

## 基于非靶向代谢组学分析不同种原蒲公英的代谢产物差异

刘新月，王桂英<sup>\*</sup>，刘晓杰<sup>\*</sup>，刘 娜，刘晓东，刘美玲，朱丽颖，陈明月，王文月，郭建辉  
廊坊市农林科学院，河北 廊坊 065000

**摘要：**目的 基于非靶向代谢组学探究不同种原蒲公英小分子代谢物的种类、数量和表达差异，揭示不同种原蒲公英代谢物组成全面信息。方法 采用 UPLC-Q-TOF-MS 技术对 10 个不同来源蒲公英样本进行非靶向代谢组学分析，通过 Progenesis QI 软件对代谢物进行数据预处理与鉴定，结合主成分分析（principal component analysis, PCA）筛选显著差异代谢物，并利用京都基因与基因组百科全书（Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG）数据库进行代谢通路富集分析，解析代谢差异的生物学意义。结果 共鉴定出 2843 种代谢物，其中 1537 种为显著差异代谢物，包含 19 个化学类别，其中占比较多的为脂质和类脂质分子（23.89%）、有机酸及其衍生物（16.33%）和有机氧化合物（15.55%）。以河北保定产蒲公英为对照，其他 9 个样品的差异代谢物数量分布不均且差异显著，其中青海西宁最多（731 种），黑龙江齐齐哈尔最少（242 种）。以酚酸类化合物（菊苣酸等）为代表的优势代谢物表达模式具有明显的地域特征和种原差别，其中菊苣酸在河南南阳（栽培种）下调表达，其他种原（野生种）均上调；D-酒石酸在所有分组中均上调表达，1-咖啡酰奎宁酸均下调表达。KEGG 富集分析显示，苯丙烷生物合成、类黄酮生物合成等次生代谢途径在蒲公英的代谢差异中起重要作用，辅助因子和抗生素生物合成等通路亦呈现显著富集特征。此外，9 个比较组中鉴定出 17 种共同表达的差异代谢物，涵盖多种化学类别，其中青蒿素、单咖啡酰酒石酸等为具有显著生物活性的代谢物，证明蒲公英具备稳定且保守的次生代谢能力，能够在多样环境中持续合成具有重要药理活性的化合物。  
**结论** 蒲公英代谢物呈现多样性特征，不同来源蒲公英的代谢物组成和丰度上存在显著差异，种原（栽培种和野生）对其次生代谢物积累具有重要影响，为蒲公英品种选育、药用开发及质量控制提供科学依据。

**关键词：**非靶向代谢组学；蒲公英；差异代谢物；酚酸类化合物；KEGG 富集分析；次生代谢途径；青蒿素；单咖啡酰酒石酸

**中图分类号：**R286.2      **文献标志码：**A      **文章编号：**0253 - 2670(2025)24 - 9154 - 11

**DOI：**10.7501/j.issn.0253-2670.2025.24.025

## Untargeted metabolomics analysis of metabolic differences in dandelions from different origins

LIU Xinyue, WANG Guiying, LIU Xiaojie, LIU Na, LIU Xiaodong, LIU Meiling, ZHU Liying, CHEN Mingyue, WANG Wenyue, GUO Jianhui  
Langfang Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Langfang 065000, China

**Abstract: Objective** This study aims to investigate the types, quantities, and expression differences of small-molecule metabolites in dandelions from different origins using untargeted metabolomics and to provide a comprehensive understanding of dandelion metabolite composition. **Methods** Untargeted metabolomics analysis was performed on dandelion samples from ten different origins using UPLC-Q-TOF-MS technology. Metabolite data were preprocessed and identified using Progenesis QI software. Significant differential metabolites were screened through principal component analysis (PCA), and KEGG pathway enrichment analysis was conducted to elucidate the biological significance of the metabolic differences. **Results** A total of 2 843 metabolites were identified, among which 1 537 were found to be significantly different, spanning 19 chemical categories. The most abundant categories were lipids and lipid-like molecules (23.89%), organic acids and derivatives (16.33%), and organic oxygen compounds (15.55%). Compared to dandelions from Baoding, Hebei, the number of differential metabolites varied significantly across the other nine origins, with the highest number observed in Xining, Qinghai (731 metabolites) and the lowest in Qiqihar, Heilongjiang (242 metabolites). The

收稿日期：2025-08-28

基金项目：河北省重点研发计划项目（21326355D）

作者简介：刘新月，女，硕士研究生，研究方向为遗传育种。E-mail: lxy1696164468@163.com

\*通信作者：刘晓杰，男，研究员，主要研究方向为林果和药食同源植物研究。E-mail: nkylxj@126.com

王桂英，女，高级工程师，主要研究方向为药食同源植物分子生物学及新品种选育研究。E-mail: moonlight0808@163.com

expression patterns of key metabolites, particularly phenolic acids (e.g., chlorogenic acid), displayed distinct regional and genetic characteristics. Chlorogenic acid was downregulated in Nanyang, Henan (a cultivated variety) but upregulated in all other wild varieties. D-tartaric acid was consistently upregulated across all groups, while 1-caffeoquinic acid was uniformly downregulated. KEGG enrichment analysis indicated that secondary metabolic pathways, such as phenylpropanoid biosynthesis and flavonoid biosynthesis, play a significant role in the metabolic differences among dandelions. Additionally, pathways related to cofactor and antibiotic biosynthesis also showed significant enrichment. Seventeen common differential metabolites were identified across the nine comparison groups, encompassing various chemical categories. Notably, artemisinin and monocaffeoyltartaric acid, known for their significant biological activity, were among these metabolites. These findings suggest that dandelions possess stable and conserved secondary metabolic capabilities, enabling the continuous synthesis of pharmacologically active compounds across diverse environments. **Conclusion** Dandelion metabolites exhibit significant diversity, with significant differences in composition and abundance across different geographical origins. Both geographical environment and genetic origin (cultivated and wild varieties) play crucial roles in the accumulation of secondary metabolites, providing scientific basis for dandelion breeding, medicinal development, and quality control.

**Key words:** widely targeted metabolomics; dandelions; differential metabolites; phenolic acids; KEGG enrichment analysis; secondary metabolic pathways; artemisinin; monocaffeoyltartaric acid

蒲公英为菊科(Compositae)蒲公英属 *Taraxacum* L.植物,全属约2000种,主产于北半球温带至亚热带地区,少数产热带南美洲。我国有70种、1变种,广布于东北、华北、西北、华中、华东及西南各省区,西南和西北地区最多。该属模式种为药用蒲公英 *Taraxacum officinale* F. H. Wigg<sup>[1]</sup>。蒲公英作为中医临床常用中药,《中国药典》2025年版规定蒲公英的基原为菊科植物蒲公英 *T. mongolicum* Hand.-Mazz.、碱地蒲公英 *T. borealisinense* Kitam.或同属数种植物的干燥全草;在质量控制方面,药典规定蒲公英中菊苣酸的含量不得少于0.30%<sup>[2]</sup>。蒲公英味苦、甘,归肝、胃经,性偏寒,具有抗菌、抗病毒、抗肿瘤、调节免疫、清热解毒、消肿散结、利尿通淋、清肝明目等药理作用与功效<sup>[3-5]</sup>。蒲公英鲜品或干品可单独或与其它中药配伍使用,发挥直接或间接的治疗作用<sup>[6]</sup>。在民间饮食文化中,蒲公英作为特色野菜食用历史悠久。卫生部2002年发布,首批87种《按照传统既是食品又是中药材的物质目录》,蒲公英被列入其中<sup>[7]</sup>。蒲公英作为药食同源植物,除药用和食用价值外,还可用于畜牧、观赏和橡胶提取<sup>[8-10]</sup>。蒲公英植株内含有丰富的蛋白质、碳水化合物、氨基酸、钙、铁、磷、锌、锰等60余种微量元素,存在种类繁多的化学成分,活性成分主要为黄酮类、三萜类化合物、多糖类化合物、甾醇类化合物等<sup>[11]</sup>,其中研究较多具有代表性的有总黄酮、总酚、多糖、槲皮素、菊苣酸、绿原酸、咖啡酸等<sup>[12-14]</sup>。

多年来对蒲公英代谢产物及其药用成分的研究主要集中于少数特定物质或单一成分<sup>[15-17]</sup>,基于非靶向代谢组学对蒲公英的代谢物数量和种类的分析,尤其是不同种原蒲公英代谢物共性和差异研究,尚未见报道。非靶向代谢组学能够尽可能广泛的检测生物体内的小分子代谢物,最大程度上反映样品的总代谢物特征,对检测到的代谢产物进行全面、系统的定性和定量分析<sup>[18]</sup>,它可以对不同种类的生物在相同生长条件下的代谢物差异表达的精准量化<sup>[19]</sup>。因此,利用非靶向代谢组学技术对不同来源蒲公英进行代谢产物的鉴定与分析,有助于全面了解蒲公英的营养和药用成分,对蒲公英的开发利用具有重要意义。本实验通过对10个不同来源蒲公英进行非靶向代谢组测定,以河北保定蒲公英栽培种为对照,通过代谢组学分析,旨在获得更为全面的代谢物质谱信息。研究结果将为蒲公英优良品种的选育与开发利用提供科学有效的参考依据。

## 1 仪器与材料

### 1.1 仪器

NewClassic MS105D型电子天平(Mettler Toledo公司),5424 R型冷冻离心机(Eppendorf Centrifuge公司),5430R型冷冻离心机(Eppendorf Centrifuge公司),SBL-10TD型控温超声波清洗机-10L(宁波新芝生物科技股份有限公司),Wonbio-96c型多样品冷冻研磨仪(上海万柏生物科技有限公司),LNG-T88型台式快速离心浓缩干燥器(太仓市华美生化仪器厂),JXDC-20型氮气吹扫仪(上

海净信实业发展有限公司), UHPLC 液相色谱系统 (Thermo Scientific 公司, Vanquish Horizon system), Q-Exactive HF-X 型质谱仪 (Thermo Scientific 公司)。

## 1.2 试剂与药材

试剂甲醇(色谱纯, 美国 Fisher Chemical 公司), 乙腈(色谱纯, CAS 75-05-8, 美国 Fisher Chemical 公司), 甲酸(色谱纯, CNW 公司), 水(LC-MS 级别, 美国 Fisher Chemical 公司), 2-丙醇(色谱纯, 德国 Merck 公司), 2-氯-L-苯丙氨酸(质量分数≥98%, 上海 Adamas-beta 科技有限公司)。

采集河北、山东、内蒙古、河南、黑龙江、云南、青海 10 个不同产地的野生或栽培种蒲公英种子, 2021 年 4 月统一播种于河北省廊坊市安次区廊坊市农林科学院大刘庄试验基地, 行间距 30 cm, 株距 30 cm, 田间肥力和栽培管理措施一致。2022 年 11 月进行样品采集, 每个蒲公英样品随机选取 3 株大小一致的带根全株, 共 30 个样品, 立即冷冻在液氮中, 存储在-80 °C, 用于进行代谢组分析, 每个蒲公英药材供试材料重复 3 次。10 个不同来源的蒲公英经廊坊市农林科学院刘晓杰研究员鉴定为蒲公英 *T. officinale* F. H. Wigg.、长春蒲公英 *T. junpeianum* Kitam.、东北蒲公英 *T. ohwianum* Kitam.、芥叶蒲公英 *T. brassicaefolium* Kitag.、锡金蒲公英 *T. sikkimense* Hand.-Mazz. 和川甘蒲公英 *T. lugubre* Dahlst. 6 个种<sup>[1, 20]</sup>。其中来自河北保定和河南新乡的蒲公英为当地生产栽培种, 其余 8 个样品为野生。蒲公英药材信息见表 1。

表 1 蒲公英种原、产地信息和对应检测名称

Table 1 Dandelion origins, species information, and corresponding test name

编号	物种	类型	产地
AGDZ	蒲公英	生产栽培种	河北保定
SDQD	长春蒲公英	野生	山东青岛
TXTPX	东北蒲公英	野生	内蒙古通辽
SYDY	芥叶蒲公英	野生	河北秦皇岛
HNXXYY	蒲公英	生产栽培种	河南新乡
HLJKDX	蒲公英	野生	黑龙江齐齐哈尔
SDXH	东北蒲公英	野生	山东东营
YNLJ	锡金蒲公英	野生	云南丽江
HLJHEB	蒲公英	野生	黑龙江哈尔滨
QHXN	川甘蒲公英	野生	青海西宁

## 2 方法

### 2.1 样品制备

每个样品取 50 mg 固体样本于 2 mL 离心管中, 加入 1 颗直径 6 mm 的研磨珠。400 μL 提取液(甲醇-水 4:1)含 0.02 mg/mL 的内标(L-2-氯苯丙氨酸)进行代谢产物提取。样本溶液于冷冻组织研磨仪研磨 6 min(-10 °C、50 Hz), 后低温超声提取 30 min(5 °C、40 kHz)。将样品静置于-20 °C, 30 min, 离心 15 min(4 °C、13 000×g), 移取上清液至带内插管的进样小瓶中上机分析。取等体积的所有样本代谢物混合制备成质控样本(quality control, QC), 在仪器分析过程中, 每 5~15 个样本中插入 1 个 QC 样本, 以考察整个分析过程的重复性。

### 2.2 色谱条件

色谱柱为 Acuity uplc hss T3 (100 mm×2.1 mm, 1.8 μm; 美国 Waters 公司); 流动相 A 为 95% 水+5%乙腈(含 0.1%甲酸), 流动相 B 为 47.5%乙腈+47.5%异丙醇+5%水(含 0.1%甲酸), 进样量为 3 μL, 体积流量为 0.40 mL/min, 柱温为 40 °C。

在正离子模式检测时, 流动相组成随时间变化具体设定, 运行时间为 8 min, 体积流量为 0.4 mL/min。梯度洗脱: 0~3 min, 100%~80% A; 3~4.5 min, 80%~65% A; 4.5~6.3 min, 65%~100% A; 6.3~6.4 min, 100% A; 6.4~8 min, 100%~80% A。

在负离子模式检测时, 时间程序运行时间同样为 8 min。体积流量为 0.4 mL/min。梯度洗脱: 0~1.5 min, 100%~95% A; 1.5~2.0 min, 95%~90% A; 2.0~4.5 min, 90%~70% A; 4.5~6.3 min, 70%~100% A; 6.3~8.0 min, 100% A。

### 2.3 质谱条件

使用电喷雾离子源(electron spray ionization, ESI), 样品经电喷雾电离, 分别采用正、负离子扫描模式采集质谱信号。扫描范围 m/z 70~1 050, 鞘气体积流量 50 arb, 辅助气体积流量 13 arb, 加热温度 425 °C, 毛细管温度 325 °C, 喷雾电压(正模式) 3 500 V, 喷雾电压(负模式) -3 500 V, 离子透镜电压 50 V, 碰撞能 20、40、60 eV, 分辨率(Full MS) 60 000, 分辨率(MS<sup>2</sup>) 7 500。

### 2.4 质量控制

质控样本(QC)由所有样本的提取液等体积混合制备而成, 每个的体积与样本相同, 用与分析样本相同的方法处理和检测, 在仪器分析的过程中,

每 5~15 个分析样本中插入 1 个 QC 样本, 以考察整个检测过程的稳定性。

## 2.5 代谢产物鉴定

原始数据导入代谢组学处理软件 Progenesis QI (Waters Corporation, Milford, 美国) 进行基线过滤、峰识别、积分、保留时间校正、峰对齐等, 最终得到含保留时间、质荷比和峰强度等信息的数据矩阵。其后采用该软件进行特征峰搜库鉴定, 将 MS 和 MS/MS 质谱信息与代谢数据库进行匹配, MS 质量误差设置为小于  $1 \times 10^{-5}$ , 同时根据二级质谱匹配得分鉴定代谢物。主要数据库为 <http://www.hmdb.ca/>、<https://metlin.scripps.edu/> 等主流公共数据库以及美吉的数据库<sup>[21]</sup>。

## 2.6 数据处理

采用 R 语言中的 ropl包 (Version1.6.2) 对预处理后的数据矩阵进行主成分分析 (principal component analysis, PCA), 以  $VIP > 1$ ,  $P < 0.05$  的代谢物为显著差异代谢物。差异代谢物通过 KEGG 数据库 (<https://www.kegg.jp/kegg/pathway.html>) 进行的代谢通路注释, 获得差异代谢物参与的通路<sup>[22]</sup>。Python 软件包 scipy.stats 进行通路富集分析, 并通过 Fisher 精确检验获得与实验处理最相关的生物学途径。

## 3 结果与分析

### 3.1 代谢物的质量控制分析与积累特征分析

**3.1.1 PCA** 为了解不同种原蒲公英的代谢物积累差异, 对 10 个不同种原蒲公英样本以及 QC 样品进行 PCA, 从 PCA 得分图 (图 1) 可看出, 所有 QC 样品在 PCA 中聚集在一起, 变异性很小, 表明数据可靠。

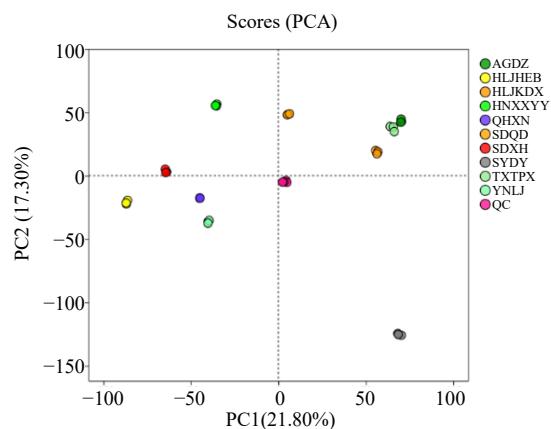


图 1 蒲公英代谢产物的 PCA 得分图

Fig. 1 Plot of PCA scores of dandelion metabolites

第 1 主成分 (PC1) 的有效解释率  $R^2_{x[1]}$  为 21.8%, 第 2 主成分 (PC2) 的有效解释率  $R^2_{x[2]}$  为 17.3%, 河南新乡和山东东营的 PCA 位点均分布于第 1 象限, 黑龙江齐齐哈尔 (HLJKDX)、河北保定 (AGDZ)、山东青岛 (SDQD) 和内蒙古通辽 (TXTPX) 的 PCA 位点均分布于第 2 象限, 黑龙江哈尔滨 (HLJHEB)、青海西宁 (QHXN) 和云南丽江 (YNLJ) 的主成分分析位点均分布在第 3 象限, 河北秦皇岛 (SYDY) 的 PCA 位点均分布在第四象限。各蒲公英药材代谢物在主成分空间中分布清晰, 10 组样本明显分离于不同象限, 表明不同来源的蒲公英代谢物含量存在显著差异。测试系统稳定, 数据误差小、重复性好, 结果可靠。

**3.1.2 样本相关性分析** 根据蒲公英样本相关性聚类热图分析 (图 2), 同一种原蒲公英样本间的生物重复之间有着显著的相关性, 即样本重复性好。10 个样本可清晰分为 3 大类, 第 1 类包括河北保定 (AGDZ)、黑龙江哈尔滨 (HLJHEB)、黑龙江齐齐哈尔 (HLJKDX) 和河南新乡 (HNXXYY), 此组内部相关性较高, 这种相似性可能源于它们均属于蒲公英同一物种。第 2 类由青海西宁 (QHXN)、山东青岛 (SDQD) 和山东东营 (SDXH) 组成, 表明此组蒲公英在代谢水平上的特征较为接近。第 3 类包含河北秦皇岛 (SYDY)、内蒙古通辽 (TXTPX) 和云南丽江 (YNLJ), 此组样本的相关性相对较低, 这反映出其代谢特征更具区域差异性, 可能源于生长环境的多样性和局部适应性。

### 3.2 代谢物鉴定数量统计

通过对 10 个蒲公英药材样本的代谢组学检测, 鉴定出上千种小分子代谢物, 涵盖正离子和负离子模式。数据采集后分别进行原始数据和数据预处理分析。表 2 显示了正、负离子模式下的有效峰数量和鉴定代谢物数量及其占比。正离子模式下, 原始数据中有效峰数量为 6 373 个, 鉴定代谢物 1 621 个, 占比为 25.44%; 数据预处理后有效峰数量降至 6 011 个, 但鉴定的代谢物占比略升至 26.45%。负离子模式下, 原始数据中有效峰数量为 8 637 个, 鉴定代谢物 1 266 个, 占比为 14.66%; 数据预处理后有效峰数量为 8 081 个, 而鉴定的代谢物占比提升至 15.51%。数据预处理后, 鉴定的代谢物占比均有提升, 表明数据处理对代谢物鉴定数量具有优化作用, 有助于提高代谢物鉴定的准确性和有

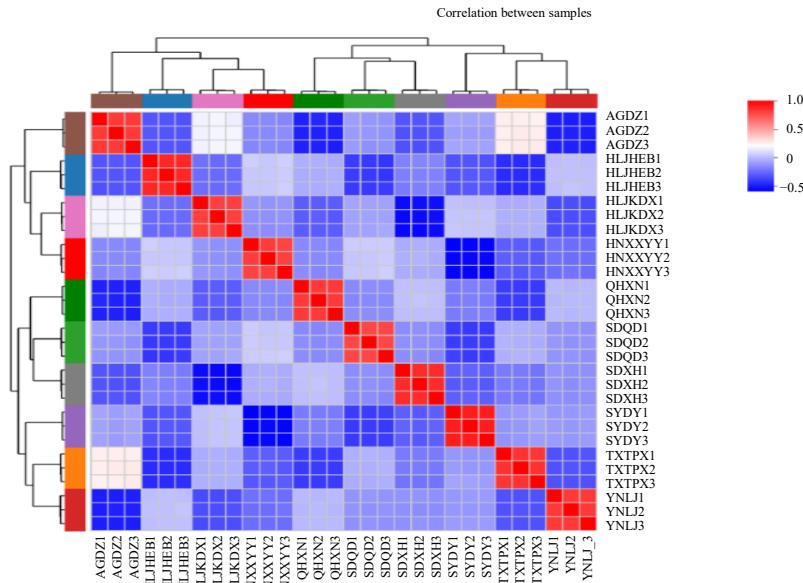


图2 蒲公英样本相关性聚类热图

Fig. 2 Clustering heatmap of dandelion sample correlation

表2 正、负离子下鉴定到的代谢物数量

Table 2 Number of metabolites identified under positive/negative ion mode

离子模式	数据处理	有效峰/个	鉴定的代谢物/个	占比/%
正离子模式	原始数据	6 373	1 621	25.44
	代谢物溯源	6 011	1 590	26.45
负离子模式	原始数据	8 637	1 266	14.66
	代谢物溯源	8 081	1 253	15.51

效性。此外，正离子模式在蒲公英代谢物检测中表现出更高的代谢物覆盖率。

### 3.3 代谢物化学分类归属统计

在10个不同蒲公英药材中，HMDB数据库注释到的代谢物有2 591种，包括19个化学类别（图3），其中脂质和类脂质分子（lipids and lipid-like molecules）占比最高，共检测到619个代谢物，占总代谢物的23.89%，表明该类物质在蒲公英代谢产物中具有显著优势。其次为有机酸及其衍生物（organic acids and derivatives），共423个，比例为16.33%，该类物质通常与植物初级代谢和次生代谢过程密切相关。有机氧化合物（organic oxygen compounds）排名第3，共403个，比例为15.55%，该类物质主要涉及多种氧化还原反应，可能在蒲公英的生理活动和环境适应性中发挥重要作用。有机杂环化合物（organoheterocyclic compounds）和苯丙素与聚酮化合物（phenylpropanoids and polyketides）分别检测到361个和313个，分别占13.93%和

12.08%，这类代谢物通常来源于次生代谢途径，具有抗氧化、抗菌等生物活性。苯类化合物（benzenoids）共有272个，占10.50%，该类物质在植物香气和防御功能中起重要作用。其他低丰度分类包括核苷、核苷酸及其类似物（nucleosides, nucleotides, and analogues）71个，占2.74%，生物碱及其衍生物（alkaloids and derivatives）32个，占1.24%，有机氮化合物（organic nitrogen compounds）26个，占1.00%，木脂素、新木脂素及其相关化合物（lignans, neolignans and related compounds）15个，占0.58%，碳氢化合物（hydrocarbons）5个，占0.19%，有机硫化物（organosulfur compounds）5个，占0.19%。此外，无法与数据库中已知化合物有效匹配的代谢物共有34个，占1.31%，分类为其他类（others）的代谢物占0.47%。由此可见，蒲公英代谢物呈现多样性特征，其中脂质和类脂质分子、有机酸及其衍生物、有机氧化合物为主要代谢物类别，体现了蒲公英在物质代谢和次生代谢方面的复杂性和多样性。

### 3.4 不同种原蒲公英差异代谢物的筛选与表达分析

不同种原蒲公英差异代谢物的筛选与分析，旨在揭示不同种原在同一地域环境对蒲公英次生代谢产物的影响，明确各种原蒲公英在代谢组成上的特异性和共性。通过比较各种原蒲公英的代谢物表达差异，可筛选出具有显著变化的标志性代谢物，为评价蒲公英的药用价值和质量差异提供科学依据。

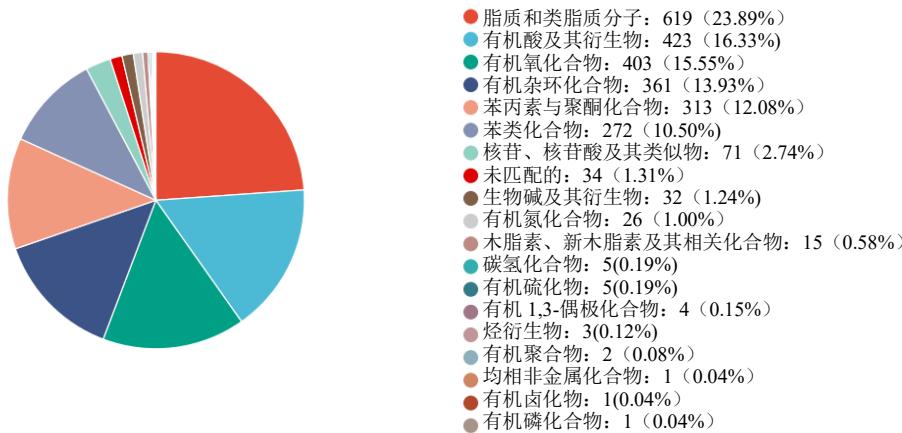


图3 鉴定的代谢物在各化学分类的数量占比

Fig. 3 Proportion of identified metabolites in various chemical classifications

**3.4.1 差异代谢物筛选** 为筛选不同种原蒲公英中的显著性差异代谢物,采用OPLS-DA分析,依据VIP>1、P<0.05和FC≥1.2或FC≤-1.2作为筛选标准。经统计分析,共筛选出1537种差异代谢物,其中正离子模式下823种,负离子模式下714种(表3)。与河北保定(AGDZ)的栽培种相比,其他9个蒲公英药材的差异代谢物数量存在显著差异。其中,青海西宁(QHGN)的差异代谢物最多,达到731种,黑龙江齐齐哈尔(HLJKDX)最少,仅242种。具体来看,在正离子模式下,差异代谢

物数量从125种(HLJKDX)到397种(QHGN)不等,负离子模式下则介于117种(HLJKDX)至334种(QHGN)之间。各蒲公英药材与河北保定的差异代谢物总数依次为青海西宁(731种)>山东东营(710种)>云南丽江(699种)>黑龙江哈尔滨(654种)>河北秦皇岛(602种)>山东青岛(484种)>河南新乡(393种)>内蒙古通辽(255种)>黑龙江齐齐哈尔(242种),表明不同来源蒲公英在代谢物组成和丰度上存在显著地域差异。

表3 不同比较组的差异代谢物统计

Table 3 Statistics of differential metabolites in different comparison groups

离子模式	总差异代谢物数量	HLJHEB vs AGDZ	HLJKDX vs AGDZ	HNXXXYY vs AGDZ	QHGN vs AGDZ	SDQD vs AGDZ	SDXH vs AGDZ	SYDY vs AGDZ	TXTPX vs AGDZ	YNLJ vs AGDZ
正离子	823	353	125	245	397	275	378	299	133	377
负离子	714	301	117	148	334	209	332	303	122	322
总计	1537	654	242	393	731	484	710	602	255	699

**3.4.2 代谢物上调和下调表达差异** 以河北保定(AGDZ)蒲公英为对照,对其他9个蒲公英样品的代谢物进行差异分析,结果显示各比较组在代谢物的上调和下调表达方面存在显著差异(图4)。差异代谢物数量在各组间分布不均,其中以青海西宁(QHGN)最多,达731种(上调355,下调376),其次是山东东营(SDXH)和云南丽江(YNLJ),分别为710种(上调228,下调482)和699种(上调282,下调417)。而黑龙江齐齐哈尔(HLJKDX)的差异代谢物最少,为242种(上调161,下调81)。在代谢物表达趋势方面,大多数比较组均表现出下

调代谢物多于上调代谢物的特点,尤以黑龙江哈尔滨(HLJHEB,下调478)、山东东营(SDXH,下调482)和云南丽江(YNLJ,下调417)为显著。然而,黑龙江齐齐哈尔(HLJKDX,上调161,下调81)和河北秦皇岛(SYDY,上调408,下调194)呈现出上调代谢物多于下调代谢物的特征,反映出这些蒲公英药材在代谢物积累模式上的独特性。总体而言,各蒲公英药材在代谢物的种类及表达水平方面均与河北保定存在显著差异,这可能与生态环境、栽培方式及种群遗传背景的差异密切相关。

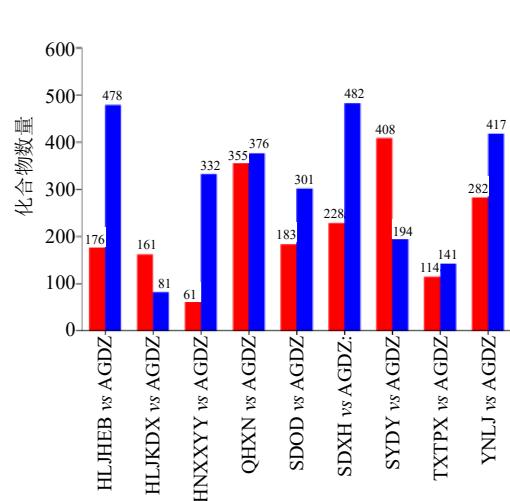


图4 不同分组的差异代谢物分析

Fig. 4 Analysis of differential metabolites in different groups

**3.4.3 代谢物 Venn 分析** Venn 分析用于展示各代谢集中代谢物的数量及其重叠关系，能够直观呈现各组代谢物的共有与特有分布情况。在 Venn 分析花瓣图（图 5）中，花瓣部分表示各比较组中独特表达的代谢物数量，花瓣中心则代表 9 个差异比较组共同表达的代谢物数量。结果显示，9 个差异比较组共同表达的代谢物共有 17 种，且各组具有不同数量的特有代谢物。其中，来自黑龙江哈尔滨（HLJHEB）的蒲公英特有代谢物数量最多，达 126 种；来自黑龙江齐齐哈尔（HLJKDX）的蒲公英特有代谢物数量最少，仅 9 种。值得注意的是，山东青岛（SDQD）和山东东营（SDXH）2 地的蒲公英

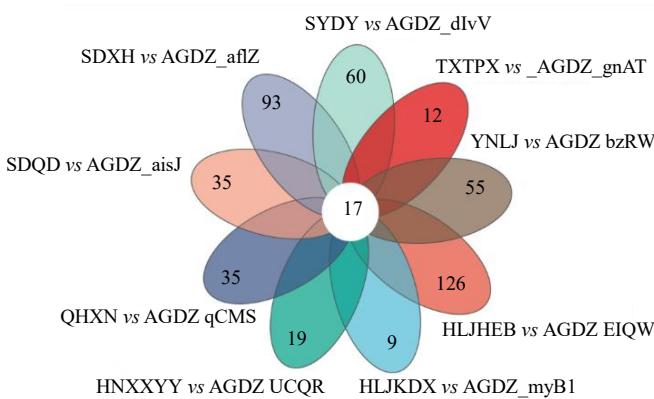


图5 不同分组的韦恩图分析

Fig. 5 Venn diagram analysis of different groups

特有代谢物数量相同，均为 35 种。其余各地的特有代谢物数量依次为山东东营 93 种，河北秦皇岛 60 种，云南丽江（YNLJ）55 种，河南新乡 19 种，内蒙古通辽 12 种。分析表明，不同蒲公英样本的代谢物组成存在显著差异，黑龙江哈尔滨地区的蒲公英代谢物多样性最高，反映出不同种原和来源可能对蒲公英的代谢产物积累具有重要影响。

**3.4.4 共同表达的差异代谢物分析** 在 9 个对比组中，共鉴定出 17 种共同表达的差异代谢物，包括青蒿素（artemisinin）、单咖啡酰酒石酸（caftaric acid）、新异落新妇苷（neoisostilbin）、司他霉素（stallimycin）、8-去氧山莴苣苦素（8-deoxylactucin）、新异落新妇苷（neoisostilbin）、水杨梅苷（gein）等（表 4）。这些代谢物按化学分类可归为 11 个类别，分别是萜烯类（2 种）、

表4 不同蒲公英比较组共有的差异代谢物

Table 4 Common differential metabolites in different dandelion comparison groups

编号	代谢物	分子式	保留时间/min	KEGG ID	模式	m/z
1	青蒿素	C <sub>15</sub> H <sub>22</sub> O <sub>5</sub>	3.533 0	C09538	正离子	265.143 152 9
2	单咖啡酰酒石酸	C <sub>13</sub> H <sub>12</sub> O <sub>9</sub>	5.244 2	—	负离子	311.040 612 3
3	司他霉素	C <sub>22</sub> H <sub>27</sub> N <sub>9</sub> O <sub>4</sub>	3.486 1	—	负离子	526.213 192 2
4	8-去氧山莴苣苦素	C <sub>15</sub> H <sub>16</sub> O <sub>4</sub>	5.450 1	C09392	正离子	261.111 842 4
5	新异落新妇苷	C <sub>21</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	5.369 5	C17449	负离子	449.108 575 7
6	水杨梅苷	C <sub>21</sub> H <sub>30</sub> O <sub>11</sub>	4.558 3	C17058	正离子	441.174 830 3
7	S-腺苷-L-蛋氨酸	C <sub>15</sub> H <sub>22</sub> N <sub>6</sub> O <sub>5</sub> S	4.457 3	C01137	正离子	398.195 754 9
8	反式白藜芦醇苷	C <sub>20</sub> H <sub>22</sub> O <sub>8</sub>	4.714 7	C10275	正离子	423.164 381 1
9	N <sub>2</sub> -γ-谷氨酰胺	C <sub>10</sub> H <sub>17</sub> N <sub>3</sub> O <sub>6</sub>	3.912 4	C05283	负离子	549.218 022 9
10	脱氧雪腐镰刀菌烯醇	C <sub>15</sub> H <sub>20</sub> O <sub>6</sub>	4.714 7	C09747	正离子	261.111 781 1
11	尼亚噪明A	C <sub>18</sub> H <sub>25</sub> NO <sub>8</sub>	3.524 0	—	负离子	428.155 493 1
12	己酸苯乙酯	C <sub>14</sub> H <sub>20</sub> O <sub>2</sub>	3.642 5	—	正离子	185.132 391 6
13	N-[3-(3水杨梅苷-羟基-4-甲氧基苯基)丙基]-L-α-天冬氨酸-L-苯丙氨酸	C <sub>23</sub> H <sub>28</sub> N <sub>2</sub> O <sub>7</sub>	2.991 3	—	正离子	445.199 647 2
14	异亮氨酸-谷氨酰-苏氨酸-天冬氨酸-氟甲基酮	C <sub>20</sub> H <sub>33</sub> FN <sub>4</sub> O <sub>9</sub>	4.127 6	—	负离子	473.202 413 0
15	(3R,7R)-1,3,7-辛三醇	C <sub>8</sub> H <sub>18</sub> O <sub>3</sub>	5.839 0	—	负离子	197.096 616 6
16	7-甲基-1,4,5-萘三醇-4-[木糖基-(1→6)-葡萄糖苷]	C <sub>22</sub> H <sub>28</sub> O <sub>12</sub>	4.170 4	—	负离子	529.155 495 5
17	乳糖-赖氨酸	C <sub>18</sub> H <sub>34</sub> N <sub>2</sub> O <sub>12</sub>	4.708 5	—	负离子	469.207 229 4

有机含氧化合物(3种)、脂肪酰基类(2种)、有机酸及其衍生物(3种)、黄酮类化合物(1种)、肉桂酸及其衍生物(1种)、糖脂类(1种)、有机含氮化合物(1种)、核苷、核苷酸及其类似物(1种)、内酯类(1种)和芪类(二苯乙烯司他霉素类,1种)。

### 3.5 优势代谢物的组间注释分析

优势代谢物是指在生物体代谢过程中生成的、含量较高且具有重要生物学功能的代谢产物,通常具有高丰度、高生物活性和稳定性的特征。对不同蒲公英药材的酚酸类化合物的组间注释分析表明,10个来源蒲公英虽然有17种共有代谢物,但这些代谢物并不一定都是其优势代谢物。本研究重点对不同种原蒲公英的10种酚酸类化合物进行了组间注释分析,这10种代谢物分别是菊苣酸、绿原酸、

咖啡酸、奎尼酸、肉桂酸、异绿原酸B、D-酒石酸、3-香豆酸、单咖啡酰酒石酸和1-咖啡酰奎宁酸(表5)。以河北保定为对照,酚酸类代谢物的表达模式在9个对比组中呈现上调或下调表达差异。来自青海西宁、山东青岛、内蒙古通辽和云南丽江的蒲公英上调表达占比80%,下调表达占比20%;黑龙江齐齐哈尔和黑龙江哈尔滨上调表达占比70%,下调表达占比30%;山东东营上调表达占比60%,下调表达占比40%;河北秦皇岛上调表达和下调表达的代谢物各占50%;河南南阳下调表达多于上调表达,上调表达占比40%,下调表达的占比60%。值得关注的是,D-酒石酸在所有分组中均上调表达,1-咖啡酰奎宁酸在所有分组中均下调表达;菊苣酸在河南南阳中下调表达,在其他分组中均上调表达。

表5 优势代谢物的组间注释分析

Table 5 Inter-group annotation analysis of dominant metabolites

序号	代谢物	分子式	QHDX vs AGDZ	SDQD vs AGDZ	SDXH vs AGDZ	HNXXYY vs AGDZ	TXTPX vs AGDZ	HLJKDX vs AGDZ	HLJHEB vs AGDZ	SYDY vs AGDZ	YNLJ vs AGDZ
1	菊苣酸	C <sub>22</sub> H <sub>18</sub> O <sub>12</sub>	上调	上调	上调	下调	上调	上调	上调	上调	上调
2	绿原酸	C <sub>16</sub> H <sub>18</sub> O <sub>9</sub>	上调	上调	上调	下调	上调	上调	上调	上调	上调
3	咖啡酸	C <sub>9</sub> H <sub>8</sub> O <sub>4</sub>	下调	下调	下调	下调	上调	下调	下调	上调	上调
4	奎尼酸	C <sub>9</sub> H <sub>12</sub> O <sub>6</sub>	上调	上调	上调	上调	上调	上调	下调	上调	上调
5	肉桂酸	C <sub>9</sub> H <sub>8</sub> O <sub>2</sub>	上调	上调	下调	上调	下调	上调	下调	下调	下调
6	异绿原酸B	C <sub>25</sub> H <sub>24</sub> O <sub>12</sub>	上调	上调	下调	下调	上调	下调	上调	上调	上调
7	D-酒石酸	C <sub>4</sub> H <sub>6</sub> O <sub>6</sub>	上调	上调	上调	上调	上调	上调	上调	上调	上调
8	3-香豆酸	C <sub>9</sub> H <sub>8</sub> O <sub>3</sub>	上调	上调	上调	上调	上调	上调	上调	下调	上调
9	单咖啡酰酒石酸	C <sub>13</sub> H <sub>12</sub> O <sub>9</sub>	上调	上调	上调	下调	上调	上调	上调	上调	上调
10	1-咖啡酰奎宁酸	C <sub>16</sub> H <sub>18</sub> O <sub>9</sub>	下调	下调	下调	下调	下调	下调	下调	下调	下调

### 3.6 差异代谢物的KEGG pathway功能富集分析

KEGG富集分析主要目的是通过识别和解析显著差异的代谢物所涉及的代谢通路,揭示生物体在不同生理、病理或环境条件下的代谢变化和分子机制。为了进一步分析不同种原蒲公英的差异代谢物的功能,课题组对鉴定到的差异代谢物进行KEGG富集分析(图6)。各对照组均呈现出以苯丙烷生物合成为主的显著富集,且黄酮和黄酮醇生物合成、α-亚麻酸代谢、精氨酸和脯氨酸代谢等通路在多个组间高度重叠,反映了蒲公英代谢特性的共性。此外,HLJHEB\_vs\_AGDZ与YNLJ\_vs\_AGDZ在植物激素信号转导和嘌呤代谢方面均有显著富集,表明这些代谢途径可能与环境适应性相关。值得注意的是,SYDY\_vs\_AGDZ和TXTPX\_vs\_AGDZ在辅助

因子和抗生素生物合成上的差异富集,可能反映了蒲公英在特定环境下的生物活性物质积累差异。整体来看,苯丙烷类和类黄酮类代谢通路是各组间的富集核心,而个别代谢途径的差异富集,提示了不同种原蒲公英在同样生长环境下对次生代谢的调控特性。

从组间对比看,YNLJ\_vs\_AGDZ组富集差异显著途径最多(11条),在辅因子和维生素代谢、信号转导等方面表现出更丰富的代谢活动,说明其代谢适应性较强。SDQD\_vs\_AGDZ组富集差异显著途径也较多(10条),在核苷酸代谢和碳水化合物代谢方面有独特富集,可能与其特定的能量需求有关。HNXXYY\_vs\_AGDZ、QHDX\_vs\_AGDZ、SYDY\_vs\_AGDZ和TXTPX\_vs\_AGDZ组分别在氨基酸代谢

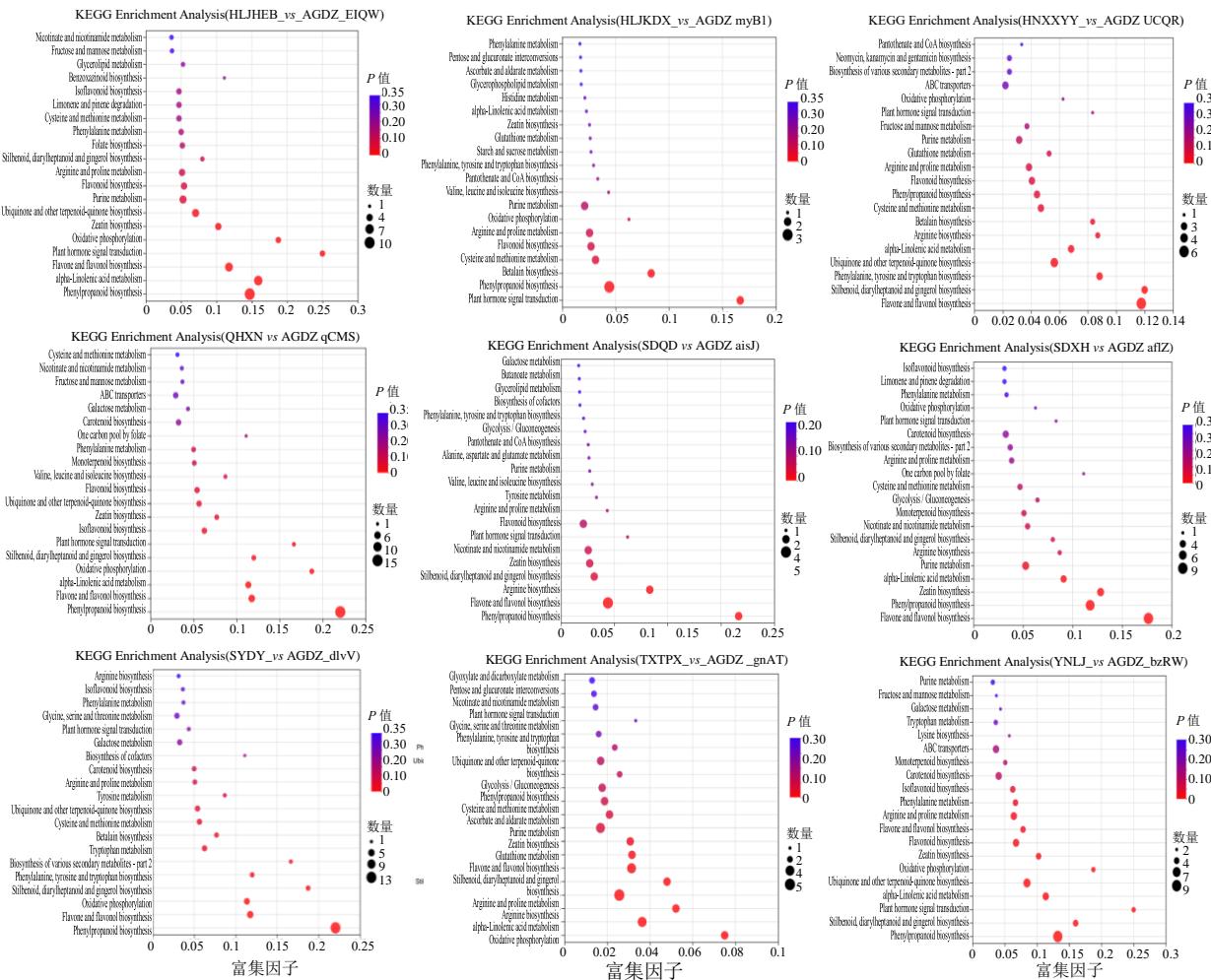


图 6 不同组间 KEGG 富集分析图

Fig. 6 KEGG enrichment analysis plot among different groups

和其他次生代谢物的生物合成中显著富集，提示这些不同种原蒲公英在氮代谢与抗逆性相关通路上存在共性特征。HLJHEB vs AGDZ 和 HLJKDX vs AGDZ 组在环境信息处理（信号转导）方面均有富集，表明这些不同种原蒲公英可能对外界环境刺激有更强的应答机制。总体而言，不同种原蒲公英的代谢差异主要集中在次生代谢产物的生物合成、氨基酸代谢和能量代谢，部分组在信号转导和辅因子代谢上也呈现特异性，反映了不同种原蒲公英对生态环境的代谢适应策略。

#### 4 讨论

药用植物的代谢产物的种类和数量受基因或环境等因素的影响，是细胞调控过程的终产物<sup>[23]</sup>，因此解析蒲公英的整体代谢物，且对不同种原蒲公英进行对比分析，对蒲公英的品质评价和优良品种选育具有重要的参考价值。样本相关性分析显示，不同种原蒲公英样本在代谢特征上存在显著分组模式，表现出代

谢组成与丰度的显著差异，且种原地理位置相近的样本代谢特征更为相似，而地理差异较大的样本则表现出更为丰富的代谢多样性，说明种原环境对蒲公英次生代谢物的积累具有重要影响。

在 10 个不同种原蒲公英中，共检测到 2 843 种代谢物，其中显著差异代谢物 1 537 种，主要包括脂质和类脂质分子、有机酸及其衍生物、有机氧化合物、有机杂环化合物、苯丙素和聚酮化合物、核苷及其类似物等 19 类化合物。蒲公英代谢物呈现多样性特征，体现了蒲公英在物质代谢和次生代谢方面的复杂性和多样性。脂质和类脂质分子具有抗炎、抗氧化和免疫调节等作用；有机酸及其衍生物因其广泛的药理活性，尤其在抗氧化、抗炎、抗菌及抗肿瘤领域具有良好的应用前景；有机氧化合物作为植物次生代谢物，常表现出抗菌、抗炎和抗氧化特；有机杂环化合物等为含氮、氧、硫等杂原子的环状化合物，常用于抗肿瘤、抗病毒、镇静等药

物开发黄酮类化合物可抗氧化、抗炎、抗过敏，保护血管和神经系统<sup>[24-26]</sup>。其他如苯丙素、生物碱及木脂素等化合物，均在抗病毒、抗肿瘤、免疫调节等领域展现重要药理价值，说明蒲公英代谢物种类丰富，具有显著的药用潜力<sup>[27-29]</sup>。

与河北保定(AGDZ)蒲公英相比，其他9个蒲公英药材在代谢物组成和表达水平上均存在显著差异，且各组间差异代谢物数量分布不均。大多数种原的代谢物以下调为主，尤以黑龙江哈尔滨、山东东营和云南丽江最为显著；而黑龙江齐齐哈尔和河北秦皇岛的蒲公英则表现出更多上调代谢物，反映了不同种原蒲公英在代谢积累模式上的特异性。这种差异与生态环境、栽培方式及遗传背景密切相关，进一步证实了不同地理环境对蒲公英代谢表型的显著影响。

不同种原蒲公英代谢物的Venn分析表明，9个比较组中共同表达的代谢物有17种，尽管蒲公英生长环境和地域不同，但不同种原蒲公英在同一环境下种植，蒲公英仍能共同且稳定合成这些代谢物，说明其代谢通路具有较强的遗传保守性，也证明蒲公英具备稳定且保守的次生代谢能力，能够在同一环境中持续合成具有重要药理活性的代谢物。这些代谢物涵盖多种化学类别，且多数具有显著的生物活性，其中最具有代表性的是青蒿素，青蒿素以其对疟疾的高效治疗作用而闻名，同时在免疫调节、抗肿瘤、抗炎及抗真菌等方面也具有显著潜力<sup>[30]</sup>，本研究首次在10个不同来源蒲公英中检测到青蒿素。此外，单咖啡酰酒石酸作为酚酸类化合物，具有抗氧化和抗炎作用<sup>[31]</sup>；司他霉素是一种氨基糖苷类抗生素，通过抑制细菌蛋白质合成为发挥抗菌活性<sup>[32]</sup>；8-去氧山莴苣苦素属于萜类化合物，具有抗炎、抗氧化和抗肿瘤等多重药理作用<sup>[33]</sup>；新异落新妇苷为黄酮类化合物，具有抗疲劳、抗炎、抗氧化和神经保护作用<sup>[34]</sup>；水杨梅苷等其它代谢物也各具生物学功能或医药应用价值<sup>[35-37]</sup>。

蒲公英的优势代谢物或临床应用较多的药用活性成分主要包括酚酸类、黄酮类、萜类、甾醇类及多糖类化合物。其中，酚酸类化合物赋予蒲公英多种药用功效，如抗氧化、抗炎、抗菌、抗病毒、保肝、降血糖、抗肿瘤及免疫调节等。菊苣酸、绿原酸、咖啡酸、奎尼酸、肉桂酸等代谢物在栽培种和野生种上表达模式存在差异，反映了不同栽培方式和地理环境对蒲公英代谢物积累的影响。菊苣酸是蒲公英醇提物中重要的抗氧化活性成分，有较强的抗

氧化能力，为《中国药典》2025年版蒲公英必检药用成分<sup>[2]</sup>。咖啡酸具有广谱抗菌作用，也是蒲公英的主要成分，其含量也可作为评价蒲公英质量的依据，为《中国药典》2015年版必检药用成分<sup>[38]</sup>。绿原酸和咖啡酸具有相似的功能，包括抗氧化、抗炎和抗菌特性，有助于胃、肝脏和胆囊的健康功能；此外，它们具有护肝和利尿作用，并能降低葡萄糖进入血液的释放速率<sup>[26,39]</sup>。这些优势代谢物的显著差异，为蒲公英的药用开发、资源挖掘及质量控制提供了重要参考，进一步奠定了其在中药资源保护与药效研究中的价值。河北保定和河南南阳的蒲公英为生产上多年沿用的栽培种，其他种原蒲公英为野生种。栽培种(河北保定、河南南阳)的菊苣酸低表达，而野生种菊苣酸高表达，表明野生环境可能更有利于菊苣酸的积累。蒲公英在酚酸类优势代谢物上的差异，反映了不同地理环境对代谢物积累的影响。而D-酒石酸和1-咖啡酰奎宁酸在栽培种和野生种上表达模式表现出一致性，其原因和机制尚需进一步研究。

蒲公英的KEGG功能富集分析揭示了不同种原蒲公英代谢物在次生代谢和能量代谢等关键生物学通路的显著差异，反映了不同种原蒲公英在适应同一环境时对次生代谢途径的显著调控。结果显示，不同种原蒲公英的差异代谢物富集于代谢功能相关通路，尤其是次生代谢物的生物合成和氨基酸代谢等核心通路，以苯丙烷生物合成、类黄酮生物合成、萜类和多酮类化合物代谢等途径最为显著。此外，辅助因子生物合成、二芳基庚烷类与姜酚生物合成、嘌呤代谢、抗坏血酸和醛酸代谢等也是代谢差异的主要聚焦点。其中，苯丙烷和类黄酮类代谢物在不同种原蒲公英中均显著富集，表明这些次生代谢途径在蒲公英品质形成和环境适应性中发挥了关键作用。

蒲公英作为一种药食同源植物，在我国具有广泛的生态分布。蒲公英全草入药，根、叶、花等组织富含多种具有生物活性的次生代谢产物，这些化合物赋予了蒲公英多种生物活性和药用价值。本研究从代谢组学角度解析了不同种原蒲公英的代谢产物差异及其特征化合物，并对其参与的生物学途径进行了注释。研究结果不仅深化了对蒲公英代谢网络和次生代谢物调控机制的理解，为进一步探究蒲公英的遗传多样性及环境适应机制提供了重要的代谢组学证据，同时也为蒲公英种质资源的开发利用、药用价值的深入研究及其质量控制体系的完善奠定了理论基础。

**利益冲突** 所有作者均声明不存在利益冲突

### 参考文献

- [1] 葛学军, 林有润, 翟大同. 中国植物志(第80卷 第一分册) [M]. 北京: 科学出版社, 1999: 56.
- [2] 中国药典 [S]. 二部. 2025: 156.
- [3] 邹世辉. 蒲公英生物活性物质的研究进展 [J]. 黑龙江农业科学, 2019(8): 186-189.
- [4] Majewski M, LIS B, Juśkiewicz J, et al. The composition and vascular/antioxidant properties of *Taraxacum officinale* flower water syrup in a normal-fat diet using an obese rat model [J]. *J Ethnopharmacol*, 2021, 265: 113393.
- [5] 刘晓燕, 龙凤, 赵玉, 等. 蒲公英中有效成分抗肿瘤作用机制的研究进展 [J]. 中草药, 2023, 54(10): 3391-3400.
- [6] 王亚茹, 李雅萌, 杨娜, 等. 蒲公英属植物的化学成分和药理作用研究进展 [J]. 特产研究, 2017, 39(4): 67-75.
- [7] 中华人民共和国卫生部. 关于进一步规范保健食品原料管理的通知(卫法监发〔2002〕51号) [Z]. 2002-04-11.
- [8] Bae S W, Jung S, Choi S C, et al. Lipid composition of latex and rubber particles in *Hevea brasiliensis* and *Taraxacum kok-saghyz* [J]. *Molecules*, 2020, 25(21): 5110.
- [9] 杜学林. 饲料中添加蒲公英对猪群抗病力的影响 [J]. 甘肃畜牧兽医, 2021, 51(8): 45-46.
- [10] 李赵嘉, 孟然, 冯薇, 等. 饲料中添加蒲公英对蛋鸡生性能、蛋营养品质、血清抗氧化能力及肝脏的影响 [J]. 饲料研究, 2022, 45(3): 48-52.
- [11] 张茹. 蒲公英的现代应用 [J]. 河南中医, 2020, 40(5): 802-806.
- [12] 刘晓燕, 龙凤, 黄勇, 等. HPLC 法测定蒲公英中菊苣酸、咖啡酸与绿原酸 [J]. 中草药, 2015, 46(23): 3448-3452.
- [13] Lis B, Olas B. Pro-health activity of dandelion (*Taraxacum officinale* L.) and its food products—history and present [J]. *J Funct Foods*, 2019, 59: 40-48.
- [14] 刘晓燕, 龙凤, 黄勇, 等. 蒲公英多糖通过下调 LncRNA CCAT1 表达抑制 MDA-MB-231 细胞增殖、迁移和侵袭 [J]. 中草药, 2024, 55(4): 1145-1157.
- [15] 张咏梅, 张淑慧, 王朝卿, 等. 不同产地蒲公英中总黄酮的测定 [J]. 中草药, 2009, 40(S1): 169-170.
- [16] Martinez M, Poirrier P, Chamy R, et al. *Taraxacum officinale* and related species-An ethnopharmacological review and its potential as a commercial medicinal plant [J]. *J Ethnopharmacol*, 2015, 169: 244-262.
- [17] 孟然, 吴哲, 冯薇, 等. 基于 HPLC 指纹图谱结合化学模式识别及多成分定量的蒲公英质量评价研究 [J]. 中草药, 2022, 53(24): 7887-7896.
- [18] 许国旺. 代谢组学: 方法与应用 [M]. 北京: 科学出版社, 2008: 1-137.
- [19] 戴宇樵, 吕才有. 代谢组学技术在茶学中的应用研究进展 [J]. 江苏农业科学, 2019, 47(2): 24-28.
- [20] Jie W, Qun L, Cheng H T, et al. Evaluation and identification of morphological characters suitable for delimitation of *Taraxacum* species distributed in northeastern China [J]. *Food Sci Nutr*, 2022, 10(9): 2999-3008.
- [21] Ren Y, Yu G, Shi C P, et al. Majorbio Cloud: A one-stop, comprehensive bioinformatic platform for multiomics analyses [J]. *Imeta*, 2022, 1(2): e12.
- [22] Xia J, Sinelnikov I V, Han B, et al. MetaboAnalyst 3.0: Making metabolomics more meaningful [J]. *Nucleic Acids Res*, 2015, 43(w1): W251-W257.
- [23] 沈廷明, 颜于露, 黄春情, 等. 林下仿野生种植金线莲醇提物非靶向代谢组学分析 [J]. 海峡药学, 2024, 36(7): 36-40.
- [24] González-Castejón M, Visioli F, Rodriguez-Casado A. Diverse biological activities of dandelion [J]. *Nutr Rev*, 2012, 70(9): 534-547.
- [25] Lee Y S, Kim J, Woo S, et al. Assessing the genetic and chemical diversity of *Taraxacum* species in the Korean Peninsula [J]. *Phytochemistry*, 2021, 181: 112576.
- [26] 朱庆莉, 王嘉翊, 贺旺, 等. 蒲公英总黄酮萃取工艺及其体外抗氧化性、抑菌性研究 [J]. 金陵科技学院学报, 2022, 38(2): 86-92.
- [27] Sharifi-Rad M, Roberts T H, Matthews K R, et al. Ethnobotany of the genus *Taraxacum*-phytochemicals and antimicrobial activity [J]. *Phytother Res*, 2018, 32(11): 2131-2145.
- [28] 石爱文, 姚佳靖, 王庆, 等. 蒲公英化学成分和药理作用研究进展及其质量标志物预测分析 [J]. 中华中医药学刊, 2024, 42(9): 38-45.
- [29] 张怡情, 黄清霞, 冯旭, 等. 蒲公英化学成分、药理作用及质量标志物预测分析 [J]. 辽宁中医药大学学报, 2025, 27(2): 59-67.
- [30] 蒋沅岐, 董玉洁, 周福军, 等. 青蒿素及其衍生物的研究进展 [J]. 中草药, 2022, 53(2): 599-608.
- [31] 王静, 丁海燕. 酚酸类化合物抑菌作用研究进展 [J]. 中成药, 2022, 44(6): 1906-1911.
- [32] 何东贤, 陈林, 赵经伟, 等. 氨基糖苷类化合物的研究动向: 含胍基的氨基糖苷类衍生物 [J]. 国外医药: 抗生素分册, 2006, 27(2): 79-83.
- [33] 薛永常, 王贺贤, 赵娣, 等. 植物萜类化合物生物合成及其功能研究进展 [J/OL]. 植物研究, 1-14 [2025-03-10].
- [34] 伊蓝坤, 陈旭, 白玉彬, 等. 黄酮类化合物抗菌增效作用及机制研究进展 [J]. 黑龙江畜牧兽医, 2025(3): 21-27.
- [35] 刘宏胜. 白藜芦醇抗肿瘤作用机制的研究进展 [J]. 中草药, 2007, 38(2): 312-314.
- [36] Liu Q, Xu Y, Wu Z Q, et al. Understanding the biosynthesis and regulatory mechanisms of bioactive compounds in *Taraxacum* species (dandelions), a model system for natural rubber, food, and medicinal plant biology [J]. *Crit Rev Plant Sci*, 2022, 41(6): 406-425.
- [37] 张俊杰, 刘同超, 熊兵. 核苷类甲基转移酶抑制剂的研究进展 [J]. 药学学报, 2024, 59(5): 1126-1150.
- [38] 中国药典 [S]. 四部. 2015: 256.
- [39] 王鹏, 郭丽, 刘爽, 等. 绿原酸提取物的抗氧化活性协同增效作用 [J]. 北方园艺, 2021(15): 106-111.

[责任编辑 时圣明]