

安徽省“太平猴魁”茶区柿大茶群体种遗传多样性的 SSR 分析

刘升锐, 董心雨, 郭锐, 韦朝领*

(茶树生物学与资源利用国家重点实验室, 安徽农业大学茶与食品科技学院, 合肥 230036)

摘要: 为弄清安徽省太平猴魁茶产区柿大茶群体种遗传多样性, 利用 16 对 SSR 引物对柿大茶群体种 47 个单株进行了遗传多样性和亲缘关系聚类分析。结果表明, 柿大茶群体种具有相对较高的遗传多样性, 共检测出等位基因位点 (N_a) 105 个, 平均 6.563 个; 主效等位基因频率 (MAF) 0.170~0.670, 平均为 0.416; 有效等位基因位点 (N_e) 1.977~9.072, 平均为 3.722; 香农信息指数 (I) 0.929~2.303, 平均为 1.414; 观测杂合度 (H_o) 0.149~0.872, 平均为 0.497; 期望杂合度 (H_e) 0.499~0.899, 平均为 0.696; 多态性信息含量 (PIC) 0.443~0.880, 平均为 0.638。根据 Nei's 遗传距离进行聚类结果可知, 供试茶树材料可分成 3 个亚居群, 分别包含 12 个、5 个和 30 个群体单株。试验结果有助于充分发掘、利用和保护柿大茶群体种种质资源, 并为选育优良茶树新品种提供重要理论依据。

关键词: 柿大茶群体种; 太平猴魁; SSR 标记; 遗传多样性; 亲缘关系

中图分类号: S571.1

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2020)04-0499-06

Genetic diversity of tea plant population in “Taipinghoukui” tea production area of Anhui Province based on SSR markers

LIU Shengrui, DONG Xinyu, GUO Rui, WEI Chaoling

(State Key Laboratory of Tea Plant Biology and Utilization, School of Tea & Food Science and Technology, Anhui Agricultural University, Hefei 230036)

Abstract: A total of 16 SSR markers were selected to analyze the genetic diversity and genetic relationship of 47 Shidacha tea plants in “Taipinghoukui” tea area of Anhui Province. It was demonstrated that the level of genetic diversity of Shidacha population was high, as a total of 105 alleles were amplified, with an average of 6.563. The major allele frequency (MAF) ranged from 0.170 to 0.670, with an average of 0.416. The effective number of alleles (N_e) varied from 1.977 to 9.072, with a mean of 3.722. The shannon's information index (I) varied from 0.929 to 2.303, with an average of 1.414. The observed heterozygosity (H_o) ranged from 0.149 to 0.872, and the expected heterozygosity (H_e) ranged from 0.499 to 0.899, with an average of 0.497 and 0.696, respectively. The polymorphism information content (PIC) varied from 0.443 to 0.880, with a mean of 0.638. The 47 tea plants were classified into 3 groups based on Nei's genetic distance and neighbor-joining method, including 12, 5 and 30 members, respectively. The results can provide an important theoretical basis for the exploration, utilization and protection of Shidacha tea germplasm, as well as breeding of elite tea cultivars.

Key words: Shidacha population; “Taipinghoukui”; SSR markers; genetic diversity; genetic relationship

太平猴魁, 是闻名国内外的名优绿茶, 国家地理标志产品, 独产于安徽省黄山市黄山区的猴坑、猴岗和颜家一带, 具有“两叶抱芽、扁平挺直、魁伟重实、色泽苍绿、兰香悠长、滋味甘醇”的品质特点^[1-2]。太平猴魁产自于自然生态环境优越的黄山与太平湖的名山胜水之间, 得天独厚的生态环境为太平猴魁的

独特品质特征奠定了基础。实践证明, 茶树品种是构成茶树自然品质特点的另一决定性因素。太平猴魁茶产区茶树资源丰富, 绝大部分是柿大茶群体种, 此外还有少量的楮叶种、柳叶种、紫芽种和栗漆种^[2]。柿大茶群体种是制太平猴魁的优良原料, 具有“芽叶肥壮、节间短、叶背茸毛密生、叶色深绿、持嫩性

收稿日期: 2019-02-02

基金项目: 安徽省高等学校自然科学基金重点项目 (KJ2018A0131) 和安徽农业大学青年科学基金 (2016ZR024) 共同资助。

作者简介: 刘升锐, 博士, 副教授。E-mail: liushengrui@ahau.edu.cn

* 通信作者: 韦朝领, 博士, 教授。E-mail: weichl@ahau.edu.cn

强、育芽能力强、抗寒性强”等特点^[3]。正是优越的自然生态环境、特有的柿大茶品种以及特异的加工工艺，造就了独树一帜的太平猴魁^[3-4]。

柿大茶群体种是在自然状态下存在的有性群体，积累了由自然和人工引起的非常丰富的变异，而有关柿大茶群体种遗传多样性的研究目前较少。茶树种质资源研究通常可从形态学、生化成分、蛋白质和分子水平上开展，其中 DNA 水平上的鉴定方法因具有快速且可靠的优点而被广泛应用于茶树种质鉴定和资源评价等^[5]。

SSR(simple sequence repeat)分子标记具有多态性高、共显性遗传、技术简便快速、重复性好和数量丰富等优点，在动植物基因组研究中作为一种主要的分子标记^[6-9]。目前，SSR 标记已广泛地应用于茶树资源遗传多样性、分类、进化起源、指纹图谱和遗传图谱构建等研究^[10-14]。尽管先前有研究报道利用 SSR 标记分析安徽省各茶区茶树品系的遗传多

样性，但这些研究中，柿大茶群体种只包含了几个试材，不能真正地反映该群体种的遗传多样性^[15-16]。因此，进行系统的柿大茶群体种遗传多样性研究对今后柿大茶种质资源开发和利用具有重要的意义。

本研究利用 SSR 分子标记对制作太平猴魁的柿大茶群体种种质资源进行了系统地遗传多样性分析，以期充分发掘和利用该地区丰富的柿大茶群体种质资源，为保护茶树种质资源和选育优良的茶树新品种提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 材料

本试验所用 47 份柿大茶群体种单株材料于 2019 年春季在黄山市黄山区新明乡进行采集。采摘第 3 叶，擦净叶片表面，编号并速冻，保存与 -80℃ 冰箱中备用。所有试验材料编号、种质代号及采集地见表 1。

表 1 47 份供试种质材料信息

Table 1 The information of 47 tea plant accessions

编号 No.	种质代号 Germplasm No.	采集地 Sampling site	编号 No.	种质代号 Germplasm No.	采集地 Sampling site
1	Taiping 1	太平猴魁种质资源园	25	Taiping 25	颜家
2	Taiping 2	太平猴魁种质资源园	26	Taiping 26	猴岗
3	Taiping 3	太平猴魁种质资源园	27	Taiping 27	猴岗
4	Taiping 4	太平猴魁种质资源园	28	Taiping 28	猴岗
5	Taiping 5	太平猴魁种质资源园	29	Taiping 29	猴岗
6	Taiping 6	太平猴魁种质资源园	30	Taiping 30	猴岗
7	Taiping 7	太平猴魁种质资源园	31	Taiping 31	猴岗
8	Taiping 8	太平猴魁种质资源园	32	Taiping 32	猴岗
9	Taiping 9	太平猴魁种质资源园	33	Taiping 33	猴岗
10	Taiping 10	太平猴魁种质资源园	34	Taiping 34	猴岗
11	Taiping 11	太平猴魁种质资源园	35	Taiping 35	猴岗
12	Taiping 12	太平猴魁种质资源园	36	Taiping 36	猴岗
13	Taiping 13	太平猴魁种质资源园	37	Taiping 37	猴岗
14	Taiping 14	颜家	38	Taiping 38	猴岗
15	Taiping 15	颜家	39	Taiping 39	猴村
16	Taiping 16	颜家	40	Taiping 40	猴村
17	Taiping 17	颜家	41	Taiping 41	猴村
18	Taiping 18	颜家	42	Taiping 42	猴村
19	Taiping 19	颜家	43	Taiping 43	猴村
20	Taiping 20	颜家	44	Taiping 44	猴村
21	Taiping 21	颜家	45	Taiping 45	猴村
22	Taiping 22	颜家	46	Taiping 46	猴村
23	Taiping 23	颜家	47	Taiping 47	猴村
24	Taiping 24	颜家			

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取及质量检测 选用 EZgene™ CP

Plant Miniprep Kit (Biomiga, USA) 试剂盒提取茶树叶片基因组总 DNA。用 1% 琼脂糖凝胶电泳及

NanoDrop 2000 紫外分光光度计检测 DNA 总含量、浓度与纯度, 并稀释至 $20\sim 40\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 用于随后的 PCR 扩增。

1.2.2 引物合成 选择 16 对 SSR 引物对 47 份茶树试材进行遗传多样性分析, 引物参照文献[14], 序列由上海通用生物有限公司合成。

1.2.3 PCR 扩增和产物检测 PCR 反应体系: $1\ \mu\text{L}$ 模板 DNA, 上下游引物各 $0.5\ \mu\text{L}$, $5\ \mu\text{L}\ 2\times\text{Taq Plus MasterMix}$ (含有 *Taq Plus DNA Polymerase*, $3\ \text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}\ \text{MgCl}_2$ 和 $400\ \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ each dNTP), 补充 $3\ \mu\text{L}\ \text{ddH}_2\text{O}$ 至 $10\ \mu\text{L}$, 离心后加入 $20\ \mu\text{L}$ 甘油封层。PCR 扩增程序为: 94°C , 预变性 $5\ \text{min}$, 94°C 变性 $30\ \text{s}$, 59°C 退火 $30\ \text{s}$, 72°C 延伸 $45\ \text{s}$, 共 35 个循环, 最后 72°C 延伸 $5\ \text{min}$ (S1000™ Thermal Cycler, Bio-Rad)。取 $3\ \mu\text{L}$ 扩增产物于 96 孔板中, 每孔中再加入 $20\ \mu\text{L}$ Dilution Buffer $1\times\text{TE}$, 利用 Fragment Analyzer™ 96 毛细管电泳仪进行检测。电泳获得的条带用毛细管电泳仪系统中 PROSize™ 2.0 软件进行显示和分析。详细步骤参照文献[6]。

1.3 数据处理

根据条带峰图和浓度进行人工方法读带, 建立原始数据的矩阵, 并根据软件处理需要转换数据格式。用 POPGENE V1.32 软件计算主效等位基因频率 (*MAF*, major allele frequency)、等位基因数 (*Na*, number of alleles)、有效等位基因数 (*Ne*, effective number of alleles) 和香农信息指数 (*I*, shannon's information index)。用 PowerMarker 3.25 软件计算样品和引物的实际杂合度 (Observed heterozygosity)、期望杂合度 (Expected heterozygosity) 和多态性信息含量 (*PIC*, polymorphism information content)。根据 Nei's 遗传距离和邻接法 (Neighbor-Joining), 利用 MEGA6 软件进行聚类分析构建进化树。

2 结果与分析

2.1 DNA 提取及检测

柿大茶群体种不同个体间具有一定的形态差异, 图 1A 展示了随机选择叶型差异较大的 6 份茶树单株成熟叶片。提取的茶树基因组 DNA 采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, 结果 (图 1B) 显示其中 16 份茶树样品 DNA 的电泳条带清晰、亮度好、无拖带和降解现象; 微量核酸测定仪显示所有样品提取的 DNA 的 A_{260}/A_{280} 值均在 $1.8\sim 2.0$ 之间。两种检测结果均表明无 RNA 污染。

2.2 SSR 引物等位位点数及其多态性

选择的 16 个 SSR 标记在 47 份柿大茶供试材料

间进行 PCR 鉴定和毛细管电泳检测, 扩增胶图显示所有标记在供试材料间均具有较好的多态性且条带清晰 (图 2)。



图 1 6 个差异个体成熟叶片叶型比较(A)及 16 份茶树样本 DNA 的 1% 琼脂糖凝胶电泳检测(B)

Figure 1 Comparison of mature leaf shape of six tea plants(A) and (B) detection of DNA from 16 tea plants based on 1% agarose gel electrophoresis

基于毛细管电泳结果可对选择的茶树样本进行多样性分析。结果 (表 2) 表明, 共检测到 105 个等位位点数, 等位位点数从 4 (CsL02、CsL21、CsL67 和 CsL76) 到 12 (CsL06) 不等, 平均每对引物可检测到 6.563 个; 主效等位基因频率 (*MAF*) 从最低的 0.170 (CsL06) 至最高的 0.670 (CsL45), 平均为 0.416; 有效等位基因位点 (*Ne*) 从最低的 1.977 (CsL45) 至最高的 9.072 (CsL06), 平均为 3.722; 多态性信息含量 (*PIC*) 最小为 0.443 (CsL45), 最大为 0.880 (CsL06), 平均为 0.638。 *PIC* 值是衡量位点多态性的一个最重要的指标, 当 $PIC > 0.5$ 时为高度多态位点, 当 $0.25 < PIC \leq 0.5$ 时为中度多态位点, 当 $PIC \leq 0.25$ 时为低度多态位点。在 16 个 SSR 标记检测的位点中, 高度多态位点最多为 13 个, 其余 3 个标记 (CsL02、CsL45 和 CsL52) 检测位点为中度多态位点, 无标记检测的位点为低度多态位点 (表 2)。结果表明所选用的 16 个 SSR 标记均具有相对较高多态性。

2.3 柿大茶群体种的遗传多样性

观测杂合度值和期望杂合度值的相近程度可以衡量群体的遗传多样性, 越接近则群体遗传多样性越高。该柿大茶群体的观测杂合度 (*Ho*) 为 0.149 (CsL02) ~ 0.872 (CsL06), 平均值为 0.497; 期望杂合度 (*He*) 为 0.499 (CsL45) ~ 0.899 (CsL06), 平均值为 0.696, 两者值差距不大。香农信息指数 (*I*) 为 0.929 (CsL52) ~ 2.303 (CsL06), 平均值为 1.414 (表 2)。结果表明, SSR 标记在该柿大茶群体中反映出的遗传多样性较为丰富。此外, 可以根据丰富的等位基因位点构建不同柿大茶个体的分子指纹图谱, 为筛选的优良和特异茶树品种提供保护依据。

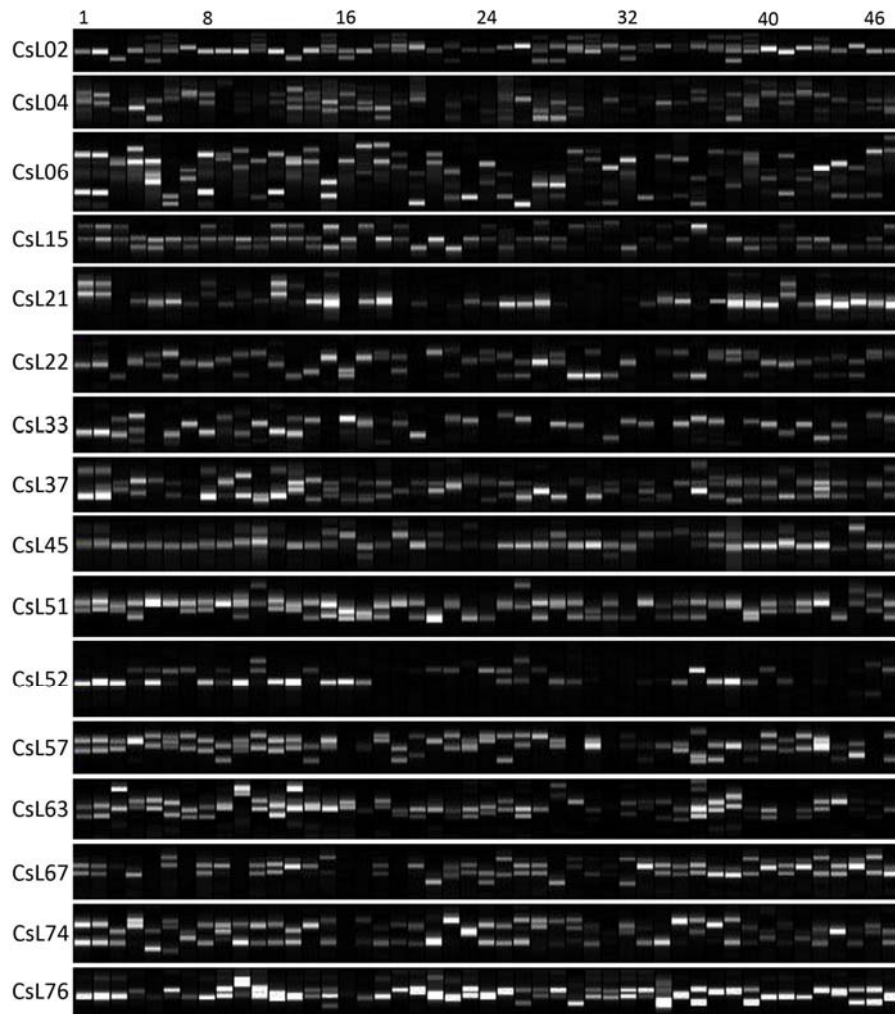


图 2 基于毛细管电泳技术检测 16 个 SSR 标记对 47 份茶树试材扩增的结果

Figure 2 Amplification of 47 tea plant accessions using 16 SSR markers based on capillary electrophoresis

表 2 16 个 SSR 标记对 47 份茶树样品扩增结果

Table 2 Amplified information of 47 tea plant accessions using 16 SSR primers

引物编号 Marker ID	等位基因数 <i>Na</i>	主效等位基因频率 <i>MAF</i>	有效等位基因 <i>Ne</i>	多态信息含量 <i>PIC</i>	观测杂合度 <i>Ho</i>	期望杂合度 <i>He</i>	香农信息指数 <i>I</i>
CsL02	4	0.489	2.464	0.498	0.149	0.601	1.003
CsL04	8	0.255	5.216	0.780	0.660	0.817	1.758
CsL06	12	0.170	9.072	0.880	0.872	0.899	2.303
CsL15	5	0.415	3.188	0.628	0.702	0.694	1.265
CsL21	4	0.438	2.742	0.565	0.200	0.643	1.136
CsL22	9	0.277	4.756	0.758	0.362	0.798	1.706
CsL33	6	0.388	3.747	0.690	0.150	0.742	1.467
CsL37	7	0.394	3.601	0.678	0.702	0.730	1.467
CsL45	8	0.670	1.977	0.443	0.426	0.499	0.993
CsL51	7	0.532	2.704	0.579	0.575	0.637	1.252
CsL52	5	0.607	2.110	0.448	0.262	0.532	0.929
CsL57	7	0.278	4.909	0.766	0.622	0.805	1.692
CsL63	8	0.468	3.327	0.660	0.681	0.707	1.473
CsL67	4	0.424	2.803	0.574	0.652	0.650	1.534
CsL74	7	0.304	4.555	0.746	0.696	0.789	1.630
CsL76	4	0.553	2.383	0.508	0.234	0.587	1.012
平均/Mean	6.563	0.416	3.722	0.638	0.497	0.696	1.414

2.4 柿大茶群体种的聚类分析

根据 Nei's 遗传距离, 采用邻接法绘制 47 份茶树品种的聚类图 (图 3)。根据聚类图可知, 47 份茶树试材可进一步分为 α 、 β 和 γ 3 个类群, 分别包含 12、5 和 30 个个体。不同采集地的茶树个体并没有明显地聚在一起, 可能是由于整个柿大茶品种种植地区范围太小, 自然杂交和频繁的人工引种已将该区域的柿大茶群体种相互混杂。有趣的是, 取自太平猴魁种质资源圃的茶树品种全部聚在了第 3 类

群。此外, 聚类结果表明, 几乎所有供试材料个体间遗传背景都有差异, 在一定程度上反应了该地区柿大茶群体种具有相对丰富的遗传多样性。

进一步对 α 、 β 和 γ 3 个亚群进行遗传多样性分析 (表 3), 结果显示所有的遗传多样性参数值 (N_a , N_e , I , H_o , H_e 和 PIC) 均是 γ 亚群最大, 其次为 α 亚群, 最低的为 β 亚群。结果表明, 遗传多样性参数值随样本量的增加而增加, 与先前的研究报道结果相一致^[10, 17]。

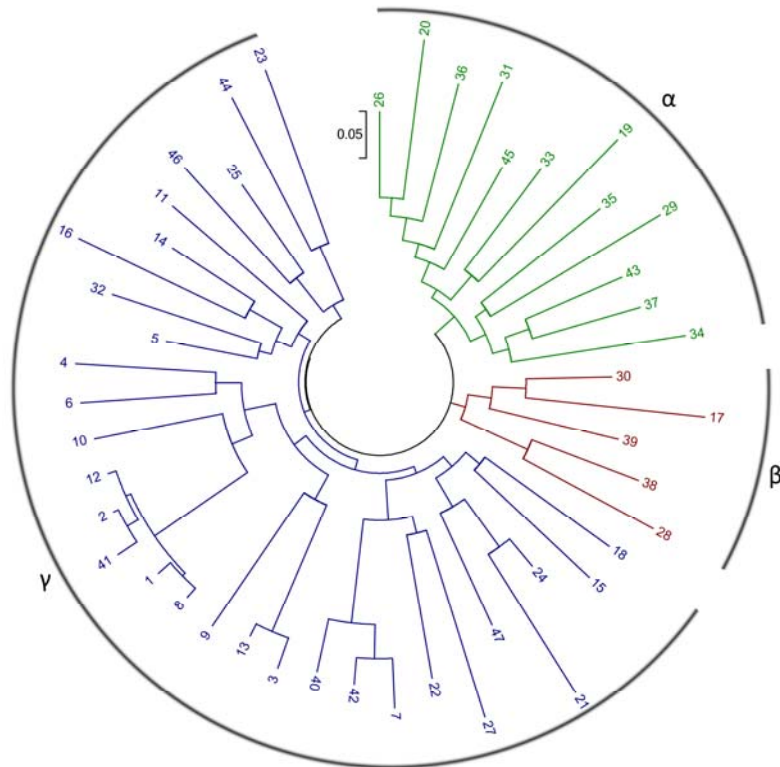


图 3 基于邻接法构建的 47 份茶树试材聚类图

Figure 3 The phylogenetic tree of 47 tea plant accessions based on neighbor-joining method

表 3 3 个亚群的遗传多样性分析

Table 3 Genetic diversity of the classified three subgroups

亚群 Subgroup	等位基因 N_a	有效等位基因 N_e	香农信息指数 I	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态信息含量 PIC
Subgroup α	4.500	3.060	1.179	0.480	0.647	0.590
Subgroup β	3.188	2.532	0.936	0.450	0.590	0.474
Subgroup γ	5.563	3.465	1.318	0.511	0.677	0.637

3 讨论与结论

我国茶树种质资源具有丰富的遗传多样性, 开展相关研究对选育优良品种、提高育种效率具有重要作用。柿大茶群体种是著名的珍贵良种, 是制作闻名世界的茶类“太平猴魁”的真正材料, 深入了解该群体种种质资源的变异程度和遗传多样性是开展茶树育种的基础, 对其群体资源的保护、合理利

用和新种质创制等尤为重要。本研究利用具有多种优点且在茶树遗传育种研究中应用最为广泛的 SSR 标记来进行柿大茶群体种的遗传多样性研究。

近年来, 高质量组装的茶树基因组序列予以公布, 随后基因组范围内的 SSR 标记开发工作顺利完成且验证了一批多态性高、稳定性好的 SSR 标记^[14, 18]。引物的多态性条带既能说明引物的多态性, 也能反映一个群体的遗传变异程度^[19]。本研究选择了 47 份茶

树个体试材, 该样本量可充分用于评价该种群的遗传多样性^[17, 19]; 然后通过利用选择的 16 个 SSR 标记对包含 47 个个体的柿大茶群体种进行了遗传多样性分析。结果显示标记的平均多态信息含量为 0.638, 其中有 13 个引物多态性信息含量较高 ($PIC > 0.5$), 而其余的 3 个引物多态性适中 ($0.2 < PIC < 0.5$), 表明该群体具有较为丰富的遗传多样性。推测这种群体内差异一方面是长期自然选择形成的, 另一方面是人为的生产活动对群体遗传多样性有一定的作用, 如从外地引种并进行自然和人工杂交获得的后代。此外, 这种多态性高、稳定性好的标记可充分应用于构建茶树各个群体资源的分子指纹图谱^[16, 20]。

不同资源的亲缘关系是由它们的遗传背景所决定的, 遗传背景越近则它们的相似程度就越高。因此, 通常情况下, 同一地区茶树群体种具有较近的亲缘关系。通过对 47 份资源进行聚类分析可知, 选取的柿大茶材料个体间具有较近的亲缘关系, 但不同个体间亲缘关系远近具有一定的差异, 如分别存在于 α 、 β 和 γ 亚群中的个体。除了遗传背景有差异导致其亲缘关系远近不一外, 环境因素如土壤、气候差异可能对其遗传背景具有一定的影响。此外, 候选标记的多态性和稳定性也会影响资源的亲缘关系^[19]。值得一提的是, 本研究结果显示 3 个亚群个体的平均遗传多样性也具有一定的差异, 平均的遗传多样性值随个体的数目增加而增加, 与先前的一些研究结果相一致^[10, 17]。

本研究选用了 16 个多态性好且稳定性高的 SSR 标记, 结合高分辨率的毛细管电泳技术, 分析了柿大茶群体种的遗传多样性, 并构建了群体的遗传聚类图, 为后期资源筛选和培育茶树新品种提供了理论依据。此外, 有效等位基因的鉴定可用于构建群体种中不同种质资源的分子指纹图谱, 可为柿大茶品种鉴定、利用和保护奠定基础。

参考文献:

- [1] 李继平, 孙曼曼. 太平猴魁茶与巴拿马金奖: 纪念太平猴魁茶荣获巴拿马金奖 90 周年[J]. 茶业通报, 2006, 28(2): 89-90.
- [2] 王镇恒, 李杰生. 历史名茶太平猴魁香飘百年的调查研究[J]. 茶业通报, 2006, 28(2): 85-87.
- [3] 陈依莉, 陈诗恒. 太平猴魁茶品质特征及其成因分析[J]. 广东茶业, 2019(4): 8-11.
- [4] 雷攀登, 黄建琴, 吴琼, 等. 太平猴魁茶主要品质成分分析[J]. 中国茶叶加工, 2016(1): 33-37, 45.
- [5] 陈杰丹, 马春雷, 陈亮. 我国茶树种质资源研究 40 年[J]. 中国茶叶, 2019, 41(6): 1-5, 46.
- [6] BALI S, RAINA S N, BHAT V, et al. Development of a set of genomic microsatellite markers in tea (*Camellia L.*) (Camelliaceae)[J]. Mol Breeding, 2013, 32(3): 735-741.
- [7] LIU S R, LI W Y, LONG D, et al. Development and characterization of genomic and expressed SSRs in *Citrus* by genome-wide analysis[J]. PLoS One, 2013, 8(10): e75149.
- [8] 郭睿, 陈华枝, 庄天艺, 等. 利用转录组数据开发意大利蜜蜂的 SSR 分子标记[J]. 安徽农业大学学报, 2018, 45(3): 404-408.
- [9] 贾小姣, 陈亚乐, 王诗佳, 等. 9 个山羊品种微卫星 DNA 遗传多样性分析[J]. 安徽农业大学学报, 2019, 46(5): 779-784.
- [10] 李赛君, 雷雨, 段继华, 等. 基于 EST-SSR 的祁门种群遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 茶叶科学, 2015, 35(4): 329-335.
- [11] ZHAO D W, YANG J B, YANG S X, et al. Genetic diversity and domestication origin of tea plant *Camellia taliensis* (Theaceae) as revealed by microsatellite markers[J]. BMC Plant Biol, 2014, 14(1): 14.
- [12] LIU S R, LIU H W, WU A L, et al. Construction of fingerprinting for tea plant (*Camellia sinensis*) accessions using new genomic SSR markers[J]. Mol Breeding, 2017, 37(8): 93.
- [13] TAN L Q, WANG L Y, XU L Y, et al. SSR-based genetic mapping and QTL analysis for timing of spring bud flush, young shoot color, and mature leaf size in tea plant (*Camellia sinensis*)[J]. Tree Genet Genomes, 2016, 12(3): 52.
- [14] LIU S R, AN Y L, LI F D, et al. Genome-wide identification of simple sequence repeats and development of polymorphic SSR markers for genetic studies in tea plant (*Camellia sinensis*)[J]. Mol Breeding, 2018, 38(5): 59.
- [15] 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.
- [16] 阮旭, 徐奕鼎, 吴琼, 等. 安徽省各茶区茶树品种遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 分子植物育种, 2020, 18(14): 4692-4701.
- [17] 王丽鸳, 姜燕华, 段云裳, 等. 利用 SSR 分子标记分析茶树地方品种的遗传多样性[J]. 作物学报, 2010, 36(12): 2191-2195.
- [18] WEI C L, YANG H, WANG S B, et al. Draft genome sequence of *Camellia sinensis* var. *sinensis* provides insights into the evolution of the tea genome and tea quality[J]. PNAS, 2018, 115(18): E4151-E4158.
- [19] 杨阳, 刘振, 赵洋, 等. 利用 EST-SSR 标记研究黄金茶群体遗传多样性及遗传分化[J]. 茶叶科学, 2009, 29(3): 236-242.
- [20] 王松琳, 马春雷, 黄丹娟, 等. 基于 SSR 标记的白化和黄化茶树品种遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 茶叶科学, 2018, 38(1): 58-68.