DOI:10.12441/spyswjs.20250405003 [文章编号] 1673-1689(2026)03-0068-12

基于肠道菌群调节的花青素膳食纤维饮品改善糖脂代谢研究

薛 海[1] 朱容晨[2] 窦佳博[2] 于寒松[2] 祝 贺[3] 张碧莹[2] 贺 阳[2] 文连奎[2*]

(1. 吉林工商学院粮食工程与营养科学学院,吉林 长春 130507; 2. 吉林农业大学食品科学与工程学院,吉林 长春 130118; 3. 长春汽车经济技术开发区西湖实验学校,吉林 长春 130011)

摘要:【目的】探究花青素膳食纤维饮品通过调节肠道菌群改善高糖高脂饮食诱导的糖脂代谢异常的作用机制。**【方法】**采用体外试验测定α-葡萄糖苷酶抑制率、脂肪酶抑制率和胆固醇清除率;通过16S rDNA分析花青素膳食纤维饮品干预后高糖高脂饮食小鼠的粪便菌群结构变化;运用ELISA和GC-MS法检测脂多糖(LPS)、总胆汁酸(TBA)及短链脂肪酸(SCFAs)水平。**【结果】**经花青素膳食纤维饮品干预后,α-葡萄糖苷酶抑制率、脂肪酶抑制率及胆固醇清除率显著升高(P<0.05),且其作用效果显著优于花青素和膳食纤维单一组分(P<0.05);花青素膳食纤维饮品可明显改善高糖高脂饮食小鼠的肠道菌群结构,提高SCFAs、TBA水平,降低LPS水平。**【结论】**花青素膳食纤维饮品可通过协同作用调节肠道菌群结构及代谢功能,效果优于单一组分,为该功能饮品的开发提供了理论依据。

关键词:花青素膳食纤维饮品;糖脂代谢;发酵;肠道菌群

Improvement of Glucose and Lipid Metabolism by an Anthocyanin-dietary Fiber Drink Based on Modulation of the Gut Microbiota

XUE Hai[1] *ZHU Rongchen*[2] *DOU Jiabo*[2] *YU Hansong*[2] *ZHU He*[3] *ZHANG Biying*[2] *HE Yang*[2] *WEN Liankui*[2*]

(1. School of Grain Engineering and Nutritional Science, Jilin Business and Technology College, Changchun 130507, China; 2. College of Food Science and Engineering, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China; 3. Xihu Experimental School, Changchun Automobile Economic and Technological Development Zone, Changchun 130011, China)

Abstract: [**Objective**] This study aims to investigate the mechanisms by which an anthocyanin-dietary fiber drink ameliorates glucose and lipid metabolism disorders induced by a high-sugar, high-fat diet through modulation of the gut microbiota. [**Methods**] *In vitro* experiments were conducted to measure the α-glucosidase inhibition, lipase inhibition, and cholesterol clearance rates. The 16S rDNA sequencing was employed to assess structural changes in the fecal microbiota of the mice fed with a high-sugar, high-fat diet following anthocyanin-dietary fiber drink intervention. The levels of lipopolysaccharides (LPS), total bile acids (TBA), and short-chain fatty acids (SCFAs) were determined by ELISA and GC-MS. [**Results**] Anthocyanin-dietary fiber drink significantly increased the α-glucosidase inhibition, lipase inhibition, and cholesterol clearance rates (P<0.05), and it outperformed anthocyanin or dietary fiber used alone (P<0.05). Furthermore, anthocyanin-dietary fiber drink improved the gut microbiota structure, elevated the levels of SCFAs and TBA, and reduced the levels of

基金项目:吉林省科技发展计划项目(20230101196JC)。

通信作者:文连奎(1962—),男,博士,教授,博士研究生导师,主要从事农产品加工与贮藏研究。E-mail:wenliankui@163.com

收稿日期:2025-04-05 **修回日期:**2025-06-03

LPS in the mice fed with a high-sugar, high-fat diet. [**Conclusion**] Anthocyanin-dietary fiber drink synergistically modulates the structure and metabolism of the gut microbiota and its efficacy exceeds that of individual components. This study provides a theoretical foundation for the development of functional drinks.

Keywords: anthocyanin-dietary fiber drink; glucose and lipid metabolism; fermentation; gut microbiota

糖脂代谢紊乱是肥胖、2型糖尿病等代谢性疾病的核心病理特征，其发生与肠道菌群失衡密切相关。根据肠道微生物与宿主的关系，肠道菌群可分为有益菌和有害菌[1-2]。人体内的有益菌约占肠道菌群总数的20%，肠道有益菌既可以通过诱导局部免疫球蛋白抑制有害菌的过度生长，也可以通过合成SCFAs、胆汁酸等多种代谢物维护肠道健康。肠道有害菌会破坏肠道微生态平衡，且其产生的LPS等代谢物会进一步影响肠道功能[3]。肠道有益菌与有害菌之间相互竞争、相互制约，共同维持肠道的动态平衡。当这一平衡被打破时，体内糖脂代谢会出现紊乱，进而威胁人体健康[4]。

多糖、氨基酸、多酚、膳食纤维等活性物质可通过改善肠道菌群的结构和功能调控糖脂代谢。花青素是一种广泛存在于自然界的水溶性多酚类物质，能够调节肠道菌群结构。然而，花青素对pH、贮存时间、加工温度、光照等因素敏感，易发生变色和降解[5-6]。膳食纤维具有较强的吸附能力，可通过调节肠道菌群来预防肥胖、结肠癌等疾病。作者所在课题组前期研究表明，膳食纤维能够与花青素相互作用，提高其稳定性[7]。基于此，作者将两者研发成稳定性较高的花青素膳食纤维饮品，并对该饮品进行糖脂代谢功能试验、肠道菌群结构分析及肠道菌群代谢物测评，为探究花青素膳食纤维饮品基于肠道菌群调节对糖脂代谢异常的调控作用奠定基础。

1　材料与方法

1.1　材料与试剂

胆固醇（纯度≥95%）：上海蓝季生物科技有限公司；脂肪酶（≥1 000 U/mg）、乙酸标准品（纯度≥99.5%）、丙酸标准品（纯度≥99%）、丁酸标准品（纯度≥98%）：上海源叶生物科技有限公司；LPS试剂盒、TBA试剂盒：上海酶联生物科技有限公司；厌氧液体培养基：北京陆桥技术股份有限公司；PBS缓冲液：飞净生物科技有限公司。

1.2　仪器与设备

电子分析天平：BSA224S-CW型，德国Sartorius公司；全自动酶标仪：BK-EL10A型，山东博科生物产业有限公司；厌氧培养箱：DG250型，英国Don Whitely Scientific公司；GC-MS：GC-2014型，日本岛津公司；紫外-可见分光光度计：TU-1810型，北京普析通用仪器有限责任公司。

1.3　方法

1.3.1　饮品制备

1）花青素饮品：参照He等[7]的方法制备山葡萄花青素化合物。按山葡萄花青素0.12 mg/mL、总酸2.5 mg/mL、总糖80 mg/mL、黄原胶1.5 mg/mL进行调配，经均质、罐装、杀菌后，得到花青素饮品。

2）大豆不溶性膳食纤维饮品：参照Wang等[8]的方法制备大豆不溶性膳食纤维。按大豆不溶性膳食纤维3.60 mg/mL、总酸2.5 mg/mL、总糖80 mg/mL、黄原胶1.5 mg/mL进行调配，经均质、罐装、杀菌后，得到大豆不溶性膳食纤维饮品。

3）花青素膳食纤维饮品：参照He等[7]的方法确定花青素与大豆不溶性膳食纤维最佳质量比为1∶30。在30 ℃条件下，两者互作乳化40 min。按山葡萄花青素0.12 mg/mL（对应膳食纤维3.60 mg/mL）、总酸2.5 mg/mL、总糖80 mg/mL、黄原胶1.5 mg/mL进行调配，经均质、罐装、杀菌后，得到花青素膳食纤维饮品。

1.3.2　动物粪便采集

选取20只SPF级C57BL/6J小鼠，实验动物生产许可证号为SCXK（京）2021-0006，动物试验伦理号为20230504001。小鼠饲养于吉林农业大学动物中心SPF级动物室，小鼠体质量为（18±2）g。将小鼠随机分为2组，正常饮食组（CK组）喂食普通饲料，高糖高脂饮食组（HF组）喂食高糖高脂饲料。试验持续12周，采用12/12 h的光照/黑暗循环，温度（25±5）℃，相对湿度55%~60%，小鼠自由饮水、摄食。在试验结束的前一天，将离心管置于小鼠肛门处，刺激小鼠排便，收集4~6粒小鼠粪便后，用封口膜密封，于-80 ℃保存。取约200 mg小鼠粪便，加入1.2 mL无菌蒸馏水，涡旋振荡2 min；随后取1 mL混悬液加入0.5 mL PBS缓冲液中，涡

旋混匀后，以 10 000 r/min 离心 15 min，收集上清液，即得粪便上清液。

高糖高脂饲料配方为：基础饲料质量分数 63.0%、白砂糖质量分数 20.0%、猪油质量分数 13.0%、蛋黄粉质量分数 2.0%、胆固醇质量分数 1.5%、胆酸钠质量分数 0.5%。基础饲料可以提供必需营养素，满足小鼠的基本生存需求，其配比相对降低，使高热量成分成为饲料的主要能量来源；白砂糖作为快速吸收的碳水化合物来源，可有效诱导小鼠高血糖状态和胰岛素抵抗[9]；猪油富含棕榈酸、硬脂酸等饱和脂肪酸，能够准确模拟人类高脂饮食特征[10]；蛋黄粉不仅可以提供外源性胆固醇，其含有的磷脂成分还能通过调控胆汁酸代谢，影响肠道脂质吸收效率[11]；额外添加的胆固醇可直接提升血清总胆固醇水平，进而干扰机体正常的糖脂代谢平衡[12]；胆酸钠可通过增强脂质乳化作用优化脂肪吸收，真实再现高脂饮食的消化生理环境[13]。该配方通过多组分协同作用，能够有效建立糖脂代谢异常动物模型。

1.3.3 分组与培养条件

1）分组：本研究共分为 9 组，包括花青素组（ACN 组）、膳食纤维组（SIDF 组）、花青素膳食纤维饮品组（Drink 组）、高糖高脂饮食小鼠粪便培养液+花青素组（HF+ACN 组）、正常饮食小鼠粪便培养液+花青素组（CK+ACN 组）、高糖高脂饮食小鼠粪便培养液+膳食纤维组（HF+SIDF 组）、正常饮食小鼠粪便培养液+膳食纤维组（CK+SIDF 组）、高糖高脂饮食小鼠粪便培养液+花青素膳食纤维饮品组（HF+Drink 组）、正常饮食小鼠粪便培养液+花青素膳食纤维饮品组（CK+Drink 组）。最佳体外培养剂量参照 Wang 等[8]的研究并稍加修改，即花青素膳食纤维饮品浓缩 10 倍，浓缩后的花青素质量浓度为 1.20 mg/mL、膳食纤维质量浓度为 3.60 mg/mL；花青素饮品和膳食纤维饮品均浓缩 15 倍，浓缩后的花青素质量浓度为 1.80 mg/mL、膳食纤维质量浓度为 5.40 mg/mL。

2）培养条件：参照赵昌会等[14]的方法并稍加修改。取花青素膳食纤维饮品、花青素饮品、膳食纤维饮品各 1 mL，分别与粪便上清液混合，置于（37.0±0.2）℃、相对湿度 70%、气体组成为体积分数 85% 的 CO_2 与体积分数 15% 的 N_2 中，以 130 r/min 振荡厌氧培养 48 h。培养结束后，10 000 r/min 离心 15 min，收集上清液，测定 α-葡萄糖苷酶抑制率、脂肪酶抑制率、胆固醇清除率并进行 16S rDNA 测序。分别取培养 0、6、12、24、48 h 的粪便培养液，置于−80 ℃冰箱保存，用于菌群代谢物测定。

1.3.4 α-葡萄糖苷酶抑制率测定

参照尹红力等[15]的方法并稍加修改。取 40 μL 培养基上清液，加入 50 μL α-葡萄糖苷酶溶液（0.04 U/mL）与 300 μL PBS，于 37 ℃孵育 5 min，随后加入 50 μL PNPG 溶液（0.5 mol/L），于 37 ℃孵育 15 min，最后加入 200 μL Na_2CO_3 溶液（0.2 mol/L）终止反应。静置 5 min 后，在 405 nm 波长处测定吸光度，每个样品平行测定 3 次。α-葡萄糖苷酶抑制率按式（1）计算。

$$Y=\frac{A_2-(A_1-A_3)}{A_2}\times 100\% \quad (1)$$

式中：

Y——α-葡萄糖苷酶抑制率，%；

A_1——样品经反应后测得的吸光度；

A_2——蒸馏水作空白参比测得的吸光度；

A_3——不加样品经试验步骤测得的吸光度。

1.3.5 脂肪酶活性测定

参考王文君等[16]的方法并稍加修改。取 5 mL PBS 和 4 mL 聚乙烯醇三油酸甘油酯乳化液，于 37 ℃孵育 10 min，随后加入脂肪酶反应 15 min，最后加入 25 mL 体积分数 95% 的乙醇终止反应。用 NaOH 标准溶液滴定至 pH 10.3，记录消耗的 NaOH 标准溶液体积。按照 1.3.4 中的方法加入培养基上清液，37 ℃孵育 10 min 后加入脂肪酶，后续操作同 1.3.4。脂肪酶活性按式（2）计算。

$$X=\frac{(V_1-V_2)\times C\times 50\times n}{0.05}\times\frac{1}{15} \quad (2)$$

式中：

X——脂肪酶活性，μ/g；

V_1——滴定样品时消耗的 NaOH 标准溶液体积，mL；

V_2——滴定空白时消耗的 NaOH 标准溶液体积，mL；

C——NaOH 标准溶液浓度，mol/L；

50——换算系数；

n——样品的稀释倍数；

0.05——NaOH 标准溶液浓度换算系数；

1/15——换算系数。

1.3.6　胆固醇清除率测定

参照何姗珊等[17]的方法并稍加修改。以胆固醇质量浓度为横坐标、吸光度为纵坐标绘制标准曲线，回归方程为y=0.020 7x+0.004 6（R^2=0.999）。取上清液，加入0.5 mL胆固醇、0.1 mL样品、0.3 mL冰乙酸、4.0 mL混合酸、0.2 g邻苯二甲醛，混合均匀，于550 nm测定吸光度，以蒸馏水为空白对照，根据标准曲线计算胆固醇质量浓度，进而得到胆固醇清除率。胆固醇清除率按式（3）计算。

$$Z=\frac{C_2-C_1}{C_2}\times 100\% \quad (3)$$

式中：

Z——胆固醇清除率，%；

C_2——对照胆固醇质量浓度，mg/mL；

C_1——样品胆固醇质量浓度，mg/mL。

1.3.7　16S rDNA基因高通量测序

16S rDNA高通量测序委托杭州联川生物技术股份有限公司完成。参照试剂盒说明书，采用E.Z.N.A.® Stool DNA Kit分离试剂盒提取样品中的总DNA，选取细菌16S rDNA的V3—V4区进行基因扩增与高通量测序。所用引物上游序列为341F（5′-CCTACGGGNGGCWGCAG-3′），下游引物为805R（5′-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3′）。扩增反应体系为：2×Phusion Hot start flex Master Mix 12.5 μL、上游引物2.5 μL、下游引物2.5 μL、模板DNA 50.0 μL、ddH_2O 25.0 μL。扩增反应条件：98 ℃预变性30 s；98 ℃变性10 s、54 ℃退火30 s、72 ℃延伸45 s，共35个循环；最后72 ℃延伸10 min。所有PCR产物经纯化、定量和均一化处理后构建测序文库，采用Illumina NovaSeq平台进行高通量测序。

1.3.8　LPS水平测定

采用ELISA试剂盒测定LPS水平。取不同培养时间的体外粪便培养液1 mL，加入2 mL PBS，于4 ℃、3 000 r/min条件下离心10 min，取上清液待测。按照ELISA试剂盒说明书进行操作，使用酶标仪测定450 nm的吸光度。

1.3.9　TBA浓度测定

取不同培养时间的体外粪便培养液1 mL，加入2 mL PBS，于4 ℃、4 000 r/min离心10 min，取上清液待测。按照ELISA试剂盒说明书操作，使用酶标仪测定405 nm的吸光度。

1.3.10　SCFAs质量浓度测定

从−80 ℃冰箱中取出小鼠粪便，精确称取0.02 g，以乙酸乙酯为溶剂、2-乙基丁酸为内标，涡旋振荡萃取。随后于4 ℃、8 000 r/min离心15 min，取上清液经0.22 μm微孔滤膜过滤后待测。采用内标法定量，根据色谱峰面积结合标准曲线计算样品中各SCFAs质量浓度。

GC-MS条件为：采用FFAP/DB-5色谱柱，载气为氮气，载气流量2 mL/min，辅助气体为高纯氢气。检测器FID温度250 °C，进样口温度250 °C，分流体积比1∶1，进样体积1 μL。升温程序为初始温度90 °C，以20 °C/min的速度升温至200 °C并保持3 min。分别配制醋酸、丙酸、丁酸标准品溶液，以2-甲基丁酸为内标绘制标准曲线。

1.4　数据统计与分析

所有试验数据均采用SPSS软件进行统计分析，使用GraphPad Prism 6.0软件绘图。所有试验均重复3次，结果以平均值±标准差表示。组间差异采用单因素方差分析（One-way ANOVA），多重比较检验采用LSD法，P<0.05表示差异显著。

2　结果与讨论

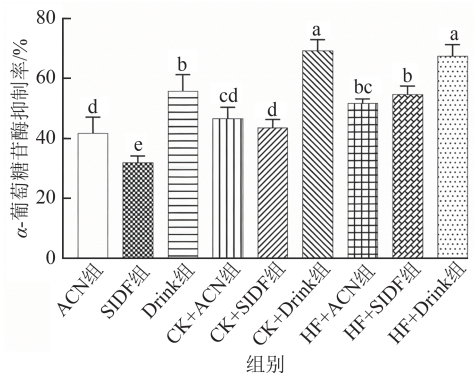
2.1　花青素膳食纤维饮品体外降血糖功能分析

α-葡萄糖苷酶主要负责将复杂的多糖分解为单糖，其抑制率可以反映物质的降糖能力[18]。如图1所示，Drink组的降糖效果显著优于ACN组和SIDF组（P<0.05）；与非菌群共培组相比，饮品与菌群共培组的α-葡萄糖苷酶抑制率均明显提升，具体表现为CK+Drink组>HF+Drink组>Drink组，其中CK+Drink组与HF+Drink组差异不显著。CK+ACN组、HF+ACN组、CK+SIDF组、HF+SIDF组表现出与CK+Drink组和HF+Drink组相似的作用趋势。综上，花青素膳食纤维饮品的加入可使高糖高脂小鼠糖脂代谢水平恢复至与正常饮食小鼠相似的状态。

2.2　花青素膳食纤维饮品体外降血脂功能分析

2.2.1　脂肪酶抑制率

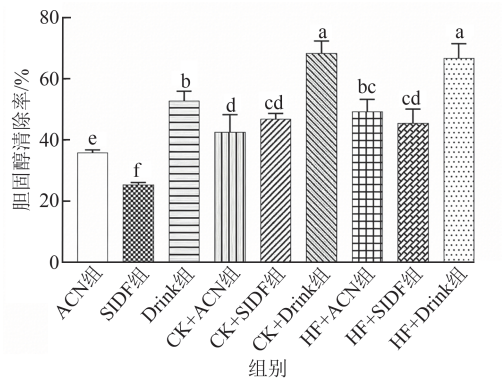
脂肪酶主要在消化道中参与脂肪的分解与吸收，脂肪酶抑制剂可抑制或降低该酶的活性，从而减少食物中脂肪的消化吸收，进而达到控制体质量或治疗肥胖的目的。脂肪酶抑制率是衡量脂肪



不同字母代表差异显著（P<0.05）。

图 1　不同饮品的 α-葡萄糖苷酶抑制率

Fig. 1　α-Glucosidase inhibition rates of different drinks



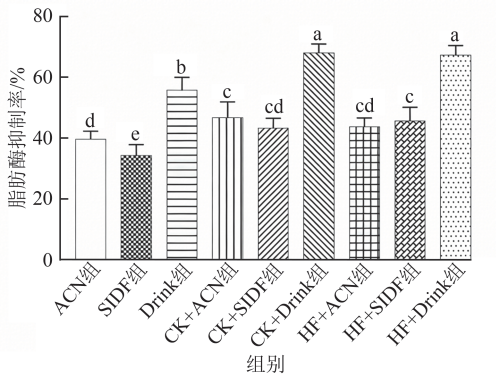
不同字母代表差异显著（P<0.05）。

图 3　不同饮品的胆固醇清除率

Fig. 3　Cholesterol clearance rates of different drinks

酶活性的重要指标[19]。

如图 2 所示，Drink 组的脂肪酶抑制率显著高于 ACN 组和 SIDF 组（P<0.05）；与非菌群共培组相比，菌群共培组的脂肪酶抑制率均明显提升，具体表现为 CK+Drink 组>HF+Drink 组>Drink 组，其中 CK+Drink 组与 HF+Drink 组差异不显著。CK+ACN 组、HF+ACN 组、CK+SIDF 组、HF+SIDF 组也表现出与 CK+Drink 组和 HF+Drink 组相似的作用趋势。



不同字母代表差异显著（P<0.05）。

图 2　不同饮品的脂肪酶抑制率

Fig. 2　Lipase inhibition rates of different drinks

2.2.2　胆固醇清除率

胆固醇是人体细胞膜的重要成分，也是合成激素及维持身体功能的关键物质。然而，当血液中的低密度脂蛋白胆固醇过高时，会诱发动脉粥样硬化，增加心血管疾病的发病风险[12]。因此，维持适宜的胆固醇水平对人体健康至关重要。由图 3 可知，饮品直接作用时，Drink 组的胆固醇清除率显著高于 ACN 组和 SIDF 组（P<0.05）；饮品与菌群共培养后，胆固醇清除率表现为 CK+Drink 组>HF+Drink 组>Drink 组（P<0.05），且共培养后高糖高脂饮食小鼠的胆固醇清除率与正常饮食小鼠接近，表明花青素膳食纤维饮品可改善糖脂代谢异常状态。CK+ACN 组、HF+ACN 组、CK+SIDF 组、HF+SIDF 组也表现出与 CK+Drink 组、HF+Drink 组相似的作用趋势，说明菌群共培养可以提升胆固醇清除效果。其中 HF+ACN 组和 CK+SIDF 组与 Drink 组的胆固醇清除率接近，表明菌群共培养可使单一有效成分的作用效果达到与 Drink 直接作用相近的水平。

糖脂代谢异常是现代社会中常见的健康问题，对人类健康产生了深远的影响。糖代谢失调通常表现为高血糖或低血糖，长期失调可导致胰岛素抵抗，最终引发 2 型糖尿病等疾病[1]。膳食纤维、多酚等天然活性物质可有效控制血糖和脂质代谢[20]，可通过早期干预预防并发症。在本研究中，花青素、膳食纤维、花青素膳食纤维饮品均具有一定的降血糖、降血脂及清除胆固醇作用，且花青素膳食纤维饮品作用效果显著优于花青素、膳食纤维单一组分，其原因可能是膳食纤维的加入提升了花青素的稳定性，进而放大了其促进糖脂代谢作用效果。另外，花青素和膳食纤维单一组分的质量分数均高于花青素膳食纤维饮品中的有效成分，理论上单一组分的作用效果应优于花青素膳食纤维饮品，但实际效果相反。结合多项评价试验结果，推测其原因可能是膳食纤维与花青素之间存在相互作用，包括生物大分子与酚类物质的氢键相互作用、范德华力、静电相

互作用和疏水作用等，且膳食纤维的网状结构可吸附花青素，两者产生了“1+1>2”的协同增效效果[7]。

2.3　花青素膳食纤维饮品体外调节肠道菌群作用分析

体外功能试验结果表明，花青素膳食纤维饮品的作用效果优于单一花青素和膳食纤维，因此后续试验不再设置单一成分组别进行检测。取定量花青素膳食纤维饮品与小鼠粪便共培养后进行肠道菌群测序分析，探究干预处理后肠道菌群物种组成与群落结构的变化特征，并进一步完成肠道菌群代谢物的检测与分析。

2.3.1　α多样性分析

α多样性可通过单一样品多样性分析，反映物种的丰富度与群落多样性水平。为探究肠道菌群结构及组成差异，作者选取Chao1指数、Observed_out指数、Shannon指数、Simpson指数这4个指标进行物种多样性分析[21]。

由表1可知，HF组Chao1指数与Observed_out指数均高于其余各组，表明高糖高脂饮食造成了小鼠肠道菌群结构紊乱。HF+Drink组与CK组相比无显著差异，说明经花青素膳食纤维饮品干预后高糖高脂饮食小鼠粪便中的物种数量恢复至正常饮食小鼠水平。Shannon指数与Simpson指数数值越大，代表菌群群落多样性越高。经花青素膳食纤维饮品干预后，CK+Drink组和HF+Drink组的菌群多样性均有所提升。综上，花青素膳食纤维饮品干预可增加体外培养条件下正常饮食小鼠和高糖高脂小鼠粪便中的菌群多样性。

表1　α多样性指数

Table 1　α diversity indexes

组别	Observed_out指数	Shannon指数	Simpson指数	Chao1指数
CK组	610.00±27.51^{a}	3.94±0.71^{c}	0.95±0.01^{a}	610.21±28.37^{c}
HF组	790.00±41.42^{b}	3.02±0.48^{d}	0.97±0.04^{a}	793.76±41.57^{a}
CK+Drink组	743.00±36.90^{c}	7.11±0.37^{a}	0.75±0.09^{c}	740.26±38.80^{b}
HF+Drink组	626.00±34.81^{a}	6.05±0.65^{b}	0.86±0.06^{b}	626.01±33.83^{c}

注：同列不同字母表示差异显著（P<0.05）。

2.3.2　β多样性分析

β多样性是用于评估不同样本间的菌群结构相似度的核心指标。PCoA分析中，样品点间的距离越小，代表样本间的物种组成与群落结构越相似[21]。由图4可知，4组样本的群落分布存在明显差异，表明花青素膳食纤维饮品干预可使小鼠肠道菌群结构发生明显变化。

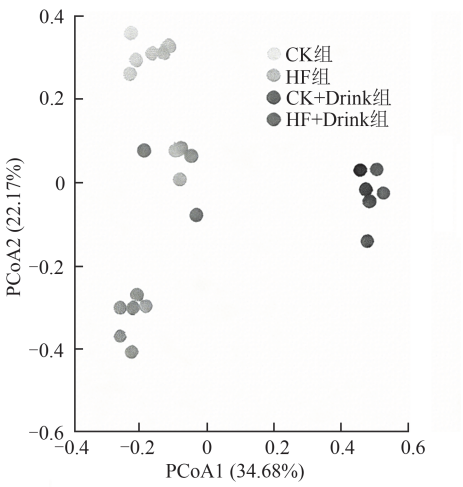


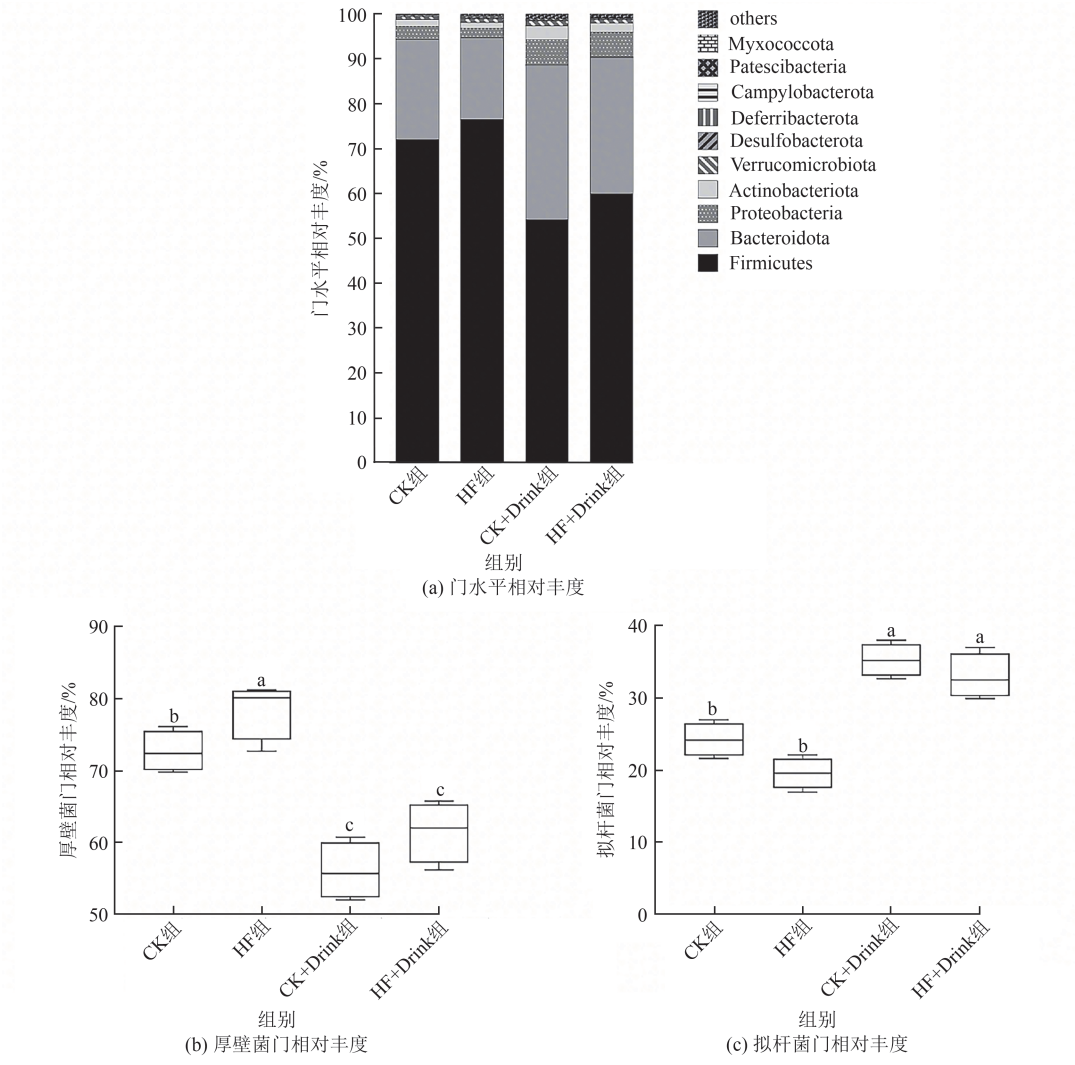
图4　PcoA分析结果

Fig. 4　PCoA analysis results

2.3.3　菌群物种组成分析

如图5所示，小鼠肠道菌群主要以厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroidota）为优势菌群。与CK组、HF组相比，花青素膳食纤维饮品干预后厚壁菌门丰度显著降低，拟杆菌门丰度显著增加（P<0.05）。此外，经花青素膳食纤维饮品干预后，放线菌门（Actinobacteriota）丰度有所上升，疣微菌门（Verrucomicrobiota）、脱硫杆菌门（Desulfobacterota）、去铁杆菌门（Deferribacterota）等菌群丰度均出现不同程度改变。

由图6可知，在属水平上共筛选出12个优势菌属。与CK组相比，HF组的肠球菌属（*Enterococcus*）丰度较高（P<0.05），双芽孢杆菌属（*Amphibacillus*）、嗜碱菌属（*Alkaliphilus*）、厌氧盐杆菌属（*Anaerosalibacter*）和双歧杆菌属（*Bifidobacterium*）丰度较低。经过花青素膳食纤维饮品干预后，HF+Drink组的肠球菌属丰度显著下降（P<0.05），双歧杆菌属丰度显著升高（P<0.05），且该组双歧杆菌属丰度高于CK组。推测可能是该饮品组分能够营造适合双歧杆菌生长的微生态环境。另外，双芽孢杆菌属、嗜碱菌属、厌氧盐杆菌属丰度均出现不同程度变化。



不同字母代表差异显著（$P<0.05$）。

图 5　小鼠肠道菌群在门水平上的差异菌群

Fig. 5　Differential phyla of the gut microbiota in mice

2.4　花青素膳食纤维饮品与小鼠粪便体外培养液菌群代谢物分析

2.4.1　LPS 结果

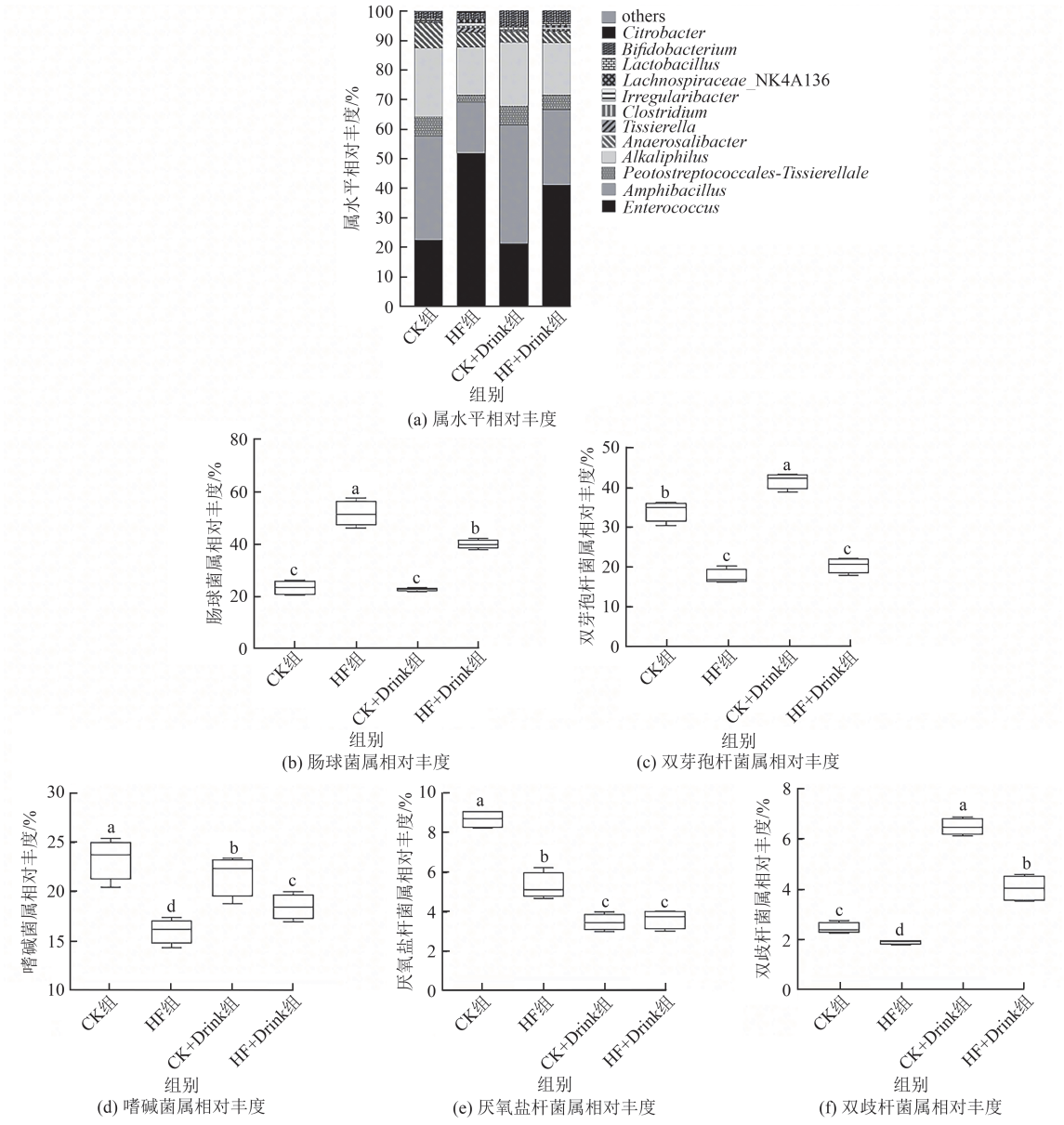
LPS 可破坏肠道屏障完整性，导致肠道通透性增加，肠道屏障受损后易诱发机体产生炎症反应。此外，LPS 进入血液后还会引发代谢性内毒素血症[22]。由图 7 可知，在培养初期，CK+Drink 组与 HF+Drink 组的 LPS 水平高于 CK 组和 HF 组；随着培养时间的延长，HF 组的 LPS 生成速率最快，CK+Drink 组增长速率最慢；培养 48 h 时，LPS 水平表现为 HF 组>CK 组>HF+Drink 组>CK+Drink 组，说明该饮品可抑制 LPS 的生成。

2.4.2　TBA 结果

胆汁酸可与脂肪酸结合形成水溶性复合物，进而促进脂肪酸的吸收利用[22]。由图 8 可知，各组 TBA 浓度均随培养时间的延长逐渐升高。在培养初期，各组 TBA 浓度无显著差异；随着培养时间的延长，CK+Drink 组 TBA 生成速率最快，HF 组最慢；培养 48 h 时，TBA 浓度表现为 CK+Drink 组>HF+Drink 组>CK 组>HF 组，表明该饮品能够促进 TBA 的生成。

2.4.3　SCFAs 结果

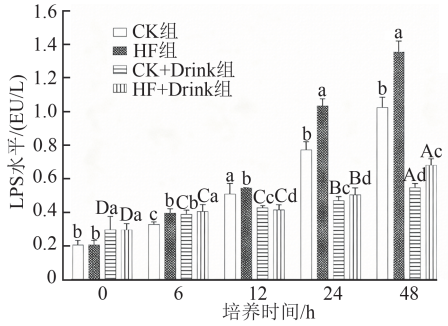
SCFAs 是肠道菌群的重要代谢产物之一，可通过血液循环到达肝脏，在机体脂质代谢中发挥重要的调节作用[22]。乙酸、丙酸、丁酸和总短链脂肪酸水平见图 9。当培养时间为 0 h 时，CK+Drink 组与 CK 组、HF+Drink 组与 HF 组间 SCFAs 质量浓度无显著差异；随着培养时间的延长，花青素膳食纤维饮品的



不同字母代表差异显著（$P<0.05$）。

图 6　小鼠肠道菌群在属水平上的差异菌群

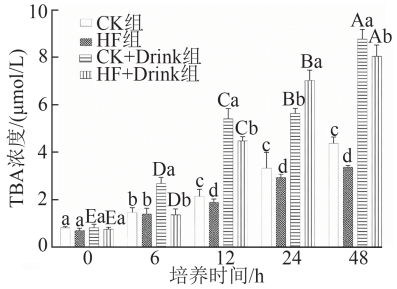
Fig. 6　Differential genera of the gut microbiota in mice



不同小写字母表示同一发酵时间不同组间差异显著（$P<0.05$）；不同大写字母表示同组不同发酵时间差异显著（$P<0.05$）。

图 7　不同培养时间的 LPS 水平

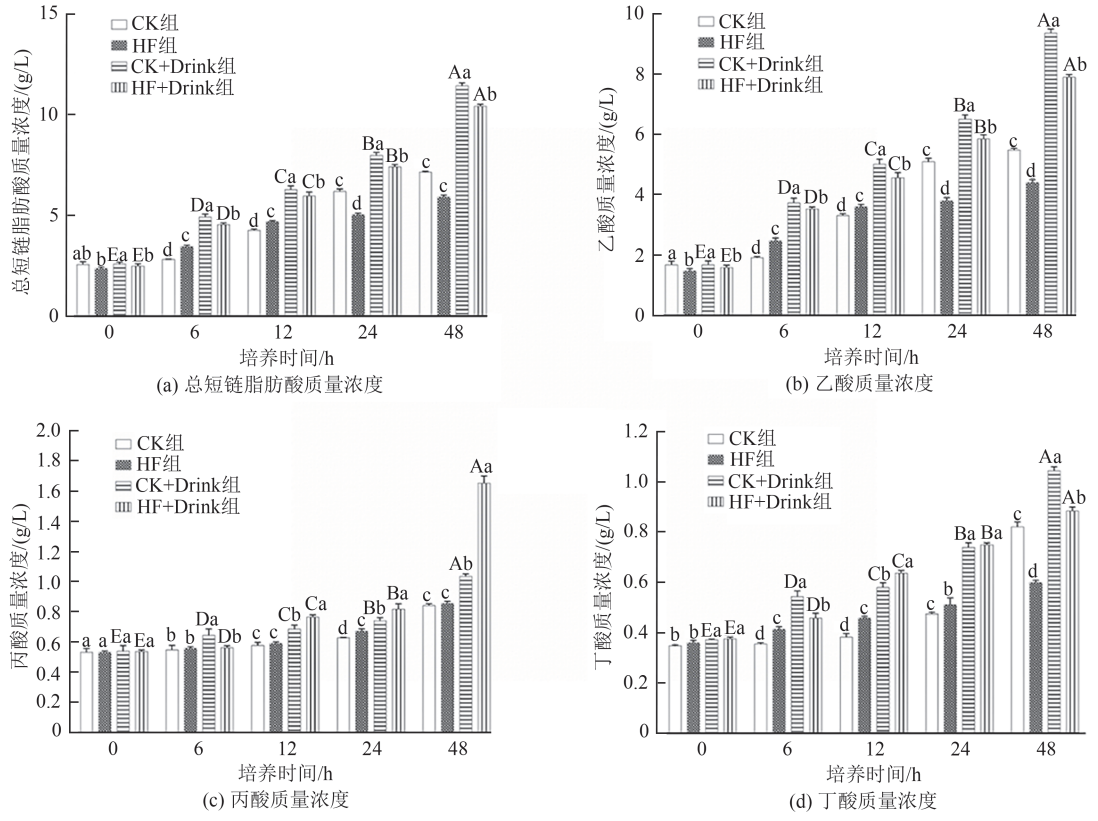
Fig. 7　LPS levels at different time points of incubation



不同小写字母表示同一发酵时间不同组间差异显著（$P<0.05$）；不同大写字母表示同组不同发酵时间差异显著（$P<0.05$）。

图 8　不同培养时间的 TBA 浓度

Fig. 8　Concentrations of TBA at different time points of incubation



不同小写字母表示同一培养时间不同组间差异显著（$P<0.05$）；不同大写字母表示同组不同培养时间差异显著（$P<0.05$）。

图 9　不同培养时间的 SCFAs 质量浓度

Fig. 9　Mass concentrations of SCFAs at different time points of incubation

干预可明显促进 SCFAs 的生成；培养 48 h 时，CK+Drink 组 SCFAs 水平达到峰值，各组 SCFAs 水平表现为 CK+Drink 组>HF+Drink 组>CK 组>HF 组，表明该饮品对 SCFAs 的生成具有明显的促进作用。

肠道菌群在调控宿主能量稳态、葡萄糖代谢和脂质代谢等方面起着重要的作用[23]。相较于高糖高脂饮食组，花青素膳食纤维饮品增加了肠道菌群多样性。在门水平上，花青素膳食纤维饮品降低了厚壁菌门与拟杆菌门的比值，这可能是其改善糖脂代谢紊乱的潜在作用机制。有研究表明，厚壁菌门与拟杆菌门比值升高会促进脂质产生，使机体更易出现肥胖、胰岛素抵抗等症状，进而诱发糖脂代谢异常[24]。

在属水平上，花青素膳食纤维饮品干预后肠球菌属丰度降低，双芽孢杆菌属、嗜碱菌属、厌氧盐杆菌属和双歧杆菌属丰度升高。双歧杆菌属能够抑制机体吸收脂多糖，通过维护肠道上皮细胞完整性、促进紧密连接蛋白质形成来增强肠道屏障功能，降低肠道通透性，进而减少内毒素进入血液，减轻全身性炎症并降低胰岛素抵抗的发生风险[25]。当培养时间为 0~12 h 时，各组 LPS 水平均呈小幅上升趋势，表明此阶段肠道菌群处于初始代谢激活状态。值得注意的是，在培养时间为 12~48 h 时，HF 组的 LPS 水平急剧升高，该现象与肠球菌等条件致病菌异常增殖、肠道屏障受损密切相关。相比之下，Drink 组可显著提高双歧杆菌属相对丰度，降低厚壁菌门与拟杆菌门比值，抑制条件致病菌的生长繁殖，从而有效降低了 LPS 水平。

双歧杆菌还具有胆盐水解酶（BSH）活性[26]，可参与调控胆汁酸代谢，进而影响脂质吸收与代谢。双歧杆菌可分泌 BSH，降低血清总胆固醇和低密度脂蛋白水平[27]。当培养时间为 0~6 h 时，各组 TBA 浓度差异显著，表明培养初期各组胆汁酸水平相对稳定。而在 6~48 h 时，Drink 组的 TBA 浓度增长速度显著高于 HF 组，这可能与 Drink 组中双歧杆菌的 BSH 活性提升有关；双歧杆菌可通过催化初级胆汁酸发生去结合反应，促

进初级胆汁酸向次级胆汁酸转化，从而显著提升肠道内TBA浓度。

SCFAs作为重要的肠道菌群代谢物，主要包括乙酸、丙酸和丁酸等，在维持肠道健康、调节代谢功能、增强免疫系统方面具有重要作用[28]。在0~12 h，各组SCFAs缓慢积累，该变化与肠道菌群适应培养环境、膳食纤维初级降解相关；在12~48 h，各组SCFAs质量浓度显著升高，其变化规律与双歧杆菌等有益菌的增殖密切相关。双歧杆菌是已知的短链脂肪酸产生菌，可通过发酵膳食纤维（尤其是低聚果糖、低聚半乳糖等）产生大量乙酸和丙酸[29]。丙酸可激活G蛋白偶联受体（GPR）41和GPR43，提高胰岛素敏感性，促进葡萄糖的摄取与利用[30]，同时抑制肝脏内的糖异生途径，减少葡萄糖的生成，从而调节血糖水平[31]。乙酸可作为代谢底物参与三羧酸循环，促进脂肪酸氧化分解，从而减少脂肪堆积[32]。目前关于双芽孢杆菌属、嗜碱菌属和厌氧盐杆菌属与SCFAs关系的研究较少。这3种菌属多分离于极端环境，且大多数为厌氧菌或嗜碱菌，推测其可参与碳水化合物的分解，进而参与SCFAs的合成。

3　结论

作者以α-葡萄糖苷酶抑制率、脂肪酶抑制率、胆固醇清除率为评价指标，进行了体外糖脂代谢评价试验。结果表明，花青素膳食纤维饮品的α-葡萄糖苷酶抑制率、脂肪酶抑制率及胆固醇清除率显著高于单一花青素和膳食纤维（P<0.05），说明花青素与膳食纤维协同作用后，糖脂代谢改善效果优于单一成分作用效果。与小鼠粪便共培养后，CK+Drink组与HF+Drink组作用效果优于Drink组（P<0.05），进一步说明花青素膳食纤维饮品具有良好的糖脂代谢调节活性，且其作用依赖于肠道菌群的介导。16S rDNA测序结果显示，花青素膳食纤维饮品可提升肠道菌群多样性。在门水平上，花青素膳食纤维饮品干预显著降低了厚壁菌门与拟杆菌门比值；在属水平上，显著上调了双芽孢杆菌属、嗜碱菌属和厌氧盐杆菌属的相对丰度，降低了肠球菌属的相对丰度（P<0.05），同时可显著提高SCFAs、TBA水平，降低LPS水平。综上，花青素膳食纤维饮品可通过调节肠道菌群结构对机体糖脂代谢及能量稳态发挥积极调控作用。但本研究仍存在一定的局限性，当前采用的体外发酵模型仅能模拟部分肠道条件，无法完全复现肠上皮细胞-菌群互作、宿主免疫调控等复杂生理过程。此外，本研究虽已明确SCFAs、胆汁酸与菌群结构的相关性，但具体调控代谢通路仍需结合转录组学、代谢组学等进一步验证。后续研究可结合动物试验与多组学联用进一步解析花青素膳食纤维饮品的体内作用机制及量效关系。

参考文献

[1] 刘霖，胡蕴，许岚. 糖脂代谢紊乱相关疾病患者生活方式管理现状和研究进展[J]. 实用肝脏病杂志，2022，25（4）：464-467.
LIU L，HU Y，XU L. Lifestyle management of individuals with glucose and lipid metabolism disorders-related diseases[J]. Journal of Practical Hepatology，2022，25（4）：464-467.（in Chinese）

[2] 程瑞，李力，冯志海，等. 基于肠道菌群探讨葛根芩连汤改善胰岛素抵抗的作用机制[J]. 中国微生态学杂志，2024，36（7）：847-854.
CHENG R，LI L，FENG Z H，et al. The mechanism of Gegen Qinlian Decoction improving insulin resistance based on intestinal flora[J]. Chinese Journal of Microecology，2024，36（7）：847-854.（in Chinese）

[3] 吴琼，叶华，朱宇珍，等. 黄芩苷对LPS诱导肠道损伤的保护作用研究[J]. 中国中药杂志，2013，38（17）：2854-2858.
WU Q，YE H，ZHU Y Z，et al. Protective effect of baicalin against LPS-induced intestinal injury[J]. China Journal of Chinese Materia Medica，2013，38（17）：2854-2858.（in Chinese）

[4] LUO Y，WANG L F，LV Y Z，et al. Regulation mechanism of silkworm *Pupa* oil PUFAs on cholesterol metabolism in hepatic cell L-02[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture，2020，100（4）：1418-1425.

[5] HE J，GIUSTI M M. Anthocyanins：natural colorants with health-promoting properties[J]. Annual Review of Food Science and Technology，2010，1：163-187.

[6] HERRERA-BALANDRANO D D，CHAI Z，BETA T，et al. Blueberry anthocyanins：an updated review on approaches to enhancing their bioavailability[J]. Trends in Food Science & Technology，2021，118：808-821.

[7] HE Y，CHEN D X，LIU Y H，et al. Protective effect and

mechanism of soybean insoluble dietary fiber on the color stability of malvidin-3-*O*-glucoside[J]. Foods, 2022, 11(10):1474.

[8] WANG B X, YU H S, HE Y, et al. Effect of soybean insoluble dietary fiber on prevention of obesity in high-fat diet fed mice *via* regulation of the gut microbiota[J]. Food & Function, 2021, 12(17):7923-7937.

[9] 陈鑫,赵抒娜,王晨,等. 新型复配食糖对小鼠血糖影响的研究[J]. 中国糖料,2023,45(4):81-87.
CHEN X, ZHAO S N, WANG C, et al. Study on the effect of functional compounds-sugar mixtures on blood glucose in mice[J]. Sugar Crops of China, 2023, 45(4):81-87.(in Chinese)

[10] 周迎芳,韩琮定,任胜杰,等. 基于高脂饮食探究不同膳食油脂对小鼠附睾脂肪沉积的影响[J]. 粮食与油脂,2025,38(3):55-59,66.
ZHOU Y F, HAN C D, REN S J, et al. Exploring the effects of different dietary oils on epididymal fat deposition in mice based on high-fat diet[J]. Cereals & Oils, 2025, 38(3):55-59,66.(in Chinese)

[11] 黄淑贞,刘雨菲,王靓,等. 蛋黄磷脂与紫苏籽油复配对维持大鼠血脂健康水平的影响[J]. 中国油脂,2024,49(10):56-61.
HUANG S Z, LIU Y F, WANG L, et al. Effect of combination of egg yolk phospholipid and *Perilla* seed oil on maintaining healthy blood lipid level in rats[J]. China Oils and Fats, 2024, 49(10):56-61.(in Chinese)

[12] 杜秋,周晓,覃业优,等. 发酵蔬菜源食品用益生乳酸菌的筛选及降胆固醇能力评价[J]. 食品与生物技术学报,2023,42(11):63-73.
DU Q, ZHOU X, QIN Y Y, et al. Screening and evaluating with cholesterol-lowering ability of probiotic lactic acid bacteria for food from fermented vegetable[J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2023, 42(11):63-73.(in Chinese)

[13] 孙嘉莉,赵文燕,朱东亮,等. 沙棘果皮渣总黄酮体内外降血脂活性研究[J]. 食品工业科技,2024,45(24):353-363.
SUN J L, ZHAO W Y, ZHU D L, et al. Hypolipidemic activity of total flavonoids from sea buckthorn peel residue *in vivo* and *in vitro*[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(24):353-363.(in Chinese)

[14] 赵昌会,陈华海,胡云霏,等. 磷酸奥司他韦对人体肠道菌群的体外影响[J]. 基因组学与应用生物学,2022,41(11):2120-2129.
ZHAO C H, CHEN H H, HU Y F, et al. Effect of oseltamivir phosphate on simulated human gut microbiota *in vitro*[J]. Genomics and Applied Biology, 2022, 41(11):2120-2129.(in Chinese)

[15] 尹红力,赵鑫,佟丽丽,等. 黑木耳多糖体外和体内降血糖功能[J]. 食品科学,2015,36(21):221-226.
YIN H L, ZHAO X, TONG L L, et al. *In vitro* and *in vivo* anti-hyperglycemic effects of polysaccharides from *Auricularia auricular*[J]. Food Science, 2015, 36(21):221-226.(in Chinese)

[16] 王文君,欧阳克蕙,许文凤,等. 9种植物粗多糖体外降脂及抑制非酶糖基化活性的研究[J]. 江西农业大学学报,2013,35(3):593-596,630.
WANG W J, OUYANG K H, XU W F, et al. A study on the hypolipemic and nonenzymatic glycosylation activity *in vitro* of crude polysaccharide form nine plants[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis (Natural Sciences Edition), 2013, 35(3):593-596,630.(in Chinese)

[17] 何姗珊,刘利平,刘艳芳,等. 鹿茸菇可溶性膳食纤维生物活性及结构特征分析[J]. 食品科学,2025,46(9):39-47.
HE S S, LIU L P, LIU Y F, et al. Bioactivity and structural characterization of soluble dietary fiber from *Lyophyllum decastes*[J]. Food Science, 2025, 46(9):39-47.(in Chinese)

[18] 李志明,张舒,孟维洪,等. 食源性*α*-葡萄糖苷酶抑制肽:构效关系、安全性及生物利用度研究进展[J]. 食品科学,2023,44(15):298-309.
LI Z M, ZHANG S, MENG W H, et al. Food-derived *α*-glucosidase inhibitory peptides: research progress on structure-activity relationship, safety and bioavailability[J]. Food Science, 2023, 44(15):298-309.(in Chinese)

[19] 胡幸华,张紫佳. 脂肪酶抑制剂的研究进展[J]. 药学研究,2024,43(9):903-908,921.
HU X H, ZHANG Z J. Recent advances of lipase inhibitors[J]. Journal of Pharmaceutical Research, 2024, 43(9):903-908,921.(in Chinese)

[20] ALIM A, LI T, NISAR T, et al. Polyphenols and pectin enriched golden kiwifruit (*Actinidia chinensis*) alleviates high fructose-induced glucolipid disorders and hepatic oxidative damage in rats: in association with improvement of fatty acids metabolism[J]. Food Science and Human Wellness, 2023, 12(5):1872-1884.

[21] HUA M, FAN M L, LI Z M, et al. Ginseng soluble dietary fiber can regulate the intestinal flora structure, promote colon health, affect appetite and glucolipid metabolism in rats[J]. Journal of Functional Foods,

2021，83：104534.

[22] 邹郦睿，郭芳瑞，徐秋容，等. 肠道菌群及其代谢物在肥胖的发生与干预作用的研究进展[J]. 现代食品科技，2024，40（12）：402-416.
ZOU L R，GUO F R，XU Q R，et al. Research progress on the occurrence and intervention effect of intestinal microflora and its metabolites in obesity[J]. Modern Food Science & Technology，2024，40（12）：402-416.（in Chinese）

[23] SCHOELER M，CAESAR R. Dietary lipids，gut microbiota and lipid metabolism [J]. Reviews in Endocrine and Metabolic Disorders，2019，20（4）：461-472.

[24] VETTORAZZI J F，KURAUTI M A，SOARES G M，et al. Bile acid TUDCA improves insulin clearance by increasing the expression of insulin-degrading enzyme in the liver of obese mice[J]. Scientific Reports，2017，7：14876.

[25] CANI P D，BIBILONI R，KNAUF C，et al. Changes in gut microbiota control metabolic endotoxemia-induced inflammation in high-fat diet-induced obesity and diabetes in mice[J]. Diabetes，2008，57（6）：1470-1481.

[26] LOGUE J B，STEDMON C A，KELLERMAN A M，et al. Experimental insights into the importance of aquatic bacterial community composition to the degradation of dissolved organic matter[J]. The ISME Journal，2016，10（3）：533-545.

[27] EVERARD A，BELZER C，GEURTS L，et al. Cross-talk between *Akkermansia muciniphila* and intestinal epithelium controls diet-induced obesity[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America，2013，110（22）：9066-9071.

[28] JAKOBEK L，MATIĆ P. Non-covalent dietary fiber-polyphenol interactions and their influence on polyphenol bioaccessibility [J]. Trends in Food Science & Technology，2019，83：235-247.

[29] RÍOS-COVIÁN D，RUAS-MADIEDO P，MARGOLLES A，et al. Intestinal short chain fatty acids and their link with diet and human health [J]. Frontiers in Microbiology，2016，7：185.

[30] KIMURA I，OZAWA K，INOUE D，et al. The gut microbiota suppresses insulin-mediated fat accumulation *via* the short-chain fatty acid receptor GPR43[J]. Nature Communications，2013，4：1829.

[31] LEE D H，KIM M T，HAN J H. GPR41 and GPR43：from development to metabolic regulation [J]. Biomedicine & Pharmacotherapy，2024，175：116735.

[32] 刘霞，李祥，郑近园，等. 电针对单纯性肥胖症大鼠肠道菌群-短链脂肪酸代谢轴的影响[J]. 针刺研究，2024，49（8）：805-813.
LIU X，LI X，ZHENG J Y，et al. Effect of electroacupuncture on the intestinal flora-short chain fatty acid metabolism axis in simple obesity rats [J]. Acupuncture Research，2024，49（8）：805-813.（in Chinese）