

参赛学生姓名: Ryan Zhang(张东正)

中学: 上海中学国际部

省份: 上海市

国家/地区: 中国

指导老师姓名 1: 廖辉

指导老师单位 1: 上海中学国际部

指导老师姓名 2: 徐麟

指导老师单位 2: 中国科学院分子植物科学
卓越创新中心

论文题目: 探寻花朵的保鲜秘诀: 赤霉素如何成为牵牛花的“青春密钥”?

探寻花朵的保鲜秘诀：赤霉素如何成为牵牛花的“青春密钥”？

作者：Ryan Zhang(张东正)

摘要：

牵牛花 (*Ipomoea nil*) 属旋花科番薯属植物，是一种常见的观赏植物，但其单花花期极短，往往只有几个小时，于凌晨开放、中午前后开始凋谢，这极大地限制了其观赏性。本研究以牵牛花为对象，探索了赤霉素 (GA) 在延缓花朵衰老中扮演的角色。我们发现，牵牛花自身的“年轻物质”——内源 GA，在花苞期达到高峰，却在盛花期悄然下降，仿佛它的消失悄悄按下了衰老的开关。

通过外源激素处理实验，我们观察到一个有趣的现象：浓度为 3 μM 的 GA 就可以显著延长离体牵牛花的观赏时间，特别是在光照后 6 小时到 9 小时之间，呈现明显的延缓花凋谢的现象，能延长花期约 2~3 小时；而 ABA 和 IAA 则加速了凋谢。有趣的是，乙烯利处理并未产生明显影响，证实了牵牛花作为一种乙烯不敏感型植物的独特身份。

在此基础上，我们进一步利用 RNA-SEQ 技术扮演“基因侦探”，成功筛选出 GA 合成、激活和下游信号整合过程中多个基因的变化。这些基因犹如藏在花瓣背后的“延时密码”，为未来通过基因编辑培育花期更长、观赏性更佳的牵牛花新品种提供了可能。

本研究不仅为花卉衰老机制增添了一抹生动的色彩，也为园艺作物花期调控带来了新颖而有潜力的策略。

关键词：牵牛花，花开放，花凋谢，花期，激素，赤霉素

目录

1. 背景	1
2. 材料与方法	3
2.1 植物材料与栽培	3
2.2 牵牛花开放与凋谢过程记录	3
2.3 激素配制与处理	3
2.4 激素提取	4
2.5 激素测定	4
2.6 花朵衰老速率测定与量化	4
2.7 花朵转录组测序 (RNA-SEQ)	5
3. 结果与分析	5
3.1 牵牛花开放与凋谢过程形态观察	5
3.2 不同时期花朵激素含量比较	6
3.3 不同激素对花朵衰老速率的影响	7
3.4 GA 处理显著延缓花朵衰老	9
3.5 不同时期花朵转录组分析	10
4. 讨论与展望	11
5. 参考文献	14
6. 致谢	16

1. 背景

花是被子植物的重要器官,花的发生与凋谢是植物完成繁殖的关键环节。花朵的开放时间、持续长度及凋谢过程受到严格调控,影响因素包括植物品种、株龄、发育状态和内源激素等内在条件,以及环境温度、湿度、光照强度与周期、土壤营养、传粉媒介和病虫害等外部因素[1-5]。例如,虫媒植物的开花时间常与传粉昆虫活动密切相关,夜间开花植物多由蛾类授粉;而像牵牛花这类凌晨开花的植物,既有助于避开高温胁迫,也能吸引蜜蜂等日行传粉者[6,7]。

同样,花朵凋谢是植物为节约资源以进入下一发育阶段所进行的程序化过程,也受多种内外因子的调控。除营养状况、光照和授粉等外部因素外,内源激素水平的变化在此过程中起关键调控作用,乙烯、脱落酸(ABA)、赤霉素(GA)、生长素(IAA)和茉莉酸(JA)等多种激素均参与调控[8,9]。其中,乙烯在许多植物花朵衰老中发挥核心作用[3]。根据花朵凋谢是否受乙烯诱导,可将其分为乙烯依赖型和非依赖型。康乃馨、兰花和百合属于乙烯依赖型,授粉或机械损伤可诱导乙烯大量产生,从而加速衰老;而牵牛花、万寿菊等则为乙烯非依赖型,外源乙烯或其前体处理并不能促进其凋谢[10-12]。

牵牛花(*Ipomoea nil*)属旋花科番薯属,为一年生攀援草本植物,短日照条件可促进开花。其花为合瓣花,呈喇叭状或漏斗形,通常凌晨开放、下午凋谢,凋谢时花冠向内卷缩呈倒钟形。作为观赏植物,

牵牛花的花期、开花率和单花开放时长是影响其园艺价值的重要因素[13]。自 20 世纪 80 年代以来, 研究人员从生理与分子水平对牵牛花开花调控开展了多项研究。花朵开放主要受内源节律调控, 同时也受光照、温度及外源激素影响[14]。夜间长度是成花关键信号, 即将开放的花苞需至少 4 小时的暗期才能正常开放[15]。花的开放包括花苞伸长和花瓣展开两个过程, 其中 GA 促进花苞生长, 乙烯和 ABA 则促进花瓣打开[16-18]。牵牛花花朵凋谢是一个程序化细胞死亡过程, 乙烯作用不显著。研究表明, NAC 家族转录因子 EPH1 可促进该过程, 转基因抑制 EPH1 表达或者体外添加抑制 EPH1 作用发挥的物质均可延长花期[10, 19-22]。

牵牛花花型优美、色彩艳丽, 是深受人们喜爱的观赏植物, 广泛应用于庭院美化与城市绿化。然而, 其单花开放时间极短, 通常仅能维持数小时至一天, 这种现象严重限制了它的观赏价值与市场推广潜力, 在公园等公共园林中应用较少, 如上海辰山植物园和上海植物园均未见规模化种植。如何有效延长牵牛花的观赏期, 已成为园艺生产中一个亟待解决的实际问题。本研究通过测定花苞期内源激素含量, 发现赤霉素 (GAs) 总量在花苞期达到峰值后显著下降, 表明 GA 水平与花朵凋谢呈负相关。进一步采用离体花朵激素处理试验, 发现 GA 处理可延长花朵寿命; 通过量化花朵面积变化评估衰老进程, 显示 $3\text{ }\mu\text{M}$ GA 处理使离体花朵观赏期延长至光照后 13 小时 ($P < 0.05$), 表明 GA 对延缓凋谢具有显著作用。研究还对不同花苞时期的样本进行 RNA-SEQ 分析, 初步筛选出了可能影响 GA 在花朵中含量降低的

关键基因 ent-kaurene oxidase 和 gibberellin 20 oxidase 1 以及一系列 GA 活性发挥的基因转录水平的降低, 以此为基础, 未来可通过基因编辑等技术手段构建花瓣特异性诱导 GA 表达的植株, 创制长花期牵牛花新种质。本研究系统分析了 GA 处理对牵牛花不同发育阶段转录组的影响, 为园艺作物花期调控提供了新思路。

2. 材料与方法

2.1 植物材料与栽培

实验所用牵牛花种子购自淘宝, 播种于营养土中, 使用高 20 cm、直径 25 cm 的花盆栽培。植株置于阳台生长, 攀援后搭建 1.2 m 高支架供其缠绕。栽培约一个月后, 部分植株继续在室内光下培养至开花, 另一部分转移至光照培养箱 (24℃; 光周期 12 h/12 h, 光强 100 $\mu\text{mol}/\text{m}^2\cdot\text{s}$) 同步培养。

2.2 牵牛花开放与凋谢过程记录

对光周期 12 h/12 h 条件下生长的牵牛花植株, 于暗光切换前 1.5 小时移至拍摄光环境下, 采用尼康 Z5 相机连续模式每 10 分钟拍摄记录即将开放的花朵。

离体花朵记录: 于暗光切换前 1.5 小时剪取牵牛花花枝, 立即插入水中, 并使用顶置相机每 10 分钟拍摄记录花朵状态。

2.3 激素配制与处理

配制以下激素母液：10 mM 3-吲哚乙酸 (IAA, 生工, A600723)、4 mM 脱落酸 (ABA, 生工, A600001)、3 mM 赤霉素 (GA, 生工, A600738)、4 mM 乙烯利 (生工, A600453)，工作液按 1:1000 稀释使用。以去离子水为对照，离体花朵处理后每 0.5 小时拍摄记录。

2.4 激素提取

于暗光切换后 2 小时，分别取开花前 2 天 (S1)、前 1 天 (S2) 和正开放的花朵 (S3) 各 3 个样本，液氮速冻后研磨 (55 Hz, 30 s, 4 次)，称取 100 mg 样品，加入 400 μ L 提取液 (乙腈:水:甲酸=80:15:5, v/v/v)，涡旋振荡后离心 (15000 rpm, 10 min)，取 300 μ L 上清液，重复提取一次，合并两次上清共 600 μ L。旋转蒸发干燥后，用 100 μ L 30%甲醇复溶，离心去除不溶物，待测。

2.5 激素测定

采用 UPLC-MS/MS 系统 (ACQUITY UPLC BEH C18 色谱柱, 2.1 $\times$ 100 mm, 1.7 μ m; 电喷雾离子源) 进行激素含量检测。流动相: A 为 0.1%甲酸水溶液, B 为乙腈; 流速 0.3 mL/min; 离子源温度 500 $^{\circ}$ C。使用 Analyst 1.6.3 软件控制仪器及采集数据, MultiQuant 3.0.2 软件进行数据分析，依据标准曲线定量各激素含量。

2.6 花朵衰老速率测定与量化

使用 ImageJ 软件分析不同时间点拍摄的花朵图像，计算花朵面积。以暗光切换后 2 小时的花朵面积为基准（100%），计算各时间点的相对开放率，绘制曲线。每处理组 3 朵花，设 2 个生物学重复。试验数据采用 GraphPad Prism 10.0 软件进行统计分析。结果以均值±标准误（Mean ± SEM）表示。图中所示曲线采用带数据点的折线图进行绘制，以直观展示 GA 处理组与对照组（H₂O）在不同光照时间下对花朵面积比例的影响。

2.7 花朵转录组测序（RNA-SEQ）

转录组取样方式和激素测定样品一致，即为暗光切换后 2 小时取开花前 2 天（S1）、前 1 天（S2）和盛开期（S3）花朵样本，每组 4 次重复。液氮研磨后，TRIzol 法（Invitrogen）提取总 RNA。使用 NEBNext Ultra II RNA Library Prep Kit（NEB, E7770）构建测序文库，于 DNBSEQ-T7 平台（MGI）进行测序。

3. 结果与分析

3.1 牵牛花开放与凋谢过程形态观察

对牵牛花开花进程观察显示，初夏（早上 6 点最右天亮）的花朵于凌晨 4 点左右开始开放，上午 10–11 点起花瓣边缘逐渐变色，下午 1 点左右开始萎蔫，至次日花前完全闭合（因拍摄条件限制，相关图片未展示）。为便于后续实验，将生长 1 个月左右植株（花芽形成前）转入光周期 12 h/12 h 的人工气候箱中培养。图 1A 记录了植株上花朵

从暗光切换前 1.5 小时起每 0.5 小时的开放过程，显示该时段内花朵迅速展开；图 1B 为同一朵花从暗光切换后 4 至 9 小时每 1.5 小时的衰老过程，可见花朵在此期间快速凋谢，至 11.5 小时几乎完全闭合（亮灯后 4 小时内变化不明显，图中未显示）。凋谢过程中花瓣边缘内卷，并逐渐向中心翻卷。培养箱花朵的开谢时间和自然光下基本保持一致。为了提高园艺植物的观赏性去延长花期，可能途径包括促进早开或延缓凋谢，但考虑到牵牛花凌晨开放的习性，提早开花对观赏价值提升有限，故本研究重点探讨延缓凋谢的调控方法。



图 1 牵牛花植物开放与凋谢过程的实时记录

图 1 说明：A. 植株上花朵开放过程，时间间隔 0.5 小时；B. 花朵凋谢过程，时间间隔 1.5 小时。时间标注中“-”表示亮灯前，“+”表示亮灯后，数字表示小时。“—”表示 1cm。

3.2 不同时期花朵激素含量比较

尽管激素在花朵衰老中的作用已有报道,但牵牛花开花周期中内源激素的动态变化尚缺乏系统数据。本研究于光照后2小时取样,分别选取盛开花朵(S3)、开放前1天(S2)和开放前2天(S1)的花苞(示列如图2A),测定激素含量并进行标准化处理。图2B结果显示,ABA含量在S1至S3阶段先降后升,其上升可能加速衰老,与外源ABA促进凋谢的结果一致;IAA含量变化不显著;而总GAs含量在S1至S2阶段上升,在S3时期急剧下降(各组间差异显著),表明GAs含量下降可能与花朵衰老启动相关,外源GA处理可能延缓凋谢。



图2 不同时期花朵中激素含量的差异

图2说明: A 图中S1、S2、S3分别表示开花前2天、前1天和盛开花朵,是激素测定样品的时期;B图是质谱测定的激素含量,*表示 $p<0.05$ 。“—”表示1cm。每组四个重复。

3.3 不同激素对花朵衰老速率的影响

为验证激素与衰老的相关性,由于在体实验的不可操作性,本研究采用离体花朵水培模型进行外源激素处理。首先比较离体与植株上

花朵的开放和衰老过程，图 3A（花开）和 3B（花谢）显示和图 1 两者进程基本一致，表明离体系统适用于后续实验。



图 3 离体花朵开放与凋谢的实时记录

图 3 说明：A. 离体花朵开放过程，时间间隔 0.5 小时；B. 花朵凋谢过程，时间间隔 1.5 小时。时间标注中“-”表示亮灯前，“+”表示亮灯后，数字表示小时。“—”表示 1cm。

选择质谱检测涉及的 ABA、IAA 和 GA，以及文献中明确的乙烯（以乙烯利替代）进行处理。于暗光切换前 2 小时剪取花朵，插入含不同激素的溶液中，定时记录形态变化。图 4 结果显示，与对照（水处理）相比，GA 处理在光照后 6 小时仍保持花瓣展开，8 小时时花朵面积也明显大于其他几组，显示延缓衰老效果；乙烯利处理对衰老促进作用不明显，符合牵牛花乙烯非敏感特性；IAA 和 ABA 处理则不同程度加速了凋谢，与已有报道一致。

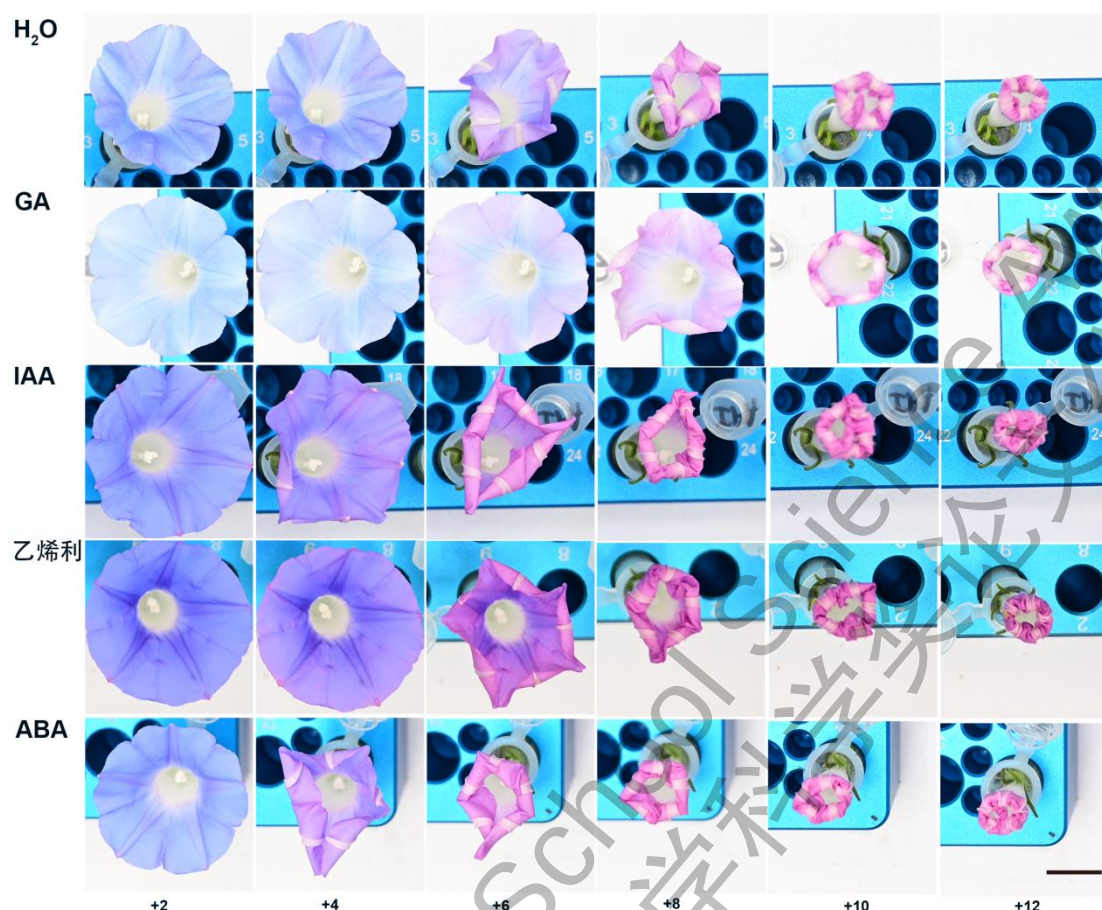


图 4 不同激素对牵牛花凋谢速度的影响

图 4 说明：时间标注“+”表示亮灯后小时数。“—”表示 1cm。

3.4 GA 处理显著延缓花朵衰老

为明确 GA 效果，用 $3\ \mu\text{M}$ GA 处理暗光切换前 2 小时的离体花朵，连续拍摄记录。以暗光切换后 2 小时花朵面积为基准，计算各时间点相对面积比，绘制衰老曲线（图 5A）。结果显示，从光照 4 小时（衰老起始）起，GA 处理组与对照组即出现差异，且差异持续至光照 13 小时。特别是暗光切换后 6-7 小时，处理组和对照组有着

明显差异，如图 5B 所示，可将花期延长约 2-3 小时。在按春夏日照时长计，该时段仍处于白天，花期延长对提升观赏价值具有重要意义。

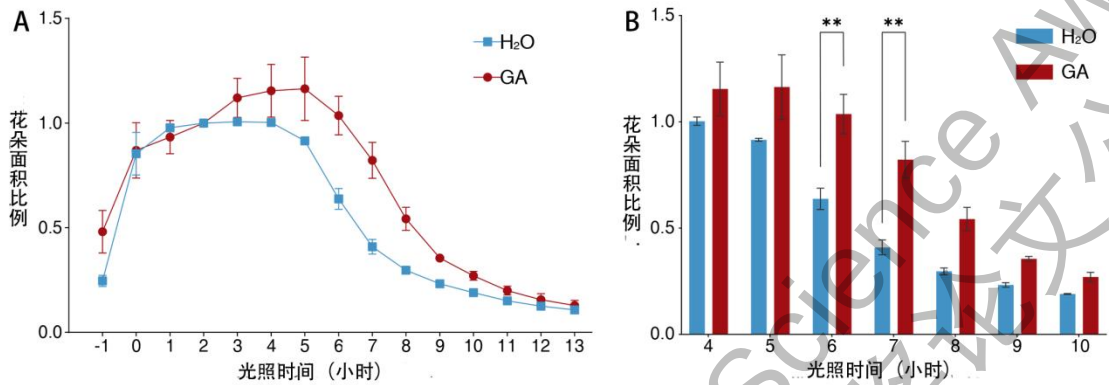


图 5 GA 处理花朵后花朵的凋谢情况

图 5 说明：图中横坐标光照时间指的是光照周期中培养箱灯亮的时间。

*表示两者差异的大小，**表示 $p < 0.01$ 。每个处理三个重复。

3.5 不同时期花朵转录组分析

用 RNA-SEQ 的方法，通过对花朵不同发育时期样本的转录组分析，找到了一系列和 GA 合成或者活性发挥相关基因的变化，如图 6 中 “*” 所示 gibberellin-regulated protein 6-like、gibberellin-regulated protein 3-like 等下游响应基因随着 GA 含量的下降而下降，这也和测定的激素含量一致。

在总多表达量下降的基因中，还有一类和 GA 合成相关基因值得特别关注，图 6 中 “**” 表示。ent-kaurene oxidase 是 GA 生物合成的关键限速酶，该酶直接且正相关地决定了植物体内 GA 的合成速率和最终含量，转录组结果显示了编码该酶的基因在花朵完全打开后的急剧下降，和我们测定的 GA 含量一致。另外一个基因是 gibberellin

20 oxidase 1-like, GA20 ox 也是植物体内合成 GA 的一个重要酶, 该酶负责将无活性的前体物质转化为有生物学活性的赤霉素。从图 6 中可以看出, 该基因在花朵的中后期转录水平急剧下降。这些基因转录水平的降低可能会是 GA 含量减少的重要原因, 可以作为后期改造牵牛花的靶向基因。

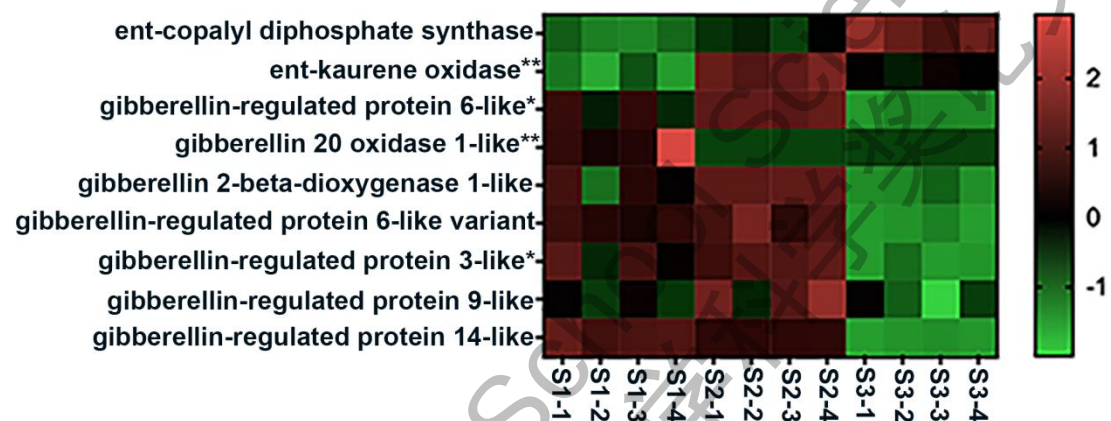


图 6 不同花期中 GA 合成和功能相关基因的转录组变化

图 6 说明: 图中颜色从绿色到红色表明转录水平的增加, 左边基因名上的“*”表示为和 GA 下游调控相关的转录组水平降低的基因, “**”表示和 GA 合成水平和活性状态调节相关的基因。下标表示了 S1、S2、S3 三个不同花期, 每个花期 4 个重复。

4. 讨论与展望

本研究以牵牛花为材料, 系统探讨了赤霉素 (GA) 在其花朵衰老过程中的调控作用。实验结果表明, 内源 GA 水平在花苞期 (S1 至 S2 阶段) 显著上升, 至盛花期 (S3) 则急剧下降, 这一动态变化

与花朵的衰老进程呈现显著负相关。外源施加 3 μM GA 可有效延缓离体牵牛花的衰老,尤其在光照后 6–9 小时表现出显著的延长效应 ($P < 0.05$) , 可延长花期约 2~3 小时, 进一步证实 GA 在花瓣寿命调控中具有积极作用 (图 7) 。此外, 乙烯利处理未引起明显衰老加速, 这与牵牛花作为乙烯不敏感型植物的特性一致, 而 ABA 和 IAA 则显示出促进凋谢的作用, 与文献报道相符。

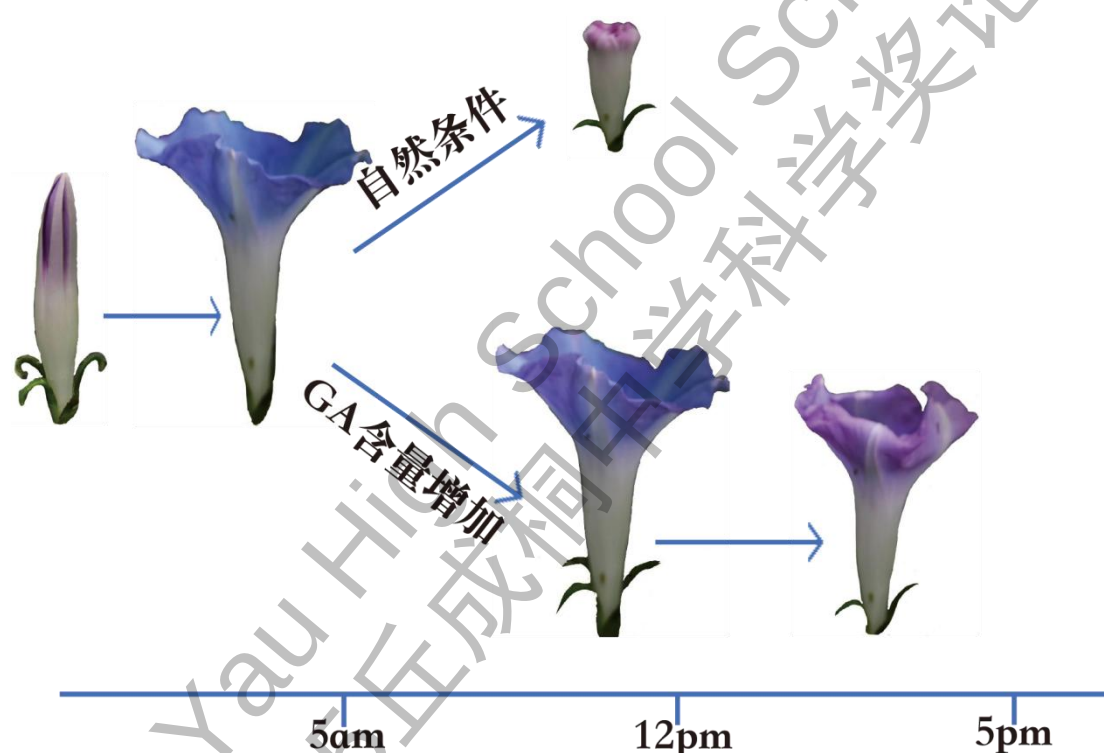


图 7 GA 在牵牛花期维持中的作用

在分子机制方面, 通过 RNA-SEQ 技术对不同花发育时期 (S1、S2、S3) 的转录组进行比较分析, 我们筛选出多个 GA 生物合成、信号转导及下游响应基因, 其表达模式与内源 GA 含量高度一致。例如, ent-kaurene oxidase 和 GA20ox 作为 GA 合成途径中的关键酶编码基因,

在盛花期显著下调，可能是导致 GA 含量下降的直接原因。同时，多个赤霉素调控蛋白基因 *gibberellin-regulated protein 6-like*、*gibberellin-regulated protein 3-like* 等的表达量也随花朵开放而逐渐降低，进一步支持 GA 信号在花瓣衰老中的积极作用逐渐减弱。这些基因为后续开展牵牛花花期延长的遗传改良提供了重要靶点。

从生物学意义来看，GA 作为一种促进生长的激素，其在花苞期积累可能有助于花瓣细胞扩展和花冠展开，而盛花期后的迅速下降则可能解除了对衰老相关基因的抑制，从而启动程序性细胞死亡过程。这一机制在牵牛花这类短寿命花卉中尤为关键，不仅影响其观赏寿命，也可能与资源再分配和繁殖策略有关。本研究首次在牵牛花中建立了 GA 含量动态、外源激素效应与转录组响应之间的直接联系，填补了该物种在激素调控花瓣衰老方面的分子背景空白。

展望未来，本研究结果具有潜在的应用价值。一方面，可利用 CRISPR/Cas9 等基因编辑技术对上述关键 GA 合成或信号基因进行定向调控，例如构建花瓣特异性启动子驱动 GA 合成相关基因的表达，以期获得花期延长的牵牛花新种质。另一方面，GA 处理本身也可发展为一种采后保鲜技术，应用于切花或盆栽牵牛花的商品化生产。此外，本研究采用的离体花朵实验系统与图像分析相结合的方法，为花卉衰老研究提供了可重复、易量化的技术路径，适用于其他物种或激素互作研究。

当然，本研究仍存在一些局限性，例如尚未开展 GA 信号突变体的验证实验，GA 与其他激素的互作机制也有待进一步解析。后续工作可结合遗传学、分子生物学及生理学方法，在多激素调控网络和环境互作的背景下，更全面揭示牵牛花花朵衰老的调控机制。

5. 参考文献

1. Wouter G. van Doorn , U.v.M., *Flower opening and closure: a review*. Journal of Experimental Botany, 2003. **54**(389): p. 12.
2. Wouter G. van Doorn , C.K., *Flower opening and closure: an update*. Journal of Experimental Botany, 2014. **65**(20): p. 9.
3. Trivellini, A., Ferrante, A., Vernieri, P., Serra, G., Tognoni, F., *The role of ethylene and light in the senescence of ornamental plants*. Plant Growth Regulation, 2011. **65**(2): p. 13.
4. Nobutoshi Yamaguchi, C.M.W., Miin-Feng Wu, Yuri Kanno, Ayako Yamaguchi, Mitsunori Seo, Doris Wagner, *Gibberellin Acts Positively Then Negatively to Control Onset of Flower Formation in Arabidopsis*. Science, 2014. **344**: p. 4.
5. Peng, J., *Gibberellin and Jasmonate Crosstalk during Stamen Development*. Journal of Integrative Plant Biology, 2009. **51**(12): p. 7.
6. J., S., *DENSITY-DEPENDENT POLLINATOR FORAGING, FLOWERING PHENOLOGY, AND TEMPORAL POLLEN DISPERSAL PATTERNS IN LINANTHUS BICOLOR*. Evolution, 1983. **37**(6): p. 11.
7. 黄双全, 郭., *传粉生物学的研究进展*. 科学通报 . , 2000. **3**.
8. Aaron Santner, L.I.A.C.-V.a.M.E., *Plant hormones are versatile chemical regulators of plant growth*. nature chemical biology 2009. **5**(5): p. 7.
9. van Doorn, W.G., Woltering, E. J. , *Physiology and molecular biology of petal senescence*. Journal of Experimental Botany, 2008. **59**(3): p. 28.
10. Shibuya, K., *Molecular aspects of flower senescence and strategies to improve flower longevity*. Breeding Science, 2018. **68**(1): p. 10.
11. DOORN, W.G.V., *Does Ethylene Treatment Mimic the Effects of Pollination on Floral Lifespan and Attractiveness?* Annals of Botany 89: 375±383, 2002. **89**: p. 9.
12. Rogers, H.J., *From models to ornamentals: how is flower senescence regulated?* Plant Molecular Biology, 2013. **82**(6): p. 12.

13. 孙玉楚, 圆叶牵牛花花冠闭合的机理. 河南师范大学硕士毕业论文, 2021.
14. R. Hayama, T.M., and G. Coupland, *Differential effects of light-to-dark transitions on phase setting in circadian expression among clock-controlled genes in Pharbitis nil*. PLANT SIGNALING & BEHAVIOR, 2018. **13**(6): p. 7.
15. Yoshihito Shinozaki , R.T. and I.O. Hanako Ono , Motoki Kanekatsu , Wouter G. van Doorn , Tetsuya Yamada, *Length of the dark period affects flower opening and the expression of circadian-clock associated genes as well as xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase genes in petals of morning glory (Ipomoea nil)*. Plant Cell Rep, 2014. **33**: p. 11.
16. Koning, R.E., *The Role of Ethylene in Corolla Unfolding in Ipomoea Nil (CONVOLVULACEAE)*. American Journal of Botany, 1986. **73**(1): p. 4.
17. Tomoko Yamada, R.Y., Mikiko Iwaya, Yuki Ichimura, Kazuo Ichimura, *Involvement of ABA in the senescence of Ipomoea nil corollas*. Plant Science, 2007. **173**(6): p. 7.
18. LANG, G.W.M.B.A.A., *Comparison of endogenous gibberellins and of the fate of applied radioactive gibberellin a(1) in a normal and a dwarf strain of Japanese morning glory*. Plant Physiol. , 1972. **49**: p. 6.
19. Kenichi Shibuya, K.S., Tomoko Niki and Kazuo Ichimura, *Identification of a NAC transcription factor, EPHEMERAL1, that controls petal senescence in Japanese morning glory*. The Plant Journal 2014. **79**: p. 8.
20. Kenichi Shibuya, K.W., Michiyuki Onob, *CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the EPHEMERAL1 locus that regulates petal senescence in Japanese morning glory*. Plant Physiology and Biochemistry, 2018. **131**: p. 53-57.
21. Kenichi Shibuya, T.S., Akira Nozawa, Chikako Takahashi, *A chemical approach to extend flower longevity of Japanese morning glory via inhibition of master senescence regulator EPHEMERAL1*. nature plants, 2023. **10**: p. 12.
22. Shigekazu Takahashi , C.Y., Hideyuki Takahashi and Masahiro Nishihara, *Isolation and Functional Analysis of EPHEMERAL1-LIKE (EPH1L) Genes Involved in Flower Senescence in Cultivated Japanese Gentians*. International Journal of Molecular Science, 2022. **23**(5608): p. 13.

6. 致谢

当今花卉市场中，无论是庭院景观、鲜花消费还是节日礼品，一个核心需求始终居高不下：如何让花朵绽放得更久？消费者已厌倦鲜花短暂的美丽，园艺工作者也在不断追寻花期更长、观赏价值更高的品种。这种对“长久绽放”的渴望，无疑是市场驱动下的明确诉求。

然而，与人类的期望相反，大自然为许多花卉设定了精确的“开放计划”。它们并非不知疲倦地绽放，而是遵循内在的昼夜节律，犹如一个精准的生物钟：清晨开放，傍晚闭合，日复一日。我们所熟悉的牵牛花、睡莲，甚至珍贵的昙花，皆遵循这一规律。这看似浪漫的“花开花合”，实则造成了巨大的观赏价值损耗——我们无法在傍晚欣赏清晨绽放的娇艳，也难以在白日目睹昙花盛开的奇迹。正是这些观察，点燃了我对植物昼夜节律与花周期现象的研究兴趣，并最终形成本论文的课题设想。

在本论文完成之际，谨向所有给予我支持的师长、家人与学术平台，致以最诚挚的谢意。

首先，衷心感谢我的高中科创指导老师——上海中学国际部的廖辉老师。正是他在我基于童年记忆与观察提出初步设想时，给予充分鼓励与支持，引导我将感性的兴趣转化为理性的探索。他建议我系统查阅文献、找准科学切入点，使朦胧的想法逐渐发展为清晰可行的研究方案。也正是在他的推荐下，我有幸获得了来自中国科学院专业研究机构的进一步指导。

特别感谢中国科学院分子植物科学卓越创新中心（CEMPS）的徐麟研究员。徐老师在植物发育领域的深厚造诣，为本课题的顺利推进提供了坚实保障。从构建实验框架到实现具体技术，从突破困难瓶颈到剖析数据结果，乃至最终的论文修改与完善，徐老师始终以高度

的专业热情和耐心给予我启发与指导。没有他的帮助，本研究难以如此顺利地完成。

我还要深深感谢我的父母，他们是最温暖而坚定的后盾。自我确定研究方向起，母亲便不辞辛劳地协助我种植牵牛花、搭建图像记录系统，默默支持日常实验的开展；父亲虽非植物学专业背景，却多次与我深入探讨，并从应用与实践的角度提出诸多宝贵建议，拓宽了我的研究视野。

同时，由衷感谢“丘成桐中学科学奖”为我们提供的学术交流平台。这一契机让我在课业与分数之外，寻找到属于科学的乐趣与意义，也让我更加坚定地向未知世界迈进。

最后，谨向所有参与论文评阅并提出建议的专家老师们，致以最真诚的感谢。