

鲜菌草工厂化栽培银耳物质转化特性研究

林兴生, 王泽辉, 马运龙, 林占熿, 林 辉, 林冬梅, 罗海凌  
(福建农林大学国家菌草工程技术研究中心, 福州 350002)

**摘 要:** 为探明以鲜菌草为主要原料工厂化栽培银耳的机理, 利用气相色谱-质谱联用法分析银耳菌丝生长期 G1(接种后 12 d)、原基分化期 G2(接种后 24 d)和子实体生长期 G3(接种后 36 d)的物质转化特性, 经主成分、偏最小二乘法判别、正交偏最小二乘法判别分析, 结果显示, G2 比 G1、G3 比 G2、G3 比 G1 分别有 426、423 和 466 种差异代谢物; G2 与 G1 的糖类含量高于 G3; G3 比 G1 的脂肪类、萜类等含量增加; 对差异代谢物进行筛选和代谢通路匹配, 差异途径为脂肪酸合成、乙醛酸和二羧酸代谢及柠檬酸循环, G2 与 G1、G3 与 G2、G3 与 G1 分别在饱和脂肪酸, 丙氨酸、天冬氨酸、谷氨酸, 甘油酯代谢存在明显差异. 以上实验结果表明, 鲜菌草工厂化栽培银耳不同生长期物质转化及代谢物质差异明显.

**关键词:** 银耳; 鲜菌草; 工厂化栽培; 物质转化

**中图分类号:** S646.12; R284.1      **文献标识码:** A      **DOI:** 10.19907/j.0490-6756.2021.056001

Study on characteristics of matter transformation of *Tremella fuciformis* in factory cultivation with fresh Juncao

LIN Xing-Sheng, WANG Ze-Hui, MA Yun-Long, LIN Zhan-Xi,  
LIN Hui, LIN Dong-Mei, LUO Hai-Ling  
(National Engineering Research Center of Juncao Technology,  
Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China)

**Abstract:** In order to explore the mechanism of factory cultivation of *Tremella fuciformis* with fresh juncao as the main substrate, GC-MS was used to analyze the substance transformation characteristics during 3 different stages, which were G1 (hypha growth phase, 12 d after inoculation), G2 (primordium differentiation stage, 24 d after inoculation) and G3 (fruit body growth phase, 36 d after inoculated). After main component analysis, partial least squares discriminant analysis, and orthogonal partial least squares discriminant analysis, the results showed that there were 426, 423, and 466 different metabolites in G2 than G1, G3 than G2, and G3 compared to G1, respectively. The carbohydrate content in G2 and G1 was higher than that in G3. The content of fat and terpenoids increased in G3 than that in G1. Differential metabolites were screened and metabolic pathways were matched. The differential pathways were fatty acid synthesis, glyoxylic acid and dicarboxylic acid metabolism, and the citric acid cycle. The synthesis pathways of unsaturated fatty acids were significantly different between G2 and G1. The metabolic pathways of alanine, aspartic acid and glutamate were significantly different between G3 and G2.

收稿日期: 2021-02-25  
基金项目: 福建省科技厅高校产学研合作项目(2018N5001)  
作者简介: 林兴生(1973-), 男, 福建连城人, 副研究员, 主要从事菌草及其综合利用技术研究. E-mail: singelin@163.com  
通讯作者: 王泽辉. E-mail: wangzehuizuishuai@163.com

The metabolic pathways of glycerol metabolism were significantly different between G3 and G1. All the results indicated that there were significant differences in substance transformation and metabolites in different growth stages of *Tremella fuciformis*.

**Keywords:** *Tremella fuciformis*; Fresh juncao; Factory production; Matter transformation

# 1 引 言

银耳(*Tremella fuciformis* Berk.), 又称雪耳、白木耳, 有“菌中之冠”之称, 隶属于银耳科(Tremellaceae), 银耳属(*Tremella*)<sup>[1]</sup>, 在我国有悠久的食用历史, 现代医学研究证明银耳子实体中含有多糖、黄酮及氨基酸等多种成分, 其中银耳多糖为其重要的活性物质<sup>[2]</sup>. 常规人工栽培银耳的方式主要有段木栽培和代料栽培两种<sup>[3]</sup>. 1983 年福建农林大学林占熿研究员尝试以五节芒、类芦、芦苇等草本植物为主要原料栽培银耳等食药菌, 发明了菌草技术, 菌草定义为适宜栽培食药菌的草本植物, 菌草是一类新的草种类别, 是新型生物材料. 1989 年在福建省尤溪县用五节芒等野生菌草栽培银耳示范生产获得成功<sup>[4]</sup>. 2009 年开展鲜菌草栽培银耳的研究<sup>[5]</sup>, 取得重要进展, 表明鲜菌草栽培银耳可行, 利用鲜菌草栽培银耳利于可持续发展. 绿洲 1 号(*Arundo donax* cv. Lvzhou No. 1) 隶属于芦竹属, 种名未定, 是近年来培育推广的主要菌草之一.

气相色谱-质谱联用法(Gas Chromatography Quadrupole Time of Flight Mass Spectrometry, GC-MS)具有分离效果好、灵敏度高及易于定性定量分析等优点, 代谢组学是反应生物生理状态的重要工具<sup>[6-7]</sup>, 已在食用菌研究中广泛应用<sup>[8]</sup>, 张燕揭示了平菇多糖调节肝损伤病大鼠的液柠檬酸、苹果酸和 D-葡萄糖醛酸等代谢通路, 从而改善肝损伤大鼠症状, 具明显的保肝作用<sup>[9]</sup>. 李佳琪揭示刺芹侧耳栽培料中木质素的代谢产物关系到软木质单体合成、香豆素合成、丁香油酚合成等代谢途径<sup>[10]</sup>. 李翔从段木银耳、袋栽银耳中检测出 86 种挥发性成分, 证明段木银耳中相对含量最高的是乙酸, 袋栽银耳中相对含量最高的是正乙醛<sup>[11]</sup>. 银耳子实体生长, 需要香灰菌把培养料中大分子物质分解成小分子物质<sup>[12]</sup>. 培养料中只有在原基处既可检测到银耳菌丝, 又能检测到香灰菌<sup>[13]</sup>, 因此原基处是银耳生长过程中营养转化的重要部位. 目前关于银耳栽培中物质转化特性鲜有报道, 本文旨在通过 GC-MS 法研究鲜菌草工厂化栽培银耳不同生

长期原基处的物质转化特性, 为鲜菌草工厂化栽培银耳提供理论依据.

# 2 材料与方法

## 2.1 材 料

2.1.1 供试菌株 银耳 XY-04(A4) 菌株, 由福建省祥云生物科技发展有限公司提供.

2.1.2 供试配方 鲜菌草替代部分棉籽壳工厂化栽培银耳的培养基配方: 鲜绿洲 1 号菌草 55.5%、棉籽壳 15.5%、麦麸 28%、石膏 1%、含水量 58%, 鲜绿洲 1 号菌草采自福建农林大学尤溪洋中科教基地, 于配料前一天收割粉碎备用.

2.1.3 供试样品 在福建省祥云生物科技发展有限公司栽培车间内工厂化栽培银耳, 分别在菌丝生长期 G1(接种后 12 d)、原基分化期 G2(接种后 24 d)和子实体生长期 G3(接种后 36 d)三个生长期的培养基表面原基分化处取培养料采样, 迅速冻存样品, 每组样品 3 个重复.



图 1 G1、G2 和 G3 三个不同生长期长势图  
Fig. 1 Growth situation of *Tremella fuciformis* in three stages of G1, G2 and G3

2.1.4 主要仪器和试剂 Agilent 气相色谱-7890A, LEVO 质谱仪-PEGASUS HT, Agilent 色谱柱-DB, Thermo Fisher Scientific 离心机-Heraeus Fresco17, Thermo Fisher Scientific 超低温冰箱-Forma 900 series, Sartorius 分析天平-BSA124S-CW, Merck Millipore 纯水仪-明澈 D24 UV. 甲醇(Methanol), 氯仿(Chloroform), 吡啶(Pyridine), 甲氧铵盐(Methoxyaminatio hydrochloride), L-2-氯苯丙氨酸(2-Chloro-L-phenylalanine); BSTFA(with 1% TMCS, v/v); 饱和脂肪酸甲酯(FAMES).

2.2 方 法

2.2.1 样本提取 将样品混合均匀后取 100 mg 于 2 mL EP 管中,向管中先加入 1 000  $\mu$ L 预冷提取液(V 甲醇:V 水=3:1),混合均匀后加入 10  $\mu$ L 的内标溶液(L-2-氯苯丙氨酸),盖紧瓶盖放在涡旋混匀器上涡旋 30 s;向 EP 管中加入瓷珠,使用研磨仪在 35 Hz 条件下处理 4 min,超声 5 min,重复 3 次,全程在冰水浴中进行;将处理还得样本进行 4  $^{\circ}$ C 离心,离心条件为 10 000 r/rpm、15 min;取 200  $\mu$ L 上清液于转入新的 1.5 mL EP 管中;将装有上清液的 EP 管放入真空浓缩器中干燥提取物;从真空浓缩机中取出已经干燥好的提取物,向干燥后的代谢物加入 60  $\mu$ L 甲氧胺盐试剂(甲氧胺盐酸盐,溶于吡啶 20 mg/mL),轻轻混匀后,放入烘箱中 80  $^{\circ}$ C 孵育 30 min;孵育完成后,向每个样品中加入 80  $\mu$ L BSTFA(含有 1% TMCS, v/v),混合后放入烘箱中 70  $^{\circ}$ C 孵育 1.5 h;孵育结束后将样品上机检测。

2.2.2 GC-MS 检测 使用 Agilent7890 气相色谱仪和飞行时间质谱仪对样品进行 GC-TOF-MS 分析. 系统采用 DB-5MS 毛细管柱,1  $\mu$ L 样品均以无分裂方式注入. 以氦为载气,前入口吹扫流量 3 mL/min,通过柱的气体流量 1 mL/min. 初始温度保持在 50  $^{\circ}$ C 下 1min,然后以 10  $^{\circ}$ C/min 的速率提高到 310  $^{\circ}$ C/ min,然后在 310  $^{\circ}$ C 下保持 8 min. 进样口、传输线和离子源温度分别为 280  $^{\circ}$ C、280  $^{\circ}$ C 和 250  $^{\circ}$ C. 在电子冲击模式下,能量为-70 eV. 质谱数据在全扫描模式下获得, m/z 范围为 50~500,溶剂延迟 6.30 min 后,每 s12.5 光谱的速率.

2.2.3 数据处理与分析 使用 Chroma TOF 软件对质谱数据进行了峰提取、基线矫正、解卷积、峰积分、峰对齐等分析<sup>[14]</sup>,用 LECO-Fiehn Rtx5 数据库对代谢物质进行定性,包括质谱匹配和保留时间指数匹配<sup>[15]</sup>. 对处理后的数据进行主成分分析(Principal component analysis, PCA)、偏最小二乘法判别分析(Partial least squares discrimination analysis, PLS-DA)及正交偏最小二乘判别分析(Orthogonal PLS-DA, OPLS-DA),找出差异代谢物,通过匹配 KEGG Pathway、HMDB 和 Pub-Chem 等数据库得到差异表达代谢物的代谢通路信息.

3 结果与分析

3.1 总离子流色谱图

如总离子流色谱图所示,鲜菌草工厂化栽培银

耳三个不同生长期培养基中共检测到 1004 个峰,对质谱数据进行预处理后获得 737 个代谢特征峰,表明鲜菌草工厂化栽培银耳三个不同生长期的代谢物明显不同(图 2).

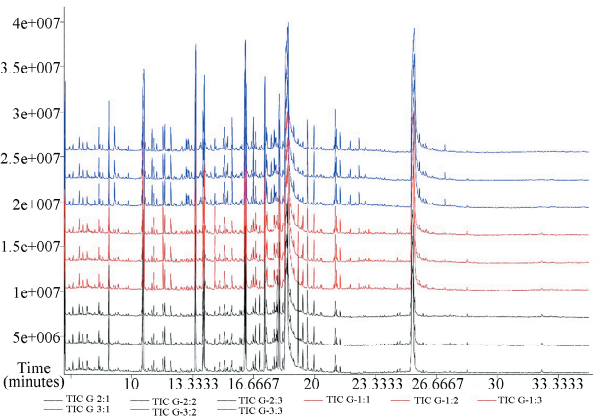


图 2 三个生长期样品 GC-TOF-MS 总离子流图  
Fig.2 GC-TOF-MS total ion current from 3 stages of samples

3.2 主成分分析(PCA)

不同生长期的原基处的代谢组主成分分析结果如图 3,反映了组内和组间的变异度,提高筛选差异代谢物的可靠性. 图中每个点代表一个样品,不同颜色代表不同组别,两种颜色符号的离散程度代表了两组样本在 PC1 和 PC2 轴上的分布趋势,两种颜色符号的离散程度越大,表明对应样品的代谢差异越明显. 不同生长期的样品分别落在自己的置信区间,位于图中的左右两侧,表明不同生长期样品的代谢差异较大,组内样品差异较小,表明同一生长期重复性好.

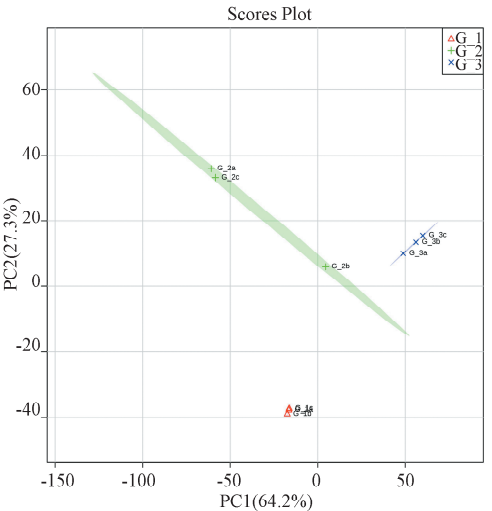


图 3 三个不同生长期样品的 PCA 得分图  
Fig.3 Score plot PCA model from 3 stages of samples

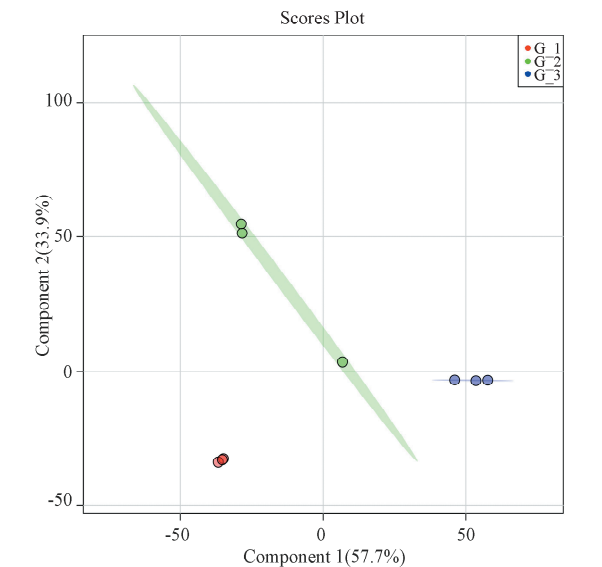


图 4 三个不同生长期样品的 PLS-DA 得分图  
Fig. 4 Score plot PLS-DA model from 3 stages of sample

3.3 偏最小二乘法判别分析(PLS-DA)

为更大程度反应组别之间的差异和挖掘代谢信息,采用偏最小二乘法判别分析法(Partial least squares discrimination analysis, PLS-DA)对数据进行分析,计算变量重要投影度(Variable Importance in the Projection, VIP),通过 VIP 值的大小来衡量不同的代谢物对不同样品影响大小和解释能力. 结果如图 4 所示,横坐标代表第一主成分得分,纵坐标代表正交主成分得分,从 PLS-DA 得分表明,不同组别之间都得到了很好的区分,验证了不同生长期存在着显著差异,样本全部都处 95% 置信区间内,可信度高.

3.4 正交偏最小二乘法判别分析(OPLS-DA)

OPLS-DA 比 PLS-DA 多一步正交换算,把模型分类不相关的信息过滤掉,以便最大化凸显模型组别之间的差异, OPLS-DA 的解释能力更强. 如图 5 所示,横坐标代表主要成分的得分值(Tp)主要反应组间的差异,纵坐标代表主要成分的正交得分值(TO)主要反映组内样品间的差异. 结果显示组内间差异较小,组间即不同生长期差异明显.

3.5 代谢物质相对含量计算以及差异代谢物筛选

3.5.1 内标参照与质量控制 样本中检测到物质的相对含量值以内标物质的质谱峰面积作为参照计算而来,内标物质为 L-2-氯苯丙氨酸溶液. 如表 1,一方面通过内标物质的响应情况判定检测仪器的稳定状况,在质谱上机过程中,共检测 10 例样本,其中第 1 例和第 10 例为重复样本,以重复样本中内标的稳定性判断检测过程中是否有系统偏差,

内标在重复样品中峰面积相对标准偏差(RSD)≤10%,说明仪器数据采集稳定,本次检测结果为 RSD 值为 1.07%,说明系统十分稳定;另一方面以内标物质作为后续样本中物质的相对定量参照,以内标物质的质谱峰面积作为参照,对质谱检测得到的下机数据质谱峰进行过滤,保留缺失值在实际样本中< 80%的峰值;对保留下来数据的缺失值进行最小值二分之一填补;然后利用每个样本的总离子流及内标物质的峰面积值进行数据归一化处理,得到各个检测物质的相对含量值.

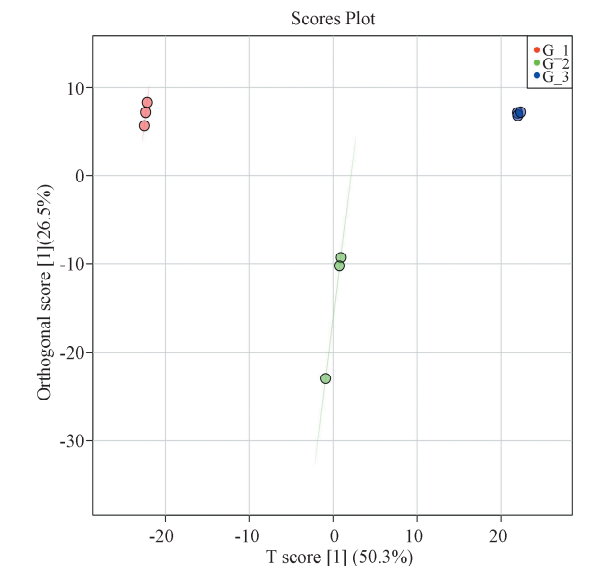


图 5 三个不同生长期样品的 OPLS-DA 得分图  
Fig. 5 Score plot OPLS-DA model from 3 stages of samples

表 1 内标参照及响应			
Tab. 1 Internal standard reference and response			
样本 1 质 谱峰面积	样本 10 质 谱峰面积	平均质谱 峰面积	峰面积相对 标准差 RSD
3 659 077	3 604 038	3 631 558	1.07%

3.5.2 代谢物贡献值评价和差异代谢物筛选 采用 PLS-DA 模型第一主成分的变量投影重要度(VIP)的大小来评价代谢物对模型的贡献值,VIP>1 表明数据对模型的贡献值高,差异性大,结合 t 检验中的 P 值,P<0.05 说明对模型的贡献值大. G2 与 G1 共有 426 种代谢物差异,其中 263 种物质呈现代谢下调,163 种物质呈现代谢上调,另有 163 种物质没有明显变化. G3 与 G2 共有 423 种差异代谢物,其中 185 种物质呈现代谢下调,238 种物质呈现代谢上调,另有 256 种物质没有明显变化. G3 与 G1 共 466 种差异代谢物,其中 242 种物质呈现代谢下调,204 种物质呈现代谢上调,另有



207 种物质没有明显差异. 根据 FC 的大小筛选得到三个不同生长期的代表性物质, 如表 2~4 所示.

表 2 G2 与 G1 差异代谢物分析  
Tab. 2 Analysis of G2 vs G1 differential metabolites

物质名称	中文名称	化学式	VIP	p-value	Log2(FC)	up/down
2-hydroxy-2-phenylacetic acid	2-羟基-2-苯乙酸	C <sub>8</sub> H <sub>8</sub> O <sub>3</sub>	1.155 3	0.002 554 1	-4.463 9	down
Sucrose	蔗糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.200 3	3.797 9e-05	2.885 9	up
Saccharic acid	糖二酸	C <sub>6</sub> H <sub>10</sub> O <sub>8</sub>	1.200 6	4.170 5e-05	-2.528	down
Arachidic acid	花生酸	C <sub>20</sub> H <sub>40</sub> O <sub>2</sub>	1.202 9	1.446e-05	1.851 8	up
6-phosphogluconic acid	6-磷酸葡萄糖酸	C <sub>6</sub> H <sub>13</sub> O <sub>10</sub> P	1.200 1	4.690 9e-05	1.640 8	up
Maltitol	麦芽糖醇	C <sub>12</sub> H <sub>24</sub> O <sub>11</sub>	1.199 3	5.972 2e-05	1.533 1	up
sulfuric acid	硫酸	H <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	1.204 2	6.835 4e-06	1.839 4	up
Purine riboside	嘌呤核糖苷	C <sub>10</sub> H <sub>12</sub> N <sub>4</sub> O <sub>4</sub>	1.203 0	1.487 2e-05	1.691 6	up
Elaidic acid	反油酸	C <sub>18</sub> H <sub>34</sub> O <sub>2</sub>	1.199 67	5.304 3e-05	1.118	up
beta-Hydroxymyristic aci	β-羟肌酸	C <sub>14</sub> H <sub>28</sub> O <sub>3</sub>	1.202 31	2.170 3e-05	1.737 8	up
Adenosine	腺苷	C <sub>10</sub> H <sub>13</sub> N <sub>5</sub> O <sub>4</sub>	1.194 8	0.000 159 29	0.455 4	up

表 3 G3 与 G1 差异代谢物分析  
Tab. 3 Analysis of G3 vs G1 differential metabolites

物质名称	中文名称	化学式	VIP	p-value	Log2(FC)	up/down
4-hydroxyphenylacetic acid	4-羟苯乙酸	C <sub>8</sub> H <sub>8</sub> O <sub>3</sub>	1.119 1	0.000 718 76	3.533 6	up
hydroxylamine	羟胺	NH <sub>3</sub> O	1.106 7	0.001 600 7	3.107 2	up
2-hydroxy-2-phenylacetic acid	2-羟基-2-苯乙酸	C <sub>8</sub> H <sub>8</sub> O <sub>3</sub>	1.054 8	0.008 886 1	-3.019	down
Geraniol	香叶醇	C <sub>10</sub> H <sub>18</sub> O	1.132 5	0.000 156 71	2.999 4	up
oxamic acid	草氨酸	C <sub>2</sub> H <sub>3</sub> NO <sub>3</sub>	1.130 7	0.000 189 26	-2.956 4	down
sucrose	蔗糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.039 9	0.012 248	-2.682	down
trehalose	海藻糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.008 3	0.020 317	-2.464 5	down
Phenyl beta-D-glucopyranoside	苯基 β-D-葡萄糖苷	C <sub>12</sub> H <sub>16</sub> O <sub>6</sub>	1.109 5	0.001 310 7	1.512	up
Maltose	麦芽糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.122 5	0.000 515 24	-1.470 4	down
3-hydroxypyruvate	3-羟基丙酮酸	C <sub>3</sub> H <sub>4</sub> O <sub>4</sub>	1.126 4	0.000 372 66	1.187 8	up
Noradrenaline	去甲肾上腺素	C <sub>8</sub> H <sub>11</sub> NO <sub>3</sub>	1.132 4	0.000 159 2	1.102 4	up

表 4 G3 与 G2 差异代谢物分析  
Tab. 4 Analysis of G3 vs G2 differential metabolites

物质名称	中文名称	化学式	VIP	p-value	Log2(FC)	up/down
hydroxyurea	羟基脲	CH <sub>4</sub> N <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	1.194 4	0.000 2	-4.863 7	down
hydroxylamine	羟胺	NH <sub>3</sub> O	1.174 1	0.001 2	3.178 6	up
terephthalic acid	对苯二酸	C <sub>8</sub> H <sub>6</sub> O <sub>4</sub>	1.159 4	0.002 6	3.074 7	up
glycerol	丙三醇	C <sub>3</sub> H <sub>8</sub> O <sub>3</sub>	1.008 7	0.038 2	-2.962 8	down
3-Cyanoalanine	3-氰丙氨酸	C <sub>4</sub> H <sub>6</sub> N <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	1.135 0	0.005 6	-2.962 4	down
noradrenaline	去甲肾上腺素	C <sub>8</sub> H <sub>11</sub> NO <sub>3</sub>	1.149 3	0.003 7	2.828 8	up
maltose	麦芽糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.169 1	0.001 276 8	-1.285 4	down
Thymol	麝香草酚	C <sub>10</sub> H <sub>14</sub> O	1.053 88	0.024 358	2.344 3	up
trehalose	海藻糖	C <sub>12</sub> H <sub>22</sub> O <sub>11</sub>	1.095 59	0.011 692	-2.016 7	down
Geraniol	香叶醇	C <sub>10</sub> H <sub>18</sub> O	1.121 47	0.007 574 7	1.811 5	up
Galactonic acid	半乳糖酸	C <sub>6</sub> H <sub>12</sub> O <sub>7</sub>	1.100 78	0.011 69	1.679 3	up
Glycolic acid	乙醇酸	C <sub>2</sub> H <sub>4</sub> O <sub>3</sub>	1.195 5	0.000 161 31	-1.209 1	down

### 3.6 代谢通路分析

为了进一步解释差异代谢物在银耳生长过程中可能的生物学功能,对已经筛选得到的差异代谢物进行代谢通路分析. 显著差异代谢物的路径分析气泡图如图 6 所示,结果表明,三个不同生长期代谢差异主要集中在脂肪酸合成,乙醛酸和二羧酸代谢及柠檬酸循环(TCA 循环)这三个代谢途径,在银耳生长的三个不同生长期存在明显的差异,除去这三个途径外,G2 与 G1 在不饱和脂肪酸合成途径存在明显差异,这可能与银耳菌丝二种形态的转变有密切的关系;G3 与 G2 在丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢途径存在差异,这可能与后期自身生长需要大量蛋白质和酶有密切关系;G3 与 G1 甘油酯代谢存在明显差异.

## 4 讨 论

在鲜菌草工厂栽培银耳过程中,菌丝生长期 G1(接种后 12 d)、原基分化期 G2(接种后 24 d)和子实体生长期 G3(接种后 36 d)是银耳栽培和生长发育的具有代表性的阶段,代表从营养生长到生殖生长的全过程,三个不同生长期的原基处代谢物质存在明显的差异,通过对三个生长期两两对比筛选,G2 比 G1 观察到 426 个显著差异代谢物特征峰;G3 比 G2 共发现 423 个显著差异代谢物特征峰;G3 比 G1 共有 466 个显著差异代谢物特征峰. 其中 G2 期与 G1 期的糖类(蔗糖、麦芽糖和海藻糖等)相对于 G3 期代谢上调,表明银耳在前期原基形成和子实体生长中需要大量的糖类物质供给,这也可能与银耳菌丝可利用单糖和双糖等简单的糖类作为主要的碳源,不能直接利用多糖和淀粉等大分子物质有关<sup>[1]</sup>. G3 期与 G1 期在脂肪类、萜类等挥发性物质含量增加,表现出代谢上调,间接表明银耳子实体内的萜类、芳香类物质的合成主要集中在子实体生长后期.

对差异代谢物进一步筛选和进行代谢通路进行匹配,发现三个不同生长期的差异途径主要集中在脂肪酸合成,乙醛酸和二羧酸代谢及柠檬酸循环(TCA 循环),其中脂肪酸代谢对维持细胞膜的完整结构<sup>[16]</sup>、为菌丝生长提供能量<sup>[17]</sup>和调节脂质代谢<sup>[18]</sup>有重要的作用;乙醛酸和二羧酸代谢是糖类物质和脂类物质的转化有重要的作用;柠檬酸循环在代谢中有核心的作用,糖类,氨基酸和脂肪都是柠檬酸循环的中间体<sup>[19-20]</sup>,并且可为呼吸链提供还原当量<sup>[21]</sup>,说明这三个代谢途径在原基处为原

基的形成和子实体生长提供重要的代谢物质. 除这三个途径外 G2 与 G1 在不饱和脂肪酸合成途径存在明显差异,这可能与银耳原基形成需有着密切的关系;G3 与 G2 在丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢途径存在差异,氨基酸类物质代谢的增加,伴随着氨基酸多肽的大量形成,以便合成蛋白质和酶提供给银耳子实体的生长;G3 与 G1 甘油酯代谢存在明显差异,这与后期子实体生长需要大量的胶状物质有密切的关系.

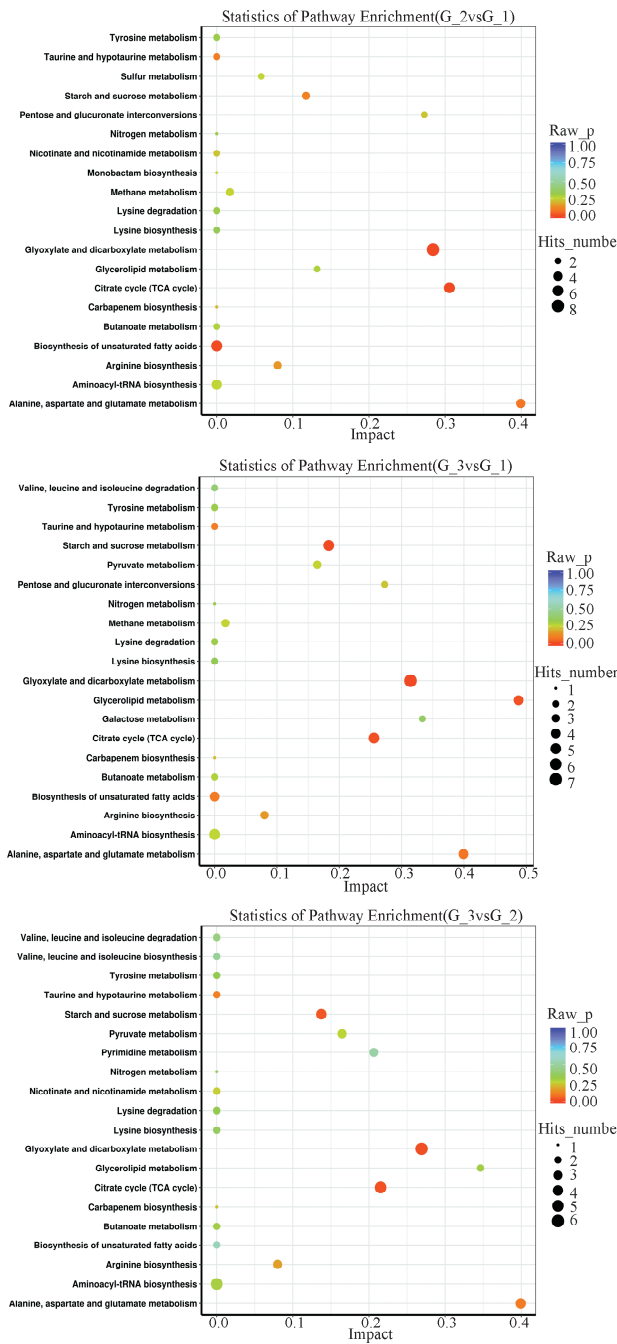


图 6 显著差异代谢物的路径富集分析气泡图  
Fig. 6 Bubble map of path enrichment analysis of Significant differences in metabolites

参考文献:

[1] 黄年来, 林志彬, 陈国良. 中国食药菌学[M]. 上海: 上海科学技术文献出版社, 2010: 183.

[2] 徐文清. 银耳孢子多糖结构表征、生物活性及抗肿瘤作用机制研究[D]. 天津: 天津大学, 2006.

[3] 徐文清, 高文远, 王月英, 等. 银耳多糖硫酸酯的合成及抗肿瘤作用的研究[J]. 中国药学杂志, 2007, 42: 630.

[4] 林占熹. 菌草学概论[M]. 北京: 中国农业出版社, 2019: 86.

[5] 项丽娟, 黄玉琴, 林占熹, 等. 温室菌草袋栽银耳技术研究[J]. 中国食用菌, 2013, 32: 19.

[6] 李谭瑶, 杨静玥, 范翔, 等. 气相色谱-质谱法测定新鲜食用蘑菇中 37 种脂肪酸[J]. 中国卫生检验杂志, 2017, 14: 2002.

[7] 殷朝敏, 范秀芝, 樊喆, 等. 14 种侧耳属食用菌干品挥发性香味成分分析[J]. 食品科学, 2018, 16: 240.

[8] Gehrmann T, Pelkmans J F, Ohm R A, *et al.* Nucleus-specific expression in the multinuclear mushroom-forming fungus *Agaricus bisporus* reveals different nuclear regulatory programs[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2018, 115: 381.

[9] 张艳, 李卉, 满成云, 等. 基于气相色谱质谱联用技术的平菇多糖治疗大鼠急性肝损伤的代谢组学研究[J]. 食品工业科技, 2018, 39: 303.

[10] 李佳琪, 陈颖君, 唐利华, 等. 刺芹侧耳栽培料及菌体中漆酶介体分子的挖掘[J]. 菌物学报, 2018, 37: 584.

[11] 李翔, 徐宏, 邓杰, 等. 不同栽培方法银耳挥发性成分的 HS-SPME/GC-MS 分析[J]. 中国食用菌, 2019, 38: 45.

[12] 徐碧如. 耳友菌促进银耳生长的研究[J]. 微生物学通报, 1983(1): 7.

[13] 刘福阳. 银耳与香灰菌互作关系的研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2010.

[14] Kind T, Wohlgemuth G, Lee D Y, *et al.* FiehnLib: mass spectral and retention index libraries for metabolomics based on quadrupole and time-of-flight gas chromatography/mass spectrometry[J]. *Anal Chem*, 2009, 81: 38.

[15] Dunn W B, Broadhurst D, Begley P, *et al.* Procedures for large-scale metabolic profiling of serum and plasma using gas chromatography and liquid chromatography coupled to mass spectrometry [J]. *Nat Protoc*, 2011, 6: 83.

[16] Henderson R J, Tocher D R. The lipid composition and biochemistry of freshwater fish [J]. *Prog Lipid Res*, 26: 281.

[17] 钱妤. 团头鲂幼鱼适宜生物素和泛酸需要量及其对脂肪酸代谢的影响研究[D]. 江苏南京: 南京农业大学, 2017.

[18] Frøyland L, Lie Ø, Berge R K. Mitochondrial and peroxisomal  $\beta$ -oxidation capacities in various tissues from Atlantic salmon *Salmo salar* [J]. *Aquacult Nutr*, 2000, 6: 85.

[19] Reynolds J, Wigneshweraraj S. Molecular Insights into the Control of Transcription Initiation at the *Staphylococcus aureus* *agr* operon [J]. *J Mol Biol*, 2011, 412: 881.

[20] Benito Y, Kolb F A, Romby P, *et al.* Probing the structure of RNA III, the *Staphylococcus aureus* *agr* regulatory RNA and identification of the RNA domain involved in repression of protein A expression [J]. *RNA*, 2000, 6: 668.

[21] 李晗. 柠檬酸循环调节金黄色葡萄球菌金黄色素的产生[D]. 上海: 第二军医大学, 2012.

引用本文格式:

中 文: 林兴生, 王泽辉, 马运龙, 等. 鲜菌草工厂化栽培银耳物质转化特性研究[J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2021, 58: 056001.

英 文: Lin X S, Wang Z H, Ma Y L, *et al.* Study on characteristics of matter transformation of *Tremella fuciiformis* in factory cultivation with fresh Juncao [J]. *J Sichuan Univ: Nat Sci Ed*, 2021, 58: 056001.