

# 不同喂养方式对婴幼儿肠道菌群多样性影响的研究进展

王新梅\*, 邢 静, 乔慕华

(河北北方学院附属第一医院, 张家口 075000)

**摘 要:** 近些年的研究发现婴幼儿肠道菌群与众多机体的病理相关, 婴幼儿肠道内栖息着数量巨大的微生物, 其中占据主导地位的是细菌, 细菌在维持内环境稳态、调节能量代谢等方面发挥着复杂的作用。因此, 婴幼儿肠道微生态的合理建立尤为重要。影响婴幼儿肠道菌群的因素有很多, 其中喂养方式对婴幼儿肠道菌群结构有明显的影响。关于喂养方式对婴幼儿肠道菌群多样性影响的研究至关重要, 故本文结合近些年国内外关于喂养方式与婴幼儿肠道菌群的研究, 综述了婴幼儿肠道菌群的建立与演替, 以及婴幼儿肠道菌群的生理功能, 讨论了不同喂养方式(母乳喂养、配方奶粉喂养、混合喂养)下婴幼儿肠道微生态的差异, 以期在婴幼儿喂养方式的研究中提供一定的理论指导依据。

**关键词:** 喂养方式; 婴幼儿; 肠道菌群; 多样性

## Research progress on the influence of different feeding methods on intestinal flora diversity of infants and young children

WANG Xin-Mei\*, XING Jing, QIAO Mu-Hua

(The First Affiliated Hospital of Hebei North University, Zhangjiakou 075000, China)

**ABSTRACT:** Studies in recent years have found that the intestinal flora of infants and young children is related to many pathologies of the body. A large number of microorganisms inhabit the intestinal tract of infants and young children, among which bacteria are the dominant ones. Bacteria play a complex role in maintaining homeostasis and regulating energy metabolism. Therefore, the reasonable establishment of intestinal microecology in infants and young children is particularly important. There are many factors that influence the intestinal flora of infants and young children, among which feeding mode has obvious influence on the structure of intestinal flora of infants and young children. About feeding practices for infants and young children is very important to research on the effects of intestinal flora diversity, so this paper combined recent domestic and foreign researches on feeding methods and infant intestinal flora, summarized the establishment and succession of infant intestinal flora, and the physiological functions of infant intestinal flora, and discussed the differences of intestinal microecology of infants under different feeding methods (breast feeding, formula feeding, mixed feeding), so as to provide some theoretical guidance in the study of infant feeding mode.

**KEY WORDS:** feeding mode; infants and young children; intestinal flora; diversity

\*通讯作者: 王新梅, 主要研究方向为小儿内科。E-mail: 13260649725@163.com

\*Corresponding author: WANG Xin-Mei, The First Affiliated Hospital of Hebei North University, Zhangjiakou 075000, China. E-mail: jingdaping@gmail.com

## 1 引言

婴幼儿肠道菌群与机体的病理, 如过敏、II型糖尿病、腹痛、胃癌、婴幼儿自闭症、肠炎、厌食、肥胖等都有很大的关系<sup>[1]</sup>。因此, 婴幼儿肠道微生态的合理建立尤为重要。影响婴幼儿肠道菌群多样性的因素有很多, 其中不同的喂养方式对婴幼儿肠道微生物结构有明显的影响<sup>[2]</sup>。母乳被认为是婴幼儿正常生长最理想的营养物质, 母乳中含有丰富的生物活性物质及微生物, 有助于婴幼儿肠道菌群的建立及免疫系统的发育, 对婴幼儿的健康产生重要影响<sup>[3]</sup>。据相关研究, 与奶粉喂养婴儿相比, 母乳喂养婴儿的病死率大大降低<sup>[4]</sup>。但是, 由于各种生理因素以及社会因素的影响, 越来越多的婴幼儿得不到母乳的喂养<sup>[5]</sup>。因此, 研究不同的喂养方式对婴幼儿肠道菌群的影响显的尤为重要。本文结合近些年国内外关于喂养方式与婴幼儿肠道菌群的研究, 综述了婴幼儿肠道菌群的建立与演替, 以及婴幼儿肠道菌群的生理功能, 同时讨论了不同的喂养方式(母乳喂养、配方奶粉喂养、混合喂养)下婴幼儿肠道微生态的差异, 以期为在婴幼儿喂养方式的研究中提供一定的理论指导依据。

## 2 婴幼儿肠道菌群

人类微生物群是指生活在人体不同部位的微生物(包括细菌、真菌、病毒、真核生物和古生菌)的集合基因组。人类体内大约有亿万个细菌, 超过人类基因数量的 100 倍<sup>[6]</sup>。其中, 最大的微生物群落位于肠道内, 人体内的肠道菌群主要继承自母亲<sup>[7]</sup>。大多数研究者认为, 健康成年人的肠道菌群非常稳定, 而婴幼儿与健康成年人的肠道菌群种类却截然不同, 婴幼儿肠道菌群的建立和演替是非常复杂的过程<sup>[8]</sup>。婴幼儿肠道菌群是一个由众多细菌属、种、株组成的复杂生态系统。这个巨大的细胞团执行各种独特的活动, 影响结肠和系统生理学, 其主要活动包括营养、代谢、免疫和保护功能<sup>[9]</sup>。

### 2.1 婴幼儿肠道菌群的建立

自从 1918 年阿瑟·肯德尔提出“出生时的胃肠道是无菌的”这一概念<sup>[10]</sup>, 人们一直认为新生儿是无菌的, 婴幼儿肠道菌群建立是在分娩后与外界接触的过程中开始的, 出生时胎儿经过有菌的阴道或者是皮肤, 出生后吸吮母亲的母乳, 接触乳晕周围的皮肤, 这都是细菌得以传递的可能途径, 出生后 7~10 d 开始有需氧菌和兼性厌氧菌建立和繁殖, 之后肠道便经历菌群从无到有<sup>[11,12]</sup>。但是, 越来越多的研究表明, 婴幼儿肠道菌群定植是在产前、子宫内开始的, 出生后环境中数量和种类繁多的细菌有序定植在肠道, 经历出生后肠道正常菌群建立时期、哺乳期、添加辅食期和断奶期 4 个阶段, 婴幼儿在 2~3 岁后菌群结构发生多态

性变化, 形成与成人肠道菌群相似的组成<sup>[13]</sup>。Collado 等<sup>[14]</sup>采集了 15 对母婴的母亲粪便、胎盘、羊水、初乳、胎粪和婴儿粪便样本, 通过常规细菌培养、16S rRNA 基因测序、定量 PCR 和变性梯度凝胶电泳等方法对胎盘和羊水以及婴儿胎粪中检测到的微生物群之间具有共同特征, 表明微生物在胎儿与母体的身体内上发生了转移。Chu 等<sup>[15]</sup>研究了不同分娩方式, 婴幼儿肠道菌群的变化发现, 对于 6 周龄的婴儿, 微生物群结构和功能已经扩展和多样化, 具有明显的身体部位特异性( $P < 0.001$ ), 但在阴道分娩或剖腹产婴儿之间没有明显的统计学结构或功能差异( $P = 0.057$ )。这也侧面证明了, 婴幼儿肠道菌群的建立不是发生在分娩的过程中, 而在子宫内就可能发生了垂直传播。

### 2.2 婴幼儿肠道菌群的演替

人类肠道微生物群在幼儿时期的发育, 对于人体食物消化和免疫调节有很大帮助, 但驱动其发育的机制仍不清楚<sup>[16]</sup>。Guittar 等<sup>[17]</sup>研究 56 名婴儿在其出生 3 年内肠道微生物群落演替的特征模式。研究显示, 婴幼儿肠道菌群主要由: 拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)和变形菌门(*Proteobacteria*)构成。基于性状的模式表明, 婴幼儿肠道菌群的演替开始于一个功能可变的类群, 善于在寄主内快速增殖, 逐渐成熟为一个功能更一致的类群, 适应在缺氧的肠道中茁壮成长, 并在缺氧斑块间以耐氧孢子的形式分散, 形成了一段非线性的演替过程<sup>[18]</sup>。婴儿出生后首先在肠道占据统治地位的是兼性厌氧菌<sup>[19]</sup>, 如葡萄球菌属(*Staphylococcus*)、链球菌属(*Streptococcus*)等, 随着时间的推移肠道环境变得越来越缺氧, 由于专性厌氧菌不需要维持耐受氧化应激的机制, 逐渐取代兼性厌氧菌, 获得竞争的优势, 如拟杆菌属(*Bacteroides*)、双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)等。然而, 这种优势是以更容易受到氧化应激为代价的, 因为它们会在充满氧气的环境中分散开来, 从而形成新的寄主<sup>[20]</sup>。婴幼儿在开始进行辅食后, 由于食物的多样性使得肠道菌群也呈现多样性变化, 如类杆菌、肠球菌及乳杆菌等逐渐增多<sup>[21]</sup>, 向成人型过渡, 直至 2~3 岁便形成以厌氧菌占绝对优势的稳定菌群, 维持到青年和中年, 进入老年后双歧杆菌逐渐减少而大肠杆菌和产气荚膜梭菌等逐渐增多<sup>[22]</sup>。婴幼儿肠道菌群虽然会受到多种因素的影响, 但其肠道菌群仍在朝着与母亲相似的方向进化, 并最终达到稳定状态。

### 2.3 婴幼儿肠道菌群的生理功能

肠道微生态承载着人类后天获得的基因, 参与人类正常生理和疾病病理过程, 与人体健康密不可分<sup>[23]</sup>。研究表明肠道菌群能防御感染与增强肠道屏障功能, 对外来致病菌及条件致病菌的入侵具有较强的生物拮抗作用<sup>[24]</sup>; Tushima 等<sup>[25]</sup>的研究中证明, 肠道中微生物可以抑制大

肠杆菌 O157 的生长,同时还可以通过竞争营养物质,在一定程度上抑制致病菌的生长。肠道菌群可合成维生素并促进营养代谢;在 Hill<sup>[26]</sup>的研究中,肠道微生物可以合成多种维生素,如双歧杆菌能合成维生素 B,大肠杆菌、拟杆菌可以合成维生素 C,链球菌可以合成维生素 K 等。肠道菌群同样可以促进生长发育;肠道微生物产生的代谢产物能够为肠黏膜提供营养物质和能量,如短链有机酸,特别是丁酸,促进肠道上皮细胞的增殖和分化<sup>[27]</sup>。肠道菌群还有一个最重要的生理功能-免疫功能,同时婴幼儿肠道微生物也是肠道免疫系统发育成熟最基本的因素<sup>[28]</sup>。Cahenzli 等<sup>[29]</sup>研究表明,婴幼儿肠道菌群多样性决定了其成年后体内免疫球蛋白 E(immunoglobulin E, IgE)水平,而 IgE 是由 B 细胞产生的抗体,在应答过敏原及病原菌过程中扮演重要角色。因此,婴幼儿早期肠道菌群的建立对其免疫系统的发育、抵抗感染的能力以及日后的健康状况有着重要的影响。

### 3 不同喂养方式对婴幼儿肠道菌群多样性的影响

虽然婴幼儿肠道菌群的建立时间和微生物类群已经基本明确,并且婴幼儿在 2~3 岁后肠道菌群和成年人相似,具有较高稳定性和多样性,但 1 岁前婴幼儿肠道菌群多样性低、稳定性差、个体差异大,极易受到各种因素的影响而发生改变<sup>[30]</sup>,而喂养方式的不同,对婴幼儿肠道菌群多样性有着显著的影响<sup>[31]</sup>,因此需要尝试找出适合婴幼儿的喂养方式,使不同环境下的婴幼儿都能健康的成长。

#### 3.1 母乳喂养婴幼儿对肠道菌群的影响

母乳喂养对婴幼儿有着更加有益的作用。通常情况下,母乳喂养婴幼儿肠道菌群中双歧杆菌占 99%,其他常见菌占 0.11%~1%<sup>[32]</sup>。Sahl 等<sup>[33]</sup>用平板培养母乳喂养的婴儿粪便样品,发现存在链球菌和葡萄球菌,它们是早期定植的肠道微生物。Hermie 等<sup>[34]</sup>的研究中,采用非培养型荧光原位杂交(fluorescence in situ hybridization, FISH)技术,通过新的分子鉴定方法得出,仅用母乳喂养的婴儿,几周内就会形成以双歧杆菌为主的菌群,这可能是由母乳中存在的选择性抑制剂(双歧杆菌因子)引起的,并且母乳喂养的婴儿粪便样本中含有微量的乳酸菌和链球菌。采用母乳喂养的婴幼儿粪便样品和其母亲粪便样品的细菌菌种基因分型(乳酸菌、葡萄球菌和双歧杆菌)显示存在同一菌株,进一步证明了母乳的重要性<sup>[35]</sup>。母乳中包含很多益生元,益生元能够选择性刺激有益菌的生长和活性,从而改善宿主健康<sup>[36]</sup>。尽管益生元很难被消化,但可被肠道末端的有益菌选择性发酵。母乳中含有的可溶性母乳低聚糖(human milk oligosaccharides, HMOs)属于益生元,同时也是一种重要的免疫调节物质<sup>[37]</sup>。Yu 等<sup>[38]</sup>评估了 HMOs 促进双歧杆菌

生长和酸化环境的能力,通过体外婴儿菌群厌氧发酵的研究得出,双歧杆菌 JCM7007 和长双歧杆菌 ATCC15697 能有效消耗低聚糖产生丰富的乳酸和短链脂肪酸,从而使肠道 pH 显著降低。在 Mark 等<sup>[39]</sup>的研究中发现,在严重发育不良的婴儿中,唾液溶出的低聚糖明显较少,而补充母乳后,婴幼儿肠道菌群可以健康的建立。因此,低聚糖可以介导母乳对婴儿健康的有益作用。

#### 3.2 配方奶粉喂养婴幼儿对肠道菌群的影响

母乳喂养和配方奶喂养的婴幼儿肠道菌群的组成结构存在明显的不同<sup>[40]</sup>。配方奶粉喂养的婴幼儿,肠道菌群更加多样化,除了双歧杆菌,还包括拟杆菌、肠杆菌、肠球菌和梭状芽孢杆菌等,其中双歧杆菌数量大约为 40%<sup>[41]</sup>。在 Nuriel 等<sup>[42]</sup>的研究中,喂养配方奶粉的婴幼儿在 1 月龄时,肠道内定植的菌群更多的是葡萄球菌、肠杆菌、肠球菌、乳酸杆菌等;当婴幼儿达到 3 月龄时,肠道内菌群更多是厚壁菌门。有研究发现,单纯喂养配方奶粉的婴幼儿其肠道定植力降低,抵抗病原菌侵袭能力减弱,容易发生感染,这有可能和单纯的喂养配方奶粉有关,由于单纯喂养配方奶粉会导致婴幼儿肠道内双歧杆菌数量大幅减小,而双歧杆菌是婴儿健康菌群中的主要微生物,可以抑制大肠杆菌和潜在致病菌生长的功能,帮助婴幼儿避免因这些致病菌感染而致的疾病<sup>[43]</sup>。

#### 3.3 母乳与配方奶粉混合喂养婴幼儿对肠道菌群的影响

母乳喂养明显对婴幼儿是有益的,但是由于各种生理因素以及社会因素的影响,越来越多的婴幼儿得不到母乳的喂养,而目前单纯的配方奶粉喂养婴幼儿虽然在肠道菌群上相比喂养母乳更加的多样化,但是对婴幼儿肠道有益的双歧杆菌数量却大大降低,婴幼儿的健康有所降低<sup>[44]</sup>。Ho 等<sup>[45]</sup>研究了母乳与配方奶粉的混合喂养方式,将母乳与配方奶粉同时对婴幼儿进行喂养,婴幼儿肠道菌群中拟杆菌门与厚壁菌门的数量明显高于纯母乳喂养组,而这种差别与分娩方式也相关,即喂养方式与分娩方式存在着相互交叉的影响<sup>[46]</sup>,改变着肠道菌群的组成结构。同时,采用混合喂养的婴幼儿肠道菌群中与糖类代谢以及脂肪酸合成相关的途径明显加快,一些维生素和辅因子的代谢途径则明显减缓。当然,同样有研究表明,从母乳喂养到配方喂养对肠道菌群多样性的影响并不具有一致性,这可能是奶粉配方不同造成的<sup>[47]</sup>。

#### 3.4 辅食喂养婴幼儿对肠道菌群的影响

世界卫生组织(World Health Organization, WHO)建议婴幼儿需有 6 个月纯母乳喂养<sup>[48]</sup>,6 个月以后,可以采用母乳与配方奶粉混合喂养,此时婴幼儿体内的肠道菌群既存在着大量的对肠道有益的双歧杆菌,又具有细菌的多样化

性。而当婴幼儿开始断奶并添加辅食后, 此时婴幼儿肠道菌群处于“大爆炸”的生长阶段, 各种不同种类的细菌在婴幼儿肠道内出现, 拟杆菌属、嗜胆菌属、梭菌属、丁酸弧菌属等肠道微生物的种类明显增多, 并逐渐过渡到成年人肠道微生物菌群<sup>[49]</sup>。另外, 婴幼儿在添加辅食后, 其肠道微生物菌群与饮食呈现相关性, 长期食用不同含量蛋白质、脂肪、纤维素的食物, 肠道内菌群数量、种类也会表现不同, 出现地域差异<sup>[50]</sup>。Bergström 等<sup>[51]</sup>对丹麦的 330 名出生在 9、18、36 个月后的健康婴幼儿的粪便进行研究, 发现当停止母乳喂养并引入辅食喂养后, 9~18 月的婴幼儿肠道菌群受停止母乳喂养的影响最大, 表现为双歧杆菌属、乳杆菌属减少, 厚壁菌门增多; 而 36 个月后的婴幼儿肠道菌群的总类则变化很少可见, 婴幼儿在添加辅食后, 肠道内的菌群经历了从种类多样化的过渡期, 逐渐趋于菌群稳定。

#### 4 结 语

随着肠道微生态研究的不断深入, 人们已经意识到肠道内这座巨大基因库对于人体发育过程所起到的作用, 人们对肠道菌群的建立与演替过程逐渐清楚。婴幼儿从出生时肠道菌群单一到多种细菌种群的建立, 由于母乳、配方奶粉对其菌群多样化的影响, 以及添加辅食后其饮食结构的逐渐改变, 其肠道菌群也发生了重大改变, 肠道菌群结构趋于稳定且出现多态性变化。因此, 不同的喂养方式对婴幼儿肠道菌群具有重要的影响。但是目前来说, 关于肠道细菌的研究尚不够深入, 肠道菌群对人体产生的作用的研究也停留在初级阶段, 另外由于肠道菌群研究方法差异, 目前众多肠道菌群研究结果无法整合进行统计学分析, 未来可通过建立肠道菌群标准化的研究方法, 研究不同的喂养方式对婴幼儿肠道菌群具体菌株、肠道代谢产物、肠道基因表达产物等的影响, 以便更加全面的了解喂养方式改变对婴幼儿肠道的影响。

#### 参考文献

- [1] 溢芳, 许卫东, 孙政. 生命早期肠道菌群与婴幼儿健康[J]. 国际儿科学杂志, 2019, 46(11): 835-839.  
Yi F, Xu WD, Sun Z. Intestinal microbiota and infant health in early life [J]. *Int J Pediatr*, 2019, 46(11): 835-839.
- [2] 贾宏信, 苏米亚, 陈文亮, 等. 婴儿喂养方式的改变对肠道菌群多样性的影响[J]. 中国微生态学杂志, 2016, 28(12): 1365-1369.  
Jia HX, Su MY, Chen WL, *et al.* Effects of feeding pattern changes on intestinal microflora diversity [J]. *Chin J Microecol*, 2016, 28(12): 1365-1369.
- [3] 刘佳. 母乳喂养对婴幼儿肠道菌群代谢影响的探讨[D]. 苏州: 苏州大学, 2019.  
Liu J. Effect of breastfeeding on intestinal flora metabolism of infants and young children [D]. Suzhou: Soochow University, 2019.
- [4] Jeurink PV, Van BJ, Jiménez E, *et al.* Human milk: A source of more life than we imagine [J]. *Benef Microb*, 2013, 4(1): 17-30.
- [5] Collado MC, Rautava S, Isolauri E, *et al.* Gut microbiota: A source of novel tools to reduce the risk of human disease [J]. *Pediatr Res*, 2015, 77(1-2): 182-188.
- [6] Qin J, Lir, Raes J, *et al.* A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing [J]. *Nature*, 2010, 464(7285): 59-65.
- [7] Tom V, Geert H, Evie DB, *et al.* Temporal stability analysis of the microbiota in human feces by denaturing gradient gel electrophoresis using universal and group-specific 16S rRNA gene primers [J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2004, 48(3): 437-446.
- [8] 曾嘉琦, 彭丽华, 杨云生. 婴幼儿肠道真菌菌群的建立和演替[J]. 解放军医学院学报, 2019, 40(12): 1196-1198.  
Zeng JQ, Peng LH, Yang YS. Research advances in establishment and succession of intestinal fungal flora in infants and young children [J]. *Acad J Chin PLA Med School*, 2019, 40(12): 1196-1198.
- [9] 李中宇, 李正红. 婴幼儿期肠道菌群的特点及其影响因素研究进展[J]. 北京医学, 2019, 41(11): 1040-1042.  
Li JY, Li ZH. Research progress on the characteristics and influencing factors of intestinal flora in infants [J]. *Beijing Med J*, 2019, 41(11): 1040-1042.
- [10] Stinson LF, Keelan JA, Payne MS. Characterization of the bacterial microbiome in first-pass meconium using propidium monoazide (PMA) to exclude nonviable bacterial DNA [J]. *Lett Appl Microbiol*, 2019, 68: 378-385.
- [11] 田莹, 张素茜, 林航, 等. 生命早期肠道菌群的建立及其影响因素[J]. 中国妇产科临床杂志, 2019, 20(5): 474-476.  
Tian Y, Zhang SH, Lin H, *et al.* Establishment of intestinal flora in early life and its influencing factors [J]. *Chin J Obstet Gynecol*, 2019, 20(5): 474-476.
- [12] 周冠舟, 彭丽华, 杨云生. 婴幼儿肠道菌群的定植与演替[J]. 生命科学, 2019, 31(8): 749-755.  
Zhou GZ, Peng LH, Yang YS. The colonization and succession of infant gut microbiota [J]. *Chin Bull Life Sci*, 2019, 31(8): 749-755.
- [13] Tamburini S, Shen N, Wu HC, *et al.* The microbiome in early life: Implications for health outcomes [J]. *Nat Med*, 2016, 22: 713-722.
- [14] Collado MC, Rautava S, Aakko J, *et al.* Human gut colonisation may be initiated in utero by distinct microbial communities in the placenta and amniotic fluid [J]. *Sci Reports*, 2016, 6: 23129.
- [15] Chu DM, Ma J, Prince AL, *et al.* Maturation of the infant microbiome community structure and function across multiple body sites and in relation to mode of delivery [J]. *Nat Med*, 2017, 23: 314-326.
- [16] 周谷成, 肖义军. 肠道微生物与人体健康[J]. 生物学通报, 2019, 54(1): 11-13.  
Zhou GX, Xiao YJ. Intestinal microorganisms and human health [J]. *Biol Bull*, 2019, 54(1): 11-13.
- [17] Guittar J, Shade A, Litchman E. Trait-based community assembly and succession of the infant gut microbiome [J]. *Nat Commun*, 2019, 10(1): 335-371.
- [18] Eric J, de M, Pål T. Individuality and convergence of the infant gut microbiota during the first year of life [J]. *Nat Commun*, 2018, 9(S1): e00036-17.
- [19] Mulligan CM, Friedman JE. Maternal modifiers of the infant gut microbiota: metabolic consequences [J]. *J Endocrinol*, 2017, 235: 1-12.

- [20] 周燕, 张士发. 影响婴幼儿肠道微生物定植的相关因素的研究进展[J]. 沈阳医学院学报, 2017, 19(2): 171-174.  
Zhou Y, Zhang SF. Research progress of the related factors influencing the infant gut microbial [J]. Colonizat J Shenyang Med Coll, 2017, 19(2): 171-174.
- [21] Yee AL, Miller E, Dishaw LJ, *et al.* Longitudinal microbiome composition and stability correlate with increased weight and length of very-low-birth-weight infants [J]. mSystems, 2019, 4: e00229.
- [22] 张高娜, 张建梅, 谷巍. 影响婴儿肠道菌群构成因素的研究进展[J]. 药学研究, 2013, 32(12): 716-718.  
Zhang GN, Zhang JM, Gu W. Research progress on factors of influencing the composition of infant gut flora [J]. J Pharm Res, 2013, 32(12): 716-718.
- [23] 黎海芪. 微生物与人类健康息息相关[J]. 临床儿科杂志, 2020, 38(7): 558-560.  
Li HQ. Microorganisms are closely related to human health [J]. J Clin Pediat, 2020, 38(7): 558-560.
- [24] 汪席敏, 王慧, 杨光勇, 等. 肠道菌群及其相关疾病的研究现状[J]. 贵阳中医学院学报, 2019, 41(4): 73-76.  
Wang XM, Li H, Yang GY, *et al.* Research status of intestinal flora and related diseases [J]. J Guiyang Coll Tradit Chin Med, 2019, 41(4): 73-76.
- [25] Toshima H, Hachio M, Ikemoto Y, *et al.* Prevalence of enteric bacteria that inhibit growth of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157 in humans [J]. Epidemiol Infect, 2007, 135(1): 110-117.
- [26] Hill MJ. Intestinal flora and endogenous vitamin synthesis [J]. Eur J Cancer Prev, 1997, 6: S43-S45.
- [27] 杨森, 赵笑笑, 宋馨, 等. 双歧杆菌的分离培养和生理功能研究进展[J]. 工业微生物, 2020, 50(4): 45-51.  
Yang M, Zhao XX, Song X, *et al.* Recent advance in screening and physiological function of *Bifidobacterium* [J]. Ind Microbiol, 2020, 50(4): 45-51.
- [28] 王晓明, 杨靖. 婴儿肠道菌群建立及与疾病的关系研究进展[J]. 临床儿科杂志, 2018, 36(8): 626-629.  
Wang XM, Yang J. Advances in influencing factors on intestinal microbiota establishment and its relationship with diseases in infants [J]. J Clin Pediat, 2018, 36(8): 626-629.
- [29] Cahenzli J, Koller Y, Wyss M, *et al.* Intestinal microbial diversity during early-life colonization shapes long-term IgE levels [J]. Cell Host Microbe, 2013, 14(5): 559-570.
- [30] Koenig JE, Spor A, Scalfone N, *et al.* Succession of microbial consortia in the developing infant gut microbiome [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2011, 108(S1): 4578-4585.
- [31] 范文广. 婴幼儿奶粉组分调控婴幼儿肠道菌群的研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2014.  
Fan WG. Study on the regulation of infant milk powder components on intestinal flora of infants [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2014.
- [32] 欧阳凤秀, 王旭. 生命早期肠道菌群的影响因素与儿童肥胖[J]. 上海交通大学学报(医学版), 2016, 36(9): 1378-1382.  
Ou Yang XF, Wang X. Factors influencing gut microbiota in early life and childhood obesity [J]. J Shanghai Jiaotong Univ (Med Sci), 2016, 36(9): 1378-1382.
- [33] Sahl JW, Matalka MN, Rasko DA. Phylomark a tool to identify conserved phylogenetic markers from whole-genome alignments [J]. Appl Environ Microbiol, 2012, 78(14): 4884-4492.
- [34] Hermie JM, Harmsen ACM, Wildeboer V, *et al.* Analysis of intestinal flora development in breast-fed and formula-fed infants by using molecular identification and detection methods [J]. J Pediat Gastroenterol Nutr, 2000, 30(1): 61-67.
- [35] 陈雪, 刘峰, 栾庆民, 等. 母乳低聚糖研究进展[J]. 精细与专用化学品, 2019, 27(12): 10-12.  
Chen X, Liu F, Luan QM, *et al.* Research progress on human milk oligosaccharides (HMOs) [J]. Fine Specialt Chem, 2019, 27(12): 10-12.
- [36] 赵洁, 孙天松. 母乳对婴儿肠道菌群及免疫系统影响的研究进展[J]. 食品科学, 2017, 38(1): 289-296.  
Zhao J, Sun TS. Recent advances of the role of human breast milk in the development of the intestinal microbiota and immune system of infants [J]. Food Sci, 2017, 38(1): 289-296.
- [37] 杨凯, 张天博, 薛江超, 等. 益生元组合在婴幼儿配方奶粉中的应用[J]. 中国奶牛, 2017, (12): 46-49.  
Yang K, Zhang TB, Xue JC, *et al.* Research on the application of prebiotics combinations in infant formula [J]. China Dairy Cattle, 2017, (12): 46-49.
- [38] Yu ZT, Chen C, Kling DE, *et al.* The principal fucosylated oligosaccharides of human milk exhibit prebiotic properties on [J]. Glycobiology, 2013, 23(2): 169-177.
- [39] Mark RC, David OD, Laura VB, *et al.* Sialylated milk oligosaccharides promote microbiota-dependent growth in models of infant undernutrition [J]. Cell, 2016, 164(5): 859-871.
- [40] Wang M, Li M, Wu S, *et al.* Fecal microbiota composition of breast-fed infants is correlated with human milk oligosaccharides consumed [J]. J Pediat Gastroenterol Nutr, 2015, 60(6): 825-833.
- [41] 杨莉, 葛武鹏, 梁秀珍, 等. 高通量测序技术研究不同喂养和分娩方式对不同月龄婴幼儿肠道菌群的影响[J]. 食品科学, 2019, 40(17): 208-215.  
Yang L, Ge WP, Liang XZ, *et al.* Effects of feeding and delivery modes on intestinal flora of infants of different ages investigated by high-throughput sequencing [J]. Food Sci, 2019, 40(17): 208-215.
- [42] Nuriel OM, Neuman H, Koren O. Microbial changes during pregnancy, birth, and infancy [J]. Front Microbiol, 2016, 7: 1031.
- [43] Baranowski JR, Claud EC. Necrotizing enterocolitis and the preterm infant microbiome [J]. Adv Exp Med Biol, 2019, 1125: 25-36.
- [44] 郭锦杰. 婴幼儿肠道微生物的发育及最接近母乳的配方奶粉研究进展[J]. 食品安全导刊, 2017, (36): 47-49.  
Guo JJ. Progress in studies on intestinal microbial development of infants and infant formula closest to breast milk [J]. Chin Food Saf Magaz, 2017, (36): 47-49.
- [45] Ho NT, Li F, Lee-Sarwar KA, *et al.* Meta-analysis of effects of exclusive breastfeeding on infant gut microbiota across populations [J]. Nat Commun, 2018, 9: 4169.
- [46] 杨莉, 葛武鹏, 王瑞, 等. 不同月龄、性别、分娩方式对婴儿肠道菌群差异性分析[J]. 营养学报, 2019, 41(4): 352-357.  
Yang L, Ge WP, Wang R, *et al.* Differences in intestinal flora of infants at different month ages, genders, and delivery modes [J]. Acta Nutr Sin, 2019, 41(4): 352-357.
- [47] 王小芹, 杨毅, 徐秀, 等. 不同喂养方式对婴儿肠道菌群的影响[J]. 中

国儿童保健杂志, 2004, 12(1): 40-41.

Wang XH, Yang Y, Xu X, *et al.* Influence of different feed fashion on intestinal microflora in infants [J]. *Chin J Child Heathy Care*, 2004, 12(1): 40-41.

[48] Rogier EW, Frantz AL, Bruno ME, *et al.* Lessons from mother: Long-term impact of antibodies in breast milk on the gut microbiota and intestinal immune system of breastfed offspring [J]. *Gut Microb*, 2014, 5(5): 663-668.

[49] 刘伟, 冯金秋, 范爱琴, 等. 婴儿肠道菌群的构成及影响因素[J]. *中华预防医学杂志*, 2017, 51(5): 453-456.

Liu W, Feng JQ, Fan AQ, *et al.* The composition of gut microbiota in infant and its influencing factors [J]. *Chin J Prev Med*, 2017, 51(5): 453-456.

[50] Carlotta DF, Duccio C, Monica DP, *et al.* Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from Europe and rural Africa [J]. *Proceed Nat Acad Scie United States Am*, 2010, 107(33):

14691-14696.

[51] Bergström A, Skov TH, Bahl MI, *et al.* Establishment of intestinal microbiota during early life: A longitudinal, explorative study of a large cohort of Danish infants [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2014, 80(9): 2889-2900.

(责任编辑: 韩晓红)

### 作者简介

王新梅, 主要研究方向为小儿内科。  
E-mail: 13260649725@163.com



## 食品加工工艺优化及应用研究

随之人类对自身健康的关注及生活水平的提高, 加工食品因保持其原色、原味及食品营养成分的优越性备受瞩目。越来越多的新工艺新方法应用于食品加工业, 尤其是多种工艺的综合利用, 对食品行业的发展起到了巨大的推动作用。

鉴于此, 本刊特别策划“食品加工工艺优化及应用研究”专题, 主要围绕加工工艺优化(提取工艺优化、配方优化、纯化优化、制备优化、响应面法优化等)、食品加工的综合利用及评价等问题展开讨论, 计划在 2021 年 2/3 月出版。

鉴于您在该领域的成就, 学报主编国家食品安全风险评估中心 吴永宁 研究员特邀请您为本专题撰写稿件, 以期进一步提升该专题的学术质量和影响力, 综述及研究论文均可。请在 2021 年 1 月 30 日前通过网站或 E-mail 投稿。我们将快速处理并经审稿合格后优先发表。

同时烦请您帮忙在同事之间转发一下, 希望您能够推荐该领域的相关专家并提供电话和 E-mail。再次感谢您的关怀与支持!

投稿方式(注明专题食品加工工艺优化及应用研究):

网站: [www.chinafoodj.com](http://www.chinafoodj.com)(备注: 投稿请登录食品安全质量检测学报主页-作者

登录-注册投稿-投稿栏目选择“2020 专题: 食品加工工艺优化及应用研究”)

邮箱投稿: E-mail: [jfoodsq@126.com](mailto:jfoodsq@126.com)(备注: 食品加工工艺优化及应用研究专题投稿)

《食品安全质量检测学报》编辑部