

平菇发酵培养料制备过程中黄曲霉毒素降解变化分析

崔筱, 胡素娟, 刘芹, 吴杰, 师子文, 张玉亭, 孔维丽

(河南省农业科学院食用菌研究所 郑州 450002)

摘要:为解析平菇发酵培养料制备过程中黄曲霉毒素降解的变化规律,采用非靶向代谢组学技术和宏基因组学技术,对平菇发酵培养料制备过程中5个时期黄曲霉毒素含量及相关微生物基因丰度进行关联分析。结果表明,发酵初期(T1)培养料含有AFM1、AFG2两种黄曲霉毒素,升温阶段(T2)其含量均升至最高;第2次至第4次翻堆(T3至T5)时期未检测到黄曲霉毒素。相关性分析表明,两种黄曲霉毒素含量与曲霉属的相对丰度呈显著正相关。类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)和藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)在发酵过程中是优势属,且具有降解黄曲霉毒素的能力;发酵过程中黄曲霉毒素含量变化与该2个属的相对丰度呈极显著负相关,推测该2个属可能在平菇培养料发酵过程中降解了黄曲霉毒素。

关键词:平菇;发酵培养料;黄曲霉毒素;降解

中图分类号:S646

文献标志码:A

文章编号:1673-2871(2023)11-093-07

Analysis of aflatoxin degradation during preparation of *Pleurotus ostreatus* compost substrate

CUI Xiao, HU Sujuan, LIU Qin, WU Jie, SHI Ziwen, ZHANG Yuting, KONG Weili

(Institute of Edible Fungi, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, Henan, China)

Abstract: In order to analyze the change of the degradation of aflatoxins during the compost substrate preparation process of *Pleurotus ostreatus*, non-targeted metabolomics and metagenomic sequencing techniques were used to analyze aflatoxin content and related microbial gene abundance in 5 periods during the compost process. The results showed that in the initial stage of compost (T1), the substrates contained two types of aflatoxins, AFM1 and AFG2, while in the temperature increasing stage (T2), their contents rose to the highest. No aflatoxin was detected during the second to fourth turnover (T3 to T5) period. Correlation analysis showed that the content of two aflatoxins were significantly positively correlated with the relative abundance of *Aspergillus* genus during the compost process. *Paenibacilli* and *Luteimonas* were dominant genera in the compost process and had the ability to degrade aflatoxin; it was found that there was a highly significant negative correlation between the aflatoxin content and the relative abundance of these two genera during the compost process by correlation analysis. Therefore, it is speculated that these two genera may have degraded aflatoxin during the compost process.

Key words: *Pleurotus ostreatus*; Compost substrate; Aflatoxin; Degradation

玉米芯是黄淮海地区栽培平菇的主要原料,秋季收获后的玉米芯存放不当易产生黄曲霉毒素。黄曲霉毒素(aflatoxins, AFT)是一组由曲霉属(*Aspergillus*)的一些霉菌产生的具有强毒性和致癌性的次级真菌代谢产物^[1-3]。据统计,曲霉属中有28个种的霉菌可产生黄曲霉毒素,其中最重要及最广为人知是黄曲霉(*A. flavus*)、寄生曲霉(*A. parasiti-*

cus)和红绶曲霉(*A. nomius*)^[4]。目前已分离鉴定出20余种黄曲霉毒素异构体,其中最常见的包括B1、B2、G1、G2、M1、M2。

黄曲霉毒素具有稳定的结构,通过物理(臭氧、微波、高压、紫外照射、吸附剂等)或化学方法(碱处理法、氧化法等)仅能降低黄曲霉毒素的含量,很难将其完全去除。熟料栽培的金针菇菌渣中检测出

收稿日期:2023-07-29;修回日期:2023-09-07

基金项目:河南省现代农业产业技术体系专项(HARS-22-08-S, HARS-22-08-G1);河南省重大公益性专项(201300110700)

作者简介:崔筱,女,副研究员,主要从事食用菌育种及功能基因研究。E-mail:cuixiao21255@163.com

通信作者:孔维丽,女,研究员,主要从事食用菌育种及平菇发酵料栽培机制研究。E-mail:kongweili2005@126.com

黄曲霉毒素,其残留影响了食用菌菌渣饲料化及基质化的应用^[5]。生物降解法是利用微生物产生的次级代谢产物或者所分泌的酶降解黄曲霉毒素,该方法由于其反应条件温和、底物专一性强、不易破坏营养成分等特点成为了近几年研究的热点^[6]。目前,国内外已发现多种细菌、真菌能够降解黄曲霉毒素。孙然然^[7]从土壤中筛选分离出一株纤维菌属(*Cellulosimicrobium*)的芬氏纤维微菌(*C. funkei*),该菌株降解黄曲霉毒素 B1 的能力可达到 94.16%。Risa 等^[8]发现,红球菌属(*Rhodococcus*)的红平红球菌(*R. erythropolis*)NI1 和紫红红球菌(*R. rhodochrous*)NI2 菌株对黄曲霉毒素 B1 的降解率可分别达到 80%和 84%。Risa 等^[8]发现,红球菌属的 *R. erythropolis* 可有效降解黄曲霉毒素 B1。Eshell 等^[9]发现,链霉菌属(*Streptomyces*)的 *S. lividans* TK24 和 *S. aureofaciens* ATCC10762 对 AFB1 的降解率分别为 86%和 88%。于丽娜等^[10]发现,假单胞菌属(*Pseudomonas*)的 M8 菌株可降解黄曲霉毒素 B1。Akocak 等^[11]发现,荧光假单胞菌(*P. fluorescens*)PB27 对黄曲霉菌丝生长和孢子萌发具有抑制效果。刘长宇^[12]研究发现藤黄单胞菌属(*Luteimonas*)的菌株 *L. sp.* CW574 对 AFB1 的降解率可达到 67.0%。李俊霞等^[13]发现寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*)的嗜麦芽窄食单胞菌(*S. maltophilia*)对 AFB1 的降解率达 85.7%。Hormisch 等^[14]发现分枝杆菌属(*Mycobacterium*)的 *M. fluoranthenorans* 可有效去除黄曲霉毒素 AFB1。宫小明等^[15]研究表明,芽孢杆菌属(*Bacillus*)的枯草芽孢杆菌(*B. subtilis*)和地衣芽孢杆菌(*B. licheniformis*)在抑制黄曲霉孢子的萌发、菌丝生长、分解毒素 3 个方面都有显著作用。吉小凤等^[16]从肉鸡肠道粪便中筛选到一株乳杆菌属脱毒菌株 LAB-10,发现该菌株对 AFB1 的脱毒率达到 63.4%。Line 等^[17]通过 C-14 标记黄曲霉毒素 B1 来追踪黄杆菌属(*Flavobacterium*)的橙色黄杆菌(*F. aurantiacum*)对其降解的情况,发现该菌的活细胞和死细胞都可以吸收一定量的黄曲霉毒素。邹盼盼等^[18]发现类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)的饲料类芽孢杆菌(*P. pabuli*)E1 菌株有高效降解黄曲霉毒素的能力。李平^[19]发现拟诺卡氏菌属(*Nocardiosis*)的菌株海洋拟诺卡氏菌 *N. sp.* MA03 有高效抑制黄曲霉毒素合成的能力。Biernasiak 等^[20]研究发现酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)具有降解 AFB 的能力,在大麦、小麦和玉米粉的混合发酵试验中,酿酒酵母菌能有效地降低 AFB1、

B2、G1 和 G2 的含量,降解率达到 30%以上。施翠娥等^[21]采用氮离子注入黑曲霉(*A. niger*)后获得一株黑曲霉突变株 90A,发现其可以抑制合成或降解粮油作物中的黄曲霉毒素。Liu 等^[22]利用假蜜环菌属(*Armillariella*)的发光假蜜环菌(*A. tabescens*)E-20 的提取液可使样品中的 AFB1 含量减少 80%。Wang 等^[23]研究发现,原毛平革菌属(*Phanerochaete*)的乳白原毛平革菌(*P. sordida*)YK-624 菌株可降解黄曲霉毒素 B1。Motomura 等^[24]发现,侧耳属(*Pleurotus*)的糙皮侧耳(*P. ostreatus*)其发酵液具有降解黄曲霉毒素的功效。Das 等^[25]利用侧耳属的平菇发酵液降解玉米秸秆中的 AFB1。

前期研究表明,在平菇发酵料制备过程中,变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)等大量的微生物参与其中,发酵微生物在不同阶段基因丰度此消彼长,将物料分解成容易被平菇菌丝吸收的小分子营养物质^[26]。这些菌群是否含有能够降解玉米芯中的黄曲霉毒素的菌类,黄曲霉毒素含量是否变化尚未有分析报道。鉴于此,笔者利用前期以玉米芯为原料发酵制备平菇培养料进行的宏基因组和代谢组检测数据为基础,通过采用非度量多维尺度排序法(non-metric multidimensional scaling, NMDS)研究不同发酵阶段发酵料中微生物种群基因丰度变化情况,通过进一步分析不同阶段相关微生物基因丰度的变化与黄曲霉毒素含量的相关性,阐明发酵培养料制备过程中菌群变化与黄曲霉毒素合成和降解的相关规律,挖掘出平菇发酵培养料制备过程中合成、抑制/降解黄曲霉毒素的潜在菌群,为食用菌培养料的安全制备提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 发酵原料及配方 发酵原料按照玉米芯 84%、麸皮 10%、尿素 1%、石灰 5%的比例混匀,含水量 68%。玉米芯、麸皮、石灰和尿素购自新乡农贸市场。

1.1.2 试剂 LC-MC 级甲醇、水、甲酸、醋酸铵、FastDNA SPIN Kit for Soil (MP, USA)和 AxyPrepDNA Purification Kit (AXYGEN, Inc.)购自索莱宝公司。

1.2 方法

试验于 2018 年 11 月在河南省新乡市进行。按照 Kong 等^[26]的发酵方法,将搅拌均匀的培养料堆叠成高 60 cm、顶部宽 80 cm、底部宽 120 cm 的梯

形堆,长度不限,每组培养料干料质量为 250 kg,堆好后,用直径 30 cm 的木棍从上往下打孔,孔间距为 30 cm,试验进行 10 d,从第 3 天开始翻堆,每隔 1 d 翻 1 次堆,至发酵结束共翻堆 4 次,每翻堆 1 次取 1 次样品。以建堆第 1 天的培养料为对照(T1),另 4 次取样分别标记为 T2、T3、T4、T5。按照料堆形状分别从左中右、上中下 9 个位点各取样 1 kg,然后均匀混合为 1 份样品^[27],平均分成 6 份,-80℃ 保存,用于发酵料微生物基因丰度及黄曲霉毒素含量分析。参照刘皓皓等^[28]对发酵培养料进行的代谢组学检测数据,测定黄曲霉毒素含量。采用 Kong 等^[26]所做的发酵培养料宏基因组测定数据,对发酵料微生物进行分析。

1.3 数据分析

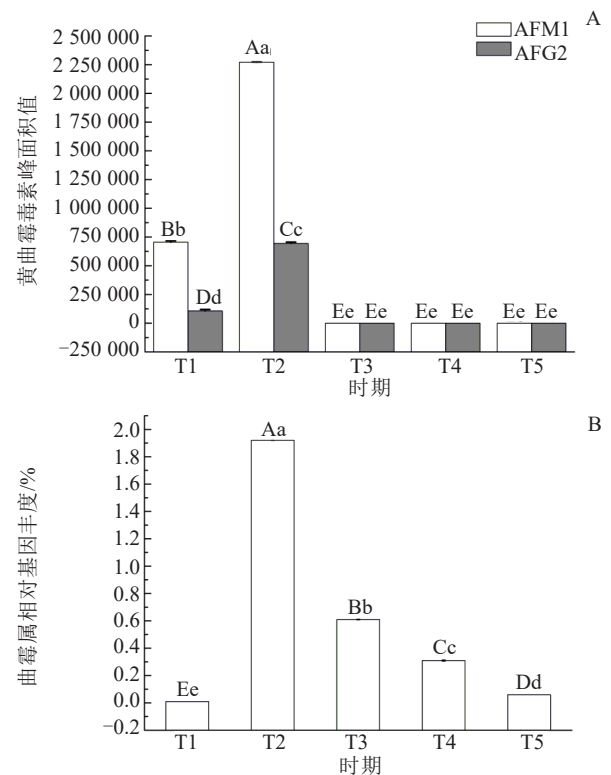
试验数据采用 SPSS(version 20.0)进行 Pearson 相关性分析,采用单因素方差分析法(One-way ANOVA)比较不同发酵时期微生物多样性及黄曲霉毒素含量的差异性,用最小差异显著分析法(LSD)进行多重比较,试验结果用平均值表示。

2 结果与分析

2.1 不同发酵阶段的黄曲霉毒素含量、曲霉属相对基因丰度变化及相关性分析

以 $p < 0.05$ 和 VIP (variable importance in the projection) > 1 为条件筛选出具有差异性表达的化合物,对在 T1、T2、T3、T4、T5 时期检测到的黄曲霉毒素进行分析。结果如图 1-A 所示,共检测到两类黄曲霉毒素,分别为 AFM1、AFG2,且在 T1 期含量均极显著低于 T2 期,在 T1 和 T2 时期 AFM1 和 AFG2 峰面积分别为 704 621.885、107 624.797 和 2 271 682.524、694 248.663,而在 T3、T4、T5 阶段未检测到黄曲霉毒素。采用 NMDS 分析了不同发酵阶段曲霉属相对基因的丰度变化,结果如图 1-B 所示,在 T2 期,曲霉属相对基因丰度最高,为 2.00%,T1 期最低,为 0.01%,随着发酵时间延长,在 T3~T5 期,曲霉属相对基因丰度极显著降低,分别为 0.60%、0.30%和 0.06%,表明发酵初期的升温过程有利于曲霉繁殖,导致黄曲霉毒素含量增加。

为了探究黄曲霉毒素含量与曲霉属间的关系,对在 T1、T2、T3、T4、T5 时期检测到的黄曲霉毒素含量与各阶段的曲霉属基因丰度进行 Pearson 相关性分析。结果表明,AFM1 和 AFG2 含量与曲霉属基因丰度呈显著正相关,相关系数分别为 0.489、0.530(表 1),说明曲霉属是合成黄曲霉毒素 AFM1



注:不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著,不同大写字母表示在 0.01 水平差异极显著。

图 1 不同发酵阶段黄曲霉毒素含量及曲霉属相对基因丰度

Fig. 1 Aflatoxin content and relative gene abundance of *Aspergillus* at different fermentation stages

表 1 不同发酵阶段黄曲霉毒素含量与曲霉属基因相对丰度变化相关性分析

Table 1 Correlation analysis between aflatoxin content and relative abundance changes of *Aspergillus* genes at different fermentation stages

指标	AFM1 含量	AFG2 含量	<i>Aspergillus</i> 相对基因丰度
AFM1 含量	1		
AFG2 含量	0.998**	1	
<i>Aspergillus</i> 相对基因丰度	0.489*	0.530*	1

注:*表示在 0.05 水平差异显著;**表示在 0.01 水平差异极显著。下同。

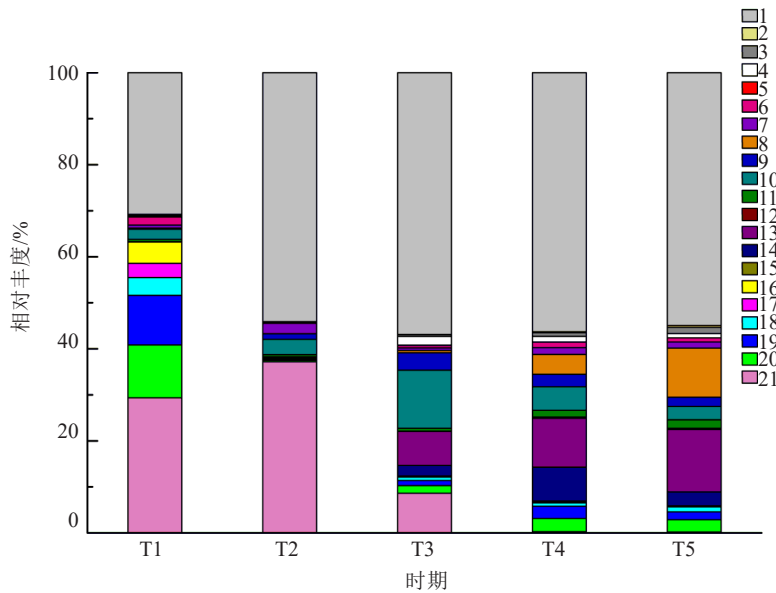
和 AFG2 的种属。

2.2 不同发酵阶段发酵料中微生物种群基因丰度变化情况

为了确定发酵培养料制备过程中微生物种群的遗传信息,推测这些微生物菌群是否与降解黄曲霉毒素有关,对不同阶段的发酵料样品进行了宏基因组测序和分析研究。采用非度量多维尺度排序法分析了不同发酵阶段微生物种群的基因丰度变化。笔者将文献报道的抑制/降解黄曲霉毒素相关的菌群和本研究中相对丰度较高的优势属作为研

研究对象,结果表明,在本研究中,仅富集到纤维菌属、红球菌属、链霉菌属、假单胞菌属、分枝杆菌属、芽孢杆菌属、乳杆菌属、黄杆菌属等细菌,并未检测到假密环菌属、原毛平革菌属、侧耳属等属的真菌(图2)。在属水平上,不同阶段有不同的优势属。在发酵前期(T1期),不动杆菌属、假单胞菌属、鞘氨醇杆菌属、谷氨酰胺杆菌属、嗜麦芽窄食单胞菌属丰度较高,在嗜热阶段(T2、T3期),芽孢杆菌属、不动杆菌属、假黄色单胞菌属、类芽胞杆菌属、直丝菌属丰度较高;在发酵后期(T4、T5期),假黄色单胞菌属、藤黄单胞菌属、高温双歧菌属、假单胞菌属、

黄单胞菌属等丰度较高。其中,不动杆菌属在T1、T2、T3期丰度较高,且在T2期达到最高(37.18%),高于发酵料制备整个时期的所有菌群,但到T4、T5期丰度分别降至0.25%、0.20%;假单胞菌属在发酵前期丰度较高(11.48%),T2期降至最低(0.32%),在T3、T4、T5期丰度提高,分别为1.65%、2.92%、2.66%;假黄色单胞菌属在T1、T2阶段丰度较低,在T3、T4、T5期丰度逐渐提高,在T5期达到最高(13.59%);类芽胞杆菌属、芽孢杆菌属在整个时期丰度一直较高,在嗜热阶段(T3期)均为最高(3.76%、12.62%)(表2)。



注:1. 其他;2. 红球菌属;3. 黄单胞菌属;4. 直丝菌属;5. 乳酸杆菌属;6. 橙黄杆菌属;7. 链霉菌属;8. 藤黄单胞菌属;9. 类芽胞杆菌属;10. 芽孢杆菌属;11. 分枝杆菌属;12. 海洋拟诺卡氏菌;13. 假黄色单胞菌属;14. 高温双歧菌属;15. 纤维菌属;16. 谷氨酰胺杆菌属;17. 节细菌属;18. 嗜麦芽窄食单胞菌属;19. 鞘氨醇杆菌属;20. 假单胞菌属;21. 不动杆菌属。

图2 不同发酵阶段基于属水平的微生物种群结构变化

Fig. 2 Microbial communities changes at the genus level at the different fermentation stages

表2 不同发酵阶段基于属水平的种群基因丰度

Table 2 Communities gene abundance based on the genus level at different fermentation stages

时期	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
T1	29.35±3.80	11.48±2.61	10.78±1.73	3.85±0.68	3.07±0.12	4.65±0.54	0.02±0.00	0.01±0.00	0.02±0.00	0.01±0.00	0.52±0.03
T2	37.18±2.16	0.32±0.03	0.03±0.00	0.31±0.05	0.17±0.00	0.16±0.01	0.03±0.00	0.01±0.00	0.05±0.00	0.01±0.00	0.48±0.01
T3	8.61±0.85	1.65±0.04	1.12±0.13	0.73±0.04	0.08±0.00	0.06±0.00	0.07±0.00	2.31±0.02	7.41±0.76	0.04±0.00	0.66±0.01
T4	0.25±0.03	2.92±0.50	2.61±0.38	0.75±0.07	0.10±0.00	0.01±0.00	0.26±0.03	7.38±0.05	10.60±0.54	0.31±0.00	1.44±0.02
T5	0.20±0.03	2.66±0.48	1.72±0.03	1.09±0.10	0.13±0.01	0.01±0.00	0.08±0.00	3.02±0.04	13.59±0.07	0.21±0.02	1.88±0.03
时期	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
T1	2.22±0.05	0.23±0.01	0.01±0.00	0.64±0.02	1.77±0.25	0.28±0.05	0.01±0.00	0.21±0.02	0.07±0.00	30.79±2.68	
T2	3.34±0.22	1.20±0.05	0.02±0.00	2.24±0.21	0.02±0.00	0.28±0.02	0.02±0.00	0.04±0.01	0.03±0.00	54.10±5.62	
T3	12.62±0.65	3.76±0.18	0.52±0.04	0.55±0.01	0.55±0.02	0.05±0.00	1.89±0.05	0.39±0.08	0.05±0.00	56.87±3.68	
T4	5.12±0.36	2.69±0.17	4.32±0.15	1.50±0.23	1.18±0.25	0.03±0.00	1.23±0.15	0.80±0.07	0.20±0.01	56.30±2.57	
T5	2.88±0.01	2.02±0.12	10.67±0.82	1.31±0.17	0.90±0.02	0.02±0.00	0.91±0.03	1.37±0.26	0.36±0.02	54.96±3.85	

注:1. 不动杆菌属;2. 假单胞菌属;3. 鞘氨醇杆菌属;4. 嗜麦芽窄食单胞菌属;5. 节细菌属;6. 谷氨酰胺杆菌属;7. 纤维菌属;8. 高温双歧菌属;9. 假黄色单胞菌属;10. 海洋拟诺卡氏菌;11. 分枝杆菌属;12. 芽孢杆菌属;13. 类芽胞杆菌属;14. 藤黄单胞菌属;15. 链霉菌属;16. 橙黄杆菌属;17. 乳酸杆菌属;18. 直丝菌属;19. 黄单胞菌属;20. 红球菌属;21. 其他。下同。

2.3 黄曲霉毒素含量与不同阶段相关微生物基因丰度变化的相关性分析

为了进一步探究黄曲霉毒素含量与优势菌群之间的关系,对在 T1、T2、T3、T4、T5 时期检测到的黄曲霉毒素含量与各阶段相对丰度较大的优势属基因丰度进行 Pearson 相关性分析。由表 3 可知,AFM1 含量与不动杆菌属、乳酸杆菌属均呈极显著正相关,相关系数分别为 0.961、0.765; AFG2 含量与不动杆菌属、乳酸杆菌属均呈极显著正相关,相关系数分别为 0.960、0.764; AFM1 和 AFG2 含量与高温双歧菌属、假黄色单胞菌属、海洋拟诺卡氏菌

属、类芽胞杆菌属、藤黄单胞菌属、直丝菌属、黄单胞菌属呈显著或极显著负相关。

对藤黄单胞菌属、嗜麦芽窄食单胞菌属、分枝杆菌属、芽孢杆菌属、类芽胞杆菌属等可有效去除黄曲霉毒素的种属进行进一步分析。结果见图 3,在 T1~T3 阶段,类芽胞杆菌属基因丰度呈增加趋势,在 T4~T5 阶段,其基因丰度呈降低趋势,在 T3 期,基因丰度最高; T3~T5 阶段,假黄色单胞菌属、高温双歧菌属为优势属,且假黄色单胞菌属呈增加趋势,高温双歧菌属在 T4 期基因丰度达到最高,在 T5 期大幅下降,但是这几种属未见有降解黄曲霉毒

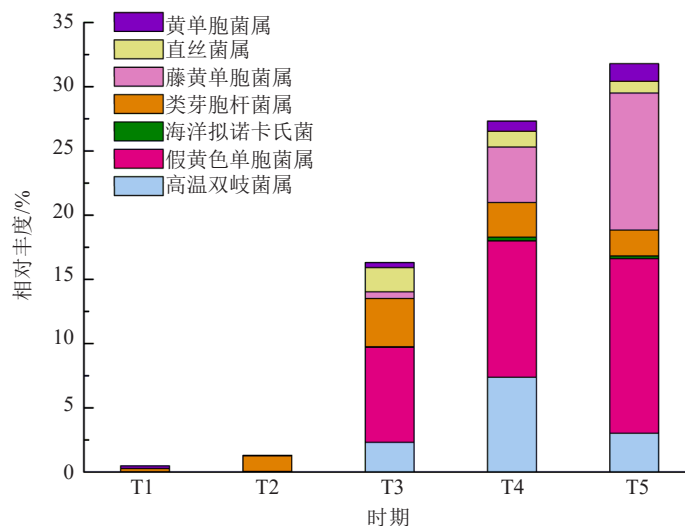


图 3 不同发酵阶段降解黄曲霉毒素相关属种群结构变化

Fig. 3 Histogram of communities changes of aflatoxin-related genera at different fermentation stages at the genus level

素的报道。

3 讨论与结论

笔者研究发现,在平菇发酵培养料制备过程中 T1、T2、T3、T4、T5 时期共检测到两类黄曲霉毒素,分别为 AFM1、AFG2,含量在发酵初期较高,发酵中后期检测含量为 0。李亚莉等^[29]接种产毒黄曲霉进行模拟普洱茶发酵试验,结果表明,发酵初期,黄曲霉在茶叶中生长较快,至发酵 4 d 时,茶叶中已有大量的黄曲霉生长,但到发酵后期(8 d 以后)长势变弱,发酵终止时,未检测到黄曲霉毒素,与笔者的研究结果基本一致。

通过对黄曲霉毒素含量与不同阶段曲霉属基因相对丰度变化的相关性分析,表明 AFM1 和 AFG2 含量与曲霉属呈显著正相关,与不动杆菌属、乳酸杆菌属呈极显著正相关;与高温双歧菌属、假黄色单胞菌属、海洋拟诺卡氏菌属、类芽胞杆菌属、藤黄单胞菌属、直丝菌属、黄单胞菌属呈极显著负

相关,推测呈负相关的这些菌群可能与抑制/降解黄曲霉毒素 AFM1、AFG2 有关。研究发现藤黄单胞菌属的 *Luteimonas* ssp. CW574、类芽胞杆菌属有高效地降解黄曲霉毒素的能力^[12,18],但高温双歧菌属、假黄色单胞菌属、直丝菌属、黄单胞菌属是否能降解黄曲霉毒素尚未见报道,可推测类芽胞杆菌属、藤黄单胞菌属是降解平菇发酵培养料制备过程中黄曲霉毒素 AFM1 和 AFG2 的主要菌群。

黄曲霉毒素的污染主要在温度高、湿度大、通风透气条件不良等条件下产生^[29],在平菇发酵培养料制备过程中,T2 期料温由 30 °C 升至 55 °C,含水量 68%,且在 T2 期,曲霉属相对基因丰度最高,为 2.00%,导致黄曲霉毒素含量增加。尽管在 T1~T2 期,存在类芽胞杆菌属、黄单胞菌属菌群,但由于其基因丰度较低,并未发挥作用。T3~T5 期,料温升至 70 °C 左右,不利于黄曲霉菌群的繁殖,曲霉属相对基因丰度极显著降低,同时类芽胞杆菌属、藤黄单胞菌属、海洋拟诺卡氏菌属基因丰度均增加,藤

表3 不同生长期黄曲霉素含量与微生物种群基因丰度的相关性分析
Table 3 Correlation between aflatoxin content and gene abundance of microbial communities during different growth periods

指标	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
AFM1 含量	1	0.998**	0.360	0.336	0.220	0.394	0.512	-0.497	-0.683**	-0.837**	-0.610*	-0.395	-0.510	-0.792**	-0.572*	0.226	-0.027	0.765**	-0.891**	-0.680**	-0.345
AFG2 含量	1	0.960**	0.324	0.292	0.218	0.382	0.476	-0.496	-0.680**	-0.834**	-0.608*	-0.392	-0.499	-0.777**	-0.569*	0.259	-0.073	0.764**	-0.887**	-0.678**	-0.345
1	1	0.252	0.179	0.054	0.221	0.360	-0.542*	-0.720**	-0.854**	-0.691**	-0.460	-0.321	-0.637*	-0.658**	0.201	-0.137	0.799**	-0.769**	-0.773**	-0.417	
2	1	0.579*	0.556*	0.593*	0.632*	0.632*	-0.228	-0.244	-0.295	-0.203	-0.180	-0.314	-0.521*	-0.156	-0.433	0.304	0.498	-0.390	-0.108	-0.120	
3	1	0.508	0.703**	0.948**	-0.121	-0.194	-0.348	-0.130	-0.348	-0.130	-0.083	-0.377	-0.557*	-0.205	-0.347	0.810**	-0.028	-0.375	-0.173	-0.063	
4	1	0.952**	0.654**	-0.180	-0.218	-0.170	-0.180	-0.065	-0.129	-0.367	-0.083	-0.302	0.070	-0.028	-0.241	0.077	-0.058	0.077	-0.058		
5	1	0.836**	0.209	-0.285	-0.372	-0.253	-0.072	-0.228	-0.518*	-0.254	-0.247	0.242	0.044	-0.392	-0.127	-0.061	0.044	-0.392	-0.127	-0.061	
6	1	-0.269	-0.385	-0.472	-0.345	-0.182	-0.361	-0.638*	-0.326	-0.336	0.588*	0.119	-0.494	-0.275	-0.149	0.119	-0.494	-0.275	-0.149		
7	1	0.891**	0.329	0.844**	0.447	0.087	0.340	0.102	0.289	0.133	-0.446	0.328	0.172	0.352	0.119	-0.494	-0.275	-0.149			
8	1	0.428	0.883**	0.628*	0.160	0.508	0.242	0.269	0.124	-0.540*	0.497	0.303	0.543*	0.119	-0.494	-0.275	-0.149				
9	1	0.468	0.189	0.178	0.532*	0.830**	-0.276	-0.061	-0.644**	0.643**	0.913**	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189	0.189
10	1	0.645**	-0.109	0.244	0.445	0.341	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261	0.261
11	1	-0.085	0.120	0.196	0.548*	0.062	-0.372	0.170	0.193	0.989**	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193
12	1	0.814**	-0.263	-0.327	-0.313	-0.306	0.821**	-0.101	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159	-0.159
13	1	0.167	-0.205	-0.295	-0.562*	0.923**	0.274	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050
14	1	-0.151	0.064	-0.464	0.234	0.955**	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242	0.242
15	1	-0.268	0.161	-0.347	-0.281	0.525*	0.161	-0.347	-0.281	0.525*	0.161	-0.347	-0.281	0.525*	0.161	-0.347	-0.281	0.525*	0.161	-0.347	-0.281
16	1	-0.241	-0.096	0.031	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053	0.053
17	1	-0.646**	-0.577*	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311	-0.311
18	1	0.388	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102
19	1	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221
20	1	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221	0.221

黄单胞菌属为优势属,但海洋拟诺卡氏菌属基因丰度较低,这些菌群均具有降解黄曲霉毒素的功能,因此推测平菇发酵培养料发酵过程中藤黄单胞菌属和类芽胞杆菌属是主要的黄曲霉毒素降解菌。

综上所述,藤黄单胞菌属和类芽胞杆菌属是平菇发酵培养料发酵过程中降解黄曲霉毒素 AFM1 和 AFG2 的主要降解菌,后续还需要进一步分离相关菌株进行验证。

参考文献

- [1] 蔡静平.粮油食品微生物学[M].北京:中国轻工业出版社,2002.
- [2] KURTZMAN P C, HORN W B, HESSELTINE W C. *Aspergillus nomius*, a new aflatoxin-producing species related to *Aspergillus flavus* and *Aspergillus tamarii*[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 1987, 53: 147-158.
- [3] GOURAMA H, BULLERMAN L B. *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*, Aflatoxigenic fungi of concern in foods and feeds: A review[J]. *Journal of Food Protection*, 1995, 58(12): 1395-1404.
- [4] PICKOVA D, OSTRY V, MALIR F. A recent overview of producers and important dietary sources of aflatoxins[J]. *Toxins*, 2021, 13(3): 186.
- [5] 杨家军,陈明,宋春雷,等.固态发酵对金针菇菌渣品质改良及发酵品贮藏条件的探究[J].*粮食与饲料工业*, 2022(3): 45-49.
- [6] 周露,王会娟,邢福国,等.平菇 P1 培养条件优化及其黄曲霉毒素降解酶的初步分离[J].*核农学报*, 2014, 28(9): 1625-1631.
- [7] 孙然然.黄曲霉毒素 B1 降解菌株的筛选及其解毒效果研究[D].武汉:华中农业大学,2013.
- [8] RISA A, DIVINYI D M, BAKA E, et al. Aflatoxin B1 detoxification by cell-free extracts of *Rhodococcus* strains[J]. *Acta Microbiologica ET Immunologica Hungarica*, 2017, 64(4): 423-438.
- [9] ESHELLI M, HARVEY L, EDRADA-EBEL R, et al. Metabolomics of the biodegradation process of aflatoxin B1 by actinomycetes at an initial pH of 6.0[J]. *Toxins*, 2015, 7(2): 439-456.
- [10] 于丽娜,王明清,张初署,等.黄曲霉毒素 B1 降解菌株的筛选及鉴定研究[J].*食品研究与开发*, 2018, 39(21): 167-171.
- [11] AKOČAK P B, CHUREY J J, WOROBO R W. Antagonistic effect of chitinolytic *Pseudomonas* and *Bacillus* on growth of fungal hyphae and spores of aflatoxigenic *Aspergillus flavus*[J]. *Food Bioscience*, 2015, 10: 48-58.
- [12] 刘长宇.藤黄单胞菌 CW574 对 AFB1 和 OTA 降解特性及在生物脱毒中的应用[D].合肥:安徽农业大学,2019.
- [13] 李俊霞,梁志宏,关舒,等.黄曲霉毒素 B1 降解菌株的筛选及鉴定[J].*中国农业科学*, 2008, 41(5): 1459-1463.
- [14] HORMISCH D, BROST I, KOHRING G W, et al. *Mycobacterium fluoranthivorans* sp. nov., A fluoranthene and aflatoxin B1 degrading bacterium from contaminated soil of a former coal gas plant[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2004, 27(6): 653-660.
- [15] 宫小明,马荣桢,孙军,等.黄曲霉毒素生物防控菌的筛选及鉴定[J].*微生物学杂志*, 2015, 35(2): 103-108.
- [16] 吉小凤,张巧艳,李文均,等.黄曲霉毒素 B1 脱毒菌株 LAB-10 的分离、鉴定及降解能力分析[J].*微生物学通报*, 2012, 39(8): 1094-1101.
- [17] LINE J E, BRACKETT R E. Factors affecting aflatoxin B1 removal by *Flavobacterium aurantiacum*[J]. *Journal of Food Protection*, 1995, 58(1): 91-94.
- [18] 邹盼盼.饲料类芽胞杆菌 E1 降解黄曲霉毒素的特性与应用[D].大连:大连理工大学,2021.
- [19] 李平.14 株海洋放线菌活性产物筛选及菌株 MA03 抑 AFT 效能研究[D].哈尔滨:哈尔滨工业大学,2015.
- [20] BIERNASIAK J, PIOTROWSKA M, LIBUDZISZ Z. Detoxification of mycotoxins by probiotic preparation for broiler chickens[J]. *Mycotoxin Research*, 2006, 22(4): 230-235.
- [21] 施翠娥,蒋立科.黑曲霉抗产毒黄曲霉作用的初步研究[J].*食品科学*, 2009, 30(3): 217-221.
- [22] LIU D L, MA L, GU L Q, et al. *Armillariella tabescens* enzymatic detoxification of aflatoxin B1: Part III. Immobilized enzymatic detoxification[J]. *Food and Chemical Toxicology*, 1998, 36(1): 592-599.
- [23] WANG J Q, OGATA M, HIRAI H, et al. Detoxification of aflatoxin B1 by manganese peroxidase from the white-rot fungus *Phanerochaete sordida* YK-624[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2011, 314(2): 164-169.
- [24] MOTOMURA M, TOYOMASU T, MIZUNO K, et al. Purification and characterization of an aflatoxin degradation enzyme from *Pleurotus ostreatus*[J]. *Microbiological Research*, 2003, 158(3): 237-242.
- [25] DAS A, BHATTACHARYA S, PALANISWAMY M, et al. Aflatoxin B1 degradation during co-cultivation of *Aspergillus flavus* and *Pleurotus ostreatus* strains on rice straw[J]. *3 Biotech*, 2015, 5: 279-284.
- [26] KONG W L, SUN B, ZHANG J Y, et al. Metagenomic analysis revealed the succession of microbiota and metabolic function in corn cob composting for preparation of cultivation medium for *Pleurotus ostreatus*[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 306: 123156.
- [27] 崔筱,刘芹,丁亚通,等.平菇培养料发酵后对霉菌抑制机制研究[J].*河南农业科学*, 2021, 50(3): 109-116.
- [28] 刘皓皓,刘芹,崔筱,等.基于代谢组学分析平菇栽培用培养料发酵过程中代谢物的变化[J].*中国瓜菜*, 2021, 34(4): 21-30.
- [29] 李亚莉,康冠宏,杨丽源,等.普洱茶发酵过程中外源接种黄曲霉产毒研究[J].*茶叶科学*, 2014, 34(5): 435-441.