DOI: 10.3969/j.issn.2097-583X.2026.04.008　　文章编号：2097-583X(2026)04-0573-08

茶饮对肠道菌群及免疫稳态调节作用的研究进展

贾艳艳[1a,b]，耿云腾[1a,b]，张琬若[1a,b]，吴梦迪[1a,b]，陈松彪[1a,b]，丁　轲[1a,b,2]，郭荣显[1a,b*]

(1.河南科技大学　a.洛阳市活载体生物材料与动物疫病防控重点实验室；b.功能微生物与畜禽健康实验室，河南 洛阳 471023；
2.河南科技学院 动物科技学院，河南 新乡 453003)

摘　要：茶作为富含多酚、多糖、茶色素和茶氨酸等多种生物活性成分的传统饮品，其健康效应与肠道菌群的调节密切相关。系统综述了上述主要成分的代谢特征，深入探讨了茶饮通过重塑肠道菌群结构与多样性、维持肠道免疫稳态来改善宿主健康的机制，并重点从三个方面阐明了茶饮基于肠道菌群调控的免疫调节作用：通过促进紧密连接蛋白表达，增强肠道物理与免疫屏障功能；经由菌群代谢产物短链脂肪酸，调节免疫细胞分化与平衡；通过抑制TLR/NF-κB等炎症信号通路，减轻全身性炎症反应。在此基础上，总结了茶饮活性成分调节肠道菌群稳态、改善肠道代谢及炎症相关疾病的作用及其分子机制，旨在为以肠道菌群为靶点的茶饮健康研究提供科学依据，并为促进公众健康提供新策略。

关键词：茶；活性成分；肠道菌群；免疫稳态

中图分类号：Q939.9　　**文献标志码：**A　　**开放科学(资源服务)标识码(OSID)：**

Advances in research on the modulatory effects of tea-based beverages on gut microbiota composition and immune homeostasis

Jia Yanyan[1a,b], Geng Yunteng[1a,b], Zhang Wanruo[1a,b], Wu Mengdi[1a,b], Chen Songbiao[1a,b], Ding Ke[1a,b,2], Guo Rongxian[1a,b*]

(1. a. Luoyang Key Laboratory of Live Carrier Biomaterial and Animal Disease Prevention and Control;
b. Laboratory of Functional Microbiology and Animal Health, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471023, China;
2. School of Animal Science and Technology, Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003, China)

Abstract: Tea was recognized as a traditional beverage rich in various bioactive components, such as polyphenols, polysaccharides, tea pigments, and theanine, and its health benefits were closely associated with the modulation of gut microbiota. The metabolic characteristics of these major components were systematically reviewed, and the mechanisms by which tea consumption improved host health through reshaping the structure and diversity of gut microbiota and maintaining intestinal immune homeostasis were deeply explored. The immunomodulatory effects of tea based on gut microbiota regulation were particularly elucidated from three aspects: The enhancement of intestinal physical and immune barrier functions was achieved by promoting the expression of tight junction proteins; The regulation of immune cell differentiation and balance was mediated by the microbial metabolite short-chain fatty acids; The systemic inflammatory responses were attenuated by inhibiting inflammatory signaling pathways such as TLR/NF-κB. On this basis, the roles and molecular mechanisms of tea bioactive components in regulating gut microbiota homeostasis, improving intestinal metabolism, and alleviating inflammation-related diseases were summarized. The scientific evidence was provided for gut microbiota-targeted research on the health effects of tea and new strategies for promoting public health.

Key words: tea; bioactive components; gut microbiota; immune homeostasis

收稿日期：2026-03-23；**修回日期：**2026-05-18；*.**通信联系人，**E-mail：rongxian.guo@haust.edu.cn

基金项目：国家自然科学基金项目(31702219)；河南科技大学博士科研启动基金项目(13480110)

作者简介：贾艳艳(1983－)，女，河南偃师人，副教授，博士，主要从事细菌的致病机制及益生菌功能开发研究；郭荣显(1991－)，男，河南永城人，讲师，博士，主要从事功能微生物与畜禽健康研究。

引用格式：贾艳艳，耿云腾，张琬若，等.茶饮对肠道菌群及免疫稳态调节作用的研究进展[J].信阳师范大学学报(自然科学版)，2026，39(4)：573-580.

Jia Yanyan, Geng Yunteng, Zhang Wanruo, et al. Advances in research on the modulatory effects of tea-based beverages on gut microbiota composition and immune homeostasis[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2026, 39(4): 573-580.

0　引言

茶作为广受青睐的传统饮品,富含茶多酚、茶多糖、茶色素、茶氨酸、茶籽皂素等多种生物活性成分,具有抗氧化、抗炎、抗癌、保护心脑血管等生理功能,其健康价值日益受到全球关注[1]。近年来,随着居民膳食结构趋向高脂、高糖方向转变,肥胖、2型糖尿病等饮食相关慢性疾病的发病率持续上升,已成为全球范围内突出的公共卫生挑战。

肠道菌群作为人体微生态系统的核心组成部分,主要包括厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门等类群[2-3],其结构平衡与宿主健康及疾病发生发展密切相关,并在营养吸收、能量代谢、免疫调节等生理过程中发挥关键作用。健康的肠道菌群能够降解难消化的多糖,生成短链脂肪酸(Short-Chain Fatty Acids, SCFAs)等有益代谢产物,从而维持肠道稳态并调控宿主免疫功能[4-5]。饮食相关慢性疾病的普遍发生,进一步凸显了宿主免疫系统与肠道菌群相互作用在整体健康调控中的核心地位[6]。

茶叶中多数功能性成分因分子量大、口服生物利用度低,未被吸收的部分进入结肠后,不仅通过调节肠道菌群发挥益生元作用,而且被菌群代谢转化为新型活性物质。这种双向互动是茶饮促进代谢与健康的重要机制[2]。值得关注的是,尽管发酵茶(如红茶)的茶多酚含量低于未发酵茶(如绿茶),但其健康效应与之相当,甚至更优,这进一步印证了肠道菌群在茶饮健康效应中的关键介导作用。此外,研究显示儿茶素可通过调控PPARγ/CD36通路及肠-肾轴预防肥胖相关肾损伤[7];其经微生物降解后的产物亦参与肠-脑轴的调节[8];肠道微生物及其代谢产物(如短链脂肪酸)通过肠-肝轴调控脂质代谢与免疫反应[9];肠道微生物还可通过肠-肺轴影响肺部的免疫功能[10]。然而,目前关于茶饮对宿主免疫系统的具体调控机制,研究尚不充分。

茶叶生物活性成分与肠道菌群之间存在紧密的双向调控关系:一方面,茶叶成分塑造菌群结构;另一方面,菌群转化茶叶成分,二者共同影响宿主的免疫功能。本文系统综述了茶多酚、茶多糖等功能性成分在调控肠道菌群、维护肠道稳态及增强宿主免疫方面的特异性作用,重点阐述了肠-免疫调控轴在健康与疾病状态下对宿主免疫功能的影响。最后,总结了肠道微生物代谢茶叶生物活性成分的最新研究进展及两者相互作用对宿主健康与免疫相关疾病的潜在影响,强调了靶向肠道菌群的饮食干预价值,以期为科研、健康管理及临床实践提供参考。

1　茶饮的主要活性成分及其代谢特征

根据发酵程度及工艺不同,茶叶分为绿茶(未发酵)、红茶(全发酵)、青茶(半发酵)、黑茶(后发酵)、黄茶(轻度发酵)、白茶(轻度发酵)等6大类[11]。不同茶叶品类间的功能性成分存在差异(表1)。大量研究证实,饮茶具有多种健康益处,如降低心血管疾病死亡率、降低部分癌症及2型糖尿病的发病风险,并有助于改善中老年人认知功能等[12-13]。这些健康效应主要归因于茶叶中的特征性生物活性成分及其在体内的代谢转化过程。

1.1　茶多酚

茶多酚(Tea Polyphenols, TPs)是茶叶中主要的多酚类活性物质,以儿茶素(70%~80%)为主,尤以表没食子儿茶素没食子酸酯(Epigallocatechin gallate, EGCG)活性最强。茶多酚口服生物利用度低,仅10%~20%在小肠被吸收,大部分进入结肠经肠道菌群代谢,健康功效主要归功于微生物降解产生的活性代谢产物[8]。

TPs主要通过以下3种途径发挥益生元作用:1) 红茶中的聚合茶红素(Polymeric Thearubigins, TRs)可直接作用于肠上皮细胞,发挥结合及氧化还原作用;2) 儿茶素在肠道微生物酶催化下水解、C环裂解,生成没食子酸及多种γ-戊内酯类代谢物,这些产物可进一步分解并被吸收入血液,发挥生物学活性;3) 生物利用度较低的EGCG大部分进入结肠后,通过调节肠道菌群组成而促进健康[12](图1)。具体而言,茶多酚能够显著提高阿克曼氏菌属、双歧杆菌属、拟杆菌属的相对丰度,调节乳杆菌属和梭菌属的数量,同时降低厚壁菌门的丰度及厚壁菌门与拟杆菌门的比值[18]。

1.2　茶多糖

茶多糖(Tea Polysaccharides, TPS)是茶叶中的高分子量复合多糖,由单糖、糖蛋白及矿物质组成。其抗氧化、抗糖尿病及保肝等多种生物活性已被证实,具有重要研究与应用价值[11]。与多数膳食多糖相似,TPS在上消化道保持结构完整,进入回肠或结肠后被拟杆菌属、双歧杆菌属等肠道

表1　不同种类茶叶的主要活性成分及作用

Tab. 1　Main active components and effects of different types of tea

茶叶种类	研究模型	作用成分	机制
绿茶	高脂引发肥胖小鼠	茶多酚、咖啡因、茶多糖、茶氨酸	通过调节肠道菌群来抑制脂多糖的循环，促进短链脂肪酸的生成[5]
红茶	健康小鼠	茶多糖、茶色素、咖啡因	TPS通过增加有益微生物的丰度并减少有害细菌的丰度来调节肠道菌群的组成和数量，从而调节肠道健康并维持体内平衡[14]
青茶	自闭症大鼠	茶多酚、茶色素、茶多糖、咖啡因	平衡肠道菌群、恢复肠/血脑屏障的屏障功能，并抑制神经元TLR-4/IκB-α/NF-κB信号通路[15]
黄茶	高脂引发肥胖大鼠	茶多酚、茶多糖、茶氨酸、黄酮类化合物	促进有益菌Lachnospiraceae和双歧杆菌增殖，减少Desulfovibrionaceae、Erysipelotrichaceae增长，缓解肠道炎症，提高肠道屏障能力，抑制代谢性内毒素和全身慢性炎症[16]
黑茶	高脂引发肥胖小鼠	茶多糖、茶多酚、茶褐素	改善肠道菌群的平衡来减轻肥胖及其相关的代谢紊乱[2]
白茶	DSS引发的结肠炎小鼠	白茶多糖、茶氨酸、茶多酚	调节肠道菌群、代谢产物以及免疫信号传导，从而抑制IL-17-JNK-AP-1轴，恢复黏膜的稳态[17]

注　DSS：葡聚糖硫酸钠（Dextran sulfate sodium，DSS）；Lachnospiraceae：毛螺菌科，属于厚壁菌门；Desulfovibrionaceae：脱硫弧菌科；Erysipelotrichaceae：丹毒丝菌科，属于厚壁菌门。

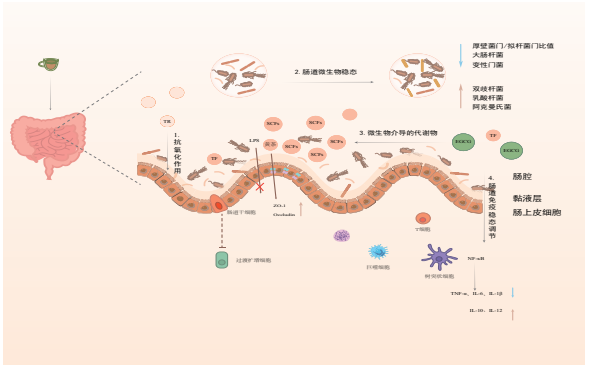


图1　茶饮对肠道菌群及免疫稳态的调节作用

Fig. 1　Regulatory effects of tea beverages on gut microbiota and immune homeostasis

菌群代谢，产生乙酸、丙酸、丁酸等短链脂肪酸[2]。TPS通过重塑肠道菌群，增加双歧杆菌属、拟杆菌属、*Bacteroidota*、*Muribaculum*等有益菌丰度，抑制梭菌属、*Prevotella copri*及*Desulfovibrionia*等有害菌生长，并调节阿克曼氏菌属、普雷沃氏菌属、乳杆菌属的相对丰度[12,16]。此外，TPS还通过调控SCFAs与色氨酸代谢，下调脂质合成基因表达，从而调节糖、脂及氨基酸代谢，改善血脂紊乱和肝脏脂肪积累；同时提升抗氧化酶活性、减轻肝脏氧化应激，并降低细胞因子及脂多糖（Lipopolysaccharide，LPS）水平以缓解炎症反应，改善胰腺和结肠病理损伤[16]，凸显其在调节代谢健康和减轻炎症中的重要作用[12]。

1.3　茶色素

茶色素是茶多酚的氧化衍生物，包括茶黄素（水溶橙黄，存在于红茶及部分发酵茶）、茶红素（红棕色，红茶中含量最高）和茶褐素（深褐色，多见于黑茶、普洱茶）。茶色素通过调控肠道菌群结构发挥多种健康效应：提高拟杆菌门和双歧杆菌属的丰度，降低厚壁菌门丰度及其与拟杆菌门的比值，抑制肠球菌生长；同时影响SCFAs与色氨酸代谢，改善糖脂代谢、减轻氧化损伤与肠道炎症，缓解认知及空间记忆障碍，并调节肝脏昼夜节律通路[16]。

1.4　茶氨酸

茶氨酸是茶叶特有的氨基酸成分，以L-茶氨酸（L-theanine，LTh）为主要生物活性形式，含量通常占茶叶干质量的1%～3%，因品种、加工方法及种植方式不同而异[19]。茶叶中L-茶氨酸对情绪、睡眠、认知、心血管健康等具有积极作用，并可调节脂质代谢与免疫功能[11]。动物实验证实，LTh能改善高脂饮食诱导的小鼠肠道菌群紊乱和利血平引起的大鼠抑郁行为，具体机制包括降低厚壁菌门与拟杆菌门的比值，提高肠道内SCFAs的浓度[2]，改善肠道屏障功能并降低全身炎症[20]。另有研究表明，L-茶氨酸可抑制脂质过氧化、增强抗氧化能力并部分恢复微生态平衡，缓解双酚A诱导的肠道氧化应激、炎症及菌群失调[21]。此外，当L-茶氨酸剂量为800 mg/kg时，可下调肠道-大脑炎症通路（TLR9/NLRP3/Caspase-1），并恢复屏障完整性（ZO-1和Occludin），逆转CUMS诱导的抑郁样行为。该治疗效果主要归因于L-茶氨酸

介导的肠道菌群重塑(乳杆菌属和罗氏菌属数量增加)以及短链脂肪酸(尤其是乙酸、丁酸和丙酸)合成及其受体功能恢复[22]。

2　茶饮调节肠道菌群平衡的机制

2.1　调控菌群组成与多样性

肠道菌群在机体代谢与免疫调控中扮演关键角色,其结构、组成与宿主健康密切相关,按功能可分为有益菌、机会致病菌和致病菌。其中,双歧杆菌、乳杆菌等有益菌能够抑制致病菌增殖并增强宿主免疫力;肠杆菌等机会致病菌在微生态失衡时可能诱发疾病;而肠球菌、大肠杆菌等常被视为肠道菌群结构失衡的警示因子。肠道菌群主要分布于结肠,细菌浓度达10^{11}～10^{12} CFU/g,以拟杆菌属、梭菌属、双歧杆菌属、肠杆菌属等厌氧菌为主;胃和小肠细菌较少,多为乳杆菌属、链球菌属等需氧菌。健康肠道菌群主要包括放线菌门、拟杆菌门、变形菌门和厚壁菌门,其中厚壁菌门与拟杆菌门占90%以上[23-25]。

茶饮的健康效应不仅源于其抗氧化能力,更重要的是通过改善肠道环境及调控下游代谢通路来实现。茶叶发酵形成的茶多酚高分子聚合物进入回肠和结肠,与肠道菌群互作,调节肠道微生物多样性与丰度,是茶叶功能性成分发挥健康作用的核心机制[1,7]。

健康的肠道菌群需具备较高的多样性与良好的结构稳定性。各类茶叶成分通过重塑肠道菌群结构发挥调节作用。TPS可提升菌群多样性,增加阿克曼氏菌、*Bacteroidota*、*Muribaculum*等有益菌丰度,降低厚壁菌门/拟杆菌门比值及*Prevotella copri*、*Desulfovibrionia*等有害菌丰度[12-13]。茯砖茶多糖则可调控阿克曼氏菌、拟杆菌等核心菌群[26-27];绿茶提取物可调节厚壁菌门/拟杆菌门比值、改变菌群组成,并能影响代谢综合征人群肠道菌群丰度[26,28];乌龙茶有助于恢复肥胖小鼠的肠道菌群多样性,改善高脂饮食引发的菌群丰度差异[17];普洱茶提取物可调节菌群多样性以及拟杆菌属与双歧杆菌属丰度,其中成熟型普洱茶更能显著富集拟杆菌科等与肥胖负相关菌株,降低与肥胖正相关的埃瑞斯皮洛特菌科等的菌株,同时上调阿克曼氏菌等有益菌、下调肥胖相关有害菌[29],促进双歧杆菌、乳杆菌增殖,逆转结肠炎小鼠的肠道菌群失衡状态[30]。茉莉花茶能够富集罗蒙托西菌等有益菌,减少大肠埃希菌等潜在有害菌[2]。此外,茶黄素可改变菌群多样性,上调Flavonifractor plautii等参与其分解的特异性菌群丰度[18]。茶多酚可通过抑制肺炎克雷伯菌的群体感应活性,对抗这一耐药性致病菌在免疫低下时引发的侵袭性感染[16],缓解抗生素引起的肠道菌群丰富度与多样性下降[15]。这表明茶叶功能性成分对药物诱导的肠道菌群失调同样具有改善作用。

2.2　维持肠道菌群稳态

肠道菌群稳态在机体代谢与免疫调控中扮演关键角色,菌群失调可导致肥胖、糖尿病及炎症性肠病[24]。

茶叶成分通过改变肠道微环境、调节微生物酶活性及提供能量底物影响菌群组成,菌群发酵产物亦可反向调控宿主生理功能[2]。茶叶中的复杂碳水化合物因人体缺乏分解酶,在结肠被微生物发酵生成SCFA,既为宿主提供能量又提升菌群多样性,印证了茶多糖对肠道健康的重要作用[27]。

研究表明,茶叶及其活性成分可显著调控肠道菌群代谢、宿主免疫及相关疾病进程。绿茶提取物和六堡茶调节代谢综合征患者的肠道菌群结构及相关代谢通路[26]。普洱茶多糖和茶多酚调节菌群组成、提升SCFA水平来改善肠道代谢[17]。茶黄素、茶多糖、茶多酚分别通过菌群代谢、调控菌群相关代谢物及信号通路、调节菌群与代谢产物等途径,发挥代谢调节、改善肥胖及缓解结肠炎的作用[29]。普洱茶通过调节肠道菌群,改善肥胖、糖尿病等代谢性疾病以及结肠炎,以及昼夜节律失调和衰老相关表型,上述病症均与肠道菌群失衡、糖脂代谢异常等密切相关[31]。

茶饮功能性成分经微生物转化为小分子活性物质,间接调控宿主代谢与免疫,核心产物SCFA以乙酸、丙酸和丁酸为主,可为结肠上皮细胞供能、维持肠道屏障完整性、调节免疫与炎症反应,并通过激活PPARγ等信号通路调控宿主代谢。值得注意的是,不同菌属产SCFA具有特异性,且各SCFA间可互转[12]。

此外,肠道菌群还参与胆汁酸与脂质代谢,通过生成次级胆汁酸激活FXR、TGR5等受体,从而调控能量代谢与胰岛素分泌[32]。肠道微生物代谢产物石胆酸(Lithocholic acid, LCA)可增强EGCG的抗炎效果,而EGCG也能上调结肠炎小鼠体内

胆汁酸合成酶及LCA的含量[4],二者协同调控肠道炎症。总体而言,肠道菌群及其代谢产物(如SCFA、胆汁酸等)在维持肠道稳态、增强肠道屏障完整性、缓解炎症以及维持全身代谢平衡方面具有不可替代的作用[33-34]。

通过产生各种各样的代谢产物,肠道菌群与肠道上皮细胞和肠道黏膜免疫系统相互作用,以维持肠道的稳态,从而与宿主形成共生关系。

3 基于肠道菌群的免疫稳态调节机制

3.1 强化肠道物理与免疫屏障

炎症性肠病的发生与发展涉及遗传、环境、宿主免疫及肠道菌群等多因素之间的复杂作用[31]。肠道慢性炎症可增加患结直肠癌风险,而肠道屏障功能障碍及通透性增加是溃疡性结肠炎的核心病理特征之一[35]。茶叶功能成分(如茶皂苷)通过保护肠黏膜、增强肠道屏障功能及调控肠道菌群等途径缓解结肠炎症状。此外,茶皂苷还可上调相关蛋白表达以维持肠道稳态[35]。

茶多酚通过与肠道菌群相互作用,重塑微生物结构并增强肠道屏障的完整性[36]。螺旋结构白茶多糖与普通白茶多糖均能增强肠黏膜屏障的完整性,从而缓解结肠炎。茶多糖可通过促进Claudin-1、Occludin、ZO-1等紧密连接蛋白的表达,增强肠道屏障功能[27]。普洱茶可上调肠道紧密连接蛋白,改善肠道免疫屏障,减轻结肠炎小鼠的炎症反应与组织损伤[31]。黄茶水提物干预则能显著提高肠道紧密连接蛋白的表达,增强肠道屏障作用,缓解肠道局部炎症和代谢性内毒素血症,并抑制全身性慢性炎症[37]。

肠道菌群分解膳食成分产生的短链脂肪酸(SCFAs,如乙酸、丙酸、丁酸)刺激黏液生成、形成肠腔-上皮屏障,保障肠道结构完整性[38]。肠道菌群失调则会破坏上皮屏障完整性,导致肠道功能障碍,这进一步印证了菌群平衡对于维持肠道屏障及整体肠道健康的重要性。另外,儿茶素的抗氧化作用使肠道微环境趋于缺氧,有利于产丁酸菌等严格厌氧菌及儿茶素分解菌生长,同时抑制兼性需氧菌(包含多种机会性病原体)增殖。由此产生的丁酸不仅为结肠细胞供能并促进其分化,还能维持肠道屏障完整性、增强机体免疫功能[12]。

3.2 调节系统性免疫细胞分化与平衡

茶活性成分可通过调控免疫细胞分化、免疫通路以及肠道干细胞功能来维护肠道健康。实验证实,EGCG具有明确的免疫调节作用,改善M1/M2巨噬细胞比例失衡,抑制结肠炎发展[4]。茶黄素可负向调控免疫缺陷相关通路,延缓果蝇年龄相关性肠道干细胞(ISCs)过度增殖、改善菌群失调,进而延长其寿命[11]。ISCs是维持肠道生理功能的核心,通过精确调控其增殖与分化来保证肠上皮持续更新。肠道菌群与肠上皮细胞通过免疫和代谢途径相互作用,形成了菌群活动与ISC功能之间的复杂调控网络。膳食营养可通过调控菌群组成与功能影响ISCs命运,而菌群也能代谢膳食成分并参与ISCs的调节,解析二者之间互作机制对理解肠道健康意义重大[16]。

局部调节性T细胞(Tregs)在结肠稳态中起到关键作用,可由SCFAs、次级胆汁酸结合物及色氨酸代谢产物等菌群代谢物诱导产生[24]。茶饮中复杂碳水化合物经肠道微生物发酵生成的SCFAs是肠道免疫调控的关键分子。它们可通过特异性转运蛋白被摄取,其中丁酸盐主要在上皮细胞内代谢,丙酸盐则进入肝脏参与胆固醇代谢。不同SCFA的功能各有侧重:丙酸盐参与造血调控、增强吞噬活性并改善缺氧诱导的大鼠心脏肥大;乙酸在外周组织代谢,能与高纤维饮食协同抑制小鼠过敏性气道疾病;三者均能促进初始T细胞向Tregs分化,在体外也能诱导Th1、Th17等效应细胞生成。

SCFAs能诱导结肠上皮细胞产生相关因子以调控中性粒细胞活性,还可影响单核细胞、巨噬细胞等多种免疫细胞。丁酸盐可特异性抑制巨噬细胞分泌TNF-α、促进其向M2型分化,并能减弱树突状细胞对T细胞的刺激,通过GPR109a受体维持$CD4^+$T细胞平衡、促进Tregs生成。以丁酸盐和丙酸盐为主的微生物源SCFAs,通过GPR43信号通路以及对Foxp3启动子的表观遗传调控,促进Tregs的扩增与分化,进而诱导免疫耐受。其全身性调控作用具有环境依赖性,在感染状态下可能促进促炎性T细胞分化。

SCFAs的免疫调节并非仅依赖于Tregs,还可作用于全身多器官,如增强浆细胞产生IgA、诱导抗菌肽释放,也能通过G蛋白偶联受体途径作用于胰腺β细胞,预防自身免疫性糖尿病。此外,SCFAs能诱导树突状细胞和巨噬细胞表达模式识别受体,调控细胞因子分泌以及分泌型免疫球蛋

白A和M合成[10]。

3.3　抑制TLR/NF-κB等经典炎症通路

炎症反应是由多环节精密调控的复杂过程，其核心包括免疫/炎症细胞募集与活化、促炎细胞因子释放以及活性氧/活性氮(ROS/RNS)生成，这一进程主要受NF-κB、AP-1等转录因子调控，其中NF-κB是调控炎症、免疫、细胞生长和氧化应激的关键因子，其核苷酸能上调炎症与组织损伤相关基因表达[39]。

免疫与代谢调节高度关联且相互依存。研究表明，慢性代谢性炎症是肥胖、糖尿病和心血管疾病等代谢性疾病发生的常见机制，常与肠道稳态改变相关[40]。炎症本是机体的保护性反应，但在代谢性疾病患者体内常存在促炎细胞因子水平偏高、代谢紊乱、游离脂肪酸及内毒素等代谢产物积累，进而激活巨噬细胞并诱发持续的炎症反应[41]。

茶及其活性成分具备显著的抗炎活性，主要通过抑制促炎细胞因子表达、调控NF-κB信号通路、抑制炎症介质释放等途径发挥作用[42]。EGCG可显著降低TNF-α、IL-6水平，下调NF-κB蛋白表达并抑制NF-κB激活与核转移、阻断AP-1活性，进而下调iNOS、COX-2等促炎酶表达并清除ROS/RNS；同时，阻断JAK1/2信号通路、减少IL-8释放，还可调控NF-κB或靶向TLR4/MyD88/NF-κB通路缓解肠道炎症[39]。TPS可下调TLR4/NF-κB炎症信号通路表达，缓解热应激患牛的肝脏炎症。白毫银针中的类黄酮降低IL-6、IL-1β，同时升高IL-10、IL-12等抗炎细胞因子水平[11,39]。茶黄素(TF)因其显著的抗炎活性成为研究热点，它能够调控TNF-α、IL-6、iNOS等炎症相关因子，因此TF被视为治疗炎症相关疾病的重要候选分子[36]。

茶对结肠炎的预防作用已得到广泛证实。普洱茶对葡聚糖硫酸钠诱导的小鼠结肠炎具有显著的辅助治疗效果[4]。EGCG可抑制Caspase-1、IL-1β等促炎因子分泌，阻滞肠道炎症进展、修复肠上皮损伤，并上调小鼠体内胆酸盐合成与分泌相关通路。促炎细胞因子(TNF-α、IL-6、IL-1β)可诱发溃疡性结肠炎和组织损伤，而抗炎细胞因子(IL-10、TGF-β)则维持肠道稳态[43]。茶多酚可通过调控细胞因子水平、抗氧化酶活性及肠道紧密连接蛋白表达来减轻肠道炎症。茶叶氧化型茶多酚与咖啡因能上调ZO-1、Muc2等的表达，维持肠道屏障与黏液层的完整性，抑制炎症细胞浸润[2]。另有研究指出，茶主要通过调控LPS相关途径影响肠道平衡，即减少其合成、抑制其转运、阻止其与TLR4受体结合以阻断下游炎症通路，而TLR4/MyD88/NF-κB p65通路是该过程中关键的抗炎靶点[41]。

肠道菌群是影响炎症性肠病易感性的关键因素，参与调节宿主肠上皮屏障与免疫。螺旋结构白茶多糖在体外抑制LPS诱导的RAW264.7巨噬细胞分泌TNF-α、IL-6，通过下调免疫相关基因、抑制IL-17-JNK-AP-1通路，降低p-JNK、p-c-Jun、COX-2表达，恢复肠道黏膜稳态，缓解结肠炎[18]。NLRP3炎症小体信号通路对肠道稳态至关重要，其与IL-1β在炎症性肠病患者中常呈高表达。EGCG与胆汁酸(如LCA)可显著抑制NLRP3激活及结肠组织中Caspase-1、IL-1β表达，LCA还可能激活TGR5受体抗炎[4]。

综上所述，茶叶活性成分通过多靶点、多通路协同作用，在强化肠道屏障、平衡免疫细胞功能及抑制关键炎症信号传导等方面发挥核心调节作用，系统性地维护了基于肠道菌群的免疫稳态。

4　展望

尽管已有研究揭示了茶饮通过肠道菌群调节免疫稳态的多种机制，但该领域仍存在诸多亟待解决的问题。儿茶素等酚类化合物对芽孢杆菌、幽门螺杆菌等多种细菌具有抑菌活性，其主要作用机制涉及破坏细菌细胞膜结构。EGCG可通过结合并损伤革兰氏阳性菌细胞壁的肽聚糖层而发挥作用。革兰氏阴性菌则凭借其外膜及带负电荷的脂多糖可部分抵御儿茶素的渗透，从而表现出一定的耐药性。值得注意的是，儿茶素对部分革兰氏阳性菌的抑制作用亦不明显，提示可能存在尚未阐明的替代耐药机制，其具体机理仍有待进一步研究。

茶饮成分在肠道内经细菌转化后产生的代谢产物，对宿主健康与疾病调控具有关键作用。该转化过程不仅能重塑肠道菌群的功能，还可调控宿主多种生理活动，表明摄入茶叶活性成分并调节肠道菌群构成，是维持宿主健康的有效途径之一。因此，系统阐明茶饮-肠道微生物的相互作用机制及其共同调控宿主免疫的分子基础，对于制定基于茶叶的干预策略、实现针对相关疾病的精

准调控具有重要的理论与实践价值。

未来研究应整合代谢组学、转录组学等多组学技术，系统解析上述互作过程对肠道菌群组成与功能的影响规律，及其所介导的宿主健康效应。同时，应开展更严谨的人体干预研究，明确不同茶叶品类、剂量与饮用模式对特定人群肠道菌群及免疫功能的差异化影响。

深入探究茶-菌互作在肠-脑轴、肠-肝轴等多器官串扰中的具体机制，有助于开发基于肠道菌群表型的精准茶饮干预策略。茶活性成分与益生元/益生菌的联合应用及其协同效应也值得探索。

此外，不同宿主状态（健康/疾病）下的主导营养素存在差异，且营养成分之间存在动态交互关系。因此，疾病相关的饮食干预建议，需以确凿的医学证据为基础，并应优先明确特定宿主状态下各类功能性成分之间的相互作用模式。

参考文献：

[1] Zhang Ziying, Liu Changwei, Fang Wenwen, et al. Research progress on the lipid-lowering and weight loss effects of tea and the mechanism of its functional components[J]. The Journal of Nutritional Biochemistry, 2023, 112: 109210.

[2] Liu Junyu, He Dong, Xing Yifan, et al. Effects of bioactive components of Pu-erh tea on gut microbiomes and health: a review[J]. Food Chemistry, 2021, 353: 129439.

[3] de Vos W M, Tilg H, Van Hul M, et al. Gut microbiome and health: mechanistic insights[J]. Gut, 2022, 71(5): 1020-1032.

[4] Zhong Kaiqiang, Yao Yizhou, Shi Bo, et al. EGCG alleviates colitis in inflammatory bowel disease via gut microbiota-derived LCA and inhibition of NLRP3 inflammasome[J]. International Immunopharmacology, 2026, 168: 115962.

[5] Liu Jianhui, Ding Huafang, Yan Chi, et al. Effect of tea catechins on gut microbiota in high fat diet-induced obese mice [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2023, 103(5): 2436-2445.

[6] Armet A M, Deehan E C, O′Sullivan A F, et al. Rethinking healthy eating in light of the gut microbiome[J]. Cell Host & Microbe, 2022, 30(6): 764-785.

[7] Liu Shan, Fan Boyan, Li Xiaoping, et al. Global hotspots and trends in tea anti-obesity research: a bibliometric analysis from 2004 to 2024[J]. Frontiers in Nutrition, 2024, 11: 1496582.

[8] Pérez-Burillo S, Navajas-Porras B, López-Maldonado A, et al. Green tea and its relation to human gut microbiome [J]. Molecules, 2021, 26(13): 3907.

[9] Fan Lijuan, Xia Yaoyao, Wang Youxia, et al. Gut microbiota bridges dietary nutrients and host immunity[J]. Science China Life Sciences, 2023, 66(11): 2466-2514.

[10] Xu Lei, Ho C T, Liu Yanan, et al. Potential application of tea polyphenols to the prevention of COVID-19 infection: based on the gut-lung axis[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 9: 899842.

[11] Liang Huijun, Qu Mei, Ang Song, et al. Anti-aging effect of tea and its phytochemicals [J]. Food Research International, 2025, 214: 116572.

[12] Yang Mingchuan, Zhang Xiangchun, Yang C S. Bioavailability of tea polyphenols: a key factor in understanding their mechanisms of action in vivo and health effects[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2025, 73(7): 3816-3825.

[13] Yilmaz Y. Health-promoting effects of black tea: a narrative review of clinical trials[J]. International Journal of Food Science, 2025, 2025(1): 8560718.

[14] Yang Jiajia, Chi Yulang, Zhu Qingyu, et al. Effects of tea polysaccharides on gut microbiota and physiological health indicators in mice[J]. Scientific Reports, 2025, 15: 24879.

[15] Zheng Peng, Zhao Hongbo, Zhang Xingliang, et al. Oolong tea attenuates neuroinflammation by modulating the microbiota-gut-brain axis in a rat model of autism[J]. Frontiers in Nutrition, 2025, 12: 1643147.

[16] 欧阳建. 岳阳黄茶对高脂饮食大鼠肠道屏障和肠道菌群的影响[D]. 长沙：湖南农业大学，2021：10-13.

[17] Chen Xuemin, Dai Pengfei, Zhu Yuanmin, et al. A triple-helix white tea polysaccharide alleviates ulcerative colitis via the gut microbiota-metabolites-inflammation regulatory axis[J]. Carbohydrate Polymers, 2026, 374: 124716.

[18] 储思远，钱利生，陈海敏. 茶成分对肠道菌群的调控作用及其健康效应的研究进展[J]. 天然产物研究与开发，2024，36(2)：357-367.

[19] Wu Shengjun, Cui Xiaona. L-theanine as a sustainable feed additive: evaluating impacts on animal health and production efficiency[J]. Microbial Pathogenesis, 2026, 214: 108432.

[20] Zhao Yiqiao, Wang Zikang, Lu Yuanyuan, et al. L-theanine alleviates reserpine-induced depression in rats via modulation of the gut-brain axis[J]. Food Research International, 2026, 223: 117873.

[21] Marzi M, Dönmez M O, Şener A, et al. Protective effects of L-theanine against bisphenol A-induced oxidative stress and gut microbiota disruption in Wistar rats[J]. Molecular Biology Reports, 2026, 53(1): 777.
[22] Peng Ying, Yu Tianxing, Qin Chunyin, et al. L-theanine-targeted prefrontal cortex improves CUMS-induced depression via the gut-short-chain fatty acids-brain axis[J]. npj Science of Food, 2026, 10: 4.
[23] 张迎娣, 张红杰. 肠道菌群在肠道稳态和炎症性肠病中的研究进展[J]. 胃肠病学, 2015,20(3): 184-187.
[24] Zhang Ping. Influence of foods and nutrition on the gut microbiome and implications for intestinal health [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(17): 9588.
[25] Luqman A, Hassan A, Ullah M, et al. Role of the intestinal microbiome and its therapeutic intervention in cardiovascular disorder[J]. Frontiers in Immunology, 2024, 15: 1321395.
[26] 彭姝莉, 李冉阳, 何融融, 等. 黑茶对肠道菌群的调控及其作用机制研究进展[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(15): 348-356.
[27] Zhang Shiqi, Xu Mengyang, Sun Xiaowei, et al. Green tea extract alters gut microbiota and their metabolism of adults with metabolic syndrome in a host-free human colonic model[J]. Food Research International, 2022, 160: 111762.
[28] Ito A, Matsui Y, Takeshita M, et al. Gut microbiota-mediated associations of green tea and catechin intakes with glucose metabolism in individuals without type 2 diabetes mellitus: a four-season observational study with mediation analysis[J]. Archives of Microbiology, 2023, 205(5): 191.
[29] Liu Wugao, Lu Hongjia, Chu Xinyu, et al. Tea polyphenols inhibits biofilm formation, attenuates the quorum sensing-controlled virulence and enhances resistance to *Klebsiella pneumoniae* infection in *Caenorhabditis elegans* model[J]. Microbial Pathogenesis, 2020, 147: 104266.
[30] Wang Yuyang, Hu Qiang, Jiang Qiliu, et al. A randomized double-blind trial of the effect of liupao tea on metabolic parameters, body composition, and gut microbiota in adults with metabolic syndrome[J]. Nutrients, 2025, 17(14): 2371.
[31] Sun Li, Su You, Hu Kaiyin, et al. Microbial-transferred metabolites of black tea theaflavins by human gut microbiota and their impact on antioxidant capacity[J]. Molecules, 2023, 28(15): 5871.
[32] Zhu Mingzhi, Ouyang Jian, Zhou Fang, et al. Polysaccharides from Fu brick tea ameliorate obesity by modulating gut microbiota and gut microbiota-related short chain fatty acid and amino acid metabolism[J]. The Journal of Nutritional Biochemistry, 2023, 118: 109356.
[33] 张志勇, 李婷, 朱慧芳, 等. 茶多酚调节肠道菌群及抗肥胖作用研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2023, 14(2): 161-167.
[34] 杨智, 蒋洁琳, 官兴丽, 等. 普洱茶调节肠道菌群作用的研究进展[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(21): 303-312.
[35] Zhao Zimo, Chen Ruofan, Ng K. Effects of differently processed tea on the gut microbiota[J]. Molecules, 2024, 29(17): 4020.
[36] Zhang Ruyi, Li Qiling, Gu Yuxuan, et al. Harnessing the power of fermented tea to improve gut microbiota and combat obesity epidemic[J]. Biology, 2024, 13(10): 779.
[37] Pan Simin, Wang Chunli, Hu Zhifan, et al. Baitouweng decoction repairs the intestinal barrier in DSS-induced colitis mice via regulation of AMPK/mTOR-mediated autophagy[J]. Journal of Ethnopharmacology, 2024, 318: 116888.
[38] Dong Sashuang, Wu Sitong, Hao Fanyu, et al. Research advancements on theaflavins: isolation, purification, synthesis, gut microbiota interactions, and applications potentials [J]. Food Research International, 2025, 202: 115692.
[39] Wu Haiqin, Mu Chunlong, Xu Laipeng, et al. Host-microbiota interaction in intestinal stem cell homeostasis[J]. Gut Microbes, 2024, 16(1): 2353399.
[40] Yu Shiyi, Zhu Xuan, Zhao Xiayu, et al. Improvement of chronic metabolic inflammation and regulation of gut homeostasis: tea as a potential therapy[J]. Pharmacology & Therapeutics, 2025, 269: 108828.
[41] Capasso L, De Masi L, Sirignano C, et al. Epigallocatechin gallate (EGCG): pharmacological properties, biological activities and therapeutic potential[J]. Molecules, 2025, 30(3): 654.
[42] Li Ang, Wang Jin, Kou Ruixin, et al. Polyphenol-rich oolong tea alleviates obesity and modulates gut microbiota in high-fat diet-fed mice[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 9: 937279.
[43] Li Fan, Xu Jun, Xie Min, et al. Regulatory effects of tea polysaccharides on hepatic inflammation, gut microbiota dysbiosis, and serum metabolomic signatures in beef cattle under heat stress[J]. Frontiers in Physiology, 2024, 15: 1460414.

责任编辑：陈松楠　申晓伟