

## 大豆发酵食品-豆酱的研究进展

张 平, 武俊瑞, 乌日娜\*

(沈阳农业大学 食品学院, 辽宁 沈阳 110866)

**摘 要:** 豆酱是传统大豆发酵食品之一, 具有独特的风味, 营养丰富, 为亚洲各地人们所喜爱。该文概述了豆酱的历史来源、功能、发酵代谢产物、发酵影响因素等方面的研究进展, 期望为今后工业生产高品质豆酱提供理论依据, 并对今后豆酱的研究方向提出建议。

**关键词:** 大豆发酵食品; 豆酱; 功能; 代谢产物; 影响因素

中图分类号: TS264.2

文章编号: 0254-5071(2018)02-0006-05

doi:10.11882/j.issn.0254-5071.2018.02.002

## Research progress of fermented soybean food-soybean paste

ZHANG Ping, WU Junrui, WU Rina\*

(College of Food Science, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China)

**Abstract:** Soybean paste is one of the traditional fermented soybean food, which has unique flavor, rich nutrition, and it is loved by people all over Asia. This paper summarized the research progress of the soybean paste in historical origin, functions, fermentation metabolites and influence factors, etc. It expected to provide theoretical basis for the future industrial production of high quality soybean paste and made some suggestions for the future research directions of soybean paste.

**Key words:** fermented soybean food; soybean paste; function; metabolite; influence factors

豆酱是一种受到人们青睐的大豆发酵食品, 以大豆为基本原料, 经发酵数月完成, 其风味独特, 营养丰富, 可做调味料, 是很多家庭的每餐必备食品之一。食用豆酱对人体有着诸多益处, 为了提高其食用安全性, 豆酱的发酵过程受到了广泛的关注。

### 1 豆酱简介

大豆是多种营养素的优质来源, 主要包含蛋白质、脂类、维生素、矿物质、糖类、异黄酮、类黄酮和皂苷等<sup>[1-3]</sup>。人们一般通过两种形式食用大豆, 发酵和非发酵形式, 发酵大豆制品有豆酱、酱油、腐乳和豆豉等, 非发酵大豆制品有烤和炒大豆、大豆粉、豆腐等。发酵是一种来源于古代的食品加工方式, 其初衷是保存稀少的易腐食品。通过发酵, 可以降解大豆中抗营养因子(如蛋白酶抑制剂, 植酸, 脲酶和草酸等<sup>[3-5]</sup>), 复杂有机物质在发酵过程中会被微生物降解为小分子物质, 提高大豆制品的生物利用率。

发酵大豆制品在亚洲十分流行<sup>[6]</sup>, 如日本的natto、miso和tofuyo; 中国的豆豉、豆瓣酱和腐乳; 韩国的cheongguk-jang、doenjang、kanjang和meju; 印度尼西亚的tempeh; 泰国的thua-nao; 印度的kinema、hawaijar和tungrymbai。

我国大豆发酵制品历史悠久<sup>[7-9]</sup>, 品种繁多, 风味独特<sup>[10]</sup>, 营养丰富<sup>[11]</sup>。一般认为, 酱创始于我国周代<sup>[7]</sup>, 但是当时的

酱是肉酱还是豆酱, 还是二者都包括, 尚有争论。豆酱和酱油、豆豉以及腐乳并列为我国四大传统大豆发酵食品<sup>[12]</sup>。其中豆酱是以大豆为主要原料, 通过微生物发酵酿制而成的易被人体消化吸收的一种半流动状态的发酵调味品。流传至今的豆酱家庭传统制作流程一般分为两步, 第一步是制曲, 大豆过夜浸泡, 焯至熟烂状态, 搅碎制成酱醅, 晾干后在通风处放置1~2个月, 第二步是加入盐水, 对曲进行发酵, 继续晾晒发酵1~2个月, 每日早晚打耙, 直至发酵成熟, 制得成品酱, 成品酱香味浓郁, 呈棕褐色或红褐色。

### 2 豆酱的生理功能

豆酱作为一种以大豆为基本原料的发酵食品, 以其独特的香味<sup>[13]</sup>、适宜的口感和色泽而深受人们喜爱。豆酱营养丰富, 极易被人体吸收。其主要成分有蛋白质、脂肪、维生素、钙、磷、铁、亚油酸、亚麻酸、不饱和脂肪酸和大豆磷脂等。研究表明, 豆酱具有抗癌作用, 这种抗癌作用来源于豆酱中的胰蛋白酶抑制剂、异黄酮、维生素E和亚油酸<sup>[14]</sup>。此外, 豆酱提取物还能促进谷胱甘肽S-转移酶的合成, 有助于肝脏解毒, 促进自然杀伤细胞的复活<sup>[15]</sup>。随着成熟时期延长, 糖基化的异黄酮转化为染料木黄酮和黄豆苷元, 显著增强肿瘤抑制效果<sup>[16-17]</sup>。豆酱还有预防糖尿病和降血糖的作用, 这是豆酱中多肽的作用<sup>[18-19]</sup>。发酵后的豆酱有控

收稿日期: 2017-10-09

修回日期: 2017-12-28

**基金项目:** 国家自然科学基金面上项目(31471713; 31470538); 辽宁省高等学校优秀人才支持计划项目(LR2015059; LJQ2015103); 辽宁省农业领域青年科技创新人才培养计划项目(2014048)

**作者简介:** 张 平(1994-), 女, 硕士研究生, 研究方向为食品生物技术。

**\*通讯作者:** 乌日娜(1979-), 女, 副教授, 博士, 研究方向为食品生物技术。

制肥胖的作用<sup>[20]</sup>。研究表明,食用豆酱可增强免疫功能<sup>[21]</sup>,改善和预防过敏<sup>[22]</sup>。此外,豆酱具有抑制胆固醇吸收,除却放射性物质,防止胃溃疡,抗氧化等功能<sup>[23]</sup>。

### 3 豆酱发酵过程的代谢产物

#### 3.1 豆酱发酵代谢产物

在豆酱的整个发酵过程中会发生多种生化反应,脂类氧化分解、美拉德反应、蛋白质降解及氨基酸转化、淀粉糖化作用和酒精发酵等。这些生化反应对豆酱产品颜色和风味的形成具有重要意义。发酵过程中,脂肪酶水解脂肪生成脂肪酸,脂肪酸经 $\beta$ -氧化产生酮酸和酰基-CoA,再经过进一步反应生成醇、酮、醛等直链脂肪族物质,另一些脂肪酸可经脂氧合酶氧化形成酯、酸、呋喃类化合物,同时甘油也可以进一步转化为有机酸,这些有机酸与豆酱中的醇类物质结合产生各种酯类,从而形成豆酱独特的风味<sup>[24-26]</sup>。美拉德反应可以改变豆酱的颜色、产生豆酱的风味成分、增加豆酱的滋味和生成豆酱中的功能性物质。研究表明,40%~50%的酱色是由美拉德反应形成的,而酮类、酚类、和醛类等香气成分的形成也是由美拉德反应产生的<sup>[27]</sup>。大豆中蛋白质在微生物及其酶作用下降解为多肽和小分子物质,再通过进一步的生化反应形成豆酱特有的滋味和风味。其中氨基酸是豆酱中重要的营养成分和风味前体物质,典型的鲜味氨基酸如谷氨酸和天冬氨酸可以与无机盐产生鲜味成分;典型的芳香族氨基酸如苯丙氨酸和酪氨酸是酚类化合物的前体物质。在豆酱发酵后期,氨基酸发生着复杂的反应形成不同物质:胺类的形成是由于氨基酸发生分解代谢;己醛、壬醛和庚醛的形成是由于氨基酸发生美拉德反应;脂类、醇类和酮类的形成是由于一些氨基酸发生Strecker降解<sup>[28-29]</sup>。大豆中碳水化合物含量约为30%,经淀粉酶和纤维素酶作用生成糊精、麦芽糖,最终转化成葡萄糖和果糖,对豆酱色泽、风味、滋味和质地的形成具有显著作用。乙醇、乙酸、乳酸的形成是葡萄糖经环境中的微生物发酵而产生的,不但构成豆酱的风味成分还通过美拉德反应形成蛋白黑素和香气物质,继而影响豆酱的感官品质<sup>[30]</sup>。盐水的加入使豆酱的液体发酵阶段形成一个厌氧环境,导致霉菌生长停止、耐盐性酵母菌和乳酸菌大量繁殖。乙醇、异戊醇和异丁醇是酵母在厌氧条件下通过糖酵解作用而产生,再通过进一步反应生成酯类。通过这一系列生化反应会生成多种代谢产物,而豆酱质量与生成的代谢产物保持一致<sup>[31]</sup>,将豆酱中微生物的代谢产物分为初级代谢产物和次级代谢产物,初级代谢产物如糖、氨基酸和有机酸等,可以提高产品的风味质量,产生甜味、美味和鲜味;次级代谢产物如异黄酮、生育酚和皂苷,决定了产品的功能和抗氧化特性<sup>[32-33]</sup>。

#### 3.2 豆酱的代谢组学分析

代谢组学是通过考察生物体系受刺激或扰动前后(如将某个特定的基因变异或环境变化后)代谢产物图谱及其

动态变化研究生物体系的代谢网络的一种技术<sup>[34-35]</sup>。代谢组学的相关研究始于20世纪70年代的代谢谱分析,目前代谢组学技术已广泛应用于多种食品和生物学系统中<sup>[36-37]</sup>。

目前也有不少学者通过代谢组学技术探究豆酱的发酵过程,其研究方法多种多样,常见的有核磁共振技术( $^1\text{H}$ -nuclear magnetic resonance spectroscopy,  $^1\text{H}$ -NMR)、气相色谱-质谱联技术(gas chromatography mass spectrometry, GC-MS)和液相色谱-质谱联用技术(liquid chromatography-mass spectrometry, LC-MS),其中GC-MS主要适用于初级代谢产物的分析;LC-MS包含大量的次级代谢产物(如生物碱、类黄酮<sup>[38]</sup>),因此混合不同的光谱平台可以检测更广泛的代谢产物<sup>[39]</sup>。2014年,LEE S Y等<sup>[40]</sup>运用气相色谱飞行时间质谱(gas chromatography time-of-flight mass spectrometry, GC-TOF-MS)分析和UPLC-Q-TOF-MS分析对豆酱中初级代谢产物和次级代谢产物进行分析,发现可以通过代谢产物分析明确区分豆酱的五个操作步骤,即蒸煮、干燥、曲发酵、盐渍、豆酱老化。GC-TOF-MS分析结果表明,丙二酸、琥珀酸、苹果酸、柠檬酸、 $\gamma$ -氨基丁酸、蔗糖、麦芽糖、蜜二糖和棉子糖是大豆原料到制曲阶段的主要初级代谢产物而大部分氨基酸、单糖和脂肪酸是盐渍和豆酱老化阶段的主要初级代谢产物。UPLC-Q-TOF-MS分析结果显示,异黄酮和大豆皂苷及其衍生物是豆酱发酵过程的主要次级代谢产物,其中大豆黄素、黄豆黄素和染料木黄酮等苷元是盐渍和老化阶段的主要次级代谢产物。根据多变量分析,探究每个代谢产物在豆酱生产过程中的含量变化,从而讨论分析每个生产阶段主要的生化反应。对豆酱中代谢产物进行综合性分析,有利于人们理解豆酱的发酵过程,对今后改进豆酱生产有重要意义。

#### 3.3 豆酱发酵代谢产物与微生物的关系

豆酱的发酵是在一系列微生物的共同作用下完成的,通过新一代测序和多组学技术分析发现肠球菌、明串珠菌、葡萄球菌、乳杆菌、四联球菌、曲霉、毛霉和酵母等菌株在豆酱发酵中发挥重要作用<sup>[41-43]</sup>。豆酱中代谢产物的产生与其中的发酵微生物密切相关,近年来,诸多学者纷纷展开对豆酱中代谢产物与微生物的相关性分析。2017年,LEE S M等<sup>[44]</sup>对豆酱进行微生物多样性和代谢组学分析,最终对结果进行相关性分析,结果表明糖代谢与曲霉属、脂肪酸代谢与芽孢杆菌属、氨基酸代谢与接合酵母和四联球菌属密切相关。曲霉可分泌蛋白酶和淀粉酶,从而分别水解大豆中蛋白质和淀粉。芽孢杆菌属可以产生催化甘油三酯水解的脂肪酶从而产生游离脂肪酸、甘油单酯的混合物和甘油二酯。四联球菌属可提高发酵食品中的氨基酸和挥发性成分的含量,接合酵母可调节衍生天冬氨酸的氨基酸代谢。LIZ H等<sup>[45]</sup>分别通过高通量测序和 $^1\text{H}$ -NMR对豆瓣酱豆饼中的细菌多样性和代谢产物进行观测,相关性分析揭示细菌与代谢产物之间有显著联系,如假单胞菌与10种含氮代



谢物显著相关,链球菌属与6种含碳代谢物和8种含氮代谢物显著相关。代谢组学技术在豆酱产品的研究中发挥了重要作用,通过综合代谢组学技术和分子系统发育技术对提高豆酱产品质量具有重要意义。

#### 4 影响豆酱发酵的因素

传统发酵豆酱是在自然条件下自发发酵形成的发酵大豆制品,其质量受基础原料、微生物和发酵过程等的影响。

##### 4.1 大豆和制酱者

随着科技的进步,大豆品种繁多,不同品种的大豆营养组成成分不同,对豆酱产品质量影响较大。制酱者对于豆酱的影响也是不容忽视的,农家豆酱的制作一般是由家中妇女亲手制作,不同的人制作出来的豆酱是不同的。

##### 4.2 发酵瓷坛

此外,豆酱的发酵是在瓷坛中历经数月完成的。瓷坛是通过制成和干燥含有细砂的粘土糊,在其表明涂一层天然灰,并在管窑中大约1 200 ℃条件下烧制而成。瓷坛是由微孔组成的,这些微孔在食品发酵过程中可以允许氧气、二氧化碳、水和盐的渗透,瓷坛的渗透性主要受黏土类型和灰泥处理的影响<sup>[46]</sup>。PARK S Y等<sup>[47]</sup>利用来自韩国5个不同地区的瓷坛发酵酱油,发现不同地区瓷坛发酵而成的酱油理化特征不同,在西南地区低高度宽圆周瓷坛中发酵的酱油有显著较低的盐量,更高的还原糖浓度和蛋白酶活性,西南和首尔地区瓷坛发酵的酱油有特定特征。

##### 4.3 盐

盐水浓度对于发酵制品质量也是至关重要的,高盐浓度可抑制腐败微生物或致病菌生长,有利于豆酱风味形成,低盐浓度有利于发酵细菌和真菌生长,符合当下人们对健康低盐膳食的需求。韩国采用21%~24%盐水对曲进行发酵,中国采用10%~12%盐水对酱醅进行发酵。2014年,FENG Y Z等<sup>[48]</sup>比较高盐(17%~20%)酱油和低盐(13%~15%)酱油的气味成分区别,结果显示,相比于低盐酱油,高盐酱油含有更复杂的挥发性成分,展示出更丰富的风味成分。盐水浓度对发酵制品的质量影响显著,只有采用适宜的盐浓度,才能生产出既美味又健康的发酵食品。近来,KIM M J等<sup>[49]</sup>尝试用不同浓度盐水(8%、12%、16%、20%)发酵豆酱,并测定每份豆酱中细菌多样性,酚类、类黄酮、黑素和大豆异黄酮含量,以及豆酱的抗氧化、抗增殖作用,结果显示肠球菌属是大部分豆酱中的优势菌株,而乳杆菌属是低盐豆酱(8%)中的优势菌,此外低盐豆酱(8%)中酚类、类黄酮、黑素和大豆异黄酮含量高于其他豆酱,抗氧化能力和抗增殖能力也高于高盐豆酱。在豆酱生产过程中,建议尽可能使用低浓度盐水。

##### 4.4 微生物

传统豆酱是在自然环境下发酵而成,由于不同环境中微生物的种类和数量不同,因此不同自然环境下发酵豆酱品质不同。而且传统发酵豆酱品质不一,发酵周期长,不适

于工业生产。在豆酱的工业生产中,人们尝试通过添加菌种发酵,以缩短发酵周期,使产品质量保持统一,有效提高产品安全性。JEONG S W等<sup>[50]</sup>尝试在灭菌大豆中分别接种*Enterococcus faecium*,*Tetragenococcus halophilus*,*Bacillus licheniformis*,*Staphylococcus saprophyticus*和*Staphylococcus succinus*,接种浓度为 $5 \times 10^5$  CFU/g大豆,混合均匀后在25 ℃条件下厌氧培养28 d,这5种菌是传统发酵曲和豆酱中的优势菌体,从而分析接种后豆酱中挥发性成分的形成。SHUKLA S等<sup>[51]</sup>尝试在豆酱中添加真菌*Aspergillus oryzae* J、*Mucor racemosus* 15、*Mucor racemosus* 42和细菌*Bacillus subtilis* TKSP 24,并尝试按不同组成比例接种于豆酱,结果显示接种后豆酱的抗氧化能力增强,可作为食品和医药行业的潜在天然抗氧化剂,以及具有治疗皮肤色素脱失和2型糖尿病等相关病症的可能性。在发酵食品的不同发酵阶段,不同的菌种发挥着不同的作用,因此在传统发酵制品中添加菌种的种类、数量以及添加顺序对发酵食品的质量有着重要的影响。PUTU V P D等<sup>[52]</sup>分析了在酱油中接种*Tetragenococcus halophilus*和*Zygosaccharomyces rouxii*的接种顺序对产品质量的影响,分别采用联合接种和顺序接种的方式发酵酱油,最终发现接种顺序对酱油质量有影响,且顺序接种有利于挥发性物质的形成。YANPM等<sup>[53]</sup>探究了在中国泡菜中添加乳酸菌对产品中亚硝酸盐含量的影响,结果显示分离自泡菜中的戊糖乳杆菌和肠膜明串珠菌具有显著消耗亚硝酸盐的能力,有效提高产品食用安全性。

当下伴随着人们对低盐膳食追求热潮的到来,发酵食品中的用盐量一度下调,但是盐量的减少,增加了微生物污染的风险,为了通过生物学方法有效保证低盐发酵食品的安全性,人们纷纷探索菌种添加抑制腐败微生物生长并保证产品风味的方法。在低盐酱油中使用发酵剂(*Tetragenococcus halophilus* TS71、*Zygosaccharomyces rouxii* A22和*Meyerozyma (Pichia) guilliermondii* EM1Y52)后,酱油中生物胺积累少,特别是添加有乳酸菌的发酵组有显著低于其他发酵组。因此得出添加有发酵剂的低盐酱油更适于生产酱油,对挥发性风味物质的形成和生物胺的安全水平不会有不利影响。酱油和豆酱同属酱类,生产方式类似,因此在低盐豆酱生产过程中也可以尝试通过添加特定的发酵剂,从而开发风味独特,质量安全的低盐豆酱,但是如何选择发酵剂以及如何投入生产仍需要深入研究。

#### 5 结论与展望

在中国,大豆的食用可追溯到公元前3世纪。然而,在西方国家刚开始大豆是作为饲料使用的,直到近几十年人们才开始慢慢接受大豆作为食品的,这里的原因是多方面的:人们对大豆营养成分的认识逐渐深入;世界范围内乳糖不耐受人群逐渐增多;优异的加工方式减轻了大豆自身的气味;大豆中的抗营养因子在加工过程中被减少等。其实,无论从土地利用还是用水量角度来看,植物性蛋白质

都要优于动物性蛋白质。随着世界人口的急剧增长,努力开发利用好自然界中的植物性蛋白质对环境的可持续发展具有重要意义。

作为传统大豆发酵食品之一的豆酱,其生产加工应当引起研究人员的高度重视。传统豆酱是在自然环境下发酵数月完成的,在开放环境下生产的发酵食品,生产力水平较低,生产周期漫长,产品质量得不到保证,缺乏统一的生产流程和配方。目前学者已经纷纷展开对豆酱工业化生产的研究,就目前的研究现状来看,生产高品质的豆酱建议从以下几方面入手:

(1)混合菌种发酵:发酵食品是在一系列微生物的共同作用下历经漫长的发酵而成,要想提高产量,就必须在保证安全的前提下缩短产品的生产周期。生物方法是解决该问题的有效方法。通过添加菌种,使豆酱发酵提前完成。添加某种菌种以及菌种的添加量是研究的重点,此外豆酱发酵是分多个阶段完成的,不同的菌种在不同阶段发挥着至关重要的作用,那么某个菌种应该在什么阶段添加就是另一个研究重点。为了实现混合菌种发酵,洞悉豆酱发酵过程中的微生物多样性就是前提条件,只有知晓豆酱体系中的微生物群落,才能充分发挥混合菌种发酵的作用。

(2)降低加盐量:高盐膳食是导致心脑血管疾病的危险因素之一,降低每日摄盐量是预防该疾病的有效措施之一。然而豆酱作为一种传统发酵食品,盐的添加量对其风味形成具有决定性作用,降低用盐量,不仅会影响豆酱的风味,而且增加了豆酱受杂菌污染的风险性。研究者们需要在维持豆酱风味和人们对低盐膳食的追求中寻求一个平衡方法,不仅降低豆酱生产过程中的用盐量,而且可以保证豆酱的质量和风味。

(3)规范豆酱加工工艺:豆酱是传统发酵食品,其历史可追溯到千百年前,各地甚至各家各户的生产工艺都不是完全相同的,人们往往根据个人喜好随意更改生产工艺,增加了豆酱食用的不安全性。为了保证豆酱的食用安全性,应提出营养健康统一的生产工艺,为工业和千家万户提供可参照的生产标准。

(4)研发高质量大豆品种:众所周知,大豆营养丰富。人们为了更好地利用大豆,对大豆进行改造,研发出具有特性的大豆品种用于特定大豆产品的生产,目前已出现的有高蛋白大豆和高油脂大豆等。利用高质量大豆品种发酵豆酱是改善豆酱产品质量的另一有效途径,随着原料质量的提升,将豆酱中的发酵代谢产物将得到改善,产品营养性提高,有利于产品质量提升,满足居民对营养健康的需求。

#### 参考文献:

[1] KIM S L, BERHOW M A, KIM J T, et al. Evaluation of soyasaponin, isoflavone, protein, lipid, and free sugar accumulation in developing soybean seeds[J]. *J Agric Food Chem*, 2006, 54(10): 10003-10010.

[2] WANG W, NEAL A B, MARK A B, et al.  $\beta$ -Conglycinins among sources of bioactives in hydrolysates of different soybean varieties that inhibit leukemia cells *in vitro*[J]. *J Agric Food Chem*, 2008, 56(11): 4012-4020.

[3] DIFO H V, ONYIKE E, AMEH D A, et al. Chemical changes during open and controlled fermentation of cowpea (*Vigna unguiculata*) flour[J]. *Int J Food Nutr Saf*, 2014, 5(1): 1-10.

[4] 孙晓东, 吕国忠, 栾雨时, 等. 传统发酵豆酱中产蛋白酶菌株的筛选[J]. 中国酿造, 2015, 34(7): 32-35.

[5] RAI A K, APPAIAH K A. Application of native yeast from *Garcinia* (*Garcinia xanthochymus*) for the preparation of fermented beverage: Changes in biochemical and antioxidant properties[J]. *Food Biosci*, 2014, 5(1): 101-107.

[6] SAMURAILATPAM S, AMIT K R. Production of bioactive peptides during soybean fermentation and their potential health benefits[J]. *Trend Food Sci Technol*, 2016, 50(1): 1-10.

[7] SHIN D, JEONG D. Korean traditional fermented soybean products: Jang[J]. *J Ethnic Food*, 2015, 2(1): 2-7.

[8] KWON D Y, JANG D J, YANG H J, et al. History of Korean gochu, gochujang and kimchi[J]. *J Ethnic Food*, 2014, 1(1): 3-7.

[9] 谢 韩, 李 勇. 古代酱生产发展研究[J]. 江苏调味副食品, 2016(2): 9-11.

[10] 汤慧娟, 杨秋萍, 韩翠萍. 传统发酵豆酱的风味物质研究进展[J]. 大豆科技, 2011, 6(1): 31-34.

[11] 蔡曼儿, 孙 翰, 薄 蕊. 中国传统发酵大豆制品的营养[J]. 中国酿造, 2010, 29(2): 11-16.

[12] 唐 起. 大豆制品传统发酵技术的改进与革新[J]. 科技工艺技术, 2016, 1(1): 128.

[13] 庞惟俏, 姜 雪, 杨 洋, 等. 宝泉大豆酱及农家酱挥发性成分的比较分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2016, 7(3): 1130-1137.

[14] KWON D Y, HONG S M, AHN I S, et al. Isoflavonoids and peptides from Meju, long-term fermented soybeans, increase insulin sensitivity and exert insulinotropic effects *in vitro*[J]. *Nutrition*, 2011, 27(2): 244-252.

[15] EOM, J S, LEE, S Y, CHOI, H S. *Bacillus subtilis* HJ18-4 from traditional fermented soybean food inhibits *Bacillus cereus* growth and toxin-related genes[J]. *J Food Sci*, 2014, 79(1): 2279-2287.

[16] SON M. Anticancer effect of Doenjang and its mechanisms in mice[D]. Pusan: Pusan National University, 1995.

[17] JUNG K O, PARK S Y, PARK K Y. Longer aging time increases the anticancer and antimetastatic properties of Doenjang[J]. *Nutrition*, 2006, 22(5): 539-545.

[18] YANG H J, KIM H J, KIM M J, et al. Standardized chungkookjang, short-term fermented soybeans with *Bacillus licheniformis*, improves glucose homeostasis as much as traditionally made chungkookjang in diabetic rats[J]. *J Clin Biochem Nutr*, 2013, 52(1): 49-57.

[19] YANG H J, KWON D Y, KIM M J, et al. Meju, unsalted soybeans fermented with *Bacillus subtilis* and *Aspergillus oryzae*, potentiates insulinotropic actions and improves hepatic insulin sensitivity in diabetic rats[J]. *Nutr Meta Anal*, 2012, 9(1): 37-45.

[20] KWON S, LEE K, IM K, et al. Weight reduction and lipid lowering effects of Korean traditional soybean fermented products[J]. *J Korean Soc Food Sci Nutr*, 2006, 35(9): 1194-1199.

- [21] LEE B, JANG Y, YI S, et al. Immunomodulators extracted from Korean-style fermented soybean paste and their function: 1. isolation of b cell mitogen from Korean-style fermented soybean paste[J]. **Korean Ass Immunol**, 1997, 19(1): 559-569.
- [22] JANG S, KIM K, KANG S. Effects of PGA-LM on CD4tCD25tfoxp3t treg cell activation in isolated CD4t T cells in NC/Nga mice[J]. **Korean J Microbiol Biotechnol**, 2008, 37(2): 160-169.
- [23] 高秀芝, 艾启俊, 全其根, 等. 传统豆酱和商品豆酱发酵过程中营养及理化指标动态[J]. 中国食品学报, 2013, 1(2): 205-210.
- [24] 葛菁萍, 柴洋洋, 陈丽, 等. 传统豆酱发酵过程中细菌多样性动态[J]. 生态学报, 2012, 32(8): 2532-2538.
- [25] 党亚丽. 金华火腿和巴马火腿风味研究[D]. 无锡: 江南大学, 2009.
- [26] 马勇, 韩北忠, 王家槐. 腐乳生产过程中食盐对蛋白质、脂肪水解的影响[J]. 中国酿造, 2002, 1(1): 15-18.
- [27] 五明纪春. 大豆豆酱、酱油中褐色色素的生理功能作用[J]. 大豆通报, 2001, 1(1): 28-29.
- [28] 孙常雁. 自然发酵黄豆酱中主要微生物酶系的形成及作用[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2007.
- [29] 康旭, 乔鑫, 李冬生, 等. 豆酱中黄豆氨基酸变化与挥发性物质的关系[J]. 食品科技, 2001, 36(6): 281-286.
- [30] 于新. 发酵豆制品的制作原理[J]. 农产品加工, 2011, 1(8): 26-27.
- [31] VILLARES A, ROSTAGNO M, GARCÍA-LAFUENTE A, et al. Content and profile of isoflavones in soy based foods as a function of the production process[J]. **Food Bioproc Technol**, 2011, 4(1): 27-38.
- [32] NAMGUNG H J, PARK H J, CHO I H, et al. Metabolite profiling of Doenjang, fermented soybean paste, during fermentation[J]. **J Sci Food Agr**, 2010, 90(1): 1926-1935.
- [33] WARDHANI D H, VÁZQUEZ J A, PANDIELLA S S. Optimization of antioxidants extraction from soybeans fermented by *Aspergillus oryzae* [J]. **Food Chem**, 2010, 118(3): 731-739.
- [34] 席晓敏, 张和平. 微生物代谢组学研究及应用进展[J]. 食品科学, 2016, 37(11): 283-289.
- [35] LE B C, COURANT F, JEANSON S, et al. First mass spectrometry metabolic fingerprinting of bacterial metabolism in a model cheese[J]. **Food Chem**, 2013, 141(2): 1032-1040.
- [36] LEE S, DO S G, KIM S Y, et al. Mass spectrometrybased metabolite profiling and antioxidant activity of *Aloe vera* (*Aloe barbadensis* Miller) in different growth stages[J]. **J Agr Food Chem**, 2012, 60(45): 11222-11228.
- [37] LEE S Y, KIM H Y, LEE S, et al. Mass spectrometry-based metabolite profiling and bacterial diversity characterization of korean traditional meju during fermentation[J]. **J Microbiol Biotech**, 2012, 22(11): 1523-1531.
- [38] T'KINDT R, MORREEL K, DEFORCE D, et al. Joint GC-MS and LC-MS platforms for comprehensive plant metabolomics: repeatability and sample pre-treatment[J]. **J Chromatogr B**, 2009, 877(29): 3572-3580.
- [39] ARBONA V, IGLESIAS D J, TALON M, et al. Plant phenotype demarcation using nontargeted LC-MS and GC-MS metabolite profiling[J]. **J Agr Food Chem**, 2009, 57(1): 7338-7347.
- [40] LEE S Y, LEE S, LEE S, et al. Primary and secondary metabolite profiling of doenjang, a fermented soybean paste during industrial processing [J]. **Food Chem**, 2014, 165(1): 157-166.
- [41] NAM Y D, LEE S Y, LIM S I. Microbial community analysis of Korean soybean pastes by next-generation sequencing[J]. **Int J Food Microbiol**, 2012, 155(1): 36-42.
- [42] KIM T W, LEE J H, KIM S E, et al. Analysis of microbial communities in doenjang, a Korean fermented soybean paste, using nested PCR-denaturing gradient gel electrophoresis[J]. **Int J Food Microbiol**, 2009, 131(1): 265-271.
- [43] JEONG D W, KIM H R, JUNG G, et al. Bacterial community migration in the ripening of Doenjang, a traditional Korean fermented soybean food[J]. **J Microbiol Biot**, 2014, 24(5): 648-660.
- [44] LEE S M, LEE S, SINGH D, et al. Comparative evaluation of microbial diversity and metabolite profiles in Doenjang, A fermented soybean paste, during the two different industrial manufacturing processes [J]. **Food Chem**, 2017, 221(1): 1578-1586.
- [45] LI Z H, RUI J P, LI X Z, et al. Bacterial community succession and metabolite changes during Doubanjiang-meju fermentation, A Chinese traditional fermented broad bean (*Vicia faba* L.) paste[J]. **Food Chem**, 2017, 218(1): 534-542.
- [46] SEO G H, CHUNG S K, AN D S, et al. Permeabilities of Korean earthenware containers and their potential for packaging fresh produce [J]. **Food Sci Biotechnol**, 2005, 14(1): 82-88.
- [47] PARK S, KWAK H S, OH M. Physicochemical, microbiological, and sensory characteristics of soy sauce fermented in different regional ceramics[J]. **Appl Biol Chem**, 2016, 59(1): 33-41.
- [48] FENG Y Z, CAI Y, SU G W, et al. Evaluation of aroma differences between high-salt liquid-state fermentation and low-salt solid-state fermentation soy sauces from China[J]. **Food Chem**, 2014, 145(1): 126-134.
- [49] KIM M J, KWAK H S, KIM S S. Effects of salinity on bacterial communities, Maillard reactions, isoflavone composition, antioxidation and antiproliferation in Korean fermented soybean paste (doenjang)[J]. **Food Chem**, 2018, 245(1): 402-409.
- [50] JEONG D W, HEO S, LEE B, et al. Effects of the predominant bacteria from meju and doenjang on the production of volatile compounds during soybean fermentation[J]. **Int J Food Microbiol**, 2017, 262(1): 8-13.
- [51] SHUKLA S, PARK J, KIM D H, et al. Total phenolic content, antioxidant, tyrosinase and  $\alpha$ -glucosidase inhibitory activities of water soluble extracts of noble starter culture Doenjang, a Korean fermented soybean sauce variety[J]. **Food Control**, 2016, 59(1): 854-861.
- [52] PUTU V P D, ROBERT L, HELEN O, et al. Effects of co-inoculation and sequential inoculation of *Tetragenococcus halophilus* and *Zygosaccharomyces rouxii* on soy sauce fermentation[J]. **Food Chem**, 2018, 240(1): 1-8.
- [53] YAN P M, XUE W T, TAN S. Effect of inoculating lactic acid bacteria starter cultures on the nitrite concentration of fermenting Chinese paocai [J]. **Food Control**, 2008, 19(1): 50-55.