

王昕, 郭虔睿, 任静怡, 等. 微生物代谢驱动茯砖茶风味品质形成与健康功效的研究进展[J]. 华中农业大学学报, 2026, 45(2): 216-227.
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.02.023

微生物代谢驱动茯砖茶风味品质形成与健康功效的研究进展

王昕^{1,2}, 郭虔睿¹, 任静怡¹, 刘金虎^{1,2}, 李伟⁴, 张晓文^{1,2}, 岳田利^{2,3}

1. 商洛学院健康管理学院, 商洛 726000; 2. 陕西省“四主体一联合”秦岭康养产业校企联合研究中心, 商洛 726000; 3. 西北大学食品科学与工程学院, 西安 710069; 4. 商洛学院生物医药与食品工程学院, 商洛 726000

摘要 茯砖茶的风味品质与健康功效主要由微生物代谢驱动。为优化茯砖茶发酵工艺、开发茯砖茶高活性功能成分、构建茯砖茶标准化质控体系, 本文聚焦于微生物代谢驱动茯砖茶品质与功效的核心科学问题, 综述了其微生物群落演替规律、代谢产物转化路径及健康作用机制。微生物群落在发酵过程中呈现三阶段动态演替, 以散囊菌属为核心的功能真菌通过分泌多酚氧化酶、纤维素酶等关键酶类, 催化儿茶素、多糖等底物转化, 生成茶褐素、茯茶素及萜醌类化合物, 形成独特“菌花香”与醇厚口感。同时, 微生物代谢产物具有降脂、抗氧化、调节肠道菌群等健康功效。未来需整合多组学技术, 构建精准调控体系, 进一步深化多菌协同机制及健康效应研究, 以推动茯砖茶高附加值产品开发。

关键词 茯砖茶; 风味品质; 冠突散囊菌; 微生物发酵; 生物转化; 代谢调控; 健康功效

中图分类号 TS272.5 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)02-0216-12

茯砖茶作为中国传统黑茶的重要品类之一, 其品质形成与功能活性高度依赖于“发花”工艺中形成的金花菌(*Eurotium cristatum*, 现归类为 *Aspergillus cristatus*) 群体^[1]。该菌属散囊菌目、发菌科, 是一种耐高温、耐盐碱的嗜茶丝状真菌, 其代谢活动通过酶促反应与次级代谢产物合成, 直接调控茶叶内含物质的转化与重组, 最终塑造茯砖茶“菌香浓郁、汤色红亮、滋味醇和”的独特品质。

近年来, 多组学技术(如代谢组学、转录组学、蛋白质组学)的应用显著推进了“金花”菌群代谢调控机制研究。现有研究表明, “金花”菌通过糖酵解-戊糖磷酸途径、苯丙氨酸代谢等核心通路, 动态调节茶叶中茶多酚、氨基酸及可溶性糖的含量与比例^[2-3]; 其分泌的胞外多糖、 γ -氨基丁酸等功能成分, 更被证实可通过肠道菌群调控、抗氧化应激等途径发挥健康效应^[4-7]。因此, 茯砖茶品质形成的本质是以微生物活动为核心的发酵过程, 微生物群落的动态演替及其代谢活动是塑造茯砖茶风味与健康功效的根本驱动力。

本文聚焦于微生物代谢驱动茯砖茶品质与功效的核心科学问题, 综述了茯砖茶发酵过程中群落演替规律、代谢产物转化路径及健康作用机制。从风味品质形成与健康功效解析2个维度整合最新研究, 旨在阐明冠突散囊菌等功能微生物的催化作用与益生功能, 为突破当前茯砖茶发酵工艺经验依赖性强、功效机制阐释不清等瓶颈提供理论支撑, 并为其标准化、功能化产品的开发提供科学参考。

1 茯砖茶发酵过程中微生物群落动态演替

1.1 微生物群落的演替

微生物发酵被认为是茯砖茶感官属性形成和有益健康作用的关键因素。Li等^[8]利用 Illumina MiSeq 测序技术研究了茯砖茶发酵过程中的微生物群落组成及动态变化, 发现发酵过程中有真菌属 153 个、细菌属 55 个。真菌属 *Cyberlindnera*、*Urwebraunia*、*Aspergillus* 和未分类的 *Pleosporales* 是优势真菌, 占有序列的 89.91%~99.47%。*Klebsiella* 是唯一的优

收稿日期: 2025-07-26

基金项目: 陕西省科技厅青年项目(2024JC-YBQN-0178); 商洛学院博士科研启动项目(22SKY110)

王昕, E-mail: 202226@slxy.edu.cn

通信作者: 岳田利, E-mail: yuetl305@nwafu.edu.cn; 张晓文, E-mail: 510080487@qq.com

势细菌属。与其他类型的黑茶相比,茯砖茶在渥堆发酵后经历了1个独特的微生物发酵过程,即“发花”。在此阶段,自然生长的金黄色闭囊壳成为茯砖茶中绝对优势真菌种群,包括*E. cristatum*、*A. cristatum*、*E. amstelodami*、*A. chevalieri*、*A. amstelodami*等。

微生物在茯砖茶生产中起着核心作用,其群落组成随工序不同而演变(表1)。(1)初加工阶段,茶原料中几乎所有微生物在酶失活后被杀死,渥堆发酵阶段迅速增加。渥堆早期优势菌为乳酸菌属(*Lactobacillus*)、克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)等细菌及曲霉属(*Aspergillus*)、*Wallemia*、*Cyberlindnera*等真菌,随发酵程度加深,仅*Klebsiella*和*Cyberlindnera*丰度一直占主导地位直到渥堆发酵结束^[3-8]。*Klebsiella*相对丰度从发酵初期的81.99%逐渐增加到发酵后期的99.06%,乳酸菌属*Lactobacillus*作为亚优势细菌属,其相对丰度从发酵初期的6.88%急剧下降到

0.41%^[1,8]。(2)再加工阶段,经1次高温蒸汽(98~102℃)和2次高温蒸汽(80~88℃),几乎所有细菌和超90%真菌被完全灭活^[9]。(3)后发酵阶段,真菌群落由*Candida*、*Cyberlindnera*和*Aspergillus*逐渐演替为*Aspergillus*绝对主导并保持稳定;细菌则由*Klebsiella*演替为后期的芽孢杆菌属(*Bacillus*)、短杆菌属(*Brevibacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、肠球菌属(*Enterococcus*)和乳球菌属(*Lactococcus*)主导^[10-11]。其中*Aspergillus*、*Debaryomyces*和*Eurotium*是关键的优势真菌,对茯砖茶的发酵起主要作用。跨地域研究表明^[12],相同原料生产的茯砖茶成品具有高度保守的核心微生物区系,细菌以*Lactococcus*为主,真菌中*Aspergillus*占绝对优势(相对丰度>92%),子囊菌门、毛霉科及变形菌门、放线菌门分别为主要真菌和细菌门类;而不同种类黑茶(如普洱茶、青砖茶、六堡茶)的细菌组成差异显著。

表1 茯砖茶发酵过程中微生物群落的演替

Table 1 Three-phase succession of the microbial community during the fermentation of Fuzhuan brick tea

发酵过程 Fermentation process	优势真菌 Dominant fungi	优势细菌 Dominant bacteria
初加工阶段 Primary processing stage	曲霉属(<i>Aspergillus</i>)、瓦鳞霉属(<i>Wallemia</i>)、 赛伯林德纳属(<i>Cyberlindnera</i>)等	克雷伯氏菌属(<i>Klebsiella</i>)、乳酸菌属(<i>Lactobacillus</i>)、 赛伯林德纳属(<i>Cyberlindnera</i>)等
再加工阶段 Secondary processing stage	90%灭活	几乎均被灭活 Almost all were inactivated
后发酵阶段 Post-fermentation stage	曲霉属(<i>Aspergillus</i>)、散囊菌属(<i>Eurotium</i>)	芽孢杆菌属(<i>Bacillus</i>)、短杆菌属(<i>Brevibacterium</i>)、 假单胞菌属(<i>Pseudomonas</i>)、肠球菌属(<i>Enterococcus</i>)和 乳球菌属(<i>Lactococcus</i>)

1.2 环境因子对微生物群落的影响

不同地区茯砖茶的细菌群落表现出较高相似性,其中乳球菌为优势细菌,曲霉菌是绝对优势真菌,相对丰度超过了92%^[9,13]。Rui等^[14]分析了10个市售茯砖茶样本,结果表明子囊菌门、毛霉科、曲霉属是主要优势真菌,变形菌门和放线菌门则为门水平上的优势细菌,这种跨地区微生物组成的一致性表明,茯砖茶中核心微生物群落可能由原料特性和发酵工艺共同决定,而非地理环境差异。

与其他黑茶种类(如普洱茶、青砖茶等)相比,茯砖茶菌群组成存在显著差异。例如,青砖茶主要依赖*A. fumigatus*和*Bacillus subtilis*发酵,而茯砖茶则以*E. cristatum*为主导。这种差异可能与加工工艺(如温度、湿度、发酵时间)和原料品种(如*Camellia sinensis* var. *sinensis*与*Camellia sinensis* var. *assamica*)密切相关^[15]。此外,相邻地区样本细菌结构分析表明,生产环境(如气候、土壤微生物等)和加工条件

(如渥堆温度、发酵室卫生等)是影响黑茶细菌群落演替的关键因素。例如,青砖茶在50~65℃高温下长时间发酵会显著改变微生物群落结构,低温更有利于*Pantoea*和*Cyberlindnera*等特定菌群的生长^[16-17]。因此,来自不同生产工厂和地区的发酵黑茶中细菌和真菌组成相似。而不同类型的黑茶,包括茯砖茶、普洱茶、青砖茶和六堡茶,其细菌组成通常存在明显差异。

发酵底物与菌群生长有密切关系。研究发现,底物中添加(一)-表没食子儿茶素-3-没食子酸酯(epigallocatechin-3-gallate, EGCG)发酵24 d使*E. cristatum*菌丝体生物量显著增加约61.54%,高于未添加组^[18-19]。表明发酵底物中添加EGCG可以促进*E. cristatum*的生长;酸度有利于提高微生物酶活性和产量,pH 5.0是*E. cristatum*的最佳生长条件;碳氮比是微生物生长的关键营养物质,显著影响微生物生长。EGCG的添加间接调节了发酵体系中的碳氮

比,从而提高了底物的利用效率,促进了*E. cristatum*的生长和增殖。增加氮源能够通过增加单氧酶活性来促进没食子酸(gallic acid, GA)和非酯型儿茶素的降解^[19-20]。Liu等^[21]发现高浓度EGCG通过抑制分生孢子聚集、改变菌丝超微结构,调控黑曲霉RAF106中的Slt2 MAPK通路与Fus3 MAPK通路促进真菌生长,表现为菌落生长、菌丝分化及孢子萌发。此外,*E. cristatum*可将EGCG转化为GA等代谢产物,生物利用度更高、化学稳定性更优^[9]。冠突曲霉在发酵过程中分泌鞣酸酯水解酶,催化甘露糖酯键、没食子鞣质以及复杂鞣质分解^[22]。另外,研究发现含有EGCG的发酵液中单宁酶活性更高^[23],这表明EGCG可能会刺激单宁酶的分泌。综上,EGCG能在一定程度上促进真菌生长。

1.3 核心功能微生物的关键作用

1) 真菌属对茯砖茶的有益作用。散囊菌属(*Eurotium*)是茯砖茶中的核心真菌,大约有20个种,如*E. amstelodami*、*E. cristatum*和*E. repens*,其菌体中含有蒽醌类化合物、苯甲醛衍生物以及吲哚二酮哌嗪类生物碱在内的多种次生代谢产物,具有重要生物活性,如抗氧化、抗菌、抗肿瘤、杀虫、抗疟疾和抗炎等作用^[24-25]。散囊菌属是曲霉属的有性形态,呈金黄色闭囊壳、卵形分生孢子、绿色或蓝色单轴分生孢子头以及带有黄色、橙色或红色斑点的菌丝体。

茯砖茶中散囊菌属核心真菌*E. cristatum*通过固态发酵主导其品质形成。该菌分泌的多酚氧化酶、纤维素酶等酶系,可催化茶多酚转化为茶黄素等物质,降解纤维素和蛋白质为可溶性成分,释放阿魏酸,显著提升茶汤色泽、口感与香气^[26-27]。同时,该菌能够激活苯丙氨酸/ α -亚麻酸代谢途径,促进醛类(己醛)、酮类(苯乙酮)及萜烯类(芳樟醇)等挥发性物质的合成,形成标志性“菌花香”^[28]。在健康功效上,其代谢产物通过抑制脂肪合成酶活性、降低总胆固醇(TC)、甘油三酯(TG)含量和促进脂肪酸 β -氧化实现降脂作用;发酵产生的茯砖素B具有高抗氧化活性物质且赋予茯砖茶抗肿瘤与抗氧化潜力^[29]。此外,砖茶提取物通过破坏细胞膜完整性、抑制孢子萌发,对枯草芽孢杆菌和皮肤真菌具有广谱抑制能力^[10,17]。

2) 细菌属对茯砖茶的有益作用。芽孢杆菌(*Bacillus*)、假单胞菌(*Pseudomonas*)和链球菌(*Streptococcus*)是茯砖茶中占主导地位的细菌属,主要作用于发酵砖茶中的碳水化合物、氨基酸、萜类化合物和

聚酮类化合物,可能生成芳樟醇、乙醇、丁二醇和丙二醇等风味化合物^[9]。发酵黑茶中*Bacillus subtilis* LK-1促进具有气味的活性物质如芳樟醇、香叶基异戊酸酯和癸醛的产生,丰富了黑茶整体香气特征^[30];黑茶固态发酵过程中芽孢菌属*B. oleronius* YC-1能产生挥发性化合物 α -环柠檬醛和 β -高环柠檬醛,*B. velezensis* YC-2能产生乙醛、肉桂醛、2,2,6-三甲基环己酮和己醇,*B. subtilis* YC-3能产生(Z)-呋喃芳樟醇氧化物^[31]。此外,乳植杆菌(*Lactiplantibacillus*)是一种广泛使用的益生菌菌株,具有多种有益特性如抗菌、抗氧化、抗原毒性、抗炎和免疫调节作用^[32],它能够提高茶叶中的芳香化合物,如香叶醇、香柠檬醇和芳樟醇氧化物的含量^[33]。假单胞菌在食品工业中大规模生产萜类风味化合物方面显示出巨大潜力,如食品和饮料中天然风味乙基丁酸、乙基己酸和紫罗兰醇的产生^[34]。

2 微生物代谢关键酶系及底物转化途径

2.1 关键代谢酶类

茯砖茶独特风味主要由微生物分泌的酶介导催化作用形成。如多酚氧化酶、纤维素酶、果胶酶、过氧化氢酶、半纤维素酶、蛋白酶和 α -淀粉酶能够提供有效的生化能量,从而实现茯砖茶中化学物质的生物转化,这可能会促进儿茶素氧化、纤维素分解以及果胶和蛋白质水解^[17,35]。微生物酶对生化成分的催化转化或其代谢产物在形成茯砖茶的独特风味特性方面起着重要作用。

研究表明,在液态发酵过程最初的0~6 d,*E. cristatum*分泌的酶类,如单宁酶、脂肪酶和过氧化氢酶会分解酯型儿茶素(如EGCG等)、没食子酸酯和复合单宁的酯键,生成结构更简单的儿茶素、GA以及羟基化的酚类化合物,使茶多酚总量增加^[36];6~12 d *E. cristatum*将部分酚类物质作为自身生长增殖所需碳源和氮源,使茶多酚总量减少;同时,其分泌产生的胞外酶促进EGCG的降解、转化和氧化^[36];12~24 d 总酚含量有所增加,是因为*E. cristatum*代谢产生了含酚羟基的化学物质^[37]。Zhang等^[25]提取纯化得到的*E. cristatum*孢子多糖(ECSP-1)分子量约28.64 ku,是一种支链多糖,由半乳糖和甘露糖组成,可通过竞争性抑制 α -葡萄糖苷酶、 α -淀粉酶和胰脂肪酶达到降低血糖和降低血脂的潜力,有望被用于开发降血糖和降血脂的药物或高端保健产品。

2.2 主要底物的微生物转化路径

近年来,研究人员已逐步阐明茯砖茶微生物发酵过程中的主要化学转化路径。研究发现^[1,30,34],在核心功能微生物如曲霉属(*Aspergillus*)、散囊菌属(*Eurotium*)、假丝酵母属(*Candida*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和短杆菌属(*Brevibacterium*)产生的各种酶的催化作用下,茶叶中原有化学成分如儿茶素、黄酮类、黄酮醇、生物碱和氨基酸等会发生降解、氧化、缩合、结构修饰、甲基化和糖基化等一系列反应,使其转化产生小分子生物活性物质,如各种儿茶素衍生物、黄酮苷、茶色素、茯茶素(A、B、D)、萜类化合物、蒽醌类化合物、酚酸及其衍生物等(图1)。

1)多酚类物质的生物转化。茯砖茶发酵过程中,儿茶素含量会降低大约30%,包括主要儿茶素单(-)-表儿茶素-3-没食子酸酯(epicatechin-3-gallate, ECG)、(-)-表没食子儿茶素(epigallocatechin, EGC)、没食子儿茶素-3-没食子酸酯(gallocatechin-3-gallate, GCG)、EGCG、(-)-表儿茶素(epicatechin, EC)含量均呈现不同程度下降,仅GA和GC含

量显著增加^[35,39-42],这也是茯砖茶发酵初期GA和(+)-没食子儿茶素(gallocatechin, GC)含量增加的原因^[42]。酚酸及其衍生物(如2,5-二羟基苯甲酸、间苯三酚、邻苯三酚、没食子素、水杨酸、3,4-二羟基苯甲酸、原儿茶酸和2,3,4-三羟基苯甲酸)的形成是由于在发酵微生物作用下会引起没食子酰儿茶素和GA经过一系列环裂变、还原、水解、脱羧、去甲基化和去羟基化反应导致其降解产生^[43]。人类肠道中寄居着庞大多样的肠道菌群,在肠道微生物酶作用下,GC首先被微生物酯酶水解,生成脱没食子酰儿茶素和没食子酸。没食子酸进一步脱羧生成焦性没食子酸,这种物质也在黑茶中存在。没食子酰儿茶素的C环被打开,随后内酯环断裂;侧链上的酚羟基和碳原子相继丢失,形成众多简单酚酸,如2,5-二羟基苯甲酸、间苯三酚、焦性没食子酸、没食子酸内酯、水杨酸、3,4-二羟基苯甲酸、原儿茶酸等,它们能够被肠黏膜吸收,极大提高了茶多酚的生物利用度^[44]。

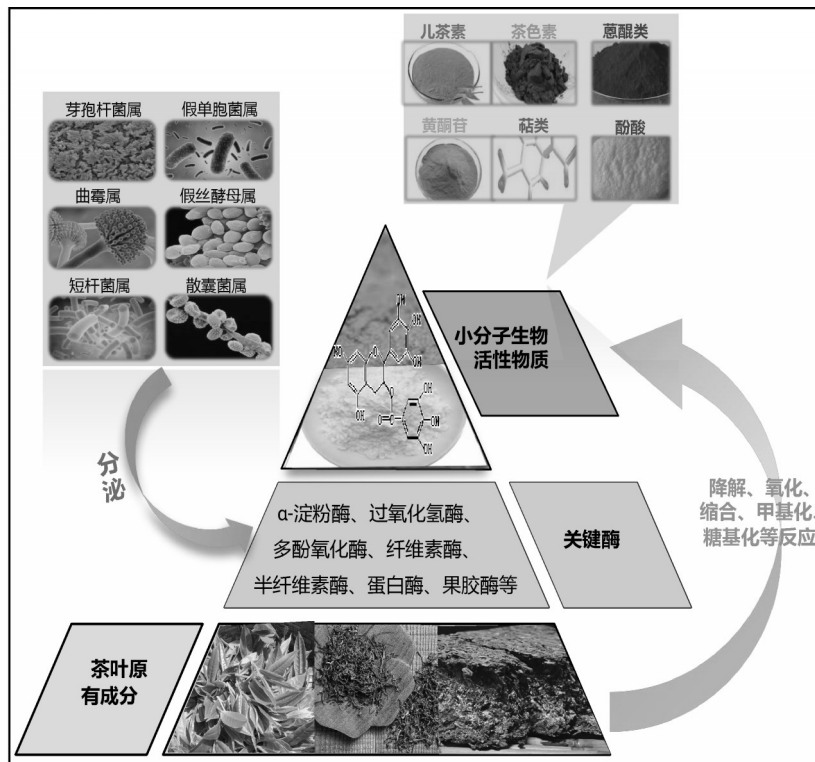


图1 茯砖茶中微生物分泌酶类介导茶叶中生化成分转化路径

Fig.1 Transformation pathways of biochemical components in tea mediated by enzymes secreted from microorganisms in Fuzhuan brick tea

另外,有研究表明,茶褐素在茯砖茶中微生物及其胞外酶(多酚氧化酶、过氧化物酶、果胶酶和纤维素酶)的催化下,由多酚氧化聚合形成。现有研

究^[43-45]推断茯砖茶中茶褐素的产生主要有以下途径:(1)儿茶素被氧化为醌类物质,随后被进一步氧化聚合形成茶红素和茶黄素,最后与茶叶中多糖、蛋

白、咖啡因等物质氧化聚合形成茶褐素；(2)醌类物质可直接被氧化并聚合形成茶褐素。

2) 黄酮类化合物的生物转化。黄酮醇和其他黄酮类化合物能协同增强咖啡因的苦涩味,因此,黄酮醇和黄酮类化合物的降解在黑茶风味形成中起着至关重要的作用^[38]。茯砖茶微生物分泌的葡聚糖糖基转移酶和纤维素酶通过催化黄酮类化合物(含黄酮醇)糖基化,提升其生物利用度和生物活性。黄酮类化合物的甲基化则形成如3',4',5-三羟基-7-甲氧基黄酮等衍生物,增强稳定性和生物活性。

3) 氨基酸类化合物的生物转化。茯砖茶发酵过程中游离氨基酸的降解与释放同步进行,导致其总量下降,且单体氨基酸含量变化各异。其中,天冬氨酸、谷氨酸、酪氨酸和甲硫氨酸含量相对稳定,对形成其醇厚滋味具有重要作用^[9,46-47]。天冬氨酸在发酵后期被微生物利用,茶汤苦涩感降低、甜味增加;同时,作为美拉德反应前体,促进醛类、酮类香气成分产生。谷氨酸在发酵过程中被微生物大量消耗,鲜味减弱,转而形成茶砖更加醇厚的口感,在热力作用下与还原糖反应,生成吡咯、吡嗪类物质,增加砖茶焙烤香和菌花香。酪氨酸是主要芳香族氨基酸,其酚羟基结构可清除自由基,减缓茶汤氧化,使汤色橙红明亮。

2.3 主要生物活性成分—蒽醌类化合物生物合成路径

茯砖茶发酵真菌中蒽醌类化合物由nrPKS通过乙酰辅酶A和丙二酰辅酶A作为底物合成得到聚酮化合物,经过环化反应,失去2个水分子,随后由金属水解酶蛋白释放,形成深金黄精羧酸(atrochrysone carboxylic acid, ACA)^[48]。ACA被认为主要通过以下2条途径进行转化:第1条途径是ACA自发脱水生成内黄素蒽酮,再由蒽酮氧化酶氧化生成内黄素^[49];第2条途径是ACA经脱羧酶脱羧生成阿托克里松,随后自发脱水形成大黄素蒽酮,再经氧化生成大黄素^[49]。内黄素和大黄素被视为前体物质,通过多种非还原型聚酮合酶修饰,共同促成蒽醌类化合物结构多样性的形成。

3 微生物代谢与茯砖茶风味品质的形成

3.1 茯砖茶香气成分形成的化学基础与感官属性

茶叶加工中形成香气或风味的重要反应可归为4类:美拉德反应、氨基酸或烃类的降解、酶促氧化和

水解以及非酶促降解和氧化。微生物发酵过程中蛋白质和多酚的降解、碳氢化合物和含氮化合物的生成以及挥发性成分的产生,均促进了茯砖茶滋味和特殊香气的形成。酮类和乙烯酮类是茯砖茶中丰度最高的香气成分^[27]。酮类化合物能产生独特花香和木质香,主要源于脂肪酸氧化、类胡萝卜素氧化与缩合以及 β -胡萝卜素的氧化分解产物^[50]。“菌花香”和“薄荷”香气强度的增加可能在很大程度上取决于*E. cristatum*和*Penicillium*的贡献^[9,15]。醇类是挥发性化合物中含量最高的,其次是醛类、酯类、烃类、杂环化合物、酚类和含氮化合物。其中,芳樟醇氧化物是含量最丰富的醇类,具有花香和甜味,其次是植醇和异植醇,具有樟脑样气味^[9]。

茯砖茶加工过程中微生物释放出的糖苷酶作用于芳香物质前体生成芳樟醇及其氧化物。在发酵过程中,由于氨基酸脱羧和氧化脱氨基作用,具有陈腐香气的醛类化合物以及具有花香的萜类含量显著增加^[50-51]。与原料相比,茯砖茶中醛类和萜醇类化合物含量大幅增加,这可能与“青绿气”“菌花香”“木香”和“花香”等香气特征有关^[9]。焦香和甜香可能与氨基酸和糖类通过美拉德反应有关。 β -异戊酮和 α -异戊酮是产生花香的关键物质,这可能与陈化工序中类胡萝卜素降解有关^[9]。茯砖茶陈化过程中, α -松油醇含量也会发生变化^[9]。因此,茯砖茶独特风味和营养成分是在特殊的发酵工艺与“金花”真菌独特代谢作用下形成的。

3.2 微生物介导的香气形成与化学成分转化

茯砖茶的“陈香”特征归因于挥发性甲氧基酚类化合物(如1,2-二甲氧基苯、1,2,3-三甲氧基苯),其经由黑曲霉、酿酒酵母、木霉等微生物代谢介导的酚酸衍生物甲基化途径生成^[9]。在茯砖茶“发花”阶段,咖啡因含量大约会减少30%,随咖啡因降解为茶碱和3-甲基黄嘌呤,茶叶苦涩味有所降低^[39]。甲硫氨酸是茯砖茶“菌花香”的独特香气,也是区别于其他黑茶的核心香气标志,它经过微生物降解后生成甲硫醛、二甲硫醚等含硫化合物,增加“菌花香”的丰度,掩盖茶叶青草气,降低粗涩感。

茯砖茶中细菌群落与碳水化合物代谢、氨基酸代谢、脂质代谢和萜类代谢表现出高度相关性,对香气形成有重要贡献。Lü等^[52]发现细菌群落通过分泌胞外酶参与黑茶中化学成分的转化。 α -松油醇具有木质香气、 β -环柠檬醛具有果香特性,二者均被视为茯砖茶中“菌花”香气形成关键香气成分,由 β -胡

萝卜素在微生物酶的催化作用下进行降解而产生^[27]。此外,细菌通过作用于非挥发性成分来影响茯砖茶的香气,例如,某些假丝酵母属菌种能够将麦芽糖转化为乙醇^[52];克雷伯氏菌属参与茯砖茶中多酚、咖啡因和EGCG代谢,通过产生乙醇和丁二醇来促进糖化过程,从而影响茶叶的香气^[53]。

4 微生物代谢产物的健康功效及机制

4.1 抗菌与抗病毒作用

蒽醌类化合物具有1,8-二羟基和1,5,8或1,6,8-三羟基取代的苯环结构,对金黄色葡萄球菌表现中等抗菌活性^[54];大黄素与奥沙西林联用可通过破坏耐甲氧西林金黄色葡萄球菌的细胞壁合成机制,显著降低其耐药性,协同抑菌效应达到单独用药的3~5倍^[49];此外,该类化合物可通过抑制病毒包膜蛋白成熟,对流感病毒、疱疹病毒等呈现潜在抗病毒活性。

从冠突散囊菌分离的Cristatumin A和Tardioxo-piperazine A对大肠杆菌和金黄色葡萄球菌均有抑制作用,最小抑菌浓度(MIC)分别为64 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 和8 $\mu\text{g}/\text{mL}$,其中tardioxopiperazine A因含独特的二酮哌嗪环结构,可穿透细菌细胞膜并抑制DNA旋转酶活性,抑菌效率显著高于同类生物碱^[55-56]。苯甲醛类衍生物通过聚酮途径合成并整合萘类结构单元^[57],如2-(20,3-环氧-10,30-庚二烯基)-6-羟基-5-(3-甲基-2-丁烯基)-苯甲醛,其分子中的环氧基与酚羟基可协同破坏细菌细胞膜完整性,对食品腐败菌(如枯草芽孢杆菌)及致病菌(如沙门氏菌)均具抑制作用,是茯砖茶天然抑菌活性的重要贡献者^[10,28]。

4.2 抗氧化作用

从*A. cristatus*中分离提取的12种蒽醌类化合物抗氧化活性各不相同,卡特纳林、大黄素和鲁布罗克里斯汀活性最好,其次是中等活性的柠檬玫瑰素、奎斯汀和红藻蓝素^[47,56]。抗氧化活性与酚羟基数量呈显著正相关,因此,大黄素具有强大的抗氧化潜力。有研究表明从*E. rubrum*中分离出的奎斯汀也显示出抗氧化活性^[58]。

苯甲醛类衍生物具有显著的抗氧化作用。以花青素类为代表,其分子中邻位酚羟基可通过质子转移与电子转移双重机制清除自由基,且3个以上酚羟基的存在可使DPPH自由基清除率提升至85%以上^[6];此外,花青素类与生育酚联用可将抗氧化活性持续时

间延长2~3倍,显著优于单一成分^[6];已鉴定的6种苯甲醛类衍生物(如花青素、异二氢奥罗藻素等)均通过该机制参与茯砖茶整体抗氧化体系^[10,25,59]。

体外实验显示,质量浓度为1.0 mg/mL的茯砖茶多糖对DPPH自由基、超氧自由基及ABTS自由基的清除率分别达72.3%、68.5%和75.1%,且对羟基自由基的清除效果优于普通茶多糖^[5,17]。此外,茯砖茶提取物可通过降低肝脏组织中丙二醛(MDA,脂质氧化标志物),提升超氧化物歧化酶(SOD)、谷胱甘肽过氧化物酶(GSH-Px)活性,修复自由基对肝细胞的氧化损伤^[60-62]。

4.3 代谢调节作用(降血糖、降脂与抗肥胖)

茯砖茶提取物具有显著的降脂减肥作用。在细胞层面上,它可以通过下调3T3-L1前脂肪细胞中PPAR γ 、C/EBP α (脂肪分化关键转录因子)的表达,抑制细胞从成纤维细胞向脂肪细胞分化,减少脂肪细胞数量^[63-64];在分子层面,其通过减弱固醇调节元件结合蛋白-1c(SREBP-1c)的核转位,抑制脂肪酸合酶(FAS)、乙酰辅酶A羧化酶(ACC)的活性,降低脂肪合成速率^[65];体外研究表明,它可显著降低高脂饮食诱导的肥胖小鼠体质量增长速率,同时下调血清三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)水平^[66-67]。

茯砖茶提取物通过激活胰腺淀粉酶与蛋白酶活性,促进碳水化合物、蛋白质的分解代谢,延缓餐后血糖上升^[66],下调血清丙氨酸转氨酶(ALT)、天冬氨酸转氨酶(AST)水平(肝功能损伤标志物),改善糖代谢相关酶(如己糖激酶)的活性^[67],从而起到降血糖和保护肝脏的作用;另外,流行病学数据表明,我国西北牧区长期饮用茯砖茶人群中空腹血糖、TC水平显著低于非饮用人群($P<0.05$),且代谢综合征发病率显著降低^[68]。

4.4 肠道菌群调节作用

茯砖茶多糖因含 β -(1 \rightarrow 3)、 β -(1 \rightarrow 4)等特殊糖苷键,无法被人体上消化道的 α -淀粉酶、蔗糖酶分解,可完整抵达大肠并被肠道菌群发酵利用^[7,63],有利于促进有益菌,如乳酸菌、阿克曼菌(*Akkermansia*)的增殖,降解肠道黏蛋白促进肠道屏障完整性^[7];抑制有害菌,减少肠道内大肠杆菌、脱硫弧菌等潜在致病菌的数量,降低内毒素(LPS)的释放量^[7]。同时它能够促进肠道菌群合成乙酸、丙酸、丁酸(结肠上皮细胞主要能量来源),激活GPR43受体促进肠道紧密连接蛋白(occludin、ZO-1)的表达^[7];改善肠炎患者肠道微生物的色氨酸代谢通路,增加粪便中吲哚-3-

乙酸(IAA)、吲哚-3-乙醛(IAAld)的含量,通过激活肠道芳烃受体(AhR)减轻肠道炎症^[7]。

4.5 免疫调节作用

茯砖茶中微生物次级代谢产物萜醌类化合物可以促进免疫低下模型小鼠脾脏T淋巴细胞增殖,增强ConA诱导的T细胞活化;可抑制自身免疫模型小鼠过度活化的B细胞产生抗体IgG、IgM水平的降

低,避免免疫损伤^[56,69-70]。茯砖茶多糖能够增强RAW264.7巨噬细胞的吞噬能力,促进细胞表面活化标志物(CD86、MHC II)的表达;促进一氧化氮的释放(抗菌效应),同时上调TNF- α 的分泌,增强机体对病原体的清除能力;通过肠道黏膜吸收后,可促进派氏结(Peyer's patches)中免疫细胞的活化,增强肠道黏膜免疫屏障功能^[5,7]。



图2 茯砖茶中主要微生物代谢产物健康功效及作用机制

Fig.2 Health benefits and mechanisms of action of the primary microbial metabolites in Fuzhuan brick tea

4.6 其他潜在药理活性

萜醌类化合物具有显著的抗癌作用,能通过诱导肿瘤细胞凋亡(激活caspase-9/caspase-3通路)、细胞周期阻滞于G2/M期,对肝癌HepG2、结肠癌HCT116细胞株表现出体外抑制活性^[69-70];具有利尿作用(抑制肾小管对水钠的重吸收)、止泻作用(增强肠道黏膜屏障,减少肠道水分流失)及杀虫作用(破坏寄生虫细胞膜)^[71]。吲哚二酮哌嗪生物碱类可通过下调血管内皮生长因子(VEGF)的表达,减少肿瘤组织微血管密度并抑制肿瘤血管生成^[55],同时具杀虫作用^[58]。苯甲醛类衍生物可通过抑制拓扑异构酶I(DNA复制关键酶)活性,阻止肿瘤细胞增殖和

增强抗寄生虫作用^[57]。

5 总结与展望

5.1 当前面临的挑战与技术瓶颈

1)代谢网络解析深度不足。当前茯砖茶研究集中于单一菌株或特定代谢物,尚未系统阐明微生物群体感应(bacterial quorum-sensing, QS)系统、环境因子(如温度、湿度、pH值)与代谢通路的动态互动机制。具体表现为:关键调控基因的下游效应不明晰;细菌与真菌间的跨界协同效应缺乏酶学与信号分子层面的实证;对毒素降解等有益互作的分子机制认知尚浅。

2)健康效应机制研究与临床转化薄弱。茯砖茶活性成分(如多糖、萜醌)的肠道菌群转化机制及其关键功能基因未被精准定位。现有健康功效证据(如抗肥胖、降血脂)多源于动物模型,缺乏高质量的人群队列研究,导致临床转化证据链薄弱。活性成分的生物利用度与剂量效应关系亦有待量化。

3)传统发酵工艺调控精准度低。传统“金花”菌评估依赖人工剖砖计数,存在破坏性大、主观性强、抽样频率低等弊端,且无法关联微生物形态与实时代谢活性,导致无法对发酵关键期进行精准干预与预警。

5.2 未来研究方向与展望

为应对上述挑战,未来研究应聚焦于跨学科融合与技术集成,推动茯砖茶产业向精准化、功能化与智能化方向发展。

1)深化多组学整合与分子机制解析。采用空间代谢组学(如matrix-assisted laser desorption/ionization, MALDI成像)定位代谢产物在茶叶基质中的分布,结合单细胞转录组解析微生物异质性。例如,分析冠突散囊菌菌丝不同区域(如顶端与基部)的基因表达差异,阐明其对茶多酚转化的空间特异性调控机制。此外,通过分子对接和分子动力学模拟,明确香气化合物(如 α -紫罗兰酮)与甜味受体的结合模式,为风味优化提供结构生物学依据。

2)构建智能发酵系统与标准化质控体系。未来需升级智能发酵系统,集成多模态传感器与先进算法,构建“环境-微生物-品质”动态预测模型,实现代谢的精准调控与发酵终点的智能决策。同时,应基于关键代谢标志物与微生物指纹图谱,建立标准化质控体系,并开发长效稳定的新型菌剂(如微胶囊化),保障产品一致性。

3)开发多菌协同体系与高附加值产品。应基于微生物互作网络,设计“真菌-细菌”复合菌剂,利用协同效应丰富功能成分多样性。运用合成生物学手段改造菌株,定向提升目标产物产量。最终,拓展茯砖茶提取物及功能成分在功能性食品、益生菌合剂乃至医药领域的应用,开发高附加值产品,推动产业升级。

参考文献 References

[1] CHEN G J, PENG Y J, XIE M H, et al. A critical review of Fuzhuan brick tea: processing, chemical constituents, health benefits and potential risk[J]. Critical reviews in food science

and nutrition, 2023, 63(22): 5447-5464.

[2] 李永焜, 杨涵越, 严志慧, 等. 基于气相-离子迁移谱技术分析“金花”菌发酵紫娟红茶过程中挥发性成分和多酚类物质变化[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(20): 359-370. LI Y K, YANG H Y, YAN Z H, et al. Analysis of volatile substances and polyphenols changes during the fermentation of Zijuan black tea based on gas phase ion mobility spectrometry technology[J]. Food and fermentation industries, 2025, 51(20): 359-370 (in Chinese with English abstract).

[3] 周炜炜, 燕飞, 曲东, 等. 冠突散囊菌对茶叶品质的影响及其发酵茶的功能活性研究进展[J]. 茶叶通讯, 2024, 51(1): 16-22. ZHOU Y W, YAN F, QU D, et al. Research progress on the effect of *Eurotium cristatum* on the quality of tea and the functional activity of fermented tea[J]. Journal of tea communication, 2024, 51(1): 16-22 (in Chinese with English abstract).

[4] ZHOU F, LI Y L, ZHANG X, et al. Polyphenols from Fuzhuan brick tea reduce obesity *via* modulation of gut microbiota and gut microbiota-related intestinal oxidative stress and barrier function[J]. Journal of agricultural and food chemistry, 2021, 69(48): 14530-14543.

[5] CHEN Y L, CHEN J X, CHEN R Y, et al. Comparison of the fungal community, chemical composition, antioxidant activity, and taste characteristics of Fuzhuan brick tea in different regions of China[J/OL]. Frontiers in nutrition, 2022, 9: 900138 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.900138>.

[6] ISHIKAWA Y, MORIMOTO K, HAMASAKI T. Metabolites of *Eurotium* species, their antioxidative properties and synergism with tocopherol[J]. Journal of food science, 1985, 50(6): 1742-1744.

[7] CHEN G J, WANG M J, ZENG Z Q, et al. Fuzhuan brick tea polysaccharides serve as a promising candidate for remodeling the gut microbiota from colitis subjects *in vitro*: fermentation characteristic and anti-inflammatory activity [J/OL]. Food chemistry, 2022, 391: 133203 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.133203>.

[8] LI Q, HUANG J N, LI Y D, et al. Fungal community succession and major components change during manufacturing process of Fuzhuan brick tea[J/OL]. Scientific reports, 2017, 7: 6947 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-07098-8>.

[9] 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.

[10] 王昕, 范晨伟, 刘金虎. 茯砖茶加工工艺及其发酵过程中优势菌群研究进展[J]. 商洛学院学报, 2024, 38(4): 62-69. WANG X, FAN C W, LIU J H. Research progress on processing technology of Fuzhuan brick tea and dominant microbial community in fermentation process [J]. Journal of Shangluo University, 2024, 38(4): 62-69 (in Chinese with English ab-

- stract).
- [11] 梁瑞娜,刘警鞠,李聪,等.茯砖茶真菌多样性分析及优势“金花菌”的分离鉴定[J].菌物研究,2025,23(6):458-466.LIANG R N, LIU J J, LI C, et al. Diversity analysis, isolation and identification of fungi in fuzhuan tea and discussion on taxonomic species name of “golden fungus” [J]. Journal of fungal research, 2025, 23(6): 458-466 (in Chinese with English abstract).
- [12] HAN Y K, WANG X N, LI H C, et al. Microbial communities and metabolite dynamics in the flowering fermentation of Fuzhuan brick tea: correlations with mycotoxin degradation [J/OL]. Food bioscience, 2025, 68: 106706 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2025.106706>.
- [13] 马荣蓉,冉莉莎,屈丽池,等.不同产地茯砖茶的品质、抗氧化性比较及“金花”菌形态特征分析[J].食品工业科技,2024,45(6):272-279.MA R R, RAN L S, QU L C, et al. Comparison of quality and antioxidant activity of Fuzhuan brick tea in different regions, and its “golden flower” fungi morphological characteristics [J]. Science and technology of food industry, 2024, 45(6): 272-279 (in Chinese with English abstract).
- [14] RUI Y, WAN P, CHEN G J, et al. Analysis of bacterial and fungal communities by Illumina MiSeq platforms and characterization of *Aspergillus cristatus* in Fuzhuan brick tea [J]. LWT, 2019, 110: 168-174.
- [15] WANG Y J, KAN Z P, THOMPSON H J, et al. Impact of six typical processing methods on the chemical composition of tea leaves using a single *Camellia sinensis* cultivar, Longjing 43 [J]. Journal of agricultural and food chemistry, 2019, 67(19): 5423-5436.
- [16] 张凯丽,李湘.青砖茶感官特性与生理活性研究进展[J].茶叶科学,2025,45(3):361-378.ZHANG K L, LI X. Advances on sensory characteristics and physiological activity of Qingzhuuan brick tea [J]. Journal of tea science, 2025, 45(3): 361-378 (in Chinese with English abstract).
- [17] 韦佳汝,聂凯丽,陈小强,等.黑茶渥堆发酵中微生物多样性及功能活性研究进展[J].食品工业科技,2025,46(9):424-434.WEI J R, NIE K L, CHEN X Q, et al. Research progress on microbial diversity and its functional activities during pile fermentation of dark tea [J]. Science and technology of food industry, 2025, 46(9): 424-434 (in Chinese with English abstract).
- [18] LIU T, ZHOU G, DU M R, et al. The interplay between (–)-epigallocatechin-3-gallate (EGCG) and *Aspergillus niger* RAF106, an EGCG-biotransforming fungus derived from Puerh tea [J/OL]. LWT, 2023, 180: 114678 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2023.114678>.
- [19] FANG X, DU M R, LIU T, et al. Changes in the biotransformation of green tea catechins induced by different carbon and nitrogen sources in *Aspergillus niger* RAF106 [J/OL]. Frontiers in microbiology, 2019, 10: 2521 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02521>.
- [20] LIU C, BOEREN S, ESTRUCH I M, et al. The gut microbial metabolite pyrogallol is a more potent inducer of Nrf2-associated gene expression than its parent compound green tea (–)-epigallocatechin gallate [J/OL]. Nutrients, 2022, 14(16): 3392 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3390/nu14163392>.
- [21] LIU T, WANG J, DU M R, et al. The interplays between epigallocatechin-3-gallate (EGCG) and *Aspergillus niger* RAF106 based on metabolism [J]. Fungal biology, 2022, 126(11/12): 727-737.
- [22] YANG F, CHEN C, NI D R, et al. Effects of fermentation on bioactivity and the composition of polyphenols contained in polyphenol-rich foods: a review [J/OL]. Foods, 2023, 12(17): 3315 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3390/foods12173315>.
- [23] FAN Z Y, QING Q, YIN J Q, et al. Metabolites of epigallocatechin gallate and changes in antioxidant activity through biotransformation with *Eurotium cristatum* during liquid-state fermentation [J/OL]. Food chemistry: X, 2025, 29: 102618 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2025.102618>.
- [24] MAYZIN W W, BUTTACHON S, DETHOUP T, et al. Antibacterial and antibiofilm activities of the metabolites isolated from the culture of the mangrove-derived endophytic fungus *Eurotium chevalieri* KUFA 0006 [J]. Phytochemistry, 2017, 141: 86-97.
- [25] ZHANG P P, JIA C X, DENG Y L, et al. Anti-inflammatory prenylbenzaldehyde derivatives isolated from *Eurotium cristatum* [J]. Phytochemistry, 2019, 158: 120-125.
- [26] ZHU M Z, LI N, ZHOU F, et al. Microbial bioconversion of the chemical components in dark tea [J/OL]. Food chemistry, 2020, 312: 126043 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.126043>.
- [27] ZHENG X X, HONG X, JIN Y L, et al. Characterization of key aroma compounds and relationship between aroma compounds and sensory attributes in different aroma types of Fuzhuan brick tea [J/OL]. Food chemistry, 2022, 13: 100248 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2022.100248>.
- [28] LI D L, LI X M, LI T G, et al. Benzaldehyde derivatives from *Eurotium rubrum*, an endophytic fungus derived from the mangrove plant *Hibiscus tiliaceus* [J]. Chemical & pharmaceutical bulletin, 2008, 56(9): 1282-1285.
- [29] 贾斌,马养民,陈镡,等.天然产物吡啶二酮哌嗪生物碱的结构及生物活性[J].化学进展,2018,30(8):1067-1081.JIA B, MA Y M, CHEN D, et al. Structure and biological activity of 2-oxindole piperazine alkaloids [J]. Progress in chemistry, 2018, 30(8): 1067-1081 (in Chinese with English abstract).
- [30] XIAO L K, YANG C, ZHANG X L, et al. Effects of solid-state fermentation with *Bacillus subtilis* LK-1 on the volatile profile, catechins composition and antioxidant activity of dark teas [J/OL]. Food chemistry: X, 2023, 19: 100811 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2023.100811>.

- [31] YANG C, LU X J, HO C T, et al. Comparison of solid-state fermentation with different *Bacillus* species on the volatile organic compounds and non-volatile metabolites of dark teas [J/OL]. Food research international, 2025, 214: 116574 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2025.116574>.
- [32] GARCIA-GONZALEZ N, BATTISTA N, PRETE R, et al. Health-promoting role of lactiplantibacillus plantarum isolated from fermented foods [J/OL]. Microorganisms, 2021, 9(2): 349 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9020349>.
- [33] WANG R, SUN J C, LASSABLIERE B, et al. Green tea fermentation with *Saccharomyces boulardii* CNCM I-745 and *Lactiplantibacillus plantarum* 299V [J/OL]. Lwt, 2022, 157: 113081 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2022.113081>.
- [34] LI Y L, WANG R X, XIAO T, et al. Unveiling key odor-active compounds and bacterial communities in Fuzhuan brick tea from seven Chinese regions: a comprehensive sensomics analysis using GC-MS, GC-O, aroma recombination, omission, and high-throughput sequencing [J/OL]. Food research international, 2024, 196: 114978 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.114978>.
- [35] XIAO Y, ZHONG K, BAI J R, et al. Insight into effects of isolated *Eurotium cristatum* from Pingwu Fuzhuan brick tea on the fermentation process and quality characteristics of Fuzhuan brick tea [J/OL]. Journal of the science of food and agriculture, 2020, 100(9): 3598-3607.
- [36] XIAO Y, CHEN H, CHEN Y L, et al. Effect of inoculation with different *Eurotium cristatum* strains on the microbial communities and volatile organic compounds of Fu brick tea [J/OL]. Food research international, 2024, 197: 115219 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.115219>.
- [37] HUANG Y X, CHEN R Y, CHEN Y L, et al. Dynamics changes in volatile profile, non-volatile metabolites and antioxidant activities of dark tea infusion during submerged fermentation with *Eurotium cristatum* [J/OL]. Food bioscience, 2023, 55: 102966 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2023.102966>.
- [38] SCHARBERT S, HOFMANN T. Molecular definition of black tea taste by means of quantitative studies, taste reconstitution, and omission experiments [J]. Journal of agricultural and food chemistry, 2005, 53(13): 5377-5384.
- [39] ZHU Y F, CHEN J J, JI X M, et al. Changes of major tea polyphenols and production of four new B-ring fission metabolites of catechins from post-fermented Jing-Wei Fu brick tea [J]. Food chemistry, 2015, 170: 110-117.
- [40] LI Y D, LIU Z H, HUANG J A, et al. Quality changes of Fuzhuan brick tea during processing period based on principal component and cluster analysis [J]. Science & technology of food industry, 38(17): 1-4.
- [41] LI Z Y, FENG C X, LUO X G, et al. Revealing the influence of microbiota on the quality of Pu-erh tea during fermentation process by shotgun metagenomic and metabolomic analysis [J]. Food microbiology, 2018, 76: 405-415.
- [42] LV H P, ZHANG Y, SHI J, et al. Phytochemical profiles and antioxidant activities of Chinese dark teas obtained by different processing technologies [J]. Food research international, 2017, 100: 486-493.
- [43] TAO M K, XU M, ZHANG H, et al. Methylenebisnicotiflorin: a rare methylene-bridged bisflavonoid glycoside from ripe Pu-er tea [J]. Natural product research, 2016, 30(7): 776-782.
- [44] XIANG L, LIU Y Q, LAI X F, et al. Biochemical component analysis and antioxidant activities of different kinds of aged tea [J]. Modern food science and technology, 2018, 34(4): 56-62.
- [45] WANG Q P, GONG J S, CHISTI Y, et al. Production of the-abrownins using a crude fungal enzyme concentrate [J]. Journal of biotechnology, 2016, 231: 250-259.
- [46] 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.
- [47] ZHU Y C, LUO Y H, WANG P P, et al. Simultaneous determination of free amino acids in Pu-erh tea and their changes during fermentation [J]. Food chemistry, 2016, 194: 643-649.
- [48] 赵楠楠, 石琳琳, 罗娟, 等. 冠突散囊菌及其次级代谢产物研究进展 [J]. 食品研究与开发, 2024, 45(3): 208-212. ZHAO N N, SHI L L, LUO J, et al. Research advances in *Eurotium cristatum* and its secondary metabolites [J]. Food research and development, 2024, 45(3): 208-212 (in Chinese with English abstract).
- [49] SEBAK M, MOLHAM F, GRECO C, et al. Chemical diversity, medicinal potentialities, biosynthesis, and pharmacokinetics of anthraquinones and their congeners derived from marine fungi: a comprehensive update [J]. RSC advances, 2022, 12(38): 24887-24921.
- [50] DE MATTOS-SHIPLEY K M J, SIMPSON T J. The 'emodin family' of fungal natural products - amalgamating a century of research with recent genomics-based advances [J]. Natural product reports, 2023, 40(1): 174-201.
- [51] CAO L T, GUO X M, LIU G J, et al. A comparative analysis for the volatile compounds of various Chinese dark teas using combinatory metabolomics and fungal solid-state fermentation [J]. Journal of food and drug analysis, 2018, 26(1): 112-123.
- [52] LYU C Y, CHEN C Y, GE F, et al. A preliminary metagenomic study of Puer tea during pile fermentation [J]. Journal of the science of food and agriculture, 2013, 93(13): 3165-3174.
- [53] FENG J, ZHAN X B, WANG D, et al. Identification and analysis of the metabolic functions of a high-salt-tolerant halophilic aromatic yeast *Candida etchellsii* for soy sauce production [J].

- World journal of microbiology and biotechnology, 2012, 28 (4):1451-1458.
- [54] MOON S K, KIM D K, PARK J M, et al. Development of a semi-continuous two-stage simultaneous saccharification and fermentation process for enhanced 2, 3-butanediol production by *Klebsiella oxytoca* [J]. Letters in applied microbiology, 2018, 66(4):300-305.
- [55] GESSLER N N, EGOROVA A S, BELOZERSKAYA T A. Fungal anthraquinones[J]. Applied biochemistry and microbiology, 2013, 49(2):85-99.
- [56] ZOU X W, LI Y, ZHANG X N, et al. A new prenylated indole diketopiperazine alkaloid from *Eurotium cristatum* [J]. Molecules, 2014, 19(11):17839-17847.
- [57] DU F Y, LI X M, LI C S, et al. Cristatamins A - D, new indole alkaloids from the marine-derived endophytic fungus *Eurotium cristatum* EN-220 [J]. Bioorganic & medicinal chemistry letters, 2012, 22(14):4650-4653.
- [58] KIM K S, CUI X, LEE D S, et al. Inhibitory effects of benzaldehyde derivatives from the marine fungus *Eurotium* sp. SF-5989 on inflammatory mediators *via* the induction of heme oxygenase-1 in lipopolysaccharide-stimulated RAW264.7 macrophages[J]. International journal of molecular sciences, 2014, 15 (12):23749-23765.
- [59] DENG J, LI Y L, YUAN Y, et al. Secondary metabolites from the genus *Eurotium* and their biological activities [J/OL]. Foods, 2023, 12 (24) : 4452 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3390/foods12244452>.
- [60] GONG Z P, OUYANG J, WU X L, et al. Dark tea extracts: chemical constituents and modulatory effect on gastrointestinal function [J/OL]. Biomedicine & pharmacotherapy, 2020, 130: 110514 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2020.110514>.
- [61] 张宁. 茯砖茶的代谢组分析及其中的细菌对类黄酮的结构修饰[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2024. ZHANG N. Metabolomic analysis of Fuzhuan brick tea and structural modification of flavonoids by its bacterial communities[D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2024 (in Chinese with English abstract).
- [62] 王建秀. 黑茶抗氧化功效评价及保健食品研制[D]. 长春: 长春理工大学, 2024. WANG J X. Evaluation of antioxidant efficacy and health product development of dark tea[D]. Changchun: Changchun University of Science and Technology, 2024 (in Chinese with English abstract).
- [63] 钟凯. 复合茯砖茶饮料工艺及抗氧化活性研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2021. ZHONG K. Processing technology and antioxidant activity of compound Fuzhuan brick tea beverage [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2021 (in Chinese with English abstract).
- [64] 张文将, 刘柏炎, 陈雪梅, 等. 茯砖茶对高脂血症 APOE^{-/-}小鼠瘦素抵抗的影响[J]. 湖南中医杂志, 2023, 39(12): 135-141. ZHANG W J, LIU B Y, CHEN X M, et al. Effects of Fuzhuan brick tea on leptin resistance in APOE^{-/-} mice with hyperlipidemia [J]. Hunan journal of traditional chinese medicine, 2023, 39(12): 135-141 (in Chinese with English abstract).
- [65] 李秀平, 欧阳建, 唐静怡, 等. 茯砖茶通过调节肠道菌群和胆汁酸代谢预防肥胖及高胆固醇血症作用机制[J]. 食品科学, 2022, 43(9): 136-149. LI X P, OUYANG J, TANG J Y, et al. Mechanism of Fuzhuan brick tea in preventing obesity and hypercholesterolemia by modulating gut microbiota and bile acid metabolism [J]. Food science, 2022, 43 (9) : 136-149 (in Chinese with English abstract)
- [66] 陈贵杰, 谢旻皓, 曾晓雄. 茯砖茶调节脂代谢和肠道菌群的研究进展[J]. 中国茶叶加工, 2022, (1) : 11-15. CHEN G J, XIE M H, ZENG X X. Research progress on Fuzhuan brick tea in regulating lipid metabolism and gut microbiota [J]. China tea processing, 2022, (1) : 11-15 (in Chinese with English abstract).
- [67] 柯菀萍, 刘振云, 李孟华, 等. 陈年茯砖茶对高脂血症小鼠的调脂作用[J]. 茶叶科学, 2024, 44(4): 683-693. KE W P, LIU Z Y, LI M H, et al. Hypolipidemic effect of aged Fuzhuan brick tea on hyperlipidemic mice [J]. Journal of tea science, 2024, 44 (4) : 683-693 (in Chinese with English abstract).
- [68] FOSTER M T, GENTILE C L, COX-YORK K, et al. Fuzhuan brick tea consumption imparts hepatoprotective effects and alters intestinal microbiota in high saturated fat diet-fed rats [J]. Molecular nutrition & food research, 2016, 60 (5) : 1213-1220.
- [69] ZHAO D, CAO F, GUO X J, et al. Antibacterial indole alkaloids and anthraquinones from a sewage-derived fungus *Eurotium* sp. [J]. Chemistry of natural compounds, 2018, 54 (2) : 399-401.
- [70] ZHANG Y G, JIA A R, CHEN H B, et al. Anthraquinones from the saline-alkali plant endophytic fungus *Eurotium rubrum* [J]. The journal of antibiotics, 2017, 70(12):1138-1141.
- [71] MASI M, EVIDENTE A. Fungal bioactive anthraquinones and analogues [J/OL]. Toxins, 2020, 12 (11) : 714 [2025-07-26]. <https://doi.org/10.3390/toxins12110714>.

Progress on microbial metabolism-driven formation of flavor quality and the health benefits of Fuzhuan brick tea

WANG Xing^{1,2}, GUO Qianrui¹, REN Jingyi¹, LIU Jinhu^{1,2}, LI Wei⁴, ZHANG Xiaowen^{1,2}, YUE Tianli^{2,3}

1.College of Health Management, Shangluo University, Shangluo 726000, China;

2.Shaanxi Province 'Four Subjects and One Union' Qinling Health Industry

University-Enterprise Joint Research Center, Shangluo 726000, China;

3.College of Food Science and Technology, Northwest University, Xi'an 710069, China;

4.College of Biology Pharmacology & Food Engineering, Shangluo University, Shangluo 726000, China

Abstract The flavor quality and health benefits of Fuzhuan brick tea are primarily driven by microbial metabolism. This article summarized the succession patterns of its microbial communities, the transformation pathways of metabolic product, and health mechanisms by focusing on the core scientific issues of microbial metabolism-driven the quality and efficacy of Fuzhuan brick tea to optimize the fermentation process of Fuzhuan brick tea, develop functional components with high activity of Fuzhuan brick tea, and establish a standardized system of controlling quality for Fuzhuan brick tea. The microbial communities undergo a three-stage dynamic succession during the process of fermentation. Functional fungi with the genus *Eurotium cristatum* as the core contributors secrete key enzymes including polyphenol oxidase and cellulase to catalyze the transformation of substrates including catechins and polysaccharides into the abrownins, fuins, and anthraquinone compounds, forming a unique “ungal-floral” aroma and mellow taste of the tea. Meanwhile, microbial metabolites have health benefits including lipid-lowering, antioxidant activity, and regulation of gut microbiota. In the future, it is necessary to integrate multi-omics technologies to establish a precise regulation system, further deepen the studies on multi-strain synergistic mechanisms and health effects, thereby facilitating the development of high value-added products of Fuzhuan brick tea.

Keywords Fuzhuan brick tea; flavor quality; *Eurotium cristatum*; microbial fermentation; bio-transformation; metabolic regulation; health benefits

(责任编辑:张志钰)