

中南林业科技大学学报

Journal of Central South University of Forestry & Technology

ISSN 1673-923X，CN 43-1470/S

《中南林业科技大学学报》2026年第6期

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923X.2026.06.016

论文标题： 浙南地区木槿品种的分子标记分析及表型性状相关性

作　　者： 杨少宗，罗优波，方　茹

收稿日期： 2025-06-11

引文格式： 杨少宗,罗优波,方茹.浙南地区木槿品种的分子标记分析及表型性状相关性[J].中南林业科技大学学报,2026,46(6):164-173.

YANG S Z, LUO Y B, FANG R. Molecular marker analysis and their correlation with phenotypic trait of *Hibiscus* varieties in southern Zhejiang[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(6):164-173.

相关论文推荐

Recommended articles

杨树无性系表型性状及ISSR分子标记遗传多样性分析

Phenotypic traits and ISSR genetic diversity analysis of poplar clones

基于SSR标记分析浙西南香椿天然居群的遗传多样性

Genetic diversity analysis of *Toona sinensis* natural populations in southwest Zhejiang based on SSR markers

基于SSR的四川主要香椿种源遗传多样性分析

Genetic diversity of *Toona sinensis* provenances in Sichuan province revealed by SSR markers

基于SSR标记的黑老虎种质资源的遗传多样性和遗传结构

Genetic diversity and genetic structure of *Kadsura coccinea* germplasm resources revealed by SSR markers

基于SSR标记的白蜡群体遗传多样性和群体结构分析

Analysis of the genetic diversity and population structure of *Fraxinus* spp. populations based on SSR markers

27个木槿品种的数量分类和主成分分析

Numerical classification and principal component analysis of 27 *Hibiscus syriacus* cultivars

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923x.2026.06.016
http: //qks.csuft.edu.cn

浙南地区木槿品种的分子标记分析及表型性状相关性

杨少宗[1]，罗优波[2]，方　茹[1]

（1. 浙江省林业科学研究院 森林食品资源利用与质量控制国家林业局重点实验室，浙江 杭州 310023；
2. 杭州市林业和湿地科学研究院，浙江 杭州 310022）

摘　要：【目的】为解决木槿品种改良过程中出现的亲本来源不清晰和子代性状不稳定的问题，对木槿种质进行分子标记并分析其与表型性状的相关性。【方法】采用数据编码方法，对 50 份木槿 ISSR 和 AFLP 分子标记及 7 个表型指标分别进行分析，通过遗传多样性分析对“农家新品种”进行亲本溯源；运用相关分析得出 7 个表型指标间的相关关系以及分子标记间的相关关系，选出遗传稳定性强的表型性状作为品种选育的目标表型。【结果】7 对 ISSR 分子标记分析供试的 50 份材料共产生 62 个条带，其中多态性条带为 59 条，占比为 95.16%，遗传相似系数为 0.051 4 ～ 1.000 0；23 对 AFLP 分子标记分析供试的 50 份材料，共产生 49 个条带，其中多态性条带为 47 条，占比为 95.92%，遗传相似系数为 0.000 0 ～ 1.000 0。通过对供试材料中未知“农家新品种”与国外引种间遗传相似系数的比较，成功完成 4 个品种（No. 21、No. 22、No. 23、No. 24）的亲本溯源。7 个表型性状指标差异显著，平均变异系数为 46.00，表型多样性指数（*H*）为 0.405 ～ 2.049。表型性状间的相关性分析结果表明，花瓣型、花晕、果实和种子形状这 4 个性状之间存在显著相关，花瓣颜色、叶形以及叶缘锯齿这 3 个性状与其他性状之间均不存在显著相关。分子标记与表型性状的相关性分析结果证明与花瓣型、花晕和果实这 3 个性状显著相关的多态性位点数占比较高，均大于 15%，而花瓣颜色、叶形和叶缘锯齿占比较低，均小于 5%。相关性分析结果表明，在新品种选育时，为避免出现性状表现不稳定的子代，花瓣颜色、叶形以及叶缘锯齿这 3 个性状指标不适宜作为目标表型。【结论】综合遗传多样性和相关性分析结果可知，本研究可为资源调查中获得的“农家新品种”的品种认定以及提高“农家新品种”的性状稳定性提供新的研究思路和方向。

关键词：木槿；分子标记；表型性状；亲本溯源；相关性分析
中图分类号：S718.46　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1673-923X(2026)06-0164-10

Molecular marker analysis and their correlation with phenotypic trait of Hibiscus varieties in southern Zhejiang

YANG Shaozong[1], LUO Youbo[2], FANG Ru[1]

（1. Key Laboratory of State Forest Food Resources Utilization and Quality Control, Zhejiang Academy of Forestry, Hangzhou 310023, Zhejiang, China; 2. Hangzhou Forest and Wetland Science Research Institute, Hangzhou 310022, Zhejiang, China）

Abstract:【Objective】To resolve the issues of unclear parental origins and unstable offspring traits during *Hibiscus syriacus* L. breeding by farmers, the genetic variability analysis and correlation analysis on phenotypic traits and molecular makers were performed.【Method】50 *Hibiscus syriacus* L. germplasms were used as experimental materials, with the data code method, the genetic variability analysis of ISSR and AFLP molecular makers were performed to trace the parentage of ‘local new variety’. The correlations among 7 phenotypic indicators and their correlations with molecular markers were obtained by correlation analysis, and the phenotypic traits with strong genetic stability were selected to provide target phenotypes for the breeding of improved *Hibiscus syriacus* L.【Result】The results showed that a total 62 polymorphism fragments and 59 polymorphic fragments of 50 germplasms are generated from of 7 pairs of ISSR primers. The polymorphism rate reaches 95.16%, the genetic similarity coefficients are 0.051 4-1.000 0. Simultaneously, a total 49 polymorphism fragments and 47 polymorphic fragments of 50 germplasms are generated from of 23 pairs of ISSR primers.

收稿日期（Received）：2025-06-11　　**修订日期**（Revised）：2025-09-23
基金项目：国家自然科学基金项目（32401629）。
第一作者：杨少宗（yangsz863@163.com），副研究员。　　**通信作者：**方茹（fangru7756@163.com），副研究员。
引文格式：杨少宗 , 罗优波 , 方茹 . 浙南地区木槿品种的分子标记分析及表型性状相关性 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2026,46(6):164-173.
YANG S Z, LUO Y B, FANG R. Molecular marker analysis and their correlation with phenotypic trait of Hibiscus varieties in southern Zhejiang[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(6):164-173.
* 本文为第二十八届中国科协年会学术论文成果。
Academic Papers of the 28th Annual Meeting of the China Association for Science and Technology.

The polymorphism rate reaches 95.92%, the genetic similarity coefficients are 0.000 0-1.000 0. By comparing the genetic similarity coefficients between 'local new variety' and foreign varieties, parental origin tracing is successfully accomplished for four cultivars (No. 21、No. 22、No. 23、No. 24). It shows that there are the significantly different in 7 phenotypic traits. The mean coefficient of variation (*CV*) is 46.00, and the phenotypic diversity index (*H*) of 50 cultivars are 0.405-2.049. The results of correlation analysis show that the correlations of 4 phenotypic traits about petals type (PT), floral halo (FH), FR and seed shape (SS) are significant, and the correlations of 3 phenotypic traits about FC, leaf shape (LS) and leaf margin serration (LMS) are not significant. There are significance correlations between phenotypic traits and the polymorphism sites of molecular markers, among which PT, FH and FR possess more correlated polymorphism sites, all exceeding 15%. In contrast, FC, LS and LMS possess fewer correlated polymorphism sites, all below 5%. The correlation analyses indicate that this three traits, FC, LS and LMS, are not suitable as target phenotypes to avoid producing offspring with unstable trait expression during new cultivar breeding.【Conclusion】This study provides new research ideas and directions for the variety certification and improving the trait stability of 'local new variety', obtained from the resource survey.

Keywords: *Hibiscus syriacus* L.; molecular marker; phenotypic traits; variety traceability; correlation analysis

木槿 *Hibiscus syriacus* L. 栽培历史悠久，因其花型和花色多样，作为重要的观赏树种得到广泛栽培和应用。近年来，韩国等国已培育出 200 多个新品种 [1-4]，我国作为木槿起源地之一，选育的新品种却较少。在对浙江省木槿种质资源调查的过程中发现，广大农户在木槿的栽培生产中，其品种来源主要有国外引种以及通过对国外引种和乡土品种进行改良得到的“农家新品种”。然而，这些“农家新品种”能否真正认定为“新品种”还存在两方面的问题：一是农户在品种改良过程中缺乏完整的试验记录，导致很多品种的亲本来源不清楚；二是获得的改良新品种的性状表现不稳定，后代在某些表型上出现较大的变异。因此，这些品种能否真正认定为“新品种”还有待进一步验证。

表型性状是育种中的关键因素，利用表型性状来研究种质资源虽具快速、直观的优势，但表型性状却存在易受环境影响而导致性状变异大等问题。在新品种选育中，根据目标表型对种质进行遗传多样性研究，筛选出优良种质材料，可大大提高育种效率 [5-6]。近年来，分子标记技术在遗传多样性、品种鉴定和溯源方面得到广泛应用 [7-10]，其中针对木槿种质的研究亦有涉及：任雪羽等 [11]、Huylenbroeck 等 [12]、Kim 等 [13]、窦霄等 [14]、赵艺璇等 [15]、方茹等 [16] 开发和应用了 ISSR、AFLP 和 SRAP 等分子标记对木槿种质遗传多样性和亲缘关系鉴定等展开研究。对目标表型与分子标记之间的相关性进行分析，排除那些遗传稳定性差的表型，可大大提高改良后新品种的稳定性。目前关于表型性状与分子标记的相关性分析，在辣椒 *Capsicum annuum* L.[17]、瓜类作物 [18]、油橄榄 *Olea europaea* L.[19]、白桦 *Betula platyphylla* Sukaczev[20]、羌活 *Notopterygium incisum* Ting ex H. T. Chang[21] 以及其他作物中均有报道，关于木槿种质的相关性分析亦有涉及，如 Huylenbroeck 等 [12] 通过对木槿表型与 AFLP 的相关性分析，认为表型特征与亲缘关系间无相关性；窦霄等 [14] 证明 41 份木槿种质的地理分布与 AFLP 标记之间具有显著相关性；赵艺璇等 [15] 证明 SRAP 分子标记对 39 个木槿品种亲缘关系的分析结果与张铮等 [22] 从木材解剖学角度分析的木槿品种间的进化关系保持一致。

本研究以 50 份木槿种质为材料，其中包括 20 份国外引种以及 30 份农家栽培改良品种，利用 ISSR 和 AFLP 分子标记进行遗传多样性研究，并结合农户品种改良时普遍关注的与花、叶等相关的 7 个目标表型以及前期 SRAP 分子标记遗传多样性的研究结果 [16]，进行不同分子标记之间以及与目标表型之间的相关性分析，以期解决“农家新品种”品种认定中存在的问题，为木槿种质资源鉴定和新品种选育工作提供新的研究思路和方向。

1　材料与方法

1.1　试验材料

试材选自浙江省龙泉市兰巨乡大汪村的木槿花卉基地收集的 50 个木槿品种（图 1），材料收集来源于中国、法国、荷兰、美国和德国。

1.2　分子标记研究方法

1.2.1　叶片采集

2023 年 5 月，采集 50 个木槿品种叶片，每个品种随机选择 3 株长势健壮、无病虫害、高度和长势一致的已成年植株，采集 50 片大小基本一致的发育完全的绿色幼叶，放入冰盒带回实验室保存，待用。

1.2.2　基因组 DNA 提取与检测

样品充分研磨后，采用高效植物基因组 DNA 提取试剂盒（TIANGEN，中国南京）提取 DNA。



1，‘布里克’（法国）；2，‘海琳’（法国）；3，‘诺伍德一号’（法国）；4，‘奥苏蓝’（法国）；5，‘弗洛吉’（法国）；6，‘红心’（法国）；7，‘弗洛鲁’（法国）；8，‘木桥’（法国）；9，‘白花单瓣’（荷兰）；10，‘桑乔约’（法国）；11，‘哈玛布一号’（荷兰）；12，‘奇异’（荷兰）；13，‘天蓝’（德国）；14，‘鸮鹦鹉’（法国）；15，‘阿登’（德国）；16，‘露西’（美国）；17，‘敏柔莎’（美国）；18，‘诺伍德二号’（美国）；19，‘芍花’（美国）；20，‘哈玛布二号’（德国）；21 ～ 50 属于农家栽培品种，未鉴定品种名，登记为‘浙农一号’至‘浙农三十号’。

1, ‘Bricutts’ (France); 2, ‘Helene’ (France);3, ‘Notwoodone’ (France); 4, ‘Oiseau Bleu’ (France); 5, ‘Flogi’ (France); 6, ‘Red Heart’ (France); 7, ‘Floru’ (France); 8, ‘Woodbridge’ (France); 9, ‘Totus Albus’ (Holland); 10, ‘Sanchoyo’ (France); 11, ‘Hamaboone’ (Holland); 12, ‘Monstrosus’ (Holland); 13, ‘Coelestis’ (Germany); 14, ‘Kakapo’ (France); 15, ‘Ardens’ (Germany); 16, ‘Lucy’ (USA); 17, ‘Minrosa’ (USA); 18, ‘Notwoodtwo’ (USA); 19, ‘Paeonyflorus’ (USA); 20, ‘Hamabotwo’ (Germany). The varieties of number 21 to 50 belong to the cultivated varieties by farmers, which didn’t be identified and were registered from “Zhenong No. 1” to ‘Zhenong No. 30’.

图 1 供试木槿品种

Fig. 1 The genotype name of *Hibiscus syriacus* L.

用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性，使用分光光度计检测 DNA 的浓度和质量。将检测结果达标的 DNA 样品稀释到 50 ng·μL^{-1}，-80 ℃超低温保存备用。

1.2.3　引物获得

选取 25 对 ISSR 引物和 23 对 AFLP 引物 [11,14]，引物均由生工生物工程（上海）股份有限公司合成。

1.2.4　引物筛选

选择种质来源清晰的 8 个木槿品种（表 1）作为模板，对引物进行筛选，筛选出条带清晰、多态性好的引物用于后续试验。

PCR 反应体系 20 μL，组分包括：dNTP 0.4 μL（10 mM），Buffer 2 μL（10×），正反向引物各 0.3 μL（20 μM），DNA 模板 20 ng，Taq 酶 0.2 μL，补充 ddH_2O 至 20 μL。PCR 反应程序为：94 ℃预变性 5 min；94 ℃变性 30 s，52 ℃（ISSR）或 50 ℃（AFLP）复性 35 s，72 ℃延伸 2 min，共 35 个循环，最终 72 ℃延伸 3 min，4 ℃保存。

1.2.5　分子标记数据统计方法

将保存的电泳图谱采用 Cross Checker-2.91 版软件对各引物 2 次扩增后稳定条带进行统计，每 1 条带（DNA 片段）为 1 个分子标记，代表引物的 1 个结合位点，根据各 DNA 片段的迁移率及其有无进行统计，对清晰的带（包括强带和清晰可辨的弱带），在相同迁移位置上有带记录为 1，无带记录为 0，统计各引物的多态性位点，建立由“0、1”组成的二元数据矩阵数据库。以 Nei's[23-24] 为参数，利用 NTSYSpc 2.1 软件计算 50 个木槿品种间的遗传距离。

1.3　表型性状研究方法

1.3.1　表型性状选取及测定方法

参照《木槿新品种 DUS 测试指南》以及文献中关于木槿及其他花卉品种的性状评价 [25-26]，并参考农户品种改良时关注的表型，选择了花、叶、果实和种子等 7 个性状指标（表 2）。性状采用目测法与赋值法测定，花瓣和花晕颜色采用 RHS 标准比色卡进行测定，叶形类型依据韩国《木槿花品种图鉴》书中对木槿叶形类型的描述共分为 5 种（图 2）[27]。

表 1　筛选分子标记的供试木槿品种

Table 1　Selected *Hibiscus syriacus* L. cultivars for screening of molecular markers

编号 No.	品种名 Variety name	编号 No.	品种名 Variety name
1	‘布里克’	5	‘阿登’
2	‘诺伍德一号’	6	‘红心’
3	‘哈玛布一号’	7	‘露西’
4	‘奇异’	8	‘芍花’

表 2　木槿的主要形态特征及评价标准

Table 2　The main morphological characters and value assignment criteria for *Hibiscus syriacus* L.

性状 Phenotypic trait	代号 Code	记载标准及赋值 Criteria and voluation	测量方法 Measurement method
花瓣型 Petals type	PT	单瓣 =1；半重瓣 =2；全重瓣 =3	目测
花瓣颜色 Flower color	FC	白色 =1；红 =2；紫红 =3；玫红 =4；粉 =5；浅粉 =6；粉紫 =7；浅粉紫 =8；紫 =9；蓝紫 =10；蓝 =11	RHS 标准比色卡
花晕 Floral halo	FH	红 =1；紫红 =2；无 =3；	目测、RHS 标准比色卡
叶形 Leaf shape	LS	A=1；B=2；C=3；D=4；E=5	目测
叶缘锯齿 Leaf margin serration	LMS	不整齐粗齿 =1；整齐粗齿 =2；锯齿 =3；尖锐锯齿 =4	目测
果实 Fruit	FR	有 =1；无 =2；	目测
种子形状 Seed shape	SS	肾形 =1；三角状卵形 =2；无 =3	目测

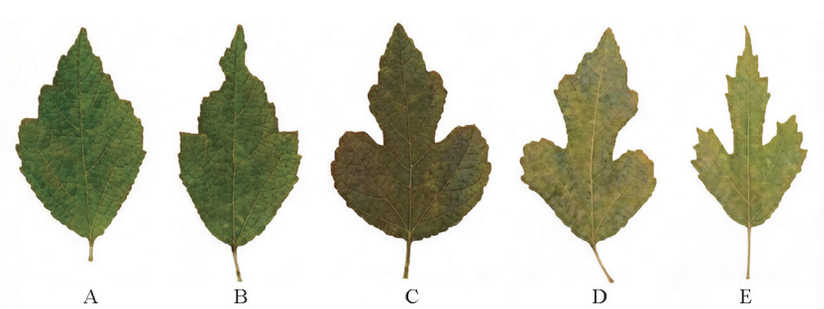


图 2　木槿叶形类型

Fig. 2　Leaf shape and type of *Hibiscus syriacus* L.

1.3.2 数据编码方法

根据表 2 所列 7 个性状对各品种进行观测记录，其中二元性状 1 个，按 1 或 2 进行编码，肯定状态为 1，否定状态为 2；有序多态性状 6 个，取连续排列的正整数 1，2，3…进行编码，其中花瓣和花晕颜色根据比色卡编号顺序排序。

1.3.3 数据处理方法

采用 Excel 2021 软件进行数据处理。根据表型级别分级，参照郑师衡等 [28] 的方法，计算变异系数（Coefficient of variation, *CV*）和 Shannon 多样性指数（*H*）。采用 SPSS 27.0 软件对 50 份木槿种质的表型性状进行主成分分析。

1.4 相关性分析

运用 SPSS 27.0 软件，对不同表型性状之间，以及分子标记多态位点与各表型性状之间进行相关性分析。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析

2.1.1 分子标记的多态性分析

采用筛选出的 25 对 ISSR 引物分析 50 份木槿种质材料的遗传多样性，其中 7 对引物具有多态性，扩增出的条带在 100 ～ 1 000 bp 之间，共扩增 62 个条带，多态性条带为 59 条，占比为 95.16%。采用筛选出的 23 对 AFLP 引物分析 50 份木槿种质材料的遗传多样性，其中 4 对引物具有多态性，扩增出的条带在 100 ～ 1 000 bp 之间，共扩增 49 个条带，多态性条带为 47 条，占比为 95.92%。

2.1.2 分子标记的遗传多样性分析

对 2 种不同的分子标记进行遗传多样性分析，结果表明供试的 50 份木槿种质材料的遗传相似系数在 ISSR 和 AFLP 分子标记中分别为 0.051 4 ～ 1.000 0 和 0.000 0 ～ 1.000 0，均展现出丰富的多样性。从遗传相似系数可以推测种质材料间的亲缘关系，例如 ISSR 标记中多个木槿品种之间的遗传相似系数为 1.000 0，证明这些品种之间亲缘关系近。以‘布里克’（No. 1）为例，它与‘诺伍德一号’（No. 3）、‘浙农三号’（No. 23）之间均为 1.000 0，表明布里克与这 2 个品种之间的亲缘关系比较近。从 3 个品种的表型性状可知，这 3 个品种均为花半重瓣，有花晕，区别仅在于花色；遗传相似系数最小为 0.0514，为‘阿登’（No. 15）与‘浙农十三号’（No. 33）之间，前者为半重瓣、紫色有花晕，后者为重瓣、粉色无花晕，在表型上亦有较大差异。在 AFLP 分子标记中也存在同样情况，结合之前的 SRAP 分子标记试验结果 [17]，对不同分子标记之间进行比较，发现存在差异。以‘布里克’（No. 1）为例，在不同的分子标记中与其他品种之间的遗传相似系数存在多种可能性。如图 3 所示，仅有‘诺伍德一号’（No. 3）、‘敏柔莎’（No. 17）和‘浙农三十号’（No. 50）这 3 个品种与‘布里克’之间的遗传相似系数在 3 种不同的分子标记中基本相同，其他的品种与‘布里克’之间的遗传相似系数在 3 种标记中均展现出较大差异，证明了木槿种群间具有差异特征的遗传标记在 3 种不同的分子标记中是不同的。

分析原因，认为与不同分子标记覆盖的基因组区域不同有关，在 3 种标记中 SRAP 主要关联基因组的功能区域，而 ISSR 在不同物种间具有较高通用性，不直接靶向特定功能基因。而本研究只是木槿不同品种间的遗传相似系数，因此，针对品种间的遗传相似系数，SRAP 分子标记结果大于 ISSR 分子标记。在‘布里克’与其他 49 个品种间的遗传相似系数，有 21 组中 SRAP 分子标记为最大值，而 ISSR 仅占了 5 组，剩下的 23 组中 AFLP 分子标记为最大值，这与 AFLP 标记位点覆盖全基因组的特点有关。

本研究的 50 份木槿种质材料中，有 20 份（No. 1 到 No. 20）是引种于法国等地，还有 30 份种质材料是农家改良品种，没有完整试验记录。根据品种间的遗传相似系数，对这 30 份农家品种中的一些品种的品种来源可以作出初步判断，如表 3 所示，‘浙农三号’（No. 23）与国外引进品种‘布里克’（No. 1）和‘诺伍德一号’（No. 3）、‘浙农二号’（No. 22）与‘弗洛吉’（No. 5）和‘桑乔约’（No. 10）、‘浙农四号’（No. 24）与‘白花单瓣’（No. 9）、‘浙农一号’（No. 21）与‘天蓝’（No. 13）在 3 种分子标记中均具有较大的遗传相似系数，可以初步推测这些农家品种其亲本可能来自这几个国外引种。

2.2 表型性状多样性分析

2.2.1 表型性状的基本统计和变异分析

对 50 份木槿种质材料的 7 个表型性状进行统计，并计算其变异系数和遗传多样性指数，如表 4 所示。由表 4 可知，7 个性状的平均变异系数为 46.00，在不同种质材料之间存在明显差异，其中，叶缘锯齿和花瓣颜色的变异系数较高，分别为 70.83 和 66.78，花晕和果实的变异系数较小，

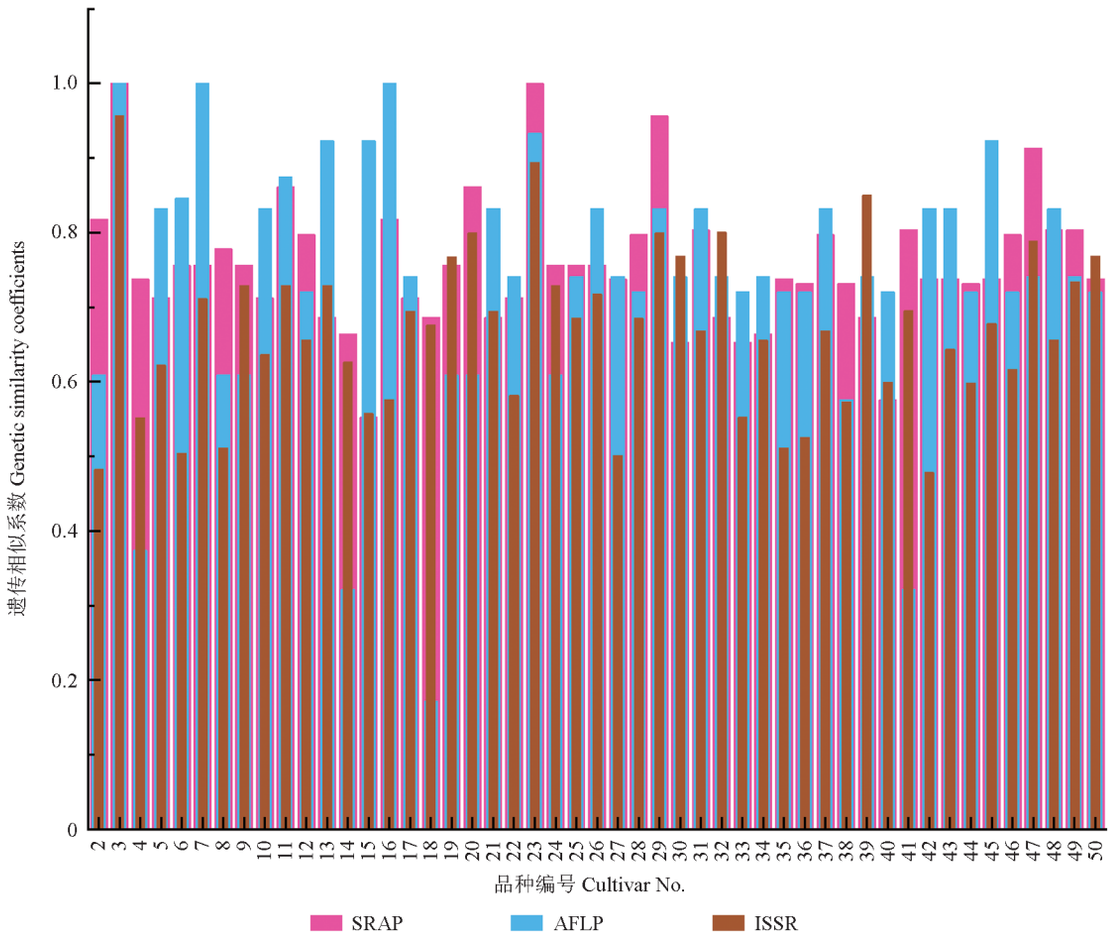


图 3　3 种分子标记中“布里克”与其他品种间的遗传相似系数

Fig. 3　The genetic similarity coefficients of *Hibiscus syriacus* ‘*Bricutts*’ and the other cultivars based on three molecular markers

表 3　国外引进品种与农家品种间的遗传相似系数 †

Table 3　The genetic similarity coefficients of imported varieties and domestic varieties

序号 No.	ISSR 分子标记 ISSR molecular marker	AFLP 分子标记 AFLP molecular marker	SRAP 分子标记 * SRAP molecular marker
1	No. 23		
	1.000	0.933	0.894
3	No. 23		
	1.000	0.933	0.894
5	No. 22		
	1.000	0.909	0.948
9	No. 24		
	1.000	1.000	0.962
10	No. 22		
	1.000	0.909	0.945
13	No. 21		
	1.000	0.909	0.901

† *，数据引自文献 [17]。

*, The data was quoted from the study[17].

分别为 29.10 和 30.44。遗传多样性指数一般用于估算种群多样性，数据越大表示多样性越丰富。由表 4 可知，7 个性状的平均遗传多样性指数为 1.096，变化范围为 0.405 ～ 2.049，其中，遗传多样性指数最高的是花瓣颜色，为 2.049，最低的是果实，为 0.405。

表 4　表型性状变异分析和遗传多样性指数

Table 4　Variation analysis and Shannon’s diversity index of phenotypic traits

性状 Phenotypic trait	平均值 Mean	标准差 *S*	变异系数 CV	遗传多样性指数 *H*
PT	2.24	0.88	39.49	0.987
FC	4.98	3.33	66.78	2.049
FH	2.26	0.66	29.10	0.969
LS	2.56	1.22	47.62	1.468
LMS	1.70	1.20	70.83	0.805
FR	1.14	0.35	30.44	0.405
SS	1.78	0.67	37.75	0.990
平均值 Mean			46.00	1.096

2.2.2　表型性状的主成分分析

将获得的 7 个表型性状数据进行主成分分析（表 5），数据显示 3 个主要成分的特征值大于 1，累计贡献率为 68.087%。从主成分 1 来看，特征值为 1.815，其中种子形状和果实载荷绝对值均超过 0.5 为强相关，说明第 1 主成分由种子形状和果实组

表 5 表型性状的主成分分析
Table 5 Principal component analysis of different phenotypic traits

性状 Phenotypic trait	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2	主成分 3 PC3
PT	0.259	0.765	0.388
FC	0.237	-0.478	0.086
FH	0.081	0.814	-0.01
LS	-0.118	-0.333	0.663
LMS	-0.109	-0.068	0.812
FR	0.877	-0.278	-0.081
SS	0.943	0.049	0.124
特征值 Eigenvalue	1.815	1.673	1.279
贡献率 Contribution rate /%	25.925	23.895	18.267
累计贡献率 Cumulative contribution rate /%	25.925	49.82	68.087

成；从主成分 2 来看，特征值为 1.673，其中花瓣型、花晕绝对值超过 0.5 为强相关，说明第 2 主成分由花瓣型和花晕组成；从主成分 3 来看，特征值为 1.279，其中叶形和叶缘锯齿绝对值超过 0.5 为强相关，说明第 3 主成分由叶形和叶缘锯齿组成 [29-30]。由此可见，在本研究的 7 个表型性状中，除了花瓣颜色，其余 6 个性状均可表现木槿不同种源的表型多样性。

2.3 相关性分析

50 份木槿种质的 7 个表型指标间的相关性分析结果如表 6 所示，共有 2 对指标的相关性达到极显著水平（$P < 0.01$），即花晕与花瓣型、果实与种子形状之间均为极显著正相关；1 对指标的相关性达到显著水平（$P < 0.05$），即花瓣型与种子形状之间为显著正相关，其他各项指标之间的相关性均不显著。由此可知，7 个指标之间既相关，又互相独立，其中，花瓣颜色和 2 个关于叶片的性状与其他指标之间的相关性均不显著。

将分子标记 ISSR、AFLP 和 SRAP[17] 的多态性条带与 7 个质量表型性状进行相关性分析，得到与各个表型性状呈显著相关的多态性条带在总多态性条带中的占比，结果如表 7 所示。由表 7 可见，在与表型性状显著相关的多态性条带中既包括正相关也包括负相关，虽然各个表型性状与不同分子标记之间的相关性不同，但总体趋势比较一致：其中花瓣型、花晕和果实这 3 个性状与分子标记之间相关性较大，与这 3 个性状呈显

表 6 表型性状的相关性分析 †
Table 6 Correlation analysis of different phenotypic traits

性状 Phenotypic trait	花瓣型 PT	花瓣颜色 FC	花晕 FH	叶形 LS	叶缘锯齿 LMS	果实 FR	种子形状 SS
PT	1.00						
FC	-0.141	1.00					
FH	0.469**	-0.121	1.00				
LS	-0.012	0.026	-0.146	1.00			
LMS	0.072	0.087	-0.094	0.076	1.00		
FR	-0.078	0.125	-0.165	0.043	-0.049	1.00	
SS	0.263*	0.139	0.123	-0.039	0.062	0.633**	1.00

† “*”表示显著性相关（$P < 0.05$）；“**”表示极显著性相关（$P < 0.01$）。
“*” means different samples represented significant difference($P < 0.05$); “**” means different samples represented extremely significant difference ($P < 0.01$).

表 7 质量表型性状与分子标记间的相关性统计 †
Table 7 Statistics of correlation between qualitative characters and molecular markers %

性状 Phenotypic trait	ISSR 分子标记 ISSR molecular marker					AFLP 分子标记 AFLP molecular marker					SRAP 分子标记 SRAP molecular marker					平均占比 Mean
	* +	* -	** +	** -	合计 Amount	* +	* -	** +	** -	合计 Amount	* +	* -	** +	** -	合计 Amount	
PT	1.61	1.61	1.61	8.06	12.90	0.00	13.51	0.00	5.41	18.92	1.32	8.55	0.66	7.89	18.42	16.75
FC	2.23	1.61	0.00	2.84	6.68	3.41	0.00	0.00	0.00	3.41	0.00	3.61	0.00	0.66	4.26	4.78
FH	4.84	8.06	14.52	1.61	29.03	0.00	8.11	0.00	0.00	8.11	0.66	6.58	1.32	7.24	15.79	17.64
LS	1.61	0.00	0.00	0.00	1.61	2.70	0.00	0.00	0.00	2.70	1.32	3.29	0.00	0.66	5.26	3.19
LMS	1.61	0.00	0.00	0.00	1.61	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.66	0.00	0.00	0.66	0.76
FR	4.84	0.00	3.23	0.00	8.06	2.70	0.00	27.03	0.00	29.73	9.87	0.00	2.63	0.66	13.16	16.98
SS	1.61	1.61	1.61	1.61	6.45	2.70	5.41	0.00	8.11	16.22	1.97	5.26	1.32	3.29	11.84	11.50

† “*”表示显著性相关（$P < 0.05$）；“**”表示极显著性相关（$P < 0.01$）；“+”表示正相关；“-”表示负相关。
“*” means different samples represented significant difference($P < 0.05$); “**” means different samples represented extremely significant difference ($P < 0.01$); “+” means different samples represented positive correlation; “-” means different samples represented negative correlation. The same below.

著相关的多态性条带平均占比分别为 16.75%、17.64% 和 16.98%；而花瓣颜色以及叶片相关的 2 个性状与分子标记之间相关性较小，均小于 5%，证明这 3 个性状缺乏足够的遗传基础，在品种改良及栽培中不稳定，容易出现变异。资源调查中也发现此类情况，甚至在同一个植株的不同部位中有不同形状的叶片出现。

同一个基因可影响多个性状，在 3 个不同分子标记中，各多态位点与表型性状相关性的具体情况见图 4 所示：与表型性状不相关（即与 0 个表型性状相关）的多态位点在 ISSR、AFLP 和 SRAP 三种标记中分别占比 58.06%、43.24% 和 53.29%，近半数的多态位点与表型性状相关；1 个多态位点最多可与 4 个表型性状相关，即 ISSR 分子标记中的 P1-2 位点和 SRAP 中的 S45-11 位点。

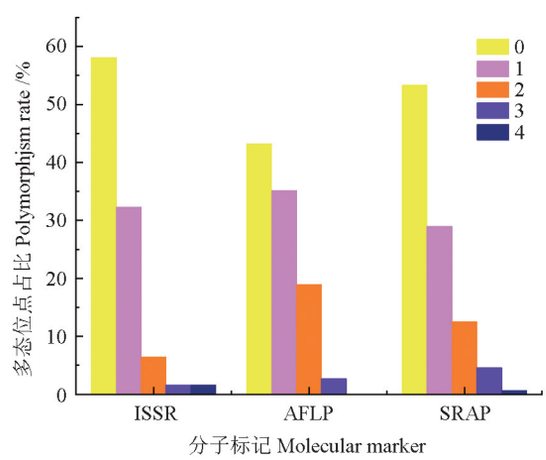


图 4　多态位点相相关性的表型性状个数统计
Fig. 4　Statistics of the numbers of phenotypic character associated with polymorphic site

3　讨论与结论

3.1　讨　论

3.1.1　分子标记遗传多样性分析与品种亲本溯源

基于分子标记的遗传多样性分析结果不仅展现了木槿具有丰富的多样性，通过遗传相似系数的比较还可分析品种间的亲缘关系。因此，根据品种间的遗传相似系数可对“农家新品种”进行溯源分析，例如本研究中的 30 份“农家新品种”的种质，通过与 20 份已知身份品种遗传相似系数的比较分析，初步推测出其中 4 个品种（No. 21、No. 22、No. 23、No. 24）的亲本来源。由此可知，如果收集足够多的木槿品种建立种质数据库，可对未知木槿改良品种的亲本进行溯源。

3.1.2　表型性状及分子标记相关性分析与新品种选育

育种时对某性状的改良可能会影响到与之相关的其他性状，董乐等 [31] 筛选浙江红花油茶优株时提出，要将相关性强的性状作为整体进行新品种选育。本研究中，表型性状的相关性分析结果展示了各性状间的相关性程度，花瓣型、花晕、果实和种子形状这 4 个性状之间存在显著相关性，花瓣颜色、叶形以及叶缘锯齿这 3 个性状与其他性状之间均不存在显著相关性，分析结果对有目的改良木槿种质以及培育新品种具有指导意义。确定目标性状具有一定的遗传基础是遗传改良的重要条件，本研究对表型性状和分子标记的相关性分析结果显示：7 个性状在 3 个分子标记中均能找到与之相关的多态性位点，证明了这 7 个性状均有其遗传基础。本研究还分析了与表型性状显著相关的多态位点的百分比，平均占比高的性状（花晕、花瓣型和果实）受更多基因的影响，平均占比低的性状（花瓣颜色、叶形和叶缘锯齿）则受较少基因的影响。综合表型性状间相关性分析结果可知，花瓣颜色、叶形和叶缘锯齿这 3 个性状不适宜在品种改良时作为目标表型。

本研究也证明同一基因可影响多个性状，例如图 4 中展示的 ISSR 和 SRAP 分子标记中 1 个位点与 4 个性状具显著相关。进一步分析发现与叶、果实、种子相关的 5 个性状之间的相关性较强，对于同一个多态位点均展示相同的显著正相关或负相关，证明这些性状的形成有着共同的遗传和生理生化基础；而与花相关的 3 个性状之间相关性不强，与它们相关的多态位点之间不重合，即使出现在同一位点，正负性也不同，证明了木槿种质中与花相关的表型性状的遗传调控和生理生化过程更为复杂。

3.2　结　论

本研究应用分子标记进行遗传多样性分析，根据品种间遗传相似系数的比较，对“农家新品种”进行品种亲本溯源。研究结果证明，此方法可以有效推测未知改良品种的亲本来源，因此，只要对改良农家品种来源地的木槿种质资源展开详尽全面的调查，掌握足够多的数据资料，可采用此方法进行品种亲本溯源，为“农家新品种”的新品种认定奠定基础。本研究对木槿表型性状进行遗传多样性和相关性分析，结果证明育种时如果已掌握与目标表型相关联的表型，可大大提高育种效率。本研究还对表型性状与分子标记之间的

相关性进行分析，一方面可以进一步证明不同表型之间的关联，另一方面可以判断目标表型的遗传稳定性，从而对遗传育种过程中目标表型的选定具有指导作用，避免出现改良新品种性状不稳定甚至出现变异的情况，大大提高了育种效率。综上所述，本研究为国内木槿改良品种的亲本溯源以及新品种选育工作提供了新的研究思路与方向。

参考文献：

[1] 中国科学院中国植物志编辑委员会 . 中国植物志第四十九卷第二分册 [M]. 北京 : 科学出版社 ,1984:75.
Editorial Committee of Flora of China, Chinese Academy of Sciences. Flora of China, Volume 49, Part 2[M]. Beijing: Science Press,1984:75.

[2] KIM S H, KIM D S, KIM J B, et al. *Hibiscus syriacus* ‘Dasom’, a new flower-color mutant variety developed by radiation breeding[J]. Korean Journal of Horticultural Science and Technology,2015,33(2):298-301.

[3] PARK Y, LEE S W, KWON S H, et al. ‘Haeoreum’, a new *Hibiscus syriacus* cultivar for street trees[J]. HortScience, 2020,55(7):1159-1161.

[4] MALINOWSKI D P, PINCHAK W E, YANKER-HANSEN K. Phenotypic similarities in flower characteristics between novel winter-hardy *Hibiscus* hybrids and their tropical relatives[J]. Frontiers in Plant Science,2019,10:1528.

[5] 戚亚 , 王改萍 , 郑保砼 , 等 . 文冠果无性系花表型性状遗传变异分析 [J]. 经济林研究 ,2024,42(1):29-38.
QI Y, WANG G P, ZHENG B T, et al. Analysis of genetic variation of flower phenotype characteristics in *Xanthoceras sorbifolia* clones[J]. Non-wood Forest Research,2024,42(1): 29-38.

[6] 吴贵进 , 陈龙清 , 韦秋雨 , 等 . 滇山茶登录品种统计及表型性状分析 [J]. 园艺学报 ,2023,50(10):2157-2170.
WU G J, CHEN L Q, WEI Q Y, et al. Statistics and phenotypic traits analysis of *Camellia reticulata* registered cultivars[J]. Acta Horticulturae Sinica,2023,50(10):2157-2170.

[7] 段连峰 , 李颖 , 刘晓娜 , 等 . 国内外萱草新品种选育研究进展 [J]. 核农学报 ,2023,37(4):730-739.
DUAN L F, LI Y, LIU X N, et al. Research progress on breeding of new *Hemerocallis* varieties at home and abroad[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences,2023,37(4):730-739.

[8] 史建磊 , 陈先知 , 黄宗安 , 等 . 华南型黄瓜主要农艺性状遗传多样性评价 [J]. 核农学报 ,2016,30(10):1914-1924.
SHI J L, CHEN X Z, HUANG Z A, et al. Genetic diversity evaluation on main agronomic traits in south China ecotypic cucumber[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences,2016, 30(10):1914-1924.

[9] 黄凯美 , 邹宜静 , 施杨琪 , 等 . 南瓜栽培品种的 SSR 分子标记分析及农艺性状多样性研究 [J]. 核农学报 ,2021,35(12):2746-2755.
HUANG K M, ZOU Y J, SHI Y Q, et al. Analyses of genetic diversity by SSR molecular markers and agronomic traits diversity in squash and pumpkin[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences,2021,35(12):2746-2755.

[10] 田新权 , 付小琼 , 时萌 , 等 . 棉纤维 DNA 的提取及其在品种溯源中的尝试 [J]. 棉花学报 ,2019,31(2):156-162.
TIAN X Q, FU X Q, SHI M, et al. Extraction of cotton fiber DNA and its application in traceability[J]. Cotton Science, 2019,31(2):156-162.

[11] 任雪羽 , 王晓红 , 肖芬 , 等 . 木槿 ISSR-PCR 反应体系的建立及优化 [J]. 河南农业科学 ,2019,48(6):106-110.
REN X Y, WANG X H, XIAO F, et al. Establishment and optimization of *Hibiscus syriacus* ISSR-PCR reaction system[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences,2019,48(6):106-110.

[12] VAN HUYLENBROECK J M, DE RIEK J, DE LOOSE M. Genetic relationships among *Hibiscus syriacus*, *Hibiscus sinosyriacus* and *Hibiscus paramutabilis* revealed by AFLP, morphology and ploidy analysis[J]. Genetic Resources and Crop Evolution,2000,47:335-343.

[13] KIM S H, KIM W J, LEE G J, et al. Genetic relationship of *Hibiscus syriacus* L. clarified by AFLP and morphologica evaluation[J]. Horticulture, Environment and Biotechnology, 2009,50(6):555-565.

[14] 窦霄 , 陈俊强 , 董章凯 , 等 .41 份木槿种质资源的 AFLP 遗传多样性分析 [J]. 山东林业科技 ,2021,51(4):1-4.
DOU X, CHEN J Q, DONG Z K, et al. Genetic diversity of 41 germplasm resources of *Hibiscus syriacus* with AFLP analysis[J]. Shandong Forestry Science and Technology,2021,51(4):1-4.

[15] 赵艺璇 , 王鑫 , 田琳 , 等 .39 个木槿品种亲缘关系 SRAP 分析 [J]. 四川农业大学学报 ,2020,38(1):52-57.
ZHAO Y X, WANG X, TIAN L, et al. Analysis the genetic diversity of *Hibiscus syriacus* germplasm resources by SRAP[J]. Journal of Sichuan Agricultural University,2020,38(1):52-57.

[16] 方茹 , 罗优波 , 胡亚芬 , 等 . 基于 SRAP 分子标记的五十份木槿种质资源亲缘关系的分析 [J]. 北方园艺 ,2025(1):8-14.
FANG R, LUO Y B, HU Y F, et al. Analysis the phylogenetic relationship of 50 germplasm resources of *Hibiscus syriacus* L. based on SRAP molecular markers[J]. Northern Horticulture, 2025(1):8-14.

[17] 赫卫 , 张慧 . 基于表型性状和 SRAP 标记的观赏用辣椒种质资源遗传多样性分析 [J]. 中国瓜菜 ,2022,35(1):16-23.

HAO W, ZHANG H. Analysis of genetic diversity of pepper germplasm resources for ornamental based on phenotypic traits and SRAP markers[J]. China Cucurbits and Vegetables, 2022,35(1):16-23.

[18] 乔燕春 , 林锦英 , 谢伟平 , 等 . 华南地区主要瓜类作物遗传进化的 SRAP 分子标记分析及表型性状相关性研究 [J]. 华北农学报 ,2013,28(增刊 1):7-11.
QIAO Y C, LIN J Y, XIE W P, et al. The main gourd germplasm in south China based on morphological characters and SRAP markers[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica,2013,28(Suppl. 1): 7-11.

[19] 黄智 . 基于表型及 SSR 标记分析成都引进油橄榄遗传多样性 [D]. 雅安 : 四川农业大学 ,2022.
HUANG Z. Genetic diversity analysis of olive introduced from Chengdu based on phenotype and SSR markers[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University,2022.

[20] 王秋玉 , 张金然 , 杨传平 . 白桦种群间木材纤维性状的表型变异与分子标记的遗传多态性 [J]. 林业科学 ,2007,43(11):37-42.
WANG Q Y, ZHANG J R, YANG C P. Phenotypic variation in wood fiber properties and genetic diversity in molecular marker among the populations of *Betula platyphylla*[J]. Scientia Silvae Sinicae,2007,43(11):37-42.

[21] 袁宏 , 王红兰 , 朱文涛 , 等 . 四川栽培羌活表型性状与品质相关性分析 [J]. 核农学报 ,2023,37(12):2469-2477.
YUAN H, WANG H L, ZHU W T, et al. Correlation analysis between phenotypic character and quality of cultivated *Notopterygium incisum* in Sichuan Province[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences,2023,37(12):2469-2477.

[22] 张铮 , 史刚荣 . 木槿 5 个种下类群木材的比较解剖学 [J]. 广西植物 ,2009,29(2):182-186.
ZHANG Z, SHI G R. Wood comparative anatomy of five intraspecies of *Hibiscus syriacus*[J]. Guihaia,2009,29(2):182-186.

[23] 王璐伟 , 沈志军 , 李贺欢 , 等 . 基于 SSR 荧光标记的 79 份桃种质遗传多样性分析 [J]. 中国农业科学 ,2022,55(15):3002-3017.
WANG L W, SHEN Z J, LI H H, et al. Analysis of genetic diversity of 79 cultivars based on SSR fluorescence markers for peach[J]. Scientia Agricultura Sinica,2022,55(15):3002-3017.

[24] SUTARNO S, ZAHRAH S, ASTIRIN O P, et al. Genetic diversity of ongole grade, aceh, and sumbawa cattle based on polymorphism on ND-5 fragment mitochondrial DNA using PCR-RFLP technique[J]. Biodiversitas,2019,20(3):783-788.

[25] 国家林业和草原局 . 植物新品种特异性、一致性、稳定性测试指南·朱瑾和木槿 : LY/T3209—2020[S]. 北京 : 中国标准出版社 ,2020.
Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability: rose of Sharon (*Hibiscus syriacus* L.) and China Rose (*Hibiscus rosa-sinensis* L.): LY/T3209-2020[S]. Beijing: Standards Press of China,2020.

[26] 陈含 , 王东升 , 白冰 , 等 . 21 份木槿栽培品种表型多样性评价 [J]. 南京林业大学学报 (自然科学版),2022,46(3):117-126.
CHEN H, WANG D S, BAI B, et al. Phenotypic diversity of 21 *Hibiscus* cultivars[J]. Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition),2022,46(3):117-126.

[27] 肖芬 . 27 个木槿品种分类研究 [D]. 长沙 : 中南林业科技大学 , 2019.
XIAO F. The research on classification of 27 *Hibiscus* cultivars[D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology,2019.

[28] 郑师衡 , 孔庆博 , 李容子 , 等 . 四川雅安 36 份野生油茶资源性状的综合评价 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2025,45(1): 90-101.
ZHENG S H, KONG Q B, LI R Z, et al. Comprehensive evaluation of 36 wild *Camellia oleifera* resources traits in Ya'an, Sichuan Province[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2025,45(1):90-101.

[29] 陈慧杰 , 严子桢 , 齐香玉 , 等 . 不同绣球品种耐寒性评价及主要指标筛选 [J]. 植物资源与环境学报 ,2024,33(2):41-49.
CHEN H J, YAN Z Z, QI X Y, et al. Evaluation of cold tolerance and screening of main indexes of different cultivars of *Hydrangea macrophylla*[J]. Journal of Plant Resources and Environment, 2024,33(2):41-49.

[30] 肖继兵 , 刘志 , 辛宗绪 , 等 . 基于主成分分析和隶属函数的谷子全生育期耐旱性鉴定 [J]. 干旱地区农业研究 ,2022,40(6): 34-44.
XIAO J B, LIU Z, XIN Z X, et al. Identification of drought tolerance in foxtail millet during its entire growth period based on principal component analysis and membership function[J]. Agricultural Research in the Arid Areas,2022,40(6):34-44.

[31] 董乐 , 李田 , 黄文印 , 等 . 浙江红花油茶优株筛选与综合评价 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2021,41(11):35-45.
DONG L, LI T, HUANG W Y, et al. Selection and comprehensive evaluation of superior individual plant in *Camellia chekiangoleosa*[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2021,41(11):35-45.

[本文编校：吴　彬]