

基于广泛靶向代谢组学鉴定不同花色百合品种中的花青素苷组成及差异

顾澜亭

(北京林业大学园林学院, 北京 100083)

摘要: 百合是重要观赏与经济花卉, 花色是其核心商品性状, 而花青素苷是调控百合粉色、红色、紫色等色系形成的关键物质。传统杂交育种周期长、效率低, 解析百合花色素形成的代谢基础是实现花色定向改良的关键。本研究以6个不同花色百合品种为材料, 采用广泛靶向代谢组学(UPLC-MS/MS)系统解析花青素苷组成、含量与花色表型的关系。共鉴定出32种花青素苷, 分属矢车菊素、芍药素、飞燕草素、天竺葵素四大类型, 其中3种为共有核心组分。不同色系百合的花青素苷种类与含量差异显著, 总含量随花色加深明显升高, 白色品种最低。多元统计分析表明, 花青素苷积累模式与花色表型高度一致, 可作为百合花色分类的稳定指标。相关性分析显示, 花青素苷的种类与含量直接决定百合花色的色相、明度与饱和度。本研究首次系统阐明多色系百合花青素苷代谢特征, 丰富了相关代谢数据库, 为百合花色定向育种、品种改良与品质评价提供了重要科学依据与技术支撑。

关键词: 广泛靶向代谢组学; 百合品种; 花色; 花青素苷组成; 差异代谢物; 代谢机制; 花色育种

中图分类号: S682

文献标识码: B

文章编号: 3106-2547(2025)01-0001-10

DOI: 10.62022/FHR.issn3106-2547.2025.01.001

Identification of Anthocyanin Composition and Differences in Lily Cultivars with Different Flower Colors Based on Widely Targeted Metabolomics

Gu Lanting

(College of Landscape Architecture, Beijing Forestry University, Beijing 100083)

Abstract: *Lilium* spp. is a perennial bulbous flower of the Liliaceae family with high ornamental and economic value worldwide. Flower color is one of its most important ornamental traits, and anthocyanins, as key water-soluble flavonoid secondary metabolites, determine the formation of pink, red, purple and other colors in lilies. With the development of the flower industry, traditional cross-breeding is inefficient, and clarifying the metabolic mechanism of lily flower color is critical for targeted improvement. In this study, widely targeted metabolomics based on UPLC-MS/MS was used to analyze anthocyanin profiles in petals of six lily cultivars with different colors. A total of 32 anthocyanins were identified, belonging to four types: cyanidin, peonidin, delphinidin and pelargonidin. The total anthocyanin content varied significantly among cultivars and increased with color deepening. Multivariate statistical analysis showed that anthocyanin accumulation patterns were highly consistent with flower color phenotypes, and could be used as stable indicators for color classification. Correlation analysis confirmed that anthocyanin composition and content directly determined flower hue, lightness and chroma. This study systematically revealed the anthocyanin metabolic characteristics of lilies with diverse colors for the first time, enriching the metabolomic database and providing a scientific basis for targeted breeding, variety improvement and quality evaluation of lilies.

Keywords: Widely targeted metabolomics; Lily cultivars; Flower color; Anthocyanin composition; Differential metabolites; Metabolic mechanism; Flower color breeding

1 引言

1.1 研究背景

1.1.1 百合的观赏价值与经济价值

百合(*Lilium* spp.)隶属于百合科(Liliaceae)百合属, 是一类多年生球根花卉, 起源于北半球温带和亚热带地区, 全球约有110个原生种, 广泛分布于中国、日本、韩国、北美及欧洲等地, 其中中国是百合原生种资源最丰富的国家,

约有55个原生种, 占全球总数的50%以上, 主要分布于西南、西北、东北等地区, 是百合种质资源的重要起源中心(张启翔, 2021)。百合因其花型端庄典雅、花色丰富艳丽、花姿优美动人, 且兼具清新宜人的香气, 自古以来就深受人们的喜爱, 在花卉文化中占据重要地位, 是象征纯洁、高贵、吉祥、幸福的传统名花, 广泛应用于婚庆礼仪、节日庆典、家居装饰、庭院造景及专类园建设等多个场景。

作者简介: 顾澜亭, 博士, 副教授, 研究方向为观赏植物种质资源与遗传育种。

在观赏应用方面,百合的应用形式极为广泛,主要分为鲜切花、盆栽观赏、庭院栽培三大类。其中,鲜切花是百合最主要的应用形式,凭借其花枝挺拔、花型饱满、瓶插期长(通常为7-15天)等优势,成为全球五大鲜切花之一,与玫瑰、康乃馨、菊花、郁金香并列,占据全球鲜切花市场的重要份额。据统计,全球百合鲜切花年消费量超过100亿枝,其中欧洲、北美、日本是主要消费市场,而中国作为新兴的百合消费市场,近年来鲜切花消费量持续增长,年增长率达15%以上,成为推动全球百合产业发展的重要动力(贾桂霞等,2024)。盆栽百合则以其株型紧凑、花色鲜艳、养护简便等特点,深受家庭园艺爱好者的喜爱,广泛应用于阳台、窗台、客厅等室内装饰场景,市场需求逐年扩大^[1];庭院栽培百合则主要用于公园、植物园、住宅小区、道路绿化等公共空间的景观营造,其丰富的花色与优雅的花姿能够有效提升景观层次感与美观度,营造出浪漫、温馨、自然的景观氛围。

除了极高的观赏价值,百合还具有显著的经济价值,形成了涵盖种质资源收集、品种选育、种苗繁殖、栽培生产、采后处理、市场销售等环节的完整产业链,为全球农业经济发展做出了重要贡献。在种苗生产方面,百合种苗主要分为种球繁殖与组织培养繁殖两种方式,其中种球繁殖是目前主流的繁殖方式,全球百合种球年交易量超过50亿粒,荷兰、新西兰、美国等国家是主要的种球生产国,而中国近年来也逐步加大百合种球国产化力度,种球自给率不断提升,有效降低了对进口种球的依赖(范文广等,2023)。在栽培生产方面,百合的栽培模式分为设施栽培与露地栽培,设施栽培能够精准控制温度、湿度、光照等环境条件,实现百合的周年生产,满足市场全年的需求,而露地栽培则主要用于批量生产鲜切花与种球,具有成本低、规模大等优势^[2]。

此外,百合还具有一定的药用价值与食用价值,其鳞茎富含淀粉、蛋白质、多糖、生物碱等营养成分,具有养阴润肺、清心安神等功效,在传统中医药中被广泛应用;同时,百合鳞茎还可作为蔬菜食用,口感细腻、营养丰富,深受消费者喜爱,进一步拓展了百合的经济价值。随着消费升级与花卉产业的快速发展,市场对百合品种的需求日益多元化,不仅要求百合具有优美的花型与清新的香气,更对花色的新颖性、多样性、稳定性提出了更高的要求。不同色系的百合在应用场景中具有明显的差异化优势,例如白色百合象征纯洁、高雅,常用于婚庆、葬礼等场景;粉色百合象征浪漫、温馨,适合用于情人节、母亲节等节日礼品;紫色百合象征高贵、神秘,常用于高端宴会、商

务礼仪等场合;复色系百合则因其独特的花色图案,具有极高的观赏价值与收藏价值,成为市场的新宠(陈俊愉,2011)。

然而,目前市场上的百合品种花色仍存在一定的局限性,主要集中在白色、粉色、紫色等传统色系,新颖花色(如蓝色、黑色、绿色等)品种稀缺,难以满足市场多样化的需求^[3]。同时,部分百合品种存在花色不稳定、瓶插期短、抗逆性差等问题,影响了其商品价值与市场竞争力。因此,系统解析百合花色形成的物质基础与代谢机制,开展花色定向育种,培育花色新颖、色彩稳定、品质优良的百合新品种,对于提升百合产业的核心竞争力,推动百合产业高质量、可持续发展具有重要的现实意义。

1.1.2 花青素苷对花色的决定作用

植物花色是植物在长期进化过程中形成的重要性状,不仅具有极高的观赏价值,还在植物的生长发育过程中发挥着重要的生物学功能,如吸引传粉昆虫、抵御紫外线辐射、防止病虫害侵袭等。植物花色的形成是多种色素协同作用的结果,主要包括花青素苷、类胡萝卜素、类黄酮、叶绿素等,其中花青素苷是决定植物红、粉、紫、蓝等色系形成的核心色素,也是植物体内分布最广泛、种类最丰富的次生代谢物之一(戴思兰等,2016)。

花青素苷(Anthocyanins)是一类水溶性黄酮类次生代谢物,属于多酚类化合物,主要存在于植物的花瓣、果实、叶片、茎等器官的液泡中,其颜色会随着环境条件(如pH值、温度、光照)与自身结构的变化而发生改变。在酸性条件下,花青素苷呈红色;在中性条件下,呈紫色;在碱性条件下,呈蓝色,这种颜色变化特性使得植物能够呈现出丰富多样的花色表型。花青素苷的基本结构是2-苯基苯并吡喃阳离子(花色素阳离子),根据B环上羟基的数量与位置,可将其分为六大类,分别是天竺葵素(Pelargonidin, Pg)、矢车菊素(Cyanidin, Cy)、芍药素(Peonidin, Pn)、飞燕草素(Delphinidin, Dp)、矮牵牛素(Petunidin, Pt)、锦葵素(Malvidin, Mv),其中天竺葵素、矢车菊素、芍药素主要存在于红色、粉色、紫色系植物中,飞燕草素、矮牵牛素、锦葵素主要存在于蓝色、紫色系植物中(安利清等,2014)。

在植物体内,花青素苷并非以游离态存在,而是通过糖苷化、甲基化、酰基化等修饰方式形成稳定的衍生物,其中糖苷化是最常见的修饰方式,主要发生在花色素阳离子的3位、5位、7位羟基上,修饰糖基主要包括葡萄糖、半乳糖、鼠李糖、芸香糖等,形成单糖苷、二糖苷、三糖苷等多种形式^[4]。糖苷化修饰不仅能够提高花青素苷的水溶性

与稳定性，还能改变其吸收光谱，影响植物的呈色效果；甲基化修饰则主要发生在B环的羟基上，能够降低花青素苷的水溶性，使花色向紫色、紫红色方向偏移；酰基化修饰则主要发生在糖基的羟基上，能够增强花青素苷的稳定性，防止其在光照、高温等条件下降解，同时还能改变花色的明度与饱和度（王珍等，2023）。

百合作为花色丰富的观赏植物，其花色形成主要依赖于花青素苷与类胡萝卜素的协同调控，其中花青素苷主导粉色、红色、紫色、紫红色等色系形成，类胡萝卜素则主导黄色、橙色等色系形成，而白色百合则主要是由于花青素苷与类胡萝卜素含量极低，花瓣呈现出无色透明的状态。研究表明，百合花青素苷的种类与含量直接决定了其花色的色相与深浅，例如，高含量的矢车菊素衍生物会使百合呈现出深红色、玫红色；高含量的芍药素衍生物会使百合呈现出粉色、浅紫色；高含量的飞燕草素衍生物会使百合呈现出深紫色、蓝紫色；而天竺葵素衍生物则主要与橙色、橙红色百合的形成相关（杨航等，2025）。

此外，花青素苷的配比关系也会影响百合的花色表型，例如，矢车菊素与芍药素的比例不同，会使百合呈现出从粉色到紫红色的不同色调；飞燕草素与矢车菊素的协同积累，则会使百合呈现出深紫色、紫红色等深色系^[5]。同时，环境因素也会影响百合花青素苷的积累与呈色，例如，充足的光照能够促进花青素苷的合成，使花色更加鲜艳；低温环境能够抑制花青素苷的降解，延长花色的保持时间；而pH值的变化则会导致花青素苷的颜色发生改变，影响百合的观赏效果（陈洁等，2012）。

综上所述，花青素苷作为百合花色形成的核心物质，其种类、含量、修饰方式及配比关系，直接决定了百合花朵的色相、明度与饱和度，是百合花色多样性的物质基础。因此，精准鉴定不同花色百合品种中花青素苷的组成与含量，解析其差异特征，对于揭示百合花色形成的代谢机制，实现花色定向改良具有重要的理论意义与实践价值。

1.1.3 代谢组学在植物代谢物研究中的应用

随着系统生物学的快速发展，基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学等组学技术已成为解析生物体内生命活动规律的核心工具，其中代谢组学作为系统生物学的重要组成部分，主要研究生物体内低分子量代谢物（分子量小于1000 Da）的种类、含量及其变化规律，能够直观反映生物体在特定时空条件下的生理状态与表型特征，是连接基因型与表型的重要桥梁（Fiehn，2002）。

代谢组学的概念最早由英国科学家Nicholson于1999年提出，其核心思想是通过高通量检测技术，全面定性定量

分析生物体内的代谢物，构建代谢物图谱，进而揭示代谢物与生物表型、生理功能之间的内在关联。经过二十多年的发展，代谢组学技术已逐步成熟，形成了一套完整的研究体系，主要包括样品制备、代谢物提取、分离检测、数据分析四个核心环节，其中分离检测技术与数据分析方法的进步，是推动代谢组学快速发展的关键（Want et al., 2005）。

目前，代谢组学技术主要分为三大类，分别是非靶向代谢组学、靶向代谢组学与广泛靶向代谢组学。非靶向代谢组学主要采用高分辨质谱技术，对生物体内的所有代谢物进行无差别的扫描检测，能够全面覆盖生物体内的代谢物，适合用于代谢物的筛选与发现，但存在定性准确性低、定量精度差、重复性不佳等缺点；靶向代谢组学则是针对已知的目标代谢物，采用精准的检测技术进行定量分析，具有定性准确、定量精度高、重复性好等优点，但覆盖范围有限，只能检测预设的目标代谢物，无法发现新的代谢物；广泛靶向代谢组学则整合了非靶向代谢组学的广谱覆盖优势与靶向代谢组学的精准定量特点，依托自建的大规模二级质谱数据库，通过多反应监测（MRM）模式，能够同时实现对成百上千种代谢物的高效定性与精确定量，具有灵敏度高、重复性好、覆盖面广、检测速度快等显著优势，已成为目前植物代谢组学研究中最常用的技术手段（Chen et al., 2013）。

代谢组学技术凭借其独特的优势，已广泛应用于植物学研究的多个领域，包括植物次生代谢研究、逆境响应研究、品质评价研究、品种鉴定研究、遗传育种研究等。在植物次生代谢研究中，代谢组学技术能够全面解析植物体内次生代谢物的组成与代谢通路，揭示次生代谢物的合成调控机制，例如，利用代谢组学技术研究月季、菊花、牡丹、郁金香等观赏植物的花色代谢，鉴定出了决定花色形成的关键色素代谢物，解析了色素代谢的调控通路（戴思兰等，2016）；在逆境响应研究中，代谢组学技术能够检测植物在干旱、高温、低温、盐胁迫等逆境条件下代谢物的变化，揭示植物的抗逆机制，为抗逆品种的选育提供科学依据（Wang et al., 2020）；在品质评价研究中，代谢组学技术能够建立植物品质与代谢物之间的关联，构建品质评价体系，用于植物品种的品质分级与筛选（Li et al., 2022）；在品种鉴定研究中，代谢组学技术能够通过分析不同品种间的代谢物差异，构建品种特异性代谢指纹图谱，实现对植物品种的快速鉴定与区分（Zhang et al., 2021）；在遗传育种研究中，代谢组学技术能够筛选与目标性状相关的代谢标记，用于辅助育种，缩短育种周期，提高育种

效率 (Zhao et al., 2023)。

在观赏植物研究领域,代谢组学技术已成为解析花色形成机制、开展花色育种的核心工具。例如,贾桂霞等(2024)采用代谢组与时序转录组联合分析技术,研究了OT百合花瓣中花青素与类胡萝卜素的代谢通路,揭示了两者协同调控OT百合花色形成的分子机制;王珍等(2023)利用代谢组学技术,解析了百合花瓣斑点形成中花青素苷的合成规律,鉴定出了与斑点形成相关的关键代谢物;范文广等(2023)通过代谢组学分析,研究了不同百合品种花青素苷的组成差异,为百合花色育种提供了科学依据。这些研究表明,代谢组学技术能够有效解析观赏植物的代谢规律,为花色改良与品种选育提供可靠的技术支撑。

广泛靶向代谢组学作为一种新型的代谢组学技术,与传统的非靶向、靶向代谢组学技术相比,具有显著的优势,尤其适用于花青素苷、黄酮苷等结构类似、种类繁多、含量差异大的次生代谢物研究^[6]。该技术能够快速、精准地鉴定出不同样品中的代谢物种类与含量,同时能够发现新的差异代谢物,为植物代谢机制的解析提供更全面、更准确的数据支撑。目前,广泛靶向代谢组学技术已在水稻、小麦、玉米、拟南芥等模式植物,以及月季、菊花、牡丹、百合等观赏植物中得到广泛应用,取得了一系列重要的研究成果,为植物科学研究的发展提供了强大的技术支持 (Chen et al., 2019)。

1.2 研究目的与意义

1.2.1 研究目的

本研究以市场主流、性状稳定的不同花色百合品种为试验材料,采用广泛靶向代谢组学技术,结合超高效液相色谱-串联三重四极杆质谱(UPLC-MS/MS)检测平台,系统开展以下研究工作,明确研究目标,为百合花色代谢机制解析与花色育种提供科学依据:

第一,系统鉴定不同花色百合品种花瓣中花青素苷的种类、修饰方式与含量,构建不同花色百合品种的花青素苷代谢图谱,明确各品种花青素苷的组成特征,填补多色系百合花青素苷系统鉴定的研究空白^[7]。选取白色、浅粉色、深粉色、玫红色、紫红色、橙红色等典型色系的百合品种,涵盖东方百合、OT杂种百合、亚洲百合等主要栽培类群,确保试验材料的代表性与多样性;通过广泛靶向代谢组学技术,对百合花瓣中的花青素苷类代谢物进行高通量定性与定量检测,依托自建的花青素苷二级质谱数据库,结合保留时间、母离子/子离子对匹配等方式,精准鉴定花青素苷的种类与修饰形式,采用峰面积法计算各花青素苷的相对含量与绝对含量,明确不同花色百合品种中花青素苷的

组成差异。

第二,筛选不同花色百合品种间具有显著差异的花青素苷代谢物,明确差异代谢物的种类、含量变化规律及分布特征,确定不同花色百合品种的特征花青素苷组分。通过多元统计分析方法(主成分分析、层次聚类分析、正交偏最小二乘判别分析等),对不同花色百合品种的花青素苷代谢数据进行分析,筛选出VIP>1且P<0.05的显著差异花青素苷代谢物;分析差异代谢物在不同花色品种中的积累模式,明确深色系与浅色系百合品种差异代谢物的表达特征,确定能够区分不同花色百合品种的特征代谢标记,为百合品种鉴定提供技术支撑。

第三,揭示花青素苷组成、含量与百合花色表型之间的相关性,阐明百合花色形成的代谢规律,建立花青素苷组成与花色表型的关联模型。采用CIE L*a*b*表色系统,测定不同花色百合品种花瓣的色相、明度、饱和度等花色参数;通过相关性分析,计算各花青素苷含量与花色参数之间的相关系数,明确花青素苷种类、含量与花色表型之间的内在关联;结合差异代谢物分析结果,阐明不同花色百合品种花色形成的代谢机制,为百合花青素苷合成通路解析提供代谢表型依据。

第四,为百合花色定向育种、品种改良、品质评价及种苗鉴定提供科学依据与技术支持。通过本研究明确决定百合不同花色的关键花青素苷组分,筛选与花色性状相关的代谢标记,为百合花色定向育种提供靶向目标;建立基于花青素苷代谢谱的百合品种品质评价体系,用于百合品种的品质分级与筛选^[8];开发百合品种快速鉴定技术,实现对不同花色百合品种的精准区分,为百合种苗生产与市场监管提供技术支持。

1.2.2 研究意义

本研究采用广泛靶向代谢组学技术,系统解析不同花色百合品种花青素苷的组成与差异,揭示百合花色形成的代谢机制,具有重要的理论意义与实践意义,具体如下:

(1) 理论意义

首先,本研究首次采用广泛靶向代谢组学技术,对多色系、多类群的百合品种进行系统的花青素苷鉴定与分析,能够全面、精准地揭示不同花色百合品种花青素苷的组成特征、修饰方式与含量差异,丰富百合花青素苷代谢数据库,填补多色系百合花青素苷精准鉴定的研究空白^[9]。以往的百合花青素苷研究多采用传统的高效液相色谱(HPLC)或非靶向代谢组学技术,存在定性不全、定量精度低、覆盖范围有限等问题,而本研究采用的广泛靶向代谢组学技术,能够实现对花青素苷类代谢物的高通量、精准鉴定,

不仅能够鉴定出已知的花青素苷组分，还能发现新的微量修饰型花青素苷，为百合花青素苷代谢研究提供更全面、更准确的数据支撑。

其次，本研究通过分析花青素苷组成、含量与百合花色表型之间的相关性，揭示百合花色形成的代谢规律，完善观赏植物花色形成的代谢调控理论^[10]。目前，关于百合花青素苷的研究主要集中于单一品种或少数色系，对不同花色品种间的代谢差异及与花色表型的关联研究不足，本研究通过多色系百合品种的对比分析，明确了不同花色形成的代谢基础，阐明了花青素苷种类、含量、修饰方式与花色表型之间的内在关联，为观赏植物花色代谢机制的研究提供了新的思路与方法。

最后，本研究的结果能够为百合花青素苷合成通路解析、关键基因挖掘与转录调控研究提供代谢表型依据。花青素苷的合成是一个复杂的代谢过程，涉及多个结构基因与调控基因的协同作用，本研究鉴定的花青素苷组分与差异代谢物，能够为筛选花青素苷合成相关的关键基因提供靶向目标，通过代谢组与转录组、基因组的联合分析，能够进一步解析百合花青素苷的合成调控网络，完善植物次生代谢调控理论，丰富系统生物学研究内容。

(2) 实践意义

首先，本研究明确了决定百合不同花色的特征花青素苷组分，为百合花色定向育种提供了科学依据与技术支撑。传统的百合杂交育种方式周期长（通常需要5-8年）、效率低、随机性强，难以实现花色的定向改良，而本研究筛选的特征花青素苷组分，能够作为花色育种的靶向目标，通过基因编辑、转基因等分子生物学技术，调控花青素苷的合成与积累，实现百合花色的精准改良，培育花色新颖、色彩稳定的百合新品种，缩短育种周期，提高育种效率。

其次，本研究建立了基于花青素苷代谢谱的百合品种品质评价体系与快速鉴定技术，为百合品种的品质分级、种苗鉴定与市场监管提供了技术支持^[11]。目前，百合品种的鉴定主要依靠形态学特征，存在主观性强、准确性低、效率低等问题，而本研究构建的花青素苷代谢指纹图谱，能够作为百合品种鉴定的客观指标，实现对不同花色百合品种的快速、精准区分，同时能够根据花青素苷的组成与含量，对百合品种的观赏品质进行分级，助力优质百合品种的推广与应用。

最后，本研究的结果能够推动百合产业的高质量、可持续发展。百合作为全球重要的观赏花卉，其花色是决定其商品价值与市场竞争力的核心因素，本研究通过解析百合花色形成的代谢机制，能够为百合栽培管理、采后保鲜、

品质提升提供科学依据，例如，通过调控栽培环境条件（光照、温度、水肥等），促进花青素苷的合成与积累，提升百合花朵的观赏品质与瓶插期；同时，本研究的结果还能作为百合花卉深加工提供技术支撑，例如，提取百合花青素苷作为天然色素，应用于食品、化妆品、医药等领域，进一步拓展百合的经济价值。

1.3 国内外研究现状

1.3.1 百合花青素苷研究现状

随着观赏植物花色研究的不断深入，百合花青素苷的研究已成为国内外学者关注的热点领域，近年来，国内外学者围绕百合花青素苷的种类鉴定、合成通路、关键基因挖掘、转录调控等方面开展了大量的研究工作，取得了一系列重要的研究成果，但同时也存在一些不足之处，有待进一步深入探索。

在花青素苷种类鉴定方面，国内外学者通过高效液相色谱（HPLC）、液相色谱-质谱联用（HPLC-MS/MS）等技术，对不同百合品种的花青素苷种类进行了鉴定，证实了百合花青素苷主要包括矢车菊素型、芍药素型、天竺葵素型、飞燕草素型四大类，其中矢车菊素型与芍药素型花青素苷是百合最主要的花青素苷类型，广泛存在于粉色、红色、紫色系百合品种中，而天竺葵素型与飞燕草素型花青素苷则主要存在于橙色、橙红色、深紫色系百合品种中（安利清等，2014）。例如，陈洁等（2012）采用HPLC-MS/MS技术，从东方百合“索邦”花瓣中鉴定出矢车菊素-3-O-葡萄糖苷、芍药素-3-O-葡萄糖苷等6种花青素苷；王珍等（2023）通过代谢组学技术，从百合花瓣斑点中鉴定出矢车菊素-3,5-O-二葡萄糖苷、芍药素-3-O-芸香糖苷等12种花青素苷；国外学者Yamagishi等（2010）从亚洲百合品种中鉴定出天竺葵素-3-O-葡萄糖苷、矢车菊素-3-O-芸香糖苷等花青素苷组分，证实了不同百合品种的花青素苷组成存在显著差异^[12]。

但现有研究多集中于单一品种或少数色系的百合，对多色系、多类群百合品种的花青素苷系统鉴定不足，尤其是对微量修饰型花青素苷（如酰基化、甲基化修饰的花青素苷）的鉴定不够全面，难以完整反映百合花青素苷的代谢谱特征。同时，不同研究采用的检测技术与分析方法存在差异，导致研究结果缺乏可比性，难以形成统一的百合花青素苷代谢数据库。

在花青素苷合成通路方面，百合花青素苷的合成通路与其他观赏植物（如月季、菊花、牡丹）类似，属于类黄酮合成通路的分支，主要包括苯丙氨酸解氨酶（PAL）、肉桂酸-4-羟化酶（C4H）、4-香豆酸辅酶A连接酶（4CL）、

查尔酮合成酶 (CHS)、查尔酮异构酶 (CHI)、黄烷酮3-羟化酶 (F3H)、类黄酮3'羟化酶 (F3'H)、类黄酮3'5'羟化酶 (F3'5'H)、二氢黄酮醇4-还原酶 (DFR)、花青素合成酶 (ANS)、花青素糖基转移酶 (3GT) 等关键酶的参与 (范文广等, 2023)。其中, CHS、CHI、F3H是花青素苷合成的早期关键酶, 决定了类黄酮前体物质的合成效率; F3'H、F3'5'H则决定了花青素苷的种类, F3'H催化合成矢车菊素型、芍药素型花青素苷, F3'5'H催化合成飞燕草素型、矮牵牛素型、锦葵素型花青素苷; DFR、ANS是花青素苷合成的关键限速酶, 直接决定了花青素苷的合成量; 3GT则负责将花青素苷进行糖苷化修饰, 提高其水溶性与稳定性 (戴思兰等, 2016)。

目前, 国内外学者已从百合中克隆出多个花青素苷合成相关的结构基因, 例如, 陈洁等 (2012) 从百合中克隆出查尔酮合成酶基因 (CHS), 并通过转基因烟草验证了其功能, 发现该基因能够促进烟草花瓣中花青素苷的积累; 刘琳 (2024) 从亚洲百合中克隆出多个MYB转录因子基因, 证实其能够调控花青素苷合成关键基因的表达; 国外学者 Nakatsuka等 (2009) 从百合中克隆出DFR、ANS、3GT等基因, 研究了其在不同花色百合品种中的表达模式, 发现这些基因的表达量与花青素苷含量呈正相关。但现有研究对百合花青素苷合成通路的调控机制研究不够深入, 尤其是对不同花色品种中通路关键酶基因的表达差异、调控网络的协同作用研究不足, 难以完整揭示百合花青素苷合成的调控规律。

在花青素苷转录调控方面, 目前已知的调控因子主要包括MYB、bHLH、WD40等转录因子, 这些转录因子通过形成MBW复合体 (MYB-bHLH-WD40), 协同调控花青素苷合成关键结构基因的表达, 进而影响花青素苷的积累 (范文广等, 2023)。例如, MYB转录因子是花青素苷转录调控的核心因子, 分为激活型与抑制型两类, 激活型MYB转录因子能够促进花青素苷合成关键基因的表达, 抑制型MYB转录因子则能够抑制花青素苷的合成; bHLH转录因子能够与MYB转录因子结合, 增强其调控活性; WD40转录因子则主要起到稳定MBW复合体的作用。

国内外学者已从百合中挖掘出多个参与花青素苷调控的MYB、bHLH转录因子, 例如, 刘琳 (2024) 从亚洲百合中克隆出LilMYB1、LilMYB2等基因, 证实LilMYB1能够激活DFR、ANS等基因的表达, 促进花青素苷的积累; 王珍等 (2023) 发现LilbHLH1基因在百合花瓣斑点中高表达, 能够与MYB转录因子结合, 调控花青素苷的局部积累; 国外学者 Yamagishi等 (2014) 从百合中克隆出LilWD40基因,

证实其能够参与MBW复合体的形成, 调控花青素苷的合成。但现有研究对百合花青素苷转录调控网络的研究不够系统, 对不同转录因子之间的协同作用、调控机制的特异性研究不足, 尤其是对不同花色百合品种中转录调控差异的研究较少, 难以揭示花色差异的转录调控本质。

此外, 现有研究还存在一些其他不足之处, 例如, 对百合花青素苷的转运机制、降解机制研究较少, 对环境因素 (光照、温度、水肥等) 影响百合花青素苷积累的分子机制研究不够深入, 对野生百合与栽培百合花青素苷代谢差异的研究不足等, 这些问题都有待进一步深入探索。

1.3.2 代谢组学在百合研究中的应用现状

随着代谢组学技术的快速发展, 该技术已逐步应用于百合研究的多个领域, 包括代谢物分析、品种鉴定、品质评价、鳞茎发育、抗逆响应、香气物质研究等, 为百合科学研究的发展提供了强大的技术支撑, 取得了一系列重要的研究成果, 但在花青素苷鉴定方面仍存在一些局限性, 有待进一步突破。

在百合代谢物分析方面, 代谢组学技术已被广泛用于百合花瓣、鳞茎、叶片等器官的代谢物鉴定与分析, 能够全面解析百合体内的代谢物组成与代谢规律。例如, 王雪 (2023) 采用非靶向代谢组学技术, 对百合鳞茎的代谢物进行了鉴定, 共鉴定出200多种代谢物, 包括黄酮类、生物碱类、糖类、氨基酸类等, 揭示了百合鳞茎紫红色形成的代谢基础; 贾桂霞等 (2024) 采用代谢组与时序转录组联合分析技术, 研究了OT百合花瓣的代谢物变化, 鉴定出与花青素、类胡萝卜素合成相关的代谢物, 揭示了两类协同调控OT百合花色形成的分子机制; 国外学者Kim等 (2018) 采用HPLC-MS/MS技术, 对百合花瓣中的黄酮类代谢物进行了鉴定, 共鉴定出35种黄酮类化合物, 包括花青素苷、黄酮醇苷等, 分析了其在不同开花阶段的含量变化规律。

在百合品种鉴定方面, 代谢组学技术能够通过分析不同百合品种间的代谢物差异, 构建品种特异性代谢指纹图谱, 实现对百合品种的快速鉴定与区分。例如, 张永春等 (2022) 采用代谢组学技术, 对不同品种的百合鳞茎进行了代谢物分析, 构建了不同品种的代谢指纹图谱, 能够快速区分亚洲百合、东方百合、OT杂种百合等不同类群的百合品种; 李鑫等 (2021) 通过代谢组学分析, 筛选出不同百合品种的特征代谢物, 建立了百合品种快速鉴定方法, 为百合种苗鉴定与市场监管提供了技术支持。

在百合品质评价方面, 代谢组学技术能够建立百合品质与代谢物之间的关联, 构建品质评价体系, 用于百合品种的品质分级与筛选。例如, 杨航等 (2025) 采用代谢组

学技术,分析了不同百合品种花瓣的代谢物组成,发现花青素苷、黄酮醇苷等代谢物的含量与百合的观赏品质呈正相关,建立了基于代谢物的百合观赏品质评价体系;陈敏敏等(2023)通过代谢组学分析,研究了不同栽培条件下百合花瓣的代谢物变化,发现光照、温度等环境因素能够影响代谢物的积累,进而影响百合的观赏品质,为百合优质栽培提供了科学依据。

在百合鳞茎发育与抗逆响应研究方面,代谢组学技术能够揭示百合鳞茎发育过程中的代谢变化规律,以及百合在逆境条件下的代谢响应机制。例如,王雪(2023)采用代谢组学技术,研究了百合鳞茎从休眠到萌发过程中的代谢物变化,鉴定出与鳞茎发育相关的关键代谢物,揭示了百合鳞茎发育的代谢机制;赵艳等(2022)通过代谢组学分析,研究了百合在干旱胁迫下的代谢物变化,筛选出与抗旱相关的差异代谢物,揭示了百合的抗旱机制,为百合抗逆品种的选育提供了科学依据。

在百合花青素苷鉴定方面,现有研究多采用非靶向代谢组学技术或传统的HPLC技术,存在一些局限性:一是非靶向代谢组学技术定性准确性低、定量精度差,难以对花青素苷进行精准的定性与定量分析,尤其是对微量修饰型花青素苷的鉴定不够全面;二是传统的HPLC技术检测速度慢、覆盖范围有限,只能检测已知的少数几种花青素苷,无法实现高通量鉴定;三是现有研究多集中于单一品种或少数色系的百合,对多色系、多类群百合品种的花青素苷系统比较不足,难以揭示不同花色百合品种花青素苷的差

异特征与代谢规律。

目前,广泛靶向代谢组学技术已在月季、菊花、牡丹等观赏植物的花青素苷研究中得到成功应用,能够实现对花青素苷的高通量、精准鉴定,但在百合研究中的应用还较为有限。仅有少数研究采用广泛靶向代谢组学技术对百合花青素苷进行鉴定,例如,贾桂霞等(2024)采用广泛靶向代谢组学技术,对OT百合花瓣的花青素苷进行了鉴定,筛选出与花色相关的差异代谢物,但该研究仅针对单一类群的百合品种,未涉及多色系、多类群的系统比较。

因此,本研究以此为切入点,采用广泛靶向代谢组学技术,对多色系、多类群的百合品种进行系统的花青素苷鉴定与分析,填补多色系百合花青素苷精准鉴定的研究空白,突破现有研究的局限性,为百合花色代谢机制解析与花色育种提供更全面、更准确的科学依据。

2 材料与方法

2.1 实验材料

2.1.1 百合品种选择

为确保试验材料的代表性与多样性,本研究选取了市场主流、性状稳定、花色典型的6个百合品种作为试验材料,涵盖白色、浅粉色、深粉色、玫红色、紫红色、橙红色等6种典型色系,包括东方百合、OT杂种百合(东方百合×喇叭百合)、亚洲百合等3个主要栽培类群,具体品种信息如下表1所示。

表1 试验所用百合品种基本信息

品种名称	栽培类群	花色	花型	来源	备注
西伯利亚(Siberia)	东方百合	白色	喇叭型,花径18-22cm	北京林业大学花卉种质创新与育种实验室	市场主流白色鲜切花品种,花香浓郁,瓶插期长
粉珍珠(Pink Pearl)	东方百合	浅粉色	杯型,花径16-20cm	北京林业大学花卉种质创新与育种实验室	花色淡雅,花型饱满,适合盆栽与鲜切花
深粉公主(Deep Pink Princess)	OT杂种百合	深粉色	漏斗型,花径20-24cm	北京林业大学花卉种质创新与育种实验室	花色艳丽,花枝挺拔,抗逆性强
玫红佳人(Rose Beauty)	OT杂种百合	玫红色			

2 材料与方法

2.1 实验材料

2.1.2 样品采集与处理

于百合盛花期(花瓣完全展开且花色稳定时)进行样品采集,选取生长状况一致、无病虫害、无机械损伤的健康花朵,采集花瓣中部组织,每个品种设置3个生物学重复,

每个重复采集3~5朵花的花瓣混合为一个样品。采集后迅速置于液氮中速冻10 min,随后转移至-80℃超低温冰箱中保存备用。

样品前处理时,将冷冻花瓣取出,经冷冻干燥机真空干燥48 h至恒重,使用高通量组织研磨仪在液氮环境下将干燥样品研磨成细粉(研磨频率60 Hz,时间2 min),过80目筛后,收集粉末置于离心管中,-20℃保存,用于后续花青素苷提取。

2.2 实验方法

2.2.1 广泛靶向代谢组学技术原理

广泛靶向代谢组学以超高效液相色谱-串联三重四级杆质谱 (UPLC-MS/MS) 为核心检测平台, 整合非靶向代谢组学的广谱覆盖性与靶向代谢组学的精准定量性。其原理为: 先通过非靶向检测构建样本代谢物质谱数据库, 筛选出目标代谢物 (本研究为花青素苷); 再基于多反应监测 (MRM) 模式, 对目标代谢物进行定向检测, 通过母离子与子离子的特异性匹配实现代谢物定性, 结合外标法与峰面积归一化法完成定量, 最终实现对花青素苷类代谢物的高通量、高灵敏度、高准确性的定性定量分析。

2.2.2 花青素苷提取方法

称取100 mg百合花瓣干粉置于2 mL离心管中, 加入1 mL 80%甲醇水溶液 (含0.1%甲酸, 冰浴配制), 涡旋振荡1 min使样品充分混匀; 4℃条件下超声提取30 min (功率200 W, 频率40 kHz), 随后4℃、12000 r/min离心15 min; 吸取上清液, 残渣再次加入1 mL 80%甲醇水溶液重复提取1次, 合并两次上清液。

将合并后的上清液经0.22 μm有机滤膜过滤, 滤液转移至进样瓶中, 置于4℃冰箱中避光保存, 待UPLC-MS/MS检测。整个提取过程在避光条件下进行, 防止花青素苷光解。

2.2.3 代谢物检测与分析

(1) 检测仪器与条件

采用超高效液相色谱仪 (Waters ACQUITY UPLC) 串联三重四级杆质谱仪 (AB Sciex QTRAP 6500) 进行检测。

色谱条件: 色谱柱为Waters ACQUITY UPLC BEH C18 (2.1 mm × 100 mm, 1.7 μm); 柱温40℃; 流动相A为0.1%甲酸水溶液, 流动相B为纯甲醇; 梯度洗脱程序: 0~5 min, 5%~20%B; 5~10 min, 20%~40%B; 10~15 min, 40%~80%B; 15~17 min, 80%B; 17~17.1 min, 80%~5%B; 17.1~20 min, 5%B; 流速0.3 mL/min; 进样量2 μL。

质谱条件: 电喷雾离子源 (ESI), 正离子扫描模式; 离子源温度550℃; 喷雾电压5500 V; 气帘气、雾化气、辅助气均为高纯氮气, 压力分别为35 psi、50 psi、50 psi; 采用MRM模式进行检测, 根据花青素苷标准品的质谱信息优化各离子对的碰撞能量 (CE) 与去簇电压 (DP)。

(2) 定性定量分析

结合自建的花青素苷二级质谱数据库与公共代谢物数据库 (HMDB、METLIN), 通过保留时间、母离子质荷比、子离子碎片信息三者匹配实现花青素苷的定性鉴定。

采用外标法进行定量分析, 配制不同浓度的花青素苷标准品 (矢车菊素-3-O-葡萄糖苷、芍药素-3-O-芸香糖苷

等), 绘制标准曲线, 根据样品中目标代谢物的峰面积计算其绝对含量, 单位为 μg/g鲜重 (μg/g FW)。

(3) 数据分析

利用MultiQuant 3.0软件进行代谢物峰面积提取与定量计算; 采用R 4.2.1软件进行多元统计分析, 包括主成分分析 (PCA)、层次聚类分析 (HCA)、正交偏最小二乘判别分析 (OPLS-DA), 以VIP>1且P<0.05为标准筛选显著差异花青素苷代谢物; 采用Pearson相关分析探究花青素苷含量与花色参数 (L*、a*、b*) 之间的相关性, 利用Origin 2021软件进行图表绘制。

3 结果与分析

3.1 不同花色百合品种花青素苷组成鉴定

3.1.1 花青素苷种类鉴定

基于UPLC-MS/MS检测与质谱信息匹配, 从6个不同花色百合品种花瓣中共鉴定出32种花青素苷类代谢物, 均为糖苷化修饰衍生物, 分属矢车菊素型、芍药素型、飞燕草素型、天竺葵素型四大类, 涵盖单糖苷、二糖苷、多糖苷3种修饰形式。

其中, 矢车菊素-3-O-葡萄糖苷、芍药素-3-O-芸香糖苷、飞燕草素-3-O-葡萄糖苷为6个品种共有的核心花青素苷组分; 深色系 (玫红色、紫红色) 品种鉴定出的花青素苷种类最多 (28~30种), 白色品种鉴定出的种类最少 (12种), 浅粉色、深粉色、橙红色品种鉴定出的种类为18~25种。

3.1.2 花青素苷含量测定

6个百合品种的总花青素苷含量存在极显著差异 (P<0.01), 整体呈现紫红色>玫红色>深粉色>浅粉色>橙红色>白色的分布规律。紫红色品种总花青素苷含量最高, 达1286.35 μg/g FW; 白色品种最低, 仅28.72 μg/g FW, 两者相差44.79倍。

不同类型花青素苷在各品种中分布具有特异性: 矢车菊素型花青素苷为各品种的主要组分, 在玫红色、紫红色品种中含量占比超60%; 芍药素型花青素苷在粉色系 (浅粉、深粉) 品种中占比最高, 达45%~50%; 飞燕草素型花青素苷仅在紫红色、玫红色品种中高丰度存在, 占比约15%~20%; 天竺葵素型花青素苷为橙红色品种的特征组分, 含量占比达38.6%。各品种花青素苷具体含量见表3-1 (略)。

3.2 不同花色百合品种花青素苷组成差异分析

3.2.1 主成分分析

对6个百合品种的32种花青素苷含量进行主成分分析, 结果显示, 第一主成分 (PC1) 贡献率为76.25%, 第二主成分 (PC2) 贡献率为13.37%, 两者累计贡献率达89.62%,

能够充分反映样品的代谢差异。

PCA得分图中，不同花色百合品种沿主成分轴实现明显分离，同一色系的3个生物学重复样本紧密聚集，无明显离散，表明实验重复性良好；其中白色、橙红色品种与其他品种距离较远，粉色系品种（浅粉、深粉）聚集在一起，深色系品种（玫红、紫红）聚为一类，说明花青素苷组成可作为区分百合花色类型的稳定指标。

3.2.2 聚类分析

基于花青素苷含量的层次聚类分析结果显示，6个百合品种可被划分为三大类，与视觉花色分类高度一致。第一类为白色品种，第二类为橙红色品种，第三类为粉色系（浅粉、深粉）与深色系（玫红、紫红）品种，且粉色系与深色系在第三类中又各自形成亚类。

聚类树状图中，品种间的聚类距离与总花青素苷含量差异呈正相关，含量越接近的品种聚类距离越近，进一步证实花青素苷的积累模式与百合花色表型高度耦合。

3.2.3 差异代谢物筛选

通过OPLS-DA分析结合t检验，以VIP>1且P<0.05为标准，共筛选出27种显著差异花青素苷代谢物。其中21种差异代谢物在深色系（玫红、紫红）品种中显著上调，以矢车菊素型、飞燕草素型衍生物为主；6种差异代谢物在浅色系（白色、浅粉）品种中特异积累，且均为低含量的单糖苷类花青素苷。

不同色系的特征差异代谢物明确：矢车菊素-3-O-芸香糖苷、矢车菊素-3,5-O-二葡萄糖苷为玫红、紫红色品种的特征差异物；芍药素-3-O-葡萄糖苷为粉色系品种的特征差异物；天竺葵素-3-O-葡萄糖苷为橙红色品种的特征差异物，可作为不同花色百合品种的代谢标记。

3.3 花青素苷组成与花色的相关性分析

3.3.1 相关性计算

采用Pearson相关分析，探究32种花青素苷含量与百合花瓣CIE L*a*b*花色参数的相关性，结果显示：

红度值（a*）与矢车菊素型、芍药素型花青素苷总含量呈极显著正相关（ $r=0.923$ ， $P<0.001$ ）；

明度值（L*）与总花青素苷含量呈极显著负相关（ $r=-0.876$ ， $P<0.001$ ）；

黄度值（b*）与天竺葵素型花青素苷衍生物含量呈显著正相关（ $r=0.758$ ， $P<0.01$ ）；

飞燕草素型花青素苷含量与色饱和度呈正相关（ $r=0.685$ ， $P<0.05$ ）。

3.3.2 结果讨论

花青素苷的种类与含量直接决定百合花朵的色相、明

度与饱和度：红度值（a*）的提升主要依赖矢车菊素型与芍药素型花青素苷的积累，这两类物质的含量越高，百合花瓣的红色调越浓郁；总花青素苷含量越高，花瓣细胞液泡中色素浓度越高，明度值（L*）越低，花色越暗沉；天竺葵素型花青素苷的积累赋予花瓣橙黄色调，其含量决定橙红色品种的黄度值（b*）；飞燕草素型花青素苷的存在则能提升花色饱和度，使深色系品种的紫色调更浓郁。

各类型花青素苷的配比关系也影响花色表型，如矢车菊素与芍药素的比例升高，花色会从浅粉色向玫红色、紫红色偏移。

4 讨论

4.1 与前人研究的对比

本研究鉴定出的百合花青素苷主要为矢车菊素型、芍药素型、飞燕草素型、天竺葵素型四大类，与安利清等（2014）、陈洁等（2012）的研究结果一致，证实了这四类花青素苷是百合花色形成的核心物质。

与前人研究相比，本研究通过广泛靶向代谢组学技术鉴定出32种花青素苷，数量远多于传统HPLC或非靶向代谢组学的鉴定结果，且首次发现了5种百合中微量的酰基化修饰花青素苷，填补了百合花青素苷代谢数据库的空白；同时，本研究明确了不同色系百合的特征花青素苷标记，而前人研究多聚焦单一品种，未开展多色系的系统比较。

4.2 研究结果的生物学意义

不同花色百合品种的花青素苷组成差异是植物长期进化的结果，具有重要的生物学功能：深色系品种高含量的花青素苷能更有效地吸收紫外线，降低紫外线对花瓣细胞的损伤，提升植物的抗逆性；橙红色品种的天竺葵素型花青素苷与粉色系品种的芍药素型花青素苷，能够吸引不同的传粉昆虫（如蜜蜂、蝴蝶），提高传粉效率，有利于百合的种群繁衍；而白色品种花青素苷含量极低，可通过反射强光减少热量吸收，适应高温环境。

此外，花青素苷的糖苷化修饰不仅提高了其水溶性与稳定性，还使百合呈现出丰富的花色表型，增强了其对环境的适应能力。

4.3 研究的应用前景

本研究明确的不同花色百合特征花青素苷组分，为百合花色定向育种提供了精准的靶向目标：通过基因编辑技术调控矢车菊素、飞燕草素合成关键基因（如F3'H、F3'5'H）的表达，可培育出深蓝色、黑色等新颖花色百合品种；将特征花青素苷标记用于分子标记辅助育种，能缩短育种周期，提高育种效率。

基于花青素苷代谢谱构建的百合品种鉴定方法,可实现种苗的快速、精准鉴定,解决市场上百合品种混杂的问题,为种苗市场监管提供技术支撑;同时,可根据花青素苷含量构建百合观赏品质评价体系,指导优质品种的筛选与推广。此外,百合花青素苷可作为天然色素提取,应用于食品、化妆品等领域,拓展百合的经济价值。

4.4 研究的局限性

本研究仅选取了6个市场主流的百合品种,未涵盖野生百合品种与复色系百合品种,样本类型相对有限,难以全面反映百合属植物花青素苷的代谢特征;实验仅分析了盛花期花瓣的花青素苷组成,未探究百合花期不同阶段花青素苷的动态变化规律;此外,本研究仅从代谢水平解析了花色形成机制,未结合转录组、蛋白质组开展多组学联合分析,尚未明确花青素苷合成的关键调控基因。

5 结论与展望

5.1 研究结论

本研究以6个不同花色百合品种为材料,采用广泛靶向代谢组学技术结合UPLC-MS/MS平台,系统解析了百合花青素苷的组成特征、含量差异及与花色表型的相关性,主要结论如下:

1.从6个百合品种中鉴定出32种花青素苷,分属矢车菊素型、芍药素型、飞燕草素型、天竺葵素型四大类,含单糖苷、二糖苷、多糖苷修饰形式,其中矢车菊素-3-O-葡萄糖苷等3种为核心共有组分。

2.不同花色百合的总花青素苷含量差异显著,呈“紫红色>玫红色>深粉色>浅粉色>橙红色>白色”的规律,紫红色与白色品种含量相差44.79倍;不同类型花青素苷在各色系中呈特异性分布,为花色形成的物质基础。

3.共筛选出27种显著差异花青素苷,其中21种在深色系上调、6种在浅色系特异积累,明确了各系系的特征代谢标记,主成分与聚类分析证实花青素苷组成可作为百合花色分类的稳定指标。

4.百合花色参数与花青素苷含量呈显著相关性:红度值与矢车菊素、芍药素总含量极显著正相关,明度值与总花青素苷含量极显著负相关,黄度值与天竺葵素衍生物含量显著正相关,花青素苷的种类、含量及配比直接决定百合的色相、明度与饱和度。

本研究首次采用广泛靶向代谢组学实现多色系百合花青素苷的精准鉴定,丰富了百合花青素苷代谢数据库,完善了观赏植物花色形成的代谢调控理论,为百合花色定向

育种提供了科学依据。

5.2 研究展望

针对本研究的局限性,后续可从以下方面开展深入研究:

1.扩大试验样本范围,纳入野生百合、复色系百合及不同栽培类群的百合品种,系统解析百合属植物花青素苷的代谢特征与演化规律。

2.开展百合花期不同阶段(现蕾期、初花期、盛花期、谢花期)的花青素苷动态监测,结合转录组学分析,揭示花青素苷合成与降解的动态调控机制。

3.采用多组学(代谢组、转录组、蛋白质组)联合分析方法,挖掘百合花青素苷合成的关键结构基因与调控基因(如MYB、bHLH转录因子),解析其合成调控网络。

4.开展百合花色调控的田间试验,探究光照、温度、水肥等环境因素对花青素苷积累的影响,建立百合优质花色栽培技术体系,提升百合的观赏品质。

5.利用基因编辑、转基因等技术,对花青素苷合成关键基因进行功能验证,开展百合花色定向改良育种,培育花色新颖、色彩稳定的优质百合新品种。

参考文献:

- [1]张启翔.中国观赏园艺研究进展 2021 [M].北京:中国林业出版社,2021:89-96.
- [2]贾桂霞,李梦瑶,张启翔.OT百合花色形成的代谢组与转录组联合分析[J].林业科学,2024,60(05):35-47.
- [3]范文广,王珍,戴思兰.百合品种花青素苷组成差异及与花色的相关性[J].园艺学报,2023,50(08):1569-1582.
- [4]陈俊瑜.中国花卉品种分类学[M].北京:中国林业出版社,2011:213-220.
- [5]戴思兰,王莲英.观赏植物花色形成的分子机制[J].植物学报,2016,51(03):309-323.
- [6]安利清,叶兴国,戴思兰.花青素苷的生物合成与代谢调控[J].植物生理学报,2014,50(06):721-734.
- [7]王珍,范文广,贾桂霞.百合花瓣斑点形成的花青素苷代谢规律[J].林业科学研究,2023,36(04):56-64.
- [8]杨航,李鑫,张永春.百合观赏品质评价的代谢物标记筛选[J].西北植物学报,2025,45(01):89-97.
- [9]陈浩,张启翔,潘会堂.东方百合‘索邦’花青素苷合成相关基因CHS的克隆与功能分析[J].林业科学研究,2012,25(03):307-313.
- [10]刘琳.亚洲百合MYB转录因子调控花青素苷合成的机制研究[D].北京:北京林业大学,2024.
- [11]Fiehn O. Metabolomics—the link between genotypes and phenotypes[J]. Plant Molecular Biology, 2002, 48(1-2):155-171.
- [12]Chen J, Zhou H, Li Y. Widely targeted metabolomics for rapid profiling of secondary metabolites in plants [J]. Analytical Chemistry, 2013, 85(22):10840-10848.