科学家构建涵盖五大植物类群的150+物种参考代谢组及数据库

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/25056.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

11月11日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心李轩团队在《核酸研究》（*Nucleic Acids Research*）上，在线发表了题为*RefMetaPlant: reference metabolome database for plants across five major phyla*
的研究成果。该研究阐述了植物“参考代谢组”概念，发展了参考代谢组图谱的组装方法，完成构建了五大植物类群——苔藓植物、石松植物、蕨类植物、裸子植物和被子植物等类群的150多个植物物种的参考代谢组图谱。同时，该研究开发了一系列与基因组分析工具（如BLAST）相似的代谢组分析工具（如RefMetaBlast），为探讨植物代谢组多样性和代谢物功能，提供了数据共享和分析平台。

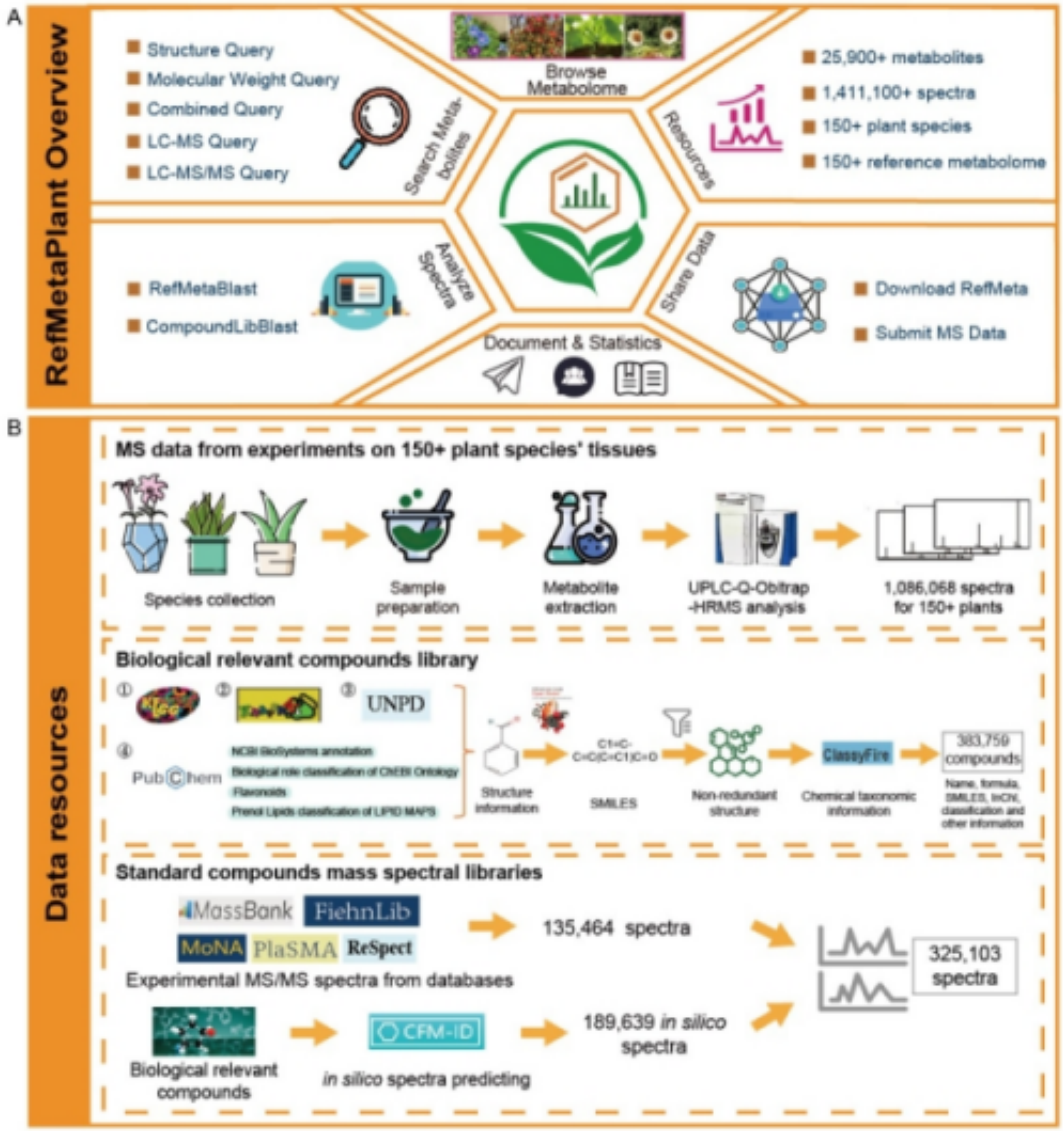
植物“参考代谢组”是指一个植物物种所有代谢物的总和。一个植物物种“参考代谢组”与代谢物之
间的关系
，类似于植物物种
“参考基因组”与基因之间的关系。
在亿万年进化过程中，
植物发展出惊人的化学多样性和代谢复杂性。植物对复杂多变的环境适应，形成种类繁多、结构高度复杂的代谢产物。这些代谢产物在植物生长、发育、生理调节和环境适应方面起到重要作用。据估计，绿色植物的代谢产物数量（包括初级代谢物和次级代谢物），达到百万以上。近年来，针对植物代谢组分析、解析代谢产物功能的挑战，随着代谢组检测技术的发展，如高分辨率质谱与超高效液相色谱相结合的分析技术，能够以高灵敏度、高分辨率、高准确性和高通量来检测代谢物，使在全组学规模的植物代谢物检测成为可能。与30年前多生物基因组计划开始时缺乏“参考基因组”和分析工具的状况类似，目前植物代谢组学研究缺乏高质量的植物“参考代谢组”及其相关分析工具。

针对植物代谢组学研究的关键问题，该团队通过采集五大植物类群的多物种/多器官组织样本，基于高性能液质代谢组实验检测技术和人工智能深度代谢组分析算法，首次完成构建了涵盖绿色植物五大类群的150+植物物种的参考代谢组及数据库——RefMetaPlant。主要成果如下：涵盖植物五大类群150+植物物种的参考代谢组，且每个物种的参考代谢组 (.msr 或 .mgf 文件格式) 可在平台分析或下载；对每个植物物种的参考代谢组，提供基于人工智能分析的代谢物注释；用于代谢物注释的标准化合物谱图库及开发的一系列用于植物代谢组分析的工具，如LC-MS/MS Query、RefMetaBlast、CompoundLibBlast等。

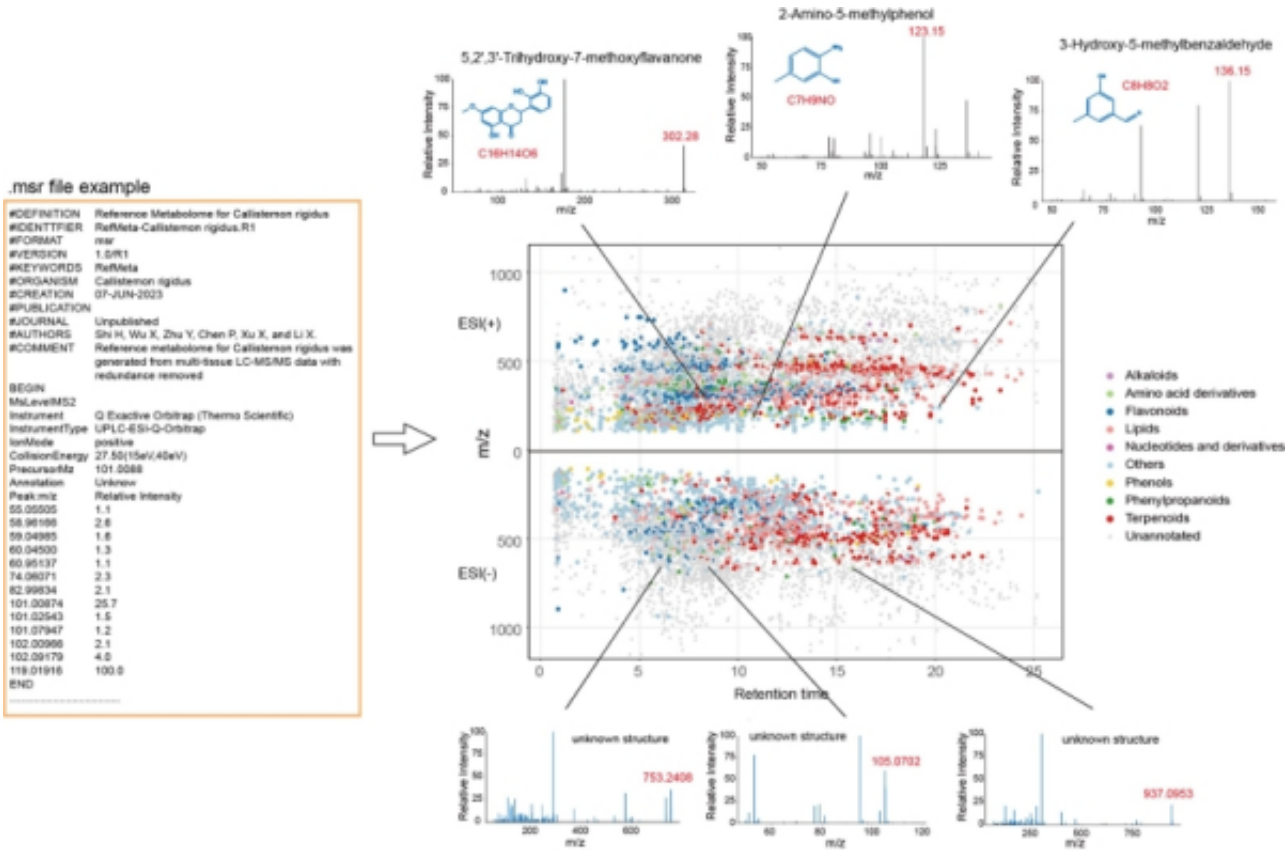
RefMetaPlant旨在提供标准化的植物参考代谢组，为植物代谢及植物生理相关研究提供关键支持。作为植物代谢组的综合数据库平台，RefMetaPlant将成为植物代谢组学研究的核心资源，将促进代谢组学领域的数据交流共享与合作。RefMetaPlant可在https://www.biosino.org/RefMetaDB免费使用。

研究工作得到中国科学院战略性先导科技专项和国家自然科学基金的支持。

论文链接



RefMetaPlant数据库资源和工具介绍。A、RefMetaPlant功能概述；B、RefMetaPlant的数据资源及其工作流。



植物物种：*Callistemon rigidus*参考代谢组的图形解释

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发