

李爱科、綦文涛研究员主持“粮食品质提升与营养改善”专栏文章之三

DOI: 10.16210/j.cnki.1007-7561.2023.05.016

王勇, 宋歌, 庞邵杰, 等. 糙米和全麦对高脂饮食大鼠肠道菌群及脂代谢的影响[J]. 粮油食品科技, 2023, 31(5): 133-141.

WANG Y, SONG G, PANG S J, et al. Effect of brown rice and whole wheat on gut microbiota and lipid metabolism in high-fat diet fed rats[J]. Science and Technology of Cereals, Oils and Foods, 2023, 31(5): 133-141.

糙米和全麦对高脂饮食大鼠肠道菌群及脂代谢的影响

王 勇, 宋 歌, 庞邵杰, 綦文涛✉

(国家粮食和物资储备局科学研究院 粮食品质营养研究所, 北京 100037)

摘 要: 为评价糙米和全麦对肠道菌群及脂代谢的调节作用, 以 SPF 级 SD 大鼠为研究对象, 随机分为 6 组, 每组 12 只, 包括空白对照组、糙米组、全麦组、高脂模型组、糙米高脂组、全麦高脂组, 实验周期为 12 周。实验结束后对大鼠血清生化指标、肝脏和结肠组织病理学指标及结肠微生物多样性进行检测分析。结果表明, 糙米可降低高脂饮食诱导的大鼠体质量增加, 并降低血清总胆固醇 (Total cholesterol, TC) 和低密度脂蛋白胆固醇 (Low-density lipoprotein cholesterol, LDL-C) 水平, 缓解结肠组织炎细胞浸润 ($P < 0.05$)。全麦降低大鼠血清游离脂肪酸 (Free fatty acid, FFA) 水平并抑制肝脏脂质蓄积 ($P < 0.05$)。在正常饮食组中, 糙米可降低结肠内厚壁菌门/拟杆菌门比值, 并增加布劳特氏菌属 (*Blautia*) 和乳杆菌属 (*Lactobacillus*) 相对丰度 ($P < 0.05$), 全麦增加布劳特氏菌属和罗姆布茨菌属 (*Romboutsia*) 相对丰度 ($P < 0.05$)。在高脂饮食组中, 糙米和全麦降低结肠中有害菌土孢杆菌属 (*Terrisporobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、嗜冷杆菌属 (*Psychrobacter*) 和 *Lachnoclostridium* 相对丰度, 糙米增加拟杆菌属相对丰度 ($P < 0.05$)。综上, 增加糙米和全麦的摄入具有调控肠道稳态的健康作用, 研究结果可为制定科学合理的全谷物膳食指导及开发全谷物健康食品提供理论基础。

关键词: 糙米; 全麦; 全谷物; 肥胖; 肠道菌群; 降脂作用

中图分类号: TS201.4; S-3 文献标识码: A 文章编号: 1007-7561(2023)05-0133-09

网络首发时间: 2023-09-11 10:26:28

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/11.3863.ts.20230908.0927.002>

收稿日期: 2023-05-16

基金项目: 中国科协第五届 (2019-2021 年度) 青年人才托举工程项目 (2019QNRC001); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (ZX1908)

Supported by: The Young Elite Scientists Sponsorship Program by the China Association for Science and Technology (No. 2019QNRC001); Fundamental Research Funds of the Central Research Institutes (No. ZX1908)

作者简介: 王勇, 男, 1987 年出生, 博士, 副研究员, 研究方向为粮油营养与健康。E-mail: wangy@ags.ac.cn

通讯作者: 綦文涛, 男, 1977 年出生, 博士, 研究员, 副所长, 研究方向为粮油营养与健康。E-mail: qwt@ags.ac.cn。作者详细介绍见 PC26。

Effect of Brown Rice and Whole Wheat on Gut Microbiota and Lipid Metabolism in High-Fat Diet Fed Rats

WANG Yong, SONG Ge, PANG Shao-jie, QI Wen-tao✉

(Institute of Grain Quality and Nutrition Research, Academy of National Food and Strategic Reserves Administration, Beijing 100037, China)

Abstract: The purpose of this study was to investigate the effect of brown rice and whole wheat on gut microbiota and lipid metabolism. Specific pathogen-free Sprague Dawley (SPF SD) rats were selected and randomly divided into six groups ($n = 12$ per group): control group, brown rice group, whole wheat group, HFD model group, brown rice + HFD group, and whole wheat + HFD group. After 12 weeks of feeding, the serum biochemical indicators of the rats were measured. The liver and colon tissues were examined pathologically, and the microbial community diversity in the colon was analyzed. The results showed that brown rice significantly inhibited the increase of body weight and lowered serum total cholesterol (TC) and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) levels. Brown rice also significantly alleviated inflammatory cell infiltration in colon tissue ($P < 0.05$). Whole wheat reduced serum free fatty acid (FFA) levels and inhibited hepatic lipid accumulation in rats ($P < 0.05$). In the normal maintenance diet groups, brown rice decreased the Firmicutes/Bacteroidetes ratio and increased the relative abundance of *Blautia* and *Lactobacillus* in the colon, while whole wheat increased the relative abundance of *Blautia* and *Romboutsia* ($P < 0.05$). In the HFD groups, the relative abundance of harmful bacteria such as *Terrisporobacter*, *Pseudomonas*, *Psychrobacter*, and *Lachnoclostridium* were reduced by brown rice and whole wheat, while brown rice increased the relative abundance of *Bacteroides* in the colon ($P < 0.05$). Taken together, the intake of brown rice and whole wheat had a healthy effect on regulating intestinal homeostasis. The results of this study can provide a scientific basis for formulating reasonable whole-grain cereals-related dietary guidelines and developing whole-grain-based healthy products.

Key words: brown rice; whole wheat; whole grain; obesity; gut microbiota; hypolipidemic effect

《中国居民膳食指南（2022）》推荐成年人每日全谷物和杂豆类的摄入量为 50~150 g，然而有 80.3% 的成年人摄入量低于 50 g/d，人群研究表明，全谷物和杂粮摄入不足与肥胖、血脂异常等慢性疾病的发生密切相关^[1]，增加全谷物的摄入可降低全因死亡风险，降低 2 型糖尿病、心血管疾病、结直肠癌等疾病的发病风险，还有助于维持正常体重^[2]。近年来，相关研究发现全谷物还具有维持肠道健康、调节糖脂代谢、缓解炎症、延缓衰老过程中认知能力下降等功能^[3]。一方面，全谷物中富含的多酚类物质可以通过调节机体脂质代谢降低血脂，从而有效预防心血管疾病的发生^[4-5]。另一方面，全谷物中膳食纤维的摄入有助于改善肠道菌群的构成，在促进产短链脂肪酸菌群富集、维持肠道稳态、改善 2 型糖尿病症

等方面均有重要作用^[6]。

糙米中富含多酚（234.72~276.03 mg/100 g）、 γ -谷维素（16.56~21.48 mg/100 g）和 γ -氨基丁酸（5.41~13.99 mg/100 g）等功能活性物质^[7-9]，具有抗氧化、降血糖、降血脂等健康功效，可降低食用人群患肥胖、心血管疾病和 2 型糖尿病的风险。全麦粉含有丰富的植物化学素和膳食纤维，有助于改善肠道健康，具有减重、缓解肝脏脂质蓄积、预防心血管疾病等作用^[10]。前期研究通过比较全谷物（糙米粉和全麦粉）和精制谷物（精制米粉和精制面粉）对健康状态下大鼠肠道稳态的影响，发现全谷物可通过提高短链脂肪酸含量和调节肠道菌群维持肠道健康^[11]。

糙米和全麦作为主粮是全谷物的重要膳食来源，研究两者对肠道健康的促进作用具有重要意

义。本研究将熟化后的糙米和全麦作为研究对象，基于不同健康状态动物模型，并采用肠道微生物 16S rRNA 高通量测序及病理学检测分析等手段，评价其对健康及肥胖两种生理状态下大鼠肠道菌群及脂代谢的作用效果，以期揭示两种重要全谷物对肠道稳态的健康调控作用，为制定科学合理的全谷物膳食指导提供基础数据及科学依据。

1 材料和方法

1.1 动物、饲料与试剂

SPF 级雄性 SD 大鼠，体质量 180~200 g；北京维通利华实验动物技术有限公司，许可证号：SCXK(京) 2016-0006。

糙米（龙粳 31 号）：黑龙江省佳木斯市；全麦（济麦 23 号）：山东省济南市；AIN-93M 标准维持饲料：北京科澳协力饲料有限公司；含糙米和全麦饲料：南通特洛菲饲料科技有限公司。糙米和全麦经蒸煮、低温烘干及粉碎后添加至饲料，饲料配方和热量密度如表 1 所示，糙米和全麦在饲料中占比约为 22%。

表 1 饲料配方和热量密度
Table 1 Composition and energy density of the diets

	维持 饲料	糙米 饲料	全麦饲 料	高脂 饲料	糙米 高脂 饲料	全麦高 脂饲料
糙米	0	22	0	0	22	0
全麦	0	0	22	0	0	22
酪蛋白	19	16.9	15.2	24.2	22.1	20.4
玉米淀粉	50.4	31.1	32.8	19.3	0	1.7
糊精	8.1	8.1	8.1	10.3	10.3	10.3
蔗糖	9.5	9.5	9.5	12.1	12.1	12.1
豆油	2.4	2.4	2.4	3	3	3
猪油	1.6	1	1.1	19.5	18.9	19.1
纤维素	4.8	4.3	4.1	6.1	5.6	5.4
矿物质	2.7	2.7	2.7	3.6	3.5	3.5
维生素	1	1	1	1.2	1.2	1.2
L-胱氨酸	0.3	0.3	0.3	0.4	0.4	0.4
氯化胆碱	0.2	0.2	0.2	0.3	0.3	0.3
叔丁基对苯二酚	0.000 8	0.000 8	0.000 8	0.004 5	0.004 5	0.004 5
合计	100	99.5	99.4	100	99.4	99.4
蛋白质	19	19	19	19	19	19
碳水化合物	71	71	71	36	36	36
脂肪	10	10	10	45	45	45
热量密度/(kJ/g)	14.7	15.1	15.1	18.8	19.3	18.8

甘油三酯(Triglyceride, TG)、总胆固醇(Total cholesterol, TC)、高密度脂蛋白胆固醇(High-

density lipoprotein cholesterol, HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(Low-density lipoprotein cholesterol, LDL-C)和游离脂肪酸(Free fatty acid, FFA)试剂盒：南京建成生物工程研究所；PCR 产物纯化试剂盒 GeneJET：美国赛默飞公司；基因提取试剂盒 NEB：纽英伦生物技术(北京)有限公司。

1.2 仪器设备

DW-86L338 立式超低温保存箱：青岛海尔集团；FM50 制冰机：北京长流科学仪器有限公司；5430R 低温冷冻离心机、移液枪：德国 Eppendorf 公司；倒置显微镜：日本 Nikon 公司；BS-420 全自动生化仪：中国迈瑞公司；电子分析天平：赛多利斯科学仪器(北京)有限公司；EnSpire 2300 多功能酶标仪：美国 PerkinElmer 公司。

1.3 实验方法

1.3.1 分组及饲养

72 只 SPF 级雄性 SD 大鼠，以 AIN-93M 标准维持饲料预饲 1 周后，按体质量随机分为 6 组，每组 12 只：空白对照组(Ctrl，饲喂维持饲料)、糙米组(饲喂含 22%糙米的维持饲料)、全麦组(饲喂含 22%全麦的维持饲料)、高脂模型组(HFD，饲喂高脂饲料)、糙米高脂组(饲喂含 22%糙米的高脂饲料)、全麦高脂组(饲喂含 22%全麦的高脂饲料)。大鼠饲养于国家粮食和物资储备局科学研究院昌平实验基地 SPF 级动物试验中心，试验周期为 12 周，饲养期间自由采食和饮水，维持室内温度(23±2)℃、相对湿度 50%~60%、12 h 昼夜循环采光。每周称量并记录体质量，每两天记录采食量。

1.3.2 标本采集及处理

饲养 12 周后，CO₂ 麻醉大鼠，心脏取血。断颈处死大鼠，将大鼠转移至超净工作台内，使用体积分数 75%的乙醇溶液擦拭大鼠腹部，使用消毒后的手术剪打开大鼠腹腔，迅速将肝脏、肠道完整分离出来，取部分肝脏和结肠组织用于病理检测，其余部分保存于-80℃待测。结肠内容物保存于无菌离心管中，液氮速冻后在-80℃冰箱中保存，用于提取肠道菌群 DNA。

1.3.3 生化指标检测

利用全自动生化分析仪检测血清 TC、TG、HDL-C 和 LDL-C 含量,按照试剂盒说明书检测血清 FFA 含量。

1.3.4 肝脏和结肠组织病理学检测

苏木精-伊红 (Hematoxylin-eosin, HE) 染色: 分离 1 cm×1 cm 肝脏右叶及部分结肠组织浸泡于体积分数 10% 甲醛溶液中,石蜡包埋后进行组织切片制备和 HE 染色。光学显微镜下观察肝脏及结肠组织形态。

1.3.5 大鼠肠道菌群分析

1.3.5.1 大鼠结肠内容物高通量测序分析 大鼠结肠内容物样品 (每组随机取 8 个) 从 -80 °C 冰箱取出后立刻放入干冰,送至北京诺禾致源生物信息科技有限公司,采用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台,通过扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4 区域基因序列分析大鼠结肠菌群多样性。

1.3.5.2 生物学信息分析 基于有效数据进行 OTU 聚类 and 物种分类分析,根据 OTUs 聚类结果,对每个 OTU 的代表序列做物种注释,得到对应的物种信息和丰度分布情况,并通过群落柱状图与群落热图分析各组在门、属水平上的群落结构组成情况。

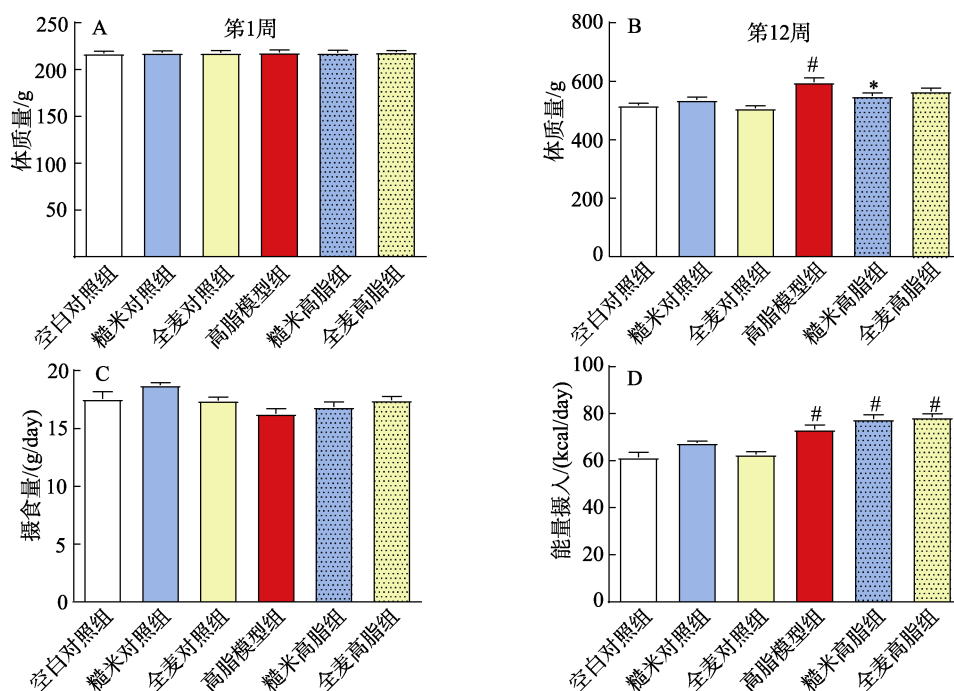
1.4 数据统计与分析

使用 Graphpad Prism 5.0 软件进行统计分析,正态性检验采用 Shapiro-Wilk 检验,符合正态的计量资料采用 ($\bar{X} \pm SD$) 表示,多组均数间比较采用方差分析,方差分析有统计学意义的事后两两比较采用 Duncan's test 法。统计分析取双侧检验,显著性检验水准取 $\alpha=0.05$ 。

2 结果与讨论

2.1 糙米和全麦对大鼠体质量、摄食量和能量摄入的影响

如图 1 所示,各组大鼠初始体质量基本相同 (图 1A, $P>0.05$)。处死前第 12 周时,高脂模型组大鼠的体质量升高,与空白对照组相比具有统计学差异 (图 1B, $P<0.05$),但糙米高脂组与高脂模型组相比大鼠体脂量降低 ($P<0.05$)。Zhao 等^[12]研究未发现糙米降低高脂饮食诱导的小鼠体质量,原因可能为该高脂饲料中脂肪热量占比为 60%,而本试验使用的饲料脂肪热量占比为 45%。第 12 周时各组间大鼠摄食量无统计学差异 (图 1C, $P>0.05$),高脂模型组与空白组相比能量摄入提高 (图 1D, $P<0.05$),高脂组间能量摄入无统计学差异 ($P>0.05$)。



注: 与空白对照组比较, $\#P<0.05$; 与高脂模型组比较, $*P<0.05$ 。

Note: Compared with the blank control group, $\#P<0.05$; Compared with the high-fat model group, $*P<0.05$

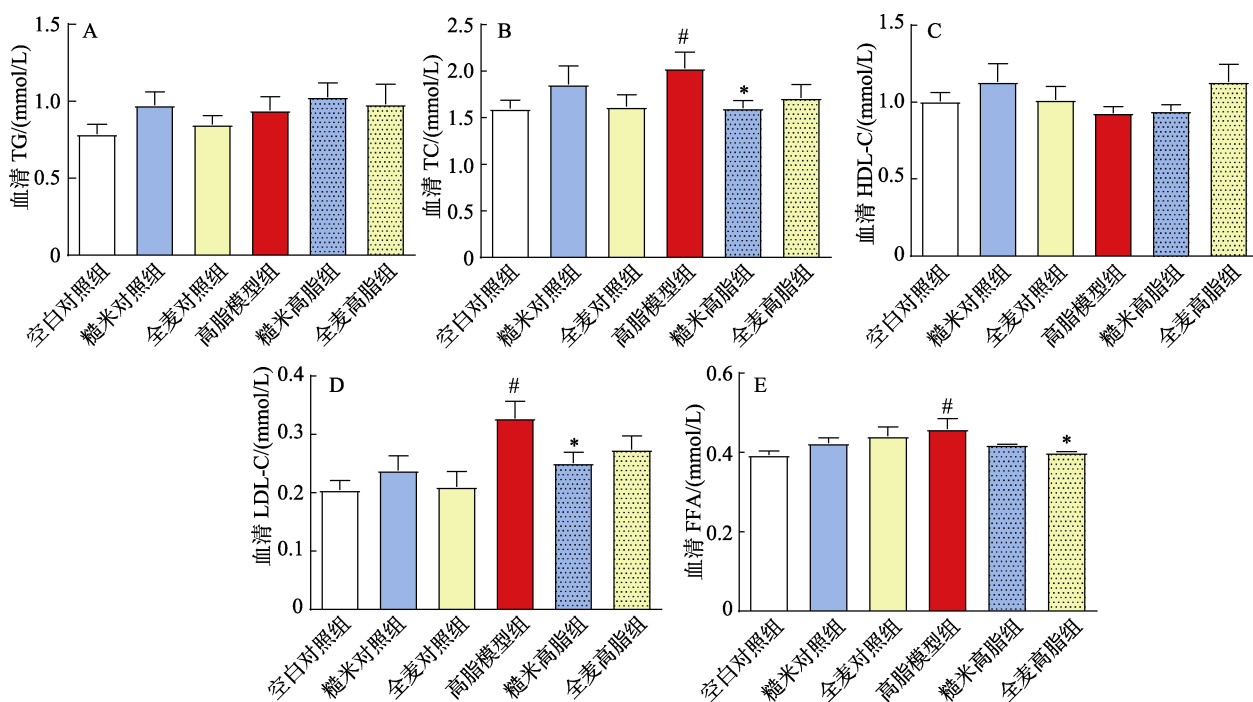
图 1 大鼠体质量、摄食量和能量摄入

Fig.1 Body mass, food intake, and energy intake of rats

2.2 糙米和全麦对大鼠血脂指标影响

如图 2 所示, 各组大鼠血清 TG 和 HDL-C 水平均无统计学差异 (图 2A 和 2C, $P > 0.05$)。高脂模型组大鼠血清 TC、LDL-C 和 FFA 水平较对照组升高 (图 2B、2D 和 2E, $P < 0.05$), 糙米高脂组大鼠血清 TC 和 LDL-C 水平降低 (图 2B 和 2D, $P < 0.05$), 全麦高脂组大鼠血清 FFA 水平降低 (图 2E, $P < 0.05$), 表明糙米和全麦具有

改善高脂饮食大鼠脂代谢异常的功能。近期研究也显示, 糙米具有调节高脂饮食诱导的小鼠脂代谢紊乱作用, 包括降低 TC、TG 和 FFA 水平^[12]。糙米可通过抑制脂类吸收、缓解氧化应激、降低脂肪酸合成及促进胆汁酸代谢等途径有效调控机体脂类代谢^[13]。人群试验进一步证明, 与膳食精制谷物面包相比, 代谢综合症患者膳食 12 周全谷物面包后, 餐后血浆胰岛素及 TG 水平降低^[14]。



注: 与空白对照组比较, # $P < 0.05$; 与高脂模型组比较, * $P < 0.05$ 。

Note: Compared with the blank control group, # $P < 0.05$; Compared with the high-fat model group, * $P < 0.05$.

图 2 大鼠血清 TG (A)、TC (B)、HDL-C (C)、LDL-C (D) 和 FFA (E) 含量

Fig.2 Serum TG (A), TC (B), HDL-C (C), LDL-C (D), and FFA (E) in rats

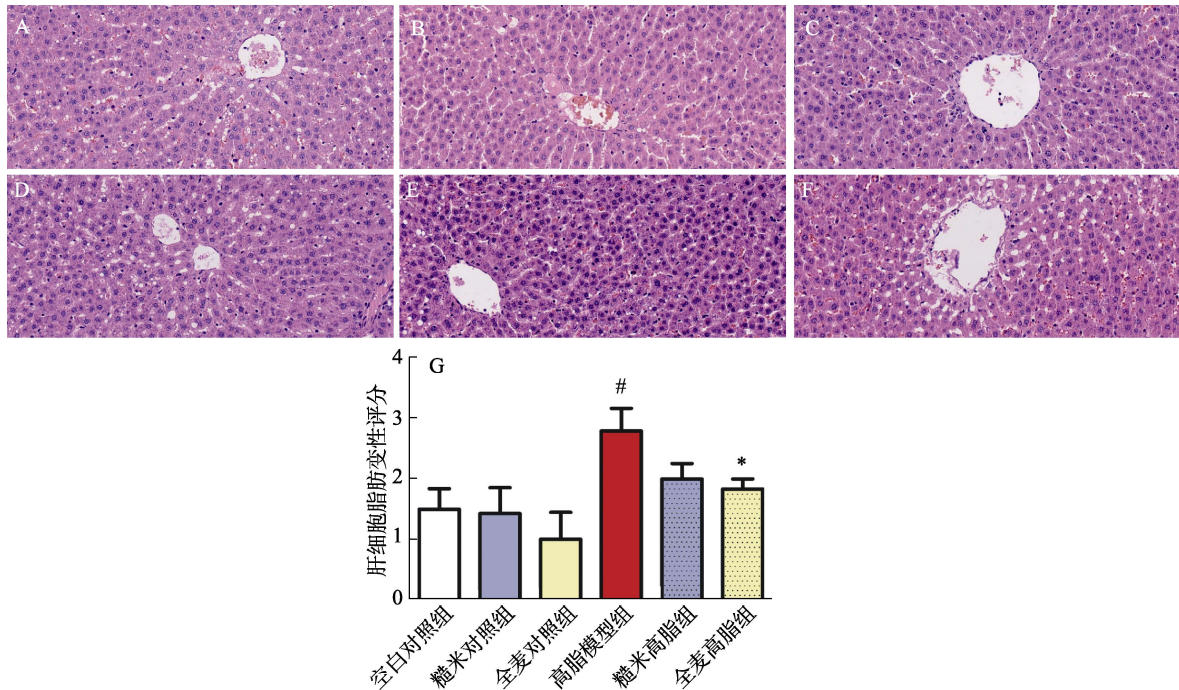
2.3 糙米和全麦对大鼠肝脏结构影响

肝脏组织病理学检测结果表明, 空白对照组、糙米对照组及全麦对照组未见肝细胞脂肪变性, 高脂模型组 80% 肝细胞大小泡混合性脂肪变性, 糙米高脂组 30% 肝细胞大小泡混合性脂肪变性, 全麦高脂组 30% 肝细胞小泡性脂肪变性 (图 3A~3F)。在高脂饲料组中, 添加全麦后肝细胞脂肪变性评分降低 (图 3G, $P < 0.05$), 表明全麦具有抑制肝脏脂质蓄积的作用。随机对照试验结果表明, 超重和肥胖人群食用全麦可降低血清中谷丙转氨酶、谷草转氨酶和 γ -谷氨酰转氨酶活性,

减少肝细胞脂肪变性, 对肝脏具有保护效果^[15]。

2.4 糙米和全麦对大鼠结肠组织结构影响

如图 4 所示, 空白对照组结肠肠壁内未见炎症细胞浸润, 糙米对照组和全麦对照组结肠粘膜层可见很少量单核淋巴细胞散在浸润, 高脂模型组结肠壁全层中等量单核淋巴细胞弥漫浸润, 糙米高脂组肠壁内未见炎症细胞浸润 ($P < 0.05$), 全麦高脂组粘膜层很少量单核淋巴细胞散在浸润。本研究与 Praengam 等^[16]研究结果一致, 糙米具有缓解结肠炎小鼠炎症反应的作用, 推测机制可能涉及调节肠道菌群。

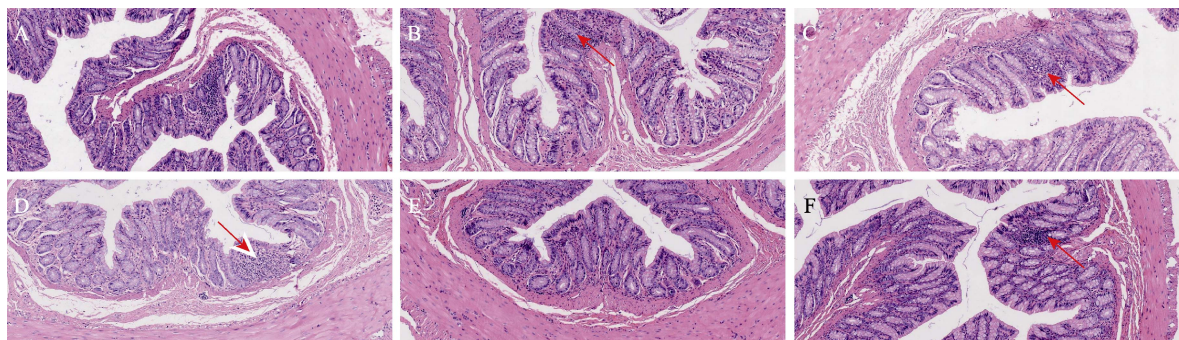


注：A. 空白对照组；B. 糙米对照组；C. 全麦对照组；D. 高脂模型组；E. 糙米高脂组；F. 全麦高脂组；图 4 同。肝脏 HE 染色切片（400×）。G. 肝细胞脂肪变性评分，与空白对照组比较， $\#P < 0.05$ ；与高脂模型组比较， $*P < 0.05$ 。

Note: A Blank control group; B. Brown rice control group; C. Whole wheat control group; D. High fat model group; E. Brown rice high fat group; F. Whole wheat high fat group; Figure 4 is the same. Liver HE staining section (400×). G. Liver cell steatosis score, compared with the blank control group, $\#P < 0.05$; Compared with the high-fat model group, $*P < 0.05$.

图 3 饲喂糙米和全麦对大鼠肝脏结构的影响

Fig.3 Effect of whole-grain rice and wheat supplementation on liver histology in rats



注：结肠组织 HE 染色切片（200×），红色箭头，单核淋巴细胞灶状浸润。

Note: Colon tissue HE staining section (200×), Red arrow. Focal infiltration of monocytes.

图 4 饲喂糙米和全麦对大鼠结肠组织结构的影响

Fig.4 Effect of whole-grain rice and wheat supplementation on colon histology in rats

2.5 糙米和全麦对大鼠结肠菌群的影响

2.5.1 基于门分类水平的分析

本研究分析了大鼠结肠内容物的菌群多样性，重点分析饲喂糙米和全麦对大鼠结肠菌群门水平和属水平组成的影响。由图 5 可知，各组样本生成的 OTU 主要由 5 个门构成：厚壁菌门（Firmicutes）、疣微菌门（Verrucomicrobia）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、放线菌门（Actinobacteria）

和变形菌门（Proteobacteria），其中厚壁菌门、疣微菌门和拟杆菌门占绝对主导地位。与空白对照组相比，高脂模型组厚壁菌门/拟杆菌门比值（F/B 比值）升高，糙米高脂组 F/B 比值降低，F/B 比值与葡萄糖稳态和脂类代谢呈负相关^[17]。

2.5.2 基于属分类水平的分析

由图 6 可知，在属水平上，各组优势菌群主要有阿克曼氏菌属（*Akkermansia*）、布劳特氏菌属

(*Blautia*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)、*Faecalitalea*、罗姆布茨菌属(*Romboutsia*)等。在维持饲料组中,摄食糙米增加布劳特氏菌属和乳杆菌属(*Lactobacillus*)丰度($P < 0.05$),摄食全麦增加布劳特氏菌属和罗姆布茨菌属丰度($P < 0.05$)。布劳特氏菌属丰度的提高,可促进短链脂肪酸的产生,从而改善糖尿病患者的炎症和胰岛素抵抗水平^[18]。研究表明饲喂燕麦也可以提高血脂异常大鼠肠道内乳杆菌属、布劳特氏菌属和阿克曼氏菌丰度^[19]。燕麦膳食纤维可提高 LDLR^{-/-}小鼠肠

道内罗姆布茨菌属等丰度,通过“微生物-肠-脑轴”缓解认知障碍^[20]。

我们近期研究发现 *Faecalitalea* 与结肠组织 ZO-1 表达、血清 SOD 活性、总抗氧化能力呈负相关,与血清 TNF- α 、IL-6 和 MDA 水平呈正相关^[21]。本研究中高脂模型组 *Faecalitalea* 丰度升高,全麦高脂组 *Faecalitalea* 丰度降低($P < 0.05$),提示膳食全麦可能通过抑制 *Faecalitalea* 改善肠道炎症并提高肠道屏障功能。与 Raza 等^[22]研究结果一致,高脂饮食降低肠道有益菌拟杆菌属丰度,本试验通过添加糙米可升高大鼠结肠内拟杆菌属丰度($P < 0.05$),从而缓解高脂饮食诱导的肠道菌群紊乱。

进一步选取相对丰度前 35 的微生物进行分析,其相对丰度聚类热图如图 7 所示,高脂饮食增加大鼠结肠内土孢杆菌属(*Terrisporobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*)和 *Lachnoclostridium* 的相对丰度,而糙米和全麦降低了这几种菌的相对丰度。高脂饮食提高肥胖小鼠粪便中致病菌土孢杆菌属丰度^[23]。假单胞菌属异常升高可引发肠道炎症,Yan 等^[24]研究表明高脂饮食诱导小鼠盲肠内假单胞菌属丰度升高,益生菌发酵的荞麦米可明显降低假单胞菌属丰度。在具有良好肠道屏障和免疫屏障功能的小鼠肠道中,嗜冷杆菌属的丰度明显降低^[25],且嗜冷杆菌属在血脂异常小鼠肠道中丰度升高^[26]。在高脂饮食诱导小鼠模型中,*Lachnoclostridium* 可促进肠道炎症的发生,并与血清 TC、血清 TG、肝脏 SREBP-1c 和 FAS mRNA 表达正相关,摄入燕麦黄酮可降低 *Lachnoclostridium* 丰度^[27]。

3 结论

本文通过高通量测序研究熟化后糙米和全麦对高脂饮食诱导的大鼠肠道菌群的影响,并比较了两种全谷物对体质量、血脂指标、肝脏和结肠组织结构等方面的作用效果。结论如下:1)糙米具有降低高脂饮食诱导的大鼠体质量增加作用,并降低血清 TC 和 LDL-C 含量,缓解结肠组织炎细胞浸润。全麦具有降低大鼠血清 FFA 含量及抑

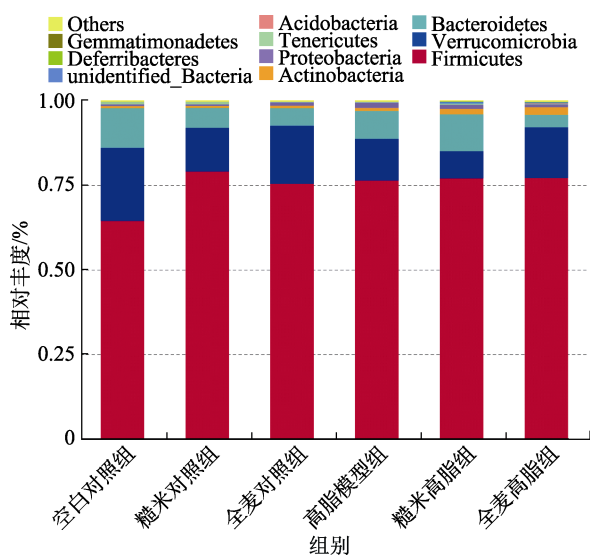


图 5 大鼠结肠菌群门水平物种组成分析柱状图
Fig.5 Analysis of colonic microbiota composition at the phylum level in rats

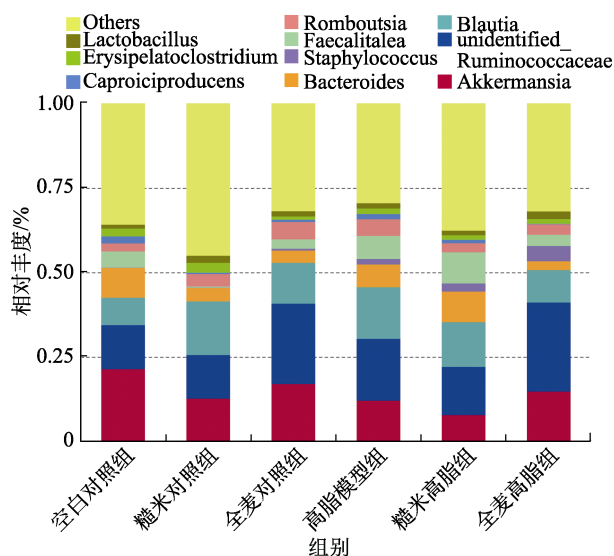


图 6 大鼠结肠菌群属水平物种组成分析柱状图
Fig.6 Analysis of colonic microbiota composition at the genus level in rats

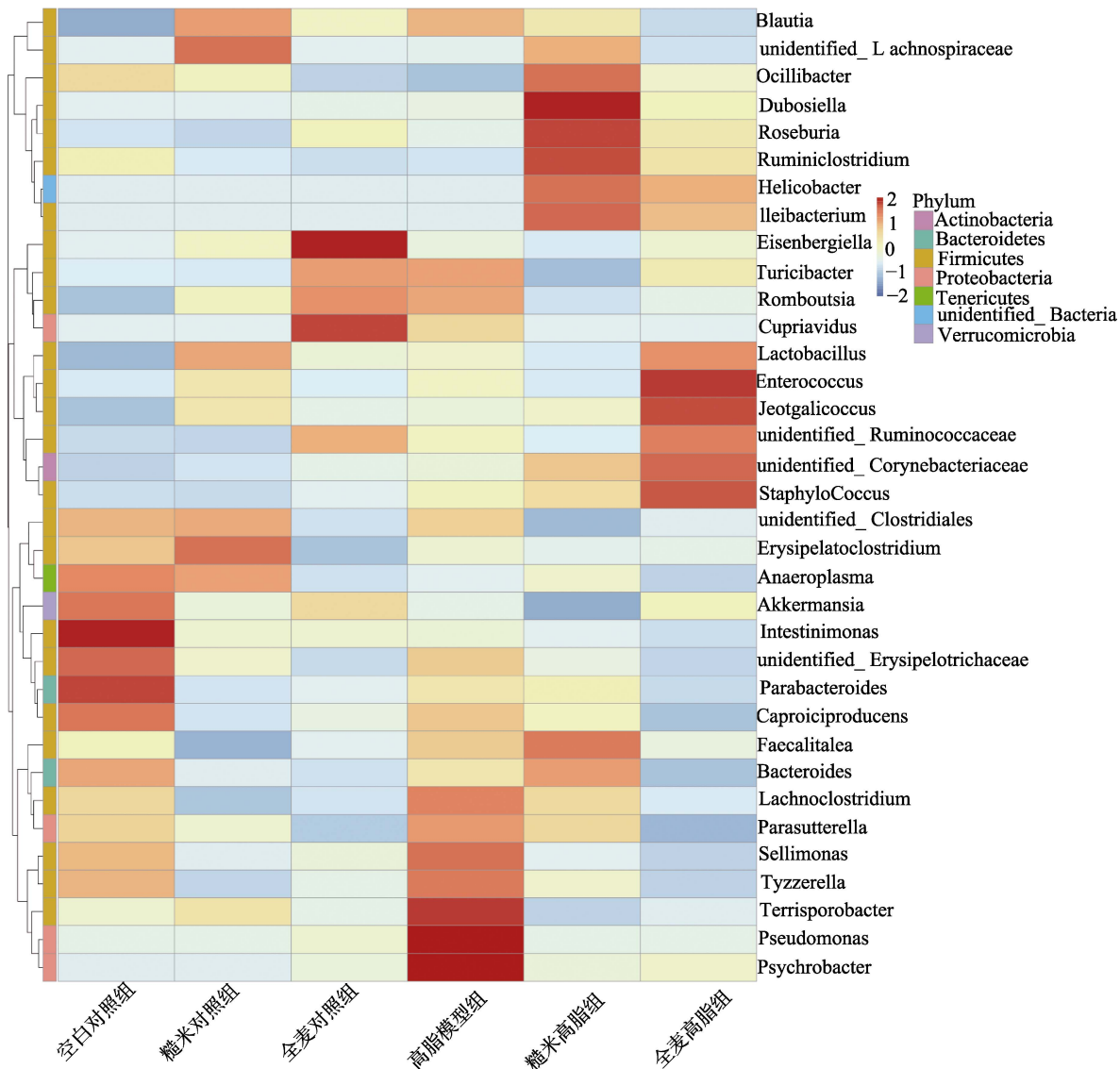


图 7 肠道菌群属水平热图

Fig.7 Heatmap of clustering analysis at the genus level

制肝脏脂质蓄积的作用。2) 在维持饲料组中, 糙米可降低结肠内 F/B 比值, 并增加布劳特氏菌属和乳杆菌属相对丰度, 全麦增加布劳特氏菌属和罗姆布茨菌属相对丰度。3) 在高脂饲料组中, 糙米和全麦抑制结肠中有害菌土孢杆菌属、假单胞菌属、嗜冷杆菌属和 *Lachnoclostridium* 相对丰度, 全麦增加乳杆菌属并抑制 *Faecalitalea* 相对丰度。本研究揭示了糙米和全麦对肠道稳态的健康调控作用, 为制定科学合理的全谷物膳食指导及开发全谷物健康食品提供理论基础。

参考文献:

[1] 中国营养学会. 中国居民膳食指南科学研究报告 (2021) [M]. 北京: 人民卫生出版社, 2022.

Chinese Nutrition Society. Scientific research report of dietary guidelines for Chinese residents (2021) [M]. BeiJing: People's Medical Publishing House, 2022.

[2] HU Y, DING M, SAMPSON L, et al. Intake of whole grain foods and risk of type 2 diabetes: results from three prospective cohort studies[J]. BMJ, 2020, 370.

[3] 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.

WANG Y, SONG G, PANG S J, et al. Effects of three kinds of coarse cereals on gut microbiota of rats explored by Illumina NovaSeq sequencing technology[J]. Food Science, 2021, 42(9): 100-106.

[4] GUO X X, ZENG Z, QIAN Y Z, et al. Wheat flour, enriched with γ -oryzanol, phytosterol, and ferulic acid, alleviates lipid and glucose metabolism in high-fat-fructose-fed rats[J]. Nutrients, 2019, 11(7): 1697.

- [5] 刘婷婷, 彭文婷, 庞邵杰, 等. 谷物花色苷功能活性与开发利用研究进展[J]. 食品工业科技, 2023, 44(1): 447-457.
LIU T T, PENG W T, PANG S J, et al. Research progress on functional activity and utilization of cereal anthocyanins[J]. Science and Technology of Food Industry, 2023, 44(1): 447-457.
- [6] ZHAO L, ZHANG F, DING X, et al. Gut bacteria selectively promoted by dietary fibers alleviate type 2 diabetes[J]. Science, 2018, 359(6380): 1151-1156.
- [7] WU N N, LI R, LI Z J, et al. Effect of germination in the form of paddy rice and brown rice on their phytic acid, GABA, γ -oryzanol, phenolics, flavonoids and antioxidant capacity[J]. Food Research International, 2022, 159: 111603.
- [8] 高岳. 糙米全谷物酚类物质降血糖活性及作用机制研究[D]. 华南理工大学, 2019.
GAO Y. Research on hypoglycemic activity and mechanism of phenolic compound in whole grain brown rice[D]. South China University of Technology. 2019.
- [9] 张超, 李丹, 张昌, 等. 黑龙江地区水稻糙米中 γ -谷维素含量和阿魏酸酯组成[J]. 食品科学, 2020, 41(20): 234-241.
ZHANG C, LI D, ZHANG C, et al. γ -oryzanol content and ferulic acid ester composition in brown rice from Heilongjiang province[J]. Food Science, 2020, 41(20): 234-241.
- [10] VAN TRIJP M P H, SCHUTTE S, ESSER D, et al. Minor changes in the composition and function of the gut microbiota during a 12-week whole grain wheat or refined wheat intervention correlate with liver fat in overweight and obese adults[J]. The Journal of Nutrition, 2021, 151(3): 491-502.
- [11] HAN F, WANG Y, HAN 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.
- [12] ZHAO R, HUANG F, LIU C, et al. Impact of germinated brown rice and brown rice on metabolism, inflammation, and gut microbiome in high fat diet-induced insulin resistant mice[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2022, 70(44): 14235-14246.
- [13] CHENG Z, QIAO D, ZHAO S, et al. Whole grain rice: updated understanding of starch digestibility and the regulation of glucose and lipid metabolism[J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2022, 21(4): 3244-3273.
- [14] GIACCO R, COSTABILE G, DELLA PEPA G, et al. A whole-grain cereal-based diet lowers postprandial plasma insulin and triglyceride levels in individuals with metabolic syndrome[J]. Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases, 2014, 24(8): 837-844.
- [15] HOEVENAARS F P M, ESSER D, SCHUTTE S, et al. Whole grain wheat consumption affects postprandial inflammatory response in a randomized controlled trial in overweight and obese adults with mild hypercholesterolemia in the graandios study[J]. The Journal of Nutrition, 2019, 149(12): 2133-2144.
- [16] PRAENGAM K, SAHASAKUL Y, KUPRADINUN P, et al. Brown rice and retrograded brown rice alleviate inflammatory response in dextran sulfate sodium (DSS)-induced colitis mice[J]. Food & Function, 2017, 8(12): 4630-4643.
- [17] WANG X, YANG Z, XU X, et al. Odd-numbered agaro-oligosaccharides alleviate type 2 diabetes mellitus and related colonic microbiota dysbiosis in mice[J]. Carbohydrate Polymers, 2020, 240: 116261.
- [18] REN G, FAN X, TENG C, et al. The beneficial effect of coarse cereals on chronic diseases through regulating gut microbiota[J]. Foods, 2021, 10(11): 2891.
- [19] HUANG Z R, DENG J C, LI Q Y, et al. Protective mechanism of common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) against nonalcoholic fatty liver disease associated with dyslipidemia in mice fed a high-fat and high-cholesterol diet[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, 68(24): 6530-6543.
- [20] GAO H, SONG R, LI Y, et al. Effects of oat fiber intervention on cognitive behavior in LDLR^{-/-} mice modeling atherosclerosis by targeting the microbiome-gut-brain axis[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, 68(49): 14480-14491.
- [21] WANG Y, QI W, GUO X, et al. Effects of oats, tartary buckwheat, and foxtail millet supplementation on lipid metabolism, oxidoinflammatory responses, gut microbiota, and colonic SCFA composition in high-fat diet fed rats[J]. Nutrients, 2022, 14(13): 2760.
- [22] RAZA G S, MAUKONEN J, MAKINEN M, et al. Hypocholesterolemic effect of the lignin-rich insoluble residue of brewer's spent grain in mice fed a high-fat diet[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(4): 1104-1114.
- [23] ZHANG J, YI C, HAN J, et al. Novel high - docosahexaenoic acid tuna oil supplementation modulates gut microbiota and alleviates obesity in high - fat diet mice[J]. Food Science & Nutrition, 2020, 8(12): 6513-6527.
- [24] YAN J, XUE Q, CHEN W, et al. Probiotic-fermented rice buckwheat alleviates high-fat diet-induced hyperlipidemia in mice by suppressing lipid accumulation and modulating gut microbiota[J]. Food Research International, 2022, 155: 111125.
- [25] GU W, WANG Y, ZENG L, et al. Polysaccharides from *Polygonatum kingianum* improve glucose and lipid metabolism in rats fed a high fat diet[J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2020, 125: 109910.
- [26] LV X C, GUO W L, LI L, et al. Polysaccharide peptides from *Ganoderma lucidum* ameliorate lipid metabolic disorders and gut microbiota dysbiosis in high-fat diet-fed rats[J]. Journal of Functional Foods, 2019, 57: 48-58.
- [27] DUAN R, GUAN X, HUANG K, et al. Flavonoids from whole-grain oat alleviated high-fat diet-induced hyperlipidemia via regulating bile acid metabolism and gut microbiota in mice[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2021, 69(27): 7629-7640. 完
- 备注: 本文的彩色图表可从本刊官网 (<http://lspkj.ijournal.cn>)、中国知网、万方、维普、超星等数据库下载获取。