



Research Article

Multivariate analysis of physicochemical and microbial profiles for the identification of fermentation markers in traditional Korean *doenjang*

다변량 분석을 이용한 한식 된장의 이화학적 및 미생물 특성 기반 발효 지표 탐색

SeongEui Yoo, Ye-Ji Jang, Hyun-Wook Jang, Hee-Min Gwon, So-Young Kim*

유성의 · 장예지 · 장현욱 · 권희민 · 김소영*

Fermented and Processed Food Research Division, Department of Food Science, National Institute of Crop Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

농촌진흥청 국립식량과학원 발효가공식품과



OPEN ACCESS

Citation: Yoo SE, Jang YJ, Jang HW, Gwon HM, Kim SY. Multivariate analysis of physicochemical and microbial profiles for the identification of fermentation markers in traditional Korean *doenjang*. Food Sci. Preserv., 33(3), 505-517 (2026)

Received: April 02, 2026

Revised: April 13, 2026

Accepted: April 16, 2026

*Corresponding author

So-Young Kim

Tel: +82-63-238-3610

E-mail: foodksy@korea.kr

Copyright © 2026 The Korean Society of Food Preservation. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Abstract This study aimed to identify potential markers of fermentation characteristics in traditional Korean *doenjang* by examining the relationships between physicochemical properties and microbial community structures in nationwide samples. Physicochemical parameters, including moisture content, salinity, reducing sugar, pH, titratable acidity, amino-type nitrogen, ammonia-type nitrogen, and color, were analyzed, and bacterial and fungal communities were characterized using next-generation sequencing. To evaluate associations between microbial taxa and physicochemical attributes, principal component analysis (PCA), Spearman correlation analysis, and random forest modeling were performed. Most physicochemical parameters varied significantly among samples; however, regional differences were generally limited, except for reducing sugar content. Likewise, microbial community analysis showed higher diversity in bacterial communities than in fungal communities, with no clear clustering by geographic origin. Random forest modeling identified *Bacillus*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*, *Tetragenococcus*, *Aspergillus*, *Wickerhamella*, and *Debaryomyces* as key taxa contributing to sample differentiation. In addition, correlation analysis showed that reducing sugar content was positively associated with *Bacillus* and *Wickerhamella* but negatively correlated with *Enterococcus* and *Tetragenococcus*. Overall, although distinct regional patterns were not observed, these associations provide useful insights into potential fermentation markers and may support the development of targeted starter cultures and quality control strategies.

Keywords *doenjang*, physicochemical properties, microbial taxa, fermentation marker, correlation

1. 서론

된장은 간장, 고추장, 청국장과 함께 우리나라를 대표하는 콩 발효식품으로, 오랫동안 우리나라 식문화와 함께 중요한 위치를 차지해 온 장류식품이다(Park 등, 2024). 콩 발효 과정에서 단백질과 탄수화물은 미생물이 분비한 효소에 의해 분해되어 아미노산, 지방산, 유기산 및 다양한 휘발성 성분으로 전환되며, 이러한 대사산물이 된장 특유의 맛과 향을 형성한다(Gil 등, 2017). 또한 된장은 필수 아미노산, 무기질 및 다양한 생리활성 물질을 함유하여 영양학적 가치가 높은 발효식품으로, 항산화, 항암, 콜레스테롤 저하 및 면역 조절 효과 등이 다수 보고되어 있다(Jang 등, 2014). 이처럼 된장은 단순한 조미 식품을 넘어 영양학적 우수성과 기능성을 동시에 갖춘 대표적인 전통 발효식품으로 소

비자에게 인식되고 있다.

우리나라에서 제조되는 된장은 크게 전통 방식의 한식 된장과 상업적 공정을 거친 개량 된장으로 구분된다(Park 등, 2016). 한식 된장은 종균을 사용하지 않고 자연 발효된 메주를 이용하여 소금물에 담가 장기간 발효시키는 방식으로 제조되며, 제조 환경에 따라 미생물 다양성과 품질 편차가 크게 나타날 수 있다(MFDS, 2026). 반면 개량 된장은 선별된 종균을 접종하여 제조한 메주를 사용하고 원료 배합, 발효 조건 및 제조 공정이 표준화되어 있어 제품 간 품질 특성이 비교적 균일한 특징을 갖는다(Lee 등, 2019). 따라서 한식 된장은 우리나라 전통 장류의 다양성을 반영하는 식품인 동시에 발효 특성과 품질 변이를 이해하기 위한 중요한 연구 대상이다.

또한, 한식 된장의 발효 특성에 대한 이해는 품질 비교에 그치지 않고, 전통 장류의 품질향상을 위해 적합한 종균 개발을 위한 기초자료로서도 중요한 의미를 갖는다. 현재 메주 및 된장 제조용 종균 연구에서는 *A. oryzae*와 *B. subtilis* 미생물이 주로 활용되고 있다(Kim 등, 2011a). 그러나 한식 된장은 자연 접종 메주를 기반으로 하여 세균, 효모 및 곰팡이가 복합적으로 관여하며, 이들 미생물 간의 상호작용을 통해 특유의 향미와 품질 특성이 형성된다(Jo 등, 2024). 따라서 제한된 종균 중심의 접근만으로는 한식 된장의 복합적인 발효 특성을 충분히 구현하기 어렵다(Jeong 등, 2014; Jung 등, 2016). 특히 이화학적 특성과 미생물 군집, 그리고 이들 간의 상관관계를 체계적으로 파악하는 것은 발효 특성을 설명하는 지표를 탐색하고, 나아가 보다 적합한 종균을 선별 및 개발하기 위한 중요한 선행 단계이다(Ha 등, 2025).

한편, 우리나라는 산지, 평야, 해안 및 도서 지역이 공존하고 지역별 기후 조건에도 차이가 있어, 전국 약 2천 개의 업체에서 생산되는 전통 장류식품들은 제조 환경과 숙성 조건에 일정한 영향을 받을 수 있다(Jo 등, 2024). 이러한 지역적 특성은 한식 된장의 이화학적 특성 및 미생물 군집 형성에 영향을 주는 요인 중 하나로 고려될 수 있으나, 한식 된장은 자연 접종 메주를 기반으로 제조되는 만큼 지역성 외에도 제조 시기, 발효 기간, 원재료 구성 및 제조 환경 등 복합적인 요인이 동시에 작용할 가능성이 높다(Choi 등, 2009). 따라서 특정 지역에 한정하지 않고 전 권역을 아우르는 시료의 수집을 통해 한식 된장의 발효 특성을 보다 포괄적으로 이해할 필요가 있다. 그러나 지금까지의 된장 연구는 특정 지역이나 특정 제조 방식, 또는 제한된 수의 시료를 대상으로 수행된 경우가 많았다. 이로 인해 우리나라 전 권역에서 수집된 한식 된장을 대상으로 이화학적 특성과 미생물 군집 구조를 통합적으로 비교하고, 두 특성 간의 관계를 함께 해석한 연구는 상대적으로 부족한 실정이다. 특히 한식 된장의 발효 특성을 설명할 수 있는 미생물 및 이화학적 지표를 도출하는 것은 품질 특성에 대한 이해를 심화하는 동시에, 향후 한식 된장에 적합한 종균 개발을 위한 중요한 근거가 될 수 있다(Jung 등, 2016).

이에 본 연구에서는 우리나라 전 권역에서 수집한 한식 된장을 대상으로 이화학적 특성을 분석하고, 차세대 염기서열분석(NGS)을 기반으로 세균 및 진균 군집 구조를 조사하였다. 나아가 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 관계를 통합적으로 분석함으로써, 한식 된장의 발효 특성을 반영하는 지표를 탐색하고 향후 한식 된장에 적합한 종균 개발을 위한 기초자료를 제시하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

2.1. 한식 된장 시료 수집

본 연구에 사용한 된장 시료는 경기도(GG, n=2), 강원도(GW, n=3), 충청도(CD, n=6), 경상도(GD, n=4), 전라도(JD, n=3), 제주도(JJ, n=5)로 6권역으로 나눠 총 23개 시료를 수집하였다. 선정된 시료는 전통방식으로 제조한 한식 된장이며 국산 콩과 소금을 사용하여 제조하고 식품첨가물을 사용하지 않는 제품이다. 시료에 대한 지역과 재료의 정보는 Table 1에 제시하였다.

2.2. 한식 된장의 이화학적 특성 분석

2.2.1. 수분 함량

한식 된장의 수분 함량은 상압가열건조법(AOAC, 1990)으로 분석하였다. 시료 2 g을 칭량 용기에 취한 후 dry oven (MOV-112, Sanyo Ltd., Osaka, Japan)에 넣어 105°C에서 5시간 건조하였다. 건조된 시료는 desiccator에서 30분간 방냉 후 무게를 측정하여 백분율(%)로 나타내었다.

2.2.2. 환원당 함량

환원당 함량은 dinitrosalicylic acid (DNS) 방법(Kim 등, 2011b)으로 분석하였다. 시료추출액은 시료를 일정량 취하여 증류수로 10배 희석하고 homogenizer (polytron PT-MR 2100, Kinematica AG, Malters, Switzerland)로 1분간 균질화 후 이를 원심분리(8,000 rpm, 4°C, 10 min)한 상층액을 whatman filter paper No. 2 (Cytiva, Maidstone, UK)로 여과하여 사용하였다. 시료추출액 1 mL에 DNS 3 mL를 혼합한 후 water bath (C.O.D Water bath C-WB2, Changshin science, Seoul, Korea) 100°C에서 5분간 중탕 가열한 후 냉각하였다. 반응이 끝난 용액은 spectrophotometer (Libra S35, Biochrome Ltd., Cambridge, UK)를 이용하여 550 nm에서 흡광도를 측정하였다. Glucose (Merck KGaA, Darmstadt, Germany)를 표준 물질로 이용하여 작성한 검량곡선으로 상대적인 환원당 함량(%)을 계산하였다.

2.2.3. pH

pH는 시료를 일정량 취하여 증류수로 5배 희석하고 homogenizer

Table 1. List of traditional *doenjang* samples from Korean regions

Sample	Production region	Ingredient and content
D1	Gyeonggi-do (GG)	Soybean, sea salt
D2		<i>Meju</i> (soybean), barley, sea salt
D3	Gangwon-do (GW)	<i>Ganjang</i> , <i>meju</i> powder, barley, sea salt, pumpkin powder, red pepper powder, dried pollock
D4		<i>Meju</i> (soybean), sea salt
D5		Soybean, anchovy fish sauce
D6		Soybean, <i>ganjang</i>
D7	Chungcheong-do (CD)	Soybean, sea salt
D8		Soybean, sea salt
D9		Soybean, sea salt
D10		Soybean, sea salt
D11		Soybean, sea salt, <i>Lentinus edodes</i> powder, red pepper seed powder
D12	Jeolla-do (JD)	Soybean, sea salt
D13		Soybean, sea salt
D14		Soybean, sea salt
D15	Gyeongsang-do (GD)	Soybean, sea salt, red pepper seed powder
D16		Soybean, sea salt
D17		Soybean, sea salt
D18		Soybean, sea salt
D19	Jeju-do (JJ)	Soybean, sea salt
D20		Soybean, sea salt
D21		Soybean, sea salt
D22		Soybean, sea salt
D23		Soybean, sea salt

로 1분간 균질화 후 이를 원심분리(8,000 rpm, 4°C, 10 min)한 상층액을 whatman No. 2 filter paper로 여과하여 시료추출액으로 사용하였다. 시료추출액을 pH meter (Orion star A211, Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA)로 측정하였다.

2.2.4. 산도

산도는 Choi 등(2016)의 방법을 변형하여 측정하였다. pH 측정에 사용한 동일한 시료추출액 5 mL와 증류수 20 mL를 혼합하고 0.1 N sodium hydroxide (DAEJUNG, Siheung, Korea)로 pH 8.25가 될 때까지 적정하였다. 소비된 0.1 N sodium hydroxide 양을 계산하여 산도(%)로 나타내었다.

$$\text{Acidity (\%)} = (V \times F \times f \times D \times 100) / S$$

V: Titration value of sample (mL)

F: Factor of 0.1 N sodium hydroxide (1.002)

f: Lactic acid conversion factor (0.009)

D: Dilution ratio

S: Mass of sample (g)

2.2.5. 아미노태 질소 함량

아미노태 질소 함량은 Formol법(AOAC, 1990)을 변형하여 측정하였다. pH 측정에 사용한 동일한 시료추출액 5 mL와 중성 formaldehyde (pH 8.25) 10 mL, 증류수 10 mL를 혼합하고 0.1 N sodium hydroxide로 pH 8.25가 될 때까지 적정하였다. 소비된 0.1 N sodium hydroxide 양을 계산하여 아미노태 질소 함량(mg%)으로 나타내었다.

Amino type nitrogen (mg%)

$$= (V1 - V0) \times F \times 1.4 \times D \times 100 / S$$

V1: Titration value of sample (mL)

V0: Titration value of blank treat (mL)

F: Factor of 0.1 N Sodium hydroxide

D: Dilution ratio

S: Mass of sample (g)

1.4: Nitrogen weight in 1 mL of 0.1 N NaOH (mg)

2.2.6. 암모니아태 질소 함량

암모니아태 질소 함량은 Choi 등(2017)의 방법에 따라 측정하였다. pH 측정에 사용한 동일한 시료추출액 0.1 mL에 A 용액(phenol 5 g과 sodium nitroprusside dihydrate 0.025 g in distilled water 500 mL)과 B 용액[sodium phosphate (dibasic) 4.5 g과 sodium hydroxide 3 g + sodium hypochlorite solution 5 mL in distilled water 500 mL]을 각각 2 mL씩 넣어 혼합한다. 혼합액을 37°C의 water bath에서 20분간 반응시킨 후 spectrophotometer를 이용하여 630 nm에서 흡광도를 측정하였다. Ammonium sulfate (Merck KGaA)를 표준물질로 이용하여 작성한 검량곡선으로 상대적인 암모니아태 질소 함량(mg%)을 계산하였다.

2.2.7. 염도

염도는 silver nitrate 적정법(Cho 등, 2014)을 변형하여 측정하였다. 시료를 일정량 취하여 증류수로 20배 희석하고 교반기 (MS-MP8, DAIHAN Scientific, Wonju, Korea)를 사용하여 500 rpm으로 1시간 동안 교반 후 whatman No. 2 filter paper로 여과한 여액을 시료추출액으로 사용하였다. 시료추출액 10 mL과 지시약 5% potassium chromate (Merck KGaA) 500 µL을 혼합한 후 0.1 N silver nitrate (Merck KGaA)로 적갈색이 될 때까지 적정하였다. 소비된 0.1 N silver nitrate 양을 계산하여 염도(%)로 나타내었다.

$$\text{Salinity (\%)} = (V \times F \times D \times 100 \times 0.00585) / S$$

V: Titration value of sample (mL)

F: Factor of 0.1 N silver nitrate

D: Dilution ratio

S: Mass of sample (g)

0.00585: Sodium chloride weight in 1 mL of 0.1 N silver nitrate (g)

2.2.8. 색도

색도는 시료를 색차계용 접시에 담은 후 색차계(UltraScan

PRO, HunterLab, Reston, VA, USA)를 이용해 측정하고 Hunter scale의 L* (lightness), a* (redness), b* (yellowness) 값으로 나타내었다.

2.3. 한식 된장의 DNA 추출

한식 된장으로부터 genomic DNA (gDNA)를 얻기 위해 제조사의 지침에 따라 DNeasy PowerSoil Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 이용하여 추출하였으며, Quant-IT PicoGreen (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA)을 사용하여 정량하였다.

2.4. 한식 된장의 유전자 library 제작 및 sequencing

세균 분석을 위한 16S rRNA V3-V4 영역과 진균 분석을 위한 ITS2 영역의 sequencing library는 Illumina (San Diego, CA, USA)의 16S metagenomic sequencing library protocol에 따라 각각 제작하였다. PCR은 2 ng의 gDNA를 주형으로 하여 5× reaction buffer, 1 mM dNTP mix, 각 universal F/R PCR primer 500 nM 그리고 Herculase II fusion DNA polymerase (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA)를 혼합하였다. 사용된 primer는 다음과 같다. 16S V3-V4 (Bakt_341-F: 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3', Bakt_805-R: 5'-GACTACH VGGGTATCTAATCC-3'), ITS2 (ITS3-F: 5'-GCATCGATGA AGAACGCAGC-3', ITS4-R: 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'). 1차 PCR 조건은 95°C에서 3분간 열 활성화 후, 95°C에서 30초, 55°C에서 30초, 72°C에서 30초를 25회 반복한 뒤 72°C에서 5분간 최종 신장을 수행하였다. 1차 PCR 산물은 AMPure beads (Agencourt Bioscience, Beverly, MA, USA)로 정제하였다. 정제된 1차 PCR 산물 2 µL와 NexteraXT Indexed Primers (Illumina)를 사용하여 최종 library 제작을 위한 2차 PCR을 진행하였다. 2차 PCR은 1차 PCR과 동일 조건으로 진행되, 증폭 사이클 수를 10회로 설정하였다. 2차 PCR 산물은 AMPure beads로 정제하였다. 최종 library는 KAPA Library Quantification Kit (Roche Sequencing Solutions, Pleasanton, CA, USA)를 이용하여 qPCR로 정량하였고, TapeStation D1000 ScreenTape (Agilent Technologies)를 사용하여 품질을 확인하였다. 최종 paired-end (2×300 bp) sequencing은 (주)마크로젠 (Macrogen, Seoul, Korea)의 MiSeq platform (Illumina)에 분석 의뢰하여 수행하였다.

2.5. 통계 분석 및 상관관계 분석

한식 된장의 이화학적 특성은 3회 반복 측정 후 평균값과 표준편차로 나타내었다. 시료 간 차이를 확인하기 위하여 분산분석(analysis of variance, ANOVA)을 수행하였으며, 사후 검정으로 Duncan's multiple range test를 수행하였다. 미생물 군집 구조와 주성분 분석 결과의 권역 간 차이를 평가하기 위해 순

열 다변량 분산분석(permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)을 수행하였다. 시료 간 이화학적 특성과 미생물 군집 구조의 전반적인 분포 양상을 확인하기 위하여 주성분 분석(principal component analysis, PCA)을 수행하였다. 또한 권역 정보를 기반으로 시료 분류에 기여하는 주요 미생물 분류군을 탐색하기 위하여 random forest 분석을 수행하였으며, 이화학적 특성과 미생물 간의 상관관계를 분석하기 위하여 Spearman 상관 분석을 수행하였다. ANOVA, PERMANOVA, PCA 및 Spearman 상관 분석은 XLSTAT (version 2018, Addinsoft, Paris, France)를 이용하여 수행하였으며, random forest 분석과 결과 시각화는 R (version 4.5.2, R Foundation for Statistical

Computing, Vienna, Austria)를 이용하여 수행하였다. 통계적 유의성은 $p < 0.05$ 수준에서 검증하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 한식 된장의 이화학적 특성

국내 전 권역에서 수집한 한식 된장의 이화학적 특성을 분석한 결과는 Table 2에 나타내었다. 모든 측정 항목에서 전체 시료를 대상으로 한 분산분석 결과 유의한 차이가 나타났다($p < 0.05$).

수분함량은 48.70-60.36% 범위로 나타났으며, 전통식품 품질인증 제도(NAQS, 2026)의 수분함량 60% 이하 기준을 대부

Table 2. Physicochemical properties of traditional *doenjang* from Korean regions

Sample	Moisture (%)	Salinity (%)	R-Sugar ¹⁾ (%)	pH	Acidity (%)	Amino-N ²⁾ (mg%)	Ammonia-N ³⁾ (mg%)	L* (Lightness)	a* (Redness)	b* (Yellowness)
D1	59.29±0.13 ^{4)ij5)}	13.99±0.08 ^d	4.50±0.07 ⁱ	4.67±0.00 ^b	1.90±0.05 ^g	691.60±21.78 ^h	25.96±0.00 ^e	58.05±0.04 ^d	2.23±0.02 ^d	11.57±0.04 ^d
D2	50.73±0.44 ^b	17.33±0.25 ^l	5.84±0.01 ^k	4.80±0.01 ^e	2.07±0.05 ^h	602.00±0.00 ^{de}	27.75±0.01 ^g	57.43±0.01 ^b	1.93±0.04 ^b	11.04±0.03 ^b
D3	58.63±0.20 ⁱ	13.39±0.04 ^c	5.54±0.02 ^j	4.54±0.00 ^a	2.05±0.05 ^h	617.40±1.98 ^{ef}	96.41±0.39 ^s	60.07±0.01 ^{lm}	3.03±0.04 ^k	13.09±0.02 ⁱ
D4	51.55±0.25 ^c	11.07±0.02 ^a	8.71±0.04 ⁿ	6.06±0.00 ^u	1.28±0.03 ^b	1,155.00±1.98 ⁿ	79.80±0.13 ^q	57.21±0.03 ^a	1.54±0.02 ^a	10.79±0.01 ^a
D5	49.23±0.23 ^a	15.02±0.00 ^g	1.76±0.04 ^d	5.42±0.00 ^m	2.10±0.01 ^h	1,367.80±5.94 ^p	11.05±0.13 ^b	57.43±0.01 ^b	2.06±0.07 ^c	11.07±0.06 ^b
D6	48.70±0.42 ^a	19.75±0.00 ^m	3.40±0.01 ^h	5.12±0.00 ^j	1.80±0.00 ^f	597.80±1.98 ^{de}	25.96±0.00 ^e	58.03±0.03 ^d	2.49±0.00 ^f	11.64±0.10 ^d
D7	54.88±0.12 ^{ef}	16.92±0.02 ^k	1.18±0.01 ^c	5.15±0.00 ^j	1.94±0.08 ^g	655.20±3.96 ^g	44.54±0.00 ^k	58.52±0.02 ^e	2.82±0.00 ⁱ	12.18±0.02 ^e
D8	59.84±0.23 ^{jk}	13.78±0.07 ^d	0.41±0.01 ^a	6.61±0.00 ^v	0.99±0.02 ^a	929.60±5.94 ^k	142.30±0.13 ^t	59.63±0.01 ^j	2.33±0.02 ^e	12.62±0.09 ^g
D9	55.47±0.47 ^{fg}	16.45±0.00 ^j	3.57±0.04 ^h	4.96±0.00 ^g	1.65±0.04 ^e	471.80±17.82 ^b	44.36±0.25 ^k	60.14±0.03 ^m	3.50±0.01 ⁿ	13.60±0.02 ^k
D10	57.64±0.51 ^h	14.58±0.07 ^f	5.45±0.06 ^j	5.28±0.00 ^j	1.56±0.00 ^d	564.20±3.96 ^c	16.32±0.00 ^c	58.74±0.01 ^f	2.91±0.06 ^j	12.41±0.03 ^f
D11	59.43±0.40 ^j	15.12±0.03 ^g	1.86±0.00 ^{de}	5.22±0.00 ^k	1.62±0.05 ^{de}	751.80±5.94 ^j	27.75±0.00 ^g	58.95±0.01 ^g	2.71±0.01 ^h	12.48±0.06 ^f
D12	58.58±0.40 ⁱ	16.24±0.07 ^j	0.40±0.01 ^a	5.78±0.00 ^f	1.05±0.00 ^a	989.80±3.96 ^m	32.04±0.25 ^h	60.55±0.05 ⁿ	3.01±0.01 ^k	13.95±0.04 ^m
D13	57.35±0.22 ^h	15.03±0.02 ^g	1.99±0.01 ^{de}	4.98±0.00 ^h	1.90±0.01 ^g	590.10±4.95 ^d	16.86±0.00 ^d	59.34±0.01 ⁱ	2.97±0.02 ^{jk}	12.84±0.01 ^h
D14	56.01±0.44 ^g	16.80±0.01 ^k	0.79±0.01 ^b	5.62±0.00 ^h	1.06±0.03 ^a	709.10±4.95 ^{hi}	65.25±0.25 ^o	59.14±0.00 ^h	2.22±0.04 ^d	12.11±0.04 ^e
D15	57.56±0.48 ^h	15.96±0.00 ⁱ	0.80±0.04 ^b	5.65±0.00 ^o	1.26±0.05 ^b	910.00±3.96 ^k	54.80±0.63 ^m	57.80±0.00 ^c	2.05±0.01 ^c	11.38±0.04 ^c
D16	53.71±0.17 ^d	13.12±0.02 ^b	0.41±0.01 ^a	5.67±0.00 ^q	1.62±0.02 ^{de}	1,299.90±24.75 ^o	60.34±0.13 ⁿ	58.71±0.05 ^f	2.07±0.03 ^c	12.09±0.00 ^c
D17	54.75±0.31 ^e	13.23±0.01 ^{bc}	2.45±0.00 ^f	5.12±0.00 ^j	1.45±0.01 ^c	405.30±14.85 ^a	47.48±0.13 ^l	62.63±0.00 ^p	3.54±0.01 ⁿ	14.10±0.04 ⁿ
D18	57.22±0.04 ^h	15.80±0.03 ⁱ	2.06±0.03 ^e	5.85±0.00 ^s	1.21±0.01 ^b	632.80±9.90 ^{fg}	26.86±0.00 ^f	61.84±0.02 ^o	3.22±0.01 ^l	14.01±0.01 ^{mm}
D19	60.36±0.01 ^k	16.38±0.15 ^j	6.84±0.07 ^m	4.76±0.00 ^d	1.48±0.01 ^c	763.70±18.81 ^j	89.80±0.13 ^r	60.14±0.00 ^m	2.61±0.06 ^g	13.17±0.03 ⁱ
D20	59.28±0.09 ^{ij}	15.52±0.36 ^h	11.39±0.04 ^p	4.93±0.00 ^f	2.04±0.01 ^h	719.60±11.88 ⁱ	37.84±0.13 ⁱ	60.00±0.00 ^l	3.36±0.05 ^m	13.71±0.06 ^j
D21	59.38±0.02 ^j	14.54±0.21 ^f	3.12±0.04 ^g	4.73±0.00 ^c	2.11±0.00 ^h	719.60±11.88 ^l	41.59±0.13 ^j	59.76±0.08 ^k	3.21±0.02 ^l	13.45±0.06 ^j
D22	54.42±0.14 ^e	14.30±0.02 ^e	9.59±0.42 ^o	5.66±0.00 ^p	2.30±0.08 ⁱ	1,408.40±7.92 ^q	9.18±0.00 ^a	57.29±0.06 ^a	1.96±0.01 ^b	10.86±0.04 ^a
D23	59.53±0.51 ^j	14.01±0.07 ^d	6.11±0.28 ^l	5.93±0.00 ⁱ	1.27±0.01 ^b	1,365.00±21.78 ^q	69.98±0.38 ^p	57.75±0.13 ^c	2.08±0.02 ^c	11.67±0.11 ^d

¹⁾R-Sugar, reducing sugar.

²⁾Amino-N, amino-type nitrogen.

³⁾Ammonia-N, ammonia-type nitrogen.

⁴⁾All values are mean±SD (n=3).

⁵⁾Different letters within the same column indicate significant differences according to Duncan's multiple range test ($p < 0.05$).

분의 시료가 충족하였다. 염도는 11.07-19.75% 범위로 나타났다. 일반적으로 된장의 염도는 수분함량과 밀접한 상호 관계를 보이는 것으로 알려져 있다(Byun 등, 2015). 실제로 일부 시료에서는 수분함량이 낮을수록 염도가 상대적으로 높아지는 경향이 관찰되었는데, 이는 발효 및 숙성 과정에서 수분 증발에 따른 염의 농축 효과에 기인하는 것으로 판단된다(Yoon 등, 2019). 한편 시판 개량 된장의 수분함량은 평균 50.75-54.97%, 염도는 10.80-15.78% 범위로 보고된 바 있다(Jeon 등, 2016b). 본 연구에서 분석된 한식 된장의 경우 수분함량은 개량 된장보다 큰 차이를 보이지 않았으나, 염도는 전반적으로 개량 된장보다 다소 높은 경향을 나타냈다. 이러한 차이는 전통 한식 된장이 자연 발효 미생물에 의해 장기간 숙성되는 발효 특성과 제조 공정의 차이에 기인한 것으로 판단된다(Lee 등, 2022a).

환원당 함량은 0.40-11.39% 범위로 나타났으며 시료 간 편차가 비교적 크게 나타났다. 시판 개량 된장의 환원당 함량은 3.32-10.52% 수준으로 보고된 바 있으며(Gil 등, 2016), 본 연구에서 분석된 한식 된장 시료는 이보다 더 넓은 범위를 나타냈다. 환원당은 전분 및 탄수화물이 미생물 유래 효소에 의해 분해되어 생성되는 물질로서 발효 초기에는 비교적 높은 수준을 나타내지만 발효가 진행됨에 따라 미생물 대사 과정에서 소비되어 감소하는 경향을 보인다(Cho 등, 2023). 따라서 환원당 함량은 발효 진행 정도와 미생물 대사활동을 반영하는 주요 지표로 알려져 있다(Namgung 등, 2010). 전통 한식 된장은 다양한 미생물에 의해 자연 발효가 진행되는 반면, 개량 된장은 제한된 미생물을 이용하여 비교적 균일한 조건에서 발효가 이루어지기 때문에 이러한 발효 방식의 차이가 환원당 함량의 변동 폭에도 영향을 미친 것으로 판단된다. 한편 권역별 비교에서는 환원당 함량에서만 유의적인 차이가 나타났으며($p < 0.05$), 제주 지역 시료(JJ)의 환원당 함량이 다른 지역에 비해 유의적으로 높은 값을 나타냈다.

pH는 4.54-6.61 범위로 나타났으며, 산도는 0.99-2.30% 범위로 나타났다. 발효 과정에서 미생물에 의해 생성되는 lactic acid 및 acetic acid와 같은 유기산의 축적으로 산도가 증가하고 pH가 감소하는 경향을 보인다(Lee 등, 1985). 본 연구에서도 pH가 상대적으로 낮은 시료에서 산도가 높은 경향이 관찰되었으며, 이는 발효 과정에서 생성된 유기산의 축적에 따른 결과로 판단된다. 선행 연구에 따르면 한식 된장의 pH와 산도는 각각 4.91-5.77과 1.28-2.16% 수준이며, 개량 된장은 5.28-5.68과 1.30-2.44%로 보고되어 두 유형 간 유의적인 차이는 나타나지 않는 것으로 보고된 바 있다(Gil 등, 2016). 본 연구에서 분석된 한식 된장의 산도 및 pH 역시 선행 연구 결과와 유사한 범위를 나타내어 개량 된장과 뚜렷한 차이는 확인되지 않았다.

아미노태 질소 함량은 405.30-1,408.40 mg% 범위로 나타났으며 모든 시료에서 전통식품 품질인증 기준인 300 mg% 이상을 충족하였다. 아미노태 질소는 단백질이 발효 과정에서 미생

물이 분비하는 효소에 의해 분해되면서 생성되는 아미노산 및 저분자 질소 화합물을 나타내는 지표로, 발효 식품의 숙성도와 풍미 형성에 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다(Seo와 Park, 2014). 개량 된장의 아미노태 질소 함량은 361.4-934.4 mg% 범위로 보고된 바 있으며(Park 등, 2016), 본 연구에서 분석된 한식 된장의 아미노태 질소 함량은 전반적으로 이와 유사하거나 일부 시료에서는 더 높은 값을 나타내었다. 시료 중 D22가 아미노태 질소 함량이 유의적으로 가장 높은 값을 나타내었으나($p < 0.05$), 제주 지역 전체에서 공통적으로 나타나는 경향은 아니었다.

암모니아태 질소 함량은 9.18-142.30 mg% 범위로 나타났다. 암모니아태 질소는 발효 과정에서 단백질 및 아미노산이 추가적으로 분해되면서 생성되는 휘발성 질소 화합물로 알려져 있으며, 과도하게 증가할 경우 장류의 품질 저하나 불쾌취 형성과 관련될 수 있는 지표로 보고된 바 있다(Namgung 등, 2010). 선행 연구에서는 전통 된장의 암모니아태 질소 함량이 약 39.85-276.49 mg% 범위로 보고된 바 있으며(Song 등, 2019), 본 연구의 결과도 해당 범위 내에 유사한 분포를 나타내었다. 다만 암모니아태 질소 함량은 법적 기준으로 규정된 항목은 아니며, 본 연구에서는 간접적으로 시료 간 발효특성을 설명하기 위한 비교 항목으로 수행하였다.

색도 분석 결과 L^* 값은 57.21-62.63 범위로 나타났으며, a^* 값은 1.54-3.54, b^* 값은 10.79-14.10 범위로 나타났다. 일반적으로 된장의 색도는 발효 및 숙성 과정에서 단백질과 당류 간의 Maillard 반응에 의해 갈색 색소가 형성되면서 변화하는 것으로 알려져 있다(Himeno 등, 1973). 시료 간 색도 값에는 유의한 차이가 확인되었으며($p < 0.05$), 이는 제조 업체별 원료 구성, 콩의 품종, 제조 방법 및 발효 조건 등이 서로 달라 다양한 요인의 영향을 받은 것으로 판단된다(Kim 등, 2021).

전체적으로 한식 된장 시료의 이화학적 특성은 시료 간 다양한 차이를 나타내었으나, 지역을 기준으로 비교하였을 때 환원당을 제외한 대부분의 항목에서는 유의적인 차이가 나타나지 않아 이화학적 특성만으로는 권역별 뚜렷한 경향이 확인되지 않았다.

3.2. 한식 된장의 미생물 군집 구조 및 주요 미생물 탐색

권역별로 수집한 한식 된장 시료의 세균 및 진균 미생물 군집 구조를 분석하기 위해 염기서열 기반 미생물 군집 분석을 수행하였으며, 미생물 군집의 다양성과 구조 분석 결과는 Fig. 1에 제시하였다. 종 다양성(diversity)을 나타내는 지표인 Shannon diversity index 분석 결과, 세균 군집은 권역과 관계없이 시료 간 넓은 범위를 나타내어 다양한 수준의 미생물 다양성이 확인되었다. 진균 군집에서도 유사한 경향이 나타났으며, 전반적으로 세균 군집이 진균 군집보다 더 높은 다양성을 나타내었다(Fig. 1A와 1B). 시료 간 미생물 군집 구조의 차이를 평가하기

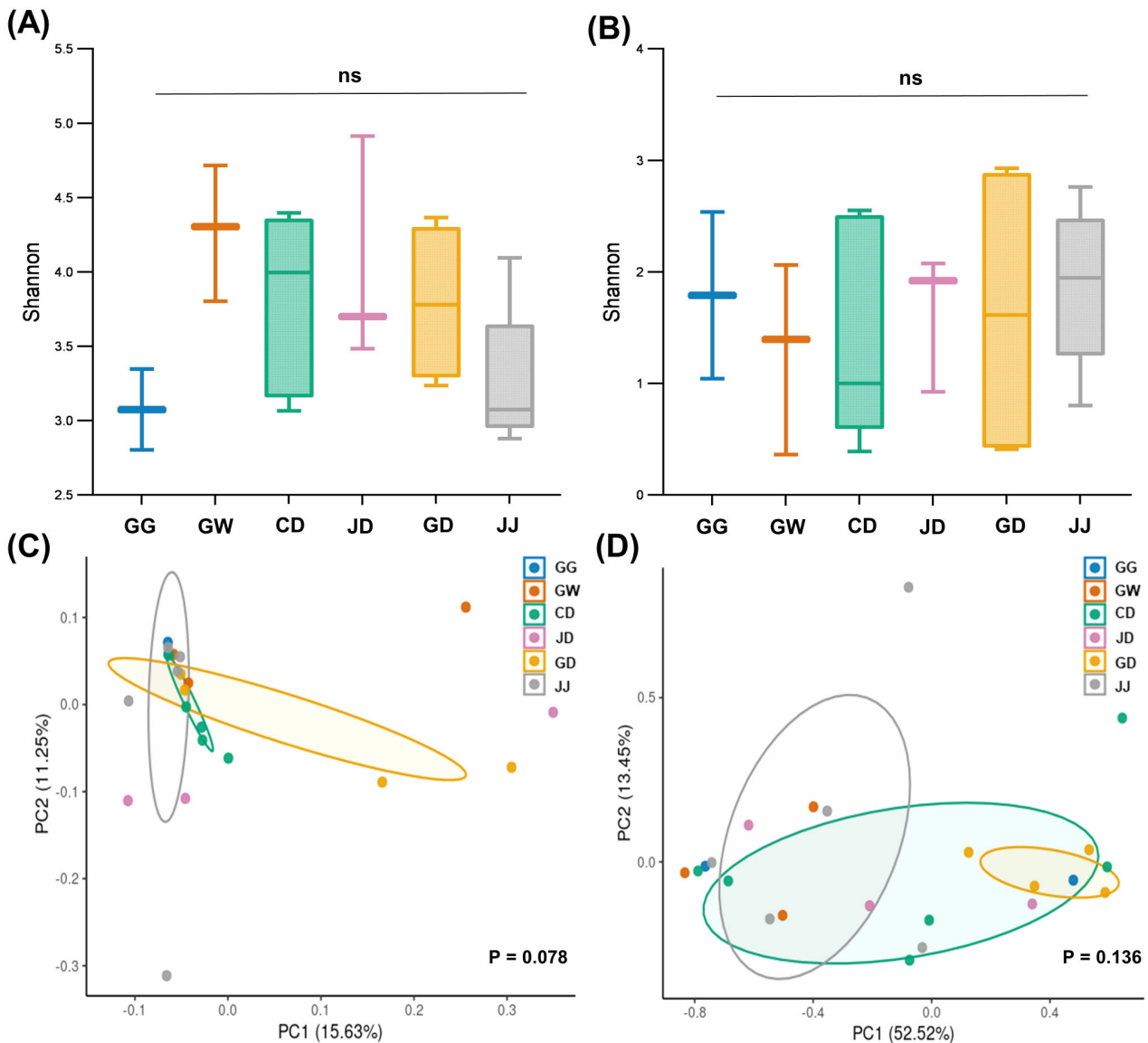


Fig. 1. Alpha and beta diversity of microbial communities in traditional *doenjang* from Korean regions. Shannon diversity indices of bacterial communities based on 16S rRNA gene sequencing (A) and fungal communities based on ITS sequencing (B) were analyzed using one-way ANOVA followed by Duncan's multiple range test. The label "ns" indicates no statistically significant difference among regional groups ($p > 0.05$). Principal coordinate analysis (PCoA) based on weighted UniFrac distances shows bacterial (C) and fungal (D) community structures; differences among regions were assessed using permutational multivariate analysis of variance (PERMANOVA). PERMANOVA p values are shown in each panel, indicating no significant regional differences in bacterial ($p = 0.078$) or fungal ($p = 0.136$) community structures.

위해 weighted UniFrac distance 기반 beta diversity 분석을 수행하였다. 분석 결과 세균과 진균 모두 시료 간 분산이 관찰되었으나 권역별로 뚜렷하게 구분되는 미생물 군집 구조의 패턴은 나타나지 않았다. PERMANOVA 분석 결과에서도 권역 간 미생물 군집 구조의 유의한 차이는 확인되지 않았다($p > 0.05$) (Fig. 1C와 1D). 이러한 결과는 한식 된장의 미생물 군집이 특

정 지역에 의해 일관되게 구분되기보다는 제조 환경, 원재료 구성, 발효 기간 및 염도와 같은 발효 조건에 의해 형성될 가능성을 시사한다(Jung 등, 2016).

전체 군집 구조 수준에서는 권역 간 유의한 차이가 확인되지 않았으나, 권역 정보를 기반으로 시료 분류에 상대적으로 높은 기여도를 보이는 미생물 분류군을 탐색하기 위해 random forest

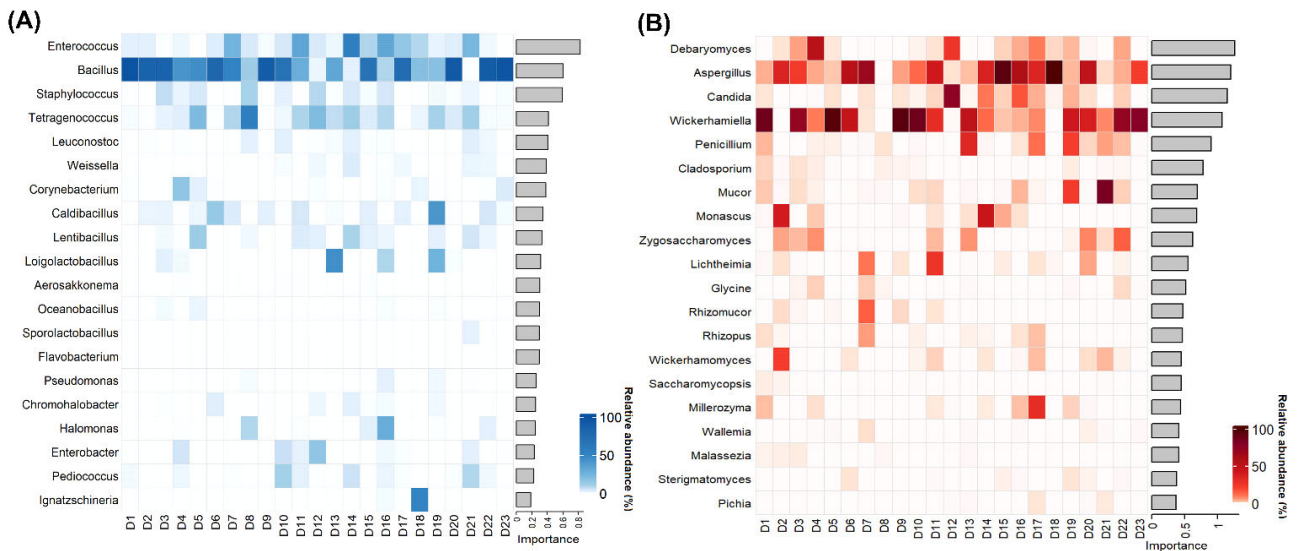


Fig. 2. Relative abundance of the top 20 microbial genera identified through random forest analysis based on 16S rRNA gene sequencing for bacterial communities (A) and ITS sequencing for fungal communities (B) in traditional *doenjang* from Korean regions.

분석을 수행하였다. 중요도가 높은 상위 20개 세균 및 진균 분류군의 상대적 풍부도는 Fig. 2에 제시하였다. 세균 군집 분석 결과 *Bacillus*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*, *Tetragenococcus* 등이 높은 중요도를 나타내었다(Fig. 2A). 이 중 *Bacillus*는 대부분의 시료에서 높은 상대적 풍부도를 나타내어 한식 된장에서 우점하는 주요 세균 분류군으로 확인되었으며, protease 및 amylase 등의 효소를 생산하여 콩의 단백질과 탄수화물 분해에 관여하고 발효 과정에 중요한 역할을 수행하는 것으로 보고된 기존 연구 결과와 일치한다(Jeon 등, 2016a; Lee 등, 2015). *Tetragenococcus*와 *Enterococcus* 역시 일부 시료에서 높은 상대적 풍부도를 나타내며 중요도가 높은 분류군으로 확인되었다. 특히 *Tetragenococcus*는 된장과 같은 고염 발효식품에서 빈번하게 검출되는 내염성 유산균으로 알려져 있으며(Jeong 등, 2014), *Enterococcus*는 다양한 발효식품에서 검출되는 미생물로 발효 과정에서 긍정적인 기능이 보고된 바 있으나 일부 균주에서는 biogenic amine 생성과의 연관성도 제시되고 있어 발효 과정에서의 기능적 역할에 대한 지속적인 관찰이 필요한 분류군으로 알려져 있다(Barbieri 등, 2019). 그 외에도 *Weissella*, *Corynebacterium*, *Lentibacillus*, *Pediococcus* 등은 일부 시료에서 확인되었으나 상대적 풍부도는 낮았다.

진균 군집 분석 결과 *Aspergillus*, *Debaryomyces*, *Candida*, *Wickerhamella* 등이 높은 중요도를 나타내었다(Fig. 2B). *Aspergillus*는 대부분의 시료에서 높은 상대적 풍부도를 보여 한식 된장에서 우점하는 주요 곰팡이 분류군으로 확인되었으며, amylase 및 glucoamylase와 같은 탄수화물 분해 효소를 생산하여 콩 유래 탄수화물 분해와 발효 과정에 관여하는 것으로 보고된 기존 연구 결과와도 일치한다(Hong 등, 2015). *Wickerhamella* 역

시 일부 시료에서 높은 상대적 풍부도를 나타내어 효모 분류군 중 중요한 분류군으로 확인되었으며, 최근 전통 발효식품 미생물 군집 연구에서 보고되고 있으나 한식 된장 발효 과정에서의 구체적인 기능적 역할에 대해서는 아직 제한적으로 연구되어 있어 추가적인 검증이 필요할 것으로 판단된다(Lee 등, 2022b). *Debaryomyces* 역시 높은 중요도를 나타내어 본 연구의 분류 모델에서 주요한 진균 분류군 중 하나로 도출되었으며, 발효 과정에서 알코올, 유기산 및 다양한 휘발성 향기 성분 생성에 관여하여 발효식품의 풍미 형성에 기여하는 것으로 보고된 바 있다(Zhang 등, 2021). 그 외에도 *Penicillium*, *Cladosporium*, *Mucor*, *Zygosaccharomyces* 등은 일부 시료에서 확인되었으나 상대적 풍부도는 낮았다.

결론적으로 random forest 분석을 통해 도출된 *Bacillus*, *Enterococcus*, *Tetragenococcus*, *Aspergillus*, *Wickerhamella*, *Debaryomyces* 등은 한식 된장 시료의 권역 기반 분류에서 높은 중요도를 나타내는 주요 미생물 분류군으로 확인되었다. 이러한 분류군은 권역에 따른 군집 구조의 뚜렷한 차이가 나타나지 않더라도 시료 간 미생물 군집 특성을 설명하는 중요한 지표로 작용할 수 있으며, 한식 된장의 발효 특성과 미생물 간의 관계를 이해하는 데 유용한 지표로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

3.3. 한식 된장의 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 관계

한식 된장 시료에서 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 관계를 탐색하기 위해 PCA를 수행하였다(Fig. 3). PCA 결과

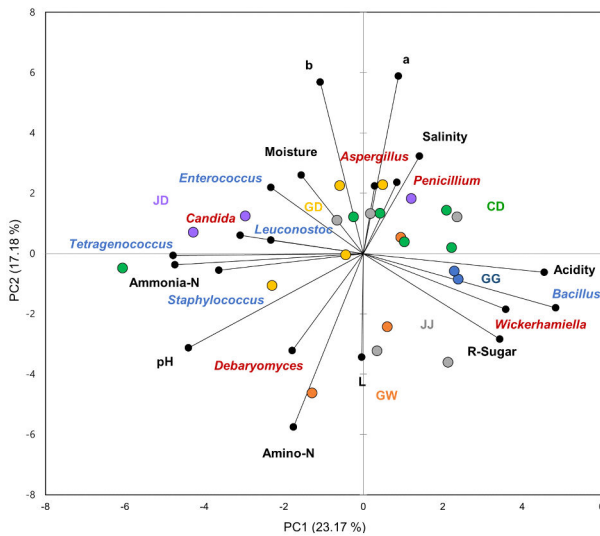


Fig. 3. Principal component analysis (PCA) biplot showing the relationships between dominant microbial genera and physicochemical properties of traditional *doenjang* samples from different Korean regions. Regional abbreviations indicate Gyeonggi-do (GG), Gangwon-do (GW), Chungcheong-do (CD), Jeolla-do (JD), Gyeongsang-do (GD), and Jeju-do (JJ). Physicochemical variables abbreviated in the figure include lightness (L*), redness (a*), yellowness (b*), amino-type nitrogen (Amino-N), ammonia-type nitrogen (Ammonia-N), and reducing sugar (R-Sugar).

일부 미생물 분류군과 이화학적 특성이 상관관계를 이루는 경향이 확인되었다. *Bacillus*와 *Wickerhamella*는 환원당 및 산도와 높은 상관성을 나타냈으며, *Staphylococcus*와 *Tetragenococcus*는 암모니아태 질소와 상관성을 보였다. 또한 *Debaryomyces*는 아미노태 질소 및 pH와 상관성을 보였으며, *Aspergillus*와 *Penicillium*은 염도 및 색도 지표(L*, a*, b*)와 상관성을 나타냈다. 한편 PCA 결과를 권역별로 구분하여 PERMANOVA 검정을 수행한 결과, 권역 간 통계적으로 유의한 분리는 확인되지 않았다($p > 0.05$). 이는 본 연구에서 관찰된 미생물 및 이화학적 특성의 변이가 지리적 요인보다는 개별 시료의 특성에 의해 형성되었음을 시사한다.

PCA 분석에서 관찰된 분포 경향을 보다 정량적으로 평가하기 위해 Spearman 상관 분석을 수행하였다(Fig. 4). 분석 결과 환원당은 *Bacillus* 및 *Wickerhamella*와 유의한 양의 상관관계를 나타낸 반면, *Enterococcus*와 *Tetragenococcus*와는 음의 상관관계를 보였다. 이러한 양의 상관관계는 *Bacillus*가 장류 발효에서 amylase와 같은 효소를 통해 탄수화물을 분해하고, 그 과정에서 환원당 생성에 관여하는 특성과 관련된 것으로 해석된다(Lee 등, 2016). 한편 *Wickerhamella*는 당 대사와 관련된 효모로 알려져 있어, 환원당과의 양의 상관관계는 당이 풍부한 발효 환경과 연관된 분포 경향을 반영할 가능성이 있다(Gonçalves

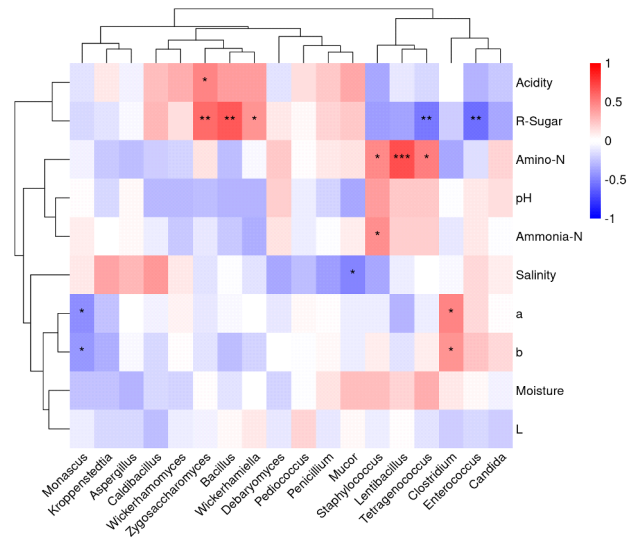


Fig. 4. Spearman correlation heatmap between physicochemical properties and microbial communities in traditional *doenjang* from Korean regions. Statistical significance is indicated by asterisks (* $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$). Physicochemical variables include acidity, reducing sugar (R-Sugar), amino-type nitrogen (Amino-N), pH, ammonia-type nitrogen (Ammonia-N), salinity, lightness (L*), redness (a*), yellowness (b*), and moisture.

등, 2022). *Enterococcus*와 *Tetragenococcus*와 같은 유산균은 당을 이용하여 유기산을 생성하는 대사 특성을 가지므로 환원당과 음의 상관관계를 보이는 것으로 판단된다(Okoye 등, 2022). *Staphylococcus*는 아미노태 질소 및 암모니아태 질소, *Tetragenococcus*는 아미노태 질소와 유의한 양의 상관관계를 나타내었다. 아미노태 질소는 단백질 분해 과정에서 생성되는 아미노산 형태의 주요 질소 화합물이며, 암모니아태 질소는 단백질 분해 이후 탈아미노화 과정에서 형성되는 질소 화합물이다(Fijałkowska 등, 2015). 이러한 결과는 *Staphylococcus*와 *Tetragenococcus*가 발효 과정에서 단백질을 분해하며 아미노산 및 질소 화합물의 축적과 관련된 대사활동에 관여함을 시사한다(Qi 등, 2022). 한편 *Aspergillus* 및 *Penicillium*은 여러 시료에서 다양한 풍부도를 나타내었으나 본 연구에서 분석한 주요 이화학적 지표와의 뚜렷한 상관관계는 나타나지 않았다. 이는 곰팡이가 메주 발효 단계에서 효소 생산을 통해 발효 초기 과정에 중요한 역할을 수행하는 것으로 알려져 있는 반면, 된장 발효 단계에서는 상대적으로 대사적 기여가 제한적임을 시사한다(Kim 등, 2023).

상관 분석에서 확인된 주요 관계를 보다 직관적으로 확인하기 위해 환원당, *Bacillus* 및 *Enterococcus*의 권역별 분포를 지도 형태로 시각화하였다(Fig. 5). 그 결과 일부 권역에서 환원당이 높은 시료에서 *Bacillus*의 상대적 풍부도가 높고 *Enterococcus*의

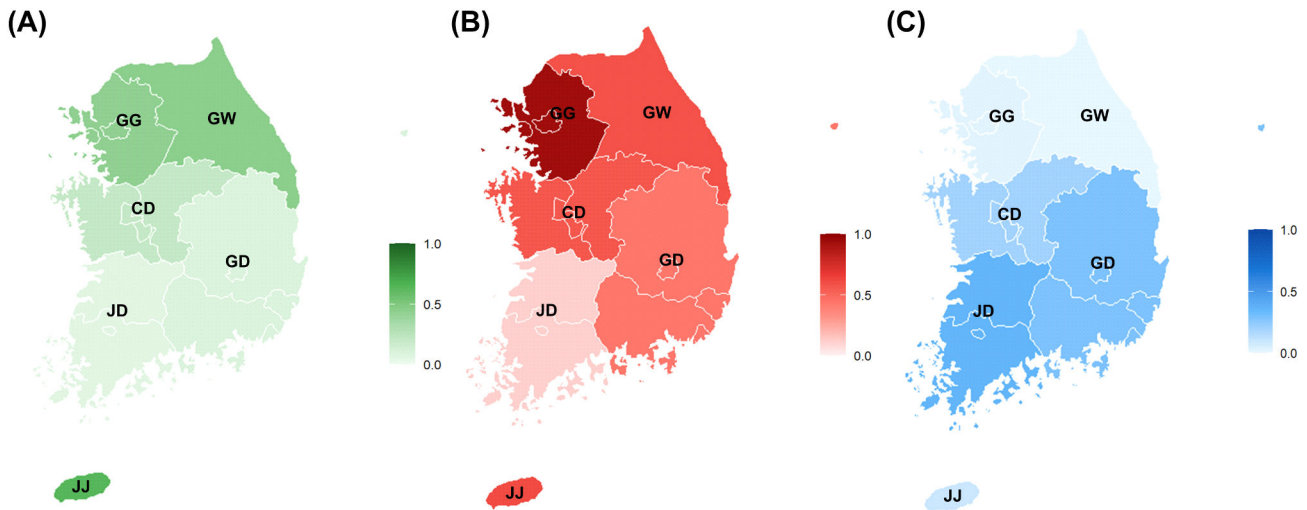


Fig. 5. Regional distribution of reducing sugar (A), *Bacillus* (B), and *Enterococcus* (C) in traditional *doenjang* from Korean regions. Regional abbreviations indicate Gyeonggi-do (GG), Gangwon-do (GW), Chungcheong-do (CD), Jeolla-do (JD), Gyeongsang-do (GD), and Jeju-do (JJ).

풍부도가 낮은 경향이 관찰되었다. 이러한 결과는 한식 된장 발효 과정에서 탄수화물 분해와 당 이용과 같은 미생물 대사 특성이 시료 간 발효 특성의 차이를 설명하는 중요한 요인으로 작용함을 시사한다.

환원당은 발효 과정에서 일부 미생물에 의해 탄수화물이 분해되면서 생성되는 동시에, 다른 미생물에 의해 기질로 이용되어 소비되는 동적 지표이다(Tu 등, 2024). 따라서 포도당, 과당 등의 환원당 축적은 발효식품에서 단맛 형성과 연관되며(Sakuma 등, 1996), 본 연구에서 관찰된 *Bacillus* 및 *Wickerhamella*와의 양의 상관관계는 이러한 환원당의 생성 및 축적 과정과 관련된 대사 특성을 반영하는 것으로 해석된다. 반면 *Enterococcus*와 *Tetragenococcus*와 같은 유산균은 환원당을 이용하여 유기산을 생성하는 대사 특성을 가지므로(Jung 등, 2016), 이들과의 음의 상관관계는 환원당 소비와 관련된 발효 양상을 반영하는 것으로 판단된다. 또한 이러한 유기산의 생성과 축적은 발효식품의 산도 변화와 함께 산미 형성에도 영향을 미치는 것으로 보고된 바 있다(Shi 등, 2022). 한편 아미노산 질소는 단백질 분해 과정에서 생성되는 아미노산성 질소 화합물을 반영하는 지표로(Lee 등, 2017), 본 연구에서 확인된 *Staphylococcus* 및 *Tetragenococcus*와의 양의 상관관계는 단백질 분해와 질소 화합물 축적에 관련된 대사활동을 시사한다. 이러한 아미노산성 질소 화합물의 축적은 발효식품에서 감칠맛 형성과도 연관될 가능성이 있으며(Mao 등, 2023), 한식 된장의 풍미 형성에 영향을 줄 것으로 판단된다(Yun 등, 2025).

우리나라 전 권역에서 수집한 한식 된장을 대상으로 한 본 연구에서 권역에 따른 뚜렷한 이화학적 특성 및 미생물 군집 구조의 구분은 확인되지 않았다. 이는 종균을 사용하지 않은 자연

집종 메주를 기반으로 시료가 제조되었고, 제조 시기, 발효 기간, 원재료 구성 등의 차이가 복합적으로 작용한 결과로 해석된다(Ryu 등, 2020). 반면, 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 관계 분석을 통해 한식 된장 발효 과정에서 탄수화물 및 질소 대사와 관련된 미생물 분포 특성을 확인할 수 있었으며, 이는 향후 한식 된장의 발효 특성 평가와 품질 관련 후속 연구를 위한 유용한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

4. 요약

본 연구는 우리나라 전 권역에서 수집한 한식 된장을 대상으로 이화학적 특성과 미생물 군집 구조를 분석하고, 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 상관관계를 규명하여 한식 된장의 발효 특성을 반영하는 지표를 탐색하고자 수행되었다. 한식 된장 시료의 수분함량, 염도, 환원당, pH, 산도, 아미노산 질소, 암모니아태 질소 및 색도를 분석한 결과, 대부분의 항목에서 시료 간 유의한 차이가 확인되었다. 그러나 권역별 비교에서는 환원당을 제외한 대부분의 항목에서 뚜렷한 차이가 나타나지 않았다($p > 0.05$). 미생물 군집 분석 결과, 세균 군집은 진균 군집보다 높은 다양성을 나타내었으나, 세균과 진균 모두 권역에 따른 뚜렷한 군집 분리는 확인되지 않았다. 한식 된장 시료의 특성을 설명하는 주요 미생물 분류군으로는 *Bacillus*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*, *Tetragenococcus*, *Aspergillus*, *Wickerhamella* 및 *Debaryomyces* 등이 도출되었다. 이 중 *Bacillus*는 대부분의 시료에서 높은 상대적 풍부도를 보여 우점하는 주요 세균 분류군으로 확인되었으며, *Aspergillus* 역시 주요 곰팡이 분류군으로 나타났다. 환원당은 *Bacillus* 및 *Wickerhamella*와 양의 상관

관계를, *Enterococcus* 및 *Tetragenococcus*와는 음의 상관관계를 나타내었다. 또한 *Staphylococcus*는 아미노태 질소 및 암모니아태 질소와, *Tetragenococcus*는 아미노태 질소와 양의 상관관계를 보였다. 이러한 결과는 한식 된장 발효 과정에서 탄수화물 및 질소 대사와 관련된 미생물 분포 특성이 시료 간 발효 특성의 차이를 설명하는 데 중요한 역할을 할 가능성을 시사한다. 반면 *Aspergillus* 및 *Penicillium*은 여러 시료에서 다양한 풍부도를 나타내었으나, 주요 이화학적 지표와의 뚜렷한 상관관계는 확인되지 않았다. 연구 결과를 통해 우리나라 전 권역에서 수집한 한식 된장의 주요 미생물 분류군과 이화학적 특성 간의 관계를 통해 환원당 함량이 발효 특성을 반영하는 잠재적 지표를 확인할 수 있었다. 본 연구는 한식 된장의 품질 특성에 대한 이해를 심화하고, 한식 된장의 특성을 담은 종균 개발과 품질 관리 연구를 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

Funding

This study was carried out with the support of “Project no. PJ01600603” from the Rural Development Administration and the 2026 collaborative research program between the university and the Rural Development Administration, Republic of Korea.

Acknowledgements

None.

Conflict of interests

The authors declare no potential conflicts of interest.

Author contributions

Conceptualization: Jang HW, Gwon HM, Kim SY. Methodology: Jang YJ, Kim SY. Formal analysis: Jang YJ, Jang HW. Validation: Yoo SE. Writing - original draft: Yoo SE. Writing - review & editing: Yoo SE, Kim SY.

Ethics approval

This article does not require IRB/IACUC approval because there are no human and animal participants.

ORCID

SeongEui Yoo (First author)

<https://orcid.org/0000-0002-0106-1070>

Ye-Ji Jang

<https://orcid.org/0009-0004-2510-0697>

Hyun-Wook Jang

<https://orcid.org/0000-0003-1564-5939>

Hee-Min Gwon

<https://orcid.org/0000-0002-8808-5875>

So-Young Kim (Corresponding author)

<https://orcid.org/0000-0002-9729-6869>

References

- AOAC. Official Methods of Analysis. 15th ed, Association of Official Analytical Chemists, Washington DC, USA, p 210-219 (1996)
- Barbieri F, Montanari C, Gardini F, Tabanelli G. Biogenic amine production by lactic acid bacteria: A review. *Foods*, 8, 17 (2019)
- Byun MW, Nam TG, Lee GH. Physicochemical and sensory characteristics of *doenjang* made with various concentrations of salt solution. *J Korean Soc Food Sci Nutr*, 44, 1525-1530 (2015)
- Cho HJ, Hwang IS, Kim MK. Physicochemical characteristics and enzymatic activities of traditional *hansik-doenjang* produced in Gangwon province, Korea. *Korean J Food Sci Technol*, 55, 537-545 (2023)
- Cho KM, Kang JR, Kim GM, Kang MJ, Hwang CE, Jeong YS, Kim JH, Lee CK, Shin JH. Quality characteristics of low salted garlic *doenjang* during fermentation. *Korean J Food Preserv*, 21, 627-635 (2014)
- Choi BY, Gil NY, Park SY, Cho YS, Kim SY. Change of quality properties of *doenjang* according to soaking method in brine. *Korean J Food Preserv*, 24, 923-933 (2017)
- Choi BY, Gil NY, Park SY, Kim SY. Quality characteristics of *doenjang* depending on various salt concentration during long-term fermentation period. *Korean J Food Preserv*, 23, 788-796 (2016)
- Choi KS, Lee HJ, Kwon DJ. Physicochemical and microbiological properties of Korean traditional *meju*. *Korean J Food Preserv*, 16, 217-222 (2009)
- Fijałkowska M, Pysera B, Lipiński K, Strusińska D. Changes of nitrogen compounds during ensiling of high protein herbage: A review. *Ann Anim Sci*, 15, 289-305 (2015)
- Gil NY, Choi BY, Park SY, Cho YS, Kim SY. Physicochemical properties of *doenjang* using grain type *meju* fermented by *Aspergillus oryzae* and protease. *Korean J Food Preserv*, 24, 697-706 (2017)
- Gil NY, Kim SY, Choi HS, Park SY, Kim JH. Investigation of quality characteristics and alcohol content in commercial Korean fermented sources. *Korean J Food Preserv*, 23, 341-346 (2016)
- Gonçalves C, Marques M, Gonçalves P. Contrasting strategies

- for sucrose utilization in a floral yeast clade. *mSphere*, 7, e00035-22 (2022)
- Ha GS, Lee RH, Lee JH, Yang HG, Jeong BR, Han YJ, Jeong DY, Yang HJ. Changes in microbial communities and their correlation with physicochemical properties during the fermentation of *doenjang*. *Korean J Food Preserv*, 32, 1146-1155 (2025)
- Himeno K, Tombe T, Koide I. Browning and reducing material of the grain for processing miso. *Sci Tech Miso*, 227 (1973)
- Hong SB, Kim DH, Samson RA. *Aspergillus* associated with *meju*, a fermented soybean starting material for traditional soy sauce and soybean paste in Korea. *Mycobiology*, 43, 218-224 (2015)
- Jang SE, Kim KA, Han MJ, Kim DH. Doenjang, a fermented Korean soybean paste, inhibits lipopolysaccharide production of gut microbiota in mice. *J Med Food*, 17, 67-75 (2014)
- Jeon HH, Jung JY, Chun BH, Kim MD, Baek SY, Moon JY, Yeo SH, Jeon CO. Screening and characterization of potential *Bacillus* starter cultures for fermenting low-salt soybean paste (*doenjang*). *J Microbiol Biotechnol*, 26, 666-674 (2016a)
- Jeon HJ, Lee SH, Kim SS, Kim YS. Quality characteristics of modified *doenjang* and traditional *doenjang*. *J Korean Soc Food Sci Nutr*, 45, 1001-1009 (2016b)
- Jeong DW, Kim HR, Jung GS, Han SH, Kim CT, Lee JH. Bacterial community migration in the ripening of *doenjang*, a traditional Korean fermented soybean food. *J Microbiol Biotechnol*, 24, 648-660 (2014)
- Jo EH, Lee HT, Song YS, Cha JH. Taxonomic variations of bacterial and fungal communities depending on fermentation temperature in traditional Korean fermented soybean food, *doenjang*. *J Microbiol Biotechnol*, 34, 863 (2024)
- Jung WY, Jung JY, Lee HJ, Jeon CO. Functional characterization of bacterial communities responsible for fermentation of *doenjang*: A traditional Korean fermented soybean paste. *Front Microbiol*, 7, 827 (2016)
- Kim DH, Chun BH, Lee JJ, Kim OC, Hyun JY, Han DM, Jeon CO, Lee SH, Lee SH, Choi YH. Enzymatic activity and amino acids production of predominant fungi from traditional *meju* during soybean fermentation. *J Microbiol Biotechnol*, 34, 654 (2023)
- Kim HY, Kim BS, Ko HS, Kim SY, Ha GJ. Quality characteristics and comparison of microbial community in traditional *doenjang* by aging period in Gyeongnam province. *Korean J Food Nutr*, 34, 58-68 (2021)
- Kim JW, Doo HS, Kwon TH, Kim YS, Shin DH. Quality characteristics of *doenjang meju* fermented with *Aspergillus* species and *Bacillus subtilis* during fermentation. *Korean J Food Preserv*, 18, 397-406 (2011a)
- Kim YS, Kim JY, Choi HS. Quality characteristics of commercial rice soybean paste. *Korean J Food Preserv*, 18, 853-858 (2011b)
- Lee JE, Yun JH, Lee EJ, Hong SP. Untargeted metabolomics reveals doenjang metabolites affected by manufacturing process and microorganisms. *Food Res Int*, 157, 111422 (2022a)
- Lee KH, Choi HS, Hwang KA, Song J. Changes in biological qualities of soy grits *cheonggukjang* by fermentation with β -glucosidase-producing *Bacillus* strains. *J Korean Soc Food Sci Nutr*, 45, 702-710 (2016)
- Lee KH, Kim EJ, Choi HS, Park SY, Kim JH, Song J. Quality characteristics of popped rice *doenjang* prepared with *Bacillus subtilis* strains. *Korean J Food Preserv*, 22, 545-552 (2015)
- Lee SK, Lim JG, Lee YS, Ji SH, Kim PH, Ma KC, Lee JW, Kim SY. Comparison of the quality characteristics and microbial community of traditional *doenjang* across fermentation places. *Korean J Food Preserv*, 29, 1059-1078 (2022b)
- Lee SW, Shin SY, Yu TJ. Effects of the ethanol contents on the preparation of low salt *doenjang*. *Korean J Food Sci Technol*, 17, 336-339 (1985)
- Lee SY, Woo SY, Ryu SY, Ok HE, Chun HS. Aflatoxins in *doenjang*, a traditional Korean fermented soybean paste: A safety perspective. In: *Chemistry of Korean Foods and Beverages*, ACS Publications, Washington, DC, USA, p 135-148 (2019)
- MFDS. Korean food standards codex: *doenjang*. Available from: <https://www.mfds.go.kr>. Accessed Mar. 26, 2026.
- Namgung HJ, Park HJ, Cho IH, Choi HK, Kwon DY, Shim SM, Kim YS. Metabolite profiling of *doenjang*, fermented soybean paste, during fermentation. *J Sci Food Agric*, 90, 1926-1935 (2010)
- NAQS. Standard for traditional food quality certification of doenjang (T015). Available from: <https://www.naqs.go.kr>. Accessed Mar. 26, 2026.
- Okoye CO, Dong K, Wang Y, Gao L, Li X, Wu Y, Jiang J. Comparative genomics reveals the organic acid biosynthesis metabolic pathways among five lactic acid bacterial species isolated from fermented vegetables. *New Biotechnol*, 70, 73-83 (2022)
- Park SY, Kim SK, Hong SP, Lim SD. Analysis of quality characteristics of regional traditional and commercial soybean pastes (*doenjang*). *Korean J Food Cook Sci*, 32, 686-695 (2016)
- Park YK, Kim J, Ryu MS, Jeong DY, Yang HJ. Review of physiological compounds and health benefits of soybean paste (*doenjang*): Exploring its bioactive components. *J Ethn Foods*, 11, 30 (2024)
- Qi Q, Huang J, Zhou R, Jin Y, Wu C. Characterising the mechanism of abating biogenic amines accumulation by cocultures of *Zygosaccharomyces rouxii* and *Tetragenococcus*

- halophilus*. LWT-Food Sci Technol, 164, 113672 (2022)
- Ryu SY, Lee SY, Woo SY, Kang SY, Song JH, Jeong AY, Chun HS. Questionnaire survey of the methods used in household *doenjang* production in Korea. J Korean Soc Food Cult, 35, 342-350 (2020)
- Sakuma S, Kobayashi K, Tayama T, Yokoyama H. Formation of sweet flavor compounds during fermentation. J Am Soc Brew Chem, 54, 37-40 (1996)
- Seo JS, Park ID. Quality properties of barley *kochujang* added with germinated barley powder. J Korean Soc Food Cult, 29, 187-194 (2014)
- Shi Y, Pu D, Zhou X, Zhang Y. Recent progress in the study of taste characteristics and the nutrition and health properties of organic acids in foods. Foods, 11, 3408 (2022)
- Song YE, Han HA, Lee SY, Shin SH, Choi SR, Kim SY. Quality characteristics and antioxidant activity of regional traditional soybean pastes (*doenjang*) in Jeonbuk province. Korean J Food Nutr, 32, 598-610 (2019)
- Tu C, Yu T, Feng S, Xu N, Massawe A, Shui S, Zhang B. Dynamics of microbial communities, flavor, and physicochemical properties of kombucha-fermented *Sargassum fusiforme* beverage during fermentation. LWT-Food Sci Technol, 192, 115729 (2024)
- Yoon HS, Lee SH, Kang HJ, Eom HJ, Kim YH. Physicochemical and flavor characteristics of *doenjang* in Chungbuk province during fermentation. Korean J Food Nutr, 32, 687-695 (2019)
- Yun JH, Chin YW, Hong SP, Lee JE. Discovery of *doenjang* aging marker and metabolites alteration during long-term aging period: Targeted and untargeted metabolomic study. Food Chem, 479, 143719 (2025)
- Zhang Q, Ma Z, Meng Q, Li D, Ding Z. Key aroma compounds and metabolic profiling of *Debaryomyces hansenii* L1-1-fermented flos sophorae. J Food Biochem, 45, e13711 (2021)