
古茶树保护有了科学依据

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15352.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

古茶树保护有了科学依据。



古茶树 赵德刚摄

世界之茶看中国，中国之茶看云贵。中国是最早发现和栽培茶树的国家之一，也是茶文化的起源地。而在云南和贵州地区，分布着非常丰富的古茶树群。这些古茶树经历过千百年岁月的洗礼，依然保留着古老的气息，研究古茶树对于茶产业发展具有重要意义。

近日，贵州大学山地植物资源保护与种质创新教育部重点实验室教授赵德刚团队采用群体遗传学研究方法，从基因组层面，结合原产地茶树特征和特性，探讨了云贵地区8个古茶树群体的起源进化关系，并确定了茶树重要农艺性状的相关候选基因。

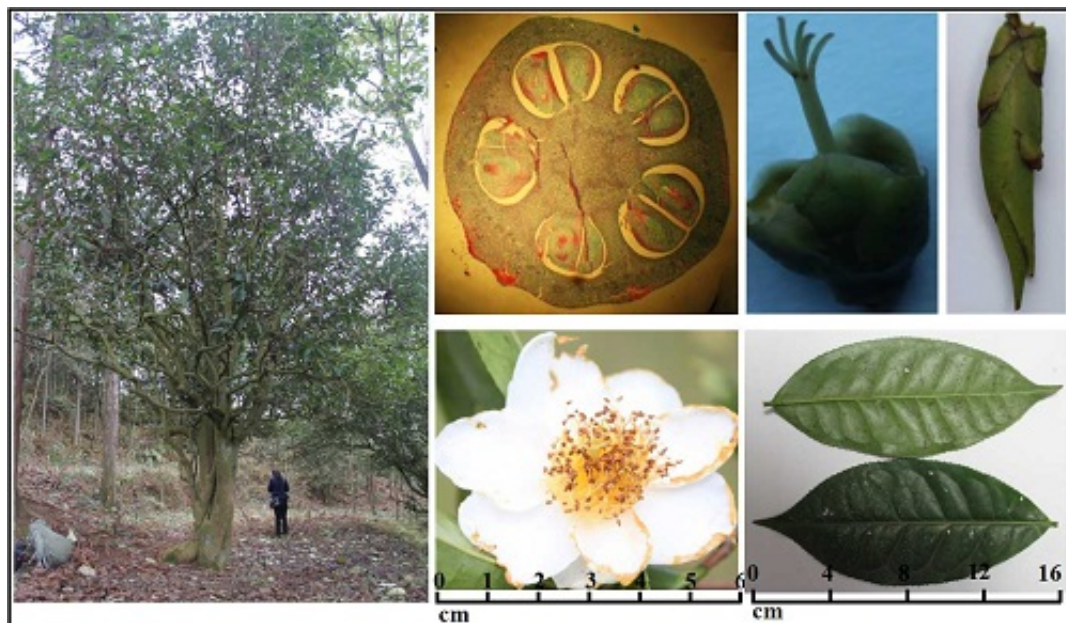
相关成果在线发表于《园艺研究》。该研究为中国西南地区古茶树的系统发育关系、种群结构和遗传多样性研究提供了重要补充，为茶树亲缘关系及演化路径研究提供了重要参考。

宝贵的天然基因库

茶是世界上最受欢迎的非酒精饮料，具有诱人的香气和宜人的口感。茶饮料含有丰富的对人体有益的化合物，比如多酚、咖啡因、茶氨酸、维生素、多糖、挥发油和矿物质等。茶产业发展空间巨大。

云贵地区独特的地形地貌和生态环境，蕴藏大量的古茶树资源。这些古茶树具有重要的生态价值、科学价值、经济价值和社会文化价值，是研究茶树起源与进化的重要遗传资源，也是现代茶树育种的天然基因库。该论文通讯作者赵德刚在接受《中国科学报》采访时表示。

而贵州这个地区更是有其独特之处。作为茶树向江北、江南、华南茶区迁徙的过渡地带，这里的气候条件和生态环境孕育了丰富的茶组植物资源，至少有50多个县发现有古茶树存在，普安、沿河、花溪久安、毕节七星关等地被命名为中国古茶树之乡，是除云南省外我国野生乔木大茶树和灌木茶树保存最多的省份。古茶树已经是贵州一张绚丽的名片，成就了当地别具一格的茶文化。



乔木古茶树 吕立堂供图

据统计，贵州全省古茶树总量达65万余株，1000亩以上的连片古茶园有10余处，并存有多种珍稀野生及人工选择的具有地理标志的地方特色群体品种。

不仅如此，贵州还是世界唯一的茶籽化石发现地，这些都足以体现出贵州古茶树重要的地位。该论文第一作者、贵州大学山地植物资源保护与种质创新教育部重点实验室教授吕立堂在接受《中国科学报》采访时说。

宝贵的古茶树资源需要传承和保护，随着《贵州省古茶树保护条例》的颁布与施行，目前古茶树保护得到加强。科学研究古茶树是为了最大限度地挖掘价值，发挥资源优势，为更好地保护古茶树提供有力的依据。赵德刚表示。

揭开起源之谜

关于茶树的起源研究，早期有起源于东南亚、印度、我国西藏和云贵高原等地之说。研究者在云贵地区发现丰富的古茶树种质资源，权威教科书认为茶树起源于云贵高原。

茶生思州、播州、费州、夷州……往往得之，其味极佳。茶圣陆羽在《茶经》中记载的这句话里提到的地区主要属于贵州，许多学者以此作为贵州是茶原产地的证据。

一直以来，茶树的具体起源地存在争议。

云贵地区丰富的古茶树资源到底起源于哪里，目前尚不清楚。因此，非常有必要应用形态特征结合现代分子生物学技术研究古茶树的分布、结构、起源与进化。赵德刚指出。

近年来，依托贵州大学建设的山地植物资源保护与种质创新教育部重点实验室以及贵州大学茶学院、贵州省农科院茶科所等单位的种质资源研究人员分别从贵州习水、普安、沿河、石阡、都匀和三都以及云南大理和贺开收集了120份具有不同形态特征的古茶树。



贵州乔木型古茶树赵德刚摄

他们利用基因重测序技术，以舒茶早基因组为参考基因组，共识别了8082370个单核苷酸多态性位点（SNPs），其中1404774个SNPs分布在非编码区域、175824个SNPs分布在编码区域。

系统发育进化树分析表明，8个群体120份古茶树聚集成3个组共5个单支，单支结构表明古茶树之间存在基因交换。科研人员还推断出古茶树群体在进化过程中存在相对较弱的选择和较长的世代时间，古茶树相比人工选育的栽培茶树具有较高的遗传多样性。群体遗传结构分析结果显示，120株古茶树聚集成7个亚组，来自相同地域的株系形成单系进化支，具有共同的地理起源。

我们发现，与栽培型茶树比较，来自贵州习水县的古茶树是最为原始的古茶树，比云南贺开古茶树和临沧古茶树更为原始。习水县也是贵州省古茶树数量最多的一个县，原始森林里随处可见。吕立堂表示，这些发现为进一步探究茶树的起源、进化提供了重要线索。

找到候选基因，研究有待深入

古茶树有着丰富的形态特征。按照茶树树型，古茶树可分为灌木型和乔木型；按照叶片大小特征，则可分为小叶种、中叶种、大叶种；而且叶子的颜色也深浅不一，有绿色、白色、黄色和紫色等；叶子边缘的锯齿也各不相同。这些表型性状引起了科研人员的注意。

我们想找到形成这些农艺性状的重要‘开关’。赵德刚说。



灌木型古茶树 吕立堂供图

团队通过基因组关联分析检测了与叶片性状相关的GWAS信号，基于KEGG注释和拟南芥直系同源基因的功能分析，他们筛选出可能参与株型调控、叶片颜色等相关性状的4个候选基因。

物种起源和原产地蕴藏丰富的种质资源，是新品种选育的基因来源，有助于将来培育特异、优质、高产、抗逆、抗病虫害的新品种。我们的研究为开展分子设计育种工作奠定了理论基础，对茶产业发展具有重要的战略意义。赵德刚表示。

不过，他认为，不同的茶组植物种类内含物含量也有较大差别，所以研究的群体还有待进一步扩大。

吕立堂表示，接下来，还需要更大范围收集和分析发现的古茶树群体，阐明各地古茶树群体结构、进化地位、特异性状遗传变异以及优异性状形成与适应机制，为保护和利用古茶树种质资源提供理论依据。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41438-021-00617-9>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：赵德刚等 来源：《园艺研究》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发