

## 研究论文

DOI: 10.11949/0438-1157.20191101

## 模拟分析绒毛运动对传质和吸收过程的强化

华晓蓝<sup>1</sup>, 张亚南<sup>1</sup>, 董志忠<sup>2,3</sup>, 王勇<sup>2</sup>, 陈晓东<sup>1</sup>, 肖杰<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>苏州大学材料与化学化工学部化工与环境工程学院, 江苏 苏州 215123; <sup>2</sup>中粮营养健康研究院, 老年食品营养北京市工程实验室, 营养健康与食品安全北京市重点实验室, 北京 102209;

<sup>3</sup>江苏省现代粮食流通与安全协同创新中心, 江苏 南京 210023)

**摘要:** 消化器官内壁有着多级多尺度结构且运动方式复杂, 理解其在消化吸收过程中的作用对人类健康具有重要意义。着眼于人体小肠绒毛, 从化学工程师的独特视角出发, 建立多物理场耦合模型描述小肠绒毛运动驱动下的营养物质传递与吸收。成功应用动网格方法实现绒毛往返周期运动。同时建立分析方法, 量化传质与吸收效果。模拟结果显示绒毛沿着小肠管路轴向的往返运动, 可以形成两个特征涡流, 有效强化绒毛间流体和外部流体的交换, 减小径向传质阻力。绒毛顶部在吸收中起到了关键作用。绒毛运动周期越小, 最大传质增强因子越高, 吸收量越大。绒毛越高, 最大传质增强因子越高, 再加上吸收面积越大, 总吸收量会显著提升。对于 900  $\mu\text{m}$  高的绒毛, 在运动周期为 6 s 情况下, 传质效果比绒毛不运动时的传质效果提升超过 500%。

**关键词:** 吸收; 传质; 数学模拟; 计算流体力学; 小肠; 绒毛

中图分类号: TQ 027.1

文献标志码: A

文章编号: 0438-1157 (2020) 05-2024-11

## Simulation and analysis of mass transfer and absorption process intensification by villi movement

HUA Xiaolan<sup>1</sup>, ZHANG Yanan<sup>1</sup>, DONG Zhizhong<sup>2,3</sup>, WANG Yong<sup>2</sup>, CHEN Xiao Dong<sup>1</sup>, XIAO Jie<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>School of Chemical and Environmental Engineering, College of Chemistry, Chemical Engineering and Materials Science, Soochow University, Suzhou 215123, Jiangsu, China; <sup>2</sup>Nutrition & Health Research Institute, COFCO Corporation, Beijing Engineering Laboratory of Geriatric Nutrition & Foods, Beijing Key Laboratory of Nutrition & Health and Food Safety, Beijing 102209, China; <sup>3</sup>Collaborative Innovation Center for Modern Grain Circulation and Safety, Nanjing 210023, Jiangsu, China)

**Abstract:** The inner wall of the digestive organ has a multi-level and multi-scale structure and complex movement patterns. Understanding its role in the process of digestion and absorption is of great significance to human health. From a chemical engineer's unique perspective, this work developed a multi-physics computational fluid dynamics (CFD) model to describe nutrient transfer and absorption in the small intestine driven by villi movement. The moving mesh method was successfully implemented to realize the cyclic back-and-forth movement of villi. Furthermore, data analysis methods were developed to quantify mass transfer and absorption performance. Numerical simulation results show that the back and forth movement of villi along the axial direction can generate

收稿日期: 2019-10-07 修回日期: 2020-02-29

通信作者: 肖杰(1980—), 男, 博士, 教授, jie.xiao@suda.edu.cn

第一作者: 华晓蓝(1982—), 女, 硕士研究生, huaxiaolan@suda.edu.cn

基金项目: 国家自然科学基金项目(21978184); 江苏省自然科学基金优秀青年基金项目(BK20170062); 国家重点研发计划项目(2016YFE0101200); 北京市科技计划课题(D171100008017002); 江苏双创计划项目; 江苏特聘教授计划项目; 江苏优势学科 PAPD

引用本文: 华晓蓝, 张亚南, 董志忠, 王勇, 陈晓东, 肖杰. 模拟分析绒毛运动对传质和吸收过程的强化[J]. 化工学报, 2020, 71(5): 2024–2034

**Citation:** HUA Xiaolan, ZHANG Yanan, DONG Zhizhong, WANG Yong, CHEN Xiao Dong, XIAO Jie. Simulation and analysis of mass transfer and absorption process intensification by villi movement[J]. CIESC Journal, 2020, 71(5): 2024–2034

two characteristic vortexes. The formation of vortexes can effectively reduce mass transfer resistance in the radial direction. The top part of villi plays critical role in nutrient absorption. A shorter movement cycle offers a higher villi velocity, which results in a higher value of the maximum enhancement factor and hence a higher absorption amount. The case with taller villi demonstrates higher mass-transfer enhancement factor. At the same time, taller villi offer larger absorption area. These two positive factors together contribute to a much higher absorption amount as compared with the case with shorter villi. In this specific study, the case with 900  $\mu\text{m}$  high villi and a movement cycle of 6 s, the mass transfer performance can be improved by over 500% as compared to the case without villi movement (*i.e.*, a mass-transfer enhancement factor reaching 6).

**Key words:** absorption; mass transfer; mathematical modeling; computational fluid dynamics; small intestine; villi

## 引 言

人体赖以生存的营养和能量需要通过食物的消化和吸收获取,消化系统重要性不言而喻。对消化系统的研究一直以来备受医学及生物领域内科学家们的关注<sup>[1]</sup>,但至今仍有许多未解之谜。化学工程师可以利用三传一反理论对消化过程进行严格的数学描述,并开展定量分析。小肠吸收了大部分营养物质以及水,因此在整个消化系统中起到至关重要的作用<sup>[1]</sup>。从化学工程师的角度出发,研究复杂的小肠系统需要面对以下两方面挑战。第一方面,小肠壁面具有多级且多尺度结构。腔体是直径约3 cm的圆管状空间。其内壁分布着约1 cm高环形褶皱。褶皱上布满了微小的小肠绒毛,其高度仅为500~1500  $\mu\text{m}$ 。每一根绒毛上又布满了更小的微绒毛,高度仅有100~2000 nm。这些结构除了提供更多的吸收面积之外,对营养物质在小肠腔体内的传输起到什么样的作用依然是个谜。第二方面,柔性壁面具有多种且多尺度运动方式。分节运动负责物质混合;蠕动可以形成收缩波,推动食糜朝大肠方向行进。除了这两种宏观尺度的运动,微小的绒毛也会在消化过程中发生运动。这种微观尺度运动方式至今也未有定论,一种理论是绒毛附着于肌肉收缩形成微小褶皱,其上绒毛从而发生被动的靠近和远离往复运动<sup>[2-3]</sup>。还有一种理论是绒毛自带平滑肌纤维,会产生自主的来回摆动<sup>[4-5]</sup>。这些运动带来的对传质和吸收的影响也有待开展深入研究。

建立理论模型描述并预测小肠内的流动、物质传递以及吸收过程一直以来是研究人员关注的焦点。着眼于小肠的电生理现象及运动方式,新西兰奥克兰大学的Du等<sup>[6]</sup>提出了虚拟肠道(virtual intestine)的概念,旨在构建一个模型框架,可以将一

些和小肠电生理现象相关的建模工作进行集成。这种全局考虑的想法具有重要意义,但文中提出的框架还有很多需要完善的地方。美国宾夕法尼亚州立大学化工系Edwards等<sup>[7]</sup>开发了小肠内药物分子传递和吸收模型,其理论模型是基于对流传质和反应机理的一维模型,旨在预测药物分子的消耗速率及在一维肠道中的分布。此类模型无法直观再现小肠壁面的运动方式,因此壁面运动对腔体内流动和传质影响只能简化为模型中的修正系数。而小肠的运动方式颇为复杂<sup>[1,8]</sup>。另有报道利用经典的润滑理论模拟小肠蠕动带来的腔体内流动<sup>[9]</sup>。新西兰梅西大学Lentle教授及其团队<sup>[10]</sup>开发了有限元模型模拟蠕动和分节运动引起的肠道内流场。英国伯明翰大学Tharakan等<sup>[11-12]</sup>建立了小肠实验模型(SIM)以及相应的流体力学(CFD)模型,研究小肠内的物理和化学现象。澳大利亚Sinnott等<sup>[13]</sup>使用平滑粒子流体力学模型(SPH)结合离散元方法(DEM)描述小肠内食糜(固-液两相)在蠕动驱动下的运动。除了蠕动和分节运动之外,Lentle教授及其团队<sup>[14-16]</sup>特别关注了另一种全局运动方式,摆动运动(pendular activity),开发了格子Boltzmann方法(LBM)以及计算流体力学方法描述摆动运动下的腔体内流体流动和物质传递。

以上提到的所有研究都是针对小肠壁面的全局运动,且壁面都被简化为光滑表面。内壁带绒毛的多级多尺度结构对流动和传质的影响不得而知。Lentle教授及其团队关注到绒毛特性及其周边的复杂微环境<sup>[17-18]</sup>,并在此领域开展一系列原创性研究<sup>[19-20]</sup>。他们提出小肠肌肉收缩导致壁面黏膜形成微褶皱。微褶皱的往复形成与消失带来了绒毛的被动靠近与远离的往复运动<sup>[3]</sup>。进而开发了LBM方法模拟绒毛的这种运动带来的流动和混合<sup>[2,19-20]</sup>。美国宾夕法尼亚州立大学机械工程学院

的Brasseur教授等<sup>[4-5]</sup>假设绒毛进行自主的来回摆动,从而形成微观尺度的混合层。其主要贡献是将绒毛运动带来的微观流场和宏观的顶盖驱动流场耦合,并用LBM方法模拟空肠中这一多尺度流动。但是吸收主要发生在十二指肠,且使用顶盖驱动流场近似十二指肠腔体内的宏观流场未必合适。上述模拟都采用LBM方法,比CFD方法更为耗时,且难以灵活研究稳态和动态过程。从分析角度看,已有的工作并没有给出吸收通量在绒毛表面的分布,以及绒毛运动对传质的定量影响,例如对传质系数的影响。而这些定量数据对理解绒毛运动的作用至关重要。

本工作拟开发多物理场耦合流体力学(CFD)模型描述微米尺度绒毛运动对小肠腔体内近壁面区域流动和物质传递的影响。同时分析给出绒毛表面吸收通量的分布以及绒毛运动对传质系数的影响。并系统研究不同运动方式和不同绒毛几何对传质和吸收的影响。研究开发的预测模型以及发现总结的新知识可以在多个领域中发挥重要作用。例如食品医药领域开发功能食品和靶向药物等<sup>[21-23]</sup>;在化工领域,启发研究人员设计开发新型高效的反应器系统<sup>[24-28]</sup>。

## 1 数学模型及模拟与分析方法

### 1.1 多物理场耦合模型

**1.1.1 模型几何** 模型几何为一个典型的绒毛收缩扩张单元。实验发现绒毛会在消化过程中发生运动,但其具体的运动机理和方式至今没有定论,也没有精确的实验测量数据。一种理论是绒毛自

带平滑肌纤维,会产生自主的来回摆动<sup>[4]</sup>。还有一种理论是绒毛附着的肌肉周期性收缩、放松。从而形成微小褶皱,其上绒毛跟着发生靠近和远离的运动(见图1左上角的示意图,也是本工作中采用的运动方式)<sup>[2]</sup>。上述两种理论的相同之处是:绒毛运动在空间和时间上都具有周期性,且一个运动单元都包含5根绒毛。因此建立图1中包含5根绒毛的模型几何,通过周期性边界条件的设置,实现对模拟系统的放大。宽 $L(\text{m})$ 、高 $H(\text{m})$ 的矩形去除5根绒毛后的空间,用于代表小肠内腔靠近壁面的空间。每根指状绒毛由一个下底长为 $d(\text{m})$ 的梯形和头部的半圆构成。绒毛高度为 $h(\text{m})$ 。初始时刻,绒毛处于最紧靠状态(初始间距为 $w_0(\text{m})$ )。假设绒毛间距最大时,所有绒毛均匀分布于内壁表面,且此时的分布密度为 $\omega(\text{m}^{-2})$ 。则可以推导出绒毛间的最大间距 $w(\text{m})$ 以及模拟空间宽度 $L$ 符合以下方程组

$$\begin{cases} 5(d+w)=L \\ L \times \sqrt{\omega}=5 \end{cases} \quad (1)$$

**1.1.2 控制方程** 小肠绒毛微小且运动速度慢,所以其驱动下流体为层流状态。如果速度取所有模拟中流体出现的最大速度,特征长度取模拟空间的高度 $H$ , Reynolds数约为14。对不可压缩流体的连续方程和流动方程分别如式(2)、式(3)所示

$$\nabla \cdot (\mathbf{u}) = 0 \quad (2)$$

$$\rho \frac{\partial \mathbf{u}}{\partial t} + \rho (\mathbf{u} \cdot \nabla) \mathbf{u} = \nabla \cdot \left[ -p\mathbf{I} + \mu (\nabla \mathbf{u} + (\nabla \mathbf{u})^T) \right] \quad (3)$$

式中, $\mathbf{u}$ 为流体速度矢量, $\text{m/s}$ ;  $\rho$ 为流体密度, $\text{kg/m}^3$ ;  $\mu$ 为流体黏度, $\text{Pa}\cdot\text{s}$ ;  $p$ 为压强, $\text{Pa}$ ;  $t$ 为时间, $\text{s}$ 。

营养物质选取最有代表性的葡萄糖,其在小肠腔体内的传递符合对流扩散规律

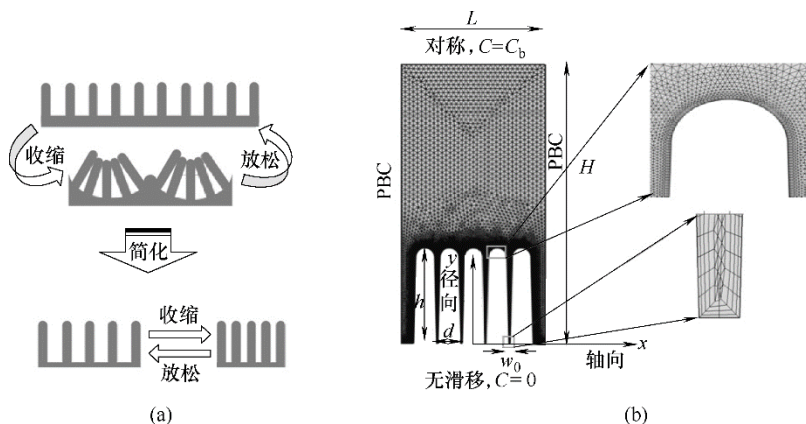


图1 模拟几何的构建及边界条件和网格划分(其中绒毛的运动方式取自文献<sup>[2]</sup>)

Fig.1 Construction of geometry of simulation system together with its mesh and boundary conditions(scheme of villi movement is taken from Ref.[2])

$$\frac{\partial C}{\partial t} + \nabla \cdot (-D \nabla C) + \mathbf{u} \cdot \nabla C = 0 \quad (4)$$

式中,  $C$  为葡萄糖浓度,  $\text{mol/m}^3$ ;  $D$  为葡萄糖在水中的扩散系数,  $\text{m}^2/\text{s}$ 。流体速度  $\mathbf{u}$  由求解流场模型[式(2)、式(3)]获得, 从而实现动量传递和物质传递的耦合。文中涉及的场与场的耦合指的是“流场”和“浓度场”的耦合。流场影响物质传递, 物质传递不影响流场, 是一种单向的耦合。

采用 Lentle 教授团队<sup>[3]</sup>提出的由微褶皱引起的绒毛运动方式。如图 1 左侧所示的简化方法, 利用绒毛在水平方向上的靠近与分离来近似实现微小褶皱带来的绒毛运动。水平方向即为在圆柱状肠道中沿着壁面的轴向, 竖直方向则为径向。假设为刚体的绒毛在运动过程中不发生变形<sup>[17]</sup>。其在水平方向(即图 1 中  $x$  方向)左右往返运动速度  $v(\text{m/s})$  为

$$v = kv_{\max} \sin\left(\frac{2\pi}{T}t\right) = k \frac{w - w_0}{(T/\pi)} \sin\left(\frac{2\pi}{T}t\right) \quad (5)$$

其中,  $T$  为一次来回运动的周期,  $\text{s}$ ; 最大速度  $v_{\max}$  的值由运动周期  $T$  和绒毛密度  $\omega$  共同决定;  $k$  表示绒毛的序号, 图 1 中从左到右分别为  $-2, -1, 0, 1, 2$ 。因此, 中间的绒毛保持不动;  $0 \sim T/2$  内, 两侧绒毛远离中间绒毛,  $T/2 \sim T$  内返回靠近绒毛, 并在  $T$  时刻回到初始位置, 完成一个周期的运动。速度在  $T/4$  和  $3T/4$  时达到最大。需要注意的是, 本工作基于 Lim 等<sup>[17]</sup>的实验结果将绒毛假设为刚体。一些特殊情况下, 绒毛在运动过程中可能会发生变形弯曲。绒毛变形的机制有待进一步探索研究。如果可以忽略神经、肌肉的驱动, 则外界流体施压下的绒毛弯曲变形可以通过流固耦合方法研究。

**1.1.3 边界和初始条件** 小肠绒毛均匀分布在小肠壁面, 且模型几何为一个典型的运动单元。对于传质模型和流动模型, 图 1 中左右两边界都设置为周期性边界条件(PBC), 从而可以用这一个运动单元模拟整个小肠壁面上海量绒毛的运动。对于流动模型, 连带绒毛的壁面设置为无滑移边界。不考虑腔体内主体流动对靠近壁面区域的影响, 上边界设置为对称。上边界从小肠腔体主体流中源源不断汲取营养, 因此设置为恒定浓度  $C_b(\text{mol/m}^3)$ 。小肠腔体溶液中的葡萄糖要能够被吸收进入血液需要先后克服腔体溶液中的传质阻力以及穿越上皮细胞层的传质阻力。其中第二步为主动吸收, 且速度很快。所以腔体溶液中的传质速度决定了整个吸收过程的速度<sup>[29]</sup>。包含绒毛的底面代表小肠腔体内壁的黏膜层。根据上述消化吸收过程为扩散控

制的假设<sup>[2-5,30]</sup>, 设置葡萄糖浓度为 0, 实现葡萄糖在绒毛表面的瞬时主动吸收。模拟区域可以自由变形。上界面及左右边界不可移动。底面上的绒毛根据式(5)设定的速度周期性运动。在初始时刻, 区域内的流体速度设置为 0, 葡萄糖浓度设置为  $C_b(\text{mol/m}^3)$ 。

## 1.2 模拟与分析方法

上述耦合的流动与传质模型使用有限元法(FEM)求解, 绒毛的轴向运动通过移动网格方法(ALE)实现, 求解模拟过程在 COMSOL 多物理场建模软件中实施<sup>[31]</sup>。模拟前对模型几何进行网格划分, 为了能够准确预测速度和浓度分布, 设计了混合网格(图 1)。靠近界面(即绒毛表面和腔体溶液之间的界面)区域的速度和浓度梯度最大, 因而采用结构性四边形网格, 并且此区域的边界层网格精细而致密(图 1 中放大的部分)。其他区域则使用非结构性三角形网格。网格无关性验证中测试了 4 种混合网格, 网格数目分别为 2463、8201、30800 和 33072 个。结果表明当网格数达到 30800 个时, 绒毛表面的吸收通量分布将不随网格数变化而发生明显改变。此时的网格如图 1 所示。因此, 采用网格数为 30800 个的网格划分方法开展文中所有的模拟。模拟时, 首先求解传质模型的稳态解, 再将获得的浓度分布作为求解动态过程的浓度初始分布。接着, 引入绒毛运动, 求解耦合的流动-传质-动网格模型。

传质系数可以用式(6)计算

$$K = \frac{J}{C_b - C_s} \quad (6)$$

式中,  $K$  为传质系数,  $\text{m/s}$ ;  $J$  为沿着绒毛表面的吸收通量,  $\text{mol}/(\text{m}^2 \cdot \text{s})$ ;  $C_s$  为绒毛表面的葡萄糖浓度,  $0 \text{ mol/m}^3$ 。吸收通量在绒毛表面存在非均匀分布, 因此传质系数也存在相应的非均匀分布。将传质系数沿着绒毛表面积分, 再除以绒毛总面积可以得到平均传质系数

$$\bar{K} = \frac{\int_0^L K dl}{\int_0^L 1 dl} \quad (7)$$

注意在二维系统中面积分成为线积分。如果将静止绒毛情况下的平均传质系数作为参考, 可以定义传质增强因子  $\alpha$

$$\alpha = \frac{\bar{K}}{K^*} \quad (8)$$

如果  $\alpha$  大于 1, 就说明绒毛运动促进了传质, 且

其值越大,促进效果越明显。Peclet 数可以表征对流扩散和分子扩散的相对强弱

$$Pe = \frac{\bar{u} H}{D} \quad (9)$$

其中的速度 $\bar{u}$ 为某特定时刻腔体内的平均流速(m/s),二维空间中为面积平均。特征长度取为模拟空间的高度。 $Pe$ 值越大,说明对流扩散越显著。

将吸收通量沿着绒毛表面积分,即得到吸收速率,进一步随时间二次积分就可以得到吸收总量随时间的变化

$$m = \int_0^t \int_0^L J dl dt \quad (10)$$

注意二维系统中的吸收总量单位为 mol/m。式(10)是在二维系统中将吸收通量(单位为 mol/(m<sup>2</sup>·s))沿着绒毛表面(曲线)积分,并同时随时间积分,所以两重积分后的单位为 mol/m。这一物理量如果进一步沿着圆柱体小肠横切面的周长积分,就可以得到三维系统中的吸收总量,其单位为 mol。

## 2 结果与讨论

### 2.1 典型案例分析

人体十二指肠是营养吸收最重要的器官,着眼

表 1 模型中变量及参数设置

| Table 1 Values of parameters and variables in model |                                          |      |
|-----------------------------------------------------|------------------------------------------|------|
| 变量及参数                                               | 取值                                       | 数据来源 |
| 模拟区域宽度 $L$                                          | 1 mm                                     | 式(1) |
| 模拟区域高度 $H$                                          | 2 mm                                     | —    |
| 绒毛高度 $h$                                            | 300~900 $\mu\text{m}$                    | [32] |
| 绒毛宽度 $D$                                            | 160 $\mu\text{m}$                        | [33] |
| 绒毛分布密度 $\omega$                                     | 25 mm <sup>-2</sup>                      | [3]  |
| 绒毛间初始距离 $w_0$                                       | 8 $\mu\text{m}$                          | —    |
| $t=T/2$ 时绒毛间距离 $w$                                  | 40 $\mu\text{m}$                         | 式(1) |
| 绒毛运动周期 $T$                                          | 4~10 s                                   | [34] |
| 体温下葡萄糖扩散系数 $D$                                      | $8.97 \times 10^{-10}$ m <sup>2</sup> /s | —    |
| 葡萄糖源的浓度 $C_b$                                       | 200 mol/m <sup>3</sup>                   | [35] |

于十二指肠中绒毛运动对流动和传质带来的影响。模型参数的取值采用报道文献中的相关数据,列于表 1 中。

2.1.1 流场与浓度场分析 图 2 中可以更直观地观察到在上半周期(即 0 时刻到  $T/2$ ),绒毛间间距逐步扩大;在下半周期,绒毛间距逐步减小。因为  $T/2$  和  $T$  时刻,绒毛速度为 0[见式(5)],所以流体速度比其他时刻小很多,几乎可以忽略[图 2(d)、(h)中几乎看不到白色箭头,且代表速度的流线颜色为深黑色]。其

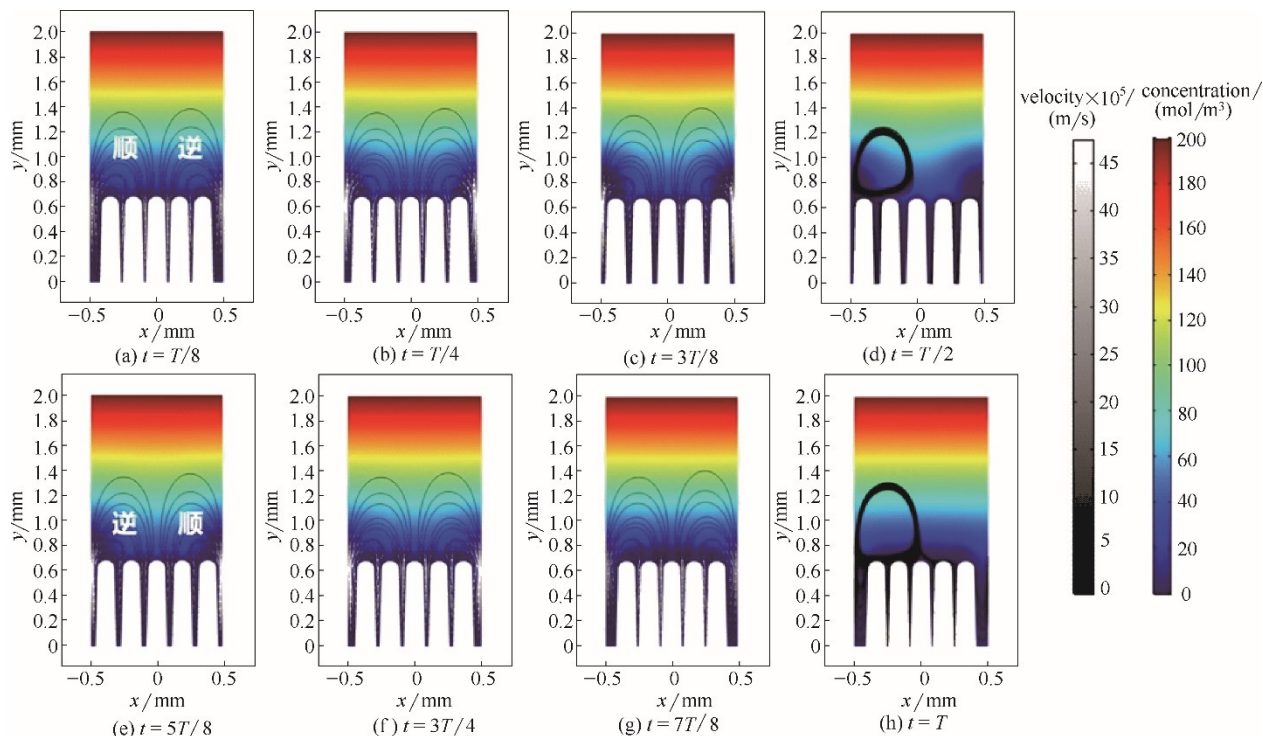


图 2 一周期内代表性时刻的流场及浓度场(流场由白色速度箭头及流线表示,箭头大小和流体速度呈正比,流线颜色代表速度大小)

Fig.2 Flow field and concentration field at representative time instants during one movement cycle (velocity field is plotted using colored streamlines and white arrows, arrow size is proportional to magnitude of fluid velocity, color of streamline represents velocity)

他时刻流场呈现对称分布。图2中最明显的流场特征是绒毛的往复运动形成了两个涡流(见图中的流线)。表明绒毛在水平方向(即 $x$ 方向,轴向)的来回运动促进了垂直方向(即 $y$ 方向,径向)的流动和物质传递,有效减小径向传质阻力。由白色速度箭头的尺寸可以看出,绒毛间隙中的流速远大于外部流速。且间隙中速度方向为纵向,可以有效进行间隙间物质和腔体中物质的交换。另外,可以发现在每一时刻,两个涡流基本对称且方向相反。在上半周期,左右涡流分别为顺时针方向和逆时针方向。绒毛远离的运动,使得液体被“吸入”绒毛间的空间,有利于营养物质从远处向绒毛表面的传递。而在下半周期,涡流方向逆转,左右涡流分别变为逆时针方向和顺时针方向。此时绒毛靠近的运动,使得绒毛间液体被“挤出”。

从图2中的浓度场可以看出。上半周期,绒毛间距变大,间隙间流速向下,明显看出葡萄糖被吸往绒毛顶部及绒毛间隙。绒毛表面附近浓度明显增强,且绒毛表面葡萄糖浓度为0,意味着表面附近葡萄糖浓度梯度变大,吸收通量将增加。在下半周期,绒毛间距变小,间隙间流体速度向外。绒毛表面附近浓度逐步减小,意味着吸收通量也将逐步减小。

**2.1.2 绒毛表面吸收通量分布** 图3将不同时刻绒毛表面葡萄糖吸收通量分布单独绘出(实线),并与初始时刻的通量分布(虚线)一一比较。初始时刻

的分布即是绒毛无运动情况下达到稳态时的通量分布。明显看出同一时刻同一绒毛表面不同位置的葡萄糖吸收通量不同,都是绒毛顶部比下面部位吸收通量大。说明绒毛顶部在吸收中起到了决定性作用。同一时刻,吸收通量在不同绒毛表面也有所不同。吸收通量在一个周期内变化非常明显。前半周期,通量逐步增大,各个绒毛吸收的量都在增大,其中中间的三根绒毛吸收量的提升最为明显。这些结论和前面由流场和浓度场推演而来的趋势一致。下半周期,吸收通量逐步减少,而且 $3T/4$ 之后,各个绒毛的吸收通量甚至小于初始时刻的吸收通量,特别是中间三根绒毛的吸收通量减少明显。所以在一个周期的后期,吸收主要依靠两侧的两根绒毛[图3(g)、(h)]。

**2.1.3 传质及吸收增强效果分析** 图4(a)中显示, Peclet数在绒毛运动周期内呈现M形对称分布。前半周期及后半周期内都是先增大再减小。对流传质效果最强时刻为 $T/4$ 和 $3T/4$ 。这一结果和图2中流场分布分析结果一致。相较绒毛无运动时的传质效果,在前半周期内,传质效果先增强再稍有回落,之后在后半周期继续下降直到小于绒毛无运动时的传质效果,虽然最后有所回升但仍然回不到初始效果。绝大部分时间内,增强因子大于1,所以绒毛运动总体而言可以促进传质。且增强因子最大值可以到4.4,意味着传质效果增强到4倍有余[图4(b)]。传质的增强意味着吸收量的提升。图4(c)显

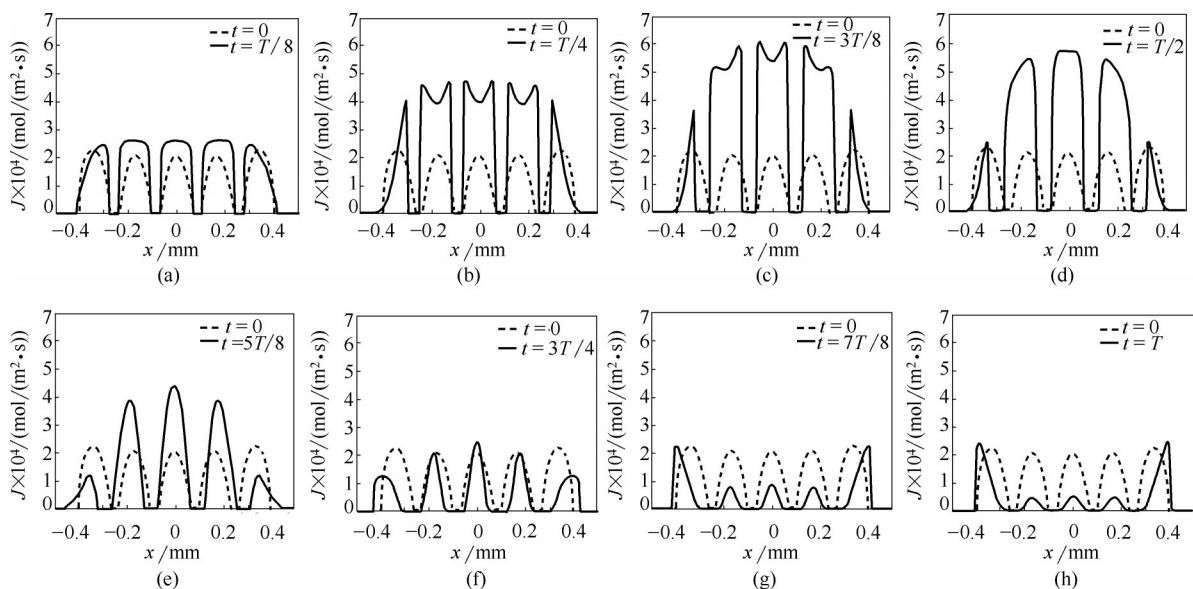


图3 一周期内代表性时刻绒毛表面吸收通量分布(实线)及与初始时刻分布(虚线)的比较

Fig.3 Distribution of absorption flux along villi surface at representative time instants during one movement cycle plotted as solid lines (comparison with distribution at time 0, dashed lines)

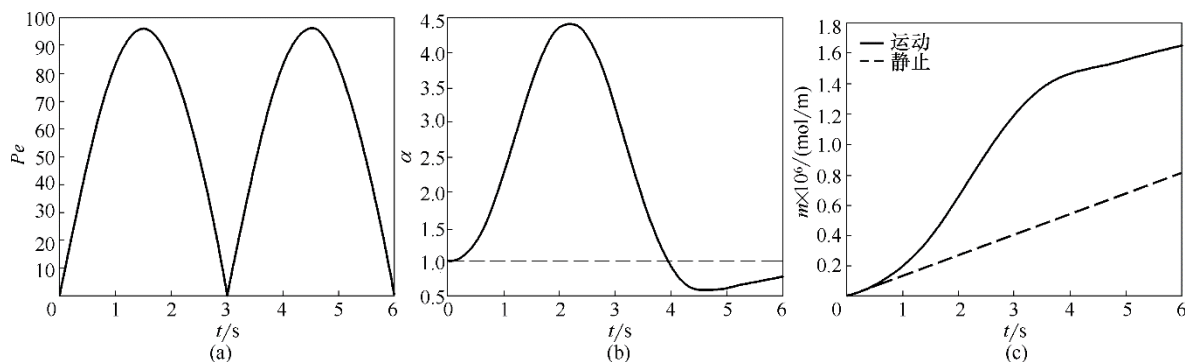


图4 Peclet数、传质增强因子及总吸收量随时间的变化

Fig.4 Evolution of Peclet number, mass-transfer enhancement factor and amount of absorption accumulated over time

示绒毛的运动带来了吸收量的明显提升(见图中实线和虚线的比较)。一周期结束时,比起无运动情况,有绒毛运动情况下吸收总量提升至约2倍。值得注意的是,后半周期内,传质增强效果并没有因为Peclet数的增加而增加。这是因为,后半周期内增强的对流传质方向为远离绒毛表面,反而对吸收起到抑制作用。

## 2.2 绒毛运动速度和几何尺寸的影响

将文中方法进一步扩展应用,研究绒毛主要参数对消化吸收过程的影响。选取了两类重要参数进行研究:运动方式和几何尺寸。针对运动方式,通过改变运动周期实现不同的运动速度。针对几何尺寸,选取不同的绒毛长度(即高度 $h$ )展开研究。这些研究具有重要现实意义,比如破损绒毛比正常绒毛短小,此工作有望定量揭示绒毛破损对消化吸收带来的各种影响。

**2.2.1 运动周期的影响** 在表1中列出的绒毛运动周期范围4~10 s中选取4、6、8、10 s分别进行模拟。其中6 s的情况就是2.1节中展示的典型案例。其他所有条件和典型案例设置一致。根据式(5)可知,缩短绒毛运动周期可以提升绒毛的运动速度,意味着绒毛间隙中流体和外部流体交换将会越剧烈,传质效果越好。将不同运动速度情况下一周期内同一代表性时刻的吸收通量分布绘于图5中。可以看出,不管运动周期的长短,在一个周期内,吸收通量都呈现先增加再减小的趋势,最后的通量会比绒毛不动情况下的通量还要小。在 $3T/4$ 之前,运动周期越短,中间3根绒毛表面的葡萄糖吸收通量越大。

短周期条件下增强的对流传质可以从Peclet数的比较结果得到验证[图6(a)]。各个运动周期条件下,Peclet数一周期内的演变都呈现M形。可以达

到的最大Peclet数随着运动周期的减小而增大。在一个周期中,传质增强因子先从1开始增大到最大值[图6(b)],再逐渐减少到略小于1,最后再有所回升。达到最大值的时间稍早于 $T/2$ 。图6(b)中最明显的趋势:周期越短,最大增强因子越高。最大增强因子可以达到5.6,即其传质效果达到绒毛静止情况下传质效果的5.6倍。图6(c)是一个周期内吸收总量随时间的变化,可以看出绒毛运动情况下的吸收速度(即曲线的斜率)比静止情况有明显提升。在0 s到靠近4 s之间(研究的最小周期),运动周期越短,吸收速度越大,和前面分析的趋势一致。注意,在下个周期开始后,吸收速度会再次提升后降低(即进入下一个循环)。

**2.2.2 绒毛长度的影响** 表1中人体小肠绒毛长度的取值范围为300~900  $\mu\text{m}$ 。选取300、500、700和900  $\mu\text{m}$ 分别进行研究。其中700  $\mu\text{m}$ 就是典型案例中的取值。其他所有条件和典型案例设置一致。虽然绒毛长度发生变化,但因为运动方式未发生改变[式(5)],所以流场的主要特征和典型案例一致。不同绒毛长度带来的流场区别主要体现在流场速度大小。绒毛越长,绒毛间的流体体积越大,因此绒毛间流体和外部流体交换越剧烈,流体速度越大。因此可以推断,长绒毛条件下的传质效果更为优越。图7将不同绒毛长度情况下一周期内同一代表性时刻的吸收通量分布同时绘出。绒毛表面吸收通量在一个运动周期中的变化规律和典型案例一致,都是先增大再减少。大部分时间内,中间三根绒毛的吸收处于主导地位。绒毛越长,吸收通量越大。即使在后期,如 $T$ 时刻[图7(d)],对起到吸收主导作用的两侧绒毛,也存在这样的趋势。

从图8(a)可以看出,绒毛越长,腔体内的流体速

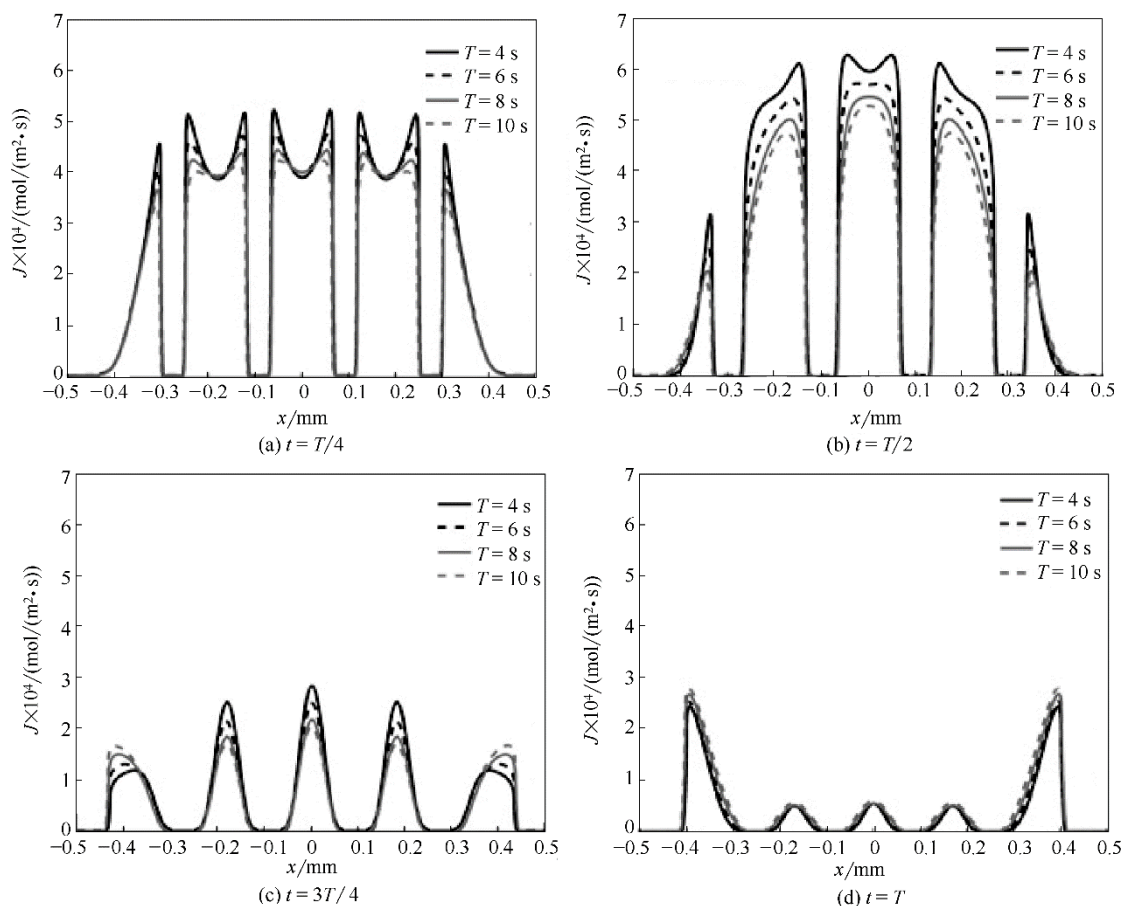


图5 不同运动周期条件下一周期内代表性时刻绒毛表面吸收通量分布

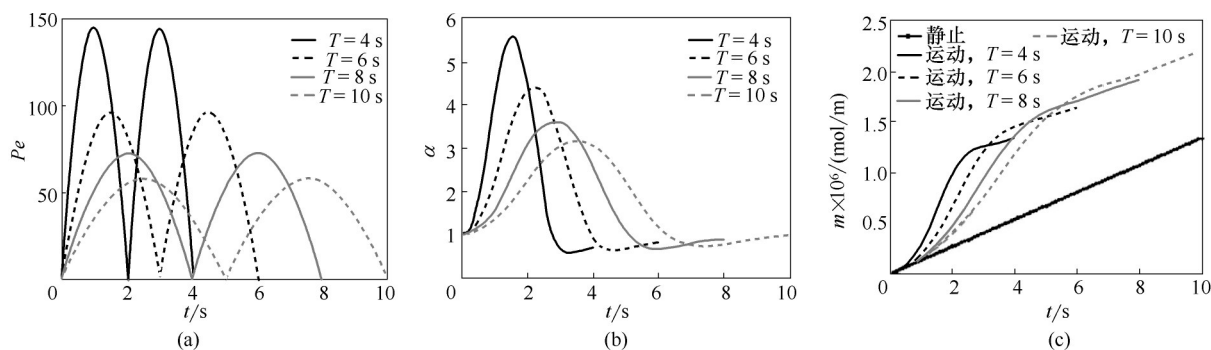
Fig.5 Distribution of absorption flux along villi surface at different time instants during one movement cycle  
(comparison among cases with different cycle period values)

图6 不同运动周期条件下的Peclet数、传质增强因子及吸收量在一周期内的演变

Fig.6 Evolution of Peclet number, mass-transfer enhancement factor and absorption amount during one movement cycle  
(comparison among cases with different cycle period values)

度越大,因此对流传质越显著,Peclet数也越大。增强的对流有助于传质和吸收。如图8(b)所示,绒毛越长,最大传质增强因子越高,当绒毛为900  $\mu\text{m}$ 时,最大值可以超过6。也就意味着,绒毛的运动使得传质效果增强到6倍多(即对比静止绒毛情况下的传质,提升了500%)。众所周知,绒毛越长,吸收面积就越大,再加上长绒毛情况下增大的吸收通量,

这两个正向因素的共同作用使得长绒毛情况下的吸收量大大增加[图8(c)]。图8(c)中还可以看出,静止条件下,绒毛长度增大,吸收量也有所增加,主要是因为吸收面积的提升,但这个因素导致的增长幅度较小。运动条件下吸收量随绒毛长度的增长而提升的幅度明显比静止条件下的增长幅度要高,说明吸收通量的增长是主要因素。

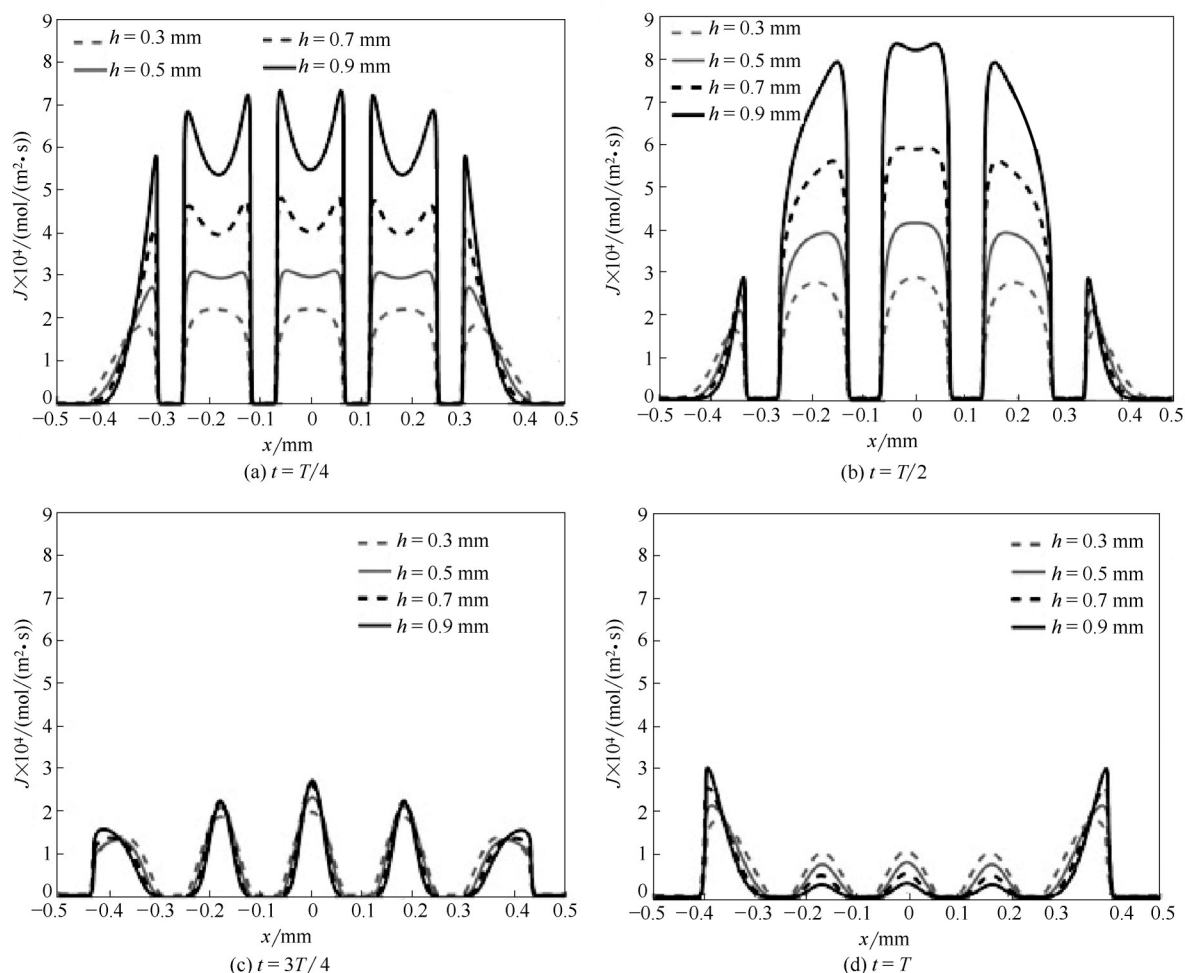


图7 不同绒毛长度条件下一周期内代表性时刻绒毛表面吸收通量分布

Fig.7 Distribution of absorption flux along villi surface at different time instants during one movement cycle (comparison among cases with different villi lengths)

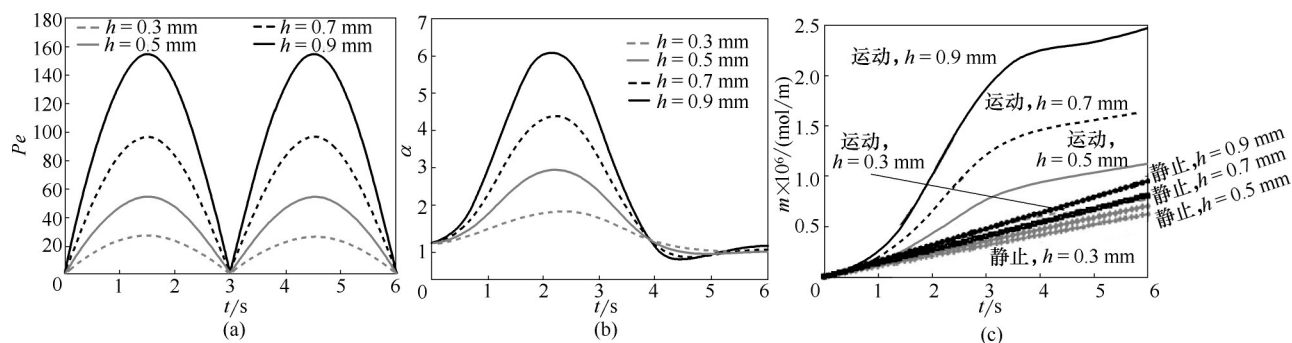


图8 不同绒毛长度条件下Peclet数、传质增强因子及吸收量在一周期内的演变

Fig.8 Evolution of Peclet number, mass-transfer enhancement factor and absorption amount during one movement cycle (comparison among cases with different villi lengths)

### 3 结 论

着眼于探究人体小肠绒毛的周期性运动对传质和吸收带来的影响,开发多物理场耦合计算流体力学(CFD)模型和针对传质与吸收效果的定量分析方法。成功采用动网格方法调控小肠壁面绒毛的

运动,并耦合变形几何空间内的传质与流动模型。基于模拟结果,对流速和葡萄糖浓度的时空分布、吸收通量的分布、Peclet数、传质增强因子以及累积吸收量的演变进行系统分析,得出主要结论如下。

(1)绒毛的往复运动形成了两个特征性涡流。绒毛沿小肠壁面切线方向(即小肠管路的轴向)来

回运动促进了垂直方向(即小肠管路的径向)的流动和物质传递。因此绒毛运动能够减小径向传质阻力,促进小肠管路中心的物质向壁面的传递。两个特征涡流基本对称且方向相反。在绒毛运动上半周期,绒毛逐渐彼此远离,使得液体被“吸入”绒毛间的空间。而在下半周期,涡流方向逆转,绒毛彼此靠近,使得绒毛间液体被“挤压”出去。

(2)绒毛表面的葡萄糖吸收通量呈现非均匀分布,绒毛顶部的吸收占主导。一个运动周期内大部分时间,针对一个运动单元的五根绒毛,中间三根绒毛的吸收通量较大,而在后期,两侧绒毛吸收通量较大。

(3)相较绒毛无运动时的传质效果,在前半周期内,传质效果先增强再回落(传质增强因子由1提升到最高值后回落);然后在后半周期继续下降直到小于绒毛无运动时的传质效果(传质增强因子下降到小于1);虽然最后有所回升但仍然回不到初始效果。由于大部分时间内增强因子大于1,所以绒毛运动总体而言促进传质,且可以带来吸收量的明显提升。

(4)绒毛运动周期越小,即运动速度越大,绒毛间隙间流体和外部流体交换越剧烈,对流传质越显著(Peclet数越大),传质效果越好。在研究的周期范围内(4~10 s),最大增强因子可以达到5.6,即其传质效果比起绒毛没有运动情况下的传质效果提升460%。

(5)绒毛越短,运动带来的传质增强效果越弱,Peclet数越小,最大传质增强因子也越小。当绒毛高度为300  $\mu\text{m}$ 时,增强因子最大值只有不到2。并且绒毛越短,吸收面积就越小。两种因素共同作用,将大大减少吸收量。因此绒毛破损将大大减小其吸收能力,严重影响人体健康。

未来进一步的全面深入研究将包括:在微观绒毛尺度,研究绒毛内部通道结构及其对物质吸收吸附的影响;在宏观消化系统尺度,探索营养物质经过小肠以上消化腔道在生化降解和生化催化作用下的化学转化过程及其产物的组成与形态特征,以及上述因素对小肠内消化过程的影响。

## 参考文献

- [1] Smith M E, Morton D G. The Digestive System[M]. 2nd ed. Singapore: Elsevier Pte Ltd., 2010.
- [2] Lim Y F, de Loubens C, Love R J, et al. Flow and mixing by small intestine villi[J]. Food Funct., 2015, 6: 1787-1795.
- [3] Lentle R G, Janssen P W M, de Loubens C, et al. Mucosal microfolds augment mixing at the wall of the distal ileum of the brushtail possum[J]. Neurogastroenterol. Motil., 2013, 25: e700-881-888.
- [4] Wang Y X, Brasseur J G, Banco G G, et al. A multiscale lattice Boltzmann model of macro- to micro-scale transport, with applications to gut function[J]. Phil. Trans. R. Soc. A, 2010, 368: 2863-2880.
- [5] Wang Y X, Brasseur J G. Three-dimensional mechanisms of macro-to-micro-scale transport and absorption enhancement by gut villi motions[J]. Phys. Rev. E, 2017, 95: 062412-1-8.
- [6] Du P, Paskaranandavadi N, Angeli T R, et al. The virtual intestine: in silico modeling of small intestinal electrophysiology and motility and the applications[J]. WIREs System Biology and Medicine, 2016, 8: 69-85.
- [7] Stoll B R, Batycky R P, Leipold H R, et al. A theory of molecular absorption from the small intestine[J]. Chem. Eng. Sci., 2000, 55: 473-489.
- [8] Grivel M L, Ruckebusch Y. The propagation of segmental contractions along the small intestine[J]. J. Physiol., 1972, 227: 611-625.
- [9] Avvari R K. Effect of local longitudinal shortening on the transport of luminal contents through small intestine[J]. Acta Mechanica Sinica, 2019, 35: 45-60.
- [10] Love R J, Lentle R G, Asvarujanon P, et al. An expanded finite element model of the intestinal mixing of digesta[J]. Food Dig., 2013, 4: 26-35.
- [11] Tharakan A, Norton I T, Fryer P J, et al. Mass transfer and nutrient absorption in a simulated model of small intestine[J]. Journal of Food Science, 2010, 75: E339-E346.
- [12] Tharakan A. Modeling of physical and chemical processes in the small intestine[D]. UK: University of Birmingham, 2008.
- [13] Sinnott M D, Cleary P W, Harrison S M. Peristaltic transport of a particulate suspension in the small intestine[J]. Applied Mathematical Modeling, 2017, 44: 143-159.
- [14] Lentle R G, de Loubens C. A review of mixing and propulsion of chyme in the small intestine: fresh insights from new methods[J]. J. Comp. Physiol. B, 2015, 185: 369-387.
- [15] de Loubens C, Lentle R G, Love R J, et al. Fluid mechanical consequences of pendular activity, segmentation and pyloric outflow in the proximal duodenum of the rat and the guinea pig[J]. J. R. Soc. Interface, 2013, 10: 20130027-1-12.
- [16] de Loubens C, Lentle R G, Hulls C, et al. Characterisation of mixing in the proximal duodenum of the rat during longitudinal contractions and comparison with a fluid mechanical model based on spatiotemporal motility data[J]. PLOS One, 2014, 9: e95000-1-6.
- [17] Lim Y F, Lentle R G, Janssen P W M, et al. Determination of villous rigidity in the distal ileum of the possum (trichosurus vulpecula)[J]. PLOS One, 2014, 9: e100140-1-11.
- [18] Lim Y F, Williams M A K, Lentle R G, et al. An exploration of the microrheological environment around the distal ileal villi and proximal colonic mucosa of the possum (Trichosurus vulpecula)[J]. J. R. Soc. Interface, 2013, 10: 20121008-1-11.
- [19] Lentle R G, Janssen P W M. The Physical Processes of Digestion [M]. New York: Springer Science, 2011.
- [20] Lim Y F. Factors influencing mixing and mass transfer in the

- small intestine [D]. New Zealand: Massey University, 2015.
- [21] Cani P D. Human gut microbiome: hopes, threats and promises [J]. *Gut*, 2018, **67**: 1716–1725.
- [22] Wang D D, Hu F B. Precision nutrition for prevention and management of type 2 diabetes[J]. *Lancet Diabetes Endocrinol.*, 2018, **6**: 416–426.
- [23] 秦逸凡, 肖杰, 陈晓东. 血糖预测生理模型及化工建模策略[J]. *化工进展*, 2019, **38**(1): 545–555.
- Qin Y F, Xiao J, Chen X D. Blood glucose prediction based on physiological and chemical reactor models[J]. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2019, **38**(1): 545–555.
- [24] Liu M H, Xiao J, Chen X D. A soft-elastic reactor (SER) inspired by the animal upper digestion tract[J]. *Chemical Engineering and Technology*, 2018, **41**: 1051–1056.
- [25] 刘明慧, 邹超, 肖杰, 等. 基于仿生学的柔性反应器[J]. *化工学报*, 2018, **69**(1): 414–422.
- Liu M H, Zou C, Xiao J, et al. Soft-elastic bionic reactor[J]. *CIESC Journal*, 2018, **69**(1): 414–422.
- [26] Xiao J, Zou C, Liu M H, et al. Mixing in a soft-elastic reactor (SER) characterized using an RGB based image analysis method [J]. *Chem. Eng. Sci.*, 2018, **181**: 272–285.
- [27] Delaplace G, Gu Y Y, Liu M H, et al. Homogenization of liquids inside a new soft elastic reactor: revealing mixing behavior through dimensional analysis[J]. *Chem. Eng. Sci.*, 2018, **192**: 1071–1080.
- [28] Li C Y, Xiao J, Zhang Y, et al. Mixing in a soft-elastic reactor (SER): a simulation study[J]. *Can. J. Chem. Eng.*, 2019, **97**: 676–686.
- [29] Moxon T E, Gouseti O, Bakalis S. In silico modeling of mass transfer & absorption in the human gut[J]. *J. Food Eng.*, 2016, **176**: 110–120.
- [30] Zhang Y N, Wu P, Jeantet R, et al. How motility can enhance mass transfer and absorption in the duodenum: taking the structure of the villi into account[J]. *Chem. Eng. Sci.*, 2020, **213**: 115406–1–13.
- [31] COMSOL Multiphysics® v.5.4 [EB/OL].[2019]. [www.comsol.com](http://www.comsol.com).
- [32] Tortora G J, Derrickson B H. *Principles of Anatomy and Physiology*[M]. 15th ed. US: Wiley, 2018.
- [33] Guseinov T S, Guseinova S T. Effect of dehydration on morphogenesis of the lymphatic network and immune structures in the small intestine[J]. *Bull. Exp. Biol. Med.*, 2008, **145**: 755–757.
- [34] Marieb E N, Keller S M. *Essentials of Human Anatomy & Physiology*[M]. 12th ed. US: Pearson, 2017.
- [35] Leiper J B. Fate of ingested fluids: factors affecting gastric emptying and intestinal absorption of beverages in humans[J]. *Nutrition Reviews*, 2015, **73**: 57–72.