沙门氏菌污染豆腐干和牛肉干后代谢物的研究

胡 蝶，胡 昊，杨本芹*，潘学军
（昆明理工大学 环境科学与工程学院，云南 昆明 650500）

摘要：鼠伤寒沙门氏菌可引发沙门氏菌病，且耐药性强，严重危害人畜健康。利用气相色谱-质谱法（Gas Chromatography - Mass Spectrometer，GC-MS）显示沙门氏菌接种于NB培养基、豆腐干和牛肉干培养基后的代谢物，采用主成分分析和正交偏最小二乘判别鉴别特征性和差异性代谢产物，结合沙门氏菌的基因注释分析特征性和差异性代谢产物可能的代谢路径。结果表明：沙门氏菌污染两种食品后有显著的生长，特征性和差异性代谢产物包括烷烃，酚类及小分子酸、醇等；沙门氏菌的基因注释表明存在大量的碳水化合物代谢基因，参与了1-丁醇的生成，因此1-丁醇是沙门氏菌污染豆腐干和牛肉干的典型代谢物。

关键字：沙门氏菌；代谢产物；培养基；豆腐干；牛肉干
中图分类号：Q 93　**文章编号**：1673-1689(2020)10-0104-08　DOI：10.3969/j.issn. 1673-1689.2020.10.014

Study on Metabolites of *S. typhimurium* Polluted Dried Bean Curd and Beef Jerky

HU Die，*HU Hao*，*YANG Benqin**，*PAN Xuejun*
(Faculty of Environmental Science and Engineering, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China)

Abstract: *Salmonella typhimurium* (*S. typhimurium*) can cause salmonellosis and is highly drug-resistant, causing seriously hazards on the health of both human and animals. The metabolites of *S. typhimurium* inoculated on NB medium, dried bean curd and dried beef medium were detected by Gas Chromatography-Mass Spectrometer (GC-MS). Principal component analysis (PCA) and orthogonal partial least squares discrimination analysis (OPLS-DA) were used to identify the characteristic and differential metabolites. The probably metabolic pathways of the characteristic and differential metabolites were analyzed based on the gene annotation of *S. typhimurium*. Significant growth of *S. typhimurium* was observed after inoculated dried bean curd and dried beef. The characteristic and differential metabolites were alkanes, phenols, small molecular acids, small molecular alcohols, etc. Gene annotation of *S. typhimurium* showed a large number of carbohydrate metabolism genes, involved in the production of 1-butanol. Therefore,1-butanol is a typical metabolite of *S. typhimurium* polluted dried bean curd and beef jerky.

Keywords: *Salmonella typhimurium*, metabolites, medium, dried bean curd, beef jerky

收稿日期：2020-02-24

* **通信作者**：杨本芹（1987—），女，博士，副教授，硕士研究生导师，主要从事生物学研究。E-mail：438994776@qq.com

豆腐干和牛肉干均是即食性食品,营养丰富,在制作、运输及储存过程中都有被致病菌污染的风险[1-7],评估此类即食食品的污染现状十分重要。

目前的研究多数局限于已发生沙门氏菌病的病情调查和检测可能被污染致病菌的食品中微生物的存在,但关于沙门氏菌污染食品后的代谢物的研究还较少。作者选取豆腐干和牛肉干作为沙门氏菌的接种培养基,并用气相色谱-质谱法(Gas Chromatography-Mass Spectrometer,GC-MS)鉴定沙门氏菌污染豆腐干和牛肉干后的代谢物。因 GC-MS 的分辨率好,灵敏度高,数据库较为健全,近年来被广泛使用[8-9]。作者基于 GC-MS 检测技术的代谢组学分析平台研究沙门氏菌分别在污染豆腐干和牛肉干后的特征性和差异性代谢产物[10],以期能够为沙门氏菌的典型代谢物的筛选提供参考,并为筛选沙门氏菌污染食品后的潜在生物标志物提供理论和实验基础。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

沙门氏菌(ATCC14028S):购自中国普通微生物保藏管理中心;营养肉汤培养基:购自百思生物公司;豆腐干和牛肉干:市售;甲醇(色谱纯)、乙腈(色谱纯):美国西格玛公司产品;二氯甲烷(色谱纯)、2,4,6-三甲基吡啶:迈瑞达公司产品。

1.2 沙门氏菌的培养

选取沙门氏菌作为研究用菌株。首先将购买的菌株在 37 ℃下水浴解冻,转移 1 mL 沙门氏菌菌液至 200 mL NB 培养基置于 37 ℃培养箱温育 24 h 进行增菌[11]。增菌后观察菌落形态、是否有杂菌,若无杂菌即可保藏以进行后续培养实验。

豆腐干和牛肉干均与超纯水按 1 g:10 mL 的比例混合,然后搅拌 10 min,18 目筛网重复过滤,使豆腐干和牛肉干颗粒直径小于 1 mm,确保制成的培养基足够均匀,121 ℃,103 kPa 灭菌 30 min 待用。取 20 mL 配好的 NB 培养基、豆腐干培养基(DB)、牛肉干培养基(BJB)分别测定 pH 值[12]和总有机碳。

将-80 ℃保藏的菌种复苏后取 1 mL 菌液分别加入到 200 mL NB、DB、BJB 中,在 37 ℃培养箱内培养 12 h。取部分菌液在营养琼脂培养基在 37 ℃下培养 48 h 后进行计数[13],另外取 10 mL 菌液用于代谢组学分析。每组实验以空白培养基为对照,分别做 6 个平行。

1.3 基因组测序

首先对沙门氏菌的基因组进行片段化,构建基因组文库,然后对单链 DNA 片段进行扩增,激光扫描后读取核苷酸种类,重复读取,获得模板 DNA 片段的序列。利用 Illumina Hiseq 平台对沙门氏菌的基因进行测序,然后对原始数据进行质控,统计和基因组评估,完成 denovo 组装,随后可对测序数据进行基因功能预测。

1.4 GC-MS 鉴定代谢物

1.4.1 代谢物的提取 取 10 mL 菌液于 50 mL 离心管中,迅速加入体积分数为 60%的 10 mL 冷甲醇溶液(-40 ℃)后涡旋 30 s 并超声处理 2 h,置于-80 ℃冰箱中冷冻 12 h 放入冷冻干燥机冷冻干燥。冷冻干燥后的样品加入 10 mL 乙腈、甲醇和超纯水(体积比为 2:2:1)萃取剂,振荡后将混合液倒入带有 3 种规格玻璃球的试管分散机(UTTD)中破碎10 min。将破碎后的样品置于 37 ℃培养箱中反应 2 h,将混合液在-4 ℃、10 000 *g* 的条件下离心 15 min,取上清液,真空冷冻干燥。将冷干样品加入 2 mL 二氯甲烷,混匀,加入 50 μL 2,4,6-三甲基吡啶作为内标,进行 GC-MS 测定。

1.4.2 GC-MS 操作条件 GC-MS 使用 DB-624 毛细管色谱柱;柱温升温程序为初始温度 40 ℃保持 6 min,10 ℃/min 升温至 230 ℃,保持 10 min。载气为高纯氦气;载气流量为 2.0 mL/min。进样口温度 230 ℃,进样量 1.0 μL,采用不分流模式。质谱条件:离子源温度 230 ℃;质谱接口温度 230 ℃;全扫描模式,质量扫描范围 29~350。

1.5 数据处理

通过美吉生物云平台(www.majorbio.com)利用基因组序列信息对基因功能进行预测,并找到相关代谢酶的信息。代谢物质谱数据的处理采用 Agilent MSD Productivity Chem Station (Agilent Technologies Inc. USA)联合 NIST 2014 质谱数据库进行原始峰提取、数据基线过滤、基线标准、峰对齐、峰识别和峰面积集成,相似度>70%的物质被认为是可信物质。识别出的代谢物利用 SIMCA14.1 软件包进行主成分分析(Principal components analysis,PCA)和正交偏最小二乘判别(Orthogonal Partial Least Squares Discrimination Analysis,OPLS-DA)分析,将 OPLS-DA 模型中的预测值(VIP>1)中

第一个主成分和单因素方差分析(P<0.05)相结合，鉴定出主要差异代谢物[14]，比较得出的差异代谢物在 KEGG 数据库搜索代谢物途径，研究不同食品被沙门氏菌污染后主要的代谢通路和潜在生物标志物[15]。使用 Origin9.0 软件作图。

2 结果与讨论

2.1 营养肉汤培养基、豆腐干培养基、牛肉干培养基的相关参数

NB、DB、BJB 的 pH 值，TOC 值如表 1 所示。3 组培养基的 pH 分别属微酸微碱性，张旭东等[16]表明 pH 值在 5~7 时，沙门氏菌均能正常生长。3 组培养基的 TOC 值说明 3 组培养基提供的碳源相差不大，对沙门氏菌的生长不会有很大影响。按国标法测得 3 组培养基培养 12 h 后的最大菌落数。菌落数都能达到 2.29×10^8 CFU/mL，说明沙门氏菌的生长都是正常的，并未因其他理化性质不同明显影响沙门氏菌的生长状况。

表 1 培养基的相关参数

Table 1 Parameters of medium

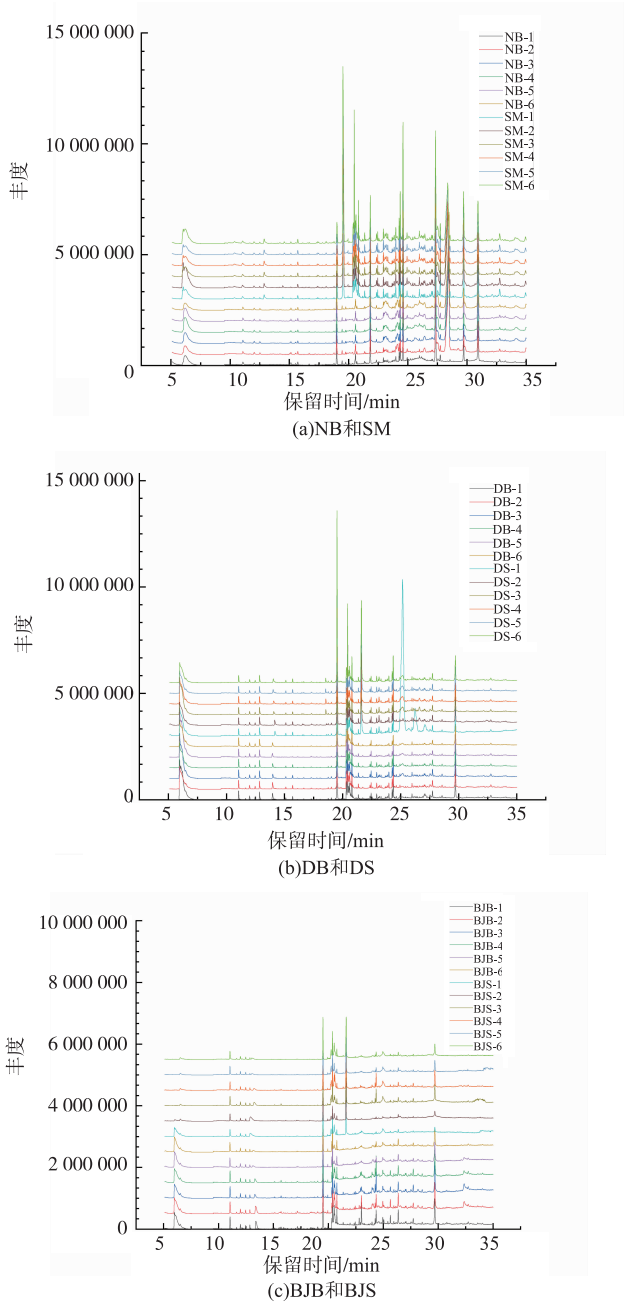
培养基	pH	TOC 质量浓度/(g/L)	12 h 后最大菌落数/(CFU/mL)
NB	7.40	3.85	2.29×10^8
DB	6.90	3.55	2.36×10^8
BJB	6.09	3.60	2.33×10^8

注：NB、DB、BJB：未接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基

2.2 代谢谱图

沙门氏菌污染食品后会充分利用营养物质进行生长，同时会代谢出多种代谢物，因此对沙门氏菌接种 3 个培养基 12 h 后的代谢物进行检测发现有 491 个有效峰，经过原始峰提取、数据基线过滤、基线标准、峰对齐、峰识别和峰面积集成，且相似度>70%的峰有 298 个。如图 1 所示，将 TIC 色谱图叠放，可以直接反映每组代谢物的差异。

如图 1(a)，沙门氏菌接种于 NB 之后，相对于未接种沙门氏菌的 NB、1-丁醇、均三甲苯可能是差异性代谢产物；如图 1(b)，沙门氏菌接种于豆腐干培养基(DS)之后，相对于空白豆腐干培养基(DB)，甘油可能是差异性代谢产物；如图 1(c)，沙门氏菌接种于牛肉干培养基(BJS)之后，相对于空白牛肉干培养基(BJB)，乙醇、甘油、2,4-二叔丁基苯酚可能是差异性代谢产物，作者将结合 PCA 和 OPLS-DA 进行详细分析。



NB、DB、BJB：未接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基；SM、DS、BJS：接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基.

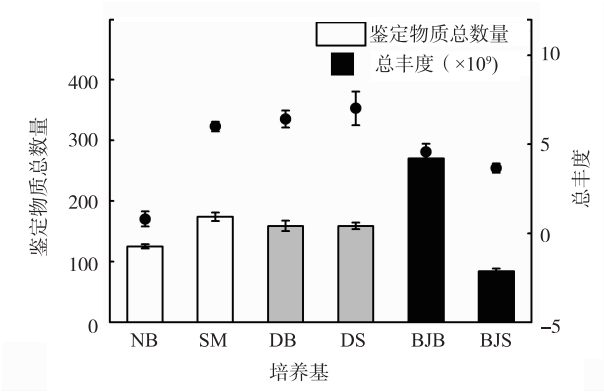
图 1 典型 GC-MS TIC 叠放图

Fig. 1 Typical GC-MS TIC stacking map

2.3 沙门氏菌的特征性代谢产物

如图 2 所示，可以看出 3 组空白培养基和接种沙门氏菌的培养基的物质数量和总丰度。因 NB、DB

和 BJB 的营养成分有一定的差异[17-19],因此接种沙门氏菌后降解产生的代谢产物必然有一定差异。结果如下:NB 有 125 种物质检出,接种沙门氏菌的 NB(SM)的代谢物有 174 种代谢物;DB 检出 159 种物质,接种沙门氏菌的 DB(DS)检出 159 种代谢物;BJB 检出 270 种物质,接种沙门氏菌的 BJB(BJS)检出 84 种代谢物。



NB、DB、BJB:未接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基;SM、DS、BJS:接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基。

图 2 3 组空白培养基和接种沙门氏菌的培养基鉴定的物质总量和总丰度

Fig. 2 Comparation of the total number and abundance of metabolites in three media with inoculated and without inoculation of *S. typhimurium*

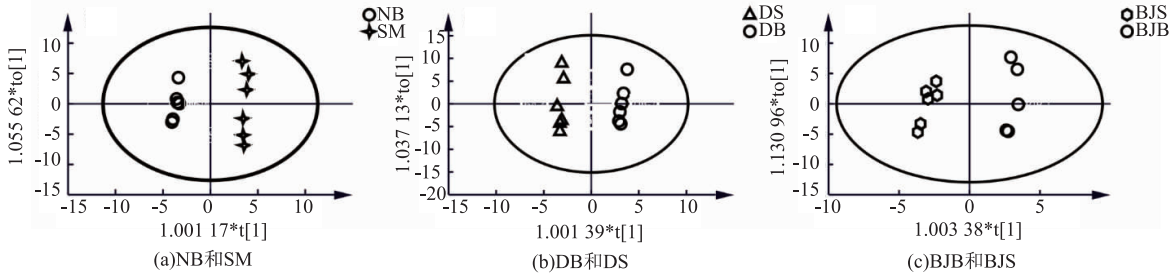
图 3 分别对 3 组未接种和接种沙门氏菌的培养基检测出的代谢物进行了 OPLS-DA 分析,以增强我们对沙门氏菌在不同培养基中产生的代谢物的了解。得分图中的所有样本都在 95% 的 HotellingT 平方椭圆内,并且在组间发现了明显的分离和区别。这些发现表明,OPLS-DA 模型可用于识别本实验的代谢产物成对组之间的差异[20]。

如表 2 所示 3 组特征性代谢产物,即对未接种沙门氏菌的 3 组培养基的物质和接种沙门氏菌的培养基培养 12 h 后测出来的代谢物进行 OPLS 分析,VIP >1 和 P<0.05 的物质即丰度差异显著的物质。SM 的特征代谢物有 20 种,DS 的特征代谢物有 12 种,BJS 的特征代谢物有 7 种,这些代谢物主要是烷烃及部分小分子代谢物,如:乙醇、乙酸、甘油、丙二醇、1-丁醇等。表明沙门氏菌都显著降解了 3 个培养基中的物质且特征性代谢产物有所区别。

首先,沙门氏菌接种 NB,DB,BJB 产生的特征性代谢产物都包含大量的烷烃和芳香族物质。由 KEGG 知烷烃主要参与脂肪酸降解,角质、丝氨酸和蜡生物合成和次级代谢产物的生物合成三大代谢途径,Piao 表明烷烃是牛肉中脂质氧化形成的主要挥发性化合物[21],且革兰氏阴性菌都有将醛类物质降解为烷烃的能力[22],因此 3 组培养基的特征性代谢产物都含有烷烃(表 2)。而芳香族物质的存在应该是 NB 培养基的大分子芳香族物质被降解。

其次,1-丁醇同时是 3 个培养基被沙门氏菌接种后的特征性代谢产物,因此 1-丁醇有可能成为沙门氏菌降解的典型代谢物。另外,豆腐干和牛肉干接种沙门氏菌后的特征性代谢产物还有甘油,甘油是一种常见的细胞代谢产物,存在于各种生物体中[23],豆腐干和牛肉干的特征性代谢产物中同时含有甘油,可能是因为两者制作过程中加入脂肪,被沙门氏菌大量降解为短链脂肪酸及甘油。

乙酸、乙醇等小分子大多都是生物进行基本生命活动的产物,因此每组培养基的特征性代谢产物还有一些特殊的小分子醇酸酮。NB 培养基中的乙



NB、DB、BJB:未接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基;SM、DS、BJS:接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基。

图 3 OPLS-DA 得分图

Fig. 3 OPLS-DA score plot

表 2　NB、DB、BJB 中的特征性代谢产物

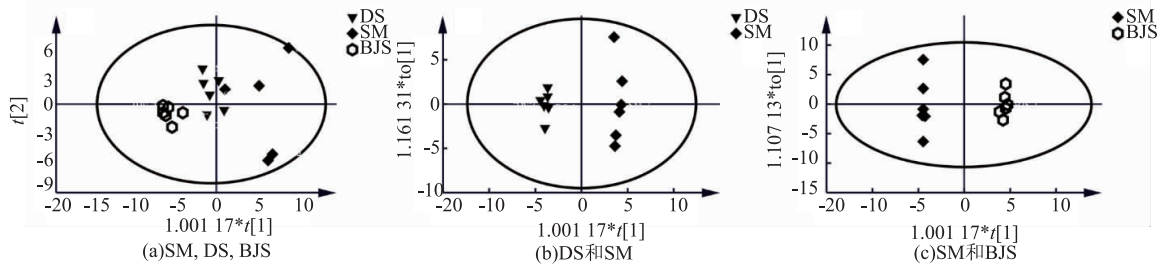
Table 2　Characteristic metabolites of NB and SM, BD and BS, BJB and BJS

培养基	特征性代谢产物
营养肉汤 NB	2,4-二甲基庚烷、2-甲基壬烷、2,5-二甲基壬烷、癸烷、4-甲基癸烷、3,6-二甲基癸烷、十一烷、3,8-二甲基癸烷、2,4-二甲基十一烷、十二烷、4,6-二甲基十二烷、十三烷、2-甲基十三烷、2,6,10-三甲基十三烷、2-甲基十五烷、1-碘十六烷、对二甲苯、乙苯、苯乙烯、1-甲基-3-叔丁基苯、1,3-二叔丁基苯、1,2,4,5-四甲基苯、均三甲苯、2,4-二叔丁基苯酚、醋酸、丙酸、乙酸丁酯、1-丁醇、异佛尔酮、(1R)-2,6,6-三甲基双环[3.1.1]庚-2-烯、四环素
豆腐干	2,2,5-三甲基己烷、1-碘癸烷、癸烷、十五烷、1,2,3,4-四甲基苯 、4-甲基-5-噻唑乙醇、丙二醇、甘油、乙酰胺、1-丁醇、麦芽酚、3-甲基-2-丁酮、棕榈酸甲酯
牛肉干	2-氯-2-甲基丁烷、2,4-二叔丁基苯酚、乙醇、甘油、1-丁醇、六氢-吡咯并[1,2-a]吡嗪-1,4-二酮、二氢-4-羟基-2(3H)-呋喃酮

酸、丙酸；豆腐干培养基的丙二醇、乙酰胺、3-甲基-2-丁酮、棕榈酸甲酯、麦芽酚；牛肉干中的乙醇及两种酮类可能是沙门氏菌降解牛肉干的特征性代谢物。

2.4　沙门氏菌的差异性代谢产物

有机体摄入外源物质或发生病变时，对机体稳态产生干扰，反映其基因或蛋白质转录发生的变化，代谢产物的种类或数量发生变化即为差异性代谢产物。因 NB 培养基有充足的碳源和氮源，且理化性质适合多数菌株，因此将接种于 NB 培养基的沙门氏菌降解产物看作是对照，即差异性代谢产物在具体指将 SM 和 DS、SM 和 BJS 的代谢物分别进行 OPLS 分析，其 VIP>1，P<0.05 即认定为差异性代谢产物。SM、DS、BJS 的代谢物 PCA 分析如图 4(a)所示，沙门氏菌在 3 组培养基能显著分开，说明沙门氏菌污染不同食品产生的代谢产物是有差异的。SM 与 DS 和 BJS 的 OPLS-DA 分析分别如图 4(b)，图 4(c)，可以看到，两两培养基的代谢物有明显差异。进一步的 S-plot 分析可得出差异性代谢产物。



NB、DB、BJB：未接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基；SM、DS、BJS：接种沙门氏菌的营养肉汤培养基、豆腐干培养基和牛肉干培养基.

图 4　PCA 和 OPLS-DA 得分图

Fig. 4　PCA and OPLS-DA score plot

如表 3 所示，SM 和 DS 的差异性代谢产物有 31 种，SM 和 BJS 的差异性代谢物有 32 种，且差异性代谢产物种类和上述沙门氏菌的特征性代谢产物(表 2)类似，有大量的烷烃和芳香类化合物。除上述两类物质外，SM 和 DS 的差异性代谢物有醋酸、异佛尔酮、1-丁醇，SM 和 BJS 的差异性代谢物有丙酸、1-丁醇、乙酰胺、吡咯并[1,2-a]吡嗪-1,4-六氢-二酮、2-吡咯烷酮、乙醇、二氢-2,4(1H,3H)-嘧啶二酮。从表中可以看出不同食品的差异性代谢产物都有 1-丁醇和 2,4-二叔丁基苯酚。

2.5　沙门氏菌的代谢系统分析

沙门氏菌的全基因组序列全长 4 864 529 bp，共包含 5 048 个基因。随后对得到的编码基因进行功能 KEGG 注释，如图 4。沙门氏菌的基因中代谢(metabolism)相关的基因有 1 924 个，环境信息处理(Environmental Information Processing)相关的基因有 456 个，基因信息处理(Genetic Information Processing)相关的基因有 231 个，细胞过程(Cellular Processes)相关的基因有 225 个。可见，代谢(metabolism)相关的基因占比最大，其中又以碳水

表 3 沙门氏菌在不同培养基的差异性代谢产物

Table 3 Differential metabolites in different medium with *S. typhimurium*

豆腐干	VIP	牛肉干	VIP
2,4-二叔丁基苯酚	2.105 51	2,4-二叔丁基苯酚	1.784
1,3-二叔丁基苯	2.045 94	丙酸	1.774 68
醋酸	1.882 82	1 -丁醇	1.772 92
异佛尔酮	1.730 19	乙酰胺	1.762 93
1-甲基-3-叔丁基苯	1.485 45	吡咯并[1,2-a]吡嗪-1,4 -六氢-二酮	1.599 34
1,2,4,5-四甲基苯	1.198 64	2 -吡咯烷酮	1.509 18
1-丁醇	1.180 92	乙醇	1.500 57
1,2,3-三甲基苯	1.031 93	二氢-2,4(1H,3H)-嘧啶二酮	1.018 63
C_nH_{2n+2}(n=4, 5,6, 7, 8, 9, 10,11, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 20, 23, 24) 部分烃含有支链		C_nH_{2n+2} (n=4, 5,6, 7, 8, 9, 10,11, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 20, 23, 24) 部分烃含有支链	
芳香族物质		芳香族物质	

化合物的代谢(Carbohydrate metabolism) 和全局和概览图(Global and overview maps)的基因居多,分别有 497 和 303 个基因。

将 SM 和 DS 的差异性代谢产物进行代谢通路分析(www.metaboanalyst.ca),表明主要参与丙酮酸代谢 (Pyruvate metabolism) 和糖酵解/糖异生(Glycolysis / Gluconeogenesis),而基因信息表明参与这两条代谢路径的关键酶分别有 50 和 40 条,都包含在碳水化合物的代谢里。将 SM 和 BJS 的差异性代谢产物进行代谢通路分析,表明主要参与丙酸盐代谢(Propanoate metabolism)和糖酵解/糖异生,而基因信息表明参与这两条代谢路径的关键酶分别有 40 和 50 条,都包含在碳水化合物的代谢中。

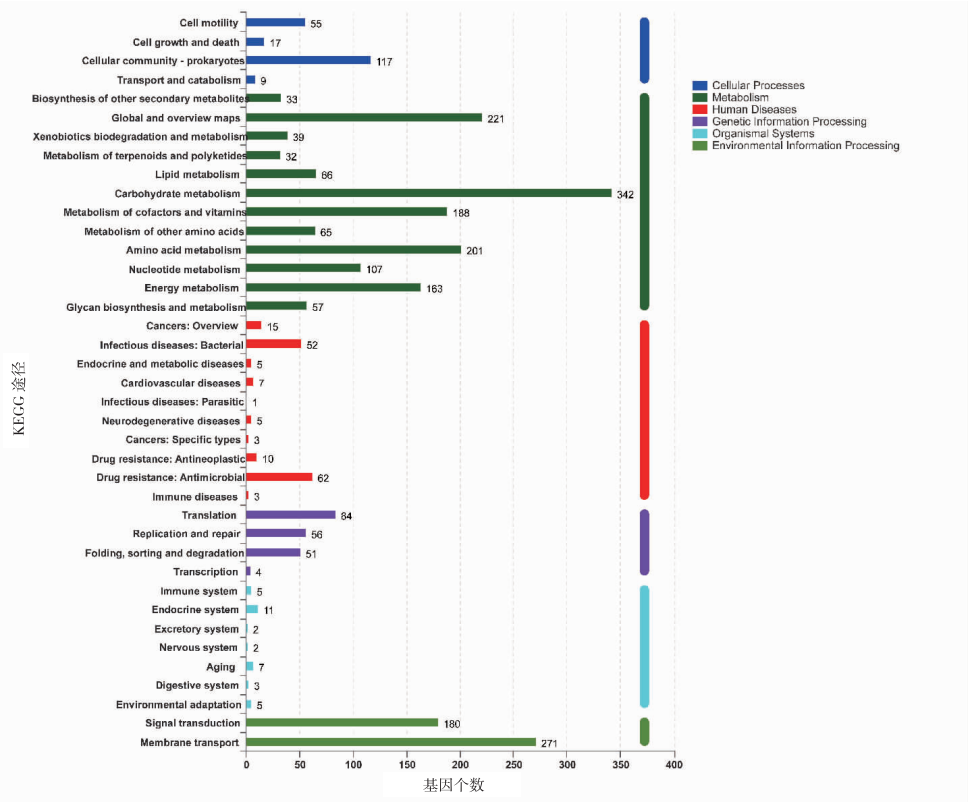


图 5 沙门氏菌基因组的 KEGG 注释

Fig. 5 KEGG annotation of *S. typhimurium* genome

3 结 语

综上所述,1-丁醇和2,4-二叔丁基苯酚同时是沙门氏菌接种于豆腐干和牛肉干培养12 h后的差异性代谢产物。首先,KEGG数据库(http://www.kegg.jp/)并没有收录2,4-二叔丁基苯酚相关的代谢信息,只在沙门氏菌的基因信息中发现芳香化合物的降解(Degradation of aromatic compounds)有11个关键酶涉及芳香化合物的代谢。其次,KEGG数据库表明1-丁醇主要参与丁酸代谢(Butanoate metabolism)、不同环境的微生物代谢(Microbial metabolism in diverse environments)及芳香族化合物的降解(Degradation of aromatic compounds)3个代谢路径,而沙门氏菌的KEGG基因注释也表明沙门氏菌中有28个丁酸代谢相关基因和11个芳香族化合物的降解的相关基因,见表1和表2。此外,1-丁醇的代谢过程也可能会受到沙门氏菌中CoA酰化醛脱氢酶的影响[24]。有研究表明,微生物*Enteromorpha intestinalis*[25]和*Clostridium acetobutylicum*[26]也能产生1-丁醇,因此1-丁醇是沙门氏菌污染豆腐干和牛肉干后的典型代谢物,但能不能作为沙门氏菌的潜在标志物还有待进一步研究。

作者利用GC-MS技术分别在不同的培养基中检测到了100种左右的代谢产物,有大量的烃类物质和芳香族物质参与反应。沙门氏菌的基因注释表明碳水化合物的代谢的基因占比更多,且有39个有关1-丁醇的基因,结合沙门氏菌的特征性代谢产物和差异性代谢产物表明1-丁醇是主要的代谢物。因此1-丁醇是沙门氏菌污染食品的典型代谢物,但要确定其是否是潜在生物标志物还需要进一步研究。本研究为筛选沙门氏菌污染食品后的潜在生物标志物提供一定的实验依据。

参考文献:

[1] 邢燕,钱玉春,胡中旺,等. 合肥市75株人源沙门氏菌的血清分布及耐药分析[J]. 安徽预防医学杂志,2016,22(5):291-293.
[2] AUTHORITY E F S. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses,zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2016[J]. **EFSA Journal**,2017,15(12):21.
[3] MARTINEZ-CHAVEZ L,CABRERA-DIAZ E,PEREZ-MONTANO J A,et al. Quantitative distribution of *Salmonella* spp. and *Escherichia coli* on beef carcasses and raw beef at retail establishments [J]. **International Journal of Food Microbiology**,2015(210):149-155.
[4] LI Ruichao,LAI Jing,WANG Yang,et al. Prevalence and characterization of *Salmonella species* isolated from pigs,ducks and chickens in Sichuan province,China[J]. **International Journal of Food Microbiology**,2013,163(1):14-18.
[5] HERRERO-FRESNO A,OLSEN J E. *Salmonella typhimurium* metabolism affects virulence in the host - a mini-review[J]. **Food Microbiol**,2018(71):98-110.
[6] ZHANG Kaiyi,GRIFFITHS Gareth,REPNIK Urska,et al. Seeing is understanding:*Salmonella's* way to penetrate the intestinal epithelium[J]. **International Journal of Food Microbiology**,2017,308.
[7] 杨宁芝. 一起散装食品食物中毒的调查分析[J]. 江苏卫生保健,2004(3):23.
[8] 许国旺,路鑫,杨胜利. 代谢组学研究进展[J]. 中国医学科学院学报,2007,29(6):701-711.
[9] CEVALLOS-CEVALLOS Juan manuel,DANYLUK M D,REYES-DE-CORCUERA J I. GC-MS based metabolomics for rapid simultaneous detection of *Escherichia coli* o157:H7,*Salmonella typhimurium*,*Salmonella muenchen*,and *Salmonella* hartford in ground beef and chicken[J]. **Journal of Food Science**,2011,76(4):M238-246.
[10] MASTRANGELO A,FERRARINI A,REY-STOLLE F,et al. From sample treatment to biomarker discovery:A tutorial for untargeted metabolomics based on GC-(EI)-Q-MS[J]. **Analytica Chimica Acta**,2015(900):21-35.
[11] YEH Y,DE MOURA F H,VAN DEN BROEK K,et al. Effect of ultraviolet light,organic acids,and bacteriophage on salmonella populations in ground beef[J]. **Meat Science**,2018(139):44-48.
[12] GABHANE J,WILLIAM S P,BIDYADHAR R,et al. Additives aided composting of green waste:Effects on organic matter degradation,compost maturity,and quality of the finished compost[J]. **Bioresource Technology**,2012(114):382-388.
[13] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会,国家食品药品监督管理总局. GB 4789.2-2016 食品微生物学检验菌落总数测定[S]. 北京:中国标准出版社,2016.

[14] 李玉娇,吴光斌,陈发河. 两种提取溶剂对莲雾果实 GC-MS 代谢组学分析的影响[J]. 生物技术进展,2018,8(5):413-419.
[15] ZHAO L L,DU M,GAO J,et al. Label-free quantitative proteomic analysis of milk fat globule membrane proteins of yak and cow and identification of proteins associated with glucose and lipid metabolism[J]. **Food Chemistry**,2019,275:59-68.
[16] 张旭东,闫超杰,赵丹. 吸水性样品对沙门氏菌和 O157 检测影响研究[J]. 微生物学杂志,2012,32(6):96-98.
[17] SCHEINBERG J A,SVOBODA A L,CUTTER C N. High-pressure processing and boiling water treatments for reducing *Listeriamonocytogenes*,*Escherichia coli* O157:H7,*Salmonella* spp.,and *Staphylococcus aureus* during beef jerky processing[J]. **Food Control**,2014(39):105-110.
[18] HAE IN YONG H,SANGHOO PARK Flexible thin-layer plasma inactivation of bacteria and mold survival in beef jerky packaging and its effects on the meat's physicochemical properties[J]. **Meat Science**,2017:151-156.
[19] 陈金财. 休闲豆制品行业现状及未来发展方向[J]. 农产品加工(创新版),2009(7):52-54.
[20] HAO R J,WANG Z M,YANG C Y,et al. Metabolomic responses of juvenile pearl oyster *Pinctada maxima* to different growth performances[J]. **Aquaculture**,2018(491):258-265.
[21] PIAO Minyu,YONG Haein,LEE Hyunjung,et al. Comparison of fatty acid profiles and volatile compounds among quality grades and their association with carcass characteristics in longissimus dorsi and semimembranosus muscles of Korean cattle steer[J]. **Livestock Science**,2017(198):147-156.
[22] ITO M,KAMBE H,KISHINO S,et al. A search for microorganisms producing medium-chain alkanes from aldehydes[J]. **Journal of Bioscience and Bioengineering**,2018,125(1):87-91.
[23] XUE L L,CHEN H H,JIANG J G. Implications of glycerol metabolism for lipid production[J]. **Progress in Lipid Research**,2017(68):12-25.
[24] OHTAKE T,PONTRELLI S,LAVINA W A,et al. Metabolomics-driven approach to solving a coa imbalance for improved 1-butanol production in *Escherichia coli*[J]. **Metabolic Engineering**,2017(41):135-143.
[25] NGUYEN T H,SUNWOO I Y,RA C H,et al. Acetone,butanol,and ethanol production from the green seaweed *Enteromorpha intestinalis* via the separate hydrolysis and fermentation[J]. **Bioprocess Biosystems Engineering**,2019,42(3):415-424.
[26] LIAO Z P,GUO X L,HU J L,et al. The significance of proline on lignocellulose-derived inhibitors tolerance in *Clostridium acetobutylicum* ATCC 824[J]. **Bioresource Technology**,2019,272:561-569.

科 技 信 息

韩国将对 6 种健康功能食品的功能性原料实施再评估

8 月 31 日,韩国食品药品安全部(MFDS)发表消息称:韩国食品药品安全处(MFDS)发布了 2021 年健康功能食品定期再评估计划,将对 6 种功能性原料进行再评估。

告示型原料(5 种):螺旋藻、蜂胶提取物、含有 γ-亚麻酸的油脂、车前子皮膳食纤维、聚葡萄糖。

个别认证型原料(1 种):毛喉鞘蕊花提取物。

[信息来源] 食品伙伴网. 韩国将对 6 种健康功能食品的功能性原料实施再评估 [EB/OL]. (2020-08-31). http://news.foodmate.net/2020/08/570576.html