

代谢组学技术在猪肉品质性状研究中的应用进展

闫文浩, 张姝梦, 王文静, 宋佳, 王基泮, 冯政*

(佛山大学动物科技学院, 广东佛山 528225)

摘要: 代谢组学技术的迅速发展为深入研究猪肉品质性状提供了有力工具和新的研究视角, 对深入了解猪肉品质性状的形成机制, 提升猪肉品质, 推动肉类产业发展至关重要。该综述回顾代谢组学技术相关概念, 归纳适用于不同研究目的的分析策略, 并简要介绍代谢组学中的主要分离检测技术, 同时对近年来应用代谢组学技术进行的猪肉品质研究展开系统回顾, 总结了猪肉在屠宰肉质(包括 pH 值、肉色、系水力、肌肉脂肪)、食用品质(包括风味、加工方式)、附加品质(包括新鲜度、存储方式、腐败污染)以及在肉质鉴定(包括肉类掺假、品种品系鉴定、饲养条件)等多方面性状的分析路线及研究结果, 揭示其在猪肉品质性状研究中的应用价值, 为猪选育和发掘猪肉品质相关的关键标志物提供一定的参考。

关键词: 代谢组学; 猪肉肉质; 风味; 肌肉脂肪; 质谱

文章编号: 1673-9078(2025)07-405-417

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2025.7.0598

Progress in Application of Metabolomics in the Study of Pork Quality Traits

YAN Wenhao, ZHANG Shumeng, WANG Wenjing, SONG Jia, WANG Jifeng, FENG Zheng*

(School of Animal Science and Technology, Foshan University, Foshan 528225, China)

Abstract: The rapid development of metabolomics technology has provided a powerful tool and new research perspectives for in-depth study on pork quality traits, which is crucial for in-depth understanding of the formation mechanism of pork quality traits, improving pork quality, and promoting the development of the meat industry. This article reviews the concepts related to metabolomics technology, summarizes the analysis strategies suitable for different research purposes, and briefly introduces the main separation and detection techniques in metabolomics. Meanwhile, a systematic review of recent research on pork quality using metabolomics technology is provided, summarizing the analysis routes and research results of various traits including slaughter meat quality (including pH, meat color, water-holding capacity, intramuscular fat), edible quality (including flavor, processing methods), additional quality (including freshness, storage methods, spoilage contamination), and meat quality identification (including meat adulteration, breed identification, feeding conditions). The review reveals the application value of metabolomics in the study of pork quality traits, providing a certain reference for pig breeding and the discovery of key markers related to pork quality.

Key words: metabolomics; pork quality; flavor; intramuscular fat; mass spectrometry

引文格式:

闫文浩, 张姝梦, 王文静, 等. 代谢组学技术在猪肉品质性状研究中的应用进展[J]. 现代食品科技, 2025, 41(7): 405-417.

YAN Wenhao, ZHANG Shumeng, WANG Wenjing, et al. Progress in application of metabolomics in the study of pork quality traits [J]. Modern Food Science and Technology, 2025, 41(7): 405-417.

收稿日期: 2024-05-01

基金项目: 广东省重点领域研发计划项目(2022B0202090001); 广东省自然科学基金项目(2020B1515120016)

作者简介: 闫文浩(2000-), 男, 硕士, 研究方向: 猪只遗传育种与多组学, E-mail: yanwenhao0426@163.com

通讯作者: 冯政(1976-), 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 猪功能基因挖掘与调控机制解析, E-mail: greatfz@126.com

近年来,全球猪肉消费规模持续扩大,这一趋势推动了猪养殖方式由个体散养向规模化、产业化的集约经营模式转变^[1]。同时,选育和杂交技术的不断提升进一步促进猪产仔率和生长速度的提高,缩短出栏时间。因此,猪肉产量在过去几年中实现了稳步增长^[2]。当前中国市场虽然在遭受非洲猪瘟和疫情的冲击后相较2018年前有所回落^[3],但仍表现出供大于求,产能过剩的情况^[4]。同时,越来越多的人开始关注猪肉的品质,部分消费者表达出“现在的猪肉没有以前的味道好”^[5]的观点。尽管这种说法缺乏充分的科学数据支持,却能反映出现代社会消费者对于猪肉品质的关注和追求。基于这种背景,近年来猪肉品质改良方向的研究呈现逐渐增多的趋势。由于高通量、高灵敏度以及高可靠性等优势,组学技术已经逐渐成为猪肉品质研究中的重要工具^[6,7]。基因组学能够全面提供肉质性状相关的基因互作及其突变等信息,转录组学通过研究细胞或组织中全部RNA转录产物的组成、结构和功能,能够揭示基因的表达模式与肉质性状表现之间的关系,代谢组学技术通过分析生物体内代谢产物,揭示了肉质形成和品质差异的潜在机制,为肉质改良提供了新的研究视角^[8](图1),因此从代谢组学视角出发研究猪肉肉质正在逐渐成为常见的分析模式。肉质是一个多因素的综合评价,除猪肉本身的外观、食用、屠宰肉质外,还受到新鲜程度及饲养模式等外部附加条件的影响。综上,本综述对近年来运用代谢组学在猪肉肉质相关特性方面开展的研究及其结论进行系统回顾总结,为代谢组学技术在提升猪肉品质方向上的研究与应用提供一定的参考与推广。

1 代谢组学概述

1.1 代谢组学相关定义

生命体的宏观遗传调控机制是中心法则,即遗传信息从DNA到RNA,再到蛋白质^[9]。小分子代谢物是生物体内代谢过程中的产物或中间体,处在调控过程中的更下游^[10],参与各种生化反应(分子量小于1 500 Da);代谢组代表生物系统内的全部小分子代谢物^[11],其种类和浓度在不同生理状态、环境条件和疾病状态下会发生变化。因此,代谢组的变化可以揭示生物体内的生化过程、代谢途径、生理状态以及与疾病相关的信息^[12];而针对不同生物的表型性状之间代谢组的变化采用的研究方法被称

为代谢组学^[13]。相对于基因组、转录组、蛋白质组,代谢组的变化更深层次地展示了各种影响因素对表型性状的调节机制^[14],更能反映生物体在遗传变异或环境刺激等变化后产生的相应结果,从而更接近生物表型^[15]。

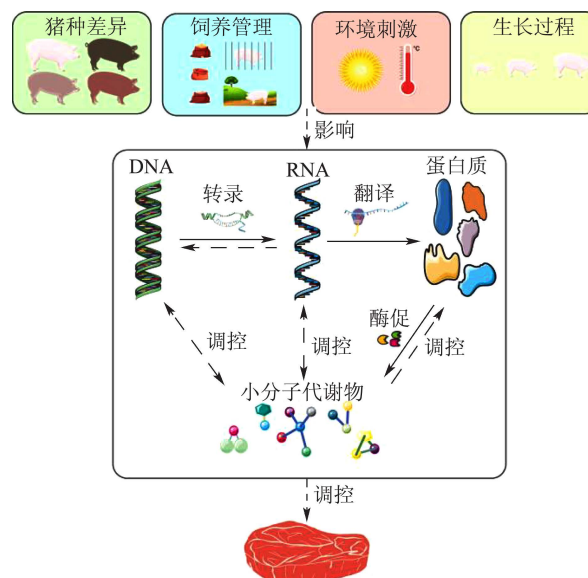


图1 代谢物在肉质调控中的作用

Fig.1 The role of metabolites in meat quality regulation

1.2 代谢组学分类

随着研究水平和仪器精度的发展,代谢物研究也出现了多种面向不同用途的技术分类。Fiehn^[16]总结了分析代谢组的各种方法,其中代谢物图谱分析(Metabolite Profiling, MP)用于检测和量化生物样本中尽可能多的代谢物^[17],旨在全面了解生物体内的代谢物组成,可以细分为代谢指纹(Metabolic Fingerprinting, MF)和代谢足迹(Metabolic Footprinting, MT)^[18]。代谢物指纹图谱技术通过对生物样本的代谢物进行定性定量分析创建代谢指纹,是生物体内的代谢物组成特征,可用于区分不同生物体样本之间的差异^[19]。代谢足迹专注于外代谢组层面的研究,其核心是监测细胞层面代谢物的释放,从而了解其对生态系统或生物体的交互作用^[20]。目前,“代谢组学”通常指通过高通量高分辨率技术对生物体内代谢物进行定性定量,以了解其种类、结构、数量和生物体内的动态变化,是一条通过统计学计算方法和生物信息技术,得到与代谢物组成相应生物学解释的技术路线。

根据分析策略,可以将代谢组学分为两类:靶向代谢组学和非靶向代谢组学^[21]。靶向代谢组学分析通常用于研究特定代谢途径或关注特定代谢物的

生物学功能,是一种针对性的方法,需要预先确定研究的代谢物^[22],如猪肉风味研究常用的脂肪酸、氨基酸组成分析,以及专注于脂质的种类和丰度的变化的脂质组学^[23],都属于靶向代谢研究方法。靶向分析通过同位素标记对目标代谢物进行定性定量,能够获得更高精度的代谢物水平^[24]。其主要缺点是目标代谢物数量有限或偏向,不能反应生物整体的代谢变化。非靶向代谢组学通过生物体全局代谢数据揭示其在不同生态系统、生理状态或疾病情况下的整体代谢差异^[25],在猪相关研究中常用于鉴定不同饲喂、给药、加工等方式对猪生理、病理、品质等的影响。其优点在于对代谢物的覆盖范围较广泛,能够更全面地反映代谢组的变化。其主要缺点是难以做到代谢物的绝对定量,由于其数据量庞大繁杂,且伴随着噪音信号,可能导致定量结果发生偏差^[26]。

2 代谢组学分析技术

代谢组学是一个高度跨学科的领域,融合了分析化学、生物化学、生物学等多个学科领域的技术和方法以解析生物体内代谢物的复杂网络^[14],其交叉学科的性质使研究者能够在多个领域中开展创新性的研究,并为科学研究和应用提供了强大的工具。代谢组学的主要目标是将生物体内部代谢物的类型、结构、数量及其动态变化与其受到的内外影响或不同处理相关联,以发现生物标志物,从而寻求目标表型在代谢水平上的生物学解释。其关键在于代谢物的鉴定,主要需要以下两个部分的技术。

2.1 检测技术

检测技术用于对代谢物进行定性和定量分析。因其小分子化合物的特性,运用分析化学中的物质鉴定技术确定其性质是较普遍的做法。其中质谱和核磁共振光谱是代谢组学研究中两种主要的分析技术^[27],能够提供代谢物的结构信息和浓度数据。

质谱法(Mass Spectrometry, MS)是利用电磁学原理将被测物质分子转化为气态离子并按质荷比(Mass-to-Charge Ratio, m/z)大小进行分离记录其信息,从而进行物质结构分析的方法^[28]。其优势在于拥有较高的分辨率以及较低的检出限,能够检测出更为复杂的代谢组信息,同时对于样品的需求量也较少。但由于可变电离和离子抑制效应影响分析物的精确定量,分析高度复杂样品时仍然存在一些固有问题。

如需要根据样本的性质选择合适的电离方法^[29],实验流程对样本具破坏性,结果复现性一般等^[30]。质谱的一个特点是可以进行串联分析(MS/MS),即在质谱分析中选择特定的离子,并将其进一步解离成更小的片段离子。这种方法提供了更加详细的化合物信息,同时还可以提高检测的选择性和灵敏度^[31]。

核磁共振波谱(Nuclear Magnetic Resonance, NMR)是通过测量核磁共振谱中吸收峰的位置和强度获得代谢物结构和化学环境的信息^[32]。不同类型的原子核会在不同的化学环境下表现出不同的谱线,从而确定代谢物的结构和性质^[33]。它的优势在于其灵敏度不依赖代谢物的酸碱性、疏水性等特性,也无需选择额外的电离或色谱方法,从而实现更全面的检测结果^[34],同时有着较高的稳定性和复现性^[35]。此外,NMR不损坏样本,最大程度地保留了样本的真实信息。其缺点主要在于灵敏度相对质谱较低,导致代谢物的识别覆盖率一般^[36]。此外,由于其无偏向的技术特点,通常更多用于非靶向分析。随着技术发展,NMR针对其短板也有了一定的改进方案,如便携式NMR波谱仪^[37]、超极化核磁共振(Hyperpolarized NMR)^[38]、低温冷却探针^[39]等。

2.2 分离技术

由于生物样本的代谢组成通常十分复杂,样品直接注射进行质谱会导致检出数据庞杂纷乱,难以区分异构体,并且由于离子抑制效应的存在,对检测结果也有着较大的影响^[40]。因此需要在质谱前进行分离方能获得较好的结果。因此质谱技术大部分情况下都与色谱等分离技术联用^[41]。

液相色谱(Liquid Chromatography, LC)是一种较为常见的色谱技术。其基本原理是将制备好的液态样品通过内置不同性能填充物的柱子分离,随后通过质谱进行检测^[42]。LC根据分析条件和色谱柱的选择分为多种模式,如高效液相色谱(High Performance Liquid Chromatography, HPLC)使用高性能色谱柱提高分离速度和效率^[43];超高效液相色谱(Ultra High Performance Liquid Chromatography, UHPLC)通过超高压泵系统提升分辨率和速度^[44];反相液相色谱(Reversed Phase Liquid Chromatography, RPLC)采用非极性固定相与极性移动相,对非极性分子有较好的分离效果^[45];亲水作用液相色谱(Hydrophilic Interaction Liquid Chromatography, HILIC)则采用极性固定相与非极性移动相,对极性分子分离效果较好^[46]。

表 1 代谢组学常用分析技术
Table 1 Commonly used analytical techniques in metabolomics

	适用代谢物类型	样品预处理	异构体分离效果	电离方法	优势	缺点
GC-MS	挥发性	衍生化	较好	EI, CI	高分辨率, 挥发性代谢物检测效果好	不耐热代谢物分析效果差, 非挥发性化合物需要衍生化, 衍生化后未知代谢物识别困难
LC-MS	非极性、中性	沉淀过滤、萃取	较弱	ESI, APCI	样本制备相对简单, 高灵敏度, 代谢物覆盖广泛	受离子抑制、基质效应影响较大, 分析解释复杂
CE-MS	极性、带电	提取、纯化、预浓缩	较好	ESI	样本与试剂剂量要求低, 高分辨率	系统稳定性相对低, 浓度敏感性相对较差, 非极性化合物分析效果较差
NMR	广泛适用	匀浆提取、缓冲稀释	较弱	无需	无偏向性, 不损坏样本, 稳定性高, 样本制备简单	灵敏度相对较低, 代谢物覆盖率一般, 光谱数据库与软件资源较少, 仪器昂贵

气相色谱 (Gas Chromatography, GC) 是最早应用于代谢分析的技术之一, 被认为是代谢组学的“黄金标准”^[47], 常用于检测气体或挥发性液体中的化合物。由于样本中含有的非挥发性化合物不易直接检测到, 因此 GC 在制备样本时需要额外的衍生化^[48]步骤。GC 将样本通过惰性载体气流 (通常是氢气、氮气、氦气) 输送到色谱柱内, 通过与柱内固定相的互作从而完成化合物的分离^[49]。GC 通常对于非极性和挥发性化合物表现出优越的分离效果, 然而, 对于高度极性、高分子量或热不稳定的化合物可能还需进一步的优化^[50]。

毛细管电泳 (Capillary Electrophoresis, CE) 是一种高效的分离技术, 利用毛细管作为分离通道, 通过电场根据质荷比将样品中的带电分子或离子移动, 从而实现它们的分离和检测^[51]。这种独特的方式不仅使得它能够快速、高效地分离出 GC 或 LC 难以分离的样品, 并能够与 GC、LC 的结果进行互补^[52]。CE 仅需极少量的样本 (几纳升), 样品预处理也并不复杂, 其分离效率即可达到较高的水平, 对极性和带电化合物的分离效果非常出色^[53]。此外, 由于使用毛细管而非色谱柱, CE 的运行成本相较 LC、GC 也更为经济 (表 1)。

3 代谢组学技术在猪肉肉质研究中的应用

随着规模化养殖的普及, 猪肉产量稳步上升, 消费者在拥有更多选择时更趋向于选购质量较好的肉。对肉品质的评判需要综合考虑内在和外在因素, 其中猪肉本身的生理特征属于内在因素, 包括外观肉质性状 (Appearance Quality Traits, AQT) 如肉色、pH 值、肌内脂肪含量 (Intramuscular Fat, IMF) 等; 食用品质性状 (Eating Quality Traits, EQT) 如嫩度、

风味、加工等; 而因人为或环境影响所附加的性质则属于外在因素, 即附加品质性状 (Reliance Quality Traits, RQT)^[54], 包括新鲜程度、存储方式、防腐污染、肉类掺假等。表 2 简要展示了部分本文中涉及到的运用代谢组学技术分析上述肉质性状的研究。

3.1 代谢组学技术在猪肉肉质性状研究中的应用

3.1.1 肉色

猪肉的颜色是消费者首先接触到的信息, 也是评估肉质的关键因素。与正常颜色相比, 浅色猪肉可能导致消费者的购买意愿降低^[68], 而鲜红色通常被视为新鲜和高品质的标志^[69]。因此, 研究猪肉肉色的调控机制, 深入探索不同肉色间的差异机理, 有助于更好地提升猪肉品质。Zhan 等^[55]在浅色肉和深色肉中的研究确定了两个与肉色性状密切相关的代谢通路: 烟酸和烟酰胺代谢通路、谷胱甘肽代谢通路。烟酰胺可能通过类似于减少黑素体转移的机制影响肉色^[70], 而谷胱甘肽代谢可能通过改善氧化肌红蛋白氧化还原稳定性的方式与肉色性状密切相关^[71]。Welzenbach 等^[72]对猪背最长肌中的代谢物进行分析, 得到了与肉色性状相关的关键代谢物, 包括 1,8-二磷酸八糖、6-磷酸果糖、6-磷酸葡萄糖、5-磷酸肌苷、磷酸甘醇酸和烟酰胺腺嘌呤二核苷酸。这些代谢物在糖酵解和糖代谢途径中显著富集, 而新陈代谢对于肉色的影响已在多篇文章中得到提及^[73-75]。周浩迪等^[56]通过分析不同肉色猪的血浆代谢组谱, 筛选出左旋肉碱和乙酰左旋碱作为预测大约克猪宰背最长肌肉色的候选代谢标志物。分析结果表明差异代谢物显著富集在卵巢类固醇生成、碳代谢、铁死亡、催乳素信号通路等代谢途径中, 并推测铁死亡通路与肉色性状密切相关。

表 2 文献中涉及猪肉品质性状的代谢组学研究

Table 2 Metabolomics research on pork quality traits in literature

样本分组	分析性状	分析样本	分析平台	分析物类型	数据分析方法	数据分析工具	文献
猪背肌 IMF 及肉色含量高低	肉色, IMF	背最长肌	UPLC-MS/MS	代谢物	PCA, PLS-DA, 相关性分析	Hmisc, Cytoscape, Metabo Analyst	[55]
猪背肌 pH 值及肉色高低	pH 值, 肉色	血液	UHPLC-MS/MS	代谢物	PCA, PLS-DA, t-test, KEGG 通路富集分析, 聚类分析	R, Python 2.7.6, CentOS 6.6	[56]
莱芜猪 vs 约克夏猪	IMF, 风味	背最长肌	HPLC-MS/MS	代谢物, 脂质	PCA, OPLS-DA, MSEA, KEGG 通路富集分析	SIMCA, MetaboAnalyst	[57]
沙子岭猪 vs 约克夏猪	肉质代谢	背最长肌	LC-MS	代谢物	PLS-DA, Pearson 相关分析, KEGG 通路富集, 单因素方差分析	SPSS, MetaboAnalyst	[58]
猪热应激	脂肪代谢	脂肪细胞, 肠系膜脂肪组织	HPLC-ESI-QTOF-MS	代谢物	PCA, KEGG 通路富集分析, 单、双因素方差分析	Mass Hunter, MetaCore	[59]
猪热应激	肉质代谢	背最长肌	UPLC-ESI-QTOF-MS	代谢物	PCA, PLS-DA, OPLS-DA, 单因素方差分析	SIMCA-P	[60]
猪背肌有无复合物涂层	新鲜度	背最长肌	无	脂质, 挥发性化合物	两因素方差分析, 相关性分析	STATISTIX 8.1	[61]
猪里脊不同气体包装	腐败	里脊肉	SIFT-MS	挥发性化合物	ANOVA 方差分析, PCA, PLS	SPSS, Origin	[62]
猪背肌不同冷冻时长	脂质组成	背最长肌	UPLC-TOF-MS	脂质 脂肪酸	PCA, OPLS-DA, 单因素方差分析, Pearson 相关性分析	SIMCA, SPSS, GraphPad Prism, ggplot2	[63]
白猪和黑猪培根不同冷藏时长	风味	五花肉	SPME-GC-MS, SPME-GC-IMS	挥发性化合物	ANOVA 方差分析, PCA	Statistix 8.0	[64]
猪肉糜不同冷藏时长	腐败污染	猪肉糜	HS-SPME-GC-MS	挥发性化合物	PCA, OPLS-DA, 单因素方差分析	SIMCA, SPSS	[65]
不同猪肉含量的牛肉丸	猪肉含量	里脊肉	LC- HRMS	代谢物	PCA, PLS-DA, OPLS-DA	SIMCA, MetaboAnalyst	[66]
饲喂不同比例桑叶粉日龄	肉质代谢	血液	GC-TOF-MS	代谢物	PCA, OPLS-DA, t-test, KEGG 通路富集分析	SIMCA-P, MetaboAnalyst	[67]

注: PCA: 主成分分析, PLS: 偏最小二乘, PLS-DA: 偏最小二乘判别分析, OPLS-DA: 正交偏最小二乘判别分析。

3.1.2 pH值

肌肉在收获后, pH 值随着肌肉内糖原消耗方式从有氧呼吸转变为无氧呼吸, 产生乳酸积累, 导致一个缓慢下降的过程。这个酸化过程将持续到糖原被完全消耗或者 pH 值过低使糖酵解酶失活^[76]。pH 值的下降对肉质有多方面的影响, 是猪肉颜色的重要决定因素之一。周浩迪等^[56]对背最长肌 pH 值不同猪的血浆进行代谢组学分析, 共筛选出肌肽、6-磷酸果糖、1,7- 二磷酸景天庚酮糖、 α -酮戊二酸、烟酰胺和次黄嘌呤等 6 种差异显著代谢物作为预测大约克猪背最长肌肌肉 pH 值的候选代谢标志物。富集分析结果显示, 通路及其所涉及的代谢物与不同肉色分组中所涉及的一致, 这也说明了 pH 值和肉色具有高度相关性。其中碳代谢途径主要包括糖酵解的碳利用途径、磷酸戊糖途径和柠檬酸循环等, 是预测猪背最长肌 pH 值最可能的代谢途径。Zuber 等^[77]对不同 pH 值猪背最长肌中代谢物进行分析, 得出相似的结论:pH 值变化和糖酵解能力相关。Shen 等^[78]对不同猪背最长肌 pH 值组的血浆进行代谢组学分析, 结果显示, pH 值对肉色有着显著的影响, 差异代谢物主要富集在与氨基酸代谢和能量代谢有关的通路上, 预测与肉质相关的血浆代谢物

标志物包括 L-肉碱、肌酐、鞘氨醇、L-鸟氨酸和 D-半乳糖胺等。值得一提的是,在对肉质性状进行相关性分析时,结果与之前的研究相似,表明 pH 值和肉色呈现显著相关性。综上,猪肉的 pH 值与糖酵解、能量代谢相关途径较为密切,同时与肉色性状高度相关。

3.1.3 肌内脂肪

肌内脂肪与猪肉的大理石花纹、风味、嫩度等特性关联密切,多方面影响猪肉的感官品质^[79]。利用代谢组学技术深入探究猪肉中肌内脂肪的差异,有望更全面地揭示影响肌内脂肪沉积的生化机制。Zhan 等^[55]的研究指出,参与甘油三酯代谢的关键基因 PNPLA3 能够通过调节甘油三酯和磷脂酰基链的生成影响 IMF 水平,导致高脂和低脂组间甘油三酯类代谢物产生较大差异。Zhang 等^[80]检测了剑河白香猪和大白猪之间的代谢组成差异,结果显示肉碱与 IMF 含量呈正相关,酰基肉碱在脂质代谢中起着关键作用;剑河白香猪中甘油三酯含量较高,与 IMF 含量之间存在显著相关性。值得注意的是,剑河白香猪中上调的甘油三酯碳链长度高于其他甘油三酯,即饱和度更高,可能是影响肉质的因素^[81]。Hou 等^[57]采用相似的技术路线研究约克夏猪和莱芜猪之间的肌内脂肪和风味前体差异,结果显示莱芜猪肉中大部分磷脂胆碱(Phosphatidylcholine, PC)、磷脂酰乙醇胺(Phosphatidylethanolamine, PE)显著下调,与先前研究关于猪肉中 PC 和 PE 随 IMF 含量增加而减少的结论相一致^[82];此外所有甘油三酯均上调。Taniguchi 等^[83]通过对不同 IMF 含量样本的血浆的分析,发现血浆中的支链氨基酸与腰眼肌中高 IMF 含量呈正相关,是潜在的生物标志物。综上,猪肉中的肌内脂肪水平受多种因素调控,这些研究为理解肌内脂肪与肉质调控机制提供了重要线索。

3.2 代谢组学在猪食用肉质性状中的研究

3.2.1 猪肉风味

风味是由味觉和嗅觉综合感知得到的感受^[84,85],是影响消费者购买意愿的重要因素。猪肉风味同时受到众多挥发性成分和风味前体的影响,因此寻找猪肉中的关键风味前体是代谢组学在风味性状中的应用目标之一。Hou 等^[57]的研究结果表明,猪种间脂肪酸组成的变化可能影响了脂肪沉积以及香气风味的差异;另外葡萄糖代谢产物,如草酰乙酸、L-天

冬氨酸和延胡索酸等物质也可能参与改善猪肉的风味。此外,莱芜猪和大白猪之间的多种二肽,如精氨酸-丙氨酸和缬氨酸-精氨酸,表现出不同的丰度,这也是导致风味差异的部分原因^[86]。Wu 等^[87]对 DLY 三元杂交猪(Duroc×(Landrace×Yorkshire), DLY)、北京黑猪、莱芜猪的香气成分和脂肪酸进行了测定。结果显示,本地猪中己醛、10-辛烯-3-醇、2,3-辛二酮、(E,E)-2,4-癸二烯醛和十二烷醛等挥发性香气物质的含量更高,这些物质是猪肉香气的主要贡献者。此外,部分脂肪酸如 C18:1n9c 油酸、C22:6n3 DHA 和 C18:3n3 α -亚麻酸可能是本土猪猪肉拥有独特风味的主要因素。Zhu 等^[88]对宁乡猪、杜洛克及其杂交后代的背最长肌挥发性物质展开了研究,结果显示,宁乡猪、杜宁二元杂交猪和杜洛克猪群体中的醛类物质在 8 种物质中含量最高,是风味物质的主要成分。此外三个猪种之间的苯甲醛相对含量存在显著差异,而苯甲醛也是影响多种食物风味^[89-91]的芳香化合物,这表示其可能是影响三种猪肉的重要因素。

3.2.2 不同加工方式对肉质风味的影响

加工是从生猪肉到食用品的必经之路。由于加工方法的多样性,出现了多种风味迥异的猪肉产品,如火腿、香肠、烤肉等^[92]。利用代谢组学技术深入研究不同加工方式对猪肉风味的内在影响机制,有助于更好地理解加工对猪肉口感和风味的影响,为优化加工工艺提供科学依据。Liu 等^[93]对经过四种烹饪处理后猪肉的风味差异展开分析,结果显示,含氮化合物、含硫化合物和醛类化合物对烤猪肉的香气特征起主要作用。研究提出了三种能够区分不同烘烤方法对猪肉风味影响的生物标志物:2,3-二甲基吡嗪,三甲基吡嗪,以及磷脂酰胆碱 18:2-SN1。Xi 等^[94]对腊肉中的挥发性成分进行了研究,结果显示,镇巴腊肉中的挥发性有机化合物主要为醛、醇和酯。在发酵和烟熏条件下,镇巴腊肉脂肪产生了过氧化物和游离脂肪酸,脂肪水解产物在腊肉挥发性风味成分的形成中发挥了重要作用。这表明在腊肉制作过程中,烟熏和腌制是重要的风味形成阶段。Zhang 等^[95]针对超声波处理对于非烟熏培根肉风味的影响机制展开研究,结果显示超声波处理对挥发性脂肪酸的浓度造成了显著的影响,鉴定出了 6 种与风味改善密切相关的挥发性风味物质(壬醛、辛醛、庚醛、3-甲基丁醛、乙酸正己酯和乙酸正丙酯)。脂质经过氧化得到大量的挥发性

脂肪酸,而酶促氧化是超声波处理后非烟熏腊肉风味形成的重要代谢途径。

3.3 代谢组学在猪肉附加质量性状中的研究

3.3.1 新鲜度

新鲜度是评价肉类质量的关键 RQT,也是消费者选择肉类的一个关键指标。猪肉新鲜与否不仅代表猪肉风味的损失程度,还与腐败变质程度息息相关^[96]。通过代谢组学分析可以追踪猪肉中代谢产物的动态变化,这种方法可以揭示猪肉在不同新鲜程度下的生化差异,为猪肉新鲜度的科学评估提供有力支持。Gu 等^[97]对猪背最长肌和胸肌中蛋白降解产物的动态变化开展了研究,结果表明,精氨酸、谷氨酸、缬氨酸和丙氨酸可以作为猪肉蛋白质降解过程中的标志氨基酸;此外腐胺和钙含量之和与挥发性盐基氮(食品变质或老化的指标)显著极相关,可以用作评估肉类新鲜质量的指标。Li 等^[98]对猪肉贮藏过程中的特征挥发物及其代谢途径进行了分析。结果表明,不同贮存时长的猪肉挥发性成分组成在 PCA 以及 PLS-DA 中反映出明显的区分;而与储存过程中生成的挥发性代谢物相关的代谢通路主要是热反应、脂质代谢和氨基酸代谢。其中,脂肪氧化形成的过氧化物裂解成包括醛、酮、醇和酯在内的小有机化合物,导致猪肉气味降解;同时猪肉中蛋白质产品降解产生的氮和硫化物也导致猪肉中异味的生成。

除鲜肉外,猪肉制品的风味特性也会随存储时间变化。Deng 等^[64]对不同猪种制作的腊肉在贮藏过程中的挥发性风味物质变化进行了研究,结果表明,当白猪肉制成腊肉时,风味物质的数量急剧增加,随着存储时间的增加,风味物质的种类减少,但乙醇等物质的含量却急剧增加。当黑猪肉制成腊肉时,风味物质显著增加,尤其是腊肉中乙醇含量较高,随着存储时间的增长,风味物质变化较小。由此可见,猪肉种类和加工工艺对肉的风味也起着关键的作用。

3.3.2 存储方式

猪肉的新鲜程度不仅受宰杀时间的影响,同时也与存储方式有紧密的关系。适当的包装、冷藏和储存是确保猪肉新鲜度的重要措施。合理的温度和湿度控制有助于延缓肉类的变质过程,保持其新鲜度和口感。Feng 等^[63]对不同冻藏时间下猪肉脂质的变化展开了研究。结果表明脂质氧化主要发生在

冷冻储存的第一个月,而在后续时间中脂质组成只有轻微变化。并且提出己醛、顺-11,14-十二烯酸和顺-5,8,11,14,17-二十二碳五烯酸为冷冻储存的潜在生物标志物。除了最常见的冷藏方式外,通过降低氧气含量、增加二氧化碳含量或使用其他气体进行减缓氧化的气体包装法也用于猪肉的保存。Chen 等^[62]对不同气体包装下猪肉的挥发性有机物和腐败指标进行了分析。结果表明高氧低氧包装下猪肉的挥发性化合物组成有着较大的差异。乙酸乙酯是高氧条件下猪肉品质的重要指标,而乙醇、3-甲基丁醛和硫化物可作为厌氧贮藏的指示物。此外,可食用涂层也是储存猪肉的一种方法。Li 等^[99]对使用明胶作为涂层保存的猪肉进行了分析,结果表明明胶涂层不仅有效降低了猪肉的失重率,很好的保留了猪肉的色泽,同时也有效减缓猪肉中恶性挥发性成分如醛类的积累,从而使猪肉保持接近鲜肉的风味。类似的,Zhang 等^[61]使用单宁酸-壳聚糖复合物作为表面涂层存储猪肉,证明了其能够有效抑制腐败、脂肪和蛋白质氧化,从而保持猪肉较好的感官特性。此外,雷英杰等^[100]开展了电子束辐照对生鲜猪肉的保鲜作用的研究,结果表明辐照处理会减缓生鲜肉 pH 值的上升,对微生物具有良好的杀菌作用。

3.3.3 腐败污染

猪肉在生产、存储和销售过程中普遍面临腐败和变质的问题,这不仅会导致巨大的经济损失,同时会产生食品安全方面的隐患。因此,迫切需要提出全面的变质检测方法和相关的腐败指标。代谢组学技术为解决这一难题提供了一种全新的视角,通过深入研究猪肉在不同阶段的代谢组变化,能够更准确地了解其腐败和变质的生化机制。Zhao 等^[101]对不同温度下的猪肉腐败过程进行了研究。蛋白组学结果表明在不同温度下贮存的变质样品和对照样品之间存在明显区别。在不同温度下共有的差异表达蛋白可能代表着腐败相关的潜在蛋白质生物标志物,如 LIM 结合蛋白 3 (LDB3)、腺苷酸脱氨酶 (AMPD1) 和肌红蛋白 (MB);代谢组学结果表明在不同温度下可以发现表现出不同丰度的特定高丰度代谢物,并鉴定出了多种与猪肉腐败相关的潜在生物标志物,如杜松酸和抗坏血酸、挥发性盐基氮 (TVB-N)、腺苷-5'-三磷酸 (ATP)、磷脂酰胆碱 (PC) 等。Song 等^[65]对猪肉糜贮藏过程中的挥发性腐败标志物进行了筛选。结果表明有 3 种

化合物（即乙醇、2,3-丁二醇和 2-乙基-1-己醇）被确认为评估猪肉糜变质的潜在标志物，可用作评价猪肉糜腐败的质量指标。除了腐败外，代谢组学技术还能够应用在猪肉兽药残留污染的检测中。杨兆甜等^[102]的研究结果表明，采用 UPLC-MS/MS 检测兽药残留效果良好，可用于猪肉样品中多种兽药残留的高通量快速检测。

3.4 代谢组学在肉质鉴定中的应用

3.4.1 掺假

由于肉类是人们日常生活中的必需食品，其市场消费规模庞大。然而肉类市场也存在一些不法行为，例如肉类掺假，商家往往用低价值肉类替代高价值肉类（例如，用鸡肉或鸭肉替代羊肉）以谋取更高的利益^[103]。因此，利用代谢组学技术鉴定猪肉掺假的流程方案具有广泛的应用前景^[104]。Li 等^[105]开发了一种检测肉制品中猪肉含量的实验流程，结果表示来自碳酸酐酶 3 的三个肽段（分别是 EPITVSSDQMAK、GGPLTAAYR、HDPSLLPWTASYDPGSAK）具有出色的猪肉定量能力，能够用于鉴定各种类型的猪肉加工产品，如香肠、培根、火腿等等。Windarsih 等^[106]开发了一种对牛肉香肠中的猪肉含量进行检测的分析流程。结果表示 LC-HRMS 可以高精度的分析出香肠中猪肉的存在，完美区分了牛肉香肠和掺有猪肉的香肠，并且成功预测了香肠中的猪肉含量水平。此外还提出了具有区分能力的代谢标志物候选者，包括 2-花生二烯基-sn-甘油-3-磷酸酯胺、3-羟基辛酰肉碱、8Z,11Z,14Z-二十三烯酸、D-(+)-半乳糖、油酰胺、3-羟基十六碳酰肉碱、花生四烯酸和 α -伊洛斯特瑞酸。类似的，他们还采用相似的检测流程对牛肉丸中的猪肉含量进行了分析^[66]，同样得到了较好的区分结果。

3.4.2 品种品系

中国是世界上猪种遗传资源最丰富的国家之一，拥有世界上近三分之一的猪种^[107,108]。由于遗传、环境、饲喂等多重因素的影响，不同猪种在肉质风味、生长、胴体等性状上存在一定差异^[109]。通过代谢组学技术分析鉴定猪种之间的差异，不仅能提供高精度的不同猪种间肉类鉴定方法，还能更好的解析猪肉质等表型性状的遗传规律。Liu 等^[110]对川藏黑猪和 DLY 杂交猪的猪肉进行分析，探究川藏黑猪的肉质特性。结果表示，川藏黑猪的肉质性状在多

个方面都要高于 DLY 猪，在脂肪代谢中，川藏黑猪脂肪酰化化合物的水平要显著高于 DLY 猪，而川藏黑猪的背最长肌和腰大肌与脂肪酸相关的 KEGG 富集通路分别是不饱和脂肪酸合成和脂肪酸代谢，这也呼应了中国本地猪肌肉不饱和脂肪酸含量丰富的观点^[111]。此外，川藏黑猪和 DLY 猪在能量代谢和嘌呤代谢途径中也有着显著的差异。Song 等^[112]探讨了杜洛克猪、桃源黑猪和湘村黑猪产肉量和肉质差异的分子基础，结果表示三种猪之间的代谢物组成差异较大，差异表达代谢物占有所有代谢物的 90% 以上，中国地方猪种的代谢物组成更为相似，且都与杜洛克有显著差异，这与猪种间肉质和肌纤维特性的研究结果一致。在三个猪种的背最长肌中鉴定出 24 种差异代谢物，显著富集在苯丙氨酸代谢、甘油脂质代谢、 β -丙氨酸代谢和丙酸代谢途径中；此外，差异代谢物中的 β -丙氨酸和苹果酸可能分别与肌肉生长和 WHC 有关。

3.4.3 饲养条件

除了先天的遗传影响之外，猪出生之后的管理方案、饲料种类、饲养环境等也会在各方面影响猪的生长，从而改变猪的胴体肉质特性。有报道表示，日粮中的蛋白质减少到美国国家研究委员会标准的 15%~20% 能够增加生长育肥猪的 IMF 含量^[113]，基于此，Jiang 等^[114]对饲喂低蛋白日粮（LPD）以及补充甘氨酸的低蛋白日粮（LPDG）对猪的影响展开了研究。结果表示，LPDG 消除了低蛋白质对猪生长性能的影响，并且显著增强了肌肉脂肪的沉淀。在代谢物层面，接受正常日粮、LPD、LPDG 饲喂的猪骨骼肌代谢组有着明显的区别，并且低蛋白饮食中补充甘氨酸增加了肌肉中酪氨酸、谷氨酸和 N-乙酰-天冬氨酸的含量，可以促进非必需氨基酸和泛酸的合成，从而促进蛋白质合成和猪生长。Wang 等^[115]对饲喂 1% 共轭亚油酸（CLA）的猪肉质变化及其脂肪酸组成展开了调查。结果表示 CLA 显著改变了猪肠道代谢谱和短链脂肪酸的组成，增加了肌肉中甘油酯的相对水平，并且甘油酯和二酰基甘油中的三酰甘油和二酰甘油水平在 CLA 处理后增加，从而增强了肌肉中的脂质积累和代谢。邓世阳等^[67]对日粮中添加桑叶粉对二花脸猪生长性能、脂肪沉积及血清代谢组的影响展开了研究。结果表示日粮中添加桑叶粉后可能通过改变多条脂肪代谢途径来减少体脂的沉积，如半乳糖/葡萄糖代谢、柠檬酸循环、丙酮酸代谢和氨基酸代谢

等代谢途径。

除了饲喂策略外,猪饲养管理也同样重要。猪热应激(Heat Stress, HS)能够对猪生长和肉质代谢造成负面影响^[116],因此探索猪在热应激下的肌肉代谢物的变化具有探究意义。Gao等^[60]对热应激肥育猪的背最长肌的代谢组学变化展开了研究。结果表明,在三个处理之间有9种代谢产物(L-肌肽、ACH、IMP、L-肉碱等)存在显著差异,这些代谢产物与损伤修复、脂质氧化和蛋白质氧化以及神经调节功能,以及抗应激能力和肉质密切相关,最终得出恒定热应激影响背最长肌的代谢产物,并导致育肥猪抗氧化和肉质变化的结论。Qu等^[59]针对热应激对猪脂肪细胞代谢的影响开展了研究,结果表明HS处理的培养细胞中三酰甘油的量增加,单酰甘油的量减少;饱和脂肪酸和单不饱和脂肪酸的浓度也较对照组升高。在动物实验中,受热应激动物的血清亚油酸、总多不饱和脂肪酸含量增加,总饱和脂肪酸含量减少。这些结果表明,HS处理增强了脂原生代谢途径,同时抑制了脂肪酸氧化。

4 代谢组学在猪肉质研究上的趋势和展望

代谢组学技术由于其高通量、高灵敏度、高可靠性等优点,已经广泛应用在猪的肉质研究中。但其本身还存在着部分短板,如由于代谢物的多样性(极性、分子量、热稳定性或挥发性等),样品制备步骤、分离方法、仪器平台和参数的变化都会影响到检测结果;代谢组学的下机数据会产生大量的高维复杂数据集,但参考数据库不完整不统一,难以完全注释检测到的物质,因此有相当大一部分未知代谢物数据没有得到有效利用。另外,代谢组学分析的平台、流程等也因各个科研团队的条件、目标的不同而各有千秋,没有一个统一的分析标准,这也导致了代谢组学数据的通用和复现能力较差。虽然肉质代谢组学在肉质鉴定中的作用日益凸显,但当前的研究大多仅限于采用单一的分析平台,这在一定程度上限制了对代谢过程全面深入的理解。为了更全面、准确地揭示肉质性状的代谢基础,未来的研究趋势将倾向于采用多分析平台的策略,从不同维度、层面全面解析代谢组学数据,从而更加全面地揭示肉质性状背后的代谢机制。

而随着猪肉肉质越来越受到消费者的重视,肉质层面的代谢组学研究越来越广泛,开发更有效的鉴定未知代谢物的方案,构建统一的猪肉质代谢组

学分析流程标准,建立完整的肉质代谢物数据库是很有必要的。其次,猪肉质代谢组研究在部分方向上有所欠缺,如在肉质嫩度差异与代谢组成之间的关系只有少部分在牛肉上的报道,而没有在猪肉上的深入探究。因此,应当通过代谢组学方法去全方位深入探索猪肉肉质性状差异背后的代谢机制,才能为猪选育改良提供更加系统的信息。此外,尽管肉质代谢组学已经对多种性状进行了详尽的分析,但许多研究结果主要侧重于代谢途径、判别分析和生物标记物,而对代谢产物对肉质改变的具体影响机制缺乏进一步深入的探讨。这使得其在肉质改良方面提供的帮助显得稍显片面。因此,目前多组学联合分析的方法正逐渐成为组学研究的主流方向,在肉质研究领域也不例外。肉质代谢组学通过与转录组学、蛋白组学、基因组学等相结合,能够提供更全面的、分子层面的解析,进一步深化对肉质差异及其形成机制的理解。这种综合性的多组学联合分析有望揭示代谢产物与其他生物分子之间的相互作用,为肉质性状的精细调控和改良提供更为深入和全面的认识。因此,未来在肉质研究中,通过整合多组学信息,将有助于更全面、系统地理解肉质性状形成的分子机制,为肉类生产提供科学的指导和支持。

参考文献

- [1] 张成,刘小青.规模化养殖模式在养猪过程中的应用[J].北方牧业,2023,13:36.
- [2] ROBERT V K. Impact of swine reproductive technologies on pig and global food production [J]. Advances in Experimental Medicine and Biology, 2014, 752: 131-160.
- [3] 辛翔飞,王祖力,刘晨阳,等.新阶段我国生猪产业发展形势、问题和对策[J].农业经济问题,2023,8:4-16.
- [4] 张海峰,王祖力,陈泽芳,等.2023年全球生猪产业发展情况及2024年的趋势[J].猪业科学,2024,41(2):32-36.
- [5] NGAPO T M, DRANSFIELD E, MARTIN J F, et al. Consumer perceptions: pork and pig production. Insights from France, England, Sweden and Denmark [J]. Meat Science, 2004, 66(1): 125-134.
- [6] 王亚鑫,王璟,田学凯,等.多组学技术在畜禽重要经济性状研究中的应用[J].畜牧兽医学报,2024,55(5):1842-1853.
- [7] 高梦锦,李雪,李京京,等.畜禽肉质性状研究中的常用组学技术[J].中国畜牧杂志,2020,56(6):1-5.
- [8] ZHANG T, CHEN C, XIE K Z, et al. Current state of metabolomics research in meat quality analysis and authentication [J]. Foods, 2021, 10(10): 2388.

- [9] FRANCIS C. On protein synthesis [J]. Symposia of the Society for Experimental Biology, 1958, 12: 138-163.
- [10] VÍCTOR D L. From the selfish gene to selfish metabolism: revisiting the central dogma [J]. Bioessays, 2014, 36(3): 226-235.
- [11] SVARUL N B, KAMALRUL A A. Metabolomics in systems biology [J]. Advances in Experimental Medicine and Biology, 2018, 1102: 51-68.
- [12] CAROLINE H J, JULIJANA I, GARY S. Metabolomics: beyond biomarkers and towards mechanisms [J]. Nature Reviews. Molecular Cell Biology, 2016, 17(7): 451-459.
- [13] CAROLINE H J, ANDREW D P, JEFFREY R I, et al. Xenobiotic metabolomics: major impact on the metabolome [J]. Annual Review of Pharmacology and Toxicology, 2012, 52: 37-56.
- [14] ZHANG A H, SUN H, WANG P, et al. Modern analytical techniques in metabolomics analysis [J]. Analyst, 2011, 137(2): 293-300.
- [15] 许腾,张玥,张海丽,等.代谢组学技术在营养学研究中的应用[J].中国食物与营养,2017,23(11):11-16.
- [16] OLIVER F. Metabolomics-the link between genotypes and phenotypes [J]. Plant Molecular Biology, 2002, 48(1-2): 155-171.
- [17] SILAS G V, SUSANNE R, GEOFFREY A L. Metabolomics or metabolite profiles? [J]. Trends in Biotechnology, 2005, 23(8): 385-386.
- [18] SILAS G V, SANDRINE M, MATS Å, et al. Mass spectrometry in metabolome analysis [J]. Mass Spectrometry Reviews, 2005, 24(5): 613-646.
- [19] DAVID I E, WARWICK B D, JULIAN L G, et al. Metabolic fingerprinting as a diagnostic tool [J]. Pharmacogenomics, 2007, 8(9): 1243-1266.
- [20] VALERIA M, LISBETH O, JENS N. Metabolic footprinting in microbiology: methods and applications in functional genomics and biotechnology [J]. Trends in Biotechnology, 2008, 26(9): 490-497.
- [21] 任向楠,梁琼麟.基于质谱分析的代谢组学研究进展[J].分析测试学报,2017,36(2):161-169.
- [22] LEE D R, AMANDA L S, ROBERT E G, et al. Targeted metabolomics [J]. Current Protocols in Molecular Biology, 2012, 98(1): 30.2.1-30.2.24.
- [23] FRÉDÉRIC M V, MIA P, ALBERT H B, et al. Principles and practice of lipidomics [J]. Journal of Inherited Metabolic Disease, 2015, 38(1): 41-52.
- [24] DENINA B D S, JONATHAN P B, JOHN R C, et al. Omics for aquatic ecotoxicology: control of extraneous variability to enhance the analysis of environmental effects [J]. Environmental Toxicology and Chemistry, 2015, 34(8): 1693-1704.
- [25] ILYA G, BRUCE A B. Promises and pitfalls of untargeted metabolomics [J]. Journal of Inherited Metabolic Disease, 2018, 41(3): 355-366.
- [26] ANTON R, HAIZEA Z, JONATHAN P B. Development, characterization and comparisons of targeted and non-targeted metabolomics methods [J]. Plos One, 2018, 13(11): e0207082.
- [27] KAREN S, SVEN D, DEBBY M, et al. Analytical techniques for metabolomic studies: a review [J]. Bioanalysis, 2019, 11(24): 2297-2318.
- [28] KYM F F, ALEK N D, FREDERIC H, et al. Chapter 1 an introduction to the basic principles and concepts of mass spectrometry [J]. Comprehensive Analytical Chemistry, 2008, 52: 1-46.
- [29] BORIS L M. General principles of identification by mass spectrometry [J]. Trac Trends in Analytical Chemistry, 2015, 69: 24-33.
- [30] DAVID S W. NMR metabolomics: A look ahead [J]. Journal of Magnetic Resonance, 2019, 306: 155-161.
- [31] FRED W M. Tandem mass spectrometry (MS/MS): a promising new analytical technique for specific component determination in complex mixtures [J]. Accounts of Chemical Research, 1980, 13(2): 33-39.
- [32] 毛书灿,郝梦,汪兰,等.NMR在肉制品品质检测中的应用进展[J].现代食品科技,2023,39(5):354-366.
- [33] ZHANG Z H, MENG X H, CUI W, et al. NMR: From molecular mechanism to its application in medical care [J]. Medicinal Chemistry, 2020, 16(8): 1089-1098.
- [34] ANDREW N L, TERESA W M F. NMR-based stable isotope resolved metabolomics in systems biochemistry [J]. Archives of Biochemistry and Biophysics, 2017, 628: 123-131.
- [35] ABDUL-HAMID E, RAJA R, RYAN T M, et al. NMR spectroscopy for metabolomics research [J]. Metabolites, 2019, 9(7): 123.
- [36] G A N G, DANIEL R. NMR-based Metabolomics [M]. Cham: Springer International Publishing, 2021.
- [37] DONGWAN H, JEFFREY P, SUN N, et al. Scalable NMR spectroscopy with semiconductor chips [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2014, 111(33): 11955-11960.
- [38] VICTOR R, CLÉMENT P, MARINE P M L, et al. Hyperpolarized NMR metabolomics [J]. Current Opinion in Chemical Biology, 2023, 74: 102307.
- [39] TANGI J, CATHERINE D, MICKAËL M, et al. Absolute quantification of metabolites in tomato fruit extracts by fast 2D NMR [J]. Metabolomics, 2015, 11(5): 1231-1242.
- [40] KATJA D, PAVEL A A, BRUCE D H. Mass spectrometry-based metabolomics [J]. Mass Spectrometry Reviews, 2007, 26(1): 51-78.
- [41] ISABELLE K, ASWIN V, RICO J D, et al. Analytical pitfalls and challenges in clinical metabolomics [J]. Bioanalysis, 2016,

- 8(14): 1509-1532.
- [42] HOWARD G B, WILLIAM E B, CHARLES H L, et al. Column liquid chromatography [J]. *Analytical Chemistry*, 1986, 58(5): 211R-250R.
- [43] IAN M B. High performance liquid chromatography: principles and clinical applications [J]. *British Medical Journal*, 1989, 299(6702): 783-787.
- [44] MICHAEL W D, KELLY Z. Ultra-high-pressure liquid chromatography (UHPLC) in method development [J]. *Trac Trends in Analytical Chemistry*, 2014, 63: 21-30.
- [45] JOHN G D, KEN A D. The molecular mechanism of retention in reversed-phase liquid chromatography [J]. *Chemical Reviews*, 1989, 89(2): 331-346.
- [46] GUO Y. Recent progress in the fundamental understanding of hydrophilic interaction chromatography (HILIC) [J]. *Analyst*, 2015, 140(19): 6452-6466.
- [47] OLIVER F. Metabolomics by gas chromatography-mass spectrometry: combined targeted and untargeted profiling [J]. *Current Protocols in Molecular Biology*, 2016, 114: 30.4.1-30.4.32.
- [48] ROBERT J W. Recent advances in non-silylation derivatization techniques for gas chromatography [J]. *Journal of Chromatography A*, 1999, 843(1): 1-18.
- [49] KEITH D B, PETER M. History of gas chromatography [J]. *Trac Trends in Analytical Chemistry*, 2002, 21(9): 547-557.
- [50] BEATE G, FRANK D, PAT S. Capillary gas chromatography-mass spectrometry: Current trends and perspectives [J]. *Trac Trends in Analytical Chemistry*, 2020, 124: 115475.
- [51] MARIA R N M, TOMOYOSHI S. Metabolome analysis by capillary electrophoresis-mass spectrometry [J]. *Journal of Chromatography A*, 2007, 1168(1): 237-246.
- [52] C B, EDGAR P M, A V. Capillary electrophoresis as a metabolomics tool for non-targeted fingerprinting of biological samples[J]. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, 2011, 55(4): 823-831.
- [53] RAWI R, AYL A D, GERHARDUS J D J. Capillary electrophoresis in metabolomics [J]. *Trac Trends in Analytical Chemistry*, 2006, 25(5): 455-466.
- [54] JOO S T, KIM G D, HWANG Y H, et al. Control of fresh meat quality through manipulation of muscle fiber characteristics [J]. *Meat Science*, 2013, 95(4): 828-836.
- [55] ZHAN H W, XIONG Y C, WANG Z C, et al. Integrative analysis of transcriptomic and metabolomic profiles reveal the complex molecular regulatory network of meat quality in Enshi black pigs [J]. *Meat Science*, 2022, 183: 108642.
- [56] 周浩迪.血浆代谢组学与猪肉pH及肉色品质的关系研究[D].雅安:四川农业大学,2022.
- [57] HOU X H, ZHANG R, YANG M, et al. Metabolomics and lipidomics profiles related to intramuscular fat content and flavor precursors between Laiwu and Yorkshire pigs [J]. *Food Chemistry*, 2023, 404: 134699.
- [58] SONG B, ZHENG C B, ZHENG J, et al. Comparisons of carcass traits, meat quality, and serum metabolome between Shaziling and Yorkshire pigs [J]. *Animal Nutrition*, 2022, 8(1): 125-134.
- [59] HUAN Q, KOLAPO M A. Metabolomics of heat stress response in pig adipose tissue reveals alteration of phospholipid and fatty acid composition during heat stress [J]. *Journal of Animal Science*, 2018, 96(8): 3184-3195.
- [60] GAO J, YANG P G, CUI Y J, et al. Identification of metabonomics changes in longissimus dorsi muscle of finishing pigs following heat stress through LC-MS/MS-based metabonomics method [J]. *Animals*, 2020, 10(1): 129.
- [61] ZHANG H Y, LI X L, KANG H B, et al. Effect of tannic acid-grafted chitosan coating on the quality of fresh pork slices during cold storage [J]. *Meat Science*, 2022, 188: 108779.
- [62] CHEN L Y, STEFANUS T M, LOTTA K, et al. Selected-ion flow-tube mass spectrometry for the identification of volatile spoilage markers for fresh pork packaged under modified atmospheres [J]. *Food Chemistry*, 2023, 423: 136318.
- [63] FENG X H, LI J, ZHANG L C, et al. Integrated lipidomic and metabolomics analysis revealing the effects of frozen storage duration on pork lipids [J]. *Metabolites*, 2022, 12(10): 977.
- [64] DENG S Y, LIU Y H, HUANG F, et al. Evaluation of volatile flavor compounds in bacon made by different pig breeds during storage time [J]. *Food Chemistry*, 2021, 357: 129765.
- [65] SONG X C, ELENA C, CRISTINA N. Screening of volatile decay markers of minced pork by headspace-solid phase microextraction-gas chromatography-mass spectrometry and chemometrics [J]. *Food Chemistry*, 2021, 342: 128341.
- [66] ANJAR W, FLORENTINUS D O R, NOR K A B, et al. Detection of pork in beef meatballs using LC-HRMS based untargeted metabolomics and chemometrics for halal authentication [J]. *Molecules*, 2022, 27(23): 27238325.
- [67] 邓世阳.日粮中添加桑叶粉对二花脸猪生长性能、脂肪沉积及血清代谢组的影响[D].南京:南京农业大学,2020.
- [68] M S BREWER, F K MCKEITH. Consumer-rated quality characteristics as related to purchase intent of fresh pork [J]. *Journal of Food Science*, 1999, 64(1): 171-174.
- [69] MANCINI R A, HUNT M C. Current research in meat color [J]. *Meat Science*, 2005, 71(1): 100-121.
- [70] HAKOZAKI T, MINWALLA L, ZHUANG J, et al. The effect of niacinamide on reducing cutaneous pigmentation and suppression of melanosome transfer [J]. *British Journal of Dermatology*, 2002, 147(1): 20-31.
- [71] THIERRY S, MARTINE M, CHRISTOPHE C, et al. Proteome analysis of the sarcoplasmic fraction of pig semimembranosus muscle: implications on meat color development [J]. *Journal of*

- Agricultural and Food Chemistry, 2006, 54(7): 2732-2737.
- [72] JULIA W, CHRISTIANE N, CHRISTIAN L, et al. Different statistical approaches to investigate porcine muscle metabolome profiles to highlight new biomarkers for pork quality assessment [J]. Plos One, 2016, 11(2): e0149758.
- [73] STAJKOVIC S, VASILEV D, TEODOROVIC V, et al. Postmortem glycolysis and pork quality [J]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 2019, 333(1): 012032.
- [74] KATARZYNA W, AGNIESZKA K, ARKADIUSZ T. Influence of glycolysis process on the formation of meat quality parameters [J]. Folia Pomeranae Universitatis Technologiae Stetinensis, 2017, 334(42): 201-208.
- [75] J H CHOE, M H CHOI, Y C RYU, et al. Estimation of pork quality traits using exsanguination blood and postmortem muscle metabolites [J]. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 2015, 28(6): 862-869.
- [76] A ANDRÉS-BELLO, V BARRETO-PALACIOS, P GARCÍA-SEGOVIA, et al. Effect of pH on color and texture of food products [J]. Food Engineering Reviews, 2013, 5(3): 158-170.
- [77] ELIZABETH A Z, AMANDA C O, EMMA T H, et al. Contribution of early-postmortem proteome and metabolome to ultimate pH and pork quality [J]. Meat and Muscle Biology, 2021, 5(1): 1-17.
- [78] SHEN L Y, MA J F, ZHOU H D, et al. Plasma metabolomic profiling reveals preliminary biomarkers of pork quality based on pH value [J]. Foods, 2022, 11(24): 4005.
- [79] 宿甲子,孙肖明,孟宪梅.肌肉脂肪对猪肉品质的影响及研究进展[J].畜牧兽医科技信息,2020,10:19-20.
- [80] ZHANG R, YANG M, HOU X H, et al. Characterization and difference of lipids and metabolites from Jianhe White Xiang and Large White pork by high-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry [J]. Food Research International, 2022, 162(Pt A): 111946.
- [81] ZHANG Z W, LIAO Q C, SUN Y, et al. Lipidomic and transcriptomic analysis of the longissimus muscle of Luchuan and Duroc Pigs [J]. Frontiers in Nutrition, 2021, 8: 667622.
- [82] LI J, YANG Y Y, ZHAN T F, et al. Effect of slaughter weight on carcass characteristics, meat quality, and lipidomics profiling in longissimus thoracis of finishing pigs [J]. LWT, 2021, 140: 110705.
- [83] MASAOKI T, AISAKU A, MOTOHIDE N, et al. Differential metabolomics profiles identified by CE-TOFMS between high and low intramuscular fat amount in fattening pigs [J]. Metabolites, 2020, 10(8): 322.
- [84] FERREIDON S, LEON J R, LORRAINE A D. Meat flavor volatiles: A review of the composition, techniques of analysis, and sensory evaluation [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 1986, 24(2): 141-243.
- [85] 崔艺燕,马现永.猪肉风味研究进展[J].肉类研究,2017, 31(6):55-60.
- [86] KENJI M, MASATO M, YASUSHI Y, et al. Isolation of peptides from an enzymatic hydrolysate of food proteins and characterization of their taste properties [J]. Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry, 1999, 63(3): 555-559.
- [87] WU W D, ZHAN J L, TANG X Y, et al. Characterization and identification of pork flavor compounds and their precursors in Chinese indigenous pig breeds by volatile profiling and multivariate analysis [J]. Food Chemistry, 2022, 385: 132543.
- [88] ZHU B Q, GAO H, YANG F, et al. Comparative characterization of volatile compounds of Ningxiang pig, Duroc and their crosses (Duroc × Ningxiang) by using SPME-GC-MS [J]. Foods, 2023, 12(5): 1059.
- [89] YANG P, ZHENG Y Y, YOU M C, et al. Characterization of key aroma-active compounds in four commercial egg flavor Sachimas with differing egg content [J]. Journal of Food Biochemistry, 2019, 43(12): e13040.
- [90] WANG Y B, LI F, CHEN J, et al. High-throughput sequencing-based characterization of the predominant microbial community associated with characteristic flavor formation in Jinhua Ham [J]. Food Microbiology, 2021, 94: 103643.
- [91] HUANG Q, DONG K, WANG Q, et al. Changes in volatile flavor of yak meat during oxidation based on multi-omics [J]. Food Chemistry, 2022, 371: 131103.
- [92] 张晨,严鹏伟,杨诗奇.猪肉的营养价值及加工利用的研究进展[J].食品安全导刊,2019,12:130.
- [93] LIU H, MA Q L, XING J T, et al. Exploring the formation and retention of aroma compounds in ready-to-eat roasted pork from four thermal methods: A lipidomics and heat transfer analysis [J]. Food Chemistry, 2024, 431: 137100.
- [94] XI L J, ZHANG J, WU R, et al. Characterization of the volatile compounds of zhenba bacon at different process stages using GC-MS and GC-IMS [J]. Foods, 2021, 10(11): 2869.
- [95] ZHANG J, ZHANG W G, ZHOU L, et al. Study on the influences of ultrasound on the flavor profile of unsmoked bacon and its underlying metabolic mechanism by using HS-GC-IMS [J]. Ultrasonics Sonochemistry, 2021, 80: 105807.
- [96] 左晓佳,再努热·吐尔孙.肉品新鲜度评价及保鲜技术研究进展[J].肉类研究,2023,37(12):69-75.
- [97] GU M H, LI C, SU Y Y, et al. Novel insights from protein degradation: Deciphering the dynamic evolution of biogenic amines as a quality indicator in pork during storage [J]. Food Research International, 2023, 167: 112684.
- [98] LI H H, GENG W H, SULEIMAN A H, et al. Identification of characteristic volatiles and metabolomic pathway during pork storage using HS-SPME-GC/MS coupled with multivariate analysis [J]. Food Chemistry, 2022, 373(Pt A): 131431.

- [99] LI H X, TANG R R, WAN A W M, et al. Application of gelatin composite coating in pork quality preservation during storage and mechanism of gelatin composite coating on pork flavor [J]. *Gels*, 2021, 8(1): 21.
- [100] 雷英杰,陈尚戊,敬楹莹,等.电子束辐照处理对生鲜猪肉的保鲜作用[J].现代食品科技,2021,37(10):136-144.
- [101] ZHAO F, WEI Z Q, BAI Y, et al. Proteomics and metabolomics profiling of pork exudate reveals meat spoilage during storage [J]. *Metabolites*, 2022, 12(7): 570.
- [102] 杨兆甜,吴亚婕,王莹,等.超高效液相色谱-串联质谱法检测猪肉中多兽药残留[J].食品与生物技术学报,2020,39(7):44-50.
- [103] 吕珍珍,张娴,李琪,等.基于代谢组学的猪肉掺假鉴别研究进展[J].食品安全导刊,2020,33:145,147.
- [104] 王娟强,李莹莹,李石磊,等.基于质谱的代谢组学技术在肉类科学中的应用[J].食品科学,2020,41(23):293-302.
- [105] LI Y Y, ZHANG Y Y, KANG C D, et al. Assessment of carbonic anhydrase 3 as a marker for meat authenticity and performance of LC-MS/MS for pork content [J]. *Food Chemistry*, 2021, 342: 128240.
- [106] ANJAR W, NOR K A B, DACHRIYANUS, et al. Analysis of pork in beef sausages using LC-Orbitrap HRMS untargeted metabolomics combined with chemometrics for halal authentication study [J]. *Molecules*, 2023, 28(16): 5964.
- [107] YANG S L, WANG Z G, LIU B, et al. Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds [J]. *Genetics Selection Evolution*, 2003, 35(7): 657.
- [108] 赵兴,陈来华,赵云翔,等.国内地方猪品种现状与基因组选择[J].中国猪业,2021,16(6):30-35, 41.
- [109] 刘浩悦,李聪,王颖,等.国内黑猪肉风味研究进展[J].现代食品科技,2023,39(9):337-352.
- [110] LIU H W, HE J, YUAN Z H, et al. Metabolomics analysis provides novel Insights into the difference in meat quality between different pig breeds [J]. *Foods*, 2023, 12(18): 3476.
- [111] HUANG Y Z, ZHOU L S, ZHANG J J, et al. A large-scale comparison of meat quality and intramuscular fatty acid composition among three Chinese indigenous pig breeds [J]. *Meat Science*, 2020, 168: 108182.
- [112] SONG B, CHENG Y T, MD A K A, et al. Muscle characteristics comparison and targeted metabolome analysis reveal differences in carcass traits and meat quality of three pig breeds [J]. *Food & Function*, 2023, 14(16): 7603-7614.
- [113] C M ALFAIA, P A LOPES, M S MADEIRA, et al. Current feeding strategies to improve pork intramuscular fat content and its nutritional quality [J]. *Advances in Food and Nutrition Research*, 2019, 89: 53-94.
- [114] JIANG S W, QUAN W, LUO J, et al. Low-protein diets supplemented with glycine improves pig growth performance and meat quality: An untargeted metabolomic analysis [J]. *Frontiers in Veterinary Science*, 2023, 10: 1170573.
- [115] WANG L Y, ZHANG S, HUANG Y Q, et al. CLA improves the lipo-nutritional quality of pork and regulates the gut microbiota in Heigai pigs [J]. *Food & Function*, 2022, 13(23): 12093-12104.
- [116] 王玥,白秀玉,李强,等.环境热应激对畜禽养殖及肉质影响的研究进展[J].肉类研究,2023,37(7):71-78.