植物遗传资源学报
Journal of Plant Genetic Resources DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20250917001

旺苍茶树资源遗传多样性分析与基因资源挖掘

王 波[1]，贾丙娟[2]，向云攀[1]，梅 飘[2]，陈九江[1]，任 勇[1]，马春雷[2]，郝心愿[2]，石保旭[1]，郑梦霞[2]

（[1]四川省旺苍县茶产业技术研究所，广元 628299；[2]中国农业科学院茶叶研究所/农业农村部特种经济动植物生物学与遗传育种重点实验室，杭州 310008）

摘要：为探明四川省旺苍县茶树种质资源的遗传多样性，挖掘潜在的优异种质用于新品种选育，利用自研的茶树液相功能芯片对 136 份样品的 76252 个 SNP 位点进行了基因型检测，结合理化鉴定和感官审评数据，全面分析了旺苍地方资源的遗传结构和品质特征；并通过全基因组关联分析进一步挖掘了品质性状显著关联的 SNP 位点和候选基因。结果表明，旺苍县域内茶树资源多样性丰富且具有一定的地域性特点，其中大两镇古茶树资源为过渡型茶树群落，富含酯型儿茶素，尤其是表没食子儿茶素没食子酸酯，所制烘青绿茶品质优良，香气普遍高爽/鲜、有花（果）香，滋味以甘醇/和、鲜爽为主。根据芯片检测的 40326 个核心 SNP 位点，发掘出 4 个与茶树氨基酸、茶多酚和 EGCG 含量高度相关的候选基因，分别是*γ-CA1*、*TPR5*、*MYB94* 和 *UGT85A1*。相关研究结果可为今后旺苍茶树种质资源的开发利用提供理论依据。

关键词：旺苍；40K 茶树液相芯片；理化成分；感官审评；全基因组关联分析

Genetic Diversity Analysis and Gene Resource Exploration of Tea Germplasm Resources in Wangcang

WANG Bo[1], JIA Bingjuan[2], XIANG Yunpan[1], MEI Piao[2], CHEN Jiujiang[1], REN Yong[1], MA Chunlei[2], HAO Xinyuan[2], SHI Baoxu[1], ZHENG Mengxia[2]

（[1] *Sichuan Wangcang County Tea Industry Technology Research Institute*, *Wangcang 628200*; [2] *Tea Research Institute*, *Chinese Academy of Agricultural Sciences*/*Key Laboratory of Biology*, *Genetics and Breeding of Special Economic Animals and Plants*, *Ministry of Agriculture and Rural Affairs*, *Hangzhou 310008*）

Abstract: To clarify the genetic diversity of tea plant germplasm resources in Wangcang County, Sichuan Province, and identify potential superior germplasms for new cultivar breeding, this study utilized a self-developed liquid-phase functional chip for tea plant to genotype 76252 SNP loci in 136 accessions. Combined with biochemical component detection and organoleptic evaluation, the genetic structure and quality characteristics of these local germplasms were comprehensively analyzed. Genome-wide association studies were further conducted to identify SNP loci and candidate genes significantly associated with quality traits. The results show that the tea plant germplasm resources in Wangcang County exhibit rich diversity and distinct regional characteristics. Among them, the ancient tea plant population from Daliang Town is identified as a transitional type, rich in esterified catechins—especially epigallocatechin gallate. And the baked green tea produced from these plants demonstrates excellent quality, with a generally refreshing and high-aromatic profile featuring floral (or fruity) notes, and a taste characterized by sweetness, mellowness, and freshness. Based on 40326 core SNP loci detected, four candidate genes (*γ-CA1*, *TPR5*, *MYB94*, and *UGT85A1*) significantly correlated with the content of amino acids, tea

收稿日期：2025-09-17 **网络出版日期：**2025-12-19
URL：https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250917001
第一作者研究方向为茶叶栽培技术研究和生产管理，E-mail: 1010804482@qq.com；贾丙娟为共同第一作者
通信作者：郑梦霞，研究方向为茶树遗传育种，E-mail: zhengmengxia@tricaas.com
石保旭，研究方向为茶园绿色防控、种质资源保护，E-mail: 731442415@qq.com
基金项目：四川省区域创新合作项目（2025YFHZ0331）；国家农业产业技术体系（CARS-19-02B）
Foundation projects: Sichuan Provincial Regional Innovation Cooperation Project (2025YFHZ0331); China Agriculture Research System of MOF and MARA (CARS-19-02B)

polyphenols, and epigallocatechin gallate were identified. These results provide a theoretical foundation for the future development and utilization of tea plant germplasm resources in Wangcang.

Key words: Wangcang; 40K tea liquid-phase chip; biochemical component detection; organoleptic evaluation; genome-wide association studies

地处四川盆地北缘、米仓山南麓的旺苍县产茶历史悠久，当地温润的气候和肥沃的土壤孕育了丰富的茶树种质资源[1-2]。2024 年，旺苍县大两镇的古茶树被收录到《中国古茶树资源状况白皮书（2024）》，是目前四川发现规模最大的高山古茶树群落[3]。古茶树不仅是研究茶树起源的重要依据，也是选育茶树优质新品种的重要材料，具有显著的生态、文化和经济价值。当前对古茶树的研究主要集中在群落结构与种群分布格局、农艺性状和生化组分及遗传多样性等方面。宁功伟等[4]对保山市 73 份代表性古茶树的形态学和生化组分共计 50 个性状进行了调查研究，系统分析了当地古茶树的资源多样性。秦丹丹等[5]系统研究了广州市花都区梯面镇古茶树的生态环境、生物学特征、生化特性和茶类试制性。由于传统表型鉴定技术效率低且缺乏相应的基因型信息，使得大部分古茶树的育种价值无法得到充分的利用。目前，对旺苍县茶树种质资源的研究系统性不足，尤其是对古茶树的遗传背景和品质特性研究仍是空白，导致种质资源的利用滞后。因此，对旺苍茶树种质资源开展系统的鉴定评价具有重要意义。

单核苷酸多态性（SNP，single nucleotide polymorphism）标记作为第 3 代分子标记技术，因其具有高密度性、低突变率、高检测效率和较强的代表性等特点，有效弥补了第 1、2 代分子标记的缺陷，已逐渐成为主流的分子标记[6-8]。SNP 分子标记有多种检测方法，其中基于靶向测序基因型检测（GBTS，genotyping by target sequencing）的液相芯片是一种新型的 SNP 分型技术，已被广泛用于种质资源评价、遗传图谱构建和分子辅助选择等领域[9-11]。目前，已在茶树上研制出基于 GBTS 技术的液相芯片，并得到初步应用。Liu 等[12]研制了首张茶树 TEA5K 液相芯片，并利用其完成了我国 200 多个育成品种的基因型检测、遗传图谱构建、关键农艺性状的数量性状位点（QTL，quantitative trait locus）定位，以及茶树遗传进化分析等研究工作。梅飘等[13]利用自主研发的 40K 液相功能芯片解析了白化茶树资源遗传多样性，发现我国的白化资源主要来自浙江省。郭佳璐等[14]基于 40K 液相功能芯片技术和农艺性状对湖南茶树种质资源进行了鉴定和系统进化分析，发现 78 份资源存在比较丰富的遗传变异，可分为 3 个类群。

全基因组关联分析（GWAS，genome-wide association study）是一种利用全基因组范围内筛选出高密度的分子标记（目前主要是 SNP）并结合统计学来解析分子标记数据与表型性状之间关联关系的方法[15-16]。目前，GWAS 已成熟应用于分析茶树在内的多种作物农艺性状研究[17-21]。Zhang 等[22]通过

整合数字表型、全基因组关联和转录组学，揭示了调控茶树芽大小的关键基因及其分子机制。Lu 等[23]将云贵高原古茶树的表型和遗传数据进行全基因组关联分析，鉴定出多个显著相关的候选基因，其中叶片性状 4 个、株型性状 2 个。

基于此，本研究利用茶树 40K m SNP 液相功能芯片，分析旺苍县域茶树种质资源的遗传多样性与亲缘关系，结合理化检测和感官审评进行品质鉴定评价，并对与品质相关的 SNP 进行全基因组关联分析，以期为旺苍优异种质资源和候选基因的挖掘利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

收集旺苍县茶树资源 123 份，其中 92 份来自大两镇（古茶树群落）、20 份来自高阳镇（群体种栽培茶园）、9 份来自五权镇（群体种栽培茶园）、各有 1 份分别来自三江镇和木门镇（单株资源），并以旺苍县茶树种质资源圃采集的川茶 5 号等 13 份四川代表性茶树品种（简称川茶）作为对照，所用材料共计 136 份（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250917001，附表 1）。采集的叶片组织经液氮迅速冷冻处理，保存在−80℃冰箱中备用。同时依据《茶树种质资源描述规范和数据标准》[24]，在 2022–2024 年春季采摘第一轮新梢的一芽二叶，分别制成生化样和茶样用于理化成分的检测和感官品质的鉴定。

1.2 茶树 40K m SNP 液相功能芯片

所选用的茶树 40K m SNP 液相功能芯片是由中国农业科学院茶叶研究所开发的茶树专用芯片[13]，该芯片整合了 Tea GVD 数据库收录的 GWAS 位点和已发表的茶树关键农艺性状相关的 QTL 位点等功能性分子标记，包含 40326 个 m SNP 标记，可同时实现 76252 个特定 SNP 的基因分型。

1.3 DNA 提取、芯片检测和基因分型

采用 CTAB 法提取 136 份样品基因组 DNA，使用紫外分光光度计测定浓度和纯度，使用琼脂糖凝胶电泳检测完整性。参照梅飘等[13]的方法，利用茶树 40K m SNP 液相功能芯片对样品 DNA 进行基因型检测。

1.4 遗传多样性分析

将目前该茶树 40K m SNP 液相功能芯片已检测的 3000 余份茶树种质资源的基因型数据与本研究采集的样本基因型数据进行整合，去除包含 InDel 的位点，利用 PLINK 1.9 软件进行主成分分析（PCA，principal component analysis），绘制主成分分析图。基于邻接法（NJ，neighbor-joining）对供试材料

进行遗传进化分析，构建亲缘关系进化树。

1.5 理化成分测定

水浸出物含量依据 GB/T 8305-2013 《茶 水浸出物测定》[25]全量法测定；游离氨基酸含量依据 GB/T 8314-2013《茶 游离氨基酸总量的测定》[26]茚三酮比色法测定；咖啡碱含量依据 GB/T 8312-2013《茶 咖啡碱测定》[27]紫外分光光度法测定；茶多酚和儿茶素类含量依据 GB/T 8313-2018 《茶叶中茶多酚和儿茶素类含量的检测方法》[28]测定。

1.6 感官审评

委托农业农村部茶叶质量监督检验检测中心依据 GB/T 23776-2018 《茶叶感官审评方法》[29]进行茶叶感官评审。准确称取 3 g 茶样，按照茶水比 1∶50 加入沸水，冲泡 4 min 后，对香气、汤色、滋味、叶底进行评价打分，评分采用 100 分制，并按外形占比 25%、汤色占比 10%、香气占比 25%、滋味占比 30%、叶底占比 10%进行加权，计算感官审评总分。

1.7 全基因组关联分析和候选基因预测

利用 GAPIT 软件的 GLM、SUPER 模型和 rMVP 软件的 FarmCPU 模型，对茶树品质性状进行全基因组关联分析，主成分分析个数设置为 2，加入亲缘关系矩阵作为协变量计算。利用 GEC 软件计算 Effective SNP 个数，将最低阈值设置为 1/Effective SNP 筛选出显著关联位点。使用 R 包内绘制曼哈顿图（Manhattan plot）和 Q-Q 图（Quantile-Quantile plot）。根据鉴定到的显著关联 SNP 位点，利用 ANNOVAR 进行关联基因注释，基于同源性比对确定基因名。

2 结果与分析

2.1 测序质量评估

为了在分子层面探明旺苍县茶树资源的遗传多样性，利用茶树 40K m SNP 液相功能芯片对 137 份样品进行了基因型的精准鉴定。结果共检测到 40326 个核心 SNP 位点，所有样品的 Q30 都大于 91%，平均测序深度为 167.9361X，所有样品的 SNP 位点检出率均大于 90%，表明测序质量高，可用于后续的信息分析。

2.2 旺苍茶树种质资源的亲缘关系与遗传聚类

为了明确旺苍茶树种质材料间的亲缘关系，对 136 份样品的分型结果进行主成分分析。由图 1 可知，13 份对照品种遗传多样性丰富，具有较好的代表性。旺苍县域的地方资源遗传多样性也极为丰富，其中采自高阳镇的材料主要为栽培型茶树；采自五权镇的材料包含栽培型和过渡型茶树；而采自大两

镇的材料均为过渡型茶树，且分布较为集中。

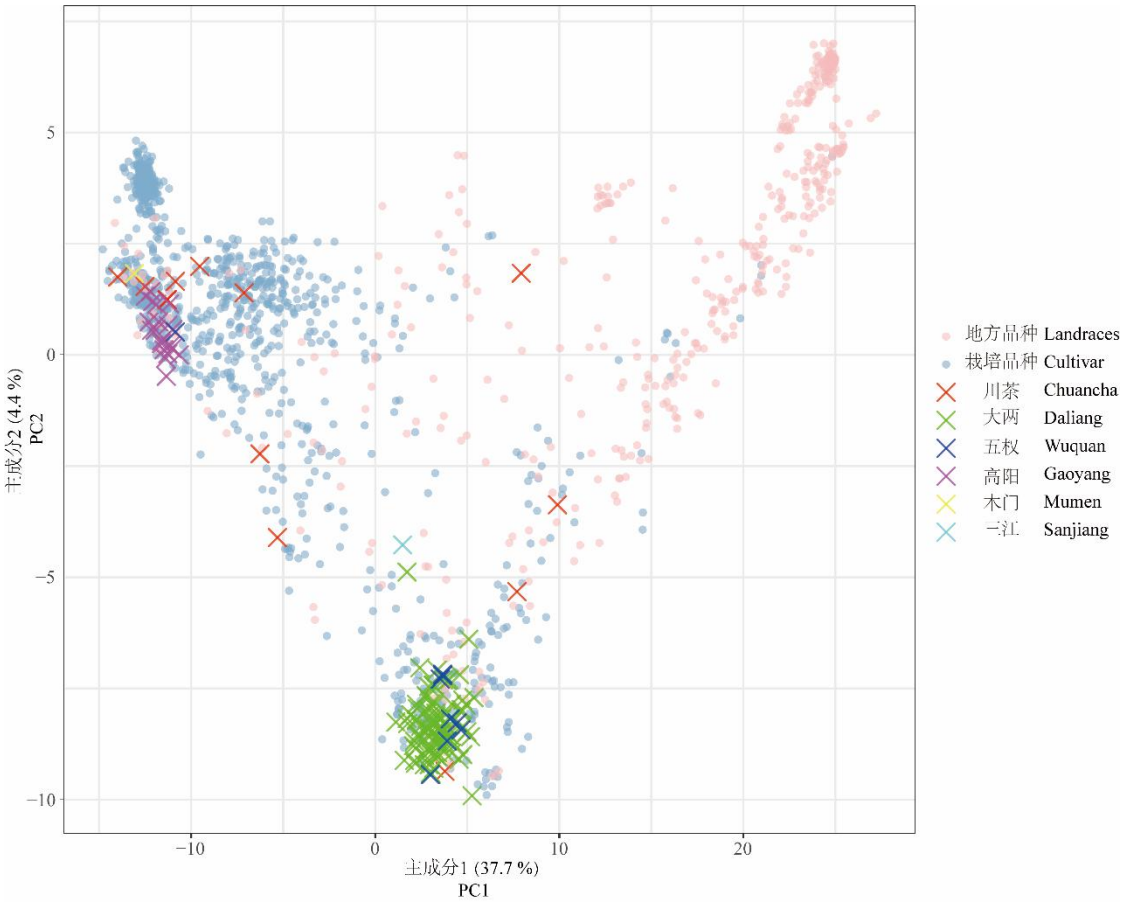


图 1 137 份供试材料与全国主要地域茶树种质资源的主成分分析

Fig. 1 Principal component analysis of 137 test materials and tea germplasm resources from major tea-producing regions in China

基于旺苍地方茶树资源的多样性，从 92 份大两镇茶树资源中挑选了 24 份资源，与其余材料一起构建了进化树。由图 2 可知，68 份供试材料可划分为 3 个类群，来自五权镇、高阳镇的材料和对照品种聚集在类群Ⅲ的不同亚类群，而来自大两镇的绝大多数材料都聚在类群Ⅰ和Ⅱ。综合主成分分析与进化树结果，发现来自大两镇的材料与其他材料的亲缘关系较远，为一类相对独立的种质。

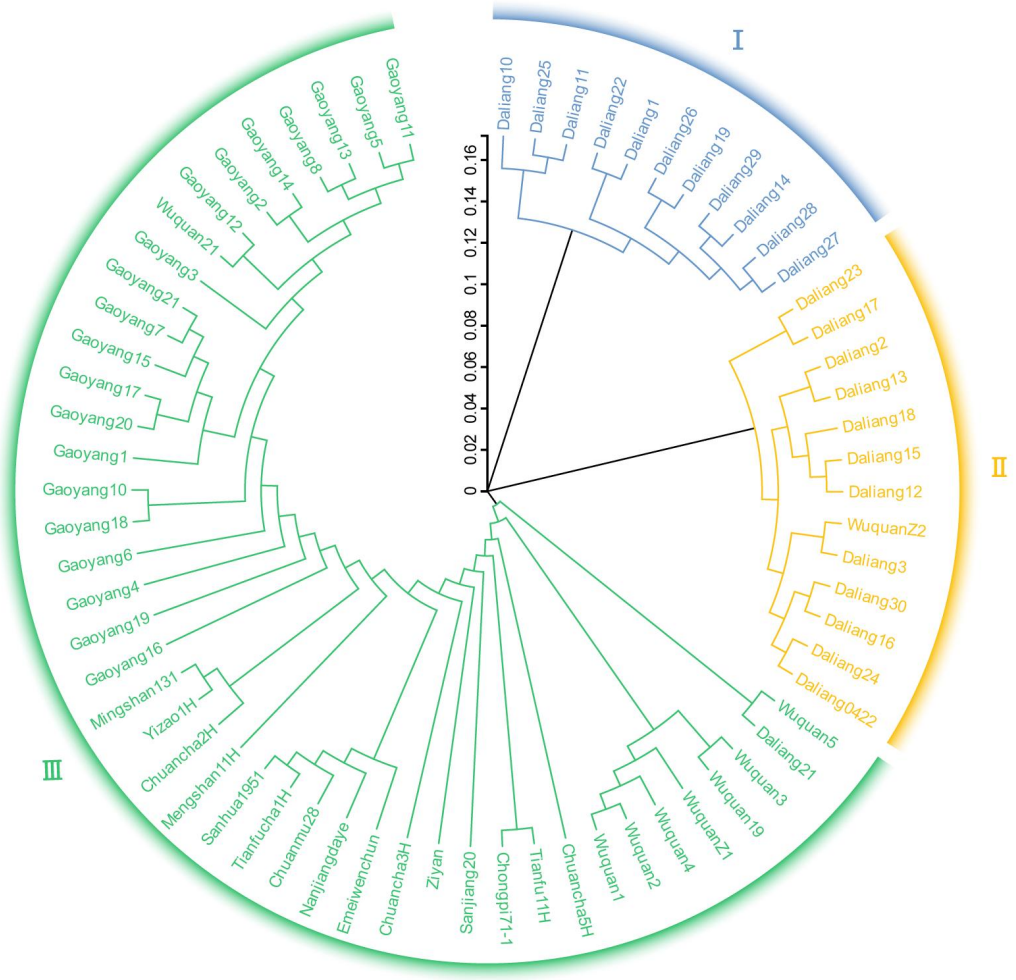


图 2 代表性茶树资源的系统发育树

Fig. 2 The phylogenetic tree of representative tea germplasms

为了进一步探明大两镇古茶树材料间的系统发育关系，对来自大两镇的 92 份材料构建了进化树。由图 3 可知，大两镇古茶树可分为 3 个类群，其中类群 I 和 II 都只包含了 7 份资源，类群III则包含 78 份资源。类群III可以进一步划分为 2 个亚类群，其中有 8 份资源为一个亚类群，其余 70 份资源为另一个亚类群。这说明在大两镇采集的古茶树群落存在遗传分化，这为古茶树资源的进一步发掘利用提供了可靠依据。

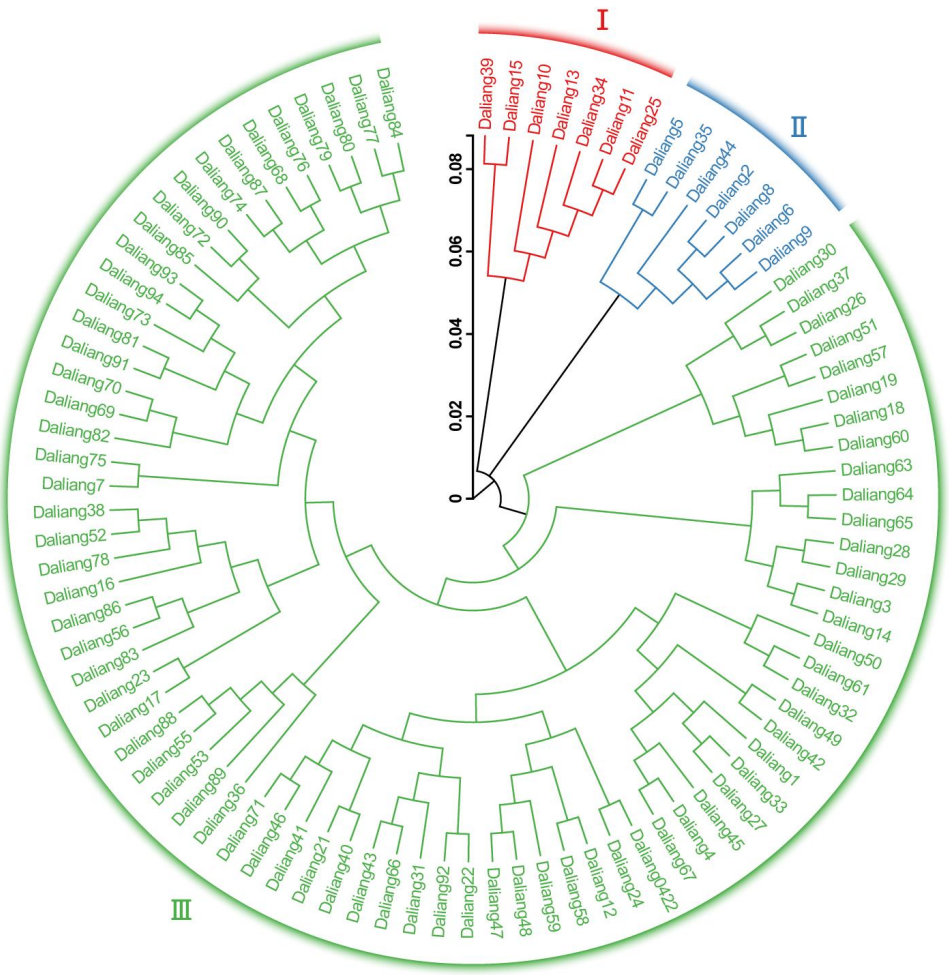


图 3 92 份大两古茶树的系统发育树

Fig. 3 The phylogenetic tree of 92 ancient tea trees from Daliang

2.3 理化成分特征

为了解析旺苍茶树种质资源理化成分的组成特征，测定了影响茶叶品质的 4 项常规理化成分（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250917001，附表 2）。由表 1 可知，所有供试材料的水浸出物含量均高于 45%，表明旺苍县域茶树资源的内含物质丰富，其中大两镇的水浸出物平均含量（54.2%）显著高于高阳镇（51.9%）和五权镇（49.9%）。所有样品的茶多酚含量在 12.8%~25.1%之间，大两镇样品的茶多酚平均含量（21.6%）显著高于高阳镇（18.1%）和五权镇（18.3%）。所有样品的游离氨基酸含量在 2.2%~5.2%之间，大两镇的游离氨基酸平均含量（3.3%）显著低于高阳镇（4.1%）和五权镇（4.3%）。所有样品的咖啡碱含量在 1.9%~4.6%之间，大两镇的咖啡碱平均含量（3.2%）显著高于高阳镇（2.3%），与五权镇相当（2.9%），差异不显著。酚氨比通常被视为评价茶树种质资源适制性的重要指标[30]，所有样品的酚氨比在 3.0~10.7 之间，大两镇酚氨比平均值（6.7）显著高于高阳镇（4.5）

和五权镇（4.3）。以上结果表明，与高阳镇和五权镇相比，来自大两镇的材料具有高水浸出物、高茶多酚和低氨基酸等特点。

表 1 不同来源种质间常规理化成分的比较分析

Table 1 Comparative analysis of conventional physicochemical components among germplasm from different sources

来源地 Sources	水浸出物（%） Water extract	茶多酚（%） Tea polyphenols	游离氨基酸（%） Amino acids	咖啡碱（%） Caffeine	酚氨比 Ratio of tea polyphenols to amino acids
大两 Daliang	54.2±2.1^{a}	21.6±2.0^{a}	3.3±0.6^{b}	3.2±0.6^{a}	6.7±1.5^{a}
高阳 Gaoyang	51.9±2.6^{b}	18.1±2.6^{b}	4.1±0.6^{a}	2.3±0.4^{b}	4.5±1.2^{b}
五权 Wuquan	49.9±3.0^{b}	18.3±1.7^{b}	4.3±0.6^{a}	2.9±0.3^{ab}	4.3±1.0^{b}

同一列中不同字母表示有显著性差异（P<0.05）；下同

There were significant differences in different letters in the same column (P<0.05); The same as below

同时，还测定了儿茶素组分的含量（详见 https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250917001，附表 3）。由表 2 可知，大两镇、高阳镇、五权镇供试材料中儿茶素的平均含量分别为 0.9%、1.3%、0.9%，其中高阳镇最高；表儿茶素的平均含量分别为 0.8%、3.4%、0.4%，其中高阳最高；表没食子儿茶素的平均含量分别为 2.4%、0.9%、0.6%，其中大两镇最高；表儿茶素没食子酸酯的平均含量分别为 1.9%、1.1%、1.2%，其中大两镇最高；表没食子儿茶素没食子酸酯的平均含量分别为 7.0%、2.8%、3.7%，其中大两镇最高。以上结果表明，与高阳镇和五权镇相比，来自大两镇的材料富含酯型儿茶素，尤其是表没食子儿茶素没食子酸酯。

表 2 不同来源种质间儿茶素组分比较分析

Table 2 Comparative analysis of catechin components among germplasm from different sources

来源地 Sources	儿茶素（%） C	表儿茶素（%） EC	表没食子儿茶素（%） EGC	表儿茶素没食子酸酯（%） ECG	表没食子儿茶素没食子酸酯（%） EGCG
大两 Daliang	0.9±1.0^{a}	0.8±0.4^{b}	2.4±1.9^{a}	1.9±0.5^{a}	7.0±2.4^{a}
高阳 Gaoyang	1.3±0.5^{a}	3.4±5.6^{a}	0.9±0.4^{ab}	1.1±0.3^{b}	2.8±1.6^{b}
五权 Wuquan	0.9±1.0^{a}	0.4±0.2^{ab}	0.6±0.3^{b}	1.2±0.4^{b}	3.7±0.9^{b}

C: Catechin; EC: Epicatechin; EGC: Epigallocatechin; ECG: Epicatechin-3-gallate; EGCG: Epigallocatechin-3-gallate

此外，根据 NY/T 2031-2011 《农作物优异种质资源评价规范 茶树》[31]定义的标准，共筛选出特异资源 4 份，包括高氨基酸（≥5.0%）资源 3 份（Gaoyang5、Wuquan1 和 Wuquan2）和高茶多酚（≥25%）资源 1 份（Daliang48）。

2.4 感官品质

为解析旺苍茶树种质资源的感官品质特征，委托农业农村部茶叶质量监督检验检测中心开展了感官审评。结果表明，以旺苍茶树资源为原料制作的烘青绿茶外形多为紧结、略卷曲、显毫，汤色大部分浅嫩（黄）绿、清澈明亮，香气普遍高爽/鲜、有花（果）香，滋味以甘醇/和、鲜爽为主，叶底多为嫩匀、有芽。其中 Daliang13、Daliang15、Daliang7、Daliang20、Daliang16、Daliang8、Daliang12、Daliang18、Daliang34 共 9 份资源综合品质较为优异（总分高于 92.0）。Daliang13 香气清高、微有花

香、绿豆香，滋味甘醇、鲜爽；Daliang15 香气高鲜、嫩香显、有花香，滋味甘醇、鲜爽、微涩；Daliang7 香气清高、甜花香显，滋味甘醇、鲜爽。值得注意的是，Daliang13、Daliang16、Daliang12、Daliang14 除了花香，还带有绿豆香；Daliang22 有花椒香；Daliang23 和 Daliang27 都带有荔枝香，这些资源具有开发新产品和培育新品种的潜力。

表 3 9 份优异资源的感官审评结果

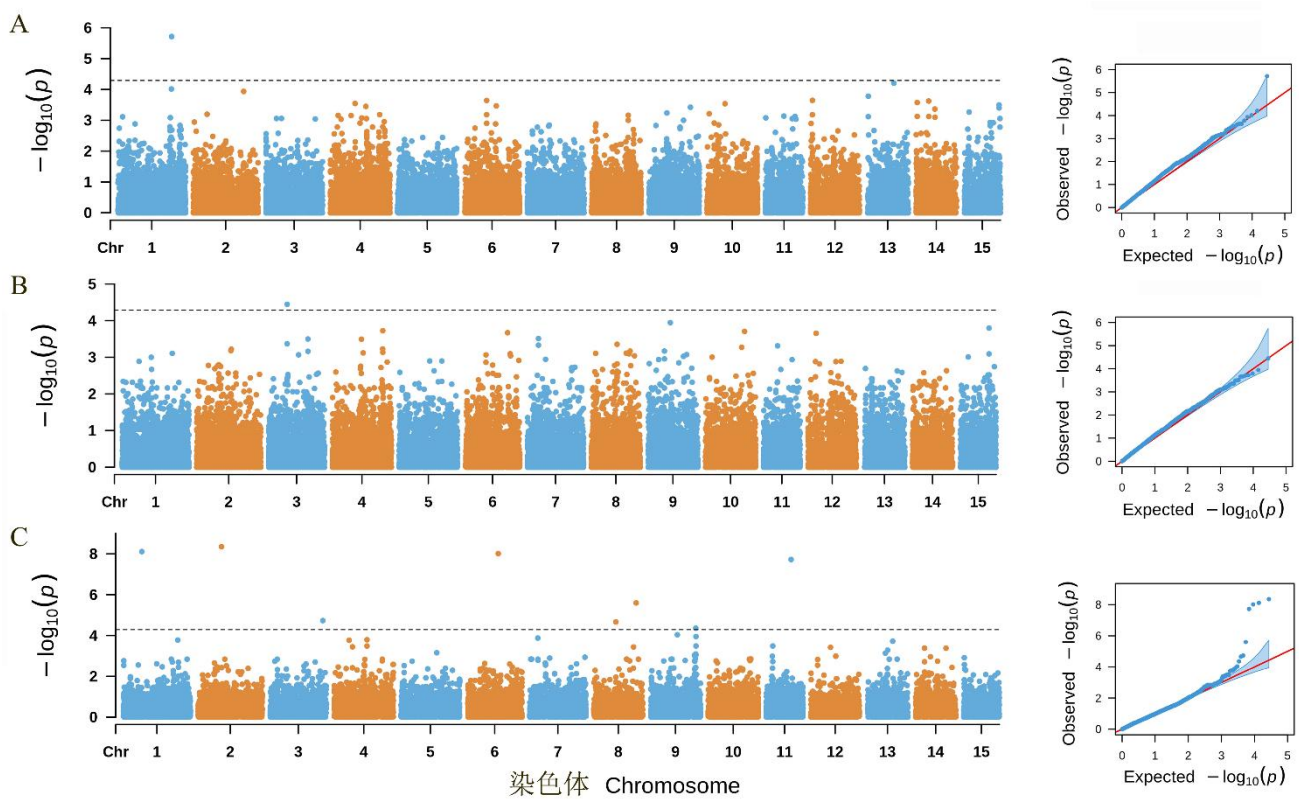
Table 3 The sensory evaluation results of nine excellent resources

名称 Name	外形 Appearance		汤色 Color		香气 Aroma		滋味 Taste		叶底 Brewed leaves		总分 Total score
	评语 Comment	得分 Score	评语 Comment	得分 Score	评语 Comment	得分 Score	评语 Comment	得分 Score	评语 Comment	得分 Score	
Daliang13	细紧、略卷曲、显毫、嫩绿	93	浅嫩绿、清澈明亮	93	清高、微有花香、绿豆香	91	甘醇、鲜爽	94	嫩厚、显芽、嫩黄	93	92.8
Daliang15	紧结、略卷曲、显毫、嫩黄绿	93	浅嫩黄绿、清澈明亮	92.5	高鲜、嫩香显、有花香	93	甘醇、鲜爽、微涩	92.5	嫩厚、显芽、嫩黄	93	92.8
Daliang7	紧结、微卷曲、显毫、较嫩绿	91	浅嫩绿、清澈明亮	93.5	清高、甜花香显	94	甘醇、鲜爽	93	嫩厚、显芽、嫩绿	91.5	92.7
Daliang20	紧结、略卷曲、显毫、嫩黄	91	浅嫩绿、清澈明亮	95	高鲜、有花香、微青	92.5	甘和、鲜爽	93.5	嫩厚、显芽、嫩黄	92	92.6
Daliang16	紧结、略卷曲、显毫、嫩黄绿	92	浅嫩黄绿、清澈明亮	92.5	高鲜、花香显、微有绿豆香	93.5	甘和、鲜爽、微涩	92.5	嫩厚、显芽、嫩黄绿	92	92.6
Daliang8	紧结、微卷曲、显毫、较嫩绿	91	浅嫩绿、清澈明亮	94	高鲜、微有花香	92.5	甘和、鲜爽	93.5	嫩厚、显芽、嫩绿	92	92.5
Daliang12	紧结、微卷曲、显毫、较嫩绿	91	浅嫩黄绿、清澈明亮	92.5	高鲜、微有花香、绿豆香	93	甘醇、较鲜爽	92.5	嫩厚、显芽、绿	91.5	92.2
Daliang18	紧结、略卷曲、显毫、较绿	91	嫩黄、明亮	90	高爽、有花香	93	甘醇、鲜爽	93.5	嫩匀、显芽、较嫩绿、带红茎	91	92.2
Daliang34	较紧结、略卷曲、有毫、黄绿	89	浅嫩绿、清澈明亮	93	清高、甜花香显	94	甘和、鲜爽	93.5	嫩匀、有芽、嫩黄	90	92.1

2.5 全基因组关联分析

为了鉴定与茶树次生代谢物相关的基因，对 8 个品质性状（水浸出物、茶多酚、氨基酸、儿茶素总量、儿茶素、表儿茶素、表没食子儿茶素和表没食子儿茶素没食子酸酯）进行全基因组关联分析。其中与氨基酸含量性状最显著关联的 SNP 位点位于 1 号染色体上的*γ-CA1*（CSS0045130）基因间隔区（图 4A）；与茶多酚含量性状最显著关联的 SNP 位点位于 3 号染色体上的 *TPR5*（CSS0048014）外显子（图 4B）；与表没食子儿茶素没食子酸酯含量性状最显著关联的 2 个 SNP 位点分别位于 2 号染色体上的 *MYB94*（CSS0018956）外显子和 1 号染色体上的 *UGT85A1*（CSS0014730）外显子（图 4C）。经过基

因注释，发现*γ-CA1* 基因参与编码线粒体γ碳酸酐酶，是 NADH 脱氢酶复合物的组成部分；*TPR5* 基因参与定向细胞分裂，对于维持植物的分生组织细胞组织至关重要；*UGT85A1* 基因属于 UGT 糖基转移酶；*MYB94* 基因减轻植物细胞氧化损伤。



A：氨基酸；B：茶多酚；C：表没食子儿茶素没食子酸酯

A: Amino acid; B: Polyphenol; C: Epigallocatechin-3-gallate

图 4 茶树品质性状曼哈顿图和 Q-Q 图

Fig. 4 Manhattan plot and Q-Q plot for tea plant quality traits

3 讨论

旺苍县地处南北气候交界线和东西部地理分界线，属亚热带季风性湿润气候，土壤中富含硒、锌等多种微量元素，当地茶树资源非常丰富[1-2]，然而对旺苍县茶树资源的系统鉴定和评价未见报道。优异种质资源是茶产业可持续发展的核心要素，对茶树种质资源内在潜质进行充分的挖掘，才能发挥其最大的效能。全面分析县域内的资源遗传多样性并开展优异资源的发掘利用，对于开展地方资源的保护利用具有重要意义。近年来，基于靶向测序基因型检测的液相芯片技术作为一种高效、低成本的工具在基因分型领域展现出显著优势，尤其在分子育种、遗传分析等方面应用广泛[31-34]。Liu 等[12]利用 TEA5K 液相芯片解析了来自 15 个省份的 519 份茶树种质资源之间的系统发育关系，结果发现可分为三大类群：野生型、过渡型和栽培型茶树。本研究利用茶树 40K m SNP 液相功能芯片发现来自大两镇

的材料与其他材料的亲缘关系较远，为过渡型茶树。茶学界普遍认为，过渡型茶树是野生型茶树向栽培型茶树驯化的中间类型，保留了部分野生型茶树的形态特征，但在生化成分上已开始向栽培型茶树靠近，被誉为茶树进化的活化石。旺苍过渡型茶树的发现对茶树起源、演化和人工驯化与传播等方面的研究具有重要的科学价值。同时，本研究证实了茶树 40K m SNP 液相功能芯片为种质资源评价、群体遗传分析等研究提供了有价值的工具。

对旺苍茶树资源同时开展感官审评和理化成分检测，可充分解析旺苍茶树资源的品质特征。理化成分检测结果表明，与高阳镇和五权镇的群体种相比，来自大两镇的古茶树具有高水浸出物、高茶多酚和低氨基酸等特点，且富含酯型儿茶素，尤其是表没食子儿茶素没食子酸酯（平均值为 7.0%）。1991 年，首次在云南思茅发现了过渡型古茶树“邦崴古茶树”，其鲜叶蒸青样的水浸出物、儿茶素总量和茶多酚含量均高于当地有性群体品种，而氨基酸和咖啡碱含量略低于当地有性群体品种[35-36]，这与本研究的结果基本一致。而感官审评结果表明，共有 9 份材料（Daliang13、Daliang15、Daliang7、Daliang20、Daliang16、Daliang8、Daliang12、Daliang18 和 Daliang34）总分高于 92.0，这些优异资源全部来源于大两镇，说明大两镇古茶树的感官品质较高阳和五权的群体种更优。

GWAS 是一种高效的、将表型与基因型进行关联并用于搜寻相关性状候选基因的技术手段，通过 GWAS 分析得到的基因为品种改良提供宝贵的基因资源[37-38]。张力岚等[39]利用基于简化基因组测序对茶树新梢中苯乙醇樱草糖苷的含量进行了全基因组关联分析，初步筛选出 10 个与苯乙醇樱草糖苷含量相关的候选基因。本研究利用 GWAS 筛选出 4 个与茶树氨基酸、茶多酚和 EGCG 含量相关的候选基因，分别是*γ-CA1*、*TPR5*、*MYB94* 和 *UGT85A1*。迄今为止，与*γ-CA1* 和 *TPR5* 相关的研究鲜有报道，可作为后期的研究重点。植物尿苷二磷酸依赖型糖基转移酶（UGTs，UDP glycosyltransferase）在植物生长和代谢中发挥关键作用，特别是在次生代谢产物的糖基化过程中[40]。Zhao 等[41]通过功能验证发现 *CsUGT94P1* 可催化黄酮醇苷化，直接影响茶叶苦涩味。MYB 转录因子家族是植物次生代谢物生物合成的重要调控因子，已被证实参与儿茶素生物合成的调控[42]。Huang 等[43]发现 CsMYB219 和 CsMYB196 可能响应干旱和高温胁迫，通过转录调控 *CsSCPL4* 和 *CsSCPL5-1* 的表达来调控茶树中 EGCG 的生物合成。这些候选基因的挖掘将为相关代谢物的研究提供基础。接下来将进一步开展基因功能研究和分子标记开发，辅助高品质茶树新品种的高效培育。

参考文献：

[1] 霍川, 陈九江, 赵飞. 旺苍县茶产业发展探析. 现代农业科技, 2025(7): 170-174
Huo C, Chen J J, Zhao F. Analysis on the development of tea industry in Wangcang county. Modern Agricultural Science and Technology, 2025(7): 170-174

[2] 黄秋香, 祝淑俊, 梁琴. 旺苍县茶树种质资源保护利用探讨. 四川农业科技, 2022(11): 115-117, 121
Huang Q X, Zhu S J, Liang Q. Discussion on the protection and utilization of tea germplasm resources in Wangcang county. Sichuan Agricultural Science and Technology, 2022(11): 115-117, 121

[3] 古茶树保护与可持续利用国家创新联盟, 西南林业大学古茶树研究中心. 中国古茶树资源状况白皮书(2024). (2024-05-21)[2025-09-17]. https://www.sgpjbg.com.cn/baogao/163142.html
National Innovation Alliance for the Conservation and Sustainable Utilization of Ancient Tea Trees, Southwest Forestry University Ancient Tea Tree Research Center. White book on the status of ancient tea germplasm resources in China (2024). (2024-05-21)[2025-09-17]. https://www.sgpjbg.com.cn/baogao/163142.html

[4] 宁功伟, 陈晓明, 成雅容, 段学良, 杨旭, 孙超, 李友勇, 邵金良, 刘本英, 王洪斌. 保山市代表性古茶树资源表型与生化组分多样性研究. 植物遗传资源学报, 2025, 26(5): 942-961
Ning G W, Chen X M, Cheng Y R, Duan X L, Yang X, Sun C, Li Y Y, Shao J L, Liu B Y, Wang H B. Phenotypic and biochemical components diversity of representative ancient tea germplasm resources in Baoshan City, China. Journal of Plant Genetic Resources, 2025, 26(5): 942-961

[5] 秦丹丹, 方开星, 王秋霜, 王青, 潘晨东, 倪尔冬, 冯韶芳, 吴展红, 吴华玲. 梯面镇古茶树种质资源调查及其性状研究. 园艺学报, 2025, 52(10): 2691-2702
Qin D D, Fang K X, Wang Q S, Wang Q, Pan C D, Ni E D, Feng S F, Wu Z H, Wu H L. Investigation of ancient tea germplasm resources and their characters from Timian Town in Guangzhou. Acta Horticulturae Sinica, 2025, 52(10): 2691-2702

[6] 田海燕, 张海娜, 王永强, 周永萍, 张莹璐. SNP 分子标记及其在作物品种鉴定中的应用. 中国农学通报, 2024, 40(6):115-121
Tian H Y, Zhang H N, Wang Y Q, Zhou Y P, Zhang Y L. SNP molecular markers: Research and its application in crop variety identification. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2024, 40(6): 115-121

[7] 徐云碧, 王冰冰, 张健, 张佳楠, 李建生. 应用分子标记技术改进作物品种保护和监管. 作物学报, 2022, 48(8): 1853-1870
Xu Y B, Wang B B, Zhang J, Zhang J N, Li J S. Enhancement of plant variety protection and regulation using molecular marker technology. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(8): 1853-1870

[8] 甘斌, 田宇豪, 熊兴耀, 胡新喜, 秦玉芝. 单核苷酸多态性(SNP)及其在作物中的研究与应用. 分子植物育种, 2024, 22(9): 2987-2995
Gan B, Tian Y H, Xiong X Y, Hu X X, Qin Y Z. Single nucleotide polymorphism and its research and application in crops. Molecular Plant Breeding, 2024, 22(9): 2987-2995

[9] Zhang J, Yang J J, Zhang L, Luo J, Zhao H, Zhang J N, Wen C L. A new SNP genotyping technology target SNP-seq and its application in genetic analysis of cucumber varieties. Scientific Reports, 2020, 10(1): 5623

[10] 徐云碧, 杨泉女, 郑洪建, 许彦芬, 桑志勤, 郭子峰, 彭海, 张丛, 蓝昊发, 王蕴波, 吴坤生, 陶家军, 张嘉楠. 靶向测序基因型检测（GBTS）技术及其应用. 中国农业科学, 2020, 53(15) :2983-3004
Xu Y B, Yang Q N, Zheng H J, Xu Y F, Sang Z Q, Guo Z F, Peng H, Zhang C, Lan H F, Wang Y B, Wu K S, Tao J J, Zhang J N. Genotyping by target sequencing (GBTS) and its applications. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(15): 2983-3004

[11] Guo Z F, Wang H W, Tao J J, Ren Y H, Xu C, Wu K S, Zou C, Zhang J N, Xu Y B. Development of multiple SNP marker panels affordable to breeders through genotyping by target sequencing (GBTS) in maize. Molecular Breeding, 2019, 39(3): 37

[12] Liu D D, Zhang C Y, Ye Y Y, Mei P, Gong Y, Liu Z, Sun C, Zhao X C, Ding S Q, Chen J D, Chen L, Ma C L. TEA5K: A high-resolution and liquid-phase multiple-SNP array for molecular breeding in tea plant. Journal of Nanobiotechnology, 2025, 23: 481

[13] 梅飘, 刘丁丁, 叶圆圆, 张晨禹, 丁诗琦, 李亚奇, 王培鑫, 梅菊芬, 马春雷. 基于茶树液相功能芯片的白化茶树资源遗传多样性分析. 作物学报, 2025, 51(9): 2358-2370
Mei P, Liu D D, Ye Y Y, Zhang C Y, Ding S Q, Li Y Q, Wang P X, Mei J F, Ma C L. Genetic diversity analysis of domestic albino tea germplasm resources based on the tea plant liquid phase functional chip. Acta Agronomica Sinica, 2025, 51(9): 2358-2370

[14] 郭佳璐, 璩馥榕, 蔡天晨, 赵洋, 杨培迪, 刘勇, 周跃斌, 刘振. 基于农艺性状和 SNP 分子标记的湖南 78 份茶树种质资源遗传多样性研究. 茶叶科学, 2025, 45(2): 219-233
Guo J L, Qu F R, Cai T C, Zhao Y, Yang P D, Liu Y, Zhou Y B, Liu Z. Study on the genetic diversity of 78 tea germplasm resources in Hunan based on agronomic traits and SNP molecular markers. Journal of Tea Science, 2025, 45(2): 219-233

[15] 房婉萍, 雷小刚, 杨彬, 王亚, 马媛春. 全基因组关联分析在茶叶研究中的应用进展. 华中农业大学学报, 2022, 41(5): 33-40
Fang W P, Lei X G, Yang B, Wang Y, Ma Y C. Progress in the application of genome-wide association study in tea research. Journal of Huazhong Agricultural University, 2022, 41(5): 33-40

[16] 姜洪真, 马伯军, 钱前, 高振宇. 全基因组关联分析(GWAS)在作物农艺性状研究中的应用. 农业生物技术学报, 2018, 26(7): 1244-1257

Jiang H Z, Ma B J, Qian Q, Gao Z Y. The application of genome-wide association study (GWAS) in crop agronomic traits. Journal of Agricultural Biotechnology, 2018, 26(7): 1244-1257

[17] 曹志洋, 高丽锋, 姜东言, 王曙光, 杨进文, 贾继增, 李宁, 孙黛珍. 小麦苗期耐低磷相关基因位点的挖掘与候选基因分析. 作物学报, 2025, 51(10): 2632-2651

Cao Z Y, Gao L F, Jiang D Y, Wang S G, Yang J W, Jia J Z, Li N, Sun D Z. Identification of genetic loci related to low phosphorus tolerance at the seedling stage in wheat and analysis of candidate genes. Acta Agronomica Sinica, 2025, 51(10): 2632-2651

[18] 张默, 王鑫雨, 齐欣, 刘欣芳, 孙成韬, 刘晓丽, 姜敏, 李泉木, 叶雨盛, 王丕武, 王延波. 基于 GWAS 和 RNA-seq 相结合挖掘玉米冠层叶片宽度候选基因. 玉米科学, 2025, https://link.cnki.net/urlid/22.1201.s.20250710.1003.002

Zhang M, Wang X Y, Qi X, Liu X F, Sun C T, Liu X L, Jiang M, Li Q M, Ye Y S, Wang P W, Wang Y B. Identification of candidate genes for maize canopy leaf width based on the combination of GWAS and RNA-seq. Journal of Maize Sciences, 2025, https://link.cnki.net/urlid/22.1201.s.20250710.1003.002

[19] 李宜谦, 徐守振, 刘萍, 马麒, 谢斌, 陈红. 基于 40K SNP 芯片的陆地棉产量构成因素全基因组关联分析及单铃重位点挖掘. 作物学报, 2025, 51(8): 2128-2138

Li Y Q, Xu S Z, Liu P, Ma Q, Xie B, Chen H. Genome-wide association study of yield components using a 40K SNP array and identification of a stable locus for boll weight in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Acta Agronomica Sinica, 2025, 51(8): 2128-2138

[20] 赵祥光, 张皓, 冯新康, 王琦, 孙大千, 储丽, 李英慧, 杜吉到, 邱丽娟. 大豆不饱和脂肪酸含量全基因组关联分析. 植物遗传资源学报, 2025, 26(9): 1777-1787

Zhao X G, Zhang H, Feng X K, Wang Q, Sun D Q, Chu L, Li Y H, Du J D, Qiu L J. Genome-wide association analysis of the contents of unsaturated fatty acids in soybeans. Journal of Plant Genetic Resources, 2025, 26(9): 1777-1787

[21] 王亚雯, 戚正阳, 尤佳琦, 聂新辉, 曹娟, 杨细燕, 涂礼莉, 张献龙, 王茂军. 棉花 60K 功能位点基因芯片的制备及应用. 作物学报, 2025, 51(5): 1178-1188

Wang Y W, Qi Z Y, You J Q, Nie X H, Cao J, Yang X Y, Tu L L, Zhang X L, Wang M J. Preparation of cotton 60K functional locus gene chip and its application togenetic research. Acta Agronomica Sinica, 2025, 51(5): 1178-1188

[22] Zhang S R, Chen S, Fu Z L, Li F, Chen Q Y, Ma J Q, Chen Y Q, Chen L, Chen J D. Integration of digital phenotyping, GWAS, and transcriptomic analysis revealed a key gene for bud size in tea plant (*Camellia sinensis*). Horticulture Research, 2025, 12(6): uhaf051

[23] Lu L T, Chen H F, Wang X J, Zhao Y C, Yao X Z, Xiong B, Deng Y L　Zhao D G. Genome-level diversification of eight ancient tea populations in the Guizhou and Yunnan regions identifies candidate genes for core agronomic traits. Horticulture Research, 2021, 8(1): 190

[24] 陈亮, 杨亚军. 茶树种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2005

Chen L, Yang Y J. Descriptors and date standard for Tea (*Camellia* spp.). Beijing: China Agriculture Press, 2005

[25] 中华全国供销合作总社杭州茶叶研究院. GB/T 8305-2013 茶 水浸出物测定. 北京: 中国标准出版社, 2013

Hangzhou Tea Research Institute, China Coop. GB/T 8305-2013 Tea-determination of water extracts content. Beijing: Standards Press of China, 2013

[26] 中华全国供销合作总社杭州茶叶研究院. GB/T 8314-2013 茶 游离氨基酸总量的测定. 北京: 中国标准出版社, 2013

Hangzhou Tea Research Institute, China Coop. GB/T 8314-2013 Tea-determination of free amino acids content. Beijing: Standards Press of China, 2013

[27] 中华全国供销合作总社杭州茶叶研究院. GB/T 8312-2013 茶 咖啡碱测定. 北京: 中国标准出版社, 2013

Hangzhou Tea Research Institute, China Coop. GB/T 8312-2013 Tea-determination of caffeine content. Beijing: Standards Press of China, 2013

[28] 中华全国供销合作总社杭州茶叶研究院. GB/T 8313-2018 茶叶中茶多酚和儿茶素类含量的检测方法. 北京: 中国标准出版社, 2018

Hangzhou Tea Research Institute, China Coop. GB/T 8313-2018 Determination of total polyphenols and catechins content in tea. Beijing: Standards Press of China, 2018

[29] 浙江大学. GB/T 23776-2018 茶叶感官审评方法. 北京: 中国标准出版社, 2018

Zhejiang University. GB/T 23776-2018 Methodology for sensory evaluation of tea. Beijing: Standards Press of China, 2018

[30] 江昌俊. 茶树育种学. 北京: 中国农业出版社, 2021

Jiang C J. Tea breeding. Beijing: China Agriculture Press, 2021

[31] 中国农业科学院茶叶研究所. NY/T 2031-2011 农作物优异种质资源评价规范 茶树. 北京: 中国标准出版社, 2011

Tea Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences. NY/T 2031-2011 Evaluating standards for elite and rare germplasm resources-tea plant (*Camellia sinensis* (L.) O.Kuntze). Beijing: Standards Press of China, 2011

[32] 袁娜, 徐勤圆, 徐照龙, 周玲, 刘晓庆, 陈新, 杜建厂. 基于靶向测序技术的菜豆 SNP 液相芯片开发及验证. 园艺学报, 2024, 51(5): 1017-1032
Yuan N, Xu Q Y, Xu Z L, Zhou L, Liu X Q, Chen X, Du J C. The development and verification of SNP liquid chips for common bean based on targeted sequencing technology. Acta Horticulturae Sinica, 2024, 51(5): 1017-1032

[33] 程斌, 丁延庆, 曹宁, 高旭, 徐建霞, 罗永露, 张立异, 王伟. 基于 120K 液相芯片对 310 份小麦种质的遗传多样性分析. 麦类作物学报, 2024, 44(9): 1104-1114
Cheng B, Ding Y Q, Cao N, Gao X, Xu J X, Luo Y L, Zhang L Y, Wang W. Genetic diversity analysis of 310 wheat accessions based on 120K liquid-phase SNP array. Journal of Triticeae Crops, 2024, 44(9): 1104-1114

[34] 张红岩, 敏玉霞, 滕长才, 彭小星, 陈志凯, 周仙莉, 娄树宝, 刘玉皎. 利用 130K 液相芯片分析中国蚕豆种质资源遗传多样性. 作物学报, 2024, 50(8): 1989-2000
Zhang H Y, Min Y X, Teng C C, Peng X X, Chen Z K, Zhou X L, Lou S B, Liu Y J. Genetic diversity analysis of Chinese faba bean (*Vicia faba* L.) germplasmresources using 130K liquid phase chips. Acta Agronomica Sinica, 2024, 50(8): 1989-2000

[35] 邱辉. 从邦崴古茶树的发现看茶树的起源与演化. 农业考古, 1993(4):102-105
Qiu H. Perspectives on the origin and evolution of the tea plant from the discovery of the Bangwei ancient tea tree. Agricultural Archaeology, 1993(4): 102-105

[36] 黄桂枢. 论云南澜沧邦崴古茶树的发现考察论证及其文物价值与世界茶树原产地问题. 农业考古, 1993(4): 109-118
Huang G S. Discussing the global origin of tea plants through the discovery, investigation, demonstration and its value of cultural relics of the ancient tea tree in Bangwei, Lancang, Yunnan, as well as its cultural relic value. Agricultural Archaeology, 1993(4): 109-118

[37] 朱婉婷, 李江峰, 詹倩如, 耍振阳, 朱迎春, 郭艳霞, 骆翔. 新疆甜瓜种质资源遗传多样性及果肉硬度性状 GWAS 分析. 果树学报, 2025, 42(5): 979-992
Zhu W T, Li J F, Zhan Q R, Shua Z Y, Zhu Y C, Guo Y X, Luo X. Genetic diversity and GWAS analysis of flesh hardness trait in Xinjiang melon germplasm resources. Journal of Fruit Science, 2025, 42(5): 979-992

[38] 刘福霞, 刘磊, 白姝雯, 古炫炫, 吴桂琴, 王旭, 于文庚, 李伟强, 谷玉娟, 孙慧, 丁福全, 吴德鹏, 赵祥祥. 结合 GWAS 和 WGCNA 挖掘油菜种子次生休眠候选基因. 中国油料作物学报, 2025, 47(3) :601-615
Liu F X, Liu L, Bai S W, Gu X X, Wu G Q, Wang X, Yu W G, Li W Q, Gu Y J, Sun H, Ding F Q, Wu D P, Zhao X X. Conjoint analysis by GWAS and WGCNA to mine candidate genes for secondary seed dormancy in rapeseed. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2025, 47(3): 601-615

[39] 张力岚, 杨军, 王让剑. 茶树苯乙醇樱草糖苷含量相关遗传位点的挖掘. 园艺学报, 2024, 51(1): 77-90
Zhang L L, Yang J, Wang R J. Mining of genetic locus of phenylethyl alcohol primrose glycoside abundance in tea plants. Acta Horticulturae Sinica, 2024, 51(1): 77-90

[40] 王媛媛, 刘云清, 徐晶宇, 刘云婷, 胡禧熙, 张超, 姜泽宇, 朱磊. 葡萄 UDP-糖基转移酶家族的全基因组表征、进化和表达分析. 食品科学, 2025, 46(14): 134-146
Wang Y Y, Liu Y Q, Xu J Y, Liu Y T, Hu X X, Zhang C, Jiang Z Y, Zhu L. Genome-wide characterization, evolution and expression profiling of the UDP-glycosyltransferase family in grapes (*Vitis vinifera*). Food Science, 2025, 46(14): 134-146

[41] Zhao X M, Xu X Y, Chi N, Liu Y M, Zhou X X, Jin J Q, Ma C L, Ma J Q, Chen W, Yao M Z, Chen L. Integrated single-nucleus transcriptomic and metabolomic insights into bud-to-leaf development and metabolite synthesis in tea plant. Horticulture Research, 2025, uhaf281

[42] Chen X J, Wang P J, Gu M Y, Lin X Y, Hou B H, Zheng Y C, Sun Y, Jin S, Ye N X. R2R3−MYB transcription factor family in tea plant (*Camellia sinensis*): Genome−wide characterization, phylogeny, chromosome location, structure and expression patterns. Genomics, 2021, 113(3): 1565-1578

[43] Huang X X, An Z X, Zhao T Y, Xie N C, Li J, Zhu M Z, Zhao J, Liu Z H, Wang K B. CsMYB219 and CsMYB196 influence epigallocatechin gallate biosynthesis in tea plant (*Camellia sinensis*) by regulating *CsSCPL1A* gene expression. Plant Journal, 2025, 123(1): e70341