

基于非靶向代谢组学的丹霞梧桐不同器官代谢物分析^{*}莫罗坚¹ 胡秋艳¹ 张庆威² 林 艳¹ 李子雍¹ 黄久香²

(1. 东莞市林业科学研究所/广东珠江口城市群森林生态系统国家定位观测研究站, 广东 东莞 523106;

2. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广东 广州 510642)

摘要 为了探究丹霞梧桐 *Firmiana danxiaensis* 不同器官的代谢物差异及药用价值, 采用气相色谱—质谱联用技术 (Gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS) 对其根、茎和叶进行代谢物分析与鉴定, 利用主成分分析 (Principal component analysis, PCA)、正交偏最小二乘法判别分析 (Orthogonal partial least squares discriminant analysis, OPLS-DA) 和京都基因与基因组百科全书 (Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG) 通路富集分析对不同器官的代谢物进行筛选与富集分析。结果显示, 共检测到 10 558 个代谢物, 包括 5 184 个差异代谢物, 其中根和茎的差异代谢物 2 965 个, 根和叶的差异代谢物 3 611 个, 茎和叶的差异代谢物 3 662 个。KEGG 分析结果显示, 差异代谢物在黄酮和类黄酮的生物合成通路中富集较为明显, 丹霞梧桐的核心差异代谢物中共有 16 个黄酮化合物参与代谢。

关键词 丹霞梧桐; 非靶向代谢组学; 差异代谢物; 黄酮类

中图分类号: S718.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 2096-2053 (2024) 06-0033-07

DOI: 10.20221/j.cnki.2096-2053.202406005

Analysis of Metabolites in Different Organs of *Firmiana danxiaensis* Based on Untargeted MetabolomicsMO Luojian¹ HU Qiuyan¹ ZHANG Qingwei² LIN Yan¹
LI Ziyong¹ HUANG Jiuxiang²

(1. Dongguan Institute of Forestry Science/Forest Ecosystem Research Station in City Cluster of the Pearl River Estuary, Dongguan, Guangdong 523106, China; 2. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China)

Abstract To explore the differences and medicinal value of metabolites in different organs of *Firmiana danxiaensis*, the metabolites extracted from root, stem and leaves were analyzed and identified by Gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS). Principal component analysis (PCA), orthogonal partial least squares discriminant analysis (OPLS-DA), and Kyoto encyclopedia of genes and genomes (KEGG) pathway enrichment analysis were used to screen and enrich metabolites in different organs. The results showed that 10 558 metabolites were detected, including 5 184 differential metabolites. Among them, there were 2 965 differential metabolites between root and stem, 3 611 differential metabolites between root and leaf, and 3 662 differential metabolites between stem and leaf. The results of the KEGG pathway analysis showed that the differential

^{*} 基金项目: 东莞市社会科技发展项目 (2019S07101550)。

第一作者: 莫罗坚 (1979—), 男, 高级工程师, 主要从事植物多样性保护研究, E-mail: 52116124@qq.com。

通信作者: 黄久香 (1975—), 女, 副教授, 主要从事植物多样性保护教学研究, E-mail: jxhuang@scau.edu.cn。

metabolites were significantly enriched in the biosynthetic pathways of flavonoids and flavonols. A total of 16 flavonoids were found to be involved in the metabolism of the core differential metabolites of *F. danxiaensis*.

Key words *Firmiana danxiaensis*; untargeted metabolomics; differential metabolite; flavonoid

丹霞梧桐 *Firmiana danxiaensis* 为梧桐科梧桐属落叶乔木, 树形美丽、高大, 花色艳丽, 果形奇特, 具有较高的观赏价值, 适合作为庭院观赏、道路绿化树种。丹霞梧桐野生群落多分布在粤北地区, 最早于 1986 年在广东省韶关市丹霞山被发现, 适生在岩壁石缝、山谷浅土层及石灰岩山地, 具有强抗逆性, 为荒山造林的先锋树种^[1]。丹霞梧桐属国家Ⅱ级重点保护植物, 是国家重要的野生植物资源, 现已被列入野生植物极小种群保护计划, 潜在生态价值较高。

目前国内学者对丹霞梧桐的研究主要集中在种质资源调查^[2-4]、植物地理谱系研究^[5-6]、遗传多样性^[7-9]等领域, 涉及到分子遗传的研究较少, 仅有 EST-SSR 分子标记方面的研究; 有关丹霞梧桐代谢物的相关研究还未有报道, 作为同为梧桐科的胖大海在代谢组领域的相关研究已十分成熟, 并且通过代谢组学也发现了胖大海具有一定的药用价值, 是属于药食同源的品种之一。

代谢物是生物体表型的基础, 能够提供一种更直观且有效的方式来深入了解植物的生物学过程及其背后的机理。通过代谢物的变化和分布, 研究者可以洞察生物体如何应对内外部环境的各种影响及调控机制。近年来, 代谢组学分析技术已经被广泛应用于多种领域, 包括对动植物代谢物合成途径及复杂的代谢网络进行全面解析, 揭示植物在面对不同物理、化学或生物刺激时的代谢应答机制。此外, 代谢组学还在动物经济性状的遗传育种价值评估、疾病研究、药物开发及食品、药物的安全评价中^[10-14] 展现出了巨大的应用潜力, 为生物研究和生产提供了全新的视角。其中, 非靶向代谢组学是一种常用的研究手段, 具有显著的技术优势。其高灵敏度使研究人员能够检测到极微量的代谢物变化, 广泛的检测范围覆盖了众多已知及未知的化合物, 并且可以对代谢物进行相对定量检测。这种方法为代谢物的全面分析提供了重要支持, 尤其在植物次生代谢物研究领域显示出了极高的价值^[15-18]。开展丹霞梧桐的非靶向代谢组学分析, 了解其化学成分, 探究其潜在的药用价值, 对扩大丹霞梧桐人工种群、推动野生种群的保护等具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验材料选自于东莞市林业科学园苗圃培育的 2 a 生丹霞梧桐幼苗, 每 3 株为 1 组, 6 个重复, 共 18 株。根、茎、叶组织均选取自植株同一生物学高度, 纯净水洗干净后, 用手术刀分离根、茎和叶, 用吸水纸吸干水分, 将不同植株的根、茎、叶分别混合均匀。称取 1 g 样品, 装入 10 mL 离心管, 置于液氮速冻 5~10 min, 后放入 -80 ℃ 冰箱保存, 以上操作共重复 6 次, 避免实验偶然性导致结果差异。样品编号分别为 DXJ1~6, DXY1~6, DXG1~6。其中 DXJ 为丹霞梧桐的茎, DXY 为丹霞梧桐的叶, DXG 为丹霞梧桐的根, 数字代表了不同的生物学重复。

1.2 方法

1.2.1 样本提取 称取 20 mg 样品于离心管中, 加入 70% 甲醇水内标提取液 400 μL , 涡旋 3 min, 倘若样品不分散, 加入钢珠继续涡旋 3 min。然后置于冰水浴中超声 10 min, 取出样品继续涡旋 1 min, -20 ℃ 冰箱中静置 30 min。在 4 ℃ 的条件下, 12 000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 离心 10 min, 取上清液 300 μL 到离心管中, 在 4 ℃ 条件下 12 000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 离心 3 min, 取上清液 200 μL 到进样瓶内衬管中, 用于上机分析。质量控制样品则由每个样本提取物中取出 20 μL 的上清液, 混合后混合制备而成。

1.2.2 色谱质谱采集 色谱质谱采集条件如下: 色谱柱为 Waters ACQUITY UPLC HSS T3 C18 1.8 μm , 2.1 mm $\times$ 100.0 mm; 流动相 A 为超纯水 (0.1% 的甲酸); 流动相 B 为乙腈 (0.1% 的甲酸); 仪器柱温为 40 ℃; 流速为 0.40 $\text{mL} \cdot \text{min}^{-1}$; 进样量为 2 μL (表 1~2)。

1.2.3 数据处理 质谱原始数据经过 ProteoWizard 转换为 mzXML 格式, 采用 XCMS 程序进行峰提取, 对齐, 保留时间校正。采用“SVR”方法对峰面积进行校正, 并对各组样本中缺失率 > 50% 的峰进行过滤。校正筛选后的峰, 通过检索实验室自建数据库、整合公共库、AI 预测库以及 metDNA 方法得到代谢物信息。

表 1 色谱柱流动相梯度条件 T3

Table 1 Chromatographic column mobile phase gradient conditions T3

时间/min Time	流速/ (mL · min ⁻¹) Flow velocities	流动相 A/% Mmobile phase A	流动相 B/% Mmobile phase B
0.0	0.4	95	5
11.0	0.4	10	90
12.0	0.4	10	90
12.1	0.4	95	5
14.0	0.4	95	5

表 2 正负离子模式质谱条件 AB

Table 2 Positive and negative ion mode mass spectrometry conditions AB

英文名 English name	中文名 Chinese name	电喷雾正离子化 ESI+	电喷雾负离子化 ESI-
Ion spray voltage	离子化电压/V	5 500	-4 500
Ion source gas1	喷雾器/psi	50	50
Declustering potential (DP)	去簇电压/V	60	-60
Curtain gas	气帘气/psi	35	35
Temperature	温度/℃	550	550
Ion source gas2	辅助热加气/psi	60	60
Collision energy	碰撞能量/V	30	-30

1.2.4 差异代谢物分析 主成分分析 (Principal component analysis, PCA) 是一种无监督模式识别的多维数据统计分析方法^[19], 通过正交变换将一组可能存在相关性的变量转换为一组线性不相关的变量, 转换后的这组变量叫主成分。通过 PCA 可以知道丹霞梧桐根、茎、叶样品间的变异度大小, 反映不同样品间代谢物的差异^[20], 以及所有代谢物的丰度情况, 样本之间的位置越近表示越相似, 越远则差异越大^[21]。

主成分分析法虽然能够有效地提取主要信息, 但是对于相关性较小的变量不敏感, 因此我们加入了正交偏最小二乘法判别分析 (Orthogonal partial least squares discriminant analysis, OPLS-DA) 模型来进行差异检验。正交偏最小二乘法判别分析结合了正交信号矫正 (Orthogonal signal correction, OSC) 和偏最小二乘判别分析 (Partial least squares discriminant analysis, PLS-DA) 方法, 在建模时能够将 X 矩阵信息分解成与 Y 相关和不相关的两类信息^[22], 其中与 Y 相关的变量信息为预测主成分, 与 Y 不相关的变量信息为正交主成分, 通过去除不相关的差异来筛选差异变量。

差异代谢物的分析采用主成分分析和正交最小偏二乘判别分析方法, 显著差异代谢物的筛选

基于 OPLS-DA 模型得到的变量权重重要性排序 (Variable importance in projection, VIP) 和 student's t 检验 P 值来确定, VIP>1 且 $P<0.05$ 的代谢物为显著差异代谢物。将筛选出不同组织的优势代谢物进行京都基因与基因组百科全书 (Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG) 通路富集分析, 绘制火山图与气泡图, 并根据 HMDB 数据库的注释信息, 筛选出黄酮类、萜类和生物碱类 3 种重要次生代谢产物, 对它们在不同器官的相对含量进行分析。

2 结果与分析

2.1 丹霞梧桐代谢物测定结果

代谢物分析结果显示, 共检测到 10 558 个代谢物, 其中二级鉴定代谢物数量为 6 429 个。全部样本代谢物按照物质的一级分类结果显示占比较高的前 5 个分别是苯及其衍生物 (16.77%)、氨基酸及其代谢物 (16.44%)、杂环化合物 (13.74%)、醛酮酯类物质 (9.87%) 以及有机酸及其衍生物 (8.85%); 占比较低的 5 个分别是鞣质 (0.07%)、胆汁酸 (0.10%)、酚酸类 (0.13%)、鞘脂类 (0.21%) 以及色胺、胆碱、色素类物质 (0.38%) (图 1)。

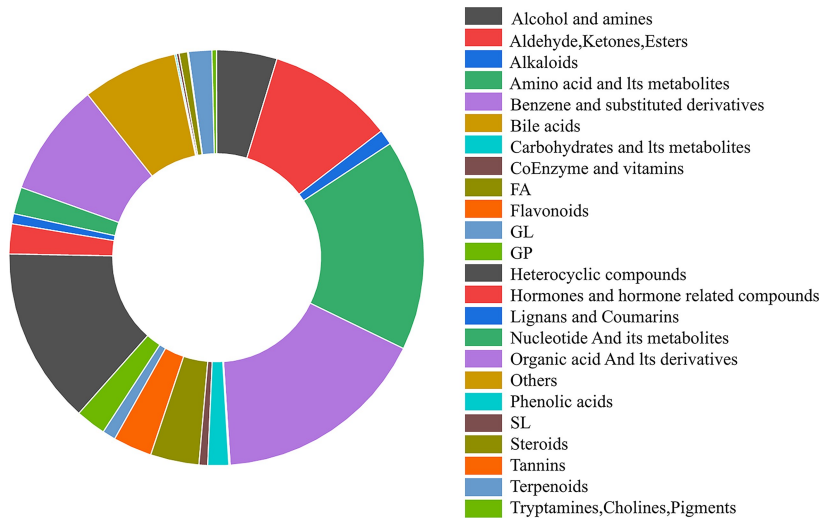


图 1 全部样本代谢物分类
Fig. 1 Classification metabolites in all samples

2.2 丹霞梧桐代谢物主成分分析

对代谢物进行主成分分析结果表明，丹霞梧桐不同器官各代谢组分中均表现出良好的分离度，在两个维度上有明显的分离，第一主成分 PC1 解释率为 37.6%，第二主成分 PC2 解释率为 21.72%，两者总解释率为 59.32%，检测的样本均在各组 95%置信区间内（图 2）。表明丹霞梧桐代谢物的种类与数量在根、茎和叶中有明显的差异，本实验重现性良好，结果可靠。

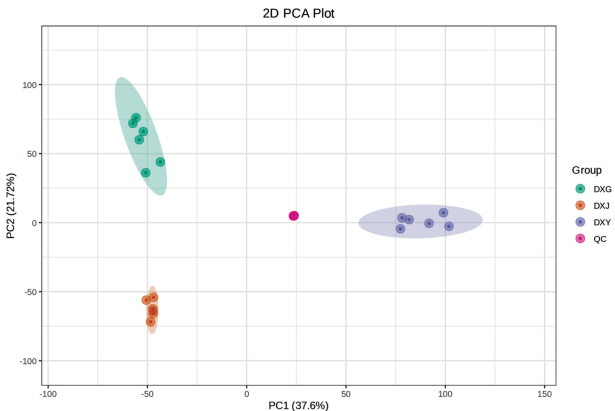


图 2 主成分分析得分
Fig. 2 The principal component analysis score (PCA)

2.3 丹霞梧桐不同器官代谢物的 OPLS-DA 分析

通过差异代谢物分析从丹霞梧桐中共检测出 5 184 个差异显著代谢物，3 组间共有代谢物 907 个（图 3）。其中差异代谢物数量最多的前 5 类代谢物分别为氨基酸及其代谢物（1 082）、苯及其衍生物（795）、杂环化合物（647）、有机酸及其衍生物（464）、醛酮酯类（452）（图 4）；差异代谢

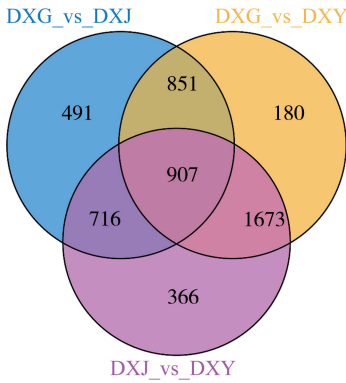


图 3 丹霞梧桐不同器官间差异代谢物韦恩图
Fig. 3 Venn diagram of differential metabolites between different organs of *Firmiana danxiaensis*

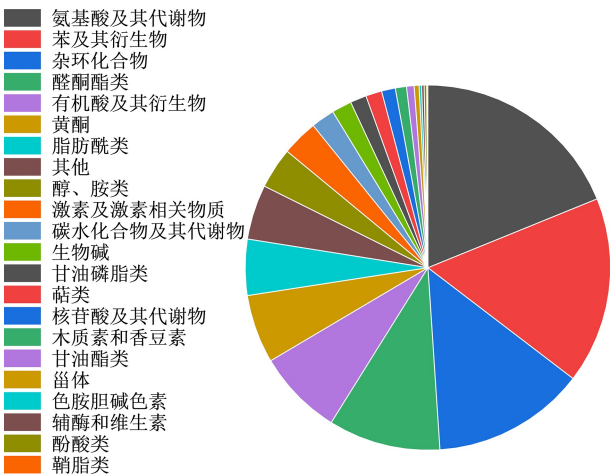


图 4 丹霞梧桐不同器官比较组差异代谢物分类
Fig. 4 Classification of differential metabolites in different organ comparison groups of *Firmiana danxiaensis*

物最少的前 5 类代谢物分别为鞣质（1）、胆汁酸（6）、鞘脂类（12）、酚酸类（12）、辅酶和维生

素 (16)。鉴定出黄酮类物质 202 个, 萜类化合物 87 个。图 5 所示, 在根与茎组别, 共有 2 965 个差异代谢物, 其中 1 323 个代谢物上调, 1 642 个代谢物下调; 在根与叶组别, 共有 3 611 个差异代谢物

物, 其中 2 376 个代谢物上调, 1 235 个代谢物下调; 在茎与叶组别, 共有 3 662 个差异代谢物, 其中 2 614 个代谢物上调, 1 048 个代谢物下调。

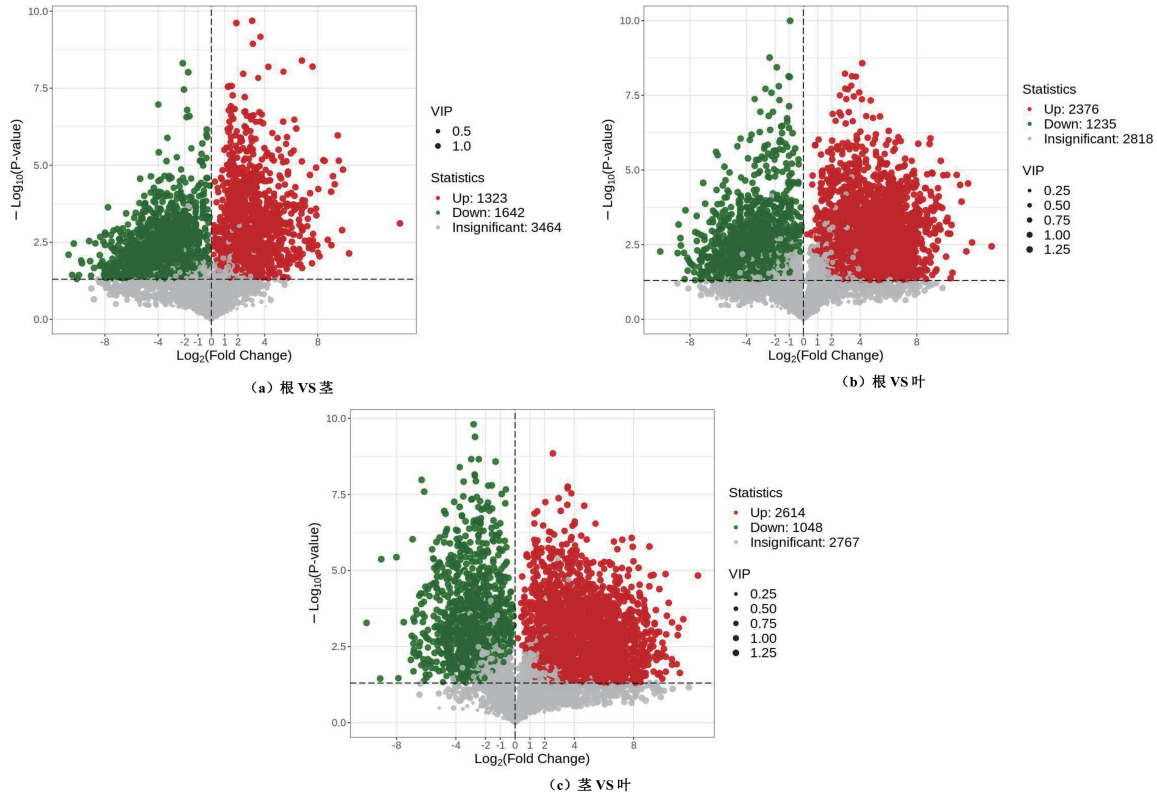


图 5 丹霞梧桐不同器官差异代谢物的火山图

Fig. 5 Volcano diagram of differential metabolites in different organs of *Firmiana danxiaensis*

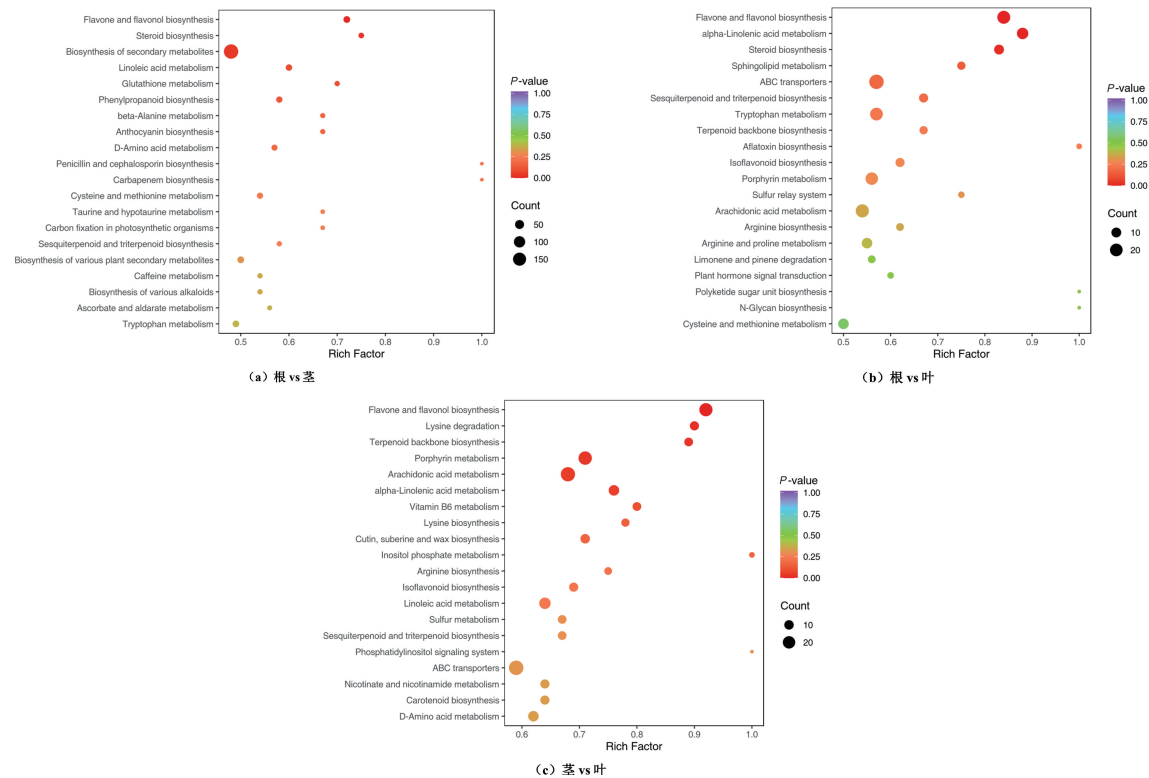
2.4 丹霞梧桐差异代谢物 KEGG 富集分析

为进一步了解丹霞梧桐不同器官差异代谢物所参与的生物学通路, 根据差异代谢物分析的结果, 进行 KEGG 通路富集。图 6 将富集分析的前 20 个通路根据 P -value 有显著性差异的结果从小到大进行了排列, 从图 6 (a) 中可以看出丹霞梧桐根与茎的比较组中富集显著的前 5 条代谢通路为黄酮与黄酮醇的生物合成, 类固醇生物合成, 次生代谢产物的生物合成, 亚油酸代谢和谷胱甘肽代谢; 从图 6 (b) 中可以看出丹霞梧桐根与叶的比较组中富集显著的前 5 条代谢通路为黄酮与黄酮醇的生物合成, α -亚麻酸代谢, 类固醇生物合成, 鞘脂代谢和 ABC 转运体; 从图 6 (c) 中可以看出丹霞梧桐茎与叶的比较组中富集显著的前 5 条代谢通路为黄酮与黄酮醇的生物合成, 赖氨酸降解, 萜类主链生物合成, 卟啉代谢和花生四烯酸代谢。在这些比较组中, 黄酮与黄酮醇的生物合成富集均较为显著。

3 讨论与结论

丹霞梧桐作为我国南岭重要的植物资源不仅形色美观, 具有一定的观赏价值, 而且也是重要的荒山造林生态树种。目前我国对于丹霞梧桐的研究时间较短, 罗晓莹^[24]等通过对丹霞梧桐种子形态及萌发特性进行研究, 确定丹霞梧桐的适宜采种期, 使得丹霞梧桐的栽培更为科学严谨; 朱满乐^[25]与李芮芝^[26]各自的团队基于 Maxent 模型模拟丹霞梧桐潜在的适生区域, 为丹霞梧桐的保护和引种地选择提供了理论参考依据; 武星彤^[27]等基于丹霞梧桐转录组数据进行 EST-SSR 标记开发, 为丹霞梧桐群体遗传结构分析和适应性进化研究提供了良好的候选标记。

本研究基于非靶向代谢组学技术系统研究了丹霞梧桐不同器官之间的代谢物差异, 共鉴定出 5 184 个差异代谢物, 共有差异代谢物有 907 个, 其中, 黄酮类物质有 55 个 (6.0%), 这些都是后



注：Rich Factor 为对应通路中差异代谢物个数与该通路所注释到的代谢物总数的比值，该值越大表示富集程度越大； P -value 为超几何检验 P 值， P -value 越接近于 0 表示富集越显著^[23]。
Note: Rich Factor is the ratio of the number of differential metabolites in the corresponding pathway to the total number of metabolites annotated in the pathway; The larger the value, the greater the degree of enrichment; The P -value is the hypergeometric test P -value; The closer the P -value is to 0, the more significant the enrichment is^[23].

图 6 丹霞梧桐不同器官间的 KEGG 富集通路
Fig. 6 KEGG enrichment pathways among different organs of *Firmiana danxiaensis*

续丹霞梧桐代谢组学研究的关键代谢物。按照其一级分类共分为 24 类，主要包括氨基酸及其代谢物、苯及其衍生物、杂环化合物、醛酮酯类、有机酸及其衍生物、黄酮、脂肪酰类、甘油磷脂类。结合 KEGG 富集分析以及核心代谢物差异分析，发现丹霞梧桐的黄酮类化合物在不同比较组间的通路分析均有较显著的表达，富集最显著的代谢通路为黄酮与黄酮醇的生物合成。黄酮类化合物是以黄酮（2-苯基色原酮）为母核而衍生的一类黄色色素，属次生代谢物；黄酮具有抗衰老、改善血液循环、抗炎的作用，通过文献研究发现，与丹霞梧桐同为梧桐科的胖大海为 2020 年版《中华人民共和国药典》收录药材^[28]，属于我国卫生部公布的药食同源品种之一，是清咽利喉类药材中应用频率最高的药食两用药材^[29-30]。目前在胖大海中共分离得到的黄酮类化合物有 6 个，本研究在丹霞梧桐不同器官的核心差异代谢物中发现 16 个黄酮化合物参与了代谢通路。槲皮素^[31] 具

有显著的祛痰和止咳作用，同时展现出良好的抗氧化、抗炎、抗菌等抗逆特性，并且在心血管保护以及抑制多种恶性肿瘤方面发挥积极作用。在丹霞梧桐的茎和叶中，槲皮素含量较高，被注释到黄酮和黄酮醇的生物合成代谢途径；黄芪是另一种重要的黄酮化合物，具有益气固表、利尿解毒的功效，显著提升血液中白细胞总数，并增强中性粒细胞和巨噬细胞的吞噬及杀菌能力。在丹霞梧桐的茎和叶中，黄芪含量相对较高，并且显示出显著差异，被注释到黄酮和黄酮醇的生物合成代谢途径以及次生代谢产物的生物合成代谢通路。木犀草素是一种天然黄酮类化合物，具有消炎、抗过敏、降尿酸、抗肿瘤、抗菌、抗病毒等^[31] 功效，目前在临床上主要用于止咳、祛痰、消炎^[32]、治疗心血管疾病等。在丹霞梧桐根和叶中的木犀草素含量较高，在 KEGG 通路中注释到黄酮和黄酮醇的生物合成、次生代谢产物的生物合成、代谢途径以及类黄酮生物合成代谢通路。

本研究基于非靶向代谢组学对丹霞梧桐不同器官进行差异代谢物分析, 利用主成分分析和多元统计分析方法中的 OPLS-DA 分析等方法对丹霞梧桐不同器官代谢产物进行区分, 共筛选出 5 184 个差异显著代谢物, 其中差异代谢物数量最多的前 5 类代谢物分别为氨基酸及其代谢物、苯及其衍生物、杂环化合物、有机酸及其衍生物、醛酮酯类。其中, 具有药用价值的黄酮类物质共 202 个, 数量最多, 这些差异代谢物主要参与黄酮和黄酮醇的生物黄酮代谢通路。本研究为后续进一步探究丹霞梧桐药用价值提供了思路。

参考文献

- [1] 周小芬, 文亚峰, 张原, 等. 极小种群野生植物丹霞梧桐繁育技术[J]. 湖南林业科技, 2021, 48(5): 53-57.
- [2] LIU C, AI M, ZHUO C, et al. Detection of *Firmiana danxiaensis* canopies by a customized imaging system mounted on an UAV platform[J]. Journal of sensors, 2018, 2018(9): 1-12.
- [3] 欧阳杰, 彭华, 罗晓莹, 等. 丹霞山国家珍稀濒危保护植物丹霞梧桐空间分布的微地貌环境特征研究[J]. 地理科学, 2017, 37(10): 1585-1592.
- [4] 欧阳杰. 丹霞山国家重点保护野生植物丹霞梧桐生态保护红线研究[J]. 地理科学, 2019, 39(7): 1166-1173.
- [5] 罗晓莹, 陈秋慧, 蔡纯榕, 等. 极小种群植物丹霞梧桐群落的地理区系成分分析[J]. 韶关学院学报, 2015, 36(12): 28-31.
- [6] 陈璐, 周宏, 王敏求, 等. 丹霞梧桐群落特征比较研究[J]. 中国野生植物资源, 2018, 37(2): 46-49.
- [7] FAN Q, CHEN S, LI M, et al. Development and characterization of microsatellite markers from the transcriptome of *Firmiana danxiaensis* (Malvaceae s. l.) [J]. Applications in plant sciences, 2013, 1(12): 1300047.
- [8] CHEN S, LI M, HOU R, et al. Low genetic diversity and weak population differentiation in *Firmiana danxiaensis*, a tree species endemic to Danxia landform in northern Guangdong, China[J]. Biochemical systematics and ecology, 2014, 55, 66-72.
- [9] 武星彤, 陈璐, 王敏求, 等. 丹霞梧桐群体遗传结构及其遗传分化[J]. 生物多样性, 2018, 26(11): 1168-1179.
- [10] 魏玲玲, 旺姆, 曾兴权. 代谢组学解析西藏青稞白粉病分子机制[J]. 高原农业, 2019, 3(5): 493-499.
- [11] 殷晓阳, 张晓朦, 刘泽宇, 等. 基于网络药理学和非靶向代谢组学的吴茱萸心脏毒性研究[J]. 中国药物警戒, 2024, 21(11): 1216-1223.
- [12] 杨念, 杨柳, 郑思嘉, 等. 基于非靶代谢组学探讨荣肝复方对小鼠慢性肝纤维化的干预机制[J]. 中医学报, 2024, 39(10): 2176-2184.
- [13] 李卓颖, 项永兵. 代谢组学技术在肝癌病因学研究中的应用与进展[J]. 中国肿瘤, 2024, 33(11): 952-959.
- [14] 田孟尧, 罗珂珂, 王梦晓, 等. 茯苓运化颗粒治疗 2 型糖尿病大鼠的非靶向代谢组学分析[J]. 中国实验方剂学杂志, 2024, 30(23): 195-204.
- [15] 吕尚, 杨世林, 饶毅, 等. 代谢组学及其相关技术在中药研发领域的应用进展[J]. 中国中药杂志, 2018, 43(21): 4182-4191.
- [16] 黄婷, 彭冠明, 林昌明, 等. 猴耳环嫩枝和叶组织的代谢物分析[J]. 林业与环境科学, 2021, 37(4): 33-39.
- [17] 司徒荣贵, 黄婷, 彭冠明, 等. 4 种松花粉的成分鉴定和差异分析[J]. 林业与环境科学, 2021, 37(5): 19-24.
- [18] 曾韦珊, 黄林旺, 陈曼钰, 等. 火炬松针叶与树皮代谢组比较分析[J]. 林业与环境科学, 2022, 38(1): 51-61.
- [19] 刘文媛, 李春义, 巴恒星, 等. 鹿茸 4 个区段非靶向代谢组学研究[J]. 吉林农业大学学报, 2020, 42(4): 454-466.
- [20] 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.
- [21] 李鑫磊, 俞晓敏, 林军, 等. 基于非靶向代谢组学的白茶与绿茶, 乌龙茶和红茶代谢产物特征比较[J]. 食品科学, 2020, 41(12): 197-203.
- [22] 唐丽昕, 张然然, 刘华森, 等. 梅花鹿蜡片茸与血片茸脂质谱组分比较研究[J]. 特产研究, 2020, 42(3): 1-5, 11.
- [23] 吴宇, 蔡洪梅, 许波, 等. 不同季秸秆全量还田对小麦根系分泌物的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2022, 30(12): 1938-1948.
- [24] 罗晓莹, 古龙海, 莫罗坚. 丹霞梧桐不同成熟度种子的形态及萌发特性研究[J]. 种子, 2022, 41(9): 47-52, 149.
- [25] 朱满乐, 韦宝婧, 胡希军, 等. 基于 MaxEnt 模型的濒危植物丹霞梧桐潜在适生区预测[J]. 生态科学, 2022, 41(5): 55-62.
- [26] 李芮芝, 胡希军, 文亚峰, 等. 基于 Maxent 模型的丹霞梧桐生境预测模拟分析[J]. 中国野生植物资源, 2022, 41(6): 1-7, 30.
- [27] 武星彤, 陈璐, 王敏求, 等. 基于丹霞梧桐转录组数据的 EST-SSR 标记开发[J]. 植物遗传资源学报, 2019, 20(5): 1325-1333.
- [28] 国家药典委员会编. 中华人民共和国药典一部 2020 年版[M]. 北京: 中国医药科技出版社, 2020.
- [29] 朱焕容, 欧国灯, 罗燕玉, 等. 中药材在清咽类保健食品中的应用及其功效成分研究进展[J]. 中国药房, 2013, 24(27): 2581-2583.
- [30] 陆华. 卫生部公布的 87 种药食同源品种的药性和食性与五行分类研究[J]. 光明中医, 2013, 28(7): 1493-1494.
- [31] 陆祥, 蒋成君. 黄酮类化合物共晶研究进展[J]. 医药导报, 2019, 38(7): 921-926.
- [32] 何丽娜, 何素冰, 杨军. 木犀草素体外抗柯萨奇 B₃ 病毒的作用[J]. 中国现代应用药学, 2000(5): 362-365.