

基于高通量测序技术比较不同品种龙眼干化学特征与菌群组成变化

谢曦¹, 谢必新¹, 余威祥¹, 刘祎帆¹, 林小智¹, 吴珂仪¹, 刘东杰¹, 肖更生^{1*}, 王琴^{1,2*}

(1. 仲恺农业工程学院轻工食品学院, 广东广州 510225)

(2. 岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心, 广东茂名 525000)

摘要: 该研究以4种龙眼干为材料, 通过高通量测序技术构建了龙眼干中微生物菌群的基因组文库, 分析果肉组织微生物在各水平上的群落结构及丰度信息, 评估微生物群落多样性, 分析龙眼干样品微生物菌群与其特征化学指标相关性。结果发现, 4个品种龙眼干果胶含量范围为7.21~10.62 mg/g, 凤梨穗龙眼干维生素C含量和总糖含量最高, 分别为4.25 mg/100 g、116.89 mg/g。储良龙眼干可滴定酸含量为0.061%, 泰国和凤梨穗龙眼干的可滴定酸含量相近。微生物菌群多样性分析指出, 菌群组成与相对丰度在不同品种中存在差异, 如变形菌门在泰国和凤梨穗龙眼干上含量较高, 分别占65.35%和64.89%, 而厚壁菌门在木眼(51.36%)和储良龙眼干(46.78%)上相对含量更高。相关性分析指出, 不同龙眼干的含水量、维生素C和含糖量对微生物群落多样性影响较大, 可滴定酸对细菌的多样性和数量的作用相对较小。该实验为龙眼干的加工品种选择和储存提供了重要参考依据, 为龙眼干产品的加工工艺与质量管理提供研究理论基础。

关键词: 龙眼干; 微生物菌群组成; 相对丰度; 特征化学成分; 相关性分析

文章编号: 1673-9078(2025)11-242-250

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2025.11.1100

Comparative Analysis of Changes in the Chemical Characteristics and Microbial Community Composition of Different Varieties of Dried Longans Based on High-throughput Sequencing Technology

XIE Xi¹, XIE Bixin¹, YU Weixiang¹, LIU Huifan¹, LIN Xiaozhi¹,

WU Keyi¹, LIU Dongjie¹, XIAO Gengsheng^{1*}, WANG Qin^{1,2*}

(1. College of Food Science and Technology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China).

(2. Maoming Branch, Guangdong Laboratory for Lingnan Modern Agriculture, Maoming 525000, China)

Abstract: In this study, four varieties of dried longan were used as the research materials, a genomic library of the microflora in dried longans was constructed by high-throughput sequencing technology. The community structure and abundance

引文格式:

谢曦, 谢必新, 余威祥, 等. 基于高通量测序技术比较不同品种龙眼干化学特征与菌群组成变化[J]. 现代食品科技, 2025, 41(11): 242-250.

XIE Xi, XIE Bixin, YU Weixiang, et al. Comparative analysis of changes in the chemical characteristics and microbial community composition of different varieties of dried longans based on high-throughput sequencing technology [J]. Modern Food Science and Technology, 2025, 41(11): 242-250.

收稿日期: 2024-07-30; 修回日期: 2024-08-30; 接受日期 2024-09-02

基金项目: 广东省科技计划项目(2021B07070100004; 2023B020250001)

作者简介: 谢曦(1988-), 女, 博士, 讲师, 研究方向: 微生物发酵, E-mail: xixie31@hotmail.com

通讯作者: 王琴(1973-), 女, 博士, 教授, 研究方向: 果蔬加工, E-mail: wangqin@zhku.edu.cn; 共同通讯作者: 肖更生(1965-), 男, 教授, 研究方向: 果蔬加工, E-mail: gshxiao@aliyun.com

of microorganisms in longan's flesh tissues were analyzed at various levels, and the diversity of microbial communities, and the correlation between the microbial community of dried longan samples and their characterized chemical indicators was analyzed. The results showed that the pectin content of the four varieties of dried longan ranged from 7.21 mg/g to 10.62 mg/g. The highest contents of vitamin C and total sugar were found in the Feng Li Sui longan variety, containing 4.25 mg/100 g and 116.89 mg/g, respectively. The titratable acid content was 0.061% for the Chu Liang longan variety, while the Thai and Feng Li Sui longan varieties had similar titratable acid content. The diversity analysis of microbial flora indicated the differences in the community composition and relative abundance of the microbial flora among the different varieties of dried longan. For example, the abundance of Proteobacteria was relatively high in the Thai and Feng Li Sui longans, accounting for 65.35% and 64.89% respectively, whilst Firmicutes was more abundant in the Mu Yan (51.36%) and Chu Liang (46.78%) longan samples. The correlation analysis showed that the moisture, vitamin C and sugar contents had greater effects on the diversity of microbial communities, whilst the level of titratable acid had a relatively small effect on the diversity and quantity of bacteria in the dried longan samples. This experiment provides an important reference basis for the selection of dried longan varieties for processing and storage, and offers a theoretical basis for the processing and quality control of dried longan products.

Key words: *Dimocarpus Longana* Lour; microflora composition; relative abundance; characteristic chemical composition; correlation analysis

龙眼 (*Dimocarpus longana* Lour) 属于无患子科龙眼属常绿果树^[1]。因其果实具有较高的药食同源价值而备受消费者喜爱^[2]。龙眼具有降低血糖、抗氧化、抗衰老作用^[3]，同时可以作为免疫调节剂在调节免疫细胞增殖等方面发挥巨大优势^[4]。在中国，龙眼主要种植在广东、广西、海南和福建等地，在种植面积和总产量方面上始终占据全球领先地位^[5]。

龙眼成熟期集中在7月~9月，在高温、高湿环境下，采后的龙眼呼吸强度高，生理代谢旺盛，易导致果实品质下降^[6]。龙眼采收后易出现脱水萎缩、外皮开裂以及重量减轻的现象^[7,8]。此外，龙眼的果肉在短时间内会变得柔软，并释放出汁液，这种现象被命名为“自溶”^[9]。这些变化极大影响了龙眼采后果实的品质和商品经济价值，同时限制了其储藏和长途运输，造成采后严重损失。因此，对龙眼进行加工，包括冷冻、干制（烘干、冻干）以及发酵等处理，可以生产出多种形式的加工制品，有效提高龙眼的利用率并减少经济损失。

烘干是龙眼最常见的一种加工方式。通过烘烤、热风干燥、微波真空干燥等方式使龙眼中自由水流失，体积减小，同时抑制酶活性，有效减缓了龙眼腐败的速度，从而延长了其保存时间^[10]。龙眼干虽较耐贮藏，但在运储和加工等过程中可能会受到微生物的污染，对龙眼干的保存造成威胁并导致一系列的食品安全问题^[11]。前期研究可知，果干的贮藏受到多个因素影响，包括贮藏环境、种植地区、加工方式、品种以及特征性化学物质含量等^[12,13]。其中，不同品种水果的特征性化学物质含量与微生物丰度和种类呈现密切相关

性。Sajad 等^[14]研究了不同水果干中微生物的含量，发现微生物尤其是大肠杆菌、沙门氏菌等在果干中的含量与其化学物质含量有一定的相关性。Ugbogu 等^[15]分析了三种果汁的化学指标和微生物含量，发现维生素C含量与假丝酵母和粪肠球菌的含量呈负相关，证明不同水果或者不同品种水果的化学物质包括维生素C、有机酸和酚类物质等有一定程度能抑制微生物正常生长。龙眼因品种不同，其中的化学物质组成和含量不同，所以利用不同品种龙眼制作的果干其微生物群落与丰度也会有一定的差异。通过评估分析龙眼干中典型微生物的作用，可深入了解微生物对龙眼干保存和食用的影响。该研究旨在探讨不同品种龙眼干中的微生物种群结构及其特征化学参数之间的联系，从而分析挑选出适宜加工为干制品的龙眼品种，为优化龙眼干的储存技术提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 原料

4个龙眼品种，包括：泰国龙眼（Thai, TG）、凤梨穗龙眼（Feng Li Sui, FLS）、木眼龙眼（Mu Yan, MY）和储良龙眼（Chu Liang, CL）收集于广东省和福建省。在果实达到成熟状态时，采摘成熟度一致的完整果穗，剔除腐烂、病虫害、机械损伤和畸形的果实。挑选若干外观一致、无机械损伤的果实，用无菌水冲洗龙眼果壳表面浮尘3次后用滤纸擦干水分，放入烘干机进行干燥处理。经过烘干处理的龙眼果肉存放在干燥、阴凉的环境中以恢复其原有的弹性和柔软

性。在龙眼干回软之后,将其剥壳并将果肉粉碎成粉末,以备后续的样品测试使用。

1.2 主要仪器设备

SPX-250 生化培养箱,江苏新春兰科学仪器有限公司;SHA-BAB 数显冷冻水浴恒温振荡器,北京佳航博创科技有限公司;UV-1500 紫外/可见分光光度计,上海美析仪器有限公司;LDZF-50L-I 立式高压蒸汽灭菌器,上海顺仪实验设备有限公司;YP5002 电子天平,厦门金测电子科技有限公司;DHG-9075A 鼓风干燥箱,上海合恒仪器设备有限公司;BCD-214 冷藏柜,海信容声(广东)冷柜有限公司;H1650-W 低速大容量离心机,贝克曼库尔特国际贸易(上海)有限公司;P3PC 紫外可见分光光度计,上海美谱达仪器有限公司;FW80 粉碎机,深圳济通科技发展有限公司;SY-120 超声波清洗机,上海微弥科技有限公司;NovaSeq6000 测序仪,美国 Illumina 公司。

1.3 试验方法

1.3.1 龙眼干样品中特征化学指标的测定

称取 5 g 切碎的龙眼干置于已达到恒重的铝制容器中,采用 105 °C 的直接干燥法以测定其水分含量。将龙眼干研磨成粉末密封包装,并根据不同试剂盒的要求进行化学指标测定。每个品种随机选取 20 个样品进行指标测定,分别测定龙眼干的总糖含量、可滴定酸含量、维生素 C 含量和果胶含量等 4 项指标。

1.3.2 龙眼干样品微生物菌群的测定

龙眼干样品的微生物菌群检测由武汉康圣达医学检验所有限公司进行。采用特定的脱氧核糖核酸(Deoxyribonucleic Acid, DNA)提取试剂盒对微生物基因组 DNA 进行提取和电泳分析,随后根据预设的测序区域合成带有条形码的特异性引物,对样本的指定区域进行三次重复的聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)扩增,每个 PCR 反应在其线性扩增阶段终止。将相同样本的 PCR 产物混合后进行电泳检测,并利用胶回收试剂盒回收 PCR 产物,使用 TE 缓冲液洗脱获得目标 DNA 片段。依据电泳初步检测结果,采用 Qubit 2.0 对 PCR 回收产物进行定量分析,随后根据每个样本的测序需求按比例进行混合。最后使用适配于 Illumina 测序仪的文库构建试剂盒进行文库构建,采用 PE250 测序方案,并利用 Illumina 公司的 NovaSeq 6000 SP Reagent Kit V1.5 进行测序^[16]。经过拼接和过滤的原始测序数据,最终获得可供后续分析的高质量目标序列。

1.3.3 龙眼干样品微生物菌群及其与特征化学指标相关性分析

通过对龙眼干中微生物的原始测序数据进行拼接和过滤,获得高质量的有效数据。在此基础上,进行操作分类单元(Operational Taxonomic Units, OTU)的聚类分析及微生物群落分类研究。通过对微生物 OTU 的分析,获取群落注释及丰度数据,并绘制韦恩图、丰度聚类图和聚类热图等。利用测序获得的微生物群落数据,分析不同分类层级(如门、纲、目、科、属、种)的微生物菌群多样性,从而进一步探讨龙眼干中微生物群落丰度与其特征化学指标之间的相关性。

1.3.4 实验数据处理

进行三次平行实验测定,利用 Microsoft Excel 2020 与 Origin 2019 软件对实验数据进行分析处理及图表绘制。这些数据以平均值形式呈现,并利用 R 语言绘制了微生物菌群的分析图和热图。

2 结果与讨论

2.1 龙眼干样品中特征性化学指标的测定

4 种龙眼干样品中含水量、可滴定酸含量、维生素 C 含量、总糖含量、果胶含量的测定数据如表 1 所示。其中,含水量范围是 5.28%~7.30%。凤梨穗龙眼干维生素 C 含量和总糖含量最高,分别为 4.25 mg/100 g、116.89 mg/g。储良龙眼干可滴定酸含量为 0.06%,泰国龙眼和凤梨穗的可滴定酸含量相近。4 个品种果胶含量范围为 7.21~10.62 mg/g,含量相近。从龙眼干理化分析结果可知,不同品种龙眼干的含水量、维生素 C 含量、总糖含量和果胶含量差异较为明显,可能是不同品种龙眼之间的水分含量和可溶性固形物化学成分存在着明显变化导致的^[13,17]。每个品种的遗传背景不同,导致其果实化学成分存在差异^[18]。同时,这些差异也可能来源于龙眼生长环境。土壤的肥沃程度和矿物质含量也会对龙眼的营养成分产生影响。土壤中丰富的矿物质能够促进龙眼的生长,增加其维生素 C 含量和总糖含量,不同品种的遗传特性也是影响其化学成分的重要因素。综上所述,不同品种龙眼干的化学成分差异是多种因素共同作用的结果。

2.2 不同品种龙眼干的细菌基因组文库构建与 α 多样性分析

α 多样性分析用于评估不同品种龙眼干组织中细菌群落的丰度与多样性。其中,Chao1 指数作为物种丰度的度量,能够估算样本的物种丰富度,Chao1 值

越高表明样本中物种的预估总数越高; Shannon 指数和 Simpson 指数则用于衡量物种多样性, 其中 Shannon 指数越高意味着物种多样性更丰富, 而 Simpson 指数则呈现相反的趋势。结果(表 2)表明, 在四种龙眼干细菌基因组文库中, 不同品种龙眼的细菌群落在丰度与多样性方面存在显著差异, 在 MY 和 TG 的样本中, 细菌的 Chao1 指数(197.76 和 158.11)相对较高, 并且细菌的数量也相对较多, 但都远低于荔枝、凉果及发酵果蔬中微生物中的 Chao1 指数^[19-21], 这可能是由于干制后的龙眼含水量低, 微生物难以生长。从 PD 指数可以看出, 木眼样本中的细菌分布较为均匀, 而 Shannon 指数和 Simpson 指数则揭示了四种龙眼干样本都展现出了较高的细菌多样性, 尤其是 MY 样本中的细菌多样性最为丰富。

2.3 不同品种龙眼干中细菌菌群组成及差异性分析

2.3.1 基于门水平的不同品种龙眼干细菌组成结构

分析 4 组龙眼干样本门水平相对丰度排名前 20 的菌群, 绘制比例柱形图, 不同颜色代表不同的菌群构成。如图 1a 所示, 分析门水平细菌组成结构可知, 变形菌门(Proteobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)是 4 个品种中的优势菌群, 其次为拟杆菌门(Bacteroidetes), 放线菌门(Actinobacteria)。对各组样品的优势菌群对比分析发现, 在样本 TG 中变形菌门的相对丰度达到了最高水平, 相对丰度依次为 TG(65.35%)>FLS(64.89%)>CL(43.52%)>MY(29.91%); 厚壁菌门优势菌群在 MY 中相对丰度最高达 51.36%, 相对丰度依次为 MY(51.36%)>CL(46.78%)>FLS(27.57%)>TG(25.75%), 互养菌门(Synergistetes)和酸杆菌门(Acidobacteria)

所能检测到的含量在 4 个品种中相对较少。

2.3.2 基于纲水平的不同品种龙眼干细菌组成结构

4 组龙眼干样本纲水平相对丰度变化如图 1B 所示, 相对丰度均>1%的优势菌群共 5 个, 分别为 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria), 芽孢杆菌纲(Bacilli), 梭菌纲(Clostridia), 拟杆菌纲(Bacteroidia), α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)。其中, γ -变形菌纲在 TG 品种中相对丰度最大, 达 61.21%; 在 MY 相对丰度最小, 为 25.05%; 在 FLS 和 CL 中分别为 58.09%、40.03%。芽孢杆菌纲在 CL 品种中相对丰度最高, 达 41.80%。相对丰度依次为 CL(41.80%)>MY(31.32%)>FLS(24.73%)>TG(21.88%)。

2.3.3 基于目水平的不同品种龙眼干细菌组成结构

如图 1c 所示在目分类水平上, 不同品种龙眼干组织中相对丰度前 8 的优势菌群分别为肠杆菌目(Enterobacteriales), 芽孢杆菌目(Bacillales), 假单胞菌目(Pseudomonadales), 梭菌目(Clostridiales), β -变形菌目(Betaproteobacteriales), 拟杆菌目(Bacteroidales), 乳酸菌目(Lactobacillales), 黄杆菌目(Sphingomonadales), 相对平均丰度分别为 28.92%、27.07%、10.51%、7.17%、4.73%、3.70%、2.86%、2.85%、1.28%、1.25%。在目分类水平上, 肠杆菌目在 TG(31.39%)、FLS(36.90%)和 CL(34.17%)3 组样品中差异不明显, 但 MY 组中含量最少, 仅为 13.24%。芽孢杆菌目在 4 个品种中丰度依次为 CL(39.25%)>MY(28.08%)>FLS(23.52%)>TG(17.43%)。相对其他 3 个品种, 假单胞菌目在 CL 中的丰度最低, 仅为 1.06%。梭菌目在 MY 中丰度最高, 达 18.81%。剩余目在 4 个龙眼干品种中比例相近。

表 1 不同龙眼干中特征化学指标的测定结果

Table 1 Determination of characteristic chemical indexes in different dried longans					
龙眼名称	含水量/%	可滴定酸含量/%	维生素 C 含量/(mg/100 g)	总糖含量/(mg/g)	果胶含量/(mg/g)
泰国	7.30 ± 0.81 ^a	0.03 ± 0.00 ^b	2.45 ± 0.23 ^b	104.32 ± 1.34 ^{bc}	7.21 ± 1.36 ^b
凤梨穗	5.30 ± 0.76 ^{ab}	0.03 ± 0.00 ^b	4.25 ± 0.18 ^a	116.89 ± 2.48 ^a	10.62 ± 1.25 ^a
木眼	5.28 ± 1.02 ^{ab}	0.01 ± 0.00 ^c	2.70 ± 0.13 ^b	107.77 ± 1.85 ^b	8.12 ± 1.65 ^{ab}
储良	6.80 ± 1.36 ^a	0.06 ± 0.00 ^a	1.97 ± 0.36 ^{bc}	102.22 ± 1.28 ^c	7.76 ± 1.22 ^b

注: 数据均以均数 ± 标准误表示, n=20。同一组标注相同的小写字母表示无显著差异, 实验结果的统计分析采用单因素方差分析(P<0.05)。

表 2 不同龙眼干中细菌群落 α -多样性分析结果

Table 2 Results of α -diversity analysis of bacterial communities in different dried longans					
龙眼名称	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	PD 指数	Coverage rate/%
泰国	158.11	2.86	0.85	14.82	97.34
凤梨穗	130.79	2.27	0.68	13.55	98.67
木眼	197.76	3.49	0.88	16.85	97.95
储良	129.28	0.67	0.71	10.68	98.05

2.3.4 基于科水平的不同品种龙眼干细菌组成结构

分析科水平图 1d 的不同品种龙眼干菌群相对丰度可知, TG 和 FLS 的优势菌群基本一致, 为肠杆菌科 (Enterobacteriaceae), 芽孢杆菌科 (Bacillaceae), 假单胞菌科 (Pseudomonadaceae), 玫瑰单胞菌科 (Rhodocyclaceae), 其在 TG 中相对丰度分别为 31.39%、17.18%、20.06%、4.12%, 在 FLS 中相对丰度分别为 36.90%、23.47%、10.92%、4.52%。MY 的优势菌群种类较多, 相对丰度分别为芽孢杆菌科 27.98%, 肠杆菌科 13.24%, 假单胞菌科 8.37%, 瘤胃球菌科 (Ruminococcaceae) 7.79%, 拟杆菌科 (Bacteroidaceae) 7.58%, 毛螺菌科 (Lachnospiraceae) 5.54%, 而 CL 中优势菌群以肠杆菌科 (34.15%) 和芽孢杆菌科 (39.04%) 为主。

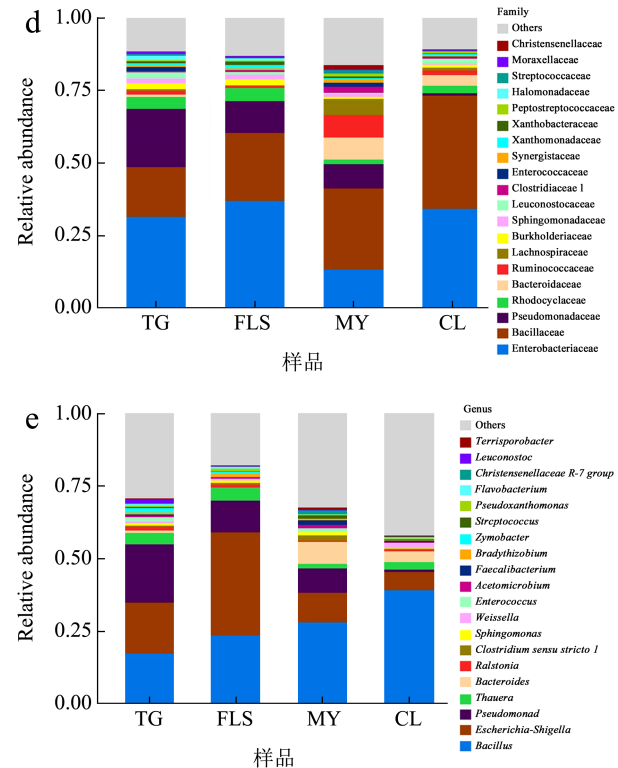
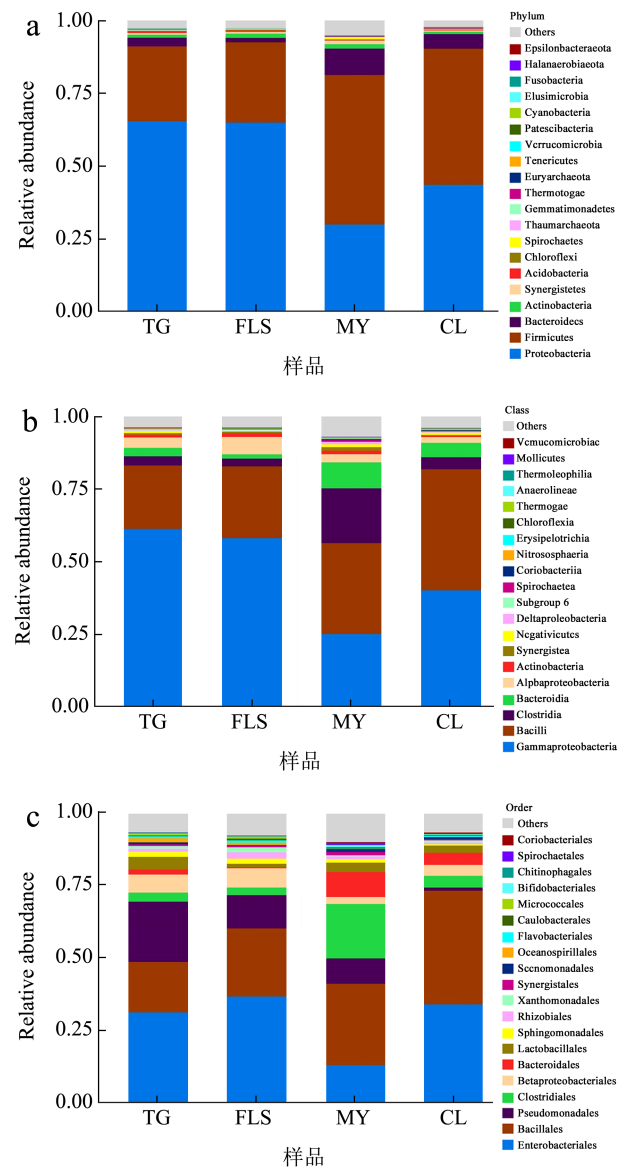


图 1 龙眼干中不同水平 (门、纲、目、科、属, a~e) 细菌的群落结构组成成分

Fig.1 Analysis of the composition of community structure of bacteria at different levels (Phylum, Class, Order, Family and Genus, a~e) in dried longans

2.3.5 基于属水平的不同品种龙眼干细菌组成结构

如图 1e 在属分类水平上, TG、FLS 和 MY 三个龙眼干组织中的优势菌群归属于杆菌属 (*Bacillus*), 大肠埃氏菌属 - 志贺氏菌属 (*Escherichia-Shigella*), 假单胞菌属 (*Pseudomonas*)。CL 龙眼干组织中的优势菌群归属于杆菌属, 大肠埃氏菌属 - 志贺氏菌属。杆菌属在 4 个龙眼干品种的相对丰度依次为 CL (39.01%) > MY (27.93%) > FLS (23.47%) > TG (17.18%), 大肠埃氏菌属 - 志贺氏菌属相对丰度在 FLS 中最高, 达 35.46%, 而在 CL 中仅有 6.28%。TG、FLS 和 MY 三组龙眼干中的假单胞菌属相对丰度依次为 20.06%、10.92%、8.37%, 在 CL 中只有 0.82%

通过对细菌群落结构及其多样性的分析, 发现不同龙眼干中的微生物多样性和丰度是由其遗传背景以及外部环境因素共同决定的^[22-24]。品种间的基因差异对微生物群落的结构和相对丰度产生了影响, 推测不同微生物与龙眼之间形成了相对稳定的共生关系。变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和放线菌门是这四个品种中占主导地位的微生物群落。厚壁菌门的细菌大多

数具有形成芽孢的能力,能够在低水分和高渗透压的环境中存活,这种现象也在一些凉果和果干中存在^[19]。而变形菌门细菌功能更为复杂,其中 γ -变形菌纲细菌,如肠杆菌科、弧菌科(Vibrionaceae)和假单胞菌科可能是食源性疾病的致病菌,需要在后续检测时进一步分离检测确定这些微生物是否影响食品安全并加以控制^[25,26]。

2.4 不同品种龙眼干样品微生物群落比较

为探讨不同品种龙眼干样本中细菌的 OTU 组成相似性,绘制了韦恩图以展示各样本之间的共享与独特 OTU,结果见图 2a。韦恩图显示了不同品种龙眼干中微生物组成特征,所有四个样品共同拥有的 OTU 数量为 44, 占总数的 69.82%, 表明这些菌群在四个样品中是高度共享的,可能是一些核心微生物菌群。其中,4 种不同龙眼干中细菌特有 OTU 个数分别为 TG(277)、FLS (257)、MY (536)、CL (266)。MY 样品中的独特 OTU 比例最高 (7.12%), 表明其微生物菌群结构与其他样品有显著差异。此外, TG 和 CL 样品之间具有 24 个共享 OTU (4.17%), 具有较高的相似性。

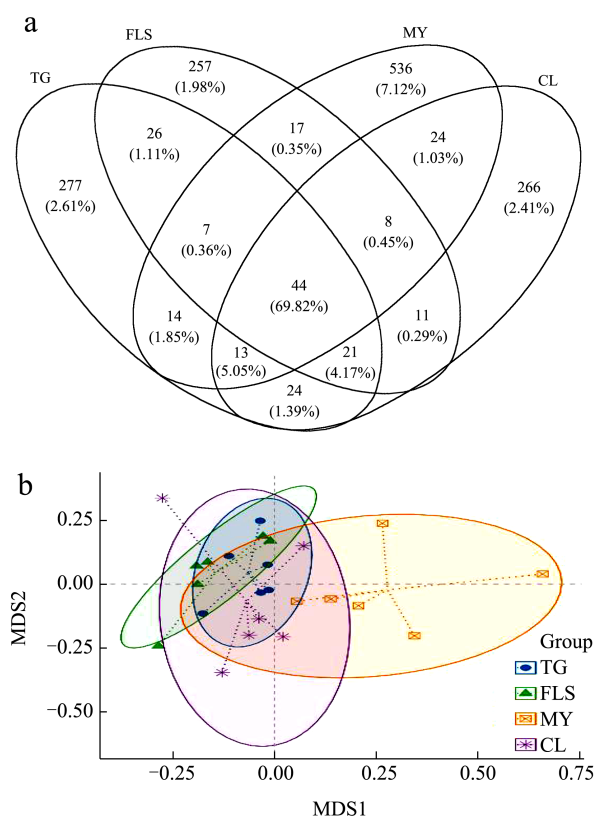


图2 不同品种龙眼干中基于 OTU 水平的细菌韦恩图分析和基于属水平的细菌群落 NMDS 结果

Fig.2 Bacterial Wayne diagram analysis based on OTU level and NMDS results of bacterial community based on genus level in different varieties of dried longans

非度量多维标度 (Nonmetric Multidimensional Scaling, NMDS) 是一种数据分析技术,通过将高维空间中的样本简化至低维空间,以便于对其进行定位、分析与分类,同时保留样本之间的原始相互关系^[27]。计算样本间的距离来反映其差异程度,距离越小则表明样本之间的相似性越高。基于属分类水平,不同品种龙眼干中细菌及真菌的 NMDS 分析结果见图 2b。结果分析可知, TG、FLS 和 CL3 组龙眼干品种的样品距离较近,说明这 3 组样品中微生物群落组成相似,而 MY 组样本离与其他 3 组距离较远,说明 MY 的菌组成与其他三组组成有一定的差异。

为了深入探讨不同龙眼品种龙眼干中细菌群落的相似性与差异性,选择了相对丰度排名前 50 属的均值数据进行聚类热图分析,从物种和组两个维度进行了分类,并将其绘制为热图 (图 3)。在某一分类中,样品的 Z 值被定义为该样品在该分类中的相对丰度与所有样品在同一分类的平均相对丰度之差与所有样品在该分类中的标准差之比。根据聚类分析热图,将 $Z > 1$ 的物种界定为优势菌属。通过热图的颜色深浅可以分析不同样品及其分组样品之间的微生物群落组成差异。四个龙眼干分组样品的属水平微生物群落结构表现出显著的差异,各组的微生物群落组成及其优势菌属互不相同。根据聚类情况可知, TG 和 FLS 组显示出相似的菌群丰度图谱,而 CL 和 MY 的菌群组成特异性较大。TG 组中特异性富集微生物为:明串珠菌属 (*Leuconostoc*)、普雷沃特菌属 (*Prevotella*); FLS 组中特异富集微生物有:博斯氏菌属 (*Bosea*)、苯基杆菌属 (*Phenyllobacterium*)、奥托氏菌属 (*Ottowia*)、黄单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*); MY 组特异性富集的微生物有:醋微菌属 (*Acetomicrobium*)、密螺旋体属 (*Treponema*)、梭状芽孢杆菌属 (*Clostridium*)、肠杆菌属 (*Enterobacter*)、瘤胃球菌属 (*Ruminococcaceae*)、毛螺菌属 (*Lachnospiraceae*)、良菌属 (*Agathobacter*)、肠道核心菌属 (*Eubacterium*)、双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*)、克里斯滕氏菌属 (*Christensenellaceae*)、罗斯布里亚菌属 (*Roseburia*); CL 组中特异富集芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、魏斯氏菌属 (*Weissella*)。结合前期数据发现, TG 组中特异性积累的明串珠菌属和普雷沃特菌属,前者在食品发酵过程中常见^[28,29],可能对龙眼干果的风味和质地有积极影响,而后者则与肠道健康相关,可能在食用后有助于肠道菌群平衡^[30]。相比之下, FLS 组中富集的博斯氏菌属、苯基杆菌属和奥托维亚菌属等菌群,这些菌群及其代谢产物可能对龙眼干果的抗氧化性和抗菌性能有所贡献。假黄单胞菌属等菌群的存在,可能与龙

眼干果的色泽和质地变化有关，这些菌群的代谢产物可能对果肉的颜色保持和质地柔软度有影响。

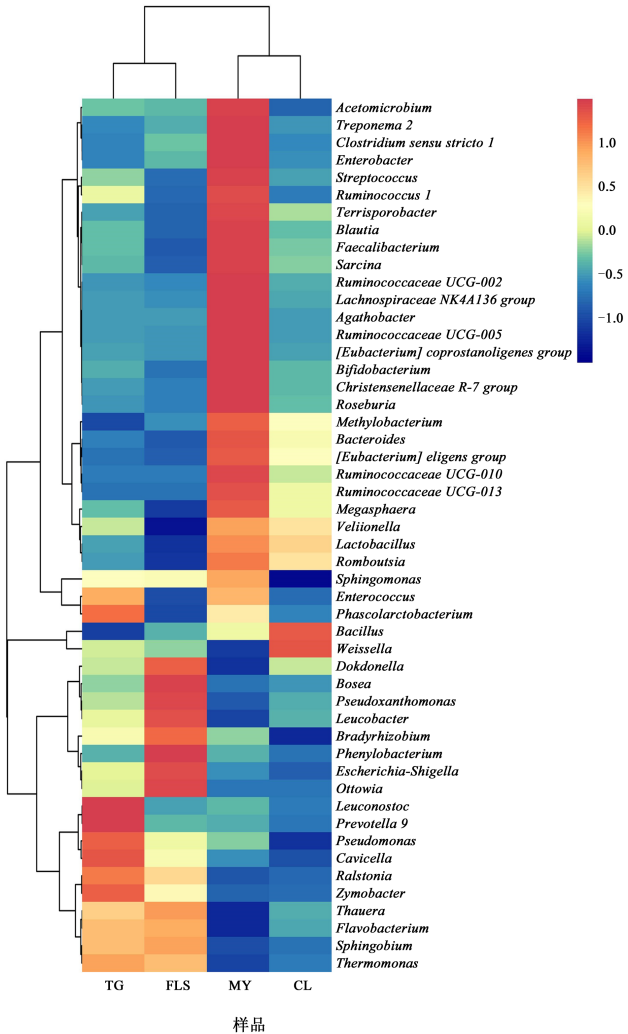


图 3 基于属水平细菌群落物种相对丰度聚类热图

Fig.3 Heat map for clustering relative abundance of bacterial community species based on genus level

MY 组和 CL 组的菌群特征则显示出不同的生态功能与可能的应用价值。值得注意的是，MY 组中特异性积累的菌群主要为肠道核心菌属、双歧杆菌属、克里斯滕氏菌属、罗斯布里亚菌属、瘤胃球菌属等益生菌属，能够发酵多糖类物质生成短链脂肪酸，如丁酸和乙酸等。这些短链脂肪酸对肠道上皮细胞的增殖及肠道屏障功能的改善具有积极影响，同时表现出抗炎特性，对肠道健康发挥着重要作用，有助于提高龙眼干果的保健价值^[31,32]。而醋微菌属在厌氧环境中具有较强的代谢功能，可能在龙眼干果中发酵导致腐败变质。CL 组中特异性富集的芽孢杆菌属，抗菌特性强，能够抑制病原菌的生长，对龙眼干果的防腐和保鲜有

积极作用^[33]。综上，不同品种龙眼干果中的细菌菌群不仅在种类和丰度上存在显著差异，这些菌群的生态功能和代谢特性也对龙眼干果的品质和保健价值产生了一定的影响。未来研究可以进一步探讨这些菌群在龙眼干果加工和储存中的具体作用机制，以及如何利用这些菌群优化龙眼干果的生产工艺，以提升其市场竞争力和消费价值。此外，深入研究这些细菌菌群的代谢产物和相互作用，还可能为其他果干类食品的生产提供借鉴。

2.5 不同品种龙眼干中细菌菌群与特征化学指标的相关性分析

为探讨龙眼干中的微生物菌群与特征化学指标之间的关系，实验选取了丰度排名前 50 的不同分类层级（包括门、纲、目、科、属）的细菌，并基于细菌种类、丰度以及特征化学指标（如水分含量、维生素 C 含量、可滴定酸含量、果胶含量和总糖含量）进行了 Spearman 相关性分析，绘制了图 4。通过细菌门级别的分析（图 4a），发现绿弯菌门（Chloroflexi）与维生素及总糖之间存在较强的正相关关系，骸骨菌门（Patescibacteria）与含水量呈极显著正相关（ $P<0.01$ ），疣微菌门（Verrucomicrobia）与含水量呈明显正相关。而放线菌门（Actinobacteria）和互养菌门（Synergistetes）与可滴定酸、含水量存在显著负相关。通过细菌纲水平分析表明（图 4b）， α -变形菌纲与维生素 C 呈极显著正相关（ $P<0.01$ ），绿弯菌纲（Chloroflexia）与维生素 C 和总糖呈明显正相关及疣微菌纲（Verrucomicrobiae）与含水量呈显著正相关，而放线菌纲（Actinobacteria）互养菌纲（Synergistia）与可滴定酸存在显著负相关。以细菌目水平分析表明（图 4c），柄杆菌目（Caulobacterales）与果胶、维生素 C 和总糖呈极显著正相关（ $P<0.01$ ），而根瘤菌目与维生素 C 和总糖呈极显著正相关（ $P<0.01$ ）。除此之外，肠杆菌目（Enterobacteriales）与可滴定酸存在较明显正相关。以细菌科水平分析表明（图 4d），黄杆菌科（Xanthobacteraceae）与维生素 C 呈极显著正相关（ $P<0.01$ ），而明串菌科（Leuconostocaceae）与含水量呈极显著正相关（ $P<0.01$ ）。通过对细菌属水平进行分析可知（图 4e），魏斯氏菌属（Weissella）与可滴定酸存在极显著正相关（ $P<0.01$ ），而鞘脂单胞菌属（Sphingomonas）则与其呈极显著负相关（ $P<0.01$ ）。龙眼干中细菌菌群与特征化学指标的相关性分析结果揭示了食品微生物群落与其化学特性之

间的复杂关系。从各水平分析所示，绿弯菌门与维生素和总糖的正相关性表明，该类细菌在糖类和维生素丰富的环境中具有较强的生存和繁殖能力。而骸骨菌、明串珠菌与含水量的极显著正相关性则揭示了这些微生物更适合在含水量较高的龙眼干中生长^[34]。相反，放线菌和互养菌与可滴定酸和含水量的负相关性说明了这些细菌可能更适合在酸性较低和水分较少的环境中生存。杆菌属与果胶、维生素 C 和总糖的极显著正相关性提示了这些细菌可能具有分解果胶和利用糖类的能力，从而在富含这些化学成分的环境中繁殖^[35-37]。此外，肠杆菌、魏斯氏菌与可滴定酸的正相关性可能与这些细菌在酸性环境中的适应性有关，而鞘脂单胞菌属与可滴定酸的极显著负相关性则提示了这些细菌在酸性环境中的生长受到抑制^[38,39]。综上所述，这些相关性分析不仅揭示了食品中微生物群落与化学特性之间的关联，更为理解微生物在不同化学环境中的生态适应性提供了重要线索。这些发现可以为食品保存、加工和安全性研究提供科学依据，并可能启发新型微生物技术在食品工业中的应用。

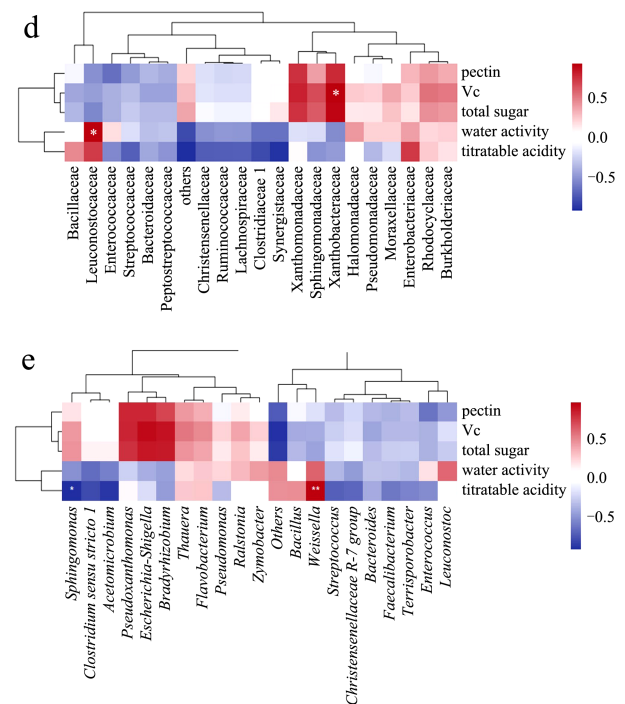
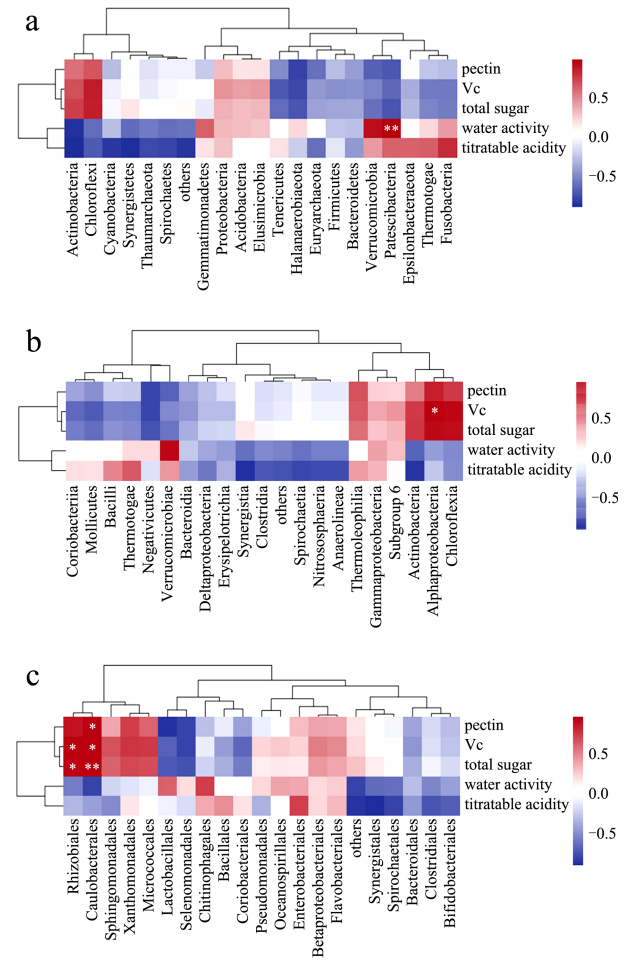


图 4 龙眼干中不同水平（门、纲、目、科、属，a~e）细菌与特征化学指标的相关性分析

Fig.4 Correlation analysis of different levels (Phylum, Class, Order, Family, Genus, a~e) of bacteria and characteristic chemical indicators in dried longan

3 结论

该研究对 4 种龙眼干的主要成分——含水量、维生素 C、可滴定酸、果胶和总糖的化学指标进行了测定，发现不同品种龙眼干的化学指标有一定的差异。通过微生物高通量测序技术，分析了龙眼干中的微生物菌群多样性，揭示了这些微生物菌群多样性与其特征化学指标之间的相互联系，并探讨了龙眼干的特征化学指标与主导微生物菌群之间的相关性。在 4 种龙眼干中，主导的细菌主要包括变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和放线菌门，由于品种差异导致的化学特征不同使其细菌菌群组成和丰度具有一定的差异。在不同品种龙眼干中，某些主导微生物与含水量、维生素 C 和总糖含量指标呈现出非常明显的关联性，但可滴定酸对细菌的多样性和数量的作用相对较小，其中含糖量高、含水量少的龙眼品种（如凤梨穗），更适合用于龙眼干的制作。因此，在保鲜过程中需考虑多种因素来调控龙眼中微生物群落结构及活性水平，以保证其安全性和稳定性。此项研究深入探讨了龙眼干中的微生物种群，并详细分析了菌群的多样性与其特征化学参

数之间的相互关系,这对于提高龙眼干的储存技术和确保其安全性具有至关重要的作用。

参考文献

- [1] 张容鹄,冯建成,邓浩,等.“储良”和“石硖”龙眼果实采后品质变化和贮藏性比较[J].保鲜与加工,2017,17(5):7-13.
- [2] 郑映红.龙眼食用保健成分及开发利用研究进展[J].北方药学,2015,12(8):152.
- [3] ZHANG X F, GUO S, HO C T, et al. Phytochemical constituents and biological activities of longan (*Dimocarpus longan* Lour.) fruit: a review [J]. Food Science and Human Wellness, 2020, 9(2): 95-102.
- [4] YANG Y, ZHANG M W, LIAO S T, et al. Structural features and immunomodulatory activities of polysaccharides of longan pulp [J]. Carbohydrate Polymers, 2012, 87(1): 636-643.
- [5] 郑少泉,曾黎辉,张积森,等.新中国果树科学研究70年—龙眼[J].果树学报,2019,36(10):1414-1420.
- [6] 林河通,陈绍军,陈锦权,等.龙眼采后生理和病理及贮运技术研究进展[J].农业工程学报,2002,1:185-190,1-0.
- [7] LIN Y F, LIN Y X, LIN H T, et al. Inhibitory effects of propyl gallate on browning and its relationship to active oxygen metabolism in pericarp of harvested longan fruit [J]. LWT-Food Science and Technology, 2015, 60(2): 1122-1128.
- [8] 韩冬梅,杨武,吴振先,等.龙眼果实贮藏品质理化指标评估体系的构建[J].华南农业大学学报,2015,36(6):39-46.
- [9] 薛鹏宇,殷菲胧,刘云芬,等.龙眼果肉自溶研究进展[J].食品与发酵工业,2022,48(16):291-296.
- [10] 王宸之,邓自高,李琳,等.热风 and 微波干燥对龙眼品质的影响[J].食品与生物技术学报,2018,37(4):429-436.
- [11] 薛华丽,毕阳,宗元元,等.果蔬及其制品中真菌毒素的污染与检测研究进展[J].食品科学,2016,37(23):285-290.
- [12] ABDELFAHATTAH A, FREILICH S, BARTUV R, et al. Global analysis of the apple fruit microbiome: Are all apples the same? [J]. Environmental Microbiology, 2021, 23(10): 6038-6055.
- [13] 刘佳梦,林丽静,刘义军,等.基于主成分分析的不同品种龙眼干品质综合评价[J].保鲜与加工,2021,21(5):127-133.
- [14] SAJAD S A, BHAT S V, MUZAFFAR K, et al. Processing technology, chemical composition, microbial quality and health benefits of dried fruits [J]. Current Research in Nutrition & Food Science, 2022, 10(1): 243.
- [15] UGBOGU O C, OGODO A C. Microbial flora, Proximate composition and vitamin content of juices of three fruits bought from a local market in Nigeria [J]. International Journal of Chemical Engineering and Applications, 2015, 6(6): 440-443.
- [16] CHEN J, YAN R, HU Y, et al. Compositional shifts in the fungal diversity of garlic scapes during postharvest transportation and cold storage [J]. LWT, 2019, 115(8): 108453.
- [17] 胡志群,李建光,王惠聪.不同龙眼品种果实品质和糖酸组分分析[J].果树学报,2006,23(4):568-571.
- [18] 钟伟,林晓东,朱芳德,等.应用RAPD技术分析热带龙眼四季蜜与常规龙眼品种的遗传差异[J].中山大学学报(自然科学版),2004,S1:65-68.
- [19] 王锋,彭秋容,吴颖妍,等.凉果中微生物菌群多样性与特征化学指标的相关性分析[J].食品安全质量检测学报,2022,13(21):7012-7019.
- [20] 史发超,蔡长河,严倩,等.6个不同品种荔枝果肉内生细菌群落多样性的高通量测序分析[J].广东农业科学,2024,51(2):29-38.
- [21] HUSSAIN B, CHEN J S, HSU B M, et al. Deciphering bacterial community structure, functional prediction and food safety assessment in fermented fruits using next-generation 16S rRNA amplicon sequencing [J]. Microorganisms, 2021, 9(8): 1574.
- [22] ADAMS P D, KLOEPPER J W. Effect of host genotype on indigenous bacterial endophytes of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. Plant & Soil, 2002, 240(1): 181-189.
- [23] CHRISTINE P, MARCO B. Heterozygosis drives maize hybrids to select elite 2,4-diacetylphloroglucinol-producing pseudomonas strains among resident soil populations [J]. Fems Microbiology Ecology, 2006, 58(2): 193-204.
- [24] 刘洋,赵燃,黎妮,等.超级杂交水稻种子内生细菌群落结构及其多样性[J].食品与发酵工业,2016,42(1):31-36.
- [25] HE Z, CHEN H, WANG X, et al. Effects of different temperatures on bacterial diversity and volatile flavor compounds during the fermentation of suancai, a traditional fermented vegetable food from northeastern China [J]. LWT, 2020, 118: 108773.
- [26] SUN M, WANG Q, ZHANG M, et al. *Leuconostoc pseudomesenteroides* improves microbiota dysbiosis and liver metabolism imbalance and ameliorates the correlation between dihydroceramide and strains of firmicutes and proteobacteria in high fat diet obese mice [J]. Food & Function, 2020, 11(8): 6855-6865.
- [27] ALBAN R. Multivariate analyses in microbial ecology [J]. Fems Microbiology Ecology, 2007, 62(2): 142-160.
- [28] RUIZ P, CELADA L, SESEA S, et al. *Leuconostoc mesenteroides* in the brewing process: A controversial role [J]. Food Control, 2018, 90: 415-421.
- [29] ZUBAIDAH E, SUSANTI I, YUWONO S S, et al. Effect of *Lactobacillus plantarum* and *Leuconostoc mesenteroides* starter cultures in lower salt concentration fermentation on the sauerkraut quality [J]. Food Research, 2020, 4(4): 1038-1044.
- [30] WUTTHIIN M, CHEEVADHANARAK S, YASOM S, et al. Gut microbiota profiles of treated metabolic syndrome patients and their relationship with metabolic health [J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 10085.
- [31] KANG L, LI P, WANG D, et al. Alterations in intestinal microbiota diversity, composition, and function in patients with sarcopenia [J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 4628-4628.
- [32] WANG G, ZHANG Y, ZHANG R, et al. The protective effects of walnut green husk polysaccharide on liver injury, vascular endothelial dysfunction and disorder of gut microbiota in high fructose-induced mice [J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2020, 162 (prepublish): 92-106.
- [33] YU M B, XIE Z H, LI J M, et al. Screening and characterization of bacteriostatic *Bacillus* [J]. Feed Research, 2024, 47(9) 99-105.
- [34] ZHAO Y, LIU B, CHEN J, et al. Effect of combined fermentation of *Leuconostoc* and *Lactiplantibacillus* on the quality of low-salt pickled radish [J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(11): 102-109.
- [35] 刘苗苗,毕冉冉,孙玉敬.果蔬与肠道菌群互作及其健康功效研究进展[J].中国食品学报,2022,22(4):387-407.
- [36] 白俊英,王晨,李贵节,等.柑橘成分与肠道菌群相互作用研究进展[J].食品研究与开发,2022,43(24):20-26.
- [37] 薛长湖,张永勤,李兆杰,等.果胶及果胶酶研究进展[J].食品与生物技术学报,2005,24(6):94-99.
- [38] 畅若萌,高扬,陆彦均,等.两个不同品种辣椒盐渍过程中细菌群落及品质变化研究[J].食品工业科技,2023,44(9):167-176.
- [39] 贾晶晶,赵虎威,燕平梅.酸菜发酵过程中细菌群落结构变化及驱动机制[J].中国食品学报,2023,23(8):354-368.