

# 两个普洱茶品种的代谢物比较分析

周泳臣<sup>1,2</sup>, 刘颖<sup>1,2</sup>, 郑文忠<sup>2,3</sup>, 高峻<sup>1,2\*</sup>, 赵一明<sup>1,2</sup>, 茶凤官<sup>1,2</sup>, 丁海琴<sup>1,2</sup>, 孔胜<sup>1,2</sup>, 吕才有<sup>1</sup>

(1. 云南农业大学茶学院, 云南昆明 650201) (2. 云南省现代农业茶叶产业体系建设栽培研究室, 云南昆明 650201) (3. 普洱茶树良种场, 云南普洱 665000)

**摘要:** 该研究利用代谢组学的技术手段对两个通过群体选育获得的云南普洱茶优良品种进行分析, 结果表明: 品种1(桃形叶)共检测和定量了798种代谢物, 品种3(云瑰)共检测和定量了802种代谢物, 二者之间有202种显著变化的代谢物(SCMs), 品种1(桃形叶)较品种3(云瑰)有108种SCMs的丰度显著降低, 而有94种显著增加。这些SCMs按照数量的多少通常可以分为黄酮、酚酸类、脂质、氨基酸及其衍生物、木脂素和香豆素、有机酸、生物碱、核苷酸及其衍生物、鞣质和其他类。且差异代谢物在49条KEGG通路中富集, 大多数已经鉴定的差异代谢物存在于苯丙烷类生物合成、苯丙氨酸代谢、类黄酮的生物合成(包括黄酮及黄酮醇的生物合成), 及氨基酸的生物合成等代谢途径中。这些显著差异代谢物可以用于为品种1(桃形叶)与品种3(云瑰)的监控茶叶适制性和品质控制提供理论依据和科学指导。

**关键词:** 普洱茶; 代谢组学; 代谢差异

文章编号: 1673-9078(2022)07-152-159

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2022.7.1060

## Comparative Analysis of the Metabolites in Two Varieties of Pu-erh Tea

ZHOU Yongchen<sup>1,2</sup>, LIU Ying<sup>1,2</sup>, ZHENG Wenzhong<sup>2,3</sup>, GAO Jun<sup>1,2\*</sup>, ZHAO Yiming<sup>1,2</sup>, CHA Fengguan<sup>1,2</sup>,  
DING Haiqin<sup>1,2</sup>, KONG Sheng<sup>1,2</sup>, LYU Caiyou<sup>1</sup>

(1. Tea College of Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China) (2. Cultivation Research Laboratory in Yunnan Modern Agricultural Tea Industry System Construction, Kunming 650201, China)  
(3. Pu-er Tea Variety Multiplication Farm of Yunnan Province, Pu'er 665000, China)

**Abstract:** In this research, metabolomic techniques and tools were used to analyze two excellent varieties of Yunnan Pu-erh tea obtained through population breeding. The results showed that: A total of 798 metabolites were detected and quantified in cultivar 1 (Taoxingye), and 802 metabolites were detected and quantified in cultivar 3 (Yungui). There were 202 metabolites (SCMs) with significant changes between the two cultivars. The abundance of 108 SCMs in cultivar 1 (Taoxingye) was significantly lower than that in cultivar 3 (Yungui), with 94 increasing significantly. According to their quantities, these SCMs can usually be divided into flavonoids, phenolic acids, lipids, amino acids and their derivatives, lignans and coumarins, organic acids, alkaloids, nucleotides and their derivatives, tannins and other classes. In addition, differential metabolites were enriched in 49 KEGG pathways, and most of the identified differential metabolites exist in phenylpropanoid biosynthesis, phenylalanine metabolism, flavonoid biosynthesis (including flavone biosynthesis and flavonol biosynthesis), amino acid biosynthesis and other metabolic pathways. The results of these significantly different metabolites can be used to provide a theoretical basis and scientific guidance for monitoring tea adaptability and quality control of cultivar 1(Taoxingye) and cultivar 3(Yungui).

**Key words:** Pu-erh tea; metabonomics; metabolic difference

引文格式:

周泳臣,刘颖,郑文忠,等.两个普洱茶品种的代谢物比较分析[J].现代食品科技,2022,38(7):152-159,+151

ZHOU Yongchen, LIU Ying, ZHENG Wenzhong, et al. Comparative analysis of the metabolites in two varieties of Pu-erh tea [J]. Modern Food Science and Technology, 2022, 38(7): 152-159, +151

收稿日期: 2021-09-22

基金项目: 国家茶叶产业技术体系(CARS-19); 云南省科技计划项目“双江自治县茶产业科技特派团”(202004B1090055)

作者简介: 周泳臣(1998-), 男, 硕士, 研究方向: 茶树嫁接的代谢组, E-mail: 3290573639@qq.com

通讯作者: 高峻(1968-), 男, 副教授, 研究方向: 茶树生理生态及良种繁育, E-mail: 1241402556@qq.com

四千多年前，中国就有了关于茶的记载<sup>[1]</sup>。目前茶树已在世界范围内普遍栽培，茶每日消耗量巨大，水是第一大饮料，而茶是第二大饮料<sup>[2]</sup>。茶中富含大量可溶性物质<sup>[3]</sup>，有茶氨酸、茶多酚、儿茶素、咖啡碱、有机酸和维生素等。茶有非常多的好处<sup>[4]</sup>，如抗癌、抗炎、抗菌、抗氧化和降低胆固醇等。近年来，越来越多的人开始关心茶叶的品质<sup>[5]</sup>。影响茶叶品质的主要因素有茶叶的内含物、采摘季节、加工工艺和储存方式<sup>[6]</sup>等，其中与茶叶品种的内含物关系最为密切。基于此，鉴定出不同品种的茶叶内含物对于其品质的控制极其重要。

代谢组学是一种新起的技术手段<sup>[7]</sup>，目前，代谢组学的研究范围覆盖细胞代谢组学、药物代谢组学、代谢性疾病的代谢组学、植物代谢组学领域<sup>[8]</sup>。代谢组学能够更有效、更直观、更准确、更系统地反映生物体在不同生态条件下的变化，在研发新药<sup>[9]</sup>、诊断疾病<sup>[10]</sup>、分析转基因作物<sup>[11]</sup>、食品安全<sup>[12]</sup>等领域具有广泛的应用。代谢组学研究就是分析生物样品中的代谢产物，并鉴定和筛选出具有研究价值的显著差异代谢物，最后解释这些差异物的代谢过程和机制<sup>[13]</sup>。在茶叶中，代谢组学技术广泛应用于茶树栽培、品种分类鉴别、茶叶加工工艺优化、茶叶品质控制、茶叶年份及品质鉴别等<sup>[14]</sup>方面，对茶园土壤管理、茶树育种的改良、提高茶树抗逆性和嫁接砧穗的选择等有着积极的作用。

在中国云南省普洱市普洱良种场，实验人员通过群体选育的方式获得了两个当地的普洱茶优良品种，这两个茶品种有着较高的经济效益和生态效益，适应性较强，有一定的推广价值，所具备的特点在普洱茶树品种中具有一定的代表性。鉴于此，本研究利用代谢组学技术分析这两个普洱茶品种的代谢差异，旨在为茶叶适制性和品质控制提供参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

表 1 样品信息及编号

Table 1 Sample information and numbers

组织部位	样本名称	组别
茶树嫩芽 Tea bud	B1-1	B1
茶树嫩芽 Tea bud	B1-2	B1
茶树嫩芽 Tea bud	B1-3	B1
茶树嫩芽 Tea bud	B3-1	B3
茶树嫩芽 Tea bud	B3-2	B3
茶树嫩芽 Tea bud	B3-3	B3

茶叶样品于2020年9月底在中国云南省普洱市普洱良种场的茶园采摘，均为枝条上一芽二叶的嫩芽，采后立即用液氮冷冻保存在-80℃环境中，直到进一步实验再取出进行研究。本次共采了两个样品，对应编号分别为B1和B3，B1代表品种1（桃形叶），B3代表品种3（云瑰），每个样品有3个重复。为了探索代谢物在不同样本的差异，各样品分组以及对应信息在表1种列出。

品种1（桃形叶）：又名木兰1号、云桃。在云南大叶种茶树群体中通过系统选育技术得到的优良品种，无性系，乔木型，中叶类，迟生种。在普洱和西双版纳等地有大量试种成功，且在国内其他茶区均有推广。春茶一芽二叶干样含茶多酚30.6%、水浸出物44.8%。该品种耐旱力较强，但抗病虫害能力一般，耐寒能力弱，且熟地适栽性差。

品种3（云瑰）：在云南大叶种茶树群体中通过系统选育技术得到的优良品种，无性系，植株高大，树姿开张，分枝角度大，低位分枝多，叶片稍上斜状着生，叶长椭圆形，叶色深绿，叶身稍内折，叶缘微波，叶尖渐尖，叶齿深而明显，叶色绿，叶背茸毛密集，芽肥壮。春茶一芽二叶蒸青样含茶多酚34.10%、儿茶素190.27 mg/g、咖啡碱4.25%、水浸出物48.61%。该品种抗逆性强，生熟地适栽性较好。

### 1.2 标准品与试剂

甲醇（色谱纯），Merck 品牌；乙腈（色谱纯），Merck 品牌；标准品（色谱纯），BioBioPha/Sigma-Aldrich 品牌。

### 1.3 实验流程

实验流程见图1。

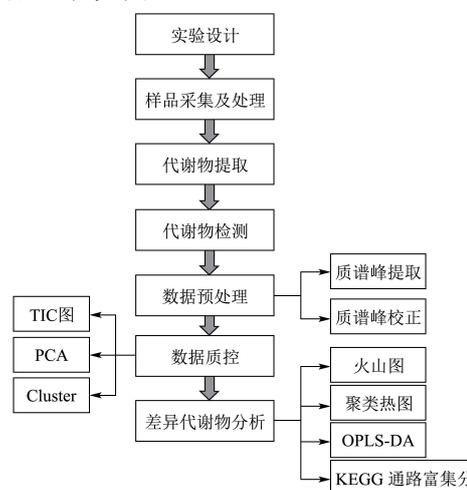


图 1 实验流程

Fig.1 Experimental procedure

## 1.4 样品提取流程

(1) 生物样品放置于冻干机 (Scientz-100F) 中真空冷冻干燥;

(2) 利用研磨仪 (MM 400, Retsch) 研磨 (30 Hz, 1.5 min) 至粉末状;

(3) 称取 100 mg 的粉末, 溶解于 1.2 mL 70% 甲醇提取液中;

(4) 每 30 min 涡旋一次, 每次持续 30 s, 共涡旋 6 次, 样本置于 4 °C 冰箱过夜;

(5) 离心 (转速 12000r/min, 10 min) 后, 吸取上清, 用微孔滤膜 (0.22 μm pore size) 过滤样品, 并保存于进样瓶中, 用于 UPLC-MS/MS 分析。

## 1.5 色谱、质谱条件

本研究利用超高效液相色谱 (UPLC) 和串联质谱 (MS/MS) 对数据进行采集。

### 1.5.1 色谱条件

色谱柱: Agilent SB-C18 1.8 μm, 2.1 mm×100 mm; 流动相 A: 超纯水 (加入 0.1% 的甲酸); 流动相 B: 乙腈 (加入 0.1% 的甲酸); 洗脱梯度: 0 min B 相比例为 5%, 直到 9 min, B 相比例线性增加至 95%, 同时持续 95% 1 min, 10~11 min, B 相比例骤降至 5%, 直至 14 min, 一直保持在 5%; 流速 0.35 mL/min; 柱温 40 °C; 进样量 4 μL。

### 1.5.2 质谱条件

LIT 和三重四极杆 (QQQ) 扫描是在三重四极杆线性离子阱质谱仪 (Q TRAP), AB4500 Q TRAP UPLC/MS/MS 系统上获得的, 该系统配备了 ESI Turbo 离子喷雾接口, 可由 Analyst 1.6.3 软件 (AB Sciex) 控制运行正负两种离子模式。ESI 源操作参数如下: 离子源, 涡轮喷雾; 源温度 550 °C; 离子喷雾电压 (IS) 5500 V (正离子模式) /-4500 V (负离子模式); 离子源气体 I (GSI), 气体 II (GSII) 和帘气 (CUR) 分别设置为 50、60 和 25.0 psi, 碰撞诱导电离参数设置为高。在 QQQ 和 LIT 模式下分别用 10 和 100 μmol/L 聚丙二醇溶液进行仪器调谐和质量校准。QQQ 扫描使用 MRM 模式, 并将碰撞气体 (氮气) 设置为中等。通过进一步的 DP 和 CE 优化, 完成了各个 MRM 离子对的 DP 和 CE。根据每个时期内洗脱的代谢物, 在每个时期监测一组特定的 MRM 离子对。

## 1.6 代谢物定性定量原理

利用数据库 MWDB (metware database), 使用二级谱信息对化合物定性, 在分析时过滤掉同位素信息,

其中包括 K<sup>+</sup>离子、Na<sup>+</sup>离子、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>离子的重叠信息, 还有本身为其他更大分子量化合物的碎片分子的重叠信息。

本研究采用了三重四级杆质谱的多反应监测模式 (MRM) 对代谢物进行定量分析。MRM 模式中, 四级杆先检测目标物的前体分子 (母离子), 再剔除掉与其他分子量物质对应的分子以初步排除干扰; 而前体分子在经碰撞室的诱导电离后断裂产生了很多碎片离子碎片离子再通过三重四级杆过滤选择出所需要的一个特征碎片离子, 排除非目标离子干扰, 使定量更为精准, 获得更好的重复性。最后将得到的各个样本的代谢物质谱分析数据进行所有质谱峰的峰面积积分, 并完成质谱峰的校正。

## 2 结果与分析

### 2.1 代谢物定性定量分析

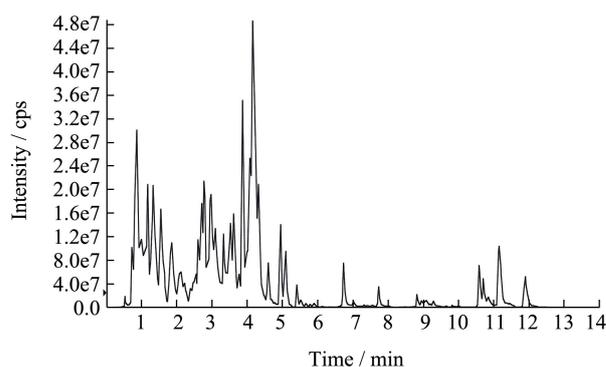


图2 混样样品质谱分析总离子流图

Fig.2 Total ion flow diagram by mixed phase mass spectrometry

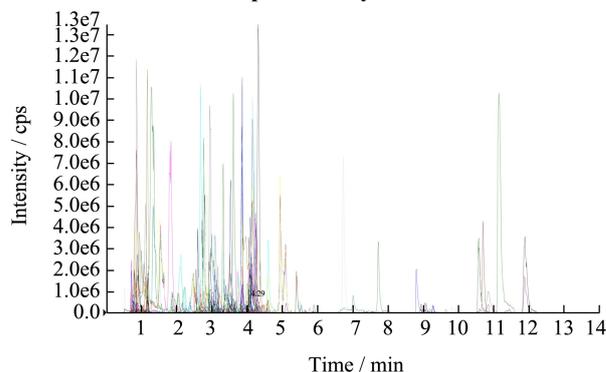


图3 MRM 代谢物检测多峰图

Fig.3 Multi-peak figure for MRM metabolite detection

利用软件 Analyst 1.6.3 处理质谱数据。下图所示为混样质控 QC 样本的总离子流图 (Total ions current, TIC, 即每个时间点质谱图中所有离子的强度加和后连续描绘得到的图谱) 及 MRM 代谢物检测多峰图 (多物质提取的离子流谱图, XIC), 横坐标为代谢物检测

的保留时间 (Retention time, Rt), 纵坐标为离子检测的离子流强度 (强度单位为 cps, count per second)。结果见图 2 和图 3。

基于数据库 MWDB (metware database), 对样本的代谢物进行了质谱定性定量分析。图中多反应监测模式 MRM 代谢物检测多峰图展示了样本中能够检测到的物质, 每个不同颜色的质谱峰代表检测到的一个代谢物。通过三重四级杆筛选出每个物质的特征离子, 在检测器中获得特征离子的信号强度 (CPS), 用 Multia Quant 软件打开样本下机质谱文件, 进行色谱

峰的积分和校正工作, 每个色谱峰的峰面积 (Area) 代表对应物质的相对含量, 最后导出所有色谱峰面积积分数据保存。为了比较所有检测到的代谢物中每个代谢物在不同样本中的物质含量差异, 根据代谢物保留时间与峰型的信息, 对每个代谢物在不同样本中检测到的质谱峰进行校正, 以确保定性定量的准确。图 4 展示了随机抽取的代谢物在不同样本中的定量分析积分校正结果, 横坐标为代谢物检测的保留时间 (min), 纵坐标为某代谢物离子检测的离子流强度 (cps)。

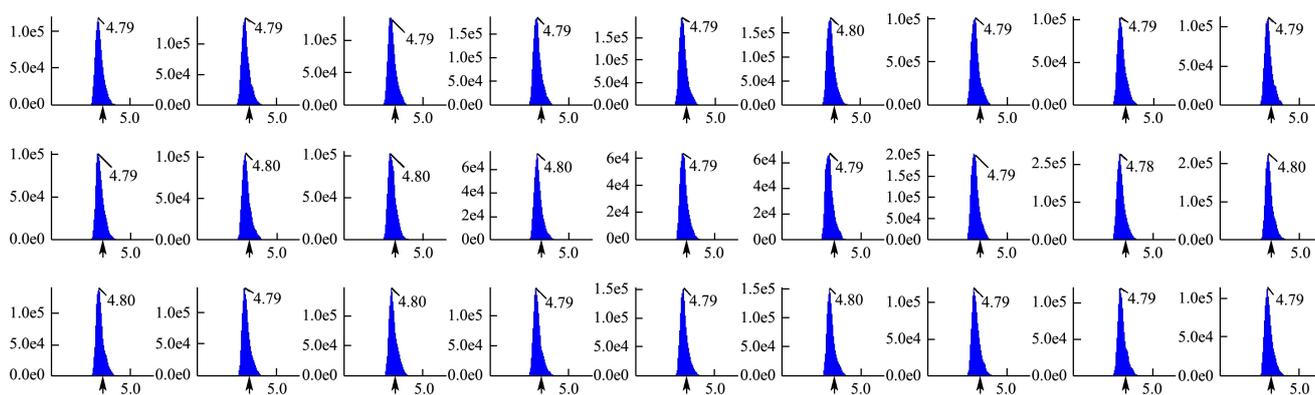


图 4 代谢物定量分析积分校正图

Fig.4 Metabolite quantitative analysis correction chart

注: 图中为随机抽取的代谢物在不同样本中的定量分析积分校正结果, 横坐标为代谢物检测的保留时间 (min), 纵坐标为某代谢物离子检测的离子流强度 (cps), 峰面积代表物质在样本中相对含量。

## 2.2 代谢物的定性定量分析-QC

中曲线的重叠性高, 无干扰信号, 仪器具有较高的稳定性, 检测结果可靠。

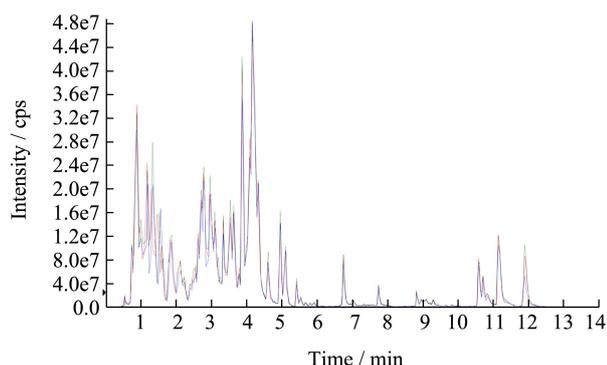


图 5 负离子模式 QC 样品质谱检测 TIC 重叠图

Fig.5 Mass spectrometric detection of TiC overlap map of QC samples in negative ion mode

质控样本 (QC) 由样本提取物混合制备而成, 用于分析样本在相同的处理方法下的重复性。在仪器分析的过程中, 每 10 个检测分析样本中插入一个质控样本, 以监测分析过程的重复性。QC 样本质谱检测的正负离子模式的 TIC 重叠图如图 5 和图 6 所示, 横坐标表示代谢物检测的保留时间, 纵坐标表示离子检测的离子流强度。结果表明质控样本 (QC) TIC 重叠图

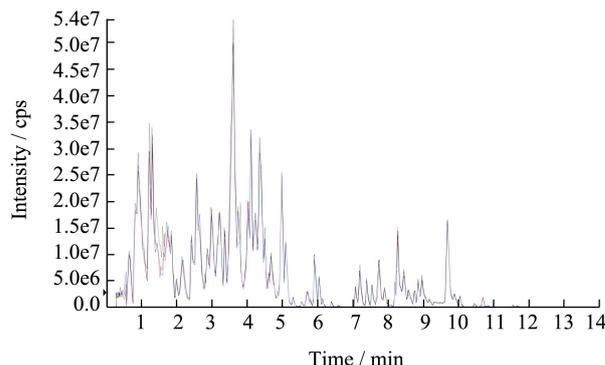


图 6 正离子模式 QC 样品质谱检测 TIC 重叠图

Fig.6 Mass spectrometric detection of TiC overlap map of QC samples in positive ion mode

## 2.3 主成分分析-PCA

PCA 可了解不同样品间的变异度大小, PCA Plot 不同样品间代谢物的分离趋势。主成分分析可解释变异图的横坐标表示各个主成分, 纵坐标表示可解释变异, 左图为各个主成分相加所占的比例图, 累计可解释变异, 右图为各个主成分的方差比例, 每一点对应

着 PC1 至 PC5, 左图的 PC1 则对应着右图的 PC1, 左图的 PC2 纵坐标值等于右图的 PC1 贡献率加上 PC2 贡献率, 左图的 PC3 纵坐标值等于右图中 PC1、PC2 和 PC3 之和, 依次类推, 当左图中 PC5 对应的纵坐标值越接近 1, 则 PCA 的模型越可靠。

样品 B1 和 B3, 对应的代谢物谱明显分离, 前两个主要成分 (PC1 和 PC2) 分别为 66.4% 和 9.71%, PC1 值较大, 说明 B1 和 B3 具有较大差异, 且图中 PC5 接近于 1, 且主成分贡献率  $PC1 > PC2 > PC3 > PC4 > PC5$ , 说明 PCA 模型解释率很好, 如图 7 和图 8 所示。

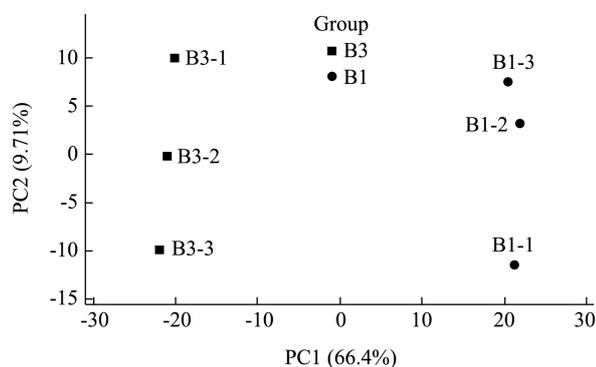


图 7 样品 B1 和 B3 的 PCA 得分图

Fig.7 The PCA score diagram of sample B1 and B3

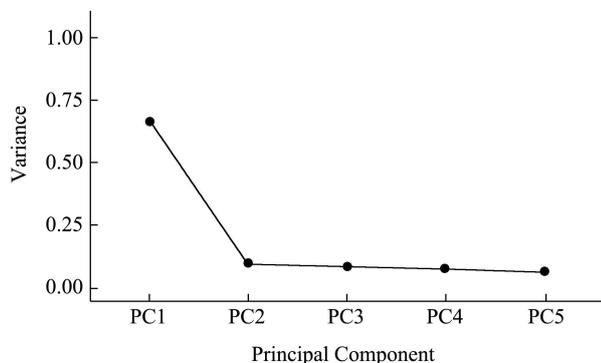
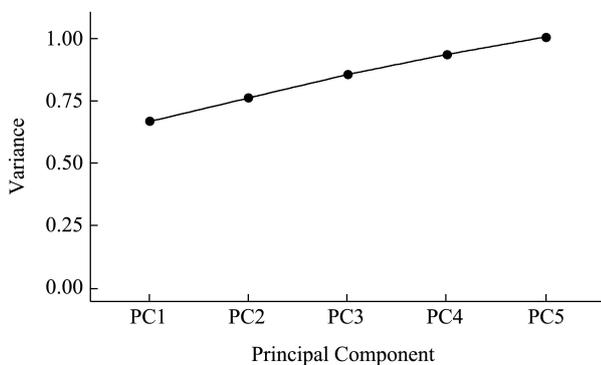


图 8 样品 B1 和 B3 分组主成分分析可解释变异图

Fig.8 The explanatory variation diagram of principal component analysis of sample B1 and B3

## 2.4 OPLS-DA 分析

利用 OPLS-DA 模型分析所得的数据, 制出样品 B1 和 B3 的得分图, 更加清晰地表示 B1 和 B3 的代谢物差异。在 OPLS-DA 得分图中, 横坐标表示预测主成分, 可以看出重复样的差异; 纵坐标方向表示正交主成分, 可看出样品间的差距。如图 9 所示, B1 和 B3 完全分离开来, 说明 OPLS-DA 可以很好地区分样品 B1 和 B3。

OPLS-DA 的 S-plot 图能直观地展示每个代谢物的贡献率, 它可以比较直观地呈现出样品间的显著差异代谢物。代谢物在模型中各组样品分类甄别中的影响强度用 VIP 值表示。图中红色的点代表显著差异代谢物, VIP 值大于等于 1; 绿色的点代表每个样品都含有的通用代谢物, VIP 值小于 1。如图 10 所示为样品 B1 和 B3 的 OPLS-Splot 图。

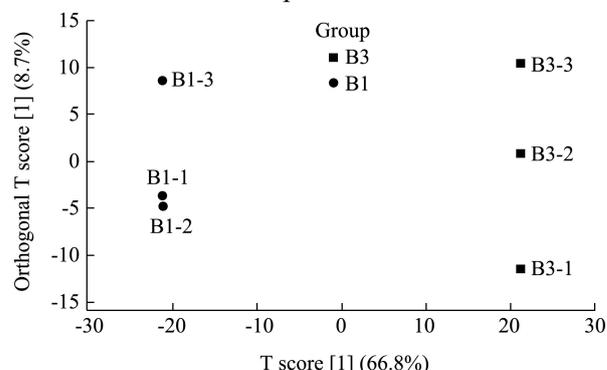


图 9 样品 B1 和 B3 的 OPLS-DA 得分图

Fig.9 The OPLS-DA score diagram of sample B1 and B3

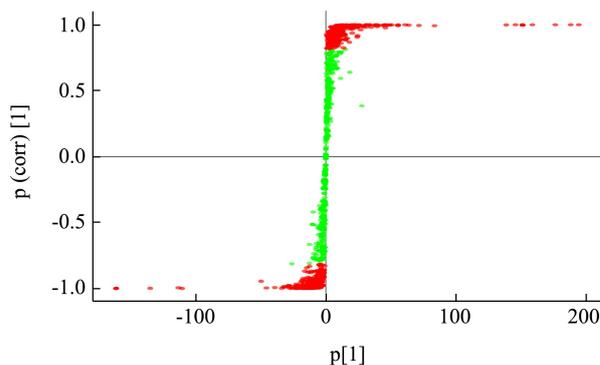


图 10 样品 B1 和 B3 的 OPLS-Splot 图

Fig.10 The OPLS-Splot diagram of sample B1 and B3

## 2.5 差异代谢物的聚类分析

为找出影响茶叶品质比较大的化学成分, 可对代谢物在不同样本的积累模式进行聚类分析。横向为样品名称, 纵向为代谢物信息, Group 为分组, 不同颜色为相对含量标准化处理后得到的数值。如图 11 所示, 根据各样品差异物的聚类热图分析, B1 和 B3 对比有着明确的高表达或低表达的区域。

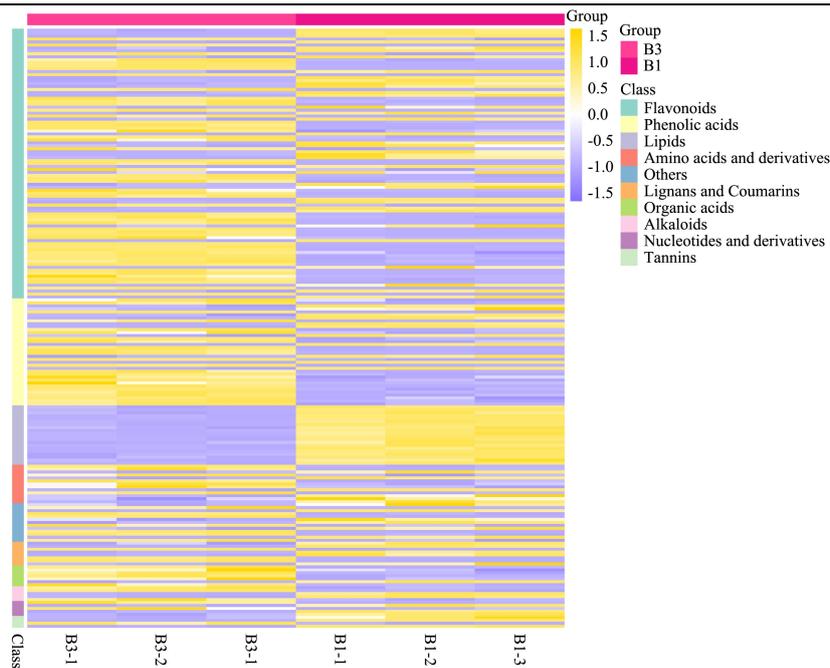


图 11 样品 B1 和 B3 的差异代谢物的聚类热图

Fig.11 The clustering heat map of different metabolites of sample B1 and B3

2.6 差异代谢物的筛选鉴定与分析

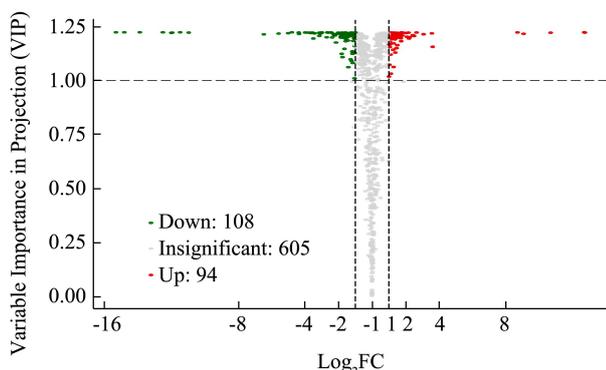


图 12 样品 B1 和 B3 代谢物的火山图

Fig.12 The volcano map of metabolites of sample B1 and B3

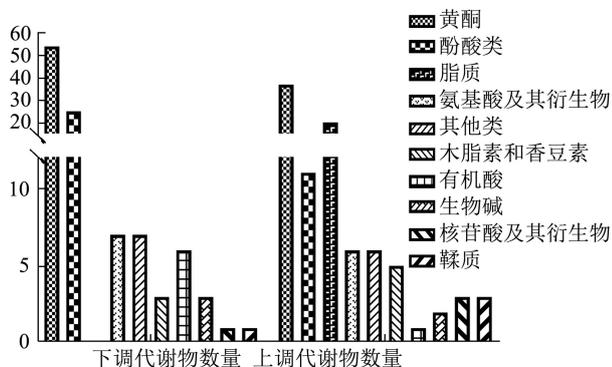


图 13 样品 B1 与 B3 差异代谢物分类图

Fig.13 Differential metabolite classification diagram of sample B1 and B3

鉴于本研究结果具有生物学重复, 故选择 FC 和 VIP 值相结合的方法来选取差异代谢物, 并要求同时

符合  $FC \geq 2$  或  $FC \leq 0.5$  和  $VIP \geq 1$  两个要求。

火山图上能够很直接地看到样品 B1 与 B3 的代谢物差异, 图中的点均有与其一一对应的代谢物。绿色点为下降的差异代谢物, 红色点为上升的差异代谢物, 灰色点为区别较不明显的代谢物。如图 12 所示, 是样品 B1 和 B3 的不同代谢物火山示意图。

表 2 样品 B1 和 B3 差异代谢物

Table 2 The differential metabolites of sample B1 and B3

编号	名称	数量
1	黄酮	91
2	酚酸类	36
3	脂质	20
4	氨基酸及其衍生物	13
5	其他类	13
6	木脂素和香豆素	8
7	有机酸	7
8	生物碱	5
9	核苷酸及其衍生物	4
10	鞣质	4

样品 B1 共检测和定量了 798 种代谢物, 样品 B3 共检测和定量了 802 种代谢物。如图 12 所示, 与 B3 相比, B1 的代谢产物中有 202 种显著变化的代谢物 (SCMs), 其中 108 种 SCMs 的丰度显著降低, 而 94 种显著增加。根据表 2, 这些 SCMs 按照数量的多少通常可以分为黄酮、酚酸类、脂质、氨基酸及其衍生物、其他类、木脂素和香豆素、有机酸、生物碱、核苷酸及其衍生物和鞣质, 差异代谢物的上调或下调数

量, 展示在图 13 中。

### 2.7 总体的代谢通路分析

差异代谢物在生物体内相互作用, 如图 14 所示为样品 B1 和 B3 的 KEGG 差异代谢物分类图。对样品

B1 和 B3 的路径分析表明, 差异代谢物在 49 条 KEGG 通路中富集, 大多数已经鉴定的差异代谢物存在于苯丙烷类生物合成、苯丙氨酸代谢、类黄酮的生物合成、黄酮及黄酮醇的生物合成及氨基酸的生物合成等途径中。

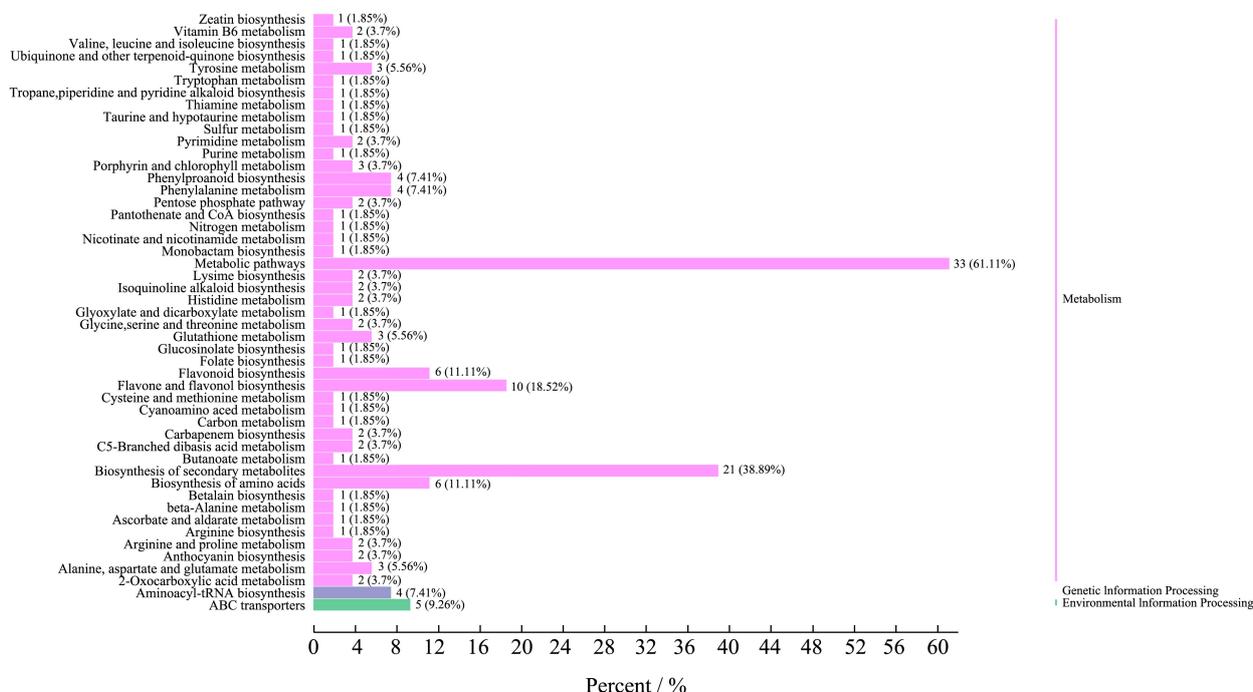


图 14 样品 B1 和 B3 的 KEGG 差异代谢物分类图

Fig.14 The KEGG differential metabolite classification diagram of sample B1 and B3

### 3 讨论

刘海燕等<sup>[15]</sup>概述了黄酮具有很强的抗氧化效果, 可将体内的自由基清除, 减缓细胞的退化, 达到抗衰老的作用。黄酮有着很多的保健功效, 可降胆固醇, 抗病毒, 增强免疫力等。因此, 黄酮对茶叶非常的重要。在本研究实验中, 品种 1 (桃形叶) 共检测到 209 种黄酮类物质, 品种 3 (云瑰) 共检测到 211 种黄酮类物质。其中品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 相比, 有 37 种黄酮类物质是含量较多的, 有 54 种黄酮类物质是含量较少的。从黄酮对茶叶的影响来看, 品种 3 (云瑰) 制茶的品质较好。

龚雨顺等<sup>[16]</sup>认为茶叶中酚酸主要有没食子酸、鞣花酸、咖啡酸、间双没食子酸、对香豆酸、茶没食子素、对香豆酰-3-奎尼酸, 它们的生物活性对茶叶非常的重要, 同时也有着非常高的生物利用度。本实验研究发现, 品种 1 (桃形叶) 共检测到 130 种酚酸类物质, 品种 3 (云瑰) 共检测到 131 种酚酸类物质, 其中品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 相比, 有 11 种酚酸类物质是含量较多的, 有 25 种酚酸类物质是含量较少的。因此, 品种 3 (云瑰) 的酚酸类含量较高,

品质较好。

赵燕妮等<sup>[17]</sup>利用脂质组学的方法对黑茶和杜仲叶生殖生长的不同阶段内含脂类成分的变化规律进行研究, 指出脂类物质对茯茶香气的形成有着积极的作用, 其理论依据对茯茶产业发展和品质改善有着重要的作用。研究发现, 品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 都检测到 93 种酚酸类物质, 其中品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 相比, 有 20 种酚酸类物质是含量较多的。所以品种 1 (桃形叶) 比品种 3 (云瑰) 在酚酸类物质的含量上更有优势, 对茶叶香气等品质的形成更有帮助。

黄秀琼<sup>[18]</sup>研究表明, 春季黄金茶 1 号比春季适制绿茶的品种碧香早氨基酸要高, 更适合制绿茶, 说明氨基酸与茶叶的适制性密切相关。通过代谢组学研究, 发现品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 都检测到 83 种氨基酸及其衍生物, 其中品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 相比, 有 6 种氨基酸及其衍生物是含量较多的, 有 7 种氨基酸及其衍生物是含量较少的。故品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 二者之间的氨基酸及其衍生物的含量差别不大, 从氨基酸及其衍生物的含量方面分析不能很好地比较茶叶的适制性。

王春波等<sup>[19]</sup>利用代谢组学技术对不同产地都匀

毛尖茶的代谢差异进行了分析, 鉴定出咖啡碱在小围寨团山产地的样品中含量最高, 可作为区分都匀毛尖茶产地的科学依据, 同时也指出咖啡碱对茶汤的爽口感起着积极的作用, 能与茶汤中的儿茶素等物质发生反应, 进而改变茶汤的滋味。本实验研究同样通过代谢组学技术对不同品种的普洱茶进行分析, 结果表明品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 的咖啡碱含量差异不明显。故品种 1 (桃形叶) 与品种 3 (云瑰) 对茶汤滋味的影响程度不能很好的区分。

#### 4 结论

中国制茶有着悠久的历史, 随着市场的不断发展, 制茶工艺也在不断的改进, 茶叶品质也在不断地符合人们的不同需求。影响茶叶品质的主要因素有茶叶的内含物、采摘季节、加工工艺和储存方式等, 其中茶叶的内含物对茶叶不同品质的形成影响最大。本研究采用代谢组学技术分析了两个不同品种的普洱茶代谢物差异, 结果表明, 品种 1 (桃形叶) 共检测和定量了 798 种代谢物, 品种 3 (云瑰) 共检测和定量了 802 种代谢物, 二者之间有 202 种显著变化的代谢物 (SCMs), 品种 1 (桃形叶) 较品种 3 (云瑰) 有 108 种 SCMs 的丰度显著降低, 而有 94 种显著增加。这些 SCMs 按照数量的多少通常可以分为黄酮、酚酸类、脂质、氨基酸及其衍生物、其他类、木脂素和香豆素、有机酸、生物碱、核苷酸及其衍生物和鞣质。且差异代谢物在 49 条 KEGG 通路中富集, 大多数已经鉴定的差异代谢物存在于苯丙烷类生物合成、苯丙氨酸代谢、类黄酮的生物合成、黄酮及黄酮醇的生物合成及氨基酸的生物合成等途径中。这些代谢物的数量和差异分析可为人们根据不同的需求而选择不同的茶叶品种进行制茶和品质控制提供理论依据和科学指导。

#### 参考文献

- [1] 邹勇文, 赵彤, 缪圣桂. 中国茶文化与茶艺[M]. 北京: 中国旅游出版社, 2017: 1-2  
ZOU Yongwen, ZHAO Tong, MIAO Shenggui. Chinese Tea Culture and Tea Art [M]. Beijing: China Travel Press, 2017: 1-2
- [2] 胡蝶, 陈维, 马成英, 等. 不同保鲜处理过程中茶青品质成分含量的变化[J]. 现代食品科技, 2021, 37(4): 95, 110-115  
HU Die, CHEN Wei, MA Chengying, et al. Changes of quality components in tea green under different Fresh-keeping Treatments [J]. Modern Food Science and Technology, 2021, 37(4): 95, 110-115
- [3] 罗龙新. 影响茶叶可溶性物质浸出的因素分析[J]. 饮料工业, 2001, 4(6): 22-26  
LUO Longxin. Factors affecting the extraction of tea soluble substances [J]. Beverage Industry, 2001, 4(6): 22-26
- [4] Pervin M, Unno K, Takagaki A, et al. Function of green tea catechins in the brain: epigallocatechin gallate and its metabolites [J]. Int J Mol Sci, 2019, 20(15): 3630
- [5] 段小华, 陈淑芳. 外源锌对茶叶锌积累及主要化学品质成分的影响[J]. 江西师范大学学报(自然科学版), 2017, 41(4): 438-440  
DUAN Xiaohua, CHEN Shufang. The effects of exogenous zinc on zinc accumulation and main chemical qualities of tea leaves [J]. Journal of Jiangxi Normal University (Natural Science Edition), 2017, 41(4): 438-440
- [6] 田永辉, 梁远发, 王国华, 等. 不同因子对茶叶品质构成因素的调控作用[J]. 贵州农业科学, 2001, 29(1): 19-22  
TIAN Yonghui, LIANG Yuanfa, WANG Guohua, et al. Effects of different factors on components of tea quality [J]. Guizhou Agricultural Sciences, 2001, 29(1): 19-22
- [7] 岳秀飞, 史晓伟. 代谢组学技术及其应用的研究进展[J]. 科技信息, 2010, 32: 95-96  
YUE Xiufei, SHI Xiaowei. Advances in metabonomics techniques and their applications [J]. Technology Information, 2010, 32: 95-96
- [8] Sanchez B, Ruiz L, Gueimonde M, et al. Omics for the study of probiotic micro organisms [J]. Food Research International, 2013, 54(1): 1061-1071
- [9] Wishart David S. Applications of metabolomics in drug discovery and development [J]. Drugs in R & D, 2008, 9(5): 61-67
- [10] Wishart David S, Knox C, Guo An C, et al. Drug bank: a knowledgebase for drugs, drug actions and drug targets [J]. Nucleic Acids Research, 2008, 36(Suppl-1): D901-D906
- [11] Wishart David S, Knox C, Guo An C, et al. HMDB: a knowledgebase for the human metabolome [J]. Nucleic Acids Research, 2009, 37(Database issue): D603-D610
- [12] Eugenie B, Sabine L, Mikko J A, et al. Comparison of two GM maize varieties with a near-isogenic non-GM variety using transcriptomics, proteomics and metabolomics [J]. Plant Biotechnology Journal, 2010, 8(4): 436-451
- [13] 高蔚娜, 陈玉霞, 蒲玲玲, 等. 不同抗氧化活性蔬菜汁对大鼠血清代谢组的影响[J]. 食品科学, 2016, 37(11): 236-241  
GAO Weina, CHEN Yuxia, PU Lingling, et al. Effects of different antioxidant vegetable juices on serum metabonomics in rats [J]. Food Science, 2016, 37(11): 236-241