

高田村长寿老人肠道菌群中的 抗氧化乳酸菌分离鉴定及评价

蔚晓敏¹, 武晓丽², 杨 栋¹, 裘 梁^{1,2},
吴姚平¹, 王登远¹, 魏 华¹, 徐 锋^{*1}

(1. 南昌大学 中德联合研究院, 江西 南昌 330047; 2. 江西中医学院基础医学部, 江西 南昌 330004)

摘要: 为分离筛选与长寿相关的乳酸菌, 了解长寿机制, 以高田村长寿老人的粪便样品为研究对象, 基于 Illumina MiSeq 测序平台对粪便微生物群落的 16S rRNA 的 V4 高变区进行测序, 并注释序列物种, 分析该地区居民肠道中共有的菌属; 用 MRS 选择培养基, 从长寿老人粪便中分离筛选该地区共有的乳酸菌, 并评价菌株对模拟胃液、肠液的耐受性, 同时评价菌株清除自由基能力。结果表明: 共有 345 OTU 为地区各年龄段居民肠道所共有, 分离到的 1 株发酵乳杆菌 1014, 对模拟胃液、模拟肠液具有较高的耐受能力, 并且发酵上清具有较高的自由基清除能力。本文中的实验结果有助于揭示长寿现象, 所筛选的菌株也可作为微生物制剂的潜在开发菌株。

关键词: 高通量测序; 长寿老人; 抗氧化

中图分类号: Q 939.9 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-1689(2018)05-0472-07

Screening and Evaluating of Antioxidant Lactobacillus from Gut Microbacterial of Gaotian Villager

YU Xiaomin¹, WU Xiaoli², YANG Dong¹, QIU Liang^{1,2},
WU Yaoping¹, WANG Dengyuan¹, WEI Hua¹, XU Feng^{*1}

(1. Jiangxi-OAI Joint Research Institute, Nanchang University, Nanchang 330047, China; 2. Jiangxi University of TCM International Education College, Nanchang 330004, China)

Abstract: To isolate lactic acid bacteria associated with longevity and understand the mechanism about longevity, the gut microbial community of long living elderly residents of Gaotian village was analyzed systematically using 16S high-throughput sequencing. Sequences were performed by species annotation and analyzed the mutual species of gut microbacterial of villagers. This study use MRS to isolated lactobacillus and evaluate the ability of tolerance in simulated gastric and intestinal fluid as well as the ability of scavenging in free radical. Results showed there were 345 OTUs shared all ages of villages in Gaotian. *Lactobacillus fermentum* 1014 had a high ability of tolerance in

收稿日期: 2015-08-16

基金项目: 国家 863 计划项目(2014AA022209); 南昌大学研究生创新专项资金资助项目(cx2015113)。

* 通信作者: 徐 锋(1978—), 男, 江西九江人, 副研究员, 理学博士, 主要从事食品生物技术研究。E-mail: ziwu211@126.com

引用本文: 蔚晓敏, 武晓丽, 杨栋, 等. 高田村长寿老人肠道菌群中的抗氧化乳酸菌分离鉴定及评价[J]. 食品与生物技术学报, 2018, 37(05): 472-478.

simulated gastric and intestinal fluid, best antioxidant ability of scavenging free radical. Those results might help to reveal the phenomenon of longevity and *L. fermentum* 1014 might be considered as a potential probiotic lactic acid bacterium used as a microbial agent.

Keywords: high-throughput, longevity, antioxidant

近3年,SCIENCE和NATURE等高水平杂志发表了一系列文章,科学家们提出,肠道菌群可作为一个虚拟器官^[1],影响着人体的发育生长、营养与健康,甚至其与代谢性疾病(肠易激综合征^[2]、炎症性肠病^[3]、心血管疾病^[4-5]、糖尿病^[6]、肥胖^[7]等)密切相关,阐述并证明了肠道菌群与人体健康乃至长寿的关联性。

湖南省浏阳市高田村地理位置相对封闭,其村民不仅长寿,而且普遍没有慢性疾病。与此形成鲜明对比的是,周边地区既无长寿现象,而且心血管疾病、慢性肠胃炎和癌症等疾病时有发生。但是有关该地区老人长寿原因,还未见任何报道,缺乏系统的研究。因为该村的居民与周边地区一直保持着婚配,故推测这里的长寿现象可能与遗传因素联系不紧密。Gierman等^[8]通过完成了17例高加索地区百岁老人的全基因组测序,证明基因影响较小,而环境因素可能对长寿影响较大。肠道菌群受饮食、作息习惯,以及气候等^[9-11]外界因素影响,导致不同人群之间差异很大,进而影响了人体的健康与长寿。

乳酸菌可调节机体胃肠道菌群平衡,提高机体免疫力,降低血清胆固醇,降血压,抗氧化抑制肿瘤发生等方面的特殊生理活性。长双歧杆菌BBMN68^[12]分离自广西巴马长寿老人粪便,其活菌液对便秘模型小鼠有润肠通便作用,提高免疫力。唾液乳杆菌FDB86^[13]可以缓解二甲胍对肠道菌群的不良影响,使肠道菌群趋近于正常状态,对结肠癌大鼠肠道菌群变化的调节作用。另外生物氧化是机体新陈代谢的重要生理过程,但此过程中会产生多种自由基,自由基的累积,会造成体内氧化损伤逐渐增多,导致老年慢性病发生,而清除过多的自由基可以延缓衰老^[14]。

故此本文作者希望通过解析并分离高田村老人肠道菌群的特有菌株,从中筛选出抗氧化能力强的菌株,以期今后探究长寿机制,预防老年慢性病,开发新型微生物制剂奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

MRS培养基,DPPH,邻二氮菲,硫酸亚铁,PBS缓冲液,蛋白胨,牛胆盐,北京索莱宝科技有限公司产品;30% H_2O_2 ,西陇科学产品;无水乙醇,天津市大茂化学试剂厂产品;胃蛋白酶,胰蛋白酶,上海源叶生物科技有限公司产品。

1.2 主要仪器

显微镜,日本奥林巴斯公司产品;恒温培养箱,美国Queue公司产品;离心机,长沙维尔康湘鹰公司产品;厌氧培养箱,PLAS-LABS公司产品;全自动高压灭菌锅,中国上海博讯公司产品;超净工作台,苏州净化有限公司产品;紫外可见分光光度计,Genesys 10s公司产品。

1.3 试验方法

1.3.1 粪便样品来源及采集,保藏 取采样前3个月未服用药物的21名高田村健康长寿老人的粪便。将晨起第一次新鲜的粪便5~10 g于无菌的离心管中,并立刻置于干冰中,一部分用于提取细菌DNA后,由北京诺禾致源生物信息科技有限公司进行16S rDNA高通量测序,另一部分进行菌株分离筛选。

对该地区居民粪便进行分组,其中LLG1是该地区90岁以上的老人,平均年龄为93岁,样本量 $N=3$;LLG2为80~89岁老人,平均年龄为84.4岁,样本量 $N=5$;LLG3组为一长寿家族中的父母及其儿女组成,其中年龄最大的为父亲91岁,最小的儿子50岁,平均年龄69岁;LLG4年龄范围是70~79,平均年龄为72岁, $N=4$;LLG5年龄区间为60~69岁,平均年龄63.5岁, $N=4$ 。每组样本为相应该组成员粪便样等量混合均匀后提取DNA进行测序比较分析。

1.3.2 菌株分离方法 根据测序的结果,选择乳酸菌作为分离的目标菌。分别取1 g粪便溶于10 mL 10%蛋白胨溶液中,充分溶解,滤纸滤去残渣,滤液

用 5 000 r/min 离心 10 min, 弃去上清液, 收集沉淀, 用 1 mL 10% 蛋白胨水重悬。按 1% 接种体积分数到 MRS 液体培养基中, 过夜培养。培养液采用 10 倍梯度稀释, 梯度稀释为 10^{-1} 、 10^{-2} 、 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6} 、 10^{-7} 、 10^{-8} 和 10^{-9} , 每个梯度取 1 mL 分别均匀涂布于 MRS 固体培养基, 37 °C, 厌氧培养 48 h。从每份粪便样品中, 挑取 10 株菌落形态不同的菌株, 进行纯培养。将培养过夜的新鲜菌液用 15% 的脱脂乳保菌, 于 -70 °C 冰箱保藏菌株。

1.3.3 菌株氧胁迫筛选 将新鲜培养的菌株以 1% 的体积比接种到含 0.4 mmol/L H_2O_2 的 MRS 液体培养基中, 37 °C 厌氧培养 8 h, 分别测定 0 h 与 8 h 的 OD_{630} , 检测菌株对 H_2O_2 的耐受性。选择在此条件下生长状况良好的菌株进行后续实验。用 OD 值差来表示菌株对 H_2O_2 的耐受性, 即 $\Delta OD = OD_{630_{8h}} - OD_{630_{0h}}$ [15]。

1.3.4 菌株的鉴定 综合评价性能良好的菌株进行液体扩大培养, 以 27F/1492R 为引物进行 16S rDNA 序列扩增, 鉴定菌株的种属。将扩增产物进行测序。以待测菌基因组为模板进行 PCR 扩增, 体系配置: Taq mix 10 μ L, 引物 1 μ L, ddH₂O 9 μ L, 总体积 20 μ L。扩增条件: 预变性, 95 °C 5 min, 95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 45 s, 30 个循环, 终延伸 72 °C, 10 min。用 1% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测扩增的目的条带。扩增产物经上海生物工程有限公司进行测序, 得到的数据在 NCBI 数据库中已知菌株的 16S 序列 BLAST 比较相似性, 初步判断菌株的种属。

1.3.5 菌株对模拟胃液的耐受性评价 模拟胃液: 将磷酸氢二钠-柠檬酸缓冲液 (pH 2.2) 中添加胃蛋白酶使终质量浓度为 3 mg/mL, 现用现配。将对 H_2O_2 耐受性高的菌株的新鲜培养菌液, 5 000 r/min 离心 10 min, 菌体洗涤 2 次后重悬于模拟胃液中, 保持菌浓度相同, 37 °C 厌氧孵育 30 min。在 0 min 和 30 min 分别用 MRS 固体培养基活菌计数 [16]。

1.3.6 菌株对模拟肠液的耐受性的评价 模拟肠液: 将 PBS 缓冲液 pH 调节为 8.0, 并添加体积分数 0.45% 胆盐, 终质量浓度为 1 mg/mL 的胰蛋白酶, 现用现配。将对 H_2O_2 耐受性高的菌株的新鲜培养液, 5 000 rpm 离心 10 min, 菌体洗涤两次后重悬于模拟肠液中, 保持菌浓度相同, 37 °C 共孵育 2 h。0 h 和 2 h 分别用 MRS 固体培养基活菌计数 [17]。

1.3.7 清除自由基能力的评价 按照接种量为 1%

接入 MRS 培养基中, 厌氧 37 °C 培养 18 h, 6 000 r/min 离心 10 min, 分别收集发酵上清液和菌体。菌体用 PBS (pH 7.2) 溶液洗涤 2 次, 再用 PBS 溶液重悬至乳酸菌数为 10^9 cfu/mL。发酵上清和重悬的菌体作为清除自由基试验的样品。

DPPH 自由基的清除试验, 参考的方法 [18]: 2 mL 样品中加入 2 mL DPPH 无水乙醇溶液 (0.2 mmol/L) 混合均匀, 室温避光反应 30 min, 6 000 r/min 离心 10 min, 取上清液于 517 nm 处测定吸光度值 A_i ; 空白组以等体积无水乙醇代替 DPPH 无水乙醇溶液 A_0 , 对照组以等体积空白溶剂代替样品溶液 A_j , 并以等体积蒸馏水和乙醇混合液空白调零。

$$\text{清除率}(\%) = 100 - (A_i - A_0) / A_j \times 100 \quad (1)$$

羟自由基清除试验, 参照的方法 [19]: 0.5 mL 的邻二氮菲 (6 mmol/L), 0.5 mL 的 $FeSO_4$ 溶液 (6 mmol/L) 与 1.0 mL 的 PBS 溶液 (pH 7.2) 混匀。再向此体系中加入 0.5 mL 样品和 0.5 mL 0.1% 过氧化氢, 用双蒸水将总体积定容至 4.0 mL。混匀后在 37 °C 下孵育 1 h, 于 536 nm 下读取吸光度。羟自由基的清除率按下式 (2) 计算:

$$\text{清除率}(\%) = [(A_s - A_0) / (A - A_0)] \times 100 \quad (2)$$

式 (2) 中, A_s 为样品的吸光度值; A_0 为 H_2O 替代样品; A 为 H_2O 替代 H_2O_2 和样品

2 结果与分析

2.1 高通量测序结果

采用 Illumina MiSeq 测序平台, 对粪便微生物群落的 16S rRNA 的 V4 高变区进行测序, 根据物种注释, 统计每个样品在各分类水平 (Kingdom, Phylum, Class, Order, Family, Genus, Species) (界、门、纲、目、科、属和种) 上的序列数目, 物种序列构成柱状图见图 1。LLG4 在各个水平上均高于其他组。从图 1 可以看出, 不同年龄段的物种的序列数不同, 在种的水平上, LLG1 高于其他组。在 OTUs 构建过程中, 对不同样品的 Effective Tags 数据, 低频数的 Tags 数据和 Tags 注释数据等信息进行初步统计, 统计结果如图 2, 样品 tag 平均有 25 759, 平均 OTU 为 955.6。不同样品之间 OTU 对比的维恩图, 如图 3 所示, LLG1, LLG2, LLG3, LLG4, LLG5 共有 345 个 OTU, 其中一部分为乳酸菌。鉴于乳酸菌是比较认可的安全菌株, 故使用 MRS 选择性培养基从该地区健康长寿老人粪便中筛选特有的乳酸菌, 为

开发新型微生物制剂奠定工作基础。

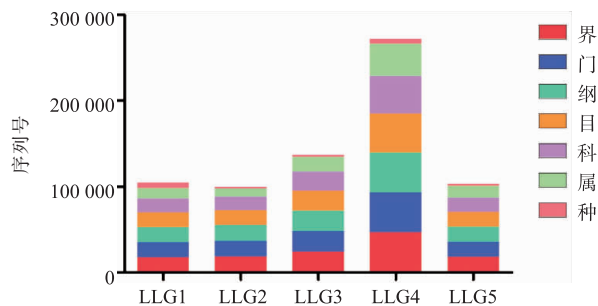


图 1 每个样品在各分类水平上的序列构成柱形图

Fig. 1 Each sample in the sequence of each classification level a bar chart

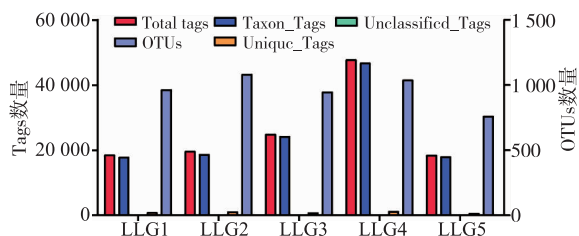


图 2 不同样品的 Tags 和 OTUs 数目统计

Fig. 2 Statistics number of Tags and OTUs of samples

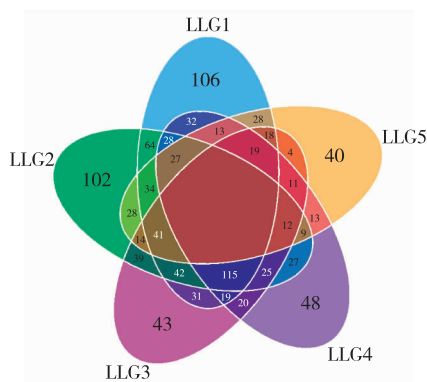


图 3 各组样品之间比较的维恩图

Fig. 3 VEEN graph of compared with different samples

2.2 菌株对 H₂O₂ 耐受性

各菌株对 H₂O₂ 的耐受性表示不同,表 1 中菌株对 0.4 mmol/L H₂O₂ 有较好的耐受性,受试菌株中 L0105,L0302,L0608,L0902,L1001,L1014,LP1,LP2,LP3,LP4,LP5,LP6 对 0.4 mmol/L 有较高的耐受性,ΔOD>0.9。其他的菌株基本不能生长,故不列于表中。

表 1 分离菌株对 H₂O₂ 的耐受性

Table 1 Test of H₂O₂ resistant

菌株	耐受性	菌株	耐受性	菌株	耐受性	菌株	耐受性
LP1	+++	L0302	+++	L0801	++	L0818	+
LP2	+++	L0405	++	L0803	+	L0819	+
LP3	+++	L0601	+	L0804	+	L0901	+
LP4	+++	L0603	++	L0805	+	L0902	+++
LP5	+++	L0605	+	L0806	+	L0903	+
LP6	+++	L0608	+++	L0807	+	L0904	+
L0101	++	L0701	+	L0809	++	L0905	+
L0102	+	L0702	+	L0810	++	L1001	+++
L0103	+	L0704	+	L0812	+	L1002	+
L0104	+	L0709	+	L0813	+	L1004	+
L0105	+++	L0710	++	L0814	++	L1005	++
L0201	+	L0711	+	L0815	+	L1007	+
L0202	+	L0713	+	L0816	+	L1008	+
L0301	+	L0715	++	L0817	+	L1009	+
L1401	+	L1405	+	L1404	+	L1011	++
L1402	+	L1406	++	L1408	++	L1012	+
L1403	++	L1407	++	L1016	+	L1014	+++

注:+++,ΔOD>0.9;++,0.6<ΔOD<0.9;+,0.3<ΔOD<0.6。

2.3 菌株的鉴定

为确定耐 H_2O_2 菌株的种属,进行 16S rDNA 序列测定,提取各菌株的总 DNA 进行 PCR 扩增,得到约 1 500 kb 的 DNA 片段测序后,将测定序列在 NCBI 数据库中进行序列同源性比对,根据比对结果确定菌株种属,具体结果见表 2。其中,有 5 株发酵乳杆菌,2 株植物乳杆菌,2 株唾液乳杆菌,2 株肠球菌,1 株粘膜乳杆菌。

表 2 菌株比对结果

Table 2 Results of strains blast

编号	菌株	相似度/%
0105	<i>Lactobacillus fermentum</i>	99
0302	<i>Lactobacillus plantarum</i>	99
0608	<i>Lactobacillus fermentum</i>	99
0902	<i>Lactobacillus plantarum</i>	99
1001	<i>Lactobacillus mucosae</i>	100
1014	<i>Lactobacillus fermentum</i>	99
P1	<i>Enterococcus hirae</i>	99
P2	<i>Lactobacillus salivarius</i>	99
P3	<i>Lactobacillus fermentum</i>	97
P4	<i>Enterococcus faecalis</i>	99
P5	<i>Lactobacillus salivarius</i>	97
P6	<i>Lactobacillus fermentum</i>	99

2.4 对模拟胃液的耐受性

菌株在模拟胃液中孵育 30 min 后,菌株对胃液的耐受能力各不相同,如图 4 所示。其中 0105、0302、1014 和 P3 的菌液浓度可以保持在 10^8 cfu/mL,降低一个数量级,而 0608、P2 和 P6 在模拟胃液中孵育后,菌液浓度降低最多,存活率约为 1%。说明胃蛋白酶和低 pH 对菌株有较大的影响。益生菌在使用过程中,先暴露在胃环境中,而胃蛋白酶和低 pH 对菌株有较大影响,可对其进行保护,如微囊化、与牛乳等共同服用,缓解胃液对菌株的损伤,扩大菌株的使用范围。

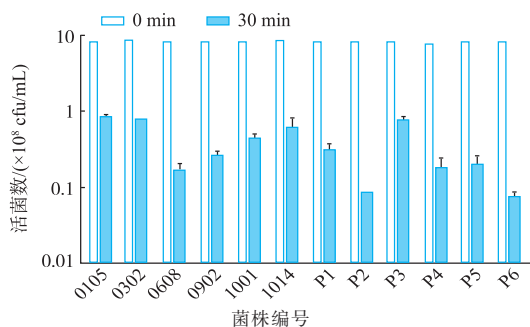


图 4 耐 H_2O_2 菌株对模拟胃液的耐受性

Fig. 4 H_2O_2 -resistant strains of resistance to simulated gastric juice

2.5 菌株对模拟肠液的耐受性

除 P1、P2 和 P3,在模拟肠液中降低一个数量级外,其他菌株对模拟肠液均表现出较好的耐受性,2 h 后,活菌浓度仍大于 10^8 cfu/mL,其中 1014 的耐受性最高,如图 5 所示。与模拟胃液相比,模拟肠液对部分菌株的存活影响较小,说明胰蛋白酶和胆盐对分离到菌株的存活影响较小,菌株能够在模拟肠液中存活。可能是菌株分离自肠道,对肠液的适应能力较强,而菌株没有经过胃液的作用,模拟胃液对其存活率影响较大。可见菌株的来源直接影响着菌株对模拟胃液,模拟肠液的耐受性。

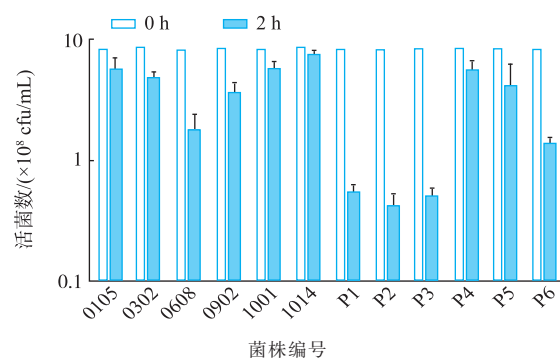


图 5 耐 H_2O_2 菌株对模拟肠液的耐受性

Fig. 5 H_2O_2 -resistant strains of simulated intestinal resistance

2.6 清除自由基

1014 对模拟胃液和模拟肠液的均表现出较好的耐受性,因此进一步评价其清除自由基的能力。由图 6 可知,发酵乳杆菌 1014 的发酵上清液对 DPPH、 OH^- 自由基的清除率分别为 63.28%、71.59%,均高于菌株的清除率。Li^[9]报道,植物乳杆菌 C88 对 DPPH 的清除率为 53.05%,Das^[15]报道,植物乳杆菌 DM5 清除羟基自由基为 48%,发酵乳杆菌 1014 对自由基的清除能力较好。DPPH 是很稳定

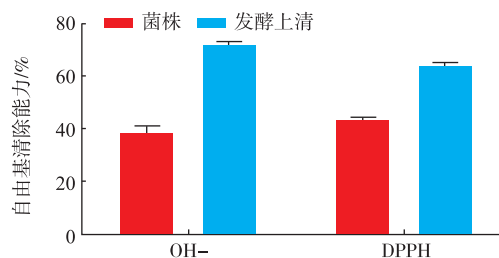


图 6 发酵乳杆菌 1014 清除自由基的能力

Fig. 6 Ability scavenging of free radical on *L. fermentum* 1014

的自由基,菌体有较高的清除率表明受试菌株具有降低过氧化氢、过氧化自由基或脂质自由基连锁反应的能力,而羟自由基是活泼型最强,氧化能力最大的自由基,是引起机体氧化作用的重要因素,清除羟自由基可有助于维持细胞膜的完整性,延缓细胞衰老。

3 结 语

本研究以 16S rDNA 高通量测序为依据,分离筛选高田村居民肠道中共有的具有益生功能的乳酸杆菌。共分离到 12 株对 H_2O_2 耐受性较高的菌株,

分别为 5 株发酵乳杆菌,2 株植物乳杆菌,2 株唾液乳杆菌,2 株肠球菌,1 株粘膜乳杆菌。对 12 株菌进行模拟胃液和肠液的耐受性进行测定,发现发酵乳杆菌 1014 具有较高的耐受性。进一步评价 1014 的不同组分对自由基的清除能力,结果表明 1014 的发酵上清液发挥了主要清除自由基的能力,对 DPPH, OH^- 自由基的清除率分别为 63.28%, 71.59%,而菌体的清除自由基能力相对较弱。因此后期将在本研究的基础上进一步针对发酵乳杆菌 1014 体内抗氧化研究同时研究其抗氧化物质及抗氧化的分子调控机制。

参考文献:

- [1] KOBOZIEV I, WEBB C R, FURR K L, et al. Role of the enteric microbiota in intestinal homeostasis and inflammation[J]. **Free Radical Biology and Medicine**, 2014, 68: 122-133.
- [2] TAVERNITI V, GUGLIELMETTI S. Methodological issues in the study of intestinal microbiota in irritable bowel syndrome[J]. **World Journal of Gastroenterology: WJG**, 2014, 20(27): 8821-8836.
- [3] FRANK D N, St Amand AL, FELDMAN R A, et al. Molecular-phylogenetic characterization of microbial community imbalances in human inflammatory bowel diseases[J]. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, 2007, 104(34): 13780-13785.
- [4] WANG Z, KLIPFELL E, BENNETT B J, et al. Gut flora metabolism of phosphatidylcholine promotes cardiovascular disease[J]. **Nature**, 2011, 472(7341): 57-63.
- [5] TANG W H, WANG Z, LEVISON B S, et al. Intestinal microbial metabolism of phosphatidylcholine and cardiovascular risk[J]. **The New England Journal of Medicine**, 2013, 368(17): 1575-1584.
- [6] MEJIA-LEON M E, PETROSINO J F, AJAMI N J, et al. Fecal microbiota imbalance in Mexican children with type 1 diabetes[J]. **Scientific Reports**, 2014, 4: 3814.
- [7] TILG H, KASER A. Gut microbiome, obesity, and metabolic dysfunction[J]. **The Journal of Clinical Investigation**, 2011, 121(6): 2126-2132.
- [8] HINCO J, GIERMAN K F, JARED C R, et al. Whole-genome sequencing of the world's oldest people[J]. **Plos One**, 2014, 9(11): e112430.
- [9] DAVENPORT E R, MIZRAHI-MAN O, MICHELINI K, et al. Seasonal variation in human gut microbiome composition[J]. **PLoS One**, 2014, 9(3): e90731.
- [10] DE FILIPPO C, CAVALIERI D, DI PAOLA M, et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa[J]. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, 2010, 107(33): 14691-14696.
- [11] WANG B, HE P, DONG B. Associations between social networks, social contacts, and cognitive function among Chinese nonagenarians/centenarians[J]. **Archives of Gerontology and Geriatrics**, 2015, 60(3): 522-527.
- [12] JIN J, ZHANG B, GUO H, et al. Mechanism analysis of acid tolerance response of *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* BBMN 68 by gene expression profile using RNA-sequencing[J]. **PLoS One**, 2012, 7(12): e50777.
- [13] ZHOU Wei, FAN Xing, REN Fazheng. The effect of *Lactobacillus salivarius* FDB86 on the gut microbiota in rats of colorectal cancer[J]. **China Dairy Cattle**, 2013(18): 34-39. (in Chinese)
- [14] LIU Hongyu, WANG Liping, AI Lianzhong, et al. Study on antioxidant activity and acid, bile salts tolerance of lactic acid bacteria [J]. **Science and Technology of Food Industry**, 2014(2): 92-99. (in Chinese)
- [15] DAS D, GOYAL A. Antioxidant activity and γ -aminobutyric acid (GABA) producing ability of probiotic *Lactobacillus plantarum*

- DM5 isolated from marcha of sikkim[J]. **LWT–Food Science and Technology**, 2015, 61(1):263-268.
- [16] GBASSI G K, VANDAMME T, YOLOU F S, et al. In vitro effects of pH, bile salts and enzymes on the release and viability of encapsulated *Lactobacillus plantarum* strains in a gastrointestinal tract model[J]. **International Dairy Journal**, 2011, 21(2):97-102.
- [17] PAPAGIANNI M, ANASTASIADOU S. Encapsulation of *Pediococcus acidilactici* cells in corn and olive oil microcapsules emulsified by peptides and stabilized with xanthan in oil-in-water emulsions: Studies on cell viability under gastro-intestinal simulating conditions[J]. **Enzyme and Microbial Technology**, 2009, 45(6-7):514-522.
- [18] LAI Y J, TSAI S H, LEE M Y. Isolation of exopolysaccharide producing *Lactobacillus* strains from sorghum distillery residues pickled cabbage and their antioxidant properties[J]. **Food Science and Biotechnology**, 2014, 23(4):1231-1236.
- [19] LI S, ZHAO Y, ZHANG L, et al. Antioxidant activity of *Lactobacillus plantarum* strains isolated from traditional Chinese fermented foods[J]. **Food Chemistry**, 2012, 135(3):1914-1919.

会 议 消 息

第六届农业科学与食品工程国际研讨会

The 6th International Agricultural Science and Food Engineering Conference (ASFE 2018)

时间: 2018 年 8 月 21–23 日 地点: 中国, 昆明

官网: <http://www.engii.org/conference/ASFE2018/>

注册: <http://www.engii.org/RegistrationSubmission/default.aspx?ConferenceID=1017>

【会议简介】第六届农业科学与食品工程国际研讨会 (The 6th International Agricultural Science and Food Engineering Conference) 是工程信息研究院 (Engineering Information Institute), 千人智库和科研出版社联合举办的国际学术会议。第六届农业科学与食品工程国际研讨会 (ASFE2018) 将于 2018 年 8 月 21–23 日在中国昆明举行。本届大会囊括农业科学与食品工程相关领域所有相关议题。

【主办单位】工程信息研究院

【演讲专家】: 若您有意向做大会的演讲专家, 请发送您的简历至组委会邮箱。演讲专家可享受免注册费的优惠。

【投稿方式】

所有被会议录用的英文稿件将会发表在科研出版社的开源期刊 "World Journal of Engineering and Technology" (ISSN: 2331-4222).

会议邮箱: agr_aug@engii.org

在线投稿链接: <http://www.engii.org/RegistrationSubmission/default.aspx?ConferenceID=1017>

【联系我们】

Contact Person: 王老师

Email: agr_aug@engii.org

Tel : +86 156 2908 5792

QQ: 3025797047

微信: [engii_Vivian](#)