

# 获得性抗生素抗性基因：威胁发酵蔬菜食品安全的一种新型污染物

向文良<sup>1,2\*</sup>, 张庆<sup>1,2</sup>, 卢倩文<sup>1</sup>, 赵婷婷<sup>1</sup>, 曾林<sup>1</sup>, 徐顾榕<sup>1</sup>, 蔡婷<sup>1</sup>

(1. 西华大学食品与生物工程学院, 四川省食品生物技术重点实验室, 成都 610039;

2. 西华大学古法酿造(发酵)研究所, 成都 610039)

**摘要:** 作为全球关注的新型面源污染之一, 获得性抗生素抗性基因(AARGs)的水平转移成为食品安全领域近年来研究的新课题。发酵蔬菜是我国食品加工的重要组成部分, 其发酵过程多样化的微生物参与为 AARGs 的传播和扩散转移提供了高风险的生态场所。为此, 本文提出将 AARGs 作为威胁发酵蔬菜食品安全的一种新型污染物, 对该类污染物的来源、潜在的传播途径以及国内外相关研究进行综述, 并提出了当前形势下我国开展发酵蔬菜中 AARGs 污染研究的方向和防控建议。

**关键词:** 获得性抗生素抗性基因; 发酵蔬菜; 食品安全

## Acquired antibiotic resistance gene: an emerging contaminant posing a threat to food safety in the fermented vegetable food

XIANG Wen-Liang<sup>1,2\*</sup>, ZHANG Qing<sup>1,2</sup>, LU Qian-Wen<sup>1</sup>, ZHAO Ting-Ting<sup>1</sup>, ZEN Lin<sup>1</sup>,  
XU Gu-Rong<sup>1</sup>, CAI Ting<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory of Food Biotechnology of Sichuan, College of Food and Biological Engineering, Xihua University, Chengdu 610039, China; 2. Institute of Traditional Brewing (Fermentation) Technology, Xihua University, Chengdu 610039, China)

**ABSTRACT:** The acquired antibiotic resistance genes (AARGs), as a kind of emerging diffused contaminants, are increasing global concern in the recent years, and their transfer is a new research topic in the food safety. The fermentation vegetable industry is an important part of Chinese food industries. Unfortunately, its fermentation processing mediated by the complex microflora provides a better ecological court for the AARGs transfer and dissemination among the microorganisms, and thus the AARGs could pose a new threat to food safety in the fermented vegetable food. This paper introduced recent progress in understanding sources, dissemination and transfer pathway of AARGs in the fermentation vegetable processing, and it is recommended that some research topics and effective strategies to control AARGs dissemination should be focused on in the vegetable fermentation process.

基金项目: 国家自然科学基金项目(31571935)、教育部春晖计划项目(Z2014061)、四川省应用基础项目(2014JY0045)、四川省教育厅重点项目(14ZA0110)、四川省食品生物技术重点实验室项目(SZJJ2014-007)

**Fund:** Supported by the National Natural Science Foundation of China (31571935), the Chunhui Program of Ministry of Education of China (Z2014061), the Applied Basic Program of Sichuan (2014JY0045), the Key Program of Education Department of Sichuan (14ZA0110), and the Key Laboratory of Food Biotechnology of Sichuan (SZJJ2014-007)

\*通讯作者: 向文良, 博士, 教授, 主要研究方向为西南地区特色发酵食品生物过程学与生物安全。E-mail: biounicom@mail.xhu.edu.cn

\*Corresponding author: XIANG Wen-Liang, Ph.D, Professor, College of Food and Biological Engineering, Xihua University, Chengdu 610039, China. E-mail: biounicom@mail.xhu.edu.cn

**KEY WORDS:** acquired antibiotic resistance gene; fermented vegetable; food safety

## 1 引言

中国的食品安全问题一直受到各界广泛关注。目前,危及中国食品安全问题的三大问题正如国家食品安全风险评估中心的陈君石院士所述,依次是微生物引起的食源性疾病,农残、兽残、重金属、天然毒素、有机污染物等化学性污染以及非法使用食品添加剂<sup>[1]</sup>。微生物引起的食源性疾病是全球食品安全面临的主要挑战,其中食源性细菌中的抗生素抗性表现出迅速发展且令人担忧的趋势,成为了全球食品工业可持续发展的主要威胁之一<sup>[2-4]</sup>。

抗生素抗性作为一种新型的环境面源污染物,2006年由美国学者 Pruden 首先提出,主要由内源性抗生素抗性基因(intrinsic antibiotic resistance genes, IARGs)和获得性抗生素抗性基因(acquired antibiotic resistance genes, AARGs)表达而产生(图 1)<sup>[5-10]</sup>。IARGs 不能水平传播,仅能通过菌体繁殖垂直传给子代<sup>[7]</sup>。AARGs 是菌体主动或被动地从同种或不同种的抗性菌中外获的抗生素抗性基因(ARGs)<sup>[8,10]</sup>。由于 AARGs 在环境中的持久残留以及在不同宿主间的水平传播往往比抗生素本身危害更大,因此其水平转移机制、扩散规律以及对公共健康和食品安全构成的威胁目前已成为土壤科学、环境科学和食品科学等领域的研究热点<sup>[5-10]</sup>。

## 2 AARGs 污染为发酵蔬菜的食品安全带来了新的挑战

蔬菜发酵是蔬菜加工的一种重要方式,通常以附着在蔬菜表面和发酵环境中的微生物为媒介,自然条件下在

相对封闭的池或坛中进行。发酵蔬菜通常不经二次灭菌而直接食用。近年来,随着 AARGs 面源污染的加剧,曾经被认为是安全的发酵蔬菜中也出现了大量可转移的 AARGs,为其食品安全带来了新的挑战<sup>[10-12]</sup>,即:携带有 AARGs 的乳酸菌随着发酵蔬菜进入人体肠道后,容易向肠道正常菌、条件性致病菌和致病菌传播抗药性,给疾病的治疗埋下了隐患<sup>[2,3,10-15]</sup>。

## 3 AARGs 污染蔬菜原料和加工环境是发酵蔬菜中 AARGs 污染的重要源头

AARGs 在环境中的污染和扩散加剧是食品原料和加工环境污染 AARGs 的主要原因(图 2)<sup>[3,10]</sup>。抗生素在畜牧业、养殖业和医疗行业的大量使用或滥用造成的抗生素残留对肠道微生物和环境微生物的耐药性选择和诱导是环境 AARGs 污染的重要来源<sup>[7,8,16]</sup>。研究表明:从抗生素发现的 20 世纪 30 年代至 20 世纪 90 年代,土壤微生物对常用抗生素的抗性明显增加,施用有机肥土壤中有 70% 的抗生素种类的 AARGs 被发现,极易污染食物资源和食品加工环境<sup>[3,17-20]</sup>。迄今为止,农业生态系统已俨然成为了 AARGs 的基因库<sup>[5-8]</sup>。目前,几乎所有抗生素的 AARGs 都能在河流、海洋、灌溉渠、土壤、空气等环境中被发现,包括氨基糖甙、内酰胺、甲氧苄啶、四环素和万古霉素等各种抗生素的 AARGs<sup>[7,21,22]</sup>。蔬菜在种植和加工过程中不可避免会污染这些环境中的 AARGs,尽管其污染浓度很低,但是一旦它们进入蔬菜发酵系统,就可能向同种或不同种属的乳酸菌群水平转移 AARGs,给发酵蔬菜的食品安全埋下隐患<sup>[12,19]</sup>。

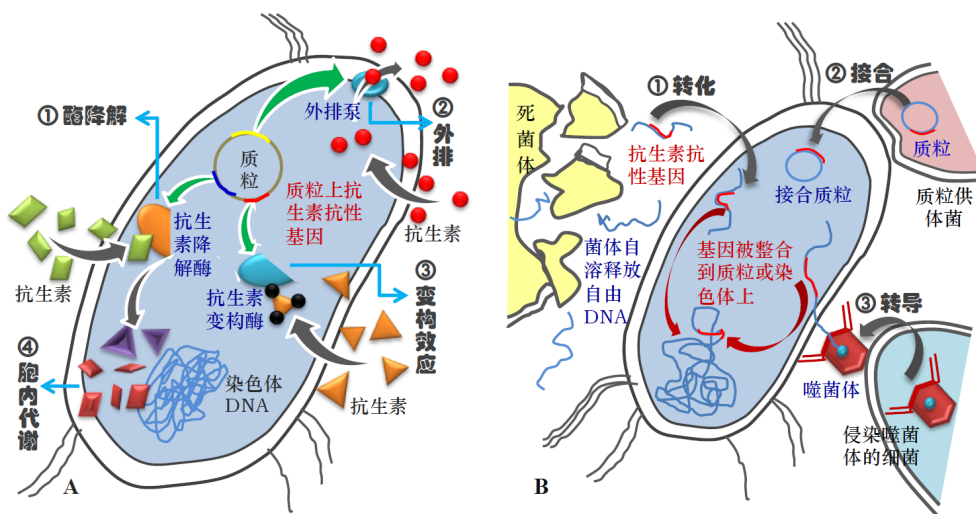


图 1 细菌中抗生素的内源性抗性(A)(酶降解、外排、变构效应和胞内代谢)和获得性抗性机制(B)(转化、接合和转导)<sup>[10]</sup>

Fig. 1 Mechanisms of intrinsic antibiotic resistance (antibiotic degrading enzyme, efflux pumps, antibiotic altering enzyme and antibiotic metabolism in cell) and acquired antibiotic resistance (transformation, conjugation and transduction) in bacteria

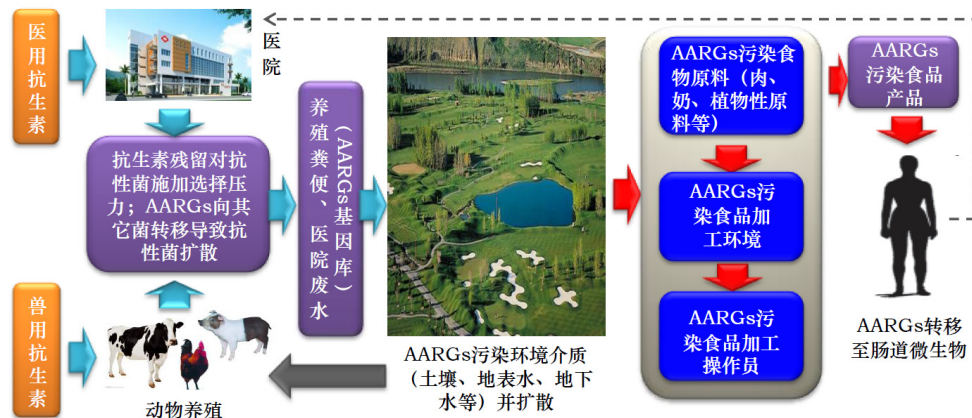
图 2 AARGs 在食品生产链中通过水平转移的扩散途径<sup>[10, 20]</sup>

Fig. 2 Schematic depiction of the horizontal transfer of AARGs in the food production chain

#### 4 发酵过程是发酵蔬菜生产中 AARGs 发生水平转移和扩散的主要场所

食品的发酵过程是 AARGs 污染在发酵食品中发生水平转移和扩散的主要场所, 是导致“发酵食品被认为是环境 AARGs 向人体转移抗生素抗性的主要载体”的重要原因<sup>[3, 12, 22-25]</sup>。过去人们通常认为: 食品原料中抗生素残留是导致食品中抗生素抗性菌产生的主要原因。然而, 新的研究表明: 环境中抗生素的残留水平对微生物几乎没有诱导抗性的风险, 最大的风险就是对抗性细菌的选择<sup>[7, 8, 20]</sup>。研究发现在食品生产过程中会产生许多新的抗生素抗性菌, 这些抗性菌携带的 AARGs 主要来源于原料和加工环境污染的 AARGs 在加工过程中的水平转移<sup>[8, 25-27]</sup>。

发酵过程中多样化的微生物参与为蔬菜原料和发酵环境中污染的 AARGs 提供了水平转移和扩散的高风险生态环境。在动物源食品酸乳、干酪和肉制品的发酵过程中, 肠球菌 RE39 中的 AARGs 可在肠球菌 RE39、粪肠球菌 JH2-2、肠膜明串珠菌、无害李斯特氏菌、乳酸乳球菌、乳酸杆菌和枯草芽孢杆菌中水平转移; 嗜热链球菌中的 AARGs 可在乳酸乳球菌、短乳杆菌和瑞士乳杆菌间进行水平转移; 粪肠球菌 F01 中的 AARGs 可以在金黄色葡萄球菌 80CR5、无害李斯特氏菌 L17、肠膜明串珠菌 M7-1、乳酸链球菌双乙酰亚种 Bu2-60 和粪肠球菌 JH2-2 间水平转移<sup>[10, 28]</sup>。因此, AARGs 在发酵过程中的水平转移引起的抗性菌群扩大进一步加大了发酵食品中 AARGs 的潜在食品安全风险。

#### 5 接合、转导和转化是蔬菜发酵过程中 AARGs 发生水平转移的分子机制

自然生态系统是 ARGs 的天然基因库<sup>[7, 29]</sup>。在自然生

态系统中, 许多微生物能够产生抗生素, 同时也有许多微生物进化出了 ARGs。在无选择压力下, ARGs 的基本功能并非局限于抵抗抗性<sup>[7, 30]</sup>。抗生素的使用促进了 ARGs 转移到转移元件上, 进而加速了在环境中的传播<sup>[8, 30]</sup>。已有充分的证据表明: 细菌获得抗生素抗性并非主要通过突变已有的基因序列, 而是通过水平转移元件从其它菌中获取 AARGs<sup>[6, 25]</sup>。人类几乎所有抗生素抗性致病菌的 AARGs 都能在生态环境中被发现, 包括太古时代的生态系统和从未暴露在抗生素污染的野生动物肠道菌群系统<sup>[30]</sup>。因此, 深入研究 AARGs 的转移规律和分子机制, 对防控 AARGs 的污染扩大具有十分重要意义。

研究发现: AARGs 通常位于微生物基因组的水平转移元件上, 这些转移元件包括质粒、转座子和整合子<sup>[8, 10, 30-34]</sup>。接合、转导和转化是 AARGs 在同种或不同种属的微生物间发生水平转移的主要分子机制(图 3)<sup>[10, 30]</sup>。质粒是大部分 AARGs 的携带载体, 在 AARGs 的水平转移中起着非常重要的作用, 其转移不但可以发生在同一种属细菌之间, 而且也可以发生在不同种属细菌间, 甚至还发生在细菌和真菌之间<sup>[10, 30]</sup>。质粒上 AARGs 的水平转移元件可为高拷贝小质粒、自主转移质粒或是自主转移质粒上的转座子或整合子<sup>[30, 34]</sup>, 由这些水平转移元件介导的 AARGs 水平转移规律和转移频率明显不同<sup>[14, 25, 26]</sup>。染色体上的 AARGs 主要位于转座子或整合子上。整合子本身并不具有水平转移功能, 但捕获了 AARGs 的整合子可通过质粒或作为转座子的一部分在细菌间转移 AARGs<sup>[8, 30]</sup>。

AARGs 通过自主转移质粒和接合性转座子发生的接合转移十分普遍, 是 AARGs 在同种或不同种属的菌群间扩散的主要原因<sup>[8, 30, 35-37]</sup>。在发酵乳品中, 已先后有肠球菌 RE39 的自主转移质粒 pRE39、嗜热链球菌的自主转移质粒 pAMβ1 和粪肠球菌质粒上的转座子 TnF01 和 Tn916 等介导的 AARGs 在乳品发酵过程中向同种和不同种属细菌

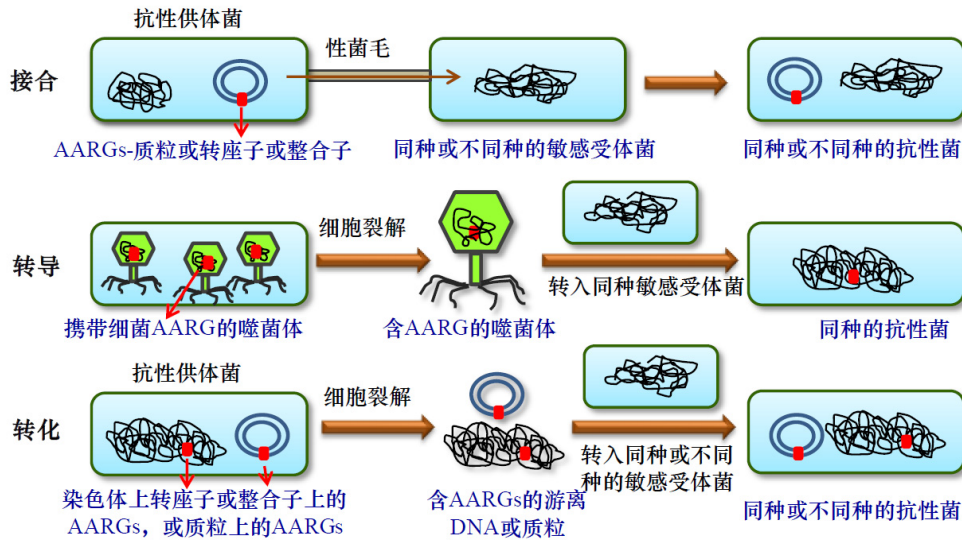
图3 AARGs在细菌间的水平转移分子机制<sup>[25]</sup>

Fig. 3 The horizontal transfer molecular mechanisms of AARGs among the bacteria

间的水平转移报道<sup>[25,26]</sup>。然而,目前在发酵蔬菜中,通过自主转移质粒和接合性转座子发生的AARGs的水平转移机制还不清楚。

借助于噬菌体将单一AARG包装在噬菌体DNA上向同种细菌转导抗生素抗性也是AARGs水平转移的重要方式<sup>[7,8,24]</sup>。在畜禽粪便、海水、市政污水、地表水等环境介质中已发现有携带 $\beta$ -内酰胺类的AARGs噬菌体<sup>[8,24]</sup>。但在发酵食品未见相关报道。

在自然环境,AARGs转化的发生需要极苛刻的环境条件和特定菌体生理期,因此转化仅发生在少数种之间<sup>[8]</sup>。发酵食品由于复杂的发酵条件,通过转化机制水平转移AARGs几乎不可能发生。

AARGs的水平转移在亲缘关系较近和菌体密度相对较高的环境中更易发生<sup>[8,30]</sup>。然而,AARGs的水平转移能否发生以及其转移频率的大小等受多种因素影响,包括环境压力(如:抗生素残留水平、盐离子、温度、pH等)、AARGs宿主菌和敏感菌以及水平转移元件类型等因素,这些影响因素可促进也可阻止AARGs水平转移的发生,如:低pH值、高盐浓度和抗菌物质(如香辛料)容易诱导AARGs水平转移<sup>[8,34,36]</sup>。

## 6 建议及对策

中国发酵蔬菜是世界四大发酵蔬菜之一,与韩国Kimich、欧洲酸黄瓜、德国甜酸甘蓝齐名。然而,大量使用和滥用抗生素导致蔬菜原料中的AARGs污染加剧,为中国发酵蔬菜的食品安全提出了严峻挑战<sup>[37]</sup>。鉴于目前对AARGs的来源、传播和扩散机制尚缺乏系统研究,对于其可能造成的安全风险也尚缺乏系统研究数据,特别是我国

在这方面的研究数据还远远落后于发达国家<sup>[38-40]</sup>。因此,针对发酵蔬菜中的AARGs这类新型污染物,建议今后的研究应主要集中在以下几方面:

(1) 建立发酵蔬菜中抗生素抗性基因监测分析的方法体系,以加强对这类新型污染物的研究。

(2) 开展蔬菜种植环境中AARGs的来源和生态分布研究。对可能AARGs污染的区域在不同环境介质,包括地表水、底泥、土壤、大气等进行广泛调查研究和分析,建立我国蔬菜种植环境中AARGs的污染区域、污染种类和污染水平的数据库。

(3) 开展AARGs在蔬菜发酵过程中的传播、扩散机制以及控制对策研究,阐明AARGs传播和扩散的机制,揭示影响其传播和扩散的重要因素,为正确评估发酵蔬菜中AARGs的安全风险和制定相关防控策略提供科学依据。

与此同时,在目前发酵蔬菜中AARGs的来源、传播和扩散尚缺乏系统研究的情况下,采取以下措施降低AARGs的安全风险。

(1) 采取一定的消毒杀菌手段减少蔬菜原料中附生的菌群,使用安全无耐药性的发酵剂来进行发酵生产。

(2) 规范或谨慎使用抗生素,减少农业生产环境中抗生素的积累,从而降低蔬菜表面附生的耐药性菌群。

(3) 蔬菜发酵生产部门及其他相关部门加强食品安全、卫生潜在的危害管理,发酵加工过程中实施AARGs的HACCP(危害分析与关键控制点)。

(4) 加强全产业链从业人员对食源性微生物耐药新性的公共卫生意识,增强对医疗、食品原料生产中滥用抗生素的危害意识。

## 参考文献

- [1] 中国食品科学技术学会秘书处. 中国的食品安全应高度关注微生物引起的食源性疾病[J]. 食品与机械, 2012, 28(6): 1-3.  
The secretary department of Chinese institute of food science and technology. The food safety in China should be highly concerned about the food borne diseases caused by microorganisms [J]. Food Mach, 2012, 28(6): 1-3.
- [2] Verraes C, Boxtael SV, Meervenne EV, *et al.* Antimicrobial resistance in the food chain: a review [J]. Int J Environ Res Public Health, 2013, 10: 2643-2669.
- [3] Wang H, Mc Entire JC, Zhang L, *et al.* The transfer of antibiotic resistance from food to humans: Facts, implications and future directions [J]. Revue Scientifique et Technique, 2012, 31: 249-260.
- [4] 陈铮. 食源性细菌中的抗生素抗性成为持续发展的威胁[J]. 中国食品学报, 2014, 14: 251.  
Chen Z. Antibiotic resistance in foodborne bacteria has become a threat to sustainable development [J]. J Chin Inst Food Sci Technol, 2014, 14: 251.
- [5] Pruden A, Pei RT, Storteboom H, *et al.* Antibiotic resistance genes as emerging contaminants: studies in northern Colorado [J]. Environ Sci Technol, 2006, 40: 7445-7450.
- [6] Oldfield E, Feng X. Resistance-resistant antibiotics [J]. Trends in Pham Sci, 2014, 35: 12.
- [7] Martínez JL. Antibiotics and antibiotic resistance genes in natural environments [J]. Science, 2008, 32: 365-367.
- [8] Roberts MC, Schwarz S, Aarts HJM. Acquired antibiotic resistance genes: an overview [J]. Front Microbiol, 2012, 3: 384(1-17).
- [9] Van Hoek AAM, Mevius D, Guerra B, *et al.* Acquired antibiotic resistance genes: an overview [J]. Front Microbiol, 2011, 2: 203(1-26).
- [10] Sharma P, Tomar SK, Goswami P, *et al.* Antibiotic resistance among commercially available probiotics [J]. Food Res Int, 2014, 57: 176-195.
- [11] 宋菲菲, 徐顾榕, 蔡婷, 等. 四川泡菜中乳酸菌链霉素抗性与抗性基因的检测[J]. 食品安全质量检测学报, 2014, 5: 4032-4039.  
Song FF, Xu GR, Cai T, *et al.* Detection of streptomycin resistance and resistance genes in lactic acid bacteria from Sichuan Pickle of China [J]. J Food Saf Qual, 2014, 5: 4032-4039.
- [12] Casado Muñoz MC, Benomar N, Lerma LL, *et al.* Antibiotic resistance of *Lactobacillus pentosus* and *Leuconostoc pseudomesenteroides* isolated from naturally-fermented Aloreñatableo lives throughout fermentation process [J]. Int J Food Microbiol, 2014, 172: 110-118.
- [13] Haug MC, Tanner SA, Lacroix C, *et al.* Monitoring horizontal antibiotic resistance gene transfer in a colonic fermentation model [J]. FEMS Microbiol Ecol, 2011, 78: 210-219.
- [14] Van Reenen CA, Dicks LMT. Horizontal gene transfer amongst probiotic lactic acid bacteria and other intestinal microbiota: what are the possibilities? a review [J]. Arch Microbiol, 2011, 193: 157-168.
- [15] Huddleston JR. Horizontal gene transfer in the human gastrointestinal tract: potential spread of antibiotic resistance genes [J]. Infect Drug Resist, 2014, 7: 167-176
- [16] Zhu YG, Johnson TA, Su JQ, *et al.* Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms [J]. PNAS, 2013, 110: 3435-3440.
- [17] Baquero F, Martínez JL, Canton R. Antibiotics and antibiotic resistance in water environments [J]. Curr Opin Biotechnol, 2008, 19: 260-265.
- [18] Fernández-Fuentes MA, Morente EO, Abriouel H, *et al.* Antimicrobial resistance determinants in antibiotic and biocide resistant gram-negative bacteria from organic foods [J]. Food Control, 2014, 37: 9-14.
- [19] Marti R, Scott A, Tien YC, *et al.* Impact of manure fertilization on the abundance of antibiotic-resistant bacteria and frequency of detection of antibiotic resistance genes in soil and on vegetables at harvest [J]. Appl Environ Microbiol, 2013, 79: 5701-5709.
- [20] Marti R, Tien YC, Murray R, *et al.* Safely coupling livestock and crop production systems: How rapidly do antibiotic resistance genes dissipate in soil following a commercial application of swine or dairy manure? [J] App Environ Microbiol, 2014, 80: 3258-3265.
- [21] Hsu CY, Hsu BM, Ji WT, *et al.* Apotential association between antibiotic abuse and existence of related resistance genes in different aquatic environments [J]. Water Air Soil Pollut, 2015, 226: 2235(1-9).
- [22] De Castro AP, Fernandes GR, Franco OL. Insightsin to novel antimicrobial compounds and antibiotic resistance genes from soil metagenomes [J]. Front Microbiol, 2014, 5:489(1-9).
- [23] Rolain JM. Food and human gut as reservoirs of transfer able antibiotic resistance encoding genes [J]. Front Microbiol, 2013, 4: 173(1-10).
- [24] Comunian R, Daga E, Dupré I, *et al.* Susceptibility to tetracycline and erythromycin of *Lactobacillus paracasei* strains isolated from traditional Italian fermented foods [J]. Int J Food Microbiol, 2010, 138: 151-156.
- [25] Campos J, Mourão J, Pestana N, *et al.* Microbiological quality of ready-to-eat salads: An underestimated vehicle of bacteria and clinically relevant antibiotic resistance genes [J]. Int J Food Microbiol, 2013, 166: 464-470.
- [26] Fernández-Fuentes MA, Abriouel H, Morente EO, *et al.* Genetic determinants of antimicrobial resistance in gram positive bacteria from organic foods [J]. Int J Food Microbiol, 2014, 172: 49-56.
- [27] Allen HK. Antibiotic resistance gene discovery in food-producing animals [J]. Curr Opin Microbiol, 2014, 19: 25-29.
- [28] 杨梅, 陈霞, 孙志宏, 等. 乳酸菌抗生素抗性的研究进展 [J]. 中国乳品工业, 2009, 37: 46-50.  
Yang M, Chen X, Sun ZH, *et al.* Recent progress on the research of antibiotic resistance in lactic acid bacteria [J]. Chin Dairy Ind, 2009, 37: 46-50.
- [29] O'Toole DK. The natural environment may be the most important source of antibiotic resistance genes [J]. mBio, 2014, 5: e01285-14.
- [30] Ammor MS, Flórez AB, van Hoek AH, *et al.* Molecular characterization of intrinsic and acquired antibiotic resistance in lactic acid bacteria and *bifidobacteria* [J]. J Mol Microb Biotech, 2008, 14: 6-15.
- [31] Stokes HW, Gillings MR. Gene flow, mobile genetic elements and the recruitment of antibiotic resistance genes into Gram-negative pathogens [J]. FEMS Microbiol Rev, 2011, 35: 790-819.
- [32] Broaders E, Gahan CGM, Marchesi JR. Mobile genetic elements of the human gastrointestinal tract [J]. Gut Microbes, 2013, 4: 271-280.
- [33] Turner PE, Williams ESCP, Okeke C, *et al.* Antibiotic resistance correlates with transmission in plasmid evolution. Evolution, 2014, 68-12: 3368-3380.
- [34] Zhang T, Zhang XX, Ye L. Plasmid metagenome reveals high levels of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in activated sludge [J]. PLoS ONE, 2011, 6: e26041(1-9).
- [35] Devirgiliis C, Zinno P, Perozzi G. Update on antibiotic resistance in foodborne *Lactobacillus* and *Lactococcus* species [J]. Front Microbiol,

- 2013, 4:301(1-8).
- [36] Smelt JP, Hoefsloot HC, de Koster CG, *et al.* Simulation of the rate of transfer of antibiotic resistance between *Escherichia coli* strains cultured under well controlled environmental conditions [J]. *Food Microbiol*, 2015, 45:189-194.
- [37] Pan L, Hu XQ, Wang XY. Assessment of antibiotic resistance of lactic acid bacteria in Chinese fermented foods [J]. *Food Control*, 2011, 22:1316-1321.
- [38] Zhang HM, Xie LS, Zhang YW, *et al.* The association of biofilm formation with antibiotic resistance in lactic acid bacteria from fermented foods [J]. *J Food Safety*, 2013, 33: 114-120.
- [39] Bolla JM, Brunel JM. Enhancing antibiotic activity to combat resistant Gram-negative bacteria: what's next [J]? *Future Med Chem*, 2014, 6: 1849-1851.
- [40] Smith RA, M'ikanatha NM, Read AF. Antibiotic Resistance: A primer and call to action [J]. *Health Commun*, 2015, 30: 309-314.

(责任编辑: 白洪健)

### 作者简介



向文良, 博士, 教授, 硕士生导师, 主要研究方向为西南地区特色发酵食品生物过程学与生物安全。

E-mail: biunicom@mail.xhu.edu.cn

## “食品添加剂与配料”专题征稿函

食品添加剂是指为改善食品品质和色、香、味以及为防腐、保鲜和加工工艺的需要而加入食品中的人工合成或天然物质。食品添加剂与配料与我们的生活息息相关。孙宝国院士曾指出:“我们的生活离不开食品添加剂, 没有食品添加剂就没有现代食品工业。”

鉴于此, 本刊特别策划了“**食品添加剂与配料**”专题, 由 北京工商大学食品学院 王静教授 担任专题主编, 主要围绕 食品添加剂与配料的开发、应用与检测、食品添加剂与配料的生产与安全使用、食品添加剂与配料的安全监管与法律法规 或您认为本领域有意义的问题展开讨论, 计划在 2015 年 12 月正式刊出。

本刊主编 吴永宁研究员 及专题主编 王静教授 特邀各位专家学者为本专题撰写稿件, 以期进一步提升该专题的学术质量和影响力。综述、实验报告、研究论文均可, 请于 2015 年 11 月 30 日前通过网站或 E-mail 投稿。我们将快速处理并优先发表。

感谢您的参与和支持!

**投稿方式:**

网站: [www.chinafoodj.com](http://www.chinafoodj.com)

E-mail: [jfoodsq@126.com](mailto:jfoodsq@126.com)

《食品安全质量检测学报》编辑部