

- artificial inoculation and wounding [J]. *Bano Bigan Patrika*, 1980, 9(1/2): 87-93.
- [14] Nobuchi T, Somkid S. Preliminary observation of *Aquilaria crassna* wood associated with the formation of aloeswood bult [J]. *Kyoto Univ Forests*, 1991, 63: 226-235.
- [15] Blanchette R A, Heuveling V B H. Cultivated agarwood [P]. EU: WO02094002, 2001-11-28.
- [16] Zhao J, Davis L C, Verpoorte R. Elicitor signal transduction leading to production of plant secondary metabolites [J]. *Biotechnol Adv*, 2005, 23: 283-333.
- [17] Vasconsuelo A, Boland R. Molecular aspects of the early stages of elicitation of secondary metabolites in plants [J]. *Plant Sci*, 2007, 5: 861-875.
- [18] Michiho I, Kerr-Ichiro O, Toru Y, et al. Induction of sesquiterpenoid production by methyl jasmonate in *Aquilaria sinensis* cell suspension culture [J]. *J Essent Oil Res*, 2005, 17(2): 175-180.
- [19] Qi S Y, He M L, Lin L D, et al. Production of 2-(2-phenyl-ethyl) chromones in cell suspension cultures of *Aquilaria sinensis* [J]. *Plant Cell Tis Org Cult*, 2005, 11: 217-221.
- [20] 何梦玲, 戚树源, 胡兰娟. 白木香悬浮培养细胞中 2-(2-苯乙基)色酮化合物的诱导形成 [J]. 广西植物, 2007, 27(4): 627-632.
- [21] Yu C H, Liang Y H. Anatomical and histochemical studies on oleoresin formation in the wood of *Aquilaria sinensis* (Lour.) Gilg [A]. *Fourth Asian Symposium on Medical Plants and Spice ASOMPS IV* [C]. Thailand: Bangkok, 1980.
- [22] Sun Q, Rost T L, Matthews M A. Pruning-induced tylose development in stems of current-year shoots of *Vitis vinifera* (Vitaceae) [J]. *Am J Bot*, 2006, 93(11): 1567-1576.
- [23] Yang J S, Wang Y L, Su Y L. Baimuxifuric acid, a new sesquiterpene from the volatile oil of *Aquilaria sinensis* (Four.) Gilg [J]. *Chin Chem Lett*, 1992, 3(12): 983-984.
- [24] 杨峻山, 王玉兰, 苏亚伦, 等. 国产沉香化学成分的研究. 异白木香醇的结构测定和低沸点成分的分离与鉴定 [J]. 药学报, 1989, 24(4): 264-268.
- [25] 杨峻山, 王玉兰, 苏亚伦. 国产沉香化学成分的研究. 三个 2-(2-苯乙基)色酮衍生物分离和鉴定 [J]. 药学报, 1990, 25(3): 186-190.
- [26] 林立东, 戚树源. 国产沉香中的三萜成分 [J]. 中草药, 2000, 31(2): 89.

转录调控因子在中药次生代谢调控中的研究进展

陆 续, 王玥月, 张芳源, 林秀艳, 唐克轩

(上海交通大学农业与生物学院, 复旦—交大—诺丁汉植物生物技术研究中心, 上海 200240)

摘 要:许多中药的有效成分为植物次生代谢产物, 具有重要的药用价值。但次生代谢的产物的量往往很低。转录调控因子可调控多个参与代谢途径基因的表达。采用基因工程的方法调控转录因子, 往往可导致植物中该转录因子所控制性状的较大改变, 从而提高中药中有效成分的量, 具有广阔的应用前景。

关键词:中药; 转录调控因子; 次生代谢产物

中图分类号: R282.12

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2010)01-0159-04

Advances in studies on transcriptional regulatory factor in secondary metabolites regulation of Chinese materia medica

LU Xu, WANG Yue-yue, ZHANG Fang-yuan, LIN Xiu-yan, TANG Ke-xuan

(School of Agriculture and Biology, Fudan-SJTU-Nottingham Plant Biotechnology R&D Center, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

Key words: Chinese materia medica; transcriptional regulatory factor; secondary metabolites

植物新陈代谢分为初生代谢和次生代谢。初生代谢产物(如糖类、脂类和核酸)存在于所有植物中, 是维持细胞生命活动所必需的; 而植物次生代谢产物是植物中一大类且并非植物生长发育所必需的小分子有机化合物, 其产生和分布具有种属、组织器官和生长发育特异性^[1]。近年来, 随着对中药成分研究的逐步深入, 发现很多中药的有效成分均为植物的次生代谢产物, 如青蒿 *Artemisia annua* L. 中的青蒿素 (arleannuin)、紫草 *Lithospermum erythrorhizon* Sieb. et Zucc. 中的紫草素 (shikonin) 等。根据生物合成的起始分子

不同, 可将植物次生代谢产物分为生物碱类、萜类化合物、苯丙烷类及其衍生物等 3 个主要类型^[2]。但次生代谢产物的量往往较低, 而使用化学合成的方法生产这些次生代谢产物, 存在工艺流程复杂、成本高等问题。因此, 人们开始探索提高植物次生代谢产物产量的其他方法。在诸多方法之中, 植物次生代谢工程是提高植物次生代谢产物产量的最有效方法之一。植物代谢途径是由多种酶参与的多步反应, 受发育、环境等因素的影响, 而对单个基因进行修饰有时难以奏效。转录调控因子可调控多个参与代谢途径基因的表达, 其

收稿日期: 2009-08-12

基金项目: 国家“973”计划(2007CB108805); 上海市科学技术委员会(08391911800); 上海市重点学科建设项目(B209)

作者简介: 陆 续(1983—), 男, 河南商丘人, 博士研究生, 主要从事中草药次生代谢调控的研究。 Tel: (021) 34206180

E-mail: luxu666@163.com

*通讯作者 唐克轩 Tel: (021) 34206916 E-mail: kxtang@sjtu.edu.cn

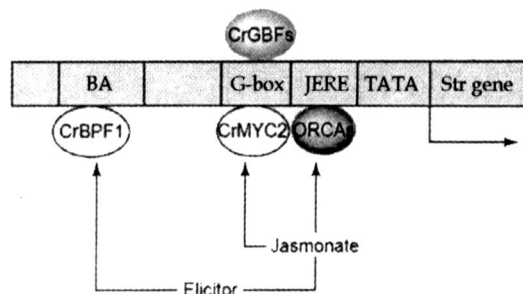
在植物发育、适应、进化中的作用研究已取得了较大进展^[3]。转录因子通常指由核基因编码的一类蛋白质,它们主要以同源或异源二聚体的形式同顺式作用因子发生特异性的结合,通过和某些辅助调控子发生作用而影响转录复合体的形成,从而调节植物基因的特异性表达^[4]。改变转录因子的表达往往可导致植物中该转录因子所控制性状发生较大改变,因此,利用基因工程的方法调控转录因子是具有应用价值的植物遗传操作手段^[5]。

1 转录因子在生物碱代谢调控中的作用

生物碱是植物在长期的生态环境适应过程中为抵御动物、微生物及其他植物的攻击而形成的一大类次生代谢产物,主要包括喹啉生物碱、苄基异喹啉生物碱、莨菪碱、烟碱和嘌呤生物碱等类型^[6]。目前人类所发现的 5×10^4 种天然化合物中有 1.2×10^4 种是生物碱^[7]。生物碱类化合物因其独特的生物活性而引起人们极大的关注,如喜树 *Camptotheca acuminata* Decne. 中喜树碱 (camptothecine) 为一种有效的抗癌药物;罂粟 *Papaver somniferum* L. 中可待因 (codeine) 具有止痛、镇咳功效;金鸡纳树 *Cinchona officinalis* L. 中奎宁 (quinine) 为传统的抗疟疾药物,用来消除对其他抗疟疾药物产生的抗性;长春花 *Catharanthus roseus* (L.) Don. 中的抗肿瘤药物长春碱 (vinblastine) 和长春新碱 (leurocristine) 可用于治疗何杰金氏病、恶性淋巴瘤、急性淋巴细胞型白血病等癌症,其硫酸盐已被广泛用于临床,是目前应用最广的天然植物抗肿瘤药物之一^[8]。

在长春花中,异胡豆苷合成酶 (Str) 是喹啉生物碱 (TIAs) 生物合成途径中最重要的关键酶,它将色胺和裂环马钱子苷耦合成成为 TIAs 的前体化合物异胡豆苷^[9]。如图 1 所示,对 Str 基因启动子序列分析发现,Str 基因启动子区中的 JERE 区与 2 个甲基茉莉酸 (MeJA) 响应的转录调控因子起作用,即 ORCA2 和 ORCA3^[13]。ORCA2 是利用 JERE 序列做诱饵通过酵母单杂交技术分离的,而 ORCA3 则是通过 T-DNA 激活标签技术克隆的^[10,11]。ORCA2 和 ORCA3 都属于 AP2/ERF 家族,是植物特有的一类转录因子。该家族转录因子参与植物多种基因的表达,能调节植物对病原、低温、干旱及高盐等分子的应答反应,提高植物对逆境胁迫的耐受作用。MeJA 可以诱导 orca 基因的表达,产生的 ORCA 蛋白特异性结合到 JERE 区来激活 str 基因的表达^[10,12]。ORCA2 能与长春花 Str 基因启动子中一个类似于 GCC 盒的顺式作用元件特异性结合,在 Str 基因响应茉莉酸或诱发因子过程中发挥重要作用^[10]。

研究发现一些转录因子可调控多个参与代谢途径基因的表达。如 ORCA3 应答于 MeJA 的诱导,可以增强 TIAs 生物合成代谢途径上多个基因包括 dxs、as、tdc、Str、d4h 等的表达^[11]。尽管开联番木鳖苷生物合成第一步的酶——香叶醇单加氧酶 (G10H) 也受 MeJA 诱导,但其不受 ORCA3 调控。因此,在仅超表达 ORCA3 的转基因长春花细胞系中生物碱的量并没有增加,但如果在细胞培养介质中加入一定量的开联番木鳖苷的前体马钱苷后,转 ORCA3 转录因子的



ORCAs 为转录衰减子,GrGBFs 为激活子,CrBPF1 和 CrMYC2 为未知转录活性的 DNA 结合蛋白;箭头表示转录调控因子调控基因表达

ORCAs are transcriptional repressors, CrGBFs are activators, and CrBPF1 and CrMYC2 are DNA binding protein with unknown transcriptional activity. Arrows link physiological signals with transcription factors that regulate gene expression

图 1 Str 基因的启动子区结构图

Fig. 1 Promoter region of Str gene

细胞系生物碱合成比非转基因对照细胞系高 3 倍^[3]。

2 转录调控因子在喹啉代谢中的作用

在中药有效成分中,喹啉类化合物具有重要的药用功能,如从青蒿中分离得到的青蒿素 (含过氧桥的倍半萜内酯) 是抗疟疾有效单体,尤其对恶性疟疾有速效作用;具有抗肿瘤作用的紫杉醇,可作为食品和化妆品中的精油如薄荷醇、香柏酮、香紫苏醇等。

转录因子对喹啉类物质次生代谢的调节是通过与合成基因启动子上相应的顺式作用元件结合而实现的。基因启动子中均含有转录调控因子能识别的顺式作用元件^[14],如 WRKY 是植物特有的一类转录因子家族,因含有由 7 个氨基酸组成的 WRKYGQK 保守序列而得名。WRKY 蛋白能与 TTGAC 序列 (又称 W-box) 专一结合调节基因转录^[15]。在棉花中,杜松烯环化酶基因 (CAD1) 具有使倍半萜环化的作用,其启动子上有一个 W-box (TGACC),是 GaWRKY1 蛋白的结合位点。酵母单杂交和转基因超表达试验均表明, GaWRKY1 能激活 CAD1 基因的启动子,促进基因的表达。体外诱导表达实验发现, GaWRKY1 的诱导高峰时间比 CAD1 提早 1.5 h,说明 GaWRKY1 参与了 CAD1 基因表达的调节和棉籽酚的生物合成^[16]。

从转录因子角度进行代谢工程还有另外一种策略,即调节控制腺毛发育的转录因子。由于中药中的喹啉多为挥发性物质,其产生与分泌和腺毛的分布、类型及结构等有着直接的关系。许多喹啉类物质如薄荷中的精油、青蒿中的青蒿素等均储存在腺毛中,腺毛的分布密度越大、处于分泌时期的数量越多,其分泌能力就越强^[17]。而腺毛的发育受转录因子调控,在拟南芥中,GL1、TTG1 和 GL3 是腺毛正常形成过程中起重要作用的 3 个转录因子。其中, GL1 属于 MYB 家族,在幼叶原基中广泛表达,并且随着叶片的生长, GL1 可在发育的腺毛中短暂时特异性表达。过量表达 GL1 导致了腺毛数量的减少,说明 GL1 在腺毛形成过程中可起到负调控

作用^[18,19]。此外, GL1 和 TTG1 还可调控腺毛之间的间距。CPC 和 TRY 对腺毛的形成也起负调控作用。GL2 和 GL3 在腺毛的形态建成方面起调控作用,且 GL3 同时对腺毛的核内复制具有促进作用。GL3 是 bHLH 家族的转录因子,对其进行过量表达可使腺毛数目增加^[20]。此外, TRY 对 GL3 的活性进行负调控。因此,通过调节以上几个转录因子的活性可以增加腺毛的密度,进而增加腺毛中萜类物质的产量,从而大幅度提高中药中有效成分的量。

3 转录因子在苯丙烷类及其衍生物代谢调控中的作用

苯丙烷类化合物及其衍生物主要包括黄酮类化合物、醌类化合物等,其结构迥异、种类繁多,参与调节植物的生长发育、繁殖和防御等各种生理活动。黄酮类化合物包括花色苷(色素)、原花色苷或缩合鞣质(阻溶剂或木材保护剂)、异黄酮类化合物(防御产物和/或信号分子)、查尔酮、橙酮、黄酮、黄酮醇等。黄酮类化合物生物合成途径被研究得较清楚,而且其生物合成途径的改变能很容易地通过花色的改变来鉴定^[21]。如玉米转录因子 PAP1 和 PAP2 在转基因烟草中超量表达,导致烟草色素产量增加,花瓣颜色加深。MYB 类转录因子也参与了黄酮类物质生物合成的调节,Borevitz 等应用 T-DNA 激活标签技术在拟南芥中鉴定出一种 MYB 类转录因子 PAP1-D,它的超量表达能激活许多参与花青素生物合成途径的基因表达,使植物体中紫色素的量明显增加^[22]。玉米花色苷的合成和积累量受到 MYB 类转录因子 p1 及结构基因 c1、chs(CHS 的编码基因)和 chi(CHI 的编码基因)的控制。其中 p1 可解释玉米花色苷变异的 58%,并表现出加性效应;其他基因对玉米花色苷量的影响均不及 p1 转录因子^[23]。

有些转录因子则是植物次生代谢产物合成的抑制因子,采用 RNA 干扰或基因敲除技术关闭这类转录因子的表达,就能促使相关代谢产物的合成。Aharoni 等^[24]克隆和鉴定了一个参与草莓果实黄酮类代谢途径调控的转录因子 FaMYB1,该转录因子抑制黄酮类合成下游的一些步骤。FaMYB1 基因在烟草中的超量表达引起了花青素和黄酮类化合物减少。相反,抑制或降低 FaMYB1 表达就会增加花青素和黄酮类化合物的积累。转录因子还可激活不同植物中相似次生代谢物合成基因的表达,这就意味着可将特定植物中分离的转录因子基因在不同的植物中进行转化,有效提高转基因植物中目标次生代谢物的量^[25]。在番茄果肉中表达玉米转录因子 P1 和 C1 基因,使原本不含黄酮类化合物的番茄果肉中黄酮类成分的合成基因表达,酶活性提高,从而使黄酮类成分不同程度地提高^[26]。

醌类化合物是一类由苯式多环烃碳氢化物(如萘、蒽等)衍生的芳香二氧化物,是植物呈色因子之一。根据其环系统不同可分为苯醌、萘醌和蒽醌。部分醌类具有抗菌、抗癌等功效,如胡桃醌和紫草素^[2]。紫草中的紫草素(又称萘醌紫草素)具有抗菌、消炎、抗肿瘤和助伤口愈合的功效,是第一个通过植物大规模细胞培养获得的临床药物。4-羟基安息香酸(4HB)是紫草素生物合成的重要前体物质。Sommer

等^[27]将 ubiC 基因导入紫草,在转基因紫草的毛状根中获得了由分支酸产生 4HB 的新的代谢途径,该途径合成的 4HB 占根部积累 4HB 总量的 20%。尽管该途径中有 4HB 的产生,却没有出现萘醌紫草素的过量合成。然而,在转基因紫草的毛状根中,一种糖苷腈的量则增加了 5 倍。这说明转化一个关键基因增加代谢途径中间产物合成量的办法,可能会导致意外产物的生成。而转录因子可以同时调控代谢途径中的多个基因,是解决这一问题的好途径。

4 结语

一些次生代谢途径中多个功能相关的酶基因常被共同的转录因子正调控或负调控,对转录因子进行基因修饰显然比多基因操作更容易改良目标次生代谢途径。植物含有很多转录因子,如拟南芥就有 1 709 种蛋白质与植物转录因子有显著的相似性^[28]。一个转录因子可同时激活多个功能基因的表达,因此导入一个或多个关键的转录因子,将促使多个功能基因发挥作用,从而导致植物次生代谢产物合成的改变。因此,在中药次生代谢调控研究中,采用基因工程的方法调控转录因子,具有巨大的潜在价值和广阔的应用前景。可以预见,随着对植物次生代谢网络的深入解析和相关基因、转录调控因子的克隆,以及现代生物技术手段的不断进步,植物次生代谢基因工程将能更有效、更有针对性、更好地满足人们对中药药用成分的需求。

参考文献:

- [1] 陈晓亚,刘培.植物次生代谢的分子生物学及基因工程[J].生命科学,1996,8(2):8-11.
- [2] 王莉,史玲玲,张艳霞,等.植物次生代谢途径及其研究进展[J].武汉植物学研究,2007,25(5):500-508.
- [3] 杨致荣,毛雪,李润植.植物次生代谢基因工程研究进展[J].植物生理与分子生物学报,2005,31(1):11-18.
- [4] Honma T, Goto K. Complexes of MADS-box proteins are sufficient to convert leaves into floral organs[J]. Nature, 2001, 409(6819): 525-529.
- [5] Liu L, White M J, MacRae T H. Transcription factors and their genes in higher plants: Functional domains, evolution and regulation[J]. Eur J Biochem, 1999, 262: 247-257.
- [6] 唐中华,于景华,杨逢建,等.植物生物碱代谢生物学研究进展[J].植物学通报,2003,20(6):696-702.
- [7] Hashimoto T, Yamada Y. New genes in alkaloid metabolism and transport[J]. Curr Opin Biotechnol, 2003, 14: 163-168.
- [8] 赵剑,朱蔚华.长春花生物碱生物合成途径和相关酶及其基因调控的研究进展[J].植物生理学通讯,1999,35(1):60-68.
- [9] Memelink J, Verpoorte R, Kijne J W. ORCA2: A jasmonate responsive gene expression in alkaloid metabolism[J]. Trends Plant Sci, 2001, 6: 212-219.
- [10] Menke F L, Champion A, Kijne J W, et al. A novel jasmonate- and elicitor-responsive element in the periwinkle secondary metabolite biosynthetic gene Str interacts with a jasmonate- and elicitor-inducible AP2-domain transcription factor, ORCA2[J]. EMBO J, 1999, 18: 4455-4463.
- [11] Van der Fits L, Memelink J. ORCA3, a jasmonate-responsive transcriptional regulator of plant primary and secondary metabolism[J]. Science, 2000, 289: 295-297.
- [12] Van der Fits L, Memelink J. The jasmonate-inducible AP2/ERF-domain transcription factor ORCA3 activates gene expression via interaction with a jasmonate responsive promoter element[J]. Plant J, 2001, 25: 43-53.
- [13] Gantet P, Memelink J. Transcription factors: tools to engineer the production of pharmacologically active plant metabolites[J]. Trends Pharma Sci, 2002, 23(12): 563-569.
- [14] 何水林.参与植物次生代谢调控的转录因子及其在植物次生代谢遗传改良中的应用[J].热带亚热带植物学报,2004,12(4):374-380.
- [15] 高国庆,储成才,刘小强,等.植物 WRKY 转录因子家族研

- 究进展 [J]. 植物学通报, 2005, 22(1): 11-18.
- [16] Xu Y H, Wang J W, Wang S, *et al.* Characterization of GaWRKY1, a cotton transcription factor that regulates the sesquiterpene synthase gene (1)- δ -cadinene synthase-A [J]. *Plant Physiol*, 2004, 135: 507-515.
- [17] Sudria C, Palazon J, Cusido R, *et al.* Effect of benzyladenine and indolebutyric acid on ultrastructure, glands formation, and essential oil accumulation in *Lavandula dentata* plantlets [J]. *Biol Plant*, 2001, 44(1): 1-6.
- [18] Larkin J C, Oppenheimer D G, Lloyd A M, *et al.* Roles of the GLABROUS1 and TRANSPARENT TESTA GLABRA genes in *Arabidopsis* trichome development [J]. *Plant Cell*, 1994, 6: 1065-1076.
- [19] Szymanski D B, Klis D A, Larkin J C, *et al.* Cot1: a regulator of *Arabidopsis* trichome initiation [J]. *Genetics*, 1998, 149: 565-577.
- [20] Payne C T, Zhang F, Lloyd A M. GL3 encodes a bHLH protein that regulates trichome development in *Arabidopsis* through interaction with GL1 and TTG1 [J]. *Genet Soc Amer*, 2000, 156: 1349-1362.
- [21] Davies K M. Plant colour and fragrance. In: Verpoorte R, Alfermann A W. *Metabolic Engineering of Plant Secondary Metabolism* [M]. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 2000.
- [22] Borevitz J O, Xia Y, Blount J, *et al.* Activation tagging identifies a conserved MYB regulator of phenylpropanoid biosynthesis [J]. *Plant Cell*, 2000, 12: 2383-2394.
- [23] Cheong Y H, Chang H S, Gupta R, *et al.* Transcriptional profiling reveals novel interactions between wounding, pathogen, abiotic stress, and hormonal responses in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiol*, 2002, 129: 661-677.
- [24] Aharoni A, Ric De Vos C H, Wein M, *et al.* The strawberry FaMYB1 transcription factor suppresses anthocyanin and flavonol accumulation in transgenic tobacco [J]. *Plant J*, 2001, 28: 319-332.
- [25] Larkin J C, Walker J D, Bolognesi-Winfield A C, *et al.* Allele-specific interactions between ttg and gl1 during trichome development in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Genetics*, 1999, 151: 1591-1604.
- [26] Bovy A, Vos R D, Kemper M, *et al.* High-flavonol tomatoes resulting from the heterologous expression of the maize transcription factor genes LC and C1 [J]. *Plant Cell*, 2002, 14: 2509-2526.
- [27] Sommer S, Kohle A, Yazaki K, *et al.* Genetic engineering of shikonin biosynthesis hairy root cultures of *Lithospermum erythrorhizon* transformed with the bacterial ubiC gene [J]. *Plant Mol Biol*, 1999, 39: 683-693.
- [28] Theologis A, Ecker J R, Palm C J, *et al.* Sequence and analysis of chromosome 1 of the plant *Arabidopsis thaliana* [J]. *Nature*, 2000, 408(6814): 816-820.

萝藦科植物中 C₂₁甾体苷的分布及其药理活性研究进展

倪 阳, 叶益萍

(浙江省医学科学院药物研究所, 浙江 杭州 310013)

摘 要: C₂₁甾体苷是一类重要的生物活性成分, 主要分布于龙胆科、薯蓣科、夹竹桃科、茄科和萝藦科等植物中, 其中尤以萝藦科植物中分布最为普遍。概述了萝藦科植物中 C₂₁甾体苷的分布及国内外从萝藦科植物中分离获得的 C₂₁甾体苷药理活性研究进展。

关键词: 萝藦科; C₂₁甾体苷; C₂₁甾体苷的植物分布

中图分类号: R284.1

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2010)01-0162-05

Distribution of C₂₁ steroidal glycosides in plants of Asclepiadaceae and their pharmacological activities

NI Yang, YE Yi-ping

(Institute of Materia Medica, Zhejiang Academy of Medical Sciences, Hangzhou 310013, China)

Key words: Asclepiadaceae; C₂₁ steroidal glycosides; distribution of C₂₁ steroidal glycosides in plants

C₂₁甾体苷是苷元为孕甾烷衍生物与 2-去氧糖等形成的一类化合物, 是一类重要的生物活性成分。对目前已分离得到的 C₂₁甾体苷结构进行分析, 其苷元的骨架可分为 4 种类型(~), 其中以骨架型为基本结构的苷元占绝大多数, 是典型的孕甾烷衍生物。C₂₁甾体苷主要分布于龙胆科、薯蓣科、夹竹桃科、茄科和萝藦科植物中, 其中尤以萝藦科植物中分布最为普遍。由于 C₂₁甾体苷在萝藦科植物中分布广泛, 种类繁多, 具有极其重要的药用价值, 其主要成分 C₂₁甾体苷的分离、结构鉴定及其药理活性的研究正日益引起各国学者的兴趣。为了更深入地研究开发萝藦科植物, 现将萝藦

科植物中 C₂₁甾体苷的分布和药理活性研究做一综述。

1 萝藦科植物中 C₂₁甾体苷的分布

C₂₁甾体苷普遍存在于萝藦科的鹅绒藤属、牛奶菜属、黑鳗藤属、杠柳属、马利筋属、尖槐藤属、须药藤属、夜来香属、南山藤属等植物中, 其分布及含有 C₂₁甾体苷的苷元结构类型见图 1 和表 1。

2 萝藦科植物中 C₂₁甾体苷药理活性

萝藦科植物中 C₂₁甾体苷具有广泛的药理作用, 具有抑制肿瘤细胞的增殖和侵袭、调节免疫功能、抗生育、抗癫痫、抗氧化和抑制乙酰胆碱酯酶等活性。