杨燕, 王欣, 俞嘉毅, 等. 蛋白质组学技术在食品品质评价及真伪鉴别方面的应用 [J]. 食品工业科技, 2026, 47(11): 505−514. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025060227

YANG Yan, WANG Xin, YU Jiayi, et al. Application of Proteomics Technology in Food Quality Assessment and Authenticity Verification[J]. Science and Technology of Food Industry, 2026, 47(11): 505−514. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025060227

· 专题综述 ·

蛋白质组学技术在食品品质评价及真伪鉴别方面的应用

杨　燕[1], 王　欣[2,+], 俞嘉毅[3], 李红颖[1], 张　楠[4,*], 史玉东[1,*]

（1.内蒙古蒙牛乳业（集团）股份有限公司, 内蒙古呼和浩特 011500;
2.中国质量检验检测科学研究院, 北京 100176;
3.中国焙烤食品糖制品工业协会, 北京 100833;
4.天津天食望月清真食品有限公司, 天津 300110）

摘　要: 蛋白质组学作为生命科学进入后基因时代的标志性特征，已广泛应用在食品科学、生物医药等领域，因其可以快速、准确且全面地描述蛋白质或多肽标志物的含量组成、结构变化和代谢途径等，已成为品质评价和真伪鉴别的有力手段。本研究系统地介绍了蛋白质组学技术的提取、分离、定量、鉴定及生物信息学分析流程，详细阐述了其在评价指标产物、阐明品质变化作用机理、评估食品质量差异、开发新产品等品质评价和掺假鉴定、物种鉴别等真伪鉴别方面的应用，并对未来的发展趋势进行了展望，以期为蛋白质组学在食品加工中的深入应用提供参考。

关键词: 蛋白质组学, 分析流程, 品质评价, 真伪鉴别, 发展趋势

中图分类号: TS201.2　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1002−0306(2026)11−0505−10

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2025060227　　本文网刊:

Application of Proteomics Technology in Food Quality Assessment and Authenticity Verification

YANG Yan[1], WANG Xin[2,+], YU Jiayi[3], LI Hongying[1], ZHANG Nan[4,*], SHI Yudong[1,*]

（1.Inner Mongolia Mengniu Dairy (Group) Co., Ltd., Hohhot 011500, China;
2.Chinese Academy of Quality and Inspection & Testing, Beijing 100176, China;
3.China Association of Bakery & Confectionery Industry, Beijing 100833, China;
4.Tianjin Tianshi Wangyue Halal Food Co., Ltd, Tianjin 300110, China）

Abstract: Proteomics, a hallmark of the post-genomic era in life sciences, is found broad application in disciplines such as food science and biomedicine. Its capacity to rapidly, accurately, and comprehensively characterize the content, composition, structural alterations, and metabolic pathways of protein or peptide biomarkers has positioned it as a powerful tool in quality assessment and authenticity verification. This study systematically outlines the proteomics workflow, encompassing extraction, separation, quantification, identification, and subsequent bioinformatics analysis. It further elaborates on the technology's utility in evaluating quality indicator products, elucidating mechanisms of quality change, assessing differential food quality, facilitating novel product development, detecting adulteration, and verifying species identity for authentication purposes. Finally, future developmental trajectories are discussed, providing a reference point for the continued integration of proteomics in food processing.

收稿日期: 2025−06−19　　+并列第一作者

基金项目: 国家重点研发计划项目（2022YFD2100700）。

作者简介: 杨燕（1993−）, 女, 硕士, 助理工程师, 研究方向: 食品科学, E-mail: 827236088@qq.com。
王欣（1982−）, 女, 硕士, 副研究员, 研究方向: 食品质量安全管理体系研究、质量认证评价制度研发, E-mail: wangxin_anna@126.com。

*** 通信作者:** 张楠（1998−）, 女, 硕士, 助理工程师, 研究方向: 食品微生物、肉制品加工等, E-mail: 18602256482@163.com。
史玉东（1981−）, 男, 博士, 正高级工程师, 研究方向: 食品科学, E-mail: shiyudong@mengniu.cn。

Key words: proteomics; analytical workflow; quality assessment; authenticity verification; development trends

蛋白质组是指一个细胞或组织基因组所表达的全部蛋白质,这些蛋白质随着时间、环境等因素的变化而改变[1]。蛋白质组学是以蛋白质组为研究对象,从整体的角度分析整个细胞或组织、也可以是特定蛋白中蛋白质的存在状态及活动规律,可以快速、准确地鉴定出蛋白质的含量、组成、结构变化、功能和代谢途径等,为蛋白富含产品的品质评价和真伪鉴别提供了有力的工具[2]。

根据蛋白质是否变性可将蛋白质组学划分为自下而上、自上而下和天然蛋白质组学(图 1)[3],前两种类型基于蛋白质变性策略,其中自下而上型基于酶解后释放的肽段或氨基酸,自上而下型无需对蛋白进行酶解、通过质谱(mass spectrometry, MS)技术全面表征完整蛋白质,天然蛋白质组学则是利用 MS 直接检测未变性、真实状态下的完整蛋白和复合物[4−5]。得益于蛋白质组学技术可以针对性鉴定待测样品中多肽标记物或完整蛋白质,特别是可以定性定量分析复杂样品中的蛋白质、动态监测蛋白质组丰度的变化、精准识别相关作用机理,被广泛应用于蛋白富含产品的品质评价和真伪鉴别方面。本文系统地介绍了蛋白质组学技术的分析流程,包括提取、分离、定量、鉴定及生物信息学分析,综述了其在富含蛋白食品的品质评价和真伪鉴别方面的应用,展望了未来的发展方向并提出了几点建议,以期为蛋白质组学技术在食品品质评价及真伪鉴别等方面的深入研究与应用提供理论基础和技术支撑。

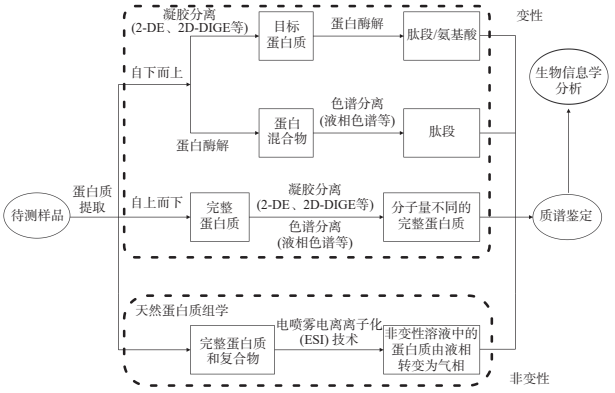


图 1 自下而上、自上而下和天然蛋白质组学研究途径

Fig.1 Bottom-up, top-down and native proteomics approaches to proteomics

1 蛋白质组学技术的分析流程

蛋白质组学的分析流程一般包括:蛋白质的提取、凝胶电泳或液相色谱分离、标记或非标记定量、MS 鉴定及生物信息学分析。

1.1 蛋白质提取技术

蛋白质提取是将待测样品均质后,使用适宜的溶剂溶解并提取蛋白质的一种技术[6]。常用的提取技术有冷丙酮沉淀法、裂解液浸提法、饱和硫酸钠沉淀法、蛋白质提取试剂盒等,如董雅静等[7]采用冷丙酮沉淀法提取牛乳中蛋白质;张九凯等[8]利用 7 mol/L 尿素和 2 mol/L 硫脲配比的裂解液浸提三文鱼样品中蛋白质;陈聪等[9]利用改良后的蛋白质提取试剂盒提取酱油中蛋白质,但上述提取技术仅适用于提取高丰度蛋白和简单体系中蛋白质。低丰度蛋白作为潜在生物标志物,高丰度蛋白的存在严重阻碍了其提取率[10]。基于此,提出了三种富集低丰度蛋白的机制[11]:(a)基于 MS 技术提高酶切后肽段识别的灵敏度与准确度;(b)富集低丰度蛋白;(c)消减高丰度蛋白,并在此基础上研发出 Proteo Miner 蛋白质浓缩试剂盒、基于纳米材料富集低丰度蛋白质试剂盒、Top14 高丰度蛋白去除试剂盒等方案[12],如靳登鹏等[13]基于 Proteo Miner 低丰度蛋白富集试剂盒处理母乳后可鉴定出 172 种蛋白质,远大于免疫亲和层析法的 49 种。值得注意的是,经试剂盒处理后可显示出多条新的蛋白条带,同时部分条带变浅,说明试剂盒不仅能富集一些新的低丰度蛋白,一定程度上还能消减高丰度蛋白的含量,这可能与试剂盒制备的抗体关联紧密;赵佳威等[12]对比高选择 Top14 高丰度蛋白去除试剂盒(Top14)和基于纳米材料富集低丰度蛋白试剂盒(DMB)处理方案优劣时发现:与空白处理组相比,Top14 和 DMB 在去除高丰度蛋白方面均有效,其中 DMB 处理组鉴定蛋白质数量约是 Top14 的 3 倍,且对低丰度蛋白鉴定结果更佳。此外,DMB 处理组生物信息学分析结果远比 Top14 丰富,更有利于鉴定蛋白质的多样性。除了依据上述三种机制研发去除试剂盒外,Sultan 等[14]在常规丙酮沉淀法提取技术的基础上,创新性研发出植酸盐/Ca^{2+}分级与三氯乙酸-丙酮沉淀法相结合的改进方法,可从小麦叶中鉴定出 758 个蛋白质,比传统丙酮沉淀法检测到的多 130 个。

综上可知,传统蛋白质提取技术可用于高丰度蛋白和简单体系中蛋白质的提取;潜在生物标志物低丰度蛋白的提取可从富集低丰度蛋白、消减高丰度蛋白和提高 MS 识别灵敏度与准确度三种机制入手,还可将常规提取手段与分离技术相结合,进而提高低丰度蛋白的提取率。

1.2 蛋白质分离技术

提取后的蛋白质通常先使用试剂盒测定其蛋白浓度,随后根据分离、酶解先后顺序分为两类(图 1 自下而上型):第一类是凝胶电泳分离获得目标蛋白质、随后酶解成肽段/氨基酸进一步分析鉴定;第二类是先酶解蛋白质混合物,色谱分离肽段后经质谱鉴定分析[15]。研究表明,当前凝胶电泳分离技术主要有二维凝胶电泳(two-dimensional electrophoresis, 2-DE)和二维荧光差异凝胶电泳(two-dimensional difference gel electrophoresis, 2D-DIGE),同时毛细管电泳

（capillary electrophoresis, CE）技术也得到广泛应用。

2-DE 利用蛋白质带电性和分子量大小的差异，通过两次凝胶电泳实现分离蛋白质，如 Bojórquez-Velázquez 等[16] 基于极性的分馏技术结合 2-DE 成功分离出野生和栽培苋菜种子中低丰度差异蛋白点；Emami 等[17] 基于 2-DE 前处理技术成功分离亲本和低植酸水稻突变体株系中蛋白质。但 2-DE 技术在样品前处理、电泳程序设置和凝胶染色等方面无法完全一致进而产生胶间差异，使得试验重复性差、灵敏度低，甚至可能掩盖样品间真正的生物学差异或产生假阳性[18]，2D-DIGE 技术的出现有效解决了上述问题。在 2-DE 的基础上，2D-DIGE 技术先对蛋白样品进行荧光标记，随后把标记好的样品混合后在同一块凝胶上电泳，并首次引入了内标概念，内标不仅更好地消除了试验的偶然误差、规避了不同凝胶间的差异，还极大地提高了分离效果的准确性和可信度[19]；荧光标记技术的引入大幅度提高了蛋白质分离和检测的精确度，可以检测到更细微的蛋白质差异。与传统的 2-DE 技术相比，2D-DIGE 能同时比较多个样品，提高了实验效率和准确性，如 Lu 等[20] 以 Cy2 标记的样品混合液作为内标，用 400 pmol 新鲜溶液的 Cy3 和 Cy5 标记等量的样品，基于上述 2D-DIGE 蛋白质组学技术成功鉴定出小麦-中间偃麦草 7XL/7DS 易位系 YW642 在干旱胁迫下 5 个籽粒发育阶段 113 种特有蛋白对应的 146 个差异积累蛋白点，成功证实了小麦-中间偃麦草 7XL/7DS 易位系中携带丰富的抗旱蛋白，这些蛋白对提高小麦耐旱性具有重要应用价值；Magalhães 等[21] 则是在 pH4~7 的 2D-DIGE 凝胶上分离并检测到约 373 个蛋白质斑点，其中 47 个在芒果果实跃变前后呈现稳定差异。

CE 技术是根据不同组分迁移速度及方向的差异实现有效分离，如 Omar 等[22] 利用 CE 有效分离了欧洲骆驼乳中 α-乳清蛋白、乳铁蛋白、β-酪蛋白和 α-酪蛋白。但对于复杂的样品，特别是具有极端分子质量或 pH、具有磷酸化蛋白或糖蛋白的蛋白样品，如乳铁蛋白、免疫球蛋白等，凝胶分离技术无法满足其分离要求，色谱技术的出现有效解决了上述问题[23]。

未经分离的蛋白质经胰蛋白酶酶解后，常利用色谱技术对其肽段混合物进行分离、纯化以实现特征肽段的定量鉴定，液相色谱（liquid chromatography, LC）以其卓越的分离效能和稳定可靠的性能被广泛应用于蛋白的分离[4]，常用的有高效液相色谱（high performance liquid chromatography, HPLC）、反相液相色谱（reversed-phase liquid chromatography, RPLC）以及二维或多维液相色谱等，基本工作原理均是利用蛋白质在固定相和流动相间的差异性分布，通过色谱柱实现蛋白质在单个、两个或多个体系中分离[15]，如 Gu 等[24] 基于 HPLC 蛋白质组学技术从蛋白水平上揭示了热加工过程中海参蛋白质的非特异性水解机制，其最常见的水解位点为苯丙氨酸、亮氨酸、天冬酰胺和酪氨酸；施若晗等[25] 对比强阴离子交换色谱组成的一维色谱和强阴离子交换色谱、RPLC 组成的二维色谱分离效能时发现：一维色谱可分离鉴定出 628 种蛋白质，二维 2440 种，共同鉴定出的 588 种蛋白中增加二维分离后序列覆盖率显著提升，由此可见：多维色谱分离蛋白质技术在鉴别蛋白质数量、序列覆盖率等方面应用潜能巨大。

实际应用中，常将凝胶电泳和色谱结合使用，如邓景升等[26] 基于凝胶和色谱两类分离技术鉴定枣花蜜中蛋白组成，研究发现：凝胶分离可鉴定出 565 个蛋白质，其中蜂源蛋白 150 个、植物源蛋白 415 个；色谱鉴定出 416 个，包括 118 个蜂源和 298 个植物源。两类分离技术共同鉴定出 52 个蜂源和 118 个植物源，且具有较强互补性，可显著提升蛋白质鉴定数量。由此可见：综合利用凝胶电泳和色谱分离两类技术，可鉴定识别出更多蛋白种类，更有利于筛选出核心差异蛋白并识别作用机理。

1.3　蛋白质定量技术

蛋白质组丰度的动态变化与细胞或组织基因组生命活动的关键时刻息息相关，如疾病的关键发展过程常伴随着差异核心蛋白质的动态变化和异常表达。定量蛋白质组学就是将细胞或组织基因组所表达的全部蛋白质精准定量，主要分为标记（Label）定量和非标记（label-free）定量两大类，其中标记定量可划分为体内标记和体外标记，表 1 系统总结了近年来定量蛋白质组学的技术类型、优势及适用范围等数据。

体内标记定量技术主要是细胞培养条件下稳定同位素标记法（stable isotope labeling with amino acids in cell culture, SILAC），其在细胞培养过程中掺入稳定同位素标记的必需氨基酸，主要是赖氨酸和精氨酸，通过细胞正常代谢实现标记细胞内全部蛋白的目的，因其采用体内标记技术，测试结果最接近样品真实状态，且标记效率不受裂解液的影响，结果更加稳定有效，如王巍巍等[27] 利用轻标氨基酸标记的天然同位素（$^{1}H_4$-L-lysine 和 $^{12}C_6{}^{14}N_4$-L-arginine）和重标标记的稳定同位素（$^{2}H_4$-L-lysine 和 $^{13}C_6{}^{15}N_4$-L-arginine）标记并培养 6-10B 细胞，经 LC-MS 鉴定筛选出 5 个与二亚硝基哌嗪处理鼻咽癌肿瘤转移相关的关键蛋白质，并建立了基于 SILAC 蛋白质组学研究宿主细胞-化学药物相互作用的方法，为探索转移分子机理提供了实验基础。Super-SILAC 作为基于 SILAC 衍生出来的新技术，其克服了 SILAC 无法标记并定量组织、体液等样本的困难，以重标标记的蛋白质为定量参照标准，将等量重标标记的样本混入到待测的轻标中，从而实现不同轻标标记样本间的定量分析，大幅度提高了不同样本间定量的便捷性和通量性[28]，如刘志晴等[28] 在现有 SILAC 培养基中补充添加重标氨基酸 K6 和 R10，制备的 Super-SILAC 系统分析了槲皮素调控巨噬细胞中组蛋白翻译后修饰水平

表 1 定量蛋白质组学主要技术特点与应用

Table 1 Main technical characteristics and application of quantitative proteomics

定量技术	类型	方法	优势	适用范围	参考文献
标记定量	体内标记	SILAC	标记效果不受裂解液影响,更加稳定有效;样品用量低,每个样品仅需几十微克蛋白质;体内标记,接近样品真实状态。	定量比较差异蛋白的表达、鉴定蛋白质翻译后的修饰、揭示蛋白-蛋白相互作用及信号通路。	[27]
		Super-SILAC	组织、体液等样本能够被标记并定量;大幅度提升了不同样本间定量的便捷性和通量性。	组织、体液等样本中蛋白质相互作用和差异表达。	[28−29]
	体外标记	iTRAQ	可同时标记4~8个样品,操作简单便捷,适用于多个样品、多种类型的高通量检测,实验设计灵活;重复性好、灵敏度高、可同时进行定性和定量。	比较不同条件或不同阶段的组织样品中蛋白质表达水平的差异。	[30−31]
		TMT	灵敏度高、可以检测低丰度蛋白;分离能力强:可以分离酸/碱、小于10 kDa或大于200 kDa以及不溶性蛋白;应用范围广:可以鉴定包括膜蛋白、核蛋白和胞外蛋白等类型的蛋白质;高通量:同时分析鉴定多个样品,特别适合对采用多种处理方法或多种处理时间的样品进行差异蛋白分析。	同时比较十余个不同样品中蛋白的相对含量,广泛应用于疾病标志物筛选、药物作用靶标、动植物抗逆或抗逆机制、动植物发育和分化机制等。	[32−36]
非标记定量	非标记	Label-free	成本低、实验周期短、适用范围广等优势,但对色谱分离及质谱鉴定的稳定性和重复性要求较高。	大规模队列样品的蛋白质组学研究	[37−38]

的全局性变化;Liu 等[29] 同样基于 Super-SILAC 定量蛋白质组学解析出甘草素抗炎作用机制,甘草素通过调节组蛋白修饰后翻译位点 H4K5ac、H4K16ac、H3K9ac、H3K27ac 和 H2BK12ac,经由过氧化物酶体增殖物激活受体信号通路调控基因表达,从而发挥抗炎作用。

体外标记定量以同位素标记相对和绝对定量(isobaric tags for relative and absolute quantitation, iTRAQ)和多肽体外标记定量(tandem mass tag, TMT)为主,两种方法在实验过程中均以试剂盒形式呈现,将样品产生的肽段用 iTRAQ/TMT 试剂盒进行差异标记,随后将标记好的样品混合后经 LC-MS 鉴定分析。

iTRAQ 可同时对 8 个以内的样品进行相对定量分析,具有重复性好、灵敏度高的特点,并且操作简单快捷,可同时比较和鉴定蛋白质,如明亮等[30] 按照 iTRAQ 标记试剂盒说明对初乳和常乳驼乳酶解产物进行标记,经定量蛋白质组学鉴定到 641 个差异显著蛋白,初乳中发现的免疫球蛋白、类胰岛素和乳铁蛋白等高丰度蛋白大部分与免疫应答、抗炎、组织保护与修复、代谢过程有关,更有助于建立幼崽抗微生物感染免疫系统;Gao 等[31] 同样基于 iTRAQ 定量蛋白质组学探索出枸杞寡糖合成代谢机制和关键酶,如在 S1 和 S2 阶段,枸杞寡糖主要通过光合作用合成,其合成代谢的变化主要与蔗糖合成酶、蔗糖磷酸合成酶和己糖激酶的表达相关。TMT 作为现有定量蛋白质组学的主流分析方法,其兼容性宽、适应性强、特异性高[32−33],如黄宣等[34] 基于 TMT 定量蛋白质组学技术揭示了 2 种不同产蛋性能母鸡卵巢组织的蛋白质丰度变化,鉴定得到的 143 种差异表达蛋白经生物信息学分析得出类固醇激素合成通路富集显著;张兰等[35] 利用 TMT 标记定量技术筛选出 531 个耗牛肺动脉平滑肌细胞低氧和常氧环境条件下差异表达蛋白,其中 PGK、HK、LDH、PGAM、pfkA、IL6ST、PDK1 共 7 个差异表达蛋白与缺氧环境适应关系紧密;Li 等[36] 则利用 TMT 定量蛋白质组学技术揭示了大黄酸对蜡样芽孢杆菌的抗菌效应及作用机制,鉴定出的 288 个差异表达蛋白和 402 种差异代谢物经生物信息学分析进一步揭示了大黄酸破坏了氨基酸/核苷酸代谢、糖酵解/糖异生以及鞭毛结构等关键细胞过程,这些破坏过程显著损害了细胞的代谢功能和运动能力,最终抑制了细菌生长并导致细胞死亡。

标记定量方法需要稳定同位素标记试剂,故其对样本数量有一定限制。非标记定量无需使用昂贵的稳定同位素对内部肽段标记,只需分析大规模鉴定蛋白质所产生的质谱数据,通过比较不同样品中相应肽段的信号强度实现蛋白定量,具有成本低、实验周期短、适用范围广等优势,但对色谱分离及质谱鉴定的稳定性和重复性要求较高[37]。如 Zhang 等[38] 基于 Label-free 定量蛋白组学揭示了攀枝花块菌和长孢块菌两种中国白块菌在不同成熟度驱动下蛋白质组图谱的变化机理。

1.4 蛋白质鉴定技术

使用适宜的溶剂溶解并提取待测样品中蛋白质后,通常先采用试剂盒测定其蛋白浓度,随后利用凝胶电泳/LC 分离、胰蛋白酶酶解生成肽段混合物,所得肽段混合物经 TMT、iTRAQ 定量标记后,经 MS 进一步分析鉴定。MS 卓越的定量能力使其在高通量蛋白鉴定中发挥着不可替代的作用,MS 定量采集方法主要分为低分辨率质谱采集和高分辨率质谱采集,表 2 总结了近年来质谱采集方法的工艺流程、优势及适用范围等数据。

低分辨率质谱采集模式为多反应监测(multiple reaction monitoring, MRM)/选择反应监测(selected reaction monitoring, SRM),常使用三重四极杆质谱或单四极杆质谱对目标离子规则的信号进行采集,可同时对高达 200 多个蛋白/多肽开展研究,从而实现目标蛋白质的相对或绝对定量[39],如张九凯等[8] 基于超高效液相色谱-串联三重四极杆飞行时间质谱,结

表 2　质谱采集方法主要技术特点与应用

Table 2　Main technical characteristics and application of mass spectrometry acquisition method

鉴定技术	采集模式	工艺流程	优势	适用范围	参考文献
靶向蛋白质组学	MRM	首先通过MS筛选出与目标分子特异性一致的母离子；其次碰撞破裂这些母离子，去除其他离子的干扰；最后只对选定的特异MS/MS2离子进行质谱信号的采集。	灵敏度高；通量高，一次性可鉴定高达200多个蛋白；无需依赖抗体，可进行绝对定量分析；高精准度鉴定低丰度蛋白，定量范围跨4个数量级。	对Label-free等非靶向蛋白组学研究结果验证；可同时对多个蛋白质/多肽开展绝对定量研究。	[39]
	PRM	首先采用四极(Q1)选择前驱体离子，一般为m/z≤2；其次前体离子在碰撞细胞中破碎(Q2)；最后Orbitrap取代Q3，高分辨率和高精度的扫描所有破碎的离子。	质量精度可达到ppm级别；无需选择离子对，更易于建立分析方法；较宽的线性范围，增加到5~6个数量级。	iTRAQ中差异蛋白的验证；Label-free无标记差异蛋白的验证；多肽和蛋白质绝对定量；量化疾病指标，建立诊断模型；磷酸化蛋白定量，甲基化蛋白定量；其他翻译后修饰蛋白质定量；代谢通路定量分析。	[40]
非靶向蛋白质组学	DDA	依赖于质谱仪的数据依赖模式来选择特定的前体离子进行进一步的碎片分析。	操作简便，适用于广泛的样本类型，能有效鉴定和定量多种蛋白质。	适用于复杂样本的蛋白质鉴定和定量分析。	[41−42]
	DIA	数据非依赖型扫描模式，是基于静电场轨道阱Orbitrap一种全息式的质谱数据采集模式。	理论上可实现蛋白质样品的深度覆盖，同时具有高通量、高重现性和高灵敏度的优点。	应用于农林、环境、食品和医药等各种生物科学研究中构建生物样本信息库、发现生物标志物等。	[41−42]

合 Skyline 工具构建所有潜在特征肽段的 MRM 离子对，筛选得到大西洋鲑、大马哈鱼和虹鳟 3 个物种中特征肽段，成功建立了不同种类三文鱼的物种精准定性鉴别方法。高分辨率质谱采集模式为平行反应监测(parallel reaction monitoring, PRM)，PRM 衍生于 MRM，常通过飞行时间质谱、离子阱质谱和静电场轨道质谱鉴定分析，其无需选择离子对，更易于建立分析方法，如尹丽等[40] 利用 TMT 定量标记技术进行抑郁模型大鼠海马蛋白质组学分析，筛选潜在差异表达蛋白，并借助 PRM 对候选蛋白在海马组织中的表达情况进行靶向验证。

但 MRM 和 PRM 多用于靶向蛋白质组学的研究，即有针对性的选择离子进行质谱数据采集。针对全局检测尽可能多的非靶向蛋白质组学研究，其扫描模式为数据非依赖性采集(data-independent acquisition, DIA)和数据依赖性采集(data-dependent acquisition, DDA)，DIA 是基于静电场轨道阱 Orbitrap 的一种全息式 MS 数据采集模式，DDA 则依靠 MS 的数据依赖模式选择特定的前体离子进行进一步的碎片分析，如王智博等[41] 比较 DDA、DIA 和 PRM 质谱数据采集血液样本中蛋白质定性定量特征，结果表明：DIA 重复性结果更佳且在单次进样中更有优势，相同条件下其能鉴定出更高蛋白数，但 DDA 操作更简便。DIA 模式下 CV 值低于 20% 的比例为 42.85% 小于 PRM 下的 47.16%，表明 PRM 结果稳定性更佳。张磊等[42] 对 DIA、MRM 及 PRM 在临床质谱方面大规模应用的定量方法进行了比较和评估，

评估结果表明：MRM 日间日内稳定性、灵敏度和定量精度结果最优，适合临床蛋白应用；PRM 的灵敏度最高、稳定性和定量精度较高，适合靶向定量方向；DIA 则由于依赖软件和算法解析，定量数目多的同时，对特定肽段定量准确性相对较差。

1.5　生物信息学分析技术

随着蛋白质组学质谱分析技术的深入发展，所产生的数据规模愈发庞大。虽然详细的质谱数据信息有利于深入研究待测样品，但也给数据分析带来极大挑战。在此背景下，生物信息学分析技术应运而生，其核心任务是对质谱数据进行有效解析，涵盖数据预处理、数据库搜索鉴定以及翻译修饰后的位点定位等环节。借助日益完善的各类生物数据库，通过比对可实现对蛋白质功能的预测与注释，常用的数据库有基因本体(gene ontology, GO)、京都基因与基因组百科全书(kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG)、蛋白质直系同源簇(cluster of orthologous groups of protein, COG)、非冗余蛋白序列数据库(non-redundant protein sequence database, Nr)和 STRING 等。

以李秋莹等[43] 的研究为例，通过 Nr 数据库对鱼源荧光假单胞菌分泌蛋白进行功能注释，成功识别出 13 个菌毛蛋白、11 个酶类、2 个鞭毛蛋白、7 个 DUFs 家族蛋白、17 个未知跟拟假定蛋白及 16 个其它功能蛋白；COG 分析显示这些蛋白主要注释到细胞内运输、分泌和囊泡运输，细胞运动，信号转导及细胞壁、膜、生物包膜等功能类别；GO 注释则进一步表明这些蛋白在生物过程、细胞成分和分子功能三个类别中注释丰富。

实际应用中，通常先对筛选到的差异表达蛋白进行聚类分析，随后结合 GO、KEGG 和 COG、STRING、Nr 等数据库进行联合功能注释，通过对比分析所得蛋白序列与数据库信息，从而全面解析蛋白质功能特征，显著提升功能预测的准确性和完整性。张悦等[44] 对水牛初乳和成熟乳筛选到的差异蛋白开展聚类分析，结果显示聚类热图可以很好地聚类 2 组蛋白，说明初乳和成熟乳中蛋白丰度存在明显差异。76 条 GO 注释结果表明差异蛋白与激活应答、糖基转移、免疫调节和代谢调节关联密切。KEGG 通路注释结果发现 30 个信号通路显著性富集，深入分析后得出初乳乳清中高表达蛋白质能够启动抗炎

循环、实现抗炎和免疫控制调控。STRING 分析则进一步识别出 5 个与免疫应答、抗炎抗菌相关的差异表达蛋白。

同时 STRING 数据库还可用于构建蛋白质相互作用网络分析(protein-protein interaction network, PPIN),通过节点(蛋白质)和边(相互作用)的关系揭示蛋白间的功能联系[45],如王芬等[46]借助 STRING 数据库构建出茶树生长过程中的关键蛋白互作网络,其中叶与根关键蛋白为 53 个、叶与茎 39 个、茎与根 42 个和根茎叶中 53 个,并且成功预测出关键蛋白的功能,如 TEA003744 的功能可能是腺苷酸激酶活性、蛋白质丝氨酸/苏氨酸激酶活性和 ATP 结合,参与光合作用和蛋白质磷酸化过程。这表明 PPIN 分析能够从互作蛋白的功能背景出发,为未知蛋白的功能推断提供有力支持。

2 蛋白质组学在食品品质评价及真伪鉴别方面的应用

2.1 蛋白质组学在食品品质评价中的应用

食品品质是影响消费者购买决策的重要因素,品质优劣与食品本身新陈代谢等内在因素和贮藏温度和时间等外在因素息息相关,如何筛选出影响质量好坏的核心差异蛋白对评价食品优劣至关重要。蛋白质组学技术不仅可以精准筛选出核心差异蛋白,还可以深度探究作用机理,为食品品质评价提供了新的技术手段。蛋白质组学在食品研究中的应用见表 3。

食品品质评价广泛应用在评价指标产物、阐明品质变化作用机理和开发新产品等方面。新鲜度作为评判食品贮藏期品质优劣的指标,孙姗姗等[47]基于 Label-free 定量蛋白组学筛选出 L-乳酸脱氢酶、肌钙蛋白 T 型、LDB3 蛋白 X-2 亚型、LDB3 蛋白 X-1 亚型、肌联蛋白亚型和肌原调节蛋白 7 个三文鱼贮藏期新鲜度评价指标产物;Xuan 等[48]则基于 iTRAQ 标记定量研究 4 ℃ 贮藏的大西洋鲑鱼蛋白质组成的变化与新鲜度的关系,研究结果表明:鉴定到的 25 个差异丰度蛋白与鱼色泽、感官性状、菌落总数、挥发性碱氮显著相关,可作为反应大西洋鲑鱼新鲜度变化的潜在指标。除了精准筛选出指标产物外,蛋白质组学还可以深度研究品质变化作用机理,如胡丽筠等[49]发现,经非标定量蛋白质组学技术鉴定到的 8 种差异表达的蛋白酶体亚基及 27 种相关的差异蛋白质,通过参与泛素依赖性蛋白质分解代谢、骨骼肌收缩、肌肉收缩和糖酵解等生物过程,引起秦川牛肉的品质变化;朱向巍等[50]基于非标定量蛋白质组学技术鉴定到不同成熟期驼肉中的差异蛋白质主要富集在磷酸原代谢、磷酸原生物合成、磷酸肌酸代谢等通路,并与糖酵解相关酶活性显著相关,为宰后驼肉品质变化及控制提供了数据参考。

同时,蛋白质组学广泛应用于评估食品质量差异和新产品开发方面,如袁琳等[51]基于 DIA 定量蛋白质组学技术鉴定出富硒鸡蛋中与免疫调节、抗菌、抗氧化相关的蛋白质在表达水平上显著高于非富硒鸡蛋,为富硒与非富硒鸡蛋营养成分价值上差异性评估及分子作用机理提供了依据;孙霞芝等[52]利用 TMT 方法从蛋白质层面鉴定出宁夏、青海和甘肃三

表 3 蛋白质组学在食品研究中的应用

Table 3 Application of proteomics technology in food products research

应用	分析目的	方法	主要研究结果	参考文献
食品品质评价	评价指标产物	Label-free/LC-MS	鉴定出7个可作为三文鱼新鲜度评价指标蛋白。	[47]
		iTRAQ	鉴定出25个差异丰度蛋白可作为大西洋鲑鱼新鲜度变化的潜在指标。	[48]
	阐明品质变化作用机理	Label-free	鉴定出8种差异表达的蛋白酶体亚基和27种相关差异蛋白质,通过参与泛素依赖性蛋白质分解代谢、骨骼肌收缩、肌肉收缩和糖酵解等生物过程,引起秦川牛肉品质变化。	[49]
		Label-free	筛选出的差异蛋白质与糖酵解相关酶活性呈显著相关,其中己糖激酶活性与磷酸丙酮酸水合酶呈极显著负相关。表明驼肉宰后糖酵解进程主要受能量代谢和氧化还原过程的影响。	[50]
	评估食品质量差异	DIA	天然富硒鸡蛋中与免疫调节、抗菌、抗氧化相关的蛋白质在表达水平上显著高于非富硒鸡蛋。	[51]
		TMT/LC-MC/MC	筛选出苯丙氨酸解氨酶、肉桂酸4-羟化酶、查尔酮异构酶和查尔酮合酶等4个与宁夏、青海和甘肃枸杞黄酮类化合物生物合成的重要差异表达蛋白。	[52]
		Label-free	燕窝N-糖蛋白主要参与神经退行性变-多发性疾病、细胞黏附分子、肿瘤坏死因子信号和转化生长因子-β信号通路。	[53]
	开发新产品	TMT/LC-MC/MC	水牛初乳和常乳乳球蛋白共筛选到49种具有相关免疫功能的差异蛋白质,并通过蛋白质互作网络分析找到一些具有高连接度的免疫蛋白因子。	[54]
食品真伪鉴别	掺假鉴定	MRM	在油菜蜜中检测到3种植物来源的肽标记物(GIIIDSGTVITR、NTGSLPLSPK和M(O)EDITLLQTQSAIR),但在其他3种非油菜蜜品种中均未检测到。通过上述3种肽标记物的MRM可以有效区分金合欢蜜、油菜蜜和掺假蜜。	[56]
		PRM	麦卢卡蜂蜜表现出总蛋白质含量与花蜜源肽段丰度/蜂源肽段丰度比值之间存在负相关关系,可作为鉴别真伪的一种替代性方案。	[57]
	物种鉴别	LC-MS	基于8个物种奶中6种特征多肽分析筛选出13条特征多肽,成功实现对市售16个奶制品中奶源物种鉴别。	[58]
		MRM	筛选出的大西洋鲑中4条特征肽段、大马哈鱼1条特征肽段和虹鳟2条特征肽段。	[8]

个省份“宁杞 1 号”枸杞果实黄酮类物质生物合成的差异表达蛋白，分别是苯丙氨酸解氨酶、肉桂酸 4-羟化酶、查尔酮异构酶和查尔酮合酶，为不同产地枸杞黄酮类差异品质评估奠定了基础；Yu 等[53] 利用 Label-free 定量糖蛋白组学技术系统分析不同种类燕窝（屋燕和洞燕）中的 N-糖蛋白、N-糖肽和 N-糖链，并通过生物信息学手段预测其分子功能，以期为燕窝品质评价指标体系的构建提供科学依据。新产品开发方面，黄子珍等[54] 基于 TMT 蛋白组学从水牛初乳和常乳乳球蛋白中筛选出 49 种具有相关免疫功能的差异蛋白，通过蛋白互作网络分析找到一些具有高连接度的免疫蛋白因子，为开发增强免疫活性的高端水牛乳制品提供了参考。

2.2　蛋白质组学在真伪鉴别中的应用

随着全球产业链持续壮大以及食品供应链高速发展，食品欺诈事件频发，这对食品安全构成严重威胁，迫切需要制定有效的应对措施。蛋白质组学作为一种高通量工具，MS 卓越的定量能力使其在高通量蛋白鉴定中发挥着不可替代的作用，被广泛应用于掺假鉴定和物种鉴别等方面[55]。如 Zhang 等[56] 通过非靶向蛋白质组学初步鉴定出油菜蜜中 616 种油菜来源蛋白和 84 种蜜蜂来源蛋白，并在此基础上利用靶向蛋白质组学成功筛选出 GIIIDSGTVITR、NT-GSLPLSPK 和 M（O）EDITLLQTQSAIR3 种油菜来源的特征肽标记物，3 种特征肽标记物结合 MRM 采集模式可以有效区分金合欢蜜、油菜蜜和掺假蜜，最低掺假检测限和定量限分别为 0.36% 和 1.08%。Bong 等[57] 选取三种蜜蜂源性主要蜂王浆蛋白的六个胰蛋白酶酶解肽段标记物作为潜在内标，基于 PRM 蛋白质组学探究麦卢卡蜂蜜和非麦卢卡蜂蜜中特定肽段的相对丰度。结果表明，麦卢卡蜂蜜呈现出总蛋白质含量与花蜜源肽段丰度/蜂源肽段丰度比值负相关关系，可作为鉴别麦卢卡蜂蜜真伪的一种替代方法。

蛋白质组学还可以从蛋白质层面入手，通过寻找表征物种身份的稳定特征肽段，实现乳制品、水产品等蛋白富含食品的物种鉴别，如陈雨湉等[58] 基于靶向蛋白组学建立了一种奶牛、水牛、牦牛、山羊、绵羊、马、驴和骆驼共 8 个物种奶鉴别方法，基于 8 个物种奶中 6 种特征多肽分析筛选出 13 条特征多肽，成功实现对市售 16 个奶制品中奶源物种鉴别。张九凯等[8] 筛选出的大西洋鲑中 4 条特征肽段、大马哈鱼 1 条特征肽段和虹鳟 2 条特征肽段为不同种类三文鱼物种精准定性鉴别提供了理论依据。

3　结论与展望

本文系统地介绍了蛋白质组学技术的分析流程，根据研究目的选择恰当的提取手段提取样品中高/低丰度蛋白，提取后的蛋白质通常先采用试剂盒测定其蛋白浓度，随后经凝胶或色谱分析，胰蛋白酶酶解所得肽段可选择 SILAC 体内标记定量、iTRAQ 和 TMT 体外标记定量、Label-free 非标记定量，基于研究目的，靶向蛋白质组学可选取质谱的 MRM/SRM、PRM 采集模式，非靶向蛋白质组学可选取质谱的 DDA、DIA 采集模式，鉴定出的质谱数据可结合 GO、KEGG、COG、Nr 和 STRING 等数据库开展功能注释及富集分析，还可依据 STRING 数据库构建 PPIN 从而预测未知蛋白的功能。随着蛋白质组学技术在评价指标产物、阐明品质变化作用机理、评估食品质量差异、开发新产品等品质评价和掺假鉴定、物种鉴别等真伪鉴别方面的广泛应用，其逐渐成为食品加工研究中不可或缺的技术手段，但其仍存在许多不足之处，希望加强以下几方面的研究：a.扩宽研究深度，如：深入挖掘并分析代谢产物，延伸风味物质变化与代谢产物之间的关系；b.完善数据库的建立：在现有数据库的基础上多方位、多角度挖掘并建立新数据库，进一步完善生物标记物的有效鉴别；c.深度融合 AI 技术与蛋白组学研究：整合感官组学、机器学习及深度学习等前沿人工智能技术，以提升蛋白质组学数据分析的精度与效率，进一步推动食品品质控制的应用与研究。

© The Author(s) 2026. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

参考文献

[1] WILKINS M R, SANCHEZ J C, GOOLEY A A, et al. Progress with proteome projects: Why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it[J]. Biotechnology and Genetic Engineering Reviews, 1996, 13(1): 19−50.

[2] VALLETTA M, RAGUCCI S, LANDI N, et al. Mass spectrometry-based protein and peptide profiling for food frauds, traceability and authenticity assessment[J]. Food Chemistry, 2021, 365: 130456.

[3] 李国星, 魏星, 陈明丽, 等. 基于质谱的单细胞蛋白质组学分析策略与应用[J]. 分析测试学报, 2025, 44(1): 99−105. [LI Guoxing, WEI Xing, CHEN Mingli, et al. Strategies and applications of single cell proteomics analysis based on mass spectrometry[J]. Journal of Instrumental Analysis, 2025, 44(1): 99−105.]

[4] 刘威, 翁凌霄, 高明霞, 等. 高效液相色谱-质谱技术在蛋白质组学中的应用[J]. 色谱, 2024, 42(7): 601−612. [LIU Wei, WENG Lingxiao, GAO Mingxia, et al. Applications of high performance liquid chromatography-mass spectrometry in proteomics[J]. Chinese Journal of Chromatography, 2024, 42(7): 601−612.]

[5] CARRERA M, ABRIL A G, PAZOS M, et al. Proteins and peptides: Proteomics approaches for food authentication and allergen profiling[J]. Current Opinion in Food Science, 2024, 57: 101172.

[6] 黄姗, 时文六, 白天, 等. 蛋白质组学技术在速冻食品中的应用研究进展[J]. 食品研究与开发, 2023, 44(22): 180−185. [HUANG Shan, SHI Wenliu, BAI Tian, et al. Recent progress in application of proteomics in quick-frozen food[J]. Food Research and Development, 2023, 44(22): 180−185.]

[7] 董雅静, 张九凯, 邢冉冉, 等. 基于高通量定量蛋白组学技术的全脂牛乳和脱脂牛乳蛋白组差异分析研究[J]. 食品工业科技,

2023, 44(23): 61−69. [DONG Yajing, ZHANG Jiukai, XING Ranran, et al. Comparison of proteome differences between whole milk and skim milk based on high-throughput quantitative proteomics[J]. Science and Technology of Food Industry, 2023, 44(23): 61−69.]

[8] 张九凯, 马聪聪, 邢冉冉, 等. 基于乌枪蛋白组学与质谱多反应监测技术的三文鱼物种鉴别研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(16): 5271−5278. [ZHANG Jiukai, MA Congcong, XING Ranran, et al. Authentication of salmon species based on shotgun proteomics and mass spectrometry multiple reaction monitoring techniques[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2022, 13(16): 5271−5278.]

[9] 陈聪, 李俊, 温林凤, 等. 广式酱油中微生物蛋白组学分析样本的制备[J]. 现代食品科技, 2023, 39(1): 69−74. [CHEN Cong, LI Jun, WEN Linfeng, et al. Sample preparation for microbial proteomics analysis of Cantonese soy sauce[J]. Modern Food Science & Technology, 2023, 39(1): 69−74.]

[10] ZHAO Yang, XUE Qian, WANG Man, et al. Evolution of mass spectrometry instruments and techniques for blood proteomics[J]. Journal of Proteome Research, 2023, 22(4): 1009−1023.

[11] 杨景晶, 钱小红, 蔡耘, 等. 蛋白质组研究中低丰度蛋白质的富集与鉴定技术[J]. 生命的化学, 2015, 35(5): 686−690. [YANG Jingjing, QIAN Xiaohong, CAI Yun, et al. The development of techniques for the enrichment and identification of low-abundant proteins in proteome researches[J]. Chemistry of Life, 2015, 35(5): 686−690.]

[12] 赵佳威, 陆澳, 赵洋, 等. 血清蛋白质组高丰度蛋白去除方法比较研究[J]. 质谱学报, 2024, 45(4): 519−530. [ZHAO Jiawei, LU Ao, ZHAO Yang, et al. Comparative study on the methods for removal of high-abundant proteins in serum proteome[J]. Journal of Chinese Mass Spectrometry Society, 2024, 45(4): 519−530.]

[13] 靳登鹏, 周雄, 刘焕, 等. 基于免疫亲和层析和 ProteoMiner 处理的母乳乳清蛋白质组学分析[J]. 食品科学, 2020, 41(24): 54−60. [JIN Dengpeng, ZHOU Xiong, LIU Huan, et al. Proteomics analysis of breast milk whey based on immunoaffinity chromatography and ProteoMiner[J]. Food Science, 2020, 41(24): 54−60.]

[14] SULTAN M A, LIU Hui, CHENG Yufeng, et al. Combining phytate/Ca^{2+} fractionation with trichloroacetic acid/acetone precipitation improved separation of low-abundant proteins of wheat (*Triticum aestivum* L.) leaf for proteomic analysis[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2013, 12(7): 1123−1129.

[15] 田尉婧, 张九凯, 程海燕, 等. 基于质谱的蛋白质组学技术在食品真伪鉴别及品质识别方面的应用[J]. 色谱, 2018, 36(7): 588−598. [TIAN Wejing, ZHANG Jiukai, CHENG Haiyan, et al. Applications of mass spectrometry-based proteomics in food authentication and quality identification[J]. Chinese Journal of Chromatography, 2018, 36(7): 588−598.]

[16] BOJÓRQUEZ-VELÁZQUEZ E, ZAMORA-BRISEÑO J A, BARRERA-PACHECO A, et al. Comparative proteomic analysis of wild and cultivated amaranth species seeds by 2-DE and ESI-MS/MS[J]. Plants, 2024, 13(19): 2728.

[17] EMAMI K, MESBAHI E, AL-MRABEH A, et al. 2-DE-based and shotgun proteomics approach in the analysis of the seed proteome of a low phytic acid rice (*Oryza sativa*, ssp. *japonica*) mutant[J]. Journal of Cereal Science, 2023, 114: 103801.

[18] MAROUGA R, DAVID S, HAWKINS E. The development of the DIGE system: 2D fluorescence difference gel analysis technology[J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2005, 382(3): 669−678.

[19] MARSHALL K, TWUM Y, LI Y L, et al. Spotting targets with 2D-DIGE proteomics[M]. Amsterdam: Elsevier, Advances in Clinical Chemistry, 2025: 1-22.

[20] LU Fengkun, DUAN Wenjing, CUI Yue, et al. 2D-DIGE based proteome analysis of wheat-*Thinopyrum intermedium* 7XL/7DS translocation line under drought stress[J]. BMC Genomics, 2022, 23(1): 369.

[21] de MAGALHÃES ANDRADE J, TOLEDO T T, NOGUEIRA S B, et al. 2D-DIGE analysis of mango (*Mangifera indica* L.) fruit reveals major proteomic changes associated with ripening[J]. Journal of Proteomics, 2012, 75(11): 3331−3341.

[22] OMAR A, HARBOURNE N, ORUNA-CONCHA M J. Quantification of major camel milk proteins by capillary electrophoresis[J]. International Dairy Journal, 2016, 58: 31−35.

[23] 张志燕, 马海乐, 杨艳华. 蛋白质组学及其在醋酸菌研究中的应用[J]. 食品科学, 2016, 37(5): 259−264. [ZHANG Zhiyan, MA Haile, YANG Yanhua. Advances in proteomics and its application in acetic acid bacteria research[J]. Food Science, 2016, 37(5): 259−264.]

[24] GU Pan, QI Shizhe, ZHAI Ziyang, et al. Comprehensive proteomic analysis of sea cucumbers (*Stichopus japonicus*) in thermal processing by HPLC-MS/MS[J]. Food Chemistry, 2022, 373: 131368.

[25] 施若晗, 晏国全, 高明霞, 等. 基于多维液相色谱分离的蛋白质组深度覆盖鉴定方法研究[J]. 分析化学, 2022, 50(8): 1179−1187. [SHI Ruohan, YAN Guoquan, GAO Mingxia, et al. Deep coverage in identification of proteome based on separation by multi-dimensional liquid chromatography[J]. Chinese Journal of Analytical Chemistry, 2022, 50(8): 1179−1187.]

[26] 邓景升, 曾晓君, 张颖, 等. 基于凝胶与非凝胶蛋白质组学技术的枣花蜜蛋白质鉴定分析[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(2): 91−98. [DENG Jingsheng, ZENG Xiaojun, ZHANG Ying, et al. Identification of jujube (*Ziziphus jujuba* Mill.) honey protein by gel-based and gel-free proteomics[J]. Food and Fermentation Industries, 2025, 51(2): 91−98.]

[27] 王巍巍, 陈婵, 周珊. SILAC 技术研究 DNP 对鼻咽癌细胞株 6-10B 蛋白质组的影响[J]. 热带医学杂志, 2017, 17(1): 20−25. [WANG Weiwei, CHEN Chan, ZHOU Shan. SILAC-based proteomic analysis on N, N'-dinitrosopiperazine-mediated nasopharyngeal carcinoma 6-10B cells[J]. Journal of Tropical Medicine, 2017, 17(1): 20−25.]

[28] 刘志晴, 翟琳辉, 吉敬, 等. 基于 Super-SILAC 定量技术系统解析槲皮素调控巨噬细胞的组蛋白翻译后修饰图谱[J]. 中国生物化学与分子生物学报, 2024, 40(11): 1574−1584. [LIU Zhiqing, ZHAI Linhui, JI Jing, et al. Systematic analysis of histone post-translational modifications in macrophages regulated by quercetin based on super-SILAC[J]. Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology, 2024, 40(11): 1574−1584.]

[29] LIU Ping, ZHANG Jun, ZHANG Jingdan, et al. Quantitation of global histone post-translational modifications reveal anti-inflammatory epigenetic mechanisms of liquiritigenin based on the optimized super-SILAC strategy[J]. Frontiers in Cell and Developmen-

tal Biology, 2025, 13: 1566567.
［30］ 明亮, 李雅菲, 吕浩迪, 等. 不同泌乳期驼乳化学组成及蛋白质组学[J]. 食品科学, 2024, 45(12): 205−211. ［MING Liang, LI Yafei, LÜ Haodi, et al. Chemical composition and proteomics of camel milk at different lactation stages[J]. Food Science, 2024, 45(12): 205−211.］
［31］ GAO Pengyan, LI Peipei, LI Zefu, et al. Identification of proteins associated with changes in oligosaccharide metabolism in *Lycium barbarum* L. fruit by using iTRAQ technology[J]. Journal of Agriculture and Food Research, 2023, 12: 100612.
［32］ 杨铭宣, 刘梦杰, 王晋, 等. 基于 TMT 蛋白组学分析姜黄素对热应激蛋鸡肝脏抗氧化性能的影响[J]. 南京农业大学学报, 2024, 47(1): 96−104. ［YANG Mingxuan, LIU Mengjie, WANG Jin, et al. Effects of curcumin on the antioxidative properties of the liver of heat-stressed laying hens based on TMT proteomics[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2024, 47(1): 96−104.］
［33］ 赵月涵, 梅光明, 张小军, 等. 基于串联质谱标签的蛋白质组学技术分析海水流化冰辅助保鲜对大黄鱼肌肉蛋白质的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2023, 49(4): 566−577. ［ZHAO Yuehan, MEI Guangming, ZHANG Xiaojun, et al. Tandem mass tag-based proteomics technology analyzing the effects of seawater slurry ice-assisted preservation on muscle proteins of *Larimichthys crocea*[J]. Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences), 2023, 49(4): 566−577.］
［34］ 黄宣, 尹兆正, 徐春晖, 等. 基于 TMT 技术的不同产蛋性能母鸡卵巢蛋白组学研究[J]. 中国畜牧杂志, 2024, 60(5): 139−146. ［HUANG Xuan, YIN Zhaozheng, XU Chunhui, et al. Proteomic study on ovary of hens with different laying performance based on TMT technology[J]. Chinese Journal of Animal Science, 2024, 60(5): 139−146.］
［35］ 张兰, 姚一凡, 覃安琪, 等. 基于 TMT 技术对低氧与常氧条件下牦牛 PASMCs 的蛋白组学分析[J]. 畜牧兽医学报, 2022, 53(7): 2182−2193. ［ZHANG Lan, YAO Yifan, QIN Anqi, et al. Proteomic analysis for yaks PASMCs under hypoxia and normoxia conditions based on TMT technique[J]. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 2022, 53(7): 2182−2193.］
［36］ LI Yanmei, CHEN Zixi, XU Zigan, et al. TMT-based quantitative proteomics and non-targeted metabolomics reveal the antibacterial mechanism of Rhein against *Bacillus cereus* and its potential application as a food preservative[J]. LWT, 2025, 218: 117487.
［37］ ZHANG Liming, YU Dawei, XU Yanshun, et al. Label-free quantitative proteomics to exploit the impact of active films on texture stabilization of refrigerated carp fillets[J]. Food Chemistry, 2025, 488: 144836.
［38］ ZHANG Xiaoping, CHEN Li, YE Lei, et al. Label-free based comparative proteomics approach revealed the changes in proteomic profiles driven by different maturities in two Chinese white truffles, *Tuber panzhihuanense* and *Tuber latisporum*[J]. Food Chemistry, 2024, 443: 138535.
［39］ ZHANG Hongwei, ZHANG Xiaomei, WANG Zhihong, et al. Authentication of seven dried sea cucumber products using SWATH-MS-based proteomics for peptide biomarker discovery and MRM for verification[J]. Food Control, 2025, 176: 111414.
［40］ 尹丽, 卢成淑, 曾国芳, 等. 基于 TMT 和 PRM 技术筛选车叶草苷干预 CUMS 大鼠海马组织的差异表达蛋白[J]. 中国畜牧兽医, 2023, 50(11): 4513−4525. ［YIN Li, LU Chengshu, ZENG Guofang, et al. Screening of differentially expressed proteins in asperuloside intervention CUMS rats hippocampus based on TMT and PRM techniques[J]. China Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2023, 50(11): 4513−4525.］
［41］ 王智博, 王道平, 苗兰, 等. 血液样本蛋白质组分析方法的比较研究[J]. 生物技术通报, 2021, 37(8): 307−318. ［WANG Zhibo, WANG Daoping, MIAO Lan, et al. Comparative study on methods of analyzing proteome in blood samples[J]. Biotechnology Bulletin, 2021, 37(8): 307−318.］
［42］ 张磊, 申华莉. 标志物研究中常用蛋白组学质谱方法的定量准确性评估[J]. 高等学校化学学报, 2024, 45(11): 191−199. ［ZHANG Lei, SHEN Huali. Quantitative accuracy evaluation of mass spectrometry based proteomics methods commonly used in biomarker research[J]. Chemical Journal of Chinese Universities, 2024, 45(11): 191−199.］
［43］ 李秋莹, 张雪婷, 崔方超, 等. 鱼源荧光假单胞菌分泌蛋白的全基因组预测与功能分析[J]. 中国食品学报, 2024, 24(9): 434−442. ［LI Qiuying, ZHANG Xueting, CUI Fangchao, et al. Genome-wide prediction and functional analysis of secretory protein of *Pseudomonas fluorescens* from fish[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2024, 24(9): 434−442.］
［44］ 张悦, 杨苑, 刘润峰, 等. 水牛初乳乳清蛋白质组学分析及抗菌肽筛选[J]. 中国乳品工业, 2025, 53(2): 45−50. ［ZHANG Yue, YANG Yuan, LIU Runfeng, et al. Proteomic analysis of buffalo colostrum whey and antimicrobial peptide screening[J]. China Dairy Industry, 2025, 53(2): 45−50.］
［45］ HU W X, OHUE M. Spatial PPIv2: Enhancing protein-protein interaction prediction through graph neural networks with protein language models[J]. Computational and Structural Biotechnology Journal, 2025, 27: 508−518.
［46］ 王芬, 潘发莲, 杨秀, 等. 福鼎大白茶蛋白质相互作用网络研究[J]. 生物技术进展, 2022, 12(4): 623−629. ［WANG Fen, PAN Falian, YANG Xiu, et al. The protein-protein interaction network of Fuding dabaicha tea[J]. Current Biotechnology, 2022, 12(4): 623−629.］
［47］ 孙姗姗, 梁瑞强, 罗娇依, 等. 冰鲜贮存条件下三文鱼蛋白质组变化差异的分析[J]. 生物加工过程, 2023, 21(1): 107−118. ［SUN Shanshan, LIANG Ruiqiang, LUO Jiaoyi, et al. Analysis of proteomic changes of Salmon under ice storage[J]. Chinese Journal of Bioprocess Engineering, 2023, 21(1): 107−118.］
［48］ XUAN Guanhua, MA Shaowei, LIN Hong, et al. Identification of potential freshness indicator of Atlantic salmon based on iTRAQ proteomic analysis[J]. European Food Research and Technology, 2023, 249(10): 2661−2674.
［49］ 胡丽筠, 王金霞, 李荣, 等. 基于蛋白质组学分析蛋白酶体对宰后秦川牛肉贮藏期间品质变化的影响[J]. 食品科学, 2024, 45(5): 86−93. ［HU Lijun, WANG Jinxia, LI Rong, et al. Proteomic analysis of the effect of proteasome on quality changes in Qinchuan beef during postmortem storage[J]. Food Science, 2024, 45(5): 86−93.］
［50］ 朱向巍, 吕浩迪, 郑增拓, 等. 宰后成熟期驼肉糖酵解潜力及磷酸化蛋白质组学研究[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(13): 226−233. ［ZHU Xiangwei, LÜ Haodi, ZHENG Zengtuo, et al. Study on glycolysis potential and phosphorylated proteomics of camel meat at postmortem aging[J]. Food and Fermentation Industries, 2025, 51(13): 226−233.］

［51］ 袁琳, 赵文竹, 吴春剑, 等. 基于 4D-Fast DIA 定量蛋白质组的富硒与非富硒鸡蛋差异表达蛋白鉴定及功能分析[J]. 食品科学, 2025, 46(12): 163−170. ［YUAN Lin, ZHAO Wenzhu, WU Chunjian, et al. 4D-fast data-independent acquisition quantitative proteomic identification and functional analysis of differentially expressed proteins between selenium-enriched and non-selenium-enriched eggs[J]. Food Science, 2025, 46(12): 163−170.］

［52］ 孙霞芝, 马瑞雪, 杨超, 等. 基于蛋白组学分析不同产地枸杞黄酮类化合物的差异[J]. 中国食品学报, 2024, 24(11): 348−358. ［SUN Xiazhi, MA Ruixue, YANG Chao, et al. The difference of biosynthesis of flavonoids in goji berry from different regions based on proteomic analysis[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2024, 24(11): 348−358.］

［53］ YU Yue, ZHANG Jiukai, KONG Xiabing, et al. Comprehensive site- and structure-specific profiling of N-glycosylation of edible bird's nest (EBN) proteome using label-free quantitative glycoproteomics[J]. Food Chemistry, 2025, 469: 142535.

［54］ 黄子珍, 杨攀, 黄丽, 等. 基于蛋白组学技术分析水牛初乳及常乳乳清蛋白中免疫性差异蛋白质组[J]. 中国食品添加剂, 2023, 34(11): 54−60. ［HUANG Zizhen, YANG Pan, HUANG Li, et al. Analysis of immune differential proteome in buffalo colostrum and normal milk whey protein based on proteomics technology[J]. China Food Additives, 2023, 34(11): 54−60.］

［55］ LI Hongfei, MO Hanlin, SONG Yuchen, et al. The integration of machine learning into proteomics advances food authentication and adulteration control[J]. Trends in Food Science & Technology, 2025, 161: 105029.

［56］ ZHANG Ying, ZENG Xiaojun, MA Tianchen, et al. Identification of unique peptide markers for rape (*Brassica napus* L.) honey with untargeted and targeted proteomics approaches and its application in honey adulteration analysis[J]. Food Chemistry, 2025, 483: 144256.

［57］ BONG J, MIDDLEDITCH M, STEPHENS J M, et al. Proteomic analysis of honey: Peptide profiling as a novel approach for New Zealand mānuka (*Leptospermum scoparium*) honey authentication[J]. Foods, 2023, 12(10): 1968.

［58］ 陈雨湉, 任一平, 王丽丽, 等. 靶向蛋白质组学技术在多物种奶及其奶制品鉴别中的应用研究[J]. 分析化学, 2021, 49(9): 1523−1530. ［CHEN Yutian, REN Yiping, WANG Lili, et al. Application of targeted proteomics in species identification of milk proteins in multi-species milk products[J]. Chinese Journal of Analytical Chemistry, 2021, 49(9): 1523−1530.］