

基于代谢组与转录组对苦竹笋不同生长阶段苦味物质的研究

龚利梅

(四川农业大学 成都 611130)

摘要:【目的】探究苦竹笋在生长过程中的营养品质、苦味相关的代谢物和基因的动态变化,以期为苦竹笋的风味改良和后续相关功能基因验证分析提供理论依据和技术支撑。【方法】通过代谢组学和转录组学结合基础生理指标测定,对三个不同生长阶段出土高度分别为 10 (BT1)、20 (BT2)、40 (BT3) cm 的苦竹笋样本进行分析。【结果】1) 苦竹笋生长过程中,可溶性糖含量降低、苦味物质总酚和总黄酮含量不断增加。2) 三个生长阶段的苦竹笋样本共鉴定出 477 个代谢物质,三个比较组 BT2 vs BT1, BT3 vs BT1, BT3 vs BT2 分别筛选得到 14、43、36 个差异代谢物 (DAMs),其中第二阶段黄酮类物质芹黄素上调积累;而苦味氨基酸如苯丙氨酸、精氨酸、异亮氨酸,酚类物质香豆素,以及生物碱物质喹啉含量在整个生长阶段均上调。对 DAMs 进行 KEGG 通路富集分析表明与苦味相关的富集通路主要有:精氨酸生物合成,苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸生物合成,缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸生物合成等途径。3) 三个比较组 BT2 vs BT1, BT3 vs BT1, BT3 vs BT2 分别筛选得到 3161、13268、3742 条差异基因 (DEGs)。BT3 vs BT1 比较组 KEGG 富集分析表明,整个生长阶段中上调 DEGs 富集通路中与苦味有关的有:酪氨酸代谢、苯丙氨酸代谢、精氨酸生物合成等途径。4) 将代谢组和转录组数据整合分析表明,随着苦竹笋的生长,苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸生物合成通路中色氨酸合酶 β 链中的一个基因低表达调控色氨酸积累,而酪氨酸氨基转移酶中的 3 个基因高表达促进了苯丙氨酸、酪氨酸合成;精氨酸生物合成通路中,一氧化氮合酶 (NOS) 中的两个基因低表达,最终导致精氨酸含量增加;缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸生物合成通路中的酮酸还原异构酶中一个基因低表达,最终导致异亮氨酸含量增加。这些结果表明以上三个通路中的相关基因和代谢物可能与三个生长阶段中苦竹笋的呈味变化有关。【结论】本研究结果表明苦竹笋高度为 20 cm 时,其活性物质变化最大,可能是其营养与风味价值最高的阶段;整个生长阶段引起苦味变化的相关代谢物和基因主要与苯丙氨酸、精氨酸和异亮氨酸等苦味氨基酸的积累有关。本研究结果可为苦竹笋的营养价值研究以及苦竹资源的开发与利用提供理论依据。

关键词: 苦竹笋; 生长阶段; 代谢组; 转录组; 苦味