

邓少春,田易萍,赵红艳,等. 大叶茶树群体种及杂交 F_1 代表型性状遗传多样性分析及评价[J]. 江苏农业科学,2023,51(22):132-137.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.22.019

大叶茶树群体种及杂交 F_1 代表型性状遗传多样性分析及评价

邓少春¹, 田易萍¹, 赵红艳², 陈林波¹, 陈春林¹, 庞丹丹¹, 刘悦¹, 许燕¹, 朱兴正¹

(1. 云南省农业科学院茶叶研究所/云南省茶树种质资源创新与配套栽培技术工程研究中心/
云南省茶学重点实验室, 云南勐海 666201; 2. 临沧市茶叶研究院, 云南临沧 677000)

摘要: 为了深入研究茶树大叶群体种及杂交 F_1 代表型性状遗传多样性, 为大叶茶树品种的选育及应用提供理论指导, 以 26 份大叶茶树群体种及 26 份杂交 F_1 代材料为试验对象, 对其芽叶的 12 个表型性状多样性进行调查, 并对测定结果进行主成分分析、相关性分析和聚类分析。结果表明, 52 份材料的表型性状表现出丰富的多样性和变异, 其中, 群体种平均变异系数达 20.68%, 杂交 F_1 代材料平均变异系数为 16.88%。相关性分析结果显示, 群体种 66 对相关性分析中有 32 对达到极显著水平 ($P < 0.01$), 6 对达到显著水平 ($P < 0.05$)。杂交 F_1 代材料 66 对相关性分析中有 53 对达到极显著水平 ($P < 0.01$), 4 对达到显著水平 ($P < 0.05$); 多变量主成分分析表明, 群体种的前 3 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 84.251% 的信息, 杂交 F_1 代材料的前 2 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 81.964% 的信息; 聚类分析显示, 52 份材料被分为了两大类群, 第 1 类群分为 2 个亚类, 聚集了群体种和杂交 F_1 代的材料; 第 2 类群分为 2 个亚类, 聚集的均为群体种材料。52 份大叶茶树群体种及杂交 F_1 代材料表型遗传多样性丰富, 变异系数大, 相较于群体种, 杂交 F_1 代的遗传特征较稳定。

关键词: 茶树; 群体种; F_1 代; 表型; 遗传多样性

中图分类号: S571.103 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2023)22-0132-06

云南拥有独特的地理气候条件, 孕育了云南茶树种质资源的代表——大叶类茶树 (*Camellia sinensis* var. *assamica*), 大叶类茶树具有独特的适应性和遗传基因多样性, 是发展茶叶生产、开展茶树育种和科学研究的物质基础, 也是研究茶树起源及进化的活化石^[1-3]。蒋会兵等比较了云南省 10 个地区(州、市)的野生茶树、地方品种和选育品种(系)共 830 份茶树种质资源的主要表型性状的遗传多样性, 结果表明, 云南茶树种质资源表型遗传多样性丰富^[4]。尚卫琼等利用 28 对 SSR 引物对 94 份大叶茶种质材料进行遗传多样性分析, 旨在进一步了解云南大叶茶种质资源的遗传多样性, 结果显示, 94 份大叶茶种质材料遗传多样性丰富, 聚类结果与多态性信息含量等参数值分析结果^[5]一致。

杂交育种是创制新种质及发掘新变异最有效的方法, 杂种优势是否在杂交后代中充分显现决定杂交育种是否成功, 培育一个新品种要建立在杂交后代表型性状及遗传规律研究的基础上^[6-8]。近年来, 我国科研人员对于杂交育种及其遗传规律的研究进行了不断的探索, 取得了一些显著成绩。罗意等鉴定评价了以碧香早为杂交亲本的 62 个 F_1 代优株, 并对其主要生化成分和遗传多样性分析, 结果表明, 丰富的遗传变异存在于 62 个 F_1 代优株生化成分中, 筛选出高水浸出物特异优株 2 个、高茶多酚特异优株 16 个、高氨基酸特异优株 20 个^[9]。罗莉等以母本金萱、父本南昆山毛叶茶及其远缘杂交 F_1 代全同胞系 66 株茶树为对象, 调查了 17 个叶片表型性状, 计算了遗传多样性指数和变异系数, 进行相关性分析和正态性检验, 探究叶片表型的杂种优势和相对遗传力, 结果表明, 17 个叶片表型性状存在丰富而广泛的遗传变异^[10]。

本研究以 52 份大叶茶树群体种及杂交 F_1 代材料为试验对象, 调查研究其芽叶表型性状多样性, 并对测定结果进行主成分分析和聚类分析, 以期了

收稿日期: 2023-02-10

基金项目: 国家自然科学基金地区科学基金(编号: 31860226)。

作者简介: 邓少春(1984—), 女, 陕西凤翔人, 助理研究员, 主要从事茶树育种研究。E-mail: 1006509127@qq.com。

通信作者: 朱兴正, 硕士, 高级实验师, 主要从事茶树种植与育种研究。E-mail: 28389364@qq.com。

解云南大叶茶树群体种及杂交 F_1 代表型性状遗传多样性,从中发掘出一些特异资源,为下一步优良品种选育研究提供思路和依据。

1 材料与方法

1.1 材料来源

本研究以种植于云南省勐海县云南省农业科学院茶叶研究所科研试验基地的 26 个大叶茶树群体种以及“金萱(♀)×云茶 1 号(♂)”人工杂交 F_1 代的 26 个单株材料共 52 份为试验材料,试验材料的基本信息见表 1。

表 1 群体种及杂交材料基本情况

群体种				杂交材料			
序号	名称	审定情况	来源或父母本	序号	名称	审定情况	来源或父母本
1	云抗 10 号	国家级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	27	杂交 1 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
2	云抗 12 号	地方良种	勐海县南糯山群体品种	28	杂交 2 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
3	云抗 15 号	地方良种	勐海县南糯山群体品种	29	杂交 3 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
4	云抗 17 号	地方良种	勐海县南糯山群体品种	30	杂交 4 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
5	云抗 14 号	国家级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	31	杂交 5 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
6	云抗 47 号	地方良种	勐海县南糯山群体品种	32	杂交 6 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
7	云抗 48 号	省级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	33	杂交 7 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
8	云抗 50 号	省级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	34	杂交 8 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
9	云抗 43 号	省级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	35	杂交 9 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
10	长叶白毫	省级(审)认定品种	勐海县南糯山群体品种	36	杂交 10 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
11	云抗 3 号	地方良种	凤庆群体品种	37	杂交 11 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
12	云抗 22 号	地方良种	凤庆群体品种	38	杂交 12 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
13	云抗 33 号	地方良种	凤庆群体品种	39	杂交 13 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
14	清水 3 号	地方良种	凤庆群体品种	40	杂交 14 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
15	清水 4 号	地方良种	凤庆群体品种	41	杂交 15 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
16	云抗 27 号	省级(审)认定品种	凤庆群体品种	42	杂交 16 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
17	云抗 37 号	省级(审)认定品种	勐库群体品种	43	杂交 17 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
18	云选九号	省级(审)认定品种	勐库群体品种	44	杂交 18 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
19	云选十号	地方良种	勐库群体品种	45	杂交 19 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
20	云选十二号	地方良种	勐库群体品种	46	杂交 20 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
21	云选十四号	地方良种	勐库群体品种	47	杂交 21 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
22	云茶普蕊	国家级(审)认定品种	勐库群体品种	48	杂交 22 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
23	香归银毫	地方良种	勐库群体品种	49	杂交 23 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
24	紫娟	国家级(审)认定品种	云南大叶群体	50	杂交 24 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
25	广茶 1 号	地方良种	广南县底圩群体品种	51	杂交 25 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)
26	广茶 6 号	地方良种	广南县底圩群体品种	52	杂交 26 号	未审定	金萱(♀)×云茶 1 号(♂)

计参数和变异系数、相关性、主成分和聚类分析。

2 结果与分析

2.1 芽叶表型基本统计参数和变异系数

大叶茶树群体种以及人工杂交 F_1 代单株材料

1.2 试验方法

于 2021 年春、夏、秋三季对供试材料的芽叶性状进行调查,并调查成熟叶片的性状特征(冬季封园前)。以茶树种质资源数据质量控制规范为参考,对芽叶表型的叶长、叶宽、叶面积、叶长叶宽比、1 芽 3 叶长、1 芽 3 叶质量、1 芽 2 叶长、1 芽 2 叶质量、1 芽 1 叶长、1 芽 1 叶质量、芽长、芽质量等 12 个数量性状指标进行观测统计^[11]。

1.3 统计分析

表型性状基本统计参数和变异系数采用 Excel 分析,并通过 IBM SPSS Statistics 29 统计软件进行统

的统计参数和变异系数分析结果如表 2 所示。从表 2 可以看出,大叶茶树群体种以及人工杂交 F_1 代单株材料的 12 个芽叶表型性状具丰富的遗传多样性,大叶茶树群体种变异系数为 8.49%~50.00%,其中,叶长叶宽比的变异系数最小,仅为 8.49%,而芽

质量、1 芽 1 叶质量、1 芽 2 叶质量和 1 芽 3 叶质量的变异较大,变异系数均超过了 25%,有 11 个性状的变异系数超过 10%。其余性状除 1 芽 2 叶长、叶长、叶宽、叶长叶宽比外,变异系数均为中等变异水平,在 15% 至 25% 之间。芽质量的标准差最小,叶面积的标准差最大,群体中极易出现极值个体。杂交 F_1 代单株材料变异系数为 6.33% ~ 27.71%,其

中,叶长叶宽比的变异系数最小,仅为 6.33%,而 1 芽 3 叶质量和叶面积的变异较大,变异系数均超过了 25%,有 11 个性状的变异系数超过 10%。其余性状的变异系数均在 15% ~ 30%,为中等变异水平(除芽长、1 芽 1 叶长、1 芽 2 叶长、叶长、叶长叶宽比外)。芽质量的标准差最小,叶面积的标准差最大,群体中极易出现极值个体。

表 2 群体种及杂交材料统计参数和变异系数

性状	群体种					杂交材料				
	最小值	最大值	平均值	标准差	变异系数 (%)	最小值	最大值	平均值	标准差	变异系数 (%)
芽长 (cm)	2.00	4.00	3.04	0.51	16.78	1.44	2.54	2.20	0.27	12.27
芽质量 (g)	0.03	0.15	0.08	0.04	50.00	0.03	0.08	0.06	0.01	16.67
1 芽 1 叶长 (cm)	2.50	4.70	3.65	0.61	16.71	1.94	3.34	2.85	0.33	11.58
1 芽 1 叶质量 (g)	0.13	0.38	0.27	0.07	25.93	0.09	0.24	0.17	0.04	23.53
1 芽 2 叶长 (cm)	3.50	6.20	4.94	0.73	14.78	2.82	5.10	4.22	0.54	12.80
1 芽 2 叶质量 (g)	0.36	0.84	0.59	0.15	25.42	0.24	0.67	0.43	0.10	23.26
1 芽 3 叶长 (cm)	5.00	10.22	7.23	1.34	18.53	4.41	8.98	6.82	1.06	15.54
1 芽 3 叶质量 (g)	0.51	1.41	0.98	0.25	25.51	0.46	1.39	0.83	0.23	27.71
叶长 (cm)	11.20	19.20	13.86	1.50	10.82	6.85	10.66	8.76	1.09	12.44
叶宽 (cm)	3.50	7.30	5.37	0.65	12.10	2.94	4.99	3.99	0.60	15.04
叶面积 (cm ²)	29.40	98.11	52.64	12.15	23.08	14.22	33.54	24.82	6.31	25.42
叶长叶宽比	2.27	3.43	2.59	0.22	8.49	1.89	2.46	2.21	0.14	6.33
平均值					20.68					16.88

2.2 相关性分析

由表 3 可知,群体种 12 个芽叶性状间的 66 对相关系数分析中相关系数在 0.85 以上的有 4 对,相关程度极高,有 32 对达到极显著水平 ($P < 0.01$),6 对达到显著水平 ($P < 0.05$);其中,性状间呈正向弱相关关系的有 21 对,呈负相关关系的有 9 对;杂交 F_1 代材料 12 个芽叶性状间的 66 对相关系数分析中相关系数在 0.85 以上的有 11 对,相关程度极高,有 53 对达到极显著水平 ($P < 0.01$),4 对达到显著水平 ($P < 0.05$),其中,性状间呈负相关关系的有 11 对。

2.3 主成分分析

以 52 份材料的 12 个芽叶性状为变量,以累积贡献率 $\geq 80\%$ 为标准,确定了主成分(表 4)。多变量主成分分析表明,群体种的前 3 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 84.251% 的信息,第 1 主成分贡献率达 52.947%,贡献最大的是 1 芽 2 叶质量,其次是 1 芽 3 叶质量;第 2 主成分贡献率为 19.628%,贡献最大的是叶面积,其次是叶长和叶宽;第 3 主成分贡献率为 11.676%,贡献最大的是

叶长叶宽比,其次是芽长。杂交 F_1 代材料的前 2 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 81.964% 的信息,第 1 主成分贡献率达 70.060%,贡献最大的是 1 芽 1 叶质量,其次是 1 芽 2 叶质量;第 2 主成分贡献率为 11.903%,贡献最大的是负值的叶宽,其次是叶长叶宽比。

2.4 聚类结果分析

对 52 份材料的 12 个芽叶性状进行聚类的结果表明,52 份供试材料聚为两大类(图 1)。第 1 类群有 2 个亚组,包括 37 份材料;第 2 类群有 2 个亚组,包括 15 份资源。第 1 类群聚集了群体种和杂交材料,而第 2 类群聚集的均为群体种材料。2 个类群叶长叶宽比、1 芽 2 叶质量、1 芽 1 叶质量和芽质量相对一致;叶宽、1 芽 3 叶质量、1 芽 3 叶长、1 芽 2 叶长、1 芽 1 叶长和芽长差异不明显;叶长和叶面积差异较大,尤其是叶面积差异最大,第 1 类群的叶面积比第 2 类群低 57.5%,且第 2 类群聚集的材料叶面积和叶长叶宽比、叶长、叶宽、1 芽 3 叶长、1 芽 3 叶质量、1 芽 2 叶长、1 芽 2 叶质量、1 芽 1 叶长、1 芽

表 3 群体种和杂交材料各性状间的相关性分析结果

性状	群体种相关系数											
	芽长	芽质量	1 芽 1 叶长	1 芽 1 叶质量	1 芽 2 叶长	1 芽 2 叶质量	1 芽 3 叶长	1 芽 3 叶质量	叶长	叶宽	叶面积	叶长 叶宽比
芽长	1.000											
芽质量	0.531**	1.000										
1 芽 1 叶长	0.903**	0.540**	1.000									
1 芽 1 叶质量	0.609**	0.730**	0.585**	1.000								
1 芽 2 叶长	0.804**	0.640**	0.867**	0.630**	1.000							
1 芽 2 叶质量	0.727**	0.643**	0.713**	0.841**	0.774**	1.000						
1 芽 3 叶长	0.388*	0.572**	0.501**	0.384	0.790**	0.544**	1.000					
1 芽 3 叶质量	0.487*	0.647**	0.457*	0.661**	0.638**	0.842**	0.678**	1.000				
叶长	0.333	0.215	0.225	0.265	0.131	0.452*	0.001	0.403*	1.000			
叶宽	0.253	0.365	0.208	0.372	0.246	0.554**	0.223	0.584**	0.826**	1.000		
叶面积	0.306	0.302	0.228	0.326	0.188	0.523**	0.117	0.505**	0.960**	0.942**	1.000	
叶长叶宽比	0.061	-0.311	-0.027	-0.276	-0.216	-0.292	-0.321	-0.392*	0.014	-0.542**	-0.239	1.000

性状	杂交材料相关系数											
	芽长	芽质量	1 芽 1 叶长	1 芽 1 叶质量	1 芽 2 叶长	1 芽 2 叶质量	1 芽 3 叶长	1 芽 3 叶质量	叶长	叶宽	叶面积	叶长 叶宽比
芽长	1.000											
芽质量	0.756**	1.000										
1 芽 1 叶长	0.970**	0.750**	1.000									
1 芽 1 叶质量	0.833**	0.889**	0.812**	1.000								
1 芽 2 叶长	0.875**	0.670**	0.927**	0.799**	1.000							
1 芽 2 叶质量	0.719**	0.813**	0.741**	0.924**	0.782**	1.000						
1 芽 3 叶长	0.700**	0.515**	0.754**	0.709**	0.923**	0.764**	1.000					
1 芽 3 叶质量	0.671**	0.763**	0.704**	0.890**	0.775**	0.978**	0.779**	1.000				
叶长	0.682**	0.660**	0.646**	0.658**	0.554**	0.645**	0.429*	0.634**	1.000			
叶宽	0.618**	0.650**	0.596**	0.662**	0.575**	0.647**	0.482*	0.628**	0.898**	1.000		
叶面积	0.656**	0.663**	0.627**	0.672**	0.572**	0.662**	0.466*	0.645**	0.969**	0.977**	1.000	
叶长叶宽比	-0.194	-0.303	-0.203	-0.333	-0.309	-0.311	-0.305	-0.287	-0.242	-0.641**	-0.465*	1.000

注：*、** 分别表示显著 ($P < 0.05$)、极显著 ($P < 0.01$) 相关。

1 叶质量、芽长、芽质量等 12 个性状的观测值均超过了第 1 类群。

3 讨论与结论

遗传多样性研究最直接的方法是对表型遗传多样性进行研究,是评价植物种质资源的一个重要手段^[12-13]。本研究通过分析 26 份大叶茶树群体种及 26 份杂交 F_1 代材料的表型多样性,结果表明,供试材料的表型性状表现出丰富的多样性和变异,其中,群体种平均变异系数达 20.68%,杂交 F_1 代材料平均变异系数为 16.88%,从变异系数看,群体种的芽质量具有最大的变异系数,杂交 F_1 代 1 芽 3 叶质量的变异系数最大,说明这 2 个性状分别在群体种和杂交种各性状中的变异程度最大,叶长叶宽比

的变异系数在群体种和杂交 F_1 代各性状中都是最小的,说明叶长叶宽比的变异程度较小,相较于群体种,杂交 F_1 代的遗传特征较稳定。这与丁洲等对于不同地区茶树群体种群表型性状的研究^[14]略有不同,可能与所选材料的来源地不同有关。

通过相关性分析发现,12 个表型性状之间不是相互独立的,群体种 12 个芽叶性状间的 66 对相关分析中相关系数在 0.85 以上的有 4 对,分别是叶长与叶面积、叶宽与叶面积、1 芽 1 叶长与 1 芽 2 叶长、芽长与 1 芽 1 叶长;而杂交 F_1 代 12 个芽叶性状间的 66 对相关分析中相关系数在 0.85 以上的有 11 对,分别是叶宽与叶面积、叶长与叶面积、叶长与叶宽、1 芽 2 叶质量与 1 芽 3 叶质量、1 芽 2 叶长与 1 芽 3 叶长、1 芽 1 叶质量与 1 芽 3 叶质量、1 芽 1 叶

表 4 12 个芽叶性状的主成分分析结果

性状	群体种各主成分的载荷			性状	杂交材料各主成分的载荷	
	PC1	PC2	PC3		PC1	PC2
芽长	0.769	-0.296	0.470	芽长	0.885	0.213
芽质量	0.770	-0.185	-0.179	芽质量	0.855	0.020
1 芽 1 叶长	0.765	-0.396	0.355	1 芽 1 叶长	0.891	0.269
1 芽 1 叶质量	0.801	-0.147	-0.026	1 芽 1 叶质量	0.931	0.137
1 芽 2 叶长	0.838	-0.454	0.032	1 芽 2 叶长	0.888	0.321
1 芽 2 叶质量	0.938	-0.037	0.039	1 芽 2 叶质量	0.912	0.147
1 芽 3 叶长	0.656	-0.370	-0.360	1 芽 3 叶长	0.791	0.361
1 芽 3 叶质量	0.852	0.054	-0.248	1 芽 3 叶质量	0.889	0.157
叶长	0.524	0.745	0.379	叶长	0.808	-0.389
叶宽	0.654	0.725	-0.141	叶宽	0.823	-0.558
叶面积	0.610	0.767	0.151	叶面积	0.833	-0.498
叶长叶宽比	-0.360	-0.198	0.801	叶长叶宽比	-0.417	0.549
方差贡献率(%)	52.947	19.628	11.676	方差贡献率(%)	70.060	11.903
累积贡献率(%)	52.947	72.575	84.251	累积贡献率(%)	70.060	81.964

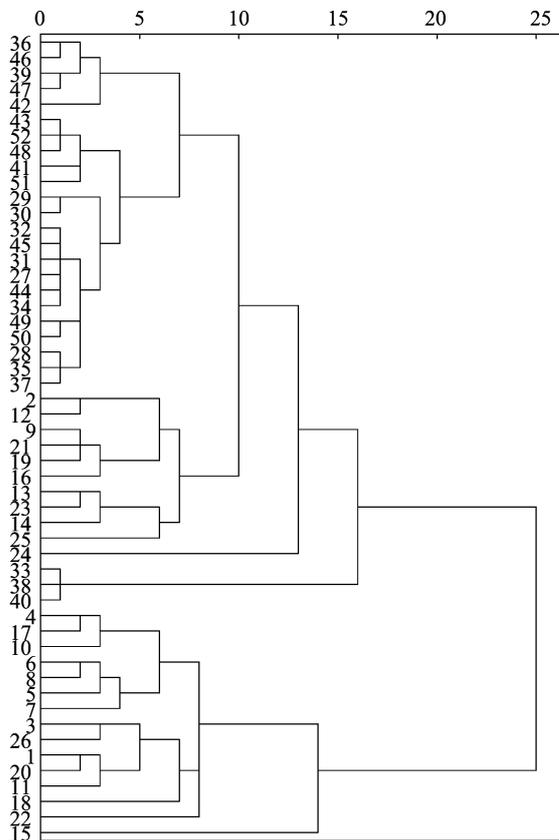


图1 52 份材料基于 12 个芽叶性状的聚类图

树种质资源表型性状遗传多样性分析的研究^[15]和俞文生等对茶树种质资源表型遗传多样性分析的研究结果^[16]基本一致。

主成分分析法避免了重复信息的干扰,将原来个数较多而且彼此相关的指标转化为新的个数较少且彼此独立或相关性较小的综合指标,而不损失或很少损失原有信息^[17]。本研究采用 IBM SPSS Statistics 29 软件分析了 26 份大叶茶树群体种及 26 份杂交 F_1 代材料的表型性状,并对其进行了主成分分析。通过因子分析可看出,群体种的前 3 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 84.251% 的信息,高度相关因子对应的特征向量以 1 芽 2 叶质量、叶面积和叶长叶宽比性状分量的影响较大;而杂交 F_1 代材料的前 2 个主成分代表了 26 份材料表型多样性 81.964% 的信息,高度相关因子对应的特征向量以 1 芽 1 叶质量和叶长叶宽比性状分量的影响较大。

聚类分析把 52 份供试材料聚为两大类。第 1 类群既有群体种也有杂交 F_1 代材料,而第 2 类群聚集的均为群体种材料。由表 5 可知,叶面积和叶长叶宽比、叶长、叶宽、1 芽 3 叶长、1 芽 3 叶质量、1 芽 2 叶长、1 芽 2 叶质量、1 芽 1 叶长、1 芽 1 叶质量、芽长、芽质量等 12 个表型性状的观测值均显示第 2 类群高于第 1 类群,尤其是第 2 类群的叶面积明显大于第 1 类群,说明本试验中,群体种的所有性状数据都大于杂交种,尤其是叶面积的表现尤为突出,表

质量与 1 芽 2 叶质量、1 芽 1 叶长与 1 芽 2 叶长、芽质量与 1 芽 1 叶质量、芽长与一芽而叶长、芽长与 1 芽 1 叶长,说明多个数量性状间存在着互相促进、互相制约的复杂关系。这与冯花等对不同来源地茶

明茶树表型性状和供试材料的来源地及选育方式有紧密联系。这与席春奕等对四川茶树种质资源遗传多样性与亲缘关系的 SRAP^[18] 及王小萍等对四川主栽茶树品种的 RAPD 研究结果^[19] 相一致。本研究中的群体种材料都来源于云南省的当地群体

种资源,说明云南省内的群体种资源之间遗传距离较近,但也有一些群体种资源和杂交种聚集在了一起,可能是在长期的进化和演变过程中,表型性状相互渗透的结果。

表 5 不同类群表型性状比较

类群	芽长(cm)			芽质量(g)			1芽1叶长(cm)			1芽1叶质量(g)			1芽2叶长(cm)			1芽2叶质量(g)		
	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值
I	3.00	1.44	2.32	0.08	0.03	0.06	3.50	1.94	2.91	0.33	0.09	0.18	5.10	2.82	4.23	0.67	0.24	0.44
II	4.00	2.85	3.36	0.15	0.05	0.11	4.70	3.50	4.09	0.38	0.26	0.32	6.20	4.60	5.45	0.84	0.52	0.68

类群	1芽3叶长(cm)			1芽3叶质量(g)			叶长(cm)			叶宽(cm)			叶面积(cm ²)			叶长叶宽比		
	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值	最大值	最小值	平均值
I	8.98	4.41	6.68	1.39	0.46	0.82	15.20	6.85	10.17	5.60	2.94	4.32	59.58	14.10	32.01	2.71	2.33	2.34
II	10.22	6.00	7.87	1.41	0.70	1.11	19.20	11.20	14.12	7.30	4.50	5.56	98.11	35.28	55.66	2.63	2.49	2.54

在对茶树种质资源的变异性进行了解时,形态学标记确实是一种比较好的方法,但形态学标记也有其缺点,那就是所需周期较长,易受环境影响^[20]。本试验中发现大叶茶树群体种和杂交 F₁ 代的表型性状表现出了不同程度的多样性,对于今后大叶茶树品种的选育具有一定的价值,但要更加准确细致地了解群体种的遗传变异状况,仅依赖于表型性状是远远不够的,还必须在研究茶树种质资源表型多样性的基础上,结合现代分子生物学和细胞生物学研究方法,与常规方法相结合,为茶树遗传育种提供可靠、准确和科学的依据。

参考文献:

[1]王平盛,虞富莲. 中国野生大茶树的地理分布、多样性及其利用价值[J]. 茶叶科学,2002,22(2):105-108,134.
 [2]张颖君,杨崇仁,曾恕芬,等. 白鹇山古茶的化学成分分析与栽培茶树的起源[J]. 云南植物研究,2010,32(1):77-82.
 [3]何露,闵庆文,袁正. 澜沧江中下游古茶树资源、价值及农业文化遗产特征[J]. 资源科学,2011,33(6):1060-1065.
 [4]蒋会兵,宋维希,吴兵,等. 云南茶树种质资源的表型遗传多样性[J]. 作物学报,2013,39(11):2000-2008.
 [5]尚卫琼,段志芬,杨毅坚,等. 基于 EST-SSR 标记的云南大叶茶资源遗传多样性分析[J]. 山东农业科学,2018,50(1):16-22.
 [6]陈亮,杨亚军,虞富莲. 中国茶树种质资源研究的主要进展和展望[J]. 植物遗传资源学报,2004,5(4):389-392.
 [7]蒋双丰,吕未,冯雨,等. 信阳茶树杂交育种研究[J]. 农业科技通讯,2020(10):218-222,225.

[8]邓少春,田易萍,陈林波,等. 137 份茶树人工杂交 F₁ 代单株表型性状及遗传多样性分析[J]. 山东农业科学,2022,54(2):23-28.
 [9]罗意,雷雨,段继华,等. 碧香早杂交 F₁ 代生化成分多样性分析及特异优株筛选[J]. 茶叶通讯,2021,48(4):623-628.
 [10]罗莉,黄亚辉,曾贞,等. 茶树远缘杂交 F₁ 代叶片表型遗传变异研究[J]. 茶叶通讯,2020,47(4):568-575.
 [11]陈亮,杨亚军,虞富莲,等. 茶树种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2005:7-12.
 [12]李蓉蓉. 华南沿海风铃木类植物鉴定与遗传多样性研究[D]. 哈尔滨:东北林业大学,2021:35-38.
 [13]王梦荷,杨彬,田茂荣,等. 南京市栖霞山野生茶树种质资源调查与品质性状遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2022,50(1):126-132.
 [14]丁洲,李焯昕,袁艺,等. 安徽茶区优良群体种的表型性状和遗传多样性分析[J]. 茶叶科学,2018,38(2):155-161.
 [15]冯花,王飞权,陈荣冰,等. 不同来源地茶树种质资源表型性状遗传多样性分析[J]. 热带作物学报,2021,42(10):2758-2768.
 [16]俞文生,倪佳成,陈慧,等. 茶树种质资源表型遗传多样性分析[J]. 安徽农业科学,2017,45(25):40-42,50.
 [17]刘科鹏,黄春辉,冷建华,等. ‘金魁’猕猴桃果实品质的主成分分析与综合评价[J]. 果树学报,2012,29(5):867-871.
 [18]席春奕,唐茜,吴永胜,等. 30 份四川茶树种质资源遗传多样性与亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 贵州农业科学,2013,41(2):6-9.
 [19]王小萍,张厅,黄梅,等. 四川地区茶树种质资源叶表型性状多样性分析[J]. 中国农学通报,2018,34(4):89-94.
 [20]陈杏,农玉琴,廖春文,等. 基于表型性状的广西茶树种质资源遗传多样性分析[J]. 中国热带农业,2019(4):49-52.