

## 不同真菌发酵豆渣营养品质与功能特性研究

张蒙冉<sup>1,2</sup>, 李淑英<sup>3</sup>, 高雅鑫<sup>3</sup>, 侯丽真<sup>3</sup>, 侯旭杰<sup>1\*</sup>, 王凤忠<sup>3\*</sup>

(<sup>1</sup>塔里木大学生命科学学院 新疆特色农产品深加工兵团重点实验室 新疆阿拉尔 843300

<sup>2</sup>喀什大学 新疆喀什 844000

<sup>3</sup>中国农业科学院农产品加工研究所 农业农村部农产品加工综合性重点实验室 北京 100193)

**摘要** 以实验室保藏的 3 株菌(少孢根霉 FW-1、白地霉 FW-2、无接合孢子根霉 FW-3)为发酵剂,研究其对豆渣的发酵转化能力。以接菌前未发酵的豆渣为对照,分别于 48,72 h 和 96 h 取样,分析豆渣中蛋白质、脂肪和异黄酮的代谢变化规律。结果表明:豆渣中蛋白质和脂肪含量在发酵过程中整体呈下降趋势,氨基酸和脂肪酸含量整体呈上升趋势。就豆渣蛋白质的降解能力和必需氨基酸的增量而言,少孢根霉 FW-1 具有较为突出的优势,对蛋白质和肽的降解率分别为 12.2%和 25.2%,必需氨基酸含量上升为 12.3%;就豆渣脂肪的降解能力、不饱和脂肪酸和异黄酮修饰改性而言,无接合孢子根霉 FW-3 显示突出的优势,对豆渣脂肪的降解率高达 78.0%,脂肪酸增加 2.3 倍,其中不饱和脂肪酸含量增加 2.5 倍,异黄酮由糖苷型转化为苷元型增加 10.2 倍。2 株菌(少孢根霉 FW-1、无接合孢子根霉 FW-3)对豆渣的营养物质体现了较强的降解能力,对其功能成分体现了较强的转化能力,然而也显示个体差异。本研究结果对提高豆渣的靶向高附加值提供了理论依据。

**关键词** 豆渣; 异黄酮; 营养物质; 功能成分

**文章编号** 1009-7848(2022)08-0334-09 **DOI:** 10.16429/j.1009-7848.2022.08.036

大豆是我国四大主栽作物之一,富含蛋白质、氨基酸、脂肪及大豆异黄酮等营养功能成分,是多种优质营养素的来源<sup>[1]</sup>。其中,蛋白质含量为 35%~42%,氨基酸比例与人体需求相近<sup>[2]</sup>;脂肪含量为 16%~22%,其中 80%为不饱和脂肪酸,具有降低胆固醇和预防动脉粥样硬化的作用<sup>[3]</sup>;异黄酮含量为 0.5%~7.0%,主要分为结合型糖苷和游离型苷元,结合型糖苷占比为 97%~98%,不易被人体吸收利用,而游离型苷元占比为 2%~3%,较易被人体吸收利用,具有抗氧化、抗菌,防止心血管疾病及抗癌等作用<sup>[4]</sup>。

大豆富含优质的植物蛋白,常被用作加工豆制品。豆渣是大豆加工豆制品过程中产生的副产物,富含大豆的营养功能成分,如豆渣中蛋白质含量为 20%~25%、脂肪含量为 8%~11%、大豆异黄酮含量为 0.1%~6.5%<sup>[5]</sup>,具有较高的应用价值和开

发潜力。我国是大豆加工和消费的大国,每年产豆渣的数量惊人。截止至 2020 年,中国大豆年消费量超过 1 亿 t,其中每年用于豆制品加工的大豆约为 2 000 万 t,按照加工 1 t 干大豆产生 2 t 湿豆渣计算,湿豆渣的年产生量在 4 000 万 t 以上<sup>[6]</sup>。大部分豆渣被当作废弃物丢弃,其含水量极高(70%~80%),极易腐败变质,造成严重的环境污染和资源浪费<sup>[7]</sup>;少部分豆渣被干制后当作饲料利用,高温干制既增加了能耗,又使其营养成分大量流失<sup>[8]</sup>;还有个地区极少部分豆渣被作为食品原料直接食用,其口感粗糙,受众人群较少<sup>[9]</sup>。

微生物发酵是实现豆渣高附加值转化的有效途径,如豆渣是制备酱油的主要原料,也是发酵法制备高附加值生物饲料的主要成分<sup>[10]</sup>。微生物发酵可将豆渣中蛋白、脂肪等大分子物质转化为氨基酸和脂肪酸等小分子物质,可有效增加豆渣的营养品质和消化吸收利用率<sup>[11]</sup>;同时也可将异黄酮由结合型糖苷转化为游离型苷元,增加其功能特性<sup>[12]</sup>。微生物对豆渣的转化能力与其自身代谢能力相关,实现豆渣的高效利用,关键在微生物<sup>[13]</sup>。通过选用合适的菌种,以发酵的方式改善豆渣的营养功能成分,提高其营养价值,开发新型豆渣产品是一条有效的应用途径。

**收稿日期:** 2021-08-12

**基金项目:** 国家现代大豆产业技术体系项目(CARS-04-PS29);国家农产品质量安全风险评估重大专项(GJFP20200043)

**作者简介:** 张蒙冉(1995—),女,硕士生

**通信作者:** 侯旭杰 E-mail: houxujie@sina.com

王凤忠 E-mail: wangfengzhong@caas.com

实验室前期筛选出3株(少孢根霉FW-1、白地霉FW-2、无接合孢子根霉FW-3)适用于大豆发酵的真菌,通过液体发酵豆渣方式探索这3株菌对其营养成分的转化效率,以期为豆渣的高附加值利用提供理论参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试剂与设备

豆渣,市售;少孢根霉FW-1、白地霉FW-2、无接合孢子根霉FW-3,实验室-80℃保藏菌种。马铃薯葡萄糖琼脂培养基PDA、马铃薯葡萄糖肉汤PDB、甲基红指示剂、溴甲酚绿指示剂、硼酸、硫酸、催化剂片(硫酸铜、硫酸钾)、95%乙醇、氢氧化钠、甲醛、盐酸、苯酚、柠檬酸钠、无水乙醚、石油醚、氯化钠、乙酰氯、碳酸钠、氢氧化钾等试剂均购于国药集团化学试剂有限公司;氮气:纯度99.9%,北京萃锋科技有限公司。

LHS-150SC 恒湿恒温箱、TS-300DC 恒温摇床,上海天呈实验仪器制造有限公司;YQ205-09 凯氏定氮仪,意大利VELP公司;L-8900 氨基酸分析仪,HITACHI公司;E-816 索氏提取器,瑞士AG公司;G7318AA 气相色谱仪、1220 Infinity II LC 高效液相色谱仪,安捷伦科技(中国)有限公司。

### 1.2 试验方法

#### 1.2.1 发酵豆渣的制备

1.2.1.1 种子液制备 将-80℃保存的菌株FW-1、FW-2、FW-3涂布于马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)培养基,28℃培养36h进行活化;取活化好的菌丝体接种至100mL马铃薯葡萄糖肉汤(PDB)培养基中,28℃、210r/min摇床培养2~3d,进行二次活化;5500r/min离心15min收集菌体,无菌水定容1g/mL作为种子液备用。

#### 1.2.1.2 豆渣发酵

1) 发酵培养基制备 取5.5g豆渣,加44mL水(料液比1:8)匀浆,加2g淀粉混匀,调节pH4.5,定容50mL,并转移至250mL三角瓶中(装液量20%),121℃、0.1MPa灭菌15min,冷却备用。

2) 豆渣发酵 按1%接种量将3种菌的种子液接入发酵培养基中,30℃、210r/min摇床培养;

分别于48、72h和96h取样,以接菌前未发酵豆渣为对照,真空冷冻干燥备用。

### 1.2.2 营养成分分析

1.2.2.1 蛋白质含量的测定 参考GB 5009.5-2016《食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定》第一法凯氏定氮法测定。

1.2.2.2 肽含量的测定 参考GB 5009.235-2016《食品安全国家标准 食品中氨基酸态氮的测定》第一法酸度计法测定。

1.2.2.3 氨基酸含量的测定 参考GB 5009.124-2016《食品安全国家标准 食品中氨基酸的测定》中的方法测定。

1.2.2.4 脂肪含量的测定 参考GB 5009.6-2016《食品安全国家标准 食品中脂肪的测定》第一法索氏抽提法测定。

1.2.2.5 脂肪酸含量的测定 参考GB 5009.168-2016《食品安全国家标准 食品中脂肪酸的测定》第二法外标法中乙酰氯-甲醇法测定。

1.2.3 功能成分分析 异黄酮含量的测定参考GB/T 23788-2009《保健食品中大豆异黄酮的测定方法 高效液相色谱法》中的方法。

### 1.3 数据处理

每组试验重复3次,使用Excel 2016软件进行数据处理,使用GraphPad Prism 7软件进行图表处理。

## 2 结果与分析

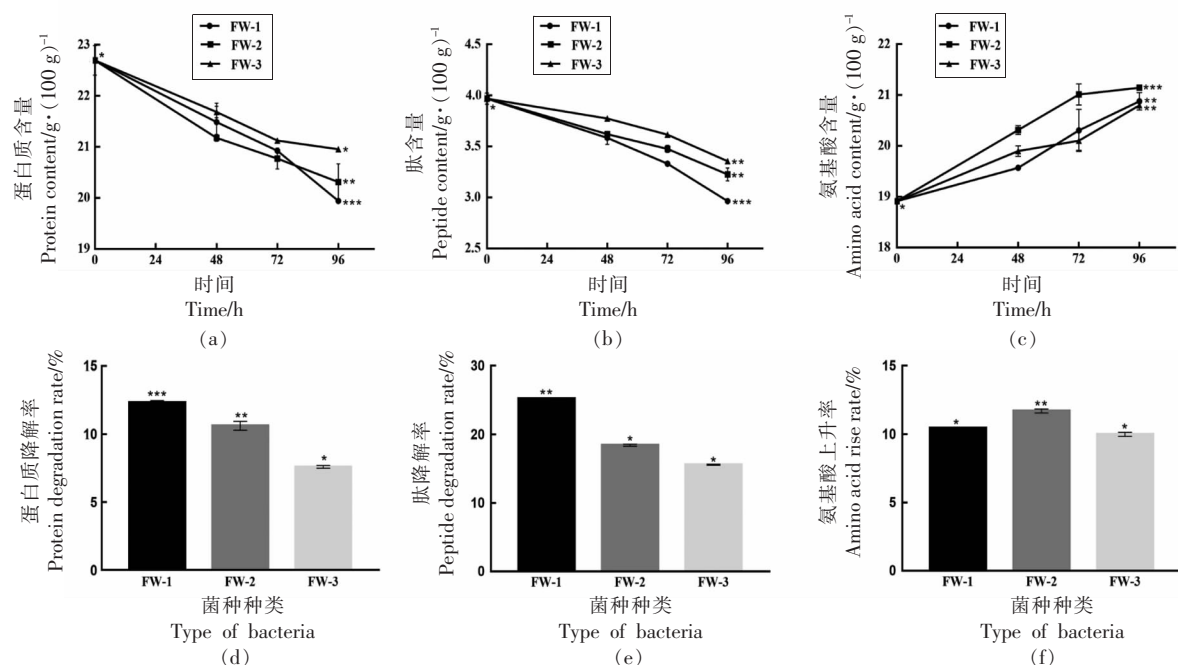
### 2.1 营养品质分析

2.1.1 蛋白质的代谢变化规律分析 蛋白质是豆渣的主要营养成分之一,在微生物丰富的蛋白酶的作用下,蛋白质代谢成肽,肽代谢成氨基酸,可极大地增加豆渣的营养品质和消化吸收利用率。本论文通过检测3株菌发酵豆渣过程中蛋白质、肽和氨基酸的含量变化,分析3株菌对豆渣蛋白质的转化效率。

3株菌发酵豆渣过程中,蛋白质、肽和氨基酸的含量变化如图1所示。由图1a和1d可知,3株菌发酵过程中,蛋白质含量整体呈现下降趋势。96h时,FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的蛋白质含量依次为19.94、20.31、20.95g/100g,与未发酵豆渣(22.70g/100g)相比,蛋白质的降解率分别

为12.2%,10.5%和7.7%。由图1b和1e可知,3株菌发酵过程中,肽整体呈现下降趋势。96 h时,FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的肽含量依次为2.97,3.23,3.35 g/100 g,与未发酵豆渣(3.97 g/100 g)相比,肽的降解率分别为25.2%,18.6%和15.6%。由图1c和1f可知,3株菌发酵过程中,氨基酸整体呈现上升趋势。96 h时,FW-1、FW-2、

FW-3豆渣发酵液中的氨基酸含量分别为20.88,21.15,20.80 g/100 g,与未发酵豆渣(18.91 g/100 g)相比,氨基酸的上升率分别为10.4%、11.8%和10.0%。由以上结果可知,豆渣在3株菌地发酵作用下,蛋白质和肽被降解为氨基酸,极大地提高了豆渣的营养品质。对豆渣蛋白质和肽降解效率最高的是FW-1,其次为FW-2和FW-3。



注:\*表示差异显著( $P<0.05$ );\*\*表示差异极显著( $P<0.01$ );\*\*\*表示差异高度显著( $P<0.001$ ),下同。

图1 3株菌发酵豆渣的蛋白代谢变化分析

Fig.1 Analysis on the changes of protein metabolism in fermented soybean dregs of three strains of bacteria

2.1.2 必需氨基酸含量分析 人体对蛋白质的吸收利用是以氨基酸的形式体现,其中必需氨基酸是人自身不能合成,需从食物中获得的,摄入不足会导致大脑和内脏器官受损,血液系统、免疫功能下降<sup>[4]</sup>。蛋白质营养价值是由必需氨基酸组成的种类、含量及各组分所占的比例决定。在微生物的发酵作用下,大豆蛋白和肽降解形成氨基酸,提高了必需氨基酸的含量,增加豆渣的生物利用度和功能特性。本文通过检测3株菌发酵过程中必需氨基酸含量的变化,分析3株菌发酵豆渣的营养品质及其变化规律。

3株菌发酵豆渣过程中,必需氨基酸的含量变化如图2所示。由图2a和2b可知,3株菌发酵过程中,必需氨基酸整体呈现上升趋势。96 h时,

FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的必需氨基酸含量分别为8.43,8.21,8.26 g/100 g,与未发酵豆渣(7.51 g/100 g)相比,必需氨基酸的上升率分别为12.3%,9.3%和10.0%。由以上结果可得,豆渣在3株菌地发酵作用下,豆渣蛋白质营养价值显著提高。就氨基酸的营养品质变化而言,最优的发酵菌种为FW-1,其次为FW-3和FW-2。

2.1.3 脂肪的代谢变化规律分析 脂肪是豆渣的另一大主要营养成分,在微生物中丰富的脂肪酶的作用下,脂肪代谢成脂肪酸,极大地增加了豆渣的营养品质和消化吸收利用率。本文通过检测3株菌发酵过程中脂肪和脂肪酸的含量,分析3株菌对豆渣脂肪的转化效率。

3株菌发酵豆渣过程中,脂肪和脂肪酸的含

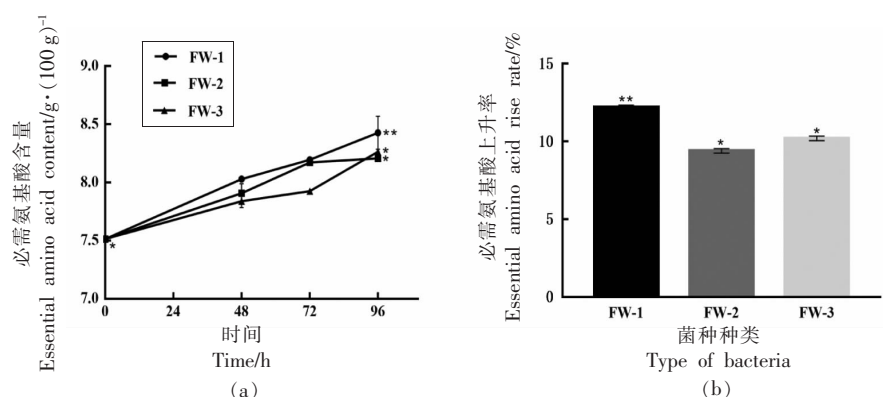


图 2 3 菌株发酵豆渣的必需氨基酸含量变化分析

Fig.2 Analysis on the change of essential amino acid content of fermented soybean dregs with three strains of bacteria

量变化如图 3 所示。由图 3a 和 3c 可知,3 菌株发酵过程中,脂肪含量整体呈现下降趋势。96 h 时,FW-1、FW-2、FW-3 豆渣发酵液中的脂肪含量依次为 3.48,1.32,2.22 g/100 g,与未发酵豆渣(10.1 g/100 g)相比,脂肪的降解率分别为 65.5%,86.9%,78.0%。由图 3b 和 3d 可知,3 菌株发酵豆渣过程中,脂肪酸含量整体呈现上升趋势。96 h 时,FW-1、FW-2、FW-3 豆渣发酵液中的脂肪酸含

量依次为 10.60,7.16,15.11 g/100 g,与未发酵豆渣(4.59 g/100 g)相比,脂肪酸含量分别增加了 1.3 倍、0.6 倍和 2.3 倍。综上所述,豆渣在 3 菌株的发酵作用下,脂肪被降解为脂肪酸,极大地增加了豆渣的营养品质。豆渣脂肪降解效率最高的是 FW-2,其次为 FW-3 和 FW-1。豆渣脂肪酸合成效率最高的是 FW-3,其次为 FW-1 和 FW-2。

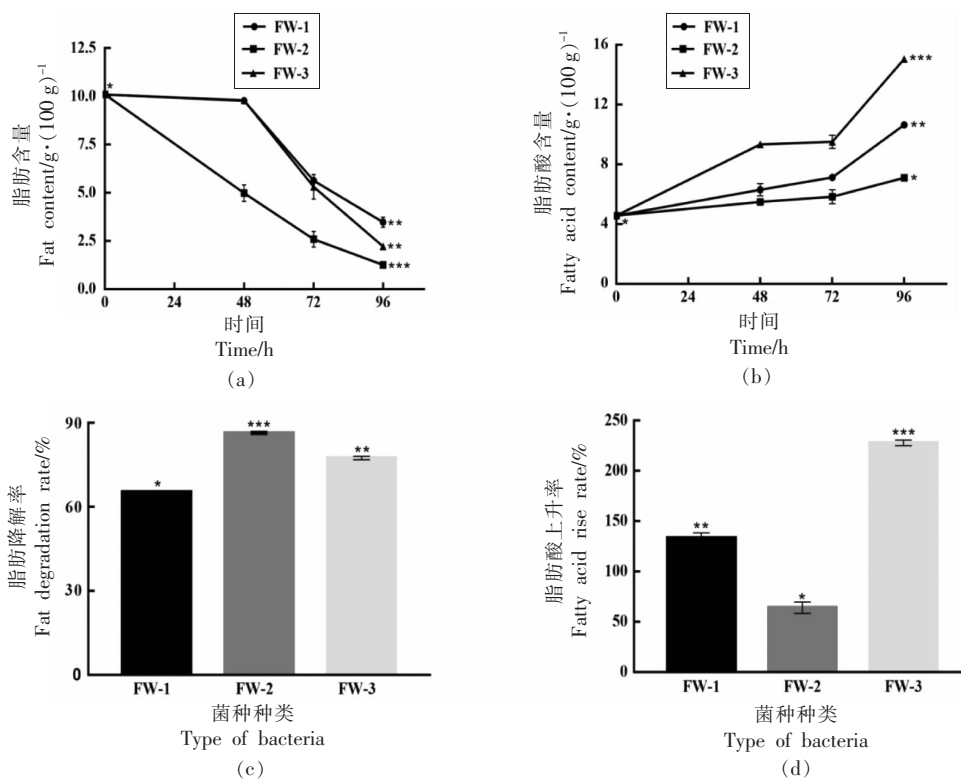


图 3 3 菌株豆渣发酵的脂肪代谢变化分析

Fig.3 Analysis on fat metabolism of three strains of fermented soybean dregs with three strains of bacteria

2.1.4 不饱和脂肪酸的含量分析 不饱和脂肪酸是维持人体健康的必须营养素,其组成和含量是影响其营养价值的重要因素。不饱和脂肪酸被称为人体的必需脂肪酸,不能由人体自身合成,然而,在人体正常运转的过程中却是不可或缺的,必须从食物中摄入。不饱和脂肪酸可以促进人体内胆固醇的代谢,对降血脂、抗炎、抗肿瘤和预防心脑血管疾病等具有一定的作用<sup>[5]</sup>。本文通过检测豆渣发酵过程中不饱和脂肪酸含量变化,分析3株菌对豆渣脂肪的转化效率。

在3株菌发酵豆渣的过程中,不饱和脂肪酸

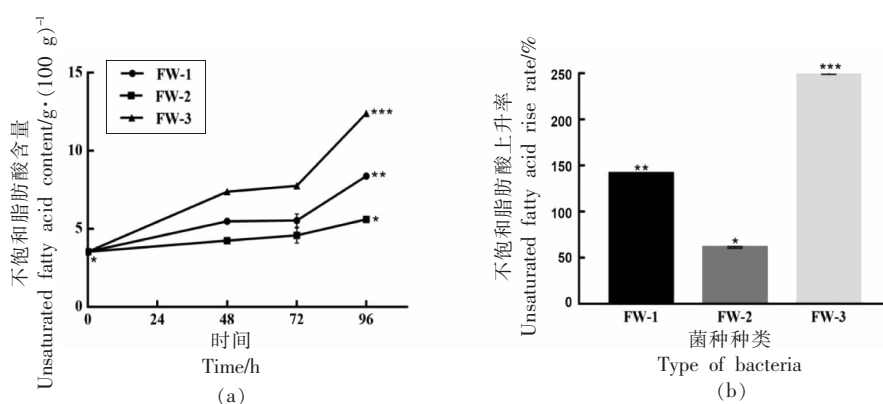


图4 3株菌发酵豆渣的不饱和脂肪酸含量变化分析

Fig.4 Analysis on the change of unsaturated fatty acid content of fermented soybean dregs with three strains of bacteria

## 2.2 功能成分的分析

异黄酮是豆渣主要功能成分之一,在微生物丰富的 $\beta$ -葡萄糖苷酶作用下,异黄酮由糖苷型转化成苷元型,发生量效的改变,可极大地增加豆渣的功能特性。本论文通过检测3株菌发酵过程中糖苷型、苷元型异黄酮含量变化,分析3株菌对豆渣异黄酮的转化效率。

3株菌发酵豆渣过程中,糖苷型和苷元型异黄酮含量变化如图5所示。由图5a和5c可知,3株菌发酵过程中,糖苷型异黄酮整体呈现下降趋势。96h时,FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的糖苷型异黄酮含量依次为0.047,0.043,0.036 g/100g,与未发酵豆渣(0.095 g/100g)相比,糖苷型异黄酮的降解率分别为50.5%,54.7%和62.1%。由图5b和5d可知,3株菌发酵过程中,苷元型异黄酮整体呈现上升趋势。96h时,FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的苷元型异黄酮含量依次为0.051,

的含量变化如图4所示。由图4a和4b可知,不饱和脂肪酸呈现上升趋势。96h时,FW-1、FW-2、FW-3豆渣发酵液中的不饱和脂肪酸含量依次为8.48,5.57,12.51 g/100g,与未发酵豆渣(3.54 g/100g)相比,不饱和脂肪酸分别增加了为1.4倍、0.6倍和2.5倍。由以上结果可知,豆渣在3株菌发酵作用下,不饱和脂肪酸中各个组成成分均显著增加。就脂肪酸的营养品质变化而言,不饱和脂肪酸转化效率最高的是FW-3,其次为FW-1和FW-2。

0.052,0.056 g/100g,与未发酵豆渣(0.005 g/100g)相比,苷元型异黄酮分别增加了9.2倍、9.4倍和10.2倍。由以上结果可得,豆渣在3株菌发酵作用下,异黄酮由结合型糖苷型转化为游离型苷元,对改善豆渣功能特性起到了显著效果。对豆渣异黄酮构型修饰转化效率最高的是FW-3,其次为FW-2和FW-1。

## 3 讨论

伴随我国豆制品庞大的加工规模而来的是加工副产品的利用问题,豆渣作为豆制品加工的主要副产物,实现其高值化利用一直以来备受关注。随着大豆产业的振兴计划的提出,提高豆渣的生物利用率,缓解饲料产业对大豆蛋白的需求量,对于有效应对中美贸易摩擦显得尤为重要。近年来,我国在豆渣食品高值化利用研究方面取得了一定进展,运用微生物发酵技术改善了豆渣食品的风

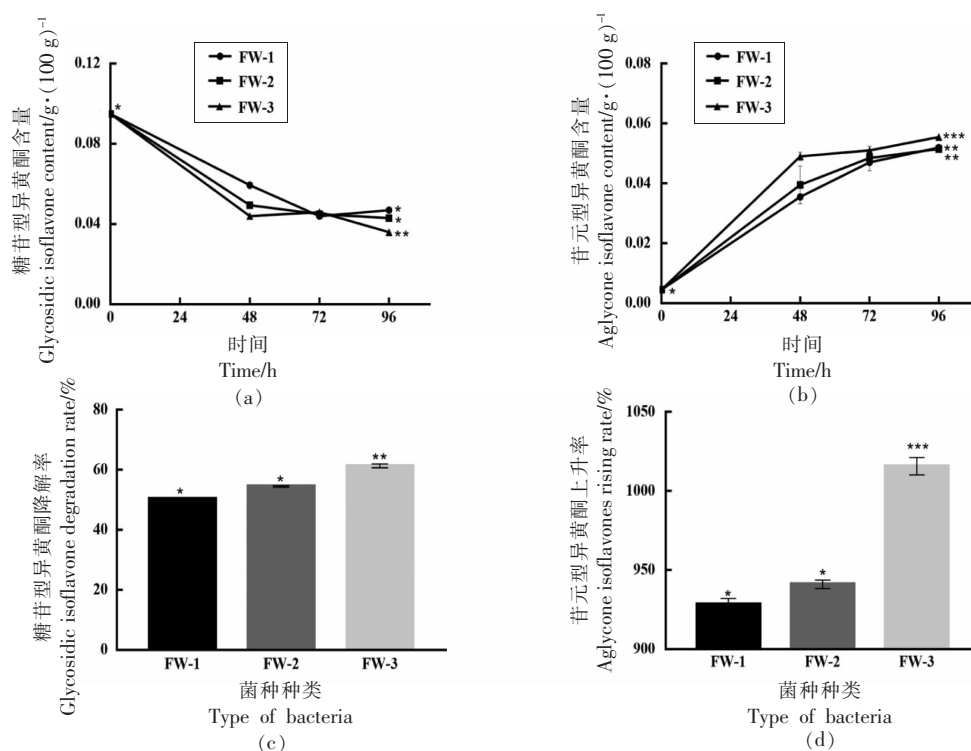


图 5 3 菌株发酵豆渣的异黄酮代谢分析

Fig.5 Analysis of isoflavone metabolism in fermented soybean dregs of three strains of bacteria

味、口感和食用性能<sup>[16]</sup>。李艳芳等<sup>[17]</sup>利用黑曲霉和米曲霉发酵豆渣,降低了豆渣粒度分布进而改善其口感,增加可食性;刘晓庆等<sup>[18]</sup>的研究发现,经过曲霉发酵后的豆渣曲,成块均匀且富有弹性,口感细腻,无豆腥味,与传统豆酱风味和口感相差不大。本研究以实验室保藏的 3 菌株发酵豆渣,系统分析了豆渣中主要营养物质和功能成分的变化规律,结果显示 3 菌株发酵豆渣的营养品质与功能特性均得到明显改善。

在微生物的蛋白酶作用下,豆渣蛋白降解为肽,肽进一步降解为氨基酸,提高了其营养品质和生物利用率<sup>[19]</sup>。谢婧<sup>[20]</sup>以毛霉发酵豆渣,检测发酵前、后 5 h 内豆渣营养成分的含量变化,结果表明豆渣中蛋白质降解率最高为 11.17%,游离氨基酸上升率为 8.8%;Kroenberg 等<sup>[21]</sup>以雅致放射毛霉发酵豆渣,在 15 °C 发酵 80 h 后,发现有酸性蛋白酶产生,还释放出大量氨基酸,非蛋白氮是发酵前的 8 倍;Matsuo<sup>[22]</sup>分别用少孢根霉和米曲霉发酵豆渣,发现游离氨基酸上升率高达 39%。综合考虑蛋白质的降解率和必需氨基酸的增加量,FW-1 展示了突出的优势。在 FW-1 发酵豆渣中,蛋白的转

化效率最高,为 12.2%,必需氨基酸上升率高达 12.3%,有效地提高了豆渣的营养品质。

微生物发酵将脂肪转化为脂肪酸,能够有效提高营养品质和其生物利用率。研究发现,胡耀辉等<sup>[23]</sup>以米曲霉发酵豆渣,研究发酵过程中营养成分的变化规律,结果显示脂肪的降解率为 33%;Matuso<sup>[22]</sup>用少孢根霉发酵豆渣,其脂肪降解率高达 60%;申春莉等<sup>[24]</sup>以豆渣为原料,研究灵芝菌丝体固态发酵豆渣过程中营养物质的变化,发现发酵后脂肪的降解率为 74%,脂肪酸增加了 1.4 倍。综合考虑脂肪的降解率和不饱和脂肪酸的增加量,本研究中,FW-3 显示了突出的优势,其对脂肪降解率高达 77.8%,脂肪酸增加了 2.3 倍,其中不饱和脂肪酸含量增加高达 2.5 倍,有效地增加了豆渣的营养品质。

微生物发酵可以修饰异黄酮构型,使其由糖苷型向高活性的苷元型转变,显著提高异黄酮的生理活性<sup>[25]</sup>。谢婧<sup>[26]</sup>对毛霉发酵豆渣过程中异黄酮含量进行测定,结果发现前发酵阶段总异黄酮含量变化最大,增加了约 1.4 倍,苷元型异黄酮明显提高,有效得改变了异黄酮的构型。综合考虑糖苷

型异黄酮的降解率和苷元型异黄酮的增加量,本研究中FW-3对异黄酮代谢的转化效率最高,增加了10.2倍。

上述有关豆渣发酵的研究,由于使用菌种及其培养条件的差异,没有绝对的可比性,然而也可以看出微生物对豆渣的发酵转化效率。未来对发酵菌种代谢机制的探索和酶系的挖掘,必将加速豆渣的高附加值转化。此外,豆渣的另一主要营养成分膳食纤维的深度研究,也是需要进一步关注。

#### 4 结论

以实验室保藏的3株菌(少孢根霉FW-1、白地霉FW-2、无接合孢子根霉FW-3)发酵豆渣,分别于48,72 h和96 h取样,以接菌前未发酵豆渣为对照,系统分析了豆渣中蛋白质、脂肪和异黄酮的代谢变化规律。结果表明:豆渣中蛋白质和脂肪含量在发酵过程中整体呈现下降趋势,氨基酸和脂肪酸含量整体呈现上升趋势。综合对豆渣蛋白的降解能力和必须氨基酸增量的评估结果,少孢根霉FW-1体现了较为突出的优势,其对蛋白质和肽的降解率分别为12.2%和25.2%,必须氨基酸的上升率为12.3%;就豆渣脂肪的降解能力、不饱和脂肪酸的增加和异黄酮的修饰改性而言,无接合孢子根霉FW-3显示了突出的优势,其对豆渣脂肪的降解率高达77.8%,脂肪酸增加了2.3倍,其中不饱和脂肪酸含量增加高达2.5倍,对异黄酮构型由糖苷型转化为苷元型的效率增加高达10.2倍。可见,不同菌种对豆渣的营养物质和功能成分的转化能力体现了较为显著的差异,本研究对豆渣的靶向高附加值开发提供了理论依据。

#### 参 考 文 献

- [1] 李傲辰. 大豆的主要营养成分及营养价值研究进展[J]. 现代农业科技, 2020(23): 213-214, 218.  
LI A C. Main nutritional components and values of soybean[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2020(23): 213-214, 218.
- [2] ZHAO X Y, ZHANG X W, LIU H K, et al. Functional, nutritional and flavor characteristic of soybean proteins obtained through reverse micelles[J]. Food Hydrocolloids, 2018, 74: 358-366.
- [3] QUIROGA A M C, ANON M C P. Characterization of soybean proteins-fatty acid systems[J]. Journal of the American Oil Chemists Society, 2010, 87(5): 507-514.
- [4] 杨孟迪. 阿拉尔引种不同大豆品种营养成分及次生代谢产物的比较研究[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2020.  
YANG M D. Comparative study on nutrients and secondary metabolites of different soybean varieties introduced to Alaer[D]. Alaer: Tarim University, 2020.
- [5] 姜慧燕, 邹礼根, 翁丽萍, 等. 豆渣营养成分分析及蛋白质营养价值评价[J]. 食品工业, 2020, 41(6): 325-328.  
JIANG H Y, ZOU L G, WENG L P, et al. Nutritional components analysis and protein nutrition evaluation of soybean residue[J]. Food Industry, 2020, 41(6): 325-328.
- [6] 谭青云. 毛霉发酵豆渣品质和功能活性分析及产品开发[D]. 成都: 西华大学, 2019.  
TAN Q Y. Quality and functional activity analysis and product development of mucor fermented okara[D]. Chengdu: Xihua University, 2019.
- [7] 闵翔宇, 马梓涵, 罗昇宇, 等. 豆渣的利用现状及应用研究进展[J]. 饲料博览, 2019(5): 17-19.  
MIN X Y, MA Z H, LUO S Y, et al. The current applied status and the application research progress of bean dregs[J]. Feed Review, 2019(5): 17-19.
- [8] 吴永祥, 吴丽萍, 朴银美, 等. 药(食)真菌发酵豆渣的主要功能物质及生物活性变化[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(15): 100-106.  
WU Y X, WU L P, PARK E M, et al. Changes in main functional substances and biological activities of okara fermented with medicinal and edible fungi[J]. Food and Fermentation Industries, 2020, 46(15): 100-106.
- [9] 喻远东, 张喻. 豆渣的价值及加工利用分析探讨[J]. 粮食科技与经济, 2018, 43(6): 114-115.  
YU Y D, ZHANG Y. Analysis and discussion on the value and processing and utilization of bean dregs[J]. Food Science and Technology and Economy, 2018, 43(6): 114-115.
- [10] ZHAO G Z, LI J J, ZHENG F P, et al. The fermentation properties and microbial diversity of soy sauce fermented by germinated soybean[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2020, 123: 14523.

- [11] ZHOU R L, REN Z Q, YE J, et al. Fermented soybean dregs by *Neurospora crassa*: A traditional prebiotic food[J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2019, 189(2): 608–625.
- [12] KANG J, BAO T, QIAN W, et al. The bio-processing of soybean dregs by solid state fermentation using a poly  $\gamma$ -glutamic acid producing strain and its effect as feed additive[J]. Bioresource Technology, 2019, 291: 121841.
- [13] 朱运平, 李秀婷, 刘瑞山, 等. 不同菌种发酵豆渣的营养及抗氧化特性研究[J]. 中国食品学报, 2014, 14(9): 20–27.
- ZHU Y P, LI X T, LIU R S, et al. Antioxidant activity and nutritional characterization of okara fermented by various microorganisms[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2014, 14(9): 20–27.
- [14] 马艳弘, 周剑忠, 黄开红, 等. 外源硒对发芽大豆脂肪酸与蛋白质氨基酸组成及营养价值的影响[J]. 江苏农业学报, 2011, 27(3): 652–657.
- MA Y H, ZHOU J Z, HUANG K H, et al. Effects of exogenous selenium on fatty acid, amino acid compositions and nutritional value of germ inated soybean[J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2011, 27(3): 652–657.
- [15] TAMAGNO S, JOSE A, DURRETT T P, et al. Dynamics of oil and fatty acid accumulation during seed development in historical soybean varieties[J]. Field Crops Research, 2020, 248: 107719.
- [16] 李鑫宇, 孙冰玉, 张光, 等. 豆渣的综合利用及研究进展[J]. 大豆科技, 2018(4): 35–42.
- LI X Y, SUN B Y, ZHANG G, et al. Comprehensive utilization of soybean dregs and its research progress[J]. Soybean Science, 2018(4): 35–42.
- [17] 李艳芳, 郝建雄, 程永强, 等. 黑曲霉和米曲霉发酵改善豆渣口感[J]. 农业工程学报, 2012, 28(7): 248–253.
- LI Y F, HAO J X, CHENG Y Q, et al. Improvement of okara mouthfeel by *Aspergillus niger* and *Aspergillus oryzae* fermentation[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2012, 28(7): 248–253.
- [18] 刘晓庆, 殷丽君, 鲁绯, 等. 豆渣酱制曲工艺条件优化[J]. 食品与发酵工业, 2008, 34(7): 111–114.
- LIU X Q, YIN L J, LU F, et al. Study on the fermentation conditions of okara sauce[J]. Food and Fermentation Industries, 2008, 34(7): 111–114.
- [19] 王慧, 刘莹, 胡博涵, 等. 豆渣不同菌种发酵后成分变化的研究[J]. 现代食品科技, 2013, 29(6): 1277–1280.
- WANG H, LIU Y, HU B H, et al. Changes of nutrition components of bean residue fermented by different fungus[J]. Modern Food Science and Technology, 2013, 29(6): 1277–1280.
- [20] 谢婧. 豆渣发酵过程中主要营养保健成分变化规律的研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2008.
- XIE J. Studies on the variable pattern of nutrition and health components in the fermentation process with bean residue[D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2008.
- [21] KROENBERG H J, HANG Y D. Biochemical changes in okara during meitauza fermentation[J]. Nutrition Reports International, 1984, 30: 439–443.
- [22] MATSUO M. Morphological and physicochemical properties and composition of okara fermented with *Rhizopus oligosporus*[J]. Nipponyo Shokuryo Gakkaishi, 1989, 42(2): 173–178.
- [23] 胡耀辉, 徐媛, 刘俊梅, 等. 米曲霉发酵对豆渣成分影响研究[J]. 农业机械, 2012, 2(6): 131–133.
- HU Y H, XU Y, LIU J M, et al. Study on the effect of *Aspergillus oryzae* fermentation on the composition of bean dregs[J]. Farm Machinery, 2012, 2(6): 131–133.
- [24] 申春莉, 李曼, 沙见宇, 等. 灵芝菌丝体固态发酵豆渣的营养成分变化[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(12): 114–119.
- SHENG C L, LI M, SHA J Y, et al. Nutrient changes in solin-state fermented okara with *Ganoderma locidum*[J]. Food and Fermentation Industries, 2019, 45(12): 114–119.
- [25] JOELISE A F A, FERNANDA F G D, HELIA H S, et al. Improvement of aglycone content in soy isoflavones extract by free and immobilized  $\beta$ -glucosidase and their effects in lipid accumulation[J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2020, 192: 734–750.
- [26] 谢婧. 毛霉发酵豆渣过程中主要营养成分变化的研究[J]. 保鲜与加工, 2010, 10(1): 35–39.
- XIE J. The variable pattern of nutrition components in mucor fermentation process of bean residue[J]. Storage and Process Stor Proc, 2010, 10(1): 35–39.



## Studies on Nutritional Quality and Functional Characteristics of Soybean Dregs Fermented by Different Fungus

Zhang Mengran<sup>1,2</sup>, Li Shuying<sup>3</sup>, Gao Yaxin<sup>3</sup>, Hou Lizhen<sup>3</sup>, Hou Xujie<sup>1\*</sup>, Wang Fengzhong<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>College of Life Sciences, Corps Key Laboratory of South Xinjiang Special Agricultural Products Deep Processing, Tarim University, Alaer 843300, Xinjiang

<sup>2</sup>Kashi University, Kashgar 844000, Xinjiang

<sup>3</sup>Institute of Agricultural Products Processing, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Comprehensive Key Laboratory of Agricultural Products Processing, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Beijing 100193)

**Abstract** In this study, three strains (*R.oligosporus* FW-1, *G.candidum* FW-2, *R.azygosporys* FW-3) preserved in the laboratory were used as starters to study their fermentation and transformation ability on soybean dregs. Taking the unfermented soybean dregs before inoculation as a control, sampling was performed at 48, 72 h and 96 h, respectively, and the metabolic changes of protein, fat and isoflavones in the soybean dregs were systematically analyzed. The results showed that the protein and fat in soybean dregs showed an overall downward trend during the fermentation process, and amino acids and fatty acids showed an overall upward trend. In terms of the degradation ability of soybean dregs protein and the increase of essential amino acids, *R.oligosporus* FW-1 showed a relatively outstanding advantages, the degradation rate of protein and peptide was 12.2% and 25.2%, and the increase rate of essential amino acids was 12.3%. In terms of the degradability of soybean dregs fat, the increase of unsaturated fatty acids and the modification of isoflavones, *R.azygosporum* FW-3 showed outstanding advantages. Its degradation rate of soybean dregs fat was as high as 78.0%, and fatty acids were increased by 2.3 times, among which the content of unsaturated fatty acids was increased by 2.5 times. The conversion of isoflavones from glycoside type to aglycon type increased by 10.2 times. The two strains (*R.oligosporus* FW-1, *R.azygosporys* FW-3) showed a strong ability to degrade the nutrients of bean dregs, and a strong ability to transform their functional components, but also showed that the individual differences. This study provides a theoretical basis for the development of targeted high value-added soybean dregs.

**Keywords** soybean dregs; isoflavone; nutrients; functional ingredients