

· 研究论文 ·

外源磺胺素调控茭白分蘖的内源激素和转录组分析

谭驭宇¹, 邱红静¹, 张峻浩¹, 钟一帆¹, 肖羽含¹, 金昱何¹, 王雪菲¹, 朱静仪¹
缪德麟¹, 黄加琦¹, 吴馨婷¹, 郑寨生², 查笑君^{1*}, 杨梦飞^{2*}

¹浙江师范大学生命科学学院, 金华 321004; ²金华市农业科学研究院, 浙江省特色水生蔬菜育种与栽培重点实验室, 金华 321000

摘要 为实现茭白(*Zizania latifolia*)高产优质栽培, 探究外源磺胺素(PSK)对茭白生长发育的影响。用PSK处理茭白, 通过转录组测序(登录号为PRJNA1377146)探讨叶片中相关基因的表达, 挖掘关键代谢途径及调控基因, 并测定PSK对茭白内源激素水平和分蘖数的影响。结果表明, 外源PSK显著促进茭白分蘖, 改变内源激素如生长素、赤霉素和细胞分裂素的水平, 从而正向调控茭白的生长发育。KEGG通路分析显示, PSK处理显著影响苯丙烷生物合成和脂肪酸降解途径, 主要通过影响木质素生物合成与过氧化物酶体反应来调控茭白的生长发育。此外, 通过荧光定量PCR检测了部分差异表达基因的表达水平, 与转录组测序结果一致, 进一步证实了PSK对茭白分蘖的调控作用。研究结果为理解PSK在茭白生长发育中的作用提供了分子层面的见解, 并为茭白高产优质栽培提供了新策略。

关键词 磺胺素, 茭白, 分蘖, 内源激素, 转录组

谭驭宇, 邱红静, 张峻浩, 钟一帆, 肖羽含, 金昱何, 王雪菲, 朱静仪, 缪德麟, 黄加琦, 吴馨婷, 郑寨生, 查笑君, 杨梦飞 (2026). 外源磺胺素调控茭白分蘖的内源激素和转录组分析. 植物学报 61, 238–249.

茭白(*Zizania latifolia*)亦称茭瓜、蒿笋、菰首, 为禾本科(Poaceae)菰属(*Zizania*)多年生水生宿根草本植物, 其品质鲜嫩, 营养丰富, 经济价值较高(王惠梅等, 2018)。除具有食用价值外, 茭白还具有一定的药用价值和保健功效(马笑笑等, 2024)。目前, 茭白在我国的种植范围不断扩大, 成为仅次于莲藕的第二大水生蔬菜, 同时也是浙江省种植面积最大的水生蔬菜(Xie et al., 2023), 但其种植区域仍相对局限于我国南方地区。随着市场需求的日益增长, 茭白生产面临诸多挑战。由于轮作制度缺乏、种植季节性强和土壤肥力衰退导致茭白品质持续下降, 市场供应不足的矛盾日益突出, 严重制约了茭白市场的可持续发展(胡桂仙等, 2024)。因此, 探索能够有效提高茭白产量的“助推剂”, 对于促进其规模化种植、改善品质、提高经济效益具有重要的现实意义。

植物磺胺素(phytosulfokine, PSK)是近年来发现的一类小肽激素, 在植物生长发育过程中发挥重要调

控作用(Olsson et al., 2019; Xie et al., 2022)。研究表明, PSK能够促进细胞伸长(Stührwohldt et al., 2011), 调控根尖分生组织和静止中心细胞的发育(Kutschmar et al., 2009), 调控花粉管生长(Kou et al., 2020), 并参与植物免疫反应和非生物胁迫应答(王雅男等, 2022)。此外, PSK在农业生产中已初步展现其重要价值, 如促进棉纤维伸长(Han et al., 2014), 与其它植物激素协同调节豆科植物结瘤(Wang et al., 2015), 以及在花卉产业中用于延缓鲜花衰老、延长保鲜期(Aghdam et al., 2021)。综上, PSK在农业生产中具有广阔的应用前景。然而, 目前PSK对茭白生长发育调控的研究较为有限, 外源PSK调控茭白生长发育的分子机制有待深入阐明。

高通量RNA-seq技术在研究植物细胞转录调控方面具有显著优势, 利用该技术能够高效鉴定关键代谢途径及相关调控基因, 从而解析外源PSK调控茭白生长发育的分子机制。本研究以PSK处理的茭白为试

收稿日期: 2025-10-17; 接受日期: 2026-01-09

基金项目: 国家自然科学基金(No.31000741)、金华市科技局项目(No.2020-2-016)、浙江省农业(蔬菜)新品种选育重大科技专项(No.2021C02065)和金华市科技计划主动设计项目(No.2023-2-001a)

* 通讯作者。E-mail: zhaxj@zjnu.cn; banmatus@foxmail.com

材,通过RNA-seq技术系统分析茭白细胞的转录调控网络,挖掘关键代谢途径及调控基因,并探究外源PSK对茭白叶片相关基因表达、内源激素水平、分蘖数以及生长发育的影响,以期解析PSK调控茭白生长发育的分子机制提供新见解,为茭白高产优质栽培提供理论依据,同时为揭示PSK调控植物生长发育的分子机制奠定基础。

1 材料与amp;方法

1.1 植物材料及处理

以浙茭10号茭白(*Zizania latifolia* (Griseb.) Turcz. ex. Stapf 'Zhejiao 10')为实验材料。将其置于24°C恒温培养箱中,光周期为12小时光照/12小时黑暗。培养3周,取长势一致且生长健壮的组培苗,苗高3.0–5.0 cm,3–4片真叶完全展开。

PSK处理浓度通过预实验确定。设置0.1、0.5、1、2和5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 5个浓度梯度,处理后14天测定分蘖数、株高及鲜重,发现1 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ PSK处理组茭白分蘖促进效果最显著且无生长抑制现象,故确定为最适处理浓度。处理组用1 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ PSK溶液涂抹茎基部及新生叶鞘,每天涂抹1次,连续处理3天;对照组(CK)用等量无菌水按相同方式涂抹。处理后持续观察并记录植株生长状况和分蘖情况,1周后进行相关检测。

1.2 RNA-seq文库构建及测序

RNA-seq文库构建与测序由百迈客公司完成。测序数据上传至NCBI数据库,登录号为PRJNA1377146,并在ScienceDB数据库中备份(数据集doi: 10.57760/sciencedb.37100)。取茭白植株倒2叶,为完全展开的健康功能叶片,选取3株长势一致的植株混合取样。每组设3个生物学重复。测序数据处理流程:(1)原始数据过滤:去除低质量reads (Q20值<90%)、接头序

列及未知碱基(N含量>5%)的reads,获得clean reads;(2)基因组比对:利用HISAT2软件将clean reads与茭白参考基因组进行序列比对;(3)基因表达定量:采用RSEM (RNA-seq by expectation-maximization)工具计算基因表达量,以外显子每千碱基片段百万比(fragments per kilobase of transcript per million fragments mapped, FPKM)为单位;(4)差异基因筛选与注释:以假发现率(false discovery rate, FDR) ≤ 0.001 且FC(fold change) ≥ 2 为标准筛选差异表达基因(differentially expressed genes, DEGs),将差异表达基因与CNCB数据库进行同源序列比对和功能注释;(5)数据质控与样品表达量主成分分析(principal component analysis, PCA):通过Q20值($\geq 96.77\%$)验证数据质量,利用百迈客云平台完成样品主成分分析,评估样本重复性。

1.3 实时荧光定量PCR分析

参考Sun等(2018)的方法进行RNA提取,用Revert Aid First Strand cDNA Synthesis Kit试剂盒(Thermo, Cat No.K1622)对RNA进行反转录,用SYBRGreen染料进行荧光定量PCR分析(赵蔓雅等, 2025)。以茭白 β -actin为内参基因,采用 $2^{-\Delta\Delta\text{CT}}$ 法计算基因的相对表达量。实验设3次重复。差异表达基因的特异性引物由生工生物工程有限公司合成(表1)。

1.4 分蘖表型观测及内源激素含量测定

1.4.1 分蘖数统计

将茭白幼苗种植于大田中,对其分蘖数进行持续观察,每2周统计1次分蘖数。

1.4.2 样品前处理

于处理后第7天,取各组植株功能叶(倒2叶),用液氮速冻,并于 -80°C 超低温冰箱中保存备用。准确

表1 用于实时荧光定量PCR分析的引物序列

Table 1 Primer sequences used for qRT-PCR analysis

| Gene name | Forward primer (5'–3') | Reverse primer (5'–3') |
|--------------|-------------------------------|-------------------------------|
| Zla11G009620 | PSKRS-F: CGGCAGCATCAAGTCTCTCA | PSKRS-R: TCGATCCATGCAGCTGGTTT |
| Zla02G011780 | PSKRS-F: TCTACGTCCATTCCCTCCGT | PSKRS-R: ATGCCGGTGTCTGGTTAGG |
| Zla14G006780 | PSKRS-F: AGTTTCGATTCGCCACTTT | PSKRS-R: CGCAGCAAATTAACACCGGA |
| Zla01G031820 | PSKRS-F: CTGCAGAGCCAAGATCACCA | PSKRS-R: ACCAGATCACCTTGCAGAGC |

称取0.2 g冷冻叶片,放入预冷的研钵中,加液氮充分研磨至粉末。采用改进的甲醇/水/甲酸提取法进行内源激素提取。具体步骤:向粉末中加入1 mL预冷的提取液(甲醇:水:甲酸=15:4:1, v/v/v),涡旋振荡,4°C、9 000 ×g离心15分钟,取上清液。残渣再用0.5 mL提取液重复提取1次,合并上清液并用0.22 μm有机相微孔滤膜过滤,备用。

1.4.3 内源激素含量测定

采用液相色谱-质谱联用(liquid chromatography-mass spectrometry, LC-MS)技术测定茭白叶片中生长素吲哚-3-乙酸(indole-3-acetic acid, IAA)、赤霉素(gibberellic acid, GA)、茉莉酸(jasmonic acid, JA)、脱落酸(abscisic acid, ABA)及细胞分裂素(cytokinin, CTK)的含量。为精确量化并校正基质效应与提取过程中的损失,在提取样品前,加入稳定同位素标记的内标混合物(如²H₅-IAA、¹³C₆-ABA和²H₂-GA₁),内标加入量经预实验优化确定。色谱分离使用Waters ACQUITY UPLC BEH C18色谱柱(1.7 μm, 2.1 mm × 100 mm),柱温40°C。流动相A为0.1%甲酸水溶液,流动相B为0.1%甲酸乙腈溶液,采用梯度洗脱。质谱检测采用电喷雾电离源,在多反应监测模式下进行数据采集。采用外标法进行定量分析。将各目标激素的纯品标准品配制成一系列浓度梯度的标准工作液,加入与待测样品相同浓度的同位素内标。以目标激素与对应内标的峰面积比值为纵坐标(y),以其浓度比为横坐标(x),绘制校准曲线。要求各激素在校准浓度范围内线性良好,线性相关系数(R²)均大于0.99。通过分析低浓度加标样品,以信噪比(S/N)分别为3:1和10:1计算检出限(limit of detection, LOD)和定量限(limit of quantitation, LOQ)。各目标激素的LOD范围为0.01–0.1 ng·g⁻¹, LOQ范围为0.03–0.3 ng·g⁻¹。

1.4.4 数据处理与统计

用SPSS 22.0软件处理实验数据。采用双因素方差分析法(two-way ANOVA)和Duncan法计算平均值和标准偏差,并进行差异显著性分析。用Origin 2021软件作图。

处理因素设2水平(CK: 无菌水处理; PSK: 1 μmol·L⁻¹磺胺素处理)。时间因素设4水平(0、14、28和42天)。观察统计茭白分蘖数。每组设3个生物学

重复,取样时混合3株长势一致的植株(n=3)。

提取各组均值与标准偏差(SD),计算总变异平方和(SS_总)、处理平方和(SS_{处理})、时间平方和(SS_{时间})、交互平方和(SS_{交互})及误差平方和(SS_{误差})。计算公式如下:

$$SS_{总} = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (x_{ijk} - \bar{x} \dots)^2$$

$$SS_{处理} = bn \sum_{i=1}^a (\bar{x}_i - \bar{x} \dots)^2$$

$$SS_{时间} = an \sum_{j=1}^b (\bar{x}_j - \bar{x} \dots)^2$$

$$SS_{交互} = n \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (\bar{x}_{ij} - \bar{x}_i - \bar{x}_j + \bar{x} \dots)^2$$

$$SS_{误差} = SS_{总} - SS_{处理} - SS_{时间} - SS_{交互}$$

式中, a为处理数; b为时间点数; n为重复数。

2 结果与分析

2.1 RNA-seq质量评估及差异表达基因筛选

对照组(CK)和处理组(PSK)分别得到7 835 341 680 bp和8 359 713 340 bp测序数据, Q20值介于96.77%–96.97%之间。所有测序结果均达到质控要求,可用于后续分析。本研究共筛选到806个差异表达基因,其中上调表达基因365个,下调表达基因441个(图1)。

2.2 差异表达基因的GO分析

以P-value≤0.05定义在差异表达基因(DEGs)中显著

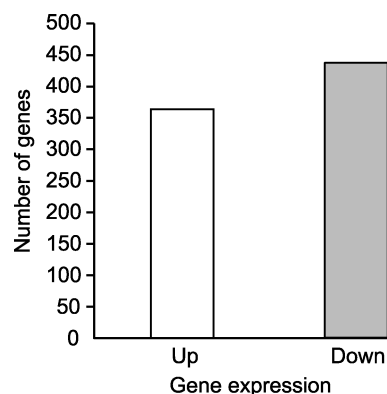


图1 磺胺素处理茭白叶片差异表达基因筛选结果

Figure 1 Results of screening of differentially expressed genes in the leaves of *Zizania latifolia* treated with phyto-sulfokine

富集的途径(图2A)。基因本体(gene ontology, GO)分析结果显示, DEGs涉及生物学过程(527个)、细胞组分(132个)和分子功能(223个)。涉及生物学过程的DEGs占59.75%, 含15个功能组, 变化程度最为丰富, 其中缺水逆境响应基因(76个, 占比14.42%)占比最高, 其次为有毒物质响应基因(70个, 占比13.28%),

再次为植物型细胞壁组织生物发生基因(67个, 占比12.71%)。涉及细胞成分的DEGs含5个功能组, 其中细胞骨架基因(72个, 占比54.55%)占比最高, 其次为细胞壁成分基因(61个, 占比46.21%)。涉及分子功能的DEGs包含15种, 其中糖基转移酶活性基因(66个, 占比29.60%)占比最高, 其次为已糖转移酶活性基因

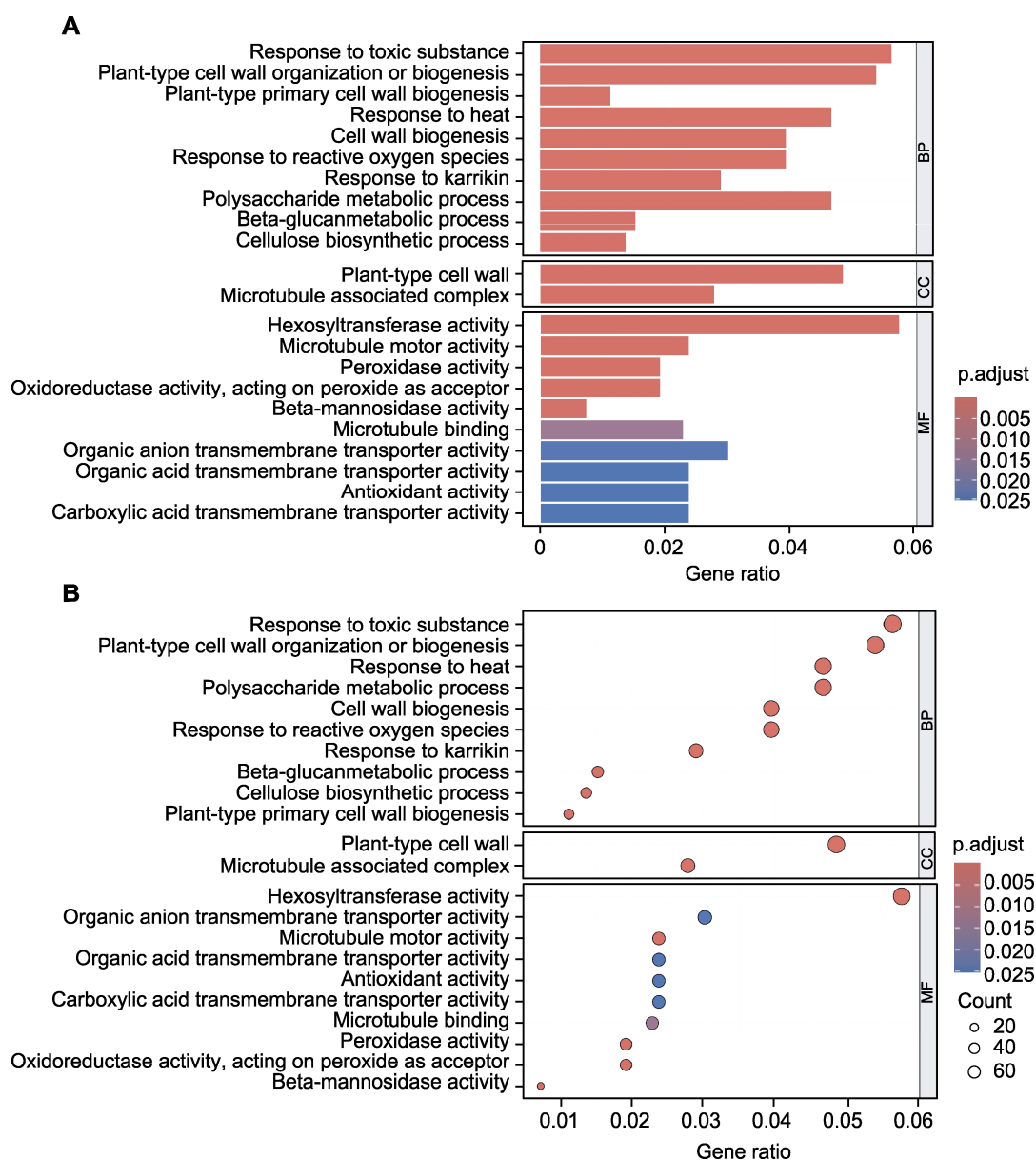


图2 磺胺素处理茭白叶片差异表达基因的GO (A)和KEGG (B)功能分类

BP: 生物学过程; CC: 细胞组分; MF: 分子功能

Figure 2 GO (A) and KEGG (B) functional classification of differentially expressed genes in leaves of *Zizania latifolia* treated with phytosulfokine

BP: Biological process; CC: Cellular component; MF: Molecular function

(63个, 占比28.25%)和葡萄糖基转移酶活性基因(37个, 占比16.59%)。

根据Q值 ≤ 0.05 , 选出前10个与整个基因组背景相比显著富集的途径(图2B)。利用京都基因与基因组百科全书(kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG)数据库进行富集分析, 结果显示, 差异表达基因显著富集在5个方面, 其中新陈代谢DEGs 559个(占59.72%), 细胞过程DEGs 121个(占12.93%), 环境信息响应DEGs 46个(占4.91%), 遗传信息处理DEGs 121个(占12.93%), 有机体系统DEGs 89个(占9.51%)。KEGG富集分析结果表明, 新陈代谢途径是DEGs最主要的富集途径, 这与GO分析结果一致。此外, 响应外源PSK调控茭白分蘖形成的差异基因主要集中在色氨酸代谢、 α -亚麻酸代谢及二萜生物合成等途径。

2.3 色氨酸代谢途径KEGG分析

KEGG富集分析表明, 外源施加PSK后, 茭白色氨酸代谢途径中14个基因上调表达, 10个基因下调表达

(表2)。在6个表达比率($\text{Log}_2(\text{PSK}/\text{CK})$)绝对值 ≥ 3 的基因中, 有4个基因上调表达, 2个基因下调表达, 有5个基因(*Zla16G008620*、*Zla01G033690*、*Zla01G-033710*、*Zla04G017830*和*Zla17G000510*)编码细胞色素P450家族1亚家族A1 (cytochrome P450 family 1 subfamily A1, CYP1A1), 1个上调表达基因(*Zla-04G025720*)编码吲哚-3-丙酮酸单加氧酶, 进而调控吲哚乙酸的合成。这表明PSK通过促进吲哚乙酸的生物合成影响茭白分蘖。

2.4 差异表达基因的定量分析

随机选取4个差异表达基因(2个上调、2个下调)进行qRT-PCR分析。结果表明, PSK处理组2个上调基因(*Zla11G009620*和*Zla02G011780*)的表达量显著高于对照组(CK), 这表明它们受PSK诱导显著上调表达; 而2个下调基因(*Zla14G006780*和*Zla01G031820*)的表达量则显著低于对照组, 即受PSK诱导显著下调表达(图3)。由此可见, qRT-PCR分析结果与转录组结

表2 磺胺素(PSK)处理茭白叶片色氨酸代谢途径差异表达基因

Table 2 Differentially expressed genes in tryptophan metabolism pathway of *Zizania latifolia* leaves treated with phytosulfokine (PSK)

| Gene ID | KEGG No. | Gene name | $\text{Log}_2(\text{PSK}/\text{CK})$ |
|---------------------|----------|---|--------------------------------------|
| <i>Zla02G009420</i> | K11816 | <i>Indole-3-pyruvate monooxygenase</i> | -1.43 |
| <i>Zla02G011220</i> | K00382 | <i>Dihydrolipoyl dehydrogenase</i> | -1.19 |
| <i>Zla03G009390</i> | K07409 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily A2</i> | -1.18 |
| <i>Zla04G020580</i> | K00382 | <i>Dihydrolipoyl dehydrogenase</i> | -1.11 |
| <i>Zla04G025720</i> | K11816 | <i>Indole-3-pyruvate monooxygenase</i> | -3.26 |
| <i>Zla07G019250</i> | K07408 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily A1</i> | -1.31 |
| <i>Zla10G016410</i> | K00128 | <i>Aldehyde dehydrogenase</i> | -2.20 |
| <i>Zla10G016420</i> | K00128 | <i>Aldehyde dehydrogenase</i> | -1.46 |
| <i>Zla15G006070</i> | K00128 | <i>Aldehyde dehydrogenase</i> | -1.12 |
| <i>Zla16G008620</i> | K07408 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily A1</i> | -3.42 |
| <i>Zla01G033690</i> | K07410 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily B1</i> | 3.72 |
| <i>Zla01G033710</i> | K07410 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily B2</i> | 3.44 |
| <i>Zla03G024990</i> | K11816 | <i>Indole-3-pyruvate monooxygenase</i> | 1.23 |
| <i>Zla03G028870</i> | K03781 | <i>Catalase</i> | 1.01 |
| <i>Zla04G012610</i> | K01593 | <i>Aromatic-L-amino-acid/L-tryptophan decarboxylase</i> | 1.08 |
| <i>Zla04G015300</i> | K00626 | <i>Acetyl-CoA C-acetyltransferase</i> | 1.31 |
| <i>Zla04G017830</i> | K07410 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily B1</i> | 4.79 |
| <i>Zla08G016000</i> | K01501 | <i>Nitrilase</i> | 1.19 |
| <i>Zla08G021920</i> | K01426 | <i>Amidase</i> | 1.31 |
| <i>Zla0G002000</i> | K11812 | <i>Tryptophan N-monooxygenase</i> | 1.96 |
| <i>Zla10G000530</i> | K03781 | <i>Catalase</i> | 1.78 |
| <i>Zla11G012140</i> | K00128 | <i>Aldehyde dehydrogenase</i> | 1.25 |
| <i>Zla14G006780</i> | K14085 | <i>Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1</i> | 2.76 |
| <i>Zla17G000510</i> | K07410 | <i>Cytochrome P450 family 1 subfamily B1</i> | 6.30 |

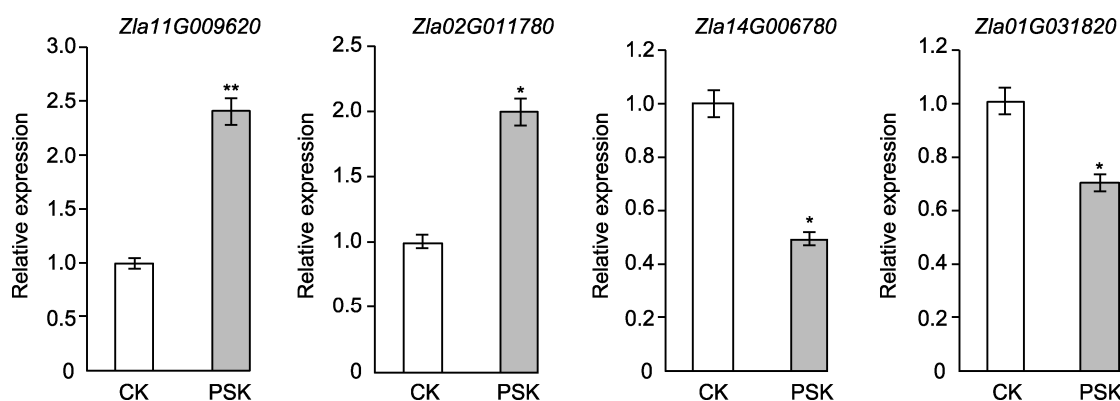


图3 磺肽素(PSK)处理茭白叶片差异表达基因的qRT-PCR分析

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$

Figure 3 qRT-PCR analysis of differentially expressed genes in leaves of *Zizania latifolia* treated with phytosulfokine (PSK)

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$

果一致;但在差异倍数方面,qRT-PCR结果与转录组数据存在一定差异。

2.5 磺肽素对茭白分蘖的影响

研究表明,处理0天,对照组的分蘖数为 1.5 ± 1.257 ,PSK处理组为 1.7 ± 0.788 ,两者无显著差异;处理14天,对照组分蘖数为 2.7 ± 0.674 ,PSK处理组则为 6.0 ± 1.076 ,差异显著;处理28天,对照组分蘖数为 9.3 ± 0.948 ,PSK处理组为 12.0 ± 0.067 ,差异显著;处理42天,对照组分蘖数为 11.0 ± 1.154 ,PSK处理组为 14.4 ± 1.264 ,差异显著(表3)。结合不同处理时间的茭白生长表型,发现外源PSK对茭白分蘖能力具有持续促进作用,且在处理前、中期效果较明显。在各处理阶段,PSK处理组茭白分蘖数均高于对照组,处理14、28和42天,PSK处理组平均分蘖数比对照组分别增加了122.22%、29.03%和30.91%,表明处理14天促进作用最为显著,此后随处理时间的延长,PSK处理组的优势有所减弱。

表4 ANOVA计算结果

Table 4 ANOVA calculation results

| Source of variation | Standard deviation square (SS) | Degree freedom (df) | Mean square (MS) (SS/df) | F (MS/MS) | P |
|---------------------------------------|--------------------------------|---------------------|--------------------------|-----------|-----------|
| Treatment (PSK vs CK) | 87.62 | 1 | 87.62 | 89.62 | <0.001*** |
| Time | 153.21 | 3 | 51.07 | 156.37 | <0.001*** |
| Treatment \times time (interaction) | 26.98 | 3 | 8.99 | 27.45 | <0.001*** |
| Error | 5.23 | 16 | 0.327 | — | — |
| Total variation | 273.04 | 23 | — | — | — |

CK: 对照; PSK: 磺肽素处理。*** $P < 0.001$ CK: Control; PSK: Phytosulfokine treatment. *** $P < 0.001$

双因素方差分析结果显示,实验处理主效应极显著($F=89.62$, $P < 0.001$),表明PSK处理显著增加了分蘖数;时间主效应极显著($F=156.37$, $P < 0.001$),表明植株分蘖数随生长时间的延长呈显著增加趋势;处理与时间的交互效应同样达极显著水平($F=27.45$, $P < 0.001$) (表4)。进一步分析表明,PSK对分蘖数的促进作用存在时间依赖性,处理后14天促进效果最显著,随后逐渐减弱。该结果验证了本研究提出的“窗口期”假设。

表3 磺肽素(PSK)对茭白分蘖数的影响

Table 3 Effect of phytosulfokine (PSK) on the tiller number of *Zizania latifolia*

| Treatment time (d) | CK | PSK |
|--------------------|------------------|-----------------------|
| 0 | 1.5 ± 1.257 | 1.7 ± 0.788 |
| 14 | 2.7 ± 0.674 | $6.0 \pm 1.076^{***}$ |
| 28 | 9.3 ± 0.948 | $12.0 \pm 0.067^*$ |
| 42 | 11.0 ± 1.154 | $14.4 \pm 1.264^*$ |

* $P < 0.05$; *** $P < 0.001$

2.6 磺胺素对茭白内源激素含量的影响

激素在植物生长发育中发挥重要作用,调节植物内源激素能够更好地促进植物发育(廖人玉和王佳伟, 2024)。外施PSK后,茭白叶片内源激素含量发生显著变化,且各处理间差异均达显著水平,其中生长素(IAA)、赤霉素(GA₃和GA₄)及茉莉酸(JA)含量显著升高(表5),GA₃变化最为显著,较对照组升高188.59%;而脱落酸(ABA)和细胞分裂素(tZ、cZR和cZ)含量明显下降,较对照组分别降低57.3%、16.8%、37.97%和41.2%。综上,外施PSK可改变茭白叶片内源激素的比例,从而对茭白生长发育产生影响。

表5 磺胺素(PSK)对茭白叶片内源激素含量的影响

Table 5 Effects of phyto-sulfonamide (PSK) on endogenous hormone contents in *Zizania latifolia* leaves

| Hormone category | Endogenous hormones | Contents of CK group (ng·g ⁻¹) | Contents of PSK group (ng·g ⁻¹) |
|------------------|---------------------|--|---|
| Cytokinin | IP | 0.06±0.01 | 0.07±0.02 |
| Gibberellins | GA ₄ | 5.17±0.79 | 14.92±0.82** |
| Jasmonic acid | JA | 6.24±0.40 | 8.09±0.87* |
| Abscisic acid | ABA | 19.23±0.69 | 8.22±0.67*** |

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$

3 讨论

分蘖是茭白生长过程中重要的生理性状,直接影响其产量和整体形态。分蘖数是茭白产量形成的关键因素,高产品种通常表现出分蘖适中且成茭率高。本研究表明,外源PSK对茭白分蘖数有显著的促进作用,且在处理14天促进效果最为显著,随后有所减弱,推测PSK的作用可能存在一个“窗口期”,在此时期茭白对PSK的响应最为敏感,长期效应的减弱可能与植物对PSK信号的适应性调节有关,这与外施生长素对茭白肉质茎形成和分蘖数变化的研究结果类似(刘芳芳, 2017)。陈仕淼(2019)和梁刚等(2023)发现外施脱落酸能显著提高植株生长素和赤霉素类激素含量并降低脱落酸和细胞分裂素类激素含量,从而增强植株的抗逆性及促进生长发育。本研究也得出类似的结果,即PSK处理显著影响茭白内源激素水平,生长素(IAA)、赤霉素(GA₃和GA₄)和茉莉酸(JA)含量显著升高,脱落酸(ABA)和细胞分裂素(tZ、cZR和cZ)含量明显降低。

3.1 苯丙素类化合物与茭白分蘖密切相关

苯丙素类化合物(phenylpropanoids)是植物中一类重要的次生代谢产物,参与细胞壁合成、防御反应和信号转导等生理过程,其在植物生长发育中具有多种功能(如调控分蘖)。苯丙素类化合物的合成始于苯丙氨酸,经过一系列酶促反应生成多种中间产物和终产物。作为苯丙素类化合物合成的第1步,苯丙氨酸解氨酶(phenylalanine ammonia-lyase, PAL)催化苯丙氨酸转化为肉桂酸,是代谢途径中的关键酶。PAL基因的表达水平直接影响苯丙素类化合物的积累,进而影响分蘖。本研究表明,PSK处理后茭白肉桂酸-4-羟化酶(cinnamate 4-hydroxylase, C4H)基因及查尔酮合成酶(chalcone synthase, CHS)基因均显著差异表达,这与刘芳芳(2017)在茭白分蘖研究中得出的激素信号可通过调控次生代谢酶基因表达影响分蘖的结论一致,表明PSK可能通过诱导苯丙素合成关键酶基因的表达,为茭白分蘖芽的分化提供物质基础。肉桂酸-4-羟化酶、4-香豆酸-CoA连接酶和查尔酮合成酶等一系列关键酶基因的表达也对苯丙素类化合物的积累起重要调控作用,从而促进茭白分蘖。苯丙素类化合物不仅是木质素和纤维素的前体,还参与细胞壁形成,而细胞壁的结构和可塑性对分蘖芽的发育至关重要。王瑞等(2025)在高粱(*Sorghum bicolor*)分蘖研究中证实,激素调控的细胞壁结构优化可增强组织韧性,促进分蘖芽的伸长与萌发。本研究中KEGG富集分析显示,PSK处理后茭白与木质素聚合相关的纤维素合成酶(cellulose synthase, CesaA)、漆酶(laccase, LAC)、过氧化物酶(peroxidase, PER)以及扩展蛋白(expansin, EXP)等基因通过调控纤维素合成、木质素聚合和细胞壁的扩展性,影响细胞壁的机械强度和刚性,从而促进分蘖芽的生长。苯丙素类化合物通过调控这些基因的表达,增强细胞壁的结构和可塑性,进而促进分蘖。在激素调控方面,苯丙素类化合物也发挥重要作用。例如,生长素合成限速酶YUCCA、细胞分裂素异戊烯基转移酶(isopentenyl transferase, IPT)、赤霉素GA₂₀氧化酶(GA₂₀ oxidase, GA20ox)和GA₃氧化酶(GA₃ oxidase, GA3ox)的合成及信号转导相关基因间接调控分蘖。不仅如此,苯丙素类化合物还可能通过调控分蘖相关转录因子(transcription factor, TF)的表达,直接或间接影响分蘖。例如,苯丙素类化合物可能通过激活OsMADS57基因的表达促进分蘖,

或通过调控WUSCHEL相关同源框基因(*WUSCHEL-RELATED HOMEBOX*, *WOX*)的表达促进分蘖芽的形成。

3.2 磺胺素促进赤霉素参与茭白分蘖

赤霉素是一种广泛存在于植物体内的激素,其化学结构较为复杂,属于二萜类酸,由四环骨架衍生而来。赤霉素主要分布于植物生长旺盛的部位,呈现非极性运输(席刚俊等, 2025)。此外,赤霉素能够与其它植物激素(如生长素和细胞分裂素)相互作用,共同调控茭白分蘖(王瑞等, 2025)。作为一种植物生长调节剂,赤霉素在禾谷类、棉花、蔬菜、牧草和茶叶等作物上均表现出显著的增产效应(田永富, 2014)。本研究表明,PSK处理后茭白中赤霉素含量显著升高,分蘖数也随之增加。在PSK作用下,茭白体内二萜类生物合成(*diterpenoid biosynthesis*)过程中,赤霉素信号转导途径的关键因子活性增强,赤霉素不敏感GID1 (*gibberellin-insensitive dwarf1*)蛋白作为赤霉素受体,与DELLA蛋白发生相互作用。DELLA蛋白是赤霉素信号转导的负调控因子(Li et al., 2024),而GIG1通过与其结合来抑制GELL蛋白活性,从而解除其对植物生长的抑制作用。同时,赤霉素不敏感GID2 (*gibberellin-insensitive dwarf2*)蛋白能够促进DELLA蛋白被泛素标记,进而被蛋白酶体降解,即发生由泛素介导的蛋白水解(*ubiquitin mediated proteolysis*)。在此相互作用过程中,TF进一步调控茭白植株中DNA的转录与表达,从而调节赤霉素对茭白分蘖的影响,诱导发芽并促进茎的生长。

3.3 磺胺素促进茉莉酸参与茭白分蘖

茉莉酸的合成以 α -亚麻酸(α -linolenic acid, α -LeA)为底物, k1047基因显著上调(3.22)促进 α -LeA的积累,在一系列合酶的催化下转化为13-氢过氧化亚麻酸(13-hydroperoxylinolenic acid, 13-HPOT), 13-HPOT通过氧化反应生成12-氧代植物二烯酸(12-oxophytodienoic acid, 12-OPDA),并进一步被激活为OPC-8:0 CoA。在上调基因k00232的调控下,酰基辅酶A氧化酶(*acyl-CoA oxidase*, ACX)的合成增加,经过3轮 β -氧化后,茉莉酸含量显著升高。王雅男等(2022)发现PSK与茉莉酸相互作用调节豆科植物结瘤,这与本研究结果类似。PSK可能通过影响茉莉酸的生物合

成或信号转导途径,调节茭白内源激素的比例,从而促进茭白的生长发育,提高茭白的产量和品质,这与茭白分蘖数显著增加相对应。

3.4 磺胺素调节茭白关键代谢途径

通过RNA-seq分析,发现PSK处理组大量基因表达发生显著变化,这可能与PSK影响的代谢途径和信号转导有关。GO富集分析显示,差异表达基因主要涉及细胞壁组织和非生物胁迫(如温度)响应等生物学过程,表明PSK可能增强了植物对环境变化的感知和适应性,推测PSK的作用机制可能与环境信号的整合有关,进而协调植物生长与环境适应性反应。这与薛瑾等(2024)发现PSK小肽能够提高烟草(*Nicotiana tabacum*)的抗旱能力相似。KEGG通路分析显示,PSK处理下茭白差异表达基因在苯丙烷生物合成和脂肪酸降解途径显著富集,苯丙烷生物合成途径是植物次生代谢的重要部分,该途径相关基因(特别是与木质素合成相关基因)表达上调,可能增强了植物的机械强度和对环境胁迫的耐受性。此外,脂肪酸降解途径中基因的表达变化则可能有助于植物在应激条件下调整能量代谢,并通过过氧化物酶体中的酶来应对氧化压力,从而影响植物的生长发育。总体来看,PSK通过调节关键代谢途径,增强茭白的环境适应性和抗逆性,为植物适应外界环境并维持正常生长发育提供重要保障。

3.5 磺胺素处理“窗口期”与剂量效应

本研究表明,PSK对茭白分蘖的促进作用在处理14天达到峰值(分蘖数比对照高1倍),随后效应逐渐减弱。这一“窗口期”与茭白分蘖芽的分化关键期高度契合,3-4片真叶期的茭白幼苗,芽体分化对激素信号敏感,PSK可能通过激素重编程机制为芽体萌发提供启动信号;后期效应减弱可能与植物对PSK信号的适应性有关(如受体脱敏和内源负反馈调节)(Liu et al., 2025)。实际应用中需精准把握“育苗期到分蘖启动前”的施用时间。

在预实验中,设置0.1-5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ PSK浓度梯度,仅1 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ PSK处理实现“无抑制+最优促进”。低浓度(0.1和0.5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) PSK处理下激素重编程不充分,高浓度(2和5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) PSK处理则可能引发激素失衡(如ABA降幅过大),导致生长受抑制。这符

合植物小肽激素低浓度促进、高浓度抑制的普遍规律,为田间应用提供了明确的剂量标准。

4 结论

本研究聚焦外源PSK对茭白分蘖的作用机制。结果表明,PSK对茭白分蘖有显著促进作用,处理14天效果最佳,推测存在“窗口期”,长期效应减弱或与植物适应性调节有关;PSK处理显著改变茭白内源激素水平,多种激素含量呈现规律性变化。苯丙素类化合物通过调控相关基因的表达,增强细胞壁强度与可塑性,并在激素含量及转录因子表达方面发挥调控作用,进而促进分蘖。PSK处理使赤霉素含量升高,通过一系列信号转导过程调节茭白生长,诱导发芽并促进茎的生长。PSK处理还使茉莉酸合成途径相关基因的表达上调,可能通过影响茉莉酸生物合成或信号转导途径调节茭白内源激素的比例,促进生长发育。RNA-seq分析表明,PSK处理使大量基因表达发生变化。GO富集分析显示其可能增强植物对环境变化的感知与适应性。KEGG通路分析显示差异表达基因在苯丙烷生物合成和脂肪酸降解途径显著富集,从而增强茭白的环境适应性与抗逆性,保障其正常生长发育。本研究从内源激素和基因调控2个层面探讨了外源PSK对茭白分蘖的影响,有助于丰富对肽类激素参与植物生理生化响应的认识。

作者贡献声明

谭驭宇: 撰写并修改论文; 邱红静, 肖羽含: 撰写论文; 张峻浩, 杨梦飞: 分析数据并提供数据支持; 钟一帆, 王雪菲: 参与文章讨论; 金昱何: 搜集文献; 朱静仪, 缪德麟: 协助完成实验; 黄加琦, 吴馨婷: 完成实验; 郑寨生: 构思并设计实验; 查笑君: 指导实验和撰写论文。

利益冲突: 所有作者均声明不存在利益冲突

Conflict of Interests: The authors declare that there is no conflict of interests

©The author(s) 2026. This is an open access article under the CC BY-NC-ND 4.0 license (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>)

参考文献

- Aghdam MS, Ebrahimi A, Sheikh-Assadi M (2021). Phytosulfokine α (PSK α) delays senescence and reinforces SUMO1/SUMO E3 ligase SIZ1 signaling pathway in cut rose flowers (*Rosa hybrida* cv. Angelina). *Sci Rep* **11**, 23227.
- Chen SM (2019). The Effect of Endogenous Hormone Metabolism with Different Cadmium Concentrations in *Sedum alfredii* Hance. Master's thesis. Nanning: Guangxi University. pp. 1–59. (in Chinese)
- 陈仕森 (2019). 外施ABA对Cd处理下东南景天内源激素代谢的影响. 硕士论文. 南宁: 广西大学. pp. 1–59.
- Han J, Tan JF, Tu LL, Zhang XL (2014). A peptide hormone gene, *GhPSK* promotes fibre elongation and contributes to longer and finer cotton fibre. *Plant Biotechnol J* **12**, 861–871.
- Hu GX, Lai AP, Li X, Sun SL, Liu Y, Qian YZ (2024). Exploration and practice of standardization for the whole industry chain of *Zizania latifolia*. *Qual Saf Agro-prod* (3), 5–8. (in Chinese)
- 胡桂仙, 赖爱萍, 李雪, 孙素玲, 刘岩, 钱永忠 (2024). 茭白全产业链标准化探索与实践. *农产品质量与安全* (3), 5–8.
- Kou XB, Liu Q, Sun YY, Wang P, Zhang SL, Wu JY (2020). The peptide PbrPSK2 from phytosulfokine family induces reactive oxygen species (ROS) production to regulate pear pollen tube growth. *Front Plant Sci* **11**, 60–1993.
- Kutschmar A, Rzewuski G, Stührwohldt N, Beemster GTS, Inzé D, Sauter M (2009). PSK- α promotes root growth in *Arabidopsis*. *New Phytol* **181**, 820–831.
- Li T, Wang YQ, Natran A, Zhang Y, Wang H, Du KX, Qin P, Yuan H, Chen WL, Tu B, Inzé D, Dubois M (2024). C-TERMINAL DOMAIN PHOSPHATASE-LIKE 3 contributes to GA-mediated growth and flowering by interaction with DELLA proteins. *New Phytol* **242**, 2555–2569.
- Liang G, Zhao CY, Su K, Liu CS, Xiao K, Li G, Wu JK, Xiao X, Zhang LB, Zhang CG (2023). Effect of exogenous ABA on the cold resistance of branches of 21st Century and Jiushuo peaches. *J Fruit Sci* **40**, 2136–2148. (in Chinese)
- 梁刚, 赵崇宇, 苏凯, 刘春生, 肖坤, 李刚, 武军凯, 肖啸, 张立彬, 张晨光 (2023). 外源ABA对低温胁迫下21世纪与久硕桃枝条抗寒性的影响. *果树学报* **40**, 2136–2148.
- Liao RY, Wang JW (2024). From wound to rebirth: how does REF1 peptide activate intrinsic regenerative potential of plants? *Chin Bull Bot* **59**, 347–350. (in Chinese with English abstract)

- 廖人玉, 王佳伟 (2024). 从损伤到重生——REF1小肽如何激发植物的内在再生潜能. *植物学报* **59**, 347–350.
- Liu FF (2017). The Effect of Exogenous IAA Treatment on Swollen Gall Formation, Carbohydrate Metabolism and Cellular Structure in *Zizania latifolia* Turcz. Master's thesis. Hefei: Anhui Agricultural University. pp. 1–38. (in Chinese)
- 刘芳芳 (2017). 外源生长素对茭白肉质茎形成、碳水化合物代谢和细胞结构的影响. 硕士论文. 合肥: 安徽农业大学. pp. 1–38.
- Liu MH, Zhang GZ, Zeng LJ, Yan JY, Xin PY, Chu JF, Wang YM, Wang Q, Wang SK (2026). Pathogen-induced endogenous small peptide phyto-sulfokine perceived by the membrane receptor OsPSKR2 enhances disease resistance in rice. *Plant Cell Environ* **49**, 1583–1597.
- Ma XX, Wang B, Liu HP, Zhang X, Zhang HH, Li C, Liu Y (2024). Optimization of sulfation process of *Zizania latifolia* polysaccharide by response surface and its antioxidant activity analysis. *Sci Technol Food Ind* **45**(7), 25–34. (in Chinese)
- 马笑笑, 王兵, 刘会平, 张欣, 张慧慧, 李灿, 刘盈 (2024). 响应面法优化茭白多糖硫酸化工艺及其抗氧化活性分析. *食品工业科技* **45**(7), 25–34.
- Olsson V, Joos L, Zhu SS, Gevaert K, Butenko MA, De Smet I (2019). Look closely, the beautiful may be small: precursor-derived peptides in plants. *Annu Rev Plant Biol* **70**, 153–186.
- Stührwohldt N, Dahlke RI, Steffens B, Johnson A, Sauter M (2011). Phyto-sulfokine- α controls hypocotyl length and cell expansion in *Arabidopsis thaliana* through phyto-sulfokine receptor 1. *PLoS One* **6**, e21054.
- Sun XM, Matus JT, Wong DCJ, Wang ZM, Chai FM, Zhang LL, Fang T, Zhao L, Wang Y, Han YP, Wang QF, Li SH, Liang ZC, Xin HP (2018). The GARP/MYB-related grape transcription factor AQUILO improves cold tolerance and promotes the accumulation of raffinose family oligosaccharides. *J Exp Bot* **69**, 1749–1764.
- Tian YF (2014). Effect of gibberellin on the yield quality of rice. *Mod Agric Sci Technol* (12), 135, 140. (in Chinese)
- 田永富 (2014). 赤霉素对水稻产质量的影响. *现代农业科技* (12), 135, 140.
- Wang HM, Xie XY, Su XN, Jiang SM, Wu JL (2018). Current status and application prospect of *Zizania latifolia* (Griseb.) Turcz. ex stapf in China. *J Plant Genet Resour* **19**, 279–288. (in Chinese)
- 王惠梅, 谢小燕, 苏晓娜, 江绍玫, 吴建利 (2018). 中国菰资源研究现状及应用前景. *植物遗传资源学报* **19**, 279–288.
- Wang JZ, Li HJ, Han ZF, Zhang HQ, Wang T, Lin GZ, Chang JB, Yang WC, Chai JJ (2015). Allosteric receptor activation by the plant peptide hormone phyto-sulfokine. *Nature* **525**, 265–268.
- Wang R, Zhao WJ, Bai Y, Cheng QJ, Zhang HY, Yan FX, Ling L (2025). Effects of endogenous hormones on height difference between main stem and tiller of *Sorghum bicolor*. *Chin Bull Bot* **60**, 901–913. (in Chinese with English abstract)
- 王瑞, 赵威军, 白洋, 程庆军, 张海燕, 闫凤霞, 凌亮 (2025). 内源激素对高粱主茎与分蘖株高差异的影响. *植物学报* **60**, 901–913.
- Wang YN, Xu C, Li GX, Ding ZJ, Zheng SJ (2022). The function and mechanism of peptide regulator phyto-sulfokine (PSK) in plants. *Plant Physiol J* **58**, 1818–1828. (in Chinese)
- 王雅男, 徐晨, 李桂新, 丁忠杰, 郑绍建 (2022). 植物多肽类调节物质磺肽素(PSK)的功能与作用机制. *植物生理学报* **58**, 1818–1828.
- Xi GJ, Yang HT, Shi J, Gao DX, Jia J (2025). Effects of different gibberellin concentrations and stratification temperatures on seed germination of *Polygonatum sibiricum*. *J Zhejiang Agric Sci* **66**, 1621–1626. (in Chinese)
- 席刚俊, 杨鹤同, 史俊, 高大响, 贾君 (2025). 不同赤霉素浓度及温度层积处理对黄精种子萌发的影响. *浙江农业科学* **66**, 1621–1626.
- Xie HP, Zhao W, Li WL, Zhang YZ, Hajný J, Han HB (2022). Small signaling peptides mediate plant adaptations to abiotic environmental stress. *Planta* **255**, 72.
- Xie YN, Qi QQ, Li WH, Li YL, Zhang Y, Wang HM, Zhang YF, Ye ZH, Guo DP, Qian Q, Zhang ZF, Yan N (2023). Domestication, breeding, omics research, and important genes of *Zizania latifolia* and *Zizania palustris*. *Front Plant Sci* **14**, 1183739.
- Xue J, Wu J, Lu XX, Guo YF, Li W (2024). Analysis of sulfopeptin (PSK) gene family and drought resistance in tobacco. *Chin Tob Sci* **45**(3), 77–85. (in Chinese)
- 薛瑾, 吴健, 卢秀香, 郭永峰, 李伟 (2024). 烟草磺肽素(PSK)基因家族鉴定及抗旱功能分析. *中国烟草科学* **45**(3), 77–85.
- Zhao MY, Sun QN, Xu JJ, Duan TN, Cai JT, Zhou J, Fan TT, Xiao LT, Wang RZ (2025). Identification, mapping and transcriptome analysis of a new leaf color mutant in cucumber. *Chin Bull Bot* **60**, 515–532. (in Chinese with English abstract)
- 赵蔓雅, 孙倩楠, 徐晶晶, 段恬妮, 蔡锦涛, 周婧, 范婷婷, 萧浪涛, 王若仲 (2025). 一个新的黄瓜叶色突变体鉴定、初定位及转录组分析. *植物学报* **60**, 515–532.

Analysis of Endogenous Hormones and Transcriptomes Under Exogenous Phytosulfokine Regulating the Tillering of *Zizania latifolia*

Yuyu Tan¹, Hongjing Qiu¹, Junhao Zhang¹, Yifan Zhong¹, Yuhan Xiao¹, Yuhe Jin¹, Xuefei Wang¹, Jingyi Zhu¹, Delin Miao¹, Jiaqi Huang¹, Xinting Wu¹, Zhaisheng Zheng², Xiaojun Zha^{1*}, Mengfei Yang^{2*}

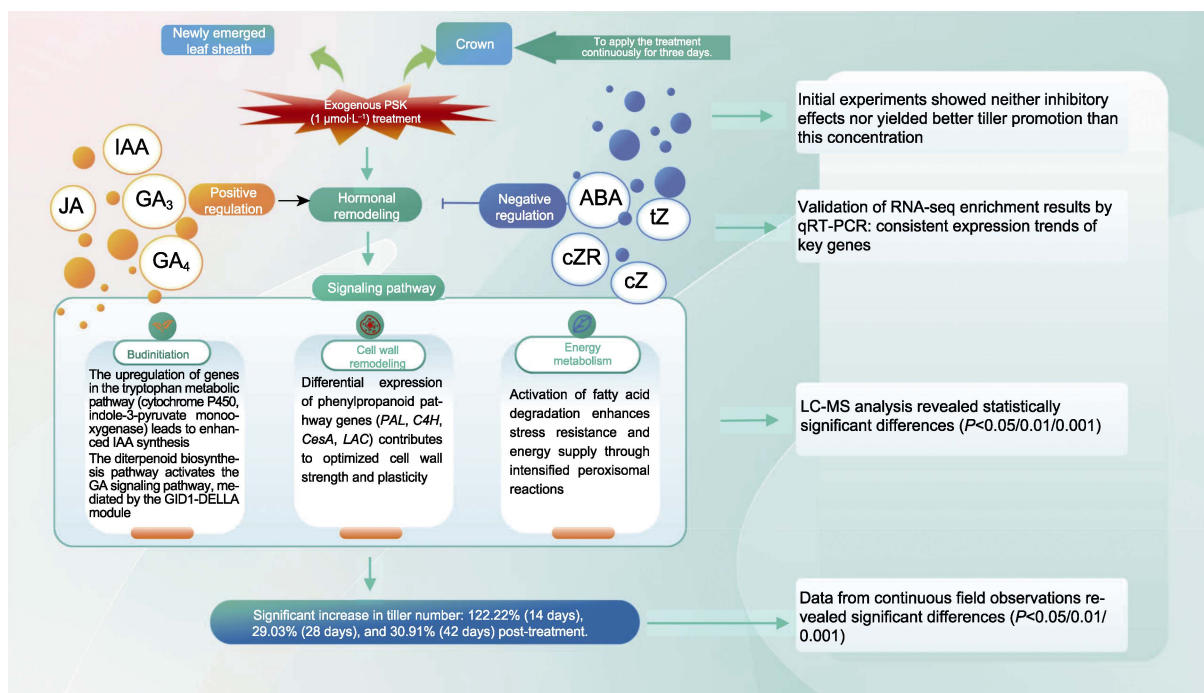
¹College of Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China; ²Zhejiang Provincial Key Laboratory of Aquatic Vegetable Breeding and Cultivation, Jinhua Academy of Agricultural Sciences, Jinhua 321000, China

INTRODUCTION: *Zizania latifolia* is the second largest aquatic vegetable (after lotus root) in China, with remarkable economic and nutritional value, but it is currently facing declining quality as well as production, and is in urgent need of breeding improvement. Phytosulfokine (PSK) is a recently discovered small peptide hormone for plant growth regulation with strong potential in agricultural applications. However, its molecular mechanisms in regulating tillering in *Z. latifolia* has not been investigated. In this study, we used PSK-treated *Z. latifolia* as the material, combined with transcriptome sequencing (accession No.PRJNA1377146), fluorescence quantitative PCR validation and endogenous hormone determination, to investigate the molecular and physiological mechanisms of PSK in regulating the tillering of *Z. latifolia*, and to provide a theoretical basis and technological support for the high-yield and high-quality cultivation of *Z. latifolia*.

RATIONALE: PSK can regulate the physiological processes such as cell elongation and development of meristematic tissues, and can promote crop growth and delay senescence. To understand the molecular mechanisms of the PSK regulation, it is crucial to systematically analyze the changes in gene expression of *Z. latifolia* after PSK treatment, combined with the measurement of endogenous hormones and the tillering phenotypes, to uncover the key regulatory genes in the key metabolic pathways that control *Z. latifolia* tillering.

RESULTS: PSK treatment significantly promoted tillering in *Z. latifolia*, with the number of tillers at 14 days of treatment being 122.22% higher than that of the control group. The optimal concentration of PSK treatment is 1 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$, and the optimal application "window" is about 14 days after treatment. We identified a total of 806 differentially expressed genes (365 up-regulated and 441 down-regulated) after PSK treatment compared with the untreated tissues. GO enrichment analysis showed that the differentially expressed genes were mainly involved in biological processes such as response to water deficit, cell wall organization, and KEGG analysis showed that the differentially expressed genes were significantly enriched in the pathways of phenylpropane biosynthesis and tryptophan metabolism. Four differentially expressed genes were verified by fluorescence quantitative PCR. Furthermore, we measured the content of endogenous hormones, showing significantly increased content of growth hormone, gibberellin and jasmonic acid after PSK treatment (GA_3 increased by 188.59%), and significantly decreased content of abscisic acid and cytokinin with significantly altered hormone ratios.

CONCLUSION: We found that exogenous PSK regulates the tillering and growth of *Z. latifolia* through multiple pathways. It significantly alters the endogenous hormone levels, promotes the increase of growth-related hormones and inhibits the decrease of hormone-like hormones; it regulates the key metabolic pathways such as phenylpropane biosynthesis and fatty acid degradation, and influences the synthesis of the cell wall and energy metabolism; and it promotes the synthesis of indoleacetic acid through the expression of the key genes in the tryptophan metabolic pathway, which provides the material and signal basis for tillering. This study reveals the molecular mechanism of *Z. latifolia* tillering regulated by PSK, and provides theoretical support and potential technical solutions for improving the yield and quality of *Z. latifolia*.



Exogenous phytosulfokine (PSK) regulates tillering of *Zizania latifolia*

Key words phytosulfokine, *Zizania latifolia*, tillering, endogenous hormone, transcriptome

Tan YY, Qiu HJ, Zhang JH, Zhong YF, Xiao YH, Jin YH, Wang XF, Zhu JY, Miao DL, Huang JQ, Wu XT, Zheng ZS, Zha XJ, Yang MF (2026). Analysis of endogenous hormones and transcriptomes under exogenous phytosulfokine regulating the tillering of *Zizania latifolia*. *Chin Bull Bot* 61, 238–249.

* Authors for correspondence. E-mail: zhaxj@zjnu.cn; banmatus@foxmail.com

(责任编辑: 白羽红)

通讯作者/团队简介

查笑君, 浙江师范大学生命科学学院副教授, 硕士生导师。长期从事农作物基因功能及信号转导研究。以通讯作者或第一作者身份在 *Plant Biotechnology Journal* 及 *Plants* 等国内外主流期刊上发表研究论文 20 余篇。主持完成国家自然科学基金、浙江省自然科学基金和金华市科技局项目多项。其研究团队以水稻和茭白为材料, 利用遗传学、基因组学、生物化学、统计学及生物信息学等手段解析小肽在作物生长发育、环境胁迫响应及作物品种改良中的基础遗传学规律。