DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260327004
引用格式: 刘宾, 付然, 孙铭雪, 等. 农产品中链格孢毒素的污染特征、毒性效应与脱毒技术研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(11): 278–289.
LIU B, FU R, SUN MX, *et al*. Research progress on contamination characteristics, toxic effects and detoxification technologies of *Alternaria* mycotoxins in agricultural products [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(11): 278–289. (in Chinese with English abstract).

农产品中链格孢毒素的污染特征、毒性效应与脱毒技术研究进展

刘 宾[1], 付 然[2], 孙铭雪[1], 王浩栋[1], 夏利宁[3,4], 尤艳莉[5], 毛 馨[1*]

(1. 山东城市服务职业学院西餐学院, 烟台 264003; 2. 山东城市服务职业学院基础教学部, 烟台 264003; 3. 新疆农业大学动物医学院, 乌鲁木齐 830052; 4. 新疆草食动物新药研究与创制重点实验室, 乌鲁木齐 830052; 5. 烟台大学生命科学学院, 烟台 264005)

摘 要: 链格孢霉菌(*Alternaria* species)广泛分布于田间与贮藏环境, 可产生链格孢酚(alternariol, AOH)、链格孢酚甲基乙醚(alternariol monomethyl ether, AME)、细交链孢酮酸(tenuazonic acid, TeA)等多种链格孢毒素。这些毒素在谷物、果蔬、干果及其加工制品中普遍存在, 是一类具有重要食品安全意义的新兴污染物。目前全球范围内已证实链格孢毒素呈现高检出率、多毒素复合污染的特征, 其长期暴露可通过细胞毒性、遗传毒性、氧化应激损伤、内分泌干扰等多种途径损害人体健康, 且多毒素共存时常表现出协同毒性效应, 进一步放大健康风险。本文系统梳理总结了链格孢毒素在全球不同地区各类农产品中的污染分布规律, 阐述了其毒性作用机制, 重点综述了当前物理、化学、生物三类脱毒控制技术的最新研究成果与应用局限, 并对未来该领域的研究方向进行了展望, 旨在为链格孢毒素的风险评估与全链条防控提供理论参考, 助力完善农产品质量安全保障体系。

关键词: 链格孢毒素; 农产品; 健康风险; 毒性机制; 脱毒技术

Research progress on contamination characteristics, toxic effects and detoxification technologies of *Alternaria* mycotoxins in agricultural products

LIU Bin[1], FU Ran[2], SUN Ming-Xue[1], WANG Hao-Dong[1], XIA Li-Ning[3,4], YOU Yan-Li[5], MAO Xin[1*]

(1. *College of Western Cuisine*, *Shandong City Service Institute*, *Yantai* 264003, *China*; 2. *Department of General Education*, *Shandong City Service Institute*, *Yantai* 264003, *China*; 3. *College of Veterinary Medicine*, *Xinjiang Agricultural University*, *Urumqi* 830052, *China*; 4. *Xinjiang Key Laboratory of New Drug Research and Development for Herbivorous Animals*, *Urumqi* 830052, *China*; 5. *College of Life Sciences*, *Yantai University*, *Yantai* 264005, *China*)

收稿日期: 2026-03-27
基金项目: 国家自然科学基金项目(32360910); 山东省自然科学基金项目(ZR2022MC214); 新疆科技前沿人才支持计划项目(XJRC-2025-KJ-KJQY-002)
第一作者: 刘宾(1990—), 男, 硕士, 讲师, 主要研究方向为食品科学。E-mail: liubin1@sdcc.edu.cn
***通信作者:** 毛馨(1985—), 女, 博士, 讲师, 主要研究方向为农产品质量与安全。E-mail: maoxin@sdcc.edu.cn

ABSTRACT: *Alternaria* species are widely distributed in field and storage environments and can produce a variety of *Alternaria* mycotoxins, including alternariol (AOH), alternariol monomethyl ether (AME), tenuazonic acid (TeA), etc. These mycotoxins could commonly contaminate in cereals, fruits, vegetables, dried fruits, and their processed products, posing significant food safety concerns as emerging contaminants of great significance to food safety. Globally, *Alternaria* mycotoxins have been confirmed to feature a high detection rate and combined contamination of multiple mycotoxins. Long-term exposure to these mycotoxins may cause adverse health effects through multiple pathways, including cytotoxicity, genotoxicity, oxidative stress, and endocrine disruption. Moreover, co-occurrence of multiple mycotoxins could lead to synergistic toxic effects, further amplifying health risks. This review systematically summarized the contamination distribution of *Alternaria* mycotoxins in various agricultural products across the world, elaborates on their toxicological mechanisms. Furthermore, recent advances in physical, chemical, and biological detoxification technologies, along with their limitations, are comprehensively reviewed. Finally, future research directions were proposed to provide theoretical support for risk assessment and integrated control strategies of *Alternaria* mycotoxins. This work will also contribute to the improvement of agricultural product safety and quality assurance systems.

KEY WORDS: *Alternaria* mycotoxins; agricultural products; health risk; toxic mechanisms; detoxification technologies

0　引　言

链格孢霉菌(*Alternaria* species)是一类在自然界中广泛分布的丝状真菌, 能够在多种生态环境中生存并污染农产品。近年来研究表明, 该类真菌不仅存在于土壤和空气中, 还可在谷物、果蔬、油料作物及其加工制品中普遍检出, 其污染可发生于田间种植、采收、运输及储藏等多个环节, 具有明显的全链条污染特征[1]。

真菌在环境适宜的条件下会产生有毒代谢产物即真菌毒素, 这类毒素可污染粮食与果蔬, 随膳食摄入进入人体后, 会损害机体正常生理功能, 进而危害人体健康、引发健康风险。链格孢菌在生长代谢过程中会生成链格孢毒素, 这类毒素可在农产品生产、加工直至食用的全环节中存在, 是典型的“从田间到餐桌”类污染物。全球范围内的污染监测数据显示, 链格孢毒素在小麦、玉米、番茄、苹果、红枣及其加工制品中普遍存在, 且常出现多种毒素复合污染的情况, 进一步放大了健康风险[2]。毒理学研究表明, 这类毒素具有细胞毒性、遗传毒性、氧化应激损伤、内分泌干扰效应等多种生物学活性, 长期低剂量暴露可导致生殖系统损伤、免疫功能下降、发育异常甚至致癌风险[3]。链格孢酚(alternariol, AOH)和链格孢酚甲基乙醚(alternariol monomethyl ether, AME)具有明显的遗传毒性、细胞毒性及潜在致癌性, 其类雌激素活性可干扰内分泌系统正常功能, 其潜在健康危害近年来受到广泛关注。细交链孢酮酸(tenuazonic acid, TeA)则表现出较强的急性毒性和植物毒性, 并可引发血液学损伤等不良反应[4–5]。长期膳食暴露研究[6]表明, 部分人群对链格孢毒素的摄入量已超过毒理学关注阈值, 提示其慢性健康风险值得进一步评估。链格孢毒素的污染风险日益凸显, 其作为“新兴污染物”的风险已引起广泛关注。严控该类毒素污染、降低其在农产品中的污染水平和人群暴露风险是当前的重要研究热点。在链格孢毒素的全链条防控体系中, 脱毒技术是降低已污染农产品安全风险的核心技术支撑[7]。传统的物理脱毒方法虽具有操作简便、工业化适用性强的优势, 但普遍存在脱毒不彻底、易造成营养成分损失、能耗较高等问题; 化学脱毒方法通过氧化、酸碱处理等手段可快速降解毒素分子, 但存在化学试剂残留、降解产物安全性不明确等风险, 在食品加工中的应用受到严格限制。近年来, 生物脱毒技术凭借特异性强、作用条件温和、环境友好、不影响食品营养品质等突出优势, 成为该领域的研究热点, 其中生物拮抗从源头抑制产毒真菌生长、微生物降解通过代谢作用转化毒素、酶解脱毒利用特异性酶破坏毒性官能团等技术路径, 已在实验室研究和中试应用中展现出良好的效果, 为链格孢毒素的绿色高效脱除提供了新的解决思路。

本文系统阐述了常见链格孢毒素的种类与理化特性, 全面总结了其在不同农产品中的污染现状与地域分布特征, 深入分析了其毒性作用机制与健康风险, 重点综述了当前主流的检测技术和物理、化学、生物三类脱毒方法的研究进展, 旨在为链格孢毒素的全链条防控提供理论参考, 助力科学评估该类毒素的人体健康风险, 降低其对农产品的污染危害, 切实保障食品质量安全。

1 链格孢毒素的污染情况

链格孢菌在不同地理区域的温度和湿度等天气、区域条件等可能影响其产毒速率[8]。并且链格孢毒素可在田间至餐桌全产业链中持续存在，粮食、果蔬与干果等农产品及其制品均为其高发污染对象。研究发现，链格孢毒素在食品样品中通常存在多毒素共同污染的特征[2,9]。

在粮食作物中，小麦及其制品受到链格孢毒素污染的情况最严重，且存在多种链格孢毒素共同污染的情况[10]。在一份对意大利北部小麦品中链格孢毒素污染情况研究中，TeA 是分布最广泛的毒素，在所有品种中均有检出，腾毒素(tentoxin, TEN)、AOH 和 AME 含量较低(低于 10 μg/kg)[11]。对阿尔及利亚小麦样品的检测中，链格孢毒素呈现高检出率、多毒素共存、区域分布差异显著的污染特征，2 份样品被 AME、AOH、TeA、交链孢毒素I (altertoxin I, ATX-I)、TEN 5 种毒素污染，2 份被 4 种毒素污染，AME 与 AOH 的共污染在所有监测区域均高频出现，这类共污染易产生毒素叠加甚至协同的毒性效应[12]。在一份对浙江省小麦粉样本中的链格孢毒素的研究中，97.41%的样本检出至少一种链格孢毒素，其中 TeA 污染最突出，其次是 TEN，AOH 和 AME 检出率低，36.62%的样本同时检出两种及以上毒素[13]。在另一份山东小麦粉链格孢毒素的分析中，毒素呈现近乎 100%的检出特征，其中 TeA 检出率 99.17%(平均浓度 57.81 μg/kg)、TEN 检出率 99.79%(平均浓度 7.23 μg/kg)，其中 75%的样本同时检出 TeA、TEN 混合其他真菌毒素污染的情况[14]。

水果蔬菜也是受链格孢毒素污染较为普遍的农产品，在番茄和苹果样品中均发现 TeA 的较高水平污染[15]。针对意大利市场番茄酱料开展链格孢毒素暴露分析，TeA 污染范围最广，浓度最高，为最主要的污染组分[16]。对我国番茄制品中链格孢毒素污染水平的研究中发现，TeA 亦为主要污染毒素，AOH 的污染水平与 AME 存在显著正相关，复合污染的比例高达 83.9%[17]。

在一份对我国新疆地区红枣及其制品中链格孢毒素的污染研究中发现：红枣原料中检出 TeA 和 AOH 两种毒素，其中喀什地区红枣中 TeA 含量最高；红枣制品中检出 TeA、AOH、链格孢烯(altenuene, ALT)多毒素共同污染，其中红枣酒中 TeA 含量高达 127.08 μg/kg；AOH 仅在紫晶枣中检出，含量高达 98.61 μg/kg；ALT 则在冻干枣片、香酥脆枣、紫晶枣三类制品中检出[18]。

综上，链格孢毒素已广泛存在于粮食、果蔬及干果等多类农产品及其加工制品中，并呈现出高检出率和多毒素共污染等特点。TeA 通常为检出率最高、污染水平最突出的优势毒素，而 AOH、AME、TEN 等毒素则常与其共同存在，进一步增加毒素的协同毒性效应。当前关于链格孢毒素污染的研究已逐渐由单一毒素检测向多毒素联合暴露与真实膳食风险评估方向发展。

2 链格孢毒素的毒性效应

链格孢毒素对哺乳动物细胞及机体表现出多种毒性效应，主要包括细胞毒性、遗传毒性、氧化应激损伤、内分泌干扰等。不同毒素之间可能产生协同毒性效应，从而显著增强整体毒性风险。

2.1 细胞毒性

链格孢毒素在多种体外细胞毒理学模型中均表现出显著且广谱的细胞毒性。目前国内外多采用人源肝癌细胞(human hepatocellular carcinoma cell line, HepG2)、结肠上皮细胞(colorectal adenocarcinoma cell line, Caco-2)及肠道屏障模型等，针对链格孢毒素开展毒性评价[5,19]。

SALEH 等[20]报道 AOH 可诱导显著的膜结构与功能紊乱，并影响细胞代谢稳态，通过诱导氧化应激与 DNA 损伤信号激活下游应答通路，干扰细胞周期与能量代谢平衡。AOH 的细胞毒性并非单一靶点作用，而是通过膜系统引发的级联性毒性作用。该机制也从系统毒理学角度解释了 AOH 在不同细胞类型中均表现出广谱毒性的原因。NAGDA 等[21]指出 AOH、AME 及 TeA 对当前食品中细胞毒性贡献最为突出，其中 AOH 主要表现为遗传毒性与膜损伤效应，AME 则更倾向于代谢干扰，而 TeA 则与线粒体功能抑制及蛋白合成障碍相关。该研究为后续开展混合暴露风险评估及协同毒性机制研究提供了重要理论依据。

2.2 遗传毒性

遗传毒性被普遍认为是链格孢毒素最具风险意义的毒性一，尤其是 AOH、AME、ALT 以及 ATXs 等化合物，其在体外模型中均表现出显著的 DNA 损伤能力和致突变潜力。链格孢毒素可诱导 DNA 链断裂以及 DNA 加合物形成，引发染色体畸变和微核生成，从而导致基因组不稳定性增加。ATX-II 由于其分子结构中含有高度反应性的环氧基团，能够直接与 DNA 发生共价结合，其遗传毒性显著高于其他链格孢毒素[22]。

AOH 可通过形成稳定 DNA-拓扑异构酶复合物，干扰 DNA 复制和转录。CRUDO 等[23]在 HepG2 细胞模型研究发现，AOH 可显著诱导 γ-H2AX 磷酸化，激活 DNA 损伤应答通路，触发细胞周期阻滞与修复机制。体外研究已观察到链格孢毒素诱导的持续性 DNA 损伤和修复迟缓现象，揭示了这些毒素可能抑制或延迟修复通路的正常功能，导致 DNA 损伤累积和基因组不稳定性增加[24]。LOURO 等[9]研究报道，AOH、AME 及 ATXs 可在体外诱导不同程度的 DNA 损伤与突变，含环氧基团的交链孢毒素-II (altertoxin II, ATX-II)与交链孢毒素-III (altertoxin III, ATX-III)表现出较强的遗传毒性效应。AOH 与 AME 则主要通过氧化应激与拓扑异构酶干扰等间接机制发挥作用。在真实食品暴露背景下，多种毒素可能通过不同作用机制协同影响基因组稳定性，从而放大整体遗传毒性风险。

2.3　氧化应激损伤

链格孢毒素诱导的氧化应激反应被认为是其体外毒性的重要分子基础之一, 也是连接细胞毒性与遗传毒性的关键桥梁。AOH 和 AME 在能够显著增加细胞内活性氧(reactive oxygen species, ROS)水平, 伴随着抗氧化酶活性的下降和细胞抗氧化防御系统的失衡, 以及脂质、蛋白质和 DNA 氧化损伤的增加等, 直接损害细胞膜、蛋白质结构及核酸完整性, 导致细胞功能受损甚至死亡。AOH 与 AME 的这些氧化应激效应在猪小肠上皮细胞(intestinal porcine epithelial cell line-1, IPEC-1)等肠上皮细胞中表现得尤为明显, 且毒素组合暴露常表现出叠加或协同效应, 放大链格孢毒素在氧化应激损伤毒性作用[25]。

链格孢毒素可促进核因子红细胞 2 相关因子 2 (nuclear factor erythroid 2-related factor 2, Nrf2)核转位, 通过调节抗氧化基因表达, 启动内源性防御反应, 从而影响炎症和细胞应答过程。ROS 过量还可能与 DNA 损伤形成正反馈循环—ROS 本身诱导 DNA 单链或双链断裂, 而 DNA 损伤反过来可进一步增加 ROS 生成, 这种循环放大了毒性效应并促进细胞基因组不稳定性积累[9,26]。

2.4　内分泌干扰效应

AOH 和 AME 具有类雌激素活性, 可通过分泌干扰效应发挥毒性作用, 这主要与其化学结构中具备芳香环和羟基基团的特点有关, 使其在空间构象上可以模拟天然雌激素与雌激素受体(estrogen receptor, ER)相互作用。

AOH 和 AME 能与 ER 结合, 并激活 ER 介导的基因转录, 表现出类似天然雌激素的作用。这些毒素能促进 ER-responsive 元件驱动的报告基因表达, 导致细胞增殖和特定下游靶基因(如 pS2、PR)的表达上调, 提示其具有雌激素样激动效应[20]。此外, AOH 可与 ERα 和 ERβ 亚型结合, 但其亲和力通常低于天然雌激素, 其内分泌干扰效应可能更依赖剂量和暴露时间。Caco-2 模型中, AOH/AME 也能激活 ER 相关信号, 并影响细胞分化和增殖状态, 从而影响生殖系统[2]。链格孢毒素还可激活芳香烃受体(aryl hydrocarbon receptor, AhR)信号通路, 而 AhR 与多种激素受体存在交叉调控关系, 可影响雌激素代谢酶和其他类固醇代谢途径表达[27–28]。

AOH 能够改变雌激素信号相关基因的 DNA 甲基化状态及特异性 miRNA 表达谱, 影响 ER 及其靶基因的表达调控, 并在细胞水平上改变对激素信号的响应[20]。这一机制的存在为解释长期低剂量暴露链格孢毒素时产生慢性内分泌效应提供了新的分子基础, 提示内分泌干扰可能不只通过受体直接结合来实现, 还可能通过修饰内分泌相关基因的转录调控来发挥。

2.5　协同毒性效应

链格孢毒素往往以多种毒素共污染的形式存在于食品中, 其协同毒性效应逐渐成为毒理学研究的热点。

2.5.1　链格孢属内真菌毒素协同毒性

不同链格孢毒素混合物的细胞毒性往往表现出与单一毒素不同的毒性。AOH 与 AME 的联合暴露在某些模型中表现出比单剂量更强的毒性效应。不同毒素组合也可能产生拮抗效应, 这表明混合毒性并不总是简单增强, 而是依赖于具体的毒素种类、剂量比及暴露时程等因素[29]。

DEN-HOLLANDER 等[19]采用 Caco-2 和 HepG2 细胞系, 系统评估了 AOH、AME 与 TeA 单一及协同毒性效应。在 Caco-2 中, AOH 和 AME 的半数有效浓度(half maximal effective concentration, EC_{50})相近, TeA 的 EC_{50} 则高出 10 倍以上, 三者按 AOH:AME:TeA=1:1:3 的污染浓度比例进行复合暴露时, 细胞活力的下降呈现出剂量依赖性特征。其中 AME 与 TeA 的二元联合(1:3)以及 AOH 与 AME 的二元联合(1:1), 在高浓度组中较单一毒素产生了更强的细胞毒性效应。然而 AOH、AME 与 TeA 的三元组合与单一毒素相比仅略有增强。

不同浓度条件下, 相同毒素组合可能表现出截然不同的联合毒性类型。有研究发现, AOH、AME、TeA 三元组合呈协同毒性效应。而在 AME 与 AOH 的二元组合中, 两种毒素的混合毒性随暴露剂量发生动态变化, 低细胞毒性浓度下观察到拮抗效应[5]。所有毒素及组合均通过蛋白激酶(ataxia telangiectasia and rad3-related protein, ATR)/细胞周期检测点激酶(checkpoint kinase, Chk) DNA 损伤通路诱导细胞凋亡, 其中含半胱氨酸的天冬氨酸蛋白水解酶 caspase-3 的切割活化是共同的下游效应机制。

链格孢毒素的协同毒性具有明显的组合依赖性、剂量依赖性和细胞特异性。在二元或三元共暴露条件下, 其在不同浓度与配比下可表现出协同、相加或拮抗效应。

2.5.2　跨属真菌毒素协同毒性

在食品真实污染场景中, 跨种属真菌复合污染是普遍现象。链格孢毒素常与黄曲霉毒素、赭曲霉毒素、呕吐毒素等不同菌属来源的毒素共存, 形成多菌属、多毒素混合污染。由于这些毒素具有不同但相互关联的毒作用靶点, 其联合暴露可显著增强细胞氧化应激、DNA 损伤、线粒体功能障碍以及炎症反应。

AOH 和 AME 可诱导 DNA 链断裂及 DNA 损伤反应; 而 DON 则主要通过核糖体应激激活丝裂原活化蛋白激酶信号通路(mitogen-activated protein kinase signaling pathway, MAPK)信号通路并抑制蛋白翻译。当二者共同暴露时, 可形成 DNA 损伤与翻译阻断的“双重打击”效应, 从而显著提升细胞凋亡及氧化应激水平[30]。

AOH 与赭曲霉毒素 A (ochratoxin A, OTA)、黄曲霉毒素 B_1 (flatoxin B_1, AFB_1)三元联合暴露时, 对 HepG2 细胞的 DNA 损伤效应较单毒素总和提升 80%以上, 这种增强效应与 3 种毒素不同但互补的作用机制密切相关[31]。其协同毒性源于三者作用机制的互补叠加: AOH 通过抑制拓扑

异构酶II造成 DNA 链断裂，AFB_1 经代谢活化形成 DNA 加合物，OTA 则通过诱导氧化应激并抑制 DNA 修复通路加剧损伤累积，三者共同暴露导致遗传毒性与细胞损伤显著强于单一毒素。

跨属真菌毒素的协同毒性主要源于作用机制互补与信号通路交叉，通过 DNA 损伤、氧化应激、核糖体应激及线粒体功能障碍等多通路相互放大毒性效应。这种广泛存在的复合污染和协同毒性作用表明单一毒素评估存在局限性，需建立多毒素跨菌属的综合风险评价体系。

2.5.3 *与食品加工污染物协同毒性*

食品加工过程中易产生丙烯酰胺、多环芳烃等多种污染物，链格孢毒素还可与食品热加工过程污染物在同一食品基质中共同存在，形成跨类别污染物的联合暴露，对跨类别污染物的协同毒性研究尤为值得关注。

CRUDO 等[23]系统研究了 AOH 与丙烯酰胺的联合遗传毒性，结果显示当二者均处于高剂量(≥50 μmol/L)时，各自均能诱导显著的 DNA 双链断裂，但未观察到明确的协同毒性效应。而在低剂量(≤10 μmol/L)暴露下呈现弱相加作用。这种剂量依赖性效应的机制可能与二者的遗传毒性作用通路不同有关：AOH 主要通过抑制拓扑异构酶II阻碍 DNA 断裂重接，而丙烯酰胺的活性代谢产物环氧丙酰胺则通过与 DNA 共价结合形成加合物，在低剂量下二者通路互不干扰，呈现效应叠加，而高剂量下可能存在 DNA 修复通路的竞争性占用，导致协同效应不显著。HOHENBICHLER 等[32]研究发现，低剂量 AOH (1 μmol/L)与苯并芘(0.1 μmol/L)联合暴露时，可显著增强遗传毒性效应。其协同毒性机制主要是 AOH 可抑制 DNA 双链断裂的同源重组修复，而苯并芘代谢产物可造成 DNA 加合物损伤并干扰核苷酸切除修复，双重作用下使基因组不稳定性风险显著升高。

链格孢毒素与丙烯酰胺、多环芳烃的联合毒性具有剂量与通路依赖性，因此，膳食风险评估应将真菌毒素与热加工污染物统一纳入，更科学反映人群暴露的安全水平。

综上，链格孢毒素可通过细胞毒性、遗传毒性、氧化应激损伤、内分泌干扰以及协同毒性效应等多重途径对机体造成损伤(图 1)。开展多组分、跨类别、真实暴露水平下的联合毒性与膳食风险研究，对科学防控链格孢毒素危害、保障农产品质量安全具有重要理论与现实意义。

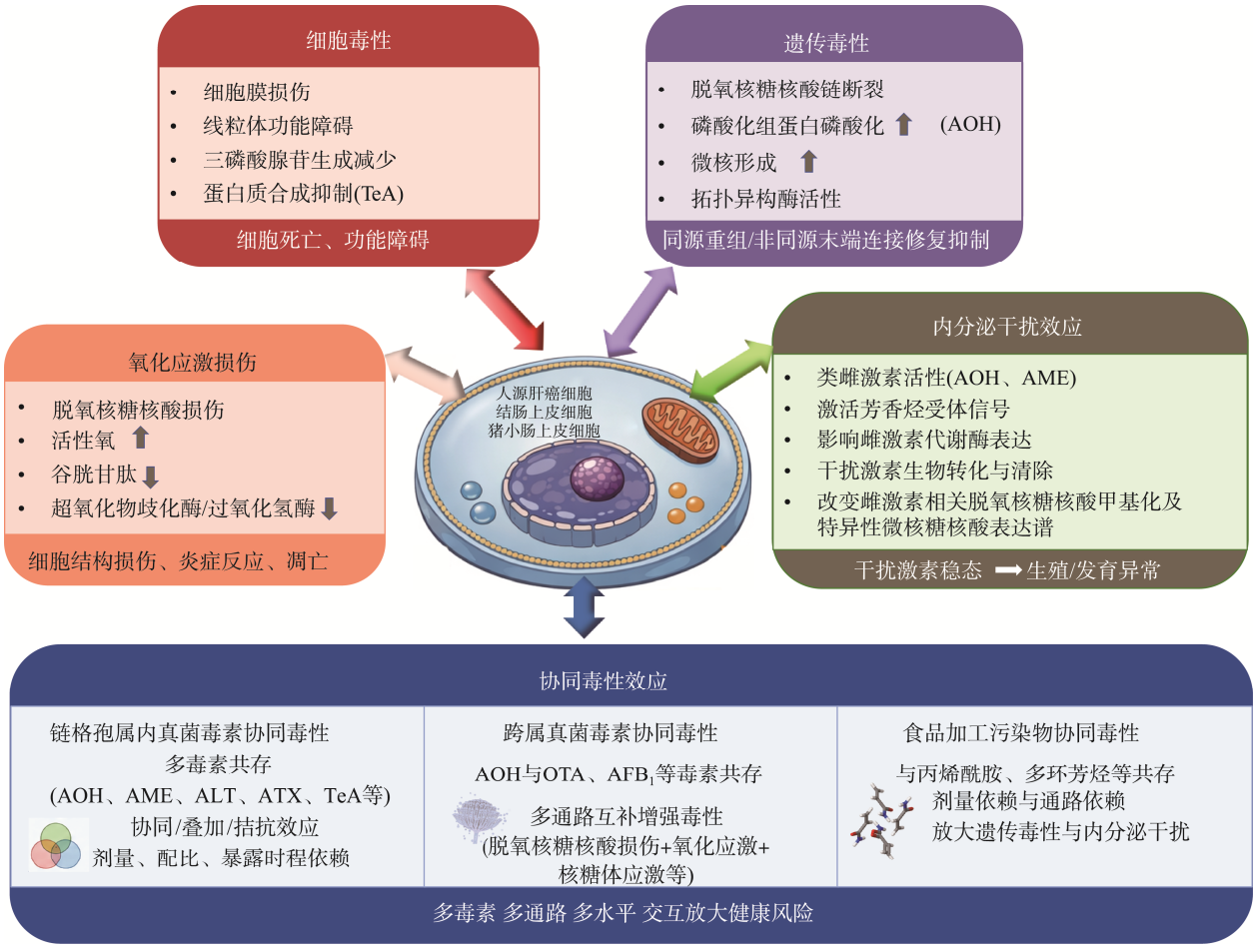


图 1 链格孢毒素的毒性效应(包括细胞毒性、遗传毒性、氧化应激损伤、内分泌干扰效应和协同毒性效应)

Fig.1 Toxic effects of *Alternaria* mycotoxins, including cytotoxicity, genotoxicity, oxidative stress damage, endocrine disruption, and synergistic toxic effects

3　链格孢毒素的脱毒方法

为消除链格孢毒素的危害, 保障农产品的质量与安全, 开发高效、安全且可应用于实际生产的脱毒方法已成为食品安全领域的重要研究方向和技术难点。

3.1　物理脱毒

物理脱毒主要依赖物理处理技术实现毒素的去除或降解, 物理方法不引入外源化学试剂, 因而在食品加工体系中具有安全性较高、适用范围广等优势。

3.1.1　分选与预处理技术

分选与预处理技术的核心在于基于毒素在粮食及果蔬中空间分布的非均一性, 研究表明毒素主要富集于霉变组织、果皮及机械损伤区域, 而在完整、无霉变的组织中含量显著较低[33], 因此通过物理分选、去除污染载体可以显著降低食品中的毒素水平。

随着智能检测技术的发展, 分选技术已逐渐向“光谱识别—智能判别—精准分离”方向发展。其中, 高光谱成像(hyperspectral imaging, HSI)能够利用近红外至短波红外区域的特征光谱信号, 识别果蔬组织内部因真菌侵染导致的水分、色素、细胞结构及代谢组分变化, 从而在肉眼尚未明显可见阶段实现早期识别[34]。JAVIDAN 等[35]利用 HSI 结合机器学习技术, 实现了番茄中真菌病害的早期识别, 可在病菌侵染初期尚未大量产毒阶段实现精准检测, 为链格孢毒素污染的田间早期预警与源头防控提供了新思路。

清洗和去皮等预处理也是实际加工过程中常用的物理预处理手段。TeA 具有较强极性, 在水洗过程中更容易发生迁移与溶出, 因此具有一定去除效果; 而疏水性较强的 AOH 和 AME 与植物组织结合更紧密, 普通水洗难以实现有效去除[36]。在苹果、番茄等果蔬中, 由于毒素多集中于表皮层, 因此去皮处理被证实能够有效降低毒素负荷[33]。

分选与预处理技术具有操作简便、成本较低及易于产业化等优势, 是链格孢毒素控制的重要前端措施。当前研究正向智能化与精准化方向发展, 高光谱成像、人工智能等技术有望实现链格孢毒素的早期识别与精准分选。

3.1.2　热处理与挤压加工技术

热处理是食品工业中最常见的物理脱毒方式, 其主要通过温度、时间及压力作用破坏毒素分子结构或促使其与食品基质结合, 从而降低毒性。

AOH 和 AME 分子中含有稳定的二苯并吡喃酮芳香共轭结构, 在 80 ℃条件下处理 20 min 时仅发生有限降解, 而其完全分解温度高达 250~350 ℃。TeA 在低水分体系中同样表现出较强热耐受性, 这主要与低水分条件下热传递效率降低及毒素分子稳定性增强有关[33,37]。链格孢毒素热稳定性不仅与温度相关, 还受到食品基质组成、水分活度及加工环境的显著影响。例如, 在高糖、高脂体系中, 食品基质可能对毒素产生一定保护作用, 从而降低热降解效率; 而在高水分和酸性条件下, 部分毒素则更容易发生结构断裂和氧化降解[33]。

高温高压挤压加工被认为是更具应用潜力的物理脱毒技术。挤压过程中, 毒素不仅受热降解, 还可能在高压和高剪切条件下发生芳香环断裂、羟基化及氧化等结构变化, 从而降低毒性。目前该技术已在玉米、小麦及高粱等谷物加工中显示出较好的脱毒效果。在全谷红高粱挤压试验中[38], 随着挤压温度升高和水分含量增加, AOH、AME、TeA 及 TEN 的降解率达 61.4%、76.4%、12.1%和 50.8%。

热处理是链格孢毒素常用物理脱毒方法, 但 AOH、AME、TeA 热稳定性强, 常规低温处理降解效果有限, 其热降解效果还受食品基质、水分活度、酸碱环境调控; 高温高压挤压加工融合热、高压与高剪切多重作用, 可破坏毒素分子结构, 在谷物原料脱毒中降解效果显著, 是极具应用价值的脱毒技术

3.1.3　紫外技术

紫外(ultraviolet-C, UV-C)技术是近年来研究较多的非热物理脱毒方法, 其核心机制为光化学降解与自由基反应。UV-C 处理温度低、能耗较小, 且对食品风味和营养成分的破坏相对有限, 在液态食品中的应用受到广泛关注。

HAN 等[39]研究发现, AOH 在甲醇溶液、水溶液及固态体系中经 UV-C 处理后, 其降解率分别达到 89.1%、72.9%和 53.2%, AME 对应降解率分别为 86.6%、50.1%和 11.1%, 且辐照强度和处理时间与降解效率呈显著正相关。碱性条件能够明显促进毒素降解。这主要是由于碱性环境有利于毒素分子电离及自由基生成, 从而增强光氧化反应效率。AYRANCI 等[40]首次将 UV-C 技术应用于苹果汁中链格孢毒素脱除研究, TeA、AOH 和 AME 的降解率分别达到 90.52%、77.01%和 75.92%, 但长时间辐照会导致果汁浊度增加、颜色参数下降及抗氧化活性明显降低。

3.1.4　吸附分离技术

吸附分离技术通过物理吸附、疏水作用、氢键及静电相互作用等方式, 将链格孢毒素从食品体系中选择性去除, 是当前链格孢毒素控制的重要辅助手段。近年来研究重点逐渐转向高选择性功能化吸附材料, 如纳米吸附剂、分子印迹聚合物(molecularly imprinted polymers, MIPs)及磁性分子印迹材料(magnetic molecularly imprinted polymers, MMIPs)等。MIPs 通过聚合形成与目标物空间结构互补的识别位点, 能够显著提高对目标毒素的特异性识别能力。MMIPs 可在吸附目标毒素后通过外加磁场快速实现固液分离, 不仅减少离心和过滤步骤, 还提高了材料回收利用效率。该技术已被广泛应用于真菌毒素的分散固相萃取及食品样品净化, 在谷物、果汁及饲料等复杂基质中均表现出良好的应用潜力。

在 AOH 的检测与样品预处理研究中, 功能化磁性聚

合物已经被用于快速富集 AOH, 并在复杂食品基质(如小麦粉、谷物粉末)中实现高效吸附与分离, 吸附容量可达 187.6 ng/mg, 同时对其他干扰酚类物质的亲和力明显降低, 实现了较高的选择性。为了进一步提升材料的选择性和吸附效率, 研究人员将适配体与磁性高亲和材料相结合, 可实现对 AOH 的快速捕获和富集, 并可显著减少复杂基质的非特异性吸附[41]。

综上, 物理脱毒技术通过分选、热处理、紫外辐照及吸附分离等方式, 在链格孢毒素控制中展现出较好的应用潜力。其中, 分选与预处理技术能够从源头降低污染水平; 热处理与挤压加工可通过高温、高压及机械剪切作用促进毒素降解; UV-C 技术具有非热、绿色及对食品品质影响较小等优势; 而 MIPs、MMIPs 等功能化吸附材料则显著提高了链格孢毒素的选择性去除能力。总体来看, 物理脱毒技术具有安全性高、操作简便及易于工业化等特点, 但仍存在毒素难以完全降解、复杂食品基质中处理效率下降以及降解产物安全性不明确等问题。未来应加强多技术协同应用、降解产物毒理学评价及智能化加工装备开发, 以实现链格孢毒素的高效、安全和规模化控制。

3.2 化学脱毒

化学脱毒技术通过化学反应破坏链格孢毒素的毒性官能团或改变其分子结构, 实现毒素的减毒或脱毒。

3.2.1 氧化处理

氧化处理是脱毒的重要策略之一, 其核心机制是利用臭氧、ROS 或活性氮(reactive nitrogen species, RNS)等攻击毒素分子中的芳香环、双键及酚羟基结构, 从而导致共轭体系破坏、分子断裂及毒性降低。

臭氧作为一种强氧化剂, 具有高化学反应活性和无残留的特点可有效水溶液中的 AOH 和 AME, 5 s 即可使 AOH 降解 57.95%、AME 降解 40.24%, 40 s 内可实现两种毒素的完全降解。而在果汁体系中, 其降解效率明显降低。臭氧处理 600 s 后, 橙汁中 AOH 和 AME 的降解率分别为 51.86%和 49.04%。但臭氧处理的同时可显著提升橙汁的澄清度、抗氧化活性和储存稳定性, 实现脱毒与品质提升的双重效果[42]。除直接降解毒素外, 臭氧对于链格孢霉菌的生长也表现出抑制作用, 并显著抑制毒素的生物合成[43]。

低温等离子体技术是近年来发展较快的新型氧化脱毒技术, 其本质是产生的大量 ROS/RNS 能够氧化破坏毒素分子中的酚羟基、双键以及苯环等关键结构, 实现毒素的降解。低温等离子体处理可使 AOH 和 AME 分别在 180 s 和 300 s 内达到 100%降解。同时, 较高放电电压、碱性环境以及硫酸亚铁[iron(II) sulfate, $FeSO_4$]和过氧化氢(hydrogen peroxide, H_2O_2)等催化体系均能够进一步促进毒素降解[44]。此外, 低温等离子体处理温度较低, 对食品热敏性营养成分影响较小, 因此在果汁、谷物及表面污染控制中具有较好应用前景。

氧化处理技术能够快速破坏链格孢毒素关键结构, 在液态食品及农产品表面脱毒中具有较高效率。臭氧和低温等离子体不仅可降解链格孢毒素, 还可抑制产毒真菌生长及毒素合成。

3.2.2 酸碱处理

酸碱处理是通过酸或碱的催化作用促进毒素分子发生水解、差向异构化或结构重排等反应, 从而降低其毒性的化学脱毒方法。

链格孢毒素的化学稳定性受 pH 条件影响显著, 在碱性环境下结合紫外技术联合处理, AOH 和 AME 的降解率分别可超过 90%, 显著高于中性及酸性体系。同时, 碱性条件还能够促进 ROS 生成, 从而进一步增强毒素降解效率。因此, 碱处理通常作为紫外、臭氧及低温等离子体等氧化技术的重要辅助条件, 以提高整体脱毒效果[39]。而在酸性条件下, TeA 在 40 ℃条件下可显著降解, 半衰期为 14 d, 而在中性和碱性条件下 TeA 稳定性明显提高[45]。BRZONKALIK 等[46]指出, pH 会调控链格孢霉菌产毒过程, 其中酸性条件更有利于 AOH、AME 和 TeA 的生成, 而较高 pH 则可明显抑制毒素形成。这表明酸碱环境不仅影响脱毒效率, 也与链格孢毒素污染形成过程密切相关。

酸碱处理具有操作简便、反应条件易调控及可与紫外、臭氧等氧化技术协同应用等优势, 能够在一定程度上提高链格孢毒素的降解效率。

综上, 化学脱毒技术具有反应迅速、操作简便、可与其他物理或生物方法联用的优势, 可在短时间内显著降低毒素含量, 并适用于液态食品或加工原料处理。其中, 臭氧、低温等离子体等氧化技术具有降解效率高、处理速度快的优势, 酸碱处理则可通过调控 pH 增强毒素降解或协同提升其他脱毒技术效果, 但极端酸碱或强氧化条件可能损害食品营养与风味, 降解过程中可能产生未知中间产物且毒性尚未明确, 复杂食品基质中的蛋白质、糖类等成分可能降低降解效率, 使其在固体或多组分食品中的实际应用受到限制, 因此通常作为辅助脱毒手段或联合策略使用。

3.3 生物脱毒

生物脱毒技术利用微生物、酶制剂或天然生物活性物质对链格孢毒素进行吸附、转化或降解, 具有特异性强、环境友好、对食品营养品质影响较小等优势。

3.3.1 生物拮抗

生物拮抗技术通过利用有益微生物或天然活性物质抑制链格孢菌的生长与产毒, 从源头减少链格孢毒素污染的一类生物防控策略。

(1)天然抑菌物质的应用

天然抑菌物质因来源广泛、安全性高、环境友好等特

点, 在果蔬采后链格孢毒素前端防控中展现出巨大应用价值。研究发现, 阿魏酸甲酯(methyl ferulate, MF)对链格孢菌具有显著抑制作用, 其抑菌效果明显优于天然阿魏酸。其作用机制包括诱导病原菌氧化应激、破坏细胞膜完整性、干扰环磷酸腺苷/蛋白激酶 A (cyclic adenosine monophosphate/protein kinase A, cAMP/PKA)和 MAPK 信号通路, 同时下调 *AaTAS1*、*OmtI* 等毒素合成关键基因的表达, 使 AOH、AME、TeA 的产量分别降低 92%、88%和 79%[47]。丁香酚、肉桂醛、百里香酚及迷迭香提取物等植物精油也被证实能够有效抑制链格孢霉菌生长及其毒素生成。肉桂醛可破坏细胞膜通透性及线粒体功能, 而丁香酚则能够降低 ROS 稳态并干扰真菌能量代谢过程, 从而减少 AOH 和 AME 积累[48]。

天然抑菌物质作为化学杀菌剂的绿色替代品, 其通过多靶点作用机制高效抑制链格孢菌生长与产毒, 同时兼具安全性高、环境友好、对果蔬品质影响小的特点, 适配绿色食品与有机农业的发展需求。

(2)拮抗菌剂的开发与应用

微生物拮抗菌剂通过利用有益微生物的竞争、寄生、拮抗等作用抑制链格孢菌的生长与产毒, 从源头减少毒素生成, 是农产品绿色防控的核心技术路径。

目前已筛选出多种对链格孢菌具有显著拮抗效果的微生物, 形成了丰富的生防微生物资源库。其中哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*)是目前研究最深入、应用最广泛的生防真菌之一。最新研究揭示其 bZIP 转录因子可上调锌指转录因子家族基因表达, 进而激活 ABC 转运蛋白、细胞色素 P450 等解毒基因和糖苷水解酶、过氧化物酶等防御相关酶的级联调控网络, 从而实现对链格孢霉菌的抑制作用[49]。枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)也是目前应用较广的生防菌之一, 可通过分泌多种脂肽类抗菌物质(如 iturin、fengycin、surfactin)抑制链格孢属等真菌的生长及毒素的生物合成。使用枯草芽孢杆菌培养液可使菌丝生长抑制率超过 85%, 并显著减少 TeA 生成[50]。

酵母菌能够通过营养竞争、空间竞争及诱导宿主抗性等方式抑制链格孢菌定殖, 从而减少果蔬采后腐烂及毒素积累。研究发现[51]酵母菌联合低聚壳聚糖处理可显著抑制番茄黑斑病发生, 并提高抗氧化酶活性, 增强果实抗病能力。此外, 酵母菌可在番茄表面快速定殖并竞争链格孢霉菌侵染位点, 使病斑直径和发病率显著下降, 同时诱导多酚氧化酶和抗坏血酸过氧化物酶等防御相关酶活性升高, 从而延缓果实腐烂并维持采后品质[52]。酵母菌生防剂不仅能够抑制病原菌生长, 还可通过诱导宿主抗性提高果蔬采后保鲜效果, 在绿色农业及低农药保鲜体系中具有良好应用前景。

生物拮抗技术的优势在于从源头减少毒素生成, 避免后续脱毒环节对食品品质的影响, 但存在防治效果受环境因素影响较大、作用时效较短等局限性, 目前主要与农业栽培措施、低毒化学杀菌剂配合使用。

3.3.2　*微生物降解与吸附*

微生物降解与吸附技术主要利用微生物代谢转化或细胞壁吸附作用去除已生成的链格孢毒素, 是当前生物脱毒研究中应用最广、发展最快的脱毒技术之一。

(1)降解功能菌的筛选与应用

真菌毒素降解微生物的筛选主要是通过体外培养和毒素降解实验快速筛选出具有降解能力的候选菌株, 并通过毒素定量分析验证其降解效率和降解产物毒性, 从而获得可用于生物脱毒的微生物资源。

LIU 等[53]从鸡消化道筛选得到一株太平洋芽孢杆菌(*Bacillus pacificus*) ANSB901, 该菌株裂解产物可在 12 h 内将 AOH 降解约 94%, 在玉米黄酒干溶渣、苹果汁、霉变玉米等实际食品基质中仍可稳定发挥降解效能, 显著降低基质中 AOH 污染水平。经液相色谱-串联质谱法(liquid chromatography tandem mass spectrometry, LC-MS/MS)代谢产物鉴定, 其降解中间产物与终产物细胞毒性显著低于原型毒素, 无次生毒性风险, 该菌株及其胞内降解酶在食品加工与饲料无害化处理中具备良好应用前景与开发价值。米曲霉(*Aspergillus oryzae*)也被证实具有高效降解 AME 的能力[54], 在共培养 4 d 内可实现 92.8%的 AME 降解。

微生物降解不仅具有高效去除污染物的能力, 还可能通过结构转化实现毒性“钝化”。基于功能菌筛选的生物脱毒策略在食品安全控制中具有重要的应用潜力, 为生物脱毒技术的开发提供了理论基础与菌种资源支撑。

(2)吸附型微生物的应用

部分微生物可通过细胞表面的多糖、蛋白质及脂质结构, 通过氢键、疏水作用及静电相互作用实现对毒素的非特异性结合, 从而降低毒素的生物可利用性。

研究表明, 肠道微生物(如 *Bacteroides*、*Alistipes*、*Ruminococcus* 等)对链格孢毒素具有显著吸附能力, 对 AOH、AME 的吸附率至高可达 90.1%[55]。乳酸菌(如 *Lactobacillus*、*Pediococcus* 等)不仅可抑制产毒真菌, 还能通过细胞壁吸附链格孢毒素。在模拟体系中, 乳酸菌对相关真菌毒素的去除率可接近 80%, 该类吸附过程通常快速发生, 且具有一定可逆性, 是当前食品发酵体系中应用潜力较大的策略[56]。灭活酵母细胞(如 *Saccharomyces cerevisiae*)可高效吸附 AOH 和 AME, 去除率可接近 100%。该体系已被视为食品加工中可行的吸附型脱毒策略[57]。

吸附型微生物通过细胞壁结构与真菌毒素之间的多重物理化学相互作用, 实现对链格孢毒素的快速富集与去除, 该技术具有作用条件温和、效率较高及成本低等优势。未来需进一步结合细胞壁改性与复合吸附体系优化, 以提升其稳定性与实际应用效果。

综上, 微生物降解与吸附技术作为链格孢毒素生物

脱毒的重要手段，分别通过“代谢转化降毒”和“物理结合去除”两种路径实现污染控制，前者以功能降解菌为核心，可将毒素转化为低毒或无毒代谢产物；后者则依赖细胞壁结构对毒素的快速吸附与富集，从而降低其生物可利用性。二者在作用机制上具有互补性，共同构成了当前食品与饲料体系中链格孢毒素控制的关键技术方向，为实现安全、高效、绿色的生物脱毒提供了重要理论基础与应用路径。

3.3.3 酶解脱毒技术

酶解脱毒技术利用特异性酶制剂破坏毒素的毒性官能团，该技术具有作用条件温和、特异性强、不影响食品品质等优势。链格孢毒素降解酶的筛选是生物脱毒研究的重要基础，以链格孢毒素为底物，监测毒素含量变化，从而筛选具有降解活性的菌株或粗酶体系。

研究人员从环境样品中筛选获得具有降解活性的菌株 *Bacillus licheniformis*，并通过蛋白分离与酶活测定鉴定其关键降解酶为 CotA 型漆酶，该酶对 AOH 和 AME 的酚羟基具有显著氧化能力，其代谢产物主要为氧化聚合物或结构断裂产物，毒性显著下降[58]。在另一项研究中，研究人员利用农业副产物大豆壳提取过氧化物酶(soybean hull peroxidase, SHP)，该酶在过氧化氢存在条件下可高效催化 AOH 发生氧化反应，使其芳香结构断裂或转化为低毒衍生物。在食品模拟体系中，小麦粉和玉米粉中 AOH 的降解率分别可达 70%以上[59]。

植物及微生物来源的葡萄糖转移酶能够将 AOH 和 AME 转化为对应的葡萄糖苷，从而极大改变其毒性和水溶性。这类酶通过催化底物的 O-糖苷化，可以产生如 AOH-3-葡萄糖苷(alternariol-3-O-glucoside, AOH-3-G)、AOH-9-葡萄糖苷(alternariol-9-O-glucoside, AOH-9-G)和 AME-3-葡萄糖苷(alternariol monomethyl ether-3-O-glucoside, AME-3-G)等转化产物，从而降低毒性。在全细胞生物转化体系中，表达草莓来源的 UGT71A44 的大肠杆菌 *Escherichia coli* 细胞对纯 AOH 和 AME 底物分别实现了约 58% (AOH-3-G)、5% (AOH-9-G)和 24% (AME-3-G)的转化率[60]。

酶解脱毒技术作为一种绿色、高效且选择性强的生物处理手段，在链格孢毒素控制中展现出良好的应用前景。目前已在果汁、谷物、果蔬加工副产物等多类食品基质中验证了应用可行性，未来通过酶定向改造、固定化技术优化及多酶协同工艺开发，将进一步突破酶成本高、稳定性不足的产业化瓶颈，成为食品加工过程中链格孢毒素精准脱毒的主流技术方向。

综上，链格孢毒素脱毒技术已逐渐形成以物理、化学和生物方法为核心的多元化控制体系，不同技术在作用机制、适用场景及脱毒效果方面具有各自的优势和局限性(表 1)。物理脱毒技术具有安全性高、操作简便和易于工业化等特点，适用于污染初步控制与加工减毒；化学脱毒技术反应迅速、处理效率较高，尤其适用于液态食品体系，但需关注食品品质变化及降解产物安全性；生物脱毒则凭借特异性强、环境友好及对食品营养影响较小等优势，成为当前最具发展潜力的研究方向。总体来看，单一脱毒技术往往存在处理效率有限、食品基质适应性差或产业化稳定性不足等问题，未来研究应更加注重多技术协同应用，提高链格孢毒素整体控制效率。同时，还需加强降解机制

表 1 链格孢毒素物理、化学及生物脱毒技术比较

Table 1 Comparison of physical, chemical, and biological detoxification technologies for A*lternaria* mycotoxins

脱毒技术	方法	作用机制	优势	局限性	参考文献
物理法	分选/去皮/清洗	去除污染组织(空间非均一性)	无残留、成本低	仅去除表面污染	[33–35]
	热处理	热降解/基质结合	工艺成熟	毒素热稳定性强	[33,37]
	挤压加工	热+高压+剪切协同	多机制协同	能耗高，工艺复杂	[38]
	UV-C 辐照	光化学断键+自由基氧化	非热处理	固态食品效率低	[39–40]
	吸附分离	氢键/疏水/静电作用	可重复使用	可逆和非特异性吸附	[41]
化学法	臭氧氧化	强氧化破坏芳香结构	高效无残留	食品基质影响大	[42–43]
	低温等离子体	ROS/RNS 氧化断键	处理温度低，对食品成分影响小	对食品基质依赖性强，副产物安全性未知	[44]
	酸碱处理	水解/异构化/重排	操作简便、成本低廉、无需复杂设备	影响品质，副产物安全性未知	[39,45–46]
生物法	生物拮抗	抑制产毒菌/毒素合成	源头控制	环境依赖强	[47–50]
	微生物降解	生物转化为低毒产物	无残留毒性	筛选复杂	[53–54]
	吸附型微生物	细胞壁吸附作用	快速低成本	吸附可逆性	[55–57]
	酶解脱毒	氧化/糖基化修饰	特异性强	筛选复杂，酶成本高	[58–60]

解析、降解产物毒理安全性评价及工业化工艺优化, 并结合人工智能、纳米材料、合成生物学与酶工程等新兴技术, 推动链格孢毒素脱毒技术向绿色化、精准化和规模化方向发展, 从而为食品安全风险控制和农产品高质量加工提供重要技术支撑。

4　结束语

链格孢毒素作为一类广泛存在于粮食、果蔬及其加工制品中的重要污染物, 具有污染范围广、共存形式复杂及毒性作用多样等显著特点, 其在“从田间到餐桌”的全链条中均可能发生并持续累积, 对食品安全与人体健康构成潜在威胁。本文从毒素的污染特征、毒性效应与脱毒技术等方面进行系统的汇总, 明确了链格孢毒素在多类农产品中的高检出率及复合污染特征, 并揭示其可通过细胞毒性、遗传毒性、氧化应激、内分泌干扰等多途径产生毒性效应, 且多毒素共暴露条件下存在协同毒性作用。在脱毒技术方面, 物理、化学及生物脱毒方法各具优势但亦存在明显局限: 物理方法安全性高但难以彻底去除, 化学方法效率较高但存在残留及副产物风险, 而生物脱毒技术因其特异性强、条件温和及环境友好, 已成为当前研究热点, 但在稳定性、效率及产业化应用方面仍需突破。

未来研究应重点聚焦多毒素复合暴露的毒理学机制与真实膳食风险评估, 发展高灵敏度、多组分同步检测及现场快速检测技术, 实现全过程动态监控; 同时加强高效降解菌株与关键功能酶的挖掘与改造, 推动酶固定化及多技术协同脱毒体系构建, 并系统评估降解产物的结构与毒性安全性。通过多学科交叉融合与技术集成创新, 构建全链条综合防控体系, 实现链格孢毒素高效控制全面保障农产品质量与安全。

参考文献

[1] VILELA R, PINA-MARTINS F, VENTURA C. From food to humans: The toxicological effects of *Alternaria* mycotoxins in the liver and colon [J]. Journal of Xenobiotics, 2025, 15(6): 205.

[2] ZHANG Y, LIU C, VANDER-FELS-KLERX H. Occurrence, toxicity, dietary exposure, and management of *Alternaria* mycotoxins on food and feed: A systematic literature review [J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2025, 24(1): e70085.

[3] LIN H, JIA B, WU A. Cytotoxicities of co-occurring alternariol, alternariol monomethyl ether and tenuazonic acid on human gastric epithelial cells [J]. Food and Chemical Toxicology, 2023, 171: 113524.

[4] CHEN A, MAO X, SUN Q, *et al*. *Alternaria* mycotoxins: An overview of toxicity, metabolism, and analysis in food [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2021, 69(28): 7817–7830.

[5] AICHINGER G, DEL-FAVERO G, WARTH B, *et al*. Alternaria toxins—still emerging? [J]. Comprehensive Reviews in Food science and Food Safety, 2021, 20(5): 4390–4406..

[6] 杨欣, 闫兆凤, 潘峰, 等. 我国市售典型食品中交链孢霉毒素污染状况和膳食暴露风险评估[J]. 中国食品卫生杂志, 2025(8): 735–741.
YANG X, YAN ZF, PAN F, *et al*. *Alternaria* toxins in various food marketed in china and dietary exposure assessment [J]. Chinese Journal of Food Hygiene, 2025(8): 735–741.

[7] LI Y, LI X, ZHU Y, *et al*. Recent progress and future challenges for mycotoxins detoxification strategies [J]. Food Science and Human Wellness, 2026(15). DOI: 10.26599/FSHW.2025.9250528

[8] CASTAÑARES E, DACRUZ-CABRAL L, DINOLFO M, *et al*. *Alternaria* in malting barley: Characterization and distribution in relation with climatic conditions and barley cultivars [J]. International Journal of Food Microbiology, 2021, 357: 109367.

[9] LOURO H, VETTORAZZI A, LÓPEZDCERAIN A, *et al*. Hazard characterization of *Alternaria* toxins to identify data gaps and improve risk assessment for human health [J]. Archives of toxicology, 2024, 98(2): 425–469.

[10] JIANG D, WEI D, LI H, *et al*. Natural occurrence of *Alternaria* mycotoxins in wheat and potential of reducing associated risks using magnolol [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2021, 101(7): 3071–3077.

[11] BERTUZZI T, LOCATELLI S, LANZANOVA C, *et al*. *Fusarium* and *Alternaria* toxins in Italian heritage common wheat: Influence of varieties and alkylresorcinol content [J]. Foods, 2026, 15(6): 970.

[12] DAICHI M, MASIELLO M, HAIDUKOWSKI M, *et al*. Assessing *Alternaria* species and related mycotoxin contamination in wheat in Algeria: A food safety risk [J]. Toxins, 2025, 17(6): 309.

[13] LU Z, ZHANG R, WU P, *et al*. Prevalence and exposure assessment of *Alternaria* toxins in Zhejiang Province, China [J]. Foods, 2025, 14(19): 3298.

[14] LI F, WANG X, LAN X, *et al*. Co-contamination analysis and health risk assessment of mycotoxin, metal and metalloid contaminants in wheat flour samples from Shandong, China [J]. Journal of Food Measurement and Characterization, 2026. DOI: 10.1007/s11694-026-04115-1

[15] European Food Safety Authority, RCELLA D, ESKOLA M, *et al*. Dietary exposure assessment to *Alternaria* toxins in the European population [J]. EFSA Journal, 2016, 14(12): e4654.

[16] PACINI T, DAMORE T, SDOGATI S, *et al*. Assessment of *Alternaria* toxins and pesticides in organic and conventional tomato products: Insights into contamination patterns and food safety implications [J]. Toxins, 2024, 17(1): 12.

[17] XU W, HAN X, ZHANG J, *et al*. Occurrence and co-occurrence of *Alternaria* toxins in tomato-based products collected in China [J]. Food Control, 2024, 155: 110030.

[18] 鲁玲玲, 范盈盈, 张锐利. 红枣及其制品链格孢毒素的 QuEChERS-UPLC-MS/MS 检测方法建立及其污染分析[J]. 食品工业科技, 2022, 43(20): 337–345.
LU LL, FAN YY, ZHANG RL. QuEChERS-UPLC-MS/MS method to determination of *Alternaria* toxins and contamination analysis in red date and its products [J]. Science and Technology of Food Industry, 2022,

43(20): 337–345.

[19] DEN-HOLLANDER D, HOLVOET C, DEMEYERE K, *et al*. Cytotoxic effects of alternariol, alternariol monomethyl-ether, and tenuazonic acid and their relevant combined mixtures on human enterocytes and hepatocytes [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 849243.

[20] SALEH I, ZEIDAN R, ABU-DIEYEH M. The characteristics, occurrence, and toxicological effects of alternariol: A mycotoxin [J]. Archives of Toxicology, 2024, 98(6): 1659–1683.

[21] NAGDA A, MEENA M. *Alternaria* mycotoxins in food and feed: Occurrence, biosynthesis, toxicity, analytical methods, control and detoxification strategies [J]. Food Control, 2024, 158: 110211.

[22] SOUKUP S, FLECK S, PFEIFFER E, *et al*. DNA reactivity of altertoxin II: Identification of two covalent guanine adducts formed under cell-free conditions [J]. Toxicology Letters, 2020, 331: 75–81.

[23] CRUDO F, HONG C, VARGA E, *et al*. Genotoxic and mutagenic effects of the *Alternaria* mycotoxin alternariol in combination with the process contaminant acrylamide [J]. Toxins, 2023, 15(12): 670.

[24] CRUDO F, DELLAFIORA L, HONG C, *et al*. Combined *in vitro* and *in silico* mechanistic approach to explore the potential of *Alternaria* mycotoxins alternariol and altertoxin II To Hamper Γh2Ax formation in Dna damage signaling pathways [J]. Toxicology Letters, 2024, 394: 1–10.

[25] MARIN D, GROSU I, PISTOL G, *et al*. The combined effect of two *Alternaria* mycotoxins (alternariol and alternariol monomethyl ether) on porcine epithelial intestinal cells [J]. Agriculture, 2024, 14(9): 1478.

[26] GROESTLINGER J, SPINDLER V, PAHLKE G, *et al*. *Alternaria* alternata mycotoxins activate the aryl hydrocarbon receptor and Nrf2-are pathway to alter the structure and immune response of colon epithelial cells [J]. Chemical Research in Toxicology, 2022, 35(5): 731–749.

[27] AICHINGER G, GRGIC D, BEISL J, *et al*. N-acetyl cysteine alters the genotoxic and estrogenic properties of *Alternaria* toxins in naturally occurring mixtures [J]. Emerging Contaminants, 2022, 8: 30–38.

[28] KOWALSKA K, ELESH I, MARKO D. Interplay between aryl hydrocarbon and estrogen receptor signaling-A possible explanation of endocrine-disrupting and immunomodulatory effects of mycotoxins [J]. Journal of Hazardous Materials, 2026, 501: 140838.

[29] GUO X, WANG S, LIANG J, *et al*. Mitochondrial damage and associated combined toxicity induced by deoxynivalenol and *Alternaria* toxins co-exposure [J]. Food Chemistry, 2025, 465: 142064.

[30] CRUDO F, VARGA E, AICHINGER G, *et al*. Co-occurrence and combinatory effects of *Alternaria* mycotoxins and other xenobiotics of food origin: Current scenario and future perspectives [J]. Toxins, 2019, 11(11): 640.

[31] ALMUSALLAM A, ISMAIL A, ALHUDAIB K, *et al*. Occurrence of *Alternaria* toxins, ochratoxin A and aflatoxins B_1 in green arabic coffee (*Coffea arabica*) in Saudi Arabia: Risk assessment on HepG-2 cell line and male albino rats [J]. Journal of Global Innovations in Agricultural Sciences, 2025, 13(1): 37–52.

[32] HOHENBICHLER J, AICHINGER G, RYCHLIK M, *et al*. *Alternaria Alternata* toxins synergistically activate the aryl hydrocarbon receptor pathway *in vitro* [J]. Biomolecules, 2020, 10(7): 1018.

[33] GIORNI P, BARATO E, BERTUZZI T. Distribution of *Alternaria* toxins in tomato pulp and peel and their stability to heat treatments [J]. Frontiers in Fungal Biology, 2025, 6: 1516557.

[34] KABIR M, LEE I, SINGH C, *et al*. Detection of mycotoxins in cereal grains and nuts using machine learning integrated hyperspectral imaging: A review [J]. Toxins, 2025, 17(5): 219.

[35] JAVIDAN S, BANAKAR A, VAKILIAN K, *et al*. Early detection and spectral signature identification of tomato fungal diseases (*Alternaria Alternata*, *Alternaria Solani*, *Botrytis Cinerea*, and *Fusarium Oxysporum*) by RGB and hyperspectral image analysis and machine learning [J]. Heliyon, 2024, 10(19): e38017.

[36] TAPIA M, GUTIERREZ-PACHECO M, VAZQUEZ-ARMENTA F, *et al*. Washing, peeling and cutting of fresh-cut fruits and vegetables [M]//Minimally Processed Foods: Technologies for Safety, Quality, and Convenience. Springer, 2014: 57–78.

[37] ESTIARTE N, CRESPO-SEMPERE A, MARÍN S, *et al*. Stability of alternariol and alternariol monomethyl ether during food processing of tomato products [J]. Food Chemistry, 2018, 245: 951–957.

[38] JANIĆ HAJNAL E, BABIČ J, PEZO L, *et al*. Reduction of *Alternaria* toxins via the extrusion processing of whole-grain red sorghum flour [J]. Foods, 2024, 13(2): 255.

[39] HAN Y, ZHOU Z, CAO Z, *et al*. Degradation of *Alternaria* mycotoxins by UV-C irradiation: Effect of selected process and exposure to food components [J]. Food Additives & Contaminants: Part A, 2023, 40(1): 134–146.

[40] AYRANCI U, KARACA H. First report on degradation of *Alternaria* toxins in apple juice by UV-C treatment [J]. Frontiers in Nutrition, 2025, 12: 1753326.

[41] ZHAO L, LI L, LIU Z, *et al.* Aptamer functionalized magnetic hydrophobic polymer with synergetic effect for enhanced adsorption of alternariol from wheat [J]. Food Chemistry, 2024, 435: 137556.

[42] WANG X, LIU Q, HAN Y, *et al*. *Alternaria* mycotoxin degradation and quality evaluation of orange juice by ozone treatment [J]. Journal of Food Process Engineering, 2024, 47(8): e14703.

[43] SEHIM A, ABD ELGHAFFAR R, EMAM A, *et al*. Evaluation of the efficacy of ozonated olive oil for controlling the growth of *Alternaria Alternata* and its toxins [J]. Heliyon, 2023, 9(7): e17885.

[44] WANG X, WANG S, YAN Y, *et al*. The degradation of *Alternaria* mycotoxins by dielectric barrier discharge cold plasma [J]. Food Control, 2020, 117: 107333.

[45] SIEGEL D, MERKEL S, BREMSER W, *et al*. Degradation kinetics of the *Alternaria* mycotoxin tenuazonic acid in aqueous solutions [J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2010, 397(2): 453–462.

[46] BRZONKALIK K, HÜMMER D, SYLDATK C, *et al*. Influence of pH and carbon to nitrogen ratio on mycotoxin production by *Alternaria Alternata* in Submerged cultivation [J]. AMB Express, 2012, 2(1): 28.

[47] KONG H, FU X, CHANG X, *et al*. The ester derivatives of ferulic acid exhibit strong inhibitory effect on the growth of *Alternaria Alternata in*

vitro and *in vivo* [J]. Postharvest Biology and Technology, 2023, 196: 112158.

[48] RADICE M, RASHELL-MATAILO-CAMINO L, TARDUGNO R, *et al*. Essential oils inhibiting *Alternaria Alternata* and colletotrichum gloeosporioides: A review [J]. Natural Product Research, 2025, 39(6): 1672–1684.

[49] YANG Y, ZHANG H, LIU B, *et al*. bZIP63. 5 regulates a zinc-finger mediated detoxification network in *Trichoderma harzianum* for enhanced biocontrol of *Alternaria alternate* [J]. Microbial Biotechnology, 2026, 19(3): e70320.

[50] HARISH B, NAGESHA S, RAMESH B, *et al*. Molecular characterization and antifungal activity of lipopeptides produced from *Bacillus Subtilis a*gainst plant fungal pathogen *Alternaria Alternata* [J]. BMC Microbiology, 2023, 23(1): 179.

[51] ZHANG X, ZHOU H, HAN Z, *et al*. *Pichia caribbica* combined with oligochitosan controlling black spot of tomatoes and the regulation on ROS metabolism of the fruits [J]. Biological Control, 2022, 176: 105109.

[52] LANHUANG B, YANG Q, GODANA EA, *et al*. Efficacy of the yeast *Wickerhamomyces Anomalus* in biocontrol of gray mold decay of tomatoes and study of the mechanisms involved [J]. Foods, 2022, 11(5): 720.

[53] LIU Y, ZHANG X, MA M, *et al*. Efficient degradation of alternariol in food by a novel isolate, *Bacillus Pacificus* ANSB901 [J]. Food Microbiology, 2025, 130: 104770.

[54] HE Z, CHU B, WU M, *et al*. Sulfitation by *Aspergillus oryzae* PC2 unveils a novel detoxification pathway for alternariol monomethyl ether: Experimental and computational study [J]. Food Bioscience, 2025, 75: 108096.

[55] LÁZARO Á, VILA-DONAT P, MANYES L. Emerging mycotoxins and preventive strategies related to gut microbiota changes: Probiotics, prebiotics, and postbiotics–A systematic review [J]. Food & Function, 2024, 15(18): 8998–9023.

[56] GADE P, SONKAR R, MUDLIAR S, *et al*. Comparative evaluation of biological, physical, and chemical approaches for the mitigation of sterigmatocystin: Mycotoxin of growing concern [J]. Food Chemistry, 2025, 475: 143259.

[57] WANG X, HAN Y, ZHANG L, *et al*. Removal of *Alternaria* mycotoxinsfrom aqueous solution by inactivated yeast powder [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2020, 100(14): 5182–5190.

[58] SUN F, YU D, ZHOU H, *et al*. CotA laccase from *Bacillus Licheniformis* ZOM-1 effectively degrades zearalenone, aflatoxin B_1 and alternariol [J]. Food Control, 2023, 145: 109472.

[59] ZHANG X, ZHENG H, LV H, *et al*. A sustainable approach for degradation of alternariol by peroxidase extracted from soybean hulls: Performance, pathway, and toxicity evaluation [J]. Foods, 2024, 13(15): 2434.

[60] SCHEIBENZUBER S, HOFFMANN T, EFFENBERGER I, *et al*. Enzymatic synthesis of modified *Alternaria* mycotoxins using a whole-cell biotransformation system [J]. Toxins, 2020, 12(4): 264.

(责任编辑: 韩晓红　曹岱琳)