การประยุกต์ใช้เครื่องมือทางโปรตีโอมิกส์ในด้านคุณภาพและความปลอดภัยของเนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากสัตว์

Application of Proteomic Tools in Quality and Safety of Meat and Food of Animal Origin

ปองพล พงไธสงค์[1,2*], วุฒิชัย เคนไชยวงศ์[1] และ พิชญานิภา พงษ์พานิช[3]

Pongphol Pongthaisong[1,2*], Wootichai Kenchaiwong[1] and Pitchayanipa Phongphanich[3]

บทคัดย่อ: เนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากสัตว์ที่ปนเปื้อนเชื้อจุลชีพก่อโรคหรือมาจากแหล่งผลิตที่ไม่ถูกสุขลักษณะอาจก่อให้เกิดอันตรายต่อสุขภาพของผู้บริโภคได้ ความก้าวหน้าทางวิทยาการด้านการศึกษาโปรตีนในปัจจุบันก่อให้เกิดองค์ความรู้และการประยุกต์ใช้โปรตีโอมิกส์ ซึ่งมีประโยชน์หลายประการต่อวงการสัตวแพทย์สาธารณสุขโดยเฉพาะอย่างยิ่งการยกระดับมาตรฐานความปลอดภัยของเนื้อสัตว์ เช่น ข้อมูลโปรตีโอมิกส์ของโปรตีนในเนื้อสัตว์หรือโปรตีนของเชื้อก่อโรคที่มีการเปลี่ยนแปลงไปในบางสภาวะอาจนำไปสู่การค้นพบตัวบ่งชี้ทางชีวภาพที่บ่งบอกคุณลักษณะของเนื้อหรือกลไกทางชีวเคมีที่เกิดขึ้นภายหลังการฆ่าที่ส่งผลกระทบต่อคุณภาพเนื้อ รวมทั้งโปรตีโอมิกส์ยังมีประโยชน์อย่างมหาศาลต่อการระบุชนิดของเชื้อจุลชีพที่ปนเปื้อนมากับเนื้อสัตว์อย่างมีความแม่นยำ สะดวกและรวดเร็วช่วยให้การเฝ้าระวังและตรวจสอบเชื้อก่อโรคที่มาจากเนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากเนื้อได้อย่างมีประสิทธิภาพ ดังนั้นบทความปริทัศน์ฉบับนี้จึงได้รวบรวมแนวคิด ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องรวมทั้งผลงานวิจัยใหม่ที่แสดงให้เห็นความสำคัญของโปรตีโอมิกส์และการประยุกต์ใช้โปรตีโอมิกส์เพื่อยกระดับมาตรฐานความปลอดภัยของเนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากสัตว์

คำสำคัญ เนื้อสัตว์ เชื้อก่อโรคในอาหาร การแสดงออกของโปรตีน โปรตีโอม อาหารปลอดภัย

ABSTRACT: Pathogen-contaminated or non-hygiene meat and animal- origin products may be the cause of health hazard to the consumer. Recent advanced in protein study brings knowledge and application of proteomics which creates several aspects to the veterinary public health especially for the elevated the meat safety standard. For example, proteomics profiles of meat or foodborne pathogen under variation conditions leads to the discovery of biomarker which indicated meat characteristics or biochemical mechanism in post-mortem and resulted in meat quality. Moreover, the proteomics performs the greatly usefulness on meat-derived pathogen with

[1] สำนักวิชาการ คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44000
Academic Bureau, Faculty of Veterinary Science, Mahasarakham University,44000, Thailand

[2] หน่วยวิจัยสุขภาพเต้านมและน้ำนมคุณภาพ คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม มหาสารคาม 44000
Udder Health and Milk Quality Research Unit, Faculty of Veterinary Science, Mahasarakham University, Mahasarakham 44000, Thailand

[3] ภาควิชาสัตวศาสตร์ คณะทรัพยากรธรรมชาติ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ สงขลา 90112
Department of Animal Science, Faculty of Natural Resources, Prince of Songkla University, Songkla 90112, Thailand

* Corresponding author: pongphol.p@msu.ac.th

high precision, convenient, and rapid. This advantage facilitated the effective surveillance and investigation pathogens from meat and meat products. Therefore, this review article compiled concepts, theories, and novel research papers that illustrated the importance of proteomics and their application in order to improve the standard of meat safety animal- origin products.
Keyword: Meat, Foodborne pathogen, Protein expression, Proteome, Food safety

บทนำ

เนื้อสัตว์เป็นแหล่งโปรตีนและสารอาหารต่างๆ ที่จำเป็นสำหรับมนุษย์ในทุกภูมิภาคของโลก การควบคุมคุณภาพของเนื้อสัตว์จึงมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อผู้บริโภคเนื้อและผลิตภัณฑ์จากเนื้อสัตว์ ซึ่งจุฑารัตน์ (2555) ได้อธิบายให้เห็นว่าการควบคุมคุณภาพจำเป็นต้องบริหารจัดการให้ครอบคลุมทั้งห่วงโซ่อุปทานเนื้อสัตว์ เนื้อสัตว์ที่ปนเปื้อนเชื้อจุลชีพก่อโรคหรือมาจากแหล่งผลิตที่ไม่ถูกสุขลักษณะตั้งแต่ระดับฟาร์ม การขนส่ง การฆ่าและแปรรูปเป็นผลิตภัณฑ์อาจก่อให้เกิดอันตรายต่อสุขภาพของผู้บริโภคได้ในการผลิตสัตว์เพื่อบริโภคเนื้อจึงต้องคำนึงถึงคุณภาพและความปลอดภัยของอาหารที่เกี่ยวข้องกับเนื้อสัตว์หลายประการ เช่น การป้องกันโรคติดเชื้อที่เกิดจากการบริโภคอาหาร (food-borne diseases) และโรคติดต่อระหว่างสัตว์สู่คน (zoonotic diseases) การป้องกันโรคจากสัตว์สู่คนในกลุ่มพนักงานในโรงฆ่าสัตว์และโรงงานแปรรูปผลิตภัณฑ์จากสัตว์ รวมทั้งป้องกันการจำหน่ายเนื้อสัตว์ที่ด้อยคุณภาพ มีการปนเปื้อนสารเคมีหรือมีลักษณะเป็นที่น่ารังเกียจไม่เหมาะแก่การบริโภค การตระหนักถึงความปลอดภัยในการบริโภคอาหารทำให้ผู้ผลิตอาหารจำเป็นต้องควบคุมระบบการผลิตให้มีคุณภาพและได้มาตรฐานในทุกระดับตั้งแต่การผลิตในฟาร์มจนถึงโต๊ะอาหาร (from farm to table) ในช่วง 2 ทศวรรษที่ผ่านมาภายหลังจากมีการค้นพบลำดับจีโนมของมนุษย์ในปี ค.ศ. 2001 ได้มีการปฏิวัติความก้าวหน้าของการศึกษาด้านยีนและโปรตีนต่างๆในปศุสัตว์เกิดขึ้นตามมา ปัจจุบันวิธีการทางโปรตีโอมิกส์เป็นเครื่องมือที่ช่วยตอบคำถามต่างๆเชิงชีววิทยาในด้านอาหารปลอดภัยและประเด็นที่เกี่ยวข้องกับสัตว์ได้เป็นอย่างดี (Almeida et al., 2015) เนื่องจากภายใต้การตอบสนองทางชีววิทยาในแต่ละสภาวะนั้นสามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงของโปรตีนได้หลายชนิด โปรตีโอมิกส์จึงสามารถใช้ในการศึกษาโปรตีนได้นับร้อยหรือพันชนิดขึ้นอยู่กับโปรตีนที่แสดงออก นอกจากนี้ยังมีศักยภาพในการศึกษาโปรตีนที่มีปริมาณน้อยมากในระดับเฟมโตโมล (femtomole)ได้ สามารถเตรียมตัวอย่างได้ง่ายและใช้เวลาวิเคราะห์สั้น (Flaudrops et al., 2015) โปรตีโอมิกส์จึงมีบทบาททางการวิทยาศาสตร์หลายสาขา เช่น ด้านวิทยาศาสตร์การเกษตร การแพทย์และสาธารณสุข โดยเฉพาะมีบทบาทด้านการค้นพบตัวบ่งชี้ทางชีวภาพ (biomarker) และระบุชนิดของเชื้อจุลชีพได้ด้วย matrix assisted laser desorption ionization (MALDI) biotyper ดังนั้นวัตถุประสงค์ของบทความปริทัศน์นี้จึงนำเสนอผลงานวิจัยใหม่ที่ชี้ให้เห็นถึงความสำคัญของโปรตีโอมิกส์และการประยุกต์ใช้เครื่องมือทางโปรตีโอมิกส์เพื่อมาตรฐานความปลอดภัยของเนื้อสัตว์

1. โปรตีโอมิกส์

การแสดงออกของลักษณะปรากฏเป็นผลมาจากความผันแปรของพันธุกรรมและสิ่งแวดล้อมที่อยู่รอบๆตัว อย่างไรก็ตาม ความผันแปรของพันธุกรรมมักพบว่าก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงปริมาณโปรตีน โครงสร้างโปรตีน ซึ่งอาจส่งผลต่อการทำงานร่วมกันระหว่างโปรตีนและโปรตีน รวมถึงการทำงานของโปรตีนที่มีความซับซ้อนภายในกลไกทางชีว-โมเลกุลของของร่างกาย โปรตีโอมิกส์เป็นการศึกษาแบบแผนโปรตีนทั้งหมดของเซลล์ เนื้อเยื่อ หรือของเหลวในร่างกาย ของสิ่งมีชีวิตภายใต้สภาวะหนึ่งๆ เช่น กล้ามเนื้อ ตับ น้ำลาย ซีรั่มและน้ำตา เป็นต้น ซึ่งการศึกษาด้านโปรตีโอมิกส์เองเปรียบเสมือนสะพานเชื่อมระหว่างข้อมูลทางพันธุกรรมที่อยู่ในรูปของจีโนม (genome) และการทำหน้าที่ของเซลล์(cell function) เข้าไว้ด้วยกัน แต่อย่างไรก็ตาม เมื่อปัจจัยทางสภาพแวดล้อมเปลี่ยนไปจะส่งผลให้เกิดการตอบสนองในระดับโปรตีนที่เปลี่ยนไป ทั้งนี้ภายใต้การตอบสนองในแต่ละสภาวะ

นั้นสามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงของโปรตีนได้หลายชนิด โปรตีโอมิกส์จึงสามารถใช้ในการศึกษาโปรตีนได้นับร้อยหรือพันชนิดขึ้นอยู่กับโปรตีนที่แสดงออก ณ แต่ละสภาวะ นอกจากนี้ยังมีศักยภาพในการศึกษาโปรตีนที่มีปริมาณน้อยๆในระดับเฟมโตโมลได้ ปัจจุบันจึงมีการพัฒนางานวิจัยทางด้านโปรตีโอมิกส์มากขึ้นทำให้ทราบกลไกต่างๆ ในร่างกาย เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในด้านต่างๆ ทั้งในคนและปศุสัตว์ วิธีการทางโปรตีโอมิกส์ที่ศึกษากันในปัจจุบันถูกจัดหมวดหมู่ออกเป็น 6 ด้าน ได้แก่ การศึกษาการแสดงออกของโปรตีน (expression proteomics) อันตรกิริยาระหว่างโปรตีน(protein–protein interactions)การทำหน้าที่ของโปรตีน (functional proteomics) โปรตีนเชิงโครงสร้าง (structural proteomics) เหมืองโปรตีน (proteome mining) และการดัดแปลงโปรตีนหลังกระบวนการถอดรหัส(post-translational modifications) (Carbonaro, 2004)

2. โปรตีโอมิกส์กับความปลอดภัยทางอาหาร

ผู้บริโภคมีแนวโน้มตระหนักถึงผลกระทบต่อสุขภาพและความเป็นอยู่มากยิ่งขึ้นเรื่อยๆ โดยในบริบทเดียวกันนี้ บทบาทของคุณภาพของอาหารที่มีต่อสุขภาพนั้นกำลังเป็นประเด็นสำคัญ โดยเฉพาะปัจจัยเกี่ยวกับแหล่งที่มาของอาหารหรือการปราศจากสารปนเปื้อนมีอิทธิพลต่อการตัดสินใจ การเฝ้าระวังและตรวจสอบเชื้อก่อโรคที่มาจากอาหารอย่างรวดเร็วและมีความแม่นยำนั้นเป็นวิธีที่มีประสิทธิภาพในการควบคุมและป้องกันความเจ็บป่วยอันเนื่องมาจากการติดเชื้อที่มาจากอาหาร (food-borne pathogen) แต่อย่างไรก็ตามวิธีการตรวจหาเชื้อจุลชีพตามวิธีการดั้งเดิมนั้นใช้ระยะเวลานานและสิ้นเปลืองแรงงาน ดังนั้นวิทยาการสมัยใหม่ที่ก้าวหน้าอย่างโปรตีโอมิกส์จึงก้าวเข้ามามีบทบาทในการเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจหาเชื้อจุลชีพซึ่งล่าสุดนี้มีหลักฐานที่ยืนยันได้ว่าเชื้อก่อโรคที่มาจากอาหารได้แก่ *Salmonella* typhimurium, *Campylobacter jejuni*, *Listeria monocytogenes* และ *Escherichia coli* ซึ่งเป็นเชื้อก่อโรคที่มาจากอาหารที่มีอุบัติการณ์สูงสุด (Cook et al., 2012) สามารถจำแนกได้ด้วยการใช้การวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์ (Bassols et al., 2014) ทั้งนี้การศึกษาโปรตีโอมิกส์ของเชื้อก่อโรคชนิดต่างๆที่มีสาเหตุมาจากอาหารมีหลากหลายวัตถุประสงค์ ได้แก่ การศึกษาการปรับตัวของเชื้อก่อโรคตามสภาวะแวดล้อมต่างๆ รวมทั้งการวิเคราะห์ปัจจัยก่อความรุนแรงของเชื้อก่อโรค (virulence factor) และเครือข่ายความสัมพันธ์ของโปรตีนที่มีบทบาทในพยาธิกำเนิดของโรค

แบคทีเรีย *Salmonella* เป็นเชื้อก่อโรคที่พบได้บ่อยและอาจก่อให้ผู้บริโภคเนื้อสัตว์ที่ปนเปื้อนเชื้อนี้เกิดอันตรายถึงชีวิตได้ การตรวจหาเชื้อและจำแนกชนิดได้อย่างรวดเร็วจึงมีความสำคัญในการเฝ้าระวังการเกิดโรค Salmonellosis (McFarland et al., 2014)ก่อนหน้านี้การจำแนก Serotyping ของเชื้อ *Salmonella* พบว่ามีอยู่มากกว่า 2500 serovars และต้องใช้เวลาค่อนข้างนาน แต่อย่างไรก็ตามยังมี Gekenidis (2014) ซึ่งได้ใช้เทคนิคทางโปรตีโอมิกส์ที่เรียกว่า MALDI TOF-MS/MS (matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry) ในการจำแนกสกุล(genus) และ ชนิด(species) ของเชื้อ *Salmonella* พบว่ามีความถูกต้องและรวดเร็วกว่าวิธีการดั้งเดิม ซึ่งเทคนิค MALDI TOF-MS/MS เป็นการตรึงโปรตีนหรือเปปไทด์กับผลึกของ matrix และยิงแสงเลเซอร์ลงบนตัวอย่างโปรตีนให้เกิดการแตกตัวเป็นไอออนแล้วเคลื่อนที่ไปตามท่อสุญญากาศที่มีสนามไฟฟ้า หากสารที่ถูกยิงนั้นมีมวลโมเลกุลน้อยจะเคลื่อนที่ไปได้เร็วกว่าสารที่มีมวลโมเลกุลมากและตกกระทบที่ตัวตรวจจับ (detector) ระยะเวลาที่ไอออนเคลื่อนที่ไปจนตกกระทบที่ตัวตรวจจับเรียกว่า time-of-flight (TOF) สามารถนำมาวิเคราะห์น้ำหนักโมเลกุลของแต่ละเปปไทด์ที่อยู่ในโปรตีนได้แล้วจึงเทียบกับสายเปปไทด์ในฐานข้อมูลเพื่อระบุชนิดของโปรตีนสำหรับการจำแนกชนิดของเชื้อจุลชีพได้ นอกจากนี้ยังมีรายงานของ McFarland et al. (2014)ที่ใช้เทคนิคทางโปรตีโอมิกส์ที่เรียกว่า Liquid chromatography mass spectrometry (LC-MS) ในการจำแนกได้ถึงระดับ subspecies ซึ่งเทคนิค LC-MS นี้คือการแยกโปรตีนที่อยู่ในสภาวะของเหลวด้วยวิธี Liquid chromatography และเกิดแหล่งกำเนิดไอออนแบบ electrospray ionization (ESI) ซึ่งสามารถระบุชนิดของโปรตีนด้วยวิธี mass

spectrometry โดยมวลของสารจะถูกตรวจวัดด้วย mass analyzer ทั้งนี้ผลลัพธ์ที่ได้จากการวิเคราะห์สามารถนำไปใช้เปรียบเทียบในเชิงปริมาณได้จึงมีประโยชน์ในด้านการแสดงออกของโปรตีนในสภาวะที่แตกต่างกัน (Becker and Bern, 2011) ตัวอย่างเช่นการศึกษาของ Calhoun et al. (2010) โดยการวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์เชิงเปรียบเทียบเพื่อศึกษาผลของกรดโพรพิโอนิกซึ่งนิยมใช้เป็นสารถนอมคุณภาพอาหารและเมตาบอลิสมของเชื้อแบคทีเรีย *Salmonella* พบว่ามีเชื้อที่มีการปรับตัวตอบสนองต่อสภาวะที่ได้รับกรดโพรพิโอนิก โดยพบโปรตีนหลายชนิดที่มีความแตกต่างกัน ดังนั้นการวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์เชิงเปรียบเทียบในเชื้อที่ตอบสนองต่อสภาวะที่เปลี่ยนแปลงไปจากสภาวะปกติของเชื้ออาจนำไปสู่การค้นพบปัจจัยก่อความรุนแรงชนิดใหม่ของเชื้อชนิดนั้นและเป็นประโยชน์ต่อการค้นคว้าแนวทางในการลดผลกระทบจากปัจจัยก่อความรุนแรง

Campylobacter spp. เป็นเชื้อแบคทีเรียแกรมลบที่เป็นสาเหตุสำคัญของการเกิดโรคอาหารเป็นพิษชนิดเฉียบพลัน ก่อโรคอุจจาระร่วงเฉียบพลันในมนุษย์ เป็นเชื้อประจำถิ่นในลำไส้ไก่และสัตว์ปีก เชื้อก่อโรคจะเจริญได้ดีที่อุณหภูมิ 42 องศาเซลเซียส ผู้ป่วยได้รับเชื้อจากการบริโภคอาหารที่มีการปนเปื้อน โดยเฉพาะเนื้อไก่, เครื่องในไก่, และเนื้อสุกร นอกจากนี้ยังพบเชื้อดังกล่าวปนเปื้อนในน้ำ น้ำนมดิบนอกจากนี้ยังมีคุณสมบัติในการปรับตัวต่อความการเปลี่ยนแปลงของสิ่งแวดล้อมได้เป็นอย่างดีทำให้เชื้อสามารถแบ่งตัวเพิ่มจำนวนได้ดีแม้อยู่ในสภาวะที่มียาปฏิชีวนะก็ตาม การวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์จาก Outer membrane vesicle proteins ของเชื้อ *Campylobacter jejuni* พบโปรตีนหลายชนิดที่มีบทบาทในการเกิดอันตกริยาของเชื้อและสิ่งแวดล้อม ได้แก่ โปรตีนที่เกี่ยวข้องกับการใช้สารอาหาร การเกาะติดและบุกรุกเข้ารวมทั้งโปรตีนที่เกี่ยวข้องกับกลไกการดื้อยาปฏิชีวนะ (Watson et al., 2014)

การวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์เชิงเปรียบเทียบของ extracellular proteins ของเชื้อ *Clostridium perfringens* type A และ type C ด้วยการศึกษาโปรตีนโดยใช้เทคนิค 2D gel electrophoresis และ MALDI TOF พบโปรตีนที่แตกต่างไปจากแบคทีเรียแกรมบวกชนิดอื่นๆที่เคยมีรายงานมาก่อนหน้านี้ ได้แก่ โปรตีน SagA, DnaK type molecular chaperone hsp70, และendo beta *N*-acetylglucosaminidase (Sengupta et al., 2010) จากการค้นพบโปรตีนที่มีความแตกต่างจากโปรตีนในเชื้อแบคทีเรียชนิดอื่นๆจึงทำให้โปรตีนกลุ่มนี้มีศักยภาพในการนำไปพัฒนาเป็นตัวบ่งชี้ทางชีวภาพต่อไป

นอกเหนือจากการประยุกต์ใช้โปรตีโอมิกส์ในการวิเคราะห์ทางจุลชีววิทยาในด้านความปลอดภัยทางอาหารแล้ว โปรตีโอมิกส์ยังสามารถนำมาประยุกต์ใช้กับการวิเคราะห์การตกค้างของสารเคมีโดยเฉพาะอย่างยิ่งสารเร่งการเจริญเติบโตกลุ่มเบต้าอะดรีเนอจิก อะโกรนิสต์ (β - Adrenergic Agonists)ถูกนำมาใช้ปรับคุณภาพซากให้มีสีแดงสวย มีไขมันน้อย และมีประสิทธิภาพการใช้อาหารดีขึ้น แต่กลับส่งผลเสียต่อสุขภาพของผู้บริโภคเมื่อมีปริมาณของสารดังกล่าวตกค้างในเนื้อสัตว์ในปริมาณที่เกินระดับกำหนดอาจเป็นผลให้ผู้บริโภคมีความเสี่ยงในการเกิดมะเร็ง ซึ่งตามประกาศกระทรวงสาธารณสุขนั้นกำหนดให้อาหารทุกชนิดต้องตรวจไม่พบการปนเปื้อนสารเคมีกลุ่มเบต้าอะดรีเนอจิก อะโกรนิสต์(ประกาศกระทรวงสาธารณสุข, 2546) ทั้งนี้ Della Donna et al. (2009) ได้พัฒนาต้นแบบของการตรวจหาตัวบ่งชี้ระดับโมเลกุลเพื่อตรวจหาสารเร่งการเจริญเติบโตชนิดต่างๆ ได้แก่ 17β-estradiol (17βE), 17β-testosterone (17βT) และ glyburide กับ androsterone ด้วยเทคนิค MALDI-TOF-MS proteomics พบว่าโปรตีนจากตัวอย่างซีรัมซึ่งมีขนาด 3–20 kDa มีศักยภาพในการเป็นตัวบ่งชี้ระดับโมเลกุลได้ การค้นพบดังกล่าวนี้เป็นประโยชน์ต่อการตรวจหาสารเร่งการเจริญเติบโตในระดับต่ำที่ตกค้างในเนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์เนื้อสัตว์ได้

3. โปรตีโอมิกส์กับคุณภาพเนื้อสัตว์

คุณภาพเนื้อสัตว์หมายถึง ลักษณะต่างๆของเนื้อสัตว์ที่เป็นที่ต้องการของผู้บริโภคในการเลือกซื้อไปเป็นวัตถุดิบในการประกอบอาหารและ

ผลิตภัณฑ์ชนิดต่างๆ ทั้งนี้ความต้องการของผู้บริโภคมีความแตกต่างกันไปตามสภาพสังคมและวัฒนธรรม (Purslow, 2017) คุณลักษณะต่างๆของเนื้อสัตว์ที่ผู้บริโภคมักให้ความสำคัญในการพิจารณาเลือกซื้อ ได้แก่ ความนุ่ม (tenderness) ความชุ่มฉ่ำ (juiciness) กลิ่น (flavor) และสี (color) (Miller et al., 2001) ตัวชี้วัดคุณภาพเนื้อนั้นมีปัจจัยต่างๆมากมายที่เป็นตัวกำหนดเนื่องจากผู้บริโภคมีความแตกต่างของเชื้อชาติ สภาพทางเศรษฐกิจและสังคม รวมทั้งความเชื่อทางศาสนาอันมีอิทธิพลต่อตัวชี้วัดด้านคุณภาพเนื้อ เทคโนโลยีหลายด้านถูกนำมาประยุกต์ใช้ในการค้นหาตัวชี้วัดคุณภาพเนื้อเพื่อวัตถุประสงค์ด้านปรับปรุงคุณภาพของเนื้อในลักษณะต่างๆ ได้แก่

- การค้นหาตัวชี้วัดโดยใช้เทคนิคด้านทรานสคริปโตมิกส์ (transcriptomics, โปรตีโอมิกส์ (proteomics), ชีวสาร สนเทศ (bioinformatics) และชีวเคมี (biochemistry)
- การศึกษาเพื่อให้เข้าใจบทบาทหน้าที่ทางชีวิทยาซึ่งเกี่ยวข้องกับลักษณะความนุ่มหรือสีของเนื้อ
- การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของตัวชี้วัดและคุณลักษณะของเนื้อโดยใช้ประชากรสัตว์ปริมาณมากร่วมกับวิธีการศึกษาที่ให้ผลการวิเคราะห์ครั้งละมากๆ (high-throughput methods)
- การนำเสนอสมการทำนาย
- การออกแบบการทดสอบทางอณูชีววิทยาเพื่อประเมินหรือทำนายคุณภาพทางประสาทสัมผัสของเนื้อเพื่อใช้ในการประเมินที่ฟาร์มเลี้ยงสัตว์หรือโรงฆ่าสัตว์ (Cassar-Malek and Picard, 2016)

โปรตีโอมิกส์ถูกนำมาใช้ในแง่การศึกษาความแตกต่างของโปรตีน ณ สภาวะต่างๆเพื่อให้ทราบถึงองค์ความรู้ด้านโปรตีนที่จะช่วยนำไปใช้ในการปรับปรุงคุณลักษณะของเนื้อในด้านต่างๆ เช่น การศึกษาของ Xu et al. (2009) ได้เปรียบเทียบโปรตีโอมิกส์จากเนื้อสุกรพันธุ์ 2 สายพันธุ์ ได้แก่ พันธุ์ลาร์จไวท์ และเหมยซาน ซึ่งมีลักษณะเด่นประจำพันธุ์ คือ พันธุ์ลาร์จไวท์ มีอัตราการเจริญเติบโตดีให้เนื้อที่มาก ส่วนพันธุ์เหมยซานมีไขมันแทรกในกล้ามเนื้อมาก เนื้อมีสีแดงสด ซึ่งการวิเคราะห์โปรตีโอมิกส์โดยใช้ 2D gel electrophoresis และ mass spectrometry ได้ผลพบโปรตีนที่มีความแตกต่างของโปรตีนจำนวน 25 ตำแหน่ง ซึ่งมีจำนวน 14 ตำแหน่งที่สามารถระบุชนิดของโปรตีนได้ และจำแนกออกโปรตีนเหล่านี้ออกเป็นกลุ่มๆตามหน้าที่ของโปรตีน ได้แก่ โปรตีนที่เกี่ยวข้องกับเมทาบอลิสมของพลังงาน ภูมิคุ้มกัน สภาวะเครียด และ myofibrillar filament ของกล้ามเนื้อ จากนั้นได้ใช้เทคนิค real time-PCR เพื่อศึกษาการแสดงออกของ mRNA ในเชิงปริมาณ ทำให้ทราบว่าสุกรพันธุ์เหมยซานมี filament ของกล้ามเนื้อแบบ IIa และ IIx fibers ในสัดส่วนที่สูง ส่วนพันธุลาร์จไวท์มีสัดส่วนของกล้ามเนื้อแบบ IIb ในสัดส่วนที่สูง ซึ่งองค์ความรู้ที่ได้เป็นประโยชน์ในการศึกษาด้านประสิทธิภาพการเจริญเติบโตและคุณภาพซากภาพรวมของการศึกษาโปรตีโอมิกส์ที่เกี่ยวข้องกับคุณลักษณะของเนื้อสัตว์ ได้แสดงไว้ใน Table 1

3.1 โปรตีโอมิกส์กับความเครียดก่อนการฆ่าและผลกระทบต่อคุณภาพเนื้อ

ลักษณะด้อยคุณภาพของเนื้อบางประการมีความสัมพันธ์ความเครียดของสัตว์ก่อนกระบวนการฆ่า (pre-slaughter stress) ซึ่งส่งผลกระทบต่อคุณภาพของเนื้อ (Picard et al., 2010) ความเครียดของสัตว์ก่อนกระบวนการฆ่า อาจเกิดจากการเปลี่ยนแปลงสถานที่ การขนส่งสัตว์ ระยะเวลาในการขนส่ง การขนย้ายสัตว์ขึ้นและลง ระยะเวลาในการพักสัตว์ก่อนฆ่า และความเครียดที่เกิดขึ้นจากกลิ่นที่ไม่คุ้นเคย เสียงร้องของสัตว์ตัวอื่นกรงขังที่หนาแน่น รวมทั้งการปฏิบัติที่ทารุณอาจเป็นปัจจัยทำให้สัตว์เกิดความเครียดส่งผลให้เกิดการสูญเสียน้ำหนักตัว มีการศึกษาพบว่าความเครียดในขั้นตอนการพักสัตว์ก่อนการฆ่านั้นจะส่งผลต่อคุณภาพเนื้อของสุกรมากที่สุด (Warriss et al., 2003) และการเปลี่ยนแปลงของคุณลักษณะของเนื้อต่างที่เกิดขึ้นได้แก่ การเกิดเนื้อซีดและเหลว (Pale soft exudative; PSE) หรือการเกิดเนื้อมีสีคล้ำและแห้งแข็ง (Dark firm dry; DFD) เป็นต้น ความเครียดส่งผลให้เกิดกระบวนการไกลโคไลซิสของกล้ามเนื้อ โดยทั่วไปกระบวนการไกลโคไลซิสจะเกิดอย่างรวดเร็วในสัตว์ที่มีชีวิตเนื่องมาจากอิทธิพลจากฮอร์โมนคอร์ติซอลที่ถูกกระตุ้นจากสภาวะที่เกิดความเครียดหรือการออกกำลังกาย

โดยกระบวนการไกลโคไลซิสจะส่งผลให้เกิดการสลายไกลโคเจนที่กล้ามเนื้อแล้วเปลี่ยนเป็นกรดแลกติก ซึ่งพบว่าหากสัตว์ใช้ระยะเวลาในการขนส่งนานหรือถูกกักในคอกพักสัตว์นานเกินโดยอดอาหารนานเกินไปไปจะส่งผลให้ร่างกายนำไกลโคเจนที่สะสมในกล้ามเนื้อมาใช้เป็นพลังงานทำให้มีไกลโคเจนที่สะสมในกล้ามเนื้อลดลง ดังนั้นการพักสัตว์ที่นานเกินไปจะส่งผลให้เกิด DFD ได้ (Costa et al., 2002)สำหรับสุกรที่มีเวลาพักสัตว์น้อย หรือการที่สุกรที่ไม่คุ้นเคยกันมาอยู่รวมกันในคอกพักสัตว์ทำให้เกิดการต่อสู้ส่งผลให้เกิดความเครียด ทำให้เกิดการกระตุ้นการหลั่งของฮอร์โมนคอร์ติซอลจะส่งผลให้กระตุ้นให้เกิดกระบวนการไกลโคไลซิสเร็วขึ้นทำให้เนื้อเกิดเป็นลักษณะ PSE ได้ (วิพิชญ์, 2553)

รายงานของ Franco et al., (2015) ศึกษาความแตกต่างระหว่างตัวอย่างเนื้อ DFD และเนื้อปกติที่ไม่ใช่ DFD พบการเปลี่ยนแปลงรูปแบบโปรตีนทั้งหมด (proteome) ในกล้ามเนื้อ longissimus thoracis ที่เชื่อมโยงกับสภาวะเครียดก่อนการฆ่าของโค ซึ่งการศึกษานี้ใช้การแยกโปรตีนแบบ 2 มิติและจำแนกชนิดของจุดโปรตีนที่ได้โดยการวิเคราะห์ Mass spectrum (LC-MS/MS and MALDI TOF/TOF MS) ในตัวอย่างเนื้อ DFD เมื่อเปรียบเทียบกับเนื้อปกติที่ไม่ใช่ DFD มีจำนวนโปรตีนทั้งหมดที่แสดงออกแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ 10 ชนิด กลุ่มแรกจำนวน 7 ชนิดเป็นโปรตีนกลุ่มที่มีบทบาทในการเป็นโปรตีนโครงสร้างและเกี่ยวข้องกับการหดตัวของกล้ามเนื้อ ได้แก่ myosin light chain จำนวน 3 isoforms, skeletal myosin light chain จำนวน 2 isoforms, troponin C type 2 และ cofilin-2 นอกจากนี้ยังมีกลุ่มที่เป็นเอนไซม์ซึ่งเกี่ยวข้องกับเมแทบอลิซึม ของกล้ามเนื้ออีก 3 ชนิด คือ triosephosphate isomerase, ATP synthase และ beta-galactoside alpha-2, 6-sialyltransferase ความแตกต่างในการแสดงออกของโปรตีนเหล่านี้จึงอาจใช้เป็นตัวบ่งชี้ความเครียดก่อนการฆ่าและความเสี่ยงต่อการเกิด DFD ได้

การด้อยคุณภาพของเนื้อในลักษณะ PSE นั้นมักพบได้ในเนื้อสุกรโดยพบในสุกรสายพันธุ์เปียแตรง (Pietrain) ซึ่งมีการกลายพันธุ์ (mutation) ของยีน Ryr อย่างไรก็ตามสามารถพบเนื้อที่เป็นการด้อยคุณภาพแบบ PSE-like ได้ในสัตว์ที่เกิดความเครียดก่อนการฆ่าเนื่องจากเกิดการหลั่งฮอร์โมนคอร์ติซอลและแคทีโคลามีน (cathecholamine) เข้าสู่กระแสเลือดทำให้เกิดการสลายไกลโคเจนและปฏิกิริยาทางชีวเคมีที่เกิดขึ้นตามมา Laville et al. (2009) ได้ศึกษาแบบแผนของโปรตีนโอมระหว่างสุกรกลุ่มต่างๆ ที่มีรูปแบบจีโนไทป์ของยีน Ryr ที่แตกต่างกัน ได้แก่ nn(homozygous) Nn(heterozygous) ซึ่งเป็นตัวพาหะและ NN ที่ไม่ใช่ตัวพาหะ พบว่าโปรตีนในกล้ามเนื้อสุกรจีโนไทป์ nn มีโปรตีนกลุ่มที่ทำหน้าที่ในวิถีออกซิเดชัน (oxidative metabolic pathway) และกลุ่มที่มีคุณสมบัติเป็นสารต้านอนุมูลอิสระ (antioxidants) ที่น้อยกว่าจีโนไทป์รูปแบบอื่นๆ แต่กลับมีโปรตีนที่เป็นโปรตีนส่วนที่แตกหักมากกว่าจีโนไทป์รูปแบบอื่นๆ รวมทั้งพบว่ามีโปรตีนกลุ่ม small heat shock proteins และ myofibrillar proteins ในระดับต่ำจึงเป็นเหตุผลที่อธิบายผลที่เกิดขึ้นกับกล้ามเนื้อเมื่อ pH ต่ำลง นอกจากนี้ยังมีรายงานของ Huang et al. (2011) ซึ่งได้ศึกษาฟอสโฟโปรตีโอมิกส์ในเนื้อสุกรที่เผชิญกับความเครียดก่อนการฆ่านั้นเมื่อจำแนกชนิดของโปรตีนที่ได้พบว่า ฟอสโฟโปรตีน (โปรตีนที่มีการเติมหมู่ฟอสเฟตเข้าไป) ส่วนใหญ่นั้นเกี่ยวข้องกับเอนไซม์ต่างๆ ในขั้นตอนเมทาบอลิสมของไกลโคเจนและบางชนิดเป็นโปรตีนที่ตอบสนองต่อสภาวะเครียด การเมทาบอลิสมของ phosphocreatine โดยมีปฏิกิริยา phosphorylation โปรตีนชนิดที่สำคัญ ได้แก่ pyruvate kinase และ triosephosphateisomerase-1 ที่แสดงความสัมพันธ์กับการลดลงของ pH ในกล้ามเนื้อภายหลังการฆ่า

3.2 โปรตีโอมิกส์กับการตรวจสอบย้อนกลับในเนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากเนื้อสัตว์

วิกฤตการณ์อาหารปลอมปนเนื้อม้าในอาหารในปี 2013 ที่ผ่านมา ทำให้นักวิจัยต่างๆ คิดค้นและพัฒนาเครื่องมือที่จะช่วยยืนยันหรือตรวจสอบการปนเปื้อนหรือปลอมปนเนื้อสัตว์ชนิดต่างๆ เพิ่มขึ้นอย่างมาก เช่น การตรวจสอบด้วย

ข้อมูลดีเอ็นเอเพื่อจำแนกชนิดของสัตว์ ด้วยเทคนิค species specific -PCR และตรวจสอบการปนเปื้อนด้วยเทคนิค duplex หรือ multiplex PCR รวมถึงการพัฒนาเทคนิคที่รวดเร็วมากขึ้น เช่น qPCR melting curve และ High resolution melting real time PCR เป็นต้น อย่างไรก็ตาม ปัจจุบันมีการนำใช้และพัฒนาเทคนิคทางด้านโปรตีโอมิกส์เพื่อเป็นทางเลือกหนึ่งในการศึกษาเกี่ยวกับความปลอดภัยในเนื้อสัตว์ เพื่อการตรวจสอบการปลอมปน หรือการแทนที่เนื้อสัตว์ น้ำนม หางนม เจลาติน หรือผลผลิตจากสัตว์อื่นๆ ที่ไม่ใช่ผลิตภัณฑ์ที่แท้จริง ซึ่งมีราคาถูกกว่า และส่งผลกระทบทางเศรษฐกิจและสุขภาพของผู้บริโภค ข้อดีของวิธีโปรตีโอมิกส์ คือ สามารถตรวจสอบไปยังชนิด พันธุ์ และเนื้อเยื่อของสัตว์ที่มีการปลอมปน เช่น เนื้อ น้ำนม หรือ ไข่ เป็นต้น สามารถระบุชนิดของโปรตีน ขนาดของโปรตีน (protein/peptide marker) หรือโปรตีนโปรไฟล์ (whole protein profile) ตรวจสอบโปรตีนที่มีปริมาณน้อยๆ ได้ อีกทั้งโครงสร้างของโปรตีนมีความเสถียรกว่าโครงสร้างดีเอ็นเอ (Buckley et al., 2013; Montowska and Pospiech, 2013) มีการพัฒนาออกในรูปชุด kit สำเร็จรูปออกมาจำหน่าย เช่น ชุดตรวจเนื้อสุกรหรือสิ่งปลอมปนในอาหารฮาลาล ด้วย enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) (test-stripe based) เพื่อใช้ในการตรวจสอบเบื้องต้น ก่อนยืนยันผลทางห้องปฏิบัติการ อย่างไรก็ตามการใช้เทคนิค ELISA ยังไม่แม่นยำมากนัก กรณีตรวจสอบในเนื้อสัตว์ที่มีการปนเปื้อนหลายชนิด ขณะที่ SDS-PAGE มีข้อจำกัด ทราบเพียงแค่ขนาด แต่ไม่ทราบชนิดของโปรตีนและไม่สามารถตรวจสอบโปรตีนที่มีปริมาณน้อยๆ ได้ (von Bargen et al., 2014) โดยเทคนิคที่นิยมใช้ได้แก่ two-dimensional sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide electrophoresis (2D SDS-PAGE) และ mass spectrometry (MS) เป็นต้น โดย MS เป็นวิธีการที่รวดเร็ว สามารถทราบระบุชนิดและขนาดของโปรตีน สามารถแยกโปรตีนได้ครั้งละมากๆ วิธี Mass spectrometry สามารถแบ่งออกเป็น 2 วิธี ตามวิธีการแยกโปรตีน คือ วิธี Gel base เป็นแยกโปรตีนเบื้องต้นด้วย เทคนิคอิเล็กโทรโฟเรซิส เช่น 2D-PAGE ซึ่งโปรตีนจะถูกแยกตามขนาดและค่า isoelectric point (pI) ได้แก่ เทคนิค matrix assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF-MS) และ วิธี Gel free เป็นอีกวิธีที่ใช้ในการแยกเปปไทด์หรือโปรตีน โดยไม่ต้องตรวจสอบด้วยเจล สามารถนำตัวอย่างโปรตีนที่อยู่ในรูปของเหลว มาผ่านกระบวนการย่อยด้วยเอนไซม์ทริปซินได้เป็นสายเปปไทด์ แล้วนำไปวิเคราะห์ต่อด้วย MS หรือตรวจสอบด้วย SDS-PAGE ได้เลย เช่น เทคนิค liquid chromatography–MS techniques (LC–MS), High-Performance Liquid Chromatography – Tandem Mass Spectrometry (HPLC-MS/MS), Ultra-Performance Liquid Chromatography (UHPLC) และ liquid extraction surface analysis mass spectrometry (LESA-MS) (von Bargen et al., 2014; Montowska et al., 2014; Giaretta et al., 2013; Herrero et al., 2012)

นอกจากนี้โปรตีนหรือเปปไทด์ ที่ใช้เป็นตัวบ่งชี้หรือเครื่องหมายนั้น (Protein/peptide marker) จะต้องมีการแสดงออกและลำดับกรดอะมิโนที่แตกต่างกันในสัตว์แต่ละชนิด ส่วนใหญ่เป็นโปรตีนที่มีส่วนในการควบคุมการทำงานภายในเซลล์ เป็นไมโอไฟบริลลาร์โปรตีนซึ่งเป็นโปรตีนที่พบได้มากในกล้ามเนื้อ โปรตีนที่ทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ที่ทำงานเกี่ยวการควบคุมเมแทบอลิซึม และการตอบสนองต่อภูมิคุ้มกัน เช่น albumin, actin, myoglobin และtropomyosin ซึ่งเป็นโปรตีนที่มีความทนต่อความร้อน (Montowska et al., 2014) อย่างไรก็ตาม โปรตีนเครื่องหมายที่นิยมใช้คือ ไมโอโกลบิล myoglobin (Mb) เป็นโปรตีนที่มีขนาดเล็ก มีขนาดน้ำหนักประมาณ 14–18 kDa พบในกล้ามเนื้อลายและกล้ามเนื้อหัวใจ ทำให้เนื้อสัตว์มีสีแดงหรือสีชมพู (Mancini and Hunt, 2005) มีหน้าที่จับกับโมเลกุลออกซิเจน เพื่อเก็บสะสมและขนส่งไปยังไมโตคอนเดรียเพื่อใช้ในปฏิกิริยาออกซิเดชั่น โดยเมื่อย่อยไมโอโกลบิลด้วยเอนไซม์ทริปซิน สามารถแยกความแตกต่างระหว่างไมโอโกลบิลของสัตว์แต่ละชนิดได้ เช่น ในโคมีรูปแบบดังนี้ HPSDFGADAQAAMSK ขณะที่ในม้ามีรูปแบบเป็น HPGDFGADAQGAMTK (Giaretta et al., 2013; Watson et al., 2015) นอกจากนี้ยังมีการ

ศึกษาโปรตีนตัวอื่นๆ ที่มีศักยภาพโดยมีความแตกต่างระหว่างชนิดสัตว์ค่อนข้างสูง ได้แก่ โปรตีนที่ทำหน้าที่ควบคุม HSP27 และ H-FABP และโปรตีนที่ทำหน้าที่เป็นเอนไซม์ในกระบวนการเมแทบอลิซึม ได้แก่ ATP synthase, cytochrome bc-1 subunit 1 troponin I (TnI), enolase3, L-lactate dehydrogenase (LDH), triose-phosphate isomerase (TPI)และ alpha-ETF (Montowska and Pospiech, 2013)

การใช้วิธีทางโปรตีโอมิกส์สามารถตรวจสอบย้อนกลับในผลิตภัณฑ์ต่างๆ เช่น เนื้อ น้ำนม ชีส หางนม หรือแม้กระทั่งอาหารที่มีองค์ประกอบด้วยกันหลายชนิด เช่น ซอส เป็นต้น Ultra-Performance Liquid Chromatography โดยใช้ไมโอโกลบิลเป็นเครื่องหมาย สามารถตรวจสอบพบสัดส่วนเนื้อสุกรต่อเนื้อโคที่ระดับ 5% (25 mg/500 mg) และสามารถตรวจสอบสัดส่วนเนื้อม้าต่อเนื้อโคที่ระดับ 0.1% (0.50 mg/0.50 g) (Giaretta et al., 2013; Di Giuseppe et al., 2015) จำแนกความแตกต่างระหว่างเนื้อโคและสุกรที่ผสมอยู่ในซอสเนื้อ โดยสกัดโปรตีน และนำไประบุชนิดและขนาดของเปปไทด์ด้วยวิธี Mass spectrometry ซึ่งสามารถตรวจพบเปปไทด์ที่มีความจำเพาะกับเนื้อสุกรและเนื้อโคได้ สามารถตรวจพบปริมาณของเปปไทด์ของเนื้อโคและสุกรที่ระดับ 0-100% โดยเปปไทด์ดังกล่าว เป็นองค์ประกอบของ alpha 2-collagen chain

นอกจากนี้เทคนิคทางโปรตีโอมิกส์ยังสามารถใช้ในการตรวจสอบคุณภาพอาหารชนิดอื่นๆ นอกเหนือจากเนื้อสัตว์แล้ว Camerini et al. (2016) ตรวจสอบการแทนที่ชีส (Italian ricotta cheese) ที่ทำจากน้ำนมกระบือ แพะหรือแกะด้วยหางนมโค (cow whey) โดยใช้เปปไทด์ที่มีความจำเพาะ จำนวน 3 ชนิด คือ b-LGB C-terminal peptide (trypsin), b-LGA and b-LGB (118–140) peptide (trypsin) และ a-LA (33–55) peptide (AspN) ในการบ่งชี้ ด้วยเทคนิค MALDI-TOF-MS และ LC–MS ผลการศึกษาพบว่าวิธีการดังกล่าวสามารถตรวจพบการแทนที่หางนมโคลงในชีสจากน้ำนมกระบือ แพะ และแกะ ที่ระดับต่ำสุดเท่ากับ 5% เช่นเดียวกับ Di Girolamo et al. (2014)ใช้เทคนิค MALDI-TOF MS Fingerprinting ในการตรวจสอบการปลอมปนน้ำนมแพะและน้ำนมลาด้วยจากการใช้น้ำนมจากโค กระบือ และแกะ โดยอาศัยความแตกต่างของโปรตีนโปรไฟล์ของโปรตีนในน้ำนมของสัตว์แต่ละชนิด ซึ่งสามารถตรวจพบการปลอมปนน้ำนมจากสัตว์ชนิดอื่นลงในน้ำนมแพะและน้ำนมลาที่ระดับต่ำสุดเท่ากับ 5% ขณะที่ Motta et al. (2014) ตรวจสอบการปลอมปนหางนมในน้ำนมด้วยเทคนิค LC-MS โดย Caseinomacropeptide (CMP) เป็นตัวบ่งชี้ทางชีวภาพ เนื่องจาก CMP เป็นโปรตีนที่หลั่งออกมาจาก chymosin ในกระบวนการผลิตชีส ซึ่งพบได้ในหางนมเท่านั้น ซึ่งหากตรวจพบ CMP จะสามารถบอกได้ว่าน้ำนมนั้นๆมีการเติมหางนมลงไปหรือไม่ โดยวิธีการดังกล่าวสามารถตรวจสอบการปลอมปนที่ระดับต่ำสุด 1 μg mL^{-1} และปริมาณต่ำสุด 5.0 μg mL^{-1}

สรุป

โปรตีโอมิกส์เป็นการศึกษาแบบแผนโปรตีน ซึ่งมี 6 ด้าน ได้แก่ 1) การศึกษาการแสดงออกของโปรตีน 2) อันตรกิริยาระหว่างโปรตีน 3) การทำหน้าที่ของโปรตีน 4) โปรตีนเชิงโครงสร้าง 5) เหมืองโปรตีน และ 6) การดัดแปลงโปรตีนหลังกระบวนการถอดรหัส ข้อมูลโปรตีโอมิกส์ถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์ความปลอดภัยของอาหาร การวิเคราะห์การตกค้างของสารเคมีกลุ่มเบต้าอะดรีเนอจิกอะโกรนิสต์ รวมถึงการเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจหาเชื้อจุลชีพด้วยเทคนิคทาง MALDI TOF-MS/MS และ Liquid chromatography mass spectrometry (LC-MS) ทำให้การตรวจหาเชื้อจุลชีพมีความถูกต้องรวดเร็ว และสามารถจำแนกเชื้อจุลชีพได้ในระดับ subspecies นอกจากนั้นโปรตีโอมิกส์ของโปรตีนในเนื้อสัตว์เป็นตัวบ่งชี้ทางชีวภาพที่บ่งบอกคุณลักษณะของเนื้อหรือกลไกทางชีวเคมีที่เกิดขึ้นภายหลังการฆ่าที่ส่งผลกรทบต่อคุณภาพเนื้อ โดยใช้การจำแนกชนิดของจุดโปรตีนโครงสร้างและเกี่ยวข้องกับการหดตัวของกล้ามเนื้อและเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องในกระบวนการเมแทบอลิซึม ของกล้ามเนื้อเพื่อการบ่งชี้ถึงความเครียดก่อน

การฆ่าและความเสี่ยงต่อการเกิด DFD และการด้อยคุณภาพแบบ PSE และในปัจจุบันยังมีการพัฒนาเทคนิคทางด้านโปรตีโอมิกส์เพื่อเป็นทางเลือกหนึ่งในการศึกษาเกี่ยวกับตรวจสอบการปลอมปน หรือการแทนที่เนื้อสัตว์และผลิตภัณฑ์จากสัตว์ ซึ่งสามารถตรวจสอบชนิด พันธุ์ และเนื้อเยื่อของสัตว์ที่มีการปลอมปนได้ โดยอาศัยชนิดขนาดของโปรตีน (protein/peptide marker) และ/หรือโปรตีนโปรไฟล์ (whole protein profile) ซึ่งสามารถให้ผลตรวจได้ถูกต้องแม้ว่าจะมีการปนเปื้อนของโปรตีนเพียงเล็กน้อย

เอกสารอ้างอิง

จุฑารัตน์ เศรษฐกุล. 2555. เรื่องที่นักสัตวศาสตร์ควรรู้ในห่วงโซ่ของการผลิตเนื้อคุณภาพ. แก่นเกษตร. 40 (พิเศษ)2:55-59.

ประกาศกระทรวงสาธารณสุข เรื่อง มาตรฐานอาหารที่มีการปนเปื้อนสารเคมีกลุ่มเบตาอะโกนิสต์ พ.ศ. 2546. 2546. ราชกิจจา-นุเบกษา เล่ม 120, ตอนพิเศษ 47 ง (23 เมษายน) : 12.

วิพิชญ์ ไชยศรีสงคราม. 2553. มาตรฐานการตรวจเนื้อสัตว์ตามมาตรฐาน CODEX, EU, USDA, AUSTRALIA. กรุงเทพฯ: อะลาคาร์ด คอมมิวนิเคชัน เซอร์วิสเซส.

Almeida, A.M., A. Bassols, E. Bendixen, M. Bhide, F. Ceciliani, S. Cristobal, P.D. Eckersall, K. Hollung, F. Lisacek, G. Mazzucchelli, M. McLaughlin, I. Miller, J.E. Nally, J. Plowman, J. Renaut, P. Rodrigues, P. Roncada, J. Staric, and R. Turk. 2015. Animal board invited review: advances in proteomics for animal and food sciences. Animal. 9:1–17.

Becker, C.H., and M. Bern. 2011. Recent developments in quantitative proteomics. Mutat.Res. 722:171-182.

Bassols, A., R. Turk, and P. Roncada. 2014. A proteomics perspective: from animal welfare to food safety. Curr. Protein Pept. Sci. 15:156-168.

Buckley, M., N.D. Melton, and J. Montgomery. 2015. Proteomics analysis of ancient food vessel stitching reveals > 4000-yer-old milk protein. Rapid Commun. Mass Spectrom. 27:531-538.

Calhoun, L.N, R. Liyanage, J.O.Jr. Lay, and Y.M. Kwon. 2010. Proteomic analysis of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis following propionate adaptation. BMC Microbiol. doi: 10.1186/1471-2180-10-249.

Camerini, S., E. Montepeloso, M. Casella, M. Crescenzi, R.M. Marianella, and F. Fuselli, 2016. Mass spectrometry detection of fraudulent use of cow whey in water buffalo, sheep, or goat Italian ricotta cheese. Food Chem. 197 (Part B):1240–1248.

Carbonaro, M. 2004. Proteomics: present and future in food quality evaluation. Trends Food Sci. Technol. 15: 209–216.

Cassar-Malek, I., and B. Picard. 2016. Expression marker-based strategy to improve beef quality. Sci. World J. doi:10.1155/2016/2185323.

Cook, A., J. Odumeru, S. Lee, and F. Pollari. 2012. *Campylobacter*, *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, verotoxigenic *Escherichia co*li and *Escherichia coli* prevalence, enumeration and subtypes on retail chicken breasts with and without skin. J. Food Prot. 75:34-40.

Costa, L. N., D.P. Lo Fiego, S. Dall'Olio, R. Davoli, and V. Russo. 2002. Combined effects of pre-slaughter treatments and lairage time on carcass and meat quality in pigs of different halothane genotype. Meat Sci. 61:41-47.

Della Donna, L., M. Ronci, P. Sacchetta, C. Di Ilio, B. Biolatti, G. Federici, C. Nebbia, and A. Urbani, 2009. A food safety control low mass-range proteomics platform for the detection of illicit treatments in veal calves by MALDI-TOF-MS serum profiling. Biotechnol. J. 4:1596–1609.

Di Girolamo, F., A, Masotti, G, Salvatori, M, Scapaticci, M, Muraca and L.Putignani. 2014. A sensitive and effective proteomic approach to identify she-donkey's and goat's milk adulterations by MALDI-TOF MS fingerprinting. Int. J. Mol. Sci. 15:13697-13719.

Di Giuseppe, A. M. A., N. Giarretta, M. Lippert, V. Severino, and A. Di Maro, 2015. An improved UPLC method for the detection of undeclared horse meat addition by using myoglobin as molecular marker. Food Chem. 169:241–245.

Flaudrops, C., N. Armstrong, D. Raoult, and E. Chabrière. 2015. Determination of the animal origin of meat and gelatin by MALDI-TOF-MS. J. Food. Compost. Anal. 41:104-112.

Franco, D., A. Mato, F. J. Salgado, M. López-Pedrouso, M. Carrera, S. Bravo, M. Parrado, J. M. Gallardo, and C. Zapata. 2015. Tackling proteome changes in the longissimusthoracis bovine muscle in response to pre-slaughter stress. J. Proteomics.122:73–85.

Gekenidis. M. T., P. Studer, S. Wüthrich, R. Brunisholz, and D. Drissner. 2014. Beyond the matrix-assisted laser desorption ionization (MALDI) biotyping workflow: in Search of microorganism-specific tryptic peptides enabling discrimination of subspecies. Schaffner DW, ed. Appl. Environ. Microbiol. 80:4234-4241.

Giaretta, N., A. M. A. Di Giuseppe, M. Lippert, A. Parente, and A. Di Maro. 2013. Myoglobin as marker in meat adulteration: a UPLC method for determining the presence of pork meat in raw beef burger. Food Chem. 141:1814-1820.

Horreo, J. L., A. Ardura, I. G. Pola, J. L. Martinez, and E. Garcia-Vazquez. 2013. Universal primers for species authentication of animal foodstuff in a single polymerase chain reaction. J. Sci. Food Agric. 93:354-361.

Huang, H., M. R. Larsen, A. H. Karlsson, L. Pomponio, L. N. Costa, and R. Lametsch. 2011. Gel-based phosphoproteomics analysis of sarcoplasmic proteins in postmortem porcine muscle with pH decline rate and time differences. Proteomics. 11:4063–4076.

Joseph, P., S.P. Suman, G. Rentfrow, S. Li, and C.M. Beach. 2012. Proteomics of muscle-specific beef color stability. J. Agric. Food Chem. 60:3196-3203.

Kiran, M., B. M. Naveena, K. S. Reddy, M. Shahikumar, V. R. Reddy, V. V. Kulkarni, S. Rapole, and T.H. More. 2016. Understanding tenderness variability and ageing changes in buffalo meat: biochemical, ultrastructural and proteome characterization. Animal. 10:1007-1015.

Lametsch, R., A. Karlsson, K. Rosenvold, H.J. Andersen, P. Roepstorff, and E. Bendixen. 2003. Postmortem proteome changes of porcine muscle related to tenderness. J. Agric. Food Chem. 51:6992-6997.

Laville, E., T. Sayd, C. Terlouw, S. Blinet, J. Pinguet, M. Fillaut, J. Glénisson, and P. Chérel. 2009. Differences in pig muscle proteome according to HAL genotype: implications for meat quality defects. J. Agric. Food Chem. 57:4913-4923.

Mancini, R. A., and M. C. Hunt. 2005. Current research in meat color. Meat Sci. 71:100-121.

McFarland, M. A., D. Andrzejewski, S. M. Musser, and J. H. Callahan. 2014. Platform for identification of *Salmonella* serovar differentiating bacterial proteins by top-down mass spectrometry: *S.*Typhimuriumvs *S.* Heidelberg. Anal. Chem. 86:6879–6886.

Mekchay, S., T. Teltathum, S. Nakasathien, and P. Pongpaichan: 2010. Proteomic analysis of tenderness trait in Thai native and commercial broiler chicken muscles. J. Poult. Sci. 47:8–12.

Miller, M. F., M. A. Carr, C. B. Ramsey, K. L. Crockett, and L.C. Hoover. 2001. Consumer thresholds for establishing the value of beef tenderness. J. Anim. Sci. 79:3062-3068.

Montowska, M. and E. Pospiech. 2012. Myosin light chain isoforms retain their species-specific electrophoretic mobility after processing, which enables differentiation between six species: 2DE analysis of minced meat and meat products made from beef, pork and poultry. Proteomics. 12:2879–2889.

Montowska, M. and E., Pospiech, 2013. Species-specific expression of various proteins in meat tissue: proteomic analysis of raw and cooked meat and meat products made from beef, pork and selected poultry species. Food Chem. 136:1461–1469.

Montowska, M., M.R. Alexander, G.A. Tucker, and D.A. Barrett, 2014. Rapid detection of peptide markers for authentication purposes in raw and cooked meat using ambient liquid extraction surface analysis mass spectrometry. Anal. Chem. 86:10257-10265.

Motta, T. M. C., R. B. Hoff, F. Barreto, R. B. S. Andrade, D. M. Lorenzini, L. Z. Meneghini, and T. M. Pizzolato. 2014. Detection and confirmation of milk adulteration with cheese whey using proteomic-like sample preparation and liquid chromatography-electrospray-tandem mass spectrometry analysis. Talanta. 120: 498–505.

Nair, M. N., S. P. Suman, M. K. Chatli, S. Li, P. Joseph, and C. M. Beach, and G. Rentfrow. 2016. Proteome basis for intramuscular variation in color stability of beef semimembranosus. Meat Sci. 113:9–16.

Picard, B., C. Berri, L. Lefaucheur, C. Molette, T. Sayd, and C. Terlouw. 2010. Skeletal muscle proteomics in livestock production. Brief Funct. Genomics. 9:259–278.

Picard, B., B. Lebret, I. Cassar-Malek, L. Liaubet, C. Berri, E. Le Bihan-Duval, J. F. Hocquette, and G. Renand. 2015. Recent advances in omic technologies for meat quality management. Meat Sci. 109:18–26.

Purslow, P.P. 2017. Chapter 1 Introduction in: Purslow, P.P. (Ed.) New aspects of meat quality: From genes to ethics. Woodhead Publishing. UK. pp. 1-9.

Sengupta, N., S.I. Alam, B. Kumar, R.B. Kumar. V. Gautam, S. Kumar, L. Singh. 2010. Comparative proteomic analysis of extracellular proteins of *Clostridium perfringens* type A and type C strains. Infect. Immun. 78: 3957-3968.

von Bargen, C., J. Brockmeyer, and H.-U., Humpf, 2014. Meat authentication: a new HPLC-MS/MS based method for the fast and sensitive detection of horse and pork in highly processed food. J. Agric. Food Chem. 62:9428-9435.

Wang, Z., F. He, W. Rao, N. Ni, Q. Shen, and D. Zhang. 2016. Proteomic analysis of goat longissimus dorsi muscles with different drip loss values related to meat quality traits. Food Sci. Biotechnol. 25:425-431.

Warriss, P. D. 2003. Optimal lairage times and conditions for slaughter pigs: a review. Vet Rec. 153:170-176.

Watson, A.D., Y. Gunning, N. M. Rigby, M. Philo, and E. K. Kemsley. 2015. Meat authentication via multiple

reaction monitoring mass spectrometry of myoglobin peptides. Anal. Chem. 87:10315n pepti

Watson, E., A. Sherry, N. F. Inglis, A. Lainson, D. Jyothi, R. Yaga, E. Manson, L. Imrie, P. Everest, and D. G. E. Smith. 2014. Proteomic and genomic analysis reveals novel *Campylobacter jejuni* outer membrane proteins and potential heterogeneity. EuPA Open Proteom. 4:184–194.

Xu, Y.J., M. L. Jin, L. J. Wang, A. D. Zhang, B. Zuo, D. Q. Xu, Z. Q. Ren, M. G. Lei, X. Y. Mo, F. E. Li, R. Zheng, C. Y. Deng, and Y. Z. Xiong. 2009. Differential proteome analysis of porcine skeletal muscles between Meishan and Large White. J. Anim. Sci. 87:2519-2527.

Yu, T. Y., J. D. Morton, S. Clerens, and J. M. Dyer. 2015. In-depth characterisation of the lamb meat proteome from longissimus lumborum. EuPA Open Proteom. 6: 28-41.