作物学报 ACTA AGRONOMICA SINICA 2026, 52(3): 945–956 http://zwxb.chinacrops.org/
ISSN 0496-3490; CN 11-1809/S; CODEN TSHPA9 E-mail: zwxb301@caas.cn

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2026.51045

研究简报

野生燕麦和栽培燕麦的代谢组学分析

郭 颖[1] 张大效[1] 陈美霖[1] 陈冠宇[1] 刘建民[1] 杨晓虹[2] 韩 冰[1,*]

[1] 内蒙古农业大学草业学院 / 草地资源教育部重点实验室 / 麦类种质创新利用自治区高等学校重点实验室, 内蒙古呼和浩特 010018; [2] 张家口市农业科学院, 河北张家口 075000

摘 要: 本研究采用广泛靶向代谢组学方法分析了野生燕麦和栽培燕麦抽穗后 15 d 的叶片代谢产物差异。野生燕麦和栽培燕麦共检出代谢物 1821 种, 其中差异代谢物 318 种, 包括酚酸类(65 种)、黄酮类化合物(59 种)和氨基酸及其衍生物(34 种)等共 13 类。通过测定各代谢物的相对含量显示, 种类最多的为黄酮类化合物, 相对含量最多的为氨基酸及其衍生物。异鼠李素-7-O-葡萄糖苷(蔓菁苷)与芹菜素-7-O-(2''-葡萄糖醛酸基)葡萄糖醛酸苷 2 种代谢物为野生燕麦特有; 3'-葡萄糖基-6,7-二羟基-N-甲基-苄基四氢异喹啉、葡萄糖基丁香酸、肉豆蔻油酸等 7 种代谢物为栽培燕麦特有; 已检测到的咖啡酸苯乙酯、红景天苷和白杨素等均具有抗氧化、抗炎、抗肿瘤、抗菌作用, 其在野生燕麦中的含量均高于栽培燕麦。在野生燕麦和栽培燕麦中共检测到 14 种燕麦生物碱, 其中 13 种燕麦生物碱均在地方品种裸燕麦中含量最高。本研究将为野生燕麦的科学引种、综合开发利用提供参考。

关键词: 野生燕麦; 栽培燕麦; 广泛靶向代谢组学; 差异代谢物; 药用价值

Metabolomic analysis of wild oats and cultivated oats

Guo Ying[1], Zhang Da-Xiao[1], Chen Mei-Lin[1], Chen Guan-Yu,[1] Liu Jian-Min[1], Yang Xiao-Hong[2], and Han Bing[1,*]

[1] College of Pratacultural Science, Inner Mongolia Agricultural University / Key Laboratory of Grassland Resources, Ministry of Education / Key Laboratory of Innovation and Utilization of Wheat Germplasm Resources, Inner Mongolia Autonomous Region Higher Education Institutions, Hohhot 010018, Inner Mongolia, China; [2] Zhangjiakou Academy of Agricultural Sciences, Zhangjiakou 075000, Hebei, China

Abstract: A wide-targeted metabolomics approach was employed to investigate differences in leaf metabolites between wild and cultivated oats 15 days after heading. A total of 1821 metabolites were detected in both wild and cultivated oats, among which 318 were identified as differential metabolites, spanning 13 categories including phenolic acids (65), flavonoids (59), and amino acids and their derivatives (34). The relative abundances of these metabolites were quantified. The results showed that flavonoids represented the most diverse group, while amino acids and their derivatives exhibited the highest overall abundance. Two metabolites—isorhamnetin-7-O-glucoside (santonin) and apigenin-7-O-(2''-glucuronidyl) glucuronide—were unique to wild oats, whereas 3'-glucosyl-6,7-dihydroxy-N-methyl-benzyltetrahydroisoquinoline, glucosylshikimic acid, and myristoleic acid were unique to cultivated oats. Several detected metabolites, including caffeic acid phenethyl ester, salidroside, and chrysin, are known for their antioxidant, anti-inflammatory, anti-tumor, and antibacterial activities, and their levels were higher in wild oats than in cultivated oats. Fourteen oat alkaloids were identified in both types, with 13 of them reaching their highest concentrations in a local naked oat variety. This study provides a valuable reference for the scientific introduction and comprehensive utilization of wild oat resources.

Keywords: wild oats; cultivated oats; wide-targeted metabolomics; differential metabolites; medicinal value

本研究由内蒙古自然科学基金重点项目(2025ZD022), 国家重点研发计划项目(2022YFE0119800), 内蒙古自然科学基金项目(2024SHZR2466), 内蒙古自治区一流学科科研专项(YLXKZX-NND-003)和草学学科平台项目(BR221207, BR221036)资助。

This study was supported by the Key Project of the Natural Science Foundation of Inner Mongolia (2025ZD022), the National Key Research and Development Program of China (2022YFE0119800), the Natural Science Foundation of Inner Mongolia (2024SHZR2466), the First-Class Discipline Research Program of Inner Mongolia Autonomous Region (YLXKZX-NND-003), and the Platform Project for Grassland Science (BR221207, BR221036).

* 通信作者(Corresponding author): 韩冰, E-mail: hb_nmg@163.com

第一作者联系方式: E-mail: 2587864967@qq.com

Received (收稿日期): 2025-05-07; Accepted (接受日期): 2025-11-18; Published online (网络出版日期): 2025-11-28.

URL: https://link.cnki.net/urlid/11.1809.S.20251128.1523.002

This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

燕麦是禾本科燕麦属(*Avena* L.)一年生草本植物, 包括裸燕麦、皮燕麦和野生种, 是一种特殊的药食同源作物[1], 其作为药材使用在中国有悠久的历史。唐代药学专著《新修本草》(约公元 659 年)卷十一中, 将野燕麦(普通野燕麦 *Avena fatua* L.)称为“雀麦”, 记载其“味甘, 平, 无毒”, 这是较早关于野燕麦药用价值的官方记载; 宋朝《证类本草》提到其“主女人户不出, 煮汁饮之”, 说明当时已将其用于帮助女性生产方面; 明朝《本草纲目》记载: 燕麦自古入药、性味甘、温、入肝、脾、胃经, 具有补益脾胃、益肝和胃, 通便滑肠、固表止汗、消食化积之功效[2]。其作为一种民间传统中药材, 果实与全草均可入药[3], 为止血类药用植物[4], 其主要作用包括治疗吐血、血崩、盗汗, 也可制成草药外敷, 用于治疗皮肤炎症、湿疹等。国外学者发现燕麦所含的 β-葡聚糖成分具有减缓肠道对胆固醇和葡萄糖吸收速率的功能。另有试验数据显示, 这种可溶性膳食纤维不仅能有效控制血脂水平, 还可改善血糖代谢, 从而抑制心血管系统损伤、代谢紊乱及慢性疾病的发生风险[5]。

燕麦作为一种优良的饲草作物, 具有较高的营养价值和适应性。野生燕麦在自然环境中生长, 经过长期的自然选择, 形成了独特的代谢物质组成; 而栽培燕麦则是经过人工选育和驯化, 其代谢物质也具有一定的特点, 这些代谢物质对燕麦饲草的品质产生重要影响, 研究野生和栽培的燕麦化学成分有助于解决其新种质资源的缺乏。

代谢组学是一项不断发展的实用技术, 已广泛应用于药物筛选和疗效评价、新的次生代谢物挖掘、植物代谢和反应机制、基因功能阐明、有效代谢途径和相关调控机制挖掘等方面[6]。代谢组学技术包括靶向代谢组学、非靶向代谢组学和广泛靶向代谢组学[7]。广泛靶向代谢组学是结合两者优点的下一代代谢组学, 具有定性和定量准确、高通量、高灵敏度和广覆盖等优点。近年来, 该技术已分别在韭菜[8]、枸杞[9]和何首乌[10]等中成功应用。

本研究首次采用广泛靶向代谢组学方法比较并分析野生燕麦和栽培燕麦的代谢谱, 定性和定量鉴定栽培燕麦和野生燕麦之间的差异代谢产物, 深入挖掘其药理作用。本研究结果将为野生燕麦的科学引种、综合开发利用提供参考, 为更好地理解和利用燕麦饲草提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料

本研究的 6 份燕麦材料为 2 份野生燕麦(MR592: 采自河北省邯郸市; MR609: 采自山东省菏泽市)、2 份皮燕麦(MR807: 团队育成品种; MR806: 引进品种)与 2 份裸燕麦(MR2: 地方品种; M7: 团队育成品种)。6 份燕麦材料均在内蒙古乌兰察布市种植, 在燕麦抽穗后 15 d, 每个品种随机选择 3~5 株长势一致的植株采集旗叶和旗下叶混合样约 1 g, 每个样本设置 3 个生物重复, 立即置于液氮中快速冷冻。本研究选取燕麦抽穗后 15 d 的旗叶样品, 因该时期旗叶光合功能达峰值, 是籽粒灌浆的主要“源”器官, 且与籽粒发育形成紧密“源-库”联动, 能集中反映野生与栽培燕麦的物质生产及分配差异; 同时, 该阶段叶片代谢稳定, 此期开始至乳熟末期正是燕麦饲草刈割期, 叶片营养成分显著影响饲草的品质。可避免因初期未成熟或后期衰老导致的代谢波动, 保证数据可靠。

1.2 样品提取

生物样品经 Scientz-100F 冻干机真空冷冻干燥后, 利用 MM 400 (Retsch)研磨仪以 30 Hz 频率研磨 1.5 min 至粉末状。取 50 mg 样本粉末(MS105DM 电子天平称量), 加入 1200 μL 预冷至–20℃的 70%甲醇水内标提取液, 经 13,200×*g* 离心 3 min 后吸取上清液, 通过 0.22 μm 微孔滤膜过滤至进样瓶, 待 UPLC-MS/MS 检测分析。

1.3 色谱与质谱工作条件

样品由武汉迈维代谢生物科技股份有限公司进行检测, 数据采集仪器系统为超高效液相色谱-串联质谱(ultra performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry, UPLC-MS/MS)。

UPLC 条件: 色谱柱为 Agilent SB-C18 柱(2.1 mm×100 mm, 1.8 μm), 柱温 40℃, 进样量 2 μL, 流速 0.35 mL min^{-1}, 流动相 A 相为超纯水(含 0.1%的甲酸), B 相为乙腈(含 0.1%的甲酸)。洗脱梯度为 0~9.00 min, B 相 5%~95%; 9.00~10.00 min, B 相 95%; 10.00~11.10 min, B 相 95%~5%; 11.10~25.10 min, B 相 5%。

将流出物交替连接到电喷雾离子源(electrospray ionization, ESI)-三重四极杆线性离子阱(QTRAP)-MS。

质谱条件: ESI 源操作参数为电喷雾离子源温度 500℃; 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)和气帘气(CUR)分别设置为 50、60、25 psi, 碰撞诱导电离参数设置为高。三重四极杆扫描使用 MRM 模式, 并将碰撞气体(氮气)设置为中等。通过进一步的去簇电压(declustering potential, DP)和碰撞能(collision energy, CE)优化, 完成各个 MRM 离子对的 DP 和 CE。根据每个时期内洗脱的化合物, 在每个时期监测一组特定的 MRM 离子对。

1.4　数据处理

采用 R 软件进行主成分分析(principal components analysis, PCA)及正交偏最小二乘判别分析(orthogonal partial least squares-discriminant analysis, OPLS-DA), 以反映不同样本分布状况, 最大程度地分离不同变量指标。基于 OPLS-DA 模型获得的变量重要性投影(variable importance in project, VIP)进行评分, 根据 VIP≥1、*P*-value < 0.05 筛选出的代谢物定义为差异代谢物(significant changed metabolites, SCMs)。利用 KEGG 代谢库将鉴定出的差异代谢物进行比对并注释, 进行相关代谢通路的分析。

2　结果与分析

2.1　野生燕麦与栽培品种代谢谱的比较分析

通过代谢物数据库、质谱片段信息和数据结果评估(附图 1~附图 3), 在 6 份叶片样品中共检测到

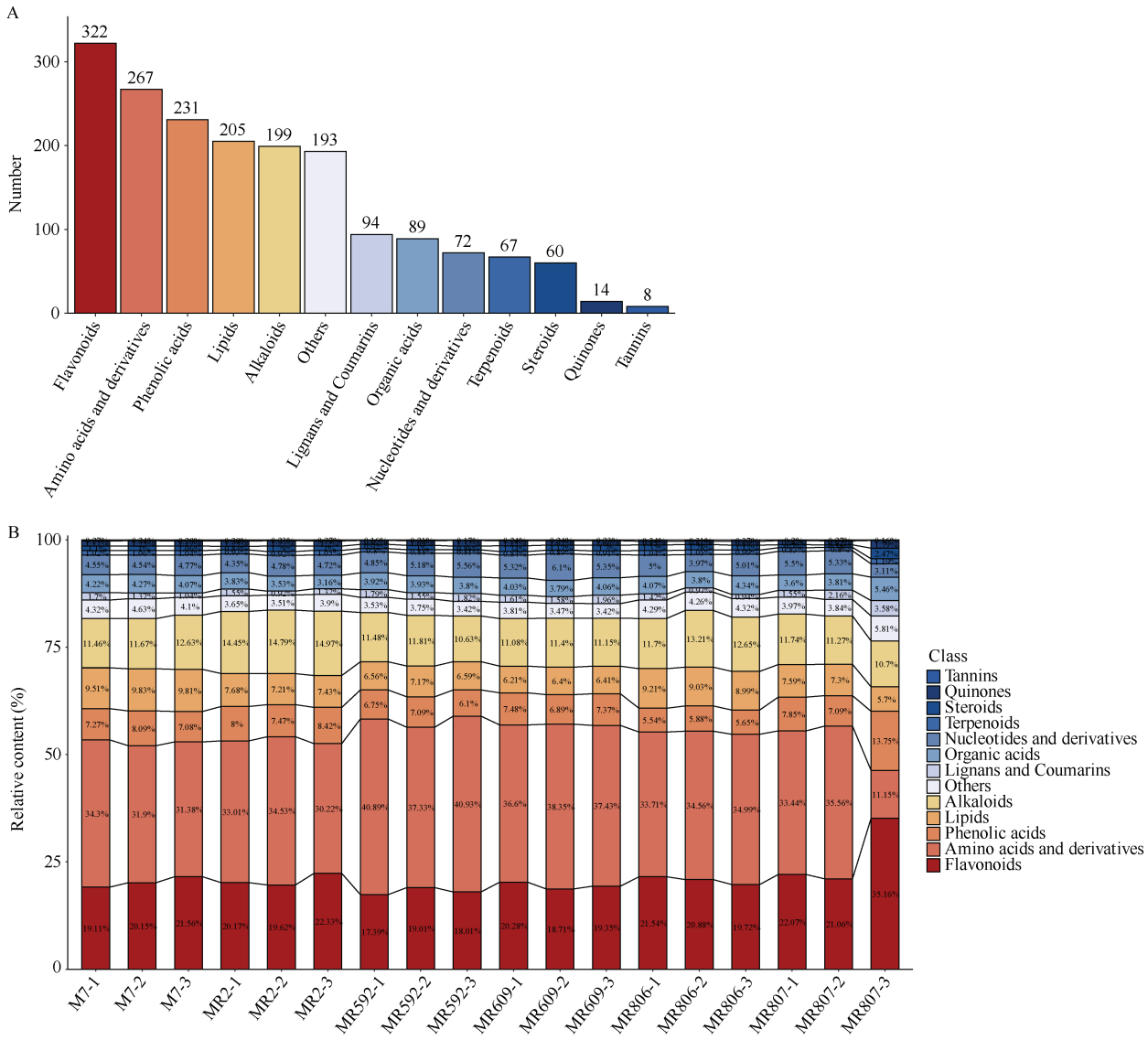


图 1　UPLC-MS/MS 测定野生燕麦与栽培燕麦代谢成分种类(A)及相对含量(B)

Fig. 1　UPLC-MS/MS determination of the types (A) and relative contents (B) of metabolites in wild and cultivated oats

MR592 和 MR609 为野生燕麦, M7、MR2、MR806 和 R807 为栽培燕麦。

MR592 and MR609 are wild oat varieties, while M7, MR2, MR806, and MR807 are cultivated oat varieties.

1821 种代谢物(附表 1)。如图 1-A 所示，已鉴定的代谢物分为 13 类，分别为黄酮类、氨基酸及其衍生物、酚酸类、脂类、生物碱、其他类、木脂素和香豆素、有机酸、核苷酸及其衍生物、萜类、甾体、醌类和鞣质。结果显示黄酮类和氨基酸及其衍生物是主要代谢物。

图 1-B 通过不同的复合类型直观地显示了结果，野生燕麦和栽培品种中氨基酸及其衍生物和黄酮类化合物含量最大，约占代谢物总体含量的 50%，结果表明野生燕麦的氨基酸及其衍生物的相对含量均高于栽培品种。

2.2 野生燕麦与栽培品种代谢组学差异分析

2.2.1 主成分分析 PCA (图 2)显示出 2 个主成分，其中主成分 1 (PC1)的贡献率为 27.89%，主成分 2 (PC2)的贡献率为 19.92%，虽有部分数据有所偏离，但总体各组样品有明显的分离趋势，说明野生燕麦和栽培燕麦的代谢物存在显著差异。

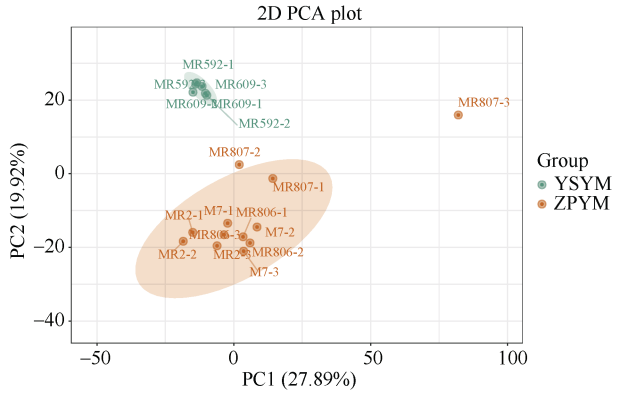


图 2 野生燕麦与栽培燕麦的 PCA 分析

Fig. 2 PCA analysis of wild and cultivated oats

YSYM: 野生燕麦; ZPYM: 栽培燕麦。MR592 和 MR609 为野生燕麦, M7、MR2、MR806 和 R807 为栽培燕麦。

YSYM: wild oats; ZPYM: cultivated oats. MR592 and MR609 are wild oat varieties, while M7, MR2, MR806, and MR807 are cultivated oat varieties.

2.2.2 正交偏最小二乘法-判别分析 为进一步挖掘区分野生燕麦与栽培燕麦之间的差异代谢物，采用 OPLS-DA 对样品进行分析，结果如图 3 所示，图中的野生燕麦和栽培燕麦在同组内的聚合度更高，距离更加紧凑，而不同组间差异较大。

2.3 野生燕麦与栽培品种差异代谢物鉴定与分析

火山图可进一步筛选不同燕麦之间的差异代谢物。由图 4-A 可知，野生燕麦与栽培燕麦的 318 种差异代谢物中有 139 种代谢物上调，如咖啡酸苯乙酯、红景天苷和白杨素等；179 种代谢物下调，如阿魏酰苹果酸、獐牙菜苷和香草酸甲酯等。前 10 位 FC 变化代谢物如图 4-B 所示，排在前 10 位的上调与下调差异代谢物均为黄酮类数量最多。异鼠李素-7-O-葡萄糖苷(蔓菁苷)与芹菜素-7-O-(2''-葡萄糖醛酸基)葡萄糖醛酸苷为野生燕麦特有的代谢物质；(7Z)-十六碳烯酸、1,4-苯并二噁烷-6-丙醇、3'-葡萄糖基-6,7-二羟基-N-甲基-苄基四氢异喹啉、葡萄糖基丁香酸、羟基十五碳烯酸葡萄糖苷、肉豆蔻油酸和苜蓿素-7-O-芸香糖苷 7 种代谢物为栽培燕麦特有的代谢物质。

2.4 野生燕麦与栽培品种差异代谢物通路分析

KEGG 分析表明(图 5)，野生燕麦与栽培品种的 318 种差异代谢物注释到的 78 条代谢通路中富集较多且显著的有代谢通路、类黄酮生物合成、核苷酸代谢、半乳糖代谢、组氨酸代谢等。其中类黄酮生物合成通路中共有 31 个代谢物参与该类物质合成，其中包括 10 个差异显著代谢物，与栽培品种相比，野生燕麦中白杨素、乔松素、3-O-乙酰短叶松黄烷酮、5-O-对香豆酰奎宁酸和反式-5-O-对香豆酰莽草酸含量呈上升趋势；3,4,2',4',6'-五羟基查耳酮、芹菜

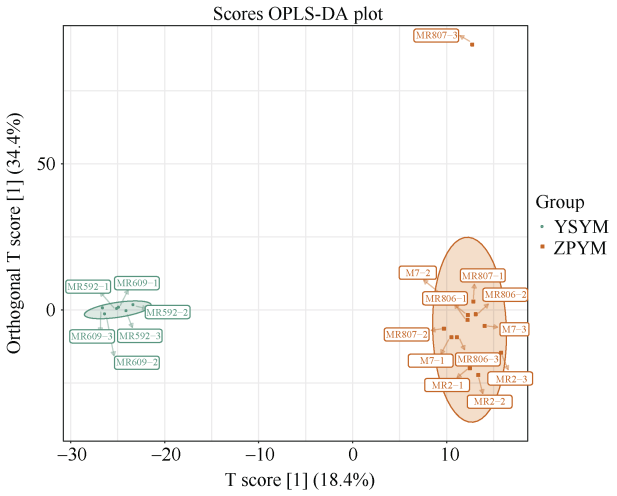


图 3 野生燕麦 vs 栽培燕麦 OPLS-DA 得分散点图

Fig. 3 OPLS-DA score scatter plot of wild and cultivated oats

YSYM: 野生燕麦; ZPYM: 栽培燕麦。MR592 和 MR609 为野生燕麦, M7、MR2、MR806 和 R807 为栽培燕麦。OPLS 得分图横纵坐标后的[1]是主成分编号，代表“第一主成分”，[1]对应贡献最大的核心维度，样本在该轴上的分布差异，是数据中最主要的变化来源。

YSYM: wild oats; ZPYM: cultivated oats. MR592 and MR609 are wild oat varieties, while M7, MR2, MR806, and MR807 are cultivated oat varieties. In the OPLS score plot, [1] following the coordinate axes denotes the first principal component, which explains the largest source of variation in the dataset. The distribution of samples along this axis reflects the most significant differences among the groups.

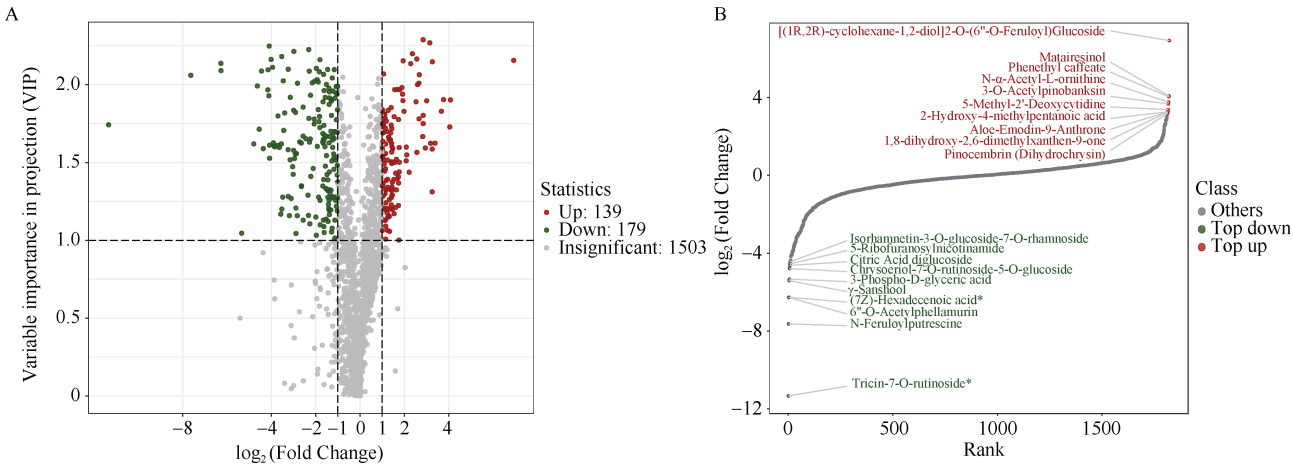


图 4　野生燕麦和栽培燕麦的差异代谢物火山图(A)及差异倍数前 10 的代谢物质(B)

Fig. 4　Volcano plot of differential metabolites between wild and cultivated oats (A) and the top ten metabolites with the highest fold change (B)

素-8-C-葡萄糖苷(牡荆素)、表没食子儿茶素、圣草酚和柚皮素-7-O-葡萄糖苷(樱桃苷)含量呈下降趋势。

类黄酮生物合成途径作为重要次生代谢物，与燕麦抗逆性、营养品质密切相关，且在野生与栽培燕麦中积累模式存在显著分化，是解析二者代谢差异的关键切入点，相关研究也为其提供了理论支撑。图 6 由肉桂酰辅酶 A 经查耳酮合酶催化为松属素查尔酮，再经查尔酮异构酶催化为乔松素，乔松素一方面经过黄酮合酶 I 催化为白杨素，另一方面经过柚皮素 3-双加氧酶催化为 3-O-乙酰短叶松黄烷酮，且这 3 种上调物质的差异倍数均为前 10，分别为 9.09、5.92 和 12.77，表明这 3 种代谢物在野生燕麦中的含量高于栽培燕麦。乔松素具有降血脂、抗炎、抗氧化、心脏及神经保护等作用，可通过保护糖尿病小鼠的神经元免受炎症损伤来减轻认知缺陷[11]，还可减少心室电重构、离子重构、心室纤维化和肥厚，抑制异丙肾上腺素诱导的氧化应激，发挥抗心律失常作用[12]。白杨素具有抗炎、抗氧化、抗糖尿病、抗癌及肝脏、肾脏保护等功效[13]，周禹柠等[14]已证实白杨素对乙醇所致

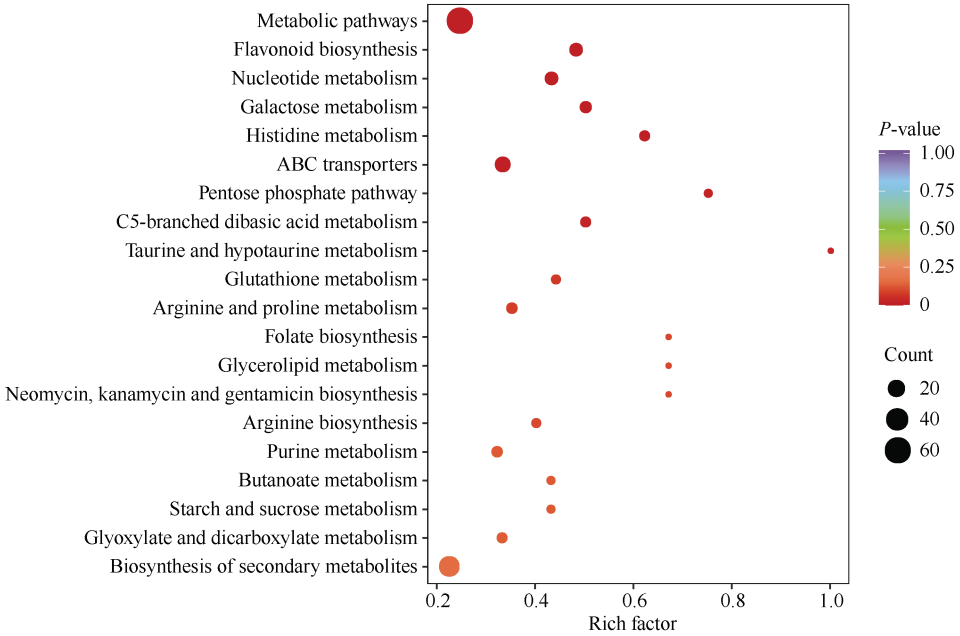


图 5　野生燕麦和栽培燕麦的差异代谢物 KEGG 富集图

Fig. 5　KEGG enrichment map of differential metabolites between wild and cultivated oats

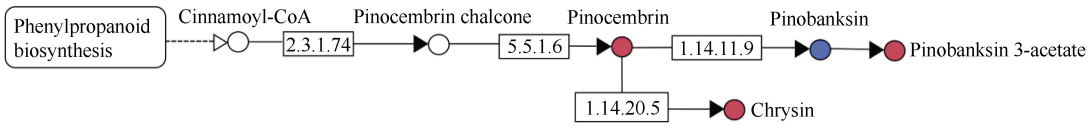


图 6 野生燕麦和栽培燕麦的差异代谢物类黄酮生物合成途径图

Fig. 6 Flavonoid biosynthesis pathway map of differential metabolites in wild and cultivated oats

空心圆在试验组中未检测到该代谢物; 红色表示代谢物含量在试验组中显著上调; 蓝色代表该代谢物被检测到但未发生显著变化。

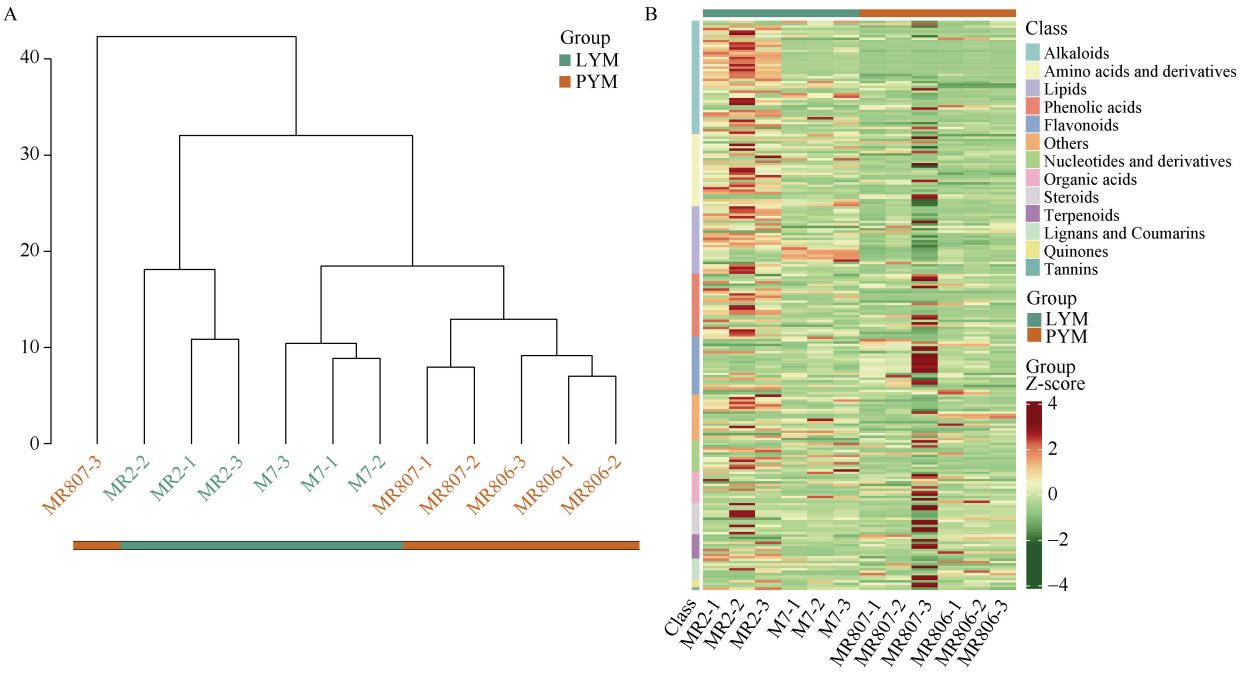
Hollow circles indicate metabolites not detected in the experimental group; red indicates a significant upregulation of metabolite levels in the experimental group; blue indicates the metabolite was detected but did not show a significant change.

肝脏损伤有一定的保护作用。长叶红砂中的 3-O-乙酰短叶松黄烷酮在碱性盐胁迫下特异性积累, 其可能在长叶红砂适应碱性盐胁迫下发挥巨大作用[15], 因而推测野生燕麦具有更好的耐盐碱特性, 但尚需进一步验证。

2.5 栽培品种中裸燕麦与皮燕麦代谢产物分析

聚类分析表明(图 7-A), MR2 与其他 3 份栽培品种各聚为一类。M7 为育成裸燕麦, 是皮燕麦与裸燕麦杂交的后代, 代谢物中含有皮燕麦的遗传片段, 因而 M7 与 2 份皮燕麦优先聚为一类。为探究 MR2 的特性, 对 4 份材料的代谢物进行进一步分析。结果显示, 茉莉酸、2-羟基-2,3-二氢染料木素和水苏糖等 19 种代谢物仅在 MR2 中未被检测到; 扁平桔碱 I、3-(2'-羧基苯基)-4(3H)-喹唑酮、N,N'-二阿魏酰腐胺、N-阿魏酰五羟色胺和苜蓿素-5-O-(3'-丙二酰基)葡萄糖苷-4'-丁香醇醚 5 种代谢物仅在 MR2 中被检测到。这 24 种代谢物可能是导致 MR2 与其他 3 个品种距离较远的原因。

由火山图 7-C 可知, 裸燕麦和皮燕麦共筛选出 236 种差异代谢物, 其中 153 种代谢物上调, 83 种代谢物下调。差异代谢物含量聚类热图如图 7-B 所示, 裸燕麦和皮燕麦的差异代谢物分为 13 类, 包括生物碱类 47 种、氨基酸及其衍生物 30 种、脂质 28 种、酚酸类 26 种、黄酮类 24 种、其他类 19 种、核苷酸及其衍生物 13 种、有机酸 13 种、甾体 13 种、萜类 10 种、木脂素和香豆素 9 种、醌类 3 种和鞣质 1 种。生物碱与氨基酸及其衍生物约占裸燕麦(M7、MR2)和皮燕麦(MR806、MR807)的总差异代谢物的 33%。47 种生物碱中有 41 种为裸燕麦含量高于皮燕麦。差异倍数前 10 的上调代谢物中(图 7-D), 除了 4-羟基苯甲酰苹果酸为酚酸类, 其他均为生物碱类。由此可知, 该裸燕麦与皮燕麦代谢物主要差异在生物碱上。



(图 7)

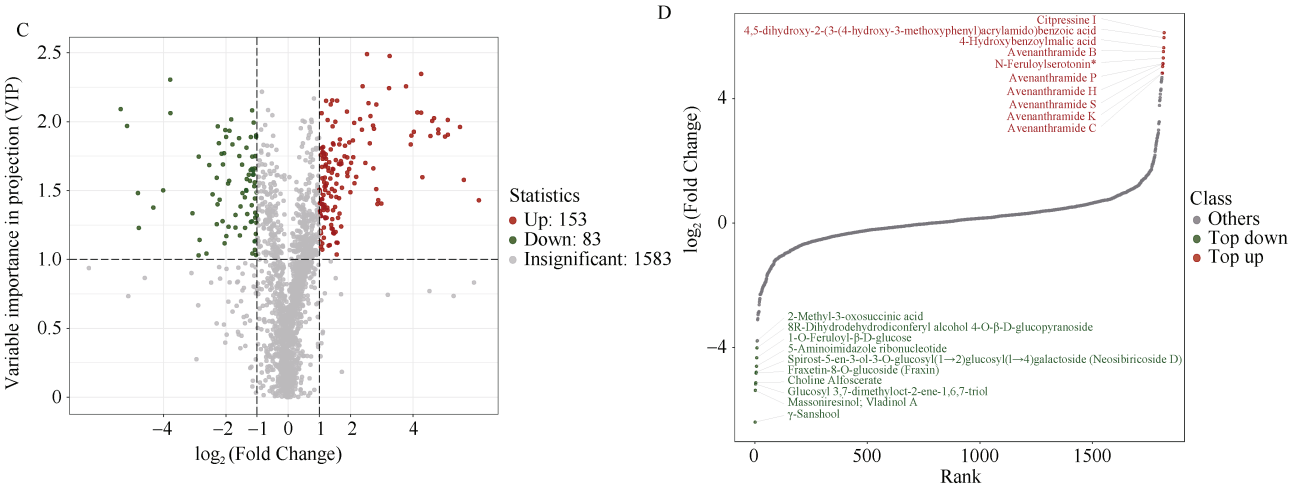


图 7　裸燕麦和皮燕麦的代谢组分析

Fig. 7　Metabolomic analysis of naked and husked oats

A: 聚类分析; B: 热图; C: 差异代谢物火山图; D: 差异倍数前 10 的代谢物质。LYM: 裸燕麦; PYM: 皮燕麦。MR2 和 M7 为裸燕麦, MR806 和 MR807 为皮燕麦。

A: cluster analysis; B: heat map; C: volcano map of differential metabolites; D: top 10 metabolites by differential folds. LYM: naked oats; PYM: husked oast. MR2 and M7 are naked oat, while MR806 and MR807 are husked oat.

2.6　育成品种 M7 与引进品种 MR806 代谢产物分析

如图 8-A 和图 8-B 所示, M7 和 M806 之间共有 286 种差异代谢物, 与 MR806 相比, M7 共有 171 种差异代谢物上调, 115 种差异代谢物下调。差异代谢物共分为 12 类, 包括黄酮类 79 种、酚酸类 48 种、生物碱类 34 种、木质素和香豆素 23 种、其他类 23 种、脂质 20 种、核苷酸及其衍生物 18 种、有机酸 17 种、氨基酸及其衍生物 16 种、萜类 6 种、鞣质和甾体各 1 种。

如表 1 和表 2 所示, M7 与 MR806 相对含量高的前 5 种代谢物均为酚酸类和黄酮类, 且有 3 种代谢物相同。在聚类分析(图 7-A)中, M7 与 MR806 相聚较近, 可能是因为两者的代谢物相对含量相似。

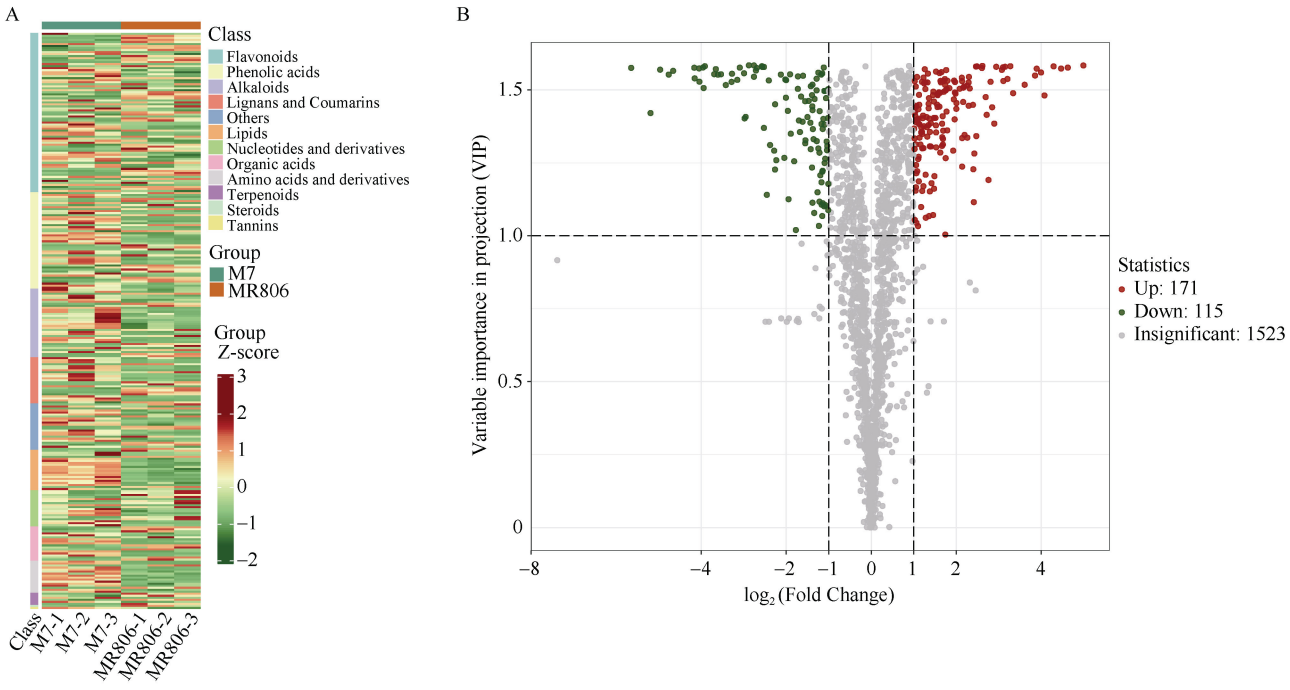


图 8　M7 和 MR806 的热图(A)及差异代谢物火山图(B)

Fig. 8　Heat map (A) and volcano plot (B) of differential metabolites between M7 and MR806

表 1 M7 相对含量最高的前 5 种物质
Table 1 Top five metabolites with the highest relative abundance in M7

M7 相对含量最高的前 5 物质 Top five substances with the highest relative content of M7	物质一级分类 Class I	M7 相对含量 Relative content of M7
新绿原酸(5-O-咖啡酰奎宁酸) Neochlorogenic acid (5-O-caffeoylquinic acid)	酚酸类 Phenolic acids	51,375,808.81
1-咖啡酰奎宁酸 1-caffeoylquinic acid	酚酸类 Phenolic acids	44,371,731.65
木犀草素-6-C-葡萄糖苷(异荭草素) Luteolin-6-C-glucoside (isoorientin)	黄酮 Flavonoids	23,581,079.73
关黄柏内酯 A Amurenlaetone A	酚酸类 Phenolic acids	15,248,414.49
高车前素-8-C-(2"-O-木糖基)木糖苷 Hispidulin-8-C-(2"-O-xylosyl) xyloside	黄酮 Flavonoids	12,814,275.71

表 2 MR806 相对含量最高的前 5 种物质
Table 2 Top five metabolites with the highest relative abundance in MR806

MR806 相对含量最高的前 5 物质 Top five substances with the highest relative content of M806	物质一级分类 Class I	MR806 相对含量 Relative content of M806
苜蓿素-7-O-芸香糖苷 Tricin-7-O-rutinoside	黄酮 Flavonoids	30,658,886.30
高车前素-8-C-(2"-O-木糖基)木糖苷 Hispidulin-8-C-(2"-O-xylosyl) xyloside	黄酮 Flavonoids	26,520,714.15
2-[(3,4-二羟基苯基)亚甲基]-5,7-二羟基-6-甲氧基-2h-1-苯并吡喃-4-酮葡萄糖基鼠李糖苷 2-[(3,4-dihydroxyphenyl) methylidene]-5,7-dihydroxy-6-methoxy-2h-1-benzopyran-4-one glucosyl rhamnoside	黄酮 Flavonoids	21,415,814.98
新绿原酸(5-O-咖啡酰奎宁酸) Neochlorogenic acid (5-O-caffeoylquinic acid)	酚酸类 Phenolic acids	15,469,509.15
1-咖啡酰奎宁酸 1-caffeoylquinic acid	酚酸类 Phenolic acids	11,498,142.41

与 MR806 相比, M7 中燕麦生物碱 A、B、D、E、H、L、O、R 均为上调代谢物, 说明该育成品种在抗氧化、降糖、抗细胞增殖、抗过敏、抗炎等药理活性方面更优。

3 讨论

近年来, 燕麦饲草市场需求量大, 但存在缺乏优势品种、饲草产量低、品种优劣不齐等生产问题, 因此拓展种质资源对燕麦进行改良迫在眉睫。野生燕麦作为一种重要的候选资源, 通过广泛靶向代谢组学对 6 份野生和栽培品种代谢物进行比较, 发现其差异代谢物特征, 为进一步应用提供参考。

燕麦中有较多的咖啡酸苯乙酯和红景天苷, 二者均属于酚酸类。Michaluart 等[16]报道, 咖啡酸苯乙酯可以通过抑制细胞膜上花生四烯酸的释放及抑制环氧化酶活性, 阻止前列腺素的合成, 从而起到抗炎作用。红景天苷可通过抑制细胞凋亡、增强细胞自噬、降低炎症反应、促进胶质细胞源性神经营养因子的表达、提高多巴胺转运蛋白的表达以达到防治帕金森病[17]。2 种代谢物的相对含量均为野生燕麦高于栽培燕麦, 说明野生燕麦在抗炎和预防帕金森病方面作用较好, 其药理机制值得进一步挖掘并应用于临床。

黄酮类化合物是燕麦主要的活性物质, 研究燕麦叶片中该类物质的代谢情况对于其食用和药用价值具有重要意义。该类化合物是天然的抗氧化剂, 且为多种中草药的有效成分, 在畜牧业中应用广泛[18], 能起到促进动物胃肠道蠕动, 帮助更好地消化和吸收饲草中营养成分的作用[19]。野生燕麦中富含的白杨素具有抗炎、抗氧化、抗突变和抗遗传毒性功效[20], 另外, 白杨素可降低大鼠心肌梗死面积, 改善心功能, 抑制炎症反应[21]。其相对含量为 MR609 > MR592 > MR2 > M7 > MR806 > MR807, 说明野生燕麦是具有药用价值的野生植物。

氨基酸及其衍生物作为合成蛋白质及其他活性代谢物的基础, 不仅是决定蛋白质合成的主要因素, 也是治疗某些疾病的重要成分[22]。野生燕麦氨基酸及其衍生物的相对含量高于栽培燕麦, 其中 L-精氨酸是一种功能性氨基酸, 可促进蛋白质合成、细胞分裂、伤口恢复、激素分泌等生理过程[23]。L-精氨酸在 2 种野生燕麦中的相对含量均排在前 3, 已证实精氨酸可以促进肌肉蛋白质合成、多胺和激素的产生, 从而提高动物的生长性能和促进营养素吸收[24]。其相对含量为 MR592 > MR609 > MR807 > MR806 > MR2 > M7, 说明野生燕麦叶片中含有丰富的氨基酸, 是提高燕麦饲草品质的优异资源。

燕麦的独特成分燕麦生物碱具有优良的抗氧化、抗炎、降血糖和抗肿瘤细胞增殖等多种药理活

性, 现应用于防过敏和止痒的治疗[25-26]。燕麦生物碱又称燕麦蒽酰胺, 是一种植物次生代谢物质, 存在于燕麦的叶片组织、小穗组织及籽粒中[27]。已发现有 40 余种燕麦生物碱, 其中含量较多的是燕麦生物碱 A、B 和 C, 分别占燕麦生物碱的 35%、21%和 44% [28], 这些物质决定了燕麦提取物具有抗炎和止痒特性。Franks [29]研究表明, 燕麦浴可用于治疗干燥性皮炎和皮肤瘙痒; Emmons [30]研究发现, 燕麦粉是很好的膳食抗氧化剂, 主要原因之一是其富含具有强抗氧化活性的燕麦生物碱 A、B 和 C, 且 C 具有比 A 和 B 更强的抗氧化活性[31]。如表 3 所示, 在 6 份材料中, 共检测到 14 种燕麦生物碱, 除了燕麦蒽酰胺 E 在野生燕麦 MR592 中含量最高外, 其他 13 种燕麦生物碱含量均在地方品种 MR2 中最高。表明 MR2 中的抗氧化活性最强。原产地为山西省的 MR2 这一地方品种生物碱种类具有丰富的多样性[32], MR2 是 6 份材料中燕麦生物碱含量最高的品种, 因而保护燕麦地方品种, 研究和发掘燕麦地方品种内优异的生物碱资源对于拓宽现代燕麦遗传基础具有重要意义。

表 3　已检测的 14 种燕麦生物碱在 6 份材料中的相对含量
Table 3　Relative abundances of 14 detected oat alkaloids across six oat varieties

序号 No.	物质 Compounds	MR592	MR609	MR2	MR807	MR806	M7
1	燕麦蒽酰胺 A Avenanthramide A	4,979,169	3,786,449	15,149,282	594,676	598,587	1,640,117
2	燕麦蒽酰胺 B Avenanthramide B	900,497	796,717	10,316,541	88,949	163,645	469,893
3	燕麦生物碱 C Avenanthramide C	83,595	50,167	912,476	4460	29,725	49,791
4	燕麦蒽酰胺 D Avenanthramide D	348,759	159,878	1,926,309	38,924	59,292	315,743
5	燕麦蒽酰胺 E Avenanthramide E	1,101,841	841,463	1,023,166	82,981	91,052	477,850
6	燕麦蒽酰胺 G Avenanthramide G	4,328,263	3,022,211	15,194,712	623,394	651,716	1,517,558
7	燕麦生物碱 H Avenanthramide H	3,731,028	2,767,792	19,526,994	179,845	451,000	1,432,404
8	燕麦生物碱 K Avenanthramide K	86,941	49,424	941,832	12,713	25,489	53,919
9	燕麦蒽酰胺 L Avenanthramide L	1,495,770	998,438	6,129,222	107,822	172,656	531,997
10	燕麦生物碱 O Avenanthramide O	7,748,618	5,422,534	22,158,168	506,525	864,733	2,794,297
11	燕麦生物碱 P Avenanthramide P	106,736	101,632	849,376	3627	22,025	43,582
12	燕麦生物碱 R Avenanthramide R	9,389,459	7,356,441	25,715,358	612,278	1,147,356	3,651,286
13	燕麦生物碱 S Avenanthramide S	117,204	118,281	898,571	3627	25,224	44,327
14	燕麦生物碱 Y Avenanthramide Y	1,605,634	1,510,206	11,286,674	54,363	530,617	388,668
燕麦生物碱 A、B、C 总相对含量 Total relative content of avenanthramides A, B, and C		5,963,261	4,633,333	26,378,299	688,085	791,957	2,159,801

野生燕麦中特有的代谢物异鼠李素-7-O-葡萄糖苷(蔓菁苷)是一种黄酮类化合物[33], 通常以糖苷形式存在于薄荷叶、海棘樱桃果实等植物中, 有助于其在生物体内的稳定性和生物利用度。芹菜素-7-O-葡萄糖苷与肿瘤坏死因子相关凋亡诱导配体联合使用, 可以显著促进乳腺癌细胞 MCF7 的凋亡[34], 为野生燕麦具有药用价值提供了新依据。

致谢: 感谢草地资源教育部重点实验室和麦类种质创新利用自治区高等学校重点实验室对本研究的支持。

附表　请见网络版: 1) 本刊网站 http://zwxb.chinacrops.org/; 2) 中国知网 http://www.cnki.net/; 3) 万方数据 http://c.wanfangdata.com.cn/Periodical-zuowxb.aspx。

References

[1] 石振兴, 朱莹莹, 任贵兴. 燕麦中减肥降脂的功能成分研究进展. 食品安全质量检测学报, 2018, 9: 1567–1571.
Shi Z X, Zhu Y Y, Ren G X. Research on the anti-obesity functional components of oat. J Food Saf Qual, 2018, 9: 1567–1571 (in Chinese with English abstract).

[2] 佚名. 食知识与保健功能(一). 黑龙江粮食, 2006(1): 44.
Yi M. Food knowledge and health care function (1). Heilongjiang Grain, 2006(1): 44 (in Chinese).

[3] 李明, 李吉宁, 刘华, 等. 六盘山中药材田间杂草种类及药用植物资源. 宁夏农林科技, 2019, 60(9): 54–63.
Li M, Li J N, Liu H, et al. Species of field weeds and medicinal plant resources in traditional Chinese medicine planting areas of Liupan Mountain. J Ningxia Agric For Sci Technol, 2019, 60(9): 54–63 (in Chinese with English abstract).

[4] 赵国平, 戴慎, 陈仁寿, 等. 中药大辞典, 第 2 版. 上海: 上海科学技术出版社, 2006.
Zhao G P, Dai S, Chen R S, et al. Dictionary of Traditional Chinese Medicine, 2nd edn. Shanghai: Shanghai Science and

Technology Press, 2006 (in Chinese).

[5] Quiñones-Muñoz T A, Villanueva-Rodríguez S J, Torruco-Uco J G. Nutraceutical properties of *Medicago sativa* L., *Agave* spp., *Zea mays* L. and *Avena sativa* L.: a review of metabolites and mechanisms. Metabolites, 2022, 12: 806.

[6] 陈志敏, 胡昌江, 郑午, 等. 代谢组学在中药炮制机制研究中的应用概述. 中华中医药学刊, 2018, 36: 275–279.
Chen Z M, Hu C J, Zheng W, et al. Overview on application of metabonomics in study on processing mechanism of traditional Chinese materia Medica. Chin Arch Tradit Chin Med, 2018, 36: 275–279 (in Chinese with English abstract).

[7] Chen W, Gong L, Guo Z L, et al. A novel integrated method for large-scale detection, identification, and quantification of widely targeted metabolites: application in the study of rice metabolomics. Mol Plant, 2013, 6: 1769–1780.

[8] 霍冬敖, 田瑞丰, 任永权, 等. 基于UPLC-MS/MS技术的野生及栽培韭菜籽的代谢组学研究. 广西植物, 2022, 42: 1995–2006.
Huo D A, Tian R F, Ren Y Q, et al. UPLC-MS/MS-based metabolomic characterization and contrastive analysis between *Allium wallichii* and *A. tuberosum* seeds. Guihaia, 2022, 42: 1995–2006 (in Chinese with English abstract).

[9] 兰天, 段国珍, 祁有朝, 等. 红果枸杞和黄果枸杞广泛靶向代谢组学分析. 食品工业科技, 2024, 45(24): 9–20.
Lan T, Duan G Z, Qi Y C, et al. Extensively targeted metabolomics analysis of red and yellow wolfberries. Sci Technol Food Ind, 2024, 45(24): 9–20 (in Chinese with English abstract).

[10] 王嘉, 赵玉姣, 彭华胜. 基于广泛靶向代谢组学的何首乌块根和叶片代谢物差异分析. 中国中药杂志, 2024, 49: 3484–3492.
Wang J, Zhao Y J, Peng H S. Widely targeted metabolomics reveals differential metabolites between root *Tuber* and leaf of *Fallopia multiflora*. China J Chin Mater Med, 2024, 49: 3484–3492 (in Chinese with English abstract).

[11] Pei B, Sun J. Pinocembrin alleviates cognition deficits by inhibiting inflammation in diabetic mice. J Neuroimmunol, 2018, 314: 42–49.

[12] Chen X L, Wan W G, Ran Q, et al. Pinocembrin mediates antiarrhythmic effects in rats with isoproterenol-induced cardiac remodeling. Eur J Pharmacol, 2022, 920: 174799.

[13] Naz S, Imran M, Rauf A, et al. Chrysin: pharmacological and therapeutic properties. Life Sci, 2019, 235: 116797.

[14] 周禹柠, 徐培杰, 邓楚凡, 等. 白杨素通过 SIRT1/AMPK 信号通路缓解乙醇诱导的酒精性肝损伤. 中国药理学通报, 2022, 38: 159–160.
Zhou Y N, Xu P J, Deng C F, et al. Chrysin alleviated ethanol-induced alcoholic liver injury via SIRT1/AMPK signaling pathway. Chin Pharmacol Bull, 2022, 38: 159–160 (in Chinese with English abstract).

[15] 王建业. 珍稀泌盐植物长叶红砂盐胁迫下转录组与代谢组学分析及 RtMYBC1 功能验证. 内蒙古大学博士学位论文, 内蒙古呼和浩特, 2023.
Wang J Y. Transcriptomics and Metabonomics Analysis of Salt Stress and Functional Verification of RtMYBC1 in a Rare Relic Recretohalophyte *Reaumuria trigyna*. PhD Dissertation of Inner Mongolia University, Hohhot, Inner Mongolia, China, 2023 (in Chinese with English abstract).

[16] Michaluart P, Masferrer J L, Carothers A M, et al. Inhibitory effects of caffeic acid phenethyl ester on the activity and expression of cyclooxygenase-2 in human oral epithelial cells and in a rat model of inflammation. Cancer Res, 1999, 59: 2347–2352.

[17] 王成麟, 刘爽. 红景天苷防治帕金森病的药理作用研究进展. 现代药物与临床, 2023, 38: 2903–2908.
Wang C L, Liu S. Advances in pharmacological effects of salidroside in prevention and treatment of Parkinson's disease. Drugs Clin, 2023, 38: 2903–2908 (in Chinese with English abstract).

[18] 刘瑞雪, 褚秀玲, 苏建青. 黄酮类化合物的提取及其在畜牧生产上的应用. 饲料研究, 2021, 44(3): 127–130.
Liu R X, Chu X L, Su J Q. Advance in extraction techniques for flavonoids and its application in animal production. Feed Res, 2021, 44(3): 127–130 (in Chinese with English abstract).

[19] 苏圆圆, 王雪艳, 李成林, 等. 中药中黄酮类化合物的药理药效研究进展. 中兽医医药杂志, 2023, 42(6): 42–46.
Su Y Y, Wang X Y, Li C L, et al. Pharmacology and efficacy of flavonoid from traditional Chinese medicine. J Tradit Chin Vet Med, 2023, 42(6): 42–46 (in Chinese with English abstract).

[20] Mani R, Natesan V. Chrysin: sources, beneficial pharmacological activities, and molecular mechanism of action. Phytochemistry, 2018, 145: 187–196.

[21] Rani N, Arya D S. Chrysin rescues rat myocardium from ischemia-reperfusion injury *via* PPAR-γ/Nrf2 activation. Eur J Pharmacol, 2020, 883: 173389.

[22] 唐楚煜, 李秀璋, 陈建博, 等. 冬虫夏草菌菌丝体中的氨基酸及其衍生物的代谢组学分析. 微生物学杂志, 2024, 44(1): 12–22.
Tang C Y, Li X Z, Chen J B, et al. Metabolomic analysis of amino acids and their derivatives in *Mycelium* of *Ophiocordyceps sinensis* strains. J Microbiol, 2024, 44(1): 12–22 (in Chinese with English abstract).

[23] Chen Y, Zhang B B, Wang B W, et al. Effects of dietary arginine supplementation on production performance, serum biochemicals, antioxidant capacity, and immunity of laying *Wulong* geese. Poult Sci, 2023, 102: 102727.

[24] Cheng Z Y, Gatlin D M, Buentello A. Dietary supplementation of arginine and/or glutamine influences growth performance, immune responses and intestinal morphology of hybrid striped bass (*Morone chrysops* × *Morone saxatilis*). Aquaculture, 2012, 362/363: 39–43.

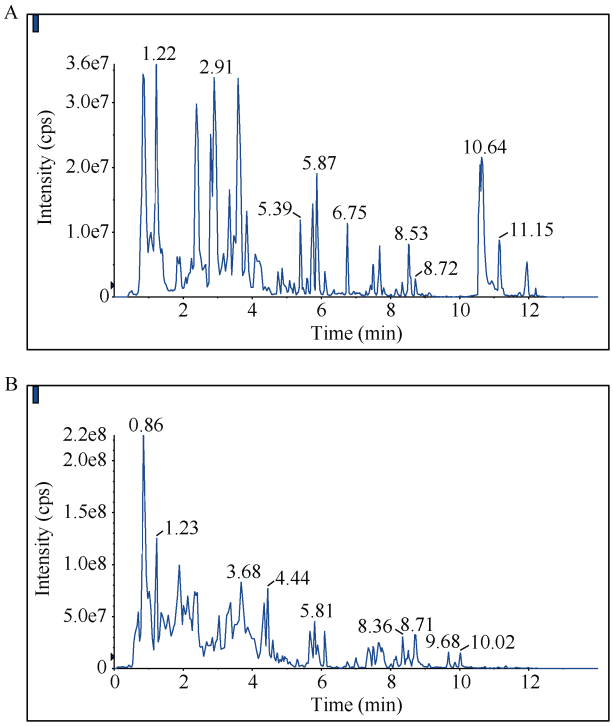
[25] 谢佳颖, 韩漾仪, 任虹. 燕麦生物碱研究进展. 食品安全质量检测学报, 2016, 7: 4536–4541.
Xie J Y, Han Y Y, Ren H. Research progress of avenanthramides. J Food Saf Qual, 2016, 7: 4536–4541 (in Chinese with English abstract).

[26] 任档, 平华, 任贵兴. 裸燕麦核心种质的抗氧化特性. 作物学报, 2010, 36: 988–994.
Ren D, Ping H, Ren G X. Antioxidant property of naked oat core collections. Acta Agron Sin, 2010, 36: 988–994 (in Chinese with English abstract).

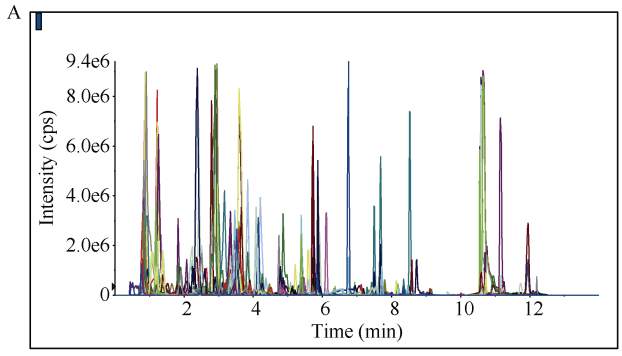
[27] Boz H. Phenolic amides (avenanthramides) in oats: review. Czech J Food Sci, 2015, 33: 399–404.

[28] Jastrebova J, Skoglund M, Nilsson J, et al. Selective and sensitive LC-MS determination of avenanthramides in oats. Chromatographia, 2006, 63: 419–423.

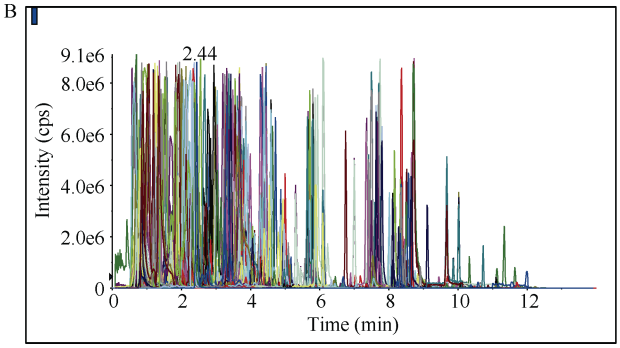
[29] Franks A G Jr. Skin manifestations of internal disease. Med Clin North Am, 2009, 93: 1265–1282.
[30] Emmons C L. Studying simple and complex traits using pedigrees produced from a large database. J Microbiol Biol Educ, 2010, 11: 156–157.
[31] 唐娅茹, 王力伟, 安江红, 等. 燕麦生物碱的研究进展与应用. 北方农业学报, 2023, 51(6): 37–50.
Tang Y R, Wang L W, An J H, et al. Research progress and application of avenanthramide. J North Agric, 2023, 51(6): 37–50 (in Chinese with English abstract).
[32] 徐微, 张宗文, 吴斌, 等. 裸燕麦种质资源 AFLP 标记遗传多样性分析. 作物学报, 2009, 35: 2205–2212.
Xu W, Zhang Z W, Wu B, et al. Genetic diversity in naked oat (*Avena nuda*) germplasm revealed by AFLP markers. Acta Agron Sin, 2009, 35: 2205–2212 (in Chinese with English abstract).
[33] Tu F, Xie C Y, Li H N, et al. Effect of *in vitro* digestion on chestnut outer-skin and inner-skin bioaccessibility: the relationship between biotransformation and antioxidant activity of polyphenols by metabolomics. Food Chem, 2021, 363: 130277.
[34] 张娜贤, 刘柳, 李刚, 等. 芹菜素 7-O-葡萄糖苷对抗 TRAIL 乳腺癌细胞凋亡的作用机制研究. 天津中医药大学学报, 2023, 42: 761–768.
Zhang N X, Liu L, Li G, et al. Action mechanism of apigenin 7-O-glucoside on the apoptosis of anti-TRAIL breast cancer cells. J Tianjin Univ Tradit Chin Med, 2023, 42: 761–768 (in Chinese with English abstract).



附图 1　混样样品质谱分析总离子流图
Fig. S1　Total ion chromatogram of mixed sample quality spectrum analysis
A: 负模式下的混样样品质谱分析总离子流图; B: 正模式下的混样样品质谱分析总离子流图。
A: QC MS TIC-N; B: QC MS TIC-P. N denotes the negative ion mode, while P represents the positive ion mode.



(附图 2)

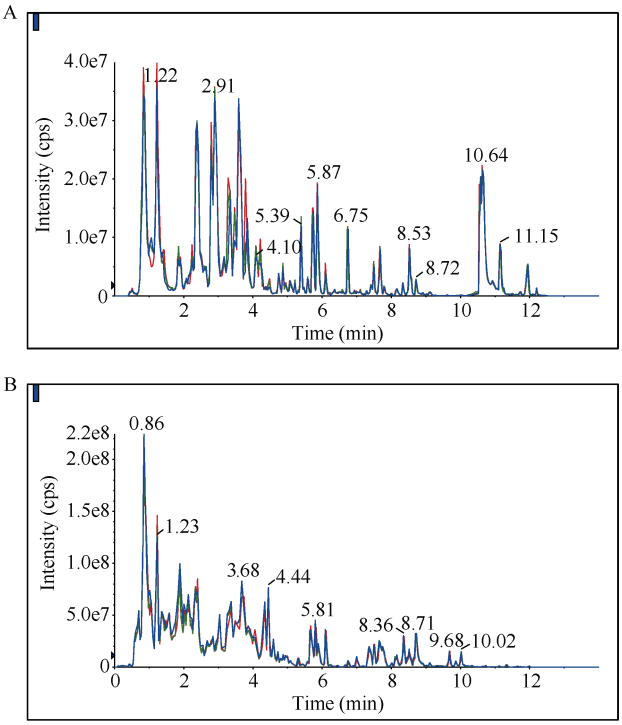


附图 2　MRM 代谢物检测多峰图

Fig. S2　Multi-peak chart for MRM metabolite detection

A: 负模式下的 MRM 代谢物检测多峰图; B: 正模式下的 MRM 代谢物检测多峰图。

A: MRM_detection_of_multimodal_maps_N; B: MRM_detection_of_multimodal_maps_P. N denotes the negative ion mode, while P represents the positive ion mode.



附图 3　QC 样本质谱检测 TIC 重叠图

Fig. S3　QC sample mass spectrum detection TIC overlap graph

A: 负模式下的 QC 样本质谱检测 TIC 重叠图; B: 正模式下的 QC 样本质谱检测 TIC 重叠图。

A: QC_MS_tic_overlap_N; B: QC_MS_tic_overlap_P. N denotes the negative ion mode, while P represents the positive ion mode.