

王璐瑶, 张笃芹, 牛猛, 等. 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 [J]. 食品工业科技, 2022, 43(24): 130–138. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2022020088

WANG Luyao, ZHANG Duqin, NIU Meng, et al. Effects of Solid-state Fermentation on the Nutrients, Phenolics Content and Antioxidant Activity of Quinoa[J]. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(24): 130–138. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2022020088

· 生物工程 ·

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

王璐瑶¹, 张笃芹^{2*}, 牛 猛¹, 谭 斌²

(1. 华中农业大学食品科技学院, 湖北武汉 430070;

2. 国家粮食与物资储备局科学研究院, 北京 100037)

摘 要: 为筛选可改善藜麦营养成分, 提高酚类物质含量及抗氧化活性的固态发酵适宜菌种, 为藜麦产品的开发提供理论依据, 本文利用植物乳杆菌、酿酒酵母、米根霉、米曲霉和好食脉孢菌对藜麦进行了 30 和 48 h 的单菌和混菌固态发酵, 分析测定了不同菌种固态发酵对藜麦基本营养成分、酚类物质组成及抗氧化活性的影响。结果表明, 固态发酵后, 藜麦中淀粉含量由 54.61% 降至最低为 39.32%, 不可溶性膳食纤维含量由 2.32% 降至最低为 0.26%, 可溶性膳食纤维含量由 2.58% 升至最高为 4.38%。随发酵时间由 30 h 延长至 48 h, 藜麦中游离态多酚和黄酮含量分别是未发酵的 1.72 和 1.72 倍, 结合态多酚和黄酮含量分别是未发酵的 2.88 和 1.84 倍。固态发酵后, 虽然游离酚粗提液的抗氧化能力和 DPPH 自由基清除能力有所下降, 而藜麦结合酚粗提液的抗氧化能力、DPPH 和 ABTS⁺ 自由基清除能力明显升高 ($P < 0.05$)。综上, 采用多个菌种混合固态发酵 48 h 时, 藜麦酚类物质的抗氧化活性提高更加明显, 其中, 植酸乳杆菌、酵母菌、好食脉孢菌混合发酵 48 h 后, 藜麦抗氧化活性较高, 是最佳的固态发酵菌种组合。

关键词: 藜麦, 固态发酵, 营养成分, 酚类物质, 抗氧化活性

中图分类号: TS210.4

文献标识码: A

文章编号: 1002-0306(2022)24-0130-09

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2022020088



本文网刊:

Effects of Solid-state Fermentation on the Nutrients, Phenolics Content and Antioxidant Activity of Quinoa

WANG Luyao¹, ZHANG Duqin^{2*}, NIU Meng¹, TAN Bin²

(1. College of Food Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

2. Institute of Cereal Processing Science and Technology, Academy of National Food and Strategic Reserves Administration, P.R.C., Beijing 100037, China)

Abstract: In order to screen suitable strains for solid-state fermentation that can improve the nutritional components, phenolic content and antioxidant activity of quinoa, and provide a theoretical basis for the development of quinoa products, quinoa was treated by solid-state fermentation (SSF) with single and mixed microbial strains of *Lactobacillus plantarum*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Rhizopus oryzae*, *Aspergillus oryzae*, and *Neurospora sitophila* were performed in quinoa for 30 and 48 h. Effects of SSF with different strains on the nutrients, phenolics content and antioxidant activity in quinoa were determined and analyzed. Results showed that: After SSF, the starch and insoluble dietary fiber content in quinoa decreased respectively from 54.61% to the lowest 39.32%, and 2.32% to the lowest 0.26%. While the soluble dietary fiber content increased from 2.58% to the highest 4.38%. With the extension of the fermentation time (from 30 to 48 h), contents of free polyphenols and flavonoids in quinoa increased by 1.72 and 1.72 times as much as those in unfermented quinoa

收稿日期: 2022-02-15

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2018YFE0206300)。

作者简介: 王璐瑶 (1997-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 谷物加工, E-mail: wang-lly@foxmail.com。

* 通信作者: 张笃芹 (1990-), 女, 博士, 副研究员, 研究方向: 谷物生物加工与品质调控, E-mail: zdq@ags.ac.cn。

respectively, and the contents of bound polyphenols and flavonoids increased by 2.88 and 1.84 times as much as those in unfermented quinoa respectively. Although the antioxidant activity and DPPH free radical scavenging ability of free phenols in quinoa decreased after fermentation, the total antioxidant activity, DPPH and ABTS⁺ free radical scavenging capacities of the bound phenols increased significantly ($P<0.05$). In general, the antioxidant activities of quinoa phenolics were significantly improved after SSF with mixed cultures for 48 h, especially for the fermented quinoa with three mixed strains of *Lactobacillus plantarum*, *Saccharomyces cerevisiae* and *Neurospora sitophila* for 48 h, which was the best combination of strains for SSF processing of quinoa.

Key words: quinoa; solid-state fermentation; nutrients; phenolics; antioxidant activity

藜麦(*Chenopodium quinoa* Willd.)是苋科藜属双子叶假谷物,籽粒结构由种皮、胚乳、胚组成,含量分别为 8.2%、30.1%、58.8%(以全谷物的质量比计)^[1]。藜麦除富含优质蛋白质、不饱和脂肪酸、矿物质、维生素等基本营养元素,还含有多种生物活性物质,如酚类物质、甜菜红素、皂苷、植物甾醇、植物甾化类固醇、甘氨酸甜菜碱等。藜麦的高营养价值、富含生物活性物质、不含谷醇溶蛋白等特性,使得藜麦适合儿童、老人、乳糖不耐症人群、易患骨质疏松的女性,贫血、糖尿病、血脂异常、肥胖、乳糜腹泻等高风险人群食用,被联合国粮食及农业组织(FAO)评价为“唯一一种单体植物即可满足人体基本营养需求的食物”。

藜麦全谷物中不溶性膳食纤维含量较高,对其食用品质产生不利影响。因此,为进一步提高藜麦的营养价值和加工品质,国内外常采用物理(包括碾磨、蒸煮、超微粉碎、焙烤、挤压膨化等)和生物(发芽等)方式对藜麦进行加工。然而,由于藜麦的酚类物质主要位于外层,部分处理方式使其外层结构损失明显,导致酚类物质含量及抗氧化活性下降。例如,当藜麦碾磨抛光度为 30% 时,其游离酚和结合酚含量分别下降了 21.5% 和 32.5%^[2]。挤压膨化藜麦粉与未处理的相比,总酚和总黄酮含量分别下降了 37.82% 和 60.35%,DPPH 和 ABTS⁺ 自由基清除能力也明显下降^[3]。相比于物理加工方式,藜麦发芽可使酚类物质及其抗氧化活性增强,例如,藜麦发芽 48 h 后,总酚、总黄酮含量分别增加了 63.2% 和 23.6%^[4]。

固态发酵是目前用于提升谷物综合品质的关键生物加工技术之一^[5-6]。国内外已有利用酵母菌、米根霉、少孢根霉等菌种对小麦、糙米、青稞和荞麦等进行固态发酵处理的研究,结果发现固态发酵可显著提高这些谷物中酚类物质含量及其抗氧化活性^[6-9]。藜麦在使用少孢根霉固态发酵后,植酸含量降低了 43%;使用双孢蘑菇 AS2796 菌株对藜麦发酵时,蛋白质的含量变为原来的 2.34 倍;使用动物型双歧杆菌固态发酵时,酚酸类物质的含量上升超过 100%,抗高血压和抗氧化活性显著增强^[10-12]。总体而言,使用不同菌种固态发酵对藜麦营养成分、酚类物质含量及抗氧化活性影响的研究还较为缺乏。

因此,本研究利用植物乳杆菌、酿酒酵母、米根霉、米曲霉和好食脉胞菌单独或混合对藜麦进行固

态发酵处理,分析测定不同菌种固态发酵对藜麦基本营养成分、酚类物质含量及其抗氧化活性的影响,获得营养价值及抗氧化能力显著提高的固态发酵加工藜麦,以期对藜麦产品的开发提供新的思路 and 方案。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

藜麦全谷物籽粒 品种为灰藜麦一号,于 2021 年 11 月购自甘肃市场;好食脉胞菌 *Neurospora sitophila*(CICC 40204)、植物乳杆菌 *Lactobacillus plantarum*(CICC 22696)、酿酒酵母 *Saccharomyces cerevisiae*(CICC 1223)、米根霉 *Rhizopus oryzae*(CICC 40282)、米曲霉 *Aspergillus oryzae*(CICC 41737)均来自中国工业微生物菌种保藏管理中心;马铃薯葡萄糖肉汤(PDB)、酵母浸出粉胨葡萄糖肉汤(YPD)培养基、月桂基硫酸盐胰蛋白胨肉汤(MRS)培养基 北京奥博星生物技术有限责任公司;察氏肉汤干粉(CDB)培养基 北京酷来博科技有限公司;硝酸铝、水溶性维生素 E(Trolox)、2,2-联苯基-1-苦基肼基自由基(2,2-Diphenyl-1-picrylhydrazyl radical, DPPH)、芦丁(Rutin, RU)、没食子酸(Gallic acid, GA) 上海麦克林生化科技有限公司;福林酚 北京博奥拓达科技有限公司;所有试剂 均为分析纯。

DH 420 电热恒温培养箱 北京科伟永兴仪器有限公司;电子分析天平、UV5Bio 紫外可见分光光度计 瑞士梅特勒托利多公司;Synergy H1MF 多功能酶标仪 美国博腾仪器有限公司;FOSS 2050 脂肪测定仪、FOSS 1023 膳食纤维测定仪 丹麦福斯分析仪器公司。

1.2 实验方法

1.2.1 固态发酵

1.2.1.1 原料预处理 挑选颗粒饱满的藜麦并清洗烘干,121 ℃ 高压灭菌 20 min 后冷却至室温备用。

1.2.1.2 菌种活化 参考郑子懿等^[13]的方法稍作改动,将植物乳杆菌、酿酒酵母、米根霉、米曲霉和好食脉胞菌活性粉分别接种至液态培养基中 30 ℃ 环境下进行活化,培养传代并传代后在 3000×g 下离心 10 min,沉淀用生理盐水清洗 2 次后悬浮于 50 mL 无菌蒸馏水中备用。

取 1 mL 菌的悬浮液利用生理盐水对该混合溶液进行稀释并计数,为保证酿酒酵母和植物乳杆菌接

种浓度的一致性,植物乳杆菌和酿酒酵母悬浮液最终稀释至 10^7 CFU/mL,米曲霉、米根霉和好食脉孢菌的孢子悬浮液为 10^7 孢子/mL。

1.2.1.3 接种与发酵 对照组和实验组分别进行如表 1 处理。

根据预实验结果,发酵时间小于 30 h 时,各种营养成分变化不明显,而当样品发酵时间超过 48 h 时,会产生异味。因此,样品分别在无菌发酵袋中 30 ℃ 静态培养 30 和 48 h 后高压灭菌。对发酵后样品进行真空冷冻干燥,粉碎后过 60 目筛,得到固态发酵藜麦冻干粉备用。

1.2.2 基本营养成分测定 水分参照国家标准 GB 5009.3-2016《食品安全国家标准食品中水分的测定》。脂肪参照国家标准 GB 5009.6-2016《食品安全国家标准食品中脂肪的测定》。灰分参照国家标准 GB 5009.4-2016《食品安全国家标准食品中灰分的测定》。蛋白质参照国家标准 GB 5009.5-2016《食品安全国家标准食品中蛋白质的测定》。淀粉参照 AOAC 标准 996.11《AOAC Official Method 996.11 Starch(Total)in Cereal Products》。膳食纤维参照国家标准 GB 5009.88-2014《食品安全国家标准食品中膳食纤维的测定》。

1.2.3 酚类物质的提取及测定

1.2.3.1 游离态酚类物质的提取 参考 Wang 等^[14]的方法,准确称取 2.00 g 样品放入到 50 mL 的塑料离心试管中,加入 40 mL 甲醇,超声提取 30 min(温度 40 ℃,功率 100%),离心(3500×g,离心 10 min)取上清液,重复操作 1 次,合并上清液,40 ℃ 旋转蒸干后甲醇定容至 2 mL,得到样品的游离酚粗提液。

1.2.3.2 结合态酚类物质的提取 自由酚提取后的沉淀加入 2 mol/L NaOH 溶液室温避光涡旋 1 min,在氮气保护下调 pH 至中性终止反应。3500×g 离心 10 min,重复操作 3 次,合并上清液。45 ℃ 旋转蒸干后甲醇定容至 2 mL,得到样品的结合酚粗提液^[15-16]。

1.2.3.3 多酚含量测定 采用 Folin-Ciocalteu 法^[17]测定试样的酚含量,250 μL 样品稀释液与 250 μL 福林酚试剂混合反应 6 min,加入 2.5 mL Na_2CO_3 (7 g/100 mL)溶液和 2 mL 蒸馏水室温下避光反应 90 min,765 nm 波长处测定吸光度。以没食子酸为标样制定标准曲线 $y=5.2915x+0.0194$, $R^2=0.9961$,根据式(1)计算样品多酚含量,样品多酚含量以 100 g 干基中所含没食子酸的毫克数表示(简称为 mg GAE/100 g DW)。

$$c = \frac{500D(A-0.0194)}{5.2915m(1-w)} \quad \text{式(1)}$$

式中: A 为反应液调零后在 765 nm 波长处的吸光度; m 为提取时称取的样品质量; w 为样品水分含量; D 为样品稀释倍数; c 为样品中的没食子酸浓度(mg GAE/100 g DW)。

1.2.3.4 黄酮含量测定 采用 $\text{NaNO}_2\text{-Al}(\text{NO}_3)_3$ 方法测定试样的黄酮含量。取适量样品粗提液加入 200 μL NaNO_2 (5 g/100 mL)溶液混合均匀后避光反应 6 min,加入 200 μL $\text{Al}(\text{NO}_3)_3$ (10 g/100 mL)溶液反应 6 min,再加入 2 mL 的 NaOH(4 g/100 mL)溶液和 2.5 mL 蒸馏水混匀后室温下避光反应 15 min,510 nm 波长处测定吸光度。以芦丁为标样制作标准曲线 $y=0.2308x+0.0016$, $R^2=0.9993$,根据式(2)计算样品黄酮含量,结果以 100 g 干基中所含芦丁当量的毫克数表示(简称为 mg RE/100 g DW)。

$$c = \frac{500D(A-0.0016)}{0.2308m(1-w)} \quad \text{式(2)}$$

式中: A 为反应液调零后在 510 nm 波长处的吸光度; m 为提取时称取的样品质量; w 为样品水分含量; D 为样品稀释倍数; c 为样品中所含的芦丁当量浓度(mg RE/100 g DW)。

1.2.4 抗氧化活性的测定

1.2.4.1 总抗氧化能力 按照南京建成生物工程研究所提供的总抗氧化能力检测试剂盒的要求操作,于 520 nm 波长处测定吸光度,根据式(3)计算样品的总抗氧化活性,结果以“单位/g DW”表示(在 37 ℃

表 1 接种比例实验设计

Table 1 Experiment design of inoculation proportion

样品	接种比例	样品质量(g)	菌液体积(mL)					
			植物乳杆菌	酿酒酵母	米根霉	米曲霉	好食脉孢菌	无菌水
未发酵(对照组)	—	300	0	0	0	0	0	90
L	植物乳杆菌	300	3	0	0	0	0	87
S	酿酒酵母		0	3	0	0	0	
R	米根霉		0	0	3	0	0	
A	米曲霉		0	0	0	3	0	
N	好食脉孢菌		0	0	0	0	3	
样品组	LS	植物乳杆菌:酿酒酵母=1:1	1.5	1.5	0	0	0	85.5
LSR	植物乳杆菌:酿酒酵母:米根霉=1:1:1	300	1.5	1.5	1.5	0	0	
LSA	植物乳杆菌:酿酒酵母:米曲霉=1:1:1		1.5	1.5	0	1.5	0	
LSN	植物乳杆菌:酿酒酵母:好食脉孢菌=1:1:1		1.5	1.5	0	0	1.5	

时,每分钟每单位体积或质量样品使反应体系的吸光度(OD)值每增加 0.01 时,为一个总抗氧化能力单位)。

总抗氧化能力 = $\frac{5D(A_{\text{测定}} - A_{\text{对照}})}{0.3m(1-w)} \times \frac{V_1}{V_2}$ 式 (3)

式中: $A_{\text{测定}}$ 为反应液在 510 nm 波长处的吸光度; $A_{\text{对照}}$ 为对照液在 510 nm 波长处的吸光度; m 为提取时称取的样品质量; w 为样品水分含量; D 为样品稀释倍数; V_1 为反应液总量; V_2 为取样量。

1.2.4.2 DPPH 自由基清除能力 参考 Thaipong 等^[18]的方法稍作改动,将等份的样品粗提稀释液与 0.1 mmol/L 的 DPPH 甲醇溶液混匀后避光反应 20 min,于 517 nm 波长处测定吸光度,以 Trolox(水溶性维生素 E)为标样制作甲醇溶液标准曲线 $y=0.2308x+0.0016$, $R^2=0.9997$,根据式(4)计算样品 DPPH 自由基清除能力,结果以 100 g 干基中所含 Trolox 的当量微摩尔数表示($\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)。

DPPH 自由基清除能力 = $\frac{500D(A-0.0016)}{0.2308m(1-w)}$ 式 (4)

式中: A 为反应液调零后在 517 nm 波长处的吸光度; m 为提取时称取的样品质量; w 为样品水分含量; D 为样品稀释倍数。

1.2.4.3 ABTS⁺自由基清除能力 将 20 mL 的 ABTS (5 mmol/L)溶液中加入 1 g MnO_2 ,室温避光反应 30 min 后形成 ABTS⁺·储备液,测定前用 pH7.4 的磷酸缓冲溶液稀释至 734 nm 波长处吸光度为 0.70±

0.02 的 ABTS⁺·工作液。200 μL 样品稀释液与 3 mL ABTS⁺·工作液混匀室温下避光反应 6 min 后在 734 nm 波长处测定吸光度,根据式(5)计算样品 ABTS⁺·清除能力,以 Trolox 作为标样制作标准曲线 $y=0.7691x+0.0619$, $R^2=0.9999$,结果以 100 g 干基中所含 Trolox 的当量微摩尔数表示($\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)^[19]。

ABTS⁺自由基清除能力 = $\frac{500D(A-0.0619)}{0.7691m(1-w)}$ 式 (5)

式中: A 为反应液调零后在 734 nm 波长处的吸光度; m 为提取时称取的样品质量; w 为样品水分含量; D 为样品稀释倍数。

1.3 数据处理

数据统计采用 Excel 2016,数据以“平均值±标准偏差”表示,平行 $n=3$,使用 SPSS 22.0 对数据进行分析,采用 Duncan's 多重检验($P<0.05$)进行显著性分析;使用 Origin 2018 进行绘图。

2 结果与分析

2.1 固体发酵对藜麦基本营养成分的影响

固态发酵处理对藜麦基本营养成分的影响见表 2。藜麦中含有多种人体所需的基本营养物质,未发酵藜麦中水分、脂肪和淀粉含量分别为 9.33%、5.04%和 54.61%。经过固态发酵处理后,藜麦样品的淀粉含量都有所下降,其中米根霉发酵 48 h 的藜麦样品中,淀粉含量为 39.32%,下降最为明显。淀粉含量的下降主要是因为,发酵前期,基质中的营养物质用于

表 2 不同菌种发酵对藜麦样品基本营养组分的影响(%)
Table 2 Effects of solid-state fermentation with different strains on the proximate composition of quinoa (%)

发酵时间	组别	组分						
		水分	脂肪	淀粉	蛋白质	灰分	不可溶性膳食纤维	可溶性膳食纤维
30 h	未发酵	9.33±0.03 ^j	5.04±0.07 ^{hij}	54.61±0.97 ^a	24.25±0.16 ^{fg}	4.67±0.08 ^a	2.32±0.11 ^b	2.58±0.09 ^f
	植物乳杆菌	9.26±0.01 ^j	5.26±0.09 ^{gh}	50.98±0.80 ^b	23.96±0.13 ^{ghi}	4.42±0.01 ^b	1.08±0.08 ^{ef}	4.30±0.09 ^a
	酿酒酵母	13.19±0.03 ^b	5.57±0.05 ^{cde}	45.59±0.53 ^f	24.68±0.16 ^e	3.89±0.00 ^{fg}	2.94±0.12 ^a	3.03±0.15 ^c
	米根霉	9.09±0.10 ^k	5.37±0.16 ^{defg}	54.22±1.01 ^a	22.92±0.19 ^k	3.76±0.00 ^b	0.45±0.05 ^{ij}	4.38±0.05 ^a
	米曲霉	13.62±0.06 ^a	7.47±0.02 ^a	42.41±0.51 ^g	25.15±0.15 ^d	4.15±0.08 ^c	0.65±0.05 ^{hi}	0.42±0.02 ^h
	好食脉孢菌	11.81±0.00 ^d	5.30±0.11 ^{efgh}	50.34±0.35 ^{bc}	23.67±0.21 ⁱ	3.84±0.01 ^{fgh}	0.26±0.02 ^{ij}	4.00±0.13 ^{ab}
	植物乳杆菌/酿酒酵母	9.91±0.23 ⁱ	5.48±0.00 ^{cdefg}	51.52±1.27 ^b	24.32±0.16 ^f	3.51±0.00 ^{jk}	0.42±0.05 ^{ij}	1.34±0.20 ^g
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	7.96±0.14 ^m	5.59±0.05 ^{cde}	53.85±1.22 ^a	23.31±0.13 ^j	3.93±0.03 ^{ef}	0.91±0.03 ^{fg}	3.16±0.13 ^{de}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	12.32±0.05 ^c	5.19±0.20 ^{ghi}	48.61±1.07 ^{de}	23.13±0.11 ^{jk}	4.36±0.05 ^b	1.35±0.00 ^{cd}	3.56±0.17 ^{bcd}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	10.76±0.10 ^f	5.78±0.19 ^c	49.72±0.78 ^{bcd}	23.94±0.18 ^{ghi}	3.59±0.03 ^{ij}	0.45±0.03 ^{ij}	3.32±0.00 ^{cde}
48 h	植物乳杆菌	10.38±0.01 ^h	5.74±0.02 ^c	49.67±1.08 ^{bcd}	25.04±0.11 ^d	3.63±0.01 ⁱ	0.76±0.10 ^{gh}	3.39±0.11 ^{cde}
	酿酒酵母	11.67±0.03 ^d	4.41±0.08 ^k	48.29±1.11 ^e	26.29±0.10 ^b	3.45±0.02 ^k	1.44±0.13 ^{cd}	3.07±0.18 ^c
	米根霉	13.29±0.08 ^b	6.95±0.12 ^b	39.32±0.57 ^h	28.26±0.14 ^a	4.02±0.02 ^{de}	1.02±0.15 ^{ef}	3.67±0.15 ^{bc}
	米曲霉	10.45±0.03 ^{gh}	4.90±0.00 ^{ij}	50.37±0.75 ^{bc}	25.84±0.09 ^c	3.59±0.03 ^{ij}	1.05±0.03 ^{ef}	3.63±0.21 ^{bcd}
	好食脉孢菌	10.58±0.08 ^{fg}	5.16±0.02 ^{bhi}	48.29±0.76 ^{de}	25.80±0.15 ^c	3.49±0.01 ^{jk}	0.39±0.04 ^{ij}	3.38±0.16 ^{cde}
	植物乳杆菌/酿酒酵母	11.36±0.05 ^e	5.64±0.05 ^{cd}	51.15±0.48 ^b	23.81±0.11 ^{hi}	3.45±0.02 ^k	0.45±0.02 ^{ij}	3.64±0.16 ^{bc}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	10.59±0.09 ^{fg}	5.20±0.06 ^{bhi}	48.64±0.41 ^{cde}	28.58±0.08 ^a	3.82±0.01 ^{gh}	0.46±0.11 ^{ij}	3.27±0.13 ^{cde}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	8.29±0.070 ^l	4.78±0.06 ^j	49.02±0.87 ^{cd}	28.45±0.12 ^a	4.05±0.00 ^d	1.27±0.10 ^{de}	3.47±0.00 ^{cde}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	10.61±0.07 ^{fg}	5.53±0.09 ^{cdef}	49.68±0.57 ^{bcd}	24.12±0.13 ^{feh}	3.79±0.03 ^{gh}	1.56±0.03 ^c	3.36±0.21 ^{cde}

注:同一列中不同的小写字母表示 $P<0.05$ 水平上有显著差异;表3~表4同。

菌种的生长和繁殖,特别是用于合成细菌和真菌细胞壁^[5,20],此外,各个菌种在生长过程中能够产生大量的淀粉酶和糖化酶,使得淀粉含量减少^[21-22]。例如,酵母内酶系丰富,含有蛋白酶、蔗糖酶、 β -葡聚糖酶、淀粉酶、脂肪酶等,植物乳杆菌中含有大量与碳水化合物有关酶类,如淀粉酶、葡萄糖淀粉酶、 β -葡萄糖苷酶等。对于丝状真菌,米根霉可产生大量的葡萄糖淀粉酶、液化酶等;米曲霉主要产出蛋白酶、淀粉酶、 β -葡萄糖苷酶、纤维素酶等;好食脉孢菌生长迅速,可以产出纤维素酶和植酸酶,同时也含有蛋白酶、淀粉酶和果胶酶等^[23-25]。

米曲霉发酵 30 h 和米根霉发酵 48 h 的藜麦中,脂肪含量分别为 7.47% 和 6.95%,明显高于其他样品;酿酒酵母发酵 48 h 的样品脂肪含量(4.41%)明显低于其他样品。藜麦的脂肪主要分布在藜麦胚乳中,外部包裹了外部果皮和种皮^[26],菌种发酵产生的淀粉酶、纤维酶等将外部包裹的种皮等分解,使内部结合的脂肪酸释放出来,从而使脂肪含量升高^[27]。对于酵母而言,其生长和繁殖过程中可利用脂质合成几丁质,造成游离脂肪含量的降低。

未发酵藜麦中不可溶和可溶性膳食纤维含量分别为 2.32% 和 2.58%。总体而言,固态发酵使藜麦中不可溶性膳食纤维含量降低,可溶性膳食纤维含量升高。其中,好食脉孢菌发酵 30 h(0.26%)和 48 h(0.39%)的藜麦样品中,不可溶性膳食纤维含量下降明显;植物乳杆菌(4.30%)、米根霉(4.38%)、好食脉孢菌(4.00%)发酵 30 h 的藜麦样品中,可溶性膳食纤维含量显著高于其他组别($P<0.05$)。

微生物发酵产生大量的纤维素水解酶,可以切断膳食纤维的糖苷键,分解不溶性膳食纤维而释放出可溶性膳食纤维^[28-29]。由研究结果可见,单菌发酵与混菌发酵相比,植物乳杆菌、米根霉和好食脉孢菌单菌发酵 30 h 后可溶性膳食纤维含量的增加更为明显,这可能是因为单菌发酵过程中,不存在其他菌种的干扰作用,生长速度较快而产生的纤维素酶和木聚糖酶更多,更加利于可溶性膳食纤维的形成^[28,30];对于混菌发酵而言,发酵过程中不同作物菌株产生相互作用,一方面菌种间的竞争生长使酶类的分泌产量减少,另一方面,菌种代谢的关键酶(包括膳食纤维水解酶,如纤维素酶、半纤维素酶等),在酶活力上也存在着一定的相互作用(促进或抑制),从而导致膳食纤维含量变化各异^[9,31]。

2.2 固体发酵对藜麦酚类物质含量的影响

2.2.1 固态发酵对藜麦多酚含量的影响

固态发酵对多酚含量的影响见表 3。未发酵藜麦中游离酚和结合酚粗提液中多酚含量分别为 53.46 和 21.33 mg GAE/100 g DW。游离酚粗提液中的多酚和黄酮分别简称为游离态多酚和游离态黄酮;结合酚粗提液中多酚和黄酮分别简称为结合态多酚和结合态黄酮。经固态发酵处理以后,米根霉、植物乳杆菌/酿酒酵母/

表 3 固态发酵对藜麦多酚含量的影响

Table 3 Effects of solid-state fermentation on polyphenol content of quinoa

发酵时间	组别	多酚含量(mg GAE/100 g DW)	
		游离态	结合态
30 h	未发酵	53.46±0.67 ^j	21.33±0.22 ^j
	植物乳杆菌	66.47±0.55 ^g	22.80±0.58 ^{ij}
	酿酒酵母	69.04±1.16 ^f	29.04±0.20 ^g
	米根霉	65.40±0.53 ^g	21.54±0.46 ^j
	米曲霉	71.04±1.09 ^f	22.92±1.04 ^{ij}
	好食脉孢菌	63.34±1.20 ^h	24.56±0.44 ^{hi}
	植物乳杆菌/酿酒酵母	102.94±0.51 ^a	61.97±2.09 ^b
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	49.85±1.08 ^k	63.81±0.34 ^a
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	51.49±0.92 ^k	60.67±0.58 ^{bc}
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	46.96±1.45 ^l	58.77±0.81 ^d
48 h	植物乳杆菌	52.70±0.72 ^j	51.68±0.37 ^e
	酿酒酵母	52.01±1.33 ^j	59.05±0.66 ^{cd}
	米根霉	92.06±1.44 ^b	23.03±1.00 ^{ij}
	米曲霉	51.54±1.27 ^k	22.25±0.55 ^j
	好食脉孢菌	58.65±0.63 ⁱ	61.42±0.61 ^b
	植物乳杆菌/酿酒酵母	76.22±0.94 ^d	24.79±0.22 ^h
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	73.71±0.11 ^e	48.39±1.65 ^f
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	69.28±0.95 ^f	25.87±0.64 ^b
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	85.08±0.83 ^c	52.07±0.37 ^e

好食脉孢菌发酵 48 h 的藜麦中游离态多酚含量上升最为显著,分别为 92.06、85.08 mg GAE/100 g DW。虽然部分组别固态发酵藜麦中游离态多酚含量有所下降,但随发酵时间由 30 h 延长至 48 h,这些组别游离态多酚含量均显著增加,该趋势与 Dordevic 等的研究结果一致^[32]。

固态发酵处理后藜麦中结合态多酚含量明显上升,其中,植物乳杆菌/酿酒酵母(61.97 mg GAE/100 g DW)、植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉(63.81 mg GAE/100 g DW)发酵 30 h,以及好食脉孢菌(61.42 mg GAE/100 g DW)发酵 48 h 的藜麦样品中结合态多酚含量较高。

2.2.2 固态发酵对藜麦黄酮含量的影响

固态发酵对藜麦黄酮含量的影响如表 4。未发酵藜麦中,游离态和结合态黄酮的含量分别为 362.71 和 336.42 mg RE/100 g DW。部分发酵 30 h 的黄酮含量下降,其中,植酸乳杆菌/酿酒酵母发酵 30 h 后游离态黄酮含量最低(337.00 mg RE/100 g DW),米根霉发酵 30 h 后结合态黄酮含量最低(322.46 mg RE/100 g DW)。随发酵时间由 30 h 延长至 48 h,游离态和结合态黄酮含量均显著升高($P<0.05$),好食脉孢菌发酵 48 h 后游离态黄酮升高至 624.65 mg RE/100 g DW,植酸乳杆菌/酿酒酵母发酵 48 h 后结合态黄酮升高至 617.83 mg RE/100 g DW,分别变为未发酵藜麦样品的 1.72 和 1.84 倍。

谷物中的酚类物质(多酚和黄酮)主要有两种存

表 4 固态发酵对藜麦黄酮含量的影响
Table 4 Effects of solid-state fermentation on flavonoids content in quinoa

发酵时间	组别	黄酮含量(mg RE/100 g DW)	
		游离态	结合态
30 h	未发酵	362.71±5.62 ^k	336.42±6.14 ⁱ
	植物乳杆菌	441.22±6.05 ^h	403.78±7.58 ^g
	酿酒酵母	431.62±2.82 ^{hi}	416.93±4.61 ^f
	米根霉	463.37±5.56 ^g	322.46±3.48 ^j
	米曲霉	499.00±3.69 ^{ef}	328.66±0.54 ^{ji}
	好食脉孢菌	508.95±7.64 ^e	385.05±7.86 ^h
	植物乳杆菌/酿酒酵母	337.00±9.69 ^j	585.49±9.16 ^b
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	392.62±3.15 ^j	584.50±9.76 ^b
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	484.88±7.15 ^f	542.73±4.56 ^d
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	421.28±6.84 ⁱ	514.34±5.61 ^e
48 h	植物乳杆菌	548.63±5.56 ^{cd}	584.74±6.82 ^b
	酿酒酵母	563.53±7.64 ^{bc}	564.29±4.71 ^c
	米根霉	511.59±6.27 ^e	587.63±9.75 ^b
	米曲霉	552.11±7.93 ^{bcd}	514.34±3.66 ^e
	好食脉孢菌	624.65±13.21 ^a	537.09±6.43 ^d
	植物乳杆菌/酿酒酵母	549.78±3.42 ^{cd}	617.83±6.59 ^a
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉	536.50±8.90 ^d	521.72±6.04 ^e
	植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉	514.70±8.31 ^e	568.87±5.44 ^c
	植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌	567.28±8.37 ^b	523.00±2.83 ^e

在形态,一部分游离存在,另一部分与细胞壁成分(主要和阿拉伯木聚糖和木质素的阿拉伯糖侧链上的酯结合)连接而以结合态存在。有研究表明,游离态酚类物质在摄入人体后,主要在人体上消化道(口腔至十二指肠)产生有益活性(如抗氧化活性等),而结合态酚类物质因牢固的共价连接,在人体下消化道(十二指肠以下)分解产生效果,抑或无分解作用^[33-34]。固态发酵 48 h 后藜麦中酚类物质含量的升高,主要是因为微生物在发酵时产生多种酶类,使藜麦细胞壁发生降解,释放出酚类物质并使其含量增加。此外,固态发酵处理过程中,微生物的生长代谢可以切断结合态时连接的酯键或醚键,使游离态酚含量增加^[35-37]。

2.3 固体发酵对藜麦抗氧化性的影响

2.3.1 固态发酵对藜麦总抗氧化能力的影响 固态发酵对藜麦中酚类物质总抗氧化能力的影响如图 1。对于未发酵的藜麦样品,游离酚和结合酚粗提液的抗氧化能力分别为 211.61 和 55.53 单位/g DW,总抗氧化能力为 267.14 单位/g DW。固态发酵后,藜麦中游离酚粗提液的抗氧化能力下降,而结合酚类粗提液的总抗氧化能力明显提高。其中植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌发酵 48 h 的藜麦样品中游离酚粗提液的总抗氧化能力仅为 103.71 单位/g DW,下降最为明显;植物乳杆菌/酿酒酵母发酵 30 h 和酿酒酵母、植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌发酵 48 h 的藜麦样品中,结合酚粗提液的总抗氧化能力上升最为明显,均超过了 180 单位/g DW。

2.3.2 固态发酵对藜麦 DPPH 自由基清除能力的影响 固态发酵对藜麦中酚类物质 DPPH 自由基清除

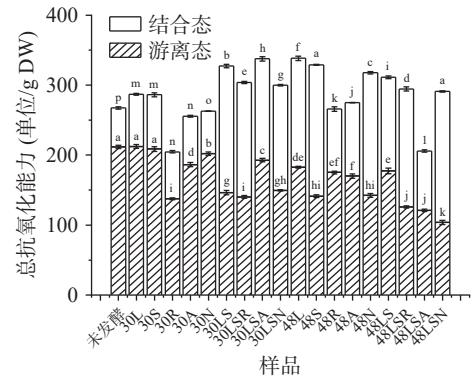


图 1 固态发酵对藜麦酚类物质粗提液的总抗氧化能力的影响

Fig.1 Effects of solid-state fermentation on the total antioxidant capacity of the crude extract of quinoa phenolics

注: L: 植物乳杆菌; S: 酿酒酵母; R: 米根霉; A: 米曲霉; N: 好食脉孢菌; 图上分别为结合态和游离态的显著性水平,不同小写字母表示 $P<0.05$ 水平上有显著差异; 图 2~图 3 同。

能力的影响见图 2。未发酵的藜麦样品中,游离酚和结合酚粗提液的 DPPH 自由基清除能力分别为 23.10 和 2.10 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$,总 DPPH 自由基清除能力为 25.20 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$ 。固态发酵后,游离酚粗提液的 DPPH 自由基清除能力变化不一,其中,米根霉发酵 48 h 后,其游离酚粗提液的 DPPH 自由基清除能力最大,为 25.67 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g}$ 。固态发酵后结合酚粗提液的 DPPH 自由基清除能力都显著上升($P<0.05$): 发酵 30 h 后,植物乳杆菌/酿酒酵母(15.05 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)、植物乳杆菌/酿酒酵母/米曲霉(15.15 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)、植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌(13.05 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)接种的藜麦中,结合酚粗提液的 DPPH 自由基清除能力显著增大($P<0.05$); 发酵 48 h 后,酿酒酵母(13.60 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)、好食脉孢菌(14.81 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)、植物乳杆菌/酿酒酵母/米根霉(13.39 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)、植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌(13.45 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$)接种的藜麦中,结合酚粗提液的 DPPH 自

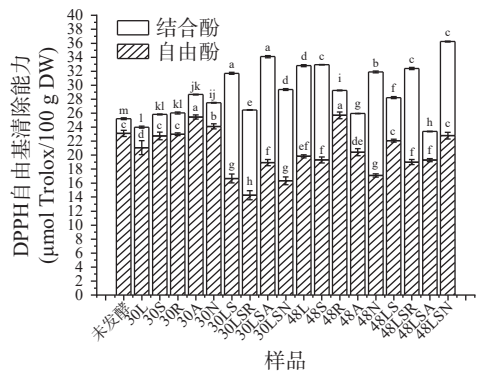


图 2 固态发酵对藜麦酚类物质粗提液的 DPPH 自由基清除能力的影响

Fig.2 Effects of solid-state fermentation on DPPH radical scavenging ability of the crude extract of quinoa phenolics

由基清除能力最高。总体而言,植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌发酵 48 h 的藜麦样品中,其酚类物质总体的 DPPH 自由基清除能力最高,为 36.23 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$ 。

2.3.3 固态发酵对藜麦 ABTS⁺自由基清除能力的影响 固态发酵对藜麦中酚类物质的 ABTS⁺自由基清除能力的影响见图 3。未发酵藜麦样品中,游离酚和结合酚类粗提液的 ABTS⁺自由基清除能力分别为 12.34 和 11.86 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g}$,总 ABTS⁺自由基清除能力为 124.20 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$ 。固态发酵后,植物乳杆菌、米根霉发酵 30 h 的藜麦中,游离酚粗提液的 ABTS⁺自由基清除能力最强,均超过 25 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$;植物乳杆菌、酿酒酵母发酵 48 h 和植物乳杆菌/酿酒酵母/好食脉孢菌发酵 48 h 的藜麦样品中,结合酚类粗提液的 ABTS⁺自由基清除能力最高,均超过 130 $\mu\text{mol Trolox}/100\text{ g DW}$ 。

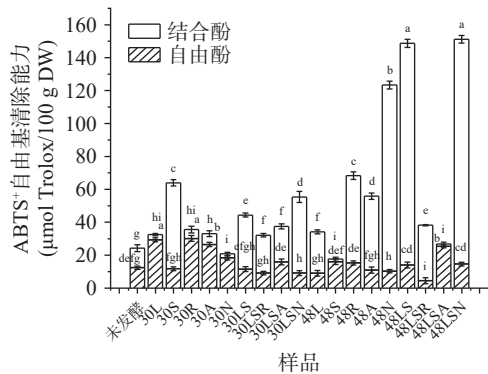


图 3 固态发酵对藜麦酚类物质粗提液的 ABTS⁺自由基清除能力的影响
Fig.3 Effects of solid-state fermentation on ABTS⁺ free radical scavenging ability of the crude extract of quinoa phenolics

谷物的生物活性化合物,特别是酚类和多肽,能够提供或接收电子来中和自由基,减少人体的患病几率^[38]。固态发酵处理后,藜麦酚类物质粗提液中多酚和黄酮含量与抗氧化活性(总抗氧化能力、DPPH 自由基清除能力和 ABTS⁺自由基清除能力)的相关性分析结果如表 5。游离酚粗提液的多酚和黄酮含量与各种抗氧化能力间相关性不显著,而结合酚粗提液的多酚和黄酮含量与各种抗氧化能力间的相关性较为

显著,其中,结合酚粗提液的多酚含量与 DPPH 自由基清除能力的相关系数 $r=0.9623(P<0.0001)$,相关性最高,多酚含量与总抗氧化能力相关性也较强 ($P<0.05$);黄酮含量与总抗氧化能力和 DPPH 自由基清除能力之间的相关性也较为显著 ($P<0.05$)。将游离酚和结合酚粗提液混合后,其中总多酚和总黄酮含量与 DPPH 自由基清除能力具有显著的相关性 ($r=0.7320, 0.6145, P<0.05$)。

不同抗氧化能力与酚类物质含量之间的关系不完全表现出线性相关性的原因可能是,藜麦发酵过程中,除酚类物质的变化外,微生物代谢释放出的蛋白质水解产物和其他具有抗氧化活性的非酚类化合物对各种抗氧化活性影响各不相同^[36]。除丰富的酚类物质外,藜麦中蛋白质含量较高,且其富含多种氨基酸,例如, Rizzello 等^[38]通过研究发现,植物乳杆菌发酵 24 h 的藜麦中的抗氧化活性显著升高,其主要归因于发酵过程中,藜麦蛋白质水解产生多种多样的短链多肽,使其自由基清除能力有不同程度的提高。

综合三种抗氧化活性测定结果,采用多个菌种混合固态发酵时,藜麦的抗氧化活性比单菌发酵更高,这可能是因为多菌种混合发酵所产生的酶、有机酸等代谢产物种类更加丰富,使抗氧化活性的提高更加显著。总体而言,所有固态发酵的藜麦样品中,植酸乳杆菌/酵母菌/好食脉孢菌混合发酵 48 h 后,藜麦的抗氧化活性最高。

3 结论

本文利用植物乳杆菌、酿酒酵母、米根霉、米曲霉和好食脉孢菌对藜麦进行了 30 和 48 h 的单菌和混菌固态发酵,分析测定了不同菌种固态发酵对藜麦基本营养成分、酚类物质组成及抗氧化活性的影响。研究发现,固态发酵后,藜麦中淀粉、不可溶性膳食纤维含量明显下降,而可溶性膳食纤维、游离态多酚、结合态多酚、游离态黄酮和结合态黄酮含量明显升高;此外,固态发酵还显著增强了藜麦中酚类物质的总抗氧化能力、DPPH 和 ABTS⁺自由基清除能力 ($P<0.05$)。混菌发酵时,不同菌株相互作用会一定程度抑制酶活,使营养物质的改善作用不如单菌发酵;但混合发酵所产生酶以及代谢产物的种类更加丰富,所以在改善抗氧化作用方面优于单菌发酵。

表 5 各抗氧化活性指标与酚类及黄酮类物质的相关性分析

Table 5 Correlation analysis between antioxidant activity indexes and phenols and flavonoids

粗提液	含量	相关系数 $r(P$ 值)		
		总抗氧化能力	DPPH 自由基清除能力	ABTS ⁺ 自由基清除能力
游离酚	多酚	0.2037(0.4028)	0.2668(0.2696)	0.0607(0.8050)
	黄酮	0.2885(0.2309)	0.1705(0.4852)	0.0390(0.8740)
结合酚	多酚	0.8945(<0.0001)	0.9623(<0.0001)	0.1849(0.4485)
	黄酮	0.7283(0.0004)	0.6256(0.0042)	0.4091(0.0820)
总和	多酚	0.4430(0.0575)	0.7320(0.0017)	0.4143(0.0778)
	黄酮	0.4250(0.00697)	0.6145(0.0023)	0.4801(0.0375)

注: 括号外为相关系数 r , 括号内为 P 值, $P<0.05$ 时认为有显著性相关。

尽管本文明确了固态发酵对藜麦营养成分、酚类物质含量及抗氧化活性具有显著的提升效果,其对藜麦其他品质,包括生物活性、抗营养因子活性、物化特性和功能特性等的影响仍不明确。未来的研究将更加系统而全面地分析固态发酵对藜麦品质的影响,通过更加科学的数据分析手段分析获得可明显改良藜麦品质的固态发酵菌种及工艺条件,拓展生物发酵技术在藜麦食品加工中的应用范围,为藜麦新产品的研发提供数据支撑和理论依据。

参考文献

- [1] 申瑞玲, 张文杰, 董吉林, 等. 藜麦的营养成分、健康促进作用及其在食品工业中的应用[J]. *中国粮油学报*, 2016, 31(9): 150–155. [SHEN R L, ZHANG W J, DONG J L, et al. Nutritional composition, health promoting effect of quinoa and its application in food industry[J]. *Journal of the Chinese Cereals and Oils Association*, 2016, 31(9): 150–155.]
- [2] GOMEZ-CARAVACA A M, IAFELICE G, VERARDO V, et al. Influence of pearling process on phenolic and saponin content in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd)[J]. *Food Chemistry*, 2014, 157: 174–178.
- [3] 张婷, 张艺沛, 何宗泽, 等. 挤压膨化藜麦粉工艺优化及品质分析[J]. *食品工业科技*, 2019, 40(18): 177–184. [ZHANG T, ZHANG Y P, HE Z Z, et al. Process optimization and quality analysis of extruded quinoa flour[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2019, 40(18): 177–184.]
- [4] TI H, ZHANG R, ZHANG M, et al. Dynamic changes in the free and bound phenolic compounds and antioxidant activity of brown rice at different germination stages[J]. *Food Chemistry*, 2014, 161(10): 337–344.
- [5] 胡畔, 杨萍, 郭天时. 植物乳杆菌与米根霉混合固态发酵改善玉米粉理化加工特性[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(7): 161–167. [HU P, YANG P, GUO T S. Change in physicochemical and processing properties of maize flour after solid fermentation with *Lactobacillus plantarum* and *Rhizopus oryzae*[J]. *Food and Fermentation Industry*, 2020, 46(7): 161–167.]
- [6] ZHANG D, TAN B, ZHANG Y, et al. Improved nutritional and antioxidant properties of hullless barley following solid-state fermentation with *Saccharomyces cerevisiae* and *Lactobacillus plantarum*[J]. *Journal of Food Processing and Preservation*, 2022, 46(2): e16245.
- [7] DORDEVIC T M, SILER-MARINKOVIC S S, DIMITRIJEVIC-BRANKOVIC S I. Effect of fermentation on antioxidant properties of some cereals and pseudo cereals[J]. *Food Chemistry*, 2010, 119(3): 957–963.
- [8] 孙丹. 固态发酵苦荞中酚类物质、抗氧化性及抗炎活性的研究[D]. 昆明: 昆明理工大学, 2016. [SUN D. Study on phenols, antioxidant and anti-inflammatory activities of tartary buckwheat by solid-state fermentation[D]. Kunming: Kunming University of Science and Technology, 2016.]
- [9] ZHANG D, TAN B. Effects of different solid-state fermentation ratios of *S. cerevisiae* and *L. plantarum* on physico-chemical properties of wheat bran and the quality of whole wheat bread[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2021, 101(11): 4551–4560.
- [10] DULINSKI R, STARZYNSKA-JANISZEWSKA A, LUK-ASZ BYCZYNSKI, et al. Myo-inositol phosphates profile of buckwheat and quinoa seeds: Effects of hydrothermal processing and solid-state fermentation with *Rhizopus oligosporus*[J]. *International Journal of Food Properties*, 2016, 20(9): 2088–2095.
- [11] AYYASH M, JOHNSON S K, LIU S Q, et al. Cytotoxicity, antihypertensive, antidiabetic and antioxidant activities of solid-state fermented lupin, quinoa and wheat by *Bifidobacterium* species: *In-vitro* investigations[J]. *LWT*, 2018, 95: 295–302.
- [12] XU L N, GUO S, WANG S W. Effects of solid-state fermentation on the nutritional components and antioxidant properties from quinoa[J]. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 2019, 31(1): 39–45.
- [13] 郑子懿, 李成武, 李琳, 等. 比较发芽和固态发酵对糙米营养及感官品质的影响[J]. *食品安全质量检测学报*, 2021, 12(11): 4467–4473. [ZHENG Z Y, LI C W, LI L, et al. Comparing the effects of germination and solid-state fermentation on the nutrition and sensory quality of brown rice[J]. *Food Safety and Quality Detection Technology*, 2021, 12(11): 4467–4473.]
- [14] WANG L, CHEN J, XIE H, et al. Phytochemical profiles and antioxidant activity of adlay varieties[J]. *Journal of Agricultural & Food Chemistry*, 2013, 61(21): 5103–5113.
- [15] MEYERS K J, WATKINS C B, PRITTS M P, et al. Antioxidant and antiproliferative activities of strawberries[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2003, 51(23): 6887–6892.
- [16] 张金宏. 苹果渣中游离酚和结合酚的提取及其功能特性的研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2016. [ZHANG J H. Study on the extraction and functional characteristics of free phenol and bound phenol from apple pomace[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2016.]
- [17] BOUAYED J, HOFFMANN L, BOHN T. Total phenolics, flavonoids, anthocyanins and antioxidant activity following simulated gastro-intestinal digestion and dialysis of apple varieties: Bioaccessibility and potential uptake[J]. *Food Chemistry*, 2011, 128(1): 14–21.
- [18] THAIPONG K, BOONPRAKOB U, CROSBY K, et al. Comparison of ABTS⁺, DPPH, FRAP, and ORAC assays for estimating antioxidant activity from guava fruit extracts[J]. *Journal of Food Composition & Analysis*, 2006, 19(6): 669–675.
- [19] RE R. Antioxidant activity applying an improved ABTS⁺ radical cation decolorization assay[J]. *Free Radic Biol Med*, 1999, 26: 1231–1237.
- [20] CONTRERAS-JIMENEZ B, TORRES-VARGAS O L, RODRIGUEZ-GARCIA M E. Physicochemical characterization of quinoa (*Chenopodium quinoa*) flour and isolated starch[J]. *Food Chemistry*, 2019, 298: 1249821–1249827.
- [21] 张欢, 王端好, 陆光瑞, 等. 酸性蛋白酶对发酵黄豆酱品质的影响[J]. *中国酿造*, 2021, 40(8): 150–156. [ZHANG H, WANG D H, LU G R, et al. Effect of acid protease on the quality of fermented soybean paste[J]. *China Brewing*, 2021, 40(8): 150–156.]
- [22] 余肖飞, 郭晓农, 张妍, 等. 响应面法优化藜麦秸秆饲料发酵工艺的研究[J]. *草业学报*, 2021, 30(5): 155–164. [YU X F,

- GUO X N, ZHANG Y, et al. Optimization of quinoa straw feed fermentation process by response surface methodology[J]. *Acta Prata-culturae Sinica*, 2021, 30(5): 155–164.]
- [23] 曾子毅, 丁诗瑶, 卢向阳, 等. 几株植物乳杆菌 β -葡萄糖苷酶的特性研究[J]. *中国酿造*, 2019, 38(1): 75–79. [ZENG Z Y, DING S Y, LU X Y, et al. Characteristics of β -glucosidase from *Lactobacillus plantarum* [J]. *China Brewing*, 2019, 38(1): 75–79.]
- [24] DENG Y P, XIN J Y, LIU X L, et al. Optimization of culture conditions and medium composition for the synthesis of xylanase by resting *Neurospora sitophila* cells: Analysis of the effects of sugars on xylanase production using the resting cell[J]. *Journal of Bio-based Materials & Bioenergy*, 2017, 11: 553–561.
- [25] 张利, 王硕, 刘宝祥, 等. 酿酒酵母老化过程中酶活力变化研究[J]. *食品科技*, 2012, 37(7): 5–9. [ZHANG L, WANG S, LIU B X, et al. Changes in enzyme activity during *Saccharomyces cerevisiae* aging[J]. *Food Science and Technology*, 2012, 37(7): 5–9.]
- [26] 吴立根, 王岸娜, 申瑞凌, 等. 藜麦碾磨加工与营养分布研究进展[J]. *食品研究与开发*, 2020, 41(16): 194–198. [WU L G, WANG A N, SHEN R L, et al. Research progress on grinding processing and nutrient distribution of quinoa[J]. *Food Research and Development*, 2020, 41(16): 194–198.]
- [27] SAGAR S, GOUDAR G, SREEDHAR M, et al. Characterization of nutritional content and in vitro antioxidant properties of *Plantago ovata* seeds[J]. *International Journal of Food Sciences and Nutrition*, 2020, 2(6): 1–5.
- [28] 许锡凯, 辛嘉英, 任佳欣, 等. 好食脉孢霉发酵麦麸制备可溶性膳食纤维及其理化性质[J]. *食品工业科技*, 2021, 42(2): 170–176. [XU X K, XIN J Y, REN J X, et al. Preparation and physicochemical properties of soluble dietary fiber from wheat bran fermented by *Neurospora sativa* [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2021, 42(2): 170–176.]
- [29] ZHANG H, ZHANG X, CAO X R, et al. Semi-solid state fermentation and enzymatic hydrolysis impeded the destroy of wheat bran on gluten polymerization[J]. *LWT*, 2018, 98: 306–313.
- [30] 延莎, 邢洁雯, 王晓闻. 不同菌种发酵对藜麦蛋白质特性及脂质构成的影响[J]. *中国农业科学*, 2020, 53(10): 2045–2054. [YAN S, XING J W, WANG X W. Effects of different strains fermentation on protein characteristics and lipid composition of quinoa [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(10): 2045–2054.]
- [31] 吴学风, 潘丽军, 姜绍通, 等. 发酵法制备小麦麸皮膳食纤维[J]. *食品科学*, 2012, 33(17): 169–173. [WU X F, PAN L J, JIANG S T, et al. Preparation of dietary fiber from wheat bran by fermentation[J]. *Food Science*, 2012, 33(17): 169–173.]
- [32] ĐORĐEVIĆ T M, ŠILER-MARINKOVIĆ S S, DIMITRIJEVIĆ-BRANKOVIĆ S I. Effect of fermentation on antioxidant properties of some cereals and pseudo cereals[J]. *Food Chemistry*, 2009, 119(3): 957–963.
- [33] FLORIAN H, ARENDT E K. Germination of cereal grains as a way to improve the nutritional value: A review[J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2013, 53(8): 853–861.
- [34] REPO-CARRASCO-VALENCIA R, HELLSTRÖM J K, PIHLAVA J M, et al. Flavonoids and other phenolic compounds in Andean indigenous grains: Quinoa (*Chenopodium quinoa*), kañiwa (*Chenopodium pallidicaule*) and kiwicha (*Amaranthus caudatus*) [J]. *Food Chemistry*, 2010, 120(1): 128–133.
- [35] AYYASH M, JOHNSON S K, LIU S Q, et al. *In vitro* investigation of bioactivities of solid-state fermented lupin, quinoa and wheat using *Lactobacillus* spp[J]. *Food Chemistry*, 2019, 275: 50–58.
- [36] CARCIOCHI R A, GALVÁN-D'ALESSANDRO L, VANDENDRIESSCHE 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.
- [37] 李光耀, 柴新想, 程伟, 等. 固态发酵技术强化麸皮酚类物质释放的研究进展[J]. *食品与发酵工业*, 2021(9): 311–316. [LI G Y, CHAI X X, CHENG W, et al. Research progress of solid state fermentation technology to enhance the release of phenols from bran[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2021(9): 311–316.]
- [38] RIZZELLO C G, LORUSSO A, RUSSO V, et al. Improving the antioxidant properties of quinoa flour through fermentation with selected autochthonous lactic acid bacteria[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2017, 241: 252–261.