

四川主栽茶品种亲缘关系的 RAPD 分析

王雪萍¹, 马炳田^{2*}, 齐桂年^{1**}, 田 鸿¹, 方倡友³, 张泽岑¹, 尹旭敏¹

(¹ 四川农业大学林学院园艺学院, 四川雅安 625014; ² 四川农业大学水稻研究所, 成都 611130; ³ 四川省雅安市雨城区农业局, 四川雅安 625000)

摘 要: 利用 RAPD 标记对四川主要产茶区具代表性的 36 份茶树栽培品种的亲缘关系进行分析。从 50 条引物中筛选出扩增效果良好的 16 条, 共扩增出 167 条谱带, 其中, 多态性带为 158 条 (占 94.61%), 遗传距离的变异范围在 0.149 ~ 0.679 之间。UPGMA 聚类结果将 36 份茶树栽培品种分为 3 个复合组和 2 个独立组, 聚类结果与茶树品种的来源有关。

关键词: 茶树; RAPD; 亲缘关系; UPGMA

中图分类号: S 571.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2007) 01-0242-03

RAPD Analysis on the Genetic Relationships of Tea Cultivars Grown in Sichuan

WANG Xue-ping¹, MA Bing-tian^{2*}, QI Gui-nian^{1**}, TIAN Hong¹, FANG Chang-you³, ZHANG Ze-cen¹, and YIN Xu-min¹

(¹ College of Forestry and Horticulture, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China; ² Rice Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China; ³ District of Yucheng Agricultural Administration, Ya'an, Sichuan 625000, China)

Abstract: The genetic relationship of 36 tea cultivars grown in Sichuan was studied by RAPD technique. Sixteen primers selected from 50 random primers were used to amplify 36 tea samples, and a total of 167 DNA bands were amplified, among which 158 (94.61%) were polymorphic. Genetic distances between the cultivars varied from 0.149 to 0.679. UPGMA cluster analysis of 167 bands amplified by 16 primers was made. The result showed that 36 tea cultivars tested could be classified into 3 complex groups and 2 simple groups. It was found that there was a certain correlation between the results and the derivation of tea cultivars.

Key words: Tea plant; *Camellia sinensis*; RAPD; Genetic relationship; UPGMA

四川有着丰富的茶 [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] 资源, 从中也选育出了一些具有优良特性的栽培品种。但是从 DNA 水平对四川茶树种质资源及栽培品种进行研究的报道很少。作者对四川主要产茶区具代表性的 36 份茶树栽培品种进行 RAPD 分析, 以期为进一步选育茶树良种提供依据。

1 材料与方法

供试材料取自四川农业大学茶树品种园、省级名山良种场示范基地品种园以及草坝全义茶场品种园。取茶树的幼嫩夏梢, 采用硅胶干燥法带回实验室。基因组 DNA 的提取参考 CTAB 法 (黄建安等, 2003) 并加以改进。PCR 扩增反应在 PTC-200 基因扩增仪上进行, 采用 25 μ L 反应体系, 其中含 50 ng 模板 DNA, 0.2 μ mol/L 引物, 各 0.2 mmol/L dNTPs, 1.0 U *Taq* 聚合酶, 1 \times 缓冲液 (含 1.5

收稿日期: 2006 - 04 - 11; 修回日期: 2006 - 10 - 25

基金项目: 四川省 '十一五' 攻关项目

* 共同第一作者 These authors contributed equally to this work; ** 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: guinian5612@sina.com.cn)

mmol/L $MgCl_2$)。94 预变性 5 min; 94 变性 50 s, 36 退火 40 s, 72 延伸 90 s, 循环 41 次; 最后 72 延伸 7 min。扩增产物用 1.5% 琼脂糖电泳, 于凝胶成像系统中照相。对筛选出的引物用同样的反应体系和程序重复 2~3 次, 只取重复性好的用于分析。扩增产物的记录和分析参照陈亮等 (1998, 2002) 的方法。

2 结果分析与讨论

2.1 引物筛选

采用 50 条 RAPD 随机引物对供试样品进行扩增, 有 16 条引物能够产生稳定的扩增条带, 36 份材料共扩增出 167 条带, 其中引物 S1、S2、S3、S10、S16、S20、S91、S93、S111 扩增出的条带均为多态性条带。各引物扩增平均表现的多态性为 94.61%。

2.2 RAPD 扩增多态性的聚类分析

36 份材料经 16 条引物扩增后的二元数据, 利用 DPS 软件进行分析, 遗传距离的变异范围在 0.149 ~ 0.679 之间。当以遗传距离 0.385 来划分时可将 36 份材料聚成 3 个复合组和 2 个独立组 (图 1), 其

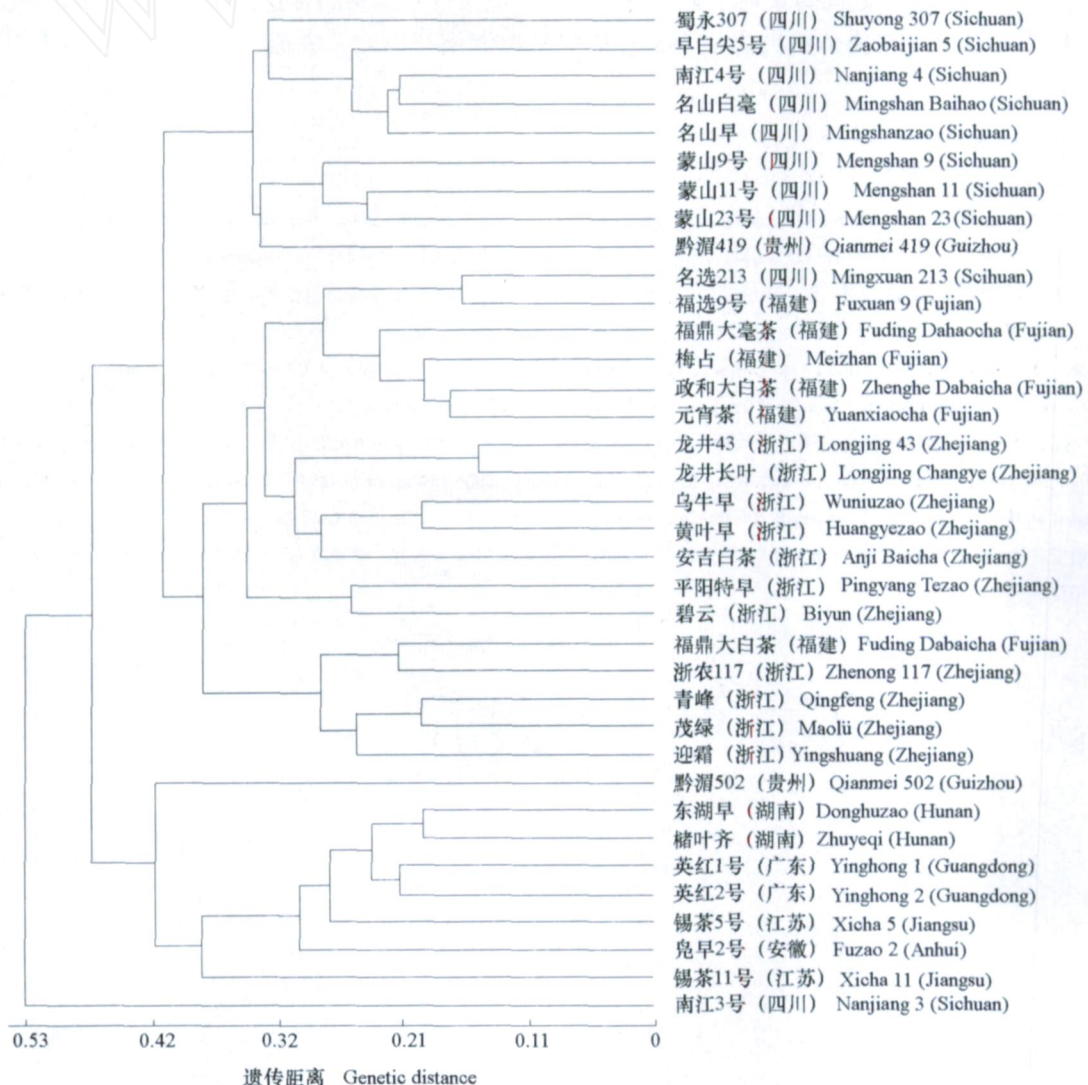


图 1 36 个茶树品种的分子系统树状图

Fig. 1 Molecular phylogenetic dendrogram of 36 tea cultivars

中,第1类主要包括原产四川的茶树品种;第2类包括原产浙江和福建的茶树品种;第3类包括原产湖南、广东、安徽、江苏的茶树品种。表明茶树品种的RAPD聚类分析结果与其地域分布和来源有关。南江3号、黔湄502则游离在这3大类之外,分别单独聚为一类,显示了其独特的遗传特性。

从川茶群体种中选育出的早白尖5号、南江4号、名山白毫、名山早先聚为一类后再和蜀永307聚为一类;从蒙山群体种中选育出的蒙山9号、11号、23号和原产福建的黔湄419聚为一类。这些品种在遗传距离0.341时组成了主要来源于四川的茶树品种聚成的第1类。

从福鼎大白茶与云南大叶种自然杂交后代中选育出的青峰、迎霜,从福鼎有性后代中选育出的茂绿,从福鼎和云大自然杂交后代中选出的浙农117,这4个品种皆与福鼎大白茶有着直接的联系从而和福鼎聚在了一类;平阳特早和从平阳群体与云大自然杂交后代中选育出碧云聚为一类;从福选9号变异的个体单株中选育出的名选213和福选9号聚为一类。这些聚类结果与茶树品种的来源有关。最终,这些主要包括原产浙江和福建的茶树品种聚成第2类。

原产湖南的东湖早、楮叶齐聚为一类;在广东从阿萨姆种中驯化选择出的英红1号、英红2号聚为一类;从云南大叶种实生后代中选育出的锡茶11号和从江苏宜兴种中选育出的锡茶5号之间的遗传距离虽然较远,但还是同时聚在了第3类,说明环境条件对茶树品种遗传特性有一定的影响。这些品种最终与皂早2号在遗传距离为0.385时构成了以湖南、广东、安徽、江苏茶树品种为主的第3类。

References

- Chen Liang, Yamaguchi Satoshi, Wang Ping-sheng, Xu Mei, Song Wei-xi, Tong Qi-qing. 2002. Genetic polymorphism and molecular phylogeny analysis of section tea based on RAPD markers. *Journal of Tea Science*, 22 (1): 19 - 24. (in Chinese)
- 陈亮,山口聪,王平盛,许玫,宋维希,童启庆. 2002. 利用RAPD进行茶组植物遗传多样性和分子系统学分析. *茶叶科学*, 22 (1): 19 - 24.
- Chen Liang, Yang Ya-jun, Yu Fu-lian, Gao Qi-kang, Chen Da-ming. 1998. Genetic diversity of 15 tea [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] cultivars using RAPD markers. *Journal of Tea Science*, 18 (1): 21 - 27. (in Chinese)
- 陈亮,杨亚军,虞富莲,高其康,陈大明. 1998. 15个茶树品种遗传多样性的RAPD分析. *茶叶科学*, 18 (1): 21 - 27.
- Huang Jian-an, Huang Yi-huan, Luo Jun-wu, Wang Kun-bo, Zhou Li-hua. 2003. Efficient methods for genomic DNA extraction from tea plant. *Journal of Hunan Agricultural University (Natural Sciences)*, 29 (5): 403 - 407. (in Chinese)
- 黄建安,黄意欢,罗军武,王坤波,周李华. 2003. 茶树基因组的高效提取方法. *湖南农业大学学报 (自然科学版)*, 29 (5): 403 - 407.