

应用 Illumina MiSeq 测序解析 O₃-BAC 水处理技术 生产饮用水中细菌多样性

Analysis bacterial diversity in drinking water of O₃-BAC water treatment technology by Illumina MiSeq sequencing

葛英亮^{1,2} 于水利¹ 时文歆¹ 殷 祺³ 翁伟鹏³

GE Ying-liang^{1,2} YU Shui-li¹ SHI Wen-xin¹ YIN Qi³ WENG Wei-peng³

(1. 哈尔滨工业大学市政环境工程学院, 黑龙江 哈尔滨 150090; 2. 哈尔滨学院食品科学与工程系,
黑龙江 哈尔滨 150080; 3. 吴江华衍水务有限公司, 江苏 苏州 215220)

(1. School of Municipal and Environmental Engineering, Harbin Institute of Technology, Harbin, Heilongjiang
150090, China; 2. School of Food Science and Technology, Harbin University, Harbin, Heilongjiang 150080,
China; 3. Huayan Water Service Corporation limited, Suzhou, Jiangsu 215220, China)

摘要:采用切向流超滤技术(TFF)大量富集浓缩饮用水,提取其基因组 DNA,扩增 16S rDNA 片段的 V4+V5 区,共获得 45 093 条序列,序列平均长度 395.65 bp,经高通量测序和物种注释、评估、组成分析、 β -多样性分析、物种差异分析、RDA 分析等进行生物信息学分析,获得饮用水中细菌多样性组成及丰度信息。结果发现,饮用水中可能含有的细菌多样性具有不确定性和随机性,对其影响最大的水质指标为浊度和余氯,经 Illumina MiSeq 高通量测序获得基因信息的细菌可能存在无活性或者处于 VBNC 状态的可能,难以采用纯培养方式培养,Illumina MiSeq 高通量测序可作为饮用水细菌分析的前置技术加以推广和应用。

关键词: Illumina MiSeq; O₃-BAC; 饮用水; 细菌; 多样性

Abstract: Enriched the drinking water by using tangential flow ultra-filtration (TFF), extracted the genomic DNA, amplified 16S rDNA V4+V5 region, a total of 45 093 sequences and the average length of the 395.65 bp sequence were got. After high throughput sequencing bioinformatics analysis including annotation, evaluation, species composition analysis, β -diversity analysis, species difference analysis, RDA analysis etc., the bacterial diversity and the abundance in drinking water was got. In the result, the bacterial diversity is uncertainty and randomness in drinking water, the water quality parameters of turbidity and residual chlorine are biggest influ-

ence on the bacterial diversity in drinking water, but the bacteria bio-information which got by Illumina MiSeq high-throughput sequencing may exist without activity or 'viable but non-culturable bacteria', but these bacteria are difficult to culture. High-throughput sequencing technology is a good technology for analyzing the bacteria in drinking water.

Keywords: Illumina MiSeq; O₃-BAC; drinking water; bacteria; diversity

水是生命之源,饮用水微生物安全一直为人们所重视,每年有数百万人因饮用不洁水而致病甚至死亡^[1],因此,饮用水处理技术一直为各国所重视。臭氧-生物活性碳水处理技术(O₃-biological activated carbon, O₃-BAC)作为第二代水处理技术的代表,在全球广泛应用^[2-3],该技术在生物降解有机物的应用中具有独特优势,但其微生物安全性问题一直为研究者所担忧。乔铁军等^[4]研究了臭氧生物活性碳水处理工艺在某一条件下的生物泄漏问题,虽未检测到致病微生物的泄露,但提示应注意饮用水的生物安全的控制,其研究方法具有一定的局限。祝泽兵等^[5]研究表明部分微生物,如分枝杆菌(*Mycobacterium spp.*)、军团菌(*Legionella spp.*)等耐氯菌,对饮用水生物安全性保障的最后一道防线——氯消毒有一定的耐受性,这为以氯消毒为主要消毒手段的饮用水生产带来了极大的隐患。

以纯培养技术为基础的,指示菌表征饮用水微生物安全性的水质微生物安全检测技术已应用近一个世纪^[6],其弊端逐渐显现:粪大肠菌群及菌落总数等作为致病微生物的指示菌,不能完全指示致病微生物的存在^[7-9],不能满足饮用水

基金项目: 国家科技重大专项(编号:2012ZX07403-001)
作者简介: 葛英亮,男,哈尔滨学院副教授,哈尔滨工业大学在读博士研究生。
通讯作者: 于水利(1962—),男,哈尔滨工业大学教授,博士生导师。
E-mail: yushuiligd@126.com
收稿日期: 2016-02-19

致病微生物检测的需要;饮用水具有贫营养、微生物含量低、富集难等特点,使得众多饮用水中生物检测技术无能为力,饮用水中大多微生物不能通过平板培养的方式进行培养,而 VBNC 菌的存在^[10]对饮用水的检测提出了更大的挑战。近年,饮用水微生物的分子生物学检测方法异军突起,实时定量 PCR (Q-PCR)、PCR 和 基因芯片技术等广泛应用于饮用水微生物检测,促进了饮用水生物安全检测技术的迅速发展,但这些技术通常被引物及基因片段长度等限制,且具有检测通量低的缺点^[11-14]。

随着科技的发展,以 FLX454 和 Illuma miseq 平台为代表的第二代测序技术的成本逐渐降低,广泛应用于人体内环境^[15-16]、食品^[17]、土壤^[18]等生物多样性的分析研究。该技术具有通量高、速度快、数据准确等优点^[19],常被国内外学者用来分析饮用水生产领域生产过程的各个环节,如原水、絮凝后水、沙滤后水中微生物的多样性。但很少将其应用于饮用水微生物的检测,主要原因是饮用水微生物丰度低而难以富集,检测难且获得基因量少,难以测序分析,因此,在以往饮用水微生物安全性的检测过程中,多采用纯培养的方式检测饮用水中的指示菌(GB 5749—2006),但由于其丰度低且无法指示,带来风险。还有部分研究者采用分子生物学的方法,如 real-time PCR 法、RFLP 法(restriction fragment length polymorphism)等,但通量较低,仅能检测有限微生物的存在。本研究拟采用切向流超滤浓缩(tangential flow filtration,TFF)技术对 O₃-BAC 工艺生产饮用水进行高度浓缩,并在此基础上采用 Illuma miseq 高通量测序技术对饮用水中可能存在的细菌进行测序,在较短时间内获得高通量的基因数据,测序后采用 Alpha 多样性分析检验、Beta 多样性分析检验及聚类分析的方法对测序结果进行生物信息学分析,获得饮用水中细菌多样性组成及丰度信息,有针对性地采用选择性培养基对部分可能存在的细菌进行培养验证,旨在为饮用水细菌多样性乃至液态食品的微生物安全进一步研究提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

1.1.1 样品

饮用水:2014 年每 2 个月取某采用 O₃-BAC 深度处理工艺净水厂出厂水 600 L,全年共获得 6 个样品,分别标记为 A、B、C、D、E、F。

1.1.2 主要仪器与耗材

- 切向流超滤:Pellicon XL 50 cm²,美国 Milipore 公司;
- 超滤离心管:Amicon[®] Ultra-15 mL,美国 Milipore 公司;
- 台式高速冷冻离心机:SK-15 型,德国 Sigma 公司;
- 恒温金属浴:JS-400A 型,上海培清科技有限公司;
- PCR 仪:GeneAmp[®] 9700 型,美国 ABI 公司;
- 超微量分光光度计:NanoDrop2000 型,美国 Thermo Scientific 公司;
- 蓝色荧光定量系统:QuantiFluor[™]-ST 型,美国

Promega 公司。

1.1.3 引物、试剂盒及培养基

引物 515f-907r (515f: GTGCCAGCMGCCGCGG; 907r: CCGTCAATTCMTTTRAGTTT); 515F-907R 由生工生物工程(上海)股份有限公司合成;

E.Z.N.A Soil DNA 基因组抽提试剂盒,美国 OMEGA 公司;

- AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒:美国 AXYGEN 公司;
- CFC 假单胞菌选择性培养基:北京陆桥技术有限公司;
- Pfizer 选择性肠球菌琼脂培养基:百思生物技术有限公司;

HB0280 蜡芽孢杆菌选择琼脂基础:青岛海博生物技术有限公司;

DNA 聚合酶 TransStart Fastpfu DNA Polymerase AP221-02:北京全式金生物技术有限公司。

1.2 试验方法

1.2.1 获取样品 本研究选取某净水厂(典型 O₃-BAC 深度水处理工艺)出厂水为研究对象,采用灼烧的方法对出厂水水龙头进行无菌化处理,水龙头出水直接引入 0.22 μm 切向流超滤(TFF)循环系统中,进行饮用水中细菌富集,以浓缩出水计量取水量 200 L,后采用 100 kDa 超滤离心管进行超滤离心。取浓缩液,分别置于 1.5 mL EP 管中,12 000 r/min 离心 10 min,弃上清,用 0.2 mL TE 缓冲液(pH 7.4)进行溶解后混合,—20 ℃待用;每次取样间隔 10 d,取 3 次,浓缩后,提基因组,混样,为一个样品,待 PCR 扩增。

1.2.2 基因组提取 将 1.2.1 获得样品采用 E.Z.N.A Soil DNA 试剂盒提取基因组,NanoDrop 2000 超微量分光光度计检测 DNA 的纯度及浓度,1% 琼脂糖凝胶电泳(5 V, 30 min),对 DNA 提取量不能满足后续试验需求样品,重复 1.2.1 试验两次,若不满足要求则放弃该样品。

1.2.3 PCR 扩增及 Illumina Miseq 测序 PCR 扩增微生物基因组中 16S rDNA 的 V4+V5 区,引物为 515f(5'-GTGC-CAGCMGCCGCGG-3') 和 907r (5'-CCGTCAATTC-MTTTRAGTTT-3'),5'端加入 barcode 标签序列,采用 TransStart Fastpfu DNA 聚合酶;20 μL 反应体系:4 μL 5× FastPfu Buffer;2 μL 2.5×10⁻³ mol/L dNTPs,0.8 μL Forward Primer(5×10⁻⁶ mol/L),0.8 μL Reverse Primer(5×10⁻⁶ mol/L),0.4 μL FastPfu Polymerase,10 ng Template DNA,ddH₂O 补齐至 20 μL。PCR 扩增反应程序为:95 ℃变性 3 min;以 95 ℃/30 s,55 ℃/30 s,72 ℃/45 s 扩增 30 个循环;72 ℃,保温 5 min。每个样本进行 3 次平行试验,将同一样品的 PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测(5 V, 30 min),使用胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物,后 Tris—HCl 洗脱;2% 琼脂糖电泳检测。将 PCR 产物用 QuantiFluor[™]-ST 型蓝色荧光定量系统进行检测定量,按测序量要求,进行混合,构建 miseq 文库,进行测序,测序委托上海美吉生物医药科技有限公司进行。

1.2.4 测序分析及统计 对宏基因组测序结果进行物种注释、评估、组成分析、β-多样性分析、物种差异分析等,获得饮

用水中微生物的生物信息。

1.2.5 选择性培养基验证 根据测序分析结果选择有代表性的细菌进行选择性培养基培养,分别培养消毒前和消毒后的水体中的细菌,并记录结果。

2 结果与分析

2.1 水质分析结果

水质分析依据《生活饮用水卫生标准》(GB 5749—2006)进行检测,结果见表 1。

表 1 饮用水样品部分水质分析数据表

Table 1 Part water quality analysis data of drinking water sample

样品	采集时间	水质指标									
		温度/ ℃	浑浊度/ NTU	溶解氧/ (mg · L ⁻¹)	电导率/ (μs · cm ⁻¹)	氨氮/ (mg · L ⁻¹)	耗氧量/ (mg · L ⁻¹)	菌落总数/ (CFU · mL ⁻¹)	大肠菌群/ (10 ⁻² CFU · mL ⁻¹)	余氯/ (mg · L ⁻¹)	pH
A	12 月	10	0.14	11.94	529	<0.02	1.50	未检出	未检出	0.70	7.64
B	2 月	8	0.24	11.35	522	<0.01	1.51	未检出	未检出	0.47	7.87
C	4 月	19	0.19	9.62	564	<0.02	1.60	未检出	未检出	0.50	7.53
D	6 月	20	0.13	8.24	542	<0.02	1.58	未检出	未检出	0.50	7.49
E	8 月	23	0.14	8.13	443	<0.01	1.54	未检出	未检出	0.75	7.42
F	10 月	15	0.14	10.47	510	<0.02	1.51	未检出	未检出	0.70	7.30
GB 5749 限值	—	—	1.00	—	—	0.50	3.00	100	不得检出	≥0.30	—

2.3 16S rDNA 序列 PCR 扩增及测序结果分析

PCR 扩增后,只有样品浓度≥5 ng/μL、样品量≥500 ng 方能建库测序。本研究获得样品量符合 miseq 建库要求,见电泳图 1(b)。

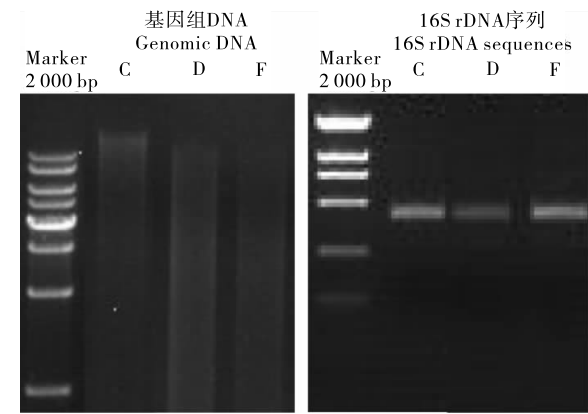


Figure 1 The agarose-gel electrophoresis map of genomic DNA and 16S rDNA sequence by PCR amplification

由图 1(b)可知,PCR 后产物目的 16S rDNA 序列条带大小正确,浓度合适,可尝试进行后续试验。

2.4 微生物多样性分析

2.4.1 样本多样性评估 研究采用 Alpha 多样性分析检验(Chao、Ace、Simpson、Shannon、Coverage 等统计学分析指数)来评估样品细菌群落的物种丰度和多样性,采用 mothur (version v.1.30.1, www.mothur.org) 软件统计分析测序群落

由表 1 可知,样品水质均符合中国《生活饮用水卫生标准》要求。

2.2 基因组提取

基因组提取后,采用 NanoDrop 检测纯度及电泳分析,因饮用水中微生物数量稀少,即使选用大量水体进行浓缩,获得的基因组含量仍较低。由电泳图 1(a)可知,获得基因组的 3 样品(C、D、F),基本符合后续试验要求,而样品 A、B、E 未获得足够基因组而放弃。

的物种丰度和多样性,采用 Usearch (vsesion 7.1, <http://drive5.com/uparse/>) 软件在相似水平 97% (0.97) 上进行 OUT (operational taxonomic units) 聚类分析,见表 2。

表 2 饮用水样品 α 多样性指数 (Alpha-diversity) 表

Table 2 Alpha-diversity sheet of drinking water sample

样品	α 多样性指数(0.97 水平)						
	OTU	Ace	Chao	Coverage	Shannon	Simpson	
C	346	358	361	0.997 212	4.72	0.196 0	
D	63	76	70	0.998 846	1.79	0.395 8	
F	221	259	250	0.994 904	1.89	0.396 0	

Miseq PE300 测序结果依据贝叶斯算法对 97% 相似水平的 OUT 代表序列进行分类学分析,饮用水样品 α 多样性指数分析,见表 2。Chao 和 Ace 指数数值近似,表明样品中存在部分细菌基因,且测序结果准确;Coverage 值均在 0.99 以上,表明本次测序对样品中细菌的覆盖率很高,选择测序深度适合,可以满足样品中细菌多样性分析的需要,可以代表样本中细菌的真实情况;Shannon、Simpson 值反映了物种的丰富程度;部分样本 200 L 饮用水经 3 次富集后的样品中,有细菌存在的可能。

2.4.2 可能存在的细菌群落组成分析 测序获得数据经拆分、拼接、过滤、质控等处理后获得高质量 Clean Tags,采用 RDP classifier 贝叶斯算法进行分类学分析,统计每个样品的群落组成,与 Silva (<http://www.arb-silva.de>) 16S 细菌核糖体数据库比对获得样品中细菌生物信息,分别进行: ① Taxon tree 分析,获得样本在各个水平的物种及其比例,

④ 单样本多级物种各分类水平组成分析, 见图 4。

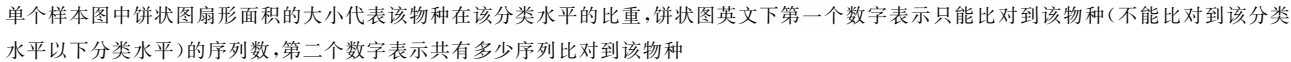


图 2 3 个饮用水样本中细菌分类树

lococcus、肠球菌属 *Enterococcus*、假单胞菌属 *Pseudomonas* 等属细菌相对丰度略大,相较于样本 D 与样本 F 细菌分类组成可能更近似,以此说明 3 个饮用水样本中细菌分布不均一,且无规律。

Figure 2 consists of two panels. The left panel is a scatter plot showing the first two dimensions of a Canonical Correspondence Analysis (CCA), labeled 'nmads1' (x-axis) and 'nmads2' (y-axis). Three samples are plotted: C (Control, black square), D (Diet, grey square), and F (Fertilizer, white square). Sample C is located at approximately (-0.5, 0.0), D is at (0.3, -0.5), and F is at (0.2, 0.4). The right panel is a stacked bar chart showing the relative abundance (%) of various bacterial taxa for each sample. The taxa are listed on the right, including Lactococcus, Listeria, Pseudomonas, and many others. The bars are stacked from bottom to top in the order: C, D, F. The y-axis for the bar chart ranges from 0 to 100%.

(a) 非度量多维尺度分析 (b) 样本属水平柱形图

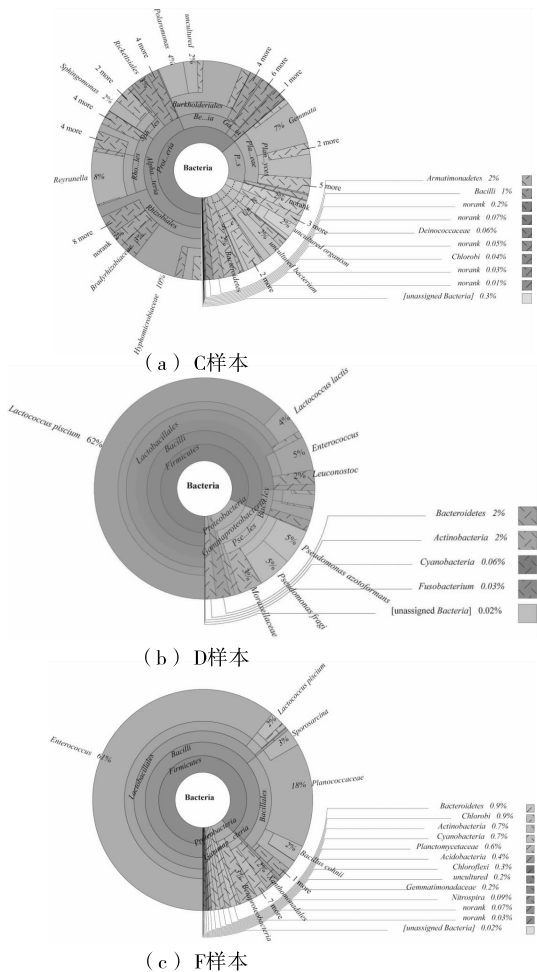


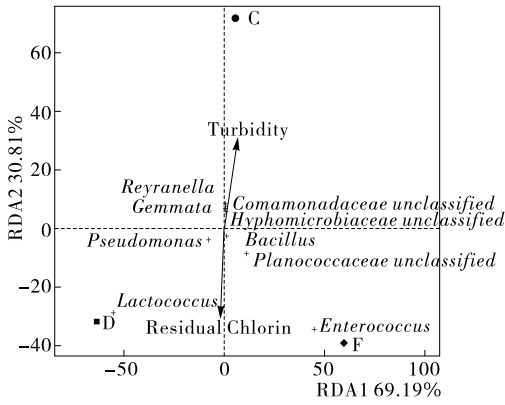
图 4 单样本多级物种组成图

Figure 4 Diagram of single sample multi species

三样本多级组成图可通过多个同心圆由内向外直观地展现出单个样品在域、门、纲、目、科等分类学水平的物种比例和分布,以样品 C 为例,细菌可归类为 4 个门:厚壁菌门 *Formicates*、拟杆菌 *Bacteroidetes*、放线菌 *Actinobacteria*、变形菌门 *Proteobacteria*。43 个属,存在含量较高的可能为:乳球菌 *Lactococcus*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、芽孢杆菌属 *Bacillus*、明串珠菌属 *Leuconostoc*、肠球菌属 *Enterococcus* 等。在种的分类上,其中,*Lactococcus piscium* 含量约为 62%、*Lactococcus lactis* 4%、*Enterococcus* 5%、*Pseudomonas azototomans* 5%、*Leuconostoc lactis* 2%、*Bacillus* 2%、*Planococcaceae* 2%、*Flavobacteriaceae* 2%、*Actinobacteria* 2% 等,多级组成图可清晰获得饮用水中可能存在细菌在各分类水平的分类,从样本 C、D、F 的单样本多级物种组成图可看出,在各分类水平的细菌种类和丰度差异极大,所以细菌多样性在饮用水中可能存在偶然性。

2.5 可能存在的细菌与水质指标关联分析

为找寻水质指标与 O₃-BAC 工艺生产饮用水中可能存在的细菌的关联性,通过 bioenv 函数判断饮用水水质参数(见表 1)与样本群落分布差异的最大 Pearson 相关系数,通过最大相关系数得到饮用水水质参数因子子集。采用 RDA 分析是主要用来反映菌群与环境因子之间关系,RDA 基于



不同形状“●、■或◆”表示不同环境或条件下的样本组;箭头表示两个对细菌种属影响最为显著的水质参数;“+”代表细菌的所处的位置

图 5 三饮用水样本的 RDA 分析

Figure 5 Redundancy analysis of three drinking water samples

线性模型反映菌群与显著环境因子之间关系,见图 5。

图 5 中,细菌与水质指标之间的夹角代表细菌与水质参数间的正、负相关关系(锐角:正相关;钝角:负相关;直角:无相关性);由不同的样本向各水质参数做垂线,投影点越相近说明样本间该水质参数因子属性值越相似。经分析,在饮用水的水质参数中对细菌存在和影响最大的两个指标是浊度和余氯,余氯的浓度与大多数细菌的丰度呈现正相关,但可能存在一定的耐氯菌,在某些低浓度范围内,丰度未受明显影响;浊度可能对部分细菌具有一定的保护作用,浊度的升高会影响某些细菌的存在和丰度。

2.6 选择性培养基验证

因 O₃-BAC 工艺生产饮用水中存在细菌含量低,难以进行纯培养检测等问题,故把样品浓缩后,选取部分丰度高,较常见细菌采用选择性培养基验证,选用假单胞菌 *Pseudomonas*、肠球菌 *Enterococcus*、芽孢杆菌 *Bacillus* 进行培养验证,但并未有效培养出细菌,可能此时细菌处于 VBNC 状态,或在氯消毒后的饮用水中存在游离 DNA,扩增 16S rDNA 时尚未被完全降解,可被 PCR 扩增而测序,造成试验结果的差异。

3 结论

Illumina MiSeq 测序解析 O₃-BAC 水处理技术生产饮用水中细菌多样性,具有速度快、成本低、通量高的优势,可有效获得可能存在于饮用水中的细菌的生物学信息,针对 O₃-BAC 水处理工艺生产饮用水取样分析得知:① 饮用水中可能存在的细菌含量极低,且多样性及丰度具有随机性;② 饮用水中对细菌多样性及丰度影响最大的因素为浊度和余氯的含量,因此尽量降低饮用水的浊度,有限提高余氯含量对去除可能存在的细菌具有很好的作用;③ 采用 Illumina MiSeq 测序手段分析饮用水中细菌的多样性,可能出现细菌活性未知,游离 DNA 干扰等问题,结果并不能直接用于饮用水微生物学分析,但能缩小后期检测范围,减少检测时间和

成本,有利于后期纯培养验证及显微观察的进行。

参考文献

[1] MONTGOMERY M A, ELIMELECH M. Water and sanitation in developing countries; Including health in the equation[J]. Environmental Science & Technology, 2007, 41(1): 17-24.

[2] 张良荣,倪欣. 臭氧生物活性炭深度处理工艺在吴江第二水厂的应用[J]. 辽宁化工, 2015(7): 908-910.

[3] 林瑜. 浅谈臭氧—生物活性炭深度处理工艺[J]. 科技与创新, 2014(4): 156-161.

[4] QIAO Tie-jun, ZHANG X, WU Guang-xue, et al. Investigation of microbial safety of a full-scale ozonation and biological activated carbon process under high humidity and temperature conditions[J]. Water Science & Technology, 2011, 64(11): 2 293.

[5] 祝泽兵,吴晨光,钟丹,等. 寒区湖库型水源供水系统中耐氯菌的生长[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2015(8): 1-6.

[6] ZMIROU D, PENA L, LEDRANS M, et al. Risks associated with the microbiological quality of bodies of fresh and marine water used for recreational purposes; summary estimates based on published epidemiological studies[J]. Arch. Environ. Health, 2003, 58(11): 703-711.

[7] LUND V. Evaluation of *E-coli* as an indicator for the presence of *Campylobacter jejuni* and *Yersinia enterocolitica* in chlorinated and untreated oligotrophic lake water[J]. Water research, 1996, 30(6): 1 528-1 534.

[8] HARWOOD V J, STALEY C, BADGLEY B D, et al. Microbial source tracking markers for detection of fecal contamination in environmental waters; relationships between pathogens and human health outcomes[J]. FEMS Microbiol. Rev., 2014, 38(1): 1-40.

[9] BONADONNA L, BRIANCESCO R, OTTAVIANT M, et al. Occurrence of *Cryptosporidium* oocysts in sewage effluents and correlation with microbial, chemical and physical water variables [J]. Environ. Monit. Assess, 2002, 75(3): 241-252.

[10] RAMAMURTHY T, GHOSH A, PAZHANI G P, et al. Current perspectives on viable but non-culturable (VBNC) pathogenic bacteria[J]. Frontiers in Public Health, 2014, 2(4): 1-9.

[11] SHAW J L A, MONIS P, WEYRICH L S, et al. Using amplicon sequencing to characterize and monitor bacterial diversity in drinking water distribution systems[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, 81(18): 6 463-6 473.

[12] AW T G, ROSE J B. Detection of pathogens in water; from phylochips to qPCR to pyrosequencing[J]. Curr. Opin. Biotechnol., 2012, 23(3): 422-430.

[13] MARTIN-LATIL S, HENNECHART-COLLETTE C, GUILIER L, et al. Duplex RT-qPCR for the detection of hepatitis E virus in water, using a process control[J]. International Journal of Food Microbiology, 2012, 157(2): 167-173.

[14] VESPER S J, HAUGLAND R A, ROGERS M E, et al. Opportunistic *Aspergillus* pathogens measured in home and hospital tap water by quantitative PCR (QPCR)[J]. Journal of Water and Health, 2007, 5(3): 427.

[15] URSELL L K, GUNAWARDANA M, CHANG S, et al. Comparison of the vaginal microbial communities in women with recurrent genital HSV receiving acyclovir intravaginal rings[J]. Antiviral Research, 2014(102): 87-94.

[16] DINGSdag S, COLEMAN N V. Bacterial communities on food court tables and cleaning equipment in a shopping mall[J]. Epidemiology and Infection, 2013, 141(8): 1 647-1 651.

[17] METHE B A, NELSON K E, POP M, et al. A framework for human microbiome research[J]. Nature, 2012, 486(7 402): 215-221.

[18] PANDEY R V, NOLTE V, SCHLOTTERER C. CANGS: a user-friendly utility for processing and analyzing 454 GS-FLX data in biodiversity studies[J]. BMC Res Notes, 2010(3): 3.

[19] TAN B, NG C, NSHIMYIMANA J P, et al. Next-generation sequencing (NGS) for assessment of microbial water quality: current progress, challenges, and future opportunities [J]. Frontiers in Microbiology, 2015(21): 7 626-7 637.

信息窗

纳豆与迟发型食物过敏

食品伙伴网讯 5 月 24 日,据日媒报道,食用日本传统食品纳豆之后,偶尔会出现全身性过敏症状。食物所引发的过敏通常情况下是食用特定食物之后约 2 h 之内就会出现症状,而纳豆食用要 5~14 h 之后才会出现症状。比如晚饭吃纳豆,深夜或凌晨才有可能出现过敏症状。日本横滨市立大学一位皮肤科准教授目前正研究纳豆所引发的迟发型食物过敏现象。

据该教授称,纳豆的致敏成分是多聚谷氨酸(PGA)为纳豆粘性物质的主成分。PGA 引发迟发型过敏症的原因,可能是其分子大,消化吸收需要时间。PGA 由于具有粘性和保湿性,可作为食品或化妆品的添加剂使用。

由于某种原因人体对 PGA 产生过敏,将导致包括纳豆在内的含 PGA 食品产生过敏反应。那么什么原因会导致人体对 PGA 产生过敏反应呢?在横滨市立大学进行详细研究的 17 例纳豆过敏患者中,14 人(82%)是帆船等海洋体育爱好者,而其中 1 人是食用海蜇之后出现过敏症状的。因为海蜇体内也有很多 PGA,所以被海蜇刺过等也有可能致敏,但这仅仅是一种假设。

(来源:www.foodmate.net)