



蔡艳飞,施自明,王继华,杨颖婕,田敏,崔尹瞻,赵培飞. 现代月季中咖啡酸 O-甲基转移酶(*COMT*)基因家族的鉴定及表达分析[J]. 中国农业大学学报, 2026,31(08):8-21.

CAI Yanfei, SHI Ziming, WANG Jihua, YANG Yingjie, TIAN Min, CUI Yinshan, ZHAO Peifei. Genome-wide identification of the *COMT* gene family in *Rosa hybrida* and its role in pink flower color formation[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2026, 31(08):8-21.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2026.08.02

现代月季中咖啡酸 O-甲基转移酶(*COMT*)基因家族的鉴定及表达分析

蔡艳飞¹ 施自明¹ 王继华² 杨颖婕¹ 田敏¹ 崔尹瞻³ 赵培飞^{1*}

(1. 云南省农业科学院 花卉研究所, 昆明 650205;

2. 云南省农业科学院, 昆明 650205;

3. 云南普利斯生物科技有限公司, 昆明 650051)

摘要 为系统鉴定现代月季中 *COMT* 基因家族, 探讨其与粉色花形成的潜在关联, 利用隐马尔可夫模型 (HMM) 和同源比对的方法, 从现代月季品种‘萨曼莎’基因组中鉴定 *COMT* 基因家族成员, 并对其理化性质、系统发育关系、启动子顺式作用元件和表达模式进行系统分析, 同时结合不同花色花瓣中的花青素代谢物含量和加权基因共表达网络分析 (WGCNA), 解析 *RhCOMT* 与花色形成之间的关系。结果表明: 在现代月季基因组中共鉴定到 99 个 *RhCOMT* 基因。系统发育和保守基序分析表明, *RhCOMT* 基因在进化上具有较高保守性, 同时存在明显的功能分化。全基因组复制 (WGD) 是 *RhCOMT* 家族扩张的主要驱动力。启动子分析发现大量与光响应、激素信号转导、胁迫响应及黄酮类化合物生物合成相关的顺式作用元件。表达谱分析显示, *RhCOMT* 基因具有明显的组织特异性, 其中部分基因在花中高表达, 而部分基因则主要在茎叶中表达。进一步比较白花、粉花和红花月季发现, 多数 *RhCOMT* 基因在粉色花中具有较高表达水平, 表明这些基因可能参与粉色花形成过程。WGCNA 分析进一步筛选得到 7 个枢纽 *RhCOMT* 基因, 这些基因与花青素积累呈显著负相关, 暗示 *RhCOMT* 可能通过调控花青素修饰和代谢流分配影响粉色花的形成。本研究系统解析了现代月季 *COMT* 基因家族的特征, 并揭示了 *RhCOMT* 与粉色花形成之间的潜在关系, 为月季花色形成机制解析及分子育种提供了重要理论基础和候选基因资源。

关键词 现代月季; 咖啡酸 O-甲基转移酶; 基因家族; 花青素

中图分类号 S476.14

文章编号 1007-4333(2026)08-0008-14

文献标志码 A

Genome-wide identification of the *COMT* gene family in *Rosa hybrida* and its role in pink flower color formation

CAI Yanfei¹, SHI Ziming¹, WANG Jihua², YANG Yingjie¹, TIAN Min¹,
CUI Yinshan³, ZHAO Peifei^{1*}

(1. Flower Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China;

2. Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China;

3. Yunnan Pulis Biotechnology Co., Ltd., Kunming 650051, China)

Abstract To systematically identify and characterize the *COMT* gene family in modern rose and to explore its potential association with pink flower formation, Hidden Markov Model (HMM) and homology-based approaches were used to identify *COMT* family members from the genome of the modern rose cultivar ‘Samantha’.

收稿日期: 2026-03-12; 接受日期: 2026-05-22

基金项目: 云南省创新引导与科技型企业培育计划项目 (202404BI090009); 云南省院士专家工作站项目 (202405AF140121); 云南省重大科技专项计划项目 (202402AE090018); 云南省基础研究计划项目 (202501CF070036); 国家大宗蔬菜产业技术体系项目 (CARS-23-G56)

第一作者: 蔡艳飞 (ORCID: 0000-0001-9350-8169), 研究员, 主要从事花卉遗传育种研究, E-mail: caiyanfei1013@126.com

通讯作者: 赵培飞 (ORCID: 0009-0003-5411-6455), 研究员, 主要从事月季育种研究, E-mail: 598787003@qq.com

Physicochemical properties, phylogenetic relationships, gene structures, promoter cis-acting elements, and expression patterns of *RhCOMTs* were systematically analyzed. In addition, anthocyanin metabolite contents and weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) were integrated to investigate the relationship between *RhCOMTs* and floral coloration. A total of 99 *RhCOMT* genes were identified in the modern rose genome. Phylogenetic and conserved motif analyses indicated that *RhCOMTs* were evolutionarily conserved but functionally diversified. Whole-genome duplication (WGD) was identified as the major driving force underlying *RhCOMT* family expansion. Promoter analysis revealed numerous cis-acting elements related to light responsiveness, hormone signaling, stress responses, and flavonoid biosynthesis. Expression profiling demonstrated obvious tissue specificity among *RhCOMT* genes, with some members highly expressed in flowers, while others were predominantly expressed in stems and leaves. Comparative analysis among white-, pink-, and red-flowered roses showed that most *RhCOMT* genes exhibited relatively high expression levels in pink flowers, suggesting their potential involvement in pink flower formation. WGCNA further identified seven hub *RhCOMT* genes were significantly negatively correlated with anthocyanin accumulation, implying that *RhCOMTs* may influence pink flower formation through regulating anthocyanin modification and metabolic flux distribution. Overall, this study provides the first systematic characterization of the *COMT* gene family in modern rose and reveals the potential relationship between *RhCOMTs* and pink flower formation. These findings provide valuable candidate genes and a theoretical foundation for future studies on flower color regulation and molecular breeding in rose.

Keywords *Rosa hybrida*; caffeic acid O-methyltransferases; gene family; anthocyanin

现代月季(*Rosa hybrida*)是全球最具经济价值的观赏作物之一,因其花色、香气、花型结构及采后保鲜期等丰富的花卉特性而备受推崇。在这些特性中,花色是决定其商业价值和消费者偏好的主要因素。月季花瓣的颜色呈现出惊人的多样性,从白色、黄色到粉色、红色、橙色以及多色斑纹,这主要取决于花青素、类胡萝卜素和黄酮醇等特殊代谢产物的组成、积累和修饰^[1]。花青素是赋予花朵粉色、红色、紫色和蓝紫色调的主要色素。除了总色素含量外,最终的可见颜色还受到花青素化学结构的强烈影响,尤其是羟基化、糖基化、酰基化和甲基化修饰^[2]。在这些过程中,甲基化尤为重要,因为它能改变色素的稳定性、溶解性和光谱特性,从而导致花瓣色泽发生细微但具有重要商业意义的变化。芍药素和矮牵牛素等甲基化花青素,是通过区域选择性甲基转移反应由矢车菊素或飞燕草素前体衍生而来,通常会导致颜色表型向更红、更粉或更稳定的方向转变^[3]。粉色花的形成是花瓣中花青素动态变化叠加与精细化调控的结果,是由低到中等水平的花青素和背景色相叠加形成的。尽管在阐明月季色素生物合成途径方面已取得重大进展,但颜色多样化和精细调控背后的分子机制仍未完全明了。月季花色的差异不仅取决于花青素的总积累量,还取决于花青素的修饰过程,如甲基化^[4]。与红色花朵相比,粉色花朵通常表现出较低的花青素积累量

和更微妙的色素组成差异,这表明色素修饰和代谢微调在粉色形成中可能发挥着特别重要的作用。

O-甲基转移酶(OMTs)是一个多样化的酶超家族,能够催化S-腺苷-L-蛋氨酸(SAM)上的甲基转移至多种受体分子的羟基上。在植物中,OMTs参与众多生物过程,包括木质素生物合成、苯丙素代谢、黄酮类修饰、应激适应以及激素相关途径^[5-8]。根据序列特征和底物偏好,植物OMTs通常分为两大类:咖啡酰-CoA-O-甲基转移酶样蛋白(CCoAOMTs)、咖啡酸/COMT样蛋白(COMTs)。CCoAOMTs通常与单木质素及细胞壁代谢相关,而COMT型酶往往具有更广泛的底物特异性,可催化涉及黄酮类、花青素及其他酚类化合物的甲基化反应。除木质素合成外,OMT还催化形成甲氧基化黄酮,这是其影响花青素从而决定植物花色的重要功能^[4, 9]。蓝莓中的VcCCoAOMT5是一种具有广泛底物选择性的双功能酶,能够对花青素(如飞燕草素-3-O-葡萄糖苷)、木质素(如咖啡酸)代谢途径的前体进行甲基化修饰。同时,蓝莓果实中VcCCoAOMT5的瞬时过表达显著提高了甲基化花青素的含量^[10]。番茄中的COMT对其花青素多样化具有重要作用,该酶对糖基化花青素表现出很强的亲和力,而对其他黄酮苷和游离苷则亲和力较弱,基因被沉默后番茄中的主要甲基化花青素的含量显著降低^[11]。COMT参与了葡萄果皮中大多数

甲基化黄酮类化合物的合成,葡萄中甲基化花青素的积累模式和 *COMT* 基因的表达模式相同。在催化功能方面, *COMT* 表现出对 3', 5' 甲基化的偏好, 且其过表达促进了锦葵色素-3-O-芸香糖苷的积累^[12-13]。芍药中的 *COMT* 在芍药属植物的紫色形成中起着重要作用, *COMT* 负责芍药植物中花青素糖苷的甲基化, *COMT* 基因的表达水平与芍药花瓣中花青素的积累情况一致^[14]。已有研究报道了多种植物物种中 *COMT* 基因家族的全基因组研究, 揭示了广泛的基因复制事件、结构多样化以及组织特异性表达模式。 *VcCOMT38* 在蓝莓果实发育过程中显著促进木质素合成、提高果实硬度, 并影响种子数量和木质素单体组成^[15]。作为参与苯丙素代谢的关键甲基转移酶, *COMT* 能够催化花青素甲基化, 从而影响色素的稳定性、色调以及代谢流的分布。尽管 *COMT* 基因已被证实参与多种植物物种的黄酮类物质修饰, 但其在现代月季中粉色花朵形成过程中的进化特征及潜在作用仍未知。因此, 本研究聚焦于 *COMT* 基因家族, 并提出特定的 *RhCOMTs* 可能通过花青素修饰及调控花青素代谢途径, 促进粉色花瓣的形成。

作为一种高度杂合且经过密集培育的物种, 现代月季经历了复杂的驯化过程和反复的杂交, 从而形成了丰富的表型多样性, 扩大了次生代谢的变异范围^[16]。这些进化过程可能也塑造了参与色素形成途径的多基因家族的结构和功能。本研究拟对现代月季中的 *COMT* 基因家族进行全基因组范围的鉴定与特征分析, 系统分析了该家族的系统发育关系、保守基序、染色体分布及复制模式; 此外, 还考察了选定 *COMT* 基因在色素沉着差异显著的花部组织中的表达谱, 以鉴定可能参与花青素甲基化和花瓣颜色形成的候选基因, 为 *COMT* 基因的功能研究提供了宝贵基础, 并为通过育种和生物技术改良月季花色提供了新的分子靶点。

1 材料与方法

1.1 月季中 *OMT* 基因家族的鉴定

OMT 基因家族的甲基转移酶结构域 (*COMT*, PF00891) 序列从 PFAM 数据库 (<http://pfam.xfam.org/>) 获得。栽培种月季‘萨曼莎’ ($2n=4x=28$) 的基因组数据从 figshare 数据库下载 (<https://doi.org/10.6084/m9.figshare.22774097>^[17]), 该基

因组总大小为 2.151 Gb, 挂载到 4 套不同的单倍型染色体。使用 HMMER V3.1b1 和 e 值 $\leq e^{-10}$ 搜索具有 *COMT* 结构域的序列。利用拟南芥和水稻的 *COMT* 基因序列作为参考进行 BLAST 寻找月季基因组中可能的 *COMT* 基因家族, e 值 $\leq e^{-10}$ 。进一步通过 CDD (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd/>) 检测蛋白质结构域筛选目标基因, 通过 ExPASy 专家蛋白质分析系统 (<https://web.expasy.org/protparam/>) 分析 *COMT* 基因家族的特征和基本信息, 亚细胞定位通过 WoLFPSort (<https://wolfpsort.hgc.jp/>) 在线服务器进行预测, *COMT* 基因的染色体定位图像由 MG2C (http://mg2c.iask.in/mg2c_v2.1/) 生成。

1.2 系统发育树构建

为了研究不同物种间 *COMT* 蛋白的关系, 以模式物种拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)、近缘物种皱叶玫瑰 (*Rosa rugosa*)、古老月季 (*Rosa chinensis*) 为参考序列, 使用 MUSCLE v3.8.1551 软件对 4 个物种中鉴定的 177 个 *COMT* 蛋白序列进行多重比对分析。使用 iqtree 2.0.7 软件, 采用最大似然法 (ML) 和 MFP 模型构建系统发育树, Bootstrap 检验设定 1 000 次重复, 以评价系统发育树的统计可靠性, 该树通过 R 4.6.0 的 ggtree 包进行可视化。

1.3 基序和顺式作用元件分析

通过 MEME 5.4.1 (<https://meme-suite.org/meme/tools/meme>) 分析了 *COMT* 成员的保守蛋白质基序, 其中基序宽度为 20~100 个氨基酸, 数量为 5 个。使用 TBtools 和 PlantCARE 数据库 (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) 鉴定了编码 *RhCOMT* 基因序列上游 2 000 kb 的基因组序列中的顺式作用调控元件。

1.4 花色素含量和 *RhCOMT* 基因表达分析

本研究的月季种质生长于国际花卉技术创新中心 (昆明, 中国) 的温室内。对 19 份不同花色 (粉色、红色和白色) 的现代月季种质的茎、叶和花组织进行采样并进行转录组测序 (无生物学重复), 以分析 *RhCOMT* 基因在不同组织中的表达情况。对 5 例不同颜色的现代月季盛花期的花瓣进行靶向代谢组学 (无生物学重复)、转录组测序 (3 个生物学重复), 分析花色素含量和 *RhCOMT* 基因表达情况, 具体样本情况见表 1。

表 1 种质特性与取样组织

Table 1 Germplasm characteristics and sampled tissues

种质名称 Germplasm	花色 Flower color	取样组织 Sample tissue	试验 Experiment
JK66	粉色	茎、叶、花	转录组测序
CSDM36	粉色	茎、叶、花	转录组测序
R101	绿色+红色	茎、叶、花	转录组测序
R103	粉色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD60	粉色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD41	红色	茎、叶、花	转录组测序
CSDM45	红色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD3	红色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD51	红色	茎、叶、花	转录组测序
CSDM29	白色	茎、叶、花	转录组测序
R16	红色	茎、叶、花	转录组测序
XLS58	红色	茎、叶、花	转录组测序
MOERHE2M	红色	茎、叶、花	转录组测序
CSDM23	红色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD44	红色	茎、叶、花	转录组测序
JK83	红色	茎、叶、花	转录组测序
R79	白色	茎、叶、花	转录组测序
R15	白色	茎、叶、花	转录组测序
R19	白色	茎、叶、花	转录组测序
DEBD49	粉色	花	转录组测序,靶向代谢组
DEBD68	红色	花	转录组测序,靶向代谢组
DEBD37	红色	花	转录组测序,靶向代谢组
M15	红色	花	转录组测序,靶向代谢组
W	白色	花	转录组测序,靶向代谢组

转录组的原始测序数据经过 fastp 0.23.4 软件质控得到干净数据,使用 HISAT 2.2.1 软件比对到‘萨曼莎’的基因组^[17],再使用 featureCounts2.0.6 软件基于基因水平进行表达定量分析。靶向代谢组学分析是在 AB QTRAP® 6500+LC-MS/MS 系统中进行的,下机质谱数据和包含 413 种花青素及其通路物质的花青素数据库对比进行定性,根据峰面积积分和标准曲线对比进行定量。使用 R4.3.1 软件的 pheatmap 包绘制热图、ggplot 包绘制柱状图。基于标准化表达数据,使用 R 语言中的加权基因共表达网络分析(WGCNA)包构建了权重基因共表达网络。根据无标度拓扑准则选择软阈值,以确保网络结构近似于无标度网络。采用带符号的邻接矩阵计算拓扑重叠度,并利用动态树切割算法结合最小模块大小阈值来识别模块。随后,根据模块特

征基因的相似性,将密切相关的模块进一步合并。Cytoscape 3.10.4 软件被用于绘制网络图,连通性高的基因被选为枢纽基因。

2 结果与分析

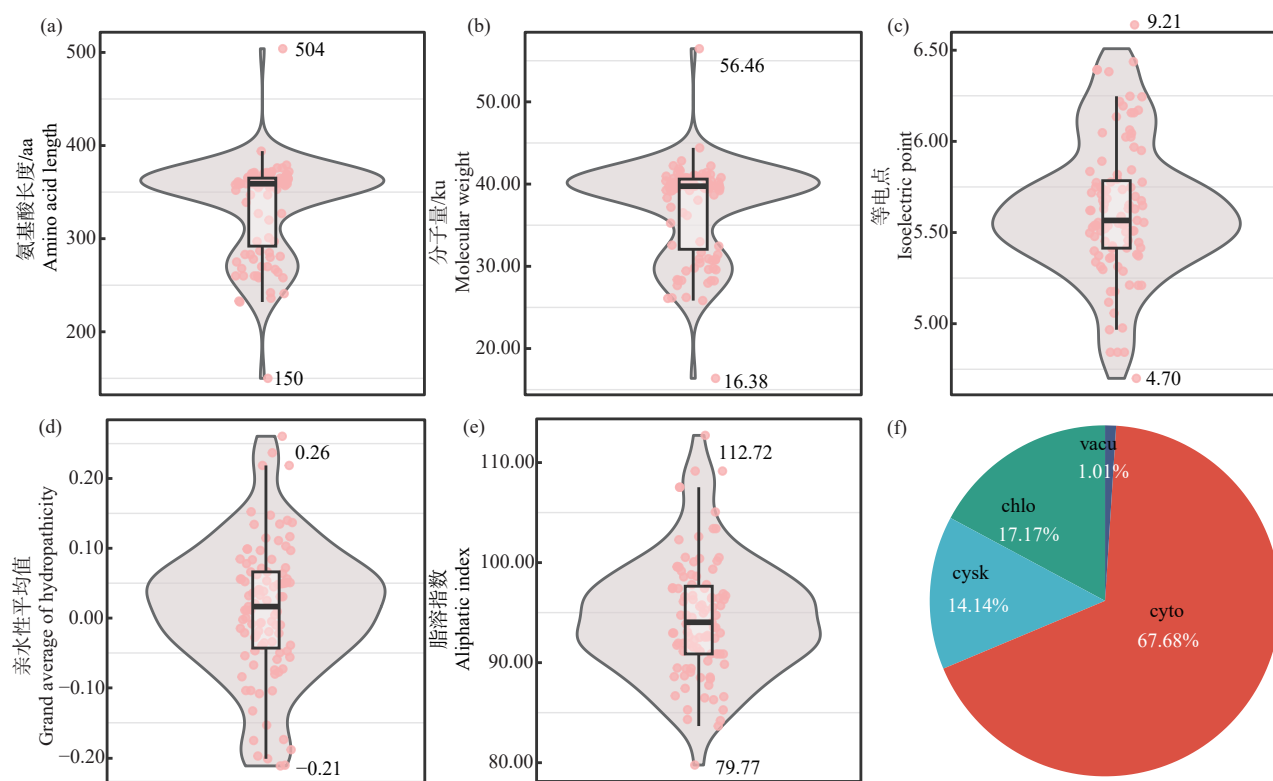
2.1 现代月季‘萨曼莎’中 *COMT* 基因家族的鉴定与理化特性

为了全面鉴定现代月季中 *COMT* 基因家族的成员,本研究以现代月季品种‘萨曼莎’的基因组为基础,整合了多种互补策略,包括隐马尔可夫模型(HMM)搜索和基于同源性的 BLAST 分析。在剔除冗余序列和不完整的候选基因后,共鉴定出 99 个 *COMT* 家族成员,它们分布在‘萨曼莎’的 28 条染色体中的 25 条上。Rh*COMT* 的蛋白质性质存在显著差异,表明该基因家族内部的结构和功能多样性很

高。预测的RhCOMT蛋白的氨基酸长度范围为150~504 aa,平均长度为335 aa(图1(a))。这表明某些成员可能是截短蛋白,或是在进化过程中发生过结构域增减的蛋白,而其他成员则保留了相对完整的催化结构。预测的RhCOMT蛋白的分子量(MW)差异显著,范围为16.38~56.46 ku,平均值为37.10 ku(图1(b)),这与观察到的氨基酸长度变异一致。理论等电点(pI)值范围为4.70~9.21,平均值为5.65(图1(c)),表明大多数RhCOMT蛋白呈弱酸性。这种PI的差异可能反映了细胞内微环境适应、底物相互作用或翻译后调控方面的差异。疏水性分析显示,疏水性总平均值(GRAVY)的范围为-0.21~0.26,平均值为0.01(图1(d))。大多数RhCOMT蛋白的GRAVY值是负值或接近零,表明它们主要是亲水性蛋白。此外,脂肪族指数的范围为79.77~112.72,平均值为94.49(图1(e)),

这表明许多RhCOMT蛋白在各种生理条件下可能具有相对较高的结构稳定性。

亚细胞定位预测进一步揭示了RhCOMT家族成员的功能多样性。大多数RhCOMT蛋白(67.68%)被预测定位于细胞质(cyto)中,这表明细胞质甲基化反应可能是该家族在月季中的主要功能;17.17%的RhCOMT被预测定位于叶绿体(chlo),这表明它们可能参与叶绿体相关的苯丙素代谢或应激响应代谢;约14.14%被预测定位于细胞骨架(cysk),而仅有1.01%被分配至液泡(vacu)(图1(f))。这些多样化的定位模式表明,RhCOMT蛋白可能参与不同细胞区室中的多种代谢过程。序列长度、理化参数及预测的亚细胞定位的广泛变异表明,现代月季中的COMT基因家族已经历了显著分化,这可能是其在木质素生物合成以及花色调控中发挥专门功能的基础。



(a)氨基酸长度分布;(b)蛋白质分子量分布;(c)理论等电点分布;(d)疏水性总平均值(GRAVY)分布;(e)脂肪族指数分布;(f)RhCOMT蛋白亚细胞定位统计。cyto:细胞质,chlo:叶绿体,cysk:细胞骨架,vacu:液泡。

(a) Amino acid length distribution; (b) Molecular weight distribution of proteins; (c) Theoretical isoelectric point distribution; (d) Grand average of hydropathicity (GRAVY) distribution; (e) Aliphatic index distribution; (f) Subcellular localization statistics of RhCOMT proteins. cyto: Cytoplasm; chlo: Chloroplast; cysk: Cytoskeleton; vacu: Vacuole.

图1 RhCOMT基因家族成员的蛋白理化性质及亚细胞定位预测

Fig. 1 Prediction of physicochemical properties and subcellular localization of *RhCOMT* gene family members

2.2 *COMT* 基因家族的系统发育关系与复制模式

为了探究 *COMT* 基因家族的进化关系及潜在的功能分化,利用 17 条拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)、27 条皱叶玫瑰 (*Rosa rugosa*)、34 条古老月季 (*Rosa chinensis*) 以及 99 条现代月季共 177 条全长 *COMT* 蛋白序列构建了最大似然系统发生树(图 2(a))。Rh*COMT* 蛋白分布于全部的 9 个支系中,表明 *COMT* 基因家族在月季进化过程中经历了显著的分化,暗示 Rh*COMT* 可能已进化出多种催化特异性和生物功能。与二倍体月季‘月月粉’和野生近缘种皱叶玫瑰相比,现代月季中检测到的 *COMT* 基因数量更多。相比之下,某些亚类群在现代月季中出现明显的物种特异性,这暗示了观赏植物中存在谱系特异性的基因复制和适应性扩张。为了进一步探索 Rh*COMT* 家族的扩张机制,对基因复制模式进行了分析(图 2(b))。研究表明,多种复制模式共同促成了现代月季中 *COMT* 基因的扩张,包括串联重复(Tandem)、转置重复(Transposed)、近端重复(Proximal)、全基因组复制(WGD)事件。其中,WGD 是主要的扩张模式,而部分 Rh*COMT* 成员也通过近端重复产生,在特定染色体上形成了局部的基因簇。一部分 Rh*COMT* 源自串联重复事件,这表明大规模基因组复制在现代月季基因组进化过程中保留 *COMT* 同源基因方面也发挥了重要作用。系统发育和复制分析表明,现代月季中的 *COMT* 基因家族通过多种进化机制经历了广泛的扩张和多样化。

2.3 Rh*COMT* 基因的基因结构与保守基序分析

对所有鉴定到的 Rh*COMT* 成员的保守蛋白质基序(motif)进行了分析(图 3)。结果发现,不同 Rh*COMT* 成员之间的基因结构存在显著差异,表明在现代月季中,该基因家族在进化扩张过程中发生了广泛的结构分化。高度保守的基序在绝大多数 Rh*COMT* 蛋白中广泛存在,表明这些基序可能代表了 O-甲基转移酶活性所必需的核心催化或底物结合区域。尽管同一系统发育亚群内的成员具有相似的基序组成和排列,但在不同的分支之间也检测到了明显的差异。某些 Rh*COMT* 缺乏 1 个或多个保守基序,或表现出独特的基序组合,这暗示了潜在的功能特化或底物特异性分化。此外,绝大多数 Rh*COMT* 基因都含有 Methyltransf_2 和 dimerization 结构域,这也是 *COMT* 的核心结构域。

因此,*COMT* 基因表现出高度相似的基序分布和基因结构,这些基因在复制后保留了保守的生物功能。基序分析表明,Rh*COMT* 家族既具有强烈的进化保守性,又呈现出显著的结构多样化。

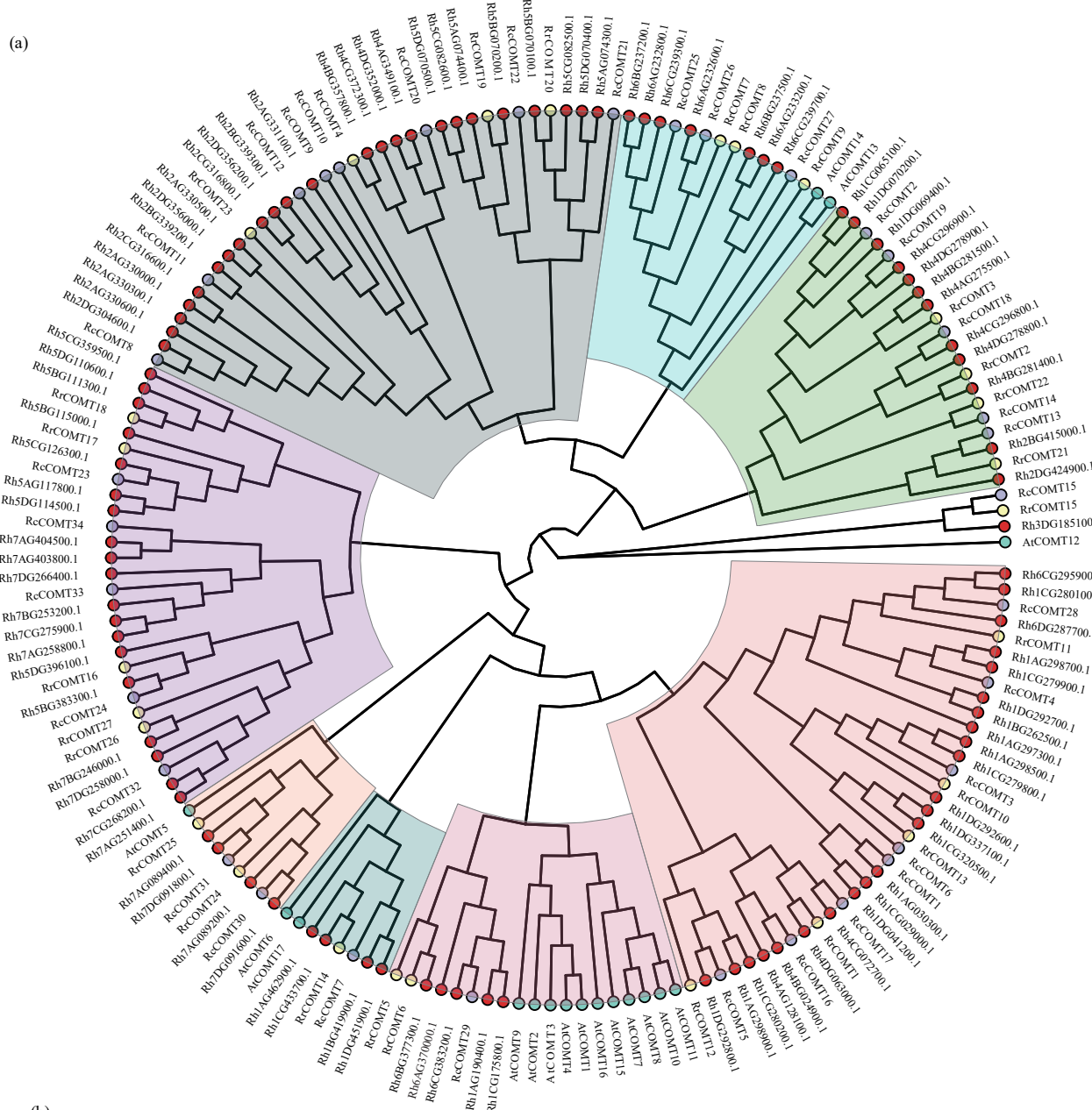
2.4 Rh*COMT* 基因启动子区域的顺式作用元件分析

为了进一步探索 Rh*COMT* 基因的潜在调控机制,对上游启动子区域内的顺式作用调控元件进行了分析(图 4)。在 Rh*COMT* 基因的启动子区域中鉴定出大量顺式作用元件,表明 Rh*COMT* 的表达可能受多种发育和环境信号的调控。在这些元件中,环境信号顺式作用元件数量最多,且广泛分布于几乎所有的 Rh*COMT* 启动子中。光响应的顺式作用元件在 Rh*COMT* 启动子中广泛存在,还检测到大量激素响应元件,包括与脱落酸(ABA)、茉莉酸甲酯(MeJA)、生长素、赤霉素和水杨酸信号通路相关的元件。一些 Rh*COMT* 启动子中含有与黄酮类化合物生物合成相关的顺式作用元件以及 MYB 转录因子结合位点,表明其可能参与花青素或黄酮类化合物的甲基化途径,从而参与花瓣着色的调控。此外,不同 Rh*COMT* 基因在顺式作用元件的组成和丰度上存在显著差异,这暗示了 Rh*COMT* 家族成员之间可能存在功能分化及差异性的调控机制。启动子分析表明,Rh*COMT* 基因可能受光、植物激素、应激反应及次生代谢途径的复杂信号网络调控。

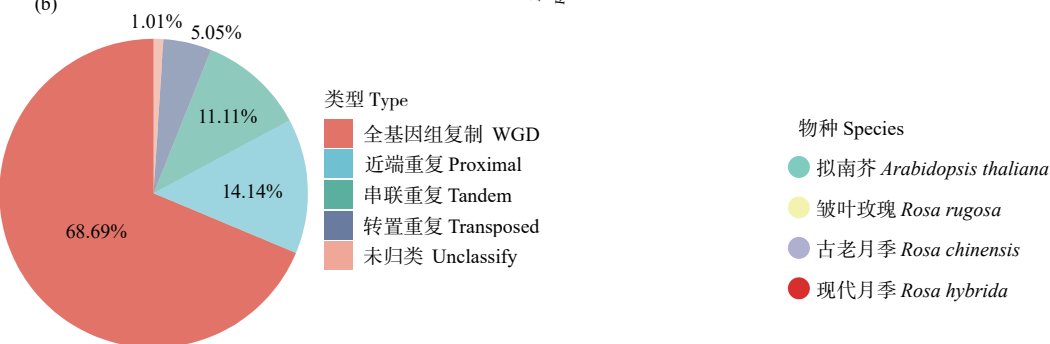
2.5 Rh*COMT* 基因在不同组织及不同花色中的表达谱

为进一步探究 Rh*COMT* 基因的潜在生物学功能,基于转录组数据分析了这些基因在茎、叶和花中的表达模式(图 5(a))。结果显示,Rh*COMT* 家族成员呈现出明显的组织特异性表达模式,表明在月季发育和次生代谢过程中存在显著的功能分化。69 个 Rh*COMT* 基因在茎和叶中高表达,而 10 个基因在花中的表达水平更高。部分 Rh*COMT* 基因(包括 Rh2AG330000.1、Rh2AG330500.1、Rh4DG063000.1 和 Rh2DG304600.1)表现出强烈的花特异性表达,但在营养组织中的转录丰度相对较低(图 5(b))。这些在花中特异性高表达的 Rh*COMT* 可能参与花朵的次生代谢途径,特别是与色素沉着和花青素修饰相关的途径。与之相反的是另外一些 Rh*COMT*s 在茎和叶中的表达水

(a)



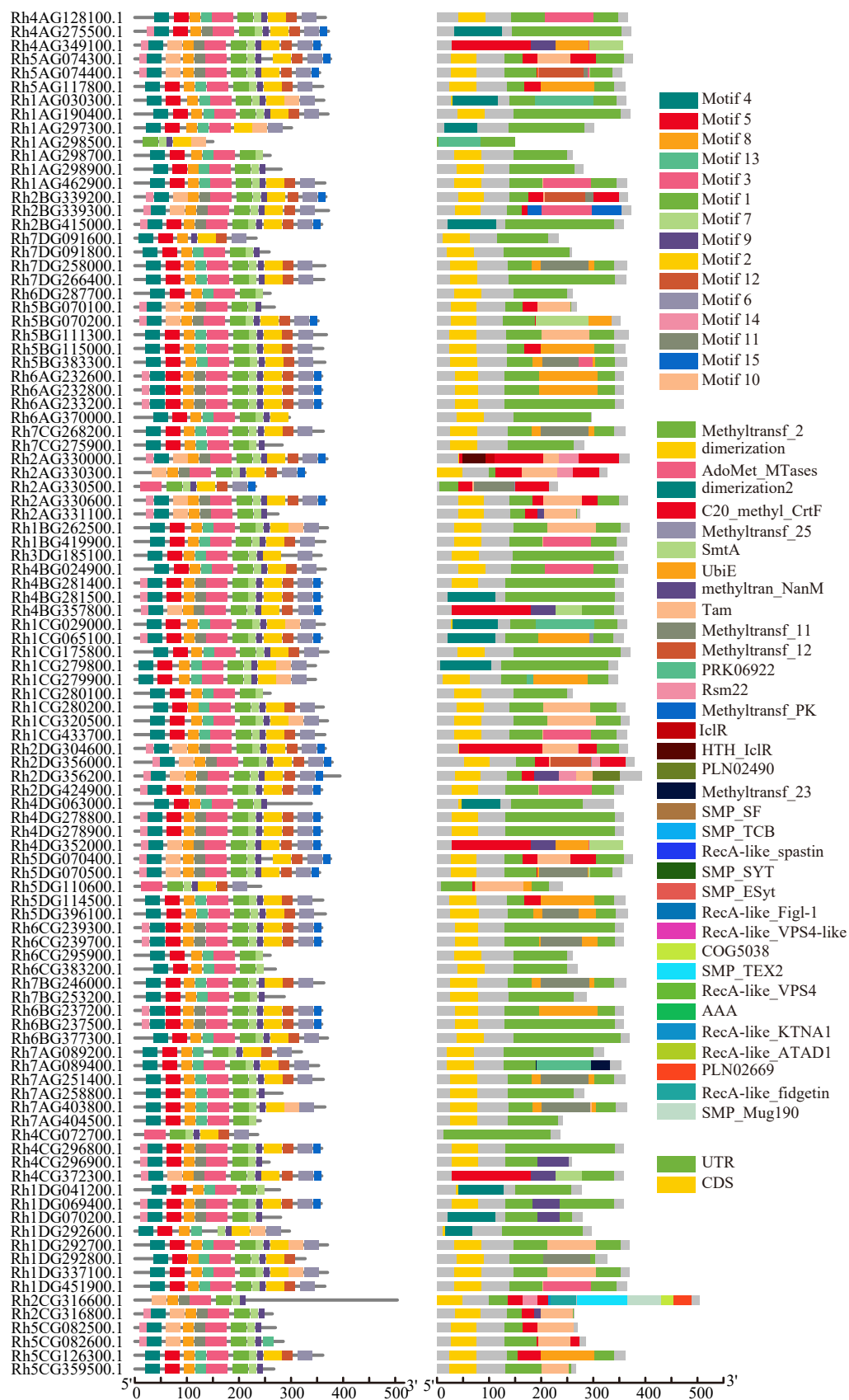
(b)

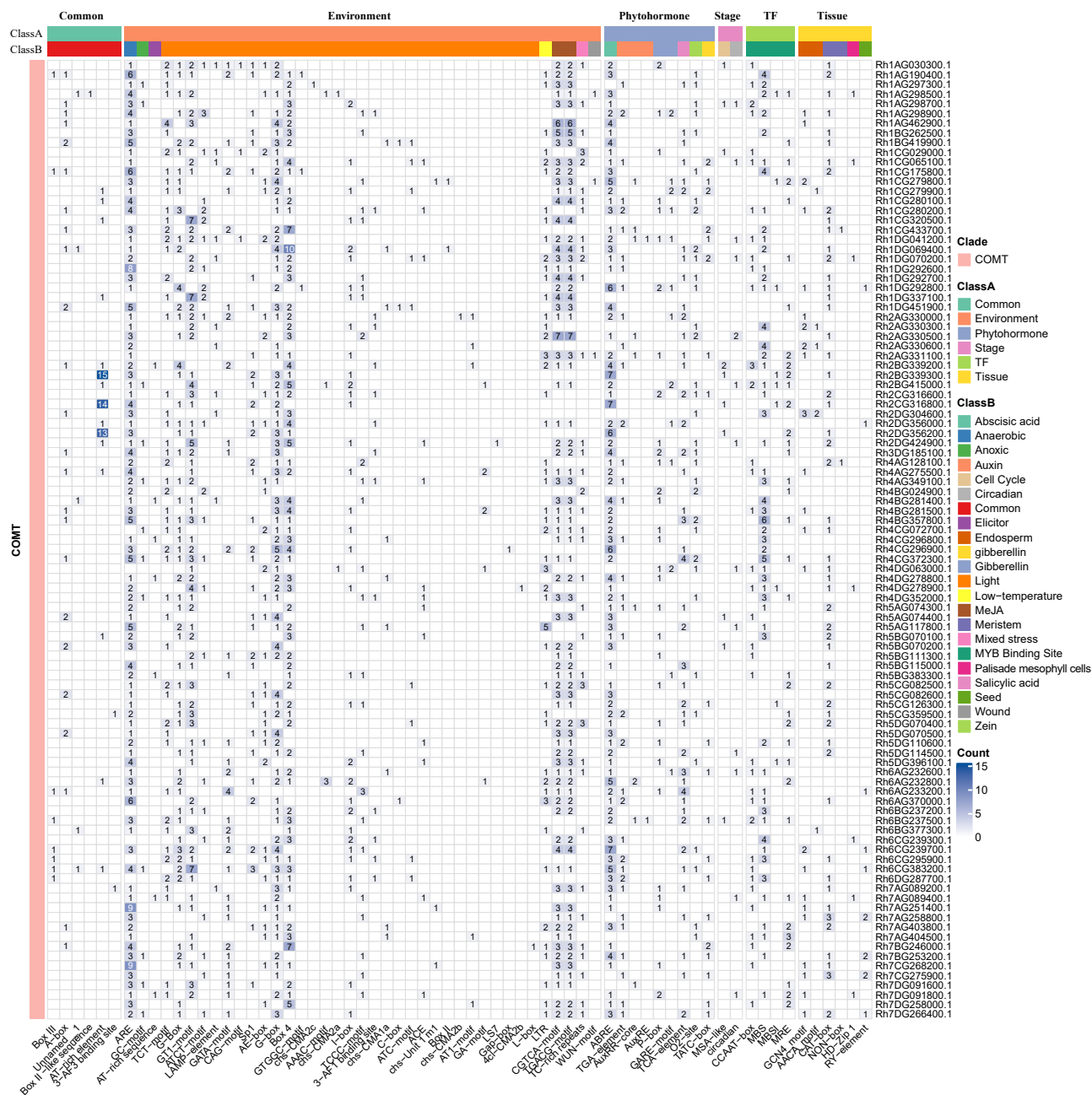


(a) *COMT* 基因系统发育树; (b) *RhCOMT* 基因复制模式分析饼图
(a) Phylogenetic tree of *COMT* genes; (b) Pie chart of *RhCOMT* gene duplication pattern analysis

图2 *COMT* 基因的系统发育树及复制模式分析

Fig. 2 Phylogenetic tree of *COMT* genes and duplication pattern analysis

图 3 *RhCOMT* 基因家族保守蛋白基序分析Fig. 3 Analysis of conserved protein motifs of the *RhCOMT* gene family

图4 *RhCOMT* 基因启动子区域顺式作用元件分布分析Fig. 4 Analysis of cis-acting elements in the promoter regions of *RhCOMT* genes

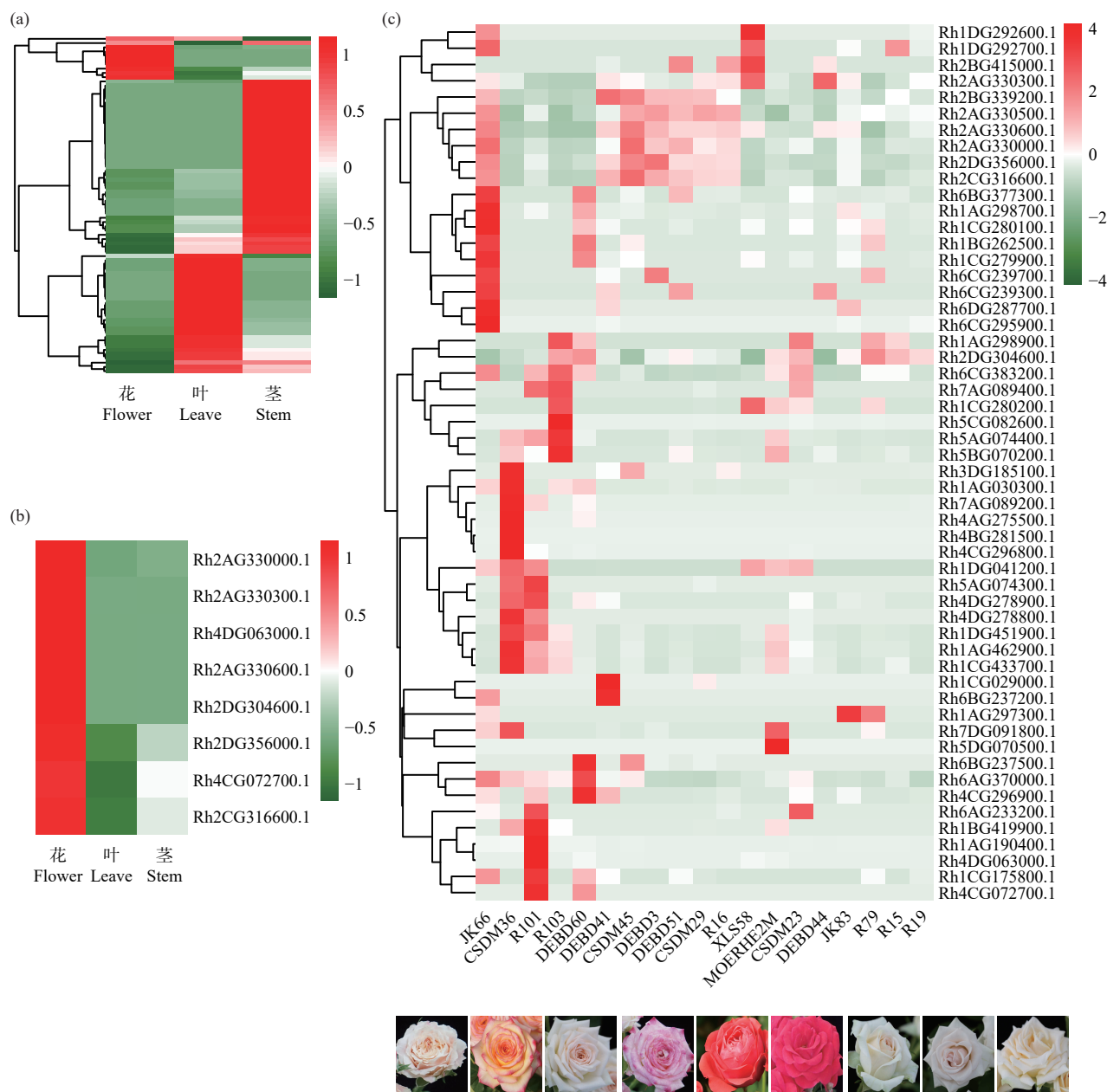
平高于花中,暗示其可能参与木质素生物合成和结构性苯丙素代谢。

为进一步阐明 *RhCOMT* 基因与花色之间的关系,随后对不同颜色(包括白色、粉色和红色)花瓣中的 *RhCOMT* 表达谱进行了分析(图5(c))。不同花色组之间观察到明显的转录差异,表明 *RhCOMT* 的表达与花瓣色素沉着多样性密切相关。与白色和红色花朵相比,大多数 *RhCOMT* 基

因在粉色花朵中的表达水平相对较高。若干候选基因在粉色花瓣中表现出特别强烈的转录积累,而在白色花朵中其表达水平则相对较低。这种表达趋势表明,这些 *RhCOMT* 基因可能在现代月季粉色色素的形成或稳定中发挥重要作用。值得注意的是,某些 *RhCOMT* 在红色花朵中的表达水平低于在粉红色花朵中观察到的水平,表明 COMT 介导的甲基化可能更多地参与色素修饰和颜色的

精细调节,而非仅仅增加花青素的总积累量,粉红色花瓣中 *RhCOMT* 表达水平的升高可能有助于积累与粉红色泽相关的特定甲基化花青素衍生

物。这些结果表明 *RhCOMT* 基因在现代月季中表现出明显的组织特异性及与花色相关的表达分化。



(a) *RhCOMT* 基因在茎、叶、花不同组织中的表达模式; (b) 花部高表达 *RhCOMT* 基因在各组织中的特异性表达特征; (c) *RhCOMT* 基因在不同颜色玫瑰花瓣中的表达模式比较。花朵从左到右依次为: JK66、CSDM36、R103、DEBD60、DEBD41、CSDM45、R79、R15 和 R19。热图右侧颜色条代表各样本中经 Z-score 标准化后的每百万转录本数 (transcripts per million, TPM)。下同。

(a) Expression patterns of *RhCOMT* genes in different tissues including stems, leaves and flowers; (b) Specific expression characteristics of *RhCOMT* genes highly expressed in flowers among various tissues; (c) Comparison of expression patterns of *RhCOMT* genes in rose petals of different colors. The flowers from left to right are JK66, CSDM36, R103, DEBD60, DEBD41, CSDM45, R79, R15 and R19. Color scales on the right side of the heatmap represent Z-score normalized transcripts per million (TPM) values across samples. The same below.

图 5 *RhCOMT* 基因在不同组织及不同颜色花瓣中的表达模式分析

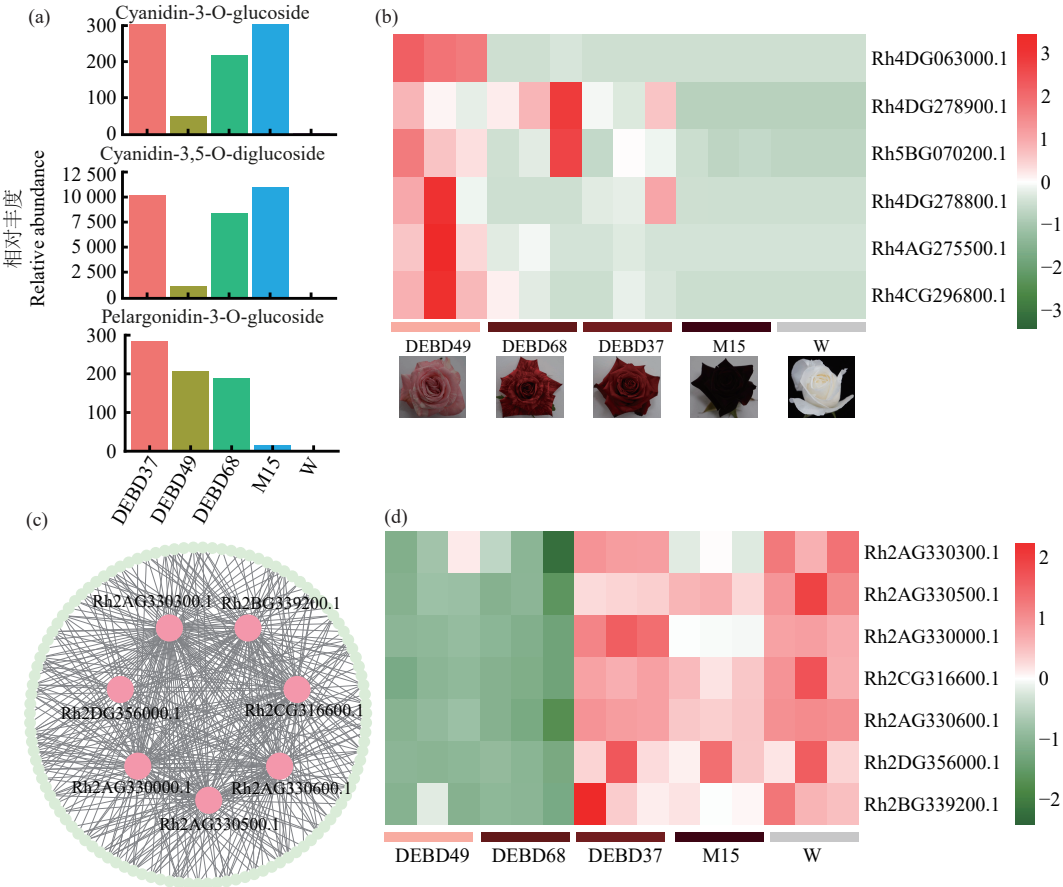
Fig. 5 Expression pattern analysis of *RhCOMT* genes in different tissues and petals of different colors

2.6 *RhCOMT* 基因与花色素积累的相关性分析

为进一步探索 *RhCOMT* 基因与花色形成之间的潜在关系,测定了不同颜色花瓣中的矢车菊素-3,5-O-二葡萄糖苷、矢车菊素-3-O-葡萄糖苷和天竺葵素-3-O-葡萄糖苷的含量(图 6(a))。在所测试的月季品种中,花青素积累量存在显著差异,结果呈现出含量随着颜色越深越红就越高的趋势。矢车菊素-3,5-O-二葡萄糖苷在粉色和红色花朵中的积累量相对较高,而在白色花朵中其含量明显降低。相比之下,天竺葵素-3-O-葡萄糖苷在不同品种中的积累模式各不相同,表明不同的花青素衍生物对现代月季的花色贡献各异。选取另一组粉色、红色和白色花朵的月季材料分析在粉色花朵中表达水平相对较高的 *RhCOMT* 基因,这些基因在粉色花中的表达量最高,而白色花中的表达量最低,红色

花中的表达量低于粉色花(图 6(b))。这些 *RhCOMT* 基因在不同花色组之间的表达差异进一步证实了它们可能参与与色素沉着相关的代谢过程,尤其是粉色花中的高表达很可能是精细化调控的结果。

为探究 *RhCOMT* 与花青素代谢物之间的共表达关系,本研究通过整合转录组和代谢组数据集进行了加权基因共表达网络分析。选择软阈值 $\beta=13$ 的分析结果,多个 *RhCOMT* 基因被归入 green 模块,表明这些基因可能参与花青素的合成调控通路。相关性分析表明,绿色模块与 3 种关键花青素衍生物均呈负相关,尤其是天竺葵素-3-O-葡萄糖苷的积累。这些结果表明,green 模块内的 *RhCOMTs* 可能参与花青素修饰、代谢流重分配或竞争性苯丙素代谢途径,而非直接促进花青素积



(a)不同月季中花青素的丰度;(b)粉色花中高表达的 *RhCOMT* 基因在不同颜色花瓣中的表达谱;(c)green 模块的共表达网络;(d)枢纽基因在不同颜色花瓣中的表达谱

(a) Relative abundance of major anthocyanin metabolites; (b) Expression profile of *RhCOMT* genes highly expressed in pink flowers; (c) Co-expression regulatory network of the green module; (d) Expression patterns of hub *RhCOMT* genes in petals with different colors

图 6 不同颜色玫瑰花瓣中 *RhCOMT* 基因与花青素积累量的相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis between *RhCOMT* genes and anthocyanin accumulation in rose petals with different colors

累。为进一步鉴定绿色模块内的关键调控基因,构建了共表达调控网络,并根据网络连接性筛选出7个*RhCOMT*基因作为枢纽基因(图6(c))。这些枢纽*RhCOMT*基因与其他共表达基因存在广泛的相互作用,表明它们可能在花青素相关调控网络中占据核心位置。与红色花朵相比,这7个核心*RhCOMT*基因在粉红色花朵中的表达水平均相对较低(图6(d))。这种表达模式与多种花青素衍生物的积累趋势相反,暗示这些核心*RhCOMT*基因可能负向调控花青素积累,或参与降低花青素含量的代谢转化过程。综上,*RhCOMT*基因与现代月季的花青素代谢网络密切相关,*COMT*介导的甲基化或苯丙素代谢调控可能有助于月季花瓣花色着色的精细调节及色彩多样化的形成。

3 讨论与结论

OMTs是参与植物次生代谢的重要酶类,可催化包括木质素前体、黄酮类化合物和花青素在内的多种酚类化合物的甲基化。甲基化修饰不仅影响代谢物的生化特性,还影响色素沉着、应激反应、结构发育以及环境适应性。本研究对现代月季中的*COMT*亚家族进行了全面的全基因组表征,并通过系统发育、结构、表达及共表达分析,进一步探讨了其参与花色形成的潜在机制,研究结果为月季中*COMT*基因的进化分化与功能特化提供了新的见解。

在现代月季品种‘萨曼莎’的基因组中,共鉴定出99个*COMT*基因,与其他几种植物物种的报道数量相比,现代月季中检测到更多的*COMT*基因数目,表明在现代月季驯化过程中,反复杂交、基因组重构及人工选择可能促成了该家族的扩张。这一模式与现代月季源自多种祖先物种反复杂交的复杂育种历史相一致。花青素的生物合成和修饰主要发生在与内质网相关的细胞质酶复合体上,大多数定位于细胞质的*RhCOMT*很可能是参与黄酮类化合物甲基化的候选酶。系统发生分析表明*COMT*家族经历了谱系特异性的扩张,WGD是*RhCOMT*家族内主要的扩张模式,这一模式与月季基因组进化的特性一致^[16-17]。类似的,之前在葡萄基因组中鉴定出47个*OMT*成员,其在染色体上分布不均,且部分基因存在串联重复,该基因家族的扩张主要是由基因复制推动的^[13]。多种复制模式的共存表明,*RhCOMT*在进化过程中可能经历了广

泛的亚功能化和新功能化。

基因保守结构域分析表明,所有*RhCOMT*均保留了Methyltransf_2域的C端催化域,该域包含一个SAM/SAH结合口袋和一个底物结合位点,表明*RhCOMT*具有经典的甲基供体结合能力和催化能力。这和在薰衣草和白颖藁草中的发现一致,*COMT*对调控黄酮类化合物的生物合成具有重要意义^[18-19]。顺式作用元件分析表明,*RhCOMT*启动子中含有大量与光响应、激素信号传导、应激反应及次生代谢相关的调控基序。光在月季花朵着色过程中对花青素生物合成的调控起着至关重要的作用^[20],*RhCOMT*的表达可能与光信号协同调控月季花朵中的花青素生物合成。生长素(IAA)等激素对花瓣中花青素的生物合成以及防止花色褪色至关重要,之前的研究表明激素是现代月季花瓣着色和颜色保持过程中的关键调节因子^[21]。多种激素响应元件的存在进一步表明*RhCOMTs*可能参与连接发育信号与花青素代谢的复杂信号网络,共同参与现代月季的花色形成^[22]。若干*RhCOMT*启动子中含有MYB结合元件和黄酮类相关调控基序,这表明*RhCOM*可能在MBW(MYB-bHLH-WD40)转录复合体下游发挥作用,并参与花青素分子的甲基化介导修饰^[2,22]。

表达谱分析结果显示,*RhCOMT*基因具有明显的组织特异性,这支持了该基因家族内部存在广泛的功能分化。此前已有大量研究报道,其他植物物种中的*OMT*基因家族也呈现类似的组织依赖性表达模式,其中不同的同源基因通常参与苯丙素代谢的不同分支^[23-24]。在茎和叶中高表达的*RhCOMT*基因可能在木质素生物合成和维管发育中具有保守的功能。花是花青素生物合成、挥发物产生以及黄酮类物质修饰的高活性场所,在花中特异性高表达的*RhCOMT*基因可能与花瓣着色相关。在粉色花瓣中高表达的*RhCOMTs*可能通过甲基化修饰花青素从而有助于稳定或丰富与粉色表型相关的花青素。在观赏植物中,粉红色通常是由中等程度的花青素积累,结合特定的花青素组成和修饰状态共同形成的^[25]。由于甲基化可改变花青素的光学性质,粉色花瓣中*RhCOMT*的表达上调可能促进了特定甲基化花青素衍生物的形成,从而造就了更柔和的粉色调。*RhCOMT*的表达在红色花朵中并非最高,这表明浓烈的红色素沉积可能主要依赖于花

青素生物合成流的增强^[20]。粉红色可能代表一种调控更为精细的色素沉积状态,涉及适度的花青素积累与特定的甲基化模式相结合。

*RhCOMTs*可能参与花青素代谢调控,而非直接促进色素积累。花青素衍生物在粉色和红色花朵中的积累水平相对较高,证实了花青素组成对现代月季花色多样性的重要贡献。*RhCOMT*家族包含功能上分化的成员,它们参与苯丙素代谢的不同分支。WGCNA识别出的绿色模块中与3种花青素代谢物均呈现显著负相关的*RhCOMT*基因可能反映了*COMT*在花青素代谢中的复杂调控作用,这些核心*RhCOMTs*可能代表另一功能亚群,其主要与竞争性的苯丙素代谢途径相关,而非直接促进花青素积累。*COMTs*并不一定能增加花青素的总积累量,它们可能通过催化甲基化反应来修饰花青素结构并改变代谢流^[15]。*COMT*活性的升高可能将花青素中间体重重新导向本研究中未直接测定的甲基化衍生物,例如芍药素或锦葵色素相关的化合物。特定*RhCOMTs*表达量的增加可能导致未甲基化花青素的积累减少,从而解释了所观察到的负相关关系。这些核心基因在粉色花朵中的表达降低,可能减少了对共同苯丙素中间代谢物的代谢竞争,从而促进了花青素的积累和粉色着色。另一种可能的解释是,某些*RhCOMT*争夺木质素生物合成与花青素生物合成共用的苯丙素底物。与木质素相关的*COMT*活性增强,可能会将代谢流从花青素积累中转移,从而导致色素含量降低。这种代谢竞争在苯丙素代谢途径中很常见^[24],该途径中底物的分配对次生代谢物的组成有着显著影响。7个枢纽*RhCOMT*在粉色花朵中的表达水平相对较低,说明某些*RhCOMT*的抑制可能有利于与粉色着色相关的花青素的积累。换言之,甲基化活性的降低可能保留更高水平未甲基化的花青素,从而促进粉色花朵表型的形成。*COMT*活性的降低可能维持更有利于粉红色形成的花青素组成,而不是直接形成更浓的红色。*COMT*蛋白具有广泛的底物特异性,尽管属于同一基因家族,不同的*RhCOMT*成员可能催化不同的底物。*RhCOMT*的功能具有复杂性,不同的*RhCOMT*成员可能根据其底物特异性和表达背景,对花色形成产生不同甚至相反的影响。因此,整体高表达与枢纽基因下调2种现象共存,很可能反映了*RhCOMT*家族内部的功能分化。某些*RhCOMT*可能积极促进色素修饰,

而另一些则可能通过代谢流的重新分配对花青素积累产生负面影响。

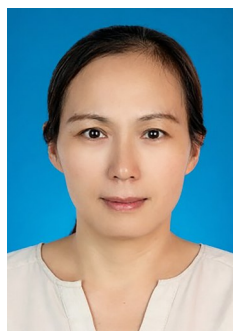
本研究首次对现代月季中的*COMT*基因家族进行了全面表征,揭示了*RhCOMT*成员之间广泛的进化分化、结构变异以及组织特异性表达模式。结果表明特定的*RhCOMT*可能在月季粉红色花朵形成中发挥重要作用。这些发现不仅拓展了我们对观赏植物次生代谢调控的认识,还为月季的分子育种和花色改良提供了宝贵的候选基因。未来针对*RhCOMT*候选基因的功能验证研究,将进一步阐明花朵着色的分子机制,并有望促进具有新颖或增强观赏性状的月季品种的培育。

参考文献 References

- [1] Zhao D Q, Tao J. Recent advances on the development and regulation of flower color in ornamental plants[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6: 261
- [2] Chen C X, Hussain N, Ma Y X, Zuo L X, Jiang Y H, Sun X M, Gao J P. The ARF2 - MYB6 module mediates auxin-regulated petal expansion in rose [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2023, 74(15): 4489-4502
- [3] Li X Q, Bu F Q, Zhang M, Li Z Z, Zhang Y, Chen H W, Xue W J, Guo R H, Qi J Z, Kim C, Kawabata S, Wang Y, Zhang Q Z, Li Y H, Zhang Y. Enhancing nature's palette through the epigenetic breeding of flower color in chrysanthemum[J]. *New Phytologist*, 2025, 245(5): 2117-2132
- [4] Zhu Z Q, Xing S T, Zan W X, Wang Y T, Wu Q K, Yu Y Y. An O-methyltransferase gene, RrCCoAOMT1, participates in the red flower color formation of *Rosa rugosa*[J]. *Scientia Horticulturae*, 2024, 336: 113402
- [5] Deng Y N, Yang P, Zhang Q L, Wu Q W, Feng L F, Shi W J, Peng Q, Ding L, Tan X K, Zhan R T, Ma D M. Genomic insights into the evolution of flavonoid biosynthesis and O-methyltransferase and glucosyltransferase in *Chrysanthemum indicum*[J]. *Cell Reports*, 2024, 43(2): 113725
- [6] Lombe B K, Zhou T A, Caputi L, Ploss K, O'connor S E. Biosynthetic origin of the methoxy group in quinine and related alkaloids[J]. *Angewandte Chemie International Edition*, 2025, 64(5): e202418306
- [7] Li N, Zhu S Y, Bai L L, Li B Z, Liu Z H. Revolutionizing lignin valorization: Key advances in demethylation, methylation, and methyl metabolism[J]. *Biotechnology Advances*, 2025, 83: 108634
- [8] Peng Z X, Song L Z, Chen M H, Liu Z Y, Yuan Z Y, Wen H, Zhang H P, Huang Y, Peng Z W, Yang H B, Li G, Zhang H X, Hu Z H, Li W Y, Wang X, Larkin R M, Deng X X, Xu Q, Chen J J, Xu J. Neofunctionalization of an *OMT* cluster dominates polymethoxyflavone biosynthesis associated with the domestication of citrus[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2024, 121(14): e2321615121
- [9] Ma J B, Wei L R, Huang K Y, Wang D C, Gao J M, Chen X, Guo H M, Gao S Y, Zhang M, Li S J, Yu C J, Zhao J, Wu J N, Gu Q, Kim S T, Gupta R, Xiong G S, Lo C, Liu Y F, Wang Y M. Biosynthesis of sakuranetin regulated by OsMPK6-OsWRKY67-OsNOMT cascade enhances resistance to false smut disease[J]. *New Phytologist*, 2025, 245(3): 1216-1231
- [10] Liu Y S, Fan R Y, Li Y D, Lv M W, Pei J B, Deng Y, Wang L S. Evolutionary analysis and bifunctionality of VcCCoAOMT5: A Key O-methyltransferase involved in both lignin and anthocyanin biosynthesis in highbush blueberry[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2026, 74(1): 632-646

- [11] Gomez Roldan M V, Outchkourov N, Van Houwelingen A, Lammers M, Romero De La Fuente I, Ziklo N, Aharoni A, Hall R D, Beekwilder J. An O-methyltransferase modifies accumulation of methylated anthocyanins in seedlings of tomato[J]. *The Plant Journal*, 2014, 80(4): 695-708
- [12] Hugueney P, Provenzano S, Verri   S C, Ferrandino A, Meudec E, Batelli G, Merdinoglu D, Cheynier V R, Schubert A, Ageorges A S. A novel cation-dependent O-methyltransferase involved in anthocyanin methylation in grapevine[J]. *Plant Physiology*, 2009, 150(4): 2057-2070
- [13] Lu S W, Zhuge Y X, Hao T Y, Liu Z J, Zhang M W, Fang J G. Systematic analysis reveals O-methyltransferase gene family members involved in flavonoid biosynthesis in grape[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2022, 173: 33-45
- [14] Du H, Wu J, Ji K X, Zeng Q Y, Bhuiya M W, Su S, Shu Q Y, Ren H X, Liu Z A, Wang L S. Methylation mediated by an anthocyanin, O-methyltransferase, is involved in purple flower coloration in *Paonia* [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2015, 66(21): 6563-6577
- [15] Liu Y S, Fan R Y, Chen L, Pei J B, Deng Y, Dong K, Wang L S. Unveiling the role of VcCOMT38 as a specific O-methyltransferase for enhancing lignin biosynthesis: insights from blueberry and cross-species analysis [J]. *Horticultural Plant Journal*, 2026, 12(1): 85-98
- [16] Zhang X N, Lan L, Yang Y X, Guan H L, Peng D, Jiang H L, Wu Q S, Huang R, Liao X Z, Lin S N, Gong D S, Huang B Y, Bellot C, Sz  csi J, Bao M, Bendahmane M, Fu X P, Wu Z Q, Pan W H. Pangenomic analyses of rose uncover widespread structure variation and empower genomics-directed breeding[J]. *Nature Genetics*, 2026, 58(5): 1164-1175
- [17] Zhang Z, Yang T, Liu Y, Wu S, Sun H H, Wu J, Li Y H, Zheng Y, Ren H R, Yang Y Y, Shi S C, Wang W Y, Pan Q, Lian L J, Duan S W, Zhu Y X, Cai Y M, Zhou H G, Zhang H, Tang K X, Cui J P, Gao D, Chen L Y, Jiang Y H, Sun X M, Zhou X F, Fei Z J, Ma N, Gao J P. Haplotype-resolved genome assembly and resequencing provide insights into the origin and breeding of modern rose[J]. *Nature Plants*, 2024, 10(11): 1659-1671
- [18] Zhang K, Cui H T, Cao S H, Yan L, Li M N, Sun Y. Overexpression of *CrCOMT* from *Carex rigescens* increases salt stress and modulates melatonin synthesis in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant Cell Reports*, 2019, 38(12): 1501-1514
- [19] Shi P X, Liu Y N, Wang Y, Li L, Liang Y C, Lin H J, Yuan Z N, Ding G H. Physiological and molecular regulatory mechanism of flavonoid metabolite biosynthesis during low temperature adaptation in *Lavandula angustifolia* Mill [J]. *BMC Plant Biology*, 2024, 24(1): 1263
- [20] Yan Y H, Zhao J X, Lin S N, Li M L, Liu J Y, Raymond O, Vergne P, Kong W, Wu Q S, Zhang X N, Bao M Z, Bendahmane M, Fu X P. Light-mediated anthocyanin biosynthesis in rose petals involves a balanced regulatory module comprising transcription factors RhHY5, RhMYB114a, and RhMYB3b [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2023, 74(18): 5783-5804
- [21] Ma X J, Li D L, Cai J, Yang S Q, Wang D, Zhang Q, Li Q S, Peng R Y, Jian H Y, Wang L H, Wang Q G, Yan H J, Qiu X Q, Tang K X, Jing W K. Auxin response factor, RhARF8 contributes to rose flower color fading via regulating anthocyanin biosynthesis by directly activating RhCHS a/c promoter activity [J]. *Ornamental Plant Research*, 2025, 5(1): e021
- [22] Yang H P, Wu Y K, Yuan C X, Yin H Q, Xiang L, Wu X W, Deng H L, Sun B, Chan Z L, Wang Y P. An R2R3-MYB transcription factor TgMYB44 positively regulates petal senescence by enhancing ABA biosynthesis in tulip [J]. *Plant Cell Reports*, 2026, 45(2): 49
- [23] Wang H B, Ou X M, Zhang J N, Yang C, Zhang Z H, Kanwal F, Zou X T, Yang J, Wang S C. Pan-genome analysis reveals the evolutionary dynamics and functional divergence of the O-methyltransferase gene family in tomato [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2026, 68(4): 1201-1217
- [24] Li S L, Cai Y T, Ma H M, Chen S Q, Yang R Y, Zheng J, Zhou X, He J W, Wu D, Liu Y X, Chen G J, Chen C M, Zhu Z S. A comprehensive analysis of the O-methyltransferase gene family in the chili pepper (*Capsicum annuum*) identifies COMT36 involved in capsaicinoids biosynthesis [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2025, 312: 144247
- [25] Yin H T, Wang Y C, Li Y M, Wu M Q, Yang X T, Lu S J, Liao Y, Yin J M, Li C H. Characterization of the varied output from the anthocyanin pathway in Phalaenopsis-type *Dendrobium* hybrids and its relationship with flower coloration [J]. *Scientia Horticulturae*, 2024, 325: 112697

责任编辑：董金波



第一作者简介：蔡艳飞，博士，现任云南省农业科学院花卉研究所研究员。致力于切花月季、高山杜鹃、山茶等特色花卉的开发利用，重点开展遗传育种、生理生态适应性及产业化应用关键技术研究。云南省兴滇英才支持计划入选者，获云南省科技进步特等奖和二等奖各1项；主持或作为主要完成人参与国家及省部级重大项目20余项；获授权新品种和发明专利30余项，发表论文20余篇，参编专著2部，制定标准和主推技术4项。



通讯作者简介：赵培飞，硕士，现任云南省农业科学院花卉研究所研究员。主要从事花卉新品种选育、试验示范及科技成果的转化工作，在花卉科技成果转化及推广方面具备丰富实践经验并取得一定成绩。主持及参与各类科研项目20余项，发表研究论文20余篇。参与的科研工作获云南省科技进步一等奖、二等奖、三等奖各1项；获国家授权新品种30余个，云南省注册新品种44个；获国家授权专利10余项。