钟梦滢,韩豫,崔雨童,等.独占春×美花兰F_1代主要观赏性状遗传变异分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(3):43-53.
Zhong M Y, Han Y, Cui Y T,et al.Genetic variation analysis of main ornamental traits in F_1 of *Cymbidium eburneum* × *C. insigne*[J].Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(3):43-53.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202412033

独占春×美花兰F_1代主要观赏性状遗传变异分析

钟梦滢,韩豫,崔雨童,吴二焕,饶丹丹,甘榕村,陈彧*

(海南省林业科学研究院(海南省红树林研究院)林业高新技术研究所,海南 海口,571100)

摘　要:[目的]研究独占春×美花兰杂交后代观赏性状遗传规律,为挖掘观赏性状与花色相关联的SNPs奠定基础。[方法]以独占春×美花兰F_1群体中的153株单株为试验材料,采用描述性统计、Pearson相关性分析、聚类分析和主成分分析等统计学方法,对17个观赏性状进行分析。[结果]F_1代群体的唇瓣遗传了双亲的红色和黄色,花瓣和萼片遗传了双亲的白色,同时F_1代群体的花瓣和萼片分离出黄色和白底红条;杂种后代的17个数量性状变异系数在6.31%~32.96%,花序长的变异系数最大,主萼片长变异系数最小。杂种优势指数值域在91.86%~120.72%,F_1群体具有较高的杂种优势;杂交后代的花部多个性状间存在显著相关性;把150株F_1代群体分为3大类群6个亚群,Ⅱ-2亚群观赏性较高;主成分分析结果表明,前6个主成分的累计贡献率达7.08%,可以反映153个单株17个数量性状的大部分遗传信息。[结论]本研究结果可为野生兰的遗传育种和保护研究提供可靠的参考价值,同时为挖掘与F_1代不同花色观赏性状紧密关联的遗传位点提供理论基础。

关键词:独占春; 美花兰; F_1代; 观赏性状; 遗传变异
中图分类号:S68.31　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)03-0043-11

Genetic variation analysis of main ornamental traits in F_1 generation of *Cymbidium eburneum* × *C. insigne*

Zhong Mengying, Han Yu, Cui Yutong, Wu Erhuan, Rao Dandan, Gan Rongcun, Chen Yu*

(*Forestry High-tech Research Institute, Hainan Academy of Forestry/Hainan Academy of Mangrove, Haikou 571100, China*)

Abstract:[Objective]This study aimed to investigate the genetic patterns of ornamental traits in the hybrid offspring of *C. eburneum* × *C. insigne* to lay the foundation for identifying SNPs associated with ornamental traits and flower color.[Methods]In this study, 153 individual plants from the F_1 generation of *C. eburneum* × *C. insigne* were used as experimental materials. Seventeen ornamental traits were analyzed using statistical methods such as descriptive statistics, Pearson correlation analysis, cluster analysis, and principal component analysis.[Results]The labellum of the hybrid offspring inherited the red and yellow hues from both parents, while the petals and sepals inherited white coloration. Additionally, the petals and sepals of the F_1 generation segregated into yellow and white-with-red strip variants. The coefficient of variation for the 17 quantitative traits in the hybrid offspring ranged from 6.31% to 32.96%, with inflorescence length showing the highest CV and dorsal sepal length the lowest. The heterosis index ranged between 91.86% and 120.72%, indicating strong heterosis in the F_1 population. Significant correlations were observed among multiple floral traits in the hybrid offspring. The 153 F_1 individuals were divided into three major groups and six subgroups, with subgroup Ⅱ-2 exhibiting superior ornamental traits. Principal component analysis revealed that the first six principal components accounted for a cumulative contribution rate of 7.08%, which captured most of the genetic variation across the 17 quantitative traits in the 153 individuals.[Conclusion]The findings from this study provided valuable insights for genetic breeding and conservation research in wild orchids, as well as a theoretical basis for identifying ge-

收稿日期:2024-12-25　　**修回日期**:2025-03-21
基金项目:海南省省属科研院所技术创新项目(KYYSLK2023-007)
作者简介:钟梦滢(ORCID:0009-0008-7833-2917),林业助理工程师,研究方向:分子生物,E-mail:79607187@qq.com
*通信作者:陈彧,硕士,高级工程师,研究方向:热带珍贵树种,E-mail:cfstuchen@126.com

netic loci closely linked to different flower color traits in the F_1 generation.

Keywords: *Cymbidium eburneum*, *Cymbidium insigne*, F_1 generation, Ornamental traits, Heredity variation

兰科植物是单子叶植物的第一大科,其物种多样性极为丰富,在我国广泛分布。因兰花的观赏价值高,市场需求量大,导致大量野生兰花被非法采挖,其种群数量急剧减少,许多种类面临着濒危甚至灭绝的严峻形势。本研究中,美花兰(*Cymbidium insigne* Rolfe.)为国家重点一级保护野生植物,独占春(*C. eburneum* Lindl.)为国家重点二级保护野生植物。海南作为兰花分布地区之一,野生兰花种类丰富,拥有兰科植物96属302种[1-3],其中独占春、美花兰等是海南特有种。目前对于野生兰的研究主要集中在资源调查[4-6]、品种收集、遗传多样性分析[7-8]、分子标记[9]、杂交育种及组培繁育[10]等方面,关于杂交育种遗传规律方面的深入研究相对较少。姚婧等[11]以海南原生种冬凤兰(*Cymbidium dayanum* Rchb.)和大花蕙兰(*Cymbidium faberi* × *hybridum*)为亲本进行杂交获得杂交后代,通过观赏性评价筛选出3个优良单株,为育种奠定了基础,但观赏性状间的遗传规律却未做进一步研究。另有研究者通过分子标记(如SSR、SNP)解析了花色、花型等性状的遗传规律,例如蝴蝶兰(*Phalaenopsis aphrodite* Rchb. f.)红色与白色亲本杂交后代中,花色呈现显性遗传特征,而条纹和斑点性状则受多基因调控[12]。对于石斛兰(*Dendrobium nobile* Lindl.)的研究多聚焦于抗逆性与花期调控,如易双双等[13]通过杂交获得在海南地区栽培表现出较强的抗热性和耐寒性的石斛兰新品种'小桃红'。

现有研究多集中于商业化类群,对热带特有种如海南独占春、美花兰的杂交遗传机制缺乏关注,尤其在表型-基因型关联、复杂性状遗传解析等方面存在明显不足。以海南特有种独占春和美花兰为亲本开展杂交后代研究,不仅能整合二者观赏与抗逆性状,填补热带兰花杂交遗传规律的空白,还可通过解析花被片形态、花香合成基因表达等机制,为开发适应湿热气候的新品种提供理论支撑。

本研究前期通过20个性状指标对独占春×美花兰F_1代群体进行观赏性综合评价,筛选出2个优良单株[14]。为了进一步探讨F_1代群体观赏性状的多样性、变异程度以及相关性,探究观赏性状的遗传规律,以花色、株型性状、花部性状等17个观赏性状为研究目标,进行遗传规律分析,旨在为后续研究独占春×美花兰F_1代群体不同花色全基因组关联研究奠定基础,并为挖掘观赏性状与花色相关联的SNPs(单核苷酸多态性)提供理论基础[15]。通过掌握观赏性状的遗传规律,可为兰科植物新品种的选育提供理论依据,提高育种效率,促进野生兰资源的可持续利用。以期为野生兰的创新利用等研究提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2015年对海南野生兰独占春和美花兰进行杂交,2017年3月获得杂交种子,并播种获得一批F_1代群体,现保存于海南省林业科学研究院云龙基地兰花种质资源圃。2022年12月至2024年3月对F_1代群体进行形态学学观察,从中选出花色、株型等观赏性状表现稳定的153株F_1代作为试验材料。

1.2 花色性状测定

花色测定采用观察法,用RHS2019(比色卡)进行比色。在盛花期(2-3月),每株选择花朵健康无病虫害为观察对象,对照比色卡,确定色系进行花色遗传分析。

1.3 数量性状测量

参照《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 兰属》[16],测试应在植株生长旺盛期进行,叶片性状的测量以开花植株的最长叶为对象,记录其长度、宽度和厚度等关键数据;花部性状的观测则需在盛花期,选取最近开放且最大的花朵,在其花色未褪去前完成花径、花色、花形及花瓣数量等性状的观测。为确保数据的准确性和可靠性,测量和观测应在环境条件一致的情况下进行,并对关键性状进行多次重复验证。最终,基于详细记录的数据,综合分析新品种的特异性、一致性和稳定性,为品种审定提供科学依据。因此,对F_1代群体的153株的17个观赏性状进行测量,于2024年2-3月,每株选择完全展开的3朵花进行测量。17个观赏性状分别为:叶高(X_1)、叶长(X_2)、叶宽(X_3)、叶面积(X_4)、叶数(X_5)、花梗长(X_6)、花梗直径(X_7)、花序长(X_8)、花朵数(X_9)、主萼片长(X_{10})、

主萼片宽(X_{11})、侧萼片长(X_{12})、侧萼片宽(X_{13})、花瓣长(X_{14})、花瓣宽(X_{15})、唇瓣长(X_{16})、唇瓣宽(X_{17})。叶面积利用叶面积仪进行数据采集,其它性状采用直尺测量。

1.4　数据分析

利用Excel 2007对数据进行初步整理与统计,用SPSS 22软件对17个性状进行描述性统计、遗传规律、频率、相关性和主成分分析,用R 4.4.1软件进行聚类分析。相关的计算公式[17]如下:

$$变异系数=\frac{S}{F}\times 100\%;$$

$$遗传传递力=\frac{F}{P_M}\times 100\%;$$

$$杂种优势指数=\frac{F}{\frac{P_1+P_2}{2}}\times 100\%;$$

$$超高亲优势=\frac{F-HP}{HP}\times 100\%;$$

$$超低亲优势=\frac{F-LP}{LP}\times 100\%;$$

$$中亲优势=\frac{F-\frac{P_1+P_2}{2}}{\frac{P_1+P_2}{2}}\times 100\%;$$

式中,S代表F_1代标准差;F代表F_1代平均值;P_M代表亲本中位数;P_1代表母本平均值;P_2代表父本平均值;HP代表高值亲本;LP代表低高值亲本。

2　结果与分析

2.1　花色遗传分布规律

花色的遗传分布结果表明(表1、表2),双亲的唇瓣有2种颜色:红色斑纹和白色。F_1代唇瓣分离出3种颜色:红紫色(N66A)斑纹、白色(NN155)和深红紫色(61A)斑纹(图1)。其中,F_1代唇瓣呈红色斑纹和白色的分别占总数的57.51%和36.60%,分离出的第3种颜色紫色斑纹仅占比5.89%。表明亲本唇瓣的红色斑纹和白色具有较强的遗传能力,而双亲唇瓣颜色的变异能力较弱。

双亲的花瓣和萼片有2种颜色:白色和粉色。F_1代花瓣和萼片也有3种颜色:黄色(149D)、白色(NN155)和白底红条(68C),这3种颜色分别占总数的7.84%、75.16%和16.99%。F_1代花瓣和萼片仅遗传了亲本的白色,表明亲本白色的遗传力较强;而没有遗传粉色,表明亲本粉色的遗传力弱;分离出白底红条,表明亲本花瓣和萼片颜色具有一定的变异能力(表1、表2)。

表1　亲本花色

Table 1　Floral color in both parents

亲本 Parent	花色 Petal color	
	唇瓣 Labellum	花瓣+萼片 Petal+sepal
母本 Matroclinal	黄色	白色
父本 Paternal	红色	粉色

表2　F_1代群体花色遗传分布

Table 2　Genetic distribution of floral color in the F_1 populations

器官 Organ	颜色 Color	株数 Amount	占比 Ratio
唇瓣 Labellum	深红紫色	9	5.89%
	红紫色	88	57.51%
	白色	56	36.60%
花瓣+萼片 Petal+sepal	黄色	12	7.84%
	白色	115	75.16%
	白底红条	26	16.99%
	粉色	0	0
总数 Total		153	

2.2　数量性状分布规律

由表3可知,供试F_1代17个数量性状变异系数的值域在6.31%～32.96%,变异系数平均值为14.90%。叶高、花朵数和花序长的变异系数均在20%以上,其中,花序长的变异系数最大,达32.96%,表明花序长较其他性状变异范围更广,其变异程度处于相对较高的水平。主萼片长变异系数最小,为6.31%,表明该性状具有较高的稳定性,受遗传控制较其他性状更强。

遗传传递力值域在93.31%～123.06%,表明F_1代群体17个数量性状存在加性效应,具有良好的遗传品质和适应性;杂种优势指数值域在91.86%～120.72%,具有较高的杂种优势,表明杂交后代各性状明显优于双亲。

超高亲优势最高值为叶面积(15.86%),超低亲优势最高值均为花序长(20.89%)。由此可知,F_1代群体17个数量性状中趋高亲遗传的性状为叶面积、花梗直径;趋低亲遗传的性状为花序长、花朵数。中亲优势在－8.87%～18.76%,叶长、叶数、叶面积、花梗直径、花序长、花朵数、主萼片长、

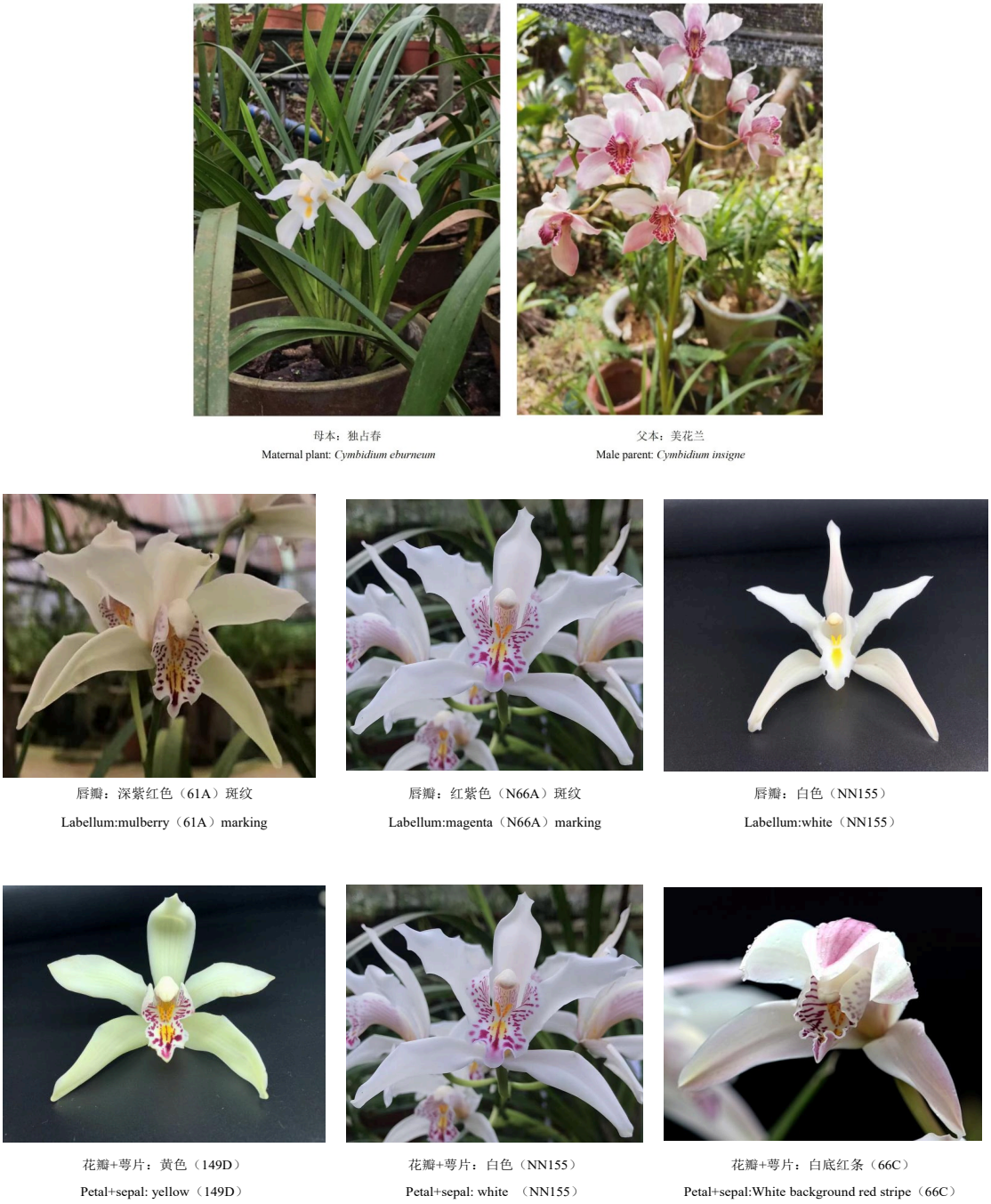

图1 亲本和子代花色

Fig.1 Floral color pictures of parents and offspring

主萼片宽、花瓣长和唇瓣宽10个性状的中亲优势为正值，在F_1代群体中表现为正向遗传。叶高、叶宽、花梗长、侧萼片长、侧萼片宽、花瓣宽和唇瓣长7个性状中亲优势为负值，在F_1代群体中呈减弱趋势。

2.3 数量性状的相关性分析

如表4所示，F_1代群体17对性状相关性分析中，呈极显著相关的共有56对，其中正相关54对，负相关2对。性状间显著相关的共有18对，其中正相关6对，负相关12对。生长性状中的叶宽与叶面积、花梗直径、主萼片长、主萼片宽、侧萼片长、侧萼片宽、花瓣长和花瓣宽呈极显著正相关性。花部相关性状的花梗直径与花部所有性状

表3　亲本和F_1代群体数量性状遗传规律

Table 3　Inheritance of quantitative traits in parents and the F_1 generation

性状 Traits	亲本 Parent		F_1群体 F_1 generation										
	平均值 Mean	标准差 SD	平均值 Mean	最大值 Max	最小值 Min	标准差 SD	极差 Range	变异系数/% CV	遗传传递力/% Ta	杂种优势指数/% Hi	超高亲优势/% HH	超低亲优势/% L	中亲优势/% RH_m
X_1	60.83	17.40	55.88	79.00	20.00	12.29	59.00	21.99	93.91	91.86	−15.76	26.04	−8.87
X_2	81.83	16.42	90.06	108.40	19.70	10.95	88.70	12.16	101.19	110.06	0.07	57.09	9.14
X_3	1.91	0.39	1.86	2.55	1.05	0.25	1.50	13.40	100.66	97.63	−23.47	7.43	−2.43
X_4	20.67	4.03	22.10	39.00	11.00	3.99	28.00	18.05	98.22	106.93	−2.50	50.68	6.48
X_5	115.69	14.12	139.66	201.40	84.55	23.69	116.85	13.96	123.06	120.72	15.86	38.09	17.16
X_6	61.01	1.45	57.20	79.50	27.50	10.16	52.00	17.76	93.31	93.75	−8.04	−5.64	−6.66
X_7	3.81	0.31	4.57	6.56	2.99	0.66	3.57	14.41	117.33	119.95	15.60	35.81	16.63
X_8	14.81	5.96	18.23	58.83	4.00	6.01	54.83	32.96	105.70	123.10	2.72	203.89	18.76
X_9	4.38	1.60	4.94	13.00	2.00	1.37	11.00	27.67	98.80	112.91	−4.39	147.00	11.44
X_{10}	6.03	0.16	6.10	7.30	4.90	0.39	2.40	6.31	101.06	101.23	−1.63	2.22	1.21
X_{11}	1.60	0.22	1.64	2.10	1.07	0.20	1.03	12.27	99.37	102.48	−5.40	5.41	2.42
X_{12}	5.62	0.27	5.43	6.50	4.37	0.38	2.13	7.04	96.08	96.64	−7.47	−1.89	−3.48
X_{13}	1.50	0.23	1.46	2.20	0.83	0.20	1.37	13.97	96.34	97.31	−14.14	1.83	−2.77
X_{14}	5.56	0.21	5.64	6.80	4.63	0.40	2.17	7.12	102.22	101.44	−3.36	3.13	1.42
X_{15}	1.46	0.10	1.41	2.20	1.03	0.15	1.17	10.53	97.95	96.27	−12.15	−0.39	−3.87
X_{16}	3.92	0.35	3.71	4.47	3.00	0.27	1.47	7.20	98.04	94.73	−16.30	−0.90	−5.57
X_{17}	1.86	0.62	1.93	2.67	1.30	0.26	1.37	13.57	120.85	103.96	1.18	13.75	3.81

注:X_1:叶高;X_2:叶长;X_3:叶宽;X_4:叶面积;X_5:叶数;X_6:花梗长;X_7:花梗直径;X_8:花序长;X_9:花朵数;X_{10}:主萼片长;X_{11}:主萼片宽;X_{12}:侧萼片长;X_{13}:侧萼片宽;X_{14}:花瓣长;X_{15}:花瓣宽;X_{16}:唇瓣长;X_{17}:唇瓣宽。

Note:X_1:Leaf height;X_2:Leaf height;X_3:Leaf width;X_4:Leaf area;X_5:Number of blades,X_6:Peduncle length,X_7:Peduncle diameter;X_8:Inflorescence length;X_9:Number of Flowers;X_{10}:Long of main sepa;X_{11}:Broad of main sepal;X_{12}:Long of lateral sepals;X_{13}:Broad of lateral sepals;X_{14}:Long of petal;X_{15}:Broad of petal;X_{16}:Long of labellum;X_{17}:Broad of labellum.

(除花梗长以外)均呈极显著正相关。花部12个性状大部分呈极显著正相关,少数性状呈正相关和负相关,各花部性状间关系密切相互影响。

2.4　观赏性状频率分布

F_1代群体17个数量性状频率分布均呈现单峰分布,叶长、叶数、花朵数和花瓣宽这4个性状偏度系数和峰度系数绝对值大于1.96,其它性状的偏度系数和峰度系数绝对值小于1.96,表明绝大部分性状都满足正态分布(部分性状频率分布如图2所示)。其中,主萼片宽和唇瓣宽的偏斜度系数绝对值接近0,说明这2个性状部分较均匀;花梗长和唇瓣长的峰度系数绝对值接近0,说明这2个性状与正态曲线拟合性更强。

2.5　数量性状聚类分析

对F_1代群体153个单株进行聚类分析(图3、表5),可分为4大类群4个亚群,第Ⅰ类群和第Ⅱ类群又分别分为2个亚群,其中第Ⅳ大类群和第Ⅰ-2亚群分别只有一个单株,不能计入生物学统计分析。第Ⅰ类群包括120个单株,占群体总数的78.43%,第Ⅱ类群包括29个单株,占群体总数的18.95%,第Ⅲ类群包括3个单株,占群体总数的1.96%。这3大类群中的叶长、叶面积、叶数、花梗直径、花序长、花朵数和唇瓣宽这7个性状均高于亲本均值,表明这8个性状遗传优势显著。

Ⅱ-2亚群中叶长、叶面积、叶数、花梗直径、花序长、花朵数、主萼片长、主萼片宽、侧萼片长、花瓣长和唇瓣宽12个性状平均值高于亲本均值,且紫色唇瓣、黄色的花瓣和萼片单株均分布在此亚群中,表明该亚群中大部分性状遗传优于亲本,具有独特的观赏性。

2.6　数量性状主成分分析

对F_1代群体进行主成分分析(表6),根据特征值大于1的原则,筛选出6个主成分,累计贡献率为7.08%。主成分1特征值为4.524,贡献率为

表4 F_1代群体数量性状的Pearson相关性分析

Table 4 Pearson correlation analysis of quantitative traits in the F_1 generation group

性状 Trait	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6	X_7	X_8	X_9	X_{10}	X_{11}	X_{12}	X_{13}	X_{14}	X_{15}	X_{16}	X_{17}
X_1	1.000																
X_2	0.098	1.000															
X_3	0.098	0.009	1.000														
X_4	0.152	0.002	−0.145	1.000													
X_5	0.048	0.427**	0.483**	−0.206*	1.000												
X_6	0.161*	−0.024	0.136	0.184*	0.084	1.000											
X_7	−0.026	0.177*	0.214**	−0.167*	0.392**	0.061	1.000										
X_8	0.200*	0.155	0.179*	0.033	0.222**	0.558**	0.229**	1.000									
X_9	0.135	0.059	0.106	0.193*	0.129	0.513**	0.368**	0.488**	1.000								
X_{10}	−0.073	0.037	0.247**	0.037	0.216**	0.379**	0.266**	0.240**	0.166*	1.000							
X_{11}	−0.098	0.019	0.434**	−0.312**	0.335**	0.030	0.325**	0.150	−0.121	0.391**	1.000						
X_{12}	−0.074	0.074	0.276**	−0.039	0.218**	0.273**	0.311**	0.166*	0.063	0.762**	0.484**	1.000					
X_{13}	−0.166*	−0.037	0.364**	−0.352**	0.321**	−0.128	0.431**	0.029	−0.161*	0.330**	0.768**	0.407**	1.000				
X_{14}	0.091	0.106	0.234**	0.035	0.211**	0.293**	0.275**	0.229**	0.110	0.723**	0.324**	0.724**	0.235**	1.000			
X_{15}	−0.015	0.098	0.283**	0.187*	0.256**	−0.033	0.425**	0.099	−0.038	0.321**	0.566**	0.342**	0.580**	0.329**	1.000		
X_{16}	−0.190	−0.009	−0.026	−0.205*	0.033	−0.078	0.232**	0.004	−0.068	0.137	0.337**	0.222**	0.392**	0.073	0.089	1.000	
X_{17}	0.104	0.026	0.117	−0.077	0.169*	−0.032	0.262**	0.172*	0.094	0.305**	−0.015	0.173*	−0.015	0.446**	0.217**	−0.188*	1.000

注:表中*表示显著相关($P<0.05$);**表示极显著相关($P<0.01$)。

Note: * and ** in the table indicated a significant correlation at $P<0.05$ and $P<0.01$, respectively.

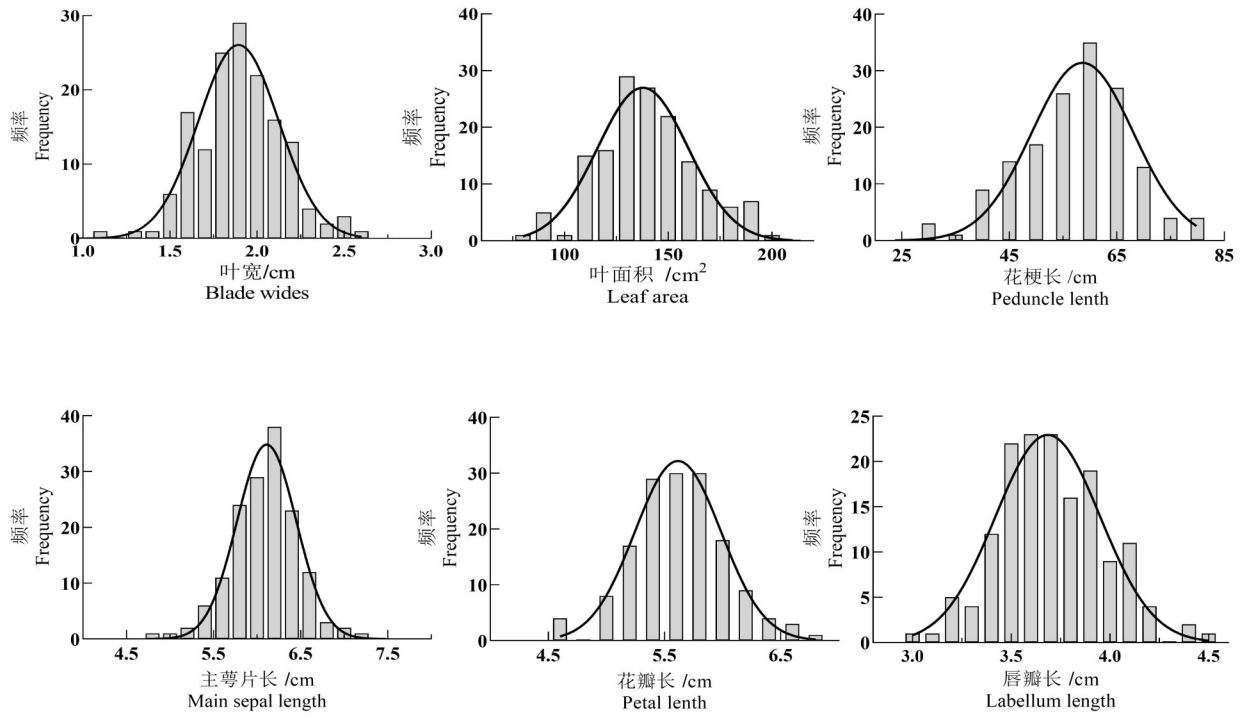

图2　F_1代部分数量性状的频率分布

Fig.2　The frequency distribution of some quantitative traits in the F_1 generation

26.61%,占主导地位,该主成分中影响最大的是花梗直径、主萼片长、主萼片宽、侧萼片长、侧萼片宽、花瓣长和花瓣宽;主成分2特征值为.584,贡献率为15.20%,该主成分影响较大的是叶高、叶数、花梗长、花序长和花朵数;主成分3特征值为1.61,贡献率为9.488,影响较大的是叶面积;主成分4特征值为1.390,贡献率为8.179%,对唇瓣长和唇瓣宽影响大;主成分5的特征值为1.098,贡献率为6.46%,对叶宽影响大;主成分6特征值为1.044,贡献率为6.141,对叶长影响大。

3 讨论

3.1　花色遗传规律

本研究中,亲本唇瓣的红色和黄色在F_1代中表现出较强的遗传能力,分别占57.51%和36.60%,而紫色仅占5.89%。这表明亲本唇瓣颜色的遗传较为稳定,但同时也存在一定的变异能力,紫色的出现可能与基因重组或突变有关。这种花色遗传的稳定性与变异能力的平衡,为后续的花色改良提供了基础。

亲本花瓣和萼片主要为白色和粉色,而F_1代中花瓣和萼片颜色呈梯度分布。其中,白色遗传能力较强,占75.16%,粉色未被遗传,表明粉色的遗传力较弱,其原因可能是亲本高度杂合,经过有性杂交后,优势基因的重新组合,性状出现较大的分离,致使杂种群体的性状平均值下降,但杂种F_1代的这些性状变幅较大,这样更有利于选育出符合育种目的优良个体。此外,F_1代中出现了白底红条的新性状,李佐等[18]对蝴蝶兰Phalaenopsis 'Frigdaas Oxford'和Phal. SH49的杂交后代群体进行了观赏性状的研究,发现后代个体的花色呈现梯度变化,且出现了双亲所没有的花色类型。孔霞等[19]对2个蝴蝶兰品种进行正反交试验后,发现杂交后代中出现了双亲中没有的花色类型,且花色呈现梯度分布,这一现象与本研究的结果相一致。总体而言,本研究中杂交后代的花色遗传遵循数量性状的遗传规律,既继承了双亲的花色,又在深浅程度上呈现出连续的变异。这些发现为后续的花色遗传研究开辟了新的研究方向。

3.2　数量性状遗传规律

本研究中,17个数量性状的变异系数范围为6.31%～32.96%,其中花序长的变异系数最大(32.96%),表明其遗传背景丰富,具有较高的遗传选择潜力。而主萼片长的变异系数最小

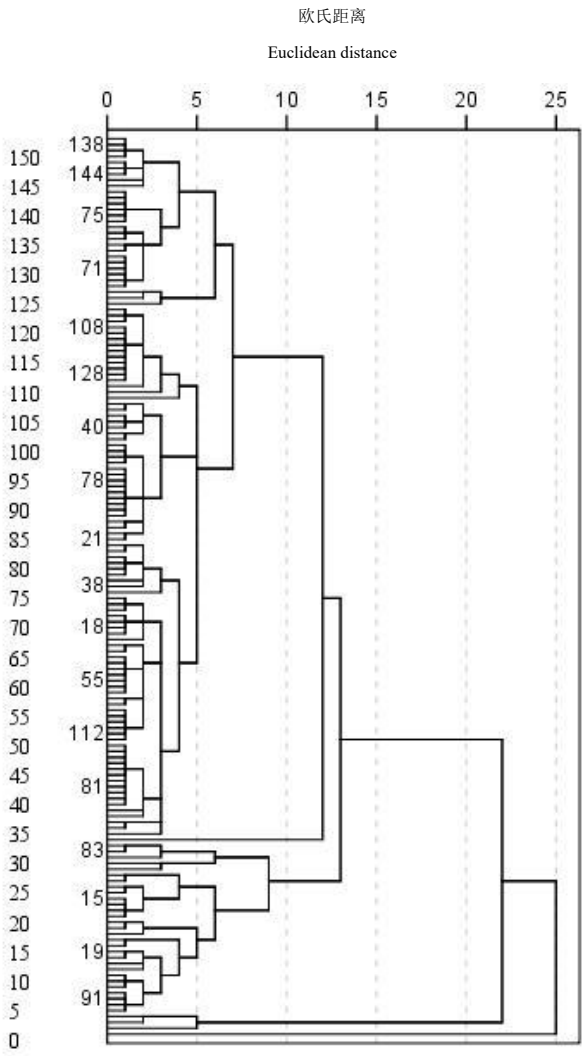

图3 基于17个性状的F_1代群体聚类图

Fig.3 Clustering map of the F_1 generation based on 17 traits

(6.31%),遗传选择潜力一般。这为后续的遗传改良提供了依据,特别是花序长、叶高、花梗长和花朵数等性状,可作为重点选择对象。

杂种优势指数值域为91.86%~120.72%,表明F_1代群体具有较高的杂种优势。然而,叶高、叶宽、花梗长等7个性状的中亲优势为负值,表现出一定程度的衰退趋势,这可能与杂交过程中部分性状的变异有关,导致亲本性状优势下降,平均值降低,在姜莉等[20]对荷花的研究及李绅崇等[21]对非洲菊的研究中也出现类似情况。而叶面积、花梗直径、花序长和花朵数等性状的中亲优势为正值,且杂种优势较高,表明这些性状在遗传表达方面优于亲本,可通过改善栽培条件进一步提高其表现。

3.3 性状相关性分析

本研究对17个数量性状进行相关性分析,大部分花部性状间呈正相关性。其中,花梗直径和所有花部性状均呈极显著正相关,说明花梗直径在一定程度上决定花的形态、大小以及花朵的数量。因此,在选择育种过程中,可选取容易测量的花梗直径进行选择,以提高育种效率,这可有效提高育种效率。叶宽、叶面积和大部分花部性状呈极显著正相关,说明叶部营养生长情况在一定程度上决定了花部生长情况。这与紫薇种间杂交选择测量花序长和叶长进行育种选择[22]、杜鹃花品种间杂交选择容易测量的叶长和花梗长[23]来推测其他不易测量的性状的研究结果相一致。叶数和主萼片宽、侧萼片宽呈极显著负相关,说明叶数越多,花萼片越窄。这与前期研究中对各性状主成分分析筛选出优良单株的结论相一致[12]。因此,在开花前期可通过追肥改善叶片营养生长情况,可提高花部性状的生长情况。

3.4 聚类分析与主成分分析

本研究中,F_1代群体被分为4大类群和4个亚群,其中Ⅱ-2亚群的观赏性状表现优于亲本,且包含了紫色唇瓣和白底红条花瓣等独特性状。这表明该亚群具有较高的遗传优势,可作为后续优良品种选育的重点对象。在主成分分析中,筛选出的前6个主成分的累计贡献率达到7.08%,能够反映大部分遗传信息。其中,主成分1主要受花梗直径、主萼片长等性状的影响,表明这些性状在遗传信息中占据主导地位。通过主成分分析筛选出的关键性状,可为后续的遗传研究和育种实践提供理论依据。

4 结论

红色和黄色唇瓣具有较强的遗传能力,花瓣和萼片的颜色遗传具有一定的变异能力;花序长、叶高、叶数、花梗长和花朵数等5个性状变异系数较高,具有较强的遗传选择潜力;叶高、叶宽、花梗长、侧萼片长、侧萼片宽、花瓣宽和唇瓣长7个性状较亲本表现出一定程度的衰退趋势,而叶面积、花梗直径、花序长、花朵数4个性状在遗传规律表达方面优于亲本。因此本研究为兰科植物新品种选育提供理论参考。

表5　F_1代群体不同类群观赏性状均值

Table 5　The average quantitative traits of different groups in the F_1 generation

性状 Traits	F_1代群体 F_1 generation								亲本 Parent		
	Ⅰ	Ⅰ－1	Ⅰ－2	Ⅱ	Ⅱ－1	Ⅱ－2	Ⅲ	Ⅳ	母本	父本	均值
X_1	56.82	56.77	6.00	51.80	48.80	5.43	64.00	46.00	44.33	66.33	55.33
X_2	90.28	90.18	10.10	89.05	94.94	87.82	95.07	77.35	57.33	90.00	7.67
X_3	1.85	1.85	1.70	1.88	1.86	1.89	0.02	0.05	0.43	1.73	0.08
X_4	137.03	136.95	146.12	149.23	147.17	149.65	139.73	130.73	101.13	120.54	110.84
X_5	0.41	0.47	16.00	21.38	0.80	21.08	20.00	25.00	14.67	0.67	18.67
X_6	58.16	58.10	64.50	54.25	49.53	55.24	58.52	61.50	6.20	60.62	61.41
X_7	4.51	4.51	4.61	4.79	4.64	4.82	4.35	4.63	0.37	0.95	0.66
X_8	18.24	18.17	26.30	18.29	15.58	18.86	18.85	20.50	6.00	17.75	11.88
X_9	5.00	5.00	5.00	4.79	4.60	4.83	4.67	6.00	0.00	5.17	0.58
X_{10}	6.10	6.10	5.90	6.15	6.07	6.17	5.90	5.83	6.20	5.97	6.08
X_{11}	1.61	1.61	1.60	1.71	1.74	1.71	1.72	1.90	1.73	1.56	1.64
X_{12}	5.41	5.41	4.97	5.51	5.53	5.51	5.50	5.37	5.87	5.53	5.70
X_{13}	1.42	1.42	1.47	1.59	1.62	1.58	1.42	1.60	1.70	1.43	1.57
X_{14}	5.64	5.64	5.47	5.67	5.67	5.67	5.71	5.43	5.83	5.47	5.65
X_{15}	1.40	1.40	1.43	1.43	1.45	1.43	1.50	1.33	1.60	1.41	1.51
X_{16}	0.70	0.69	0.80	0.74	0.67	0.76	0.83	0.70	4.43	0.74	4.09
X_{17}	1.94	1.94	2.00	1.95	1.81	1.98	1.82	1.73	1.70	1.91	1.81

表6　F_1代数量性状主成分分析

Table 6　Principal component analysis of quantitative traits in the F_1 generation

性状 Traits	主成分1 PC1	主成分2 PC2	主成分3 PC3	主成分4 PC4	主成分5 PC5	主成分6 PC6
X_1	－0.027	0.404	0.246	－0.215	－0.315	0.134
X_2	0.176	0.128	0.493	－0.213	0.531	0.522
X_3	0.537	－0.019	0.278	－0.027	－0.540	0.134
X_4	0.545	0.014	0.585	－0.129	0.040	0.262
X_5	－0.241	0.492	－0.264	－0.009	0.044	0.265
X_6	0.278	0.696	－0.115	0.414	－0.174	0.083
X_7	0.612	0.012	0.319	0.068	0.337	－0.404
X_8	0.378	0.576	0.242	0.309	－0.062	－0.102
X_9	0.191	0.677	0.230	0.357	0.115	－0.312
X_{10}	0.733	0.237	－0.462	－0.072	0.079	0.102
X_{11}	0.738	－0.406	0.004	0.178	－0.227	0.107
X_{12}	0.759	0.080	－0.442	－0.030	0.099	0.204
X_{13}	0.687	－0.545	0.037	0.161	－0.120	－0.045
X_{14}	0.699	0.282	－0.399	－0.306	0.094	0.081
X_{15}	0.644	－0.256	0.087	－0.165	－0.103	－0.153
X_{16}	0.284	－0.394	－0.131	0.504	0.392	0.003
X_{17}	0.324	0.250	－0.019	－0.667	0.080	－0.473
特征值 Characteristic values	4.524	2.584	1.613	1.390	1.098	1.044
贡献率/% Contribution rate	26.614	15.201	9.488	8.179	6.460	6.141
累计贡献率/% Cumulative contribution rate	26.614	41.815	51.304	59.483	65.943	7.083

参 考 文 献

[1]翟俊文,彭东辉,邓传远,等.台湾岛和海南岛兰科植物区系特征比较[J].植物资源与环境学报,2016,25(4):87-95, 109.
Zhai J W, Peng D H, Deng C Y, et al.Comparison on floristic characteristics of Orchidaceae on Taiwan Island and Hainan Island[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2016, 25(4): 87-95, 109.

[2]张哲. 海南三种蝴蝶兰属植物的保育生物学研究[D]. 海口:海南大学,2018.
Zhang Z. Conservation biology of three species of *Phalaenopsis* in Hainan[D]. Haikou:Hainan University,2018.

[3]丁慎言,尹俊梅.海南岛野生兰花图鉴[M].北京:中国农业出版社, 2005: 4.
Ding S Y, Yin J M. The guide to wild *Cymbidium* in Hainan Island[M]. Beijing:China Agriculture Press, 2005: 4.

[4]李大强, 宋希强, 张哲,等.海南热带雨林国家公园兰科植物重点保护与优先监测策略[J].热带生物学报, 2022, 13(2): 136-148.
Li D Q, Song X Q, ZHang Z, et al.Strategies for conservation and priority monitoring of key orchid plants in Hainan Tropical Rainforest National Park [J]. Journal of Tropical Biology, 2022, 13(2): 136-148.

[5]左永令, 杨小波, 李东海,等.环境因子对海南岛野生兰科植物物种组成与分布格局的影响[J].植物生态学报, 2021, 45(12): 1341-1349.
Zuo Y L, Yang X B, Li D H, et al. Effects of environmental variables on the species composition and distribution patterns of wild orchids in Hainan Island [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2021, 45(12): 1341-1349.

[6]黄明忠,王清隆,杨光穗. 海南兰科植物2新记录属7新记录种[J]. 热带作物学报,2017,38(1):1-3.
Huang M Z, Wang Q L, Yang G S. Two genuses and seven species of Orchidaceae, newly recorded in Hainan[J]. Chinese Journal of Tropical Crops,2017,38(1):1-3.

[7]黄明忠. 基于matK基因和ITS序列的海南野生兰科植物DNA条形码探讨[D]. 海口:海南大学,2010.
Huang M Z. Discussion on DNA barcode of wild orchids in Hainan based on matK gene and ITS sequence[D]. Haikou: Hainan University,2010.

[8]杨光穗,任羽,王荣香. 利用SRAP技术分析海南野生兰属植物的亲缘关系[J]. 热带农业科学,2011,31(9):1-3.
Yang G S, Ren Y, Wang R X. Analysis of genetic relationship of wild *Cymbidium* in Hainan by using SRAP[J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture,2011,31(9):1-3.

[9]王筠竹,陈跃,秦德辉,等. 兰科植物染色体研究现状及前景[J]. 分子植物育种,2019,17(11):3717-3725.
Wang Y Z, Chen Y, Qin D H, et al. Research status and prospect of chromosomes in Orchidaceae species[J]. Molecular Plant Breeding,2019,17(11):3717-3725.

[10]郭丽霞. 基于远缘杂交技术的海南野生兰花种质创新研究[D]. 海口:华南热带农业大学,2007.
Guo L X. Study on germplasm innovation of wild orchids in Hainan based on distant hybridization technology[D]. Haikou: South China University of Tropical Agriculture,2007.

[11]姚婧,覃宝祥,刘帆,等. 冬凤兰与'黄金小神童'大花蕙兰杂交后代的观赏性评价[J]. 热带作物学报,2015,36(7):1201-1206.
Yao J, Qin B X, Liu F, et al. Ornamental evaluation of *Cymbidium dayanum* × *Cymbidium* 'golden elf' [J]. Chinese Journal of Tropical Crops,2015,36(7):1201-1206.

[12]韩豫,陈彧,饶丹丹,等. 独占春×美花兰杂交后代观赏性状综合评价[J]. 分子植物育种,2024,22(2):535-542.
Han Y,Chen Y,Rao D D,et al. Comprehensive evaluation of ornamental traits in *Cymbidium eburneum* × *Cymbidium* insigne[J]. Molecular Plant Breeding,2024,22(2):535-542.

[13]孙汝斌,余纽,孙佩光. 蝴蝶兰基因工程研究进展[J]. 北方园艺,2014(12):177-180.
Sun R B, Yu N, Sun P G. Research progress on gene engineering of *Phalaenopsis* plants[J]. Northern Horticulture, 2014(12):177-180.

[14]易双双,廖易,黄明忠,等. 石斛兰新品种'小桃红'[J]. 园艺学报,2022,49(S1):135-136.
Yi S S, Liao Y, Huang M Z, et al. A new *Dendrobium variety'* Xiaotaohong'[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2022, 49(S1):135-136.

[15]潘依玲,鲍荆凯,吴翠云,等. 雄性不育枣'JMS2'×'交城5号'杂交F_1代花性状遗传变异分析[J]. 西北农业学报,2023,32(12):1913-1921.
Pan Y L, Bao J K, Wu C Y, et al. Genetic variation of flower traits in F_1 of male sterile jujube 'JMS2' × 'Jiaocheng 5'[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2023, 32(12): 1913-1921.

[16]NY/T 2441—2013,植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 兰属[S].
NY/T 2441-2013, Guidelines for Testing Specificity, Consistency and Stability of New Plant Varieties [S]

[17]刁松锋,李芳东,段伟,等. 柿杂交F_1代叶表型遗传多样性研究[J]. 中国农业大学学报,2017,22(2):32-44.
Diao S F, Li F D, Duan W, et al. Genetic diversity of phenotypic traits of leaves in F_1 progeny of persimmon [J]. Journal of China Agricultural University,2017,22(2):32-44.

[18]李佐,肖文芳,陈和明,等. 蝴蝶兰 *Phalaenopsis* 'frigdaas Oxford'和Phal. SH49正反交后代观赏性状遗传倾向研究[J]. 热带作物学报,2017,38(1):4-11.
Li Z, Xiao W F, Chen H M, et al. Genetic tendency of ornamental characters in reciprocal crosses generation between *Phalaenopsis* 'frigdaas Oxford' and phal. SH49 cultivars[J]. Chinese Journal of Tropical Crops,2017,38(1):4-11.

[19]孔霞,任羽,孙玲燕,等. 蝴蝶兰杂交后代观赏性状遗传分析[J]. 分子植物育种,2021,19(21):7168-7178.
Kong X, Ren Y, Sun L Y, et al. Genetic analysis of ornamental traits in hybrid progenies of a reciprocal crosses in *Phalaenopsis*[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(21): 7168-7178.

[20]姜莉,陈发棣,滕年军,等. 荷花部分性状在F_1代的遗传表现[J]. 南京农业大学学报,2009,32(3):36-41.
Jiang L,Chen F D,Teng N J,et al. Heredity performance of several morphological characters in *Nelumbo nucifera*[J]. Journal of Nanjing Agricultural University,2009,32(3):36-41.

[21]李绅崇,李淑斌,蒋亚莲,等. 非洲菊品种间杂交主要观赏性状在F_1代的遗传表现[J]. 云南农业大学学报,2007,22(2):197-201.
Li S C,Li S B,Jiang Y L,et al. Genetic performance of primary ornamental traits in F_1 hybrids of *Gerbera jamesonii* bolus intervarietal hybridization[J]. Journal of Yunnan Agricultural University,2007,22(2):197-201.

[22]杨彦伶,李振芳,徐红梅,等. 紫薇与福建紫薇种间杂交F_1代遗传性状分析[J].东北林业大学学报,2018,46(9):31-34.
Yang Y L,Li Z F,Xu H M,et al. Several genetic traits among F_1 hybrid generation of *Lagerstroemia indica*×*L. limii*. [J]. Journal of Northeast Forestry University,2018,46(9):31-34.

[23]刘晓青,苏家乐,陈璐,等.杜鹃花品种(种)间杂交F_1代主要观赏性状的遗传表现.江苏农业学报,2012,28(2),459-460.
Liu Xiaoqing,Su Jiale,Chen Lu,et al. Genetic performance of ornamental traits in F_1 inter varietal hybrids of Rhododendron. Journal of Jiangsu Agricultural Sciences,2012,28(2),459-460.

(编辑:吕俊俐)