

不同类型乳酸菌对全麦酸面团发酵特性的影响

张维清¹, 王博², 刘艳香¹, 李晓宁¹, 田晓红¹, 汪丽萍^{1*}

¹国家粮食和物资储备局科学研究院 北京 100037

²甘肃工业职业技术学院 甘肃天水 741025)

摘要 选择 3 种类型共 7 种乳酸菌,研究全麦粉为发酵基质的酸面团的发酵特性。发酵类型为兼性异型发酵(FHe)的植物乳杆菌和专性异型发酵(OHe)的短乳杆菌在全麦酸面团中的增殖速度最快,二者具有明显的生长增殖优势,尤其是植物乳杆菌。相较于其它乳酸菌,FHe 型的植物乳杆菌产酸能力最强,能快速降低全麦酸面团的 pH 值和不可溶膳食纤维含量,显著提高全麦酸面团水溶性阿拉伯木聚糖、水溶性膳食纤维和总酚含量。在开发以全麦粉为发酵基质的全面酸面团时,FHe 型的植物乳杆菌具有明显的优势,有利于节约成本,更好地改善全麦酸面团以及全麦烘焙面包的品质。

关键词 发酵类型; 乳酸菌; 全麦粉; 酸面团; 兼性异型发酵

文章编号 1009-7848(2022)11-0247-09 **DOI:** 10.16429/j.1009-7848.2022.11.026

酸面团,又称“老面”“酵子”“面肥”等,在商业酵母使用之前,作为一种自然混菌生物发酵技术在几千年前就被人类广泛使用,是传统发酵面制品常用的发酵剂。酸面团能够有效改善发酵烘焙食品的感官、质构、营养以及货架期等品质,在 20 世纪末重新引起人们的重视,近些年逐渐成为发酵面制品领域的研究热点^[1]。尽管不同来源酸面团中的微生物组成各不相同,酸面团中的微生物还是以酵母菌和乳酸菌为主^[2]。研究表明,乳酸菌可以提高酸面团酸度,抑制有害微生物的生长增殖,保护酸面团发酵^[3];降低体系的 pH 值,激活面粉内源淀粉酶和蛋白酶,改善面团体系,提高面包的品质^[4];利用糖类生成具有助消化功能的乳酸以及醋酸、丙酸等有机酸,在发酵过程中与产生的醇、酮、醛等类物质相互作用,生成独特的有益风味成分^[5]。随着研究的深入和技术的进步,使用单一乳酸菌或多种乳酸菌混合制作酸面团的现代酸面团技术,在许多欧美国家已广泛应用于工业化生产面包。

现代酸面团技术的研究可以分为两个方面:良好发酵性能的乳酸菌株的选择和应用。至今,从酸面团中分离出的乳酸菌多达 70 多种^[6],其中以

乳杆菌属为主^[7]。应用于发酵酸面团的常用乳杆菌主要有植物乳杆菌(*L. plantarum*)、旧金山乳杆菌(*L. sanfranciscensis*)和短乳杆菌(*L. brevis*)等^[7-8]。酸面团中的乳酸菌种类繁多,不同来源和种类的酸面团中的乳酸菌的组成和优势菌株各不相同。根据发酵葡萄糖的途径以及产物的组成的不同,酸面团中乳酸菌的发酵类型可分为 3 类:专性同型发酵(Obligately homofermentative, OH0)、专性异型发酵(Obligately heterofermentative, OHe)和兼性异型发酵(Facultatively heterofermentative, FHe),其中绝大多数乳酸菌属于专性异型发酵^[9-10]。

新型酸面团发酵基质的研究和应用正在逐步增多。Moroni 等^[11]使用荞麦和苔麸为发酵基质,以商业乳酸菌为发酵菌株制作酸面团。Maidana 等^[12]以奇亚籽粉(芡欧鼠尾草籽)为酸面团的发酵基质,对于开发无麸质烘焙食品均具有重要的意义。不同的发酵基质会影响酸面团发酵中的微生物组成和多样性。熊顺强^[13]研究了 5 种发酵基质对酸面团发酵过程中酵母菌和乳酸菌多样性的影响,发现酵母菌和乳酸菌的数量均变化很大,酵母菌属种类变化较小,而乳酸菌属种类变化较大。目前,人们主要是用小麦粉和黑麦粉作为发酵基质制作酸面团^[14],而使用全麦粉作为基质发酵酸面团鲜有报道。

与精制小麦粉相比,全麦粉含有更高水平的维生素、矿物质、纤维(如非淀粉多糖,包括阿拉伯木聚糖)、抗氧化剂和其它植物化学物质,如类胡

收稿日期: 2021-11-12

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项项目(ZX2226)

第一作者: 张维清,男,博士,助理研究员

通信作者: 汪丽萍 E-mail: wlp@ags.ac.cn

萝卜素、类黄酮和酚酸^[15-16]。全谷类食物的摄入有益于健康,如降低慢性疾病(如心血管疾病、糖尿病、癌症和肥胖症)的风险,以及全因死亡率(All-cause mortality)^[17]。随着人们健康意识的提升,全谷物产品的消费需求显著增加^[18-19]。然而,麸皮的存在导致全麦产品质地粗糙,面包体积小,面包屑硬度增加,颜色较深,风味和香味独特^[20-21],对全麦面包等全麦产品品质产生很大的负面影响^[21]。提升全麦产品品质是目前的研究热点。

本研究以全麦面粉为发酵基质,选择3种发酵类型共7株乳酸菌作为发酵菌株,研究不同类型乳酸菌发酵全麦酸面团的特性,筛选出最适于发酵全麦酸面团的乳酸菌。最终提供一种针对性强、效果明显的新型酸面团,以改善全麦面包或馒头的品质。

1 材料和方法

1.1 材料和试剂

全麦高筋面粉购买于鲍勃红磨坊(Bob's Red Mill);乳酸菌均来源于实验室保藏菌种,分别属于3种不同的发酵类型,OH0型:乳酸乳球菌(*Lactococcus lactis*),OHe型:短乳杆菌(*Lactobacillus brevis*)、发酵乳杆菌(*Lactobacillus fermentum*),FHe型:干酪乳杆菌(*Lactobacillus casei*)、类干酪乳杆菌(*Lactobacillus paracasei*)、植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)、戊糖片球菌(*Pediococcus pentosaceus*)^[9]。

MRS固体培养基、MRS肉汤培养基,北京奥博星生物技术有限公司;D-木糖,西格玛奥德里奇(上海)贸易有限公司;间苯三酚、福林酚、没食子酸,上海麦克林生化科技有限公司;其它试剂均来源于国药集团化学试剂有限公司。

1.2 仪器和设备

SPAKK酶标仪,瑞士Tecan公司;恒温培养箱,上海博讯实业有限公司医疗设备厂;SHZ-B水浴恒温振荡器,上海博讯医疗生物仪器股份有限公司;高性能无菌试验台,哈尔滨市东联电子技术开发有限公司;LGJ-10C真空冷冻干燥机,北京四环科学仪器厂有限公司。

1.3 方法

1.3.1 乳酸菌粉的制备

乳酸菌在MRS肉汤培养基中活化2代,离心弃上清得到菌体。无菌生理盐水清洗两次后,菌体悬浮于100 mg/mL脱脂乳粉中冻干,制得菌粉,并使用MRS琼脂培养基平板计数单位重量菌落数(CFU/g)。

1.3.2 全麦酸面团的制备 参照文献[22],制备全麦酸面团225,具体制备方法如下式所示:

$$\text{酸面团 225} = \frac{\text{全麦面粉} + \text{无菌蒸馏水}}{\text{全麦面粉}} \times 100 \quad (1)$$

参照上式,按比例混合全麦面粉和饮用水,同时添加乳酸菌菌粉,乳酸菌的初始剂量控制为 10^7 CFU/g。充分混匀后,28℃孵育16 h,随后真空冷冻干燥制得全麦酸面团发酵剂备用。另外,以不添加乳酸菌的自然发酵的全麦酸面团作为对照组。

1.3.3 酸面团样品乳酸菌落计数 取10.0 g酸面团与90 mL无菌生理盐水混合均匀后进行梯度稀释,取稀释液涂布于MRS固体平板上。将平板在30℃倒置培养48 h后进行菌落计数。

1.3.4 pH值和总滴定酸度的测定 参照Cavallo等^[23]方法,略作修改测定冻干酸面团的pH值和总滴定酸度(Total titratable acidity, TTA)。

称取10.0 g冻干的全麦酸面团,加入90 mL蒸馏水充分混合均匀,使用pH计测稀释液的pH值。随后用0.1 mol/L的NaOH溶液滴定稀释液,至混合液最终pH值为8.5,记录消耗的NaOH溶液的总体积(mL),即为全麦酸面团的TTA值。

1.3.5 膳食纤维含量的测定 可溶与不可溶膳食纤维含量测定参照GB 5009.88-2014《食品安全国家标准 食品中膳食纤维的测定》中的方法。

1.3.6 水溶性阿拉伯木聚糖含量的测定 参照Zhao等^[24]方法并略做修改,提取和测定水溶性阿拉伯木聚糖(Water-extractable arabinoxylans, WEAX)含量。样品和去离子水按照1:20的比例混合,涡旋3~5 s充分混匀,室温震荡提取30 min,混合物在4℃、5 000 r/min条件下离心10 min,取上清液备用。按照 $V_{\text{上清液}}:V_{\text{去离子水}}:V_{\text{新鲜反应液}}=1:1:10$ 的比例混合均匀,沸水浴25 min,随后冰水浴快速降温,测定反应液在波长510 nm和552 nm处的吸光值 $A_{510\text{nm}}$ 和 $A_{552\text{nm}}$ 。新鲜反应液的组成如下:5 mL间苯三酚的乙醇溶液(0.2 g/mL)、110 mL乙酸、2 mL盐酸、1 mL葡萄糖溶液(17.5 g/L),充分混匀,现配现用。

D-木糖为标品,以 mg *D*-木糖/mL 溶液为横坐标,吸光值 $A_{552\text{nm}}-A_{510\text{nm}}$ 为纵坐标,制作标准曲线。通过转换系数(0.88)将 *D*-木糖转换为戊聚糖,参照标曲,计算 WEAX 的含量,集体计算公式如下:

$$W(\text{mg/g})=\frac{c \times 0.88 \times v}{m} \quad (2)$$

式中, W ——WEAX 质量比含量,mg/g; c ——从标准曲线上查得的 *D*-木糖的质量浓度(mg/mL);0.88——转换系数; m ——样品质量,g; v ——样品提取液体积,mL。

1.3.7 总酚(TFC)含量的测定 酸面团中总酚的提取参照甲醇提取法^[25],略作修改。1 g 样品与预 5 mL 预热的 70%甲醇溶液混合均匀,70 °C 恒温震荡水浴 10 min,浸提后冷却至室温,5 000 r/min 离心 20 min,上清液移入 10 mL 容量瓶中;重复上一步操作,合并两次上清液并定容至 10 mL,4 °C 避光保藏备用。

参照福林-酚比色法^[26],略作修改测定酸面团中总酚含量。1 mL 总酚提取液中加入 5 mL 福林酚试剂,涡旋 2~3 s 充分混匀,随后加入 4 mL 的 20%碳酸钠溶液,室温避光反应 1 h,短暂离心,测定波长 765 nm 处上清液的吸光值。以没食子酸为标品,以 70%甲醇溶液为溶剂,配制 20~120 μg/mL 不同梯度的没食子酸溶液,制作标准曲线。

1.4 数据分析

采用 Excel 2016 和 SAS 9.2 对数据进行统计分析,运用方差分析方法(ANOVA)进行显著性分析($P < 0.05$)。所有试验重复 3 次,数据表示为平均值±标准方差。

2 结果与分析

2.1 全麦酸面团乳酸菌菌落数变化

传统发酵酸面团中的优势乳酸菌主要为植物乳杆菌、短乳杆菌和旧金山乳杆菌等^[8,27],前者的发酵类型为 FHe,后两者均为 OHe。相较于传统酸面团,现代新型酸面团中的优势乳酸菌种类因发酵基质的不同而有所不同^[28-29]。在相同发酵条件下,总菌落数多的乳酸菌的生长增殖速度快,在发酵酸面团的过程中具有发酵优势,可以作为酸面团的发酵菌株。

如图 1 所示,以对照组乳酸菌落总数为参照,乳酸菌落总数由高到低:植物乳杆菌>短乳杆菌>对照>发酵乳杆菌>乳酸乳球菌>戊糖片球菌>干酪乳杆菌>类干酪乳杆菌。

相同的发酵条件下,相同的接种量,在全麦酸面团发酵过程中,FHe 型的植物乳杆菌和 OHe 型的短乳杆菌的生长速度最快,菌落总数分别是对照组的 1.62 倍和 1.54 倍,植物乳杆菌落总数是短乳杆菌的 1.05 倍,二者的增殖速度明显高于自然发酵全麦酸面团内的乳酸菌群;其它乳酸菌的菌落总数均低于对照组,增殖速度低于自然发酵酸面团中的乳酸菌群;FHe 型的另外 3 种乳酸菌的增殖速度最慢,类干酪乳杆菌和干酪乳杆菌落总数较对照组低了两个数量级,戊糖片球菌的菌落总数只有对照组的 20%;OHe 型的乳酸乳球菌的增殖速度与戊糖片球菌相当,菌落总数只有对照组的 23.7%;OHe 型的发酵乳杆菌的菌落总数仅有对照组的 40.8%,增殖速度仅较植物乳杆菌和短乳杆菌低。发酵类型为 FHe 的类干酪乳杆菌和干酪乳杆菌的菌落总数显著低于对照组,说明在全麦酸面团的发酵过程中,二者增殖速度慢,不能成为优势菌株,对全麦酸面团的影响较小;相对于另外 5 种乳酸菌,发酵类型为 FHe 型的植物乳杆菌和 OHe 型的短乳杆菌增殖速度最快,结果表明二者在发酵全麦酸面团具有明显的生长增殖优势,可作为全麦酸面团的发酵菌株,尤其是植物乳杆菌。

本研究发现发酵类型为 FHe 型的植物乳杆菌和 OHe 型的短乳杆菌是发酵全麦酸面团的优势菌株,特别是植物乳杆菌。

2.2 不同全麦酸面团 pH 值和 TTA 值差异分析

在酸面团发酵过程中,能快速降低体系 pH 值和增加 TTA 值的乳酸菌能够改善酸面团的品质^[30-33]。

由图 2 可知,相较于未发酵的全麦粉,发酵后的酸面团的 pH 值显著降低。乳酸乳球菌发酵全麦酸面团的 pH 值显著高于对照组,干酪乳杆菌组 pH 值与对照组差异不显著,其余乳酸菌全麦酸面团的 pH 值均显著低于对照组;植物乳杆菌、发酵乳杆菌和类干酪乳杆菌组间的 pH 值无显著性差异,其中植物乳杆菌组 pH 值最低;短乳杆菌

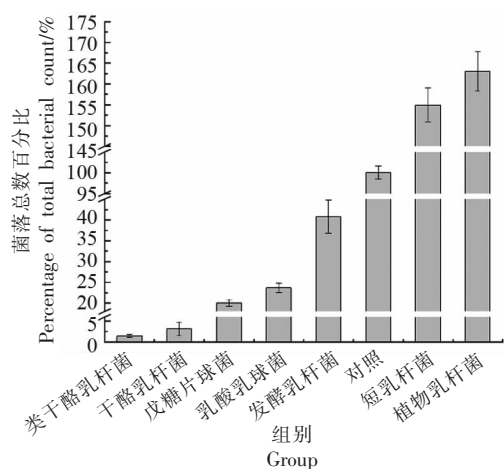


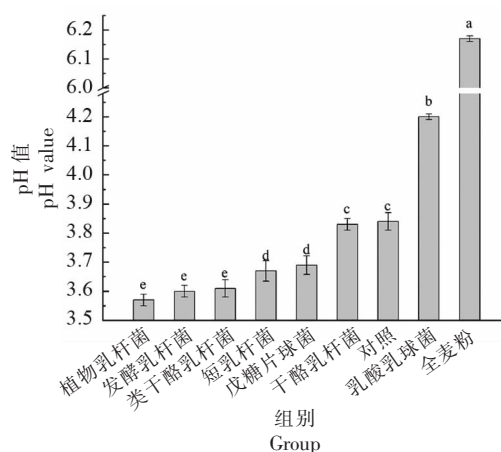
图1 不同乳酸菌全麦酸面团菌落总数

Fig.1 Total bacterial count of different lactic acid bacteria in whole wheat sourdough

和戊糖片球菌组间的 pH 值无显著性差异。

一般而言,全麦酸面团 pH 值与 TTA 值呈相反的趋势,pH 值越低则表明酸性越强,TTA 值则相应越大。由图 3 可知,相较于全麦粉,全麦酸面团的 TTA 值均显著增加。各试验组间 TTA 值差异显著,其中乳酸乳球菌组 TTA 值显著低于对照组,其它乳酸菌组 TTA 值均明显高于自然发酵的对照组,尤其是植物乳杆菌组。

不同乳酸菌发酵全麦酸面团的 pH 值在 3.6~4.2 之间,TTA 值在 30.46~49.14 mL 之间,pH 值和 TTA 值波动较大,这可能与乳酸菌的种类以及自身的发酵类型有一定关系。乳酸乳球菌发酵类型属于 OHe 型,只能利用己糖(如 D-葡萄糖、D-果糖),代谢过程中几乎只产生乳酸;由图 1 可知乳酸乳球菌在全麦粉为发酵基质的酸面团中的增殖速度较慢,菌群代谢产生的酸性物质相对较少,产酸能力不足,因此全麦酸面团的 pH 值最高以及 TTA 值最低。植物乳杆菌发酵类型属于 FHe 型,能同时利用己糖(如 D-葡萄糖、D-果糖)和戊糖(如 D-木糖、L-阿拉伯糖)产生乳酸,全面粉中含有可发酵利用的 D-木糖、L-阿拉伯糖等;图 1 可知,植物乳杆菌在全麦粉为发酵基质的酸面团中的增殖速度最快,菌群代谢能快速产生的大量酸性物质,产酸能力最强,因此其发酵的全麦酸面团的 pH 值最低以及 TTA 值最高。干酪乳杆菌、类干酪乳杆菌和戊糖片球菌也属于 FHe 型,然而,三



注:不同小写字母表示各组样品间差异显著($P < 0.05$)。

图2 不同乳酸菌全麦酸面团的 pH 值

Fig.2 pH value of whole wheat sourdough with different lactic acid bacteria

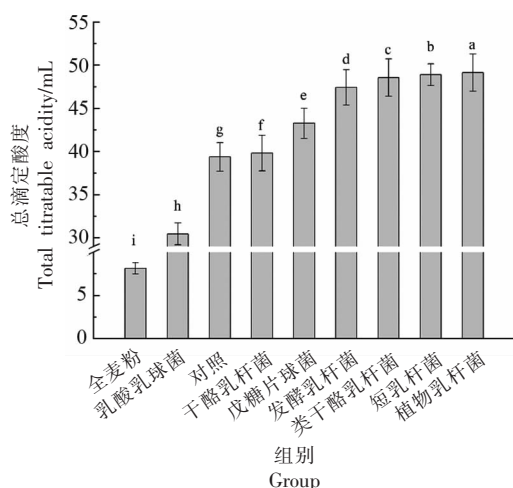
者在全麦酸面团中的增殖速度较低,菌群代谢无法产生的大量酸性物质,故全麦酸面团的 pH 值较植物乳杆菌组的高,TTA 值较植物乳杆菌组的低。属于 OHe 型的发酵乳杆菌在全麦酸面团中的增殖速度较低,低于对照组总乳酸菌群的生长速度,因此其总的产酸能力低于植物乳杆菌。

pH 值和 TTA 值测定显示,FHe 型的植物乳杆菌发酵全麦酸面团能够快速降低全麦酸面团的 pH 值,且产酸能力最强,有利于节约成本,改善全麦酸面团的营养和品质。

2.3 不同乳酸菌全麦酸面团水溶性阿拉伯木聚糖含量的差异分析

阿拉伯木聚糖分为水可提取或水不可提取,前者对面团和面包产生有益影响,后者通常被认为对质量有害^[34-37]。

从图 4 中可以看出,短乳杆菌、干酪乳杆菌、植物乳杆菌全麦酸面团中的水溶性阿拉伯木聚糖显著高于对照组,其中植物乳杆菌组的 WEAX 含量最高是对照组的 1.08 倍,而且显著高于短乳杆菌和干酪乳杆菌组,短乳杆菌和干酪乳杆菌组间 WEAX 含量无显著性差异;其它乳酸菌组 WEAX 含量则均显著低于对照组,发酵乳杆菌组的 WEAX 含量最低,类干酪乳杆菌组与戊糖片球菌组间的 WEAX 含量无显著性差异。不同乳酸菌发酵全麦酸面团生成的水溶性阿拉伯木聚糖的含量在 6.8~8.3 mg/g 之间,植物乳杆菌组 WEAX 的含



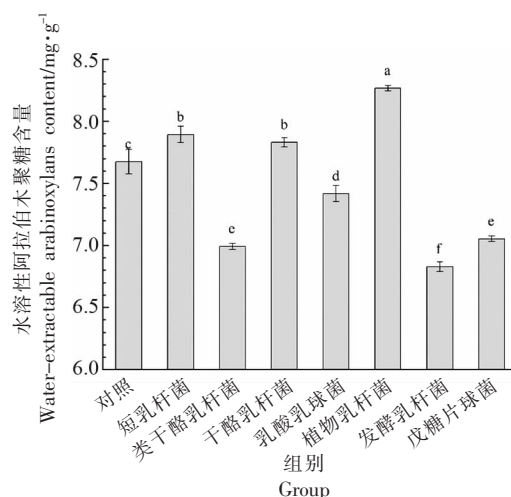
注:不同小写字母表示各组样品间差异显著($P<0.05$)。

图 3 不同乳酸菌全麦酸面团 TTA 值

Fig.3 TTA value of whole wheat sourdough with different lactic acid bacteria

量是发酵乳杆菌组的 1.2 倍,显著性的差异与乳酸菌发酵全麦酸面团过程中的增殖速度与发酵类型有一定关系。

相较于 OHe 型的发酵乳杆菌和短乳杆菌,以及 OHo 型的乳酸乳球菌, FHe 型的植物乳杆菌除了能够利用己糖(如 *D*-葡萄糖、*D*-果糖)之外,还可以利用戊糖(如 *D*-木糖、*L*-阿拉伯糖)。在全麦酸面团中含有大量的麸皮,而麸皮中的非淀粉多糖中约 85% 的含量为阿拉伯木聚糖。在植物乳杆菌的生长繁殖的过程中,水解麸皮会释放出水溶性阿拉伯木聚糖。虽然干酪乳杆菌、类干酪乳杆菌和戊糖片球菌也属于 FHe 型,但是三者在全麦酸面团中的增殖速度较低,总乳酸菌群水解麸皮释



注:不同小写字母表示各组样品间差异显著($P<0.05$)。

图 4 不同乳酸菌全麦酸面团 WEAX 含量

Fig.4 WEAX content of whole wheat sourdough with different lactic acid bacteria

放出的 WEAX 的含量低于植物乳杆菌组。

FHe 型的植物乳杆菌发酵全麦酸面团能够有效的全麦粉麸皮中分淀粉多糖释放大量水溶性阿拉伯木聚糖,对于筋力较差的全麦粉而言,有利于改善全麦粉发酵面制品,如全麦面包和馒头等的加工品质和存储特性。

2.4 不同乳酸菌全麦酸面团膳食纤维差异分析

研究发现,不可溶膳食纤维 (Insoluble-dietary fiber, IDF) 对面包的品质会产生不利的影响,如面包芯颜色变暗、比容减小、硬度增加以及口感粗糙等,对面包的风味也会产生一些不良影响^[38]。另一方面,可溶膳食纤维 (Soluble-dietary fiber, SDF) 对面团以及发酵面制品的烘焙特性的影响

表 1 不同乳酸菌全麦酸面团膳食纤维含量

Table 1 Dietary fiber content of whole wheat sourdough with different lactic acid bacteria

	IDF/mg·g ⁻¹	SDF/mg·g ⁻¹	TDF/mg·g ⁻¹
对照组	111.64 ± 0.81 ^{ab}	20.49 ± 1.38 ^{ab}	132.14 ± 0.70 ^b
短乳杆菌	116.00 ± 2.82 ^a	20.42 ± 2.38 ^{ac}	136.43 ± 1.00 ^a
类干酪乳杆菌	103.34 ± 1.14 ^c	18.70 ± 1.29 ^{bc}	122.04 ± 1.42 ^d
干酪乳杆菌	107.48 ± 1.27 ^{abc}	20.43 ± 1.69 ^{ab}	127.91 ± 1.20 ^c
乳酸乳球菌	105.20 ± 0.86 ^{bc}	20.33 ± 1.13 ^{ab}	125.54 ± 0.89 ^d
植物乳杆菌	101.68 ± 1.74 ^c	21.96 ± 0.96 ^a	123.65 ± 1.23 ^{de}
发酵乳杆菌	100.75 ± 1.82 ^c	16.35 ± 1.41 ^c	117.11 ± 0.86 ^e
戊糖片球菌	101.19 ± 2.05 ^c	19.83 ± 1.56 ^{ab}	121.03 ± 1.40 ^f

注:不同小写字母表示各组样品间差异显著($P<0.05$)。

则与 IDF 相反, SDF 能够降低面团的吸水率, 延长面团搅拌时间, 提高面团的弹性和稳定性, 降低面包的硬度, 增加面包的体积^[39]。

由表 1 可知, 除短乳杆菌组外, 全麦酸面团中的不可溶膳食纤维均有所下降, 特别是发酵乳杆菌、戊糖片球菌和植物乳杆菌组; 相较于对照组, 植物乳杆菌组的可溶性膳食纤维含量高于对照组, 其它各乳酸菌组可溶性膳食纤维含量均低于对照组; 除短乳杆菌组外, 其它各乳酸菌组总膳食纤维 (Total dietary fiber, TDF) 含量均低于对照组。相较于对照组和其它乳酸菌组, 短乳杆菌水解麸皮释放 SDF、降低 IDF 含量的效果较差, 可能与其自身生长代谢有关, 有待进一步研究。植物乳杆菌能够显著增加全麦酸面团中的 SDF 含量, 可能是由于其在全麦酸面团中能够快速增殖 (图 1), 且由于其属于 FHe 型乳酸菌, 能够利用麸皮中的 D-木糖、L-阿拉伯糖等戊糖, 在生长增殖过程中能够水解麸皮释放出大量 SDF。

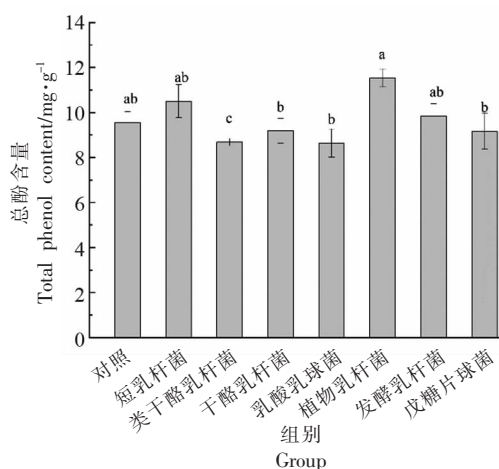
FHe 型的植物乳杆菌不仅能够降低全麦酸面团的 IDF 含量, 同时可以有效增加 SDF 的含量, 在提高全麦酸面团的品质的同时, 有助于应用于改善全麦面包的品质。

2.5 不同乳酸菌全麦酸面团总酚差异分析

乳酸菌发酵酸面团可以使束缚型或结合型的多酚游离出来^[40], 并促使其降解成为活性更强的抗氧化物, 从而改善面包的抗氧化活性^[41]。

如图 5 所示, 植物乳杆菌和短乳杆菌全麦酸面团总酚含量高于对照组, 尤其是植物乳杆菌组较对照组高 20.7%; 植物乳杆菌组与对照组、短乳杆菌组合发酵乳杆菌组间的总酚含量差异不显著, 然而, 植物乳杆菌组总酚显著高于干酪乳杆菌、乳酸乳球菌、戊糖片球菌以及类干酪乳杆菌组, 且差异显著; 除植物乳杆菌合短乳杆菌组外, 其它乳酸菌组总酚含量低于对照组, 其中类干酪乳杆菌组总酚含量最低, 显著低于其它乳酸菌组; 除总酚含量最高的植物乳杆菌组和含量最低的类干酪乳杆菌组外, 其它乳酸菌组和对照组两两间总酚含量差异不显著。

由表 1 可知, FHe 型植物乳杆菌相较于其它乳酸菌不仅能够降低全麦酸面团的 IDF 含量, 同时可以有效增加 SDF 的含量, 说明其在全面酸面



注: 不同小写字母表示各组样品间差异显著 ($P < 0.05$)。

图 5 不同乳酸菌全麦酸面团总酚含量

Fig.5 TPC of whole wheat sour dough with different lactic acid bacteria

团的发酵过程中能够产生更多的纤维素酶等水解麸皮, 能够更多地水解释放出更多的与纤维素结合的多酚, 能够有效增加全麦酸面团总酚含量, 从而提高酸面团的营养品质。

3 结论

不同发酵类型的乳酸菌在全麦酸面团中的增值速度不同, 发酵类型为 FHe 型的植物乳杆菌和 OHe 型的短乳杆菌增值速度最快, 二者在发酵全麦酸面团具有明显的生长增殖优势。不同发酵类型的乳酸菌对全面酸面团的品质特性影响不同。相较于其它乳酸菌, FHe 型的植物乳杆菌能够显著地提高全麦酸面团的品质, 主要表现在以下几个方面: 1) 快速降低全麦酸面团的 pH 值, 产酸能力最强; 2) 能够有效的水解全麦粉麸皮中非淀粉多糖释放大量的水溶性阿拉伯木聚糖, 对于筋力较差的全麦粉而言, 有利于改善全麦粉发酵面制品; 3) 降低全麦酸面团的 IDF 含量, 有效增加 SDF 的含量; 4) 水解释放出更多的与纤维素结合的多酚, 有效增加全麦酸面团总酚含量。综上所述, FHe 型的植物乳杆菌发酵全麦酸面团的特性最佳, 有利于节约成本, 改善全麦粉筋力较差的特性, 提高全麦酸面团以及全麦烘焙产品如全麦面包的品质。在开发以全麦粉为发酵基质的全面酸面团时, FHe 型的植物乳杆菌具有明显的优势, 可作为全

麦酸面团的发酵菌株。

参 考 文 献

- [1] GOBBETTI M, RIZZELLO C G, CAGNO R D, et al. How the sourdough may affect the functional features of leavened baked goods[J]. Food Microbiology, 2014, 37: 30–40.
- [2] VUYST L D, VRANCKEN G, RAVYTS F, et al. Biodiversity, ecological determinants, and metabolic exploitation of sourdough microbiota[J]. Food Microbiology, 2009, 26(7): 666–675.
- [3] SADEGHI A, EBRAHIMI M T, MORTAZAVI S A, et al. Application of the selected antifungal LAB isolate as a protective starter culture in pan whole-wheat sourdough bread[J]. Food Control, 2019, 95: 298–307.
- [4] CHAVAN R S, CHAVAN S R. Sourdough technology – A traditional way for wholesome foods: A review[J]. Comprehensive Reviews in Food Science & Food Safety, 2011, 10(3): 169–182.
- [5] REHMAN S U, PATERSON A, PIGGOTT J R. Flavour in sourdough breads: A review[J]. Trends in Food Science & Technology, 2006, 17(10): 557–566.
- [6] KERREBROECK S V, MAES D, VUYST L D. Sourdoughs as a function of their species diversity and process conditions, a meta-analysis[J]. Trends in Food Science & Technology, 2017, 68: 152–159.
- [7] CORSETTI A, SETTANNI L. *Lactobacilli* in sourdough fermentation[J]. Food Research International, 2007, 40(5): 539–558.
- [8] ROBERT H, GABRIEL V, FONTAGNÉ-FAUCHER C. Biodiversity of lactic acid bacteria in French wheat sourdough as determined by molecular characterization using species-specific PCR[J]. International Journal of Food Microbiology, 2009, 135(1): 53–59.
- [9] GOBBETTI M, GÄNZLE M. Handbook on sourdough biotechnology[M]. New York: Springer, 2013: 105–154.
- [10] HOLZAPFEL W H, WOOD B. Lactic acid bacteria: Biodiversity and taxonomy[M]. New York: John Wiley & Sons, Ltd, 2014: 249–353.
- [11] MORONI A V, ARENDT E K, MORRISSEY J P, et al. Development of buckwheat and teff sourdoughs with the use of commercial starters[J]. International Journal of Food Microbiology, 2010, 142 (1/2): 142–148.
- [12] MAIDANA S D, FICOSECO C A, BASSI D, et al. Biodiversity and technological–functional potential of lactic acid bacteria isolated from spontaneously fermented chia sourdough[J]. International Journal of Food Microbiology, 2020, 316: 108425.
- [13] 熊顺强. 食品基质对酸面团发酵过程中酵母菌和乳酸菌多样性的影响[D]. 南昌: 南昌大学, 2012.
- [13] XIONG S Q. Effects of food matrixes on the dynamic diversity of yeasts and lactic acid bacteria during sourdough fermentation[D]. Nanchang: Nanchang University, 2012.
- [14] SEVGI E, TSVETESLAVA I I. Antifungal activity of lactic acid bacteria, isolated from bulgarian wheat and rye flour[J]. Journal of Life Sciences, 2015, 10 (1): 1–6.
- [15] JONNALAGADDA S S, HARNACK L, HAI LIU R, et al. Putting the whole grain puzzle together: Health benefits associated with whole grains – Summary of American society for nutrition 2010 satellite symposium[J]. Journal of Nutrition, 2011, 141 (5): 1011S–1022S.
- [16] ZHOU K, SU L, YU L. Phytochemicals and antioxidant properties in wheat bran[J]. Journal of Agricultural & Food Chemistry, 2004, 52 (20): 6108–6114.
- [17] SLAVIN J. Whole grains and human health[J]. Nutrition Research Reviews, 2004, 17(1): 99–110.
- [18] LASEKAN O, CHIEMELA C, OSSAI B, et al. EFFECT of different pineapple juice (*Ananas comosus* L.) preparations on the microstructure, staling and textural properties of wheat bread[J]. Journal of Food Process Engineering, 2011, 34(5): 1449–1463.
- [19] SULLIVAN P, O’FLAHERTY J, BRUNTON N, et al. The utilisation of barley middlings to add value and health benefits to white breads[J]. Journal of Food Engineering, 2011, 105(3): 493–502.
- [20] DOBLADO-MALDONADO A F, PIKE O A, SWELLEY J C, et al. Key issues and challenges in whole wheat flour milling and storage[J]. Journal of Cereal Science, 2012, 56(2): 119–126.
- [21] HEINIÖ R L, NOORT M W J, KATINA K, et al. Sensory characteristics of wholegrain and bran-rich

- cereal foods – A review[J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2016, 47: 25–38.
- [22] ZHANG Y, GUO L N, XU D, et al. Effects of dextran with different molecular weights on the quality of wheat sourdough breads[J]. *Food Chemistry*, 2018, 256: 373–379.
- [23] CAVALLO N, DE ANGELIS M, CALASSO M, et al. Microbial cell-free extracts affect the biochemical characteristics and sensorial quality of sourdough bread[J]. *Food Chemistry*, 2017, 237: 159–168.
- [24] ZHAO H M, GUO X N, ZHU K X. Impact of solid state fermentation on nutritional, physical and flavor properties of wheat bran[J]. *Food Chemistry*, 2017, 217: 28–36.
- [25] MONTEMURRO M, PONTONIO E, GOBBETTI M, et al. Investigation of the nutritional, functional and technological effects of the sourdough fermentation of sprouted flours[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2018, 302: 47–58.
- [26] KIM K H, TSAO R, YANG R, et al. Phenolic acid profiles and antioxidant activities of wheat bran extracts and the effect of hydrolysis conditions[J]. *Food Chemistry*, 2006, 95(3): 466–473.
- [27] 刘同杰. 传统酸面团中微生物多样性及其风味物质代谢研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2017.
- LIU T J. Biodiversity of Chinese traditional sourdough microbiota and its flavor metabolism [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2017.
- [28] 张薇. 葡萄自然发酵酸面团菌群结构及发酵面包烘焙品质研究[D]. 无锡: 江南大学, 2015.
- ZHANG W. Studies on the microbial community structure of raisin and apple spontaneous fermentation sourdough and the baking quality of sourdough bread[D]. Wuxi: Jiangnan University, 2015.
- [29] RODRÍGUEZ L R, PINGITORE E V, ROLLAN G, et al. Biodiversity and technological potential of lactic acid bacteria isolated from spontaneously fermented amaranth sourdough[J]. *Letters in Applied Microbiology*, 2016, 63(2): 147–154.
- [30] GAENZLE M G, VERMEULEN N, VOGEL R F. Carbohydrate, peptide and lipid metabolism of lactic acid bacteria in sourdough[J]. *Food Microbiology*, 2007, 24(2): 128–138.
- [31] GÄNZLE M G, LOPONEN J, GOBBETTI M. Proteolysis in sourdough fermentations: Mechanisms and potential for improved bread quality[J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2008, 19(10): 513–521.
- [32] GOBBETTI M, ANGELIS M D, CORSETTI A, et al. Biochemistry and physiology of sourdough lactic acid bacteria[J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2005, 16(12/3): 57–69.
- [33] ÖSTMAN E M, NILSSON M, ELMSTÅHL H G M L, et al. On the effect of lactic acid on blood glucose and insulin responses to cereal products: Mechanistic studies in healthy subjects and *in vitro* [J]. *Journal of Cereal Science*, 2002, 36(3): 339–346.
- [34] GOESAERT H, BRIJS K, VERAVERBEKE W S, et al. Wheat flour constituents: How they impact bread quality, and how to impact their functionality [J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2005, 16(1–3): 12–30.
- [35] 郑学玲, 李利民, 姚惠源, 等. 小麦麸皮及面粉戊聚糖对面团特性及面包烘焙品质影响的比较研究[J]. *中国粮油学报*, 2005, 20(2): 21–25.
- ZHENG X L, LI L M, YAO H Y, et al. The influence comparison between wheat bran pentosan and wheat flour pentosan dough properties and bread-making quality[J]. *Journal of the Chinese cereals and Oils Association*, 2005, 20(2): 21–25.
- [36] 邢丽艳. 小麦粉水溶性阿拉伯木聚糖对馒头品质的影响[D]. 郑州: 河南工业大学, 2012.
- XING Y L. Effects of water-extractable arabionoxylans from wheat flour on Chinese mantou [D]. Zhengzhou: Henan University of Technology, 2012.
- [37] AUTIO K. Effects of cell wall components on the functionality of wheat gluten[J]. *Biotechnology Advances*, 2006, 24(6): 633–635.
- [38] MIS A, GRUNDAS S, DZIKI D, et al. Use of farinograph measurements for predicting extensograph traits of bread dough enriched with carob fibre and oat wholemeal [J]. *Journal of Food Engineering*, 2012, 108(1): 1–12.
- [39] PERESSINI D, SENSIDONI A. Effect of soluble dietary fibre addition on rheological and breadmaking properties of wheat doughs[J]. *Journal of Cereal Science*, 2009, 49(2): 190–201.
- [40] KATINA K, JUVONEN R, LAITILA A, et al. Fermented wheat bran as a functional ingredient in baking[J]. *Cereal Chemistry*, 2012, 89(2): 126–134.

- [41] SAKAC M, TORBICA A, SEDEJ I, et al. Influence of breadmaking on antioxidant capacity of gluten free breads based on rice and buckwheat flours[J]. Food Research International, 2011, 44(9): 2806–2813.

Effect of Different Types Lactic Acid Bacteria on the Fermentation Characteristics of Whole Wheat Sourdough

Zhang Weiqing¹, Wang Bo², Liu Yanxiang¹, Li Xiaoning¹, Tian Xiaohong¹, Wang Liping^{1*}

(¹Academy of National Food and Strategic Reserves Administration, Beijing 100037

²Gansu Industry Polytechnic College, Tianshui 741025, Gansu)

Abstract In this study, 7 kinds of lactic acid bacteria were selected from 3 fermentation types to study the fermentation characteristics on sourdough using whole wheat flour as fermentation substrate. The *Lactobacillus plantarum* and *Lactobacillus brevis*, which fermentation types are facultatively heterofermentative (FHe) and obligately heterofermentative (O-He), respectively, have the fastest proliferation rate in whole-wheat sourdough, and both have obvious growth and proliferation advantages, especially *Lactobacillus plantarum*. Compared with other lactic acid bacteria, FHe-type *Lactobacillus plantarum* had the strongest acid production ability, which could rapidly reduce the pH value and insoluble dietary fiber content of whole wheat sourdough, and significantly improve the water-extractable arabinoxylans, water-soluble dietary fiber and total phenol content of whole wheat sour dough. In the development of whole wheat sourdough with whole wheat flour as fermentation substrate, FHe-type *Lactobacillus plantarum* had obvious advantages, which was conducive to cost saving and better improving the quality of whole wheat sourdough and whole wheat bakery bread.

Keywords fermentation type; lactic acid bacteria, whole wheat flour; sourdough; facultatively heterofermentative