

 ■ EI
 ■ ○ 中国科技期刊卓越行动计划项目资助期刊

 □ Scopus
 □ 北大核心期刊

 □ DOAJ
 □ 中国精品科技期刊

 □ EBSCO
 □ 中国科技核心期刊CSTPCD

 □ CA
 □ 中国核心学术期刊RCCSE A*

 □ FSTA
 □ 世界期刊影响力指数(WJCI)报告

 □ JST
 □ 食品科学与工程领域高质量科技期刊分级目录第一方阵T1

发芽与发酵协同处理对莜麦总酚生物可及性的影响

任志龙,王 涵,杨吴鹏,吕俊丽

Effects of Cooperative Treatment of Germination and Fermentation on Bioaccessibility of Total Phenolics of Naked Oats REN Zhilong, WANG Han, YANG Haopeng, and L Junli

在线阅读 View online: https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2024040159

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

发芽对青稞的营养成分和抗氧化活性的影响

Effects of Germination on the Nutrient and Antioxidant Activity of Barley 食品工业科技. 2020, 41(3): 86-89,97 https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2020.03.016

加水温度和蒸制时间对莜麦面面条水分状态和质构特性的影响

Effects of Water Temperature and Steaming Time on Water State and Textural Characteristics of Naked Oats Noodles 食品工业科技. 2021, 42(12): 19–23 https://doi.org/10.13386/j.issn1002–0306.2020080201

发芽--发酵联合处理对谷子淀粉结构和理化性质的影响

Effect of Combined Germination–Fermentation Treatment on the Structure and Physicochemical Properties of Foxtail Millet Starch 食品工业科技. 2024, 45(22): 89–96 https://doi.org/10.13386/j.issn1002–0306.2024050331

桑葚发酵前后酚类组成变化及其抗氧化活性分析

Analysis of Phenolic Composition Changes and Antioxidant Activity of Mulberry before and after Fermentation 食品工业科技. 2024, 45(2): 280–288 https://doi.org/10.13386/j.issn1002–0306.2023040005

固态发酵对藜麦营养成分、酚类物质含量及抗氧化活性的影响

Effects of Solid-state Fermentation on the Nutrients, Phenolics Content and Antioxidant Activity of Quinoa 食品工业科技. 2022, 43(24): 130-138 https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2022020088

不同处理方式对米荞营养成分及抗氧化活性的影响

Effects of Different Treatments on Nutritional Composition and Antioxidant Activity of Rice Buckwheat 食品工业科技. 2022, 43(5): 121–129 https://doi.org/10.13386/j.issn1002–0306.2021070103



关注微信公众号,获得更多资讯信息

任志龙,王涵,杨昊鹏,等.发芽与发酵协同处理对莜麦总酚生物可及性的影响 [J].食品工业科技,2025,46(7):70-77. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2024040159

REN Zhilong, WANG Han, YANG Haopeng, et al. Effects of Cooperative Treatment of Germination and Fermentation on Bioaccessibility of Total Phenolics of Naked Oats[J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(7): 70–77. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2024040159

・研究与探讨・

发芽与发酵协同处理对莜麦总酚生物 可及性的影响

任志龙¹,王 涵¹,杨昊鹏²,吕俊丽^{2,*}

(1.包头轻工职业技术学院食品生物工程系,内蒙古包头014035;2.内蒙古科技大学生命科学与技术学院,内蒙古包头014010)

摘 要:为了进一步提高谷物总酚生物可及性,本研究以发芽和发酵协同处理莜麦,采用体外模拟消化模型和结肠 发酵模型研究协同处理对莜麦总酚生物可及性的影响。结果显示,发芽和发酵协同处理莜麦样品中总酚含量、 DPPH 自由基清除率、还原力及羟自由基清除率分别是对照的 106、6.79、2.56 和 2.98 倍。体外模拟消化阶段,发 芽发酵莜麦在体外模拟口腔、胃、肠消化阶段的总酚生物可及性分别是对照的 2.4、2.5、2.3 倍,羟自由基清除生 物可及性分别比对照高 16.0%、10.4%、0.52%; DPPH 自由基清除生物可及性分别比对照高 46.1%、53.44%、 61.81%; 还原力生物可及性分别比对照高 45.19%、92.63%、118.54%。结肠发酵阶段,发酵 24 h 时,发芽发酵莜 麦的总酚生物可及性分别比对照高 45.19%、92.63%、118.54%。结肠发酵阶段,发酵 24 h 时,发芽发酵莜 麦的总酚生物可及性是对照的 1.84 倍;此时,除羟自由基清除生物可及性外,发芽发酵协同处理莜麦在结肠内的 抗氧化生物可及性均高于对照。以上数据表明,莜麦经发芽发酵协同处理后,不仅提高了总酚等抗氧化组分在消 化道内生物可及性,同时也提高了其在结肠内的生物可及性,本研究结果为莜麦的加工及功能性食品的开发提供 理论依据。

关键词:发芽与发酵协同处理, 莜麦, 总酚, 抗氧化活性, 生物可及性 中图分类号:TS201.4 文献标识码:A 文章编号:1002-0306(2025)07-0070-08 DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2024040159



Effects of Cooperative Treatment of Germination and Fermentation on Bioaccessibility of Total Phenolics of Naked Oats

REN Zhilong¹, WANG Han¹, YANG Haopeng², LÜ Junli^{2,*}

(1.Department of Food Bioengineering, Baotou Light Industry Vocational Technical College, Baotou 014035, China; 2.School of Life Science and Technology, Inner Mongolia University of Science & Technology, Baotou 014010, China)

Abstract: This study conducted cooperative treatment involving germination and fermentation of naked oats to enhance the bioaccessibility of total phenolics. The effects of this collaborative treatment on the bioaccessibility of total phenolics in naked oats were investigated using simulated digestion and colon fermentation models *in vitro*. The results showed that the total phenolic content, DPPH free radical scavenging rate, reducing power and hydroxyl free radical scavenging rate of naked oats treated by germination and fermentation were 106, 6.79, 2.56 and 2.98 times of the control, respectively. During the simulated digestion process, the bioaccessibility of total phenolics in the oral, gastric, and intestinal stages was found to be 2.4, 2.5, and 2.3 times higher than that of control oats, respectively. Additionally, the bioaccessibility of hydroxyl radicals was observed to be 16.0%, 10.4%, and 0.52% greater than that of control naked oats. Furthermore, the bioaccessibility of DPPH free radical was found to be 46.1%, 53.44%, and 61.81% higher than that of control naked oats,

收稿日期: 2024-04-10

基金项目:内蒙古自治区自然科学基金项目(2023MS03037);内蒙古自治区高等学校科学技术研究项目(NJZZ23057);内蒙古自治区直属高校基本科研 业务费项目(2023QNJS152)。

作者简介:任志龙(1981-),男,硕士,讲师,研究方向:食品生物技术,E-mail:renzhilong1981@126.com。

^{*}通信作者: 吕俊丽(1982-),女,博士,副教授,研究方向:食品营养学、农产品加工及贮藏, E-mail: lv_maomao@126.com。

respectively. The bioaccessibility of reduction power was also significantly increased, with values 45.19%, 92.63%, and 118.54% higher than that of the control sample. During the colonic fermentation stage, the bioaccessibility of total phenolics in fermented naked oats at 24 hours was found to be 1.84 times higher than that of the control sample. Furthermore, in addition to hydroxyl radical bioaccessibility, the antioxidant bioaccessibility of naked oats subjected to collaborative treatment was also higher compared to the control sample. These findings suggest that the combined treatment of germination and fermentation of naked oats not only enhances the bioaccessibility of total polyphenols in the digestive tract, but also improves their bioaccessibility in the colon. The results of this study provide a theoretical basis for the processing of naked oats and the development of functional food.

Key words: cooperative treatment of germination and fermentation; naked oats; total phenolics; antioxidant activity; bioaccessibility

莜麦,又称裸燕麦,是世界八大粮食作物之一,属 于全价营养食品,具有降血糖、降血脂、抗氧化等生 理功能^[1]。据报道,莜麦的抗氧化活性主要与多酚类 物质有关^[2]。而莜麦中酚类物质主要与细胞壁纤维 以共价键结合形成不易降解的网状结构,使其在人体 胃肠道内无法被消化酶水解^[3],生物利用度较低。饮 食是预防疾病的重要手段之一,未来健康食品的重点 是提高生物活性化合物的营养及其生物利用度^[4]。

酚类物质的生物利用度取决于生物可及性、消 化稳定性以及肠道吸收效率^[5]。据报道,提高谷物酚 类物质生物利用度的关键是提高其生物可及性^[6]。 生物可及性指从食物基质/传递系统中释放出可供吸 收的多酚化合物的量^[5]。加工是谷物食用前不可缺 少的环节,恰当的加工技术有助于酚类物质生物可及 性的提高。生物加工(如发芽、发酵、酶处理)作为一 种非热处理加工方式,可通过酶的作用改变谷物结构 和组成^[7],对谷物中酚类化合物的生物可及性和生物 利用度的提高产生积极影响^[8]。不过单一加工方式 往往对酚类物质的释放作用有限,可通过尝试两种加 工技术协同的方式提高其释放。从现有研究来看,有 关发芽与发酵协同加工对谷物总酚生物可及性的研 究还十分有限。

体外消化模型和结肠发酵模型具有降低成本、 人工可控、提高实验重复性和准确性等优点,是一种 有效评价生物可及性的方法^[9]。本研究以内蒙古莜 麦为原料,采用体外模拟消化模型和结肠发酵模型探 究发芽发酵协同处理对莜麦总酚生物可及性的影响, 研究结果对于莜麦中功能因子的开发提供科学依据 和理论指导,对开拓当地莜麦类产品产业链方面具有 重要的意义。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

莜麦 呼和浩特市蒙田种苗有限公司;黑曲霉 山东和众康源科技有限公司;猪粪便 内蒙古巴 彦淖尔市家庭养殖农场;胃蛋白酶(3000 U/mg)、α-淀粉酶(4000 U/g) 上海阿拉丁生化科技股份有限 公司;胰酶(130 U/mg) 湖南韵邦生物科技股份;其 余所用试剂均为分析纯。

DZF-6050 真空干燥箱 上海一恒科学仪器有

限公司; SHA-B 恒温摇床 武汉中科科仪技术发展 有限公司; pH 计 奥豪斯仪器有限公司; PSX 智能 型恒温恒湿培养箱 上海博讯实业有限公司; TDL-5AB 冷冻离心机 湖南凯达科学仪器有限公司; UV-2600 紫外-可见分光光度计 北京普析通用仪 器有限责任有限公司。

1.2 实验方法

1.2.1 莜麦发芽 莜麦籽粒挑选除杂后用清水冲洗 干净,浸泡 12h后将样品沥干平铺在发芽盘中,用湿 润纱布覆盖以防止水分蒸发。根据课题组之前的试 验结果,将样品置于 30 ℃ 培养箱中,湿度 95%,发芽 时间 5 d,每 12 h换水一次,每天定时取样。发芽阶 段的样品分别为 G1、G2、G3、G4、G5。以未发芽的 莜麦样品作为对照,标记为 G0。

1.2.2 黑曲霉发酵发芽莜麦 发芽 5 d 的莜麦在 120 ℃ 下灭菌 15 min 后, 按照 2% 的比例加入黑曲 霉并用玻璃棒搅匀, 置于恒温培养箱中, 36 ℃ 发酵 8 d, 每天定时取样。此时的样品分别标记为 GF1、 GF2、GF3、GF4、GF5、GF6、GF7、GF8。

1.2.3 总酚提取 将冷冻干燥 12h 后的莜麦样品粉 碎过 40 目筛,称取 1.0g,用 80% 乙醇按料液比 1:10 置于柜内避光提取 2h。冷冻离心机以 4000 r/min 离心 15 min 后分离出上清液,提取 2次,合并上清液并低温保存。

1.2.4 总酚含量测定 总酚含量的测定采用 Folin-Ciocalteau 比色法。以没食子酸标准溶液浓度为横坐标,吸光度为纵坐标绘制标准曲线,制得的回归方程为:y=0.0667x+0.0356, *R*²=0.9967。

1.2.5 抗氧化活性测定

1.2.5.1 DPPH 自由基清除率测定 吸取 2.5 mL 待 测液,以 1:1 的比例加入 DPPH 溶液,摇匀、避光反 应 30 min 后 517 nm 波长下测定吸光度,记为 A₁。 吸取 2.5 mL 80% 乙醇溶液,同样按 1:1 的比例加 入 DPPH 溶液,517 nm 波长下测定吸光度,记为 A₀。 DPPH 自由基清除率计算公式如式(1)所示:

DPPH自由基清除率(%) =
$$\frac{A_0 - A_1}{A_0} \times 100$$
 式 (1)

1.2.5.2 羟自由基清除率测定 向待测液中依次加

人 1 mL 10 mmol/L 的 FeSO₄、1 mL 10 mmol/L 的水 杨酸、1 mL 8.8 mmol/L 的 H₂O₂, 37 ℃ 反应 30 min 后在 510 nm 处测定吸光度, 记为 A₁; 以 1 mL 蒸馏 水代替 H₂O₂, 此时测得的吸光度记为 A₂; 以 1 mL 蒸馏水代替待测样品, 此时测定的吸光度记为 A₀。 羟自由基清除率计算公式如式(2)所示:

羟自由基清除率(%) =
$$\left(1 - \frac{A_1 - A_2}{A_0}\right) \times 100$$
 式 (2)

1.2.5.3 还原力测定 向 2.5 mL 待测液中依次加入 相同体积的 1% 的铁氰化钾和 10% 的三氯乙酸, 50 ℃ 水浴 20 min 后, 2000 r/min 离心 10 min 后取 5 mL 上清液, 依次加入 5 mL 蒸馏水和 1 mL 0.1% 的三氯化铁, 700 nm 处测定吸光度, 记为 A_1 。用蒸 馏水代替铁氰化钾, 其余步骤同上, 测得的吸光度记 为 A_0 。还原力的计算公式如式(3)所示:

还原力 =
$$A_1 - A_0$$
 式 (3)

1.2.6 体外模拟消化

1.2.6.1 口腔消化 称取 1 g 样品, 加入 20 mL 蒸馏 水、0.5 mL 口腔模拟液(1.3 g α-淀粉酶溶于 100 mL 1 mmol/L CaCl₂, 调 pH 至 7.0), 充入氮气, 37 ℃、 100 r/min 条件下振荡消化 10 min, 得到口腔消化样 品。离心后取上清液用于总酚含量、体外抗氧化活 性、生物可及性分析。

1.2.6.2 模拟胃消化 将口腔消化后的样品 pH 调至 2.0,加入4mL模拟胃液(4g胃蛋白酶溶于100mL 0.01%的 HCl溶液),37℃、100r/min 避光条件下振 荡消化2h,得到胃消化样品。离心后取上清液用于 总酚含量、体外抗氧化活性、生物可及性分析。

1.2.6.3 模拟肠消化 经过胃消化的样品置于冰水 中冷却降温,移取 5 mL 模拟肠液(0.4 g 的胰酶与 2.5 g 胆汁盐溶于 100 mL 0.1 mol/L pH7.0 碳酸钠缓 冲液),调 pH 为 7.2~7.3,37 ℃ 消化 2 h。2500 r/min 离心 10 min 后将上清液和残渣分离开,上清液用于 总酚含量、体外抗氧化活性、生物可及性分析,残渣 用于结肠发酵。

1.2.7 体外结肠发酵 根据邹青飞等^[10]的方法制备 厌氧培养基,依据陈壁等^[11]的方法进行结肠发酵。 选取没有胃肠道疾病且 6 个月内没有使用过抗生素 的猪的新鲜粪便,与 1 mol/L pH7.2 的磷酸盐缓冲液 按照 1:10 比例混合,过滤至锥形瓶中,置于冰上备 用。将胃肠消化残渣加入到 90 mL 灭菌后的厌氧培 养基中,4 ℃ 水合 16 h 后加入 10 mL 粪便接种物, 37 ℃ 发酵。分别在发酵第 0、5、10、24、30、48 和 72 h 时取样,2500 r/min 离心 10 min 后收集上清液, 用于总酚含量、抗氧化活性、生物可及性分析。

1.2.8 生物可及性 生物可及性按照公式(4)进行 计算。

生物可及性(%) =
$$\frac{PCA}{PCB} \times 100$$
 式 (4)

式中: PCA 表示不同消化阶段或结肠发酵阶段 总酚含量或抗氧化能力; PCB: 体外消化之前样品中 的总酚含量或抗氧化能力。

1.3 数据处理

试验进行三次重复,结果用平均值±标准差表示。采用 SPSS 18.0 软件进行 Duncan 法多重比较及显著性分析(P<0.05 表示差异显著),并利用 Graphpad 作图。

2 结果与分析

2.1 发芽发酵协同处理对莜麦总酚含量及抗氧化活性的影响

由图 1A 可知,在发芽发酵协同处理过程中, 总酚含量呈先上升再下降的趋势。随着发芽发酵协 同处理的不断进行,原料中总酚含量不断升高。GF5 莜麦中总酚含量最高(1246.504 μg/g), 是 G0 莜麦中 的 106 倍, 高于课题组之前采用单独发酵莜麦时 的多酚含量(813.6 µg/g)^[12]。可能的原因是: 莜麦发 芽时在内源酶的作用下,许多代谢过程合成了具有 生物活性的物质,导致总酚含量显著上升[13]。在此基 础上,黑曲霉发酵能够进一步破坏细胞壁中纤维 素、木质素等的化学键[14],使得莜麦细胞内结合酚类 物质进一步释放。然而,随着发酵时间继续增加,原 料中的碳源和氮源等营养物质减少,黑曲霉菌的数量 下降,释放的总酚量低于总酚的消耗量,导致总酚含 量开始下降[11]。刘甜[15] 对糙米进行发芽发酵处理发 现,结合酚酸和总酚酸含量增加。崔江明等[16] 对燕 麦进行先发芽再发酵,其总酚含量高于单独发酵,与 本研究结果相吻合。

如图 1B 所示, DPPH 自由基清除率随发芽发 酵协同处理的进行先升高后降低。在 G1~G5 阶段, DPPH 自由基清除能力呈上升趋势。G5 莜麦的 DPPH 自由基清除率为 41.95%, 是 G0 莜麦的 3.28 倍。随后对发芽莜麦进行发酵处理, DPPH 自由基 清除率在 GF5 样品中最高(86.83%), 分别是 G5 和 G0 莜麦的 2.1 倍和 6.79 倍。本结果比采用红曲霉 菌发酵得到的研究结果偏低^[17],可能是由于发酵菌种 与谷物品种不同而产生的差异。刘甜^[15] 利用红曲菌 对发芽水稻发酵处理后, 抗氧化能力增强, 与本研究 结果一致。

还原力也可反映被测样品抗氧化能力的强弱^[18]。如图 1C 所示, GF5 莜麦的还原力最高(0.67), 是 G0 莜麦的 2.56 倍。发芽发酵协同处理过程中, 还原力呈先上升再下降的趋势,该趋势与总酚的变 化趋势(图 1A)相一致。据报道,还原力与总酚含 量有一定的相关性,总酚含量越高,其还原能力 越强^[19]。

羟基自由基与生物大分子之间会发生一系列反 应,这种反应会对细胞造成严重的损伤甚至死亡,因 此,羟自由基清除率是评价被测定样品抗氧化能力 非常重要的指标之一,对于保证机体健康具有重要的 意义^[19]。由图 1D 可知,在发芽发酵处理后,莜麦羟 自由基清除率持续增加,在 GF5 样品中达到峰值 (84.16%),是 G5 莜麦的 1.4 倍,是 G0 莜麦的 2.98 倍。 这是因为莜麦经发芽和发酵协同处理时,众多 内源酶被激活,使得细胞壁结构被破坏,莜麦样品变 得蓬松,细胞内更多的抗氧化活性物质被释放,从而 自由基清除能力增强。王清爽等^[20] 指出,发酵处理 可提高发芽薏米的抗氧化活性。崔江明等^[16] 利用先 发芽再发酵的方法处理燕麦,其体外抗氧化能力高于





Fig.1 Changes of total phenolics content (A), DPPH free radical clearance rate (B), reducing power (C) and hydroxyl free radical clearance rate (D) of naked oats under cooperative germinating and fermentation treatment

单独发酵处理的燕麦。Hiran 等^[21]利用发酵和发芽 协同处理玉米,结果显示协同处理可显著提高玉米籽 粒的抗氧化活性,与本研究结果一致。

综上,由图 1 可以看出,莜麦总酚含量及其体外 抗氧化能力均在 GF5 样品中最高。Mencin 等^[22]也 指出,以"萌发+发酵"的生物处理组合是显著提高总 酚及其抗氧化活性的有效方法。因此,选取 GF5 样 品进行后续体外模拟消化和结肠发酵试验。

2.2 体外模拟消化阶段总酚含量及抗氧化活性的变化 2.2.1 体外模拟消化阶段总酚含量的变化 对照与 发芽发酵莜麦在体外模拟消化阶段总酚含量大小顺 序依次为:口腔<胃<肠(图 2A),造成这种差异的原 因可能与不同阶段的消化酶密切相关。与口腔消 化阶段的淀粉酶和胃消化阶段的胃蛋白酶相比,肠消 化阶段的胰酶含有淀粉酶、脂肪酶和蛋白酶等,可 以释放更多结合态的酚类物质[23]。另外,发芽发酵 协同处理莜麦在体外模拟消化阶段的总酚含量均显 著高于对照(P<0.05)。具体来看,发芽发酵协同处理 莜麦在模拟口腔、胃、肠消化阶段的总酚含量分别 为 273.69、390.29、500.64 µg/g, 比对照分别提高了 2.7 倍、2.9 倍和 2.7 倍,表明发芽发酵协同处理可以 提高莜麦总酚在胃肠消化道内的含量。该结果与崔 江明等[16]的研究结果一致。这可能是由于在黑曲霉 的作用下, 莜麦麸皮细胞壁结构进一步降解, 使得发 芽莜麦在体外模拟消化阶段更易与消化液中的酶反 应,使得更多的结合酚被释放。Mencin 等^[22] 通过对 比"发芽+发酵"小麦和未处理小麦发现,"发芽+发 酵"处理的小麦在消化道内的可提取多酚显著增加 了7倍,进一步证实了发芽发酵协同处理可有效提 高谷物消化阶段的总酚含量。 2.2.2 体外模拟消化阶段抗氧化活性的变化 在同

一消化阶段,发芽发酵协同处理莜麦的 DPPH 自由 基清除率显著高于对照(P<0.05)(图 2B)。发芽发酵 莜麦在体外模拟口腔、胃、肠消化阶段的 DPPH 自 由基清除率分别为 52.11%、60.26% 和 74.74%, 比 对照分别高 28.68%、33.27%、34.54%。发芽发酵莜 麦在体外模拟口腔、胃、肠消化阶段的还原力分别 为 0.3167、 0.5050 及 0.5643, 比未处理莜麦的还原 力分别提高了 0.0313、0.1753、0.2090(图 2C)。发 芽发酵莜麦在口腔、胃、肠三个阶段的羟自由基清 除率呈逐渐上升趋势,分别为 59.62%、72.46% 及 74.68%, 比对照分别提高了 26.96%、22.75%、 13.01%(图 2D)。发芽发酵莜麦小肠消化后较高的 抗氧化活性可能归因于 pH 变化和酚类化合物芳香 环上羟基的去质子化,也可能与发芽发酵莜麦中酚类 分子的结构变化或具有更高抗氧化活性的新化合物 的释放有关[24]。

2.3 体外模拟消化阶段生物可及性的变化

2.3.1 总酚生物可及性 如图 3A 所示,两种样品在 体外模拟消化阶段总酚生物可及性的变化趋势一致,







均呈不断上升趋势。在体外模拟消化阶段,经过发芽 发酵协同处理的莜麦与对照相比,总酚的生物可及 性大幅提高。发芽发酵莜麦在体外模拟消化三个 阶段的总酚生物可及性分别为 29.41%、41.94% 和 53.83%,分别是对照的 2.4、2.5、2.3 倍,表明发芽发 酵协同处理的莜麦总酚生物可及性远高于对照。与 课题组之前发酵对莜麦多酚生物可及性^[12]的数据 对比发现,协同处理莜麦对总酚生物可及性的提高







效果优于单一发酵。Anson 等^[25]指出,发酵和酶处 理相结合的生物处理技术优于单一酶法或发酵处 理,可以使阿魏酸的生物可及性提高5倍。Mencin 等^[22]指出,生物处理小麦后酚类物质的生物可及性 明显高于未处理小麦,并且,"发芽+发酵"协同处理 的小麦中多酚的生物可及性优于单一发酵和发芽处 理,该结论与本研究结果相吻合。这可能是因为发 芽使莜麦细胞壁表面出现褶皱和气孔,结构变得蓬 松,易于消化酶作用^[26],协同发酵处理后,微生物菌种 分泌的酶可使莜麦内部结合酚的酯键更容易被破 坏,使得更多的酚类物质由结合态变为游离态。课题组之前利用黑曲霉发酵莜麦时发现阿魏酸酯酶活力最高^[12]。阿魏酸酯酶能够有效打断阿魏酸与细胞 壁形成的聚糖和多种羟基二聚体,或打断与多种阿拉 伯糖木聚糖之间的酯键^[27],也有助于总酚生物可及性 的提高。

2.3.2 抗氧化活性生物可及性 在体外消化阶段,发芽 发酵协同处理莜麦使羟自由基清除、DPPH 自由基 清除、还原力生物可及性均升高。具体来看,发芽发 酵协同处理莜麦在口腔、胃、肠消化阶段的羟自由基 清除生物可及性分别为 71.12%、86.42%、89.59%, 比对照分别高 16.0%、10.4%、0.52%(图 3B);发芽 发酵协同处理莜麦在口腔、胃、肠消化阶段的 DPPH 自由基清除生物可及性分别为 77.09%、89.15%、 110.57%, 比对照分别显著提高 46.1%、53.44%、 61.81%(P<0.05)(图 3C);发芽发酵协同处理莜麦在 口腔、胃、肠消化阶段的还原力生物可及性分别为 93.05%、148.38%、165.82%,比对照分别高 45.19%、 92.63%、118.54%(P<0.05)(图 3D)。此外,两种样品 在体外模拟消化阶段抗氧化生物可及性的大小顺序 依次为:口腔<胃<肠,与总酚生物可及性的变化趋势 一致。Liu 等^[28] 指出, 在酸性胃环境和碱性肠环境 下,谷物中黄酮的释放量相当大;并且,在肠道消化阶 段释放的结合酚类物质比胃消化阶段释放的更多,有 助于肠消化阶段抗氧化活性生物可及性的提高。

2.4 结肠发酵阶段总酚含量及抗氧化活性的变化

由于莜麦中结合态多酚与细胞壁基质共价结 合,在结肠微生物的作用下才得以释放。因此,本研 究采用结肠发酵模型比较协同处理与对照在结肠中 的总酚含量及抗氧化能力的差异。

2.4.1 结肠发酵阶段总酚含量的变化 如图 4A 所示,两种样品在结肠发酵阶段总酚含量变化趋势— 致,均为先升高后降低。结肠发酵开始以后,总酚含 量逐渐升高,在发酵 24~30 h 时达到最高,随后开始 下降。发芽发酵协同处理的莜麦样品在发酵 0 h 的 总酚含量为 372.03 μg/g,发酵 24 h 达到最高,为 458.22 μg/g,比对照高 300.04%。表明发芽发酵协同 处理可提高莜麦在结肠内的总酚含量。

2.4.2 结肠发酵阶段抗氧化活性的变化 在结肠发 酵阶段,两种样品的抗氧化活性变化趋势基本一致, 大体呈先上升后降低的趋势。并且,发芽发酵协同处 理的莜麦在结肠发酵阶段的抗氧化活性高于对照。 具体来看,两种样品的 DPPH 自由基清除率在结肠 发酵 24~30 h 时最高,发芽发酵协同处理的莜麦比对 照高 8.8%(图 4B);两种样品的还原力在结肠发酵 24 h 时最高,发芽发酵协同处理的莜麦比对照高 0.2127(图 4C);两种样品羟自由基清除率分别在结 肠发酵 10 h 和 30 h 时最高,发芽发酵协同处理的莜 麦比对照高约 3%(图 4D)。邹青飞等^[10] 对青稞进行 结肠发酵时发现,可溶性膳食纤维中酚类化合物在结





Fig.4 Changes of total phenolics content (A), DPPH free radical clearance rate (B), reducing power (C) and hydroxyl free radical clearance rate (D) of naked oats during colonic fermentation *in vitro*

肠发酵第 30 h 时的抗氧化活性最强,而不溶性膳食 纤维中酚类化合物的体外抗氧化活性在第 48 h 时最 高,比本研究的峰值发酵时间略长。造成这种差异的 原因可能是莜麦经过发芽和发酵处理后,细胞壁变得 蓬松,与膳食纤维等结合的酚类物质在结肠微生物的 代谢作用下比单一发酵时更容易被释放,使得到达峰 值的发酵时间缩短。随结肠发酵时间的延长,酚类化 合物在结肠微生物的作用下可能进一步被分解或转 化为更小分子的物质,导致其抗氧化能力降低。

2.5 结肠发酵阶段生物可及性的变化

2.5.1 总酚生物可及性 如图 5A 所示,两种样品在 结肠发酵阶段总酚生物可及性呈先升高后下降的趋 势。对照的总酚生物可及性在发酵 30 h 达到最高 (26.71%),发酵 48 h 开始下降,到 72 h 时总酚生物







可及性为 4.93%。发芽发酵莜麦在结肠发酵 24 h 达 到最高为 49.25%,是对照的 1.84 倍。这些数据表 明,发芽发酵协同处理大大提高了莜麦总酚在结肠 阶段的生物可及性。Anson 等^[25]利用酶与发酵相结 合的生物加工方法处理麸皮时发现,发酵和酶处理 可部分降解结合酚类化合物的细胞壁聚合物。当底 物进入结肠后与结肠酶接触,酚酸在结肠中的释放 更加明显。

2.5.2 抗氧化活性生物可及性 在结肠发酵阶段,抗 氧化生物可及性均呈现先升高后降低的趋势,除羟自 由基清除生物可及性之外,其余指标在发酵 24~30 h 时出现峰值(图 5B~D)。在结肠发酵期间,对照的羟 自由基清除生物可及性在 47.39%~140.90%, DPPH 自由基清除生物可及性为 11.99%~91.41%, 还原力 生物可及性为 17.14%~71.89%。发芽发酵协同处理 莜麦的羟自由基清除生物可及性在 43.81%~ 110.53%, DPPH 自由基清除生物可及性在 50.36%~ 115.24%,还原力生物可及性在 44.17%~189.42%。 对比以上数据,除羟自由基清除生物可及性和发酵 30 h 的 DPPH 自由基清除、还原力生物可及性外,发 芽发酵协同处理莜麦在结肠内的抗氧化生物可及性 均高于对照。此外,结合图 3 的数据可以推测,发芽 发酵协同处理使酚类化合物在胃肠消化道中的生物 可及性大大提高,但仍可能有大量结合态酚类的存 在,在结肠中通过细菌酶的作用下得到释放。 Anson 等^[25]的研究也报道了类似的现象。

3 结论

采用体外模拟消化模型和结肠发酵模型研究 了发芽发酵协同处理对莜麦总酚生物可及性的影 响。体外模拟消化阶段,发芽发酵莜麦在体外模拟 口腔、胃、肠消化三个阶段的总酚生物可及性均高于 对照,分别是对照的2.4、2.5、2.3倍。在结肠发酵阶 段,发酵24h时发芽发酵协同处理莜麦的总酚生物 可及性整体上高于对照,是对照的1.84倍。表明莜 麦经发芽发酵协同处理后,不仅提高了总酚等抗氧化 组分在消化道内的生物可及性,同时也提高了其在结 肠内的生物可及性。发芽与发酵协同处理解决了莜 麦总酚生物利用度低的问题,该法方便、有效、成本 低,为以莜麦为代表的谷物的加工及功能性食品的开 发提供了理论参考,这对谷物的高值化利用、对促进 地区经济发展具有重要的意义。然而,有关协同处理 过程中酚类物质的释放机制还需要进一步深入研究。

© The Author(s) 2025. 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] 严莎莎, 王少君, 马挺军. 燕麦谷物饮料的研究进展[J]. 保鲜与加工, 2022, 22(12): 92-96. [YAN Shasha, WANG Shaojun, MA Tingjun. Research progress of oat cereal beverage[J]. Storage and Process, 2022, 22(12): 92-96.]

[2] 顾启新, 苗颖, 付媛, 等. 热处理对燕麦麸皮的消化特性及抗 氧化特性的影响[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(1): 216-222. [GU Qixin, MIAO Ying, FU Yuan, et al. Effect of thermal treatment on the digestive and antioxidant properties of oat bran[J]. Food and Fermentation Industries, 2025, 51(1): 216-222.]

[3] LI Y, LI M, WANG L, et al. Effect of particle size on the release behavior and functional properties of wheat bran phenolic compounds during *in vitro* gastrointestinal digestion[J]. Food Chemistry, 2022, 367: 130751.

[4] CALINOIU L F, VODNAR D C. Whole grains and phenolic acids: A review on bioactivity, functionality, health benefits and bioavailability[J]. Nutrients, 2018, 10(11): 1615.

[5] JUANIZ I, LUDWIG I A, BRESCIANI L, et al. Bioaccessibility of (poly)phenolic compounds of raw and cooked cardoon (*Cynara cardunculus* L.) after simulated gastrointestinal digestion and fermentation by human colonic microbiota[J]. Journal of Functional Foods, 2017, 32: 195–207.

[6] ANSON N M, VAN DEN BERG R, HAVENAAR R, et al. Bioavailability of ferulic acid is determined by its bioaccessibility[J]. Journal of Cereal Science, 2009, 49(2): 296–300.

[7] DURA A, BLASZCZAK W, ROSELL C M. Functionality of porous starch obtained by amylase or amyloglucosidase treatments[J]. Carbohydrate Polymers, 2014, 101: 837–845.

[8] WANG T, HE F, CHEN G. Improving bioaccessibility and bioavailability of phenolic compounds in cereal grains through processing technologies: A concise review[J]. Journal of Functional Foods, 2014, 7: 101–111.

[9] 王华, 孟晶晶, 马云啸, 等. 荞麦蜂花粉多糖的纯化、表征及其 在体外消化过程中抗氧化活性的变化[J]. 食品工业科技, 2024, 45(19): 58-65. [WANG Hua, MENG Jingjing, MA Yunxiao, et al. Purification and characterization of buckwheat bee pollen polysaccharide and changes of its antioxidant activity during *in vitro* digestion[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45 (19): 58-65.]

[10] 邹青飞,杨士花,李永强,等. 体外结肠发酵对青稞膳食纤维 中酚类化合物的含量及抗氧化活性的影响[J]. 食品科学, 2020, 41(2):94-100. [ZOU Qingfei, YANG Shihua, LI Yongqiang, et al. Effects of *in vitro* colonic fermentation on phenolic content and antioxidant activity in dietary fiber from highland barley[J]. Food Science, 2020, 41(2): 94-100.]

[11] 陈壁, 黄勇桦, 张建平, 等. 体外模拟胃肠道消化和结肠发酵 对长黑青稞多酚生物有效性和抗氧化活性的影响[J]. 食品科学, 2020, 41(21): 28-35. [CHEN Bi, HUANG Yonghua, ZHANG Jianping, et al. Effects of *in vitro* gastrointestinal digestion and colonic fermentation on bioavailability and antioxidant activity of phenolic compounds in changhei hulless barley[J]. Food Science, 2020, 41(21): 28-35.]

[12] 任志龙, 吕俊丽. 发酵对莜麦多酚抗氧化活性及生物可及性 的影响[J]. 中国粮油学报, 2024, 39(7): 76-85. [REN Zhilong, LÜ Junli. Effects of fermentation on antioxidant activities and bioaccessibility of polyphenols in naked oats[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2024, 39(7): 76-85.]

[13] 王家琛, 刘素纯, 刘善鑫. 冠突散囊菌发酵燕麦对多酚含量 影响的研究[J]. 中国酿造, 2017, 36(8): 104-108. [WANG Jiachen, LIU Suchun, LIU Shanxin. Effect of *Eurotium cristatum* fermentation on polyphenol content in oats[J]. China Brewing, 2017, 36(8): 104-108.]

[14] 赵一帆, 罗磊, 马潇, 等. 基于黑曲霉固态发酵的绿豆皮降解 及理化特性提升机理[J]. 中国粮油学报, 2024, 39(3): 64-70.

[ZHAO Yifan, LUO Lei, MA Xiao, et al. The mechanism of mung bean husk degradation and physicochemical characteristics improvement based on *Aspergillus niger* solid-state fermentation[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2024, 39(3): 64–

70.]

[15] 刘甜.发芽红曲菌发酵对高抗性淀粉水稻功能营养品质的 影响[D]. 杭州:浙江大学, 2022. [LIU Tian. The study on functional nutritional quality of high resistant starch rice during germination and *Monascus* fermentation[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2022.]

[16] 崔江明,周海龙,马利华.发芽、发酵对燕麦营养性及抗氧化 性的影响[J]. 食品科技,2021,46(2):130-134. [CUI Jiangming, ZHOU Hailong, MA Lihua. Effects of germination and fermentation on nutritional and antioxidant properties of oat[J]. Food Science and Technology, 2021, 46(2):130-134.]

[17] 贝琦. 燕麦发酵多酚释放与转化及生物活性增强的研究 [D]. 广州:华南理工大学, 2018. [BEI Qi. Study on release and transformation of phenolics in *Monascus* fermented oats and their bioactivity[D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2018.]

[18] 李建科, 李国秀, 赵艳红, 等. 石榴皮多酚组成分析及其抗氧. 化活性[J]. 中国农业科学, 2009, 42(11): 4035-4041. [LI Jianke, LI Guoxiu, ZHAO Yanhong, et al. Composition of pomegranate peel polyphenols and its antioxidant activities[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2009, 42(11): 4035-4041.]

[19] LIU Q, CAO X, ZHUANG X, et al. Rice bran polysaccharides and oligosaccharides modified by *Grifola frondosa* fermentation: Antioxidant activities and effects on the production of NO[J]. Food Chemistry, 2017, 223: 49–53.

[20] 王清爽,高珊,朱灵灵,等. 干酪乳杆菌发酵对发芽薏米营养 组成和生物活性的影响[J]. 中国粮油学报, 2020, 35(4): 12-18. [WANG Qingshuang, GAO Shan, ZHU Lingling, et al. Effect of *Lactobacillus casei* fermentation on the nutritional components and biological activities of germinated adlay[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2020, 35(4): 12-18.]

[21] HIRAN P, KERDCHOECHUEN O, LAOHAKUNJIT N. Combined effects of fermentation and germination on nutritional compositions, functional properties and volatiles of maize seeds[J]. Journal of Cereal Science, 2016, 71: 207–216.

[22] MENCIN M, PETKOVSEK M M, VEBERIC R, et al. Simulated gastrointestinal digestion of bioprocessed spelt seeds: Bioaccessibility and bioactivity of phenolics[J]. Antioxidants, 2022, 11(9): 1703.

[23] HUANG S, MA Y, ZHANG C, et al. Bioaccessibility and antioxidant activity of phenolics in native and fermented *Prinsepia utilis* Royle seed during a simulated gastrointestinal digestion *in vitro*[J]. Journal of Functional Foods, 2017, 37: 354–362.

[24] CHAIT Y A, GUNENC A, BENDALI F, et al. Simulated gastrointestinal digestion and *in vitro* colonic fermentation of carob polyphenols: Bioaccessibility and bioactivity[J]. LWT-Food Science and Technology, 2020, 117: 108623.

[25] ANSON N M, SELINHEIMO E, HAVENAAR R, et al. Bioprocessing of wheat bran improves *in vitro* bioaccessibility and colonic metabolism of phenolic compounds[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(14): 6148–6155.

[26] AL-SHERAJI S H, ISMAIL A, MANAP M Y, et al. Functional properties and characterization of dietary fiber from *Mangifera pajang* Kort. fruit pulp[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2011, 59(8): 3980–3985.

[27] CARCIOCHI R A, GALVAN-D'ALESSANDRO L, VAN-DENDRIESSCHE P, et al. Effect of germination and fermentation process on the antioxidant compounds of quinoa seeds[J]. Plant Foods for Human Nutrition, 2016, 71(4): 361–367.

[28] LIU M, LIU X, LUO J, et al. Effect of digestion on bound phenolic content, antioxidant activity and hypoglycemic ability of insoluble dietary fibre from four Triticeae crops[J]. Journal of Food Biochemistry, 2021, 45(6): e13746.