

主持人: 王 健

Open Access

# 转录组差异解析文心兰跳芽现象及其调控

兰寒俏<sup>1,2#</sup>, 刘 乐<sup>2</sup>, 黎维诗<sup>3</sup>, 郝代成<sup>3</sup>, 陈泰臻<sup>1,2</sup>,  
陆 玲<sup>1,2</sup>, 唐敏强<sup>1,2\*</sup>, 凌 鹏<sup>1,2\*</sup>

(1. 海南大学 热带农林学院, 海南 儋州 571737 中国; 2. 海南大学热带特色林木花卉遗传与种质创新教育部重点实验室, 海南 儋州 571737 中国; 3. 海南博大兰花科技有限公司, 海南 海口 570311 中国)

**摘要:** 文心兰(*Oncidium hybridum*)切花生产中常出现不定芽跳跃性发育打断正常花芽分化生长周期现象, 由此造成切花产量下降, 为解决此问题, 以文心兰‘博大一号’的花芽和营养芽为材料, 利用高通量技术进行转录组测序。结果获得 127 452 717 个高质量序列, 共 37.36 Gb, 鉴定出 7 671 个差异表达基因(DEGs)。COG 功能分类主要在信号转导途径和碳水化合物运输和代谢途径, DEGs 显著富集的 KEGG 通路有淀粉和蔗糖代谢途径、植物激素信号转导等途径, 其中植物激素信号转导途径获得 78 个 DEGs, 差异最显著的涉及生长素、细胞分裂素、水杨酸、赤霉素。筛选到影响开花的相关转录因子和基因有 13 个, 包括 *MADS1*、*AP2*、*FLK* 等。结果在一定程度上探析了生长素、细胞分裂素等激素及这些开花基因对文心兰花芽和营养芽分化的影响, 为进一步深入研究文心兰生产过程中不定芽跳跃性发育现象形成的机制提供理论基础, 便于后续提高文心兰生产效率和质量、优化文心兰栽培管理技术, 这对推动中国兰花育种、种苗生产和产业发展具有十分重要的现实意义。

**关键词:** 文心兰; 转录测序; 开花基因; 花芽分化; 营养芽分化

中图分类号: S682.31 文献标志码: A 文章编号: 1674–7054(2026)03–0532–09

兰寒俏, 刘乐, 黎维诗, 等. 转录组差异解析文心兰跳芽现象及其调控[J]. 热带生物学报(中英文), 2026, 17(3): 532–540. DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.20240197 CSTR: 32425.14.j.cnki.rdsxb.20240197



文心兰(*Oncidium hybridum*)为多年生草本, 其生长史从幼苗期发育到假鳞茎发育再到假鳞茎成熟萌发不定芽阶段, 紧接抽苔阶段, 由不定芽发育成花芽并分化成花序和各花器官直至开花阶段, 待花衰败后, 由基部的不定芽萌发阶段过渡到发育成营养芽阶段(图 1)<sup>[1-2]</sup>。前 3 个阶段(i~iii)为营养生长阶段, 最后阶段(vi)的营养芽会继续发育成另一个新植株。若在假鳞茎成熟阶段(iii)时不定芽分化出的不是花芽, 而直接跳跃发育到营养芽阶段(vi), 即为跳芽现象。

利用现代分子手段及生物信息分析方法研究

关于兰花营养芽、花芽分化发育的基因表达调控途径越来越常见。在兰花快繁中, 用转录测序初步确定与兰花芽分化相关的基因<sup>[3]</sup>, 蝴蝶兰(*Phalaenopsis* spp.)腋芽增殖能力相关基因<sup>[4]</sup>。Li 等<sup>[5]</sup>研究内源激素代谢和信号通路对蝴蝶兰腋芽发育至成花发育的分子调控机制。Fan 等<sup>[6]</sup>认为杜鹃叶山茶(*Camellia azalea*)的花芽发育与植物激素途径和植物代谢等多种途径调控有关。在东方百子莲(*Agapanthus praecox* ssp. *orientalis*)的成花过程中生长素信号发挥着重要调控作用<sup>[7]</sup>, 也有研究发现鳄梨(*Persea americana*)高果实负荷(heavy



收稿日期: 2024-12-24

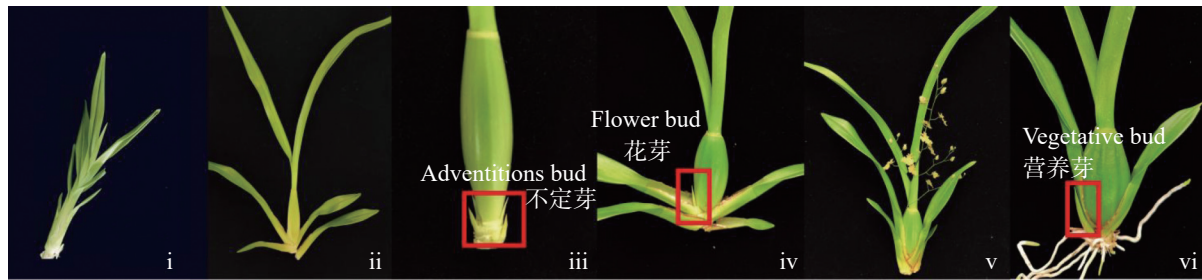
修回日期: 2025-03-03

基金项目: 国家自然科学基金项目(32201624); 海南大学生态文明协同创新中心项目(XTCX2022STC10); 海南大学启动科研基金项目(KYQD(ZR)-21039); 海南大学横向自然科学基金项目(RH2200000309)

\*第一作者: 兰寒俏(1998—), 女, 海南大学热带农林学院风景园林 2022 级硕士研究生。E-mail: hanqiao3414@foxmail.com

\*通信作者: 凌鹏(1965—), 男, 教授, 博士生导师。研究方向: 园林观赏植物、果树资源遗传育种及应用。E-mail: 993037@hainanu.edu.cn

唐敏强(1988—), 男, 博士。研究方向: 热带植物生物信息与遗传进化。E-mail: tangminqiang@hainanu.edu.cn



i. 幼苗期发育阶段; ii. 假鳞茎发育阶段; iii. 假鳞茎成熟阶段; iv. 抽苔阶段; v. 开花阶段; vi. 营养芽阶段。

i. Seedling stage of development; ii. Pseudobulb development stage; iii. Pseudobulb maturation stage; iv. Unsheathing stage; v. Flowering stage; vi. Vegetative bud stage.

图1 文心兰生长史

Fig. 1 Growth history of *Oncidium hybridum*

fruit load, HFL) 在芽中产生生长素信号, 诱导产生花抑制因子 *PaTFL1*, 从而抑制花序发育<sup>[8]</sup>。除了生长素、细胞分裂素对花芽分化过程的调控研究外<sup>[9]</sup>, 在兰花中, 开花启动子相关基因能促进开花转变, 而抑制开花启动的相关基因则以拮抗的形式抑制开花<sup>[10-11]</sup>。而在文心兰芽分化研究中, 假鳞茎内糖类物质的变化对子代假鳞茎侧芽的萌发影响很大, 假鳞茎成熟阶段淀粉会大量转化为供应芽萌发的能量<sup>[12]</sup>。

文心兰作为一种有着较高观赏价值的兰花切花和盆花, 具有重要的市场价值和潜力。海南省气候资源优越, 加上政策支持、技术加持等条件, 为兰花产业的发展增添了强劲助力。在海南博大兰花科技有限公司东山兰花基地的文心兰切花生产过程中发现了文心兰的几个品种(‘博大一号’、‘柠檬绿’)中均出现跳芽现象, 该现象发生过多会导致一整个产花周期无花可产, 总体切花产量下降, 而在相同条件下其他品种的文心兰却少有跳芽现象。在触发新生营养芽和花芽分化过程中, 因某些开花相关基因受到抑制或延迟<sup>[13]</sup>, 可能导致花芽分化失败, 直接进入营养芽阶段; 或营养生长相关基因被过度激活, 而直接促进营养芽发育<sup>[14]</sup>; 又或者复杂的激素信号通路、基因网络调控也会打破营养生长与生殖生长的平衡<sup>[15]</sup>, 导致该现象的发生。目前, 虽有前人指出文心兰跳芽的现象, 但并未将跳芽现象进行概念化归纳, 同时从生产实际中探索解决跳芽现象的方法仍很少, 对于文心兰花芽/营养芽分化的分子机制少见报道。

本研究探究文心兰花芽及营养芽分化的分子机制, 以期初步了解调控文心兰花芽和营养芽生长发育的关键因素, 为减少文心兰切花生产过程中不定芽跳跃性发育现象提供理论基础, 以提高

文心兰生产效率和质量、优化文心兰栽培管理技术, 对推动中国兰花育种、种苗生产和产业发展具有十分重要的现实意义。

## 1 材料与方法

**1.1 植物材料** 检测样品从基地同一批次生长健壮的文心兰‘博大一号’(*Oncidium hybridum* ‘Boda NO1’)植株中随机选择处于抽苔阶段的当年生假鳞茎基部第1或2子叶内长出约10 mm花芽的植株共3株; 随机选择处于营养芽阶段的当年生假鳞茎基部第3、4子叶内长出约10 mm营养芽的植株共3株, 取其花芽、营养芽(图2), 剥去叶(鞘)片, 称取约2~3 g, 放入冻存管中, 共计6个样, 用于转录组测序实验。

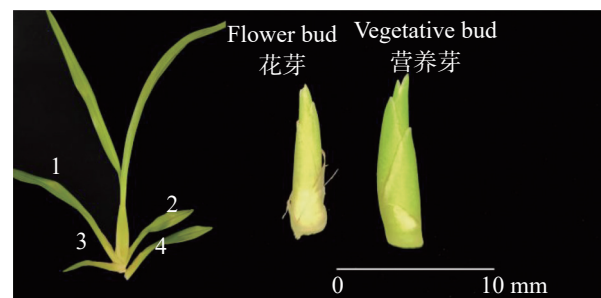


图2 文心兰花芽及营养芽样本示意图

Fig. 2 Diagram of flower bud and vegetative bud samples of *Oncidium*

注: 1. 第一片子叶; 2. 第二片子叶; 3. 第三片子叶; 4. 第四片子叶。

Note: 1. First cotyledon; 2. Second cotyledon; 3. Third cotyledon; 4. Fourth cotyledon.

**1.2 RNA 提取及建库** 首先, 使用天根植物多糖多酚试剂盒提供的标准提取方法提取 RNA, 然后对提取的 RNA 进行浓度、纯度、完整性检测, 以确保其符合测序质量标准。其次, 构建 cDNA 文库, 并在 Illumina NovaSeq 6000 平台上对 cDNA 文库进行测序。最后, 对转录组数据进行质量控

制,以消除原始转录组数据中的冗余序列,从而获得高质量的纯净读数。

**1.3 数据评估与差异表达基因分析** 使用 FASTP v0.19.3<sup>[16]</sup> 对所有样本数据进行质量控制和优化评估(合格数据定义为  $Q30 > 85\%$ ),而后将高质量序列与参考基因组进行序列比对,以营养芽为对照组,将差异倍数(Fold Change)  $\geq 2$  且  $PDR < 0.05$  作为筛选标准。将筛选出的 DEGs 与 GO、COG、KEGG 等数据库进行序列比对,获得这些基因的注释信息。

**1.4 qRT-PCR 实验** 提取转录组样本花芽、营养芽的 RNA,检测合格的 RNA 用于后续实验。使用 HiScript II 1st Strand cDNA Synthesis Kit (+gDNA wiper) 反转录试剂盒对 RNA 进行反转录,反转后的 cDNA 用于后续实验。使用 Primer v6.0 设计 qRT-PCR 特异性引物,引物序列见表 1。使用并按照 ChamQ SYBR qPCR Master Mix 试剂盒说明书进行荧光定量 PCR,选择 *Actin* 基因作为内参基因。数据分析结果使用  $2^{-\Delta\Delta CT}$  法计算相对表达量。

表 1 关键基因引物序列

Tab. 1 The primer sequences of key genes.

基因 Genes	正向引物(5'—3') Forward primers (5'—3')	反向引物(5'—3') Reverse primers (5'—3')
<i>Actin</i>	GCAACATTGTTCTTAGCGGAGGCT	TCTTCATGCTGCTTGGTGCAAGTG
<i>AUX/IAA22D</i>	AACAAAGCTCGACCTCCAAACG	GTGTTGCGCTACAATGGTGTGTTG
<i>SAUR-6B</i>	ATGGGTTTCATCGTCTCCGTCTC	AACAGCACGATCCGCAGAACG
<i>MADSI</i>	TGTGAGTGTGCTTGGTTGCTATC	TTGATTGAAGACCCGAAAGATCCC
<i>PIF4</i>	AGGAGACTATGAATCTGCCGATGG	AAACTTGAACCTTGGCTTACCCTTTCTG
<i>FLK</i>	GCAGAATCTACAGATGGAGCACAG	GAGGCGGCACGTACTIONGAGG

## 2 结果与分析

**2.1 文心兰营养芽与花芽测序数据和 DEGs 注释分析** 纯化后的 RNA 经 Agilent 2100 仪器检测,结果显示 RIN 值在 8.4 ~ 9.5 范围内,样品质量满足建库测序要求。通过清洗数据后,得到高质量序列 127 452 717 个,共 37.36 Gb。各样品 Q30 均在 94.62% 以上,表明测序数据可靠,所构建文库符合要求,可用于后续分析。

通过筛选得到 7 671 个 DEGs,其中上调表达为 3 695 个,下调表达为 3 976 个。为更清晰地了解这些 DEGs 的情况,对其进行 COG、GO、KEGG 等数据库的功能注释。从表 2 中可知,共有 7 420 个 DEGs 被赋予注释信息,注释最多的数据库为 eggNOG,为 7 227 个。注释较少的 KEGG 数据库注释到 2 894 个 DEGs,COG 数据库注释到 2 662 个。而一些未注释到的基因可能是未发现的新基因,也可能与参考基因组有关。

表 2 文心兰营养芽 VS 花芽的 DEGs 注释统计

Tab. 2 Annotation and statistics of DEGs between vegetative buds and flower buds in *Oncidium*.

数据库 Database	COG	GO	KEGG	KOG	NR	Pfam	Swiss-Prot	eggNOG
数量 Number	2 662	3 237	2 894	3 893	7 004	5 891	6 194	7 227

注:共有 7420 个 DEGs,至少被一个数据库注释(各数据库注释数量有重叠,不计为总和)。

Note: A total of 7420 DEGs were annotated by at least one database (the number of annotations across databases overlaps and is not included in the total count).

**2.1.1 COG 功能分类分析** 为进一步了解 DEGs 的直系同源信息,在 COG 数据库中(图 3),DEGs 分类到执行信号传导机制的数目最多,而后是碳水化合物运输和代谢,其次是一般功能预测和次

生代谢产物的生物合成、运输和分解代谢。这些结果可以看出信号传导机制和碳水化合物是不定芽向花芽分化或营养芽分化的关键因素。

**2.1.2 KEGG 功能分类** 展示显著性  $q$  值最小的

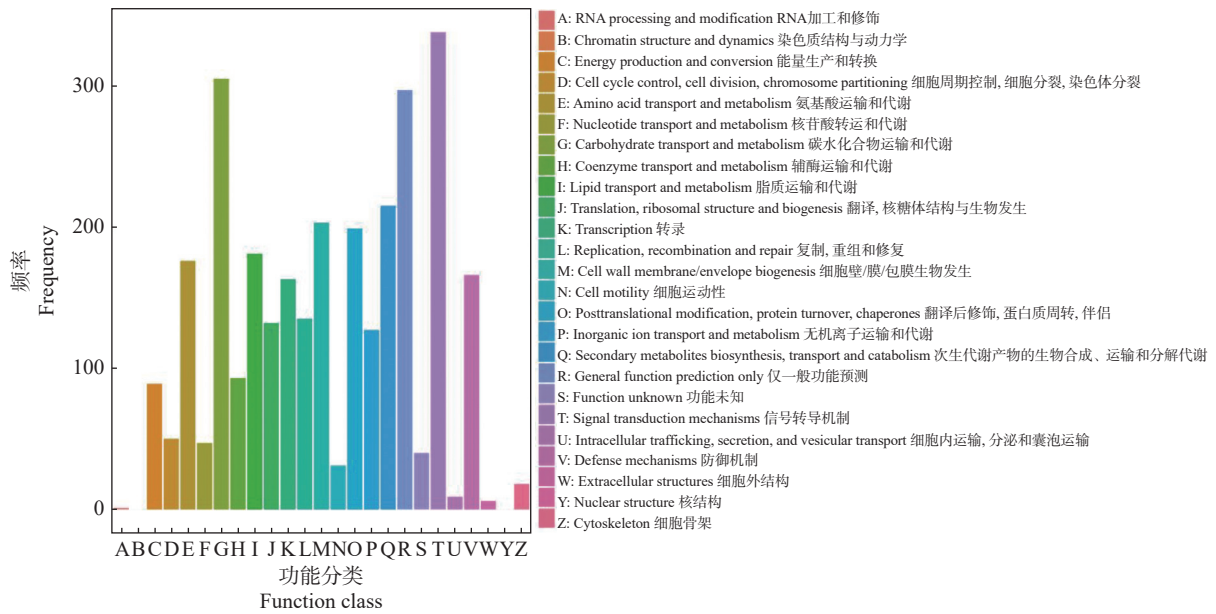


图 3 营养芽 VS 花芽的 DEGs COG 功能分类图  
Fig. 3 COG functional classification diagram of DEGs between vegetative bud vs flower bud

前 20 个通路,从图 4 可看出, DEGs 显著富集在氨基酸、黄酮类化合物、苯丙烷等生物合成途径,淀粉和蔗糖、色氨酸等代谢途径,以及植物激素信号转导途径。其中,植物激素信号转导途径、氨基酸生物合成途径、苯丙烷生物合成途径富集的 DEG 数量最多。淀粉和蔗糖代谢、苯丙烷生物合成等途径参与植物次生代谢产物合成,色氨酸和植物激素信号转导途径等参与调控激素合成等植物生长发育代谢生理过程。

2.2 与植物激素信号转导相关的 DEGs 分析 植

物激素信号转导途径是环境信息处理功能中的重要途径,在植物激素信号转导途径中,共筛选出 78 个 DEGs,上调表达有 33 个,涉及生长素(Aux)、赤霉素(GA)、油菜素甾醇(BR)、脱落酸(ABA)、水杨酸(SA)、茉莉酸(JA);下调表达有 45 个,涉及 Aux、GA、BR、ABA、SA、JA、细胞分裂素(CTK)。经分析,筛选出差异表达较为显著的 4 个信号通路(图 5),在 Aux 信号转导途径中,SAUR、TIR、AUX/IAA22D 基因及其同源基因表达量较高,后两者均上调表达, GH3 基因也上调表

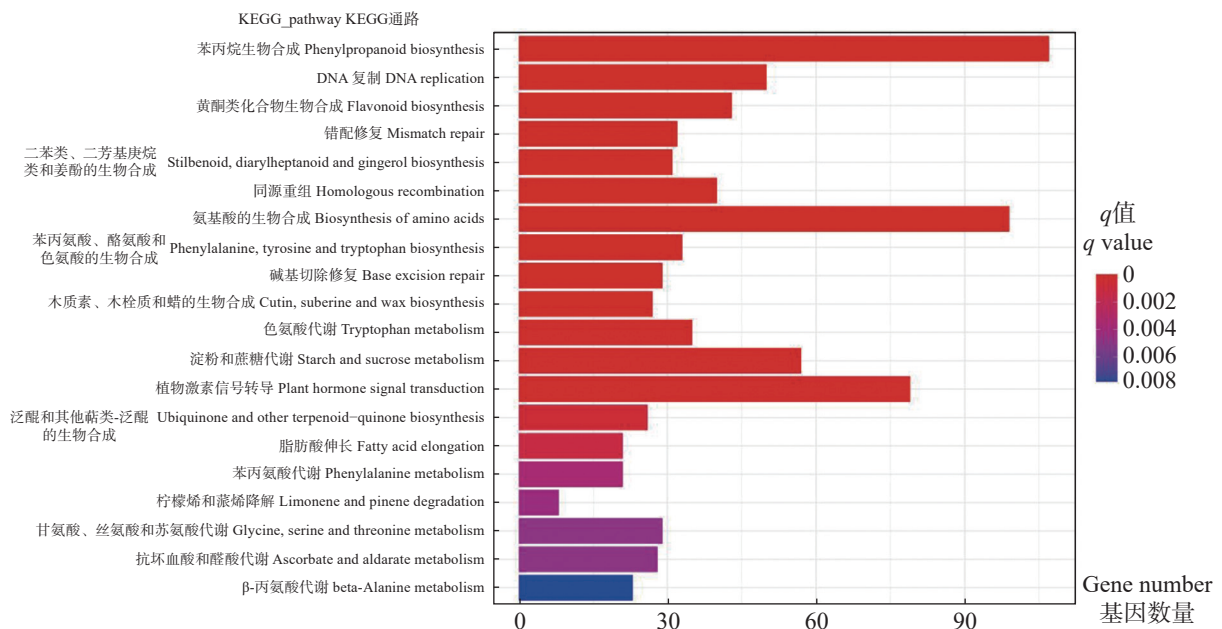


图 4 营养芽 VS 花芽的 DEGs KEGG 通路富集条形图  
Fig. 4 Barplot graph of KEGG pathway enrichment for DEGs between vegetative bud vs flower bud

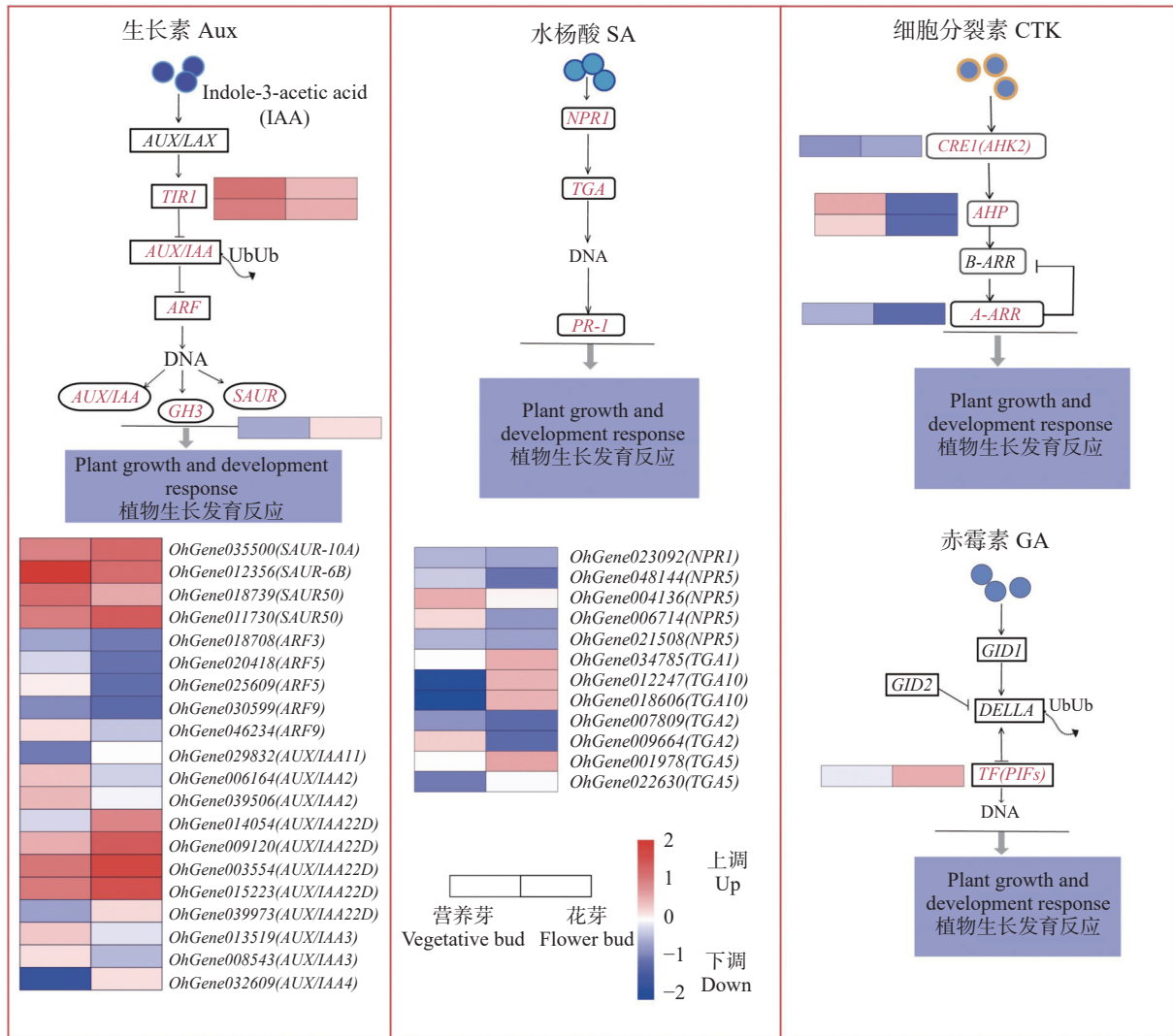


图 5 营养芽 VS 花芽显著差异表达基因激素信号转导途径及相关热图

Fig. 5 Heatmap of significantly differentially expressed genes involved in hormone signaling pathways between vegetative bud vs flower bud

达。在 SA 信号途径中, *TGA1*、*TGA10* 上调表达, *TGA2* 下调表达, *NPR5* 和 *TGA5* 则有上调或下调表达。在 CTK 信号转导途径中, *AHP* 显著下调表达, 赤霉素信号转导途径中仅有 *PIF4* 基因呈上调表达。

### 2.3 与开花相关的差异表达转录因子及基因分析

植物开花是一个多方因素参与调控的复杂过程, 研究发现多种基因或转录因子与开花密切相关。本研究筛选出 13 个相关的基因及转录因子(表 3),

表 3 开花相关的差异表达转录因子及基因统计

Tab. 3 Statistics of differentially expressed transcription factors and genes related to flowering

转录因子/基因 transcription factors/genes	表达趋势 Expression trend	转录因子/基因 transcription factors/genes	表达趋势 Expression trend	转录因子/基因 transcription factors/genes	表达趋势 Expression trend
<i>OhGene045464(Forever young flower protein)</i>	上up	<i>OhGene033882(AP2)</i>	下down	<i>OhGene046073(MADS16)</i>	下down
<i>OhGene015200(FLK)</i>	下down	<i>OhGene015557(AP2)</i>	下down	<i>MSTRG.8385(MADS2)</i>	上up
<i>OhGene004083(CAULIFLOWER /MADS-box)</i>	上up	<i>OhGene033883(AP2)</i>	下down	<i>OhGene004083(MADS1)</i>	上up
<i>OhGene004080(CAULIFLOWER /MADS-box)</i>	上up	<i>MSTRG.52270(MADS2)</i>	上up	<i>OhGene004080(MADS1)</i>	上up
<i>OhGene021037(AP2)</i>	下down				

其中,上调表达 7 个,下调表达 6 个。影响花发育的相关关键基因有 *APETALA2(AP2)*、*Flowering locus K homology domain isoform XI(FLK)*同源基因均下调表达, *Forever young flower protein* 及 *CAULIFLOWER/MADS-box*、*MADS1*、*MADS2* 等 6 个 MADS-box 基因家族则上调表达。这些转录因子和基因的表达对文心兰芽分化起重要调控

作用。

**2.4 qRT-PCR 分析** 为进一步验证转录组数据的可用性,用 qRT-PCR 实验对 5 个关键基因 *OhGene009120(AUX/IAA22D)*、*OhGene011730(SAUR-6B)*、*OhGene004080(MADS1)*、*OhGene001497(PIF4)*、*OhGene015200(FLK)* 进行定量检测(图 6),其变化趋势与转录组数据趋势一致。

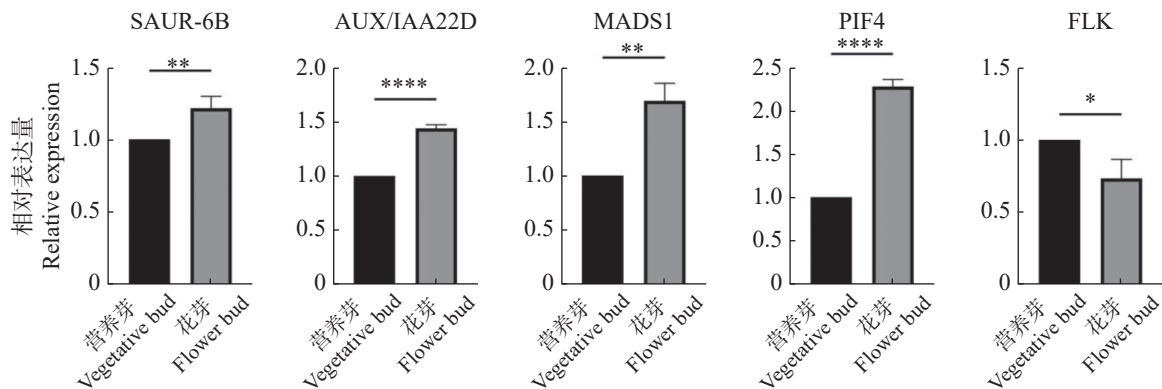


图 6 qRT-PCR 数据统计

Fig. 6 Statistics of qRT-PCR data

注: \*表示差异,  $P \leq 0.05$ ; \*\*表示差异显著,  $P \leq 0.005$ ; \*\*\*\*表示差异极显著,  $P \leq 0.0001$ 。

Note: \* indicates difference at  $P \leq 0.05$ ; \*\* indicates a significant difference at  $P \leq 0.005$ ; \*\*\*\* indicates a highly significant difference at  $P \leq 0.0001$ .

### 3 讨论

**3.1 文心兰的跳芽现象的 DEGs 及注释分析** 芽分化是在环境条件和自身遗传等多种因素相互调控、共同作用下完成的。有研究表明,碳水化合物代谢和植物内源激素调控影响着花芽分化过程<sup>[17]</sup>,在花魔芋(*Amorphophallus konjac*)的这一阶段过程中,糖代谢及内源激素扮演着至关重要的角色<sup>[18]</sup>。百子莲芽的 KEGG 通路富集在植物激素信号转导、淀粉和蔗糖代谢、苯丙烷生物合成途径上<sup>[7]</sup>。苯丙烷、黄酮类化合物是促进植物开花的次生活性代谢物质,这些物质生物合成途径在植物生长中发挥重要作用<sup>[19-20]</sup>,本研究中均显著富集到这些途径,与魔芋(*Amorphophallus bulbifer*)的花芽和叶芽 KEGG 富集研究结果一致<sup>[21]</sup>。花芽和营养芽分化在植物激素信号转导及一些碳水化合物等代谢上有所差异,这与石长双<sup>[22]</sup>认为腋芽萌发与植物激素信号转导途径、糖类生物合成代谢途径有关的研究结果相近。

### 3.2 文心兰的跳芽现象与植物激素信号转导相关

植物感受外部环境变化信号,通过植物激素信号转导途径调控多种激素的协同或拮抗作用以调

整自身的生长和分化进程<sup>[23]</sup>。从营养生长到开花的过程,植物内源激素尤其重要。根据激素调节假说, Aux、CTK、GA 等是营养生长转向生殖生长的重要调控因子<sup>[24]</sup>。*AUX/IAA22D*、*SAUR*、*GH3* 同源基因均上调表达,而 *ARFs* 则多数下调表达,两者的相互作用可能影响生长素信号对芽分化的调控,推测花芽分化受其影响较大。*TIR1* 与生长素分子结合,并通过促进 *AUX/IAA* 蛋白降解来调控 *ARF* 活性,进而调控植物生长。生长素信号输出受 *ARF-AUX/IAA* 相互作用的调节,在下游基因 *GH3* 作用下, *IAA* 与氨基酸结合,同时生长素依赖极性运输向芽点运输,可能更有利于茎尖分生组织内花芽分化的调节<sup>[25-27]</sup>。此外,本研究中的所有 CTK 信号均下调表达,说明 CTK 在对营养芽分化有正向调节作用,而在花芽分化中受限。CTK 与 Aux 也能相互作用于植物生长,特别是芽的发育和分化,CTK 信号促进生长素转运,从而引发自身的降解或糖基化<sup>[28]</sup>,CTK 调节分生组织活性,并在生殖阶段限制发育器官中的细胞形成<sup>[29]</sup>。赤霉素在芽发育过程中起着重要作用,对于开花诱导的作用已经被前人在拟南芥上深入研究过。

在本研究中, *PIF4* 在花芽中高表达, *PIF4* 可能是花芽分化的关键诱导基因, 与 *PIF4* 可能是直接响应赤霉素促进蝴蝶兰成花的关键基因的结果一致<sup>[30]</sup>。 *TGA10* 为上调表达, 在花芽分化中起重要作用。 *TGA1*、*TGA2*、*TGA5* 广泛参与植株的抗病反应, 并与 SA 信号途径中关键因子 *NPR1* 相互作用, 而 *TGA10* 对植物花器官发育起关键作用<sup>[31]</sup>。此外, ABA、JA 等一些激素会通过生物钟和光周期相关的开花途径参与开花调节, 以响应非生物胁迫<sup>[32-33]</sup>。

**3.3 文心兰的跳芽现象与开花基因及转录因子相关** 本研究中 *FLK*、*AP2* 基因均下调表达, 推测可能是这些基因在文心兰花期抑制着花芽分化, 而导致不定芽发育为营养芽。在拟南芥中, *FLK* 影响 *FLC* 等开花基因的表达, 延迟花芽分化<sup>[34]</sup>。 *AP2* 的过表达有时候会抑制开花<sup>[35]</sup>, 有时会直接参与侧芽的调控<sup>[36]</sup>。 *MADS1* 和 *MADS2* 在花芽中均高表达, 对花芽发育分化起关键作用。 MADS-box 基因家族在花发育过程中起重要作用<sup>[37]</sup>, *MADS1* 能使转基因文心兰更早开花<sup>[38]</sup>, 来自兰花 (*Oncidium Gower Ramsey*) 的 *MADS2* 能使转基因拟南芥提前或中度提前开花<sup>[39]</sup>。此外, *Forever young flower protein*、*CAULIFLOWER/MADS-box* 也在花芽中高表达, 这两种基因或许也促进花芽的发育, 但仍需进一步实验验证。

## 4 结论

本研究对文心兰‘博大一号’的花芽和营养芽转录测序分析, 结果在一定程度上探析了生长素、细胞分裂素、水杨酸等激素及一些影响开花的相关基因 *MADS1*、*AP2*、*FLK* 等对文心兰花芽和营养芽分化的影响, 为进一步深入研究文心兰生产过程中不定芽跳跃性发育现象形成的机制提供理论基础, 便于提高文心兰生产效率和质量、优化文心兰栽培管理技术, 对推动中国兰花产业发展具有十分重要的现实意义。

## 参考文献:

[1] 张正梁, 尹华. 文心兰分株繁殖和控花栽培[J]. 中国花卉园艺, 2003(12): 26–27.  
[2] Chin D C, Hsieh C C, Lin H Y, et al. A low glutathione redox state couples with a decreased ascorbate redox ratio to accelerate flowering in *Oncidium* orchid [J]. *Plant*

*& Cell Physiology*, 2016, 57(2): 423–436.  
[3] 张海良. 兰花芽分化的分子机理和相关功能基因克隆 [D]. 广州: 华南农业大学, 2018.  
[4] 董晓宇, 张晶, 符真珠, 等. 蝴蝶兰腋芽增殖过程中的转录组特性 [J]. 基因组学与应用生物学, 2018, 37(3): 1265–1270.  
[5] Li Z, Xiao W, Chen H, et al. Transcriptome analysis reveals endogenous hormone changes during spike development in *Phalaenopsis* [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(18): 10461.  
[6] Fan Z, Li J, Li X, et al. Genome-wide transcriptome profiling provides insights into floral bud development of summer-flowering *Camellia azalea* [J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 9729.  
[7] 石玉波. 百子莲花芽分化过程中比较转录组分析及开花相关基因的克隆 [D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2014.  
[8] Pochamreddy M, Haim D, Halon E, et al. Alternate bearing in ‘hass’ avocado: fruit load-induced changes in bud auxin homeostasis are associated with flowering repression [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2024, 75(18): 5717–5733.  
[9] Chandler J W. The hormonal regulation of flower development [J]. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2011, 30(2): 242–254.  
[10] Li Y, Zhang B, Yu H. Molecular genetic insights into orchid reproductive development [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2022, 73(7): 1841–1852.  
[11] 史梅容, 舒文波, 邱明莹, 等. 兰花花器官及成花基因调控研究进展 [J]. *中国农业大学学报*, 2023, 28(7): 57–67. <https://doi.org/10.11841/j.issn.1007-4333.2023.07.05>  
[12] 罗远华, 王振波, 黄敏玲, 等. 文心兰不同生育期茎叶生理指标的动态变化 [J]. *福建农业学报*, 2017, 32(7): 719–723.  
[13] Mouhu K, Kurokura T, Koskela E A, et al. The *Fragaria vesca* homolog of SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CONSTANS1 represses flowering and promotes vegetative growth [J]. *The Plant Cell*, 2013, 25(9): 3296–3310. <https://doi.org/10.1105/tpc.113.115055>  
[14] Feng J, Wang Y, Ge W, et al. Regulatory mechanism of the miR172e-LbrAP2 module during the vegetative growth phase transition in *Lilium* [J]. *Planta*, 2023, 259(1): 26.  
[15] 史绍林. 红松营养生长与生殖生长转换中植物激素动态研究 [D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2020.  
[16] Chen S, Zhou Y, Chen Y, et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor [J]. *Bioinformatics*, 2018, 34(17): 884–890. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560>  
[17] 金洲, 卢山, 江俊浩, 等. 园艺植物花芽分化影响因素及机理研究进展 [J]. *园艺学报*, 2023, 50(5): 1151–1164.

- [18] 李川, 王瑞娟, 崔鸣. 花魔芋花芽和叶芽的转录组分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(16): 5315–5322.
- [19] Pei L, Gao Y, Feng L, et al. Phenolic acids and flavonoids play important roles in flower bud differentiation in *Mikania micrantha*: transcriptomics and metabolomics [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24(23): 16550. <https://doi.org/10.3390/ijms242316550>
- [20] Liu W, Feng Y, Yu S, et al. The flavonoid biosynthesis network in plants [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22(23): 12824. <https://doi.org/10.3390/ijms222312824>
- [21] Li W, Xu P, Qian C, et al. The combined analysis of the transcriptome and metabolome revealed the possible mechanism of flower bud formation in *Amorphophallus bulbifer* [J]. *Agronomy*, 2024, 14(3): 519. <https://doi.org/10.3390/agronomy14030519>
- [22] 石长双. 马尾松短枝腋芽萌发关键基因的挖掘 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2020.
- [23] 邹礼平, 潘铖, 王梦馨, 等. 激素调控植物成花机理研究进展[J]. 遗传, 2020, 42(8): 739–751.
- [24] Chao W S, Doğramaci M, Horvath D P, et al. Phytohormone balance and stress-related cellular responses are involved in the transition from bud to shoot growth in leafy spurge [J]. *BMC Plant Biology*, 2016, 16: 47. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0735-2>
- [25] Tong N, Shu Q, Wang B, et al. Histology, physiology, and transcriptomic and metabolomic profiling reveal the developmental dynamics of annual shoots in tree peonies (*Paeonia suffruticosa* Andr.) [J]. *Horticulture Research*, 2023, 10(9): uhad152. <https://doi.org/10.1093/hr/uhad152>
- [26] Dharmasiri N, Dharmasiri S, Estelle M. The F-box protein TIR1 is an auxin receptor [J]. *Nature*, 2005, 435(7041): 441–445.
- [27] Chapman E J, Estelle M. Mechanism of auxin-regulated gene expression in plants [J]. *Annual Review of Genetics*, 2009, 43: 265–285. <https://doi.org/10.1146/annurev-genet-102108-134148>
- [28] Swarup R, Parry G, Graham N, et al. Auxin cross-talk: integration of signalling pathways to control plant development [J]. *Plant Molecular Biology*, 2002, 49(3/4): 411–426.
- [29] Werner T, Motyka V, Laucou V, et al. Cytokinin-deficient transgenic *Arabidopsis* plants show multiple developmental alterations indicating opposite functions of cytokinins in the regulation of shoot and root meristem activity [J]. *The Plant Cell*, 2003, 15(11): 2532–2550. <https://doi.org/10.1105/tpc.014928>
- [30] Zhang Y J, Nie C R, Guo W J, et al. Exploring flowering genes in *Phalaenopsis* through transcriptome analysis and critical gene validation of hormone signal transduction pathway [J]. *Russian Journal of Plant Physiology*, 2023, 70(3): 25. <https://doi.org/10.1134/S1021443722601938>
- [31] 徐东东, 东琳, 邵丽, 等. TGA 转录因子在调控植物逆境应答和生长发育中的作用研究进展[J]. 植物生理学报, 2024, 60(7): 1079–1086.
- [32] Amasino R. Seasonal and developmental timing of flowering [J]. *The Plant Journal*, 2010, 61(6): 1001–1013. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04148.x>
- [33] Lyons R, Rusu A, Stiller J, et al. Investigating the association between flowering time and defense in the *Arabidopsis thaliana*-*Fusarium oxysporum* interaction [J]. *PLoS One*, 2015, 10(6): e0127699. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0127699>
- [34] Lim M H, Kim J, Kim Y S, et al. A new *Arabidopsis* gene, *FLK* encodes an RNA binding protein with K homology motifs and regulates flowering time via FLOWERING LOCUS C [J]. *The Plant Cell*, 2004, 16(3): 731–740. <https://doi.org/10.1105/tpc.019331>
- [35] Xie W, Ding C, Hu H, et al. Molecular events of rice AP2/ERF transcription factors [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(19): 12013. <https://doi.org/10.3390/ijms231912013>
- [36] Mehrnia M, Balazadeh S, Zanol M I, et al. EBE, an AP2/ERF transcription factor highly expressed in proliferating cells, affects shoot architecture in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiology*, 2013, 162(2): 842–857. <https://doi.org/10.1104/pp.113.214049>
- [37] 李元元, 王鲁, 苏振刚, 等. MADS-box 基因控制植物成花的分子机理[J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(6): 1122–1132. <https://doi.org/10.3969/gab.029.001122>
- [38] Thiruvengadam M, Chung I M, Yang C H. Overexpression of *Oncidium* MADS box (OMADS1) gene promotes early flowering in transgenic orchid (*Oncidium Gower Ramsey*) [J]. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2012, 34(4): 1295–1302. <https://doi.org/10.1007/s11738-012-0926-x>
- [39] Hsu H F, Hsieh W P, Chen M K, et al. C/D class MADS box genes from two monocots, orchid (*Oncidium Gower Ramsey*) and lily (*Lilium longiflorum*), exhibit different effects on floral transition and formation in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant and Cell Physiology*, 2010, 51(6): 1029–1045. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcq052>

# Transcriptome differences resolve the phenomenon of bud jumping in *Oncidium* and its regulation

Lan Hanqiao<sup>1,2#</sup>, Liu Le<sup>2</sup>, Li Weishi<sup>3</sup>, Hao Daicheng<sup>3</sup>, Chen Taizhen<sup>1,2</sup>,  
Lu Ling<sup>1,2</sup>, Tang Minqiang<sup>1,2\*</sup>, Ling Peng<sup>1,2\*</sup>

(1. Key Laboratory of Genetics and Germplasm Innovation of Tropical Specialty Forest Trees and Ornamental Plants, Ministry of Education, Hainan University, Danzhou, Hainan 571737, China; 2. School of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Danzhou, Hainan 571737, China; 3. Hainan Boda Orchid Technology Co., LTD., Haikou, Hainan 570311, China)

**Abstract:** To address the decreased cut flower yield caused by the bud jumping development phenomenon, where adventitious buds interrupt the normal growth cycle of flower bud differentiation in *Oncidium* cut flower production, flower buds and vegetative buds of *Oncidium hybridum* 'Boda NO1' were selected for high-throughput transcriptome sequencing. A total of 127 452 717 high-quality sequences (37.36 Gb) were obtained, and 7 671 differentially expressed genes (DEGs) were identified. COG functional classification revealed primary enrichment in signal transduction pathways and carbohydrate transport/metabolism pathways. KEGG analysis showed that DEGs were significantly enriched in starch and sucrose metabolism, phytohormone signaling, and other pathways. Among these, 78 DEGs were identified in the phytohormone signaling pathway, with the most pronounced differences involving auxin, cytokinins, salicylic acid, and gibberellins. Thirteen transcription factors and flowering-related genes, including *MADS1*, *AP2*, and *FLK*, were also screened. These results partially elucidate the effects of auxin, cytokinins, and flowering-related genes on the differentiation of flower buds and vegetative buds in *Oncidium*. This study provides a theoretical foundation for further research on the mechanism underlying the bud jumping development phenomenon during *Oncidium* production. Additionally, it supports subsequent improvement in production efficiency, quality enhancement, and optimization of cultivation and management. These findings hold significant practical value for advancing orchid breeding, seedling production, and industry development in China.

**Keywords:** *Oncidium*; transcription sequencing; flowering gene; flower bud differentiation; vegetative bud differentiation

(责任编辑:钟云芳)