

基于多组学联合分析揭示樟叶越桔组织特异性的代谢物积累变化和酚苷类生物合成机制

姚传慧¹, 喻艳华¹, 杨洋¹, 张璟雯¹, 赵平¹, 徐俊明², 何远平³, 杨晓琴²

(1. 西南林业大学 西南地区林业生物质资源高效利用国家林业和草原局重点实验室 云南 昆明 650224; 2. 中国林业科学研究院 林产化学工业研究所 江苏 南京 210042; 3. 昆明远方生物制品有限公司 云南 昆明 650499)

摘 要:本研究旨在深入探究樟叶越桔的花、果、枝、叶代谢组分及其在不同组织间的差异性表达并揭示其中酚苷类物质积累机制。通过采集樟叶越桔的花、果、枝、叶等不同组织样本,运用代谢及转录多组学联合分析技术,对其代谢成分进行系统的鉴定与分析。研究采用超高效液相色谱-串联质谱(UPLC-MS/MS)对樟叶越桔各组织中的代谢组分进行分析,成功鉴定出 1493 种代谢物质。对各组织间的代谢组分进行了多元变量分析、差异分析、KEGG 富集等统计分析方法。通过以上统计分析可知,如有机杂环化合物占比最高(19%)、有机酸及其衍生物(17%)、苯丙素和聚酮类(13%)等。多元统计分析显示,不同组织部位的代谢物具有明显特异性,基于筛选条件在 HvsY、GvsY 和 ZvsY 这 3 组中分别鉴定出 505、479、447 种显著差异代谢物,樟叶越桔叶中富含多种氨基酸及生物活性物质,为其作为一种民间茶饮原料提供了营养价值参考。KEGG 代谢通路富集发现,显著富集的代谢通路主要为二萜类生物合成、类黄酮生物合成等。通过 SwissProt、GO、KEGG 等数据库对基因功能进行注释,获得了 62939 个 unigene 注释结果,分析注释的单基因在不同比较组之间的显著富集。基于转录组学和代谢组学测序得到的基因表达量和代谢物含量的数据,对差异代谢物和差异基因进行通路注释,对转录组学和代谢组学数据进行联合分析发现其植物中酚苷类物质可能形成的潜在生物合成途径进行预测,分析表明一些酶通过氨基糖和核苷酸糖代谢、淀粉和蔗糖代谢、半乳糖代谢等途径与尿苷二磷酸(UDP)-核糖合成有关。其他一些酶通过酪氨酸代谢、核黄素代谢等与对苯二酚的合成有关。此外,通过对其中酰基供体进行预测,从而为合成转化成酚苷类物质的形成提供依据。与糖代谢和酪氨酸代谢相关途径中的一些酶可能参与了熊果蛋白的合成。尿苷二磷酸糖基转移酶以植物中最常见的尿苷二磷酸(UDP)糖类为活化糖基分子供体,通过对苯二酚的糖基化和相关基因的表达反应可能导致熊果苷的前体对苯二酚的积累,为樟叶越桔中酚苷类生物合成提供了有力工具。本研究不仅为樟叶越桔的组学研究提供了基础研究,也为进一步探讨其价值及资源开发提供了理论依据。