

多组学技术及其在食品研究中的应用

Advances of multi-omics and its research progress in food

李 林¹ 邓 娜^{1,2,3} 张 博^{1,2,3} 李 慧^{1,2,3}

LI Lin¹ DENG Na^{1,2,3} ZHANG Bo^{1,2,3} LI Hui^{1,2,3}

刘 妙¹ 王建辉^{1,2,3}

LIU Miao¹ WANG Jian-hui^{1,2,3}

(1. 长沙理工大学食品与生物工程学院, 湖南 长沙 410114; 2. 长沙理工大学预制菜现代产业学院, 湖南 长沙 410114; 3. 湖南省湘味餐调智造与质量安全工程技术研究中心, 湖南 浏阳 410023)

(1. School of Food Science and Bioengineering, Changsha University of Science and Technology, Changsha, Hunan 410114, China; 2. Modern Industrial College of Prepared Dishes, Changsha University of Science and Technology, Changsha, Hunan 410114, China; 3. Hunan Provincial Engineering Technology Research Center of Intelligent Manufacturing and Quality Safety of Xiang Flavoured Compound Seasoning for Chain Catering, Liuyang, Hunan 410023, China)

摘要:近年来,组学因其在揭示生物体内复杂生化作用及宏观调控动态网络体系机制方面作用突出,受到食品和营养领域研究学者的广泛关注,并已被应用于食品领域研究中。文章从组学基本概念出发,重点阐述了基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学在食品领域的应用研究,并展望了利用组学工具进行食品原料控制、品质提升与安全机理剖析的应用前景。

关键词:基因组学;蛋白质组学;代谢组学;多组学技术;食品质量

Abstract: In recent years, omics has received a lot of attention from researchers in the field of food and nutrition because of its prominent role in revealing the mechanisms of complex biochemical actions and macro-regulatory dynamic network systems in living organisms and has been applied to research in the field of food. This paper focuses on the application of genomics, transcriptomics, proteomics and metabolomics in the food field from the basic concept of histology, which is expected to provide a theoretical basis and scientific guidance for the

further use of histological tools for food ingredient control, quality improvement and safety mechanism analysis.

Keywords: genomics; proteomics; metabolomics; multi-omics; food quality

随着计算生物学及系统生物学等新兴学科的不断涌现,生命科学大综合和大发展时期如期而至,在此过程中,“组学”的概念应运而生。组学包括 DNA 序列和修饰(基因组、表观基因组)、RNA 和蛋白质含量(转录组、蛋白质组)、小分子(代谢组、脂质体组)和元素组成(如离子组),其均可采用相应的组学技术进行分析,统称多组学技术^[1]。如采用微生物组学通过整合试验中的大量多样化信息,可揭示微生物的复杂性^[2],采用脂质组学可利用多组学方法进行数据集成^[3]。组学发展至今已形成涉及生命发展动态全过程、多维度的网络体系,研究对象包括代谢前体、中间体、最终产物的生物合成或降解的调控整合网络,受目前技术的限制,研究重点仍集中于微生物,包括微藻^[4-5]、细菌^[6-10]及其代谢物^[11-14]等。

随着 DNA 测序技术的进步,尤其是下一代基因测序技术的发展,基于测序的应用场景更加多元,所产生的数据量大幅增加^[15]。近年来组学研究的进程不断加快,多组学技术已被广泛应用到生产生活的诸多方面,交互式大数据也受到越来越多的关注^[16]。复杂的食品基质与大量生理生化过程相关,而研究以上分子响应机制需结合代谢组学、蛋白质组学、基因组学、转录组学、脂质组学和生物信息学等多种方法进行综合分析,通过分析食品化

基金项目:湖南省自然科学基金杰出青年科学基金项目(编号:2021JJ10007);湖南省科技重点研发项目(编号:2021NK2015,2019SK2121);湖南省科技人才托举工程中青年学者培养计划项目(编号:2019TJ-Q01);长沙理工大学研究生科研创新项目(编号:2021SS83)

作者简介:李林,女,长沙理工大学在读硕士研究生。

通信作者:王建辉(1980—),男,长沙理工大学教授,博士。

E-mail: wangjh0909@163.com

收稿日期:2022-09-07 **改回日期:**2023-01-19

合物和多种外界因素间的相关性,发掘实现相关功能的新生物标志物,以揭示其内在复杂机制,从而为食品的生产应用提供理论支撑。研究拟聚焦组学技术在食品领域的应用现状及发展前景,以期多组学技术在食品研究中的进一步发展做出预判与借鉴。

1 组学概况

根据中心法则(DNA→RNA→蛋白质)揭示的生命科学基本规律,基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学^[17]已被广泛应用于分析研究中;研究对象不同,组学技术研究策略不同,所依赖的技术手段也不尽相同(图1)。

1.1 基因组学(Genomics)

1990 年人类基因组计划的正式启动,揭开了基因组学时代的序幕。2006 年人类基因组草图宣告完成,人们对基因组的结构和特征有了全面认识,生命科学的研究重点转移至解析基因组的功能,即对基因组的研究由结构基因组学进入功能基因组学^[19](图2)。基因组学是一门对某一物种的所有基因进行核苷酸序列分析、基因定位、基因组作图和基因功能分析的学科,也是组学发展的第一步,理论体系和技术体系都已有较大发展,可在相对较低的成本下对数量空前的样本进行快速基因分型,对基因组进行有效测序,并从中预测 RNA 及蛋白质序列^[1]。2007 年第二代基因组测序技术取得突破,以 Illumina 测序技术为代表的高通量短片段测序与拼接技术,大大降低了 DNA 序列分析成本,加速了大量物种基因组草图的面世。2017 年,以 Oxford Nanopore 为代表的第三代测序仪在测序通量和准确率方面取得显著改进^[20],已成为当前基因组学的主要测序方式(表1)。

1.2 转录组学(Transcriptomics)

转录组学是研究特定组织、细胞或器官在特定组织

生长发育阶段或某一特定生理状态下所有转录组的科学^[29],其将 mRNA 反转录为 cDNA,进而对 cDNA 进行分析来反映特定时空下基因的表达情况。转录组学覆盖率高、具有动态性,其兴起使大量生物分子被发现,且其数据比“下游组学”如蛋白质组学和代谢组学更容易分析和共享,有助于建立全景式的生物特定时空基因表达图。转录组与基因组学采用相同的测序技术,但转录组是在测序之前的反向翻译(mRNA→cDNA),可选择性地去除干扰核酸如 DNA、t-RNA、rRNA^[30]。随着第三代基因组测序技术的发展,RNA-seq 方法(表1)可用于研究 RNA 生物学的诸多方面,如单细胞基因的表达、翻译组(translatome)和 RNA 结构,已渗透到动植物、微生物生长发育的各个方面^[31]。

1.3 蛋白质组学(Proteomics)

蛋白质组学以细胞内全部蛋白质的存在及其活动方式为研究对象,是揭示基因结构与表达关系的主要“功能层”^[1]。同时,蛋白质是直接参与生命活动的生物大分子,对复杂生命系统进行整体性研究非常重要,蛋白质组学研究已成为生命科学研究进入后基因组时代的里程碑(图2)。蛋白质组学研究的核心在于蛋白质的分离与鉴定,主要应用双向电泳(2-DE)和质谱技术(表1)。蛋白质首先依据其等电点和分子量进行分离,去除差异蛋白条带,再对胰蛋白酶消化后产生的多肽进行质谱分析^[23]。目前已有大量专门软件可通过分析比较所获得的蛋白质图谱以确定 2-DE 中样品间的差异,一些软件甚至可实现条带的相对量化。

1.4 代谢组学(Metabolomics)

代谢组学是依据生物体系受外界刺激或扰动后代代谢产物的变化情况研究生物体系代谢途径的一门科学,根据其研究对象可分为脂质组学、离子组学等。通过代谢

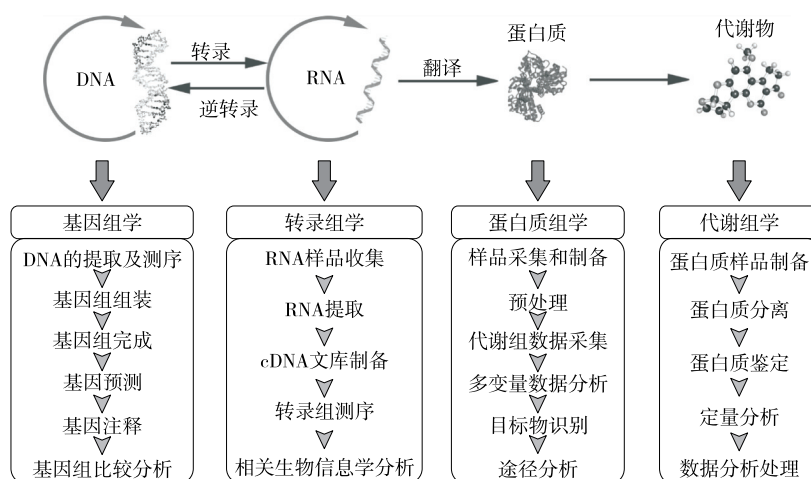


图1 与中心法则相关的主要组学方法及其一般研究策略^[18]

Figure 1 Several major omics technology associated with central dogma and their general research strategy

组学方法能精准识别和精确定量特征代谢物,使用软件工具进行下游途径和网络分析,在发现所需的生物标志物方面具有良好应用^[32]。与蛋白质组学类似,其研究核心在于代谢物的分离与鉴别,由于代谢物的复杂性,尚无一种特定的分析技术适用于所有待测样品,因此出现了多种分离分析技术组合使用的现象,目前应用最广泛的是色谱与质谱联用(表 1)。先从代谢物的种类和含量得到大量复杂的多维数据,而后采用化学计量学方法进行数据分析,从而识别显著变化的代谢标志物,通过对代谢途径及其变化规律的研究,可揭示反应的潜在机制^[33]。

2 多组学在食品研究中的应用

随着消费认知和消费能力的不断提升,人们希望对其生产加工及贮藏过程中的各种生化过程及其详细机制拥有更加全面的认识^[34],而常规分析方法难以实现以上目的。为了满足当前对食品的高要求与新期待,利用组学大数据和整体分析技术,近年来通过蛋白质组学、营养基因组学、肠道菌宏基因组学和营养代谢组学的大量研究,推动了个性化营养学的高速发展^[35]。总体而言,通过整合最新相关研究,组学技术在食品领域的应用主要集

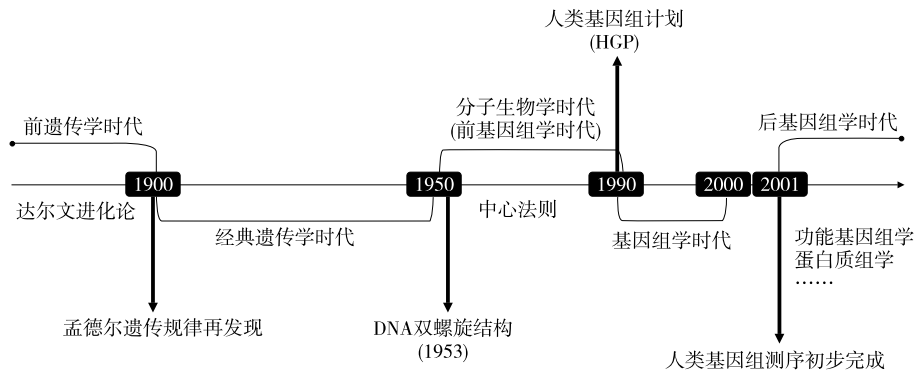


图 2 组学技术发展历程

Figure 2 History of the development of omics technology

表 1 多层次组学常用技术汇总简表

Table 1 Summary table of common techniques used in multi-omics

组学名称	技术名称	主要技术手段	参考文献
基因组学	第三代测序技术	无扩增测序	[21]
		零模波导纳米结构阵列	
		蛋白质纳米孔	
		自组装 DNA 纳米阵列	
		化学敏感场效应晶体管阵列	
转录组学	测序技术	基因微阵列技术	[22]
		基因表达序列分析技术(SAGE)	
		大规模平行测序技术(MPSS)	
		高通量 RNA 测序技术	
		cDNA 扩增片段长度多态性(cDNA-AFLP)	
蛋白质组学	分离技术	双向凝胶电泳(2-DE)	[23]
	鉴定技术	肽指纹图谱(PMF)技术	[24]
		特异性酶解后多维色谱—质谱联用蛋白质鉴定技术(MudPIT)	
		抗体芯片表面增强激光解析电离法检测技术(SELD-TOF-MS)	
代谢组学	分离分析技术	核磁共振波谱(NMR)	[25—26]
		色谱—质谱联用(GC/LC-MS)	
		毛细管电泳(CE-MS)	
	数据分析方法	聚类分析:主成分分析(PCA)、非线性映射(NLM)、分级聚类法(HCA)	[27—28]
		有监督识别模式分析:K 最邻近法(K-NN)、偏最小二乘法—判别分析(PLS-DA)	

中在食品原料控制、品质提升与安全机理剖析 3 个方面(图 3)。



图 3 组学技术在食品领域的主要应用

Figure 3 Applications of omics technology in the field of food research

2.1 在食品原料控制方面

畜牧业和种植业是食品原料的供给端,为食品产业提供畜产和植物性原料,而原料的产量及质量直接影响食品的品质。应用组学技术可筛选出影响植株和家畜生长的关键因素,进而可进一步挖掘增产提质的潜能,从而为上游食品原料的质量提供保障。

2.1.1 在植物性食材生产中的应用 随着气候持续剧烈变化,土壤受到污染,农作物生长过程受环境中非生物因素的影响持续增大,导致多种粮食作物减产降质,而组学技术分析有助于加强对植物与环境相互作用的理解^[36],对鉴别描述作物品种、监测植物和作物健康状况、检查植物生长和果实成熟期间代谢物的积累、提高作物生产力等方面的研究优势明显。目前,组学技术对粮食作物和经济作物在非生物胁迫性研究与改良方面颇具成效,如 Kumari 等^[37]采用多组学方法揭示了水稻复杂的抗逆胁迫机制,从而可对耐旱品种进行精准改良;Chen 等^[38]通过比较野生大豆在低磷胁迫和充足磷源条件下小分子代谢物类型、数量、代谢途径和基因表达的差异,为开发耐贫瘠土壤的栽培大豆品种奠定了理论基础;Yang 等^[39]结合转录组与代谢组方法发现赤霞珠葡萄在调亏灌溉(RDI)中花青素生物合成相关基因表达上调,这对揭示花青素的积累机制及针对性开发高花青素含量食材具有积极作用。

2.1.2 在动物性食材生产中的应用 从养殖过程开始即可对饲养牲畜的品质进行调控以确保肉品品质。如水产养殖能够提供优质蛋白质,因此保证其在养殖过程中的

整体健康状况尤为必要^[40]。基于蛋白质—蛋白质相互作用的组学网络可促进对鱼类疾病的了解,有助于水产养殖过程中潜在疾病的识别和治疗^[41]。罗非鱼易在养殖过程中感染链球菌病而导致大规模死亡,Foysal 等^[42]通过代谢组学研究发现植物乳杆菌对罗非鱼肠道微生物区系、免疫应答及其抗病性具有积极影响。Gu 等^[43]结合代谢组学和基因测序技术研究发现,给泌乳期奶牛饲料中补充瘤胃保护性蛋氨酸可显著增加牛奶中功能性营养素 α -酮戊二酸水平,有利于功能性乳制品的开发。Liu 等^[44]对鹌鹑蛋进行全蛋白和修饰蛋白分析,鉴定出鹌鹑卵蛋白的 175 个蛋白质、109 个 N-糖蛋白(293 个 N-糖基化位点)和 23 个磷酸化蛋白(84 个磷酸化位点),功能分析表明鹌鹑卵蛋白、修饰蛋白具有丰富的酶活调节作用。

2.2 在食品品质提升方面

影响食品品质的因素较多,运用组学技术与方法可研究和探讨并揭示食品(功能性食品、发酵食品等)促进人类健康的潜在作用机理,对以饮食干预降低代谢性疾病风险和预后影响、控制成本均具积极作用^[45]。

2.2.1 功能性食品 人类肠道微生物区系是由数十亿个微生物组成的复杂群落,其微生物数量约为人类细胞的 10 倍^[46]。与人类共生的微生物具有数量多、反应复杂等特点,但细菌与宿主间的相互作用涉及不同微生物区系,其对人体影响各异。其中益生菌因其对人体有益,已成为功能性食品开发的重要选择。但益生菌种类繁多,且与宿主间作用机制不一,对益生菌功能的理解尚不够明确,而组学工具的利用和测序技术的发展对揭示特定微生物与人类宿主间的相互作用提供了有效途径^[47]。通常,基因组学用来确定微生物区系的组成,随后根据转录组结果筛选关键基因,再利用代谢组学定性和定量分析特定条件下的内源代谢物。多组学技术的发展加速了益生菌群的研究进程^[48-49],有助于深入了解益生菌内在作用机理,有利于相关功能性食品的开发。

2.2.2 发酵食品 发酵食品历史悠久,种类繁多,待开发微生物资源丰富^[50]。近年来各类组学在奶酪、发酵酒精饮料、发酵蔬菜、发酵茶、醋及豆制品中均有大量研究和突破^[51-52]。Song 等^[53]应用多组学(代谢组学和代谢组学)、细菌活力和理化分析,发现泡菜发酵过程中不同的原料组成会导致微生物群落结构不同。Zhang 等^[54]利用组学研究筛选并确定了郫县蚕豆酱高渗发酵过程中具有多肽降解功能的 3 种菌株(*Aspergillus niger*、*Candida zeylanoides* 和 *Bacillus licheniformis*),其能够分泌肽酶,产生氨基酸。Taylor 等^[55]通过多组学方法(16S rRNA 扩增序列、宏基因组测序和非靶向质谱)研究不同类型的发酵食品对人体肠道微生物组和健康的影响,发现共轭亚油酸产生与发酵食品消费间存在相关性。综上,揭示

发酵过程中复杂生化变化及发酵微生物作用的组学研究,可为明晰发酵过程,从原料、发酵剂、发酵条件、贮藏条件等角度优化发酵工艺奠定基础。

2.2.3 其他食品 食品在加工过程(煮沸、油炸和烘烤)中会发生一系列复杂的生化变化,导致蛋白质、脂质等营养成分变性失活,通过组学技术进行分子水平的研究可深入探究食品加工过程中组分变化对食品品质和功能特性的影响,为食品加工工艺优化奠定理论基础。Wu等^[56]采用非靶向组学方法测定牛肉在煮沸、油炸和烘烤过程中缩醛磷脂的变化,发现煮沸时间和烘烤温度对缩醛磷脂指纹图谱变化起关键作用,而采用涂膜预处理可防止油炸过程中缩醛磷脂的损失,从而保持其营养品质。

2.3 在食品安全机理剖析方面

食品安全的概念日益扩大,安全评价的范围也逐渐扩大,除生产、加工、贮藏安全外,还包括食品成分、可追溯性、食品安全本身(微生物、过敏原或其他污染物)等。利用多组学技术可确定食品中生物危害和非生物危害,从而确保“从农田到餐桌”的安全。

2.3.1 食品的鉴伪和溯源 食品真伪鉴别和溯源技术是保障食品安全的重要手段,在食品质量与安全领域中占据重要地位^[28]。当前食品掺假事件频发、掺假手段多样,传统检测方法已不能满足食品质量与安全检测要求,而组学技术具有强大的物质鉴定功能^[57],能为食品鉴别和溯源提供科学依据和技术支持。应用多组学技术可对食品中蛋白质、糖类、脂质或其他代谢产物等进行大规模的定性定量分析,其在水产品、乳制品和肉制品等食品的真伪鉴别和产地溯源等方面具有广泛应用^[58-59]。Bong等^[60]利用电感耦合等离子体原子发射光谱、质谱技术根据不同产地白菜中各种常量及微量元素的含量变化即可确定其地理起源。

2.3.2 食品的生物危害 食品易受病原菌的污染,利用天然或人工合成的抗菌物质可预防腐败^[61],而组学尤其是代谢组学技术是阐明其潜在作用机制的有效手段。如采用核磁共振方法探究乳酸链球菌素(Nisin)和葡萄籽提取物(GSE)对肉汤和对虾中李斯特氏菌的抑菌机理,研究发现 Nisin 及 GSE 是通过阻断 TCA 循环、氨基酸生物合成和能量产生途径抑制李斯特菌的存活,其二元组合抗李斯特菌活性显著^[62]。此外,以质谱技术为核心的多组学还可用于细菌毒力机制的阐明^[63],以此为依据建立更高效的杀菌方法。交叉组学分析可揭示多种物质间的协同作用,如通过分析牛奶中黄曲霉毒素 M₁(AFM₁)和赭曲霉毒素 A(OTA)引起炎症的相关基因,根据其在分化的 Caco-2 细胞中的表达可确定其协同作用机制,证实 AFM₁ 和 OTA 的协同会加剧肠道炎症^[64]。Liu 等^[65]利用 UPLC/Q-TOF-MS 结合多变量分析方法,分析了大肠

杆菌 O157:H7(*E.coli* O157:H7)对电解水和热处理响应的代谢物组成和基因表达,综合代谢组和基因组研究结果表明,电解水和热处理显著干扰了与氨基酸代谢、核苷酸合成和脂质生物合成功能相关的代谢途径,从而部分揭示了电解水和微热条件对大肠杆菌的杀菌机理。

2.3.3 食品的过敏反应 食物过敏是一种复杂的异质性疾病,影响易过敏个体的生活质量,严重时甚至危及生命,由于遗传背景、环境和微生物区系等的复杂性,准确、快速、可靠诊断食物过敏较难实现^[66]。随着高通量技术和计算技术的迅速发展,应用组学方法可有效探明食物过敏的发病机制,并根据特定患者的特征确定合适的生物标志物,提供个性化精准治疗^[67]。食物过敏可能与多种基因变异有关,应用基因组学有助于识别相关的常见遗传变异^[68];转录组分析可通过明确过敏和非过敏受试者间基因表达差异^[69],识别新的免疫过程;运用蛋白质组学对过敏性蛋白进行分析,有助于提高对过敏原的了解^[70],阐明各种食源性过敏蛋白的致敏机制,将其与临床结合,可以此为依据设计合适的治疗方法。其中,牛乳过敏最为普遍,蛋白质组学在牛乳过敏原定量、诊断、治疗和预后全过程均可发挥作用^[71]。

3 前景与挑战

食品是一个复杂的生态系统,当前食品领域的研究多局限于单一生物影响因素,而应用鸟枪测序、气质联用、高效液相色谱和核磁共振波谱的多组学技术可对特定微生物的基因组、代谢物进行分析,基于复杂体系间的交互影响及动态变化,可揭示食品的动态网络调控机制。随着各种技术平台的不断完善,多组学技术将在控制食品原料、提升食品品质和剖析食品安全机理方面发挥更大的技术支撑作用。组学技术与食品的结合,有望将食品科学研究从材料学范畴,拓展到“食品+”的层级,以食品与人体/环境的视角切入,通过大量数据的集成,全面研究待分析物的理化变化,有助于充分认识食品的内在功能特性。但目前多组学分析仍存在一定的局限性,如当前的提取技术和检测手段尚不能覆盖所有待检物,测定生物活性化合物的仪器检测精度和灵敏度有限,且分析过程中缺乏可供参考、比较的标准数据库,数据处理能力仍有待提升,以上都在一定程度上制约了多组学技术的发展。因此,开发更高灵敏度和分辨率的检测仪器、建立丰富组学数据库,从而提高多组学技术的精度和覆盖率,进一步拓宽其在食品领域研究中的应用,不断推动对食品本质的深入了解,这是多组学有待进一步突破的方向所在。

参考文献

[1] HAAS R, ZELEDNIAC A, IACOVACCI J, et al. Designing and

- interpreting 'multi-omic' experiments that may change our understanding of biology[J]. *Current Opinion in Systems Biology*, 2017, 6: 37-45.
- [2] FONDI M, LIÓ P. Multi-omics and metabolic modelling pipelines: Challenges and tools for systems microbiology[J]. *Microbiological Research*, 2015, 171: 52-64.
 - [3] KOPCZYNSKI D, COMAN C, ZAHEDI R P, et al. Multi-OMICS: A critical technical perspective on integrative lipidomics approaches [J]. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids*, 2017, 1862(8): 808-811.
 - [4] MISHRA A, MEDHI K, MALAVIYA P, et al. Omics approaches for microalgal applications: Prospects and challenges[J]. *Bioresource Technology*, 2019, 291: 121890.
 - [5] LIN W R, TAN S I, HSIANG C C, et al. Challenges and opportunity of recent genome editing and multi-omics in cyanobacteria and microalgae for biorefinery [J]. *Bioresource Technology*, 2019, 291: 121932.
 - [6] HADADI N, PANDEY V, CHIAPPINO-PEPE A, et al. Mechanistic insights into bacterial metabolic reprogramming from omics-integrated genome-scale models [J]. *NPJ Systems Biology and Applications*, 2020, 6(1): 1-11.
 - [7] 阮志强, 邓建阳, 蒋雪薇, 等. 槟榔贮藏及加工过程中细菌群落结构变化[J]. *食品与机械*, 2021, 37(8): 146-152.
 - [7] RUAN Z Q, DENG J Y, JIANG X W, et al. Variations of bacterial community structure during storage and processing of the betelnut [J]. *Food & Machinery*, 2021, 37(8): 146-152.
 - [8] CHAI L, DING C, LI J, et al. Multi-omics response of *Pannonibacter phragmitetus* BB to hexavalent chromium [J]. *Environmental Pollution*, 2019, 249: 63-73.
 - [9] PALAZZOTTO E, WEBER T. Omics and multi-omics approaches to study the biosynthesis of secondary metabolites in microorganisms [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2018, 45: 109-116.
 - [10] VELING M T, REIDENBACH A G, FREIBERGER E C, et al. Multi-omic mitoprotease profiling defines a role for Oct1p in coenzyme Q production[J]. *Molecular Cell*, 2017, 68(5): 970-977.
 - [11] 李丁, 秦岭, 汪世华, 等. 黄曲霉菌次级代谢的组学研究进展 [J]. *菌物学报*, 2020, 39(3): 509-520.
 - [11] LI D, QIN L, WANG S H, et al. Research progress on the omics of secondary metabolism of *Aspergillus flavus* [J]. *Mycosystema*, 2020, 39(3): 509-520.
 - [12] PORCELLI V, VOZZA A, CALCAGNILE V, et al. Molecular identification and functional characterization of a novel glutamate transporter in yeast and plant mitochondria [J]. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, 2018, 1859(11): 1249-1258.
 - [13] BECKER J, WITTMANN C. From systems biology to metabolically engineered cells: An omics perspective on the development of industrial microbes [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2018, 45: 180-188.
 - [14] WHITE III R A, RIVAS-UBACH A, BORKUM M I, et al. The state of rhizospheric science in the era of multi-omics: A practical guide to omics technologies[J]. *Rhizosphere*, 2017, 3: 212-221.
 - [15] GOODWIN S, MCPHERSON J D, MCCOMBIE W R. Coming of age: Ten years of next-generation sequencing technologies [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2016, 17(6): 333-351.
 - [16] WU L, HAN L, LI Q, et al. Using interactome big data to crack genetic mysteries and enhance future crop breeding[J]. *Molecular Plant*, 2020, 14(1): 77-94.
 - [17] HARPER J W, BENNETT E J. Proteome complexity and the forces that drive proteome imbalance [J]. *Nature*, 2016, 537(7620): 328-338.
 - [18] 王旭. 基于比较基因组学和转录组学技术揭示单增李斯特菌毒力因子的研究[D]. 上海: 上海海洋大学, 2016: 7-14.
 - [18] WANG X. Research of virulence factor in *Listeria monocytogenes* revealed by comparative genomic and transcriptome analysis[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2016: 7-14.
 - [19] YAMAZAKI M, RAI A, YOSHIMOTO N, et al. Perspective: Functional genomics towards new biotechnology in medicinal plants[J]. *Plant Biotechnology Reports*, 2018, 12(2): 69-75.
 - [20] 周新成, 夏志强, 陈新, 等. 基因组学进展及其在热带作物领域中的应用[J]. *热带作物学报*, 2020, 41(10): 2130-2142.
 - [20] ZHOU X C, XIA Z Q, CHEN X, et al. Advances of genomics and its utilization in tropical crops [J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2020, 41(10): 2130-2142.
 - [21] WANG D, BODOVITZ S. Single cell analysis: The new frontier in 'omics[J]. *Trends in Biotechnology*, 2010, 28(6): 281-290.
 - [22] 雷忠华, 陈聪聪, 陈谷. 基于宏基因组和宏转录组的发酵食品微生物研究进展[J]. *食品科学*, 2018, 39(3): 330-337.
 - [22] LEI Z H, CHEN C C, CHEN G. Metagenomic and metatranscriptomic analysis of microbiota in fermented foods: Review of recent advances[J]. *Food Science*, 2018, 39(3): 330-337.
 - [23] MORA L, GALLEGO M, TOLDRA F. New approaches based on comparative proteomics for the assessment of food quality [J]. *Current Opinion in Food Science*, 2018, 22: 22-27.
 - [24] 王龔, 许文涛, 赵维薇, 等. 组学技术及其在食品科学中的应用的研究进展[J]. *生物技术通报*, 2011(11): 26-32.
 - [24] WANG Y, XU W T, ZHAO W W, et al. Advances in omics technology and application in food science research [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2011(11): 26-32.
 - [25] ALAWIYE T T, BABALOLA O O. Metabolomics: Current application and prospects in crop production[J]. *Biologia*, 2020, 76(1): 1-13.
 - [26] 杨慧, 步雨珊, 易华西. 代谢组学在乳酸菌研究中的应用[J]. *天然产物研究与开发*, 2019, 31(8): 1474-1479, 1349.
 - [26] YANG H, BU Y S, YI H X. Application of metabolomics in the study of lactic acid bacteria [J]. *Natural Product Research and Development*, 2019, 31(8): 1474-1479, 1349.
 - [27] 代安娜, 张丽媛, 闵广柳, 等. 不同产地裸燕麦代谢产物差异

- 分析[J]. 食品与机械, 2022, 38(3): 32-37.
- DAI A N, ZHANG L Y, MIN G L, et al. Analysis on the difference of metabolites of naked oats from different produced areas[J]. Food & Machinery, 2022, 38(3): 32-37.
- [28] 张慧艳, 刘诗文, 齐诗哲, 等. 食品组学技术在食品真伪鉴别和溯源方面应用进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(3): 948-955.
- ZHANG H Y, LIU S W, QI S Z, et al. Application progress of food omics technology in food authenticity identification and traceability[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2022, 13(3): 948-955.
- [29] 唐琴, 唐秀华, 孙威江. 转录组学技术及其在茶树研究中的应用[J]. 天然产物研究与开发, 2018, 30(5): 900-906, 874.
- TANG Q, TANG X H, SUN W J. Review on the application of transcriptomics approach in tea plant (*Camellia sinensis*) [J]. Natural Product Research and Development, 2018, 30(5): 900-906, 874.
- [30] TILOCCA B, COSTANZO N, MORITTU V M, et al. Milk microbiota: Characterization methods and role in cheese production[J]. Journal of Proteomics, 2020, 210: 103534.
- [31] HARPER A L, HE Z, LANGER S, et al. Validation of an associative transcriptomics platform in the polyploid crop species *Brassica juncea* by dissection of the genetic architecture of agronomic and quality traits[J]. The Plant Journal, 2020, 103(5): 1 885-1 893.
- [32] ZHANG A, SUN H, WANG P, et al. Metabonomics for discovering biomarkers of hepatotoxicity and nephrotoxicity [J]. Die Pharmazie-An International Journal of Pharmaceutical Sciences, 2012, 67(2): 99-105.
- [33] 张帅军, 唐月梅, 牛英鹏, 等. 刺梨多糖改善肥胖大鼠胰岛素抵抗的作用和机制[J]. 食品与机械, 2022, 38(9): 34-39.
- ZHANG S J, TANG Y M, NIU Y P, et al. Effect and mechanism of *Rosa roxburghii* polysaccharide on improving insulin resistance in obese rats[J]. Food & Machinery, 2022, 38(9): 34-39.
- [34] 王建辉, 刘妙, 陈彦荣, 等. 预制湘菜产业现状及发展路径分析[J]. 中国食品学报, 2022, 22(10): 21-26.
- WANG J H, LIU M, CHEN Y R, et al. Analysis of current situation and development path of prepared dishes industry in Hunan[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2022, 22(10): 21-26.
- [35] ZOU J, MAO J. Advances of omics and personalized nutrition trends[J]. Journal of Food and Nutrition Science, 2020, 9: 87-94.
- [36] MOCHIDA K, NISHII R, HIRAYAMA T. Decoding plant-environment interactions that influence crop agronomic traits[J]. Plant and Cell Physiology, 2020, 61(8): 1 408-1 418.
- [37] KUMARI J, MAHATMAN K K, SHARMA S, et al. Recent advances in different omics mechanism for drought stress tolerance in rice[J]. Russian Journal of Plant Physiology, 2022, 69(1): 1-12.
- [38] CHEN J, ZHOU J, LI M, et al. Membrane lipid phosphorus reusing and antioxidant protecting played key roles in wild soybean resistance to phosphorus deficiency compared with cultivated soybean[J]. Plant and Soil, 2022, 474(2): 99-113.
- [39] YANG B, HE S, LIU Y, et al. Transcriptomics integrated with metabolomics reveals the effect of regulated deficit irrigation on anthocyanin biosynthesis in Cabernet Sauvignon grape berries[J]. Food Chemistry, 2020, 314: 126170.
- [40] RISE M L, MARTYNIUK C J, CHEN M. Comparative physiology and aquaculture: Toward omics-enabled improvement of aquatic animal health and sustainable production [J]. Comparative Biochemistry and Physiology D-Genomics & Proteomics, 2019, 31: 100603.
- [41] WAIHO K, AFIQAH-ALENG N, IRYANI M T M, et al. Protein-protein interaction network: An emerging tool for understanding fish disease in aquaculture[J]. Reviews in Aquaculture, 2021, 13(1): 156-177.
- [42] FOYSAL M J, ALAM M, KAWSER A Q M R, et al. Meta-omics technologies reveals beneficiary effects of *Lactobacillus plantarum* as dietary supplements on gut microbiota, immune response and disease resistance of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) [J]. Aquaculture, 2020, 520: 734974.
- [43] GU F, LIANG S, ZHU S, et al. Multi-omics revealed the effects of rumen-protected methionine on the nutrient profile of milk in dairy cows [J]. Food Research International, 2021, 149(1/2/3): 110682.
- [44] LIU L, YANG R, LUO X, et al. Omics analysis of holoproteins and modified proteins of quail egg [J]. Food Chemistry, 2020, 326: 126983.
- [45] SIKALIDIS A K. From food for survival to food for personalized optimal health: A historical perspective of how food and nutrition gave rise to nutrigenomics[J]. Journal of the American College of Nutrition, 2019, 38(1): 84-95.
- [46] ZHU B, WANG X, LI L. Human gut microbiome: The second genome of human body[J]. Protein & Cell, 2010, 1(8): 718-725.
- [47] 汪家琦, 康文丽, 吴忠坤, 等. 益生菌复合配方对小鼠肠道功能的影响[J]. 食品与机械, 2022, 38(8): 7-13.
- WANG J Q, KANG W L, WU Z K, et al. Effects of composite probiotics on the intestinal function in mice[J]. Food & Machinery, 2022, 38(8): 7-13.
- [48] YADAV M, SHUKLA P. Recent systems biology approaches for probiotics use in health aspects: A review[J]. 3 Biotech, 2019, 9(12): 1-10.
- [49] YADAV R, KUMAR V, BAWEJA M, et al. Gene editing and genetic engineering approaches for advanced probiotics: A review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2018, 58(10): 1 735-1 746.
- [50] ZHU M, LI N, ZHOU F, et al. Microbial bioconversion of the chemical components in dark tea [J]. Food Chemistry, 2020, 312: 126043.
- [51] ZHANG X, WANG L, LI Q, et al. Omics analysis reveals

- mechanism underlying metabolic oscillation during continuous very-high-gravity ethanol fermentation by *Saccharomyces cerevisiae*[J]. *Biotechnology and Bioengineering*, 2021, 118(8): 2 990-3 001.
- [52] HU S, HE C, LI Y, et al. The formation of aroma quality of dark tea during pile-fermentation based on multi-omics[J]. *LWT*, 2021, 147: 111491.
- [53] SONG H S, WHON T W, KIM J, et al. Microbial niches in raw ingredients determine microbial community assembly during kimchi fermentation[J]. *Food Chemistry*, 2020, 318: 126481.
- [54] ZHANG L, BAO Y, CHEN H, et al. Functional microbiota for polypeptide degradation during hypertonic moromi-fermentation of Pixian broad bean paste[J]. *Foods*, 2020, 9(7): 930.
- [55] TAYLOR B C, LEJZEROWICZ F, POIREL M, et al. Consumption of fermented foods is associated with systematic differences in the gut microbiome and metabolome [J]. *Msystems*, 2020, 5(2): e00901.
- [56] WU Y, CHEN Z, CHIBA H, et al. Plasmalogen fingerprint alteration and content reduction in beef during boiling, roasting, and frying[J]. *Food Chemistry*, 2020, 322: 126764.
- [57] AFZAA L, M, SAEED A, HUSSAIN M, et al. Proteomics as a promising biomarker in food authentication, quality and safety: A review[J]. *Food Science & Nutrition*, 2022, 10(7): 2 333-2 346.
- [58] QIN C C, LIU L, WANG Y, et al. Advancement of omics techniques for chemical profile analysis and authentication of milk [J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2022, 127: 114-128.
- [59] KUMAR P, RANI A, SINGH S, et al. Recent advances on DNA and omics-based technology in food testing and authentication: A review[J]. *Journal of Food Safety*, 2022, 42(4): e12986.
- [60] BONG Y S, SONG B Y, GAUTAM M K, et al. Discrimination of the geographic origin of cabbages[J]. *Food Control*, 2013, 30(2): 626-630.
- [61] 任惠敏, 张博, 邓娜, 等. 预制湘菜主要潜在危害物及减控技术研究进展[J]. *长沙理工大学学报(自然科学版)*, 2022, 19(4): 118-130.
- REN H M, ZHANG B, DENG N, et al. Research progress on main potential hazards and reduction and control technology of Hunan-flavored prepared dishes[J]. *Journal of Changsha University of Science & Technology (Natural Science)*, 2022, 19(4): 118-130.
- [62] ZHAO X, CHEN L, WU J, et al. Elucidating antimicrobial mechanism of nisin and grape seed extract against *Listeria monocytogenes* in broth and on shrimp through NMR-based metabolomics approach [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2020, 319: 108494.
- [63] MAN L, KLARE W P, DALE A L, et al. Integrated mass spectrometry-based multi-omics for elucidating mechanisms of bacterial virulence[J]. *Biochemical Society Transactions*, 2021, 49(5): 1 905-1 926.
- [64] GAO Y, YE Q, BAO X, et al. Transcriptomic and proteomic profiling reveals the intestinal immunotoxicity induced by aflatoxin M₁ and ochratoxin A[J]. *Toxicon*, 2020, 180: 49-61.
- [65] LIU Q, CHEN L, LASERNA A K C, et al. Synergistic action of electrolyzed water and mild heat for enhanced microbial inactivation of *Escherichia coli* O157: H7 revealed by metabolomics analysis[J]. *Food Control*, 2020, 110: 107026.
- [66] MARZANO V, TILOCCA B, FIOCCHI A G, et al. Perusal of food allergens analysis by mass spectrometry-based proteomics [J]. *Journal of Proteomics*, 2020, 215: 103636.
- [67] IRIZAR H, KANCHAN K, MATHIAS R A, et al. Advancing food allergy through omics sciences[J]. *The Journal of Allergy and Clinical Immunology: In Practice*, 2021, 9(1): 119-129.
- [68] HARDY L C, SMEEKENS J M, KULIS M D. Biomarkers in food allergy immunotherapy[J]. *Current Allergy and Asthma Reports*, 2019, 19(12): 61.
- [69] CRESTANI E, HARB H, CHARBONNIER L M, et al. Untargeted metabolomic profiling identifies disease-specific signatures in food allergy and asthma [J]. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2020, 145(3): 897-906.
- [70] DHONDALAY G K, RAE E, ACHARYA S, et al. Food allergy and omics[J]. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2018, 141(1): 20-29.
- [71] D'AURIA E, VENTER C. Precision medicine in cow's milk allergy[J]. *Current Opinion in Allergy and Clinical Immunology*, 2020, 20(3): 233-241.

(上接第 8 页)

- [57] HORIE A, KOBAYASHI T, ADACHI S J. Seasoning production from the residual waste solution of isada krill processing by its treatment under subcritical water conditions[J]. *Japan Journal of Food Engineering*, 2018, 19(2): 113-118.
- [58] KOOMYART I, NAGAMIZU H, KHUWIJITJARU P, et al. Astaxanthin stability and color change of krill during subcritical water treatment[J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2017, 54(10): 3 065-3 072.
- [59] ASLANBAY GULER B, DENIZ I, DEMIREL Z, et al. A novel subcritical fucoxanthin extraction with a biorefinery approach[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2020, 153: 107403.
- [60] 朱凯祺, 蔡小媛, 丘苑新. 亚临界流体萃取技术提取柚皮精油的工艺优化[J]. *食品安全质量检测学报*, 2019, 10(19): 6 656-6 660.
- ZHU K Q, CAI X Y, QIU Y X. Optimization of the extracting process conditions of pomelo peel oil by subcritical fluid extraction[J]. *Journal of Food Safety and Quality*, 2019, 10(19): 6 656-6 660.
- [61] AWALUDDIN S A, THIRUVENKADAM S, IZHAR S, et al. Subcritical water technology for enhanced extraction of biochemical compounds from *Chlorella vulgaris* [J]. *BioMed Research International*, 2016, 2 016: 5816974.