

# 代谢组学技术在果实采后生理 研究中应用的研究进展

邵淑君, 王东阳, 季娜娜, 张新华, 李富军

(山东理工大学 农业工程与食品科学学院, 山东 淄博 255049)

**摘要:**代谢组学是对生物体内代谢物组的含量或变化进行测定,进而研究生物体的整体功能状态的技术。在介绍代谢组学相关概念的基础上,重点介绍了代谢组学研究过程中的样品提取、分析技术和数据分析的常用方法,并对该技术在果实采后生理和病理方面的研究进展进行了综述,最后对该技术目前存在的问题和发展趋势进行了分析和展望,以期促进代谢组学技术在果实采后生理研究中的应用。

**关键词:**代谢组学;果实;采后生理;综述

**中图分类号:**S 609+.3 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)21-0192-05

## 1 概念

代谢是生命活动中所有化学变化的总称,代谢活动是生命活动的本质特征和物质基础,代谢物是生物体受遗传控制和环境影响的最终表达产物,代谢物组是指生物体内所有小分子代谢物的总和,是生物体的特定部分在特定环境中,经基因组表达和新陈代谢产生的中间产物及终产物,其水平代表了基因和环境变化的最终表现<sup>[1-2]</sup>。

通过测定代谢物组的含量或变化研究生物体的系统生化谱和功能调节,目的在于研究生物体的整体功能状态的科学即为代谢物组学,又称代谢组学(Metabolomics)<sup>[3-4]</sup>。

代谢组学是继基因组学、转录组学和蛋白质组学之后兴起的一门新学科,是系统生物学的重要组成部分。利用代谢组学技术可对生物体内所有代谢物进行分析,并寻找代谢物与生理病理变化的相对关系<sup>[5]</sup>。该技术以高通量分析代谢物为目的,是目前发展最快速的分析方法之一<sup>[6]</sup>。

代谢组学技术在当前许多的研究领域,如从医学检测到新药的研发,从生命代谢到食品质量的监测等,都得到了快速应用。在医学领域,NICHOLSON等<sup>[7]</sup>在进

一步系统地定义了代谢组学的概念后,利用代谢组学技术分析了大鼠尿液的代谢产物成分及其变化;在制药方面,ZHANG等<sup>[8]</sup>利用代谢组学技术分析了丹桂中用于补血补气的有效成分;在中医方面,NI等<sup>[9]</sup>利用代谢组学的气相色谱质谱联用仪和液相色谱质谱联用仪的联用技术研究,中药马兜铃酸的药毒性以及它对肾脏的毒副作用<sup>[9]</sup>。在食品研究领域,利用代谢组学的核磁共振、气相色谱、液相色谱以及质谱之间的联用等技术建立的快速检测方法,可使小分子物质的分离鉴别更快速简单,已经用于质量检测与鉴定、过程加工、食品安全的鉴定等各个方面<sup>[10]</sup>。

## 2 代谢物组学的研究方法

代谢物组学以高通量或大规模试验方法和统计、计算分析相结合为特征,研究流程包括对生物样品中代谢物进行提取和预处理、代谢组分的定性和定量检测以及对海量数据的降维解析<sup>[2]</sup>。一个典型的代谢组学研究的工作流程一般包括样品的提取、样品的分析和数据的解析3个步骤<sup>[11]</sup>。

### 2.1 样品的提取

由于果实样品中代谢物的理化性质和浓度差异非常大,没有任何一种样品采集和制备方法适用于所有代谢物。选择样品采集和制备方法时应充分考虑样品的理化性质、分析目的和所使用的分析技术的适配性<sup>[12]</sup>。

### 2.2 样品的分析

在代谢组学分析的过程中,样品的制备完成后,选择能够分析与鉴别出主要化学物质的技术尤为重要<sup>[13]</sup>。气相色谱-质谱联用(GC-MS)、液相色谱-质谱联

**第一作者简介:**邵淑君(1990-),女,硕士研究生,研究方向为果蔬采后生理。E-mail:18766965255@163.com

**责任作者:**李富军(1977-),男,博士,教授,现主要从事果蔬采后生理等研究工作。E-mail:15898761364@163.com

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(31101587)。

**收稿日期:**2016-08-04

用(LC-MS)和核磁共振(NMR)是代谢组学分析中最主要的技术。

GC-MS作为代谢物的主流检测技术,具有高的分离效率,一般可直接用于分析复杂的挥发性混合物,如醇类、醛类、呋喃类、酮、萜类化合物等<sup>[5,14]</sup>。对于非挥发性化合物的检测,GC-MS通常需要将提取的分析物进行化学衍生。常见的衍生过程包括三甲基硅烷和重氮甲烷的反应<sup>[15-17]</sup>,但衍生化处理的缺点在于耗时而且容易引起样品的变化,因此,GC-MS技术不能分析热不稳定物质和一些大分子的代谢产物<sup>[18]</sup>。

尽管GC-MS具有分离效率高的优点,但是其缺点在于费力耗时并且不适用于大样本检测。质子转移反应-飞行时间质谱技术(PTR-TOF-MS)克服了GC-MS的局限性<sup>[19]</sup>,集高灵敏度与分析的快速性等优点,在GC-MS的代谢组学分析技术中展现了良好的前景<sup>[20]</sup>。PTR-TOF-MS技术最近被应用于苹果中挥发性成分的研究并获得了成功<sup>[21-22]</sup>。

LC-MS也是代谢组学研究中的重要分析技术,其中高效液相色谱(HPLC)更具有效率高、速度快、应用范围广等特点。当其与MS联用时,能够集HPLC高分离性能和MS高灵敏度、高专属性优点于一体,且具有提纯和制备单一物质的能力。目前,HPLC-MS技术已发展为代谢组学研究的主流技术手段<sup>[15]</sup>。与GC-MS相比,LC-MS技术需要的样品处理简单,一般不需要对样品进行衍生,更适用那些热不稳定,不易挥发、不易衍生化和分子量较大的物质<sup>[18,23]</sup>。

NMR由于其灵敏性、无损性、良好的重现性以及具有能够根据特征峰定性的探测代谢物成分等优点,已发展为代谢组学中最常用的分析检测技术<sup>[24]</sup>。向欢等<sup>[25]</sup>利用基于NMR的代谢组学技术,研究了口服葡萄籽提取物后人体尿液中内源性代谢产物的变化规律,结果发现葡萄籽提取物对人体尿液中内源性代谢产物的调节作用显著。王穆等<sup>[26]</sup>利用基于NMR的代谢组学方法,研究了由对环磷酰胺诱发的血虚症模型,发现四物汤(含有芍药、当归、地黄和川芎)能够减缓血虚症引起的能量代谢失衡等病症。

### 2.3 数据的解析

在代谢组学研究过程中会产生大量的原始数据,在对代谢组学数据统计分析之前必须要先经过仪器平台进行预处理,如峰强度提取、谱峰识别、滤噪、色谱峰对齐、质谱归属等将波谱信号转换为数据信息,然后进行归一化、标准化和特征提取等统计分析 with 模式识别,以挖掘隐含于数据中的生物学信息,这是后续单维和多维统计分析、生物标志物筛选的重要前提<sup>[27-28]</sup>。数据进行预处理之后需要进行数据分类,并分析数据中多种自变量与因变量之间的各种相关关系。

正常情况下,处理、挖掘如此大量的数据需要应用专门的统计分析软件工具<sup>[29-30]</sup>,如SAS、SPSS、MATLAB等<sup>[31]</sup>。在数据分类处理中,以主成分分析(principal components analysis,PCA)和偏最小二乘法(partial least squares,PLS)最为常用。

PCA是处理代谢组学产生的大量数据的一种常用方法<sup>[32]</sup>。该方法利用数学降维分析的思想,先将最初的分散变量集中,然后选取其中几个综合变量,并将它们作为主成分来代表原始数据,进而分析机体内部的代谢情况<sup>[33]</sup>。利用经典PCA进行代谢组学大量数据分析时,数据中出现的离群的样本点会影响结果的准确性<sup>[32]</sup>。因此,HOLMES等<sup>[34]</sup>提出可通过设置一定置信度的置信区间的方式来剔除离群的样本点,ERIKSSON等<sup>[35]</sup>提出的稳健PCA(ROBPCA)则能够在保证分析结果准确的情况下找到不受离群样本点干扰的主成分。该技术(ROBPCA)尤其适合于代谢组学分析中的离群样本点的诊断,并可以从生物信息学角度预测潜在的离群样本点有待进一步分析<sup>[32]</sup>。

PLS是由PCA逐渐演变而来的一种有监督模式的分类算法。由于其具有较好的稳定性和分类特性,可以更方便的分析出类别间的差异,后被用于代谢组学的数据分析中<sup>[36]</sup>。PLS的中心思想是首先在自变量集中提取出第一主成分 $c$ ,然后建立因变量集与 $c$ 的关系,如果方程已达到预定的准确度,则算法停止。否则继续提取第二主成分,直到达到预定的准确性为止,若此过程共提取 $r$ 个主成分 $c_1, \dots, c_r$ ,PLS将建立因变量集与 $c_1, \dots, c_r$ 的对应关系,并用方程式的形式表示出来<sup>[37]</sup>。通过PLS分析数据得到因变量与自变量的函数关系后,可以建立拟合的预测模型;还可以简化数据结构,获得多自变量与多因变量的回归关系<sup>[38]</sup>。

## 3 代谢组学在果实采后研究中的应用

研究发现果实在成熟的过程中,内部水分以及碳水化合物等物质都处在变化中,通过测定这些物质的状态变化以及量的变化可以测定果实的生理状态<sup>[39]</sup>。代谢组学的方法着重于高通量分析生物材料内小分子代谢物,进而能够从更广泛的范围无目标性的分析代谢物与生物性状的相关性,在测定果实采后物质的状态变化时能够得到较好的应用<sup>[40]</sup>。因此,代谢组学的方法在果实采后研究中前景广阔。

### 3.1 代谢组学技术在果实采后生理方面的研究进展

已有研究开始采用代谢组学技术研究果实采后生命代谢活动,并取得了初步的研究成果。TIETEL等<sup>[41]</sup>利用基于GC-MS的代谢组学技术分析了厌氧处理后柑橘果实的风味物质,发现导致柑橘果实出现异味的物质有熟知的乙醇和乙醛,还有脂肪酸和氨基酸的衍生化代

代谢产物,如乙基酯。SATORU等<sup>[42]</sup>将基于 NMR 的代谢组学技术应用于苹果品种区别研究中,通过主成分分析和 PLS-DA 判别技术,发现 L-鼠李糖醇能够作为一种新的代谢标记物,可用于区分不同的苹果品种,对苹果品种和地理起源的潜在的代谢特性具有较高的贡献率。DENDRIESSCHE 等<sup>[43]</sup>利用 NMR 技术研究了几种采前及采后因素与苹果贮藏期间代谢水平变化和内部褐变发生的关系,结果表明,肥料和果面(绿面与红面)不影响苹果代谢水平,贮藏条件显著影响代谢水平,此外还证明了对褐变敏感和不敏感的苹果之间,存在代谢差异,例如丙酮酸、柠檬酸、延胡索酸、丙氨酸、绿原酸、甲醇、乙醇、乙醛和 3-羟基丁酮等。

### 3.2 代谢组学技术应用于果实采后病理的研究

Braeburn 苹果贮存期间易发生果肉褐变,HA-TOUM 等<sup>[44]</sup>利用基于 GC-MS 的代谢组学技术,研究了在 Braeburn 果实采前喷施钙、钾以及三唑杀真菌剂后对其初级代谢产物的影响,结果发现果肉褐变的发生与初级代谢产物浓度随时间的变化有关系。虎皮病是一种重要的生理障碍,严重影响苹果果实采后贮藏。到目前为止, $\alpha$ -法尼烯的积累并进一步氧化,被认为是这种生理病变发展的最可能的原因。FARNETI 等<sup>[19]</sup>利用 PTR-TOF-MS 的代谢组学技术,检测了澳洲青苹果实中有机化合物(VOC)与虎皮病发生的相关性。在该项研究中,将对照组织与用 1-甲基环丙烯(1-MCP)处理的组织相比较,通过 PTR-TOF-MS 进行 VOC 的阵列快速和非破坏性分析,得出结果 6-甲基-5-庚烯-2-酮(MHO)与苹果虎皮病的发展显著相关,并提出 MHO 可以作为一个可能的生化标志物的用以在早期检测的虎皮病的症状。LEE 等<sup>[45]</sup>利用 GC-MS、PLS-DA 技术,对 1-MCP 处理后冷藏的 Empire 苹果进行了代谢组学分析,结果发现 1-MCP 处理对大多数的碳水化合物和有机酸影响不明显,但对氨基酸和挥发性代谢产物的水平有显著影响;贮存结束时,在 1-MCP 处理的果实中,山梨糖醇和一些氨基酸的水平升高;1-MCP 处理会降低许多挥发性成分的水平。由此提出,贮藏过程中的这些代谢变化可能与果肉褐变症状发展有关。

### 4 问题与展望

从总体研究领域来看,代谢组学技术距离广泛的应用还需要克服以下 4 个问题。1)用于代谢组学分析常用的几个平台,目前还没有完全满足需求的处理数据的软件与之相配套,致使分析产生的海量数据无法在短时间内进行准确的分析。2)在数据获得和分析方面,应注重寻求方法的稳定性和数据的重现性。代谢组学数据在测定和分析过程中极易被干扰,一个原因在于采集试验数据的仪器精度、试验方法、处理条件的差异,会对数据采集的准确性和稳定性造成干扰;此外,利用代谢组

学获得的是海量的试验数据,不同因子之间可能存在不同程度的相关性,这也会对目标因子的寻求造成干扰。所以,保证代谢组学技术方法与数据的稳定性和重现性也是代谢组学应注意的问题。3)针对不同研究领域,完善相应的数据库。由于代谢组学技术是比较新的技术,在许多研究领域内还没有建立完善的数据库,这也阻碍了代谢组学技术的发展。比如在果蔬采后生理学研究领域,由于代谢组学技术研究与应用较少,目前还有相当大的一部分代谢产物未被鉴定,这构成了代谢组学在果实采后生理中发展的障碍<sup>[46]</sup>。4)代谢组学技术与其它组学技术的联用。以果实采后生理学为例,果实采后的生理变化是很复杂的过程,代谢组学技术只检测了在代谢层面相关的数据,而在基因、蛋白质等层面的检测,则需要其它组学技术研究进行补充和验证。不同组学之间数据结果的相互印证,可以为诸多生理学关键问题提供更为精确的试验证据。

总体来看,过去的十几年来代谢组学技术发展和应用较快,其中主要集中于医学研究领域。鉴于代谢组学技术具有应用范围广,非目标性以及高通量分析小分子代谢物等优点,其在果蔬采后生理方面的应用必将推动果蔬采后生理学在更深和更广的领域快速发展。

### 参考文献

- [1] 唐惠儒,王玉兰.代谢组研究[J].生命科学,2007,19(3):272-280.
- [2] 董登峰.代谢组学方法及其在植物学研究中的应用[J].广西植物,2007,27(5):765-769.
- [3] TWEEDALE H, NOTLEY MCROBB L, FERENCI T. Effect of slow growth on metabolism of *Escherichia coli*, as revealed by global metabolite pool (Metabolome) analysis[J]. Bacteriol, 1998, 180(19):5109-5116.
- [4] 谢跃生,潘桂湘,高秀梅,等.高效液相色谱技术在代谢组学研究中的应用[J].分析化学评述与进展,2006,34(11):1644-1648.
- [5] HANHINEVA K, AHARONI A. Metabolomics in fruit development [M]. Springer Netherlands; Molecular Techniques in Crop Improvement, 2010:675-693.
- [6] 张敏,焦宏,郭捷.基于 NMR 代谢组学技术对山药化学成分的研究[J].食品工程,2014(4):19-22.
- [7] NICHOLSON J K, LINDON J C, HOLMES E. Metabonomics: understanding the metabolic responses of living systems to pathophysiological stimuli via multivariate statistical analysis of biological NMR spectroscopic data[J]. Xenobiotica, 1999, 29(11):1181-1189.
- [8] ZHANG X, QI L W, YI L, et al. Screening and identification of potential bioactive components in a combined prescription of *Danggui buxue* decoction using cell extraction coupled with high performance liquid chromatography [J]. Biomed Chromatogr, 2008, 22(2):157-163.
- [9] NI Y, SU M, QIU Y, et al. Metabolic profiling using combined GC-MS and LC-MS provides a system understanding of aristolochic acid induced nephrotoxicity in rat[J]. FEBS Letters, 2007, 581(4):707-711.
- [10] CEVALLOS J M, REYES J I, ETXEBERRIA E, et al. Metabolomic analysis in food science: A review[J]. Trends Food Science and Technology, 2009, 20(11-12):557-566.
- [11] 毛煜,袁伯俊.代谢组学的研究现状与展望[J].中国新药杂志,2007,16(13):1005-1009.



- [12] 冯利,曹芳瑞,刘新民,等.非靶向代谢组学生物样品采集和制备方法探讨[J].中南药学,2014,12(12):1217-122.
- [13] 许国旺,路鑫,杨胜利.代谢组学研究进展[J].中国医学科学院学报,2007,29(6):701-711.
- [14] FERNIE A R, TRTHEWEY R N, KROTZKY A J, et al. Metabolite profiling: From diagnostics to systems biology[J]. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2004(5):1-7.
- [15] HALLKET J M, WATERMAN D, PRZYBOROWSKA A M, et al. Chemical derivatization and mass spectral libraries in metabolic profiling by GC/MS and LC/MS/MS[J]. Experimental Botany, 2005, 56: 219-243.
- [16] SEGER C, STURM S. Analytical aspects of plant metabolite profiling platforms: Current standings and future aims[J]. Proteome Research, 2007(6):480-497.
- [17] DETTMER K, ARONOV P A, HAMMOCK B D. Mass-spectrometry based metabolomics[J]. Mass Spectrometry Reviews, 2007, 26: 51-78.
- [18] 林艳萍,司端运,刘昌孝.液相色谱和质谱联用技术结合化学计量学应用于代谢组学的研究进展[J].分析化学,2007,35(10):1535-1540.
- [19] FARNETI B, BUSATTO N, KHOMENKO I, et al. Untargeted metabolomics investigation of volatile compounds involved in the development of apple superficial scald by PTR-ToF-MS[J]. Metabolomics, 2015(11):341-349.
- [20] JORDAN A, HAIDACHER S, HANEL G, et al. A high resolution and high sensitivity proton-transfer-reaction time-of-flight mass spectrometer (PTR-TOF-MS)[J]. International Journal of Mass Spectrometry, 2009, 286: 122-128.
- [21] CAPPELLIN L, KARL T, PROBST M, et al. On quantitative determination of volatile organic compound concentrations using proton transfer reaction time-of-flight mass spectrometry[J]. Environmental Science and Technology, 2012, 46: 2283-2290.
- [22] SOUKOULIS C, CAPPELLIN L, APREA E, et al. PTR-ToF-MS a novel rapid high sensitivity and non-invasive tool to monitor volatile compound release during fruit post-harvest storage: The case study of apple ripening[J]. Food and Bioprocess Technology, 2013(6):2831-2843.
- [23] HENG Y, SHU G L, XUE F B, et al. Research advances in plant metabolomics[J]. Chinese Bulletin of Botany, 2005, 22(5):532-540.
- [24] 张敏,焦宏,郭捷.基于NMR代谢组学技术对山药化学成分的研究[J].食品工程,2014(4):19-23.
- [25] 向欢,高耀,彭国柱,等.葡萄籽提取物对健康人体尿液的代谢组学研究[J].食品工业科技,2015,36(12):344-348.
- [26] 王穆,让蔚清,张琪,等.四物汤对环磷酰胺所致血虚证治疗后的代谢组学研究[J].中国中药杂志,2010,35(5):630-634.
- [27] ROYSTON G. Metabolomics of a *Superorganism*[J]. Journal of Nutrition, 2007, 137(1):259-266.
- [28] 许国庆,王斐.面向代谢组学数据的分类算法研究[D].沈阳:东北大学,2013.
- [29] SAITO K, DIXON R, WILLMITZER L, et al. Plant metabolomics[M]. Berlin: Springer Science and Business Media, 2006: 141-154.
- [30] WANTE J, NORD S A, MORITA H, et al. From exogenous to endogenous: The inevitable imprint of mass spectrometry in metabolomics[J]. Journal of Proteome Research, 2007, 6(2):459-468.
- [31] SANCHZ P E M, GARCIA L J, JOSE L M, et al. HRMAS-nuclear magnetic resonance spectroscopy characterization of tomato 'flavor varieties' from Almería (Spain)[J]. Food Research International, 2011, 44(10):3212-3221.
- [32] 李晶,吴晓健,刘昌孝,等.代谢组学研究中数据处理新方法的应用[J].药学报,2006,41(1):47-53.
- [33] CAMPBELL W M, STURIM D E, REYNOLDS D A. Support vector machines using GMM supervectors for speaker verification[J]. Signal Processing Letters, IEEE, 2006, 13(5):308-311.
- [34] HOLMES E, NICHOLLS A W, LINDON J C, et al. Chemometric models for toxicity classification based on NMR spectra of biofluids[J]. Chemical Research in Toxicology, 2000(13):471-478.
- [35] ERIKSSON L, JOHANSSON E, WOLD N K. Multi and megavariable data analysis: Principles and applications[M]. Sweden: Umetrics Academy, 2001:43-63.
- [36] BOULESTEIX A L, STRIMMER K. Partial least squares: A versatile tool for the analysis of high-dimensional genomic data[J]. Briefings in Bioinformatics, 2007, 8(1):32-44.
- [37] 崔波,冉冉,许义,等.组学技术与果蔬采后质量和安全控制[J].食品安全质量检测学报,2013,4(6):1683-1691.
- [38] 林燕.偏最小二乘变量筛选法及其应用研究[D].厦门:厦门大学,2007.
- [39] KHAKIMOV B, BAK S, ENGELSEN S B. High-throughput cereal metabolomics: Current analytical technologies, challenges and perspectives[J]. Journal of Cereal Science, 2013, 12(3):1-26.
- [40] WISHART D S. Metabolomics: applications to food science and nutrition research[J]. Trends Food Science and Technology, 2008, 19(9):482-493.
- [41] TIETEL Z, LEWINSOHN E, FALLIK E, et al. Elucidating the roles of ethanol fermentation metabolism in causing off-flavors in mandarins[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2011, 59(21):11779-11785.
- [42] SATORU T, TADASHI N, YOSUKE M, et al. A NMR-based, non-targeted multistep metabolic profiling revealed L-rhamnitol as a metabolite that characterised apples from different geographic origins[J]. Food Chemistry, 2015, 174:163-172.
- [43] van DENDRIESSCHE T, SCHAFER H, VERLINDEN B E, et al. High-throughput NMR based metabolic profiling of Braeburn apple in relation to internal browning[J]. Postharvest Biology and Technology, 2013, 80:18-24.
- [44] HATOUM D, ANNARATONE C, HERTOGE M L A T M, et al. Targeted metabolomics study of 'Braeburn' apples during long-term storage[J]. Postharvest Biology and Technology, 2014, 96:33-41.
- [45] LEE J, RUDELL D R, DAVIES P J, et al. Metabolic changes in 1-methylcyclopropene (1-MCP) treated 'Empire' apple fruit during storage[J]. Metabolomics, 2012, 8(4):742-753.
- [46] MOZZI F, ORTIZ M E, BLECKWEDEL J, et al. Metabolomics as a tool for the comprehensive understanding of fermented and functional foods with lactic acid bacteria[J]. Food Research International, 2013, 54(1):1152-1161.

## Research Advance of Metabolomics and Its Applications on Fruits Postharvest

SHAO Shujun, WANG Dongyang, JI Nana, ZHANG Xinhua, LI Fujun

(School of Agricultural Engineering and Food Science, Shandong University of Technology, Zibo, Shandong 255049)

DOI:10.11937/bfyy.201621049

# 邻苯二甲酸酯的土壤生态毒理学研究进展

郭倩<sup>1</sup>, 胡晓钧<sup>1,2</sup>, 李玉双<sup>1</sup>, 侯永侠<sup>1</sup>, 宋雪英<sup>1</sup>

(1. 沈阳大学 环境学院, 区域污染环境生态修复教育部重点实验室, 辽宁 沈阳 110044;

2. 上海应用技术学院 化学与环境工程学院, 上海 201418)

**摘要:**邻苯二甲酸酯(PAES)是一类重要的全球性有机污染物,PAEs引起的土壤污染现已成为我国农业土壤退化的主要表现形式之一。现结合国内外毒理学研究工作,概述了近年来PAEs对土壤中植物、微生物和典型土壤动物的生态毒理效应研究进展,对目前存在的问题及进一步的研究方向进行了探讨和展望,指出PAEs的联合毒性效应以及能够敏感响应环境剂量的分子诊断指标的筛选和构建将成为新的研究热点。

**关键词:**邻苯二甲酸酯;土壤污染;生态毒理效应

**中图分类号:**S 154 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)21-0196-04

邻苯二甲酸酯(phthalic acid esters, PAEs)是一类邻苯二甲酸与醇类生成的酯,作为重要的增塑剂和软化剂,被广泛应用于塑料、化妆品、清洁剂、农药载体及涂料等行业<sup>[1-2]</sup>。目前,PAEs在中国的年产量约为87万t,世界的年产量约为520万t<sup>[3-4]</sup>,产销量巨大。随着塑料工业的迅猛发展和相关制品的大量使用,PAEs不断输入,引发环境污染。土壤、大气、水体、河流底泥和食品中均可检测到PAEs的存在,在水生和陆生动物及人体中也有检测到PAEs的报道<sup>[5-8]</sup>。PAEs已经成为一类重要的全球性有机污染物。

PAEs具有较强的内分泌干扰和生殖毒性效应,部分PAEs还具有致癌、致畸、致突变作用,对生态环境和

人体健康都构成了极大的威胁。目前,已经有6种PAEs化合物被列为美国国家环保局“优控污染物”,它们分别是邻苯二甲酸二甲酯(DMP)、邻苯二甲酸二乙酯(DEP)、邻苯二甲酸正二丁酯(DnBP)、邻苯二甲酸丁基苄酯(BBP)、邻苯二甲酸正二辛酯(DnOP)和邻苯二甲酸双(2-乙基己基)酯(DEHP)<sup>[9]</sup>,欧盟禁止在儿童玩具中使用6种PAEs,我国也已将DMP、DOP和DBP列为环境优先控制污染物。

近年来,已经报道了一系列关于PAEs的土壤生态毒理效应的研究工作,然而关于PAEs对土壤生态系统的毒理学研究综述尚鲜见报道。为此,现就PAEs的土壤生态毒理学研究工作进展进行了综述,对目前存在的问题及进一步研究的方向进行了探讨和展望。

## 1 我国土壤 PAEs 的污染现状

随着国民经济的快速发展,塑料薄膜的广泛农用化,大量城镇生活污水及垃圾排放,致使我国土壤PAEs的污染问题日渐突出<sup>[10-11]</sup>。调查结果显示,北京市工业污灌区土壤中DnBP和DEHP的含量分别为59.8、16.8 mg·kg<sup>-1</sup><sup>[12]</sup>;山东寿光蔬菜基地土壤中PAEs总含量达7.35~33.39 mg·kg<sup>-1</sup>,其中DEHP和DnBP的浓

**第一作者简介:**郭倩(1992-),女,辽宁锦州人,硕士研究生,研究方向为污染环境修复与污染生态效应。E-mail:821287855@qq.com.

**责任作者:**李玉双(1978-),女,博士,副教授,硕士生导师,现主要从事污染环境修复与污染生态效应等研究工作。E-mail:ysli\_syu@163.com.

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(21307084,21377139);沈阳市科技计划资助项目(F14-133-9-00)。

**收稿日期:**2016-08-04

**Abstract:** Metabolomics is the technique that focused on research the overall functional status of organism by measured the content or changes of the metabolites in the biological matrices. Metabolomics' conception, extracting and analyzing technique, and usual data analytical methods were introduced. The applications of metabolomics on fruit postharvest physiology and pathology were also reviewed in this paper. At last, the flaws of metabolomics and its application prospect were proposed. It was expected that these would promote the applications of metabolomics on the fruits postharvest physiology research.

**Keywords:** metabolomics; fruits; postharvest physiology; review