



天津科技大学学报
Journal of Tianjin University of Science & Technology
ISSN 1672-6510, CN 12-1355/N

《天津科技大学学报》网络首发论文

题目：不同干燥方式对茶树菇体外消化和发酵特性的影响
作者：王赛月，王昵霏，王悦，穆文倩，王昌禄，郭庆彬
DOI：10.13364/j.issn.1672-6510.20240035
收稿日期：2024-03-04
网络首发日期：2024-09-30
引用格式：王赛月，王昵霏，王悦，穆文倩，王昌禄，郭庆彬. 不同干燥方式对茶树菇体外消化和发酵特性的影响[J/OL]. 天津科技大学学报.
<https://doi.org/10.13364/j.issn.1672-6510.20240035>



网络首发：在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认：纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。



DOI: 10.13364/j.issn.1672-6510.20240035

不同干燥方式对茶树菇体外消化和发酵特性的影响

王赛月¹, 王昵霏², 王悦¹, 穆文倩¹, 王昌禄¹, 郭庆彬¹

(1. 天津科技大学食品科学与工程学院, 天津 300457; 2. 山西大学生物技术研究所, 太原 030006)

摘要: 采用热风干燥法 (hot drying, HD)、梯度干燥法 (gradient drying, GD) 和自然风干法 (natural air drying, NAD) 对茶树菇 (*Agrocybe aegerita*, AA) 进行干制处理, 通过建立体外模拟消化和发酵模型, 对其胃肠道消化和发酵特性进行研究。结果表明: 不同干燥方式对茶树菇的总糖和总黄酮含量无显著影响 ($P>0.05$), 但是对蛋白质和总酚含量有显著影响 ($P<0.05$), 其中 GD 的蛋白质 (28.54%) 和总酚 (1.63%) 含量最高。消化后, 不同干燥方式茶树菇的总黄酮含量无显著差异 ($P>0.05$), 但总糖、蛋白和总酚含量存在显著差异 ($P<0.05$)。发酵后, 不同干燥方式的茶树菇均能显著促进乙酸、丙酸和丁酸等短链脂肪酸的产生。同时, GD 降低了拟杆菌门 (Bacteroidota)、变形菌门 (Proteobacteria)、埃希氏杆菌属-志贺氏菌 (*Escherichia-Shigella*) 和链球菌属 (*Streptococcus*) 等有害细菌的相对丰度。干燥后的茶树菇粉可用于开发新的益生元食品, 梯度烘干法有望在干燥技术中得到广泛推广。

关键词: 茶树菇; 梯度干燥; 消化; 发酵; 肠道菌群

中图分类号: TS205.1

文献标志码: A

文章编号: 1672-6510(0000)00-0000-00

Effects of Different Drying Methods *in Vitro* Digestion and Fermentation

Properties of *Agrocybe aegerita*

WANG Saiyue¹, WANG Nifei², WANG Yue¹, MU Wenqian¹, WANG Changlu¹, GUO Qingbin¹

(1. College of Food Science and Technology, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China;

2. Institute of Biotechnology, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: This study systematically investigated the effect of hot air drying (HD), gradient drying (GD), and natural air drying (NAD) on the digestion and fermentation characteristics of *Agrocybe aegerita* (AA). The results showed that different drying methods had no significant effect on the total sugar and total flavonoids content of AA ($P>0.05$), but not on the protein and total phenolic content ($P<0.05$), with GD having the highest content of protein (28.54%) and total phenolic (1.63%). After digestion, there was no significant difference in the total flavonoid content of AA between different drying methods ($P>0.05$), but there were significant differences in total sugar, protein and total phenol content ($P<0.05$). After fermentation, AA with different drying methods could significantly promote the production of short chain fatty acids such as acetic acid, propionate and butyric acid, and the content of total short chain fatty acids in GD. Meanwhile, GD reduced the relative abundance of harmful bacteria such as Bacteroidetes, Proteobacteria, *Escherichia genus-Shigella*, and *Streptococcus*. Therefore, the dried AA powder can be used to develop new probiotic food, and the method of gradient drying is expected to be widely promoted in drying technology.

Key words: *Agrocybe aegerita*; gradient drying; digestion; fermentation; intestinal flora

茶树菇是一种食用菌, 含有多种生物活性物质, 如多糖^[1]、凝集素^[2]、蛋白质和肽^[3]等, 具有抗疲劳、抗疲劳、抗氧化^[4]、抗炎^[5]和抗肿瘤^[2]等多种生物活

性。然而, 在采后阶段, 蘑菇经历了一系列的品质退化, 例如水分流失、变色、质地变化、风味不良和营养损失等。干制可使其减少水分含量、降低酶

收稿日期: 2024-03-04; 修回日期: 2024-06-21

基金项目: 国家自然科学基金(32101901)

作者简介: 王赛月(1999—), 女, 山西人, 硕士研究生; 通信作者: 郭庆彬, 教授, guoqingbin008322@tust.edu.cn

活、抑制微生物生长繁殖，从而达到延长保质期的效果^[6]。因此，寻找一种有效的茶树菇干制方法具有重要意义。

空气能热泵干燥机是一种新型的干燥设备，广泛应用于干燥蔬菜、人参、蘑菇等农副产品^[7]。与传统的干燥机设备相比，空气能热泵干燥机具备两种干燥方式：单一热风干燥和梯度热风干燥。单一热风干燥的工作温度维持在 50~100 °C 之间^[8]，操作简单，但这种方式存在产品质量差、能源利用率低和干燥效率慢等明显不足，限制了其在农产品干制过程中的应用。相比之下，梯度干燥技术通过控制温度的逐步变化，在较低的温度下进行干燥，有效减少了表面焦化现象，同时避免了有害物质如丙烯酰胺、丙二醛的生成，显著提高了产品品质^[9]，达到了更优的干燥效果。此外，梯度干燥通过形成刚性和无水分的表面，优先促进了水分的迁移，从而提高了干燥效率。梯度干燥技术能够缩短 26.2% 的总干燥时间，显著降低了干制过程的能耗^[9]。因此，梯度干燥技术具有安全、高效和节能等优势，不仅提升了产品质量和干燥效率，而且具有经济和工业生产中的可扩展性。

肠道微生物是由益生菌和潜在的病原体组成的。目前，多项研究证明，蘑菇中的生物活性成分可以有效地调节肠道菌群，重建微生态平衡^[10]。在发酵过程中，食用菌可被肠道降解，并用于产生多种短链脂肪酸 (short chain fatty acid, SCFA)^[11]。同时，它也会增加有益菌的相对丰度，减少有害细菌的相对丰度^[8]。虽然食用菌对肠道菌群的影响机制不断完善，但关于不同干制方法的蘑菇对肠道菌群影响的研究还不充分。

因此，本研究对比热风干燥法、梯度干燥法和自然风干法对茶树菇的消化、发酵特性的影响，为开发更有效的干燥技术，研制新型可调节肠道菌群疾病的多功能益生元食品提供思路和理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

茶树菇，天津市宏胜源食用菌科技发展有限公司； α -淀粉酶 (8 U/mg)、猪胆盐 (胆盐含量 \geq 60%)，上海源叶生物科技有限公司；胃蛋白酶 (50 U/mg)，北京索莱宝科技有限公司；胰酶 (USP 级)，上海麦克林生化科技有限公司；2-乙基丁酸和挥发性游离酸混合标准品 (乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸和异戊酸)，色谱纯，西格玛奥德里奇 (上海) 贸

易有限公司；所有分析用有机溶剂均为分析纯。

JT-35ZTX 型空气能热泵厢式一体节能烘干机，广州市众恒联创新能源科技有限公司；Bruker 450GC MA 型气相色谱-质谱联用仪，配备 Nukol TM 熔融硅毛细管柱 (60 m \times 0.25 mm \times 0.25 μ m) 和火焰电离检测器 (FID)，布鲁克公司；QUINTIX1250-1CN 型精密天平，奥豪斯中国分公司；HK-08 型粉碎机，广州市旭朗机械设备公司；ZWY-103B 型恒温培养箱，上海志诚分析仪器制造有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1 体外消化液的配制与粪便采样

模拟唾液 (SSF) 的配制：准确称取 560 mg KCl、250 mg KH₂PO₄ 和 720 mg NaHCO₃ 溶于 500 mL 蒸馏水中，pH=6.8，备用。

模拟胃液 (SGF) 的配制：准确称取 255 mg KCl、61 mg KH₂PO₄、1.325 g NaHCO₃ 和 1.38 g NaCl 溶于 500 mL 蒸馏水中备用。

模拟肠液 (SIF) 的配制：准确称取 250 mg KCl、55 mg KH₂PO₄、4.5 g NaHCO₃ 和 1.122 g NaCl 溶于 500 mL 蒸馏水中备用。

粪便样品：从 3 头健康长白猪 (7 月龄，120~130 kg，天津光华肉类有限公司) 结肠中收集食糜粪便混合物，并在 -80 °C 的厌氧条件下保存。本实验经过实验动物伦理委员会审核，符合动物保护、动物福利和伦理原则，符合国家实验动物福利伦理的相关规定。

1.2.2 干制方法

采用空气能热泵厢式一体节能烘干机通过热风干燥法 (hot drying, HD) 和梯度干燥法 (gradient drying, GD) 对茶树菇进行干制处理，使其水分含量达到 10%~12%。热风干燥的温度为 60 °C，梯度烘干的具体参数见表 1。同时，设置自然风干 (natural air drying, NAD) 的茶树菇为对照组。

表 1 梯度烘干的参数设置

Tab. 1 Parameter setting for gradient drying

运行时段	温度/°C	湿度/%	恒温时间/h
1	30	25.0	4
2	35	15.0	7
3	40	10.0	4
4	45	5.0	3
5	50	1.0	4
6	室温晾晒 12 h 左右装箱		

1.2.3 体外消化特性研究

体外消化实验：根据 Mills 等^[12]进行体外模拟消

化实验,并稍作修改。将1g茶树菇粉与5mL的模拟唾液(SSF)混合,37℃孵育15min。唾液消化后,将唾液消化后的样品加入10mL模拟胃液(SGF)。将混合物的pH调整至2,37℃、120r/min摇床培养2h。唾液-胃消化后,立即用1mol/L NaOH溶液调整pH=6.5。将20mL小肠液(SIF)与猪胆盐(16mg/mL)和胰酶(3mg/mL)混合,37℃孵育3h。每个阶段的样品都进行冻干保存。

化学成分分析:以葡萄糖为标准品^[13],采用苯酚-硫酸法检测总糖含量;以牛血清白蛋白(BSA)为标准品,采用考马斯亮蓝法^[14]测定可溶性蛋白;以没食子酸为标准品^[15],采用水提法测定总酚含量;以芦丁为标准品^[16],采用亚硝酸盐-硝酸铝法测定总黄酮含量。

1.2.4 体外发酵特性研究

猪肠道菌群的制备:发酵培养基按照Wang等^[17]的方法制备。分别选择10%猪结肠食糜和1%的茶树菇粉进行接种。随后,将混合物引入恒温培养箱的不同的厌氧密封袋中。阴性对照(NC)仅含猪结肠食糜和不添加茶树菇粉的厌氧培养基。分别于0h、12h和24h收集培养液,9000r/min离心20min。用上清液测定发酵溶液的SCFA和pH,用沉淀物测定肠道菌群的变化。

SCFA的确定:SCFA浓度根据Bianchi等^[18]的方法测定,略有修改。发酵培养物上清液通过0.22μm膜过滤,用热脱附气相色谱仪检测。采用挥发性游离脂肪酸混合标准品建立标准曲线,并加入2-乙基丁酸作为内标。

色谱条件:色谱柱Nukol™ Fused Silica Capillary Column(60m×0.25mm×0.25μm),进样量1μL,喷射器温度200℃,火焰电离检测器(FID)250℃,H₂流量40mL/min,空气流量400mL/min。

肠道微生物区系的16S rDNA基因测序:采用16S rDNA基因测序^[19],研究了不同发酵沉淀对肠道菌群的影响。采用TIANamp粪便DNA试剂盒提取总DNA。采用338F/806R引物扩增样本中细菌16S rDNA基因的V3-V4高变区。采用Qsep-400法对文库质量进行了检测。16S rDNA扩增子测序由Bimac生物技术有限公司(北京,中国)的Illumina MiSeq平台进行。使用Usearch(版本10.0)对序列进行聚类,并在97%的相似性水平上生成操作分类单元(OTUs)。

1.3 数据处理

实验结果以“平均值±标准差”表示。采用SPSS 25.0软件进行方差分析,分析差异有统计学意义

($P<0.05$)。使用百迈客云平台对肠道菌群数据进行分析。

2 结果与讨论

2.1 体外消化过程中各物质的含量变化

体外胃肠消化过程中化学成分的变化见表2。三种干燥方法处理后,其总糖含量大小顺序为:HD(41.88%)>NAD(40.86%)>GD(36.44%),可能是部分支链淀粉发生链解,使多糖含量随温度升高或时间增加而增加。不同干燥方式茶树菇的总糖含量在胃消化后无显著变化($P>0.05$),而在肠消化后存在显著变化($P<0.05$),与之前^[20-21]的研究结果相似。一些细菌如拟杆菌门(Bacteroidota)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteriota),有相关的基因来编码和表达碳水化合物活性酶,在肠道中可以利用多糖作为能量来源^[22],这是多糖含量下降的主要原因。但是,仍然有大部分多糖和多糖-蛋白质复合物等复杂化合物可以抵抗胃肠道条件的影 响,安全到达大肠,这与Ayimbila等^[23]的研究结果一致。在胃肠消化过程中,GD中总糖含量显著降低,这可能是不同的干制方式会改变多糖的结构,从而影响消化特性,这需要进一步研究不同干制方式对多糖结构的影响来确定。

干制后,HD、GD和NAD组的蛋白质含量分别为(24.17±0.48)%、(28.54±0.62)%和(27.31±0.18)%,说明在干制过程中,GD比HD和NAD能更好地保护蛋白结构,这主要是因为GD处理温度较低,且时间较短。而在胃消化和胃肠道消化过程中,蛋白质含量显著下降($P<0.05$),这与香菇粉^[23]的研究结果一致,表明蛋白质在消化过程中会发生降解。

同时,在3种干燥方法中,GD组多酚含量最高,为(1.63±0.05)%,这可能是由于在高温或长时间暴露后酚容易被氧化为醌类,而GD有利于抑制这一过程。在整个消化过程中,总多酚和黄酮类化合物含量在胃消化阶段最高,说明多酚和黄酮类化合物在胃阶段释放,在肠道消化阶段降解,这与苹果消化^[24]的研究结果一致。

体外模拟消化实验表明,消化是一种强烈的分解代谢过程,它将食物口中的复杂分子转化为更简单的结构,更容易被肠道上皮细胞吸收。同时,显著性分析表明,不同干燥方式对茶树菇的总糖和总黄酮含量基本无影响,但是对蛋白和总酚含量有显著影响($P<0.05$),GD有助于保护茶树菇中的蛋白

质和酚类物质。

表 2 体外胃肠道消化过程中化学成分的变化

Tab. 2 Changes of chemical components during in vitro gastrointestinal digestion

样品	干制方式	总糖含量/%	蛋白质含量/%	总黄酮含量/%	总酚含量/%
原样	HD	41.88±1.11 ^{Aa}	24.17±0.48 ^{Aa}	0.76±0.1 ^{Aa}	1.21±0.02 ^{Aa}
	GD	36.44±0.8 ^{Aa}	28.54±0.62 ^{Ca}	2.06±0.81 ^{Aa}	1.63±0.05 ^{Ca}
	NAD	40.86±0.55 ^{Aa}	27.31±0.18 ^{Ba}	2.06±0.5 ^{Aa}	1.41±0.06 ^{Ba}
胃消化	HD	37.69±2.57 ^{Aa}	8.49±0.16 ^{Ab}	30.6±1.99 ^{Ac}	1.47±0.1 ^{Ac}
	GD	35.41±4.31 ^{Aa}	10.77±0.28 ^{Cb}	37.75±1.48 ^{Ac}	2.28±0.07 ^{Cb}
	NAD	42.57±0.49 ^{Aa}	10.12±0.17 ^{Bb}	31.3±5.51 ^{Ac}	2.08±0.04 ^{Bb}
胃肠消化	HD	26.29±1.23 ^{Bb}	6.68±0.04 ^{Ac}	21.78±1.3 ^{Ab}	1.90±0.04 ^{Bb}
	GD	19.99±1.69 ^{Ab}	7.38±0.29 ^{Bc}	20.94±2.43 ^{Ab}	1.35±0.09 ^{Ac}
	NAD	25.56±1.75 ^{Bb}	7.94±0.29 ^{Cc}	20.24±1.55 ^{Ab}	2.2±0.17 ^{Cb}

注：不同的大写字母表示相同消化阶段不同干燥方式下各物质的含量有显著性差异 ($P<0.05$)；不同的小写字母表示不同消化阶段相同干燥方式各物质的含量有显著性差异 ($P<0.05$)。

2.2 体外发酵特性的分析

2.2.1 SCFA 产生

SCFA 是特定厌氧肠道菌群发酵多糖的最终产物。越来越多的证据表明，短链脂肪酸在宿主生理和能量稳态^[25]中起着重要作用。因此，短链脂肪酸的浓度通常被用作物质可发酵性的指标。根据混合酸的标准曲线（表 3），体外粪便发酵产生的乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸、异戊酸和总 SCFAs 的浓度如图 1 所示。其中，醋酸、丙酸和丁酸是主要的发酵短链脂肪酸，它们主要是由碳水化合物中的丙酮酸经进一步代谢产生的。

表 3 各种短链脂肪酸的标准曲线

Tab. 3 Standard curves of various short-chain fatty acids

名称	标准曲线方程	R ²
乙酸	$y=0.2636x-0.0076$	0.9950
丙酸	$y=0.4876x-0.0313$	0.9943
异丁酸	$y=0.5084x-0.0243$	0.9906
丁酸	$y=0.5902x-0.0313$	0.9938
异戊酸	$y=0.6454x-0.0366$	0.9913
戊酸	$y=0.7295x-0.0461$	0.9913

结果表明，短链脂肪酸的含量随发酵时间的增加而呈增加趋势。与阴性对照（NC）相比，HD 组和 GD 组的乙酸、丙酸和丁酸含量在 24 h 时显著升高 ($P<0.05$)。3 种干制方式中，发酵 24 h 后，丙酸含量按从高到低排序依次为：HD>GD>NAD，这可能归因于粪便发酵过程中 HD 的拟杆菌门

(Bacteroidota) 的相对丰度较高，而通常丙酸含量与发酵过程中拟杆菌属的相对丰度呈正相关；丁酸含量按从高到低排序依次为 GD>HD>NAD，这可能是因为发酵过程中 GD 的梭菌属 (*Fusobacterium*) 的相对丰度较高。在发酵 24 h 时，异丁酸和异戊酸的产量显著增加。这可能是因为当可发酵的有益物质耗尽时，肠道微生物群转向利用蛋白质和氨基酸等能量来源，然后，通过缬氨酸和亮氨酸的分解形成异丁酸和异戊酸^[26]。同时，HD 组和 GD 组在发酵 24 h 时的总 SCFAs 含量分别为(12.84±2.64)mmol/L 和 (12.86±4.63) mmol/L，均高于发酵 24 h 时的 NC 组，说明茶树菇粉经发酵后会显著促进短链脂肪酸的产生，有益于肠道菌群的稳定。

研究表明，乙酸是肠道 pH 值的重要调节因子，可有效防止这些有害细菌和机会性致病菌的入侵，维持肠道环境的稳定性^[27]。与丙酸一样，丁酸也被认为通过诱导癌细胞凋亡，有效阻止癌症的发展^[28]，具有预防结肠癌的作用。此外，丁酸能够为结肠细胞提供总能量需求的 90% 以上。因此，经 HD 和 GD 处理的茶树菇粉对宿主健康有良好的肠道益生菌作用。同时，肠道细菌产生的醋酸有助于滋养肠道内产生丁酸的细菌，促进有益的肠道菌群的多样性，它们是互惠共生的^[29]。这意味着一种细菌种类产生的代谢物有助于其他细菌种类繁殖和生存，而 GD 中乙酸和丁酸含量的变化可能是它的一个侧面论证。

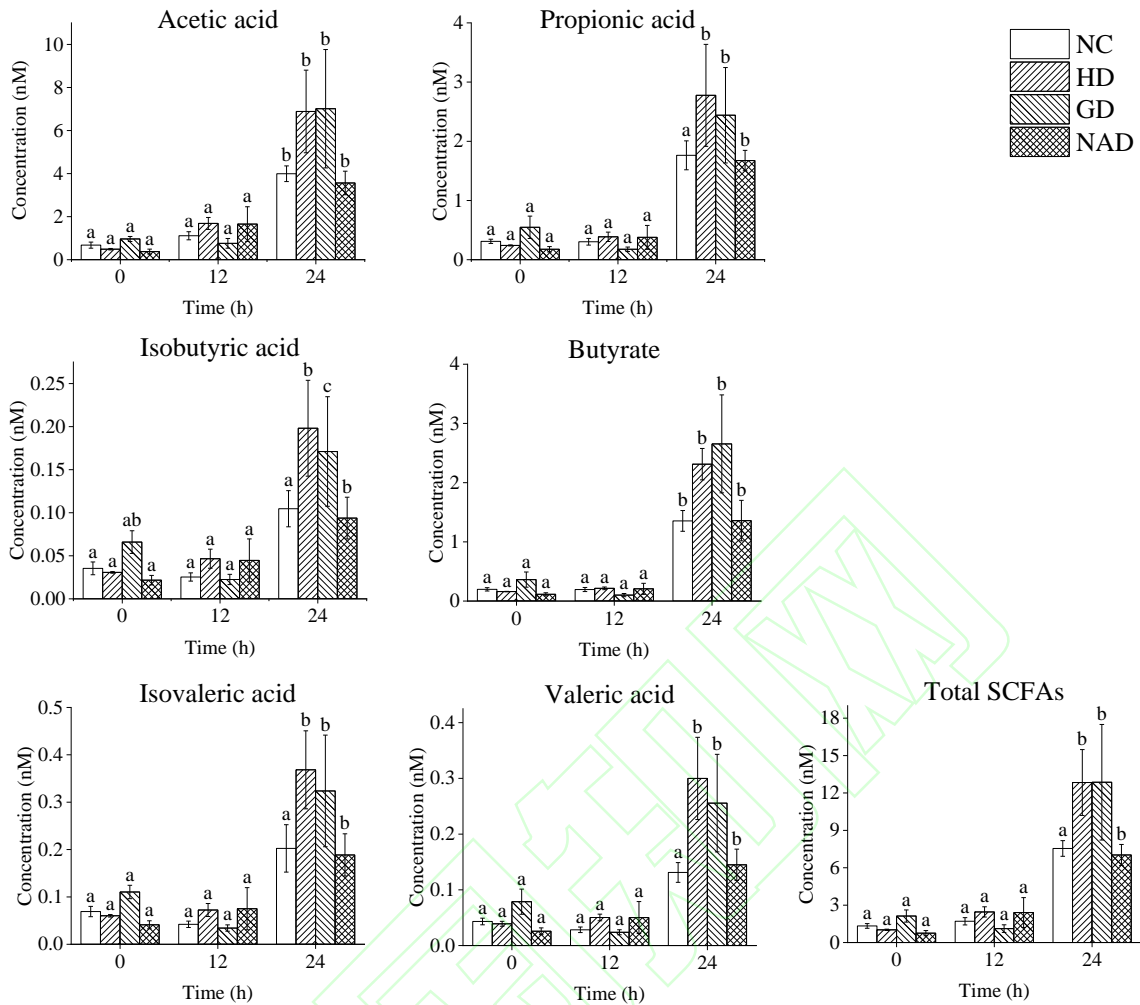


图 1 不同时间点体外发酵过程中 SCFAs 的浓度 (mM)

Fig. 1 Concentrations (mM) of SCFAs during in vitro fermentation at different time

2.2.2 微生物群落组成的变化

肠道微生物群的 α -多样性可以反映微生物物种的多样性, 包括丰富度和均匀性^[30]。如图 2a 所示, 与 NC24h 组相比, HD24h、GD24h 和 NAD24h 组的 Simpson 均有所下降, 说明不同干燥方式下的茶树菇的添加降低了物种丰富度和多样性, 这与鹿茸菇对肠道菌群的影响结果一致^[31], 推测可能与蛋白质含量有关。由表 2 可知, 三种干燥方式下, 茶树菇的蛋白含量存在显著性差异 ($P < 0.05$), 且 GD 组的蛋白含量最高 (28.54%), HD 的蛋白含量最低 (24.17%)。而 Simpson 指数在 GD24h 时最低, HD24h 时最高。因此, 蛋白含量与微生物群多样性呈负相关, 蛋白质可导致肠道菌群丰度和多样性降低^[32]。

稀疏曲线可用于比较不同测序数的样本物种的丰富度, 并显示样本的采样量是否为合理的^[33]。如图 2b 所示, 曲线趋于平坦, 说明肠道微生物群落的

测序数据足够好、可信。此外, 这些信息还可以反映每个样品的微生物区系分布。

NMDS 的模型是非线性的, 可以更好地反映生态数据^[34]的非线性结构。如图 2c 所示, 应力值为 0.0411, 说明 NMDS 能够准确地反映样品之间的差异程度。具体而言, 在 0 h 时, 4 个样品彼此接近, 说明肠道微生物群落的组成相似。相反, 发酵 24 h 后, 四组均以一定的距离分散, 说明茶树菇粉的加入在一定程度上改变了肠道菌群的组成。

在门水平上的肠道菌群差异见图 3a。微生物区主要由厚壁菌门 (Firmicutes)、梭菌门 (Fusobacteriota)、变形菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidota) 组成, 与正常生物的菌群组成一致^[35]。与 0 h 相比, 发酵 24 h 后, 各组中梭菌门 (Fusobacteriota) 增加, 而厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和拟杆菌门

(Bacteroidota) 均减少, 这可能是由于多糖促进梭菌门 (Fusobacteriota) 的增殖, 同时也抑制厚壁菌门 (Firmicutes) 的生长, 这与猴头菇多糖的研究结果一致^[36]。与 NC24h 相比, HD24h、GD24h 和 NAD24h 中的拟杆菌门 (Bacteroidota) 的相对丰度均降低, 这可能是由于多酚和黄酮类物质抑制拟杆菌门 (Bacteroidota) 的生长, 这与 Zhao 等^[37]的研究结果一致。

化情况来看, 与 NC24h 组相比, GD24h 组的显著降低, HD24h 和 NAD24h 显著增加。据报道, 变形菌门的升高是肠道生态失调的潜在标志, 与炎症和癌症密切相关^[38], 因此, GD 对维持肠道稳态有更加积极的作用。

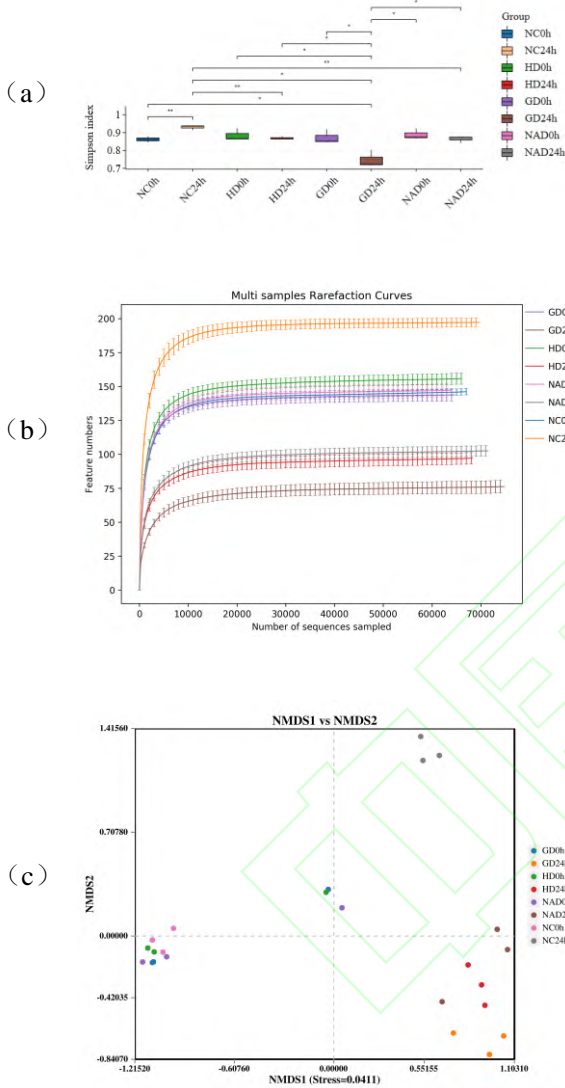


图2 肠道菌群 α 和 β 多样性指数。Alpha 多样性包括 Simpson (a) 和稀疏曲线 (b), Beta 多样性包括基于加权 unifracs 算法的 NMDS 分析 (c)。

Fig. 2 The alpha and beta diversity index of intestinal flora. Alpha diversity including Simpson (a) and rarefaction curves (b). Beta diversity including NMDS analysis based on weighted-unifracs algorithm (c).

注: 每组包含 3 个样本。

此外, 从变形菌门 (Proteobacteria) 相对丰度变

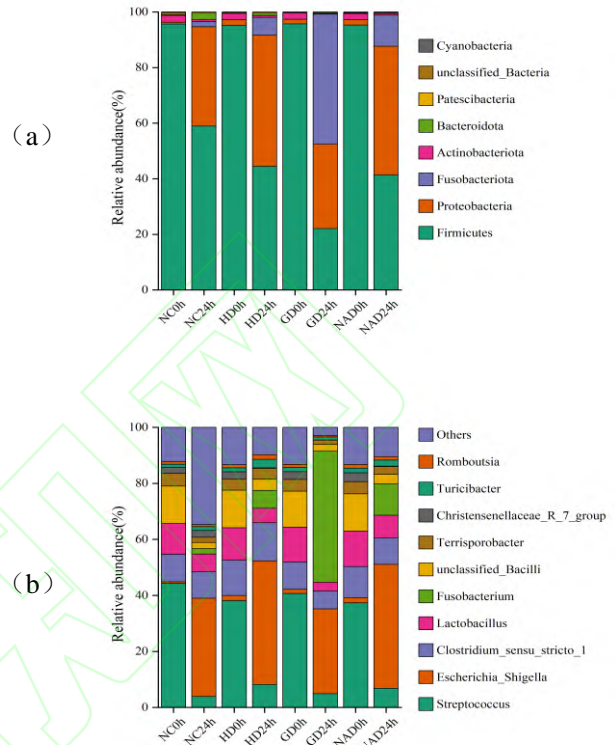


图3 肠道微生物群落结构: 门水平 (a) 和属水平 (b)
Fig. 3 Intestinal microbial community structure: bar plot at the phylum level (a) and the genus level (b)

肠道菌群主要由链球菌属 (*Streptococcus*)、埃希氏杆菌属-志贺氏菌 (*Escherichia-Shigella*)、梭菌属 (*Fusobacterium*) 和乳酸菌属 (*Lactobacillus*) 等组成。与 0 h 相比, 发酵 24 h 后各组的链球菌属 (*Streptococcus*) 的相对丰度下降, 这可能是厚壁菌门 (Firmicutes) 相对丰度下降的主要原因。其中, GD24h 的下降幅度最大, 从 0 h 时的 40% 下降到 24 h 时的 4%。与 NC24h 相比, GD24h 中的埃希氏杆菌属-志贺氏菌 (*Escherichia-Shigella*) 的相对丰度下降, 而 HD24h 和 NAD24h 中相对丰度增加。此外, 埃希氏杆菌属 (*Escherichia*) 的变化引起变形菌门 (Proteobacteria) 的变化, 二者的相对丰度变化趋势一致。

研究表明, 链球菌 (*Streptococcus*) 是化脓性球菌的另一种常见细菌, 可引起化脓性炎症等疾病^[17], 而埃希氏杆菌属-志贺氏菌 (*Escherichia-Shigella*) 是引发腹泻疾病的细菌病原体^[39], 降低二者的相对

丰度有利于维持肠道稳态。因此,添加茶树菇将有利于菌群的组成,GD处理在抗炎和抑菌方面有潜在的利用价值。

通过比较门水平和属水平的菌群分布,发现添加不同干制方法的茶树菇粉对肠道菌群的影响存在差异。特别是GD组可以更好地抑制有害细菌,如:拟杆菌门(*Bacteroidota*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、埃希氏杆菌属-志贺氏菌(*Escherichia-Shigella*)和链球菌属(*Streptococcus*)的生长,有助于调节肠道菌群,维持肠道稳态。

3 结论

不同干制方式会改变茶树菇中化学物质含量,从而对其体外消化和发酵特性有不同程度的影响。干制后,GD因其适宜的干制温度和时间,有效保护了茶树菇中的蛋白质和酚类物质。经体外消化后,不同干燥方式茶树菇的总黄酮含量无显著差异($P>0.05$),但总糖、蛋白和总酚含量存在显著差异($P<0.05$)。猪结肠食糜对茶树菇粉的体外发酵表明,HD和GD处理可显著提高SCFAs的总产量,促进乙酸、丙酸和丁酸等短链脂肪酸的产生。此外,发酵时添加茶树菇会降低肠道菌群的丰度,这主要是因为蛋白质分解产生了部分代谢物,抑制肠道菌群的多样性。其中,GD处理的茶树菇经过发酵后,其肠道微生物群的有害菌属明显下降,特别是对拟杆菌门(*Bacteroidota*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、埃希氏杆菌属-志贺氏菌(*Escherichia-Shigella*)和链球菌属(*Streptococcus*)等有很好的抑制作用。因此,GD处理后的食用菌具有更好的消化发酵特性,茶树菇也有望作为功能性食品中的益生元材料。然而,本研究更多地关注茶树菇粉对肠道微生物群的调节作用,未精细化研究其中的功能性成分,如多糖、多酚和蛋白等的具体功能。因此,需要对具体功能组分进一步验证。

参考文献:

- [1] WANG Y X, ZHANG T, XIN Y, et al. Comprehensive evaluation of alkali-extracted polysaccharides from *Agrocybe cylindracea*: comparison on structural characterization[J]. Carbohydrate polymers, 2021, 255: 117502.
- [2] HASSAN M, ROUF R, TIRALONGO E, et al. Mushroom lectins: specificity, structure and bioactivity relevant to human disease[J]. International journal of molecular sciences, 2015, 16(12): 7802-7838.
- [3] POOJARY M M, ORLIEN V, PASSAMONTI P, et al. Enzyme-assisted extraction enhancing the umami taste amino acids recovery from several cultivated mushrooms[J]. Food chemistry, 2017, 234: 236-244.
- [4] LIU M, JING H, ZHANG J, et al. Optimization of mycelia selenium polysaccharide extraction from *Agrocybe cylindracea* SL-02 and assessment of their antioxidant and anti-Ageing activities[J]. PLOS ONE, 2016, 11(8): e0160799.
- [5] WU L, LIU X, HU R, et al. Prebiotic *Agrocybe cylindracea* crude polysaccharides combined with *Lactobacillus rhamnosus* GG postpone aging-related oxidative stress in mice[J]. Food & function, 2022, 13(3): 1218-1231.
- [6] SUBRAMANIAM S, JIAO S, ZHANG Z, et al. Impact of post-harvest processing or thermal dehydration on physicochemical, nutritional and sensory quality of shiitake mushrooms[J]. Comprehensive reviews in food science and food safety, 2021, 20(3): 2560-2595.
- [7] DOYMAZ İ, PALA M. The effects of dipping pretreatments on air-drying rates of the seedless grapes[J]. Journal of food engineering, 2002, 52(4): 413-417.
- [8] YE J, ZHANG C, FAN Q, et al. *Antrodia cinnamomea* polysaccharide improves liver antioxidant, anti-inflammatory capacity, and cecal flora structure of slow-growing broiler breeds challenged with lipopolysaccharide[J]. Frontiers in veterinary science, 2022, 9: 994782.
- [9] 谢章荟, 高静. 果蔬色泽在热加工和非热加工技术中的变化研究进展[J]. 现代食品科技, 2024, 40(5): 299-312.
- [10] LI M, YU L, ZHAO J, et al. Role of dietary edible mushrooms in the modulation of gut microbiota[J]. Journal of functional foods, 2021, 83: 104538-104550.
- [11] ZHAO R, YANG W, PEI F, et al. In vitro fermentation of six kinds of edible mushrooms and its effects on fecal microbiota composition[J]. Food science and technology, 2018, 96: 627-635.
- [12] MILLS D J S, TUOHY K M, BOOTH J, et al. Dietary glycosylated protein modulates the colonic microbiota towards a more detrimental composition in ulcerative colitis patients and non-ulcerative colitis subjects[J]. Journal of applied microbiology, 2008, 105(3): 706-714.

- [13] LI Q M, WANG J F, ZHA X Q, et al. Structural characterization and immunomodulatory activity of a new polysaccharide from jellyfish[J]. Carbohydrate polymers, 2017, 159: 188-194.
- [14] 徐亚, 范会芬, 赵玎玲, 等. 考马斯亮蓝法测定大豆水溶性蛋白提取方法的优化[J]. 大豆科学, 2022, 41(2): 196-202.
- [15] WOJDYŁO A, OSZMIAŃSKI J, CZEMERYS R. Antioxidant activity and phenolic compounds in 32 selected herbs[J]. Food chemistry, 2007, 105(3): 940-949.
- [16] ZHISHEN J, MENGCHENG T, JIANMING W. The determination of flavonoid contents in mulberry and their scavenging effects on superoxide radicals[J]. Food chemistry, 1999, 64(4): 555-559.
- [17] WANG Y, LI C, SHAN Z, et al. In vitro fermentability of soybean oligosaccharides from wastewater of Tofu production[J]. Polymers, 2022, 14(9): 1704-1720.
- [18] BIANCHI F, DALL'ASTA M, DEL RIO D, et al. Development of a headspace solid-phase microextraction gas chromatography-mass spectrometric method for the determination of short-chain fatty acids from intestinal fermentation[J]. Food chemistry, 2011, 129(1): 200-205.
- [19] CHEN Y, WANG T, SHEN N, et al. High-purity propionate production from glycerol in mixed culture fermentation[J]. Bioresource technology, 2016, 219: 659-667.
- [20] LUO Q, LI X, LI H, et al. Effect of in vitro simulated digestion and fecal fermentation on *Boletus auripes* polysaccharide characteristics and intestinal flora[J]. International journal of biological macromolecules, 2023, 249: 126461.
- [21] GUO D, LEI J, HE C, et al. In vitro digestion and fermentation by human fecal microbiota of polysaccharides from *Clitocybe squamulose*[J]. International journal of biological macromolecules, 2022, 208: 343-355.
- [22] NIE X R, FU Y, WU D T, et al. Ultrasonic-assisted extraction, structural characterization, chain conformation, and biological activities of a pectic-polysaccharide from okra (*Abelmoschus esculentus*)[J]. Molecules, 2020, 25(5): 1155-1155.
- [23] AYIMBILA F, SIRIWONG S, NAKPHAICHIT M, et al. In vitro gastrointestinal digestion of *Lentinus squarrosulus* powder and impact on human fecal microbiota[J]. Scientific reports, 2022, 12(1): 2655.
- [24] BOUAYED J, HOFFMANN L, BOHN T. Total phenolics, flavonoids, anthocyanins and antioxidant activity following simulated gastro-intestinal digestion and dialysis of apple varieties: bioaccessibility and potential uptake[J]. Food chemistry, 2011, 128(1): 14-21.
- [25] KOH A, DE VADDER F, KOVATCHEVA-DATCHARY P, et al. From dietary fiber to host physiology: short-chain fatty acids as key bacterial metabolites[J]. Cell, 2016, 165(6): 1332-1345.
- [26] OLIPHANT K, ALLEN-VERCOE E. Macronutrient metabolism by the human gut microbiome: major fermentation by-products and their impact on host health[J]. Microbiome, 2019, 7(1): 1-15.
- [27] TOPPING D L, CLIFTON P M. Short-chain fatty acids and human colonic function: roles of resistant starch and nonstarch polysaccharides[J]. Physiological reviews, 2001, 81(3): 1031-1064.
- [28] GUILLOTEAU P, MARTIN L, EECKHAUT V, et al. From the gut to the peripheral tissues: the multiple effects of butyrate[J]. Nutrition research reviews, 2010, 23(2): 366-384.
- [29] BOETS E, GOMAND S V, DEROOVER L, et al. Systemic availability and metabolism of colonic-derived short-chain fatty acids in healthy subjects: a stable isotope study[J]. The journal of physiology, 2017, 595(2): 541-555.
- [30] HU W, DI Q, LIANG T, et al. Effects of in vitro simulated digestion and fecal fermentation of polysaccharides from straw mushroom (*Volvariella volvacea*) on its physicochemical properties and human gut microbiota[J]. International journal of biological macromolecules, 2023, 239: 124188.
- [31] 丁怡炜, 范松涛, 白娟, 等. 挤压膨化鹿茸菇-大麦复合粉的理化特性、胃肠消化和酵解特性[J]. 食品科学, 2024, 45 (2) : 1-19.
- [32] CHEN D L, ZHENG C Q, YANG J, et al. Immunomodulatory activities of a fungal protein extracted from *Hericium erinaceus* through regulating the gut microbiota[J]. Frontiers in immunology, 2017, 8: 666-688.
- [33] ZHANG W, HU B, LIU C, et al. Comprehensive analysis of *Sparassis crispa* polysaccharide characteristics during the in vitro digestion and fermentation model[J]. Food research international, 2022, 154: 111005.
- [34] XUE Z, MA Q, CHEN Y, et al. Structure characterization

- of soluble dietary fiber fractions from mushroom *Lentinula edodes* (Berk.) Pegler and the effects on fermentation and human gut microbiota in vitro[J]. Food research international, 2020, 129: 108870.
- [35] ZHANG H, JIANG F, ZHANG J, et al. Modulatory effects of polysaccharides from plants, marine algae and edible mushrooms on gut microbiota and related health benefits: A review[J]. International journal of biological macromolecules, 2022, 204: 169-192.
- [36] REN Y L, GENG Y, DU Y, et al. Polysaccharide of *Hericium erinaceus* attenuates colitis in C57BL/6 mice via regulation of oxidative stress, inflammation-related signaling pathways and modulating the composition of the gut microbiota[J]. The journal of nutritional biochemistry, 2018, 57: 67-76.
- [37] ZHAO K, GE Q, ZHANG X, et al. Genomic analysis of intestinal flora and liver genes in mice with circadian rhythm disorders fed with flavonoids from *Sedum aizoon* L.[J]. Food bioscience, 2022, 50: 102067.
- [38] UMEDA S, SUJINO T, MIYAMOTO K, et al. D-amino acids ameliorate experimental colitis and cholangitis by inhibiting growth of proteobacteria: potential therapeutic role in inflammatory bowel disease[J]. Cellular and molecular gastroenterology and hepatology, 2023, 16(6): 1011-1031.
- [39] CHEN C, YUE Y, HE Z, et al. *Lactobacillus gasseri* relieves diarrhea caused by enterotoxin-producing *Escherichia coli* through inflammation modulation and gut microbiota regulation[J]. Food bioscience, 2023, 56: 103186.