

不同成熟期桃儿七果实氨基酸代谢及相关基因表达水平的变化

张玲瑜¹, 韩江媛¹, 李霞², 苏红彦², 刘迪¹, 栗孟飞^{2*}

1. 甘肃农业大学生命科学与技术学院, 甘肃 兰州 730070

2. 甘肃农业大学农学院 干旱生境作物学国家重点实验室, 甘肃 兰州 730070

摘要: **目的** 揭示桃儿七 *Sinopodophyllum hexandrum* 果实成熟过程中形态特征和氨基酸代谢的变化。**方法** 以不同成熟期 (S1~S9) 果实为材料, 分别对形态特征、氨基酸含量及相关基因表达水平进行测定与分析。**结果** 在果实成熟过程中, 形态特征 (如果实颜色、长度和直径)、氨基酸含量及相关基因表达水平均发生显著变化; 其中, S6 相比 S1, 果实长度、直径、鲜质量和干质量分别增加 2.21、2.18、31.42 和 49.05 倍; 氨基酸含量在 S5 和 S9 显著高于其他时期; 10 个候选氨基酸代谢相关基因 (如精氨酸脱羧酶 2、芳香酸脱水酶 6 和天冬酰胺合成酶) 在 S4~S8 相比 S2 均呈现不同程度的下调表达。**结论** 随着发育成熟, 果实形态特征、氨基酸代谢及相关基因表达水平发生了动态变化, 将对桃儿七果实的开发利用提供重要参考。

关键词: 桃儿七; 果实; 成熟期; 形态特性; 氨基酸代谢; 基因表达

中图分类号: R286.12 文献标志码: A 文章编号: 0253-2670(2026)01-0295-09

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2026.01.026

Changes of amino acid metabolism and related genes expression in fruit of *Sinopodophyllum hexandrum* at different ripening stages

ZHANG Lingyu¹, HAN Jiangyuan¹, LI Xia², SU Hongyan², LIU Di¹, LI Mengfei²

1. College of Life Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China

2. State Key Lab of Aridland Crop Science, College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China

Abstract: **Objective** To reveal the changes of morphological characteristics and amino acid metabolism in fruit of *Sinopodophyllum hexandrum* at different ripening stages. **Methods** The morphological characteristics, amino acid content, and related genes expression were determined and analyzed in fruit of *S. hexandrum* at different ripening stages (S1 to S9). **Results** There were significant differences in morphological characteristics (e.g., fruit color, length, and diameter), amino acid content, and related genes expression during fruit ripening. The fruit length, diameter, fresh weight, and dry weight showed a 2.2, 2.18, 31.42, and 49.05 fold increase at the S6 compared with S1; the content of amino acid were greater at the S5 and S9 than other stages; the 10 candidate genes related to amino acid metabolism [e.g., arginine decarboxylase 2 (ADC2), arogenate dehydratase 6 (ADT6), and asparagine synthetase (AS)] showed a down-regulation to some extent at S4 to S8 compared with S2. **Conclusion** There were dynamic differences in morphological characteristics, amino acid metabolism and related gene expression levels with fruit ripening. These finding will provide useful references for the development and utilization of *S. hexandrum* fruits.

Key words: *Sinopodophyllum hexandrum* Royle; fruit; ripening stage; morphological characteristic; amino acid metabolism; gene expression

桃儿七 *Sinopodophyllum hexandrum* Royle 为小檗科桃儿七属多年生草本植物, 其干燥成熟果实称为小叶莲 *Sinopodophylli Fructus*, 系藏族习用药材,

具有调经活血功效, 用于治疗血瘀经闭、难产、死胎和胎盘不下等症^[1]。目前, 从小叶莲中分离鉴定的活性成分主要有木脂素类 (如鬼臼毒素、去氧鬼

收稿日期: 2025-08-02

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (81560617); 国家中药材产业技术体系 (CARS-21); 道地药材生态种植及质量保障项目 (202203002); 国家中医药管理局 (GHC-2024-ZFGM-411)

作者简介: 张玲瑜 (1989—), 女, 甘肃兰州人, 硕士研究生, 主要从事药用植物生物学方面研究。E-mail: zhangly42499@163.com

*通信作者: 栗孟飞 (1980—), 男, 河南驻马店人, 教授, 博士生导师, 主要从事药用植物资源与利用方面研究。E-mail: lmf@gsau.edu.cn

白毒素和 4'-去甲鬼臼毒素等)和黄酮类(如槲皮素、山柰酚和芦丁等),具有抗肿瘤、抑菌、调血脂等药理作用^[2-3];另外,还含有蛋白质、脂肪酸、多糖、维生素、氨基酸、微量元素等其他成分^[4]。尽管对小叶莲活性成分和药理作用的研究已取得一定进展,但多集中在抗肿瘤领域,其他药理作用和食用价值并未展开深入研究。

近年来,随着桃儿七野生资源的保护和利用,其繁殖能力和仿野生种植面积显著增加^[5-6]。对其果实小叶莲的开发和利用进入新的阶段,比如抑菌、调血脂和与其他药材配伍等研究陆续开展^[7]。研究发现,桃儿七果实生物量和代谢产物含量受到环境因素和采收季节的影响。比如,低海拔下果实的纵径、横径和干质量均高于高海拔,而纵横比则相反;低海拔下果皮和果肉中可溶性糖、总黄酮和酚类化合物的含量均显著高于高海拔^[8];随着生长年限延长(4~9 年),单株果实数量显著增加^[9];随着果实成熟,鬼臼毒素含量显著降低,而总黄酮类化合物和可溶性糖含量显著增加,参与鬼臼毒素生物合成的关键基因如苯丙氨酸解氨酶(phenylalanine ammonia lyase, PAL)、4-香豆酸:辅酶 A 连接酶 1(4 coumarate: CoA ligase 1, 4CL1)和 4-香豆酸:辅酶 A 连接酶 2(4 coumarate: CoA ligase 2, 4CL2)均下调,参与黄酮类化合物生物合成的关键基因如查耳酮合成酶(chalcone synthase, CHS)、查耳酮合成酶 1(chalcone synthase 1, CHS1)和查耳酮合成酶 3(chalcone synthase 3, CHS3)等上调,而参与多糖生物合成的关键基因如 β -呋喃果糖苷酶(beta-fructofuranosidase, soluble isoenzyme I, INV*DC4)、可能的果糖激酶-6(probable fructokinase-6, At1g66430)和 4- α -葡聚糖转移酶 DPE2(4- α -glucanotransferase DPE2, DPE2)表达量变化幅度较大^[10]。到目前为止,对于不同成熟期桃儿七果实形态特征、氨基酸含量及相关基因表达水平的变化,还未见报道。因此,本研究以不同成熟期桃儿七果实为材料,对其形态特征、氨基酸含量及相关基因表达水平进行测定与分析,旨在为桃儿七果实的开发利用提供重要参考。

1 材料

选取甘肃省甘南藏族自治州卓尼县纳浪乡仿野生种植点(海拔 2 450 m, 34°30'N, 103°41'E)的 5 年生桃儿七植株,物种由中国医学科学院药用植物研究所齐耀东研究员鉴定为小檗科桃儿七属植物桃儿七 *S. hexandrum* Royle。自 2022 年 6 月 11 日

开始采集不同成熟期果实,每隔 7 d 采集 1 次($n=12$),至 8 月 6 日共采集 9 次(S1~S9)。根据课题组前期研究,S1 和 S2 属于幼果期、S3 和 S4 属于膨大期、S5~S7 属于成熟期、S8 和 S9 属于软化期。果实采集后经流水冲洗,一部分置于冰盒中带回用于果实形态特征和氨基酸含量测定;一部分用液氮速冻后带回置于-80 °C 保存,用于基因表达水平测定。

2 方法

2.1 果实特征的测定

使用数显游标卡尺测量果实长度和直径,拍照记录果实横纵切面;用数显电子天平称量果实鲜质量和干质量(果实于 80 °C 恒温烘箱中干燥)。

2.2 氨基酸含量的测定

采用茚三酮试剂显色法测定游离氨基酸含量^[11]。具体步骤为:准确称取 0.50 g 新鲜果实,置于研钵中,加入 1 mL 10%乙酸研磨至匀浆,倒入 50 mL 离心管中,用 15 mL 蒸馏水分次将残渣洗入上述离心管中,在室温下提取 1 h;其次,22 °C、4 000 r/min 离心 20 min,收集上清液,用蒸馏水定容至 25 mL;然后,吸取 1 mL 提取液置于 20 mL 具塞干燥试管中,依次加入 1.0 mL 无氨蒸馏水、0.5 mL 乙酸-氰酸盐缓冲液和 3.0 mL 水合茚三酮显色液,充分混匀后至于 100 °C 水浴中反应 15 min;最后,反应液自然冷却后,用 60%乙醇定容至 20 mL,利用分光光度计在 570 nm 下测定吸光度(A)值,以不加样品的溶液为空白对照。氨基酸含量以亮氨酸为标准品标定,计算公式如下:

$$\text{氨基酸含量} = (C \times V_2) / (V_1 \times M \times 1\,000)$$

C 为氨基酸的量, V_1 为测定样品溶液的体积, V_2 为提取液的体积, M 为材料的鲜质量

2.3 氨基酸代谢相关基因的挖掘

基于不同成熟期桃儿七果实,选择幼果期、膨大期、成熟期、软化期 4 个关键时期的代表 S2、S4、S6 和 S8 做基因表达验证转录组测序(<https://dataview.ncbi.nlm.nih.gov/object/PRJNA909622>)^[10]。利用 uniprot 数据库(<https://www.uniprot.org/>),根据基因编码的蛋白质生物学功能,挖掘与氨基酸代谢直接相关的差异表达基因。

2.4 基因本体(gene ontology, GO)和京都基因与基因组百科全书(Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG)富集分析

利用在线网站(<https://www.omicsmart.com/#/>)

对所挖掘的 18 个直接参与氨基酸代谢的差异基因进行 GO 和 KEGG 富集分析。

2.5 基因 RT-qPCR 检测

根据差异基因 CDS 序列, 利用 NCBI Primer-BLAST(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>)设计基因引物序列(表 1)。引物合成由上海生工生物工程技术有限公司完成。使用 Plant

RNA Kit (R6827, Omega 公司)提取总 RNA, 利用 FastKing cDNA Kit (KR116, 天根生化科技有限公司)合成 cDNA, 利用 SuperReal PreMix Plus (SYBR Green) (FP205, 天根生化科技有限公司)进行 RT-qPCR 检测, 具体反应体系及条件见说明书。以 *Actin* 作为内参基因^[12], 利用 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 法计算基因的相对表达水平^[13]。

表 1 RT-qPCR 检测引物序列

Table 1 Primer sequences used in RT-qPCR quantification

基因名称	序列 (5'→3')	扩增产物大小/bp	序列号
<i>ACT</i>	正向: GCAGGGATCCACGAGACCACC 反向: CCCACCACTGAGCACATTGTTCC	104	AJ245731.1
<i>ADC2</i>	正向: AGCTTTCCGTTTCGACCTGTT 反向: AGACAATCCAGCATCCAGC	163	Isoform0010517
<i>ADT6</i>	正向: CTGGGGTGACTAAAGGCGAG 反向: GTCTTCTACTGCTTGGCGGT	110	Isoform0028450
<i>AS</i>	正向: CCATTGGTTTTGCGACATGC 反向: CATTGCTTGGCAGCCTTTGT	155	Isoform0016254
<i>CHY1</i>	正向: GTGGTGACTGAGAAAGCGGT 反向: CAGCCGTGAGCCCTAAGTAT	127	Isoform0023787
<i>DAP</i>	正向: AAGGTTGCACGTACCGATGT 反向: CGAGGGCTGTCATCTGTTGT	167	Isoform0016544
<i>GDCSH</i>	正向: GGGTAGCAGTTTGGAGCTGT 反向: ATTGATCGCTCCAGGTCCTTC	118	Isoform0034080
<i>IPSP</i>	正向: TGCAAGGGTTGGTTTGGAGT 反向: TCACCCTTGTGTCTGGATGC	169	Isoform0029348
<i>METK</i>	正向: AATCCATCTGGCCGTTTCGT 反向: CCACCTTGGTTGGGTCCTTT	139	Isoform0032937
<i>P5CS</i>	正向: TCCGTTGGGTGTTCTTCTGG 反向: TGCATTAGATCGCCTGGCTT	130	Isoform0021032
<i>THAI</i>	正向: TGACGACGTATTGGGTTTCGG 反向: AACTTCACTCCCCCTCACCT	154	Isoform0019864

2.6 统计与分析

每个实验重复 3 次。采用 Excel 2019 进行数据计算与制图。运用 SPSS 22.0 软件进行 One-Way ANOVA Duncan 数据差异显著性分析。

3 结果与分析

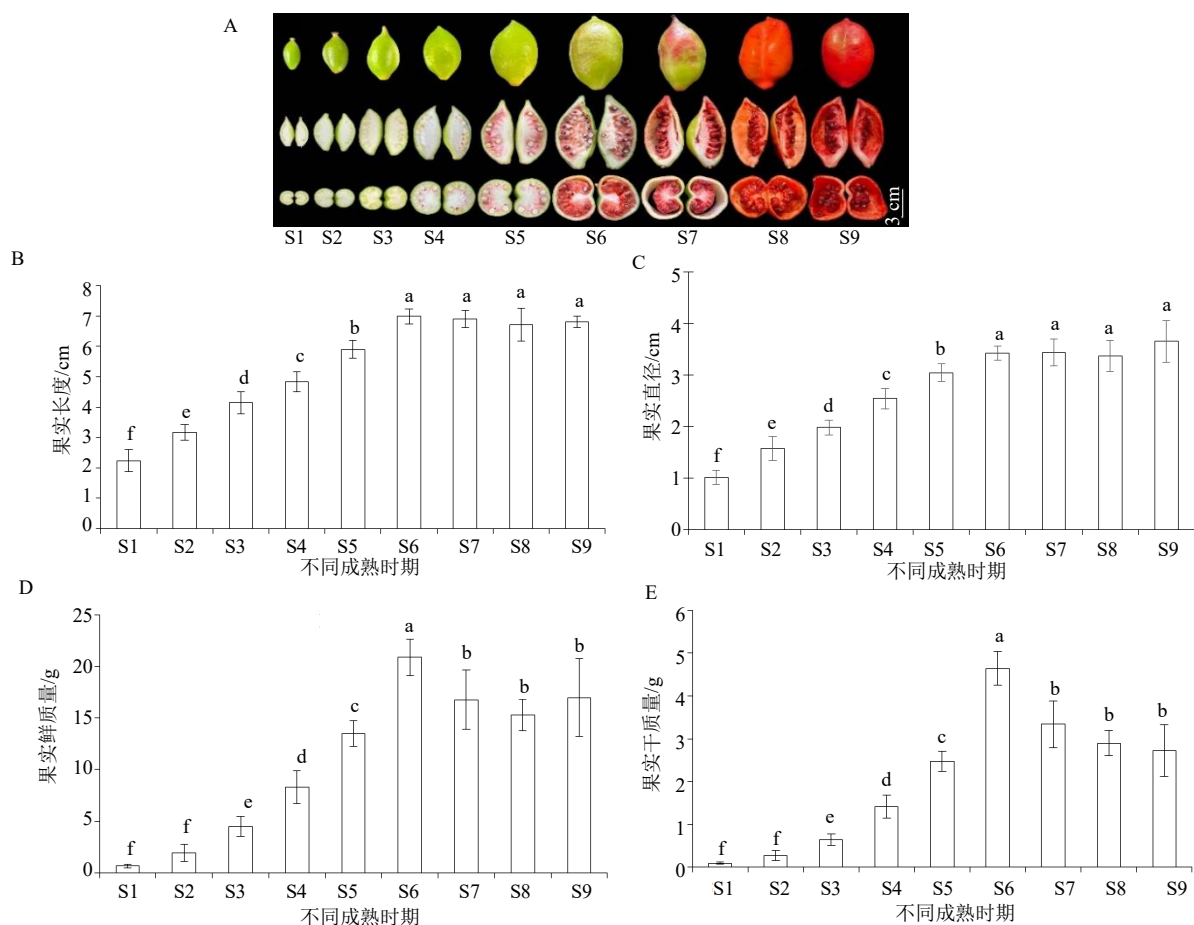
3.1 不同成熟期果实形态特征的变化

如图 1 所示, 桃儿七果实在成熟过程中, 形态特征和质量发生了显著变化。果皮颜色由青 (S1~S6) 变红 (S7~S9); 胎座逐渐发育, 在 S6 时期开始与内果皮分离, 逐渐形成浆果; 种子发育过程中, 种皮颜色由白色 (S1~S3) 经粉红色 (S4~S5) 变成红色 (S6~S9) (图 1-A)。果实长

度和直径在 S1~S6 时期显著增加, S6 时期相对于 S1 分别增加了 2.21 和 2.18 倍, S6~S9 时期没有显著变化 (图 1-B、C)。果实鲜质量和干质量在 S1~S6 时期显著增加, S6 时期相对于 S1 分别增加了 31.42 和 49.05 倍; S7 时期显著下降, 相对于 S6 分别降低了 1.24 和 1.39 倍, 至 S9 时期没有显著变化 (图 1-D、E)。

3.2 不同成熟期果实氨基酸含量的变化

如图 2 所示, 桃儿七果实在成熟过程中, 氨基酸含量发生了显著变化。S1~S5 时期, 氨基酸含量显著增加, 在 S5 时期达到 13.22 mg/g; S6 时期显著下降, 相对于 S5 时期降低了 1.71 倍, 然后至 S9

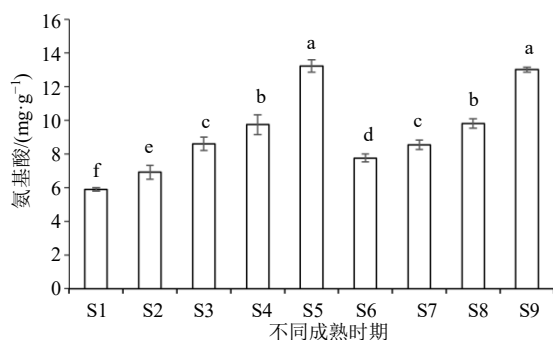


A-果实表型; B-果实长度; C-果实直径; D-果实鲜质量; E-果实干质量; 不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平下达到显著性差异。

A, fruit phenotype; B and C showing fruit length and diameter, respectively; D and E showing fruit fresh and dry weight, respectively. Different lowercases indicate significant differences at $P < 0.05$ level.

图 1 不同成熟期桃儿七果实形态特征的变化

Fig. 1 Changes in fruit characteristics of *S. hexandrum* at different ripening stages



不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平下达到显著性差异。

Different lowercases indicate significant differences at $P < 0.05$ level.

图 2 不同成熟期桃儿七果实氨基酸含量的变化

Fig. 2 Changes in amino acid content in fruit of *S. hexandrum* at different ripening stages

时期又显著增加,在 S9 时期达到 13.01 mg/g; S9 与 S5 时期相比没有显著差异。

3.3 不同成熟期氨基酸代谢相关基因挖掘

由表 2 结果显示,共挖掘到与氨基酸代谢直接相关的 18 个差异基因:精氨酸脱羧酶 (arginine decarboxylase, *ADC*)、精氨酸脱羧酶 2 (arginine decarboxylase 2, *ADC2*)、芳香酸脱水酶/预苯酸脱水酶 6 (arogenate dehydratase/prephenate dehydratase 6, *ADT6*)、天冬酰胺合成酶 (asparagine synthetase, *AS*)、天冬酰胺合成酶 1 (asparagine synthetase 1, *AS1*)、3-羟基异丁酰辅酶 A 水解酶 1 (3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1, *CHY1*)、LL-二氨基庚二酸氨基转移酶 (LL-diaminopimelate aminotransferase, *DAP*)、苯乙醛合酶 (phenylacetaldehyde synthase, *ELI5*)、谷氨酸脱羧酶 (glutamate decarboxylase, *GAD*)、甘氨酸裂解系统 H 蛋白 (glycine cleavage system H protein, *GDCSH*)、

表 2 不同成熟期直接参与桃儿七果实氨基酸代谢的差异基因及其 RPKM 值

Table 2 Differentially expressed genes directly participating in metabolism of amino acid in fruit of *S. hexandrum* at different ripening stages as well as their RPKM values

序号	基因名称	蛋白质名称	RPKM 值		
			S4 vs S2	S6 vs S2	S8 vs S2
1	<i>ADC</i>	精氨酸脱羧酶	-1.49	-1.67	-2.17
2	<i>ADC2</i>	精氨酸脱羧酶 2	-1.46	-1.96	-2.29
3	<i>ADT6</i>	芳香酸脱水酶/预苯酸脱水酶 6	-1.16	-1.73	-1.73
4	<i>AS</i>	天冬酰胺合成酶	-4.60	-2.81	-5.57
5	<i>AS1</i>	天冬酰胺合成酶 1	-4.83	-2.90	-5.43
6	<i>CHY1</i>	3-羟基异丁酰辅酶 A 水解酶 1	-2.04	-10.59	-8.18
7	<i>DAP</i>	LL-二氨基庚二酸氨基转移酶	-1.34	-3.95	-3.51
8	<i>ELI5</i>	苯乙醛合酶	-1.59	-2.56	-3.26
9	<i>GAD</i>	谷氨酸脱羧酶	-1.16	-1.50	-1.08
10	<i>GDCSH</i>	甘氨酸裂解系统 H 蛋白	-1.15	-6.48	-10.62
11	<i>IPSP</i>	非金属依赖型磷酸丝氨酸磷酸酶	-4.16	-7.90	-8.33
12	<i>LYSA2</i>	二氨基庚二酸脱羧酶 2	-1.06	-4.17	-3.79
13	<i>MET</i>	5-甲基四氢蝶呤三谷氨酸-高半胱氨酸甲基转移酶	-1.04	-2.26	-2.56
14	<i>METK</i>	S-腺苷甲硫氨酸合酶	-1.57	-1.92	-2.49
15	<i>METK2</i>	S-腺苷甲硫氨酸合酶 2	-0.84	-2.29	-2.04
16	<i>P5CS</i>	Δ 1-吡咯啉-5-羧酸合酶	-2.19	-2.70	-3.69
17	<i>PTOI242</i>	谷氨酸甲亚氨酰转移酶	-1.26	-4.87	-7.08
18	<i>THA1</i>	L-苏氨酸醛缩酶 1	-1.04	-1.84	-1.25

非金属依赖型磷酸丝氨酸磷酸酶(metal-independent phosphoserine phosphatase, *IPSP*)、二氨基庚二酸脱羧酶 2 (diaminopimelate decarboxylase 2, *LYSA2*)、5-甲基四氢蝶呤三谷氨酸-高半胱氨酸甲基转移酶 (5-methyltetrahydropteroyl triglutamate-homocysteine methyltransferase, *MET*)、S-腺苷甲硫氨酸合酶 (S-adenosylmethionine synthase, *METK*)、S-腺苷甲硫氨酸合酶 2 (S-adenosylmethionine synthase 2, *METK2*)、 Δ 1-吡咯啉-5-羧酸合酶 (Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase, *P5CS*)、谷氨酸甲亚氨酰转移酶 (glutamate formimidoyltransferase, *PTOI242*) 和低特异性 L-苏氨酸醛缩酶 1 (Low-specificity L-threonine aldolase 1, *THA1*)；随着果实成熟，18 个基因均呈现不同水平的负表达，RPKM 值在 S4、S6 和 S8 时期相对于 S2 的变化范围分别为-4.83 (*AS1*) ~ -0.84 (*METK2*)、-10.59 (*CHY1*) ~ -1.50 (*GAD*) 和-10.62 (*GDCSH*) ~ -1.08 (*GAD*)。

3.4 不同成熟期氨基酸代谢相关基因分析

通过对所挖掘的 18 个直接参与氨基酸代谢的差异基因进行 GO 和 KEGG 富集分析，结果发现，在 GO 数据库中共富集到 30 条途径，前 5 条途径

分别为 α -氨基酸代谢过程、细胞氨基酸代谢过程、细胞氨基酸分解代谢过程、羧酸分解代谢过程和有机酸分解代谢过程；KEGG 数据库共富集到 26 条途径，前 5 条途径分别为氨基酸生物合成、次级代谢物生物合成、代谢途径、赖氨酸生物合成、精氨酸和脯氨酸代谢 (图 3)。

3.5 不同成熟期氨基酸代谢相关基因表达水平的 RT-qPCR 验证

通过对直接参与氨基酸代谢的 10 个代表性差异基因进行 RT-qPCR 验证，结果如图 4 所示，S2、S4、S6、S8 时期 10 个基因：*ADC2*、*ADT6*、*AS*、*CHY1*、*DAP*、*GDCSH*、*IPSP*、*METK*、*P5CS* 和 *THA1* 基因的相对表达水平与 RPKM 值基本一致。与 S2 相比，S4、S6 和 S8 时期 10 个基因的表达水平均呈现下调，下调范围分别为 1.32 ~ 3.19、1.06 ~ 12.50、1.58 ~ 8.70、1.41 ~ 1.63、2.50 ~ 6.90、1.46 ~ 3.97、1.45 ~ 13.21、1.06 ~ 2.91、1.05 ~ 6.46、1.87 ~ 11.10 倍。

4 讨论

果实发育成熟是一个复杂过程，伴随着果实大小、颜色、形状、品质、风味等发生动态变化，且

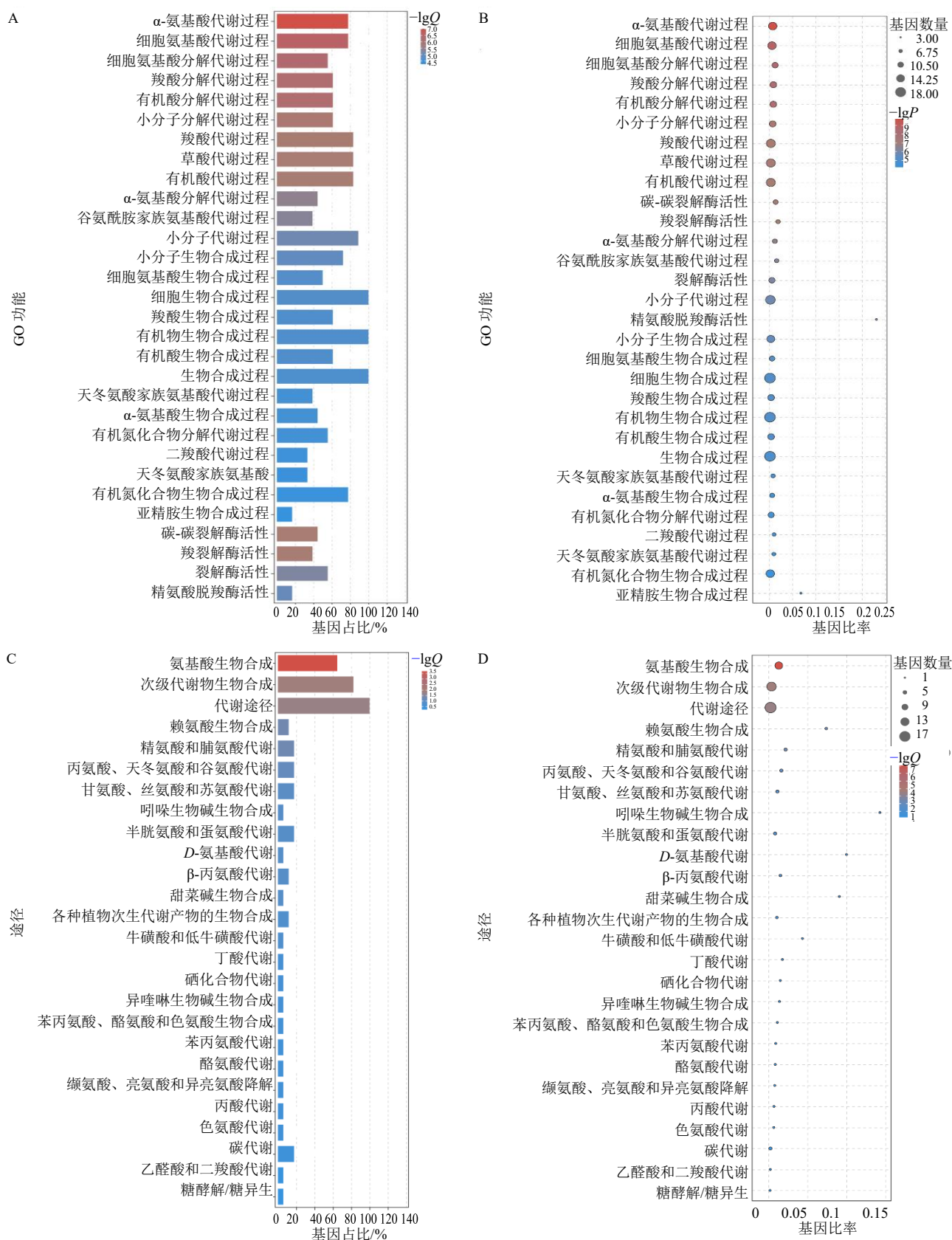
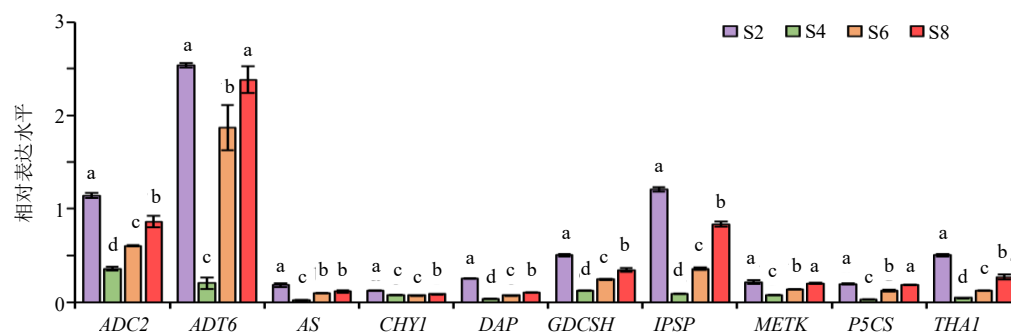


图 3 氨基酸代谢基因 GO (A、B) 和 KEGG (C、D) 富集分析

Fig. 3 GO (A, B) and KEGG (C, D) enrichment analysis of genes participating in metabolism of amino acid



不同小写字母表示同一基因在不同成熟期在 $P < 0.05$ 水平下达到显著性差异。

Different lowercases indicate significant difference at $P < 0.05$ level among different ripening stages for the same gene.

图 4 不同成熟期直接参与桃儿七果实氨基酸代谢的 10 个代表性基因的表达水平

Fig. 4 Expression level of 10 representative genes directly participating in metabolism of amino acid in fruit of *S. hexandrum* at different ripening stages

不同物种间存在较大差异^[14]。就形态特征和质量而言, 苹果、梨和茄子等的果实生长呈现单“S”型, 而油蟠桃、樱桃和杏等呈现双“S”型^[15]; 同时, 果实中营养物质(如糖、蛋白质和氨基酸)和生物活性物质(如黄酮、酚和萜类)含量及其相关基因表达水平也发生显著变化^[16]。本研究结果显示, 桃儿七果实在成熟过程中, 果实形态特征、营养物质氨基酸含量及其相关基因表达水平发生了动态变化。

研究表明, 果实发育是细胞分裂、增大和分化使果实体积和质量增加的过程, 其长度和直径的增长能直观反映果实大小变化^[17]; 果实在迅速膨大期, 通过细胞分裂来增加细胞数目, 在成熟后的缓慢生长期, 果皮与果肉间的间隙增大、果皮与果肉分离、果肉变软, 果实体积略有缩小、质量略有下降^[18]; 同时, 果实颜色也会发生显著变化, 通常呈现为由青变红/黄^[19-20]。本研究发现, 桃儿七果实成熟过程中, 表皮颜色由青变红, 果实长度、直径和质量在 S1~S6 时期显著增加, 果实长度和直径至 S9 时期没有显著变化, 而鲜质量和干质量在 S7 时期显著下降。这与其他浆果(如葡萄、蓝莓、猕猴桃)成熟过程中的形态特征变化基本一致^[21-23]。对葡萄研究发现, 果实在成熟软化过程中各组分降解, 复合体结构发生改变, 细胞间隙变大^[24]。本研究桃儿七果实成熟后期, 果皮与果肉发生了明显分离, 会伴随着营养物质消耗、水分减少、种子内部不断成熟, 使得鲜质量和干质量在 S7~S9 显著下降。

氨基酸是构成果实品质的重要成分之一, 并参与果实其他品质特征成分和风味物质的合成^[25]。研

究表明, 在果实生长发育过程中, 氨基酸含量受到生理生化代谢的调控, 即使同一品种, 由于生长环境的变化, 氨基酸的积累也会发生显著差异^[26]。本研究发现, 桃儿七果实成熟过程中, 氨基酸含量整体呈现“N”型趋势。这与龙眼果实发育早期氨基酸含量逐渐升高, 后期下降, 整体呈现升高趋势的结果基本一致^[26]。

研究表明, 果实成熟过程中, 有诸多基因参与生理生化的调控, 如番茄果实成熟过程中参与果实软化的多聚半乳糖醛酸酶基因表达显著上调^[27]; 猕猴桃果实在采收期参与细胞壁重塑的 β -半乳糖苷酶基因呈现高表达^[28]; 香蕉在成熟后期参与氨基酸代谢的泛素连接酶基因呈现高表达^[29]。本研究发现, 桃儿七果实成熟过程中, 有 18 个差异基因直接参与氨基酸代谢, GO 和 KEGG 分析均首先富集在氨基酸代谢或生物合成途径, 通过对其中 10 个基因进行表达量验证, 基本呈现随着果实成熟呈现下调表达。就具体功能而言, *ADC2* 基因编码的精氨酸脱羧酶 2 参与精氨酸分解代谢和多胺生物合成^[30]; *ADT6* 基因编码的预苯酸脱水酶 6 参与预苯酸转化为苯丙氨酸^[31]; *AS* 基因编码的天冬酰胺合成酶参与天冬氨酸生物合成^[32]; *CHY1* 基因编码的 3-羟基异丁酰基-辅酶 A 水解酶 1 参与缬氨酸分解代谢^[33]; *DAP* 基因编码的 LL 二氨基苯甲酸氨基转移酶参与赖氨酸生物合成^[34]; *GDCSH* 基因编码的甘氨酸切割系统 H 蛋白参与甘氨酸分解代谢^[35]; *IPSP* 基因编码的金属非依赖性磷酸丝氨酸磷酸酶参与丝氨酸生物合成^[36]; *METK* 基因编码的 *S*-腺苷甲硫氨酸合成酶参与蛋氨酸合成

S-腺苷甲硫氨酸^[37]; *P5CS* 基因编码的 1-二氢吡咯-5-羧酸合成酶参与脯氨酸生物合成^[38]; *THAI* 基因编码的低特异性 *L*-苏氨酸醛缩酶 1 参与苏氨酸分解代谢^[39]。以上结果说明, 这些基因均在桃儿七果实成熟过程中氨基酸生物合成或分解代谢方面发挥了重要作用。

综合结果表明, 桃儿七果实随着成熟进程, 形态特征、氨基酸含量及相关基因表达水平发生了显著动态变化。该研究结果对于深入了解桃儿七果实发育特性及果实的开发利用提供了有益参考。对于成熟过程中单个氨基酸含量的变化及其与相关基因的关联分析, 还需要进一步的研究分析。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突

参考文献

- [1] 中国药典 [S]. 一部. 2020: 48.
- [2] 尚明英, 李军, 蔡少青, 等. 藏药小叶莲的化学成分研究 [J]. 中草药, 2000, 31(8): 569-571.
- [3] 王蔼华, 刘广学, 徐风, 等. 小叶莲化学指纹图谱研究 [J]. 中国中药杂志, 2013, 38(20): 3528-3533.
- [4] 张喜民, 王梦林, 张长茂, 等. 桃儿七果实的营养成分 [J]. 营养学报, 1990(1): 88-90.
- [5] Li M F, Ge L, Kang T L, *et al.* High-elevation cultivation increases anti-cancer podophyllotoxin accumulation in *Podophyllum hexandrum* [J]. *Ind Crop Prod*, 2018, 121: 338-344.
- [6] 曹小路, 赵巧竹, 幸华, 等. 桃儿七种子解剖结构及其萌发生长期形态特征 [J]. 植物研究, 2022, 42(5): 746-752.
- [7] 徐名慧, 仇文婷, 晋玲, 等. 藏族药小叶莲化学成分和药理作用研究进展 [J]. 中国中药杂志, 2024, 49(10): 2640-2647.
- [8] 栗孟飞, 姚园园, 丁耀录, 等. 海拔对桃儿七果实特性、活性成分含量及抗氧化能力的影响 [J]. 草业学报, 2017, 26(4): 162-168.
- [9] Zhao Q Z, Li M L, Li M F, *et al.* Changes in growth characteristics and secondary metabolites in *Sinopodophyllum hexandrum* with increasing age [J]. *Ind Crop Prod*, 2023, 196: 116509.
- [10] Liu D, Dong M Y, Li M F, *et al.* Metabolite and transcriptomic changes reveal the ripening process in *Sinopodophyllum hexandrum* fruit [J]. *Ind Crop Prod*, 2023, 206: 117622.
- [11] 王学奎. 植物生理生化实验原理和技术 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2006: 199-201.
- [12] Li M F, Sun P, Kang T L, *et al.* Mapping podophyllotoxin biosynthesis and growth-related transcripts with high elevation in *Sinopodophyllum hexandrum* [J]. *Ind Crop Prod*, 2018, 124: 510-518.
- [13] Willems E, Leyns L, Vandesompele J. Standardization of real-time PCR gene expression data from independent biological replicates [J]. *Anal Biochem*, 2008, 379: 127-129.
- [14] 李杰, 罗奕, 张琪悦, 等. 调控果实大小相关基因的研究进展 [J]. 福建农业科技, 2023, 54(5): 28-36.
- [15] 林云弟, 高静, 韩霞, 等. 油蟠桃果实发育规律与品质相关因子变化研究 [J]. 中国农学通报, 2016, 32(7): 69-73.
- [16] 陈昕, 陈蕊红, 黄建. 枣果实不同发育阶段蛋白质组动态研究 [J]. 西北林学院学报, 2019, 34(4): 82-90.
- [17] 刁俊明, 曾宪录, 朱远平, 等. 脐橙果实大小对果实感官品质和可溶性固形物含量的影响 [J]. 广东农业科学, 2015, 42(23): 82-85.
- [18] 薛茂, 朱本忠, 吴培文, 等. 果实成熟及品质形成的负调控因子研究进展 [J]. 中国食品学报, 2022, 22(9): 312-322.
- [19] 刘昕, 陈韵竹, Kim P, 等. 番茄果实颜色形成的分子机制及调控研究进展 [J]. 园艺学报, 2020, 47(9): 1689-1704.
- [20] 梁森苗, 朱婷婷, 张淑文, 等. 杨梅果实发育成熟度与颜色变化规律探究 [J]. 浙江农业科学, 2019, 60(6): 879-882.
- [21] 刘娟, 周长富, 龚碧涯, 等. 8 个蓝莓品种果实成熟规律和品质研究 [J]. 湖南农业科学, 2021, 1: 15-19.
- [22] 涂美艳, 廖明安, 陈栋, 等. 猕猴桃果实发育期主要生理指标变化规律及与果肉颜色的相关性 [J]. 西南农业学报, 2022, 35(9): 2144-2153.
- [23] Keutgen A J, Pawelzik E. Contribution of amino acids to strawberry fruit quality and their relevance as stress indicators under NaCl salinity [J]. *Food Chem*, 2008, 111(1): 642-647.
- [24] 朱绍坤, 乔军, 马丽. 葡萄果实成熟软化机制研究进展 [J]. 特种经济动植物, 2023, 26(5): 103-107.
- [25] 牟蛟琳, 卢杨, 张哲惠, 等. 柑橘果实成熟过程中氨基酸、维生素 E 和脂质的动态分析 [J]. 华中农业大学学报, 2024, 43(1): 115-123.
- [26] 黄爱萍, 郑少泉. 龙眼果实发育过程果肉黄酮和氨基酸含量的变化 [J]. 热带作物学报, 2010, 31(9): 1519-1523.
- [27] 敖雁, 杨淼焱, 张驰, 等. 番茄果实成熟软化过程中细胞壁作用机制研究进展 [J]. 保鲜与加工, 2021, 21(12): 118-125.
- [28] 陈昆松, 张上隆, Ross G S. β -半乳糖苷酶基因在猕猴桃果实成熟过程的表达 [J]. 植物生理学报, 2000(2): 117-122.

- [29] 王园, 王甲水, 谢学立, 等. 香蕉泛素结合酶基因与果实成熟关系的研究 [J]. 园艺学报, 2010, 37(5): 705-712.
- [30] Sánchez-Rangel D, Chávez-Martínez A I, Rodríguez-Hernández A A, *et al.* Simultaneous silencing of two arginine decarboxylase genes alters development in *Arabidopsis* [J]. *Frontiers Plant Sci*, 2016, 7: 300.
- [31] Cho M H, Corea O R, Yang H, *et al.* Phenylalanine biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*: Identification and characterization of arginate dehydratases [J]. *J Biolog Chem*, 2007, 282(42): 30827-30835.
- [32] Gaufichon L, Rothstein S J, Suzuki A. Asparagine metabolic pathways in *Arabidopsis* [J]. *Plant Cell Physiol*, 2016, 57(4): 675-689.
- [33] Zolman B K, Monroe-Augustus M, Thompson B, *et al.* Chyl, an *Arabidopsis* mutant with impaired beta-oxidation, is defective in a peroxisomal beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase [J]. *J Biolog Chem*, 2001, 276(33): 31037-31046.
- [34] Hudson A O, Singh B K, Leustek T, *et al.* An LL-diaminopimelate aminotransferase defines a novel variant of the lysine biosynthesis pathway in plants [J]. *Plant Physiol*, 2006, 140(1): 292-301.
- [35] Kikuchi G, Motokawa Y, Yoshida T, *et al.* Glycine cleavage system: reaction mechanism, physiological significance, and hyperglycinemia [J]. *Proceedings Japan Academy Series B-physical Biological Sci*, 2008, 84(7): 246-263.
- [36] Chiba Y, Oshima K, Arai H, *et al.* Discovery and analysis of cofactor-dependent phosphoglycerate mutase homologs as novel phosphoserine phosphatases in *Hydrogenobacter thermophiles* [J]. *J Biolog Chem*, 2012, 287(15): 11934-11941.
- [37] Markham G D, Pajares M A. Structure-function relationships in methionine adenosyltransferases [J]. *Cellular Molecular Life Sci*, 2009, 66(4): 636-648.
- [38] Signorelli S, Monza J. Identification of $\Delta 1$ -pyrroline 5-carboxylate synthase (P5CS) genes involved in the synthesis of proline in *Lotus japonicus* [J]. *Plant Signal Behavior*, 2017, 12(11): 1367464.
- [39] Joshi V, Laubengayer K M, Schauer N, *et al.* Two *Arabidopsis* threonine aldolases are nonredundant and compete with threonine deaminase for a common substrate pool [J]. *Plant Cell*, 2006, 18(12): 3564-3575.

[责任编辑 时圣明]