

## 响应面法优化复合菌种发酵豆粕条件

徐力, 田永强, 刘惠琴, 卢燕霞, 张阿强

(兰州交通大学 化学与生物工程学院, 甘肃 兰州 730070)

**摘要:** 以豆粕、麸皮、糖蜜为原料, 利用米曲霉和酿酒酵母混菌发酵生产高蛋白饲料。通过单因素试验研究了菌液接种量、温度、发酵时间、料水比、麸皮添加量、糖蜜添加量对粗蛋白含量的影响。在此基础上进行响应面优化, 得出最佳发酵工艺条件: 装料量 25 g (其中 91% 豆粕、7% 麸皮、2% 糖蜜), 1.5%  $\text{MgSO}_4$ , 1%  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ , 1% 尿素, 1%  $\text{K}_2\text{HPO}_4$ , 料水比 1:1.1, 接种 13% 的菌液, 在 31.3℃ 发酵 78.6 h。在最佳发酵条件下, 粗蛋白含量达到 56%, 比发酵前提高 13.96%; 真蛋白含量达到 52.43%, 比发酵前提高 21.39%; 活菌数达到  $1.38 \times 10^9$ ; 脲酶活性降低了 95.93%。该复合菌株发酵模式可以有效提高产品的蛋白含量, 降低脲酶活性, 降解大分子蛋白质和抗原蛋白, 且发酵过程中产生曲香味和酒香味, 适用于豆粕发酵的工业化生产。

**关键词:** 豆粕; 固态发酵; 响应面

中图分类号: Q815

文献标识码: A

DOI: 10.11861/j.issn.1000-9841.2016.03.0498

## Optimization of Conditions for the Compound Strains Fermented Soybean Meal Using the Response Surface Methodology

XU Li, TIAN Yong-qiang, LIU Hui-qin, LU Yan-xia, ZHANG A-qiang

(School of Chemical and Biological Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China)

**Abstract:** With soybean meal, bran and molasses as raw materials, *Aspergillus oryzae* and *Saccharomyces cerevisiae* as strains fermented for production of high-protein fodder. This paper investigated inoculation quantity, temperature, fermentation time, material-water ratio, the bran addition quantity and the molasses addition quantity on the influence of the total protein content through single factor experiment. On this basis, it is concluded that the best fermentation condition as followed, charge 25 g (91% of soybean meal, 7% of bran, 2% of molasses), addition of 1.5%  $\text{MgSO}_4$ , 1%  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ , 1% urea, 1%  $\text{K}_2\text{HPO}_4$ , the ratio of material to water was 1:1.1, inoculation quantity was 13%, the temperature was 31.3℃, the fermentation time was 78.6 h by using the response surface optimization. Under the optimum fermentation conditions, the total protein content was 56%, 13.96% higher than that of before fermentation. True protein content reached 52.43%, 21.39% higher than that of before fermentation. The viable count achieved  $1.38 \times 10^9$ . Urease activity was reduced by 95.93%. The compound strains fermentation mode could effectively increase the protein content of products, reduce the activity of urease, degrade macromolecular protein and antigen protein, is suitable for soybean meal fermentation of industrial production with the fermentation process of aroma and wine flavor.

**Keywords:** Soybean meal; Solid state fermentation; Response surface

豆粕是大豆榨油后的产物,其蛋白质含量高达 40% ~ 50%, 且氨基酸组成合理,必需氨基酸平衡<sup>[1]</sup>, 是一种廉价优质的植物蛋白源。微生物发酵可以提高蛋白含量和蛋白质的利用率以及很好地去除豆粕中的抗营养因子成分(如胰蛋白酶抑制因子、血球凝集素、大豆抗原蛋白等)<sup>[2-3]</sup>。

复合菌株发酵是利用微生物之间互补的关系把几种微生物有机结合在一起,一般能产生优于单菌发酵的效果。米曲霉是一种好氧真菌,具有菌丝易成型,产多种酶的优点,其分泌的蛋白酶、淀粉酶、糖化酶、纤维素酶、植酸酶可以有效降解大分子

蛋白质为小分子多肽和氨基酸且可以降低抗营养因子含量。酵母菌的菌体蛋白质含量为 50% ~ 60%, 可分泌多种水解酶类,氨基酸构成合理,富含 B 族维生素,可以利用尿素、硫酸铵等非蛋白质氮源,并能产生促进细胞分裂的生物活性物质,有强化营养、抗病和促进生长的效果,可作为优质蛋白质来源。酵母菌发酵豆粕不但能提高原料蛋白质含量,还能降低抗营养因子含量<sup>[4-6]</sup>。本试验选择米曲霉和酿酒酵母进行复合菌株发酵豆粕,以期得到生产高营养价值饲料的菌种和发酵条件,为发酵豆粕的工业化生产提供理论依据。

收稿日期: 2015-11-17

基金项目: 甘肃省科技支撑计划(613035)。

第一作者简介: 徐力(1991-),男,硕士,主要从事工业微生物发酵。E-mail: xuli184047518@163.com。

通讯作者: 田永强(1972-),男,博士,教授,硕导,主要从事微生物分离、鉴定和应用研究。E-mail: 357181873@qq.com。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

1.1.1 原料 豆粕、麸皮、糖蜜均由天水博亚饲料公司提供。

1.1.2 菌种 米曲霉购自中国工业微生物菌种保藏管理中心 酿酒酵母由本实验室保藏。

1.1.3 培养基 米曲霉斜面培养基(PDA 培养基): 200 g 土豆 20 g 葡萄糖 20 g 琼脂, 水 1 000 mL。

酿酒酵母斜面培养基(YPD 培养基): 10 g 酵母浸粉, 20 g 蛋白胨, 20 g 葡萄糖, 20 g 琼脂, 水 1 000 mL。

初始发酵培养基: 装料量 25 g(其中 80% 豆粕、10% 麸皮、10% 糖蜜) 1.5%  $\text{MgSO}_4$ , 1%  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ <sup>[7]</sup>, 1% 尿素, 1%  $\text{K}_2\text{HPO}_4$ , 料水比 1:1, 121℃ 灭菌 20 min。

1.1.4 仪器 KDN-08A 凯氏定氮仪为上海昕瑞仪器仪表有限公司生产。

### 1.2 方法

1.2.1 种子液制备 将米曲霉接种两环到 50 mL PDA 液体培养基里(内有 6~7 颗玻璃珠) 28℃、150  $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$  培养 30 h。

将酿酒酵母接种两环到 50 mL YPD 液体培养基 28℃、150  $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$  培养 18 h。

1.2.2 平板对峙 将米曲霉、酿酒酵母接种到 PDA 培养基上 28℃ 培养 72 h, 观察米曲霉和酿酒酵母在相同条件下能否较好地共存, 为后续发酵实验做铺垫<sup>[8]</sup>。

1.2.3 接种顺序对粗蛋白含量的影响 在初始发酵培养基中接种 10% 混合种子液以及先接种 5% 米曲霉种子液 24 h 后接种 5% 酿酒酵母种子液 28℃ 培养 72 h, 测粗蛋白含量。

1.2.4 单因素试验 发酵培养基初始菌液接种量为 10% 培养温度 28℃, 发酵时间 72 h, 料水比为 1:1, 麸皮添加量为 10%, 糖蜜添加量为 10%, 以粗蛋白含量为指标分别研究菌液接种量(7%、10%、13%、16%、19%)、温度(28、30、32、34、36℃)、发酵时间(36、48、60、72、84、96 h)、料水比(1:0.8、1:0.9、1:1、1:1.1、1:1.2)、麸皮添加量(6%、7%、8%、9%、10%)、糖蜜添加量(1%、2%、3%、4%、5%) 6 个因素对豆粕发酵的影响。每个样品设置 3 个平行。

1.2.5 响应面试验 根据单因素试验的结果选取对粗蛋白含量影响较大的菌液接种量、温度、发酵时间, 以粗蛋白含量为响应值, 应用 Design expert 8.0.6 的 Box-Behnken 设计 3 因素 3 水平的试验设计。对试验结果进行方差分析以及二次回归拟合, 得到带交互项和平方项的二次方程, 分析各因素的主效应和交互效应, 最后在一定的水平范围内求出

最优值<sup>[9-10]</sup>。

1.2.6 验证试验 按照最佳优化结果进行验证试验, 每个样品 3 个平行, 验证试验设计结果。

1.2.7 营养成分及抗营养因子分析 对最优发酵条件下发酵的豆粕进行营养成分(粗蛋白含量、真蛋白含量、活菌数、多肽分子量大小)分析以及抗营养因子(脲酶、抗原蛋白)的降解情况。

1.2.8 测定指标及方法 粗蛋白含量测定参照 GB/T 6432-94 中饲料测定粗蛋白测定方法; 活菌数测定参照 GB 4789.15-2010 食品微生物检测中霉菌和酵母的计数方法; 真蛋白含量测定采用  $\text{CuSO}_4$  沉淀法<sup>[11-12]</sup>; 脲酶活性测定参照 GB/T 8622-2006 饲料用大豆制品中尿素酶活性的测定方法; 蛋白质分子量及抗原蛋白的测定采用 SDS-PAGE<sup>[8, 13]</sup>。

### 1.3 数据分析

数据分析应用 IBM SPSS Statistics 22.0; 制图应用 Origin 9.0; 响应面优化设计及分析应用 Design Expert 8.0.6。

## 2 结果与分析

### 2.1 平板对峙试验

由图 1 可以看出两个菌株生长良好, 米曲霉生长较快, 酿酒酵母菌落相对较小, 两者接触处没有强的拮抗作用, 在一起能共存, 相容性较好。

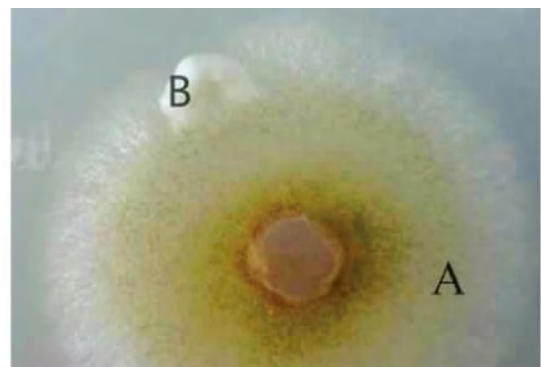


图 1 米曲霉(A)与酿酒酵母(B)平板对峙试验  
Fig. 1 Confrontation test of *Aspergillus oryzae*(A) and *Saccharomyces cerevisiae*(B) on plate

### 2.2 接种顺序对粗蛋白含量的影响

通过试验得出同时接种米曲霉和酿酒酵母的粗蛋白含量为 50.9%, 比先接种米曲霉发酵 24 h 后接种酿酒酵母的粗蛋白含量(49.3%)高。因而选择接种模式为同时接种。

### 2.3 单因素试验

2.3.1 菌液接种量 由图 2A 可以看出, 随着菌液接种量的增加粗蛋白含量先升高后降低然后趋于平缓, 在 10% 时, 粗蛋白含量达到最高。这是因为接种量太小, 微生物需要很长时间才能大量生长; 接种量太大, 发酵培养基中的营养成分、水分等不

能满足微生物的正常代谢活动,造成微生物生长受到抑制,所以蛋白含量下降。所以选择10%为最适接种量。

2.3.2 温度 图2B表明,在温度偏低时呈现增长趋势,在32℃时达到最高点,随后粗蛋白含量下降非常明显,这是因为在温度偏低时,微生物生长缓慢,需要大量时间来大量生长。在温度偏高时,生长受到抑制,造成蛋白含量偏低。所以最适发酵温度为32℃。

2.3.3 发酵时间 如图2C所示,随着发酵时间的延长,粗蛋白含量不断增加,在72 h达到最大值,随后蛋白含量降低,因此最佳发酵时间为72 h。

2.3.4 料水比 如图2D所示,随着料水比的增大,粗蛋白含量逐渐升高,在1:1.1时达到最大值,此时的培养基含水量最适合米曲霉和酿酒酵母生长繁殖,在料水比继续增大时,蛋白含量反而下降。

这是因为水分太少,培养基过于干燥,水活度偏低,不利于营养物质的吸收和代谢产物的分泌而且影响微生物的化学反应。而水分太多,培养基容易黏成一团,微生物生长所需的 $O_2$ 不充足,代谢的 $CO_2$ 不能及时排出,微生物的生长受到抑制。所以选择1:1.1为最适料水比。

2.3.5 麸皮添加量 麸皮质地疏松,可以提高培养基的透气性,调整豆粕与麸皮的添加比例可以提高粗蛋白含量。由图2E可以看出当添加麸皮7%时,粗蛋白含量达到最高值,因此选择7%的麸皮添加量作为最适麸皮添加量。

2.3.6 糖蜜添加量 添加一定量的糖蜜可以促进微生物生长;而添加量太大一方面矿物质浓度太高会抑制菌体生长,另一方面豆粕与糖蜜比例过小,蛋白含量偏低。根据图2F,选择2%的糖蜜添加量。

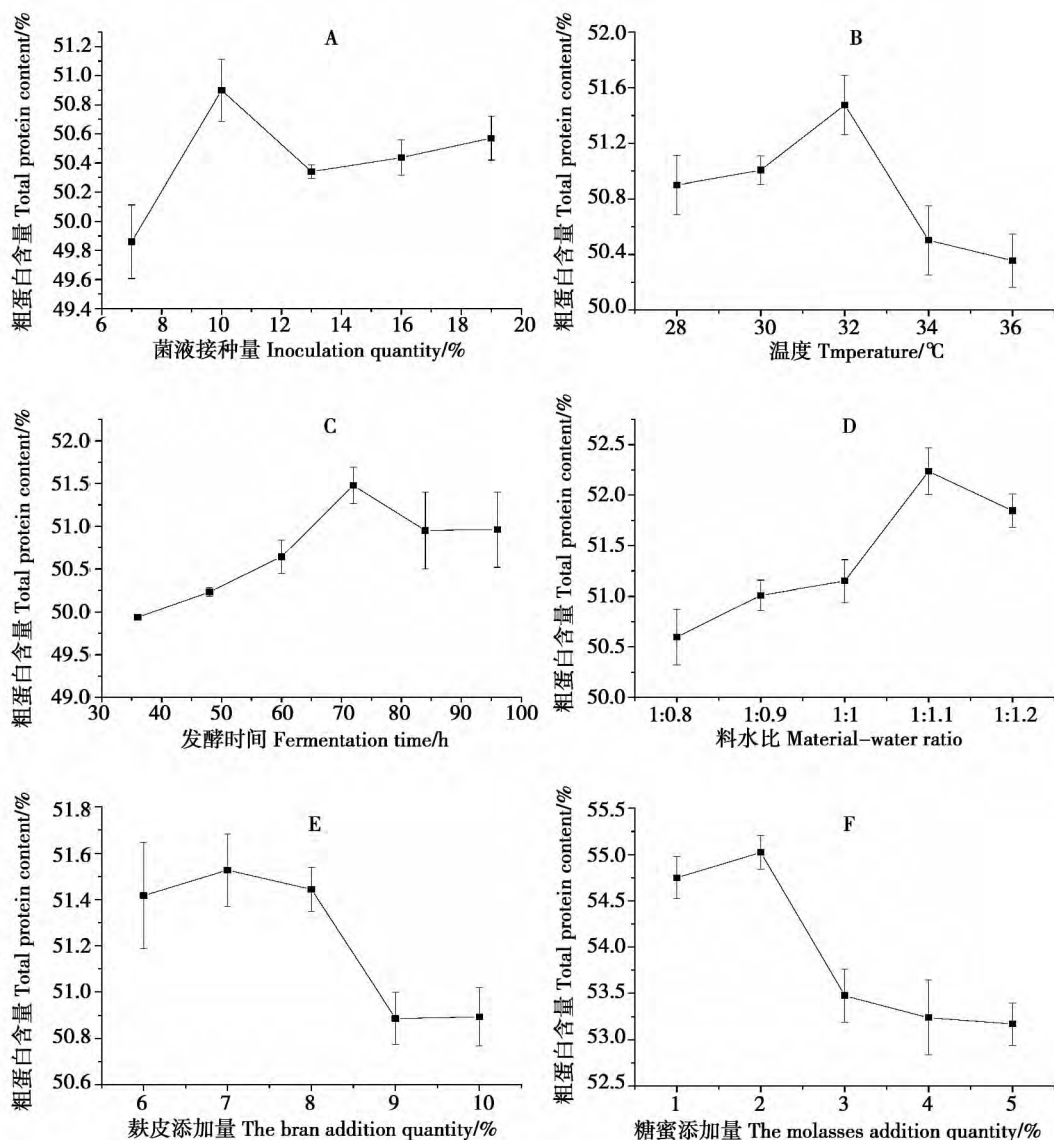


图2 单因素试验结果

Fig. 2 The results of single factor experiments

2.4 响应面试验

根据单因素试验的结果选取对粗蛋白含量影响较大的菌液接种量、温度、发酵时间,以粗蛋白含量为响应值,应用 Design expert 8.0.6 的 Box-Behnken 设计 3 因素 3 水平的试验设计。试验因素及水平见表 1,试验结果见表 2。

表 1 Box-Behnken 试验因素水平

因素 Factors		水平 Levels		
		-1	0	+1
A 菌液接种量	Inoculation quantity /%	7	10	13
B 温度	Temperature /℃	30	32	34
C 发酵时间	Fermentation time /h	60	72	84

表 2 Box-Behnken 设计及结果

试验号 No.	A	B	C	粗蛋白含量 Total protein content Y/%
1	-1.000	-1.000	0.000	53.71
2	1.000	-1.000	0.000	54.37
3	-1.000	1.000	0.000	53.94
4	1.000	1.000	0.000	53.59
5	-1.000	0.000	-1.000	52.92
6	1.000	0.000	-1.000	52.89
7	-1.000	0.000	1.000	54.38
8	1.000	0.000	1.000	54.85
9	0.000	-1.000	-1.000	52.81
10	0.000	1.000	-1.000	52.72
11	0.000	-1.000	1.000	54.14
12	0.000	1.000	1.000	53.71
13	0.000	0.000	0.000	54.57
14	0.000	0.000	0.000	54.75
15	0.000	0.000	0.000	54.98
16	0.000	0.000	0.000	55.03
17	0.000	0.000	0.000	54.58

使用 Design expert 8.0.6 分析软件,对试验数据进行拟合,得到二次多项回归方程:

$$Y = 54.78 + 0.094A - 0.13B + 0.72C - 0.25AB + 0.13AC - 0.085BC - 0.23A^2 - 0.65B^2 - 0.79C^2$$

由表 3 回归模型方差分析可知,  $P_{\text{model}} = 0.0002$ ,二次回归模型极显著,失拟项  $P = 0.4489 > 0.05$ ,不显著,说明模型建立成功。响应面的相关

系数  $R^2 = 0.9661$ ,表明粗蛋白含量的实测值与预测值之间具有较好的拟合度。校正决定系数  $\text{Adj } R^2 = 0.9225$ ,表明此模型可以解释约 92% 的粗蛋白含量变异。Adeq Precision 测得的信噪比 = 13.016 > 4,这表明该模型的拟合程度较好,试验误差小,能够用于发酵豆粕条件的分析和预测。方差分析结果还表明,C、B<sup>2</sup>、C<sup>2</sup>对粗蛋白含量的影响极显著,说明 C(发酵时间)是影响豆粕发酵过程的重要因素,从方差分析表中的 F 值可知,各因素对粗蛋白含量的影响程度大小为:发酵时间 > 温度 > 菌液接种量。

表 3 回归模型的方差分析

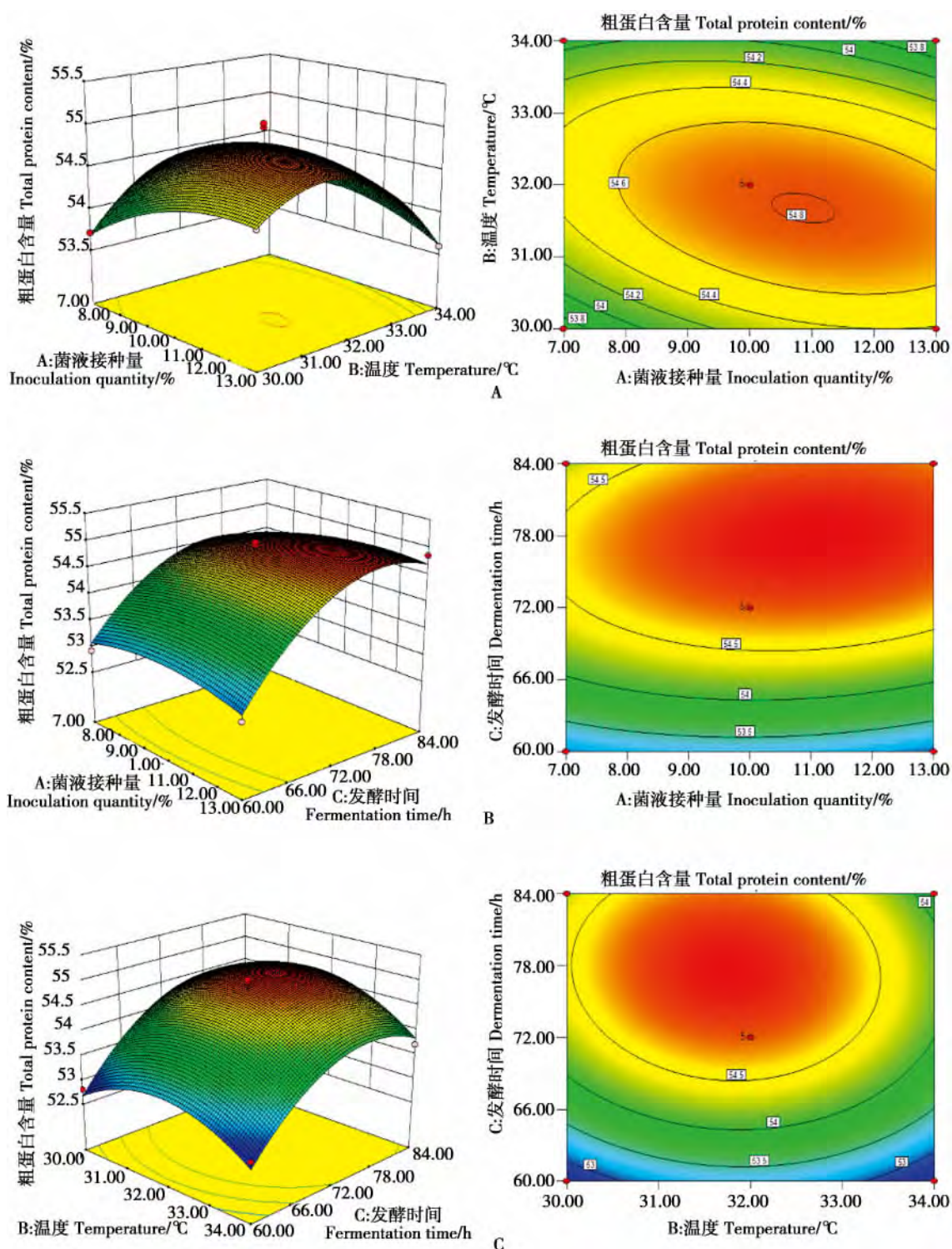
来源 Source	平方和 Sum of Square	自由度 DF	均方 Mean Square	F 值 F value	P 值 P value
模型 Model	9.720	9	1.080	22.17	0.0002
A	0.070	1	0.070	1.44	0.2686
B	0.140	1	0.140	2.94	0.1302
C	4.120	1	4.120	84.55	< 0.0001
AB	0.260	1	0.260	5.24	0.0560
AC	0.063	1	0.063	1.28	0.2946
BC	0.029	1	0.029	0.59	0.4663
A2	0.230	1	0.230	4.66	0.0677
B2	1.760	1	1.760	36.21	0.0005
C2	2.630	1	2.630	53.92	0.0002
残差 Residual	0.340	7	0.049		
失拟项 Lack of fit	0.150	3	0.051	1.09	0.4489
纯误差 Pure error	0.190	4	0.047		
总计 Total	10.060	16			

$P < 0.05$  和  $P < 0.01$  分别表示结果显著和极显著;  $R^2 = 0.9661$ ,  $\text{Adj } R^2 = 0.9225$ ,  $\text{Adeq Precision} = 13.016$ 。

$P < 0.05$  and  $P < 0.01$  indicate the result are significant and indicates very significant, respectively.  $R^2 = 0.9661$ ,  $\text{Adj } R^2 = 0.9225$ ,  $\text{Adeq Precision} = 13.016$ .

根据回归分析结果做响应面及等高线图,由图 3 可知,3 个因素(菌液接种量、温度及发酵时间)对响应值(粗蛋白含量)存在极值点。根据响应面的最优化软件分析得到粗蛋白含量最高的优化结果:菌液接种量 13%,温度 31.33℃,发酵时间 78.63 h,预测最大粗蛋白含量为 54.94%。为了应用的实际性,调整适宜的发酵条件为菌液接种量 13%,温度 31.3℃,发酵时间 78.6 h。





A: 发酵时间 72 h; B: 温度 32℃; C: 菌液接种量。

A: Fermentation time is 72 h; B: Fermentation temperature is 32℃; C: Noculation quantity is 10%.

图 3 响应面及等高线图

Fig. 3 The response surface figure and contour map

## 2.5 验证试验

在装料量 25 g( 其中 91% 豆粕、7% 麸皮、2% 糖蜜) ,1.5%  $\text{MgSO}_4$  ,1%  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  ,1% 尿素 ,1%  $\text{K}_2\text{HPO}_4$  料水比 1:1.1 的灭菌发酵培养基中接入 13% 种子液 ,31.3℃ 发酵 78.6 h ,测其粗蛋白含量为 56% ,这与预测的 54.94% 很接近 ,说明构建的响应

面模型可以很好地反映发酵情况。

## 2.6 营养成分及抗营养因子分析

对响应面优化出的最佳发酵条件下发酵的豆粕进行粗蛋白含量、真蛋白含量、活菌数、蛋白质分子量、脲酶、抗原蛋白的测定及发酵前后的对比。微生物发酵可以有效降低脲酶活性和降解大分子

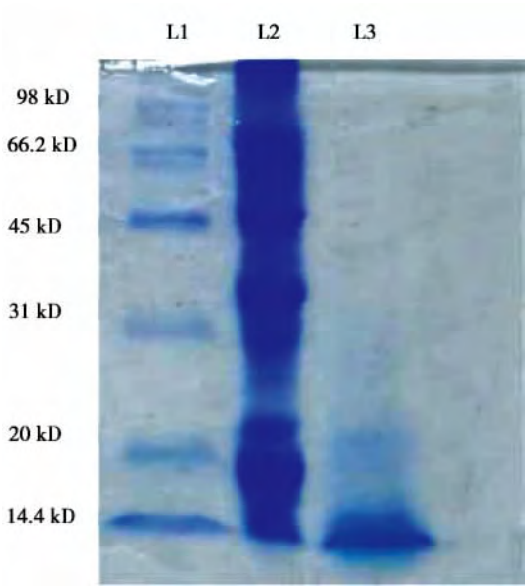
蛋白质。由表 4 可知 , 脲酶活性降低了 95. 93% 。 图 4 可以看出发酵后大分子大豆蛋白大部分被降解 , 其蛋白质分子量集中在 14. 4 kD 左右。图 5 表

明发酵后的豆粕里抗原蛋白除 20 kD 外全部被降解。

表 4 营养成分及抗营养因子分析

Table 4 Analysis of nutritional component and antinutritional factors

测定指标 Determination index	发酵前 Before fermentation	发酵后 After fermentation
粗蛋白含量 Total protein content/%	49. 14	56. 00
真蛋白含量 True protein content/%	43. 19	52. 43
活菌数 Viable count/cfu·g <sup>-1</sup>	—	1. 38 × 10 <sup>9</sup>
脲酶活性 Urease activity/U·g <sup>-1</sup>	0. 86	0. 035

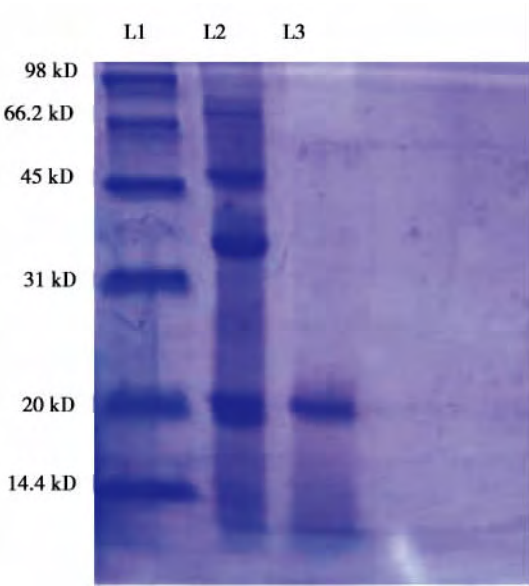


L1: Marker; L2: 发酵前; L3: 发酵后。  
L2: Before fermentation; L3: After fermentation.

图 4 豆粕发酵前后蛋白提取液的 SDS-PAGE  
Fig. 4 SDS-PAGE pattern of proteins in soybean meal before and after fermentation

3 结 论

平板对峙试验表明米曲霉和酿酒酵母相互兼容 , 能用于混菌发酵豆粕。单因素试验研究了菌液接种量、温度、发酵时间、料水比、麸皮添加量和糖蜜添加量对粗蛋白含量的影响。在此基础上选取对粗蛋白含量影响较大的菌液接种量、温度、发酵时间 , 以粗蛋白含量为响应值 , 应用 Box-Behnken 设计 3 因素 3 水平的试验设计 , 对试验结果分析得出回归方程:  $Y = 54.78 + 0.094A - 0.13B + 0.72C - 0.25AB + 0.13AC - 0.085BC - 0.23A^2 - 0.65B^2 - 0.79C^2$ 。根据响应面的最优化软件分析得出最佳发酵条件: 装料量 25 g ( 其中 91% 豆粕、7% 麸皮、2% 糖蜜) , 菌液接种量 13% , 温度 31. 3℃ , 发酵时间 78. 6 h , 料水比 1:1. 1 , 1. 5%  $MgSO_4$  , 1%  $(NH_4)_2SO_4$  , 1% 尿素 , 1%  $K_2HPO_4$ 。在最佳条件下 , 粗蛋白含量达到 56% , 较发酵前提高 13. 96% ; 真蛋白含量达到 52. 43% , 较发酵前提高 21. 39% ; 活菌数达到  $1.38 \times 10^9$  ; 脲酶活性降低了 95. 93% ; 大分子蛋白质被



L1: Marker; L2: 发酵前; L3: 发酵后。  
L2: Before fermentation; L3: After fermentation

图 5 抗原蛋白的 SDS-PAGE  
Fig. 5 SDS-PAGE pattern of antigen proteins

降解为 14. 4 kD 的小分子蛋白质。

研究表明 , 米曲霉和酿酒酵母混菌发酵豆粕 , 能很好地降解大分子蛋白及抑制脲酶活性 , 提高其有效营养成分( 蛋白含量和活菌数) , 提高豆粕的利用率 , 为发酵豆粕的工业化生产提供理论依据。

参考文献

[1] 刘雪花 , 欧阳裕文 , 杨博 , 等 . 多菌株固态发酵豆粕生产高蛋白饲料的工艺优化 [J]. 广东农业科学 , 2011 ( 5 ) : 125-127 , 144. ( Liu X H , Ouyang Y W , Yang B , et al. Research on producing high quality protein feed stuff from soybean meal by mixed culture solid-state fermentation [J]. Guangdong Agricultural Sciences , 2011 ( 5 ) : 125-127 , 144. )

[2] 魏春 , 刘茂锋 , 宣磊 , 等 . 固态发酵豆粕的不同生产工艺及其营养品质比较 [J]. 食品与发酵工业 , 2013 ( 5 ) : 89-93. ( Wei C , Liu M F , Xuan L , et al. Comparison on different production technology and nutritional quality of soybean meal by solid state fermentation [J]. Food and Fermentation Industries , 2013 ( 5 ) : 89-93. )

[3] Chun Y L , Jin J L , Chean P W , et al. Effects of probiotics and bromelain fermented soybean meal replacing fish meal on growth performance , nutrient retention and carcass traits of broilers [J].

- Livestock Science 2014 ,163:94-101.
- [4] Ding Z Zhang Y ,Ye J et al. An evaluation of replacing fish meal with fermented soybean meal in the diet of *Macrobrachium nipponense*: Growth ,nonspecific immunity ,and resistance to *Aeromonas hydrophila* [J]. Fish and Shellfish Immunology 2015 44( 1 ) : 295 - 301.
- [5] Mohamed S H ,Magdy A S ,Ahmed M et al. Nutritive value of soybean meal after solid state fermentation with *Saccharomyces cerevisiae* for Nile tilapia , *Oreochromis niloticus* [J]. Animal Feed Science and Technology 2015 44( 1 ) : 295-301.
- [6] 刘海燕 ,邱玉朗 ,魏炳栋 ,等 . 微生物发酵豆粕研究进展 [J]. 动物营养学报 2012( 1 ) : 35-40. ( Liu H Y ,Qiu Y L ,Wei B D et al. The research progress of microbial fermentation of soybean meal [J]. Chinese Journal of Animal Nutrition 2012( 1 ) : 35-40. )
- [7] 杨旭 ,蔡国林 ,曹钰 ,等 . 固态发酵提高豆粕蛋白含量的条件优化研究 [J]. 中国酿造 2008( 5 ) : 17-20. ( Yang X ,Cai G L ,Cao Y et al. Optimization of solid-substrate fermentation to improve the content of soybean meal protein [J]. China Brewing 2008( 5 ) : 17-20. )
- [8] 李善仁 . 混菌发酵豆粕制备大豆肽的研究 [D]. 福建: 福建农林大学 ,2009. ( Li S R. Study on soybean peptides from fermented soybean meal by mixed strains [D]. Fujian: Fujian Agricultural and Forestry University 2009. )
- [9] 黄达明 ,张雪 ,管国强 ,等 . 响应面法优化混菌发酵豆粕的条件研究 [J]. 食品工业科技 2014( 13 ) : 39. ( Huang D M ,Zhang X ,Guan G Q et al. Optimization of conditions for the mixed strains fermented soybean meal using the response surface methodology [J]. Science and Technology of Food Industry 2014( 13 ) : 39. )
- [10] 郝学财 ,余晓斌 ,刘志钰 ,等 . 响应面方法在优化微生物培养基中的应用 [J]. 食品研究与开发杂志 2006( 1 ) : 38-41. ( Hao X C ,Yu X B ,Liu Z Y et al. The response surface method in the application of optimization of microbial culture medium [J]. Food Research and Development 2006( 1 ) : 38-41. )
- [11] 胡艳丽 ,王克然 . 饲料中真蛋白的测定 [J]. 河南畜牧兽医 , 2007( 10S ) : 31-32. ( Hu Y L ,Wang K R. The determination of true protein in the feed [J]. Henan Animal Husbandry and Veterinary. 2007( 10S ) : 31-32. )
- [12] 郭艳芹 ,赖宪明 ,王旭 ,等 .  $\text{CuSO}_4$  沉淀法测定饲料中蛋白质含量 [J]. 农业与技术 1997( 4 ) : 20-21. ( Guo Y Q ,Nai X M ,Wang X et al.  $\text{CuSO}_4$  precipitation of protein content in the feed [J]. Agriculture and Technology 1997( 4 ) : 20-21. )
- [13] 李旺军 ,方华 ,季春源 . 豆粕发酵蛋白中抗原蛋白和不良寡糖的检测 [J]. 粮食与饲料工业 2013( 4 ) : 61-65. ( Li W J ,Fang H ,Ji C Y. Soybean meal fermentation protein antigen protein and sugars from bad detection [J]. Cereal and Feed Industry 2013 ( 4 ) : 61-65. )

## 国内大豆产业行情走势如何呈现

已经过去的 2015 年 ,对于国内大豆行业来说 ,苦辣酸甜 ,这一路走来 ,个中滋味 ,唯有自己知道。随着 2016 年的到来 ,国内大豆产业行情走势如何呈现?

### 1. 黑龙江产区大豆行业深陷泥潭

在 2015 年黑龙江新季大豆上市之后 ,市场普遍反映 2015 年黑龙江新季大豆水分高、蛋白低、有虫口,“质量差”成为现阶段黑龙江新季大豆走货不畅的主要因素。再加上俄罗斯返销非转大豆的乘虚而入 ,严重影响黑龙江新季大豆走货进度。据粗略统计 2015 年中国进口俄豆的总数量估计在 50 万 t 左右 ,在质量相差无几的前提下 ,俄豆以低廉价格抢占黑龙江大豆市场份额 ,黑龙江当地新季大豆走货始终困难。

在春节结束后 ,黑龙江产区大豆从业者对后市丧失信心 ,往年当地市场正月初六就已早早开工 ,购销逐渐活跃 ,而在今年 ,大部分贸易商反映 ,将在正月十五之后才逐步开始恢复收购。行情偏淡 ,需求疲软 ,市场整体对黑龙江新季大豆需求量降低是开工延后的主要原因。在重重压力之下 ,黑龙江产区大豆行业将深陷泥潭 ,正月十五之后当地大豆市场预计逐渐恢复活力 ,但随着临近春耕 ,农户很可能对大豆降价出售 ,用于筹备下一年度的生产资料。

### 2. 沿淮主产区大豆行情短期难以上涨

目前国产大豆的消费主要对应的消费群体是食用领域 ,是国内豆制品、非转基因豆油的主要原材料。但受到进口大豆冲击 2015 年沿淮产区新季大豆走货始终不温不火。在正月初十后 ,安徽、河南、江苏部分贸易商逐步恢复大豆市场购销 ,价格维持节前报价 ,安徽净粮装车价格 4 300 元 $\cdot\text{t}^{-1}$  ,河南净粮装车价格 4 280 元 $\cdot\text{t}^{-1}$  ,始终处于有价无市的情况 ,而湖北贸易商则由于当地大豆余粮较少 ,均表示将在正月十五之后逐步恢复市场购销。

现阶段沿淮主产区大豆销售情况堪忧 ,河南大豆余粮剩余近两成 ,农户并不急于销售 ,挺价心理浓厚 ,价格维持稳定。安徽大豆销售情况则分为两部分 ,其中宿州、淮北一带 ,当地大豆主要销往南方市场 ,但南方市场几近被进口大豆占据 ,销售情况不容乐观。而亳州、阜阳、涡阳一带 ,当地大豆主要销往北方市场 ,目前北方市场用粮企业均有一定量库存 ,需求不旺 ,但由于东北新季大豆质量较差 ,竞争压力较小 ,后期行情或将有所好转。

### 3. 进口大豆占据市场半壁江山

据了解 2016 年 1 月份中国进口大豆 566 万 t ,去年同期则为 688 万 t ,同比减少 17.7%。截止到 2 月 18 日 ,青岛港进口美国大豆价格 3 070 元 $\cdot\text{t}^{-1}$  ,进口美湾大豆价格 3 090 元 $\cdot\text{t}^{-1}$  ,较春节前均上涨了 100 元 $\cdot\text{t}^{-1}$ 。虽然进口数量有所下降 ,价格小幅上涨 ,但是进口大豆仍旧占据价格优势 ,走货正常。

众所周知 ,进口大豆主要用于榨油 ,由于国产大豆价格居高不下 ,使得部分豆制品加工企业利用进口大豆的低价优势 ,采购进口大豆用以加工豆制品以保证利润最大化 ,进口大豆成本较国产大豆有 400 ~ 600 元 $\cdot\text{t}^{-1}$  的价格优势 ,再加上现阶段我国监管力度减弱 ,进口大豆替代国产大豆进入食品加工厂的现象时有发生 ,严重影响国内非转基因大豆的销售进度。

另外 2015 年农业部下发的《关于“镰刀弯”地区玉米结构调整的指导意见》提出 ,力争到 2020 年 ,“镰刀弯”地区玉米种植面积稳定在 1 亿亩 ,比目前减少 5 000 万亩以上。这很可能提升国内尤其是黑龙江地区的大豆种植面积 ,再加上进口大豆在一旁虎视眈眈 ,使得 2016 年国内大豆市场整体仍将趋弱运行 ,行业形势不容乐观。

转自《中国食品报》