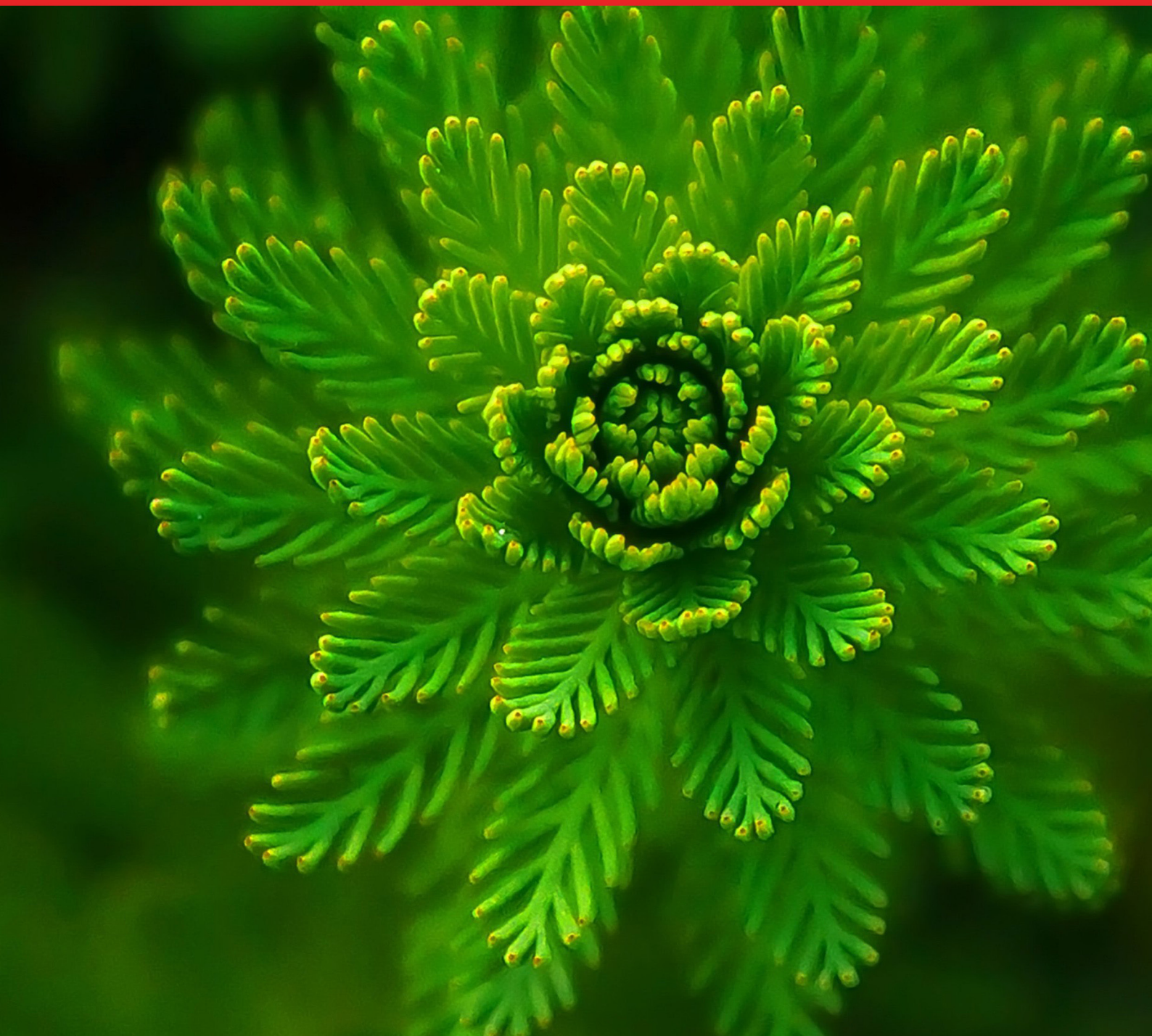


thermo scientific



# Orbitrap高分辨质谱 在植物科学研究中的应用

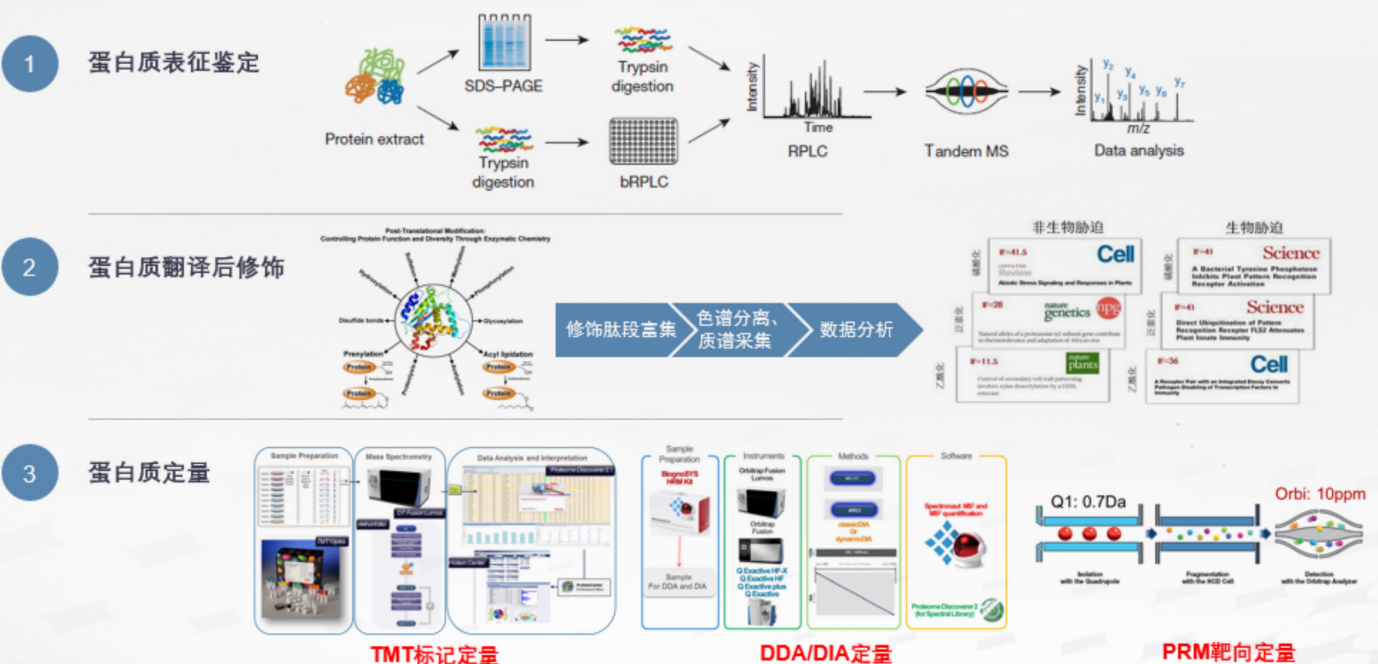
**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC

植物科学的分子机制研究一方面探索植物抗逆、抗病机制，另一方面研究植物自身的遗传和发育规律。基于质谱分析平台的蛋白质组学和代谢组学可联合基因层面的研究，以全息化的视角来探索植物生命现象的本质和规律。



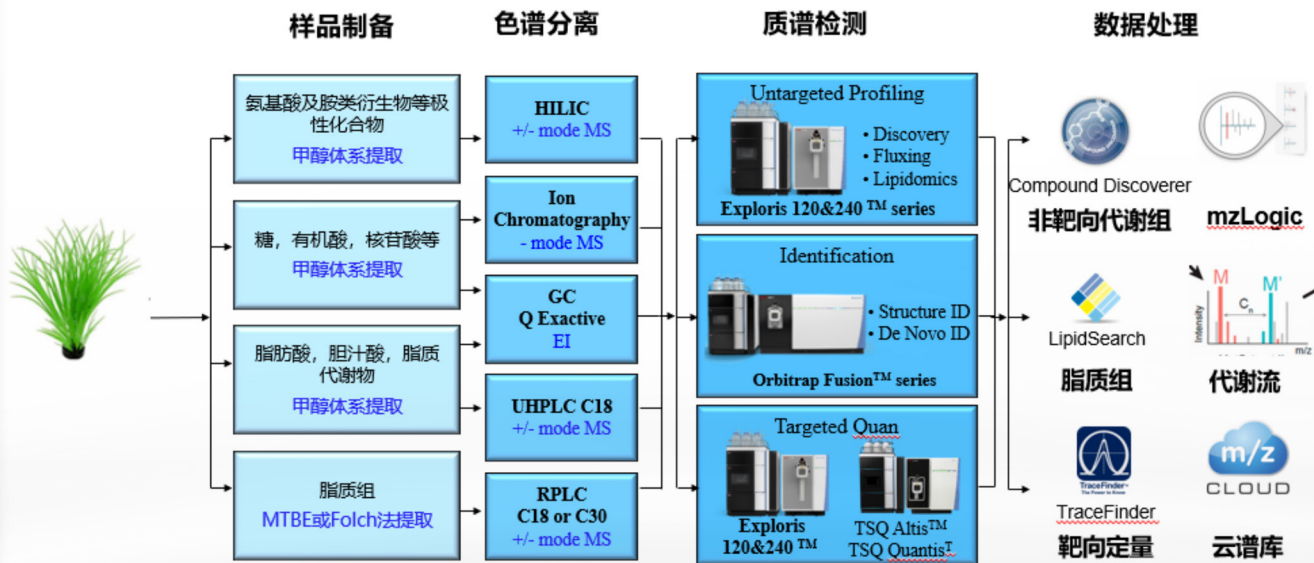
## 1. 植物逆境

引言：逆境胁迫是制约植物生长发育、影响作物产量和质量的关键因子，揭示植物应答胁迫的分子机理一直是人们长期探索的重大课题。利用高通量组学技术大规模、无偏见地筛选逆境相关的应答基因、蛋白和代谢终产物，是研究植物抗逆机制的重要手段之一。蛋白质及其翻译后修饰也是植物胁迫响应中的关键信号调控机制。蛋白质的可逆磷酸化是目前已知的最主要的信号传递方式。Orbitrap 技术的飞跃式发展，结合功能强大的 Proteome Discoverer 软件分析平台，是蛋白质组学及翻译后修饰研究的金标准和最佳选择。



### 植物蛋白质组学 / 翻译后修饰全流程解决方案

植物也可通过调节代谢网络，起到对生物、非生物胁迫的防御作用。逆境往往直接损害生物膜，导致透性改变，进一步可导致植物代谢的失调、影响正常的生长发育。例如，膜脂不饱和脂肪酸越多，抗冷性越强。而膜脂饱和脂肪酸和抗旱能力密切相关。利用代谢组学分析植物在逆境条件下代谢物的变化，推测植物在胁迫应答过程中对代谢途径的调整，也是研究植物耐受性和逆境适应机制的重要分析方法。



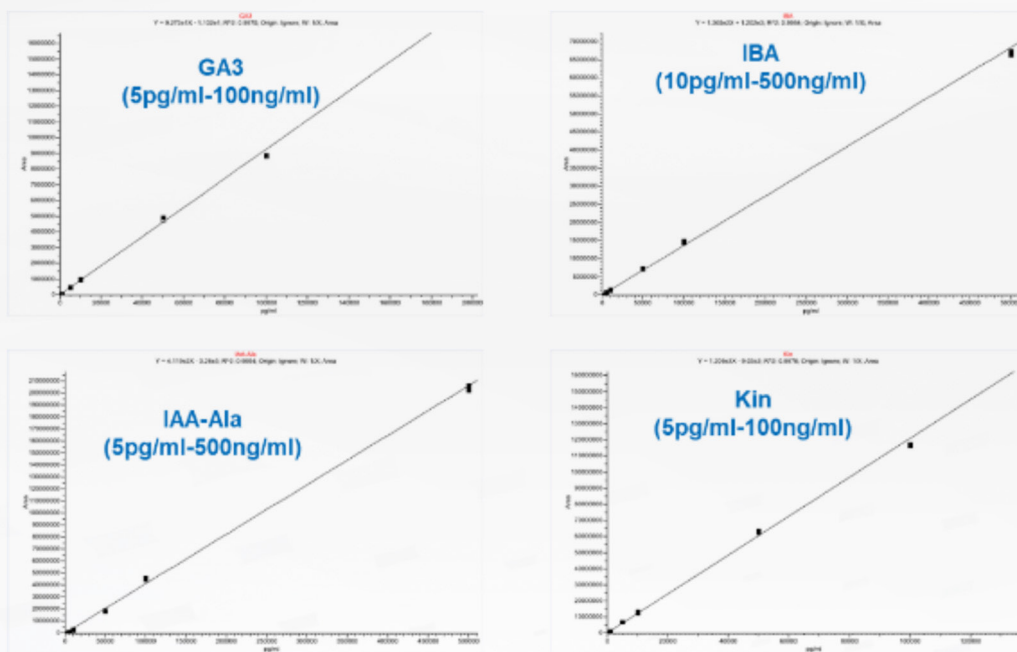
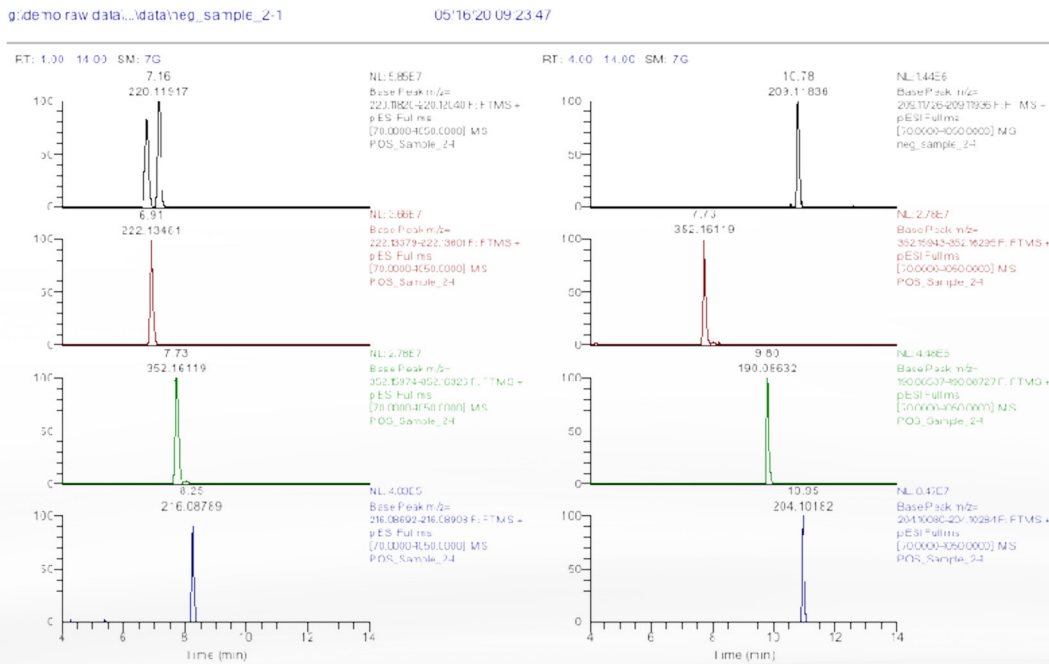
植物代谢组学全流程解决方案

植物逆境应答是一个复杂的网络调控过程，涉及多个分子层面的响应和变化。基因 - 蛋白 - 代谢等多组学的有机整合，更有助于人们从整体上揭示植物胁迫应答机制。

## 2.植物生长发育

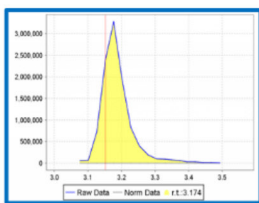
引言：植物的生长发育是一个极其复杂的过程，包括种子发芽、生根、长叶、成熟、开花、结果，以及衰老和死亡。生物体如何协调和传递各种大量的内源营养信号和外界生物胁迫以及非生物胁迫信号，从而精确控制生物体自身的生长和发育，是该领域的核心研究内容。

植物生长发育离不开激素,光照、营养等多方面的综合协调。植物激素有促进和抑制植物的生长发育功能,不同类型的激素发挥协同或拮抗作用,是生长发育研究的重要切入点。目前,通过色谱质谱的方法,水杨酸、油菜素内酯、茉莉酸、多胺、酚类、独角金内酯、三十烷醇等在内的多种植物激素陆续被发现。

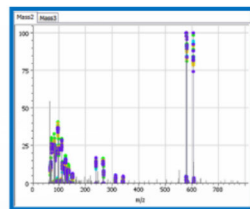


赛默飞高分辨质谱非靶(左)和三重四极杆靶向(右)方法提取的植物激素离子流图

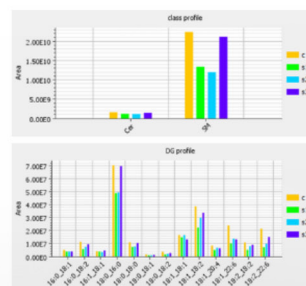
植物生长发育的物质基础除了能量、氨基酸,蛋白等,还有一类非常重要的膜结构的组成机构就是脂质分子,其中甘油磷脂作为生物膜的重要组成,是构成细胞膜,亚细胞器膜等等的关键组成部分,也是值得去探究的一个重要方向。另外,脂类物质作为部分油料作物的重要经济指标,了解其生长发育和合成过程对于改善油料作物的产量也具有重要的意义。



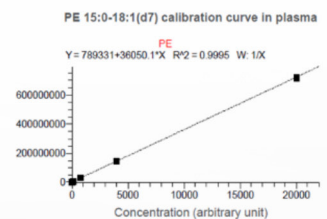
- C30 色谱柱
- Exploris 120/240/480
- 12 万分辨率模式下采集
- 质量精度<1ppm



- LipidSearch脂质组学软件
- 6大类, 88小类
- >170 万种脂质离子信息
- MS1+MS2+同位素+RT



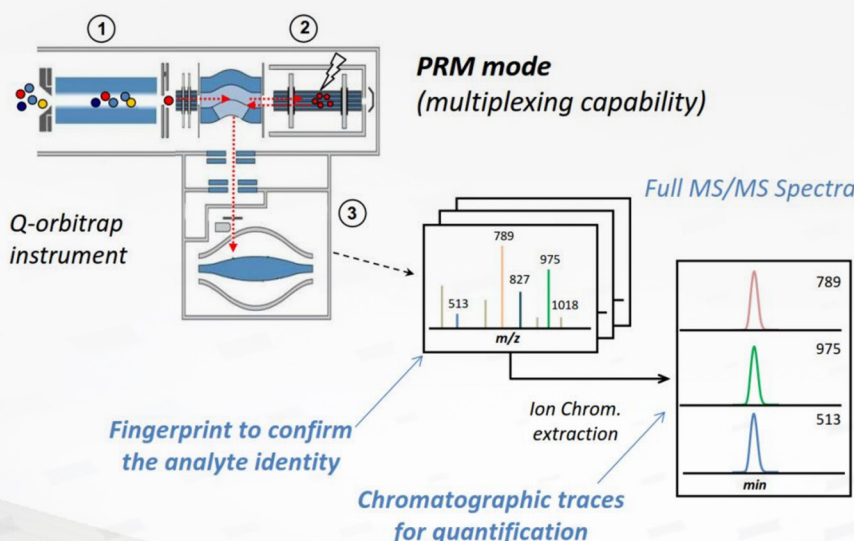
- 脂质分类
- 脂肪酸组成分析



- Avanti 内标定量
- 灵敏度
- 线性
- 稳定性

### 赛默飞脂质组学全流程解决方案

研究植物生长发育过程中体内蛋白质及翻译后修饰水平,可以深入探究其分子机制。在蛋白层面的研究,对于目标蛋白的验证实验是必然环节。平行反应监测 (PRM) 是一种基于 Orbitrap 质谱的靶向蛋白定量方法,能够对目标蛋白肽段进行选择性的检测,从而实现对目标蛋白质 / 肽段的定量。PRM 技术无需抗体,可同时验证几十个蛋白,大大提高了验证实验的准确性和成功率。

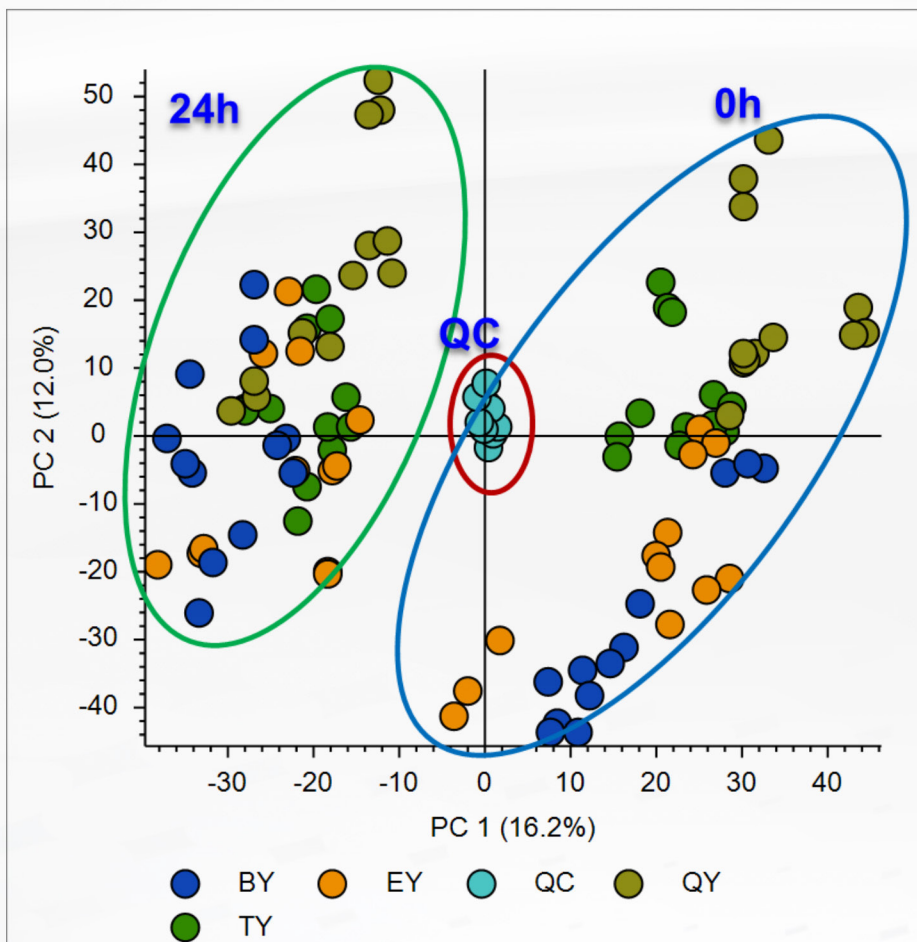


### 植物靶标蛋白质组学 PRM 工作流程 [1]

### 3.植物遗传与进化

引言：尽管植物基因组测序的数量在不断增加，但遗传基因对应的蛋白质功能信息和代谢表型之间的关系仍未确定。要定义植物的核心表达蛋白和分子机制，以及其对应的生理表型，确定系统生物学的遗传进化关系，仍需要进行大量的实验工作。

通过蛋白质组学技术，可高通量地获得蛋白质表达谱图及蛋白质相互作用关系，为解释植物遗传学和突变表型提供了一个框架。代谢组学是基因型与表型之间的桥梁。通过代谢组学与基因组学的联合分析，则可为揭示生物进化的分子机制提供更确切的信息。Orbitrap 质谱平台可为植物表型研究大量样本的连续检测提供卓越的稳定性。样品采集过程中，每 10 针样品间插入 QC 样品用于数据质量评价，QC 样品叠加色谱图表明，整个样品采集过程中，保留时间，响应以及质量数均保持一致。

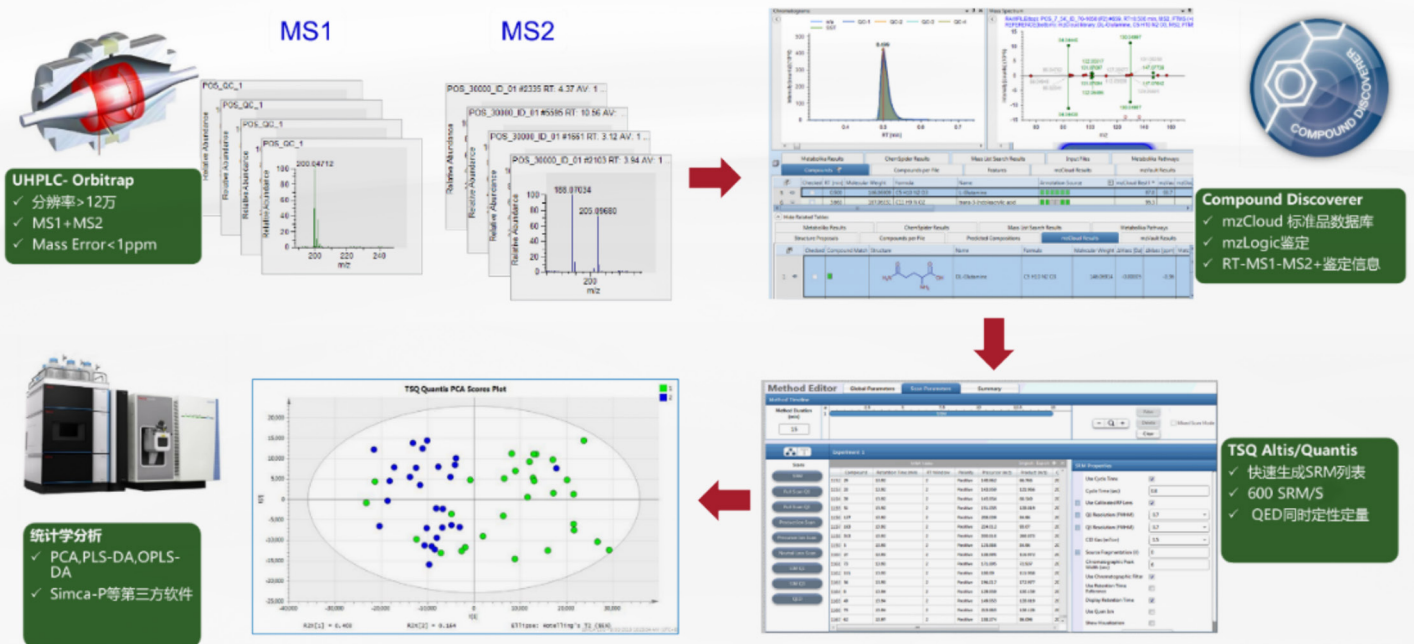


大样本连续检测过程中  
Orbitrap 质控的稳定性

## 4.农艺性状和改良育种

引言：植物的次生代谢产物，包括生物碱、酚类衍生物、类黄酮、有机酸和萜类物质，对形成植物的化感物质、风味物质和农艺性状影响显著。传统农艺性状的评价通常需要具有很强的主观性，利用质谱方法构建次生代谢产物与品质之间的数据模型，为更客观、更准确地评价农艺性状提供了可能。

拟靶向代谢组学是一种新的组学策略，它结合了非靶向和靶向的优点。在方法建立时，运用非靶向方法发现样品中存在的代谢物，锁定其保留时间和检测的离子对，构建数据库。在实际检测时，调用数据库的信息用四极杆类质谱仪器的 MRM 或 SIM 模式对各个样品中的目标物进行半定量分析，统计分析得到差异代谢物之后进行定性确认。拟靶向结合了传统非靶向的定性能力和靶向的定量优点，拓宽了代谢组学发现并检测未知代谢物的能力。



拟靶标代谢组学工作流程 [2]

## 5. 食品风味和产地溯源

植物的次级代谢产物往往决定了其农产品色泽、品相、贮藏期的物质,还有营养物质的成分、含量和对人类的营养价值。天然产物代谢研究具有以下几个难点:一是代谢迅速、浓度低;二是生物样品复杂,内源性干扰严重;三是代谢途径多样,代谢产物多。因而,建立以高分辨质谱为核心的代谢物鉴定高效流程,可准确、快速低筛选和定性目标代谢产物和未知的代谢产物。同时,建立特定产地的物种代谢指纹图谱还可以实现产地溯源这一目标。



---

[1] Parallel Reaction Monitoring for High Resolution and High Mass Accuracy Quantitative, Targeted Proteomics[J]. Molecular & Cellular Proteomics Mcp, 2012.

---

[2] Parallel Metabolomic and Transcriptomic Analysis Reveals Key Factors for Quality Improvement of Tea Plants[J]. J. Agric. Food Chem., 2020.



赛默飞  
官方微信



赛默飞  
官方网站

热线 800 810 5118  
电话 400 650 5118  
[www.thermofisher.com](http://www.thermofisher.com)

The world leader in serving science