

贵州大厂茶珍稀濒危种质资源研究及保护进展

白鼎臣¹, 何立敏¹, 李彩云¹, 牛素贞^{2*}

1. 贵州大学茶学院, 贵阳 550025

2. 贵州大学农业生物工程研究院, 贵阳 550025

摘要 分析了濒危资源大厂茶研究及保护现状, 结果显示, 贵州大厂茶主要分布在12个县, 形态特征与栽培种存在显著差异, 可溶性果胶含量较高, 儿茶素组分含量也与栽培种存在较大差异, 说明大厂茶种质资源具有新型品种选育的潜力。大厂茶中含量较高的儿茶素组分 ECG(表儿茶素没食子酸酯)与 *DFR* 基因显著正相关, 挖掘了5个 *DFR* 基因的转录因子。检测到8个大厂茶抗虫因子关联单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs)和6个系统获得性抗性(SAR)负调节因子的 *AtMPK4* 基因。表明大厂茶作为一种特异的茶树种质资源具有巨大的保护价值和开发潜力。

关键词 贵州大厂茶; 珍稀濒危; 种质资源

濒危植物是生物的重要组成部分, 是国家的宝贵资源, 也是极为重要的科研材料。植物发生濒危的原因包括内部和外部两类因素。外部因素主要是栖息地被破坏、外来物种引入、过度开发和环境污染等^[1-2]。内部因素主要表现为植物繁育能力弱或繁育系统障碍, 当生境发生巨变时, 濒危植物由于繁育系统存在障碍, 无法快速恢复种群数量, 极大地增加了其灭绝的可能性^[3-4]。

人类社会的发展史, 也是人类利用种质资源的历史, 种质资源一旦消失, 很难再生。人类所面临的环境问题、人口与健康问题, 都直接或间接与种质资源的发掘有关, 农业种质资源是种业科技原始创新与发展的物质基础, 近年来全世界对种质资源的重视程度超出以往任何时期。为保证全人类遗传资源和生物安全, 中国将种质资源保护纳入法律《中华人民共和国生物安全法》^[5]。

收稿日期: 2022-07-11; 修回日期: 2022-12-21

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1200203-01); 贵州省教育厅重点领域项目(黔教合KY[2021]042); 贵州省科技计划项目(黔科合支撑[2021]一般126)

作者简介: 白鼎臣, 硕士研究生, 研究方向为茶树种质资源育种, 电子信箱: 993418042@qq.com; 牛素贞(通信作者), 教授, 研究方向为茶树种质资源育种, 电子信箱: niusuzhen@163.com

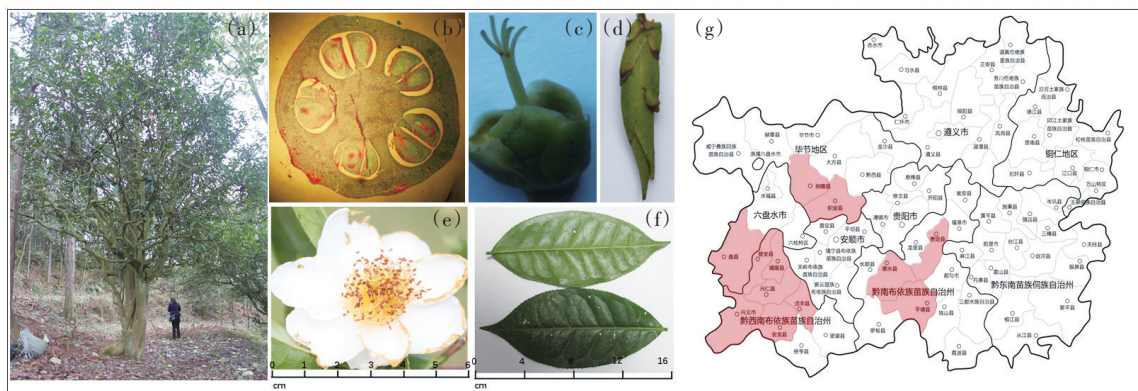
引用格式: 白鼎臣, 何立敏, 李彩云, 等. 贵州大厂茶珍稀濒危种质资源研究及保护进展[J]. 科技导报, 2023, 41(4): 58-64; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2023.04.007

大厂茶(*Camellia tachangensis* Zhang)是野生型茶树种质资源,属于山茶科(Theaceae)山茶属(*Camelia*)茶组(*Sect. Thea*)植物^[6],由张芳赐^[7]发现并命名,主要分布于滇黔桂交界地区,该种也是茶组植物中较原始的种之一,处于系统进化的较原始位置,对于研究茶树的起源、演化等都具有重要的价值^[8]。据调查,大厂茶含有许多符合产业需要的特异功能成分^[9],为茶产业的发展提供广阔的物质基础和发展空间,具有重要的开发价值和利用潜力,在茶树育种和品种改良中具有无可替代的价值。但是,大厂茶因其树体高大而没有被驯化利用,仍然处于野生状态,《中国生物多样性红色名录》及国际自然和自然资源保护协会(IUCN)都将大厂茶的濒危等级列为“近危”(NT),保护等级也提升至II级。因此,分析大厂茶种质资源的保护利用的现状,不仅能够指导大厂茶的进一步保护,而且对于大厂茶的友好开发利用具有重要意义。

1 贵州大厂茶种质资源分布概况及主要形态特征

国内众多专家学者对贵州大厂茶种质资源分

布进行了研究。张宏达^[10]发现大厂茶主要分布于贵州西部、广西西南部、云南等地。陈亮等^[11]发现贵州南部(贵州兴义、普安、兴仁、安龙、独山)、广西西北部大厂茶分布较多,并认为大厂茶主要分布于云南东南部(即云南富源、师宗)、贵州西南部和广西西北部(广西隆林、田林等地)。刘声传等^[12]发现分布于兴义、普安、盘县、兴仁的大厂茶树龄较为古老,这一区域可能为贵州大厂茶的原始分布中心。根据课题组前期调查,在贵州区域,大厂茶居群主要分布在普安县的青山镇、地瓜镇、江西坡镇、白沙镇,盘州的淤泥彝族乡和竹海镇,晴隆县的碧痕镇、中营乡,兴仁县的新龙场镇和雨樟镇,贞丰县龙场镇,安龙县的仙鹤平自然保护区和龙头大山,兴义市七舍镇和敬南镇,纳雍县的水东乡,织金县的中寨乡,贵定县的岩下镇和云雾镇,惠水县的濠江街道和宁旺乡,平塘县大塘镇等12个县(市)22个乡镇。在三都县、务川县、桐梓县、仁怀县和七星关区等5个县(区)也有零星分布。大厂茶形态特征多为乔木或小乔木,高7~12 m;顶芽无毛;叶片革质,椭圆形或长椭圆形,叶片长16 cm左右、宽7 cm左右,有光泽;花白色,花冠较大,直径6 cm以上;子房无毛、5室;柱头5裂(图1)。



(a) 树型; (b) 子房; (c) 柱头分裂数; (d) 芽; (e) 花; (f) 叶片; (g) 贵州大厂茶主要分布区

图1 大厂茶种质资源形态特征

大量研究显示大厂茶形态特征多为乔木型,顶芽、幼枝、叶片无茸毛;叶长圆(椭圆或长椭圆形),革质或薄革质,叶先端钝渐尖或短尾尖,叶缘有锯齿等;花萼长5~8 mm,花冠大,花瓣9~15枚,子房无茸毛,5室,花柱5浅裂;蒴果都为扁球形或近圆

球形,果皮薄或中等,厚3~4 mm,种子为球形或近球形等^[13-15]。本课题组研究显示,大厂茶种质资源形态特征差异较大,树型以乔木型所占比例最高,树姿多开张型,总体生长势大部分一般,叶色以深绿色为主,叶面多平展,叶身以稍背卷所占比例最

高,叶缘以波所占比例最高,叶质多柔软,叶尖以急尖占比最高,叶片光泽度强的占比多,叶齿以锐特征的占比最高,叶齿密度中等的材料较多,叶齿以浅特征的资源占比最高,叶脉粗特征和细特征占比分别是50%,顶芽无茸毛或少茸毛,花瓣直径5~6 cm的较多,子房均为五室,花柱头5裂,果实多为梅花形。各叶片性状遗传多样性水平存在差异,遗传多样性指数在0.27~1.06,平均为0.83,叶片光泽度的多样性指数较大,树形的遗传多样性指数最小。从萌发到形成一芽一叶期、一芽一叶期到一芽二叶期和萌发期到一芽二叶期各生育期(春梢) $>10^{\circ}\text{C}$ 的平均活动积温分别为 79.1°C 、 64.9°C 、 144.0°C ^[8]。树龄小的茶树芽叶生长迅速且较重实,正常芽叶比重大。树龄老的茶树生长缓慢,对夹叶比重大,鲜叶欠重实,持嫩性差,茶树新梢萌发缓慢,一芽二叶生育期短,新梢茎节间较短,对夹叶比重大,芽叶小,叶质薄,发芽密度稀疏,百芽重较轻^[8]。

2 贵州大厂茶种质资源主要品质特征

2.1 主要品质成分特征

陈亮等^[5]对广西茶树种质资源研究发现桂西北、桂中南的大厂茶氨基酸、茶多酚、咖啡碱、水浸出物含量较对照凌云白毛茶低,氨酚比较凌云白毛茶大。折改梅等^[6]在茶组植物的茶氨酸测定中发现,茶的茶氨酸含量最高,大厂茶最低。刘苇等^[7]发现黔西南大厂茶游离氨基酸差异显著,多样性丰富,挥发性芳香物质种类多。本课题组对贵州分布的22份大厂茶种质资源的水浸出物、氨基酸、茶多酚、咖啡碱、总糖、可溶性糖、总果胶和可溶性果胶进行分析发现,可溶性果胶质量分数变异最大,变异系数为23.76,游离氨基酸质量分数、可溶性糖质量分数和总果胶质量分数的变异系数较大,分别为12.13%、11.80%、11.21%,属于中等程度变异。水浸出物质量分数的变异系数较小,仅2.41%。22份大厂茶资源的可溶性果胶质量分数较高,均大于对照(CK)福鼎大白茶(4.87%)和黔湄601(5.10%)的可溶性果胶质量分数^[8]。

2.2 主要儿茶素组分特征

大厂茶种质资源儿茶素组分与栽培型茶树存在较大差异,曹雨等^[8]研究发现大厂茶表儿茶素没食子酸酯(epicatechin gallate, ECG)质量分数高,表没食子儿茶素没食子酸酯(epigallocatechin gallate, EGCG)质量分数低。林蒙嘉^[9]对普白林场大树茶儿茶素测定发现,普白林场大树茶简单儿茶素表儿茶素(epicatechin, EC)和儿茶素(catechin, C)质量分数高,复杂儿茶素EGCG质量分数低,表没食子儿茶素(epigallocatechin, EGC)质量分数高,证明了大树茶是一种较原始的茶树种质资源。张婷等^[20]对8种野生山茶叶片主要儿茶素成分测定发现,大厂茶相比其他7种野生山茶,EGCG和EGC质量分数相对较高。本课题组通过对22个大厂茶优良品系的主要儿茶素组分分析发现,脂型儿茶素中,ECG的质量分数显著高于EGCG的质量分数,ECG质量分数是EGCG质量分数的5~13倍。非脂型儿茶素中,C的质量分数显著高于表EC和EGC的质量分数,C质量分数是EGC质量分数的10~523倍、是EC质量分数的1~5倍。大厂茶种质资源EGC、C、EC、EGCG、ECG等质量分数的变异系数均大于10%,属于中等程度的变异。变异系数最大,为39.57,属于中等程度的变异^[8]。

3 贵州大厂茶种质资源群体结构特征

近年来随着测序技术的不断发展,越来越多的研究者开始对茶树进行群体结构、遗传多样性与全基因组关联分析等研究^[21-22],李长乐等^[23]、毛娟等^[24]对茶、大理茶等群体结果研究较多,而对大厂茶的群体结构研究较少。本课题组采用GBS(genotyping by sequencing)简化基因组测序技术对100份大厂茶、59份秃房茶和251份茶进行群体结构和进化关系分析发现,大厂茶是贵州高原较为原始的祖先群体,遗传多样性较其他种群低,经历了极端的遗传漂变,导致了更多的连锁不平衡的固定。大厂茶与现代栽培群体和古代栽培群体的遗传距离和分化系数均较大,与古代栽培群体和现代栽培群体的

遗传分化方向较远^[26]。此外,研究还发现,大厂茶不仅因为遗传基础较窄、经历极端遗传漂变,而且其再生繁育也较栽培型茶树群体难,这可能是导致大厂茶濒危的原因。同时还单独分析了100份贵州大厂茶材料的群体结构和遗传多样性,显示贵州大厂茶被分为3个亚群,古茶树比例最高的纯合亚群、自然后代比例最高的纯合亚群和大茶树与自然后代的比例介于2个纯合群之间的混合亚群。2个纯合亚群的遗传分化最大,纯合亚群与混合亚群遗传分化最小,3个亚群中纯合群体第一个纯合亚群的遗传多样性最低,混合亚群遗传多样性最大。

大厂茶种质资源特异资源研究较少。苏红飞等^[26]对云南曲靖茶树种质资源调查发现,曲靖市的大厂茶有明显的花香,茎干粗大,种子更新能力强,是优异茶树种质资源。刘苇等^[17]对8株黔西南大厂茶游离氨基酸和挥发性香味物质进行测定,分析了优异茶树种质资源花香味、果香味、木香味、青草气、脂肪香味特点。本课题组在对大厂茶种质资源的研究中发现一份紫红色叶片的资源,并对其在不同季节花青素积累及合成途径上相关基因的表达特点进行分析,检测到的10种花青苷衍生物含量随季节变化,其中4种随春、夏、秋季节变化呈上调表达,与其叶色表现一致;结构基因 *PAL*、*C4H*、*CHS*、*F3'5'H* 表达模式基本一致^[27],均在夏季上调表达,在秋季的表达量与夏季无显著差异;大厂茶紫红色芽叶资源在不同季节结构基因、修饰基因和调控基因的表达具有一定的时间特性,导致了花青素积累差异。通过对不同大厂茶紫红色芽叶资源不同叶位转录组和代谢组分析,鉴定到53个显著差异表达基因,其中结构基因18个,与花青素类物质天竺葵素和矢车菊素有极好相关性的基因有 *F3H*、*FLS* 和 *SHT* 3个,通过蛋白互作鉴定到1个转录因子 *MYB12*、1个糖基转移酶 *UGT78D2* 与之产生了较好的互作。

对高 ECG 大厂茶不同树龄转录组和代谢组分析发现,参与类黄酮生物合成相关基因中有3个在树龄较大的茶树中上调表达。鉴定到27个参与类黄酮代谢调控的差异表达转录因子,黄酮类差异表达基因和儿茶素类差异表达代谢物主要富集在类

黄酮生物合成途径, *ECG* 与 *LAR* 基因显著负相关,与 *DFR* 基因显著正相关。*DFR* 基因与2个 AP2/ERF TFs、3个 MYB-superfamily TFs、2个 WRKY TFs 转录因子显著正相关。对6个与儿茶素类差异代谢物相关的 DEGs 和 TFs 进行荧光定量 PCR 验证,其表达模式与 RNA-seq 的基因表达模式基本一致^[28]。通过对大厂茶的水杨酸、茉莉酸、咖啡碱等抗虫因子的 GWAS 分析显示,共检测到17个与2个主要抗虫性状显著相关的基因位点,筛选出8个单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphisms, SNPs),检测到6个基因同源的拟南芥 *AtMPK4* 基因是系统获得性抗性 (SAR) 的负调节因子,也是茉莉酸 (JA) 介导的防御基因表达所必需的。

4 贵州大厂原生境保护和利用现状

大厂茶因其树体高大而被驯化利用的较少,《贵州省古茶树保护条例》也将超过100年的大茶树列入保护范围,但是保护的具体措施及保护技术研究较少。本课题组在对大厂茶普查的基础上,开展了大厂茶的保护措施和保护技术研究。在贵州普安县建设大厂茶原生境保护点,并在大厂茶分布的核心区、缓冲区外建设隔离和看护设施。在第一、二核心区之间的缓冲区外围建设排灌设施和实时监控监测点。同时对保护区的大厂茶种质资源分类进行保护,对根系裸露较为严重的植株进行适当壅土。对典型的植株禁止采茶,其他茶树要采养结合。建立古茶树资源档案进行分类管理,完善护林防火设施,建立森林病虫害防治监测站。通过修建围栏和护栏、挂牌等措施,加强大厂茶种质资源的保护宣传工作,提高农民群众的保护意识。建成保护点内大厂茶核心区面积达到320 hm²,缓冲区面积280 hm²,生境得到显著改善,野生四球茶资源保护率达到95%以上,外来有害生物入侵有效防治率达到70%以上。健全大厂茶物种资源保护、保存设施,使具有重要经济价值的生物资源得到有效保存。形成大厂茶物种及其遗传资源持续保护的长效机制,建立保护有力、科学规范的大厂茶资源保护体系。

在大厂茶保护的同时,课题组在种质资源普查的基础上,开展了大厂茶的普查、野生栽培驯化研究和优良品系选育。在地径 15 cm 以上的 1096 株大厂茶中选育出 22 个优良品系,其中申报新品种权 4 个,建设优势资源示范基地 70 hm²,建设育苗基地 30 hm²,大厂茶资源回植面积 2000 hm²,驯化栽培面积 3000 hm²。

5 讨论

众多研究者对大厂茶从分类^[29-30]、分布^[12,31]、形态学特征^[32]、花粉特性^[33]、细胞特征^[34]、分子生物学特征^[35]、光和生理^[36]、品质成分特点^[20]、繁育特点^[37]以及群落结构^[38]等进行研究发现,大厂茶主要分布在云南东部、贵州西南部及南部、广西西部及西北部,与其他种群的遗传关系较远,儿茶素含量较低,抗逆性较差,繁殖能力不稳定,生存的群落中种群间联结关系弱,种群结构和组成尚未达到稳定状态,处于不断演替的过程中,应减少人为干扰,保护幼龄茶苗,以维持乔木层的天然更新。本课题组对贵州大厂茶群体结构和进化关系分析发现,大厂茶是贵州高原较为原始的祖先群体,遗传多样性较其他种群低,经历了极端的遗传漂变,导致了更多的连锁不平衡的固定,在传播演化过程中,也因人类扩张和人为选择利用形成了 3 个亚群。大厂茶与现代栽培群体和古代栽培群体的遗传距离和分化系数均较大,与古代栽培群体和现代栽培群体的遗传分化方向较远^[25-26],其再生繁育也较栽培型茶树群体难^[39-40]。这可能是导致大厂茶濒危的原因。本课题组的研究还发现大厂茶形态特征、品质成分与栽培茶群体存在显著差异,茶多酚、儿茶素含量高的资源较多,这与前人的研究存在差异;同时大厂茶群体中不仅有茶多酚、儿茶素较高的资源,而且大厂茶群体中大多数可溶性果胶含量高于栽培品种福鼎大白茶,ECG 的含量显著高于栽培品种福鼎大白茶、EGCG 的含量显著低于栽培品种福鼎大白茶;C 的含量显著高于 EC 和 EGC 的含量^[8]。

尽管刘本英等^[41]采用分子生物学技术研究了大厂茶的群体结构,但是针对大厂茶特异资源并没

有深入开展研究,本课题组采用多组学分析发现,大厂茶特异紫芽资源花青素类代谢物含量随春、夏、秋季节变化呈上调表达,结构基因均在夏季上调表达,在秋季的表达量与夏季无显著差异,在不同季节其结构基因、修饰基因和调控基因的表达具有一定的时间特性,导致了花青素积累差异。不同树龄的大厂茶资源的转录组和代谢组存在显著差异,大厂茶中含量较高的儿茶素组分 ECG 含量与 *DFR* 基因显著正相关,挖掘了 5 个 *DFR* 基因的转录因子。检测到 8 个大厂茶抗虫因子关联 SNPs 和 6 个 SAR 负调节因子的 *AtMPK4* 基因。这些研究结果表明了大厂茶作为一种特异的茶树种质资源具有巨大的保护价值和开发潜力。

6 结论

大厂茶于 1980 在云南省师宗县大厂老熊山首次被发现,随后由张芳赐采集标本并命名为大厂野生茶,其在闵天禄分类系统中被定义为“山茶科-山茶属-茶组”植物。2013 年,《中国生物多样性红色名录-高等植物卷》将大厂茶濒危等级评定为近危,为中国特有种^[9]。2021 年,国家林业和草原局农业农村部将大厂茶收录于《国家重点保护野生植物名录》,保护级别为 II 级。目前,随着大厂茶原始生境遭到破坏,其居群规模及个体数量呈急剧变小和减少趋势,物种生存岌岌可危,已处于近危状态。本课题组研究发现贵州大厂茶主要分布在 12 个县,其分布地多是沟谷的中部,其种群大小与沟谷的湿度存在显著关系,随着沟谷水位的下降或干涸,大厂茶种群数量逐渐降低。

贵州大厂茶主要分布在普安、盘州等 12 个县,其形态特征与栽培茶存在显著差异;大厂茶可溶性果胶含量和儿茶素组分含量与栽培种存在较大差异。从大厂茶中不仅检测出与儿茶素组分 ECG 显著正相关的 *DFR* 基因,也检测到大厂茶抗虫因子关联 SNPs 标记和 SAR 负调节因子的 *AtMPK4* 基因。研究结果表明大厂茶作为一种特异的茶树种质资源具有巨大的保护价值和开发潜力。

参考文献 (References)

- [1] 蒋志刚, 覃海宁, 刘忆南, 等. 保护生物多样性, 促进可持续发展——纪念《中国生物物种名录》和《中国生物多样性红色名录》发布[J]. 生物多样性, 2015, 23(3): 433-434.
- [2] 徐刚标, 肖玉菲, 刘雄盛, 等. 濒危植物南方红豆杉大孢子发生和雌配子体发育[J]. 植物科学学报, 2015, 33(3): 271-280.
- [3] 刘柯, 刘彬, 袁璐, 等. 濒危植物百山祖冷杉种子发育特征及其胚培养[J]. 植物学报, 2021, 56(5): 573-583.
- [4] 盛茂银, 沈初泽, 陈祥, 等. 中国濒危野生植物的资源现状与保护对策[J]. 自然杂志, 2011, 33(3): 149-154, 190.
- [5] 苗青, 杨屹岳, 翟强, 等. 辽宁省珍稀濒危植物现状及保护策略[J]. 园艺与种苗, 2022, 42(4): 13-14, 17.
- [6] 陈亮, 虞富莲, 童启庆. 关于茶组植物分类与演化的讨论[J]. 茶叶科学, 2000(2): 89-94.
- [7] 张芳赐. 云南山茶属的二新种[J]. 云南植物研究, 1980(3): 103-106.
- [8] 李彩云, 宋勤飞, 范乔, 等. 大厂茶古树与其无性系子代的农艺性状和品质性状比较及综合评价[J]. 南方农业学报, 2022, 53(2): 343-355.
- [9] Niu S Z, Song Q, Koiwa H, et al. Genetic diversity, linkage disequilibrium, and population structure analysis of the tea plant (*Camellia sinensis*) from an origin center, Guizhou plateau, using genome-wide SNPs developed by genotyping-by-sequencing[J]. BMC Plant Biology, 2019, 19(1): 328-339.
- [10] 张宏达. 茶树的系统分类[J]. 中山大学学报(自然科学版), 1981(1): 89-101.
- [11] 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.
- [12] 刘声传, 曹雨, 鄢东海, 等. 贵州野生茶树资源地理分布和形态特征与气候要素的关系[J]. 茶叶科学, 2013, 33(6): 517-525.
- [13] 张宏达. 茶叶植物资源的订正[J]. 中山大学学报(自然科学版), 1984(1): 3-14.
- [14] 虞富莲. 论茶树原产地和起源中心[J]. 茶叶科学, 1986(1): 1-8.
- [15] 陈亮, 虞富莲, 左志明. 广西茶树种质资源考察研究初报[J]. 广西农业科学, 1996(2): 77-80.
- [16] 折改梅, 张香兰, 陈可可, 等. 茶组植物中茶氨酸和没食子酸的高压液相色谱分析[J]. 云南植物研究, 2008(2): 246-248.
- [17] 刘苇, 邓朝义, 陈兴, 等. 大厂茶茶叶中游离氨基酸及挥发性芳香物质分析[J]. 浙江林业科技, 2021, 41(3): 1-14.
- [18] 曹雨, 罗琳杰, 段学艺, 等. 晴隆原生态特异茶树资源与福鼎大白茶比较浅析[J]. 蚕桑茶叶通讯, 2014(5): 19-21.
- [19] 林蒙嘉. 普白大树茶资源调查[J]. 茶叶, 1983(2): 14-16.
- [20] 张婷, 刘海燕, 邹天才. 贵州8种野生山茶叶片主要化学成分的含量[J]. 贵州农业科学, 2010, 38(11): 78-80.
- [21] Yao M Z, Ma C L, Qiao T T, et al. Diversity distribution and population structure of tea germplasm in China revealed by EST-SSR markers[J]. Tree Genetics & Genomes, 2012, doi: 10.1007/s11295-011-0433-z.
- [22] Fang K X, Xia Z Q, Li H J, et al. Genome-wide association analysis identified molecular markers associated with important tea flavor-related metabolites[J]. Horticulture Research, 2021, 8(1): 714-730.
- [23] 李长乐, 葛悦, 闫美琳, 等. 32份茶树地方群体种资源的遗传多样性和群体结构分析[J]. 茶叶科学, 2021, 41(5): 619-630.
- [24] 毛娟, 江鸿键, 杨如兵, 等. 野生和栽培大理茶居群的遗传多样性与群体结构[J]. 茶叶科学, 2021, 41(4): 454-462.
- [25] Niu S Z, Koiwa H, Song Q F, et al. Development of core-collections for Guizhou tea genetic resources and GWAS of leaf size using SNP developed by genotyping-by-sequencing[J]. PeerJ, 2020, 8(1): e8572.
- [26] 苏红飞, 罗亚昆, 丁建平, 等. 云南省曲靖市茶树种质资源调查与分析[J]. 安徽农业科学, 2020, 48(1): 36-38, 75.
- [27] Li X H, Park N I, Xu H, et al. Differential expression of flavonoid biosynthesis genes and accumulation of phenolic compounds in common buckwheat (*Fagopyrum esculentum*)[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2010, 58(23): 12176-12181.
- [28] 李彩云. 高ECG大厂茶种质资源鉴定及其调控关键基因挖掘[D]. 贵阳: 贵州大学, 2022.
- [29] 陈亮, 虞富莲, 童启庆. 关于茶组植物分类与演化的讨论[J]. 茶叶科学, 2000(2): 89-94.
- [30] 闵天禄. 山茶属茶组植物的订正[J]. 云南植物研究, 1992(2): 115-132.
- [31] 闵天禄, 张文驹. 山茶属植物的进化与分布[J]. 云南植物研究, 1996(1): 1-13.
- [32] 郭元超. 茶树果实的形态与分类[J]. 茶叶科学简报,

- 1993(4): 1-5, 38, 41.
- [33] 陈亮, 童启庆, 高其康, 等. 山茶属 8 种 1 变种花粉形态比较[J]. 茶叶科学, 1997(2): 25-26.
- [34] 李光涛, 梁涛. 中国山茶属 4 种植物核型的研究[J]. 热带作物学, 1991(2): 47-51.
- [35] 季鹏章, 汪云刚, 张俊, 等. 茶组植物亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 西南农业学报, 2009, 22(3): 584-588.
- [36] 邹天才, 周洪英, 张著林, 等. 贵州特有植物及其种质保存研究[J]. 贵州科学, 1994(2): 41-46.
- [37] 邹天才, 张著林, 周洪英, 等. 贵州山茶属五种野生植物的光合特性研究[J]. 园艺, 1994(4): 366-370.
- [38] 曾辉, 郭颖, 唐文才, 等. 普白林场四球茶种群间联结分析[J]. 林业资源管理, 2017(增刊 1): 10-15.
- [39] 牛素贞, 宋勤飞, 樊卫国, 等. 干旱胁迫对喀斯特地区野生茶树幼苗生理特性及根系生长的影响[J]. 生态学报, 2017, 37(21): 7333-7341.
- [40] 罗静. 贵州野生型茶树种质资源的遗传多样性和抗旱性分析[D]. 贵阳: 贵州大学, 2021.
- [41] 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.

Research and conservation status of the rare and endangered germplasm of *Camellia tachangensis* in Guizhou

BAI Dingchen¹, HE Limin¹, LI Caiyun¹, NIU Suzhen^{2*}

1. Tea College, Guizhou University, Guiyang 550025, China

2. Agricultural Bioengineering Research Institute, Guizhou University, Guiyang 550025, China

Abstract Endangered plants are an important part of the biosphere, a precious resource of the country, and an extremely important material for scientific research. In this paper, *C. tachangensis*, an endangered resource, was studied and its protection status was analyzed. The results showed that *C. tachangensis* in Guizhou was mainly distributed in 12 counties, and its morphological characteristics were significantly different from those of cultivated tea plants. The content of soluble pectin in *C. tachangensis* was higher than that of cultivars, and the content of catechin component was also different from that of cultivars, indicating that *C. tachangensis* germplasm has the potential of new variety breeding. The ECG content of *C. tachangensis* was significantly positively correlated with *DFR* gene, and five transcription factors of *DFR* gene were excavated. The *AtMPK4* gene of 8 insect resistance factors associated SNPs and 6 negative regulators of systemic acquired resistance (SAR) in *C. tachangensis* were detected. These results suggested that *C. tachangensis* has great protection value and development potential.

Keywords Guizhou *Camellia tachangensis*; rare and endangered; germplasms ●



(责任编辑 刘志远)