

## 84 个茶树品种遗传多样性及亲缘关系的 SSR 分析

王旭, 董丽娟, 段继华, 李赛君, 张曙光

(湖南省农业科学院 茶叶研究所, 湖南 长沙 410125)

**摘要:** 利用 33 对多态性 SSR 引物对 84 个茶树品种进行亲缘关系和遗传多样性分析, 并基于 SSR 数据, 对供试品种进行 UPGMA 遗传相似性聚类分析。结果表明: 参试品种具有较高的遗传多样性(共检测到 94 个等位位点, 每个引物 2~4 个, 平均 2.85 个; 引物多态性信息含量为 0.20~0.79, 平均值为 0.56; 可观测等位位点数最多 9 个, 最少 3 个, 平均 4.79 个; 杂合度观测值为 0.08~0.97, 平均值为 0.53; 杂合度期望值为 0.14~0.86, 平均值为 0.62; 群体内的 Shannon 指数平均值为 1.17); 聚类分析结果显示, 阿萨姆茶等 6 个品种各自形成了单独的分支, 其余 78 个品种聚成 1 个大类群, 在相似系数 0.54 处, 这个大类群又可分为 6 个亚类群。

**关键词:** 茶树; 遗传多样性; 亲缘关系; 简单重复序列; 非加权组平均法

中图分类号: S571.1 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2011)03-0260-07

## Genetic diversity and relationship of 84 tea cultivars (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) by SSR markers

WANG Xu, DONG Li-juan, DUAN Ji-hua, LI Sai-jun, ZHANG Shu-guang

(Tea Research Institute, Hunan Academy of Agriculture Sciences, Changsha 410125, China)

**Abstract:** The 33 pairs of simple sequence repeats (SSR) primers were used to analyze the genetic polymorphism and genetic relationship of 84 tea cultivars. Totally 94 alleles were amplified using 33 SSR primers, the number of alleles per primer ranged from 2 to 4, averaged 2.85. The polymorphism information content (PIC) varied from 0.20 to 0.79, averaged 0.56. The observed heterozygosity ( $H_o$ ) ranged from 0.08 to 0.97 and the expected heterozygosity varied from 0.14 to 0.86, averaged 0.53 and 0.62, respectively. The Shannon index of all accessions is 1.17. All of the results showed that the genetic polymorphism of all accessions were relatively abundant. The 84 accessions were classified into 6 groups based on the UPGMA method with the similarity coefficient at 0.54.

**Key words:** tea plant; genetic diversity; genetic relationship; simple sequence repeats (SSR); unweighted pair-group method with arithmetic averages (UPGMA)

新物种塑造主要是运用生物技术、核技术、光电技术与常规技术相结合, 综合不同的优良性状, 按人类需要, 有选择地定向塑造新的物种和类型, 丰富生物多样性, 提高生物抗逆性等<sup>[1]</sup>。中国现代茶树育种已发展到一个以杂交育种与单株选择为主要育种手段的分子标记辅助育种和与快繁技术相结合的高效茶树育种体系<sup>[2]</sup>。董丽娟<sup>[3]</sup>认为, 要综合优良性状基因, 塑造新的类型, 育成符合现代

人需要的划时代新品种, 在探索新技术的同时, 杂交育种仍将是主要途径。杂交育种成败的关键是亲本选择, 要求亲本在主要目标性状上能够互补, 且亲缘关系较远, 遗传基础相对较宽, 因此, 亲本间的亲缘关系及遗传多样性分析对于茶树杂交育种研究有着重要的意义。

随着分子标记技术的不断完善, 利用分子标记技术研究作物资源的遗传关系越来越受到重视。

收稿日期: 2010-12-14

基金项目: 科技部农业科技成果转化基金项目(2010GB2D200320)。

作者简介: 王旭(1972—), 男, 湖南邵阳人, 副研究员, 主要从事茶树资源及育种研究, wang.xu1972@163.com

SSR 标记以其操作简单、成本低、稳定性好、多态性高等优点,已在棉花、水稻、小麦、大豆等作物中得到广泛应用<sup>[4]</sup>。目前,SSR 标记已应用到茶树遗传演化及亲缘关系分析中<sup>[5]</sup>。笔者利用 SSR 标记对湖南省农业科学院茶叶研究所茶树杂交育种所涉及的品种进行遗传多样性和遗传距离分析,以期为进一步开展茶树杂交育种的亲本选配提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

84 个茶树品种(表 1)除阿萨姆茶和薮北种外,其余来自于中国 15 个省(地区)。样品采自于湖南省茶叶研究所高桥茶树种质资源圃和广东省茶叶研究所茶树种质资源圃。2010 年 4 月取一芽二叶新梢,用液氮迅速冷冻后于 - 80 °C 冻箱中保存。

表 1 84 个茶树品种的来源

Table 1 Origin of 84 tea cultivars

编号	名称	来源	编号	名称	来源	编号	名称	来源
C1	岭头单枞	广东	C29	毛蟹	福建	C57	平阳特早茶	浙江
C2	铁观音	福建	C30	秀红	广东	C58	舒茶早	安徽
C3	中茶 102	浙江	C31	桃源大叶	湖南	C59	浙农 139	浙江
C4	甜茶 2 号	湖南	C32	山坡绿	四川	C60	桂绿 1 号	广西
C5	南江 1 号	四川	C33	尖波黄 13 号	湖南	C61	鄂茶 9 号	湖北
C6	鄂茶 10 号	湖北	C34	薮北种	日本	C62	湘红茶 2 号	湖南
C7	龙井长叶	浙江	C35	云抗 10 号	云南	C63	黄金茶 2 号	湖南
C8	农抗旱	安徽	C36	长叶白毫	云南	C64	迎霜	浙江
C9	凤庆大叶茶	云南	C37	白毫早	湖南	C65	祁门 1 号	安徽
C10	早白尖 5 号	四川	C38	福建水仙	福建	C66	紫鹃	云南
C11	湘波绿	湖南	C39	苦茶 21-3	湖南	C67	悦茗香	福建
C12	黄金茶 1 号	湖南	C40	鄂茶 1 号	湖北	C68	牛皮茶	四川
C13	藤茶	浙江	C41	云抗 14 号	云南	C69	茗丰	湖南
C14	乌牛早	浙江	C42	赣茶 2 号	江西	C70	五岭红	广东
C15	乐昌白毛茶	广东	C43	阿萨姆茶	印度	C71	竹叶苦茶	湖南
C16	黔湄 702	贵州	C44	碧香早	湖南	C72	八仙茶	福建
C17	菊花春	浙江	C45	海南大叶	海南	C73	龙井 43	浙江
C18	碧云	浙江	C46	信阳 10 号	河南	C74	浙农 21	浙江
C19	凤凰水仙	广东	C47	苔香紫	浙江	C75	柿大茶	安徽
C20	玉绿	湖南	C48	昆明十里香 9 号	云南	C76	白毛 2 号	广东
C21	福云 6 号	福建	C49	桂红 3 号	广西	C77	鳧茶 2 号	安徽
C22	福鼎大白茶	福建	C50	金观音	福建	C78	金萱	台湾
C23	黔湄 502	贵州	C51	福云 7 号	福建	C79	黔湄 410	贵州
C24	楮叶齐 12 号	湖南	C52	桂红 4 号	广西	C80	苦茶 3 号	湖南
C25	楮叶齐	湖南	C53	寒绿	浙江	C81	紫阳种	陕西
C26	英红 9 号	广东	C54	汝城白毛茶	湖南	C82	英红 1 号	广东
C27	楮叶齐 9 号	湖南	C55	安吉白茶	浙江	C83	九曲 783	江西
C28	玉笋	湖南	C56	乌黑长叶	云南	C84	紫笋	浙江

### 1.2 方法

采用改进的 SDS 法提取基因组 DNA<sup>[6]</sup>。33 对 SSR 引物分别参照 Zhao 等<sup>[7]</sup>、Kaundun 等<sup>[8]</sup>、金基强等<sup>[9]</sup>和 Yang 等<sup>[10]</sup>的引物编号和序列,由长沙虹宇生物技术有限公司合成。PCR 扩增在 Gene Amp 9700 型 PCR 仪(美国 Perkin Elmer 公司)上进行。扩增体系、凝胶电泳及银染显色参照刘振等<sup>[11]</sup>的方

法。电泳在 JY-SCZ7 型电泳仪(北京六一仪器厂)上进行。用 Tanon2500R 凝胶成像仪(上海天能科技有限公司)拍照记录。

### 1.3 数据处理

将 2 次 PCR 电泳图上均清晰的条带记为“1”,同一位置无带或不易分辨的弱带记为“0”,建立原始数据矩阵。

SSR位点的多态性信息量(polymorphism information content,  $PIC$ )的简化计算公式为:  $PIC=1 - \sum P_i^2$ , 式中,  $P_i$ 表示第  $i$  个等位位点出现的频率<sup>[12]</sup>。

应用 Popgen Ver.1.32 软件计算不同引物的有效位点数、平均杂合度期望值(expected heterozygosity)、平均杂合度观测值(observed heterozygosity)、Shannon 信息指数、Nei 氏期望杂合度<sup>[13]</sup>。采用 NTSYS 2.1 软件系统<sup>[14]</sup>对供试品种进行 UPGMA (unweighted pair group method using arithmetic averages)聚类, 并绘制树状聚类图。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 标记及其位点的多样性

33 对引物在 84 个供试品种中的扩增结果(表 2)表明, 共检测到 94 个等位变异, 平均每对引物为 2.85 个, 变化范围为 2~4 个。33 对引物在供试品种中的可观测等位位点数最多为 9 个, 最少为 3 个, 平均 4.79 个;  $PIC$  最大为 0.77, 最小为 0.20, 平均 0.56。以上结果说明, 33 对 SSR 核心引物能较好地显示参试品种的遗传多样性。

表 2 33 对引物在 84 个供试品种中的扩增结果

Table 2 Amplification information of 33 pairs of primer in 84 tea cultivars

序号	引物编号	等位位点数	多态信息含量	可观测等位位点数	杂合度观测值	杂合度期望值	Nei 氏期望杂合度	Shannon 信息指数
1	14	2	0.20	3	0.08	0.38	0.37	0.67
2	79	2	0.77	3	0.38	0.51	0.51	0.85
3	108	3	0.67	5	0.76	0.72	0.72	1.43
4	228	4	0.71	7	0.78	0.75	0.75	1.58
5	234	3	0.62	5	0.58	0.71	0.71	1.37
6	288	4	0.83	9	0.74	0.78	0.77	1.81
7	395	3	0.64	5	0.58	0.72	0.72	1.39
8	463	3	0.63	5	0.38	0.74	0.73	1.42
9	478	3	0.27	4	0.10	0.45	0.45	0.82
10	496	4	0.75	9	0.94	0.86	0.86	2.03
11	588	3	0.65	5	0.45	0.75	0.74	1.46
12	630	3	0.66	4	0.90	0.73	0.73	1.34
13	641	4	0.65	7	0.89	0.70	0.70	1.42
14	685	3	0.56	5	0.83	0.57	0.57	0.98
15	663	4	0.74	9	0.97	0.79	0.78	1.67
16	687	2	0.49	3	0.47	0.54	0.53	0.85
17	699	2	0.20	3	0.13	0.14	0.14	0.29
18	710	2	0.43	3	0.33	0.49	0.48	0.83
19	788	4	0.56	7	0.84	0.57	0.56	0.99
20	802	3	0.35	5	0.24	0.33	0.32	0.67
21	1110	4	0.53	6	0.90	0.59	0.58	1.04
22	1036	3	0.63	5	0.53	0.71	0.71	1.40
23	SSR1	3	0.66	5	0.76	0.67	0.67	1.28
24	P01	3	0.58	5	0.38	0.64	0.64	1.26
25	P03	2	0.40	3	0.29	0.46	0.45	0.80
26	A5	2	0.50	3	0.18	0.67	0.67	1.10
27	A63	2	0.47	3	0.23	0.64	0.64	1.06
28	A74	3	0.65	5	0.69	0.73	0.73	1.43
29	C5	2	0.50	3	0.42	0.61	0.61	1.00
30	G3	2	0.46	3	0.35	0.51	0.50	0.84
31	G23	3	0.65	5	0.69	0.70	0.70	1.35
32	G74	2	0.50	3	0.26	0.65	0.65	1.07
33	Q6	2	0.50	3	0.56	0.63	0.63	1.04

引物 1~22 参照文献[7]; 引物 23 参照文献[8]; 引物 24、25 参照文献[9]; 引物 26~33 参照文献[10]。

2.2 供试品种的遗传多样性

对84个茶树品种采用33个SSR标记进行群体内遗传多样性研究的结果表明, Nei期望杂合度为0.14~0.86, 平均值为0.62。群体的杂合度观测值和预测杂合度的平均值较一致, 其中杂合度观测值为0.08~0.97, 平均值为0.53; 杂合度期望值为0.14~0.86, 平均值为0.62; Shannon指数最大为2.03, 最小为0.29, 平均值为1.17。

2.3 供试品种的遗传结构

对供试品种按其来源进行分组, 并对样本较多的组分进行遗传结构分析, 计算各省份茶树群体间的遗传距离。从表3可以看出, 6个群体间的遗传距离最大的为广东和安徽, 最小的为湖南和福建。根据群体间的相似系数, 采用UPGMA法进行聚类。从图1可以看出, 6个群体在相似系数平均值0.88处可分成3大类, 其中湖南、福建、浙江和安徽4省的茶树品种聚为一类, 广东和云南的品种各自单独成为一类。

表 3 安徽、福建、广东、湖南、云南和浙江茶树品种间的遗传距离(对角线左下方)和遗传相似性(对角线右上方)

Table 3 Genetic distance(above diagonal) and similarity of populations from Anhui, Fujian, Guangdong, Hunan, Yunnan and Zhejiang province

省份	安徽	福建	广东	湖南	云南	浙江
安徽		0.89	0.81	0.88	0.82	0.91
福建	0.11		0.88	0.93	0.83	0.92
广东	0.19	0.12		0.90	0.83	0.87
湖南	0.12	0.07	0.10		0.88	0.93
云南	0.18	0.17	0.17	0.12		0.87
浙江	0.09	0.08	0.13	0.07	0.13	

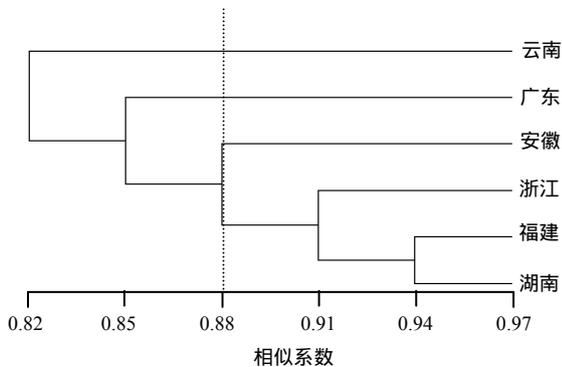


图 1 安徽、福建、广东、湖南、云南和浙江茶树品种间的亲缘关系树状图

Fig.1 Dendrogram of tea populations from Anhui, Fujian, Guangdong, Hunan, Yunnan and Zhejiang province

2.4 供试品种间的亲缘关系

供试品种间的相似系数为 0.27~0.82, 平均值为 0.54。阿萨姆茶和竹叶苦茶的相似系数最小(0.27), 表明它们有较远的遗传距离; 福云 7 号和福云 6 号的相似系数最大(0.82), 表明它们的遗传距离很近。根据相似系数矩阵, 按 UPGMA 法进行聚类, 形成参试 84 个品种的亲缘关系树状图(图 2)。由图 2 可见, 阿萨姆茶、汝城白毛茶、紫鹃、乌黑长叶、凤庆大叶茶、竹叶苦茶等 6 个品种各自形成单独的分支, 其余 78 个品种聚成 1 个大类群。

在大类群中以平均相似系数 0.54 为基线, 又可分为 6 个亚类群:

亚类群 I 有秀红、乐昌白毛茶和藤茶 3 个品种。

亚类群 II 有赣茶 2 号、农抗早 2 个品种。

亚类群 III 有 7 个品种, 其中八仙茶单独为 1 个分支, 其他 6 个品种(五岭红、金萱、海南大叶、桂绿 1 号、白毛 2 号、白毫早)聚为一小亚类群。

亚类群 IV 包括黔湄 410、黔湄 502、南江 1 号、牛皮茶、英红 1 号、英红 9 号、楮叶齐 9 号、苦茶 21-3 和甜茶 2 号等 9 个品种。

亚类群 V 有桃源大叶茶、保靖黄金茶 1 号和昆明十里香 9 号 3 个品种。

亚类群 VI 最大, 包含了 54 个品种, 这些品种又可进一步聚为 7 个小亚类群: 小亚类群 I 包括种茶 102、福云 6 号、福云 7 号、茗丰和乌牛早; 小亚类群 II 包括龙井长叶、龙井 43、桂红 3 号、浙农 21、迎霜; 小亚类群 III 有 22 个品种, 它们是湘波绿、玉绿、碧云、福鼎大白茶、玉笋、藪北种、碧香早、九曲 783、黔湄 702、信阳 10 号、安吉白茶、桂红 4 号、紫阳种、寒绿、紫笋、祁门 1 号、柿大茶、鳧茶 2 号、鄂茶 9 号、黄金茶 2 号、平阳特早茶、浙农 139; 小亚类群 IV 有早白尖 5 号、菊花春、鄂茶 1 号、鄂茶 10 号; 小亚类群 V 有 7 个品种, 分别为铁观音、金观音、毛蟹、福建水仙、悦茗香、苔香紫、舒茶早; 小亚类群 VI 只有湘红茶 2 号; 小亚类群 VII 有云抗 10 号、长叶白毫、云抗 14 号、苦茶 3 号、楮叶齐、山坡绿、尖波黄 13 号、楮叶齐 12 号、岭头单丛、凤凰水仙等 10 个品种。

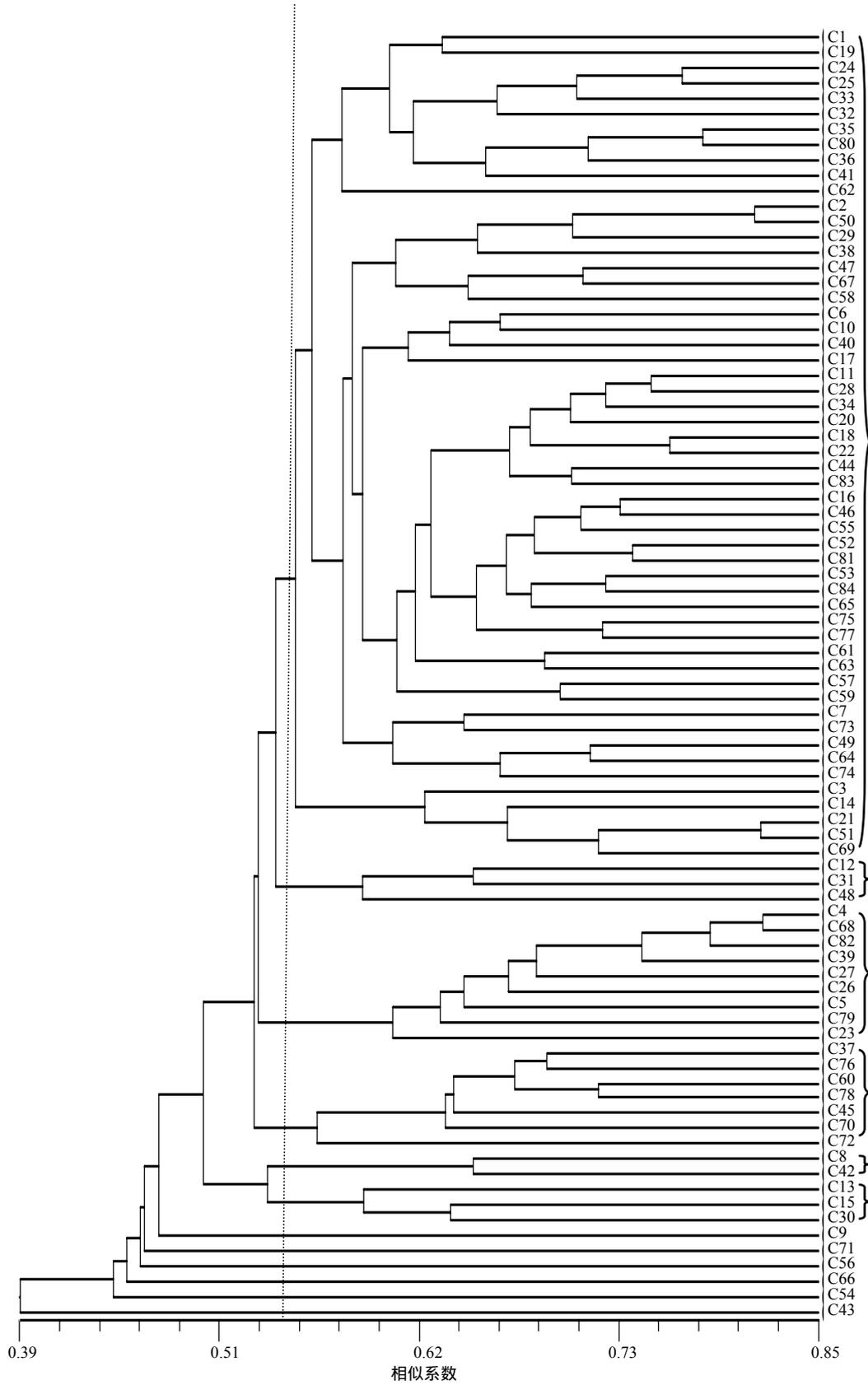


图 2 84 个茶树品种 SSR 数据的 UPGMA 聚类分析树状图

Fig. 2 Dendrogram of 84 tea cultivars based on SSR data using UPGMA clustering method

### 3 结论与讨论

利用 33 对多态性 SSR 引物对 84 个茶树品种进行亲缘关系和遗传多样性分析的结果表明,33 对引物在供试品种中平均检测到等位位点 2.85 个,多态性信息量平均值为 0.56,杂合度观测值的平均值与杂合度期望值的平均值分别为 0.53 和 0.62,群体内 Shannon 指数平均值为 1.17,说明供试群体具有相对较高的遗传多样性。基于 SSR 数据对供试品种进行 UPGMA 遗传相似性聚类,聚类结果表明,阿萨姆茶等 6 个品种各自形成了单独的分支,其余 78 个品种聚成 1 个大类群,在大类群相似系数平均值 0.54 处可分为 6 个亚类群。

a. 供试品种的遗传多样性。多态性信息量  $PIC$  不仅可以反映引物的多态性,而且可以衡量群体的遗传多样性,当  $PIC > 0.5$  时,说明检测的群体具有相对较高的遗传多样性<sup>[12]</sup>。杂合度观测值与杂合度期望值的相近程度也可以衡量群体的遗传多样性,它们的值越接近,群体遗传多样性越高<sup>[13]</sup>。相似系数平均值是用来比较不同群体遗传多样性大小的重要指标。本研究中,各品种间相似系数的平均值为 0.54,小于姚明哲等<sup>[14]</sup>对中国 36 个无性系品种和谭月萍等<sup>[15]</sup>对 43 份资源的分析结果,而大于刘振等<sup>[11]</sup>对西南茶区茶树资源和刘本英等<sup>[16]</sup>对云南茶树资源的研究结果,这可能和参试品种有关。本研究中所采用的品种基本上都是育成品种,涉及到了全国主要产茶省,因此,与中国茶树原产地云南及周边地区的茶树资源相比,育成品种的遗传多样性可能小一些。这与姚明哲等<sup>[14]</sup>和乔婷婷等<sup>[17]</sup>的研究结果一致,说明茶树在人为驯化过程中,遗传多样性有所降低,部分等位基因损失。要增加中国育成品种的遗传多样性,必须重视育种亲本的选择,有目的地扩大亲本的遗传基础。

b. 供试品种的亲缘关系。84 个供试品种的遗传相似系数为 0.32 ~ 0.89,地理来源和遗传背景相近的品种大多聚为一类,遗传背景较远的品种彼此分开,如山茶属茶组 [*Camellia* L. Sect. *Thea* (L.) Dyer] 白毛茶 (*C. sinensis* var. *pubilimba*) 变种的汝城白毛茶及阿萨姆 (*C. sinensis* var. *assamica*) 变种的阿萨姆茶<sup>[18]</sup>,云南的乌黑长叶、凤庆大叶茶和紫鹃等,因它们与别

的茶树品种亲缘关系较远,所以在树状聚类图中都单独成为一类。供试品种中以福鼎大白茶、云南大叶种为亲本所选育的品种有赣茶 2 号、鄂茶 1 号、福云 6 号、福云 7 号、浙农 21、浙农 139、迎霜、茗丰、碧香早、云抗 10 号、云抗 14 号、菊花春、碧云等品种,这一方面说明福鼎大白茶和云南大叶种已成为了中国茶树品种创新的骨干亲本;另一方面,上述品种都集中在一个亚类群中,说明他们的遗传距离较近,遗传基础较窄,育种者在今后的品种创新中应注意拓宽亲本的遗传基础,丰富中国茶树骨干亲本的遗传背景。秀红、云抗 10 号、云抗 14 号、英红 9 号、五岭红、长叶白毫等大叶红茶品种,岭头单丛、铁观音、凤凰水仙、金观音、八仙茶、金萱、福建水仙等乌龙茶品种,龙井长叶、龙井 43、薮北种、白毫早、黄金茶 1 号、乌牛早、福鼎大白茶、玉笋、鄂茶 1 号、信阳 10 号、迎霜等绿茶品种,并没有以它们的适制性或叶片大小而聚类。笔者认为:茶树品种的适制性与生化成分相关,品种叶片的大小与生态环境有关,茶树的亲缘关系与遗传背景有关;适制性或叶片大小相似的品种虽然在遗传背景上有一定的关联,但不能用来作为衡量茶树亲缘关系的主要指标。

c. 群体演化分析。将参试品种按省份进行分类,对样本数较多的 6 个省份的茶树品种进行亲缘关系分析,在相似系数为 0.88 处可将它们分为 3 类,其中云南为第一类,广东为第二类,其他 4 个省份为第三类。这与罗军武等<sup>[19]</sup>的研究结果相似。罗军武等对不同省份的 31 个茶树品种进行 RAPD 分析,将这些品种分为 3 大类,第一类为滇、川、黔和桂等地方品种;第二类为广东品种;第三类为其他各省品种。这一方面说明了云南是茶树的原产地,在茶树的遗传演化过程中,广东是原始类型到进化类型的一个重要过渡带;另一方面表明当前选育的茶树品种在遗传背景上都有明显的地方特征,不同省份选育的品种大都是在原有地方品种资源利用的基础上进行的。另外,从日本引进的薮北种聚集在集中了浙江、安徽、湖南、湖北、福建等省品种为主的第 VI 类亚群中,除了与其后代玉绿(0.71)、玉笋(0.72)表现出很近的亲缘关系外,与湘波绿(0.74)、黔湄 702 (0.71)、福鼎大白茶(0.71)、楮叶齐(0.74)、

楮叶齐 12 号(0.71)、福云 7 号(0.69)、九曲 783(0.68)、浙农 21(0.71)、牛皮茶(0.67)、鄂茶 2 号(0.69)都具有较大的相似系数。这证实了日本京都宇治种和静岡种是在 19 世纪中叶从中国江西九江、湖北汉口收集引进的茶树资源<sup>[20]</sup>的说法,而且说明生态的变化没有从根本上改变其遗传基础。

本研究得到广东省农业科学院茶叶研究所李家贤研究员的大力支持,谨致谢忱。

### 参考文献:

- [1] 卢良恕. 21 世纪中国农业科学技术发展趋势与展望[J]. 中国农业科学, 1998, 31(2): 1-7.
- [2] 叶乃兴. 中国茶树育种的骨干亲本及其系谱分析[J]. 中国茶叶, 2008(4): 11-13.
- [3] 董丽娟. 茶树杂交育种研究进展[J]. 茶叶科学, 2001, 21(1): 7-10.
- [4] 罗冉, 吴委林, 张旸, 等. SSR 分子标记在作物遗传育种中的应用[J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(1): 137-143.
- [5] 周炎花, 姚明哲, 陈亮, 等. 茶树遗传演化研究进展及 SSR 在茶树遗传演化研究中的应用前景[J]. 中国农学通报, 2009, 25(15): 9-15.
- [6] 陈亮, 陈大明, 高其康, 等. 茶树基因组 DNA 提取与鉴定[J]. 茶叶科学, 1997, 17(2): 177-181.
- [7] Zhao L P, Liu Z, Chen L, et al. Generation and characterization of polymorphic expressed sequence tag-derived polymorphic microsatellites from tea plant (*Camellia sinensis*) and cross-species amplification in its closely related species and varieties[J]. Conservation Genetics, 2008, 9: 1327-1331.
- [8] Kaundun S S, Matsumoto S. Heterologous nuclear and chloroplast microsatellite amplification and variation in tea, *Camellia sinensis*[J]. Genome, 2002, 45(11): 1041-1048.
- [9] 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.
- [10] 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]. Conservation Genetic, 2009, 10(5): 1621-1623.
- [11] 刘振, 王新超, 赵丽萍, 等. 基于 EST-SSR 的西南茶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.
- [12] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. American Journal of Human Genetics, 1980, 32: 314-331.
- [13] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89: 583-590.
- [14] 姚明哲, 陈亮, 王新超, 等. 中国茶树无性系品种遗传多样性和亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 作物学报, 2007, 33(4): 598-604.
- [15] 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.
- [16] 刘本英, 李友勇, 唐一春, 等. 云南茶树资源遗传多样性与亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 作物学报, 2010, 36(3): 391-400.
- [17] 乔婷婷, 马春雷, 周炎花, 等. 浙江省茶树地方品种与选育品种遗传多样性和遗传结构的 EST-SSR 分析[J]. 作物学报, 2010, 36(5): 744-753.
- [18] 陈亮, 虞富莲, 杨亚军. 茶树种质资源与遗传改良[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2006: 33-35.
- [19] 罗军武, 施兆鹏, 沈程文, 等. 茶树品种资源遗传亲缘关系的 RAPD 分析[J]. 茶叶科学, 2002, 22(2): 140-146.
- [20] 叶乃兴. 日本茶树育种的骨干亲本及其系谱分析[J]. 中国茶叶, 2007(4): 22-23.

责任编辑: 王赛群