

## 茶树种质资源汝城白毛茶的代谢物差异研究

赵 熙, 赵 洋, 杨培迪, 宁 静, 杨 阳, 成 杨, 刘 振\*

湖南省农业科学院茶叶研究所/国家茶树改良中心湖南分中心/湖南省茶树品种与种苗工程技术研究中心, 湖南长沙 410125

**摘 要:** 汝城白毛茶是湖南四大茶树地方群体资源之一, 也是白毛茶变种 (*Camellia sinensis* var. *pubilimba* Chang) 的典型代表, 已有研究表明汝城白毛茶在演化地位上与湖南其他 3 个地方群体资源差异较大, 且在植物学特征、生化成分、制茶品质等方面特色鲜明。但目前对汝城白毛茶种质资源次生代谢物的差异研究较少。本研究采用 UPLC-MS/MS 分析技术, 以汝城白毛茶为研究对象, 湖南典型地方茶树资源安化群体 (AHQT, *C. sinensis* var. *sinensis*)、城步桐茶 [CBDC, *C. sinensis* var. *assamica* (Masters) Kitamura]、江华苦茶 [JHKC, *C. sinensis* var. *assamica* (Masters) Kitamura] 为对照, 筛选汝城白毛茶中的显著差异代谢物, 并进行 *K* 均值聚类 (*K*-means) 分析和差异代谢物富集通路分析。结果表明, 与 AHQT、CBDC、JHKC 相比, 分别在汝城白毛茶中筛选到显著差异代谢物 189、180、162 个, 种类最多的为黄酮类 (69、51、60 个), 其次为酚酸类 (31、40、25 个), 最少的为木脂素和香豆素 (5、4、4 个)。汝城白毛茶较对照量均增加的代谢物共 15 个, 含量增加种类最多的均为黄酮和酚酸类, 其中增加最多的均为乔松素、其次为 1,2,3,6-四-O-没食子酰-D-葡萄糖; 将差异代谢物进行 *K* 均值聚类 (*K*-means) 分析, 4 个群体中变化趋势一致的代谢物可分为 9 类, 且在汝城白毛茶中含量最高的代谢物共有 32 个, 主要为黄酮和鞣质类。差异代谢物的 KEGG 通路富集结果表明, 汝城白毛茶的差异代谢物主要富集于类黄酮生物合成途径、黄酮与黄酮醇生物合成途径、苯丙烷生物合成途径等。本研究除检测到一些茶叶中已有研究报道的差异代谢物外, 筛选出了一些茶叶研究中关注较少的差异代谢物, 如乔松素、鞣花酸、山奈酚等, 这些物质将为后期汝城白毛茶特色茶树种质资源的挖掘和选育研究提供重要参考。

**关键词:** 茶树; 汝城白毛茶; 代谢组学; 液质联用; 代谢物

中图分类号: S571.1 文献标识码: A

## Metabonomic Analysis of Metabolic Differences in Rucheng Baimaocha Tea Germplasm

ZHAO Xi, ZHAO Yang, YANG Peidi, NING Jing, YANG Yang, CHENG Yang, LIU Zhen\*

Tea Research Institute, Hunan Academy of Agricultural Sciences / National Center for Tea Improvement in Hunan Branch / Hunan Tea Plant Variety and Seedling Engineering Technology Research Center, Changsha, Hunan 410125, China

**Abstract:** Rucheng Baimaocha (*Camellia sinensis* var. *pubilimba* Chang) is one of the four tea plants native to Hunan Province, China. Previous studies have shown that Rucheng Baimaocha is different from other three local population resources in Hunan in evolutionary status, and has distinctive characteristics in botanical characteristics, biochemical components and tea making quality. However, there are few studies on the differences of secondary metabolites of Rucheng Baimaocha germplasm resources. Using UPLC-MS/MS analysis technology, taking Anhua population (AHQT, *C. sinensis* var. *sinensis*), Chengbu Dongcha [CBDC, *C. sinensis* var. *assamica* (Masters) Kitamura], and Jianghua Kucha [JHKC, *C. sinensis* var. *assamica* (Masters) Kitamura] of typical local tea resources in Hunan as controls, the significantly different metabolites in Rucheng Baimaocha were screened and clustered by *K*-means analysis and differential metabolite enrichment pathway analysis. Compared with the control, 189, 180 and 162 significantly different metabolites were screened in Rucheng Baimaocha, the most species were flavonoids (69, 51 and 60 respectively), followed by

收稿日期 2022-03-09; 修回日期 2022-04-25

基金项目 国家茶叶产业技术体系项目 (No. CARS-19); 湖南省农业科技创新基金项目 (No. 2021CX26)。

作者简介 赵 熙 (1982—), 女, 硕士, 副研究员, 研究方向: 茶叶加工与品质化学。\*通信作者 (Corresponding author): 刘 振 (LIU Zhen), E-mail: hntescience@126.com。

phenolic acids (31, 40 and 25 respectively), and the least were lignans and coumarins (5, 4 and 4 respectively). Compared with the other three populations, Rucheng Baimaotea increased the content of 15 metabolites. The content of flavonoids and phenolic acids increased the most in Rucheng Baimaocha, and the highest increase was pinocembrin, followed by 1,2,3,6-tetra-o-galloyl-d-glucose. The differential metabolites were analyzed by *K*-means clustering. The metabolites with the same change trend in the four groups could be divided into nine categories. Among the four populations, there were 32 metabolites with the same change trend and the highest content in Rucheng Baimaotea, mainly flavonoids and tannins. The results of KEGG pathway enrichment of differential metabolites showed that the differential metabolites of Rucheng Baimaotea were mainly enriched in flavonoid biosynthesis pathway, flavonoid and flavanol biosynthesis pathway, phenylpropane biosynthesis pathway and so on. In addition to the differential metabolites reported in some tea, some differential metabolites less concerned in tea research were detected, such as pinocembrin, ellagic acid, kaempferol, etc. The substances would provide an important reference for the excavation and breeding of characteristic tea germplasm resources of Rucheng white tea in the later stage.

**Keywords:** tea plant; Rucheng Baimaocha; metabolomics; LC-MS; metabolites

**DOI:** 10.3969/j.issn.1000-2561.2023.01.009

汝城白毛茶原产于罗霄山脉东段九龙江次生森林一带,是湖南四大茶树地方群体资源之一,也是白毛茶变种(*Camellia sinensis* var. *pubilimba* Chang)的一个典型代表<sup>[1]</sup>。研究表明汝城白毛茶不仅在演化地位上与湖南其他 3 个地方群体资源差异较大,而且在植物学特征、生化成分、制茶品质等方面特色鲜明<sup>[2]</sup>。

目前对汝城白毛茶生化成分的研究主要集中在水浸出物、咖啡碱、氨基酸、茶多酚、儿茶素组分等方面,而对于其深度的功能成分研究相对较少<sup>[3]</sup>。近年来随着人们物质生活水平的提高,高功能成分特异茶树种质资源的发掘与利用越来越受到研究者的关注<sup>[4-5]</sup>。研究表明,不同地方茶树资源由于长期的演化和引种驯化,在功能成分方面具有较大差异<sup>[1]</sup>。通过对不同地方茶树资源的鉴定评价,已在茶氨酸<sup>[6]</sup>、苦茶碱<sup>[7]</sup>、黄酮<sup>[8]</sup>、 $\beta$ -胡萝卜素<sup>[9]</sup>等检测工作中取得了一定的进展,筛选出了一些功能成分特异的茶树资源(品种),这些品种的推广极大地带动了当地茶产业发展<sup>[4]</sup>。因此对于汝城白毛茶资源的代谢物差异研究不仅对汝城白毛茶的选育、开发具有重要意义,而且对于探明汝城白毛茶驯化分子机理研究也具有重要的参考价值。

代谢组学技术是一种可以在很宽范围内对生物样品中代谢物进行全面定量分析的技术,具有高效、全面及准确的特点<sup>[10-11]</sup>。同时,结合多元统计分析技术不仅可以在模型水平进行评价,而且可以寻找潜在性差异代谢物<sup>[12]</sup>。代谢组学已在茶叶的生理代谢<sup>[13]</sup>、加工过程的成分变化<sup>[14-15]</sup>、特征成分的挖掘等<sup>[16]</sup>方面有了一定的应用。本研

究以湖南典型地方茶树群体资源为对照,采用 UPLC-MS/MS 分析技术,研究并筛选汝城白毛茶的差异代谢产物,以期为汝城白毛茶茶树种质资源的筛选、加工工艺研究和驯化分子机理探索等提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

1.1.1 植物材料 本研究采用的汝城白毛茶(RCBM)、城步峒茶群体(CBDC)、江华苦茶群体(JHKC)和安化群体(AHQT)样品采自于湖南省茶树种质资源圃,春季采摘第一批一芽一叶,样品采集后在液氮中冷却并进行冷冻干燥。

1.1.2 仪器与试剂 仪器:FD-56 真空冷冻干燥机,美国 SIM 公司;MT203T 电子天平,梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司;5424R 离心机,德国 Eppendorf 公司;MM 400 研磨机,德国 RETSCH 公司;CBM30A 超高效液相色谱,日本岛津公司;4500 QTRAP 串联质谱(MS/MS),美国 Applied Biosystems 公司。

试剂:乙醇、甲醇、乙腈,国产;标准品:二甲基亚砜或甲醇作为溶剂溶解后,保存条件 $-20^{\circ}\text{C}$ ,质谱分析前采用 70%甲醇稀释成合适浓度(美国, Sigma-Aldrich),试剂均为色谱纯。

### 1.2 方法

UPLC-MS 分析。数据采集仪器系统主要包括超高效液相色谱(ultra performance liquid chromatography, UPLC)和串联质谱(tandem mass spectrometry, MS/MS)。色谱柱:SB-C18 Agilent  $1.8\ \mu\text{m}$ ,  $2.1\ \text{mm}\times 100\ \text{mm}$ ;流动相:A 相为超纯

水（加入 0.1%的甲酸），B 相为乙腈；洗脱梯度：0 min B 相比比例 5%，9.00 min 内 B 相比比例线性增至 95%，维持 1 min，10.00~11.10 min，B 相比比例降至 5%，并平衡至 14 min；流速为 0.35 mL/min；柱温为 40℃；进样量 4 μL。质谱条件参照 CHEN 等<sup>[10]</sup>的方法。

### 1.3 数据处理

基于迈维生物科技公司的植物广靶代谢数据库，对样本的代谢物进行质谱定性分析，采用 MultiaQuant 软件进行色谱峰面积和对应物质相对含量的确定。采用变量重要性投影值（variable importance in projection, VIP）和差异倍数（fold change, FC）对正交偏最小二乘法判别分析(OPLS-DA)结果进行差异代谢物筛选，VIP 值大于 1 可判定为差异显著的代谢物，同时含量增加的代谢物  $FC \geq 2$  或含量减少的代谢物  $FC \leq 0.5$ 。

## 2 结果与分析

### 2.1 汝城白毛茶的差异代谢物筛选

共有 609 个代谢物在 4 个群体中被检测出。以安化群体、城步峒茶、江华苦茶 3 个群体为对照组，采用 OPLS-DA 分析方法，基于显著差异代谢物的筛选依据，分别在汝城白毛茶中筛选到显著差异代谢物 189、180、162 个（图 1），其中差异代谢物最多的为黄酮类（69、51、60 个），其次为酚酸类（31、40、25 个），最少的为木脂素和香豆素（5、4、4 个）。

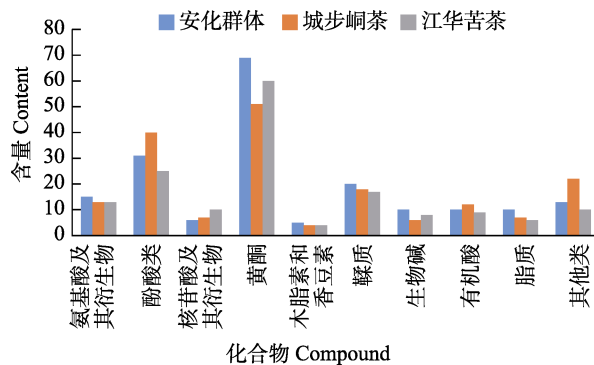


图 1 汝城白毛茶与其他 3 个群体的差异代谢物比较  
Fig. 1 Comparison of metabolites in Rucheng Baimaocha with other three populations

### 2.2 与 3 个群体显著差异代谢物比较

为挖掘汝城白毛茶中含量较高的差异代谢物，本研究将汝城白毛茶分别与湖南其他典型地方群体资源间含量增加的差异代谢物进行比较分析，结果表明，汝城白毛茶中含量增加最多的代谢物均为黄酮，其次为酚酸类，其中含量增加最高的物质均为乔松素。比安化群体显著增加的代谢物共 93 种，与茶叶品质密切相关、有 CAS 号且  $\text{Log}_2\text{FC} > 2$  的代谢物共 20 个；比城步峒茶显著增加的代谢物共 91 种，与茶叶品质密切相关、有 CAS 号且  $\text{Log}_2\text{FC} > 2$  的代谢物共 18 个；比江华苦茶群体显著增加的代谢物共 67 种，其中与茶叶品质密切相关、有 CAS 号且  $\text{Log}_2\text{FC} > 2$  的代谢物共 15 个（表 1）。将不同群体中汝城白毛茶含量显著增加的代谢物进行比较，汝城白毛茶较其他 3 个群体含量均增加的代谢物共 15 个（图 2，表 2），表明这些物质在汝城白毛茶群体中的含量较高。

表 1 与 3 个不同群体比较含量显著增加的物质 ( $\text{Log}_2\text{FC} > 2$ )

Tab. 1 Specific increased differential metabolites compared with three different populations ( $\text{Log}_2\text{FC} > 2$ )

编号 No.	化合物 Compound	种类 Specie	CAS	$\text{Log}_2\text{FC1}$	$\text{Log}_2\text{FC2}$	$\text{Log}_2\text{FC3}$
1	乔松素	黄酮	480-39-7	14.3	14.3	5.0
2	2,4,6-三-O-没食子酰-D-葡萄糖	鞣质	108043-99-8	7.3	5.7	3.6
3	1,2,3,6-四-O-没食子酰-D-葡萄糖	酚酸类	79886-50-3	6.3	7.1	4.8
4	异鼠李素-3-O-新橙皮糖苷	黄酮	55033-90-4	6.1	3.9	4.3
5	泽兰黄素	黄酮	855-96-9	4.0	2.9	-
6	5-羟基-6,7,3',4'-四甲氧基黄酮	黄酮	21763-80-4	3.8	-	-
7	茶黄精灵	鞣质	102067-92-5	3.5	2.4	-
8	双没食子酸	酚酸类	536-08-3	3.4	-	2.5
9	云杉苷	酚酸类	530-14-3	3.3	-	2.7
10	橙皮素-7-O-新橙皮糖苷	黄酮	13241-33-3	2.9	3.3	4.5
11	鞣花酸	鞣质	476-66-4	2.9	2.1	-
12	5-羟基色氨酸	氨基酸	56-69-9	2.9	3.1	3.7

续表 1 与 3 个不同群体比较含量显著增加的物质 (Log<sub>2</sub>FC>2)

Tab. 1 Specific increased differential metabolites compared with three different populations (Log<sub>2</sub>FC>2) (continued)

编号 No.	化合物 Compound	种类 Specie	CAS	Log <sub>2</sub> FC1	Log <sub>2</sub> FC2	Log <sub>2</sub> FC3
13	异阿魏酸	酚酸类	537-73-5	2.8	2.6	2.0
14	10,16-二羟基棕榈酸	脂质	3233-90-7	2.8	-	-
15	邻甲氧基苯甲酸	酚酸类	529-75-9	2.5	-	-
16	阿魏酸	酚酸类	537-98-4	2.5	2.4	-
17	L-天冬酰胺	氨基酸衍生物	70-47-3	2.5	-	2.1
18	胍丁胺	生物碱	306-60-5	2.4	-	-
19	对-香豆醇	酚酸类	3690-05-9	2.3	3.4	2.5
20	山奈酚	黄酮	520-18-3	2.0	2.1	2.1
21	天竺葵素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	47684-27-5	-	3.8	3.1
22	L-赖氨酸丁酸酯	衍生物	80407-71-2	-	2.4	-
23	香橙素	黄酮	480-20-6	-	2.2	-
24	飞燕草素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	50986-17-9	-	2.1	-
25	葡萄糖没食子鞣苷	酚酸类	58511-73-2	-	2.0	-
26	1,3,7-三甲基尿酸	有机酸	5415-44-1	-	-	2.2
27	野漆树苷	黄酮	17306-46-6	-	-	2.0

注: Log<sub>2</sub>FC1 为与安化群体比较; Log<sub>2</sub>FC2 为与城步桐茶群体比较; Log<sub>2</sub>FC3 为与江华苦茶群体比较。  
 Note: Log<sub>2</sub>FC1 is compared with AHQT; Log<sub>2</sub>FC2 is compared with CBDC; Log<sub>2</sub>FC3 is compared with JHKC.

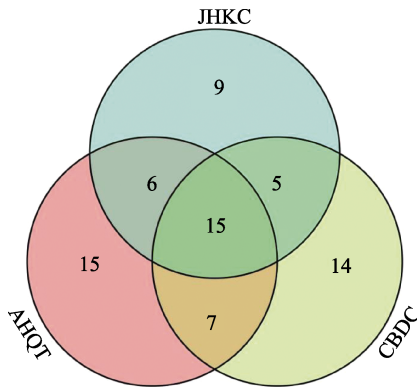


图 2 汝城白毛茶与 3 个群体差异代谢物的韦恩图  
 Fig. 2 Venn map of differential metabolites among three population

2.3 群体间差异代谢物的 K 均值聚类

为了研究代谢物在不同样本中相对含量的变化趋势, 将差异代谢物相对含量进行标准化处理

和中心化处理, 然后进行 K 均值聚类 (K-means) 分析 (图 3)。结果表明, 4 个群体中变化趋势一致的代谢物可分为 9 类。本研究对变化趋势一致、与茶叶品质密切相关且有 CAS 号的差异代谢物进行了筛选, 得出汝城白毛茶中含量最高的代谢物共 32 个 (表 3), 分布在 1、2、5、7、9 共 5 个聚类群中, 主要为黄酮和鞣质类。

2.4 差异代谢物 KEGG 富集分析

根据差异代谢物的筛选结果, 本研究进行了差异代谢物 KEGG (kyoto encyclopedia of genes and genomes) 通路富集分析, 其中 Rich factor 值越大表示富集程度越大, P value 越接近于 0, 表示富集越显著 (图 4、图 5、图 6)。图中圆点越大, 代表富集到相应通路上的差异显著代谢物的个数越多。差异代谢物 KEGG 富集分析结果表明,

表 2 在 3 个群体中含量均增加的代谢物 (Log<sub>2</sub>FC>1)  
 Tab. 2 Metabolites increased in all three population (Log<sub>2</sub>FC>1)

编号 No.	化合物 Compound	种类 Specie	CAS	编号 No.	化合物 Compound	种类 Specie	CAS
1	异阿魏酸	酚酸类	537-73-5	9	对-香豆醇	酚酸类	3690-05-9
2	天竺葵素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	47684-27-5	10	云杉苷	酚酸类	530-14-3
3	山奈酚	黄酮	520-18-3	11	鞣花酸	鞣质	476-66-4
4	异鼠李素	黄酮	480-19-3	12	2,4,6-三-O-没食子酰-D-葡萄糖	鞣质	108043-99-8
5	1,2,3,6-四-O-没食子酰-D-葡萄糖	酚酸类	79886-50-3	13	橙皮素-7-O-新橙皮糖苷	黄酮	13241-33-3
6	异鼠李素-3-O-新橙皮糖苷	黄酮	55033-90-4	14	阿魏酸	酚酸类	537-73-5
7	双没食子酸	酚酸类	536-08-3	15	乔松素	黄酮	480-39-7
8	5-羟基色氨酸	氨基酸	56-69-9				

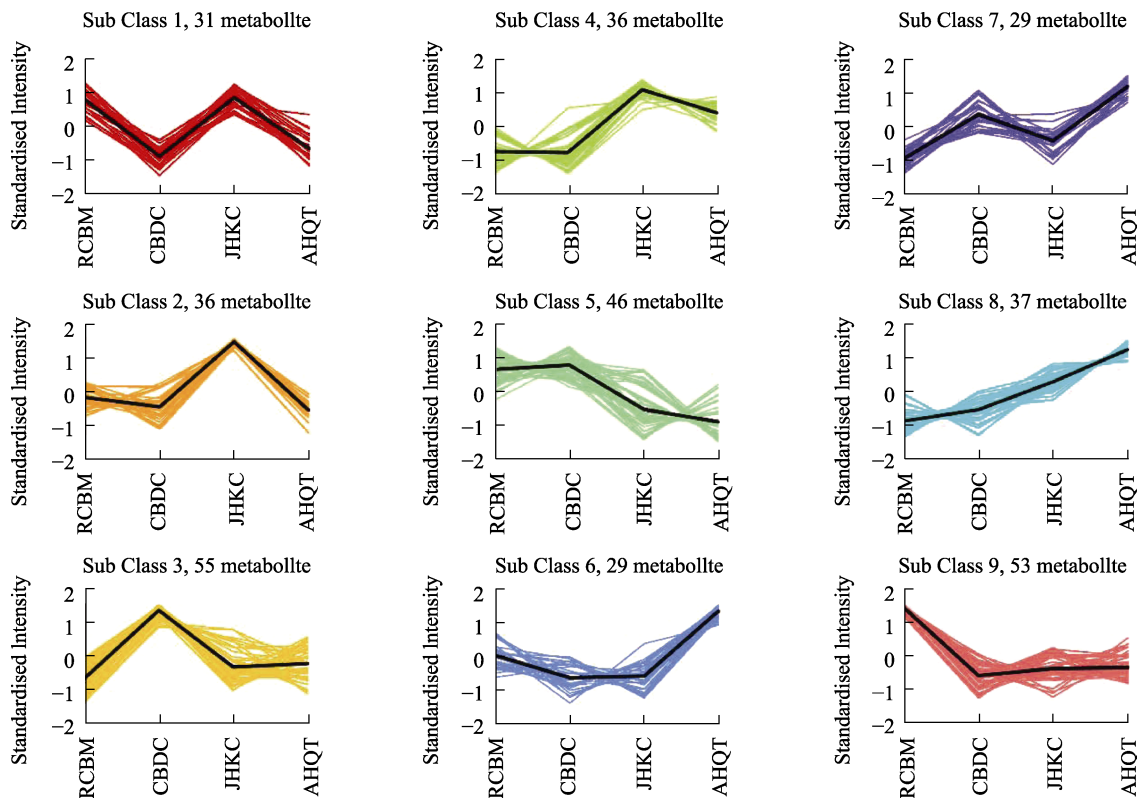


图 3 差异代谢物 K-means 图  
Fig. 3 K-means of different metabolites

表 3 变化趋势一致且在汝城白毛茶群体中含量最高的物质

Tab. 3 Substances with the same change trend and the highest content in Rucheng Baimaocha

序号 Number	K-means	物质 Material	物质分类 Material classification	CAS	序号 Number	K-means	物质 Material	物质分类 Material classification	CAS
1	5	L-组氨酸	氨基酸	71-00-1	18	9	野漆树苷	黄酮	17306-46-6
2	5	2,6-二氨基庚二酸	氨基酸	583-93-7	19	9	望春花黄酮醇 苷 I	黄酮	142750-32-1
3	9	5-羟基色氨酸	氨基酸	56-69-9	20	9	橙皮素-7-O-新 橙皮糖苷	黄酮	13241-33-3
5	1	泽兰黄素	黄酮	855-96-9	21	9	异鼠李素-3-O- 新橙皮糖苷	黄酮	55033-90-4
6	1	5-羟基-6,7,3',4'-四甲氧基黄酮	黄酮	21763-80-4	22	1	松脂醇	木脂素	487-36-5
7	1	矢车菊素 3,5-O-二葡萄糖苷	黄酮	2611-67-8	23	9	秦皮素	香豆素	574-84-5
8	5	阿夫儿茶精	黄酮	2545-00-8	24	1	茶黄精灵	鞣质	102067-92-5
9	5	杨梅素	黄酮	529-44-2	25	7	没食子酸	鞣质	149-91-7
10	9	乔松素	黄酮	480-39-7	26	9	鞣花酸	鞣质	476-66-4
11	9	山奈酚	黄酮	520-18-3	27	9	鞣云实精	鞣质	23094-69-1
12	9	二氢山奈酚(香橙素)	黄酮	480-20-6	28	9	2,4,6-三-O-没食 子酰-D-葡萄糖	鞣质	108043-99-8
13	9	飞燕草素	黄酮	13270-61-6	29	9	茶黄素-3,3'-双 没食子酸	鞣质	30462-35-2
14	9	异鼠李素	黄酮	480-19-3	30	2	胍丁胺	生物碱	306-60-5
15	9	天竺葵素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	47684-27-5	31	9	甜菜碱	生物碱	107-43-7
16	9	矢车菊素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	47705-70-4	32	9	茶碱	生物碱	58-55-9
17	9	飞燕草素 3-O-葡萄糖苷	黄酮	50986-17-9					

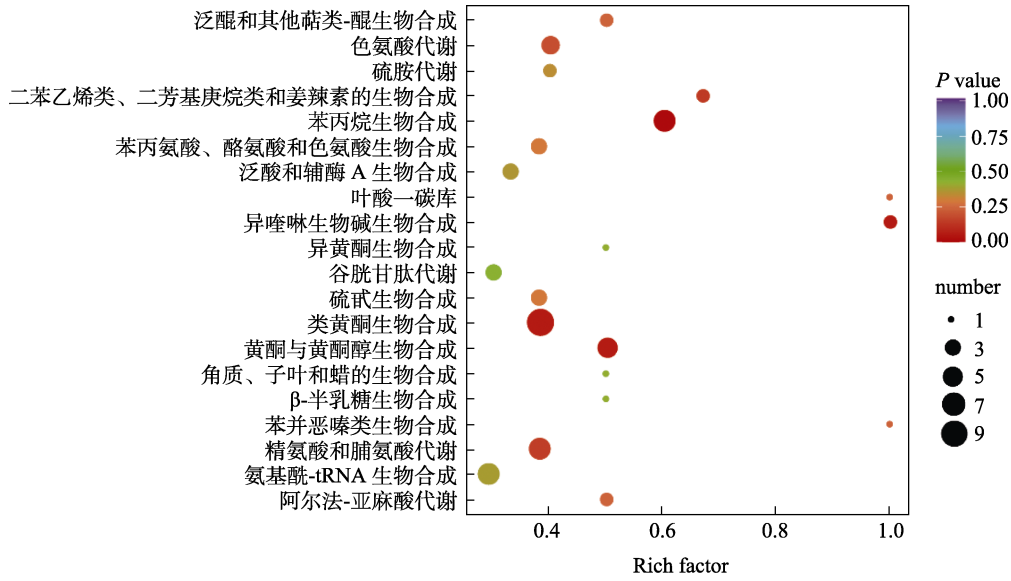


图 4 汝城白毛茶与安化群体差异代谢物的 KEGG 通路富集  
 Fig. 4 KEGG pathway enrichment of different metabolites between RCBM and AHQT

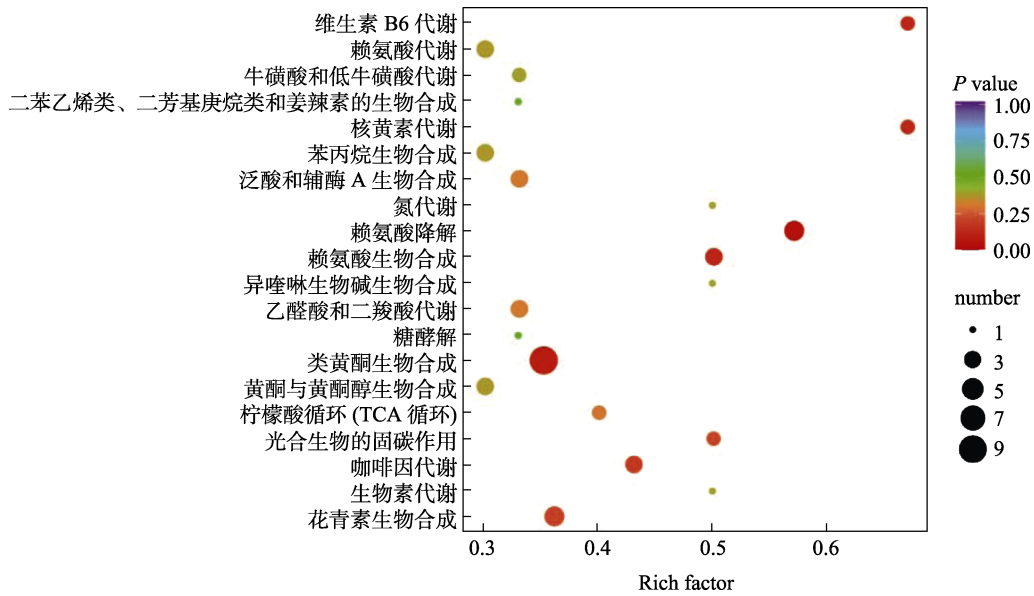


图 5 汝城白毛茶与城步峒茶差异代谢物的 KEGG 通路富集  
 Fig. 5 KEGG pathway enrichment of different metabolites between RCBM and CBDC

与安化群体富集显著且个数最多的代谢途径依次为类黄酮生物合成途径、苯丙烷生物合成途径、黄酮与黄酮醇生物合成途径、异喹啉生物碱生物合成途径（图 4）；与城步峒茶富集显著且个数最多的代谢途径依次为类黄酮生物合成途径、其次为赖氨酸降解和赖氨酸生物合成途径（图 5）；与江华苦茶富集显著且个数最多的代谢途径依次为类黄酮生物合成途径、苯丙烷生物合成途径和黄酮与黄酮醇生物合成途径（图 6）。

### 3 讨论

黎星辉等<sup>[3]</sup>对湖南主要地方茶树资源进行了经济性状和主要生化成分含量测定，结果表明，茶多酚与儿茶素含量在不同茶树资源中差异较大，其中汝城白毛茶含量最高，属于高茶多酚资源，其次为江华苦茶和城步峒茶，云台山种含量最低。本研究结果表明，以安化群体、城步峒茶、江华苦茶 3 个群体为对照，在汝城白毛茶中筛选到了显著差异代谢物最多的均为黄酮类，其次为

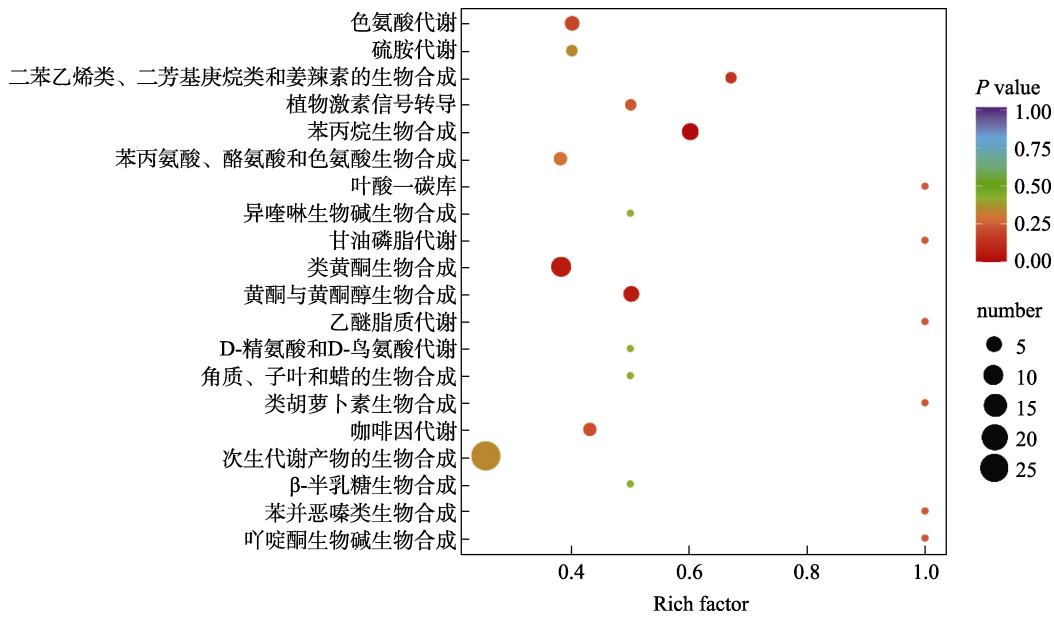


图 6 汝城白毛茶与江华苦茶差异代谢物的 KEGG 通路富集

Fig. 6 KEGG pathway enrichment of different metabolites between RCBM and JHKC

酚酸类，这与前人的研究结果一致。一方面说明黄酮和茶多酚作为茶叶中的一大类物质，包括的次生代谢物类型在茶叶中数量相对较多，另一方面也说明汝城白毛茶作为湖南的典型地方茶树种质资源，具有较高的茶多酚含量，是一个加工红茶的优异茶树种质资源。

差异代谢物的富集通路对理解品种差异具有重要意义。差异代谢物富集通路研究表明，汝城白毛茶与其他群体的差异代谢物除主要富集于类黄酮、黄酮与黄酮醇生物合成途径外，还在苯丙烷生物合成途径、异喹啉生物碱生物合成途径和咖啡碱代谢途径中有比较显著的富集。苯丙烷类生物合成途径是植物 3 条主要次生代谢途径之一，在植物的生长发育过程及应答逆境胁迫中发挥重要作用，如避免植物受逆境胁迫伤害、提高植株抗病能力、生成花和果实的颜色与气味、作为信号传导分子等<sup>[17-18]</sup>。目前茶树中关于苯丙烷类代谢途径的研究较少，谷梦雅等<sup>[19]</sup>通过不同强度红光对茶树影响进行了转录组分析，研究表明红光处理可能对茶树苯丙烷类生物合成代谢途径具有重要影响，进而可能影响茶树黄酮类化合物生物合成和木质素合成途径。异喹啉生物碱具有多种生物活性，例如抗肿瘤、抗菌、调节免疫功能等，具有很高的医用价值和广阔的前景，一直是国内外研究开发利用的热点<sup>[20]</sup>。

前期对汝城白毛茶的差异代谢物研究主要集

中在水浸出物、茶多酚、氨基酸等大类物质中，对于更深层次的功能成分差异研究却关注较少。本研究开展了汝城白毛茶通与湖南其他 3 个典型地方茶树种质资源的差异代谢物研究，通过分析得到在汝城白毛茶中显著增加的差异代谢物，比如乔松素、鞣花酸、山奈酚等，这些代谢物具有良好的抗炎、抗菌、抗肿瘤、抗氧化、降低血脂和神经保护等作用，已在一些蔬菜、水果及中药材中有了研究的报道，但目前在茶叶中相关的研究较少<sup>[21-23]</sup>。因此通过汝城白毛茶含量增加的差异代谢物研究，不仅为后期汝城白毛茶群体资源筛选提供了重要的研究方向，而且也为汝城白毛茶资源的保健功能研究和开发利用提供了重要依据。

## 参考文献

- [1] 陈亮, 虞富莲, 杨亚军. 茶树种质资源与遗传改良[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2006.  
CHEN L, YU F L, YANG Y J. Germplasm and genetic improvement of tea plant[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2006. (in Chinese)
- [2] 刘振, 赵洋, 杨培迪, 成杨, 杨阳. 湖南省茶树种质资源现状及研究进展[J]. 茶叶通讯, 2011, 38(3): 7-10.  
LIU Z, ZHAO Y, YANG P D, CHENG Y, YANG Y. The status and research progress of Hunan tea germplasm[J]. Journal of Tea Communication, 2011, 38(3): 7-10. (in Chinese)

- [3] 黎星辉, 胡茂丰, 刘富知, 刘仲华, 蔡利娅, 张丽霞. 湖南地方茶树资源的研究[J]. 湖南农业大学学报, 1997, 23 (6): 48-52.  
LI X H, HU M F, LIU F Z, LIU Z H, CAI L Y, ZHANG L X. Study on local tea resources in Hunan[J]. Journal of Hunan Agricultural University[J]. 1997, 23 (6): 48-52. (in Chinese)
- [4] 陈亮, 马建强. 茶树非主要农作物品种登记要求及进展[J]. 中国茶叶, 2020(3): 8-12.  
CHEN L, MA J Q. Requirement and advance of non-major crop cultivar registration of tea plant[J]. China Tea, 2020(3): 8-12. (in Chinese)
- [5] 王新超, 王璐, 郝心愿, 曾建明, 杨亚军. 中国茶树遗传育种40年[J]. 中国茶叶, 2019(5): 1-6.  
WANG X C, WANG L, HAO X Y, ZENG J M, YANG Y J. 40 years of tea genetics and breeding in China[J]. China Tea, 2019(5): 1-6. (in Chinese)
- [6] 方开星, 姜晓辉, 吴华玲. 茶树茶氨酸的代谢及其育种研究进展[J]. 园艺学报, 2016, 43(9): 1791-1802.  
FANG K X, JIANG X H, WU H L. Research progress on theanine metabolism and its content breeding in tea[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2016, 43(9): 1791-1802. (in Chinese)
- [7] ZHENG X Q, YE C X, KATO M, CROZIER A, ASHIHARA H. Theacrine (1,3,7,9-tetramethyluric acid) synthesis in leaves of a Chinese tea, Kucha (*Camellia assamica* var. Kucha)[J]. Phytochemistry, 2002, 60(2): 129-134.
- [8] LI N, ZHU H T, WANG D, ZHANG M, ZHANG Y J. New flavoalkaloids with potent  $\alpha$ -glucosidase and acetylcholinesterase inhibitory activities from Yunnan black tea 'Jin-Ya'[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, 68(30): 7955-7963.
- [9] WANG X C, CHEN L, MA C L, YAO M Z, YANG Y J. Genotypic variation of beta-carotene and lutein contents in tea germplasms, *Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze[J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2010, 23: 9-14.
- [10] CHEN W, GONG L, GUO Z L, WANG W S, ZHANG H Y, LIU X Q, YU S B, XIONG L Z, LUO J. A novel integrated method for large-scale detection, identification, and quantification of widely targeted metabolites: application in the study of rice metabolomic[J]. Molecular Plant, 2013, 6(6): 1769-1780.
- [11] TRIPOD P, CARDI T, BLANCHI G, MIGLIORI A, SCHIAVI M, ROTINO G L. Genetic and environmental factors underlying variation in yield performance and bioactive compound content of hot pepper varieties (*Capsicum annuum*) cultivated in two contrasting Italian locations[J]. European Food Research and Technology, 2018, 244: 1-13.
- [12] RIEDL J, ESSLINGER S, FAUHL-HASSEK C. Review of validation and reporting of non-targeted fingerprinting approaches for food authentication [J]. Analytica Chimica Acta, 2015, 885: 17-32.
- [13] 陈勤操, 戴伟东, 蔺志远, 解东超, 吕美玲, 林智. 代谢组学解析遮阴对茶叶主要品质成分的影响[J]. 中国农业科学, 2019, 52(6): 1066-1077.  
CHEN Q C, DAI W D, LIN Z Y, XIE D C, LYU M L, LIN Z. Effects of shading on main quality components in tea [*Camellia Sinensis* (L) O. Kuntze] leaves based on metabolomics analysis[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 52(6): 1066-1077. (in Chinese)
- [14] 解东超, 戴伟东, 李朋亮, 谭俊峰, 林智. 基于 LC-MS 的紫娟烘青绿茶加工过程中花青素变化规律研究[J]. 茶叶科学, 2016, 36(6): 603-612.  
XIE D C, DAI W D, LI P L, TAN J F, LIN Z. Study on the compositions and dynamic changes of anthocyanins during the manufacturing process of 'Zijuan' baked green tea[J]. Journal of Tea Science, 2016, 36(6): 603-612. (in Chinese)
- [15] 戴宇樵, 吕才有, 何鲁南, 易超, 刘学艳, 黄雯, 陈加敏. 基于代谢组学的'云抗 10 号'晒青茶加工过程代谢物变化[J]. 中国农业科学, 2020, 53(2): 357-370.  
DAI Y Q, LV C Y, HE L N, YI C, LIU X Y, HUANG W, CHEN J M. Metabolic changes in the processing of Yunkang 10 sun-dried green tea based on metabolomics[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(2): 357-370. (in Chinese)
- [16] 王凯利. 基于代谢组学技术寻找日照绿茶标志性代谢物并探究其应用[D]. 济南: 山东师范大学, 2017.  
WANG K L. Find the differential metabolites of Rizhao green tea based on metabolomics technology and explore the applications[D]. Jinan: Shandong Normal University, 2017. (in Chinese)
- [17] 陈蒙. 山葡萄苯丙烷代谢相关基因的克隆表达与功能验证[D]. 延边: 延边大学, 2019.  
CHEN M. Cloning and expression and functional verification of phenylpropane pathway gene in *Vitis amurensis*[D]. Yanbian: Yanbian University, 2019. (in Chinese)
- [18] 王玉, 杨雪, 杨蕊菁, 王玉霞, 杨飞霞, 夏鹏飞, 赵磊. 调控苯丙烷类生物合成的 MYB 类转录因子研究进展[J]. 安徽农业大学学报, 2019, 46(5): 859-864.  
WANG Y, YANG X, YANG R J, WANG Y X, YANG F X, XIA P F, ZHAO L. Advances in research of MYB transcription factors in regulating phenylpropane biosynthesis[J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2019, 46(5): 859-864. (in Chinese)
- [19] 谷梦雅, 王鹏杰, 金珊, 陈思彤, 郑知临, 赵峰, 叶乃兴. 基于不同强度红光对茶树苯丙烷类代谢影响的转录组分析[J]. 应用与环境生物学报, 2021, (6): 1636-1644.  
GU M Y, WANG P J, JIN S, CHEN S R, ZHENG Z L, ZHAO F, YE N X. Effects of different red LED light intensi-

- ties on phenylpropanoid metabolism of tea plants based on transcriptomics[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2021(6): 1636-1644. (in Chinese)
- [20] NIU X F, ZHANG H L, LI W F. Anti-inflammatory effects of cavidine *in vitro* and *in vivo*, a selective cox-2 inhibitor in lps-induced peritoneal macrophages of mouse[J]. Inflammation, 2014, 38(2): 923-933.
- [21] 冯立娟, 陶吉寒, 尹燕雷, 招雪晴, 王长君. 石榴功能物质鞣花酸研究进展[J]. 食品科学, 2014, 35(23): 325-328. FENG L J, TAO J H, YIN Y L, ZHAO X Q, WANG C J. Recent progress in research on ellagic acid as a functional component in pomegranate[J]. Food Science, 2014, 35(23): 325-328. (in Chinese)
- [22] 张雅雯, 邵东燕, 师俊玲, 朱静, 黄庆生, 杨慧. 山奈酚生物功能研究进展[J]. 生命科学, 2017, 29(4): 400-405. ZHANG Y W, SHAO D Y, SHI J L, ZHU J, HUANG Q S, YANG H. A review on biological activities of kaempferol[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2017, 29(4): 400-405. (in Chinese)
- [23] 孙经纬, 邵铭. 乔松素对高脂饲养诱导的非酒精性脂肪性肝病大鼠的保护作用及机制研究[J]. 四川中医, 2019, 37(12): 50-53. SUN J W, SHAO M. Protective effect and mechanism of pinocembrin for rats with nonalcoholic fatty liver disease induced by high fat feeding[J]. Journal of Sichuan of Traditional Chinese Medicine, 2019, 37(12): 50-53. (in Chinese)