

富含植物乳杆菌的普洱熟茶品质分析

伯年国^{1,2}, 刘琨毅³, 李若愚^{1,2}, 王藤^{1,2}, 梁正维², 沙艮^{1,2}, 陈思琴^{1,2}, 陈红艳¹, 马燕^{1*}, 赵明^{1,2*}

(1. 云南农业大学 茶学院, 食品科学技术学院, 云南 昆明 650201; 2. 云南农业大学 云南省药用植物生物学重点实验室, 西南中药材种质创新与利用国家地方联合工程研究中心, 云南 昆明 650201; 3. 宜宾职业技术学院 五粮液技术与食品工程学院, 四川 宜宾 644100)

摘要: 为开发一种感官品质优良且富含植物乳杆菌的普洱熟茶, 将植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*) PET003 在自然发酵第 20 天时接种于茶样中, 进行接菌强化发酵普洱熟茶。细菌 16S rRNA 扩增子测序发现, 接菌强化发酵茶样中乳杆菌目(Lactobacillales)、微球菌目(Micrococcales)的相对丰度和植物乳杆菌属的 DNA 序列片段数较对照样品(未接种植物乳杆菌)增加。与对照样品比较, 接菌发酵茶样中可溶性糖、茶褐素、茶多酚、咖啡碱、儿茶素、表儿茶素、没食子儿茶素、儿茶素没食子酸酯含量显著升高($P<0.05$); 感官审评发现接菌发酵茶样汤色红褐明亮, 茶汤甜度和醇厚度增加。

关键词: 普洱熟茶; 植物乳杆菌; 强化发酵; 化学成分; 微生物群落

Analysis of Quality of Ripe Pu-erh Tea Rich in *Lactobacillus plantarum*

BAI Nianguo^{1,2}, LIU Kunyi³, LI Ruoyu^{1,2}, WANG Teng^{1,2}, LIANG Zhengwei², SHA Gen^{1,2},
CHEN Siqin^{1,2}, CHEN Hongyan¹, MA Yan^{1*}, ZHAO Ming^{1,2*}

(1. College of Tea Science, College of Food Science and Technology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan, China; 2. The Key Laboratory of Medicinal Plant Biology of Yunnan Province, National & Local Joint Engineering Research Center on Germplasm Innovation & Utilization of Chinese Medicinal Materials in Southwestern China, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan, China; 3. School of Wuliangye Technology and Food Engineering, Yibin Vocational and Technical College, Yibin 644100, Sichuan, China)

Abstract: To develop a kind of ripe Pu-erh tea with excellent sensory quality and rich in *Lactobacillus plantarum* (*L. plantarum*), *L. plantarum* PET003 was inoculated into the tea leaves under natural fermentation at 20 d for enhanced fermentation of ripe Pu-erh tea. Bacterial 16S rDNA amplicon sequencing showed that the relative abundance of Lactobacillales and Micrococcales, as well as the number of *L. plantarum* reads in fermented tea samples were increased compared with the control samples (without inoculation with *L. plantarum*). The content of soluble sugar, theabrownin, tea polyphenols, caffeine, catechin, epicatechin, gallic acid, and catechin gallate in enhanced fermented tea samples was significantly higher than that in the control samples ($P<0.05$). Sensory evaluation showed that the color of fermented tea samples was reddish brown, and the sweetness and mellowness of the tea soup were increased.

Key words: ripe Pu-erh tea; *Lactobacillus plantarum*; enhanced fermentation; chemical composition; microbial community

引文格式:

伯年国, 刘琨毅, 李若愚, 等. 富含植物乳杆菌的普洱熟茶品质分析[J]. 食品研究与开发, 2024, 45(5): 22-28.

BAI Nianguo, LIU Kunyi, LI Ruoyu, et al. Analysis of Quality of Ripe Pu-erh Tea Rich in *Lactobacillus plantarum*[J]. Food Research and Development, 2024, 45(5): 22-28.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(32160728); 云南省科技厅科技计划项目(202104BI090008); 云南农业大学第十六届学生科技创新创业行动基金项目(2023N099); 中央引导地方科技发展资金项目(202207AD110008)

作者简介: 伯年国(1998—), 男(汉), 硕士研究生, 研究方向: 茶叶生物化学。

*通信作者: 马燕(1975—), 女(汉), 副教授, 硕士, 研究方向: 茶叶生物化学; 赵明(1979—), 男(汉), 教授, 博士, 研究方向: 茶叶生物化学。

植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)不仅是一种存在于发酵乳制品、谷物等食品中的乳酸菌^[1-2],而且是一种具有调节免疫功能与肠道功能等生理功效的微生物^[3-4]。植物乳杆菌可以提高食品风味、改善食品品质,因此广泛应用于发酵食品的生产^[5]。例如,Ge等^[6]利用植物乳杆菌与酿酒酵母共同发酵小麦面条,结果表明,共同发酵改善了小麦面条的面筋网络结构,提升了小麦面的风味。王紫琳等^[7]利用植物乳杆菌发酵雪莲果,开发了一款特色雪莲果植物发酵饮料。马晓娟等^[8]研究发现,经植物乳杆菌发酵后枸杞浆的风味得到明显改善,抗氧化活性显著提升。邓成林等^[9]利用植物乳杆菌发酵绿茶饮料显著提升了其风味及口感,增强了绿茶饮料的抗氧化活性。冯雪娜等^[10]利用植物乳杆菌发酵红茶饮料,发现发酵后红茶饮料的挥发性风味物质增加,营养成分更加丰富,极大提升了口感。因此,植物乳杆菌是一种益生菌,可以维持人体肠道菌群的稳态,增强肠道免疫系统,同时也是一种能提高发酵食品品质的发酵剂。

普洱熟茶是以云南大叶种茶树[(*Camellia sinensis*.) var. *assamica* (Masters) Kitamura]的一芽二叶或三叶制成的晒青茶为原料,经微生物后发酵而成的茶产品^[11]。微生物发酵是普洱熟茶加工的关键步骤^[12],不仅形成了普洱熟茶滋味醇和、汤色红褐、陈香显著的风味^[13],而且决定了普洱熟茶具有降脂减肥、抗氧化、抗肿瘤、保护神经损伤、抑制 α -葡萄糖苷酶等功能^[14-16]。已有研究表明植物乳杆菌参与了普洱熟茶发酵。郝彬秀等^[17]总结了参与普洱熟茶发酵的微生物,发现霉菌(黑曲霉、米曲霉、青霉等)、酵母(*Blastobotrys adeninivorans*、酿酒酵母等)、细菌(凝结芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌、植物乳杆菌等)是主要微生物。Bian等^[18]研究发现,普洱熟茶发酵过程中乳酸杆菌科、嗜热霉属、芽孢杆菌科等细菌可以将不溶性多糖分解并生成具有多种生物活性的2型单糖和影响茶叶滋味的羧酸。李晨晨等^[19]研究发现普洱熟茶发酵过程中存在大量嗜热细菌,例如植物乳杆菌、凝结芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌、地衣芽孢杆菌、乳酸片球菌等细菌。发酵中存在植物乳杆菌,表明普洱熟茶具有开发为富含益生菌产品的潜力。

强化发酵(enhanced fermentation, EF)是将一种外源微生物接入到未经灭菌的原料中进行发酵,进而提高发酵产品品质的一种方式^[20]。前期通过接种产黄青霉P1、地衣芽孢杆菌L1、接种伞枝犁头霉A1、阿曲霉A1强化发酵普洱熟茶,发现接菌发酵提高了茶褐素和可溶性糖含量,降低了儿茶素、儿茶素没食子酸酯、表儿茶素、没食子儿茶素没食子酸酯、表没食子儿茶素没食子酸酯、表儿茶素没食子酸酯和表没食子儿茶素含量,茶汤的甜味和厚重感分数增加,苦味、涩味和酸味分数降低提升了茶叶品质^[21-24]。本研究从普洱熟茶中

分离鉴定得到的植物乳杆菌接种于普洱熟茶发酵中进行强化发酵,分析发酵样品的感官品质特征、化学成分及微生物群落结构,以期应用该菌生产出一款富含植物乳杆菌的普洱熟茶。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

晒青毛茶(一芽三叶)原料:普洱市茶叶科学研究所;没食子酸(gallic acid, GA)、表没食子儿茶素(epigallocatechin, EGC)、表儿茶素没食子酸酯(epicatechin-3-gallate, ECG)、儿茶素(catechin, C)、表儿茶素(epicatechin, EC)、表没食子儿茶素没食子酸酯(epigallocatechin-3-gallate, EGCG)、儿茶素没食子酸酯(catechin-3-gallate, CG)、没食子儿茶素没食子酸酯(gallocatechin-3-gallate, GCG)、没食子儿茶素(gallocatechin, GC)、咖啡碱(cafeine, CA)、鞣花酸(ellagic acid, EA)、木犀草素(luteolin, Lut)、杨梅素(myricetin, Myr)、槲皮素(queracetin, Que)、山奈酚(kaempferol, Kea)、茶碱(theophylline, Theo)、花旗松素(taxifolin, Tax)、芦丁(rutin, Rut)标准品:成都曼思特生物科技有限公司;细菌DNA提取试剂盒:北京诺禾致源科技股份有限公司;甲醇、乙腈(均为分析纯):美国TEDIA试剂公司;磷酸、盐酸(均为分析纯):成都市科龙化工试剂厂;MRS肉汤培养基:广东环凯微生物科技有限公司;DNA聚合酶(2×Rapid Taq Master Mix):南京诺唯赞生物科技公司。

1.2 仪器与设备

756CRT型紫外可见分光光度计:上海菁华科技仪器有限公司;CP214型电子分析天平:上海奥豪斯仪器有限公司;CT15RE型离心机:日本日立公司;101A-2型电热鼓风恒温干燥箱:上海市崇明实验仪器厂;CS-2000型高速多功能粉碎机:武义海纳电器有限公司;SW-CJ-1B型超净工作台:苏州安泰空气技术有限公司;1200型高效液相色谱[配有TSKgel ODS-80TM色谱柱(4.6 mm×250 mm, 5 μ m)]:美国安捷伦公司;Trident 960型基因扩增仪:上海力新仪器有限公司;DW-86L626型医用低温保存箱:青岛海尔生物医疗股份有限公司;YS6060型色差仪:深圳市三恩时科技有限公司;XB.K.25型血球计数板:上海求精生化试剂仪器有限公司。

1.3 试验方法

1.3.1 植物乳杆菌 PET003 分离鉴定

对从普洱熟茶中分离纯化得到的菌株进行了形态学观察,并进行16S rRNA基因序列测序分析。

1.3.2 植物乳杆菌 PET003 强化发酵普洱熟茶试验

参照文献^[21-24]的方法,称取30 kg晒青毛茶,量取茶样质量30%的纯净水进行潮水静置一夜。将茶叶装入发酵筐(50 cm×40 cm×60 cm),每隔5 d翻堆一

次,25 d 后发酵完成。前期研究发现第 20 天时接菌发酵的普洱熟茶品质最好,因此,本研究在第 20 天时取出 5 kg 茶叶,接入茶叶质量 0.1% 的植物乳杆菌 PET003 发酵剂置于底层。用纱布将其与其他未接菌的隔开一同静置发酵,25 d 时结束发酵。采用 5 点取样法取样,-80℃贮藏备用;将未接入植物乳杆菌 PET003 的样品命名为 CK,接入植物乳杆菌 PET003 强化发酵的样品命名为 EF,每组样品进行 3 个重复。

1.3.3 高通量测序分析微生物多样性

使用细菌 DNA 提取试剂盒来提取茶样中的细菌 DNA,并利用 DNA 聚合酶与引物 338F 和 806R 进行聚合酶链式反应,反应产物在北京诺禾致源科技股份有限公司进行基因测序。

1.3.4 乳杆菌菌落计数

采用 GB 4789.35—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 乳酸菌检验》检测方法对茶样中乳杆菌属进行计数。

1.3.5 茶叶化学成分测定

参照 GB/T 8305—2013《茶水浸出物测定》、GB/T 8314—2013《茶游离氨基酸总量的测定》、GB/T 8313—2018《茶叶中茶多酚和儿茶素类含量的检测方法》的方法分别测定水浸出物(water extracts, WE)、游离氨基酸(free amino acids, FAA)、茶多酚(tea polyphenols, TP)的含量。采用蒽酮硫酸法^[21]测定可溶性糖(soluble sugars, SS),采用萃取比色法^[25]测定茶红素(thearubigins, TR)、茶黄素(theaflavins, TF)及茶褐素(theabrownins, TB)的含量。采用高效液相色谱法定量茶样中儿茶素组分含量^[26]。

1.3.6 茶样感官审评

5 位具有评茶资格的人员(3 女 2 男),根据 GB/T 23776—2018《茶叶感官审评方法》对茶叶样品进行感官审评。

1.3.7 定量描述分析

使用定量描述分析法对茶汤的滋味特征进行评价,其中包括苦味、涩味、酸味、甜味和醇厚感这 5 个属性。每个属性的评分范围从 0~9,其中 0 表示较弱,9 表示较强^[27]。同时,使用 YS6060 型色差仪来测定茶汤的颜色。

1.4 数据处理

使用 IBM SPSS Statistics 22.0 软件进行数据处理和统计分析,数值以平均值加减标准差的形式表示。采用 GraphPad Prism 8 软件进行主成分分析。使用 TBtools 1.09854 绘制归一化后的数据的聚类热图。

2 结果与分析

2.1 植物乳杆菌的分离鉴定结果

菌株 PET003 的菌落形态及微观特征见图 1 与图 2。



图 1 菌株 PET003 的菌落形态

Fig.1 Colony morphology of strain PET003

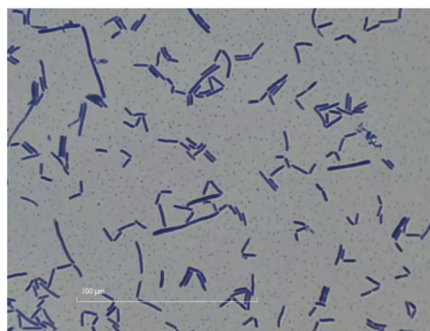


图 2 菌株 PET003 的革兰氏染色显微观察

Fig.2 Gram staining microscopic observation of strain PET003

由图 1 可知,将菌株接种到 MRS 培养基中培养 2 d 后,菌落形态呈圆形、乳白色、表面光滑凸起、边缘整齐、不透明的菌落。由图 2 可知,经革兰氏染色后均为紫色,呈杆状或棒状,单个或成链状。

将菌株测序所得序列与 NCBI 数据库进行比对,选择模式物种进行建树分析,结果如图 3 所示。菌株 PET003 与 *Lactiplantibacillus plantarum* ATCC_14917 聚为一支,因此将 PET003 鉴定为植物乳杆菌。

2.2 发酵样品植物乳杆菌数量

各茶样植物乳杆菌菌落数见表 1。

由表 1 可知,应用平板计数法分析接菌发酵样的菌落为 2.07×10^6 CFU/g,显著高于对照样(6.00×10^5 CFU/g, $P < 0.05$)。由此可知接入植物乳杆菌强化发酵过程中,植物乳杆菌可以存活,并作用于发酵过程,更重要的是,干燥后存在大量植物乳杆菌,表明开发了一款富含植物乳杆菌的普洱熟茶。

研究发现,在传统发酵过程中,细菌的片球菌属、芽孢杆菌属、短状杆菌属、欧文氏菌属、特布尔西菌属、乳杆菌属占优势地位,同时乳杆菌属呈现出在第一、二次翻堆时增加随后开始减少、出堆时增加的趋势^[28]。因此,植物乳杆菌在普洱熟茶出堆后还大量存在。本研究为了进一步研究接入植物乳杆菌 PET003 强化发酵普洱熟茶出堆样中乳酸菌的生长情况,应用 Illumina MiSeq 测序技术,测定 16S rRNA 基因序列,对操作分类单元(operational taxonomic units, OTU)进行鉴

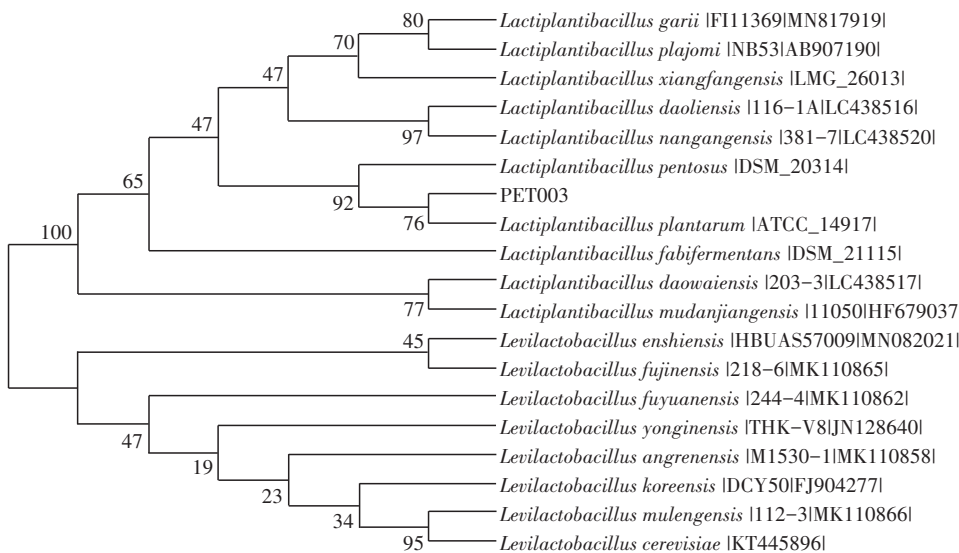


图 3 细菌 16S rRNA 基因序列系统发育树
Fig.3 Phylogenetic tree of bacterial 16S rRNA gene sequence

表 1 各茶样植物乳杆菌菌落数

Table 1 <i>Lactiplantibacillus plantarum</i> colony number in tea samples		
茶样	稀释 1 000 倍平均菌落数/(CFU/g)	同一稀释度平均菌落数/(CFU/g)
CK	120.0±17.1	6.00×10 ⁵
EF	413.0±27.6	2.07×10 ⁶ *

注：*表示样品间差异显著(P<0.05)。

定,结果见图 4。发酵样品细菌目水平群落结构如图 5 所示。

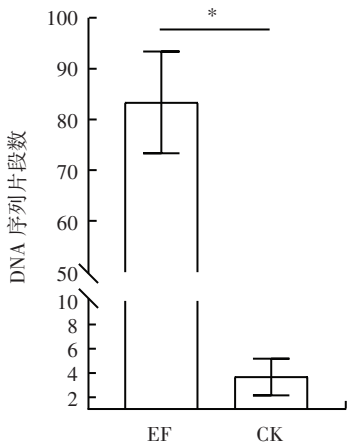


图 4 EF 与 CK 乳杆菌属(*Lactobacillus*)DNA 序列片段数柱状图
Fig.4 Column graph of *Lactobacillus* reads in tea samples with enhanced fermentation (EF) and control fermentation (CK)

由图 4、图 5 可知,强化发酵样品中归为乳杆菌属(*Lactobacillus*)的 DNA 序列片段数显著增加(P<0.05),表明接菌发酵增加了植物乳杆菌的数量。接菌发酵样品

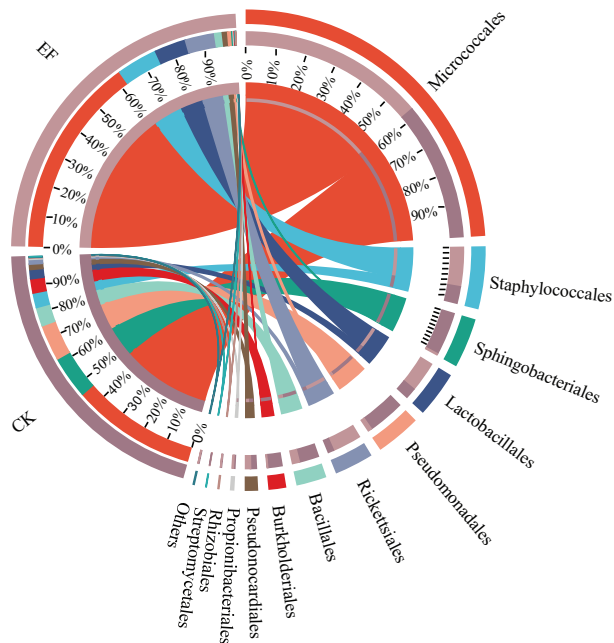


图 5 EF 与 CK 细菌目水平群落结构图
Fig.5 Community structure of bacteria in tea samples with enhanced fermentation (EF) and control fermentation (CK)

的优势细菌主要是微球菌(*Micrococcales*) (62%)、*Staphylococcales* (13%)、乳杆菌目(*Lactobacillales*) (10%)。传统发酵样品的优势细菌主要是微球菌目(*Micrococcales*) (46%)、鞘脂杆菌目(*Sphingobacteriales*) (16%)、假单胞菌目(*Pseudomonadales*) (13%)。比较发现,接入植物乳杆菌 PET003 发酵显著增加了乳杆菌目(*Lactobacillales*)、微球菌目(*Micrococcales*)的相对丰富度。而植物乳杆菌属于乳杆菌目(*Lactobacillales*),因此接入植物乳杆菌 PET003 发酵改变了普洱熟茶发酵微生物群落结构,增加了植物乳杆菌的数量。

2.3 发酵茶叶品质

为评估发酵茶样品质,对样品进行审评结果见表2、图6~图8。

表2 传统发酵(CK)与强化发酵(EF)感官审评结果

Table 2 Sensory evaluation results of tea samples with enhanced fermentation (EF) and control fermentation (CK)

茶样	外形	汤色	香气	滋味	叶底
CK	条索紧实、色泽红褐、显金毫、匀整	红褐尚亮	尚纯正、陈香略带堆味	醇和	红褐、柔软
EF	条索紧实、色泽红褐、显金毫、匀整	红褐明亮	纯正、陈香持久、无堆味	醇厚顺滑	红褐、柔软



图6 CK的感官审评照片
Fig.6 Sensory evaluation photos of control



图7 EF的感官审评照片
Fig.7 Sensory evaluation photos of enhanced fermentation

由图6、图7可知,样品茶汤均呈红褐色,但接菌发酵后茶汤颜色更深。由图8可知,接菌发酵样的甜味(4.82±0.17)、醇厚感(6.82±0.19)显著高于传统发酵($P<0.05$),涩味(1.19±0.15)、酸味(0.31±0.02)显著低于传统发酵($P<0.05$),滋味更加醇厚顺滑、陈香持久无堆味。

表3 发酵茶样特征成分含量

Table 3 Contents of characteristic components of fermented tea samples

样品	含量												
	WE/%	TP/%	FAA/%	SS/%	TR/%	TB/%	TF/%	Theo/ (mg/g)	GC/ (mg/g)	GA/ (mg/g)	EGCG/ (mg/g)	GCG/ (mg/g)	Tax (mg/g)
CK	42.73±	6.54±	1.15±	4.78±	2.01±	13.66±	0.16±	0.07±	29.79±	0.08±	0.04±	0.03±	0.02±
	3.55	1.56	0.25	0.78	0.03	0.07	0.01	0.00	0.39	0.00	0.00	0.00	0.00
EF	32.69±	7.57±	1.43±	5.11±	1.31±	14.41±	0.18±	0.07±	34.50±	0.18±	0.05±	0.04±	0.08±
	0.33*	1.63*	0.15	1.02*	0.08*	0.33*	0.01	0.00	0.22*	0.03*	0.00	0.03	0.00*
样品	含量												
	Rut/ (mg/g)	Lut/ (mg/g)	CA/ (mg/g)	EGC/ (mg/g)	ECG/ (mg/g)	EC/ (mg/g)	CG/ (mg/g)	C/(mg/g)	Myr/ (mg/g)	Kea/ (mg/g)	Que/ (mg/g)	EA/ (mg/g)	
CK	0.05±	0.01±	47.01±	0.00±	0.01±	0.00±	0.06±	0.06±	0.01±	0.01±	0.00±	1.19±	
	0.01	0.00	0.59	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.04	
EF	0.07±	0.03±	52.92±	0.00±	0.02±	0.13±	0.12±	0.15±	0.01±	0.01±	0.01±	0.86±	
	0.01*	0.00*	0.12*	0.00	0.00*	0.04*	0.00*	0.03*	0.00	0.00	0.00*	0.10*	

注:*表示样品间差异显著($P<0.05$)。

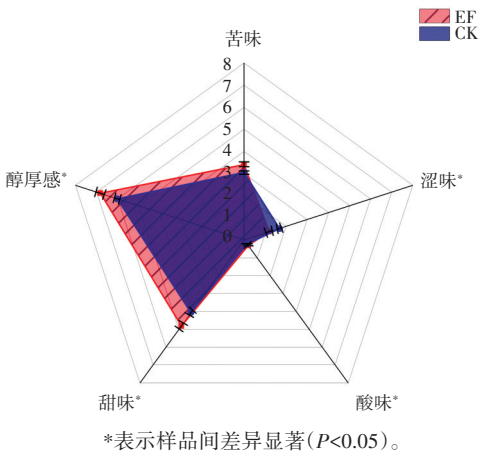


图8 发酵样茶汤的滋味特征

Fig.8 Taste characteristics of fermented tea soup

应用色差仪测定茶汤色差值的结果见图9。

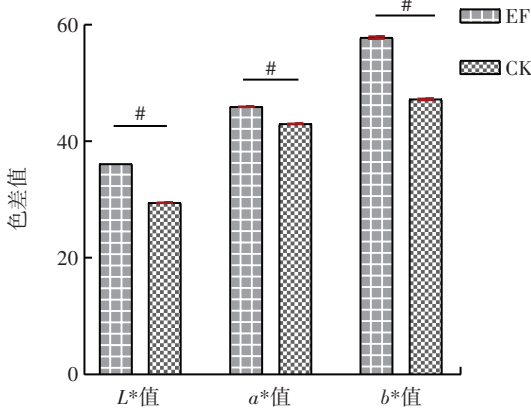


图9 发酵样品茶汤的颜色参数

Fig.9 Color parameters of tea soup of fermented tea sample

由图9可知,EF的 L^* 值(36.13±0.00)、 a^* 值(45.92±0.05)和 b^* 值(57.79±0.18)显著高于CK($P<0.05$),结果与审评结果相符。因此接入植物乳杆菌发酵增加了茶汤汤色。

茶样特征成分的结果见表3。

由表3可知,EF样品的可溶性糖(5.11 ± 1.02)%、茶褐素(14.41 ± 0.33)%、茶多酚(7.57 ± 1.63)%、儿茶素(0.15 ± 0.03) mg/g、儿茶素没食子酸酯(0.12 ± 0.00) mg/g、咖啡碱(52.92 ± 0.12) mg/g、没食子儿茶素(34.50 ± 0.22) mg/g和表儿茶素(0.13 ± 0.04) mg/g含量均显著高于CK($P<0.05$)。有研究表明,可溶性糖、茶褐素、游离氨基酸、简单儿茶素含量与茶汤甜度和厚度呈正相关^[29],因此,该结果与感官审评EF茶汤色泽红褐,滋味的甜度与醇厚感高于CK相符,与代祥青等^[30]的研究结果一致。因此,植物乳杆菌PET003强化发酵提高了普洱熟茶的风味品质。

3 结论

本研究从普洱熟茶中分离得到的植物乳杆菌PET003在发酵第20天时接种于茶样中进行强化发酵,发酵后样品的乳杆菌目(Lactobacillales)、微球菌目(Micrococcales)和植物乳杆菌属的DNA序列片段数量增加,含 2.07×10^6 CFU/g的植物乳杆菌。接菌发酵后茶样中可溶性糖、茶褐素、游离氨基酸、咖啡碱、儿茶素、表儿茶素、没食子儿茶素、儿茶素没食子酸酯的含量显著高于对照茶样,显著提升了茶叶的品质。因此,本研究开发了一种富含植物乳杆菌,且感官品质优良的普洱熟茶。

参考文献:

- [1] ZHENG J S, WITTOUCK S, SALVETTI E, et al. A taxonomic note on the genus *Lactobacillus*: Description of 23 novel genera, emended description of the genus *Lactobacillus* Beijerinck 1901, and union of *Lactobacillaceae* and *Leuconostocaceae*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2020, 70(4): 2782-2858.
- [2] FILANNINO P, DE ANGELIS M, DI CAGNO R, et al. How *Lactobacillus plantarum* shapes its transcriptome in response to contrasting habitats[J]. Environmental Microbiology, 2018, 20(10): 3700-3716.
- [3] SLATTERY C, COTTER P D, O'TOOLE P W. Analysis of health benefits conferred by *Lactobacillus* species from kefir[J]. Nutrients, 2019, 11(6): 1252.
- [4] ZHAO W, PENG C T, SAKANDAR H A, et al. Meta-analysis: Randomized trials of *Lactobacillus plantarum* on immune regulation over the last decades[J]. Frontiers in Immunology, 2021, 12: 643420.
- [5] CUI Y H, WANG M H, ZHENG Y K, et al. The carbohydrate metabolism of *Lactiplantibacillus plantarum*[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2021, 22(24): 13452.
- [6] GE Z Z, WANG W J, XU M Y, et al. Effects of *Lactobacillus plantarum* and *Saccharomyces cerevisiae* co-fermentation on the structure and flavor of wheat noodles[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2022, 102(11): 4697-4706.
- [7] 王紫琳, 方冉, 赵存朝, 等. 雪莲果植物乳杆菌发酵饮料的研制[J]. 中国酿造, 2022, 41(12): 216-222.
WANG Zilin, FANG Ran, ZHAO Cunchao, et al. Development of yacon beverage fermented with *Lactobacillus plantarum*[J]. China Brewing, 2022, 41(12): 216-222.
- [8] 马晓娟, 谢有发, 倪彩新, 等. 植物乳杆菌 P9 发酵对枸杞浆品质的影响[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(12): 229-234.
MA Xiaojuan, XIE Youfa, NI Caixin, et al. Effect of *Lactobacillus plantarum* P9 fermentation on the quality of *Lycium barbarum* pulp[J]. Food and Fermentation Industries, 2023, 49(12): 229-234.
- [9] 邓成林, 王英苒, 周金萍, 等. 发酵绿茶饮料工艺优化、抗氧化活性及贮藏品质研究[J]. 食品研究与开发, 2022, 43(19): 134-142.
DENG Chenglin, WANG Fuyi, ZHOU Jinping, et al. Process optimization, antioxidant activity and storage quality of fermented green tea beverage[J]. Food Research and Development, 2022, 43(19): 134-142.
- [10] 冯雪娜, 李啸, 李建华, 等. 乳酸菌发酵红茶饮料主要营养成分变化[J]. 中国酿造, 2022, 41(2): 183-186.
FENG Xuena, LI Xiao, LI Jianhua, et al. Changes of main nutrients in black tea beverage fermented by lactic acid bacteria[J]. China Brewing, 2022, 41(2): 183-186.
- [11] WANG S N, QIU Y, GAN R Y, et al. Chemical constituents and biological properties of Pu-erh tea[J]. Food Research International, 2022, 154: 110899.
- [12] 赵明, 周玲, 李家华, 等. 普洱茶英文科技论文研究概述[J]. 中国农学通报, 2013, 29(35): 400-408.
ZHAO Ming, ZHOU Ling, LI Jiahua, et al. Review of the English scientific papers about Pu-erh tea[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2013, 29(35): 400-408.
- [13] 吕海鹏, 张悦, 杨婷, 等. 普洱茶滋味品质化学成分分析[J]. 食品与发酵工业, 2016, 42(2): 178-183.
LYU Haipeng, ZHANG Yue, YANG Ting, et al. The main flavor compounds of Pu-erh tea[J]. Food and Fermentation Industries, 2016, 42(2): 178-183.
- [14] WANG D, LUO X, ZHONG Y, et al. Pu-erh black tea extract supplementation attenuates the oxidative DNA damage and oxidative stress in Sprague - Dawley rats with renal dysfunction induced by subchronic 3-methyl-2-quinoloxalin benzenevinylketo-1, 4-dioxide exposure[J]. Food and Chemical Toxicology, 2012, 50(2): 147-154.
- [15] ZHAO L J, JIA S T, TANG W R, et al. Pu-erh tea inhibits tumor cell growth by down-regulating mutant p53[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2011, 12(11): 7581-7593.
- [16] LI D Q, QIAN Z M, LI S P. Inhibition of three selected beverage extracts on alpha-glucosidase and rapid identification of their active compounds using HPLC-DAD-MS/MS and biochemical detection[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(11): 6608-6613.
- [17] 郝彬秀, 李颂, 田海霞, 等. 普洱熟茶的发酵微生物研究进展[J]. 食品研究与开发, 2018, 39(8): 203-206.
HAO Binxiu, LI Song, TIAN Haixia, et al. Research progress of fermented microbes in Pu-erh tea[J]. Food Research and Development, 2018, 39(8): 203-206.
- [18] BIAN X Q, MIAO W, ZHAO M, et al. Microbiota drive insoluble polysaccharides utilization via microbiome-metabolome interplay during Pu-erh tea fermentation[J]. Food Chemistry, 2022, 377: 132007.
- [19] 李晨晨, 吕杰, 杨瑞娟, 等. 普洱茶渥堆发酵过程中嗜热细菌的分离和鉴定[J]. 北京化工大学学报(自然科学版), 2012, 39(2): 74-78.
LI Chenchen, LV Jie, YANG Ruijuan, et al. Isolation and identification of thermophilic bacteria during the pile-fermentation of Pu'er tea[J]. Journal of Beijing University of Chemical Technology (Natural Science Edition), 2012, 39(2): 74-78.
- [20] 王越, 赵文谨, 谢云飞, 等. 强化发酵对诺丽果成分的影响及抗氧化活性研究[J]. 食品工业科技, 2020, 41(15): 143-149, 157.

- WANG Yue, ZHAO Wenjin, XIE Yunfei, et al. Effects of intensified fermentation on the components of noni fruit and its antioxidant activity[J]. Science and Technology of Food Industry, 2020, 41(15): 143-149, 157.
- [21] 刘琨毅, 王利妍, 安江珊, 等. 接种地衣芽孢杆菌发酵的普洱茶品质与微生物群落分析[J]. 食品科学技术学报, 2022, 40(2): 108-118.
- LIU Kunyi, WANG Liyan, AN Jiangshan, et al. Analysis of quality and microbial communities of Pu-erh tea through inoculation fermentation with *Bacillus licheniformis*[J]. Journal of Food Science and Technology, 2022, 40(2): 108-118.
- [22] 刘琨毅, 王利妍, 安江珊, 等. 伞枝犁头霉纯菌与强化发酵普洱茶研究[J]. 食品研究与开发, 2022, 43(10): 202-209.
- LIU Kunyi, WANG Liyan, AN Jiangshan, et al. Pure culture and enhanced fermentation of Pu-erh tea through inoculation with *Aspergillus corymbifera*[J]. Food Research and Development, 2022, 43(10): 202-209.
- [23] 刘琨毅, 王利妍, 安江珊, 等. 阿曲霉接菌发酵普洱茶的研究[J]. 轻工学报, 2022, 37(4): 1-9.
- LIU Kunyi, WANG Liyan, AN Jiangshan, et al. Research on the fermentation of Pu-erh tea through inoculation with *Aspergillus amstelodami*[J]. Journal of Light Industry, 2022, 37(4): 1-9.
- [24] LIU K Y, WANG L Y, JIANG B, et al. Effect of inoculation with *Penicillium chrysogenum* on chemical components and fungal communities in fermentation of Pu-erh tea[J]. Food Research International, 2021, 150: 110748.
- [25] WANG Q P, PENG C X, GONG J S. Effects of enzymatic action on the formation of theabrownin during solid state fermentation of Pu-erh tea[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2011, 91(13): 2412-2418.
- [26] ZHAO M, SU X Q, NIAN B, et al. Integrated meta - omics approaches to understand the microbiome of spontaneous fermentation of traditional Chinese Pu - erh tea[J]. mSystems, 2019, 4(6): e00680-e00619.
- [27] FAN F Y, HUANG C S, TONG Y L, et al. Widely targeted metabolomics analysis of white peony teas with different storage time and association with sensory attributes[J]. Food Chemistry, 2021, 362: 130257.
- [28] 骆爱国. 普洱茶固态发酵高温阶段微生物的动态变化规律研究[D]. 昆明: 云南农业大学, 2017.
- LUO Aiguo. The research on dynamic change rule of microbes in the high temperature stage of solid state fermentation of Pu-erh tea[D]. Kunming: Yunnan Agricultural University, 2017.
- [29] 王梦倩, 盛玉泊, 范怡航, 等. 不同仓储条件下普洱茶关键成分分析及品质评价[J]. 食品研究与开发, 2022, 43(16): 35-43.
- WANG Mengqian, SHENG Yubo, FAN Yihang, et al. Key components and quality evaluation of Pu-erh tea with different storage conditions[J]. Food Research and Development, 2022, 43(16): 35-43.
- [30] 代祥青, 彭远菊, 闫刚, 等. 发酵型普洱茶饮料加工工艺研究[J]. 安徽农业科学, 2018, 46(12): 178-181.
- DAI Xiangqing, PENG Yuanju, YAN Gang, et al. Study on processing technology of fermented Pu'er tea beverage[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2018, 46(12): 178-181.

责任编辑:张璐
收稿日期:2023-08-21