

DOI: 10.13652/j.spjx.1003.5788.2025.80939

基于广泛靶向代谢组学分析加工方式对滇黄精代谢产物的影响

韦 珍¹ 唐雅园^{1,2} 岳 健³ 苏 娟³ 孙 健² 何雪梅¹

(1. 广西农业科学院农产品加工研究所, 广西 南宁 530007; 2. 广西果蔬贮藏与加工新技术重点实验室, 广西 南宁 530007; 3. 云南青谷生物科技有限公司, 云南 昆明 650200)

摘要: [目的] 探究加工方式对滇黄精代谢物的影响, 揭示加工方式对滇黄精代谢成分的调控规律, 明确不同加工方式富集的特征代谢物成分。[方法] 采用基于超高液相色谱—质谱的广泛靶向代谢组学技术分析热水煮制(BP)、滚筒加工(HP)、炮制(JZ)的滇黄精样品代谢物, 结合主成分分析、正交偏最小二乘判别分析、层次聚类分析等多元统计方法筛选差异代谢物, 并采用京都基因与基因组百科全书进行代谢富集分析。[结果] 在 3 种加工方式的滇黄精中共检测到 841 种代谢物, 综合共有差异代谢物聚类分析, 共筛选出 438 个核心差异代谢物, 包括生物碱类、黄酮类、酚酸类、类固醇等 8 类化合物。通过聚类热图分析发现, 滇黄精各组样品显著分离并各自聚为一类, 表明不同加工样品的代谢物存在明显差异, 黄酮类物质在 BP 组中含量丰富, 其中以芦丁、根皮素的相对含量最高; 生物碱类物质在 JZ 组中富集度最高, 其中麻黄碱的相对含量较高。差异代谢物富集分析显示, 代谢物主要注释和富集于类黄酮生物合成、黄酮和黄酮醇生物合成、色氨酸代谢、酪氨酸代谢通路上。[结论] 不同加工方式可显著改变滇黄精的代谢物组成及含量, 其中热水煮制特异性富集黄酮类化合物, 炮制则特异性富集生物碱类化合物; 类黄酮生物合成及其衍生通路是区分不同加工方式滇黄精的核心代谢途径。

关键词: 滇黄精; 加工方式; 广泛靶向代谢组学; 差异代谢物; 通路分析

Effect of processing methods on *Polygonatum kingianum* Collett & Hemsl. metabolites based on widely targeted metabolomics

WEI Zhen¹ TANG Yayuan^{1,2} YUE Jian³ SU Juan³ SUN Jian² HE Xuemei¹

(1. Institute of Agro-Products Processing Science and Technology, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning, Guangxi 530007, China; 2. Guangxi Key Laboratory of Fruits and Vegetables Storage-Processing Technology, Nanning, Guangxi 530007, China; 3. Yunnan Qinggu Biotechnology Co., Ltd., Kunming, Yunnan 650200, China)

Abstract: [Objective] To investigate the effect of processing methods on *Polygonatum kingianum* Collett & Hemsl. metabolites, to reveal the regulatory pattern of processing methods on the metabolites, and to clarify the characteristic metabolites enriched by various processing methods. [Methods] Metabolites of *P. kingianum* samples processed via boiling (BP), roller processing (HP), and traditional processing (JZ) are analyzed using ultra-high performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry (UPLC-MS/MS) based on widely targeted metabolomics. Differential metabolites are screened using multivariate statistical analyses, including principal component analysis, orthogonal partial least squares-discriminant analysis, and hierarchical clustering analysis, followed by Kyoto Encyclopedia of Genes and

基金项目: 云南省科技人才和平台计划项目(编号: 202305AF150191); 广西科技计划项目(编号: 2025LT06026); 国家自然科学基金项目(编号: 32560571); 广西农业科学院基本科研业务费项目(编号: 桂农科 2026YT163, 桂农科 2026YP038)

通信作者: 孙健(1978—), 男, 广西果蔬贮藏与加工新技术重点实验室研究员, 博士。E-mail: jiansun@gxaas.net

何雪梅(1981—), 女, 广西农业科学院农产品加工研究所研究员, 硕士。E-mail: xuemeihe@gxaas.net

收稿日期: 2025-10-14 **改回日期:** 2026-04-29

引用格式: 韦珍, 唐雅园, 岳健, 等. 基于广泛靶向代谢组学分析加工方式对滇黄精代谢产物的影响[J]. 食品与机械, 2026, 42(5): 10-18.

Citation: WEI Zhen, TANG Yayuan, YUE Jian, et al. Effect of processing methods on *Polygonatum kingianum* Collett & Hemsl. metabolites based on widely targeted metabolomics[J]. Food & Machinery, 2026, 42(5): 10-18.

Genomes (KEGG) metabolic enrichment analysis. **[Results]** A total of 841 metabolites are detected in the *P. kingianum* samples processed by three methods, among which 438 core differential metabolites are identified, mainly belonging to eight classes, including alkaloids, flavonoids, phenolic acids, and steroids. Hierarchical clustering heatmap analysis reveals a significant separation among the groups and clustering within each group, indicating significant metabolic differences. Specifically, flavonoids are preferentially enriched in the BP group, with rutin and phloretin showing the highest relative abundances. Alkaloids reach the highest abundance in the JZ group, with a high relative content of ephedrine. According to KEGG enrichment analysis, the differential metabolites are mainly annotated and enriched in flavonoid biosynthesis, flavone and flavonol biosynthesis, as well as tryptophan and tyrosine metabolism pathways. **[Conclusion]** Different processing methods can significantly change the composition and content of *P. kingianum* Collett & Hemsl. metabolites. BP specifically enriches flavonoids, whereas JZ specifically enriches alkaloids. Furthermore, flavonoid biosynthesis and its derivative pathways are the core metabolic pathways that differentiate these processing methods.

Keywords: *Polygonatum kingianum* Collett & Hemsl.; processing method; widely targeted metabolomics; differential metabolite; pathway analysis

滇黄精(*Polygonatum kingianum* Collett & Hemsl.)是百合科黄精属药用植物的根茎^[1],是中国传统的食药同源资源,其主产区集中在云南、四川、贵州等西南地区^[2]。滇黄精富含多糖、黄酮、生物碱、皂苷等活性成分^[3-5],具有抗衰老、调节免疫功能、控制血糖血脂重要作用。然而,新鲜滇黄精因特性限制无法直接口服,需经特定加工处理后才能安全食用。

当前,滇黄精常用的加工方式包括传统炮制(如“九蒸九晒”)、现代蒸汽处理、热水煮制、滚筒加工及烘烤等^[6-7]。研究表明,不同加工工艺对化学成分影响显著。Guan等^[8]采用超高效液相色谱—串联质谱技术解析九蒸九晒过程中滇黄精的成分变化,随着蒸制次数增加,糖类含量上升,生物碱和氨基酸的含量下降;管彦辉等^[9]研究显示,炮制后的滇黄精小分子糖类物质、皂苷、黄酮与多酚含量显著提升;牛世蓉等^[10]发现,蒸汽加工同样也可促进滇黄精中类黄酮、皂苷及多酚的溶出与积累;Xu等^[11]通过非靶向气相色谱—质谱联用技术和傅立叶变换—近红外光谱分析14种炮制方法,发现热效应促进核苷酸与黄酮类成分的积累,但降低氨基酸含量。现有研究多集中于单一加工方式的成分分析,系统探究滇黄精在不同加工过程中的代谢物变化规律,对优化加工工艺、挖掘其功效价值具有重要意义。

广泛靶向代谢组学是一种针对生物体内代谢物的高通量分析技术^[12],其原理基于液相色谱—质谱联用平台,通过预设的代谢物数据库进行多反应监测,实现对数百至数千种次生代谢物的高覆盖度、高灵敏度和高重复性检测。与传统靶向分析相比,该技术在保证定量稳定性的同时,显著拓展了代谢物检测范围,能够系统、无偏向地刻画复杂样品中次生代谢物的整体组成特征。该方法能够全面、整体地反映生物体内次生代谢物的组成与动态变化,适用于作用机制不明或代谢轮廓未知的前期探索性研究^[13]。在食药同源植物加工过程研究中,该技术已被广泛应用于比较不同品种、加工方式对代谢谱的影

响。Guan等^[8]采用广靶代谢组学技术分析滇黄精九蒸九晒过程中的差异代谢物,共鉴定出1 297种代谢产物,其中有341种代谢产物的相对含量增加,456种减少;Xiao等^[1]采用广靶代谢组学技术分析黄精不同品种和生长年限的差异代谢物,共鉴定出418种代谢物,主要包括脂类、氨基酸、生物碱、黄酮等11类,该研究揭示了不同品种黄精在不同生长年限中代谢物的显著变化。可见,广泛靶向代谢组学能够在整体层面系统揭示加工或生长条件变化引起的代谢重构及通路调控特征,为全面评价加工过程中代谢物变化规律提供了有力的技术支撑。

研究拟基于超高效液相色谱—串联质谱(UPLC-MS/MS)的广泛靶向代谢组学技术,对滇黄精3种典型加工方式(热水煮制、滚筒加工、炮制)的差异代谢物及其主要代谢途径进行系统分析,旨在为深入研究加工方式对滇黄精代谢物活性的影响、优化其加工工艺提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

1.1.1 材料与试剂

滇黄精根茎:2022年5月采集于云南省红河州泸西县永宁乡,生长年限为3年,云南青谷生物科技有限公司;

甲醇、乙腈、甲酸:色谱级,德国默克集团;

绍兴黄酒:酒精度 $\geq 15.0\%$ vol,浙江古越龙山绍兴酒股份有限公司。

1.1.2 主要仪器设备

电热鼓风干燥箱:WGLL-230BE型,天津市泰斯特仪器有限公司;

滚筒式中药炒药机:CYJ-500型,上海康健中药机械制造有限公司;

离心浓缩仪:CentriVap型,美国LABCONCO公司;

自动化工作站:Biomek i5型,美国Beckman Coulter公司。

1.2 试验方法

1.2.1 加工方式 选取新鲜、无腐烂、无病斑的滇黄精作为原料,先用清水冲洗以去除表面泥沙、杂质,清洗完成后置于通风处沥干表面水分,备用。

热水煮制(BP):将滇黄精置于锅中水煮 2 h,取出,切成片状(厚度 4 mm),平铺于托盘上,置于 60 °C 恒温干燥箱中干燥 24 h^[14]。

滚筒加工(HP):将滇黄精置于滚筒式中药炒药机中,筒壁温度 50 °C,顺时针匀速转动 1 h 后取出,放入 60 °C 恒温干燥箱中 1 h,“滚筒加工—干燥”过程重复 3 次,再切成片状(厚度 4 mm),置于 60 °C 恒温干燥箱中干燥 24 h^[15]。

炮制(JZ):将滇黄精切成片状(厚度 4 mm),放入蒸锅中隔水蒸制 4 h,随后置于 60 °C 恒温干燥箱中 4 h,向干燥过的滇黄精片加入 10% 黄酒焖润 2 h,再放入蒸锅中蒸煮 4 h 后,迅速放入 60 °C 恒温干燥箱 4 h,“蒸制—干燥—酒制—干燥”过程重复 3 次,置于 60 °C 恒温干燥箱中干燥 24 h^[16]。

3 种加工方式的最终干燥环节均以滇黄精的含水率 $\leq 5\%$ 作为停止干燥的判定标准。

1.2.2 样品制备 将 3 种加工滇黄精片分别研磨成粉末,称取 50 mg 滇黄精粉末,加入 1 200 μL 70% 甲醇溶液,每 30 min 涡旋一次,每次持续 30 s,共涡旋 6 次,充分混匀后,12 000 r/min 离心 3 min,收集上清液,用 0.22 μm 膜过滤后保存于液相瓶中,待上机检测^[11]。从每个样本中取等量样品混合制成质量控制样本(quality control, QC),与待测样品一起上机检测。

1.2.3 色谱采集条件 根据文献[17]修改如下:0~9.0 min, A 相维持在 95%;9.0~10.0 min, A 相从 95% 线性变化到 5%;10.0~11.0 min, A 相维持在 5%;11.0~12.0 min, A 相从 5% 线性变化到 95%,并保持 2.9 min。

1.2.4 质谱采集条件 根据文献[17]。

1.3 数据处理

基于自建的 Metware Database(MWDB)和公共代谢物数据库,以检测获得的代谢物二级质谱信息为核心依据,通过对比质谱碎片离子峰的类型、相对丰度及保留时间,实现对滇黄精样品中检测到的代谢物的精准定性。采用迈维云平台对样本进行代谢成分的主成分分析(PCA)、聚类热图和正交偏最小判别分析(OPLS-DA),检测各组样本之间的差异代谢物,展示各组样本之间的差异度,利用 KEGG 数据库进行代谢物通路富集分析。

2 结果与分析

2.1 加工滇黄精中代谢物鉴定

对 BP、HP、JZ 3 种加工方式处理后的滇黄精样品进

行代谢物检测与鉴定,共鉴定出 8 类 841 个代谢物(图 1)。其中,生物碱类代谢物数量最多(226 个,占 26.87%),其次为黄酮类(167 个,占 19.74%)和酚酸类(101 个,占 12.01%)。此外,还检测到类固醇类(88 个)、萜类(84 个)、木脂素和香豆素类(39 个)以及醌类(10 个)代谢物,其占比相对较低。结果表明,加工滇黄精的代谢物组成以生物碱、黄酮和酚酸类为主,其余类别共同构成代谢成分。

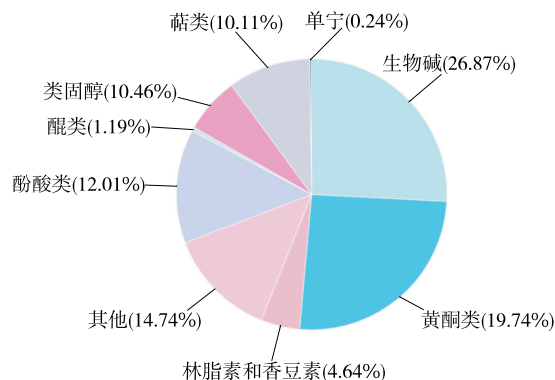


图 1 滇黄精代谢物分类图

Figure 1 Metabolite classification of *P. kingianum*

2.2 代谢物的种间多样性分布

为解析 BP、HP、JZ 3 种方式对代谢物组成的影响,通过 PCA 与聚类热图分析,系统探究不同加工组滇黄精代谢物的多样性分布规律。由图 2 可知,BP、HP、JZ 3 种加工方式处理后的滇黄精样品在得分图中分布区域界限清晰,实现显著区分,表明不同加工方式下滇黄精的代谢物组成存在显著差异。同时,各组内样本的分布距离相对较近,表明同一加工方式下的平行样品重复性良好,试验结果的稳定性与可信度较高。主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2)的解釋度分别为 52.72% 和 24.15%,二者累计解釋度达到 76.87%,表明两个主成分已覆盖滇黄精样品代谢物数据的主要信息,PCA 模型能有效反映不同加工组的代谢差异特征,分析结果具有统计学意义。QC 样本在得分图中聚集紧密且靠近坐标原点,说明检测过程稳定,数

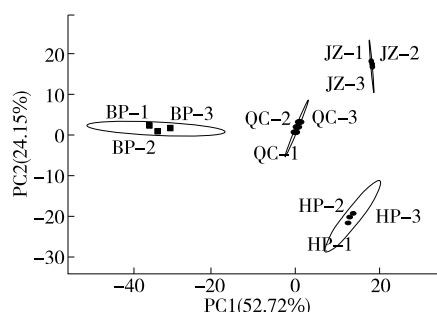


图 2 滇黄精的 PCA 得分图

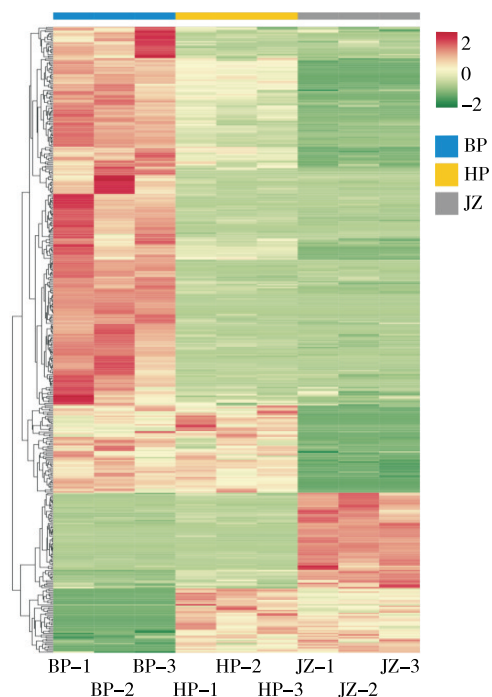
Figure 2 PCA scores of *P. kingianum*

据质量可靠。上述结果表明,不同加工方式显著影响滇黄精的代谢特征分布。

聚类热图分析结果(图3)与PCA分析结果一致,3种加工方式的滇黄精在总代谢物含量组成上呈现显著差异。其中,HP组和JZ组的代谢物种类及含量相似性较高,在聚类树中聚为同一分支,而BP组与其余两组的代谢差异较大,单独聚为一支,表明煮制处理下滇黄精的代谢特征与滚筒加工和炮制存在显著区别。从热图颜色分布来看,BP组的红色区域明显多于HP组、JZ组,提示煮制处理可能更有利于保留滇黄精中的代谢物多样性,或使部分特征代谢物维持较高的相对含量,这一现象可能与煮制温度相对温和、处理流程更简洁有关。结合PCA与聚类热图分析结果表明,不同加工方式可显著改变滇黄精的代谢物组成特征,使各组样品形成相对独立的代谢特征谱,为后续差异代谢物筛选及通路分析提供依据。

2.3 差异代谢物筛选

基于代谢物定量数据构建OPLS-DA模型并绘制得分图,见图4(a)。结果显示,BP、HP、JZ 3种加工方式处理后的滇黄精样本在得分图中分别集中分布于不同区域,组间界限清晰、无明显重叠,表明3组滇黄精因加工方式不同,已形成具有显著差异的代谢物组成特征,存在可明确区分各组的差异代谢物,为后续差异代谢物筛选提供了模型基础。为确保模型稳定性与可靠性,对OPLS-DA模型进行200次交叉验证,并通过模型评价参数 R^2Y 与 Q^2 评估模型性能,结果见图4(b)。结果显示, Q^2 值大于0.9, R^2Y 得分为1,表示该模型无明显过拟合现象。图4(c)显示,多种代谢物对组间差异具有较高贡献,进一步证实不同加工方式下滇黄精样品间存在显著代谢差异,这与PCA分析结论一致。上述结果表明,所构建的OPLS-DA模型可用于后续差异代谢物的筛选分析。



根据代谢物在不同加工滇黄精样品间的表达值,每行对应一个代谢物,每列为一个样本,红色表示表达含量高,绿色表示表达含量低

图3 所有滇黄精代谢物的层次聚类分析图

Figure 3 Hierarchical clustering analysis of *P. kingianum* metabolites

在OPLS-DA模型基础上,以“变量重要性投影(VIP)>1,差异倍数(FC)>2或者 P 值<0.05”为筛选标准,对BP、HP、JZ 3组滇黄精样本的差异代谢物进行系统筛选。结果(图5)显示,BP组与HP组之间共筛选出423个差异代谢物,其中上调139个、下调284个。JZ与BP组之间共筛选出506个差异代谢物,其中上调151个、下调355个。JZ组与HP组之间共筛选出366个差异代谢物,其中上调

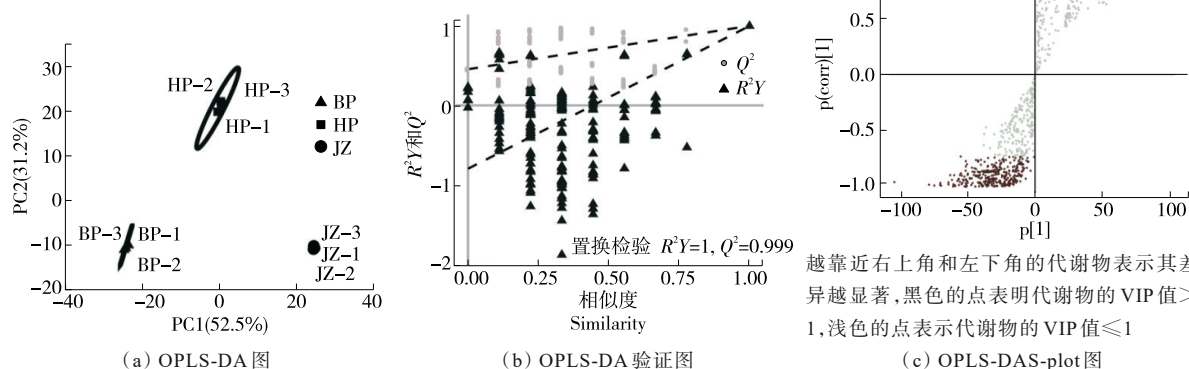


图4 3组加工滇黄精OPLS-DA得分图

Figure 4 OPLS-DA scores of three groups of processed *P. kingianum*

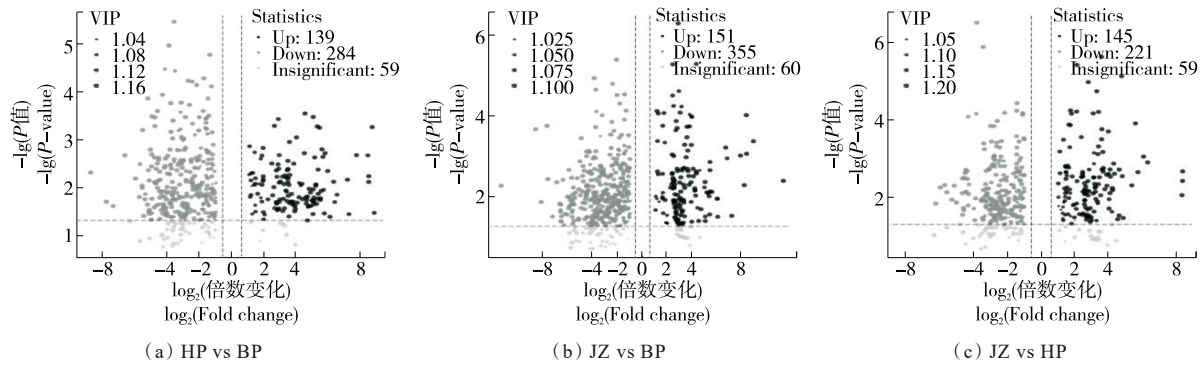


图5 3组加工滇黄精差异代谢物火山图

Figure 5 Volcano plots of differential metabolites in three groups of processed *P. kingianum*

145个、下调221个。总体来看,JZ组在与BP组和HP组的比较中均表现出较多的上调代谢物,表明不同加工方式对代谢物积累具有显著影响。

根据差异倍数绝对值从大到小的排序,分别对各组上调、下调的前15个差异代谢物进行标注(图6),进一步明确组间差异最显著的特征代谢物。HP组较BP组相对含量增加最显著的前15种代谢物以甾体类(如去羟基表鲁斯可皂苷元—葡萄糖—葡萄糖—葡萄糖苷、薯蓣皂苷元)和黄酮类(如异牡荆素、山柰酚-3,7-*O*-双葡萄糖苷、牡荆素)为主,下调最显著的前15个代谢物主要为黄酮类(如根皮素、芦丁三水合物、槲皮素-3-*O*-芸香糖苷(芦丁))和酚酸类(如4-*O*- β -*D*-葡萄糖基阿魏酸、银桦苷F)。JZ组较BP组相对含量增加最显著的前15个代谢物以生物碱类(如对乙酰氨基酚、哈尔满-3-羧酸、1-乙酰基- β -咔啉)、甾体类(如异薯蓣皂素、薯蓣皂苷元)以及木脂素和香豆素类(如7,8-二羟基-4-苯基香豆素)为主,下调最显著的前15个代谢物主要为黄酮类(如根皮素、根皮素-4'-*O*-葡萄糖苷、根皮苷)、萜类(如苦蒿素、布卢门醇C丙二酰葡萄糖苷)和生物碱类(如2-苯乙胺)。JZ组较HP组相对含量增加最显著的前15个代谢物以生物碱类(如对乙酰氨基酚、黑麦草碱)、酚酸类(如托品酸、2-羟基-3-苯基丙酸)和黄酮类(如黄芪异黄烷、儿茶素没食子酸酯)为主,下调最显著的前15个代谢物主要为黄酮类(如8-去甲杜鹃素、驱蚊素)和生物碱类(如吡啶-5-甲酸、*N*-乙基金雀花碱)。综上,黄酮类、生物碱类和酚酸类化合物是不同加工方式下滇黄精代谢差异的主要贡献类别,在所有组间对比中均呈现较大幅度的上调或下调,显示了一定水平的组间差异。

2.4 与滇黄精功效相关的关键差异次生代谢物分析

通过广泛靶向代谢组学技术结合多元统计分析,系统解析BP、HP、JZ 3种加工方式下滇黄精的代谢特征,并筛选出与功效相关的关键差异次生代谢物。差异代谢物

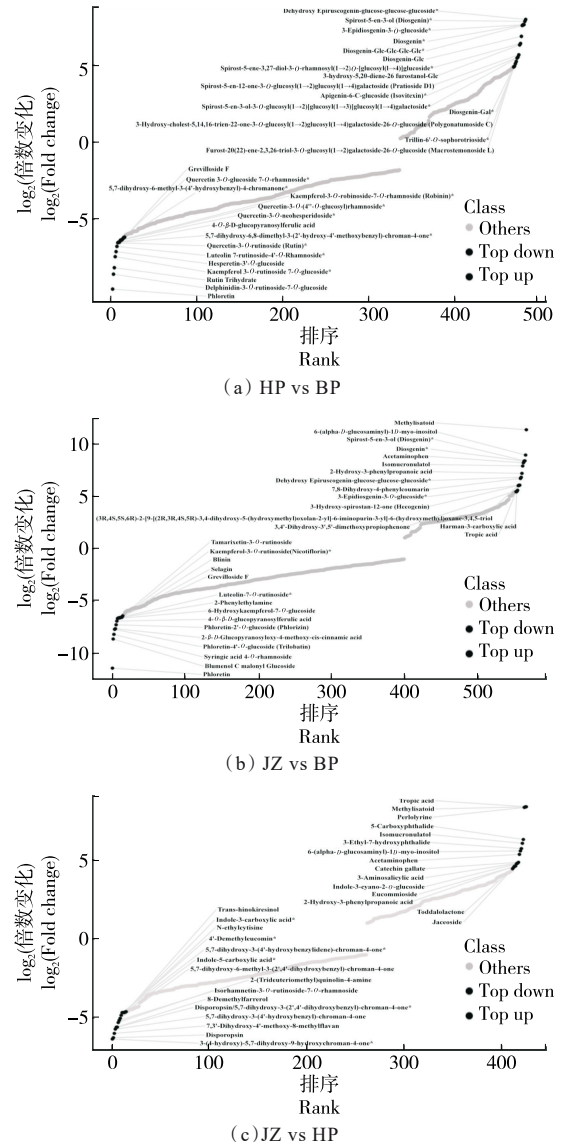


图6 3组加工滇黄精差异上/下调前15种次生代谢物
Figure 6 Top 15 up- and down-regulated differential secondary metabolites in three groups of processed *P. kingianum*

主要集中于黄酮类、生物碱类和酚酸类,提示上述3类化合物是加工方式影响滇黄精功效差异的主要物质基础。

黄酮类化合物具有抗氧化、促进创面愈合、增强免疫功能、调节血脂、改善氧化应激损伤等生理活性^[14],是滇黄精发挥食药功效的重要组分。由图7(a)可知,共筛选出116个差异黄酮类化合物,主要包括根皮素及其衍生物(如根皮素-4'-*O*-葡萄糖苷、根皮素-2'-*O*-(6"-*O*-乙酰基)葡萄糖苷)、芦丁三水合物、柚皮素及其衍生物(如柚皮素查耳酮)、山奈酚及其衍生物(如山奈酚-3-*O*-葡萄糖苷-7-*O*-鼠李糖苷、山奈酚-3-*O*-洋槐糖苷)等。整体来看,BP滇黄精中黄酮类化合物的相对含量显著高于HP组和JZ组。尤其在BP组中,芦丁、根皮素的相对含量显著高于JZ组和HP组,其中BP组芦丁的相对含量分别为JZ组的64倍、HP组的76倍。已有研究^[18]指出,135℃高压蒸汽热加工处理

的滇黄精芦丁含量低于传统九蒸九晒,说明不同加工方式的温度和时间导致芦丁含量产生变化。BP组的芦丁含量高于HP组和JZ组,说明温和的煮制条件更利于芦丁的保留,反复蒸制与干燥则可能导致芦丁降解。此外,HP组中槲皮素的相对含量较高,这与魏液等^[19]的研究结果一致。已有研究^[20]表明,过热蒸汽处理可影响芦丁的降解过程,从而调控槲皮素的生成。HP组槲皮素含量高于BP组和JZ组,表明不同热加工方式通过影响芦丁的降解途径,进而导致槲皮素含量差异。

生物碱类化合物具有抗人类免疫缺陷病毒、抑制血小板聚集、抗菌、调节血糖等广泛药理活性,且相较于化学合成药物,其毒副作用更低^[21],是滇黄精另一类关键功效成分。由图7(b)可知,JZ组滇黄精中生物碱类化合物的相对含量整体高于BP组和HP组,其中麻黄碱、*N*-乙



图7 3组加工滇黄精差异次生代谢物层次聚类热图

Figure 7 Hierarchical clustering heatmap of differential secondary metabolites in three groups of processed *P. kingianum*

酰-5-羟基色胺、对乙酰氨基酚、*N*-乙酰萘红、黄精素 A、1-乙酰基- β -咔唑的相对含量较高,尤其是麻黄碱,JZ 组相对含量分别为 BP 组的 16 倍、HP 组的 9 倍,差异极为显著。这一现象可能与炮制过程中“酒制”与“反复蒸煮”的工艺特点密切相关,一方面,黄酒中的乙醇可作为溶剂,促进滇黄精细胞内生物碱类成分的溶出;另一方面,加热条件下的酒制过程可引发酯化、降解等化学反应^[22],推动生物碱前体物质向活性更高的生物碱转化;同时,反复蒸制与干燥的循环操作则加速滇黄精细胞结构的破坏^[23],进一步提高生物碱的释放效率,最终实现生物碱类化合物种类与含量的双重提升。

酚酸类物质是植物中重要的酚类活性成分,具有调节血糖、抗肿瘤、抗氧化和抗炎等作用^[3]。由图 7(c)可知,3 种加工方式处理后的滇黄精样本中共筛选出 61 个差异酚酸类化合物,主要包括对苯二甲酸、阿魏酸、银桦苷 F、*DL*-3-苯基乳酸、阿魏酰辛糖、阿魏酸乙酯、肉桂酸等。整体来看,BP 组酚酸类化合物的相对含量高于 HP 组与 JZ 组,但 3 种加工方式下酚酸的分布具有明显特异性。BP 组中阿魏酸、阿魏酰辛糖、银桦苷 F 的相对含量较高,JZ 组中对苯二甲酸、*DL*-3-苯基乳酸、阿魏酸乙酯的相对含量较高,HP 组中肉桂酸的保留上更具优势。上述具有加工特异性的酚酸类化合物可作为区分不同加工滇黄精的

潜在标志性成分,为加工方式鉴别及品质评价提供参考。

2.5 差异代谢物的 KEGG 通路分析

为明确不同加工方式下滇黄精差异代谢物参与的核心生物学过程及代谢网络关联,基于 KEGG 数据库,对 BP、HP、JZ 3 种加工方式处理后的滇黄精的差异代谢物进行通路富集分析。以 *P* 值(富集显著性)与差异代谢物数量(通路关联度)作为核心评价指标。将 3 组滇黄精间的差异代谢物映射至 KEGG 数据库后,以气泡图形式呈现富集最显著的前 20 条代谢通路(图 8),并重点分析 *P* 值最小的前 3 条核心通路。结果显示,3 种加工方式下滇黄精的差异代谢物主要富集于次级代谢产物生物合成、类黄酮生物合成、黄酮和黄酮醇生物合成、色氨酸代谢、酪氨酸代谢等通路。这些通路均与滇黄精核心功效成分的合成与转化直接相关,提示不同加工方式可能通过调控上述通路的代谢流,最终导致黄酮类、生物碱类等差异代谢物的含量变化。

在 BP 组与 HP 组的比较中,差异代谢物显著富集的前 3 条通路为黄酮和黄酮醇生物合成、类黄酮生物合成、苯丙烷代谢等通路。主要参与的差异代谢物为芦丁、山柰酚、柚皮素查耳酮、柚皮素、根皮素、阿魏酸。其中,芦丁、根皮素等黄酮类成分是黄酮相关通路的核心产物,其含量差异直接导致两组在该通路的富集显著性,表明煮

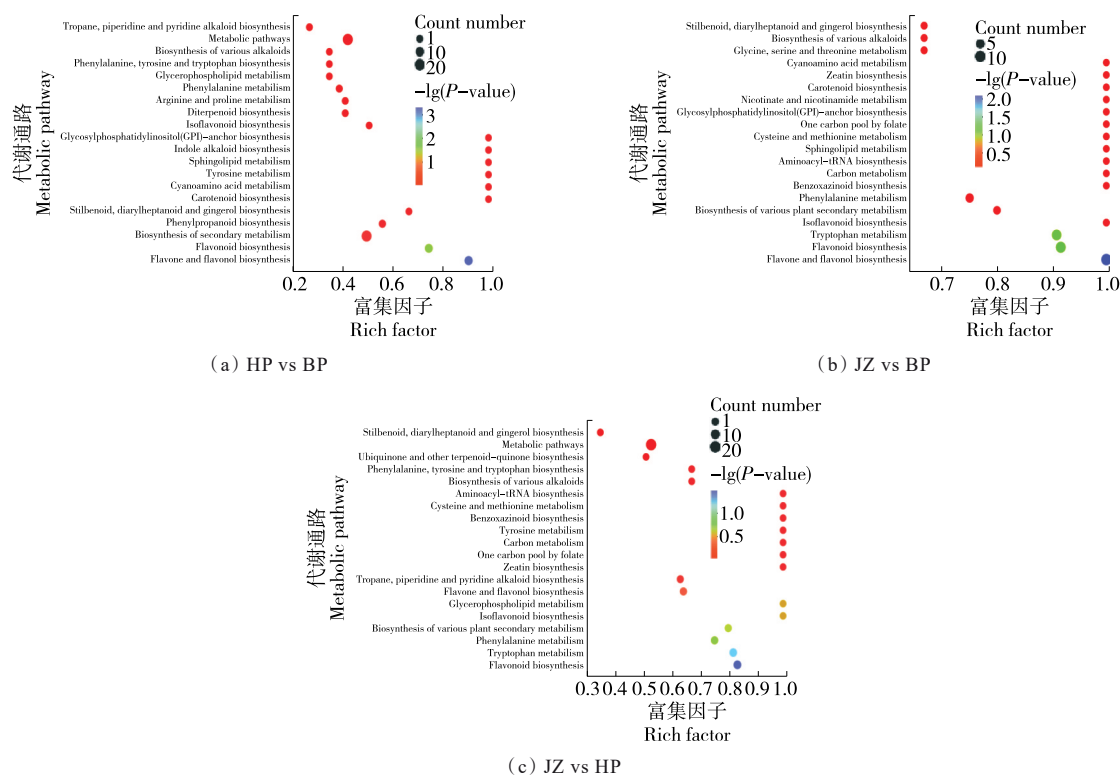


图 8 3 组加工滇黄精差异次生代谢物 KEGG 通路

Figure 8 KEGG pathway of differential secondary metabolites in three groups of processed *P. kingianum*

制处理对滇黄精中黄酮类成分的保留优势。而在HP组与JZ组的比较中,核心富集通路为类黄酮生物合成、酪氨酸代谢、黄酮和黄酮醇生物合成等通路。关键参与代谢物包括山柰酚、槲皮素、*N*-乙酰-5-羟基色胺、吲哚、柚皮素查耳酮、柚皮素。在JZ组与BP组的比较中,差异代谢物显著富集于黄酮和黄酮醇生物合成、类黄酮生物合成、色氨酸代谢等通路,核心参与代谢物包括芦丁、槲皮素、*N*-乙酰-5-羟基色胺、吲哚、柚皮素查耳酮、柚皮素。值得注意的是,酪氨酸代谢通路、色氨酸代谢通路的富集与生物碱类成分的高积累直接相关,体现了炮制对生物碱合成通路的调控作用。综上,KEGG通路富集分析表明,不同加工方式下滇黄精差异代谢物主要集中于类黄酮生物合成通路,其中芦丁、槲皮素和柚皮素等关键代谢物的变化,表明BP和HP加工更有利于黄酮类活性成分的保留与积累。相比之下,色氨酸和酪氨酸代谢通路在JZ处理中表现出更为显著的富集特征,并与*N*-乙酰-5-羟基色胺等生物碱类代谢物密切相关,体现了炮制工艺在促进生物碱类成分合成与转化方面的优势。上述结果表明,不同加工方式通过差异性调控关键代谢通路,导致滇黄精中黄酮类与生物碱类功效成分的选择性积累,从代谢通路层面揭示了各加工方式功效取向的物质基础。

3 结论

基于超高效液相色谱—串联质谱的广泛靶向代谢组学技术,系统比较了热水煮制、滚筒加工与传统炮制3种加工方式对滇黄精代谢物组成的影响。结果表明,3种加工方式的滇黄精代谢物特征存在显著差异,形成各自独特的代谢特征谱,其中生物碱类和黄酮类是加工诱导差异的关键物质类别,煮制更有利于保留和富集黄酮类化合物,炮制显著促进了生物碱类成分的积累,滚筒加工的代谢特征介于二者之间,对部分黄酮和酚酸类化合物的保留具有一定优势。差异代谢物主要注释和富集于类黄酮生物合成、黄酮和黄酮醇生物合成、色氨酸代谢、酪氨酸代谢等通路上。综上,从代谢物组成和功能品质角度考虑,热水煮制是滇黄精较为适宜的加工方式。

参考文献

- [1] XIAO L J, XU H M, WU T, et al. Metabolomic diversity in *Polygonatum kingianum* across varieties and growth years[J]. *Molecules*, 2024, 29(21): 5 180.
- [2] 罗霜, 王剑波, 陈柯宇, 等. 不同产地药食同源黄精的成分及体外抗氧化研究[J]. *中国调味品*, 2023, 48(6): 59-65.
- LUO S, WANG J B, CHEN K Y, et al. Study on the components and *in vitro* antioxidation of medicine-food homologous *Rhizoma polygonati* from different places of origin[J]. *China Condiment*, 2023, 48(6): 59-65.

- [3] 李安琳, 李文竞, 吴望, 等. 不同黄精根茎中黄酮、氨基酸和酚酸类物质成分的系统比较[J]. *应用与环境生物学报*, 2024, 30(2): 353-359.
- LI A L, LI W J, WU W, et al. Comparison of flavonoids, amino acids, and phenolic acids in different *Polygonatum rhizomes*[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2024, 30(2): 353-359.
- [4] YAO X J, DENG Z Y, LI H Y, et al. Effect of processing cycles on the composition of *Polygonatum cyrtoneura* Hua during nine-steam-nine-bask processing[J]. *Food Bioscience*, 2022, 50: 102081.
- [5] LU M, ZHANG L P, KANG S X, et al. Comprehensive evaluation of the nutritional properties of different germplasms of *Polygonatum cyrtoneura* Hua[J]. *Foods*, 2024, 13(6): 815.
- [6] 廖承树, 叶炜, 周建金. 基于文献信息的黄精最佳采收时间和加工方法分析[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(14): 45-49.
- LIAO C S, YE W, ZHOU J J. Analysis of optimal harvest time and processing methods of *Polygonatum sibiricum* based on literature[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(14): 45-49.
- [7] 黄靖, 胡利利, 何婉莹, 等. 九蒸九制对滇黄精呈香品质及抗氧化活性的影响[J]. *食品研究与开发*, 2025, 46(1): 70-79.
- HUANG J, HU L L, HE W X, et al. Effects of nine-steam-nine-bask treatment on the flavor and antioxidant activity of *Polygonati rhizoma*[J]. *Food Research and Development*, 2025, 46(1): 70-79.
- [8] GUAN Y H, LIANG Z W, LI R Y, et al. Chemical composition and antioxidant activity of *Polygonatum kingianum* processed by the traditional method of "nine cycles of steaming and sun-drying"[J]. *Food Chemistry X*, 2024, 22: 101292.
- [9] 管彦辉, 梁正维, 施扬, 等. 滇黄精炮制前后化学成分变化研究[J]. *中草药*, 2024, 55(11): 3 647-3 658.
- GUAN Y H, LIANG Z W, SHI Y, et al. Differences in chemical constituents of *Polygonatum kingianum* before and after processing[J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2024, 55(11): 3 647-3 658.
- [10] 牛世蓉, 李敏敏, 崔伟业, 等. 高压蒸汽热加工对滇黄精抗氧化及抗炎活性的影响[J]. *食品工业科技*, 2025, 46(10): 351-359.
- NIU S R, LI M M, CUI W Y, et al. Effects of high pressure steam processing on antioxidant and antiinflammatory activities of *Polygonatum kingianum*[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2025, 46(10): 351-359.
- [11] XU Y L, YANG M Q, YANG T M, et al. Untargeted GC-MS and FT-NIR study of the effect of 14 processing methods on the volatile components of *Polygonatum kingianum*[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1140691.
- [12] 于强, 杨敏, 潘萍, 等. 基于广泛靶向代谢组学技术的掌叶覆盆子不同部位代谢产物差异分析[J]. *食品科学*, 2025, 46(17): 231-243.
- YU Q, YANG M, PAN P, et al. Differential analysis of

- metabolites in different parts of *Rubus chingii* Hu based on widely targeted metabolomics[J]. Food Science, 2025, 46(17): 231-243.
- [13] 李军, 周娅丽, 陈夕飞, 等. 基于广泛靶向代谢组学分析桃果实体内代谢物对异常威克汉姆酵母的响应[J]. 现代食品科技, 2026, 42(1): 53-60.
LI J, ZHOU Y L, CHEN X F, et al. Response of metabolites in peach fruit to wickerhamomyces anomalous based on extensive targeted metabonomics analysis[J]. Modern Food Science and Technology, 2026, 42(1): 53-60.
- [14] 刘怡菲. 不同干燥方式对黄精生理生化指标的影响[J]. 吉林林业科技, 2019, 48(4): 11-14.
LIU Y F. Effects of different drying methods on physiological and biochemical indexes of *Polygonatum*[J]. Journal of Jilin Forestry Science and Technology, 2019, 48(4): 11-14.
- [15] 吴松南, 王静, 袁子民. 基于多功能炒药机与 Box-Behnken 设计一效应面法优化黄黄连炮制工艺[J]. 中国药物经济学, 2023, 18(7): 99-103.
WU S N, WANG J, YUAN Z M. Optimization of Yuhuanglian concoction process based on multi-functional medicine frying machine and Box-Behnken design-effect surface method[J]. China Journal of Pharmaceutical Economics, 2023, 18(7): 99-103.
- [16] ZHOU L Q, LIU T Q, YAN T, et al. Nine steaming nine sun-drying processing enhanced properties of *Polygonatum kingianum* against inflammation, oxidative stress and hyperglycemia[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2024, 104(5): 3 123-3 138.
- [17] 杨思雨, 池玉洁, 张海琼, 等. 基于广泛靶向代谢组学分析不同基原黄连根茎次生代谢物差异[J]. 中国中药杂志, 2024, 49(20): 5 441-5 450.
YANG S Y, CHI Y J, ZHANG H Q, et al. Widely targeted metabolomics reveals differences of secondary metabolites in rhizomes of different *Coptis* species[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2024, 49(20): 5 441-5 450.
- [18] LIU C, XU H, LI Z, et al. Application and progress of genomics in deciphering the genetic regulation mechanisms of plant secondary metabolites[J]. Plants, 2025, 14(9): 1 316.
- [19] 魏液, 曹家玮, 王爱莉, 等. 不同热处理对苦荞中芦丁分布形态及感官品质的影响[J]. 食品科学, 2025, 46(11): 272-280.
WEI Y, CAO J W, WANG A L, et al. Effects of different thermal treatments on the rutin form distribution and sensory quality of tartary buckwheat[J]. Food Science, 2025, 46(11): 272-280.
- [20] 乔俊茹, 艾连中, 夏永军, 等. 人参属花茶中酚类物质的提取动力学与体外抗氧化活性[J]. 中国食品学报, 2025, 25(4): 8-18.
QIAO J R, AI L Z, XIA Y J, et al. Extraction kinetics for phenolic compositions and *in vitro* antioxidant activities of panax flowers teas[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2025, 25(4): 8-18.
- [21] ZHU H Y, PEI Z X, ZHANG L, et al. Non-targeted metabolomics-mediated elucidation of metabolite changes in *Polygonatum kingianum* during traditional steaming with black beans[J]. Frontiers in Nutrition, 2025, 12: 1581459.
- [22] MOTALLEBI M, BHIA M, RAJANI H F, et al. Naringenin: a potential flavonoid phytochemical for cancer therapy[J]. Life Sciences, 2022, 305: 120752.
- [23] 任萃姣, 丁杨飞, 李靖季, 等. 多花黄精炮制前后化学成分差异的 UPLC-Q-Exactive Orbitrap MS 分析[J]. 中国实验方剂学杂志, 2024, 30(24): 183-189.
REN C J, DING Y F, LI J J, et al. Differences in chemical composition of *Polygonatum cyrtoneura* rhizome before and after processing based on UPLC-Q-Exactive Orbitrap MS analysis[J]. Chinese Journal of Experimental Traditional Medical Formulae, 2024, 30(24): 183-189.