

王新好, 张鸣慧, 姚玲, 等. 基于非靶向代谢组学的绿豆芽代谢物差异分析[J]. 江苏农业学报, 2025, 41(1): 175-183.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2025.01.020

## 基于非靶向代谢组学的绿豆芽代谢物差异分析

王新好<sup>1</sup>, 张鸣慧<sup>1</sup>, 姚玲<sup>2</sup>, 张丁<sup>2</sup>, 张振鑫<sup>2</sup>, 申慧芳<sup>1</sup>, 郭锋<sup>2</sup>

(1. 山西农业大学基础部, 山西 太谷 030801; 2. 山西农业大学资源与环境学院, 山西 太谷 030801)

**摘要:** 为了比较不同品种绿豆芽的代谢物差异, 利用非靶向代谢组学分析方法对晋绿豆 2 号豆芽和潍绿 116 豆芽的代谢物进行分析。结果表明, 从 2 种豆芽中共检测出 1 968 种差异代谢物。根据重要性投影值 ( $VIP$ )  $\geq 1$  和  $P < 0.05$  的标准, 共筛选得到差异显著的代谢物 1 064 种, 占总差异代谢物的 54.07%。这 1 064 种差异代谢物主要分布在丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路, 氨基糖和核苷酸糖代谢通路、膦酸盐和次膦酸盐代谢通路, 萜类主干生物合成通路, 糖酵解/糖异生通路中。差异代谢物中, 葫芦巴碱具有降血糖的作用, 其代谢途径为烟酸和烟酰胺代谢途径, 该代谢途径属于丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路, 潍绿 116 豆芽中葫芦巴碱含量显著高于晋绿豆 2 号豆芽。本研究结果为绿豆芽用种质资源挖掘提供了理论依据。

**关键词:** 绿豆芽; 非靶向代谢组学; 差异代谢物; 代谢途径

**中图分类号:** S522 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2025)01-0175-09

## Differential analysis of metabolites in mung bean sprouts based on non-targeted metabolomics

WANG Xinyu<sup>1</sup>, ZHANG Minghui<sup>1</sup>, YAO Ling<sup>2</sup>, ZHANG Ding<sup>2</sup>, ZHANG Zhenxin<sup>2</sup>, SHEN Huifang<sup>1</sup>, GUO Feng<sup>2</sup>

(1. Department of Basic Sciences, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China; 2. College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China)

**Abstract:** In order to compare the metabolic differences of different varieties of mung bean sprouts, non-targeted metabolomics analysis was used to analyze the metabolites of Jinlü No.2 and Tanlü No.116. The results showed that 1 968 differential metabolites were detected in the two kinds of bean sprouts. According to the standard of variable importance in the projection ( $VIP$ )  $\geq 1$  and  $P < 0.05$ , a total of 1 064 significantly different metabolites were screened out, accounting for 54.07% of the total differential metabolites. These 1 064 differential metabolites were mainly distributed in the biosynthesis pathways of propane, piperidine and pyridine alkaloids, the metabolic pathways of aminosugars and nucleotide sugars, the metabolic pathways of phosphonates and phosphinates, the biosynthesis pathways of terpenoids, and the glycolysis/gluconeogenesis pathways. Among the differential metabolites, trigonelline had the hypoglycemic effect, its metabolic pathway was the nicotinic acid and nicotinamide metabolic pathway. This metabolic pathway belonged to propane, piperidine, and pyridine alkaloids. And the content of trigonelline in Tanlü No.116 bean sprouts was significantly higher than that in Jinlü No.2 bean sprouts. The results of this study provide a theoretical basis for the exploration of germplasm resources for mung bean sprouts.

**Key words:** mung bean sprouts; non-targeted metabolomics; differential metabolites; metabolic pathway

收稿日期: 2024-01-25

基金项目: 山西省重点研发计划项目(201803D221020-3)

作者简介: 王新好(1999-), 女, 河北张家口人, 硕士研究生, 主要从事杂粮优质种质资源的诱发突变及新品种选育工作。

(E-mail) 15832353192@163.com

通讯作者: 申慧芳, (E-mail) sxndshf@163.com

绿豆 [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] 是重要的豆类作物, 具有丰富的营养价值和重要的经济价值<sup>[1]</sup>。中国绿豆种质资源丰富, 根据其种皮光泽, 绿豆可分为明绿豆和毛绿豆<sup>[2]</sup>。明绿豆表皮颜色鲜亮、形状规整, 籽粒大小均一, 营养物质含量较高<sup>[3]</sup>; 毛绿豆表皮

无光泽,灰暗,但其籽粒较大,且出芽快,芽苗粗壮<sup>[4]</sup>。绿豆芽是绿豆种子发芽后长出的幼苗,是一种风味独特、老少皆宜的食物<sup>[5]</sup>。在发芽过程中,绿豆功能性成分含量发生显著变化,提取物的抗氧化能力增强<sup>[6-7]</sup>。和绿豆种子相比,绿豆芽中含有更加丰富的酚类和黄酮类化合物,具有较强的抗氧化能力和较高的药用价值<sup>[8-13]</sup>。目前对绿豆芽营养价值的研究多集中在总酚含量、总黄酮含量及抗氧化能力上,对绿豆芽整体代谢物的研究较少。

代谢组学(Metabolomics)旨在采用高通量技术和多元数据处理方法,对特定时刻或者特定环境条件下生物体内小分子代谢产物进行定性与定量分析。代谢组学分析可以全面揭示生物体内代谢物质的动态平衡和生物体对环境变化的应答<sup>[14-15]</sup>。代谢组学分析具有高效、覆盖面广、高精度等优点,可用于挖掘生物体内潜在活性成分<sup>[16-17]</sup>。在目前的研究中,代谢组学方法多用于分析植物细胞内的小分子代谢物(糖类、氨基酸、脂肪酸、维生素、次生代谢物)在生长发育、响应环境刺激和加工储存过程中的含量变化<sup>[18]</sup>。代谢组学可以分为非靶向代谢组学和靶向代谢组学。靶向代谢组学是对特定代谢产物的研究和分析。非靶向代谢组学可以全面、系统地分析生物体内的所有代谢产物。

本研究拟利用非靶向代谢组学分析,并采用超高效液相色谱-串联质谱技术,检测晋绿豆 2 号(明绿豆)豆芽和潍绿 116(毛绿豆)豆芽中的代谢物含量,并对差异代谢物进行分析,以期发掘绿豆芽的药用价值,同时为绿豆芽用品种的选择提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

晋绿豆 2 号(明绿豆)和潍绿 116(毛绿豆)来自山西农业大学基础部杂粮辐射育种组。

甲醇、乙腈和分析标准品购自德国 Merck 公司,为高色谱纯度;甲酸购自日本 TCI 公司,符合色谱分析的纯度要求;L-2-氯苯丙氨酸(化学纯度超过 98%)购自上海阿拉丁生化科技股份有限公司。

Acquity I-Class PLUS 超高效液相色谱、Xevo G2-XS QTOF 高分辨质谱、色谱柱(2.1 mm×100.0 mm,1.8 μm)均购自美国 Waters 公司。

### 1.2 试验方法

1.2.1 发芽试验 将晋绿豆 2 号和潍绿 116 的种子

(图 1)消毒,25 ℃ 室温下浸泡 6 h,放入发芽机发芽。从放入发芽机后开始计时,分别于 0 h、24 h、48 h 整体取样。使用直尺测定豆芽下胚轴长,使用游标卡尺测定豆芽下胚轴直径,使用分析天平测定全株鲜重和全株干重。将发芽 24 h 的晋绿豆 2 号和潍绿 116 豆芽分别放入 10 mL 冻存管中,6 次重复,冻存管于液氮速冻后放入-80 ℃ 冰箱中保存备用。

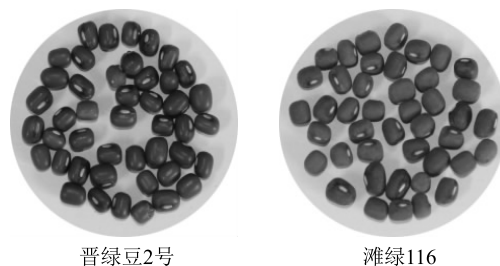


图 1 供试绿豆品种的种子

Fig.1 Seeds of tested mung bean varieties

1.2.2 样品预处理 在 50 mg 样品中添加 1 000 μL 含标准品的溶剂(甲醇、乙腈和水按 2:2:1 体积比混合,标准品质量浓度设定为 20 mg/L)。30 s 旋转混匀后,放入小钢珠,研磨机 45 Hz 处理 10 min,冰水中超声处理 10 min,在-20 ℃ 下静置 1 h。在 4 ℃ 低温下 12 000 r/min 离心 15 min,将上清液进行真空干燥,并将其重新溶解于 160 μL 乙腈/水溶液(体积比 1:1),再次旋转混匀 30 s,进行冰水超声处理。最后,在 4 ℃ 低温下 12 000 r/min 离心 15 min,将上清液置于进样瓶中备用。

1.2.3 质控样本 在分析流程中,从样品提取液中取出 10 μL 混合成质控样本<sup>[19]</sup>,按照每 10 个测试样品中插入 1 个质控样本的比例,采用与测试样品相同的处理和检测方法。

1.2.4 超高效液相色谱-串联质谱分析 使用 Acquity UPLC HSS T3 色谱柱(2.1 mm×100.0 mm,1.8 μm),流动相包含 0.1% 甲酸的水溶液(A 相)和 0.1% 甲酸的乙腈溶液(B 相),流动相程序参考唐佳代等<sup>[20]</sup>的程序并略作改动。

### 1.3 数据分析

原始数据的采集与初步处理参考方贤胜等<sup>[17]</sup>和李亚娇等<sup>[21]</sup>的方法。采用多元统计分析,对两组样品进行主成分分析(PCA)、正交偏最小二乘判别分析(OPLS-DA)和聚类分析,结合  $P < 0.05$ 、重要性投影值(VIP)  $\geq 1$ ,同时根据含量增加的代谢物差异倍数(FC)  $\geq 2$ ,含量减少的代谢物差异倍数

( $FC$ )  $\leq 0.05$  筛选显著差异代谢物。对差异代谢物进行层次聚类分析,将得到的相应差异代谢物提交至京都基因组百科全书 (KEGG) 数据库网站 (<https://www.kegg.jp/>) 进行相关代谢通路分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 豆芽的生长指标

统计晋绿豆 2 号和潍绿 116 的下胚轴长、下胚轴直径、全株鲜重、全株干重和含水率 5 个指标进行统计。如表 1 所示,发芽 0 h,晋绿豆 2 号和潍绿 116 的绿豆下胚轴长和下胚轴直径均为 0,说明此时种子没有发芽,呈现吸水状态。发芽 24 h,晋绿豆 2 号和潍绿 116 的下胚轴长为 20.47 mm 与 26.73 mm,下胚轴直径为 1.16 mm 和 1.44 mm,故此时已达到发芽状态。发芽 48 h,晋绿豆 2 号和潍绿 116 的下胚轴长分别达到 35.10 mm 和 47.30 mm,下胚轴直径分别达到 1.76 mm 和 1.96 mm,此时豆芽状态较好。但是在发芽 48 h,豆芽长出真叶,可能与室内较高的温度和换水间隙豆芽受到光照有关。真叶的出现会影响豆芽口感,故选取发芽 24 h 的豆芽进行后续代谢组学分析。

表 1 豆芽的生长指标

Table 1 Growth indices of mung bean sprouts

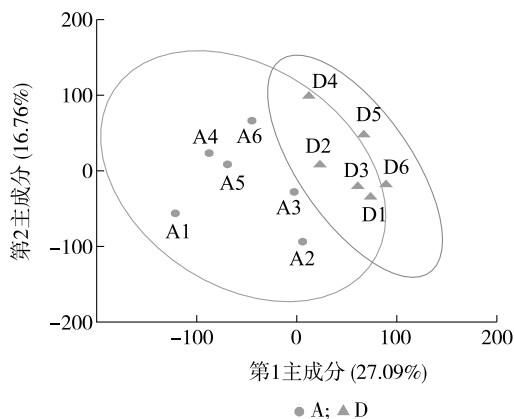
发芽时间(h)	生长指标	晋绿豆 2 号	潍绿 116
0	下胚轴长(mm)	0	0
	下胚轴直径(mm)	0	0
	全株鲜重量(g)	0.096 7 $\pm$ 0.020 0	0.097 0 $\pm$ 0.010 0
	全株干重量(g)	0.062 5 $\pm$ 0.020 0	0.063 6 $\pm$ 0.010 0
	含水率(%)	35.340 0 $\pm$ 0	34.370 0 $\pm$ 0
24	下胚轴长(mm)	20.470 0 $\pm$ 0.910 0	26.730 0 $\pm$ 1.010 0**
	下胚轴直径(mm)	1.160 0 $\pm$ 0.060 0	1.440 0 $\pm$ 0.010 0**
	全株鲜重量(g)	0.163 5 $\pm$ 0.150 0	0.169 3 $\pm$ 0.010 0
	全株干重量(g)	0.047 2 $\pm$ 0.010 0	0.051 3 $\pm$ 0.010 0***
	含水率(%)	70.990 0 $\pm$ 0.020 0	69.730 0 $\pm$ 0
48	下胚轴长(mm)	35.100 0 $\pm$ 2.800 0	47.300 0 $\pm$ 0.300 0*
	下胚轴直径(mm)	1.760 0 $\pm$ 0.080 0	1.960 0 $\pm$ 0.070 0*
	全株鲜重量(g)	0.217 5 $\pm$ 0.030 0	0.230 5 $\pm$ 0.040 0*
	全株干重量(g)	0.046 6 $\pm$ 0.010 0	0.047 8 $\pm$ 0.010 0
	含水率(%)	78.570 0 $\pm$ 0	79.280 0 $\pm$ 0**

\* 表示  $P < 0.050$ , \*\* 表示  $P < 0.010$ , \*\*\* 表示  $P < 0.001$ 。

### 2.2 代谢物多维统计分析

#### 2.2.1 主成分 (PCA) 分析 对样本数据进行降维

处理,得到了 11 个主要组分。其中第 1 主成分 (PC1) 解释了 27.09% 的数值变异,第 2 主成分 (PC2) 解释了 16.76% 的数值变异。如图 2 所示,无论是组内还是组间,晋绿豆 2 号豆芽和潍绿 116 豆芽的代谢物之间都存在差异。晋绿豆 2 号豆芽组内分离度较潍绿 116 豆芽高。组内分离度高可能是因为同一品种的不同单株在形态特征和代谢成分上存在较大的差异。

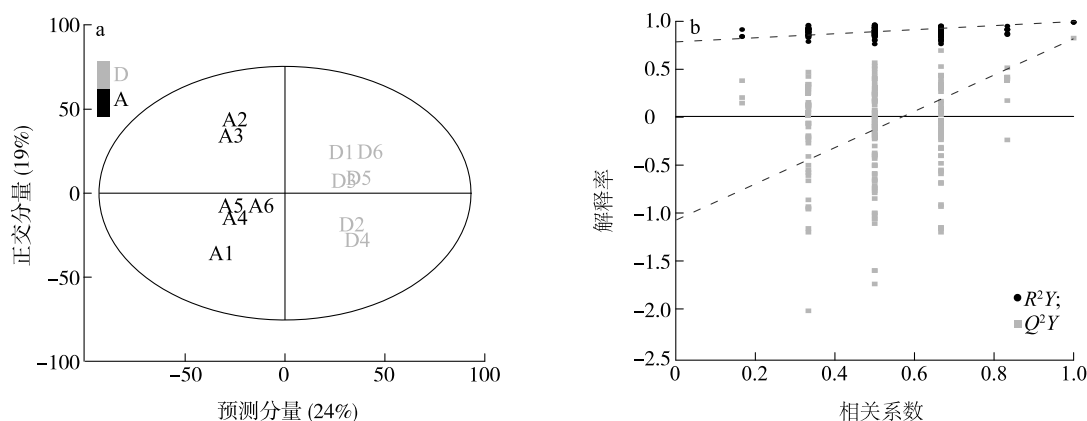


A: 晋绿豆 2 号豆芽; D: 潍绿 116 豆芽。A1~A6 分别表示晋绿豆 2 号豆芽的 6 个重复。D1~D6 分别表示潍绿 116 豆芽的 6 个重复。

图 2 主成分分析得分图

Fig.2 Score plot of principal component analysis

2.2.2 正交偏最小二乘判别 (OPLS-DA) 分析 利用正交偏最小二乘判别分析 (OPLS-DA) 模型对晋绿豆 2 号豆芽和潍绿 116 豆芽代谢物进行分析。如图 3a 所示,在模型中,晋绿豆 2 号豆芽集中于置信区间左方,而潍绿 116 豆芽集中于右方,说明晋绿豆 2 号豆芽和潍绿 116 豆芽的代谢特征被清晰区分开。OPLS-DA 模型的第一主成分 (PC1) 和第二主成分 (PC2) 分别解释了 24% 和 19% 的变异,模型质量参数  $R^2X^2$  (在  $X$  轴方向模型的解释率) 为 0.423,  $R^2Y$  (在  $Y$  轴方向模型的解释率) 为 0.991 和  $Q^2Y$  为 0.825,  $Q^2Y$  值大于 0.5,表明这是一个较强的预测模型。为了验证 OPLS-DA 模型的鲁棒性,进行置换测试。随机置换样本的分组标签,并用这些置换的标签构建新的 OPLS-DA 模型,计算并在得分图上反复绘制模型的  $R^2Y$  值和  $Q^2Y$  值。如图 3b 所示,横轴表示原始模型与置换模型之间的关联性,纵轴表示  $R^2Y$  值或  $Q^2Y$  值。置换模型的  $R^2Y$  值和  $Q^2Y$  值均低于原始模型,且  $Q^2Y$  的回归线斜率为正,说明模型有效且具有预测能力。同时说明在训练集和测试集上模型具有良好的独立性。



$R^2X=0.423$ ;  $R^2Y=0.991$ ;  $Q^2X=0.825$ ;  $RMSEE=0.055$ ;  $pre=1.000$ ;  $ort=1.000$ 。

A: 晋绿豆 2 号豆芽; D: 潍绿 116 豆芽。A1~A6 分别表示晋绿豆 2 号豆芽的 6 个重复。D1~D6 分别表示潍绿 116 豆芽的 6 个重复。a 图中  $R^2X$  表示对代谢物定量矩阵的解释率,  $R^2Y$  表示对样本分组矩阵的解释率;  $Q^2Y$  表示模型的预测能力;  $RMSEE$  表示训练集均方根误差;  $pre$  表示预测组件数;  $ort$  表示正交分量的数量。b 图中  $R^2Y$  表示  $X$  取值为 1 时对样本分组矩阵的解释率,  $Q^2Y$  表示  $X$  取值为 1 时模型的预测能力。

图 3 正交偏最小二乘判别分析 (OPLS-DA) 得分图 (a) 和验证图 (b)

Fig.3 Score plot (a) and verification plot (b) of orthogonal partial least squares discrimination analysis (OPLS-DA)

## 2.3 代谢物统计与分析

2.3.1 代谢组成成分总体分析 利用 LC-QTOF 平台对 6 份晋绿豆 2 号豆芽和 6 份潍绿 116 豆芽进行代谢组学分析, 检测出 18 154 个特征峰, 并通过 HMDB 数据库 (<https://hmdb.ca/>) 注释出 4 128 种代谢物, 其中差异代谢物 1 968 种。如图 4 所示, 1 968 种代谢物被分为脂质和类脂 (35.77%)、有机酸及其衍生物 (15.70%)、有机杂环化合物 (11.53%)、苯丙类和聚酮类化合物 (10.42%)、有机含氧化合物 (9.60%)、苯环型化合物 (7.72%)、核苷/核苷酸和类似物 (3.71%)、生物碱及其衍生物 (1.93%)、有机含氮化合物 (1.52%) 以及其他含量小于 1% 的代谢物 [碳氢化合物及其衍生物 (0.76%)、木脂素/新木脂素及相关化合物 (0.71%)、有机硫化物 (0.36%)、均相非金属化合物 (0.15%)、混合金属/非金属混合物 (0.05%)、有机 1,3 偶极化合物 (0.05%)]。其中晋绿豆 2 号豆芽和潍绿 116 豆芽中含量差异较大的代谢物是脂质和类脂、有机酸及其衍生物、有机杂环化合物、苯丙类和聚酮类化合物、有机含氧化合物, 共计 1 634 种 (83.03%), 说明它们在绿豆芽的代谢过程中起重要作用。其中, 归属于苯丙类和聚酮类化合物的黄酮和归属于有机酸及其衍生物的多酚类化合物具有重要研究价值。

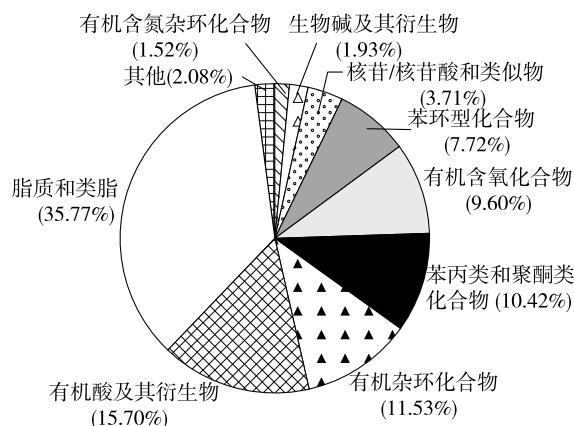


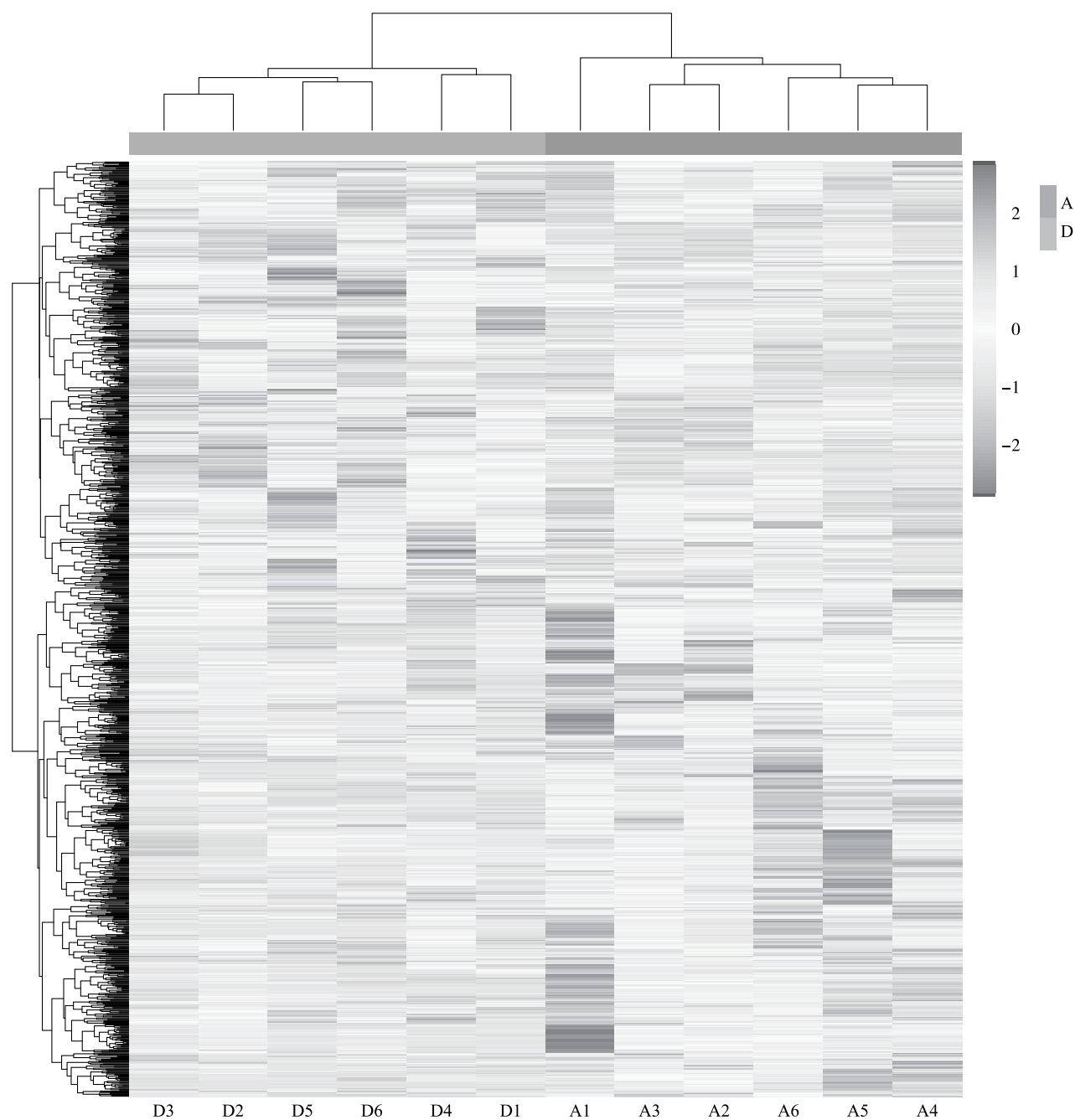
图 4 差异代谢物分类

Fig.4 Classification of differential metabolites

2.3.2 聚类热图分析 以  $VIP \geq 1$  和  $P < 0.05$  为标准, 共筛选出 1 064 种差异显著的代谢物, 占代谢物总数的 54.07%, 这表明晋绿豆 2 号豆芽与潍绿 116 豆芽之间存在大量代谢差异物。如图 5 所示, 与潍绿 116 豆芽相比, 晋绿豆 2 号豆芽中 484 种代谢物相对含量上升, 580 种代谢物相对含量下降。说明晋绿豆 2 号豆芽与潍绿 116 豆芽代谢物含量差异较大, 晋绿豆 2 号豆芽中代谢物含量低于潍绿 116 豆芽。

2.3.3 主要差异代谢物分析 如图 6 所示, 将差异倍数 ( $FC$ ) 进行对数变换处理 ( $\log_2 FC$ ), 可以直观比





A:晋绿豆2号豆芽;D:潍绿116豆芽。A1~A6分别表示晋绿豆2号豆芽的6个重复。D1~D6分别表示潍绿116豆芽的6个重复。

图5 差异代谢物热图

Fig.5 The heatmap of differential metabolites

较每种代谢物在晋绿豆2号豆芽与潍绿116豆芽中相对含量差异,从而确定相对含量差异最显著的20种代谢物。与潍绿116豆芽相比,晋绿豆2号豆芽中的白屈菜碱、丝氨酸异亮氨酸、槲皮素-3-(6"-丙二酰半乳糖苷)、3-(3,4-二羟基苯基)、阿维菌素B1b单糖、异亮氨酰基氨基丁酸、羧亚精胺、艾兰替诺F、

(-)-司达明、香豆酰基尸体胺的相对含量显著增加,生育三烯酚、普可林3B、6"-O-乙酰染料素、5-咖啡酰莽草酸、阿魏酰二酮辅酶A、4,8-二羟基喹啉-2-羧酸酯、羽扇豆酮、椰油-8-醇二磷酸酯、2-甲氧基-5-乙酰氧基-呋喃糖-1(10)-烯-6-酮、叶酸的相对含量显著下降。

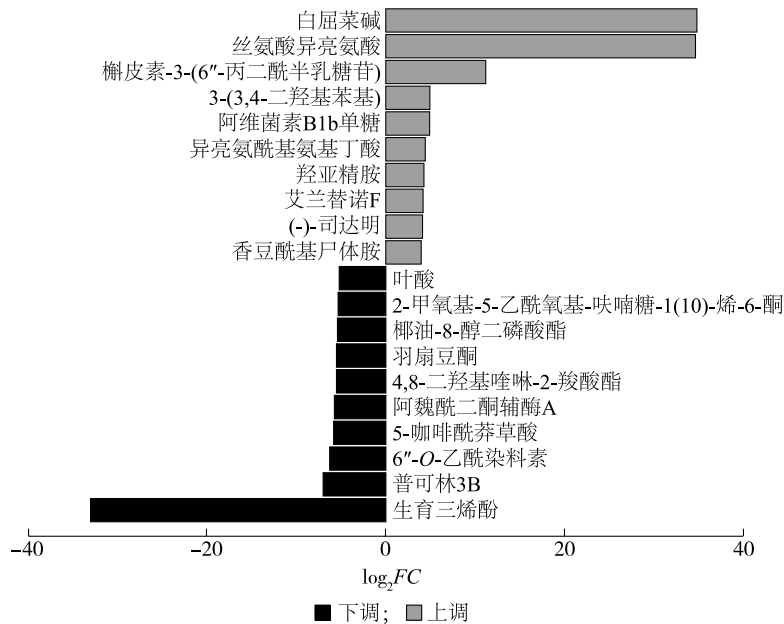


图 6 晋绿豆 2 号豆芽与滩绿 116 豆芽中差异显著的 20 种代谢物

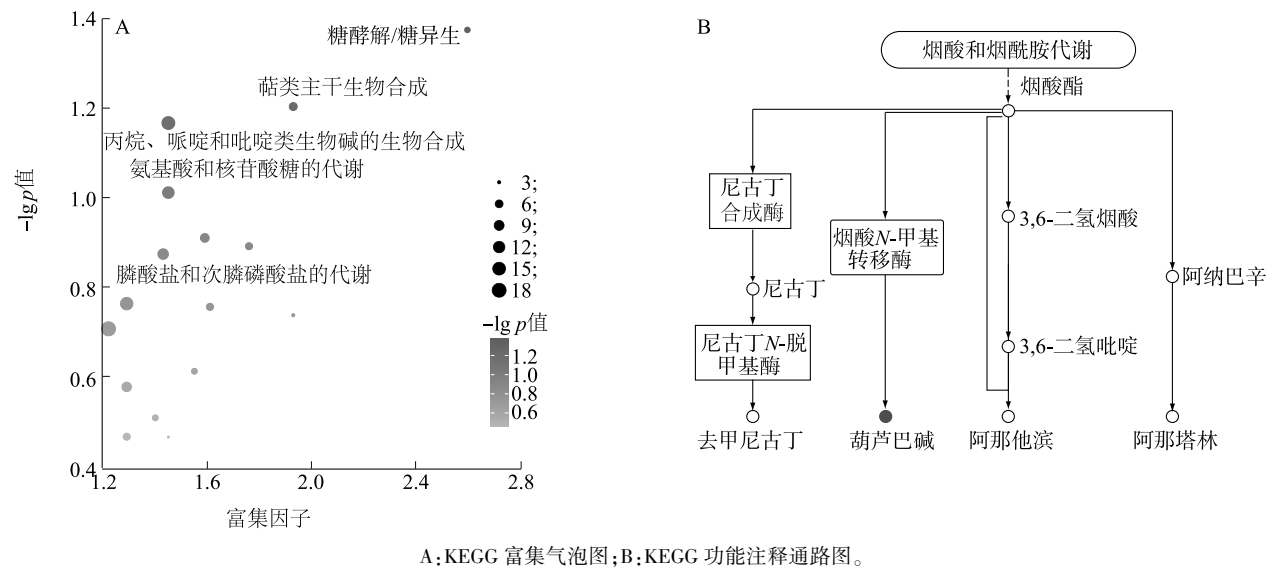
Fig.6 Twenty metabolites with significant differences between Jinlü No.2 mung bean sprouts and Tanlü No.116 mung bean sprouts

2.3.4 差异代谢物通路分析 如图 7 所示,通过 KEGG 数据库对差异代谢物进行通路富集分析,结果表明,差异代谢物共分布于 80 条代谢通路,包括氨基酸代谢通路、次生代谢产物合成通路、跨膜运输通路、脂质代谢通路等,从中筛选出差异代谢物富集数量最多的前 5 条通路依次为丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路,氨基糖和核苷酸糖代谢通路,磷酸盐和次磷酸盐代谢通路,萜类主干生物合成通路,糖酵解/糖异生通路。这 5 条通路主要与次生代谢产物的生物合成和糖代谢有关。如表 2 所示,晋绿豆 2 号豆芽与滩绿 116 豆芽中含量差异较大的代谢物主要富集在丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路中。与晋绿豆 2 号豆芽相比,滩绿 116 豆芽中东莨菪碱卡、葫芦巴碱、*L*-哌啶和托品相对含量显著上升( $P<0.050$ ),景天胺、胡椒碱、曲蕈脘、半叶碱相对含量极显著上升( $P<0.010$ ),卡吕施汀 A3 相对含量显著下降( $P<0.050$ ),*(S)*-2,3,4,5-四氢吡啶-2-羧酸酯、*L*-异亮氨酸、*N*-甲基哌啶、5-氨基戊醛相对含量极显著下降( $P<0.010$ ),苦马豆素、千里光碱相对含量极显著下降( $P<0.001$ )。晋绿豆 2 号豆芽和滩绿 116 豆芽中相对含量差异最大的代谢物为景天胺,差异达 17 倍,其次为葫芦巴碱,差异达 3 倍多。葫芦巴碱是一种天然代谢产物,具有降血糖作用,绿豆芽降血糖、降血脂的作用可能与葫芦巴碱有

关。如图 7 所示,分析丙烷、哌啶和吡啶类生物碱合成通路中的烟酸和烟酰胺代谢途径,影响葫芦巴碱合成的关键酶是烟酸 *N*-甲基转移酶,因此可以通过提高烟酸 *N*-甲基转移酶活性提高绿豆芽中葫芦巴碱的含量。

### 3 讨论

在绿豆种子萌发过程中,生成了一系列次生代谢产物。被激活的酶能够分解绿豆种子中贮存的营养物质,将其转化成更小的分子如多肽等,这些小分子营养物质更易被人体吸收和利用,代谢组学分析方法通过检测生物体中的小分子代谢物来揭示生物体的代谢变化和生理反应<sup>[22]</sup>。张丽媛等<sup>[23]</sup>利用气相色谱-质谱联用仪(GC-MS)检测不同品种的绿豆种子,发现不同品种的绿豆种子中的代谢产物种类和含量都存在差异,代谢过程也不一样;Na-jom 等<sup>[24]</sup>发现绿豆种子萌发时单糖、有机酸和氨基酸含量显著增加,而脂肪酸甲酯含量降低。植物中代谢物含量受外界环境影响较大,靶向代谢组学是针对特定一类代谢物的研究分析,其物质鉴定准确率高但覆盖面不够广泛。因此本研究主要采用非靶向代谢组学的方法对代谢物的进行分析,旨在尽可能全面发掘明绿豆晋绿豆 2 号豆芽和毛绿豆滩绿 116 豆芽中的代谢物信息。



A:KEGG 富集气泡图;B:KEGG 功能注释通路图。

图7 KEGG 分析图

Fig.7 KEGG analysis chart

表 2 丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成途径中的代谢物

Table 2 Metabolites in the biosynthetic pathways of propane, piperidine and pyridine alkaloids

编号	登录号	名称	晋绿豆 2 号豆芽	潍绿 116 豆芽	相对含量变化
neg_2405	51-34-3	东莨菪碱	235.00±36.36	295.28±52.60 *	上升
neg_2481	497-88-1	景天胺	2.74±3.46	46.99±25.55 **	上升
neg_2522	94-62-2	胡椒碱	1 015.88±282.42	2 411.62±861.26 **	上升
neg_3988	535-83-1	葫芦巴碱	13.85±12.9	42.99±23.32 *	上升
neg_9163	526-64-7	曲莨肽	47.60±22.31	177.10±68.54 **	上升
pos_3864	579-21-5	半叶碱	64.89±18.10	113.46±19.68 **	上升
pos_745	3105-95-1	L-哌啶	478.19±115.65	626.65±86.19 *	上升
pos_8159	135-97-7	托品	63.53±5.76	83.43±13.59 *	上升
neg_2537	73980-78-6	(S)-2, 3, 4, 5-四氢吡啶-2-羧酸酯	139.84±34.21	79.97±21.48 **	下降
neg_2746	72741-87-8	苦马豆素	229.96±47.33	133.56±17.97 ***	下降
neg_3459	443-79-8	L-异亮氨酸	119.71±21.84	78.68±6.60 **	下降
neg_5403	130-01-8	千里光碱	114.69±28.87	33.85±11.30 ***	下降
neg_9185	40199-45-9	N-甲基哌啶	24.28±8.19	8.29±4.98 **	下降
pos_2799	131580-36-4	卡吕施汀 A3	38.81±11.96	25.51±3.38 *	下降
pos_833	14049-15-1	5-氨基戊醛	808.17±191.10	450.36±62.08 **	下降

\* 表示与晋绿豆 2 号豆芽相比差异达  $P<0.050$  显著水平, \*\* 表示与晋绿豆 2 号豆芽相比差异达  $P<0.010$  显著水平, \*\*\* 表示与晋绿豆 2 号豆芽相比差异达  $P<0.001$  显著水平。

丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路中差异代谢物数量排在第 1 位,葫芦巴碱富集在丙烷、哌啶和吡啶类生物碱的生物合成通路的烟酸和烟酰胺代谢途径中。葫芦巴碱又名 N-甲基烟酸酯,是一种天然代谢物,主要存在于植物葫芦巴中,具有降血

糖、降血脂、神经保护、抗偏头痛、镇静、改善记忆、抗菌、抗病毒的作用,并且具有抗肿瘤活性,已有研究结果表明,N-甲基烟酸酯可以减少糖尿病听觉神经病变和血小板聚集<sup>[25-28]</sup>。N-甲基烟酸酯能够影响β细胞再生、胰岛素分泌、葡萄糖代谢相关酶活性、活

性氧含量、轴突延伸和神经元兴奋性<sup>[29]</sup>。有研究发现,食用绿豆芽能够显著降低血糖、血浆 C 肽、胰高血糖素、总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)和尿素氮(BUN)水平,具有抗糖尿病的作用<sup>[30]</sup>。食用绿豆芽可降低与相关疾病(例如肥胖症、糖尿病、心血管疾病、高血压、中风及癌症等)的风险<sup>[31-33]</sup>。其药理作用和潜在机制值得进一步研究。已有研究结果表明,绿豆芽外泌体样纳米颗粒可减轻高脂饲料(HFD)-链脲佐菌素(STZ)联合诱导的 2 型糖尿病小鼠的 2 型糖尿病,其调解机制与 PI3K/Akt/GLUT4/GSK-3 $\beta$  信号通路有关<sup>[8]</sup>。

氨基糖和核苷酸糖是生物体中重要代谢物质,在细胞内起到了重要的生物学功能。氨基糖参与了多糖的合成、抗生素的合成和细胞信号传导过程,在抵抗疾病、提高粮食品质和产量方面发挥着重要作用<sup>[34]</sup>。核苷酸糖是核酸的基本单元,参与了细胞内能量转换和信号传导过程,本研究中,氨基糖和核苷酸糖代谢通路中差异代谢物数量排在第 2 位,该途径中的的代谢物与绿豆芽的抗菌、抗炎的作用有关<sup>[35]</sup>。磷是组成细胞化合物的重要元素,参与多种细胞功能,包括能量转移(三磷酸腺苷)、遗传信息传递(DNA 和 RNA)、细胞内信号传导(环磷酸腺苷)以及保护膜结构完整性(甘油磷脂)<sup>[36]</sup>。磷酸盐和次磷酸盐代谢通路中差异代谢物数量排在第 3 位,该通路中的代谢物与绿豆芽的脂质代谢有关<sup>[37]</sup>。在差异代谢物检测过程中可能存在假阳性质谱峰信号,因此还需要对鉴定出的差异代谢物进一步进行靶向代谢组学分析。

## 4 结 论

本研究基于非靶向代谢组学分析明绿豆晋绿豆 2 号豆芽和毛绿豆滩绿 116 豆芽中代谢物相对含量,总共鉴定出 1 968 种差异代谢物,从中筛选得到 1 064 种差异显著的代谢物。差异代谢物富集数量最多的通路为丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路。葫芦巴碱分布在丙烷、哌啶和吡啶类生物碱生物合成通路的烟酸和烟酰胺代谢途径中,具有降血糖的作用,滩绿 116(毛绿豆)豆芽中葫芦巴碱含量显著高于晋绿豆 2 号(明绿豆)豆芽。本研究结果为绿豆芽用种质资源挖掘提供了理论依据。

## 参考文献:

[1] NAIR R M, YANG R Y, EASDOWN W J, et al. Biofortification

of mungbean (*Vigna radiata*) as a whole food to enhance human health[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2013, 93(8):1805-1813.

- [2] 程须珍,王素华,王丽侠. 绿豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006.
- [3] 吴木兰. 明绿豆营养特性与产地溯源研究及其高蛋白绿豆脆饼开发[D]. 南昌:南昌大学,2023.
- [4] 贺微仙,王文真. 中国绿豆种质资源的营养品质鉴定初步研究[J]. 作物学报,1987,13(4):346-348.
- [5] 黄梦迪. 不同品种绿豆及其豆芽品质研究与评价[D]. 西安:西北农林科技大学,2021.
- [6] EBERT A W, CHANG C H, YAN M R, et al. Nutritional composition of mungbean and soybean sprouts compared to their adult growth stage[J]. Food Chemistry, 2017, 237:15-22.
- [7] GANESAN K, XU B J. A critical review on phytochemical profile and health promoting effects of mung bean (*Vigna radiata*) [J]. Food Science and Human Wellness, 2018, 7(1):11-33.
- [8] HE C X, WANG K, XIA J, et al. Natural exosomes-like nanoparticles in mung bean sprouts possesses anti-diabetic effects via activation of PI3K/Akt/GLUT4/GSK-3 $\beta$  signaling pathway[J]. Journal of Nanobiotechnology, 2023, 21(1):349.
- [9] TANG D Y, DONG Y M, GUO N, et al. Metabolomic analysis of the polyphenols in germinating mung beans (*Vigna radiata*) seeds and sprouts[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2014, 94(8):1639-1647.
- [10] ALI-REZA A S M, NASRIN M S, HOSSEN M A, et al. Mechanistic insight into immunomodulatory effects of food-functioned plant secondary metabolites[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2023, 63(22):5546-5576.
- [11] XUE Z H, WANG C, ZHAI L J, et al. Bioactive compounds and antioxidant activity of mung bean (*Vigna radiata* L.), soybean (*Glycine max* L.) and black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) during the germination process [J]. Czech Journal of Food Sciences, 2016, 34(1):68-78.
- [12] SEHRAWAT N, YADAV M, KUMAR S, et al. Mung bean as a potent emerging functional food having anticancer therapeutic potential: mechanistic insight and recent updates[J]. Biotechnology and Applied Biochemistry, 2023, 70(6):2002-2016.
- [13] GAN R Y, LUI W Y, WU K, et al. Bioactive compounds and bioactivities of germinated edible seeds and sprouts: An updated review[J]. Trends in Food Science & Technology, 2017, 59:1-14.
- [14] RINSCHEN M M, IVANISEVIC J, GIERA M, et al. Identification of bioactive metabolites using activity metabolomics [J]. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2019, 20:353-367.
- [15] MUTHUBHARATHI B C, GOWRIPRIYA T, BALAMURUGAN K. Metabolomics: small molecules that matter more [J]. Molecular Omics, 2021, 17(2):210-229.
- [16] COLLINO S, MARTIN F P J, KOCHHAR S, et al. Nutritional metabonomics: an approach to promote personalized health and wellness[J]. CHIMIA International Journal for Chemistry, 2011,



- 65(6):396-399.
- [17] 方贤胜,吴 涛,肖良俊. 基于广泛靶向代谢组学的浅黄色和紫色核桃内种皮成分差异分析[J]. 食品科学,2021,42(12):215-221.
- [18] KIM B C, LIM I, HA J. Metabolic profiling and expression analysis of key genetic factors in the biosynthetic pathways of antioxidant metabolites in mungbean sprouts[J]. Frontiers in Plant Science, 2023,14:1207940.
- [19] DUNN W B, BROADHURST D, BEGLEY P, et al. Procedures for large-scale metabolic profiling of serum and plasma using gas chromatography and liquid chromatography coupled to mass spectrometry[J]. Nature Protocols,2011,6(7):1060-1083.
- [20] 唐佳代,冉光耀,陈 诺,等. 基于非靶向代谢组学分析不同陈化时间老鹰茶代谢产物的差异[J]. 中国酿造,2023,42(9):115-119.
- [21] 李亚娇,马培杰,龙忠富,等. 低磷与干旱胁迫下百脉根代谢组学分析[J]. 草地学报,2022,30(2):329-338.
- [22] 刘 振,成 杨,赵 洋,等. 基于代谢组学的湖南典型地方茶树种质资源代谢物差异研究[J]. 核农学报,2022,36(1):83-93.
- [23] 张丽媛,于英博,赵子莹,等. 不同品种绿豆中代谢产物的分离鉴定及代谢机制分析[J]. 食品科学,2021,42(16):169-175.
- [24] NA-JOM K, FRANK T, ENGEL K H. A metabolite profiling approach to follow the sprouting process of mung beans (*Vigna radiata*) [J]. Metabolomics,2011,7(1):102-117.
- [25] LIANG Y D, DAI X L, CAO Y, et al. The neuroprotective and antidiabetic effects of trigonelline: a review of signaling pathways and molecular mechanisms[J]. Biochimie,2023,206:93-104.
- [26] CHOI M, MUKHERJEE S, YUN J W. Trigonelline induces browning in 3T3-L1 white adipocytes[J]. Phytotherapy Research,2021,35(2):1113-1124.
- [27] QIU Z G, WANG K F, JIANG C, et al. Trigonelline protects hippocampal neurons from oxygen-glucose deprivation-induced injury through activating the PI3K/Akt pathway[J]. Chemico-Biological Interactions,2020,317:108946.
- [28] FAIZAN M, JAHAN I, ISHAQ M, et al. Neuroprotective effects of trigonelline in kainic acid-induced epilepsy: behavioral, biochemical, and functional insights [J]. Saudi Pharmaceutical Journal, 2023,31(12):101843.
- [29] GONG M M, GUO Y J, DONG H, et al. Trigonelline inhibits tubular epithelial-mesenchymal transformation in diabetic kidney disease via targeting Smad7 [J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2023,168:115747.
- [30] 么 杨. 绿豆降血糖活性研究[D]. 北京:中国农业科学院,2009.
- [31] YANG Q Q, GE Y Y, GUNARATNE A, et al. Phenolic profiles, antioxidant activities, and antiproliferative activities of different mung bean (*Vigna radiata*) varieties from Sri Lanka[J]. Food Bioscience,2020,37:100705.
- [32] KARTIKEYAN A, VASUDEVAN V, PETER A J, et al. Effect of incubation period on the glycosylated protein content in germinated and ungerminated seeds of mung bean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022,217:633-651.
- [33] SEHRAWAT N, YADAV M, KUMAR S, et al. Review on health promoting biological activities of mungbean: a potent functional food of medicinal importance[J]. Plant Archives,2020,20:2969-2975.
- [34] YANG J, XIE D M, MA X F. Recent advances in chemical synthesis of amino sugars[J]. Molecules,2023,28(12):4724.
- [35] TANG D Y, DONG Y M, REN H K, et al. A review of phytochemistry, metabolite changes, and medicinal uses of the common food mung bean and its sprouts (*Vigna radiata*) [J]. Chemistry Central Journal,2014,8(1):4.
- [36] PEACOCK M. Phosphate metabolism in health and disease [J]. Calcified Tissue International,2021,108(1):3-15.
- [37] WANG K X, YUAN Y H, LUO X Y, et al. Effects of exogenous selenium application on nutritional quality and metabolomic characteristics of mung bean (*Vigna radiata* L.) [J]. Frontiers in Plant Science,2022,13:961447.

(责任编辑:成纾寒)