

组学技术在肉品质评价中的研究与应用进展

李浩杰, 李鑫璐, 王坤, 葛长荣*

云南农业大学动物科学技术学院, 昆明 650201

摘要: 肉类作为人类饮食中的重要组成部分,其重要性随着社会经济的发展和人们生活水平的提高而日益凸显。目前,消费者对肉类产品的需求不再仅限于基本的营养和卫生要求,而是更加注重产品的健康性、口感和风味,组学技术为肉品质评价(肉色、pH、系水力、嫩度、游离氨基酸、肌肉脂肪等)提供了科学手段。介绍了组学技术的概念及其研究策略,总结了组学技术在肉品质评价中的应用进展,以期为进一步利用组学技术提高肉的质量提供参考。

关键词: 肉品质;物理;化学;组学技术

DOI:10.19586/j.2095-2341.2024.0193

中图分类号:Q819, TS251.5

文献标志码:A

Research and Application Progress of Omics Technology in Meat Quality Evaluation

LI Haojie, LI Xinlu, WANG Kun, GE Changrong*

College of Animal Science and Technology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China

Abstract: As an important part of human diet, meat is becoming more and more important with the development of social economy and the improvement of living standard. At present, consumers' demand for meat products is no longer limited to basic nutrition and hygiene requirements, they pay more attention to the health, taste and flavor of products, and the omics technology provides scientific means for meat quality evaluation (meat color, pH, water holding capacity, tenderness, free amino acids, intramuscular fat, etc.). The review introduced the concept and research strategies of omics technology, summarized the application progress of omics technology in meat quality evaluation, in order to provide reference for further improving meat quality by using omics technology.

Key words: meat quality; physical; chemical; omics technology

肉品质是指常规的肉质特征和肌肉香气化学物质,肉质评价指标包括物理学评价、化学成分评价以及感官评价^[1]。物理评价方法主要是对肉的各项物理性状(包括肉色、pH、系水力、嫩度、肌肉纤维特性等)进行测定;化学成分评价方法主要是对肉的风味前体物质(包括游离氨基酸、肌肉脂肪、肌苷酸及相关核酸代谢产物、还原糖等)进行测定^[2];感官评价方式是通过一系列测试和方法选拔评价员,使其对肉的风味、嫩度、含水量等作出对应的主观感觉后进行评分^[3]。

本文将从肉的物理性状、化学成分以及多组学技术等方面综述近年来对肉品质的研究进展,不仅为育种工作提供方向,也为消费者选择肉产品提供帮助。

1 肉品质物理评定

pH是衡量肌肉酸碱度的一项重要指标。在屠宰前,家禽肌肉的pH通常维持在7.1~7.2。然而,屠宰后,肌肉中的糖原和磷酸肌酸在分解过

收稿日期:2024-12-06; 接受日期:2025-02-12

基金项目:云南省基础研究计划项目-青年项目(202401AU070079);云南省农业基础研究联合专项项目(202401BD070001-036)。

联系方式:李浩杰 E-mail: 1322806263@qq.com; *通信作者 葛长荣 E-mail: gerzal@126.com

程中生成乳酸、磷酸和肌酸,导致肌肉的pH降低至5.8~6.3。pH的下降速率对肉质具有重要影响。快速下降可能导致蛋白质变性,影响肌肉的嫩度和肉色,使肉质变得质地疏松,而缓慢下降可能导致肉质变硬。肌肉的保水能力,即系水力,是反映其水分保持能力的一个重要指标,与肌肉蛋白质的水分保持能力直接相关,并且两者之间存在负相关性。系水力对肉质的外观和口感具有显著影响,这种能力不仅与肌肉纤维的构造和pH紧密相关,而且在不同品种间表现出差异性。此外,性别和肌肉的具体部位也是影响系水力的重要因素。刘永等^[4]研究表明,胸肌失水率高于腿肌失水率。肌肉的系水力是决定肉类风味和嫩度的主要因素。当肌肉的系水力较高时,意味着其水分保持性能良好,肉质表现为新鲜、多汁且表面干燥。相反,如果系水力较低,肉类表面会因水分流失而显得湿润,这可能会导致肌肉中营养成分和风味物质的流失。嫩度是衡量肉质口感的首要物理指标,其通过剪切力的大小来评估,通常肌肉的嫩度随着剪切力值的增加而降低,然而剪切力值的减少则意味着肉质更加嫩滑^[5]。

2 肉品质化学评价

肌肉中对肉质有影响的主要是脂质,分为肌内脂肪和肌间脂肪。在这些脂肪中,磷脂是影响肉类品质的关键成分。在肉鸡中,脂肪的过

量积累主要发生在腹腔和皮下区域,不同部位的脂肪积累量和速度存在显著差异。腹部脂肪虽然出现较晚,但其积累速度最快,而皮下脂肪虽然积累较早,但积累速度相对较慢。性别和品种的差异也会影响脂肪的积累模式。研究表明,肌间脂肪的积累与胸肌内脂肪之间并没有直接的联系^[6]。不饱和脂肪酸在形成肉类独特香味的过程中扮演着重要角色,例如在烹饪过程中因其易被氧化,产生特有的风味^[7]。脂肪酸不仅是鸡肉风味的关键组成部分,较高的脂肪酸含量还可以提升肉质的嫩度和多汁性,从而改善食用风味。

3 组学技术在肉品质评价中的应用

3.1 组学概述

高通量测序和高分辨率质谱技术使多组学研究成为现实,可以在分子水平上全面、系统地阐明肉质性状分子调控机制。组学是一系列跨学科的生物学领域,其专注于对生物体系中特定类型的分子集合进行全面和系统的分析。这些领域包括基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学等(表1),每个领域都旨在揭示生物体在分子层面的复杂性和功能。

基因组学是对生物体的遗传或表观遗传序列数据的全面研究,旨在阐明这些序列的结构和功能以及它们带来的生物学表现。转录组学是针对特定样本(如细胞、组织或器官)在特定时刻存在

表1 组学技术及其研究方法

Table 1 Omics technology and their research methods

组学	定义	关键组成部分	研究方法	参考文献
基因组	一个生物体的全部遗传信息,包括所有DNA序列	基因、内含子、外显子、启动子、增强子、miRNA前体、重复序列、线粒体DNA	基因测序、基因注释、比较基因组学、GWAS	[8]
转录组	从基因组中转录出的所有RNA分子的集合,包括mRNA、rRNA、tRNA等	mRNA、rRNA、tRNA、ncRNA、miRNA、siRNA、piRNA、lncRNA	RNA测序、微阵列、qPCR、转录组组装	[9-10]
蛋白质组	细胞或组织中表达的所有蛋白质集合	蛋白质、多肽、蛋白质复合物、蛋白质修饰、蛋白质相互作用	质谱分析、二维凝胶电泳、蛋白质芯片、酵母双杂交、共免疫沉淀	[11]
代谢组	细胞或生物体中的全部代谢物,包括小分子代谢物	代谢物、脂质、糖、氨基酸、核苷酸、辅因子、次级代谢物	质谱分析、核磁共振、色谱技术、代谢通量分析	[12]

注:GWAS—全基因组关联分析(genome-wide association study);ncRNA—非编码RNA(non-coding RNA);miRNA—微小RNA(micro RNA);siRNA—小干扰RNA(small interfering RNA);lncRNA—长链非编码RNA(long ncRNA);piRNA—与PIWI蛋白家族成员相互作用的非编码小RNA(PIWI interacting RNA)。

的所有RNA分子的系统性探索。蛋白质组学是对细胞系、组织或生物体的完整蛋白质补充的全面分析。代谢组学是对特定生物体或生物样本中所有代谢物的系统性鉴定和定量。

3.2 食品组学

食品组学是对食品及其成分的全面分析,旨在阐明食品物质的组成、结构和功能以及与生物系统相互作用的信息^[13]。食品组学也是了解与肉质性状相关的生物化学和化合物的重要工具^[14],它整合了转录组学、蛋白质组学、代谢组学等技术深入探索食品与人类健康之间的复杂关系。这种方法通过运用先进的组学技术,为了解食品的生化、分子和细胞组成提供了宝贵的见解。它的应用涵盖了食品工业和人类健康,包括消除营养不良、提供饮食建议和确保食品安全^[15]。

3.2.1 转录组学在肉品质评价中的应用 转录组学专注于在特定条件下细胞、组织或个体中mRNA和ncRNA的转录和调控。ncRNA包括miRNA、lncRNA和环状RNA(circular RNA, circRNA),它们能够调节mRNA转录的启动和转录后修饰。众所周知, RNA参与肌肉生长和发育、肌纤维类型转变以及肌肉脂肪沉积^[16-18]。例如,肌肉调节因子家族、肌肉抑制素和类胰岛素生长因子家族在肌肉生长中起调节作用。因此,使用转录组学探索影响肉质的因素,并检测不同状态下基因的空间特异性表达,对于解释导致肉质变化的作用机制具有重要意义。Fernández-Barroso等^[19]在伊比利亚猪中鉴定出了200个带注释的差异表达基因(differential gene expression, DEG)和245个新预测的亚型。Muniz等^[20]使用RNA测序(RNA sequencing, RNA-Seq)发现了与牛肉嫩度相关的新mRNA亚型,它们涉及氧化过程、能量产生和横纹肌收缩。Damon等^[21]发现猪肌肉基因表达和化学成分的品种差异与能量代谢、脂质沉积以及细胞骨架和收缩纤维在决定肌肉和肉类表型中的作用有关。该技术也被应用于羊肉的研究。Miao等^[22]观察到,与多塞特羊相比,小尾汉羊的脂肪组织中脂质代谢显著下调,这可能解释了脂肪沉积的差异。此外,线粒体基因ATP合酶F0亚基6、细胞色素c氧化酶亚基I、II和细胞色素b被鉴定为棕褐色羊肉中核心嫩度的相关基因^[23]。因此, RNA-Seq为在转录水平上理解羊肉死后老化的分子机制提供了强有力的技术支持。

3.2.2 蛋白质组学在肉品质评价中的应用 蛋白质组是指在特定时间和空间内组织或生物体表达的所有蛋白质的总和。蛋白质组学是对蛋白质组的表达和功能的直观描述,它使用多种技术来识别和确定蛋白质的类型和丰度、蛋白质-蛋白质相互作用、蛋白质在细胞中的定位以及翻译后修饰^[24]。其中,蛋白质翻译后修饰(post-translational modification, PTMs)包括乙酰化、磷酸化、泛素化、甲基化和糖基化修饰,这些修饰涉及蛋白质稳定性、在信号转导中调节蛋白质活性、蛋白质代谢、基因表达和蛋白质折叠。此外,蛋白质修饰可以在内源性和外源性刺激下快速调节蛋白质的活性和功能^[25]。蛋白质是肌肉的重要组成部分,在肌肉向肉类转化过程中会发生各种蛋白质组变化。因此,蛋白质组学技术可以用来确定肉类品质的生物标志物。近年来,肌内脂肪、游离氨基酸和肽被发现与肉的风味、色泽、多汁性和嫩度有关^[26-27]。Zotte等^[28]研究表明,Polverara是一种本土纯种鸡,其具有更好的氨基酸谱,因此比商业杂交鸡有更好的营养肉质。此外,在日龄小于150日龄的禽类胸肉中研究发现,禽肉中肌肉脂肪(intramuscular fat, IMF)和游离氨基酸(free amino acid, FAAs)的含量受禽龄的影响^[29-31]。例如,有研究在鸡胸肌中应用蛋白质组学策略来评估从90日龄到150日龄的3个生理阶段的蛋白质表达谱,结果表明,发育阶段通过ECM受体和黏着斑途径等影响肌肉脂肪的沉积^[31]。蛋白质组学技术也可以用来研究肉质形成的潜在分子机制。胡争艳等^[32]通过对蛋白质组学技术在肉类鉴别和肉质分析中的应用进展进行综述证明了这一点。

3.2.3 代谢组学在肉品质评价中的应用 代谢组是生物样本中分子量在1 000 Da以下的所有代谢物的完整集合。代谢组学通常采用高通量技术定性和定量分析对环境变化做出反应的代谢物,进一步揭示代谢机制^[33]。在肉类生产过程中,代谢物随着不同的品种、饲养和储存条件而变化。将代谢物与生物表型相关联,通过分析代谢物和品质变化,可以帮助提高肉类品质。Wang等^[34]将24只120日龄的谭羊随机分为室内饲喂组、室内饲喂人工放牧组和纯人工牧草放牧组3组。代谢组学鉴定了各组有33、70和61种差异代谢物,主要涉及氨基酸、脂质和核苷酸代谢。纯人工牧草放牧组中乙酰肉碱、左旋肉碱和N-乙酰天冬氨酸

含量增加,通过调节肌红蛋白合成改善肉色,而肌肽和肌酐含量的降低减弱了苦味和酸味的强度。室内饲喂人工放牧组具有较多的甜味和鲜味氨基酸,是影响肉味的前体物质。Wang等^[35]使用代谢组学和脂质组学分析了牧场和精饲料养绵羊/山羊的股二头肌,发现牧场饲喂产生更多的肌苷一磷酸(inosine monophosphate, IMP)和牛磺酸,因而具有更好的风味和颜色稳定性,而精饲料饲喂组含有更高水平的左旋肉碱和乙酰肉碱,具有更多的脂质沉积。

3.3 多组学

3.3.1 多组学概述 多组学基于生物信息学分析来识别大数据中的表达差异并预测潜在的生物标志物^[36]。多组学分析通过聚类分析将组学数据与生物表型关联,预测生物功能。此外,通过将组学数据与相关途径机制关联,可以预测RNA/蛋白质/代谢物之间的相互作用^[37]。因此,尽管单一组学具有潜力,但多组学可以加深对屠宰后代谢机制的理解,从而开发更好的策略来协助开发潜在的肉质生物标志物。

整合所有组学的一个主要问题是大数据处理需要使用一些软件,这在数据整合方面存在局限性。近年来,不同组学技术的整合在系统微生物学^[38]、食品和营养科学^[39]、疾病生物学^[40]和肉类科学^[41-43]等各种研究领域得到了实施。尽管在肉类科学研究中尚未实现成功整合,但在其他领域已经开展了整合转录组学和蛋白质组学^[39,44-45]、蛋白质组学和代谢组学^[42-43]以及转录组学和代谢组学^[46-49]的研究。

组学技术利用高通量方法生成大数据。在后基因组时代,包括转录组学、蛋白质组学和代谢组学,分别用于分析RNA、蛋白质和代谢物。多组学基于生物信息学分析,筛选大数据中的不同表达,并预测潜在的生物标志物。聚类分析用于组学数据与生物表型相关联、预测功能和映射相关途径之前,通常会检查数据质量。多组学还能够构建交互网络,以预测RNA、蛋白质和代谢物之间的关系^[37]。基因表达受到决定肉质潜力的各种因素的影响。然而,表型经历了包括转录、翻译、翻译后修饰和代谢在内的多个过程。结合转录组学、蛋白质组学和代谢组学的集成组学策略可以帮助探索这些过程的表达变化,阐明影响肉质变化的分子机制。

3.3.2 转录组学和蛋白质组学的联合分析 mRNA向蛋白质的翻译受到ncRNA、顺式作用元件、反式作用因子在转录、转录后、翻译和翻译后水平上的复杂调控。因此,转录组和蛋白质组数据可能不会完全相关^[50-51]。然而,关键基因表达模式的全面表征在当前研究中仍然至关重要。典型的结合转录组学和蛋白质组学分析包括以下步骤:首先,根据测序数量的变化倍数,将表达变化的mRNA和蛋白质进行相关性分析;然后,对表达趋势一致、相反或无关的基因进行途径分析,以获得综合的mRNA-蛋白质表达模式;最后,基于亚细胞定位、生物过程和分子功能,对差异表达的基因和蛋白质进行途径和网络分析^[52]。

3.3.3 蛋白质组学和代谢组学的联合分析 与蛋白质和转录本之间的中心法则不同,蛋白质和代谢物之间没有直接的关系。因此,集成蛋白质组学和代谢组学数据的核心是途径分析,以识别差异表达的蛋白质和代谢物之间的潜在调控关系^[43]。整合蛋白质组和代谢物分析的主要目的是寻找蛋白质和代谢物之间的调控关联。与肉质研究相关的蛋白质组和代谢物整合研究的一个代表性例子是使用callipyge羊羔进行的研究,发现差异丰富的蛋白质和代谢物主要是能量代谢酶和辅酶、凋亡相关因子和抗氧化代谢物化合物^[42]。另一方面,结合代谢组学和转录组学的肉类研究主要集中在多基因和信号通路如何调控脂肪沉积和改善嫩度。高纤维饮食可以通过表观遗传修饰使与类固醇激素介导的信号通路相关的基因如*NR1D1*、*NR4A1*和*NR4A2*失活。然后,视黄酸调节葡萄糖代谢并诱导糖异生。当血糖含量下降时,肌肉中的脂肪含量减少。在与葡萄糖代谢相关的代谢组学中,发现磷酸烯醇丙酮酸和葡萄糖6-磷酸参与糖异生,甲基丁酸可以降低脂肪沉积率。结合转录组学和代谢组学的研究表明,尽管高纤维饮食可以在一定程度上促进肌纤维生长,但它会导致肉质变硬^[49]。目前,转录组学和代谢组学的多组学越来越多地用于研究各种营养因素对肉质的影响。

3.3.4 转录组学和代谢组学的联合分析 代谢组可以揭示受遗传或外源因素影响的动物的代谢状态,为动物复杂的表型特征提供了基础。转录组通过聚合差异表达基因和大量调控途径信息连接到代谢组。转录组学分析能够提供全面的洞察,

揭示影响肉质的遗传机制。这些数据可以与代谢组学分析相结合,后者能够提供关于转录后调控导致的代谢变化的补充信息,从而有助于理解生物体系中的生化过程和变化。例如,Pan等^[41]对陆川猪和杜洛克猪最长的背部肌肉进行转录组测序,发现涉及骨骼肌生长、脂肪酸代谢和肌肉脂肪沉积途径。Wu等^[53]对牦牛的氧化型臂二头肌和糖酵解型外腹肌进行全面的转录组轮廓分析,发现氧化型和糖酵解型肌肉之间存在代谢特性上的差异,并构建了与肌纤维类型转换和线粒体能量代谢相关的调控网络。Zhang等^[54]利用代谢组学和皮尔逊相关性分析,研究了藏黑羊的膳食能量摄入与肉质之间的关系。Liu等^[55]采用非靶向代谢组学方法,揭示了鸭肉长期储存过程中小分子的变化。这些研究共同促进了我们对通过多组学分析技术调控肉质机制的深入理解。

4 展望

综合运用转录组学、蛋白质组学和代谢组学等多组学技术,为科研人员提供了一种深入探究分子层面调控机制的强大手段。这些技术能够协助识别关键的代谢途径、基因、蛋白质和代谢物,进而通过实验分析来深化研究。将代谢物作为连接表型与基因组、转录组等多组学数据的桥梁,可以更精确地识别对畜禽中重要经济性状产生影响的基因或遗传标记,如肉质、乳质和生长性能等。通过这种方法,可以更深入地理解复杂数量性状背后的遗传机制,为发展现代农业动物分子育种提供坚实的理论基础。

参 考 文 献

- [1] 张丽,许欣纯,罗威,等. 鸡肉品质评价及影响因素研究进展[J]. 广东畜牧兽医科技, 2022, 47(6): 26-33.
ZHANG L, XU X C, LUO W, *et al.*. Research progress on evaluation and influence factors of chicken meat quality[J]. Guangdong J. Anim. Vet. Sci., 2022, 47(6): 26-33.
- [2] 巨晓军,刘一帆,章明,等. 鸡肉品质性状评价指标与方法研究进展[J]. 中国家禽, 2019, 41(2): 44-48.
JU X J, LIU Y F, ZHANG M, *et al.*. Research progress on evaluation indices and methods of chicken meat quality[J]. China Poult., 2019, 41(2): 44-48.
- [3] 杨晓东,魏萌,于豪杰,等. 不同钙盐对牛肉品质影响初探[J]. 中国食品添加剂, 2022, 33(11): 106-112.
YANG X D, WEI M, YU H J, *et al.*. Effect of different calcium salt on beef quality[J]. China Food Addit., 2022, 33(11): 106-112.
- [4] 刘永,丁贤群,佟荟全,等. 云南无量山乌骨鸡肉品质物理指标比较分析[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2017(4): 179-181+183.
LIU Y, DING X Q, TONG H Q, *et al.*. Comparative analysis of physical indicators of meat quality in Wuliangshan black-bone chickens from Yunnan[J]. Heilongjiang Anim. Sci. Vet. Med., 2017(4): 179-181+183.
- [5] 李同树,刘凤民,尹逊河,等. 鸡肉嫩度评定方法及其指标间的相关分析[J]. 畜牧兽医学报, 2004, 35(2): 171-177.
LI T S, LIU F M, YIN X H, *et al.*. The evaluation methods of chicken meat tenderness and their relationship[J]. Chin. J. Anim. Vet. Sci., 2004, 35(2): 171-177.
- [6] SOUZA A C A H, TROSCHER A S, MARQUARDT J P, *et al.*. Skeletal muscle adiposity, coronary microvascular dysfunction, and adverse cardiovascular outcomes[J]. Eur. Heart J., 2025, 46(12): 1112-1123.
- [7] KALAKUNTLA S, NAGIREDDY N K, PANDA A K, *et al.*. Effect of dietary incorporation of n-3 polyunsaturated fatty acids rich oil sources on fatty acid profile, keeping quality and sensory attributes of broiler chicken meat[J]. Anim. Nutr., 2017, 3(4): 386-391.
- [8] WANG C, HAN B. Twenty years of rice genomics research: From sequencing and functional genomics to quantitative genomics[J]. Mol. Plant, 2022, 15(4): 593-619.
- [9] ALDRIDGE S, TEICHMANN S A. Single cell transcriptomics comes of age[J/OL]. Nat. Commun., 2020, 11(1): 4307[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18158-5>.
- [10] ANDERSON A C, YANAI I, YATES L R, *et al.*. Spatial transcriptomics[J]. Cancer Cell, 2022, 40(9): 895-900.
- [11] GONZÁLEZ-GOMARIZ J, GURUCEAGA E, LÓPEZ-SÁNCHEZ M, *et al.*. Proteogenomics in the context of the human proteome project (HPP)[J]. Expert Rev. Proteomics, 2019, 16(3): 267-275.
- [12] LIU X, LOCASALE J W. Metabolomics: a primer[J]. Trends Biochem. Sci., 2017, 42(4): 274-284.
- [13] ZHANG Y, SHI J, TAN C, *et al.*. Oilomics: an important branch of foodomics dealing with oil science and technology[J/OL]. Food Res. Int., 2023, 173(Pt 1): 113301[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.113301>.
- [14] MUNEKATA P E, PATEIRO M, LÓPEZ-PEDROUSO M, *et al.*. Foodomics in meat quality[J]. Curr. Opin. Food Sci., 2021, 38: 79-85.
- [15] MAHATO D K, KAMLE M, PANDHI S, *et al.*. Foodomics: a sustainable approach for the specific nutrition and diets for human health[J/OL]. Food Chem., 2024, 24: 101872[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2024.101872>.
- [16] CHEN R, LEI S, JIANG T, *et al.*. Roles of lncRNAs and circRNAs in regulating skeletal muscle development[J/OL]. Acta Physiol., 2020, 228(2): e13356[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1111/apha.13356>.
- [17] JUNG H J, LEE K P, SKWON K, *et al.*. microRNAs in skeletal muscle aging: current issues and perspectives[J]. J. Gerontol. A Biol. Sci. Med. Sci., 2019, 74(7): 1008-1014.
- [18] WANG S, JIN J, XU Z, *et al.*. Functions and regulatory mechanisms of lncRNAs in skeletal myogenesis, muscle disease and meat production[J/OL]. Cells, 2019, 8(9): 1107[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3390/cells8091107>.

- [19] FERNÁNDEZ-BARROSO M Á, CARABALLO C, SILIÓ L, *et al.*. Differences in the loin tenderness of Iberian pigs explained through dissimilarities in their transcriptome expression profile[J/OL]. *Animals*, 2020, 10(9): 0[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3390/ani10091715>.
- [20] MUNIZ M M M, FONSECA L F S, DOS SANTOS SILVA D B, *et al.*. Identification of novel mRNA isoforms associated with meat tenderness using RNA sequencing data in beef cattle[J/OL]. *Meat Sci.*, 2021, 173: 108378[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108378>.
- [21] DAMON M, WYSZYNSKA-KOKO J, VINCENT A, *et al.*. Comparison of muscle transcriptome between pigs with divergent meat quality phenotypes identifies genes related to muscle metabolism and structure[J/OL]. *PLoS ONE*, 2012, 7(3): e33763 [2025-02-27]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0033763>.
- [22] MIAO X, LUO Q, QIN X, *et al.*. Genome-wide mRNA-seq profiling reveals predominant down-regulation of lipid metabolic processes in adipose tissues of Small Tail Han than Dorset sheep[J]. *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 2015, 467(2): 413-420.
- [23] JI C, LIU J, LUO R. Regulatory role of mitochondrial genes in the tenderisation of lamb meat during postmortem ageing[J]. *Int. J. Food Sci. Technol.*, 2022, 57(6): 3544-3555.
- [24] JORRÍN-NOVO J V, PASCUAL J, SÁNCHEZ-LUCAS R, *et al.*. Fourteen years of plant proteomics reflected in proteomics: moving from model species and 2DE-based approaches to orphan species and gel-free platforms[J]. *Proteomics*, 2015, 15(5-6): 1089-1112.
- [25] HONG KWAN S, BAIE S, NAZRI ISMAIL M. Profiling of proteins and post translational modifications of *Channa striatus* dried meat[J]. *Curr. Proteom.*, 2016, 13(1): 9-19.
- [26] KWON E J, LEE H R, LEE J H, *et al.*. Identification of differentially expressed genes and pathways for risk stratification in HPV-associated cancers governing different anatomical sites[J/OL]. *Front. Biosci.*, 2022, 27(1): 2[2025-02-27]. <https://doi.org/10.31083/j.fbl2701002>.
- [27] GE K, YE P, YANG L, *et al.*. Comparison of slaughter performance, meat traits, serum lipid parameters and fat tissue between Chaohu ducks with high- and low-intramuscular fat content[J]. *Anim. Biotechnol.*, 2020, 31(3): 245-255.
- [28] DALLE ZOTTE A, GLEESON E, FRANCO D, *et al.*. Proximate composition, amino acid profile, and oxidative stability of slow-growing indigenous chickens compared with commercial broiler chickens[J/OL]. *Foods*, 2020, 9(5): 546[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3390/foods9050546>.
- [29] GE Y, GAI K, LI Z, *et al.*. HPLC-QTRAP-MS-based metabolomics approach investigates the formation mechanisms of meat quality and flavor of Beijing-you chicken[J/OL]. *Food Chem.*, 2023, 17: 100550[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.100550>.
- [30] LIU J, FU R, LIU R, *et al.*. Protein profiles for muscle development and intramuscular fat accumulation at different post-hatching ages in chickens[J/OL]. *PLoS ONE*, 2016, 11(8): e0159722 [2025-02-27]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159722>.
- [31] ZHANG J, CAO J, GENG A, *et al.*. Comprehensive proteomic characterization of the pectoralis major at three chronological ages in Beijing-you chicken[J/OL]. *Front. Physiol.*, 2021, 12: 658711[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3389/fphys.2021.658711>.
- [32] 胡争艳,王军淋,吴平谷,等. 蛋白质组学技术在肉类鉴别及肉质分析中的应用进展[J]. *生物技术进展*, 2018, 8(3): 206-213.
- [33] HU Z Y, WANG J L, WU P G, *et al.*. Progress on application of proteomic technology in meat authentication and meat quality analysis[J]. *Curr. Biotechnol.*, 2018, 8(3): 206-213.
- [34] FACCHIANO A, HEIDER D, MUTARELLI M. Editorial: artificial intelligence and bioinformatics applications for omics and multi-omics studies[J/OL]. *Front. Genet.*, 2024, 15: 1371473 [2025-02-27]. <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1371473>.
- [35] WANG B, WANG Y, ZUO S, *et al.*. Untargeted and targeted metabolomics profiling of muscle reveals enhanced meat quality in artificial pasture grazing Tan lambs *via* rescheduling the rumen bacterial community[J]. *J. Agric. Food Chem.*, 2021, 69(2): 846-858.
- [36] WANG J, XU Z, ZHANG H, *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/OL]. *Meat Sci.*, 2021, 173: 108374[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108374>.
- [37] KIM D Y, KIM J M. Multi-omics integration strategies for animal epigenetic studies-a review[J]. *Anim. Biosci.*, 2021, 34(8): 1271-1282.
- [38] JUNG G T, KIM K P, KIM K. How to interpret and integrate multi-omics data at systems level[J]. *Anim. Cells Syst.*, 2020, 24(1): 1-7.
- [39] FONDI M, LIÒ P. Multi-omics and metabolic modelling pipelines: challenges and tools for systems microbiology[J]. *Microbiol. Res.*, 2015, 171: 52-64.
- [40] KATO H, TAKAHASHI S, SAITO K. Omics and integrated omics for the promotion of food and nutrition science[J]. *J. Tradit. Complement. Med.*, 2011, 1(1): 25-30.
- [41] PATHAK R R, DAVÉ V. Integrating omics technologies to study pulmonary physiology and pathology at the systems level[J]. *Cell. Physiol. Biochem.*, 2014, 33(5): 1239-1260.
- [42] PAN P, QIN Z, XIE W, *et al.*. Identification of differentially expressed genes in the longissimus dorsi muscle of Luchuan and duroc pigs by transcriptome sequencing[J/OL]. *Genes*, 2023, 14(1): 132[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3390/genes14010132>.
- [43] MA D, YU Q, HEDRICK V E, *et al.*. Proteomic and metabolomic profiling reveals the involvement of apoptosis in meat quality characteristics of ovine *M. longissimus* from different callipyge genotypes[J/OL]. *Meat Sci.*, 2020, 166: 108140[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108140>.
- [44] WINDARSIH A, SURATNO, WARMIKO H D, *et al.*. Untargeted metabolomics and proteomics approach using liquid chromatography-orbitrap high resolution mass spectrometry to detect pork adulteration in *Pangasius hypophthalmus* meat[J/OL]. *Food Chem.*, 2022, 386: 132856[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.132856>.
- [45] ZHANG X Y, YUAN Z H, LI F D, *et al.*. Integrating transcriptome and metabolome to identify key genes regulating impor-

- tant muscular flavour precursors in sheep[J/OL]. *Animal*, 2022, 16(12): 100679[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100679>.
- [45] ZHAO Y, ZHANG Y, KHAS E, *et al.*. Transcriptome analysis reveals candidate genes of the synthesis of branched-chain fatty acids related to mutton flavor in the lamb liver using *Allium mongolicum* regel extract[J/OL]. *J. Anim. Sci.*, 2022, 100(9): skac256[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1093/jas/skac256>.
- [46] CHEN B, YUE Y, LI J, *et al.*. Transcriptome-metabolome analysis reveals how sires affect meat quality in hybrid sheep populations[J/OL]. *Front. Nutr.*, 2022, 9: 967985[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.967985>.
- [47] CUI X, YANG Y, ZHANG M, *et al.*. Transcriptomics and metabolomics analysis reveal the anti-oxidation and immune boosting effects of mulberry leaves in growing mutton sheep[J/OL]. *Front. Immunol.*, 2022, 13: 1088850[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.1088850>.
- [48] ZHANG Y, GUO Y, LUO Y, *et al.*. Integrated metabolomics and transcriptome revealed the effect of fermented *Lycium barbarum* residue promoting *Ovis aries* immunity[J/OL]. *Front. Immunol.*, 2022, 13: 889436[2025-02-27]. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.889436>.
- [49] WU J, YANG D, GONG H, *et al.*. Multiple omics analysis reveals that high fiber diets promote gluconeogenesis and inhibit glycolysis in muscle[J/OL]. *BMC Genomics*, 2020, 21(1): 660[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07048-1>.
- [50] BUCCITELLI C, SELBACH M. mRNAs, proteins and the emerging principles of gene expression control[J]. *Nat. Rev. Genet.*, 2020, 21(10): 630-644.
- [51] FORTIELNY N, OVERALL C M, PAVLIDIS P, *et al.*. Can we predict protein from mRNA levels?[J/OL]. *Nature*, 2017, 547(7664): 19-20.
- [52] SALOVSKA B, ZHU H, GANDHI T, *et al.*. Isoform-resolved correlation analysis between mRNA abundance regulation and protein level degradation[J/OL]. *Mol. Syst. Biol.*, 2020, 16(3): e9170[2025-02-27]. <https://doi.org/10.15252/msb.20199170>.
- [53] WU X, ZHOU X, CHU M, *et al.*. Whole transcriptome analyses and comparison reveal the metabolic differences between oxidative and glycolytic skeletal muscles of yak[J/OL]. *Meat Sci.*, 2022, 194: 108948[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2022.108948>.
- [54] TAO Y F, QIANG J, HE J, *et al.*. Untargeted LC-MS metabolomics approach reveals metabolic changes in genetically improved farmed *Tilapia* (*Oreochromis niloticus*) with fatty liver induced by a high-fat diet[J]. *Aquac. Res.*, 2021, 52(2): 724-735.
- [55] LIU H, WEI B, TANG Q, *et al.*. Non-target metabolomics reveals the changes of small molecular substances in duck breast meat under different preservation time[J/OL]. *Food Res. Int.*, 2022, 161: 111859[2025-02-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.111859>.