基于电子舌技术探讨自然发酵豆酱滋味与微生物的关系

解梦汐，乌日娜，姜静，安飞宇，邱博书，武俊瑞
（沈阳农业大学食品学院，辽宁沈阳 110866）

摘要：本文以辽宁省农家自然发酵豆酱为研究对象，应用电子舌、llumina Mi Seq 高通量测序技术对发酵周期 56 天的豆酱进行检测，深入探究了豆酱在自然发酵过程中滋味特性和微生物之间的变化规律，相关性分析表明细菌对豆酱滋味的影响比真菌大，在真菌属水平上，水平上异常威克汉姆酵母菌与苦味呈显著负相关；毛霉菌属与酸味和涩味呈现显著负相关，与后味-A、鲜味、丰富度和咸味显著正相关(p<0.05)；毕赤酵母属与丰富度显著负相关；在细菌属水平上，乳杆菌属、肠球菌属、明串珠菌属、假单胞菌属和魏斯氏菌属与酸味和涩味呈现极显著负相关，与苦味、后味-B、后味-A、鲜度呈现极显著正相关（p<0.01）；乳杆菌属与咸味显著负相关，四联球菌和咸味显著正相关。本研究为工业化制得高品质豆酱和开发利用微生物资源提供了依据。

关键词：高通量测序；豆酱滋味；物种组成

文章篇号：1673-9078(2019)01-37-43 DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2019.1.006

Study on the Relationship between Taste Profile and Microorganism of Naturally Fermented Soybean Paste based on Electronic Tongue Technology

XIE Meng-xi, WU Ri-na, JIANG Jing, AN Fei-yu, QIU Bo-shu, WU Jun-rui
(College of Food Science, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China)

Abstract: Nine natural fermented soybean paste samples from Liaoning province were analyzed by using llumina Mi Seq high throughput sequencing and electronic tongue technology, and the relationship between microorganisms and taste characteristics of the samples were investigated. The correlation analysis showed that the bacteria had a greater impact on the taste of soybean paste than fungi. On the level of fungi, the *Wickerhamomyces* was negatively correlated with bitter taste. *Mucor* was negatively correlated with acidity and astringency, and positively correlated with after taste-A, umami, richness and saltiness. And *Pichia pastoris* was negatively correlated with richness (p<0.05). For the bacteria, *Lactobacillus, Enterococcus, Leuconostoc, Pseudomonas* and *Wesella* have very significant negative correlations with sourness and astringency, and showed highly significant positive correlations (p<0.01) with bitterness, aftertaste-A, aftertaste-B and umami. This study provides a basis for the industrialization of high-quality soybean paste and the development and utilization of microbial resources.

Key words: llumina Mi Seq high-throughput sequencing; Soybean paste taste; Community structure

自然发酵豆酱具有浓厚的酱香味和丰富的营养深受广大消费者的喜爱，且随着人们生活水平的提高，人们对传统发酵食品的要求也越来越高，为了满足人们的需要，就要对酱类的营养价值、风味和安全性等方面进行改良，因此针对自然发酵豆酱的品质滋味和微生物的多样性分析显现的尤为重要[1]。传统自然发酵的豆酱所具有的独特色、香、味、体是在微生物的作用下，通过许多的生化反应形成的，其中有蛋白质的水解、酒精的发酵、淀粉的糖化、有机酸的形成、脂肪的水解等[2,3]。豆酱的风味是苦、鲜、甜、咸、酸五味，各种味道相互协调，鲜味和咸味尤为突出[4]。电子舌是一种利用非特异性、选择性和相互敏感的多个传感器检测样品水溶液的滋味特征，通过多元统计分析进行信号模式识别，模拟人类味觉对样品滋味检测的新型仪器。国内外电子舌技术主要集中应用在在食品领域[5~7]、环境[8]和医药领域[8]。王俊魁[9]等结合

收稿日期：2018-09-20

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：解梦汐（1990-），女，博士生，研究方向：食品生物技术

通讯作者：武俊瑞（1977-），男，博士，副教授，研究方向：食品生物技术

电子舌和感官评价不同韭菜花酱，结果表明，感官评价韭菜气味和酱香气是韭菜花酱最主要的气味，咸味和鲜味是最主要的滋味，电子舌结果与感官评价存在一定的相关性。现阶段，国内外研究学者对豆酱的理化指标和利用电子舌对酱滋味的评价已经非常常见[10,11]，但是将发酵过程中的理化指标与滋味特性结合分析的报道还不常见。要还原豆酱纯正的风味同时实现高质量豆酱的产业化生产,必须深入探究自然发酵豆酱发酵过程中滋味品质和微生物变化，了解豆酱发酵过程中一系列变化，为实现豆酱工业化生产品质的提高做出理论指导。本文以农家自然发酵豆酱为研究对象，利用电子舌和高通量测序技术分析了豆酱在自然发酵过程中滋味特性和微生物之间的关联，为筛选出制作高品质豆酱提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品的采集

实验室从辽宁辽中农家分别采集发酵 0、7、14、21、28、35、42、49、56 d 的豆酱样品，采集的样品放在-80 ℃冰箱保存。

1.1.1 试验试剂

电子舌内部溶液、参比溶液、阴离子溶液和阳离子溶液均由日本 Insent 公司提供

1.1.2 主要仪器设备

SA402B 电子舌，日本 Insent 公司；ABI GeneAmp® 9700 型 PCR 仪，北京卓悦联合生物科技有限公司；TransStart Fastpfu DNA 聚合酶，北京全式金生物技术有限公司；DYCP-31BN 型琼脂糖凝胶电泳仪，中国深华生物技术有限公司；AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒，美国 AXYGEN 公司；QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统，北京普洛麦格生物技术有限公司；TruSeq™试剂盒，上海美吉生物医药科技有限公司；MiSeq 测序仪，美国 Illumina 公司；NanoDrop 2000C 超微量分光光度计，北京凯慕生物技术有限公司。

1.2 试验方法

1.2.1 豆酱滋味特性检测

1.2.1.1 豆酱样品的预处理

取 10 g 研磨均匀的豆酱，用蒸馏水稀释到 100 mL，置于室温下静置 2 h 后，以 10000 r/min 转速转 10 min，重复 2 次，将离心所得液体用滤纸过滤，分别装入两个电子舌专业烧杯中备用。

1.2.1.2 SA402B 电子舌

该电子舌配备了 5 个测试传感器和 2 个参比传感器，其中 AAE、CT0、CA0、AE1 和 C00 测试传感器分别用于测试鲜味、咸味、酸味、涩味还有苦味

1.2.1.3 传感器活化

测试传感器的活化：从测试传感器中取出 Ag/AgCl 电极后，加入内部溶液后重新组装传感器，将其放入参比溶液中活化 24 h，备用。

参比传感器的活化：从参比传感器中取出电极后加入内部溶液，重新组装传感器，并置于 3.33 M 的 KCl 溶液中活化 24 h，备用。

1.2.1.4 样品的测定

电子舌系统自检完成后，将豆酱滤液均匀的倒在两个电子舌专用烧杯中，AAE、CT0、CA0、AE1 和 C00 等 6 个传感器先在阴离子或阳离子溶液中浸泡，以便清洗传感器，而后在参比溶液 1 和 2 中依次清洗，接着在参比溶液 3 中清洗得到参比溶液电势 Vr，然后在样品杯中浸泡得到样品电势 Vs，通过 Vs-Vr 的电势差可对鲜味、酸味、咸味、苦味、涩味等基本值进行评价；参比溶液 4 和 5 中分别清洗后，于溶液 6 中浸泡测试回味，检测到电势 Vr，通过 Vr’-Vr 的电势差可检测样品鲜味、苦味或涩味的回味。每个豆酱样品重复检测 4 次，为减少系统误差，原始数据选取后 3 次测量的数据[12]，参比溶液 1~6 成分完全相同。

1.2.2 高通量测序

采用唐筱扬等[12]的液氮研磨＋溶菌酶＋十二烷基硫酸钠高盐抽提法提取郫县豆瓣中的细菌总宏基因组，然用核酸蛋白仪检测 DNA 的浓度和纯度。高通量测序文库的构建和基于 Illumina MiSeq 平台的测序由上海美吉（上海）生物有限公司完成。以 515F 和 907R 为引物进行细菌 16SrDNA 的 V4~V5 区域扩增，采用的测序引物是“ 5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3' ”和“ 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3' ”；以 ITS1F 和 ITS1R 为引物进行真菌 ITS1 区域扩增，采用的测序引物是“ 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3' ”和“ 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3' ”。利用 R 语言工具作图，获取各样本在门和属水平上的组成和丰度分布对豆酱样品菌群的分类学组成分析。

1.2.3 数据统计分析

采用 SPSS statistics 17.0 分析软件中的 ANOVA 程序对结果进行差异性显著分析。

2 结果与讨论

2.1 豆酱滋味特性分析

2.1.1 豆酱发酵过程中电子舌传感器响应值的相关性分析

表 1 传感器响应值的相关性分析

Table 1 Correlation analysis of response value of sensor

项目	酸味	苦味	涩味	后味-B	后味-A	鲜味	丰度	咸味
酸味	1.000	-0.936**	0.999**	-0.981**	-0.960**	-0.997**	-0.887**	-0.995**
苦味			-0.950**	0.977**	0.860**	0.922**	0.716*	0.900**
涩味				-0.985**	-0.958**	-0.995**	-0.865**	-0.991**
后味-B					0.906**	0.967**	0.842**	0.958**
后味-A						0.979**	0.816**	0.975**
鲜味							0.872**	0.998**
丰度								0.901**
咸味								

注：*表示在 0.05 水平上显著相关；**表示在 0.01 水平上显著相关。下表同。

电子舌传感器响应值之间的皮尔森相关系数如表 1 所示，酸味的响应值和苦味、后味-B、后味-A、鲜度、丰度和咸味呈现极显著负相关，与涩味呈现极显著正相关；苦味与涩味呈现极显著负相关，与后味-B、后味-A、咸味和鲜味呈现极显著正相关；涩味与后味-B、后味-A、鲜味、丰度和咸味呈现极显著负相关；后味-B 和后味-A、鲜度、丰度和咸度呈现极显著正相关；后味 A 与鲜味、丰度和咸度呈现极显著正相关；鲜味与丰度和咸味呈现极显著正相关；丰度与咸味呈现极显著正相关。由此可见，提取的响应值信息之间具有较高的相关性。

2.1.2 豆酱发酵过程中电子舌响应信号与豆酱发酵时间相关性分析

不同发酵时间豆酱在酸味、苦味、涩味、后味-B、后味-A、鲜味、丰度和咸味的分布雷达图见图 1。如图 1 所示，电子舌的 8 个传感器对不同发酵时间的豆酱样品的滋味均能做出不同程度的响应，其中咸味和鲜味的响应信号最强，酸味的响应信号最弱，其他不同发酵时间的豆酱滋味信号介于两者之间，并随着发酵时间的增加而减弱。

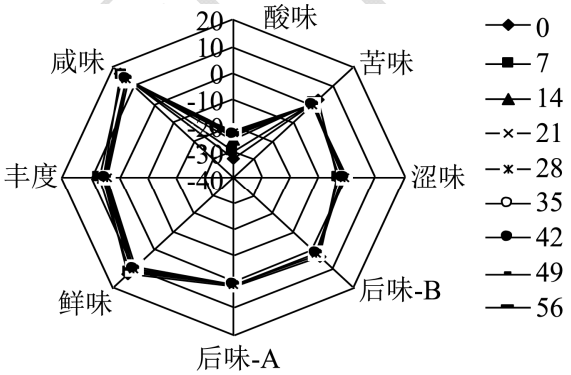

图 1 不同发酵时间豆酱电子舌检测结果

Fig 1 Determination results of soybean paste with different aging time by electronic tongue

说明豆酱的滋味整体偏咸和鲜，丰富度饱满。随着发酵时间的增长，豆酱的鲜味、丰富度、后味-B、后味-A、咸味和苦味减弱，酸味和涩味增强。相关性分析如表 2 所示，发酵时间与苦味和后味-B 呈现极显著负相关（$p<0.01$），与鲜味呈现显著负相关（$p<0.05$），与酸味和涩味呈现显著正相关。

表 2 电子舌响应信号与豆酱发酵时间相关性分析

Table 2 Correlation analysis of fermentation time and electronic tongue response signal

项目	相关系数	显著性	置信度
酸味	0.714	*	0.05
苦味	-0.873	**	0.01
涩味	0.732	*	0.05
后味-B	-0.827	**	0.01
后味-A	-0.523		0.05
鲜味	-0.667	*	0.05
丰度	-0.551		0.05
咸味	-0.644		0.05

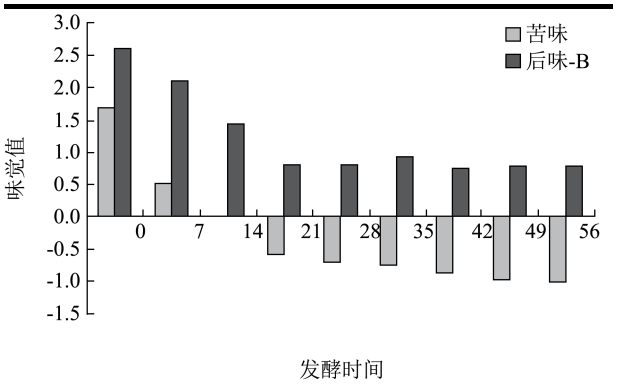

图 2 不同发酵阶段豆酱中苦味和后味-B 的味觉变化值

Fig.2 Changes of taste value of astringency and aftertaste-B of fermentation soybean paste with different aging time

如图 2 所示不同发酵阶段豆酱中苦味和后味-B 的味觉值。酸味、苦味、涩味、后味-B、后味 A、鲜味、丰度和鲜味 8 种味觉值中，苦味和后味-B 的变化最大。发酵 56 d 豆酱的苦味值比发酵当天豆酱的苦味值降低

了 160%，后味-B 降低了 70%。

2.2 豆酱发酵过程中微生物变化

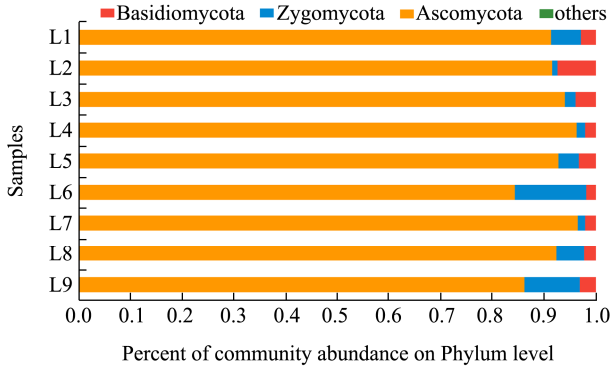

图 3 豆酱发酵过程中真菌在门水平的分布

Fig.3 The distribution of fungi of fermentation of soybean paste in phyla

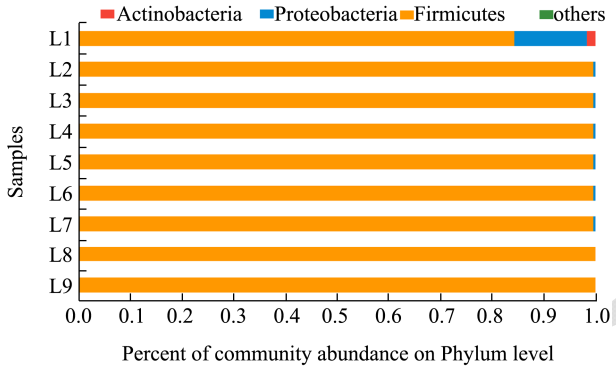

图 4 豆酱发酵过程中细菌在门水平的分布

Fig.4 The distribution of bacteria of fermentation of soybean paste in phyla

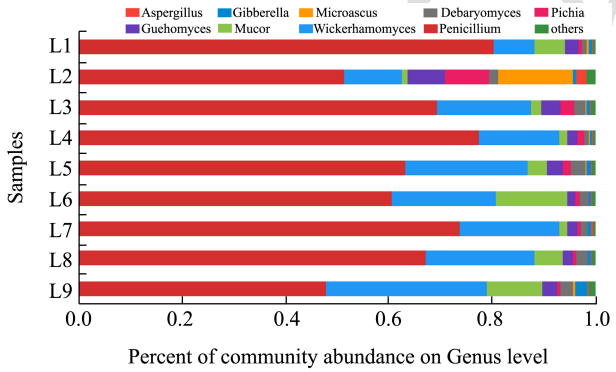

图 5 豆酱发酵过程中真菌在属水平的分布

Fig.5 The distribution of fungi of fermentation of soybean paste in genus

如图 3、4，豆酱发酵过程中真菌和细菌在门水平分布如下，辽中豆酱整个发酵阶段优势真菌门为子囊菌门，占 91.54%~96.6%之间，担子菌门和接合菌门所占比例较小分别为 1.69%~7.39%、1.02%~5.8%之间；辽中豆酱整个发酵阶段优势细菌门为厚壁菌门，占比在 85.85%~99.94%之间，变形菌门在 L1 中占 12.73%，在之后的发酵过程中所占比例在 1%以下。

如图 5、6，豆酱发酵过程中真菌和细菌在属水平分布，辽中豆酱整个发酵阶段优势真菌属为青霉属和 *Wickerhamomyces*，所占比例在 54.23%~78.11%、8.01%~31.12%之间，主要菌属还有毛霉菌属、兰久浩酵母菌属和德巴利氏酵母菌属（*Debaryomyces*）等；辽中豆酱发酵前期优势菌属为乳杆菌属、肠球菌属和明串珠菌属，随着发酵时间的增加，发酵体系占绝对优势菌属变为四联球菌属，占 78.16%~96.55%，主要菌属还有乳杆菌属，占 1.91%~14.83%之间。

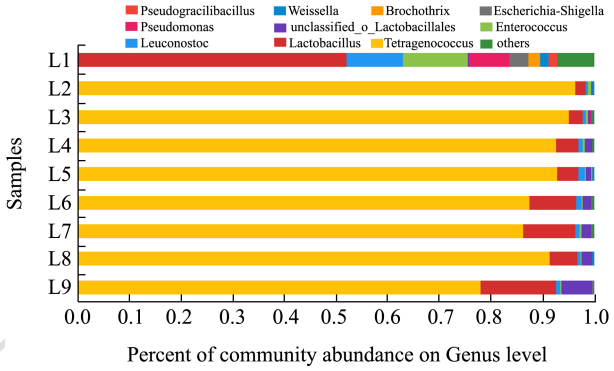

图 6 豆酱发酵过程中细菌在属水平的分布

Fig.6 The distribution of bacteria of fermentation of soybean paste in genus

四联球菌属在豆酱发酵中后期是占绝对优势的细菌，四联球菌属是促进健康的益生菌，它广泛存在于豆酱、酱油、鱼酱等发酵食品中[13]，酵母菌参加代谢反应的产物主要为醇类和醛类，而四联球菌属代谢的产物则主要是以乳酸为主要酸的多种有机酸类，两者一结合，可以显著提高产品中酯类物质含量，所以四联球菌属在改善豆酱风味方面具有重要作用。豆酱发酵各阶段中都存在的菌有明串珠菌属和乳杆菌属，是豆酱中的主要菌属。明串珠菌是革兰氏阳性、耐氧的一种乳酸细菌，是美国 FDA 公认的安全菌株（GRAS），是韩国豆酱发酵过程中起主要作用的微生物[14]。在正常情况下，肠膜明串珠菌产乳酸，可以在高盐和高糖环境中生长（李文斌，2006）。豆酱中的乳杆菌主要是植物乳杆菌，植物乳杆菌可以降解杂醇，生成天冬氨酸、精氨酸和组氨酸，对豆酱风味起着重要作用[15]。植物乳杆菌不仅有利于食品的发酵，还可以改善食物的风味，而且作为有益菌株存在于人体内对人体具有良好的调节作用，如使维持肠道内菌群平衡、增强免疫力、预防心血管疾病、抑制肿瘤细胞的形成、降低血清胆固醇[16]，所以豆酱中的细菌为豆酱的风味起到了重要作用。

豆酱发酵过程中，除了几种主要真菌外，也含有一些占比较少的菌属，例如酵母菌，本试验豆酱中共

含有 4 种酵母菌，分别为 Wickerhamomyces、毕赤酵母属、兰久浩酵母属和德巴利酵母菌属，酵母菌在豆酱发酵过程中与豆酱风味息息相关，比如德巴利氏酵母菌可以在豆酱后发酵阶段产生醇和酯等对提升豆酱风味相关的物质[17]，而毕赤酵母菌在豆酱发酵过程中产生醭，分解豆酱中的有机成分，从而降低豆酱的风味[18]，所以虽然有些真菌和细菌在豆酱发酵过程中占据主体地位，但是也不能忽视占比较小的菌株在发酵体系中发挥的作用。

2.3 滋味与豆酱微生物相关性分析

豆酱发酵过程中微生物种类繁多，微生物代谢出的风味物质使豆酱呈现不同的滋味，在丰富的微生物与风味物质中，找出滋味与微生物的相关性，对豆酱滋味的引导起重要作用。对豆酱发酵过程中滋味与微生物变化进行相关性分析，如表 3、4 所示。

由表 3 可以看出，乳杆菌属、肠球菌属、明串珠菌属、假单胞菌属和魏斯氏菌属与酸味和涩味呈现极显著负相关，与苦味、后味-B、后味-A、鲜度呈现极显著正相关；乳杆菌属与咸味显著正相关，四联球菌和咸味显著正相关

由表 4 可知，异常威克酵母属与苦味呈显著负相关；毛霉菌属与酸味和涩味呈现显著负相关，与后味-A、鲜味、丰富度和咸味显著正相关；毕赤酵母属与丰富度显著负相关。

表 3 滋味特性与细菌相关性

Table 3 The relationship between flavor characteristics and bacteria

项目	乳杆菌属	肠球菌属	明串珠菌属	四联球菌属	假单胞菌属	魏斯氏菌属
酸味	-0.929**	-0.844**	-0.859**	0.915**	-0.852**	-0.842**
苦味	0.845**	0.951**	0.937**	-0.877**	0.945**	0.953**
涩味	-0.900**	-0.807**	-0.827**	-0.884**	-0.817**	-0.804**
后味-B	0.982**	0.991**	0.993**	0.989**	0.992**	0.990**
后味-A	0.917**	0.814**	0.829**	-0.898**	0.824**	0.813**
鲜味	0.939**	0.858**	0.873**	-0.925**	0.866**	0.856**
丰富度	0.558	0.352	0.385	-0.508	0.367	0.347
咸味	0.748*	0.568	0.589	0.713*	0.582	0.568

表 4 滋味特性与真菌相关性

Table 4 The relationship between flavor characteristics and fungi

项目	青霉菌属	异常威克汉姆酵母属	毛霉菌属	兰久浩酵母属	赤霉属	毕赤酵母属	德巴利氏酵母属
酸味	-0.25	0.195	0.735*	0.390	-0.141	0.475	0.464
苦味	0.598	-0.779*	0.205	0.179	-0.221	0.119	-0.549
涩味	-0.239	0.152	-0.755*	0.449	-0.145	0.533	0.432
后味-B	0.470	-0.526	0.521	-0.137	-0.054	-0.218	-0.540
后味-A	0.179	-0.121	0.762*	-0.399	0.194	-0.492	-0.438
鲜味	0.268	-0.213	0.726*	-0.386	0.126	-0.471	-0.473
丰富度	-0.168	0.381	0.793*	-0.641	0.370	-0.712*	-0.143
咸味	0.156	-0.052	0.786*	-0.481	0.203	-0.567	-0.400

通过相关性分析可知，细菌对豆酱滋味的影响比真菌大。绝大多数细菌与豆酱风味的形成有重要影响，而真菌中只有毛霉菌属对豆酱风味影响较大。毛霉菌属可以分泌多种多样的酶[19]，这些酶的主要作用有，蛋白酶水解蛋白质生成呈味氨基酸，例如谷氨酸；淀粉酶水解淀粉产生糖类物质，一部分糖类被细菌和酵母菌利用形成有机酸和酯类等呈味物质，毛霉还可以分解果胶酶和纤维素酶对豆酱风味的形成也起这重要作用[20]。牟穰[21]对黄酒微生物群落与风味物质的相关性进行研究发现，醋酸杆菌属（*Acetobacter*）、乳杆菌属（*Lactobacillus*）、类芽孢杆菌属（*Paenibacillus*）、芽孢杆菌属和糖多孢菌属（*Saccharopolyspora*）与有机酸，乳杆菌属（*Lactobacillus*）、念珠菌属（*Candida*）和氨基酸，糖多孢菌属（*Saccharopolyspora*）与乙酸已丁酯和乙酸苯乙酯、曲霉属和异丁醇、芽孢杆菌（*Bacillus*）与庚酸乙酯，乙酸乙酯和异戊醇均具有良好的相关性；韩国学者 Kim[22]等探讨了韩国传统豆酱微生物群落和感官特性之间的关系，感官特性采用描述性分析，微生物群落检测采用 454 焦磷酸测序分析，相关性分析表明，苍白杆菌属（*Ochrobactrum*）、寡养

单胞菌（*Stenotrophomonas*）、*Rhodobacteraceae*、变形杆菌（*Proteus*）、*Luteimonas* 有强烈的鱼露气味；乳酸菌中的四联球菌属（*Tetracoccus*）、肠球菌（*Enterococcus*）、小球菌属（*Pediococcus*）、肉杆菌（*Carnobacterium*）和魏斯氏菌（*Weissella*）与酸味相关;肠球菌和肠杆菌属被发现与成熟风味和口感相关，而在本试验发现豆酱的酸味主要与真菌数中的毛霉有关，这可能是由于豆开放式的发酵导致地域、环境、原料及生产工艺使得豆酱微生物种类形成很大的差别,因此的豆酱风味也由于不同微生物的作用而不同。通过这些研究表明，发酵过程中相同微生物可以代谢出多种呈滋味物质，某些滋味特性也有可能来自于不同的菌群的代谢作用，微生物与呈滋味成分存在这复杂的构效关系。

3 结论

在本研究中，通过高通量测序对豆酱微生物菌群的分析，结合豆酱的滋味特征，不难分析出滋味与豆酱微生物菌群之间的关联，本文发现细菌对豆酱滋味的影响比真菌大。在真菌属水平上，异常威克汉姆酵母菌与苦味呈显著负相关；毛霉菌属与酸味和涩味呈现显著负相关，与后味-A、鲜味、丰富度和咸味显著正相关；毕赤酵母属与丰富度显著负相关；在细菌属水平上，乳杆菌属、肠球菌属、明串珠菌属、假单胞菌属和魏斯氏菌属与酸味和涩味呈现极显著负相关，与苦味、后味-B、后味-A、鲜度呈现极显著正相关；乳杆菌属与咸味显著负相关，四联球菌和咸味显著正相关。未来我们还可以进一步采用宏蛋白质组学、宏转录组学等分析收到，结合豆酱风味、理化性质等，揭示各种优势菌在发酵过程中的生物功能，通过特定的培养方法分离筛选功能良好的优势菌，为解释传统自然发酵豆酱的发酵机理和微生物的代谢功能提供科学依据。

参考文献

[1] 薛亚婷,豆酱微生物宏蛋白质组提取及分析[D].沈阳农业大学,2016
XUE Ya-ting. Metaproteome analysis of soybean paste [D]. Shenyang Agricultural University, 2016

[2] 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].东北农业大学,2007
SUN Chang-yan, The formation and function of mainly microbial enzymes in naturally fermented soybean paste [D]. Northeast Agricultural University, 2007

[3] Jung, J Y, S H Lee, et al. Microbial community dynamics during fermentation of doenjang-meju, traditional Korean fermented soybean [J]. Int J Food Microbiol, 2014, 185: 112-20

[4] Wang, et al. Characterization of bacteriocin produced by *Enterococcus faecium* isolated from soypaste [J]. Food and Fermentation Industries, 2016, 4: 91-97

[5] 张瑶,白娟,王承明.鲊肉粉的加工工艺研究[J].中国酿造,2017,36(10):175-180
ZHANG Yao, BAI Juan, WANG Cheng-ming. Processing technology of fermented meat rice [J]. China Brewing, 2017, 36(10): 175-180

[6] 王璐,等.电子舌技术在甜面酱口感评价中的应用[J].食品科学,2012,33(20):347-351.
WANG Lu, et al. Application of electronic tongue technique in taste evaluation of sweet sauce [J]. Food Science, 2012, 33(20): 347-351

[7] Lu, L, et al. Visualized attribute analysis approach for characterization and quantification of rice taste flavor using electronic tongue [J]. Analytica Chimica Acta, 2016, 919: 11-19

[8] 王莉,等.电子舌系统结构及其检测技术的应用研究进展[J].河南工业大学学报(自然科学版),2012,33(3):85-90
WANG Li, et al. Electronic tongue system and application research on detection technology thereof [J]. Journal of Henan University of Technology (Natural Science Edition), 2012, 33(3): 85-90

[9] 王俊魁,杨帆,包斌.中国调味品,结合感官评价与电子舌技术评价不同品牌韭菜花酱[J].中国佐料,2013,38(11): 77-80
WANG Jun-kui, YANG Fan, BAO Bin. Evaluation of four brands of leek flowers paste by sensory analysis and e-tongue technique [J]. China Condiment, 2013, 38(11): 77-80

[10] Wu, J, et al. The dynamic changes of chemical components and microbiota during the natural fermentation process in Da-Jiang, a Chinese popular traditional fermented condiment [J]. Food Res Int, 2018, 112: 457-467

[11] Wu, J R, et al. Bacterial community involved in traditional fermented soybean paste dajiang made in northeast China [J]. Annals of Microbiology, 2013, 63(4): 1417-1421

[12] 郭壮,汤尚文,王玉荣,等.基于电子舌技术的襄阳市售米酒滋味品质评价[J].食品工业科技,2015,36(15):289-293
GUO Zhuang, TANG Shang-wen, WANG Yu-rong, et al. Taste profile characterization of commercial rice wine in Xiangyang by electronic tongue analysis [J]. Science and Technology of Food Industry, 2015, 36(15): 289-293

[13] 唐筱扬,姜静,陶冬冰,等.东北传统发酵豆酱品质分析[J].食

品科学,2017,38(2):121-126
TANG Xiao-yang, JIANG Jing, TAO Dong-bin, et al. Quality analysis of traditional fermented soybean paste in Northeast China [J]. Food Science, 2017, 38(2): 121-126

[14] Udomsil, N, et al. Use of *Tetragenococcus halophilus* as a starter culture for flavor improvement in fish sauce fermentation [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2011, 59(15): 8401-8405

[15] Nam, Y D, S H Yi, S I Lim, Bacterial diversity of cheonggukjang, a traditional Korean fermented food, analyzed by barcoded pyrosequencing [J]. Food Control, 2012, 28(1): 135-142

[16] Lee, H W, et al. Relationship between chemical characteristics and bacterial community of a Korean salted-fermented anchovy sauce, Myeolchi-Aekjeot [J]. LWT-Food Science and Technology, 2016, 73: 251-258

[17] Kim, T W, et al. Analysis of bacterial and fungal communities in Japanese-and Chinese-fermented soybean pastes using nested PCR-DGGE [J]. Curr Microbiol, 2010, 60(5): 315-20

[18] Kim, H E, Y S J, et al. Biotechnology, Biological activities of fermented soybean paste (Doenjang) prepared using germinated soybeans and germinated black soybeans during fermentation [J]. Food Science and Biotechnology, 2014, 23(5): 1533-1540

[19] 乌日娜,薛亚婷,张平,等.豆酱微生物宏蛋白质组提取及分析[J].食品科学,2017,38(14):17-23
WU Ri-na, XUE Ya-ting, ZHANG Pin, et al. Metaproteomic analysis of traditional fermented soybean paste [J]. Food Science, 2017, 38(14): 17-23

[20] Sun, X., et al. Analyses of microbial community of naturally homemade soybean pastes in Liaoning Province of China by Illumina miseq sequencing [J]. Food Res Int, 2018, 111: 50-57

[21] 牟穰.清爽型黄酒酿造微生物群落结构及其与风味物质相关性研究[D].江南大学,2015
MOU Xiang. Study on microbial community structure and its correlation with flavor substances in light yellow rice wine making [D]. Jiangnan University, 2015

[22] Kim, M J, et al. Microbial communities related to sensory attributes in Korean fermented soy bean paste (doenjang) [J]. Food Res Int, 2016, 89(Pt 1): 724-732

（上接第 57 页）

[25] 王颖,杨秋歌,晁桂梅,等.糜子淀粉与糯米淀粉理化性质的比较[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2012,40(12): 157-163
WANG Ying, YANG Qiu-ge, CHAO Gui-mei, et al. Comparison of physicochemical properties of starches from proso millet and glutinous rice [J]. Journal of Northwest A&F University (Nat. Sci. Ed.), 2012, 40(12): 157-163

[26] 王颖,晁桂梅,杨秋歌,等.粳性糜子淀粉与小米淀粉理化性质的比较[J].福建农林大学学报(自然科学版),2014,43(5): 523-529
WANG Ying, CHAO Gui-mei, YANG Qiu-ge, et al. Comparison of physicochemical properties of starches from japonica proso millet and millet [J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 2014, 43(5): 523-529

[27] 杜双奎,于修烛,马静,等.薏米淀粉特性研究[J].中国粮油学报, 2008,23(1):61-65
DU Shuang-kui, YU Xiu-zhu, MA Jing, et al. Properties of job's-tears starch [J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2008, 23(1): 61-65

[28] 张正茂,王志华,颜永斌.不同来源淀粉的糊化特性研究[J].食品工业,2016,37(6):141-145
ZHANG Zheng-mao, WANG Zhi-hua, YAN Yong-bin. Pasting properties of starch from different sources [J]. The Food Industry, 2016, 37(6): 141-145

[29] 李纯,周文倩,胡瑞,等.葛根全粉浆的流变特性[J].食品科学, 2013,34(23):165-169
LI Chun, ZHOU Wen-qian, HU Rui, et al. Rheological characteristics of Kudzu (*Pueraria lobata*) root syrup [J]. Food Science, 2013, 34(23): 165-169

[30] 刘蒙,曲智雅,李小定,等.紫薯淀粉理化性质的研究[J].中国粮油学报,2013,28(5):24-30
LIU Meng, QU Zhi-ya, LI Xiao-ding, et al. Study on the physicochemical properties of purple sweet potato starch [J]. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2013, 28(5): 24-30