

基于代谢组 (LC-MS/MS) 与转录组学的刺梨三萜类化合物关键基因比较分析

何凤金, 严艳芳, 梁前程, 陶仙, 李昊东, 龙腾相, 李良群*, 邓廷飞, 潘雄, 陈发菊, 杨小生*
(1. 贵州医科大学药学院, 贵州贵阳 550025) (2. 贵州省天然产物研究中心, 贵州医科大学省部共建药用植物功效与利用国家重点实验室, 贵州贵阳 550014)

摘要: 该研究结合了液相-质谱联用技术与转录组分析, 系统探讨了刺梨中三萜类化合物的生物合成途径及其调控机制。研究结果表明, 在栽培和野生刺梨品种之间, 三萜类化合物的含量存在显著差异且栽培品种三萜类化合物含量比野生品种高出约 30 wt.%, 且该差异在刺梨的不同生长阶段中均保持稳定。通过高通量转录组测序技术, 该研究发现了五个关键基因, 它们与三萜类化合物的生物合成密切相关, 并与 *CYP716A1*、*CPY734A1*、*CPY72A15*、*UGT74F2* 及 *UGT85A2* 等基因具有高度同源性, 提示它们在刺梨的三萜类化合物合成中可能发挥关键作用。本研究利用代谢组和转录组学的联合分析, 不仅明确了刺梨中三萜类化合物的含量差异, 还成功锁定了其生物合成的关键基因, 为刺梨的品质改良及分子育种提供了新的视角和潜在的分子标记。

关键词: 刺梨; 三萜类化合物; 生物合成; 转录组分析; 分子育种

文章编号: 1673-9078(2025)06-129-136

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2025.6.0451

Comparative Analysis of the Key Genes of Triterpenoids in *Rosa roxburghii* Based on Metabolomics (LC-MS/MS) and Transcriptomics

HE Fengjin, YAN Yanfang, LIANG Qiancheng, TAO Xian, LI Haodong, LONG Tengxiang, LI Liangqun*,
DENG Tingfei, PAN Xiong, CHEN Faju, YANG Xiaosheng*

(1. School of Pharmaceutical Sciences, Guizhou Medical University, Guiyang 550025, China)
(2. Guizhou Natural Products Research Center, State Key Laboratory of Functions and Applications of Medicinal Plants, Guizhou Medical University, Guiyang 550014, China)

Abstract: In this study, the biosynthesis pathway and regulatory mechanism of triterpenoids in *Rosa roxburghii* (*R. roxburghii*) were systematically investigated through combined use of liquid chromatography-mass spectrometry and

引文格式:

何凤金, 严艳芳, 梁前程, 等. 基于代谢组 (LC-MS/MS) 与转录组学的刺梨三萜类化合物关键基因比较分析[J]. 现代食品科技, 2025, 41(6): 129-136.

HE Fengjin, YAN Yanfang, LIANG Qiancheng, et al. Comparative analysis of the key genes of triterpenoids in *Rosa roxburghii* based on metabolomics (LC-MS/MS) and transcriptomics [J]. Modern Food Science and Technology, 2025, 41(6): 129-136.

收稿日期: 2024-04-09

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32160104); 贵州省科技计划项目 (黔科合基础 ZK[2021]一般 512, ZK[2023]一般 239; 黔科合支撑 ZK[2022]一般 171, ZK[2022]一般 177, [2023]一般 472, [2023]一般 077)

作者简介: 何凤金 (1997), 女, 硕士研究生, 研究方向: 天然药物化学及活性研究, E-mail: 15297243455911fj@sina.com

通讯作者: 杨小生 (1966-), 男, 博士, 研究员, 研究方向: 民族食药植物资源的高效生态利用方面的研究, E-mail: gzcnp@sina.cn; 共

同通讯作者: 李良群 (1985-), 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 药物化学, E-mail: 419117783@qq.com

transcriptome analysis. The results showed that there were significant differences in triterpenoid content between cultivated and wild *R. roxburghii* varieties, with the cultivated variety exhibiting an approximately 30 wt.% higher triterpenoid content compared with the wild variety. Such a difference remained constant in the different growth stages of *R. roxburghii*. Through high-throughput transcriptome sequencing technology, five key genes associated closely with the biosynthesis of triterpenoid were successfully identified in this research. These genes had high homology to genes such as *CYP716A1*, *CPY734A1*, *CPY72A15*, *UGT74F2*, and *UGT85A2*, suggesting their key roles in the synthesis of triterpenoid in *R. roxburghii*. In this study, the combined metabolomic and transcriptome analysis not only clarified the differences in the triterpenoid content of *R. roxburghii* and also successfully identified the key genes participating in the biosynthesis of triterpenoids, which offers fresh insights and potential molecular markers for the quality improvement and molecular breeding of *R. roxburghii*.

Key words: *Rosa roxburghii*; triterpenoids; biosynthesis; transcriptome analysis; molecular breeding

刺梨 (*Rosa roxburghii* Tratt.), 隶属于蔷薇科蔷薇属, 为多年生植物^[1]。刺梨不仅具有药用价值, 还可作为食品来源, 显示出其双重性质^[2]。刺梨的果实被誉为第三代水果, 其内富含多种生物活性成分, 如维生素 C、氨基酸、超氧化物歧化酶 (Superoxide Dismutase, SOD)、黄酮及萜类等^[3-7]。正是这些丰富的成分, 使刺梨具有显著的抗菌、抗衰老、抗凋亡以及抗动脉粥样硬化的药理作用^[8,9]。无籽刺梨也因其与刺梨类似的生理活性受到关注, 有学者对两者关联及活性组分进行了研究^[10-15]。

随着对刺梨的深入研究不断推进, 刺梨中的三萜类化合物因其独特的药理活性和多样的健康益处, 已经引起了学术界的广泛关注。多项研究证实, 刺梨三萜具有显著的治疗抑郁、改善睡眠质量和治疗肠炎等功效, 并显示出在更广泛的健康领域发挥作用的潜力^[16,17]。鉴于此, 进一步深入探究刺梨中三萜类化合物的生物合成途径及其调控机制, 对于全面了解和最大化利用这些具有显著健康价值的成分至关重要, 同时也将为开发新型药物或健康产品提供有力的科学依据。

借助分子生物学技术, 尤其是高通量测序技术, 深入探索刺梨中三萜类化合物在全基因组水平上的基因表达和复杂的调控网络^[18,19]。这为全面揭示刺梨中三萜类化合物的生物合成途径及挖掘其关键调控基因提供了机会^[20,21]。利用液相-质谱联用 (LC-MS/MS) 技术和转录组学分析的结合, 能够详尽地描绘出刺梨中三萜类化合物的代谢组特征, 并进一步识别和确定与三萜生物合成密切相关的核心基因和调控因子。

本研究旨在利用先进的代谢组学和转录组学技术, 深入探讨刺梨中三萜类化合物的生物合成机制及其在不同品种中的表达模式。通过对比分析栽培

品种与野生品种的转录组数据, 期望揭示刺梨三萜生物合成的分子基础, 并鉴定出关键的调控基因。这一研究不仅有助于增进对刺梨三萜类化合物生物合成的理解, 还将为刺梨的育种改良和功能性产品的开发提供坚实的科学依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料

本研究采用的刺梨成熟果实样品, 源自贵州省天然产物研究中心苗圃所提供的“贵农 5 号”刺梨与野生刺梨。根据实验基地的详细记录, 样品是在 2023 年 9 月下旬采摘。采摘完毕后, 立即使用液氮对刺梨样品进行快速冷冻, 以确保其生物活性, 并随后将其储存于 -80 °C 的冰箱 (Thermo 900series) 中, 以备后续提取总 RNA。为了保持刺梨样品的一致性并确保实验的可比性, 将样品精心分为两部分处理: 其中一部分通过冷冻干燥机 (EYELAFDU-2110) 干燥 72 h, 之后利用超高效液相-质谱/质谱技术来分析测定刺梨中的三萜类物质种类, 高效液相法检测刺梨中三萜的含量; 而另一部分则用于进行 RNA-Seq 分析。为确保实验结果的准确性和可靠性, 每个处理步骤都设置了 3 个生物学重复。

1.2 主要仪器设备

Thermo 900 超低温冰箱, 赛默飞世尔科技公司; Agilent 1260 高效液相色谱, 安捷伦科技有限公司; EYELAFDU-2110 冷冻干燥机, 东京理化器械株式会社; 超高效液相-质谱/质谱 (UPLC-ESI-MS/MS Q-Exactive, Dionex UltiMate™ 3000 RSLCnano 系统与 Q-Exactive 质谱仪), 赛默飞世尔科技公司。

1.3 刺梨三萜类成分检测

1.3.1 标准品溶液配制

精确称量 10.00 mg 刺梨苷对照品, 放入 10 mL 的容量瓶中。随后加入适量的 $\varphi=70\%$ 甲醇, 确保样品充分溶解并完成定容, 从而制备出化合物标准溶液。由此方法配置得到的对照品, 其质量浓度为 1.022 mg/mL。

1.3.2 供试品溶液配制

将刺梨果实置于烘箱中烘干, 之后利用打粉机粉碎并经过三号筛筛选。精确称量 2.00 g 刺梨粉末, 放入 250 mL 锥形瓶内, 随后加入 50 mL 的 $\varphi=70\%$ 乙醇。在超声仪中处理 30 min 后, 将混合物移至圆底烧瓶, 并进行加热回流 2 h。收集提取液, 并重复此提取过程 3 次, 之后合并所有提取液。在低温下进行浓缩处理, 并使用 $\varphi=70\%$ 的甲醇将体积调整至 25 mL, 最后通过 0.45 μm 的微孔滤膜进行过滤。利用高效液相色谱仪, 对刺梨中的刺梨苷三萜质量标志物进行了精确的含量测定。

1.3.3 LC-MS/MS分析检测

刺梨样品提取物减压干燥后, 将干燥提取物溶解于 $\varphi=70\%$ 甲醇中, 涡旋 5 min 以确保均一性。随后, 将溶液于 4 $^{\circ}\text{C}$ 下以转速为 12 000 r/min 离心 10 min。收集上清液, 通过 0.22 μm 微孔膜过滤, 然后存放在样品瓶中, 以便进行 LC-MS/MS 分析。LC-ESI-MS/MS Q-Exactive 在线 LC-MS 是使用 Dionex UltiMateTM 3000 RSLCnano 系统与 Q-Exactive 质谱仪 (赛默飞世尔科技)。

提取物经配备 C18 色谱柱 (100 $\times$ 2.1 mm, 1.7 μm) 的 UPLC-Q-Exactive MS, 洗脱溶剂为水-乙腈系统, 其中 A 为 $\varphi=0.1\%$ 甲酸水, 溶剂 B 为 $\varphi=0.1\%$ 甲酸乙腈。洗脱条件为 10%~100% B (0~17 min), 流量为 0.3 mL/min, 分析以数据依赖采集模式进行, 在 2.56~34.18 u 范围内进行 100 ms 的全 MS 调查扫描, 并设置 35 eV 的碰撞能量梯度。

1.3.4 刺梨三萜的含量测定

流动相 A 为 $\varphi=0.05\%$ 三氟乙酸水, B 为乙腈; 梯度洗脱条件为 0~15 min, 25% A~30% A; 15~20 min, 30% A~35% A; 20~60 min, 35% A 等度洗脱。色谱柱: Thermo C18 (250 mm $\times$ 4.6 mm, 5 μm); 检测波长 203 nm; 柱温 20 $^{\circ}\text{C}$; 流量为 1 mL/min; 进样体积为 10 μL 。

1.4 RNA提取与文库构建

本研究使用 TRIzol[®] 试剂 (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) 来提取刺梨果实组织中的总 RNA, 并严格按照试剂盒的说明书进行操作。为确保 RNA 的纯度, 用 DNase I (TaKara, Japan) 清除了可能存在的基因组 DNA 污染。随后, 利 2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA) 和 NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA) 对提取的总 RNA 进行了质量和纯度的检测。当样品满足一系列严格的文库构建标准, 包括 A_{260}/A_{280} 比值在 1.8~2.2, A_{260}/A_{230} 比值大于等于 2.0, RNA 完整性数 (RIN) 不小于 8.0, 28S 与 18S 的比值大于或等于 1.0, 且总量超过 2 μg 时, 随后才会进行下一步的实验操作。

利用 Illumina TruSeqTM RNA 样品制备试剂盒 (San Diego, CA, USA) 按照说明书制备 RNA-seq 转录组文库。文库构建完成后, 在 Illumina HiSeq X Ten 平台上进行 2 $\times$ 150 bp 双端测序, 每个样本进行三次生物学重复, 以确保数据的可靠性和重复性。

1.5 转录组数据处理与基因组比对

转录组的原始数据 (Raw reads) 首先通过 SeqPrep 和 Sickle 工具进行质量控制和裁剪, 以去除低质量的 reads 和接头序列, 获得清洁数据 (Clean Data)。然后, 使用 HISAT2 软件与刺梨参考基因组进行序列比对, 得到的 Mapped reads 进行质量评估, 以确保比对的准确性。

以刺梨的参考基因组为基础, 采用了 StringTie 软件对 Mapped Reads 进行了拼接, 同时与现有的基因组注释信息进行了详尽的比对。这一步骤的目标是探寻新的转录本和基因, 以期能够进一步补充和丰富刺梨的基因组注释内容。

1.6 基因功能注释与差异表达基因分析

所有的 Unigene 通过 BLAST 算法与 NCBI 蛋白质数据库 (Nonredundant, NR) 比对, 以 E 值小于 1×10^{-5} 为阈值进行功能注释。进一步, 将 Unigene 在 Swiss-Prot、Pfam、COG、GO 和 KEGG 等数据库中的功能注释汇总, 以预测它们的功能分类和参与的生物途径。

运用 TPM (Transcripts per Million) 方法来评估各个转录本的表达水平, 同时借助 RSEM 工具对

基因的表达量进行了精确的定量分析。

通过 EdgeR 软件包识别差异表达基因 (DEGs), 采用 Bonferroni 校正方法和 P 值 ≤ 0.01 作为显著性阈值。

此外, 为了深入分析差异表达基因在生物学过程、细胞组分以及分子功能中的作用, 以及这些基因在代谢途径中的具体位置, 进行了 GO 功能富集分析和 KEGG 通路分析。这两项分析分别通过 Goatools 和 KOBAS 软件工具来完成。

1.7 数据分析

实验数据结果采用 Mean $\pm$ SD (标准偏差) 来表示, 利用 GraphPad Prism 9 软件对实验进行统计分析, $P < 0.05$ 有统计学意义。

2 结果与讨论

2.1 刺梨三萜化合物累计规律

在最佳提取条件下, 对刺梨中的四个质量标志物进行了提取, 并利用 LC-MS/MS 技术鉴定了成分。进一步, 参考汪涛等^[1]检测刺梨三萜的高效液相色谱条件方法测定了其含量, 详细结果参见表 1 和图 1。从表 1 中可以看出, 刺梨苷和野蔷薇苷在栽培品种的果实中含量相对较高, 分别为 0.64 wt.% 和 0.83 wt.%; 另一方面, 蔷薇酸和委陵菜酸更多地存在于野生果实中, 分别为 0.86 wt.% 和 0.78 wt.%。值得注意的是, 贵农 5 号果实中这四个质量标志物的总含量比野生刺梨高。这些结果提示, 可能栽培的贵农 5 号刺梨和野生刺梨中的调控三萜合成的基因表达可能不同。

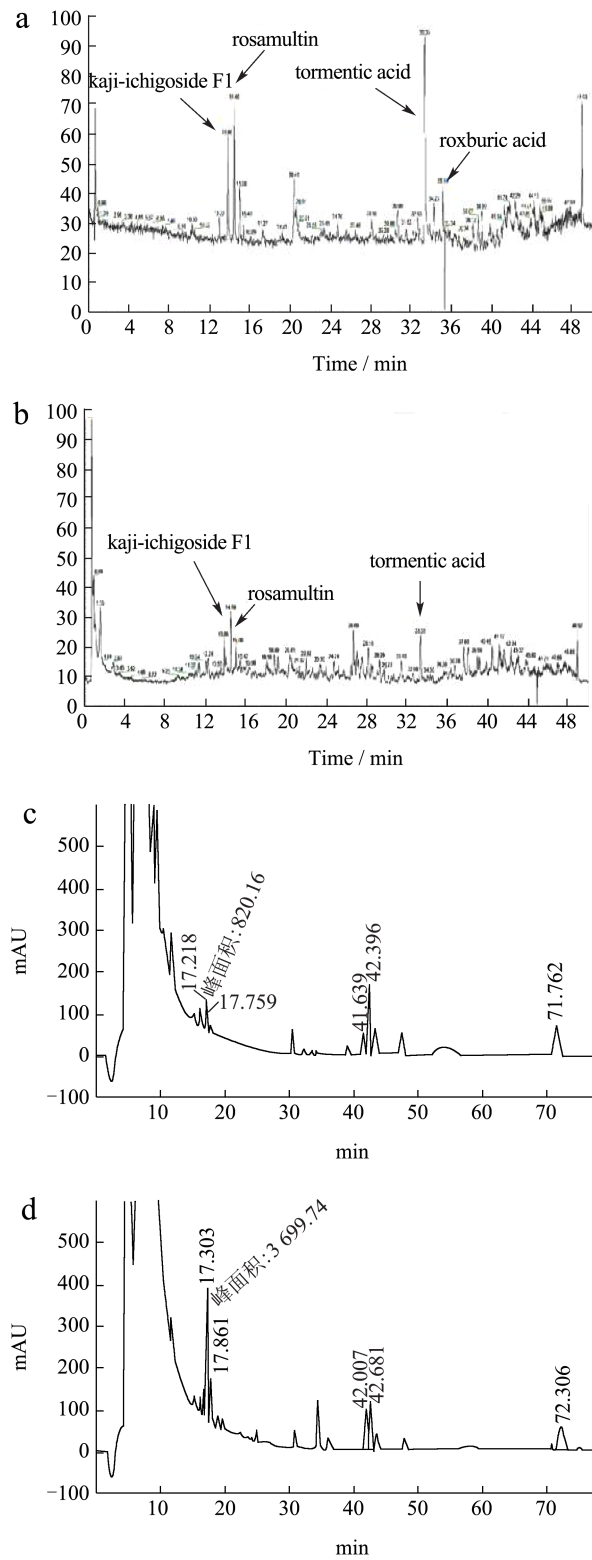
表 1 刺梨4个主要三萜成分的含量 (wt.%)
Table 1 Contents of four major triterpenoids in *R. roxburghii*

品种	刺梨苷	野蔷薇苷	蔷薇酸	委陵菜酸
贵农 5 号	0.64 $\pm$ 0.02	0.83 $\pm$ 0.03	0.70 $\pm$ 0.03	0.48 $\pm$ 0.01
野生刺梨	0.29 $\pm$ 0.03	0.27 $\pm$ 0.01	0.86 $\pm$ 0.04	0.78 $\pm$ 0.02

刺梨中三萜和黄酮类物质, 作为其主要活性成分, 一直是研究的热点。与已有的通过转录组学研究刺梨黄酮类合成基因的工作相似^[22], 本研究专注于刺梨中三萜类化合物的合成基因, 这是一个尚未被广泛探索的领域。

研究深入分析了刺梨中 4 个核心的三萜类化合物的分布情况, 并借助 LC-MS/MS 和 HPLC 技术为

这些化合物提供了精确的定量数据。与之前关于植物化学成分分布的研究一致^[23,24], 发现不同品种的刺梨, 其化合物含量存在显著差异。这种差异不仅揭示了刺梨的生物学特性, 还为其药用和营养价值提供了更深入的理解。



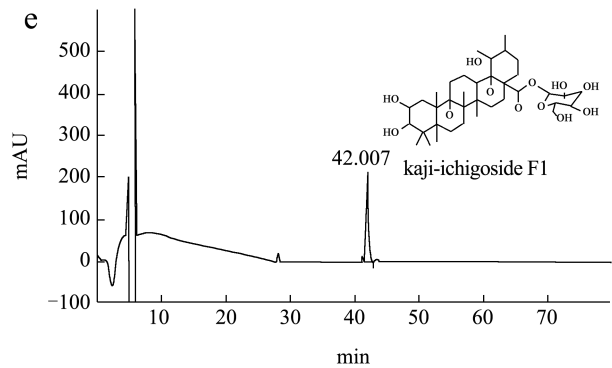


图 1 贵农 5 号 (a) 和 (b) 野生刺梨中 4 个三萜质谱图, (c) 贵农 5 号刺梨三萜 HPLC 色谱图, (d) 野生刺梨三萜 HPLC 色谱图, (e) 对照品刺梨苷 HPLC 色谱图

Fig.1 (a) The content of 4 triterpenes in Guinong No.5 and wild *R. roxburghii*; (b) HPLC chromatograms of 4 triterpenes in two varieties; (c) HPLC chromatogram of triterpenes from *Rosa roxburghii* ‘Guinong5’; (d) HPLC chromatogram of triterpenes from wild varieties of *Rosa roxburghii*; (e) HPLC chromatogram of Kaji-ichigoside F1

通过对比栽培品种贵农 5 号和野生刺梨中这些化合物的含量,发现贵农 5 号果实中的总三萜含量更高,这与柑橘类水果中的研究结果相似^[25],其中品种往往因为其优化的生长条件和遗传改良而含有更高的活性成分。特别是刺梨苷和野蔷薇苷的含量差异,可能反映了不同品种遗传背景和对外界环境的适应策略的差异。

2.2 果实的差异表达分析

由于贵农 5 号的果实中刺梨三萜的总含量较其它组织高,因此,对果实和其它器官分别进行比较探究果实中可能参与刺梨三萜合成的基因。首先,通过 Deseq2 对贵农 5 号果实和野生刺梨果实进行差异表达分析,随后用火山图对栽培和野生的差异基因进行可视化分析(如图 2)。

从图 2 中可以看出和果实相比,野生中 D-galacturonate reductase (GalUR, *Rr405094*) GDP-D-mannose-3',5'-epimerase (GME, *Rr600317*)、糖基转移酶 UGT74B1 (*Rr405006*) 和萜合成酶 TPS 基因 (*Rr305463*、*Rr602993*) 的表达显著降低,而糖基转移酶 UGT74B1 (*Rr405005*) 的表达显著增加。由于 GalUR 和 GME 主要参与抗坏血酸和维生素 C 的合成,因此,这个结果表明果实中高的维生素 C 可能是由于其上调了维生素 C 合成途径基因的表达,最终导致果实比叶片中更高的维生素 C 积累。

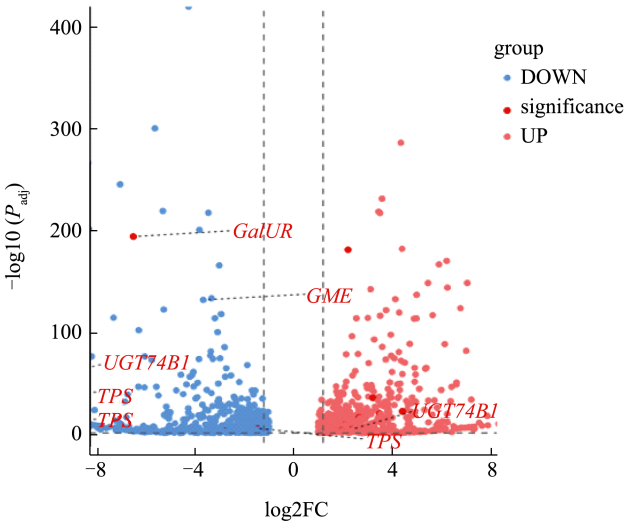


图 2 刺梨果实的差异表达基因的火山图
Fig.2 Volcano plot of differentially expressed genes in *R. roxburghii* fruits

为了进一步了解这些差异表达基因都涉及哪些代谢途径,从这些差异表达基因中,筛选出前 500 个上调(up)和前 500 个下调(down)的基因,利用 KOBAS 数据库(<http://bioinfo.org/kobas/>),分别做 KEGG 富集分析的代谢途径。结果表明上调的基因(即在野生中表达比较高而栽培果实中表达比较低的基因)主要涉及维生素 B6 代谢、谷胱甘肽代谢和 ABC 转运蛋白(如图 3)。

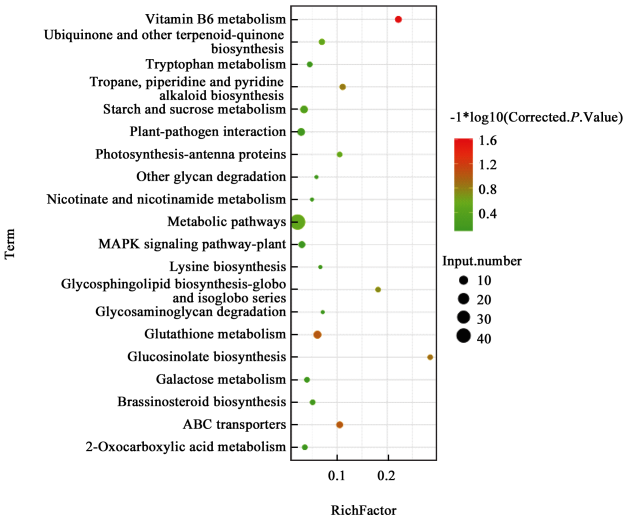


图 3 刺梨果实和野生品种的差异上调基因的 KEGG 途径富集分析
Fig.3 KEGG pathway enrichment analysis of differentially upregulated genes in cultivated *R. roxburghii* fruits compared to wild varieties

相比之下,下调的基因(即在野生中表达比较

低而栽培果实中表达比较高的基因) 主要涉及倍半萜和三萜生物合成途径以及类固醇生物合成途径(图4)。

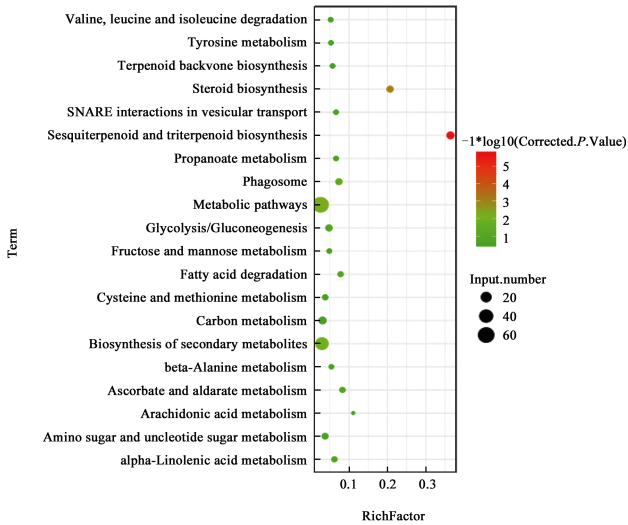


图4 刺梨栽培果实和野生的差异下调基因的 KEGG 途径富集分析

Fig.4 KEGG pathway enrichment analysis of differentially downregulated genes in cultivated *R. roxburghii* fruits versus wild varieties

2.3 果实中细胞色素P450家族和糖基转移酶GT家族基因的表达模式分析

由于栽培果实和叶片中均能合成倍半萜、三萜，而这很可能与刺梨甘的生物合成密切相关，因此，为了进一步筛选可能参与刺梨三萜合成的关键基因，深入分析了野生刺梨中细胞色素P450家族和糖基转移酶GT家族基因的表达模式。从图5中可以看出和叶片相比，CYP78A6、CYP75B1、CPY734A1、CYP72A15、CYP73A1和CYP76C4在果实中表达较高。而图5b中，UGT74F2、UGT74B1和UGT1B6在果实中表达较高，而叶片中较低。说明上述基因可能参与了野生刺梨的刺梨苷的生物合成(如图5)。

同样，分析了刺梨中细胞色素P450家族和糖基转移酶GT家族基因的表达模式。从图6中可以看出和叶片相比CYP716A1、CPY734A1和CPY72A15在果实中表达较高。而图6b中，UGT74F2和UGT85A2在果实中表达较高，而叶片中较低。说明上述基因可能参与了刺梨苷的生物合成(如图6)。

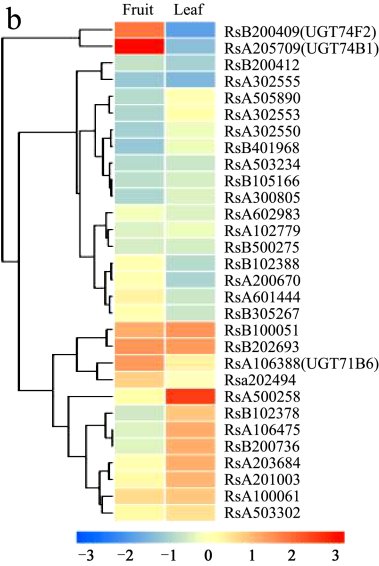
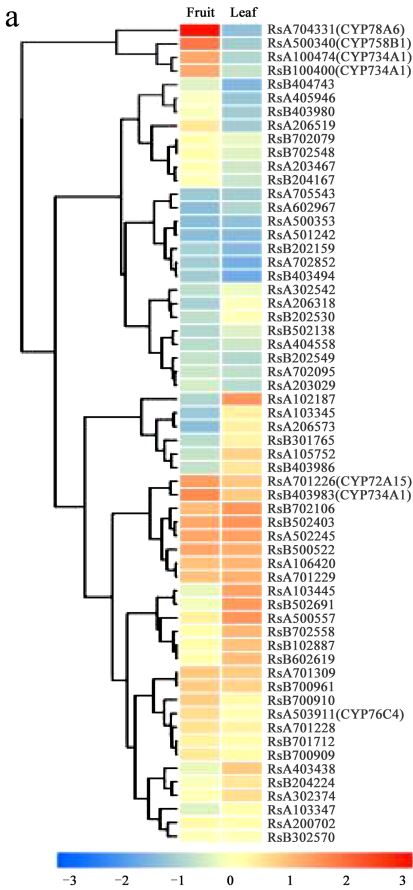


图5 为野生刺梨中 CYP 和 UGT 基因的表达模式

Fig.5 Expression patterns of CYP and UGT genes in wild *R. roxburghii*

注：a 为细胞色素 P450 家族成员 CYP 在果实和叶片中的表达模式，b 为 UGT 基因在果实和叶片中的表达模式。

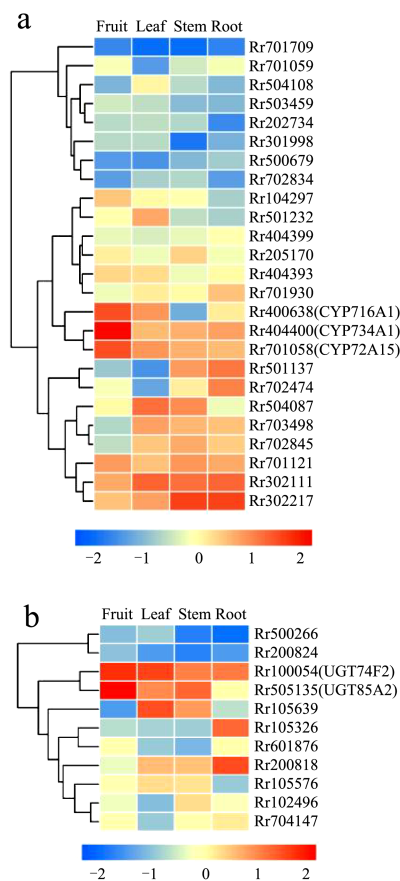


图 6 为刺梨中 CYP 和 UGT 基因的表达模式
Fig.6 Expression patterns of CYP and UGT genes in *R. roxburghii*

注：a 为细胞色素 P450 家族成员 CYP 在果实和叶片中的表达模式，b 为 UGT 基因在果实和叶片中的表达模式。

进一步通过差异表达分析显示，与野生刺梨相比，贵农 5 号果实中多个与三萜合成相关的多个基因表达发生了显著变化。这与在蓝莓、葡萄等其他果实中关于次生代谢产物合成基因的研究相吻合^[26]，其中栽培品种与野生型之间的基因表达差异显著。值得注意的是，与维生素 C 合成相关的 *GalUR* 和 *GME* 基因的表达在贵农 5 号中也有显著变化，这与其果实中高维生素 C 含量的特性相吻合。维生素 C 在多种水果中都是重要的营养成分，如柑橘、猕猴桃等，其在刺梨中的高含量进一步强调了刺梨的营养和药用价值。

通过 KEGG 富集分析，发现上调和下调的基因涉及多种代谢途径，包括维生素代谢、谷胱甘肽代谢、ABC 转运蛋白以及倍半萜和三萜生物合成等，这与其他果实中关于次生代谢产物合成途径的研究结果相一致。例如，在苹果、葡萄等果实中，次生代谢产物的合成往往与多种代谢途径紧密相关^[27]。

这些结果为进一步探索刺梨中次生代谢产物的合成调控网络提供了有力的线索。

此外，细胞色素 P450 和糖基转移酶 GT 在植物次生代谢产物中扮演着关键角色，这在多种植物中都有报道。本研究也发现，多个 *CYP* 和 *UGT* 基因的表达与刺梨中三萜类化合物的积累密切相关，这为进一步鉴定参与刺梨苷生物合成的关键基因奠定了基础。

3 结论

本研究通过对刺梨中主要的三萜类化合物进行深入分析，揭示了它们在栽培品种与野生品种的分布差异。利用 LC-MS/MS 和 HPLC 技术进行精确定量，研究结果表明贵农 5 号果实的三萜类化合物总量显著高于野生刺梨，特别是刺梨苷和野蔷薇苷的含量差异最为明显。通过差异表达分析，进一步识别了与三萜类化合物合成的五个关键基因，它们与三萜类化合物的生物合成密切相关，并与 *CYP716A1*、*CPY734A1*、*CPY72A15*、*UGT74F2* 及 *UGT85A2* 等基因具有高度同源性，提示它们在刺梨的三萜类化合物合成中可能发挥关键作用。并观察到与维生素 C 合成相关的基因表达变化，这与贵农 5 号果实中高维生素 C 含量相吻合，从而深化了对刺梨营养价值和药用功效的理解。通过高通量转录组测序技术，KEGG 富集分析揭示了上调和下调基因涉及的多种代谢途径。这些发现不仅有助于提升对刺梨药用价值的认识，也为未来通过遗传工程手段改良刺梨品种和提高其药用成分含量提供了理论依据。

参考文献

[1] 汪涛,李良群,严艳芳,等.刺梨中质量标记物的提取工艺优化及其含量同时测定[J].食品工业科技,2022,43(14): 251-260.

[2] 庄乾飞,刘丹丹,陈泽雨,等.超声辅助双水相提取刺梨黄酮的工艺优化及其对黄嘌呤氧化酶活性的抑制作用[J].食品工业科技,2023,44(17):222-230.

[3] 廖小军,王永涛,杨焕治,等.刺梨SOD在制备用于预防或治疗肠道疾病食品或药物中的用途: CN116139258A[P]. 2023-05-23.

[4] HUANG D S, LI C, CHEN Q, et al. Identification of polyphenols from *Rosa roxburghii* Tratt pomace and evaluation of *in vitro* and *in vivo* antioxidant activity [J]. Food Chemistry, 2022, 377: 131922.

[5] WU P H, HAN S C, WU M. Beneficial effects of

- hydroalcoholic extract from *Rosa roxburghii* Tratt fruit on hyperlipidemia in high-fat-fed rats [J]. *Acta Cardiologica Sinica*, 2020, 36(2): 148-159.
- [6] 尹艳艳,张健,陆伦维,等.刺梨多酚类物质研究进展[J].食品与机械,2024,40(1):234-240.
- [7] 杨曦澜,董洁怡,刘佳玥,等.刺梨发酵乳的制备及其理化性质比较[J].现代食品科技,2024,40(3):153-162.
- [8] 刘英泉.刺梨三萜类成分的制备及其生物学活性研究[D].绵阳:西南科技大学,2021.
- [9] 黄超瑜,崔兰玉,林发全.刺梨的化学成分和生物学功能研究进展[J].食品工业,2023,44(6):174-180.
- [10] HOU Z Q, YANG H Z, ZHAO Y, et al. Chemical characterization and comparison of two chestnut rose cultivars from different regions [J]. *Food Chemistry*, 2020, 323: 126806.
- [11] LI H, FANG W, WANG Z, et al., Physicochemical, biological properties, and flavour profile of *Rosa roxburghii* Tratt., *Pyracantha fortuneana*, and *Rosa laevigata* Michx fruits: A comprehensive review [J]. *Food Chemistry*, 2022, 366: 130509.
- [12] 鲁敏,安华明,赵小红.无籽刺梨与刺梨果实中氨基酸分析[J].食品科学,2015,36(14):118-121.
- [13] 蒋兰兰,鲁敏,安华明.刺梨与无籽刺梨果实中药化学成分及抗氧化物质的比较分析[J].果树学报,2023,40(1): 111-125.
- [14] 张丹,韦广鑫,王文,等.安顺普定刺梨与无籽刺梨营养成分及香气物质比较研究[J].食品工业科技,2016,37(12): 149-154.
- [15] 时京珍,陈秀芬,彭冬.两种刺梨对小鼠炎症等的比较研究[J].贵州医药,1996,22(5):268-269.
- [16] CHEN F J, LI L Q, HUANG M Y, et al. Natural product Kaji-ichigoside F1 exhibits rapid antidepressant via activating the AMPA-BDNF-mTOR pathway and inhibiting the NMDAR-CaMKII α pathway [J]. *Phytomedicine*, 2024, 126: 155452.
- [17] 王丽,李立郎,李齐激,等.刺梨提取物抗炎活性及对溃疡性结肠炎小鼠的治疗作用[J].食品与机械,2023,39(1): 164-169.
- [18] 马紫荆,马金花,常晨光,等.脱水过程中无核白葡萄转录组测序及膜脂降解代谢中关键基因的筛选[J].现代食品科技,2024,40(2):81-90.
- [19] 叶碧欢,杨阳,朱杰丽,等.基于比较转录组学的多花黄精黄酮类化合物合成基因表达分析[J].食品与生物技术学报,2022,41(4):84-92.
- [20] HUANG X L, SUN G L, LI Q H, et al. Transcriptome analysis reveals regulatory networks and hub genes in the flavonoid metabolism of *Rosa roxburghii* [J]. *Horticulturae*, 2023, 9(2): 233.
- [21] HUANG X L, WU X A, SUN G L, et al. Transcriptome analysis reveals candidate genes involved in Gibberellin-Induced fruit development in *Rosa roxburghii* [J]. *Plants*, 2023, 12(19): 3425.
- [22] ZONG D, LIU H, GAN P H, et al. Chromosomal-scale genomes of two *Rosa* species provide insights into genome evolution and ascorbate accumulation [J]. *Plant Journal*, 2024, 117(4): 1264-1280.
- [23] AMIN E, ABDEL-BAKKY M S, MOHAMMED H A, et al. Chemical profiling and molecular docking study of *Agathophora alopecuroides* [J]. *Life (Basel)*, 2022, 12(11): 1852.
- [24] 俞露,赵芷,张文欣,等.贵州不同地区刺梨的综合品质对比分析[J].现代食品科技,2021,37(9):169-178.
- [25] SHI Q Q, LI X, DU J T, et al. Association of bitter metabolites and flavonoid synthesis pathway in jujube fruit [J]. *Frontiers in Nutrition*, 2022, 9: 901756.
- [26] SANCHEZ-ORTIZ A, MATEO-SANZ J M, NADAL M, et al. Water stress assessment on grapevines by using classification and regression trees [J]. *Plant Direct*, 2021, 5(4): e00319.
- [27] WEN C P, ZHANG Z, SHI Q Q, et al. Metabolite and gene expression analysis underlying temporal and spatial accumulation of pentacyclic triterpenoids in jujube [J]. *Genes (Basel)*, 2022, 13(5): 823.