

宋江峰,刘春泉,李大婧,等. 代谢组学在果蔬采后品质研究中的应用[J]. 江苏农业科学,2015,43(6):253-255.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.06.082

# 代谢组学在果蔬采后品质研究中的应用

宋江峰<sup>1,2</sup>, 刘春泉<sup>1,3</sup>, 李大婧<sup>1,3</sup>, 顾振新<sup>2</sup>

(1. 江苏省农业科学院农产品加工研究所, 江苏南京 210014; 2. 南京农业大学食品科技学院, 江苏南京 210095;

3. 国家蔬菜加工技术研发分中心, 江苏南京 210014)

**摘要:**综述了代谢组学在果蔬品种特征特性、生长发育与成熟中品质形成及采后品质变化与控制研究中的应用现状,指出了研究中存在的问题,对进一步的研究方向进行了展望。

**关键词:**代谢组学;果蔬品质;应用;采后品质

**中图分类号:** TS255.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2015)06-0253-03

果蔬品质的形成是一个十分复杂的代谢过程,因而一直受到人们的关注<sup>[1]</sup>。以往果蔬采后研究主要分析一些与代谢相关的生理生化指标,对代谢具体过程缺乏认识。近年来,代谢组学在果蔬采后研究方面取得了新的进展与突破,成为揭示果蔬品质形成机理的重要研究手段。

代谢组学主要研究特定生理或发育状态下分子量低于 1 ku 系列小分子代谢物的分布与变化情况。果蔬中化学物质鉴定是代谢组学研究的重要内容,也是评价果蔬品质的有效途径<sup>[1]</sup>。对于果蔬而言,某种或几种化学物质的存在与否及其含量高低决定了品质性状,在特定条件下,当风味、色泽、成熟度等评价指标不能反映产品品质差别时,采用代谢组学研究手段定性定量分析这些物质,区分不同产品间的品质差异成为可能。此外,运用液相质谱(LC-MS)、气相质谱(GC-MS)、核磁共振(NMR)等技术结合多元统计分析,明确具体变化的物质,可实现对果蔬贮藏品质的定量和定性监测。目前代谢组学已被应用于评价果蔬营养、品质等性状评价,以及胁迫下生理变化及阐释相关途径等。还有极少数应用于采后生物学的研究,包括新基因型的快速检测和采后病理生物标记物的鉴定<sup>[2]</sup>。可以预见,随着果蔬采后生物学发展,代谢组学在果蔬采后研究领域将显示潜在的应用前景。本研究主要对代谢组学在果蔬采后品质研究中的应用进行了综述。

## 1 代谢组学在果蔬品种特征特性中的应用

代谢组学各种分析技术已广泛应用于果蔬品种的区分与鉴定。GC-MS、LC-MS 或 NMR 等非靶标研究在苹果<sup>[3]</sup>、甜椒<sup>[4]</sup>、番茄<sup>[5]</sup>和马铃薯<sup>[6]</sup>等果蔬中已有报道。

了解果蔬品种特性及分析其作为食品原料潜在的优越性是果蔬代谢组学研究的重点。基于流动注射电喷雾质谱法

(FIE-MS)和 GC-MS 的代谢组学技术已用于评价马铃薯的化学组成。FIE-MS 数据表明不同品种马铃薯块茎异亮氨酸、酪氨酸和苯丙氨酸含量存在显著差异<sup>[7]</sup>,而且已鉴定的代谢产物与马铃薯块茎的品质特点密切相关。Dobson 等通过 GC-MS 分析,同样发现不同品种马铃薯氨基酸、有机酸、糖类和糖醇类等极性代谢物以及脂肪酸、链烯醇、甾醇等非极性代谢物存在一定差异,这也揭示了马铃薯品种差异<sup>[6]</sup>。高分辨魔角核磁共振技术(HRMAS-NMR)已用于甜椒的代谢轮廓分析,其优点在于可同时检测极性与非极性物质<sup>[4]</sup>,该研究中发现影响甜椒品种品质差异的代谢物质主要为糖类、有机酸及脂肪酸。Sánchez 等通过 HRMAS-NMR 光谱,结合主成分分析(PCA)和指定信号分析,证实番茄品种感官品质与代谢物含量之间的依存关系。番茄食味与相关的代谢物如果糖、有机酸等存在依赖性。研究结果显示 Rambo 和 Raf 品种分别优先积累柠檬酸和果糖<sup>[5]</sup>。

通过对新鲜果蔬挥发性物质检测也可以提供有用的产品品质信息。SPME-GC-MS 已用于苹果、木莓等挥发性成分代谢分析。Young 等测定了不同品种苹果各种挥发性酯类物质含量,其中 McIntosh 和 Granny Smith 苹果总酯含量较低,而 Spartan、Ida Red 和 Jonagold 苹果总酯含量较高,且含高达 40 种酯类物质,其相对定量解释了每个苹果品种不同的风味特征<sup>[3]</sup>。但 GC 方法分析缓慢,不适宜于田间测量或在线监控。质子传递反应质谱方法(PTR-MS)克服了上述 GC 法缺点,替代 GC-MS 成为可能<sup>[8]</sup>。Aprea 等通过 PTR-MS 分析不同品种木莓挥发性成分,发现其存在高度变异性,这些变异与木莓感官特性有关<sup>[9]</sup>。还有研究表明,通过 PTR-ToF-MS 与多变量分析有望准确获取苹果品种无性系指纹谱<sup>[10]</sup>。

代谢组学还可监控果蔬中的生物活性成分。Brown 等通过超高压液相色谱质谱联用技术(UPLS-MS)检测到花青素含量丰富的蔓越橘品种如 Ben Lear、Bergman 和 GH1 等<sup>[11]</sup>。Fujimura 等提出将代谢组学作为一种新颖的功能性食品设计策略,而后采用代谢组学评价了各种茶叶品种的营养成分,通过偏最小二乘回归分析,成功构建了用于预测不同茶叶品种生物活性的可靠模型<sup>[12]</sup>。

## 2 代谢组学在果蔬生长发育中的应用

生长、发育与成熟过程通常激活了果蔬类胡萝卜素、黄

收稿日期:2014-07-03

基金项目:国家自然科学基金(编号:31301534);南通市重大科技创新专项(编号:XA2013012)。

作者简介:宋江峰(1981—),男,湖北应城人,博士,助理研究员,从事果蔬采后品质与加工过程控制研究。E-mail: songjiangfeng102@163.com。

通信作者:刘春泉,研究员。E-mail: liuchunquan2009@163.com。

酮、糖类、有机酸和芳香物质的代谢途径,不但提高了果实感官品质,同时也促进组织器官成熟<sup>[13]</sup>。研究果实生长发育与成熟过程中潜在的代谢物变化将有助于开发提高货架期及采后品质的新方法<sup>[14]</sup>。

Sánchez 等鉴定了番茄中大量的糖类、黄酮糖苷、氨基酸及有机酸成分,发现  $\gamma$ -氨基丁酸(GABA)是监控成熟过程的良好标志物,而与食味相关的其他代谢物如果糖、柠檬酸及苹果酸具有品种依赖性<sup>[5]</sup>。Moco 等采用液相色谱串联四极杆飞行时间质谱(LC-QToF-MS)和高效液相色谱-二极管阵列-荧光检测技术(HPLC-PDA-FD)对不同品种、不同成熟期的番茄代谢产物进行了比较,2 种分析方法联用检测出大量的代谢物质,许多代谢产物包括类胡萝卜素、叶绿素、抗坏血酸、生育酚、黄酮类、酚酸、生物碱、皂苷和其他糖基化衍生物等在特定成熟期、特定的品种中积累<sup>[15]</sup>。Roessner 等测定与番茄生长相关的代谢物变化,通过 GC-MS 分析检测出糖类、糖醇、氨基酸及有机酸,采用 GC-MS 的代谢组学方法表征转基因番茄果皮成分用于评价番茄品种的代谢多样性<sup>[16]</sup>。

Toffali 等分析葡萄品种 Corvina 发育后期代谢物变化的详细指纹谱,发现未成熟的葡萄只含有 2 种主要酚类物质(黄酮和黄烷酮),区别于成熟浆果。此外,通过数据的多变量分析表明各种代谢物间的关联性,如花色苷和羟基肉桂酸,黄烷-3-醇和花色苷<sup>[17]</sup>。Ali 等以核磁共振氢谱(<sup>1</sup>H NMR)为研究手段,发现葡萄品种 Trincadeira 与其他 2 个品种明显不同,具有较低的酚类物质含量<sup>[18]</sup>。成熟初期具有相对较高的酚类与有机酸类物质如咖啡酸和苹果酸,但成熟后期有较高的葡萄糖及果糖含量。

### 3 代谢组学在果蔬采后品质变化中的应用

通过采后代谢产物鉴定及与采后病理相关的代谢途径研究,以提高采收果实贮藏品质。Rudell 等研究了贮藏前 UV-白光辐射 Granny Smith 苹果皮的代谢组,研究暴露于光及冷藏下苹果皮初生与次生产物代谢途径,发现与乙烯合成、有机酸代谢、黄酮色素合成相关的代谢途径存在,并且贮藏前紫外辐射改变了果实质地<sup>[19]</sup>。通过全面的代谢轮廓分析同样证实采后紫外辐射能减少 Granny Smith 苹果虎皮病发病率<sup>[20]</sup>。苹果皮代谢组数据的一系列多变量分析揭示了虎皮病状态、光处理周期以及来自异戊二烯和苯丙素类化合物等多途径的次生产物间的关联性。Pedreschi 等采用代谢组学方法研究了控制气体(CA)贮藏过程中 Conference 梨果心褐变机理,引起果心坍塌主要因子来自于过低的氧分压以及过高的二氧化碳分压,并认为 GABA 和葡萄糖酸是果心坍塌的代谢标志物<sup>[21]</sup>。

采后代谢组学分析手段能检测果蔬潜在的腐败变质<sup>[22]</sup>。果实采后初期病害不易被检测出,因为低温和 CA 贮藏可抑制孢子的形成。因此,贮藏早期检测病害能最大限度减少采后损失。尽管代谢产物已用于果蔬腐败变质鉴定,但近年来代谢组学发展为果蔬病害研究提供了一种新的思路。采用 GC-MS 代谢组学方法已经用于病害早期挥发性物质的检测。研究发现,许多化合物具有病害专一性,病原体侵入后挥发性物质随不同的病原体变化。Moalemiyan 等采用 GC-MS 分析 Keitt 芒果的主要挥发性物质用于检测和区分炭疽病和

干腐病<sup>[23]</sup>。1-戊醇专性对应于焦腐病菌(*Lasiodiplodia theobromae*),崖柏醇专性对应于胶孢炭疽菌(*Colletotrichum gloeosporioides*)。Vikram 等采用 HS-SPME-GC-MS 分析挥发性物质用于区分接种不同病原微生物的 McIntosh 苹果,氟乙烯和 3,4-二甲基-1-己烯专性对应于青霉,而丁酯、丁酸乙酯、4-甲基-1-己烯和 2-甲基四唑被发现存在于接种毛霉的样品中<sup>[24]</sup>;类似地,乙酸甲酯和氟分别与灰霉菌(*Botrytis cinerea*)和链核盘菌(*Monilinia ariae*)相关联;而对于 Cortland 苹果,二甲醚和丙醛与青霉关联,乙酸甲酯和苯乙烯与灰霉菌和串珠霉关联;在 Empire 苹果中,3,4-二甲基-1-己烯-1,2-甲基戊基丁酸乙酯和 2-甲基己酸丙酯只分别与 *B. cinerea*、梨形毛霉(*Mucor piriformis*)和 *M. ariae* 关联<sup>[25]</sup>。综上所述,病害及感染区标志代谢物能够被用于监控苹果早期病害进程,同时诊断贮藏期苹果病害。

阐明果蔬采后处理引起的生化本质和遗传基础对筛选适宜的贮藏条件,选择抗真菌感染、抗胁迫的果蔬品种有重要研究意义。热处理诱导柑橘产生防御机制,使其在贮藏过程中经受环境胁迫。Perotti 等采用 GC-MS 分析贮藏期经过热处理的 Valencia 甜橙具有较高的含糖量,但主要的酸类物质基本不受影响<sup>[26]</sup>。这些生化变化与蛋白组学结合分析证实:热处理后甜橙真菌等病原体易感性较低。

### 4 展望

代谢组学技术可应用于果蔬采后研究的很多方面,随着数据和信息量积累越来越大,其在品质控制、生物学信息研究等领域的应用价值也将与日俱增。代谢组学技术不仅能对单个代谢物进行全方位的分析,更可有效揭示果蔬采后初生、次生代谢途径,以及生物系统对环境及基因变化的响应机制,最终通过与蛋白组学、转录组学等其他组学技术整合,阐述果蔬从基因到表型的整套复杂系统是如何运行的,通过控制代谢途径,从而提升果蔬品质。

目前果蔬采后代谢组主要基于代谢指纹表型区分与采后贮藏条件相关的生物标志物鉴定,代谢通路分析及代谢动力学模型尚未见报道,后者将在生化水平研究果蔬采后代谢物的动态变化机理。代谢调控不仅发生在代谢组水平,同时也发生在蛋白组和转录组,全面理解果蔬采后代谢物变化需要将 DNA→mRNA→蛋白质→代谢产物方向上生物信息联系起来,这有利于从整体上研究生物系统对基因或环境变化的响应机制。

### 参考文献:

- [1] 田世平,罗云波,王贵禧. 园艺产品采后生物学基础[M]. 北京:科学出版社,2011.
- [2] Nicolai B M, Pedreschi R, Geeraerd A, et al. Postharvest metabolomics[C]//International symposium postharvest pacifica 2009 - pathways to qualityY: V International symposium on managing quality in chains + Austral Asian postharvest horticultural conference, 880, 2010;369-376.
- [3] Young J C, Chu C L, Lu Xuewen, et al. Ester variability in apple varieties as determined by solid-phase microextraction and gas chromatography-mass spectrometry[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2004, 52(26): 8086-8093.

- [4] Ritota M, Marini F, Sequi P, et al. Metabolomic characterization of Italian sweet pepper (*Capsicum annum* L.) by means of HRMAS – NMR spectroscopy and multivariate analysis[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(17): 9675 – 9684.
- [5] Sánchez Pérez E M, García López J, Iglesias M J, et al. HRMAS – nuclear magnetic resonance spectroscopy characterization of tomato “flavor varieties” from Almería (Spain)[J]. Food Research International, 2011, 44(10): 3212 – 3221.
- [6] Dobson G, Shepherd T, Verrall S R, et al. Phytochemical diversity in tubers of potato cultivars and landraces using a GC – MS metabolomics approach[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2008, 56(21): 10280 – 10291.
- [7] Beckmann M, Enot D P, Overy D P, et al. Representation, comparison, and interpretation of metabolome fingerprint data for total composition analysis and quality trait investigation in potato cultivars[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2007, 55(9): 3444 – 3451.
- [8] Lindinger W, Hansel A, Jordan A. On – line monitoring of volatile organic compounds at ppt level by means of proton – transfer – reaction mass spectrometry (PTR – MS): Medical application, food control and environmental research[J]. International Journal of Mass Spectrometry and Ion Processes, 1998, 173: 191 – 241.
- [9] Aprea E, Carlin S, Giongo L, et al. Characterization of 14 raspberry cultivars by solid – phase microextraction and relationship with gray mold susceptibility[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(2): 1100 – 1105.
- [10] Cappellin L, Soukoulis C, Aprea E, et al. PTR – ToF – MS and data mining methods: a new tool for fruit metabolomics[J]. Metabolomics, 2012, 8(5): 761 – 770.
- [11] Brown P N, Murch S J, Shipley P. Phytochemical diversity of cranberry (*Vaccinium macrocarpon* Aiton) cultivars by anthocyanin determination and metabolomic profiling with chemometric analysis[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2012, 60(1): 261 – 271.
- [12] Fujimura Y, Kurihara K, Ida M, et al. Metabolomics – driven nutraceutical evaluation of diverse green tea cultivars[J]. PLOS One, 2011, 6(8): e23426.
- [13] Giovannoni J J. Genetic regulation of fruit development and ripening[J]. The Plant Cell, 2004, 16(S): S170 – S180.
- [14] Matas A J, Gapper N E, Chung M Y, et al. Biology and genetic engineering of fruit maturation for enhanced quality and shelf – life[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2009, 20(2): 197 – 203.
- [15] Moco S, Capanoglu E, Tikunov Y, et al. Tissue specialization at the metabolite level is perceived during the development of tomato fruit[J]. Journal of Experimental Botany, 2007, 58(15/16): 4131 – 4146.
- [16] Roessner – Tunali U, Hegemann B, Lytovchenko A, et al. Metabolic proofing of transgenic tomato plants overexpressing hexokinase reveals that the influence of hexose phosphorylation diminishes during fruit development[J]. Plant Physiology, 2003, 133: 84 – 99.
- [17] Toffali K, Zamboni A, Anesi A, et al. Novel aspects of grape berry ripening and post – harvest withering revealed by untargeted LC – ESI – MS metabolomics analysis[J]. Metabolomics, 2011, 7(3): 424 – 436.
- [18] Ali K, Maltese F, Fortes A M, et al. Monitoring biochemical changes during grape berry development in Portuguese cultivars by NMR spectroscopy[J]. Food Chemistry, 2011, 124(4): 1760 – 1769.
- [19] Rudell D R, Mattheis J P, Curry E A. Prestorage ultraviolet – white light irradiation alters apple peel metabolome[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2008, 56(3): 1138 – 1147.
- [20] Rudell D R, Mattheis J P, Hertog M L. Metabolomic change precedes apple superficial scald symptoms[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(18): 8459 – 8466.
- [21] Pedreschi R, Franck C, Lammertyn J, et al. Metabolic profiling of ‘Conference’ pears under low oxygen stress[J]. Postharvest Biology and Technology, 2009, 51(2): 123 – 130.
- [22] Kushalappa A C, Vickram A, Raghavan G V. Metabolomics of headspace gas for diagnosing diseases of fruits and vegetables after harvest[J]. Stewart Postharvest Review, 2008, 4(2): 1 – 7.
- [23] Moalemiyan M, Vikram A, Kushalappa A C. Detection and discrimination of two fungal diseases of mango (cv. Keitt) fruits based on volatile metabolite profiles using GC/MS[J]. Postharvest Biology and Technology, 2007, 45(1): 117 – 125.
- [24] Vikram A, Prithviraj B, Hanzezharghani H, et al. Volatile metabolite profiling to discriminate diseases of McIntosh apple inoculated with fungal pathogens[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2004, 84: 1333 – 1340.
- [25] Vikram A, Prithiviraj B, Kushalappa A C. Use of volatile metabolite profiles to discriminate fungal diseases of Cortland and empire apples[J]. Journal of Plant Pathology, 2004, 86(3): 215 – 225.
- [26] Perotti V E, Del Vecchio H A, Sansevich A, et al. Proteomic, metabolomic, and biochemical analysis of heat treated Valencia oranges during storage[J]. Postharvest Biology and Technology, 2011, 62(2): 97 – 114.