生物工程

DOI: 10.19902/j.cnki.zgyz.1003－7969.220241

生物技术对黄曲霉毒素 B_1 的脱除及机制研究进展

陈毅保,杨趁仙,刘昆仑,李　艳

(河南工业大学 粮油食品学院,郑州 450001)

摘要:黄曲霉毒素是危害最大的真菌毒素之一,而黄曲霉毒素 B_1(AFB_1)是黄曲霉毒素中毒性最大的一种,具有高毒性、致癌、致畸和致突变的作用,对动物和人类健康造成危害。为了有效脱除 AFB_1,综述了近年来研究的具有解毒作用的微生物,介绍了采用生物技术脱除 AFB_1 的方法,重点探讨了生物脱除 AFB_1 机制。用于脱除 AFB_1 的菌株有芽孢杆菌、假单胞菌、乳酸菌、非产毒曲霉等,可采用单菌种发酵、多菌种协同发酵和菌－酶协同作用脱除 AFB_1。生物脱除 AFB_1 机制主要为降解脱除和吸附脱除。可进一步筛选具有高优良能力的菌株以及更深层次地研究微生物脱毒的机制,探索微生物制剂对 AFB_1 的降解作用。

关键词:生物法脱毒;黄曲霉毒素 B_1;脱除机制

中图分类号:Q936;TS229　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1003－7969(2023)07－0109－06

Advances in biological detoxification of aflatoxin B_1 and its mechanism

CHEN Yibao, YANG Chenxian, LIU Kunlun, LI Yan

(College of Food Science and Engineering, Henan University of Technology, Zhengzhou 450001, China)

Abstract: Aflatoxin is one of the most harmful mycotoxins, and aflatoxin B_1 (AFB_1) is one of the most toxic aflatoxins. Due to its highly toxic, carcinogenic, teratogenic and mutagenic effects, AFB_1 is harmful for animal and human health. In order to effectively remove AFB_1, the research on microorganisms with detoxification effects in recent years were reviewed, the methods of using biotechnology to remove AFB_1 were introduced, and the mechanism of microbial detoxification of AFB_1 was discussed. The strains used for the removal of AFB_1 included *Bacillus*, *Pseudomonas*, lactic acid bacteria, non－toxigenic *Aspergillus*, etc. Single－strain fermentation, multi－strain synergistic fermentation and bacteria－enzyme synergistic action could be used to remove AFB_1. The main mechanisms for biological removal of AFB_1 included degradation removal and adsorption removal. Further screening of strains with high and excellent abilities and deeper research on the mechanism of microbial detoxification can be conducted to explore the degradation effect of microbial preparations on AFB_1.

Key words: biological detoxification; aflatoxin B_1; removal mechanism

黄曲霉毒素(AFs)是危害最大的真菌毒素之一,是主要由黄曲霉、寄生曲霉和假溜曲霉等真菌产生的次级代谢产物[1]。根据过去 10 年报告的全球发生数据,谷物中 AFs 的发生率和最高水平分别为 55% 和 1 642 μg/kg[2]。AFs 是一类含有呋喃双环和氧杂萘邻酮的化合物[3],具有高度的肝毒性、肾毒性和免疫毒性。其中,黄曲霉毒素 B_1(AFB_1)毒性最大,其以高毒性、致癌、致畸和致突变作用而闻名,在 1993 年被世界卫生组织归为Ⅰ类致癌物[4]。

食用 AFs 污染的饲料,会影响家禽免疫器官的发育,引起免疫器官肿胀、萎缩甚至坏死,从而影响家禽的免疫机能[5]。人类 AFs 中毒的急性症状包括呕吐,出血,腹痛,黄疸,肺、脑水肿,昏迷,抽搐,甚至死亡[6]。因此,我国对于食品中 AFs 的污染进行

收稿日期:2022－04－08;**修回日期**:2023－03－20

基金项目:河南省重点研发与推广专项(科技攻关)项目(222102110112);企业横向合作项目(E－202109－03870－QR);河南工业大学博士基金(2019BS029)

作者简介:陈毅保(1998),男,硕士研究生,研究方向为蛋白质化学与应用(E-mail)yibaoc998@163.com。

通信作者:刘昆仑,教授,博士生导师(E-mail)knlnliu@126.com。

了严格的监控,GB 2761—2017《食品安全国家标准食品中真菌毒素限量》中对玉米、花生及其制品中的 AFB_1 限量为 20 μg/kg,对小麦、大麦等限量为 5 μg/kg。欧盟对供人食用的谷类或谷类食品中的 AFs 设定限量为 0.1 ~ 2.0 μg/kg[7]。

目前 AFB_1 的脱除方法主要有物理法、化学法和生物法。物理法最为快速简单,但是有局限性,如:高温处理对食品本身的理化性质和营养成分影响较大,应用范围受限;辐照法是目前最具应用潜力的方法之一,但设备成本高,不利于工业化生产;吸附法安全绿色,但需要先进的吸附材料[8]。化学法通常采用酸、碱或者氧化剂处理,如臭氧等,效果较好,但是对食品的外观和味道会有损害,且如臭氧本身就具有微毒性,无法大规模使用,还有化学试剂的残留等问题。相较而言,生物法具有效率高、覆盖范围广、可保证食品安全、维护生态环境等优点。因此,利用生物技术脱除 AFB_1 是一种绿色可持续的重要方法。本文通过对近年来国内外文献的梳理,总结对 AFB_1 有解毒作用的微生物,介绍了单菌种发酵、多菌种协同发酵和菌 - 酶协同作用等脱除 AFB_1 的方法,并对 AFB_1 的脱除机制进行探讨,以期为后续 AFB_1 脱除研究提供参考。

1 AFB_1 的脱除

1.1 单菌种发酵脱除 AFB_1

AFB_1 可通过微生物代谢或者微生物分泌的酶催化作用得到有效脱除,而在此过程中筛选高效脱除 AFB_1 的菌株是关键。目前报道较多的脱毒菌株主要有芽孢杆菌、假单胞菌、乳酸菌、非产毒曲霉等(见表 1)。

表 1 AFB_1 的脱毒菌株

类型	来源	菌株	降解率/%	初始含量/(μg/kg)	处理时间/h	脱除方式	脱除成分	参考文献
芽孢杆菌		枯草芽孢杆菌 Q125	100	1 000	38.6	降解	上清液	[9]
	霉变花生粕	解淀粉芽孢杆菌 HSP - 5	88.23	12.32	48	降解	胞外液	[10]
	霉变花生粕	解淀粉芽孢杆菌 HSP - 5	81.39	145.17	48	降解	胞外液	[10]
	土壤、动物粪便	地衣芽孢杆菌 CFR1	94.7	500	24	降解	上清液	[11]
	土壤	贝莱斯芽孢杆菌 A6	90.6	100	72	降解	上清液	[12]
	霉变谷物	枯草芽孢杆菌 HS - 1	70.65	5×10^{-5}	48	降解	上清液	[13]
	霉变谷物	沙福芽孢杆菌 HS	46.63	5×10^{-5}	48	降解	上清液	[13]
	牦牛粪	枯草芽孢杆菌 WTX1	83.5	1×10^{-4}	72	降解	上清液	[14]
假单胞菌	海水	假单胞菌 M8	71.8	100	72	降解	上清液	[4]
	金矿水	鳗败假单胞菌 VGF1	66.5	500	48	降解	胞外液	[15]
	金矿水	荧光假单胞菌	63	500	48	降解	胞外液	[15]
	污泥	恶臭假单胞菌 HAI2	71.52	100	24	降解	上清液	[16]
	土壤	铜绿假单胞菌	85.69	100	72	降解	菌液	[17]
乳酸菌		瑞士乳杆菌 FAM22155	86	30	16	降解	菌液	[18]
非产毒曲霉	腐叶、土壤、灵长类动物粪便	米曲霉 Y8	77.05	35	48	降解	粗酶液	[19]
	酱醅	黑曲霉 FS10	95.01	1 000	63.30	降解	菌悬液	[20]
		黑曲霉 FS - UV1	50.1	500	48	降解	发酵液	[21]
		黑曲霉 FS - UV1	20.01	500	48	吸附	菌丝体	[21]
	普洱茶	黑曲霉 RAF106	83.64	2 000	72	降解	胞内提取物	[22]
	土壤	可可链霉菌 K234	88	1 000	120	降解	上清液	[23]
其他	金矿水	葡萄球菌 VGF2	100	500	48	降解	菌液	[15]
	发霉的花生、玉米、秸秆、土壤以及牛粪	克雷伯氏菌 N1	74	100	72	降解	菌液	[24]

1.1.1 芽孢杆菌

由于微生物代谢产生的次级代谢产物具有不确定性,通常难以直接应用于食品工业中。芽孢杆菌是国标规定允许添加到食品中的微生物,且对 AFB_1 的降解能力普遍较高。刘亚楠等[9]对枯草芽胞杆菌 Q125 降解 AFB_1 过程的发酵时间和发酵温度优化后,降解率达到 100%。徐铭乾等[10]从霉变花生粕中分离出的解淀粉芽孢杆菌 HSP - 5 分泌的胞外物

质能降解 AFB_1，且对高 AFB_1 含量（145.17 μg/kg）以及低 AFB_1 含量（12.32 μg/kg）的花生粕样品均有 80% 以上的降解率。Rao 等[11]发现土壤中的地衣芽孢杆菌 CFR1 的发酵上清液能有效地降解 AFB_1，AFB_1 降解率达到 90% 以上。此外，贝莱斯芽孢杆菌 A6[12]和沙福芽孢杆菌 HS[13]对 AFB_1 也有较强的降解效果。

1.1.2　假单胞菌

假单胞菌对 AFB_1 的降解也有显著效果，董慧燕等[25]对铜绿假单胞菌 M4 的发酵条件优化后，AFB_1 的降解率达 96.17%。于丽娜等[4]从海水中筛选出的一株假单胞菌，研究发现其通过分泌至胞外的活性物质主导 AFB_1 的生物降解。此外，鳗败假单胞菌和荧光假单胞菌也能降解 AFB_1[15]。

1.1.3　乳酸菌

乳酸菌作为一种益生菌常用于抑制毒素的产生，其中植物乳杆菌被广泛用于 AFs 的控制上。研究表明，植物乳杆菌 UM55 的发酵液可以抑制 91% 的 AFs 的产生，这种抑制效果依赖于发酵液 pH，并随着发酵液浓度的增加而增加[26]。Almeida 等[27]研究发现乳酸菌对产毒曲霉的生长和 AFB_1 的产生均有抑制作用。Zhang 等[18]研究乳杆菌固态发酵麦麸时发现，AFB_1 的脱除能力与发酵过程产生的蛋白质生物活性有关，但不能确定是酶在 AFB_1 脱除过程中起作用，如果得到证实，AFB_1 降解酶可能在乳酸菌发酵饲料中发挥重要作用。

1.1.4　非产毒曲霉

一些非产毒曲霉对抑制黄曲霉的生长和促进 AFs 的降解起到积极作用。左瑞雨等[19]筛选出的米曲霉 Y8 对 AFB_1 的降解率达 77.05%。黑曲霉在优化培养条件下对于花生粕中的 AFs 脱除率达 95.01%[28]，研究证明黑曲霉及其产生的降解酶不会引起急性毒性作用[20]。此外，木霉属的众多真菌如绿色木霉、康氏木霉、钩木霉以及长枝木霉等也具有很高的生物脱毒潜力[29]。

1.1.5　其他菌

研究发现，克雷伯氏菌具有降解 AFB_1 的能力，并在其发酵上清液中发现了可能的降解酶（Mn－超氧化物歧化酶或 NADH－醌氧化还原酶），经过优化培养条件后克雷伯氏菌对 AFB_1 的降解率达 74%[24]。Adebo 等[15]从金矿含水层中分离出一株葡萄球菌（*Staphylococcus* sp. VGF2），其对 AFB_1 的降解率达 100%。张铭[30]研究发现，短黄杆菌 3J2MO 是目前能高效降解 AFs 种类最多的菌株，且明确了短黄杆菌 3J2MO 及其降解 AFB_1 产物发酵液的安全性。以上研究结果说明细菌在 AFB_1 的降解方面具有很大优势。

1.2　多菌种协同发酵脱除 AFB_1

不同的菌株在降解 AFB_1 时可能存在协同作用，因此可以将多个种类的菌株结合以达到更好的脱除效果。Wang 等[31]研究发现，芽孢杆菌 H16V8 和芽孢杆菌 HGD9229 共培养的上清液降解效率比单菌分别提高了 87.7% 和 55.3%，且共培养提高了总蛋白含量和降解酶的产生，促进了总细胞的生长。Chen 等[32]研究发现，保加利亚乳杆菌和嗜热链球菌的联合使用可以完全脱除花生粕在高温、厌氧和固态发酵中的 AFB_1 和黄曲霉毒素 G_1（AFG_1）。

1.3　菌－酶协同作用脱除 AFB_1

微生物降解和酶降解联合作用能够提高 AFB_1 的降解率。王晓玲等[33]用筛选出的枯草芽孢杆菌结合纤维素酶和木聚糖酶联合处理花生粕中的 AFB_1，脱除率达 94.3%。Huang 等[34]将 3 株益生菌与米曲霉的霉菌毒素降解酶以 3∶2 的比例组合时，AFB_1 的降解率显著提高。

2　AFB_1 的脱除机制

2.1　降解脱除机制

降解是微生物在其生命活动中产生的某些物质，改变了霉菌毒素的原有结构，将其转化为低毒甚至完全无毒的物质。AFB_1 的关键致癌部位是末端呋喃环上的双键，其致癌机制主要是抑制 RNA 的合成[35]。微生物对 AFB_1 的降解主要依靠微生物代谢过程中分泌的酶。目前报道的主要 AFs 降解酶及其来源如表 2 所示。由于过氧化物酶可以催化不同的反应，包括破坏碳碳键、苄氧裂解、邻位去甲基化、环氧化和羟基化等，所以产生的产物非常广泛。AFB_1 的主要代谢途径见图 1。

黄曲霉毒素氧化酶（AFO）是首次发现能够完全降解 AFB_1 的酶。AFO 是一种胞内酶，作用于 AFB_1 双呋喃环上的烯醚键[36]。AFO 对呋喃或吡喃结构具有选择性。呋喃双环容易氧化形成黄曲霉毒素－8,9－环氧化物（AFBO），这使得 AFB_1 具有活性和毒性[37]。然而 Wu 等[38]研究发，AFB_1 在氧化的同时也会产生过氧化氢，可能对 AFB_1 有解毒作用。在 AFB_1 氧化后，AFBO 与产生的过氧化氢反应，生成 AFB_1－8,9－二氢二醇。

漆酶是一种胞外酶，含有 4 个铜离子，可以从微生物（例如白腐真菌）中提取，AFB_1、AFB_2、AFG_1 和 AFG_2 可以通过氢键和与氨基酸残基的疏水相互作

用与漆酶(酶的 T1 铜中心附近)相互作用[39]。漆酶的氧化还原反应对于底物有一定的要求,只有氧化还原势能低于漆酶且能够进入活性中心的物质才能直接被漆酶氧化,而氧化还原势能高于漆酶的物质需要介质的参与。漆酶不能和 AFB_1 直接反应,需要介质的参与。刘畅等[40]研究发现,乳酸片球菌重组漆酶的最佳介质为丁香醛。Zhou 等[41]从白腐真菌 *Cerrena unicolor* 6884 中发现了一种催化 AFB_1 降解的新型漆酶,介质为 1 mmol/L 的乙酰丁香酮、丁香醛和 ABTS,降解产物为 AFQ_1。上述研究说明漆酶可作为一种新的 AFs 降解酶,降解食品和饲料中的 AFB_1。

表 2 主要 AFs 降解酶、降解产物及其来源

降解酶类型	来源	降解产物	产物毒性	参考文献
内源酶				
黄曲霉毒素氧化酶(AFO)	假蜜环菌	AFB_1 -8,9-二氢二醇	毒性降低	[42]
外源酶				
漆酶	地衣芽孢杆菌	AFQ_1	毒性降低	[43]
	杏鲍菇	AFQ_1	毒性降低	[44]
	白腐真菌	AFQ_1	毒性降低	[41]
锰过氧化物酶	平菇			[45]
	白腐真菌	AFB_1 -8,9-二氢二醇	毒性降低	[46]
还原酶	耻垢分枝杆菌			[47]
B 型染料脱色过氧化物酶	红球菌属	AFQ_1	毒性降低	[48]

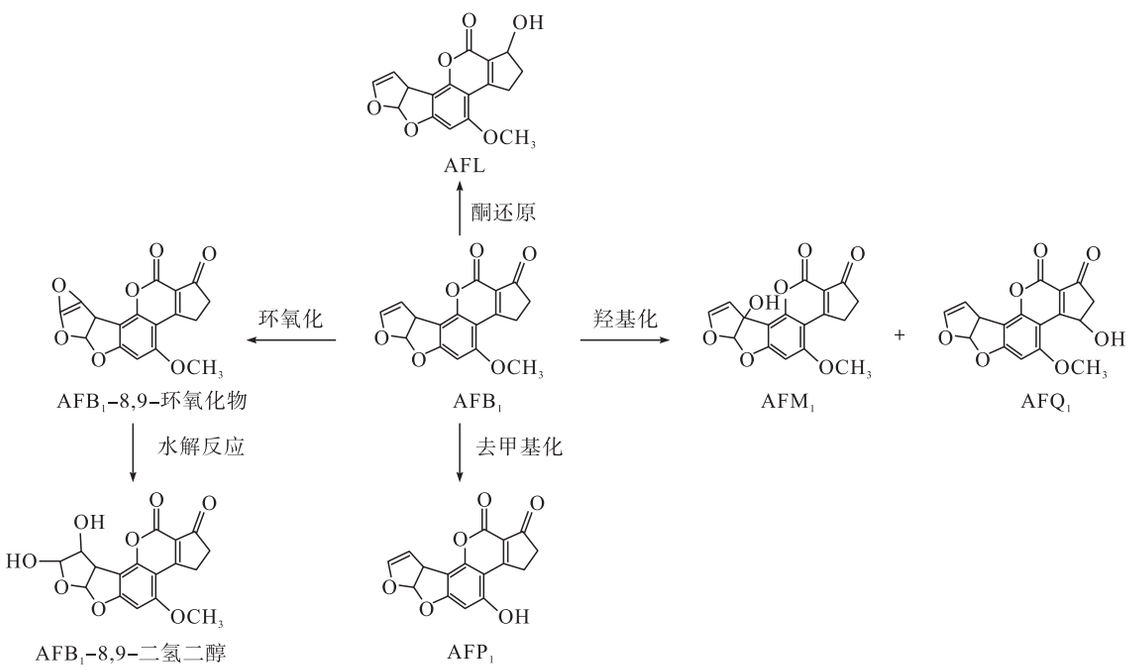

图 1 AFB_1 的主要代谢途径

2.2 吸附脱除机制

吸附是指由于微生物细胞壁上的特殊结构,AFs 与非共价键相互作用(主要作用是范德华力),使其更容易结合,降低 AFs 在胃肠道中的生物利用度,并保护身体免受毒素侵害。乳杆菌和酵母菌是生物吸附中最常研究的菌株,其通过细菌壁上的多糖(如肽聚糖和磷壁酸)有效结合 AFs[49]。Huang 等[50]研究发现,植物乳杆菌 C88 与 AFB_1 结合,可增加粪便 AFB_1 的排泄,减少脂质过氧化,并逆转抗氧化防御系统的缺陷以减轻 AFB_1 的毒性。此外,鲁氏酵母的非活细胞可通过吸附作用脱除 AFs[51]。

3 结 语

随着生物科技的进步,采用生物技术脱除 AFB_1,因其高效、安全、绿色的特点受到人们的关注。生物技术脱除 AFB_1 的机制有降解脱除和吸附脱除。目前生物技术脱除还存在两方面的问题:菌株降解能力还不够强,大多数研究筛选出的菌株并不具备工业应用的能力;生物脱毒技术还不完善,尤其是代谢物的测定纯化技术欠缺。因此,需要继续筛选具有高优良能力的菌株以及更深层次研究微生

物脱毒的机制，探索微生物制剂对 AFB_1 的降解作用。

参考文献：

[1] JIANG K, HUANG Q, FAN K, et al. Reduced graphene oxide and gold nanoparticle composite – based solid – phase extraction coupled with ultra – high – performance liquid chromatography – tandem mass spectrometry for the determination of 9 mycotoxins in milk[J]. Food Chem, 2018, 264(30): 218 – 225.

[2] LEE H J, RYU D. Worldwide occurrence of mycotoxins in cereals and cereal – derived food products: public health perspectives of their co – occurrence[J]. J Agric Food Chem, 2017, 65(33): 7034 – 7051.

[3] TAHIR N I, HUSSAIN S, JAVED M, et al. Nature of aflatoxins: their extraction, analysis, and control[J/OL]. J Food Saf, 2018, 38(6): e12561[2022 – 04 – 08]. https://doi.org/10.1111/jfs.12561.

[4] 于丽娜，王明清，张初署，等. 黄曲霉毒素 B_1 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.

[5] 张禹，王海荣. 饲料中黄曲霉毒素的危害及脱毒方法进展[J]. 饲料研究，2021，44(8)：157 – 160.

[6] BENKERROUM N. Aflatoxins: producing – molds, structure, health issues and incidence in southeast Asian and sub – saharan African countries[J/OL]. Int J Env Res Publ Heal, 2020, 17(4): 1215[2022 – 04 – 08]. https://doi.org/10.3390/ijerph17041215.

[7] ISMAIL A, GONCALVES B L, DE NEEFF D V, et al. Aflatoxin in foodstuffs: occurrence and recent advances in decontamination[J]. Food Res Int, 2018, 113(11): 74 – 85.

[8] 宋承钢，王彦多，杨健，等. 黄曲霉毒素脱毒研究进展[J]. 食品安全质量检测学报，2020，11(12)：3945 – 3957.

[9] 刘亚楠，彭丹丹，王敏，等. 枯草芽孢杆菌 Q125 降解黄曲霉毒素 B_1 发酵条件优化及活性物质分析[J]. 河南工业大学学报(自然科学版)，2021，42(4)：9 – 15.

[10] 徐铭乾，蔡国林，朱德伟，等. 黄曲霉毒素 B_1 脱毒菌株的分离鉴定及在花生粕中的应用[J]. 中国油脂，2015，40(3)：20 – 24.

[11] RAO K R, VIPIN A V, HARIPRASAD P, et al. Biological detoxification of aflatoxin B_1 by *Bacillus licheniformis* CFR1[J]. Food Control, 2017, 71(1): 234 – 241.

[12] 王明清，张初署，于丽娜，等. 一株黄曲霉毒素 B_1 降解菌的筛选及鉴定[J]. 食品工业科技，2019，40(1)：105 – 109.

[13] 王康. 黄曲霉毒素 B_1 降解菌的筛选及培养条件优化[D]. 长春：长春理工大学，2020.

[14] 唐璎，黄佳，邓展瑞，等. 一株枯草芽孢杆菌降解黄曲霉毒素 B_1 产物分析[J]. 生物技术通报，2021，37(12)：82 – 90.

[15] ADEBO O A, NJOBEH P B, SIDU S, et al. Aflatoxin B_1 degradation by liquid cultures and lysates of three bacterial strains[J]. Int J Food Microbiol, 2016, 233(6): 11 – 19.

[16] 宋茂鹏，马现永，邓盾，等. 假单胞菌胞外酶降解黄曲霉毒素 B_1 的酶学性质[J]. 微生物学通报，2021，48(1)：46 – 56.

[17] 徐阳. 黄曲霉毒素 B_1 降解菌株的筛选及其活性酶的纯化[D]. 南京：南京理工大学，2019.

[18] ZHANG Y, WANG P, KONG Q, et al. Biotransformation of aflatoxin B_1 by *Lactobacillus helviticus* FAM22155 in wheat bran by solid – state fermentation[J/OL]. Food Chem, 2021, 341: 128180[2022 – 04 – 08]. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.128180.

[19] 左瑞雨，尹清强，常娟，等. 降解黄曲霉毒素 B_1 菌株的筛选及毒素降解酶的分离[J]. 河南农业科学，2018，47(8)：128 – 133.

[20] 李冰. 黑曲霉对黄曲霉毒素 B_1 的降解及应用[D]. 山东 泰安：山东农业大学，2012.

[21] 张晓雪，孙秀兰，张银志. 新型黑曲霉液体发酵及对黄曲霉毒素 B_1 的脱除[J]. 食品与生物技术学报，2017，36(3)：266 – 270.

[22] FANG Q, DU M, CHEN J, et al. Degradation and detoxification of aflatoxin B_1 by tea – derived *Aspergillus niger* RAF106[J/OL]. Toxins, 2020, 12(12): 777[2022 – 04 – 08]. https://doi.org/10.3390/toxins12120777.

[23] HARKAI P, SZABÓ I, CSERHÁTI M, et al. Biodegradation of aflatoxin – B_1 and zearalenone by *Streptomyces* sp. collection[J]. Int Biodeter Biodegr, 2016, 108(3): 48 – 56.

[24] 谢澳文，樊磊，韩一鸣，等. 降解 AFB_1 的克雷伯氏菌分离、鉴定及降解机理初步研究[J]. 河南工业大学学报(自然科学版)，2021，42(2)：64 – 70.

[25] 董慧燕，许艳华，牛永武，等. 铜绿假单胞菌 M4 菌株降解黄曲霉毒素 B_1 的条件优化研究[J]. 河南工业大学学报(自然科学版)，2021，42(3)：50 – 57.

[26] GUIMARAES A, SANTIAGO A, TEIXEIRA J A, et al. Anti – aflatoxigenic effect of organic acids produced by *Lactobacillus plantarum*[J]. Int J Food Microbiol, 2018, 264(1): 31 – 38.

[27] ALMEIDA M C O D, LUISA F, ELIANA R R, et al. Effect oflactic acid bacteria strains on the growth and aflatoxin production potential of *Aspergillus parasiticus*, and their ability to bind aflatoxin B_1, ochratoxin A, and zxearalenone in vitro[J/OL]. Front Microbiol, 2021, 12(4): 655386[2022 – 04 – 08]. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.655386.

[28] 邱天宇，王海鸣，朱瑜，等. 响应面优化黑曲霉生物发

酵花生粕脱除黄曲霉毒素研究[J]. 农产品加工, 2020(20): 1-7.

[29] 徐杨玉, 刘付香, 洪彦彬, 等. 绿色木霉对花生黄曲霉毒素污染的防治[J]. 热带生物学报, 2019, 10(4): 367-371.

[30] 张铭. 短黄杆菌 3J2MO 降解黄曲霉毒素研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.

[31] WANG L, HUANG W, SHA Y, et al. Co-cultivation of two *Bacillus* strains for improved cell growth and enzyme production to enhance the degradation of aflatoxin B_1 [J/OL]. Toxins, 2021, 13(7): 435[2022-04-08]. https://doi.org/10.3390/toxins13070435.

[32] CHEN Y, KONG Q, CHI C, et al. Biotransformation of aflatoxin B_1 and aflatoxin G_1 in peanut meal by anaerobic solid fermentation of *Streptococcus thermophilus* and *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*[J]. Int J Food Microbiol, 2015, 211(10): 1-5.

[33] 王晓玲, 蔡国林, 李卫青, 等. 降解花生粕中黄曲霉毒素菌株的筛选及其在发酵酶解偶联工艺中的应用[J]. 粮食与食品工业, 2021, 28(2): 48-52.

[34] HUANG W, CHANG J, WANG P, et al. Effect of the combined compound probiotics with mycotoxin-degradation enzyme on detoxifying aflatoxin B_1 and zearalenone[J]. J Toxicol Sci, 2018, 43(4/5/6): 377-385.

[35] DENISSENKO M F, CAHILL J, KOUDRIAKOVA T B, et al. Quantitation and mapping of aflatoxin B_1-induced DNA damage in genomic DNA using aflatoxin B_1-8,9-epoxide and microsomal activation systems[J]. Mutat Res, 1999, 425(2): 205-211.

[36] XU T, XIE C, YAO D, et al. Crystal structures of aflatoxin-oxidase from *Armillariella tabescens* reveal a dual activity enzyme[J]. Biochem Biophys Res Commun, 2017, 494(3/4): 621-625.

[37] GUENGERICH F P, JOHNSON W W, SHIMADA T, et al. Activation and detoxication of aflatoxin B_1[J]. Mutat Res, 1998, 402(1/2): 121-128.

[38] WU Y Z, LU F P, JIANG H L, et al. The furofuran-ring selectivity, hydrogen peroxide-production and low *Km* value are the three elements for highly effective detoxification of aflatoxin oxidase[J]. Food Chem Toxicol, 2015, 76(1): 125-131.

[39] TOMIN M, TOMIC S. Oxidase or peptidase? A computational insight into a putative aflatoxin oxidase from *Armillariella tabescens*[J]. Proteins, 2019, 87(5): 390-400.

[40] 刘畅, 马现永, 马三梅, 等. 降解黄曲霉毒素 B_1 的乳酸片球菌重组多铜氧化酶学性质[J]. 食品与发酵工业, 2021, 47(13): 72-78.

[41] ZHOU Z, LI R, NG T B, et al. A new laccase of lac 2 from the white rot fungus *Cerrena unicolor* 6884 and lac 2-mediated degradation of aflatoxin B_1[J/OL]. Toxins, 2020, 12(8): 476[2022-04-08]. https://doi.org/10.3390/toxins12080476.

[42] CAO H, LIU D, MO X, et al. A fungal enzyme with the ability of aflatoxin B_1 conversion: purification and ESI-MS/MS identification[J]. Microbiol Res, 2011, 166(6): 475-483.

[43] GUO Y, QIN X, TANG Y, et al. CotA laccase, a novel aflatoxin oxidase from *Bacillus licheniformis*, transforms aflatoxin B_1 to aflatoxin Q_1 and epi-aflatoxin Q_1[J/OL]. Food Chem, 2020, 8146(20): 30739[2022-04-08]. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.126877.

[44] LOI M, FANELLI F, ZUCCA P, et al. Aflatoxin B_1 and M_1 degradation by lac2 from *Pleurotus pulmonarius* and redox mediators[J/OL]. Toxins, 2016, 8(9): 245[2022-04-08]. https://doi.org/10.3390/toxins8090245.

[45] YEHIA R S. Aflatoxin detoxification by manganese peroxidase purified from *Pleurotus ostreatus*[J]. Braz J Microbiol, 2014, 45(1): 127-133.

[46] WANG J, OGATA M, HIRAI H, et al. Detoxification of aflatoxin B_1 by manganese peroxidase from the white-rot fungus *Phanerochaete sordida* YK-624[J]. FEMS Microbiol Lett, 2011, 314(2): 164-169.

[47] LI C H, LI W Y, HSU I N, et al. Recombinant aflatoxin-degrading $F_{420}H_2$-dependent reductase from *Mycobacterium smegmatis* protects mammalian cells from aflatoxin toxicity[J/OL]. Toxins, 2019, 11(5): 259[2022-04-08]. https://doi.org/10.3390/toxins11050259.

[48] LOI M, RENAUD J B, ROSINI E, et al. Enzymatic transformation of aflatoxin B_1 by Rh_DypB peroxidase and characterization of the reaction products[J/OL]. Chemosphere, 2020, 250(2): 126296[2022-04-08]. https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.126296.

[49] DEEPAK M B, JHANVI S P, ANUAPPAIAH K A. Aflatoxin binding and detoxification by non-*Saccharomyces* yeast a new vista for decontamination[J]. Int J Curr Microbiol Appl Sci, 2015, 4(5): 310-317.

[50] HUANG L, DUAN C, ZHAO Y, et al. Reduction of aflatoxin B_1 toxicity by *Lactobacillus plantarum* C88: a potential probiotic strain isolated from Chinese traditional fermented food "Tofu"[J/OL]. Plos One, 2017, 12(1): e0170109[2022-04-08]. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170109.

[51] ZHOU G, CHEN Y, KONG Q, et al. Detoxification of aflatoxin B_1 by *Zygosaccharomyces rouxii* with solid state fermentation in peanut meal[J/OL]. Toxins, 2017, 9(1): 42[2022-04-08]. https://doi.org/10.3390/toxins9010042.