

分类号: Q
学 号: 20232006032

密级:
单位代码: 10759

石河子大学

硕士学位论文



整合转录组和代谢组解析油菜素内酯对 橡胶草天然橡胶合成途径的影响

学 位 申 请 人	谢豪
指 导 教 师	闫洁 教授
申请学位门类级别	理学硕士
学 科 、 专 业 名 称	生物学
研 究 方 向	生物化学与分子生物学
所 在 学 院	生命科学学院

中国·新疆·石河子
2026 年 05 月

分类号：
学 号：20232006032

密级：
单位代码：10759

石河子大学

硕士学位论文



整合转录组和代谢组解析油菜素内酯对 橡胶草天然橡胶合成途径的影响

学 位 申 请 人	谢豪
指 导 教 师	闫洁 教授
申请学位门类级别	理学硕士
学 科 、 专 业 名 称	生物学
研 究 方 向	生物化学与分子生物学
所 在 学 院	生命科学学院

中国·新疆·石河子
2026 年 05 月

**Elucidating Brassinosteroid-Mediated Regulation of Natural Rubber
Biosynthesis in *Taraxacum kok-saghyz* Through Integrated
Transcriptomic and Metabolomic Analyses**

A Dissertation Submitted to
Shihezi University
In Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of
Master of Natural Science

By

XieHao
(Biochemistry and Molecular Biology)

Dissertation Supervisor: Prof. Yan Jie

May 2026

石河子大学学位论文独创性声明及使用授权声明

学位论文独创性声明

本人所提交的学位论文是在我导师的指导下进行的研究工作及取得的研究成果。据我所知，除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含其他个人已经发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中作了明确的说明并表示谢意。

研究生签名：谢豪

时间：2026年5月25日

使用授权声明

本人完全了解石河子大学有关保留、使用学位论文的规定，学校有权保留学位论文并向国家主管部门或指定机构送交论文的电子版和纸质版。有权将学位论文在学校图书馆保存并允许被查阅。有权自行或许可他人将学位论文编入有关数据库提供检索服务。有权将学位论文的标题和摘要汇编出版。保密的学位论文在解密后适用本规定。

研究生签名：谢豪

时间：2026年5月25日

导师签名：[3]浩

时间：2026年5月28日

摘要

目的:

橡胶草作为一种能合成高品质天然橡胶的草本植物，是替代传统橡胶树资源的重要潜力植物。其根部的生物量与发育状况直接决定了天然橡胶的产量，因此，揭示调控橡胶草根系生长的分子机制是提升其产胶能力的关键。已有研究表明，油菜素内酯在促进植物生长发育及次生代谢中发挥核心作用。然而，BR 信号如何调控橡胶草这一植物的橡胶合成，以及其下游的分子网络，特别是关键的信号传导组分，仍有待系统解析。因此，本研究旨在通过外源 BR 处理，确定 BR 处理促进橡胶草橡胶合成的最适浓度；进而利用多组学技术，系统分析 BR 诱导的转录与代谢调控网络，以期揭示其调控橡胶合成的潜在途径；在此基础上，对组学分析中发现的潜在关键基因家族进行鉴定与生物信息学分析，并对其中的关键基因进行克隆、亚细胞定位及过表达功能验证，从而在橡胶草中解析一条从 BR 信号感知到下游生长发育调控的可能通路，为靶向改良橡胶草产胶性状提供新的候选基因与理论依据。

方法:

本研究首先通过设置不同浓度 BR 处理橡胶草植株，测定根部橡胶含量并结合油红 O 染色观察，确定最适处理浓度；以此最适浓度进行时序处理并采集根样，进行转录组测序与代谢组分析及联合分析，系统揭示 BR 诱导的基因表达与代谢网络变化，并从中筛选出关键候选基因 *TkGSK10*；基于全基因组数据鉴定该关键基因所属的 GSK 家族成员并进行生物信息学分析；克隆 *TkGSK10* 基因，构建表达载体并完成亚细胞定位实验；利用发根农杆菌介导的遗传转化获得过表达橡胶草株系，通过实时荧光定量 PCR 验证其表达水平；并且通过系统测量与比较过表达株系和野生型植株在不同生长时期的根长等表型，分析 *TkGSK10* 基因在调控橡胶草根系发育中的作用。

结果:

(1) 通过外源油菜素内酯 (BR) 处理实验，确定 0.1 mg/L 为促进橡胶草根系橡胶合成的最适浓度。该处理显著提高了橡胶含量，并诱导了根系中橡胶合成关键基因 (如 MVA 途径的 *HMGR*、MEP 途径的 *DXS* 以及橡胶粒子蛋白基因 *CPT*、*SRPP*) 的阶段特异性表达上调。

(2) 整合转录组与代谢组的时序分析表明，BR 处理驱动了橡胶草根系系统的代谢重编程，其过程呈现阶段性特征：早期激活初级代谢与防御响应，中期富集苯丙烷类等次生代谢产物，后期整合萜类及脂质信号分子。联合分析发现，BR 信号通路关键因子 *BIN2* 的同源基因表达被抑制，且其表达动态与下游橡胶合成代谢网络的激活高度协同。

(3) 从橡胶草全基因组中共鉴定出 10 个糖原合成酶激酶 (GSK) 基因家族成员。系统发育分析将其分为 4 个进化枝，其中 *TkGSK10* 与拟南芥的 *BIN2* 蛋白亲缘关系最近。生物信息学分析显示，*TkGSK10* 为核定位蛋白，其启动子区含有响应多种激素与非生物胁迫的顺式作用元件。

(4) 成功克隆了 *TkGSK10* 基因，并通过构建融合表达载体与瞬时转化实验，证实其编码蛋白定位于细胞核。

(5) 利用发根农杆菌介导的遗传转化，获得了 *TkGSK10* 稳定过表达的橡胶草株系，其表达量为野生型的 5-6 倍。表型分析表明，过表达 *TkGSK10* 显著抑制了根系伸长，且该抑制效应随时间推移而增强；至生长第 12 周时，过表达株系的平均根长仅为野生型的约二分之一。

结论：

(1) 明确了 BR 促进橡胶草天然橡胶合成的最适浓度为 0.1 mg/L，并从转录与代谢层面揭示了其作用机制。转录组分析显示，BR 处理诱导了橡胶合成关键基因（如 MVA 和 MEP 途径的 *HMGR*、*DXS* 以及橡胶粒子蛋白基因 *CPT*、*SRPP*）的阶段特异性上调；代谢组分析进一步证实 BR 引发了从初级代谢到萜类等次生代谢产物的系统性重编程。

(2) 通过整合多组学数据，系统解析了 BR 诱导的基因调控及代谢网络。关键发现是，BR 信号通路核心负调控因子 *BIN2* 的同源基因（TkA08G394890）的表达受到持续抑制，且其动态与下游橡胶合成代谢网络的激活高度协同，提示该基因是连接 BR 信号与橡胶合成代谢的潜在枢纽节点。

(3) 完成了橡胶草糖原合成酶激酶(GSK)基因家族(10个成员)的系统鉴定,并聚焦于 *TkGSK10*。确认其编码蛋白为细胞核定位蛋白，且启动子区富集多种激素与胁迫响应元件，为其参与复杂信号整合提供了序列证据。

(4) 利用发根农杆菌转化，成功获得 *TkGSK10* 稳定过表达的橡胶草株系。表型分析表明，*TkGSK10* 过表达显著抑制了根系伸长，该功能与拟南芥同源基因 *BIN2* 作为生长负调控因子的作用一致。

关键词：油菜素内酯；橡胶草；BR 信号途径；GSK 蛋白家族；根系发育

Abstract

Purpose:

Taraxacum kok-saghyz, as a herbaceous plant capable of synthesizing high-quality natural rubber, is a promising alternative species to traditional rubber tree resources. The biomass and developmental status of its roots directly determine the yield of natural rubber. Therefore, unraveling the molecular mechanisms that regulate root growth in dandelion is key to improving its rubber-producing capacity. Previous studies have shown that brassinosteroids play a central role in promoting plant growth, development, and secondary metabolism. However, how BR signaling regulates rubber synthesis in this specific species, and the downstream molecular network, particularly the key signaling components, remain to be systematically elucidated. Thus, this study aims to determine the optimal concentration of exogenous BR treatment for promoting rubber synthesis. Subsequently, multi-omics technologies will be employed to systematically analyze the BR-induced transcriptional and metabolic reprogramming networks, with the goal of uncovering potential pathways through which BR regulates rubber synthesis. Building upon this, potential key gene families identified in the omics analysis will be characterized and subjected to bioinformatics analysis. Core members among them will be cloned, their subcellular localization determined, and their functions validated through overexpression experiments. This will allow the dissection of a possible signaling pathway in dandelion from BR perception to downstream growth and development regulation, providing novel candidate genes and a theoretical basis for targeted improvement of rubber production traits in dandelion.

Method:

This study begins by treating dandelion plants with different concentrations of BR, measuring root rubber content and combining it with Oil Red O staining observation to determine the optimal treatment concentration. Using this optimal concentration, time-course treatments are performed and root samples are collected for transcriptomic and metabolomic sequencing and integrated analysis, systematically elucidating the BR-induced gene expression reprogramming and metabolic network changes, from which the key candidate gene *TkGSK10* is screened. Based on whole-genome data, members of the GSK family to which this key gene belongs are identified and subjected to bioinformatics analysis. The *TkGSK10* gene is cloned, expression vectors are constructed, and subcellular localization experiments are completed. *Agrobacterium rhizogenes*-mediated genetic transformation is employed to obtain overexpression dandelion lines, and their expression levels are verified by quantitative real-time PCR. Furthermore, by systematically measuring and comparing phenotypes such as root length at different growth stages between overexpression lines and wild-type plants, the role of the *TkGSK10* gene in regulating dandelion root development is analyzed.

Result:

(1) Through exogenous brassinosteroid (BR) treatment experiments, 0.1 mg/L was determined as the optimal concentration for promoting rubber synthesis in dandelion roots. This treatment significantly increased rubber content and induced stage-specific upregulation of key genes involved in rubber synthesis in the roots, such as *HMGR* from the MVA pathway, *DXS* from the MEP pathway, and the rubber particle protein genes *CPT* and *SRPP*.

(2) Integrated time-course analysis of transcriptomics and metabolomics revealed that BR treatment drove metabolic reprogramming in the dandelion root system, exhibiting stage-specific characteristics: early activation of primary metabolism and defense responses, mid-term enrichment of secondary metabolites such as phenylpropanoids, and later integration of terpenoid and lipid signaling molecules. The combined analysis found that the expression of the homolog of *BIN2*, a key factor in the BR signaling pathway, was suppressed, and its expression dynamics were highly coordinated with the activation of the downstream rubber synthesis metabolic network.

(3) A total of 10 glycogen synthase kinase (GSK) gene family members were identified from the dandelion whole genome. Phylogenetic analysis classified them into four clades, among which *TkGSK10* showed the closest phylogenetic relationship to the *BIN2* protein in *Arabidopsis*. Bioinformatics analysis indicated that *TkGSK10* encodes a nuclear-localized protein, and its promoter region contains cis-acting elements responsive to various hormones and abiotic stresses.

(4) The *TkGSK10* gene was successfully cloned, and by constructing a fusion expression vector and performing transient transformation experiments, it was confirmed that its encoded protein localizes to the nucleus.

(5) *Agrobacterium rhizogenes*-mediated genetic transformation was used to obtain stable dandelion lines overexpressing *TkGSK10* (referred to as OE-*TkGSK10* lines). Expression levels in these lines were 5-6 times higher than in the wild-type. Phenotypic analysis showed that OE-*TkGSK10* significantly inhibited root elongation, and this inhibitory effect increased over time. By the 12th week of growth, the average root length of the OE-*TkGSK10* lines was only about half that of the wild-type.

Conclusion:

(1) The optimal concentration of exogenous brassinosteroid (BR) for promoting natural rubber synthesis in dandelion was determined to be 0.1 mg/L, and its mechanism of action was elucidated from both transcriptional and metabolic perspectives. Transcriptome analysis revealed that BR treatment induced stage-specific upregulation of key rubber synthesis genes, such as *HMGR* and *DXS* from the MVA and MEP pathways, respectively, and the rubber particle protein genes *CPT* and *SRPP*. Metabolome analysis further confirmed that BR triggered a systematic reprogramming from primary metabolism to secondary metabolites, including terpenoids.

(2) By integrating multi-omics data, the BR-regulated metabolic network and gene expression dynamics were systematically deciphered. A key finding was the sustained suppression of the homolog of *BIN2*, the core negative regulator in the BR signaling pathway (TkA08G394890), whose dynamic expression pattern was highly synchronized with the activation of the downstream rubber synthesis metabolic network. This suggests that this gene serves as a potential hub connecting BR signaling to rubber synthesis metabolism.

(3) A systematic identification of the glycogen synthase kinase (GSK) gene family in dandelion, comprising 10 members, was completed, with a focus on *TkGSK10*. It was confirmed to encode a nuclear-localized protein, and its promoter region is enriched with various hormone- and stress-responsive cis-elements, providing sequence-based evidence for its involvement in complex signal integration.

(4) Using *Agrobacterium rhizogenes*-mediated transformation, stable dandelion lines overexpressing *TkGSK10* (OE-*TkGSK10*) were successfully obtained. Phenotypic analysis demonstrated that *TkGSK10* overexpression significantly inhibited root elongation, a function consistent with its *Arabidopsis* homolog *BIN2*, which acts as a negative growth regulator.

Key words: Brassinosteroids; *Taraxacum kok-saghyz*; BR Signaling Pathway; GSK Protein Family; Root Development

目录

摘要.....	I
Abstract	III
目录.....	VI
中英文符号缩略词表.....	IX
第一章 文献综述.....	1
1.1 天然橡胶研究现状.....	1
1.1.1 天然橡胶开发研究现状.....	1
1.1.2 天然橡胶生物合成机制研究现状.....	1
1.2 橡胶草研究现状.....	2
1.3 油菜素甾醇的生理功能与信号通路研究进展.....	4
1.4 多组学技术在植物代谢通路中的研究进展.....	5
1.5 GSK 家族研究现状.....	6
1.6 本研究的目的地及意义.....	7
1.7 技术路线.....	9
第二章 橡胶草 BR 处理浓度探究及转录组学分析.....	10
2.1 材料与方 法.....	10
2.1.1 植物材料.....	10
2.1.2 实验试剂与仪器.....	10
2.1.3 实验方 法.....	11
2.2 实验结果.....	13
2.2.1 橡胶含量测定.....	13
2.2.2 油红 O 染色.....	15
2.2.3 原始数据质量评估.....	15
2.2.4 定量分析.....	16
2.2.5 差异基因分析.....	20
2.2.6 差异基因富集分析.....	27
2.2.7 qRT-PCR 验证.....	31
2.2.8 天然橡胶生物合成相关基因分析.....	31
2.3 讨论.....	34
2.4 小结.....	35
第三章 橡胶草 BR 处理代谢组学分析及多组学联合分析.....	36

3.1 材料与amp;方法.....	36
3.1.1 植物材料.....	36
3.1.2 实验试剂与amp;仪器.....	36
3.1.3 实验方法.....	36
3.2 结果分析.....	38
3.2.1 数据质量评估.....	38
3.2.2 代谢物通路及amp;分类注释.....	40
3.2.3 差异代谢物筛选.....	43
3.2.4 差异表达代谢物分类.....	49
3.2.5 差异代谢物聚类分析.....	49
3.2.6 KEGG 通路富集分析.....	52
3.2.7 转录组与amp;代谢组联合分析.....	54
3.3 讨论.....	57
3.4 小结.....	58
第四章 橡胶草 GSK 蛋白家族成员鉴定与amp;生物信息学分析.....	59
4.1 实验方法.....	59
4.1.1 橡胶草 GSK 蛋白家族成员的鉴定.....	59
4.1.2 橡胶草 GSK 蛋白家族成员系统发育树分析.....	59
4.1.3 橡胶草 GSK 蛋白家族成员基因结构和amp;蛋白结构分析.....	60
4.1.4 橡胶草 GSK 蛋白家族基因启动子分析.....	60
4.2 结果与分析.....	61
4.2.1 TkGSK 蛋白家族成员鉴定.....	61
4.2.2 TkGSK 蛋白家族成员系统发育分析.....	63
4.2.3 TkGSK 蛋白家族成员蛋白结构和amp;基因结构分析.....	64
4.2.4 TkGSK 蛋白家族成员基因的启动子分析.....	65
4.3 讨论.....	66
4.4 小结.....	67
第五章 <i>TkGSK10</i> 基因克隆及amp;亚细胞定位分析.....	68
5.1 实验材料.....	68
5.1.1 植物材料.....	68
5.1.2 试剂、菌种与amp;载体.....	68
5.1.3 实验仪器设备.....	69
5.2 实验方法.....	69
5.2.1 TkGSK10 理化性质分析和amp;亚细胞定位预测.....	69

5.2.2 <i>TkGSK10</i> 基因的克隆	69
5.2.3 <i>TkGSK10</i> 亚细胞定位载体构建及转化农杆菌	70
5.2.4 亚细胞定位	71
5.3 结果与分析	71
5.3.1 <i>TkGSK10</i> 理化性质分析和亚细胞定位预测	71
5.3.2 <i>TkGSK10</i> 基因克隆	72
5.3.3 亚细胞定位载体构建及转化农杆菌	73
5.3.4 <i>TkGSK10</i> 蛋白亚细胞定位分析	74
5.4 讨论	75
5.5 小结	75
第六章 发根农杆菌 K599 介导的橡胶草遗传转化研究	76
6.1 实验材料	76
6.1.1 植物材料	76
6.1.2 菌种、载体和试剂	76
6.1.3 实验仪器设备	76
6.2 实验方法	76
6.2.1 <i>TkGSKs</i> 基因过表达载体的构建	76
6.2.2 发根农杆菌 K599 介导的橡胶草 <i>TkGSK10</i> 基因过表达遗传转化	76
6.2.3 转基因橡胶草的鉴定及基因表达量	77
6.2.4 转基因橡胶草根长测量及数据分析	78
6.3 结果与分析	78
6.3.1 <i>TkGSK10</i> 基因过表达载体的构建结果	78
6.3.2 发根农杆菌 K599 介导的橡胶草 <i>TkGSK10</i> 基因过表达遗传转化	78
6.3.3 OE- <i>TkGSK10</i> 转基因橡胶草植株的鉴定	79
6.3.4 OE- <i>TGSK10</i> 转基因橡胶草基因表达量及根系发育分析	80
6.4 讨论	81
6.5 小结	82
第七章 结论与展望	83
7.1 结论	83
7.2 展望	83
参考文献	85
致谢	96
作者简介	97

中英文符号缩略词表

英文缩写 Abbreviation	英文名 English Name	中文名 Chinese Name
Kan	Kanamycin	卡那霉素
TE	TE Buffer	Tris/EDTA 缓冲液
PCR	Polymerase chain reaction	聚合酶链式反应
bp	Base pair	碱基对
OD	Optical density	光密度值
RNase	Ribonuclease	核糖核酸酶
MYC	Myelocytomatosis Protein	髓细胞组织增生蛋白
DNA	Deoxyribonucleic acid	脱氧核糖核酸
ABA	Abscisic acid	脱落酸
RNA	Ribonucleic acid	核糖核酸
Rif	Rifampicin	利福平
NR	Nature Rubber	天然橡胶
Amp	Ampicilline	氨苄青霉素
rpm	Rotation per minute	每分钟转速
Sm	streptomycin	链霉素
ERF	Rubber elongation factor	橡胶延伸因子
cDNA	Complementary DNA	互补 DNA
qRT-PCR	Quantitative real time polymerase chain reaction	实时定量聚合酶链式反应
AS	Acetosyringone	乙酰丁香酮
SRPP	Small Rubber Particle Protein	小橡胶粒子蛋白
GSK	Glycogen Synthase Kinase	糖原合成酶激酶
BIN2	Brassinosteroid Insensitive 2	油菜素内酯不敏感蛋白 2
DXS	1-Deoxy-D-xylulose-5- phosphate Synthase	1-脱氧-D-木酮糖-5-磷酸合酶

第一章 文献综述

1.1 天然橡胶研究现状

1.1.1 天然橡胶开发研究现状

天然橡胶作为一种不可替代的战略物资，在现代工业体系中占据着独特地位^[1]。其分子结构中的顺式-1,4-聚异戊二烯链赋予了材料优异的弹性和抗疲劳性能^[2]，这是合成橡胶难以完全复制的特性^[3]。在航空轮胎、重型装备^[4]和高端医疗设备等领域^[5]，天然橡胶的性能优势使其成为保障国家安全和产业升级的关键基础材料^[6]。

全球天然橡胶生产呈现明显的地域集中特征^[7]。东南亚地区约占全球产量的 90%，其中泰国、印度尼西亚和越南三国占据主导地位^[8]。这种高度集中的生产模式使得供应链容易受到区域气候异常、病虫害传播及贸易政策变化的影响^[9]。我国作为全球最大的天然橡胶消费国，年消费量超过 600 万吨，占全球总量的 40%以上^[10]。然而，我国天然橡胶自给率长期不足 15%，高度依赖进口的现状使产业链面临严峻的安全风险^[11]。

此外，传统橡胶种植模式在可持续发展方面也面临诸多挑战^[12]。橡胶树通常需要生长 6-7 年才能开始割胶，投资周期较长^[13]。在种植过程中，单一作物连续种植可能导致土壤退化，而传统的割胶作业仍然依赖大量人工，生产效率提升面临瓶颈。与此同时，国际市场对可持续橡胶产品的认证要求日趋严格，进一步推动了产业转型升级的需求^[14]。

从长远发展来看，拓展天然橡胶的生产区域、开发新型产胶植物资源，成为保障供应链安全的重要方向^[15]。在这一背景下，橡胶草作为一种具有开发潜力的温带产胶植物，近年来重新受到国际学术界的关注^[16]。

橡胶草的独特优势在于其良好的环境适应性。与传统的巴西橡胶树相比，橡胶草能够在更广泛的气候条件下生长^[17]，生长周期相对较短，从播种到收获仅需一个生长季^[18]，更易于适应现代化农业生产体系^[19]。且橡胶草根部分合成的天然橡胶与巴西橡胶树的产物在分子结构和理化性能上具有高度相似性，完全能够满足工业应用的基本要求^[20]。当前，包括我国在内的多个国家已经将橡胶草研究列入重点研发计划，在种质创新、栽培技术和加工工艺等方面取得了积极进展^[21]。这些研究成果为进一步挖掘橡胶草的应用价值奠定了坚实基础，同时也为构建更加稳定、多元的天然橡胶供应体系提供新的解决方案。

1.1.2 天然橡胶生物合成机制研究现状

天然橡胶生物合成机制的研究作为植物次生代谢领域的重要方向，经过长期探索已

建立相对完善的理论体系^[22]。该生物合成过程主要包括三个关键阶段：前体物质供应、聚合反应发生及橡胶粒子组装，每个环节均受到精确的分子调控^[23]。

在前体供应阶段，异戊烯焦磷酸（IPP）作为基本结构单元，其合成主要通过细胞质中的甲羟戊酸（MVA）途径和质体中的甲基赤藓糖醇磷酸（MEP）途径实现^[24]。现有研究表明，在橡胶树乳管细胞中，这两条途径可能共同发挥作用，其中质体途径被认为占据主导地位^[25]。IPP 在异戊烯基转移酶的催化下形成引物法尼基焦磷酸（FPP），该步骤由法尼基焦磷酸合酶（FPPS）调控^[26]。近年来的蛋白质组学研究揭示，橡胶树乳管中该酶存在多种异构体形式，其活性可能受到磷酸化修饰的精细调节^[27]。

聚合反应是橡胶生物合成的核心环节，由位于橡胶粒子膜上的橡胶转移酶复合体催化完成^[28]。该复合体主要包含橡胶延伸因子（REF）和小橡胶粒子蛋白（SRPP）^[29]，二者通过相互作用形成功能性异源多聚体。其中 REF 主要负责橡胶链的延伸^[30]，而 SRPP 除参与聚合反应外，还在维持橡胶粒子结构稳定性方面发挥重要作用^[31]。结构生物学研究表明，REF 的活性中心含有高度保守的氨基酸残基，能够特异性识别顺式构型的 IPP 单元。值得注意的是，不同植物来源的橡胶转移酶在底物特异性方面存在差异，这可能是导致天然橡胶分子量分布特征不同的主要原因^[32]。

橡胶粒子作为天然橡胶的最终贮存场所，其形成过程涉及复杂的膜运输与脂质组装机制^[33]。近期解析的橡胶粒子膜结构，其具有典型的三层构型：内部橡胶核心、中间磷脂单层和外围膜蛋白层^[34]。位于膜上的橡胶粒子膜蛋白（RPP）不仅参与橡胶粒子的生物合成过程，还可能通过调节膜流动性影响聚合反应的持续进行^[35]。转录组数据分析表明，在橡胶合成高峰期，与囊泡运输相关的多个基因表达显著上调，提示内质网-高尔基体分泌途径可能在橡胶粒子形成过程中发挥关键作用^[36]。

在调控机制层面，研究已证实存在多层次的调控网络参与橡胶生物合成过程^[37]。表观遗传调控通过组蛋白修饰等方式影响橡胶合成相关基因的时空特异性表达^[38]；茉莉酸、乙烯等植物激素构成的信号网络中，JA 信号通路的核心转录因子被证实可直接结合橡胶合成基因的启动子区域^[39]；同时，橡胶粒子所处的氧化还原状态可通过调节关键酶活性影响合成效率^[40]；此外，蛋白质磷酸化修饰也被证明是快速调节橡胶合成活性的重要机制^[41]。

1.2 橡胶草研究现状

橡胶草（*Taraxacum kok-saghyz*）作为多年生草本产胶植物^[42]，其研究近年来在种质资源评价与创制、关键性状的遗传解析以及栽培生理研究等方面取得了系列进展^[43]，展现出作为温带地区天然橡胶替代来源的潜力。

在种质资源方面，国内外已收集保存了数百份种质材料，覆盖中亚原产地及欧洲、

北美等多个地理群体^[44]。通过对这些资源的表型系统鉴定,研究人员发现橡胶草在根系构型、生物量分配、橡胶含量以及菊糖等共生产物积累方面存在丰富的自然变异^[45]。以橡胶含量为例,不同种质间差异显著,变异范围从根干重的1%到10%以上,这为高产、高胶含量优良品种的选育提供了宝贵的遗传基础^[46]。通过常规选育与分子标记辅助选择相结合,已初步培育出多个性状改良的品系,部分品系在田间试验中表现出良好的适应性^[47]。

栽培技术研究明确了影响橡胶草产量与品质形成的关键环境因子。研究表明,充足的日照时数和适宜的温度(15-25℃)有利于光合产物的积累与向根部的运输^[48]。在养分管理上,平衡施肥至关重要,特别是适量的钾肥供应被证实对橡胶的生物合成具有积极促进作用^[49]。水分管理方面,适度的水分胁迫虽可能诱导某些与橡胶合成相关的胁迫响应基因表达,但保证生长季内水分均衡供应仍是获得较高生物量的基础^[50]。优化后的种植密度与田间管理措施,为实现橡胶草的规模化、标准化种植提供了技术依据。

分子生物学研究的深入为理解橡胶草产胶的生物学过程提供了新见解。通过高通量测序技术,研究人员已绘制了橡胶草根、叶等组织的基因表达谱,鉴定出大量与橡胶生物合成途径相关的候选基因^[51]。对这些基因的表达模式分析发现,其表达具有时空特异性,部分基因在根系快速膨大期和橡胶积累高峰期显著上调^[52]。此外,研究还关注到植物激素信号(如茉莉酸、油菜素甾醇)在调控橡胶合成相关基因表达网络中的作用^[53],这为通过外源调控手段影响橡胶产量提供了潜在靶点。

生物技术的应用为橡胶草的遗传改良开辟了新途径。目前,以根段或叶片为外植体、通过农杆菌介导的遗传转化方法已基本成熟^[54],使得在橡胶草中进行特定基因的功能验证成为可能。利用该技术体系,部分研究已成功验证了橡胶延长因子等基因在橡胶合成中的功能^[55]。同时,基因编辑等新技术的应用探索也在进行中^[56],旨在实现对橡胶草目标性状的精准改良。

除了生产天然橡胶,橡胶草的综合利用价值是其另一个重要研究维度。其根部富含的菊糖是一种优质的可溶性膳食纤维,在食品工业中具有广泛应用前景^[57]。研究开发同步提取橡胶与菊糖的工艺,不仅能够提升资源利用效率,也有助于改善橡胶草种植的整体经济性^[58],为其产业化发展增添动力。

总体而言,橡胶草研究正朝着多学科交叉融合的方向深入发展。从种质资源的深入挖掘到关键性状形成机制的解析,从栽培技术的优化到生物技术的创新应用,一系列研究成果正在不断积累,为橡胶草这一特色资源作物的进一步开发与利用奠定了坚实基础。随着研究的持续推进和技术瓶颈的逐步突破,橡胶草有望在保障天然橡胶供应安全、促进农业多元化发展方面发挥更为重要的作用。