

油莎豆膳食纤维对短链脂肪酸生产能力和肠道菌群分布特征影响

王玲玉¹, 闫春梅¹, 贾 梦¹, 黄 璟², 王安琪¹, 汪轩羽¹, 王新涛¹, 李秀荷¹,
王慧芳¹, 戴福宏³, 李 宁⁴, 周中凯^{1,*}, 高铁成^{4,*}

(1.天津科技大学食品科学与工程学院, 天津 300457; 2.江南大学 食品科学与技术国家重点实验室, 江苏 无锡 214122;
3.新疆三礼粮油有限公司, 新疆 图木舒克 843900; 4.广州培乐道食品有限公司, 广东 广州 511400)

摘要:以油莎豆膳食纤维作为发酵底物, 并以大豆膳食纤维为对照, 利用体外结肠发酵技术, 并结合16S rRNA高通量测序, 探究油莎豆膳食纤维对肠道菌群结构及短链脂肪酸(short-chain fatty acids, SCFAs)的影响。结果表明, 油莎豆膳食纤维可显著促进SCFAs的产生, 但产酸能力弱于大豆膳食纤维; 高浓度的膳食纤维可显著改变肠道菌群的多样性和丰富度, 且这2种膳食纤维对肠道菌群的影响具有显著差异; 门水平结果显示, 油莎豆膳食纤维可显著提高厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度, 而抑制拟杆菌门(Bacteroidota)的生长, 这与大豆膳食纤维对肠道菌群的作用略有不同; 属水平结果显示, 相比于大豆膳食纤维, 油莎豆膳食纤维促进罕见小球菌属(*Subdoligranulum*)、双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)和粪杆菌属(*Faecalibacterium*)生长繁殖的能力更强, 且显著抑制了普雷沃菌属(*Prevotella*)和拟杆菌属(*Bacteroides*)的生长。该研究为油莎豆膳食纤维成为一种新型益生元提供了一定的理论依据。

关键词:油莎豆; 膳食纤维; 体外发酵; 肠道微生物; 短链脂肪酸

Effect of *Cyperus esculentus* Dietary Fiber on the *in Vitro* Production of Short-Chain Fatty Acids by Human Intestinal Flora and Its Distribution Characteristics

WANG Lingyu¹, YAN Chunmei¹, JIA Meng¹, HUANG Jing², WANG Anqi¹, WANG Xuanyu¹, WANG Xintao¹,
LI Xiuhe¹, WANG Huifang¹, DAI Fuhong³, LI Ning⁴, ZHOU Zhongkai^{1,*}, GAO Tiecheng^{4,*}

(1. College of Food Science and Engineering, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China;
2. State Key Laboratory of Food Science and Technology, Jiangnan University, Wuxi 214122, China; 3. Xinjiang Sanli Grain and Oil Co. Ltd., Tumushuke 843900, China; 4. Guangzhou Puratos Food Co. Ltd., Guangzhou 511400, China)

Abstract: In this study, *in vitro* colonic fermentation and 16S rRNA high-throughput sequencing were used to explore the effects of the *Cyperus esculentus* dietary fiber on the production of short-chain fat acids (SCFAs) by the human gut microbiota and its structure. Soybean dietary fiber served as the control. The results showed that *C. esculentus* dietary fiber significantly promoted the production of SCFAs, but its effect was less pronounced than that of soybean dietary fiber. This study also found that high concentrations of dietary fiber significantly changed the diversity and richness of the gut microbiota, and the effects of the two dietary fibers were significantly different. *C. esculentus* dietary fiber significantly promoted the relative abundance of Firmicutes, Proteobacteria and Actinobacteria, but inhibited the growth of Bacteroidota. Its effect was slightly different from that of soybean dietary fiber. Moreover, compared with soybean dietary fiber, *C. esculentus* dietary fiber significantly had a stronger capacity to promote the growth and reproduction of *Subdoligranulum*,

收稿日期: 2022-10-07

基金项目: 中央引导地方科技发展资金项目(22ZYCGSN00360); 天津西青重点研发项目(XQZDZX-202006)

第一作者简介: 王玲玉(1998—)(ORCID: 0000-0002-2595-0462), 女, 硕士研究生, 研究方向为食品科学。

E-mail: wly03016@163.com

*通信作者简介: 周中凯(1964—)(ORCID: 0000-0003-1918-413X), 男, 教授, 博士, 研究方向为谷物科学与营养。

E-mail: zkzhou@tust.edu.cn

高铁成(1981—)(ORCID: 0000-003-1400-4283), 男, 高级工程师, 学士, 研究方向为功能配料。

E-mail: rgao@puratos.com

Bifidobacterium, *Lactobacillus* and *Faecalibacterium*, and significantly suppressed the growth of *Prevotella* and *Bacteroides*. This study highlights the potential of *C. esculentus* dietary fiber as a novel prebiotic.

Keywords: *Cyperus esculentus*; dietary fiber; *in vitro* fermentation; gut microbiota; short-chain fatty acids

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221007-047

中图分类号: TS201.2

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630(2023)18-0126-07

引文格式:

王玲玉, 闫春梅, 贾梦, 等. 油莎豆膳食纤维对短链脂肪酸生产能力和肠道菌群分布特征影响[J]. 食品科学, 2023, 44(18): 126-132. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221007-047. <http://www.spkx.net.cn>

WANG Lingyu, YAN Chunmei, JIA Meng, et al. Effect of *Cyperus esculentus* dietary fiber on the *in vitro* production of short-chain fatty acids by human intestinal flora and its distribution characteristics[J]. Food Science, 2023, 44(18): 126-132. (in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221007-047. <http://www.spkx.net.cn>

油莎豆 (*Cyperus esculentus*) 又称虎皮果、地下板栗、地下核桃等, 目前主要种植于我国的北部和中部地区, 是一种优质、高产、经济效益和生态效益兼备的作物^[1-2]。油莎豆中除含有丰富的脂肪 (22.14%~44.92%) 和淀粉 (23.21%~48.12%) 外, 还含有大量的膳食纤维 (8.26%~15.47%), 且高于其他普通块茎植物, 通常用于制备食用油、淀粉和豆奶饮料等^[3]。先前研究表明, 油莎豆豆乳在加工过程中产生的固体废料中膳食纤维含量高达59.71%, 主要由不溶性膳食纤维组成, 且与其他膳食纤维相比具有更强的持水、持油能力, 可作为一种潜在的功能性食品^[4]。因此, 对油莎豆膳食纤维的开发和利用具有重要的经济价值。

膳食纤维是一种不能被胃和小肠消化吸收的碳水化合物, 通常需到达大肠被结肠微生物部分或完全降解^[5]。研究报道, 肠道微生物可利用膳食纤维产生短链脂肪酸 (short-chain fatty acids, SCFAs) (乙酸、丙酸和丁酸), 促进肠道微生物群中特定和有益细菌群的生长, 并通过竞争营养和黏附位点来防止病原体的潜在定植, 降低结肠相关疾病以及一些代谢综合征的风险, 如肥胖、糖尿病、慢性肾病和全身炎症^[5-7]。Yao Wanzi等^[8]探究了米糠和麦麸中膳食纤维对肠道微生物的作用, 结果表明膳食纤维可调节肠道菌群的生长 (*Lactobacillus*、*Bifidobacterium*、*Enterobacter*), 并促进SCFAs的产生维持宿主健康。夏洁^[9]发现刺梨中不溶性膳食纤维显著促进乙酸的产生, 并降低厚壁菌门与拟杆菌门的比例。此外, 武明月等^[10]探究大豆膳食纤维对小鼠肠道菌群的影响, 结果表明大豆膳食纤维可增加阿克曼氏菌属和粪杆菌属丰度, 并显著增加了小鼠结肠内SCFAs含量。同时, Wang Yong等^[11]的研究也发现富含膳食纤维的谷物如燕麦及苦荞的摄入可增加肠道微生物 *Lactobacillus*和 *Romboutsia*的丰度, 并伴随着SCFAs尤其是丁酸在结肠中的高水平合成。

目前, 油莎豆作为一种新型油料作物, 大多研究主要集中于油脂及淀粉, 其膳食纤维在人体内的有益作

用鲜见报道, 本研究采用体外结肠发酵技术, 通过16S rRNA高通量测序, 并以大豆膳食纤维为对照, 探究油莎豆中膳食纤维对人体肠道菌群的作用及对短链脂肪酸产生的影响, 为油莎豆的综合利用提供了理论依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与试剂

大豆膳食纤维为国内生产的商业化产品; 油莎豆粕 新疆三礼粮油有限公司; 耐高温 α -淀粉酶、水解蛋白酶和葡萄糖转苷酶, 乙酸、丙酸、丁酸、戊酸、己酸标准品 上海阿拉丁生化科技股份有限公司; 蛋白胨、酵母膏、L-半胱氨酸盐、胆盐、VK₁、吐温-80、氯高铁血红素 北京奥博星生物有限公司; 其他普通化学试剂购于天津江天化工试剂有限公司。

1.2 仪器与设备

DF-101S集热式恒温加热磁力搅拌器 巩义市予华仪器有限责任公司; GZX-9146MBE电热鼓风干燥箱 上海博讯实业有限公司; TS-110XS水浴摇床 上海科辰实验设备有限公司; YQX-II厌氧培养箱 上海溪乾仪器设备有限公司; GI54TW立式自动压力蒸汽灭菌器 上海驰通仪器有限公司; GC-2014气相色谱仪 美国安捷伦公司。

1.3 方法

1.3.1 油莎豆膳食纤维的提取

参照郭芸^[12]的方法并略作修改。准确称取5 g油莎豆粉, 用石油醚洗涤2次, 将烘干后的样品与磷酸盐缓冲液 (pH 6) 混合均匀, 加入耐高温 α -淀粉酶在95 °C搅拌1 h, 冷却至60 °C后调节pH值为4.5, 然后加入水解蛋白酶60 °C水浴1 h, 调节pH值至4.2, 最后加入葡萄糖转苷酶, 水浴1 h后灭酶30 min。将样品离心20 min, 沉淀分别用75%乙醇和丙酮洗涤2次, 真空抽滤, 将烘干后样品磨成粉过100目筛, 即油莎豆膳食纤维。

1.3.2 体外模拟肠道微生物发酵过程

采用新鲜人体粪便作为肠道微生物来源,对膳食纤维进行体外发酵研究^[13]。收集5名健康志愿者(3名男性和2名女性)的粪便,要求志愿者在近3个月未服用抗生素,且无肠道疾病。取等量的粪便样品混合均匀,用0.1 mol/L pH 7.2的无菌磷酸盐缓冲液稀释至25%,均质后,用4层无菌纱布过滤,将滤液与培养基按照1:4的比例进行混合,作为发酵液。膳食纤维的添加量为1%和2%,其中油莎豆膳食纤维记为Y1、Y2,大豆膳食纤维记为D1、D2。以不添加膳食纤维样品的粪便液为空白对照,分别取发酵点0 h和24 h的样品,对应标记为CK0和CK24。样品在37 °C进行厌氧发酵,并在0、12 h和24 h取样测定发酵液中SCFAs和肠道微生物的变化。

基础培养基由蛋白胨(2 g/L)、酵母提取物(2 g/L)、NaCl(0.1 g/L)、K₂HPO₄(0.04 g/L)、KH₂PO₄(0.04 g/L)、MgSO₄·7H₂O(0.01 g/L)、NaHCO₃(2 g/L)、CaCl₂·6H₂O(0.01 g/L)、L-半胱氨酸盐酸盐(0.5 g/L)、胆汁盐(0.5 g/L)、VK₁(10 μL/L)、吐温80(2 mL/L)和血红素(50 mg/L)组成。

1.3.3 SCFAs含量的测定

参照Wang Anqi等^[14]的方法。取500 μL上清液于2 mL离心管中,加入10% H₂SO₄涡旋30 s调节pH值至2~3,然后加入800 μL乙醚,涡旋30 s后,离心20 min(4 °C、10 000 r/min),上清液用0.22 μm滤膜过滤后测定SCFAs含量。其中进样量为1 μL,分流比20:1;载气为氮气,流量为2 mL/min;升温程序如下:在140 °C保持3 min,然后以6 °C/min的速率增加到190 °C维持15 min。使用乙酸、丙酸、丁酸、戊酸和己酸的标准混合物确定SCFAs的含量。

1.3.4 微生物16S rRNA基因测序

在Illumina NovaSeq测序平台上构建高通量测序文库并进行配对端测序。从粪便样品中提取DNA后,通过PCR扩增,荧光定量和NovaSeq PE250测序,在97%的序列相似度水平上,对所有序列进行操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs)聚类,并进行物种注释及丰度分析;通过α多样性、β多样性分析以及主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA),对样本微生物群落组成差异性进行分析。

1.4 数据处理及分析

采用Origin对原始数据进行整理,采用SPSS 22.0对数据进行单因素方差分析,结果用 $\bar{x} \pm s$ 表示, $P < 0.05$,差异显著。

2 结果与分析

2.1 膳食纤维对肠道微生物产SCFAs的影响

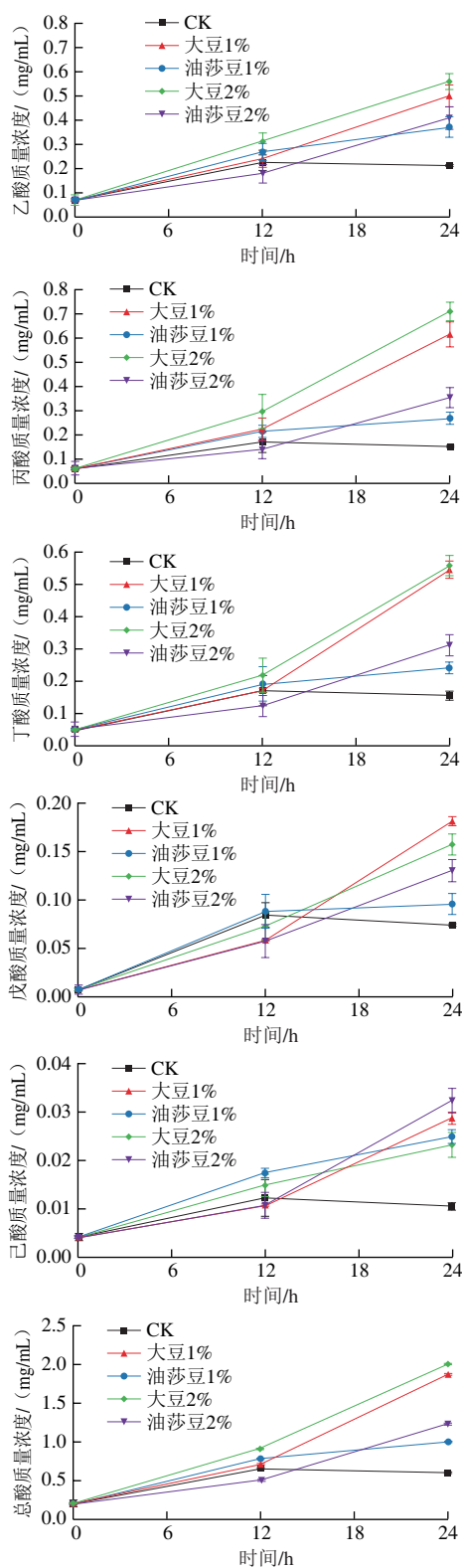


图1 发酵过程中SCFAs的变化

Fig. 1 Production of SCFAs during fermentation

肠道微生物可作用于未消化的碳水化合物产生SCFAs，其中膳食纤维发酵产生的SCFAs被认为是结肠的主要营养和能量来源，可为结肠细胞提供能量，降低结肠中pH值、抑制病原体、维持肠道屏障的完整性^[5]。由图1可得，乙酸、丙酸和丁酸是肠道微生物产生的主要SCFAs。与空白相比，膳食纤维的加入可显著增加总SCFAs的含量，其中大豆膳食纤维产生的SCFAs显著高于油莎豆。研究表明，大豆膳食纤维产生的乙酸、丙酸和丁酸含量比燕麦麸皮、玉米麸皮或麦麸纤维多1.5~8.0倍^[10]。膳食纤维一般分为可溶性纤维和不溶性纤维，相比于大豆膳食纤维，油莎豆不溶性膳食纤维含量较高，发酵程度较慢，不易被微生物降解，这可能是油莎豆产酸能力较弱的原因^[15]。由图1可知，经肠道微生物发酵后，与空白组（CK24）相比，膳食纤维组在发酵24 h后，其乙酸质量浓度增加了0.16~0.34 mg/mL，乙酸是人体肠道中含量较高的SCFAs，约占60%左右，不仅为肝脏和周围组织提供能量，而且在糖异生和脂肪生成中发挥重要作用^[16]。丙酸是膳食纤维发酵后变化较大的SCFAs，发酵24 h后，其质量浓度增加了0.12~0.56 mg/mL，丙酸能降低肝脏和血浆中脂肪酸的含量，抑制胆固醇的合成，在减少食物诱导的肠道激素方面发挥重要作用^[17]。此外，膳食纤维可显著促进肠道微生物中丁酸的含量，发酵24 h后，其质量浓度增加了0.09~0.41 mg/mL，丁酸可以作为结肠上皮细胞的能量来源，提供大约60%~70%的总能量需求，这有助于预防结肠癌，减少细菌移位和炎症，并改善屏障功能^[18-20]。研究表明大豆膳食纤维和麦麸膳食纤维可显著增加乙酸、丙酸和丁酸含量，这与本研究结果一致^[10,21]。同时，由图1可知，相比于大豆膳食纤维，油莎豆膳食纤维在发酵后期其产酸速率显著低于大豆，研究表明化学结构和物理形态是影响发酵速度、SCFAs产生和微生物生长的关键因素，包括糖苷键组成、分子质量、分子排列水平和粒径等^[22]。

2.2 肠道微生物多样性分析

2.2.1 OTU数及 α 多样性分析

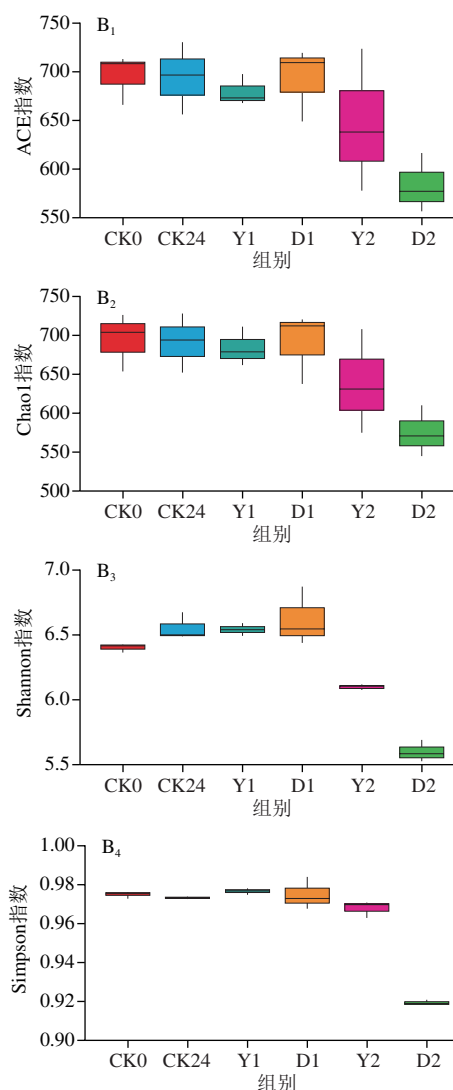
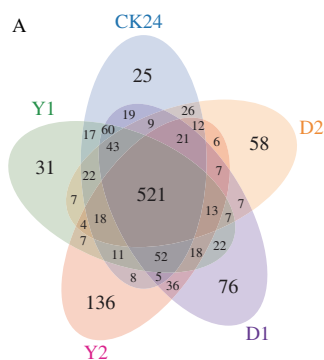


图2 肠道菌群Venn图(A)和 α 多样性指数(B)

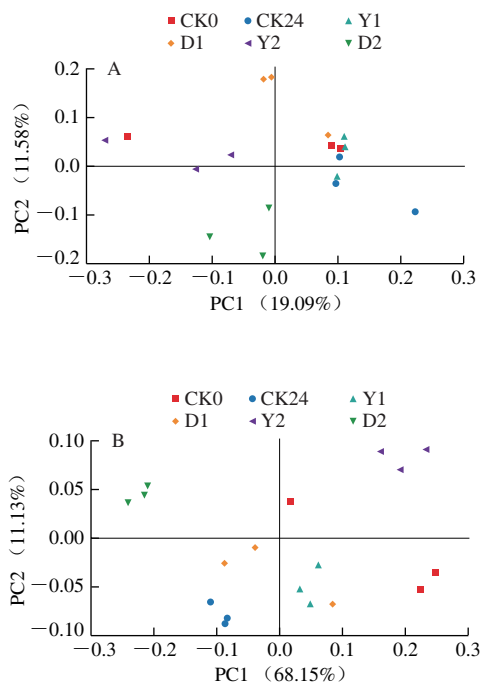
Fig. 2 Venn diagram (A) and α -diversity indexes (B) of gut microbiota

人类肠道微生物在长期竞争和进化过程中与宿主相互依赖，并在健康、营养、代谢特性和免疫稳态中发挥关键作用^[23]。采用16S rRNA高通量测序技术，研究膳食纤维对肠道微生物的影响，不同样品的注释情况如图2所示。图2A由各样品中总OTU数所绘制，重叠部分代表不同样品中共有的OTU数，共521个，且相比于空白组，添加膳食纤维的发酵液中的OTU数发生显著变化，各样品中独有的OTU分别为76、58、31和136。其中添加量为2%的油莎豆膳食纤维中特有的OTU最多，表明高浓度的油莎豆膳食纤维可显著改变肠道菌群的组成。

α 多样性通常代表肠道微生物的多样性，结果如图2B所示，ACE指数和Chao1指数代表菌落丰富度，Shannon指数和Simpson指数代表菌落多样性^[18]。发酵24 h后，相比于空白组，添加量为1%的油莎豆膳食纤维组中ACE、Chao1、Shannon和Simpson指数无显著变化，而添加量为2%时，其 α 多样性指数均显著降低，大豆膳食纤维的发

酵也体现出同样特征,呈现出肠道微生物多样性与膳食纤维干预剂量的依赖性,这可能表明在发酵过程中因为丰富膳食纤维的存在,导致代谢行为的旺盛,从而抑制了某些微生物的生长。

2.2.2 β 多样性分析



A. Weighted Unifrac距离; B. Unweighted Unifrac距离。

图3 肠道微生物PCoA

Fig. 3 PCoA plots of gut microbiota

β 多样性是对不同样本中微生物群落构成相似度进行比较分析。本研究基于Weighted Unifrac距离和Unweighted Unifrac距离进行PCoA,并选取贡献率最大的主坐标组合进行分析,具有高度相似的群落结构的样本聚集在一起,而群落差异很大的样本则会显著分离。由图3可得,发酵24 h后,发酵液中的肠道菌群发生显著变化,其中空白组与样品组彼此分离,表明膳食纤维的加入可改善肠道菌群结构。此外,添加1%的样品组与空白组距离较近,而与2%样品组的距离较远,表明高浓度的膳食纤维能明显地改变肠道菌群结构,这与 α 多样性结果一致。此外,油莎豆和大豆膳食纤维2组样品彼此分离且距离较远,表明这2种膳食纤维对肠道菌群发挥着不同的作用,这可能与各自结构有关,其中大豆膳食纤维含有较高的可溶性组分,具有快速的发酵动力学特征;而油莎豆膳食纤维是以不溶性膳食纤维为主成分,肠道菌群对其利用速率较低,从而导致2种膳食纤维对肠道菌群的多样性产生不同影响。

2.3 肠道微生物菌落结构分析

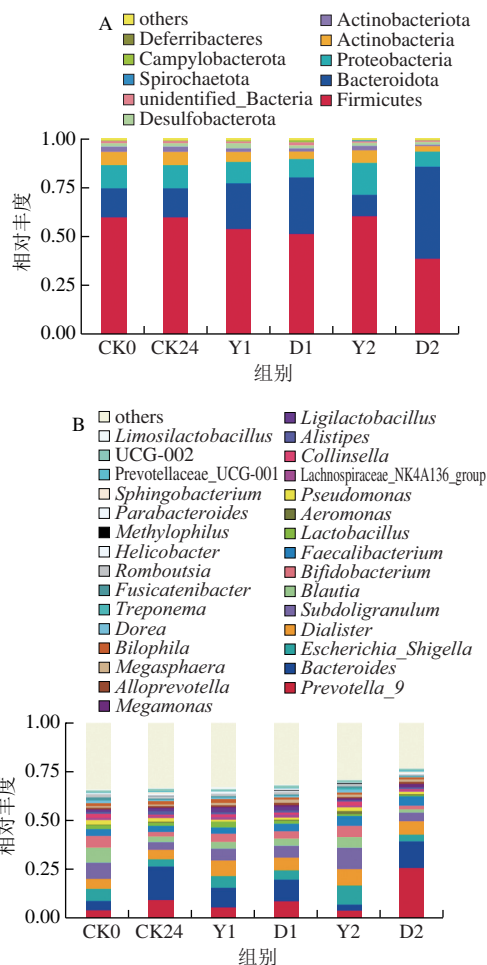


图4 门水平(A)和属水平(B)微生物组成

Fig. 4 Composition of microbial community at phylum (A) and genus (B) levels

通过对门水平微生物群落结构进行分析,结果表明厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidota)、变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)是样品中的优势菌群,和先前所报道的人体肠道微生物菌群组成^[18]一致。由图4可知,除添加量为2%的大豆膳食纤维外,膳食纤维的添加均可增加厚壁菌门和放线菌门的相对丰度,同时降低拟杆菌门的丰度,这与王勇^[19]及Dewulf^[24]等的研究结果一致。此外,油莎豆样品组中厚壁菌门的相对丰度高于大豆组,许多可以利用碳水化合物的微生物,包括益生菌乳酸菌,都属于厚壁菌门,其丰度的增加通常与发酵底物有关,且研究表明高纤维饮食可促进小鼠体内厚壁菌门的增加^[25]。拟杆菌中含有多种碳水化合物活性酶,以产乙酸和丙酸为主,可专门降解和利用多糖^[17]。在本研究中添加量为2%的大豆膳食纤维显著促进了拟杆菌门的生长,且厚壁菌门/拟杆菌门的比值显著降低。先前研究通常用厚壁菌门/拟杆菌门的比值用来衡量肠道微生物菌群是否出现生态失调,其比值

降低可减少能量的吸收,降低肥胖风险,然而也有研究表明两者的比值并不是确定肥胖的确切指标^[26]。此外,添加量为2%的油莎豆膳食纤维增加了变形菌门的相对丰度,同时由属水平结构可得主要为大肠杆菌,先前研究表明,大肠杆菌对人体的健康存在双重效应,在某些情况下,大肠杆菌的缺失可造成疾病的发生^[27-28]。同时,由图4可知,油莎豆膳食纤维可显著增加放线菌门的相对丰度,而大豆膳食纤维无显著变化。放线菌是一类可以产生抗菌素和酶的微生物,其主要优势菌是双歧杆菌,在调节肠道健康方面发挥重要作用。Dominianni等^[29]的研究证明大豆、蔬菜、水果中的膳食纤维均能够增加放线菌的丰度,对胃肠道乃至整个机体的健康有重要意义。

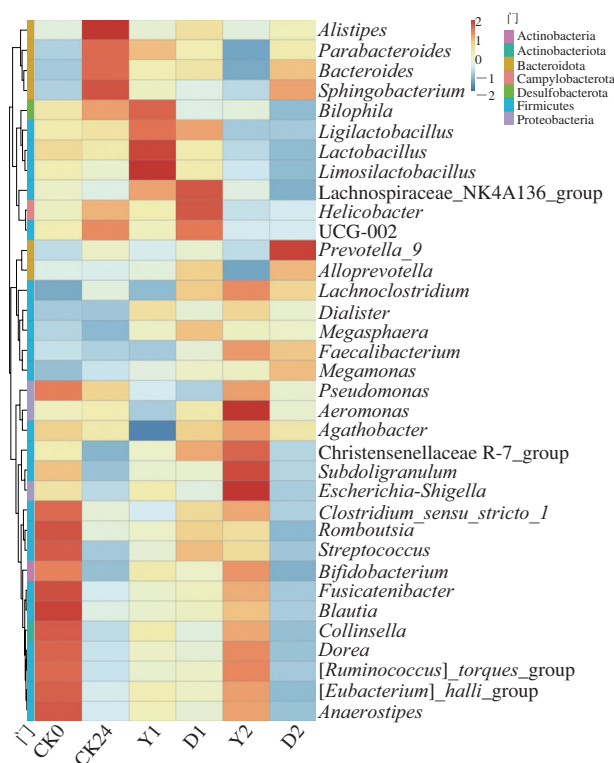


图5 肠道菌群丰度热图分析(属水平)

Fig. 5 Heatmap of the relative abundance of intestinal microbiota (at genus level)

选取属水平丰度前30的微生物进行分析,如图4、5所示。结果表明,膳食纤维的添加对肠道菌群的组成产生一定影响。大豆纤维膳食纤维显著增加了普雷沃菌属(*Prevotella*)的相对丰度,而油莎豆膳食纤维降低了该菌的相对丰度。普雷沃菌属是肠道发酵中的重要微生物,可分解木聚糖和其他的植物纤维产生SCFAs,研究表明灵芝中膳食纤维可促使*Prevotella*丰度的降低,降低了血清胰岛素抵抗水平^[26,30]。由图4可知,膳食纤维的添加降低了拟杆菌属(*Bacteroides*)的相对丰度,尤其是油莎豆膳食纤维分别降低了7%和14%。拟杆菌属

是一种革兰氏阴性菌,长期寄居在人体肠道中,是引起肠道疾病的常见微生物,其富集会引发炎症反应和糖尿病^[31]。此外,油莎豆膳食纤维可显著增加罕见小球菌属(*Subdoligranulum*)的相对丰度,*Subdoligranulum*是近年来在人体粪便中新发现的球菌属,广泛存在于健康人体内,可降低机体炎症水平、增强肠胃动力,并控制血糖水平^[32]。由图5可知,与空白组CK24对比,油莎豆膳食纤维组可显著增加双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)的相对丰度,且添加量越高其丰度越高。此外,乳杆菌(*Lactobacillus*)在低浓度下的膳食纤维发酵液中显著增加,且油莎豆膳食纤维中的丰度高于大豆。双歧杆菌和乳酸菌是肠道内重要的益生菌,已被证明能降低肠道脂多糖的合成,增强肠道屏障功能,降低炎症和肥胖发生的风险^[5]。先前多项研究发现,谷物、豆渣、红枣、香蕉等食物中的膳食纤维均能够促进双歧杆菌和乳杆菌的增殖^[19,33]。丁酸的产生通常与瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)和粪杆菌属(*Faecalibacterium*)呈显著正相关^[5]。在本研究中,高浓度的膳食纤维可显著增加这2种菌属的相对丰度,且油莎豆中其相对丰度显著高于大豆,表明油莎豆膳食纤维具有更强的促进有益菌生长的能力。

综上所述,通过对肠道微生物的分析,结果表明膳食纤维在低浓度时对肠道菌群的影响较小,而在高浓度时可显著改变肠道菌群的多样性和丰富度,同时2种膳食纤维对肠道菌群的作用各不相同;在微生物门水平上,油莎豆膳食纤维的添加促进了厚壁菌、放线菌和变形菌的生长,而抑制了拟杆菌门的丰度;属水平结果显示,相比于大豆膳食纤维,油莎豆膳食纤维的添加可显著增加罕见小球菌属、双歧杆菌属、乳杆菌、瘤胃球菌属和粪杆菌属的相对丰度,但普雷沃菌属和拟杆菌属被显著抑制。

3 结论

利用体外结肠发酵技术,以大豆膳食纤维为对照,探究油莎豆中膳食纤维对肠道微生物的影响。结果表明:油莎豆膳食纤维可显著促进SCFAs的产生,但产酸量弱于大豆膳食纤维,且随着添加量的增加,其产酸能力增强;添加量为1%的膳食纤维对肠道菌群的多样性和丰富度无显著影响,而在高浓度时可显著改变肠道菌群结构,且2种膳食纤维对菌群结构的影响具有显著差异;在高浓度时,添加油莎豆膳食纤维可显著增加厚壁菌门、变形菌门和放线菌门的相对丰度,而降低了拟杆菌门的丰度,且与大豆膳食纤维对门水平肠道菌群作用相反;此外,与大豆膳食纤维相比,油莎豆膳食纤维促进双歧杆菌属、乳杆菌、瘤胃球菌属、粪杆菌属和罕见小球菌属生长繁殖的能力更强,同时显著降低了普雷沃菌

属和拟杆菌属的相对丰度。以上结果表明,膳食纤维可促进SCFAs的产生,并调节肠道微生物菌群结构,但不同来源的膳食纤维对肠道菌群的作用有所差异,本研究为油莎豆膳食纤维在功能性食品的应用提供了理论依据。

参考文献:

- [1] 曹稀琦,任永峰,路战远,等.油莎豆的特性及其开发利用研究进展[J].北方农业学报,2022,50(1):66-74. DOI:10.12190/j.issn.2096-1197.2022.01.09.
- [2] LIU X X, LIU H M, LI J, et al. Effects of various oil extraction methods on the structural and functional properties of starches isolated from tigernut (*Cyperus esculentus*) tuber meals[J]. Food Hydrocolloids, 2019, 95: 262-272. DOI:10.1016/j.foodhyd.2019.04.044.
- [3] YU Y L, LU X Y, ZHANG T H, et al. Tiger nut (*Cyperus esculentus* L.): nutrition, processing, function and applications[J]. Foods, 2022, 11(4): 601. DOI:10.3390/foods11040601.
- [4] SÁNCHEZ-ZAPATA E, FUENTES-ZARAGOZA E, FERNANDEZ-LOPEZ J, et al. Preparation of dietary fiber powder from tiger nut (*Cyperus esculentus*) milk ("Horchata") byproducts and its physicochemical properties[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(17): 7719-7725. DOI:10.1021/jf901687r.
- [5] WANG M M, WICHENCHOT S, HE X W, et al. *In vitro* colonic fermentation of dietary fibers: fermentation rate, short-chain fatty acid production and changes in microbiota[J]. Trends in Food Science & Technology, 2019, 88: 1-9. DOI:10.1016/j.tifs.2019.03.005.
- [6] TEJADA-ORTIGOZA V, GARCIA-AMEZQUITA L E, CAMPANELLA O H, et al. Extrusion effect on *in vitro* fecal fermentation of fruit peels used as dietary fiber sources[J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 153: 112569. DOI:10.1016/j.lwt.2021.112569.
- [7] XUE Z H, MA Q Q, CHEN Y, et al. Structure characterization of soluble dietary fiber fractions from mushroom *Lentinula edodes* (Berk.) Pegler and the effects on fermentation and human gut microbiota *in vitro*[J]. Food Research International, 2019, 129: 108870. DOI:10.1016/j.foodres.2019.108870.
- [8] YAO W Z, GONG Y F, LI L H, et al. The effects of dietary fibers from rice bran and wheat bran on gut microbiota: an overview[J]. Food Chemistry: X, 2022: 100252. DOI:10.1016/j.fochx.2022.100252.
- [9] 夏洁. 刺梨果渣水不溶性膳食纤维的制备, 结构表征及其体外发酵特性研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2020.
- [10] 武明月, 孔祥丽, 张天阳, 等. 菊粉和大豆膳食纤维对牛肉饮食的小鼠肠道菌群及其代谢产物的改善作用[J]. 食品科学, 2022, 43(5): 158-167. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20201205-062.
- [11] WANG Y, QI W T, GUO X X, et al. Effects of oats, tartary buckwheat, and foxtail millet supplementation on lipid metabolism, oxido-inflammatory responses, gut microbiota, and colonic SCFA composition in high-fat diet fed rats[J]. Nutrients, 2022, 14(13): 2760. DOI:10.3390/nu14132760.
- [12] 郭芸. 燕麦麸不溶性膳食纤维的酶法提取工艺及应用的研究[D]. 天津: 天津大学, 2020.
- [13] DONG R H, LIU S, XIE J H, et al. The recovery, catabolism and potential bioactivity of polyphenols from carrot subjected to *in vitro* simulated digestion and colonic fermentation[J]. Food Research International, 2021, 143: 110263. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110263.
- [14] WANG A Q, LIU M, SHANG W T, et al. Attenuation of metabolic syndrome in the ob/ob mouse model by resistant starch intervention is dose dependent[J]. Food & Function, 2019, 10(12): 7940-7951. DOI:10.1039/c9fo01771b.
- [15] TAO S Y, BAI Y, ZHOU X J, et al. *In vitro* fermentation characteristics for different ratios of soluble to insoluble dietary fiber by fresh fecal microbiota from growing pigs[J]. ACS Omega, 2019, 4(12): 15158-15167. DOI:10.1021/acsomega.9b01849.
- [16] DI T, CHEN G J, SUN Y, et al. *In vitro* digestion by saliva, simulated gastric and small intestinal juices and fermentation by human fecal microbiota of sulfated polysaccharides from *Gracilaria rubra*[J]. Journal of Functional Foods, 2018, 40: 18-27. DOI:10.1016/j.jfff.2017.10.040.
- [17] WU Y, HAN Y B, TAO Y, et al. *In vitro* gastrointestinal digestion and fecal fermentation reveal the effect of different encapsulation materials on the release, degradation and modulation of gut microbiota of blueberry anthocyanin extract[J]. Food Research International, 2020, 132: 109098. DOI:10.1016/j.foodres.2020.109098.
- [18] MA Y Y, JIANG S S, ZENG M Y. *In vitro* simulated digestion and fermentation characteristics of polysaccharide from oyster (*Crassostrea gigas*), and its effects on the gut microbiota[J]. Food Research International, 2021, 149: 110646. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110646.
- [19] 王勇, 宋歌, 庞邵杰, 等. 应用Illumina NovaSeq测序技术比较3种杂粮对大鼠肠道菌群的影响[J]. 食品科学, 2021, 42(9): 100-106. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200716-226.
- [20] HAN F, WANG Y, HAN Y Y, et al. Effects of whole-grain rice and wheat on composition of gut microbiota and short-chain fatty acids in rats[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2018, 66(25): 6326-6335. DOI:10.1021/acs.jafc.8b01891.
- [21] KARIMI R, AZIZI M H, SAHARI M A, et al. *In vitro* fermentation profile of soluble dietary fibers obtained by different enzymatic extractions from barley bran[J]. Bioactive Carbohydrates and Dietary Fibre, 2020, 21: 100205. DOI:10.1016/j.bcdf.2019.100205.
- [22] GIDLEY M J. Hydrocolloids in the digestive tract and related health implications[J]. Current Opinion in Colloid & Interface Science, 2013, 18(4): 371-378. DOI:10.1016/j.cocis.2013.04.003.
- [23] CHEN L G, XU W, CHEN D, et al. Digestibility of sulfated polysaccharide from the brown seaweed *Ascophyllum nodosum* and its effect on the human gut microbiota *in vitro*[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2018, 112: 1055-1061. DOI:10.1016/j.ijbiomac.2018.01.183.
- [24] DEWULF E M, CANI P D, CLAUS S P, et al. Insight into the prebiotic concept: lessons from an exploratory, double blind intervention study with inulin-type fructans in obese women[J]. Gut, 2012, 62(8): 1112-1121. DOI:10.1136/gutjnl-2012-303304.
- [25] 张素珍, 李思施, 韦婷婷, 等. 高脂高糖与高纤维膳食对小鼠肠道菌群影响的比较[J]. 中国现代医学杂志, 2014, 24(20): 37-41. DOI:10.3969/j.issn.1005-8982.2014.20.008.
- [26] 王晨, 钟赛意, 邹宇晓. 膳食纤维经肠道微生态途径调节脂质代谢作用的研究进展[J]. 食品科学, 2019, 40(3): 338-347. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20171016-114.
- [27] AL-ZYUOD W, NASEREDDIN A, ALJARAJRAH H, et al. Culturable gut bacteria lack *Escherichia coli* in children with phenylketonuria[J]. New Microbes and New Infections, 2019, 32: 100616. DOI:10.1016/j.nmni.2019.100616.
- [28] BARROSO-BATISTA J, PEDRO M F, SALES-DIAS J, et al. Specific eco-evolutionary contexts in the mouse gut reveal *Escherichia coli* metabolic versatility[J]. Current Biology, 2020, 30(6): 1049-1062. e7. DOI:10.1016/j.cub.2020.01.050.
- [29] DOMINIANNI C, SINHA R, GOEDERT J J, et al. Sex, body mass index, and dietary fiber intake influence the human gut microbiome[J]. PLoS ONE, 2015, 10(4): e0124599. DOI:10.1371/journal.pone.0124599.
- [30] 吴睿婷, 付王威, 万敏, 等. 黑灵芝多糖对糖尿病大鼠血糖血脂调节及肠道菌群的影响[J]. 食品科学, 2022, 43(5): 91-102. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20201203-046.
- [31] GOWD V, KARIM N, SHISHIR M R I, et al. Dietary polyphenols to combat the metabolic diseases via altering gut microbiota[J]. Trends in Food Science & Technology, 2019, 93: 81-93. DOI:10.1016/j.tifs.2019.09.005.
- [32] LLOYD-PRICE J, ARZE C, ANANTHAKRISHNAN A N, et al. Multi-omics of the gut microbial ecosystem in inflammatory bowel diseases[J]. Nature, 2019, 569: 655-662. DOI:10.1038/s41586-019-1237-9.
- [33] 余有贵, 李忠海, 黄国华, 等. 菌质可溶性膳食纤维对肠道菌群体外生长的影响[J]. 中国食品学报, 2015(2): 34-38. DOI:10.16429/j.1009-7848.2015.02.006.