

微生物细胞壁结构及结合真菌毒素的研究进展

韩鹏飞¹, 贺稚非¹, 李洪军^{1,2,*}, 邹忠义¹, 唐偲雨¹

(1.西南大学食品科学学院, 重庆 400716; 2.重庆市特色食品工程技术研究中心, 重庆 400716)

摘 要: 生物去除真菌毒素是目前的研究热点之一。除了微生物产酶对毒素进行化学修饰后降解为无毒或者毒性较低的产物外, 微生物细胞对毒素的吸附与结合作用也占有一定的比例, 这与微生物表面组成和结构特征相关。本文就微生物细胞表面结构及吸附毒素的国外研究进展进行概述, 重点阐述相关研究现状、黏附机理和影响因素, 旨在为真菌毒素的去除研究提供参考。

关键词: 真菌毒素; 细胞壁; 吸附; 机理; 影响因素

Research Progress in Microbial Cell Wall Structure and Its Binding with Mycotoxin

HAN Peng-fei¹, HE Zhi-fei¹, LI Hong-jun^{1,2,*}, ZOU Zhong-yi¹, TANG Si-yu¹

(1. College of Food Science, Southwest University, Chongqing 400716, China;

2. Chongqing Special Food Programme and Technology Research Center, Chongqing 400716, China)

Abstract : Biological removal of mycotoxin is now under extensive study. Besides some microenzymes that can transfer mycotoxin into non-toxic or less toxic products via chemical modifications, the removal of mycotoxin can also be completed through the adhesion of microbial cell walls to toxins. This adhesion technique is related to microbial surface components and structural characteristics. The interactions between the microbial cell surface structure and toxin binding are reviewed in this paper. Meanwhile, the current research situation, binding mechanisms and influencing factors are discussed. This study will provide some references for future studies on the biotransformation and removal of mycotoxin.

Key words: mycotoxin; cell wall; absorption; mechanism; influencing factors

中图分类号: TS201.6

文献标识码: A

文章编号: 1002-6630(2012)11-0294-05

真菌毒素是一类由真菌产生的次级代谢产物, 广泛污染农作物、食品及饲料等植物源性产品, 如果动物饲料中含有真菌毒素, 它们还可能通过奶、肉及蛋进入人类的食物链, 对动物和人产生很大的危害^[1]。物理化学方法具有一定的脱毒效果, 但都有一定局限性^[2-3]。目前的研究多集中于去除真菌毒素的微生物。研究微生物对真菌毒素的作用, 就必须区分真正生物降解作用、非生物降解和隔离作用^[4]。微生物除了能够改变毒素分子结构将毒素转化成无毒或者毒性较低的产物, 还能将毒素黏附在其细胞壁上形成复合物而达到去除毒素的目的, 这种作用通常不改变毒素分子本身的结构。国外的研究主要集中在以乳酸菌和酵母菌为主的微生物, 本文就多种微生物吸附真菌毒素的研究报道进行综述, 并阐述了吸附机理和影响因素, 旨在为真菌毒素的去除研究提供参考。

1 微生物细胞壁结构

研究用于真菌毒素生物脱毒的主要是细菌和酵母菌。细菌的细胞壁主要由肽聚糖构成。肽聚糖是一种复杂聚合物, 由 *N*-乙酰葡萄糖胺和 *N*-乙酰胞氨酸两种氨基糖经 β -1,4 糖苷键连接间隔排列形成的多糖支架。在 *N*-乙酰胞氨酸分子上连接四肽侧链, 二糖结构通过侧链进行交联, 肽链之间再由肽桥或肽链联系起来, 组成一个机械性很强的网状结构^[5-7]。四肽侧链的组成及其连接方式随菌种不同而异。

酵母细胞壁主要由 *D*-葡聚糖(图1)和 *D*-甘露聚糖两类多糖和甘露糖蛋白组成, 还含有少量的几丁质。大约等量的葡聚糖和甘露聚糖占细胞壁干质量的85%以上。酵母细胞壁是通过含有侧链的 β -1,3-葡聚糖分子通过分子链之间的氢键结合形成的三维网状, 其末端是

收稿日期: 2011-05-27

基金项目: 国家“973”计划项目(2009CB118806); 西南大学研究生科技创新基金项目(ky2010005)

作者简介: 韩鹏飞(1988—), 男, 博士研究生, 研究方向为现代食品加工理论与技术。E-mail: hanpengfei126126@126.com

*通信作者: 李洪军(1961—), 男, 教授, 博士, 研究方向为肉类科学与酶工程。E-mail: hongjunli1961@yahoo.com.cn

β -1,6-葡聚糖和几丁质的受体。外层的甘露糖蛋白通常与 β -1,6-葡聚糖结合,细胞壁模块又通过氢键或 β -1,3-葡聚糖侧链两种方式连接^[8-9]。

微生物吸附真菌毒素的特性,是由于它们细胞壁的特殊结构和糖类、蛋白质等组分,特别是结构复杂的糖类物质而形成的,它们与不同的真菌毒素通过官能团间的化学键、大分子之间的作用力以及各种表面张力等形成微生物-毒素复合物。

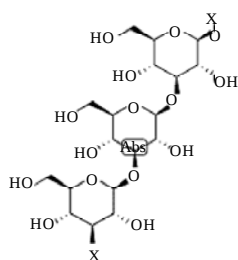


图1 β -葡聚糖分子结构

Fig.1 Structure of β -D-glucan molecule

2 微生物对毒素的吸附作用

2.1 乳酸菌

El-Nezami等^[10]研究了6株乳酸菌(鼠李糖乳杆菌GG、鼠李糖乳杆菌705、嗜酸乳杆菌、加氏乳杆菌、干酪乳杆菌代田株和费氏丙酸杆菌费氏亚种)和大肠杆菌对黄曲霉毒素(aflatoxin, AF)的结合作用,两株鼠李糖乳杆菌益生菌去除黄曲霉毒素的效果明显,经过24h与培养的菌体能在24h内去除培养基中80%的AFB₁;作为革兰氏阴性菌代表的大肠杆菌去除毒素效果最差,其他6株革兰氏阳性乳酸菌的去毒能力都优于大肠杆菌。采用不同生长阶段的菌体进行实验,其去毒效果无显著差异;经过热处理的死细胞具有和活细胞同样的去毒能力。El-Nezami等^[11]又研究了两株食品级菌株鼠李糖乳杆菌GG和鼠李糖乳杆菌LC705对玉米赤霉烯酮(zearalenone, ZEN)和其主要衍生物 α -玉米赤霉烯醇(α -ZOL)的结合作用。用甲醇提取法在共培养后的基质和微生物细胞中提取回收得到50%的这两种毒素,HPLC检测未发现任何ZEN和 α -ZOL的降解产物。随后又对这两株菌以及费氏丙酸杆菌结合其他真菌毒素的能力进行了研究,发现它们能够有效结合DON、3-ADON、NIV、T-2和HT-2毒素以及蛇形菌素和镰红菌素^[12]。

Niderkorn等^[13]研究了29株乳酸和丙酸菌对脱氧雪腐镰刀菌烯醇毒素及伏马菌素B₁、B₂的去除效果。在共培养后未检测出任何毒素的衍生物,去除毒素的能力也不受死细胞的影响。认为其机理是微生物细胞与毒素的

吸附结合作用。同时发现死细胞(热处理)对于伏马菌素的结合能力比活细胞强,推测可能是热处理导致细胞壁构造变化,增强了细胞壁上毒素结合位点的有效利用率。

Fazeli等^[14]研究了从伊朗传统面包和乳制品中分离的干酪乳杆菌、植物乳杆菌和发酵乳杆菌对AFB₁的结合能力。所有菌株都具有结合AFB₁的能力,干酪乳杆菌对AFB₁的结合能力相对其他菌株较强。用反相高效液相色谱法检测未结合的毒素,72h共培养后的结合率从25%~61%不等。结合作用在最初的短时间内发生,植物乳杆菌和发酵乳杆菌在培养最初分别结合了56%和61%的毒素,经过反复离心处理,一些毒素重新进入培养基,表明结合是一个可逆的过程。毒素-细菌结合物的稳定性在不同菌株间有差异。

2.2 酵母菌

Bejaoui等^[15]发现酿酒酵母能够脱除葡萄汁中的赭曲霉毒素A,热处理的细胞相对于活细胞表现出更好的吸附效果,能够达到90%的吸附率(活细胞吸附率为35%);吸附作用在最初的5min内基本完成。这表明了物理吸附结合作用发挥了重要作用。由于死亡的酵母细胞不存在质量和安全问题,可将其作为一种赭曲霉毒素A的有效去除剂,用于葡萄汁中。Völkl等^[16]研究发现1g酵母细胞壁可以吸附2.7mg玉米赤霉烯酮,且这种吸附平衡可以在10min内达到,在这一点它比铝硅酸盐类吸附剂有优势。

Devegowda等^[17]研究了酿酒酵母细胞壁物质在体外条件下对黄曲霉毒素的结合作用,发现添加量与结合率呈正相关,随着添加量的提高,最多可结合77%,而从细胞壁中提取的改性甘露聚糖-低聚糖对毒素的结合率高达95%(m/m),这种化合物还被证实对玉米烯酮、伏马菌素B₁表现出较高的结合度,但是对于脱氧雪腐镰刀菌毒素的结合程度较低。

表1 分离结合不同量黄曲霉毒素的酵母菌
Table 1 Aflatoxin binding capability of yeasts

菌株	结合 AFB ₁ 的量 / %*			
	> 15	15~39	40~59	≥ 60
酿酒酵母	1	8	3	3
克柔假丝酵母	4	5	1	1
路德类酵母	0	0	1	0
扣囊复膜孢酵母	1	0	0	0
近平滑假丝酵母	1	0	0	0
链状假丝酵母	1	0	0	0
膜醭毕赤酵母	0	0	1	0
拜氏接合酵母	0	1	0	0
粟酒裂殖酵母	0	0	1	0
汉逊德巴利酵母	0	1	0	0
黏性丝孢酵母	1	0	0	0

注: *.1mL 磷酸缓冲溶液含 10⁸ 个酵母菌细胞,加入 5 μ g AFB₁, 25 $^{\circ}$ C 培养 72h。

Shetty 等^[18]研究了从西非国家加纳本土食品 Kenkey (玉米制成的面团)分离出的 11 株和从高粱啤酒中分离出的 7 株酵母菌对 AF 的结合作用。发现从 Kenkey 分离到的一些菌株能够结合超过 60% 的毒素,大部分酵母菌能够结合 15% 以上的 AFB₁。结合能力在不同菌株间有明显差异,研究结果如表 1 所示。

3 微生物吸附毒素机理

3.1 疏水作用

Haskard 等^[19]研究了鼠李糖乳杆菌黏附 AF 的机理,结合毒素的细胞经过有机溶剂处理后,毒素迅速被重新提取,这说明了疏水作用的存在。细胞表面参与黏合的成分主要有细胞壁多糖、肽聚糖及磷壁酸或脂磷壁酸。其中只有脂磷壁酸具有亲水性。尿素是抗疏水试剂,加入尿素后,热或酸处理菌体细胞与尿素的共同作用导致细胞表面蛋白质变性,使更多的疏水基团暴露于表面。经过热或酸处理的细胞黏附程度明显下降,但对活细胞结合程度的影响不明显。推测疏水作用至少存在于热或酸处理的菌体细胞对毒素的黏附机理中。

El-Nezami 等^[20]研究发现鼠李糖乳杆菌活细胞在多种 AF 存在时黏附顺序为: AFB₁ > AFB₂ > AFG₁ > AFG₂, 这与它们的极性依次降低有关,同样指出疏水结合作用在黏附机理中发挥一定的作用,这与 Haskard 的结论一致。

3.2 细胞壁成分结合

多项研究^[21-24]表明,微生物吸附真菌毒素是毒素与细胞壁成分的黏附,而不是通过共价结合或代谢降解作用。细胞壁上有多糖、蛋白质和脂类,这些物质对霉菌毒素可以通过氢键、离子键和疏水作用力等实现吸附。

Niderkorn 等^[25]对乳酸菌进行了物理化学方法、酶法和基因修饰处理;对伏马菌素的官能团进行去除或钝化处理,以研究乳酸菌细胞壁成分和伏马菌素功能基团在乳酸菌-伏马菌素结合物形成机理中的作用。结果显示一些能够影响细胞壁多糖、脂和蛋白质的处理方法增强了乳酸菌结合毒素的能力,而能够降解肽聚糖的处理方法则削弱了结合度。还发现从革兰氏阳性菌中分离纯化的肽聚糖结合毒素的方式与乳酸菌结合方式相似。

3.2.1 甘露聚糖和葡甘露聚糖

Raju 等^[23]认为甘露聚糖是细胞壁结合真菌毒素的主要物质,可黏附单独和复合霉菌毒素: AF、赭曲霉毒素和 T-2 毒素,并降低这些毒素对肉鸡生产性能的不利影响。Swamy 等^[26]进行的猪体内实验结果表明,葡甘露聚糖对镰刀菌产生的毒素有一定的脱毒作用,葡甘露聚糖的作用方式应和酵母细胞壁的作用方式相似。葡甘

露聚糖在体外实验中可吸附玉米赤霉烯酮达 75%;黄曲霉毒素达 92%;伏马菌毒素达 59%。

3.2.2 β -葡聚糖

β -葡聚糖是一种具有特殊结构的多糖,由于特殊的键结方式和分子氢键的存在, β -葡聚糖呈螺旋形分子结构,其特殊的构型可与多种霉菌毒素形成特异的互补构造,从而与多种霉菌毒素结合。Yiannikouris 等^[27-29]发现玉米烯酮毒素与 β -D-葡聚糖进行结合,经过修饰的 β -1,3-葡聚糖表现出对 T-2 和玉米烯酮毒素很高的结合程度^[30]。Yiannikouris 等^[31]还利用近红外光谱和 X 射线衍射技术对玉米烯酮毒素和 β -D-葡聚糖的结合进行了研究, β -1,3-D-葡聚糖链与玉米烯酮毒素形成了内螺旋结构, β -1,6-D-葡聚糖侧链增强其结构的稳定性。在复合体中存在氢键和范德华力,证实了糖类组分通常作为结合位点,不同毒素的结合位点存在差异。

Haskard 等^[19]的研究认为鼠李糖乳杆菌结合 AF 的结合物一部分是细胞壁中的蛋白质类。提出链酶蛋白酶处理能够提高黏合能力的解释可能是处理后呈现或者形成一些与蛋白质相关的组分,提高了其黏附结合能力。

4 微生物吸附毒素的影响因素

4.1 菌体表面结构

不同种类的微生物其细胞表面结构有很大差异。细胞壁上各种组分的空间结构具有针对不同毒素的特异性结合能力:一种微生物细胞可能含有多个不同种类毒素的结合位点,而不同的毒素也可能利用同一个结合位点进行结合。Razatas 等^[32]采用原子力显微技术,用同基因型但细胞表面成分有不同的菌株相互作用,最终得出黏附力与细胞表面脂多糖分子长度和荚膜多糖的含量相关。

4.2 温度

温度能够使蛋白质发生变性,高温下还能发生美拉德反应形成多糖、多肽与蛋白的结合产物。细胞壁上的肽聚糖结构具有一定的厚度,高温使其厚度降低、细胞壁孔径增大。Haskard 等^[33]的研究发现热或酸处理能够增加一些菌株与 AFB₁ 复合体的稳定性。

4.3 pH 值

在酸性条件下,细胞壁中多糖的糖苷键断裂,形成单体物质,这些单体可以进一步分解为乙醛。多肽和蛋白质中的酰胺键在酸性条件下降解,形成多肽和各种氨基酸。采用流式细胞仪检测到的微生物细胞碎片就是微生物样品的细胞壁肽聚糖在酸性环境中裂解形成的。这些细胞壁的微改变能够使毒素与细胞壁和细胞质膜的一些成分结合,而这些成分通常是细胞完整时没有暴露的。

Yiannikouris 等^[34]研究了不同 pH 值下 β -D-葡聚糖对

玉米烯酮毒素的黏附效果。酸性和中性条件下黏附效果最佳, β -1,3-*D*- 葡聚糖黏附率高达 64%~77%; 而碱性条件妨碍了 β -*D*- 葡聚糖活性三维结构的形成, 易于形成单螺旋或者不规则盘绕状结构, 其黏附效果大大降低。

4.4 毒素结构

真菌毒素的结构通常会影响到毒素的化学性质或结合特性。Niderkorn 等^[35]分析了造成伏马菌素 B₁ 和 B₂ 结合度差异的原因。认为伏马菌素 B₁ 结构中额外的羟基抑制了其结合过程, 存在于这个羟基和羧基之间的氢键形成了一个不利于物理结合的空间结构, 从而削弱了伏马菌素 B₁ 与微生物细胞表面结合位点的结合。Niderkorn 等^[25]还在最近的研究中发现, 水解的伏马菌素中丙三羧酸链在其与乳酸菌结合中发挥了重要作用。

5 结 语

尽管已经有许多关于益生菌结合真菌毒素的研究报道, 但应用到实际生产中的却不多。这可能是因为对黏附机理的研究还不够, 对黏附后的复合体的稳定性和毒性也尚不清楚。

今后的研究主要集中在黏附过程的化学机理研究, 以及菌体-真菌毒素复合物的稳定性, 由其在胃肠道环境中的稳定程度对这项技术的应用有重要的影响作用。而复合物在消化道中微生物之间是否有相互作用, 对动物或者人类胃肠道的微环境是否有不利影响, 在这项技术运用于动物饲料或者食品之前, 这些问题都需要进一步深入研究。

同时, 微生物与不同种类毒素结合的分子基础机理多数尚不明确, 随着分子生物学和基因工程技术的发展, 对菌体细胞壁进行化学基因修饰, 增加黏附毒素的种类、提高其黏附毒素的能力和结合稳定性, 对这项技术的实际应用也将起到推动作用。

参考文献:

- [1] BALÁZS E, SCHEPERS J S. The mycotoxin threat to food safety[J]. International Journal of Food Microbiology, 2007, 119 (1/2): 1-2.
- [2] JOUANY J P. Methods for preventing, decontaminating and minimizing the toxicity of mycotoxins in feeds[J]. Animal Feed Science and Technology, 2007, 137(3/4): 342-362.
- [3] HE Jianwei, ZHOU Ting, YOUNG J C, et al. Chemical and biological transformations for detoxification of trichothecene mycotoxins in human and animal food chains: a review[J]. Trends in Food Science & Technology, 2010, 21(2): 67-76.
- [4] MADSEN E L. Determining *in situ* biodegradation: facts and challenges [J]. Environmental Science & Technology, 1991, 25(10): 1663-1673.
- [5] CABBEN M T, JACOBS-WAGNER C. Skin and bones: the bacterial cytoskeleton, cell wall, and cell morphogenesis[J]. Journal of Cell Biology, 2007, 179(3): 381-387.
- [6] DMITRIEV B, TOUKACH F, EHLERS S. Towards a comprehensive view of the bacterial cell wall[J]. Trends in Microbiology, 2005, 13(12): 569-574.
- [7] HAYHURST E J, KAILAS L, HOBBS J K. Cell wall peptidoglycan architecture in *Bacillus subtilis*[J]. PNAS, 2008, 105(38): 14603-14608.
- [8] KLIS F M, MOL P, HELLINGWERF K, et al. Dynamics of cell wall structure in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2002, 26(3): 239-256.
- [9] KLIS F M, BOORSMA A, GROOT P W. Cell wall construction in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. Yeast, 2006, 23(3): 185-202.
- [10] EL-NEZAMI H, KANKAANPAA P, SALMINEN S, et al. Ability of dairy strains of lactic acid bacteria to bind a common food carcinogen, aflatoxin B₁[J]. Food and Chemical Toxicology, 1998, 36(4): 321-326.
- [11] EL-NEZAMI H, POLYCHRONAKI N, SALMINEN S, et al. Binding rather than metabolism may explain the interaction of two food-grade *Lactobacillus* strains with zearalenone[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, 68(7): 3545-3549.
- [12] EL-NEZAMI H, CHREVATIDIS A, AURIOLA S, et al. Removal of common *Fusarium* toxins *in vitro* by strains of *Lactobacillus* and *Propionibacterium*[J]. Food Additives and Contaminants, 2002, 19(7): 680-686.
- [13] NIDERKORN V, BOUDRA H, MORGAVI D P. Binding of *Fusarium* mycotoxins by fermentative bacteria *in vitro*[J]. Journal of Applied Microbiology, 2006, 101(4): 849-856.
- [14] FAZELI M R, HAJMOHAMMADALI M, MOSHKANI A, et al. Aflatoxin B₁ binding capacity of autochthonous strains of lactic acid bacteria [J]. Journal of Food Protection, 2009, 72(1): 189-192.
- [15] BEJAOUH H, MATHIEU F, TAILLANDIER P, et al. Ochratoxin a removal in synthetic and natural grape juices by selected oenological *Saccharomyces* strains[J]. Journal of Applied Microbiology, 2004, 97 (5): 1038-1044.
- [16] VÖLKL A A, KARLOVSKY P. Hefen und tonminerale binden mycotoxine[J]. Agrarzeitung Ernährungsdienst, 1999, 24(4): 10.
- [17] DEVEGOWDA G, ARAVING B I R, MORTON M G. *Saccharomyces cerevisiae* and mannanoligosaccharides to counteract aflatoxicosis in broiler[C]. Proceedings of the Australian Poultry Science Symposium 8. Sydney: 1996: 103-106.
- [18] SHETTY P H, HALD B, JESPERSEN L. Surface binding of aflatoxin B₁ by *Saccharomyces cerevisiae* strains with potential decontaminating abilities in indigenous fermented foods[J]. International Journal of Food Microbiology, 2007, 113(1): 41-46.
- [19] HASKARD C, BINNION C, AHOKAS J. Factors affecting the sequestration of aflatoxin by *Lactobacillus rhamnosus* strain GG[J]. Chemo-Biological Interactions, 2000, 128(1): 39-49.
- [20] EL-NEZAMI H, SALMINEN S, AHOKAS J T. Biologic control of food carcinogens with use of *Lactobacillus* GG[J]. Nutrition Today, 1996, 31(6): 41-42.
- [21] BAPTISTA A S, HORII J, CALORI-DOMINGUES M A, et al. The capacity of manno-oligosaccharides thermolysed yeast and active yeast to attenuate aflatoxicosis[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2004, 20(5): 475-481.
- [22] CELYK K, DENLY M, SAVAS T. Reduction of toxic effects of aflatoxin B₁ by using baker yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) in growing broiler chicken diets[J]. Revista Brasileira de Zootecnia, 2003, 32(3): 615-619.
- [23] RAJU M V, DEVEGOWDA G. Influence of esterified-glucomannan on performance and organ morphology, serum biochemistry and haematology in broilers exposed to individual and combined mycotoxins(aflatoxin, ochratoxin and T-2 toxin)[J]. British Poultry Science, 2000, 41(5): 640-650.
- [24] SANTIN E, PAULILO A C, MAIORCA A, et al. Evaluation of the

- efficiency of *Saccharomyces cerevisiae* cell wall to ameliorate the toxic effects of aflatoxin in broilers[J]. International Journal of Poultry Science, 2003, 2(5): 241-344.
- [25] NIDERKORN V, MORGAVI D P, ABOAB B, et al. Cell wall component and mycotoxin moieties involved in the binding of fumonisin B₁ and B₂ by lactic acid bacteria[J]. Journal of Applied Microbiology, 2009, 106(3): 977-985.
- [26] SWAMY H V, SMITH T K, MACDONALD E J, et al. Effects of feeding a blend of grains naturally contaminated with *Fusarium* mycotoxins on swine performance, brain regional neurochemistry, and serum chemistry and the efficacy of a polymeric glucomannan mycotoxin adsorbent[J]. Journal of Animal Science, 2002, 80(12): 3257-3267.
- [27] YIANNIKOURIS A, POUGHON L, CAMELEYRE X, et al. A novel technique to evaluate interactions between *Saccharomyces cerevisiae* cell wall and mycotoxins: application to zearalenone[J]. Biotechnology Letters, 2003, 25(15): 783-789.
- [28] YIANNIKOURIS A, FRANCOIS J, POUGHON L, et al. Adsorption of zearalenone by β -D-glucans in the *Saccharomyces cerevisiae* cell wall [J]. Journal of Food Protection, 2004, 67(6): 1195-1200.
- [29] YIANNIKOURIS A, FRANCOIS J, POUGHON L, et al. Alkali extraction of β -D-glucans from *Saccharomyces cerevisiae* cell wall and study of their adsorptive properties toward zearalenone[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2004, 52(11): 3666-3673.
- [30] FREIMUND S, SAUTER M, RYS P. Efficient adsorption of the mycotoxins zearalenone and T-2 toxin on a modified yeast glucan[J]. Journal of Environmental Science and Health Part B Pesticides Food Contaminants and Agricultural Wastes, 2003, 38(3): 243-255.
- [31] YIANNIKOURIS A, ANDRE G, BULEON A, et al. Comprehensive conformational study of key interactions involved in zearalenone complexation with β -D-glucans[J]. Biomacromolecules, 2004, 5(6): 2176-2185.
- [32] RAZATAS A, ONG Y, SHARMA M, et al. Molecular determinants of bacterial adhesion monitored by atomic force microscopy[J]. USA Proceedings of the National Academy of Science, 1998, 95(19): 11059-11064.
- [33] HASKARD C, EL-NEZAMI H, KANKAANPAA P S, et al. Surface binding of aflatoxin B₁ by lactic acid bacteria[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(7): 3086-3091.
- [34] YIANNIKOURIS A, FRANCOIS J, POUGHON L, et al. Influence of pH on complexing of model β -D-glucans with zearalenone[J]. Journal of Food Protection, 2004, 67(12): 2741-2746.
- [35] NIDERKORN V, BOUDRA H, MORGAVI D P. Binding of *Fusarium* mycotoxins by fermentative bacteria *in vitro*[J]. Journal of Applied Microbiology, 2006, 101(4): 849-856.