

doi:10.12301/j.issn.2095-6002.2021.01.003

文章编号:2095-6002(2021)01-0027-10

引用格式:王昌禄,刘彤,李王强,等.微生物对黄曲霉毒素的抑制机制研究进展[J].食品科学技术学报,2021,39(1):27-36.



WANG Changlu, LIU Tong, LI Wangqiang, et al. Research progress on inhibition mechanism of aflatoxins by microorganisms[J]. Journal of Food Science and Technology, 2021,39(1):27-36.

微生物对黄曲霉毒素的抑制机制研究进展

王昌禄^{1,2}, 刘彤², 李王强², 杨明冠^{2,3}, 路来风^{1,2},
李贞景^{1,2}, 郭庆彬^{1,2}

(1. 天津科技大学 省部共建食品营养与安全国家重点实验室,天津 300457; 2. 天津科技大学 食品科学与工程学院,天津 300457; 3. 齐鲁工业大学 食品科学与工程学院,山东 济南 250353)

摘要:部分黄曲霉菌会对农作物及产品造成严重污染。受相关基因的影响,黄曲霉会产生一种对人类健康与畜禽养殖构成重大威胁的真菌毒素,即黄曲霉毒素,在田间、储藏期或运输过程中黄曲霉毒素污染均可能发生。防止黄曲霉毒素进入食物链的策略有很多,其中采用生物法防治黄曲霉污染越来越引起研究者的重视,也逐渐被人们所接受。利用微生物对黄曲霉及毒素进行控制,可有效减轻黄曲霉菌及毒素对粮食作物及产品的污染,发挥功能的物质主要是微生物的代谢产物,包括多肽、小分子有机物、有机酸、抗生素和酶等。黄曲霉毒素污染对农作物产生的重大经济影响及其对人和动物的毒害作用已引起世界各国的高度关注。介绍了对黄曲霉及毒素具有拮抗作用的微生物种类(主要有芽孢杆菌、乳酸菌、酵母菌、链霉菌和一些海洋微生物等),分析了拮抗微生物中所发挥作用的有效成分,阐述了其对黄曲霉的抑制机制及对黄曲霉毒素的降解情况,希望为生物防治黄曲霉及黄曲霉毒素污染提供参考。

关键词:微生物;代谢产物;黄曲霉;黄曲霉毒素;拮抗

中图分类号:TS201.3

文献标志码:A

黄曲霉(*Aspergillus flavus*)是农作物及其产品的主要污染微生物之一,广泛存在于花生、玉米、马铃薯、棉花中。黄曲霉毒素(aflatoxins, AFT)是黄曲霉和寄生曲霉等真菌产生的代谢产物和真菌毒素,其种类有黄曲霉毒素B₁、B₂、B_{2a}、M₁、M₂、寄生曲霉醇B₃、BM₁、GM₁、GM₂、P₁、Q₁等^[1]。在相对湿度和温度较高的热带和亚热带国家和地区,黄曲霉及毒素极易对食品和动物饲料造成污染^[2]。在田间、储藏期或运输过程中黄曲霉毒素污染均可能发生,一旦农产品和饲料受到污染,人类和动物的健康将受到重大威胁,农作物将遭受严重损失。因此,预防黄曲霉毒素的产生和真菌感染是解决食品安全问题的有效

策略。同时,人类还应提高食品安全意识,避免食用受到黄曲霉及毒素污染的食品,企业也应严格按照我国颁布的相关法律、法规来生产、销售相关产品。

黄曲霉毒素的产生受相关基因的影响,防止黄曲霉毒素的合成就要抑制黄曲霉毒素基因簇中相关基因的转录。常见的黄曲霉毒素产生相关基因有、、、hexB、dmtA和pks,其中,aflR基因可编码一个转录因子,该转录因子正向调控结构基因的表达^[3-4]。F1bA是控制fadA介导的信号转导基因,fadA编码一个heterotrimeric G蛋白的α亚基,可以传递促进生长、抑制分生孢子和合成黄曲霉素的信号^[5]。另外,黄曲霉毒素生物合成途

收稿日期:2020-06-09

基金项目:国家自然科学基金资助项目(31972177)。

第一作者:王昌禄,男,教授,博士生导师,主要从事食品生物技术方面的研究。

径中起重要作用的基因还有 *estA*、*norB*、*ordB*、*accC*、*norM*^[6]。在研究中,为了更好地了解不同物质对黄曲霉毒素产生的影响,可利用 qRT-PCR 对黄曲霉毒素相关基因表达进行分析,还可以改变染色质修饰基因 *MYST1*、*MYST2*、*MYST3*、*gcn5*、*hdaA* 和 *rpmA* 的表达模式,从而影响黄曲霉毒素生物合成基因的表达^[7]。

在大多数情况下,采用物理和化学方法防治黄曲霉及毒素污染不仅效率低,还会使加工的食品营养受到损失,有毒化合物的残留物清除困难,或者产生抗药性的病原微生物,此外,过量使用化学制剂还会给生态系统带来危害。相比较而言,生物手段具有效率高、覆盖范围广、可保证食品安全、维护生态环境等优点。因此,利用生物手段防治真菌污染是一种新兴的、可持续的策略。除利用植物源活性物质来减少农作物真菌污染外,还可以通过拮抗菌株或其次级代谢产物对病原菌进行生物防治^[8]。在分子水平,可利用抗性相关基因标记辅助育种和基因工程技术开发拮抗黄曲霉菌新品种^[9]。另外,利用代谢转化或吸附剂对黄曲霉毒素进行脱毒也是一种防治方法,还可以利用微生物中的有效成分将黄曲霉毒素降解为毒性较低的物质,使农产品的污染降低到最低限度。

目前,在抑制黄曲霉生长及降解黄曲霉毒素领域中,研究热点多集中在利用生物防治来实现,包括采用植物精油和拮抗微生物,此外,黄曲霉毒素的生物降解亦是目前的研究热点。

本文对产毒黄曲霉防治及对黄曲霉毒素具有降解作用的微生物种类、拮抗微生物代谢产生的有效成分、对黄曲霉的抑制机制和对黄曲霉毒素的降解情况进行了总结阐述,希望为生物防治黄曲霉及黄曲霉毒素污染提供参考。

1 黄曲霉及黄曲霉毒素的拮抗微生物

微生物是天然产物的重要来源之一,被广泛用于控制黄曲霉及黄曲霉毒素污染。研究发现,越来越多的微生物产生的代谢产物具有拮抗黄曲霉及毒素活性,因此,微生物代谢产生的有效成分在生物防治黄曲霉及黄曲霉毒素污染上具有广阔的应用前景。据报道,不同微生物及产生的代谢产物已被作为潜在的抑制黄曲霉的活性物质进行研究,包括芽孢杆菌、乳酸菌、酵母菌、链霉菌、木

霉、假单胞菌和一些海洋微生物、非产毒曲霉及其产生的代谢产物。

1.1 芽孢杆菌

芽孢杆菌对黄曲霉及黄曲霉毒素具有显著的抑制作用,从土壤中分离出的解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)和枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)对黄曲霉生长有较强的抑制作用,抑制率均在90%以上^[10]。萎缩芽孢杆菌(*Bacillus atrophaeus*)和短小芽孢杆菌(*Bacillus pumilus*)发酵液的上清液中含有一种或几种次级代谢产物,具有拮抗黄曲霉的作用^[11-12]。此外,巨大芽孢杆菌(*Bacillus megaterium*)和蕈状芽孢杆菌(*Bacillus mycoides*)也具有一定的抗黄曲霉活性^[5,13]。

1.2 乳酸菌

乳酸菌作为一种益生菌,常被用来控制真菌毒素的产生,其中植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)被广泛用于控制黄曲霉的生长,有研究表明:从泰国发酵米粉中分离出的植物乳杆菌 K35(*Lactobacillus plantarum* K35)几乎可以完全抑制黄曲霉的生长^[14]。

1.3 酵母菌

酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)的应用较为广泛,可分泌酶类等物质对黄曲霉的菌丝生长及黄曲霉毒素的合成产生显著影响,类似的还有异型毕赤酵母(*Pichia anomala*)^[7,15-16]。

1.4 链霉菌

笔者研究团队从土壤中分离出的白黄链霉菌 TD-1(*Streptomyces alboflavus* TD-1)通过产生挥发性物质来抑制黄曲霉分生孢子的形成,下调黄曲霉毒素生物合成基因的表达水平,从而直接减少黄曲霉毒素的产生^[17-18]。从水稻叶片分离出的阳陵链霉菌(*Streptomyces yanglinensis*)通过影响黄曲霉毒素的合成来达到几乎完全抑制黄曲霉菌丝生长的目的,具有有效的抗真菌活性^[4,19]。

1.5 海洋微生物

海洋微生物也是抗真菌毒素研究领域的关注点之一,存在于海藻中的埃希氏菌(*Enterobacter asburiae*)、吡咯伯克霍尔德菌(*Burkholderia pyrrocinia*)和希瓦氏菌(*Shewanella* sp.)等微生物能对黄曲霉达到完全抑制的效果,研究发现,其是通过分泌挥发性物质来发挥作用^[6,20-21]。

1.6 非产毒曲霉

一些非产毒曲霉对黄曲霉生长和黄曲霉毒素积

累也有较高的生防效果,如:非产毒黄曲霉(*Aspergillus flavus*)^[22]、非产毒黑曲霉(*Aspergillus niger*)^[23]、非产毒寄生曲霉(*Aspergillus parasiticus*)^[24]、米曲霉(*Aspergillus oryzae*)^[25]等。另外,已有研究发现,木霉(*Trichoderma* sp.)、假单胞菌(*Pseudomonas* sp.)等微生物及产生的代谢产物也能够明显抑制黄曲霉的孢子萌发和生长^[26-27]。

许多微生物对黄曲霉的生长和黄曲霉毒素的合成产生一定影响。芽孢杆菌、乳酸菌、链霉菌、酵母菌、非产毒曲霉和一些海洋微生物都能显著的抑制黄曲霉生长。可以看出,细菌在拮抗黄曲霉方面占有一定优势,但链霉菌和海洋微生物对黄曲霉的抑制作用更强,但具体的应用效果还需进行评估。

2 微生物抑制黄曲霉及毒素污染的有效成分

微生物通过产生活性物质来对黄曲霉的生长和黄曲霉毒素的产生发挥抑制作用,其发酵液中的活性物质和产生的次级代谢产物是一类具有利用价值的天然产物。表1列出了各种微生物产生的活性物质及其对黄曲霉的抑制效果,这些活性物质主要包括多肽、细菌素、小分子有机物、有机酸、抗生素和酶。

2.1 芽孢杆菌产生的抗生素和蛋白酶

芽孢杆菌被广泛用于防治黄曲霉及黄曲霉毒素污染,可通过产生抑菌物质来发挥作用。芽孢杆菌霉素D是芽孢杆菌分泌的常见细菌素,赋予菌株较强的抗黄曲霉能力^[11,28]。另外,解淀粉芽孢杆菌UTB2(*Bacillus amyloliquefaciens* UTB2)和枯草芽孢杆菌UTB3(*Bacillus subtilis* UTB3)产生的蛋白酶均对黄曲霉生长有很强的抑制作用,抑制率达90%以上^[10]。近年来,在对巨大芽孢杆菌CGMCC7086(*Bacillus megaterium* CGMCC7086)研究中,新发现了3种多肽具有抗真菌活性^[5]。此外,拮抗蛋白和抗生素也是芽孢杆菌中重要的抗真菌物质^[5,12,29]。

2.2 乳酸菌产生的有机酸和多肽

乳酸菌代谢产物中含有一些具有抑菌活性的有机酸,其中乳酸的产量最高,可以完全抑制黄曲霉的生长^[14]。其次,苯乳酸、羟基苯乳酸和吡啶乳酸也具有一定的抗真菌活性^[30-31]。除有机酸外,植物乳

杆菌IS10(*Lactobacillus plantarum* IS10)产生的多肽也是一种对黄曲霉具有较强抑制作用的天然产物^[32]。另外,还有从植物乳杆菌AF1(*Lactobacillus plantarum* AF1)中分离出一种分子式为 $C_{12}H_{22}N_2O_2$ 的酮类抗真菌化合物^[33]。

2.3 酵母菌产生的几丁质酶

酵母菌常常被用来作为防治黄曲霉及黄曲霉毒素污染的微生物,其中酿酒酵母117(*Saccharomyces cerevisiae* 117)应用最为广泛,其产生的挥发性物质对黄曲霉有明显抑制作用^[15]。此外,异型毕赤酵母ATCC 34080(*Pichia anomala* ATCC 34080)产生的几丁质酶也能够影响黄曲霉的生长、黄曲霉毒素的产生及其基因表达^[16]。

2.4 链霉菌产生的小分子有机物

链霉菌之所以成为重要的微生物资源,是因为其能产生丰富的次级代谢产物,如阿伐他汀A^[34]和二辛糖苷A^[35]等。最近研究发现,白黄链霉菌TD-1(*Streptomyces albobiflavus* TD-1)产生的挥发性化合物——二甲基三硫醚和苯胺,能够完全抑制黄曲霉菌丝生长和孢子萌发以及黄曲霉毒素的产生^[17-18]。从阳陵链霉菌3-10(*Streptomyces yansingensis* 3-10)粗提物中分离纯化出的反转霉素A和B在生物防治黄曲霉及其毒素污染方面也发挥了重要作用^[4,36]。此外,2-甲基异茨醇、2-甲基丁酸甲基酯和苯乙醇也几乎能够完全抑制黄曲霉毒素的产生^[19]。

2.5 其他微生物产生的抑菌活性成分

研究发现,一些海洋微生物也可以通过分泌挥发性有机物来完全抑制黄曲霉生长,如:阿氏肠埃希氏菌VT-7(*Enterobacter asburiae* VT-7)^[6]、吡咯伯克霍尔德菌WY6-5(*Burkholderia pyrrocinia* WY6-5)^[21]和海藻希瓦氏菌.YM8(*Shewanella* sp. YM8)^[20]。另外,研究发现,哈茨木霉GIM 3.442(*Trichoderma harzianum* GIM 3.442)具有抑制黄曲霉生长的能力,从中分离的活性物质为重组天冬氨酸蛋白酶^[26]。

大多数拮抗黄曲霉的微生物是通过产生活性物质来发挥作用,活性物质主要有多肽、细菌素、小分子有机物、有机酸、抗生素和酶等。其中,挥发性化合物的发现使防治黄曲霉污染工作的进行更加高效。但活性物质的种类仍有限,其产量也较低,这使得微生物抗真菌活性的应用难以快速发展。

表1 微生物代谢产物对黄曲霉及毒素有抑制作用的有效成分

Tab.1 Active components of microbial metabolites to *Aspergillus flavus* and aflatoxins

微生物	有效成分	抑菌率/%	参考文献
解淀粉芽孢杆菌 UTB2 (<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> UTB2)	蛋白酶	90.00	[10]
枯草芽孢杆菌 UTB3 (<i>Bacillus subtilis</i> UTB3)		92.00	
巨大芽孢杆菌 CGMCC7086 (<i>Bacillus megaterium</i> CGMCC7086)	L-Asp-L-Orn L-Asp-L-Asn L-Asp-L-Asp-L-Asn	-	[5]
萎缩芽孢杆菌 (<i>Bacillus atrophaeus</i>)	蛋白质	62.00	[12]
解淀粉芽孢杆菌 B10-6-1 (<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> B10-6-1)	脂肽类抗生素	-	[29]
枯草芽孢杆菌 CGMCC NO.0943 (<i>Bacillus subtilis</i> CGMCC NO.0943)	芽孢杆菌毒素 D	85.72	[28]
短小芽孢杆菌 DS22 (<i>Bacillus pumilus</i> DS22)	C14-芽孢菌毒素 D、C17-芽孢菌毒素 D 的一组同系物	43.30	[11]
蕈状芽孢杆菌 (<i>Bacillus mycoides</i>)	烷烃、醇、醛、酯类物质	-	[13]
植物乳杆菌 K35 (<i>Lactobacillus plantarum</i> K35)	乳酸	100.00	[14]
植物乳杆菌 UM55 (<i>Lactobacillus plantarum</i> UM55)	有机酸,如:乳酸、苯乳酸、羟基苯乳酸和吡啶乳酸	32.00	[30]
植物乳杆菌 IS10 (<i>Lactobacillus plantarum</i> IS10)	多肽	44.00	[32]
植物乳杆菌 21B (<i>Lactobacillus plantarum</i> 21B)	苯乳酸、对羟基苯乳酸	86.50	[31]
植物乳杆菌 AF1 (<i>Lactobacillus plantarum</i> AF1)	酮类化合物,分子式为 C ₁₂ H ₂₂ N ₂ O ₂	-	[33]
酿酒酵母 117 (<i>Saccharomyces cerevisiae</i> 117)	4-羟基苯乙醇	83.00	[15]
异型毕赤酵母 WRL-076 (<i>Pichia anomala</i> WRL-076)	2-苯乙醇	-	[7]
异型毕赤酵母 ATCC 34080 (<i>Pichia anomala</i> ATCC 34080)	胞外几丁质酶、 β -1,3-葡聚糖酶	-	[16]
链霉菌 MRL142 (<i>Streptomyces</i> sp. MRL142)	阿伐他汀 A	100.00	[34]
链霉菌 SA-2581 (<i>Streptomyces</i> sp. SA-2581)	二辛糖苷 A	98.00	[35]
白黄链霉菌 TD-1 (<i>Streptomyces alboflavus</i> TD-1)	二甲基三硫醚、苯胺等	100.00	[17]
阳陵链霉菌 3-10 (<i>Streptomyces yansingensis</i> 3-10)	反转霉素 A、反转霉素 B	100.00	[4, 32]
阳陵链霉菌 (<i>Streptomyces yanglinensis</i>)	2-甲基异茨醇、2-甲基丁酸甲酯、2-苯乙醇	95.20	[19]
阿氏肠埃希氏菌 VT-7 (<i>Enterobacter asburiae</i> VT-7)	正戊醇、2-苯乙醇	100.00	[6]
哈茨木霉 GIM 3.442 (<i>Trichoderma harzianum</i> GIM 3.442)	重组天冬氨酸蛋白酶	26.10	[26]
荧光假单胞菌 PB27 (<i>Pseudomonas fluorescens</i> PB27)	几丁质酶	20.00	[27]
吡咯伯克霍尔德菌 WY6-5 (<i>Burkholderia pyrrocinia</i> WY6-5)	二甲基二硫醚	100.00	[21]
海藻希瓦氏菌 YM8 (<i>Shewanella</i> sp. YM8)	2,4-二叔丁基苯酚、二甲基三硫醚	100.00	[20]

“-”为未知。

3 微生物代谢产物对黄曲霉及毒素的抑制机制

微生物具有比表面积小、结构简单、繁殖速度快、代谢迅速等特点,因此,多种微生物及其代谢产物已被广泛用于黄曲霉及毒素的防控工作中,主要作用方式如下。

3.1 竞争抑制作用

产毒菌株在感染过程中被非产毒菌株置换而被物理排除,或者非产毒菌株竞争黄曲霉毒素生物合成所需的营养物质^[8]。然而,使用非产毒曲霉菌种也有一些风险。由于曲霉菌的遗传多样性和遗传复杂性,非产毒曲霉菌可能会发生遗传突变,因此,从长期安全的角度出发,建议谨慎使用非产毒曲霉菌株^[37]。

3.2 拮抗作用

解淀粉芽孢杆菌和枯草芽孢杆菌产生的蛋白酶可通过改变黄曲霉细胞的通透性、渗入细胞质、破坏细胞器来影响真菌生长和黄曲霉毒素的产生^[10]。类似地,在植物乳杆菌代谢产物中,含量最高的乳酸通过多个靶点对黄曲霉细胞壁和细胞膜造成破坏,从而发挥对黄曲霉的抑制作用^[14]。解淀粉芽孢杆菌 B10-6-1 (*Bacillus amyloliquefaciens* B10-6-1) 产生的脂肽类抗生素以及空气芽孢杆菌 Y-17-3 (*Bacillus aerius* Y-17-3) 中的拮抗蛋白通过抑制黄曲霉菌孢子萌发和菌丝生长起到抑菌作用^[29,38]。研究发现,哈茨木霉 GIM 3.442 (*Trichoderma harzianum* GIM 3.442) 和荧光假单胞菌 PB27 (*Pseudomonas fluorescens* PB27) 中的活性物质对黄曲霉的作用机制均为抑制真菌菌丝生长和孢子萌发^[26-27]。同样,由萎缩芽孢杆菌 (*Bacillus atrophaeus*) 分泌的拮抗蛋白也可以通过此方式发挥抑菌作用,可诱使黄曲霉菌丝发生变异^[12]。一定条件下,还可以通过诱导花生分泌 SOD 酶、PAL 酶、POD 酶、PPO 酶来抑制 CAT 酶的分泌,从而增强花生抗逆性^[12]。某些微生物代谢产生的挥发性化合物具有覆盖广、见效快等特点,近年来也常被用来控制真菌病原体。一些链霉菌和海洋微生物可产生挥发性物质,来降低黄曲霉毒素生物合成基因表达,抑制黄曲霉毒素的产生,抑菌效果显著^[6,19-21]。异型毕赤酵母 ATCC 34080 (*Pichia anomala* ATCC 34080) 产生的酶类可以通过寄生和裂解作用使黄曲霉的菌丝受到破坏,另外,酵母菌也可以产生挥发性物质来抑制真菌产孢,对黄曲霉毒素抑制效果显著^[7,15-16]。从白黄链霉菌 TD-1 (*Streptomyces alboflavus* TD-1) 中分离出的挥发性有机物能完全抑制黄曲霉的生长,研究发现,抑制机制为抑制黄曲霉分生孢子的形成,下调黄曲霉毒素生物合成基因的表达水平,破坏黄曲霉的细胞壁和细胞器^[17-18,39-40]。

3.3 吸附和脱毒酶降解作用

大多数乳酸菌被用作益生菌,通常将其作为去除黄曲霉毒素的理想微生物,其中,已对鼠李糖乳杆菌 GG (*Lactobacillus rhamnosus* GG) 的物理吸附作用进行了研究^[41]。除物理吸附外,还可以利用微生物中的一些蛋白质或酶将黄曲霉毒素降解成毒性较低的物质。表 2 列出了各种微生物及其代谢产物对黄曲霉毒素的降解条件、降解产物及降解效果。研究发现,地衣芽孢杆菌 BL010 (*Bacillus licheniformis*

BL010) 培养物上清液中的两种降解酶能有效降解黄曲霉毒素 B₁, 对转化产物进行了检测和鉴定,确定其分子式为 C₁₂H₁₄O₄^[42]。类似地,蔬菜芽孢杆菌 GX01 (*Bacillus oleronius* GX01) 和绒毛芽孢杆菌 DY3108 (*Bacillus velezensis* DY3108) 对黄曲霉毒素 B₁ 的降解能力均与培养物上清液中的胞外蛋白或胞外蛋白酶有关^[43-44]。另外,沙氏芽孢杆菌 L7 (*Bacillus shackletonii* L7)、解淀粉芽孢杆菌 (*Bacillus amyloliquefaciens*)、巨大芽孢杆菌 (*Bacillus. megaterium*) 和枯草芽孢杆菌 (*Bacillus. subtilis*) 均对黄曲霉毒素 B₁ 具有较强的降解作用^[45-46]。酵母菌在食品中的应用已有多年的历史,据报道,假丝酵母 CG-MCC3790 (*Candida versatilis* CGMCC3790) 降解黄曲霉毒素 B₁ 的能力显著,并且 4 种降解产物均无毒性,其降解物质可能为胞内组分^[47]。假单胞菌中的胞内酶或胞外酶均能使菌株产生降解黄曲霉毒素 B₁ 的能力^[48-49]。还有一些大肠杆菌 CG1061 (*Escherichia coli* CG1061)、镰刀菌 WCQ3361 (*Fusarium* sp. WCQ3361)、尿毒杆菌 CCTCC M 2015181 (*Cladosporium uredinicola* CCTCC M 2015181) 均能有效地消除黄曲霉毒素 B₁^[50-52]。酿酒酵母 RC016 (*Saccharomyces cerevisiae* RC016), 布拉酵母 RC009 (*Saccharomyces boulardii* RC009) 和马氏克鲁维菌 VM003 (*Kluyveromyces marxianus* VM003) 除具有降解黄曲霉毒素 B₁ 能力外,也对黄曲霉毒素 M₁ 具有降解作用,降解率均在 80% 以上^[53]。

在实际应用中,若培养体系中营养丰富,菌株的降解效果会更好。嗜盐拟青霉 CGMCC 3792 (*Tetragenococcus halophilus* CGMCC 3792) 中的胞内酶通过先吸附后生物降解来消除黄曲霉毒素 B₁, 对酱油渣中黄曲霉毒素 B₁ 的降解率达 91.99% 以上^[54]。枯草芽孢杆菌 UTBSP1 (*Bacillus subtilis* UTBSP1) 产生的胞外酶对开心果中黄曲霉毒素 B₁ 的去除率高达 95%^[55]。

4 结论与展望

食品和粮食中的黄曲霉毒素污染对经济发展和公共卫生安全都造成了严重的威胁,因此,需要寻找有效的控制方法。目前,化学防治黄曲霉及其毒素污染仍是主要方法,但真菌的抗药性、化学药品残留和环境污染等问题严重限制了化学防治方法的应用。随着现代生物技术的迅速发展,人们逐渐采用

表2 微生物代谢产物对黄曲霉毒素的降解情况
Tab.2 Degradation of aflatoxin by microbial metabolites

微生物	有效成分	降解条件	降解产物	降解效果	参考文献
空气芽孢杆菌 Y-17-3 (<i>Bacillus aerius</i> Y-17-3)	蛋白质	37 °C ,6 d	-	对 AFT B ₁ 降解率为 90.00%	[38]
沙氏芽孢杆菌 L7(<i>Bacillus shackletonii</i> L7)	黄曲霉毒素降解酶 (BADE)	37 °C ,72 h	-	对 AFT B ₁ 、AFT B ₂ 、AFT M ₁ 降解率分别为 92.1%、84.1%、90.4%	[46]
枯草芽孢杆菌 UTBSP1 (<i>Bacillus subtilis</i> UTBSP1)	胞外酶	35 ~40 °C ,24 h	-	对 AFT B ₁ 降解率为 85.66%	[55]
地衣芽孢杆菌 BL010 (<i>Bacillus licheniformis</i> BL010)	两种降解酶 (Chia010、Lac010)	30 °C ,120 h	降解产物未知,分子式为 C ₁₂ H ₁₄ O ₄	对 AFT B ₁ 降解率为 89.10%	[42]
绒毛芽孢杆菌 DY3108 (<i>Bacillus velezensis</i> DY3108)	胞外蛋白或酶	80 °C ,96 h, pH = 8	-	对 AFT B ₁ 降解率为 91.50%	[43]
蔬菜芽孢杆菌 GX01 (<i>Bacillus oleronius</i> GX01)	胞外酶	37 °C ,96 h, pH = 8	-	对 AFT B ₁ 降解率为 83.00%	[44]
短小芽孢杆菌 E-1-1-1 (<i>Bacillus pumilus</i> E-1-1-1)	胞外分泌物	37 °C ,12 h	-	消除 AFM ₁ , 对 AFT B ₁ 降解率为 89.55%	[56]
假丝酵母 CGMCC3790 (<i>Candida versatilis</i> CGMCC3790)	胞内组分	25 °C , pH = 5.0, 液体介质体系中培养 60 min	降解产物未知,分子式为 C ₁₄ H ₁₀ O ₄ 、C ₁₄ H ₁₂ O ₃ 、C ₁₃ H ₁₂ O ₂ 、C ₁₁ H ₁₀ O ₄	对 AFT B ₁ 降解率为 70%	[47]
非致病性大肠杆菌 CG1061 (<i>Escherichia coli</i> CG1061)	耐热蛋白	24 h, 55 °C , pH = 8.5	降解产物未知,分子式为 C ₁₆ H ₁₄ O ₅	对 AFT B ₁ 降解率为 93.70%	[50]
尿毒杆菌 CCTCC M 2015181 (<i>Cladosporium uredinicola</i> CCTCC M 2015181)	胞外酶	24 h, 37 °C	-	对 AFT B ₁ 降解率为 84.50% ± 5.70%	[52]
铜绿假单胞菌 N17-1 (<i>Pseudomonas aeruginosa</i> N17-1)	胞外酶	37 °C 营养肉汤培养基中培养 72 h	-	对 AFT B ₁ 、AFT B ₂ 、AFT M ₁ 降解率分别为 82.8%、46.8%、31.9%	[48]
恶臭假单胞菌 MTCC 2445 (<i>Pseudomonas putida</i> MTCC 2445)	胞内酶	24 h, 50 °C , pH = 7	-	对 AFT B ₁ 降解率为 80.00%	[49]
嗜盐拟青霉 CGMCC 3792 (<i>Tetragenococcus halophilus</i> CGMCC 3792)	胞内酶	55 °C ,7 d	降解产物未知,分子式为 C ₁₄ H ₂₀ O ₂	对 AFT B ₁ 降解率为 82.80%	[54]
镰刀菌 WCQ3361 (<i>Fusarium</i> sp. WCQ3361)	蛋白质	30 °C ,24 h, pH = 7	-	对 AFT B ₁ 降解率为 95.38%	[51]
嗜酸乳杆菌 PTCC 1643 (<i>Lactobacillus acidophilus</i> PTCC 1643)、植物乳杆菌 PTCC 1058 (<i>Lactobacillus plantarum</i> PTCC 1058)	-	21 °C ,37 °C , 30 d	-	对 AFT M ₁ 降解率 100%	[57]

更安全、高效、环保的生物防治方法对霉菌污染进行防控。利用微生物对黄曲霉及毒素污染进行防治是

最具有潜力的方法。在现有研究中,分离到对黄曲霉有抑制作用的微生物主要有芽孢杆菌、乳酸菌、酵

母菌、链霉菌、木霉、假单胞菌和一些海洋微生物,它们可通过产生活性物质来抑制黄曲霉的生长,活性物质主要包括多肽、细菌素、挥发性有机物、有机酸、抗生素和酶。抑菌机制主要为非产毒黄曲霉菌对产毒黄曲霉菌的竞争抑制作用、微生物通过产生次级代谢产物来抑制黄曲霉的生长、微生物对黄曲霉毒素的物理吸附和脱毒酶降解。其中,利用微生物产生的蛋白质或酶类物质将黄曲霉毒素降解为毒性较低的物质,成为防治黄曲霉毒素污染的一个重要方法。

筛选对黄曲霉及毒素具有拮抗作用的菌株是防治黄曲霉污染领域中的研究热点之一。在各种微生物中,链霉菌作为一种普遍存在于土壤、植物、空气中的微生物资源,具有复杂的次级代谢途径,所产生的次级代谢产物已广泛用于基础医疗、农业、生物、化学等领域,其抑菌活性显著,对黄曲霉及黄曲霉毒素具有显著的抑制效果,在控制黄曲霉及毒素的研究和应用中具有广阔的发展前景,因此,应加强链霉菌代谢途径及其产生的可抑制或降解对黄曲霉及毒素代谢产物的研究,有利于真菌毒素的防控工作。经过多年的研究,本团队从自然界分离的具有自主知识产权的白黄链霉菌 TD-1 及其产生的代谢产物对多种丝状真菌有明显的抑制作用,最近的研究发现,该微生物可产生帕马霉素,对产毒黄曲霉的抑制活性比较明显,另外,其产生的挥发性物质几乎可以完全抑制黄曲霉毒素的产生。在国家自然科学基金的资助下,目前正积极开展链霉菌 TD-1 拮抗产毒黄曲霉及毒素机制的研究。大量分离微生物中的抗真菌活性物质,深入研究其对黄曲霉及毒素的抑制机制是今后防治真菌毒素污染的重要基础研究工作。利用生物防治法解决农作物和农产品中黄曲霉及毒素污染问题,对提高食品安全性具有重要意义。

参考文献:

[1] 赵志辉. 农产品和饲料中常见真菌毒素的种类和危害[J]. 北京工商大学学报(自然科学版), 2012, 30(4): 8-11.
ZHAO Z H. The types and harm of common mycotoxins in agricultural products and feed[J]. Journal of Beijing Technology and Business University(Natural Science Edition), 2012, 30(4): 8-11.

[2] ADEYEYE S A O. Aflatoxigenic fungi and mycotoxins in food: a review[J]. Critical Reviews in Food Science and

Nutrition, 2020, 60(5): 709-721.

- [3] YAN P S, SONG Y, SAKUNO E, et al. Cyclo(L-leucyl-L-prolyl) produced by *Achromobacter xylosoxidans* inhibits aflatoxin production by *Aspergillus parasiticus* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(12): 7466-7473.
- [4] SHAKEEL Q, LYU A, ZHANG J, et al. Biocontrol of *Aspergillus flavus* on peanut kernels using *Streptomyces yansingensis* 3-10 [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1-9.
- [5] CHEN Y J, KONG Q, LIANG Y. Three newly identified peptides from *Bacillus megaterium* strongly inhibit the growth and aflatoxin B-1 production of *Aspergillus flavus* [J]. Food Control, 2019, 95: 41-49.
- [6] GONG A D, DONG F Y, HU M J, et al. Antifungal activity of volatile emitted from *Enterobacter asburiae* Vt-7 against *Aspergillus flavus* and aflatoxins in peanuts during storage [J]. Food Control, 2019, 106: 1-9.
- [7] HUA S S T, BECK J J, SARREAL S B L, et al. The major volatile compound 2-phenylethanol from the biocontrol yeast, *Pichia anomala*, inhibits growth and expression of aflatoxin biosynthetic genes of *Aspergillus flavus* [J]. Mycotoxin Research, 2014, 30(2): 71-78.
- [8] REN X, ZHANG Q, ZHANG W, et al. Control of aflatoxigenic molds by antagonistic microorganisms; inhibitory behaviors, bioactive compounds, related mechanisms, and influencing factors [J]. Toxins, 2020, 12(1): 1-21.
- [9] BEDIAKO K A, OFORI K, OFFEI S K, et al. Aflatoxin contamination of groundnut (*Arachis hypogaea* L.): predisposing factors and management interventions [J]. Food Control, 2019, 98: 61-67.
- [10] SIAHMOSHTEH F, HAMIDI-ESFAHANI Z, SPADARO D, et al. Unraveling the mode of antifungal action of *Bacillus subtilis* and *Bacillus amyloliquefaciens* as potential biocontrol agents against aflatoxigenic *Aspergillus parasiticus* [J]. Food Control, 2018, 89: 300-307.
- [11] 杨晓娜. 黄曲霉生防细菌的筛选及其脂肽类抗菌物质鉴定 [D]. 南京: 南京农业大学, 2016.
YANG X N. Screening of *Aspergillus flavus* biocontrol bacteria and identification of lipopeptide antibacterial substances [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2016.
- [12] 刘丁. 萎缩芽孢杆菌 (*Bacillus atrophaeus*) 抑制黄曲霉的作用研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2013.
LIU D. *Bacillus atrophaeus* inhibits *Aspergillus flavus* [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2013.
- [13] 屈璐璐. 芽孢杆菌所产挥发性物质对黄曲霉的抑制

- 作用研究[D]. 长沙:中南林业科技大学, 2018.
- QU L L. Study on the inhibitory effect of volatile substances produced by *Bacillus* on *Aspergillus flavus*[D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2018.
- [14] SANGMANEE P, HONGPATTARAKERE T. Inhibitory of multiple antifungal components produced by *Lactobacillus plantarum* K35 on growth, aflatoxin production and ultrastructure alterations of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*[J]. Food Control, 2014, 40: 224 – 233.
- [15] ABDEL-KAREEM M M, RASMEY A M, ZOHRI A A. The action mechanism and biocontrol potentiality of novel isolates of *Saccharomyces cerevisiae* against the aflatoxigenic *Aspergillus flavus* [J]. Letters in Applied Microbiology, 2019, 68(2): 104 – 111.
- [16] TAYEL A A, EL-TRAS W F, MOUSSA S H, et al. Antifungal action of *Pichia anomala* against aflatoxigenic *Aspergillus flavus* and its application as a feed supplement[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2013, 93(13): 3259 – 3263.
- [17] YANG M, LU L, PANG J, et al. Biocontrol activity of volatile organic compounds from *Streptomyces alboflavus* TD-1 against *Aspergillus flavus* growth and aflatoxin production[J]. Journal of Microbiology, 2019, 57(5): 396 – 404.
- [18] YANG M, LU L, LI S, et al. Transcriptomic insights into benzenamine effects on the development, aflatoxin biosynthesis, and virulence of *Aspergillus flavus* [J]. Toxins, 2019, 11(2): 1 – 21.
- [19] 吕昂. 链霉菌 3-10 抗真菌代谢产物鉴定及防病潜力评估[D]. 武汉:华中农业大学, 2017.
- LÜ A. Identification of antifungal metabolites of *Streptomyces* 3-10 and evaluation of disease prevention potential [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2017.
- [20] 宫安东. 镰刀菌和黄曲霉菌生防菌的分离及拮抗机理研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2015.
- GONG A D. Isolation of biocontrol bacteria of *Fusarium* and *Aspergillus flavus* and their antagonistic mechanism [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2015.
- [21] 宫安东, 董飞燕, 吴楠楠, 等. 吡咯伯克霍尔德菌 WY6-5 产二甲基二硫对储藏期花生黄曲霉及毒素的抑制作用[J]. 中国农业科学, 2019, 52(17): 2972 – 2982.
- GONG A D, DONG F Y, WU N N, et al. Inhibitory effect of *Burkholderia pyrrolis* WY6-5 dimethyl disulfide on *Aspergillus flavus* and toxins during storage[J]. Chinese Journal of Agricultural Sciences, 2019, 52(17): 2972 – 2982.
- [22] SILVINA A Z M, GUSTAVO B G, NOEMÍ C S. Non-aflatoxigenic *Aspergillus flavus* as potential biocontrol agents to reduce aflatoxin contamination in peanuts harvested in Northern Argentina[J]. International Journal of Food Microbiology, 2016, 231: 63 – 68.
- [23] XU D, WANG H, ZHANG Y, et al. Inhibition of non-toxigenic *Aspergillus niger* FS10 isolated from Chinese fermented soybean on growth and aflatoxin B1 production by *Aspergillus flavus*[J]. Food Control, 2013, 32(2): 359 – 365.
- [24] DORNER J W, COLE R J. Effect of application of non-toxigenic strains of *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* on subsequent aflatoxin contamination of peanuts in storage[J]. Journal of Stored Products Research, 2002, 38(4): 329 – 339.
- [25] ALSHANNAQ A F, GIBBONS J G, LEE M K, et al. Controlling aflatoxin contamination and propagation of *Aspergillus flavus* by a soy-fermenting *Aspergillus oryzae* strain[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 1 – 14.
- [26] DENG J J, HUANG W Q, LI Z W, et al. Biocontrol activity of recombinant aspartic protease from *Trichoderma harzianum* against pathogenic fungi[J]. Enzyme and Microbial Technology, 2018, 112: 35 – 42.
- [27] AKOCAK 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.
- [28] 龚庆伟. 芽孢杆菌抗菌脂肽的分离纯化及 Bacillomycin D 抑制黄曲霉作用的研究[D]. 南京:南京农业大学, 2012.
- GONG Q W. Isolation and purification of antibacterial lipopeptides from *Bacillus* and Bacillomycin D in inhibiting aflatoxin[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2012.
- [29] 张学雯. 高效黄曲霉拮抗菌的筛选、抑菌机理、发酵工艺条件及应用研究[D]. 保定:河北农业大学, 2019.
- ZHANG X W. Screening of high-efficiency antagonistic bacteria of *Aspergillus flavus*, bacteriostatic mechanism, fermentation process conditions and application research [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2019.
- [30] GUIMARAES A, SANTIAGO A, TEIXEIRA J A, et al. Anti-aflatoxigenic effect of organic acids produced by *Lactobacillus plantarum* [J]. International Journal of Food Microbiology, 2018, 264: 31 – 38.

- [31] LAVERMICOCCA P, VALERIO F, EVIDENTE A, et al. Purification and characterization of novel antifungal compounds from the sourdough *Lactobacillus plantarum* strain 21B[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, 66(9): 4084–4090.
- [32] MUHIALDIN B J, HASSAN Z, ABU BAKAR F, et al. Identification of antifungal peptides produced by *Lactobacillus plantarum* IS10 grown in the MRS broth[J]. Food Control, 2016, 59: 27–30.
- [33] YANG E J, CHANG H C. Purification of a new antifungal compound produced by *Lactobacillus plantarum* AF1 isolated from kimchi[J]. International Journal of Food Microbiology, 2010, 139(1/2): 56–63.
- [34] ONO M, SAKUDA S, SUZUKI A, et al. Aflastatin A, a novel inhibitor of aflatoxin production by aflatoxigenic fungi[J]. Journal of Antibiotics, 1997, 50(2): 111–118.
- [35] YOSHINARI T, AKIYAMA T, NAKAMURA K, et al. Diocatin A is a strong inhibitor of aflatoxin production by *Aspergillus parasiticus* [J]. Microbiology, 2007, 153: 2774–2780.
- [36] LYU A, LIU H, CHE H, et al. Reveromycins A and B from *Streptomyces* sp 3-10: antifungal activity against plant pathogenic fungi *in vitro* and in a strawberry food model system[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 1–14.
- [37] EHRlich K C. Non-aflatoxigenic *Aspergillus flavus* to prevent aflatoxin contamination in crops: advantages and limitations[J]. Front Microbiol, 2014, 5: 1–9.
- [38] 李俊峰, 滕丽丽, 段效辉, 等. 一株黄曲霉拮抗菌的筛选、鉴定及特性研究[J]. 核农学报, 2019, 33(6): 1181–1189.
- LI J F, TENG L L, DUAN X H, et al. Screening, identification and characterization of an antagonistic antibacterial strain of *Aspergillus flavus* [J]. Journal of Nuclear Agriculture, 2019, 33(6): 1181–1189.
- [39] WANG C, WANG Z, QIAO X, et al. Antifungal activity of volatile organic compounds from *Streptomyces alboflavus* TD-1 [J]. Fems Microbiology Letters, 2013, 341(1): 45–51.
- [40] 刘春静, 王昌禄, 李凤娟, 等. 链霉菌 TD-1 代谢产物对饲料中污染霉菌的抑制作用及稳定性[J]. 北京工商大学学报(自然科学版), 2012, 30(4): 54–58.
- LIU C J, WANG C L, LI F J, et al. Inhibitory effect and stability of metabolites of *Streptomyces* TD-1 on contaminated mold in feed[J]. Journal of Beijing Technology and Business University (Natural Science Edition), 2012, 30(4): 54–58.
- [41] KIM S, LEE H, LEE S, et al. Invited review: microbe-mediated aflatoxin decontamination of dairy products and feeds[J]. Journal of Dairy Science, 2017, 100(2): 871–880.
- [42] WANG Y, ZHANG H Y, YAN H, et al. Effective biodegradation of aflatoxin B1 using the *Bacillus licheniformis* (BL010) strain[J]. Toxins, 2018, 10(12): 1–16.
- [43] SHU X, WANG Y T, ZHOU Q, et al. Biological degradation of aflatoxin B1 by cell-free extracts of *Bacillus velezensis* DY3108 with broad pH stability and excellent thermostability[J]. Toxins, 2018, 10(8): 1–15.
- [44] 关心. 黄曲霉毒素 B1 降解菌株的筛选鉴定、降解优化与特性研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2016.
- GUAN X. Screening and identification, degradation optimization and characteristics of aflatoxin B1 degrading strains[D]. Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2016.
- [45] GALARZA-SEEGER R, LATORRE J D, HERNANDEZ-VELASCO X, et al. Isolation, screening and identification of *Bacillus* spp. as direct-fed microbial candidates for aflatoxin B1 biodegradation[J]. Asian Pacific Journal of Tropical Medicine, 2015, 5(9): 702–706.
- [46] XU L, EISA AHMED M F, SANGARE L, et al. Novel aflatoxin-degrading enzyme from *Bacillus shackletonii* L7 [J]. Toxins, 2017, 9(1): 1–15.
- [47] LI J, HUANG J, JIN Y, et al. Mechanism and kinetics of degrading aflatoxin B1 by salt tolerant *Candida versatilis* CGMCC 3790[J]. Journal of Hazardous Materials, 2018, 359: 382–387.
- [48] SANGARE L, ZHAO Y, FOLLY Y, et al. Aflatoxin B1 degradation by a *Pseudomonas* strain[J]. Toxins, 2014, 6(10): 3028–3040.
- [49] SINGH J, MEHTA A. Protein-mediated degradation of aflatoxin B1 by *Pseudomonas putida*[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2019, 50(4): 1031–1039.
- [50] WANG L, WU J, LIU Z, et al. Aflatoxin B1 degradation and detoxification by *Escherichia coli* CG1061 isolated from chicken cecum[J]. Front Pharmacol, 2018, 9: 1–9.
- [51] WANG C Q, LI Z Y, WANG H, et al. Rapid biodegradation of aflatoxin B1 by metabolites of *Fusarium* sp WCQ3361 with broad working temperature range and excellent thermostability [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2017, 97(4): 1342–1348.
- [52] SHAO S, CAI J, DU X, et al. Biotransformation and detoxification of aflatoxin B1 by extracellular extract of

- Cladosporium uredinicola* [J]. Food Science and Biotechnology, 2016, 25(6): 1789–1794.
- [53] MARTINEZ M P, MAGNOLI A P, GONZALEZ P M L, et al. Probiotic bacteria and yeasts adsorb aflatoxin M1 in milk and degrade it to less toxic AFM1-metabolites [J]. Toxicon, 2019, 172: 1–7.
- [54] LI J, HUANG J, JIN Y, et al. Aflatoxin B1 degradation by salt tolerant *Tetragenococcus halophilus* CGMCC 3792 [J]. Food and Chemical Toxicology, 2018, 121: 430–436.
- [55] FARZANEH M, SHI Z Q, GHASSEMPOUR A, et al. Aflatoxin B1 degradation by *Bacillus subtilis* UTBSPI isolated from pistachio nuts of Iran [J]. Food Control, 2012, 23(1): 100–106.
- [56] GU X X, SUN J L, CUI Y Q, et al. Biological degradation of aflatoxin M-1 by *Bacillus pumilus* E-1-1-1 [J]. Microbiologyopen, 2019, 8(3): 1–7.
- [57] SOKOUTIFAR R, RAZAVILAR V, ANVAR A A, et al. Degraded aflatoxin M1 in artificially contaminated fermented milk using *Lactobacillus acidophilus* and *Lactobacillus plantarum* affected by some bio - physical factors [J]. Journal of Food Safety, 2018, 38(6): 1–12.

Research Progress on Inhibition Mechanism of Aflatoxins by Microorganisms

WANG Changlu^{1,2}, LIU Tong², LI Wangqiang², YANG Mingguan^{2,3}, LU Laifeng^{1,2},
LI Zhenjing^{1,2}, GUO Qingbin^{1,2}

(1. State Key Laboratory of Food Nutrition and Safety, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China; 2. School of Food Science and Engineering, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China; 3. School of Food Science and Engineering, Qilu University of Technology, Jinan 250353, China)

Abstract: Some of the *Aspergillus flavus* have caused serious pollution to agricultural products. Affected by related genes, *Aspergillus flavus* will produce a mycotoxin, aflatoxin, which poses major health threats to humans and animals. Aflatoxin contamination may occur in the field, storage or transportation. There are many strategies to prevent aflatoxin from entering the food chain, among which the use of biological method, e. g. microorganisms to control aflatoxins pollution has attracted rising attention from researchers and has been gradually adopted by farmers. It has been widely reported that microorganisms and their metabolites can effectively reduce the pollution of *Aspergillus flavus* and aflatoxins to food crops and products. Functional components are mainly metabolites of microorganisms, including polypeptides, small molecular organic compounds, organic acids, antibiotics and enzymes. Because of the great economic impact of aflatoxin pollution on crops and its toxicological effects on humans and animals, this problem has attracted great attention all over the world. In this paper, the types of microorganisms, including *Bacillus* spp., *Lactobacillus* spp., yeast, *Streptomyces* spp. and some marine microorganisms, and related functional components that have antagonistic effects on *Aspergillus flavus* and aflatoxins were all reviewed. Moreover, the mechanism of inhibition on aflatoxins and the degradation of aflatoxins were also summarized, aiming to provide reference basis for biological control of *Aspergillus flavus* and aflatoxins pollution.

Keywords: microorganisms; metabolites; *Aspergillus flavus*; aflatoxins; antagonistic