



大豆乳清粉对小鼠肠道菌群及其产生短链脂肪酸的影响

韩伟, 庄绪会, 张云鹏, 陈园, 王大为, 张晓琳

(国家粮食局科学研究院, 北京 100037)

摘要:大豆乳清是制备大豆分离蛋白时产生的副产物, 带来的环境污染问题十分严重。为了利用这一废弃物资源并促进传统产业升级, 本研究进一步探索了大豆乳清的营养功能。利用喷雾干燥方法得到大豆乳清粉, 检测其蛋白质、膳食纤维、低聚糖、灰分及氨基酸组成等主要成分指标。将大豆乳清分别按 0.5%、1.0% 和 2.0% 的添加量加入小鼠饮食, 饲喂 28 d 后分析其对动物肠道菌群及其产生短链脂肪酸 (SCFAs) 的影响。结果表明: 大豆乳清粉主要成分如下: 灰分含量 20.9%, 蛋白质含量 20.1%, 低聚糖含量 9.68%, 总膳食纤维含量 5.01%, 脂肪含量 3.8%。与对照组相比, 大豆乳清粉饲喂小鼠的肠道中厚壁菌门与拟杆菌门菌群比值显著降低, 比值为 0.71 ~ 1.20; 另枝菌相对丰度增加, 毛螺菌、拟普雷沃菌、拟杆菌、普雷沃菌相对丰度降低。不同剂量大豆乳清粉饲喂小鼠的肠道中总 SCFAs 含量显著提高, 且 SCFAs 结构有明显不同。本研究结果可以为大豆乳清的高附加值利用提供理论依据和基础数据。

关键词:大豆乳清; 小鼠; 肠道菌群; 厚壁菌门; 拟杆菌门; 短链脂肪酸

Effect of Soy Whey Powder on Mice Intestinal Microbiota and Production of Short Chain Fat Acids

HAN Wei, ZHUANG Xu-hui, ZHANG Yun-peng, CHEN Yuan, WANG Da-wei, ZHANG Xiao-lin

(Academy of State Administration of Grain, Beijing 100037, China)

Abstract: Soy whey (SW) is generated as a process waste while preparing soy protein isolate (SPI), causing environmental pollution. In order to utilize this waste resource and promote the upgrading of traditional industry, this study further explores the nutritional function of SW. In this paper, Soy whey powder (SWP) was obtained by fluidized drying, whose main components (including protein, dietary fiber, oligosaccharides and ash and amino acid composition and so on) were detected. SWP was added to the diet of mice at the dosage of 0.5%, 1.0% and 2.0%, respectively. The effects of SWP on the intestinal microflora and the yields of short chain fatty acid (SCFAs) were analyzed after feeding for 4 weeks. The results showed that: In the SWP, the contents of ash, protein, oligosaccharide, total dietary fiber and fat were 20.9%, 20.1%, 9.68%, 5.01% and 3.8%, respectively. Compared with the control group, the ratio of *Firmicutes* and *Bacteroides* was significantly decreased in the feces of mice fed SWP, as 0.71-1.20. The relative abundance of *Alistipes* increased, instead that of *Lachnospira*, *Alloprevotella*, *Bacteroides* and *Prevotella* decreased. The yields of the total SCFAs were significantly promoted and the structure of SCFAs were significantly different in the feces of mice fed various doses of SWP. This study provides the theory evidence and basic data for the high value-added utilization of SW.

Keywords: Soy whey; Mice; Intestinal microflora; *Firmicutes*; *Bacteroides*; Short chain fatty acids (SCFAs)

大豆乳清 (soy whey), 是制备大豆分离蛋白 (soy protein isolate, SPI) 过程中产生的废水。在利用碱溶酸沉法生产 SPI 过程中, 大豆球蛋白 (11S) 和 β -伴大豆球蛋白 (7S) 可以通过调节 pH 至其等电点附近 (pI 4.5) 而沉淀得到 SPI, 其余废水即为大豆乳清。大豆乳清中约有 10% 的蛋白, 主要包括

2S 蛋白和 7S 蛋白残存其中^[1]。据测算, 生产 1 t 大豆分离蛋白, 会产生 30 ~ 35 m³ 的大豆乳清。大豆乳清因其高浓度的化学需要量 (COD) 和生物需氧量 (BOD), 直接排放会造成严重的水体污染。

然而, 大豆乳清具有较高的营养价值。一般含有 3.6% ~ 4.4% 的氮 (其中 50% 是蛋白氮) 和 25%

收稿日期: 2018-08-24

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金 (ZX1712)。

第一作者简介: 韩伟 (1983-), 男, 硕士, 副研究员, 主要从事粮油加工副产物中益生元的研究。E-mail: hw@chinagrains.org。

通讯作者: 张晓琳 (1975-), 女, 博士, 研究员, 主要从事微生物代谢产物与基因工程研究。E-mail: zxl@chinagrains.org。

~35%的可溶性糖,还含有低聚糖、胰蛋白酶抑制剂、异黄酮类化合物、大豆皂甙、植酸、植酸盐、酚酸等对人体有特殊保健功能的高附加值物质^[2-3]。很多研究发现,大豆乳清是多种微生物的优良培养基。Roopashri等^[4]利用大豆乳清培养酿酒酵母 MTCC 5421 和植物乳杆菌 MTCC 5422,分别评价了植酸酶活性和 α -D-半乳糖苷酶以及抗菌活性。Singh 和 Banerjee^[5]利用大豆乳清培养黑曲霉用于生产柠檬酸。Mitra 等^[6]利用大豆乳清培养乳酸乳球菌乳酸亚种,将 Nisin(细菌素)产量提高至 619 mg·L⁻¹。

人和动物的肠道寄居着超过数以千亿计的微生物,它们中的大多数参与宿主的营养利用、抗感染、免疫系统成熟和代谢等^[7-8]。短链脂肪酸(short chain fatty acids, SCFAs)是肠道细菌发酵未消化碳水化合物化合物的主要产物,是肠道菌群代谢产物中最主要的标志物之一^[9]。研究表明肠道菌群紊乱和 SCFAs 的减少相关^[10]。由于大豆乳清包含低聚糖、膳食纤维等肠道微生物的必需生长成分,本试验假设大豆乳清能为动物体内某些肠道菌群提供营养并促其产生短链脂肪酸。干燥大豆乳清制得大豆乳清粉,明确其主要营养成分的同时,探讨大豆乳清粉对小鼠肠道菌群和 SCFAs 的影响,以期对大豆加工副产物的高附加值利用提供理论依据和参考。

1 材料与方法

1.1 材料

大豆乳清,取自山东禹王集团临邑生产线。
小鼠(SPF 级 ICR 雌小鼠),购自北京鼎国昌盛生物技术有限公司。
毛细管分析柱(30 m×0.25 mm×0.25 μ m; DB-FFAP),购自美国安捷伦公司。
其余药品或试剂均为国产分析纯或色谱纯。

1.2 方法

1.2.1 大豆乳清粉的制备 使用 100 目筛网过滤大豆乳清,除去异物。80℃浓缩至固形物含量大于 10%。利用喷雾干燥方法进行干燥。干燥条件为:进风温度 120℃,出风温度 81℃,进风量 90%。
1.2.2 大豆乳清粉主要成分的检测 蛋白质,参照 GB 5009.5—2010(第一法)^[11];膳食纤维,参照 GB 5009.88—2014^[12];低聚糖,参照 GB/T 22491—2008^[13];灰分,参照 GB 5009.4—2016(第一法)^[14];脂肪,参照 GB/T 5009.6—2003(第二法)^[15];粗纤

维,参照 GB/T 5009.10—2003^[16];氨基酸,参照 GB/T 5009.124—2003^[17]。

1.2.3 动物试验 SPF 级 ICR 雌小鼠 64 只,分为 4 个组,每组 16 只。动物适应性饲养 7 d,持续饲养 28 d。对照组(Control):基础日粮;高剂量大豆乳清粉组(SWP-H):基础日粮+20 g 大豆乳清粉·kg⁻¹;中剂量大豆乳清粉组(SWP-M):基础日粮+10 g 大豆乳清粉·kg⁻¹;低剂量大豆乳清粉组(SWP-L):基础日粮+5 g 大豆乳清粉·kg⁻¹。

样品与数据收集:留取 28 d 时粪便样品,备用。
1.2.4 肠道菌群多样性分析 使用 DNA 提取试剂盒(Omega Bio-tek Inc., Norcross, GA, USA)提取粪便中细菌 DNA,并 PCR 扩增其 V3-V4 区共 467 bp 的片段。引物:338F 5'-ACTCCTACGGGAGGCAG-CAG)-3';806R 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。PCR 体系:20 μ L,4 μ L 的 5×FastPfu Buffer,2 μ L 的 2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs,1.6 μ L 引物(5 μ mol·L⁻¹),0.4 μ L 的 FastPfu 聚合酶及无菌超纯水。PCR 产物送至北京微生太科技有限公司进行高通量测序(Illumina Miseq 平台)。测序和分析方法参照参考文献^[18-22]。

1.2.5 SCFAs 分析 参照 Zubaidah 等^[23]方法并加以改进;采用气相色谱方法,检测乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸、异戊酸含量。取小鼠粪便 0.8 g,加入 1 mL 25% H₃PO₃,室温静置 1 min,加入 5 mL 丙酮,振荡 1 min,取上清液 0.35 mL,再加入 0.65 mL 丙酮,12 000 r·min⁻¹离心 5 min,取上清液,备用。使用 DB-FFAP(Agilent)毛细管柱,N₂为载气,初始炉温为 40℃,然后以 10℃·min⁻¹升至 200℃,保持 3 min,检测器温度为 270℃,进样体积 1 μ L,每个样品运行时间约 20 min。

2 结果与分析

2.1 主要营养成分分析

由图 1 可知,大豆乳清粉中包括:灰分含量为 20.9%,蛋白质含量为 20.1%,脂肪含量为 3.8%,粗纤维含量为 0.8%。低聚糖含量为 9.68%,棉籽糖和水苏糖含量分别为 1.82%和 7.86%,总膳食纤维含量为 5.01%,其中可溶性膳食纤维和不溶性膳食纤维含量分别为 4.99%和 0.02%,蛋白质中氨基酸含量为 15.86%(表 1)。以上大豆乳清粉的主要成分中,低聚糖和膳食纤维均难以被动物机体消化而直接利用,但却是肠道菌群容易利用的食物

来源^[24]。

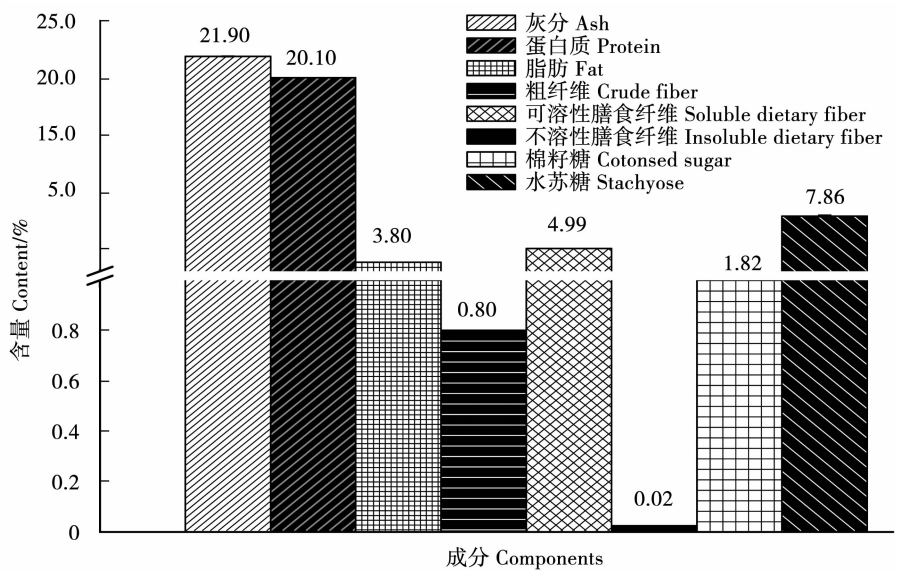


图1 大豆乳清粉的主要成分分析

Fig. 1 Analysis of the main components of the soy whey powder

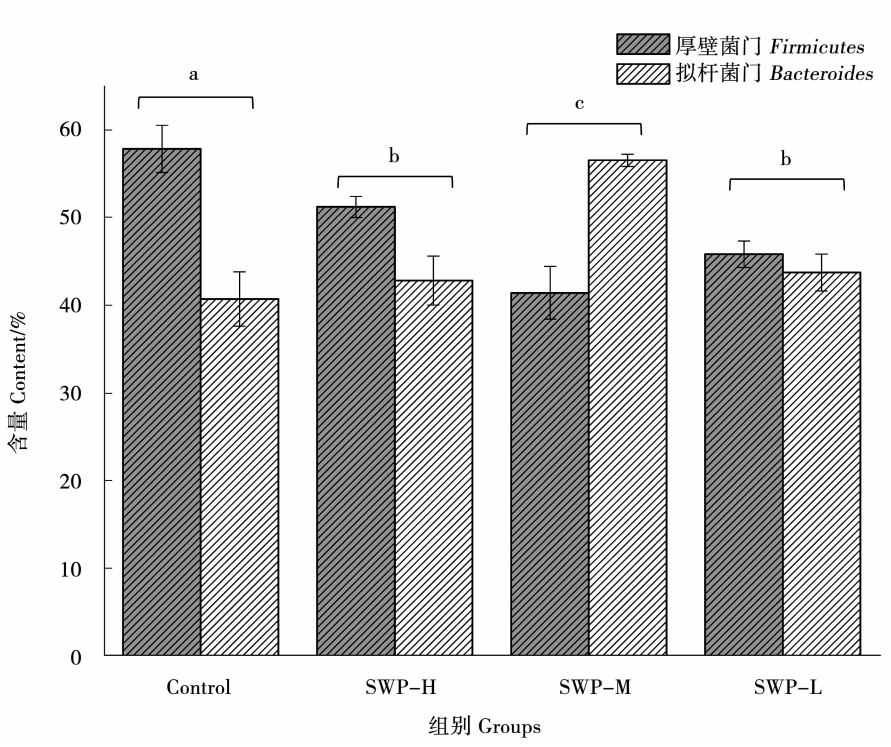
表 1 氨基酸组成与含量	
Table 1 The composition and content of amino acid of the soy whey powder	
氨基酸 Amino acid	含量 Content/%
天冬氨酸 ASP	2. 21
苏氨酸 THR	0. 71
丝氨酸 SER	0. 90
谷氨酸 GLU	3. 06
甘氨酸 GLY	0. 72
丙氨酸 ALA	0. 82
半胱氨酸 CYS	0. 80
缬氨酸 VAL	0. 37
蛋氨酸 MET	0. 32
异亮氨酸 ILE	0. 33
亮氨酸 LEU	0. 88
酪氨酸 TYR	0. 49
苯丙氨酸 PHE	0. 63
赖氨酸 LYS	1. 06
组氨酸 HIS	0. 47
精氨酸 ARG	1. 23
色氨酸 TRP	0. 18
脯氨酸 PRO	0. 70
总量 Total content/%	15. 86

2.2 大豆乳清粉对小鼠肠道菌群的影响

4 个处理组在试的粪便通过 16S rRNA 基因的高通量测序技术,分析了其中菌群的高分辨信息的定性与丰度数据(图 2 和表 2)。

由图 2 可知,在“门”分类水平上,作为肠道中 2 个最主要的“门”类菌群,不同处理组中厚壁菌门与拟杆菌门含量存在明显不同,其中,Control 组、SWP-H 组、SWP-L 组中厚壁菌门含量高于拟杆菌门,SWP-M 组的厚壁菌门含量低于拟杆菌门。不同处理组中厚壁菌门与拟杆菌门比值存在明显差异,Control 组、SWP-H 组(或 SWP-M 组)和 SWP-L 组的厚壁菌门与拟杆菌门比值均差异显著,SWP-H 组和 SWP-M 组间差异不显著,4 组比值分别为 1. 42 (57. 8% : 40. 7%)、1. 20 (51. 2% : 42. 8%)、0. 71 (41. 4% : 56. 5%) 和 1. 05 (45. 8% : 43. 7%)。

由表 2 可知,在“属”分类水平上,相比 Control 组,其它 3 组中另枝菌(*Alistipes*) 的相对丰度增加。在 Control 组中该菌群的相对丰度为 3% ,SWP-H 组、SWP-M 组和 SWP-L 组中该菌群的相对丰度分别为 13%、10%、8%。特别注意的是,SWP-M 组和 SWP-L 组中乳杆菌(*Lactobacillus*) 的相对丰度也有所提高,两组相对丰度均为 2% ,在 Control 组和 SWP-H 组中该菌群的相对丰度仅为 1%。相反,相比 Control 组,其它 3 组中毛螺菌(*Lachnospiraceae*)、拟普雷沃菌(*Alloprevotella*)、拟杆菌(*Bacteroides*)、普雷沃菌(*Prevotellaceae*) 的相对丰度降低。其中毛螺菌和普雷沃菌在 Control 组中两菌群的相对丰度为 29% 和 3% ,SWP-H 组、SWP-M 组和 SWP-L 组中两菌群的相对丰度分别为 23% 和 1%、15% 和 1%、22% 和 0%。



a、b、c 代表各组间厚壁菌门菌群含量与拟杆菌门菌群含量的比值有显著性差异 ($P < 0.05$)。
a、b、c represent the significant difference of *Firmicutes* / *Bacteroides* value among groups ($P < 0.05$).

图 2 不同处理组中厚壁菌门与拟杆菌门菌群相对丰度的比较

Fig. 2 Comparison of the relative abundance of *Firmicutes* and *Bacteroides* in different treatment groups

表 2 不同处理组肠道菌群组成(属水平)

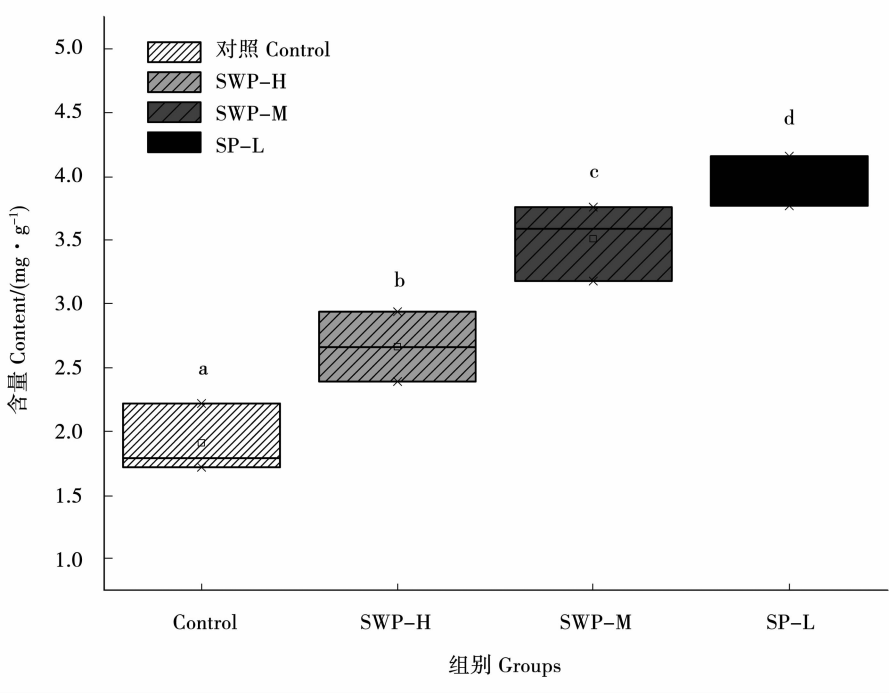
Table 2 The composition of intestinal microflora in different treatment groups(genus level)

属名称 Genus name	相对丰度 Relative abundance			
	对照 Control	SWP-H	SWP-M	SWP-L
毛螺菌 <i>Lachnospiraceae</i>	0.29	0.23	0.15	0.22
拟普雷沃菌 <i>Alloprevotella</i>	0.08	0.02	0.05	0.05
拟杆菌 <i>Bacteroides</i>	0.10	0.09	0.09	0.08
另枝菌 <i>Alistipes</i>	0.03	0.13	0.10	0.08
鞘脂杆菌 <i>Sphingobacterium</i>	0.00	0.00	0.00	0.01
克雷伯氏菌 <i>Klebsiella</i>	0.00	0.00	0.00	0.02
戴尔福特菌 <i>Delftia</i>	0.00	0.00	0.00	0.04
不动杆菌 <i>Acinetobacter</i>	0.00	0.00	0.00	0.03
螺杆菌 <i>Helicobacter</i>	0.01	0.06	0.01	0.03
普雷沃菌 <i>Prevotellaceae</i>	0.03	0.01	0.01	0.00
瘤胃芽孢杆菌 <i>Ruminiclostridium</i>	0.04	0.04	0.02	0.03
气味杆菌 <i>Odoribacter</i>	0.01	0.03	0.00	0.02
罗斯氏菌 <i>Roseburia</i>	0.01	0.02	0.02	0.01
厌氧棍状菌 <i>Anaerotruncus</i>	0.01	0.02	0.01	0.01
颤螺旋菌 <i>Oscillibacter</i>	0.01	0.01	0.01	0.01
乳杆菌 <i>Lactobacillus</i>	0.01	0.01	0.02	0.02

2.3 大豆乳清粉对肠道内 SCFAs 的影响

不同处理组小鼠肠道中总 SCFAs 产生量和 SCFAs 结构差异的结果如图 3 和 4 所示。由图 3 可知,在饲喂大豆乳清粉 28 d 后,小鼠肠道中总 SC-

FAs 含量显著提高 0.25 ~ 1 倍($P < 0.05$),SCFAs 含量顺序为:SWP-L 组 > SWP-M 组 > SWP-H 组 > Control 组,各组中 SCFAs 平均含量分别为 4.0,3.6,2.7 和 1.6 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。



a、b、c、d 代表各组间数据有显著性差异($P < 0.05$)。下同。
a,b,c,d represent the significant difference among groups($P < 0.05$). The same below.

图 3 不同处理组的总 SCFAs 含量对比分析

Fig. 3 The comparative analysis of total SCFAs content in different treatment groups

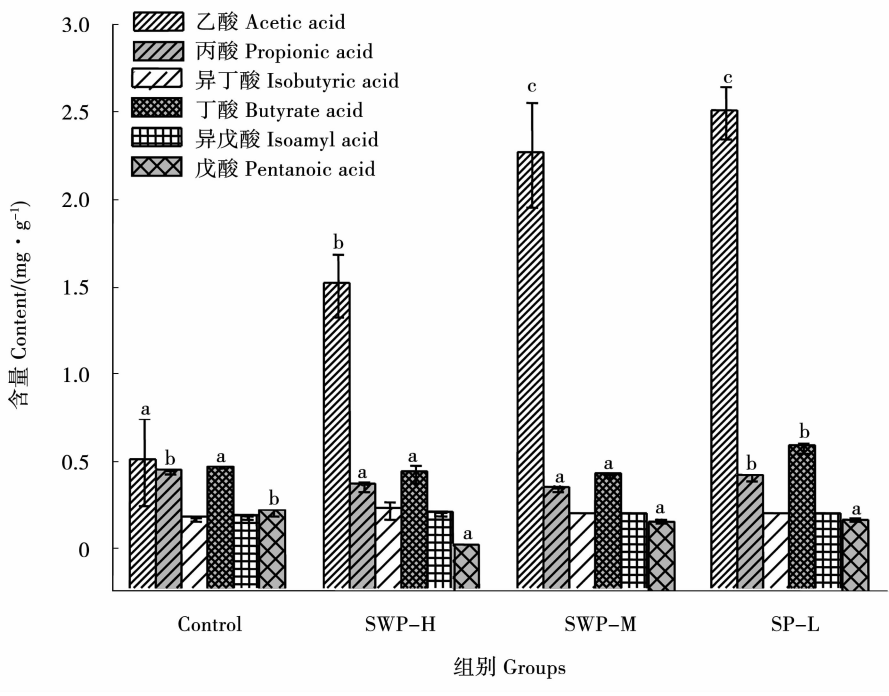


图 4 不同处理组 SCFAs 结构分析

Fig. 4 The comparative analysis of SCFAs structure in different treatment groups

另一方面,不同处理组样品的 SCFAs 结构也存在明显差异(图 4)。相比对照组,其它 3 组的乙酸

含量显著增加($P < 0.05$),戊酸含量显著减少($P < 0.05$),而异丁酸和异戊酸无显著差异($P > 0.05$)。

SWP-M 组和 SWP-L 组的乙酸含量显著高于 SWP-H 组和对照组 ($P < 0.05$); 对照组、SWP-H 组、SWP-M 组和 SWP-L 组中乙酸的平均含量分别为 0.49, 1.50, 2.25 和 2.49 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。对照组和 SWP-L 组的丙酸含量显著高于 SWP-H 组和 SWP-M 组 ($P < 0.05$); 对照组、SWP-H 组、SWP-M 组和 SWP-L 组中丙酸的平均含量分别为 0.43, 0.35, 0.33 和 0.40 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。SWP-L 组的丁酸含量显著高于其它各组 ($P < 0.05$); 对照组、SWP-H 组、SWP-M 组和 SWP-L 组中丁酸的平均含量分别为 0.45, 0.42, 0.41 和 0.57 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。

3 讨 论

目前,大豆乳清多作为“废水”处理,造成环境污染同时又给企业增加成本。而相关研究表明大豆乳清中含有丰富的营养物质,刘国庆等^[3]报道大豆乳清中大豆乳清蛋白含量为 0.1% ~ 2.0%、低聚糖含量为 0.7% ~ 1.5%。李建政等^[25]研究表明:大豆乳清中油脂含量约为 1 700 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、蛋白质含量为 3 800 ~ 4 000 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、总糖含量为 7 000 ~ 20 000 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、总氮含量为 800 ~ 1 700 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 、总磷含量为 100 ~ 200 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 。本试验检测了大豆乳清粉中主要成分,包括:灰分含量为 20.9%,蛋白质含量为 20.1%,低聚糖含量为 9.68%,总膳食纤维含量为 5.01%,脂肪含量为 3.8%。由于本试验中大豆乳清粉为大豆乳清脱去 80% ~ 92% 的水分、干燥而得,故蛋白质、低聚糖、脂肪等成分检测结果与前述文献报道结果基本一致。如果将这些营养物质回收利用,则可以达到变废为宝的目的,既能解决废水污染的问题,又可以获得可观的经济效益。

很多研究已证明,饮食影响肠道菌群的组成^[26]。多项研究也表明,厚壁菌门与拟杆菌门菌群的比值与宿主肥胖存在相关性;食源性肥胖宿主的肠道中,厚壁菌门菌群增加、拟杆菌门菌群减少,而健康宿主的厚壁菌门与拟杆菌门菌群的比值较前者明显降低^[27-28]。由此可见,如果通过饮食调节肠道菌群,降低厚壁菌门与拟杆菌门菌群的比值,可能会降低食源性肥胖的发生概率。本试验中,与对照组相比,饲喂大豆乳清粉的小鼠肠道中厚壁菌门与拟杆菌门菌群比值均显著降低,尤以 1% 的大豆乳清粉摄入量效果最好。此外,本试验结果同样表明,饲喂基础日粮小鼠的肠道菌群更多地集中于毛螺菌、拟普雷沃菌、拟杆菌等属(占比 47%);而饲喂大豆乳清粉的小鼠肠道中菌群则更加分散,且菌群分布有较大改变,如另枝菌相对丰度增加,毛螺菌、拟普雷沃菌、拟杆菌、普雷沃菌相对丰度降低。乳

杆菌是动物肠道内原著菌群和常用益生菌。本试验中,0.5% 和 1.0% 的大豆乳清粉剂量的饲喂组中乳杆菌的相对丰度也有所提高。大豆乳清粉的摄入,很有可能降低动物的食源性肥胖风险,并增加机体肠道菌群多样性。

此外,SCFAs 在调节肠道和外周组织中 T 细胞方面具有直接作用,并能加速抗炎性 TREG 细胞的分化^[29]。Karppinen^[30]研究表明,乙酸和丙酸对细胞提供能量有重要作用,而丁酸可以再生肠粘膜细胞。通过本试验结果可见,在饲喂大豆乳清粉 28 d 后,小鼠肠道中总 SCFAs 含量显著提高 0.25 ~ 1 倍,2.0%、1.0% 和 0.5% 的大豆乳清粉摄入量所对应的总 SCFAs 含量是递增的,且 SCFAs 结构也存在明显差异。相比对照组,0.5% ~ 2.0% 剂量的饲喂组中乙酸含量显著增加;0.5% 剂量的饲喂组中乙酸、丙酸、丁酸含量显著高于或不低于其它各组。由此可见,大豆乳清粉的摄入,在改变动物肠道菌群结构的同时,也影响着菌群的代谢,而趋向有利于短链脂肪酸生成的方向。而且摄入量的变化也直接影响肠道内短链脂肪酸的产量和结构。

4 结 论

大豆乳清粉富含多种营养成分,灰分含量为 20.9%,蛋白质含量为 20.1%,脂肪含量为 3.8%,粗纤维含量为 0.8%。低聚糖含量为 9.68%,棉籽糖和水苏糖含量分别为 1.82% 与 7.86%,总膳食纤维含量为 5.01%。按照 0.5% ~ 2.0% 的大豆乳清粉摄入量饲喂小鼠,厚壁菌门与拟杆菌门菌群比值显著降低,拟杆菌、瘤胃菌、另枝菌的相对丰度增加,与之相反,毛螺菌、普雷沃菌的相对丰度降低。同时,肠道中总 SCFAs 含量显著提高 0.25 ~ 1 倍,且乙酸含量显著增加。本试验结果表明,就小鼠肠道菌群和肠内 SCFAs 代谢影响而言,0.5% ~ 1.0% 的大豆乳清粉为最适宜的摄入量。

综上所述,动物宿主摄入一定比例的大豆乳清粉,将显著地影响其肠道菌群和肠内 SCFAs 代谢。同时,本研究为大豆乳清的高附加值利用提供了理论依据和基础数据。

参考文献

- [1] 李兴飞. 豆乳清蛋白与多糖的复合作用以及蛋白质组分的选择性提取[D]. 无锡: 江南大学, 2016. (Li X F. Soybean whey proteins-polysaccharide complexation and the selective extraction of proteins[D]. Wuxi: Jiangnan University, 2106.)
- [2] Liu W, Zhang H X, Wu Z L, et al. Recovery of isoflavone aglycones from soy whey wastewater using foam fractionation and acidic hydrolysis[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2013,

- 61(30): 7366-7372.
- [3] 刘国庆,王占生. 从大豆乳清废水中回收生理活性物质的研究现状与发展前景[J]. 食品研究与开发, 2001, 22(S1): 3-7. (Liu G Q, Wang Z S. Research status and development prospect of recovering physiological active substances from soybean whey wastewater[J]. Food Research and Development, 2001, 22(S1): 3-7.)
- [4] Roopashri A N, Varadaraj M C. Soy whey based medium for optimized phytase activity in *Saccharomyces cerevisiae* MTCC 5421 and α -D-galactosidase and antibacterial activities in *Lactobacillus plantarum* MTCC 5422 by response surface methodology[J]. Journal of Food Science Technology, 2014, 51(3): 519-526.
- [5] Singh A, Banerjee R. Peptide enriched functional food adjunct from soy whey: A statistical optimization study[J]. Food Science Biotechnology, 2013, 22(S): 65-71.
- [6] Mitra D, Pometto A L, Khanal S K, et al. Value-added production of nisin from soy whey[J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2010, 162: 1819-1833.
- [7] Belkaid Y, Hand T W. Role of the microbiota in immunity and inflammation[J]. Cell, 2014, 157: 121-141.
- [8] Brestoff J R, Artis D. Commensal bacteria at the interface of host metabolism and the immune system[J]. Nature Immunology, 2013, 14: 676-684.
- [9] 王玉蕾,郑跃杰. 肠道中短链脂肪酸与过敏性疾病关系的研究进展[J]. 中国微生物学杂志, 2013, 25(1): 104-108. (Wang Y L, Zheng Y J. Research progress on the relationship between short chain fatty acids in the intestine and allergic diseases[J]. Chinese Journal of Microecology, 2013, 25(1): 104-108.)
- [10] Zhao Y, Wu J, Li J V, et al. Gut microbiota composition modifies fecal metabolic profiles in mice[J]. Journal of Proteome Research, 2013, 12(6): 2987-2999.
- [11] 国家卫生部. 食品中蛋白质的测定: GB 5009.5-2010[S]. 北京: 中国标准出版社, 2010: 1-12. (Ministry of Health. Determination of protein in foods: GB 5009.5-2010[S]. Beijing: China Standards Press, 2010: 1-12.)
- [12] 国家生育和计划委员会. 食品中膳食纤维的测定: GB 5009.88-2014[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016: 1-12. (The National Family Planning Commission of the People's Republic of China. Determination of dietary fiber in foods: GB 5009.88-2014[S]. Beijing: China Standards Press, 2016: 1-12.)
- [13] 国家质量监督检验检疫总局. 大豆低聚糖: GB/T 22491-2008[S]. 北京: 国家标准化管理委员会, 2008: 1-12. (State Administration for Quality Supervision and Inspection and Quarantine. Soybean oligosaccharide: GB/T 22491-2008[S]. Beijing: Standardization Administration of China, 2008: 1-12.)
- [14] 国家生育和计划委员会. 食品中灰分的测定: GB 5009.4-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016: 1-12. (The National Family Planning Commission of the People's Republic of China. Determination of ash in foods: GB 5009.4-2016[S]. Beijing: China Standards Press, 2016: 1-12.)
- [15] 国家卫生部. 食品中脂肪的测定: GB/T 5009.6-2003[S]. 北京: 中国标准出版社, 2003: 1-8. (Ministry of Health. Determination of fat in foods: GB/T 5009.6-2003[S]. Beijing: China Standards Press, 2003: 1-8.)
- [16] 国家卫生部. 植物类食品中粗纤维的测定: GB/T 5009.10-2003[S]. 北京: 中国标准出版社, 2003: 1-8. (Ministry of Health. Determination of crude fibers in plant foods: GB/T 5009.6-2003[S]. Beijing: China Standards Press, 2003: 1-8.)
- [17] 国家卫生部. 食品中氨基酸的测定: GB/T 5009.124-2003[S]. 北京: 中国标准出版社, 2003: 1-8. (Ministry of Health. Determination of amino acids in foods: GB/T 5009.124-2003[S]. Beijing: China Standards Press, 2003: 1-8.)
- [18] Amato K R, Yeoman C J, Kent A, et al. Habitat degradation impacts black howler monkey (*Alouattapigra*) gastrointestinal microbiomes[J]. International Society for Microbial Ecology, 2013, 16: 1344-1353.
- [19] Fouts D E, Szpakowski S, Purushe J, et al. Next generation sequencing to define prokaryotic and fungal diversity in the bovine rumen[J]. PLoS One, 2012, 7(11): e48289.
- [20] Lisa O, Christin Z, Stefan L, et al. The ignored diversity: Complex bacterial communities in intensive care units revealed by 16S pyrosequencing[J]. Scientific Reports, 2013, 3: 1413.
- [21] Scott T B, Jose C C, Gilberto E F, et al. Global biogeography of highly diverse protistan communities in soil[J]. International Society for Microbial Ecology, 2013, 7: 652-659.
- [22] Srinivasan S, Hoffman N G, Morgan M T, et al. Bacterial communities in women with bacterial vaginosis: High resolution phylogenetic analyses reveal relationships of microbiota to clinical criteria[J]. PLoS One, 2012, 7(6): e37818.
- [23] Zubaidah E, Nurcholis M, Wulan S N. Comparative study on synbiotic effect of fermented rice bran by probiotic lactic acid bacteria *Lactobacillus casei* and newly isolated *Lactobacillus plantarum* B2 in wistar rats[J]. Apcbee Procedia, 2012, 2: 170-177.
- [24] Guarner F, Sanders M E, Eliakim R, et al. World gastroenterology organisation global guidelines--probiotics and prebiotics[J]. World Gastroenterology Organisation, 2017, 1-36.
- [25] 李建政,张平,鲍立新,等. 大豆乳清废水发酵生产单细胞蛋白的酵母[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2009, 41(2): 48-52. (Li J Z, Zhang P, Bao L X, et al. Yeasts for single cell protein production by soybean whey fermentation[J]. Journal of Harbin Institute of Technology, 2009, 41(2): 48-52.)
- [26] Jumpertz R, Le D S, Turnbaugh P J, et al. Energy-balance studies reveal associations between gut microbes, caloric load and nutrient absorption in humans[J]. American Journal of Clinical Nutrition, 2011, 94: 58-65.
- [27] Turnbaugh P J, Ley R E, Mahowald M A, et al. An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest[J]. Nature, 2006, 444(7122): 1027-1031.
- [28] Ley R E, Turnbaugh P J, Klein S, et al. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity[J]. Nature, 2006, 444(7122): 1022-1023.
- [29] Canfora E E, Jocken J W, Blaak E E. Short-chain fatty acids in control of body weight and insulin sensitivity[J]. Nature Reviews Endocrinology, 2015, 11(10): 577-591.
- [30] Karppinen S. Dietary fiber component of rye bran and the fermentation in vitro[D]. Helsinki: Biotech Faculty of Science University of Helsinki, 2003.