

DOI: 10.12161/j.issn.1005-6521.2025.04.024

# 代谢组学在动物源食品分析中的研究进展

刘欣雅, 赵健吉, 连倩倩, 张宇, 张莉睿, 贺艳萍, 戴煌, 刘秀英, 王加华, 毕洁\*

(武汉轻工大学 食品科学与工程学院, 湖北 武汉 430023)

**摘要:** 近年来, 消费者对食品品质与安全问题日渐关注, 代谢组学在动物源食品分析中的研究为食品安全和消费者权益保护提供了一种有力的手段。代谢组学作为解决食品造假问题的前沿技术手段, 被广泛用于食品成分和品质分析, 其在食品分析中具有许多优势, 如高通量、高灵敏度和多样性分析等, 可以有效克服传统方法的局限性。该文总结代谢组学分析技术在食品感官特性鉴定、分析食品加工和储藏过程中物质变化、食品鉴伪、检测外源性有害物质、食品溯源、新鲜度评估等食品品质和安全领域的应用, 旨在为代谢组学在食品领域中的开发与研究提供借鉴。

**关键词:** 代谢组学; 动物源食品; 食品检测; 鉴伪; 产地溯源; 新鲜度

## Advances in Metabolomics in the Analysis of Animal-Derived Food

LIU Xinya, ZHAO Jianji, LIAN Qianqian, ZHANG Yu, ZHANG Lirui, HE Yanping, DAI Huang,  
LIU Xiuying, WANG Jiahua, BI Jie\*

(School of Food Science and Engineering, Wuhan Polytechnic University, Wuhan 430023, Hubei, China)

**Abstract:** In recent years, consumers have become increasingly concerned about food quality and safety, and metabolomics serves as a powerful tool in the research on animal-derived food for ensuring food safety and protecting consumers. Metabolomics as a cutting-edge technology that can help to solve the problem of food counterfeiting, was widely used in the analysis of food ingredients and quality. It demonstrated high throughput, high sensitivity, and diversity analysis in food analysis, overcoming the limitations of conventional methods. The application of metabolomics in the fields of food quality and safety, including sensory characterization, analysis of material changes in food processing and storage, identification of food counterfeiting, detection of exotic harmful substances, food traceability, and freshness assessment was summarized, with a view to provide reference for the application of metabolomics in the development and research of food products.

**Key words:** metabolomics; animal-derived food; food testing; identification of counterfeiting; origin tracing; freshness

引文格式:

刘欣雅, 赵健吉, 连倩倩, 等. 代谢组学在动物源食品分析中的研究进展[J]. 食品研究与开发, 2025, 46(4): 177-186.

LIU Xinya, ZHAO Jianji, LIAN Qianqian, et al. Advances in Metabolomics in the Analysis of Animal-Derived Food[J]. Food Research and Development, 2025, 46(4): 177-186.

代谢组学是一项前沿技术, 通过全谱代谢轮廓差异分析, 研究组间样品小分子代谢产物的差异。代谢组学技术以内源性的小分子代谢物为分析对象, 采集经由不同药物干扰或不同暴露程度的生物样本(组织、内脏、血液等), 与阴性样本比较代谢指纹图谱差异, 更为全面系统地追踪整体代谢变化, 最大限度地挖掘样品信息, 同时结合化学计量学, 发现新的代谢标志物,

建立新的残留表征技术和分析方法<sup>[1]</sup>。代谢组学技术之所以被广泛应用于食品成分和品质分析, 是因为它能够更好地分析基质复杂的食品, 具有高灵敏度, 能够实现食品中多目标全组分的高通量检测, 特别是传统检测技术无法检测到的微量成分, 并能进行特征标志物的筛选和鉴定<sup>[2]</sup>。已有不少研究者对代谢组学在食品领域中的应用进行了探究, 内容涉及食品组学研究

基金项目: 国家自然科学基金项目(32102198)

作者简介: 刘欣雅(2003—), 女(汉), 本科在读, 研究方向: 粮食储藏与安全。

\*通信作者: 毕洁(1990—), 女(汉), 讲师, 博士, 研究方向: 粮食储藏与安全。

中的融合与创新<sup>[3]</sup>、非靶向色谱-质谱法对发酵食品的研究<sup>[4]</sup>、高分辨质谱技术在食品检测中的应用<sup>[5]</sup>等方面。

食品的感官特性是评价食品的重要指标之一,利用代谢组学可以对风味化合物进行定量和定性分析<sup>[6]</sup>。同时,食品在加工和储藏过程中,每时每刻都发生着物质变化,利用代谢组学对其分析有利于食品的制造和生产。但不少商家在食品的制造和生产过程中为获取更多经济利益,在原有食品体系中以更加多样和隐蔽的手段添加外源性物质,其中食用油脂、乳制品和肉制品高居前三,与酒类、调味品、饮料和蜂产品共占有类别的90%以上<sup>[7]</sup>。此外,准确识别外源性有害物质(如兽药、抗生素、食品添加剂等)的存在并加以干预,以及进一步对食品产地可追溯性展开研究,对于维护食品安全和建立安全标准是十分重要的。

综上,本文就代谢组学分析技术在鉴定食品感官特性、分析加工和储藏过程物质变化、食品鉴伪、检测外源性有害物质、食品产地溯源和新鲜度评估等食品品质和安全领域的应用进行综述,旨在为代谢组学在食品领域中的开发与研究提供借鉴。

## 1 代谢组学概述

### 1.1 概念

代谢组学最早于20世纪90年代中期出现,随着基因组学、蛋白质组学的出现,这一学科迅速发展。代谢组学的研究对象是存在于生物体、组织或细胞中的分子量小于1500 Da的分子<sup>[8]</sup>。代谢组学可划分为靶向和非靶向代谢组学。靶向代谢组学能对待测样品进行定量分析,数据获取和分析能力强,但其检测限值低、数据覆盖范围有限<sup>[9]</sup>。非靶向代谢组学覆盖广泛,具有同时从生物样品中评估和收集尽可能多的代谢物的潜力<sup>[10]</sup>。所以代谢组学可被广泛应用于制药、食品、农业等各个领域。

### 1.2 分析技术

代谢组学的分析技术多种多样,随着科学发展的不断深入,如液相色谱-质谱(liquid chromatography-mass spectrometry, LC-MS)法、气相色谱-质谱(gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)法、毛细管电泳质谱(capillary electrophoresis-mass spectrometry, CE-MS)法等分析手段已经被广泛应用于食品领域研究。

质谱(mass spectrometry, MS)一般与不同的分离技术如毛细管电泳、气相色谱和液相色谱相结合,增强了对映异构体和同分异构体的区分,减少了离子抑制。LC-MS实现了对代谢物的最佳覆盖<sup>[11]</sup>,涵盖了从极性到非极性的代谢物,并避免了化学衍生化。GC-MS可以对大多数化合物进行分析,但非挥发性化合物只能衍生为挥发性物质进行测定,其化学衍生化耗时较

长<sup>[12]</sup>。CE-MS适用于带电代谢物的分离,这种分离策略对其他色谱技术(如GC, LC)进行了补充,但它也显示出较差的灵敏度与分析系统的不稳定性<sup>[13]</sup>。

核磁共振波谱(nuclear magnetic resonance, NMR)的原理是在外部磁场的作用下吸收射频辐射,产生能级跃迁,核磁共振是非侵入性检测,样品要求低、特异性好,可以同时检测定性和定量代谢物<sup>[14]</sup>。然而,由于动态范围和灵敏度的限制,它存在一定缺陷,导致高丰度分析物掩盖低丰度分析物。近年来,随着高强度磁场、低温冷却探针和小容量微探针的发展,上述问题已基本得到解决。

高效液相色谱(high performance liquid chromatography, HPLC)法是食品认证中常用的方法,是解决食品安全问题、确保食品质量、杜绝欺诈的最有效方法之一。HPLC的分析方法通常用于检测碳水化合物、氨基酸、类胡萝卜素、酚类和其他有机化合物。HPLC的最大优势在于它的通用性和对不同形式的分析物的适用性,从小的有机分子和离子到大质量的生物分子和聚合物。使用高效液相色谱法的一些优点包括该定量的效率和可靠性,具有优越的检测精度。它还提供了可量化样品的回收率和方便地分析不同类型的样品<sup>[15]</sup>。

傅里叶变换红外光谱(Fourier transform infrared spectroscopy, FTIR)是工业和政府实验室中使用最广泛的食品欺诈和认证筛选方法之一。其所需的样品制备量少,分析快速且对样品无破坏性。因此,FTIR已成为传统分析方法的一种替代方法,可以有效减少检测的时间,从而降低检测成本<sup>[16]</sup>。

高分辨率质谱分析(high-resolution mass spectrometry, HRMS)的主要用途是分析、检测和分离复杂的混合物,特别强调实现高灵敏度和高分辨率。在使用此方法进行分析时,必须考虑样品的固有特性、分子量和化学成分等因素,以确保选择适当的实验方法。此外,辨别力和个案分析是数据处理和解释的必要条件<sup>[17]</sup>。

近年来,超高效液相色谱-四极杆飞行时间质谱(ultra-high performance liquid chromatography quadrupole time-offlight mass spectrometry, UPLC-Q-TOF-MS)因其高灵敏度、高通量和效率而受到越来越多的关注。UPLC-Q-TOF-MS与化学计量学方法相结合,可以对食品中的化学成分进行全面分析<sup>[18]</sup>。超高效能液相色谱-四极轨道离子阱-质谱(ultrahigh performance liquid chromatography-quadrupole-orbital ion trap-mass spectrometry, UHPLC-Q-Orbitrap-MS)法与主成分分析、分层聚类分析和偏最小二乘判别分析等方法相结合,具有无偏倚检测和广泛覆盖的优势。基于UHPLC-Q-Orbitrap-MS的代谢组学已应用于各种材料的代谢物分析<sup>[19]</sup>。代谢组学研究方法对比见表1。

表1 代谢组学研究方法对比

Table 1 Comparison of metabolomics research techniques

研究方法	优点	缺点
LC-MS	高灵敏度、应用范围广、样品制备相对简单	标准数据库有限、设备价格高昂、设备维护成本高
GC-MS	高灵敏度、分离效率高、相对成本低、具有标准数据库	样品制备繁琐、非挥发性化合物只能衍生为挥发性物质进行测定
CE-MS	高分辨率、样品消耗量少、强极性分子适用	重复性相对较差、分离效率有限、检测范围有限
NMR	高重复性、高准确性、检测范围广、可保持样品完整	灵敏度低、设备价格高昂、设备维护成本高
HPLC	定量研究高效可靠、自动化操作、高检测精度、样品分析多样	分离效率较低、对操作者要求高
FTIR	所需的样品制备量少、分析快速且对样品无破坏性	分析水溶液有困难、无法识别由两个相同对称原子组成的分子(例如 N <sub>2</sub> 或 O <sub>2</sub> )
HRMS	高分辨率、高精度、应用范围广、对样品分析更准确	设备价格高昂、数据处理相对复杂、对样品制备要求高
UPLC-Q-TOF-MS	高灵敏度、高分辨率、可从粗提物中检测新的类似物、常用于复杂样本中生物大分子的分析	存在同位素和其他荷质比(m/z)近似的离子干扰、检测速度慢、设备维护成本高
UHPLC-Q-Orbitrap-MS	无偏倚检测、高覆盖性	设备价格高昂、对于混合样品的灵敏度欠佳

### 1.3 代谢组学研究工作的一般流程

代谢组学技术研究的主要工作流程如下:首先是样品准备和样品预处理。样品量要充足且有代表性,并且根据检测技术的不同,样品预处理方法也会有差异;然后进行代谢物提取和数据采集。以 LC-MS、GC-MS、NMR 等代谢组学方法为主,通过高精准的专业仪器进行样本分析;最后通过专业的代谢分析软件和数据库进行数据分析。

代谢组学分析在动物源食品领域有广泛应用。例如常见的火腿、牛奶、鸡蛋、贻贝和鱼子酱等各类动物源食品,都可利用代谢组学手段进行分析检测,如对食品感官特性的鉴定、分析加工和储藏过程中的物质变化、食品鉴伪、外源性有害物质检测、食品溯源以及新鲜度评估等。市场上消费量最大的食品便是动物源食品,通过代谢组学技术对其进行研究,可为食品质量安全评价和控制提供科学的理论支撑。

## 2 代谢组学在动物源食品分析中的应用

### 2.1 在鉴定食品感官特性中的应用

食品的色、香、味等感官特性是评价食品的重要指标之一。使用代谢组学方法可以对风味物质进行定量和定性分析。将代谢物分析数据与质量和感官评价相结合,可以揭示食品风味的本质<sup>[6]</sup>。

味道是干腌火腿的重要指标,在很大程度上决定了消费者对产品的消费偏好。Zhou 等<sup>[20]</sup>利用基于 <sup>1</sup>H NMR 的代谢组学方法,对金华火腿进行了经典感官评价,并且总结了代谢产物在不同加工方式下对火腿口感和丰富度发展的贡献。研究发现游离氨基酸、小肽和有机酸等代谢物会对现代加工火腿的口感和丰富度产生影响。除此之外,高级金华火腿中可以检测到谷氨酸、乳酸、甘油、鹅胺和肌酸等代谢物,这些物质可作为区别于普通加工火腿口感和丰富度的指标。臧立萍

等<sup>[21]</sup>采用 GC-MS 代谢组学方法,检测了 6 组霉菌发酵辅助剂对干腌肉块物理化学特性和风味品质的影响。其中自然发酵组共有挥发性化合物 49 种,霉菌发酵辅助剂接种组中的挥发性化合物包含醛类、醇类、酯类以及烷烃类等 67 种化合物,这两组检测结果表明接种青霉菌发酵辅助剂能有效增加干腌肉块的风味化合物种类,进而有助于干腌肉块形成独特香气、提升肉块品质。

醛类化合物的存在对于肉制品的风味形成十分重要。杜明静等<sup>[22]</sup>利用 GC-MS 代谢组学方法,研究了不同荷叶粉添加量下猪肉糜脯风味的差异,发现荷叶粉在猪肉糜脯中添加量为 0.2% 或 0.4% 时,可以明显减少醛类物质的产生,从而改善猪肉糜脯的腥味、油脂味;同时证明了荷叶粉添加量超过 0.6%,会明显降低猪肉糜脯中甜味氨基酸的含量并且引入刺激性气味的异氰酸酯类物质,导致猪肉糜脯肉香气、鲜味和甜味的急剧下降。

北京烤鸭是著名的中国传统烤肉产品,其因浓郁的脂肪和烤肉香味而深受世界各地消费者的喜爱。Liu 等<sup>[23]</sup>采用 GC-MS 代谢组学方法对 4 种北京烤鸭的皮和胸肉进行了研究。研究表明北京烤鸭的特征香气与 9 种香气化合物有关,并且 2-糠基硫醇和二甲基三硫醚对烤鸭的香气有明显贡献。Wang 等<sup>[24]</sup>基于 LC-MS 的代谢组学和感官评价方法,比较了汤中风味肽在优化牛肉炖制条件后的变化,发现某些肽的存在会对牛肉汤的味道产生影响,甚至会与挥发性成分相互作用,从而影响牛肉的整体风味,并且这些代谢物还可作为工业产品用于天然香料或食品添加剂的开发。

海鲜是人类饮食中重要的营养来源,含有宝贵的脂质。肉类的特征香气来源于氧化脂质降解。Xin 等<sup>[25]</sup>分别用极性脂质和非极性脂质制备了贻贝的美拉德反应产物(Maillard reaction products, MRPs),并采用



超高效液相色谱-质谱联用(ultra-high performance liquid chromatography-mass spectrometry, UPLC-MS)和气相色谱-质谱联用(GC-MS)等手段研究了极性和非极性脂质对MRPs风味的影响。从感官评价结果得出,贻贝中的风味物质主要为无机硫化物、有机硫化物和氮氧化物。GC-MS共检测出37种挥发性物质。UPLC-MS共检测出177种非挥发性化合物(包括氨基酸及其衍生物和寡肽等)。

Jia等<sup>[26]</sup>利用UHPLC-Q-Orbitrap方法研究了发酵褐山羊奶的化学成分,并且总结了化学成分变化对感官品质的影响。从研究结果来看,褐山羊奶发酵后,有机酸、多肽和中长链脂肪酸的含量明显增加。杂环化合物作为美拉德反应的中间体,改变了发酵褐山羊奶

的色泽、味道和香气,而甘油三酯含量的变化可降低异味的影 响,大大提高了发酵褐山羊奶的感官品质。

高达奶酪是一种水洗凝乳奶酪,一般由牛奶制成。为确定高达奶酪的化学和感官特性,Jo等<sup>[27]</sup>采用气相色谱-嗅觉测定-质谱分析了该奶酪的主要香气活性挥发性化合物,包括二乙酰基、3-甲基丁醛、2-甲基丙醛、甲硫醛、丁酸乙酯等代谢物。对比普通高达奶酪和陈年高达奶酪发现,陈年高达奶酪的有机酸浓度更高,脂肪和盐含量更高,水分含量更低;普通高达奶酪具有乳清味、酸味芳香和二乙酰味,而陈年高达奶酪具有果味、焦糖味、坚果味和肉汤味;普通高达奶酪光滑度高且口感丰富,而陈年高达奶酪的断裂强度和硬度较高。代谢组学在鉴定食品感官特性中的应用总结见表2。

表2 代谢组学在鉴定食品感官特性中的应用

Table 2 Application of metabolomics in the sensory characterization of food

样品	风味成分	风味描述	分析方法	研究结论	文献
金华火腿	游离氨基酸、小肽、谷氨酸、乳酸、甘油、鹅胺和肌酸等代谢物	与传统加工火腿相比,更具咸香和浓郁度	<sup>1</sup> H NMR	游离氨基酸、小肽和有机酸等代谢物会对现代加工火腿的口感和丰富度产生影响。现代加工火腿口感和丰富度较高是因为含有谷氨酸、乳酸、甘油、鹅丝氨酸和肌酸等代谢物	[20]
干腌肉块	醛类、醇类、酯类、酮类、苯环类、咪唑类、酸类、吡嗪类、烷烃类、烯炔类代谢物	具有肉制品的特征香气、烘烤食品香气以及坚果香气	GC-MS	接种青霉菌发酵辅助剂可有效增加干腌肉块的风味化合物种类,进而有助于干腌肉块形成独特香气、提升肉质品质	[21]
添加了荷叶粉的猪肉糜脯	苯乙醇、(E)-2-庚烯醛、乙酸甲酯、异氰酸酯、己醛、壬醛、三甲胺等代谢物	肉香气、荷叶清香气、鲜味、甜味	GC-MS	荷叶粉在猪肉糜脯中添加量为0.2%或0.4%时,可以明显减少醛类物质的产生,从而改善猪肉糜脯的腥味、油脂味;荷叶粉添加量超过0.6%,会明显降低猪肉糜脯中甜味氨基酸的含量以及引入刺激性气味的异氰酸酯类物质,导致猪肉糜脯肉香气、鲜味和甜味的急剧下降	[22]
北京烤鸭	2-糠基硫醇、二甲基三硫醚、己醛、庚醛、辛醛、壬醛、甲硫醛、1-辛烯-3-醇和(E,E)-2,4-癸二烯	浓郁的脂肪、烤肉香	GC-MS	9种香气化合物[2-糠基硫醇、二甲基三硫醚、己醛、庚醛、辛醛、壬醛、甲硫醛、1-辛烯-3-醇和(E,E)-2,4-癸二烯醛]与北京烤鸭的特征香气有关,其中,2-糠基硫醇和二甲基三硫醚对烤鸭的香气有明显贡献	[23]
牛肉汤	SDEVEH、AEVPEVH、VAPEEHPT、VVSNPVDIL、VGGNVDYK、PFGNTHN、EAGPSIVHR、VDFDDIQK等鲜味肽	咸味、鲜香味	LC-MS	发现某些肽的存在会对牛肉汤的味道产生影响,甚至会与挥发性成分相互作用,从而影响牛肉的整体风味。并且这些代谢物可作为工业产品用于开发天然香料或食品添加剂	[24]
贻贝	无机硫化物、有机硫化物、氮氧化物、醛类、醇类、酮类、氨基酸及其衍生物和寡肽等代谢物	鲜味、咸味、酸味、海鲜风味	UPLC-MS 联合 GC-MS	极性脂质MRPs的气味比非极性脂质MRPs更强,海鲜风味更明显。极性脂质的添加有助于MRPs产生更多的挥发性化合物	[25]
发酵褐山羊奶	有机酸、多肽和中长链脂肪酸、杂环化合物等代谢物	炭烧风味、奶香味	UHPLC-Q-Orbitrap	发酵和热加工可以改善食品的感官特性,褐山羊奶样品中有机酸、多肽和中长链脂肪酸含量明显增加。杂环化合物作为美拉德反应的中间体,改变了发酵褐山羊奶的色泽、味道和香气	[26]
高达奶酪	二乙酰基、3-甲基丁醛、2-甲基丙醛、甲硫醛、丁酸乙酯、乙酸、丁酸、高呋喃醇、8-十内酯和2-异丁基-3-甲基吡嗪等代谢物	果味、焦糖味、坚果味、乳清味等	气相色谱-嗅觉测定-质谱	陈年高达奶酪的有机酸浓度更高,脂肪和盐含量更高,水分含量更低;普通高达奶酪具有乳清味、酸味芳香和二乙酰味,而陈年高达奶酪具有果味、焦糖味、坚果味和肉汤味;普通高达奶酪光滑度高和口感丰富,而陈年高达奶酪的断裂强度和硬度较高	[27]

## 2.2 在食品加工和储藏过程中的应用

食品在加工与储藏过程中发生着风味、营养、质地等变化,通常会影响食品的营养价值和感官属性<sup>[28]</sup>,因此使用代谢组学手段对代谢物进行完整分析对于理解食品品质与加工、储藏之间的关系至关重要。

大黄鱼是对浙江省舟山市经济贡献最重要的鱼类之一,以其蛋白质和脂肪含量高、肉质鲜嫩、口感柔软而闻名。Zhao等<sup>[29]</sup>采用GC-IMS和主成分分析等多变量方法,对黄鱼肉的主要理化特性进行了检测。研究发现贮藏60d后,醛和酮类物质的种类和含量明显增加,而120d后,2-丁酮、1-丙硫醇和正壬醛含量明显降低。具体而言,正壬醛含量在贮藏过程中呈下降趋势,3-甲基丁醇(三聚体)、3-甲基丁醇(二聚体,D)、3-戊酮含量增加,这些化合物都是影响鱼肉风味的关键成分。此外,在贮藏120d后,不同风味成分的数量达到最高值,大黄鱼肉的物理指标也发生明显变化,从而证实了贮藏时间对大黄鱼风味的影响。Zhao等<sup>[30]</sup>利用NMR方法研究鱼明胶和葡萄籽提取物对罗非鱼片贮藏过程中代谢产物的影响,发现胆碱和三甲胺氧化物会影响罗非鱼片的新鲜度,而有机酸则与罗非鱼片的腐败有关。鱼明胶和葡萄籽提取物作包衣不仅可以减少不良代谢物的产生,还可有效延长鱼类产品的保质期。这项研究揭示了核磁共振方法在分析决定鱼类质量的代谢物和监测其在储存过程中的变化的潜力。

Rocchetti等<sup>[31]</sup>采用非靶向代谢组学方法,分析脂质氧化产生的挥发性化合物对肉类感官质量的影响。此研究发现在加入两种抗氧化剂(200 mg/kg 丁基化羟基甲苯和250 mg/kg 瓜拉纳籽提取物)进行贮藏后,能够很好地保护产品免受脂质和蛋白质的氧化过程,并且瓜拉纳籽提取物比丁基化羟基甲苯的抗氧化性更强、更有利于食品保存。Huang等<sup>[32]</sup>利用核磁共振代谢组学方法研究了未添加亚硝酸盐的熏肉加工过程中

的口感质量。熏肉加工步骤包括腌制、风干、发酵和烘烤,在整个过程中氨基酸、有机酸、糖、核酸和生物碱的含量都有所增加,特别是在烘焙过程中,代谢产物的形成水平更高。García-García等<sup>[33]</sup>通过核磁共振分析监测了电子束辐照剂量和贮存时间对猪里脊渗液的影响,发现1 kGy以上的电子束辐照剂量可使猪肉保存12d,这项方法可以用于反映储存期间发生的主要代谢变化,是评估和控制辐照处理肉类质量特性的绝佳工具。

乳制品的质量特性受许多方面的影响,了解牛特性、发酵剂和最佳发酵条件对于生产过程和产品品质至关重要。Trimigno等<sup>[34]</sup>利用代谢组学方法监测了牛奶发酵24h后的变化,发现蛋白质和乳糖水解增加,形成了氨基酸、乳酸、乙酸和柠檬酸盐等代谢物。Saidi等<sup>[35]</sup>研究发酵剂在生羊奶和巴氏灭菌羊奶奶酪中的应用,并采用气相色谱-质谱法分析了发酵剂的代谢谱,研究表明乳酸菌可以缩短奶酪的成熟时间,改善奶酪的功能特性,也可表明产物的代谢物特征能与其微生物群相关联,从而促进酶促反应。

热处理是食品加工的常用手段。Li等<sup>[36]</sup>利用UPLC-Q-Orbitrap对不同温度下烤猪肉的代谢物差异进行了非靶向代谢组学研究。在100℃和230℃下处理的猪肉有机提取物之间存在明显差异,部分化合物的含量增加,发现肌酸、肌酐、2-甲基-6-氨基-5-羟甲基嘧啶(trimethylolpropane, TMP)等化合物可作为区分过热烤猪肉产品的标记物,并且TMP是首次在烤制猪肉中被发现。Rubert等<sup>[37]</sup>通过非靶向代谢组学解释了虎坚果奶在超高温处理下出现的营养减少现象。研究分析发现超高温处理后的产品维生素(如生物素)和氨基酸(如精氨酸)含量较低,但包括油酸、亚油酸和棕榈酸在内的游离脂肪酸的组成没有发生明显的变化。此外,在热处理样品中发现极性脂质可作为新鲜度的可靠标志。代谢组学在食品加工和储藏过程中的应用见表3。

表3 代谢组学在食品加工和储藏过程中的应用

Table 3 Application of metabolomics in food processing and storage

样品	分析目的	分析方法	主要代谢产物	文献
大黄鱼	研究贮藏时间对大黄鱼风味的影响	GC-IMS	2-丁酮、1-丙硫醇、正壬醛、3-甲基丁醇、3-戊酮	[29]
罗非鱼鱼片	研究鱼明胶和葡萄籽提取物对罗非鱼鱼片在真空浸渍包衣液中代谢物的影响	核磁共振光谱学	氨基酸、有机酸、碳水化合物、核苷酸、生物胺、胆碱、氧化三甲胺	[30]
猪肉馅饼	评价添加不同抗氧化剂的猪肉肉饼在气调环境下冷藏18d的代谢物变化	UHPLC-ESI-QTOF-MS	氨基酸、生物碱、甘油磷脂、咖啡因、类黄酮、酪氨酸、原花青素、脂肪酰基	[31]
熏肉	研究熏肉在加工过程中口感质量的变化	核磁共振光谱学	氨基酸、有机酸、糖、核酸、生物碱	[32]
猪里脊渗出液	监测电子束辐照剂量和贮存时间对猪里脊渗液的影响	核磁共振光谱学	核苷、碳水化合物、核苷酸、氨基酸、有机酸	[33]
烤猪肉	100℃和230℃下烤猪肉的代谢物差异	UPLC-Q-Orbitrap	肌酸、肌酐、2-甲基-6-氨基-5-羟甲基嘧啶	[36]
酸奶	利用代谢组学方法监测发酵过程中牛奶的变化	核磁共振光谱学	蛋白质、氨基酸、糖(乳糖、半乳糖)、醋酸盐、乳酸盐、柠檬酸盐、丙酮酸盐、丙氨酸	[34]
奶酪	评价巴氏灭菌和发酵剂的使用对绵羊奶酪成熟过程中特性的影响	GC-MS	氨基酸( $\gamma$ -氨基丁酸、异亮氨酸、赖氨酸、丙氨酸)、有机酸(乳酸、戊酸、琥珀酸)、碳水化合物、脂肪酸	[35]
虎坚果奶	确定与新鲜产品相比,超高温处理是否会影响虎坚果奶的营养成分	UHPLC-HRMS	糖、脂肪酸、乳化剂(柠檬酸单甘油酯、单酰基甘油)、维生素(生物素)、氨基酸(L-精氨酸)	[37]



### 2.3 在食品鉴别中的应用

在食品中添加其他外源性物质可能会出现腹泻、恶心、过敏反应,甚至导致糖尿病和心血管疾病<sup>[38]</sup>。利用代谢组学方法进行研究可以检测出添加的外源物成分,对食品质量检测中具有重要意义。

对乳制品进行外源物鉴别,可利用代谢组学方法筛选标志物。Calvano等<sup>[39]</sup>以纯原料奶、商品奶,以及牛奶与绵羊奶、山羊奶的混合物为检测样本,利用基质辅助激光解析电离飞行时间质谱分析样本的脂质提取物,发现质荷比为703和706处的离子丰度比可作为指标,对牛奶鉴别提供参考。卜汉萍等<sup>[40]</sup>通过上述代谢组学方法,将产自内蒙古和山东的牛奶样品经化学试剂混合后载入质谱,利用化学计量学建立数据模型进行分析,该方法在牛奶样品中检测出了0.3%的外源蛋白。

蜂蜜是广受欢迎的食品,但其化学成分复杂不利于食品分析检测。张丽翠等<sup>[41]</sup>基于高分辨质谱和代谢组学方法,较全面地检测了蜂王浆中的小分子化合物。在这些小分子化合物中,发现77个小分子代谢物丰度会随蜂王浆产量和采集时间的不同而变化。此研究可用于蜂王浆的收获时间评估和品质评价以及鉴定。此外,代谢组学方法还可应用于其他滋补类食品的鉴别。如驴皮明胶,又称阿胶,常被用作食品保健品和珍贵的中药。市场上也发现各种外源添加以牛、猪和马皮为原料制成的明胶。Wu等<sup>[42]</sup>采用LC-QTOF-MS/MS比较了不同动物明胶真实样品的肽谱,成功发现了14种特异性标记物,包括4种驴特异性肽、1种马特异性肽、3种牛特异性和6种猪特异性肽。

不同肉制品可根据代谢物差异进行鉴定。Pavlidis等<sup>[43]</sup>采用挥发性指纹图谱法,证明了乙醛、1-戊烯-3-醇、3-羟基-2-丁酮和乙酸乙酯等化合物可以作为生物标志物进行正常牛肉及其合成物的区分。孟新涛等<sup>[44]</sup>采用气相色谱离子迁移谱检测方法,检测出当羊肉掺杂猪肉的比例高于5%时,芝麻酚、壬醛、乙二醇二甲醚等特征风味物质含量会减少,丙酸乙酯、2-庚酮、3-甲硫基丙醛等特征风味含量增加;当羊肉中掺杂鸡肉比例高于10%时,5-甲基-2-咪喃甲醇、正丁醛、N-亚硝基二乙胺等物质含量会减少甚至为0。

与传统食品相比,有机食品通常被认为对人体健康更有益,近年来随着消费者对有机食品的需求增长,非靶向代谢组学常被应用于确定动物的饲养条件,可对有机食品的鉴定提供参考。Johnson等<sup>[45]</sup>采用非靶向代谢组学方法,分别获取来自笼养环境和谷仓系统环境鸡蛋的代谢物谱,得到了29个化合物。在生物标志物验证中共有12个生物标志物被成功鉴定,且都与脂质相匹配,这表明脂质分析可以用于区分不同外壳系统的鸡蛋。Wang等<sup>[46]</sup>基于超高效液相色谱四极杆

飞行时间质谱结合化学计量分析的非靶向代谢组学和脂质组学方法,区分散养山羊和集约饲养的山羊。通过方差分析、倍数变化和正交投影到潜在结构的判别分析,确定了两种饲养条件下山羊肉中的46个潜在标记,并采用支持向量机方法对所选潜在标记物进行处理,其中非靶向代谢组学和脂质组学的鉴别率分别为89.3%和98.3%。

### 2.4 在检测食品外源性有害物质中的应用

利用代谢组学方法可以检测到食品中所含有的外来有害小分子,如药物残留和食品添加剂。准确识别它们的存在并加以干预,对于维护食品安全和建立安全标准十分重要。

近年来,国际社会已经开始将兽药在食品中的残留作为公共卫生问题之一进行深入研究。其中抗生素、磺胺类药物和激素在兽药种类中占比很大。Jammoul等<sup>[47]</sup>使用液相色谱-质谱法,对从农场收集的80个鸡样本中的抗生素残留进行了检测。鉴定和定量分析了来自4种不同化学类别(磺胺类、四环素类、喹诺酮类和 $\beta$ -内酰胺类)的30种抗生素,发现至少77.5%的样本都被抗生素残留污染,其中53.75%的样品还暴露于多种药物残留的共存环境中。Hua等<sup>[48]</sup>为了评估淡水鱼中抗生素残留的健康风险,利用UPLC-MS/MS研究分析了中国东南部10种淡水鱼的抗生素残留。共检测出8种抗生素,总检出率为53.9%,其中13.0%的样品被证明滥用了人类抗生素。同样利用代谢组学方法,吴利军等<sup>[49]</sup>采用固相萃取-高效液相色谱法,在奶牛粪污中检测到磺胺嘧啶、磺胺二甲嘧啶和磺胺甲恶唑等抗生素残留。

食品添加剂是有目的地添加到食品中的化合物,以改善产品的外观、提升风味品质或延长保质期。最常见的种类包括防腐剂、色素和抗氧化剂等。但部分食品添加剂具有毒性,过量添加会对人体产生健康危害。Liu等<sup>[50]</sup>利用UPLC-MS联合LC-MS的代谢组学方法测定了猪肉、鸡蛋、牛奶中9种兴奋剂类的药物残留。此方法样品预处理简单,可为多种食源性兴奋剂的迅速检验技术研究提供参照。

### 2.5 在食品溯源中的应用

可追溯性是食品行业的一项新质量指标。食品溯源与食品品质、食品安全以及营养健康密切相关。非靶向代谢组学因其高通量、高灵敏度、无偏向性的特点,在产地溯源方面具有独特优势<sup>[51]</sup>。

肉制品作为世界消费量最大的食物之一,对其进行产地溯源十分必要。但由于溯源技术受肉制品种类、地理环境、温湿度等多因素的共同影响,产地追溯评价易受到各种干扰<sup>[1]</sup>。若将代谢组学技术与其他多种技术进行结合,便可明显提升产品溯源的鉴别率。Ueda等<sup>[52]</sup>利用气相色谱-质谱法检测日本黑牛和荷斯

坦牛肌肉组织中的代谢物数量,发现不同品种的肉类代谢物数量具有差异,并且癸酸、尿酸还可用于日本黑牛大理石花纹的等级评定。

Chatterjee 等<sup>[53]</sup>以斑节对虾(*Penaeus monodon*)、南美白对虾(*Litopenaeus vannamei*)、印度白虾(*Fenneropenaeus indicus*)、印度粉红虾(*Metapenaeus monoceros*)和阿根廷红虾(*Pleoticus muelleri*)为研究对象,利用 LC-MS/MS 测定法发现了 34 种区分不同虾品种的生物标志物。Zhong 等<sup>[54]</sup>采用超高效液相色谱法结合四极杆-静电场轨道阱,对 3 种对虾(凡纳滨对虾、日本对虾和斑节对虾)分别进行了非靶向和伪靶向代谢组学鉴定。共确认了 21 个标记物(包括 9 个关键标记物),利用这 9 个关键标记物构建了偏最小二乘判别分析模型,此模型对样品检测的正确率为 100%。这是首次在食品认证领域利用伪靶向代谢组学方法进行预测,也证明了这种非靶向和伪靶向代谢组学组合方法在对虾物种鉴定方面的潜力。

意大利马苏里拉奶酪由意大利地中海水牛(*Bubalus bubalis*)的牛奶制成,其因卓越的食用品质而享誉全球。正宗的意大利马苏里拉奶酪具有受欧盟保护的原产地名称(protected designation of origin, PDO)和受保护的地理标志(protected geographic indication, PGI)地位。Salzano 等<sup>[55]</sup>利用 GC-MS,检测了来自 PDO 地区的 11 家乳品厂和位于意大利非 PDO 地区的 9 家乳品厂的牛奶和奶酪样品。在牛奶和马苏里拉奶酪中共检测到了 185 种相同代谢物。对于牛奶样品,吡喃半乳糖苷、羟基丁酸、铝酮糖和柠檬酸在 PDO 样品中浓度较低,泛酸和甘露二糖在非 PDO 样品中浓度较低。此外,在马苏里拉奶酪样品中也观察到同样的情况,塔洛吡喃糖、2,3-二羟丙基二十烷酸酯等代谢物在 PDO 样品中的比例较高,而塔格糖、乳酸二聚体、核糖醇等代谢物在非 PDO 样品中的比例较高。

### 2.6 在食品新鲜度评估中的应用

新鲜度是衡量食品质量安全的重要参数,直接影响着食品的销售、价值和品质安全。鱼类在常温下极易变质,所以许多不良商家会先将产品冷冻,待售卖时再进行解冻作为新鲜产品销售。为避免此类问题出现,Stella 等<sup>[56]</sup>采用超高效液相色谱结合四极杆-静电场轨道阱质谱的非靶向代谢组学方法,对冷冻后再解冻的欧洲海鲑鱼片与新鲜欧洲海鲑鱼片的代谢组进行检测,发现二十碳五烯酸和二十二碳六烯酸可作为标志物用于鉴定欧洲海鲑鱼片的新鲜度。金文刚等<sup>[57]</sup>通过 GC-MS 对大鲵肉在 4 °C 冷藏温度下保存不同时间后肌肉代谢物的差异进行了研究。发现可利用 L-赖氨酸、丙酮酸和甘氨酸等代谢物进行肉质新鲜度变化的判定。并在不同保存时间下(0、2、4、8 d),共筛选出包括葡萄糖酸、富马酸、L-蛋氨酸、D-果糖、次黄嘌呤、

烟草胺、水杨醛、D-鞘氨醇等 69 种与鱼肉品质相关的差异代谢物。Chang 等<sup>[58]</sup>利用基于高分辨率质谱的非靶向代谢组学来探索鱼类新鲜度的潜在指标。将 3 批金枪鱼鱼片在冰箱(4 °C)中储存 0、24、48、72 h,发现尿嘧啶、次黄嘌呤、肌苷、 $\alpha$ -亚麻酸、二十二碳六烯酸、花生四烯酸、亚油酸和癸酰肉碱 8 个代谢产物与核苷酸变化、脂质水解或脂肪酸代谢有关,可作为鱼的新鲜度潜在标记物,可以用于评估储存过程中鱼的品质,并更深入地了解代谢反应。

鸡蛋营养价值高,是人体所需营养的最好来源之一,鸡蛋的新鲜度问题日益受到人们的关注。Chang 等<sup>[59]</sup>采用基于超高效液相色谱结合四极杆-静电场轨道阱的非靶向代谢组学方法,在 13 个潜在的标记中筛选出了 6 个在新鲜鸡蛋和非新鲜鸡蛋之间表现出明显差异的标记。并且通过分析得到曲线下面积为 0.956、灵敏度为 88.4%、特异性为 90.4%,这些数据都可以表明筛选出的标记物对鸡蛋新鲜度具有良好的鉴别能力。

另外,代谢组学与其他组学手段结合也可对食品新鲜度进行检测,如 You 等<sup>[60]</sup>采用气相色谱-飞行时间质谱法鉴定了在 0 °C 下保持长达 8 d 的羊肉代谢变化。在贮藏过程中,通过研究发现总活菌数、总挥发性碱性氮和 pH 值可作为新鲜度指标,D-甘油酸、苯丙氨酸、蛋氨酸、葡萄糖-1-磷酸、D-(甘油磷酸)和赖氨酸等代谢物被确定为潜在的腐败生物标志物。

### 3 结论与展望

代谢组学技术可以广泛应用到食品感官特性鉴定、检测加工和储藏期间物质变化、食品鉴伪、检测外源性有害物质、食品溯源、食品新鲜度评估等食品品质和安全领域。作为一项前沿技术手段,代谢组学技术的应用不仅可以提升食品品质,还有利于阐明食品混入其他外源性物质的作用机制、帮助食品进行产地溯源以及肉制品、乳制品和水产品等多类产品的技术研发。但是,如今的代谢组学仍然面临样品前处理方法过于繁琐、检测仪器范围有限、数据处理复杂等诸多挑战。同时,代谢组学在不同领域的研究分析需要使用多种方法的融合指标建立模型,在具体的应用场景也必须加大样本数量才能提升分析结果的准确度。因此,代谢组学在动物源食品研究方面仍有很大发展空间。

在今后的食品代谢组学分析中应重视以下工作:1)利用代谢组学技术适用于分析基质复杂的食品的特点,优化样品前处理的方法;2)将靶向代谢组学方法与非靶向代谢组学方法进行深度融合,发挥不同优势特点应用于食品领域代谢组学研究;3)开发高通量的检测仪器以提升检测技术,构建更规范更完善的数据库;



4)使用多种方法建立可行性模型,在实际应用中加大样本数量从而提高结果预测的准确率;5)增强代谢组学与其他组学技术之间的协作,构建出完整的生物信息库,全方位多角度地为食品分析提供科学的技术手段。

#### 参考文献:

- [1] 沈央红,方金玉,朱军莉,等.代谢组学在食品质量安全领域的应用进展[J].食品科学,2023,44(5):282-289.  
SHEN Yanghong, FANG Jinyu, ZHU Junli, et al. Advance in the application of metabonomics in the field of food safety and quality [J]. Food Science, 2023, 44(5): 282-289.
- [2] 周宗贤,何洪源,赵霞,等.基于液相色谱-质谱联用法的食品代谢组学研究进展[J].食品与发酵工业,2023,49(22):348-356.  
ZHOU Zongxian, HE Hongyuan, ZHAO Xia, et al. Research progress of liquid chromatography-mass spectrometry-based metabolomics in food science[J]. Food and Fermentation Industries, 2023, 49(22): 348-356.
- [3] 张森虎,陈雪峰,余瑞,等.色谱-质谱联用的食品组学技术在食品科学研究中的应用[J].食品安全质量检测学报,2023,14(13):102-109.  
ZHANG Senhu, CHEN Xuefeng, YU Rui, et al. Applications of foodomics technology based on chromatography-mass spectrometry in food science research[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2023, 14(13): 102-109.
- [4] 余洋洋,陈穗,刘占,等.基于非靶向代谢组技术研究不同发酵温度酱油中代谢产物差异[J].食品安全质量检测学报,2023,14(23):172-178.  
YU Yangyang, CHEN Sui, LIU Zhan, et al. Research on the differences of metabolites in soy sauce at different fermentation temperatures based on non-targeted metabolomics technology[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2023, 14(23): 172-178.
- [5] 李晓芹,方志娟,张玲,等.基于高分辨质谱的分析技术在食品检测中的应用[J].食品工业,2023,44(11):154-159.  
LI Xiaoqin, FANG Zhijuan, ZHANG Ling, et al. Application of analytical technology based on high resolution mass spectrometer in food detection[J]. The Food Industry, 2023, 44(11): 154-159.
- [6] SHU N X, CHEN X Y, SUN X, et al. Metabolomics identify landscape of food sensory properties[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2023, 63(27): 8478-8488.
- [7] 王文强,文豪,张文众,等.基于美国药典委EMA数据库的全球经济利益驱动型掺假和食品欺诈的分析[J].食品安全质量检测学报,2019,10(3):804-810.  
WANG Wenqiang, WEN Hao, ZHANG Wenzhong, et al. Analysis of global economically motivated adulteration and food fraud based on the EMA database of the United States Pharmacopoeia[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2019, 10(3): 804-810.
- [8] FENG Z, DING C Q, LI W H, et al. Applications of metabolomics in the research of soybean plant under abiotic stress[J]. Food Chemistry, 2020, 310: 125914.
- [9] HAN L, ZHANG Y M, SONG J J, et al. Automatic untargeted metabolic profiling analysis coupled with Chemometrics for improving metabolite identification quality to enhance geographical origin discrimination capability[J]. Journal of Chromatography A, 2018, 1541: 12-20.
- [10] YUAN H L, CAO G P, HOU X D, et al. Development of a widely targeted volatilomics method for profiling volatilomes in plants[J]. Molecular Plant, 2022, 15(1): 189-202.
- [11] PEREZ DE SOUZA L, ALSEEKH S, SCOSSA F, et al. Ultra-high-performance liquid chromatography high-resolution mass spectrometry variants for metabolomics research[J]. Nature Methods, 2021, 18(7): 733-746.
- [12] FEIZI N, HASHEMI-NASAB F S, GOLPELICH F, et al. Recent trends in application of chemometric methods for GC-MS and GC×GC-MS-based metabolomic studies[J]. TrAC Trends in Analytical Chemistry, 2021, 138: 116239.
- [13] ZHANG W, HANKEMEIER T, RAMAUTAR R. Next-generation capillary electrophoresis-mass spectrometry approaches in metabolomics[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2017, 43: 1-7.
- [14] MARKLEY J L, BRÜSCHWEILER R, EDISON A S, et al. The future of NMR-based metabolomics[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2017, 43: 34-40.
- [15] KHAKIMOV B, GÜRDENIZ G, ENGELSEN S B. Trends in the application of chemometrics to foodomics studies[J]. Acta Alimentaria, 2015, 44(1): 4-31.
- [16] NOMAN A, AL-BUKHAITI W Q, AMMAR A, et al. HPLC technique used in food analysis - Review[J]. International Journal of Agriculture Innovations and Research, 2016, 5: 181-188.
- [17] LIU J Z, ZHAO H P, YIN Z Y, et al. Application and prospect of metabolomics-related technologies in food inspection[J]. Food Research International, 2023, 171: 113071.
- [18] DAI W D, QI D D, YANG T, et al. Nontargeted analysis using ultra-performance liquid chromatography-quadrupole time-of-flight mass spectrometry uncovers the effects of harvest season on the metabolites and taste quality of tea (*Camellia sinensis* L.)[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2015, 63(44): 9869-9878.
- [19] LUO G L, LIN J H, CHENG W Q, et al. UHPLC-Q-orbitrap-MS-based metabolomics reveals chemical variations of two types of rhizomes of *Polygonatum sibiricum*[J]. Molecules, 2022, 27(15): 4685.
- [20] ZHOU C Y, BAI Y, WANG C, et al. <sup>1</sup>H NMR-based metabolomics and sensory evaluation characterize taste substances of Jinhua ham with traditional and modern processing procedures[J]. Food Control, 2021, 126: 107873.
- [21] 臧立萍,魏建平,何厚德,等.霉菌发酵剂的制备及其对干腌肉块品质的影响[J].食品与发酵工业,2024,50(21):144-153.  
ZANG Liping, WEI Jianping, HE Houde, et al. Preparation of mold starter cultures and its effect on the quality of dry-cured pork[J]. Food and Fermentation Industries, 2024, 50(21): 144-153.
- [22] 杜明静,唐成,刘超峰,等.荷叶粉对猪肉糜脯风味的影响[J].食品科学,2024,45(15):148-156.  
DU Mingjing, TANG Cheng, LIU Chaofeng, et al. Effect of lotus leaf powder on the flavor of dried minced pork-meat slice[J]. Food Science, 2024, 45(15): 148-156.
- [23] LIU H, WANG Z Y, ZHANG D Q, et al. Characterization of key aroma compounds in Beijing roasted duck by gas chromatography-olfactometry-mass spectrometry, odor-activity values, and aroma-recombination experiments[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(20): 5847-5856.
- [24] WANG L H, QIAO K N, HUANG Y, et al. Optimization of beef broth processing technology and isolation and identification of flavor peptides by consecutive chromatography and LC-QTOF-MS/MS [J]. Food Science & Nutrition, 2020, 8(8): 4463-4471.
- [25] XIN R, MA L X, LIU R, et al. Contribution of lipids to the flavor of mussel (*Mytilus edulis*) Maillard reaction products[J]. Foods, 2022, 11(19): 3015.
- [26] JIA W, LIU Y Y, SHI L. Integrated metabolomics and lipidomics profiling reveals beneficial changes in sensory quality of brown fermented goat milk[J]. Food Chemistry, 2021, 364: 130378.
- [27] JO Y, BENOIST D M, AMEERALLY A, et al. Sensory and chemical properties of Gouda cheese[J]. Journal of Dairy Science, 2018,



- 101(3): 1967-1989.
- [28] DIEZ-SIMON C, MUMM R, HALL R D. Mass spectrometry-based metabolomics of volatiles as a new tool for understanding aroma and flavour chemistry in processed food products[J]. *Metabolomics: Official Journal of the Metabolomic Society*, 2019, 15(3): 41.
- [29] ZHAO T F, BENJAKUL S, SANMARTIN C, et al. Changes of volatile flavor compounds in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) during storage, as evaluated by headspace gas chromatography-ion mobility spectrometry and principal component analysis[J]. *Foods*, 2021, 10(12): 2917.
- [30] ZHAO X, WU J E, CHEN L, et al. Effect of vacuum impregnated fish gelatin and grape seed extract on metabolite profiles of tilapia (*Oreochromis niloticus*) fillets during storage[J]. *Food Chemistry*, 2019, 293: 418-428.
- [31] ROCCHETTI G, BARBA F J, LORENZO J M, et al. Untargeted metabolomics to explore the oxidation processes during shelf life of pork patties treated with guarana seed extracts[J]. *International Journal of Food Science & Technology*, 2020, 55(3): 1002-1009.
- [32] HUANG L, ZENG X Q, YE Y F, et al. NMR-based metabolomics profiling of no-added-nitrite Chinese bacon (unsmoked) during processing[J]. *Journal of Food Science*, 2020, 85(4): 1027-1036.
- [33] GARCÍA-GARCÍA A B, HERRERA A, FERNÁNDEZ-VALLE M E, et al. Evaluation of E-beam irradiation and storage time in pork exudates using NMR metabolomics[J]. *Food Research International*, 2019, 120: 553-559.
- [34] TRIMIGNO A, BØGE LYNDGAARD C, ATLADÓTTIR G A, et al. An NMR metabolomics approach to investigate factors affecting the yoghurt fermentation process and quality[J]. *Metabolites*, 2020, 10(7): 293.
- [35] SAIDI V, SHEIKH-ZEINODDIN M, KOBARFARD F, et al. Bioactive characteristics of a semi-hard non-starter culture cheese made from raw or pasteurized sheep's milk[J]. *3 Biotech*, 2020, 10(3): 85.
- [36] LI R, SUN Z L, ZHAO Y Q, et al. Application of UHPLC-Q-TOF-MS/MS metabolomics approach to investigate the taste and nutrition changes in tilapia fillets treated with different thermal processing methods[J]. *Food Chemistry*, 2021, 356: 129737.
- [37] RUBERT J, MONFORTE A, HURKOVA K, et al. Untargeted metabolomics of fresh and heat treatment tiger nut (*Cyperus esculentus* L.) milks reveals further insight into food quality and nutrition[J]. *Journal of Chromatography A*, 2017, 1514: 80-87.
- [38] MOMTAZ M, BUBLI S Y, KHAN M S. Mechanisms and health aspects of food adulteration: A comprehensive review[J]. *Foods*, 2023, 12(1): 199.
- [39] CALVANO C D, DE CEGLIE C, ARESTA A, et al. MALDI-TOF mass spectrometric determination of intact phospholipids as markers of illegal bovine milk adulteration of high-quality milk[J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2013, 405(5): 1641-1649.
- [40] 卜汉萍, 蔡贞贞, 王思, 等. 基质辅助激光解析/电离飞行时间质谱结合化学计量学技术筛查原奶掺假研究[J]. *食品安全质量检测学报*, 2021, 12(24): 9384-9391.  
BU Hanping, CAI Zhenzhen, WANG Si, et al. Study on screening adulteration of raw milk by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry combined with chemometrics [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2021, 12(24): 9384-9391.
- [41] 张丽翠, 马川, 冯毛, 等. 基于高分辨质谱和代谢组学技术评估和优化蜂王浆代谢物提取方法[J]. *中国农业科学*, 2020, 53(18): 3833-3845.  
ZHANG Licui, MA Chuan, FENG Mao, et al. Evaluation and optimization of metabolite extraction protocols for royal jelly by high resolution mass spectrometry and metabolomics[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(18): 3833-3845.
- [42] WU W J, LI L F, FUNG H Y, et al. Qualitative and quantitative analysis of ejiao-related animal gelatins through peptide markers using LC-QTOF-MS/MS and scheduled multiple reaction monitoring (MRM) by LC-QQQ-MS/MS[J]. *Molecules*, 2022, 27(14): 4643.
- [43] PAVLIDIS D E, MALLOUCHOS A, ERCOLINI D, et al. A volatile-omics approach for off-line discrimination of minced beef and pork meat and their admixture using HS-SPME GC/MS in tandem with multivariate data analysis[J]. *Meat Science*, 2019, 151: 43-53.
- [44] 孟新涛, 张婷, 许铭强, 等. 基于气相离子迁移谱的羊肉掺伪快速鉴别方法[J]. *新疆农业科学*, 2019, 56(10): 1939-1947.  
MENG Xintao, ZHANG Ting, XU Mingqiang, et al. Detection of authenticity of mutton with gas chromatography-ion mobility spectrometry (GC-IMS)[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2019, 56(10): 1939-1947.
- [45] JOHNSON A E, SIDWICK K L, PIRGOZLIEV V R, et al. The use of metabolomics to uncover differences between the small molecule profiles of eggs from cage and barn housing systems[J]. *Food Control*, 2019, 100: 165-170.
- [46] WANG J S, XU Z Z, ZHANG H B, et al. Meat differentiation between pasture-fed and concentrate-fed sheep/goats by liquid chromatography quadrupole time-of-flight mass spectrometry combined with metabolomic and lipidomic profiling[J]. *Meat Science*, 2021, 173: 108374.
- [47] JAMMOUL A, EL DARRA N. Evaluation of antibiotics residues in chicken meat samples in Lebanon[J]. *Antibiotics*, 2019, 8(2): 69.
- [48] HUA Y Y, YAO Q H, LIN J, et al. Comprehensive survey and health risk assessment of antibiotic residues in freshwater fish in southeast China[J]. *Journal of Food Composition and Analysis*, 2022, 114: 104821.
- [49] 吴利军, 何斌, 周源, 等. 固相萃取-高效液相色谱法同时检测奶牛粪污中 5 种磺胺类抗生素[J]. *中国兽药杂志*, 2020, 54(10): 24-29.  
WU Lijun, HE Bin, ZHOU Yuan, et al. Simultaneous determination of five sulfonamide antibiotics in excrement and sewage of dairy farm using solid phase extraction and high performance liquid chromatography[J]. *Chinese Journal of Veterinary Drug*, 2020, 54(10): 24-29.
- [50] 刘学芝, 赵英莲, 马跃, 等. 超高效液相色谱-串联质谱法测定猪肉、鸡蛋、牛奶中 9 种食源性兴奋剂类药物残留[J]. *色谱*, 2022, 40(2): 148-155.  
LIU Xuezhi, ZHAO Yinglian, MA Yue, et al. Determination of nine food-borne stimulant drug residues in pork, egg, and milk by ultra-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry[J]. *Chinese Journal of Chromatography*, 2022, 40(2): 148-155.
- [51] 马兆晴, 耿雅雯, 王桥, 等. 代谢组学在食品品质研究中的应用进展[J]. *食品安全质量检测学报*, 2023, 14(23): 1-8.  
MA Zhaoqing, GENG Yawen, WANG Qiao, et al. Progress in application of metabolomics in the study of food quality[J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2023, 14(23): 1-8.
- [52] UEDA S, IWAMOTO E, KATO Y, et al. Comparative metabolomics of Japanese Black cattle beef and other meats using gas chromatography-mass spectrometry[J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2019, 83(1): 137-147.
- [53] CHATTERJEE N S, CHEVALLIER O P, WIELOGORSKA E, et al. Simultaneous authentication of species identity and geographical origin of shrimps: Untargeted metabolomics to recurrent biomarker ions[J]. *Journal of Chromatography A*, 2019, 1599: 75-84.
- [54] ZHONG P, WEI X Q, XU Y, et al. Integration of untargeted and pseudotargeted metabolomics for authentication of three shrimp

- species using UHPLC-Q-orbitrap[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69(31): 8861-8873.
- [55] SALZANO A, MANGANIELLO G, NEGLIA G, et al. A preliminary study on metabolome profiles of buffalo milk and corresponding mozzarella cheese: Safeguarding the authenticity and traceability of protected status buffalo dairy products[J]. *Molecules*, 2020, 25(2): 304.
- [56] STELLA R, MASTRORILLI E, PRETTO T, et al. New strategies for the differentiation of fresh and frozen/thawed fish: Non-targeted metabolomics by LC-HRMS (part B)[J]. *Food Control*, 2022, 132: 108461.
- [57] 金文刚, 赵萍, 刘俊霞, 等. 基于 GC-MS 代谢组学分析大鲵肉冷藏过程中肌肉代谢产物差异[J]. *食品科学*, 2022, 43(24): 192-201.  
JIN Wengang, ZHAO Ping, LIU Junxia, et al. Gas chromatography-mass spectrometry - based metabolomic analysis of differential muscle metabolites in giant salamander(*Andrias davidianus*) meat during cold storage[J]. *Food Science*, 2022, 43(24): 192-201.
- [58] CHANG W C W, WU H Y, YEH Y, et al. Untargeted foodomics strategy using high-resolution mass spectrometry reveals potential indicators for fish freshness[J]. *Analytica Chimica Acta*, 2020, 1127: 98-105.
- [59] CHANG W C W, WU H Y, KAN H L, et al. Discovery of spoilage markers for chicken eggs using liquid chromatography-high resolution mass spectrometry-based untargeted and targeted foodomics[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69(14): 4331-4341.
- [60] YOU L Q, GUO Y S, LUO R M, et al. Spoilage marker metabolites and pathway analysis in chilled Tan sheep meat based on GC-MS [J]. *Food Science and Technology Research*, 2018, 24(4): 635-651.

加工编辑:刘艳美  
收稿日期:2024-02-24