刘思雨, 卜荣平, 黄家铭, 等. 红耳龟肠道缓解高尿酸血症的乳酸菌筛选及其功能特性研究 [J]. 食品工业科技, 2026, 47(6): 171−180. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030414

LIU Siyu, BU Rongping, HUANG Jiaming, et al. Screening and Functional Characterization of Lactic Acid Bacteria for Alleviating Hyperuricemia in the Intestine of *Trachemys scripta elegans*[J]. Science and Technology of Food Industry, 2026, 47(6): 171−180. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030414

·生物工程·

红耳龟肠道缓解高尿酸血症的乳酸菌筛选及其功能特性研究

刘思雨[1], 卜荣平[2], 黄家铭[1], 廖宇浩[2], 时　萍[1,*], 刘远森[1,*]

(1.北部湾海产健康养殖与绿色加工实验室, 广西壮族自治区海洋食品营养与加工技术创新工程研究中心, 广西高校北部湾海产品高值化利用与预制食品重点实验室, 北部湾大学食品工程学院, 广西钦州 535011;
2.北部湾大学海洋学院, 广西钦州 535011)

摘　要: 本研究旨在从红耳龟肠道微生物中筛选具有尿酸调节潜力的乳酸菌, 并系统评估其功能特性。通过建立以尿酸为唯一碳氮源的选择性培养基进行初筛, 结合体外尿酸降解活性测试及黄嘌呤氧化酶抑制实验进行复筛, 最终经 16S rDNA 测序鉴定获得两株优势菌株, 并对菌株的功能特性进行表征。结果表明: 菌株 *Enterococcus hirae* YL-3 和 *Enterococcus durans* YL-8 对尿酸的降解率达到 83.83% 和 85.48%; 对黄嘌呤氧化酶的抑制率分别为 71.72% 和 65.79%, 均具有良好的降尿酸潜力。此外, 菌株 YL-3 展现良好的发酵特性、益生特性: 在 6% NaCl 的培养基中的 OD_{600} 为 0.76, 显著高于空白组的 0.55 (P<0.05); 在 pH3.0 条件下的存活率为 75.46%; 在 0.3% 胆盐条件下的存活率为 99.53%; 自聚集率为 89.38%。菌株 YL-8 展现良好抗氧化活性: 其发酵上清液对 DPPH·、$ABTS^{+}$·和·OH 的清除率分别为 60.22%、93.66% 和 99.25%。本研究首次从红耳龟肠道中分离获得具有高效尿酸降解能力和抑制黄嘌呤氧化酶活性的乳酸菌, 为开发缓解高尿酸血症的益生菌制剂提供理论依据。

关键词: 红耳龟, 乳酸菌, 尿酸降解, 黄嘌呤氧化酶, 益生特性

中图分类号: TS252.1　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1002−0306(2026)06−0171−10

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030414　　本文网刊:

Screening and Functional Characterization of Lactic Acid Bacteria for Alleviating Hyperuricemia in the Intestine of *Trachemys scripta elegans*

LIU Siyu[1], BU Rongping[2], HUANG Jiaming[1], LIAO Yuhao[2], SHI Ping[1,*], LIU Yuansen[1,*]

(1.Laboratory of Beibu Gulf Marine Product Healthy Aquaculture and Green Processing, Guangxi Zhuang Autonomous Region Engineering Research Center of Marine Food Nutrition and Processing Technology Innovation, Guangxi College and University Key Laboratory of High-value Utilization of Seafood and Prepared Food in Beibu Gulf, College of Food Engineering, Beibu Gulf University, Qinzhou 535011, China;
2.College of Marine Science, Beibu Gulf University, Qinzhou 535011, China)

Abstract: This study aimed to screen lactic acid bacteria (LAB) with uric acid-regulating potential from the gut microbiota of *Trachemys scripta elegans* and systematically evaluate their functional characteristics. The selective culture medium with uric acid as the sole carbon and nitrogen source was established for primary screening, combined with *in vitro* uric acid

收稿日期: 2025−04−01

基金项目: 国家自然科学基金委员会 (32300415); 北部湾大学大学生创新创业训练计划项目 (S202411607204)。

作者简介: 刘思雨 (2006−), 女, 本科, 研究方向: 益生菌资源开发与利用, E-mail: 15549684792@163.com。

*** 通信作者:** 时萍 (1998−), 女, 硕士研究生, 研究方向: 益生菌资源开发与利用, E-mail: bbgu040sp@163.com。

刘远森 (1998−), 男, 硕士研究生, 研究方向: 淀粉质资源开发与利用, E-mail: liuyuansen21@bbgu.edu.cn。

(UA) degradation activity test and xanthine oxidase (XOD) inhibition experiment for secondary screening. Finally, two dominant strains were identified by 16S rDNA sequencing, and their functional characteristics were characterized. Results demonstrated that strains *Enterococcus hirae* YL-3 and *Enterococcus durans* YL-8 exhibited UA degradation rates of 83.83% and 85.48%, respectively, along with XOD inhibition rates of 71.72% and 65.79%, indicating significant hypouricemic potential. Additionally, strain YL-3 exhibited excellent fermentation and probiotic characteristics. In media with 6% NaCl, it achieved an OD_{600} of 0.76, outperforming the blank group's 0.55 (P<0.05). It also showed a survival rate of 75.46% under pH3.0 conditions and 99.53% in the presence of 0.3% bile salts; Its autoaggregation rate was 89.38%. Strain YL-8 demonstrated strong antioxidant activity, with its fermentation supernatant achieving DPPH·, $ABTS^{+}$·, and ·OH scavenging rates of 60.22%, 93.66%, and 99.25%, respectively. In this study, LAB with high uric acid degradation ability and xanthine oxidase activity were isolated from the intestine of *Trachemys scripta elegans* for the first time, which provided theoretical basis for developing probiotic preparation to alleviate hyperuricemia.

Key words: *Trachemys scripta elegans*; lactic acid bacteria; uric acid degradation; xanthine oxidase; probiotic characteristics

尿酸(Uric acid, UA)是人体嘌呤代谢的最终产物,在抗氧化、减少炎症和神经保护等方面发挥重要作用,在人体内通过肾脏和肠道代谢以维持动态平衡[1−3]。然而,尿酸代谢异常会引发高尿酸血症、痛风以及高血压等多种代谢疾病[4−5]。据统计,全球高尿酸血症和痛风患者人数已超过 10 亿,且发病率逐年上升,患者群体呈现年轻化趋势[6−7]。目前,临床药物如别嘌呤醇、非布司他等能有效降低尿酸水平,但存在皮疹、肝毒性等不良反应[8−9]。因此,探索安全、健康的尿酸调控方法已成为当前研究的热点。

乳酸菌(Lactic acid bacteria, LAB)因其安全性高、副作用小而受到广泛关注,并已被用作益生菌以发挥抗炎作用[10]、营养代谢[11−13] 以及肠道菌群结构的调整[14]。近年来,研究发现特定的乳酸菌菌株能够参与尿酸降解、抑制黄嘌呤氧化酶活性,从而缓解高尿酸血症。例如,*Lactobacillus fermentum* JL-3 可使高尿酸小鼠血清尿酸降低 31.3%[15]。*Lacticaseibacillus paracasei* JS-3 能显著减少高尿酸鹌鹑粪便尿酸含量达 49%[16]。此外,Zhao 等[17] 研究发现,以抑制黄嘌呤氧化酶(Xanthine oxidase, XOD)为指标筛选出的 *Limosilactobacillus fermentum* NCU003018 可使高尿酸小鼠血清尿酸降低 30.77%。Tan 等[18] 以抑制 XOD 为指标筛选出的 *Weissella cibaria* X1 可使高尿酸斑马鱼尿酸降低 46.55%。这些研究结果表明,LAB 在高尿酸血症和痛风的预防与治疗方面具有潜在的应用价值。

值得注意的是,动物肠道来源的乳酸菌因其天然的胃肠道适应性,展现出更优的定植优势。Li 等[19] 从家禽肠道分离的 *Lactobacillus aviarius* CML180 可通过水解嘌呤核苷减少尿酸前体吸收。蚁硕钊等[20]从海洋动物肠道中筛选出的 *L. fermentum* 2Y-15 对肌苷、腺苷的降解率为 100%,对鸟苷的降解率为 98.60%。Fu 等[21] 从患有高尿酸血症的鹅盲肠中筛选出的 *Lactobacillus plantarum* SQ001 通过核苷水解酶基因调控有效降低小鼠血尿酸水平。

目前,有药理学研究发现,含龟板成分的龟龄露酒可通过多靶点作用降低尿酸水平[22],但针对龟类肠道微生物的尿酸调控潜力尚未见报道。红耳龟(*Trachemys scripta elegans*)作为典型入侵物种[23],其强大的环境适应性可能与独特的肠道微生物群相关。前期研究发现盐度胁迫会显著改变红耳龟体内尿酸水平,提示其肠道菌群可能在尿酸代谢调节中发挥关键作用[24]。基于此,本研究提出假设:红耳龟肠道微生物中可能存在具有降尿酸潜力的菌株。本研究拟通过体外尿酸降解实验和黄嘌呤氧化酶抑制实验,系统筛选红耳龟肠道内容物中的功能乳酸菌,并进一步评估其益生特性、抗氧化特性和发酵特性。研究结果将为开发安全、高效的尿酸调节制品提供理论依据,同时为高尿酸血症的治疗提供新的思路和方向。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

红耳龟　钦州市售;MRS 琼脂、MRS 肉汤　海博生物青岛有限公司;尿酸　分析纯,阿拉丁生化科技上海有限公司;牛胆盐　分析纯,国药集团化学试剂有限公司;硫酸亚铁　分析纯,山东科源生化有限公司;别嘌呤醇、黄嘌呤　分析纯,麦克林生化科技上海有限公司;增强革兰氏染色液、2,2'-联氮-双(3-乙基苯并噻唑啉-6-磺酸)二铵盐(ABTS)、1,1-二苯基-2-三硝基苯肼(DPPH)、黄嘌呤氧化酶　分析纯,源叶生物科技上海有限公司;尿酸试剂盒　南京建成生物工程研究所。

Biotek/Synergy H1 多功能酶标仪　美国伯腾仪器有限公司;SJ-CJ-2FD 超净工作台　苏洁医疗器械江苏有限公司;SPX-250BSH-Ⅱ生化培养箱　新苗医疗器械制造上海有限公司;BSA223S 电子分析天平　赛多利斯科学仪器北京有限公司;IS-RSDA 台式恒温振荡器　捷美电子苏州有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1　体外筛选高效降尿酸菌株

1.2.1.1　降尿酸菌株的分离和纯化　将红耳龟在 30 ℃ 的饲养箱中驯化暂养两周后,挑选健康个体进行实验。取红耳龟的大小肠用无菌生理盐水冲洗肠

道表面以去除油脂，并将肠道均分为若干段，每段长约 3~4 cm。将肠道内容物用生理盐水稀释至 10%，制备不同浓度的肠道内容物溶液。随后，将不同浓度的肠道内容物溶液均匀涂布于以尿酸为唯一碳氮源的固体培养基上（尿酸终浓度为 11 mmol/L），在 37 ℃ 下培养 36 h。观察并标记长势良好且在菌落周围形成透明圈的菌株[15]。挑取标记的菌株接种至 MRS 液体培养基中，于 37 ℃ 培养 36 h，选择浑浊的菌液接种至 MRS 固体培养基进行进一步筛选。最后，挑取生长良好且符合乳酸菌菌落特征的菌株，用 30% 甘油保藏。

1.2.1.2　菌株降解尿酸能力的测定　将筛选出的菌株接种至 MRS 液体培养基中，37 ℃ 下分别培养 24 h 和 48 h 后收集菌液用于后续实验。菌液在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集菌体沉淀，并用 1 mL 生理盐水洗涤两次。随后，将菌体重悬于 0.5 mL 含 2 mmol/L 尿酸的灭菌磷酸盐缓冲液（Phosphate-Buffered Saline，PBS）中，在 37 ℃、220 r/min 条件下反应 12 h。反应结束后，反应液在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min 收集上清液[15]。采用尿酸试剂盒在 510 nm 处测吸光度[15]。UA 的浓度按以下公式计算：

$$C(\mu mol/L) = \frac{A_e - A_b}{A_s - A_b} \times C_b$$

式中：C 表示 UA 浓度，μmol/L；A_e 表示 12 μL PBS+8 μL上清液+150 μL 反应液；A_b 表示 20 μL PBS +150 μL反应液；A_s 表示 20 μL 标准品+150 μL 反应液；C_b 表示 400 μmol/L UA 溶液；反应液含有 Tris-HCl 缓冲液、过氧化酶和尿酸酶。

1.2.2　菌株对 XOD 的抑制　将 1%（v/v）的菌株接种至 MRS 液体培养基中，于 37 ℃ 培养 36 h。经过 3 次传代后，菌液在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集菌体沉淀，用 1 mL 的生理盐水洗涤 2 次。弃去上清液后，将菌体重悬于 1 mL 的 PBS（pH 7.0）中，在 37 ℃、220 r/min 条件下孵育 48 h。孵育结束后，反应液在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集上清液用于分析 XOD 抑制活性。酶促反应体系按表 1 配制，分别在反应开始 0 min 和 10 min 时于 293 nm 波长处测定吸光度[17]。XOD 的抑制率按以下公式计算：

$$XOD的抑制率(\%) = \left(1 - \frac{A_s - A_{s0}}{A_b - A_{b0}}\right) \times 100$$

表 1　XOD 抑制率实验的反应体系

Table 1　Reaction system for detecting XOD inhibition rate

组别	样液体积（μL）				
	PBS（pH7）	XOD	别嘌呤醇	上清液	黄嘌呤
样品组	212	10	0	20	8
阳性组	212	10	20	0	8
空白组	232	10	0	0	8

式中：A_s 表示 10 min 后样品/阳性组（别嘌呤醇）的吸光度；A_{s0} 表示 0 min 时样品/阳性组的吸光度；A_b 表示 10 min 时空白组的吸光度；A_{b0} 表示 0 min 时空白组的吸光度。

1.2.3　革兰氏染色　将培养好的菌液转移至载玻片上制片后，滴加结晶紫染液并保持 1 min，后用蒸馏水冲洗并晾干。滴加碘液进行媒染，保持 1 min，后用蒸馏水冲洗并晾干。滴加无水乙醇进行脱色，保持 20 s，用蒸馏水冲洗并晾干。最后滴加番红进行复染，保持 1 min 后，用蒸馏水冲洗并晾干。在光学显微镜下（放大倍数：1000×）观察并记录实验现象[25]。

1.2.4　菌株 16S rDNA 基因测序鉴定及构建系统发育　使用细菌 DNA 提取试剂盒提取待测菌株的基因组 DNA，并采用细菌通用引物 27 F（5′-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3′）和 1492 R（5′-AAGGAGGTGATCCAGCCGCA-3′）扩增 16S rDNA序列。扩增产物由中国上海生工生物科技有限公司进行测序。随后，利用 NCBI 数据库（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/）中的 BLAST 算法鉴定分离株[26]。基于 16S rDNA 序列的差异分析菌株间的遗传多样性，并运用 MEGA 11 软件构建系统发育树。

1.2.5　乳酸菌发酵特性的研究

1.2.5.1　乳酸菌生长和产酸状况的测定　将待测菌种按 1%（v/v）接种量接种至 MRS 液体培养基中，在 0、2、4、6、8、10、12 和 14 h 取样在 600 nm 处测吸光度，以未接种乳酸菌的 MRS 培养基为空白绘制菌株的生长曲线。同时采用 pH 计检测 MRS 液体培养基的 pH，绘制产酸曲线。

1.2.5.2　乳酸菌耐盐性的测定　将菌株按 1%（v/v）的接种量接种在 6% NaCl 的 MRS 液体培养基中，在 37 ℃ 下培养 24 h，取样在 600 nm 处测吸光度[27]。实验以空白 MRS 液体培养基为空白，分析目的菌株的耐盐特性。

1.2.5.3　乳酸菌耐亚硝酸盐性的测定　将菌株按 1%（v/v）的接种量接种于添加 150 mg/L 的 $NaNO_2$ 的 MRS 液体培养基，在 37 ℃ 培养 24 h，取样在 600 nm 处测吸光度。实验以空白 MRS 液体培养基为空白，分析目的菌株对亚硝酸盐的耐受能力。

1.2.6　乳酸菌益生特性的研究

1.2.6.1　乳酸菌耐酸性的测定　取 1.0×10^9 CFU/mL 活化菌株 500 μL 接种到 1 mL MRS 液体培养基（pH3.0）中，37 ℃ 培养[28]。在 0 h 和 3 h 取样，采用稀释涂布法测定活菌数。以接种常规的 MRS 液体培养基为对照（pH6.5），比较目的菌在酸性条件下的存活能力。

$$菌株的存活率(\%) = \frac{C_{3\,h}}{C_{0\,h}} \times 100$$

式中：$C_{3\,h}$ 表示培养 3 h 后菌落数；$C_{0\,h}$ 表示 0 h 菌落数。

1.2.6.2 乳酸菌耐胆盐性的测定 取 1.0×10^9 CFU/mL 活化好的菌株 500 μL 接种到牛胆盐含量为 0.3% 的 1 mL MRS 液体培养基中，37 ℃ 培养[28]。在 0 h 和 3 h 取样，采用稀释涂布法测定活菌数。以接种常规 MRS 液体培养基为对照，比较目的菌在胆盐条件下的存活能力。

1.2.6.3 乳酸菌自聚集性的测定 将菌株以 1%(v/v)的接种量接种在 MRS 培养基在 37 ℃ 条件下培养 24 h 后，5000 r/min 离心 10 min，弃去上清液，菌体用 PBS(pH7.2)洗涤 2 次，重悬于 PBS 缓冲液。用 PBS 缓冲液将菌体数调整到 0.5(600 nm)的吸光度并涡旋(3000 r/min)混合 10 s 获得待测溶液。取待测溶液分别静置 2、4 和 6 h 后在 600 nm 波长下测定吸光度，分别记为 A_{t1}、A_{t2} 和 A_{t3}。菌株的自聚集率通过以下公式计算：

$$自聚集率(\%)=\left(1-\frac{A_t}{A_0}\right)\times100$$

式中：A_t 表示静置 t h 时重悬液的吸光度；A_0 表示静置前重悬液的吸光度。

1.2.7 乳酸菌抗氧化活性的测定

1.2.7.1 乳酸菌发酵上清液和菌液的制备 将菌株以 1%(v/v)的接种量接种于 MRS 培养基中，于 37 ℃ 培养 24 h，连续传代 3 次后，以 10000 r/min 离心 10 min，收集上清液作为发酵上清液(Fermentation supernatant，FS)。菌体沉淀用生理盐水洗涤两次，重悬于生理盐水中，并将菌体浓度调整至 OD_{600}=1.0，作为菌体悬液(Bacterial suspension，BS)[29]。FS 和 BS 为抗氧化活性实验的待测溶液。

1.2.7.2 1,1-二苯基-2-苦基肼(DPPH)自由基清除活性 将 1 mL 待测溶液和 1 mL DPPH 溶液(0.2 mmol/L 无水乙醇)，室温下避光反应 30 min，在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集上清液，517 nm 处测吸光度变化[29]。按以下公式计算 DPPH 自由基清除率：

$$DPPH自由基清除率(\%)=\left(1-\frac{A_s-A}{A_0}\right)\times100$$

式中：A_s 表示样品吸光度，A 表示加入乙醇代替 DPPH 自由基溶液的反应吸光度，A_0 表示加入等体积 PBS 代替样品溶液的反应吸光度。

1.2.7.3 2,2'-联氮-双(3-乙基苯并噻唑啉-6-磺酸)二铵盐(ABTS)自由基清除活性 通过混合 ABTS 溶液(7 mmol/L)和过硫酸钾溶液(2.45 mmol/L)来制成 ABTS 储备液，在避光条件下静置 12~16 h 后将该溶液用无水乙醇稀释至 0.7(734 nm)的吸光度制成 ABTS 工作液。将 0.15 mL 待测溶液与 2 mL ABTS 工作液混匀，室温避光反应 6 min 后，在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集上清液，在 734 nm 处测定吸光度[30]。按以下公式计算 $ABTS^+$ 自由基清除率：

$$ABTS^+自由基清除率(\%)=\left(1-\frac{A_{sample}}{A_{blank}}\right)\times100$$

式中：A_{sample} 表示 0.15 mL 样品+2 mL ABTS 工作液；A_{blank} 表示用同体积的蒸馏水替换样品。

1.2.7.4 ·OH 自由基清除活性 向 2 mL 待测溶液加入 1 mL 的 5 mmol/L 硫酸亚铁溶液、5 mmol/L 水杨酸-乙醇溶液和 3 mmol/L H_2O_2。混合物在 37 ℃ 水浴 20 min 后，在 4 ℃ 条件下 8000 r/min 离心 10 min，收集上清液，在 510 nm 处测吸光度。按以下公式计算·OH 自由基清除率[29]：

$$·OH自由基清除率(\%)=\left(1-\frac{A_1-A_{10}}{A_0}\right)\times100$$

式中：A_1 表示样品组的吸光度；A_{10} 表示 H_2O_2 溶液被同体积纯水代替的吸光度；A_0 表示样品被同体积纯水代替的吸光度。

1.3 数据处理

所有实验进行三次独立的重复实验，数据以三次独立实验的平均数值±标准偏差(SD)来呈现。使用 IBM SPSS Statistics 26 对数据的单因素方差进行分析(ANOVA)，以评估统计学意义，其中 P<0.05 被认为具有统计学意义。使用 Origin 2024 进行绘图。本文图中同一指标的不同字母代表样品间具有显著性差异(P<0.05)。

2 结果与分析

2.1 高效尿酸降解能力的菌株筛选

2.1.1 降尿酸菌株的分离和纯化 在以尿酸作为唯一碳源和氮源的选择性培养基中，培养基表面可见若干菌落并具有明显的透明圈(图 1)。菌落周围形成的透明圈表明菌株在利用尿酸进行生长和代谢过程中产生了降解作用[31]。透明圈的大小和清晰度反映了不同菌株对尿酸的降解能力[32]。挑取出表面光滑湿润，呈乳白色不透明光泽的 8 株菌株扩大培养进一步研究，并分别记名为 YL-1、YL-2、YL-3、YL-4、YL-5、YL-6、YL-7 和 YL-8。

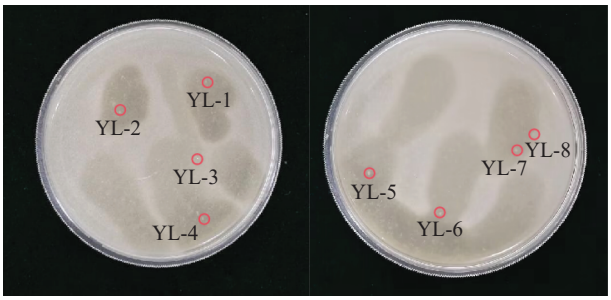


图 1 菌株在以尿酸为唯一碳氮源培养基的降解现象

Fig.1 Degradation phenomenon of strains on a medium with uric acid as the sole carbon and nitrogen source

2.1.2 菌株的降解尿酸能力 在本研究中，从红耳龟肠道中筛选出的菌株在 24 h(图 2A)和 48 h(图 2B)培养后对尿酸的降解能力进行了评估。在 24 h 培

养后，YL-3、YL-5、YL-8 菌株表现出较好的降解率，分别为 21.55%±0.23%、21.39%±0.74% 和 23.35%±1.29%，显著高于其他菌株的降解率（P<0.05）。此外，菌株 YL-3、YL-8 在48 h 内降解率较高，降解率分别为 83.83%±2.54%和 85.48%±4.64%，显著高于其他菌株（P<0.05）。这些结果表明，YL-3 和 YL-8 菌株表现出了优异的降尿酸能力。在 Wu 等[16] 的报告中，*Lb. fermentum* JS-3 在 72 h 的 UA 降解率为 16.11%。在 Wu 等[15]的报告中，*L. fermentum* JL-3 24 h 的 UA 降解率为 40.90%。本文的研究趋势与之一致。本研究中的 YL-3 和 YL-8 菌株在较短的时间内实现了较高的尿酸降解率，这可能与红耳龟独特的生理特性和肠道微生物群落结构密切相关[33]。基于上述结果，后续实验将选择具有优异降尿酸潜力的菌株 YL-3 和 YL-8进行重点研究。

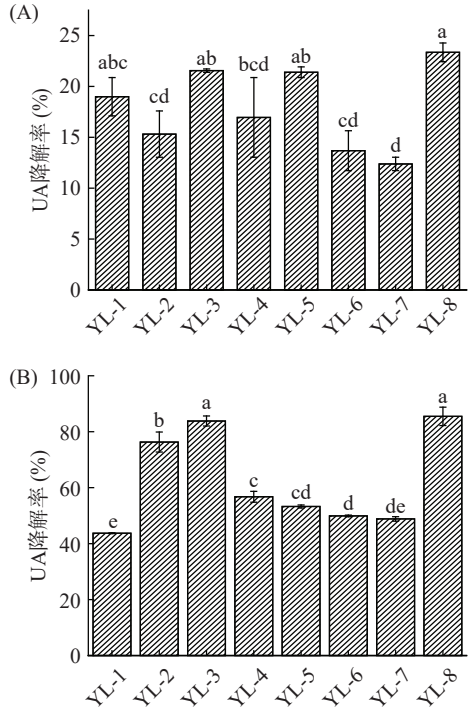


图 2　筛选具有尿酸降解能力的菌株

Fig.2　Screening of strain in degrading UA

注：(A)菌株培养 24 h 后的 UA 降解率；(B)菌株培养 48 h 后的 UA 降解率。具有相同字母的菌株之间的差异不显著，而分配不同字母的菌株存在显著差异，P<0.05。

2.2　菌株对 XOD 的抑制作用

XOD 是参与肝脏 UA 产生的关键酶，具有催化氧化黄嘌呤和次黄嘌呤生成 UA 作用[34]。本研究发现，YL-3 和 YL-8 菌株对 XOD 活性具有显著抑制作用，抑制率分别为 71.72%±3.50%、65.79%±2.46%，未出现显著差异（P>0.05）（图 3）。尽管两菌株间未呈现统计学差异，但其抑制效果显著高于文献报道的乳酸菌株，包括 *Limosilactobacillus fermentum* NCU003018（30.77%）[17]、*Weissella cibaria* X1（57.77%）[18] 及 *Lactobacillus reuteri* NCUF203.1（40.46%）[35]。本研究中阳性对照别嘌呤醇的抑制率为 94.14%±4.09%，与菌体上清液处理组存在显著性差异（P<0.05），此趋势与王家彬等[36] 及呼静等[37] 研究结果一致。进一步分析表明，乳酸菌的 XOD 抑制效应可能与其分泌的活性成分相关。首先，上清液中的有机酸类物质（如乳酸、乙酸）可直接干扰 XOD 活性位点，这与崔方超等[38] 提出的结论相吻合。此外，乳酸菌菌株可以通过分泌超氧化物歧化酶清除 XOD催化反应产生的超氧阴离子自由基，同时依赖谷胱甘肽过氧化物酶和过氧化氢分解 H_2O_2，从而阻断活性氧对 XOD 的正反馈激活通路[39]，这可能也是本研究中乳酸菌上清液表现良好 XOD 抑制作用的重要原因。

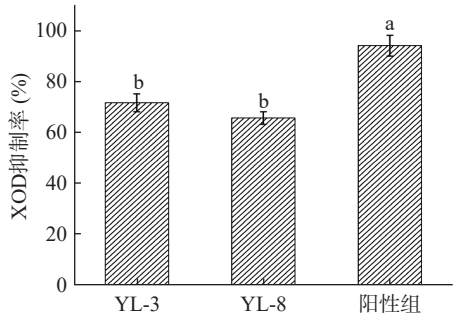


图 3　菌株上清液对 XOD 的抑制作用

Fig.3　Inhibition rate of strain supernatant on XOD

注：不同字母的菌株存在显著差异，P<0.05。

2.3　革兰氏染色和系统发育树分析

革兰氏染色根据菌株的细胞壁结构的不同常用于分析菌株的分类与鉴定，属于微生物分类学中快速鉴定的一种重要方法[25]。革兰氏染色结果显示，YL-3（图 4A）和 YL-8（图 4B）菌株均呈紫色，表明其为革兰氏阳性菌。两株菌形态为球状，呈簇状或链状排列，染色较深，符合 LAB 的菌株形态特征。进一步通过 16S rDNA 基因测序及 NCBI BLAST 比对，YL-3（图 4C）和 YL-8（图 4D）与肠球菌属（*Enterococcus* sp.）具有高度的序列相似性，最终鉴定为乳酸菌：*Enterococcus hirae* YL-3 和 *Enterococcus durans* YL-8。目前，在降尿酸乳酸菌的研究领域中，常见的优势菌株多集中于植物乳杆菌（*L. plantarum*）[21,40−41]、罗伊氏乳杆菌（*L. reuteri*）[28,35,37]、发酵乳杆菌（*L. fermentum*）[17,42−43] 以及格氏乳杆菌（*Lactobacillus gasseri*）[44−45] 等菌种。本研究从红耳龟肠道中成功鉴定出 *E. hirae* YL-3 和 *E. durans* YL-8 两株具有显著降尿酸潜力的肠球菌菌株，拓宽了降尿酸乳酸菌的菌种研究来源。

2.4　乳酸菌的发酵特性

2.4.1　生长和产酸曲线　生长曲线测定是评估微生物生长动力学特性的重要方法，可反映菌株在不同培养阶段的活力变化。本研究对菌株 YL-3 和 YL-8 的生长动态及产酸能力进行了分析（图 5A）。如图 5A 所示，两株菌的生长曲线均呈现典型的 S 型趋势，符合微生物群体生长的基本规律，可明确划分为

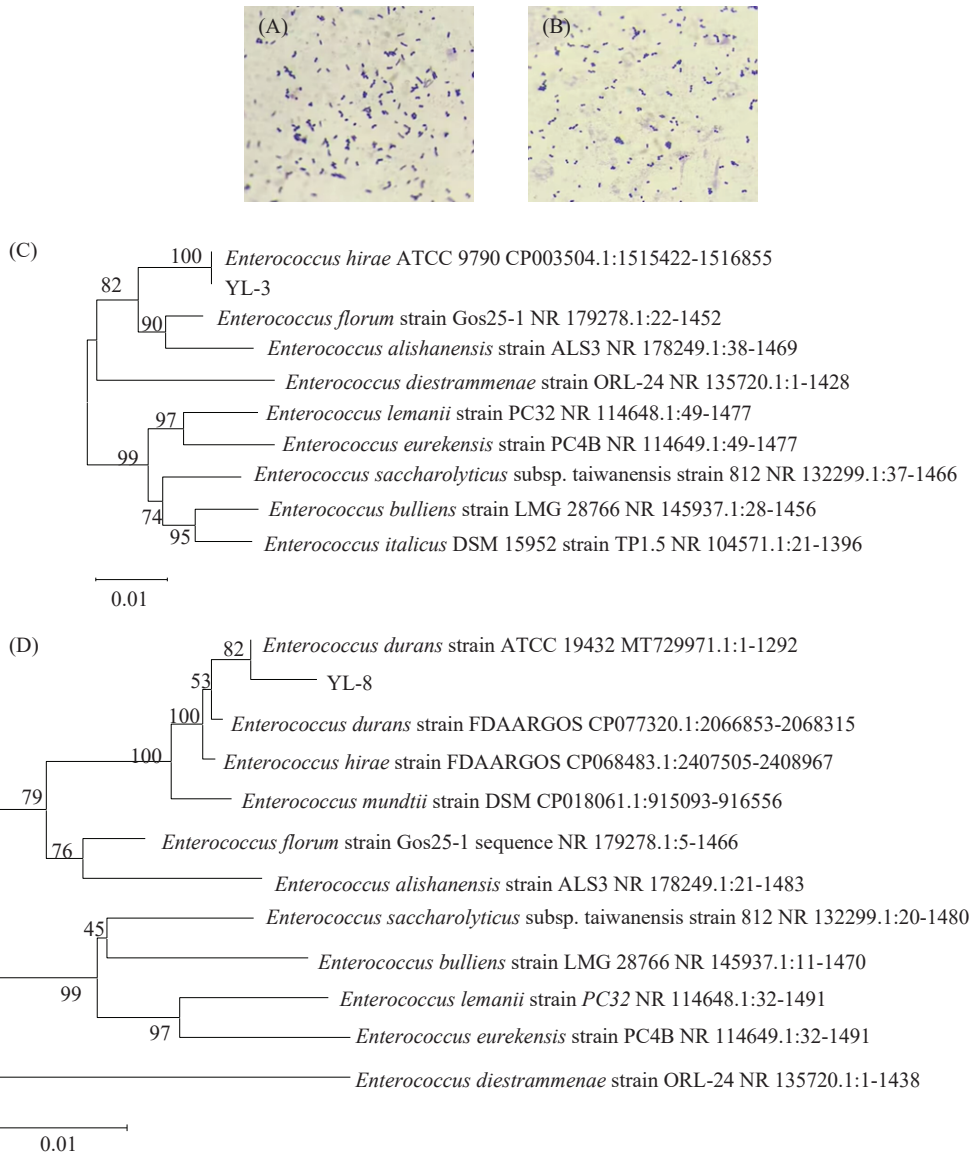


图 4 菌株的革兰氏染色及系统发育树鉴定结果

Fig.4 Gram staining and phylogenetic tree identification results of the strain

注:(A)YL-3 菌株的革兰氏染色图;(B)YL-8 菌株的革兰氏染色图;(C)YL-3 菌株的系统发育树;(D)YL-8 菌株的系统发育树。比例尺设定为 0.01,代表位点间的核苷酸替代频率。该系统发育树通过 MEGA11 软件采用邻接法构建。树上节点标注的数值代表基于 1000 次重复实验的 Bootstrap 支持率(以百分比形式表示)。进化距离的计算采用了最大复合似然法。所用的参考序列均来源于 GenBank 数据库。

延滞期、对数期、稳定期和衰亡期。在 0~2 h 的培养初期,菌株处于延滞期,细胞代谢活跃但增殖缓慢;2~8 h 进入对数生长期,菌体生物量(OD_{600} 值)呈指数增长,表明该阶段菌株代谢旺盛,繁殖速率达到峰值;培养 8 h 后,生长速率逐渐减缓并进入稳定期,最终 OD_{600} 值均超过 0.7,其中 YL-8 的最大生物量显著高于 YL-3(P<0.05),表明其具有更优的生长适应性。产酸能力是评价乳酸菌代谢活性的关键指标,直接影响其发酵性能。如图 5A 所示,两株菌在发酵过程中均表现出较强的产酸能力,发酵液 pH 随培养时间呈现先快速下降后趋于稳定的变化趋势。在 2~8 h 的对数生长期,由于菌体大量增殖及乳酸等有机酸的积累,pH 急剧下降,其中 6~8 h 的产酸速率达到最大值,表明该阶段菌株代谢活性最为旺盛。培养 14 h 后,发酵液 pH 稳定在 4.52~4.54 之间,且两株菌间无显著差异(P>0.05),说明二者均具备良好的产酸稳定性,能够有效降低环境 pH,从而抑制杂菌生长并维持发酵体系的稳定性。

2.4.2 耐盐性和耐亚硝酸盐性 在高盐发酵食品生产过程中,微生物需具备较强的耐盐性以适应高渗透压环境。本研究测定了菌株 YL-3 和 YL-8 在含 6% NaCl 的培养基中的生长情况(图 5B)。培养 24 h 后,YL-3 与 YL-8 的 OD_{600} 值分别为 0.76 和 0.83,显著高于对照组的 0.55 和 0.49(P<0.001),表明其在高盐条件下仍能维持较高的代谢活性,具备良好的耐盐适应能力。亚硝酸盐常作为肉制品发酵中的发色剂和防腐剂,亚硝酸盐耐受性是筛选发酵剂菌株的另一重要标准。如图 5B 所示,在含 150 mg/L 亚硝酸钠的

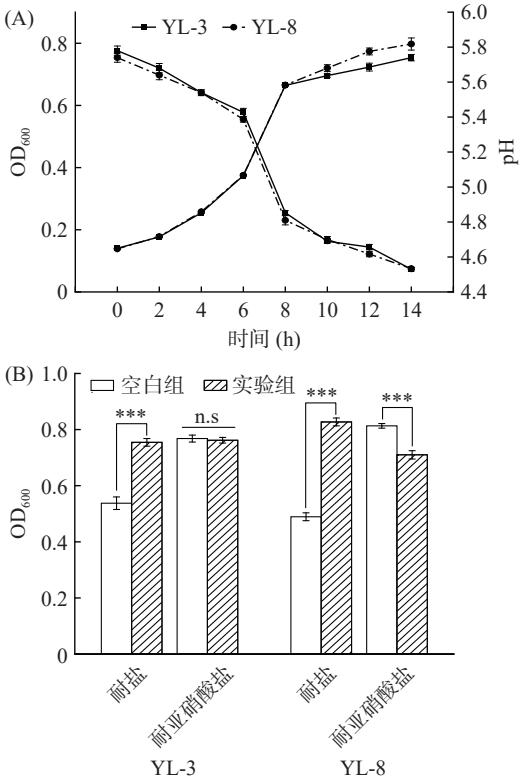


图 5　LAB 的发酵特性

Fig.5　Fermentation characteristics of LAB

注:(A)菌株生长及产酸曲线;(B)菌株耐盐和耐亚硝酸盐 24 h 后 OD_{600} 值; *P<0.05, **P<0.01, ***P<0.001, n.s 表示无显著差异。

培养基中, YL-3 实验组与空白组的生长量无显著差异(P>0.05), 说明该菌株对亚硝酸盐具有较强的耐受性; 相比之下, YL-8 菌株的 OD_{600} 值显著降低 0.103 (P<0.001), 表明其亚硝酸盐耐受能力较弱。以上结果表明, YL-3 比 YL-8 在亚硝酸盐降解能力方面更具有应用潜力。

2.5　乳酸菌的益生特性

益生菌的酸耐受性和胆盐耐受性是其发挥功能的关键特性。胃部高酸性环境(pH2.5~3.5)作用可导致菌体表面蛋白变性, 从而降低存活率[46]。肠道胆盐(0.03%~0.3%)的高渗透压环境也是益生菌在肠道发挥重要作用的一个挑战[47−48]。本研究待测菌株的酸耐受和胆盐耐受结果如图 6A 所示。菌株 YL-3 和 YL-8 在 pH3.0 条件下分别表现出 73.78%±1.68% 和 72.15%±0.80% 的存活率, 均超过 70%, 表明二者均具备良好的耐酸性, 且无显著差异(P>0.05)。在 0.3% 胆盐条件下, 菌株 YL-3 和 YL-8 的存活率分别达 98.90%±0.63% 和 92.13%±0.58%, 均高于 90%, 且 YL-3 显著优于 YL-8(P<0.05)。在 Rao 等[35] 的研究中, 当胆盐浓度增加到 0.3% 时, 没有乳酸菌的存活。在王惋等[49] 的研究中, *L. plantarum* A15 在 0.3% 胆盐环境中存活率为 67% 左右。在 Wang 等[50] 的研究中, *Lactobacillus paracasei* LAB36 胆盐耐受性为 49.90%。菌株 YL-3 和 YL-8 优异的耐胆盐能力可能是由于其具有一定的胆盐水解酶, 其中有助于

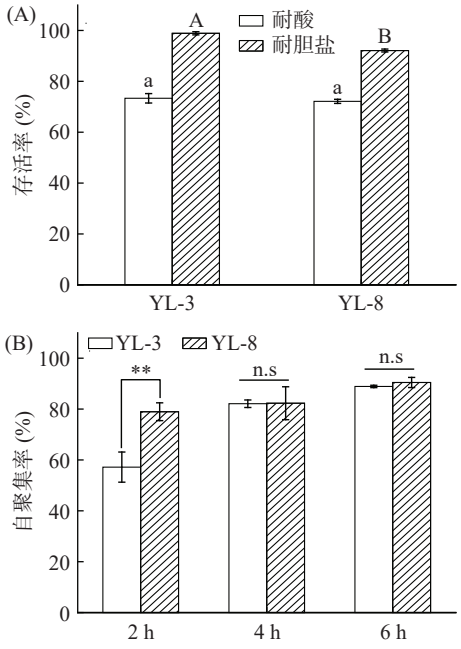


图 6　LAB 的益生特性

Fig.6　Probiotic characteristics of LAB

注:(A)LAB 在 pH3.0 和 0.3% 胆盐的存活率;(B)自聚集率。具有相同字母的菌株之间的差异不显著, 而分配不同字母的菌株存在显著差异, *P<0.05, **P<0.01, ***P<0.001, n.s 表示无显著差异。

水解共轭胆盐, 以减轻细胞上的毒素[51]。自聚集能力是评估益生菌黏附性和定植潜力的重要指标, 高自聚集性不仅有助于菌株在肠道定植, 还能竞争性抑制病原菌的黏附[52]。本研究结果如图 6B 所示, 随着时间的推移, 菌株的自聚集能力越强。2 h 时, YL-3 和 YL-8 的自聚集能力分别为 57.19%±5.93% 和 78.96%±3.50%, 且 YL-8 显著高于 YL-3(P<0.01); 4 h 时, YL-3和 YL-8 的自聚集能力分别为 82.12%±1.49% 和 82.31%±6.48%; 6 h 时 YL-3 和 YL-8 的自聚集能力分别为 88.91%±0.47% 和 90.48%±1.99%。在 Yin 等[40] 的研究中, 乳酸菌的自聚集能力与静置时间呈正相关, 本文结果表现趋势与之相同。

2.6　乳酸菌的抗氧化活性

抗氧化能力是益生菌发挥健康效益的重要功能特性, 其通过预防、阻断或减轻氧化损伤过程实现生理作用[53−54]。本研究通过 DPPH·、$ABTS^{+}$·及·OH 清除实验评估了两株乳酸菌的体外抗氧化活性。DPPH·清除率是评价乳酸菌体外抗氧化活性的重要指标之一[55]。结果表明, YL-3 和 YL-8 的细菌悬浮液(BS)清除率均低于 10%, 而发酵上清液(FS)的清除率显著提升, 分别为 35.79%±2.15%(YL-3)和 59.22%±1.00%(YL-8), 且 YL-8 的活性显著高于 YL-3(P<0.001)(图 7)。$ABTS^{+}$·能攻击生物分子, 造成细胞损伤, 也是常用的抗氧化方法之一[56]。YL-3 和 YL-8 的 BS 对 $ABTS^{+}$·清除率为 39.95%±2.01% 和 42.93%±1.91%; YL-3 和 YL-8 的 FS 对 $ABTS^{+}$·清除率为 93.59%±0.22% 和 93.44%±0.22%(图 7)。

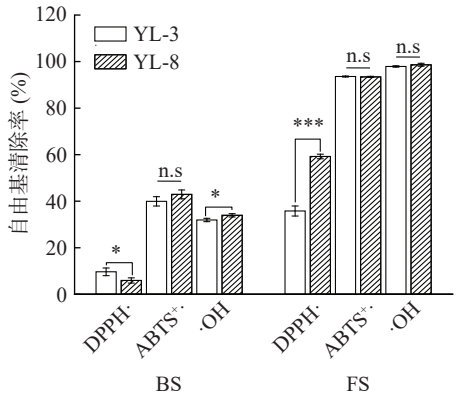


图 7 LAB 发酵上清液和菌液对不同自由基(DPPH·、ABTS^{+}·和·OH)的清除率

Fig.7 Scavenging rates of LAB strains BS and FS against different free radicals (DPPH·, ABTS^{+}· and ·OH)

注: *P<0.05, **P<0.01, ***P<0.001, n.s 表示无显著差异。

·OH 自由基具有很强的氧化能力, 是最具破坏性的活性氧, 会导致生物分子氧化损伤, 因而对羟自由基的清除能力成为研究菌株抗氧化活性的重要指标之一[57]。YL-3 和 YL-8 的 BS 对·OH 清除率为 31.94%±0.71% 和 33.93%±0.72%; YL-3 和 YL-8 的 FS 对·OH 清除率为 97.91%±0.29% 和 98.63%±0.62%(图 7)。这 2 株菌的·OH 清除率高于 *L. plantarum* SCH1 的 71.6% 和 *Pediococcus pentosaceus* BAL6 的 63.32%[58]。基于以上结果, YL-8 菌株表现出更优的抗氧化活性。与菌株的 BS 相比, FS 对 DPPH·、ABTS^{+}·和·OH 的清除能力更强。这一结果与之前的结果一致, LAB 的 FS 对自由基的清除率更强[59−61]。这可能是由于在发酵过程中 FS 富含 LAB 产生的胞外多糖、酶类和多肽等, 这些成分都具备显著的抗氧化活性[61]。研究发现超氧化物歧化酶、谷胱甘肽还原酶、谷胱甘肽和褪黑激素等分子在清除自由基方面起着至关重要的作用, 并且这些分子是在 FS 组分中产生的[60]。

3 结论

本研究以尿酸为唯一碳氮源固体培养基, 从红耳龟肠道中筛选出两株具有尿酸降解能力和黄嘌呤氧化酶抑制活性的菌株, 经革兰氏染色和 16S rDNA 测序鉴定为 *E. hirae* YL-3 和 *E. durans* YL-8。这两株菌具有良好的耐酸、耐胆盐和自聚集能力。此外, 菌株展现出良好的发酵特性, 包括产酸、耐盐和耐亚硝酸盐能力。同时, 菌株的发酵上清液对 DPPH·、ABTS^{+}·和·OH 具有优异的清除作用。基于上述结果, *E. hirae* YL-3 和 *E. durans* YL-8 展现出缓解高尿酸血症的应用潜力。后续研究可通过体内实验阐明其作用机制, 为其在功能性食品和药物开发中的应用提供理论支撑和技术指导。

© The Author(s) 2026. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

参考文献

[1] CHEN T, CHEN J, ZHAO C, et al. Correlation between gout and dry eye disease[J]. Int Ophthalmol, 2024, 44(1): 102.

[2] PAN T, KONG L, ZHANG X, et al. Fruit quality and volatile constituents of a new very early-ripening pummelo (*Citrus maxima*) cultivar 'Liuyuezao'[J]. Front Plant Sci, 2022, 13: 1089009.

[3] WANG L, ZHANG X, SHEN J, et al. Models of gouty nephropathy: exploring disease mechanisms and identifying potential therapeutic targets[J]. Front Med (Lausanne), 2024, 11: 1305431.

[4] WANG Y, ZHA Y, LIU L, et al. Single photon emission computed tomography/computed tomography imaging of gouty arthritis: A new voice[J]. J Transl Int Med, 2024, 12(3): 215−224.

[5] ZHANG Y, CAO X, CAI J, et al. Genome analysis of a newly isolated *Lysinibacillus fusiformis*-YC01 for biodegrading inosine and guanosine[J]. Biodegradation, 2025, 36(2): 21.

[6] CAO J, ZHANG D, LI W, et al. Azilsartan improves urinary albumin excretion in hypertension mice[J]. Aging (Albany NY), 2024, 16(5): 4138−4148.

[7] ZENG L, YANG T, YANG K, et al. Efficacy and safety of curcumin and c*urcuma longa* extract in the treatment of arthritis: A systematic review and meta-analysis of randomized controlled trial[J]. Front Immunol, 2022, 13: 891822.

[8] MAISTO M, SCHIANO E, LUCCHEO G, et al. Efficacy of a multicomponent nutraceutical formulation for the prevention and treatment of urinary tract stones[J]. Int J Mol Sci, 2023, 24(9): 8316.

[9] WANG Y, LI K, YAN S, et al. *Clerodendranthus spicatus* [*Orthosiphon aristatus* (Blume) Miq.] maintains uric acid homeostasis via regulating gut microbiota and restrains renal inflammation in hyperuricemic nephropathy[J]. Front Pharmacol, 2024, 15: 1485861.

[10] LIAO Y, WU S, ZHOU G, et al. Probiotic Bacillus cereus regulates metabolic disorders and activates the cholic acid-FXR axis to alleviate DSS-induced colitis[J]. J Proteomics, 2025, 312: 105360.

[11] NARANG R K, DALBETH N. Pathophysiology of gout[J]. Semin Nephrol, 2020, 40(6): 550−563.

[12] KILSTRUP M, HAMMER K, RUHDAL JENSEN P, et al. Nucleotide metabolism and its control in lactic acid bacteria[J]. FEMS Microbiol Rev, 2005, 29(3): 555−590.

[13] MARTINUSSEN J, SØRENSEN C, JENDRESEN C B, et al. Two nucleoside transporters in *Lactococcus lactis* with different substrate specificities[J]. Microbiology (Reading), 2010, 156(Pt 10): 3148-3157.

[14] HE B, HOANG T K, WANG T, et al. Resetting microbiota by *Lactobacillus reuteri* inhibits T reg deficiency-induced autoimmunity via adenosine A2A receptors[J]. J Exp Med, 2017, 214(1): 107−123.

[15] WU Y, YE Z, FENG P, et al. *Limosilactobacillus fermentum* JL-3 isolated from "Jiangshui" ameliorates hyperuricemia by degrading uric acid[J]. Gut Microbes, 2021, 13(1): 1−18.

[16] WU J, AGA L, TANG L, et al. *Lacticaseibacillus paracasei* JS-3 isolated from "Jiangshui" ameliorates hyperuricemia by regulating gut microbiota and iTS metabolism[J]. Foods, 2024, 13(9): 1371.

[17] ZHAO X, PENG F, LIU Z, et al. Lactic acid bacteria with anti-hyperuricemia ability: Screening *in vitro* and evaluating in mice[J]. Food Bioscience, 2023, 52: 102411.

[18] TAN X, SUN A, GAO S, et al. Screen and characteristics of

lactic acid bacteria with the ability to modulate energy metabolism and degrade uric acid[J]. Food Bioscience, 2025, 63: 105723.
[19] LI D, ZHANG M, TENG ZHU LA A, et al. Quercetin-enriched *Lactobacillus aviarius* alleviates hyperuricemia by hydrolase-mediated degradation of purine nucleosides[J]. Pharmacol Res, 2023, 196: 106928.
[20] 蚁硕钊, 李啟彬, 房志家, 等. 海洋源降解核苷乳酸菌的体外筛选、鉴定及其益生特性研究[J]. 食品与发酵工业, 2022, 48(11): 87−94. [YI Shuozhao, LI Qibin, FANG Zhijia, et al. *In vitro* screening, identification and probiotic characteristics of marine source lactic acid bacteria with purine nucleoside degrading ability [J]. Food and Fermentation Industries, 2022, 48(11): 87−94.]
[21] FU Y, LUO X D, LI J Z, et al. Host-derived *Lactobacillus plantarum* alleviates hyperuricemia by improving gut microbial community and hydrolase-mediated degradation of purine nucleosides[J]. Elife, 2024, 13(7): e100068.
[22] 丁人杰. 龟龄露酒抗高尿酸血症作用及其机制研究[D]. 太原: 山西大学, 2022. [DING Renjie. Study on the anti-hyperuricemia effect and mechanism of guiling liquor[D]. Taiyuan: Shanxi University, 2022.]
[23] MA G, ZUO Z, LI H, et al. Comparative analysis of the liver transcriptome in the red-eared slider (*Trachemys scripta elegans*) post exposure to noise[J]. PLoS One, 2024, 19(8): e0305858.
[24] SZYCHOWIAK P, VILLAGEOIS-TRAN K, PATRIER J, et al. The role of the microbiota in the management of intensive care patients[J]. Ann Intensive Care, 2022, 12(1): 3.
[25] ABDULLAH D, PODDAR S, RAI R P, et al. Molecular identification of lactic acid bacteria an approach to sustainable food security[J]. J Public Health Res, 2021, 10(s2): 2508.
[26] CHEN T, WANG L, LI Q, et al. Functional probiotics of lactic acid bacteria from Hu sheep milk[J]. BMC Microbiol, 2020, 20(1): 228.
[27] 顾娜泥, 武文玉, 刘水琳, 等. 东北传统酱腌菜中耐盐乳酸菌的筛选、鉴定及其发酵特性研究[J]. 中国酿造, 2024, 43(8): 31−37. [GU Nani, WU Wenyu, LIU Shuilin, et al. Screening, identification and fermentation characteristics of salt-tolerant lactic acid bacteria in traditional pickled vegetables of Northeast[J]. China Brewing, 2024, 43(8): 31−37.]
[28] HUSSAIN A, RUI B, ULLAH H, et al. *Limosilactobacillus reuteri* HCS02-001 attenuates hyperuricemia through gut microbiota-dependent regulation of uric acid biosynthesis and excretion[J]. Microorganisms, 2024, 12(4): 637.
[29] HU Y, ZHAO Y, JIA X, et al. Lactic acid bacteria with a strong antioxidant function isolated from "Jiangshui, " pickles, and feces[J]. Front Microbiol, 2023, 14: 1163662.
[30] LI Y, WANG W, DENG Y, et al. Antioxidant properties and changes *in vitro* digestion of the fermented kiwifruit extract prepared by lactic acid bacteria and yeasts[J]. Food Chemistry, 2024, 442: 138416.
[31] LIU W, NAN F, LIU F, et al. Isolation and identification of uric acid-dependent *Aciduricibacillus chroicocephali* gen. nov., sp. nov. from seagull feces and implications for hyperuricemia treatment[J]. mSphere, 2024, 9(6): e00025.
[32] LAO G, ZHOU Z, WU R, et al. Exploring the key deteriorative microorganisms on ancient ivories unearthed from the Sanxingdui Ruins site during temporary cold storage[J]. Front Microbiol, 2024, 15: 1400157.
[33] PENG Q, CHEN Y, DING L, et al. Early-life intestinal microbiome in *Trachemys scripta elegans* analyzed using 16S rRNA sequencing[J]. PeerJ, 2020, 8: e8501.
[34] CHENG-YUAN W, JIAN-GANG D. Research progress on the prevention and treatment of hyperuricemia by medicinal and edible plants and its bioactive components[J]. Front Nutr, 2023, 10: 1186161.
[35] RAO L, DONG B, CHEN Y, et al. Study on the mechanism of lactic acid bacteria and their fermentation broth in alleviating hyperuricemia based on metabolomics and gut microbiota[J]. Front Nutr, 2024, 11: 1495346.
[36] 王家彬, 潘力. 降解核苷作用乳酸菌的筛选及其潜在降尿酸功能[J]. 食品科学, 2022, 43(10): 199−206. [WANG Jiabin, PAN Li. Screening and uric acid-lowering potential of Nucleoside-degrading lactic acid bacteria[J]. Food Science, 2022, 43(10): 199−206.]
[37] 呼静, 崔鹏月, 双全. 高效降尿酸乳酸菌的筛选及其益生特性研究[J]. 食品与发酵工业, 2022, 48(16): 150−155. [HU Jing, CUI Pengyue, SHUANG Quan. Screening of lactic acid bacteria with high ability of uric acid-lowering and evaluation of its probiotic properties[J]. Food and Fermentation Industries, 2022, 48(16): 150−155.]
[38] 崔方超, 韩瑜娟, 李婷婷, 等. 乳酸菌代谢物中黄嘌呤氧化酶抑制剂的筛选[J]. 中国食品学报, 2022, 22(8): 11−21. [CUI Fangcaho, HAN Yujuan, LI Tingting, et al. Screening of xanthine oxidase inhibitors from lactic acid bacteria metabolites[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2022, 22(8): 11−21.]
[39] 尹树磊, 杜香, 张小希, 等. 乳酸菌抗氧化机制研究进展及在食品领域的应用[J]. 食品科学, 2024, 45(13): 345−355. [YI Shulei, DU Xiang, ZHANG Xiaoxi, et al. Research progress in the antioxidant mechanism of lactic acid bacteria and its application in the food field[J]. Food Science, 2024, 45(13): 345−355.]
[40] YIN X, HUANG S, XIONG T, et al. Effects of *Lactobacillus plantarum* NCU1546 fermentation on active components, *in vitro* uric acid lowering activity and flavor of Lilium[J]. Food Bioscience, 2025, 65: 106112.
[41] XIONG J, WU J J, LIU D M, et al. The alleviating effects and mechanisms of *Lactiplantibacillus plantarum* MC14 on hyperuricemia in mice[J]. Food Bioscience, 2024, 62: 105256.
[42] HOU X, WANG M, HU T, et al. Evaluation of the safety and probiotic properties of *Limosilactobacillus fermentum* BGI-AF16, a uric acid-lowering probiotic strain[J]. Microb Pathog, 2025, 201: 107382.
[43] ZHAO S, FENG P, HU X, et al. Probiotic *Limosilactobacillus fermentum* GR-3 ameliorates human hyperuricemia via degrading and promoting excretion of uric acid[J]. iScience, 2022, 25(10): 105198.
[44] YAMADA N, SAITO C, MURAYAMA-CHIBA Y, et al. *Lactobacillus gasseri* PA-3 utilizes the purines GMP and guanosine and decreases their absorption in rats[J]. Nucleosides Nucleotides Nucleic Acids, 2018, 37(5): 307−315.
[45] LIANG L, MENG Z, ZHANG F, et al. *Lactobacillus gasseri* LG08 and *Leuconostoc mesenteroides* LM58 exert preventive effect on the development of hyperuricemia by repairing antioxidant system and intestinal flora balance[J]. Front Microbiol, 2023, 14: 1211831.
[46] ZHANG G, YANG N, LIU Z, et al. Genome-assisted probiotic characterization and application of *Lactiplantibacillus plantarum* 18 as a candidate probiotic for laying hen production[J]. Microorganisms, 2023, 11(10): 2373.
[47] LIU Z L, CHEN Y J, MENG Q L, et al. Progress in the appli-

cation of *Enterococcus faecium* in animal husbandry[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2023, 13: 1168189.

[48] SHEN H, WANG T, DONG W, et al. Metagenome-assembled genome reveals species and functional composition of Jianghan chicken gut microbiota and isolation of *Pediococcus acidilactic* with probiotic properties[J]. Microbiome, 2024, 12(1): 25.

[49] 王惋, 侯俊财, 于彤, 等. 具有抗氧化和抑菌能力的益生性乳酸菌筛选及鉴定[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(3): 43−49.
[WANG Wan, HOU Juncai, YU Tong, et al. Screening and identification of probiotic lactic acid bacteria strains with antioxidative and antimicrobial abilities[J]. Food and Fermentation Industries, 2020, 46(3): 43−49.]

[50] WANG F, LI X, WANG Q, et al. Screening of lactic acid bacteria strains from Chinese fermented food (Suanshui) and its protective effect on acute liver injury in mice[J]. Probiotics Antimicrob Proteins, 2024.

[51] BELLO A T, SARAFIAN M H, WIMBORNE E A, et al. Exposing 24-hour cycles in bile acids of male humans[J]. Nat Commun, 2024, 15(1): 10014.

[52] FARID W, MASUD T, SOHAIL A, et al. Gastrointestinal transit tolerance, cell surface hydrophobicity, and functional attributes of *Lactobacillus Acidophilus* strains isolated from Indigenous Dahi[J]. Food Sci Nutr, 2021, 9(9): 5092−5102.

[53] DARWISH A M G, ALLAM M G, SHOKERY E S, et al. Functional products fortified with probiotic LAB isolated from Egyptian dairy sources showed hypolipidemic effects in Albino rats[J]. PLoS One, 2022, 17(3): e0263241.

[54] RWUBUZIZI R, KIM H, HOLZAPFEL W H, et al. Beneficial, safety, and antioxidant properties of lactic acid bacteria: A next step in their evaluation as potential probiotics[J]. Heliyon, 2023, 9(4): e15610.

[55] GULCIN İ. Antioxidants and antioxidant methods: An updated overview[J]. Arch Toxicol, 2020, 94(3): 651−715.

[56] KANG C H, KIM J S, PARK H M, et al. Antioxidant activity and short-chain fatty acid production of lactic acid bacteria isolated from Korean individuals and fermented foods[J]. 3 Biotech, 2021, 11(5): 217.

[57] DING W, WANG L, ZHANG J, et al. Characterization of antioxidant properties of lactic acid bacteria isolated from spontaneously fermented yak milk in the Tibetan Plateau[J]. Journal of Functional Foods, 2017, 35: 481−488.

[58] ŁEPECKA A, SZYMAŃSKI P, OKOŃ A, et al. Antioxidant activity of environmental lactic acid bacteria strains isolated from organic raw fermented meat products[J]. LWT, 2023, 174: 114440.

[59] BARACHE N, BELGUESMIA Y, LADJOUZI R, et al. Clusters of *Lactobacillus* strains from vegetal origins are associated with beneficial functions: Experimental data and statistical interpretations[J]. Foods, 2020, 9(8): 985.

[60] JIN D X, JIN Y X, ZHANG W, et al. Exploring Jiangshui-originated probiotic lactic acid bacteria as starter cultures: Functional properties and fermentation performances in pear juice[J]. Food Bioscience, 2024, 61: 104982.

[61] YANG T, YANG J, TANG K, et al. Antioxidative properties analysis of gastrointestinal lactic acid bacteria in Hainan black goat and its effect on the aerobic stability of total mixed ration[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 974925.