

苏州帕诺米克生物医药科技有限公司



诺米代谢
PANOMIX
Suzhou PANOMIX Biomedical Tech Co., LTD

Light Industry Field Multi-Omics Research Solutions

诺米代谢

轻工领域多组学研究解决方案



酒类研究
肉制品研究
乳制品研究
茶类研究
中药材研究
农产品研究

关于诺米代谢

苏州帕诺米克生物医药科技有限公司（简称：诺米代谢）于 2013 年在苏州工业园区成立，是中国最早成立、规模最大的代谢组学公司之一，致力于打造临床质谱和代谢组学全方案提供商。业务板块包括组学技术服务、临床质谱、组学临床产品与大数据平台。公司为客户提供更快更精准的代谢组学检测服务及产品。

公司布局

公司已获得元生创投、薄荷天使及沃生投资等行业知名基金的多轮投资，并取得科技领军企业、CMA 认证企业、高新技术企业、江苏省民营科技企业、ISO-9001 质量管理体系认证等资质，知识产权 30 余项，临床注册产品近 20 项。

我们的客户



高校



医院



研究所



制药企业



乳品企业



生物公司



政府机构

产品应用方向



基础医学



临床医学



中医药



农林



畜牧



水产



轻工业



环境科学



CMA 资质认证



诺米数据

800+

合作高校、医院、研究所、企业

10000+

合作项目数

200+

学术期刊上合作发表文章

主要组学平台



Thermo TRACE 1310-ISQ LT



LECO PEGASUS® BT



LECO Pegasus® BT 4D GCxGC-TOFMS



AP-MALDI QE



Thermo Q Exactive™ 系列



AB sciex 6500+



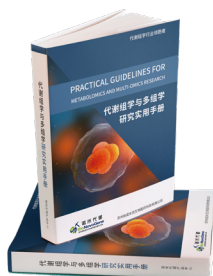
Thermo Orbitrap Fusion Lumos

代谢组学云平台——BioDeep™



全球领先的代谢组学云分析平台

轻松分析代谢组学数据，零基础也能一秒出图



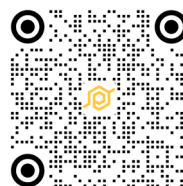
诺米代谢推出科研宝典

《代谢组学与多组学研究实用手册》

扫描二维码，关注公众号

回复“诺米代谢”

免费送 不限量



轻工领域多组学研究解决方案

轻工领域研究

轻工领域研究包含食品品质特征鉴定、品质改良、含量检测、药物鉴别等多个方面。如何快速高效的对其进行检测鉴定是科研工作者一直关注的问题。质谱分析可提供丰富的物质组成信息，同时具备高灵敏度、样本用量少、分析速度快、分离和鉴定同时进行等优点。因此在样本物质检测、挥发性成分检测、物质元素、功能成分变化等有广泛研究。

质谱仪种类繁多，不同仪器应用特点也有所不同。挥发性物质一般选取 GC-MS，所获得的质谱信息多，并可以进行搜库检索。热稳定性较好、极性较大的物质可选取 LC-MS，可同时得到光谱、总离子流色谱、一级质谱、二级质谱等多种信息，可以对物质成分进行定性定量。

非靶向代谢组学

对一个生物体系所有小分子代谢物质的定性定量分析，是一种无偏向的代谢组学分析方式，检测方法主要包括 GC×GC/TOF MS、GC-MS、LC-MS。GC-MS 高通量、高精密度、灵敏度及重现性。具有可参考的标准谱图数据库，易于定性；可检测样品中大多数有机分子。LC-MS 高通量、高分辨率及灵敏度，检测动态范围宽，适用于热不稳定性、不易挥发、不易衍生化和分子量较大的物质。

基于固相微萃取技术的非靶向代谢组学

基于采用涂有固定相的熔融石英纤维来吸附、富集样品中的待测物质，与 GC-MS 联用，适用于气体、挥发性 / 半挥发性物质的检测。检测平台采用 GC×GC/TOF MS 全二维气相色谱质谱。高分辨率、高灵敏度的全二维气相色谱技术及高采集速率（500 张全谱图 / 秒）飞行时间质谱技术，为复杂样品及未知物样品分析提供完美解决方案。全自动定性能力、定量能力超越同类飞行质谱。集成了气相和高采集速率的飞行时间质谱的所有优点。

黄酮非靶向代谢组学

黄酮非靶向代谢组学是基于非靶向代谢组学的方法，进行黄酮类代谢物的检测。对黄酮类物质进行定性定量分析，助力黄酮代谢生物学研究。检测平台采用 Q Exactive 系列，通过 PlantMAT 脚本处理原始数据，对存在 PlantMAT 注释结果的 Feature 进行标准品库搜库，至多检测黄酮类物质可达 1200 +。

脂质组学

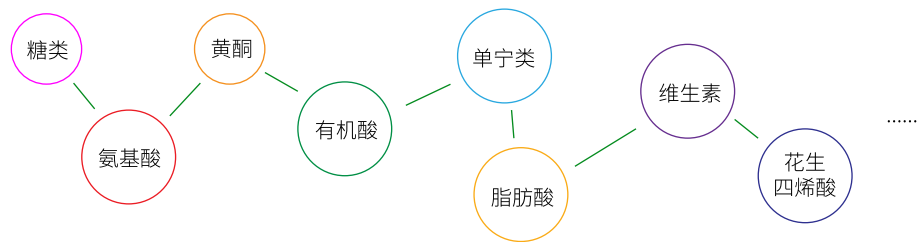
脂质组学作为最重要的代谢组学分支之一，是最近几年研究的热点，是常见的品质鉴定、功能性食品开发等检测方法。诺米代谢所用平台 Q Exactive 系列检测脂类物质数量达 2000 +，至多可达 3000 +，采用的试剂均来自 Fisher 等金标试剂，数据分析内容超 30 项，具有丰富的项目经验，项目文章多达 50 + 以上，部分文章发表在 Cell、Small 等期刊（或子刊）。

微生物组学

微生物多样性研究是指通过高通量测序等方法检测样本的微生物组成和丰度的方法。微生物多样性测序，也称扩增子测序，通过高通量测序，对原核生物 16S rDNA(二代 / 三代) 或真核生物 18S rDNA/ ITS/ 功能基因特定区域进行测序。与传统方法相比，无需纯培养，大大减少了研究的费用、周期并提升了物种丰富度。广泛应用于植物与微生物研究、药用植物研究应用、代谢途径及功能基因组研究等。

靶向代谢组学

靶向代谢组学是对指定列表的代谢产物的检测分析，特别针对一种或几种途径的代谢产物。分析的重点是采用大量天然和生物变异样本，验证预先确认的代谢物或已鉴定的潜在生物标记物。需要采用标准品进行准确的定性定量分析。诺米代谢有 CMA 认证，项目经验丰富，检测样本数 20000 +，生物信息分析内容 20 +。如诺米代谢王牌产品短链脂肪酸、51 种脂肪酸、40 种胆汁酸等，所有项目均按照 CMA 体系标准执行。



宏基因组

利用高通量测序等方法，对环境样本中的微生物群体进行基因测序，以获得微生物的基因功能、组成和丰度。宏基因组测序可用于研究微生物群体功能特性、相互协作关系及与环境之间的关系。与传统方法相比，无需纯培养，大大减少研究费用、周期并提升物种丰富度。

宏转录组

主要从群体水平上研究环境样品中微生物的全部转录本（即 mRNA）的表达水平及其在不同环境条件下的转录调控规律，并研究微生物与自然环境的相互关系。宏转录组能从转录水平研究复杂微生物群落变化，能更好地挖掘潜在的新基因。

诺米代谢微生物组学项目经验丰富，全面采用网页版报告，包含文库构建、上机测序、数据分析等服务。合作 SCI 论文 500 +，影响因子累计 2000 +。

应用方向与解决方案

研究方向	关注内容	检测物质
酒类（白酒、黄酒、果酒等）	香气成分、不同品种和产地香气差异等	利用固相微萃取的方法，通过 GC-MS 进行挥发性香气物质全鉴定
肉类（猪牛羊肉、鱼肉等）	与食品质量、口味、成熟阶段、颜色等相关代谢物挖掘及差异代谢物鉴定	代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、蛋白质、维生素、脂类物质等
乳制品（牛奶、酸奶、奶酪等）	发酵过程中的风味物质、有益物质、有害物质等	代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸等
茶类	产地差异、化学成分解析、物质、香气、色泽研究、加工等	代谢物全鉴定、糖类物质、氨基酸、黄酮类、单宁类等
中药材	产地差异、化学成分解析、中药复方等功能研究	代谢物全鉴定、黄酮类、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸等
农产品	与食品质量、口味、成熟阶段、颜色等相关代谢物挖掘及差异代谢物鉴定等	代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸、维生素等

案例一 GC×GC-TOF MS 非靶代谢组学和靶向代谢组学

Untargeted and targeted metabolomics strategy for the classification of strong aroma-type baijiu (liquor) according to geographical origin using comprehensive two-dimensional gas chromatography-time-of-flight mass spectrometry

期刊: Food Chemistry | 影响因子: 6.306

发表单位: 华南理工大学 | 发表日期: 2020 年

研究背景:

中国白酒多样诱人的气味和味道成为世界著名的蒸馏酒之一。中国白酒中含有大量的挥发性化合物,包括醇类、酯类、脂肪酸、呋喃、酮类、含氮化合物和含硫化合物。根据香型特点,中国白酒可分为四种基本香型,即清香型、酱香型、米香型和浓香型。其中,浓香型白酒占白酒总产量的 70% 左右,其特点是香气浓郁、口感柔软、回味悠长。己酸乙酯是表现出果味的主要酯,丁酸乙酯、戊酸乙酯、辛酸乙酯和 3-甲基己酸丁酯也是重要的香气贡献者。浓香型白酒主要产自四川盆地和江淮盆地。不同产地的白酒生产工艺也有所不同。到目前为止,许多研究都是根据产地对酒类进行分类,如葡萄酒、朗姆酒和白酒。然而根据地理来源对浓香型白酒进行分类的研究较少。

研究目的:

本研究液液萃取-二维气相色谱-TOFMS 技术将浓香型白酒样品的挥发性成分与地理来源联系起来。首先,利用 PCA 和 PLS-DA 对原始数据进行无目标分析,以识别潜在的标记。然后对标记化合物进行鉴定和定量,并进行层次聚类分析 (HCA),以验证非靶向分析的结果。

研究结论:

通过对食品等复杂基质中挥发物的分析,用 GC×GC-TOFMS 分析了茅台酒中的 528 种挥发物。主成分分析有效地分离了这两个区域的样本。PLS-DA 训练模型的解释变异和预测能力分别为 0.988 和 0.982。结果,该模型证明了它能够很好的区分所有未知的浓香型白酒样本。29 个潜在标记通过不同的投影值的重要性定位,其中 24 个被鉴定和定量。大多数标记化合物在四川盆地样品中的含量低于江淮盆地样品。对定量标记进行进一步聚类分析,表明这些标记对浓香型白酒样本具有很强的鉴别能力。

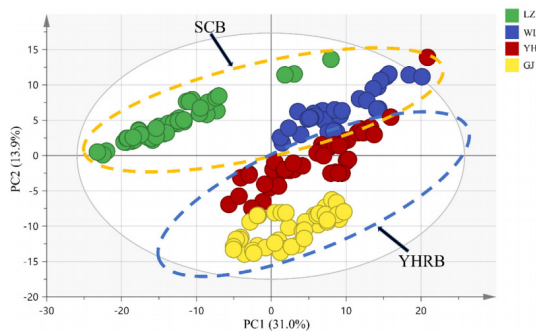


图 1. 所有样本的 PCA 评分图

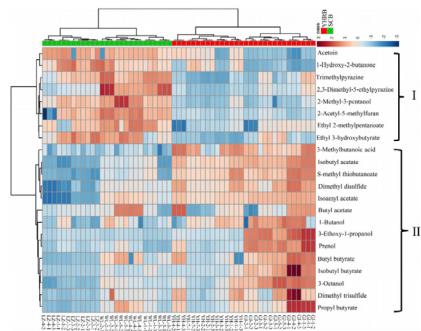


图 2. 对 22 种定量标记化合物和随机选取的白酒样品进行热图分析

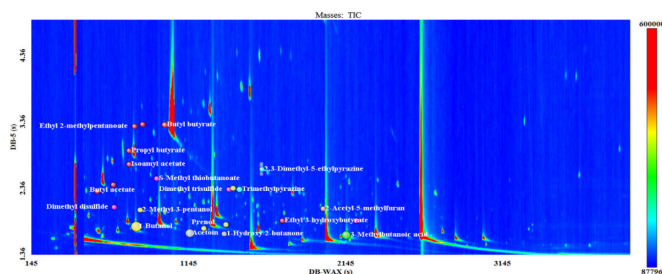


图 3.17-1 的气相色谱图谱中鉴定的标记物

参考文献

B X S A , B S J , B L Z , et al. Untargeted and targeted metabolomics strategy for the classification of strong aroma-type baijiu (liquor) according to geographical origin using comprehensive two-dimensional gas chromatography-time-of-flight mass spectrometry[J]. Food Chemistry, 314

案例二 16S RNA 检测浓香型白酒窖泥中活菌及细菌总数

Detection of Viable and Total Bacterial Community in the Pit Mud of Chinese Strong-Flavor Liquor Using Propidium Monoazide Combined With Quantitative PCR and 16S rRNA Gene Sequencing

期刊: Frontiers in Microbiology | 影响因子: 4.235

发表单位：华中农业大学 | 发表日期：2020 年

研究背景:

中国浓香酒 (CSFL) 是中国白酒中最受欢迎的一种, 是世界六大知名蒸馏酒之一。中国浓香酒的感官特性包括香味浓郁、口感柔软、回味持久。中国浓香酒由谷物 (如高粱、小麦和小米) 在酒窖中通过特殊的固态发酵技术, 然后蒸馏而成。酒曲由真菌和细菌组成, 是白酒发酵的发酵剂。地窖是一个长方形的地下坑, 四壁和底座上覆盖着窖泥, 窖泥是一种富含微生物的发酵粘土。在温度相对稳定 (25-32°C)、水分 (40-45%)、pH (3.0-5.0) 的封闭环境中, 大曲和窖泥中的微生物产生多种风味物质, 如乙酸、脂肪酸、酯等, 在白酒酿造中起着至关重要的作用。其中, 己酸乙酯是提高中国浓香酒品质的关键风味物质。这个地窖通常用了几十年。在此期间, 窖泥微生物与发酵底物保持接触, 从而获得稳定的营养, 供其长期生长、繁殖和代谢, 直至死亡。考虑到中国浓香酒生产过程中可能产生非活菌, 有必要评估非活菌对窖泥微生物群落准确表征的影响。单叠丙啶 (PMA) 是一种 DNA 分子染料, 它可以进入非活菌体内, 与其 DNA 相互作用, 抑制 DNA 扩增。但是 PMA 不能进入活的微生物细胞, 因此不能影响它们的 DNA 分子。

研究目的:

通过将 PMA 整合到常规的定量聚合酶链反应 (qPCR) 和 16S rRNA 基因高通量测序中, 我们能够从窖泥样本中去除死菌, 然后比较活菌和总菌在拷贝数、群落多样性和组成上的差异。本研究将有助于对中国浓香酒中微生物群落的准确表征, 拓展对环境微生物学的认识。

研究结论:

在 OTU、门、纲、属 4 个水平上, 几乎所有窖泥中死菌对细菌的相对丰度均无显著影响。非活菌对窖泥细菌的绝对数量有显著影响, 而对窖泥细菌的多样性、结构和相对丰度影响较小。因此, 我们建议在对窖泥细菌进行绝对定量时, 应考虑死菌的影响。此外, 35-50 μ M 是 PMA 对窖泥样品中死菌 DNA 的有效抑制浓度。本研究有助于深入了解土壤微生物群落结构, 研究结果对我国白酒生产具有一定的指导意义。

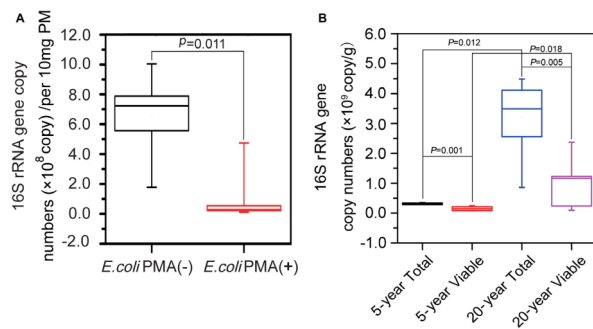


图 1. PMs 菌群总菌群和活菌群 | 丰度的 qPCR 分析

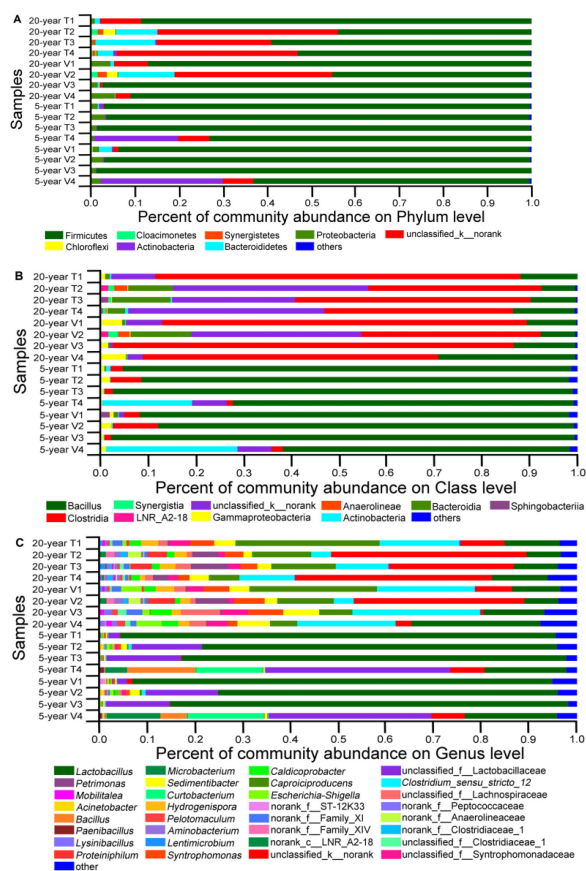


图 2. 不同水平活菌的相对丰度

参考文献

G X Tan,R Z,W Q,et al.Detection of Viable and Total Bacterial Community in the Pit Mud of Chinese Strong-Flavor Liquor Using Propidium Monoazide Combined With Quantitative PCR and 16S rRNA Gene Sequencing.Frontiers in Microbiology.2020

研究拓展

通过代谢组学及微生物组学等组学鉴定手段，研究白酒生产过程中，不同生产条件、原料、窖泥等因素对于酒类品质的影响。

案例一 电子鼻与固相微萃取 - 气相色谱 - 质谱（SPME-GC-MS）联用
单一菌种和复合菌种发酵对猪肉脯挥发性风味物质的影响

期刊：食品与发酵工业 | 发表单位：江南大学

研究背景：
猪肉脯是一种食用方便、美味可口的熟干肉制品，在传统工艺条件下满足不了消费者对多种风味的需求。根据国内外学者研究发现发酵可以促进蛋白质和脂肪等物质的降解产生多种风味物质的前体物质，促使肉脯形成良好的风味，同时利用发酵过程适度产酸，使肉脯甜味适中，提高产品的保藏效果，使丰富猪肉脯风味的较好方法。

研究目的：
采用植物乳杆菌和酿酒酵母菌这 2 株菌引入到猪肉脯中，通过电子鼻和固相微萃取 - 气相色谱 - 质谱（SPME-GC-MS）组合研究单一菌种和复合菌种发酵对猪肉脯加工过程产香规律和产品风味特点的影响，以期工业化生产具有天然生物发酵香气特征的新型猪肉脯提供理论支持和技术指导。

研究结论：
通过 GC-MS 分析，经过发酵猪肉脯的各类挥发性风味物质浓度显著提升，其中复合菌种发酵组样品挥发性风味物质浓度最高。电子鼻能较好区别不同的猪肉脯样品。结合气相色谱 - 质谱联用对挥发性风味物质的分析和感官评定结果可得：发酵可显著提升猪肉脯的风味，复合菌种发酵猪肉脯风味优于单菌发酵猪肉脯。复合发酵猪肉脯的关键风味化合物主要有 1- 辛烯 -3- 醇、庚醛、癸醛、壬醛、丁酸乙酯、己酸乙酯、戊酸乙酯、庚酸乙酯、辛酸乙酯和 2- 甲基丙酸乙酯。

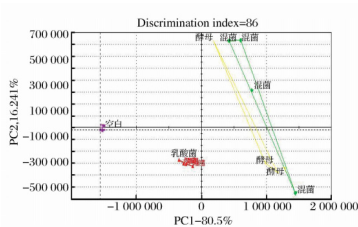


图 1. 四组猪肉脯样品的 Heracles II PCA 图

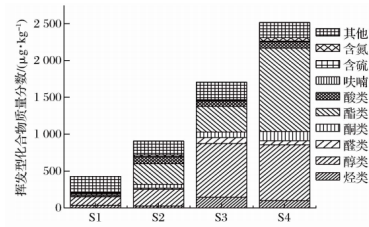


图 2. 不同猪肉脯样品中挥发性化合物类别统计

Table 4 Aroma characteristics, threshold, and relative odor activity value of volatile components of pork jerky samples						
化合物	香气特征	阈值 ^[2] /(μg·kg ⁻¹)	ROAV			
			S1	S2	S3	S4
D-柠檬烯	水果香、甜香	10	-	9.19	-	-
1-辛烯-3-醇 (蘑菇醇)	蘑菇、玫瑰和干草香气	1	12.87	10.37	72.38	16.92
庚醛	稀释后具有类似甜香、坚果香气	3	3.63	1.48	5.75	3.35
癸醛	甜橘香、花香	1	2.97	2.22	1.66	2.64
壬醛	甜橘香、脂肪香、花香	1	100	93.33	72.67	40.19
苯甲醛	苦杏仁、樱桃及坚果香	3	2.64	-	6.19	-
丁酸乙酯	苹果味、果味	0.9	2.4	62.55	13.64	42.31
乙酸乙酯	果香、酒香	5	-	1.20	-	-
己酸乙酯	果味、芳香气味	2.2	42.3	100	100	100
戊酸乙酯	香橙味、果味	5.8	-	-	1.6	1.91
庚酸乙酯	香蕉味、果味	1.9	4.68	7.51	4.37	8.91
2-甲基丙酸乙酯	玫瑰香、酒香	15	-	12.56	-	10.44
辛酸乙酯	水果甜香	5	-	-	-	5.02
2-戊基呋喃	青草、果蔬香气	6	-	-	0.96	-

注：- 为未检出该物质。

图 3. 猪肉脯样品挥发性成分的香气特征、阈值和相对气味活度值

参考文献

高静, 曹叶萍, 邹延军. 单一菌种和复合菌种发酵对猪肉脯挥发性风味物质的影响 [J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(01):128-136

案例二 电子鼻与固相微萃取 - 气相色谱 - 质谱 (SPME-GC-MS) 联用

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

期刊: Meat Science | 影响因子: 3.644

发表单位: 中国农业科学院 | 发表时间: 2020 年

研究背景:

羊肉具有独特的风味和营养, 随着食品工业的发展, 绵羊 / 山羊的肉制品产量不断增加, 满足了中国消费者生活水平的需求。动物饲养方式对肉质有显著影响, 与圈养绵羊肉相比, 草饲绵羊肉具有更多的营养成分和风味物质。造成差异的主要因素包括饲养周期、总能量摄入量、生长速率、脂肪沉积和脂肪酸组成比例, 在草饲和精饲羊中分别检测到 42 和 29 种挥发性成分。因此, 有必要建立一种有效的鉴别方法来区分草饲和精饲绵羊 / 山羊肉。

研究目的:

采用非靶向代谢组学和脂质组学方法来区分草饲和精饲的绵羊 / 山羊。利用主成分分析 (PCA) 在无先验知识的情况下观察这两种绵羊 / 山羊肉类型的判别。然后, 利用 OPLS-DA 模型筛选潜在的生物标志物, 构建绵羊 / 山羊肉的鉴别模型。

研究结论:

建立 OPLS-DA 模型。通过与数据库的比对, 推测出 46 个潜在的标记。这些代谢物在草饲和精饲的绵羊 / 山羊肉中具有统计学上的显著差异。需要进一步研究来阐明候选标记与绵羊 / 山羊肉品质和风味相关的机制。综上所述, 这些代谢产物可以作为区分这两种类型绵羊 / 山羊肉的依据。

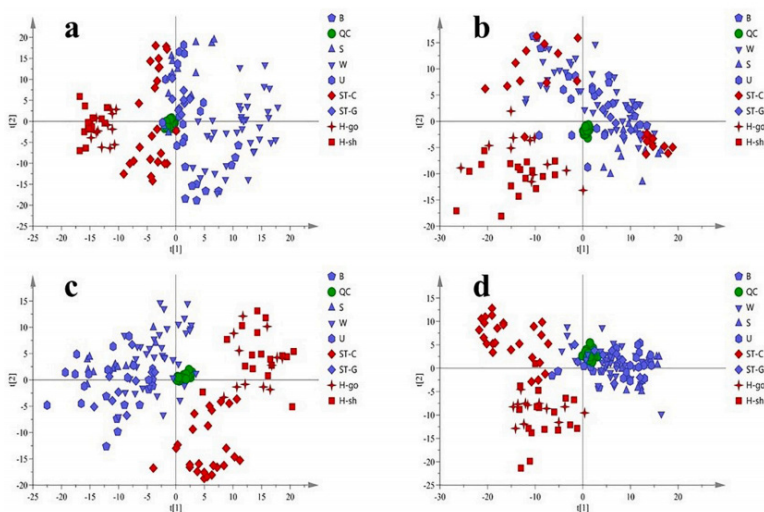


图 1. PCA 评分图

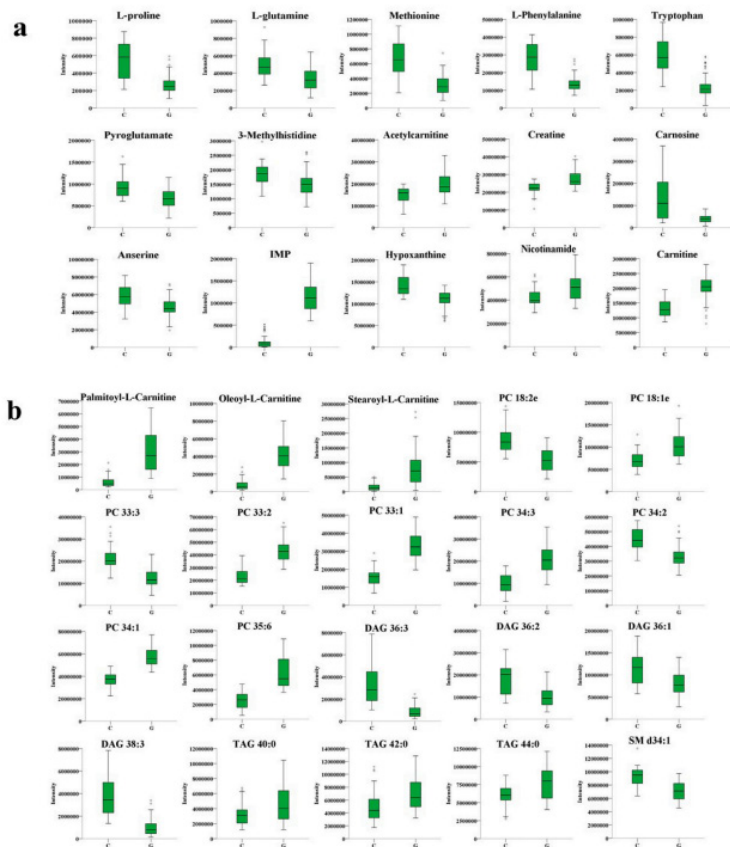


图 2. 草饲和精饲绵羊 / 山羊的肉样品中潜在标记物的含量

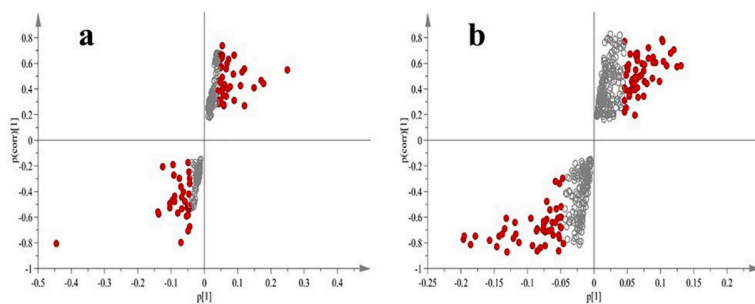


图 3. 差异化合物丰度图

参考文献

Wang Jishi,Xu Zhenzhen,Zhang Hongbo 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 Sci, 2021, 173: 108374

研究拓展

可根据肉制品质量、口味、成熟阶段、颜色等方面研究相关代谢物及差异代谢物鉴定以及标志性代谢物筛选、加工过程中代谢物的动态变化等。

案例一 顶空固相微萃取与 GC-MS 联用
山葵酸奶工艺及挥发性风味物质研究

期刊：食品研究与开发 | 发表单位：成都大学

研究背景：

山葵（*Wasabia japonica* Matsum）是十字花科多年生宿根性喜阴草本植物，皮绿色，髓部偏白，肉质坚硬，磨碎后具有挥发性芒香辣味。山葵含有丰富的氨基酸、维生素和人体所需的多种微量元素，其组织内存在芥子苷，在水解酶的作用下发生酶促水解，释放出极易挥发的异硫氰酸酯，该物质具有杀菌抗癌、抗骨质疏松、抗肥胖、抗氧化、抗病毒、增强免疫力等多种保健作用。目前以山葵为原料的加工产品主要有山葵叶茶、山葵叶柄调味菜、山葵抑菌口香糖、山葵油米辣、山葵调味酱等，而将山葵应用于酸奶加工中的研究较少，其许多潜在价值尚未开发。

研究目的：

以山葵为原料，利用其中的特殊成分，研制出一种集山葵和酸奶的保健功能于一体且风味独特的新型酸奶。以普通酸奶为对照，采用顶空固相微萃取技术与气质联用（GC-MS）技术对两种酸奶挥发性风味物质进行测定，以分析山葵酸奶风味特点与优势，为其市场推广提供理论基础。

研究结论：

经响应面法优化后的山葵酸奶最佳工艺条件为山葵粉添加量 4.8 %，发酵剂接种量 3.3 %，白砂糖添加量 6.9 %，发酵时间 6.2 h，综合感官评分 94.78 分。采用气相色谱质谱联用技术对山葵酸奶和普通酸奶的挥发性风味物质研究表明，山葵酸奶共含有 32 种挥发性风味物质，主要包括醛类 7 种（17.96 %）、酯类 9 种（19.6 %）、醇类 2 种（5.6 %）、酮类 3 种（24.59 %）、酸类 7（22.72 %），其中醛类、酯类、酮类物质较普通酸奶高，而酸类物质较普通酸奶低，醛类、酯类、酮类物质的增加酸类物质的降低使得山葵酸奶风味更加柔和，形成其特有的辛香味。

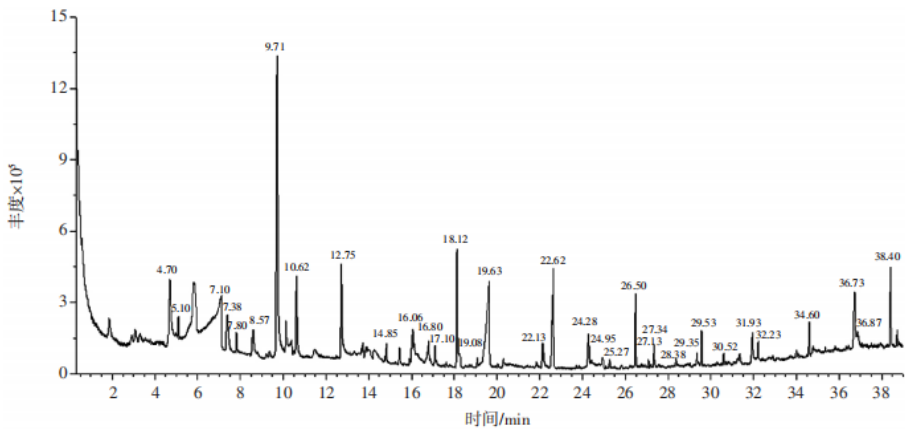


图 1. 山葵酸奶总离子流图

类别	化合物名称	分子式	保留时间/min		相对含量%	
			山葵酸奶	普通酸奶	山葵酸奶	普通酸奶
醛类	反-2-辛烯醛	C ₈ H ₁₄ O	8.570	8.570	2.71	2.58
	壬醛	C ₉ H ₁₈ O	10.618	10.622	6.30	1.33
	反-2-癸烯醛	C ₁₀ H ₁₈ O	14.853	14.846	0.68	0.80
	反-2-十二烯醛	C ₁₂ H ₂₂ O	18.124	18.122	5.56	2.78
	十二醛	C ₁₂ H ₂₄ O	25.272	25.268	0.46	0.68
	正十五醛	C ₁₅ H ₃₀ O	29.350	29.350	0.62	0.86
	5-羟基-2-呋喃甲醛	C ₅ H ₆ O ₃	34.606	34.598	1.63	2.03
总计					17.96	11.06
酯类	3-丁烯基异硫氰酸酯	C ₆ H ₉ NS	4.698	-	5.62	-
	异硫氰酸烯丙酯	C ₄ H ₇ NS	5.100	-	1.57	-
	甲基异硫氰酸酯	C ₃ H ₅ NS	7.800	-	1.08	-
	丁位癸内酯	C ₁₀ H ₁₈ O ₂	22.618	22.567	5.10	2.48
	丁位十二内酯	C ₁₂ H ₂₂ O ₂	27.344	27.341	0.69	0.83
	顺式-8-十六己烯-1-乙酸乙酯	C ₁₈ H ₃₄ O ₂	29.534	29.533	1.28	1.97
	邻苯二甲酸二异丁酯	C ₁₄ H ₂₄ O ₄	30.521	30.516	0.57	0.78
	棕榈酸甲酯	C ₁₇ H ₃₄ O ₂	-	31.271	-	0.56
	邻苯二甲酸二丁酯	C ₁₆ H ₂₄ O ₄	31.928	31.935	1.45	1.32
	己二酸二乙基己基酯	C ₂₀ H ₄₀ O ₄	38.401	38.400	2.24	0.89
总计					19.6	8.83
醇类	2-乙基己醇	C ₈ H ₁₈ O	7.381	7.380	4.97	4.36
	2-甲基环戊醇	C ₆ H ₁₂ O	19.084	19.084	0.63	1.05
总计					5.60	5.41
酮类	甲基庚基甲酮	C ₉ H ₁₈ O	9.708	9.703	21.62	19.73
	甲基壬基甲酮	C ₁₁ H ₂₂ O	17.103	-	0.61	-
	1,8-二氮杂环四癸烷-2,9-二酮	C ₁₀ H ₁₈ N ₂ O ₂	36.728	-	2.36	-
总计					24.59	19.73
酸类	己酸	C ₆ H ₁₂ O ₂	7.097	-	4.76	-
	辛酸	C ₈ H ₁₆ O ₂	12.750	12.431	4.47	25.55
	壬酸	C ₉ H ₁₈ O ₂	16.798	16.798	1.13	1.41
	癸酸	C ₁₀ H ₂₀ O ₂	19.628	19.634	6.31	8.26
	月桂酸	C ₁₂ H ₂₄ O ₂	24.280	24.283	1.75	2.52
	肉豆蔻酸	C ₁₄ H ₂₈ O ₂	28.380	28.379	0.51	0.57
	棕榈酸	C ₁₆ H ₃₂ O ₂	32.232	-	0.79	-
总计					22.72	38.31
烃类	正癸烯	C ₁₀ H ₂₀	22.133	-	1.54	-
	环十二烷	C ₁₂ H ₂₄	-	22.018	-	2.67
	十六烷	C ₁₆ H ₃₄	24.947	24.947	0.58	0.79
	十七烷	C ₁₇ H ₃₆	26.503	26.498	3.03	3.27
	2,6,10,14-四甲基十五烷	C ₁₈ H ₃₈	27.132	27.132	0.48	0.72
	十八烷	C ₁₈ H ₃₈	-	29.016	-	0.49
总计					0.72	1.86
其他	1,6-己内酰胺	C ₆ H ₁₁ NO	16.073	16.071	2.35	3.12

注：-表示未检出。

图 2. 山葵酸奶、普通酸奶挥发性风味物质种类及相对含量

参考文献

罗倩, 田计均, 唐媛, 余海萍, 李瑞瑾, 孙雁霞. 山葵酸奶工艺及挥发性风味物质研究 [J]. 食品研究与开发, 2020, 41(07): 149-158

案例二 顶空固相微萃取与 GC-MS 联用

Untargeted metabolomic investigate milk and ruminal fluid of Holstein cows supplemented with *Perilla frutescens* leaf

期刊: Food Research International | 影响因子: 4.972

发表单位: 中国农业大学 | 发表时间: 2021 年

研究背景:

牛奶中含有丰富的优质蛋白质、脂肪酸和生物活性化合物(寡糖、核苷酸和多肽), 它们对健康有诸多益处, 也是影响牛奶感官特性的重要因素。目前许多研究集中在使用不同的喂养方案或植物衍生的生物活性化合物, 如五环三萜皂苷和单宁, 以提高牛奶产量和质量。紫苏叶 (*Perilla frutescens* leaf, PFL) 是一种常用的中草药, 其次生代谢产物包括酚类化合物、黄酮类化合物、生物碱、三萜等, 具有抗菌、抗炎和抗氧化的特性, 但在奶牛生产中使用紫苏叶的研究却很少。此外, 植物次生代谢产物如多酚提取物也对超高温处理牛奶的美拉德反应有抑制作用。因此, PFL 中生物活性化合物的转移也可能有利于乳制品的加工。

研究目的:

文章探讨 PFL 对瘤胃液和乳中代谢组的影响及其内在关系; 探讨 PFL 作为功能性紫苏乳生产潜在功能性饲料添加剂的相关因素。

研究结论：

齐墩果酸和核苷酸表达上调，牛奶乳中链脂肪酸表达下调。添加 PFL 可提高瘤胃液和乳中嘧啶核苷酸的丰度。瘤胃液和乳中均富含嘧啶代谢和不饱和脂肪酸的生物合成途径。乳 2- 羟基辛酸与瘤胃尿苷 5-单磷酸正相关，与脱氧胞苷负相关，乳胸腺嘧啶与瘤胃二十烯酸正相关。文章发现，添加 PFL 可通过调节嘧啶代谢途径和不饱和脂肪酸生物合成途径改变瘤胃代谢和乳合成。新发现为瘤胃液和乳的代谢组学提供了全面的见解，支持了在奶牛体内生产紫苏乳的潜力。

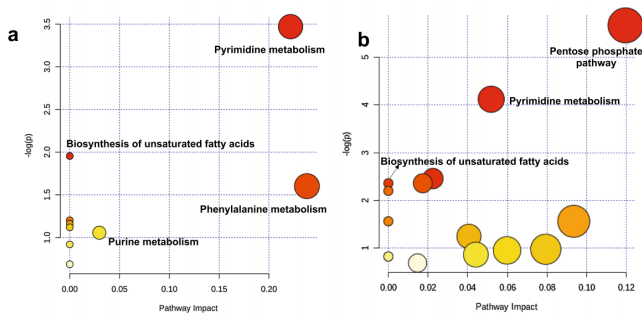


图 1. 紫苏叶饲粮 (PFL) 和对照组 (CON) 的奶牛瘤胃液 (a) 和乳 (b) 代谢组学途径分析

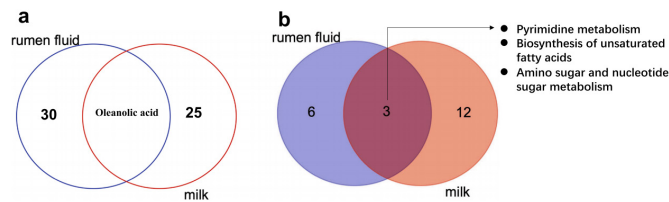


图 2. 饲喂紫苏叶 (PFL) 日粮和对照组 (CON) 韦恩图

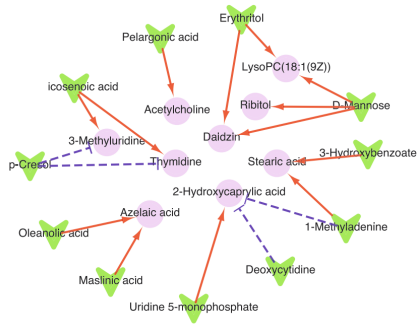


图 3. 瘤胃代谢产物与乳代谢产物共现网络分析

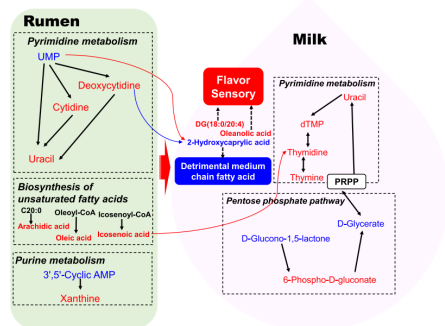


图 4. 瘤胃液和乳中代谢物的变化图

参考文献

Wang Bing,Sun Zhiqiang,Tu Yan et al. Untargeted metabolomic investigate milk and ruminal fluid of Holstein cows supplemented with Perilla frutescens leaf.[J] .Food Res Int, 2021, 140: 110017

研究拓展

可拓展研究奶酪、酸奶等乳制品发酵过程中的风味物质、有益物质、有害物质等方面代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸等研究。

案例一 非靶向代谢组学

基于非靶向代谢组学分析白茶室内自然萎凋过程代谢物的变化规律

期刊：茶叶科学 | 发表单位：福建农林大学

研究背景：

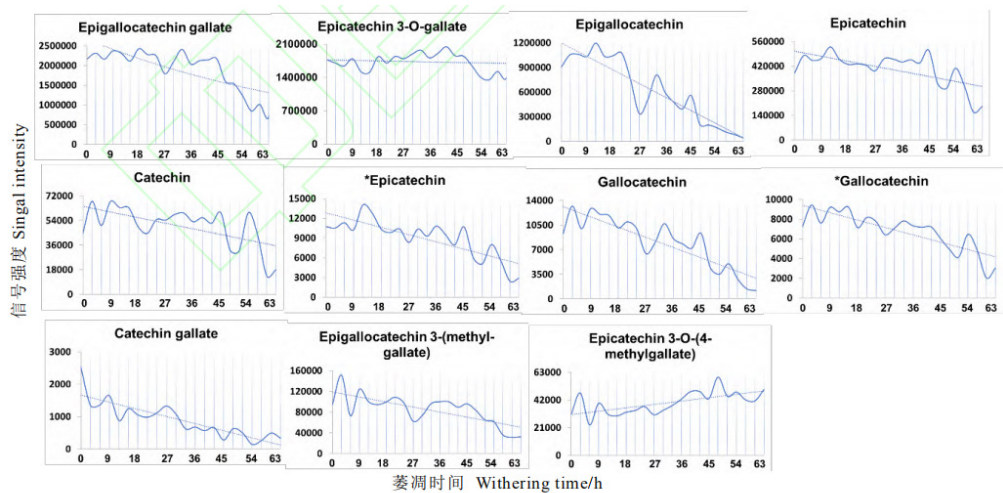
白茶为我国传统六大茶类之一，室内自然萎凋是常见的白茶萎凋方式之一。已有研究表明，在白茶萎凋过程中，茶多酚总量、EC、EGC 和 EGCG 等儿茶素组分含量呈现“先升高后降低”的趋势，与儿茶素合成相关的关键基因也出现下调，3- 甲基 -EGC、3- 甲基 -EGCG 含量则在萎凋前期较鲜叶大幅提升，茶黄素、茶黄素 3- 没食子酸酯、聚酯型儿茶素 A 等含量也有所提升。随着对白茶萎凋过程中不同代谢物含量变化研究的开展，特别是以高通量、高灵敏度为特点的新兴非靶向代谢组学技术在茶叶领域的应用，为解析白茶代谢物在萎凋过程中的变化提供了先进研究手段。

研究目的：

了解白茶在自然萎凋过程代谢物的变化规律，采用 UPLC-QTOF MS 结合多变量分析方法，通过获取代谢物的丰度信息，分析白茶在室内自然萎凋过程的代谢物变化。

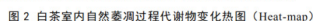
研究结论：

共鉴定到 106 种代谢物，其含量呈现 5 种主要变化趋势。在萎凋过程中 12 种酚酸类物质中 5 种呈现上升趋势，7 种呈现下降趋势，这些物质均在萎凋至 57~60 h 时出现最高或最低值。此外，鉴定了生物碱、氨基酸与多肽、香豆素类、糖等 20 种代谢物的含量变化，其中咖啡碱含量呈现上升趋势，在萎凋 60 h 时最高，可可碱含量在萎凋中期下降明显，萎凋后期略有回升，2 种茶氨酸异构体和 4 种香豆素物质含量在萎凋至 12 h 达到峰值，此后总体呈下降趋势。文章为明确白茶在自然萎凋加工过程中的生物代谢调控机制提供重要参考。



注：*表示正离子模式下鉴定到的差异代谢物
Note: * differential metabolites identified in positive ion mode

图 1. 白茶室内自然萎凋过程样本单体儿茶素类物质变化



研究结论：

古茶园土壤细菌的丰度和多样性高于现代茶园及森林；研究土壤样本细菌共分属 47 个菌门、89 个目，其中变形菌门、酸杆菌门、放线菌门、厚壁菌门与拟杆菌门是优势类群，在森林、现代茶园和古茶园土壤中的相对丰度累计分别为 91.86%、82.48% 和 77.08%；在目最佳分类水平上，变形菌门的伯克霍尔德式菌目，根瘤菌目为森林和茶园土壤的优势菌种，其平均丰度分别达 13.91% 和 8.17%。

Table 4 Statistical analysis of bacterial Alpha diversity in samples						
样品编号 Sample ID	操作分类单元数 Number of OTUs	覆盖率 Coverage	chao1 指数 chao1 index	ACE 指数 ACE index	香浓指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
J1	327	99.55%	764.36	1040.23	3.17	0.078
J2	14330	89.35%	45979.72	78675.27	7.72	0.002
J3	10816	52.73%	58260.26	142095.51	8.59	0.001
B1	17009	86.90%	67851.60	143338.88	8.03	0.002
B2	25866	75.80%	108567.74	245480.12	8.69	0.001
B3	27837	73.66%	113139.39	258248.52	8.82	0.001
N1	7735	94.32%	19992.52	32033.74	4.77	0.078
N2	5547	96.00%	13181.69	19750.50	4.69	0.062
N3	14968	87.28%	50138.95	104603.17	6.98	0.005

图 1. 样本细菌 Alpha 多样性统计

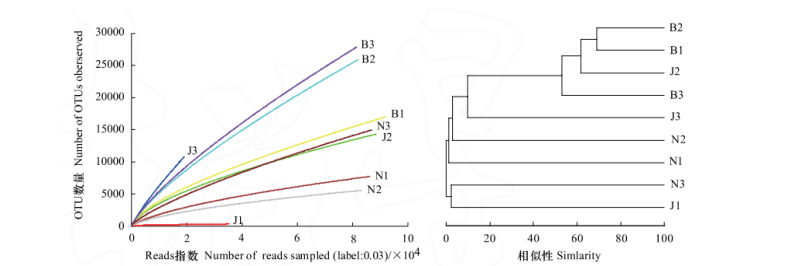


图 2. 各土壤细菌在 97% 相似性的 OTU 稀释曲线图及 OTU 的 bray 距离聚类分析图

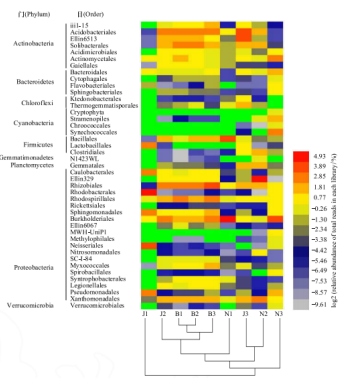


图 3. 目分类水平各土壤细菌群落结构

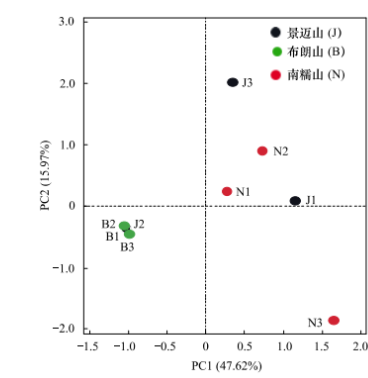


图 4. 各土壤细菌 OTU 相对丰度的 PCA 分析

参考文献

杨广容, 马燕, 蒋宾, 马会杰, 谢瑾, 吕才有, 李永梅. 基于 16S rDNA 测序对茶园土壤细菌群落多样性的研究 [J]. 生态学报, 2019, 39(22): 8452-8461

研究拓展

可拓展研究奶酪、酸奶等乳制品发酵过程中的风味物质、有益物质、有害物质等方面代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸等研究。

案例一 代谢组学+电子鼻

Cultivar Differentiation of Citri Reticulatae Pericarpium by a Combination of Hierarchical Three-step Filtering Metabolomics Analysis, DNA barcoding and Electronic Nose

期刊: Analytica Chimica Acta | 影响因子: 5.977

发表单位: 中国药科大学 | 发表时间: 2019 年

研究背景:

陈皮 (CRP) 是一种陈皮干, 已被广泛应用为著名的中药、食品和膳食补充剂。现代药理学研究表明, CRP 具有多种生物活性, 如抗氧化、抗炎和抗癌活性等作用。近年来, 代谢组学已成功地应用于植物表型的鉴别和区分。全面了解其次级代谢组对鉴别不同 CRP 品种具有重要意义。结合遗传和代谢组学指纹图谱, 可以为鉴别类似药材提供一种新的方法。

研究目的:

结合代谢组学、DNA 条形码和电子鼻的方法来准确鉴别 4 个 CRP 品种。采用基于液相色谱 - 四极杆飞行时间质谱 (LC-QTOF-MS) 的三级过滤代谢组学分析 (hierarchical three-step filtering metabolomics analysis), 揭示了 CRP 品种次生代谢组的差异。为了对 CRP 品种进行分子鉴定, 进一步利用了 ITS2 区 DNA 条形码技术。建立了一种基于电子鼻的 CRP 无损检测方法, 通过检测挥发性成分来鉴别 CRP 品种。

研究结论:

建立了代谢组学、DNA 条形码和电子鼻相结合的综合方法对 40 批 CRP 品种进行鉴别。在这些 CRP 品种中, ITS2 区域发现 19 个特异性 SNP 位点, 通过代谢组学分析发现 9 种特异性化学标记, 包括 6 个黄酮苷和 3 个多甲氧基黄酮。这是迄今为止首次将 DNA 条形码技术、植物次生代谢组学和电子鼻技术相结合的鉴别不同产地 CRP 品种样品。

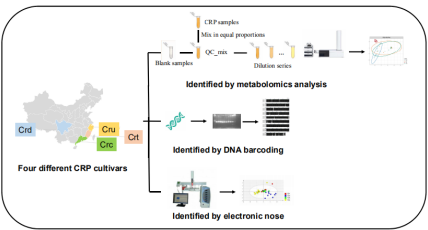


图 1. 技术路线

Table 2 9 species-specific marker compounds for the four CRP cultivars.

No.	Rt (min)	Compound	Formula	Obs _{m/z}	Ref _{m/z}	VIP value	P value			
							Cui vs Cid	Cui vs Cui	Cui vs Cui	Cui vs Cui
1	1.20	6,8-Di-C-glucopteroyl diosmetin	C ₂₈ H ₃₂ O ₁₆	624.1703	624.1690	1.06	0.000652	2.17E-05	1.08E-05	
2	1.57	Hesperetin 5-O-glucoside	C ₂₂ H ₂₀ O ₁₁	464.1302	464.1319	1.41	0.000108	0.0021	0.000182	
3	2.09	Eriodictyol	C ₁₇ H ₁₂ O ₆	288.0635	288.0634	1.35	0.001227	0.002328	0.001444	
4	3.45	Prunin	C ₂₁ H ₂₀ O ₁₀	434.1209	434.1213	1.31	0.000788	0.027929	0.002879	
5	9.73	Didymin	C ₂₀ H ₁₆ O ₁₄	594.1951	594.1949	1.30	0.000788	0.013272	0.023231	
6	10.83	Medisin	C ₂₁ H ₁₆ O ₁₁	724.2211	724.2215	1.13	0.002958	0.0021	1.08E-05	
7	11.60	Pentamethoxyflavonone	C ₂₀ H ₁₆ O ₇	374.1354	374.1366	1.73	0.024155	2.17E-05	0.001505	
8	13.02	Demethylephedrin	C ₂₀ H ₁₆ O ₈	388.1147	388.1158	1.04	0.018287	0.027929	0.023231	
9	15.31	Natsudaidin	C ₂₁ H ₁₆ O ₈	418.1265	418.1264	1.18	0.015871	0.002988	0.002089	

图 2. 4 个 CRP 品种的 9 种特异性标记化合物

参考文献

Li Shang-Zhen,Zeng Su-Ling,et al. Cultivar differentiation of Citri Reticulatae Pericarpium by a combination of hierarchical three-step filtering metabolomics analysis, DNA barcoding and electronic nose.[J] .Anal Chim Acta, 2019, 1056: 62-69

案例二 代非靶向代谢组学 GC-MS

中药复方哮宁口服液对哮喘模型小鼠血液代谢表型影响的研究

期刊：时珍国医国药 | 发表单位：成都中医药大学

研究背景：

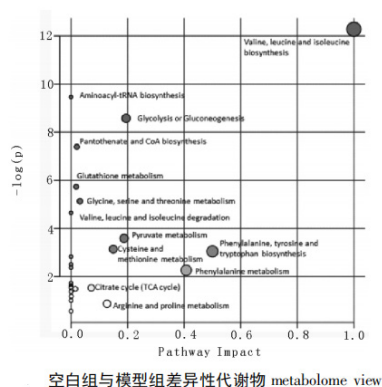
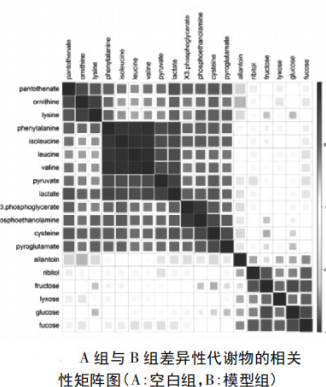
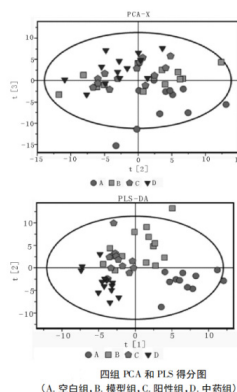
儿童哮喘的发病率持续上升，严重损害儿童的生长发育和身心健康。中医药对哮喘的认识和防治历史悠久，治疗本病具有独特疗效和优势。

研究目的：

以射干麻黄汤为基础加减化裁而成，前期临床及研究表明哮宁口服液治疗儿童支气管哮喘效果良好。采取气相色谱质谱联用技术（GC-MS）研究中药复方哮宁口服液对哮喘模型小鼠血液代谢表型的影响，初步探讨哮宁口服液止咳平喘效应的作用机制。

研究结论：

多元统计学方法分析结果显示，空白组、模型组、阳性组、中药组呈显著性分离，其中中药组的血清样本比模型组更靠近空白组。中药哮宁口服液中对血清中偏离的葡萄糖、3-磷酸甘油酸等物质具有明显的良性调节作用。结论哮宁口服液对哮喘小鼠血清代谢物存在良性调节作用，其中葡萄糖、3-磷酸甘油可能为哮宁口服液治疗哮喘模型小鼠的关键代谢物。



参考文献

张肖瑾, 潜鸣, 赵琼, 刘茜玮, 田金娜, 和媛媛, 杨翠玲. 中药复方哮宁口服液对哮喘模型小鼠血液代谢表型影响的研究 [J]. 时珍国医国药, 2020,31(10):2322-2325

研究拓展

中医药在治疗过程中，药物成分多样，影响多系统、多途径，可利用非靶向代谢组学如黄酮非靶、靶向代谢组学如生物碱、黄酮、花青素类定量分析等进行中药材药效评价、中药复方配伍规律探究、中医方证代谢组及中医药与肠道菌群热点等方向研究。

案例一 代谢组+转录组

Metabolome and transcriptome analyses of the molecular mechanisms of flower color mutation in tobacco

期刊：BMC Genomics | 影响因子：3.594

发表单位：云南烟草农业科学研究院 | 发表时间：2020 年

研究背景及目的：

花青素决定了许多植物花的颜色。烟草是研究花色分子调控的典型植物。本研究以粉红烟品种云烟 87 和白花突变体云烟 87 为研究对象，通过分析类黄酮代谢产物、花青素合成结构基因及其调控基因的表达，探讨了烟草花显色的机制。

研究结论：

首次结合代谢组学和转录组学对烟草着色进行了研究，花青素显著下降，包括花青素 3-O- 葡萄糖苷、花青素、花青素 3-O- β -d- 葡萄糖苷、花青素 o 丁香酸、天竺葵素和天竺葵素 3-O 丙二酰己糖苷、在云烟 87 突变体中赋花色突变。转录组分析表明，协同下调花色苷合成基因查尔酮异构酶、柚皮素 3- 双加氧酶、二氢黄酮醇 4- 还原酶和 udp - 葡萄糖：黄酮 3-O 糖基转移酶在抑制上述花色苷的形成中起关键作用。几个编码 MYB 和 bHLH 转录因子的基因也被下调，这可能是结构基因被抑制的原因。为烟草着色的系统调控机制提供了线索。所获得的信息将有助于制定通过遗传转化修饰花色的策略。

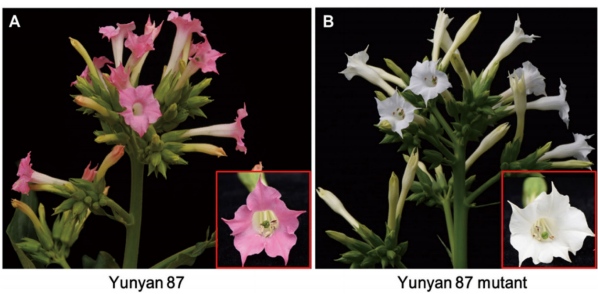


图 1. 野生型与突变型烟草品种云烟 87

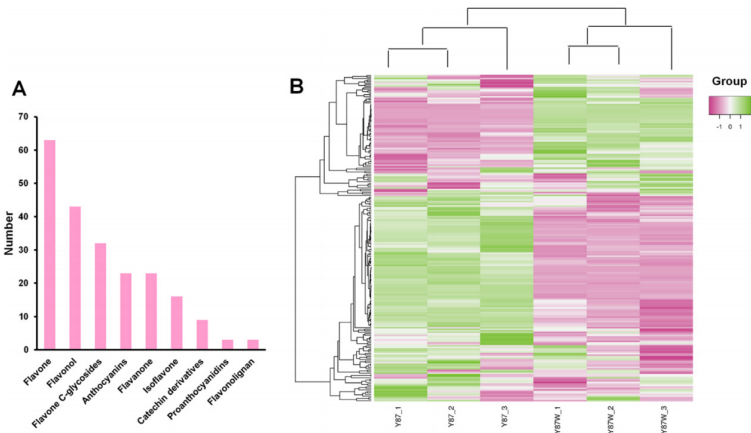


图 2. 烟草花瓣样本的代谢组分析

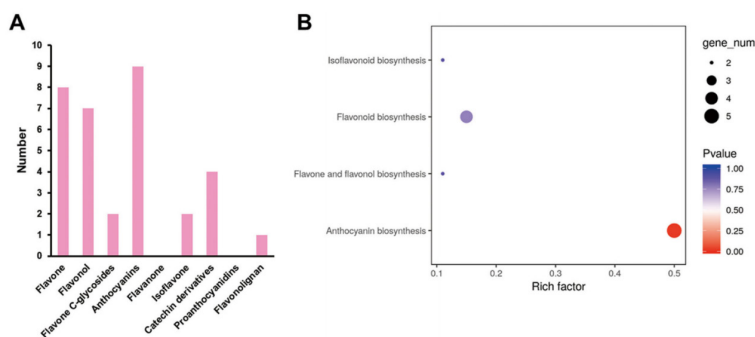


图 3. 烟草花瓣样本的代谢组分析

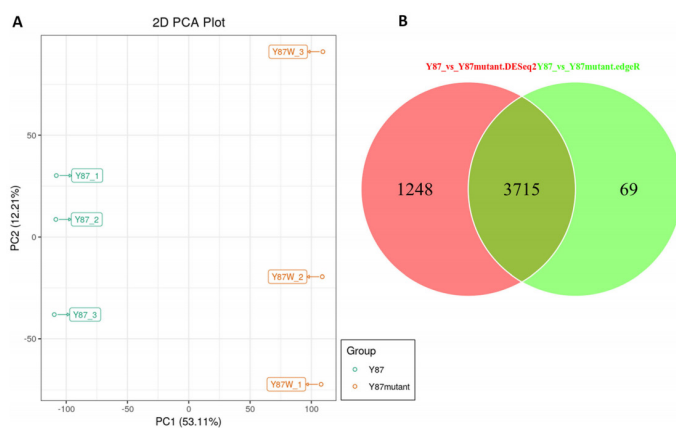


图 4. 基因表达信息

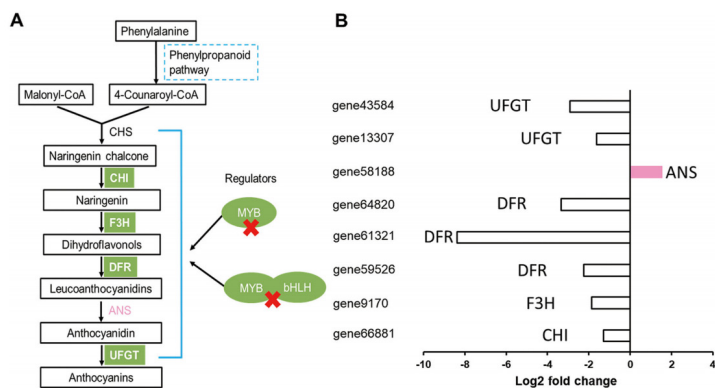


图 5. 花朵颜色由粉红色变为白色的机理模型

参考文献

Jiao Fangchan,Zhao Lu,et al. Metabolome and transcriptome analyses of the molecular mechanisms of flower color mutation in tobacco.[J].BMC Genomics, 2020, 21: 611

研究拓展

可根据产地差异、化学成分解析、物质、香气、色泽研究、加工、标志性代谢物筛选、加工过程中代谢物的动态变化等方面进行农产品代谢物全鉴定、糖类、氨基酸、有机酸、脂肪酸、维生素等检测研究。

项目经验



火龙果



佛手柑



木瓜



海苔



紫菜

火龙果



海苔



大豆



谷物



青稞



陈皮



海苔



咖啡



烟草



烟油



油菜



橄榄



猪肉



牛肉



鸡肉



肝脏组织



脂肪组织



鱼



虾



牡蛎



牛乳



鸡蛋



乳制品



白酒



黄酒



果酒



发酵液



酵母菌体



酒糟

诺米代谢产品总表

公司服务项目囊括非靶向代谢组学、靶向代谢组学、全靶、脂质组学、风味组学、空间及单细胞代谢组学，应用领域包括农业、环境、肿瘤、心血管疾病、代谢类疾病及肠道微生物相关的研究领域，覆盖 80 余项细分检测分析服务内容，为客户提供个性化的代谢组学科研及临床解决方案。

01 代谢组学

空间代谢组学 - 2021新品, 高分必备

非靶向代谢组学

- GC-MS代谢组学
- GCxGC全二维代谢组学
- LC-MS代谢组学
- 全局精准非靶向代谢组学
- 全局精准花青素非靶向代谢组学
- 全局精准黄酮非靶向代谢组学
- 风味组学
- 成分组学

靶向代谢组学

- 短链脂肪酸定量分析
- 脂肪酸定量分析
- 胆汁酸定量分析
- TMAO及相关代谢物定量分析
- 氨基酸定量分析
- 黄酮类代谢物定量分析
- 神经递质定量分析
- 有机酸定量分析
- 糖类定量分析
- 植物激素定量分析
- 类胡萝卜素定量分析
- 单宁类定量分析
- 酚酸类定量分析
- 花青素定量分析
- 维生素定量分析
- 花生四烯酸定量分析
- 代谢流定量分析
- 能量代谢定量分析
- 色氨酸代谢定量分析

02 蛋白质组学

定量蛋白质组学

- 标记定量蛋白质组学
TMT/iTRAQ蛋白质组学
- 非标记定量蛋白质组学
Label free蛋白质组学 (DDA模式)
非标记蛋白质组学 (DIA模式)
- PRM定量靶向蛋白质组学

修饰蛋白质组学

- 磷酸化修饰蛋白质组学
- 乙酰化修饰蛋白质组学
- 泛素化修饰蛋白质组学
- 糖基化修饰蛋白质组学
- 甲基化修饰蛋白质组学
- 乳酸化修饰蛋白质组学
- 巴豆酰化修饰蛋白质组学
- 二羟基异丁酰化修饰蛋白质组学
- 琥珀酰化修饰蛋白质组学

03 脂质组学

04 转录组学

- 真核生物转录组学
- 原核生物转录组学
- LncRNA研究
- Small RNA 测序
- CircRNA 测序
- 全转录组测序
- 全长转录组测序
- 单细胞转录组测序

05 离子组学

- 多种物质离子组学研究

06 微生物组学

- 微生物多样性 (16S)
- 宏基因组
- 宏蛋白组
- 宏转录组

07 多组学整合

- 代谢组-蛋白质组研究
- 代谢组-转录组研究
- 代谢组-微生物组研究
- 代谢组-蛋白质组-转录组-微生物组研究

08 脑肠轴研究

- 16S-非靶/全靶代谢组联合分析
- 16S-短链脂肪酸/胆汁酸/脂肪酸/TMAO/神经递质/氨基酸联合分析

09 外泌体研究

- 外泌体代谢组学
- 外泌体脂质组学
- 外泌体蛋白质组学
- 外泌体转录组学
- 外泌体提取
- 外泌体鉴定
 - WB鉴定
 - NTA鉴定
 - 电镜鉴定

10 数据分析

- 各组学数据分析
- 多组学整合分析
- 脑肠菌轴研究分析



代谢组学行业领跑者



苏州帕诺米克生物医药科技有限公司

电话: 0512-62959105

地址: 江苏省苏州市工业园区新平街 388 号 2 号楼

邮箱: info@bionovogene.com

网址: <https://www.bionovogene.com>
<https://www.biodeep.cn>