膳食淀粉生物利用度的体外评价方法研究进展

周 晓， 张 涛， 缪 铭*
（江南大学 食品科学与技术国家重点实验室，江苏 无锡 214122）

摘要： 膳食淀粉作为人体主要能量来源，其生物利用度与餐后血糖和胰岛素反应密切相关。膳食淀粉的生物利用度主要受食品基质与淀粉本身结构性质的影响，在慢性疾病大流行背景下，膳食淀粉的消化行为得到广泛关注。目前已提出多种体外评价方法用于分析膳食淀粉的消化机制，相较于体内试验，体外法在效率、重复性、成本和伦理上优势明显，同时能够有效指导食品加工和消费选择。作者概述了目前淀粉消化体外评价方法的发展现状，并阐述了各方法的优点和局限性，一方面为开发符合我国膳食模式的体外消化模型提供借鉴，另一方面为我国淀粉基食品分类与分级提供技术指导。

关键词： 膳食淀粉；生物利用度；体外评价方法；消化模型
中图分类号：TS 23　**文章编号：**1673-1689(2022)11-0040-08　**DOI：**10.3969/j.issn. 1673-1689.2022.11.005

Research Progress on *in vitro* Analysis Methods of Dietary Starch Bioavailability

ZHOU Xiao， *ZHANG Tao*， *MIAO Ming**
（State Key Laboratory of Food Science and Technology，Jiangnan University，Wuxi 214122，China）

Abstract： Dietary starch is the main energy source of human body, and its bioavailability is closely related to the postprandial glycemia and insulin responses. The bioavailability is mainly affected by food matrix and the structure of starch itself. In the context of chronic disease pandemic, the digestion behavior of dietary starch has attracted extensive attention. In order to more efficiently study the digestion mechanism of dietary starch, several *in vitro* evaluation methods have been proposed. Compared with *in vivo* tests, in vitro methods could help guide food processing and consumption choices with higher efficiency, repeatability, lower costs and appropriate ethics. This review summarized the development status of methods for *in vitro* analysis of starch digestion, and their advantages and limitations were discussed. On the one hand, this review could provide references for developing *in vitro* digestion model fitting the meal pattern in China, and on the other hand, it could provide technical guidance for the classification of starchy food.

Keywords: dietary starch, bioavailability, *in vitro* methods, digestion models

收稿日期： 2022-06-10
基金项目： 国家自然科学基金项目(31972029，32130084)；江苏省重点研发计划项目(BE2020308)。
* **通信作者：** 缪　铭(1980—)，男，博士，研究员，博士研究生导师，主要从事功能性碳水化合物方面的研究。
E-mail：miaoming@jiangnan.edu.cn

随着经济的发展,人们生活方式和饮食结构发生改变,不健康生活方式导致的慢性病成为中国居民的第一大健康威胁,其中糖尿病和超重肥胖的问题不断凸显。我国居民糖尿病患病率增速惊人,2015~2017 年我国 18 岁以上人群糖尿病患病率已高达 11.2%[1]。国际糖尿病联盟数据显示,2019 年我国糖尿病患者数量达到 1.16 亿。《中国居民营养与慢性病状况报告(2020 年)》显示我国居民超重、肥胖现象进一步恶化,城乡各年龄段居民超重肥胖率持续上升,已有一半以上的成年人超重或肥胖,糖尿病与肥胖不仅造成患者身体与精神上的损害,也会给个人和国家带来沉重的经济负担[2]。

在慢性病的预防与治疗中,选择合理的膳食进行营养治疗十分重要。我国居民以米面制品作为主食,其主要成分淀粉是人类膳食能量的主要来源,为机体提供了 50%~70%的能量,而淀粉消化与吸收速率对餐后血糖代谢调节具有重要意义。1981 年 Jenkins 等提出血糖生成指数(Glycemic Index,GI)的概念,通过餐后血糖反应水平来衡量碳水化合物[3]。但 GI 的测定需要进行人体实验,成本高,操作难度大。膳食淀粉作为最主要的血糖型碳水化合物,可更方便、更准确地评价膳食淀粉的质量,反映膳食淀粉对人体健康的影响。学者们研究出一系列适用于实验室常规检验淀粉消化与吸收性能的体外测试方法。了解淀粉的消化机制,并通过有效的评价手段对淀粉进行分类分级,为不同营养需求的人群进行消费指导,对我国糖尿病、肥胖等慢性疾病的防治具有重要意义。

1 淀粉营养片段的测定

1992 年 Englyst 等对淀粉在小肠中的消化行为进行体外模拟,根据淀粉的生物利用度对其分类:前 20 min 内消化记为快消化淀粉(Rapidly Digestion Starch,RDS),20~120 min 内消化为慢消化淀粉(Slowly Digestion Starch,SDS),剩余抵抗小肠中酶消化的淀粉被称为抗性淀粉(Resistant Starch,RS)。Englyst 法[4]与 Guraya 法[5]是两种经典的淀粉营养片段检测方法,见表 1。

其他研究者在测定淀粉营养片段时,考虑到底物特性、实验目的、操作条件等,通常会在 Englyst 法和 Guraya 法的基础上进行调整。Ao 等人为了更好地观察淀粉结构改变对酶消化的影响,在 Englyst 方法上降低了酶与底物浓度[6];缪铭将 Englyst 法、Guraya 法和 Shin 法[8]与体内法测定 SDS 进行比较,发现 Englyst 法结果与体内法最为接近[7]。因此在 Englyst 法基础上进行优化,简化了酶的选用,使用胰淀粉酶(290 U/mL)与糖化酶(15 U/mL)在 pH 5.2 下进行体外模拟小肠消化,能更简单准确地分析 SDS。

表 1 体外测定淀粉营养片段方法

Table 1 *In vitro* analysis of nutritional starch fractions

方法	Englyst 法	Guraya 法
水解酶的选用	胰淀粉酶、糖化酶、转化酶	胰淀粉酶
反应条件	37 ℃、pH 5.2	37 ℃、pH 6.9
水解产物测定方法及测定时间	葡萄糖氧化酶法(20 min,120 min)	3,5-二硝基水杨酸(DNS)法(1 h,反应终止时)
营养片段的表示(以 SDS 为例)	$SDS(\%)=(G_{120}-G_{20})\times0.9/W$	$SDS(\%)=\frac{G-H}{I}\times100$
特点	测定结果与体内法相近,但此法对测试人员要求高,否则数据重现性差。	仅使用胰淀粉酶,水解产物复杂,DNS 法测定结果不稳定,且大量产物的累积会抑制淀粉酶的酶解作用,最终可能造成结果偏低

2 淀粉消化进程的评价

淀粉的营养片断反映了特定时间段内淀粉的消化性能,而平均消化速率(Rate of Starch Digestion,RSD)和水解率(Hydrolysis Rate,HR)则可以通过自定义取样点对整个淀粉酶水解过程进行描述[9]。Granfeldt 等对不同取样时间点的水解率绘制水解曲线,并提出水解指数(Hydrolysis Index,HI)概念[10]。水解指数 HI 的计算与 GI 类似,但 HI 测算时酶水解时间为 180 min,GI 为 120 min。HI 与 GI 之间存在明显的正相关,Granfeldt[10]和 Goni[11]认为可以通过 HI 得到预估血糖指数(estimated Glycemic Index,eGI),并研究出计算公式。eGI 的获取比 GI 更为简单,且 eGI 的有效性已得到广泛认可,见公式

(1)~(4)。

$$RSD=\frac{C_{Mal}\times D\times(V-S)}{m\times t} \quad (1)$$

式中:C_{Mal} 为麦芽糖质量,mg;D 为渗析液稀释倍数;V 为体系总体积,mL;m 为样品质量,g;t 为反应时间,h。

$$HR(\%)=\frac{m_t}{m}\times 100\% \quad (2)$$

式中:m_t 为取样时间点水解淀粉质量,g;m 为总淀粉质量,g。

$$eGI_{Gr}=0.862HI+8.198 \quad (3)$$

$$eGI_G=0.549HI+39.71 \quad (4)$$

Ambigaipalan 等对多种类型的蚕豆、黑豆和斑豆中淀粉水解进程进行分析,发现不同来源淀粉中 HI 与 eGI 大小依次为蚕豆>黑豆>斑豆,认为豆类淀粉消化特性的差异受到结晶层中双螺旋数量以及颗粒内部微晶分布的影响[12]。左慧玉等绘制了菠萝蜜种子淀粉的水解曲线,发现挤压处理后颗粒疏松多孔,结晶结构被破坏,HI 与 eGI 显著增大,菠萝蜜种子淀粉从中等升糖食物转为高升糖食物[13]。

Goni 等根据几种典型淀粉基食品的水解曲线拟合出淀粉水解一级动力学方程[11],见式(5),推算的理论值与实验值之间具有较好的一致性。动力学方程中 k 和 C_∞ 可作为淀粉基食品的特征参数,根据 k 和 C_∞ 即可预测任意时间淀粉水解率。对数形式的一级动力学方程 LOS 模型 (logarithm of the slope)[14]也常用于分析淀粉的消化速率与消化程度,见式(6)。与一级动力学方程相比,LOS 图为线性图,可以在难以获得准确 C_∞ 的条件下,通过计算曲线的斜率 k 与 y 轴截距来计算。

$$C=C_\infty(1-e^{-kt}) \quad (5)$$

$$\ln(dC_t)=-kt+\ln(C_\infty k) \quad (6)$$

式中:t 为时间,min,C 和 C_∞ 分别为 t 时刻和平衡时产物浓度,mg/mL;k 为动力学常数(min^{-1})。

Chen 等通过一级动力学方程分析了糊化、脱支和湿热处理对大米淀粉消化性能的影响,生淀粉糊化后 C_∞ 由 85.93%增至 102%,而糊化淀粉脱支处理后 C_∞ 下降,进一步湿热处理后,C_∞ 降至 44.69%,抗性淀粉质量分数增加至 55.39%[15]。一级动力学模型也被用于研究全谷物粉中内源性非淀粉组分如蛋白质、脂肪、β-葡聚糖等对淀粉消化动力学的影响[16-17],揭示全谷物粉中淀粉慢消化的内在因素。在研究纯淀粉或者全粉中淀粉糊化后的消化行为时,一级动力学通常可以达到理想的拟合效果,因为它们在体外模拟实验时间内,淀粉水解率已基本达到平衡,拟合后能得到准确的 C_∞。但是对于复杂的淀粉基食品,如具有完整细胞壁包封的植物组织、具有蛋白质网络结构的面条等,使用 LOS 函数进行分析更为合适。LOS 图对底物消化行为的变化非常敏感,如果淀粉基食品以不同速率消化,线形图将不连续,可将消化过程分为两相甚至多相。Edwards 等首次将 LOS 模型用于分析鹰嘴豆和硬质小麦中淀粉的消化行为,发现纯淀粉和面粉的消化是单相行为,而在具有细胞壁包封的大颗粒中(鹰嘴豆>0.55 mm,硬质小麦>1.29 mm)的淀粉消化分为快慢两相,更加精确地描述了细胞壁结构与粒径对淀粉消化行为的影响[18]。Zou 等通过 LOS 模型研究意大利面中淀粉的行为,证明了蛋白质网络结构是阻碍淀粉消化的主要因素[19]。Fan 等发现,漆酶的添加使面筋蛋白质网络结构更加连续,对黑青稞淀粉的包封更紧凑,导致快相中淀粉的消化速率 k_1 显著下降,但是对慢相的消化速率 k_2 无影响[20]。

3 酶促反应动力学

淀粉在消化道中会经历复杂的酶反应,淀粉颗粒与酶在接触过程中会受到各种阻碍:细胞壁与蛋白质基质的物理屏障作用、致密的结晶结构、高黏度的食品体系以及非淀粉组分与淀粉酶之间的非特异性结合等。评估酶在反应体系中的扩散和酶-底物之间相互作用对淀粉消化机制的研究十分重要[21]。

米氏方程(Michaelis-Menten model),已广泛应用于酶促反应动力学的研究中,见式(7)。由于米氏方程中的 v_{max} 难以判断,常采用林贝氏方程(Lineweaver-Burk model),即采用 DNS 法测定淀粉水解过程中 v 和[S],以 1/v 对 1/[S]作图,可获得特征常数 K_m 与 v_{max},见式(8)。通过酶促反应动力学研究可获知酶活、pH、抑制剂和底物浓度等因素对淀粉消化速率的影响,对慢消化淀粉基食品的加工调控具有重要意义。Meraz 等研究发现,在不同的酶浓度条件下,米氏方程动力学特征参数和结果误差范围不同[22]。

$$v=\frac{v_{max}[S]}{K_m+[S]} \quad (7)$$

$$\frac{1}{v}=\frac{K_m}{v_{max}}\cdot\frac{1}{[S]}+\frac{1}{v_{max}} \quad (8)$$

式中:v 为反应速率,mol/(L·s);v_{max} 为最大反应速率,mol/(L·s);K_m 为米氏常数,mol/L;$[S]$ 为底物浓度,mol/L。

体外淀粉消化涉及多种酶,且前期消化速率较高,这使得米氏方程的应用受到限制[23]。为了更好地研究不同淀粉体外消化体系中的酶促反应动力学,学者们通过积分或其他数学方法对米氏方程进行了一些调整。Amoto 等在米氏方程基础上提出具有 6 个参数的动力学方程,可以预估初始可消化淀粉量[24],这对体外模拟唾液-胃消化淀粉十分有意义;Vernon-Carter 等研究了葡萄糖对 α-淀粉酶的影响,提出淀粉水解的结构性模型,并确定产物葡萄糖的积累将导致淀粉最大水解率降低[25],对于淀粉体外消化模型的优化具有重要意义。

4 体外消化模型的优化

4.1 静态模型的标准化

淀粉体外消化特性的研究多数仅模拟小肠消化,但食品体系通常比较复杂,口腔咀嚼以及胃蠕动和胃液的消化对食品物理性质以及其他组分的影响不可忽略。同时,各实验室在进行体外模拟消化的条件并不相同,导致各课题组间实验结果难以比较。Englyst 等对 1992 年提出的淀粉营养片段测定方法进行了改良,用于谷物产品中 RDS、SDS 与 RS 测定,并通过多个实验室验证了改良后 Englyst 方法具有良好的重复性[26]。具体操作步骤见表 2。

表 2 淀粉基食品中淀粉营养片段的测试方法

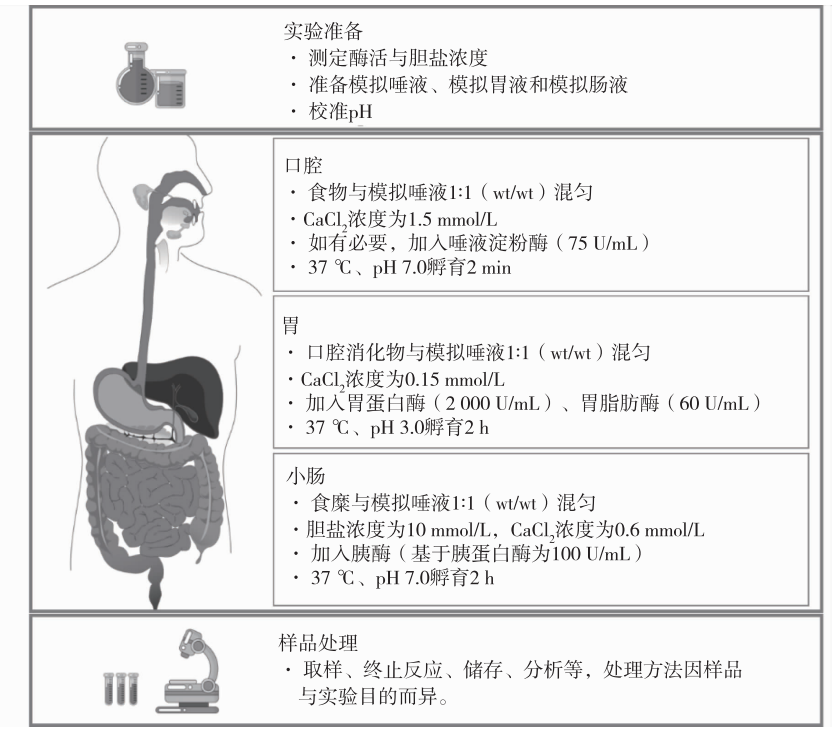
Table 2 *In vitro* analysis of nutritional starch fractions in starchy food

步骤	注意事项
1)食物熟化	熟化后样品保持在 70~80 ℃直至分析,避免淀粉回生影响
2)破碎处理	食物搅碎后过筛保持颗粒大小一致(直径 0.9 cm)
3)称取 0.5~4 g 样品	提供 500 mg 可利用碳水化合物;称量精确到 0.1 mg
4)加 5.0 mL 内标	内标物为 40 mg/mL 阿拉伯糖,10%饱和苯甲酸防腐
5)加 10.0 mL 模拟胃液,37 ℃,10 min	5 mg/mL 胃蛋白酶,5 mg/mL 瓜尔胶,0.05 mol/L 盐酸;持续搅拌保持瓜尔胶悬浮
6)加 5.0 mL 乙酸钠溶液	中和盐酸,并使用 1 mol/L 氢氧化钠或 1 mol/L 盐酸调 pH 至 5.2~5.3
7)添加 5 颗玻璃球	模拟小肠蠕动过程中的剪切力作用
8)加入 5.0 mL 模拟肠液,37 ℃	胰淀粉酶(1 350 U)、糖化酶(3 500 U)、转化酶(2 000 U),0.1 mol/L 氯化钙;使用前平衡到 37 ℃
9)20 min 和 120 min 时取样,灭酶	精确计时,取 0.1 mL 样液加至 4.0 mL 甲醇中
10)产物分析	液相色谱分析

Minekus 等对食品静态体外消化方法的标准化进行了讨论,发布了 INFOGEST 方法[27]。Brodkorb 等对前人的结果进行了总结完善[28],2019 年发布了 INFOGEST 2.0,见图 1。在 INFOGEST 2.0 中,建议了样品的处理方式、酶活的测定以及模拟唾液、模拟胃液和模拟肠液中电解质的浓度、酶用量和各阶段消化时间等,以减小各研究单位所得结果的差异,利于横向比较。在 INFOGEST 方法中,实验条件的设置尽可能地还原体内生理环境,并且在实验室具有很好的重现性,但是该方法并不适用于消化过程中的动力学分析,仅用于评估消化终点。在研究淀粉基食品的动力学过程时,样品一般先被研磨粉碎来模拟口腔咀嚼,再采用两阶段模型(two-stage modle system)模拟胃和小肠对淀粉的消化[29]。Do 等通过两阶段模型对分离纯化淀粉和完整细胞中淀粉的水解曲线进行比较,发现马铃薯淀粉的水解曲线在 2 种情况下差异明显,豆类子叶细胞结构能阻碍消化酶对胞内淀粉的可及性,降低淀粉在体外的消化速率和程度[30-31]。

4.2 动态模型

体外消化的静态模型因具有良好的可操作性,已广泛应用于淀粉消化性能研究中。但静态模拟过程的消化条件理想化,如消化时间和 pH 都已被固定,缺乏在时间和空间上对真实消化环境中酶-底物含量变化、pH 值、转运时间、产物吸收等的模拟,导致静态模型对淀粉体内消化行为预测的准确性有限,仅适合对特定条件下单一底物或成分简单的食品进行消化模拟[32]。过去在实验中常常忽略唾液淀粉酶在酸性胃环境中的水解作用,但因食物对胃酸的缓冲和稀释作用,在胃环境中唾液淀粉酶能保



在模拟小肠消化时，也可单独配置酶液，其中胰蛋白酶为 100 U/mL，胰凝乳蛋白酶 25 U/mL，胰脂肪酶 2 000 U/mL，胰淀粉酶 200 U/mL，胆汁 10 mmol/L。

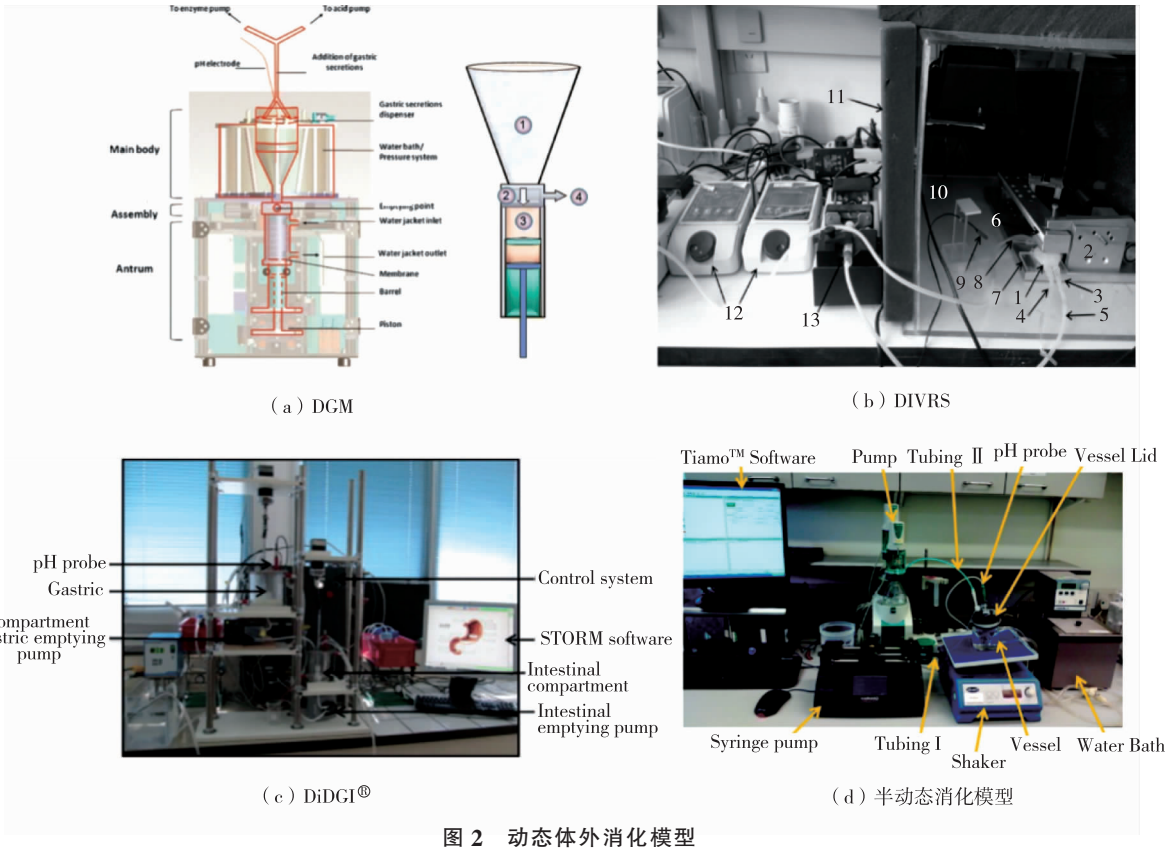
图 1　静态模拟消化的标准方法

Fig. 1　Flow diagram of a standardized static *in vitro* digestion method

持活力直至 pH<4。为了更好地再现消化道环境，深入了解淀粉基食品在体内的消化行为，研究体外消化的动态模型十分必要。

英国的动态仿生胃(DGM)用弹性膜模拟胃壁，通过水压变化压缩和松弛胃壁，不定时分泌人工胃液，并采用活塞装置模拟胃蠕动对食物的剪切作用[33]。此外一维动态模拟系统还有美国的 HGS、日本 GDS 和荷兰 TNO 的 TIMagc[34]。一维动态模拟体系针对某一消化部位进行模拟，动态多维模拟体系则通过一系列装置联合模拟上下消化道，更接近人体真实的消化过程。如 Mainville 等通过电脑监控实时调控消化液的加入，首次实现模拟食物对胃酸的缓冲作用[35]。TIM 系统各消化单元间通过中空纤维膜连接，利用膜的透析作用模拟小分子消化产物的吸收过程[36]，充分考虑到消化过程中产物对酶水解的抑制作用。

Balance 等采用试验人员咀嚼—DGM 动态胃消化—静态小肠消化模拟了 6 种谷物食品的体外消化，结果表明，通过淀粉水解曲线计算得到的体外 GI 可以较好反映谷物在体内消化后血糖的波动，证实了 DGM 的可行性[37]；Wu 等通过动态体外小鼠胃模型(DIVRS)研究了糙米和精米在胃相中的消化行为[38]。食物进入胃相后，pH 急升至接近中性，在随后的 2 h 缓慢降低至 pH 3~4。而糙米因为麸皮层的存在，抑制了结构崩解导致最终更低的水解率和较长的胃排空时间；Freitas 等使用法国 DiDGI® 系统对面包和意大利面 2 种面食进行体外动态消化，STORM® 软件进行连续监测和消化液分泌控制，发现唾液淀粉酶在胃相中仍能水解 30%~80%的淀粉[39]。上述动态模型通常比较复杂，对设备要求较高，为了提高动态模型的实验室可操作性，Mulet-Cabero 等使用实验室常见仪器构建了一种半动态消化模型，可根据实验需求设置不同消化体积，并克服了 INFOGEST 方法中对 pH 缓冲、胃液分泌和胃排空模拟的缺失[40]。国内动态消化模型的研究还处于起步状态，李志涛博士[41]研制的新型仿生胃肠道生物反应器填补了国内空白，并成功应用于研究加工方式对高抗性大米体外消化和发酵的影响。



(a) DGM (b) DIVRS

(c) DiDGI® (d) 半动态消化模型

图 2 动态体外消化模型

Fig. 2 Dynamic *in vitro* digestion models

5 结论与展望

淀粉作为膳食中最重要的碳水化合物来源,其消化率及在胃肠道中消化的位置对机体健康至关重要。体内试验是最理想的探究淀粉消化机制的方式,相较于体内试验,体外消化模型在效率、重复性、成本和伦理上具有十分明显优势。体外消化模型已被广泛应用于食品营养研究中,但目前仍存在一些局限性,如大多数消化方法忽视了胃相的消化行为;缺乏体外数据与体内数据的相关性分析;不同人群体内生化环境差异明显,尤其是具有代谢疾病的人群,缺乏个性化体外消化模型的研究等。在我国有着大量慢性疾病群体,对慢消化性、抗性淀粉基食品的开发需求不断提高,但我国在体外消化模型的开发上严重滞后。因此亟需食品科学家进一步开展大量试验,不断改进与我国膳食模式相符的体外消化模型,解决淀粉基食品分类与分级的技术问题,推动我国健康事业的发展。

参考文献:

[1] 朱大龙. 中国 2 型糖尿病防治指南(2020 年版)(上)[J]. 中国实用内科杂志,2021,41(8):668-695.

[2] 中国居民营养与慢性病状况报告(2020 年)[J]. 营养学报,2020,42(6):521.

[3] JENKINS D J,WOLEVER T M,TAYLOR R H,et al. Glycemic index of foods:a physiological basis for carbohydrate exchange [J]. **The American Journal of Clinical Nutrition**,1981,34(3):362-366.

[4] ENGLYST H N,KINGMAN S M,CUMMINGS J H. Classification and measurement of nutritionally important starch fractions [J]. **European Journal of Clinical Nutrition**,1992,46(2):S33-S50.

[5] GURAYA H S,JAMES C,CHAMPAGNE E T. Effect of enzyme concentration and storage temperature on the formation of slowly digestible starch from cooked debranched rice starch[J]. **Starch – Stärke**,2001,53(3-4):131-139.

[6] AO Z,SIMSEK S,ZHANG G,et al. Starch with a slow digestion property produced by altering its chain length,branch density,and crystalline structure[J]. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**,2007,55(11):4540-4547.

[7] 缪铭. 慢消化淀粉的特性及形成机理研究[D]. 无锡:江南大学,2009.

[8] SHIN S I,CHOI H J,CHUNG K M,et al. Slowly digestible starch from debranched waxy sorghum starch:preparation and properties[J]. **Cereal Chemistry**,2004,81(3):404-408.

[9] 黄峻榕,任瑞珍,蒲华寅,等. 慢消化淀粉的消化特性、测定及制备[J]. 中国粮油学报,2015,30(3):134-139.

[10] GRANFELDT Y,BJÖRCK I,DREWS A,et al. An *in vitro* procedure based on chewing to predict metabolic response to starch in cereal and legume products[J]. **The American Journal of Clinical Nutrition**,1992,59(3):777S-777S.

[11] GOÑI I,GARCIA-ALONSO A,SAURA-CALIXTO F. A starch hydrolysis procedure to estimate glycemic index[J]. **Nutrition Research**,1997,17(3):427-437.

[12] AMBIGAIPALAN P,HOOVER R,DONNER E,et al. Structure of faba bean,black bean and pinto bean starches at different levels of granule organization and their physicochemical properties[J]. **Food Research International**,2011,44(9):2962-2974.

[13] 左慧玉,徐飞,张彦军,等. 双螺杆挤压对菠萝蜜种子淀粉消化特性及血糖指数的影响[J]. 食品工业科技,2020,41(11):305-309.

[14] BUTTERWORTH P J,WARREN F J,GRASSBY T,et al. Analysis of starch amylolysis using plots for first-order kinetics[J]. **Carbohydrate Polymers**,2012,87(3):2189-2197.

[15] CHEN S H,LI X F,SHIH P T,et al. Preparation of thermally stable and digestive enzyme resistant flour directly from Japonica broken rice by combination of steam infusion,enzymatic debranching and heat moisture treatment[J]. **Food Hydrocolloids**,2020,108: 106022.

[16] YE J P,HU X T,LUO S J,et al. Effect of endogenous proteins and lipids on starch digestibility in rice flour[J]. **Food Research International**,2018,106:404-409.

[17] YANG Y Y,JIAO A Q,ZHAO S N,et al. Effect of removal of endogenous non-starch components on the structural,physicochemical properties,and in vitro digestibility of highland barley starch[J]. **Food Hydrocolloids**,2021,117,106698.

[18] EDWARDS C H,WARREN F J,MILLIGAN P J,et al. A novel method for classifying starch digestion by modelling the amylolysis of plant foods using first-order enzyme kinetic principles[J]. **Food & Function**,2014,5(11):2751-2758.

[19] ZOU W,SISSONS M,GIDLEY M J,et al. Combined techniques for characterising pasta structure reveals how the gluten network slows enzymic digestion rate[J]. **Food Chemistry**,2015,188:559-568.

[20] FAN J X,GUO X N,ZHU K X. Impact of laccase-induced protein cross-linking on the *in vitro* starch digestion of black highland barley noodles[J]. **Food Hydrocolloids**,2022,124:107298.

[21] DHITAL S,WARREN F J,BUTTERWORTH P J,et al. Mechanisms of starch digestion by α-amylase—structural basis for kinetic properties[J]. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**,2017,57(5):875-892.

[22] MERAZ M,ALVAREZ-RAMIREZ J,VERNON-CARTER E J,et al. A two competing substrates Michaelis-Menten kinetics scheme for the analysis of in vitro starch digestograms[J]. **Starch – Stärke**,2020(9-10):1900170.

[23] NGUYEN G T, SOPADE P A. Modeling starch digestograms:computational characteristics of kinetic models for *in vitro* starch digestion in food research[J]. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**,2018,17(5):1422-1445.

[24] AMATO M E,ANSANELLI G,FISICHELLA S,et al. Wheat flour enzymatic amylolysis monitored by in situ ^{1}H NMR spectroscopy[J]. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**,2004,52(4):823-831.

[25] VERNON-CARTER E J,ALVAREZ-RAMIREZ J,MERAZ M,et al. Gaining insights into α-amylase inhibition by glucose through mathematical modeling and analysis of the hydrolysis kinetics of gelatinized corn starch dispersions[J]. **International Journal of Biological Macromolecules**,2019,132:766-771.

[26] ENGLYST K,GOUX A,MEYNIER A,et al. Inter-laboratory validation of the starch digestibility method for determination of rapidly digestible and slowly digestible starch[J]. **Food Chemistry**,2018,245:1183-1189.

[27] MINEKUS M,ALMINGER M,ALVITO P,et al. A standardised static *in vitro* digestion method suitable for food -an

international consensus[J]. **Food & Function**,2014,5(6):1113-1124.

[28] BRODKORB A,EGGER L,ALMINGER M,et al. INFOGEST static *in vitro* simulation of gastrointestinal food digestion[J]. **Nature Protocols**,2019,14(4):991-1014.

[29] DARTOIS A,SINGH J,KAUR L,et al. Influence of guar gum on the *in vitro* starch digestibility—rheological and microstructural characteristics[J]. **Food Biophysics**,2010,5(3):149-160.

[30] DO D T,SINGH J,OEY I,et al. Modulating effect of cotyledon cell microstructure on *in vitro* digestion of starch in legumes[J]. **Food Hydrocolloids**,2019,96:112-122.

[31] DO D T,SINGH J,OEY I,et al. Isolated potato parenchyma cells:physico-chemical characteristics and gastro-small intestinal digestion *in vitro*[J]. **Food Hydrocolloid**s,2020,108:105972.

[32] MINEKUS M,ALMINGER M,ALVITO P,et al. A standardised static *in vitro* digestion method suitable for food-an international consensus[J]. **Food & Function**,2014,5(6):1113-1124.

[33] VARDAKOU M,MERCURI A,BARKER S A,et al. Achieving antral grinding forces in biorelevant *in vitro* models:comparing the USP dissolution apparatus II and the dynamic gastric model with human *in vivo* data[J]. **AAPS PharmSciTech, an Official Journal of the American Association of Pharmaceutical Scientists**,2011,12(2):620-626.

[34] 龚凌霄,曹文燕,王静,等. 动态智能人体消化模拟体系及其在食品研究领域中的应用[J]. 中国食品学报,2018,18(10):258-268.

[35] MAINVILLE I,ARCAND Y,FARNWORTH E R. A dynamic model that simulates the human upper gastrointestinal tract for the study of probiotics[J]. **International Journal of Food Microbiology**,2005,99(3):287-296.

[36] BLANQUET S,ZEIJDNER E,BEYSSAC E,et al. A dynamic artificial gastrointestinal system for studying the behavior of orally administered drug dosage forms under various physiological conditions[J]. **Pharmaceutical Research**,2004,21(4):585-591.

[37] BALLANCE S,SAHLSTROM S,LEA P,et al. Evaluation of gastric processing and duodenal digestion of starch in six cereal meals on the associated glycaemic response using an adult fasted dynamic gastric model[J]. **European Journal of Nutrition**,2013,52(2):799-812.

[38] WU P,DENG R P,WU X E,et al. *In vitro* gastric digestion of cooked white and brown rice using a dynamic rat stomach model [J]. **Food Chemistry**,2017,237:1065-1072.

[39] FREITAS D,LE FEUNTEUN S. Oro-gastro-intestinal digestion of starch in white bread,wheat-based and gluten-free pasta:unveiling the contribution of human salivary α-amylase[J]. **Food Chemistry**,2019,274: 566-573.

[40] MULET-CABERO A I,EGGER L,PORTMANN R,et al. A standardised semi-dynamic *in vitro* digestion method suitable for food-an international consensus[J]. **Food & Function**,2020,11(2):1702-1720.

[41] 李志涛. 新型仿生胃肠道生物反应器研制与应用[D]. 无锡:江南大学,2021.