大白茶、云南大叶茶的20个衍生品种,结果显示(表3)这些衍生

品种遗传变异幅度较大,遗传多样性水平较高,且福云衍生品种的遗传多样性更为丰富。

表3 40对SSR引物在两组衍生品种(系)中的扩增结果

Table 3 Amplification information of two sets of varieties and pedigree

名称 Name	样本数 No. of cultivars	等位基因数 Allele No.	基因型数 Genotype No.	基因多样性指数 <i>H</i>	观测杂合度 <i>H<sub>o</sub></i>	多态性信息量 <i>PIC</i>
铁观音和黄桫的衍生品种 Pedigree of Tieguanyin and Huangyan	11	3.05	3.90	0.4701	0.3821	0.4106
福鼎大白和云南大叶茶的衍生品种 Pedigree of Fuda and Yunnan Dayecha	20	3.83	5.53	0.4853	0.3836	0.4381
合计 Total	31	4.13	7.15	0.5432	0.3865	0.4897

## 2.2 骨干亲本及衍生品种(系)的聚类分析

根据材料间的遗传距离进行聚类,34份供试材料聚为了两大类(图1)。21份福鼎大白茶及其衍生品种聚在了类群I,13份铁观音、黄桫及其衍生品种(系)都聚在了类群II。

类群I中21份材料平均遗传距离为0.4359,20份衍生品种的平均遗传距离为0.4350,变幅为0.0640(茗丰与碧香早)~0.7464(浙农117与福云6号),与亲本福鼎大白茶的平均遗传距离为0.4441。其中福云7号与亲本福鼎大白茶的遗传距离最近而浙农25最远。此类群中各材料又按照选育单位地理位置不同而聚成了两类,由浙江省的杭茶系列和浙农系列以及湖南省选育的两个品种聚为了一小类;由福建省选育的福云系列则和亲本福鼎大白茶聚在一起。

类群II中13份材料平均遗传距离为0.4872,两个亲本间的遗传距离为0.5829,11个衍生品种(系)的平均遗传距离为0.4339(0.0015~0.8471),它们与铁观音的平均遗传距离为0.6382,与黄桫的平均遗传距离为0.5942。铁观音天然杂交后代凤圆春、春兰、紫牡丹三者之间的平均遗传距离为0.4501,它们与母本铁观音的平均遗传距离为0.5660,其中凤圆春与母本的遗传距离最远,新品种紫牡丹的遗传距离最近。铁观音和黄桫杂交育成的4个品种黄观音、金观音、金牡丹、紫玫瑰的平均遗传距离为0.3747,紫玫瑰与两个亲本的遗传距离最远,金观音的遗传距离最近;4个品种与母本铁观音的平均遗传距离比与父本黄桫的距离远。此类群中两个育种亲本与其衍生品种(系)又各自聚为小类群。

## 2.3 两套骨干亲本及其衍生品种(系)遗传结构分析

利用Structure2.3软件基于数学模型的聚类方法对供试茶树品种进行了遗传结构分析。结果表明,

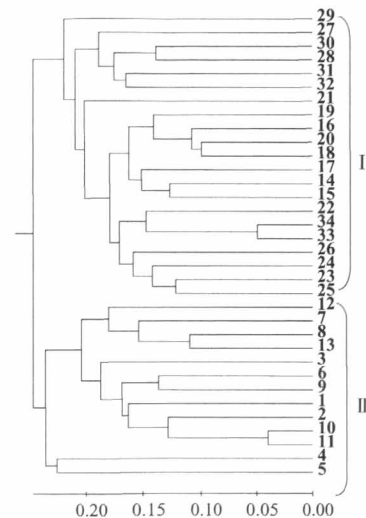


图1 骨干亲本及衍生品种(系)UPGMA聚类图

Fig.1 Cluster diagram for main parents of tea and their pedigree based on the data of 40 SSR loci by UPGMA method

当K=2时,能够取到最大的LnP(D)值和比较稳定的 $\alpha$ 值,供试品种可分为两个亚类群A和B(图2)。21份福鼎大白茶及其衍生品种聚在了A类,13份铁观音、黄桫及其衍生品种(系)聚在了B类,说明两类品种(系)间遗传结构存在明显的差异。两套骨干亲本间的遗传距离为0.5016;两类供试材料间的遗传距离为0.2260,遗传分化指数( $G_{st}$ )平均值为0.0979,说明仅有约10%的遗传多样性来源于地区间的差异,而90%的遗传多样性来自品种之间的遗传差异。基因流( $Nm$ )平均值高达2.30,说明两套材料间存在着频繁的基因交流。

## 2.4 SSR指纹图谱的构建

通过比较这40对SSR引物的PIC和鉴别力,选出5对主带清晰、多态性好的引物构建指纹图谱(表4)。5对SSR引物共扩增出22条多态性条带,

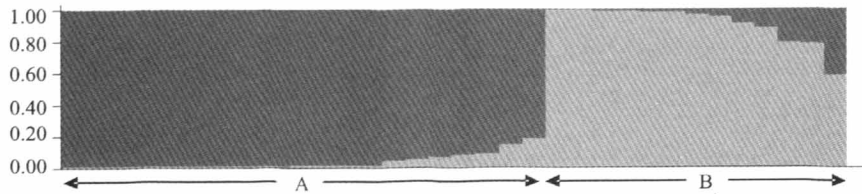


图2 基于数学模型的供试品种遗传结构(K=2)

Fig.2 The population structure of tested tea varieties based on SSR markers(K=2)

每对引物平均产生 4.4 条多态性条带。利用这 5 对 SSR 引物对 34 个供试品种进行扩增,扩增结果用“0”和“1”表示,再将每对引物在每个品种中的数码图谱组合在一起就构成了供试材料的 SSR 指纹图谱。结果表明,浙农 139 在引物 A35 中出现特征带,福云 7 号在引物 A58 中出现特征带;5 对引物组合则能区分全部的 34 份供试材料,按照概率 $(1/2)^n$ 计算分辨率达 $(1/2)^{22}$ (表 5)。

表 4 5 对 SSR 引物

Table 4 Sequence of five pairs of SSR primers

引物 编号 Primer No.	引物序列 5'-3' Primer sequence 5'-3'	退火 温度 Ta(°C)	目的片段 大小(bp) Size range
A35	F:GCGAATGAGAGACCGAGAAA R:TTTGACTCATCTTCGTAAGGCTC	58	130
A53	F:CTCTGAGTCCACGCTGCG R:GATGCTGTAGCCGAGGACC	60	207
A55	F:GCTTCCTCTCTCTCCCTCCCC R:CCCCTCCTCCTCTGTTTGTAT	60	133
A58	F:GTGAAGTTAGTTGTTACTCTTTTTTGG R:AGGGGAAGTGAGGAGCCAT	60-62	215
A90	F:GGGACACACACAAACCCTAGTC R:CATCTTTCACACTTCTCGCAGC	54	113

### 3 讨论

本研究利用 40 对 SSR 引物对我国主要骨干亲本及其衍生品种(系)进行了遗传多样性和遗传结构的分析,结果表明这 34 份品种(系)具有较高的遗传多样性水平,与日本( $H=0.51$ )<sup>[16]</sup>、印度( $H=0.285$ )<sup>[17]</sup>、肯尼亚( $H=0.15$ )<sup>[18]</sup>等地茶树栽培品种相对狭窄的遗传基础相比,这些品种(系)虽然来自相对固定的亲本材料但仍表现出较宽的遗传基础和较大的遗传变异。

分别对两套骨干亲本及其衍生品种进行了聚类分析。结果两套骨干亲本及其衍生品种(系)各自聚为一类。福鼎大白茶和云南大叶茶杂交选育品种则按照选育单位聚为了浙江类群和福建类群两大

类,这可能是由于云南大叶茶本来就是一大类大叶茶树的统称且为有性系,所以各地引种的都不完全一样,所以杂交后代就有区别,同时福建是乌龙茶产区,选种时的考虑肯定和浙江的绿茶区有所不同。这个结果与有些研究有所出入<sup>[19-21]</sup>,可能是由于所用标记类型和研究材料不同。同时,铁观音、黄桠及其衍生品种(系)的遗传距离变幅和平均值均大于福鼎大白茶及其衍生品种,表现出更多的遗传变异和更宽的遗传基础。另外,两套品种(系)具有明显不同的遗传结构,这将有利于加深对不同茶树品种的理解,促进茶树品种选育工作的开展。

理论上,杂种优势的大小取决于杂交的两个亲本的差异,两个亲本之间差异越大,则出现优良后代的几率也就越高。但许多研究却表明,事实上最大的优势来自遗传距离中等的亲本间<sup>[22]</sup>。本研究中铁观音、黄桠两个乌龙茶主要的杂交亲本遗传距离为 0.58,遗传距离中等并没有表现出很远的亲缘关系。因此,茶树杂交亲本的选配是否遵循上述原则以及基于分子标记的遗传距离大小应该位于什么范围可用于指导杂交组合亲本的选择等问题都还需要进一步的研究与探讨。同时,还要考虑其他因素,如亲本的配合力、遗传力、农艺性状等,才能够科学地指导优良杂交组合的配制。其次,衍生品种(系)与亲本的平均遗传距离中等,并没有特别接近或特别远。

SSR 标记因其具有共显性、带型简单易于统计、操作简单、重复性好等优点,已广泛用于小麦<sup>[23]</sup>、玉米<sup>[24]</sup>、柑橘<sup>[25]</sup>、木薯<sup>[26]</sup>等作物指纹图谱的构建中。然而由于该技术在茶树上的起步较晚,在茶树指纹图谱上的应用很少<sup>[8]</sup>。本研究筛选出 5 对扩增稳定、主带清晰、多态性较高的 SSR 引物,利用引物组合的方法建立了供试 34 份茶树品种(系)的指纹图谱,能将供试材料全部区分开。随着茶树上 SSR 标记的进一步开发,将有助于茶树指纹图谱核心引物的筛选、材料和杂种的鉴定、品种的真实性及纯度、分子标记辅助 DUS 检测、区试品种的质量监控以及知识产权的保护等方面的发展。

表5 34份供试材料的SSR指纹图谱

Table 5 The fingerprint of 34 tested varieties and pedigree

编号 Code	引物编号 Primer No.					编号 Code	引物编号 Primer No.				
	A35	A53	A55	A58	A90		A35	A53	A55	A58	A90
1	0101	001	010000	00101	1001	18	0010	010	010000	00110	1001
2	0100	001	011000	00101	1001	19	0010	011	011000	00110	0011
3	0100	101	010001	00100	1000	20	0010	010	010001	00110	0010
4	0110	100	000101	00100	0001	21	0010	010	010000	00101	1001
5	0100	010	110000	00101	1000	22	0010	010	010001	00011	0001
6	0101	001	100000	00011	1000	23	0010	010	010100	00110	1001
7	0101	100	100000	01000	1010	24	0010	010	010000	00110	0110
8	0100	110	010001	01100	1001	25	0110	010	010100	00110	0001
9	0100	001	010010	00100	1000	26	1010	001	110000	00110	1001
10	0100	001	011000	01100	1000	27	0010	011	010001	01010	0010
11	0110	001	011000	01100	1000	28	0010	100	010000	10010	0011
12	0010	100	110000	01000	0001	29	0100	010	001000	00010	0011
13	0100	001	010001	01000	1001	30	0010	100	010000	00110	0010
14	0110	001	010000	00010	1001	31	0100	100	010001	01100	0001
15	0110	010	010000	00101	0001	32	0010	011	010001	01010	0001
16	0110	010	010000	00110	0001	33	0010	011	010000	00011	1001
17	0010	010	010000	00011	0011	34	0010	011	010000	00011	1000

致谢:在取样过程中得到了福建省茶叶研究所郭吉春研究员的大力帮助,在此谨表谢意!

## 参考文献

- [1] 叶乃兴. 乌龙茶种质资源的利用与品种衍生[J]. 福建茶叶, 2006(3):2-4
- [2] Wachira F N, Powell W, Waugh R. An assessment of genetic diversity among *Camellia sinensis* L. (cultivated tea) and its wild relatives based on randomly amplified polymorphic DNA and organelle-sequence-specific STS[J]. Heredity, 1997, 78:603-611
- [3] Chen L, Yamaguchi S. RAPD markers for discriminating tea germplasm on the inter-specific level in China[J]. Plant Breed, 2005, 124(4):404-409
- [4] 姚明哲, 黄海涛, 余继忠, 等. ISSR 在茶树品种分子鉴别和亲缘关系研究中的适用性分析[J]. 茶叶科学, 2005, 25:153-157
- [5] 刘本英, 王丽鸳, 周健, 等. 云南大叶种茶树种质资源 ISSR 指纹图谱构建及遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(4):458-464
- [6] 刘本英, 王丽鸳, 李友勇, 等. ISSR 标记鉴别云南茶树种质资源的研究[J]. 茶叶科学, 2009, 29(5):355-364
- [7] 晏娥好, 李家贤, 黄建安, 等. 利用 AFLP 技术鉴定凤凰单丛古茶树种质资源[J]. 基因组学与应用基因组学, 2009, 28(1):89-93
- [8] 王小萍. 利用 SSR 标记对 38 份茶树种质资源亲缘关系与品种分子鉴定的研究[D]. 雅安:四川农业大学, 2007:35
- [9] 叶乃兴. 我国茶树的骨干亲本及其系谱分析[J]. 中国茶叶, 2008(4):11-13
- [10] 刘本英, 王平盛, 周周杰. 云南茶组植物 ISSR-PCR 反应体系的建立[J]. 云南农业大学学报, 2006(增):21-25
- [11] 王丽鸳, 姜燕华, 段云裳, 等. 茶树 EST-SSRs 分布特征及引物开发[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4):511-516
- [12] Yang J B, Yang J, Li H T, et al. Isolation and characterization of 15 microsatellite markers from wild tea plant (*Camellia taliensis*) using FIASCO method[J]. Conserv Genet, 2009, 10:1621-1623
- [13] 刘振, 王新超, 赵丽萍, 等. 基于 EST-SSR 的西南地区茶树资源遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 分子植物育种, 2008, 6(1):100-110
- [14] Charters Y M, Wilkinson M J. The use of self-pollinated progenies as 'in-groups' for the genetic characterization of cocoa germplasm[J]. Theor Appl Genet, 2000, 100:160-166
- [15] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9):2121-2129
- [16] Kaundun S S, Zhyvoloup A, Park Y G. Evaluation of the genetic diversity among elite tea (*Camellia sinensis* var. *sinensis*) accessions using RAPD markers[J]. Euphytica, 2000, 115:7-16
- [17] Balasaravanan T, Pius P K, Kumar R R, et al. Genetic diversity among south Indian tea germplasm (*Camellia sinensis*, *C. assamica* and *C. assamica* spp. *Lasiocalyx*) using AFLP markers[J]. Plant Sci, 2003, 165(2):365-372
- [18] 姚明哲, 陈亮, 马春雷, 等. ISSR 和 EST-SSR 标记在检测中国、日本和肯尼亚茶树品种遗传多样性上的比较分析[J]. 分子植物育种, 2009, 7(5):897-903
- [19] 黄建安, 李家贤, 黄意欢, 等. 茶树品种资源遗传多样性的 AFLP 研究[J]. 园艺学报, 2006, 33(2):317-322
- [20] 余继忠, 杨亚军, 黄海涛, 等. 利用 ISSR 标记分析福云(半)同胞系茶树品种(系)的遗传多样性和亲缘关系[J]. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(2):281-288
- [21] 谭月萍, 李娟, 刘硕谦, 等. 43 份茶树品种资源遗传多样性的 SSR 研究[J]. 茶叶科学, 2009, 29(4):271-274
- [22] 劳方业, 刘睿, 何慧怡, 等. 甘蔗常用亲本及优良组合双亲遗传相似性分析[J]. 分子植物育种, 2009, 7(3):505-512
- [23] 李根英, Dreisigacker S, Warburton M L, et al. 小麦指纹图谱数据库的建立及 SSR 分子标记试剂盒的研发[J]. 作物学报, 2006, 32(12):1771-1778
- [24] 赵静, 张仁和, 张兴华, 等. 利用 SSR 技术构建陕西省主要玉米自交系的指纹图谱[J]. 玉米科学, 2008, 16(2):26-29
- [25] 雷天刚, 何永睿, 吴鑫, 等. 柑橘栽培品种(系) DNA 指纹图谱数据库的构建[J]. 中国农业科学, 2009, 42(8):2852-2861
- [26] 付瑜华, 李杰, 王海燕, 等. 木薯商业品种的指纹图谱构建[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(1):51-55

# 我国茶树主要骨干亲本及其衍生品种(系)的SSR分析

作者: [段云裳](#), [姜燕华](#), [王丽鸳](#), [成浩](#), [房婉萍](#), [黎星辉](#), [DUAN Yun-shang](#), [JIANG Yan-hua](#), [WANG Li-yuan](#), [CHENG Hao](#), [FANG Wan-ping](#), [LI Xing-hui](#)

作者单位: [段云裳, DUAN Yun-shang\(中国农业科学院茶叶研究所/国家茶树改良中心, 杭州310008; 南京农业大学茶叶科学研究所, 南京210095\)](#), [姜燕华, 王丽鸳, 成浩, JIANG Yan-hua, WANG Li-yuan, CHENG Hao\(中国农业科学院茶叶研究所/国家茶树改良中心, 杭州, 310008\)](#), [房婉萍, 黎星辉, FANG Wan-ping, LI Xing-hui\(南京农业大学茶叶科学研究所, 南京, 210095\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC PKU**

英文刊名: [Journal of Plant Genetic Resources](#)

年, 卷(期): 2011, 12(4)

## 参考文献(26条)

1. [付瑜华;李杰;王海燕](#) [木薯商业品种的指纹图谱构建](#) 2007(01)
2. [雷天刚;何永睿;吴鑫](#) [柑橘栽培品种\(系\)DNA指纹图谱库的构建](#) 2009(08)
3. [赵静;张仁和;张兴华](#) [利用SSR技术构建陕西省主要玉米自交系的指纹图谱](#) 2008(02)
4. [李根英;Dreisigacker S;Warburton M L;et al](#) [小麦指纹图谱数据库的建立及SSR分子标记试剂盒的研发](#) 2006(12)
5. [劳方业;刘睿;何慧怡](#) [甘蔗常用亲本及优良组合双勤俭遗传相似性分析](#) 2009(03)
6. [谭月萍;李娟;刘硕谦](#) [43份茶树品种资源遗传多样性的SSR研究](#) 2009(04)
7. [余继忠;杨亚军;黄海涛](#) [利用ISSR标记分析福云\(半\)同胞系茶树品种\(系\)的遗传多样性和亲缘关系](#) 2009(02)
8. [黄建安;李家贤;黄意欢](#) [茶树品种资源遗传多样性的AFLP研究](#) 2006(02)
9. [姚明哲;陈亮;马春雷](#) [ISSR和EST-SSR标记在检测中国、日本和肯尼亚茶树品种遗传多样性上的比较分析](#) 2009(05)
10. [Balasaravanan T;Pius P K;Kumar R R](#) [Genetic diversity among south Indian tea germplasm \(Camellia sinensis, C. assamica and C. assamica spp. Lasiocalyx\) using AFLP markers](#)[外文期刊] 2003(02)
11. [Kaundun S S;Zhyvoloup A;Park Y G](#) [Evaluation of the genetic diversity among elite tea\(Camellia sinensis var. sinensis\) accessions using RAPD markers](#)[外文期刊] 2000
12. [Liu K J;Muse S V](#) [PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data](#) 2005(09)
13. [Charters Y M;Wilkinson M J](#) [The use of self-pollinated progenies as 'in-groups' for the genetic characterization of cocoa germplasm](#)[外文期刊] 2000
14. [刘振;王新超;赵丽萍](#) [基于EST-SSR的西南地区茶树资源遗传多样性和亲缘关系分析](#) 2008(01)
15. [Yang J B;Yang J;Li H T](#) [Isolation and characterization of 15 microsatellite markers from wild tea plant\(Camellia taliensis\) using FIASCO method](#) 2009
16. [王丽鸳;姜燕华;段云裳](#) [茶树EST-SSRs分布特征及引物开发](#) 2009(04)
17. [刘本英;王平盛;周红杰](#) [云南茶组植物ISSR-PCR反应体系的建立](#) 2006(增)
18. [叶乃兴](#) [我国茶树的骨干亲本及其系谱分析](#) 2008(04)
19. [王小萍](#) [利用SSR标记对38份茶树种质资源亲缘关系与品种分子鉴定的研究](#) 2007
20. [晏娥好;李家贤;黄建安](#) [利用AFLP技术鉴定凤凰单丛古茶树种质资源](#) 2009(01)
21. [刘本英;王丽鸳;李友勇](#) [ISSR标记鉴别云南茶树种质资源的研究](#) 2009(05)
22. [刘本英;王丽鸳;周健](#) [云南大叶种茶树种质资源ISSR指纹图谱构建及遗传多样性分析](#) 2008(04)
23. [姚明哲;黄海涛;余继忠](#) [ISSR在茶树品种分子鉴别和亲缘关系研究中的适用性分析](#) 2005
24. [Chen L;Yamaguchi S](#) [RAPD markers for discriminating tea germ plasms on the inter-specific level in China](#)[外文期刊] 2005(04)
25. [Wachira F N;Powell W;Waugh R](#) [An assessment of genetic diversity among Camellia sinensis L. \(cultivated tea\) and its wild relatives based on randomly amplified polymorphic DNA and or ganelle-sequence-specific STS](#)[外文期刊] 1997
26. [叶乃兴](#) [乌龙茶种质资源的利用与品种衍生](#) 2006(03)

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201104008.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201104008.aspx)