

· 热带植物 ·

DOI: 10.15886/j.cnki.rdxwb.20240018



主持人:徐冉

五指山野生大叶茶叶片代谢物鉴定和特征分析

苟志辉, 杜尚嘉, 符生波, 符明珠, 符溶, 吴海霞

(海南省林业科学研究院/海南省红树林研究院, 海口 571100)

摘要: 为了解五指山野生大叶茶 (*Camellia sinensis* var. *assamica*) 代谢物的特征, 利用代谢组学方法, 对采集自五指山地区的野生茶树和人工茶园茶叶的代谢物成分开展了比较研究, 在野生茶树茶叶中鉴定得到398个含量显著上调的代谢物和247个显著下调的代谢物。基于偏最小二乘法判别分析表明, 野生茶叶和人工茶叶分别聚为一类。富集分析结果显示, 野生茶树茶叶中含量显著上升的代谢物的功能主要富集于糖酵解、丙酮酸合成、氨基糖代谢和核苷糖代谢等糖代谢通路, 以及酚类物质合成、核黄素代谢、鞘磷脂代谢和黄酮合成等通路, 而显著下降的代谢物的功能主要富集于氨基酸代谢和油脂代谢等初生代谢。

关键词: 野生茶叶; 五指山; 代谢组; 糖; 酚

中图分类号: S571.1

文献标志码: A

文章编号: 1674-7054 (2024) 04-0400-07

苟志辉, 杜尚嘉, 符生波, 等. 五指山野生大叶茶叶片代谢物鉴定和特征分析 [J]. 热带生物学报, 2024, 15(4): 400-406. doi:10.15886/j.cnki.rdxwb.20240018

茶是全球最受欢迎的饮品之一, 也是中国传统文化和现代生活的重要组成部分。茶树 (*Camellia sinensis*) 作为茶叶的主要来源植物被广泛种植, 在全球茶产业中被广泛利用^[1]。在茶树的多个品种中, 大叶茶 (*C. sinensis* var. *assamica*) 因其较大的叶片特征而获名。这个类型的茶树叶片比其他类型的茶树如小叶种 (*C. sinensis* var. *sinensis*) 的叶片更长、更宽。大叶茶原生种质主要分布于我国的海南、广东、广西、云南、贵州和福建等南方地区, 以及东南亚国家^[2-3]。由于其较强的抗逆性和较高的产量, 大叶种成为了许多茶树种植户的首选种植类型^[4]。随着生活水平的提高, 消费者对茶叶的品质要求也水涨船高。近年来, 消费者对古树茶、雨林茶等来源于野生环境的茶叶颇为青睐。这些野生茶树生长于山区或森林中, 其复杂的自然生态系统、多样化的土壤养分对茶叶的香气和味道产生了深远影响^[5-6]。由于野生茶树没有接受人为

干预, 其根系深入土壤, 能在更大程度上吸收地理环境的独特性, 从而使得野生茶具有特别的风味^[7]。采集自来源于这种生态环境茶树的茶叶具有特异的品质, 导致茶汤口感更加丰满, 茶气更加持久。然而, 针对野生茶树与人工茶园中茶树茶叶风味差异物质基础的研究鲜有涉及。

海南野生大叶茶, 因其在中国茶叶多样性保护中的重要地位, 不仅对研究中国茶树的起源、进化和驯化具有重大价值, 同时也是中华茶文化宝贵的遗产。在海南, 这些珍贵的茶树集中于五指山地区, 主要位于海南热带雨林国家公园内, 其中的生态环境为这些野生大叶茶提供了得天独厚的生长条件^[8]。研究海南野生大叶茶不仅能揭示茶树种质资源的进化历史, 还能为现代茶树育种提供珍贵的遗传信息, 对于推动可持续发展的茶业经济具有深远意义^[9]。茶树叶片中的代谢物形成了茶叶风味的物质基础, 近年来, 多个团队采用质

收稿日期: 2024-01-30

修回日期: 2024-03-26

基金项目: 海南省省属科研院所技术创新专项 (SQKY2022-0037); 海南省省属科研院所技术创新项目 (KYYSLK2023-021); 五指山市科技项目 (WZSKJXM2021005)

第一作者: 苟志辉 (1983-), 男, 硕士, 工程师。研究方向: 林业有害生物生态调控和林产品质量提升评价。E-mail: qlyzjzx@163.com

通信作者: 吴海霞 (1984-), 女, 工程师。研究方向: 海南民族药用植物资源保护与开发利用。E-mail: lcj5783@126.com

谱等现代分析化学技术分析茶叶特征代谢物。例如,张国民等^[11]针对采用HPLC-MS测定茶多酚快速定量进行了方法优化;朱建才等^[12]采用全二维GC-MS测定了龙井茶特征香气成分;陈鑫宇等^[13]采用GC-MS对不同浸提条件分析了大红袍茶汤挥发性成分。针对海南五指山地区的茶叶中的代谢物含量,近年来,多位学者从不同侧面开展了分析。例如,苏凡等^[10]对五指山水满茶的茶多酚、总黄酮含量指标开展了测定分析。猴鸿达等^[14]对五指山绿茶的多糖提取工艺进行了改进,并对多糖含量进行了分析。陈文等^[15]对五指山苦丁茶不同部位茶叶游离氨基酸开展了测定。然而,针对五指山野生茶树和人工茶园中茶叶代谢物含量的差异研究未见报道。因此,本研究探究了五指山野生茶树的代谢特征,了解其营养与健康效益的作用机制,旨在为促进海南五指山茶叶品质提升和茶产业进步提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集方法 本研究采集的3份人工栽培茶树样本和3份野外样本均取自海南中部五指山区域。从人工茶园采集的样本均为五指山大叶茶品种,它们分别采自五指山市水满乡毛纳村(MNZPZ)、水满乡雾寨村(WZZPZ46)和白沙陨石坑(ZPZbsysk)。野外采集的样本分别来自五指山市毛纳村(MN5)、琼中黎族苗族自治县黎母山(GF3)和五指山市雾寨村(SMWZYS1)。分别从这6个地点采集幼嫩叶片(一芽三叶),采集后立即用无菌水冲洗,将水吸干后液氮速冻、保存于干冰中。

1.2 提取和检测 称取200 mg冷冻鲜茶叶样本于2 mL离心管,加入600 μL 含4 $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 2-氯苯丙氨酸的甲醇,涡旋震荡30 s;用美壁MB-96组织研磨器50 Hz研磨60 s,室温超声处理15 min;40 $^{\circ}\text{C}$ 12 000 $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心10 min,取上清液,0.22 μm 滤膜过滤,取过滤液进行检测。采用超高液相-MS/MS联用进行检测。液相色谱仪采用Thermo Vanquish (Thermo Fisher Scientific, USA)超高效液相系统,使用ACQUITY UPLC[®] HSS T3 (2.1 \times 100 mm, 1.8 μm) (Waters, Milford, MA, USA)色谱柱,0.3 $\text{mL}\cdot\text{min}^{-1}$ 流速,40 $^{\circ}\text{C}$ 柱温,2 μL 进样量。正离子模式,流动相:0.1%甲酸乙腈(B2)和0.1%甲酸

水(A2),梯度洗脱程序:0~1 min,8%B2;1~8 min,8%~98%B2;8~10 min,98%B2;10~10.1 min,98%~8%B2;10.1~12 min,8%B2。负离子模式,流动相:乙腈(B3)和5 $\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 甲酸铵水(A3),梯度洗脱程序:0~1 min,8%B3;1~8 min,8%~98%B3;8~10 min,98%B3;10~10.1 min,98%~8%B3;10.1~12 min,8%B3。采用Thermo Orbitrap Exploris 120质谱检测器(Thermo Fisher Scientific, USA)进行质谱检测。电喷雾离子源(ESI),正负离子模式分别采集数据。正离子喷雾电压:3.50 kV,负离子喷雾电压:-2.50 kV,鞘气:40 arb,辅助气:10 arb。毛细管温度325 $^{\circ}\text{C}$,以分辨率60 000进行一级全扫描,一级离子扫描范围 m/z 100~1 000。HCD二级裂解,碰撞能量:30%,二级分辨率:15 000,采集信号前4离子碎裂,同时采用动态排除去除非必要的MS/MS信息。

1.3 质谱数据预处理及分析 使用Proteowizard (v3.0.8789)中MSConvert将原始质谱文件转换为mzXML文件^[16],并采用RXCMS (v3.12.0)软件包进行峰检测、峰过滤和峰对齐处理,比对数据库,获得代谢物的定量数据^[17]。通过总峰面积归一化的方法进行数据校正,从而使系统误差消除。采用公共数据库MassBank^[18]、LipidMaps^[19]、mzcloud^[20]、KEGG^[21]进行搜库,得到代谢物的定性结果。

1.4 数据分析和通路分析 采用Ropls分别对本样本数据进行偏最小二乘判别分析(PLS-DA)^[22]。根据OPLS-DA降维方法计算变量投影重要度、组间差异倍数,衡量各代谢物含量对样本分类判别的影响强度和解释能力,辅助标志代谢物的筛选。

2 结果与分析

2.1 茶叶样本来源和化学特征 针对本研究提出的比较人工茶园和野外茶树叶片样本之间差异的目标,分别从五指山境内的人工茶园和野外各采集了3份叶片样本。由于3个野生样本分别采集自不同的地点,3个人工栽培样本也分别取自不同的人工茶园。但是,它们均位于海南岛五指山境内。各样本采集地的经纬度、海拔以及样本来源的植株胸径、株高如表1所示。

对采集到的茶叶样本采用超高液相-MS/MS联用法进行化学分析,并使用偏最小二乘法判别

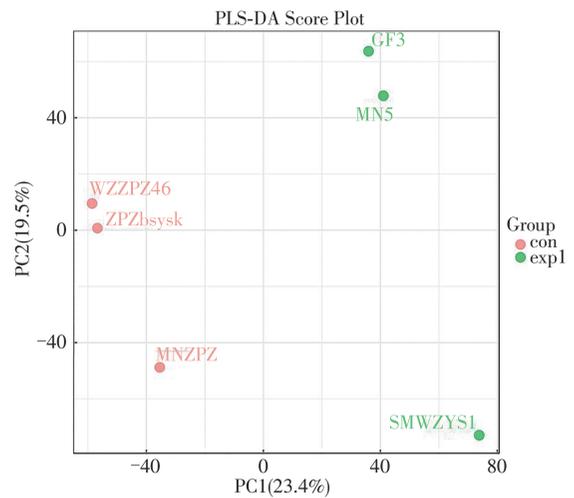
表1 样品采集地和植株信息

Tab. 1 Information of sampling locations and plants

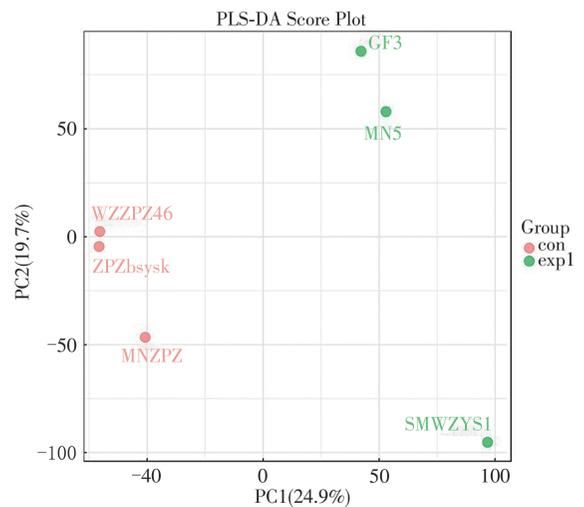
分组 Group	样本名称 Sample name	经纬度 Longitude-latitude	海拔/m Altitude	胸径/cm Diameter at breast height	株高/m Plant height
人工 Cultivated tea	MNZPZ	109.64E 18.88N	620.2	8.5	1.2
	WZZPZ46	109.65E 18.90N	693.6	3.4	0.7
	ZPZbsysk	109.49E 19.19N	206.0	25.2	0.7
野外 Wild tea	MN5	109.64E 18.88N	629.8	21.7	5.0
	GF3	109.31E 19.01N	757.0	2.5	1.3
	SMWZYS1	109.65E 18.90N	679.7	8.1	5.1

分析对不同来源的样本进行分类。采集的样本经过提取后上样,并使用UPLC-MS/MS对其化合物进行检测。通过这种高效、灵敏的技术,共检测到了14 870个代谢物。这些代谢物通常具有一定的生物活性和生理功能,可以反映茶叶的化学特性。对检测到的代谢物进行偏最小二乘法判别分析。该方法可以分析多个变量之间的关系,并找到最能区分不同组之间差异的变量。在本研究中,使用该方法对从同一个地区但来源不同的6个样本进行分类,包括3个来自人工茶园和3个来自野外采集的样本。结果显示,在正离子和负离子模式下检测到的代谢物分类中,人工茶园样本和野外采集样本均分别聚为一类。以上结果表明,通过化学分析方法,可以将这些来源不同但在相同区域内采集的茶叶样本区分开来。与预期相符,这有助于深入了解茶叶的化学特征,并提供对不同来源茶叶的科学鉴定方法(图1)。

2.2 显著差异代谢物数量 通过对检测到的已知代谢物进行进一步分析后发现,人工茶园和野外样本之间有645个代谢物的含量存在显著差异。这些代谢物的含量不仅在人工茶园和野外样本之间有明显差异,而且在3个人工茶园样本和3个野外样本之间也呈现较高的一致性。这些差异代谢物中,398个代谢物在野外采集样本中含量显著上调,而247个代谢物在野外采集样本中显著下调,表明在人工茶园和野外茶树之间存在着显著的化学差异,可能由于生长环境、土壤差异、养分供应等因素导致。例如,野生茶叶中氨甲庚醇(Heptaminol)含量是人工茶园采集叶片含量的2.27倍($P=0.018$);野生茶叶中美迪紫檀素(Medicarpin)含量是人工茶园叶片含量的15.21倍



a. 正离子下检测到代谢物聚类
a. Clustering of metabolite detected under positive ion mode



b. 负离子模式下检测到代谢物聚类
b. Clustering of metabolites detected under negative ion mode.

图1 基于偏最小二乘法判别分析的样本聚类
红色的点表示人工茶园样本,绿色表示野外采集样本。

Fig. 1 Sample clustering based on partial least squares discriminant analysis

The red dots indicate tea leaf samples collected from the tea plantations, and the green ones indicate tea leaf samples collected from the wild.

($P=0.010$)。图2-a展示了这些差异代谢物的含量在各个样本之间的一致性。尽管在人工茶园和野外样本之间存在显著差异,但在3个人工茶园样本之间以及3个野外样本之间的含量保持较高

的一致性,表明这些差异代谢物的变化主要是由于不同的生长环境或栽培方式引起的,而茶叶的基本化学特性在相同来源的样本间保持相对稳定(图2-b)。

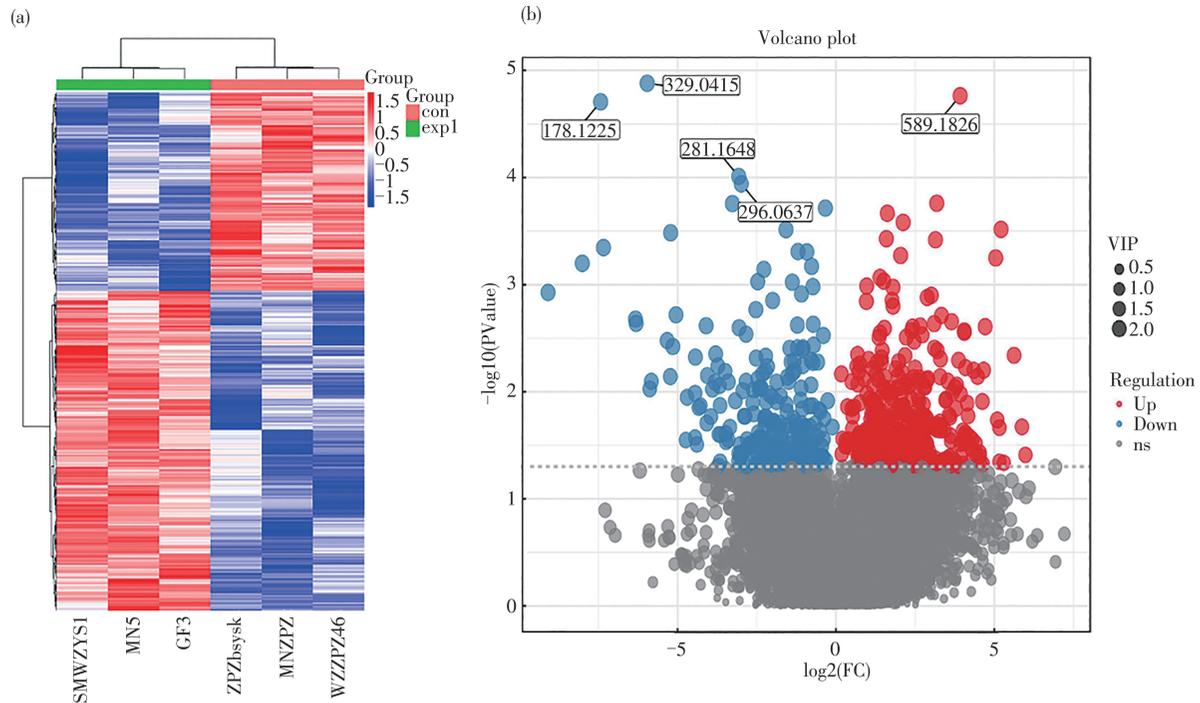


图2 差异代谢物鉴定

a. 显著差异代谢物聚类,红色表示野生茶树茶叶中代谢物含量上升,蓝色表示下降。b. 差异代谢物火山图,红色表示野生茶树中代谢物含量显著上升,蓝色表示显著下降,灰色表示不显著。

Fig. 2 Identification of differential metabolites

a. Clustering of significantly different metabolites. The red represents increase in metabolites contents in the wild tea, and the blue represents decrease in metabolites contents. b. Volcano plots of differential metabolites. The red represents a significant increase in metabolites contents in the wild tea, the blue represents significant decrease in metabolites contents, and the grey represents insignificant difference in metabolites contents.

2.3 差异代谢物功能富集 在鉴定到在野生茶树中含量显著上升和显著下降的代谢物后,本研究对相关代谢物进行了功能富集分析,以探究野生茶树的代谢物特征。结果显示,野生茶树叶片中含量显著上升的代谢物的功能主要富集于糖代谢(糖酵解、丙酮酸合成、氨基糖代谢和核苷糖代谢)、酚类物质合成、核黄素代谢、鞘磷脂代谢和黄酮合成等。这些功能提示在野生茶树中,糖代谢和酚类物质的合成是显著提高的(图3-a)。另外,核黄素代谢和鞘磷脂代谢也与茶叶的营养价值和生理功效密切相关。黄酮是一种有重要保健作用的类黄酮物质,其在野生茶树中的显著合成提示野生茶树具有较为优异的健康功效。显著下降的代谢物的功能则主要富集于氨基酸代谢(缬氨酸、

亮氨酸、异亮氨酸、精氨酸、脯氨酸、苯丙氨酸等)和油脂代谢(亚油酸代谢、脂肪酸链延长等)等初生代谢(图3-b)。

2.4 野生茶叶中显著上调代谢物网络 将398个在野生茶叶中含量显著上调的代谢物进行通路和模块网络分析,结果表明,这些上调的代谢物不仅在数量上呈现聚集现象,而且它们通过多个代谢通路相互连接。这些上调的代谢物主要聚集在一个代谢网络中,而这个网络主要由糖酵解等糖代谢形成的代谢通路连接起来。图4清晰地展示了它们的联系,左上角代谢通路显示了磷脂类代谢的过程,右上角代谢网络则展示了类黄酮和花色苷的代谢路径。左下角的代谢通路涉及蛋白质糖基化过程,而右下角是丙酮酸盐的代谢通路。

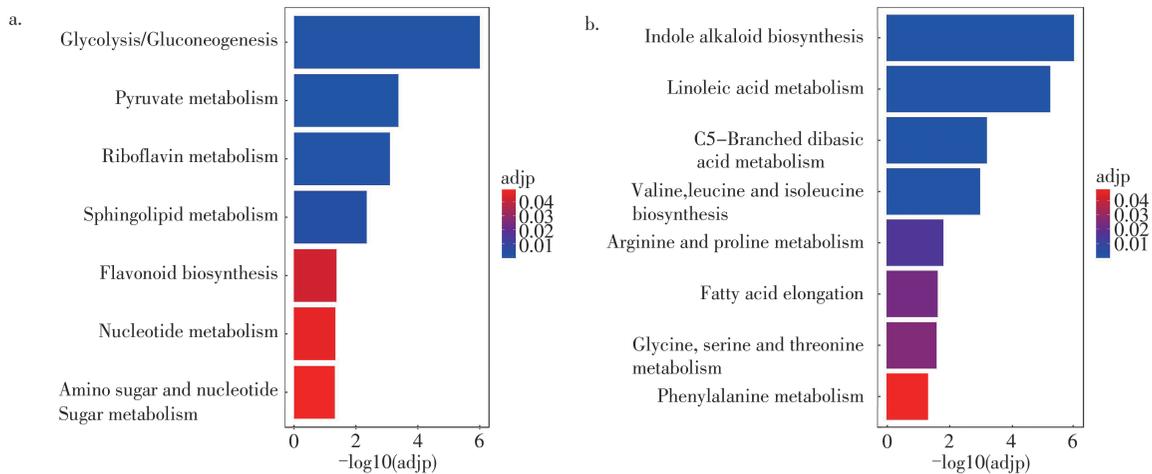


图3 显著差异代谢物功能富集分析结果

a. 野生茶叶中显著上调代谢物功能富集; b. 野生茶叶中显著下调代谢物功能富集。

Fig. 3 Functional enrichment analysis of significantly different metabolites

a. Functional enrichment of significantly up-regulated metabolites in wild tea. b. Functional enrichment of significantly down-regulated metabolites in wild tea.

本结果为了解野生茶叶的代谢过程提供了宝贵的见解。它们揭示了具体的代谢途径,帮助人们更好地理解野生茶叶的生物活性成分代谢走向。进

一步研究这些代谢通路和网络的功能和调控机制,有望为海南中部山区野生茶树茶叶的利用、品质改良和药用价值开发提供新的思路 and 方向。

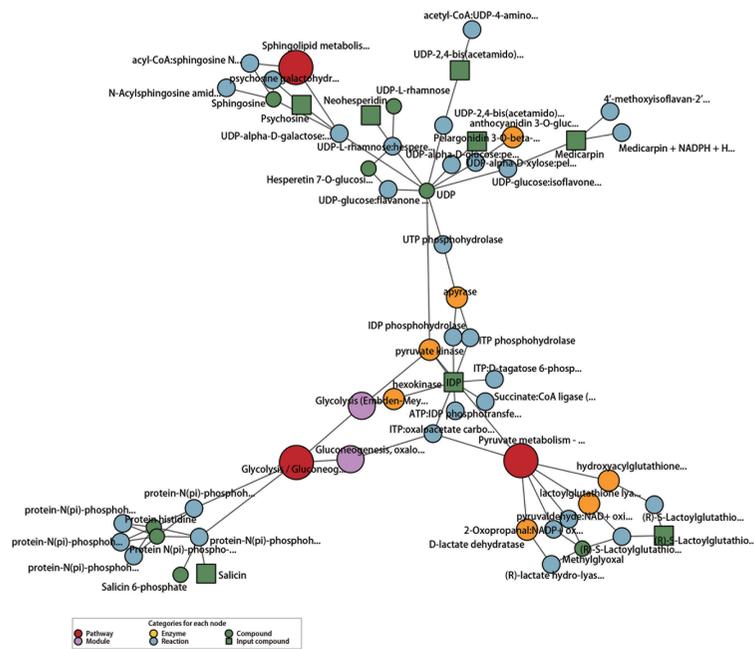


图4 野生茶叶中显著上调代谢物网络图

Fig. 4 Network graph of metabolites significantly up-regulated in the wild tea leaves

3 讨论

野生茶和人工栽培茶叶之间的代谢物差异和其引起的口味差异是茶叶品质的重要影响因素之一。野生茶与人工栽培茶叶之间的代谢物差异可

能来自合成、分解、代谢途径、活性酶、基因表达等方面,这些化学成分在茶叶中起到特定的味道和风味,因此代谢物差异导致口感和风味之间存在较大差异。本研究对五指山地区来源于野生茶树和人工茶园的茶叶的代谢物开展了代谢组分析,

发现了一系列显著差异代谢物。事实上,在本研究开展之前,已有多篇五指山地区大叶茶成分含量分析相关报道^[13-14],然而没有采集自野生与人工茶树茶叶成分差异的报道。

本研究对差异代谢物进行了鉴定和分析,可以帮助人们理解五指山地区人工茶园和野外茶树之间的化学差异,探究这些代谢物如何影响茶叶的品质和风味。此外,本研究可以探索这些差异代谢物与茶叶特性之间的关联,为茶叶品质的改良和茶叶产业的发展提供科学支持。例如,茶叶中氨基酸,尤其是茶氨酸是贡献茶叶鲜味和甜味的主要成分之一。本研究表明,野生茶叶中氨基酸含量显著上升,暗示氨基酸可贡献野生茶叶鲜明的鲜味和甜味。此外本研究表明野生茶叶中糖含量显著上升,而糖在茶叶炒制中可与氨基酸产生美拉德反应,产生焦甜味。此外,茶多酚等酚类物质贡献了茶叶的苦味,而本研究表明野生茶叶中含有较高的酚类物质,这也解释了野生茶叶为什么味苦。需要指出的是,使用偏最小二乘法判别分析方法,虽然可以对茶叶样本进行分类,但是分类的准确性仍需要进一步验证^[23]。

本研究结果显示,野生茶树茶叶中,不仅有多个代谢物含量的上升,同时有其他多个代谢物含量的下降。这些代谢物的下降提示野生茶树的营养物质含量方面存在一定的不足。这也提示可以通过合理的栽培、采摘方式预留一部分野生茶树以保护其基因资源,提高野生茶树的营养和保健功效。需要注意的是,本研究仅采集了人工和野生来源的三份样本开展研究。由于样本量有限,研究结果可能受到样本的局限性,因此更多的研究工作仍然需要进行。

本研究揭示了野生茶树在代谢物水平上与人工茶园存在显著的差异,而这些差异又与茶叶的质量、风味以及营养和保健功效等方面密切相关。因此,对野生茶树代谢物特征的研究有助于探索其营养和保健功能的潜在机制,并为海南五指山茶叶品质和产业发展提供科学支持。此外,本研究表明,海南野生大叶茶具有相较于栽培大叶茶种优异的口味品质性状,这表明海南野生大叶茶可能拥有独特的优异基因资源,可为茶树育种提供新的遗传材料,有助于增加茶树的遗传多样性。通过研究海南野生大叶茶的口味品质特点,可以

发现和挖掘与之相关的关键基因,为选择优质茶树品种提供参考和依据。通过借鉴海南野生大叶茶的口味品质,可以指导茶树育种工作,以培育更加符合市场需求的优质茶树品种,提升茶叶产业的竞争力和附加值。

致谢: 在本研究中,深圳承启生物科技有限公司提供了测序服务,在此表示感谢!

参考文献:

- [1] 陈亮,虞富莲,童启庆. 关于茶组植物分类与演化的讨论[J]. 茶叶科学, 2000, 20(2): 89-94.
- [2] 杨如兴,陈芝芝,张磊,等. 福建野生茶树种质资源保护与利用[J]. 茶叶学报, 2017, 58(3): 96-101.
- [3] 牛素贞,赵支飞,宋勤飞,等. 贵州野生茶树种质资源立地环境多样性[J]. 浙江农业学报, 2020, 32(7): 1223-1232.
- [4] 赵东伟. 大叶茶(*Camellia sinensis* var. *assamica*)的命名、模式及自然分布[J]. 茶叶科学, 2022, 42(4): 491-499.
- [5] 牛素贞,宋勤飞,樊卫国. 贵州野生茶树立地土壤养分分析[J]. 西南农业学报, 2014, 27(4): 1626-1631.
- [6] 罗吉凤,龙春林,周翊兰. 云南几种野生茶生态环境与引种试验的初步研究[J]. 武汉植物学研究, 2001, 19(1): 39-46.
- [7] 郭彤,王湘平,詹梓金. 福建野生茶的生化成分及其利用前景[J]. 福建茶叶, 1997, 19(1): 54-56.
- [8] 刘肖冰,侯萍,陈冬梅. 海南五指山茶资源现状及产业前景[J]. 农业工程技术, 2018, 38(14): 14.
- [9] 古小玲,鲁成银,郑丽娟. 五指山市茶产业发展现状、存在问题与对策[J]. 热带农业工程, 2017, 41(S1): 72-75.
- [10] 苏凡,杨小波,李东海,等. 五指山水滴茶的茶多酚、总黄酮含量与抗氧化活性研究[J]. 热带作物学报, 2018, 39(4): 675-680.
- [11] 张国民,马俊蓉,王庆忠. 用正交实验法选择 HPLC-MS 最佳条件对茶多酚快速定量[J]. 昆明学院学报, 2015, 37(3): 42-46.
- [12] 朱建才,刘小洁,牛云蔚,等. 基于全二维气相色谱-质谱联用技术的龙井茶特征香气成分解析[J]. 中国食品添加剂, 2024, 35(3): 229-237.
- [13] 陈鑫宇,李博洋,谢关华,等. 不同浸提条件对大红袍茶汤挥发性成分及香气类型分析[J]. 饮料工业, 2024, 27(1): 1-9.
- [14] 缙鸿达,陈丽珍,任芯,等. 五指山绿茶茶多糖的提取与含量测定[J]. 科技资讯, 2015, 13(27): 255-256.
- [15] 陈文,王湘君,徐云升,等. 五指山不同级别新鲜苦丁茶游离氨基酸含量的测定[J]. 琼州学院学报, 2012, 19(5): 38-41.
- [16] RASMUSSEN J A, VILLUMSEN K R, ERNST M, et al. A multi-omics approach unravels metagenomic and metabolic alterations of a probiotic and synbiotic additive in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. Microbiome,

- 2022, 10(1): 21.
- [17] NAVARRO-REIG M, JAUMOT J, GARCÍA-REIRIZ A, et al. Evaluation of changes induced in rice metabolome by Cd and Cu exposure using LC-MS with XCMS and MCR-ALS data analysis strategies [J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2015, 407(29): 8835–8847.
- [18] HORAI H, ARITA M, KANAYA S, et al. MassBank: a public repository for sharing mass spectral data for life sciences [J]. *Journal of Mass Spectrometry: JMS*, 2010, 45(7): 703–714.
- [19] SUD M, FAHY E, COTTER D, et al. LMSD: LIPID MAPS structure database [J]. *Nucleic Acids Research*, 2007, 35(suppl_1): D527–D532.
- [20] ABDELRAZIG S, SAFO L, RANCE G A, et al. Metabolic characterisation of *Magnetospirillum gryphiswaldense* MSR-1 using LC-MS-based metabolite profiling [J]. *RSC Advances*, 2020, 10(54): 32548–32560.
- [21] OGATA H, GOTO S, SATO K, et al. KEGG: Kyoto encyclopedia of genes and genomes [J]. *Nucleic Acids Research*, 1999, 27(1): 29–34.
- [22] THÉVENOT E A, ROUX A, XU Y, et al. Analysis of the human adult urinary metabolome variations with age, body mass index, and gender by implementing a comprehensive workflow for univariate and OPLS statistical analyses [J]. *Journal of Proteome Research*, 2015, 14(8): 3322–3335.
- [23] 袁园, 唐延林. 偏最小二乘法结合主成分分析对黑茶产地的研究 [J]. *大学物理实验*, 2020, 33(1): 50–55.

Identification and characteristic analysis of metabolites from the leaves of wild Assam tea (*C. sinensis* var. *assamica*) in Wuzhishan

GOU Zhihui, DU Shangjia, FU Shengbo, FU Mingzhu, FU Rong, WU Haixia
(Hainan Academy of Forestry/Hainan Academy of Mangroves, Haikou, Hainan 571100, China)

Abstract: Tea prepared from wild tea leaves in the Wuzhishan region have become popular in the market over recent years. However, its metabolomic characteristics are seldom reported. An attempt was made to compare the metabolites found in the leaves of wild and cultivated tea in Wuzhishan, Hainan, China by employing a metabolomic method. A total of 398 metabolites were identified significantly up-regulated, and 247 were significantly down-regulated in the wild tea leaves compared to those from the leaves of tea cultivated in the tea plantations. Partial least squares discrimination analysis suggested that wild and cultivated tea could each be grouped into their respective categories. Enrichment analysis indicated that the functions of the metabolites with significant high content in the wild tea leaves were mainly concentrated in metabolic pathways such as glycolysis, pyruvate synthesis, amino sugar metabolism, and nucleotide sugar metabolism, as well as pathways for the synthesis of phenolic substances, riboflavin metabolism, sphingolipid metabolism, and flavonoid synthesis. The functions of the metabolites with significantly low content were mainly enriched in primary metabolic pathways, such as amino acid metabolism and lipid metabolism.

Keywords: wild tea; Wuzhishan; metabolomics; carbohydrate; phenol

(责任编辑:潘学峰)