doi:10.6041/j.issn.1000-1298.2026.07.036

精制和全谷物小麦粉对回添发酵酸面团微生物群落与馒头理化性质的影响研究

杜新蕊[1,2]　洪青平[1,2]　李洪飞[1,2]　邸子清[1,2]　姚禹西[1,2]　葛相麟[1,2]　孙大庆[1,3]

(1.黑龙江八一农垦大学国家杂粮工程技术研究中心,大庆 163319;
2.黑龙江八一农垦大学食品学院,大庆 163319;
3.黑龙江八一农垦大学黑龙江省农产品加工与质量安全重点实验室,大庆 163319)

摘要:以同一品种小麦的精制粉和全谷物粉为原料,采用回添发酵方式制作了酸面团馒头,通过比较全麦和白面酸面团微生物和馒头性质的差异,探究精制和全谷物小麦粉对回添发酵酸面团微生物群落及其馒头理化性质的影响。结果表明,成熟白面和全麦酸面团菌群不同主要体现为真菌群落结构的差异,白面酸面团优势真菌为 *Blumeria graminis*,全麦酸面团优势真菌为 *Saccharomyces* sp.。全面比较了回添发酵全麦和白面馒头理化性质和感官品质的差异,主成分分析结果表明,制作方法是影响馒头理化性质的主要因素,而面粉类型(精制粉和全麦粉)是次要因素。最后 Person 相关性分析证明 6 种关键微生物与白面和全麦馒头多个理化性质具有显著的特异性影响。总之,研究结果证明回添发酵可以有效改善和提高小麦馒头的综合理化性质,全麦粉比精制粉能够进一步提高小麦馒头的营养、功能和感官品质,这些结果为全麦馒头食品的开发和应用提供了新的理论见解和实验依据。

关键词:馒头;酸面团;微生物群落;回添发酵;质构;主成分分析

中图分类号:TS201.3　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1000-1298(2026)07-0396-11　　**OSID**:

Effects of Refined and Whole Grain Wheat Flour on Microbial Community of Backslopping Fermented Sourdough and Physicochemical Properties of Steamed Bread

DU Xinrui[1,2]　HONG Qingping[1,2]　LI Hongfei[1,2]　DI Ziqing[1,2]　YAO Yuxi[1,2]　GE Xianglin[1,2]　SUN Daqing[1,3]

(1. *National Coarse Cereals Engineering Research Center*, *Heilongjiang Bayi Agricultural University*, *Daqing* 163319, *China*
2. *College of Food Science*, *Heilongjiang Bayi Agricultural University*, *Daqing* 163319, *China*
3. *Key Laboratory of Agro-products Processing and Quality Safety of Heilongjiang Province*, *Heilongjiang Bayi Agricultural University*, *Daqing* 163319, *China*)

Abstract: The refined flour and whole grain flour of the same variety of wheat were used as raw materials to produce sourdough steamed bread by backslopping fermentation. The effects of white flour and whole grain flour on the microbiota of backslopping fermented sourdough and the physicochemical properties of steamed bread were investigated by comparing the differences between the sourdough microbiome and the properties of steamed bread. The results showed that the differences in fungal communities between mature refined flour and whole wheat sourdough were mainly reflected in the differences in fungal community structure. *Blumeria graminis* was the dominant fungus in refined flour sourdough, while *Saccharomyces* sp. was the dominant fungus in whole wheat sourdough. The physicochemical properties and sensory quality of steamed bread made from backslopping fermentation with whole wheat and refined flour were compared comprehensively. The results of principal component analysis showed that the preparation method was the main factor affecting the physicochemical properties of steamed bread, while the flour type (refined flour and whole wheat flour) was the secondary factor. Finally, Person correlation

收稿日期:2025-02-04　修回日期:2025-03-13

基金项目:国家重点研发计划项目(2018YFE0206300)、黑龙江省优秀青年教师基础研究支持计划项目(YQJH2024169)和黑龙江八一农垦大学研究生创新科研项目(YJSCX2024-Y23)

作者简介:杜新蕊(1999—),女,硕士生,主要从事食品微生物研究,E-mail:1343649015@qq.com

通信作者:孙大庆(1979—),男,副研究员,博士,主要从事食品微生物与生物技术研究,E-mail:sundaqing1979@163.com

analysis proved that six key microorganisms had significant and specific effects on multiple physicochemical properties of refined flour and whole wheat steamed bread. In conclusion, the results proved that backslopping fermentation could effectively improve and enhance the comprehensive physicochemical properties of wheat steamed bread, and whole wheat flour could further improve the nutrition, function and sensory quality of wheat steamed bread compared with refined flour. These results provided theoretical insights and experimental basis for the development and application of whole wheat steamed bread.

Key words: steamed bread; sourdough; microbial community; backslopping fermentation; texture; principal component analysis

0　引言

酸面团是一种制作发酵面食的古老发酵技术，是面粉和水在微生物发酵作用下形成的具有酸化和发酵活力的一种发酵剂[1]。酸面团的使用对改善馒头的风味、质地和稳定性有积极影响[2]。传统酸面团食品制作时，经常会利用上一次发酵酸面团的一小部分作为下一次新面团发酵的发酵剂，这种重复传代的发酵方式称为回添发酵。回添发酵有助于保持产品口感、风味和品质的稳定，但是也存在着制作费时、菌群复杂多变等缺点。精制小麦粉（白面）虽然相比全麦粉色泽更加白净、质地更加柔软细腻，但在制粉加工中去除了麸皮和胚芽，损失了大量对人体健康有积极影响的营养成分，全麦粉含有更高水平的维生素、矿物质、膳食纤维和其他功能活性成分，如类胡萝卜素、黄酮类化合物和酚酸[3]。尽管现在人们更加倾向于食用精制小麦粉食品，但在追求营养健康和膳食平衡的当下，对人类健康更加有益的全麦粉同样是消费者的重要选择。

面粉是决定馒头质地、营养和风味等理化品质的主要因素，以往馒头原料相关研究主要集中于面粉种类（不同谷物）和品质（不同面筋蛋白含量）对馒头品质的影响。文献[4]将荞麦、青稞、鹰嘴豆、绿豆磨粉后以不同比例混入小麦粉中制作杂粮馒头，对比了质构、感官、风味等指标，结果表明杂粮添加量为 20% 时，馒头的风味和品质最佳。文献[5]对比了不同品种小麦粉的理化性质对馒头品质的影响，结果表明小麦粉中高蛋白和高湿面筋含量有利于增加馒头比容，且蛋白含量与馒头结构及弹性呈显著性正相关。然而目前关于同一品种小麦的全麦粉和精制粉制作酸面团馒头的理化性质差异研究未见报道。

酸面团中发酵微生物同样对馒头品质具有重要影响，以往研究发现不同种类小麦面粉自然发酵酸面团中优势微生物是不同的。文献[6]研究了一种新型小麦制成的酸面团中微生物群落的变化，经过 10 次回添发酵后，发现植物乳植物杆菌（*Lacitplanttibacillus plantarum*）是成熟酸面团中的优势菌；而文献[7]研究了全谷物和精制粉制作的Ⅰ型小麦酸面团在发酵过程中微生物的变化，发现两种面粉酸面团中都存在短促生乳杆菌（*Levilactobacillus brevis*）和消化伴生乳杆菌（*Companilactobacillus alimentarius*），但仅在全麦酸面团中检测到 *Leuconostoc holzapfelii/citreum* 种群和 *Leuconostoc mesenteroides/pseudomesenteroides* 种群。然而成熟酸面团中优势微生物差异是由面粉原料还是由其他因素（例如发酵工艺、环境条件）造成的一直存在争议，因此在相同工艺条件下探究同一个小麦品种精制粉和全麦粉对酸面团微生物群落结构和组成的影响具有理论价值和现实意义。

本文通过高通量测序技术，以全谷物和精制小麦粉为原料，对比全谷物和精制粉回添发酵酸面团中微生物群落的异同，探究差异微生物和不同原料对馒头理化性质及感官品质的影响，旨在发掘全麦馒头的健康益处，为全麦食品的研究提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　材料与试剂

小麦品种为龙麦 94，黑龙江省农业科学院作物资源研究所；高活性干酵母（酿酒酵母 *Saccharomyces cerevisiae*），安琪酵母股份有限公司；植酸钠、2,4,6-三吡啶基三嗪（TPTZ），上海易恩化学技术有限公司；2-2 联吡啶、三氯化铁、冰乙酸，上海麦克林生化科技股份有限公司；硫酸高铁铵、甲醇，辽宁泉瑞试剂有限公司；葡萄糖（Glucose）含量（GOPOD 氧化酶法）检测试剂盒，苏州格锐斯生物科技有限公司；DNA 纯化试剂盒，Promega 公司，美国；测序文库构建试剂盒，Bioo scientific 公司，美国。

1.2　仪器与设备

SHP－250F 型生化培养箱，上海森信实验仪器有限公司；SPECTROstar 型全波长酶标仪，BMG 科技（中国）有限公司；FE28－standard 型便携式 pH 计，梅特勒-托利多仪器有限公司；T6 型新世纪紫外可见光-分光光度计，北京普析通用仪器有限责任公

司;TBS - 380 型荧光仪,Illumina 公司,美国;Illumina HiSeq 型测序仪,Illumina 公司,美国;Covaris M220 Nanopore 型测序仪,Oxford 公司,英国;GeneAmp9700 型 PCR 仪,ABI 公司,英国;NanoDrop ONE 型微量紫外-分光光度计,Thermo 公司,美国;CR-410 型色度仪,柯尼卡美能达(中国)投资有限公司;TA. TOUCH 型质构仪,上海保圣实业发展有限公司。

1.3 酸面团和小麦馒头的制作

利用粉碎机将完整小麦籽粒磨粉,过 90 目筛,得到全麦小麦粉;利用磨粉机去除小麦籽粒麸皮和胚芽层,将辗磨后的小麦颗粒粉碎,过 90 目筛,得到精制小麦粉。取全麦粉或精制粉 50 g,加入 50 g 无菌水混匀,30℃发酵 10 h,4℃放置 14 h,取出 20 g 已发酵面团加入 40 g 面粉和无菌水重复上述步骤,连续传代 10 次,取第 10 代发酵结束酸面团 18 g,加入 51 g 全麦粉或白面粉和 21 g 无菌水于揉面机中揉面 10 min,30℃发酵 10 h。发酵结束后取出面团加入 0.5 g 食用小苏打于揉面机中揉面 10 min,醒发 45 min 后置于蒸烤一体箱中 100℃蒸制 15 min。回添发酵全麦和白面馒头分别标记为 BQ 和 BB。取全麦粉或精制粉 60 g 加入 30 g 无菌水、0.5 g 安琪酵母、0.5 g 食用小苏打,其余步骤与上述回添馒头一致。酵母发酵全麦和白面馒头分别标记为 YQ 和 YB。取全麦粉或精制粉 60 g 加入 30 g 无菌水、0.5 g 食用小苏打,加入适量乳酸调节 pH 值与回添发酵酸面团一致。其余步骤与上述回添馒头一致。人工酸化全麦和白面馒头分别标记为 AQ 和 AB。

1.4 酸面团 pH 值的测定

取 1 g 酸面团加入 9 mL 无菌水,混匀后,用 pH 计测定悬浊液的 pH 值。

1.5 酸面团微生物扩增子高通量测序

1.5.1 DNA 的提取和 PCR 的扩增

按照制造商的说明,使用 EZNA 土壤 DNA 试剂盒提取总基因组 DNA。通过 PCR 扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区和真菌 rRNA 基因的内部转录间隔区(95℃下 3 min,95℃下 27 或 35 个循环 30 s,55℃持续 30 s,72℃持续 45 s,最后延长 72℃,10 min)。细菌扩增引物为 338F(ACTCCTACGGGAGGCAGCAG)和 806R(GGACTACHVGGGTWTCTAAT),真菌扩增引物为 ITS3F(GCATCGATGAAGAACGAGC)和 ITS4R(TCCTCCGTTTGATATGC)。

1.5.2 Illumina 高通量测序

PCR 产物从 2% 琼脂糖凝胶中回收,使用 AxyPrep DNA 凝胶提取试剂盒纯化,并使用荧光计进行定量。在 Illumina MiSeq 平台上进行细菌和真菌扩增子测序。

1.5.3 生物信息学分析

测序原始数据利用软件 fastp 进行过滤,并由 FLASH 合并。使用 UPARSE 对具有 97% 相似性的序列聚类为操作分类单元(OTU),并鉴定和删除嵌合序列。使用 RDP Classifier 对细菌的 Silva 数据库和真菌的 UNITE 数据库进行了比对和鉴定分析,置信阈值为 0.7。相对丰度在 1% 以上的微生物称为优势类群,相对丰度小于 1% 的微生物称为非优势类群。

1.6 馒头色度的测定

参照文献[8]的方法,采用高精度色度仪对馒头进行色泽分析测定。L^* 代表亮度,a^* 代表红绿值,b^* 代表黄蓝值,色差 ΔE 计算式为

$$\Delta E = \sqrt{(\Delta a)^2 + (\Delta b)^2 + (\Delta L)^2}$$

1.7 馒头比容及质构的测定

参照文献[9]的方法测定馒头的质构性质。质构仪测试条件设定为:探头型号为 TA/36,压缩率为 30%,两次压缩间隔 5 s,测前、测间、测后速率均为 2 mm/s,起点感应力为 5 g。

1.8 馒头淀粉消化率及预期血糖指数的测定

参照文献[10]的方法进行淀粉消化率的测定,快消化淀粉(Rapidly digestible starch, RDS)、慢消化淀粉(Slowly digestible starch, SDS)和抗性淀粉(Resistant starch, RS)含量,以及预期血糖指数(Expected glycemic index, eGI)的测定。用 GB5009.9—2016 方法测定总淀粉含量。

1.9 馒头膳食纤维含量的测定

参照文献[11]方法测定不可溶性膳食纤维(Insoluble dietary fiber,IDF)含量和可溶性膳食纤维(Soluble dietary fiber,SDF)含量。

1.10 馒头蛋白质消化率的测定

参照文献[12]方法测定馒头蛋白质体外消化率(In vitro protein digestibility,IVPD)。

1.11 馒头总酚含量的测定

参照 T/ NAIA 097—2021 方法测定馒头的总酚含量。

1.12 馒头铁离子还原能力的测定

参照文献[13]的方法,取 2.5 mL 20 mmol/L TPTZ 溶液、2.5 mL 20 mmol/L 的三氯化铁溶液和 25 mL 0.1 mol/L 乙酸-乙酸钠缓冲液,混合均匀后于 37℃水浴 10 min 后得到 FRAP 工作液。取 0.5 mL 总酚提取液,加入 2 mL FRAP 工作液,蒸馏水定容至 10 mL,混匀后避光静置 30 min,于 593 nm 处测定其吸光度。分别取不同浓度的三氯化铁(0.025、0.05、0.1、0.2、0.4 mmol/L)溶液,按上述步

骤测定其吸光度并制作标准曲线。标准曲线方程为 $y=1.250\,4x+0.184\,4$，$R^2=0.997$。

1.13　馒头植酸含量的测定

参照文献[14]的方法并略作修改，取 0.2 g 硫酸高铁铵溶解于 100 mL 2 mol/L 盐酸后定容至 1 000 mL。取 1 g 2-2 联吡啶，加入 1% 巯基乙酸后定容 100 mL。取 1 g 样品加入 30 mL 0.5 mol/L 盐酸溶液常温振荡提取 3 h，离心后取 0.5 mL 上清液加入 1 mL 硫酸高铁铵溶液沸水浴 30 min 后再次离心。取 1 mL 上清液加入 1.5 mL 的 2-2 联吡啶溶液于 519 nm 测定吸光度。分别取 1 mg/mL 植酸钠水溶液 0、0.1、0.2、0.3、0.4、0.5 mL，用 0.5 mol/L 盐酸溶液定容至 2 mL，按上述步骤测定其吸光度并制作标准曲线，标准曲线方程为 $y=-2.334\,2x+1.220\,7$，$R^2=0.995$。

1.14　小麦馒头的感官评价

参照文献[15]的方法，挑选 10 名接受感官评价培训的人员，采用双盲法对小麦馒头外观、色泽、结构、口感、风味、整体接受度等指标进行打分评价，评分标准见表 1。

表 1　馒头感官评价标准

Tab.1　Sensory evaluation for steamed bread

感官项目	评分标准
外观	光滑、对称 12～15；中等 8～11；形状不对称 4～7
色泽	棕色、黄棕色、浅白色 8～15；中等 6～7；发灰、发暗 4～5
结构	气孔均匀 12～15；中等 8～11；不均匀 4～7
口感	爽口不黏牙 15～20；中等 10～15；不爽口 4～10
风味	清新无异味 10～15；中等 6～10；有异味 4～5
整体接受度	较喜欢 14～20；既不讨厌也不喜欢 8～14；较不喜欢 4～7

1.15　数据处理与统计分析

所有样品指标检测均重复 3 次，数据以“平均值 ± 标准差”表示。使用 SPSS 26 软件对数据进行单因素方差分析，$P<0.05$ 表示差异显著。使用 Pearson 进行相关性分析，通过 Origin 2022 或 Graphpad Prism 9 进行图形绘制。

2　结果与分析

2.1　面粉对小麦酸面团 pH 值的影响

酸化是面团中微生物发酵作用的结果，酸化速度可以间接反映面团中微生物群落的生长和成熟，酸化结果（发酵结束时面团的 pH 值）对馒头的理化性质具有重要的影响[16]。两组酸面团每次回添发酵结束时 pH 值的变化结果如图 1 所示。在回添发酵开始前，全麦酸面团的初始 pH 值（6.60 ± 0.01）略高于白面酸面团 pH 值（6.35 ± 0.02），随着回添发酵的进行，在第 3 次回添发酵结束时，全麦酸面团的 pH 值已趋近于稳定，而在第 6 次回添发酵结束时，白面酸面团的 pH 值开始趋近于稳定，在第 10 次回添发酵结束时，全麦酸面团终点 pH 值（3.94 ± 0.01）略低于白面酸面团 pH 值（4.05 ± 0.02），与两组酸面团初始 pH 值大小相反。这些结果表明，在相同发酵条件下全麦比白面面团酸化速度更快，成熟时间更早，成熟后酸度更低，因此酸化速度和酸化结果差异很可能会造成两种馒头理化性质的不同。此外，这些结果间接表明，全麦粉比白面更有利于小麦酸面团中微生物群落的生长发育和演替成熟，有利于产生更多的酸性代谢产物，进而引起全麦和白面馒头理化性质的不同。

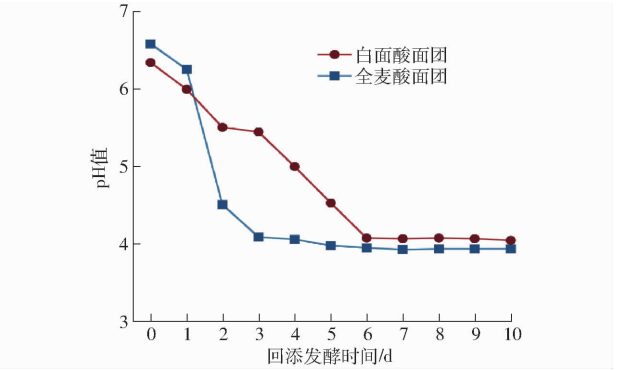


图 1　回添发酵过程中全麦和白面酸面团 pH 值变化曲线

Fig.1　The pH value changes of whole grain and refined flour sourdough during backlopping fermentation

2.2　面粉对成熟酸面团中微生物群落的影响

为了全面解析全麦和白面成熟酸面团中微生物群落多样性和组成，对回添发酵结束时所有全麦和白面酸面团样品分别进行了细菌和真菌高通量扩增子测序。测序结果显示，6 个样品共获得 319 780 个细菌 clean reads 序列和 329 112 个真菌 clean reads 序列，抽平后每个样品获得 41 066 个细菌有效 reads 序列和 48 514 个真菌有效 reads 序列，经序列同源性分析，所有样品鉴定得到细菌 34 个物种和 80 个 OTU，真菌 92 个物种和 175 个 OTU。

2.2.1　微生物群落 α-多样性

α-多样性是描述环境微生物群落中物种数量（丰富度）和物种多样性的指标。通常使用 Chao、Ace 指数描述群落的丰富度，使用 Shannon、Simpson 指数描述群落的多样性。全麦和白面酸面团回添发酵结束时微生物群落 α-多样性如图 2（图中 * 表示样品之间存在显著性差异（$P<0.05$），ns 表示样品之间无显著性差异）所示。由图 2a、2b 可知，全麦和白面酸面团细菌群落丰富度（Chao、Ace）和多样性（Shannon、Simpson）指数均没有显著性差异（$P>$

0.05),4 个指数结果一致表明成熟全麦和白面酸面团中细菌群落 α-多样性没有显著差异。由图 2c、2d 可知,全麦酸面团真菌群落 Chao、Ace 指数均显著低于白面($P<0.05$),表明全麦酸面团真菌群落丰富度低于白面;全麦酸面团真菌群落 Shannon 指数显著低于白面($P<0.05$),且 Simpson 指数高于白面,表明全麦酸面团真菌群落多样性低于白面,因此 4 个指数结果一致表明成熟全麦酸面团中真菌群落 α-多样性明显低于成熟白面酸面团。根据文献[17]论述,发酵食品菌群差异主要由原料、工艺、环境因素驱动,由于本研究采用了相同的发酵工艺和环境条件,因此造成全麦酸面团真菌多样性低于白面的主要原因可能是白面和全麦粉制粉方法不同(见 1.3 节)。总之,细菌和真菌群落 α-多样性结果证明,回添发酵成熟的全麦和白面酸面团中细菌群落差异很小,全麦酸面团真菌群落物 α-多样性明显低于白面酸面团,因此全麦和白面馒头理化性质差异很可能是由成熟酸面团中真菌群落差异造成的。

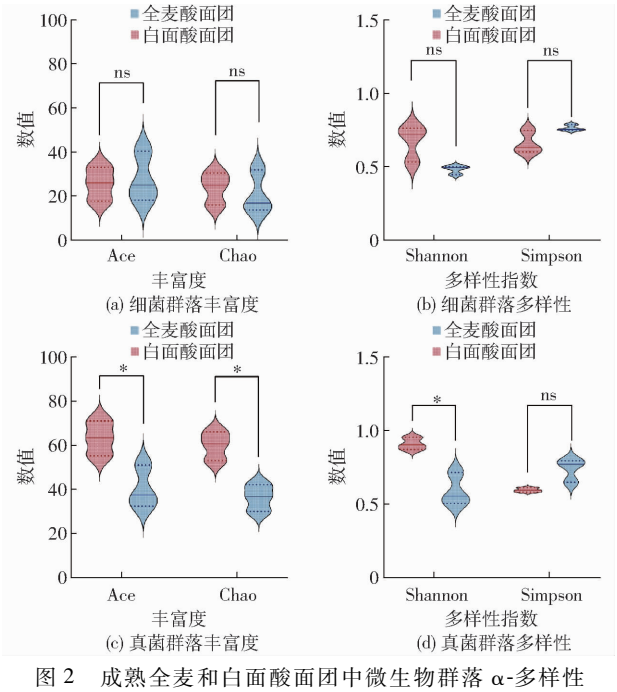


图 2 成熟全麦和白面酸面团中微生物群落 α-多样性

Fig. 2 The α-diversity of microbial communities in mature whole grain and refined flour sourdough

2.2.2 微生物群落 β-多样性

回添发酵结束时全麦和白面酸面团中微生物群落组成如图 3 所示。由图 3a 可知,全麦和白面酸面团细菌群落都只含有 1 个相同的优势物种(*Pediococcus pentosaceus*),全麦酸面团中 *P. pentosaceus* 平均相对丰度(86.72%)高于白面酸面团中 *P. pentosaceus* 平均相对丰度(79.73%),表明成熟全麦和白面酸面团细菌具有相似的群落结构和相同的优势类群。由图 3b 可知,全麦酸面团含有 3 个优势类群:*Saccharomyces* sp.(85.10%)、*Blumeria graminis*(10.53%)和未鉴定 Fungi(1.67%),而白面酸面团含有 7 个优势类群:*B. graminis*(76.02%)、未鉴定 Fungi(14.65%)、*Alternaria tenuissima*(2.70%)、*Fusarium asiaticum*(1.83%)、*Cladosporium*(1.18%)、*Didymellaceae*(1.16%)、*Fungi* sp.(1.12%),表明成熟全麦和白面酸面团真菌具有不同的群落结构和优势类群。酵母菌属 *Saccharomyces* 是以往研究中成熟酸面团最常见的优势发酵真菌[18],因此 *Saccharomyces* 是本研究成熟全麦酸面团中绝对优势发酵真菌。文献[19]研究表明,*B. graminis* 是小麦白粉病的病原菌,不参与面团的发酵作用,此外 *B. graminis* 与未鉴定 Fungi 的丰度比值在白面和全麦酸面团中都是稳定的,且全麦酸面团中比值(6.32)略高于白面(5.19),这些结果表明,两种成熟酸面团样品中 *B. graminis* 和未鉴定 Fungi 可能都来自面粉原料,在回添发酵过程中它们基本不参与面团的发酵作用,由于白面在制粉过程中除去了麸皮和胚芽,因此白面比全麦酸面团中含有较低丰度的 *B. graminis*。基于上述分析,成熟全麦和白面酸面团中细菌群落显示相似的菌群结构和相同的优势细菌,而真菌群落显示不同的菌群结构和优势真菌。

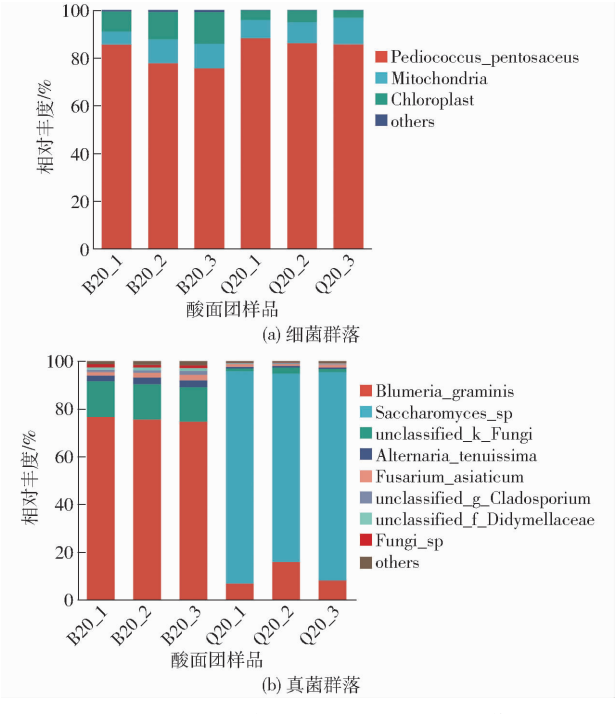


图 3 成熟全麦和白面酸面团中微生物群落组成

Fig. 3 Community composition in mature whole grain and refined flour sourdough

为了进一步分析全麦和白面酸面团中微生物群落组成的差异,对两组酸面团样品进行了 LEfSe 分析。分析发现,两组样品之间共有 25 个细菌

(图 4a)和 61 个真菌(图 4c)分支类群存在显著性差异,当线性判别分析(LDA)阈值为 3 时,在物种水平全麦酸面团具有 3 个显著差异的 Biomarker 物种,包括细菌 *P. pentosaceus*(图 4b)、真菌 *Saccharomyces* 和 *Fusarium poae*(图 4d),白面酸面团也具有 3 个显著差异的 Biomarker 物种,包括细菌 *Weissella cibaria*(图 4b)、真菌 *B. graminis* 和 *Aspergillus penicillioides*(图 4d)。这些 Biomarker 物种的存在表明,成熟的全麦和白面酸面团之间不仅优势物种存在显著不同,而且一些非优势物种同样存在显著差异,这进一步证明成熟全麦和白面酸面团中微生物群落结构和组成之间存在明显的差异。

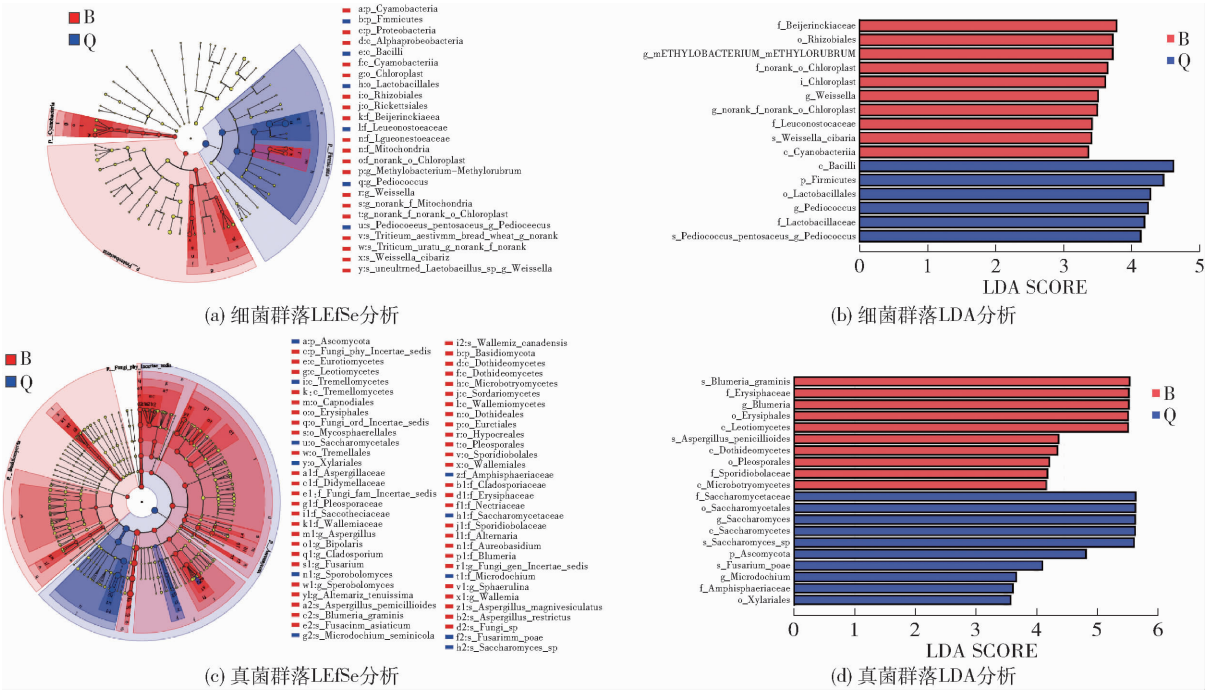


图 4　成熟全麦和白面酸面团微生物群落的 LEfSe 分析

Fig. 4　LEfSe analysis of microbial communities in mature whole grain and refined flour sourdough

2.3　面粉对馒头色度、比容和质构性质的影响

颜色是影响消费者选择食品的重要指标,也是白面比全麦馒头受欢迎的重要原因。本研究 6 组馒头的色度结果如表 2 所示。回添发酵全麦馒头 L^* 值显著低于白面馒头($P<0.05$),回添发酵全麦馒头 a^* 和 ΔE 值显著高于白面馒头($P<0.05$),而回添发酵全麦和白面馒头 b^* 值没有显著差异($P>0.05$),与酵母发酵、人工酸化全麦和白面馒头色度差异结果完全一致,这些结果证明,尽管制作方式不同但全麦和白面对馒头色度的影响是一致的,即全麦馒头亮度显著低于白面馒头,全麦比白面馒头颜色更偏于红色,全麦和白面馒头黄蓝色基本一致,总体而言全麦馒头与白面馒头色差显著不同。这些结果与文献[20]研究结果一致。

表 2　馒头的色度性质

Tab. 2　Chroma properties of steamed bread

馒头样品	L^*	a^*	b^*	ΔE
YQ	$(58.11\pm0.86)^{b}$	$(10.64\pm0.67)^{b}$	$(22.88\pm0.32)^{a}$	$(41.80\pm0.52)^{a}$
YB	$(67.83\pm0.47)^{a}$	$(3.92\pm0.62)^{e}$	$(21.42\pm2.96)^{ab}$	$(32.69\pm2.17)^{b}$
BQ	$(51.35\pm5.58)^{c}$	$(9.98\pm0.50)^{b}$	$(16.47\pm0.93)^{bc}$	$(44.82\pm5.53)^{a}$
BB	$(66.46\pm1.37)^{a}$	$(5.73\pm0.07)^{d}$	$(14.26\pm0.29)^{c}$	$(29.84\pm1.08)^{b}$
AQ	$(53.14\pm1.83)^{bc}$	$(13.64\pm1.52)^{a}$	$(24.26\pm2.70)^{a}$	$(47.17\pm2.81)^{a}$
AB	$(67.66\pm3.74)^{a}$	$(7.79\pm1.60)^{c}$	$(20.93\pm5.36)^{ab}$	$(32.63\pm4.41)^{b}$

注:同一列数据上角标的不同字母代表数据之间具有显著性差异($P<0.05$)。

比容和质构性质是反映馒头口感的关键指标。图 5(同一颜色柱状图之间的不同字母表示数据之间具有显著性差异($P<0.05$);未标记字母表示数据之间不具有显著差异性)显示了 6 组馒头的比容和质构性质经发酵后的变化情况。发酵后,馒头比容和各项质构性质均有不同程度的提升,其中比容

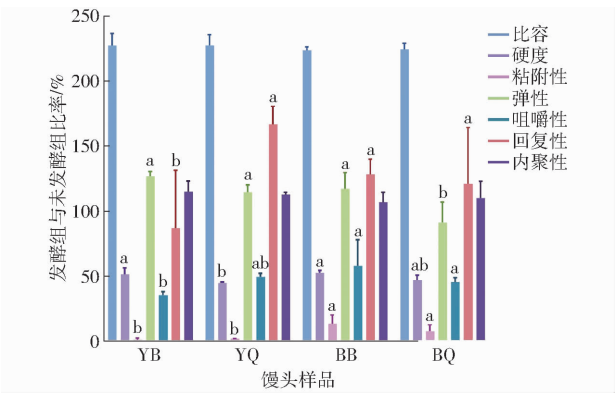


图 5　馒头的比容和质构性质

Fig. 5　Specific volume and texture of steamed bread

增加最大(比容比率大于200%)。硬度是最直接反应口感的指标,馒头经过发酵后,硬度为未发酵组的50%左右。粘附性是指馒头粘着在探头所做的功[21],测试馒头在探头上的粘着作用,发酵馒头的粘附性均比未发酵馒头的高,说明发酵使馒头更爽口,不粘牙。馒头经发酵后,弹性、咀嚼性、回复性、内聚性有显著提升,其中酵母白面 YB 馒头对弹性的提升最大。咀嚼性可以解释为咀嚼固体食物所需的能量[22],发酵可以降低馒头的咀嚼性,且白面馒头比全麦馒头咀嚼需要的能量更小。酵母全麦 YQ 馒头对比未发酵全麦馒头回复性提升更大;内聚性代表面包内部结构在外力作用下抵抗破坏并紧密连接、使之保持完整的能力,馒头经过发酵以后内聚性均有明显提升。

2.4 面粉对馒头淀粉消化性质的影响

为了探究面粉对馒头淀粉消化性质的影响,在体外模拟消化条件下测定了 6 组馒头的淀粉消化动力学曲线、淀粉组成和预期血糖指数。由图 6a 可知,在 60 min 之前所有馒头淀粉消化率迅速增加,而在 60 min 之后淀粉消化率缓慢增加,在整个消化过程中,人工酸化组馒头淀粉消化率普遍高于发酵组,酵母发酵组馒头淀粉消化率略高于回添发酵组;消化结束时(180 min),馒头淀粉消化率大小依次为:人工酸化组、酵母发酵组、回添发酵组,所有全麦馒头均比同方法组白面馒头淀粉消化率低。这些结果表明相同制作方法条件下全麦比白面馒头淀粉消化率更低,回添发酵比其他两种方法制作的馒头淀粉消化率更低,证明全麦可以降低并改善白面馒头的淀粉消化率,回添发酵比其他两种方法更有利于降低和改善馒头淀粉消化率。由图 6b(不同字母代表数据之间具有显著性差异($P<0.05$),下同)可知,6 组馒头中回添发酵全麦 BQ 馒头抗性淀粉质量分数最高(43.94%),酵母发酵白面 YB 馒头慢消化淀粉质量分数最高(24.23%),而所有馒头快消化淀粉含量没有显著性差异($P>0.05$)。由图 6c 可知,6 组馒头 eGI 大小依次为:AB、AQ、YB、YQ、BB、BQ。总体而言,发酵馒头比未发酵馒头淀粉消化率降低,抗性淀粉含量增加,eGI 减小,显著改善了馒头的淀粉消化性质,其中淀粉消化率、淀粉组分和 eGI 结果一致证明回添发酵全麦 BQ 馒头比其他馒头具有最佳的淀粉消化性质。

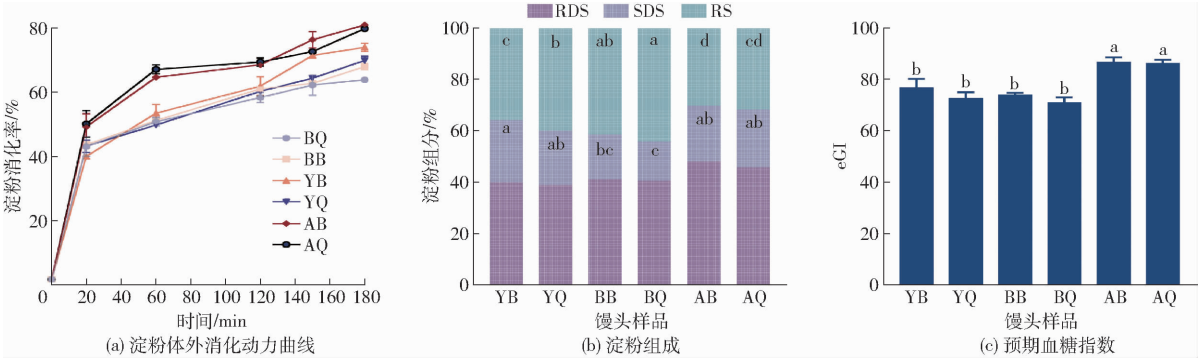


图 6 馒头的淀粉消化性质

Fig. 6 Starch digestibility of steamed bread

2.5 面粉对馒头蛋白质消化性质的影响

为了探究面粉对馒头蛋白质消化性质的影响,在体外模拟消化条件下测定了 6 组馒头蛋白质体外消化率。酸面团中微生物发酵作用可以将大分子蛋白质降解为小分子的多肽和氨基酸,从而有利于人体消化和吸收。6 组馒头蛋白质体外消化率如图 7 所示。发酵组馒头蛋白质消化率明显高于未发酵的人工酸化组馒头,发酵组中回添发酵全麦 BQ 馒头蛋白质消化率最高(47.04%),酵母发酵白面 YB 馒头蛋白质消化率最低(37.22%),这些结果表明发酵可以大大提高馒头的蛋白质消化率,但不同发酵微生物对面团中蛋白质利用能力不同,回添发酵比酵母发酵更有利于提高馒头的蛋白质消化率。

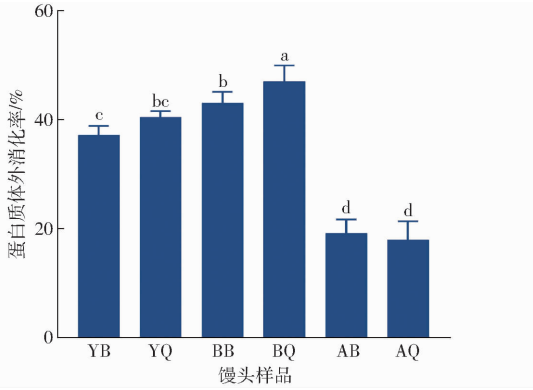


图 7 馒头的蛋白质体外消化率

Fig. 7 In vitro digestibility of steamed bread protein

2.6 面粉对馒头膳食纤维含量的影响

膳食纤维作为人体的七大营养素之一,人体摄

入后可以降低患心血管疾病、直肠癌和糖尿病等疾病的风险。根据溶解度不同，膳食纤维可分为不溶性膳食纤维和可溶性膳食纤维[23]。6 组馒头的膳食纤维含量及组成如图 8a 所示。所有全麦和白面馒头的 IDF 和总膳食纤维含量之间存在显著性差异（$P<0.05$），而全麦或白面馒头的 IDF 和总膳食纤维含量之间没有显著差异（$P>0.05$），这表明面粉类型是决定馒头中 IDF 和总膳食纤维含量的主要因素，而制作方法对馒头 IDF 和总膳食纤维含量影响较小。6 组馒头 SDF 含量显示一定的差异，酵母发酵白面 YB 馒头 SDF 含量最高（9.93 mg/g），回添发酵白面 BB 馒头 SDF 含量最低（5.8 mg/g），但各组馒头 SDF 含量之间多数差异不显著，表明面粉类型和制作方法对馒头 SDF 含量影响较小。

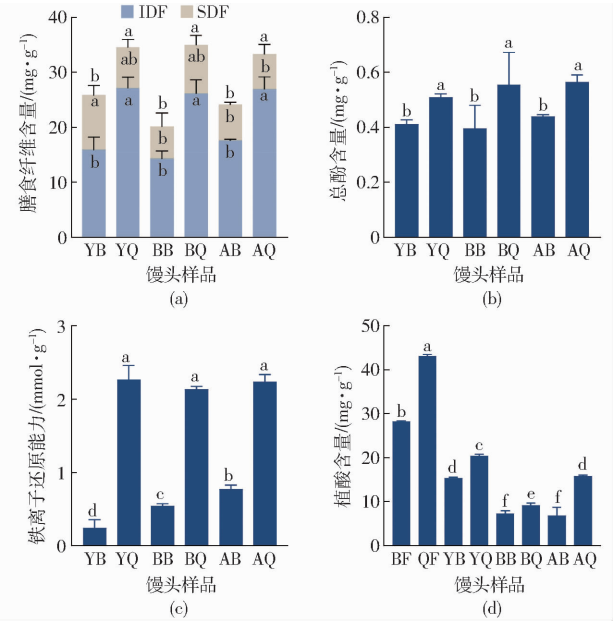


图 8　馒头膳食纤维、总酚和植酸含量及抗氧化活性

Fig. 8　Dietary fiber, total phenols, phytic acid and antioxidant activity of steamed bread

2.7　面粉对馒头总酚含量和抗氧化活性的影响

图 8 显示 6 组馒头的总酚含量和抗氧化能力。由图 8b 可知，所有全麦馒头的总酚含量显著高于白面馒头，但不同制作方法的全麦或白面馒头总酚含量之间没有显著差异（$P>0.05$），表明面粉类型是影响馒头总酚含量的主要因素，而制作方法对馒头总酚含量影响不大。6 组馒头的铁离子还原能力表现出与总酚含量类似的规律，即面粉类型是影响馒头抗氧化能力的主要因素，而制作方法对馒头抗氧化能力影响不大，尤其是全麦馒头（图 8c）。这些结果表明馒头总酚含量与抗氧化活性虽然存在一定的正相关性，但总酚中具体组成与抗氧化活性可能存在更直接的相关性，因为不同酚类化合物的抗氧化活性不同[24-25]。

2.8　面粉对馒头植酸含量的影响

植酸广泛存在于谷物食品中，是谷物中磷的主要贮存形式，由于植酸在人体内可以螯合蛋白质和矿物质，形成难以降解的复合物，严重影响蛋白质和矿物质元素的消化和吸收，因此植酸被认为是食品中的抗营养因子[26]。植酸酶能够催化植酸中磷酸单酯键水解，释放游离磷酸和多种矿物质元素，从而提高食品的蛋白质和矿物质利用率[27]。为了了解面粉类型对馒头中植酸含量的影响，测定了面粉和 6 组馒头中植酸含量。由图 8d 可知，全麦粉中植酸含量明显高于白面粉，表明小麦谷粒的麸皮和胚芽中植酸含量高于胚乳，这与文献[28]研究结果一致。与原料面粉相比，6 组馒头植酸含量均显著降低（$P<0.05$），白面馒头植酸含量均显著低于同一方法制作的全麦馒头，全麦馒头中回添发酵 BQ 馒头植酸含量最低（9.77 mg/g），白面馒头中人工酸化 AB 馒头最低（7.23 mg/g），回添发酵白面 BB 馒头植酸含量与 AB 馒头没有显著差异（$P<0.05$），这些结果表明面粉类型可以显著影响馒头中植酸含量，但 3 种制作方法对馒头中植酸含量的影响更重要，其中回添发酵比其他两种方法可以更有效地降低馒头中的植酸含量，即回添发酵方法可以有效提高馒头中蛋白质和矿物质元素的可及性和生物利用度。酸面团中植酸酶既有来自谷物颗粒自身的内源酶，也可以来自发酵微生物产生的外源酶，因此未发酵的人工酸化组 AB、AQ 馒头很可能在酸性条件下（和面时添加了乳酸，方法见 1.3 节）激活了内源植酸酶的活性，从而分解了原料面粉中的植酸。KAISA[29]研究证明酸性环境可以激活植酸酶。

2.9　面粉对馒头感官品质的影响

感官评定能够直接反映出消费者对产品的喜好程度。由图 9 可知，6 组馒头的外观得分较为接近，且白面馒头的得分普遍略高于全麦馒头，其中回添发酵白面 BB 馒头外观得分最高（13.6），人工酸化全麦 AQ 馒头得分最低（9.3）。在色泽方面，全麦馒头的得分均低于白面馒头，这是因为全麦粉比白面粉颜色深，白色馒头会更受人们喜欢，因此面粉类型是影响馒头色泽的最主要因素。在结构、口感和风味方面，酵母发酵馒头得分最高，回添发酵馒头次之，人工酸化馒头得分最低，而同一制作方法中全麦和白面馒头得分差异较小，这表明制作方法对馒头结构、口感和风味的影响较大，而面粉类型对馒头结构、口感和风味的影响较小。整体接受度反映消费者对馒头感官品质的整体接受程度，酵母发酵馒头得分最高，回添发酵馒头次之，人工酸化馒头得分最低，而同一方法中全麦和白面馒头得分差异较小。

总之,感官评价结果表明制作方法对馒头感官品质影响最大,面粉类型对馒头感官品质影响次之。

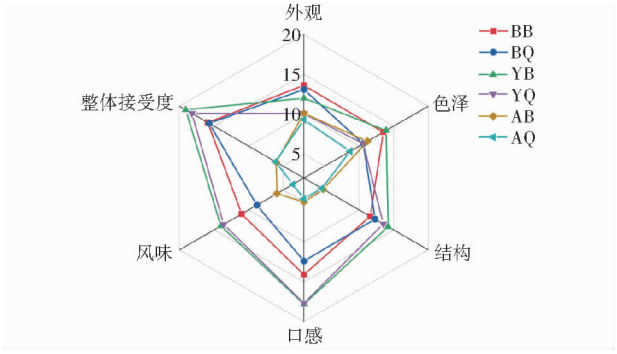


图 9 馒头的感官评价

Fig. 9 Sensory evaluation of steamed bread

2.10 面粉对馒头品质的综合评价

为了综合评价面粉对馒头品质的影响,对 6 组馒头所有理化指标进行了主成分分析。选取前两个因子进行二维主成分分析,其累计方差贡献率为 80.45%,表明前两个因子可以解释所有馒头样品绝大多数指标信息(图 10)。由图 10 中样品位置可知,4 组发酵馒头与第 1 主成分正相关,2 组人工酸化馒头与第 1 主成分负相关,表明第 1 主成分与馒头制作方法直接相关,也就是说制作方法(即回添或酵母发酵)对馒头理化性质影响最大;3 组全麦馒头与第 2 主成分正相关,3 组白面馒头与第 2 主成分负相关,表明第 2 主成分与面粉类型(全麦粉或白面)直接相关,即面粉类型是馒头理化性质影响的第 2 因子。这两个结果与前文中馒头的色度性质、不可溶膳食纤维含量、植酸含量、总酚含量及抗氧化能力等馒头理化指标分析结果一致。同时,图 10 中回添发酵全麦 BQ 馒头和酵母发酵全麦 YQ 馒头聚类,回添发酵白面 BB 馒头和酵母发酵白面 YB 馒头聚类,同时与人工酸化馒头距离很远,表明回添发酵馒头与酵母发酵馒头理化品质相似,证明回添发酵与商业酵母一样可以有效改善和提高馒头综合理化性质。此外,根据图 10 中理化指标的载荷系数,PC1 代表的主要理化指标组合包括胶着性(-0.991)、咀嚼性(-0.977)、硬度(-0.971)、粘附性(0.963)、比容(0.935)、蛋白消化率(0.872)、eGI(-0.866),PC2 代表的主要理化指标组合包括 IDF 含量(0.897)、抗氧化能力(0.888)、ΔE(0.822)、植酸含量(0.792)、总酚含量(0.787)。与白面馒头相比,全麦馒头大多数理化指标和品质得到了有效改善,例如质构、淀粉和蛋白质消化率、抗氧化能力、酚类化合物含量和植酸含量,只有色度品质有所下降,因此除了外观颜色全麦粉几乎改善和提高了馒头的所有理化性质和营养品质,这与 MA 等[30]相关研究结论一致,进一步证明全麦是改善食品综合理化品质的有效手段和方法。

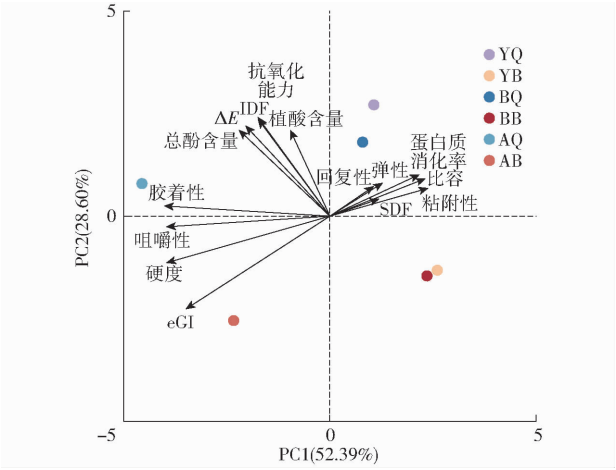


图 10 馒头理化性质的主成分分析

Fig. 10 Principal component analysis of steamed bread

2.11 微生物群落与馒头理化性质的相关性分析

前文(2.2 节)解析了面粉类型对酸面团微生物群落的影响,为了进一步明确关键微生物对馒头理化性质的影响,将成熟全麦和白面酸面团中 6 个关键的 Biomarker 物种(图 4)丰度与回添发酵白面 BB 和全麦 BQ 馒头所有理化指标进行了 Pearson 相关性分析。由图 11a(* 表示差异显著($P<0.05$);** 表示差异极显著($P<0.01$))可知,成熟白面酸面团中 5 个 Biomarker 物种与 BB 馒头大多数理化指标显示相关性,其中优势细菌 *P. pentosaceus* 与 BB 馒头咀嚼性显著负相关,非优势真菌 *Saccharomyces* sp. 和 *A. penicillioides* 与 BB 馒头弹性呈极显著负相关,表明这 3 个菌种对 BB 馒头质构特性具有显著的影响。同时,非优势细菌 *W. cibaria* 和优势真菌 *B. graminis* 对馒头的理化性质影响均不显著($P>0.05$)。由

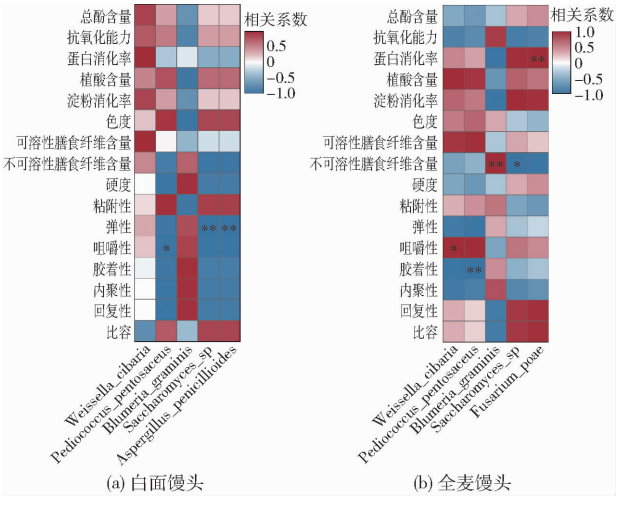


图 11 馒头理化性质与酸面团微生物相关性分析

Fig. 11 Correlation analysis between physicochemical properties of steamed bread and microorganisms of sourdough

图 11b 可知，成熟全麦酸面团中 5 个 Biomarker 物种与 BQ 馒头所有理化指标存在普遍相关性，其中非优势细菌 *W. cibaria* 与 BQ 馒头咀嚼性显著正相关，优势细菌 *P. pentosaceus* 与 BQ 馒头胶着性极显著负相关，优势真菌 *B. graminis* 与 BQ 馒头 IDF 含量极显著正相关，优势真菌 *Saccharomyces* sp. 与 BQ 馒头 IDF 含量显著负相关，非优势真菌 *Fusarium poae* 与 BQ 馒头蛋白质消化率呈极显著正相关，表明这 5 个菌种对 BQ 馒头理化性质具有显著性影响。比较同一微生物对 BB 和 BQ 馒头理化性质显著影响时发现，同一微生物对 BB 和 BQ 馒头理化性质的显著影响都是不同的，这一现象可能有以下 3 种原因：①同一微生物在成熟白面和全麦酸面团中相对丰度不同。②白面和全麦面团营养组分不同，因此同一微生物的代谢底物和产物也是不同的。③此外，优势真菌 *B. graminis* 对 BB 馒头所有理化性质影响不显著，对 BQ 馒头 IDF 含量极显著正相关，这些结果进一步证明 *B. graminis* 可能来自面粉原料的麸皮层，是面粉原位（面团初始）菌群成员，随着每次回添发酵一直存在酸面团中，但基本不参与面团的发酵作用。综上所述，通过相关性分析发现 3 个物种（细菌 *P. pentosaceus* 与真菌 *Saccharomyces* sp.、*A. penicillioides*）对 BB 馒头理化性质具有显著的影响，5 个物种（细菌 *W. cibaria*、*P. pentosaceus* 与真菌 *B. graminis*、*Saccharomyces* sp.、*Fusarium poae*）对 BQ 馒头理化性质具有显著性影响。

3　结束语

本文以同一品种小麦的精制粉和全谷物粉为原料，采用回添发酵方式制作了酸面团馒头，通过比较全麦和白面酸面团微生物群落和馒头理化性质差异，揭示了精制和全谷物小麦粉对回添发酵酸面团微生物群落及其馒头理化性质的影响。首先高通量测序结果表明，成熟全麦和白面酸面团中细菌群落 α、β 多样性差异很小，但真菌群落 α、β 多样性差异显著，LEfSe 分析发现两类酸面团分别含有 3 个显著差异的 Biomarker 物种。其次，以未发酵的人工酸化馒头为阴性对照，商业酵母发酵馒头为阳性对照，比较分析了回添发酵全麦和白面馒头的色度、比容、质构性质，淀粉和蛋白质体外消化性质，抗氧化活性，膳食纤维、总酚和植酸含量以及感官品质的差异。主成分分析结果表明，制作方法（人工酸化、回添发酵和酵母发酵）是影响馒头理化性质的第 1 因子，面粉类型（精制粉和全麦粉）是影响馒头理化性质的第 2 因子，与白面馒头相比，除了颜色全麦馒头所有分析的理化性质和感官品质均得到了显著的改善，回添发酵馒头综合理化品质接近或超过商业酵母发酵馒头。最后相关性分析结果表明，细菌 *P. pentosaceus* 与真菌 *Saccharomyces* sp.、*A. penicillioides* 对回添发酵白面馒头咀嚼性和弹性具有显著影响，细菌 *W. cibaria*、*P. pentosaceus* 与真菌 *B. graminis*、*Saccharomyces* sp.、*Fusarium poae* 对回添发酵全麦馒头咀嚼性、胶着性、不可溶膳食纤维含量和蛋白质消化率具有显著影响。总之，上述结果证明回添发酵方法是改善和提高馒头多种理化品质的有效手段，与精制小麦粉相比，全麦粉能够进一步提高馒头的营养、功能和感官品质，尽管馒头颜色仍存在一定的不足，这些研究结果清晰揭示了同一小麦品种精制粉和全麦粉对成熟酸面团微生物群落和馒头理化性质的影响，为今后馒头理化性质的改良和升级提供了新的方法和思路，为全麦馒头食品的开发和应用提供了新的理论见解和实验依据。

参　考　文　献

[1] RAMOS L, ALONSO-HERNANDO A, MARTÍNEZ-CASTRO M, et al. Sourdough biotechnology applied to gluten-free baked goods: rescuing the tradition[J]. Foods, 2021, 10(7): 1498.

[2] OSHIRO M, MOMODA, R, TANAKA M, et al. Dense tracking of the dynamics of the microbial community and chemicals constituents in spontaneous wheat sourdough during two months of backslopping[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2019, 128(2): 170 – 176.

[3] FAN Z. Influence of ingredients and chemical components on the quality of Chinese steamed bread[J]. Food Chemistry, 2014, 163(15): 154 – 162.

[4] 魏春菊，卢钏燚，赵涛，等. 植物乳杆菌发酵杂粮面团的添加对杂粮馒头品质的影响[J]. 中国粮油学报，2024，39(11)：69 – 78.
WEI Chunju, LU Chuanyi, ZHAO Tao, et al. Effect of addition of lactobacillus plantarum fermented multigrain dough on quality of multigrain steamed bun[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils, 2024, 39(11): 69 – 78. (in Chinese)

[5] 邓丽丽，张艳，张剑，等. 不同品种小麦粉的理化性质与北方馒头品质关系的研究[J]. 中国粮油学报，2022，37(4)：47 – 53.
DENG Lili, ZHANG Yan, ZHANG Jian, et al. Relationship between physicochemical properties of wheat flour from different cultivars and quality of North Chinese steamed bread[J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils, 2022, 37(4): 47 – 53. (in Chinese)

[6] KASHIKA A, ILARIA C, FRANCESCA F, et al. Sourdough performances of the golden cereal *Tritordeum*: dynamics of microbial ecology, biochemical and nutritional features[J]. International Journal of Food Microbiology, 2022, 374: 109725.

[7] MANUELA T, LUCIA A, SERENA P, et al. Microbial diversity of type I sourdoughs prepared and back-slopped with wholemeal and refined soft (*Triticum aestivum*) wheat flours[J]. Journal of Food Science, 2016, 81(8): M1996 – M2005.
[8] 饶颖, 冯小平, 郑静, 等. 南瓜全麦馒头配方优化与营养特性分析[J]. 食品工业科技, 2024, 45(11): 167 – 174.
RAO Ying, FENG Xiaoping, ZHENG Jing, et al. Formula optimization and nutritional characteristics analysis of pumpkin wholewheat steamed bread[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(11): 167 – 174. (in Chinese)
[9] 王宏伟, 聂溱乐, 乔靖玥, 等. 酶制剂对冷冻面团加工特性及馒头品质的影响[J]. 食品工业科技, 2025, 46(14): 299 – 309.
WANG Hongwei, NIE Qinyue, QIAO Jingyue, et al. Effects of enzyme addition on the processing characteristics of frozen dough and the quality of the steamed bread[J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(14): 299 – 309. (in Chinese)
[10] 唐天培. 含酸面团煎饼的品质特性研究[D]. 无锡:江南大学, 2022.
TANG Tianpei. Study on quality characteristics of pancakes with sourdough[D]. Wuxi: Jiangnan University, 2022. (in Chinese)
[11] 曹伟超, 张宾乐, OJOBI O J, 等. 功能性乳酸菌发酵黑豆麦麸酸面团面包的营养及烘焙特性[J]. 食品科学, 2022, 43(2): 142 – 150.
CAO Weichao, ZHANG Binle, OJOBI O J, et al. Nutritional and baking characteristics of black bean-wheat bran sourdough bread fermented by functional lactic acid bacteria[J]. Food Science, 2022, 43(2): 142 – 150. (in Chinese)
[12] 罗昆, 曹伟超, 马子琳, 等. 高产植酸酶乳酸菌发酵对黑豆面包蛋白质品质及烘焙特性的影响[J]. 食品科学, 2021, 42(6): 111 – 117.
LUO Kun, CAO Weichao, MA Zilin, et al. Effect of high-yield phytase lactic acid bacteria fermentation on protein and baking quality of black bean sourdough bread[J]. Food Science, 2021, 42(6): 111 – 117. (in Chinese)
[13] XICAN L, YULU X, HONG X, et al. π – π conjugation enhances oligostilbene's antioxidant capacity: evidence from α-viniferin and caraphenol A[J]. Molecules, 2018, 23(3): 694.
[14] BUDDRICK O, JONES O A H, CORNELL H J, et al. The influence of fermentation processes and cereal grains in wholegrain bread on reducing phytate content[J]. Journal of Cereal Science, 2014, 59(1): 3 – 8.
[15] 谢水琪, 张晓桐, 靳奇文, 等. 乳酸菌发酵剂对杂粮面团及馒头品质的影响[J]. 食品科学, 2023, 44(2): 189 – 194.
XIE Shuiqi, ZHANG Xiaotong, JIN Qiwen, et al. Effect of lactic acid bacteria starter cultures on the quality of multigrain dough and steamed bread[J]. Food Science, 2023, 44(2): 189 – 194. (in Chinese)
[16] TANG N, XING X, LI H, et al. Effect of alkali on the microbial community and aroma profile of Chinese steamed bread prepared with Chinese traditional starter[J]. Foods, 2023, 12(3): 617.
[17] CHEN L, WANG G, TENG M, et al. Non-gene-editing microbiome engineering of spontaneous food fermentation microbiota—limitation control, design control, and integration[J]. Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety, 2023, 22(3): 1902 – 1932.
[18] VUYST L, KERREBROECK S, LEROY F. Microbial ecology and process technology of sourdough fermentation[J]. Advances in Applied Microbiology, 2017, 100: 49 – 160.
[19] ZHU M, DUAN X, CAI P, et al. Biocontrol action of *Trichothecium roseum* against the wheat powdery mildew fungus *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*[J]. Frontiers in Sustainable Food Systems, 2022, 6: 998830.
[20] 吴远宁, 叶文俊, 沈汪洋, 等. 不同全麦粉替代率对冷冻馒头品质的影响研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2022, 13(3): 782 – 789.
WU Yuanning, YE Wenjun, SHEN Wangyang, et al. Effects of different whole wheat flour substitution rates on the qualities of frozen steamed bread[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2022, 13(3): 782 – 789. (in Chinese)
[21] 徐小青. 面筋蛋白对馒头品质的影响[D]. 郑州:河南工业大学, 2020.
XU Xiaoqing. Effects of gluten on the quality of Chinese steamed bread[D]. Zhengzhou: Henan University of Technology, 2020. (in Chinese)
[22] 曹伟超. 含麦麸黑豆酸面团发酵面包的营养与烘焙特性[D]. 无锡:江南大学, 2021.
CAO Weichao. The nutritional and baking characteristics of wheat bran containing black bean sourdough bread[D]. Wuxi: Jiangnan University, 2021. (in Chinese)
[23] MA S, WANG Z, LIU H, et al. Supplementation of wheat flour products with wheat bran dietary fiber: purpose, mechanisms, and challenges[J]. Trends in Food Science and Technology, 2022, 123: 281 – 289.
[24] ZHANG M, ZHANG J, ZHANG Y, et al. The link between the phenolic composition and the antioxidant activity in different small berries: a metabolomic approach[J]. LWT, 2023, 182: 114853.
[25] 陈玲, 王学方, 李智宁, 等. 牡丹花中不同形态酚类化合物及其抗氧化和 α-葡萄糖苷酶抑制活性[J]. 食品科学, 2025, 46(1): 83 – 89.
CHEN Ling, WANG Xuefang, LI Zhining, et al. Composition of free and bound phenolics from *Paeonia suffruticosa* Andr. flowers and their antioxidant and α-glucosidase inhibitory activities[J]. Food Science, 2025, 46(1): 83 – 89. (in Chinese)
[26] ARASHDEEP S, JAGBIR R, AMARJEET K, et al. Enhancement of attributes of cereals by germination and fermentation: a review[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2013, 55(11): 1575 – 1589.
[27] GREGOR M, EMA G, BORIS P, et al. Complex formation of phytic acid with selected monovalent and divalent metals[J]. Frontiers in Chemistry, 2020, 8: 582746.
[28] FRIEDRICH H, MUHAMMAD A, JENS P, et al. Mineral and phytic acid content as well as phytase activity in flours and breads made from different wheat species[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2023, 24(3): 2770.
[29] KAISA P, LAURA F, KATI K. Sourdough and cereal fermentation in a nutritional perspective[J]. Food Microbiology, 2009, 26(7): 693 – 699.
[30] MA S, WANG Z, GUO X. et al. Sourdough improves the quality of whole-wheat flour products: mechanisms and challenges—a review[J]. Food Chemistry, 2021, 360: 130038.