

“参芪冬润”固体饮料对小鼠肠道微生态的影响研究

温丹阳, 张琦斌, 刘亚环, 夏明*

浙江中医药大学药学院, 浙江 杭州

收稿日期: 2026年3月26日; 录用日期: 2026年6月18日; 发布日期: 2026年6月29日

摘要

目的: 探索“参芪冬润”固体饮料(元气四宝茶)对小鼠肠道微生态的影响, 探索其对生理功能的调节机理。方法: 40只BALB/c小鼠随机地划分成了对照组、低、中、高三个剂量组, 随后进行连续30天的灌胃, 解剖后采集盲肠内容物进行16S rDNA测序。结果: 该饮料未显著改变肠道菌群的 α 或 β 多样性。但在门水平上, 芽孢杆菌门的相对丰度增加, 而弯曲菌门和假单胞菌门的丰度下降。在属水平上, 乳杆菌属和毛螺菌科等潜在益生菌的丰度特征性上升, 而螺杆菌属等机会致病菌的丰度下降。中剂量组(1.25 g/kg·d)的效果最为显著。结论: “参芪冬润”固体饮料的安全性较好, 具备调节肠道菌群结构、增加益生菌丰度的能力, 其作用机制可能与其含有的多糖成分作为益生元和促进SCFAs产生增加有关。

关键词

肠道菌群, 生物多样性, 参芪冬润, 16S rDNA, 肠道微生态

Study on the Impact of “Shenqi Dongrun” Solid Beverage on Intestinal Microecology in Mice

Danyang Wen, Qibin Zhang, Yahuan Liu, Ming Xia*

College of Pharmacy, Zhejiang Chinese Medical University, Hangzhou Zhejiang

Received: March 26, 2026; accepted: June 18, 2026; published: June 29, 2026

Abstract

Objective: To investigate the effects of “Shenqi Dongrun” solid beverage (Yuanqi Sibao Tea) on

*通讯作者。

文章引用: 温丹阳, 张琦斌, 刘亚环, 夏明. “参芪冬润”固体饮料对小鼠肠道微生态的影响研究[J]. 微生物前沿, 2026, 15(2): 104-113. DOI: 10.12677/amb.2026.152011

intestinal microecology of mice and explore its regulatory mechanisms on physiological functions. Methods: Forty BALB/c mice were randomly divided into a control group and low-, medium-, and high-dose groups. After 30 consecutive days of intragastric administration, cecal contents were collected for 16S rDNA sequencing. Results: The beverage did not significantly alter the α - or β -diversity of the gut microbiota. However, at the phylum level, the relative abundance of Firmicutes increased, while the abundances of *Campylobacterota* and *Pseudomonadota* decreased. At the genus level, the abundances of potential probiotics such as *Lactobacillus* and *Lachnospiraceae* characteristically increased, whereas the abundance of opportunistic pathogens such as *Helicobacter* decreased. The medium-dose group (1.25 g/kg·d) exhibited the most pronounced effects. Conclusion: The “Shenqi Dongrun” solid beverage was well-tolerated and capable of modulating gut microbiota structure and increasing probiotic abundance, potentially through its polysaccharide components acting as prebiotics and promoting SCFA production.

Keywords

Gut Microbiota, Biodiversity, Shenqi Dongrun, 16S rDNA, Intestinal Microecology

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

“元气四宝茶”并非出自中医古籍，而是近年来兴起的一种复方茶饮，其配方通常由人参、黄芪、麦冬、西洋参四味药材组成，具有“补气益元”的传统功效认知。然而，目前市售产品多以 GH/T 1091-2014《代用茶》为商品形态标准，各生产企业在原料选择、配伍比例上缺乏统一规范，导致产品质量参差不齐，难以保证功效的稳定性和可重复性，导致对“元气四宝茶”茶发挥生理功效的物质基础、内在机理，还缺少系统的科学解释。

“参芪冬润”是由“元气四宝茶”衍生出的一种固体饮料，它的配方经由中医专家依据传统理论设计提出，组成有严格的配比，并经标准化工艺生产制备，质量可控，各活性成分含量稳定，可作为评估“元气四宝茶”功效的标准化载体。

“参芪冬润”固体饮料含有多种生物活性成分，如人参皂苷、黄芪多糖、黄芪甲苷、麦冬皂苷、麦冬多糖、西洋参多糖等。现代药理学研究表明，这些活性成分被口服后，通过与肠道微生物的相互作用影响健康[1]-[4]。据此推测，“元气四宝茶”的“补气”、整体调理作用，可能是源于其多种活性成分协同调节改善肠道微生态环境，进而通过“肠-X轴”等途径对宿主生理状态造成影响。本研究拟从肠道生物多样性的角度，初步探究该复方对小鼠肠道微生态的影响，以此为解析其潜在作用机制提供新的实验依据。

2. 材料与方法

2.1. 材料

SPF级 BALB/c 近交系白化实验室小鼠，6~8 周龄，体重 18~22 克，由上海 BK 公司供应。浙江中医药大学动物实验研究中心伦理审查委员会的审批编号 IACUC-20251103-10。“参芪冬润”固体饮料，浙江禾兮中药材股份有限公司生产；生物多样性检测 FastPure Stool DNA Isolation Kit (MJYH, Shanghai, China); FastPfu Polymerase, 北京全式金生物技术有限公司; T100 ThermalCycler, 美国 BIO-RAD 公司; NanoDrop2000, 美国 ThermoScientific 公司; JY600C 双稳定时电泳仪, 北京君意东方电泳设备有限公司。

2.2. 方法

2.2.1. 动物实验

清洁级雌性 BALB/c 小鼠 40 只, 随机分为 4 组, 每组 10 只, 分别为空白对照组、“参芪冬润”低、中、高 3 个剂量实验组。小鼠均在浙江中医药大学动物实验研究中心进行饲养, 饲养环境设定为温度 $22^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$, 湿度 $50\% \pm 10\%$, 12 小时光暗循环环境。饲养期间, 按照表 1 的方案, 连续灌胃 30 d, 期间小鼠自由活动取食, 定期观察体重、摄食量、精神状态等指标。

Table 1. Animal grouping and gavage protocol

表 1. 动物分组和灌胃方案

组别	灌胃剂量	灌胃量(mL)	灌胃液
空白对照组 con	0	0.2	蒸馏水
低剂量组 L	0.625 g/kg-d	0.2	低剂量“参芪冬润”
中剂量组 M	1.25 g/kg-d	0.2	中剂量“参芪冬润”
高剂量组 H	3.75 g/kg-d	0.2	高剂量“参芪冬润”

依照 2025 年版《中华人民共和国药典》¹对各食药物质用法与用量的要求, “参芪冬润”固体饮料的正常摄入量为 0.125 g/kg-d , 考虑小鼠与人代谢速率的差异, 以人体正常摄入量的 5 倍、10 倍、30 倍, 设置三个剂量组, 各实验剂量都处于毒理学评价确定的安全剂量范围以内。

2.2.2. 生物多样性分析

在末次灌胃 24 小时后, 所有小鼠均采用颈椎脱臼法处死。解剖后取出盲肠, 纵向剪开肠壁后迅速用无菌药勺刮取盲肠内容物, 转移到预先标记好的无菌冻存管中。随后把冻存管投入液氮中速冻, 最后将所有样本转移到 -80°C 的超低温冰箱保存, 供后续实验分析。

依照 FastPure Stool DNA Isolation Kit 的操作规程, 抽提各组小鼠的粪便样本中的微生物 DNA, 使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 的完整性, 采用 NanoDrop2000 测定 DNA 浓度和纯度。

以上述提取的 DNA 为模板, 运用携带 Barcode 序列的上游引物 338F (5'ACTCCTACGGGAGGCAG-CAG3')和下游引物 806R (5'GGACTACHVGGGTWTCTAAT3') [5], PCR 扩增区域为 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区。将同一样本的 PCR 产物混合后利用 2% 琼脂糖凝胶电泳来检测条带片段的大小, 再对回收产物进行检测定量工作, 对纯化后的 PCR 产物进行建库。测序采用 Illumina 公司的 NextSeq2000PE300 平台, 原始数据上传至 NCBI SRA 数据库。

使用 fastp [6] (v0.19.6)对双端原始测序数据进行质控: 过滤尾部质量值低于 20 的碱基, 设置 50 bp 窗口, 窗口平均质量值低于 20 则截去后端序列, 去除质控后长度低于 50 bp 及含 N 碱基的 reads。使用 FLASH [7] (v1.2.11)拼接 reads, 最小 overlap 为 10 bp, 最大错配比率为 0.2, 并根据 barcode (错配数 0)和引物(错配数 2)区分样品、调整序列方向。采用 Qiime2 流程[8]中的插件降噪获得 ASVs, 将所有样本抽平至 20,000 条序列(Good's coverage 99.09%)。基于 Silva 16S rRNA 数据库(v138.2), 进行物种注释并进行功能预测分析。

所有的数据分析均在美吉生物云平台(<https://cloud.majorbio.com>)上进行, 计算 Alpha 多样性指数, 并采用 Wilcoxon 秩和检验进行 Alpha 多样性的组间差异分析; 借助基于 braycurtis 距离算法的 PCoA 分析来检验样本间微生物群落结构的相似程度; 用 LEfSe 分析[9] (<http://huttenhower.sph.harvard.edu/LEfSe>)

¹https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/202503/content_7015682.htm

(LDA > 2, P < 0.05)确定不同组间从门到属水平丰度显著差异的细菌类群。

3. 结果

3.1. 对 Alpha 多样性的影响

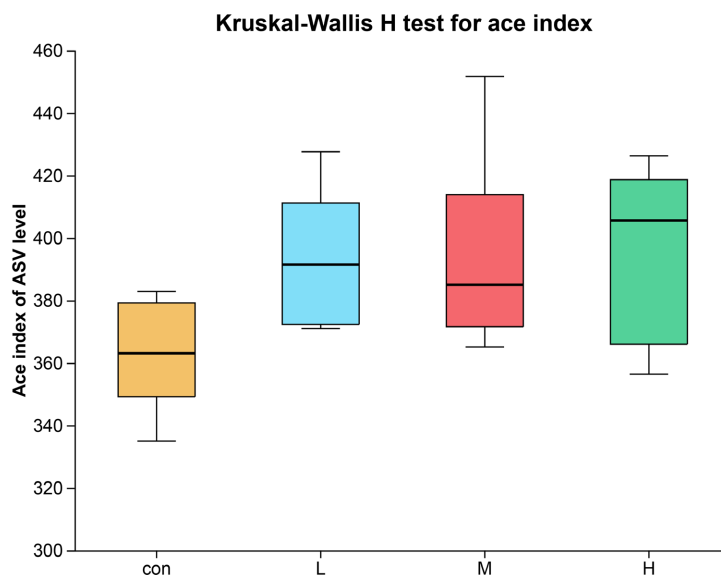
Alpha 多样性分析主要通过多个多样性指数来评估临床样本中微生物群落的丰富度和多样性等信息, 并通过组间差异检验探究如对照组和各实验组之间 Alpha 多样性指数的差异。包括丰富度指数 (Chao1/ACE 指数)、多样性指数(Simpson/Shannon 指数)等[10]。其中 Ace 指数和 Chao 指数反映的是微生物的丰富度, 当 Chao 指数和 Ace 指数的数值越大, 表明肠道微生物的丰富度越高; 而 Shannon 指数和 Simpson 指数反映的是肠道菌群的微生物群落的多样性, Shannon 值越大, Simpson 的值越小, 说明有越高的微生物的多样性[11]。本研究基于 ASV 集的构建对样品进行了多样性分析, 多组比较采用 One-way ANOVA 单因素方差分析, FDR 进行检验矫正。

如图 1、图 2 和表 2 所示, 在 ASV 水平“参芪冬润”各实验组 Ace 和 Chao 指数与对照组均 $P \geq 0.1$, 无统计学差异, 且低、中、高剂量实验组之间均 $P \geq 0.1$, 也无统计学差异, 但实验各组 Ace 指数和 Chao 指数均值较对照组有上升趋势, 其中以高剂量组指数上升较明显。说明参芪冬润的安全性好, 并未大幅改变小鼠肠道菌群生物多样性, 但是伴随使用剂量的增大, 且其肠道菌群的生物多样性在增加。

Table 2. Results of inter-group difference tests for Ace index and Chao index

表 2. Ace 指数和 Chao 指数组间差异检验结果表

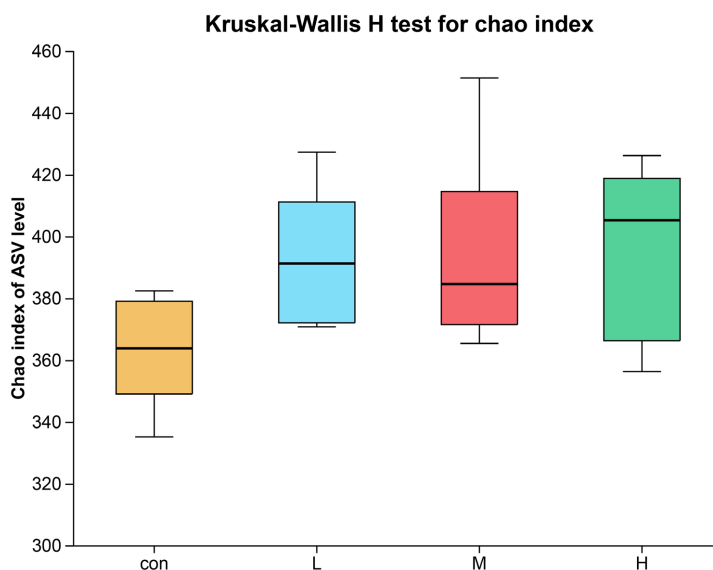
estimators	con-mean	L-mean	M-mean	H-mean	P_value	P_value (H-con)	P_value (L-con)	P_value (M-con)	P_value (H-M)	P_value (H-L)	P_value (L-M)
Ace	362.06326	394.16515	395.36514	393.92621	0.1531	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1
Chao	362.16931	393.93382	395.2937	393.93915	0.1737	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1



对有显著性差异的两组标记 $0.01 < P \leq 0.05$ 标记为*, $0.001 < P \leq 0.01$ 标记为**, $P \leq 0.001$ 标记为***, $n = 10$ 。

Figure 1. Effect of “Shenqi Dongrun” on Ace index

图 1. “参芪冬润”对 Ace 指数的影响

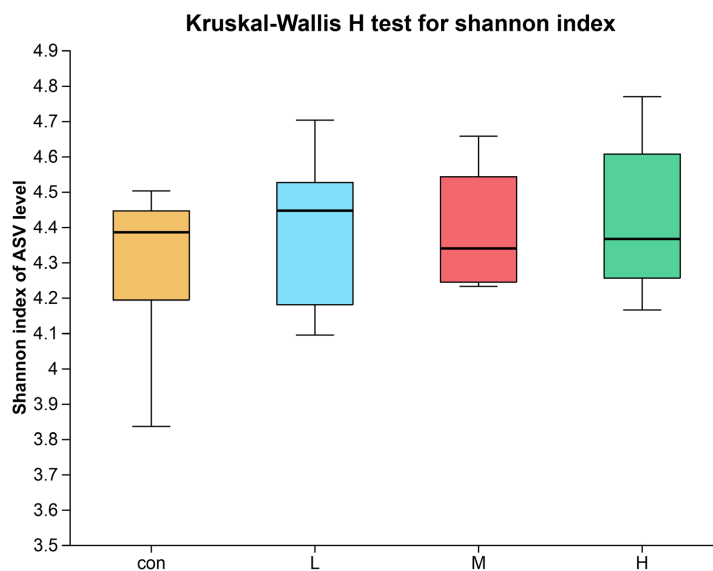


对有显著性差异的两组标记 $0.01 < P \leq 0.05$ 标记为*, $0.001 < P \leq 0.01$ 标记为**, $P \leq 0.001$ 标记为***, $n = 10$ 。

Figure 2. Effect of “Shenqi Dongrun” on Chao index

图 2. “参芪冬润”对 Chao 指数的影响

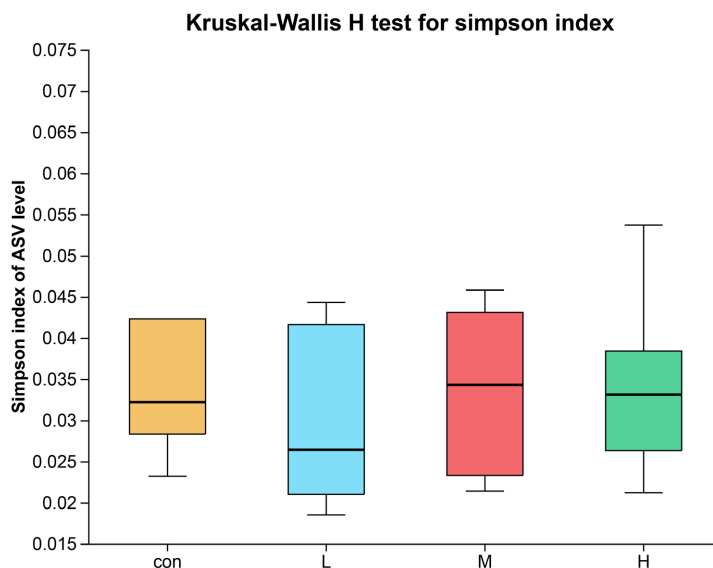
如图 3、图 4 和表 3 所示, 在 ASV 水平“参芪冬润”各实验组 Shannon 和 Simpson 指数与对照组均 $P \geq 0.1$, 无统计学差异, 且低、中、高剂量实验组之间均 $P \geq 0.1$, 也无统计学差异, 然而与对照组相比较, 各实验组的 Shannon 指数均值有微小波动, 即随剂量升高而略微升高; Simpson 指数均值低剂量组较对照组略有下降, 中、高剂量组较对照组略有上升。以上结果说明“参芪冬润”对影响小鼠肠道菌群生物多样性影响较小, 与 Ace 指数和 Chao 指数检测的结论是一致的。



对有显著性差异的两组标记 $0.01 < P \leq 0.05$ 标记为*, $0.001 < P \leq 0.01$ 标记为**, $P \leq 0.001$ 标记为***, $n = 10$ 。

Figure 3. Effect of “Shenqi Dongrun” on Shannon index

图 3. “参芪冬润”对 Shannon 指数的影响



对有显著性差异的两组标记 $0.01 < P \leq 0.05$ 标记为*, $0.001 < P \leq 0.01$ 标记为**, $P \leq 0.001$ 标记为***, $n = 10$ 。

Figure 4. Effect of “Shenqi Dongrun” on Simpson index
图 4. “参芪冬润”对 Simpson 指数的影响

Table 3. Results of inter-group difference tests for Shannon and Simpson indices
表 3. Shannon 和 Simpson 指数组间差异检验结果表

estimators	con-mean	L-mean	M-mean	H-mean	P_value	P_value (H-con)	P_value (L-con)	P_value (M-con)	P_value (H-M)	P_value (H-L)	P_value (L-M)
Shannon	4.2908	4.399	4.39204	4.43171	0.8664	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1
Simpson	0.03774	0.02971	0.03371	0.03393	0.7328	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1	≥ 0.1

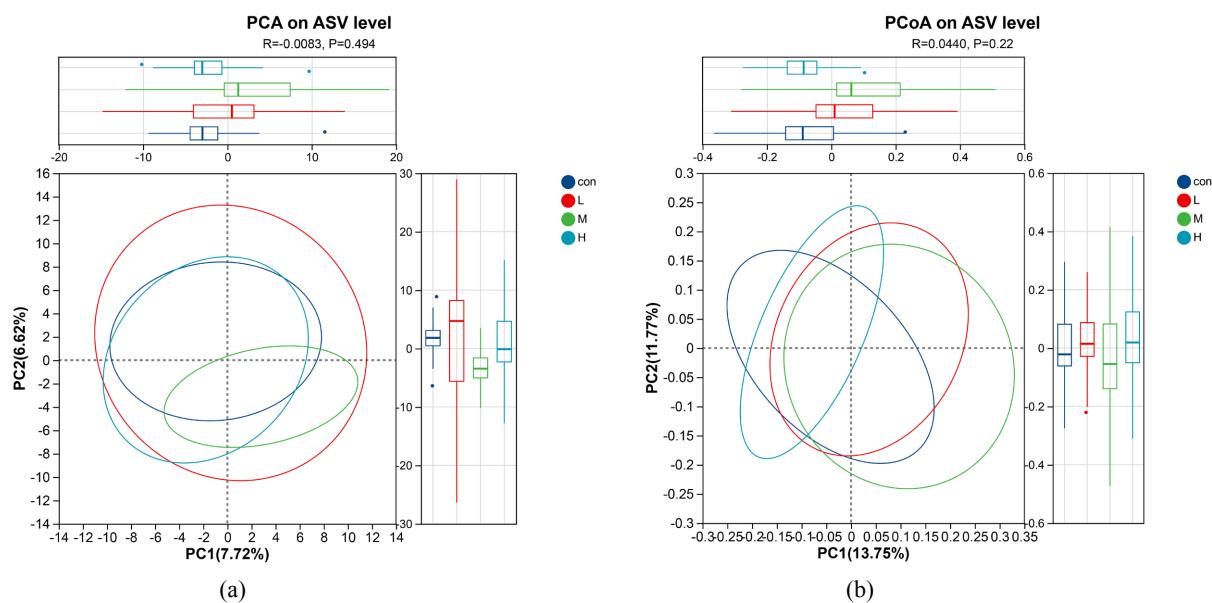


Figure 5. Effect of “Shenqi Dongrun” on Beta diversity ((a) PCA statistical analysis plot; (b) PCoA statistical analysis plot, $n = 10$ per group)
图 5. “参芪冬润”对 Bate 多样性的影响((a) PCA 统计分析图; (b) PCoA 统计分析图, 每组 $n = 10$)

3.2. 对 Beta 多样性的影响

Bate 多样性分析主要是反映不同生态系统或群落物种组成的相似性或差异性。本研究采用 PCA 分析和 PCoA 分析, 同时进行 ANOSIM 组间差异检验, ANOSIM 中展示的 R 值越接近 1 表示组间差异越大于组内差异, R 值越小则表示组间和组内无显著差异。

如图 5 所示, 对照组和低、中、高剂量实验组在主成分分析(PCA) (图 5(a))或主坐标分析(PCoA) (图 5(b))中出现明显聚类重叠, 且 R 值均远远小于 1, 表明这几组之间有大量相似的肠道菌群种类, 各组之间肠道微生物组成成分差异很小, 且无统计学差异。

3.3. 对肠道菌群的影响

本研究采用群落 Bar 图展示对照组与实验组在门、属水平中各类微生物的相对丰度, 进一步分析“参芪冬润”对小鼠肠道菌群的影响。

3.3.1. 在门水平对肠道菌群的影响

如图 6 所示, 实验组芽孢杆菌门(Bacillota)相对丰度与对照组相比增加最显著, 中剂量组较对照组升高 14.05%; 拟杆菌门(Bacteroidota)、弯曲菌门(Campylobacterota)和放线菌门(Actinomycetota)各组相对丰度无明显区别; 假单胞菌门(Pseudomonadota)、热脱硫杆菌门(Thermodesulfobacteriota)和脱铁杆菌门(Deferribacterota)各组相对丰度有较大波动, 但无明显规律可循; 候选门(Patescibacteria)各实验组相对丰度均低于对照组, 尤其高剂量组下降最明显。

由于伴随灌胃剂量增加, 芽孢杆菌门等相对丰度明显增加, 而肠道内的芽孢杆菌门多为益生菌, 弯曲菌门、假单胞菌门均随灌胃剂量增加相对丰度下降, 弯曲菌门、假单胞菌门有较多机会型病原菌, 因此, 伴随“参芪冬润”的摄入, 出现了有益菌相对丰度增加, 有害菌相对丰度减少的趋势。

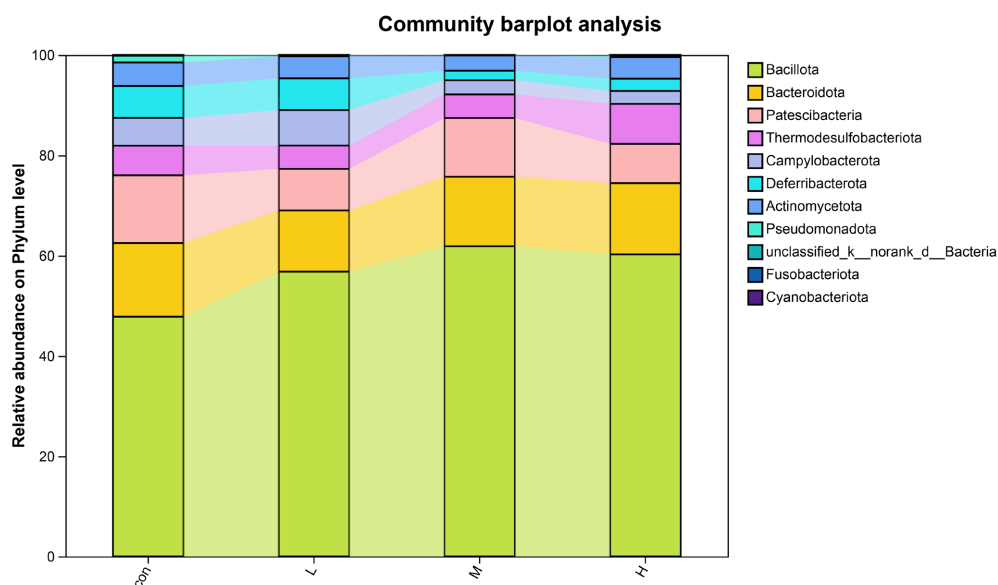


Figure 6. Composition of fecal colonies in mice of each group (classified by phylum)

图 6. 各组小鼠粪便的菌落组成(以门分)

3.3.2. 在属水平对肠道菌群的影响

如图 7 所示, 乳杆菌属(*Lactobacillus*)呈现典型剂量效应, 各剂量组的相对丰度均较对照组明显升高,

中剂量组升高最为显著；毛螺菌科属(*Lachnospiraceae_NK4A136_group*)在中、高剂量组的丰富显著高于对照组；鼠杆菌科(*norank_f_Muribaculaceae*)在高剂量组显著升高；螺杆菌属(*Helicobacter*)低剂量组较对照组略有上升，中、高剂量组显著下降；黏液螺菌属(*Mucispirillum*)相对丰度对照组和低剂量组无显著差别，中、高剂量组较对照组显著下降；链球菌属(*Streptococcus*)低、中剂量组较对照组无显著差别，而高剂量组相对丰度却较对照组大幅上升；脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)各实验组相对丰度均低于对照组，其中以中剂量组下降幅度最大；另杆菌属(*Alistipes*)、臭杆菌属(*Odoribacter*)、脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)各组且无明显差别。

在属水平呈现出有益菌如乳杆菌属、毛螺菌科未分类属、罗氏菌属等实验组相对丰度增加其，其中以中剂量显著增加最显著；有害菌种螺杆菌属、黏液螺菌属等相对丰度实验组较对照组下降以低、中剂量组下降较多，其中链球菌属高剂量组大幅上升，暗示对于小鼠而言，中剂量为摄入剂量，过高的剂量可能导致有害菌种相对丰度增加，影响肠道健康。

Community barplot analysis

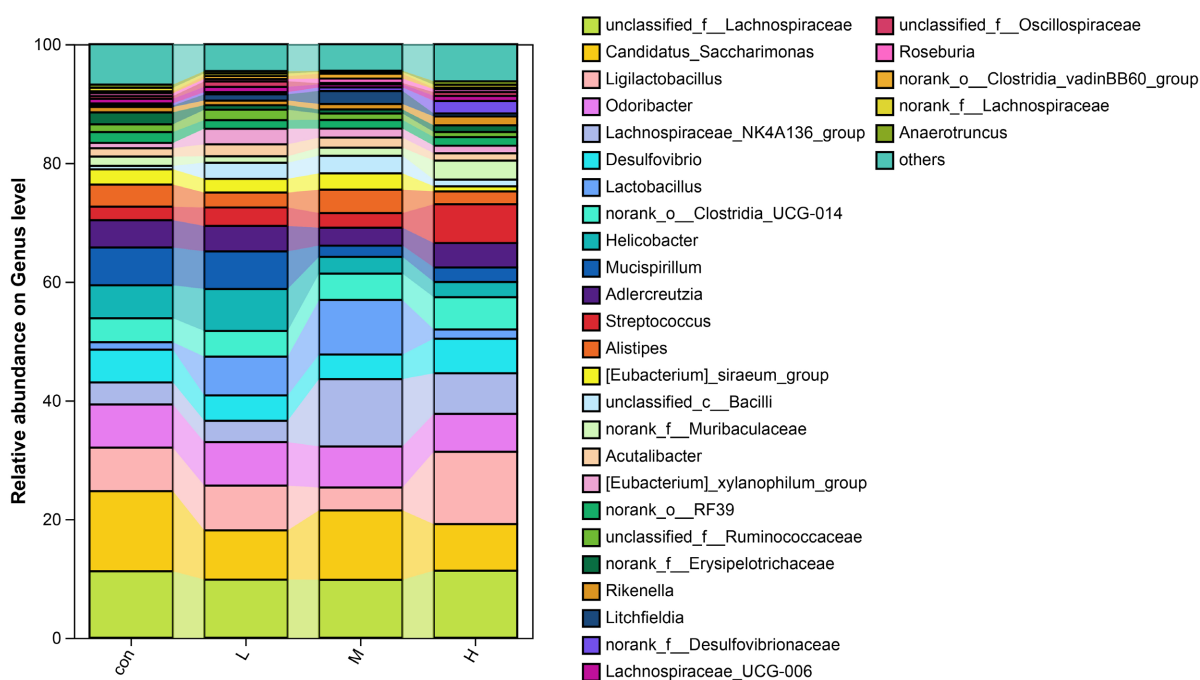


Figure 7. Composition of fecal colonies in each group of mice (classified by genus)

图 7. 各组小鼠粪便的菌落组成(以属分)

3.3.3. LEfSe 分析优势菌群

在 LEfSe 分析中，LDA 数值(LDA Score)越大，代表该生物标志物(biomarker)的判别效应越显著。

结合 LEfSe 分析如图 7、图 8 所示，对照组中显著特征差异的优势菌群主要属于假单胞菌门(*Pseudomonadota*)，包括：假单胞菌门(*p_Pseudomonadota*)——LDA 评分最高； γ -变形菌纲(*c_Gammaproteobacteria*)；肠杆菌目(*o_Enterobacterales*)；嗜麦芽窄食单胞菌属(*g_Stenotrophomonas*)；溶杆菌科/目(*f_Lysobacteraceae*、*o_Lysobacterales*)；假单胞菌目(*o_Pseudomonadales*)；粪单胞菌属(*g_Faecalimonas*)。这些菌群多为条件致病菌或机会性病原菌，提示对照组小鼠肠道中潜在有害菌特征较明显。

中剂量组显著特征富集的优势菌群主要属于芽孢杆菌门(*Bacillota*)，包括：乳杆菌属

(g_ *Lactobacillus*)——LDA 评分最高；里奇菲尔德菌属(g_ *Litchfieldia*)；芽孢杆菌科(f_ *Bacillaceae*)；芽孢杆菌目(o_ *Bacillales*)。乳杆菌属(*Lactobacillus*)是经典的益生菌，具有调节肠道免疫、抑制病原菌、促进营养吸收等功能，芽孢杆菌科菌群也具有益生特性，可产生抗菌物质、改善肠道屏障。说明中剂量干预效果最佳，能显著提升有益菌丰度。

高剂量组仅特征富集振荡杆菌科(f_ *Oscillospiraceae*)者一个菌群。振荡杆菌科是属于毛螺菌科(*Lachnospiraceae*)相关类群的丁酸菌，具有抗炎、保护肠道黏膜的作用。但高剂量组特征的菌群种类明显少于中剂量组，提示可能存在剂量饱和效应或高剂量抑制部分有益菌生长。

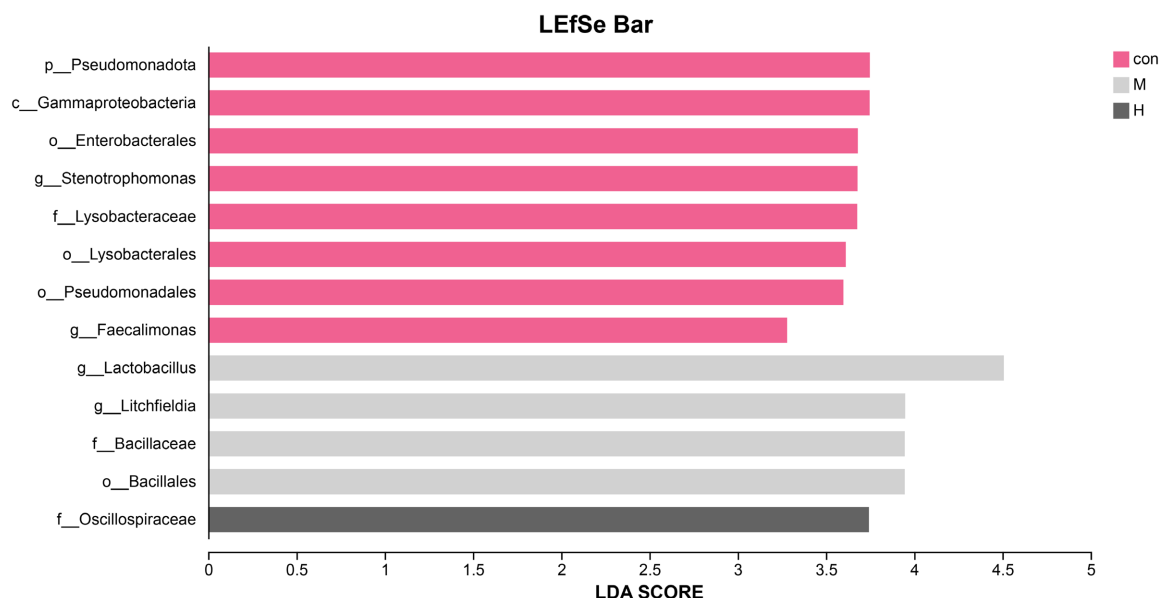


Figure 8. LDA discriminant bar chart
图 8. LDA 判别柱形图

4. 讨论

本实验结果显示，“参芪冬润”干预后，小鼠肠道菌群的 α 和 β 多样性指数无统计学差异改变，但 Ace 和 Chao 发生上升趋势，且特定菌群的丰度有所改变，表现为乳酸杆菌属潜在益生菌的特征性丰度上升，而螺杆菌属等机会致病菌的丰度特征性下降。说明“参芪冬润”具有良好的使用安全性，具有使肠道菌群的多样性增加和微生物组成成分多样化的趋势，而其中以中剂量为最佳剂量，在增加有益菌相对丰度的同时减少有害菌相对丰度最为有效。

实验结果与多项关于中药多糖调节肠道菌群的研究结论一致。例如，党参多糖被证实能在促进双歧杆菌、乳酸杆菌等有益菌的生长同时抑制脱硫弧菌等有害菌的增殖，从而改善肠道微生态平衡[3]。类似地，西洋参多糖也能增加乳杆菌属的相对丰度，降低颤螺旋菌属等菌群的丰度，优化菌群结构[4]。因此，结合相关研究结果我们推测“参芪冬润”中含有的党参、黄芪等成分的多糖，可能作为益生元，选择性刺激有益菌生长，抑制潜在致病菌，从而调节肠道菌群的整体结构和多样性，促进肠道免疫[12]。

肠道菌群通过发酵膳食纤维产生 SCFAs (如乙酸、丙酸、丁酸)，这些代谢产物对维持肠道屏障完整性和调节免疫起很大作用。有研究发现，党参多糖能显著提高肠道内容物中乙酸的含量。SCFAs (尤其是丁酸)能为肠上皮细胞提供能量，增强紧密连接蛋白(如 Occludin, ZO-1)的表达，修复肠黏膜屏障[13]。结合本实验结果显示“参芪冬润”促进益生菌丰度，我们进一步推测还可能促进 SCFAs 产生增加，从而增

强肠道物理屏障功能。

5. 结论

“参芪冬润”固体饮料具有良好的安全性，未显著改变小鼠肠道菌群的 α 和 β 多样性，但可优化菌群结构，表现为芽孢杆菌门、乳杆菌属等有益菌丰度增加，弯曲菌门、螺杆菌属等机会性致病菌丰度降低，其中以中剂量(1.25 g/kg·d)效果最为显著。结合相关文献以及本研究实验结果，我们推测该复方可能通过所含多糖等成分发挥益生元样作用以及促进 SCFAs 产生增加，通过改善肠道微生态的同时增强肠道物理屏障功能来促进健康。这一研究结果，为“元气四宝茶”类产品的功效机制解析提供了实验依据。

基金项目

浙江省新苗人才计划项目；基于口腔黏膜靶向递送技术的功能性固体饮料创制与产业化项目。

参考文献

- [1] 曾雯, 周胜强, 黄佳, 等. 黄芪免疫调节活性成分及其药理作用进展[J]. 上海中医药杂志, 2025, 59(1): 80-88.
- [2] 石林林, 王源, 冯怡. 麦冬多糖 MDG-1 对膳食诱导肥胖模型小鼠肠道益生菌群多样性影响的研究[J]. 中国中药杂志, 2015, 40(4): 716-721.
- [3] 肖瑞瑶, 滕攀攀, 綦世金, 等. 党参多糖对肠道微生态及肠道疾病作用研究进展[J]. 微生物学通报, 2023, 50(2): 687-696.
- [4] 任多多, 李珊珊, 薄盼盼, 等. 西洋参多糖对大鼠肠道菌群的影响[J]. 食品科技, 2022, 47(6): 211-217.
- [5] Liu, C., Zhao, D., Ma, W., Guo, Y., Wang, A., Wang, Q., *et al.* (2016) Denitrifying Sulfide Removal Process on High-Salinity Wastewaters in the Presence of *Halomonas* sp. *Applied Microbiology and Biotechnology*, **100**, 1421-1426. <https://doi.org/10.1007/s00253-015-7039-6>
- [6] Chen, S., Zhou, Y., Chen, Y. and Gu, J. (2018) Fastp: An Ultra-Fast All-in-One FASTQ Preprocessor. *Bioinformatics*, **34**, i884-i890. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty560>
- [7] Magoč, T. and Salzberg, S.L. (2011) FLASH: Fast Length Adjustment of Short Reads to Improve Genome Assemblies. *Bioinformatics*, **27**, 2957-2963. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr507>
- [8] Bolyen, E., Rideout, J.R., Dillon, M.R., Bokulich, N.A., Abnet, C.C., Al-Ghalith, G.A., *et al.* (2019) Reproducible, Interactive, Scalable and Extensible Microbiome Data Science Using QIIME 2. *Nature Biotechnology*, **37**, 852-857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>
- [9] Segata, N., Izard, J., Waldron, L., Gevers, D., Miropolsky, L., Garrett, W.S., *et al.* (2011) Metagenomic Biomarker Discovery and Explanation. *Genome Biology*, **12**, R60. <https://doi.org/10.1186/gb-2011-12-6-r60>
- [10] 曲巍, 张智, 马建章, 等. 高通量测序研究益生菌对小鼠肠道菌群的影响[J]. 食品科学, 2017, 38(1): 214-219.
- [11] 余路易. 黄连素缓解小鼠溃疡性结肠炎并调节肠道菌群的作用初步探究[D]: [硕士学位论文]. 南昌: 南昌大学, 2023.
- [12] 王涛, 田欣蕾, 张迪, 等. 益生菌调节肠道黏膜免疫研究进展[J]. 中国兽医学报, 2022, 42(12): 2578-2584.
- [13] 王广. 党参多糖对肠道菌群失调小鼠的调整作用机制的初步研究[D]: [硕士学位论文]. 佳木斯: 佳木斯大学, 2010.