

· 中药研究 ·

基于高分辨质谱技术的不同菌种发酵黄精
差异性成分研究赵心阳¹, 李梦雪², 葛文玉¹, 王珊珊^{1*}

1. 黑龙江省医院, 黑龙江 哈尔滨 150036; 2. 黑龙江省中医药科学院, 黑龙江 哈尔滨 150080

摘要 目的: 探讨三种不同菌种发酵黄精过程中, 菌种对黄精化学成分的影响。方法: 将粉碎后的黄精按照料液比 30: 70 配置成悬浮液, 按照 5% 接种量单独接入干酪乳杆菌、鼠李糖乳杆菌、枯草芽孢杆菌三种活化菌液。对样品形态及活菌数量进行观察。采用超高效液相色谱-四极杆飞行时间质谱 (UPLC-Q-TOF-MS) 联用技术, 分析黄精发酵前后的差异性化学成分。结果: 黄精经发酵后变稠, 伴有流动性, 有酸味。经鼠李糖乳杆菌及枯草芽孢杆菌发酵后出现乳白色褶皱。发酵至第 6 天时, 干酪乳杆菌和枯草芽孢杆菌活菌数最高, 分别为 3.40×10^8 CFU/g 和 2.62×10^9 CFU/g; 鼠李糖乳杆菌发酵 7 d 时活菌数最高, 即为 2.59×10^8 CFU/g。使用 Peak View 软件共解析差异成分 11 个, 其中甾体皂苷 3 个, 三萜皂苷 3 个, 黄酮类成分 2 个, 有机酸类 1 个。结论: 鼠李糖乳杆菌和干酪乳杆菌在黄精发酵过程中可将三萜甾体皂苷转化为苷元类成分, 对皂苷类成分利用效果更优。枯草芽孢杆菌可将黄酮苷转化利用为苷元类成分, 对黄酮苷类成分利用效果更优。

关键词 黄精; 微生物发酵; 成分转化; 差异成分

中图分类号: R284.1

文献标识码: A

文章编号: 1002-2392(2026)07-0018-07

DOI: 10.19664/j.cnki.1002-2392.260135

黄精为百合科植物滇黄精 *Polygonatum kingianum* Coll. et Hemsl.、黄精 *Polygonatum sibiricum* Red. 或多花黄精 *Polygonatum cyrtoneura* Hua 的干燥根茎, 含有多种活性物质^[1-2], 属于药食同源中药。现代药理研究显示其具有抗氧化、调节免疫功能、降血糖、降血脂、抗癌及抗疲劳等作用^[3]。在微生物发酵过程中, 药食同源食物会经过复杂的生物转化, 并借助分泌的酶及代谢活动, 原有的活性成分在含量上发生增减, 其结构也常发生修饰或改变, 从而可能会改变生物活性和功能。同时微生物发酵可能会影响其底物的性质, 如某些糖苷被去糖基化形成小的疏水分子, 分子量降低, 有利于活性成分在体内的吸收和生物利用度增加^[4]。目前国内外对成分的微生物发酵研究多集中于前后含

量的变化。对新生成的代谢物的结构及规律, 缺少系统性的研究。本研究分别选取枯草芽孢杆菌、干酪乳杆菌、鼠李糖乳杆菌 3 种菌对黄精进行发酵, 通过测定黄精发酵过程中形态和活菌数以及成分变化, 旨在探究黄精发酵的最佳工艺时间参数及发酵后差异性成分, 推断化学结构, 为黄精发酵物质基础研究提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 菌种

干酪乳杆菌 (CICC 23184)、鼠李糖乳杆菌 (CICC 20990)、枯草芽孢杆菌 (CICC 10446) 购自中国工业微生物菌种保藏中心。

1.2 药品与试剂

黄精产自哈尔滨阿城 (购自天问山农业综合开发股份有限公司万亩黄精产业园区); 脑心浸出液 (海博生物技术有限公司, 批号 HB8297-5); 脑心浸出液肉汤琼脂 (海博生物技术有限公司, 批号 HB8478-1); MRS 液体培养基 (海博生物技术有限公司, 批号 HB0384-1) 和 MRS 琼脂培养基 (青岛海博生物技术有限公司, 批号 HB0384-51); 分析甲醇 (天津市科密

收稿日期: 2025-12-18 修回日期: 2026-03-26

基金项目: 黑龙江省博士后资助项目 (LBH-Z24304); 黑龙江省中医药科研项目 (ZHY2024-041)

作者简介: 赵心阳 (1990-), 女, 主要研究方向: 中药发酵工艺优化、中药活性成分分析。

* 通信作者: 王珊珊 (1983-), 女, 主要研究方向: 中医药、微生物发酵中药的有效成分差异化分析。

欧化学试剂有限公司, 批次 20220621); 色谱乙腈 (Merck, 德国, 批次 1.00030.4000); 色谱甲酸 (Fisher, 美国, 批次 A117-50ML); 屈臣氏蒸馏水 (广州屈臣氏食品饮料有限公司, 批次 20231226)。

1.3 主要仪器

电子天平 (BP211D 型, 赛多利斯科学仪器公司); 超净工作台 (DL-CJ-2N 型, 北京东联哈尔仪器制造有限公司); 恒温培养箱 (DHP9272 型, 上海一恒科学仪器有限公司); 恒温培养振荡器 (HNY-2102C 型, 天津市欧诺仪器有限公司); AB SCIEX Triple-TOF™ 5600+ 型质谱仪 (AB SCIEX, USA 配有 ESI 源); ACQUITY UPLC (Waters, USA, 包括二元高压梯度泵、真空脱气机、自动进样器、柱温箱); ACQUITY UPLC BEH C18 VanGuard Pre-Column 预柱 (1.7 μm , 2.1 mm $\times$ 5 mm); 数据采集软件: Analyst TF 1.6 software (AB SCIEX, USA); 数据处理软件系统: PeakView 2.0/Marker-view 2.0 software (AB SCIEX, USA)。

1.4 菌种活化和活菌数测定方法

1.4.1 菌种活化

进行菌种活化操作时, 干酪乳杆菌与鼠李糖乳杆菌需先行处理 (按冻干管打管说明书操作)。将干酪乳杆菌 (23184) 和鼠李糖乳杆菌 (20990) 按照 5% 的接种量, MRS 液体培养基中被分别接入上述菌株, 置于 37 $^{\circ}\text{C}$ 厌氧条件下培养 18 h, 为获取纯化菌种为后续使用, 可吸取适量菌悬液采用三区划线法接种于 MRS 固体培养基中, 于 37 $^{\circ}\text{C}$ 厌氧条件下, 培养 18 h, 从培养基中挑选单独的、不与其他菌落粘连的菌落于 MRS 液体培养基中, 培养 18 h。将活化后的枯草芽孢杆菌 (10446) 按 5% 的接种量接种于脑心浸液肉汤培养基 (BHI), 置于 37 $^{\circ}\text{C}$ 厌氧条件下培养 18 h。取适量菌悬液三区划线接种于脑心浸液肉汤培养基 (BHI) 中以纯化菌株, 37 $^{\circ}\text{C}$ 厌氧培养 18 h, 挑取单独的、不与其他菌落粘连的菌落在脑心浸液肉汤培养基 (BHI) 37 $^{\circ}\text{C}$ 下, 180 r/min 恒温摇床内, 恒温摇床中培养 24 h。持续培养最终完成该菌株活化流程。

1.4.2 活菌数测定

采用系列平板稀释涂布法进行菌落计数。首先称取 0.1 g 样品, 采用 0.85% 生理盐水梯度稀释至适宜浓度。选取 3 个连续的适宜稀释度, 各取 0.1~0.2 mL 稀释液, 均匀涂布于平板中央, 每个稀释度设置两个重复平板。37 $^{\circ}\text{C}$ 恒温条件培养 24 h, 平板计数, 取同一稀释度下两个平行平板的菌落数计算平均值。

每克菌落数 = 同一稀释度 2 次重复的平均菌落数 $\times$ 稀释倍数 / 平板上加发酵制剂的量 (g)。

1.5 发酵样品的制备

1.5.1 样品预处理

称取适量黄精样品置于烘箱中, 设置温度 50 $^{\circ}\text{C}$ 烘干 4 h, 使用多功能粉碎机研磨, 80 目筛网过滤, 供后续实验使用。

1.5.2 发酵样品

将粉碎后的黄精按照料液比 30:70 配置成混悬液, 高压灭菌 121 $^{\circ}\text{C}$ 灭菌 15 min, 冷却至室温, 超净工作台内紫外灭菌 30 min, 按照 5% 的接种量接入活化菌液, 干酪乳杆菌与鼠李糖乳杆菌发酵液恒温培养箱内培养 10 d, 枯草芽孢杆菌发酵液恒温摇床内振荡培养 10 d。

1.6 样品制备

取发酵前黄精、鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌、枯草芽孢杆菌发酵 7 d 的黄精, 60 $^{\circ}\text{C}$ 烘干。研磨粉碎, 精密称定 0.5 g, 加 100% 甲醇 25 mL, 称重, 超声处理 30 min (功率 300 W, 频率 40 kHz), 放至室温, 称重, 用 100% 甲醇补足损失, 滤过, 取续滤液, 即得。

1.7 色谱条件

色谱柱: ACQUITY BEH C18 Column (2.1 mm $\times$ 100 mm, 1.7 μm); 流动相 A 为 0.1% 甲酸-水, 流动相 B 为 0.1% 甲酸-乙腈; 洗脱程序为 0~3 min, 5%~25% B; 3~9 min, 25%~80% B; 15~16 min, 100% B。体积流量为 0.3 mL/min, 进样量 5 μL , 柱温 40 $^{\circ}\text{C}$ 。

1.8 质谱条件

使用正离子模式下的电喷雾电离源, IDA 设置响应值超过 100 cps 的 8 个最高峰进行二级质谱扫描, 开启动态背景扣除 (DBS)。质谱条件: 正离子源电压为 5500 V, 扫描范围为 m/z 80~1500, 离子源温度 550 $^{\circ}\text{C}$, 雾化气压力为 55 PSI, 辅助气压力为 55 PSI, 气帘气压力为 35 PSI, 母碰撞能量为 35 V, 去簇电压 100 V。

1.9 分析方法

采用 Triple TOF™ 5600+ 高分辨质谱系统分析, 其误差范围可控制在 5 ppm 之内。利用 Marker View 软件中的主成分分析 (PCA) 筛选发酵前后差异分子离子。利用软件 Peakview 2.0 的 Formula Finder 功能, 通过 TOF MS 获取的精确质量数、同位素分布及碎片离子的分子式来推测分子式。确定分子式。对于已获知对照品信息的化合物, 可结合保留时间及二级质谱信息完成结构解析; 从 chemspider 或者谱库检索可能的结构式, 综合样品或化合物的背景信息及结构信息, 从不同的结构式中筛选, 得到候选化合物。通过 Peak View 2.0 软件分析化合物质谱裂解特征以及文献资

料,结合 TOF MS/MS 二级谱图相似度,推断化合物结构。

2 结果

2.1 形态与活菌数变化

观察干酪乳杆菌、鼠李糖乳杆菌和枯草芽孢杆菌发酵黄精过程中的形态变化如图 1 所示。

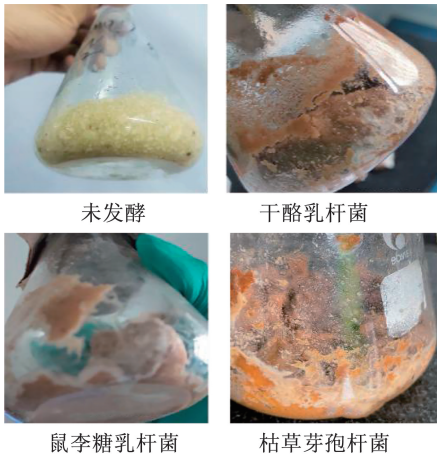


图 1 黄精发酵过程中形态变化

随着发酵时间延长,鼠李糖乳杆菌和枯草芽孢杆菌发酵黄精后表面出现乳白色褶皱;经三种菌分别发酵后,黄精样品呈黏滞状并有可流动性,同时产生特征性发酵酸味。对发酵过程中的干酪乳杆菌、鼠李糖乳杆菌和枯草芽孢杆菌的活菌数进行测定,结果如图 2。

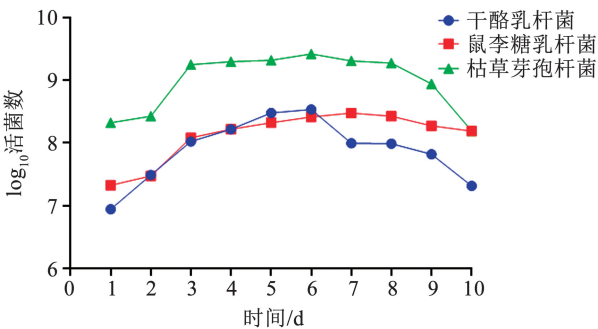


图 2 黄精发酵过程中活菌数变化

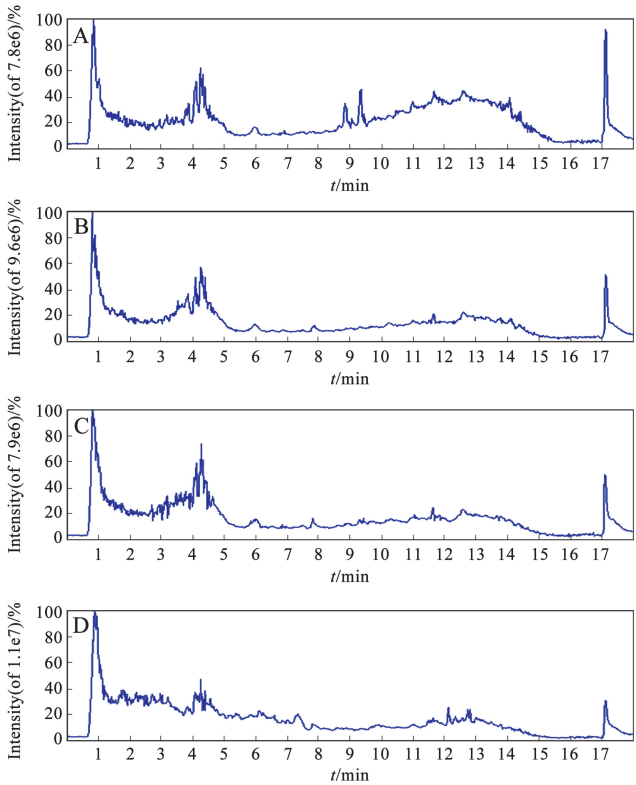
干酪乳杆菌与枯草芽孢杆菌的最高活菌数(分别为 3.40×10^8 CFU/g 和 2.62×10^9 CFU/g)出现在第 6 天;鼠李糖乳杆菌发酵至第 7 天时出现活菌数最高值,为 2.59×10^8 CFU/g。发酵后期,枯草芽孢杆菌与干酪乳杆菌的数量逐渐减少,说明过度延长发酵时间对其生长产生可能产生抑制作用。

2.2 发酵前后差异成分筛选

使用 UPLC - Q - TOF - MS 对黄精样品中成分进行表征,总离子流图如图 3。

借助 Marker View 软件对数据进行 log 处理、pareto 加权处理后,进行 PCA 分析,样本聚类效果如图 4 所示。其中发酵前黄精聚为一类,鼠李糖乳杆菌、干酪

乳杆菌发酵后黄精聚为一类,枯草芽孢杆菌发酵后黄精聚为一类。聚类结果显示,经乳杆菌(包含鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌)发酵后黄精成分较为接近,可能由于二者均为乳杆菌属,亲缘关系较近,对黄精中成分转化利用较为相似;而枯草芽孢杆菌属于芽孢杆菌属,与二者亲缘关系较远,与鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌转化具有明显差别。发酵前黄精成分、乳杆菌发酵后黄精成分、枯草芽孢杆菌发酵后黄精成分聚类效果明显,表明黄精发酵后成分转化明显。



注:A. 发酵前黄精;B. 干酪乳杆菌发酵 7 d 黄精;C. 鼠李糖乳杆菌发酵 7 d 黄精;D. 枯草芽孢杆菌发酵 7 d 黄精。

图 3 黄精 UPLC - Q - TOF - MS 正离子模式下总离子流图

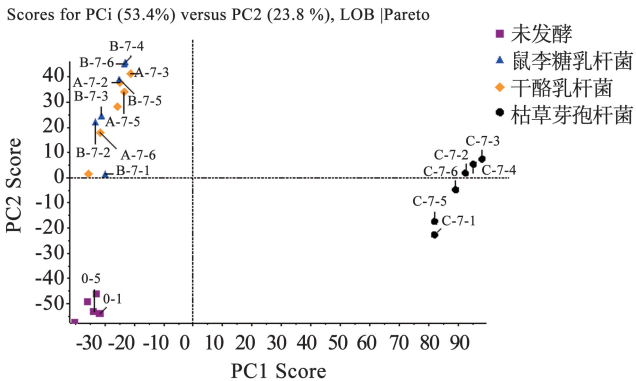


图 4 发酵前黄精、发酵后黄精 LC - MS 色谱峰聚类分析结果

使用 Peak View 软件共解析差异成分 11 个,甾体皂苷 3 个:分别为延龄草苷、薯蓣皂苷元、22 - 羟基豆

甾-7,9-二烯-3-O-甘露糖苷;三萜皂苷成分 3 个:分别为丁香亭-3-O-半乳糖苷、丁香亭;生物碱
分别为羟基熊果酸葡萄糖三糖苷、羟基熊果酸鼠李糖 2 个;3-醛基吡啶、黄精碱 A;有机酸类 1 个:邻苯二
葡萄糖葡萄糖苷、羟基熊果酸葡萄糖苷;黄酮类成分 2 甲酸酐。各成分质谱信息及其发酵前后含量见表 1。

表 1 黄精发酵前后差异成分指认

保留 时间 /min	分子式	<i>m/z</i> 理论值	<i>m/z</i> 实测值	误差 ppm	碎片 信息	结构 鉴定	发酵前 含量	发酵后含量			
								干	鼠	枯	
1.08	C ₂₃ H ₂₅ O ₁₃	509.146 61	509.129 52	-2.7	509.1[M + H] ⁺ , 347.1[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺	丁香亭-3-O-半乳糖苷	++	++	++	+	
1.73	C ₉ H ₁₂ NO ₂	166.086 80	166.086 17	-3.8	166.1[M + H] ⁺ , 120.1[M + H - CH ₃ CH ₂ OH] ⁺ , 103.1[M + H - CH ₃ CH ₂ OH - NH ₃] ⁺ , 102.0[M + H - CH ₃ CH ₂ OH - H ₂ O] ⁺ ,	黄精碱 A	+	+	+	+++	
2.30	C ₉ H ₈ NO	146.060 59	146.059 90	-4.7	146.1[M + H] ⁺ , 118.1[M + H - CO] ⁺ , 117.1[M + H - CHO] ⁺	3-醛基吡啶	+	+	+	+++	
4.03	C ₁₇ H ₁₅ O ₈	347.134 21	347.133 26	-8.4	347.1[M + H] ⁺ , 329.1[M + H - H ₂ O] ⁺	丁香亭	+	+	+	+++	
4.20	C ₂₇ H ₄₃ O ₃	415.254 76	415.254 25	-1.2	415.3[M + H] ⁺ , 397.3[M + H - H ₂ O] ⁺	薯蓣皂苷元	+	++++	++++	+	
4.67	C ₃₃ H ₅₃ O ₈	577.374 04	577.372 81	-2.1	577.4[M + H] ⁺ , 475.3[M + H - C ₅ H ₁₀ O ₂] ⁺ , 415.3[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺	延龄草苷	+++	+	+	++	
4.77	C ₄₈ H ₇₉ O ₁₉	959.484 21	959.485 25	1.1	959.5[M + H] ⁺ , 797.5[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺ , 635.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺ , 473.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺	羟基熊果酸葡萄糖三糖苷	++	+	+	++	
4.80	C ₃₆ H ₅₉ O ₉	635.377 66	635.376 05	-2.1	635.4[M + H] ⁺ , 473.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺	羟基熊果酸葡萄糖苷	+++	++	++	+++	
4.95	C ₄₈ H ₇₉ O ₁₈	943.490 20	943.489 84	-0.4	943.5[M + H] ⁺ , 781.5[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺ , 619.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺ , 473.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₅ - C ₆ H ₁₀ O ₄] ⁺	羟基熊果酸鼠李糖葡萄糖葡萄糖苷	++	+	+	++	
9.64	C ₈ H ₅ O ₃	149.023 87	149.023 54	-2.2	149.0[M + H] ⁺ , 121.0[M + H - CO] ⁺ , 93.0[M + H - CO - CO] ⁺ , 65.0[M + H - CO - CO - CO] ⁺	邻苯二甲酸酐	+++	+++	+++	++	
12.45	C ₃₅ H ₅₉ O ₇	591.426 33	591.426 42	1.4	591.4[M + H] ⁺ , 429.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅] ⁺ , 411.4[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - H ₂ O] ⁺ , 393.3[M + H - C ₆ H ₁₀ O ₅ - H ₂ O - H ₂ O] ⁺	22-羟基甾甾-7,9-二烯-3-O-甘露糖苷	+	++	++	+	

注:干为干乳酪杆菌;鼠为鼠李糖乳杆菌;枯为枯草芽孢杆菌。

黄精发酵前后差异成分化学结构式见图 5。

羟基熊果酸葡萄糖三糖苷质谱图、裂解规律及发酵前后样品中响应强度见图 6。

延龄草苷质谱图、裂解规律及发酵前后样品中响应强度见图 7。

经发酵处理后,黄精中的苷类成分在脱糖基化反

应中转化为对应的苷元,包括甾体皂苷、三萜皂苷及黄酮苷等多种类型。其中鼠李糖乳杆菌与干酪乳杆菌对甾体皂苷与三萜皂苷的转化作用较为显著,可将延龄草苷转化为薯蓣皂苷元,并将熊果酸苷类转化为熊果

酸苷元。相比之下,枯草芽孢杆菌则对黄酮苷类的转化效果更好,可将丁香亭-3-O-半乳糖苷转化为其苷元丁香亭。此外枯草芽孢杆菌发酵后黄精中吲哚生物碱类成分含量增加,如黄精碱 A、3-醛基吲哚。

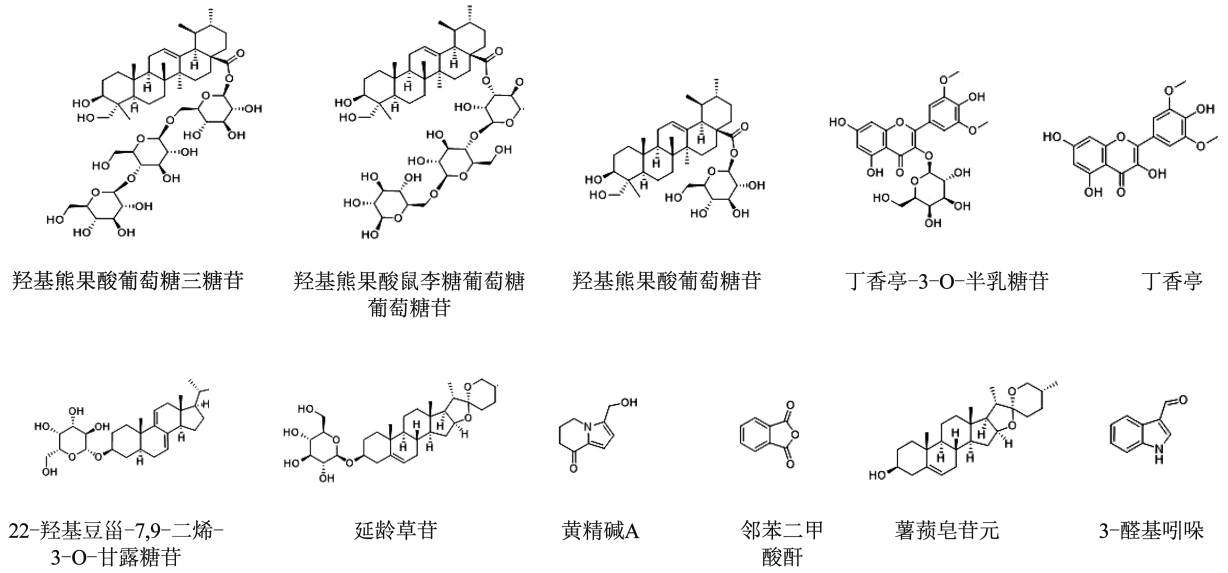


图 5 黄精发酵前后差异成分化学结构式

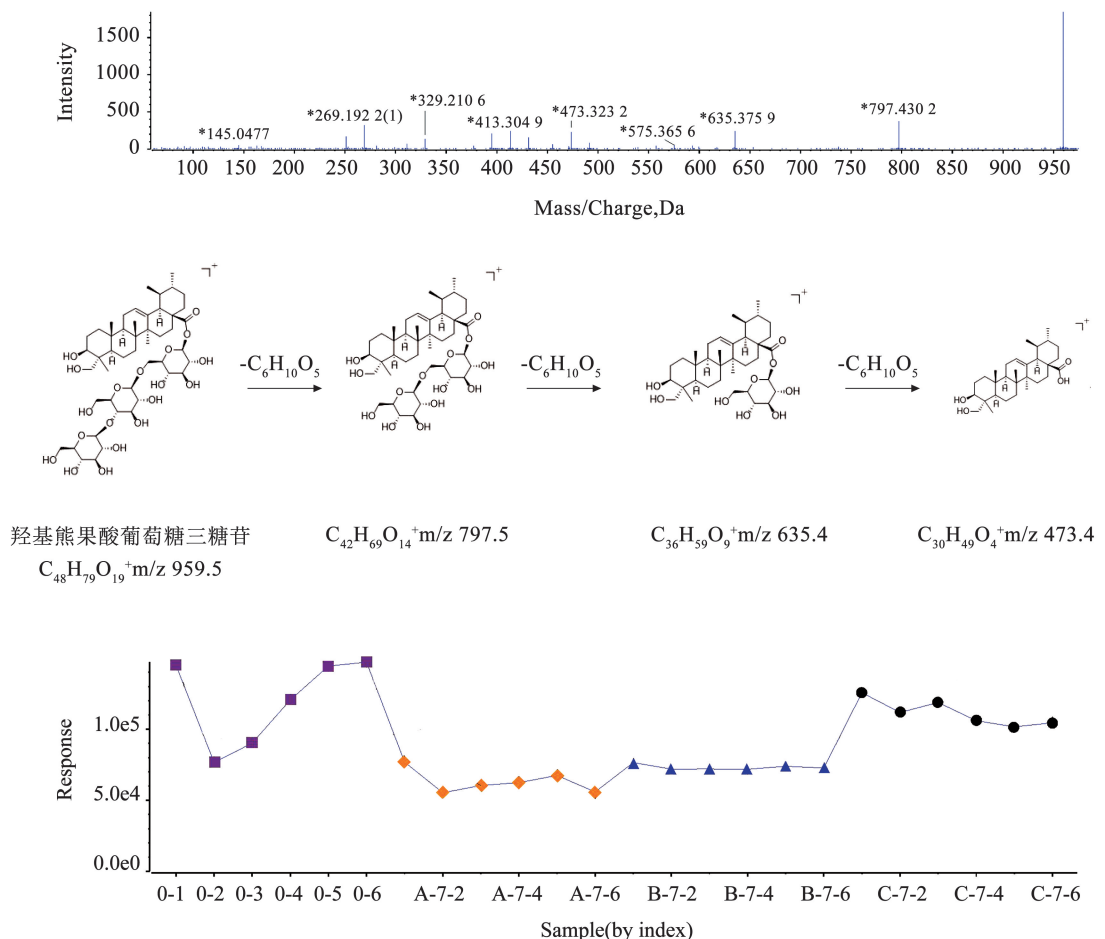


图 6 羟基熊果酸葡萄糖三糖苷质谱图、裂解规律及发酵前后样品中响应强度

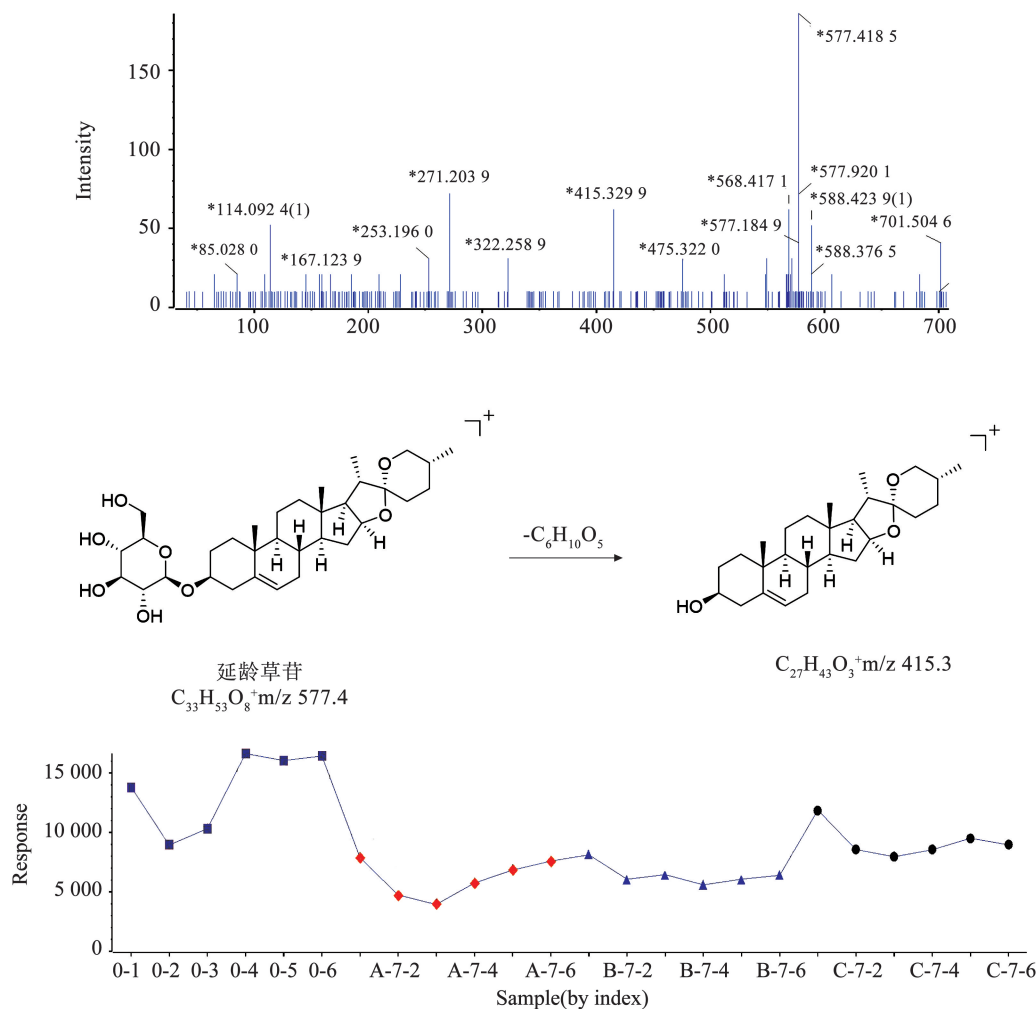


图7 延龄草苷质谱图、裂解规律及发酵前后样品中响应强度

3 讨论

苷类化合物作为重要的天然产物之一,广泛存在于多种植物及传统中草药中。随着药理学的研究趋于细致、深入,苷类成分所表现出的多重生物活性,包括显著的抗炎作用、抗病毒作用、增强免疫功能以及潜在的抗肿瘤效应——被证实。吸引了越来越多研究者的持续关注与深入探索^[5]。但也暴露了苷类成分口服吸收率偏低、生物利用度不高的问题。现代研究为提高其体内吸收效率,采用微生物转化技术将苷逐步水解,转化为糖基数更少的低糖苷或苷元,使其更易于在胃肠道被吸收进入血液循环,从而更充分地发挥其药理活性。中药微生物发酵转化技术,不仅在提升中药原有成分的药效与安全性方面展现出明确优势,也为创制结构新颖、活性更强的创新药物提供了关键技术支撑^[6]。 β -葡萄糖苷酶可精准识别皂苷的 β -糖苷键,并通过水解反应断裂糖基与苷元的连接。通过该酶的催化断裂, β -葡萄糖和相应的配基以游离形式释出^[7]。在微生物转化过程中,主要发生苷类成分被

β -葡萄糖苷酶水解脱掉葡萄糖,从而使苷元暴露^[5]。鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌均为乳酸杆菌,在发酵过程中均能分泌 β -葡萄糖苷酶。该酶可水解糖苷键,使具有生物活性的苷元充分暴露^[8-9]。本实验中采用鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌发酵黄精,其可能通过独特的代谢途径,对皂苷类成分进行脱糖、脱氢、氧化等反应,生成次级苷或苷元,将延龄草苷转化为薯蓣皂苷元。薯蓣皂苷元作为天然甾体皂苷,具有广泛的生物活性,可以调节免疫、抗过敏、抗肿瘤,保护心肌以及防治骨质疏松,是当前合成甾体激素类药物不可或缺的关键起始原料之一^[10]。枯草芽孢杆菌是一种可厌氧进行生长繁殖的革兰氏阳性短杆菌,能够有效分泌高分子量的 β -半乳糖苷酶^[11]。枯草芽孢杆菌的 β -半乳糖苷酶具有更高的底物亲和力和催化效率,可以异性识别丁香亭-3-O-半乳糖苷的糖苷键,通过水解反应去除半乳糖基,生成游离黄酮苷元——丁香亭。同时,研究表明枯草芽孢杆菌是生产碱性蛋白酶的传统菌株,其可能催化黄精内源前体物质(如色氨酸)向吡啶

生物碱转化^[12-13]。研究发现不同菌种发酵黄精时会产生显著的差异性成分。这些差异不仅体现在主要成分的含量和结构上,还可能涉及其他未知的代谢产物和生物活性物质。因此,在开发和应用发酵黄精产品时,需要充分考虑菌种的选择和发酵工艺的优化,以获得具有最佳药理功效和应用价值的发酵黄精产品。

参考文献:

[1] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典(一部)[M]. 北京:中国医药科技出版社,2025:328.

[2] CUI X W,WANG S Y,CAO H,et al. A review:the bioactivities and pharmacological applications of *Polygonatum sibiricum* polysaccharides[J]. *Molecules*,2018,23(5):1170.

[3] SU L L,LI X M,GUO Z J,et al. Effects of different steaming times on the composition,structure and immune activity of *Polygonatum* Polysaccharide[J]. *J Ethnopharmacol*,2023,310:116351.

[4] 蔡常宇,杜李宇,王临好,等. 微生物发酵药食同源食物及其功能变化[J]. *食品与发酵科技*,2023,59(2):103-109.

[5] 谢果珍,惠华英,彭买姣,等. 肠道微生物对苷类化合物的脱糖转化及意义[J]. *世界华人消化杂志*,2018,26(4):221-227.

[6] 马宗敏,段绪红,秦梦,等. 微生物发酵技术在中药苷类生物转化中的应用进展[J]. *世界科学技术-中医药现代化*,2017,19(5):858-864.

[7] 韩婷,程钢,刘莹,等. β -葡萄糖苷酶以及益生菌生物转化大豆异黄酮糖苷的研究进展[J]. *食品科学*,2010,31(9):333-337.

[8] 张甜甜,林显华,吕文亮,等. 6 株鼠李糖乳杆菌的安全性评价[J]. *广东饲料*,2024,33(1):30-33.

[9] 曹瑞博,汪建明. 干酪乳杆菌的功能性研究及其应用[J]. *中国食品添加剂*,2009(S1):169-172.

[10] 邓运宗,孙向东,郭寒冰,等. 薯蓣皂苷元对三阴乳腺癌细胞系 HCC1937 增殖及凋亡的影响[J]. *中华实用诊断与治疗杂志*,2017,31(7):657-659.

[11] 李怡洁,杨佐忠. 枯草芽孢杆菌主要作用机制与应用研究进展[J]. *四川林业科技*,2019,40(4):126-130.

[12] SENER J,SEITL I,PROSS E,et al. Secretion of the cytoplasmic and high molecular weight β -galactosidase of *Paenibacillus wynnii* with *Bacillus subtilis*[J]. *Microb Cell Fact*,2024,23(1):170.

[13] 姚刚,程建军,孙鹏,等. 枯草芽孢杆菌发酵产碱性蛋白酶的研究[J]. *食品科学*,2009,30(23):347-351.

Study on Different Components of Rhizoma Polygonati Fermented by Different Strains Based on High Resolution Mass Spectrometry Flavonoids

ZHAO Xinyang¹, LI Mengxue², GE Wenyu¹, WANG Shanshan¹

1. Heilongjiang Provincial Hospital, Harbin 150036, China;

2. Heilongjiang Academy of Chinese Medical Sciences, Harbin 150080, China

Abstract Objective: To investigate the effect of three different strains on the chemical composition of *Polygonatum* in the fermentation process of *Polygonatum*. Methods: the crushed *Rhizoma Polygonati* was prepared into a suspension according to the 30:70 ratio of care solution, and the three activated bacterial solutions of *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus rhamnosus* and *Bacillus subtilis* were separately added according to the 5% inoculum. The sample morphology and the number of viable bacteria were observed. Ultra performance liquid chromatography quadrupole time-of-flight mass spectrometry (uplc-q-tof-ms) was used to analyze the differential chemical components of *Polygonatum sibiricum* before and after fermentation. Results: *Rhizoma Polygonati* was thickened after fermentation, with fluidity and sour taste. Milky white folds appeared after fermentation by *Lactobacillus rhamnosus* and *Bacillus subtilis*. On the 6th day of fermentation, *Lactobacillus casei* and *Bacillus subtilis* had the highest viable counts, which were 3.40×10^8 CFU/g and 2.62×10^9 CFU/g, respectively; The number of viable bacteria was the highest when *Lactobacillus rhamnosus* was fermented for 7 days, which was 2.59×10^8 CFU/g; Three triterpenoid saponins, 2 flavonoids, 1 organic acid. Conclusion: *Lactobacillus rhamnosus* and *Lactobacillus casei* can convert triterpenoid steroidal saponins into aglycones during the fermentation of *Polygonatum sibiricum*, and the utilization effect of saponins is better. *Bacillus subtilis* can convert flavonoid glycosides into aglycones, and the utilization effect of flavonoid glycosides is better.

Key words *Polygonatum*; Microbial fermentation; Component transformation; Differential components