

# Las disciplinas ómicas en la ciencia de los alimentos

## Omics disciplines in food science

Juan Sebastián Ramírez-Navasa<sup>a</sup>  [juan.ramireznavasa@javerianacali.edu.co](mailto:juan.ramireznavasa@javerianacali.edu.co); Fressia Jaramillo-López<sup>ab</sup>  [fressia960124@javerianacali.edu.co](mailto:fressia960124@javerianacali.edu.co); Lizbeth Lorena López-Parra<sup>c</sup>  [lizabeth.lopez@correounivalle.edu.co](mailto:lizabeth.lopez@correounivalle.edu.co)

<sup>a</sup>Pontificia Universidad Javeriana Cali, Departamento de Alimentación y Nutrición, Centro de Estudios Interdisciplinarios en Salud, Grupo de Investigación en Ciencias Básicas y Clínicas de la Salud; <sup>b</sup>Pontificia Universidad Javeriana Cali, Departamento de Alimentación y Nutrición, Semillero de Investigación en Nutrición Molecular; <sup>c</sup>Universidad del Valle, Grupo de Investigación en Productos Naturales y Alimentos (GIPNA).

Recibido: 26/05/2023 Aceptado: 28/06/2023

**Citar, APA:** Ramírez-Navas, J. S., Jaramillo-López, F. y Lopez-Parra, L. L. (2023). Las disciplinas ómicas en la ciencia de los alimentos. *Revista Colombiana de Investigaciones Agroindustriales*, 10 (2), 1–22. <https://doi.org/10.23850/24220582.5694>

**Resumen** Las ciencias ómicas son un conjunto de disciplinas científicas que estudian de manera integral y sistemática los procesos biológicos y bioquímicos que se dan en un organismo o sistema biológico. En esta revisión narrativa, se abordaron particularmente las disciplinas (genómica, la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica) y subdisciplinas ómicas (nutrigenómica, la nutrigenética, epigenómica, entre otras) que integra la foodómica, con el objetivo de presentar sus aplicaciones en las ciencias de los alimentos, dilucidando el alcance de cada una de éstas. Para esto, se realizó una búsqueda en diversas bases de datos empleando operadores booleanos y la estructuración de ecuaciones de búsqueda combinando palabras clave relacionadas a ómicas y ciencia de los alimentos. De los artículos identificados, se seleccionaron los que cumplían con los criterios de inclusión. Los resultados demuestran que la foodomics es la ciencia ómica más estrechamente relacionada con la ciencia de los alimentos. La foodómica estudia los procesos moleculares de los alimentos durante su producción, transformación, y como el consumo de dichos alimentos impacta en la salud humana. Además, esta ciencia ómica ha tenido uso aplicativo en el campo de las ciencias de los alimentos, incluyendo la mejoría del contenido de nutrientes en las plantas con el objetivo de tratar problemas de salud. Se concluye que el actuar de las ciencias ómicas en la ciencia de los alimentos es poco conocido y aplicado, sin embargo, presenta un potencial de acción es muy amplio.

**Palabras clave:** disciplinas y subdisciplinas ómicas, análisis multiómico, metodologías analíticas instrumentales, foodómica.

**Abstract** The omics sciences comprise a group of scientific disciplines that systematically and comprehensively investigate the biological and biochemical processes occurring in organisms or biological systems. This narrative review focuses on the omics disciplines (genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics) as well as their subdisciplines (such as nutrigenomics, nutrigenetics, epigenomics, among other) within the field of foodomics. The objective is to present the applications of these disciplines in food sciences and to elucidate their individual scopes. To achieve this, a search was conducted using Boolean operators and search equations that combined omics and food science-related keywords across various databases. Relevant articles meeting the inclusion criteria were selected. The findings demonstrate that Foodomics is the omics science most closely related to Food Science. Foodomics explores the molecular processes of food production and transformation, while also examining the impact of food consumption on human health. Additionally, this interdisciplinary science has found practical applications in improving nutrient content in plants with a high potential for addressing health concerns. It is concluded that the action of omic sciences in food science is little known and applied, however, it has a very broad potential for action.

**Keywords:** omics disciplines and subdisciplines, multiomics analysis, instrumental analytical methodologies, foodomic.

## Introducción

Los alimentos se consideran compuestos nutricionales básicos, para garantizar la existencia de todo organismo vivo. Su ingesta es necesaria para lograr una adecuada nutrición y mantener un estado de salud en equilibrio. Este conocimiento no es nuevo, así lo manifestó Hipócrates al acuñar su frase célebre (aforismo) “*Que tu alimento sea tu medicina, y que tu medicina sea tu alimento*”, también quedó registrado en El ingenioso hidalgo don Quijote de la Mancha, de Miguel de Cervantes Saavedra, donde reza “*La salud de todo el cuerpo se fragua en la oficina del estómago*” (Cervantes Saavedra, 1605). Sin embargo, los alimentos también pueden ser la causa de varios problemas de salud. Algunos alimentos, generalmente en mal estado o con algún tipo de contaminación microbiana, pueden causar náuseas e indigestión, intoxicación, alergias, enfermedades intestinales, entre otros. Comprender cómo los alimentos afectan positiva o negativamente la salud humana que han convertido a la ciencia de los alimentos en un área de importancia médica (Gallo *et al.*, 2020).

Las ciencias ómicas son un conjunto de disciplinas científicas que estudian de forma integral y sistemática (enfoque multiómico) los procesos biológicos y bioquímicos que se dan en un organismo o sistema biológico, en este caso particular, los alimentos. Se enfocan, principalmente, en recopilar y analizar datos a gran escala para comprender a profundidad dichos procesos. Estas disciplinas utilizan tecnologías de alta complejidad y robusto rendimiento para examinar grandes conjuntos de datos y generar información valiosa para diferentes áreas de la ciencia (Barh *et al.*, 2013; Ning, 2023; Poetsch & Li, 2023).

El enfoque multiómico aborda, desde un enfoque holístico, los problemas biológicos. Éstos entrelazan la respuesta a interacciones

biológicas complejas que ocurren a varios niveles (p. ej., genes, proteínas y metabolitos) para estudiar mecanismos biológicos, como el efecto de los nutrientes en la salud celular. Los resultados de estos estudios permiten aumentar el impacto de la nutrición en la salud y el bienestar. Además, la integración de datos de varios niveles de ómica puede diferenciar el impacto de los factores ambientales y la nutrición en el desarrollo de enfermedades o trastornos de la salud. De igual manera, el enfoque multiómico permite el estudio de la composición química de una planta a nivel molecular, lo que puede derivar en una "huella digital" profunda para evaluar el valor nutricional (Gallo & Ferranti, 2016; Ning, 2023).

Este documento presenta una revisión narrativa de aplicaciones de las disciplinas ómicas en el área de las ciencias de los alimentos. Inicialmente, se describe el alcance de las disciplinas y subdisciplinas ómicas, se expone el análisis ómico y metodologías analíticas empleadas, y finalmente, se brindan ejemplos de aplicación.

## Materiales y métodos

Para la estructuración de esta revisión, se realizó una búsqueda bibliográfica priorizando la literatura científica en el área de la ciencia ómica y su aplicación en las ciencias de los alimentos. Los artículos de interés, fueron seleccionados empleando un algoritmo de búsqueda, siguiendo la metodología propuesta por Campo & Ramirez Navas (2021), con algunas modificaciones (Figura 1).

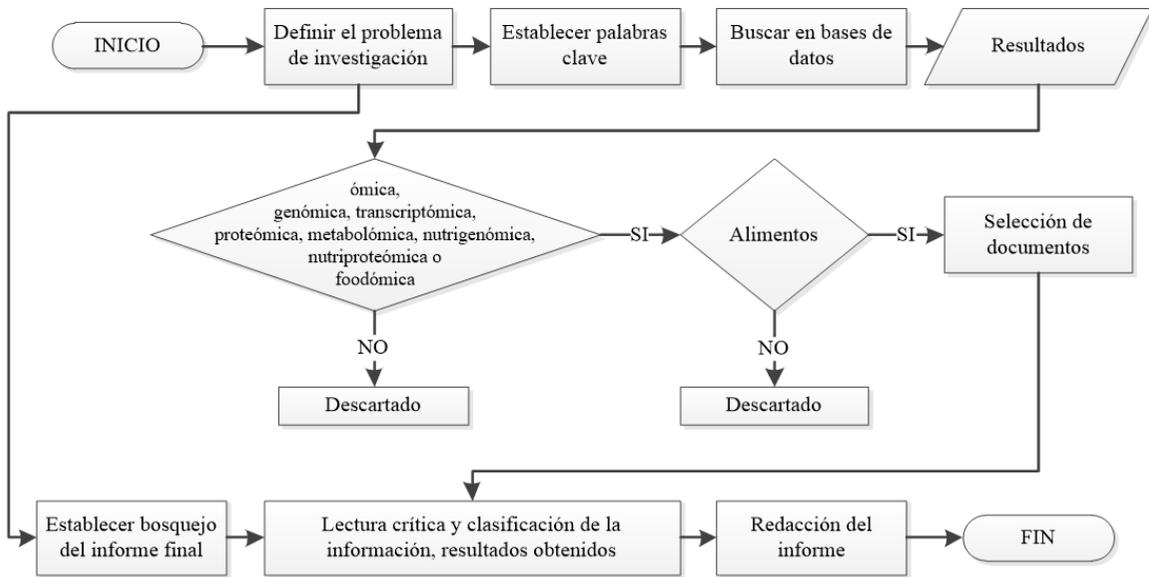
-Las palabras clave utilizadas fueron: ómica, genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, nutrigenómica, nutriproteómica o (OR) foodómica, cada una de ellas enlazada (AND) a ciencia de los alimentos.

-Los criterios de selección establecidos fueron: 1) análisis ómico, y 2) alimentos. Para la búsqueda se empleó ScienceDirect, Wiley, Scopus, Francis Tyler y ACS, donde se encontraron artículos, libros y capítulos de libros, en un

rango de tiempo de 15 años. Posteriormente, se seleccionaron, recopilaron y clasificaron los estudios encontrados. Para la selección de los ejemplos de aplicación se eligieron los artículos más citados.

**Figura 1**

*Algoritmo aplicado para la búsqueda bibliográfica.*



*Nota.* Adaptado de “Antioxidant capacity in ice cream and dairy products” (p. 25) por Campo & Ramirez Navas (2021), *Revista Colombiana de Investigaciones Agroindustriales*, 8 (1), 23-41

## Resultados y Discusión

### Ciencias ómicas

Las ciencias ómicas han revolucionado el campo de la investigación, principalmente en el área biomédica (Li & Ning, 2023). El término ómica se deriva del griego "ómos", que significa "todo" o "completo". Por lo tanto, el objetivo de las ciencias ómicas es estudiar los componentes moleculares

de los seres vivos en su totalidad, empleando un conjunto de disciplinas interconectadas. Entre las disciplinas ómicas se incluyen: la genómica, la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica. Entre las subdisciplinas ómicas se tienen la nutrigenómica, la nutrigenética, la microbiómica, la epigenómica, la exposómica, entre otras. En la **Tabla 1**, se listan las principales disciplinas y subdisciplinas ómicas.

**Tabla 1**

*Disciplinas Ómicas*

Disciplina	Enfoque (Estudio de...)	Ejemplo de aplicación	Ref.
Genómica	... los genes	Secuenciación del genoma humano	(Lander <i>et al.</i> , 2001; Singh & Datta, 2018)
Transcriptómica	... los transcritos (ARN)	Identificación de genes expresados en un tejido específico	(Hubbard <i>et al.</i> , 2005; Puttamreddy <i>et al.</i> , 2008; Rajawat, 2018)
Proteómica	... las proteínas	Identificación de proteínas diferencialmente expresadas en enfermedades	(Lentsch, 2009; Vaz & Tanavde, 2018)

Disciplina	Enfoque (Estudio de...)	Ejemplo de aplicación	Ref.
Metabolómica	... los metabolitos	Identificación de biomarcadores para enfermedades	(Fiehn, 2002; Sengupta & Narad, 2018)
Volatilómica	... los metabolitos volátiles	Identificación y cuantificación de los compuestos volátiles responsables del aroma de los alimentos	(Medina <i>et al.</i> , 2020; Zhang <i>et al.</i> , 2023)
Nutrigenómica	... cómo los nutrientes afectan la expresión génica	Estudio de cómo la dieta afecta la expresión de genes relacionados con el cáncer	(Mutch <i>et al.</i> , 2005)
Nutriproteómica	... las proteínas en respuesta a la dieta	Identificación de proteínas que cambian en respuesta a una dieta alta en grasas	(Ganesh & Hettiarachchy, 2012; Sauer & Luge, 2015)
Foodómica	... los alimentos y su relación con la salud	Identificación de compuestos bioactivos en alimentos y su efecto en la salud	(Capozzi & Bordoni, 2012)
Microbiómica	... los microorganismos presentes en un ecosistema	Caracterización del microbioma intestinal humano	(Cho & Blaser, 2012; Paul <i>et al.</i> , 2018)
Epigenómica	... las modificaciones químicas en el ADN que afectan la expresión génica	Identificación de cambios epigenéticos en enfermedades crónicas	(Henikoff <i>et al.</i> , 2008)
Exposómica	... la exposición a factores ambientales y su impacto en la salud	Identificación de biomarcadores de exposición a contaminantes ambientales exposición a contaminantes ambientales	(Juarez <i>et al.</i> , 2020; Vineis <i>et al.</i> , 2017)

Nota. Elaboración propia

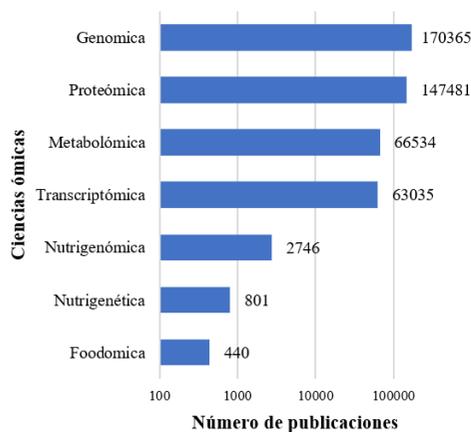
Realizando una exploración del estado actual de crecimiento de las publicaciones en cada una de estas disciplinas, se observa en la **Figura 2a**, que, a partir de 1988, se encuentran en constante crecimiento. En el caso de las disciplinas

más actuales (**Figura 2b**): nutrigenómica y nutrigenética y foodómica, las publicaciones científicas comenzaron luego del año 2000, evidenciando también un continuo aumento.

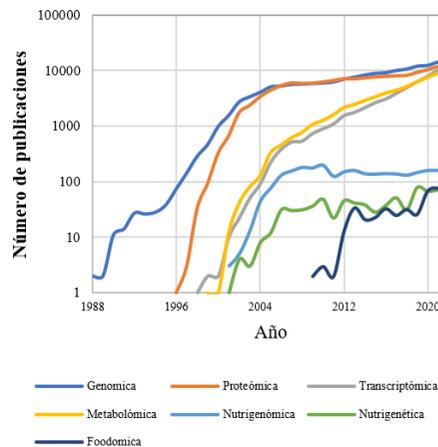
**Figura 2**

*Estado actual de las publicaciones por disciplina y subdisciplina de las ciencias ómicas: a) número de publicaciones totales; b) tendencia de las publicaciones*

**A**



**B**



Nota. Elaboración propia.

## Genómica

Esta rama de la biología molecular se encarga del estudio de los genomas. Estudia el conjunto completo de información genética (ADN) que posee un organismo en sus cromosomas, ya sean virus, bacterias, plantas o animales, incluyendo al ser humano. Abarca técnicas y herramientas que permiten la secuenciación, análisis, interpretación y comparación de los genomas de diferentes organismos, permitiendo una mejor comprensión de la estructura y función de los genes, la variabilidad genética entre individuos y poblaciones, y la relación entre la genética y la salud (Lander *et al.*, 2001). Ha tenido un gran impacto en la investigación biomédica, especialmente en la identificación de genes asociados a enfermedades, la predicción de riesgos y la personalización de tratamientos. También ha tenido aplicaciones en la agricultura, la biotecnología, la conservación de especies y la evolución (Guarnaccia *et al.*, 2014).

La genómica ha tenido importantes aplicaciones en la ciencia de los alimentos, en particular en la mejora de su calidad, la seguridad e innovación alimentaria. Las aplicaciones de la genómica en la ciencia de los alimentos incluyen: 1) Identificación precisa de especies y variedades de alimentos, lo que es importante para garantizar la autenticidad y calidad de los alimentos. 2) Identificar los genes responsables de las características deseadas en los alimentos como: el sabor, el aroma, la textura y el valor nutricional, lo que puede ser utilizado para seleccionar y mejorar las variedades de alimentos. 3) Identificar genes relacionados con la resistencia a los agentes patógenos y la tolerancia a los factores ambientales adversos, lo que puede mejorar la seguridad alimentaria. 4) Identificar nuevas fuentes de nutrientes, desarrollar alimentos funcionales y mejorar la eficiencia en la producción de alimentos (Roberts *et al.*, 2001).

Entre los trabajos más relevantes de esta disciplina en relación con la ciencia de los alimentos se encuentran: La secuenciación del

genoma del arroz (*Oryza sativa L. ssp. japonica*) (Goff *et al.*, 2002), que proporcionó información sobre la estructura y función de los genes del arroz. La secuenciación del genoma del tomate (Tomato Genome Consortium, 2012), donde se obtuvo información sobre la evolución de los frutos y se identificaron genes involucrados en la síntesis de compuestos que contribuyen al sabor y aroma en el fruto. La secuenciación del genoma de la mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*) (Adams *et al.*, 2000), que proporcionó información sobre la organización del genoma y la función de los genes de esta mosca. Y la secuenciación del genoma del pollo doméstico (International Chicken Genome Sequencing Consortium, 2004), que aportó información sobre la evolución y la biología del pollo, generando un considerable impacto en la economía de este clúster.

## Transcriptómica

Se enfoca en el análisis de la transcripción de los genes. Estudia la síntesis de ARN mensajero (ARNm) a partir del ADN. También se encarga del análisis cuantitativo y cualitativo del ARNm en diferentes tejidos y condiciones, permitiendo identificar los genes que están activos en una determinada célula o tejido en un momento dado. El análisis de la transcriptómica se realiza a través de la secuenciación masiva de ARNm utilizando técnicas de secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés), lo que permite obtener información sobre la abundancia relativa y la diversidad de los transcritos (Hubbard *et al.*, 2005; Puttamreddy *et al.*, 2008; Rajawat, 2018). Esto ha permitido una mejor comprensión de la regulación génica y la identificación de genes que están involucrados en enfermedades y otros procesos biológicos (Pedrotty *et al.*, 2012).

En la ciencia de los alimentos, la transcriptómica se ha utilizado para estudiar la expresión génica en diferentes tejidos y órganos de las plantas, animales y microorganismos utilizados en la producción de alimentos (Valdés *et al.*, 2013). Se ha utilizado para estudiar la

respuesta de los organismos a los factores ambientales, como el estrés térmico, la falta de nutrientes, entre otros (Cecchetto *et al.*, 2023). Se ha empleado en la identificación de los genes que están involucrados en la producción de compuestos bioactivos, como los antioxidantes y los péptidos bioactivos; y, en la producción de alimentos, como la leche, la carne y los cereales (Beaulieu, 2019; Bongiorno *et al.*, 2016; Dai *et al.*, 2018; Guo & Dalrymple, 2017). Ha servido para comprender los cambios en la expresión génica durante el desarrollo de la fruta (Zeng *et al.*, 2012) y la respuesta de cultivos al estrés térmico (Mangelsen *et al.*, 2011).

### Proteómica

Esta rama de la biología molecular se enfoca en el estudio (cuantitativo y cualitativo) de todas las proteínas expresadas por un organismo, tejido o célula en particular. Esto implica la identificación de las proteínas presentes, su localización, su función y su nivel de expresión. La proteómica se basa en técnicas de separación de proteínas, como la electroforesis y la cromatografía, y en técnicas de análisis de espectrometría de masas, que permiten la identificación y cuantificación de proteínas (Govorun & Archakov, 2002).

La proteómica tiene importantes aplicaciones en la investigación biomédica y en la industria de la biotecnología (Govorun & Archakov, 2002; Mischak *et al.*, 2015). Su aplicación se enfoca principalmente, a la identificación de biomarcadores de enfermedades, para el descubrimiento de nuevos fármacos y terapias, así como la identificación de proteínas diana en enfermedades, sin descartar la optimización de procesos de producción de proteínas en la industria farmacéutica (Carrasco-Castilla *et al.*, 2012; Mischak *et al.*, 2015).

En la ciencia de los alimentos, la proteómica tiene una amplia gama de aplicaciones (Gallardo *et al.*, 2013), que incluyen: 1) La identificación de las proteínas presentes

en los alimentos, para evaluar su calidad y seguridad. Por ejemplo, puede utilizarse para detectar proteínas alergénicas en los alimentos y para identificar los alérgenos responsables de las reacciones alérgicas en los consumidores (Monaci & Visconti, 2009). También puede utilizarse para detectar contaminantes en los alimentos, como toxinas microbianas y residuos de plaguicidas (Qi & Li, 2010). 2) Identificación y caracterización de las proteínas que confieren propiedades funcionales a los alimentos, como la textura, el sabor y la estabilidad (Mora *et al.*, 2018). 3) Evaluación y optimización de los procesos de producción de alimentos, como la fermentación (Zhang *et al.*, 2021), el procesamiento térmico (Chen *et al.*, 2019) y la conservación (Afzaal *et al.*, 2022). 4) Identificación de las proteínas presentes en los alimentos que son importantes para la nutrición humana y para entender cómo se metabolizan en el cuerpo (Ganesh & Hettiarachchy, 2012). La proteómica ayuda a descifrar las vías de señalización y los procesos celulares a los que se dirigen los componentes bioactivos de los alimentos y proporciona claridad sobre los mecanismos funcionales y las moléculas intermedias involucradas (Srinivasan, 2020).

### Metabolómica

Esta disciplina científica se dedica a la identificación y cuantificación de todos los metabolitos presentes en una muestra biológica, utilizando técnicas analíticas avanzadas como la espectrometría de masas y la resonancia magnética nuclear. La información obtenida a partir de estos análisis puede utilizarse para entender mejor los procesos biológicos y bioquímicos que ocurren en un organismo, y para identificar biomarcadores de enfermedades y trastornos metabólicos (Wishart, 2008).

La metabolómica tiene varias aplicaciones en la ciencia de los alimentos (Cevallos-Cevallos *et al.*, 2009), entre las cuales se destacan: 1) La identificación de biomarcadores específicos que pueden indicar la calidad y seguridad de

los alimentos. Por ejemplo, se han identificado metabolitos específicos en el aceite de oliva que indican su calidad y frescura (Cavaliere *et al.*, 2007). 2) Análisis de la composición de los alimentos y cómo esta varía en función de factores como el cultivo, la madurez, la manipulación y el almacenamiento. Su principal uso, está ligado a determinar la composición de los tomates en diferentes etapas de maduración (Hédiji *et al.*, 2010). 3) Identificación de los metabolitos bioactivos presentes en los alimentos, los cuales pueden tener efectos benéficos para la salud, como propiedades antioxidantes o antiinflamatorias (Safriani *et al.*, 2022; Xiong *et al.*, 2022). 4) Identificación de adulteraciones alimentarias o contaminaciones en los alimentos, mediante la detección de metabolitos anómalos o no esperados. En este sentido, se ha utilizado la metabolómica para detectar la presencia de aditivos ilegales en los alimentos (Cevallos-Cevallos *et al.*, 2009). La metabolómica también se utiliza para identificar los metabolitos que contribuyen a las características organolépticas de los alimentos, como el sabor y el aroma (Pavagadhi & Swarup, 2020).

### Volatilómica

Es una disciplina ómica emergente que se enfoca en el análisis de los compuestos volátiles presentes en matrices biológicas y químicas (Berenguer *et al.*, 2022). Estos compuestos, también conocidos como metabolitos volátiles, son sustancias químicas que se evaporan fácilmente y se pueden detectar mediante técnicas analíticas especializadas, como la cromatografía de gases acoplada a la espectrometría de masas (GC - MS). El objetivo de la volatilómica es identificar y cuantificar estos compuestos volátiles para comprender su origen, su relación con el metabolismo y su posible aplicación en diferentes áreas del conocimiento (Lytou *et al.*, 2019). En la ciencia de los alimentos su principal objetivo es analizar compuestos volátiles presentes en los alimentos y su relación con el aroma, el sabor, la calidad y la autenticidad de los productos alimenticios. Es

una herramienta clave en el desarrollo de nuevos productos y en la comprensión de la ciencia sensorial de los alimentos (Noshad *et al.*, 2023).

### Epigenética

El campo de estudio de esta subdisciplina se centra en el análisis y la comprensión de los cambios en la actividad génica que no están determinados por la secuencia de ADN, sino por modificaciones químicas en el genoma. Estas modificaciones, como la metilación del ADN y las modificaciones de las histonas, pueden influir en la expresión génica y desempeñar un papel crucial en diversos procesos biológicos y enfermedades (Bernal & Jirtle, 2010). La epigenómica ofrece una comprensión más profunda de cómo los factores ambientales y la dieta pueden influir en la expresión génica y la salud humana. Por ejemplo, se han realizado estudios que investigan cómo la dieta materna durante el embarazo puede afectar la metilación del ADN en los genes relacionados con el desarrollo fetal y la predisposición a enfermedades en la descendencia (Anderson *et al.*, 2018). La epigenómica también se utiliza para evaluar la calidad y autenticidad de los alimentos, ya que los patrones epigenéticos pueden servir como biomarcadores útiles.

### Nutrigenómica

Esta disciplina deriva de la genómica, y estudia los efectos de la dieta y los nutrientes en la expresión de los genes y cómo esta interacción puede influir en los procesos de salud -enfermedad (Neeha & Kinth, 2012). La nutrigenómica busca comprender cómo las variaciones en la dieta pueden afectar y predisponer la presencia de ciertas enfermedades y cómo se pueden utilizar los nutrientes para prevenir, tratar o incluso revertir algunas enfermedades crónicas. Al analizar la relación entre la nutrición y la genética, la nutrigenómica puede ayudar a identificar biomarcadores de riesgo, a diseñar dietas personalizadas y a mejorar la prevención y el tratamiento de enfermedades relacionadas con la nutrición (Kusmann & Fay, 2008; Müller

& Kersten, 2003). Además, la nutrigenómica comprende el impacto de la dieta en el microbioma del cuerpo humano, influenciando el funcionamiento del sistema inmune con un efecto directo en la salud humana (Mathers, 2016).

Esta disciplina apoya a la foodómica al abordar el impacto de nutrientes o dietas específicas en la expresión génica. Al igual que con otras subdisciplinas ómicas, los avances en nutrigenómica dependen de enfoques analíticos para estudiar la interrelación de la bioactividad y los alimentos (García-Cañas *et al.*, 2010).

Algunas de las aplicaciones específicas de la nutrigenómica en la ciencia de los alimentos incluyen: 1) Desarrollo de alimentos personalizados, ayudando a identificar las necesidades nutricionales y los requerimientos de cada individuo en función de su perfil genético único. En consecuencia, se pueden diseñar alimentos personalizados que proporcionen los nutrientes necesarios y se ajusten a las necesidades individuales (Kussmann & Fay, 2008). 2) Desarrollo de alimentos funcionales, ayudando a identificar compuestos bioactivos presentes en los alimentos que pueden tener efectos benéficos sobre la expresión génica y la salud. Por ejemplo, se han identificado compuestos en ciertos alimentos, como el té verde y la cúrcuma, que pueden tener efectos antiinflamatorios y antioxidantes (Adetunji *et al.*, 2023; Odoh *et al.*, 2023). 3) Prevención y tratamiento de enfermedades, ayudando a identificar biomarcadores de riesgo genético para ciertas enfermedades y su relación con la nutrición (Chua-Lim *et al.*, 2023).

### Nutrigenética

Esta rama de la nutrición se enfoca en el estudio de cómo la variabilidad genética de los individuos puede influir en su respuesta a los nutrientes y en su riesgo de enfermedades relacionadas con la nutrición. Junto a las subdisciplinas ómicas estudian cómo los genes afectan la forma en

que el cuerpo procesa y utiliza los nutrientes, en otras palabras, la respuesta del cuerpo a un nutriente (Mutch *et al.*, 2005). Considera que cada individuo tiene un perfil genético único que puede influir en su capacidad para absorber, metabolizar y utilizar ciertos nutrientes.

La nutrigenética tiene importantes aplicaciones en la ciencia de los alimentos, algunas de éstas incluyen: 1) Identificación de alimentos y nutrientes adecuados para cada persona según su perfil genético único (Dieta personalizada) (Kussmann & Fay, 2008; Yang, 2023). Por ejemplo, si se identifica una variante genética que aumenta el riesgo de deficiencia de vitamina D (Aji *et al.*, 2022; Alathari *et al.*, 2021) u otros micronutrientes (Yang, 2023), se puede recomendar una dieta rica en alimentos que contenga estos nutrientes o un suplemento para prevenir la deficiencia. 2) Identificación de individuos propensos a desarrollar enfermedades relacionadas con la nutrición, como la diabetes y las enfermedades cardiovasculares (Alsulami *et al.*, 2020; Desjardins & Vohl, 2023; Perez-Diaz-del-Campo *et al.*, 2023). 3) Identificación de biomarcadores genéticos que se relacionan con la respuesta individual a ciertos nutrientes o alimentos (Zheng *et al.*, 2023). Por ejemplo, se encontró que en poblaciones con alto consumo de almidón hay mayor número de copias del gen *AMY1* que codifica para la amilasa salival, derivando en una mayor expresión de amilasa y mayor concentración sérica de la enzima (Perry *et al.*, 2007).

### Nutriproteómica

Estudia la interacción entre los nutrientes y la traducción, expresión y modificación post-traduccionales de las proteínas, caracterizando y cuantificando todo el proteoma humano relacionado a la nutrición. La nutriproteómica, en conjunto con la nutrigenómica, se han empleado como herramienta en la medicina personalizada para comprender la expresión génica como respuesta a la dieta y los productos de dicha expresión (Bragazzi, 2013; Ozdemir *et al.*, 2010).

Como subdisciplina ómica, la nutriproteómica trabaja en conjunto con las ciencias de los alimentos para: 1) Caracterizar y cuantificar biomarcadores, producto del consumo de alimentos (Kussmann, 2010). 2) Evaluar la respuesta inmune de cada individuo al consumo de determinado nutriente, así como la salud digestiva, la inflamación, las alergias, entre otras. Por ejemplo, la respuesta intestinal a nivel proteómico, al consumo de glutamina, en condición basal y de inflamación (Deniel *et al.*, 2007). 3) Desarrollar alimentos personalizados basados en ingredientes funcionales que contribuyan a mejorar el perfil de biomarcadores biológicos en los seres humanos (Kussmann, 2010). Un ejemplo de esta mejora, es el consumo de alimentos que contienen EPA y DHA, que ayudan a reducir la permeabilidad mediada por un incremento de IL4, una glicoproteína que actúa como antiinflamatorio (De Santis *et al.*, 2015).

### Foodómica

El término "foodómica" se acuñó por primera vez en 2009 en el prefacio titulado "*Food analysis and Foodomics*" publicado en el *Journal of Chromatography A* por el profesor Alejandro Cifuentes (Investigador del CSIC y director del Laboratorio de Alimentómica) (Cifuentes, 2009). La foodómica se refiere a la aplicación del análisis ómico para el estudio de los alimentos y la nutrición (García-Cañas *et al.*, 2012). En otras palabras, se podría decir que es la integración de todas las disciplinas y subdisciplinas ómicas que son relevantes para los alimentos y las matrices alimentarias.

Esta disciplina científica tiene como objetivo comprender los procesos moleculares involucrados en la producción de alimentos, su transformación y su impacto en el cuerpo humano, así como también el desarrollo de herramientas (app, etiquetas y empaques, entre otras) para mejorar la calidad y la seguridad alimentaria (Cifuentes & Ibáñez, 2022; Valdés,

Álvarez-Rivera, *et al.*, 2021). Esto incluye el estudio de la variabilidad genética de las plantas y animales utilizados para la producción de alimentos, el análisis de los componentes nutricionales y no nutricionales y el seguimiento de las respuestas del cuerpo humano a la ingesta de diferentes tipos de alimentos. Esta aplicación relativamente nueva de la ómica ya ha impactado en varias líneas de la ciencia de los alimentos, incluida la mejora del contenido de nutrientes en las plantas para combatir problemas de salud (León *et al.*, 2018; Srinivasan, 2020; Valdés *et al.*, 2017).

A futuro se espera que la Foodómica siga creciendo y evolucionando en áreas claves, como: 1) Aplicación de la Foodómica en la industria para mejorar la calidad y la seguridad alimentaria, así como para desarrollar productos innovadores saludables. 2) Uso de la Foodómica en la agricultura ayudando a mejorar la calidad de los cultivos, la identificación de los componentes moleculares de los alimentos, y el estudio de su impacto en la salud y el bienestar. 3) Mayor integración de datos ómicos de diferentes fuentes y tecnologías, como la genómica, la proteómica, la metabolómica y la transcriptómica con los alimentos. 4) Desarrollo de herramientas de análisis de datos más avanzadas: a medida que la cantidad de datos de Foodómica aumenta, se espera contar con herramientas de análisis más robustas para analizar y visualizar grandes conjuntos de datos de manera más efectiva y eficiente.

### Análisis ómico

El análisis ómico es un enfoque de la biología molecular utilizado para estudiar de manera integral la expresión, función y regulación de los componentes moleculares de un organismo o una muestra biológica, con el fin de identificar biomarcadores útiles en el diagnóstico de enfermedades o evaluar la eficacia de un tratamiento (Tang *et al.*, 2023). Este enfoque combina técnicas de análisis de

alto rendimiento para obtener información detallada (identificación y cuantificación) sobre los componentes moleculares (ADN, ARN, proteínas, metabolitos, entre otros).

En el caso de la ciencia de los alimentos, se ha empleado el análisis ómico para analizar los componentes en un nivel molecular y sistémico (Benkeblia, 2012). El análisis ómico puede ser útil en la identificación de alérgenos alimentarios y la prevención de reacciones alérgicas en personas sensibles; así como de alimentos que contienen compuestos bioactivos que poseen propiedades benéficas para la salud. En este contexto, algunos alimentos pueden contener antioxidantes que pueden prevenir el daño celular y reducir el riesgo de enfermedades crónicas como la diabetes, enfermedades cardiovasculares, el cáncer, entre otras. Este es el caso de la curcumina, un compuesto bioactivo conocido por su propiedad antioxidante que se encuentra en la cúrcuma. Los estudios ómicos y clínicos indican que este compuesto puede ser efectivo en la prevención y el tratamiento del cáncer, actuando en diferentes moléculas diana (Kocaadam & Şanlıer, 2015).

El análisis ómico de alimentos es un proceso complejo que implica múltiples pasos. Y de forma resumida se describe a través de la siguiente secuencia: 1) diseño del experimento (DoE). 2) Selección de la muestra. 3) Extracción de los componentes (proteínas, metabolitos, ácidos nucleicos u otros componentes). 4) Preparación de las muestras (purificación, concentración o derivatización de las muestras). 5) Análisis de las muestras (LC-MS, NMR o GC-MS, secuenciación de ADN o ARN, cromatografía de afinidad u otras técnicas o un enfoque multiplataforma para maximizar la cobertura de componentes). 6) Extracción y tratamiento del conjunto de datos. 7) Análisis estadístico de datos. 8) Identificación de componentes clave o discriminatorios; Y, 9) Interpretación de los resultados. La adquisición y recuperación de datos se puede lograr mediante un análisis dirigido cuando se analizan moléculas

específicas o mediante un enfoque basado en hipótesis (análisis no dirigido). Ambos tienen ventajas y desventajas, y el enfoque adoptado depende en última instancia del estudio en cuestión (Sébédio & Malpuech-Brugère, 2022).

Para el análisis ómico se requiere de la participación de diferentes métodos analíticos y de análisis de datos. A continuación, se describen brevemente algunos de ellos.

### *Métodos instrumentales de análisis (MIA)*

Existen diversas formas de agrupar los MIA. El primer grupo de MIA se basa en la interacción de fotones de radiación electromagnética con la materia, a estas técnicas se las denomina espectroscópicas. Estas a su vez, se subdividen en dos grupos: las técnicas que implican transferencia de energía entre el fotón y la muestra; y las técnicas donde la radiación electromagnética sufre un cambio de amplitud, ángulo de fase, dirección de propagación o polarización como resultado de su refracción, reflexión, dispersión, difracción o dispersión por la muestra.

Entre las técnicas espectroscópicas están: la espectroscopía infrarroja, la espectroscopía raman, la resonancia magnética nuclear, Difracción de rayos X, entre otras. El segundo grupo de MIA (técnicas electroquímicas interfaciales) se basa en la medición de carga, corriente o potencial en la superficie de un electrodo, a veces mientras se controla una o ambas de las otras dos variables, y en algún momento mientras se agita la solución. El tercer grupo de MIA reúne una variedad de otras mediciones que pueden proporcionar una señal analítica útil; por ejemplo: análisis térmico diferencial, calorimetría diferencial de barrido, espectrometría de masas, entre otras. El cuarto y último grupo de MIA se utilizan para separar mezclas basadas en el reparto de equilibrio de especies entre dos fases o la migración de especies en respuesta a un

campo eléctrico aplicado. Entre las técnicas están: cromatografía de gases, cromatografía líquida, electroforesis, entre otras. En síntesis, estos MIA se emplean para separar, analizar, identificar y/o cuantificar los componentes de una muestra. A continuación, se describen brevemente algunas técnicas, cabe aclarar que existen textos especializados donde se puede consultar detalladamente la información sobre cada una de las técnicas listadas y no listadas, pero que se aplican en las ciencias ómicas (Gallo & Ferranti, 2016; Hyötyläinen & Wiedmer, 2013; Robinson *et al.*, 2021).

### Cromatografía de gas (GC)

Se basa en la distribución de los componentes entre una fase móvil gaseosa y una fase estacionaria sólida o líquida. La separación se produce debido a las diferencias en las propiedades físicas y químicas de los componentes en la muestra. En la GC, la muestra se introduce en la columna de cromatografía de gas, que contiene la fase estacionaria. La fase móvil, que suele ser un gas inerte como el nitrógeno o el helio, se hace pasar por la columna, arrastrando los componentes de la muestra a través de la fase estacionaria. A medida que los componentes pasan por la columna, se separan según su afinidad por la fase estacionaria (Robinson *et al.*, 2021). La GC se utiliza en foodómica para analizar los componentes volátiles de los alimentos y bebidas, así como para determinar la presencia y concentración de metabolitos específicos, como ácidos grasos, aminoácidos y vitaminas. También se utiliza para el análisis de residuos de plaguicidas y otros contaminantes en los alimentos (Peng *et al.*, 2022; Stilo *et al.*, 2021; Wachsmuth *et al.*, 2013).

### Cromatografía líquida de alta resolución (HPLC)

El principio básico de la HPLC es la separación de los componentes de una muestra, en función de su interacción con una fase estacionaria y una fase móvil. La muestra se inyecta en una

columna empacada con partículas estacionarias y se separa a medida que se mueve a través de la columna con la ayuda de la fase móvil. Existen diferentes tipos de HPLC que utilizan diferentes modos de separación, como la cromatografía de fase inversa, la cromatografía de interacción hidrofóbica, la cromatografía de interacción iónica, entre otras. La HPLC se puede acoplar a una variedad de detectores, como el espectrómetro de masas, el detector de UV y el detector de fluorescencia, lo que permite una mayor especificidad y sensibilidad en la detección y cuantificación de los componentes de la muestra (Robinson *et al.*, 2021). En cuanto a su aplicación en foodómica, la HPLC se utiliza ampliamente para analizar y caracterizar los aminoácidos, los péptidos, los lípidos, carbohidratos y demás componentes de los alimentos. La HPLC también se utiliza para detectar y cuantificar contaminantes, como plaguicidas y metales pesados, en los alimentos (Peng *et al.*, 2022; Theodoridis *et al.*, 2013).

### Espectrometría de masas (MS)

Esta técnica se basa en la separación de iones gaseosos en campos eléctricos y magnéticos de acuerdo con sus relaciones masa-carga. Para realizar la MS, primero se debe ionizar la muestra, lo que la transforma en iones cargados eléctricamente. Luego, los iones se aceleran y se someten a campos eléctricos y magnéticos que los separan según su relación masa-carga. Los iones separados se detectan y se registran como un espectro de masa. La MS se puede acoplar a una variedad de detectores, y la selección depende del tipo de análisis que se pretenda realizar. Por ejemplo, si se requiere un análisis global del perfil metabólico es necesario el uso de espectrometría de masas de alta resolución HRAM (*high-resolution accurate mass determination*), junto con el análisis de masa en tándem para la caracterización estructural. Esta metodología de alta resolución permite además determinar las proporciones isotópicas de los componentes desconocidos. Sin embargo, para un análisis dirigido es más utilizado un

sistema de MS con un sistema de cuadrupolo, como lo son el uso de un triple cuadrupolo para cromatografía líquida o de cuadrupolo simple para cromatografía de gases. Los tipos de analizadores más comunes en espectrometría de masas son: 1) cuadrupolo simple (Single quadrupole) el cual es de baja resolución y comprende de cuatro varillas paralelas en el que cada par opuesto están conectados eléctricamente, y al seleccionar una determinada masa, estas tendrán una amplitud inferior a la del radio de los cuadrupolos atravesando el analizador, mientras que los demás iones se perderán por colisiones con las varillas. 2) QqQ o triple cuadrupolo. Q1 y Q3 están separados por un cuadrupolo Q2 el cual funciona como una celda de colisión. En este sistema se pueden realizar experimentos de MS/MS, incluyendo así el escaneo de los iones de los productos, la detección de las pérdidas neutras y el monitoreo de reacciones. 3) Ión-trap, el cual comprende un anillo y dos electrodos que mantienen los iones en órbitas oscilatorias estables, siendo la detección la desestabilización de esas orbitas que expulsan los iones al detector. 4) Orbitrap, en el cual los iones orbitan en un electrodo central en direcciones axiales y radiales, a través de un equilibrio de fuerzas electrostáticas y centrífugas entre unos electrodos externos y se utiliza la transformada de Fourier para tener la relación de tiempo a frecuencia. 5) TOF, este mide el tiempo de vuelo del ion desde la fuente hasta el detector en el vacío, el cual depende de la relación masa/carga, detectándose así las masas más bajas primero (Pöhö & Hyötyläinen, 2013; Robinson *et al.*, 2021; Wang *et al.*, 2019).

En el campo de la foodómica, la MS se ha utilizado en la caracterización de proteínas y metabolitos en alimentos y en la detección de contaminantes y alérgenos alimentarios. Su principal uso, radica en la identificación de contaminantes en alimentos, como plaguicidas y metales pesados, así como en la identificación de alérgenos en alimentos, como el gluten en productos de trigo (Colgrave *et al.*, 2014).

### Electromigración capilar (CE)

La (CE), es una técnica de separación de moléculas basada en su carga eléctrica y tamaño. En la CE, las moléculas se mueven a través de un capilar estrecho bajo la influencia de un campo eléctrico, separándose según su movilidad electroforética. Para llevar a cabo la Electromigración Capilar, se llena el capilar con un electrolito y se aplica un voltaje a través de este. La muestra se inyecta en un extremo del capilar y se arrastra hacia el otro extremo a través de la migración electroforética. La separación de las moléculas en la muestra se logra debido a las diferencias en su carga y tamaño, lo que produce distintos tiempos de migración. La CE se ha utilizado en la caracterización de componentes alimentarios, como proteínas, aminoácidos, carbohidratos y ácidos grasos. Su mayor aplicación radica en la identificación y cuantificación de péptidos bioactivos en diferentes alimentos y bebidas, así como también para el análisis de aminoácidos en proteínas alimentarias. Además, la CE se ha utilizado para la determinación de la composición de ácidos grasos en aceites y grasas alimentarias (Amorim & de Oliveira, 2020; Štěpánová & Kašička, 2022; Valdés, Álvarez-Rivera, *et al.*, 2021).

### Resonancia magnética nuclear (RMN)

La resonancia magnética nuclear es una técnica que se utiliza comúnmente para elucidar estructuras moleculares utilizando la detección de los núcleos atómicos cuando son sometidos en un campo magnético. Una condición para la detección de estos núcleos es que su momento magnético debe ser diferente de cero, siendo los más utilizados en química orgánica el  $^1\text{H}$ ,  $^{13}\text{C}$ ,  $^{31}\text{P}$ ,  $^{19}\text{F}$  y  $^{15}\text{N}$  (Zhan, 2021).

En el análisis de las ciencias ómicas, la resonancia magnética nuclear cuenta con diversas ventajas, al compararse con metodologías más comunes como la espectrometría de masas, entre ellas la alta repetibilidad, las pocas cantidades de muestra,

la capacidad de analizar metabolitos polares y no polares, volátiles o no, siendo además una técnica no destructiva. Sin embargo, su desventaja principal al comparar con MS es su baja sensibilidad y resolución. Esto implica que no es muy utilizada para detectar metabolitos que se encuentren en bajas cantidades (Zhan, 2021).

En foodómica ha sido utilizada la técnica de resonancia magnética nuclear por ejemplo en la comparación del café colombiano con el café de países vecinos como lo son Brasil y Perú. La etiqueta referente a “100 % Café Colombiano” representa un plus para los productores y es un certificado de calidad. Utilizando RMN fue posible identificar el origen del café, así como las condiciones ambientales y las técnicas agrícolas (Medina *et al.*, 2017).

### PMF, peptide mass fingerprinting

PMF es una técnica analítica utilizada para la identificación de proteínas en muestras biológicas. PMF se basa en la medición de la masa de péptidos generados a partir de la digestión enzimática de proteínas, lo que permite la identificación de proteínas en la muestra. Esta técnica ha sido ampliamente utilizada en la proteómica para la identificación de proteínas desconocidas. En general, la PMF se lleva a cabo mediante la digestión de proteínas con una enzima proteolítica, como la tripsina. Los péptidos resultantes se separan mediante cromatografía líquida y se someten a análisis de espectrometría de masas. La identificación de proteínas se realiza comparando los espectros de masa de los péptidos detectados con las bases de datos de proteínas. En el ámbito de la foodómica, la PMF se ha utilizado para la identificación de proteínas en alimentos y en la evaluación de su calidad. Un estudio reciente utilizó la PMF para identificar proteínas en diferentes variedades de trigo y evaluó la relación entre la composición proteica y la calidad del pan producido a partir de estas variedades. Otro estudio utilizó la PMF

para identificar proteínas en vinos y evaluar la influencia de diferentes prácticas enológicas en la composición proteica del vino.

### Análisis de datos

Finalmente, uno de los pasos cruciales en las ciencias ómicas es el procesamiento de datos. Esto implica partir de archivos e instrumentos sin procesar, hasta logara la producción de una matriz de datos que se puede utilizar para analizar los mismos y con esto proporcionar no solo la identificación de los metabolitos presentes en una muestra compleja sino también la explicación de como los grupos de moléculas pueden afectar o no un estímulo externo.

### Librerías espectrales

Las bibliotecas espectrales permiten la desreplicación y la identificación de los espectros utilizando redes moleculares. Plataformas como lo son el GNPS (Global Natural Products Social Molecular Networking) recopila las bibliotecas espectrales de MS/MS en productos naturales (Mingxun Wang, 2016). El GNPS es una plataforma de análisis que reúne tanto espectros de referencia recién adquiridos como también la biblioteca colaborativa por toda la comunidad científica, incluyendo productos naturales como también compuestos con diversas actividades biológicas.

Para la identificación de metabolitos especializados utilizando metabolómica por espectrometría de masas se pueden usar colecciones de referencia como: 1) MassBank, tienen bases de datos diferenciadas para Europa, Norte América y Japón, siendo esta ultima la primera base de datos pública a gran escala. 2) ReSpect, presenta gran cantidad de espectros de metabolitos en plantas. 3) HMDB, es una biblioteca pública para metabolitos en humanos. 4) XCMS/Metlin, usado para metabolómica, aunque no es una biblioteca comercial y no está disponible para redistribución pública.

5) MzCloud, es un motor de búsqueda para metabolómica y su biblioteca no está disponible para descargar.

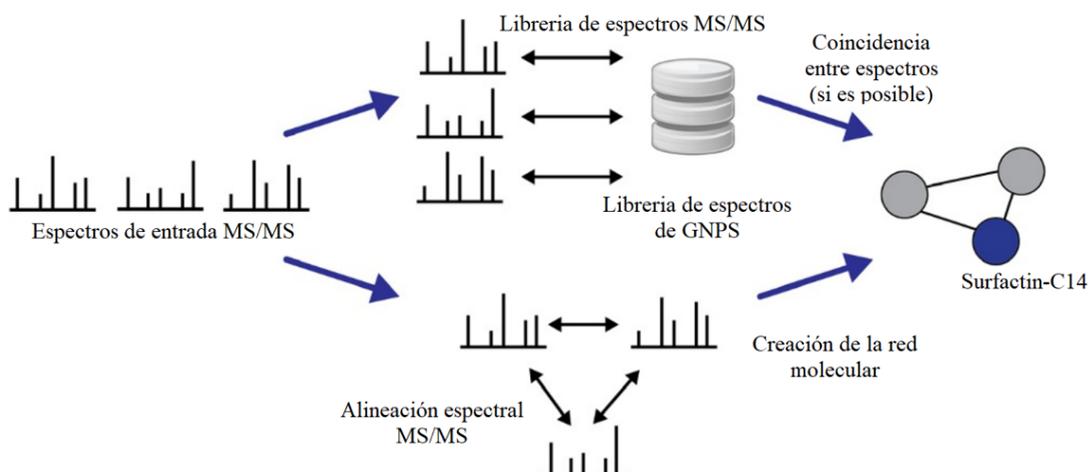
### Redes moleculares

Para la interpretación de los datos de espectros de masas se utilizan comúnmente las redes moleculares, las cuales se generan a partir de la alineación entre espectros (Figura 3). Con el fin

de correlacionar metabolitos específicos que se encuentren en diferentes muestras o variando procedimientos, se determinan las similitudes entre dos espectros con puntuaciones que van desde 0 (totalmente diferente) a 1 (completamente idéntico). Estos espectros también se buscan en las bibliotecas de espectros de GNPS, lo que genera coincidencias de nodos en las redes moleculares.

**Figura 3**

*Creación de las redes moleculares*



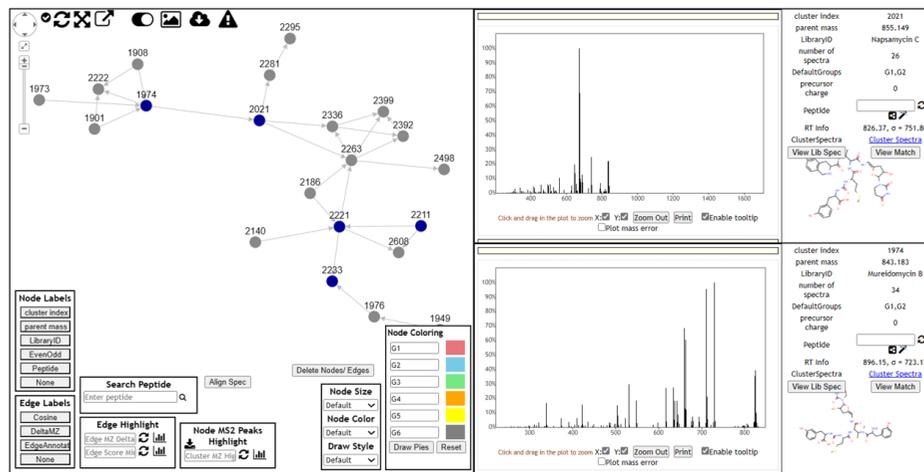
*Nota.* Adaptado de “Sharing and community curation of mass spectrometry data with Global Natural Products Social Molecular Networking” (p. 29), por Mingxun Wang (2016), *Nature biotechnology*, 34, 828 – 837.

Estas redes pueden observarse en línea en el navegador (Figura 4) y pueden exportarse en

softwares de visualización como por ejemplo Cytoscape (Paul Shannon, 2003).

**Figura 4**

*Visualización de las redes moleculares utilizando GNPS*



El uso del navegador para visualizar las redes permite que la interactividad entre los usuarios sin el uso de ningún software externo, en donde se pueden definir los datos de entrada y los nodos en la red se representan como una torta donde puede contener diferentes colores dependiendo a los grupos ingresados. En el panel de la derecha de la **Figura 4** se presentan los espectros de determinado nodo al hacer clic en el nodo de interés.

### **Análisis estadístico multivariante**

La mayoría de los estudios ómicos opera a través de un conjunto de datos altamente complejo que necesita el uso de métodos matemáticos y estadísticos para extraer la información (Zhang & Wang, 2022). Hay diversas formas de análisis estadístico multivariado, sin embargo, en alimentos comúnmente se analizan todos los metabolitos de manera exploratoria (análisis no supervisado). Este tipo de análisis se realiza para determinar si los componentes tienen alguna agrupación dentro de todo el conjunto de datos, con el fin de realizar una separación entre grupos o moléculas químicas como los flavonoides, de las antocianinas, entre otros compuestos fenólicos. Se utiliza mayoritariamente el análisis de componentes principales PCA (*Principal Component Analysis*). El PCA es un procedimiento matemático que evalúa la diferenciación estadística entre los grupos, siendo uno de los principales métodos utilizados en quimiometría haciendo que sea posible extraer y mostrar la variación sistemática de los datos, encontrando agrupaciones, tendencias y valores atípicos. Por lo tanto, los métodos basados en proyección representan una base sólida para la metabolómica (Trygg et al., 2007).

### **Aplicaciones.**

#### **Frutas y verduras**

Entre una gran lista de actuares, las diferentes técnicas de análisis ómico han permitido 1) identificar compuestos bioactivos como los

polifenoles, los carotenoides y las vitaminas y su potencial antioxidante, corroborando que las frutas y las verduras son mezclas complejas de moléculas hidrosolubles y liposolubles. 2) mejorar procesos de conservación de la agrobiodiversidad como base de la adaptación futura (Manganaris et al., 2018), y 3) evidenciar los efectos benéficos de los polifenoles en la salud humana, actuando principalmente como antiinflamatorio, antitumoral y como regulador de la microbiota intestinal (Si et al., 2021).

#### **Cereales, raíces y tubérculos**

Las ciencias ómicas han propiciado el análisis de los perfiles metabólicos, presentes en raíces y tubérculos de especies como: la arracacha (*Arracacia xanthorrhiza*), papa Asterix (*Solanum tuberosum* cv. Asterix), yuca (*Manihot esculenta*), papa (*Solanum tuberosum*), batata (*Ipomoea batatas*), papa china (*Colocasia esculenta*), y ñame (*Dioscorea* sp.), empleando la Resonancia Magnética Nuclear (NMR), logrando la identificación de ocho metabolitos principales: colina,  $\gamma$ -aminobutyrate (GABA), glutamina, asparagina, isoleucina, fructosa, glucosa y sacarosa (Do Prado Aparecido et al., 2022). Esta caracterización es útil para el desarrollo de nuevas variedades más resistentes a las plagas o el perfeccionamiento de las sustancias presentes en estos alimentos, como beneficio para la salud. En este sentido, la nutrigenómica es una herramienta útil para conocer el efecto del consumo de colina en la expresión de los genes. Este aminoácido presente en las raíces y los tubérculos, funciona como mecanismo epigenético metilando el ADN y las histonas, siendo un factor protector para cáncer de hígado, obesidad y diabetes (Brunaud et al., 2003; Zeisel, 2017).

#### **Lácteos**

En el caso de los lácteos, con el análisis ómico se han identificado proteínas, lípidos, carbohidratos y compuestos bioactivos que contribuyen a su sabor, textura, aroma y

valor nutricional. Además, el análisis ómico también ha permitido identificar los factores que influyen en la calidad y la seguridad de los productos lácteos, como la presencia de patógenos y la detección de alérgenos (Zhu et al., 2022). En particular, la aplicación de la proteómica en la foodómica ha permitido el análisis de la composición proteica de la leche y sus productos derivados, lo que ha llevado a la identificación de proteínas bioactivas que tienen propiedades antimicrobianas, antioxidantes e inmunomoduladoras, así como la detección de proteínas alergénicas (Agregán et al., 2021).

### **Cárnicos**

En las ciencias ómicas particularmente la proteómica, ha sido una herramienta útil para la evaluación de la biodisponibilidad de los aminoácidos presentes en los alimentos cárnicos. Por ejemplo, en un estudio proteómico de la bresaola, un embutido a base de carne de res se obtuvo que, desde la fase inicial de digestión estomacal, la concentración proteica era menor que en la muestra sin digerir. Este descenso en la concentración se otorgó a la acción mecánica de la masticación, así como la reducción de la concentración proteica en las siguientes fases a la acción de la pepsina, una enzima clave en la digestión gástrica; y los cambios en el pH gástrico y duodenal (Bordoni et al., 2014).

### **Bebidas**

El análisis ómico estudiando las bebidas fermentativas, se ha focalizado en la identificación de los polifenoles presentes en el vino tinto, esto para determinar su influencia en la salud a nivel cardiovascular. Los resultados más destacados señalan que algunos compuestos, como el resveratrol, están asociados con una mayor actividad antioxidante y una reducción del colesterol LDL, favoreciendo la salud cardiovascular (He et al., 2012a, 2012b; Vázquez-Fresno et al., 2016). En cuanto a su aplicación, cabe destacar el análisis metabólico de la kombucha, logrando identificarse diferentes

metabolitos presentes, como polifenoles, péptidos y ácidos grasos. Estos productos son el resultado de los procesos metabólicos llevados a cabo por levaduras y bacterias que componen el SCOBY, que es la colonia simbiótica, materia prima de la kombucha (Tran et al., 2022).

### **Grasas y aceites**

En la identificación de componentes fenólicos y su relación con la calidad del aceite de oliva se han empleado las disciplinas ómicas. En las investigaciones realizadas se ha encontrado que los compuestos fenólicos del aceite de oliva, especialmente el hidroxitirosol y el tirosol, están relacionados con la calidad del aceite y su estabilidad oxidativa. Además, se ha demostrado que la concentración de estos compuestos fenólicos está influenciada por factores como la variedad de la aceituna, el momento de la cosecha y la región de cultivo (Ballus et al., 2011; Boussahel et al., 2020; Godoy-Caballero et al., 2012; Kalogiouri et al., 2020; Lioupi et al., 2020).

### **Alimentos procesados**

En el caso de fórmulas infantiles, se ha empleado el análisis ómico en la evaluación analítica de contaminaciones excesivas inesperadas, problema generalizado de la seguridad alimentaria. La foodómica basada en técnicas de metabolómica proporciona herramientas poderosas para la detección de casos de manipulación con contaminaciones intencionales. En este estudio, los investigadores analizaron una gran cantidad de señales moleculares sin procesar de la fórmula infantil empleando cromatografía líquida con espectrometría de masas (LC - MS) y resonancia magnética nuclear (NMR), y procesaron y analizaron los datos empleando análisis de componentes principales (PCA). Mediante PCA lograron trazar las tendencias de las firmas visualizadas en los lotes de datos de señales complejas de cada exceso de contaminación con sustancias químicas detectables por LC-MS y NMR (Inoue et al., 2016).

## Conclusiones

La presente revisión, detalla las disciplinas ómicas y algunas aplicaciones metodológicas, para trabajar de forma transversal en productos novedosos con impacto positivo en la salud de los consumidores. En este sentido, la foodómica se apalanca del estudio genómico, apoyándose en la transcriptómica, proteómica y metabolómica como herramientas que describen el ARNm específico de un tejido en un momento específico, las proteínas expresadas de un organismo en particular; y los metabolitos producidos por los procesos bioquímicos que ocurren en una muestra biológica. También, se relaciona con la nutrigenética, la nutrigenómica y la nutriproteómica, que interaccionan las variables genéticas propias de cada individuo, la expresión génica y las proteínas resultantes de los procesos de alimentación – nutrición. La sensibilidad y la precisión de estos métodos son superiores a los procedimientos analíticos estándares utilizados anteriormente y los nuevos métodos son adecuados para abordar una serie de requisitos novedosos que plantea el sector de producción de alimentos y el mercado mundial de alimentos.

## Referencias

- Adams, M. D., Celniker, S. E., Holt, R. A., Evans, C. A., Gocayne, J. D., Amanatides, P. G., ..., Venter, J. C. (2000). The Genome Sequence of *Drosophila melanogaster*. *Science*, 287 (5461), 2185-2195. <https://doi.org/10.1126/science.287.5461.2185>
- Adetunji, C. O., Olaniyan, O. T., Rebezov, M., Shariati, M. A., Ijabadeniyi, O. A., Ajayi, O. O., ..., Odoh, U. E. (2023). Roles of nutrigenomics in drug discovery and development. In *Role of Nutrigenomics in Modern-day Healthcare and Drug Discovery* (pp. 277-299). <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-824412-8.00016-3>
- Afzaal, M., Saeed, F., Hussain, M., Shahid, F., Siddeeg, A., & Al-Farga, A. (2022). Proteomics as a promising biomarker in food authentication, quality and safety: A review. *Food Science & Nutrition*, 10 (7), 2333-2346. <https://doi.org/10.1002/fsn3.2842>
- Agregán, R., Echegaray, N., Nawaz, A., Hano, C., Gohari, G., Pateiro, M., & Lorenzo, J. M. (2021). Foodomic-Based Approach for the Control and Quality Improvement of Dairy Products. *Metabolites*, 11 (12). <https://doi.org/10.3390/metabo11120818>
- Aji, A. S., Lipoeto, N. I., Yusrawati, Y., Malik, S. G., Kusmayanti, N. A., Susanto, I., ..., Vimalaswaran, K. S. (2022). Impact of maternal dietary carbohydrate intake and vitamin D-related genetic risk score on birth length: the Vitamin D Pregnant Mother (VDPM) cohort study. *BMC Pregnancy and Childbirth*, 22 (1). <https://doi.org/10.1186/s12884-022-05020-3>
- Alathari, B. E., Aji, A. S., Ariyasra, U., Sari, S. R., Tasrif, N., Yani, F. F., ..., Vimalaswaran, K. S. (2021). Interaction between Vitamin D-Related Genetic Risk Score and Carbohydrate Intake on Body Fat Composition: A Study in Southeast Asian Minangkabau Women. *Nutrients*, 13 (2). <https://doi.org/10.3390/nu13020326>
- Alsulami, S., Nyakotey, D. A., Dudek, K., Bawah, A.-M., Lovegrove, J. A., Annan, R. A., ..., Vimalaswaran, K. S. (2020). Interaction between Metabolic Genetic Risk Score and Dietary Fatty Acid Intake on Central Obesity in a Ghanaian Population. *Nutrients*, 12 (7). <https://doi.org/10.3390/nu12071906>
- Amorim, T. L., & de Oliveira, M. A. L. (2020). Advances in Lipid Capillary Electromigration Methods to Food Analysis Within the 2010s Decade. *Food Analytical Methods*, 13 (7), 1503-1522. <https://doi.org/10.1007/s12161-020-01772-w>
- Anderson, C. M., Gillespie, S. L., Thiele, D. K., Ralph, J. L., & Ohm, J. E. (2018). Effects of Maternal Vitamin D Supplementation on the Maternal and Infant Epigenome. *Breastfeeding Medicine*, 13 (5), 371-380. <https://doi.org/10.1089/bfm.2017.0231>
- Ballus, C. A., Meinhart, A. D., Bruns, R. E., & Godoy, H. T. (2011). Use of multivariate statistical techniques to optimize the simultaneous separation of 13 phenolic compounds from extra-virgin olive oil by capillary electrophoresis. *Talanta*, 83 (4), 1181-1187. <https://doi.org/10.1016/j.talanta.2010.07.013>
- Barh, D., Zambare, V., & Azevedo, V. (2013). *Omic: Applications in Biomedical, Agricultural, and Environmental Sciences*. CRC Press. Taylor & Francis Group. <https://doi.org/10.1201/b14289>
- Beaulieu, L. (2019). Insights into the Regulation of Algal Proteins and Bioactive Peptides Using Proteomic and Transcriptomic Approaches. *Molecules*, 24 (9). <https://doi.org/10.3390/molecules24091708>
- Benkeblia, N. (2012). *OMICs Technologies: Tools for Food Science*. CRC Press. <https://doi.org/10.1201/b11534>
- Berenguer, C. V., Pereira, F., Pereira, J. A. M., & Câmara, J. S. (2022). Volatilomics: An Emerging and Promising Avenue for the Detection of Potential Prostate Cancer Biomarkers. *Cancers*, 14 (16). <https://doi.org/10.3390/cancers14163982>
- Bernal, A. J., & Jirtle, R. L. (2010). Epigenomic disruption: The effects of early developmental exposures. *Birth Defects Research Part A: Clinical and Molecular Teratology*, 88 (10), 938-944. <https://doi.org/10.1002/bdra.20685>
- Bongiorni, S., Gruber, C. E. M., Bueno, S., Chillemi, G., Ferrè, F., Failla, S., ..., Valentini, A. (2016). Transcriptomic investigation of meat tenderness in two Italian cattle breeds. *Animal Genetics*, 47 (3), 273-287. <https://doi.org/10.1111/age.12418>

- Bordoni, A., Laghi, L., Babini, E., Di Nunzio, M., Picone, G., Ciampa, A., ..., Capozzi, F. (2014). The foodomics approach for the evaluation of protein bioaccessibility in processed meat upon in vitro digestion. *Electrophoresis*, 35 (11), 1607-1614. <https://doi.org/10.1002/elps.201300579>
- Boussahel, S., Di Stefano, V., Muscarà, C., Cristani, M., & Melilli, M. G. (2020). Phenolic Compounds Characterization and Antioxidant Properties of Monocultivar Olive Oils from Northeast Algeria. *Agriculture*, 10 (11). <https://doi.org/10.3390/agriculture10110494>
- Bragazzi, N. L. (2013). Situating Nutri-Ethics at the Junction of Nutrigenomics and Nutriproteomics in Postgenomics Medicine. *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine*, 11 (2), 162-166. <https://doi.org/10.2174/1875692111311020008>
- Brunaud, L., Alberto, J.-M., Ayay, A., Gérard, P., Namour, F., Antunes, L., ..., Gueant, J.-L. (2003). Effects of Vitamin B12 and Folate Deficiencies on DNA Methylation and Carcinogenesis in Rat Liver. *Clinical Chemistry and Laboratory Medicine*, 41 (8). <https://doi.org/10.1515/cclm.2003.155>
- Campo, L. M., & Ramirez Navas, J. S. (2021). Antioxidant capacity in ice cream and dairy products. *Revista Colombiana de Investigaciones Agroindustriales*, 8 (1), 23-41. <https://doi.org/10.23850/24220582.3982>
- Capozzi, F., & Bordoni, A. (2012). Foodomics: a new comprehensive approach to food and nutrition. *Genes & Nutrition*, 8 (1), 1-4. <https://doi.org/10.1007/s12263-012-0310-x>
- Carrasco-Castilla, J., Hernández-Álvarez, A. J., Jiménez-Martínez, C., Gutiérrez-López, G. F., & Dávila-Ortiz, G. (2012). Use of Proteomics and Peptidomics Methods in Food Bioactive Peptide Science and Engineering. *Food Engineering Reviews*, 4 (4), 224-243. <https://doi.org/10.1007/s12393-012-9058-8>
- Cavaliere, B., De Nino, A., Hayet, F., Lazez, A., Macchione, B., Moncef, C., ..., Tagarelli, A. (2007). A Metabolomic Approach to the Evaluation of the Origin of Extra Virgin Olive Oil: A Convenient Statistical Treatment of Mass Spectrometric Analytical Data. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 55 (4), 1454-1462. <https://doi.org/10.1021/jf062929u>
- Cecchetto, M., Peruzza, L., Giubilato, E., Bernardini, I., Rovere, G. D., Marcomini, A., ..., Milan, M. (2023). An innovative index to incorporate transcriptomic data into weight of evidence approaches for environmental risk assessment. *Environmental Research*, 227. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2023.115745>
- Cervantes Saavedra, M. D. (1605). *El ingenioso hidalgo Don Quijote de la Mancha*. Editorial Juan de la Cuesta a costa de Francisco de Robles. <https://books.google.com.co/books?id=JEQoAQAAIAAJ>
- Cevallos-Cevallos, J. M., Reyes-De-Corcuera, J. I., Etxeberria, E., Danyluk, M. D., & Rodrick, G. E. (2009). Metabolomic analysis in food science: a review. *Trends in Food Science & Technology*, 20 (11-12), 557-566. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2009.07.002>
- Chen, D., Li, X., Zhao, X., Qin, Y., Wang, J., & Wang, C. (2019). Comparative proteomics of goat milk during heated processing. *Food Chemistry*, 275, 504-514. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.09.129>
- Cho, I., & Blaser, M. J. (2012). The human microbiome: at the interface of health and disease. *Nature Reviews Genetics*, 13 (4), 260-270. <https://doi.org/10.1038/nrg3182>
- Chua-Lim, L. A., Vergara, A. S., Ulamarulama, R. M., Valencia, E. K. A., Vergara, A. R. N., Dable-Tupas, G., & Escalante-Llavore, C. (2023). Role of nutrigenomics in diabetes care and prevention. In *Role of Nutrigenomics in Modern-day Healthcare and Drug Discovery* (pp. 115-133). <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-824412-8.00001-1>
- Cifuentes, A. (2009). *Food analysis and Foodomics. Journal of Chromatography A*, 1216(43). <https://doi.org/10.1016/j.chroma.2009.09.018>
- Cifuentes, A., & Ibáñez, E. (2022). Exploration of Foods and Foodomics: a new adventure. *Exploration of Foods and Foodomics*, 1 (1), 1-4. <https://doi.org/10.37349/eff.2022.00001>
- Colgrave, M. L., Goswami, H., Blundell, M., Howitt, C. A., & Tanner, G. J. (2014). Using mass spectrometry to detect hydrolysed gluten in beer that is responsible for false negatives by ELISA. *Journal of Chromatography A*, 1370, 105-114. <https://doi.org/10.1016/j.chroma.2014.10.033>
- Dai, W., Wang, Q., Zhao, F., Liu, J., & Liu, H. (2018). Understanding the regulatory mechanisms of milk production using integrative transcriptomic and proteomic analyses: improving inefficient utilization of crop by-products as forage in dairy industry. *BMC Genomics*, 19 (1). <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4808-5>
- De Santis, S., Cavalcanti, E., Mastronardi, M., Jirillo, E., & Chiappa, M. (2015). Nutritional Keys for Intestinal Barrier Modulation. *Frontiers in Immunology*, 6. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2015.00612>
- Deniel, N., Marion-Letellier, R., Charlionet, R., Tron, F., Leprince, J., Vaudry, H., ..., Thébault, S. (2007). Glutamine Regulates the Human Epithelial Intestinal HCT-8 Cell Proteome under Apoptotic Conditions. *Molecular & Cellular Proteomics*, 6 (10), 1671-1679. <https://doi.org/10.1074/mcp.M600428-MCP200>
- Desjardins, L.-C., & Vohl, M.-C. (2023). Precision Nutrition for Cardiovascular Diseases Prevention. *Lifestyle Genomics*. <https://doi.org/10.1159/000529054>
- Do Prado Aparecido, R., Barros Lopes, T. I., & Braz Alcantara, G. (2022). NMR-based foodomics of common tubers and roots. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, 209. <https://doi.org/10.1016/j.jpba.2021.114527>
- Fiehn, O. (2002). Metabolomics — the link between genotypes and phenotypes. In *Functional Genomics* (pp. 155-171). [https://doi.org/10.1007/978-94-010-0448-0\\_11](https://doi.org/10.1007/978-94-010-0448-0_11)
- Gallardo, J. M., Carrera, M., & Ortea, I. (2013). Proteomics in Food Science. In A. Cifuentes (Ed.), *Foodomics: Advanced Mass Spectrometry in Modern Food Science and Nutrition* (pp. 125-165). John Wiley & Sons, Inc. <https://doi.org/10.1002/9781118537282.ch5>

- Gallo, M., & Ferranti, P. (2016). The evolution of analytical chemistry methods in foodomics. *Journal of Chromatography A*, 1428, 3-15. <https://doi.org/10.1016/j.chroma.2015.09.007>
- Gallo, M., Ferrara, L., Calogero, A., Montesano, D., & Naviglio, D. (2020). Relationships between food and diseases: What to know to ensure food safety. *Food Research International*, 137. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109414>
- Ganesh, V., & Hettiarachchy, N. S. (2012). Nutriproteomics: A promising tool to link diet and diseases in nutritional research. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics*, 1824 (10), 1107-1117. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2012.06.006>
- García-Cañas, V., Simó, C., Herrero, M., Ibáñez, E., & Cifuentes, A. (2012). Present and Future Challenges in Food Analysis: Foodomics. *Analytical Chemistry*, 84 (23), 10150-10159. <https://doi.org/10.1021/ac301680q>
- García-Cañas, V., Simó, C., León, C., & Cifuentes, A. (2010). Advances in Nutrigenomics research: Novel and future analytical approaches to investigate the biological activity of natural compounds and food functions. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, 51 (2), 290-304. <https://doi.org/10.1016/j.jpba.2009.04.019>
- Godoy-Caballero, M. d. P., Galeano-Díaz, T., & Acedo-Valenzuela, M. I. (2012). Simple and fast determination of phenolic compounds from different varieties of olive oil by nonaqueous capillary electrophoresis with UV-visible and fluorescence detection. *Journal of Separation Science*, 35 (24), 3529-3539. <https://doi.org/10.1002/jssc.201200696>
- Goff, S. A., Ricke, D., Lan, T.-H., Presting, G., Wang, R., Dunn, M., ..., Briggs, S. (2002). A Draft Sequence of the Rice Genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*). *Science*, 296 (5565), 92-100. <https://doi.org/10.1126/science.1068275>
- Govorun, V. M., & Archakov, A. I. (2002). Proteomic Technologies in Modern Biomedical Science. *Biochemistry (Moscow)*, 67 (10), 1109-1123. <https://doi.org/10.1023/a:1020959106412>
- Guarnaccia, M., Gentile, G., Alessi, E., Schneider, C., Petralia, S., & Cavallaro, S. (2014). Is this the real time for genomics? *Genomics*, 103 (2-3), 177-182. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2014.02.003>
- Guo, B., & Dalrymple, B. P. (2017). Transcriptomics of Meat Quality. In P. Purslow (Ed.), *New Aspects of Meat Quality* (pp. 259-320). Woodhead Publishing <https://doi.org/10.1016/b978-0-08-100593-4.00012-6>
- He, F., Liang, N.-N., Mu, L., Pan, Q.-H., Wang, J., Reeves, M. J., & Duan, C.-Q. (2012a). Anthocyanins and Their Variation in Red Wines I. Monomeric Anthocyanins and Their Color Expression. *Molecules*, 17 (2), 1571-1601. <https://doi.org/10.3390/molecules17021571>
- He, F., Liang, N.-N., Mu, L., Pan, Q.-H., Wang, J., Reeves, M. J., & Duan, C.-Q. (2012b). Anthocyanins and Their Variation in Red Wines II. Anthocyanin Derived Pigments and Their Color Evolution. *Molecules*, 17 (2), 1483-1519. <https://doi.org/10.3390/molecules17021483>
- Hédiji, H., Djebali, W., Cabasson, C., Maucourt, M., Baldet, P., Bertrand, A., ..., Gallusci, P. (2010). Effects of long-term cadmium exposure on growth and metabolomic profile of tomato plants. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 73 (8), 1965-1974. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2010.08.014>
- Henikoff, S., Strahl, B. D., & Warburton, P. E. (2008). Epigenomics: A Roadmap to Chromatin. *Science*, 322 (5903), 853-853. <https://doi.org/10.1126/science.322.5903.853a>
- Hubbard, S. J., Grafham, D. V., Beattie, K. J., Overton, I. M., McLaren, S. R., Croning, M. D. R., ..., Wilson, S. A. (2005). Transcriptome analysis for the chicken based on 19,626 finished cDNA sequences and 485,337 expressed sequence tags. *Genome Research*, 15(1), 174-183. <https://doi.org/10.1101/gr.3011405>
- Hyötyläinen, T., & Wiedmer, S. (2013). *Chromatographic Methods in Metabolomics*. The Royal Society of Chemistry. <https://doi.org/10.1039/9781849737272>
- Inoue, K., Tanada, C., Hosoya, T., Yoshida, S., Akiba, T., Min, J. Z., ..., Toyooka, T. (2016). Principal component analysis of molecularly based signals from infant formula contaminations using LC-MS and NMR in foodomics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 96(11), 3876-3881. <https://doi.org/10.1002/jsfa.7584>
- International Chicken Genome Sequencing Consortium. (2004). Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*, 432(7018), 695-716. <https://doi.org/10.1038/nature03154>
- Juarez, P. D., Hood, D. B., Song, M.-A., & Ramesh, A. (2020). Use of an Exposome Approach to Understand the Effects of Exposures From the Natural, Built, and Social Environments on Cardio-Vascular Disease Onset, Progression, and Outcomes. *Frontiers in Public Health*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00379>
- Kalogiouri, N. P., Aalizadeh, R., Dasenaki, M. E., & Thomaidis, N. S. (2020). Application of High Resolution Mass Spectrometric methods coupled with chemometric techniques in olive oil authenticity studies - A review. *Analytica Chimica Acta*, 1134, 150-173. <https://doi.org/10.1016/j.aca.2020.07.029>
- Kocaadam, B., & Sanlier, N. (2015). Curcumin, an active component of turmeric (*Curcuma longa*), and its effects on health. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 57(13), 2889-2895. <https://doi.org/10.1080/10408398.2015.1077195>
- Kussmann, M. (2010). Nutriproteomics - Linking Proteomics Variation with Personalized Nutrition. *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine*, 8 (4), 245-256. <https://doi.org/10.2174/187569210793368177>
- Kussmann, M., & Fay, L. B. (2008). Nutrigenomics and personalized nutrition: science and concept. *Personalized Medicine*, 5 (5), 447-455. <https://doi.org/10.2217/17410541.5.5.447>
- Lander, E. S., Linton, L. M., Birren, B., Nusbaum, C., Zody, M. C., Baldwin, J., ..., Morgan, M. J. (2001). Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409(6822), 860-921. <https://doi.org/10.1038/35057062>

- Lentsch, A. B. (2009). Proteomics in Practice: A Laboratory Manual of Proteome Analysis. *Journal of Investigative Surgery*, 16 (5), 305-305. <https://doi.org/10.1080/08941930390230405>
- León, C., Cifuentes, A., & Valdés, A. (2018). Foodomics Applications. In *Data Analysis for Omic Sciences: Methods and Applications* (pp. 643-685). <https://doi.org/10.1016/bs.coac.2018.06.008>
- Li, Y., & Ning, K. (2023). Biomedical Applications: The Need for Multi-Omics. In K. Ning (Ed.), *Methodologies of Multi-Omics Data Integration and Data Mining* (pp. 13-31). Springer Singapore. [https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1\\_2](https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1_2)
- Lioupi, A., Nenadis, N., & Theodoridis, G. (2020). Virgin olive oil metabolomics: A review. *Journal of Chromatography B*, 1150. <https://doi.org/10.1016/j.jchromb.2020.122161>
- Lytou, A. E., Panagou, E. Z., & Nychas, G.-J. E. (2019). Volatilomics for food quality and authentication. *Current Opinion in Food Science*, 28, 88-95. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2019.10.003>
- Manganaris, G. A., Goulas, V., Mellidou, I., & Drogoudi, P. (2018). Antioxidant Phytochemicals in Fresh Produce: Exploitation of Genotype Variation and Advancements in Analytical Protocols. *Frontiers in Chemistry*, 5. <https://doi.org/10.3389/fchem.2017.00095>
- Mangelsen, E., Kilian, J., Harter, K., Jansson, C., Wanke, D., & Sundberg, E. (2011). Transcriptome Analysis of High-Temperature Stress in Developing Barley Caryopses: Early Stress Responses and Effects on Storage Compound Biosynthesis. *Molecular Plant*, 4 (1), 97-115. <https://doi.org/10.1093/mp/ssq058>
- Mathers, J. C. (2016). Nutrigenomics in the modern era. *Proceedings of the Nutrition Society*, 76 (3), 265-275. <https://doi.org/10.1017/s002966511600080x>
- Medina, J., Caro Rodríguez, D., Arana, V. A., Bernal, A., Esseiva, P., & Wist, J. (2017). Comparison of Attenuated Total Reflectance Mid-Infrared, Near Infrared, and <sup>1</sup>H-Nuclear Magnetic Resonance Spectroscopies for the Determination of Coffee's Geographical Origin. *International Journal of Analytical Chemistry*, 2017, 1-8. <https://doi.org/10.1155/2017/7210463>
- Medina, S., Perestrelo, R., Pereira, R., & Câmara, J. S. (2020). Evaluation of Volatilomic Fingerprint from Apple Fruits to Ciders: A Useful Tool to Find Putative Biomarkers for Each Apple Variety. *Foods*, 9(12). <https://doi.org/10.3390/foods9121830>
- Mingxun Wang, J. J. C., Vanessa V Phelan. (2016). Sharing and community curation of mass spectrometry data with Global Natural Products Social Molecular Networking. *Nature biotechnology*, 34, 828-837. <https://doi.org/10.1038/nbt.3597>
- Mischak, H., Delles, C., Vlahou, A., & Vanholder, R. (2015). Proteomic biomarkers in kidney disease: issues in development and implementation. *Nature Reviews Nephrology*, 11 (4), 221-232. <https://doi.org/10.1038/nrneph.2014.247>
- Monaci, L., & Visconti, A. (2009). Mass spectrometry-based proteomics methods for analysis of food allergens. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 28 (5), 581-591. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2009.02.013>
- Mora, L., Gallego, M., & Toldrá, F. (2018). New approaches based on comparative proteomics for the assessment of food quality. *Current Opinion in Food Science*, 22, 22-27. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2018.01.005>
- Müller, M., & Kersten, S. (2003). Nutrigenomics: goals and strategies. *Nature Reviews Genetics*, 4 (4), 315-322. <https://doi.org/10.1038/nrg1047>
- Mutch, D. M., Wahli, W., & Williamson, G. (2005). Nutrigenomics and nutrigenetics: the emerging faces of nutrition. *The FASEB Journal*, 19 (12), 1602-1616. <https://doi.org/10.1096/fj.05-3911rev>
- Neeha, V. S., & Kinth, P. (2012). Nutrigenomics research: a review. *Journal of Food Science and Technology*, 50(3), 415-428. <https://doi.org/10.1007/s13197-012-0775-z>
- Ning, K. (2023). *Methodologies of Multi-Omics Data Integration and Data Mining*. Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1>
- Noshad, M., Behbahani, B. A., & Karabagias, I. K. (2023). Volatilomic with chemometrics: a toward authentication approach for food authenticity control. *European Food Research and Technology*. <https://doi.org/10.1007/s00217-023-04291-0>
- Odoh, U. E., Onyegbulam, C. M., mba, T., Onugwu, O. S., Chikeokwu, I., & Odoh, L. C. (2023). Nutrigenomics, plant bioactives, and healthy aging. In K. B. Pandey & M. Suttajit (Eds.), *Plant Bioactives as Natural Panacea Against Age-Induced Diseases* (pp. 49-61). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/b978-0-323-90581-7.00011-6>
- Ozdemir, V., Armengaud, J., Dube, L., Karam Aziz, R., & M. Knoppers, B. (2010). Editorial (Nutriproteomics and Proteogenomics: Cultivating Two Novel Hybrid Fields of Personalized Medicine with Added Societal Value). *Current Pharmacogenomics and Personalized Medicine*, 8 (4), 240-244. <https://doi.org/10.2174/187569210793368230>
- Paul, D., Choudhury, S., & Bose, S. (2018). Microbiome. In P. Arivaradarajan & G. Misra (Eds.), *Omics Approaches, Technologies And Applications* (pp. 99-128). Springer Nature Singapore Pte Ltd. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8\\_6](https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8_6)
- Paul Shannon, A. M., Owen Ozier, Nitin S Baliga, Jonathan T Wang, Daniel Ramage, Nada Amin, Benno Schwikowski, Trey Ideker. (2003). Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. *Genome Research*, 13(11), 2498-2504. <https://doi.org/10.1101/gr.1239303>
- Pavagadhi, S., & Swarup, S. (2020). Metabolomics for Evaluating Flavor-Associated Metabolites in Plant-Based Products. *Metabolites*, 10(5). <https://doi.org/10.3390/metabo10050197>
- Pedrotty, D. M., Morley, M. P., & Cappola, T. P. (2012). Transcriptomic Biomarkers of Cardiovascular Disease. *Progress in Cardiovascular Diseases*, 55(1), 64-69. <https://doi.org/10.1016/j.pcad.2012.06.003>

- Peng, L., Gao, X., Wang, L., Zhu, A., Cai, X., Li, P., & Li, W. (2022). Design of experiment techniques for the optimization of chromatographic analysis conditions: A review. *Electrophoresis*, 43 (18-19), 1882-1898. <https://doi.org/10.1002/elps.202200072>
- Perez-Diaz-del-Campo, N., Dileo, E., Castelnovo, G., Rosso, C., Caviglia, G. P., D'Amato, D., ..., Bugianesi, E. (2023). A nutrigenetic precision approach for the management of NAFLD. *Digestive and Liver Disease*, 55, S23-S24. <https://doi.org/10.1016/j.dld.2023.01.042>
- Perry, G. H., Dominy, N. J., Claw, K. G., Lee, A. S., Fiegler, H., Redon, R., ..., Stone, A. C. (2007). Diet and the evolution of human amylase gene copy number variation. *Nature Genetics*, 39 (10), 1256-1260. <https://doi.org/10.1038/ng2123>
- Poetsch, A., & Li, Y. (2023). Omics Technologies and Big Data. In K. Ning (Ed.), *Methodologies of Multi-Omics Data Integration and Data Mining* (pp. 33-54). Springer Singapore. [https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1\\_3](https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1_3)
- Pöhö, P., & Hyötyläinen, T. (2013). Mass Spectrometric Detection for Chromatography. In T. Hyötyläinen & S. Wiedmer (Eds.), *Chromatographic Methods in Metabolomics* (pp. 43-63). The Royal Society of Chemistry. <https://doi.org/10.1039/9781849737272-00043>
- Puttamreddy, S., Carruthers, M. D., Madsen, M. L., & Minion, F. C. (2008). Transcriptome Analysis of Organisms with Food Safety Relevance. *Foodborne Pathogens and Disease*, 5 (4), 517-529. <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0112>
- Qi, S.-w., & Li, Q. X. (2010). Proteomics in Pesticide Toxicology. In R. Krieger (Ed.), *Hayes' Handbook of Pesticide Toxicology* (pp. 603-626). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-374367-1.00021-5>
- Rajawat, J. (2018). Transcriptomics. In P. Arivaradarajan & G. Misra (Eds.), *Omics Approaches, Technologies And Applications* (pp. 39-56). Springer Nature Singapore Pte Ltd. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8\\_3](https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8_3)
- Roberts, M.-A., Mutch, D. M., & German, J. B. (2001). Genomics: food and nutrition. *Current Opinion in Biotechnology*, 12 (5), 516-522. [https://doi.org/10.1016/S0958-1669\(00\)00256-1](https://doi.org/10.1016/S0958-1669(00)00256-1)
- Robinson, J. W., Skelly Frame, E. M., & Frame, G. M. (2021). *Instrumental Analytical Chemistry*. <https://doi.org/10.1201/b21879>
- Safriani, N., Zakaria, F. R., Prangdimurti, E., Suwanti, Verpoorte, R., & Yuliana, N. D. (2022). Using metabolomics to discover the immunomodulator activity of food plants. *Heliyon*, 8 (5). <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09507>
- Sauer, S., & Luge, T. (2015). Nutriproteomics: Facts, concepts, and perspectives. *Proteomics*, 15 (5-6), 997-1013. <https://doi.org/10.1002/pmic.201400383>
- Sébedio, J. L., & Malpuech-Brugère, C. (2022). Implementation of foodomics in the food industry. In *Innovation Strategies in the Food Industry* (pp. 239-251). <https://doi.org/10.1016/b978-0-323-85203-6.00008-6>
- Sengupta, A., & Narad, P. (2018). Metabolomics. In P. Arivaradarajan & G. Misra (Eds.), *Omics Approaches, Technologies And Applications* (pp. 75-97). Springer Nature Singapore Pte Ltd. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8\\_5](https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8_5)
- Si, W., Zhang, Y., Li, X., Du, Y., & Xu, Q. (2021). Understanding the Functional Activity of Polyphenols Using Omics-Based Approaches. *Nutrients*, 13 (11). <https://doi.org/10.3390/nu13113953>
- Singh, D. D., & Datta, M. (2018). Genomics. In P. Arivaradarajan & G. Misra (Eds.), *Omics Approaches, Technologies And Applications* (pp. 11-38). Springer Nature Singapore Pte Ltd. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8\\_2](https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8_2)
- Srinivasan, M. (2020). Foodomics: The What, Why and How of It. In S. Singh (Ed.), *Metagenomic Systems Biology* (pp. 185-205). Springer Nature Singapore. [https://doi.org/10.1007/978-981-15-8562-3\\_9](https://doi.org/10.1007/978-981-15-8562-3_9)
- Štěpánová, S., & Kašička, V. (2022). CE-MS Approaches for Peptidomics. In *Capillary Electrophoresis-Mass Spectrometry for Proteomics and Metabolomics* (pp. 235-259). <https://doi.org/10.1002/9783527833092.ch9>
- Stilo, F., Bicchi, C., Reichenbach, S. E., & Cordero, C. (2021). Comprehensive two-dimensional gas chromatography as a boosting technology in food-omic investigations. *Journal of Separation Science*, 44 (8), 1592-1611. <https://doi.org/10.1002/jssc.202100017>
- Tang, M., Liu, Y., & Gong, X. (2023). Multi-Omics Data Mining Techniques: Algorithms and Software. In K. Ning (Ed.), *Methodologies of Multi-Omics Data Integration and Data Mining* (pp. 55-74). Springer Singapore. [https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1\\_4](https://doi.org/10.1007/978-981-19-8210-1_4)
- Theodoridis, G. A., Michopoulos, F., Gika, H. G., Plumb, R. S., & Wilson, I. D. (2013). Liquid Chromatographic Techniques in Metabolomics. In T. Hyötyläinen & S. Wiedmer (Eds.), *Chromatographic Methods in Metabolomics* (pp. 64-86). The Royal Society of Chemistry. <https://doi.org/10.1039/9781849737272-00064>
- Tomato Genome Consortium. (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*, 485 (7400), 635-641. <https://doi.org/10.1038/nature11119>
- Tran, T., Romanet, R., Roullier-Gall, C., Verdier, F., Martin, A., Schmitt-Kopplin, P., ..., Tourdot-Maréchal, R. (2022). Non-Targeted Metabolomic Analysis of the Kombucha Production Process. *Metabolites*, 12 (2). <https://doi.org/10.3390/metabo12020160>
- Trygg, J., Holmes, E., & Lundstedt, T. (2007). Chemometrics in Metabolomics. *Journal of Proteome Research*, 6(2), 469-479. <https://doi.org/10.1021/pr060594q>
- Valdés, A., Álvarez-Rivera, G., Socas-Rodríguez, B., Herrero, M., Ibáñez, E., & Cifuentes, A. (2021). Foodomics: Analytical Opportunities and Challenges. *Analytical Chemistry*, 94 (1), 366-381. <https://doi.org/10.1021/acs.analchem.1c04678>

- Valdés, A., Álvarez-Rivera, G., Socas-Rodríguez, B., Herrero, M., & Cifuentes, A. (2021). Capillary electromigration methods for food analysis and Foodomics: Advances and applications in the period February 2019–February 2021. *Electrophoresis*, 43 (1-2), 37–56. <https://doi.org/10.1002/elps.202100201>
- Valdés, A., Cifuentes, A., & León, C. (2017). Foodomics evaluation of bioactive compounds in foods. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 96, 2–13. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2017.06.004>
- Valdés, A., Ibáñez, C., Simó, C., & García-Cañas, V. (2013). Recent transcriptomics advances and emerging applications in food science. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 52, 142–154. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2013.06.014>
- Vaz, C., & Tanavde, V. (2018). Proteomics. In P. Arivaradarajan & G. Misra (Eds.), *Omics Approaches, Technologies And Applications* (pp. 57–73). Springer Nature Singapore Pte Ltd. [https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8\\_4](https://doi.org/10.1007/978-981-13-2925-8_4)
- Vázquez-Fresno, R., Llorach, R., Perera, A., Mandal, R., Feliz, M., Tinahones, F. J., ..., Andres-Lacueva, C. (2016). Clinical phenotype clustering in cardiovascular risk patients for the identification of responsive metabolotypes after red wine polyphenol intake. *The Journal of Nutritional Biochemistry*, 28, 114–120. <https://doi.org/10.1016/j.jnutbio.2015.10.002>
- Vineis, P., Chadeau-Hyam, M., Gmuender, H., Gulliver, J., Herceg, Z., Kleinjans, J., ..., Wild, C. P. (2017). The exposome in practice: Design of the EXPOSOMICS project. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 220 (2), 142–151. <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2016.08.001>
- Wachsmuth, C. J., Vogl, F. C., Oefner, P. J., & Dettmer, K. (2013). Gas Chromatographic Techniques in Metabolomics. In T. Hyötyläinen & S. Wiedmer (Eds.), *Chromatographic Methods in Metabolomics* (pp. 87–113). The Royal Society of Chemistry. <https://doi.org/10.1039/9781849737272-00087>
- Wang, X. J., Ren, J. L., Zhang, A. H., Sun, H., Yan, G. L., Han, Y., & Liu, L. (2019). Novel applications of mass spectrometry-based metabolomics in herbal medicines and its active ingredients: Current evidence. *Mass Spectrometry Reviews*, 38 (4–5), 380–402. <https://doi.org/10.1002/mas.21589>
- Wishart, D. S. (2008). Metabolomics: applications to food science and nutrition research. *Trends in Food Science & Technology*, 19 (9), 482–493. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2008.03.003>
- Xiong, Q., Sun, C., Li, A., Zhang, J., Shi, Q., Zhang, Y., ..., Zhu, J. (2022). Metabolomics and biochemical analyses revealed metabolites important for the antioxidant properties of purple glutinous rice. *Food Chemistry*, 389. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.133080>
- Yang, J. (2023). Using nutrigenomics to guide personalized nutrition supplementation for bolstering immune system. *Health Information Science and Systems*, 11 (1). <https://doi.org/10.1007/s13755-022-00208-5>
- Zeisel, S. (2017). Choline, Other Methyl-Donors and Epigenetics. *Nutrients*, 9 (5). <https://doi.org/10.3390/nu9050445>
- Zeng, J., Gao, C., Deng, G., Jiang, B., Yi, G., Peng, X., ..., Liu, K. (2012). Transcriptome analysis of fruit development of a citrus late-ripening mutant by microarray. *Scientia Horticulturae*, 134, 32–39. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.10.018>
- Zhan, X. (2021). *Metabolomics - Methodology and Applications in Medical Sciences and Life Sciences*. Intechopen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.90987>
- Zhang, A., & Wang, W. (2022). *Mass Spectrometry-Based Metabolomics in Herbal Medicines*. WILEY-VCH. <https://doi.org/10.1002/9783527835751>
- Zhang, C., Zhou, C., Tian, C., Xu, K., Lai, Z., Lin, Y., & Guo, Y. (2023). Volatilomics Analysis of Jasmine Tea during Multiple Rounds of Scenting Processes. *Foods*, 12 (4). <https://doi.org/10.3390/foods12040812>
- Zhang, H., Chen, Y., Guo, Y., Xu, W., Wang, W., Wu, S., ..., Huang, Y. (2021). Label-free quantification proteomics reveals the active peptides from protein degradation during anaerobic fermentation of tea. *Lwt*, 150. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111950>
- Zheng, J., Wu, F., Wang, F., Cheng, J., Zou, H., Li, Y., ..., Kan, J. (2023). Biomarkers of Micronutrients and Phytonutrients and Their Application in Epidemiological Studies. *Nutrients*, 15 (4). <https://doi.org/10.3390/nu15040970>
- Zhu, Y., Bu, D., & Ma, L. (2022). Integration of Multiplied Omics, a Step Forward in Systematic Dairy Research. *Metabolites*, 12 (3). <https://doi.org/10.3390/metabo12030225>