

DOI: 10.13652/j.spjx.1003.5788.2022.90021

不同产地裸燕麦代谢产物差异分析

Analysis on the difference of metabolites of naked oats from different produced areas

代安娜¹ 张丽媛¹ 闵广柳¹ 于润众²DAI An-na¹ ZHANG Li-yuan¹ MIN Guang-liu¹ YU Run-zhong

(1. 黑龙江八一农垦大学食品学院, 黑龙江 大庆 163319;

2. 黑龙江八一农垦大学信息与电气工程学院, 黑龙江 大庆 163319)

(1. College of Food Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319, China;

2. College of Electrical Information, Heilongjiang Bayi Agricultural University,

Daqing, Heilongjiang 163319, China)

摘要:目的:探究不同地区同一品种裸燕麦中的代谢产物及其差异。方法:以代谢组学研究方法为基础,利用甲醇提取极性代谢组分,三氟乙酰胺(BSTFA)进行衍生化处理,并通过GC-MS技术和NIST数据库确定代谢产物。结果:在两个产地同一品种的裸燕麦中共检测出56种代谢产物,HZ的代谢产物占38种,HQ的代谢产物占45种,包括各种碳水化合物和少量次生代谢物。结论:两个地区的燕麦代谢产物及其含量基本一致,均属于常见化合物。但其中亚油酸、反油酸和棕榈酸等常见化合物的浓度不同,D-葡萄糖酸和吡喃半乳糖等代谢产物具有特异性。

关键词:裸燕麦;气相色谱—质谱法(GC-MS);代谢产物;分离;鉴定

Abstract: Objective: Zhangjiakou naked oats in Hebei province (HZ) and Qiqihar naked oats in Heilongjiang province (HQ) were selected as the research objects. The metabolites and differential metabolites of naked oats of the same variety in different regions were explored. **Methods:** Metabolomics research methods were used as the basis. Methanol was used to extract polar metabolic components, with Bis(trimethylsilyl) trifluoroacetamide (BSTFA) selected for derivatization, and the metabolites were

determined through GC-MS technology and the NIST database.

Results: A total of 56 kinds of metabolites were detected, including various carbohydrates and a small amount of secondary metabolites, in which HZ accounted for 38 kinds and HQ accounted for 45 kinds. **Conclusion:** The oat metabolites and their contents in the two regions were basically the same, which were common compounds. However, the concentrations of common compounds such as linoleic acid, elaidic acid, and palmitic acid were different, and metabolites such as D-gluconic acid and galactopyranose were specific.

Keywords: naked oats; gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS); metabolites; separation; identification

燕麦(*Avena sativa* L.)是禾本科燕麦属作物,主要分为带稃型和裸粒型,具有营养价值、饲用价值和药用价值^[1-2]。目前有关燕麦发酵品质、代谢产物,以及功能性成分对肠道菌群和糖脂代谢的影响等已有相关研究,肖燕子等^[3]利用高效液相色谱法测定呼伦贝尔不同品种燕麦的发酵品质(丁酸、丙酸、乙酸和乳酸含量),但未对糖类、氨基酸等代谢物进行检测;Boczkowska等^[4]利用傅里叶红外光谱对波兰不同产地燕麦样品的代谢指纹图谱进行了分析,但未对代谢物的含量及差异代谢物进行分析;Loskutov等^[5]使用气液相色谱—质谱研究了野生和栽培燕麦的化合物组成和总相对含量,发现栽培品种中化合物的含量波动幅度比野生品种小(在某些情况下显著),但未利用代谢组学技术分析差异化合物;王如月等^[6]利用燕麦β-葡聚糖和β-葡聚糖发酵人来源粪便,利用气相色谱仪分析发现发酵液中乙酸和丙酸含量增加;付媛等^[7]研究裸燕麦球蛋白源多肽对衰老小鼠体内的抗氧化作用机制,利用超高效液相色谱质谱联用法对小鼠脑组

基金项目:国际合作重点研发项目(编号:2018YFE0206300);中央支持地方改革发展资金优秀青年人才项目(编号:2020YQ16);黑龙江省博士后科研启动项目(编号:LBH-Q20165)

作者简介:代安娜,女,黑龙江八一农垦大学在读硕士研究生。

通信作者:张丽媛(1981—),女,黑龙江八一农垦大学教授,博士。E-mail: zly1981_2005@163.com

于润众(1981—),男,黑龙江八一农垦大学副教授,硕士。E-mail: yrz0459@163.com

收稿日期:2021-09-20

织进行代谢组学分析;李英浩等^[8]研究了干旱胁迫下腐植酸对燕麦叶片非结构性碳水化合物(NSC)代谢的影响,发现腐植酸可以通过调控燕麦叶片 NSC 的代谢来响应干旱胁迫。不同的代谢产物对机体代谢途径的影响也不是单一的,与传统的化学分离模式相比,代谢组学技术可以对代谢物进行定量分析,尤其是发现种间或种内的代谢物相对含量的差异,以及进一步通过非靶向代谢组学技术对代谢机制进行分析,应用在食品的产地溯源,掺假鉴别和安全风险检测等方面^[9-12]。课题组^[13-14]前期也对不同品种的绿豆代谢产物进行了分离鉴定,以及对来自 3 个产地同一品种的大豆进行了差异代谢产物及差异代谢机制分析。

研究拟将 GC-MS 联合代谢组学技术应用到两个不同产地裸燕麦的代谢产物分析中,对比分析样品间的差异代谢产物,并对差异代谢产物的代谢机制进行探索,以期选择符合营养或品质要求的燕麦品种提供依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与amp;仪器

1.1.1 材料与amp;试剂

河北张家口裸燕麦(HZ)和黑龙江齐齐哈尔裸燕麦(HQ):市售;

2-氯-L-苯丙氨酸:上海麦克林生化科技有限公司;

吡啶($\geq 99.9\%$):色谱级,上海阿拉丁生化科技股份有限公司;

N,O-双(三甲基硅基)三氟乙酰胺(BSTFA):上海麦克林生化科技有限公司;

甲醇:色谱级,美国 Fisher 技术公司。

1.1.2 主要仪器设备

气相色谱质谱联用仪(三重四级杆):TQ8040 型,配备 EI 离子源及 AOC-5000 型自动进样,日本岛津技术有限公司;

色谱柱:Rxi-5Sil 型,日本岛津技术有限公司;

离心机:CR3i multifunction 型,美国 Fisher 技术公司;

电热恒温鼓风干燥箱:DGG-9140A 型,上海森信实验仪器有限公司;

氮吹仪:MTN-2800D 型,天津奥特塞恩斯仪器有限公司。

1.2 方法

1.2.1 样本前处理 样品经粉碎研磨均匀后,过 100 目筛,按四分法进一步取样,分别称取 50 mg 粉末于 2 mL 的 EP 管中,加入 800 μ L 甲醇和 10 μ L 内标(2-氯苯丙氨酸),快速混匀 1 min 后,4 $^{\circ}$ C、12 000 r/min 离心 15 min,吸取 200 μ L 上清液,转入进样小瓶中用氮吹仪吹干,备用^[13]。

1.2.2 衍生化处理 取 30 μ L 甲氧胺盐酸吡啶溶液加入

到浓缩后的样品中(即吹干后的小瓶),快速混匀至完全溶解,37 $^{\circ}$ C 恒温箱放置 1.5 h 后取出,加入 30 μ L 三氟乙酰胺(BSTFA),70 $^{\circ}$ C 烘箱中放置 1 h。

1.2.3 GC-MS 分析

(1) GC 参数:柱温 80 $^{\circ}$ C,进样口温度 240 $^{\circ}$ C,分流进样,恒定线速度控制流量,载气为氦气,柱流量 1.20 mL/min,线速度 40.4 cm/s,分流率 15,程序升温:0~2 min,80 $^{\circ}$ C;10 $^{\circ}$ C/min 升到 320 $^{\circ}$ C,保持 6 min,运行 32 min。

(2) MS 参数:离子源温度 230 $^{\circ}$ C,接口温度 300 $^{\circ}$ C,溶剂切割时间 2 min,采集模式 Q3 Scan,扫描范围为 45~550 (m/z)。

1.3 数据处理

采用 Excel 软件对 GC-MS 数据进行统计分析,并将获得的燕麦代谢物数据与 NIST 14 数据库进行比较以获得结构信息并分类,研究燕麦样品的差异代谢产物。

2 结果与amp;讨论

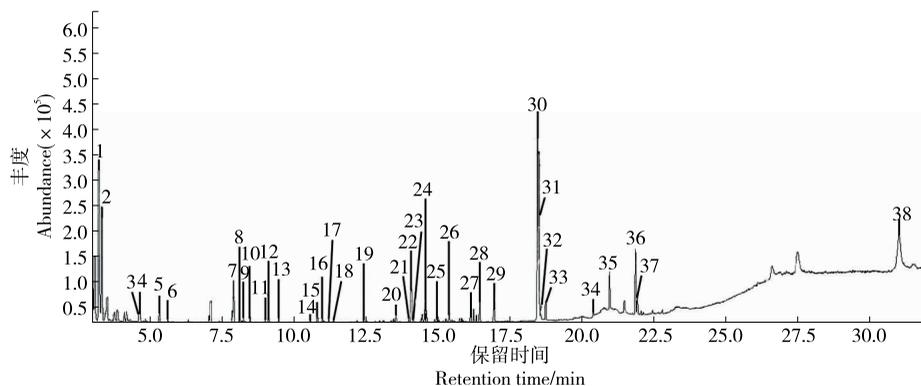
2.1 代谢产物的分离与amp;鉴定

由图 1 和图 2 可知,样品中各组分分离良好,基线稳定。两个不同地区裸燕麦的总离子流图大致相似,但是在 25.0~27.0 min 时间段存在不同。

通过与 NIST 标准谱库进行对比分析,两个产地裸燕麦共检测出了 56 种代谢产物(HZ 有 38 种,HQ 有 45 种),分为有机酸、脂肪酸、糖及其衍生物、氨基酸和中间产物。有机酸包括 D-葡萄糖酸、苹果酸、氨基戊酸、异丁酸、丙酸、富马酸、琥珀酸、DL-乳酸;脂肪酸有棕榈酸、油酸、反油酸、亚油酸、硬脂酸、9-十六碳烯酸、17-十八炔酸、13-烯乌苏酸、花生酸、肉豆蔻酸;糖及其衍生物有木糖醇、 β -D-呋喃果糖、D-呋喃果糖、D-葡萄糖、吡喃半乳糖、L-塔罗糖、D-葡萄糖醇、 β -D-呋喃半乳糖、蔗糖、甘露二糖、纤维二糖、 β -乳糖、L-蔗糖醇、谷甾醇;氨基酸有 L-缬氨酸、甘氨酸、L-脯氨酸、L-丝氨酸、L-异亮氨酸、L-丙氨酸、L-苏氨酸、左旋-谷氨酸、L-天冬氨酸;中间产物包括磷酸、甘油、3-氨基-2-哌啶酮、顺-4-氨基环己烷羧酸、羊毛硫氨酸、十八烯酸单甘油酯、左旋-谷酰胺、萘普生、D-松醇、肌醇、1-单棕榈酸甘油、D-葡萄糖醛酸、单硬脂酸甘油酯、半乳糖酸和 2-亚油酰甘油。

2.2 相同代谢产物分析

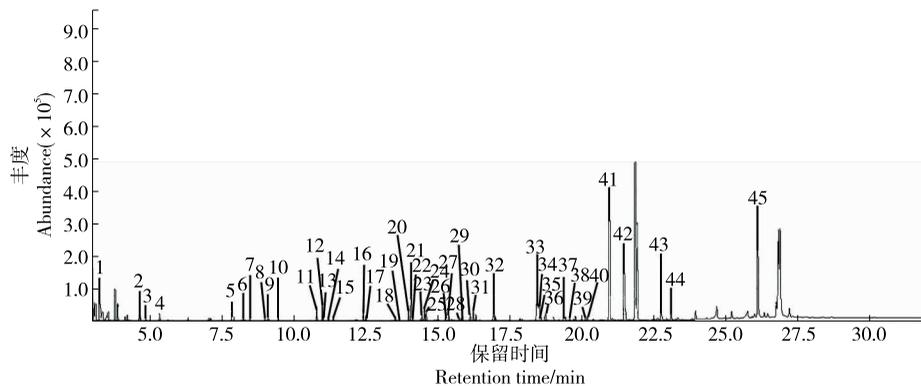
由表 1 可知,两个地区的裸燕麦共有 27 个相同代谢产物,其中相对含量最高的是亚油酸,均在 10% 以上,其次是油酸(HZ 7.21%,HQ 0.49%)、反油酸(HZ 0.29%,HQ 7.11%)、氨基戊酸(HZ 5.91%,HQ 4.64%)、丙酸(HZ 4.97%,HQ 5.27%)、棕榈酸(HZ 4.97%,HQ 4.54%)、甘油(HZ 7.45%,HQ 3.63%)、蔗糖(HZ 2.63%,HQ 18.62%)、硬脂酸(HZ 1.32%,HQ 0.99%),而其他相同化合物的相对含量均在 1% 以下。



1. 氨基戊酸 2. 异丁酸 3. L-缬氨酸 4. DL-乳酸 5. L-丙氨酸 6. 甘氨酸 7. 甘油 8. 异亮氨酸 9. L-脯氨酸 10. 琥珀酸
11. 富马酸 12. L-丝氨酸 13. L-苏氨酸 14. 苹果酸 15. L-苏糖醇 16. 3-氨基-2-哌啶酮 17. L-天冬氨酸 18. 顺-4-氨基环己烷羧酸
19. 左旋-谷氨酸 20. 木糖醇 21. 磷酸 22. 丙酸 23. 左旋-谷酰胺 24. β-D-呋喃果糖 25. 肉豆蔻酸 26. D-葡萄糖
27. 肌醇 28. D-葡萄糖酸 29. 棕榈酸 30. 亚油酸 31. 油酸 32. 反油酸 33. 硬脂酸 34. 花生酸 35. 蔗糖 36. 甘露二糖
37. 纤维二糖 38. 2-亚油酰甘油

图 1 HZ 裸燕麦总离子图谱

Figure 1 Total ion atlas of HZ naked oats



1. 氨基戊酸 2. L-缬氨酸 3. DL-乳酸 4. L-丙氨酸 5. 甘油 6. L-脯氨酸 7. 琥珀酸 8. 富马酸 9. L-丝氨酸 10. L-苏氨酸
11. 苹果酸 12. L-苏糖醇 13. 3-氨基-2-哌啶酮 14. L-天冬氨酸 15. 顺-4-氨基环己烷羧酸 16. 左旋-谷氨酸 17. 羊毛硫氨酸
18. 木糖醇 19. 十八烯酸单甘油酯 20. 磷酸 21. 丙酸 22. 左旋-谷酰胺 23. 萘普生 24. β-D-呋喃果糖 25. D-呋喃果糖
26. D-松醇 27. 半乳糖酸 28. 吡喃半乳糖 29. L-塔罗糖 30. D-葡萄糖醇 31. β-D-呋喃半乳糖 32. 棕榈酸 33. 亚油酸
34. 反油酸 35. 油酸 36. 硬脂酸 37. 9-十六碳烯酸 38. D-葡萄糖醛酸 39. 17-十八炔酸 40. 13 烯乌苏酸 41. 蔗糖 42. 1-单棕榈酸甘油
43. 单硬脂酸甘油酯 44. β-乳糖 45. 谷甾醇

图 2 HQ 裸燕麦总离子图谱

Figure 2 Total ion atlas of HQ naked oats

燕麦本身具有耐寒性,所以脂肪酸的含量会偏高,种类也相对较多。而其他相对含量较低的代谢产物均为中间代谢产物,主要为氨基酸和有机酸,说明燕麦中三羧酸循环较强,三羧酸循环又与糖类代谢、脂肪酸代谢、能量代谢相关,所以其相关代谢途径也会加强,从而产生对人体有益的作用^[15-17]。人体中氨基酸的代谢主要包括两个方面:① 用于合成机体自身所特有的蛋白质、多肽及其他含氮物质;② 通过脱氨作用、转氨作用、联合脱氨或脱羧作用,分解成了α-酮酸、胺类及二氧化碳。由氨基酸分解生成的α-酮酸被转化为糖和脂类,或者再合成某些非必需氨基酸,也可以通过三羧酸循环被氧化成二氧化碳

和水,以释放能量。有机酸参与合成酚类、氨基酸、酯类和芳香物质,以及光合作用和呼吸作用^[18]。而 HZ 和 HQ 代谢产物含量不同可能是因为环境、产地及自身性质,亚油酸在 HZ 和 HQ 中含量均较高,可能是因为自身不饱和脂肪酸含量高,并且其主要脂肪酸就是亚油酸,所以含量高;而反油酸、蔗糖、甘油在 HQ 中含量高,在 HZ 中含量却很少,可能是因为燕麦是喜冷凉作物,齐齐哈尔昼夜温差大,雨量大,辐射充足,雨热同季,四季特点十分明显,另外齐齐哈尔土壤资源丰富,土地肥沃,而河北雨季、干季相当分明,并且正值雨季时,太阳辐射量会相应减少,所以在 HQ 中储能含量高。

表 1 两样品相同代谢产物的相对含量

Table 1 The same metabolites relative content

代谢产物名称	相对含量/%		代谢产物名称	相对含量/%	
	HZ	HQ		HZ	HQ
氨基戊酸	5.91	4.64	顺-4-氨基环己烷羧酸	0.29	0.35
L-缬氨酸	0.50	0.35	左旋-谷氨酸	0.50	0.70
DL-乳酸	0.70	0.20	木糖醇	0.29	0.27
L-丙氨酸	0.50	0.40	磷酸	0.45	0.76
甘油	7.45	3.63	丙酸	4.97	5.27
L-脯氨酸	0.09	0.10	左旋-谷氨酰胺	0.22	0.17
琥珀酸	0.15	0.14	β -D-呋喃果糖	0.29	0.25
富马酸	0.07	0.10	棕榈酸	4.97	4.54
L-丝氨酸	0.30	0.30	亚油酸	11.90	10.80
L-苏氨酸	0.20	0.20	反油酸	0.29	7.11
苹果酸	1.00	0.80	油酸	7.21	0.49
L-苏糖醇	0.04	0.005	硬脂酸	1.32	0.99
3-氨基-2-嘧啶酮	0.60	1.20	蔗糖	2.63	18.62
L-天冬氨酸	0.29	0.29			

2.3 差异代谢产物及代谢机制分析

2.3.1 HZ 样品 HZ 有 11 种差异代谢产物,包括 2 种有机酸,2 种氨基酸,2 种脂肪酸,3 种糖类及 2 种中间产物,其相对含量如表 2 所示,2-亚油酰甘油(6.960%)相对含量最高,另外 D-葡萄糖酸(1.160%)也有较高的相对含量,而其他物质均在 1% 以下。其中葡萄糖、甘露二糖、纤维二糖、肌醇和 D-葡萄糖酸参与糖代谢,甘氨酸和 L-异亮氨酸参与氨基酸代谢,肉豆蔻酸和花生酸参与脂肪酸代谢。异丁酸代谢途径未知,可能为中间代谢产物,可能是氨基酸代谢途径的中间产物,同时氨基酸代谢途径占比最大。酸为单不饱和脂肪酸,其结构不够紧密,熔点低,推测 2-亚油酰甘油是油酸的代谢中间产物。河北雨季、干季分明,生长季节气候凉爽,故肉豆蔻酸、花生酸等储能代谢产物较多,另外河北属半干旱地区,年降水量为 330~400 mm,水资源不足,所以进行光合作用次数较多,转化成的糖类也较多,故糖类及其衍生物较多,张家口土壤种类丰富,富含有机质和矿物质,故有机酸和氨基酸含量高,D-葡萄糖酸和异丁酸为一种有机酸,可促进三羧酸循环,加强代谢途径,甘氨酸和 L-异亮氨酸可合成蛋白质。D-葡萄糖酸通过葡萄糖和 UTP 反应形成尿苷二磷酸葡糖(UDPG),然后被氧化成 UDP-葡糖醛酸,甘氨酸由乙醛酸与谷氨酸发生转氨反应生成,L-异亮氨酸是由 L-天冬氨酸在天冬氨酸激酶作用下合成 L-苏氨酸,L-苏氨酸在 L-苏氨酸脱水酶作用下发生脱水反应,并进一步产生 L-异亮氨酸,同时 L-苏氨酸的含量受 L-异亮氨酸反馈抑制^[19]。

2.3.2 HQ 样品 HQ 有 18 种差异代谢产物,包括 3 种脂肪酸,7 种糖类及 8 种中间产物,其相对含量如表 3 所示,谷甾醇含量最高(1.420%),其次是 D-呋喃果糖和 1-单棕榈酸甘油(0.700%),其他物质含量均在 0.6% 以下。D-呋喃果糖、吡喃半乳糖、L-塔罗糖、 β -D-呋喃半乳糖、 β -乳糖、D-葡萄糖醇和谷甾醇参与糖代谢,十八烯酸单甘油酯、9-十六碳烯酸、17-十八烯酸、13-烯乌苏酸、1-单棕榈酸甘油和单硬脂酸甘油酯参与脂肪酸代谢。D-松醇参与胆固醇酯代谢循环,由乙酰辅酶 A 经一系列合成转变而成,半乳糖酸参与丙酮酸代谢途径,D-葡萄糖醛酸参与葡糖醛酸途径,同时脂肪酸代谢途径占比更大。脂肪酸可为燕麦提供能量,对植物本身的抗逆性起重要的作用,使其可适应寒冷的生长环境,也可在燕麦的生长过程中增强其抗旱属性。齐齐哈尔温度较低,昼夜温差大,雨热同季,辐射充足,因此燕麦代谢产物中糖类种类较多,经过光合作用或其他糖之间的相互转化及衍生形成,另外其中间产物可加强代谢,使代谢产物增多。

表 2 HZ 差异代谢产物相对含量

Table 2 Relative content of HZ differential metabolites

代谢产物名称	相对含量/%	代谢产物名称	相对含量/%
异丁酸	0.810	D-葡萄糖酸	1.160
甘氨酸	0.230	花生酸	0.250
L-异亮氨酸	0.240	甘露二糖	0.251
肉豆蔻酸	0.280	纤维二糖	0.290
葡萄糖	0.701	2-亚油酰甘油	6.960
肌醇	0.460		

表 3 HQ 差异代谢产物相对含量

Table 3 Relative content of HQ differential metabolites

代谢产物名称	相对含量/%	代谢产物名称	相对含量/%
羊毛硫氨酸	0.250	β -D-呋喃半乳糖	0.420
十八烯酸单甘油酯	0.010	9-十六烯酸	0.380
萘普生	0.013	D-葡萄糖醛酸	0.410
D-呋喃果糖	0.700	17-十八烯酸	0.411
D-松醇	0.040	13-烯乌苏酸	0.280
半乳糖酸	0.009	1-单棕榈酸甘油	0.700
吡喃半乳糖	0.550	单硬脂酸甘油酯	0.330
L-塔罗糖	0.230	β -乳糖	0.520
D-葡萄糖醇	0.240	谷甾醇	1.420

HQ 中检测出了羊毛硫氨酸与萘普生。羊毛硫氨酸是含硫氨基酸的一种,其结构和胱氨酸相似,它的存在也高度依赖于胱氨酸的含量。胱氨酸断开弱二硫键产生脱氢丙氨酸,后者同胱氨酸结合生成羊毛硫氨酸,脱氢丙氨酸可由丝氨酸生成,该燕麦中存在丝氨酸,故在 HQ 中检测出了羊毛硫氨酸。萘普生(Naproxen, NPX)化学名称为 α -甲基-6-甲氧基-2-萘乙酸,是一种非甾体类抗炎药物,研究^[20-22]表明地表水、地下水及饮用水中均已检测到萘普生,这对生态环境的安全构成了严重威胁。而 HQ 中检测出萘普生,可能是因为燕麦在生长过程中受到污染水的灌溉进而检测出萘普生。

HZ 和 HQ 分别有 5 种和 7 种差异代谢物参与糖代谢,而 HZ 有 2 种差异代谢物参与氨基酸代谢途径, HQ 有 1 种差异代谢物参与氨基酸代谢。HZ 有 3 种差异代谢物参与脂肪酸代谢, HQ 有 6 种参与该途径,此外 HQ 有 1 种差异代谢物参与胆固醇酯代谢、1 种参与丙酮酸代谢、1 种参与葡萄糖醛酸代谢。由此可以得出 HQ 的代谢分支途径要较 HZ 的多。燕麦代谢产物的不同也可能是因为外界环境的影响因素,如对环境影响的感受性、耐受性以及对外环境的应激性代谢等。两种不同来源的燕麦中的代谢产物有所不同,说明产地对燕麦代谢产物具有显著影响,因此差异代谢产物可以用作产地间区分的依据。

3 结论

采用衍生的 GC-MS 技术对不同地区(河北张家口、黑龙江齐齐哈尔)裸燕麦中的代谢产物进行了分析。试验结果表明,在两个产地同一品种的裸燕麦中共检测出 56 种代谢产物,河北张家口裸燕麦的代谢产物占 38 种,其中有 11 种差异代谢产物,黑龙江齐齐哈尔裸燕麦的代谢产物占 45 种,其中有 18 种差异代谢产物。不同产地对燕麦代谢产物具有显著影响,可以利用差异代谢产物用

作产地间区分的依据。试验只分析鉴定了来自两个产地同一品种燕麦的代谢产物和差异代谢产物及代谢机制,后续可以进一步利用代谢组学技术,对同一产地不同品种的燕麦,或多个产地不同品种的燕麦或其他未进行试验的粮食作物等进行代谢组学分析。

参考文献

[1] JOKINEN Iina, PIHLAVA Juha-matti, PUGANEN An-na, et al. Predicting the properties of industrially produced oat flours by the characteristics of native oat grains or non-heat-treated groats[J]. Foods (Basel, Switzerland), 2021, 10(7): 1 552.

[2] SHARMA Girdhari M, WANG Shi-zhen S, PEREIRA Marion, et al. Sampling plan designs for gluten estimation in oat flour by discrete and composite sampling[J]. Food Control, 2021, 129(1): 107943.

[3] 肖燕子, 徐丽君, 辛晓平, 等. 呼伦贝尔地区不同燕麦品种的营养价值及发酵品质评价研究[J]. 草业学报, 2020, 29(12): 171-179.

XIAO Yan-zi, XU Li-jun, XIN Xiao-ping, et al. Study on nutritional value and fermentation quality evaluation of different oat varieties in Hulunbuir[J]. Pratacultural Science, 2020, 29(12): 171-179.

[4] BOCZKOWSKA M, ZEBROWSKI J, NOWOSIELSKI J, et al. Environmentally-related genotypic, phenotypic and metabolic diversity of oat (*Avena sativa* L.) landraces based on 67 polish accessions[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2017, 64(8): 1 829-1 840.

[5] LOSKUTOV I G, SHELENGA T V, KONAREV A V, et al. The metabolomic approach to the comparative analysis of wild and cultivated species of oats (*Avena* L.)[J]. Russian Journal of Genetics Applied Research, 2017, 7(5): 501-508.

[6] 王如月, 余讯, 徐静静, 等. 燕麦 β -葡聚糖及其寡糖对肠道菌群结构和代谢的影响[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(11): 85-91, 97.

WANG Ru-yue, YU Xun, XU Jing-jing, et al. The effect of oat β -glucan and its oligosaccharides on the structure and metabolism of intestinal flora[J]. Food and fermentation industry, 2020, 46(11): 85-91, 97.

[7] 付媛, 张美莉, 高韶辉, 等. 裸燕麦球蛋白源多肽作用于 D-半乳糖致衰老小鼠的代谢组学研究[J]. 食品科学, 2020, 41(17): 118-125.

FU Yuan, ZHANG Mei-li, GAO Shao-hui, et al. Metabonomics study of naked oat globulin-derived peptides on D-galactose-induced aging mice[J]. Food Science, 2020, 41(17): 118-125.

[8] 李英浩, 刘景辉, 赵宝平, 等. 干旱胁迫下腐植酸对燕麦叶片非结构性碳水化合物代谢的影响[J]. 西北植物学报, 2020, 40(12): 2 101-2 107.

LI Ying-hao, LIU Jing-hui, ZHAO Bao-ping, et al. Effects of humic acid on non-structural carbohydrate metabolism of oat leaves under drought stress[J]. Northwestern Journal of Botany, 2020, 40(12): 2 101-2 107.

[9] 孙雯. 水分和腐植酸对燕麦光合、糖代谢及产量和 β -葡聚糖形成的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2018: 5-10.

- SUN Wen. Effects of water and humic acid on oats photosynthesis, sugar metabolism, yield and β -glucan formation[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2018: 5-10.
- [10] 王少雷. 基于多肽组学和代谢组学的不同加工工艺牛奶鉴别研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2021: 7-9.
- WANG Shao-lei. Study on the identification of different processing technology milk based on peptomics and metabolomics [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2021: 7-9.
- [11] 刘平香. 基于代谢组学的大蒜生长贮藏过程中特征成分变化研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2020: 5-8.
- LIU Ping-xiang. Study on the changes of characteristic components of garlic during growth and storage based on metabolomics[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2020: 5-8.
- [12] 郝杰, 姜洁, 毛婷, 等. 代谢组学技术在食品安全风险监测中的研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2017, 8(7): 2 587-2 595.
- HAO Jie, JIANG Jie, MAO Ting, et al. Research progress of metabolomics in food safety risk monitoring[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2017, 8(7): 2 587-2 595.
- [13] 张丽媛, 于英博, 赵子莹, 等. 不同品种绿豆中代谢产物的分离鉴定及代谢机制分析[J]. 食品科学, 2021, 42(16): 169-175.
- ZHANG Li-yuan, YU Ying-bo, ZHAO Zi-ying, et al. Isolation and identification of metabolites from different varieties of mung bean and analysis of metabolic mechanism[J]. Food Science, 2021, 42(16): 169-175.
- [14] 张丽媛, 代安娜, 于润众, 等. 基于代谢组学的黑龙江省不同产地大豆的代谢产物分析[J]. 现代食品科技, 2021, 37(6): 287-295, 319.
- ZHANG Li-yuan, DAI An-na, YU Run-zhong, et al. Analysis of metabolites of soybeans from different producing origins in heilongjiang province based on metabolomics[J]. Modern Food Science and Technology, 2021, 37(6): 287-295, 319.
- [15] MENGISTU Gezahegn, TULU Dereje, ALEME Melkam, et al. Evaluation of oats (*Avena sativa*) varieties for adaptability performances and their nutritional value in the highland of masha, south west ethiopia[J]. International Journal of Animal Science and Technology, 2021, 5(3): 70-74.
- [16] KUMAR Lokesh, SEHRAWAT Rachna, KONG Yan-zhuo. Oat proteins: A perspective on functional properties [J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 152: 112307.
- [17] 李笑蕊, 刘珊, 王世霞, 等. 6种裸燕麦营养成分及功能活性成分对比分析[J]. 食品与机械, 2016, 32(3): 28-32.
- LI Xiao-rui, LIU Shan, WANG Shi-xia, et al. Comparative analysis of nutritional components and functional active components of 6 kinds of naked oats[J]. Food & Machinery, 2016, 32(3): 28-32.
- [18] 王琪琳, 陈路. 三种酮酸与四大类物质代谢的关系[J]. 生命的化学, 2019, 39(3): 616-622.
- WANG Qi-lin, CHEN Lu. The relationship between three keto acids and the metabolism of four major substances[J]. Chemistry of Life, 2019, 39(3): 616-622.
- [19] 谭海, 顾阳, 卢南巡, 等. 代谢工程改造谷氨酸棒状杆菌促进L-异亮氨酸发酵合成的研究进展[J]. 中国酿造, 2021, 40(9): 1-6.
- TAN Hai, GU Yang, LU Nan-xun, et al. Metabolic engineering of *Corynebacterium glutamicum* to promote fermentation and synthesis of L-isoleucine[J]. China Brewing, 2021, 40(9): 1-6.
- [20] 郑宾国, 牛俊玲, 郑正, 等. γ -射线辐照催化降解水溶液中萘普生[J]. 环境化学, 2011, 30(12): 2 022-2 025.
- ZHENG Bing-guo, NIU Jun-ling, ZHENG Zheng, et al. Catalytic degradation of naproxen in aqueous solution by γ -ray irradiation[J]. Environmental Chemistry, 2011, 30(12): 2 022-2 025.
- [21] 涂宁宇. 萘普生及其光解产物在水环境中的光化学反应机理研究[D]. 广州: 广东工业大学, 2019: 4-10.
- TU Ning-yu. Study on the photochemical reaction mechanism of naproxen and its photolysis products in water environment [D]. Guangzhou: Guangdong University of Technology, 2019: 4-10.
- [22] CHEN G Q, TALEBI S, GRAS S L, et al. A review of salty waste stream management in the Australian dairy industry[J]. Journal of Environmental Management, 2018, 224: 406-413.

信息窗

斯里兰卡拟制订果冻等 5 个食品标准

2022年3月15日,斯里兰卡标准局发布咨询文件,拟修订果冻、食品卫生操作规范一般原则、面粉、黑胡椒、方便面5个食品标准。其中,①果冻标准规定了果冻晶体的取样和检验的要求和方法、果冻分类、基本成分及可选成分、物理及化学要求、微生物及污染物要求、包装及标签要求、采样及测试要求等;②食品卫生操作规范一般原则标准包括对生产(包括初级生产)、加工、包装、储存、零售、食品运输等,整个食品链中应采取

具体的食品安全控制措施及加工厂要求等;③面粉标准规定了面粉的取样和检验的要求和方法、卫生要求、微生物、污染物、生物毒素含量要求及包装和标签要求;④黑胡椒标准规定了黑胡椒整粒和磨碎的取样和检验要求及卫生要求;⑤方便面标准规定了方便面中酸价和过氧化值抽样方法和检测所用的试剂、设备、检测方法。上述标准意见征集截止日期2022年5月15日。

(来源: <http://news.foodmate.net>)