



王锋,马千娇,马路凯,等.展青霉素降解酶及其降解特性的研究进展[J].轻工学报,2026,41(3):19-27.
WANG F, MA Q J, MA L K, et al. Research progress on patulin-degrading enzymes and their degradation characteristics[J]. Journal of Light Industry, 2026, 41(3): 19-27. DOI: 10.12187/2026.03.003

展青霉素降解酶及其降解特性的研究进展

王锋,马千娇,马路凯,刘东杰,王琴

仲恺农业工程学院 轻工食品学院/农业农村部岭南特色食品绿色加工与智能制造重点实验室/
广东省岭南特色食品科学与技术重点实验室,广东 广州 510225

摘要: 鉴于展青霉素对人体具有极大危害性,其高效降解技术已成为食品安全领域关注的焦点之一,对展青霉素降解酶的种类、降解机理、降解效果的影响因素等研究进行综述。展青霉素降解酶主要包括脂肪酶、氧化还原酶、酯酶、醛缩酶、醛酮还原酶、转移酶等,不同降解酶表现出明显不同的降解特性。展青霉素降解酶的降解机理涵盖水解反应、氧化还原反应及间接氧化反应等其他反应,且降解效果受降解酶种类、酶解反应条件、降解酶的固定化等多种因素影响。目前,展青霉素降解酶的生物活性不高、降解机理不明等限制了展青霉素定向高效生物降解技术的应用和发展,未来研究将聚焦于展青霉素降解酶的活性中心位点定向改造、降解产物毒性数据库构建、降解机理深入探究等方面,以提升其在食品工业中的应用价值,为食品加工过程中真菌毒素的安全控制提供参考。

关键词: 展青霉素;降解酶;降解特性;降解机理;降解效果

中图分类号: TS207.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-1553(2026)03-0019-09

0 引言

展青霉素是一种由曲霉属、青霉属等真菌产生的有毒次生代谢产物,具有细胞、免疫、神经等多种毒性效应,在各种食品中常以不同水平检测到^[1-2],其高效降解对食品中真菌毒素防控具有重要意义。真菌毒素的降解方法包括生物降解法、化学降解法和物理降解法^[3]。相较于化学降解法和物理降解法,生物降解法借助降解酶的精准靶向优势,具有高效、快速、安全可控等特点,为真菌

毒素的安全防控提供了新的研究策略。酶是一类高效、可持续使用的生物催化剂,具有极强的特异性和催化活性,在食品污染物的生物降解中应用广泛^[4]。降解酶作为展青霉素生物降解法中的核心试剂,通过不同化学反应实现展青霉素的高效降解,而不同种类降解酶对展青霉素的降解效果和降解机理明显不同^[5]。本文拟就展青霉素降解酶的种类、降解机理及降解效果的影响因素进行综述,以期为食品中展青霉素高效降解技术的研发提供参考。

收稿日期:2025-07-31;修回日期:2025-10-17;出版日期:2026-06-15

基金项目:广东省重点领域研发计划项目(2025B0202120002);国家自然科学基金项目(32202175);“十四五”广东省农业科技创新十大主攻方向“揭榜挂帅”项目(2024KJ15);广东省现代农业产业共性关键技术研发创新团队建设项目(2024CXTD16);广东省重点建设学科科研能力提升项目(2022ZDJS021,2024ZDJS006)

作者简介:王锋(1991—),男,河南省驻马店市人,仲恺农业工程学院副教授,博士,主要研究方向为食品安全。E-mail: wangfeng_sp@163.com

通信作者:马路凯(1991—),男,河南省商丘市人,仲恺农业工程学院副教授,博士,主要研究方向为食品安全。E-mail: ml1991lk@163.com

1 展青霉素降解酶的种类

展青霉素降解酶包括脂肪酶、氧化还原酶、酯酶、醛缩酶、醛酮还原酶、转移酶等类别。不同展青霉素降解酶需要特定的酶解反应条件,且其降解率和降解产物存在较大差异,这体现了降解酶的多样性及降解过程的复杂性。展青霉素中半缩醛和内酯环结构对其毒性作用影响较大,经降解酶降解后,其降解产物(Hydroascladiol、*E*-ascladiol、*E/Z*-ascladiol、Ascladiol、脱氧展青霉素酸等)的毒性较低或无明显毒性作用^[6-9]。表1概括了展青霉素降解酶的种类及其降解特性。

1.1 脂肪酶

脂肪酶是一类能够催化酯类化合物水解反应

的酶,特定脂肪酶可催化展青霉素发生内酯开环反应,从而发挥其降解作用^[26]。不同脂肪酶在实际应用中对照展青霉素的降解效果和适用性呈现多样性。研究^[10]表明,经罗尔斯通氏菌 SL312 脂肪酶处理后,展青霉素的内酯键和环氧结构发生变化,其降解产物对人胚肾细胞、人源肝细胞和人结肠癌细胞的毒性明显减弱,细胞存活率分别提高到 70%、90% 和 70%;在苹果汁体系中,经该脂肪酶处理 24 h 后,可去除 85% 以上的展青霉素。猪胰脂肪酶能通过催化水解反应降解展青霉素,其对梨汁体系中低质量浓度 (0.125 mg/L) 展青霉素的降解率高达 93.4%,且展青霉素降解产物对 Caco-2 细胞的毒性作用显著低于展青霉素^[27]。酶固定化技术可有效提高脂肪酶的催化连续性和重复利用效率^[28],例

表 1 展青霉素降解酶的种类及其降解特性
Table 1 Types and degradation characteristics of patulin-degradation enzymes

种类	名称	酶解反应条件	降解率/%	降解产物	文献
脂肪酶	罗尔斯通氏菌 SL312 (<i>Ralstonia sp.</i> SL312) 脂肪酶	37 °C、pH 值 7.5	85	一种相对分子质量为 158 的未知物质	[10]
	黑曲霉 (<i>Aspergillus niger</i>) 脂肪酶 A	45 °C、pH 值 3.87	76.3	Hydroascladiol	[11]
	爪哇毛霉 (<i>Mucor javanicus</i>) 脂肪酶 M	45 °C、pH 值 3.87	68.2	Hydroascladiol	[11]
氧化还原酶	酿酒酵母 (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) 氧化还原酶 FRMSR	37 °C、pH 值 7.0	88.16	—	[12]
	季也蒙假丝酵母 (<i>Candida guilliermondii</i>) 短链脱氢还原酶 CgSDR	45 °C、pH 值 7.0	80	<i>E</i> -ascladiol	[13]
	阴沟肠杆菌 (<i>Enterobacter cloacae subsp. dissolvens</i>) 核糖核苷二磷酸还原酶亚基 A	30 °C、pH 值 6.0	68	<i>E</i> -ascladiol	[14]
	枯草芽孢杆菌 (<i>Bacillus subtilis</i>) 短链脱氢还原酶 BsSDR	40 °C、pH 值 8.0	83.61	<i>E</i> -ascladiol	[15]
	费比恩塞伯林德纳氏酵母 (<i>Cyberlindnera fabianii</i>) 短链脱氢还原酶 Cyfa-SDR	80 °C、pH 值 7.0	98	<i>E/Z</i> -ascladiol	[16]
	季也蒙迈耶氏酵母 (<i>Meyerozyma guilliermondii</i>) 短链脱氢还原酶 MgSDR	20 °C	100	Ascladiol	[17]
	氧化葡萄糖杆菌 GOX0525 (<i>Gluconobacter oxydans</i> GOX0525) 短链脱氢还原酶	30 °C、pH 值 6.0	100	<i>E</i> -ascladiol	[18]
	氧化葡萄糖杆菌 GOX1899 短链脱氢还原酶	30 °C、pH 值 5.5	100	<i>E</i> -ascladiol	[18]
	季也蒙迈耶氏酵母短链脱氢还原酶 MgSDR1	20 °C、pH 值 6.0	100	<i>E</i> -ascladiol	[19]
	可可链疫孢荚腐病菌 (<i>Moniliophthora roreri</i>) 重组锰过氧化物酶	30 °C、pH 值 5.0	95	Hydroascladiol	[20]
酯酶	猪肝酯酶	25 °C、pH 值 3.87	97.8	脱氧展青霉素酸、Hydroascladiol	[21]
醛缩酶	马克斯克鲁维酵母 YG-4 (<i>Kluyveromyces marxianus</i> YG-4) 耐热醛缩酶 PATY	35 °C、pH 值 8.0	97.76	脱氧展青霉素酸	[22]
醛酮还原酶	醛酮还原酶	16 °C、pH 值 6.0	97	Ascladiol	[23]
转移酶	卡利比克毕赤酵母 (<i>Pichia caribbica</i>) S-腺苷甲硫氨酸 (S-Met) 依赖性甲基转移酶	28 °C	90.7	一种相对分子质量为 167 的未知物质	[24]
	胶红酵母 (<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>) 乳清酸磷酸核糖基转移酶	25 °C、pH 值 3.67	80	—	[25]

注:—表示文献未检测。

如,经 CaCO_3 ^[29-30]、磁性核壳金属有机骨架材料^[31]、气凝胶^[32]等固定化后的猪胰脂肪酶不仅保留了较高的生物活性,还展现出更优的降解效果和稳定性。

1.2 氧化还原酶

氧化还原酶通过氧化还原反应改变展青霉素的分子结构,导致其化学键断裂并转化为低毒产物。酿酒酵母在展青霉素胁迫下能够发生代谢反应,通过激活活性蛋白维持细胞生物活性^[33]。有研究^[12]表明,来源于酿酒酵母的氧化还原酶 FRMSR 在中性和酸性条件下均能高效降解展青霉素,在 pH 值为 7.0 的 PBS 缓冲液体系中,700 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 氧化还原酶 FRMSR 在 15 h 内对展青霉素的降解率达 100%;在苹果汁体系中,60 h 内对展青霉素的降解率达 88.16%。除了酿酒酵母来源的氧化还原酶,其他微生物来源的氧化还原酶也在展青霉素降解过程中发挥着重要作用。例如,来源于阴沟肠杆菌的核糖核苷二磷酸还原酶亚基 A 能降解展青霉素,含有该还原酶亚基 A 的阴沟肠杆菌胞内蛋白提取物在 12 h 内对 50 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 展青霉素的降解率达 68%^[14]。短链脱氢还原酶在展青霉素降解中同样表现突出,但其高效性往往与特定辅助因子的参与密切相关^[34]。例如,从季也蒙假丝酵母中克隆的短链脱氢还原酶 CgSDR 可在大肠杆菌中实现外源表达,对展青霉素的降解率可达 80%^[13]。来源于费比恩塞伯林德纳氏酵母的短链脱氢还原酶 Cyfa-SDR 在 12 h 内对 50 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 展青霉素的降解率超过 98%^[16]。来源于季也蒙迈耶氏酵母的短链脱氢还原酶 MgSDR 以还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸(NADPH)为辅因子发挥降解作用,在 2 h 内可快速降解 10 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 的展青霉素^[17]。来源于氧化葡萄糖杆菌 GOX0525 和 GOX1899 的短链脱氢还原酶均为 NADPH 依赖型还原酶,展现出较高的展青霉素降解能力^[18]。此外,过氧化物酶作为一种特殊的氧化还原酶,同样能实现展青霉素的生物降解^[35-36]。例如,来源于可可链疫孢荚腐病菌的重组锰过氧化物酶,在丙二酸盐缓冲液、 Mn^{2+} 和 H_2O_2 条件下,30 $^\circ\text{C}$ 、5 h 可完全降解 5 mg/L 的展青霉素;在苹果汁体系中,24 h 内对展青霉素的降解率达 95%;但在乙酸、

草酸、柠檬酸、乳酸、磷酸盐等其他缓冲液中,对展青霉素的降解率均显著降低^[20]。除重组氧化还原酶以外,植物来源的氧化还原酶也具有降解展青霉素的功能。例如,苹果中含有的过氧化物酶、多酚氧化酶等对展青霉素的降解率可达 40%~60%^[37-38]。

1.3 酯酶

酯酶能够识别展青霉素分子中的内酯环结构,通过水解酯键将其转化为低毒或无毒产物。猪肝酯酶作为常用的酯酶之一,对展青霉素的降解率高达 97.8%,且经固定化后其稳定性和酶解效果均有所提高^[11,21]。此外,微生物酯酶也是展青霉素降解酶的潜在来源,新型微生物酯酶的挖掘对于展青霉素的生物降解具有重要意义^[39]。

1.4 醛缩酶

醛缩酶通过破坏内酯环结构实现对展青霉素的降解。研究^[22]表明,来源于马克斯克鲁维酵母 YG-4 的耐热醛缩酶 PATY 通过催化 His19、Arg22、Tyr57、Lys60、His61 等关键氨基酸与展青霉素形成氢键,使展青霉素的内酯环断裂并发生脱羟基和互变异构,并将其降解为无细胞毒性的脱氧展青霉素;在苹果汁体系中,该醛缩酶 24 h 内对展青霉素的降解率达 97.76%;此外,该醛缩酶对黄曲霉素 B₁、玉米赤霉烯酮等其他真菌毒素也具有一定的降解作用。

1.5 醛酮还原酶

醛酮还原酶通过识别并结合展青霉素的酮羰基,将其催化还原为低活性醇羟基,以破坏展青霉素的毒性结构^[40]。醛酮还原酶对展青霉素的降解效果,不仅与其对酮羰基的靶向催化机制相关,还依赖于辅助因子及活性位点氨基酸残基的协同作用。有研究^[23]显示,醛酮还原酶以 NADPH 为辅因子,通过其活性位点的关键氨基酸残基 Lys242 和 Leu240 与展青霉素形成氢键,进而将展青霉素转化为无毒的 Ascladiol;在鲜梨汁体系中,醛酮还原酶 4 h 内对 5 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 展青霉素的降解率达 88%以上。

1.6 转移酶

转移酶通过转移展青霉素的糖基、酰基等特定基团改变其化学结构,进而实现降解。在催化反应中,由卡利比克毕赤酵母 *PcCRG1* 基因编码的 S-Met

依赖性甲基转移酶以 S-Met 作为必需辅因子,通过其催化结构域的特异性作用介导甲基转移,将 S-Met 中的甲基转移至展青霉素特定位点,生成低毒性的甲基化产物;在体外反应体系中,50 μg 异源表达的纯 S-Met 依赖性甲基转移酶与 20 $\mu\text{mol/L}$ S-Met 协同作用,12 h 内即可显著降解 360 μg 展青霉素,72 h 内可完全降解 20 mg/L 展青霉素,表现出高效的靶向降解能力^[24]。此外,部分转移酶可在无外源辅因子参与的情况下完成对展青霉素的转化。例如,在苹果汁体系中,来源于胶红酵母的乳清酸磷酸核糖基转移酶无需额外辅因子即可直接作用于展青霉素,在 18 h 内对 1 mg/L 展青霉素的降解率达 80%以上,且苹果汁的主要品质指标未发生显著变化^[25]。

2 展青霉素降解酶的降解机理

2.1 水解反应

氧化还原酶、脂肪酶等均能通过水解反应降解展青霉素。其中,脂肪酶通过催化展青霉素分子中酯键水解,破坏其内酯结构,导致其结构改变及毒性降低。例如,罗尔斯通氏菌 SL312 产生的脂肪酶 RL12 能够有效水解展青霉素分子中的酯键^[10]。此外,猪肝酯酶可水解展青霉素的内酯环,生成降解产物脱氧展青霉酸,表明猪肝酯酶能通过水解内酯环使 C—O 键断裂,生成含羧基的开环产物;辣根过氧化物酶则在 H_2O_2 存在下生成羟基自由基,并通过氧化水解反应降解展青霉素的半缩醛结构,同样生成降解产物脱氧展青霉酸^[11]。因此,不同类型降解酶在展青霉素的降解过程中虽均涉及水解反应,但其作用机制存在明显差异。脂肪酶和酯酶主要针对展青霉素的酯键或内酯环结构进行靶向水解,而辣根过氧化物酶则需借助 H_2O_2 介导的氧化水解反应破坏其半缩醛结构,通过改变展青霉素的关键结构降低其毒性^[41]。这种酶解机理的多样性不仅为展青霉素降解策略的开发提供了多元思路,还为实际应用中需根据具体场景选择合适酶制剂以提升展青霉素的降解效果提供了参考。

2.2 氧化还原反应

在降解酶催化降解展青霉素的过程中,氧化还

原反应起着关键作用,其主要通过断裂内酯键、半缩醛键等特定化学键来改变展青霉素的结构,从而降低或消除其毒性。在氧化还原酶和水分子的共同作用下,展青霉素的碳碳双键、环氧键等结构均会发生断裂,氢原子和羟基分别加成到断裂的化学键两端,进而将展青霉素转化为产物 Ascladiol^[30-31]。从季也蒙假丝酵母中克隆的短链脱氢还原酶 CgSDR 通过氧化还原反应催化展青霉素的半缩醛结构水解,同时伴随加氢过程,最终生成 *E*-ascladiol^[13]。而其他降解酶的作用靶点各有侧重。在氧化还原反应过程中,降解酶对展青霉素的降解效果往往与展青霉素毒性构效基础中不饱和结构单元的特异性修饰有关。例如,来自阴沟肠杆菌的核糖核苷二磷酸还原酶亚基 A 通过氧化还原反应催化展青霉素毒性结构转化,具体表现为还原其不饱和内酯环,并伴随电子转移及加氢过程,最终生成低毒性的 *E*-ascladiol^[14]。此外,在短链脱氢还原酶 MgSDR 和 NADPH 辅因子的作用下,展青霉素中的不饱和键被还原,生成结构更稳定且无毒的 Ascladiol^[17]。因此,氧化还原介导的电子转移与加氢修饰可以破坏与展青霉素毒性相关的活性构象,并将其转化为低毒产物,这揭示了酶解反应对展青霉素毒性结构的精准靶向性,为降解酶的筛选与应用提供了基于构效关系的理论依据。

2.3 其他反应

除了水解反应和氧化还原反应,展青霉素的降解机理还涉及一些其他反应类型^[42]。锰过氧化物酶可通过间接氧化反应降解展青霉素,表现为展青霉素的半缩醛环和内酯环结构发生变化,主要降解产物为 Hydroascladiol^[43]。因此,不同降解酶介导的降解体系反映了生物体系对展青霉素解毒的适应性,这为高效、靶向的酶解应用体系构建提供了基于结构-功能关联的理论支撑。

3 展青霉素降解效果的影响因素

3.1 降解酶种类

不同种类降解酶对展青霉素的降解能力和效果有很大差异,降解酶的来源、纯度等也会极大影响降解效果^[44]。研究显示,来源于罗尔斯通氏菌

SL312 的脂肪酶能够针对展青霉素中的四氢吡喃环和不饱和内酯环进行开环反应,降解率高达 90%^[10];猪肝酯酶在苹果汁体系中降解展青霉素的能力尤为突出,45 °C 条件下反应 36 h 的降解率高达 96.8%,而辣根过氧化物酶、黑曲霉脂肪酶 A 和爪哇毛霉脂肪酶 M 的降解效果相对较弱,降解率分别为 53.2%、76.3% 和 68.2%^[11]。不同种类降解酶对展青霉素的降解机制也明显不同,猪肝酯酶和辣根过氧化物酶对展青霉素的降解可能涉及内酯键的水解,而黑曲霉脂肪酶 A 和爪哇毛霉脂肪酶 M 的降解反应与展青霉素的半缩醛结构变化有关^[11,35,45-46]。因此,不同种类降解酶对展青霉素的降解效果与其结构特征及作用机制密切相关。降解率高的酶类能够精准靶向展青霉素的关键毒性结构,通过特异性开环或水解反应实现高效降解;而降解率相对较低的酶类可能因作用靶点局限或反应条件适应性较弱,导致降解效果受限。尽管上文所述降解酶均能实现降解展青霉素的目的,但不同降解酶与展青霉素分子结合的特定区域不同,也导致其对展青霉素的降解效果存在差异。这些差异不仅反映了降解酶与展青霉素之间结构适配性对降解效果的决定性作用,也为实际应用中根据场景需求筛选最优降解酶制剂及优化改造降解酶分子提供了参考。

3.2 酶解反应条件

展青霉素降解需要酶解温度、pH 值、辅因子、酶解时间等^[47]反应条件调控降解酶活性。酶解温度作为影响降解酶活性的关键要素,对不同降解酶降解展青霉素的能力具有重要影响。过高或过低的酶解温度均可能降低酶活性,进而影响对展青霉素的降解效果。例如,醛酮还原酶在 4~45 °C 范围内对展青霉素的降解率维持在 70% 以上,且在 37 °C 时的降解率高达 100%^[48]。pH 值可影响降解酶的结构稳定性、分子状态及展青霉素的解离状态等,进而极大影响其酶解效果。不同降解酶对 pH 值的适应范围存在明显差异,例如,短链脱氢还原酶 CgSDR 在 pH 值 6~7 时降解率约为 100%,而在较低 pH 值(3~4)时对展青霉素的降解率保持在 60% 以上^[13]。从酿酒酵母克隆的氧化还原酶 FRMSR 则展现出更大的 pH 值适应范围,在中性与酸性环境

下均能高效降解展青霉素,如在中性缓冲液中反应 15 h 的降解率可达 100%,在 pH 值 3.9 的酸性苹果汁体系中反应 60 h 的降解率为 87.95%^[12]。除酶解温度和 pH 值以外,在展青霉素降解过程中,部分降解酶的酶解反应还需要 NADPH 等辅因子的参与。NADPH 作为短链脱氢还原酶的必需辅酶,通过结合活性位点激活其催化活性;同时,NADPH 的烟酰胺环释放的氢离子和电子转移至展青霉素,促使其发生还原反应并破坏其内酯环结构,最终生成低毒或无毒产物。随着酶解反应的持续进行,适当延长酶解时间可显著提高展青霉素的降解效果^[49-53]。此外,不同酶解反应条件通过多种途径影响展青霉素的酶解反应:酶解温度与 pH 值通过调控酶的空间构象与催化活性中心状态,构成了酶解反应的基础条件;辅因子通过电子传递等方式直接驱动催化反应;而酶解时间的累积效应则为展青霉素充分转化提供了保障。这些酶解反应条件的差异化需求,不仅反映了不同来源降解酶的适应特性,而且为靶向优化降解体系提供了精细化的理论依据,有助于推动酶促降解技术在展青霉素降解实践中的高效应用。

3.3 降解酶的固定化

降解酶的稳定性与生物活性是影响展青霉素降解效果的核心制约因素,而对其进行固定化则是改善上述特性的常用有效手段^[54-55]。CaCO₃ 已成功用于猪胰脂肪酶的固定化,所得固定化酶可在 40 °C、18 h 条件下高效降解 1 mg/L 的展青霉素^[30]。同样地,以海藻酸钙为载体固定铜绿假单胞菌 TF-06 胞内酶后,对展青霉素的降解率可达 95%^[56]。此外,磁性纳米纤维素、磁性纳米材料、金属-有机框架材料等新型载体也被广泛应用于展青霉素降解酶的固定化研究^[57-59]。例如,将猪肝酯酶固定于纤维素基磁性纳米材料后,对展青霉素的降解率超过 80%,且经过 8 次重复使用后仍能保持约 50% 的酶活性^[21]。将短链脱氢酶与多巴胺-聚乙烯亚胺共沉积的磁性 Fe₃O₄ 颗粒进行共价偶联制备的固定化制剂,在磷酸盐缓冲液中对展青霉素的降解率可达 100%,在苹果汁体系中也能保持 80% 以上的降解率^[60]。因此,降解酶的固定化技术能在降低应用成

本的同时显著提升降解酶的降解效果,实现降解酶的重复利用,为展青霉素降解的工业化应用提供了可行路径。

4 总结与展望

本文梳理了展青霉素降解酶的种类,基于不同降解酶的作用机理,进一步综述了降解酶的种类、酶解反应条件及降解酶的固定化对展青霉素降解效果的影响。展青霉素降解酶包括脂肪酶、氧化还原酶、酯酶、醛缩酶、醛酮还原酶等类别,主要通过水解反应、氧化还原反应及间接氧化反应等其他反应实现对展青霉素的高效降解,涉及展青霉素分子中的酯键水解、碳碳双键和环氧键断裂、半缩醛环和内酯环破坏等降解机理,酶促降解效果受降解酶种类、酶解温度、pH值、固定化方式等因素的影响。目前,展青霉素降解酶的研究仍面临酶活性有限、降解产物毒性作用研究不完善等问题。未来可通过蛋白质工程手段探究展青霉素降解酶的活性中心位点,以人工智能虚拟筛选和定向进化技术对活性中心位点氨基酸进行改造,如耐热醛缩酶 PATY 的 His19、Arg22、Tyr57、Lys60、His61 等活性位点、短链脱氢酶的 Lys242、Leu240 等活性位点;还可将人工智能技术与传统毒理学评价相结合,构建展青霉素降解产物毒性数据库,实现降解产物高效、精准的毒性评估。

参考文献:

- [1] IOI J D, ZHOU T, TSAO R, et al. Mitigation of patulin in fresh and processed foods and beverages [J]. *Toxins*, 2017, 9(5): 157.
- [2] PUEL O, GALTIER P, OSWALD I P. Biosynthesis and toxicological effects of patulin [J]. *Toxins*, 2010, 2(4): 613-631.
- [3] LI N, CUI R, ZHANG F, et al. Current situation and future challenges of patulin reduction: A review [J]. *Food Control*, 2022, 138: 108996.
- [4] SHI Y, OUYANG B B, ZHANG Y L, et al. Recent developments of mycotoxin-degrading enzymes: Identification, preparation and application [J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2024, 64(27): 10089-10104.
- [5] 李博强, 陈勇, 邢孟阳, 等. 食品中展青霉素的产生机制及污染防控策略 [J]. *食品科学技术学报*, 2023, 41(4): 16-25.
- [6] LI B Q, CHEN Y, XING M Y, et al. Production mechanisms and control strategies of patulin in food [J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2023, 41(4): 16-25.
- [7] MCCORMICK S P. Microbial detoxification of mycotoxins [J]. *Journal of Chemical Ecology*, 2013, 39(7): 907-918.
- [8] MOSS M O, LONG M T. Fate of patulin in the presence of the yeast *Saccharomyces cerevisiae* [J]. *Food Additives & Contaminants*, 2002, 19(4): 387-399.
- [9] HAWAR S, VEVEERS W, KARIEB S, et al. Biotransformation of patulin to hydroascladiol by *Lactobacillus plantarum* [J]. *Food Control*, 2013, 34(2): 502-508.
- [10] ZHU R Y, FEUSSNER K, WU T, et al. Detoxification of mycotoxin patulin by the yeast *Rhodospiridium paludigenum* [J]. *Food Chemistry*, 2015, 179: 1-5.
- [11] 何倩. *Ralstonia* sp. SL312 脂肪酶降解展青霉素方法研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- [12] HE Q. Studying on the enzymatic degradation of patulin by lipase from *Ralstonia* sp. SL312 [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [13] 刘晓爽. 苹果汁中展青霉素降解酶的筛选评价及固定化 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2024.
- [14] LIU X S. Screening, evaluation and immobilization of enzyme for the degradation of patulin in apple juice [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2024.
- [15] YANG C, HU C, HUANG L X, et al. Mechanism of patulin biodegradation by a reductase from *Saccharomyces cerevisiae* and its potential application to apple juice [J]. *Food Research International*, 2025, 206: 116066.
- [16] XING M Y, CHEN Y, LI B Q, et al. Characterization of a short-chain dehydrogenase/reductase and its function in patulin biodegradation in apple juice [J]. *Food Chemistry*, 2021, 348: 129046.
- [17] XING M Y, LI B Q, CHEN Y, et al. Ribonucleoside diphosphate reductase plays an important role in patulin degradation by *Enterobacter cloacae* subsp. *dissolvens* [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2020, 68(18): 5232-5240.
- [18] NIU J F, MA B, SHEN J, et al. Enzymatic degradation of mycotoxin patulin by a short-chain dehydrogenase/reductase from *Bacillus subtilis* and its application in apple juice [J]. *Food Microbiology*, 2025, 126: 104676.
- [19] SONG C Y, XU W, GUANG C E, et al. Identification and application of a novel patulin degrading enzyme from *Cyberlindnera fabianii* [J]. *Food Research International*, 2024, 192: 114846.
- [20] ZHANG Y, ZHAO Q H, GODANA E A, et al. Mechanism of patulin detoxification by *Meyerozyma guilliermondii*: Integrating physiological analysis with a short-chain dehydrogenase/reductase study [J]. *International Journal*

- of Biological Macromolecules, 2025, 310:143290.
- [18] CHAN E T S, ZHU Y, LI X Z, et al. Characterization of two dehydrogenases from *Gluconobacter oxydans* involved in the transformation of patulin to ascladiol [J]. Toxins, 2022, 14(7):423.
- [19] ZHANG Y, ZHAO Q H, DHANASEKARAN S, et al. Identification and application of a novel patulin degrading enzyme from *Meyerozyma guilliermondii* [J]. Advanced Science, 2025, 12(25):2501146.
- [20] WANG S, WANG X L, PENTTINEN L, et al. Patulin detoxification by recombinant manganese peroxidase from *Moniliophthora roreri* expressed by *Pichia pastoris* [J]. Toxins, 2022, 14(7):440.
- [21] LIU X S, GAO L L, LI S Q, et al. Cellulose-based magnetic nanomaterials immobilized esterases as a reusable and effective detoxification agent for patulin in apple juice [J]. Food Control, 2024, 160:110381.
- [22] NING M G, GUO Q, GUO P, et al. Characterization, mechanism, and application of aldolase: A Patulin-degrading enzyme from *Kluyveromyces Marxianus* YG-4 [J]. Food Bioscience, 2025, 67:106345.
- [23] ZHANG Y, ZHAO Q H, NGOLONG NGEA G L, et al. Biodegradation of patulin in fresh pear juice by an aldo-keto reductase from *Meyerozyma guilliermondii* [J]. Food Chemistry, 2024, 436:137696.
- [24] WANG K L, ZHENG X F, YANG Q Y, et al. S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase helps *Pichia caribbica* degrade patulin [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(42):11758-11768.
- [25] TANG H, LI X H, ZHANG F, et al. Biodegradation of the mycotoxin patulin in apple juice by Orotate phosphoribosyltransferase from *Rhodotorula mucilaginosa* [J]. Food Control, 2019, 100:158-164.
- [26] CHEN Y, PENG H M, WANG X, et al. Biodegradation mechanisms of patulin in *Candida guilliermondii*: An iTRAQ-based proteomic analysis [J]. Toxins, 2017, 9(2):48.
- [27] XIAO Y J, LIU B J, WANG Z J, et al. Effective degradation of the mycotoxin patulin in pear juice by porcine pancreatic lipase [J]. Food and Chemical Toxicology, 2019, 133:110769.
- [28] CUI X S, SUN Y M, SONG C C, et al. Removal of mycotoxins in food by emerging porous materials: Advances, mechanisms and prospects [J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2025, 24(3):e70182.
- [29] LI X H, PENG X N, WANG Q R, et al. Effective detoxification of patulin from aqueous solutions by immobilized porcine pancreatic lipase [J]. Food Control, 2017, 78:48-56.
- [30] TANG H, PENG X N, LI X H, et al. Biodegradation of mycotoxin patulin in apple juice by calcium carbonate immobilized porcine pancreatic lipase [J]. Food Control, 2018, 88:69-74.
- [31] XU J F, CAO P K, FAN Z Y, et al. Rapid screening of lipase inhibitors in *Scutellaria baicalensis* by using porcine pancreatic lipase immobilized on magnetic core-shell metal-organic frameworks [J]. Molecules, 2022, 27(11):3475.
- [32] YAN X H, DONG X R, ZHAO Q N, et al. Continuous flow removal of patulin by cysteine and porcine pancreatic lipase-modified hierarchical mesoporous zirconium metal-organic framework aerogel for apple juice treatment [J]. Chemical Engineering Journal, 2023, 475:146472.
- [33] 李闯. 酿酒酵母对展青霉素胁迫的代谢应答机制研究 [D]. 武汉:华中农业大学, 2020.
- LI M. Study on metabolic response mechanism of *Saccharomyces cerevisiae* to patulin stress [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2020.
- [34] DAI L, LI H, HUANG J W, et al. Structure-based rational design of a short-chain dehydrogenase/reductase for improving activity toward mycotoxin patulin [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022, 222:421-428.
- [35] DIAO E J, HOU H X, HU W C, et al. Removing and detoxifying methods of patulin: A review [J]. Trends in Food Science & Technology, 2018, 81:139-145.
- [36] PAN C Q, WEI C Z, WANG X, et al. Patulin-degrading enzymes sources, structures, and mechanisms: A review [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2025, 291:139148.
- [37] 杨其亚. 胶红酵母控制苹果展青霉素及降解的应答调控机制 [D]. 镇江:江苏大学, 2017.
- YANG Q Y. Control of patulin in apples by *Rhodotorula mucilaginosa* and its response and regulation mechanisms of degradation of patulin [D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2017.
- [38] WANG K L, ZHENG X F, ZHANG X Y, et al. Comparative transcriptomic analysis of the interaction between *Penicillium expansum* and apple fruit (*Malus pumila* Mill.) during early stages of infection [J]. Microorganisms, 2019, 7(11):495.
- [39] 刘喆, 李家霖, 白利平. 微生物酯酶研究进展 [J]. 微生物学报, 2023, 63(2):451-464.
- LIU Z, LI J L, BAI L P. Research advances in microbial esterases [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2023, 63(2):451-464.
- [40] ABRAHAM N, SCHROETER K L, ZHU Y, et al. Structure-function characterization of an aldo-keto reductase involved in detoxification of the mycotoxin, deoxynivalenol [J]. Scientific Reports, 2022, 12:14737.

- [41] LIU X S, WANG L R, WANG S Q, et al. Detoxification of patulin in apple juice by enzymes and evaluation of its degradation products[J]. *Food Control*, 2023, 145:109518.
- [42] 郑香峰, 陈夕飞, 孙琰, 等. 降解展青霉素的乳酸菌的筛选鉴定及其降解特性研究[J]. *食品工业科技*, 2020, 41(18):87-92.
ZHENG X F, CHEN X F, SUN Y, et al. Screening and identification of lactic acid bacteria degrading patulin and its degrading characteristics[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2020, 41(18):87-92.
- [43] 王帅. 过氧化物酶定向降解食品和饲料中重要真菌毒素研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2024.
WANG S. Targeted degradation of important mycotoxins in foods and feeds by peroxidases [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2024.
- [44] 王利平, 王丽霞, 刘保友, 等. 苹果及其制品中展青霉素研究进展[J]. *落叶果树*, 2022, 54(3):39-43.
WANG L P, WANG L X, LIU B Y, et al. Research progress on patulin in apple and its products [J]. *Deciduous Fruits*, 2022, 54(3):39-43.
- [45] 李朋辉. 猪 PLE1 的功能性表达及其启动子的克隆和分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2014.
LI P H. Functional expression, promoter cloning and analysis of pig liver esterase 1 [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2014.
- [46] 杨路. 猪肝羧酸酯酶主要亚型功能性表达及其酶活性比较研究[D]. 武汉: 华中农业大学 2016.
YANG L. Functional expression of major isoenzymes of pig liver esterase and comparison studies of their enzyme [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2016.
- [47] 成军虎, 温馨, 孔繁津, 等. 等离子体多尺度氧化对展青霉素降解的影响[J]. *河南工业大学学报(自然科学版)*, 2022, 43(3):1-9, 34.
CHENG J H, WEN X, KONG F J, et al. Effect of multi-scale plasma oxidation on the degradation of patulin[J]. *Journal of Henan University of Technology (Natural Science Edition)*, 2022, 43(3):1-9, 34.
- [48] YANG C, HUANG L X, HU C, et al. Identification and characterization of aldo-keto reductase responsible for patulin degradation in *Saccharomyces cerevisiae* [J]. *Food Chemistry*, 2025, 478:143706.
- [49] YANG C, ZHANG Z, PENG B Z. New insights into searching patulin degrading enzymes in *Saccharomyces cerevisiae* through proteomic and molecular docking analysis [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 463:132806.
- [50] 万越. 共生细菌协同 NADPH 氧化酶基因表达对黑腹果蝇解毒代谢的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2024.
WANG Y. The effect of symbiotic bacteria cooperating with NADPH oxidase gene expression on detoxification metabolism of *Drosophila melanogaster* [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2024.
- [51] NIU J F, ZHU H, SHEN J, et al. Identification and application of novel patulin-degrading enzymes from *Bacillus subtilis* 168[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2024, 72(46):25801-25810.
- [52] WANG H, LIANG X, CHEN X, et al. Identification, characterization, and application of a novel highly efficient thermostable patulin-degrading enzyme from *Acetomicrobium hydrogeniformans* [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2025, 73(24):15307-15320.
- [53] 于美贞. 水果及其制品中展青霉素的调查分析及食品安全影响因素的研究[D]. 济南: 山东大学, 2023.
YU M Z. Investigation and analysis of patulin in fruit and its products and research on influencing factors of food safety [D]. Jinan: Shandong University, 2023.
- [54] 张欣欣, 王威浩, 邓丽莉, 等. 水果及其制品中展青霉素的研究进展[J]. *食品工业科技*, 2017, 38(11):379-384.
ZHANG X Y, WANG W H, DENG L L, et al. Research progress in patulin of fruits and its products [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2017, 38(11):379-384.
- [55] JOTHYSWARUPHA K A, VENKATARAMAN S, RAJENDRAN D S, et al. Immobilized enzymes: Exploring its potential in food industry applications [J]. *Food Science and Biotechnology*, 2025, 34(7):1533-1555.
- [56] XING M Y, CHEN Y, LI B Q, et al. Highly efficient removal of patulin using immobilized enzymes of *Pseudomonas aeruginosa* TF-06 entrapped in calcium alginate beads[J]. *Food Chemistry*, 2022, 377:131973.
- [57] GE N, XU J J, LI F L, et al. Immobilization of inactivated microbial cells on magnetic Fe₃O₄@CTS nanoparticles for constructing a new biosorbent for removal of patulin in fruit juice[J]. *Food Control*, 2017, 82:83-90.
- [58] YAN X H, CHEN K, JIA H, et al. Infiltration of porcine pancreatic lipase into magnetic hierarchical mesoporous UiO-66-NH₂ metal-organic frameworks for efficient detoxification of patulin from apple juice [J]. *Food Chemistry*, 2024, 431:137172.
- [59] 闫小孩. 基于功能化金属有机框架(MOF)的苹果汁中展青霉素检测与脱毒研究[D]. 杨陵: 西北农林科技大学, 2024.
YAN X H. Detection and detoxification of patulin in apple juice based on functionalized metal organic framework (MOF) [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2024.
- [60] XING M Y, CHEN Y, DAI W Q, et al. Immobilized short-chain dehydrogenase/reductase on Fe₃O₄ particles acts as a magnetically recoverable biocatalyst component in patulin bio-detoxification system[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 448:130986.

Research progress on patulin-degrading enzymes and their degradation characteristics

WANG Feng, MA Qianjiao, MA Lukai, LIU Dongjie, WANG Qin

College of Light Industry and Food/Key Laboratory of Green Processing and Intelligent Manufacturing of Lingnan Specialty Food, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Guangdong Provincial Key Laboratory of Lingnan Specialty Food Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China

Abstract: Given that patulin poses a significant threat to human health, its efficient degradation has become a key concern in food safety. This review summarizes the types, degradation mechanisms, and factors influencing the degradation efficiency of patulin-degrading enzymes. Patulin-degrading enzymes mainly include lipases, oxidoreductases, esterases, aldolases, aldo-keto reductases, and transferases, which exhibit distinctly different degradation characteristics. The degradation mechanisms of patulin-degrading enzymes involve hydrolysis, redox reactions, indirect oxidation and other reactions, and the degradation efficiency is influenced by multiple factors such as enzyme type, enzymatic reaction conditions, and enzyme immobilization. Currently, the application and development of targeted and highly efficient biodegradation of patulin are limited by the low biological activity and unclear degradation mechanisms of patulin-degrading enzymes. Future research will focus on the directed modification of active sites in patulin-degrading enzymes, the construction of a toxicity database for degradation products, and the in-depth exploration of degradation mechanisms, thereby enhancing their application value in the food industry and providing a reference for the safe control of mycotoxins during food processing.

Key words: patulin; degradation enzyme; degradation characteristic; degradation mechanism; degradation efficiency

[责任编辑:杨晓娟]