

DOI:10.13364/j.issn.1672-6510.20240035

网络首发日期: 2024-09-30; 网络首发地址: <http://link.cnki.net/urlid/12.1355.N.20240929.1642.003>

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制备样品的蛋白质(28.54%)和总酚(1.63%)含量最高。消化后,不同干燥方式处理的茶树菇的总黄酮含量无显著差异($P>0.05$),但总糖、蛋白质和总酚含量存在显著差异($P<0.05$)。发酵后,不同干燥方式处理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,梯度干燥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(2025)05-0021-08

Effects of Different Drying Methods on 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: In this present study, *Agrocybe aegerita* (AA) was first dried by hot air drying (HD), gradient drying (GD), and natural air drying (NAD). Then, the digestion and fermentation characteristics of AA were further investigated by establishing in vitro simulated digestion and fermentation models. The results showed that different drying methods had no significant effects on the total sugar and total flavonoids content of AA ($P>0.05$), but had significant effects on the protein and total phenolic content ($P<0.05$), with GD prepared samples 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 Bacteroidota, Proteobacteria, *Escherichia-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

引文格式:

王赛月, 王昵霏, 王悦, 等. 不同干燥方式对茶树菇体外消化和发酵特性的影响[J]. 天津科技大学学报, 2025, 40(5):

收稿日期: 2024-03-04; 修回日期: 2024-06-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(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

21-28.

WANG S Y, WANG N F, WANG Y, et al. Effects of different drying methods on in vitro digestion and fermentation properties of *Agrocybe aegerita* [J]. Journal of Tianjin university of science and technology, 2025, 40 (5) : 21-28.

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, 蘑菇会经历一系列的品质退化, 例如水分流失、变色、质地变化、风味不良和营养损失等, 干制可使其水分含量减少、酶活性降低、微生物生长繁殖受到抑制, 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, 广泛应用于干燥人参、蘑菇等农副产品^[7]。与传统的干燥设备相比, 空气能热泵干燥机具备两种干燥方式: 热风干燥和梯度干燥。热风干燥的工作温度维持在 50 ~ 100 °C^[8], 设备操作简单, 但这种方式存在产品质量差、能源利用率低和干燥效率低等明显不足, 限制了其在农产品干制过程中的应用。相比之下, 梯度干燥法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, 梯度干燥法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。梯度干燥法能够缩短 26.2% 的总干燥时间, 显著降低了干制过程的能耗^[9]。因此, 梯度干燥法具有安全、高效和节能等优势, 不仅提升了产品质量和干燥效率, 而且在工业生产中具有可扩展性。

肠道微生物是由益生菌和潜在的病原体组成。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 (SCFA)^[11]。同时, 这些成分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食用菌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, 旨在为开发更有效的干燥技术以及研制新型可调节肠道菌群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溶剂。

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 NukolTM 熔融硅毛细管柱 (60 m $\times$ 0.25 mm $\times$ 0.25 μ m) 和火焰离子化检测器 (FID), 布鲁克公司; QUINTIX1250-1CN 型精密天平, 奥豪斯仪器 (上海) 有限公司; HK-08 型粉碎机, 广州市旭朗机械设备有限公司; ZWY-103B 型恒温培养箱, 上海智城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 KH_2PO_4 和 720 mg NaHCO_3 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 KH_2PO_4 、1.325 g NaHCO_3 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 KH_2PO_4 、4.5 g NaHCO_3 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) 结肠中收集食糜与粪便混合物, 并在 -80 °C 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%。热风干燥法的温度为 60 ℃, 梯度干燥法的参数设置见表 1。同时, 设置自然风干 (natural air drying, NAD) 的茶树菇为对照组。

表 1 梯度干燥法的参数设置

Tab. 1 Parameter setting for gradient drying

运行时段	温度/℃	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 后装箱		

1.2.3 体外消化特性研究

体外消化实验: 根据 Mills 等^[12]的方法进行体外模拟消化实验, 并稍作修改。将 1 g 茶树菇粉与 5 mL 模拟唾液 (SSF) 混合, 37 ℃ 处理 15 min。将唾液消化后的样品加入 10 mL 模拟胃液 (SGF), 将混合物的 pH 调整至 2, 37 ℃、120 r/min 摇床培养 2 h, 立即用 1 mol/L NaOH 溶液调整 pH = 6.5。将 20 mL 小肠液 (SIF) 与猪胆盐 (16 mg/mL) 和胰酶 (3 mg/mL) 混合, 37 ℃ 处理 3 h。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-硫酸法测定总糖含量; 以牛血清白蛋白 (BSA) 为标准品, 采用考马斯亮蓝法^[14]测定可溶性蛋白含量; 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% 茶树菇粉进行接种。随后, 将混合物放入恒温培养箱内不同的厌氧密封袋中。阴性对照 (NC) 组仅含猪结肠食糜和不添加茶树菇粉的厌氧培养基。分别于 0 h、12 h 和 24 h 收集培养液, 9000 r/min 离心 20 min。上清液用于测定发酵液的 SCFA 和 pH, 沉淀物用于测定肠道菌群的变化。

SCFA 的确定: SCFA 浓度根据 Bianchi 等^[18]的方法测定并略有修改。发酵培养物上清液用 0.22 μm 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: NukolTM Fused Silica Capillary Column 色谱柱 (60 m × 0.25 mm × 0.25 μm), 进样量 1 μL, 喷射器温度 200 ℃, 火焰离子化检测器 (FID) 温度

250 ℃, H₂ 流量 40 mL/min, 空气流量 400 mL/min。

肠道微生物区系的 16S rDNA 基因测序: 采用 16S rDNA 基因测序^[19], 研究不同发酵沉淀物对肠道菌群的影响。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。使用 Qsep-400 对文库质量进行检测。16S rDNA 扩增子测序由 Bimac 生物技术有限公司的 Illumina MiSeq 平台进行。使用 Usearch (版本 10.0) 对序列进行聚类, 并在 97% 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 ($P < 0.05$)。使用百迈客云平台分析肠道菌群数据。

2 结果与讨论

2.1 体外消化过程中各物质的含量变化

体外胃肠道消化过程中化学成分的变化见表 2。3 种干燥方法处理后, 原样的总糖含量大小顺序为: HD > NAD > GD。原样中部分支链淀粉发生降解, 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 ($P < 0.05$), 与之前的研究结果^[20-21]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, 需要进一步研究不同干制方式对多糖结构的影响。

干制后, HD、GD 和 NAD 组的蛋白质含量分别为 $(24.17 \pm 0.48)\%$ 、 $(28.54 \pm 0.62)\%$ 和 $(27.31 \pm 0.18)\%$, 说明在干制过程中, GD 比 HD 和 NAD 能更好地保护蛋白质结构, 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 ($P < 0.05$), 这与香菇粉的研究结果^[23]一致, 表明蛋白质在消化过程中会发生降解。

在 3 种干燥方法中, GD 组原样的总酚含量最

高,为 $(1.63 \pm 0.05)\%$,这可能是由于在高温或长时间暴露后,酚类物质容易被氧化为醌类物质,而 GD 有利于抑制这一过程。在整个消化过程中,总酚和总黄酮含量在胃消化阶段最高,说明多酚类和黄酮类化合物在胃消化阶段释放,在肠道消化阶段降解,这与研究苹果消化^[24]的结果一致。

体外模拟消化实验表明,消化是一种强烈的分解代谢过程,它将食物从复杂分子转化为更简单的结构,使其更容易被肠道上皮细胞吸收。显著性分析表明,不同干燥方式对茶树菇的总糖和总黄酮的含量基本无影响,但对蛋白质和总酚的含量有显著影响($P < 0.05$),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 ± 0.10^{Aa}	1.21 ± 0.02^{Aa}
	GD	36.44 ± 0.80^{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 ± 0.50^{Aa}	1.41 ± 0.06^{Ba}
胃消化	HD	37.69 ± 2.57^{Aa}	8.49 ± 0.16^{Ab}	30.60 ± 1.99^{Ac}	1.47 ± 0.10^{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}	31.30 ± 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 ± 1.30^{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}	2.20 ± 0.17^{Cb}

注:不同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 的产生

SCFA 是特定厌氧肠道菌群发酵多糖的主要终产物,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方程(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 SCFA 的浓度如图 1 所示。其中,乙酸、丙酸和丁酸是主要的发酵短链脂肪酸,它们主要由碳水化合物经丙酮酸代谢途径生成。

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	$y = 0.263\ 6x - 0.007\ 6$	0.995 0
丙酸	$y = 0.487\ 6x - 0.031\ 3$	0.994 3
异丁酸	$y = 0.508\ 4x - 0.024\ 3$	0.990 6
丁酸	$y = 0.590\ 2x - 0.031\ 3$	0.993 8
异戊酸	$y = 0.645\ 4x - 0.036\ 6$	0.991 3
戊酸	$y = 0.729\ 5x - 0.046\ 1$	0.991 3

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)组相比,HD 组和 GD 组乙酸、丙酸和丁酸的含量在 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 组的拟杆菌门(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(*Bacteroides*)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,这可能是因为在发酵过程中 GD 组的梭菌属(*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,这可能是因为在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 SCFA 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^[27]表明,乙酸是肠道 pH 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。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 处理的茶树菇粉具有良好的肠道益生作用。同时,肠道细菌产生的乙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]。这意味着一种细菌产生的代谢物有助于其他细菌的生存和繁殖,而 GD 组中乙酸和丁酸含量的变化可能是它的一个佐证。

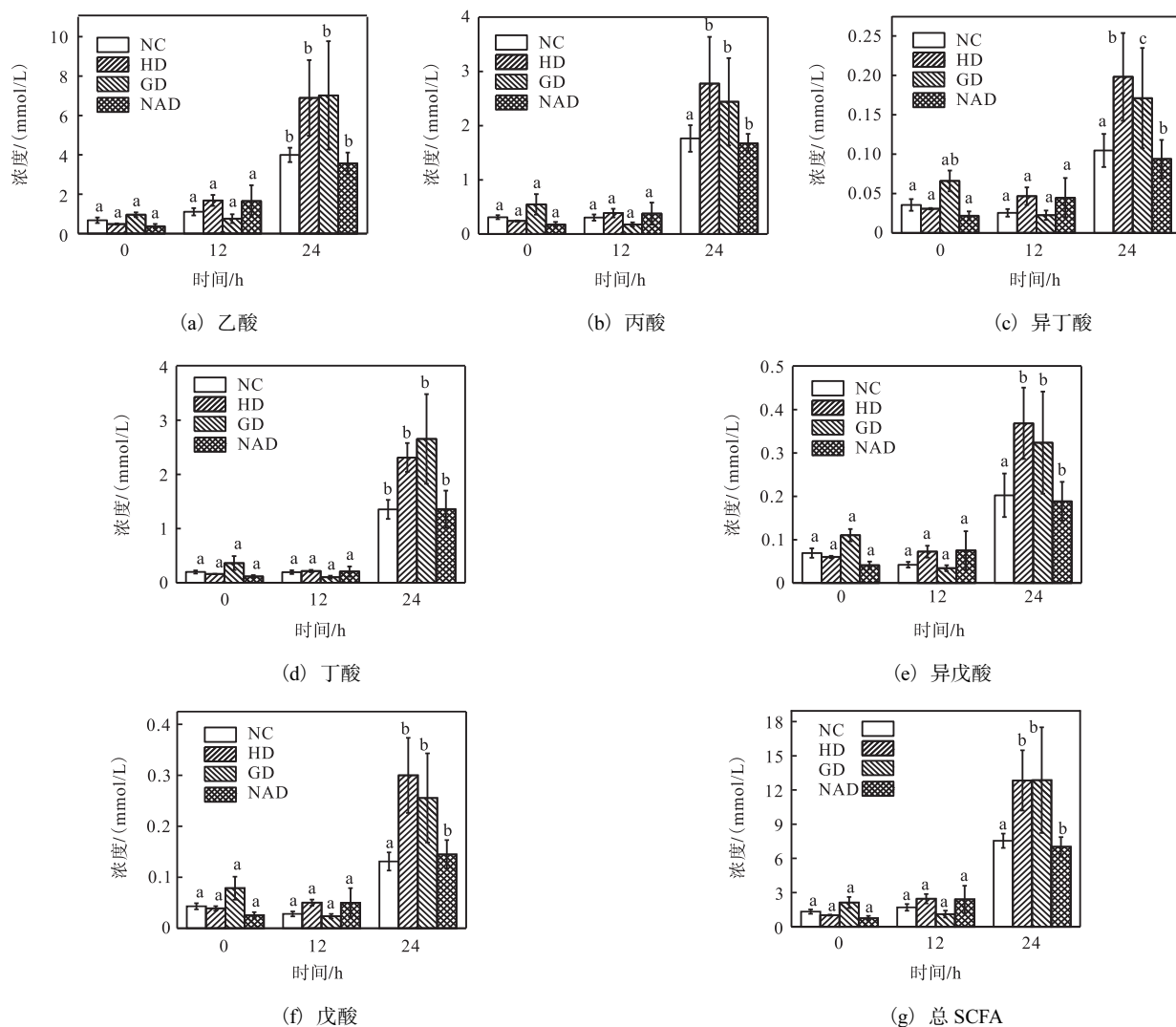


图 1 不同时间点体外发酵过程中总 SCFA 的浓度

Fig. 1 Concentrations of total SCFA during in vitro fermentation at different times

2.2.2 微生物群组成的变化

肠道菌群 α 多样性和 β 多样性结果如图 2 所示。 α 多样性包括辛普森(Simpson)多样性指数和稀疏曲线, β 多样性包括基于加权 UniFrac 算法的非度量多维尺度分析(NMDS)。肠道微生物群的 α 多样性可以反映微生物物种的多样性,包括丰富度和均匀度^[30]。如图 2(a)所示,与 NC24h 组相比,HD24h 组、GD24h 组和 NAD24h 组的 Simpson 多样性指数均有所下降,说明添加不同干燥方式处理的茶树菇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,在 3 种干燥方式下,茶树菇的蛋白质含量存在显著性差异($P < 0.05$),且 GD 组的蛋白质含量最高(28.54%),HD 组的蛋白质含量最低(24.17%)。Simpson 多样性指数在 GD24h 组最低,在 HD24h 组最高。因此,蛋

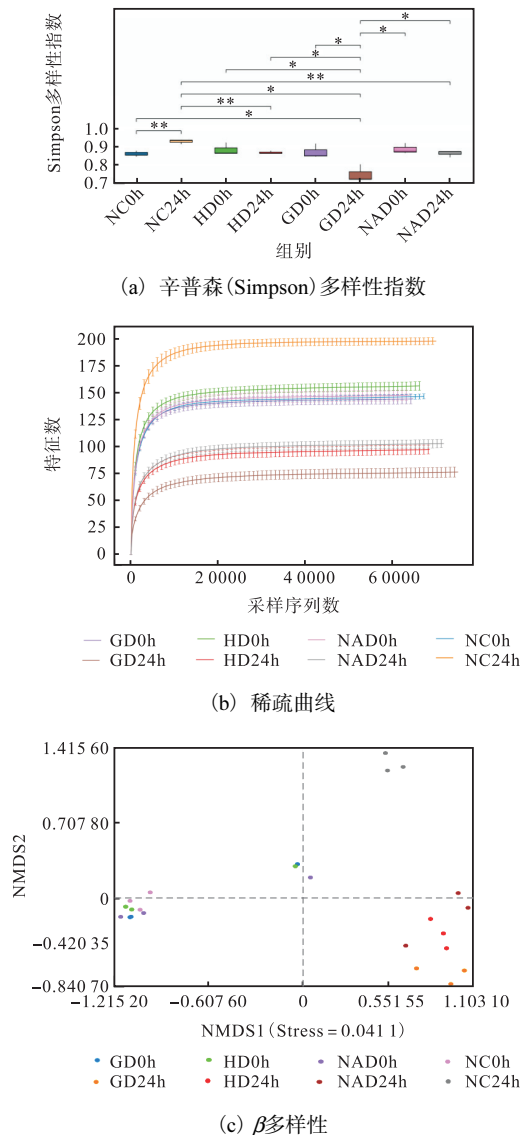
白质含量与微生物群多样性呈负相关,高蛋白质摄入可导致肠道菌群丰度和多样性降低^[32]。

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合理^[33]。如图 2(b)所示,曲线趋于平坦,说明肠道微生物群落的测序数据可信。此外,这些信息还可以反映每个样品的微生物区系的组成结构。

NMDS 是一种非线性模型,可以更好地反映生态数据的非线性结构^[34]。如图 2(c)所示,应力值为 0.041 1,说明 NMDS 能够准确地反映样品之间的差异程度。在初始时刻,4 个样品彼此接近,说明肠道微生物群落的组成相似;发酵 24 h 后,4 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如图 3(a)所示。微

生物主要由厚壁菌门、梭菌门(*Fusobacteriota*)、变形菌门(*Proteobacteria*)和拟杆菌门组成,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、放线菌门和拟杆菌门均减少,这可能是因为茶树菇多糖促进梭菌门的增殖,同时也抑制厚壁菌门的生长,这与猴头菇多糖的研究结果一致^[36]。与 NC24h 组相比,HD24h 组、GD24h 组和 NAD24h 组中的拟杆菌门的相对丰度均降低,可能是因为多酚和黄酮类物质抑制拟杆菌门的生长,这与 Zhao 等^[37]的研究结果一致。



注:每组包含 3 个样本。

图 2 肠道菌群 α 多样性和 β 多样性

Fig. 2 Alpha and beta diversity of intestinal flora

此外,从变形菌门相对丰度变化情况来看,与 NC24h 组相比,GD24h 组的相对丰度显著降低,HD24h 组的和 NAD24h 组的显著升高。据报道^[38],

变形菌门相对丰度的升高是肠道菌群失调的潜在标志,与炎症和癌症密切相关,因此 GD 对维持肠道稳态有更加积极的作用。

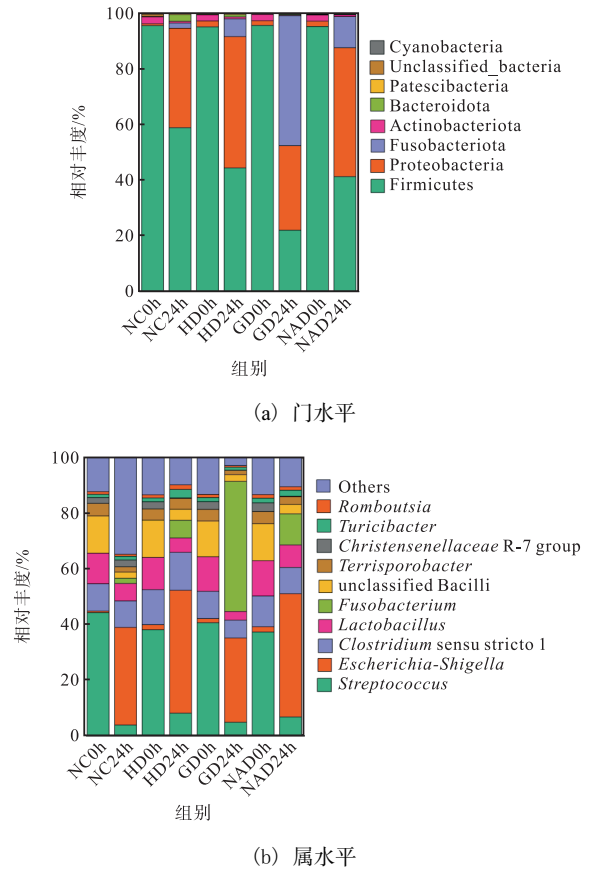


图 3 肠道微生物群落结构

Fig. 3 Intestinal microbial community structure

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*)和乳杆菌属(*Lactobacillus*)等组成。由图 3(b)可知,与 0 h 相比,发酵 24 h 后各组链球菌属的相对丰度下降,这可能是厚壁菌门相对丰度下降的主要原因。其中,GD24h 组的下降幅度最大,从 0 h 时的 40% 下降到 24 h 时的 4%。与 NC24h 组相比,GD24h 组中的埃希氏杆菌属-志贺氏菌的相对丰度下降,而 HD24h 组和 NAD24h 组中相对丰度增加。此外,埃希氏杆菌属(*Escherichia*)的变化引起变形菌门的变化,二者的相对丰度变化趋势一致。

研究表明,链球菌属是一种常见的化脓球菌,可引起化脓性炎症等疾病^[17],而埃希氏杆菌属-志贺氏菌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优化菌群的组成,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、变形菌门、埃希氏杆菌属-志贺氏菌和链球菌属)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,不同干燥方式处理的茶树菇的总黄酮含量无显著差异($P>0.05$),但总糖、蛋白质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某些代谢物,抑制了肠道菌群的多样性。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,茶树菇也有望成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,未深入研究其中的功能性成分(如多糖、多酚和蛋白质等)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 physiochemical, 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 glycated 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, 赵珂玲, 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. Anti-

- oxidant activity and phenolic compounds in 32 selected herbs[J]. Food chemistry, 2007, 105 (3) : 940–949.
- [16] JIA Z S, TANG M C, WU J M. 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.
- [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, 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

- substitute for dairy yoghurt[J]. Journal of food processing and preservation, 2020, 45 (1) : 15092.
- [27] BEHARE P V, SINGH R, TOMAR S K, et al. Effect of exopolysaccharide-producing strains of *Streptococcus thermophilus* on technological attributes of fat-free lassi[J]. Journal of dairy science, 2010, 93 (7) : 2874–2879.
- [28] LIU L, HUANG Y, ZHANG X, et al. Texture analysis and physicochemical characteristics of fermented soy-milk gel by different lactic acid bacteria[J]. Food hydrocolloids, 2023, 136: 108252.
- [29] PANG Z, XU R, ZHU Y, et al. Comparison of rheological, tribological, and microstructural properties of soy-milk gels acidified with glucono-delta-lactone or culture[J]. Food research international, 2019, 121 : 798–805.
- [30] LU Z X, HE J F, ZHANG Y C, et al. Composition, physicochemical properties of pea protein and its application in functional foods[J]. Critical reviews in food science and nutrition, 2019, 60 (15) : 2593–2605.
- [31] FISCHER E, CAYOT N, CACHON R. Potential of microorganisms to decrease the “Beany” off-flavor: a review[J]. Journal of agricultural and food chemistry, 2022, 70 (15) : 4493–4508.
- [32] 朱芙蓉, 徐宝才, 周辉. 大豆制品中腥味形成机理及去腥工艺研究进展[J]. 中国粮油学报, 2023, 38 (4) : 150–158.
- [33] ZHANG C, HUA Y, LI X, et al. Key volatile off-flavor compounds in peas (*Pisum sativum* L.) and their relations with the endogenous precursors and enzymes using soybean (*Glycine max*) as a reference[J]. Food chemistry, 2020, 333: 127469.
- [34] 刘婷, 赵良忠, 周小虎, 等. 酸豆奶发酵过程中大豆异黄酮及风味物质变化规律[J]. 食品与发酵工业, 2022, 48 (6) : 181–187.
- [35] 邢常辉, 李文钊, 孙妮, 等. 酵母抽提物对大豆酸奶奶味的影响[J]. 食品研究与开发, 2022, 43 (18) : 63–69.
- [36] CHEN Y, LI P, LIAO L, et al. Characteristic fingerprints and volatile flavor compound variations in Liuyang Douchi during fermentation via HS-GC-IMS and HS-SPME-GC-MS[J]. Food chemistry, 2021, 361: 130055.
- [37] PENG X, YUE Q, CHI Q, et al. Microbial diversity and flavor regularity of soy milk fermented using kombucha [J]. Foods, 2023, 12 (4) : 884.
- [38] 张彩猛. 豌豆源挥发性异味成分的生成机理与低异味豌豆分离蛋白加工工艺研究[D]. 无锡: 江南大学, 2021.
- [39] LIU Y, CADWALLADER D C, DRAKE M. Identification of predominant aroma components of dried pea protein concentrates and isolates[J]. Food chemistry, 2023, 406: 134998.
- [40] MEINLSCHMIDT P, SCHWEIGGERT-WEISZ U, EISNER P. Soy protein hydrolysates fermentation: effect of debittering and degradation of major soy allergens[J]. LWT-Food science and technology, 2016, 71: 202–212.
- [41] LIU B, LI N, CHEN F, et al. Review on the release mechanism and debittering technology of bitter peptides from protein hydrolysates[J]. Comprehensive reviews in food science and food safety, 2022, 21 (6) : 5153–5170.

责任编辑: 郎婧

(上接第 28 页)

- 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.

责任编辑: 郎婧