不同热加工萌动青稞活性差异及微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠糖脂代谢的调控

袁攀[1]，吴乾媛[2]，孙全娇[2]，李雅欣[2]，黄俊铭[2]，周继兰[2]，张良[2*]
（1.巴中市疾病预防控制中心，四川巴中 636600）
（2.西华大学食品与生物工程学院，食品微生物四川省重点实验室，四川成都 610039）

摘要：为了探究不同热加工方式对萌动青稞生物活性的影响，及微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠糖脂代谢的调控作用。以微波、烘烤、炒制和蒸煮处理萌动青稞，测定其抗氧化性及淀粉体外消化特性，并通过建立高脂饮食肥胖小鼠模型，研究微波处理萌动青稞对糖脂代谢和肠道菌群的调节作用。除蒸煮外，其余热加工均显著提升萌动青稞抗氧化能力，其中微波处理的 OH、DPPH 和 $ABTS^+$自由基清除率分别达 49.35%、73.56%和 89.15%。热加工普遍提高淀粉水解率，但微波处理组的淀粉水解率（65.03%）和预估血糖生成指数（62.97）最低。此外，微波处理萌动青稞可显著抑制高脂饮食小鼠体重增长，降低血糖，改善血脂指标与肝功能，增强肝脏抗氧化能力。同时，其能优化肠道菌群结构，提升菌群多样性，增加拟杆菌门丰度，提高短链脂肪酸含量。研究表明，热加工可增强萌动青稞抗氧化与淀粉消化能力，微波处理兼具调节肠道菌群优势，为萌动青稞在代谢性疾病干预和功能食品开发中提供理论支撑。

关键词：萌动青稞；热处理；糖脂代谢；肠道微生物

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2026.8.0851

Differences in the Bioactivity of Germinated Highland Barley under Different Thermal Processing Conditions and the Regulation of Glucose and Lipid Metabolism in High-Fat Diet-Fed Mice Subjected to Microwave-Treated Germinated Highland Barley

YUAN Pan[1], WU Qianyuan[2], SUN Quanjiao[2], LI Yaxin[2], HUANG Junming[2], ZHOU Jilan[2], ZHANG Liang[2*]
(1.Bazhong Center for Disease Control and Prevention, Bazhong 636600, China)(2.Sichuan Key Laboratory of Food Microbiology, School of Food and Bioengineering, Xihua University, Chengdu 610039, China)

Abstract: The effects of different thermal processing conditions on the bioactivity of germinated highland barley, as well as the regulatory effects of microwave-treated germinated highland barley on glucose and lipid metabolism in mice fed a high-fat diet, were investigated in this study. Germinated highland barley was processed by microwave, baking, stir-frying, and steaming. Its antioxidant properties and *in vitro* starch digestion characteristics were determined. Additionally, an obese mouse model induced by a high-fat diet was established to study the regulatory effects of microwave-treated germinated highland barley on glucose and lipid metabolism and intestinal flora. The results showed that except for steaming, the other thermal processing methods significantly enhanced the antioxidant capacity of germinated highland barley. The scavenging rates of OH, DPPH, and $ABTS^+$ free radicals of the microwave-treated group reached 49.35%, 73.56%, and 89.15%, respectively. Thermal processing generally increased the starch hydrolysis rate, but the microwave-treated group exhibited the lowest starch hydrolysis rate (65.03%) and predicted glycemic index (62.97). Moreover, microwave-treated germinated highland barley significantly inhibited the body weight gain of high-fat diet mice, reduced blood glucose levels, improved lipid profiles and liver function, and enhanced the antioxidant capacity of the liver. Meanwhile, it optimized the structure of the intestinal flora, increased the diversity of the flora, elevated the abundance of Bacteroidetes,

收稿日期：2025-06-19；修回日期：2025-08-28；接受日期：2025-08-29
基金项目：四川省科技厅项目（2024YFHZ0130）；成都市科技局项目（2025-YF05-00074-SN）
作者简介：袁攀（1985-），女，本科，副主任检验技师，研究方向：食品成分检测分析与营养评价，E-mail：411176037@qq.com
通讯作者：张良（1982-），男，博士，教授，研究方向：食品科学与工程，E-mail：1749662@qq.com

promoted the growth of beneficial bacteria, and increased the content of short-chain fatty acids. In conclusion, this study demonstrated that thermal processing could enhance the antioxidant and starch digestion abilities of germinated highland barley, and microwave treatment had the additional advantage of regulating the intestinal flora. These findings provide a theoretical basis for the intervention of metabolic disorders by germinated highland barley and the development of related functional foods.

Key words: germinated highland barley; thermal processing; glucose and lipid metabolism; gut microbiota

青稞作为青藏高原特有的谷物资源，富含 *β*-葡聚糖、多酚、*γ*-氨基丁酸（γ-Aminobutyric Acid，GABA）及抗性淀粉等功能性成分，其膳食纤维含量远超普通谷物[1]。萌动青稞通过发芽处理激活内源酶系统，可显著提升 *β*-葡聚糖生物利用度、多酚含量及抗氧化活性[2]，并伴随淀粉酶活性的增强，从而影响其营养特性与加工适应性。随着健康饮食理念的普及，具备抗氧化、低血糖生成指数特性的全谷物食品日益受到关注。萌动青稞凭借“高纤维、低升糖”的独特优势，成为开发肥胖、糖尿病患者适用食品的优质原料。但在实际食用时，萌动青稞需借助热加工改善口感与消化性。微波、烘烤、炒制、蒸煮等不同加工方式，会通过调控细胞壁结构、淀粉糊化程度及酚类-淀粉的相互作用，对活性成分保留率、抗氧化性能及淀粉消化特性产生差异化影响[3,4]。

肥胖作为能量代谢失衡的代表性病症，与高脂高糖膳食模式及缺乏运动的生活习惯紧密相关[5]。虽然现有药物治疗与代谢手术能够实现短期体重控制，但长期安全性隐患与高复发风险仍是亟待解决的难题[6]。因此，开发基于天然食物的营养干预策略，尤其是富含膳食纤维与生物活性成分的全谷物资源，成为肥胖防控领域的研究热点[7]。肠道微生物群落的稳态在机体代谢调控中发挥关键作用，其结构与功能的失衡是肥胖发生发展的重要诱因[8,9]。当肠道中微生物的平衡遭到破坏，机体的代谢机能将会出现异常[10]，肠道微生态失调可能通过影响代谢机能，参与高血压、高血脂和糖尿病等慢性疾病的发生发展[11,12]。肠道中的微生物群落能显著影响到食物进入体内后的消化、吸收以及新陈代谢过程。在诸多肠道菌中，双歧杆菌（*Bifidobacterium*）、粪杆球菌（*Faecalibaculum*）和阿克曼菌（*Akkermansia*）等益生菌可助力控制肥胖和高脂血症的发生概率[13]；但是，也有一部分肠道菌如厚壁菌（Firmicutes）和罗姆布茨菌（Romboutsia）包含多种功能各异的菌属，其与健康的关系具有多样性[14]。

目前，青稞相关研究多集中于萌动过程中营养成分变化，或单一探讨热加工对普通青稞的影响，尚未系统研究不同热加工萌动青稞与健康协同作用这一关键环节的协同机制。基于此，该研究采用微波、烘烤、炒制和蒸煮处理萌动青稞，对其淀粉消化特性和抗氧化特性进行考察，以高脂饮食诱导的肥胖小鼠为动物模型，分析其淀粉消化与抗氧化特性，并以高脂饮食诱导的肥胖小鼠为模型，探究微波处理萌动青稞对糖脂代谢和肠道菌群的调节作用，旨在为萌动青稞深加工提供理论依据，为代谢综合征高危人群开发天然膳食干预方案，助力食品健康产业融合发展。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

甘青 4 号青稞，市售；6 周龄雄性 C57BL/6 小鼠（18±2）g，四川达硕动物有限责任公司（生产许可证号为 SCXK（川）2020-0030）；1,1-二苯基-2-三硝基苯肼（2,2-Diphenyl-1-(2,4,6-trinitrophenyl) hydrazyl，DPPH）、2,2-联氮-二(3-乙基-苯并噻唑-6-磺酸)（ABTS）、乙酸钠缓冲液、3,5-二硝基水杨酸试剂（3,5-Dinitrosalicylic Acid Reagent，DNS）、糖化酶、*α*-淀粉酶（猪胰腺，产品编号：S31302，≥5 u/mg 固体物质）、乙酸、丙酸、正丁酸、异丁酸，正戊酸、异戊酸标准品，上海源叶生物科技有限公司；总蛋白（Total protein，TP）测定试剂盒，上海碧云天生物技术股份有限公司；总超氧化物歧化酶（Total Superoxide Dismutase，T-SOD）测定试剂盒、谷胱甘肽过氧化物酶测定（Glutathione Peroxidase，GSH-PX）试剂盒，南京建成生物工程研究所。

TG-17 型高速离心机，四川蜀科仪器有限公司；HH-4 型水浴锅，常州普天仪器制造有限公司；HBS-SCANX 型全波长酶标分析仪，南京德铁生物科技有限公司；HNY-2102C 型制冷恒温摇床，天津市欧诺仪器仪表有限公司；THZ-82A 型数显气浴恒温振荡器，常熟朗越仪器制造有限公司；KZ-III-F 型高速低温组织研磨仪，武汉赛维尔生物科技有限公司；BS360S 型全自动生化分析仪，迈瑞 mindray；SpectraMAX Plus 384 型酶标仪，美谷分子仪器有限公司；UV752N 型分光光度计，上海佑科仪器仪表有限公司；徕卡-2016 型转轮式切片机，德国徕卡公司；XW-80A 型涡旋混合器，其林贝尔仪器制造有限公司。

1.2 试验方法

1.2.1 萌动青稞的制备

将颗粒饱满的青稞用清水洗净，置于体积分数 5%的 NaClO 溶液中浸泡 15 min，用清水洗至中性后于 20 ℃恒温水浴锅浸泡 14 h。将浸泡后的青稞放入带有两层加湿滤纸的培养箱中，在 25 ℃、湿度 95%下培养 24 h 后得到萌动青稞，烘干至恒重备用。

1.2.2 不同热加工萌动青稞粉的制备

萌动青稞的 4 种热加工处理方式如下：

未热处理萌动青稞样品（W）：粉碎后过 60 目筛。

微波熟化样品组（B）：萌动青稞于 650 W 微波处理 3 min，粉碎过 60 目筛。

烘烤熟化样品组（H）：萌动青稞于 150 ℃烤箱上下火烘烤 25 min，粉碎过 60 目筛。

炒制熟化样品组（C）：萌动青稞于 200 ℃的锅中炒制 15 min，粉碎过 60 目筛。

蒸煮熟化样品组（Z）：萌动青稞于蒸锅中蒸煮 40 min，冷却后 50 ℃热风干燥 12 h 后粉碎过 60 目筛。

样品处理完成后装入密封袋于-20 ℃冰箱中保存备用。

1.2.3 抗氧化性测定

1.2.3.1 提取液制备

参考丁淼[15]的方法并稍作修改，分别称取 1 g 经不同热加工处理后的萌动青稞样品，与 30 mL 80%的乙醇水溶液涡旋混合，60 ℃超声 30 min，4 000 r min^{-1} 离心 15 min，收集上清液重复操作一次，制得萌动青稞提取液，-20 ℃保存备用。

1.2.3.2 DPPH 自由基清除率测定

参考 Brand-Williams 等[16]的方法并稍作修改，分别取 0.5 mL 样品提取液和 0.5 mL（0.2 mmol L^{-1}）DPPH 乙醇溶液，涡旋混匀，37 ℃避光静置 30 min，8 000 r min^{-1} 离心 5 min 后于 517 nm 测定吸光度值。

1.2.3.3 $ABTS^{+}$自由基清除率测定

参照顾启新等[17]的方法并稍作修改，将（7 mmol L^{-1}）$ABTS^{+}$与过硫酸钾（2.45 mmol L^{-1}）按 1:1 混合均匀，避光，室温孵育 12 h，制成 ABTS 储备液，工作液用无水乙醇配置。样品提取液与 ABTS 工作液按 1:9 比例混合均匀后，8 000 r min^{-1} 离心 5 min，734 nm 波长下测定吸光度值。

1.2.3.4 羟自由基（ OH 清除率）的测定

参考张亚琨等[18]的方法并稍作修改，将 200 μL 样品液，与 $FeSO_4$（6 mmol L^{-1}）和 H_2O_2 溶液（0.1%）按 1:2:2，混合均匀后静置 10 min，加入 400 μL 水杨酸-乙醇溶液（6 mmol L^{-1}），37 ℃水浴 30 min，8 000 r min^{-1} 离心 5 min，取上清液在 510 nm 下测定吸光度值。

1.2.4 淀粉体外消化测定

1.2.4.1 淀粉体外消化率测定

参照顾启新等[17]的方法并稍做修改，准确称取 200 mg 萌动青稞粉于离心管中，加入 0.2 mol L^{-1} 的乙酸钠缓冲液（pH=5.2）15 mL，涡旋混匀后置于 37 ℃恒温摇床（200 r min^{-1}）中保温 10 min，当样品内外温度达到一致时，添加 5 mL 猪胰 α-淀粉酶（290 U mL^{-1}）和糖化酶（15 U mL^{-1}）的混合酶液开始酶解，并准确计时。在水解不同时间（0、20、40、60、90、120、150、180 min）后，分别取 0.5 mL 反应液至 4.5 mL 无水乙醇中灭酶，4 000 r min^{-1} 离心 10 min 后取上清液，采用 DNS 法在 540 nm 处测定其产生的葡萄糖含量（Gt）并计算水解率（%），并对快消化淀粉（Rapidly Digestible Starch，RDS）、慢消化淀粉（Slowly Digestible Starch，SDS）及抗性淀粉（Resistant Starch，RS）进行计算。

1.2.4.2 预估血糖生成指数

参考王东旭等[19]，Moza 等[20]的方法，根据不同时间下淀粉的消化率，绘出水解动力曲线，根据曲线拟合 k 值计算水解曲线下的面积（Area Under Curve，AUC），计算出水解指数（Hydrolysis Index，HI）。

1.2.5 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠糖脂代谢的影响

1.2.5.1 试验动物及分组

根据中国卫生研究院的《试验动物护理和使用指南》制定动物试验方案，在西华大学实验动物中心的标准环

境下（温度 22±2 ℃，相对湿度 55%±5%，灯光 12 h 亮/暗循环）饲养 C57BL/6 小鼠，饲养期间小鼠可自由进食和饮水。本研究中所有动物护理和实验程序均经西华大学动物伦理委员会批准（批准号 Xhll2024015）。

50 只小鼠适应性喂养后，随机分为正常饮食组（ND）、高脂模型组（High-Fat Diet，HFD）、微波萌动青稞低（LD）、中（MD）和高剂量组（HD）5 组。分笼饲养，每笼 5 只，垫料每 2~3 d 更换一次。对照组给予常规饲料进行喂养，模型组给予高脂饲料进行喂养，微波熟化萌动青稞按照 10%、20%、30%比例添加到高脂饲料中，分别为微波萌动青稞低、中和高剂量组小鼠进行喂养，喂养周期为 8 周，每周记录小鼠的体重。

1.2.5.2 空腹血糖的测定

实验期间，使用尾尖取血法，采用罗氏血糖仪每周定时测定各组小鼠空腹血糖，并记录实验数据。

1.2.5.3 口服糖耐量测试

参照肖晓玮[21]的方法稍作修改：在第 8 周结束时，经过 14 h 的禁食后，对小鼠进行口服糖耐量测试（Oral Glucose Tolerance Test，OGTT），以 2 mg/g 体重的剂量灌胃葡萄糖，分别在灌胃前（0 min）和灌胃后（30、60、90 和 120 min）通过尾静脉采血来测定血糖值，随后计算 AUC，以此评估各组小鼠对葡萄糖的耐受能力。

1.2.5.4 血液和组织样品收集

在第 8 周结束后，对小鼠禁食 12 h，眼内眦静脉取血收集新鲜血液后颈椎脱臼处死小鼠。室温静置 1 h 后于 4 ℃，3 000 rpm，离心 15 min 后取上清液，分装后贮存于-80 ℃冰箱。肝脏组织取出后，采用 4%多聚甲醛固定用于组织病理学分析。

1.2.5.5 血清生化指标的检测

用全自动生化分析仪测定总胆固醇（Total Cholesterol，TC）、甘油三酯（Triglyceride，TG）、高密度脂蛋白胆固醇（High-Density Lipoprotein Cholesterol，HDL-C）和低密度脂蛋白胆固醇（Low-Density Lipoprotein Cholesterol，LDL-C）等血脂水平和谷丙转氨酶（Alanine Transaminase，ALT）、谷草转氨酶（Aspartate Transaminase，AST）等肝功能代谢指标。

1.2.5.6 氧化应激水平的测定

使用南京建成生物工程研究所试剂盒测定 GSH-PX 和 SOD 酶活。

1.2.5.7 肝脏组织病理学观察

用 4%多聚甲醛固定肝脏组织，依循试验流程严格执行修剪、脱水、包埋、切片、使用苏木素-伊红（Hematoxylin and Eosin，HE）染色、封片最后镜检无误的样本，在光学显微镜下观测和图像采集分析。

1.2.6 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠肠道菌群的影响

1.2.6.1 小鼠粪便 16S rRNA 测序

小鼠解剖后，收集盲肠内容物于-80 ℃保存。将盲肠内容物送至派森诺生物科技有限公司进行 16S rRNA 扩增子测序。

1.2.6.2 小鼠粪便短链脂肪酸测定

采用气相色谱-质谱联用仪（Gas Chromatography-Mass Spectrometry，GC-MS）测定短链脂肪酸（Short-Chain Fatty Acids，SCFAs）的含量。GC-MS 分析条件为：初始柱温为 80 ℃，以 7 ℃ min^{-1} 的升温速度上升到 130 ℃保持 2 min，再以 30 ℃ min^{-1} 的升温速度上升到 200 ℃，保持 10 min，载气为氦气，进样量为 1 μL。

1.3 数据处理

每次测定重复三次取平均值，SPSS 22.0 进行差异显著性分析，实验结果用平均值±标准差表示，$P<0.05$ 差异有统计学意义，采用 GraphPad Prism 8.2.0 和 Origin 2024 作图。

2 结果与分析

2.1 不同热加工对萌动青稞抗氧化性的影响

OH 是活性最强的氧自由基，DPPH 与 $ABTS^+$分别代表含氮桥未成对电子的自由基和另一种不同的自由基，这些自由基可以对蛋白质、DNA、脂质等生物大分子造成显著伤害损害性[22]。鉴于此，通过测定抗氧化剂清除 OH、DPPH 及 $ABTS^+$三种自由基的能力，可作为评估其清除自由基活性的关键指标。研究发现，抗氧化剂消除自由基

的能力与其含有的酚类化合物、花色素和类胡萝卜素等植物来源化学成分有着密切的联系[23]。

不同热加工对萌动青稞自由基清除能力的影响如图 1 所示。经不同热加工处理后，萌动青稞提取液对 OH 的清除能力依次为：微波>炒制>烘烤>未处理>蒸煮，尤其是微波处理对 OH 的清除率达到 49.35%，较未处理组提高了 3.94%；蒸煮处理后萌动青稞提取液对 OH 的清除率有所降低但不显著，降低了 0.41%。

在 DPPH 自由基清除率方面，微波、烘烤处理均显著增加。在四种热加工方式中，微波处理萌动青稞的 DPPH 自由基清除能力最强，达 73.56%，比未加工萌动青稞增加了 11.56%，其他三种热加工方式处理后的萌动青稞 DPPH 自由基清除能力均低于微波处理；蒸煮处理后萌动青稞提取液对 DPPH 的清除率显著降低（P<0.05），降低了 3.34%。

与未热加工的萌动青稞相比，经过蒸煮处理的萌动青稞对 ABTS 阳离子自由基的清除率显著降低（P<0.05），降低了 2.99%，微波、烘烤、炒制 3 种热处理均增加了萌动青稞对 ABTS 阳离子自由基的清除率，其中微波处理增加幅度最大，为 1.90%，说明微波处理能够有效提升萌动青稞抑制 ABTS 阳离子自由基的能力。

微波、炒制、烘烤处理后抗氧化活性的增加，可能是与干热处理引起的萌动青稞抗氧化成分含量的变化及组成有关，其中微波处理作为干热加工的一种，更有利于保留和激活萌动青稞中的酚类物质，而蒸煮处理因长时间水浴可能导致部分水溶性酚类物质流失，这与其抗氧化活性降低的结果一致。此外，加热过程中会发生多种化学变化，如美拉德反应、酯和糖苷的降解和焦糖化反应，可产生类黑精等新的抗氧化物质[24]，其中微波处理在促进这些反应生成抗氧化产物方面可能更具优势，进一步提升了其清除自由基的综合能力，使其在三种干热加工中表现最优。

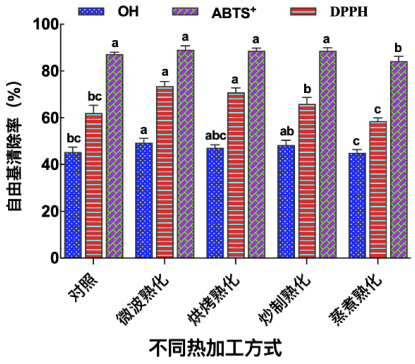

图 1 不同热加工对萌动青稞抗氧化性的影响

Fig.1 Effect of different heat treatments on the antioxidant activity of germinated highland barley

注：不同处理组之间的差异显著（P<0.05）用不同小写字母表示。下图同。

2.2 不同热加工对萌动青稞淀粉体外消化的影响

2.2.1 不同热加工对萌动青稞淀粉水解率的影响

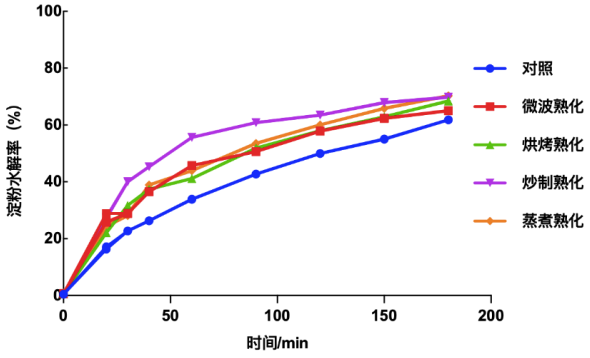

图 2 不同热加工对萌动青稞淀粉水解率的影响

Fig.2 Effects of different thermal processes on the hydrolysis rate of germinated highland barley starch.

如图 2 所示，经不同热加工处理 20~150 min 后萌动青稞淀粉水解率的顺序为：炒制>蒸煮>烘烤>微波，与未处理组相比，经 4 种热加工处理的萌动青稞粉淀粉水解率从第 20 min 开始均显著提高，这是由于热处理影响了萌动青稞粉的内部结构，使其更加松散，进而提高了萌动青稞的水解率[25]。但在 4 种热加工方式处理 180 min 后，

蒸煮熟化的水解率最高，达到了 70.29%，可能是相比另外 3 种热加工方式，长时间的蒸煮更容易使淀粉糊化，使得淀粉颗粒内部的氢键被打开，淀粉酶和糖苷键更容易结合，因此水解率要更高[26]。

2.2.2 不同热加工对萌动青稞淀粉消化片段的影响

如图 3 所示，未处理萌动青稞粉的 RDS、SDS、RS 分别为 16.28%、33.20%和 50.52%；微波、烘烤、炒制和蒸煮处理使萌动青稞粉的 RDS 含量分别增加 9.89%、5.11%、10.50%和 7.09%，而 RS 含量分别降低 7.70%、7.82%、13.38%和 9.61%；烘烤、炒制和蒸煮处理使萌动青稞粉的 SDS 含量分别增加 2.71%、2.88%和 2.88%。结果表明热处理显著增加了萌动青稞粉 RDS 和 SDS 的含量，RS 的含量也显著降低（P<0.05），正如顾启新[27]研究，将燕麦麸皮进行蒸制、热风干燥、微波和炒制处理后，RDS 含量显著增加，RS 含量显著降低。RDS 含量增加可能是因为热处理导致了萌动青稞淀粉部分糊化，使得萌动青稞粉在水解前 20 min 内更容易被消化酶水解；SDS 含量增加是因为热加工过程中，萌动青稞中的脂质或蛋白与淀粉之间相互作用，形成的淀粉-脂质类复合物较小，进而限制了淀粉颗粒与酶接触[28]。微波处理的使萌动青稞粉的 SDS 含量降低 2.19%，尚需进一步探讨其作用机理。

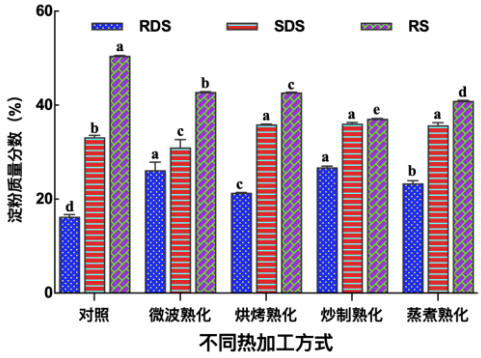

图 3 不同热加工对萌动青稞的 RDS、SDS 和 RS 含量的影响

Fig.3 Effects of different thermal processes on RDS, SDS and RS contents of germinated highland barley

2.2.3 不同热加工对萌动青稞预估血糖生成指数的影响

通过对各萌动青稞样品实验数据进行一阶动力学数学模型拟合，可得各样品组的最大淀粉水解度（Maximum Starch Hydrolysis Degree，C_∞）、水解速率（Hydrolysis Rate，k）、水解指数（Hydrolysis Index，HI）和预估血糖指数（Estimated Glycemic Index，eGI），如表 1 所示，未处理萌动青稞组的 C_∞和 k 分别为 66.58%、0.012 min^{-1}；其中，蒸煮熟化的 C_∞值最高，为 70.47%；炒制熟化的 k 值最高，为 0.027 min^{-1}。k 值越高代表体外消化的速率越高，与对照组萌动青稞相比，四种热加工组的 k 值均显著上升，这与淀粉体外消化曲线结果一致，说明热加工能有效提高萌动青稞消化速率[29]。血糖生成指数能评价淀粉类食品的消化情况，由表 1 可知未处理萌动青稞的 eGI 值为 54.01，属于低 GI 食品，经热加工过后，萌动青稞的血糖生成指数均显著高于原粉，但仍属于中 GI 食品，其中，微波熟化 eGI 值增加最少，增加了 8.96，炒制熟化 eGI 值增加最多，增加了 16.97，这与淀粉体外消化的数据吻合。在 Bai[30]的研究中也发现了类似现象，燕麦麸皮经热风干燥处理后，eGI 值提高，由低血糖指数食物变成中血糖指数食物。说明热加工对萌动青稞血糖生成指数的影响很大，可根据不同的需求选择不同的加工方法，这也为开发适合高血糖人群的萌动青稞产品提供了理论依据。

综合以上研究结果，微波处理在提升萌动青稞抗氧化活性最强的同时，其淀粉水解率虽低于蒸煮、炒制等方式，但 eGI 值增加最少，能在保留较高抗氧化功能的基础上，相对减缓淀粉消化速率、降低血糖响应风险，因此选择微波处理作为后续研究的优化加工方式。

表 1 不同热加工萌动青稞预估血糖生成指数

Table 1 Estimated glycemic index of germinated highland barley under different thermal processes.

组别	C_∞/%	k/(min^{-1})	HI	eGI
对照	66.58±0.14^{d}	0.012±0.000 1^{e}	53.15±0.08^{d}	54.01±0.07^{d}
微波熟化	64.23±0.26^{e}	0.021±0.000 5^{b}	63.54±0.21^{c}	62.97±0.19^{c}
烘烤熟化	67.45±0.09^{c}	0.018±0.000 1^{c}	63.73±0.06^{c}	63.14±0.04^{c}
炒制熟化	68.38±0.02^{b}	0.027±0.000 1^{a}	72.83±0.09^{a}	70.98±0.08^{a}
蒸煮熟化	70.47±0.16^{a}	0.018±0.000 2^{d}	65.83±0.11^{b}	64.95±0.09^{b}

注：不同处理组之间的差异显著（$P<0.05$）用不同小写字母表示。

2.3 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠糖脂代谢的影响

2.3.1 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠体重的影响

持续摄入高脂膳食可能引发体质量快速上升，情况恶化时可能诱发过度肥胖。实验小鼠的体重波动与其生长状态及生理机能密切相关，可作为观测机体代谢水平的重要指标。在高脂肪饮食中加入不同浓度的经微波处理的萌动青稞，观察萌动青稞对高脂饮食诱导小鼠的影响。如图 4 所示，在实验初期，各组小鼠体质量无显著性差异，随着饲喂时间的延长，所有实验组小鼠的体重均呈增加趋势，其中 HFD 组的体重增长斜率显著高于 ND 组。在饮食干预 8 周后，HFD 组的小鼠平均体重达到 30.96 g，比 ND 组增幅达 23.00%（体重高于 20%表明饮食诱导的肥胖造模成功），说明长时间的高脂肪饮食会增加体重甚至引起肥胖；与 HFD 组相比，加入萌动青稞低、中、高剂量组小鼠体重均显著降低，分别降低了 11.50%、12.80%和和 17.60%，其中高剂量组降低最显著，但低剂量组和中剂量组之间小鼠体重无显著性差异，说明摄入萌动青稞可以抑制高脂膳食小鼠体重的过快增长。

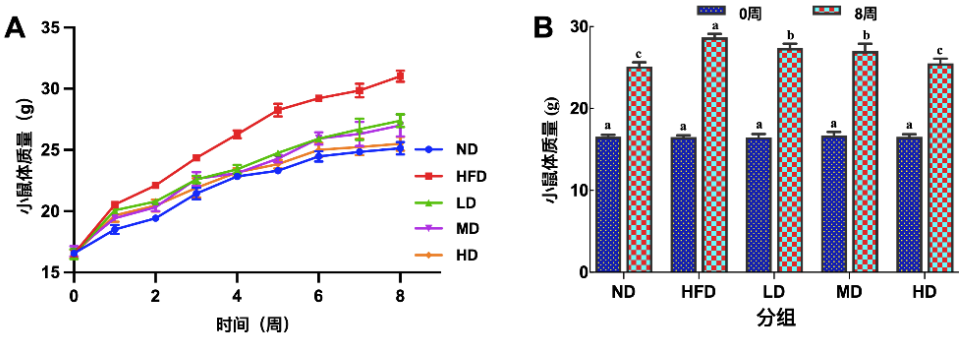

图 4 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠体重变化（A）、第 8 周体重（B）

Fig.4 Effects of microwave processing germinated highland barley on body weight changes (A) and body weight at week 8 (B) in high-fat diet-fed mice

2.3.2 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠空腹血糖的影响

血糖波动是血糖控制的关键。健康情况下，自主神经调节、激素分泌机制和肝脏代谢功能会形成精密调控网络，使血糖值维持在相对稳定的区间内；若出现血糖震荡加剧现象，则提示机体碳水化合物代谢调节能力显著下降[31]。由图 5 可知，在试验第一到三周，HFD 组血糖波动较为平缓，这表明，尽管机体初步出现胰岛素抵抗的迹象，但仍能通过代偿机制调整小鼠的血糖至正常范围内；在试验第三到八周，HFD 组血糖波动幅度较大，在第六周时达到最高后有所降低，当糖代谢紊乱加重时，血糖值波动会更大；第八周结束时，HFD 组空腹血糖水平达到 8.47 mmol Ł$^{-1}$，较正常组 5.97 mmol Ł$^{-1}$ 升高 42.00%，且显著高于萌动青稞低、中、高剂量组，但 LD 组、MD 组和 HD 组之间无显著性差异；在整个试验期间 HFD 组的总体血糖水平均高于其他组。说明长期摄入高脂肪食物会增加血糖水平，从而干扰正常的糖分调节过程，然而，膳食补充萌动青稞对于稳定血糖水平，降低血糖波动具有显著效果。

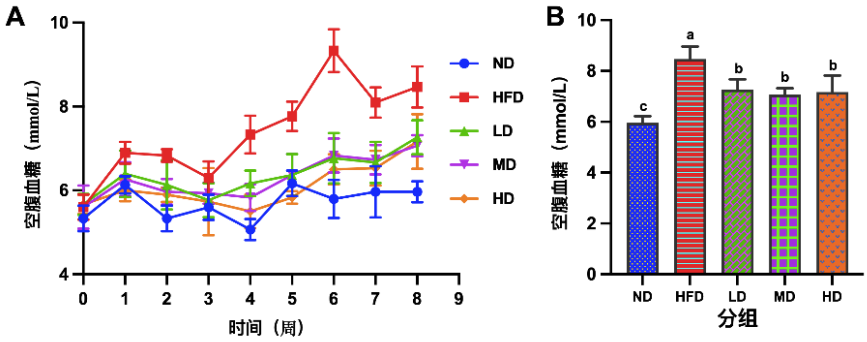

图 5 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠每周空腹血糖（A）和第八周空腹血糖（B）的影响

Fig.5 Effects of microwave processing germinated highland barley on weekly fasting blood glucose (A) and fasting blood glucose at

week 8 (B) in high-fat diet-fed mice.

2.3.3 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠 OGTT 的影响

在膳食干预的第 8 周进行 OGTT 实验，以检验长期高脂膳食对小鼠胰岛素敏感性的影响。结果如图 6A 所示，各组小鼠的血糖动态变化呈现出显著的代谢特征差异，OGTT 后，ND 组、HFD 组、LD 组、MD 组和 HD 组小鼠血糖水平均在 30 min 内快速上升到最高，其中 ND 组的血糖峰值为 11.63 mmol L^{-1}，而 HFD 组则达到 20.87 mmol L^{-1}，较 ND 组升高 74.45%；30 min 后开始缓慢下降，该过程也体现了葡萄糖在体内代谢吸收的过程。经过长期的饮食诱导，HFD 组小鼠可能出现了胰岛素抵抗，HFD 组在 5 个时间点的血糖值均显著高于 ND 组，特别是在 120 min 时仍维持在 11.97 mmol L^{-1}，较 ND 组 6.1 mmol L^{-1} 高出 96.23%。添加萌动青稞的干预组（LD 组、MD 组、HD 组）展现出显著的血糖调控优势，在口服葡萄糖后 30 min，LD 组、MD 组、HD 组的峰值分别为 11.57、14.27、12.10 mmol L^{-1}，较 HFD 组依次降低 44.56%、31.62%、42.00%（P<0.05）；经过 120 min 的代谢，HFD 组小鼠的血糖值仍然远高于 ND 组。血糖 AUC 能够很好的反应血糖在时间和程度方面的变化。对 OGTT 的 AUC 进行统计，发现 HFD 组小鼠的 OGTT 的 AUC 为 59.6 mmol min L^{-1} 比 ND 组小鼠的 AUC 为 34.93 mmol min L^{-1} 高 70.61%（图 6B），这种显著的 AUC 增幅表明长期高脂饮食导致小鼠葡萄糖代谢负荷整体加重。添加萌动青稞的干预组表现出剂量依赖性的代谢改善效应，与 HFD 组相比，LD 组、MD 组和 HD 组 OGTT 的 AUC 分别为 45.35、42.35、38.57 mmol min L^{-1}，降幅分别为 23.91%、28.94%和 35.29%，表明萌动青稞可以缓解高脂肪饮食所引发的胰岛素抵抗，进而改善机体的代谢异常。

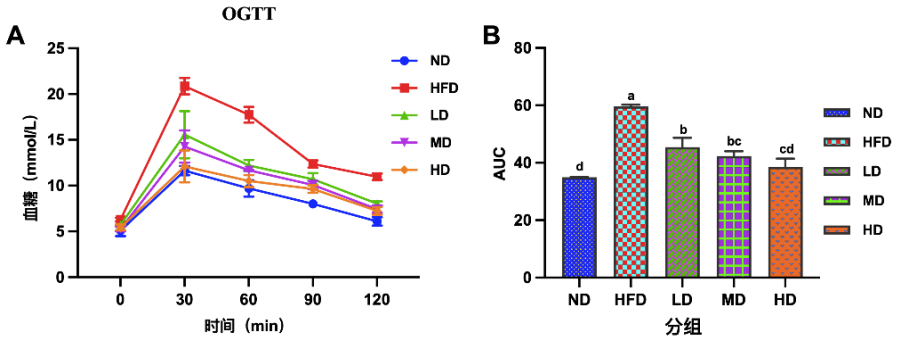

图 6 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠葡萄糖耐受量（A）和曲线下面积（B）的影响

Fig.6 Effects of microwave processing germinated highland barley on glucose tolerance (A) and area under the curve (B) in high-fat diet-fed mice

2.3.4 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠血脂水平的影响

与 ND 组对比，HFD 组的 TC 含量显著上升；将青稞低、中、高剂量组与 HFD 组进行对比发现，TC 含量均显著降低。在 TG 水平上，与 ND 相比，HFD 组的含量显著上升；而青稞各剂量干预组相较于 HFD 组均有不同程度的降低，其中 HD 组降低最显著。

HDL-C 可以有效抵御动脉粥样硬化，其能力在于从动脉粥样硬化的血管壁内“吸出”胆固醇，并将其转运到肝脏进行代谢排除，是对人体有益的脂蛋白；而 LDL-C 则恰恰相反，能将血液中的胆固醇运输至血管壁，引起动脉粥样硬化，是对人体有害的脂蛋白[32]。如图 7C 所示，与 ND 组对比，HFD 组的 HDL-C 含量显著下降，说明高脂饮食对小鼠机体造成了损伤，而萌动青稞 LD、MD 和 HD 的 HDL-C 含量显著高于 HFD 组，但各剂量组之间无显著差异。如图 7D 所示，与 ND 组对比，HFD 组 LDL-C 含量显著上升，高达 1.69 mmol L^{-1}；加入萌动青稞干预后，各剂量组 LDL-C 含量均显著降低，其中 HD 组降低最显著，与 ND 组无显著性差异。

综上可知，膳食补充萌动青稞具有改善高脂饮食引起的血脂水平紊乱，显著降低血清中脂类物质异常堆积，改善血液生化指标的作用。

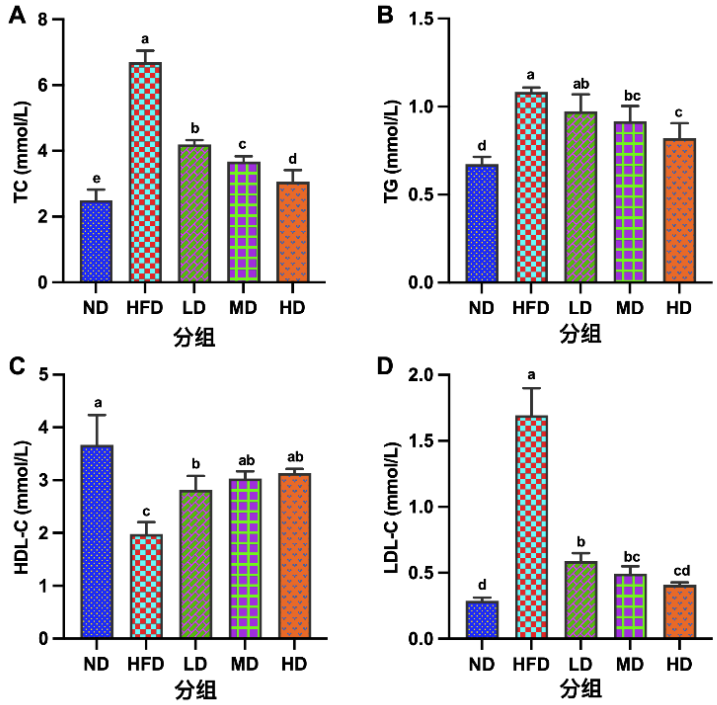

图 7 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠血脂水平的影响

Fig.7 Effects of microwave processing germinated highland barley on blood lipid levels in high-fat diet-fed mice

2.3.5 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠氧化应激水平的影响

SOD 和 GSH-Px 是体内重要的抗氧化应激酶。如图 8A 所示，与 ND 组对比，HFD 组的 SOD 活性显著降低（P<0.05），达 550.68 U mg^{-1} $prot^{-1}$；与 HFD 组对比，萌动青稞低、中、高剂量组 SOD 活性均显著上升（P<0.05），同时 MD 组、HD 组与 ND 组活性无显著性差异，说明长期食用高脂饲料能够降低小鼠抗氧化能力，使其在清除自由基以及相关产物时面临困难，这种情况下，小鼠将表现出显著的氧化应激反应[31]，通过补充萌动青稞作为膳食的一部分，可以有效地减轻高脂饮食给身体带来的不良影响。

如图 8B 所示，ND 组小鼠 GSH-Px 活性为 273.39 U mg^{-1} $prot^{-1}$，HFD 组小鼠的 GSH-Px 活性显著低于 ND 组（P<0.05），为 151.19 U mg^{-1} $prot^{-1}$，LD 组和 MD 组与 HFD 组无显著性差异，HD 组则显著增加了 GSH-PX 含量（P<0.05），说明萌动青稞能提升小鼠谷胱甘肽过氧化物酶水平，且这种提升与剂量相关。

综上，膳食补充萌动青稞可以使机体具有良好的的抗氧化功效，这主要体现在增强肝组织中的 SOD 和 GSH-Px 活性，进而修复因为血脂异常而引发的肝组织氧化损伤，有效减轻高脂饮食引起的肥胖。

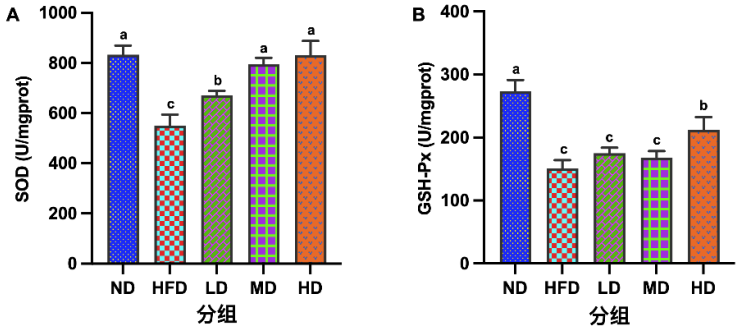

图 8 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠氧化应激水平的影响

Fig.8 Effects of microwave processing germinated highland barley on oxidative stress levels in high-fat diet-fed mice

2.3.6 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠肝脏功能的影响

ALT 和 AST 是评估肝损伤程度的重要指标，肝细胞结构受损后，肝脏中的 ALT 和 AST 将释放到细胞质中，并进一步转运到血液中，引起血清 ALT 和 AST 活性的增强[33]。如图 9 所示，ND 组小鼠血清中的 ALT、AST 活

性分别为 28.43 U Ł$^{-1}$ 和 146.43 U Ł$^{-1}$；与 ND 组相比，HFD 组小鼠血清 ALT 和 AST 活性显著升高，分别为 45.53 U Ł$^{-1}$ 和 274.20 U Ł$^{-1}$（P<0.05），表明高脂饮食会导致小鼠肝功能受损；与 HFD 相比，微波处理的萌动青稞饮食干预组 ALT 水平下降但不显著（P>0.05），AST 水平显著降低（P<0.05）。此外，各剂量组间未观察到显著性差异（P>0.05），表明微波处理的萌动青稞对小鼠肝脏损伤具有一定的缓解作用，但其效应可能未呈现明显剂量依赖特征。

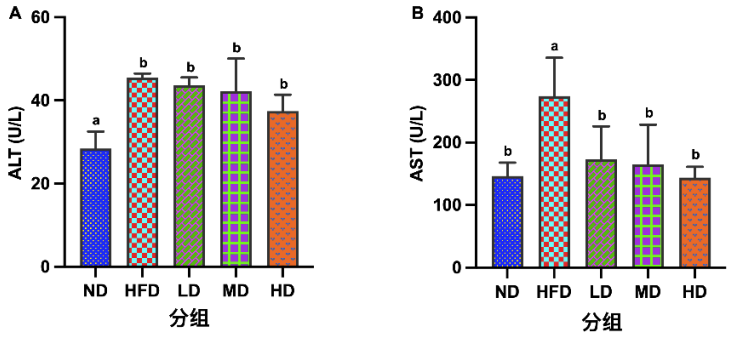

图 9 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠肝功能代谢的影响

Fig.9 Effects of microwave processing germinated highland barley on hepatic metabolism in high-fat diet-fed mice

2.3.7 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠肝脏组织形态的影响

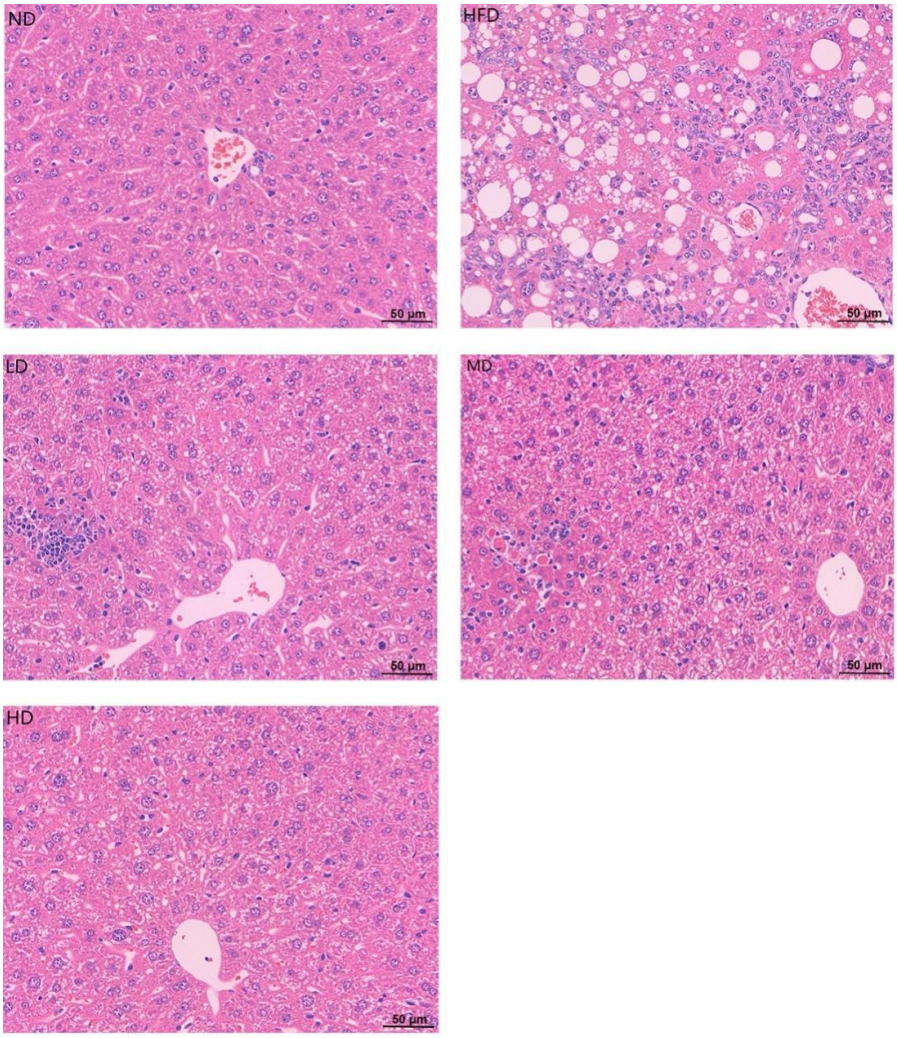

图 10 肝脏组织 HE 染色图片（400×）

Fig.10 HE-stained micrographs of hepatic tissue (400×)

肝组织经 HE 染色后，用电镜进行组织病理学观察，如图 10 所示。在 ND 组中，其肝小叶的构筑完好无损，

肝细胞的阵列井然有序，细胞质均质且通透，并未观察到显著的病理性变化。与 ND 组相比，HFD 组有中度肝细胞变性，肝细胞体积增大，胞质内含有空网状的空泡和大小不等的脂滴，胞核多悬于中央或偏于一侧，有部分肝细胞点状坏死，且坏死区域内伴有部分炎性细胞浸液，和部分纤维组织增生。萌动青稞干预组呈现剂量依赖性改善趋势：LD 组仍可见肝细胞气球样变性和散在小叶内炎性细胞浸润，但脂滴体积和纤维化面积都较 HFD 组缩小，MD 组和 HD 组病理改变显著减轻，仅见轻度肝细胞脂肪变性。说明膳食补充萌动青稞有助于改善高脂饮食引起的肝损伤，并对肝脏组织起到一定的保护作用。

2.4 微波处理的萌动青稞对高脂饮食小鼠肠道菌群的影响

2.4.1 α-多样性与 β-多样性分析

α 多样性是评估样本中微生物群落多样性的重要指标，它通过对样本中微生物多样性的综合分析，揭示样本内微生物群落的丰富程度与多样状况，主要的评估指标涵盖 Chao1、Observed_species、Shannon 和 Simpson 指数等[34]。群落的丰富度越高，Chao1 指数和 Observed species 指数越大；群落的多样性越高 Shannon 指数和 Simpson 指数越高。相关研究显示[35,36]，肥胖人群的肠道菌群结构通常较健康人群更为单一，微生物组成相对贫乏的个体，往往伴随全身性脂肪堆积超标、胰岛素抵抗以及血液脂蛋白水平紊乱等代谢异常特征。

由图 11 可知，与 ND 组相比，HFD 组的 Chao1、Observed_species、Simpson 和 Shannon 指数均显著降低；与 HFD 组相比，LD 组、MD 组和 HD 组的 Chao1、Observed_species、Shannon 和 Simpson 指数均显著上升，Shannon 和 Simpson 指数与 ND 组无显著性差异。说明 HFD 组降低了小鼠肠道菌群多样性，而膳食补充萌动青稞可以恢复高脂饮食小鼠的肠道菌群多样性。

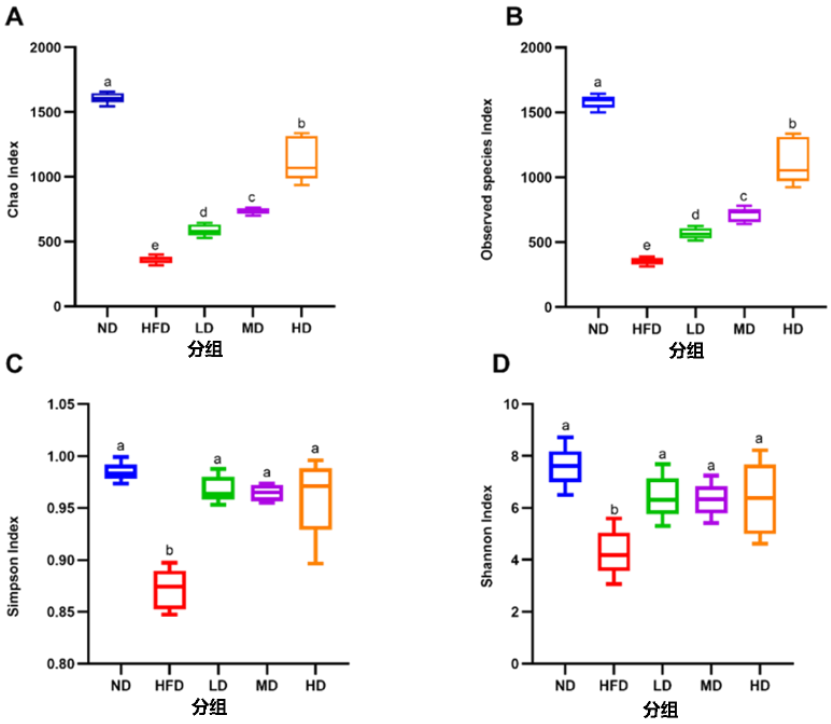

图 11 小鼠肠道菌群 α 多样性分析

Fig.11 Analysis of α-diversity in mouse gut microflora

β 多样性分析有助于了解不同处理组小鼠肠道微生物间的差异性。PCoA 可用来分析不同组小鼠肠道微生物群落的整体结构变化[37]。由图 12 可知，ND 组与 HFD 组明显分离，说明两组间物种组成差异较大，表明高脂饮食会影响小鼠肠道菌群的组成和结构；而 LD 组、MD 组、HD 组的样本分布则表明，膳食补充萌动青稞可能对高脂饮食引起的菌群结构变化具有一定的调节作用。

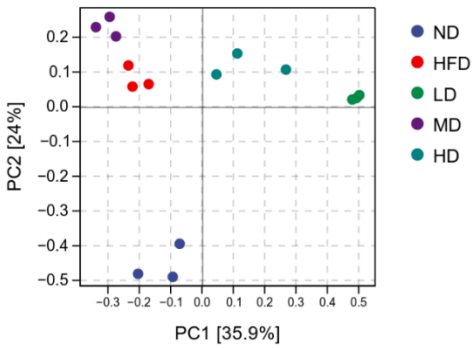

图 12 小鼠肠道菌群 β 多样性指数 PCoA 分析

Fig.12 PCoA analysis of β diversity index of mouse intestinal flora

2.4.2 萌动青稞对高脂饮食诱导肥胖小鼠肠道菌群在门和属水平组成的影响

相关研究表明，肠道微生物组成与高脂饮食引发的肥胖和代谢紊乱有极大关联。小鼠肠道微生物群在门水平上的相对丰度如图 13A 所示。ND 组、HFD 组、LD 组、MD 组和 HD 组小鼠肠道菌群主要由厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroidota）、疣微菌门（Verrucomicrobia）、脱硫杆菌门（Desulfobacterota）、放线菌门（Actinobacteria）和变形菌门（Proteobacteria）组成。其中厚壁菌门和拟杆菌门的相对丰度较高，厚壁菌门在所有研究组中构成优势门。与 ND 组相比，HFD 组拟杆菌门和疣微菌门降低，厚壁菌门、脱硫杆菌门、放线菌门和变形菌门上升；与 HFD 组相比，LD 组、MD 组和 HD 组厚壁菌门显著降低，拟杆菌门和疣微菌门上升。厚壁菌门已被证实可以促进能量吸收和体重增加[38]，图 13A 也表明了高脂饮食小鼠的厚壁菌门升高。

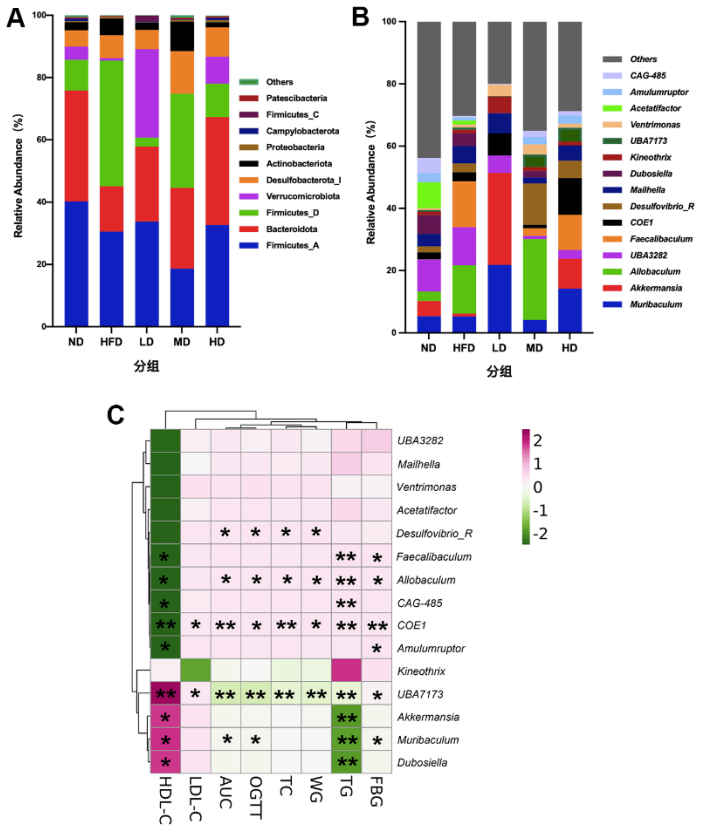

图 13 萌动青稞对小鼠肠道微生物群落门水平、属水平组成及“菌群-代谢”相关性分析的影响

Fig.13 Effects of germinated highland barley on Gut Microbial Community Composition in Mice (Phylum Level and Genus Level).

注：WG，小鼠体质量；OGTT，葡萄糖耐受量；FBG，空腹血糖；AUC，曲线下面积；TC，总胆固醇；TG，甘油三酯；HDL-C，高密度脂蛋白胆固醇；LDL-C，低密度脂蛋白胆固醇。*、**号是显著性差异标识，*表示（P<0.05），**表示（P<0.01）。

图 13B 为各组小鼠属水平下肠道微生物群落组成，其中小鼠杆菌属（*Muribaculum*）、马氏菌属（*Mailhella*）、

阿克曼氏菌属（*Akkermansia*）、金丝菌属（*Kineothrix*）、异杆菌属（*Allobaculum*）、醋酸杆菌属（*Acetatifactor*）、粪杆菌属（*Faecalibaculum*）、脱硫弧菌属（*Desulfovibrio_R*）、杜博氏菌属（*Dubosiella*）、*Ventrimonas* 菌属是相对丰度 Top10 的菌属。与 ND 组相比，HFD 组的小鼠杆菌属（*Muribaculum*）、阿克曼氏菌属（*Akkermansia*）、金丝菌属（*Kineothrix*）和醋酸杆菌属（*Acetatifactor*）均降低，而异杆菌属（*Allobaculum*）、粪杆菌属（*Faecalibaculum*）、马氏菌属（*Mailhella*）有所上升；与 HFD 组相比，LD 组和 HD 组中阿克曼氏菌属（*Akkermansia*）和小鼠杆菌属（*Muribaculum*）水平显著升高。*Akkermansia* 能缓解高脂饮食引起的代谢紊乱，与肥胖、糖尿病、心血管疾病和低度炎症呈负相关，能够保护肠道上皮细胞及黏液层的完整性，发挥代谢保护作用，并通过调节免疫应答发挥抗炎作用[39]。Zhu 等[40]的研究表示，小鼠杆菌属是潜在的益生菌，*Muribaculaceae* 家族通过粘蛋白聚糖和膳食纤维产生短链脂肪酸，与双歧杆菌和乳酸杆菌等益生菌存在交叉喂养关系，说明植物性饮食对炎症性肠病、肥胖和II型糖尿病的缓解作用与 *Muribaculaceae* 丰度的增加有关。说明膳食补充萌动青稞有利于调节高脂饮食诱导的肥胖小鼠肠道菌群组成和结构，控制肥胖，从而促进人体健康。

肠道菌群与糖脂代谢的相关性分析结果显示，*Allobaculum* 与小鼠体质量、空腹血糖、葡萄糖耐量等多项糖脂代谢指标呈显著正相关（$P<0.05$），*Muribaculum* 则与之呈显著负相关（$P<0.05$）；*Akkermansia* 与总胆固醇、高密度脂蛋白等指标显著负相关（$P<0.01$），而 *Faecalibaculum* 与空腹血糖呈显著正相关（$P<0.05$），*UBA7173* 与葡萄糖耐量、曲线下面积等呈显著负相关（$P<0.01$），提示这些菌属可能通过调控糖脂代谢参与机体代谢平衡的维持。上述结果进一步印证，萌动青稞可能通过富集 *Muribaculum*、*Akkermansia* 等有益菌，抑制 *Allobaculum*、*Faecalibaculum* 等有害菌，构建“菌群结构重塑—代谢指标改善”的调控通路，从而发挥代谢调节作用。

2.4.3 LEfSe 差异分析

LEfSe 分析（Linear Discriminant Analysis Effect Size，LEfSe）被用于识别出在样本分类中具备显著性差异的菌群或物种等[41]。如图 14、15 所示：LDA 阈值为 2 时，五组之间有 74 个微生物群存在统计学差异。在 ND 组中，有显著差异的有门 1 种、纲 1 种、目 1 种、科 3 种、属 16 种，主要富集的关键菌属分别为 *Acetatifactor*、*Dubosiella*、*CAG-485*、*Duncaniella*、*Odoribacter*、*Amulumruptor*、*CAG-510*、*Paraprevotella*、*Lactobacillus*、*Rikenella*、*UBA3263*、*UBA946*、*Eubacterium*、*Evtepia*、*Dysosmobacter* 和 *Cryptobacteroides*；在 HFD 组中，有显著差异的有纲 1 种、目 2 种、科 2 种、属 4 种，主要富集的关键菌属分别为 *Faecalibaculum*、*Turicibacter*、*Ligilactobacillus*、*Romboutsia*。膳食补充萌动青稞低、中、高剂量组中，MD 组中富集到较多的差异菌属而 LD 组和 HD 组的差异菌属较少。其中，LD 组的主要富集菌属分别为 *Akkermansia*、*Munbaculum*、*Phascolarctobacterium* 和 *Enteroscipio* 等菌属，与 2.4.2 中“萌动青稞干预后阿克曼氏菌属和小鼠杆菌属水平显著升高”的结果相互印证，而这两类菌属已被证实具有缓解代谢紊乱、保护肠道健康的作用；MD 组则富集 *Allobaculum*、*Desulfovibrio*、*CAG-873*、*Paramuribaculum*、*Mammillicoccus*、*Corynebacterium* 和 *Nanosyncoccus* 等七种菌属；HD 组的重要菌属包括 *UBA7173*、*Acetitomaculum*、*Turicimonas* 和 *Enterenecus*。以上结果表明，膳食补充萌动青稞后，通过调控特定差异菌属（如促进 *Akkermansia*、*Muribaculum* 等有益菌富集，改变高脂饮食小鼠优势菌 *Faecalibaculum* 等的丰度），显著改变了高脂饮食小鼠的肠道菌群组成与结构。

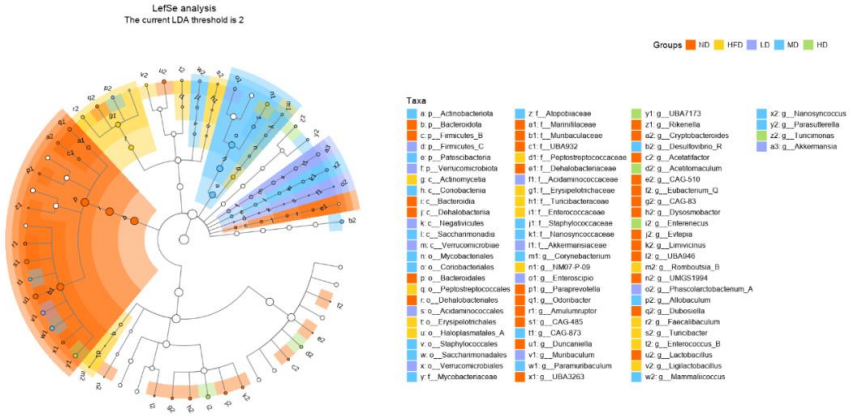

图 14 进化分支图

Fig.14 Cladogram.

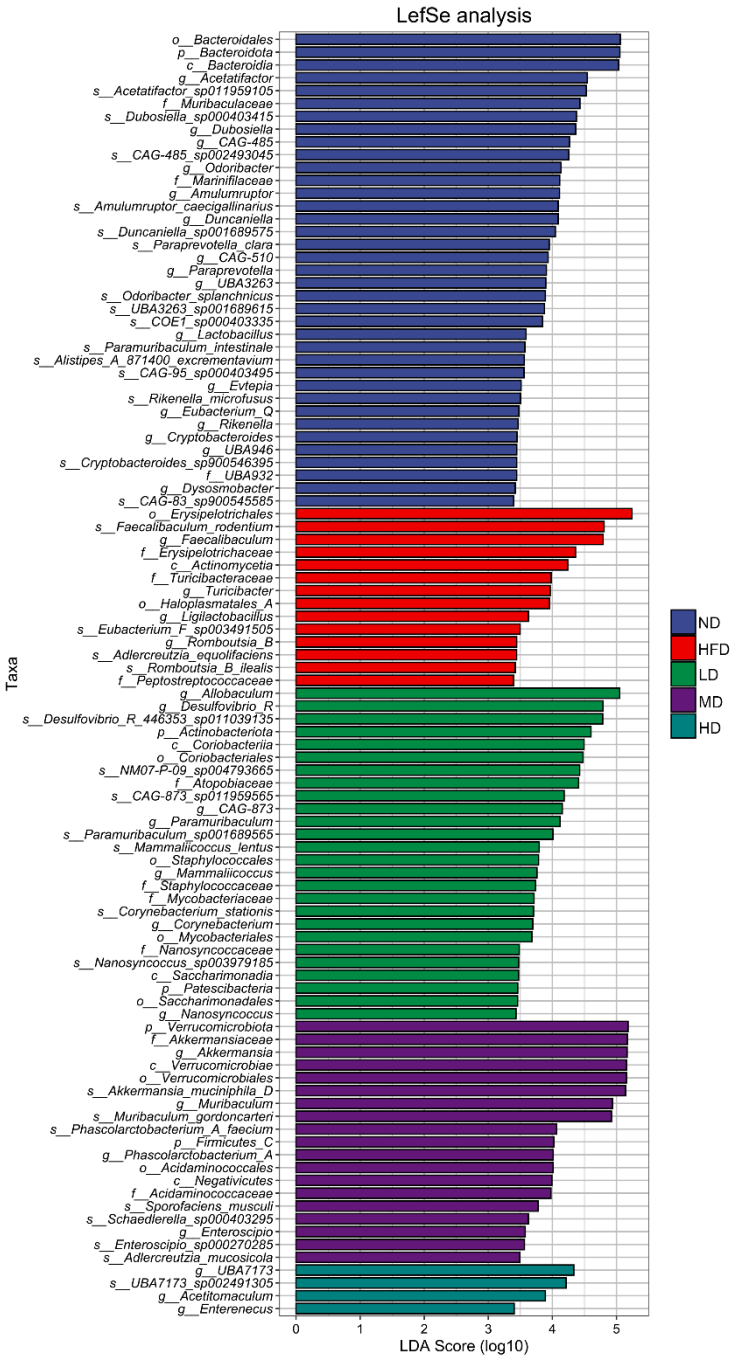

图 15 LDA 值分布柱状图

Fig.15 LDA value distribution histogram

2.4.4 肠道微生物菌群功能预测分析

功能基因随肠道微生物群的结构而变化，PICRUSt2 可以预测基因序列的潜在功能[37]，筛选出贡献前 12 的代谢途径，如图 16 所示。鉴定的主要 KEGG 代谢通路包括 Carbohydrate metabolism（碳水化合物代谢）、Citrate cycle (TCA cycle)（柠檬酸循环（三羧酸循环））、Valine，leucine and isoleucine degradation（缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸降解）、Pyruvate metabolism（丙酮酸代谢）、Fatty acid degradation（脂肪酸降解）、Sphingolipid metabolism（鞘脂代谢）、Fatty acid metabolism（脂肪酸代谢）、Glycolysis/Gluconeogenesis（糖酵解/糖异生）、Oxidative phosphorylation（氧化磷酸化）、Fructose and mannose metabolism（果糖和甘露糖代谢）、beta-Alanine metabolism（β-丙氨酸代谢）和 Glycerophospholipid metabolism（甘油磷脂代谢）。

经 PICRUSt2 功能预测分析发现，补充萌动青稞后，肠道微生物群落的碳水化合物代谢、脂质代谢、辅酶与维生素代谢及能量代谢过程均发生特异性调控：具体表现为碳水化合物的分解利用更偏向于产热供能而非转化为

脂肪储存，脂质代谢中脂肪酸 β-氧化途径增强，促进脂肪分解，同时能量代谢过程中 ATP 生成效率提高但过量能量的无效囤积减少。这种代谢模式的转变并非单纯提升“能源使用效率”，而是优化了能量分配方向——即减少脂肪等储能物质的合成，增加能量的即时消耗与合理利用，这与萌动青稞干预后 HFD 小鼠体重降低的结果一致。结合前文肠道菌群结构变化，如 *Akkermansia* 丰度升高可增强肠道屏障功能并促进脂质代谢，*Muribaculum* 通过产生短链脂肪酸参与能量代谢调节，提示萌动青稞可能通过重塑菌群结构，调控上述代谢通路向“减脂、高效供能”方向偏移，从而降低肥胖及代谢疾病的发病风险，为相关机制研究提供了参考。

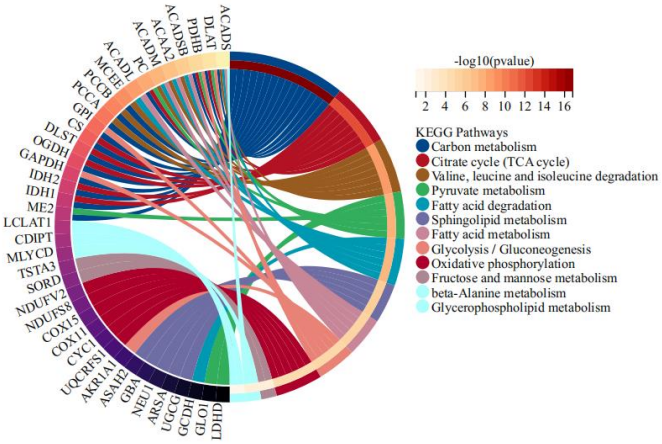

图 16 KEGG 三级功能预测图

Fig.16 KEGG function prediction diagram in level 3

2.4.5 微波处理的萌动青稞对小鼠粪便短链脂肪酸的影响

SCFAs 是肠道菌群产生的重要代谢产物，其含量变化与菌群组成密切相关，通过参与机体代谢对人类健康发挥着至关重要的作用[42]。为了评估萌动青稞对高脂饮食诱导小鼠肠道菌群组成变化是否影响 SCFAs 水平，采用 GC-MS 法检测了不同组中短链脂肪酸的浓度。如表 2 所示，乙酸、丙酸和丁酸是小鼠粪便中的主要短链脂肪酸。与 ND 组相比，HFD 组的乙酸、丙酸、丁酸、戊酸、异戊酸含量均显著降低，异丁酸含量降低但不显著，这与前文 HFD 组中 *Akkermansia*、*Muribaculum* 等产 SCFAs 的有益菌丰度下降的趋势一致，提示高脂饮食可能通过减少相关菌群数量降低 SCFAs 合成。与 HFD 组相比，萌动青稞干预后，MD 组和 HD 组乙酸、丙酸含量显著上升，这可能与干预后肠道中 *Muribaculum* 丰度增加相关；各剂量组丁酸和异丁酸含量均显著上升，结合 LEfSe 分析中 LD 组富集 *Akkermansia* 的结果，推测 *Akkermansia* 丰度升高可能促进了丁酸合成；此外，HD 组戊酸含量显著提高，各剂量组异戊酸含量均显著提升，进一步印证萌动青稞通过重塑肠道菌群改善了 SCFAs 的整体合成水平。

乙酸能够被宿主吸收作为能量来源，维持肠道环境稳定并滋养有益菌群；丙酸可抑制胆固醇合成、减少脂肪储存，展现抗癌和抗炎特性[33]。丁酸盐作为结肠细胞的主要能量来源，在调节血糖、体重管理及增强胰岛素敏感度中至关重要[31]。上述 SCFAs 的变化提示，微波处理的萌动青稞可能通过调控菌群结构促进 SCFAs 生成，进而发挥代谢调节作用。

表 2 小鼠粪便中短链脂肪酸的含量

Table 2 Content of SCFAs in mice feces (μg/g)

SCFAs	ND	HFD	LD	MD	HD
Acetic acid	1017.38±26.84^{a}	650.52±24.83^{d}	743.64±27.58^{c}	765.92±14.32^{c}	877.48±7.30^{b}
Propionic acid	443.04±19.92^{a}	161.22±7.26^{d}	162.49±5.92^{d}	210.35±14.66^{c}	301.23±7.63^{b}
Isobutyric acid	39.14±3.97^{c}	43.76±4.65b^{c}	41.88±3.37^{c}	50.32±4.33^{b}	58.25±5.11^{a}
Butyric acid	460.25±9.59^{a}	160.18±8.42^{e}	190.43±9.27^{d}	258.12±16.20^{c}	305.94±8.10^{b}
Isovaleric acid	18.51±2.85^{a}	4.19±0.37^{d}	9.32±0.70^{c}	13.09±0.89^{b}	16.14±0.82^{a}
Valeric acid	49.12±5.03^{a}	19.07±4.23^{c}	21.05±4.62^{c}	26.71±4.24^{bc}	33.29±3.82^{b}
Total	2027.44±28.26^{a}	1038.94±29.50^{e}	1168.81±35.74^{d}	1324.51±20.37^{c}	1592.33±8.03^{b}

注：不同处理组之间的差异显著（P<0.05）用不同小写字母表示。

3 结论

四种热加工方式中，除蒸煮使萌动青稞抗氧化能力下降外，微波、烘烤、炒制均提升其抗氧化性，其中微波处理组·OH、DPPH 和 $ABTS^+$自由基清除率分别达 49.35%、73.56%和 89.15%。在淀粉体外消化方面，热加工均提高水解率，淀粉水解率排序为蒸煮>炒制>烘烤>9 微波，微波处理组水解率最低（65.03%），预估血糖生成指数（eGI，62.97）也最低，更适合血糖敏感人群。高脂饮食小鼠实验显示，萌动青稞干预显著降低小鼠体重、空腹血糖，改善糖耐量及血脂指标，修复肝组织氧化损伤。16S rRNA 测序表明，萌动青稞可优化肠道菌群结构，提升菌群丰富性与均匀性，增加拟杆菌门丰度，促进 *Muribaculum* 和 *Akkermansia* 等菌生长，提高短链脂肪酸含量。综上，微波处理在提升萌动青稞抗氧化性与控制淀粉消化速率上优势明显，萌动青稞通过调节糖脂代谢和肠道菌群，展现出干预代谢紊乱的潜力，为其功能食品开发提供理论依据。

参考文献

[1] LYU Y, MA S, LIU J, et al. A systematic review of highland barley: Ingredients, health functions and applications [J]. Grain Oil Science Technology, 2022, 5(1): 35-43.

[2] DANG B, ZHANG W, ZHANG J, et al. Evaluation of nutritional components, phenolic composition, and antioxidant capacity of highland barley with different grain colors on the Qinghai tibet plateau [J]. Foods, 2022, 11(14): 2025.

[3] 王立,杨懿,钱海峰,等.不同加工方式对淀粉性质的影响[J].食品与生物技术学报,2017,36(3):225-235.

[4] 张宏,林向阳,朱榕璧,等.淀粉类制品加工特性影响因素的研究[J].农产品加工(学刊),2008,(11):16-18+59.

[5] TAO W, JUNJIE H, HUANQIN D, et al. Polysaccharides from Lyophyllum decastes reduce obesity by altering gut microbiota and increasing energy expenditure[J]. Carbohydrate Polymers, 2022, 295: 119862.

[6] NARAYANASWAMI V, DWOSKIN L. Obesity: Current and potential pharmacotherapeutics and targets. Pharmacology & Therapeutics [J]. Pharmacology & Therapeutics, 2017, 170: 116-147.

[7] ARMET A, DEEHAN E, O'SULLIVAN A, et al. Rethinking healthy eating in light of the gut microbiome [J]. Cell Host & Microbe, 2022, 30(6): 764-785.

[8] ACHARYA A, SHETTY S, KUMARI N. Role of gut microbiota derived short chain fatty acid metabolites in modulating female reproductive health [J]. Human Nutrition & Metabolism, 2024, 36: 200256.

[9] XIE Y, HU F, XIANG D, et al. The metabolic effect of gut microbiota on drugs [J]. Drug Metabolism Reviews, 2020, 52(1): 139-156.

[10] LONE J, KOH W, PARRAY H, et al. Gut microbiome: Microflora association with obesity and obesity-related comorbidities [J]. Microbial Pathogenesis, 2018, 124: 266-271.

[11] BOTAO W, LINLIN W, HAOJUE W, et al. Targeting the gut microbiota for remediating obesity and related metabolic disorders [J]. The Journal of Nutrition, 2021, 151(7): 1703-1716.

[12] LUCA M, VALENTINA G, ADELE A, et al. Impact of gut microbiota on obesity, diabetes, and cardiovascular disease risk [J]. Current Cardiology Reports, 2015, 17(12): 120.

[13] CHENGCHENG Z, YINGYUE S, JINCHI J, et al. Probiotics supplementation for management of type II diabetes risk factors in adults with polycystic ovarian syndrome: a meta-analysis of randomized clinical trial [J]. Food Science and Human Wellness, 2023, 12(4): 1053-1063.

[14] YUNFEI G, CHUNHONG W, UTHAMAPRIYA R, et al. Quinoa bran insoluble dietary fiber-zinc chelate mediates intestinal flora structure to regulate glucose and lipid metabolism in obese rats [J]. Journal of Functional Foods, 2023, 108: 12.

[15] 丁淼,成圆,李爽,等.产地对苦荞活性成分、抗氧化能力和降糖活性的影响[J].精细化工,2024,41(11):2513-2521.

[16] BRAND-WILLIAMS W, CUVELIER M, BERSET C. Use of a free radical method to evaluate antioxidant activity [J]. LWT-Food science and Technology, 1995, 28(1): 25-30.

[17] 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.

[18] 张亚琨,张美莉,郭新月.微粉碎对燕麦麸皮功能性成分及抗氧化性的影响[J].中国食品学报,2021,21(11):22-28.

[19] 王东旭,郭美玲,李占明,等.湿热及酶解处理对糯米粉体外消化特性和血糖生成指数的影响[J].食品安全质量检测学报,2022,13(7):2252-2257.

[20] MOZA J, GUJRAL H. Starch digestibility and bioactivity of high altitude hulless barley [J]. Food Chemistry, 2016, 194: 561-568.

[21] 肖晓玮.东北酸菜对高脂饮食诱导的 C57BL/6 小鼠糖脂代谢的影响及其调控机制研究[D].长春:吉林大学,2024.

[22] ZHAO C, LIU Y, LAI S, et al. Effects of domestic cooking process on the chemical and biological properties of dietary phytochemicals [J]. Trends in Food Science Technology, 2019, 85: 55-66.

[23] METHUS C, NUANSRI R, JIDAPHA T, et al. Effect of heat–moisture treatment on crystallinity, digestibility properties, bioactive compounds, and antioxidant activity of purple rice (*Oryza sativa L. indica*) Flour [J]. Processes, 2023, 11(3): 969-969.

[24] 曹凤红,陈晓嫚,黄爱兰,等.热处理对紫薯抗氧化物质的影响[J].长春师范大学学报,2023,42(8):94-102.

[25] 邓佳琪.不同热加工方式对燕麦粉理化性质及体外消化性能的影响[D].湘潭:湘潭大学,2022.

[26] 张素敏,张瑞,王晓闻.不同热处理方法对黄米淀粉体外消化及品质特性的影响[J].食品工业,2021,42(4):54-57.

[27] 顾启新.热处理燕麦麸皮对炎症性肠炎小鼠肠道菌群及肠屏障的影响研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2024.

[28] GONG B, XU M, LI B, et al. Repeated heat-moisture treatment exhibits superiorities in modification of structural, physicochemical and digestibility properties of red adzuki bean starch compared to continuous heat-moisture way [J]. Food Research International, 2017, 102: 776-784.

[29] 申瑞玲,张亚蕊,张婷,等.不同热加工对萌动青稞营养成分和加工特性的影响[J].中国粮油学报,2020,35(3):147-152.

[30] XUE B, MEILI Z, YAKUN Z, et al. Effect of thermal treatments and non-starch fraction on *in vitro* starch digestibility of oat bran [J]. Journal of Food Processing and Preservation, 2022, 46(12): e17219.

[31] 白雪.预处理燕麦麸皮改善肠道菌群和调节糖脂代谢作用机制研究[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2023.

[32] 甘霖耀.西藏高原青稞纤维对高脂饮食诱导小鼠肥胖和肠道菌群的影响[D].天津:天津科技大学,2023.

[33] 修雪燕.基于 GPR41/43 信号通路研究全麦粉对高脂喂养小鼠血糖、血脂和炎症水平的影响及机制[D].乌鲁木齐:新疆医科大学,2024.

[34] 程小英,詹扬,周衍安,等.乳酸菌素对幽门螺杆菌感染性胃炎小鼠炎症和肠道菌群的影响[J].食品工业科技,2024,45(10):316-324.

[35] LIU R, HONG J, XU X, et al. Gut microbiome and serum metabolome alterations in obesity and after weight-loss intervention [J]. Nature Medicine, 2017, 23(7): 859-868.

[36] VALLIANOU N, STRATIGOU T, CHRISTODOULATOS G, et al. Understanding the role of the gut microbiome and microbial metabolites in obesity and obesity-associated metabolic disorders: current evidence and perspectives [J]. Current Obesity Reports, 2019, 8: 317-332.

[37] 党娅,乔雨雨,雷格格,等.蓝莓酵素对高脂血症小鼠的降血脂及肠道菌群调节作用[J].食品工业科技.2025,46(10):360-370.

[38] FU S, DANG Y, XU H, et al. Aloe vera-fermented beverage ameliorates obesity and gut dysbiosis in high-fat-diet mice [J]. Foods, 2022, 11(22): 3728.

[39] EVERARD A, BELZER C, GEURTS L, et al. Cross-talk between Akkermansia muciniphila and intestinal epithelium controls diet-induced obesity [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2013, 110(22): 9066-9071.

[40] ZHU Y, CHEN B, ZHANG X, et al. Exploration of the muribaculaceae family in the gut microbiota: diversity, metabolism, and function [J]. Nutrients, 2024, 16(16): 2660.

[41] SEGATA N, IZARD J, WALDRON L, et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. Genome Biology, 2011, 12: 1-18.

[42] WU T, DAI Z, LUO Y, et al. Refined highland barley ameliorates obesity-associated insulin resistance in high-fat diet-fed mice by targeting the gut microbiota and liver transcriptomics [J]. European Journal of Nutrition, 2025, 64(2): 96.