

发酵对食源性多糖结构和生物活性的影响

罗游, 韦朝阳

(贵州大学酿酒与食品工程学院 贵阳 550025)

摘要 多糖是食物中的主要成分,具有广泛的生理功能。然而,部分天然多糖因分子质量大、溶解性差和功能不理想而被限制应用。发酵是一种传统的改善食物营养品质的加工方法,也是一种有前途的生物改性方法,已广泛应用于天然产物的结构改性。发酵过程中,微生物会分泌碳水化合物活性酶降解和转化底物中的多糖,生成更低分子质量的多糖、寡糖和单糖,同时也改变着多糖的生物活性。本文重点介绍发酵食品中的多糖利用优势菌和发酵对原料中多糖的含量、结构和生物活性的影响,以期绿色改造多糖提供参考依据,也为未来相关领域的研究提供思路。

关键词 发酵; 微生物; 多糖; 结构; 生物活性

文章编号 1009-7848(2024)11-0438-10 **DOI:** 10.16429/j.1009-7848.2024.11.040

多糖是一类结构复杂的生物大分子,由 10 个及以上的单糖分子缩合而成,在生物体中广泛存在并具有重要生理功能。有的多糖作为细胞结构的组成成分,如纤维素、肽聚糖和糖蛋白;有的多糖作为机体的能源物质,如淀粉和糖原;有的多糖具有特殊的生物活性,如抗病毒^[1-2]、抗氧化^[1-3]、降血糖^[4]和免疫调节^[5]等。

在某些情况下,多糖因分子质量大、溶解性差和生物活性不理想而被限制应用,需要改性。常用的策略包括物理、化学和生物方法,其中生物方法具有环保、反应条件温和以及效率较高等优势。越来越多的研究表明发酵是一种绿色、经济且有效的生物改性多糖的方法。例如, Yang 等^[6]利用副干酪乳杆菌发酵改性黄精多糖,得到的低分子质量黄精多糖 PS2-4 表现出优异的抗衰老活性,使秀丽隐杆线虫的寿命延长 20.70%,并提高了其运动能力以及减少脂褐素积累。Ma 等^[7]利用青霉菌属真菌 YZ-1 处理葡萄柚皮后获得的可溶性膳食纤维含量显著提高,达 16.04 g/100 g,是高压蒸煮组的 1.56 倍,是未处理组的 2.39 倍,且发酵组的可溶性膳食纤维表现出最疏松的结构、最高的黏度和最佳的热稳定性。此外,发酵组的可溶性膳食纤维

还具有最强的胆固醇和胆汁酸吸附能力以及胰脂肪酶活抑制能力。

截至目前,许多研究综述集中在多糖的物理和化学修饰及其生物活性上,然而,阐释发酵对多糖结构和生物活性的影响很少。鉴于此,本文从多糖的体外微生物利用角度,对具有代表性的研究结果进行整理和提炼,阐述微生物对原料中多糖得率、结构和生物活性的影响,以期为进一步相关研究和合理开发提供参考。

1 参与食源性多糖降解利用的关键微生物

在食物发酵过程中,原料中的多糖在微生物作用下被释放、降解和转化,生成聚合度较低的多糖、低聚糖、单糖和下游代谢物等^[8]。参与食源性多糖降解利用的代表微生物主要有乳酸菌、曲霉和酵母等,详细信息如表 1 所示。

1.1 乳酸菌

泡菜是蔬菜和瓜果由低浓度食盐水或少量食盐腌渍,经乳酸菌发酵制成。植物乳杆菌和干酪乳杆菌是中国传统泡菜中优势菌种,在泡菜成熟过程中起着决定性的作用,即利用泡菜体系中糖类代谢产酸^[9]。Huang 等^[10]通过全基因组测序分析,发现植物乳杆菌 NCU116 基因组中编码了糖酵解、戊糖磷酸途径和丙酮酸等多种碳水化合物代谢通路相关的关键酶系,具有非常强的碳水化合物代谢潜力;此外,植物乳杆菌 NCU116 基因组还编码了多个与聚糖、寡糖水解相关的糖苷水解酶,具备

收稿日期: 2023-11-03

基金项目: 贵州省科技计划项目(黔科合基础-ZK[2022]一般 086)

第一作者: 罗游,女,博士,讲师

E-mail: yluo9@gzu.edu.cn

水解以 α/β -糖苷键连接的较高聚合度糖的能力,其中有 12 个属于 GH13 家族淀粉水解酶。

1.2 曲霉

黑茶,属后发酵茶,一般经杀青、揉捻、渥堆发酵和干燥制成,包括普洱熟茶、茯砖茶、藏茶、青砖茶和六堡茶等。渥堆发酵过程中,微生物分泌的纤维素酶和果胶酶等多种水解酶使茶叶粗纤维组织软化,将茶叶中的大分子糖类物质降解、转化,从而赋予发酵茶甘醇、爽滑的口感。刘婷婷^[11]通过分子生物学分析发现四川黑茶中高产纤维素酶菌株为黑曲霉、枯草芽孢杆菌和淀粉酶链霉菌亚种,高产果胶酶的菌株为普通青霉、热紫链霉菌、密旋链霉菌。Ma 等^[12]发现曲霉属是参与普洱茶发酵的优势真菌属,其中黑曲霉是优势菌种,分泌纤维素酶和果胶酶降解茶叶细胞壁多糖。Du 等^[13]的研究发现曲霉、青霉和散囊菌是茯砖茶发酵中的主要微生物,散囊菌属真菌是茯砖茶中的优势种,其中冠突散囊菌被认为是影响茯砖茶品质形成最为关键的菌种,通过分泌纤维素酶、果胶酶和多酚氧化酶等胞外酶促进茶叶中相应物质的转化和形成,从而促成茯砖茶特有的风味。

1.3 酵母

葡萄酒是以葡萄为原料酿造的一种果酒。葡萄酒中的多糖通过氢键、疏水相互作用、静电相互作用和物理吸附与酚类和挥发性化合物的作用影响葡萄酒的感官品质,通过抑制或限制胶体颗粒的聚集、絮凝和沉淀来维持葡萄酒的透明度和稳定性。葡萄酒中的多糖主要是聚鼠李糖半乳糖醛酸 II 和阿拉伯半乳糖蛋白,来源于葡萄皮和果肉^[14-16]。Javier 等^[17]和 Merín 等^[18]发现酿酒酵母和一

些非酿酒酵母如耶耳中泽氏酵母 (*Nakazawaea ishiwadae*) 和黑酵母菌 (*Aureobasidium pullulans*) 在葡萄酒酿造过程中释放和降解葡萄中的多糖发挥着关键作用。

大豆发酵产品如酱油、豆豉等作为调味品和功能性食品在世界各地广泛消费。微生物产生的纤维素酶、半纤维素酶、淀粉酶等降解大豆中碳水化合物生成可溶性多糖、低聚糖等。Chun 等^[19]的研究表明韩国传统酱 (Ganjang) 酿造过程中嗜盐酵母如威克汉姆酵母和德巴利酵母是降解原料中多糖聚合物包括纤维素、半纤维素和淀粉的主要菌种。

小麦基质食品中含有果聚糖,果聚糖是 β -D-呋喃果糖的多聚体。在面团发酵过程中它们作为酵母的能量来源之一,约 56% 果聚糖在面团发酵过程中被降解成葡萄糖和果糖。负责果聚糖水解的酶是转化酶,由酿酒酵母在发酵过程中产生。Struyf 等^[20]发现马克斯克鲁维酵母发酵面团通过分泌菊粉酶可降低原料中 90% 以上的果聚糖。

综上所述,虽然参与发酵食品制作的微生物不同,但不同微生物分泌的碳水化合物活性酶具有类似的作用,即充分利用基质中的碳水化合物,代谢生成小分子物质,影响着食品的风味、口感和营养价值。微生物分泌至胞外的碳水化合物活性酶分为内切糖苷酶(如纤维素酶、果胶酶、木聚糖酶、 α -淀粉酶、半乳糖酶等)和外切糖苷酶(如 β -葡萄糖苷酶、 α -葡萄糖苷酶、 α -L-鼠李糖苷酶、 α -L-阿拉伯呋喃糖苷酶、转化酶等)^[8]。在这些酶的作用下,多糖被降解,形成新的化合物,具有新的功能。

表 1 利用食物基质中多糖的微生物

Table 1 Microbes contributing to the utilization of food polysaccharides

原料	产品	微生物	碳水化合物活性酶	降解的多糖	参考文献
蔬菜和瓜果	泡菜	乳酸菌	α/β 水解酶和淀粉酶	淀粉、多糖和寡糖	[10]
茶叶	黑茶	曲霉	纤维素酶和果胶酶	纤维素和果胶	[11]-[13]
葡萄	葡萄酒	酿酒酵母和非酿酒酵母	果胶酶	果胶	[17], [18]
大豆	发酵豆制品	威克汉姆酵母和德巴利酵母	纤维素酶、半纤维素酶和淀粉酶	纤维素、半纤维和淀粉	[19]
面粉	面包	马克斯克鲁维酵母和酿酒酵母	菊粉酶和转化酶	果聚糖	[20]

2 发酵对多糖得率的影响

微生物分泌的胞外酶一方面能破坏细胞结构,促使胞内物质释放,有利于作用底物的提取,另一方面能降解和转化基质中的大分子物质生成新的物质。发酵过程中,微生物将不溶性多糖部分转化成可溶性多糖,将大分子质量多糖部分降解为小分子质量多糖、低聚糖、单糖,且消耗部分单糖。发酵虽然使原料中碳水化合物的总量降低,但是有利于部分水溶性多糖含量增加。

2.1 发酵对茶多糖含量的影响

Bian 等^[21]的研究显示普洱茶制作过程中茶多糖的含量呈动态变化。原料中茶多糖的含量为 28.30 mg/g,在发酵早期持续下降,第 2 次渥堆发酵处在最低值为 11.86 mg/g;发酵中期,茶多糖含量增加,在第 4 次渥堆达到 32.49 mg/g,而第 5 次渥堆发酵时略有下降;而在发酵后期,茶多糖含量又出现增加趋势,在第 6 次渥堆时达到最高水平为 54.90 mg/g。龚加顺等^[22]利用黑曲霉发酵云南晒青绿毛茶 40 d 后,发现水溶性茶多糖增加 5.7 倍,而水溶性寡糖下降 65%。熊元元^[23]的研究表明四川黑茶的可溶性糖含量和水溶性果胶含量在渥堆过程中均逐步下降,降幅分别为 35.05%和 25%。

2.2 发酵对浆果多糖含量的影响

果酒中的多糖来源于果实和微生物分泌的胞外多糖。水果果皮和果肉中的多糖先、后在物理破碎作用和微生物水解作用下逐步迁移、溶于酒液中。Guadalupe 等^[15]发现在葡萄酒酿造初期(浸渍阶段),葡萄汁中主要的多糖是阿拉伯半乳糖蛋白,而聚鼠李糖半乳糖醛酸 II 含量较低,这是因为聚鼠李糖半乳糖醛酸 II 与细胞壁的结合比阿拉伯半乳糖蛋白更紧密;而在酒精发酵阶段,葡萄中的多糖持续、渐进地被释放至酒液中,最终葡萄酒中糖类物质浓度增加 2 倍以上。Zhang 等^[24]采用高通量和分馏法相结合探究蓝莓果酒发酵过程中蓝莓果皮中细胞壁多糖的变化,发现细胞壁中部分果胶和半纤维素被降解,同时,阿拉伯半乳糖蛋白也减少。Pei 等^[25]发现鼠李糖乳杆菌和酿酒酵母发酵蓝莓果均能显著提高多糖提取率,由 5.57% 分别提高至 6.66%和 5.84%。

2.3 发酵对膳食纤维含量的影响

膳食纤维被营养学家认定为“第七类营养

素”,对人体健康起着重要作用,包括改善炎症性肠病、肥胖和神经退行性疾病等。膳食纤维是由 3 种或以上单体形成的可食用碳水化合物聚合物,在小肠及其上游消化系统内既不被水解也不被吸收,而微生物可利用^[26-27]。因此,研究者利用微生物体外发酵提高可溶性膳食纤维的得率和改良膳食纤维。Li 等^[28]发现保加利亚乳杆菌和嗜热链球菌混合发酵可使黍稷麸皮中的可溶性膳食纤维得率由 4.2%提高至 7.6%。Chu 等^[29]利用纳豆芽孢杆菌发酵小米麸皮使可溶性膳食纤维含量从 2.3% 提高到 13.2%,可溶性膳食纤维与不溶性膳食纤维比值从 3.1%提高至 19.9%。Jia 等^[30]发现绿色木霉发酵使米糠中可溶性膳食纤维的提取率从 10.5% 显著提高至 33.4%。Sun 等^[31]利用红曲霉发酵豆渣使豆渣可溶性膳食纤维由原来的 4.3 g/100 g 提高至 7.7 g/100 g。Lin 等^[32]发现未发酵豆渣的不溶性膳食纤维是可溶性膳食纤维的 28.45 倍,而经保加利亚乳杆菌和粗壮脉纹孢菌发酵后该值分别下降至 10.36 倍和 4.30 倍。Wang 等^[33]发现纳豆芽孢杆菌发酵可使刺梨果渣可溶性膳食纤维的含量从 7.68%增加至 10.68%。然而,曹晶晶等^[34]发现不同乳酸菌(包括植物乳杆菌、保加利亚乳杆菌、嗜热链球菌、戊糖片球菌和干酪乳杆菌)发酵甘薯淀粉加工浆液均导致浆液中总糖、不溶性膳食纤维和可溶性膳食纤维含量显著下降。

2.4 发酵对淀粉含量的影响

淀粉是人的主要供能物质,其消化速率和消化程度影响着机体健康。Englyst 等^[35]根据淀粉在人体消化速率与消化程度的差异将淀粉分为快消化淀粉、慢消化淀粉和抗消化淀粉。为调整原料中这 3 种淀粉的比例,研究者采用益生菌发酵进行改良。陆萍^[36]选用安琪酵母菌和乳酸菌混合发酵大米淀粉,发现发酵后的大米淀粉中快消化淀粉和慢消化淀粉含量增加,抗性淀粉含量显著减少。Gong 等^[37]发现自然发酵、植物乳杆菌发酵和解淀粉植物乳杆菌发酵均降低紫薯粉中快消化淀粉和慢消化淀粉含量,提高抗性淀粉含量,抗性淀粉含量分别增加了 39.64%、77.45%和 90.19%。

综上所述,发酵能转化原料中的多糖,显著改变原料中多糖的组成和含量,而改良结果由发酵方案决定比如发酵程度、选用的菌种等。

3 发酵对多糖结构的影响

发酵是一种经济的生物改性方法,微生物产生的丰富酶系(碳水化合物活性酶 CAZymes、蛋白酶和酯酶等)作用于底物,引发水解、氧化、还原、酯化和异构化等多种反应,从而对目标底物进行结构改变。目前该方法在天然产物的结构改性中得到越来越广泛的应用,如利用乳酸菌、酵母和黑曲霉等发酵底物,引起多酚^[38]、皂苷^[39]和多糖^[25,40]等成分的结构改变,从而达到提升生物活性或降低毒性的目的。研究显示发酵可改变原料中多糖的分子质量分布、单糖组成和超微结构等。

3.1 分子质量

已有多项研究证实发酵处理会降低原料中多糖的分子质量。龙眼多糖(CP1)的分子质量为3 182.52 ku,而龙眼果酒(酿酒酵母发酵,CP2)和果醋(酿酒酵母和巴氏醋杆菌共发酵,CP3-CP4)中多糖的分子质量分别为109.56,33.39 ku和45.62 ku^[41]。蓝靛果经鼠李糖乳杆菌和酿酒酵母发酵后,多糖分子质量由原来的105.60 ku分别下降至81.00 ku和82.10 ku^[25]。胡萝卜中3个水溶性多糖组分分子质量分别为 2.32×10^6 , 1.61×10^5 u和 9.78×10^3 u,植物乳杆菌 NCU116 发酵后分子质量分别为 1.53×10^6 , 1.57×10^5 u和 9.39×10^3 u^[42]。热水提取的枸杞多糖的重均和数均分子质量分别为 5.304×10^6 g/mol和 3.063×10^6 g/mol,而发酵后枸杞多糖的重均和数均分子质量分别降至 2.231×10^4 g/mol和 1.756×10^4 g/mol^[43]。兰州百合鳞茎多糖的重均和数均分子质量分别为4 334 u和3 915 u,植物乳杆菌发酵兰州百合鳞茎后多糖的分子质量显著降低,其重均分子质量和数均分子质量分别为1 684 u和1 553 u^[44]。安琪酵母和乳酸菌发酵显著降低大米淀粉的分子质量,随着发酵剂添加量的增加,重均分子质量从 3.992×10^7 g/mol降至 1.790×10^7 g/mol,最低分子质量从 3.370×10^7 g/mol降至 0.595×10^7 g/mol^[36]。然而,也存在例外情况,Tian 等^[45]利用芽孢杆菌发酵铁皮石斛,发现铁皮石斛多糖的分子量由原来的 4.92×10^5 u上升至 5.21×10^5 u。

3.2 单糖组成

微生物参与碳水化合物降解的 CAZymes 主要包括糖苷水解酶、多糖裂解酶和碳水化合物酯

酶^[46]。在发酵过程中,微生物为利用基质中的碳水化合物而分泌特定种类的酶,切割不同的糖苷键,进而引起基质中多糖的单糖组成变化包括成分和各单糖比例。多项研究结果表明发酵后多糖中葡萄糖含量降低,而糖醛酸含量增加。龙眼多糖主要由葡萄糖以及少量阿拉伯糖、甘露糖、半乳糖和葡萄糖醛酸组成。发酵处理后,龙眼多糖中葡萄糖的物质的量比显著降低,而阿拉伯糖、甘露糖、半乳糖和葡萄糖醛酸的比例显著升高^[41]。蓝靛果多糖主要由半乳糖、木糖和半乳糖醛酸组成,发酵后的蓝靛果多糖主要的单糖成分是半乳糖醛酸^[25]。植物乳杆菌发酵后的芦笋多糖中的中性糖(半乳糖、阿拉伯糖和木糖)含量降低,糖醛酸(葡萄糖醛酸和半乳糖醛酸)含量增加^[47]。绿色木霉发酵后的米糠可溶性膳食纤维的单糖组成新增葡萄糖醛酸^[30]。此外,也存在与众不同的情况。例如,自然发酵对咖啡豆中的水溶性果胶的糖醛酸和各中性糖的组成影响不显著。咖啡豆果胶中糖醛酸含量为53.3%,中性糖由鼠李糖、岩藻糖、2-O-甲基-木糖、阿拉伯糖、木糖、甘露糖、半乳糖和葡萄糖构成,其物质的量比为115:18:2:611:34:1:215:4;发酵咖啡豆果胶中糖醛酸含量略微降低为51.7%,各单糖组成物质的量比为109:4:1:559:73:27:216:11,其中岩藻糖和阿拉伯木糖占比稍降低,木糖、甘露糖和葡萄糖占比略升高^[48]。保加利亚乳杆菌和粗壮脉纹孢菌发酵后的可溶性大豆多糖的单糖种类未发生变化,而各单糖含量包括葡萄糖醛酸、鼠李糖、半乳糖醛酸、木糖、阿拉伯糖和岩藻糖均增加^[32]。Song 等^[44]发现植物乳杆菌会水解兰州百合多糖主链和支链末端的甘露糖。兰州百合鳞茎多糖由甘露糖和葡萄糖通过1,4-糖苷键组成,物质的量比为39:61,然而发酵后的兰州百合鳞茎多糖由葡萄糖通过1,4-糖苷键和少许1,6-糖苷键组成,甘露糖消失。

3.3 微观形貌

发酵处理会改变基质中多糖原有微观形貌,且不同的发酵方式导致多糖的微观形貌各异。苹果原渣多糖由条状、棒状和片状组成,相互交织成网状;而苹果酒渣多糖由齿状、片状和棒状组成,交联程度相对较低;苹果醋渣多糖由较大片状组成,弯曲折叠,交联程度低^[49]。胡萝卜水溶性多糖

WSP-n-1 主要呈条状, WSP-n-2 呈较薄且小的片状, 而发酵后的胡萝卜水溶性多糖 WSP-p-1 主要呈较大且完整的片状, WSP-p-2 表现为条状缠绕^[42]。番石榴叶多糖呈大块状, 表面分布高低起伏的褶皱和大小不一的凹陷, 而芽孢杆菌发酵后的番石榴叶多糖呈薄片状, 表面粗糙, 密集分布着小颗粒^[50]。未发酵豆渣的膳食纤维是团状, 表面分布褶皱、粗糙, 而保加利亚乳杆菌和粗壮脉纹孢菌发酵后豆渣的可溶性膳食纤维呈不规则的块状且松散, 晶体结构轻微受损^[32]。大米淀粉颗粒的形态呈多边角、无规则, 表面光滑, 大小较均匀(2~8 μm), 安琪酵母和乳酸菌发酵后的大米淀粉颗粒表面呈现出凹陷; 大米淀粉半结晶层状结构的结晶区淀粉分子向无序化转变, 相对结晶度和 A 型结晶结构比例的降低^[36]。

4 发酵对多糖生物活性的影响

多糖的生物活性与其分子质量、单糖组成、糖苷键、糖环结构、分枝度和构象等息息相关。发酵导致多糖的结构发生改变, 因而其生物活性也会受到影响。已有多项研究表明微生物发酵能有效改善原料中多糖的生物活性。

4.1 抗氧化活性

氧化应激是导致衰老和许多疾病的关键因素。适当补充抗氧化剂是预防衰老和防治相关疾病的有效措施。众多天然非淀粉多糖如茶多糖^[51]、阿魏菇子实体多糖^[52]显示出良好的抗氧化活性, 归因于其供氢能力和间接抗氧化能力。研究表明多糖的抗氧化作用高度依赖于其溶解度、糖环结构、分子质量、带正电荷或负电荷基团、蛋白质部分和共价连接的酚类化合物^[3]。发酵不仅导致原料中多糖的分子质量下降、结构疏松, 而且提高其糖醛酸含量, 从而赋予改性后多糖更佳的抗氧化活性。Pei 等^[25]发现鼠李糖乳杆菌和酿酒酵母发酵均可增强蓝靛果多糖 ABTS 自由基清除能力和还原能力。Wang 等^[43]的研究表明酵母发酵后的枸杞多糖表现出更强的 DPPH 自由基、羟自由基、超氧阴离子自由基清除能力和总抗氧化能力, 并且具有更显著的抗衰老功效, 显著延长秀丽线虫的存活时间。Song 等^[44]发现植物乳杆菌发酵后的兰州百合磷茎多糖具有更强的 DPPH 自由基、超氧阴离

子自由基清除能力和更高效的还原效率, 而羟自由基清除率下降。张志红^[47]发现植物乳杆菌发酵后的芦笋多糖比未发酵芦笋多糖具有更强的 DPPH 自由基、羟自由基和超氧阴离子清除能力, 以及更好的肝脏保护能力, 表现在发酵后的芦笋多糖可通过促进谷胱甘肽的生物合成, 恢复胆汁酸受体(FXR 和 SHP)及其合成关键酶(CYP7A1、CYP8B1 和 CYP27A1)表达紊乱。

4.2 降血糖和降血脂活性

人类缺乏降解膳食碳水化合物所需的大部分酶, 因此多数多糖不能被人体消化系统降解和吸收, 故在到达小肠部位时可以抑制 α -淀粉酶、 α -葡萄糖苷酶和脂肪酶以及吸附部分葡萄糖和胆固醇, 减少这两者的吸收, 进而起到降血糖和降血脂作用。研究表明, 发酵可以有效提高原料中多糖的降血糖和降血脂活性。保加利亚乳杆菌和粗壮脉纹孢菌发酵后的豆渣多糖比未发酵豆渣多糖显示出更强的 α -淀粉酶抑制能力和葡萄糖吸附能力, 并更有利于延迟葡萄糖在肠道扩散, 还有利于乳杆菌的增殖^[32]。副干酪乳杆菌发酵后的黄精多糖对 α -葡萄糖苷酶和脂肪酶的抑制作用分别提高了 35.52% 和 4.34 倍^[6]。Su 等^[53]发现猴头菇多糖对 α -淀粉酶、 α -葡萄糖苷酶和胰脂肪酶的抑制率分别为 67.66%、68.96% 和 55.15%, 而格氏乳杆菌发酵后的猴头菇多糖对这 3 种酶的抑制率显著提高, 分别为 78.93%、82.36% 和 61.43%。高鹤^[54]通过大鼠试验对比分析植物乳杆菌发酵前后、苦瓜多糖的降血糖功能, 发现发酵后的苦瓜多糖对二型糖尿病大鼠缓解“三多一少”症状、胰岛素抵抗、结肠中乳酸乳球菌(*Lactococcus laudensis*)和洛氏普雷沃菌(*Prevotella loescheii*)菌类的丰度和结肠内容物中的乙酸含量有更显著的改善作用, 并能更好地调节糖尿病大鼠的糖类、氨基酸和脂质代谢。

4.3 免疫调节活性

许多天然多糖可成为候选免疫调节剂, 通过激活 T/B 淋巴细胞、巨噬细胞、自然杀伤细胞等免疫细胞或促进细胞因子的释放等发挥免疫调节作用。研究表明某些植物源多糖经发酵处理后其免疫调节活性更佳。酿酒酵母或/和醋酸杆菌 AS1.41 发酵的龙眼多糖比未发酵的龙眼多糖具有更好的免疫调节活性, 有利于促进 IL-6 的分泌和 TNF- α

的产生^[41]。芽孢杆菌 DU-106 发酵能显著增强铁皮石斛多糖的免疫调节活性。发酵后的铁皮石斛多糖可显著加速 RAW264.7 细胞的吞噬活性,并显著提高 NO 和 IL-1 β 的分泌^[45]。石惠方^[42]通过建立免疫抑制模型对比分析植物乳杆菌 NCU116 发酵前、后的胡萝卜多糖对环磷酰胺致免疫抑制小鼠免疫功能的影响,发现植物乳杆菌发酵处理可增强胡萝卜多糖的免疫活性,主要表现在相同剂量下,发酵后的胡萝卜多糖在提高胸腺指数、增强 NK 细胞毒性、减轻免疫抑制小鼠的脾脏肿大、提高脾脏中细胞因子水平和免疫球蛋白含量方面更胜一筹。

4.4 肠道菌群调节作用

非淀粉多糖一般不能被人体消化吸收,最终由肠道微生物分解代谢,进而调节肠道菌群。多糖的分子质量、分枝度、单糖类型和酯化等结构特征会影响其微生物发酵特性及对肠道微生物组成的调节作用^[55-56]。Wu 等^[57]发现秋葵果胶多糖对肠道菌群的调节具有结构依赖性,支链度和分子质量在肠道微生物组成的选择性调节中均起关键作用,具有较低分子质量和较高支链度的秋葵果胶多糖更有利于肠道菌的发酵。研究显示有些多糖经发酵处理后更利于有益菌群的增殖。张志红^[47]报道发酵后的芦笋多糖能通过增加膳食纤维降解的瘤胃菌科和毛螺菌科丰度增加,促进丁酸的产生,维持肠道健康。傅宇翔^[58]用粗壮脉纹孢菌发酵制备得到的豆渣低聚糖和多糖均比菊糖更有利于植物乳杆菌 NCU116 和青春双歧杆菌 CICC6178 增殖,发酵豆渣低聚糖能显著增加大鼠盲肠内乳酸杆菌数量,发酵豆渣多糖能改善大鼠盲肠菌群。

5 结语与展望

在发酵过程中,原料中高分子碳水化合物如纤维素、淀粉、果胶等可以被不同的碳水化合物活性酶产生菌降解,形成具有更高生物利用度的产品,例如可溶性多糖、低聚糖和单糖。此外,在微生物作用下形成的可溶性多糖和低分子质量多糖表现出更佳的抗氧化、降血糖、降血脂、免疫调节、肠道菌群调节等生物活性。然而,鉴于多糖结构和参与多糖降解的碳水化合物活性酶的复杂性,一些问题有待进一步的研究和解释。

1) 目前的研究主要集中在微生物对多糖的分子质量、单糖组成和微观形貌的影响,而对其糖苷键、链构象等结构特征解析缺乏,可以进一步解析发酵对多糖精细结构比如糖苷键和构象等的影响。

2) 已有研究较少关注多糖的构效关系,仅分析发酵对多糖的结构和功能的影响,可以通过对比微生物发酵处理前、后多糖的结构特征、理化性质和生物活性,揭示多糖结构与功能之间的关系。

3) 利用基因组学、转录组和蛋白组揭示微生物降解转化多糖的机制,挖掘新的功能基因和可高效利用多糖的微生物。

参 考 文 献

- [1] ELGENDI H, ABUSERIE M M, KAMOUN E A, et al. Statistical optimization and characterization of fucose-rich polysaccharides extracted from pumpkin (*Cucurbita maxima*) along with antioxidant and antiviral activities[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2023, 232: 123372.
- [2] GUO Y X, CHEN X F, GONG P. Classification, structure and mechanism of antiviral polysaccharides derived from edible and medicinal fungus[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2021, 183: 1753-1773.
- [3] FERNANDES P A R, COIMBRA M A. The antioxidant activity of polysaccharides: A structure-function relationship overview[J]. Carbohydrate Polymers, 2023, 314: 120965.
- [4] JI X L, GUO J H, CAO T Z, et al. Review on mechanisms and structure-activity relationship of hypoglycemic effects of polysaccharides from natural resources[J]. Food Science and Human Wellness, 2023, 12(6): 1969-1980.
- [5] YANG H R, LI X, LIU H, et al. Novel polysaccharide from panax notoginseng with immunoregulation and prebiotic effects[J]. Food Bioscience, 2023, 51: 102310.
- [6] YANG J J, ZHANG X, DAI J F, et al. Effect of fermentation modification on the physicochemical characteristics and anti-aging related activities of polygonatum kingianum polysaccharides[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2023,

- 235; 123661.
- [7] MA W J, LIANG Y T, LIN H S, et al. Fermentation of grapefruit peel by an efficient cellulose-degrading strain, (*Penicillium* YZ-1): Modification, structure and functional properties of soluble dietary fiber[J]. Food Chemistry, 2023, 420: 136123.
- [8] MIAO W, LI N, WU J L. Food-polysaccharide utilization via *in vitro* fermentation: Microbiota, structure, and function[J]. Current Opinion in Food Science, 2022, 48: 100911.
- [9] XIONG T, LI X, GUAN Q Q, et al. Starter culture fermentation of Chinese sauerkraut: Growth, acidification and metabolic analyses[J]. Food Control, 2014, 41: 122-127.
- [10] HUANG T, PENG Z, HU M, et al. Interactions between *Lactobacillus plantarum* NCU116 and its environments based on extracellular proteins and polysaccharides prediction by comparative analysis[J]. Genomics, 2020, 112(5): 3579-3587.
- [11] 刘婷婷. 四川黑茶渥堆过程中纤维素酶、果胶酶分泌菌株的筛选及其产酶条件优化[D]. 成都: 四川农业大学, 2015.
- LIU T T. Screening of strains secreting cellulase and pectinase of Sichuan dark tea during post-fermentation and optimization of conditions producing cellulase[D]. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2015.
- [12] MA Y, LING T J, SU X Q, et al. Integrated proteomics and metabolomics analysis of tea leaves fermented by *Aspergillus niger*, *Aspergillus tamarii* and *Aspergillus fumigatus* [J]. Food Chemistry, 2021, 334: 127560.
- [13] DU Y, YANG W R, YANG C C, et al. A comprehensive review on microbiome, aromas and flavors, chemical composition, nutrition and future prospects of Fuzhuan brick tea[J]. Trends in Food Science & Technology, 2022, 119: 452-466.
- [14] VIDAL S, WILLIAMS P, O'NEILL M A, et al. Polysaccharides from grape berry cell walls. Part I: tissue distribution and structural characterization of the pectic polysaccharides[J]. Carbohydrate Polymers, 2001, 45(4): 315-323.
- [15] GUADALUPE Z, AYESTARÁN B. Polysaccharide profile and content during the vinification and aging of Tempranillo red wines[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2007, 55(26): 10720-10728.
- [16] JONES-MOORE H R, JELLEY R E, MARANGON M, et al. The polysaccharides of winemaking: From grape to wine[J]. Trends in Food Science & Technology, 2021, 111: 731-740.
- [17] JAVIER R, NORA O, MARÍA M, et al. Occurrence and enological properties of two new non-conventional yeasts (*Nakazawaea ishiwadae* and *Lodderomyces elongisporus*) in wine fermentations[J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 305: 108255.
- [18] MERÍN M G, MORATA D A V I. Highly cold-active pectinases under wine-like conditions from non-*Saccharomyces* yeasts for enzymatic production during winemaking[J]. Letters in Applied Microbiology, 2015, 60(5): 409-512.
- [19] CHUN B H, HAN D M, KIM H M, et al. Metabolic features of Ganjang (a Korean traditional soy sauce) fermentation revealed by genome-centered metatranscriptomics[J]. mSystems, 2021, 6(4): e0044121.
- [20] STRUYF N, LAURENT J, VERSPREET J, et al. *Saccharomyces cerevisiae* and *Kluyveromyces marxianus* cocultures allow reduction of fermentable oligo-, di-, and monosaccharides and polyols levels in whole wheat bread[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2017, 65(39): 8704-8713.
- [21] BIAN X Q, MIAO W, ZHAO M, et al. Microbiota drive insoluble polysaccharides utilization via microbiome-metabolome interplay during pu-erh tea fermentation[J]. Food Chemistry, 2022, 377: 132007.
- [22] 龚加顺, 周红杰, 张新富, 等. 云南晒青绿毛茶的微生物固态发酵及成分变化研究[J]. 茶叶科学, 2005, 25(4): 67-73.
- GONG J S, ZHOU H J, ZHANG X F, et al. Changes of chemical components in Puer tea produced by solid state fermentation of sundried tea[J]. Journal of Tea Science, 2005, 25(4): 67-73.
- [23] 熊元元. 四川黑茶渥堆微生物多样性及空气微生物研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2017.
- XIONG Y Y. Study on microbial diversity of Sichuan dark tea during post-fermentation and airborne microbial in fermentation workshop[D]. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2017.
- [24] ZHANG N W, GAO Y, FAN G, et al. Combined high-throughput and fractionation approaches reveal changes of polysaccharides in blueberry skin cell

- walls during fermentation for wine production [J]. Food Research International, 2022, 162: 112027.
- [25] PEI F Y, CAO X B, WANG X M, et al. Structural characteristics and bioactivities of polysaccharides from blue honeysuckle after probiotic fermentation[J]. LWT, 2022, 165: 113764.
- [26] GILL S K, ROSSI M, BAJKA B, et al. Dietary fibre in gastrointestinal health and disease[J]. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, 2021, 18: 101-116.
- [27] LI L L, YAN S L, LIU S J, et al. In-depth insight into correlations between gut microbiota and dietary fiber elucidates a dietary causal relationship with host health [J]. Food Research International, 2023: 113133.
- [28] LI Y X, NIU L, GUO Q Q, et al. Effects of fermentation with lactic bacteria on the structural characteristics and physicochemical and functional properties of soluble dietary fiber from *Proso millet* bran [J]. LWT, 2022, 154: 112609.
- [29] CHU J X, ZHAO H Z, LU Z X, et al. Improved physicochemical and functional properties of dietary fiber from millet bran fermented by *Bacillus natto*[J]. Food Chemistry, 2019, 294: 79-86.
- [30] JIA M Y, CHEN J J, LIU X Z, et al. Structural characteristics and functional properties of soluble dietary fiber from defatted rice bran obtained through *Trichoderma viride* fermentation[J]. Food Hydrocolloids, 2019, 94: 468-474.
- [31] SUN C C, WU X F, CHEN X J, et al. Production and characterization of okara dietary fiber produced by fermentation with *Monascus anka*[J]. Food Chemistry, 2020, 316: 126243.
- [32] LIN D R, LONG X M, HUANG Y C, et al. Effects of microbial fermentation and microwave treatment on the composition, structural characteristics, and functional properties of modified okara dietary fiber[J]. LWT, 2020, 123: 109059.
- [33] WANG Y Q, WANG J D, CAI Z H, et al. Improved physicochemical and functional properties of dietary fiber from *Rosa roxburghii* pomace fermented by *Bacillus natto*[J]. Food Bioscience, 2022, 50: 102030.
- [34] 曹晶晶, 木泰华, 马梦梅. 不同乳酸菌发酵对甘薯淀粉加工浆液营养功能成分及感官特性的影响[J]. 食品科学, 2022, 43(18): 134-142.
- CAO J J, MU T H, MA M M. Nutritional and functional components and sensory characteristics of sweet potato slurry for starch production [J]. Food Science, 2022, 43(18): 134-142.
- [35] ENGLYST H N, KINGMAN S M, CUMMINGS J H. Classification and measurement of nutritionally important starch fractions[J]. European Journal Clinical Nutrition, 1992, Suppl 2: S33-S50.
- [36] 陆萍. 发酵及多酚复合对大米淀粉结构和消化性能的影响[D]. 广州: 华南理工大学, 2020.
- LU P. Effect of fermentation and polyphenol complexation on the structure and digestibility of rice starch[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2020.
- [37] GONG S X, YU Y, LI W H, et al. Effects of amyolytic *Lactobacillus* fermentation on the nutritional quality and digestibility of purple potato flour [J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2022, 107: 104363.
- [38] LIU L H, ZHANG C Y, ZHANG H M, et al. Biotransformation of polyphenols in apple pomace fermented by β -glucosidase-producing *Lactobacillus rhamnosus* L08[J]. Foods, 2021, 10(6): 1343.
- [39] QUAN L H, PIAO J Y, MIN J W, et al. Biotransformation of ginsenoside Rb1 to prosapogenins, gypenoside XVII, ginsenoside Rd, ginsenoside F₂, and compound K by *Leuconostoc mesenteroides* DC102[J]. Journal of Ginseng Research, 2011, 35(3): 344-351.
- [40] ZHANG Z H, FAN S T, HUANG D F, et al. Effect of *Lactobacillus plantarum* NCU116 fermentation on asparagus officinalis polysaccharide: Characterization, antioxidative, and immunoregulatory activities [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2018, 66(41): 10703-10711.
- [41] HU T G, ZHU W L, YU Y S, et al. The variation on structure and immunomodulatory activity of polysaccharide during the Longan pulp fermentation [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022, 222: 599-609.
- [42] 石惠方. 益生菌发酵对胡萝卜水溶性多糖免疫调节功能和结构特征的影响[D]. 南昌: 南昌大学, 2019.
- SHI H F. Effects of probiotic fermentation on immunological activity, structural characteristics of water-soluble polysaccharides from carrot[D]. Nanchang: Nanchang University, 2019.

- [43] WANG Z W, SUN Q R, FANG J X, et al. The anti-aging activity of *Lycium barbarum* polysaccharide extracted by yeast fermentation: *In vivo* and *in vitro* studies [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022, 209: 2032–2041.
- [44] SONG S, LIU X Y, ZHAO B T, et al. Effects of *Lactobacillus plantarum* fermentation on the chemical structure and antioxidant activity of polysaccharides from bulbs of Lanzhou lily[J]. ACS Omega, 2021, 6 (44): 29839–29851.
- [45] TIAN W N, DAI L W, LU S M, et al. Effect of *Bacillus* sp. Du-106 fermentation on dendrobium officinale polysaccharide: Structure and immunoregulatory activities[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2019, 135: 1034–1042.
- [46] WARDMAN J F, BAINS R K, RAHFELD P, et al. Carbohydrate-active enzymes (CAZymes) in the gut microbiome [J]. Nature Reviews Microbiology, 2022, 20(9): 542–556.
- [47] 张志红. 植物乳杆菌 NCU116 发酵对芦笋多糖组分的理化性质及改善环磷酰胺化疗损伤的影响研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2020.
- ZHANG Z H. Effect of *Lactobacillus plantarum* NCU116 fermentation on the physicochemical properties and immunoregulatory activity of *Asparagus officinalis* polysaccharides [D]. Nanchang: Nanchang University, 2020.
- [48] AVALLONE S, GUIRAUD J P, GUYOT B, et al. Fate of mucilage cell wall polysaccharides during coffee fermentation [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2001, 49(11): 5556–5559.
- [49] 贾丰. 苹果渣固体发酵多糖活性、结构与加工特性研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2017.
- JIA F. Activity, structure and processing characteristics of solid-fermented apple pomace polysaccharides[D]. Xi'an: Shanxi Normal University, 2017.
- [50] 罗游. 番石榴叶多糖活性分析及分离鉴定与发酵提升[D]. 广州: 华南理工大学, 2020.
- LUO Y. Bioactivity evaluation, isolation, identification and fermentation promotion of polysaccharides from Guava leaves[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2020.
- [51] XIANG G, SUN H P, CHEN Y Y, et al. Antioxidant and hypoglycemic activity of tea polysaccharides with different degrees of fermentation[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2022, 228: 224–233.
- [52] MUHAXI M, LIU F, NG T B. Structural characterization and *in vitro* hepatoprotective activity of a novel antioxidant polysaccharide from fruiting bodies of the mushroom *Pleurotus ferulae* [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2023, 243: 125124.
- [53] SU Y, LI H X, HU Z Y, et al. Research on degradation of polysaccharides during *Hericium erinaceus* fermentation[J]. LWT, 2023, 173: 114276.
- [54] 高鹤. 植物乳杆菌发酵对苦瓜及其多糖组分的理化性质与降血糖功能的影响[D]. 南昌: 南昌大学, 2019.
- GAO H. Effects of *Lactobacillus plantarum* on the physicochemical properties and anti-diabetic activities of *Momordica charantia* and its polysaccharides [D]. Nanchang: Nanchang University, 2019.
- [55] LARSEN N, BUSSOLO D S C, KRYCH L, et al. Potential of pectins to beneficially modulate the gut microbiota depends on their structural properties[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 223.
- [56] YUAN D, LI C, YOU L J, et al. Changes of digestive and fermentation properties of *Sargassum pallidum* polysaccharide after ultrasonic degradation and its impacts on gut microbiota[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2020, 164: 1443–1450.
- [57] WU D T, HE Y, YUAN Q, et al. Effects of molecular weight and degree of branching on microbial fermentation characteristics of okra pectic-polysaccharide and its selective impact on gut microbial composition [J]. Food Hydrocolloids, 2022, 132: 107897.
- [58] 傅宇翔. 粗壮脉纹孢菌发酵豆渣产物中可溶性膳食纤维对肠道菌群的影响[D]. 南昌: 南昌大学, 2017.
- FU Y X. Effect of soluble dietary fiber on intestinal microflora in fermented soybean residue by *Neurospora*[D]. Nanchang: Nanchang University, 2017.

Effects of Fermentation on the Structure and Bioactivities of Food-polysaccharides: A Review

Luo You, Wei Chaoyang

(*School of Liquor and Food Engineering, Guizhou University, Guiyang 550025*)

Abstract Polysaccharides are the main components in food and have a wide range of physiological functions. However, some natural polysaccharides are limited in application due to large molecular weight, poor solubility and unsatisfactory function. Fermentation is a traditional processing method to improve the nutritional quality of food, besides, it is a promising biological modification method, which has been more and more widely used in the structural modification of natural products. During the fermentation process, microorganisms secrete carbohydrate active enzymes to degrade and convert polysaccharides to lower molecular weight polysaccharides, oligosaccharides and monosaccharides, and also change their biological activities. This review focused on the dominant bacteria to polysaccharides utilization in fermented foods and their effects on the content, structure and bioactivities of polysaccharides in raw materials, thus giving an insight into green transformation of polysaccharides and providing ideas for future research in related fields.

Keywords fermentation; microbes; polysaccharides; structure; bioactivities