DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20250928006
引用格式: 范晨, 王轶, 郭鹏, 等. “金花菌”的筛选及其液态发酵对罗汉果活性成分的转化研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(2): 261–271.
FAN C, WANG Y, GUO P, *et al*. Screening of “golden flower fungus” and study on the transformation of bioactive compounds in *Siraitia grosvenorii* via liquid fermentation [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(2): 261–271. (in Chinese with English abstract).

“金花菌”的筛选及其液态发酵对罗汉果活性成分的转化研究

范 晨[1,2], 王 轶[2,3], 郭 鹏[2,3], 薛淑静[2,3], 杨 德[2,3], 卢 琪[2,3], 靳振江[1], 张冬冬[4*], 王 琼[2,3*]

(1. 桂林理工大学环境科学与工程学院, 广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541006; 2. 湖北省农业科学院农产品加工与核农技术研究所, 武汉 430064; 3. 特色农产品资源挖掘与高质利用湖北省重点实验室, 武汉 430064; 4. 浙江大学海洋学院, 舟山 316021)

摘 要: 目的 从湖北青砖茶中分离并筛选“金花菌”, 用于罗汉果的微生物液体发酵, 通过微生物的分解与转化作用, 促进罗汉果活性成分的高效溶出及生物转化。**方法** 采用形态学观察和内转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)系统发育分析对分离菌株进行分类鉴定, 并进行重测序分析其功能特性。将该菌株接种于罗汉果原料中, 在 28 ℃条件下静置液体发酵 8 d。随后, 利用高效液相色谱法、苯酚-硫酸法、3,5-二硝基水杨酸法、香草醛-硫酸法、福林酚法及亚硝酸钠-硝酸铝法, 分别测定发酵过程中甜苷、总糖、还原糖、总酚及黄酮等活性物质的含量; 同时采用 3,5-二硝基水杨酸法、福林法、铁氰化钾法测定关键酶活性和抗氧化活性。**结果** 鉴定结果表明, 所分离菌株为散囊菌(*Eurotium* sp.)。经该菌株液体发酵后, 罗汉果中总糖、还原糖、总甜苷和罗汉果苷 V 的含量均显著提高, 最高质量浓度分别达到 11.029、8.390、1.619 及 0.540 mg/mL, 分别是发酵前的 1.029、1.336、1.278 和 2.030 倍。发酵过程中, 纤维素酶活、半纤维素酶活、果胶酶活、*α*-淀粉酶活和蛋白酶活最高达 20.250、14.100、27.513、14.399 和 7.045 IU; 发酵第 2 d 时生物活性最高, 总还原力达 0.478, 1,1-二苯基-2-三硝基苯肼(1,1-diphenyl-2-picrylhydrazyl, DPPH)自由基清除率达 63.767%, *α*-葡萄苷酶抑制率达 61.604%, 分别为未发酵组的 1.046、1.314 和 1.364 倍。**结论** 利用“金花菌”发酵罗汉果可有效提高罗汉果苷 V 的含量, 并增强其抗氧化活性。本研究为罗汉果生物发酵技术及相关产品开发提供了潜在的优良菌种与技术依据。

关键词: “金花菌”; 罗汉果; 发酵; 罗汉果苷 V; 活性成分

收稿日期: 2025-09-28
基金项目: 广西重点研发计划项目(桂科 AB24010125); 湖北省自然科学基金计划项目(2023AFB195); 湖北省技术创新计划项目(2024BBB063)
第一作者: 范晨(2000—), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物。E-mail: 3259755945@qq.com
***通信作者:** 张冬冬(1984—), 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为海洋天然有机质及污染物微生物降解。E-mail: zhangdongzju@zju.edu.cn
王琼(1991—), 女, 博士, 助理研究员, 主要研究方向为微生物生态学、功能微生物挖掘与应用。E-mail: qiongwang0228@163.com

Screening of “golden flower fungus” and study on the transformation of bioactive compounds in *Siraitia grosvenorii* via liquid fermentation

FAN Chen[1,2], WANG Yi[2,3], GUO Peng[2,3], XUE Shu-Jing[2,3], YANG De[2,3], LU Qi[2,3], JIN Zhen-Jiang[1], ZHANG Dong-Dong[4*], WANG Qiong[2,3*]

(1. *Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology*, *College of Environmental Science and Engineering*, *Guilin University of Technology*, *Guilin* 541006, *China*; 2. *Institute of Agricultural Products Processing and Nuclear Agriculture Technology Research*, *Hubei Academy of Agricultural Sciences*, *Wuhan* 430064, *China*; 3. *Hubei Key Laboratory of Characteristic Resources and Utilization*, *Wuhan* 430064, *China*; 4. *Ocean College*, *Zhejiang University*, *Zhoushan* 316021, *China*)

ABSTRACT: Objective To isolate and screen a “golden flower fungus” from Hubei Qingzhuan tea for application in the microbial liquid fermentation of *Siraitia grosvenorii*, leverage microbial decomposition and transformation to enhance the dissolution and biotransformation of its functional bioactive components. **Methods** The isolated strain was identified based on morphological characteristics and internal transcribed spacer (ITS) phylogenetic analysis, supplemented by resequencing. The *Siraitia grosvenorii* substrate was subjected to static liquid fermentation with this strain at 28 °C for 8 d. The content of bioactive compounds, including mogrosides, sugars, total phenolics and flavonoids, were quantified using high performance liquid chromatography, the phenol-sulfuric acid method, the dinitrosalicylic acid method, the vanillin-sulfuric acid method, the Folin-Ciocalteu method and the sodium nitrite-aluminum nitrate method. Key enzyme activities and antioxidant capacity during fermentation were assessed using the dinitrosalicylic acid method, the Folin method and the potassium ferricyanide method. **Results** The strain was identified as *Eurotium* sp.. Liquid fermentation of *Siraitia grosvenorii* with this strain significantly increased the content of total sugars, reducing sugars, total mogrosides and mogroside V, reaching maximum mass concentrations of 11.029, 8.390, 1.619 and 0.540 mg/mL, respectively. These values correspond to 1.029, 1.336, 1.278 and 2.030 times the levels in the unfermented group. The peak activities of cellulase, hemicellulase, pectinase, *α*-amylase and protease during fermentation reached 20.250, 14.100, 27.513, 14.399 and 7.045 IU, respectively. The highest bioactivity was observed on the second day of fermentation, with the total reducing power reaching 0.478, the 1,1-diphenyl-2-picrylhydrazyl (DPPH) radical scavenging rate reaching 63.767%, and the *α*-glucosidase inhibitory activity reaching 61.604%, which were 1.046, 1.314 and 1.364 times those of the unfermented control. **Conclusion** Fermentation of *Siraitia grosvenorii* with the “golden flower fungus” effectively enhances the content of mogroside V and improves antioxidant activity. This study provides a promising microbial strain and technical foundation for advancing biotransformation technologies and product development utilizing *Siraitia grosvenorii*.

KEY WORDS: “golden flower fungus”; *Siraitia grosvenorii*; fermentation; mogroside V; bioactive components

0 引 言

罗汉果作为我国传统药食同源植物, 富含膳食纤维、甜苷类、黄酮类、生物碱和多糖等多种生物活性成分[1–2], 罗汉果及其功能性成分具有较高的营养价值和药用价值。其中, 罗汉果苷 V 是在成熟罗汉果中含量和甜度均较高的甜苷, 其甜度是蔗糖的 300 倍[3], 且其 β 型苷键无法被人体分解消化, 食用后不会引起血糖升高, 是天然的代糖物质[4–6]。此外, 罗汉果活性物质还具有调血脂、保肝、抗氧化、抗菌抗炎和缓解疲劳[7]等多重功效。但罗汉果细胞壁结构稳定且细胞膜通透性低, 从而限制了甜苷类物质的提取效率, 导致提取过程收率低、能耗高、成本高等问题, 此瓶颈既制约天然糖苷类产品规模化开发[8–9], 也导致罗汉果资源浪费。

微生物发酵技术通过对细胞壁结构进行破坏和降解, 不仅可以提高有效成分提取率, 还具有高效、经济、绿色等优势, 已成为天然活性成分提取领域的研究热点[10–11]。目前常用微生物发酵包括酵母菌、乳酸菌、曲霉属真菌等, 其核心机制是通过分泌水解酶系降解紧实的细胞壁。“金花菌”因在青砖茶、茯砖茶等传统发酵食品中形成特征性“金花”结构, 并在发酵过程促使茶叶中内含物质被转移成多种活性成分, 形成独特风味而闻名[12–14]。“金花菌”可产生纤维素酶、果胶酶、蛋白酶等多种酶, 可以作为一种优良的发酵剂, 应用于药食同源植物功能性成分的生物转化过程中, 以期提升药食同源植物中功能性成分的含量, 改善其生理活

性, 促进资源利用的最大化[1]。易军鹏等[15]采用“金花菌”对红薯叶进行固体发酵, 结果显示: 发酵后红薯叶的总酚、黄酮含量分别达到未发酵组的 1.97 倍和 2.31 倍, 抗氧化能力也随之显著提升, 成功实现了红薯叶的高值化利用。

本研究利用从青砖茶中分离筛选的“金花菌”, 接种至罗汉果基质中进行液体发酵。通过测定发酵过程中罗汉果总糖、还原糖、多糖、总甜苷、罗汉果苷 V、总酚及黄酮等活性成分的含量, 结合纤维素酶、半纤维素酶、果胶酶、*α*-淀粉酶及蛋白酶的活性数据, 多维度解析“金花菌”发酵对罗汉果活性成分的影响, 并以总还原力、1,1-二苯基-2-三硝基苯肼(1,1-diphenyl-2-picrylhydrazyl, DPPH)自由基清除率及 *α*-葡萄糖苷酶抑制率为指标评判发酵效果, 为“金花菌”发酵罗汉果的高值化利用提供依据。

1　材料与方法

1.1　材料与试剂

青砖茶(湖北青砖茶产业发展集团有限公司); 罗汉果(桂林三棱生物科技有限公司)。

罗汉果苷 V(纯度≥98%, 南京植源生物科技有限公司); 葡萄糖、羧甲基纤维素钠、香草醛、3,5-二硝基水杨酸(3,5-dinitrosalicylic acid, DNS)、氢氧化钠、硫酸、无水乙醇、硝酸钠、磷酸氢二钾、磷酸氢二钠、磷酸二氢钾、硫酸镁、蔗糖、氯化钠、吐温 80(分析纯, 国药集团化学试剂有限公司); *L*-酪氨酸(纯度 99%)、DPPH(纯度 96%)(上海麦克林生化科技股份有限公司); 酪蛋白(精制级)、琼脂、马铃薯浸粉、对硝基苯基-*α*-*D*-吡喃葡萄糖苷(生物技术级)、*α*-葡萄糖苷酶(250 U)(上海源叶生物科技有限公司); 没食子酸、芦丁(纯度≥98%)、瓜尔豆胶、可溶性淀粉、果胶(分析纯)(北京索莱宝科技有限公司); 甲醇、乙腈[色谱级, 赛默飞世尔科技(中国)有限公司]。

1.2　仪器与设备

ME104 电子天平(精度 0.0001 g, 上海梅特勒-托利多仪器有限公司); OD-15R 高速离心机(美国 Oxford Lab Products 公司); SCIENTZ-18N 冷冻干燥机(宁波新芝生物科技有限公司); SW-CJ-2F 超净工作台(苏州净化设备有限公司); GENESYS 50 紫外分光光度计[赛默飞世尔科技(中国)有限公司]; Tecan-Spark 酶标仪(上海帝肯实验器材有限公司); LC-20A 高效液相色谱仪(日本株式会社岛津制作所); SPT-P150C 生化培养箱(合肥达斯卡特生物科技有限公司); LDZM-80KCS-II立式压力蒸汽灭菌器(上海申安医疗器械厂); GL Sciences C_{18} 柱(4.6 mm×250 mm, 35 μm)(上海岛津实验器材有限公司)。

1.3　实验方法

1.3.1　菌株的分离纯化及鉴定

改良查式固体培养基[16]: 硝酸钠 3 g/L, 磷酸氢二钾 1 g/L, 硫酸镁 0.5 g/L, 蔗糖 40 g/L, 氯化钠 50 g/L, 琼脂 20 g/L, 121 ℃高温灭菌。

马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar, PDA)培养基: 马铃薯浸粉 6 g/L, 葡萄糖 20 g/L, 琼脂 20 g/L, 115 ℃高温灭菌。

在超净台中使用无菌水清洗青砖茶表面, 切开后取内部碎块使用适量无菌水重悬, 涂布于改良查式固体培养基中, 置于 28 ℃培养箱中培养至有明显菌落长出。挑取金黄色菌落, 重新在 PDA 培养基上进行划线分离纯化。挑取纯化的菌株的菌丝于 PDA 培养基平板 28 ℃倒置培养 10 d, 记录培养基上菌落的形态和生长情况。使用真菌通用引物 ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3')和 ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'), 利用聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)扩增内源转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)基因片段[17], 纯化的 DNA 送武汉擎科生物科技有限公司测序。使用 Snap Gene 4.3.6 进行基因拼接, 并用 MEGA 11.0 的邻接法(neighbor-joining, NJ)对序列构建系统发育树。

1.3.2　菌株的重测序

根据 ITS 系统发育树分析, 在美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)中, 根据亲缘关系最近、已进行全基因组测序、有注释信息, 且组装水平在 chromosome 以上的原则, 选取了曲霉属[*Aspergillus chevalieri* (NC_057368)]作为全基因组重测序的参考基因组(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/GCF_016861735.1/)。全基因组重测序分析的建库和测序工作委托上海美吉生物医药科技有限公司使用 llumina NovaSeq X PlusTM 测序平台完成。测序数据利用 GATK 3.8 软件的 Best Practices 流程对 BAM 文件进行校正, 并进行单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)和小片段插入缺失(insertion-deletion, InDel)标记的检测。利用 SnpEff 5.1 软件和参考基因组的基因预测信息进行变异功能注释, 得到 SNP、InDel 的功能注释信息。对菌株基因组上的 SNP 和 lnDel 注释到的基因进行京都基因与基因组百科全书(Kyoto encyclopedia of genes and genomes, KEGG)富集分析和碳水化合物活性酶数据库(carbohydrate-active enZymes database, CAZy)比对, 比较基因功能差异并预测其代谢功能。

1.3.3　菌种活化及罗汉果液体发酵

(1)菌株活化及生长测定

菌株在 PDA 固体培养基培养 5 d 至菌落金黄, 挑取菌丝于三角烧瓶加无菌水重悬, 加入 10 颗直径 5 mm 的玻璃珠, 220 r/min 振荡 45 min 得到孢子悬液, 加无菌水调节孢子液浓度 OD=1.0 左右。接种 3%孢子液至 PDA 液体培养基静置培养 0~12 d, 参照邹敏敏等[18]的方法通过称取菌丝体干重绘制生长曲线。将滤纸过滤所得的滤液测量其 pH 和

可溶性蛋白含量。根据菌株的生长曲线, 选择合适的活化时间。将菌悬液按 3%的浓度接入改良查式培养基, 加入 0.5%的吐温 80 以分散菌体, 放入 28 ℃培养箱静置培养, 备用。

(2)菌株发酵罗汉果样品的制备

将新鲜罗汉果简单破碎后在 50 ℃烘箱中干燥至恒重, 再用粉碎机粉碎后过 40 目筛, 备用。称取 1 g 罗汉果粉在 100 mL 的锥形瓶中, 按料液比 1:70 (g:mL)加入 0.3%的葡萄糖水, 用透气膜封口放入灭菌锅, 115 ℃灭菌 30 min。冷却后在无菌操作台接入 3%上述液体活化的菌株, 后放入 28 ℃恒温培养箱静置分别培养 0、2、4、6、8 d。将发酵完成后的罗汉果样品在 4 ℃、8000 r/min 的转速下离心 10 min, 得到上清溶液放入–80 ℃保存。

1.3.4 罗汉果活性成分测定

(1)总糖、还原糖和多糖的测量

多糖的测量参考包智影[19]的方法。采用苯酚-硫酸法测量罗汉果中的总糖, 检测波长为 490 nm, 采用 DNS 法测量罗汉果中的还原糖, 检测波长为 540 nm, 发酵后罗汉果中多糖的含量就等于总糖含量减去还原糖含量。总糖和还原糖含量都以葡萄糖标准曲线回归方程计算, 以此得到罗汉果中的多糖浓度。

(2)总甜苷和罗汉果苷 V 含量的测定

参考李雁群等[20]的香草醛-浓硫酸试剂比色法在 600 nm 波长下测定罗汉果的总甜苷浓度。根据罗汉果甜苷 V 标准曲线回归方程计算罗汉果中总甜苷浓度。罗汉果苷 V 的测定参考罗丹[21]的方法, 略有修改。测定条件为: 色谱柱为 20 μL C_{18}柱(4.6 mm×250 mm, 35 μm), 流动相为 77%水(A)-23%乙腈(B)等度洗脱, 检测波长 203 nm, 流速 1 mL/min, 柱温 30 ℃, 进样 20 μL。

(3)总酚及黄酮含量的测定

总酚的测量参考殷倩倩等[22]的方法, 略作修改。采用福林酚法在 760 nm 波长下检测, 使用没食子酸作为标准品绘制标准曲线。

罗汉果中的黄酮含量的测定参考许志美等[23]的方法。采用亚硝酸钠-硝酸铝法在 510 nm 波长下检测, 使用芦丁作为标准品绘制标准曲线。

1.3.5 菌株发酵罗汉果过程中酶活性的测定

(1)纤维素酶、半纤维素酶及果胶酶活性的测定

纤维素酶活测定参考高秀清等[24]的方法, 略作修改。以 1%羧甲基纤维素钠为底物, 采用 DNS 法在 540 nm 处测吸光度。纤维素酶活力的定义: 反应条件下, 1 mL 酶液在 1 min 时间内生成相当于 1 μg/mL 葡萄糖的还原糖量为 1 个纤维素酶活力国际单位(即 IU)。

半纤维素酶活测定以 0.5%瓜尔豆胶溶液作为反应底物, 采用 DNS 法在 540 nm 处测吸光度。半纤维素酶活力的定义: 在 28 ℃反应条件下, 1 mL 酶液在 1 min 时间内生成相当于 1 μg/mL 葡萄糖的还原糖量为 1 个半纤维素酶活力国际单位(即 IU)。

果胶酶活的测定参考肖园等[25]的方法, 略作修改。以 0.4%的果胶为底物, 采用 DNS 法在 540 nm 处测吸光度。果胶酶活力的定义: 反应条件下, 1 mL 酶液在 1 min 时间内生成相当于 1 μg/mL 葡萄糖的还原糖量为 1 个果胶酶活力国际单位(即 IU)。

(2) *α*-淀粉酶活性的测定

α-淀粉酶活测定参考肖愈[26]的方法, 略作修改。以 1%的可溶性淀粉为底物, 采用 DNS 法在 540 nm 处测吸光度。*α*-淀粉酶活力的定义: 1 mL 酶液在 1 min 时间内生成相当于 1 μg/mL 葡萄糖的还原糖量为 1 个 *α*-淀粉酶活力国际单位(即 IU)。

(3)蛋白酶活性的测定

参考 GB/T 23527—2009《蛋白酶制剂》对蛋白酶活性进行测定。以 1%酪蛋白为底物, 采用福林法在 680 nm 波长处测定吸光度。蛋白酶活定义为: 在测定条件下, 1 mL 酶液 1 min 从酪蛋白中释放 1 μg/mL 酪氨酸所需的酶量为 1 个蛋白酶活力国际单位(即 IU)。

1.3.6 生物活性的测定

总还原力测定参考尹家全等[1]的测定方法稍做修改。采用铁氰化钾法在 700 nm 波长下测定吸光度值, 空白组以无水乙醇代替样品, 按公式(1)计算总还原力。

$$R=A_1-A_2 \tag{1}$$

式中: R 为总还原力; A_1 为样品组在 700 nm 波长下的吸光度值; A_2 为空白组在 700 nm 波长下的吸光度值。

DPPH 自由基清除率的测定参考海梅[27]的测定方法稍做修改。样品组以 DPPH 溶液与样品混合, 对照组以乙醇代替样品, 空白组以乙醇代替 DPPH 溶液。在 517 nm 的波长下测定吸光度值, 按公式(2)计算 DPPH 自由基清除率。

$$D/\%=(1-\frac{A_3-A_4}{A_5})\times 100\% \tag{2}$$

式中: D 为样品的 DPPH 自由基清除率, %; A_3 为实验组在 517 nm 的波长下吸光度; A_4 为对照组在 517 nm 的波长下吸光度; A_5 为标准组在 517 nm 的波长下吸光度。

α-葡萄糖苷酶抑制活性参考张密霞等[28]的方法略作修改。将 20 μL 0.1 U/mL *α*-葡萄糖苷酶和 40 μL 样品和 100 μL 磷酸盐缓冲溶液(phosphate buffered saline, PBS)的混合物在 37 ℃孵育 15 min, 然后加入 40 μL 2.5 mmol/L 对硝基苯基-*α*-*D*-吡喃葡萄糖苷(p-nitrophenyl-*α*-*D*-glucopyranoside, pNPG), 在 37 ℃继续反应 30 min, 最后加入 40 μL 0.2 mol/L 的碳酸钠溶液终止反应。在 405 nm 波长下测定吸光度, 按公式(3)计算 *α*-葡萄糖苷酶抑制率。

$$G/\%=(1-\frac{A_6-A_7}{A_8-A_9})\times 100\% \tag{3}$$

式中: G 为样品的 *α*-葡萄糖苷酶抑制率, %; A_6、A_7、A_8 和 A_9 分别为酶对照组、空白对照组、样品组和样品空白组在 405 nm 波长下的吸光度值。

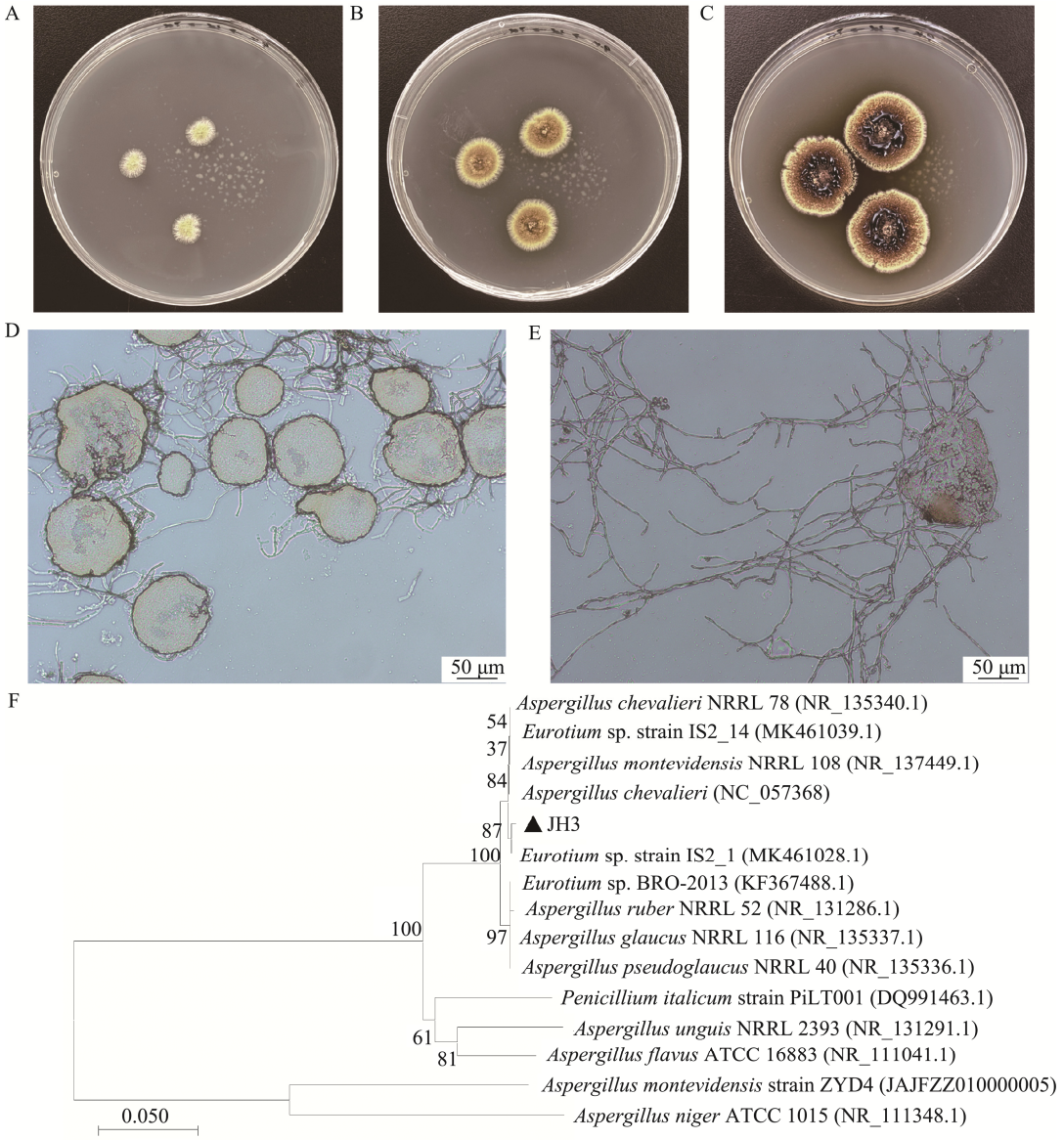
1.4　数据处理

所有实验数据均重复 3 次, 使用 Origin 2022 和 IBM SPSS Statistics 27 软件对实验数据进行绘图和显著性分析。

2　结果与分析

2.1　“金花菌”JH3 形态及分离鉴定

采用改良查式培养基从湖北青砖茶中分离获得一株“金花菌”, 其 PDA 平板菌落形态随培养时间变化(图 1A~1C): 3 d 菌落为浅黄色圆形, 5 d 菌落中部微隆起, 浸出黄褐色色素, 有研究表明黄色色素多为酚类物质或吲哚类物质[29]。10 d 菌落中部呈棕褐色, 菌丝表面浮有褐色液体, 色素渗入培养基使其变褐。在显微镜观察结果如图 1D~1E 所示, 固体培养可见球形或近球形子囊, 未成熟子囊壳封闭且含大量孢子, 成熟子囊壳破裂释放孢子; 液体培养以菌丝为主, 子囊壳少见。根据 ITS1-ITS4 序列构建的系统进化树(图 1F)结果显示, JH3 与散囊菌(*Eurotium* sp.)的进化分支最为接近, 其分类地位为: 真菌界(Fungi); 子囊菌门(Ascomycota); 子囊菌亚门(Pezizomycotina); 不整囊菌纲(Eurotiomycetes); 散囊菌目(Eurotiales); 曲霉科(Aspergillaceae); 散囊属(*Eurotium*)。值得注意的是, 文献中常见的“金花菌”有两种名称, 如冠突曲霉(*Aspergillus cristatus*)与冠突散囊菌(*Eurotium cristatum*), 实际上分别为该菌的无性型与有性型名称, 指代同一真菌物种[13]。



注: A. 固体培养 3 d 的菌株; B. 固体培养 5 d 的菌株; C. 固体培养 10 d 的菌株; D. 固体培养菌株显微镜下形态(50 μm); E. 液体培养菌株显微镜下形态(50 μm); F. JH3 的系统发育树。

图 1　菌株生长状态及系统进化树

Fig.1　Strain growth status and system evolution tree

2.2 “金花菌”的重测序

全基因组重测序分析共获得 1.15G reads 数据，经碱基识别和质量过滤后获得的数据测序错误率低，数据质量可靠(Q30 评分为 96.02%)。与参考基因组 *Aspergillus chevalieri* (NC_057368)的对比率为 86.40% (≥75%)，1×覆盖度为 83.84% (≥70%)，且变异数目较多(获得 818024 个 SNP，91605 个 InDel)，结果显示本研究分离的菌株 JH3 的基因组与参考基因组之间存在较大的差异，这表明 JH3 可能具有独特的遗传特征和潜在功能，值得进一步开展高质量全基因组测序及功能分析。

对鉴定的 SNP 和 InDel 位点进行注释、整合和筛选后，获得了可能具有蛋白质功能变异影响的变异基因。注释至 KEGG 数据库和的基因数分别为 2093 和 622，进一步对变异基因进行 KEGG 通路富集分析(图 2A)。KEGG 通路分析表明，显著富集的通路主要涉及核苷酸代谢与遗传信息修复、氧化应激响应与能量代谢、糖基化修饰与信号调控等，这些结果揭示“金花菌”在维持遗传稳定性、应激防御机制以及代谢调控等方面具有关键生物学意义[30]。为深入分析 JH3 的碳水化合物代谢潜能，将其突变基因序列与 CAZy 数据库进行了比对，根据图 2B，变异基因在 CAZy 数据库中注释到大量 GHs (291 个)和 GTs (159 个)。这预示“金花菌”具有分解细胞壁多糖(纤维素、半纤维素及果胶等)的功能[31]，促进活性物质溶出，同时还具有糖苷合成[32−33]等功能。这可能会带来罗汉果发酵后总糖、还原糖及罗汉果苷 V 含量的提高，协同增强罗汉果苷溶出与生物活性。

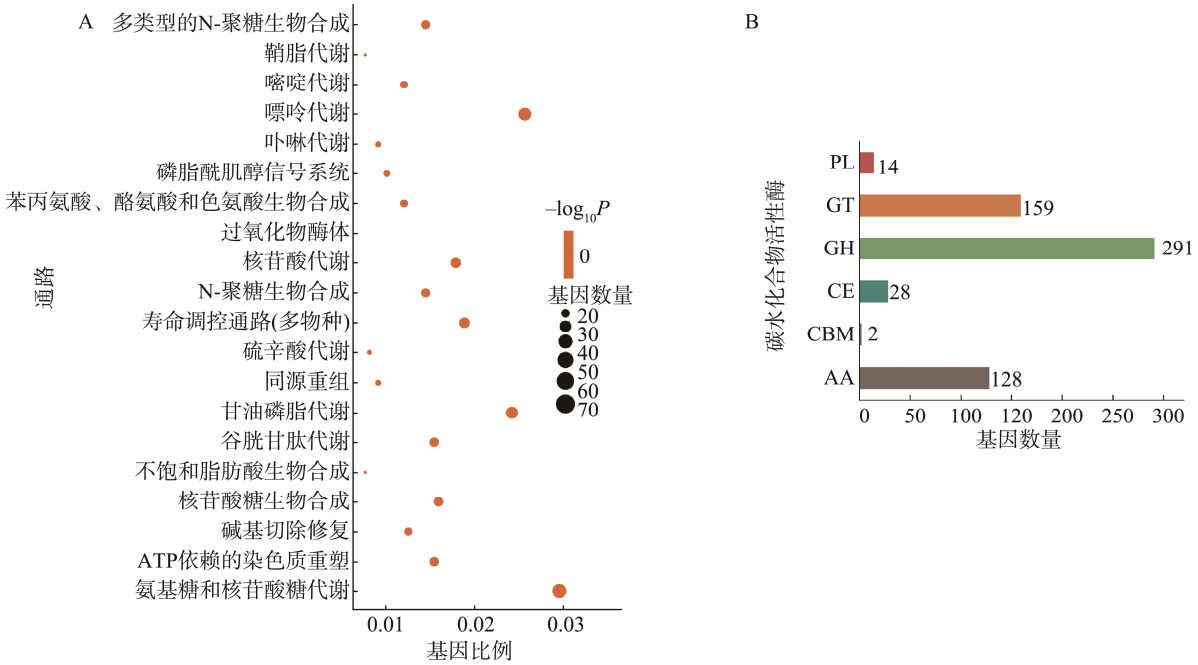
2.3 “金花菌”液体发酵罗汉果

2.3.1 “金花菌”的液体培养

“金花菌”液体培养生长情况见图 3。菌株培养第 2 d 进入快速生长期，菌体干重迅速增加，4~6 d 短暂稳定，菌丝团聚形成菌丝体(图 3)，第 6 d，菌丝体迅速生长并大量繁殖，浮在液体表面形成“金花”，6~10 d 菌丝体干重不断增加，至第 10~12 d 菌丝体干重趋于稳定。6~12 d 时间段的游离蛋白含量不断上升。菌株液体培养过程中的 pH 不断降低，培养 10 d 稳定在 6.2 左右。液体培养至第 3 d 时“金花菌”生长速率最快，同时菌液呈均一稳定悬液。

2.3.2 “金花菌”发酵对罗汉果总糖、还原糖和多糖的影响

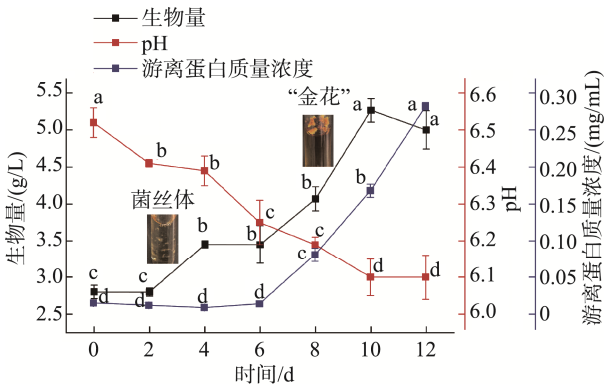
在液体发酵罗汉果过程中，总糖、还原糖和多糖浓度变化趋势见图 4。总糖质量浓度先升高后下降，在第 2 d 达到最大值 11.029 mg/mL，为发酵前的 1.029 倍，此后略有下降；还原糖质量浓度在发酵 0~4 d 持续上升，在第 4 d 达到最大值 8.390 mg/mL，是发酵前的 1.336 倍(P<0.05)，发酵后期基本维持稳定；多糖质量浓度在发酵的 0~8 d 间浓度呈下降趋势。推测在发酵初期，“金花菌”多种酶作用于罗汉果基质，促进了可溶性糖的溶出，总糖含量小幅提升，2 d 后多糖进一步分解产生还原糖，使还原糖含量进一步上升，4 d 后还原糖基本维持稳定，可能是发酵后期糖的生成与消耗达到动态平衡。该动态过程表明，发酵有效地将罗汉果中的多糖转化为易于利用的还原糖，这不仅支撑了菌体的旺盛代谢，也为后续甜苷等活性成分的生物转化提供了关键前体[34]，是提升罗汉果资源利用效率的重要环节。



注：图 A 中 P 为校正后 P；三磷酸腺苷(adenosine triphosphate, ATP)；多糖裂解酶(polysaccharide lyases, PL)；糖苷水解酶(glycoside hydrolase, GH)；糖基转移酶(glycosyltransferase, GT)；碳水化合物酯酶(carbohydrate esterases, CE)；碳水化合物结合模块(carbohydrate-binding modules, CBM)；辅助活性酶(auxiliary activities, AA)。

图 2 KEGG 通路和碳水化合物活性酶基因

Fig.2 KEGG pathways and carbohydrate-active enzyme genes



注: 不同字母表示组间具有显著性差异(P<0.05), 下图同。

图 3　“金花菌”的液体培养生长情况(n=3)

Fig.3　Growth situation of “golden flower fungus” in liquid culture (n=3)

2.3.3　“金花菌”发酵对罗汉果甜苷的影响

“金花菌”液体发酵罗汉果过程中, 总甜苷质量浓度呈现先升高后平稳的趋势(图 5A), 第 4 d 达到 1.610 mg/mL, 之后保持稳定, 第 8 d 质量浓度最高, 达到 1.619 mg/mL 是发酵前的 1.278 倍, 这一变化推测与“金花菌”代谢作用有关, “金花菌”分泌的酶破坏罗汉果细胞壁及植物组织结构, 将紧密结合在组织中的甜苷类成分释放到发酵体系中, 导致总甜苷浓度上升; 后期总甜苷浓度趋于稳定, 可能是由于液体环境中“金花菌”生长速率放缓, 对甜苷类物质的消耗减少, 使得甜苷的释放与消耗达到动态平衡。罗汉果苷 V 质量浓度则呈现先增加后减少的趋势(图 5B), 在 0~2 d 时质量浓度持续上升, 在第 2 d 达到最大值 0.540 mg/mL, 是发酵前的 2.030 倍(P<0.05), 之后逐渐下降。发酵初期“金花菌”产生的酶破坏细胞壁结构, 促进了罗汉果苷 V 的释放[35]; 而后期浓度下降, 推测主要有两方面因素, (1)随着“金花菌”数量增多, 罗汉果苷 V 被作为营养物质所利用[36–37], 使得甜苷 V 浓度降低; (2)结合总甜苷浓度后期稳定的结果, 可能是罗汉果内不同甜苷类物质之间发生了相互转化, 部分罗汉果苷 V 转化为其他类型的甜苷。

2.3.4　“金花菌”发酵对罗汉果总酚及黄酮的影响

罗汉果不同发酵时间的总酚含量变化如图 6A 所示。在 0~8 d 的发酵周期内, 总酚质量浓度随发酵时间延长呈略微下降趋势。这一变化推测是“金花菌”发酵产生的酶对酚羟基物质的合成与分解作用共同调控的结果, 一方面可能与“金花菌”吸收利用部分总酚作为自身生长繁殖的营养物质有关; 另一方面, “金花菌”分泌的胞外酶可能促使总

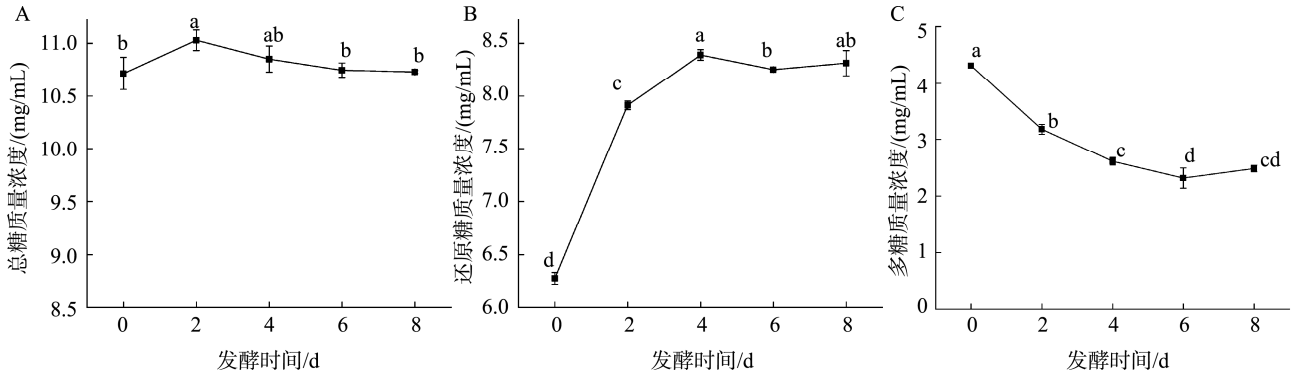


图 4　“金花菌”液体发酵罗汉果糖类物质变化(n=3)

Fig.4　Changes in sugars of *Siraitia grosvenorii* during liquid fermentation by “golden flower fungus” (n=3)

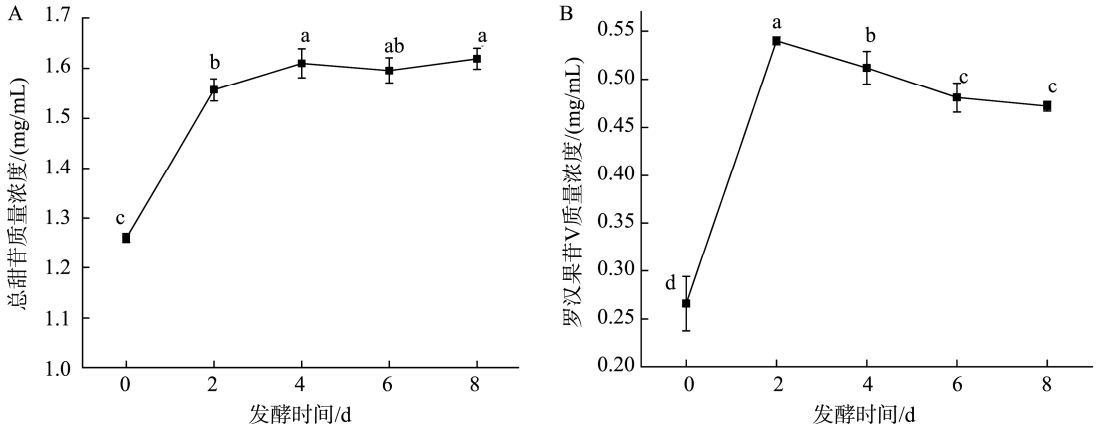


图 5　“金花菌”液体发酵罗汉果甜苷类物质变化(n=3)

Fig.5　Changes in mogrosides of *Siraitia grosvenorii* during liquid fermentation by “golden flower fungus” (n=3)

酚及其代谢产物进一步发生降解、转化及氧化反应有关[38]。黄酮含量的变化则呈现不同趋势(图 6B), 发酵过程中黄酮质量浓度略微上升, 于第 4 d 达到峰值 0.066 mg/mL。其原因可能是“金花菌”产生的多种酶水解了罗汉果植物细胞壁, 减少了黄酮类物质溶出的阻滞效应, 从而促进黄酮释放导致含量增加[39]。

2.4 “金花菌”发酵罗汉果过程中酶活性变化

液体发酵过程中酶活性变化结果见图 7。纤维素酶、半纤维素酶和 α-淀粉酶的活性变化趋势一致, 发酵 0~4 d 持续升高, 均在第 4 d 达到峰值, 酶活性分别为 20.250、14.100、14.399 IU, 之后三者活性均逐渐降低。果胶酶活性则在 0~6 d 呈上升趋势, 第 6 d 达最大值 27.513 IU, 随后开始下降; 蛋白酶活性上升速度最快, 0~2 d 即升至峰值 7.045 IU, 2 d 后逐步降低。综上, “金花菌”液体发酵罗汉果过程中, 5 种酶的活性均呈现先升高后降低的变化规律, 酶活的峰值与生长曲线(图 3) 2~4 d 菌体快速生长阶段相符。这些胞外水解酶活性的增强, 表明菌体在快速生长期能有效分泌相关酶系以分解利用罗汉果基质中的纤维素、半纤维素、淀粉及蛋白质等大分子物质, 为菌体生长提供碳源和氮源, 并可能由此促进罗汉果活性成分的释放与转化[40]。

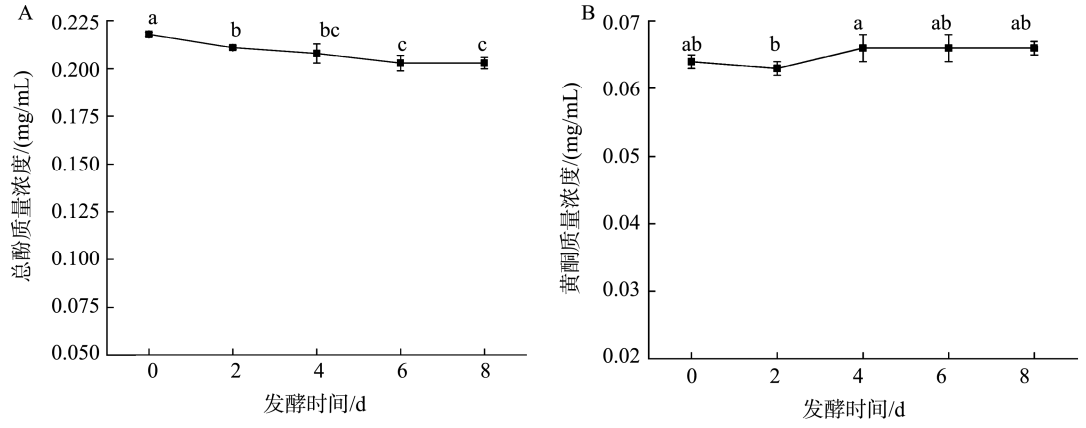


图 6 “金花菌”液体发酵罗汉果总酚和黄酮的变化(n=3)

Fig.6 Changes in total phenols and flavonoids of *Siraitia grosvenorii* during liquid fermentation by “golden flower fungus” (n=3)

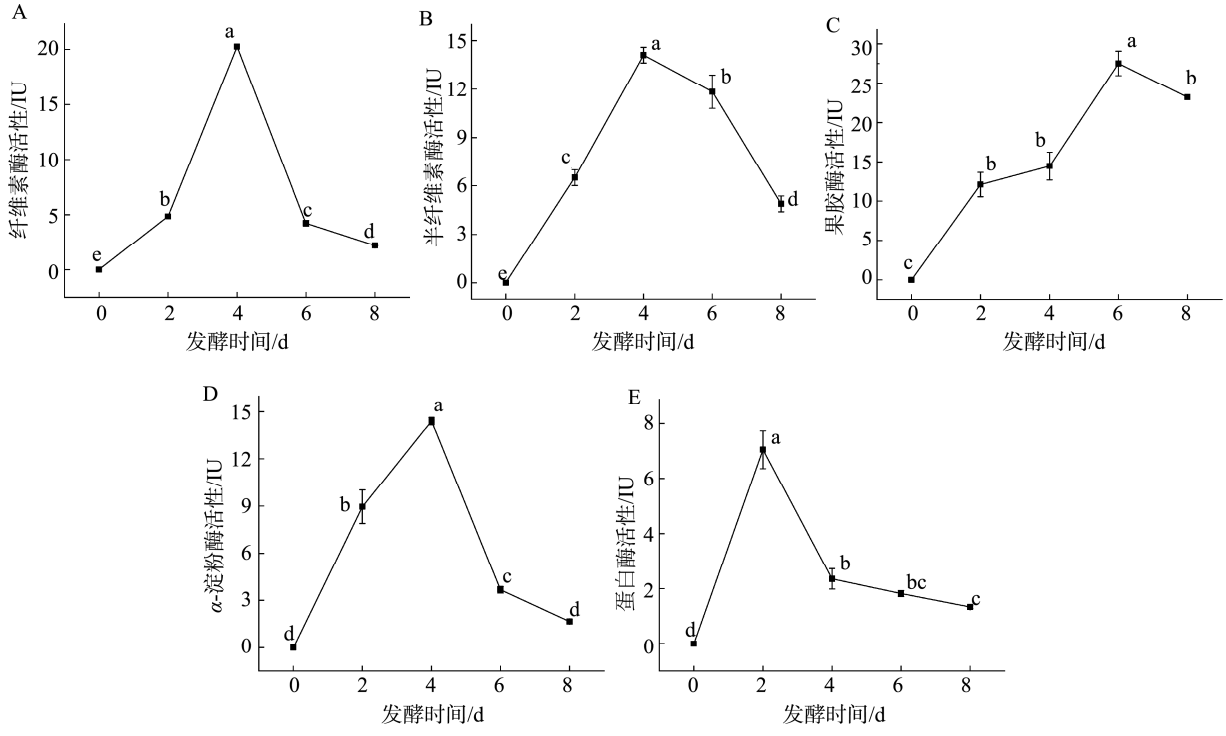


图 7 “金花菌”液体发酵罗汉果过程中主要酶活性变化(n=3)

Fig.7 Changes in the main enzyme activities of *Siraitia grosvenorii* during the liquid fermentation by “golden flower fungus” (n=3)

2.5　“金花菌”发酵过程中生物活性的变化

本研究选取总还原力、DPPH 自由基清除能力和 α-葡萄糖苷酶抑制活性为评价指标, 探究“金花菌”液体发酵罗汉果过程中抗氧化活性和 α-葡萄糖苷酶抑制活性的变化。由图 8 可知, 3 项活性指标均呈现先升高后降低的趋势, 总还原力与 α-葡萄糖苷酶抑制活性均在发酵第 2 d 达到峰值, 分别为 0.478 和 61.604%, 是未发酵组的 1.046 和 1.364 倍; DPPH 自由基清除率则在第 4 d 升至最高, 达 63.767%, 为未发酵组的 1.314 倍。α-葡萄糖苷酶在碳水化合物消化中起关键作用, 其通过催化二糖水解为可吸收的单糖, 直接影响餐后血糖水平。抑制该酶活性可有效缓解餐后高血糖。已有研究指出, 罗汉果苷 V 能够抑制葡萄糖生成, 并在体外模型中调节葡萄糖水平[41−42]。图 8C 显示, 发酵组的 α-葡萄糖苷酶抑制活性始终显著高于未发酵组(P<0.05), 表明“金花菌”发酵可显著提升罗汉果的抗氧化及 α-葡萄糖苷酶抑制活性。

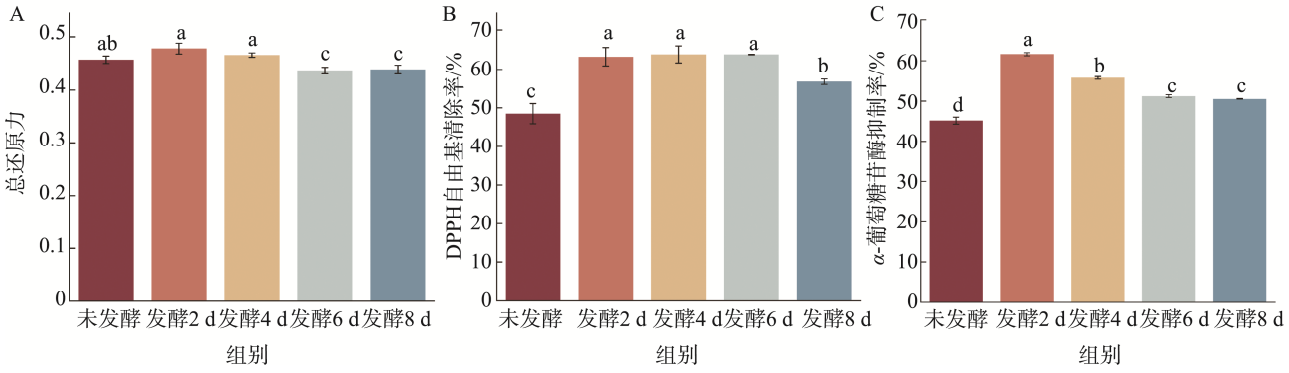


图 8　“金花菌”液体发酵罗汉果过程中总还原力(A)、DPPH 自由基清除率(B)和 α-葡萄糖苷酶抑制率(C)活性变化(n=3)

Fig.8　Changes in total reducing power (A), DPPH free radical scavenging rate (B) and α-glucosidase inhibition rate (C) of *Siraitia grosvenorii* during the liquid fermentation by “golden flower fungus” (n=3)

3　讨论与结论

本研究自湖北青砖茶中分离纯化得到一株金黄色菌落 JH3, 经形态学与分子鉴定确认为散囊菌(俗称“金花菌”)。进一步的全基因组重测序分析揭示, JH3 携带多类与能量代谢、代谢调控、糖基化修饰及信号转导相关的变异基因, 提示其可能具备较强的多层级代谢调控潜力。此外, 该菌株的变异基因中含有 GHs、GTs 等多种 CAZy 家族酶基因, 表明其可能通过纤维素、半纤维素与果胶等细胞壁多糖的降解参与罗汉果细胞结构分解及糖基化反应调控。在此基础上, 使用“金花菌”JH3 对罗汉果进行液体发酵后, 多项核心活性成分与生物活性有显著提升, 罗汉果总糖、还原糖、总甜苷和罗汉果苷 V 的浓度分别提升至发酵前的 1.029、1.336、1.278 和 2.030 倍, 这一变化可能与 GTs 促进细胞壁多糖水解释放糖基供体, 以及 GTs 参与糖苷键重构与活性成分转化, 从而协同增强罗汉果苷溶出与生物活性, 已有研究报道可工程化的糖基转移酶对罗汉果苷 V 的生物合成有直接作用[43]。对应地, 发酵液总还原力、DPPH 自由基清除能力和 α-葡萄糖苷酶抑制活性提升至 1.046、1.314 和 1.364 倍, 这一结果与 MUBEEN 等[44]利用乳酸菌提升罗汉果沙棘饮料生物活性成分和抗氧化能力的研究具有一致性, 进一步证明微生物发酵是增强罗汉果活性的有效策略。发酵过程中酶活与成分的动态关联进一步揭示了转化机制, 纤维素酶活、半纤维素酶活、果胶酶活、α-淀粉酶活和蛋白酶活呈现先升后降的趋势。其中纤维素酶、半纤维素和 α-淀粉酶在第 4 d 达到峰值, 与还原糖含量的峰值时间一致, 表明这 3 类酶对细胞壁多糖的降解是还原糖积累的关键, 先前的研究发现, “金花菌”能分泌纤维素酶, 将纤维素分解成简单糖[45]; 而总糖与罗汉果苷 V 在第 2 d 即达峰值后下降, 说明随着菌丝体生长加速, 部分活性成分可能发生进一步降解, 这一现象与尹家全等[1]的报道相吻合。提示应合理控制发酵程度, 以免长期发酵导致活性成分的过度降解。同时, 3 种抗氧化活性均在第 2 d 同步达峰, 与总糖和罗汉果苷 V 的含量峰值高度契合, 证实这两类成分是发酵产物抗氧化活性的核心贡献因子。值得注意的是, 尽管“金花菌”JH3 发酵提升了还原糖的含量, 但是由于罗汉果苷 V 的同步提升, 其发酵液表现出了良好的 α-葡萄糖苷酶抑制活性, 说明发酵处理在保留甜味的同时有效强化了其控制血糖的功能潜力。综合来看, “金花菌”JH3 通过多糖降解、糖苷重构和代谢转化共同推动罗汉果活性成分释放与提升, 为罗汉果的高值化开发提供了可行的微生物发酵策略, 但“金花菌”液体发酵罗汉果的具体代谢通路仍有待结合代谢组学等手段进一步讨论。本研究明确了“金花菌”JH3 液体发酵可有效促进罗汉果中关键活性成分的释放与转化, 并同步增强其抗氧化与降血糖相关功能。本研究为罗汉果发酵功能性饮品的开发提供了优良菌种与工艺依据, 对推动药食同源资源的深度开发与中药现代化具有积极意义。

参考文献

[1] 尹家全, 刘歆旖, 王兰, 等. 冠突散囊菌发酵罗汉果渣过程中功能性成分及抗氧化活性的变化[J]. 现代食品科技, 2023, 39(4): 88–95.
YIN JQ, LIU XY, WANG L, *et al*. Changes in functional components and antioxidant activity during the fermentation of *Siraitia grosvenorii* pomace by *Eurotium cristatum* [J]. Modern Food Science and Technology, 2023, 39(4): 88–95.

[2] 唐昀彤, 侯小涛, 杜正彩, 等. 罗汉果化学成分与药理作用的研究进展及其质量标志物(Q-Marker)预测分析[J]. 中草药, 2021, 52(9): 2843–2850.
TANG YT, HOU XT, DU ZC, *et al*. Research progress on chemical constituents and pharmacological effects of siraitiae fructus and predictive analysis on quality markers [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2021, 52(9): 2843–2850.

[3] 朱慧玲. 罗汉果皂甙类化合物的分离、纯化及其抗氧化活性研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2014.
ZHU HL. Study on separation, purification and antioxidant activities of mogroside compounds from *Siraitia grosvenori* fruits [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2014.

[4] SUZUKI YA, TOMODA M, MURATA Y, *et al*. Antidiabetic effect of long-term supplementation with *Siraitia grosvenorii* on the spontaneously diabetic Goto-Kakizaki rat [J]. British Journal of Nutrition, 2007, 97(4): 770–775.

[5] YASUNO H, NISHIMURA J, DEWA Y, *et al.* Modifying effect of *Siraitia grosvenorii* extract on piperonyl butoxide-promoted hepatocarcinogenesis in rats [J]. The Journal of Toxicological Sciences, 2008, 33(2): 197–207.

[6] 周兢, 王梦月, 李晓波, 等. HPLC 法测定罗汉果中罗汉果苷 V 和 11-氧化罗汉果苷 V[J]. 中草药, 2007(2): 196–198.
ZHOU J, WANG MY, LI XB, *et al*. Determination of mogroside V and 11-oxomogroside V in dried mature fruits of *Momordica grosvenori* by HPLC [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2007(2): 196–198.

[7] 刘鹏, 张少梅, 段玉林, 等. 罗汉果果实组分含量特征分析及其品质评价[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(14): 195–203.
LIU P, ZHANG SM, DUAN YL, *et al.* Analysis of content characteristics and quality evaluation of *Siraitia grosvenorii* fruit components [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(14): 195–203.

[8] SU Y, LI Z, ZHAO Y, *et al.* Enzymatic hydrolyzation of mogrosides in Luo Han Guo extract by NKA-adsorbed snailase improves its sensory profile [J]. Food Chemistry, 2022, 390: 133205.

[9] XU Y, ZHAO L, CHEN L, *et al*. Selective enzymatic *α*-1,6-monoglucosylation of mogroside IIIE for the bio-creation of *α*-siamenoside I, a potential high-intensity sweetener [J]. Food Chemistry, 2021, 359: 129938.

[10] WANG D, ZHENG P, CHEN P, *et al.* Highly efficient enzymatic conversion of rutin to isoquercitrin and L-rhamnose using deep eutectic solvents [J]. ACS Sustainable Chemistry & Engineering, 2020, 8(39): 14905–14913.

[11] SHARMA HP, PATEL H, SUGANDHA. Enzymatic added extraction and clarification of fruit juices-a review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2017, 57(6): 1215–1227.

[12] 王波. 青砖茶中的真菌及其散囊菌黄色素的研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2012.
WANG B. Fungi in green brick tea and yellow pigment of eurotium [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2012.

[13] 梁瑞娜, 刘警鞠, 李聪, 等. 茯砖茶中真菌多样性分析及其优势“金花菌”的分类鉴定[J]. 菌物研究, 2025, 23(6): 458–466.
LIANG RN, LIU JJ, LI C, *et al.* Diversity analysis of fungi in Fu brick tea and taxonomic identification of the dominant “golden fungus” [J]. Journal of Fungal Research, 2025, 23(6): 458–466.

[14] 秦俊哲, 任金玫, 李银亮, 等. 银杏茶人工接种发酵工艺优化研究[J]. 食品科技, 2014, 39(6): 114–118.
QIN JZ, REN JM, LI YL, *et al.* Process optimization of *Ginkgo biloba* tea artificial inoculation fermentation [J]. Food Science and Technology, 2014, 39(6): 114–118.

[15] 易军鹏, 高炎, 李欣, 等. 冠突散囊菌发酵对豫西“西瓜红”薯叶酚类物质、酶活性及抗氧化性的影响[J]. 食品工业科技, 2025, 46(11): 1–9.
YI JP, GAO Y, LI X, *et al*. Impact of fermentation using *Eurotium cristatum* on phenolic compounds, enzymatic activity and antioxidant capacity of “Xiguahong” sweet potato leaves [J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(11): 1–9.

[16] 黄婧. “金花”菌的分离鉴定及其对茶叶成分的生物转化[D]. 福州: 福建师范大学, 2014.
HUANG J. Isolation and identification of “Jinhua” fungi and its biotransformation of tea constituents [D]. Fuzhou: Fujian Normal University, 2014.

[17] 张波. 冠突散囊菌固态发酵对葛根黄酮组分及抗氧化活性的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
ZHANG B. Effects of solid-state fermentation with *Eurotium cristatum* on flavonoids constituents and antioxidant activities of kudzu root (*Pueraria lobata*) [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2014.

[18] 邹敏敏, 董其惠, 黄彦, 等. 冠突散囊菌发酵黑毛茶提取液的研究[J]. 生物加工过程, 2019, 17(4): 409–417.
ZOU MM, DONG QH, HUANG Y, *et al*. Submerged liquid fermentation of raw dark tea by *Eurotium cristatum* [J]. Chinese Journal of Bioprocess Engineering, 2019, 17(4): 409–417.

[19] 包智影. 微生物法提取黄精多糖及其降脂功能的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2021.
BAO ZY. Preparation of polygonatum sibiricum polysaccharide by microbial method and its lipid-lowering function [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2021.

[20] 李雁群, 王文生, 王策. 罗汉果中皂苷的分离与测定[J]. 食品科学, 1993(5): 66–70.
LI YQ, WANG WS, WANG C. Isolation and determination of mogrosides in Luo Han Guo [J]. Food Science, 1993(5): 66–70.

[21] 罗丹. 罗汉果甜苷 V 的提取纯化工艺研究[D]. 天津: 天津科技大学, 2019.
LUO D. Studies on the extraction and purification of mogroside V [D]. Tianjin: Tianjin University of Science and Technology, 2019.

[22] 殷倩倩, 何志勇, 陈洁, 等. 不同加热条件对中草药糖果中总酚和主要功效成分含量及抗氧化性的影响[J]. 安徽农业科学, 2018, 46(16): 167–171.
YIN QQ, HE ZY, CHEN J, *et al*. Effects of heating on the total phenolic content, antioxidant activities and main functional component of Chinese herbs [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2018, 46(16): 167–171.

[23] 许志美, 马雁, 印伯星, 等. 乳酸菌及其组合发酵芦笋的条件优化[J]. 食品研究与开发, 2019, 40(5): 23–28.
XU ZM, MA Y, YIN BX, *et al*. Optimization of *Asparagus* (*Asparagus*

officinalis L.) fermented by lactobacillus and their mixed strains [J]. Food Research and Development, 2019, 40(5): 23–28.

[24] 高秀清, 王琼, 罗轶伦, 等. 半纤维素分解菌群 HMC 的微生物群落结构及功能[J]. 农业工程学报, 2024, 40(12): 213–223.
GAO XQ, WANG Q, LUO YL, *et al*. Microbial community structure and the function of the hemicellulolytic microbial consortium HMC [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2024, 40(12): 213–223.

[25] 肖园, 高秀清, 王琼, 等. 复合菌群对苎麻的生物脱胶性能评价及机理解析[J]. 农业工程学报, 2025, 41(16): 328–336.
XIAO Y, GAO XQ, WANG Q, *et al*. Evaluation of ramie degumming performance and mechanistic insights using composite microbial consortium [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2025, 41(16): 328–336.

[26] 肖愈. 蛹虫草 SN-18 固态发酵鹰嘴豆对其理化特性和功能活性的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
XIAO Y. Effects of solid state fermentation with *Cordyceps militaris* SN-18 on physicochemical characteristics and functional properties of chickpea [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2020.

[27] 海梅. 黄精微生物转化及其多糖类成分的抗氧化活性研究[D]. 成都: 成都大学, 2025.
HAI M. Research on the microbial transformation of rhizoma polygonati and the antioxidant activity of its polysaccharide components [D]. Chengdu: Chengdu University, 2025.

[28] 张密霞, 王志敏, 赵翠松, 等. 超声预处理对乳清蛋白结构修饰及其发酵产物 *α*-葡萄糖苷酶抑制活性的影响[J/OL]. 食品工业科技, 1–13. [2026-01-07]. https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2025030249
ZHANG MX, WANG ZM, ZHAO CS, *et al.* Ultrasonic-Induced structural modification of whey protein and effect on *α*-glucosidase inhibitory activity of fermentation products [J/OL]. Science and Technology of Food Industry, 1–13. [2026-01-07]. https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2025030249

[29] 巢瑾. 青钱柳茶冠突散囊菌发酵条件优化及组成成分变化研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2025.
CHAO J. Study on optimization of fermentation conditions in *Cyclocarya paliurus* fermented by *Eurotium cristatum* and the components change [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2025.

[30] NIE Y, HE Y, ZHAO Z, *et al.* Genomic analysis and metabolic pathway mining of *Phallus cremeo-ochraceus* [J]. Gene, 2025, 954: 149424.

[31] WALKER JA, PATTATHIL S, BERGEMAN LF, *et al.* Determination of glycoside hydrolase specificities during hydrolysis of plant cell walls using glycome profiling [J]. Biotechnology for Biofuels, 2017, 10(1): 31.

[32] XIE L, DENG Z, ZHANG J, *et al.* Comparison of flavonoid O-glycoside, C-glycoside and their aglycones on antioxidant capacity and metabolism during *in vitro* digestion and *in vivo* [J]. Foods, 2022, 11(6): 882.

[33] RAHIMI S, KIM J, MIJAKOVIC I, *et al.* Triterpenoid-biosynthetic UDP-glycosyltransferases from plants [J]. Biotechnology Advances, 2019, 37(7): 107394.

[34] CHEN B. Optimization of extraction of *Tremella fuciformis* polysaccharides and its antioxidant and antitumour activities *in vitro* [J]. Carbohydrate Polymers, 2010, 81(2): 420–424.

[35] 尹家全. 冠突散囊菌发酵罗汉果渣的化学成分及抗氧化和抗衰老活性研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2025.
YIN JQ. Study on the chemical and antioxidant and antiage activities of *Siraitia grosvenorii* pomace fermented by *Eurotium cristatum* [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2025.

[36] 司鹏鹏. 罗汉果总苷的微生物转化研究[D]. 上海: 上海师范大学, 2011.
SI PP. Study on microbial transformation of siraitia of *Grosvenorii mogrosides* [D]. Shanghai: Shanghai Normal University, 2011.

[37] 张小凤. 罗汉果甘草复合发酵饮料的研制[D]. 扬州: 扬州大学, 2021.
ZHANG XF. Development of compound fermented beverage of Siraitia grosvenorii and licorice [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2021.

[38] 贺成. 冠突散囊菌作用下儿茶素类物质的代谢规律研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2025.
HE C. The metabolism effect of catechins under theaction of *Eurotium cristatum* [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2025.

[39] ZHANG Y, QI B, LI Q, *et al*. Dynamic changes on sensory property, nutritional quality and metabolic profiles of green kernel black beans during *Eurotium cristatum*-based solid-state fermentation [J]. Food Chemistry, 2024, 455: 139846.

[40] 廉少杰, 唐胜硕, 康传利, 等. 高产银耳多糖酶菌株的分离、鉴定、发酵条件优化及其酶的特性分析[J]. 生物技术通报, 2025, 41(9): 302–313.
LIAN SJ, TANG SS, KANG CL, *et al.* Isolation, identification, optimization of fermentation conditions of *Tremella fuciformis* polysaccharides enzyme-producing strain and its enzyme characteristics analysis [J]. Biotechnology Bulletin, 2025, 41(9): 302–313.

[41] HE S, LU Z, LI R, *et al*. Chemical composition, antioxidant activity, *α*-glucosidase inhibitory activity, and metabolomic profiling of *Dendrobium officinale* across diverse growing regions and cultivation modes [J]. Food Bioscience, 2025, 68: 106714.

[42] LIU X, ZHANG J, LI Y, *et al*. Mogroside derivatives exert hypoglycemics effects by decreasing blood glucose level in HepG2 cells and alleviates insulin resistance in T2DM rats [J]. Journal of Functional Foods, 2019, 63: 103566.

[43] QU G, SONG Y, XU X, *et al. De novo* biosynthesis of mogroside V by multiplexed engineered yeasts [J]. Metabolic Engineering, 2025, 88: 160–171.

[44] MUBEEN B, AREGBE AY, MURTAZA S, *et al.* Investigating the impact of lactic acid bacteria fermentation on the phytochemical composition, antioxidant and functional properties, and sensory attributes of monk fruit sweetened sea buckthorn beverage [J]. Journal of Food Measurement and Characterization, 2025, 19(5): 3188–3204.

[45] WANG Q, BAI Y, LI A, *et al.* The effect of *Aspergillus cristatus* fermentation on cold-region mulberry leaf tea: Functional properties, sensory quality, and metabolite composition [J]. Food Bioscience, 2025, 71: 107151.

(责任编辑: 安香玉　蔡世佳)