



生菜全生育期代谢调控网络构建与应用

李彦¹, 罗杰^{1,2*}

1. 海南大学南繁学院(三亚南繁研究院), 三亚 572025

2. 崖州湾国家实验室, 三亚 572024

* 联系人, E-mail: jie.luo@hainanu.edu.cn

收稿日期: 2026-01-17; 接受日期: 2026-02-09; 网络版发表日期: 2026-03-23

国家自然科学基金(批准号: 32570318)、海南省高等学校教育教学改革研究项目(批准号: Hnjg2019-17)和海南大学南繁学院教育教学改革工程项目(批准号: HDNF2025-02)资助

生菜(*Lactuca sativa* L.)是设施农业中实现周年高效生产的重要蔬菜, 富含类黄酮、倍半萜内酯、菊苣酸等多种具有抗氧化、抗炎、抗肿瘤活性的次生代谢产物, 是人体摄取这些健康物质的重要膳食来源^[1~3]. 近年来, 随着都市农业和植物工厂的兴起, 生菜因其生长周期短, 基因组信息丰富, 遗传转化体系日益成熟, 被认为是一种极具潜力的“绿色细胞工厂”或合成生物学新底盘, 可用于营养强化或生产高价值天然产物^[4]. 然而, 实现这一目标的前提是对其核心代谢途径合成与调控机制进行系统性、精细化解析.

传统研究多聚焦于单一基因或通路, 难以揭示代谢网络在时空维度上的动态调控规律及其对环境信号的响应机制. 近年来, 以番茄^[5]、水稻^[6]、猕猴桃^[7]等全生育期代谢调控网络为代表的研究, 确立通过整合时空多组学数据构建作物代谢调控全局图谱的研究模式, 为从系统层面理解代谢提供强大工具. 在此背景下, 四川大学生命科学学院张阳教授团队和中国农业科学院都市农业研究所杨晓团队聚焦生菜, 在*Science China Life Sciences*发表题为Multi-omics study reveals a light-dependent regulatory network of flavonoid biosynthesis in lettuce (*Lactuca sativa* L.)的研究论文^[1], 取得从全局代谢调控网络构建到环境信号精细调控解析的突破性进展.

研究首先以紫色生菜品种“紫冠”为材料, 系统采集五个关键发育阶段的根与叶组织, 构建包含201个代谢物和15775个共表达基因的时空多组学图谱. 通过共表达聚类分析, 研究清晰展示叶片类黄酮的积累动态(主要在地上部叶组织, 其含量在第2~4周急剧上升, 4~8周维持在较高水平, 8~10周显著下降). 以此为基础, 研究成功鉴定出三个关键转录因子: LsBBX20, LsMYB114和LsMYB114-like.

深入的功能与机制研究表明, 这三个转录因子构成一个精密的光依赖转录级联调控模块: 光信号通过稳定B-box家族蛋白LsBBX20(黑暗下被降解), 使其能够直接激活类黄酮合成途径结构基因和下游LsMYB114和LsMYB114-like的表达; 后者继而直接结合并激活花青素合成基因(如LsDFR, LsANS)的启动子, 最终驱动木犀草素、槲皮素及花青素糖苷的合成与积累. 该研究首次在生菜中揭示从光信号感知到类黄酮积累的完整代谢通路, 阐明设施光照管理直接影响生菜营养品质的内在机理, 为“光-品质”协同优化栽培提供直接分子靶标. 从“相关性网络”到“因果性调控模块”的跨越, 不仅绘制生菜代谢的时空图谱, 更揭示一个可解释环境(光)如何影响品质(黄酮)的分子开关, 为“环境-代谢-品质”互作研究提供精密的分子模型.

在类黄酮研究基础上, 团队进一步拓展至另一类

引用格式: 李彦, 罗杰. 生菜全生育期代谢调控网络构建与应用. 中国科学: 生命科学, 2026, 56: 1038–1040

Li Y, Luo J. Elucidation and application of the metabolic regulatory network across developmental stages in lettuce (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2026, 56: 1038–1040, doi: 10.1360/SSV-2026-0016

重要代谢物-倍半萜内酯。以富含木香烃内酯的生菜为材料,通过多组织转录组分析,研究者鉴定出一个乙烯响应因子LsERF166,能够直接激活包括染色体上与之物理相邻的LsCOS在内的整个木香烃内酯合成通路基因的表达式[3]。这一发现不仅首次解析生菜中倍半萜内酯合成的转录调控机制,更重要的是揭示一种“转录因子与靶基因染色体共定位”可能作为确保复杂代谢通路协同高效表达的进化策略,为合成生物学中设计稳定高效的代谢模块提供全新思路。

团队在研究生菜菊苣酸合成途径时发现,利用已报道的合成基因筛选同源基因时,在BAHD家族中,仅发现HQT,未找到HTT同源基因。进一步通过生菜毛状根基因编辑,代谢物分析及体外酶活等实验证实,生菜通过四个串联重复的SCPL酰基转移酶基因,分工合作完成菊苣酸的合成。并且这种串联重复的SCPL基因及其功能分化在含有菊苣酸的多个菊苣族植物中普遍存在[4]。该研究不仅揭示一条全新的菊苣酸合成路径,更重要的是提供具有不同底物特异性的系列化SCPL酶元件,为在异源体系中理性设计并优化菊苣酸合成途

径提供宝贵的“工具箱”。

代谢是生命活动的物质与能量基础,其动态网络精准调控作物的生长、发育、品质与抗性。继番茄、水稻和猕猴桃等代谢调控网络之后,生菜这一全球性叶用蔬菜,也建立起时空多组学图谱,并成功解析一个由LsBBX20-LsMYB114/LsMYB114-like构成的光依赖黄酮合成调控模块。该研究不仅延续了基于全生育期个体多组学解析代谢调控的模式,更通过聚焦关键营养代谢物,紧扣环境信号互作,实现从“描绘全局图谱”到“解析精细调控”的深化,标志着作物代谢生物学研究正向系统化、机理化和设计化迈进。

张阳教授团队围绕生菜次生代谢的系列研究,清晰地展示一条从系统生物学发现到合成生物学应用的完整路径。从构建静态的“个体多组学关联网络”(类黄酮),发展到解析动态的“环境信号-转录-代谢”层级调控网络(光-LsBBX20-MYB),再延伸到揭示“染色体共定位-自调控”模块(倍半萜-LsERF166)和“酶基因串联复制-功能分化”的进化机制(菊苣酸-SCPLs)(图1),体现出研究深度与广度的不断提升。

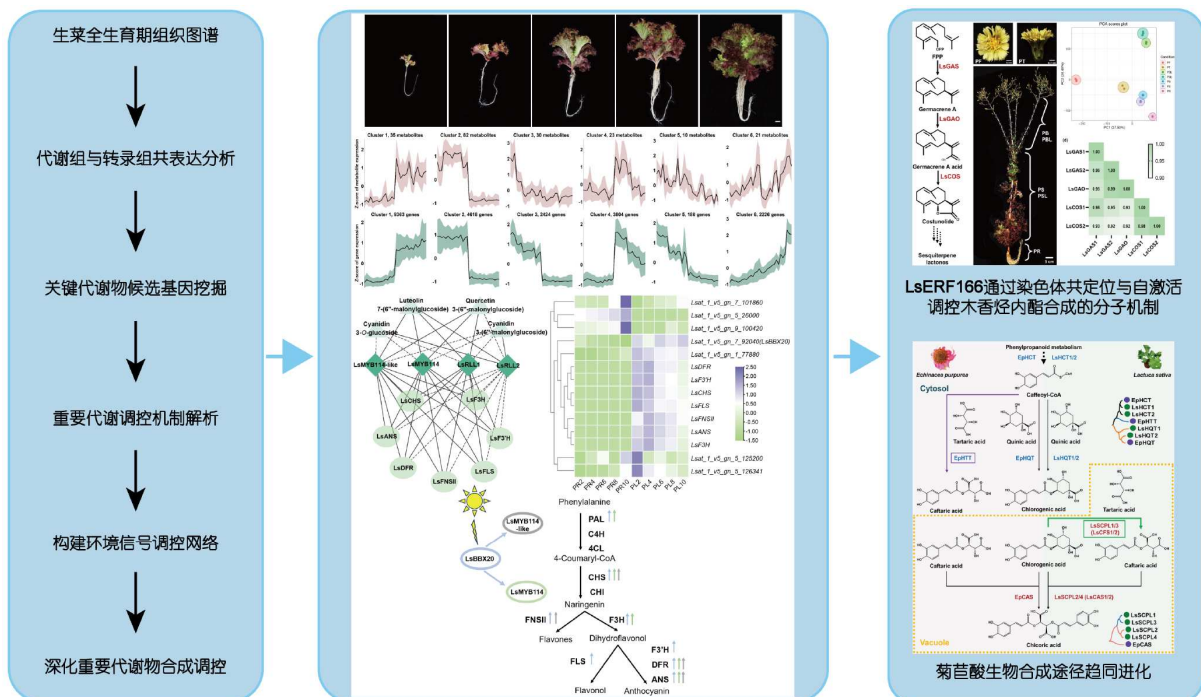


图1 基于生菜个体组学的层级代谢调控网络构建与深度解析(图片修改自文献[1,3,4],已分别获得Science China Press, John Wiley and Sons和The American Association for the Advancement of Science版权许可)

Figure 1 Integrated multi-omics analysis and elucidation of the hierarchical metabolic regulatory networks in Lettuce (adapted from refs. [1,3,4] with copyright permissions from Science China Press, John Wiley and Sons, and The American Association for the Advancement of Science, respectively)

基于这些系统性认知, 生菜作为合成生物学底盘的潜力将得到极大释放. 一方面, 可通过编辑 LsBBX20, LsMYB114 等内源调控因子, 培育在弱光下仍能高效积累类黄酮的智能化品种; 另一方面, 可利用 LsERF166 转录因子或 SCPL 等酶元件在生菜中优化如

菊苣酸、木香烃内酯、菊苣酸等高价天然产物的合成途径. 随着植物高效遗传转化体系和蛋白精准调控技术的进一步发展, 生菜有望从一个传统的叶用蔬菜, 转变为一个高效、可控的“光合细胞工厂”, 为功能食品开发和绿色生物制造开辟新途径.

参考文献

- 1 Xiang Y, Zheng S, Wang H, et al. Multi-omics study reveals a light-dependent regulatory network of flavonoid biosynthesis in lettuce (*Lactuca sativa* L.). *Sci China Life Sci*, 2025, 68: 2442–2455
- 2 Yang X, Gil M I, Yang Q, et al. Bioactive compounds in lettuce: highlighting the benefits to human health and impacts of preharvest and postharvest practices. *Comp Rev Food Sci Food Safe*, 2022, 21: 4–45
- 3 Xiang Y, Zheng S, Chen B, et al. Self-activating and chromosomally colocalized LsERF166 positively regulates costunolide biosynthesis in lettuce. *New Phytol*, 2025, 247: 2231–2244
- 4 Xiang Y, Liang T, Yang R, et al. Functional divergence of tandem duplicate SCPL acyltransferase genes reveals convergent evolution of chicoric acid biosynthesis. *Sci Adv*, 2025, 11: eady8282
- 5 Li Y, Chen Y, Zhou L, et al. MicroTom metabolic network: rewiring tomato metabolic regulatory network throughout the growth cycle. *Mol Plant*, 2020, 13: 1203–1218
- 6 Yang C, Shen S, Zhou S, et al. Rice metabolic regulatory network spanning the entire life cycle. *Mol Plant*, 2022, 15: 258–275
- 7 Wang R, Shu P, Zhang C, et al. Integrative analyses of metabolome and genome-wide transcriptome reveal the regulatory network governing flavor formation in kiwifruit (*Actinidia chinensis*). *New Phytol*, 2022, 233: 373–389

Elucidation and application of the metabolic regulatory network across developmental stages in lettuce

LI Yan¹ & LUO Jie^{1,2*}

¹ School of Breeding and Multiplication (Sanya Institute of Breeding and Multiplication), Hainan University, Sanya 572025, China

² Yazhouwan National Laboratory, Sanya 572024, China

* Corresponding author; E-mail: jie.luo@hainanu.edu.cn

doi: [10.1360/SSV-2026-0016](https://doi.org/10.1360/SSV-2026-0016)