

宋德荣,王棋文,申小云,等. 贵州黑山羊基因多态性研究进展[J]. 江苏农业科学,2013,41(12):5-8.

# 贵州黑山羊基因多态性研究进展

宋德荣<sup>1</sup>, 王棋文<sup>2</sup>, 申小云<sup>2</sup>, 周大荣<sup>1</sup>, 彭 华<sup>1</sup>, 杨思维<sup>1</sup>

(1. 贵州省毕节市畜牧兽医科学研究所, 贵州毕节 551700; 2. 毕节学院毕节试验区研究院, 贵州毕节 551700)

**摘要:** 贵州黑山羊是贵州第二大山羊品种, 是喀斯特地区生态系统重要的组成部分。利用分子生物学技术构建黑山羊与贵州地方山羊品种进化树, 结果发现了部分与黑山羊繁殖和生长的相关功能基因, 如 *FSHR*、*LHβ*、*GDF9*、*MSTN*、*POU1F1*、*GFI1B* 等。针对贵州黑山羊与其他地方山羊品种的遗传关系, 对 *FSHR*、*LHβ*、*GDF9*、*MSTN*、*POU1F1*、*GFI1B* 基因多态性研究现状与进展进行论述, 并对其品种资源的分子特性可研究领域进行了展望。

**关键词:** 贵州黑山羊; 遗传关系; 基因; 多态性

**中图分类号:** S827.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2013)12-00005-03

畜群种质资源是畜牧生产和可持续发展的基础, 也是满足未来不可预见需求的重要基因库<sup>[1]</sup>。贵州黑山羊是贵州第二大山羊品种, 是喀斯特地区生态系统重要的组成部分, 在我国山羊品种资源中占有重要的地位<sup>[2]</sup>。近几年, 随着国家对地方品种资源保护力度的加大, 众多科研工作者展开了黑山羊品种选育及种质资源分子特性的相关研究, 目前公、母羊体重达到 43.30 kg ± 12.0 kg、35.13 kg ± 10.0 kg, 公羊利用年限 4.6 年 ± 0.6 年, 母羊产羔率达到 (151 ± 8)% , 利用分子生物学技术已经构建了黑山羊与贵州地方山羊品种进化树, 发现了部分与黑山羊繁殖和生长的相关功能基因, 如 *FSHR*、*LHβ*、*GDF9*、*MSTN*、*POU1F1*、*GFI1B* 等, 这些研究成果对贵州黑山羊高效养殖具有积极地促进意义。本文主要针对黑山羊基因多态性研究现状及其进展进行了论述。

## 1 贵州黑山羊与贵州其他地方山羊品种的遗传关系

贵州山羊品种间虽然从体型外貌到生产性能都存在某些特征, 但分布并无明显地域分隔, 不同地方品种间、与外来品种间的基因交流始终存在, 在丰富了当地品种(类群)基因库的同时, 也冲击了原来相对稳定的群体遗传结构<sup>[3-4]</sup>。贵州黑山羊个体间的遗传变异较大, 具有较丰富的遗传结构<sup>[5-7]</sup>。从山羊品种间遗传距离构建的邻接树可见, 贵州 4 个山羊类群均起源于镰刀状角羊骨羊<sup>[8]</sup>。陈祥等用 27 条多态性引物对 15 份贵州黑山羊个体基因组进行 RAPD 分析, Nei 氏公式计算品种内个体间的遗传相似性指数平均为 0.902 3, 与贵州

白山羊相近, 但远低于黔东南小香羊<sup>[9]</sup>, 这可能是由于贵州黑山羊和贵州白山羊是贵州的主要山羊品种, 存在着较多基因交流的机会, 以致遗传结构较丰富, 而黔东南小香羊的分布地域相对比较狭窄, 种群数量较少, 长期封闭和近亲繁育导致其遗传多样性较低, 遗传结构较单一, 这与国内相关报道结果<sup>[10-13]</sup>类似。班兆侯等研究了贵州白山羊和黑山羊染色体核型和 C 带的多态性, 结果表明, 2 个品种染色体数都为  $2n = 60$ , 雌性性染色体为 XX, 雄性性染色体为 XY, 除 Y 染色体外, 全组均为端着丝粒染色体, 贵州黑山羊染色体组第 8 对染色体的 1 条显示深染, 表现出遗传多态性<sup>[14]</sup>。黄勤华等研究分析了贵州黑山羊 mtDNA *Cytb* 基因的遗传多样性, 在该品种中观察到 6 次 T-C 间发生碱基转换, 其中有 5 个碱基替换发生在密码子第 3 位点, 有 1 个碱基替换发生在密码子第 1 位点, 且所有的变异均为同义突变<sup>[15]</sup>; Lan 等观察到 4 种单倍型, 单倍型多样性为 0.442, 核苷酸多样性为 0.145% ~ 0.159%, 位于线粒体 DNA 多态度较低的范围 (0.15% ~ 0.47%) 内<sup>[16]</sup>, 说明该品种线粒体 DNA 多态度较贫乏。从数量遗传学可知, 控制绵羊毛色的基因座 A 上有 6 个等位基因, 其中 *Awh* 等位基因对其他 5 个等位基因都呈显性, 产生全白毛色, 它抑制所有深褐色素的产生, 对其他 5 个等位基因都呈隐性的 *a* 基因产生单一色, 允许深褐色素充分产生<sup>[13]</sup>。因此有学者推测, 贵州黑山羊中的 *Awh* 等位基因可能源于贵州白山羊, 贵州白山羊也从贵州黑山羊获得了 *a* 基因, 最后造成了 2 个品种的毛色以白色、黑色为主, 其他颜色混杂<sup>[17]</sup>。

## 2 基因多态性研究现状与进展

### 2.1 促黄体生成素 $\beta$ 基因 (*LHβ*) 和 *FSHR* 基因

促黄体生成素 (LH) 是垂体前叶嗜碱性粒细胞分泌的糖蛋白生殖激素, 通过血液循环到达性腺及其他组织, 与促卵泡素 (FSH) 一起以顺序和协同的作用方式促进动物性成熟, 保持周期性繁殖能力<sup>[18]</sup>。LH、FSH、促甲状腺素 (TSH) 和促性腺素 (CG) 4 种糖蛋白激素均由  $\alpha$  和  $\beta$  等 2 个亚基共轭结合而组成, 在同一种内甚至是在所有哺乳动物中,  $\alpha$  亚基为其所共有, 而  $\beta$  亚基具有物种和激素特异性<sup>[19]</sup>, 因而对激素的研究重点也就集中于  $\beta$  亚基上。关于 *LHβ* 基因多态性与绵羊和猪生产性能的相关报道较多, 储明星曾把 *LHβ* 基因作为对

收稿日期: 2013-04-14

基金项目: 国家农业科技成果转化资金 (编号: 2012GB2F200408); 贵州省农业科技攻关 (编号: 黔科合 NY 字 [2011] 3064 号); 贵州省科技厅、毕节市政府、中国科学院昆明分院科技合作项目 (编号: 省地院合 2010-05); 贵州省高层次人才科研条件特助经费 (编号: TZJF-2010-034); 贵州省农业动植物育种专项 (编号: 黔农育专字 [2009] 019 号); 贵州省毕节市农业科技攻关 (编号: 毕科合字 [2012] 23 号)。

作者简介: 宋德荣 (1967—), 男, 贵州大方人, 硕士, 研究员, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究。E-mail: sdr0857@126.com。

通信作者: 王棋文, 博士, 助理研究员, 主要从事动物生殖、生理研究。E-mail: wangqiwen123@hotmail.com。

猪繁殖力有较大影响的候选基因<sup>[20]</sup>,李利等以246只南江黄羊为研究材料,对其 *LHB* 基因进行扩增和 *Sph* I 酶切分析,比较不同基因型的繁殖性能,结果发现,各基因型个体1~5胎的每窝初生重和产羔数差异不显著 ( $P > 0.05$ ),但从第2胎开始AA基因型母羊的产羔数和每窝重相对大<sup>[21]</sup>。孙瑞萍等认为,*LHB* 基因P5位点可能是影响山羊产羔数的主基因或与控制繁殖性状的主基因相连锁<sup>[22]</sup>。任珍珍等采用直接测序法检测 *LHB* 基因在黔北麻羊中的单核苷酸多态性,*LHB* 基因检测到2个突变位点,在外显子2第414位点发生了由C→T碱基突变,在内含子2第718位点发生了由G→A碱基突变,检测的2个突变位点均发生在产3羔的经产母羊上,而且外显子2的414位点引起了氨基酸的改变,推测突变位点可能与控制黔北麻羊高繁殖力的候选基因存在连锁关系<sup>[23]</sup>。黄勤华等对贵州黑山羊 *LHB* 基因序列进行分析,研究贵州黑山羊 *LHB* 基因的多态性及其与产仔数间的关系,结果表明,在贵州黑山羊30只母羊的 *LHB* 基因832 bp核苷酸系列中,共发现2个变异位点,分别位于138、240 bp处,均为同义变异,其中240 bp处碱基由C变成T,且变异前后的平均产仔数相同,而在138 bp处的碱基由G变成C,形成AA和AB等2种基因型,AB基因型羊的平均产仔数比AA基因型的多1.02只,且差异显著 ( $P < 0.01$ )<sup>[24]</sup>,这说明 *LHB* 基因138 bp位点的多态性与贵州黑山羊繁殖性能之间可能存在相关性。黄勤华等同时还对 *FSHR* 基因多态性进行了分析,在贵州黑山羊中的 *FSHR* 基因第一外显子661 bp核苷酸系列中没有发现任何突变,推测该区段序列变异可能不是影响山羊的排卵率和产羔数的主效基因片段,同时将测得的序列与波尔山羊的 *FSHR* 基因的第一外显子cDNA序列进行比对,两者长度一致,没有序列的插入或缺失,也没有发现碱基突变,序列的同源性为100%;而与云岭黑山羊的 *FSHR* 基因cDNA同源区段序列相比较发现,两者之间出现2个碱基变异,分别位于第466和572位,序列的同源性为99.697%,碱基变异率相应为0.303%<sup>[25]</sup>,分析原因可能是品种间的差异造成的,与繁殖性能没有相关性。

## 2.2 *GDF9* 基因

生长分化因子 *GDF9* 属于生长分化因子 TGF- $\beta$  超家族中的一员,是由卵母细胞分泌的一种生长分化因子<sup>[26]</sup>,不仅在卵巢组织中表达,在垂体组织中也有微弱表达<sup>[27]</sup>,但在睾丸组织中未检测到其表达信号。Vitt 等研究发现,*GDF9* 能促进卵巢组织腔前颗粒细胞有丝分裂和颗粒细胞生长,诱导卵丘扩张,促进卵丘扩张和排卵相关基因的表达<sup>[28-29]</sup>。何远清等利用半定量 RT-PCR 技术对山羊不同 *GDF9* 基因型卵巢组织中 *GDF9* 基因的表达量进行了研究,发现 *GDF9* 基因不同基因型个体在同一时期卵巢 *GDF9* 基因 mRNA 表达量存在显著差异,突变型个体表达量最高,其对应的产羔数也最多,这说明 *GDF9* 基因突变可能会引起山羊产羔数的增加<sup>[30]</sup>。胡冬利等也发现,三羔湖羊卵巢组织中 *GDF9* 基因 mRNA 表达水平显著高于单羔湖羊 ( $P < 0.05$ )<sup>[31]</sup>。黄勤华等对贵州黑山羊 *GDF9* 基因第二外显子的多态性进行了研究,发现在所有检测样本中都没有 *GDF9* 基因的 FecGH 突变,仅有2只高繁殖力 (>3羔/胎)母羊在767位点发生了C→T的变异,均为杂合体AB型,导致脯氨酸突变为亮氨酸,突变的发生率为

14.29%,而在低繁殖力母羊中均未发现该突变,说明该突变可能与黑山羊的繁殖力有关<sup>[32]</sup>。目前,对 *GDF9* 调控卵泡生成和分化的机制还不清楚,*GDF9* 受体以及 *GDF9* 与受体结合后的信号通路是揭示 *GDF9* 在卵泡发育过程中作用机制的关键。

## 2.3 肌肉生长抑制素 (MSTN) 基因

*MSTN* 基因是影响畜禽骨骼肌生长的重要候选基因,其表达产物具有特异的抑制骨骼肌生长发育的功能<sup>[33]</sup>,对 *MSTN* 抗原表位预测可为寻找特异性相关表位用于制备单抗、消除 *MSTN* 对肌肉的抑制提供了一定参考。石照应等采用 RT-PCR 技术扩增贵州黑山羊生长抑制素基因 cDNA 序列,应用生物信息学相关软件和方法对生长抑制素蛋白二级结构和抗原表位进行预测,结果表明,贵州黑山羊 *MSTN* cDNA 序列与绵羊、牛、猪、马 *MSTN* 核苷酸序列一致性均在94%左右,基因编码区全长128 bp,编码375个氨基酸<sup>[34]</sup>。生长抑制素蛋白二级结构以不规则卷曲为主,有少量的 $\alpha$ 螺旋和 $\beta$ 片层,少见 $\beta$ 转角,说明生长抑制素蛋白在二级结构上可能有3个优势抗原表位区域,分别为72~78、235~240、251~254位肽段。Li 等研究指出,在山羊 *MSTN* 基因5'UTR 删除TTTTA的插入,对山羊的体重有极大影响<sup>[35]</sup>。冯会利等还指出,在贵州黑山羊 *MSTN*5'侧翼区、外显子1和部分内含子1存在TTTTA的插入,导致出现1个 *Dra* I 酶切位点,并预测黑山羊纯合野生型(AA)为优势基因型,杂合体(AB)和纯合突变型(BB)为非优势基因型,A等位基因为优势基因<sup>[36]</sup>。但是,贵州黑山羊 *MSTN* 基因5'UTR 多态性是否与山羊生长性能存在内在联系,尚需进一步研究。

## 2.4 垂体特异性转录因子 (POU1F1) 基因

*POU1F1* 是一种组织特异转录因子,表达于动物的脑垂体前叶细胞,其主要功能是正向调控促甲状腺激素 $\beta$ 亚单位(*TSH $\beta$* )、生长激素(GH)和催乳素(PRL)基因的表达。对人类和小鼠的研究指出,*POU1F1* 基因突变与小鼠矮小基因(*dw*)和人类综合性垂体激素缺陷症(CPHD)相关<sup>[37-38]</sup>。在猪和牛的研究中,*POU1F1* 基因多态性与生产性状显著相关<sup>[39-40]</sup>。罗卫星等对贵州黑山羊的 *POU1F1* 基因外显子6进行SNP筛查,发现 *POU1F1* 基因第6外显子的第58位发生了T→G突变(T58G)和第172位发生T→C突变(T172C),将T58G位点所产生的基因型定义为AA、Aa和aa,T172C位点所产生的基因型定义为BB、Bb和bb,由此可以看出,贵州黑山羊群体中,T58G位点Aa型个体的胴体重、屠宰率、眼肌面积厚和腰部肌肉厚和瘦肉率显著低于AA型和aa型,T172C位点BB型个体的胴体重、屠宰率、眼肌面积、腰部肌肉厚、净肉重、瘦肉率和骨重显著低于Bb型和bb型<sup>[41]</sup>,这与蓝贤勇的报道<sup>[42]</sup>一致。因此,推测T58G和T172C位点会导致高频密码子到低频密码子的改变,从而表现AA、Bb基因型为屠宰性状的有利基因型。有学者提出,将山羊 *POU1F1* 基因 *Dde* I 座位作为山羊品种鉴定的特征性DNA位点之一。在生产实践中,若将该特征性DNA座位与外貌特征(毛色、角型和尾型)和体型结构等表型特征综合应用,将更有利于山羊品种的鉴定与分类<sup>[43]</sup>。

## 2.5 *GF1B* 基因

*GF1B* 基因是一种核转录抑制因子,在人类红细胞生成和分化过程中起很重要的作用<sup>[44-45]</sup>,但关于贵州黑山羊

*GFI1B* 基因少有文献报道。陈志等成功在贵州黑山羊上克隆出 *GFI1B* 基因序列,与人、牛、鼠、鸡和蟾蜍的相似性进行比较后发现,其序列相似性分别为 44.7%、97.0%、38.5%、33.1% 和 29.6%,并预测贵州黑山羊 *GFI1B* 蛋白氨基酸序列中有 26 个磷酸化位点,其中,丝氨酸、酪氨酸、苏氨酸磷酸化位点分别为 13、2、3 个,贵州黑山羊 *GFI1B* 蛋白没有跨膜螺旋结构域,*GFI1B* 分子不包含信号肽序列,*GFI1B* 在细胞中起作用<sup>[46]</sup>,但其理化性质参数、跨膜肽段及结构是预测的理论结果,尚需进一步进行研究证实。

### 3 展望

从近些年的研究可以看出,目前对贵州黑山羊的研究主要集中于品种基本特性和繁殖饲养方面,对其品种资源的分子特性关注较少,虽然已经建立了黑山羊与贵州其他地方品种的进化树,发现了与生长繁殖相关的部分功能基因,但对其结构和调控机理的研究还处于预测阶段,有待于进一步进行实验验证。

### 参考文献:

[1] 马月辉,吴常信. 畜禽遗传资源受威胁程度评价[J]. 家畜生态, 2001,22(2):8-13.

[2] 陈永泽. 贵州省畜禽品种志[M]. 贵阳:贵州科技出版社,1993.

[3] 杨章平,常洪,孙伟,等. 结构基因座和微卫星标记应用于绵(山)羊群体遗传分化的比较研究[J]. 畜牧兽医学报,2003,34(5):427-433.

[4] Lu S, Chang H, Du L, et al. Phylogenetic relationships of sheep populations from coastal areas in East Asia[J]. Biochemical Genetics, 2005,43(5/6):251-260.

[5] 杨家大,简承松,魏泓,等. 小香羊群体遗传结构的 RAPD 分析[J]. 贵州农业科学,2004,32(1):7-9.

[6] 杨忠诚,吴芸,滕尚辉,等. 贵州山羊遗传多样性及其起源研究[J]. 山地农业生物学报,2006,25(5):399-403.

[7] 邓书湛. 贵州周边地区主要山羊品种 mtDNA *Cyt b* 基因遗传多样性研究[D]. 贵阳:贵州大学,2008.

[8] 黄勤华,刘若余. 利用 mtDNA 细胞色素 b 分析贵州山羊的系统发育[J]. 中国畜牧兽医,2010,37(5):129-132.

[9] 陈祥,廖正录,张勇,等. 贵州黑山羊遗传结构的 RAPD 分析[J]. 四川畜牧兽医,2005,32(2):25-26.

[10] 李国红. 利用微卫星标记分析黔东南小香羊等七个山羊品种的遗传多样性[D]. 贵阳:贵州大学,2003.

[11] 杨家大,简承松,魏泓,等. 乌羊和小香羊的遗传分析[J]. 遗传,2001,23(6):521-525.

[12] 李祥龙,田庆义,马国强,等. 波尔山羊杂交后代及其亲本随机扩增多态 DNA 研究[J]. 遗传,2000,22(2):75-77.

[13] 贾永红,史宪伟,简承松,等. 贵州四个山羊品种 mtDNA 多态性及起源分化[J]. 动物学研究,1999,20(2):88-92.

[14] 班兆侯,王珊,刘若余. 贵州山羊核型及 C-带的多态性[J]. 贵州农业科学,1995(3):23-25.

[15] 黄勤华,刘若余,吴芸,等. 贵州黑山羊 mtDNA *Cyt b* 基因遗传多样性分析[J]. 安徽农业科学,2008,36(26):11240-11241,11271.

[16] Lan H, Shi L M. The origin and genetic differentiation of native breeds of pigs in southwest China: an approach from mitochondrial DNA

polymorphism[J]. Biochemical Genetics,1993,31(1/2):51-60.

[17] 毛凤显,皇甫江云,赵有璋. 贵州地方山羊品种遗传背景的微卫星分析[J]. 畜牧与兽医,2006,38(2):13-15.

[18] Marshall J C, Kelch R P. GnRH: role of pulsatile secretion in the regulation of reproduction[J]. New England Journal of Medicine, 1986(315):1459-1468.

[19] Pierce J G, Parsons T F. Glycoprotein hormones: structure and function[J]. Annual Review of Biochemistry,1981(50):465-495.

[20] 储明星. 用候选基因法筛选太湖猪高繁殖力主效基因的研究进展[J]. 中国畜牧杂志,2000,36(6):46-47,53.

[21] 李利,张红平,吴登俊. 南江黄羊 *LHB* 基因多态性与繁殖性能的相关性分析[J]. 畜牧与兽医,2006,38(10):3-5.

[22] 孙瑞萍,王利心,王建刚,等. 山羊 *LHB* 基因多态性与产羔数的相关性分析[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2009,37(6):53-57.

[23] 任珍珍,罗卫星,蔡惠芬,等. 黔北麻羊 *LHB* 基因多态性及其与产羔数的相关性分析[J]. 山地农业生物学报,2010,29(2):135-138.

[24] 黄勤华,张超,胡万林,等. 贵州黑山羊促黄体素  $\beta$  基因多态性及其与产羔数的关系[J]. 贵州农业科学,2010,38(6):162-164.

[25] 黄勤华,王太明,胡万林,等. 贵州黑山羊 *FSHR* 基因第 1 外显子遗传多态性分析[J]. 中国畜禽种业,2010,6(1):140-141.

[26] McPherron A C, Lee S J. GDF-3 and GDF-9: two new members of the transforming growth factor - beta super family containing a novel pattern of cysteines[J]. Biological Chemistry,1993,268(5):3444-3449.

[27] Eckery D C, Whale L J, Lawrence S B, et al. Expression of mRNA encoding growth differentiation factor 9 and bone morphogenetic protein 15 during follicular formation and growth in a marsupial, the brush tail possum (*Trichosurus vulpecula*) [J]. Molecular and Cellular Endocrinology,2002,192(1-2):115-126.

[28] Viitt U A, Mazerbourg S, Klein C, et al. Bone morphogenetic protein receptor type II is a receptor for growth differentiation factor-9[J]. Biology of Reproduction,2002,67(2):473-480.

[29] Shi F T, Cheung A P, Huang H F, et al. Effects of endogenous growth differentiation factor 9 on activin A - induced inhibin B production in human granulosa - lutein cells[J]. The Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism,2009,94(12):5108-5116.

[30] 何远清,储明星,王金玉,等. 山羊高繁殖力候选基因 *GDF9* 的 RFLP 分析[J]. 农业生物技术学报,2006,14(1):135-136.

[31] 胡冬利,李齐发,徐业芬,等. 湖羊生长分化因子 9 (*GDF9*) 基因组织表达特征、mRNA 表达水平与 SNPs 分析[J]. 农业生物技术学报,2010,18(3):533-538.

[32] 黄勤华,胡万林,王太明,等. 贵州黑山羊 *GDF9* 基因外显子 2 的多态性分析[J]. 中国畜禽种业,2009,5(11):141-143.

[33] McPherron A C, Lee S J. Suppression of body fat accumulation in myostatin - deficient mice[J]. The Journal of Clinical Investigation, 2002,109(5):595-601.

[34] 石照应,主性,冯会利,等. 贵州黑山羊肌肉生长抑制素基因 cDNA 克隆及其蛋白抗原表位预测[J]. 贵州农业科学,2012,40(5):116-121.

[35] Li X L, Liu Z Z, Zhou R Y, et al. Deletion of TTTTA in 5'UTR of goat MSTN gene and its distribution in different population groups and genetic effect on bodyweight at different ages[J]. Frontiers of Agriculture in China,2008,2(1):103-109.

陈学林, 黄 阳. 发展茶食品加工, 拓展江苏茶产业发展空间[J]. 江苏农业科学, 2013, 41(12): 8-10.

# 发展茶食品加工, 拓展江苏茶产业发展空间

陈学林, 黄 阳

(江苏农林职业技术学院/江苏省茶业研究所, 江苏句容 212400)

**摘要:**江苏是国内食品加工业和现代茶叶加工技术的强省之一, 发展茶食品加工有着得天独厚的优势, 但目前没有开发出自主品牌的茶食品产品, 在茶食品加工上仍处于空白状态。因此, 探讨江苏茶食品产品开发路径, 对拓展江苏茶产业发展和江苏食品制造业发展空间, 具有一定的现实意义。

**关键词:**茶食品; 茶产业; 江苏; 产品开发

**中图分类号:** TS272; F326.1     **文献标志码:** A     **文章编号:** 1002-1302(2013)12-0008-03

茶食品, 是指将固态茶叶进行深加工处理成超细微茶粉、茶汁、茶天然活性成分等, 掺以其他食品原料共同制作而成的含茶食品, 如茶味休闲食品(茶味糖果、茶味饼干、茶味糕点、茶味蜜饯、茶味冷冻制品)、茶味菜肴、茶味主食(茶饭、茶粥、茶面条)、茶味饮料等<sup>[1]</sup>。

相对于普通食品而言, 茶食品是一种创新食品。根据现代食品加工技术和营养学相关原理, 采用科学方法将不同的食物原料进行复合加工, 可使食品达到营养、风味、品种及经济效益等多种性能的互补和优化。茶叶中含有多种功能性营养成分, 具体分为水溶性和脂溶性 2 种, 后者不溶于水。人们通过传统泡饮方式饮茶, 只能摄取茶叶中的水溶性营养成分, 约有 65% 的脂溶性营养成分则无法被人体吸收, 最终留存于茶渣中。而如果运用现代加工技术把茶叶中的各种营养物质与传统食品相结合制成茶食品, 人们可通过食用茶食品充分摄取茶叶的营养成分, 从而达到保健甚至防病、治病的多重功效。另外, 茶食品倡导的是一种新型消费文化, 即从喝茶到吃茶, 为人们提供了一种更加便捷、健康、高效的茶消费方式。

同时, 由于茶食品充分保留了原茶的浓郁香味和良好口感, 使得这种新型茶产品能够在一定程度上延续传统茶饮所形成的休闲、宁静、养生、领悟等茶文化内涵。

综合而言, 茶食品的出现和发展既符合当今食品行业的发展方向, 又能够有效促进茶叶产业链的延伸和拓展, 对我国茶产业的转型升级和可持续发展具有重要的推动作用。

## 1 江苏发展茶食品加工的必要性

### 1.1 有利于提高江苏省夏秋茶的利用率

江苏茶叶生产历史悠久, 茶区横跨江南茶区和江北茶区, 茶园总面积达 2.67 万  $hm^2$ 。夏秋季鲜叶加工的绿茶苦涩味重、收敛性强、香气青淡, 综合效益低, 因此, 大多数茶叶生产单位每年仅产一季春茶, 大量的夏秋季鲜叶浪费在茶园。如果将夏秋茶用于生产超细微茶粉、茶汁、茶天然活性成分, 作为一种食品加工的原辅料应用于食品领域, 可以使茶资源得以充分合理的利用, 因此, 以引导“吃”的方式促进夏秋季茶的利用, 不仅是江苏省茶叶深加工的一次创新, 也是江苏省茶产业发展的又一突破点。

### 1.2 有利于茶文化旅游业的发展

旅游活动的基本要素是“食、住、行、游、购、娱”, 其中“食、购”是 2 个重要环节。要让游客在景区内吃得美、住得

收稿日期: 2013-05-10

作者简介: 陈学林(1957—), 男, 广东紫金人, 教授, 研究方向为茶叶加工技术、茶食品加工技术、茶文化和高职教育。E-mail: xlchen11758@sina.com.

[36] 冯会利, 石照应, 田兴贵, 等. 贵州黑山羊和黔北麻羊 *MSTN* 基因 *Dra*I 酶切多态性分析[J]. 西南农业学报, 2012, 25(1): 282-285.

[37] Li S, Crenshaw E B, Rawson E J, et al. Dwarf locus mutants lacking three pituitary cell types result from mutations in the POU-domain gene *pit-1*[J]. Nature, 1990, 347(6293): 528-533.

[38] Pfaffle R W, DiMattia G E, Parks J S, et al. Mutation of the POU-specific domain of Pit-1 and hypopituitarism without pituitary hypoplasia[J]. Science, 1992, 257(5073): 1118-1121.

[39] Stanceková K, Vasček D, Peskovicová D, et al. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (PIT-1) on carcass traits in pigs[J]. Animal Genetics, 1999, 30(4): 313-315.

[40] Renaville R, Gengler N, Vreth E, et al. *Pit-1* gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein-Friesian bulls[J]. Journal of Dairy Science, 1997, 80(12): 3431-3438.

[41] 罗卫星, 蔡惠芬, 王兴群, 等. 山羊垂体转录因子 *POU1F1* 基因

多态性及其与屠宰性状相关性研究[J]. 中国畜牧杂志, 2011, 47(9): 5-9.

[42] 蓝贤勇. 山羊重要功能基因遗传分析及其与经济性状的关系[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2007.

[43] 李福勇, 张瀚元, 蓝贤勇, 等. 中国部分山羊品种 *POU1F1* 基因的分子遗传特征分析[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2009, 37(12): 6-10.

[44] Jegalian A G, Wu H. Regulation of Socs gene expression by the proto-oncoprotein GFI-1B: two routes for STAT5 target gene induction by erythropoietin[J]. Journal of Biological Chemistry, 2002, 277(3): 2345-2352.

[45] Osawa M, Yamaguchi T, Nakamura Y, et al. Erythroid expansion mediated by the Gfi-1B Zinc finger protein; role in normal hematopoiesis[J]. Blood, 2002, 100(8): 2769-2777.

[46] 陈 志, 罗卫星, 刘若余, 等. 贵州黑山羊独立生长因子 1B 基因 cDNA 克隆与生物信息学分析[J]. 畜牧与兽医, 2012, 44(7): 27-32.