

DOI: 10.16210/j.cnki.1007-7561.2025.01.009

刘付英, 陈雪峰, 王忻, 等. 种植地对稻谷代谢组化合物的影响研究[J]. 粮油食品科技, 2025, 33(1): 95-104.

LIU F Y, CHEN X F, WANG X, et al. Study effect of producing region on the metabolome composition of rice[J]. Science and Technology of Cereals, Oils and Foods, 2025, 33(1): 95-104.

种植地对稻谷代谢组化合物的影响研究

刘付英, 陈雪峰, 王忻, 陈国艳, 郭颖, 孙婧涵, 杨水艳, 聂绪恒✉

(云南省粮油科学研究院, 云南 昆明 650033)

摘要: 云恢 290 是云南高原特色籼型稻谷品种之一, 由于其独特的风味广受消费者喜爱。采用广泛靶向代谢组学方法对 3 个不同产地的云恢 290 稻谷进行代谢组测定, 共鉴定出 1 003 种代谢物。通过主成分分析 (PCA)、偏最小二乘法判别分析 (OPLS-DA), 结果表明, 在不同比较组间 (GJYH290 vs MLYH290, MZYH290 vs GJYH290, MZYH290 vs MLYH290) 的差异代谢物分别为 130、181、192 种, 其中只有 6 种差异代谢物均存在于 3 个不同比较组中, 主要的代谢通路是氨基酸代谢和黄酮类物质代谢。3 个不同比较组中差异倍数最大的前 10 种上调和下调代谢物主要是黄酮类物质、酚酸类物质、核苷酸及其衍生物等。本研究为探索不同种植地稻谷的代谢组成和差异等具有参考作用。

关键词: 稻谷; 产地; 代谢组; 差异代谢物; 通路

中图分类号: TS201.4; S511 文献标识码: A 文章编号: 1007-7561(2025)01-0095-10

网络首发时间: 2024-12-24 16:48:08

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/11.3863.TS.20241224.1147.006>

Study on Effect of Producing Region on the Metabolome Composition of Rice

LIU Fu-ying, CHEN Xue-feng, WANG Xin, CHEN Guo-yan, GUO Ying,
SUN Jing-han, YANG Shui-yan, NIE Xu-heng✉

(Yunnan Grain and Oil Science Research Institute, Kunming, Yunnan 650033, China)

Abstract: Yunhui 290 is one of the characteristic indica rice varieties in Yunnan Plateau. Due to its unique flavor, Yunhui 290 is widely loved by consumers. In this study, the Yunhui 290 rice metabolome from 3 different producing areas was analyzed using a widely targeted metabolomics approach, and 1003 metabolites were identified. By principal component analysis (PCA) and partial least square discriminant analysis (OPLS-DA), the results showed that the numbers of differential metabolites between the comparison groups (GJYH290 vs MLYH290, MZYH290 vs GJYH290, MZYH290 vs MLYH290) were 130, 180, and 192, respectively, only 6 different metabolites were common to all three comparison groups, with the main

收稿日期: 2024-05-26; 修回日期: 2024-06-11; 录用日期: 2024-06-12

基金项目: 云南省“中国好粮油”行动建设统筹工程

Supported by: Coordinated Construction Project for the “China’s Good Grain and Oil” Initiative in Yunnan Province

第一作者: 刘付英, 女, 1981 年出生, 硕士, 高级工程师, 研究方向为粮油食品检验及质量安全, E-mail: 372243690@qq.com

通信作者: 聂绪恒, 男, 1987 年出生, 博士, 高级工程师, 研究方向为粮油食品营养代谢及质量安全, E-mail: niekon2014@163.com

metabolic pathways involving amino acid metabolism and flavonoid metabolism. The top 10 most significantly upregulated and downregulated metabolites with the largest fold changes in the 3 comparison groups were mainly flavonoids, phenolic acids, nucleotides and their derivatives. This study provides valuable insights into the metabolic composition and differences of rice from different producing regions.

Key words: rice; producing region; metabolome; differential metabolite; pathway

稻谷是世界主要粮食作物,约 1/2 的世界人口将稻谷作为主食。稻谷受形状、质地、特性等影响,具有不同的表型及农艺性状。前期研究表明,稻谷中存在着不同的抗氧化物质如酚酸、花青素、黄酮类物质等^[1],特别是彩色的稻谷品种中这些物质含量较高^[2-3]。因此其在抗氧化、抗炎症、抗癌、糖尿病治疗等方面具有一定的功效^[4]。

云南具有独特的地理条件和气候特征,全省境内海拔落差超过 6 600 m,同时具有寒、温、热三带气候类型,气温随地势高低垂直变化异常明显,降水地域分布不均,这些特点带来了丰富的自然资源种类。多种粳稻谷和籼稻谷均可在云南不同的地区种植^[5]。云恢 290 作为当地选育的优质籼型软米水稻品种,适应于生长在海拔 1 450 m 以下的地区^[6],因其独特的风味和口感,倍受消费者和科研工作者的青睐,被广泛种植于云南红河等地。

近年来,在中国优质粮食工程项目推动下,云南加速了高原特色现代农业的发展,不断加大对优质粮食品种的种植和产品的推广,培育出了一批优质的高原特色农产品,满足了不同消费者对风味和营养健康的需求。云恢 290 品质优良、价格较高,因此对其进行产品溯源、质量品质评价、鉴别产品掺杂掺假等相关研究对维护市场秩序、保护农户的根本利益具有重要意义,而代谢组学技术是解决这一问题的可能方法之一^[7]。但目前尚未发现该品种在不同产地背景下的代谢组成研究。

代谢组学研究主要是通过测定处于不同条件下的生物体内代谢化合物的总体变化情况,并对生物体内所有代谢物进行定量分析,探寻代谢物与不同条件变化的相关关系^[7]。目前,代谢组学被广泛应用于农林科学^[8]、食品科学^[9]、药学^[10]、医学^[11]、毒理学^[12]等领域,此外,代谢组学能够

较准确地反映植物细胞的化学组成和含量变化,在食品质量评价和食品安全风险监测等方面具有重要作用^[13-14]。本研究选择了种植于云南 3 个不同地区的云恢 290 稻谷,采用超高效液相色谱-质谱/质谱联用仪(Ultra-high-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry, UPLC-MS/MS)对其代谢组化合物进行了检测,运用主成分分析方法(Principal component analysis, PCA)和偏最小二乘判别分析方法(Orthogonal projections to latent structures discriminant analysis, OPLS-DA)对代谢物的定量数据进行分析,监测酚酸、生物碱、类黄酮、脂类、氨基酸及其衍生物等化合物在不同比较组中的含量变化,为云南优质水稻品种鉴定、质量品质评定、产地溯源和鉴别产品掺杂掺假提供可能的解决方案。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与试剂

选取种植于云南省个旧(GJYH290)、蒙自(MZYH290)、弥勒(MLYH290)的云恢 290 水稻样品进行代谢研究,3 个生物学重复。样品于 2021 年 9 月收获,储存在 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 条件下直到上机检测。

色谱纯甲酸:Sigma-Aldrich(St. Louis, MO, 美国);色谱纯甲醇(MeOH)、乙腈(ACN):Merck(Darmstadt, 德国)。

1.2 仪器与设备

冻干机:Scientz-100F,宁波新芝生物科技股份有限公司中国;研磨机:MM 400, Retsch, Haan, 德国;UPLC:SHIMADZU Nexera X2;MS:Applied Biosystems 4500Q TRAP, Applied Biosystems, Waltham, MA, 美国。

1.3 实验方法

1.3.1 样品制备和提取

使用冻干机在真空条件下对稻谷原始样品进

行冷冻干燥,然后使用研磨机以 30 Hz 频率粉碎,持续 1.5 min。精确称取 100 mg 粉末,溶于 1.2 mL 含 70%的甲醇溶液中,每隔 30 min 旋转一次,每次 30 s,循环 6 次。随后,将样品存于 4 °C 条件下过夜。离心机以 12 000 转转速运转 10 min。用孔径为 0.22 μm 的微孔膜对上层清液进行过滤到样品瓶中,待 UPLC-MS/MS 分析。

1.3.2 UPLC-MS/MS 参数

采用 UPLC-ESI-MS/MS 系统对样品代谢组分析,色谱柱为 AgilentSB-C18 (100 mm×2.1 mm, 1.8 μm),流动相为含 0.1%甲酸的水溶液溶剂 A 和含 0.1%甲酸的乙腈溶剂 B。流动相梯度程序为 0 min 95% A 和 5% B, 0~9 min 渐变为 5% A、95% B,持续 1 min,然后从 10~11.1 min 变为 95% A 和 5% B,保持 2.9 min。流速为 0.35 mL/min,柱箱温度为 40 °C,进样量为 4 μL。

采用涡轮离子电喷雾电离 (Electrospray ionization, ESI) 三重四极线性离子阱质谱仪进行线性离子阱 (Linear ion trap, LIT) 和三重四极杆 (Triple quadrupole, QQQ) 扫描,系统在 Analyst 1.6.3 软件的控制下,在正离子和负离子模式下分析。ESI 源参数:离子源温度为 550 °C,离子喷雾电压为 5 500 V (正离子模式) 和 -4 500 V (负离子模式),气体压力 I 和 II,氦气水平分别为 50、60 和 25 psi。在 QQQ 和 LIT 模式下,分别使用 10 和 100 μmol/L 聚丙烯乙二醇溶液对仪器进行校准和质量校准。QQQ 扫描为多反应监测,碰撞气体 (氮气) 设置为中等。

1.4 数据处理

利用自建数据库 MWDB (武汉迈维生物科技有限公司),依据一级和二级质谱数据对化合物进行定性分析。分析过程中,排除同位素特征以及重复信号,包括 K^+ 、 Na^+ 、 NH^+ 及其他分子量升高的化合物重复片段信号。

采用三重四极杆质谱法进行多反应监测分析。首先筛选目标化合物的前体离子,为了减少非目标离子的影响,前体离子在碰撞室中被诱导电离并分解成许多碎片离子,这些碎片离子随后被三重四极杆过滤以分离出一个独特的碎片离

子。在获取代谢物的质谱数据后,对所有物质的峰面积进行分析,同时对样品中代谢物的质谱峰进行校正。

定性参数包括代谢物的准确质量、MS2 碎片、MS2 碎片的同位素分布和保留时间 (RT)。利用智能二次光谱匹配技术,对样品中代谢物光谱、RT 与 MWDB 进行对比分析。鉴定水平如下: (1) MS/MS 质谱与 MWDB 中化合物的相关系数 (0~1) 应大于 0.7; (2) MS/MS 质谱与 MWDB 中化合物的相关系数 (0~1) 应大于 0.5; (3) 代谢产物的 Q1、Q3 和 RT 应与 MWDB 一致。

在分析之前,对数据集进行预处理;在 OPLS-DA 分析之前,对数据进行对数变换 (\log_2) 和数据中心化转化。采用 R 软件对数据进行 PCA、层次聚类分析和 OPLS-DA 分析,分析函数为 procomp (www.r-project.org (2024 年 4 月 11 日)); 变量重要性 (Variable importance in projection, VIP) 值通过 MetaboAnalystR 计算得到。根据 $VIP \geq 1$ 或 $|\log_2 \text{fold change, FC}| \geq 1$ 选择差异代谢物。

参考京都基因与基因组百科全书 (the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG) 物质数据库对代谢物进行注释,将注释的代谢物链接到 KEGG 通路数据库。出现显著调节的通路代谢物进行代谢物集富集分析,显著水平为 $P < 0.05$ 。

2 结果与分析

2.1 稻谷的代谢特征

通过与本地代谢物数据库对比,对稻谷样品的离子对数据进行综合分析,共鉴定出 1 003 种代谢物。这些化合物包括 63 种核苷酸及其衍生物、110 种氨基酸及其衍生物、87 种生物碱、80 种有机酸、136 种酚酸、21 种木脂素和香豆素、172 种脂类、23 种萜类、5 种醌类、184 种黄酮类、5 种单宁和 117 种其他代谢物 (表 1)。前期研究表明,在 4 种不同颜色糙米中共检测出 732 种代谢物^[2],通过对糙米和大米进行非靶向代谢组学共鉴定出 1 039 种差异代谢物^[15],其它研究发现在不同的稻谷中共发现 159 种黄酮类物质^[3],这说明在不同的稻谷中采用不同的检测方法,其代谢组学结果不同。本研究结果类似于不同产地茶

叶中代谢组差异结果^[16]。黄酮类化合物是一种有效的抗氧化剂,具有多种生物学功能、药理功能以及抗癌和抗炎特性^[17]。例如,柚皮素具有抗癌、抗氧化、抗炎和抗促生活性^[18-19]。山奈酚-3-O-葡萄糖苷具有抗炎、抗氧化和保护作用^[20]。因此,代谢组物质能较精确的反映稻谷的质量和品质,对评价稻谷的质量品质具有重要作用。

表 1 鉴定的代谢物情况
 Table 1 Overview of annotated metabolites

类别	数量/个	百分比/%
核苷酸及其衍生物	63	6.28
氨基酸及其衍生物	110	10.97
生物碱	87	8.67
有机酸	80	7.98
酚酸类	136	13.56
木脂素和香豆素	21	2.09
脂质	172	17.15
萜类	23	2.29
醌类	5	0.50
黄酮	184	18.34
单宁	5	0.50
其他类	117	11.67
合计	1 003	100.00

2.2 不同种植地的样品特点

稻谷样品在热图中被有效分离(图 1A)。在 PCA 图中,前两个主要成分(PC1 和 PC2)分别占数据方差的 28.67%和 21.68%。质量控制样品,包括稻谷样品提取物的混合物,分别被映射到同一区域,表明它们具有相似的代谢特征,样品数据是一致的和可重复的。来自 3 个不同种植地的稻谷样品在 PCA 图中独立分开,表明每个产地稻谷样品的代谢谱不同(图 2B)。PCA 图结果表明,不同种植地稻谷的代谢谱存在差异。

2.3 差异代谢物分析

本文通过 OPLS-DA 模型分析了不同产地稻谷样品的代谢物,评价了 GJYH290 与 MLYH290 ($R^2X=0.661$, $R^2Y=1$, $Q^2=0.886$)、MZYH290 与 GJYH290 ($R^2X=0.666$, $R^2Y=1$, $Q^2=0.893$)、MZYH290 与 MLYH290 ($R^2X=0.684$, $R^2Y=1$, $Q^2=0.888$) 之间的代谢差异(图 2)。

根据 FC 值 ≥ 2 或 ≤ 0.5 , VIP 值 ≥ 1 , GJYH290 与 MLYH290 之间共鉴定出 130 个不同的代谢物(下调=95,上调=35), MZYH290 与 GJYH290 之间共鉴定出 181 个代谢物(下调=151,上调=30), MZYH290 与 MLYH290 之间共鉴定出 192 个代谢物(下调=176,上调=16)(图 2、表 2)。

从表 2 中可以看出,不同处理组之间的差异代谢物主要为核苷酸及其衍生物、氨基酸及其衍生物、有机酸、酚酸类和黄酮类化合物。通过 KEGG 数据库对差异代谢物的通路进行富集分析, GJYH290 与 MLYH290 比较组显著富集的通路主要有“缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸的降解”

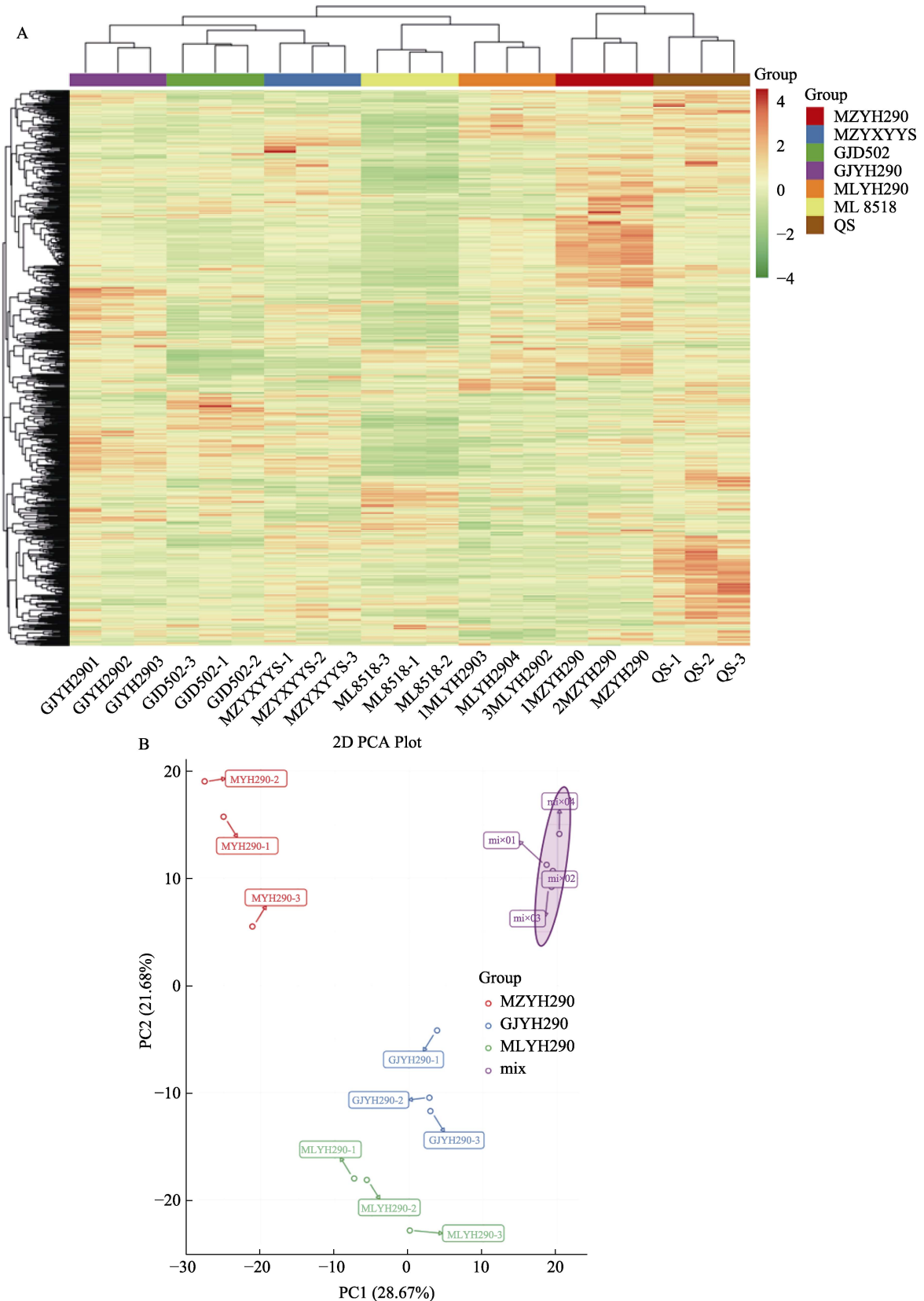
“Tropane, 哌啶和吡啶生物碱的生物合成”“嘌呤代谢”“植物激素信号转导”“戊糖磷酸途径”

“代谢途径”“赖氨酸降解”“角质、亚蜡和蜡的生物合成”(P<0.05)(图 3B); MZYH290 与 GJYH290 比较组显著富集的通路主要有“色氨酸代谢”“异黄酮生物合成”“黄酮和黄酮醇的生物合成”“角质、亚蜡和蜡的生物合成”(P<0.05)

等(图 3C); MZYH290 与 MLYH290 比较组显著富集的通路主要有“缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸的降解”“缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸的生物合成”“Tropane, pepperdine 和 pyridine 生物碱的生物合成”“淀粉和蔗糖代谢”“Glycerophospholipid 代谢”“黄酮和黄酮醇的生物合成”(P<0.05)等(图 3D)。

但仅有 6 种代谢物均存在于 3 个不同比较组中(图 3A),这说明不同处理组间的代谢物差异大。造成这些代谢物及其通道差异的原因可能是气候特点、土壤背景等生态因子,从而导致了同一品种在不同地区种植后的稻谷质量品质差异。

为了进一步探究各对照组的差异代谢物,分别选出各对照组 FC 值最高的前 10 个上调和前 10 个下调代谢物(图 4)。在 GJYH290 与 MLYH290 比较组中,上调代谢物包括 4 种类黄酮(圣草酚、泽兰黄酮(6-甲氧基木犀草素)、香橙素(二氢山奈酚)、槲皮素 7-O-芸香糖苷)、4 种酚酸(1-萘酚、2-萘酚、没食子苯乙酮、香草酸-4-O-葡萄糖苷)和 2 种生物碱(对香豆酰基腐胺、蜀黍苷); 下调代谢物由 4 种核苷酸及其衍生物(2-甲氧基



注：图 A：列表示样品，行表示代谢物。绿色和红色分别表示低丰度和高丰度。图 B：PC1 和 PC2 表现第一主成分和第二主成分。

Note: In A, each sample is represented by a column, while each metabolite is represented by a row. The colors green and red are used to indicate low and high abundance, respectively. In B, PC1 and 2 demonstrate strong cohesion within groups and effective separation among the rice accessions.

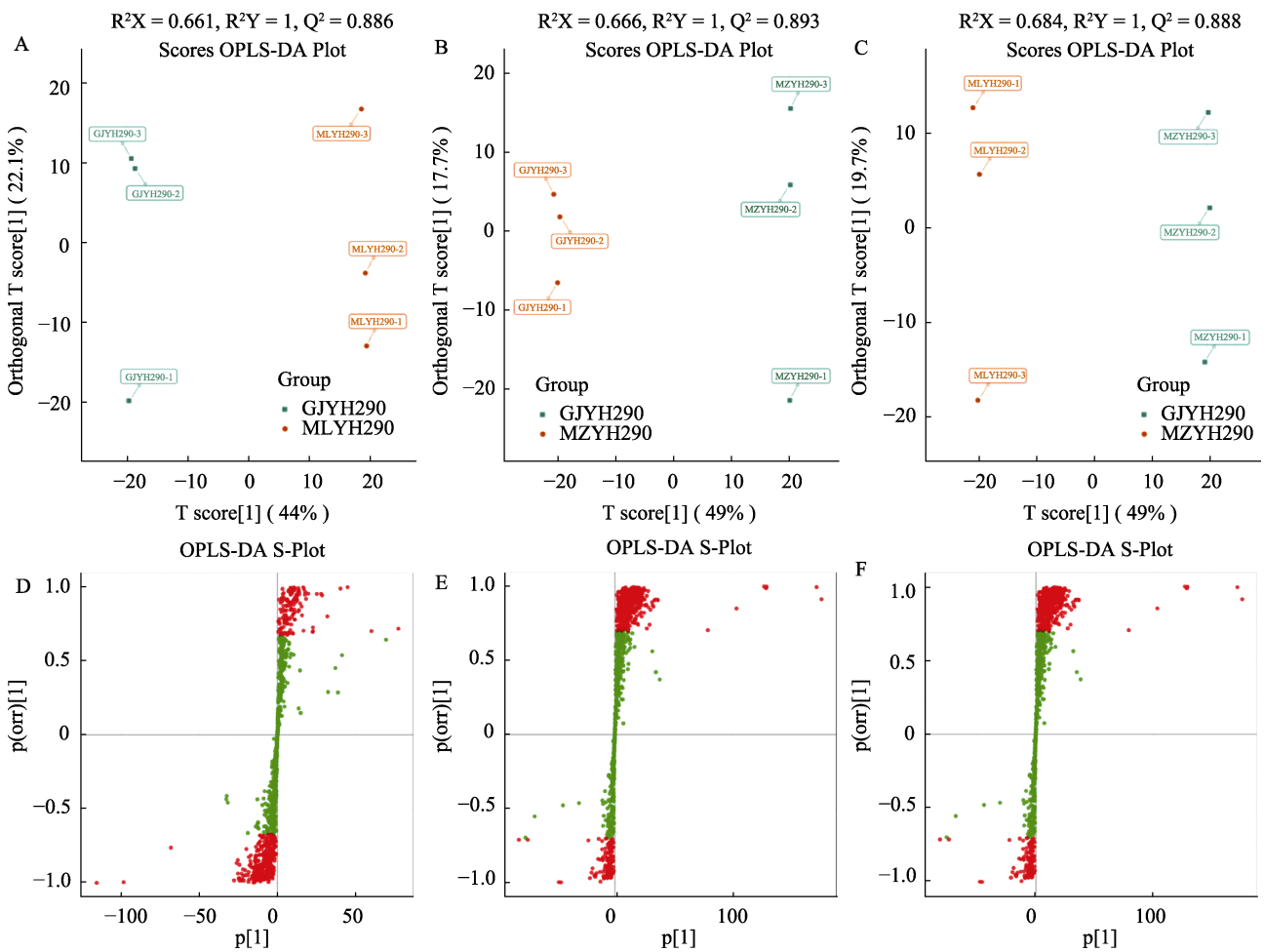
图 1 样品热图 (A) 和主成分得分图 (B)

Fig. 1 Heatmap (A) and PCA plot (B) illustrating the distribution of metabolites across different treatments in rice examples

腺苷、2'-脱氧腺苷、N6-(2-羟乙基)腺苷、2-脱氧肌苷)、2 种类黄酮(苜蓿素-4'-O-[β-愈创木基-(9''-O-乙酰基)甘油基]醚、根皮素-4'-O-葡萄糖苷)、1 种生物碱(苯基乙醇胺)、1 种有机酸(2-乙酰-2-羟基丁酸)、1 种氨基酸及其衍生物(环(D-亮氨酸-L-脯氨酸)二肽)和 1 种其他代谢物(N-苯甲酰基-2-氨基乙基-β-D-吡喃葡萄糖苷)组成(图 4A)。

在 MZYH290 与 GJYH290 比较组中,上调代谢物包括 2 种类黄酮(根皮素-4'-O-葡萄糖苷、苜蓿素-4'-O-[β-愈创木基-(9''-O-乙酰基)甘油基]醚)、1 种氨基酸及其衍生物(环(D-亮氨酸-L-脯氨酸)二肽)、6 核苷酸及其衍生物(N7-甲基鸟苷、胸腺嘧啶、2-脱氧肌苷、5-羟甲基尿嘧啶、2'-脱氧腺苷、2-甲氧基腺苷)和 1 种酚酸类(邻

氨基苯甲酸);下调代谢物由 2 种黄酮(槲皮素-3-O-洋槐糖苷、圣草酚)、3 种酚酸类(香草酸-4-O-葡萄糖苷、原儿茶酸甲酯、香草酰酒石酸)、2 种脂质(十六烷基二酸、二十碳五烯酸(顺-5,8,11,14,17)/EPA(C20:5))、1 种生物碱(对香豆酰基腐胺)、1 种核苷酸及其衍生物(尿酸)和 1 种氨基酸及其衍生物(烟酰甘氨酸)组成(图 4B)。在 MZYH290 与 MLYH290 比较组中,上调代谢物包括 5 种酚酸类(1-萘酚、2-萘酚、对香豆酸甲酯*、邻氨基苯甲酸、4-甲氧基肉桂酸*)、2 种木脂素和香豆素(去氢二异丁香酚、3,4-亚甲二氧肉桂醇)、1 种类黄酮(泽兰黄酮(6-甲氧基木犀草素))、1 种核苷酸及其衍生物(N7-甲基鸟苷)和 1 种其它类(2-(2'-羟丙基)-5-甲基-7-羟基色原酮);下调代谢物由 2 种脂质(十六烷基二酸、二十碳



注:红色的点表明这些代谢物的VIP值大于等于1,绿色的点表示这些代谢物的VIP值小于1。

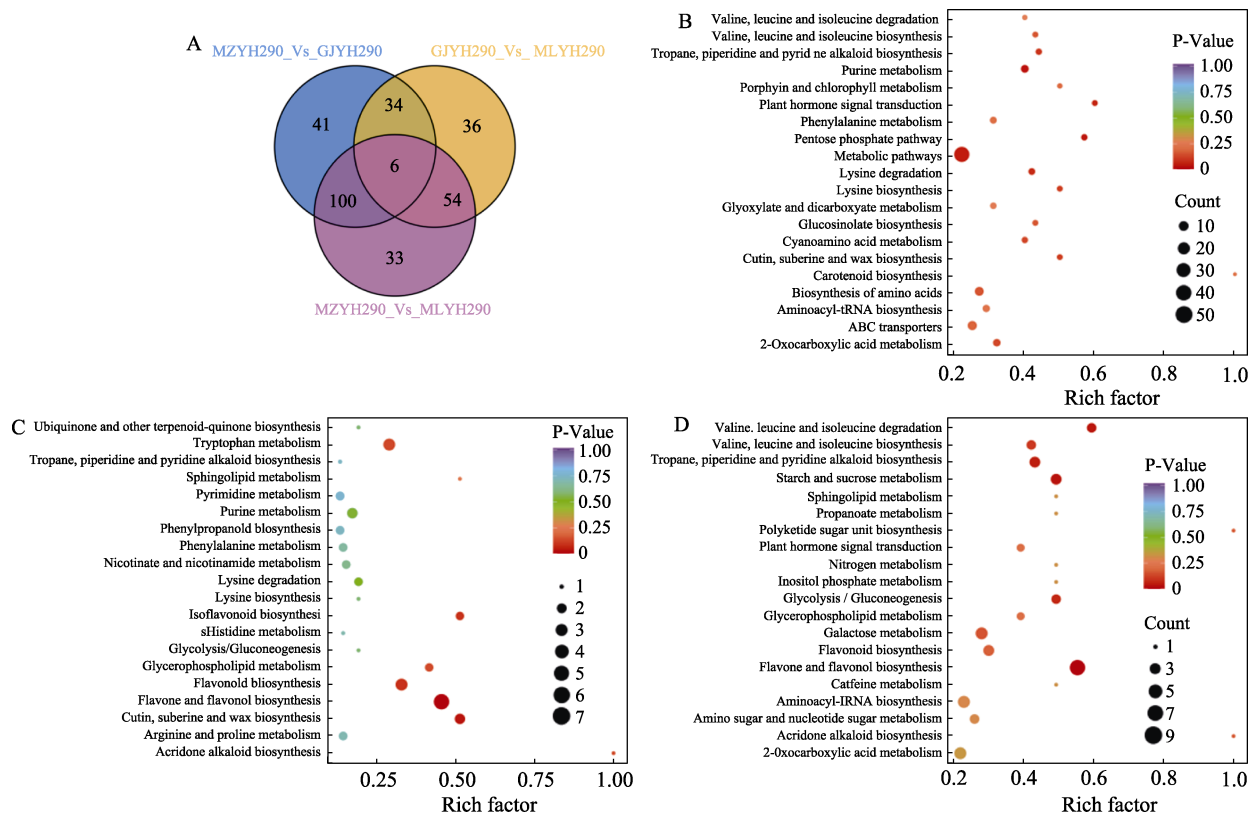
Note: The red dots indicate that the VIP value of these metabolites is greater than or equal to 1, and the green dots indicate that the VIP value of these metabolites is less than 1.

图 2 OPLS-DA 模型图和 S-plot 图
Fig. 2 OPLS-DA model diagram and S-plot

表 2 不同比较组的差异代谢物数量

Table 2 Metabolites significantly changed in different treatments

代谢物类别	表达类别	个旧云恢	蒙自云恢	蒙自云恢	代谢物类别	表达类别	个旧云恢	蒙自云恢	蒙自云恢
		290 与弥勒云恢 290	290 与个旧云恢 290	290 与弥勒云恢 290			290 与弥勒云恢 290	290 与个旧云恢 290	290 与弥勒云恢 290
核苷酸及其衍生物	下调	18	2	8	萜类化合物	下调	0	2	1
	上调	0	9	1		上调	1	0	0
氨基酸及其衍生物	下调	22	3	15	醌类	下调	0	2	1
	上调	0	9	2		上调	0	0	0
生物碱	下调	7	12	13	黄酮类化合物	下调	3	87	74
	上调	4	4	0		上调	6	2	1
有机酸	下调	19	2	16	单宁	下调	0	0	0
	上调	0	1	0		上调	0	0	0
酚酸类	下调	4	26	16	鞣质	下调	0	1	0
	上调	18	4	7		上调	0	0	0
木脂素和香豆素	下调	1	5	5	其他类	下调	17	2	18
	上调	2	1	2		上调	1	0	2
脂质	下调	4	7	9	合计	下调	95	151	176
	上调	3	0	1		上调	35	30	16

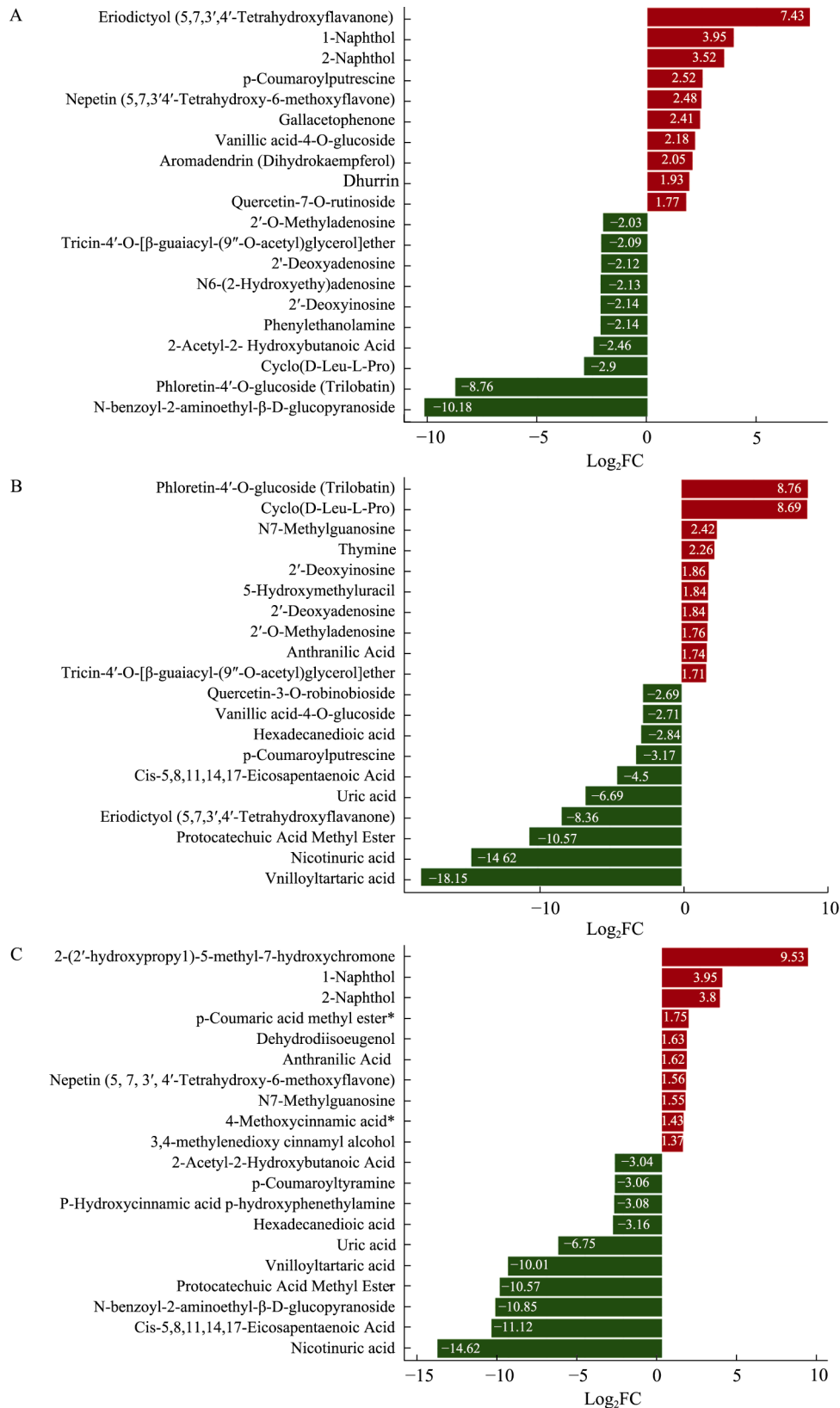


注：图 A 表示共享的和独特的代谢物。图 B~D 表示各组(GJYH290_vs_MLYH290、MZYH290_vs_GJYH290、MZYH290_vs_MLYH290)中差异表达代谢物的 KEGG 富集分析，图中每个气泡对应于一个特定的代谢途径；它在轴上的位置以及它的大小共同表明了它在特定路径中的影响程度。气泡越大，表示影响越大。此外，气泡颜色的变化反映了富集分析得到的 P 值，颜色越深表示富集程度越高。

Note: Figure A shows the common and unique metabolites. Figure B-D shows KEGG enrichment analysis of differentially expressed metabolites in each group (GJYH290_vs_MLYH290, MZYH290_vs_GJYH290, MZYH290_vs_MLYH290). Each bubble in the figure corresponds to a specific metabolic pathway. Its position on the axis and its size together indicate the extent of its influence in a particular path. The larger the bubble, the greater the impact. In addition, the change of bubble color reflects the P-value obtained from the enrichment analysis, the deeper the color, the higher the enrichment degree.

图 3 差异代谢物的维恩图和气泡图

Fig. 3 Venn diagrams and bubble diagrams of differential metabolite



注：A 表示 GJYH290_vs_MLYH290，B 表示 MZYH290_vs_GJYH290，C 表示 MZYH290_vs_MLYH290。红色柱状图表示上调代谢物，绿色柱状图表示下调代谢物。

Note: A is GJYH290_vs_MLYH290, B is MZYH290_vs_GJYH290, C is MZYH290_vs_MLYH290. The up-regulated metabolites are represented by red bar charts while the down-regulated metabolites are represented by green bar charts.

图 4 各比较组中倍数变化最大的前 10 种上调代谢物和下调代谢物

Fig. 4 The highest fold change was observed in the top 10 metabolites that were up-regulated and down-regulated in each comparison group

五烯酸(顺-5,8,11,14,17)/EPA(C20:5)、2 种酚酸类(香草酰酒石酸、原儿茶酸甲酯)、2 种其它类(对羟基桂皮酸酐对羟基苯乙胺、对羟基桂皮酸酐对羟基苯乙胺)、1 种有机酸(2-乙酰-2-羟基丁酸)、1 种木脂素和香豆素(对香豆酰酪胺)、1 种核苷酸及其衍生物(尿酸)和 1 种氨基酸及其衍生物(烟酰甘氨酸)组成(图 4C)。在生物医学和健康科学领域,类黄酮具有重要的生理功能。它们具有自由基消除剂、抗氧化剂和单线态氧抑制剂的功能^[18-21]。因此,不同产地的稻谷可满足消费者对健康和营养的多样化需求。

值得注意的是,在不同比较组中差异倍数超过 10 的化合物为 N-苯甲酰基-2-氨基乙基-β-D-吡喃葡萄糖苷(图 4A);原儿茶酸甲酯、烟酰甘氨酸、香草酰酒石酸(图 4B);香草酰酒石酸、原儿茶酸甲酯、N-苯甲酰基-2-氨基乙基-β-D-吡喃葡萄糖苷、二十碳五烯酸(顺-5,8,11,14,17)/EPA(C20:5)、烟酰甘氨酸(图 4C)。研究表明,这些物质具有抵御生物或非生物压力方面的生理功能^[22-24]。因此,研究结果进一步表明,不同产地稻谷可能通过改变这些代谢物的水平来调节免受生物或非生物胁迫,有待进一步研究证实。

综上所述,本研究对云恢 290 品质保障、品种溯源和避免产品掺杂掺假提供了有价值的数据支撑和依据。

3 结论

本文通过对 3 个不同产地的云恢 290 进行广靶代谢组研究,共鉴定出 1 003 种代谢物,其中在不同比较组间(GJYH290 vs MLYH290, MZYH290 vs GJYH290, MZYH290 vs MLYH290)的差异代谢物分别为 130、181、192 种,只有 6 种差异代谢物均存在于 3 个不同比较组中,3 个不同处理组中差异倍数最大的前 10 种上调和 10 种下调代谢物主要是黄酮类物质、酚酸类物质、核苷酸及其衍生物等。本研究对于理解不同种植地同一稻谷品种的代谢组成和差异具有重要作用,为育种工作者提供数据和理论参考,为云恢 290 大米溯源、质量品质评价、鉴别产品掺杂掺假提供数据支撑。

参考文献:

- [1] SEN R K, PRATAP. Rice-not just a staple food: A comprehensive review on its phytochemicals and therapeutic potential[J]. Trends in Food Science & Technology, 2020, 97: 355-365.
- [2] ZHANG L, CUI D, MA X, et al. Comparative analysis of rice reveals insights into the mechanism of colored rice via widely targeted metabolomics[J]. Food Chemistry, 2023, 399: 133926.
- [3] YU X T, YANG T, QI Q Q, et al. Comparison of the contents of phenolic compounds including flavonoids and antioxidant activity of rice (*Oryza sativa*) and Chinese wild rice (*Zizania latifolia*)[J]. Food Chemistry, 2020, 128600.
- [4] VEMA D K, SRIVASTAV P P. Bioactive compounds of rice (*Oryza sativa* L.): Review on paradigm and its potential benefit in human health-ScienceDirect[J]. Trends in Food Science & Technology, 2020, 97:355-365.
- [5] 邓伟, 吕莹, 董阳均, 等. 云南水稻种质资源的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3): 624-635.
- [6] 陈云芬. “云恢 290”获全国优质稻食味品质鉴评金奖[J]. 云南农业, 2019(4): 91.
- [7] CHEN Y F. “Yunhui 290” won the gold medal of national quality rice taste quality evaluation[J]. Yunnan Agriculture, 2019(4): 91.
- [8] DENG M L, XIA Y P, ZHAO B, et al. Application of food omics technology in risk control about food safety[J]. Food and Fermentation Technology, 2015, 51(6): 95-99.
- [9] LE GALL G L, DUPONT M S, MELLON F A, et al. Characterization and content of flavonoid glycosides in genetically modified tomato (*Lycopersicon esculentum*) fruits[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2003, 51(9): 2438-2446.
- [10] WANG X, YANG S, SUN J, et al. Metabolomics reveals the response mechanisms of potato tubers to light exposure and wounding during storage and cooking processes[J]. Foods, 2024, 13(2): 308.
- [11] GA NAGANA GOWDA S Z, GU H W, VINCENT A, et al. Metabolomics-based methods for early disease diagnostics[J]. Expert Review of Molecular Diagnostics, 2008, 8(5): 617-633.
- [12] HAO J, JIANG J, MAO T, et al. Research progress of metabolomics in food safety risk monitoring[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2017, 8(7): 2587-2595.
- [13] RAMIREZ T, DANESHIAN M, KAMP H, et al. t4 report : metabolomics in toxicology and preclinical research[J]. Altex, 2013, 30(2): 209-225.
- [14] MICHAELR LAFRANO. Mass-spectrometry-based metabolomics: limitations and recommendations for future progress with particular focus on nutrition research[J]. Metabolomics, 2009, 5(4): 435-458.
- [15] FIEHN O. Metabolomics-the link between genotypes and

- phenotypes[J]. *Plant Molecular Biology*, 2002, 48(1-2): 155-171.
- [15] 任传英, 卢淑雯, 洪滨, 等. 糙米和小米非靶向代谢组学分析[J]. *食品科学*, 2022, 43(20): 183-190.
REN C Y, LU S W, HONG B, et al. Research on non-targeted etabonomics of brown rice and rice[J]. *Food Science*, 2022, 43(20): 183-190.
- [16] ANA, MARCOS, ANDREW, et al. Preliminary study using trace element concentrations and a chemometrics approach to determine the geographical origin of tea[J]. *Journal of Analytical Atomic Spectrometry*, 1998, 13(6): 521-525.
- [17] RAVISHANKAR D, RAJORA A K, GRECO F, et al. Flavonoids as prospective compounds for anti-cancer therapy[J]. *The International Journal of Biochemistry & Cell Biology*, 2013, 45(12): 2821-2831.
- [18] NYANE N A, TLAILA T B, MALEFANE T G, et al. Metformin-like antidiabetic, cardio-protective and non-glycemic effects of naringenin: Molecular and pharmacological insights[J]. *European Journal of Pharmacology*, 2017, 803: 103-111.
- [19] ZENG W, JIN L, ZHANG F, et al. Naringenin as a potential immunomodulator in therapeutics[J]. *Pharmacological Research*, 2018, 135: 122-126.
- [20] KASHYAP D, SHARMA A, TULI H S, et al. Kaempferol-A dietary anticancer molecule with multiple mechanisms of action: Recent trends and advancements[J]. *Journal of Functional Foods*, 2017, 30: 203-219.
- [21] SHAHIDI F, CHANDRASEKARA A. Millet grain phenolics and their role in disease risk reduction and health promotion: A review[J]. *Journal of Functional Foods*, 2013, 5(2): 570-581.
- [22] YANG L, WEN K S, RUAN X, et al. Response of plant secondary metabolites to environmental factors[J]. *Molecules (Basel, Switzerland)*, 2018, 23(4): 762.
- [23] PANG Z, XU J, YI C. Linking plant secondary metabolites and plant microbiomes: a review[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 1-22.
- [24] WANG Y, LIU Q, DU L, et al. Transcriptomic and metabolomic responses of rice plants to *Cnaphalocrocis medinalis* caterpillar infestation[J]. *Insects*, 2020, 11(10): 705. 完

备注: 本文的彩色图表可从本刊官网 (<http://lyspkj.ijournal.cn>)、中国知网、万方、维普、超星等数据库下载获取。