

不同培养基条件下三七根总皂苷与人肠道菌群的体外相互作用

段方言^{1,2,3*#}, 毛钰婷^{2*}

¹云南师范大学云南特色生物资源高值化利用教育部工程研究中心, 云南 昆明

²云南师范大学生命科学学院, 云南 昆明

³西南联合研究生院, 云南 昆明

收稿日期: 2026年5月9日; 录用日期: 2026年6月30日; 发布日期: 2026年7月14日

摘 要

三七根总皂苷(*Panax notoginseng* root saponins, PNS)作为三七的主要活性成分, 口服后会与肠道菌群发生相互作用, 但目前关于不同营养条件下二者互作的认识尚不充分。本研究采用BHI、GAM及GMM培养基对人源粪便菌群进行体外厌氧培养, 并分别设立添加PNS的实验组(BHIP, GAMP, GMMP)。通过高效液相色谱定量分析不同培养基条件下5种高含量皂苷的相对代谢率, 并用16S rRNA测序解析菌群结构变化。结果显示: BHIP组对皂苷R₁、R_{b1}和R_d的平均相对代谢率 > 73%; GAMP组特异性高效代谢R_{b1}, 代谢率 > 84%; 而GMMP组仅代谢R₁和R_e, 且代谢率 < 25%。BHI、GAM与GMM三组所培养的菌群结构存在显著差异; 与各自对照组相比, BHIP与GAMP组的菌群 α 多样性(Shannon指数)显著降低($P < 0.01$), 群落结构发生显著重构($P < 0.001$), 而GMMP组则无显著变化。在菌群组成上, BHIP组显著富集了*Lachnoclostridium*、*Parasutterella*和*Bifidobacterium*; GAMP组显著富集了*Bifidobacterium*、*Escherichia-Shigella*; GMMP组则主要富集了*Roseburia*和*Anaerostipes*。综上, PNS与肠道菌群的互作效应在不同培养条件下呈现出显著的差异性, 在评估PNS的益生效应时, 需充分考虑其环境背景。

关键词

厌氧培养, 肠道细菌群落, 三七皂苷, 多样性分析, 培养基

Interaction between *Panax notoginseng* Root Saponins and Human Gut Microbiota under Different Culture Conditions *in Vitro*

Fangyan Duan^{1,2,3*#}, Yuting Mao^{2*}

*共同一作。

#通讯作者。

文章引用: 段方言, 毛钰婷. 不同培养基条件下三七根总皂苷与人肠道菌群的体外相互作用[J]. 植物学研究, 2026, 15(4): 211-222. DOI: 10.12677/br.2026.154025

¹Engineering Research Center for Valorization of Unique Bio-Resources in Yunnan, Ministry of Education, Yunnan Normal University, Kunming Yunnan

²School of Life Sciences, Yunnan Normal University, Kunming Yunnan

³Southwest United Graduate School, Kunming Yunnan

Received: May 9, 2026; accepted: June 30, 2026; published: July 14, 2026

Abstract

Panax notoginseng root saponins (PNS), the main active components of *P. notoginseng*, interact with the gut microbiota after oral administration. However, the understanding of their interaction under different nutritional conditions remains limited. In this study, human fecal microbiota was anaerobically cultured *in vitro* using BHI, GAM, and GMM media, with PNS added to the experimental groups (BHIP, GAMP, GMMP). High-performance liquid chromatography was used to quantify the relative metabolic rates of five major saponins under different culture conditions, and 16S rRNA sequencing was performed to analyze changes in microbial community structure. The results showed that the average relative metabolic rates of saponins R₁, Rb₁ and Rd in the BHIP group exceeded 73%; the GAMP group specifically and efficiently metabolized Rb₁, with a metabolic rate above 84%; while the GMMP group only metabolized R₁ and Re, with metabolic rates below 25%. Significant differences in microbial community structure were observed among the BHI, GAM, and GMM groups. Compared with their respective control groups, the α -diversity (Shannon index) of the microbiota in the BHIP and GAMP groups was significantly reduced ($P < 0.01$), and the community structure was significantly reshaped ($P < 0.001$), whereas no significant changes were observed in the GMMP group. In terms of microbial composition, the BHIP group showed significant enrichment of *Lachnoclostridium*, *Parasutterella*, and *Bifidobacterium*; the GAMP group was significantly enriched with *Bifidobacterium* and *Escherichia-Shigella*; and the GMMP group was mainly enriched with *Roseburia* and *Anaerostipes*. In conclusion, the interaction between PNS and the gut microbiota varies significantly under different culture conditions, and the environmental context should be fully considered when evaluating the probiotic effects of PNS.

Keywords

Anaerobic Cultivation, Gut Bacterial Community, *Panax notoginseng* Saponins, Diversity Analysis, Culture Medium

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

三七(*Panax notoginseng*)是云南道地药材, 有着“金不换”、“参中之王”、“阿司匹林”、“南国神草”等美誉。现代研究表明, 三七中富含皂苷、多糖、黄酮、挥发油等多种活性成分[1], 其中皂苷被认为是其主要药理活性物质。三七皂苷在防治心脑血管疾病方面作用显著, 包括高血压[2]、缺血性中风和出血性中风[3]-[5]、动脉粥样硬化[6]、高脂血症[7]、心肌缺血再灌注损伤[8]等, 并具有神经保护作用[9], 在慢性病与老年病防治方面潜力突出。随着我国人口老龄化加剧, 对三七的相关研究将契合社会发展的重大需求, 其重要的现实意义日渐凸显[10]。

三七根部为传统药用、皂苷提取的核心部位。三七根总皂苷(*P. notoginseng* root saponins, PNS)主要由原人参二醇型(人参皂苷 Rb₁ 和 Rd), 原人参三醇型(人参皂苷 Rg₁、Re 和三七皂苷 R₁)组成, 5 种高含量皂苷之和占总 PNS 的 90%以上[11], 其中 R₁ 是 PNS 的特征性组分。然而, 这些高含量皂苷因其相对分子质量较大、脂溶性差, 进入人体后不易被直接吸收[12], 需经特定肠道菌群, 通过脱糖基化、脱氢、氧化、脱水等反应生成次级代谢产物[13][14], 具有更高的药理活性[15]。不同个体的肠道菌群的皂苷代谢能力存在显著差距[16][17], 肠道菌群的生物转化能力在很大程度上决定了 PNS 的生物利用度。此外, PNS 及其代谢产生的次级代谢物可进一步调控肠道菌群结构[18][19]。目前研究认为皂苷是“类益生元”化合物[12][20], 主要作用是促进肠道的包括有益菌的增长, 同时减少有害菌的丰度, 从而通过改善肠道菌群平衡发挥对多种疾病的防治作用[13]。

本研究选取三种代表性培养基构建体外厌氧发酵体系: 脑心浸液培养基(Brain-Heart Infusion Broth, BHI)提供基础营养支持; 葡萄糖厌氧培养基(Glucose Anaerobic Medium, GAM)富含氮源与碳源; 肠道微生物培养基(Gut Microbiota Medium, GMM)模拟肠道内环境, 包含复杂碳水化合物、短链脂肪酸及多种维生素与矿物质[21][22]。整合高效液相色谱与 16S rRNA 基因测序技术, 从五种高含量皂苷的代谢情况与菌群组成变化两个维度, 系统解析 PNS 与肠道菌群的互作特征, 并进一步比较 3 种培养基对 PNS-菌群互作的影响差异。研究结果为培养基调控 PNS 与菌群体外互作提供了直接证据, 并提示在探究 PNS 调控肠道菌群时, 需充分考虑其所处的营养环境背景。

2. 材料与方法

2.1. 材料

采集 3 名健康志愿者(近 3 个月无胃肠道疾病及抗生素服用史)的新鲜粪便样本, 于厌氧气体环境(约 90% N₂, 5% CO₂, 5% H₂)下用含 0.1% (w/v) L-半胱氨酸盐酸盐的 PBS 溶液均质、依次用 70 和 40 μm 无菌尼龙网过滤, 收集过滤液为粪便菌群悬液[23][24]。

2.2. 主要试剂与仪器

三七根总皂苷(PNS)(皂苷含量 ≥ 70%)、标准品人参皂苷 Rb₁、Rd、Re、Rg₁ 和三七皂苷 R₁ (HPLC ≥ 98%)均购于上海源叶生物科技有限公司; BHI 培养基、GAM 培养基, 青岛海博生物技术有限公司; 色谱级乙腈和甲醇, 美国 Sigma-Aldrich 公司; 其余均为实验室常用分析纯试剂。

高效液相色谱仪, 日本岛津公司; 冷冻离心机, 德国 Eppendorf 公司; 厌氧工作站, 上海龙跃仪器设备有限公司; 旋转蒸发仪, 郑州长城科工贸有限公司等。

2.3. 培养基的配制

(1) BHI 液体培养基: 38.5 g 商品化干粉, 1.0 g L-半胱氨酸盐酸盐, 定容 1 L, 灭菌冷却后, 添加 0.25% (w/v) 氯化血红素和 0.25% (v/v) 维生素 K₁ 溶液各 4 mL。

(2) GAM 液体培养基: 49.0 g 商品化干粉, 定容 1 L, 灭菌冷却后, 添加 0.25% (w/v) 氯化血红素 2 mL、25% (v/v) 维生素 K₁ 溶液 0.4 mL。

(3) GMM 液体培养基[23]: 参照文献配制灭菌。

(4) 实验组培养基: 称取 42 mg 所购 PNS (质检结果: 皂苷含量约为 70%), 移入厌氧工作站中, 将其溶于 3 mL 灭菌除氧 BHI 液体培养基中, 制备为 14 mg/mL 母液, 并使用 0.22 μm 滤膜过滤除菌。取母液加入 BHI 培养基中, 使终体积为 30 mL, 得有效终浓度约为 1 mg/mL PNS 的 BHIP 培养基。GAMP、GMMP 培养基配置方法同上。

所有培养基均提前在厌氧气体环境放置 12 h, 除氧备用。

2.4. 方法

2.4.1. 粪便菌群的培养

在厌氧工作站中, 将制备好的粪便菌群悬液按 1/100 (v/v) 的接种量分别接种至以下培养基: 实验组: BHIP、GAMP、GMMP 培养基; 阳性对照组: BHI、GAM、GMM 培养基。

同时, 设置不接种菌液的阴性对照组: stBHIP、stGAMP、stGMMP。

所有组别置于厌氧工作站内, 37℃ 静置培养 48 h 后, 离心收集上清用于皂苷检测, 实验组和阳性对照组中所收集菌体用于 DNA 提取。

2.4.2. 菌群 16S rRNA 基因高通量测序及生物信息学分析

使用粪便基因组 DNA 提取试剂盒提取收集菌体样本 DNA, 操作过程按试剂盒说明书执行。提取得到 DNA 质检合格后, 扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区, 扩增产物经纯化、质检合格后, 在 Illumina NovaSeq 6000 平台上进行 2×250 bp 的双端测序。以上工作由杭州联川生物技术有限公司进行。

对测序获得的双端数据, 根据 barcode 信息对样品进行数据拆分, 然后对序列进行拼接(FLASH, version v1.2.7), 质量过滤(Fqtrim), 去除嵌合体(Vsearch, version v2.3.4), 序列降噪(QIIME2 DADA2), 获得有代表性的正确生物学序列 ASVs (Amplicon Sequence Variants)。基于 QIIME2 特征分类器插件, 将 ASV 代表性序列与 SILVA 数据库(版本 138)和 NT-16S 数据库(版本 20230718)进行比对注释, 最终获得物种分类学信息表。基于得到的 ASVs 特征序列, 利用 R 4.1.3 软件的 vegan 包对抽平后的测序数据进行后续分析。所有样本的 Goods_coverage 指数均高于 0.99, 结合稀疏曲线与等级-丰度曲线, 反映本次测序结果代表样本的真实情况。 β 多样性分析采用 Weighted_unifrac 进行主坐标分析(PCoA)。微生物群落组成由 Bar 图展示; psych 包计算 Spearman 相关性; Z-score 标准化后构建了热图。本文所涉及序列信息已提交至国家微生物科学数据中心(National Microbiology Data Center, NMDC), 接收号: NMDC40102354-NMDC40102371。

2.4.3. 皂苷 HPLC 检测分析

样品制备: 收集 2 mL 发酵液样品用等体积水饱和正丁醇溶液萃取 3 次, 收集并合并上层液, 在旋转蒸发仪减压浓缩至近干, 用 2 mL 色谱级甲醇复溶后经微孔滤膜($13 \times 0.22 \mu\text{m}$ 尼龙膜, 有机系)过滤备用。

样品检测: 色谱柱为月旭 PG-C18 (4.6×250 mm, $5 \mu\text{m}$), 柱温箱温度为 40℃, 流速为 1 mL/min, 流动相为水(A)-乙腈(B)梯度洗脱, 检测波长为 203 nm, 洗脱时间为 100 min, 每次进样 10 μL 。梯度洗脱程序: 0~0.01 min:0%~20% B, 0.01~25 min:20% B, 25~30 min:20%~25% B, 30~41 min:25%~41% B, 41~55 min:41%~45% B, 55~80 min:45%~74% B, 80~82 min:74%~100% B, 82~92 min:100% B, 92~100 min:100%~20% B。

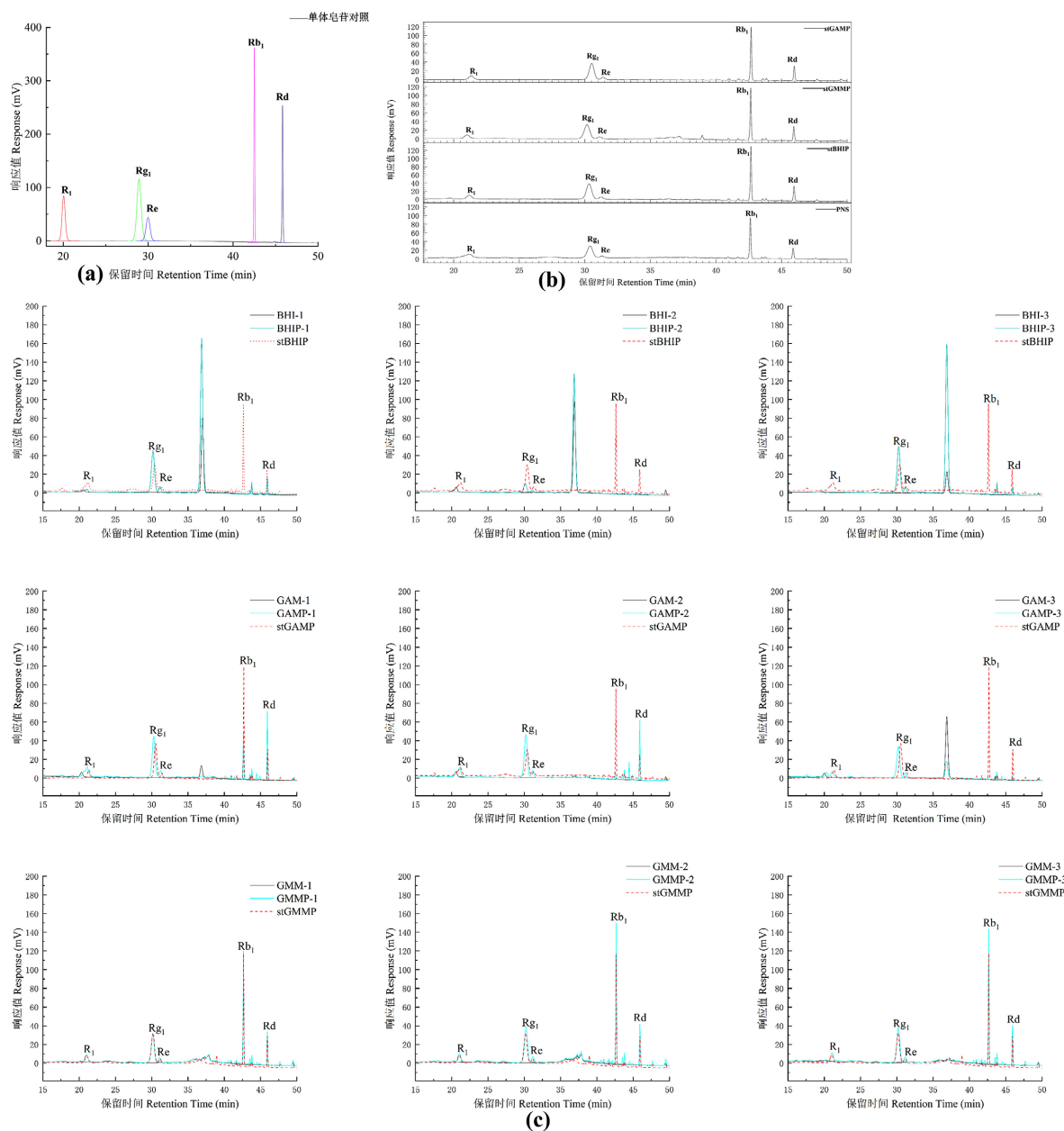
皂苷的相对代谢率根据发酵前后 PNS 中高含量单体皂苷的对应峰面积变化进行计算: 相对代谢率% = $(A_0 - A_t)/A_0 \times 100\%$, 式中, A_0 代表对照组培养液中特定皂苷单体的 HPLC 峰面积; A_t 代表实验组培养液中同一种皂苷单体的 HPLC 峰面积。

2.4.4. 数据统计分析

数据以均值显示 $\pm$ 标准差表示($n = 3$)。本研究中的所有条形图和折线图均使用 Prism 8.0 (GraphPad, La Jolla, CA, USA)生成。采用单因素方差分析(One-way ANOVA)进行整体比较, 当整体差异显著, 则进一步使用 Tukey HSD 法对所需要比较的两组进行事后两两比较计算显著性, $P < 0.05$ 被认为具有统计学显著性。

3. 结果与分析

3.1. 不同培养基中肠道菌群对 PNS 的代谢特征



阴性对照组(添加 PNS, 未接种细菌): stBHIP、stGMMP 和 stGAMP; 实验组(添加 PNS, 接种粪便菌液): BHIP、GAMP 和 GMMP; 阳性对照组(仅接种粪便菌液): BHI、GAM 和 GMM。所有组别均培养 48 h。

Figure 1. HPLC chromatogram of high-content monomer saponins (a), PNS-supplemented sterile media (b), and HPLC analysis of PNS metabolism by gut microbiota in different culture media (c)

图 1. 高含量单体皂苷的 HPLC 色谱图(a)、添加 PNS 的无菌培养基(b)及不同培养基中肠道菌群代谢 PNS 的 HPLC 分析(c)

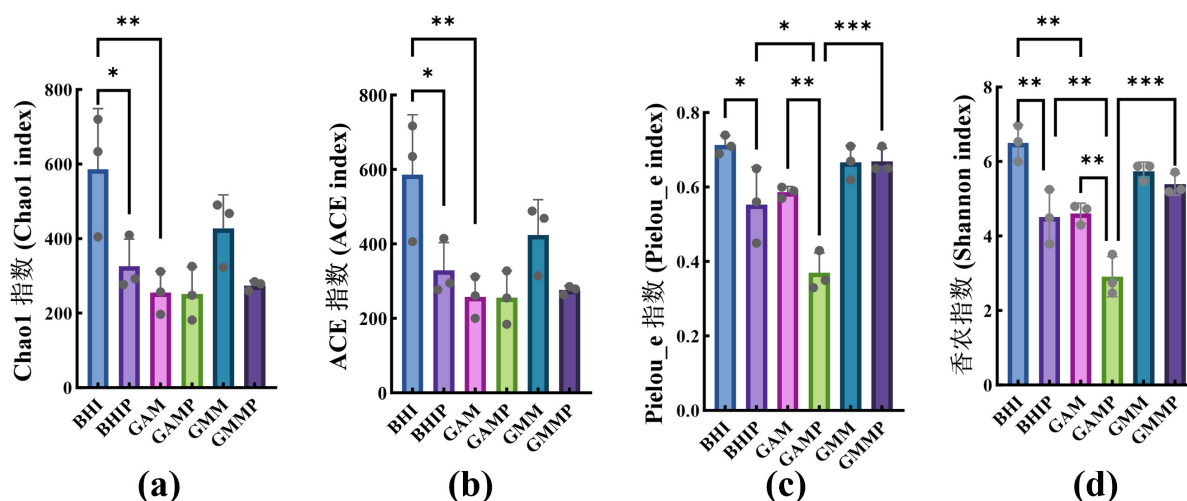
本研究使用的 PNS 样品主要包含五种皂苷单体:三七皂苷 R₁、人参皂苷 Rg₁、Re、Rb₁ 和 Rd(图 1(a))。

37℃厌氧条件下培养 48 h 的未接种菌液组: stBHIP、stGAMP、stGMMP 中皂苷含量无显著变化, 排除非生物因素的干扰(图 1(b))。如图 1(c)所示, BHIP, GAMP, GMMP 的肠道菌群代谢效率的差异显著。由于培养基成分复杂且接种为混合菌群, 部分 HPLC 图谱中出现明显未知峰, 通过与阳性对照组(BHI, GAM, GMM)比对排除。与不接种菌液的阴性对照组(stBHIP, stGAMP, stGMMP)比较显示: BHIP 组菌群表现出广谱且高效的代谢活性, 对皂苷 R₁、R_{b1} 和 R_d 的平均相对代谢率均超过 73%; GAMP 组菌群对皂苷 R_{b1} 呈现出高度特异的代谢能力, 其平均相对代谢率高于 84%, 并在 GAMP1、2 中转化为 R_d, 但对其他皂苷的代谢作用较弱; GMMP 组菌群的总体代谢能力有限, 仅对皂苷 R₁ 和 R_e 有较弱的代谢, 平均相对代谢率均低于 25%。

3.2. 培养基与 PNS 对肠道菌群结构的影响

3.2.1. α 多样性分析

在阳性对照组中, BHI 组的菌群丰富度(Chao1、ACE 指数)和综合多样性(Shannon 指数)均显著高于 GAM 组($P < 0.01$); 在实验组中, BHIP 组的多样性指数和均匀度(Pielou_e 指数)显著高于 GAMP 组, 而 GAMP 组又显著高于 GMMP 组($P < 0.05$); 与各自对照组相比, BHIP 组中, 各 α 多样性指数均出现显著下降($P < 0.05$); GAMP 组的菌群丰富度未见显著改变, 但其均匀度和综合多样性均显著降低($P < 0.01$); 而 GMMP 组的各 α 多样性指数均未发生显著变化(图 2)。



(a) Chao1 指数; (b) ACE 指数; (c) Pielou_e 指数; (d) 香农指数(Shannon 指数)。*表示 $P < 0.05$; **表示 $P < 0.01$; ***表示 $P < 0.001$; 无标记表示组间无显著差异。

Figure 2. Effects of culture media and PNS on the α -diversity indices of gut microbiota

图 2. 培养基与 PNS 对肠道菌群 α 多样性指数影响

3.2.2. β 多样性分析

培养基与 PNS 共同驱动了菌群结构的显著分异(PERMANOVA, $P < 0.001$, $R^2 = 0.872$), 前两轴共解释 71.16% 的变异(图 3)。添加 PNS 后的 BHIP 组与 GAMP 组则明显偏离聚集簇, 且彼此分离, 表明使用 BHI 和 GAM 培养基培养时, 加入 PNS 会使菌群结构发生重构, 而其效应在 GMM 培养基中不显著。

3.2.3. 肠道菌群的组成分析

在门水平上, BHI、GAM、GMM 及 GMMP 组的菌群均以厚壁菌门(Firmicutes)为最优势门, 其中 BHI 组与 GAM 组中厚壁菌门的相对丰度超过 80%; BHIP 组则以厚壁菌门和放线菌门(Actinobacteriota)为优

势菌门; GAMP 组中放线菌门的丰度最高(图 4(a))。属水平分析显示, 各组菌群的富集模式呈现差异, 例如, BHIP 组中双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、*Lachnoclostridium* 及副萨特氏菌属(*Parasutterella*)的丰度较高; GAM 组中双歧杆菌属、粪杆菌属(*Faecalibacterium*)和布劳特氏菌属(*Blautia*)的丰度较高; 而 GAMP 组中双歧杆菌属被大量富集(图 4(b))。

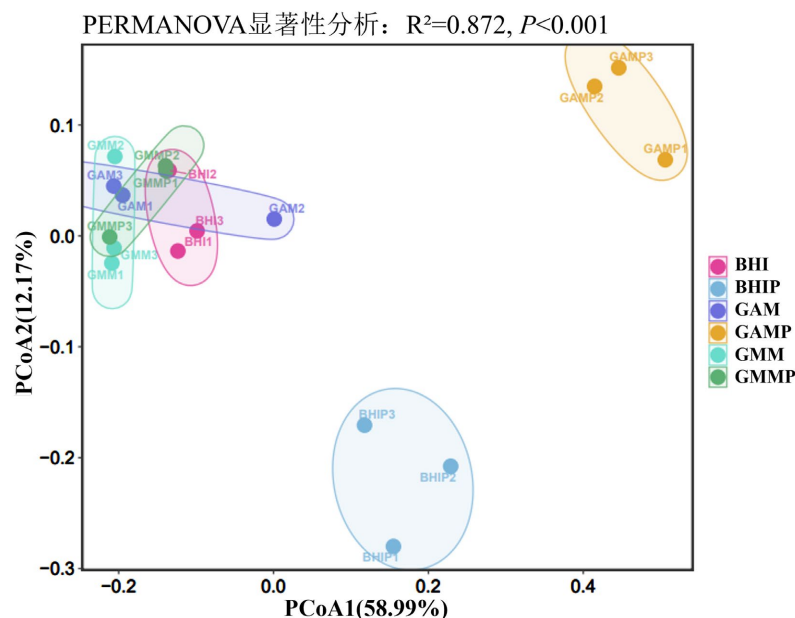


Figure 3. PCoA of gut microbiota based on culture media and PNS supplementation
图 3. 培养基与 PNS 对肠道菌群的 PCoA 分析

3.2.4. 肠道菌群相对丰度差异的分析

LEfSe 分析结果进一步揭示了不同培养基组间菌群群落的显著差异。如图 5(a)所示, BHI 组与 GAM 组均富集厚壁菌门, BHI 组显著促进了梭菌目(*Clostridiales*)的生长, 而 GAM 组则利于毛螺菌目(*Lachnospirales*)和颤螺旋菌目(*Oscillospirales*)的富集; GMM 组主要富集拟杆菌门(*Bacteroidota*)及其下属的拟杆菌目(*Bacteroidales*)。在属水平上, 进一步分析各组富集的标志性菌属: BHI 组富集的细菌属最多, 包括 *Erysipelatoclostridium*、厌氧棒状菌属(*Anaerostipes*)及梭菌属(*Clostridium*)等; GAM 组中则主要富集了布劳特氏菌属、粪杆菌属和瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)等相关菌群; GMM 组中 *Romboutsia* 和 *Intestinibacter* 是其核心富集菌属(图 5(b))。

添加 PNS 的 BHIP 组显著促进了脱硫弧菌科(*Desulfovibrionaceae*)的生长, 而 GAMP 组则主要富集放线菌门, 尤其显著富集了双歧杆菌属(图 5(a))。在属水平上, BHIP 组仅富集了 *Lachnoclostridium*, GAMP 组富集了双歧杆菌属, 而 GMMP 组则富集了多尔氏菌属(*Dorea*)、*Fusicatenibacter*、罗斯氏菌属(*Roseburia*)、毛螺菌属(*Lachnospira*)等菌属(图 5(b))。

进一步比较不同培养基中添加皂苷后肠道菌群的组成差异, 选取相对丰度排名前 30 的菌属进行聚类热图分析比较(图 5(c)), 红色表示富集。添加 PNS 的 BHIP 组与对照 BHI 组相比, 瘤胃球菌属、罗斯氏菌属、粪杆菌属、布劳特氏菌属、拟杆菌属(*Bacteroides*)、多尔氏菌属、*Fusicatenibacter*、*Erysipelatoclostridium*、*Eubacterium_hallii_group*、*Lachnospiraceae*-UCG-010、*Lachnospiraceae*-UCG-004、厌氧棒状菌属、丁酸球菌属(*Butyricoccus*)、梭菌属等菌属的相对丰度显著降低; 副萨特氏菌属、毛螺梭菌属、双歧杆菌属等菌属的相对丰度显著升高。GAMP 组与对照 GAM 组相比, 粪杆菌属、布劳特氏菌

属、瘤胃球菌属等菌属的相对丰度显著降低, 这三个菌属在 BHIP 培养基中同样呈现下降趋势; 双歧杆菌属、埃希氏菌 - 志贺氏菌属(*Escherichia-Shigella*)等菌属的相对丰度显著升高。GMMP 组与对照 GMM 组相比, 无显著下降的菌属; 罗斯氏菌属、*Erysipelotrichaceae_UCG-003*、厌氧棒状菌属等菌属的相对丰度显著升高。

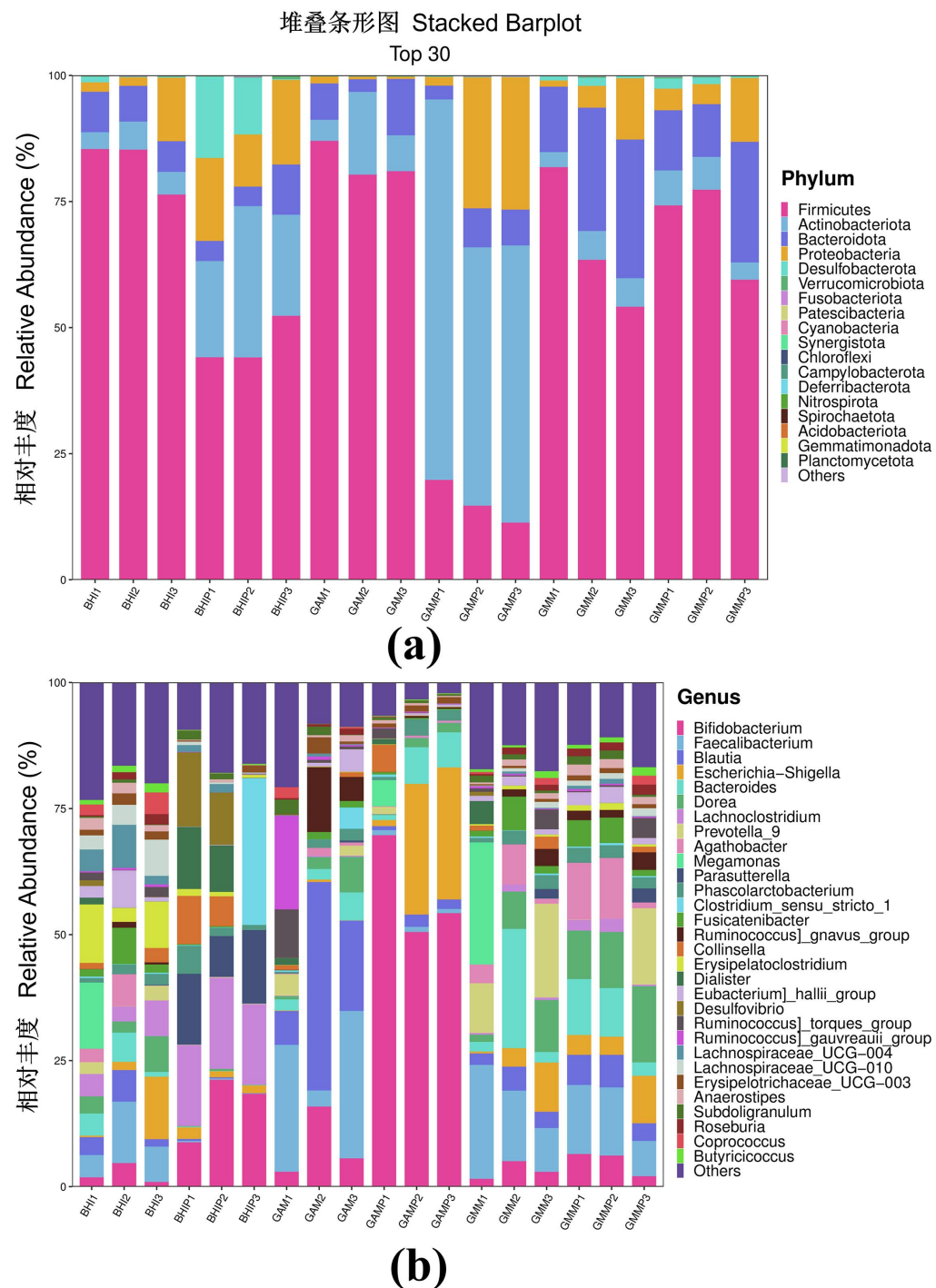
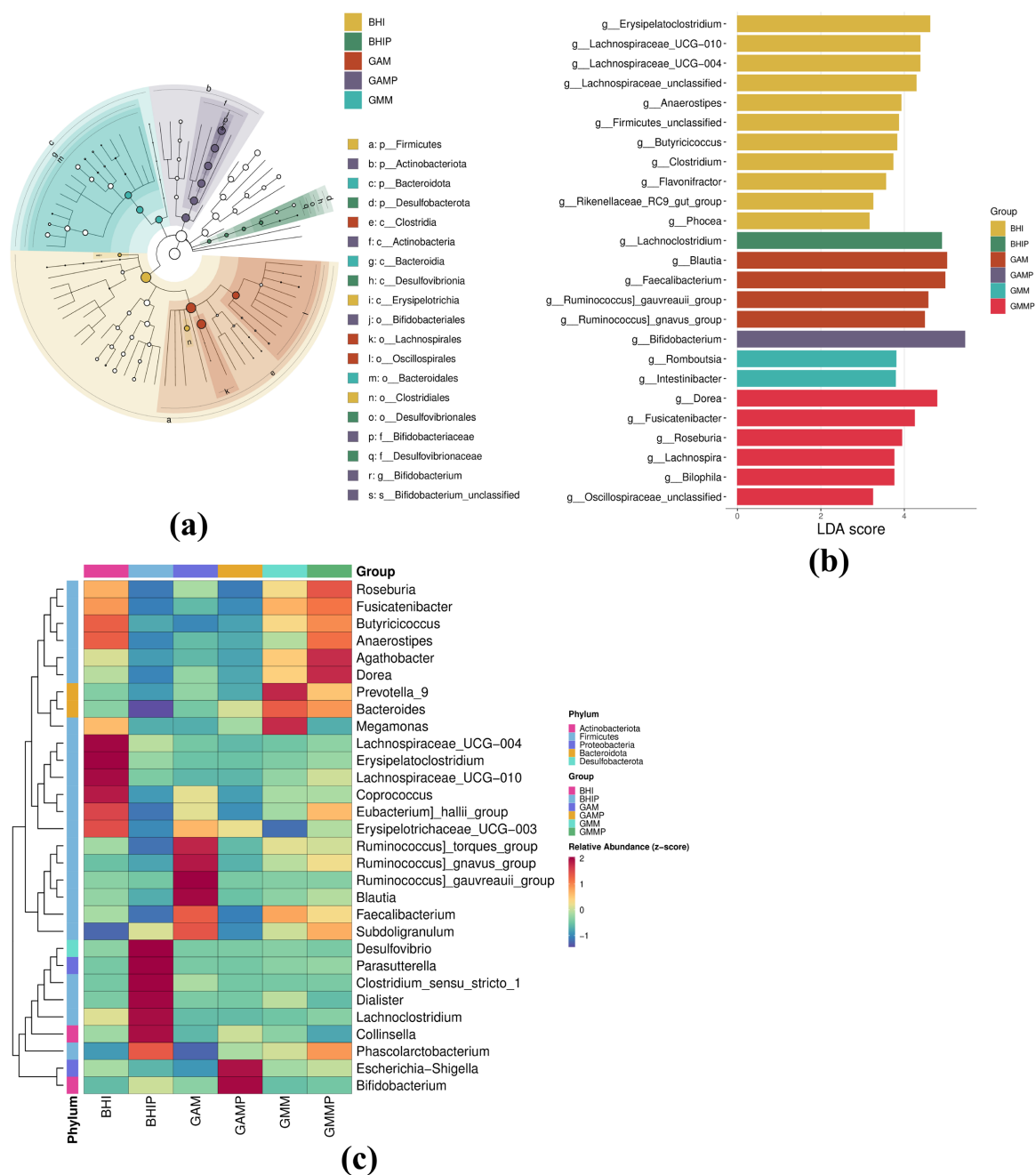


Figure 4. Composition of upper gut microbiota at the phylum (a) and genus (b) levels (Top 30)
图 4. 门(a)和属(b)水平上层肠道菌群物种组成(Top 30)



(a) 从门水平到种水平的 LefSe 分析结果分支图; (b) LefSe 分析鉴定的属水平差异分类单元及其对应的 LDA 分值; (c) 属水平丰度热图, 颜色梯度表示相对丰度(红色: 高丰度; 蓝色: 低丰度)。

Figure 5. Differences in gut microbial composition

图 5. 肠道菌群组成差异分析

4. 讨论与结论

PNS 与人体肠道菌群的相互作用是其发挥功效的关键环节, 而体外培养是可控条件下解析这一复杂相互作用的重要手段[25] [26]。培养基类型是决定体外菌群结构与功能的首要因素[27]。本实验中 BHI、GAM 与 GMM 三种基础培养基本身就塑造了菌群多样性与结构的显著差异。其中, BHI 培养基的 α 多样

性最高, 与既往研究一致, BHI 培养基更有利于维持复杂菌群的多样性[22]。

不同培养基塑造的菌群结构各异, 在此背景下, PNS 的添加对肠道菌群结构的改变作用存在差异。PNS 的添加在 BHI 和 GAM 中导致 α 多样性均匀度下降和 β 多样性明显分化, 而在 GMM 中则未观察到显著影响。其潜在机制在于, 在营养较为丰富的 BHI 和 GAM 体系中, PNS 的介入可能抑制了原有的部分优势菌群, 从而释放出生态位, 使得那些对 PNS 具有代谢能力或较强耐受性的菌属得以繁殖。这反映了在营养竞争环境下, 外源物质扰动菌群结构的典型生态模式[28]。GMM 培养基中添加了乙酸、异戊酸、丙酸和丁酸等短链脂肪酸, 短链脂肪酸能影响细菌正常生长和代谢所需的能量供应, 削弱细菌外膜的防御功能, 导致细菌死亡[29]。在 GMM 培养基中, 短链脂肪酸本身已对菌群形成较强的选择压力, 因此 PNS 的额外扰动作用不再显著。

就 PNS 对肠道菌群的菌属丰度的具体调控而言, 在 BHI 背景下, PNS 一方面抑制了包括罗斯氏菌属[30]、粪杆菌属、布劳特氏菌属、厌氧棒状菌属、拟杆菌属在内的多种产丁酸或有益菌属, 降低了菌群的整体多样性; 另一方面也促进了双歧杆菌属和毛螺梭菌属等益生菌的生长[31]-[33]。在 GAM 背景下, PNS 显著富集了双歧杆菌属, 但同时也使埃希氏-志贺氏菌属的丰度上升。而在 GMM 背景下, PNS 则主要促进了罗斯氏菌属和厌氧棒状菌属等有益菌的富集, 表现出更为积极的调节作用。

依据以上结果和现有研究, 探讨不同培养基中 PNS 中的高含量皂苷的相对代谢率差异的原因。本研究中选择体外共培养 48 h 进行取样, 在已有的人源肠道菌对 PPD 型皂苷、人参皂苷(Rb₁, Rb₂, Rb₃, Rc)进行的体外生物转化研究实验中, 使用 GAM 培养基培养 48 h 时, 其初始皂苷均被完全转化, 以次级代谢产物的形式存在[18][34]。因此, 48 h 培养终点能够充分反映菌群对 PNS 的终末转化情况。在 BHIP 和 GAMP 培养条件下富集的双歧杆菌属中, 部分特定菌株(如 Bi-07、KCCM11953、K-525、GM1)已被证实具备转化皂苷 Rb₁ 和 Rg₁ 的能力[10], 提示, 不同培养基中皂苷相对代谢率的差异, 可能是由菌群在种属组成及其丰度上的差异所决定的。具有皂苷转化能力的菌属丰度越高其皂苷的代谢率越好。

5. 结论

综上所述, PNS 对肠道菌群的影响并非一成不变, 而是受培养基设定的营养竞争格局所调控。本研究中厌氧棒状菌属在 BHIP 培养基中丰度下降, 在 GMMP 组中上升, 类似地, 在灌胃 Rb₁ 后, 健康或衰老模型小鼠肠道中的双歧杆菌属丰度呈上升趋势[35][36], 而在高脂饮食诱导的肥胖小鼠中则表现为下降[37]。这些差异提示, 基础培养条件或宿主的生理背景决定了菌群对 PNS 的结构与功能响应模式。因此, 在评估 PNS 的益生效应时, 需充分考虑其所处的微生态环境背景。

声 明

本研究在已获伦理批准的资助项目框架内(审批号: 2022-038-01, 云南师范大学生命科学学院伦理委员会)进行, 所有粪便样本的采集与处理均遵循该项目既定方案。志愿者均已签署知情同意书。

基金项目

云南师范大学 2025 年度研究生科技创新基金项目(YJSJJ25-B137); 云南师范大学国家级 2025 年大学生创新训练计划项目(202510681035)。

参考文献

- [1] 石礼平, 张国壮, 刘丛盛, 等. 三七化学成分和药理作用研究概况及质量标志物的预测[J]. 中国中药杂志, 2023, 48(8): 2059-2067.
- [2] 任恺, 段维勋, 俞波, 等. 中药皂苷成分对高血压大鼠主动脉血管内皮功能相关因子的影响[J]. 西北大学学报

- (自然科学版), 2018, 48(6): 783-786.
- [3] Wang, B., Gao, X., Zhang, Y., Xiao, Y., Chen, T., Shi, Z., *et al.* (2025) The Role of *Panax Notoginseng* Saponins in Cerebrovascular Neurological Disorders: An Overview of Mechanisms and Functions. *Frontiers in Pharmacology*, **16**, Article 1693253. <https://doi.org/10.3389/fphar.2025.1693253>
 - [4] 高家乐. 三七总皂苷对缺血性中风后急性期神经保护和恢复期修复的机制研究[D]: [博士学位论文]. 北京: 中国中医科学院, 2024.
 - [5] Zeng, X., Zhao, J., Nie, Y., Mo, J., Zhou, T. and Jiang, J. (2026) *Panax Notoginseng* Saponins against Ischemic Stroke: From Molecule to Clinic. *Journal of Ethnopharmacology*, **356**, Article 120834. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2025.120834>
 - [6] Lv, N., Wang, L., Zeng, M., Wang, Y., Yu, B., Zeng, W., *et al.* (2024) Saponins as Therapeutic Candidates for Atherosclerosis. *Phytotherapy Research*, **38**, 1651-1680. <https://doi.org/10.1002/ptr.8128>
 - [7] Zhang, X., Zhang, B., Zhang, C., Sun, G. and Sun, X. (2021) Effect of *Panax Notoginseng* Saponins and Major Anti-Obesity Components on Weight Loss. *Frontiers in Pharmacology*, **11**, Article 601751. <https://doi.org/10.3389/fphar.2020.601751>
 - [8] 常猛, 陈漪漪, 范亚红, 等. 三七皂苷 R₁ 通过激活 SLC7A11/GPX4 通路抑制铁死亡改善小鼠心肌缺血再灌注损伤后心脏重塑[J]. 中草药, 2026, 57(1): 175-184.
 - [9] 王汉隆, 孙洋, 刘莎莎, 等. 三七皂苷 R₁ 药理作用机制与神经保护作用研究进展[J]. 中国药理学通报, 2024, 40(11): 2020-2025.
 - [10] Li, M., Huang, Z., Zhang, R. and Zhou, J. (2024) Review of Probiotics, Gut Microorganisms, and Their Enzymes Involved in the Conversion of Ginsenosides. *Food Bioscience*, **58**, Article 103829. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2024.103829>
 - [11] Zhang, H., Li, J., Diao, M., Li, J. and Xie, N. (2024) Production and Pharmaceutical Research of Minor Saponins in *Panax Notoginseng* (Sanqi): Current Status and Future Prospects. *Phytochemistry*, **223**, Article 114099. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2024.114099>
 - [12] Navarro del Hierro, J., Herrera, T., Fornari, T., Reglero, G. and Martin, D. (2018) The Gastrointestinal Behavior of Saponins and Its Significance for Their Bioavailability and Bioactivities. *Journal of Functional Foods*, **40**, 484-497. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2017.11.032>
 - [13] 王新红, 张迟, 刘琳, 等. 皂苷类成分与肠道菌群相互作用研究进展[J]. 中成药, 2021, 43(7): 1834-1839.
 - [14] 韩冰, 李静娜, 吕西雨, 等. 肠道菌群代谢转化中药皂苷类成分研究进展[J]. 中草药, 2023, 54(20): 6922-6932.
 - [15] 袁松竹, 王斌, 周旋, 等. 稀有人参皂苷生物转化的研究进展[J]. 食品工业科技, 2023, 44(12): 480-489.
 - [16] Wei, W., Li, M., Pan, L., Shao, M., He, X., Li, Y., *et al.* (2025) Inter-Species and Individualized Biotransformation of Five Saponins by Human Being- and Mouse-Derived Fecal Microbiota. *Chinese Medicine*, **20**, Article No. 132. <https://doi.org/10.1186/s13020-025-01190-2>
 - [17] Kim, K.A., Jung, I.H., Park, S.H., *et al.* (2013) Comparative Analysis of the Gut Microbiota in People with Different Levels of Ginsenoside Rb1 Degradation to Compound K. *PLOS ONE*, **8**, e62409. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062409>
 - [18] Zhang, M., Wang, Y., Wu, Y., Li, F., Han, M., Dai, Y., *et al.* (2021) *In Vitro* Transformation of Protopanaxadiol Saponins in Human Intestinal Flora and Its Effect on Intestinal Flora. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, **2021**, 1-10. <https://doi.org/10.1155/2021/1735803>
 - [19] Zhuang, T., Li, W., Yang, L., Wang, Z., Ding, L. and Zhou, M. (2021) Gut Microbiota: Novel Therapeutic Target of Ginsenosides for the Treatment of Obesity and Its Complications. *Frontiers in Pharmacology*, **12**, Article 731288. <https://doi.org/10.3389/fphar.2021.731288>
 - [20] Chen, L., Tai, W.C.S. and Hsiao, W.L.W. (2015) Dietary Saponins from Four Popular Herbal Tea Exert Prebiotic-Like Effects on Gut Microbiota in C57BL/6 Mice. *Journal of Functional Foods*, **17**, 892-902. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2015.06.050>
 - [21] 路婧, 夏雪娟, 黄骏楠, 等. 不同富营养培养基对人肠道菌群的体外培养效果比较分析[J]. 食品与发酵工业, 2024, 50(24): 201-211.
 - [22] Fu, Y.S., Chen, K.N., Zhang, J.N., *et al.* (2019) Evaluation of the Effects of Four Media on Human Intestinal Microbiota Culture *in Vitro*. *AMB Express*, **9**, Article No. 69. <https://doi.org/10.1186/s13568-019-0790-9>
 - [23] Goodman, A.L., Kallstrom, G., Faith, J.J., Reyes, A., Moore, A., Dantas, G., *et al.* (2011) Extensive Personal Human Gut Microbiota Culture Collections Characterized and Manipulated in Gnotobiotic Mice. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **108**, 6252-6257. <https://doi.org/10.1073/pnas.1102938108>

- [24] Qu, Z.P., Liu, H.B., Yang, J., *et al.* (2025) Selective Utilization of Medicinal Polysaccharides by Human Gut Bacteroides and Parabacteroides Species. *Nature Communications*, **16**, Article No. 638. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-55845-7>
- [25] Dong, W.W., Xuan, F.L., Zhong, F.L., *et al.* (2017) Comparative Analysis of the Rats' Gut Microbiota Composition in Animals with Different Ginsenosides Metabolizing Activity. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, **65**, 327-337. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.6b04848>
- [26] Wang, L., Chen, M., Shao, L., Zhang, W., Li, X. and Huang, W. (2021) Personalized Bioconversion of *Panax notoginseng* Saponins Mediated by Gut Microbiota between Two Different Diet-Pattern Healthy Subjects. *Chinese Medicine*, **16**, Article No. 60. <https://doi.org/10.1186/s13020-021-00476-5>
- [27] Bakkeren, E., Piskovsky, V. and Foster, K.R. (2025) Metabolic Ecology of Microbiomes: Nutrient Competition, Host Benefits, and Community Engineering. *Cell Host & Microbe*, **33**, 790-807. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2025.05.013>
- [28] Shi, H., Newton, D.P., Nguyen, T.H., Estrela, S., Sanchez, J., Tu, M., *et al.* (2025) Nutrient Competition Predicts Gut Microbiome Restructuring under Drug Perturbations. *Cell*, **188**, 6971-6986.e14. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.10.038>
- [29] Ma, J., Piao, X., Mahfuz, S., Long, S. and Wang, J. (2022) The Interaction among Gut Microbes, the Intestinal Barrier and Short Chain Fatty Acids. *Animal Nutrition*, **9**, 159-174. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.09.012>
- [30] Mukhopadhyay, I., Martin, J.C., Shaw, S., Gutierrez-Torreon, M., Boteva, N., McKinley, A.J., *et al.* (2025) Novel Insights into Carbohydrate Utilisation, Antimicrobial Resistance, and Sporulation Potential in Roseburia Intestinalis Isolates across Diverse Geographical Locations. *Gut Microbes*, **17**, Article 2473516. <https://doi.org/10.1080/19490976.2025.2473516>
- [31] Bocchio, F., Mancabelli, L., Milani, C., Lugli, G.A., Tarracchini, C., Longhi, G., *et al.* (2025) Compendium of Bifidobacterium-Based Probiotics: Characteristics and Therapeutic Impact on Human Diseases. *Microbiome Research Reports*, **4**, Article 2. <https://doi.org/10.20517/mrr.2024.52>
- [32] Yang, J., Ren, H., Cao, J., Fu, J., Wang, J., Su, Z., *et al.* (2025) Gut Commensal Lachnospiraceae Bacteria Contribute to Anti-Colitis Effects of Lactiplantibacillus Plantarum Exopolysaccharides. *International Journal of Biological Macromolecules*, **309**, Article 142815. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.142815>
- [33] Wu, J., Zhao, Y., Wang, X., Kong, L., Johnston, L.J., Lu, L., *et al.* (2022) Dietary Nutrients Shape Gut Microbes and Intestinal Mucosa via Epigenetic Modifications. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, **62**, 783-797. <https://doi.org/10.1080/10408398.2020.1828813>
- [34] Zheng, F., Zhang, M.Y., Wu, Y.X., *et al.* (2021) Biotransformation of Ginsenosides (Rb₁, Rb₂, Rb₃, Rc) in Human Intestinal Bacteria and Its Effect on Intestinal Flora. *Chemistry & Biodiversity*, **18**, e2100296.
- [35] Shi, M., Fan, H., Liu, H. and Zhang, Y. (2024) Effects of Saponins Rb1 and Re in American Ginseng Intervention on Intestinal Microbiota of Aging Model. *Frontiers in Nutrition*, **11**, Article 1435778. <https://doi.org/10.3389/fnut.2024.1435778>
- [36] Chen, H., Shen, J., Li, H., Zheng, X., Kang, D., Xu, Y., *et al.* (2020) Ginsenoside Rb1 Exerts Neuroprotective Effects through Regulation of Lactobacillus Helveticus Abundance and GABAA Receptor Expression. *Journal of Ginseng Research*, **44**, 86-95. <https://doi.org/10.1016/j.jgr.2018.09.002>
- [37] Zhang, K.X., Zhu, Y., Song, S.X., *et al.* (2024) Ginsenoside Rb₁, Compound K and 20(S)-Protopanaxadiol Attenuate High-Fat Diet-Induced Hyperlipidemia in Rats via Modulation of Gut Microbiota and Bile Acid Metabolism. *Molecules*, **29**, Article 1108. <https://doi.org/10.3390/molecules29051108>