中国农业大学学报 2026,31(12):205-224
Journal of China Agricultural University http://zgnydxxb.ijournals.cn

杨春,梁思慧,李燕,郭燕,乔大河,陈娟,密孝增,陈正武.贵州13个县(市)原生茶树种质生化成分分析及综合评价[J].中国农业大学学报,2026,31(12):205-224.

YANG Chun, LIANG Sihui, LI Yan, GUO Yan, QIAO Dahe, CHEN Juan, MI Xiaozeng, CHEN Zhengwu. Analysis and comprehensive evaluation of biochemical components in indigenous tea germplasm from 13 counties (cities) of Guizhou Province[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(12):205-224.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.12.16

贵州13个县(市)原生茶树种质生化成分分析及综合评价

杨 春[1,2] 梁思慧[1,2] 李 燕[1,2] 郭 燕[1,2] 乔大河[1,3] 陈 娟[1] 密孝增[1,2] 陈正武[1,2,3*]

(1.贵州省农业科学院茶叶研究所,贵阳 550006;
2.贵州省特色园艺作物分子育种全省重点实验室,贵阳 550006;
3.农业农村部喀斯特山区作物基因资源与种质创新重点实验室,贵阳 550006)

摘 要 为明确贵州原生茶树种质的生化组成特性与遗传多样性,挖掘特异优异种质,以贵州13个县(市)的322份原生茶树种质为材料,采用HPLC测定咖啡碱(Caffeine,CAF)、茶氨酸(Theanine,Thea)、表没食子儿茶素没食子酸酯(EGCG)等12个生化成分含量,运用相关性分析、聚类分析和主成分分析等多元统计方法开展综合评价。结果表明:贵州原生茶树种质主要生化成分为EGCG、表儿茶素没食子酸酯(ECG)和CAF,平均含量分别为4.47%、3.38%和2.45%。变异系数(CV)为57.54%~208.45%,平均值104.67%;遗传多样性指数(H')为0.63~1.96,平均值1.57。表型分化系数显示,种群间变异是贵州茶树种质生化成分变异的主要来源,种群间的变异(60.35%)远高于种群内的变异(14.69%)。相关性分析和冗余分析表明,海拔是影响生化成分组成及含量的最大环境因子,与CAF、EGCG、表没食子儿茶素(EGC)呈极显著负相关($P<0.01$)。13个县(市)原生茶树种质可分作生化特性迥异的3个类群,三都种质因较高含量的可可碱(Theobromine,TB)、儿茶素(C)组成第Ⅰ类;盘州、惠水、纳雍和普安种质因较高含量的苦茶碱(Theacrine,TC)、表儿茶素(EC)和ECG组成第Ⅱ类;其余8地种质因较高含量的CAF和EGCG组成第Ⅲ类。主成分分析共提取了4个主成分,累计贡献率为76.01%,第1主成分中载荷系数较高的CAF和EGCG是影响贵州原生茶树种质综合得分高低的关键,黎平种质综合得分最高。本研究结果可为茶树资源精准鉴定、品种选育与特色产品开发提供科学依据。

关键词 贵州;原生茶树种质;生化成分;遗传多样性

中图分类号 S571.1 **文章编号** 1007-4333(2026)12-0205-20 **文献标志码** A

Analysis and comprehensive evaluation of biochemical components in indigenous tea germplasm from 13 counties (cities) of Guizhou Province

YANG Chun[1,2], LIANG Sihui[1,2], LI Yan[1,2], GUO Yan[1,2], QIAO Dahe[1,3], CHEN Juan[1], MI Xiaozeng[1,2], CHEN Zhengwu[1,2,3*]

(1. Guizhou Tea Research Institute, Guiyang 550006, China;
2. Guizhou Key Laboratory of Molecular Breeding for Characteristic Horticultural Crops, Guiyang 550006, China;
3. Key Laboratory of Crop Genetic Resources and Germplasm Innovation in Karst Region, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guiyang 550006, China)

收稿日期:2026-02-09;接受日期:2026-07-03

基金项目:国家自然科学基金项目(32360773);贵州省科技计划项目(黔科合基础-ZK[2024]一般544,黔科合重大[2025]044,黔科合平台ZSYS[2025]027);望谟八步茶提质增效技术集成与示范后补助项目(2021YFD1100307)

第一作者:杨春(ORCID:0000-0003-4161-1222),副研究员,主要从事茶树种质资源评价鉴定研究,E-mail:610681998@qq.com

通讯作者:陈正武(ORCID:0000-0003-3002-2035),研究员,主要从事茶树育种研究,E-mail:zwchentea@163.com

Abstract To clarify the biochemical composition characteristics and genetic diversity of indigenous tea germplasm in Guizhou, and to screen for elite and special germplasm resources, 322 indigenous tea accessions collected from 13 counties and cities in Guizhou were used as experimental materials. Twelve biochemical components were quantified by HPLC, including caffeine (CAF), theanine (Thea), and epigallocatechin gallate (EGCG). Multivariate statistical methods including correlation analysis, cluster analysis, and principal component analysis (PCA) were used for comprehensive evaluation. The results showed that the dominant biochemical components of Guizhou indigenous tea germplasm were EGCG, epicatechin gallate (ECG), and CAF, with average contents of 4.47%, 3.38%, and 2.45%, respectively. The coefficient of variation (CV) ranged from 57.54% to 208.45%, with a mean value of 104.67%. The genetic diversity index (H') varied from 0.63 to 1.96, with a mean value of 1.57. The phenotypic differentiation coefficient indicated that inter-population variation was the primary source of biochemical diversity in Guizhou tea germplasm, with inter-population variation (60.35%) being significantly higher than intra-population variation (14.69%). Correlation analysis and redundancy analysis (RDA) indicated that altitude was the most influential environmental factor affecting the biochemical composition of tea germplasm. It was extremely significantly negatively correlated with CAF, EGCG, and epigallocatechin (EGC) ($P<0.01$). Cluster analysis classified the 13 populations into three distinct groups based on biochemical profiles: Group I consisted of Sandu tea germplasm characterized by high content of TB and C; Group II comprised Panzhou, Huishui, Nayong, and Pu'an tea germplasm with high content of TC, EC and ECG; Group III included the remaining eight tea germplasm populations distinguished by high contents of CAF and EGCG. PCA extracted four principal components with a cumulative contribution rate of 76.01%. CAF and EGCG had high loading coefficients in the first principal component and were the key determinants of the comprehensive score. Liping tea germplasm achieved the highest comprehensive score due to its high contents of CAF and EGCG. This study performed a multidimensional analysis on indigenous tea germplasm in Guizhou. The findings can provide a scientific basis for the accurate identification of tea resources, variety breeding, and development of characteristic tea products.

Keywords Guizhou; indigenous tea germplasm; biochemical components; genetic diversity

茶树[*Camellia sinensis*(L.)O. Kuntze]是原产于中国的多年生常绿木本经济作物[1],作为世界三大无酒精饮料作物之一风靡于全世界[2]。贵州地处茶树起源中心[3],立体的生态、多变的气候及长期的自然适应和人为选择,使贵州多个县(市)广泛分布有野生型或栽培型的茶树种质资源[4-6]。贵州原生茶树种质蕴含着丰富的遗传变异潜力,基于生化成分开展多元综合研究,不仅可以发掘出具有重要经济价值的特异资源,也便于加强对贵州茶树种质资源的高效利用和基因资源的挖掘[7-8]。

咖啡碱、儿茶素和茶氨酸等生化组分是茶树中的代表性次生代谢产物[9-10],不仅决定了茶叶的色、香、味品质[11-12],也是茶叶中重要的保健功能成分[13-14]。因此,分析和评价茶树种质的生化组成,是探讨其开发利用价值的直接有效手段。国内外学者已针对不同区域、不同类型的茶树种质开展了大量生化成分评价研究。刘玉飞等[15]分析了66份云南代表性茶树种质的生化成分,发现云南茶树种质儿茶素和嘌呤生物碱多样性丰富,并从中鉴选出4份高苦茶碱种质;李泽楷等[16]分析了56份广东罗坑鳄蜥国家级自然保护区较原始环境下茶树种质的生化特点,发现该资源咖啡碱丰富,表儿茶素没食子酸酯(ECG)含量较常规茶树品种高,且部分单株存在苦茶碱;Konwar等[17]检测分析了169份阿萨姆种茶树的生化成分,发现阿萨姆种茶树生化组成有别于其他茶树资源,表没食子儿茶素(EGC)、咖啡碱和表儿茶素(EC)是其主要生化成分。生化成分丰富多样的种质材料不仅是遗传改良和品种选育的宝库,同时蕴藏着丰富的遗传变异信息,还是深入研究茶树重要次生代谢产物遗传调控机制的重要基因资源。随着分子生物学技术的不断迭代升级,茶树生化成分遗传调控机理研究取得突破。相继挖掘出调控茶树氨基酸含量的关键位点[18]、腺嘌呤核苷含量变异显著关联的关键基因[19]、二羟基儿茶素高效积累机制的关键基因[20]、咖啡碱遗传调控关键基因[21]和氨基酸含量显著相关的关键候选基因[22]。这一系列研究结果实现了茶树种质资源研究从表型评价到遗传机理的深入推进。

聚类分析和主成分分析等多元统计分析手段，在茶树种质资源的评价、鉴选及创新利用等方面具有重要意义，是全面衡量茶树种质综合品质的良好手段，单一理化指标仅能反映种质局部特征，难以客观评价多组分协同下的种质整体差异，而聚类分析和主成分分析相结合的多元统计评价体系，可实现多维生化数据降维、差异分类与关键指标筛选，有效规避单一评价方法的片面性。目前该类方法已在云南[23]、湖北[24]、广东[25]等地茶树种质生化评价研究中得到广泛应用与验证，可为区域特色茶树资源精准评价、优异种质挖掘及资源创新利用提供可靠的理论支撑与技术参考。

贵州茶树种质资源分布广泛，过往研究已初步明确贵州多个县（市）茶树种质的生化特点，如贵定地方茶树中高氨基酸种质较多[26-27]；镇宁野生茶树中儿茶素类物质含量丰富[28]；黎平和望谟的地方茶树种质变异类型丰富，既有高茶氨酸种质又有高没食子儿茶素没食子酸酯（GCG）和高表没食子儿茶素没食子酸酯（EGCG）种质[29-30]；三都和榕江的野生茶树生化组成特殊，均以可可碱为主要儿茶素组分，以儿茶素（C）为主要儿茶素组分[31-32]；普安古茶树生化组成类型多样，部分以EGCG为主要儿茶素组分，部分种质则是以ECG为主要儿茶素组分[33-34]；盘州野生茶树生化组成特异，富含苦茶碱而咖啡碱甚微[35]。这一系列研究表明贵州茶树种质生化多样性丰富，是名副其实的茶树资源宝库，然上述研究仅针对某一地区的茶树种质，缺乏横向比较和基于大样本的多元统计综合评价，阻碍了贵州原生茶树种质资源的深度开发利用。

本研究拟以贵州省13个县（市）的322份原生茶树种质为对象，测定12个主要生化成分含量，运用相关性分析、聚类分析和主成分分析等多元统计方法进行综合评价，旨在明确贵州原生茶树种质的生化组成特性，为种质资源的精准鉴定和高效开发利用提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　仪器及试剂

高效液相色谱仪：Agilent 1260 Infinity Ⅱ（安捷伦，美国），色谱柱：Hypersil ODS2（4.6 mm×250 mm，5 μm，依利特，中国），微波炉：X3-233A（美的，中国）。

标准品：没食子酸（Gallic acid，GA）、可可碱（Theobromine，TB）、茶叶碱（Theophylline，TP）、苦茶碱（Theacrine，TC）、EGC、C、EC、EGCG、GCG、ECG、茶氨酸（Theanine，Thea）购自上海源叶生物科技有限公司，咖啡碱（Caffeine，CAF）标准品购自河南北方伟业计量技术有限公司。

试剂：N，N-二甲基甲酰胺和冰醋酸等购自天津科密欧化学试剂有限公司，甲醇和乙腈购自美国天地公司，十二烷基磺酸钠SDS购自美国西格玛奥德里奇公司。

1.2　试验材料

以2019—2023年间取自黎平县、望谟县、三都县、普安县、习水县、盘州市、仁怀市、务川县、桐梓县、道真县、金沙县、惠水县和纳雍县的322份原生茶树种质为试验材料。

对取样单株进行挂牌标记并记录海拔、纬度和经度，取样年份、种质序号、种质来源、数量、地理信息及气候指标见表1，气候指标数据来自国家气象信息中心（https://data.cma.cn/）。

1.3　试验方法

1.3.1　样品制备

春季采各挂牌标记单株1芽2叶新梢，用微波固样的方法[36]制备生化检测样，粉碎过筛后－20 ℃冷冻保存备用。

1.3.2　生化成分检测

GA、TB、TC、TP、CAF、EC、C、EGC、EGCG、GCG和ECG含量：样品浸提按照国家标准GB/T 8313—2018[37]执行，采用高效液相色谱仪结合紫外检测器检测，以超纯水为流动相A，以V（N，N—二甲基甲酰胺）：V（甲醇）：V（冰醋酸）＝40∶2∶1.5组成流动性B，参照杨春等[38]方法进行。茶氨酸含量：样品浸提按照国家标准GB/T 23193—2017[39]执行，采用高效液相色谱仪结合紫外检测器检测，以4.2 g SDS和1.42 mL磷酸配置的1 L水溶液为流动相A，以100%乙腈为流动性B，参照杨春等[38]方法进行。每个样品重复检测3次，数据取平均值。

1.4　数据分析

采用Shannon-Wiener遗传多样性指数（H'）评价生化成分的丰富性[40]，计算公式为：$H'=-\Sigma P_i\times \ln P_i$，式中：$P_i$为某性状的第$i$级内材料份数占总份数的百分比。

表型分化系数（V_{ST}）的计算参照张馨方等[41]，

表1　322份原生茶树种质样品信息

Table 1　Information of 322 accessions of indigenous tea germplasm

取样年份 Sampling year	种质序号 No.	种质来源 Origin	数量 Number	地理信息 Geographic information			气候指标 Meteorological factor				
				海拔/m Altitude	纬度 Latitude	经度 Longitude	MAT/℃	TMAX/℃	TMIN/℃	AP/mm	RH/%
2019	LP-1～LP-22	LP	22	625～680	25°46′	109°14′	16.1	37.5	−6.2	1 340.30	82
2020	LP-23～LP-36	LP	14								
2020	WM-1～WM-20	WM	20	1 100～1 539	25°20′	106°18′	19.9	40.0	−2.5	1 245.40	77
2020	SD-1～SD-15	SD	15	1 300～1 352	25°55′～25°59′	108°90′～108°20′	18.4	39.2	−3.5	1 374.90	79
2020	PA-1～PA-20	PA	20	1 500～1 607	25°28′	104°57′～104°59′	14.1	35.1	−5.9	1 297.20	81
2021	PA-21～PA-30	PA	10								
2021	XS-1～XS-38	XS	38	961～1 623	28°23′～28°29′	106°80′～106°41′	15.1	36.6	−4.7	1 003.90	78
2021	PZ-1～PZ-35	PZ	35	2 050～2 250	25°58′～25°59′	104°48′～104°49′	13.5	31.2	−11.2	1 342.00	76
2022	PZ-36～PZ-60	PZ	25								
2021	RH-1～RH-10	RH	10	614～724	27°42′～28°60′	106°10′～106°18′	16.1	38.3	−3.8	1 038.00	78
2021	WC-1～WC-19	WC	19	960～1 199	28°39′	107°48′～107°50′	16.1	38.7	−3.4	1 203.80	79
2021	TZ-1～TZ-20	TZ	20	1 177～1 259	28°29′～28°30′	106°45′～106°46′	15.1	36.6	−4.7	1 003.90	78
2021	DZ-1～DZ-13	DZ	13	1 498～1 558	29°90′	107°40′	16.2	38.7	−4.3	1 070.30	79
2021	JS-1～JS-17	JS	17	926～1 029	27°20′～27°41′	105°54′～106°37′	15.4	38.4	−4.9	1 031.90	81
2021	HS-1～HS-32	HS	32	1 166～1 260	25°50′～25°53′	106°38′～106°42′	16.3	36.6	−5.0	1 228.30	79
2023	NY-1～NY-12	NY	12	1 753～1 773	26°40′	105°34′	14.0	36.0	−7.6	1 200.20	81

注：MAT：年均气温；TMAX：年极端最高气温；TMIN：年极端最低气温；AP：年均降水量；RH：相对湿度。LP：黔东南州黎平县；WM：黔南州望谟县；SD：黔南州三都县；PA：黔西南州普安县；XS：遵义市习水县；PZ：六盘水市盘州市；RH：遵义市仁怀市；WC：遵义市务川县；TZ：遵义市桐梓县；DZ：遵义市道真县；JS：毕节市金沙县；HS：黔南州惠水县；NY：毕节市纳雍县。下同。

Note：MAT：Mean annual temperature；TMAX：Annual extreme maximum temperature；TMIN：Annual extreme minimum temperature；AP：Annual precipitation；RH：Relative humidity. LP：Liping County，Qiandongnan Prefecture；WM：Wangmo County，Qiannan Prefecture；SD：Sandu County，Qiannan Prefecture；PA：Pu′an County，Qiannan Prefecture；XS：Xishui County，Zunyi City；PZ：Panzhou City，Liupanshui City；RH：Renhuai City，Zunyi City；WC：Wuchuan County，Zunyi City；TZ：Tongzi County，Zunyi City；DZ：Daozhen County，Zunyi City；JS：Jinsha County，Bijie City；HS：Huishui County，Qiannan Prefecturei；NY：Nayong County，Bijie City. The same below.

计算公式为 $V_{ST}=\delta_{t/S}/(\delta_{t/S}+\delta_S)\times100\%$，式中：$\delta_{t/S}$和$\delta_S$分别为群体间和群体内方差值。

使用Excel 2021进行数据整理和统计分析，使用SPSS 21.0进行差异显著性分析(单因素方差分析，Duncan检验)、相关性分析(Pearson)和主成分分析，OriginPro 2021绘制分布直方图和差异显著性标记图，迈维云平台(https://cloud.metware.cn)进行聚类分析，SIMCA 14.0开展OPLS-DA分析，欧易云平台(https://cloud.oebiotech.com)进行冗余分析。

2　结果与分析

2.1　生化成分统计分析

2.1.1　贵州原生茶树种质生化成分含量及遗传变异分析

由表2可知，贵州原生茶树种质主要生化成分为EGCG、ECG和CAF，平均含量分别是4.47%、3.38%和2.45%；TP和GA含量甚微，平均含量仅有0.05%和0.03%。变异系数和遗传多样性指数是衡量种质性状离散程度和种群多样性的常用方法[42]。贵州原生茶树种质生化性状变异幅度较大，12个生化成分的平均变异系数(CV)为105.77%，平均遗传多样性指数为1.57，TP、CAF和EGCG的H'值大于1.8，是贵州原生茶树种质多样性较为丰富的生化组分；而TC的H'值仅为0.63，且其CV值达208.45%，表明苦茶碱作为茶树中的特异生物碱组分在贵州原生茶树种质中的分布并不具备普遍性。

4个嘌呤生物碱组分(CAF、TB、TP和TC)的平均CV值为106.22%，高于6个儿茶素组分(EGC、C、EC、EGCG、GCG和ECG)的平均CV值101.75%；平均H'值为1.47，低于儿茶素组分的平均H'值1.65，表明生物碱类(尤其TC)存在更多极端变异类型，而儿茶素类普遍H'值较高，在种群内部分布更均匀，遗传多样性更丰富。

2.1.2　不同来源地种质的生化成分差异

13个来源地茶树种质的12个生化成分含量存在显著的地理差异(表2)，来自LP的种质Thea、GA和EGCG等组分含量优势明显，与其他地区茶树种质存在显著差异($P<0.05$)；来自SD的茶树种质TB、TP和C含量显著高于其他地区茶树种质($P<0.05$)；DZ、HS、NY茶树种质的EGC、EC和GCG含量与其他地区存在显著差异($P<0.05$)；PA、PZ和NY茶树种质的ECG平均含量超过6.00%，显著高于其他地区($P<0.05$)。同时部分来源地原生茶树种质生化特性突出，如SD种质中高含量的C和TB，平均值分别为4.71%和4.66%，与其他地区含量相差10余倍；PZ茶树种质TC特异高表达，平均含量达2.33%，且全部60份PZ茶树种质均检测到TC，其他来源地中仅1份PA种质检测到TC，推测TC可能为PZ地区野生茶树中的特征性成分。

13个来源地茶树种质12个生化成分的平均CV值为26.94%～127.04%，来自TZ、DZ、PZ、WC、XS和NY的茶树种质变异系数较低表明其种群内部个体间差异较小，而PA、SD等地茶树种质变异系数较高表明其种群内部个体间生化性状分离程度较大。不同生化成分在不同来源地中遗传变异情况不同，LP和DZ茶树种质的多数生化成分变异幅度较小，其生化品质较为稳定，可直接开发利用程度高；而SD、PA、WM等地种质CAF、EGC、TC和TP等生化成分的CV值超过300%，存在生化成分含量极端变异的种质，可作为遗传改良种质材料加以利用。13个来源地茶树种质生化成分的平均H'值为1.09～1.71，PZ、XS和TZ等地平均H'值较高，多个来源地茶树种质的CAF、Thea、EGCG和ECG的H'值超过2.00，反映出CAF等主要生化成分在种群内遗传多样性更丰富、分布更均匀，具有较高的育种与开发利用潜力。

综合CV值和H'值发现，除个别来源地外，绝大多数来源地12个生化成分的CV值均小于全部种质的，这说明生化成分在各种群内部的变异程度要小于种群间整体的变异程度，地理来源是造成生化成分差异的主要原因。

2.2　生化成分表型分化分析

表型分化系数是种群间表型分化大小的反映，其值越大，表明种群间的遗传分化和遗传变异越大[43]。方差分量及分化系数表明(表3)，12个生化成分在群体间的表型分化系数介于58.95%～98.82%，其中TC的分化系数最大，其次是C、TB、EGCG、EC、CAF和ECG，均高于平均分化系数(79.70%)，说明TC、C、TB、EGCG、EC、CAF和ECG含量在种群间的分化较大；GCG、EGC和GA的分化系数较

表2　322份原生茶树种质生化成分含量统计分析

Table 2　Statistical analysis of biochemical component contents in 322 indigenous tea germplasm

生化成分 Biochemical component	统计参数 Statistical parameter	全部种质 All sample	来源地 Origin												
			LP	WM	SD	PA	XS	PZ	RH	WC	TZ	DZ	JS	HS	NY
CAF	CR/%	0.00～5.32	3.10～5.04	2.32～4.56	0.00～0.15	1.09～3.79	2.13～4.84	0.07～0.77	1.56～3.85	2.12～5.32	2.17～4.43	2.85～4.32	1.02～4.63	1.21～2.68	2.33～3.28
	AV±SD/%	2.45±1.41	3.88±0.51a	3.21±0.64b	0.01±0.04e	2.82±0.64c	3.36±0.54b	0.36±0.15e	2.65±0.84c	3.51±0.87b	3.27±0.60b	3.76±0.49a	2.79±1.10c	1.93±0.37d	2.82±0.22c
	CV/%	57.54	13.14	20.01	334.77	22.68	16.07	42.51	31.57	24.89	18.32	12.90	39.38	18.99	7.80
	H'	1.89	2.00	1.93	0.18	1.78	1.94	1.93	1.51	1.99	1.56	1.82	1.71	2.06	1.47
TB	CR/%	0.14～5.99	0.48～1.40	0.50～5.99	3.31～5.76	0.66～2.53	0.30～1.96	0.43～1.75	0.17～0.87	0.16～0.67	0.44～1.29	0.42～1.22	0.14～1.03	0.17～0.85	0.60～1.64
	AV±SD/%	1.03±0.97	0.98±0.19cde	1.26±1.16bc	4.71±0.68a	1.43±0.40b	0.62±0.29fg	1.06±0.31cde	0.37±0.21g	0.36±0.12g	0.77±0.24ef	0.86±0.28def	0.40±0.23g	0.43±0.19g	1.10±0.34cd
	CV/%	94.01	19.49	92.29	14.47	28.29	46.91	28.99	56.33	33.43	30.46	33.09	56.66	43.54	30.87
	H'	1.40	1.88	1.20	1.86	1.84	1.60	2.04	1.42	1.94	1.83	1.85	1.72	1.93	1.55
TP	CR/%	0.00～0.15	0.00～0.09	0.00～0.01	0.06～0.15	0.03～0.07	0.04～0.11	0.03～0.10	0.00～0.04	0.03～0.09	0.04～0.10	0.02～0.09	0.00～0.06	0.00～0.06	0.02～0.06
	AV±SD/%	0.05±0.03	0.01±0.02g	0.001±0.003h	0.11±0.03a	0.05±0.01cd	0.07±0.02b	0.05±0.01cd	0.02±0.01g	0.06±0.02bc	0.06±0.02bc	0.05±0.02de	0.02±0.02g	0.04±0.01f	0.04±0.01ef
	CV/%	64.87	178.93	447.21	24.45	18.61	23.62	27.38	62.35	27.47	25.04	52.05	113.53	34.84	30.45
	H'	1.96	1.23	0.20	1.77	1.84	1.98	1.96	1.51	1.88	1.77	1.50	1.30	2.01	1.68
TC	CR/%	0.00～2.87	0.00	0.00	0.00	0.00～1.58	0.00	1.73～2.87	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	AV±SD/%	0.44±0.92	0.00b	0.00b	0.00b	0.05±0.29b	0.00b	2.33±0.22a	0.00b	0.00b	0.00b	0.00b	0.00b	0.00b	0.00b
	CV/%	208.45	0.00	0.00	0.00	547.72	0.00	9.26	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	H'	0.63	0.00	0.00	0.00	0.11	0.00	2.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

表 2（续）

生化成分 Biochemical component	统计参数 Statistical parameter	全部种质 All sample	来源地 Origin												
			LP	WM	SD	PA	XS	PZ	RH	WC	TZ	DZ	JS	HS	NY
Thea	CR/%	0.00～3.80	0.62～3.49	0.55～3.80	0.00	0.08～1.92	0.04～0.44	0.44～1.61	0.07～1.15	0.07～0.56	0.08～0.41	0.09～1.18	0.05～0.75	0.06～1.41	0.08～1.34
	AV±SD/%	0.74±0.75	2.08±0.70a	1.73±0.79b	0.00h	0.74±0.52cd	0.14±0.09gh	0.96±0.31c	0.35±0.37efg	0.19±0.11gh	0.21±0.10fgh	0.49±0.34def	0.29±0.20efgh	0.49±0.36def	0.52±0.40de
	CV/%	101.24	33.67	45.63	0.00	70.56	60.93	32.75	103.82	60.33	45.38	69.74	69.01	73.83	76.07
	H'	1.59	2.00	1.88	0.00	1.88	1.76	2.00	1.36	1.37	1.78	1.85	1.74	1.82	1.63
GA	CR/%	0.00～0.23	0.02～0.23	0.01～0.05	0.01～0.05	0.00～0.10	0.00～0.08	0.00～0.08	0.01～0.02	0.02～0.09	0.01～0.02	0.01～0.05	0.01～0.06	0.00～0.01	0.00～0.06
	AV±SD/%	0.03±0.04	0.11±0.07a	0.02±0.01cd	0.03±0.01c	0.02±0.02c	0.03±0.02c	0.02±0.01cd	0.01±0.01cd	0.06±0.02b	0.01±0.004cd	0.02±0.01cd	0.03±0.02c	0.003±0.004d	0.03±0.02c
	CV/%	119.47	63.01	49.28	34.27	76.61	69.35	62.77	50.03	33.16	29.18	52.00	56.10	136.35	62.31
	H'	1.45	1.74	1.80	1.93	1.61	1.59	1.86	1.61	1.84	1.75	1.52	1.82	1.07	1.58
EGC	CR/%	0.00～7.35	0.29～3.20	1.06～2.90	0.00～0.02	0.00～2.32	0.00～2.29	0.00～0.64	0.83～4.34	0.40～4.16	0.52～1.98	1.17～5.27	0.00～7.35	0.00～5.54	0.00～0.82
	AV±SD/%	1.12±1.25	1.33±0.75d	2.02±0.47c	0.002±0.01f	0.48±0.66ef	0.90±0.54de	0.22±0.18f	2.60±1.06bc	1.26±0.96d	1.24±0.37d	3.33±1.20a	2.67±1.73b	1.36±1.96d	0.42±0.37ef
	CV/%	110.94	55.94	23.21	387.30	136.54	60.27	84.80	40.80	75.82	30.21	35.96	64.99	144.20	89.40
	H'	1.61	1.84	1.99	0.18	1.47	1.87	1.85	1.83	1.52	1.78	1.85	1.91	1.15	1.03
C	CR/%	0.00～5.56	0.09～1.51	0.11～0.51	3.59～5.56	0.00～0.50	0.50～3.28	0.00～0.29	0.00～1.94	0.56～2.10	0.33～2.86	0.31～1.85	0.00～1.15	0.00～0.75	0.04～0.08
	AV±SD/%	0.83±1.14	0.29±0.25fg	0.21±0.12fg	4.66±0.65a	0.08±0.10g	1.91±0.72b	0.19±0.11fg	0.59±0.62de	1.35±0.43c	1.88±0.58b	0.80±0.48d	0.43±0.29ef	0.33±0.19efg	0.06±0.01g
	CV/%	136.47	87.40	56.91	14.06	131.26	37.67	56.81	105.46	31.63	30.77	59.42	67.43	58.45	25.86
	H'	1.51	1.37	1.40	1.90	1.41	1.81	1.07	1.51	1.96	1.70	1.67	1.56	1.70	1.91

表2（续）

生化成分 Biochemical component	统计参数 Statistical parameter	全部种质 All sample	来源地 Origin												
			LP	WM	SD	PA	XS	PZ	RH	WC	TZ	DZ	JS	HS	NY
EC	CR/%	0.00～7.69	0.25～1.21	0.66～2.89	0.00～0.37	0.93～3.68	0.67～1.19	1.95～5.57	0.84～1.43	0.69～1.48	0.86～1.57	0.99～2.00	0.83～1.59	1.74～7.69	0.61～1.83
	AV±SD/%	1.90±1.56	0.64±0.22fg	1.41±0.58d	0.20±0.11g	2.01±0.75c	0.90±0.12def	3.35±1.03b	1.13±0.17def	0.87±0.19ef	1.08±0.16def	1.40±0.29d	1.17±0.21de	4.91±1.54a	1.35±0.35de
	CV/%	82.22	34.54	41.23	56.42	37.35	13.03	30.57	15.38	22.10	14.96	20.57	18.21	31.24	26.14
	H'	1.74	1.90	1.64	1.84	1.90	2.00	1.88	1.83	1.53	1.78	1.78	1.92	1.94	1.63
EGCG	CR/%	0.00～11.73	6.92～11.73	5.13～9.86	0.00～0.72	0.00～5.14	4.36～9.79	0.48～1.62	3.61～10.02	3.03～8.52	5.82～10.87	6.35～10.06	0.52～10.45	0.46～4.36	1.41～3.27
	AV±SD/%	4.47±3.52	9.18±1.15a	8.02±1.38b	0.17±0.18g	1.72±1.73e	6.59±1.25c	0.79±0.21fg	6.07±2.26cd	5.34±1.44d	7.80±1.48b	8.26±1.35b	6.24±2.72c	1.35±1.24ef	1.81±0.49e
	CV/%	78.79	12.53	17.25	105.05	100.75	19.02	26.14	37.20	26.99	19.02	16.29	43.54	91.67	27.17
	H'	1.83	2.02	1.75	1.56	1.14	2.03	1.86	1.75	1.91	1.93	1.53	1.76	1.29	1.24
GCG	CR/%	0.00～6.42	0.01～4.00	0.24～1.88	0.00	0.00～2.30	0.00～3.45	0.00	0.00～1.04	0.00～1.38	0.00～2.33	0.67～2.03	0.00～0.97	0.00～1.25	0.65～6.42
	AV±SD/%	0.55±0.79	0.78±0.89cd	0.58±0.35cde	0.00f	0.18±0.56ef	0.93±0.59bc	0.00f	0.41±0.45de	0.58±0.39cde	0.94±0.59bc	1.19±0.48b	0.44±0.35de	0.22±0.38ef	2.67±1.62a
	CV/%	144.83	114.94	59.93	0.00	314.70	63.00	0.00	109.57	68.09	62.23	40.38	79.34	171.31	60.55
	H'	1.42	1.32	1.39	0.00	0.56	1.56	0.00	1.03	1.19	1.53	1.74	1.40	0.83	1.75
ECG	CR/%	0.71～10.55	1.49～3.73	1.46～4.54	0.71～1.69	2.00～10.55	1.00～2.31	2.73～9.46	0.82～2.10	0.91～1.98	1.36～2.60	1.26～2.17	1.00～2.43	1.27～5.44	1.05～8.22
	AV±SD/%	3.38±2.38	2.54±0.54bc	2.90±0.84b	1.26±0.25d	6.28±2.48a	1.51±0.33d	6.40±1.45a	1.23±0.43d	1.36±0.30d	1.79±0.32cd	1.90±0.23cd	1.49±0.47d	2.90±1.12b	6.21±2.00a
	CV/%	70.38	21.40	29.12	19.81	39.42	21.62	22.74	34.77	21.82	17.65	12.19	31.37	38.68	32.28
	H'	1.68	1.92	1.91	1.84	1.67	1.96	2.09	1.42	2.01	1.82	1.61	1.65	1.91	1.63

注：CAF：咖啡碱；TB：可可碱；TP：茶叶碱；TC：苦茶碱；Thea：茶氨酸；GA：没食子酸；EGC：表没食子儿茶素；C：儿茶素；EC：表儿茶素；EGCG：表没食子儿茶素没食子酸酯；GCG：没食子儿茶素没食子酸酯；ECG：表儿茶素没食子酸酯。CR：含量范围；AV：平均值；SD：标准偏差；CV：变异系数；H'：遗传多样性指数。同一行不同小写字母表示显著差异（$P<0.05$，Duncan检验）。下同。

Note: CAF: Caffeine; TB: Theobromine; TP: Theophylline; TC: Theacrine; Thea: Theanine; GA: Gallic acid; EGC: Epigallocatechin; C: Catechin; EC: Epicatechin; EGCG: Epigallocatechin gallate; GCG: Gallocatechin gallate; ECG: Epigallocatechin gallate. CR: Content range; AV: Average value; SD: Standard deviation; CV: Coefficient of variation; H': Genetic diversity index. Different lowercase letters in the same row indicate significant differences ($P<0.05$, Duncan test). The same below.

小，分别为 58.95%、62.46% 和 73.83%，说明 GCG、EGC 和 GA 含量在种群间分化较小，相对稳定。12 个生化成分种群间和种群内平均方差分量百分比分别为 60.35% 和 14.69%，种群间的远高于种群内的，表明贵州原生茶树种质生化成分含量的变异主要来自种群间，说明不同地理种群间的遗传分化明显，地理隔离或局部适应可能导致了生化性状的趋异分化。

表 3　种群间及种群内生化成分方差分量及表型分化系数

Table 3　Variance components and phenotypic differentiation coefficients of biochemical components among and within populations

生化成分 Biochemical components	方差分量 Variance component			方差分量百分比/% Variance component percentage		表型分化系数/% Phenotype differentiation coefficient
	种群间	种群内	误差	种群间	种群内	
CAF	1.98	0.37	0.54	68.43	12.85	84.19
TB	0.94	0.20	0.40	61.04	12.92	82.53
TP	0.00	0.00	0.00	61.91	20.64	74.99
TC	0.84	0.01	0.22	78.27	0.93	98.82
Thea	0.56	0.16	0.22	59.97	17.14	77.77
GA	0.00	0.00	0.00	46.39	16.44	73.83
EGC	1.55	0.93	1.16	42.54	25.57	62.46
C	1.30	0.18	0.35	71.21	9.70	88.01
EC	2.43	0.36	0.85	66.75	9.97	87.00
EGCG	12.40	2.17	3.38	69.09	12.10	85.10
GCG	0.60	0.42	0.66	35.76	24.90	58.95
ECG	5.67	1.18	2.17	62.88	13.08	82.78
均值 Mean	2.36	0.50		60.35	14.69	79.70

2.3　生化成分含量分布分析

对 322 份贵州原生茶树种质的 12 个生化成分含量开展分布分析（图 1）。其中 CAF 含量主要集中在 3%～4%，数量为 100 份，1 份 LP 种质（LP-36）、2 份 WC 种质（WC-7、WC-17）CAF 含量＞5.0%；TB 含量主要集中在 0～1%（199 份），另有 5 份种质 TB 含量较高（＞5.0%），包括 4 份 SD 种质（SD-2、SD-3、SD-4、SD-14）、1 份 WM 种质（WM-7）；TP 含量整体较低，多数集中在 0.04%～0.08%；TC 含量主要集中在 0～0.5%（261 份），另有 58 份种质 TC 含量较高（＞2.0%），全部为 PZ 种质；Thea 含量集中 0～1%（232 份），有 3 份 LP 种质（LP-6、LP-7、LP-31）、1 份 WM 种质（WM-18）茶氨酸含量较高（＞3.0%）；绝大多数种质 GA 含量＜0.05%（254 份）；大部分种质 EGC 含量＜1.0%（189 份），有 1 份 JS 种质（JS-10）EGC 含量＞7.0%；绝大部分种质 C 含量＜1.0%（232 份），有 5 份种质 C 含量超过 5.0%，全部为 SD 种质；EC 含量有 2 个高分布区域分布是 0～1.0%（113 份）、1.0%～2.0%（106 份），另有 3 份 HS 种质（HS-1、HS-5、HS-17）EC 含量超过 7.0%；大部分种质 EGCG 含量低于 2.0%（131 份），另有 15 份种质 EGCG 含量超过 10.0%，主要为 LP 种质；绝大部分种质 GCG 含量＜1.0%（271 份），有 1 份 NY 种质（NY-3）GCG 含量超过 6.0%；多数种质 ECG 含量低于 2.0%（135 份），有 1 份 PA 种质（PA-3）ECG 含量超过 10.0%。

整体来看，以 Thea、EGCG 和 ECG 等为代表的茶树主要生化成分在贵州原生茶树种质中含量分布偏低，均是最低含量分布区域的种质数量占绝对优势，说明贵州原生茶树种质演化进程相对保守。

2.4　关联分析

2.4.1　生化成分间相关性分析

进一步分析生化成分间的相关性（表 4），发现存在复杂的协同与拮抗关系。茶树嘌呤生物碱组分间拮抗关系明显，CAF 与 TB、TP、TC 均呈极显著负相关（$P<0.01$），表明咖啡碱与作为合成前体

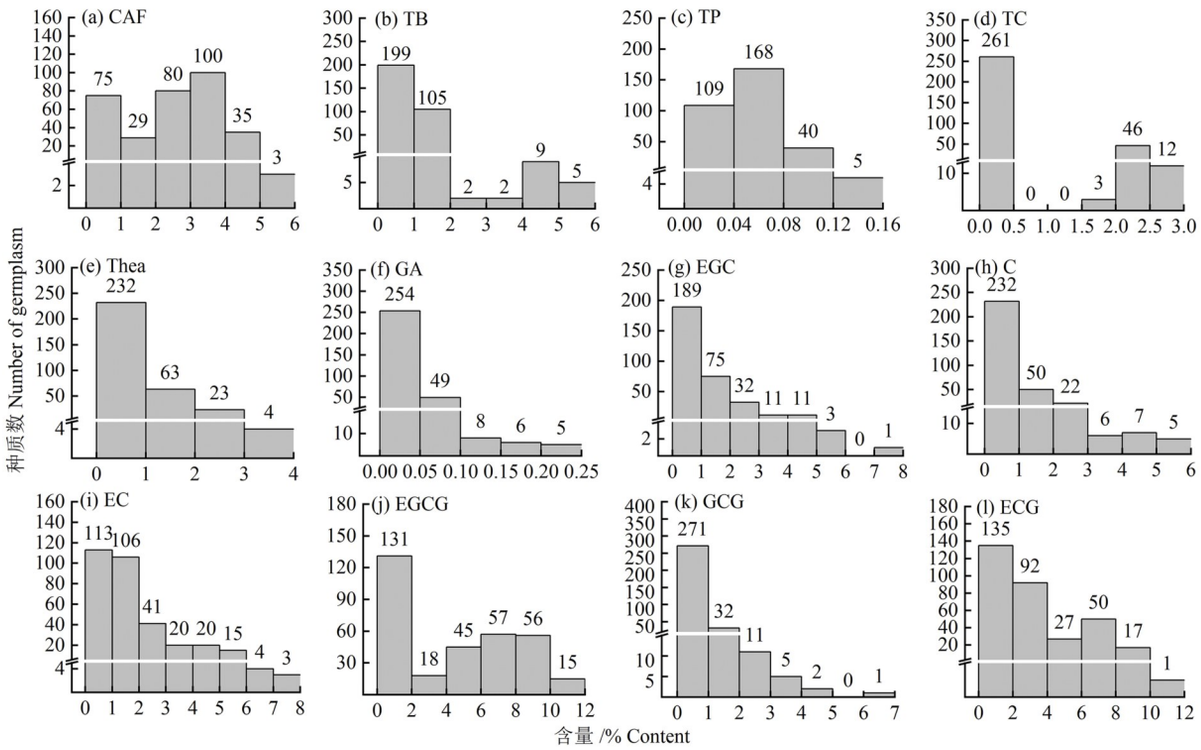


图 1 322份贵州原生茶树种质12个生化成分含量分布直方图

Fig. 1 Distribution histograms of 12 biochemical components content in 322 accessions of Guizhou indigenous tea germplasm

的可可碱及苦茶碱等甲基黄嘌呤类存在代谢竞争，同时咖啡碱与三羟基儿茶素（EGC和EGCG）相互间存在极显著正相关（$P<0.01$），说明作为栽培种茶树中高富集的生物碱组分和儿茶素组分存在协同积累的代谢调控模式。Thea作为茶树中最主要的游离氨基酸组分，与CAF、EGCG和ECG等重要品质成分呈极显著正相关（$P<0.01$），反映了茶树在长期的自然演化与人工选择进程中关键功能成分的协同积累机制。三羟基儿茶素（EGC和EGCG）与双羟基儿茶素（C、EC和ECG）间拮抗关

表 4 12个生化成分Pearson相关系数

Table 4 Pearson correlation coefficients of 12 biochemical components

	CAF	TB	TP	TC	Thea	GA	EGC	C	EC	EGCG	GCG	ECG
CAF	1											
TB	−0.34**	1										
TP	−0.26**	0.39**	1									
TC	−0.71**	0.02	0.12*	1								
Thea	0.17**	−0.02	−0.48**	0.13*	1							
GA	0.32**	0.04	−0.26**	−0.15**	0.34**	1						
EGC	0.39**	−0.29**	−0.41**	−0.35**	0.00	0.03	1					
C	−0.09	0.51**	0.59**	−0.27**	−0.45**	−0.08	−0.17**	1				
EC	−0.48**	−0.24**	−0.04	0.45**	−0.03	−0.40**	−0.20**	−0.40**	1			
EGCG	0.80**	−0.25**	−0.36**	−0.50**	0.24**	0.41**	0.52**	0.01	−0.58**	1		
GCG	0.34**	−0.10	−0.03	−0.21**	−0.00	0.07	0.04	−0.03	−0.26**	0.27**	1	
ECG	−0.41**	0.11*	0.05	0.62**	0.23**	−0.14*	−0.44**	−0.47**	0.43**	−0.57**	−0.06	1

注：*和**分别表示0.05和0.01水平显著相关。下同。

Note: * and ** indicate significant correlations at 0.05 and 0.01 level, respectively. The same below.

系尤为明显，EGC、EGCG 与 C、EC、ECG 均呈极显著负相关($P<0.01$)，可能是这两类儿茶素受同一类基因调控、在代谢路径上存在竞争关系，并最终表现出栽培型茶树高积累三羟基儿茶素、野生型茶树高积累双羟基儿茶素的现象[44]。

2.4.2　地理-气候因子与生化成分的关联分析

8个地理-气候因子与生化成分间均存在显著或极显著相关关系(表5)，表明海拔、纬度、经度、相对湿度和降水等对茶树主要生化成分具有显著调控作用。有2组生化成分存在一致的地理-气候因子响应模式，一组为 CAF、EGC 和 EGCG，海拔越低、分布越靠北、靠东，气温越高、降水越少的地区，其原生茶树种质的 CAF、EGC 和 EGCG 含量越高；一组为 TC、EC 和 ECG，海拔越高、分布越靠南、靠西，气候越寒冷干燥的地区，其原生茶树种质的 TC、EC 和 ECG 含量越高。

表5　地理-气候因子与生化成分的 Pearson 相关系数

Table 5　Pearson correlation coefficients between geographical-climatic factors and biochemical components

项目 Item	CAF	TB	TP	TC	Thea	GA	EGC	C	EC	EGCG	GCG	ECG
海拔 Altitude	−0.66**	0.15**	0.30**	0.78**	−0.10	−0.39**	−0.38**	−0.20**	0.46**	−0.66**	−0.10	0.69**
纬度 Latitude	0.39**	−0.32**	0.29**	−0.29**	−0.53**	−0.07	0.28**	0.39**	−0.38**	0.41**	0.28**	−0.53**
经度 Longitude	0.50**	0.11*	−0.17**	−0.58**	0.23**	0.55**	0.27**	0.31**	−0.46**	0.60**	0.13*	−0.62**
MAT	0.20**	0.29**	−0.32**	−0.49**	0.22**	0.09	0.33**	0.20**	−0.20**	0.31**	−0.07	−0.44**
TMAX	0.60**	0.09	−0.22**	−0.87**	−0.03	0.18**	0.46**	0.32**	−0.50**	0.57**	0.15**	−0.70**
TMIN	0.57**	0.08	−0.13*	−0.89**	−0.15**	0.04	0.42**	0.33**	−0.40**	0.46**	0.07	−0.66**
AP	−0.26**	0.28**	0.24**	0.31**	0.22**	0.20**	−0.46**	0.11*	0.05	−0.25**	−0.13*	0.26**
RH	0.59**	−0.11*	0.08	−0.62**	−0.11*	0.29**	0.07	0.23**	−0.44**	0.40**	0.26**	−0.38**

结合冗余分析进一步明确地理-气候因子对茶树生化成分的作用强弱(图2)，结果表明，RDA1(46.9%)、RDA2(6.4%)为冗余分析的前两大解释轴，累计解释数据变异的53.3%。海拔紧贴 RDA1 沿正向延伸，是驱动茶树生化成分变异的关键环境因子，与相关性分析结果相一致，海拔对 EC、ECG 和 TC 等生化成分有“正向驱动效应”(箭头同向，夹角锐角)，对 EGCG、EGC 和 CAF 等生化成分则是

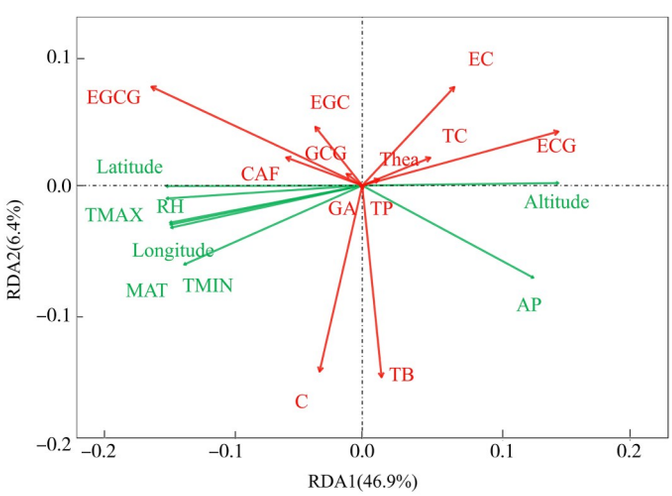


图2　地理-气候因子与生化成分的冗余分析

Fig. 2　Redundancy analysis of geographical-climatic factors and biochemical components

“负向约束效应”(箭头反向,夹角钝角),这可能与海拔变化带来的温度、光照和气压等环境因子的系统变化有关。气候因子(TMAX、TMIN、MAT 和 RH)与经纬度处同一象限且夹角较小,说明气候因子间协同性高,且与地理梯度关联紧密,共同驱动茶树生化成分变化。

2.5 聚类分析

聚类分析表明(图 3),13 个来源地茶树种质可分为 3 个类别,来自 SD 的茶树种质单独组成第Ⅰ类,来自 PZ、HS、NY 和 PA 的种质组成第Ⅱ类,来自 DZ、RH、JS、WM、LP、TZ、XS 和 WC 的种质组成第Ⅲ类。

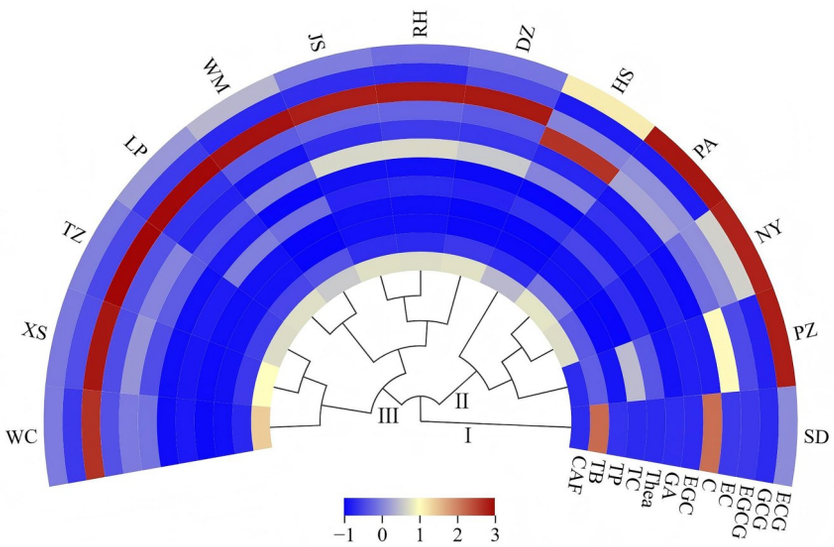


图 3 基于 12 个生化成分的 13 个来源地茶树种质聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of tea germplasm from 13 provenances based on 12 biochemical components

为更好地筛选出区分 3 个类别茶树种质,基于 12 个生化成分开展 OPLS-DA 分析,构建辨别模型,R^2Y 和 Q^2 值分别为 0.88 和 0.87,表明基于生化成分的不同类别茶树种质辨别模型具有高可靠性。变量投影重要性(Variable importance in projection, VIP)代表自变量对应变量的重要程度,以 VIP>1.0 的标准[45],筛选出 7 个关键成分可用于区分 3 个类别,分别是:EGCG、TB、C、CAF、EC、ECG 和 TC(图 4)。来自 SD 的原生茶树种质单独形成第Ⅰ类,TB 和 C 含量极显著高于第Ⅱ类和第Ⅲ类(P<

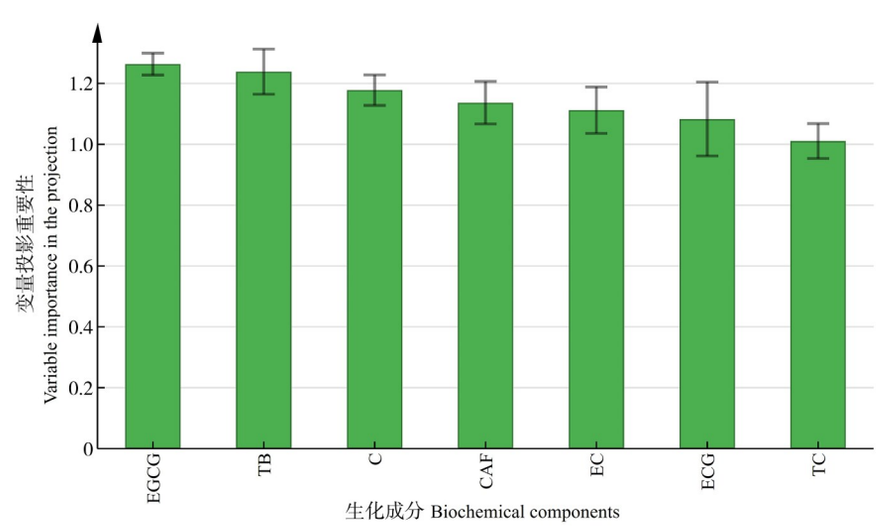
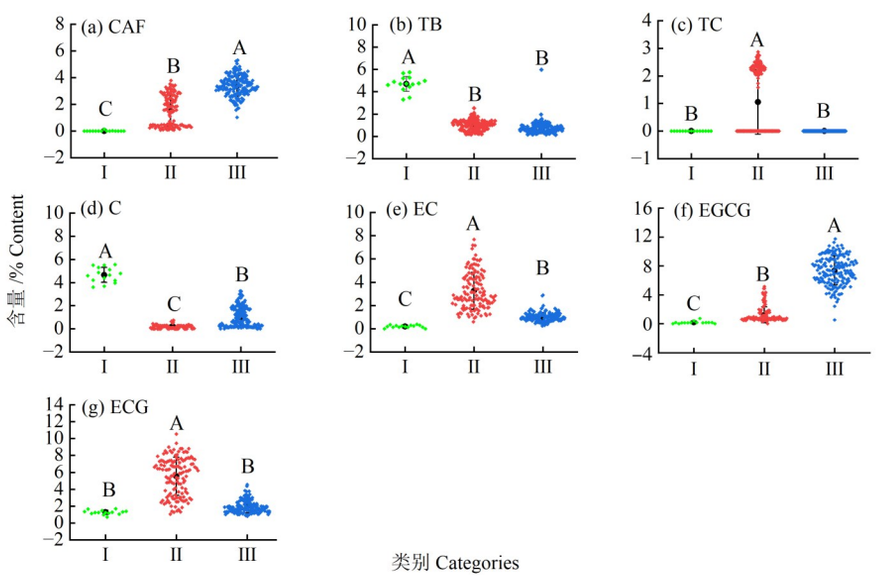


图 4 基于 OPLS-DA 的变量投影重要性(VIP)图

Fig. 4 Variable importance in the projection (VIP) plot based on OPLS-DA

0.01)；PZ、HS、NY 和 PA 种质组成第Ⅱ类，TC、EC 和 ECG 含量极显著高于第Ⅰ类和第Ⅲ类($P<0.01$)；DZ、RH、JS、WM、LP、TZ、XS 和 WC 的种质组成第Ⅲ类，CAF 和 EGCG 含量极显著高于第Ⅰ类和第Ⅱ类($P<0.01$，图 5)。

进一步观察图 3 发现，第Ⅱ类中 PA 和 NY 种质关系更为亲密同在一个分组，PZ 种质和 HS 种质被单独分开。第Ⅲ类中 RH 和 JS 种质、WM 和 LP 种质、TZ 和 XS 种质处于同一分组，而 DZ 种质和 WC 种质被单独分开。结合表 2 中不同来源地种质的生化差异发现，CAF、TC、EC 和 ECG 是导致第Ⅱ类中出现不同分组的差异生化成分，PZ 种质 TC 含量较高而 CAF 含量极低，这一差异与嘌呤生物碱合成通路的分支流向差异高度相关，PZ 种质高积累 TC、低积累 CAF，表明其生物碱代谢偏向 CAF 甲基化衍生物 TC 的合成。相较于第Ⅱ类中其他地区种质，HS 种质 EC 含量更高、ECG 含量更低，表明 HS 种质与 PZ、PA 和 NY 种质在儿茶素代谢上有着高积累 EC 和 ECG 的相似处，但在最终产物上更偏向非酯型儿茶素。CAF、Thea、EGC、C、EGCG 和 ECG 是导致第Ⅲ类中出现不同分组的差异生化成分，LP 和 WM 种质 Thea 和 ECG 含量较高，XS 和 TZ 种质中 C 含量较高，JS 和 RH 种质 CAF 含量较低，WC 种质中 EGCG 含量较低，DZ 种质中 EGC 含量较高。



不同大写字母表示差异极显著($P<0.01$)。

Different uppercase letters indicate extremely significant differences ($P<0.01$).

图 5　不同类别种质关键成分含量差异

Fig. 5　Differences in key component contents among different germplasm categories

2.6　主成分分析

以 322 份茶树种质的 12 个生化组分进行主成分分析，按照特征值>1 的原则提取了 4 个主成分因子[46-47]，累计贡献率为 76.01%(表 6)，包含了贵州原生茶树生化品质的大部分信息。PC1 贡献率为 32.81%，CAF 和 EGCG 有较大的正系数值，TC 和

表 6　主成分分析主方差分解结果

Table 6　Results of principal variance decomposition in principal component analysis

主成分 Principal component	特征值 Characteristic value	贡献率/% Contribution rate	累计贡献率/% Accumulative contribution rate
PC1	3.94	32.81	32.81
PC2	2.61	21.78	54.58
PC3	1.50	12.49	67.08
PC4	1.07	8.94	76.01

ECG有较大的负系数值，这4个生化成分是区分不同来源茶树种质的关键因子，可将PC1定义为‘分类因子’。PC2贡献率为21.78%，Thea有较大的正系数值，C和TP有较大的负系数值，这3个生化成分是区分第Ⅲ类茶树种质的关键因子，可将PC2定义为‘分组因子’。PC3和PC4贡献率分别为12.49%和8.94%，GA和GCG是决定PC3和PC4得分高低的关键成分，在不同来源地种质的分类和分组中未起到关键作用，但LP种质GA含量较高、NY种质GCG含量较高，可记为‘辅助因子’，参与区分不同来源地种质（图6(a)）。

根据各主成分的因子得分系数（图6(b)）拟合得出4个主成分的线性方程（式1～4）。

$$F_1 = 0.22X_1 - 0.07X_2 - 0.10X_3 + \cdots\cdots + 0.23X_{10} + 0.09X_{11} - 0.17X_{12} \quad (1)$$

$$F_2 = 0.03X_1 - 0.22X_2 - 0.28X_3 + \cdots\cdots + 0.03X_{10} - 0.01X_{11} + 0.16X_{12} \quad (2)$$

$$F_3 = -0.01X_1 + 0.36X_2 + 0.01X_3 + \cdots\cdots + 0.05X_{10} + 0.05X_{11} + 0.19X_{12} \quad (3)$$

$$F_4 = 0.22X_1 - 0.18X_2 + 0.20X_3 + \cdots\cdots - 0.03X_{10} + 0.79X_{11} + 0.26X_{12} \quad (4)$$

式中：X_1～X_{12}依次为CAF、TB、TP、TC、Thea、GA、EGC、C、EC、EGCG、GCG和ECG百分含量*Z*-score标准化后数值。

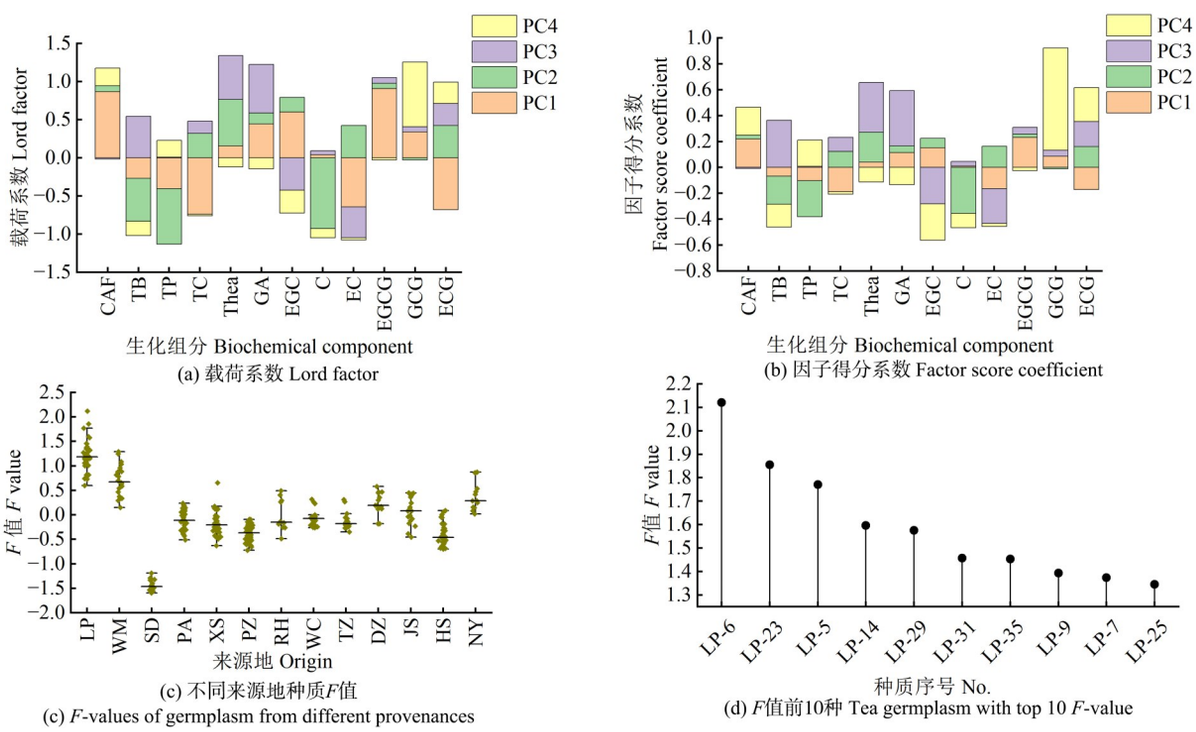


图6 主成分分析结果

Fig. 6 Results of principal component analysis

以各主成分的贡献率占所提取主成分贡献率之和的比例为权重，各主成分的得分与相应权重乘积累加建立贵州原生茶树种质生化品质综合评价函数*F*（式5）。

$$F = 0.43F_1 + 0.29F_2 + 0.16F_3 + 0.12F_4 \quad (5)$$

基于式5得出13个来源地茶树种质生化品质综合得分（图6(c)）。发现LP种质*F*值较高，且得分排前10的种质全部来自LP（图6(d)），这源于其高含量的CAF、EGCG和Thea，而这一生化特性使得LP种质市场应用前景广泛，可作为优质资源，选育茶树新品种。

3 讨 论

3.1 贵州原生茶树种质生化成分遗传变异特征解析

多样性指数和变异系数是反映种质资源遗传变异丰富程度的重要指标[48]。本研究分析了贵州原生茶树种质的12个生化成分，其变异系数和遗传多样

性指数平均值分别为 104.67% 和 1.57，与云南的 43.77% 和 1.90[15]、广西的 25.80% 和 1.90[49]、江西的 31.36% 和 1.91[50]、湖南的 41.30 和 2.05[51]相比，有着较高的变异系数和较低的遗传多样性指数。其原因一方面可能为贵州地处茶树起源中心，部分原生茶树种质保留大量原始基因组特征，表现出高非酯型儿茶素、低咖啡碱和低茶氨酸的原始特性；另一方面可能是源于其较高的种群间变异，喀斯特地貌带来的高山、峡谷和河谷形成天然隔离，让不同地域间种质种群间基因流受限、遗传分化显著，使得不同地区种质生化成分组成及含量各有其特色。这一系列因素造成贵州原生茶树种质生化成分极端变异种质丰富且生化成分含量分布不均匀，最终表现出较高的变异系数和较低的遗传多样性指数。

3.2　贵州原生茶树种质中生化成分组成类型丰富

茶树生化成分是茶树重要表型性状，是基因型与环境共同作用的结果，具稳定性和变异性。本研究基于 12 个关键生化成分，将 13 个来源地茶树种质划分为生化特性显著不同的 3 个类群。SD 种质被单独归为第Ⅰ类，嘌呤生物碱以 TB 为主，多数样本未检测到 CAF，儿茶素组分以 C 为主，EGCG 含量低于 1.0%。该生化特征与已报道的广西青山野生茶树、广西元宝山野生茶树及榕江月亮山野生榕江茶（*Camellia yungkiangensis*）高度相似[32,52-53]，表明在黔东南及桂北地区可能广泛分布着以榕江茶为代表的野生原始茶组植物。PZ、HS、NY 和 PA4 地茶树种质因共同富含双羟基儿茶素被归为第Ⅱ类。前期标本鉴定显示 PZ、HS 和 PA 多为大厂茶（*C. tachangensis*）[35,54]，本研究团队于 2023 年秋季对 NY 种质的关键形态性状进行了补充采集，其顶芽无毛，子房 4～5 室且无毛，与大厂茶形态特征一致[55]，故推测 NY 种质亦属大厂茶。由此可见，高双羟基儿茶素是大厂茶的典型生化特性。然而，不同地区大厂茶种质间存在明显生化分化：PZ 种质特异高富集苦茶碱，HS 种质高 EC，NY 种质高 GCG。贵州是大厂茶的主要分布区，已在 12 个县市发现其踪迹[56]，后续可对全省大厂茶种质进行系统收集与鉴定，以解析不同地理种群的代谢分化规律，并揭示生境因子与遗传背景对其特征性次生代谢物积累的调控机制。LP、XS 和 JS 等 8 地种质被归为第Ⅲ类，其生化组成与茶（*C. sinensis*）相似，均以咖啡碱和 EGCG 为优势嘌呤生物碱和儿茶素组分[57-58]。该类群中已发掘出多份具有特异高值成分的种质资源，例如 LP 和 WM 种质中发掘出 4 份特异高茶氨酸（＞3.0%）种质、WC 种质中发掘的 2 份特异高咖啡碱（＞5.0%）种质，这些特色种质可作为选育高茶氨酸或高咖啡碱茶树新品种的重要材料，具有直接的开发利用潜力。

3.3　地理-气候因子对贵州原生茶树种质生化成分的影响

茶树次生代谢产物的积累是基因型与环境互作（G×E）的典型表现[59]。本研究结合相关性分析与冗余分析发现，海拔是驱动贵州原生茶树种质生化成分分化的关键环境因子。相关性分析结果表明，海拔与 CAF、EGC、EGCG 呈极显著负相关，这一结果在既有研究中得以印证，倪子鑫等[60]、黄琳洁等[61]、Chen 等[62]、Tian 等[63]和 Han 等[64]通过比较相同材料在不同海拔的生化含量，证实了低海拔地区茶叶中的咖啡碱、EGCG 含量较高。Xiang 等[65]研究发现，较高温度会显著诱导 *CsDFR*、*CsANS* 和 *CsANR* 的表达，从而提升酯型儿茶素含量。Wang 等[66]联合多组学研究明确海拔不同导致的温度和光照差异，影响了茶树中儿茶素、氨基酸和咖啡碱等关键品质代谢物的合成、积累与转化，低温加弱光导致 *CsDFR1*、*CsANR1* 和 *CsANS2* 的表达水平下调，*CsPAL* 和负调控作用的转录因子 *CsMYB4* 的表达上调，并最终使得低温加弱光组成的高海拔模拟组 EGCG 和咖啡碱含量较低。综上，海拔作为核心地理驱动因子，其变化通常伴随着光照、温度、湿度和土壤等多重环境条件的改变，是调控茶树儿茶素类与生物碱类代谢路径分异的关键驱动力。

经纬度作为地理坐标与气候因子（MAT、TMAX、TMIN、RH）在冗余分析中聚集在同一象限，表明温度、湿度与地理空间梯度高度协同作用，同时相关性分析中 CAF、EGCG、EGC 与纬度、经度呈显著正相关，与海拔对这 3 个组分的影响完全相反，这一特征与贵州西高东低的整体地势格局高度契合。表明在纬度更高（偏北）、经度更大（偏东）地区，海拔越低、气温较高，其原生茶树种质中 CAF、EGCG 和 EGC 含量更高。可见，贵州自西向东的典型三级台阶式山地地貌，既造就了区域复杂崎岖的地形特征，也进一步重塑了水系分布与局地气候分异，并最终塑造了不同地区原生茶树种质差异化的生化组成。本研究样品采集较为随意，且仅做了生

化成分含量检测,后续可采用更细致的地理分区与海拔梯度划分方法,开展“代谢组+转录组+微生物组”的多组学联合分析,探究定向塑造贵州原生茶树种质生化组成特性的作用机制。

3.4 贵州原生茶树种质的综合评价与利用潜力

本研究通过主成分分析提取了4个特征值>1的主成分,累计方差贡献率76.01%,可解释原性状中的大部分信息。CAF和EGCG在第1主成分中具有最高的正载荷系数(0.87和0.91),是决定综合得分高低的核心评价因子,这与多个茶树种质生化评价的研究结论一致[67-68],即CAF与EGCG是反映茶树生化品质、区分种质优劣的关键指标。综合得分结果显示,LP种质综合评分最高,主要原因在于其CAF、EGCG和Thea等含量均显著高于其他地区,且整体生化组分配比均衡,是开发高品质茶叶产品的理想原料,可直接作为优质资源加以开发利用。与之相反,SD种质综合得分最低,并非品质低劣,而是因其生化组成高度特异,表现为CAF与EGCG含量极低、TB和C含量极高,与常规茶树生化组成差异显著,因此在以CAF和EGCG为核心的综合评价体系中得分偏低,但其特殊的生化组成,使其成为低咖啡碱特色茶产品开发的珍稀材料,具备满足特殊消费人群需求的市场潜力。

4 结 论

贵州原生茶树种质生化成分变异程度较高,且富含生化成分含量极端变异种质。三都野生茶树特异高富集可可碱和C,盘州茶树种质中特异富含苦茶碱。地理-气候因子与生化成分间存在极强的相关性,海拔是驱动茶树生化成分变异的关键环境因子。咖啡碱和EGCG既是贵州原生茶树种质分类的主要生化依据也是决定茶树种质生化成分综合得分高低的关键。

参考文献 References

[1] Kong W L, Kong X R, Xia Z Q, Li X F, Wang F, Shan R Y, Chen Z H, You X M, Zhao Y Y, Hu Y P, Zheng S Q, Zhong S T, Zhang S C, Zhang Y B, Fang K X, Wang Y H, Liu H, Zhang Y Z, Li X L, Wu H L, Chen G B, Zhang X T, Chen C S. Genomic analysis of 1,325 *Camellia* accessions sheds light on agronomic and metabolic traits for tea plant improvement[J]. *Nature Genetics*, 2025, 57(4): 997-1007

[2] Pan S Y, Nie Q, Tai H C, Song X L, Tong Y F, Zhang L J F, Wu X W, Lin Z H, Zhang Y Y, Ye D Y, Zhang Y, Wang X Y, Zhu P L, Chu Z S, Yu Z L, Liang C. Tea and tea drinking: China's outstanding contributions to the mankind[J]. *Chinese Medicine*, 2022, 17(1): 27

[3] Niu S Z, Song Q F, Koiwa H, Qiao D H, Zhao D G, Chen Z W, Liu X, Wen X P. 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

[4] 杨春, 苏胜峰, 杨代星, 梁思慧, 郭燕, 郭灿, 陈正武. 贵州两地野生茶树叶片解剖结构比较及抗逆性分析[J]. 河南农业科学, 2024, 53(1): 48-61
Yang C, Su S F, Yang D X, Liang S H, Guo Y, Guo C, Chen Z W. Comparison of leaf anatomical atructure and stress resistance analysis of wild tea plants in Panzhou City and Sandu County, Guizhou Province[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2024, 53(1): 48-61 (in Chinese)

[5] 梁思慧, 郭维, 杨春, 郭燕. 贵州姑箐古茶树种质资源的生化成分特征分析与评价[J]. 贵州农业科学, 2025, 53(4): 94-103
Liang S H, Guo W, Yang C, Guo Y. Analysis and evaluation of biochemical component characteristics of Guqing ancient tea tree germplasm resources in Guizhou[J]. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2025, 53(4): 94-103 (in Chinese)

[6] Mi X Z, Yang C, Qiao D H, Tang M S, Guo Y, Liang S H, Li Y, Chen Z W, Chen J. De novo full length transcriptome analysis of a naturally caffeine-free tea plant reveals specificity in secondary metabolic regulation [J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 6015

[7] Lu L T, Chen H F, Wang X J, Zhao Y C, Yao X Z, Xiong B, Deng Y L, Zhao D G. Genome-level diversification of eight ancient tea populations in the Guizhou and Yunnan regions identifies candidate genes for core agronomic traits[J]. *Horticulture Research*, 2021, 8: 190

[8] Lin K Q, Wang A R, Li Y X, Li L L, Wei J, Zhou F Y, Zhao D G, Yan D H. Exploring genetic variation and trait correlations in 'Shiqian Taicha' tea based on comprehensive analyses of morphological and biochemical diversity [J]. *Horticulturae*, 2024, 10(11): 1128

[9] 宛晓春, 夏涛. 茶树次生代谢[M]. 北京: 科学出版社, 2015
Wan X C, Xia T. *Secondary Metabolism of Tea Plant*[M]. Beijing: Science Press, 2015 (in Chinese)

[10] Kottawa-Arachchi J D, Kumudini Gunasekare M T, Ranatunga M A B. Biochemical diversity of global tea [*Camellia sinensis* (L) O Kuntze] germplasm and its exploitation: A review[J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2019, 66(1): 259-273

[11] Yan K N, Wang J T, Zhou M X, Peng Q H, Mahmoud A B, Bai X, Baldermann S, Jiang X B, Feng S, Wu Y, Fu J Y, Lin Z, Lv H P, Shi J. Insights into potential flavor-active peptides and taste-related compounds in Longjing teas: A comparative study of 'Longjing 43' and 'Qunti' cultivars [J]. *Food Chemistry*, 2025, 471: 142790

[12] Yan K N, Yang J Q, Zhou M X, Peng Q H, Bassiony A, Bai X, Feng S, Wang J T, Lin Z, Mu D, Fu J Y, Wu Y, Lv H P, Shi J. Comprehensive comparison of potential flavor-active peptides, amino acids and pigments accumulation in different altitudes cultivated albino teas[J]. *Food Chemistry*: X, 2025, 29: 102722

[13] Das C, Banerjee A, Saha M, Chatterjee S. A review of the health benefits

of tea: Implications of the biochemical properties of the bioactive constituents [J]. *Current Research in Nutrition and Food Science Journal*, 2022, 10(2): 458-475

[14] Ouyang S H, Zhai Y J, Wu Y P, Xie G, Wang G E, Mao Z F, Hu H H, Luo X H, Sun W Y, Liang L, Duan W J, Kurihara H, Li Y F, He R R. Theacrine, a potent antidepressant purine alkaloid from a special Chinese tea, promotes adult hippocampal neurogenesis in stressed mice[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69(25): 7016-7027

[15] 刘玉飞, 庞丹丹, 蒋会兵, 田易萍, 李友勇, 孙云南, 陈林波. 66份云南茶树种质生化成分的分析及特异种质筛选[J]. 南方农业学报, 2021, 52(3): 693-699
Liu Y F, Pang D D, Jiang H B, Tian Y P, Li Y Y, Sun Y N, Chen L B. Biochemical component analysis and specific resource selection of 66 accessions of tea germplasms in Yunnan [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(3): 693-699 (in Chinese)

[16] 李泽楷, 段子旭, 卢秀梅, 黄铭浩, Dylan O'Neill ROTHENBERG, 肖遂, 刘助生, 黄亚辉. 广东罗坑鳄蜥国家级自然保护区56份茶树资源的生化成分[J]. 云南农业大学学报:自然科学版, 2025, 40(2): 119-130
Li Z K, Duan Z X, Lu X M, Huang M H, Rothenberg D, Xiao S, Liu Z S, Huang Y H. Biochemical components of 56 tea plant resources in Guangdong Luokeng crocodile lizard national nature reserve[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University:Natural Science*, 2025, 40(2): 119-130 (in Chinese)

[17] Konwar T, Baruah I, Chaudhary M K, Bhuyan R P, Sarmah B K. Evaluation of genetic diversity of tea [*Camellia sinensis* (L) Kuntze] germplasm of Assam based on characterization of flavour related metabolites [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2025, 72(6): 7061-7077

[18] Guo Y F, Li D L, Qiu H J, Zhang X L, Liu L, Zhao J J, Jiang D Y. Genome-wide association studies reveal the genetic basis of amino acid content variation in tea plants[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2023, 22(11): 3364-3379

[19] Jia X X, Zhang X L, Chen X L, Fernie A R, Wen W W. The horizontally transferred gene, *CsMTAN*, rewired purine traffic to build caffeine factories in tea leaves[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2026, 68(4): 1067-1081

[20] OuYang Y T, Rao K X, He L M, Song Q F, Wang X J, Xiong B, Niu S Z. Identification of *CsRNF144* as a key gene regulating di-hydroxy catechins accumulation in *Camellia tachangensis* through genome-wide association studies[J/OL]. *Horticultural Plant Journal*[2025-03-08]. DOI: 10.1016/j.hpj.2025.01.004

[21] Rao K X, OuYang Y T, Chen Y J, Wang X J, Liu T, Song Q F, Zhang S J, Xiong B, Niu S Z. Identification of *CsAK* as a critical caffeine-related upstream gene in tea accessions through genome-wide association study[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2026, 25(4): 1519-1530

[22] Wu Q D, Song L, Bai D C, Wang Y H, OuYang Y T, Rao K X, Song Q F, Wang J Y, Niu S Z, Ai Y J. Genome-wide association studies reveal potential candidate genes associated with amino acid in tea plants[J]. *PeerJ*, 2025, 13: e18969

[23] 宁功伟, 陈晓明, 成雅容, 段学良, 杨旭, 孙超, 李友勇, 邵金良, 刘本英, 王洪斌. 保山市代表性古茶树资源表型与生化组分多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2025, 26(5): 942-961
Ning G W, Chen X M, Cheng Y R, Duan X L, Yang X, Sun C, Li Y Y, Shao J L, Liu B Y, Wang H B. Phenotypic and biochemical components diversity of representative ancient tea germplasm resources in Baoshan City, China[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2025, 26(5): 942-961 (in Chinese)

[24] 梁金波, 马会杰, 胡双玲, 金孝芳, 崔清梅, 陈清华, 黄忠浩, 张强. 湖北恩施野生茶树种质资源生化成分多样性分析[J]. 福建农业学报, 2026, 41(1): 85-93
Liang J B, Ma H J, Hu S L, Jin X F, Cui Q M, Chen Q H, Huang Z H, Zhang Q. Diverse biochemistry of wild tea germplasms in Enshi, Hubei[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2026, 41(1): 85-93 (in Chinese)

[25] 田先先, 冯韶芳, 王青, 潘晨东, 李波, 方开星, 吴华玲, 秦丹丹. 连南大叶茶树种质资源生化特性分析与适制性评价[J]. 中国农业科学, 2025, 58(22): 4797-4812
Tian X X, Feng S F, Wang Q, Pan C D, Li B, Fang K X, Wu H L, Qin D D. Biochemical characteristics analysis and suitability evaluation of Liannan Daye tea germplasm resources[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2025, 58(22): 4797-4812 (in Chinese)

[26] 张小琴, 周富裕, 杨春, 张正秋, 胡家琴. 贵定鸟王种茶树资源农艺性状和品质性状多样性分析[J]. 分子植物育种, 2015, 13(2): 415-423
Zhang X Q, Zhou F Y, Yang C, Zhang Z Q, Hu J Q. Diversity of tea germplasm resource (*Camellia sinensis* 'Guiding-niaowangzhong') revealed based on agronomic and quality traits[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2015, 13(2): 415-423 (in Chinese)

[27] 孟繁博, 陈芝能, 黄道梅, 王宇, 金小菊, 陈邦贵. 茶树资源的品质及农艺性状多样性分析[J]. 种子, 2022, 41(2): 76-81
Meng F B, Chen Z N, Huang D M, Wang Y, Jin X J, Chen B G. Diversity analysis of quality and agronomic traits of tea tree resources[J]. *Seed*, 2022, 41(2): 76-81 (in Chinese)

[28] 曹雨, 乔大河, 赵华富, 王家伦, 陈娟, 陈正武, 何顺峰. 25份贵州镇宁野生茶树种质资源的表型及生化组分多样性分析[J]. 中国农学通报, 2018, 34(14): 81-88
Cao Y, Qiao D H, Zhao H F, Wang J L, Chen J, Chen Z W, He S F. Diversity analysis of 25 wild tea germplasms in Zhenning, Guizhou: phenotype and biochemical components[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2018, 34(14): 81-88 (in Chinese)

[29] 杨春, 吴昌敏, 石伟昌, 徐富林, 邓燕莉, 陈娟, 陈正武. 黎平地方茶树资源生化成分多样性分析及优异单株鉴选[J]. 种子, 2020, 39(10): 63-66,72
Yang C, Wu C M, Shi W C, Xu F L, Deng Y L, Chen J, Chen Z W. Diversity analysis of biochemical components of local tea tree resources in Liping region and excellent individual plant selection[J]. *Seed*, 2020, 39(10): 63-66,72 (in Chinese)

[30] 李燕, 徐富林, 杨春, 郭燕, 郭灿, 陈正武, 刘亚兵. 望谟地方茶树种质资源生化成分多样性分析及优异单株初筛[J]. 种子, 2022, 41(11): 62-70
Li Y, Xu F L, Yang C, Guo Y, Guo C, Chen Z W, Liu Y B. Analysis on biochemical components diversity in tea germplasm resources in Wangmo and preliminary screening of excellent individual plant[J]. *Seed*, 2022, 41(11): 62-70 (in Chinese)

[31] 杨春, 郭灿, 乔大河, 郭燕, 梁思慧, 李燕, 陈正武. 三都野生茶树表型性状

和生化组分多样性分析[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(8): 111-119
Yang C, Guo C, Qiao D H, Guo Y, Liang S H, Li Y, Chen Z W. Diversity analysis of phenotypic characters and biochemical components in Sandu wild tea plant[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2023, 51(8): 111-119 (in Chinese)

[32] 吴河饶, 任青艳, 陈莹, 黄大玉, 陈思冶, 韦圻, 刘应召, 蒋勇, 杨青华, 吴秀林, 田景卫, 伍家盛, 杨胜安, 陈涛林. 榕江茶(*Camellia yungkiangensis*)种质资源主要品质性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(5): 1367-1379
Wu H R, Ren Q Y, Chen Y, Huang D Y, Chen S Y, Wei Q, Liu Y Z, Jiang Y, Yang Q H, Wu X L, Tian J W, Wu J S, Yang S A, Chen T L. Genetic diversity analysis of main quality traits in *Camellia yungkianensis* germplasm resources[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(5): 1367-1379 (in Chinese)

[33] 李燕, 密孝增, 张小琴, 乔大河, 代新龙, 陈正武. 普安古茶树种质资源茶叶生化成分多样性分析[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(5): 984-995
Li Y, Mi X Z, Zhang X Q, Qiao D H, Dai X L, Chen Z W. Diversity analysis of biochemical components of ancient tea germplasm resources in Pu'an[J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2025, 41(5): 984-995 (in Chinese)

[34] 杨春, 杨代星, 苏胜峰, 梁思慧, 李燕, 郭燕, 乔大河, 密孝增, 陈正武. 贵州两地野生大厂茶嘌呤生物碱与儿茶素组分比较[J]. 浙江农业学报, 2024, 36(6): 1232-1244
Yang C, Yang D X, Su S F, Liang S H, Li Y, Guo Y, Qiao D H, Mi X Z, Chen Z W. Comparison of purine alkaloids and catechin components of wild Camellia tachangensis in Pu' an County and Panzhou County, Guizhou Province, China[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2024, 36(6): 1232-1244 (in Chinese)

[35] 杨春, 郭燕, 乔大河, 梁思慧, 李燕, 李彦福, 密孝增, 杨世雄, 陈正武. 盘州大厂茶(*Camellia tachangensis*)的生物碱类、儿茶素类及氨基酸类组成特性分析[J]. 西南农业学报, 2025, 38(3): 507-518
Yang C, Guo Y, Qiao D H, Liang S H, Li Y, Li Y F, Mi X Z, Yang S X, Chen Z W. Composition characteristics of alkaloids, catechins and amino acids in Panzhou *Camellia tachangensis*[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2025, 38(3): 507-518 (in Chinese)

[36] 项丽慧, 林清霞, 王丽丽, 陈林, 余文权. 不同固样方法对茶鲜叶主要品质成分的影响[J]. 福建农业学报, 2018, 33(5): 525-529
Xiang L H, Lin Q X, Wang L L, Chen L, Yu W Q. Effect of preservation methods on retention of main quality compnents in fresh tea leaves[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 33(5): 525-529 (in Chinese)

[37] GB/T 8313—2018. 茶叶中茶多酚和儿茶素类含量的检测方法[S]. 北京: 中国标准出版社, 2018
GB/T 8313—2018. Determination of total polyphenols and catechins content in tea[S]. Beijing: Standards Press of China, 2018 (in Chinese)

[38] 杨春, 梁思慧, 陈正武, 陈娟, 李燕, 乔大河, 郭燕, 张小琴. 黄色芽叶茶树新品种黄金芽自然杂交后代的生化品质分析[J]. 西南农业学报, 2023, 36(9): 1859-1868
Yang C, Liang S H, Chen Z W, Chen J, Li Y, Qiao D H, Guo Y, Zhang X Q. Biochemical quality analysis and evaluation of natural hybrid progenies from new tea variety with yellow bud leaf 'Huangjinya'[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2023, 36(9): 1859-1868 (in Chinese)

[39] GB/T 23193—2017. 茶叶中茶氨酸的测定 高效液相色谱法[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017
GB/T 23193—2017. Determination of theanine in tea: Using high performance liquid chromatography[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017 (in Chinese)

[40] 周远航, 鲁伟丹, 马小龙, 高江龙, 樊晓琴, 郭建富, 陈友强, 林明, 石书兵. 籽瓜种质资源表型性状鉴定及遗传多样性分析[J]. 中国农业大学学报, 2023, 28(8): 119-132
Zhou Y H, Lu W D, Ma X L, Gao J L, Fan X Q, Guo J F, Chen Y Q, Lin M, Shi S B. Phenotypic characters identification and genetic diversity analysis of seed melon germplasm resources [J]. *Journal of China Agricultural University*, 2023, 28(8): 119-132 (in Chinese)

[41] 张馨方, 郭燕, 张树航, 李颖, 刘金雨, 范丽颖, 王广鹏. 210份板栗种质资源坚果表型性状多样性分析[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(1): 90-103
Zhang X F, Guo Y, Zhang S H, Li Y, Liu J Y, Fan L Y, Wang G P. Diversity analysis of nut phenotypic traits of 210 Chinese chestnut germplasm resources[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(1): 90-103 (in Chinese)

[42] 赵孟良, 王丽慧, 任延靖, 孙雪梅, 侯志强, 杨世鹏, 李莉, 钟启文. 257份菊芋种质资源表型性状的遗传多样性[J]. 作物学报, 2020, 46(5): 712-724
Zhao M L, Wang L H, Ren Y J, Sun X M, Hou Z Q, Yang S P, Li L, Zhong Q W. Genetic diversity of phenotypic traits in 257 Jerusalem artichoke accessions[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(5): 712-724 (in Chinese)

[43] 郭惠欣, 李明昊, 许金石, 仝伯强, 鲁仪增, 刘丹, 胡德昌. 东北地区不同种源地胡桃楸果核表型性状多样性研究[J]. 林业科学研究, 2025, 38(2): 137-147
Guo H X, Li M H, Xu J S, Tong B Q, Lu Y Z, Liu D, Hu D C. Phenotypic character diversity of *Juglans mandshurica* stones from different provenances in Northeast China[J]. *Forest Research*, 2025, 38(2): 137-147 (in Chinese)

[44] Zhang Y R, Pan H Y, Wu Q, Zha Y N, Su J J, Li F D, Tong W, Zhang L, Xia E H. Natural variation in promoters of *F3′5′H* and *ANS* correlates with catechins diversification in *Thea* species of genus *Camellia*[J]. *The Plant Journal*, 2025, 121(6): e70108

[45] 李泰, 卢士军, 黄家章, 孙君茂. 土壤养分对'富士'苹果品质的影响: 基于3省6县苹果园调查[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(11): 30-38
Li T, Lu S J, Huang J Z, Sun J M. Effects of soil nutrients on the quality of 'Fuji' apple: Based on a survey of apple orchards in 6 counties in 3 provinces [J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(11): 30-38 (in Chinese)

[46] 张琦, 蒲婷婷, 王艺儒, 胡银凤, 李华威, 韩卫娟, 索玉静, 傅建敏. 不同柿种质果实品质多样性评价[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(2): 61-71
Zhang Q, Pu T T, Wang Y R, Hu Y F, Li H W, Han W J, Suo Y J, Fu J M. Quality diversity evaluation of different persimmon fruits[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(2): 61-71 (in Chinese)

[47] 杜孝敬, 张燕红, 文孝荣, 康民泰, 许文亭, 唐福森, 吕玉平, 李冬, 袁杰, 赵志强, 王奉斌. 355份粳稻种质资源在新疆的遗传多样性分析及综合评价[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(3): 13-26
Du X J, Zhang Y H, Wen X R, Kang M T, Xu W T, Tang F S, Lv Y P, Li D, Yuan J, Zhao Z Q, Wang F B. Genetic diversity analysis and

comprehensive evaluation of 355 introduced Japonica rice germplasm resources in Xinjiang[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(3): 13-26 (in Chinese)

[48] 薛亚鹏, 辛旭霞, 王若楠, 于筱菡, 刘少雄, 王瑞云, 刘敏轩. 国内外谷子资源农艺、品质性状差异分析以及遗传多样性研究[J]. 作物学报, 2024, 50(10): 2468-2482
Xue Y P, Xin X X, Wang R N, Yu X H, Liu S X, Wang R Y, Liu M X. Analysis of agronomic, quality traits and genetic diversity of domestic and foreign foxtail millet resources[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2024, 50(10): 2468-2482 (in Chinese)

[49] 王新超, 陈亮, 杨亚军. 广西茶树资源生化成分多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(3): 309-314, 319
Wang X C, Chen L, Yang Y J. Biochemical diversity analysis of tea germplasms in Guangxi[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2010, 11(3): 309-314, 319 (in Chinese)

[50] 王治会, 岳翠男, 李琛, 蔡海兰, 彭华, 李文金, 胡瑶根, 杨普香. 江西省茶树种质化学特性多样性分析与鉴定评价[J]. 江苏农业学报, 2020, 36(1): 172-179
Wang Z H, Yue C N, Li C, Cai H L, Peng H, Li W J, Hu Y G, Yang P X. Diversity analysis and evaluation of chemical characteristics of tea germplasms in Jiangxi Province[J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2020, 36(1): 172-179 (in Chinese)

[51] 郭佳璐, 璩馥榕, 蔡天晨, 赵洋, 杨培迪, 刘勇, 周跃斌, 刘振. 基于农艺性状和SNP分子标记的湖南78份茶树种质资源遗传多样性研究[J]. 茶叶科学, 2025, 45(2): 219-233
Guo J L, Qu F R, Cai T C, Zhao Y, Yang P D, Liu Y, Zhou Y B, Liu Z. Study on the genetic diversity of 78 tea germplasm resources in Hunan based on agronomic traits and SNP molecular markers[J]. *Journal of Tea Science*, 2025, 45(2): 219-233 (in Chinese)

[52] 王庆, 罗军武, 张征, 杨春, 廖寅平, 葛智文, 陈涛林, 冉立群. 青山野生茶树资源生物碱及儿茶素组分研究[J]. 湖南农业科学, 2013(5): 14-16, 20
Wang Q, Luo J W, Zhang Z, Yang C, Liao Y P, Ge Z W, Chen T L, Ran L Q. The components of alkaloid and catechin in wild tea tree resources from Qing mountain[J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2013(5): 14-16, 20 (in Chinese)

[53] Chen T L, Ge Z W, Yang X M, Wang X F, Zuo H, Liao Y P, Chen Z P, Zhang Z, Chen M L, Zhao J, Luo J W. Characterization of a new *Camellia* plant resource with low caffeine and high theobromine for production of a novel natural low-caffeine tea[J]. *Food Chemistry: X*, 2024, 23: 101586

[54] 杨春, 杨代星, 李燕, 梁思慧, 邓小强, 乔大河, 陈娟, 郭燕, 林开勤, 陈正武. 贵州大树茶形态学特征及生化成分综合分析[J]. 中国农业科学, 2024, 57(19): 3894-3916
Yang C, Yang D X, Li Y, Liang S H, Deng X Q, Qiao D H, Chen J, Guo Y, Lin K Q, Chen Z W. Comprehensive analysis of morphologic characters and biochemical components of Guizhou Dashu tea germplasms[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(19): 3894-3916 (in Chinese)

[55] 闵天禄. 世界山茶属的研究[M]. 昆明: 云南科技出版社, 2000
Min T L. *Monograph of the Genus Camellia*[M]. Kunming: Yunnan Science and Technology Press, 2000 (in Chinese)

[56] 白鼎臣, 何立敏, 李彩云, 牛素贞. 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
Bai D C, He L M, Li C Y, Niu S Z. Research and conservation status of the rare and endangered germplasm of *Camellia tachangensis* in Guizhou[J]. *Science & Technology Review*, 2023, 41(4): 58-64 (in Chinese)

[57] 金基强, 周晨阳, 马春雷, 姚明哲, 马建强, 陈亮. 我国代表性茶树种质嘌呤生物碱的鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(2): 279-285
Jin J Q, Zhou C Y, Ma C L, Yao M Z, Ma J Q, Chen L. Identification on purine alkaloids of representative tea germplasms in China[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, 15(2): 279-285 (in Chinese)

[58] Jin J Q, Ma J Q, Ma C L, Yao M Z, Chen L. Determination of catechin content in representative Chinese tea germplasms[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2014, 62(39): 9436-9441

[59] Mutuku A, Wanyoko J, Wachira F, Kamunya S, Chalo R, Kimutai S, Moseti K, Karori S. Influence of geographical regions on catechin and caffeine levels in tea (*Camellia sinensis*)[J]. *American Journal of Plant Sciences*, 2016, 7(3): 562-571

[60] 倪子鑫, 周子维, 刘彬彬, 高峰, 李林金, 武清扬, 邓慧莉, 孙云. "周宁高山云雾茶"绿茶风味成分分析研究[J]. 食品工业科技, 2021, 42(3): 214-221,229
Ni Z X, Zhou Z W, Liu B B, Gao F, Li L J, Wu Q Y, Deng H L, Sun Y. Study on flavor components in "Zhouning cloud-mist mountain Tea" green tea[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2021, 42(3): 214-221, 229 (in Chinese)

[61] 黄琳洁,徐凯,周承哲,石碧滢,田采云,卢丽,郭玉琼. 不同海拔政和白茶品质差异分析[J]. 食品科学, 2023, 44(16): 274-283
Huang L J, Xu K, Zhou C Z, Shi B Y, Tian C Y, Lu L, Guo Y Q. Quality differences of Zhenghe white tea from different altitudes[J]. *Food Science*, 2023, 44(16): 274-283 (in Chinese)

[62] Chen G H, Yang C Y, Lee S J, Wu C C, Tzen J T C. Catechin content and the degree of its galloylation in oolong tea are inversely correlated with cultivation altitude[J]. *Journal of Food and Drug Analysis*, 2014, 22(3): 303-309

[63] Tian X M, Chen S, Zhong Q S, Wang J Y, Chen J D, Chen L, Moon D, Ma J Q. Widely targeted metabolomics analysis reveals the effect of cultivation altitude on tea metabolites[J]. *Agronomy*, 2024, 14(4): 812

[64] Han W Y, Huang J G, Li X, Li Z X, Ahammed G J, Yan P, Stepp J R. Altitudinal effects on the quality of green tea in East China: A climate change perspective[J]. *European Food Research and Technology*, 2017, 243(2): 323-330

[65] Xiang P, Wilson I W, Huang J X, Zhu Q F, Tan M, Lu J, Liu J H, Gao S L, Zheng S Z, Lin D Y, Zhang Y, Lin J K. Co-regulation of catechins biosynthesis responses to temperature changes by shoot growth and catechin related gene expression in tea plants (*Camellia sinensis* L)[J]. *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 2021, 96(2): 228-238

[66] Wang M, Yang J, Li J L, Zhou X C, Xiao Y Y, Liao Y Y, Tang J C, Dong F, Zeng L T. Effects of temperature and light on quality-related metabolites in tea [*Camellia sinensis* (L) Kuntze] leaves [J]. *Food Research International*, 2022, 161: 111882

[67] 刘梦月, 孙悦, 韦朝领, 宋博, 陈志丹, 曹士先, 孙威江. 茶树功能性成分的

遗传多样性分析及综合评价[J]. 植物资源与环境学报, 2023, 32(5): 28-38
Liu M Y, Sun Y, Wei C L, Song B, Chen Z D, Cao S X, Sun W J. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation on functional components of tea tree (*Camellia sinensis*) [J]. *Journal of Plant Resources and Environment*, 2023, 32(5): 28-38 (in Chinese)

[68] 曹盛, 王治会, 熊安平, 袁干军, 曾斌, 张成才, 侯思同, 王尧尧, 杨普香. 赣南茶区10个引种茶树品种的品质成分及多样性分析[J]. 南方农业学报, 2025, 56(10): 3059-3069
Cao S, Wang Z H, Xiong A P, Yuan G J, Zeng B, Zhang C C, Hou S T, Wang Y Y, Yang P X. Analysis of quality components and diversity of ten cultivars of introduced tea plants in the Gannan tea area[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2025, 56(10): 3059-3069 (in Chinese)

责任编辑: 董金波



第一作者简介: 杨春,硕士,副研究员。主要从事茶树品种选育、种质资源评价与利用等工作。主持国家重点研发计划课题子任务1项、贵州省科学技术基金项目2项。近5年以第一作者发表论文13篇,其中SCI 1篇、中文核心期刊12篇。



通讯作者简介: 陈正武,研究员。主要从事茶树资源与育种研究及新品种推广。主持国家自然科学基金项目1项、省部级科技项目13项。以第一作者或通讯作者发表论文40余篇,其中SCI论文10余篇。选育国家登记茶树品种4个。2022年荣获“贵州省五一劳动奖章”。