

蛋白质组学及其在啤酒大麦和麦芽研究中的应用综述

朱天地, 李静雯, 叶春雷, 陈 军, 王立光

(甘肃省农业科学院生物技术研究所, 甘肃 兰州 730070)

摘要: 啤酒的酿造和质量直接受到啤酒大麦品质的影响。随着系统生物学和生物信息学的发展, 啤酒大麦和麦芽的蛋白质组学正日益成为研究热点。对蛋白质组学及研究方法, 及其在啤酒大麦品种鉴定、质量分析、麦芽制造和品质影响研究中的应用进展进行了概述, 展望啤酒大麦及麦芽中蛋白质组今后的研究方向进行。

关键词: 蛋白质组学; 啤酒大麦; 麦芽; 研究进展

中图分类号: S512.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2019)12-0071-06

doi: 10.3969/j.issn.1001-1463.2019.12.018

Review of Proteomics and Its Applications in Research of Malting Barley and Malt

ZHU Tiandi, LI Jingwen, YE Chunlei, CHEN Jun, WANG Liguang

(Institute of Biotechnology, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China)

Abstract: The brewing and quality of beer is directly affected by the quality of beer barley. With the development of system biology and bioinformatics, proteomics of malting barley and malt are becoming a research hotpot and have made important progress. In this paper, the proteomics and research methods, as well as its application in variety identification, quality analysis malt manufacture and quality impact of malting barley were summarized, and the future research direction of proteomics in beer barley and malt was prospected.

Key words: Proteomics; Malting barley; Malt; Research progress

啤酒大麦是酿造啤酒的主要原料, 啤酒 的酿造和质量直接受到啤酒大麦品质的影

收稿日期: 2019-08-22

基金项目: 国家自然科学基金(31660391、31460350)。

作者简介: 朱天地(1988—), 女, 黑龙江望奎人, 研究实习员, 硕士, 主要从事植物分子生物学研究工作。Email: kaoyanlaile@163.com。

通信作者: 李静雯(1979—), 女, 甘肃榆中人, 助理研究员, 主要从事植物分子生物学研究工作。Email: lj-lg614@163.com。

- 与装备, 2016(7): 53-54, 57.
- [26] 王守慧, 白仲梅, 刘桂兰, 等. 间歇冷冻贮藏与中药材防蛀[J]. 中草药, 2004, 35(3): 333-334.
- [27] 刘紫全, 黄群莲, 郝富强. 微波炉处理对中药材储藏的影响实验[J]. 时珍国医国药, 2006, 17(11): 2349-2350.
- [28] 马梅芳, 陈腾蛟. 微波干燥灭菌技术在中药领域的应用进展[J]. 中医药导报, 2008(2): 80-82.
- [29] 陈瑞珍. 党参的辐射贮藏[J]. 福建中医药, 2006, 37(6): 55.
- [30] 张光强. 搞好药材贮藏管理, 提高药材质量[J]. 遵义医学院学报, 2007(S1): 91-92.
- [31] 陈云堂, 商飞飞, 吕晓华, 等. 电子束辐照对党参营养品质及药效成分的影响评价[J]. 核农学报, 2015, 29(9): 1711-1717.
- [32] 王 刚. 当归党参保鲜贮藏技术研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2015.

(本文责编: 陈 珩)

响。啤酒大麦经过浸麦、发芽和焙焦等工艺制成麦芽。在啤酒大麦的制麦过程中使 α -淀粉酶、纤维素酶、蛋白酶等水解酶的活力显著提高, 由于啤酒大麦的酶活性和种类的增加, 导致麦粒中的大分子物质如淀粉、多糖和蛋白质等得到一定的降解, 同时也使麦芽糖化过程中的大分子物质更容易水解成小分子物质以供酵母利用^[1-2]。因此, 蛋白质作为啤酒大麦的主要成分之一, 在制麦、糖化和酿造过程中起着重要作用, 尤其对麦芽和啤酒质量至关重要。

近年来, 随着系统生物学和生物信息学的发展, 啤酒大麦和麦芽的蛋白质组学正日益成为研究热点, 蛋白质组学及相关技术已在啤酒大麦和麦芽研究中得到较为广泛的应用, 由以往研究个别蛋白质的“钓鱼”模式向“一网打尽”的“蛋白质组学”新模式转变^[3]。这不仅可以揭示啤酒大麦、麦芽和啤酒品质之间的相互关系, 也为啤酒大麦育种、制麦和酿造工艺的改善等方面的研究奠定基础。我们对蛋白质组学及其在啤酒大麦品种鉴定和质量分析, 麦芽制造和品质影响研究中的应用进展进行了综述, 以期为推动蛋白质组学技术在啤酒大麦及麦芽等方面的研究提供参考。

1 蛋白质组学及研究方法

1.1 蛋白质组和蛋白质组学

蛋白质在细胞的结构和功能中起着至关重要的作用, 与核酸、碳水化合物和脂质一起构成生命的物质基础。蛋白质包括酶、激素和抗体等成分, 是生物体正常运转所必需的^[4]。蛋白质组的概念最初由 Wilkins 和 Williams 于 1994 年提出, 是指细胞、组织或有机体中表达的所有蛋白质^[5]。对于蛋白质组的研究称为蛋白质组学, 包括对蛋白质的特性、数量和功能等的系统分析。蛋白质组学可分为: (1) 表达蛋白质组学, 即对生物体不同细胞类型中蛋白质表达量化谱的反映; (2) 结构蛋白质组学, 包括蛋白质在亚细

胞室中的分布、蛋白质的翻译后修饰和蛋白质的相互作用; (3) 功能蛋白质组学, 即蛋白质结构和功能之间相互关系的分析^[6]。

细胞通常依赖多种代谢和调节途径生存, 而蛋白质组反映了生物系统发生的过程, 因此通过了解蛋白质组概况可以更好地了解代谢过程及其与生物系统中其他调节途径的相互作用, 可以定性和定量地判定特定细胞类型或细胞器在特定发育和生理阶段以及相互作用中的重要蛋白质组^[7-8]。蛋白质组学对植物科学发展有着积极的影响。从玉米的第一个植物蛋白质组学研究开始, 已经取得了快速的发展, 但植物蛋白质组学的潜力还远未被充分开发, 特别是与人类和酵母蛋白质组学相比, 植物蛋白质组学远远落后^[9-10]。目前, 蛋白质组学已在大麦品种鉴定和麦芽品质分析等方面取得了一定的进展。

1.2 蛋白质组学研究的常见方法

蛋白质组学分析主要包括凝胶分析和非凝胶分析。基于凝胶的蛋白质组学技术通过凝胶电泳进行初始蛋白质分离、定量、蛋白质点消化和质谱鉴定, 是蛋白质组学分析最常用的方法, 包括双向凝胶电泳(2-DE)和荧光差异凝胶电泳技术(2D-DIGE)^[11-12]。2-DE 技术根据等电点(pI)和分子量(Mr)解析蛋白质, 所分离的蛋白点可以采用考马斯亮蓝、银染等染色^[13]。当与先进的 MS 技术相结合时, 2-DE 允许数百种蛋白质在聚丙烯酰胺凝胶中进行特征化, 包括 pI 和 Mr 在凝胶上的位置, 这种 2-DE 功能允许分析蛋白质的翻译后修饰, 2D-DIGE 的出现提高了 2-DE 的可重复性和灵敏性。每个蛋白质样品都进行不同荧光染料的标记, 如 CyDye2、CyDye3、CyDye5, 在同一凝胶上混合和分离之前, 可以很容易地通过不同的荧光染料确定不同样品中相同蛋白质的丰度^[14]。这种技术可以减少所需的凝胶数量, 避免不同凝胶间的差异对实验结果分析带来困难。

尽管凝胶分析取得了成功, 但该方法仍

有许多局限性^[15]。例如,采用 2-DE 分离得到的蛋白质只占整个蛋白质的 30%~50%,且无法分离复杂样本中的所有蛋白质^[16]。实际上,使用 2-DE 技术蛋白质组总覆盖率仅限于具有 Mr 为 10~120 kDa、pI 为中性至酸性的蛋白质。同时,具有生理相关性的低丰度蛋白质(主要包括调节蛋白和信号传递蛋白)也很少在传统的 2-DE 凝胶上检测到,这是由于大量高丰度蛋白质掩盖了它们的检测^[17]。例如,核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(RuBisCO)占植物总蛋白的很大比例,阻碍 IPG 胶条上低丰度蛋白质的吸收,导致这些蛋白的检测和识别困难^[18]。

蛋白质组学研究面临的挑战不能单靠凝胶化策略来解决,而基于凝胶的蛋白组学方法的缺点促使了替代无凝胶蛋白组学技术的发展,以克服限制或完全取代基于凝胶的技术^[19]。无凝胶方法包括化学标记、代谢标记和非标记定量方法。化学标记包括同位素亲和标签技术(ICAT)、等量标记的相对和绝对定量技术(iTRAQ)、串联质谱标签(TMT);代谢标签方法包括细胞培养的氨基酸稳定同尾数标记技术(SILAC)和¹⁵N 标签。非标记定量蛋白组学(Label-free)是通过液质联用技术对蛋白质酶解肽段进行质谱分析,无须同位素标签做内部标准,通过分析大规模鉴定蛋白质时所产生的质谱数据,进行不同样品中相应肽段信号强度的比较,从而对肽段对应的蛋白质进行相对定量^[20]。无凝胶方法比基于凝胶方法更具可重复性,并且表现出更少的偏差。所有这些凝胶或无凝胶技术均存在优点和缺点,每种方法都应根据实验目的和样本类型进行选择^[21]。

2 蛋白质组学在啤酒大麦及麦芽研究中的应用

2.1 啤酒大麦品种鉴定与品质分析的蛋白质组学研究

啤酒大麦品质受基因型和环境因素及其相互作用的影响,人们对于培育具有产量

高、品质优、耐生物和非生物胁迫以及适应不同气候的啤酒大麦品种非常感兴趣^[22-23]。2-DE 技术早期应用于啤酒大麦种子蛋白质的研究,确定了啤酒大麦品种、质量存在差异的不同种子蛋白,探明蛋白质组在品种、品质和遗传图谱之间的相关性。蛋白质组分析可用于识别目标蛋白质,从而对种子中特定蛋白质(β -淀粉酶、过氧化物酶、硫氧还蛋白)进行深入分析^[24]。不同品种啤酒大麦的蛋白质组存在差异。利用 2-DE 技术对 18 个不同特性啤酒大麦品种的蛋白质组进行分析发现,在 pI 为 4-7 和 6-11 的蛋白图谱中存在 69 个差异蛋白点,其中 48 个蛋白点被鉴定,另外品种差异可能是由于在质谱鉴定时单核苷酸多态性(SNPs)引起编码氨基酸的改变,或相应蛋白质 pI 和功能的变化。因此,这种“编码SNPs”代表了将基因组和蛋白质组数据耦合的一种手段^[25-26]。

随着质谱技术的发展,Ondrej 等^[27]利用基质辅助激光解析电离-飞行时间串联质谱(MALDI-TOF/TOF)进行了啤酒大麦蛋白质指纹识别和鉴别:通过对 20 个大麦品种鉴定的结果进行聚类分析,建立大麦品种的鉴别方法,并对 60 个大麦样品进行了验证,证实了该方法的适用性。该方法被认为是一种快速鉴别大麦品种的工具,可用于大麦的品种分配和纯度测定,有着较高灵敏度和准确性,可以取代常用的凝胶电泳技术^[27]。游丽华^[28]利用蛋白质组学技术对 7 种澳大利亚啤酒大麦和 4 种国产啤酒大麦的醇溶蛋白进行分析,发现澳大利亚啤酒大麦与国产大啤酒麦醇溶蛋白图谱间差异明显,并对澳大利亚啤酒大麦醇溶蛋白的差异蛋白点进行质谱鉴定,成功鉴定出的共同蛋白点和特异蛋白点分别为 34 个和 13 个,这些鉴定成功的蛋白点构成了 7 个澳大利亚啤酒大麦品种的蛋白标志物库。同时,利用实时定量 PCR 技术对不同啤酒大麦品种的标志蛋白进行验证,以达到对啤酒大麦品种的鉴定和纯度检

测。

为了全面获取啤酒大麦种子中蛋白质组学数据,通过纳升级液相色谱串联质谱分别对六棱啤酒大麦和二棱啤酒大麦中经蛋白质消化产生的多肽进行鉴定,识别的 1 168 种蛋白质中有 900 种为“未知功能蛋白”或预测蛋白,其中六棱啤酒大麦和二棱啤酒大麦品种中仅有 20 种差异蛋白质,GO 分析表明,大多数啤酒大麦种子蛋白存在于细胞质基质,具有催化活性,与碳水化合物代谢相关^[29]。该技术为无凝胶蛋白质组学策略在进行啤酒大麦品种区分和品质分析中的应用奠定了基础。

2.2 麦芽制造及品质分析的蛋白质组学研究

啤酒大麦在适宜的温度和湿度条件下发芽,产生分解淀粉的酶,并将淀粉降解为低分子量的碳水化合物。发芽至 5 d 时产生所谓的“绿色麦芽”,最后经过干燥与焙焦制成麦芽。麦芽制造及品质对啤酒品质的影响至关重要。

Jin 等^[30]分别对麦芽质量存在显著差异的甘啤大麦和 Baudin 麦芽进行 2-DE 分析,在 2-DE 凝胶中分别检测到 333 个和 354 个蛋白点,约 90% 的蛋白点为 2 种麦芽所共有,并利用质谱鉴定技术成功鉴定到 192 种蛋白质,其中大多数是酶和酶抑制剂。同时发现 Baudin 麦芽含有比甘啤麦芽更多的淀粉水解酶、病程相关蛋白质。此外,参与糖酵解和氧化还原通路的酶在 2 种麦芽之间表现出显著不同的特征,从而可以更深入地阐明差异蛋白和麦芽质量之间的关系^[30]。刘宝祥等^[31]通过双向电泳技术对澳大利亚啤酒大麦品种 Schooner 发芽过程中的水溶蛋白质组进行分析发现,啤酒大麦种子中大约有 804 种蛋白质,发芽过程中有 379 种蛋白质降解消失或浓度降低,有 77 种蛋白质激活或产生,表明浸麦阶段主要是蛋白质的降解过程;发芽前期蛋白质的降解和合成转化较为缓慢,发芽中期蛋白质的降解最显著;发

芽后期蛋白质的变化基本趋于平衡。

Li 等^[32]通过 2D-DIGE 技术对啤酒大麦品种 Dan'er 的 2 种不同制麦过程中的蛋白质组进行分析,发现 2 种制麦工艺中参与细胞壁多糖降解的酶及淀粉和蛋白水解酶存在差异,特别是对于麦芽过滤性、糖化时间和糖化力的影响较大。Jin 等^[33]通过 2D-DIGE 技术分析比较了过滤性能存在显著差异的 2 个啤酒大麦品种 Dan'er 和 Metcalfe 麦芽的蛋白质组,并确定了 51 个差异蛋白点,通过质谱鉴定发现,这些差异蛋白点主要包括水解酶和病程相关蛋白。根据它们的功能分析和丰度比较,提出了可能与过滤性能相关的蛋白质,这是首次全面调查与大麦麦芽过滤性有关的代谢蛋白,并揭示了过滤性可追溯性的线索^[33]。

通过纳升级液相色谱串联质谱分析技术对制麦过程的 5 个时期中的所有蛋白质进行分析,共鉴定了 1 418 种蛋白质,其中大约 900 种蛋白质是未知或预测蛋白。通过数据库查询,提供了 796 种预测和未知的蛋白质的功能注释。近 63% 的已识别蛋白质存在于整个制麦过程中,表明在制麦期间主要参与代谢的相关蛋白质和酶被激活,并且其中 205 种蛋白质的丰度存在显著差异。这些蛋白质主要参与糖代谢途径,特别是酶活性调节,为麦芽大麦育种和预测麦芽质量提供了新颖的思路^[34]。Strouhalova 等^[35]通过 i-TRAQ 技术研究了啤酒大麦在制麦前后关键蛋白质的变化,发现大麦和麦芽 β -淀粉酶、 β -葡聚糖酶和两种不同形式的蛋白质 Z (Z4、Z7) 差异明显。与 β -葡聚糖酶相比, β -淀粉酶的含量增加得更快,而蛋白质 Z7 似乎有相反的趋势,蛋白质 Z4 呈现增加趋势,蛋白质 Z7 呈递减趋势。

3 展望

随着蛋白质组学技术进一步的完善和发展,蛋白质组学在有关植物生长的分子机制和生化过程、不同植物物种的应激反应以及

植物育种的研究中发挥越来越重要的作用,且在耐受性作物和具有重要商业价值作物的研究中也发挥着重要的作用。蛋白质组学丰富其与转录组、基因组和代谢组的数据库相互联系,形成系统生物学关联性。采用蛋白质组分析与转录组学、种子组成和质量分析多技术相结合,从多角度、多层次进行全组分研究,使育种研究中提高作物的农艺特性成为可能。

已有的研究充分表明,应用蛋白质组学方法研究啤酒大麦和麦芽品种的差异、品质具有传统研究方法无法比拟的优势。啤酒大麦及麦芽中的蛋白质种类繁多,蛋白质之间的相互作用复杂,如何对样品中感兴趣的蛋白质进行制备并最大程度进行分离和准确鉴定,进一步研究目标蛋白质在啤酒大麦和麦芽中的变化情况和发挥作用的影响因素,将是今后啤酒大麦及麦芽中蛋白质组研究的重要内容。同时,随着对啤酒大麦及麦芽蛋白质组学研究的深入,各种分析检测手段更新和生物信息学丰富,蛋白质组学必将为其提供全面、多维的角度,为人们从整体、全面的视角理解啤酒大麦及麦芽蛋白质提供无限可能。

参考文献:

- [1] 顾国贤. 酿造酒工艺学[M]. 2 版. 北京: 中国轻工业出版社, 2006: 51-167.
- [2] QIU R, LU J. Improved hydrolase activity in barley and reduced malting time by adding phytase as an activator during malting steeping [J]. *Biotechnology Letters*, 2017, 39(12): 1889-1894.
- [3] 高雪, 郑俊杰, 贺福初. 我国蛋白质组学研究现状及展望[J]. *生命科学*, 2007(3): 257-263.
- [4] BUXBAUM E. *Fundamentals of protein structure and function*[M]. Springer US, 2007.
- [5] 陈捷. 农业生物蛋白质组学[M]. 北京: 科学出版社, 2009: 12-20.
- [6] GRAVES P R, HAYSTEAD T A J. *Molecular biologist's guide to proteomics*[J]. *Microbiology & Molecular Biology Reviews* Mmbr., 2002, 66(1): 39-63.
- [7] KAILASA S K, WU H F. Recent developments in nanoparticle-based MALDI mass spectrometric analysis of phosphoproteomes[J]. *Microchimica Acta*, 2014, 181(9-10): 853-864.
- [8] TAN B C, CHIN C F, SUSAN LIDDELL. Proteomic analysis of callus development in *Vanilla planifolia* Andrews[J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2013, 31(6): 1220-1229.
- [9] TOUZET P, RICCARDI F, MORIN C, et al. The maize two-dimensional gel protein database: towards an integrated genome analysis program [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1996, 93(5-6): 997-1005.
- [10] AGRAWAL G K, BOURGUIGNON J, ROLLAND N. Plant organelle proteomics: Collaborating for optimal cell function[J]. *Mass Spectrometry Reviews*, 2011, 30(5): 772-853.
- [11] CHEVALIER F. Highlights on the capacities of "Gel-based" proteomics[J]. *Proteome Science*, 2010, 8(1): 23-32.
- [12] KIM S T, KIM S G, AGRAWAL G K. Rice proteomics: A model system for crop improvement and food security[J]. *Proteomics*, 2014, 14(4-5): 593-610.
- [13] POMASTOWSKI P, BUSZEWSKI B. Two-dimensional gel electrophoresis in the light of new developments[J]. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 2014(53): 167-177.
- [14] ARRUDA S C, BARBOSA H S, AZEVEDO R A, et al. Two-dimensional difference gel electrophoresis applied for analytical proteomics: fundamentals and applications to the study of plant proteomics[J]. *Analyst*, 2011, 136(20): 4119-4126.
- [15] ABDALLAH C, DUMAS-GAUDOT E, REINAUT J, et al. Gel-based and gel-free quantitative proteomics approaches at a glance [J]. *International Journal of Plant Genomics*, 2012(10): 494-572.
- [16] COLGRAVE M L, GOSWAMI H, HOWITT

- C A, et al. Proteomics as a tool to understand the complexity of beer[J]. Food Research International, 2013, 54(1): 1001–1012.
- [17] RABILLOUD T, CHEVALLET M, LUCHE S, et al. Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: past, present and future [J]. Journal of proteomics, 2010, 73(11): 2064–2077.
- [18] GUPTA R, WANG Y, AGRAWAL G K, et al. Time to dig deep into the plant proteome: a hunt for low-abundance proteins[J]. Frontiers in Plant Science, 2015(6): 121–126.
- [19] ZHOU X, DING Y, WANG Y. Proteomics: present and future in fish, shellfish and seafood[J]. Reviews in Aquaculture, 2012, 4(1): 11–20.
- [20] RITER L S, JENSEN P K, BALLAM J M, et al. Evaluation of label-free quantitative proteomics in a plant matrix: A case study of the night-to-day transition in corn leaf[J]. Analytical Methods, 2011, 3(12): 2733–2739.
- [21] TAN B C, LIM Y S, LAU S E. Proteomics in commercial crops: An overview[J]. Journal of Proteomics, 2017(169): 176–188.
- [22] 徐银萍, 潘永东, 任 诚, 等. 干旱胁迫和复水对啤酒大麦产量品质及叶绿素含量的影响[J]. 甘肃农业科技, 2019(6): 19–24.
- [23] 张正英, 李静雯. 影响甘啤 5 号大麦幼胚愈伤组织诱导及植株再生的因素研究[J]. 甘肃农业科技, 2018(10): 5–9.
- [24] WEISS W, POSTEL W, GÖRG A. Barley cultivar discrimination: II. Sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis and isoelectric focusing with immobilized pH gradients[J]. Electrophoresis, 1991, 12(5): 330–337.
- [25] FINNIE C, BAGGE M, STEENHOLDT T, et al. Integration of the barley genetic and seed proteome maps for chromosome 1H, 2H, 3H, 5H and 7H[J]. Functional & Integrative Genomics, 2009, 9(1): 135–143.
- [26] FINNIE C, SVENSSON B. Barley seed proteomics from spots to structures[J]. Journal of Proteomics, 2009, 72(3): 315–324.
- [27] ŠEDO ONDREJ, KORVÁN MICHAL, JAKEŠ OVÁ MICHAELA, et al. Rapid assignment of malting barley varieties by matrix-assisted laser desorption-ionisation-Time-of-flight mass spectrometry[J]. Food Chemistry, 2016(206): 124–130.
- [28] 游丽华. 蛋白质组学技术在啤酒大麦品种鉴定中的应用研究[D]. 无锡: 江南大学, 2015.
- [29] MAHALINGAM, RAMAMURTHY. Shotgun proteomics of the barley seed proteome [J]. BMC Genomics, 2017, 18(1): 44.
- [30] JIN Z, MU Y W, SUN J Y, et al. Proteome analysis of metabolic proteins(pI 4–7) in barley (*Hordeum vulgare*) malts and initial application in malt quality discrimination[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2013, 61(2): 402–409.
- [31] 刘宝祥, 朴永哲, 翟明昌, 等. 大麦发芽过程中蛋白质组的变化研究[J]. 食品工业科技, 2013, 34(11): 108–111.
- [32] LI X, JIN Z, GAO F, et al. Comparative proteomic analysis of dan'er malts produced from distinct malting processes by two-dimensional fluorescence difference in gel electrophoresis (2D-DIGE)[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2014, 62(38): 9310–9316.
- [33] JIN Z, CAI G L, LI X M, et al. Comparative proteomic analysis of green malts between barley (*Hordeum vulgare*) cultivars[J]. Food Chemistry, 2014(151): 266–270.
- [34] RAMAMURTHY M. Temporal analyses of barley malting stages using shot-gun proteomics [J]. Proteomics, 2018, 18(15): 18000–18025.
- [35] STROUHALOVA D, BENKOVSKA D, BOB ALOVA J. iTRAQ-based quantitative proteomic analysis of key barley proteins reveals changes after malting[J]. Journal of Liquid Chromatography & Related Technologies, 2018, 41(17–18): 998–1003.

(本文责编: 郑立龙)