金黄色葡萄球菌污染牛奶后的代谢产物研究

朱红旭[1]，卫 青[3]，胡 昊[1]，刘 静[2]，陶自伟[*2]

(1. 昆明理工大学 环境科学与工程学院，云南 昆明 650500；2. 云南同创检测技术股份有限公司，云南 昆明 650106；3. 云南瑞升烟草技术(集团)有限公司，云南 昆明 650106)

摘要：为解决食品安全中存在的隐患，作者构建了气相色谱-质谱(GC-MS)结合顶空固相微萃取(HS/SPME)技术用于探究金黄色葡萄球菌的挥发性代谢产物，并结合代谢组学和基因组学分析牛奶中金黄色葡萄球菌的差异性代谢产物及其代谢途径。结果表明，金黄色葡萄球菌的差异性代谢物包括N-甲硫基甲酰胺、1-丁醇、乙酸、乙苯、均三甲苯、辛酸、苯甲酸、正癸酸、十二烷酸、乙醇、苯酚和丙二醇。之后对其进行基因组学分析得到金黄色葡萄球菌主要是以基础的生命代谢为主，明确了代谢网络中参与代谢的物质(乙醇、乙酸、1-丁醇)的代谢途径和相关基因。本研究为金黄色葡萄球菌的生物标志物研究提供了理论基础。

关键词：代谢组学；基因组信息；金黄色葡萄球菌；气相色谱-质谱法；顶空固相微萃取

中图分类号：TS 201.6　**文章编号：**1673-1689(2022)05-0090-08　**DOI：**10.3969/j.issn. 1673-1689.2022.05.011

Study on Metabolites of Polluted Milk by *Staphylococcus aureus*

ZHU Hongxu[1]，*WEI Qing*[3]，*HU Hao*[1]，*LIU Jing*[2]，*TAO Ziwei*[*2]

(1. Faculty of Environmental Science and Engineering, Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China; 2. Yunnan Tongchuang Testing Technology Co., Ltd, Kunming 650106, China; 3. Yunnan Ruisheng Tobacco Technology (Group) Co. Ltd, Kunming 650106, China)

Abstract: In order to solve the hidden danger of food safety, gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) combined with headspace solid phase microextraction (HS/SPME) was constructed to explore the volatile metabolites of *Staphylococcus aureus*, and the different metabolites and metabolic pathways of *Staphylococcus aureus* in milk were analyzed by the combination of metabonomics and genomics. The results showed that the different metabolites of *Staphylococcus aureus* included N-methylthioformamide, 1-butanol, acetic acid, ethylbenzene, mesitylene, octanoic acid, benzoic acid, n-decanoic acid, dodecanoic acid, ethanol, phenol and propylene glycol. After genomic analysis, *Staphylococcus aureus* was mainly based on the basic life metabolism, and the metabolic pathways and related genes of the substances involved in metabolism (ethanol, acetic acid, 1-butanol) in the metabolic network were identified. This study could provide a theoretical basis for the study of biomarkers of *Staphylococcus aureus*.

Keywords: metabonomics, genomic information, *Staphylococcus aureus*, gas chromatography-mass spectrometry, headspace solid phase microextraction (HS/SPME)

收稿日期：2021-02-26

*** 通信作者：**陶自伟(1979—)，男，高级工程师，主要从事环境生态安全与质量分析检测方面的研究。E-mail：945986649@qq.com

食源性致病菌因其种类多、分布范围广和生长环境易满足等特点[1],致使各类即食性食品在生产、加工和贮存过程中都极易沾染到致病菌[2]。据世界卫生组织(World Health Organization,WHO)公告指出,每年发生的食源性疾病近数十亿例,即使发达国家每年也至少有三分之一的人群患食源性疾病[3]。致病菌污染食品的问题已成为当下食品安全的难题。

食源性致病菌有好几十种,其中最常见的有金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)、空肠弯曲杆菌(*Campylobacter jejuni*)、大肠杆菌(*Escherichia coli*)、沙门氏菌(*Salmonella*)、小肠结肠炎耶尔森菌(*Yersinia enterocolitica*)、副溶血弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)、奇异变形杆菌(*Proteus mirabilis*)、李斯特菌(*Listeria monocytogenes*)等[4]。以往的致病菌的检测方法(免疫检测法,生物分子检测法,传感器检测法)的检测指标较为复杂,且结果往往具有局限性[5]。Nicholson J K 等[6]在 1999 年提出了代谢组学的概念,让代谢组学逐渐进入了大众的视野。之后,许国旺等[7]和胡传芹等[8]对代谢组学的机理以及在食品研究中的应用做了详细的描述,至今,代谢组学已成为食品领域中食品安全的重要检测手段[9]。这些研究为本研究运用代谢组学鉴定致病菌的特征代谢产物提供了理论基础。

气相色谱-质谱(Gas Chromatography-Mass Spectrometer,GC-MS)因其分辨率好、灵敏度高、数据库较为健全,近年来成为代谢组学的主要检测方法[10-11]。作者选取牛奶为研究对象,并通过 GC-MS 鉴定金黄色葡萄球菌污染牛奶后的代谢物。同时,通过 GC-MS 检测技术的代谢组学分析平台探究了金黄色葡萄球菌在污染牛奶后的特征性和差异性代谢产物[10]。从小分子代谢物入手,寻找食物污染早期的差异性代谢物,以期能够为金黄色葡萄球菌的典型代谢物的筛选提供参考,并为金黄色葡萄球菌污染牛奶后的潜在生物标志物筛选提供理论和实验基础。

1 材料与方法

1.1 实验材料

金黄色葡萄球菌金黄亚种(ATCC 6538):购自中国普通微生物保藏管理中心;乙腈(色谱纯)、甲醇(色谱纯):购自美国西格玛公司;二氯甲烷(色谱纯):购自美国迈瑞达公司;实验用牛奶:购自昆明当地超市;营养肉汤培养基(蛋白胨 10 g/L、牛肉浸出粉 3 g/L、氯化钠 5 g/L):购自百思生物公司,其固体培养基再加入 20 g 琼脂粉,加蒸馏水定容至 1 000 mL,pH 为 7.0±0.5。

1.2 GC-MS 鉴定代谢物

1.2.1 金黄色葡萄球菌的培养 将金黄色葡萄球菌株冻干粉接种入营养肉汤液体培养基复苏,对复苏后的菌液进行扩大培养,之后加入 0.5 mL 的菌液于 0.5 mL 的甘油溶液中(体积分数 70%),置于-80 ℃冰箱中储藏备用。取 1 mL 储藏的菌液解冻后加到 200 mL 的营养肉汤液体培养基中,在 37 ℃、150 r/min 条件下培养 24 h。上述实验结束后,将菌液接种至营养肉汤固体培养基观察是否有杂菌,若无杂菌即可进行后续培养实验。取 200 mL 灭菌后的牛奶和 1 mL 菌液加入灭菌后的三角瓶中,在 37 ℃、150 r/min 条件下培养 12 h。

1.2.2 代谢物的提取 取 10 mL 菌液于 50 mL 离心管中,再迅速加入 10 mL -40 ℃冷冻的甲醇溶液(体积分数 60%),然后置于-80 ℃冰箱中冷冻 12 h 进行淬灭。将淬灭后的冰冻样品放于冷冻干燥机中进行冻干,冻干后的样品再加入 10 mL 乙腈-甲醇-水溶液(体积比为 2:2:1)萃取剂,振荡后将溶液倒入带有 3 种规格玻璃球的液体均质器中进行 10 min 的破碎。将破碎后的样品置于 37 ℃培养箱中静置培养 2 h,进行代谢物的提取。之后将反应后的溶液离心 15 min(-4 ℃、10 000 r/min),取上清液,置于-80 ℃冰箱中冻藏 12 h,再将冰冻样品进行冻干,在测样前加入 2 mL 二氯甲烷溶解之后可上机测样。

1.2.3 顶空固相微萃取(HS-SPME)挥发性代谢物 取 10 mL 培养后的菌液加入到顶空瓶中,用密封橡胶垫密封,待萃取。将 75 μm 的 CAR PDMS 固相微萃取头刺入顶空瓶中,在离液面 2 cm 处萃取 30 min,萃取结束后立即上机检测。

1.3 基因组测序

利用二代测序平台(Illumina Hiseq × 10 平台)对质检合格的金黄色葡萄球菌的 DNA 样品进行构建并插入约 400 bp 的片段,进行 PE150(pair-end)测序(双端测序),单端测序读长 150 bp,每个样品提供不低于基因组 100 倍覆盖深度的原始测序数据量,再对测序数据进行一系列分析。通过金黄色葡萄球菌的基因组信息构建代谢通路网络,明确特

征代谢产物的代谢途径并对其做出解释。

1.4 仪器与分析方法

1.4.1 仪器与设备 气相色谱质谱联用仪(7890N-5975C):购自美国安捷伦公司,并配自动进样器(A7683B)、MSD 化学工作站和 NIST 14.0 数据库;固相微萃取头(75 μm CAR-PDMS):购自美国色谱科公司;高速冷冻离心机(Allegra X-15R):购自美国贝克曼公司;冷冻干燥机(FDU-1200):购自日本东京理化公司;试管分散机(UTTD):购自德国艾卡公司;灭菌锅(BXM-30R):购自上海博讯公司;恒温培养箱(MJ-70-I):购自上海一恒公司。

1.4.2 GC-MS 条件 DB-624 毛细管色谱柱(60 m×320 μm×1.80 μm);载气:高纯氦气;流量:2.0 mL/min;柱温升温程序:初始温度 40 ℃,保持 6 min,然后以 10 ℃/min 升温至 230 ℃,保持 10 min。自动进样 1.0 μL;采用不分流模式;进样口温度 230 ℃。

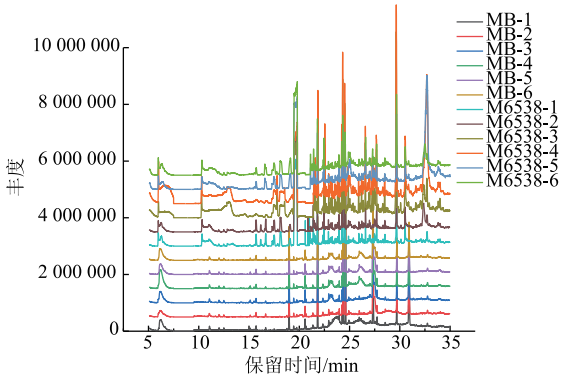
质谱条件:离子源温度 230 ℃;接口温度 230 ℃;全扫描模式,质量扫描范围 29~350 m/z。

1.4.3 数据分析方法 原始数据经矩阵去噪和归一化整理后放入 Excel 表;通过 Agilent MSD Productivity Chem Station 和 NIST 14.0 质谱数据库确认各物质。通过 SIMCA 14.1 软件对识别出的代谢物进行主成分分析(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)的第一个主成分和单因素方差分析(P<0.05)相结合,鉴定出主要的差异代谢物[12]。基因组序列信息通过 KEGG genes 和 KEGG LIGAND 数据库进行比对,使用 Gephi 软件构建代谢网络图,使用 Origin8.6(Origin Lab Corp,Northampton,美国)进行图形的绘制。

2 结果与分析

2.1 代谢谱图与代谢途径

2.1.1 代谢谱图 金黄色葡萄球菌会充分利用食物中的营养物质进行生长,同时代谢出多种代谢物来污染食品,我们选取金黄色葡萄球菌接种牛奶后的代谢物进行检测。由图 1 可知,从下往上分别为 6 个牛奶样品(MB)总离子流图和 6 个金黄色葡萄球菌(M6538)的总离子流图,总体上样品的保留时间为 20 min 之前,比对每个峰的丰度后发现 MB 样品和 M6538 样品之间有较明显的差异。具体对每个峰进行分析,得到 N-甲硫基甲酰胺、1-丁醇、乙酸、乙苯、均三甲苯、辛酸、苯甲酸、正癸酸、十二烷酸是金黄色葡萄球菌样品中独有的挥发性代谢物质。

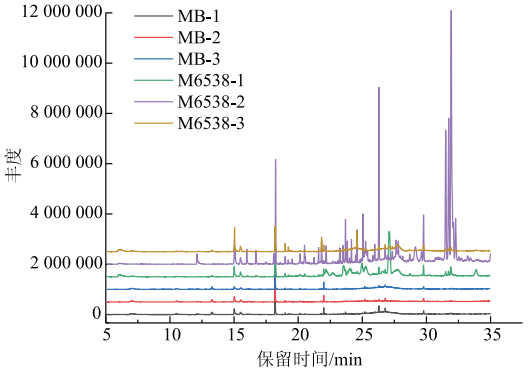


MB:未接种金黄色葡萄球菌的牛奶;M6538:接种金黄色葡萄球菌的牛奶。

图 1 牛奶和金黄色葡萄球菌的总离子流(TIC)图

Fig. 1 Total ion current (TIC) map of milk and *Staphylococcus aureus*

由图 2 可知,从下往上分别为 3 个挥发气体检测的牛奶样品总离子流图和 3 个金黄色葡萄球菌的总离子流图,样品的保留时间超过 20 min 后出现较大差异。具体对每个峰分析可知,乙酸、乙醇、苯酚和丙二醇是金黄色葡萄球菌样品中独有的挥发性代谢物质。故此,总共筛选出 12 种潜在的差异代谢物,根据潜在差异物在各底物中的重现性,对其进一步分析。



MB:未接种金黄色葡萄球菌的牛奶;M6538:接种金黄色葡萄球菌的牛奶。

图 2 顶空固相微萃取牛奶和金黄色葡萄球菌的总离子流(TIC)图

Fig. 2 Total ion current (TIC) map of headspace solid phase microextraction for milk and *Staphylococcus aureus*

2.1.2 代谢物的代谢途径 为明确金黄色葡萄球菌污染牛奶后的产生的差异代谢物的代谢途径,并检验上述实验的差异性和模型的可靠性,对其进行了主成分分析(Principal component analysis,PCA)和正交偏最小二乘法分析(Orthogonal partial least squares-Discriminant analysis,OPLS-DA)。PCA是代谢组学中最常用的分析方法[13],首先通过将上述各物质的峰面积对照总表中的ID填入,删除掉每组样品出现率低于50%的物质数据。形成n个样品对应m个物质的$n \times m$矩阵。利用SIMCA进行数据分析,通过投影所有样品残差平方和得到一条体现样品间最大差异的直线,重复此步骤,即可获得样品中最大且有序的差异[13]。OPLS-DA建模是通过检验2个样品的稳定性再次区分2组样品,在代谢组学中,分类信息解释能力(R^2Y)应大于0.5,同时R^2Y和预测率(Q^2)之间差不能超过0.2~0.3[14]。最后基于OPLS-DA模型做可变重要性(Variable importance,VIP)预测,VIP值大于1,即认为该物质是差异代谢物[15]。

图3是牛奶和金黄色葡萄球菌PCA得分图(a)和OPLS-DA得分图(b),通过PCA分析,空白的牛奶(MB)和金黄色葡萄球菌污染的牛奶(M6538)中的物质在PCA图中有明显的分离,说明2组样品有明显的差异。图3(b)说明,模型中两组样品(MB和M6538)分隔在两边,且模型的R^2Y=0.946,Q^2=0.891,两者均大于0.5,且差值小于0.3,说明该模型稳定性强、预测性好。VIP预测值大于1的特征代谢产物为十二烷。根据潜在差异物在各底物中的重现性将乙醇、乙酸、均三甲苯、十二烷作为进一步分析的潜在差异代谢物。

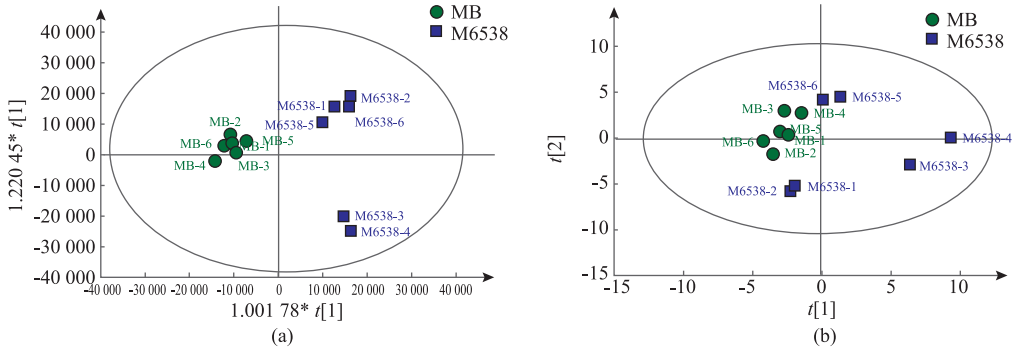


图3 牛奶和金黄色葡萄球菌的主成分分析得分图和正交偏最小二乘判别得分图

Fig. 3 Principal component analysis score map and orthogonal partial least squares-discriminant analysis score map of milk and *Staphylococcus aureus*

2.2 基因组测定

2.2.1 金黄色葡萄球菌的基因组测序 首先,由图4可知,金黄色葡萄球菌基因组的GC含量为32.71%,且主要集中分布在图中橙黄色区域,说明金黄色葡萄球菌样本的污染程度极小,且测序的基因组质量良好。此外,大数据测序结果可知,金黄色葡萄球菌的全基因组序列全长2 753 789 bp,包含2 169个功能基因、40个tRNA、3个rRNA和389个未知基因。对得到的编码基因进行功能KEGG注释,见图5。得到金黄色葡萄球菌的基因中代谢(metabolism)相关的基因有943个,细胞过程(Cellular Processes)相关的基因有83个,基因信息处理(Genetic Information Processing)相关的基因有172个,人类疾病(Human Diseases)相关的基因有100个,环境信息处理(Environmental Information Processing)相关的基因有214个,有机系统(Organismal Systems)相关基因有23个。可以看出,在金黄色葡萄球菌的基因里,主要是以代谢为主,有关复杂生命活动的基因比较少,其中又以碳水化合物的代谢(Carbohydrate metabolism)和全局概览图(Global and overview maps)的基因居多,分别有173个和167个基因。

2.2.2 金黄色葡萄球菌的代谢系统分析 为更清晰地明确金黄色葡萄球菌的基因组信息,对金黄色葡萄球菌的基因数量、涉及的所有代谢通路和代谢通路之间的关系进行整理,之后使用Gephi软件建立代谢网络图,构建了该菌株的代谢通路网络且明确了特征代谢产物的代谢途径。由图6可知,不同颜色代表了不同的KEGG数据库(http://www.kegg.jp/)的代谢通路分类,每个节点的大小代表了与此

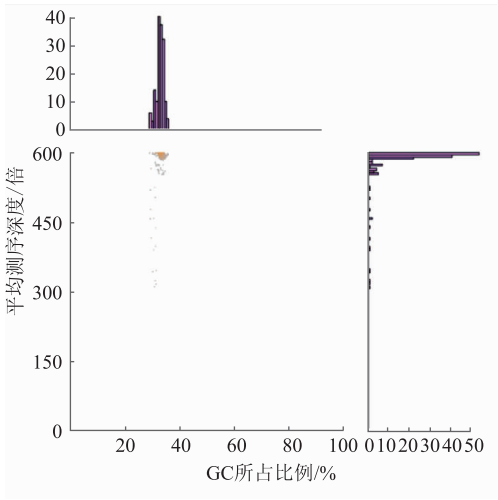


图 4　金黄色葡萄球菌基因组 GC_depth 分布图

Fig. 4　GC_depth distribution map of *Staphylococcus aureus* genome

途径有关的代谢途径数量,每条箭头的指向表示一个代谢途径中某物质进入下一个代谢途径。金黄色葡萄球菌涉及的代谢通路有 175 个,代谢通路之间的相互关系共 165 条。说明金黄色葡萄球菌以基础代谢为主,并直接或间接影响其他类别的代谢。其中糖酵解通路、三羧酸循环通路和丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢通路最为活跃。在整个金黄色葡萄球菌代谢网络中可以直接找到参与其中的代谢物分别是乙醇、乙酸、1-丁醇、甘油。具体的通路为丙酮酸经 2-氧戊二酸/2-氧代酸铁氧化还原酶亚基 α(korA)或经丙酮酸脱氢酶组分 E1(aceE)生成 2-(α-羟乙基)硫胺二磷酸和 S-乙酰二氢硫基赖氨酸,再经丙酮酸脱氢酶组分 E2(aceF)产生乙酰辅酶 A(CoA),乙酰辅酶 A 经乙酸-辅酶 A 连接酶(ADP)形成亚单位 α(acdA),再生成乙酸,乙酸再由醛脱氢酶 NAD+(ALDH)生成乙醛,最终乙醛由醛脱氢酶(ADH1_7)生成乙醇。在整个金黄色葡萄球菌代谢网络中可以直接找到参与其中的代谢物分别是乙醇、乙酸、1-丁醇。

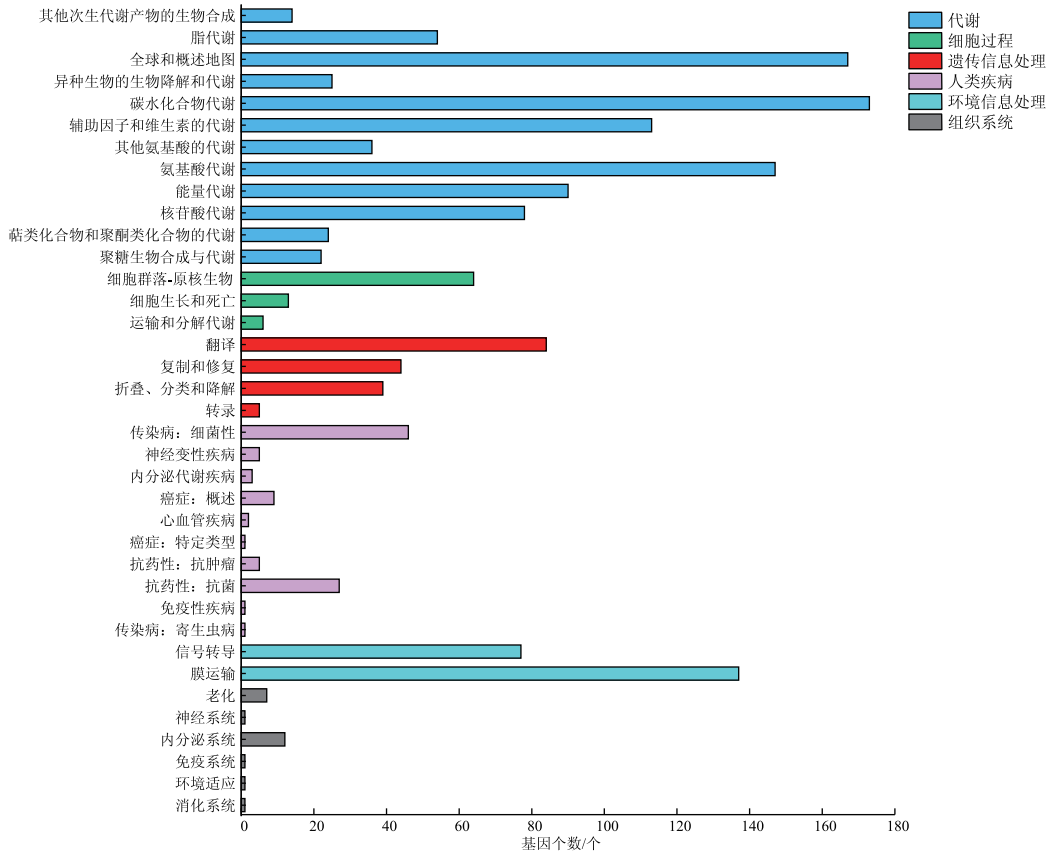


图 5　金黄色葡萄球菌基因组的 KEGG 注释

Fig. 5　KEGG annotation of *Staphylococcus aureus* genome

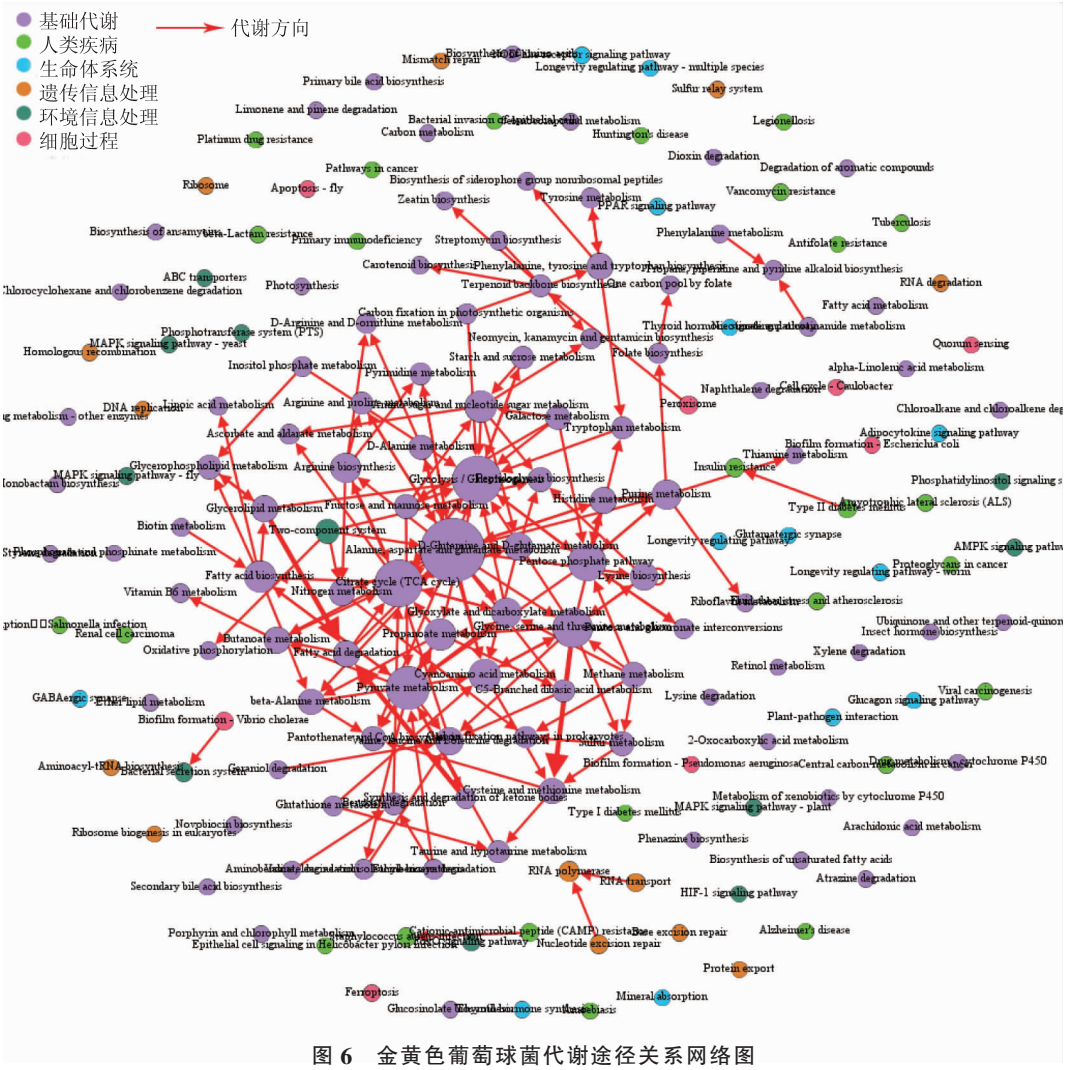


图 6　金黄色葡萄球菌代谢途径关系网络图

Fig. 6　Metabolic pathway network of *Staphylococcus aureus*

进一步对金黄色葡萄球菌在乙醇和乙酸的代谢途径关系进行分析,由图 7(a)可知,乙醇的产生则是只发生在糖酵解通路中。丙酮酸经 2-氧戊二酸/2-氧代酸铁氧化还原酶亚基 α(korA)或经丙酮酸脱氢酶组分 E1(aceE)生成 2-(α-羟乙基)硫胺二磷酸和 S-乙酰二氢硫基赖氨酸,再经丙酮酸脱氢酶组分 E2(aceF)产生乙酰辅酶 A(CoA),乙酰辅酶 A 经乙酸-辅酶 A 连接酶(ADP 形成)亚单位 α(acdA)生成乙酸,乙酸再由醛脱氢酶 NAD+(ALDH)生成乙醛,最终乙醛由醛脱氢酶(ADH1_7)生成乙醇。糖酵解途径影响了淀粉和蔗糖代谢通路、三羧酸循环通路、戊糖磷酸途径和丙酸代谢通路。

图 7(b)可知,乙酸参与了糖酵解途径、丙酮酸代谢通路、乙醛和二羧酸代谢通路、甲烷代谢通路和硫代谢通路。在糖酵解途径中,乙酸是由乙酰辅酶 A 经乙酸-辅酶 A 连接酶(ADP)形成亚单位 α(acdA)产生。在丙酮酸代谢途径中,乙酸是由乙酰磷酸酯在乙酸酯激酶(ackA)或乙酰磷酸(acyP)酶作用下产生;也可以由乙醛经醛脱氢酶 NAD+(ALDH)生成;也可由乙酰辅酶 A 经由两次乙酰辅酶 A 合成酶(acs)产生。在乙醛和二羧酸代谢通路里,乙酸属于参与者,主要作用是乙酰辅酶 A 的原材料。在甲烷代谢通路中,由乙酰辅酶 A 经由乙酰辅酶 A 合成酶(acs)在乙酸酯激酶(ackA)作用下生成乙酸。在硫代谢通路中,乙酸是由硫化物经半胱氨酸合酶/O-磷酸丝氨酸巯基酶/胱硫醚 β 合酶(cysO)生成。在金黄色葡萄球菌中,乙酸参与的丙酮酸代谢通路影响了缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸降解通路和生物合成通路,也影响了脂肪酸合成通路和乙醛和二羧酸代谢通路;乙醛和二羧酸代谢通路

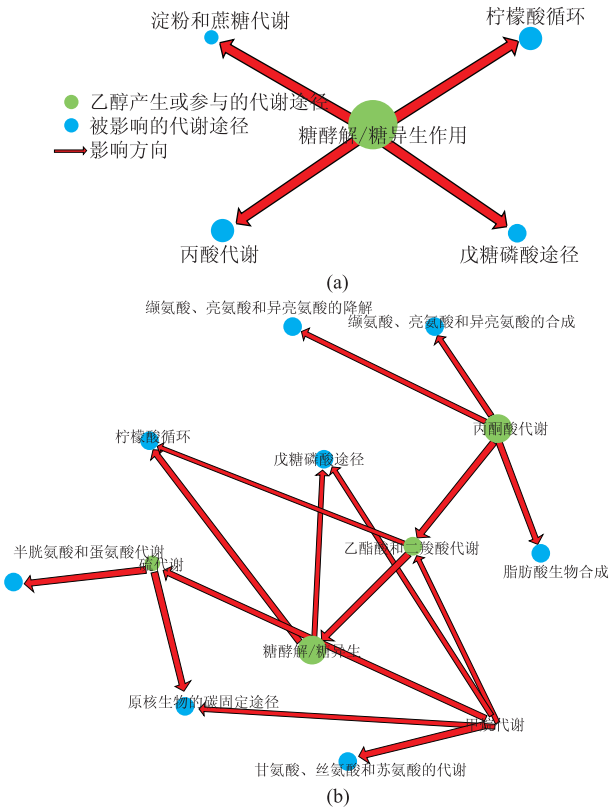


图 7　金黄色葡萄球菌乙醇代谢途径和乙酸代谢途径关系图

Fig. 7　Graph of ethanol metabolic pathway of *Staphylococcus aureus* and acetic acid metabolic pathway

影响了丙酮酸代谢通路、糖酵解通路和三羧酸循环通路。

此外,1-丁醇只在丁酸代谢通路里由丁醛经丁醇脱氢酶(bdhAB)作用下加氢生成,未在代谢通路中直接找到均三甲苯和十二烷的代谢途径。据研究表明,均三甲苯和十二烷对动物、环境具有一定的毒性[16-17]。综上所述,通过对金黄色葡萄球菌污染牛奶后的代谢物进行分析后,明确了金黄色葡萄球菌的代谢产物可能具有的环境毒性和对人类的危害性,其分析结果可为今后判断金黄色葡萄球菌污染食品产生的潜在特征物质提供参考。

3　结　语

通过代谢组学研究方法清晰区分了被金黄色葡萄球菌污染牛奶的差异代谢物,筛选得到的 N-甲硫基甲酰胺、1-丁醇、乙酸、乙苯、均三甲苯、辛酸、苯甲酸和正癸酸、十二烷酸、乙醇、苯酚、丙二醇为本研究的潜在差异代谢物。通过模型计算得出具有差异代谢物特征的为乙醇、乙酸、均三甲苯、十二烷。之后,结合代谢组学和基因组信息,通过构建代谢网络,明确了乙酸、乙醇和 1-丁醇在金黄色葡萄球菌种的代谢网络中的代谢过程和作用。十二烷和均三甲苯也可作为金黄色葡萄球菌特殊的挥发性物质。此研究为今后快速检测食品中金黄色葡萄球菌污染提供了借鉴方法。

参考文献:

[1] WALTHE B A,EWALD P W. Pathogen survival in the external environment and the evolution of virulence[J]. **Biological Reviews**, 2004,79(4):171-179.

[2] 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,2004,6(3):23.

[3] 刘秀梅. 食源性微生物危险性评估[J]. 中华流行病学杂志,2003,24(8):665-669.

[4] PINU,FARHANA R. Early detection of food pathogens and food spoilage microorganisms[J]. **Trends in Food Science & Technology**,2016,54:213-215.

[5] 魏子溟,李汴生. 食源性致病微生物的快速检测方法及其研究现状[J]. 现代食品科技,2013,29(2):438-442.

[6] NICHOLSON J K,LINDON J C,HOLMES E. 'Metabonomics':understanding the metabolic responses of living systems to pathophysiological stimuli via multivariate statistical analysis of biological NMR spectroscopic data[J]. **Xenobiotica**,1999,29(11):1181-1189.

[7] 许国旺,杨军. 代谢组学及其研究进展[J]. 色谱,2003,21(4):316-320.

[8] 胡传芹,张雨,王静. 代谢组学在个性化功能性食品研究中的应用[J]. 食品工业科技,2017,38(1):380-384.

[9] NOACK S,WIECHERT W. Quantitative metabolomics:a phantom?[J]. **Trends in Biotechnology**,2014,32(5):238-244.

[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] 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,2007,6(29):701-711.
[12] 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):51-57.
[13] 阿基业. 代谢组学数据处理方法——主成分分析[J]. 中国临床药理学与治疗学,2010,15(5):481-489.
[14] 许卫萍. 色谱—质谱联用分析微生物代谢网络[D]. 大连:大连工业大学,2011.
[15] WIKLUND S,JOHANSSON E,SJOSTROM L,et al. Visualization of GC/TOF-MS-based metabolomics data for identification of biochemically interesting compounds using OPLS class models[J]. **Analytical Chemistry**,2008,80(1):115-122.
[16] JANIK-SPIECHOWICZ E,WYSZYNSKA K,DZIUBALTOWSKA E. Genotoxicity evaluation of trimethylbenzenes [J]. **Mutation Research/Fundamental & Molecular Mechanisms of Mutagenesis**,1998,412(3):299-305.
[17] 刘小燕,李经纬,刘珊,等. 六溴环十二烷的环境污染特征及其生态毒理效应研究进展[J]. 毒理学杂志,2017,31(2):150-154.

科　技　信　息

澳新修订转基因大肠杆菌麦芽糖 α 淀粉酶作为部分食品加工助剂的草案

2022 年 3 月 21 日,澳新食品标准局发布 194–22 号通告,制订转基因大肠杆菌麦芽糖 α 淀粉酶作为加工助剂草案。主要内容如下:1)批准使用大肠杆菌的转基因(GM)菌株麦芽糖 α 淀粉酶(EC3.2.1.133)作为烘焙、酿造和淀粉加工中的加工助剂;2)转基因大肠杆菌麦芽糖 α 淀粉酶的认定标准和纯度要求符合澳大利亚新西兰食品标准规范附表 3 的要求;3)标签要求。该加工助剂生产的食品如作为待售食品,则首先应符合食品标签要求,符合加工助剂的通用要求,还需要符合基因技术生产食品的标签要求,必须在成分说明中标记注明大肠杆菌菌株麦芽糖 α 淀粉酶的“转基因”字样,另外如果使用这种酶制成的食品(例如面包)不是出售食品,酶不会成为待售食品的成分,则不适用于以上标签要求。

[信息来源]海关总署.澳新修订转基因大肠杆菌麦芽糖 α 淀粉酶作为部分食品加工助剂的草案[EB/OL]. (2022–3–23).http://www.tbt.org.cn/