

论著

冷却猪肉中腐败微生物鉴定及其消长规律的研究

赵光辉^{1,2}, 黄现青^{1,2}, 李苗云¹, 王玉芬², 谢华², 赵改名¹, 罗飞², 王会娟², 冯坤¹
(1. 河南农业大学食品科学技术学院, 河南省肉制品加工与质量安全控制重点实验室, 河南 郑州 450002; 2. 双汇集团技术中心, 河南 漯河 462003)

摘要:目的 对冷却猪肉中腐败微生物进行鉴定, 研究其在 0~4 ℃ 条件下贮藏时的消长规律。方法 采用选择性培养基对冷却猪肉中的腐败微生物进行分离培养, 利用 Biolog 微生物自动鉴定系统对菌株进行鉴定。结果 共鉴定出 11 株具有代表性的细菌: 肠杆菌 4 株, 假单胞菌 1 株, 热杀索丝菌 1 株, 不动杆菌 1 株, 乳酸菌 2 株, 葡萄球菌 2 株。冷却猪肉中腐败微生物初始菌相结构为: 热杀索丝菌 54.9%, 肠杆菌科 8.7%, 假单胞菌属 3.6%, 乳酸菌属 29.5%, 葡萄球菌/微球菌 0.6%, 霉菌/酵母菌 2.7%。在 0~4 ℃ 条件下贮藏时, 热杀索丝菌、肠杆菌科和假单胞菌属是冷却猪肉中的优势腐败菌, 假单胞菌属和肠杆菌科在菌相结构中的比例增长最高, 特别是假单胞菌属的数量增长最快。结论 鉴定出了冷却猪肉中的主要腐败微生物, 确定了其初始菌相和优势腐败菌。

关键词: 冷却猪肉; 腐败微生物; 菌相; 消长规律; 食品安全

中图分类号: TS2 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2011)04-0297-05

Identification of spoilage microorganisms in chilled pork and their growth and decline regularity

Zhao Guanghui, Huang Xianqing, Li Miaoyun, Wang Yufen, Xie Hua, Zhao Gaiming, Luo Fei,
Wang Huijuan, Feng Kun

(College of Food Science and Technology, Henan Agricultural University, Henan Key Laboratory of
Meat Processing and Quality Safety Control, Zhengzhou 450002, China)

Abstract: Objective To identify spoilage microorganisms in chilled pork, and analyse the pattern of their growth and decline regularity in chilled pork stored at 0-4 ℃. **Methods** Spoilage microorganisms from chilled pork were incubated in selective culture medium and the strains were identified by Biolog system. **Results** Eleven strains were isolated and identified, including four *Enterobacteriaceae*, one *Pseudomonas*, one *Brochothrix thermosphacta*, one *Acinetobacter*, two *Lactobacillus* and two *Staphylococcus* strains. The initial composition of microflora phase was that: *Brochothrix thermosphacta* accounted for 54.9%, *Enterobacteriaceae* 8.7%, *Pseudomonas* 3.6%, *Lactobacillus* 29.5%, *Staphylococcus* and *Micrococcus* 0.6%, *Mould* and *Yeast* 2.7%. *Brochothrix thermosphacta*, *Enterobacteriaceae* and *Pseudomonas* were the dominant spoilage microorganisms in chilled pork stored at 0-4 ℃, the proportion of *Pseudomonas* and *Enterobacteriaceae* in the microflora increased maximally, especially the amount of *Pseudomonas* increased most frequently. **Conclusion** Main spoilage microorganisms in chilled pork were identified, and the initial microflora and dominant spoilage microorganisms were identified.

Key words: Chilled pork; spoilage microorganism; microflora; growth and decline regularity; food safety

健康动物的内部组织是无菌的,它对微生物的入侵有完善的防御机制。但是,动物的屠宰过程打破了其自身防御体系,在后续的加工中,与外界环

境的接触造成了污染,肌肉组织又含有适合微生物生长的营养物质,微生物会大量繁殖,影响了冷却肉的品质和货架期^[1]。

不同的腐败微生物生长特性不一样,对环境的适应性也有所差别,不同的保鲜方法其保鲜效果也不同,例如,保鲜剂对不同腐败菌的抑制作用就不一样。对冷却猪肉中的腐败微生物进行菌相分析和分离鉴定,才能使采取的保鲜方法做到有的放矢,具有针对性和最佳的保鲜效果。传统的微生物鉴定方法不但耗时费力,对部分细菌的分类鉴定仍

收稿日期:2010-08-27

基金项目:公益性行业(农业)科研专项经费项目(200903012);河南省基础与前沿技术研究计划项目(082300430050)

作者简介:赵光辉 男 硕士生 研究方向为食品安全与质量控制
E-mail: zghwork@sina.com

通信作者:黄现青 男 博士、副教授 研究方向为食品微生物及生物技术
E-mail: hxq8210@126.com

困难重重,很难全面反映污染微生物多样性,一定程度上阻碍了复杂微生物多样性的研究进程。本研究采用 Biolog 微生物自动鉴定系统对从冷却猪肉中分离的腐败微生物进行鉴定,并对冷却猪肉中腐败微生物的初始菌相和消长规律进行研究,为进一步采取保鲜措施延长货架期提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 仪器与试剂

Biolog 微生物自动鉴定仪(美国 Biolog 公司),超净工作室;BagMixer 100/400/3500 型拍打均质器;MS 3 basic 振荡器;LRH-250A 培养箱;MLS-3780 高压灭菌锅。

无菌均质袋、平板计数琼脂、选择性培养基,BUG 琼脂培养基、GN/GP-IF 接种液、Gen III 微孔鉴定板。

1.2 原料肉的来源和处理

本实验所用样品为背最长肌,为宰后经过预冷后分割线上正常工艺所生产的产品,样品大小为 200 g 左右,在取样后 2 h 内进行检测,将其余样品进行托盘包装,于 0~4℃ 环境下贮藏。

1.3 细菌总数的检测和腐败微生物的分离与检测

无菌操作取冷却猪肉 25 g,无菌剪刀剪碎,放入无菌均质袋中,加入 225 ml 生理盐水,拍打均质器中拍打 1 min,选择合适的稀释度分别置于平板计数琼脂培养基和不同的选择性培养基中,平板培养并计数。不同的选择性培养基以及培养条件见表 1。

表 1 适合不同细菌的选择性培养基种类和培养条件

Table 1 Selective media for different types of bacteria and their culture conditions

细菌类别	选择性培养基	培养条件
肠杆菌科	VRBGA 琼脂	37℃/48 h
假单胞菌	Pseudomonades 琼脂	30℃/48 h
热杀索丝菌	STAA 琼脂	30℃/48 h
乳酸菌	MRS 琼脂	30℃/48 h
葡萄球菌/微球菌	MSA 琼脂	30℃/48 h
霉菌/酵母菌	孟加拉红琼脂	25℃/5 d

1.4 腐败微生物种类的鉴定

Biolog 微生物自动鉴定系统是以检测微生物细胞利用不同碳源进行新陈代谢过程中产生的酶与四唑类物质(如 TTC、TV)发生颜色反应和浊度差异为基础,运用独有的显型排列技术检测出每种微生物的特征指纹图谱,在大量试验和数学模型基础上,建立起指纹图谱与微生物种类相对应的数据库。检测时通过智能软件将待鉴定微生物的图谱与数据库参比,即可得出鉴定结果。

1.4.1 分离纯化

从上述选择性培养基的平板上分别选择典型

的生长菌落,分别在相应的选择性培养基上进行反复的平板划线分离,得到单一菌种的菌落。

1.4.2 富集培养

将得到的培养物接种于 BUG 琼脂培养基,划线培养,30℃ 下培养 24 h。

1.4.3 浊度调整

取装有 GN/GP-IF 接种液的浊度管,在浊度仪上调至 100%,用灭菌棉签挑取已经培养好的菌落,在无菌状态下接种到浊度管中,进行测量,直到调至 90%~97% 标准浊度值。

1.4.4 接种鉴定板

将已经调整好浊度的菌液,倒入 V 型加样槽,用移液器将菌液加入到 Gen III 微孔鉴定板上,于 30℃ 条件下进行培养。

1.4.5 读取数据

开启鉴定系统,将已经培养 16~24 h 的 Gen III 微孔鉴定板放置到 Biolog 微生物自动鉴定仪的读数仪上,计算机读取数据,按照可能性大小给出 5 种可能菌株的名称。

1.4.6 结论与数据分析

每个结果均显示 3 种重要的参数,即可能性 Probability (PROB)、相似性 Similarity (SIM) 和位距 Distance (DIS)。SIM 值 ≥ 0.50 ,结果可靠,系统自动给出的鉴定结果为种名, SIM 值越接近 1.00,鉴定结果的可靠性越高;当 SIM 值 < 0.50 ,但鉴定结果中属名相同的结果的 SIM 值之和 > 0.50 时,自动给出的鉴定结果为属名。

2 结果与分析

2.1 冷却猪肉中腐败微生物的分离和鉴定

将冷却猪肉中分离的腐败微生物进行划线纯化,经过富集,在 Biolog 微生物自动鉴定仪上鉴定结果见表 2。

本试验对采用选择性培养基分离到的 52 株菌种进行了鉴定,共鉴定出 11 株具有代表性的细菌,其中肠杆菌 4 株,假单胞菌 1 株,热杀索丝菌 1 株,不动杆菌 1 株,乳酸菌 2 株,葡萄球菌 2 株。

2.2 冷却猪肉中腐败微生物初始菌相构成分析

利用各种微生物的选择性培养基,测定刚分割的冷却猪肉中细菌总数以及肠杆菌科、假单胞菌属、乳酸菌、热杀索丝菌、微球菌/葡萄球菌属、酵母菌/霉菌的数量,结果见表 3。

所测定的冷却猪肉,微生物数量控制较好,初始微生物总数为 4.7×10^4 CFU/g,不同类别的微生物中,热杀索丝菌数量占比最高,达到 2.6×10^4 ,占总菌数的 54.9%;葡萄球菌和微球菌的数量占比最

表2 Biolog 微生物自动鉴定仪对腐败微生物的鉴定结果

Table 2 Spoilage microorganisms identified by Biolog system

菌株	中文名称	革兰氏染色	相似性(SIM)	可能性(PROB)
<i>Citrobacter werkmani</i>	魏氏柠檬酸杆菌	GN	0.680	0.847
<i>Citrobacter freundii</i>	弗氏柠檬酸杆菌	GN	0.792	0.987
<i>Serratia liquefaciens</i>	液化沙雷菌	GN	0.826	0.982
<i>Hafnia alvei</i>	蜂房哈夫尼菌	GN	0.764	0.999
<i>Pseudomonas lundensis</i>	隆德假单胞菌	GN	0.557	0.853
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	约氏不动杆菌	GN	0.688	0.857
<i>Brochothrix thermosphacta</i>	热杀索丝菌	GP	0.723	0.886
<i>Lactococcus garvieae</i>	加氏乳球菌	GP	0.607	0.845
<i>Lactobacillus plantarum</i>	植物乳杆菌	GP	0.520	0.806
<i>Staphylococcus hominis ss hominis</i>	人葡萄球菌	GP	0.748	0.978
<i>Staphylococcus piscifermentans</i>	鱼发酵葡萄球菌	GP	0.595	0.819

表3 冷却猪肉中腐败微生物初始菌相构成

Table 3 Initial composition of spoilage microflora in chilled pork

菌相	肠杆菌科	乳酸菌属	假单胞菌属	热杀索丝菌	葡萄球菌/微球菌	霉菌/酵母菌	合计
数量	4.1×10^3	1.4×10^4	1.7×10^3	2.6×10^4	2.9×10^2	1.3×10^3	4.7×10^4
对数值	3.60	4.10	3.16	4.25	2.35	3.10	
构成比	8.7%	29.5%	3.6%	54.9%	0.6%	2.7%	100%

注:构成比 = 每种菌的数量/6种菌的数量之和。

少,为 2.9×10^2 , 占总菌数的 0.6%; 冷却猪肉初始菌相中,各种微生物所占比例由大到小依次为:热杀索丝菌 > 乳酸菌属 > 肠杆菌科 > 假单胞菌属 > 霉菌和酵母菌 > 葡萄球菌和微球菌。

2.3 0~4℃条件下冷却猪肉中腐败微生物的消长规律

冷却猪肉在 0~4℃条件下贮藏时,细菌总数和各种腐败微生物数量都随贮藏时间的延长而不同程度地增加,在贮藏头 3 d,几乎都不增长,随后进入快速增长期。其中,热杀索丝菌初始数量最多,在贮藏中也一直保持最多的数量;肠杆菌科的初始数量明显少于热杀索丝菌,但在贮藏中增长迅速,仅次于热杀索丝菌的数量;假单胞菌属的初始数量明显少于热杀索丝菌、乳酸菌和肠杆菌科,但在贮藏中增长速度最快,且在后期仍保持较快的增长速度,与热杀索丝菌和肠杆菌科成为数量最多的菌群;乳酸菌的初始数量虽然较多,但在贮藏中逐渐失去数量上优势;霉菌/酵母菌在贮藏中增长较为缓慢,7 d 后逐渐趋于稳定;葡萄球菌/微球菌在贮藏中的数量和增长速度都最低,后期还出现下降趋势,见图 1。由此可知,热杀索丝菌、肠杆菌科和假单胞菌属是冷却猪肉中的优势腐败菌,特别是假单胞菌属的数量增长最快。

由表 4 可知,冷却猪肉在 0~4℃条件下贮藏时,肠杆菌科和假单胞菌属在菌相结构中的比例增长最快,肠杆菌科由初始的 8.7% 增长到 30% 以上,假单胞菌属由初始的 3.6% 增长到 14.7%;热杀索丝菌的比例最为稳定,维持在 50% 左右。乳酸菌、

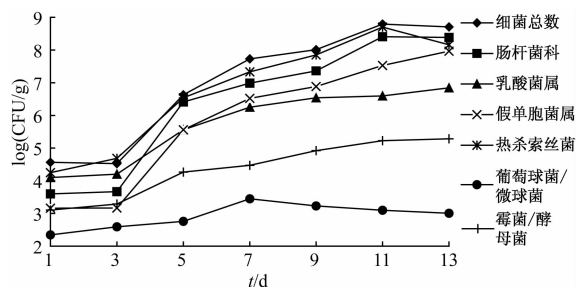


图1 0~4℃条件下冷却猪肉中腐败微生物的生长情况

Figure 1 The growth of spoilage microorganisms in chilled pork stored at 0-4℃

葡萄球菌/微球菌、霉菌/酵母菌在菌相中比例呈下降趋势,乳酸菌的比例由 29.5% 降到 1% 以下,葡萄球菌/微球菌的比例由 0.6% 降到 0.1% 以下,霉菌/酵母菌的比例由 2.7% 降到 0.1% 以下。由此可知,热杀索丝菌、肠杆菌科和假单胞菌属是冷却猪肉腐败微生物菌相中的优势菌群。

3 讨论

冷却肉中含有丰富的营养成分,屠宰过程中微生物污染是新鲜肉被污染的开端^[2],分割过程中又会造成冷却猪肉的二次污染,在后续的贮藏和销售中,由于温度波动、环境控制不当、交叉污染等都会加速微生物的生长。微生物污染并大量繁殖是冷却肉腐败变质的主要原因,冷却肉表面细菌数超过 10^7 CFU/cm² 时,冷却肉开始出现腐败变质。腐败微生物利用肉中的蛋白质、脂肪和碳水化合物等营养物质,产生蛋白酶类物质,导致蛋白质被逐步分解

表4 0~4℃条件下冷却猪肉中菌相随时间的变化

Table 4 The change of microflora composition in chilled pork stored at 0-4℃ (%)

菌相	1 d	3 d	5 d	7 d	9 d	11 d	13 d
肠杆菌科	8.7	5.2	24.3	34.0	34.6	34.2	34.2
乳酸菌属	29.5	32.0	10.0	5.2	4.4	0.6	0.9
假单胞菌属	3.6	3.3	8.6	10.6	11.3	13.7	14.7
热杀索丝菌	54.9	56.3	56.7	50.1	49.6	51.4	50.2
葡萄球菌/微球菌	0.6	0.5	<0.1	<0.1	<0.1	<0.1	<0.1
霉菌/酵母菌	2.7	2.7	0.3	0.1	0.1	<0.1	<0.1

成一系列的产物如胺、吲哚、硫醇、硫化氢、粪臭素等；微生物分解的脂肪酶作用于脂肪，使之分解生成脂肪酸、甘油、醛、酮等化合物导致脂肪的酸败；碳水化合物等物质则被分解为各种有机酸，或同时产生醇和CO₂气体等^[3]。同时，使肉品的感官上发生肉眼可见的变化^[4]，如色泽、粘性、气味等。这些腐败特征与腐败微生物自身的生物学特性及其致病特性密切相关^[5]。

冷却肉中污染的微生物种类和数量与初始污染的微生物状态有关，屠宰过程中污染微生物种类的多样性以及来源的广泛性和复杂性，导致肉品中的微生物多相污染^[6]。李苗云^[7]利用PCR-DGGE指纹技术研究冷却猪肉微生物的多样性，结果发现，不同屠宰工艺初始阶段污染微生物的相似性在84%左右，贮藏阶段与污染源和屠宰后期胴体表面污染细菌的相似性大于80%，与屠宰阶段的细菌相似性只有60%，表明贮藏阶段污染微生物的多样性是由屠宰和分割过程中的污染源直接造成的，接触物是导致污染的主要原因。Gill等^[8]对猪肉中的G⁺、G⁻菌进行了研究，认为漂烫以后主要是G⁺菌，除毛后主要是G⁻菌，胴体修整后没有增加，菌相没有变化，常存在于胴体和分割肉表面的微生物主要是一类需氧嗜冷的G⁻菌。本试验研究结果显示，冷却猪肉中的微生物不仅有嗜冷的G⁻菌，还含有G⁺菌，这与初始污染和屠宰加工过程有关。

冷却肉中腐败微生物主要有假单胞菌属(*Pseudomonas*)、乳酸菌、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、莫拉菌属(*Moraxella*)、气单胞菌(*Aeromonas*)和肠杆菌属(*Enterobacter*)等。马俪珍等^[9]研究发现冷却肉上各种腐败菌的比例为：假单胞菌属25%~26%，肠杆菌科19%~25%，乳酸菌20%~21%，微球菌和葡萄球菌属12%~15%，热杀索丝菌12%~13%，酵母菌和霉菌5%~7%。与本试验所得的结果有一定差别，本试验研究还发现假单胞菌属、热杀索丝菌和肠杆菌科是冷却猪肉中的优势腐败菌，假单胞菌属和肠杆菌科在菌相中的比例增长最高，特别是假单胞菌的数量增长最快，尽管乳酸菌的初始数量较高，但在贮藏中受到一定

的抑制。李苗云^[6]认为假单胞菌是冷却猪肉的主要优势菌，也有学者认为不动杆菌属、莫拉菌属、肠杆菌科和热杀索丝菌在不同条件下也是主要优势菌^[6]。这主要是因为不同地区、不同企业、屠宰环境和设施等有一定的差异，工艺和管理措施也不尽相同，导致污染微生物在数量和菌相上的不同^[10]。

4 结论

本研究对冷却猪肉中腐败微生物进行分离，共鉴定出11株具有代表性的细菌：肠杆菌4株，假单胞菌1株，热杀索丝菌1株，不动杆菌1株，乳酸菌2株，葡萄球菌2株。

冷却猪肉中腐败微生物初始菌相为：热杀索丝菌54.9%，肠杆菌科8.7%，假单胞菌属3.6%，乳酸菌属29.5%，葡萄球菌/微球菌0.6%，霉菌/酵母菌2.7%。在0~4℃条件下贮藏时，热杀索丝菌、肠杆菌科和假单胞菌属是冷却猪肉中的优势腐败菌，假单胞菌属和肠杆菌科在菌相中的比例增长最高，特别是假单胞菌属的数量增长最快。

参考文献

- [1] SMALL A, WELLS-BURR B, BUNCIC S. An evaluation of selected methods for the decontamination of cattle hides prior to skinning [J]. *Meat Sci*, 2005, 69: 263-268.
- [2] 南庆贤. 肉类工业手册 [M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2003.
- [3] BLIXT Y, BORCH E. Comparison of shelf life of vacuum-packed pork and beef [J]. *Meat Sci*, 2002, 60: 371-378.
- [4] BACON R T, BELK K E, SOFOS J N, et al. Microbial populations on animal hides and beef carcasses at different stages of slaughter in plants employing multiple-sequential interventions for decontamination [J]. *J Food Protect*, 2000, 63: 1080-1086.
- [5] JAY J M. 现代食品微生物学 [M]. 徐岩, 译. 5版. 北京: 中国轻工业出版社, 2001.
- [6] BORCH E, KANT-MUEMANSB M L, BLIXT Y. Bacterial spoilage of meat products and cured meat [J]. *Int J Food Microbiol*, 1996, 33: 103-120.
- [7] 李苗云. 冷却猪肉中微生物生态分析及货架期预测模型的研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2006.
- [8] GILL C O, MCGINNIS J C, BRYANT J. Microbial contamination of meat during the skinning of beef carcass hindquarters at three slaughtering plants [J]. *Int J Food Microbiol*, 1998, 42 (3):

175-184.

[9] 马俪珍,南庆贤,戴瑞彤.冷却猪肉中腐败菌的分离、初步鉴定与初始菌相分析[J].天津农学院学报,2006,12(3):39-43.

[10] McEVOYA J M, SHERIDANA J J, BLAIRB I S, et al. Microbial contamination on beef in relation to hygiene assessment based on criteria used in EU Decision 2001/471/EC [J]. Int J Food Microbiol, 2004, 92 : 217-225.

论著

β-胡萝卜素对人膀胱癌 T24 细胞凋亡和细胞间隙连接蛋白 43 表达的影响

吴志平¹,赵晓昆²,吕晨²,杨明根²,肖宁²

(1. 贵州省贵阳医学院附属医院泌尿外科,贵州 贵阳 550004;
2. 湖南省长沙市中南大学湘雅二医院泌尿外科,湖南 长沙 410011)

摘要:目的 探讨 β-胡萝卜素抑制人膀胱癌 T24 细胞的分子生物学机制。方法 不同浓度的 β-胡萝卜素作用于 T24 细胞,利用 MTT 法检测细胞增殖,流式细胞术检测其凋亡指数,半定量 RT-PCR 检测 Cx43、Bcl-2、Bax mRNA 的变化,Western blot 检测 Cx43、Bcl-2、Bax 蛋白的表达。结果 10 和 20 μmol/L 组 β-胡萝卜素均能明显抑制 T24 细胞的生长和诱导细胞凋亡,其抑制率分别为 28.83%、63.02%,并且呈明显的剂量-效应关系 ($P < 0.05$),凋亡率分别为 0.126 ± 0.022 和 0.190 ± 0.024 ($P \leq 0.01$),随 β-胡萝卜素浓度增加,细胞凋亡率增大,呈剂量依赖性关系 ($P = 0.002$)。与对照组相比,10 和 20 μmol/L 组 β-胡萝卜素上调 Cx43 mRNA 及其蛋白的表达,增强细胞间的细胞间隙连接通讯(GJIC)功能 ($P < 0.05$),并且呈剂量依赖关系 ($P \leq 0.01$);下调 Bcl-2 mRNA 及其蛋白的表达,并且呈剂量依赖关系 ($P \leq 0.01$); Bax mRNA 及其蛋白的表达有上调趋势,但与对照组比较,差异无显著性。结论 β-胡萝卜素(10,20 μmol/L)能通过有效下调 Bcl-2 mRNA 及其蛋白在 T24 细胞的表达,上调 T24 细胞 Cx43 转录水平的表达、增强细胞间隙连接所介导的 GJIC 功能,从而诱导膀胱肿瘤细胞凋亡,抑制其生长。

关键词:β-胡萝卜素;人膀胱癌 T24 细胞;Cx43;Bcl-2;Bax

中图分类号:R151.43 文献标识码:A 文章编号:1004-8456(2011)04-0301-06

Effects of beta-carotene on the apoptosis of human bladder cancer cell line T24 and the expression of its connexin 43

Wu Zhiping, Zhao Xiaokun, Lü Chen, Yang Minggen, Xiao Ning

(Department of Urology, Guiyang Medical College Affiliated Hospital, Guiyang 550004, China)

Abstract: Objective To investigate the mechanism of molecular biology of beta-carotene on inhibiting the growth of human bladder cancer cell line T24. **Methods** The effect of different concentrations of beta-carotene (0, 5, 10 and 20 μmol/L) treated for 72 h on human bladder cancer T24 cells was evaluated by MTT assay and flow cytometry. Both Semi-quantitative RT-PCR and Western Blot were used to detect the expression of connexin 43 (Cx43), Bcl-2 and Bax mRNA. **Results** In beta-carotene treated groups at the concentration of 10 and 20 μmol/L, the proliferation of T24 cells could be inhibited and the apoptosis could be induced (28.83%, 63.02%, $P < 0.05$) significantly. The apoptotic index (AI) was 0.126 ± 0.022 and 0.190 ± 0.024 in the treated group, which was increased significantly in comparison with the control group ($P \leq 0.01$) and in a dose-response relationship ($P = 0.002$). In comparison with the control group, the expression of Cx43 mRNA and its protein could be up-regulated and the gap junctional intercellular communication (GJIC) of T24 cells could be enhanced in a dose-response relationship ($P < 0.05$), but the expression of Bcl-2 mRNA and its protein was down-regulated and in a dose-response relationship significantly ($P \leq 0.01$) in the beta-carotene treated groups. There was no

收稿日期:2010-09-09

作者简介:吴志平 男 博士/副教授

通信作者:赵晓昆 男 教授/博士生导师 研究方向为泌尿系肿瘤