

微生物亚硝化抑制剂对风干肠发酵成熟期间微生物菌落变化的影响及其感官评价分析

陈援援, 符慧靖, 罗巧枝, 任小青, 马丽珍*

(天津农学院食品科学与生物工程学院, 天津 300384)

摘要: 为研究微生物亚硝化抑制剂 (microbial nitrosation inhibitor, MNI) 对风干肠发酵和成熟过程中微生物群落动态变化及感官特性的影响, 该试验设计 4 组风干肠, MNI 组: 添加 MNI; MNIP 组: 添加 MNI 并接入 PRO-MIX5 商业发酵剂 (木糖葡萄糖球菌、清酒乳杆菌、类植物乳杆菌); FBFAP 组: 发酵牛骨调味基料和复配抗氧化剂 (fermented beef flavorings and compound antioxidant, FBFAP) 并接入 PRO-MIX5; CK 组。结果表明: 在发酵阶段, 4 组风干肠乳酸菌数逐渐增多, MNI 组和 MNIP 肉馅分别在发酵的 15 h、12.5 h 达到发酵终点即 pH 降到 5.4~5.6, 乳酸菌数分别为 8.99 lg cfu/g、8.91 lg cfu/g, 显著高于 CK 组发酵终点 (22 h) 的乳酸菌数 8.88 lg cfu/g ($p<0.05$)。到成熟终点时, 革兰氏阴性腐败微生物在 MNI 组的相对丰度占比最低 (19.35%), 对肠杆菌科和假单胞菌的抑制率分别为 30.43%、27.22%, 仅次于 MNIP 组 37.00%、33.79%, 优于 CK 组和 FBFAP 组。综合分析, MNI 能作为促生长因子, 促进肉馅中乳酸杆菌属菌的生长, 在接种有发酵剂 PRO-MIX5 的风干肠中加入 MNI 对腐败微生物的抑制效果优于 FBFAP。单独添加 MNI 或 MNI 与 PRO-MIX5 协同作用均能提高风干肠微生物安全性和感官性能, 说明 MNI 在提高风干肠安全品质方面具有广阔的应用前景。

关键词: 风干肠; 微生物亚硝化抑制剂; 16s rDNA 测序; 菌群结构; 感官评价

文章编号: 1673-9078(2022)07-79-89

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2022.7.1164

Effects of Microbial Nitrosation Inhibitors on the Changes of Microbial Colony during the Fermentation and Maturation of Air Dried Sausage and Sensory Evaluation Analysis

CHEN Yuanyuan, FU Huijing, LUO Qiaozhi, REN Xiaoqing, MA Lizhen*

(College of Food Science and Biotechnology, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300384, China)

Abstract: In order to study the effects of microbial nitrosation inhibitors (MNI) on the dynamic changes of microbial community during the fermentation and maturation of air-dried sausage and sensory properties, four groups of air-dried sausages were designed: MNI group: MNI was added; MNIP group: MNI was added and PRO-MIX5 commercial starter (*Staphylococcus xylose*, *Lactobacillus sake*, *Lactobacillus plantarum*) were inoculated; FBFAP group: PRO-MIX5 commercial starter was inoculated while adding fermented beef flavorings and compound antioxidant; CK group: blank control group (CK). The results showed that in the fermentation stage, the number of lactic acid in the air-dried sausages of the four groups gradually increased, MNI group and MNIP group meat stuffing reached the fermentation end point at 15 h and 12.5 h respectively, that is, the pH decreased to 5.4~5.6, and the number of Lactic acid bacteria was 8.99 lg cfu/g and 8.91 abundance of lg cfu/g respectively, which was significantly higher than that in CK group (8.88 lg cfu/g at 22 h) ($p<0.05$). At the end of maturity, the relative

引文格式:

陈援援, 符慧靖, 罗巧枝, 等. 微生物亚硝化抑制剂对风干肠发酵成熟期间微生物菌落变化的影响及其感官评价分析[J]. 现代食品科技, 2022, 38(7): 79-89

CHEN Yuanyuan, FU Huijing, LUO Qiaozhi, et al. Effects of microbial nitrosation inhibitors on the changes of microbial colony during the fermentation and maturation of air dried sausage and sensory evaluation analysis [J]. Modern Food Science and Technology, 2022, 38(7): 79-89

收稿日期: 2021-10-18

基金项目: 国家重点研发计划重点专项 (2016YFD0401500)

作者简介: 陈援援 (1995-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 肉制品安全控制, E-mail: 1041492856@qq.com

通讯作者: 马丽珍 (1963-), 女, 博士, 教授, 研究方向: 肉品科学与技术, E-mail: malizhen-6329@163.com

Gram-negative spoilage microorganisms in MNI group was the lowest (19.35%), and the inhibition rates of Enterobacteriaceae and *Pseudomonas* were 30.43% and 27.22% respectively, second only to MNIP group 37.00% and 33.79%, which was better than CK group and FBFAP group. Comprehensive analysis shows that MNI can be used as a growth promoting factor to promote the growth of *Lactobacillus* in meat stuffing, the inhibitory effect of MNI on spoilage microorganisms was better than that of FBFAP. The addition of MNI alone or the synergistic effect of MNI and PRO-MIX5 can improve the microbial safety and sensory performance of air-dried sausages, indicating that MNI has a broad application prospect in improving the safety quality of air-dried sausages.

Key words: air-dried sausage; microbial nitrosation inhibitor; 16S rDNA sequencing; flora structure; sensory property

风干肠是我国著名的传统肉制品,以其独特的风味深受消费者喜爱^[1]。然而,由于传统风干肠采用的是自然发酵,会使某些有害微生物不能得到很好的控制而影响产品的风味、安全性和感官品质^[2]。在肉馅中定向接种发酵剂能够在发酵的早期阶段与肉馅中的土著微生物群发生竞争,通过产酸和产细菌素来抑制有害微生物的生长繁殖,同时还可以降低发酵产品中的亚硝酸盐残留量和致癌物 N-亚硝胺的形成量^[3],从而达到提高产品安全性的目的^[4]。乳酸菌是大多数传统发酵食品中的主要微生物菌群,它们在发酵食品中起着至关重要的作用。

风干肠的发酵和成熟是一个涉及细菌相互作用的复杂生化过程,发酵温度可以通过加速乳酸杆菌的生长来促进酸化,导致 pH 值迅速下降,从而抑制假单胞菌和肠杆菌科菌的生长^[5]。不同的发酵剂、外源添加物、工艺参数、气候和地理因素等都可能影响特定细菌群落的组成,最终对产品感官品质和安全性发挥重要作用^[6,7]。因此,需要确定风干肠中的细菌多样性及其相关影响因素,高通量测序技术能够更准确地表征复杂环境生态系统中的微生物多样性,并能在短时间内产生数千个序列,覆盖复杂的微生物多样性和低丰度微生物^[8]。Van Reckem 等^[9]采用高通量扩增子测序以评估加工因素对肉品自发发酵期间微生物群落变化的影响。研究表明,发酵过程在 23 °C 和 30 °C 主要由乳酸杆菌和明串珠菌控制,其次是乳酸球菌。大量肉制品微生物多样性测定结果表明,乳酸杆菌属是肉类发酵过程中经常遇到的最普遍的菌属,因为它能很好地适应特定的肉类基质^[10]。

微生物亚硝化抑制剂 (Microbial Nitrification Inhibitor, MNI) 是发酵剂 PRO-MIX5 (木糖葡萄球菌+清酒乳杆菌+类植物乳杆菌) 制备出的菌体碎片, MNI 能有效抑制红肠中 N-亚硝胺的生成,提高红肠的安全性和感官品质^[11,12]。关于 MNI 对风干肠发酵成熟过程中微生物群落动态变化的研究尚未见报道。前期的研究中,风干肠是在 25±2 °C 的恒温湿培养箱中进行为期 12 d 的发酵风干成熟过程,由于发酵温度低,接种的微生物不能快速繁殖产酸,使 pH 下降缓慢,

这样对腐败微生物的抑制效果不佳。本次试验对前期风干肠的工艺参数进行调整,提高发酵温度为 30 °C,降低风干成熟过程的温度 (14~16 °C)。本研究将前期优选出的能提高风干肠安全品质的 PRO-MIX 发酵剂、发酵牛骨调味基料和复配抗氧化剂 (fermented beef flavorings and compound antioxidant, FBFA) 以及 MNI 应用于风干肠的加工中,探讨几种方式特别是 MNI 对风干肠发酵成熟过程中微生物群落动态变化,及对风干肠成品感官属性的影响,从而为 MNI 在风干肠中的开发应用提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

冷却排酸成熟 24 h 的猪后腿肉、猪肥膘、牛骨肉末,天津二商迎宾肉类食品有限公司;食盐、白沙糖、曲酒、味精、酱油、葡萄糖、木糖,天津市红旗农贸批发市场;茶多酚、迷迭香、半胱氨酸、甘氨酸、丙氨酸、复合蛋白酶、风味蛋白酶,豫中生物科技有限公司;VE、异抗坏血酸钠、VB1,苏州佰亿鑫生物科技有限公司;VHI-41 (木糖葡萄球菌+戊糖片球菌+植物乳杆菌)、PRO-MIX5 (木糖葡萄球菌、清酒乳杆菌、类植物乳杆菌),意大利萨科公司;人工胶原蛋白肠衣:牛二层皮提取、孔径 30 mm,神冠控股(集团)有限公司。

9 种 N-亚硝胺混标 (N-Nitrosamines, NAs): N-二甲基亚硝胺 (N-dimethylnitrosamines, NDMA)、N-二乙基亚硝胺 (N-nitrosodiethylamine, NDEA)、N-甲基乙基亚硝胺 (N-nitrosomethylethylamine, NMEA)、N-二丙基亚硝胺 (N-nitrosodipropylamine, NDPA)、N-亚硝基哌啶 (N-nitrosopiperidine, NPIP)、N-亚硝基吡咯烷 (N-nitrosopyrrolidine, NPYR)、N-亚硝基吗啉 (N-nitrosomorpholine, NMOR)、N-二丁基亚硝胺 (N-nitrosodibutylamide, NDBA)、N-亚硝基二苯胺 (N-nitrosodiphenylamine, NDPheA), 美国 Supelco 公司; NaCl (分析纯), 购自国药集团化学试剂有限公司; MRS 培养基、结晶紫中性红胆盐葡萄糖琼脂

(VRBA)、假单胞菌 CFC 选择性培养基、MSA 培养基, 青岛高科技工业园海博生物科技有限公司。

1.2 仪器与设备

SX-500 高压蒸汽灭菌锅, 日本 TOMY 有限公司; CLIMACELL 恒温恒湿箱、Friocell 22 恒温恒湿培养箱, 艾力特国际贸易有限公司; BVBJ-30F 真空搅拌机, 浙江嘉兴艾博实业有限公司; XZ-5L 灌肠机, 广州旭众食品机械有限公司; CLASSII 生物安全柜, 天美(中国)科学仪器有限公司; JZ-4 拍打式无菌均质器, 天津歌毅翎科技有限公司; JY69-IIN 超声波细胞破碎仪, 西瓦卡精密仪器有限公司。

1.3 方法

1.3.1 FBFA 的制备

FBFA 是由发酵牛骨调味基料 (fermented beef flavorings, FBF) 和复合抗氧化剂 (compound antioxidants, CA) 复配而成。FBF 的制备参照樊晓盼^[13]的方法, 牛骨肉末和水按 1:4 的比例在 0.1 MPa, 121 °C 下高压浸提 4 h, 将浸提液冷却到室温后, 加入 0.06% 的风味蛋白酶 (酶活力 3.6 万 U/g) 和 0.03% 的复合蛋白酶 (酶活力 40 万 U/g), 在 50 °C 的摇床中酶解 4.5 h, 结束后沸水浴灭酶活 20 min, 等恢复室温后接种入用灭菌乳提前活化 2 h 的 VHI-41 (木糖葡萄糖球菌+戊糖片球菌+植物乳杆菌) 添加量为 0.02%, 在 30 °C, 130 r/min 条件下振荡发酵 12 h, 结束后沸水浴灭菌 20 min。待冷却至室温后分别加入 1.2% 木糖、1.2% 葡萄糖、0.9% 半胱氨酸、0.45% 甘氨酸、0.45% 丙氨酸、1.8% VB1 搅拌均匀后在 110 °C 进行美拉德反应 1 h, 冷却后于 4 °C 静置 12 h。最后用两层纱布过滤即为成品 FBF。FBF 添加量为肉重的 2%, CA 的添加量按照熊凤娇^[14]的方法, 即茶多酚、迷迭香、VE 和抗坏血酸钠添加量分别为 60.14 mg/kg、60.11 mg/kg、60.00 mg/kg 和 60.00 mg/kg, 将 FBF 和 CA 以 1:1 复配得 FBFA。

1.3.2 MNI 的制备

参照李秀明等^[12]的方法, 将 PRO-MIX5 发酵剂按 0.02% 的量接种入含有质量浓度 0.04 μg/mL 的 9 种 N-亚硝胺 (诱导剂) 的 MRS 肉汤培养基扩增培养, 使在 600 nm 下的 OD 值达到 2.0~2.2, 于 5000 ×g、4 °C 下进行离心 15 min 获得菌体沉淀后, 用 25 mmol/L, pH 为 6 的磷酸盐缓冲溶液冲洗菌体, 5000 ×g、4 °C 下离心 15 min, 同样步骤再进行 1 次, 再用 PBS 以 1:4 的比例稀释菌体, 添加浓度为 1 mg/mL 的溶菌酶,

在 30 °C 下作用 2 h, 再用功率为 200 W 的超声波破碎机破碎菌体 5 min, 其中超声 2 s 停 2 s, 最后经过 10000 ×g、4 °C, 10 min 条件下离心后倒掉上清液, 得到菌体碎片, 即为 MNI。

1.3.3 风干肠的制作

(1) 腌制: 将猪后腿肉剔除筋膜、脂肪, 切成 8 cm×5 cm×3 cm 的方块, 用绞肉机搅碎 (筛板孔径 8 mm), 放入真空搅拌机中, 加入占肉总质量 (风干肠肥瘦比 1:9) 1.8% 的食盐、0.01% 的亚硝酸钠 (事先用少量水溶解) 和抗坏血酸钠 0.55 g/kg, 真空搅拌 5 min, 取出后放入不锈钢盆中, 紧贴肉表面盖一层保鲜膜, 于 4 °C 冷库中腌制 24 h。

(2) 拌馅: 将腌制好的肉倒入真空搅拌机中, 依次加入 4% 白砂糖、1.5% 曲酒、0.2% 味精、0.3% 生抽、10% 水、真空搅拌 8 min。

(3) 灌肠: 将制好的肉馅灌入胶原蛋白肠衣中, 结扎 (每节 13~15 cm)、排气。

(4) 发酵: 将罐制好的肉馅放入 30 °C, RH=90%, 风速 100% 的恒温恒湿培养箱中尽行发酵, 在发酵初期隔 8 h 测定一次 pH, 快到发酵终点时每隔 1 h~0.5 h 测定一次 pH, pH 降到接近 5.4 时, 立刻终止发酵, CK 组、MNI 组、MNIP 组和 FBFA 分别在发酵的第 22、12.5、15 和 21 h 其 pH 降到 5.4~5.6。

(5) 风干成熟: 调节发酵阶段的温度为 14~16 °C, 期间调节恒温恒湿培养箱的 RH 和风速, 恒温恒湿培养箱内的温度、相对湿度参数调节参照李玉娥等^[15]的方法, 略有调整, 通风机比率呈梯度降低调节, 以避免后期风干肠体水分过度散失, 使质地变硬。具体参数设置如表 1 所示, 进行为期 20 d 的成熟过程。

表 1 风干肠工艺参数

Table 1 Process parameters of air-dried sausage

加工工序	温度/°C	时间	RH/%	通风机的比率/%
腌制	4	24 h	/	/
发酵	30	pH 降到 5.4	90	100
成熟 1 d	14~16	1 d	78	90
成熟 2 d	14~16	1 d	76	90
成熟 3 d	14~16	1 d	74	90
成熟 4~7 d	14~16	4 d	72	80
成熟 8~9 d	14~16	2 d	75	70
成熟 10~11 d	14~16	2 d	80	70
成熟 12 d	14~16	1 d	85	60
成熟 13 d	14~16	1 d	80	60
成熟 14~15 d	14~16	2 d	75	70
成熟 16~20 d	14~16	5 d	80	60

1.3.4 试验设计方案

(1) CK 组: 按照 1.3.3 风干肠的基础配方和工艺制作。

(2) MNI 组: 按照 1.3.3 风干肠的基础配方和工艺制作, 加入肉重 0.05% 的由 PRO-MIX5 制备的菌体碎片 (微生物亚硝化抑制剂 (microbial nitrosation inhibitor, MNI))。

(3) MNIP 组: 按照 1.3.3 风干肠的基础配方和工艺制作, 加入肉重 0.05% 的 MNI, 并接入 20 g/100 kg 的 PRO-MIX5 商业复合菌 (木糖葡萄球菌、清酒乳杆菌、类植物乳杆菌)。

(4) FBFAP 组: 按照 1.3.3 风干肠的基础配方和工艺制作, 加入 FBFA, 并接入 20 g/100 kg 的 PRO-MIX5 商业复合菌 (木糖葡萄球菌、清酒乳杆菌、类植物乳杆菌)。

将灌装好的 4 组肉肠放在 30 °C 恒温恒湿培养箱中进行发酵, 使 4 组肉肠的 pH 降到 5.4 左右后, 在 14~16 °C 条件下进行为期 20 d 的风干成熟过程, 测定 4 组风干肠在发酵和成熟两个阶段乳酸菌、肠杆菌科、假单胞菌和葡萄球菌数的变化情况, 及在成熟第 1 d 和第 20 d 的微生物多样性变化, 最后对 4 组风干肠成品进行感官评价。

1.3.5 指标测定

1.3.5.1 乳酸菌数、肠杆菌科数、假单胞菌数、葡萄

球菌数测定

在生物安全柜里无菌操作称取 10 g 样品放入无菌均质袋中, 倒入 90 mL 的无菌生理盐水, 用无菌均质器拍打 2 min, 制成 10 g/100 mL 的样品匀浆液, 吸取 1 mL 的样品匀浆液进行 10 倍梯度稀释, 吸取相应稀释梯度的 1 mL 液体到无菌平皿中, 每个稀释度下做 2 个平行, 分别倒入 MRS 培养基、VRBA、假单胞菌 CFC 选择性培养基、MSA 培养基, 在 35 °C 培养箱中肠杆菌培养 24 h, 其余菌培养 48 h, 对乳酸菌、肠杆菌科、假单胞菌、葡萄球菌的菌落进行计数。

1.3.5.2 微生物多样性分析

将 4 组风干肠成品送到北京奥维森基因科技有限公司, 采用扩增子测序 16S rDNA 的 V3-4 区段, 分析样品细菌群落结构等, 对样品进行细菌多样性分析^[16], 扩增区段引物序列为: ACTCCTACGGGAGGC AGCAG, GGACTACHVGGGTWTCTAAT。

1.3.5.3 感官评定

将风干 20 d 的 4 组风干肠样品做好标记放入沸水中煮制 15 min, 切成约 3 mm 左右的薄片, 随机编号放入样品盘中, 由本实验室经过感官培训的 10 名人员组成感官评定小组。所有样品分别用三位数字编码, 并随机提供, 以避免遗留效应。在对每个样品进行测试之前, 还提供了冷水用于漱口。评分标准见表 2 所示。

表 2 感官评分标准

Table 2 Sensory evaluation standard

指标	评分标准	
	7分	1分
风味	具有风干肠特有的风味	风味较差
酸败味	没有酸败味	酸败味很重, 无法接受
酸味	有发酵肉制品应有的酸味	几乎没有酸味或过酸
回味	回味纯正、浓郁、持久	回味较差
咀嚼性	具有良好的咀嚼性	缺乏咀嚼性, 过软或过硬
颜色	瘦肉呈红色、枣红色, 脂肪透明或乳白色, 外表有光泽	颜色暗黑无光泽
嫩度	肉质嫩	肉质非常硬
总体可接受性	可接受性高	可接受性低

1.4 数据处理

采用 Microsoft Excel 2010 软件计算平均值和标准差, 用 SPSS 19.0 软件进行显著性分析, Origin 2018 软件作图。

2 结果与分析

2.1 4 组样品在发酵和成熟过程中各种微生物

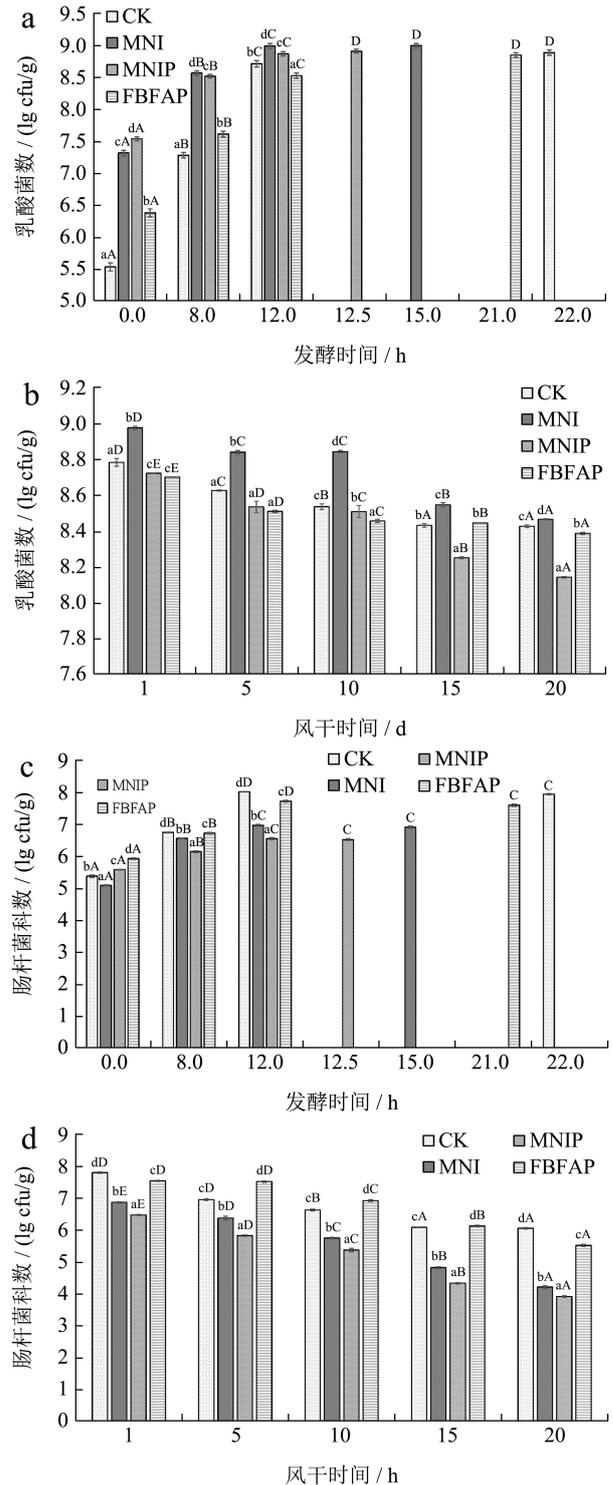
数量的变化

在 30 °C 发酵阶段, MNIP 组、MNI 组和 FBFAP 组的初始乳酸菌数分别为 7.32 lg cfu/g、7.54 lg cfu/g、6.39 lg cfu/g, 比 CK 组 (5.54 lg cfu/g) 高, 如图 1a, 可能与添加的发酵剂和 MNI 有关, 这一结果与其他研究报告一致^[17,18], 使用选择性发酵剂生产风干肠会显著影响乳酸菌的数量。随着发酵时间的延长, 4 组样品中乳酸菌数逐渐增加, MNIP 组、MNI 组、FBFAP

组和 CK 组分别在发酵的第 12.5 h、15 h、21 h 和 22 h 达到发酵终点（即肉馅 pH 值降到 5.4-5.6），乳酸菌数分别增加到 8.91 lg cfu/g、8.99 lg cfu/g、8.85 lg cfu/g 和 8.88 lg cfu/g，成为 4 组风干肠的优势菌群，其中 MNI 组和 MNIP 组的乳酸菌数为组内最高，分析其原因，可能是 PRO-MIX5 菌体碎片（MNI）中存在群体感应的信号因子，能够促进肉馅中土著乳酸菌快速生长繁殖，试验说明添加 MNI 能达到接种活的乳酸菌发酵剂的效果。发酵完成后，调节恒温恒湿培养箱温度为 14~16℃，让 4 组风干肠一起进入成熟阶段。经风干 1 d 后，CK 组、MNI 组、MNIP 组和 FBFAP 组乳酸菌数分别为 8.78 lg cfu/g、8.97 lg cfu/g、8.72 lg cfu/g 和 8.70 lg cfu/g，如图 1b 所示。随着风干成熟时间的延长，到成熟终点时 CK 组、MNI 组、MNIP 组和 FBFAP 组乳酸菌数分别降为 8.43 lg cfu/g、8.47 lg cfu/g、8.14 lg cfu/g、8.30 lg cfu/g，在成熟过程中乳酸菌的轻微下降可能是由于可供微生物利用的碳水化合物逐渐被消耗^[19]、aw 降低^[20]，该结果与 Lorenzo^[2]的报道一致。在整个成熟阶段，MNI 组的乳酸菌数明显高于 CK、MNIP 和 FBFAP，说明 MNI 组的优势菌群乳酸菌数量最多。到成熟的第 20 d，MNIP 组的乳酸菌数降为组内最低（8.14 lg cfu/g），MNI 组乳酸菌数仍为组内最高（8.47 lg cfu/g），这可能是因为 MNIP 组接种的清酒乳杆菌和类植物乳杆菌在 MNI 的诱导下大量产酸，由于乳酸的积累，蛋白质形成致密的凝胶结构，使 MNIP 组乳酸菌数显著降低（ $p < 0.05$ ）。

肠杆菌科和假单胞菌是发酵肉制品中常见的腐败微生物。在发酵前（0 h），4 组样品肉馅体系中初始肠杆菌科菌数基本保持在 5.10~5.94 lg cfu/g 水平，如图 1c，这取决于原料的卫生质量和加工过程中的处理条件^[21]；3 个处理组初始假单胞菌数为 4.92~5.70 lgcfu/g 显著低于 CK 组（6.62 lg cfu/g）（ $p < 0.05$ ），如图 1e，说明加入的 MNI、MNIP 和 FBFAP 在拌馅和灌肠的过程中开始发挥抑菌作用。随着发酵的进行，4 组样品中肠杆菌科菌数、假单胞菌数呈先升高后缓慢降低趋势，到各自发酵终点时可以明显看到 MNI 组、MNIP 组和 FBFAP 组的肠杆菌科菌数和假单胞菌数显著低于 CK 组（ $p < 0.05$ ），尤其是 MNIP 和 MNI 组，这归因于 3 个处理组在发酵阶段乳酸菌成为酸化肉馅中的优势菌群，有助于防止腐败微生物的生长^[22]，另一方面乳酸菌也能够释放抗菌肽并抑制腐败细菌生长繁殖^[1]。相比之下，在成熟期间，4 组风干肠中的肠杆菌科菌数和假单胞菌数持续下降，这主要是因为体系中营养物质的消耗、氧气浓度的降低以及代谢物和有机酸的

积累等原因，细菌生长速度减慢并开始下降^[23]，且在整个风干成熟过程中 MNIP 组和 MNI 组的肠杆菌科数和假单胞菌数显著低于 CK 组（ $p < 0.05$ ），如图 1d 和图 1f。到成熟终点时，4 组风干肠中，肠杆菌科和假单胞菌数均降到了最低，其从小到大的关系为：MNIP < MNI < FBFAP < CK，这表明在风干肠中加入 MNI、MNIP、FBFAP 可以降低风干肠成品的肠杆菌科菌数和假单胞菌数，提高了风干肠的安全性。



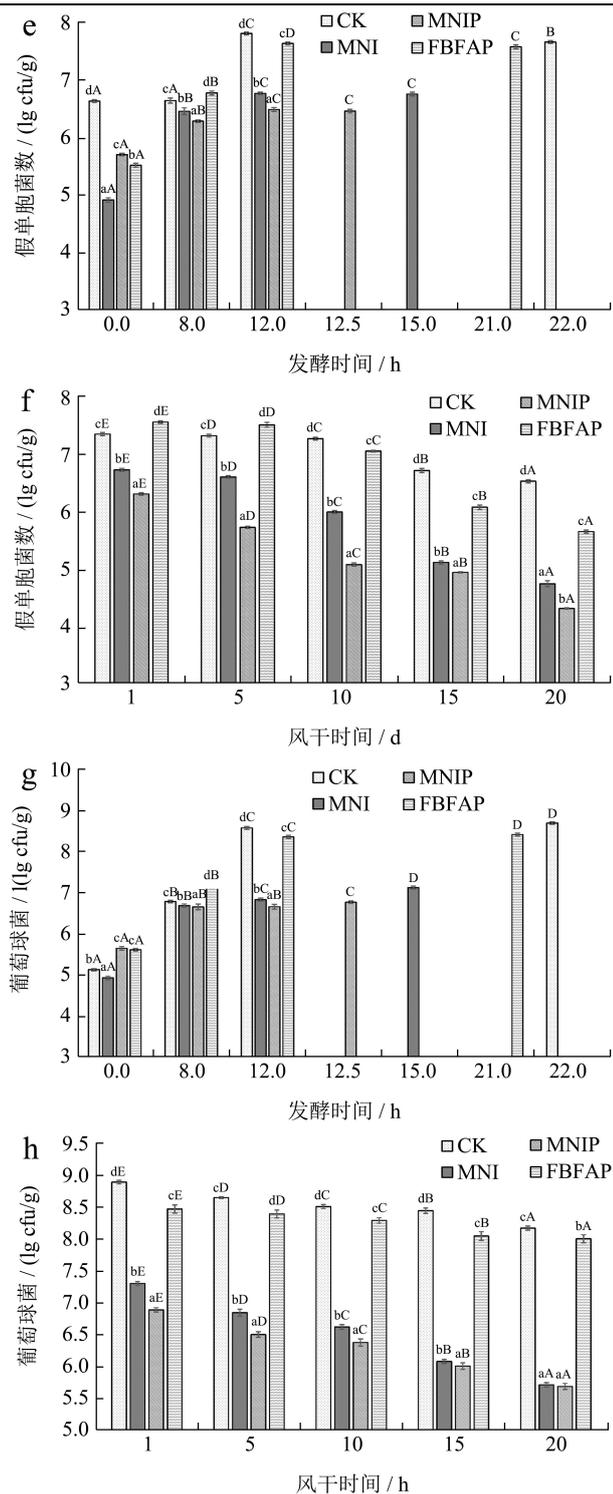


图1 4组样品发酵和成熟过程中乳酸菌数(a、b)、肠杆菌科数(c、d)、假单胞菌数(e、f)、葡萄球菌数(g、h)的变化
Fig.1 Changes of Lactic acid bacteria (a, b), Enterobacteriaceae (c, d), *Pseudomonas* (e, f) and *Staphylococcus* (g, h) during fermentation and maturation of four groups of samples

注：小写字母不同，表示相同时间不同组间差异显著 ($p < 0.05$)；大写字母不同，表示同一组不同时间差异显著 ($p < 0.05$)。

MNIP 组和 FBFAP 组由于加入的发酵剂

PRO-MIX5 中含有木糖葡萄球菌，所以其葡萄球菌数在发酵前显著高于 CK 组和 MNI 组，如图 1g。到各自发酵终点，MNI 组 (7.13 lg cfu/g)、MNIP 组 (6.78 lg cfu/g) 和 FBFAP 组 (8.42 lg cfu/g) 葡萄球菌数显著低于 CK (8.70 lg cfu/g) 组 ($p < 0.05$)，且在成熟阶段也保持同样的大小关系如图 1h，4 组风干肠葡萄球菌数呈不同比例的降低趋势。到成熟终点时，MNI 组 (5.73 lg cfu/g) 和 MNIP 组 (5.70 lg cfu/g) 葡萄球菌数为组内最低，FBFAP 组 (8.00 lg cfu/g) 次之，CK 组 (8.17 lg cfu/g) 为组内最高。这是由于 MNI 和 MNIP 组乳酸菌群的酸化能力较强所致，该结果与许多报道一致，即在强烈酸化条件下会抑制对 pH 敏感的葡萄球菌生长^[24,25]。

2.2 4 组样品在成熟第 1 d 和 20 d 的微生物多样性指数动态变化

Chao1 为菌种丰富度指数，用以估计群落中的 OTU 数目，observed_species 表示随测序深度的增加，实际观测到 OTU 的个数。一般情况下，如果序列之间的相似性高于 97% (种水平) 就可以把它定义为一个 OTU，每个 OTU 代表一个物种^[26]。4 组样品在成熟第 1 天和第 20 天的微生物多样性指数动态变化见表 3 所示。由表 3 可知，在风干成熟的第 1 d，CK (391.44、233.00) 组和 MNI (230.11、163.00) 组的 Chao1 指数和 observed_species 指数远低于 MNIP (819.51、743.00) 组和 FBFAP (855.27、630.00) 组，其中 MNI 组的菌群丰富度最低，可能是 CK 组和 MNI 组没有接种活菌，且加入的 MNI 对肉馅中的腐败菌具有抑制作用，所以经过发酵后，在成熟初期，接种有 PRO-MIX 发酵剂的 MNIP 组和 FBFAP 组菌种丰度大幅度增加。到风干成熟的第 20 天时，MNI (779.36) 和 MNIP (731.77) 组 Chao1 指数高于 CK (589.44) 和 FBFAP (415.14) 组，这说明此阶段 MNI 组和 MNIP 组风干肠含有大量乳酸菌等优势菌群。据报道，乳酸菌可以抑制或杀死食品中的腐败微生物和致病微生物^[27]，提高发酵肉制品的安全性。Shannon 和 Simpson 表征了群落物种分布的多样性和均匀性，由表 3 可以看出，在风干的第 1 天和第 20 天，MNI 组和 MNIP 组的 Shannon、Simpson 指数均低于 CK 组，主要是由于这两组样品肉馅体系中 pH 较低，一些微生物菌群的生长受到抑制，进而使微生物多样性降低^[28]，这一结果有利于提高风干肠的安全性。8 个样品的 goods_coverage 均为 100.00%，表明测序深度的结果可以很好地描述所有样品中的微生物群落。

表 3 4 组样品在成熟第 1 天和第 20 天的微生物多样性指数动态变化

Table 3 Dynamic changes of microbial diversity index of four groups of samples on the 1st and 20th days of maturity

样品名称	chao1	goods_coverage/%	observed_species	shannon	simpson	
风干 1 d	CK	391.44	100.00	233.00	4.41	0.93
	MNI	230.11	100.00	163.00	2.12	0.52
	MNIP	819.51	100.00	743.00	3.71	0.73
	FBFAP	855.27	100.00	630.00	4.72	0.92
风干 20 d	CK	589.44	100.00	410.00	4.49	0.92
	MNI	779.36	100.00	542.00	2.96	0.61
	MNIP	731.77	100.00	610.00	4.08	0.81
	FBFAP	415.14	100.00	241.00	4.13	0.89

2.3 4 组样品分别在成熟第 1 天和第 20 天中基

于门水平微生物群落结构动态变化分析

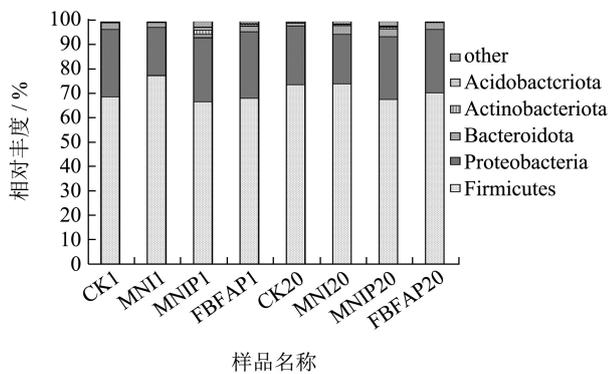


图 2 4 组样品在成熟第 1 d 和 12 d 中基于门水平的微生物群落结构组成及相对丰度变化

Fig.2 Changes of microbial community structure composition and relative abundance based on phylum level in the 1st and 20th day of maturity of four groups of samples

注: CK1、MNI1、MNIP1、FBFAP1 分别代表风干成熟第 1 d 时的 CK、MNI、MNIP、FBFAP 组; CK20、MNI20、MNIP20、FBFAP20 分别代表风干成熟第 20 天的 CK、MNI、MNIP、FBFAP 组。图 3 同。

4 组样品在成熟第 1 天和第 20 天中基于门水平的微生物群落结构组成及相对丰度变化如图 2 所示, 在 8 个样品中共鉴定出 28 个门水平的微生物种群, 其中相对丰度大于 1% 的有 5 个, 分别为 Firmicutes (厚壁菌门)、Proteobacteria (变形菌门)、Bacteroidota (拟杆菌门)、Actinobacteriota (放线菌门) 和 Acidobacteriota (酸杆菌门)。8 个样品中厚壁菌门和变形菌门最为丰富, 占有 OTU 的 93% 以上, 这与 Zhang 等^[29]测定结果相似, Deng 等^[30]研究湖北恩施香肠发现, 在门水平上鉴定出厚壁菌门 (57.01%)、变形菌门 (30.43%)、蓝藻门 (7.67%)、拟杆菌门 (2.63%) 和放线菌门 (2.01%), 其中厚壁菌门和变形菌门为优

势门。拟杆菌门 (1.22%~3.56%)、放线菌门 (0.17%~1.77%) 和酸杆菌门 (0.00~1.16%) 在 4 组样品中占很少一部分。在风干成熟的第 1 天, MNI 组的厚壁菌门丰度占比最高为 77.81%, 变形菌门丰度占比为组内最低 19.73%, 说明加入 MNI 的风干肠肉馅经过发酵后, 有利于降低微生物多样性, 提高风干肠的安全品质, CK 组、MNIP 组和 FBFAP 组在厚壁菌门丰度上基本一致, 分别为 69.14%、67.07% 和 68.52%。随着风干时间的延长, 到成熟终点 20 d 时, MNI 组厚壁菌门相对丰度略有降低 (74.41%), 变形菌门有略微增加, 但 MNI 组的厚壁菌门 OTU 仍为组内最高, 变形菌门 OTU 为组内最低, CK 组、MNIP 组和 FBFAP 组厚壁菌门有小幅度升高, 变形菌门呈降低趋势, 变形菌门包括许多革兰氏阴性腐败菌, 它们经常作为风干肠中的不良细菌参与其中^[31], 试验说明风干成熟过程能抑制风干肠腐败微生物的生长。

2.4 4 组样品在成熟第 1 d 和 20 d 中基于属水

平的微生物群落结构动态变化分析

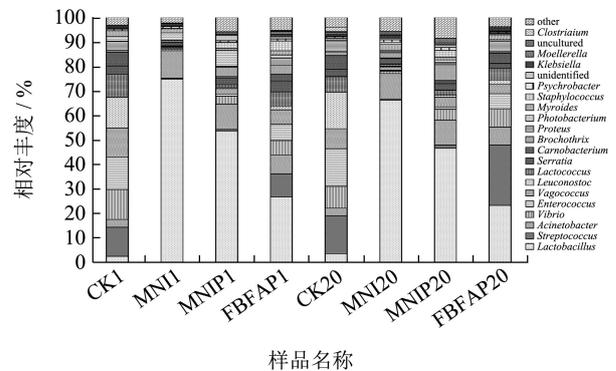


图 3 4 组样品在成熟第 1 d 和 12 d 基于属水平的微生物群落结构组成及相对丰度变化

Fig.3 Changes of microbial community structure composition and relative abundance based on genus level on the 1st and 12th days of maturity of four groups of samples

4组样品在成熟第1天和第20天基于属水平的微生物群落结构组成及相对丰度变化如图3所示。在属水平上,根据OTU分析,共鉴定出237个属,乳酸杆菌是MNI组和MNIP组风干肠中最丰富的菌属,其相对丰度占比在成熟第1天分别为74.93%和53.72%,在种水平上鉴定出主要为植物乳杆菌(68.33%、50.20%)和少量的清酒乳杆菌(6.57%、3.46%)。到成熟第20d,由于风干过程中水分减少,肉馅体系溶氧量降低等环境条件变化,不利于微生物生长,MNI组和MNIP组的乳杆菌属分别降低为66.36%和46.87%。乳酸杆菌和链球菌是FBFAP组风干肠成品中属水平的主要菌,分别占相对丰度的23.63%和24.46%,在种水平上鉴定为清酒乳杆菌(16.60%)、副乳房链球菌(24.42%)和少量的植物乳杆菌(6.99%),Wang等^[32]使用清酒乳杆菌亚种作为发酵剂接种到四川香肠中,结果表明,乳酸菌能迅速控制香肠发酵过程中菌落总数的生长,抑制大肠杆菌等食源性致病菌的生长。乳酸菌可以分解香肠中的碳水化合物,产生大量的乳酸和少量的醋酸以及丙酸、甲酸、3-甲基丁酸、丁酸等有机酸,从而延长香肠的保质期^[33]。与MNI组、MNIP组和FBFAP组相比,CK组在成熟过程中乳酸菌群更加多样化,包括乳酸杆菌属、链球菌属、肠球菌属、漫游球菌属、明串珠菌属、乳球菌属、肉杆菌属和梭菌属等。由此可以看出,单独添加MNI能促进风干肠中优势菌群乳杆菌属的生长,在接种有PRO-MIX5发酵剂的前提下,加入MNI和FBFA均会影响风干肠肉馅中微生物多样性。大量研究表明,乳酸杆菌属、链球菌属、肠球菌属、漫游球菌属、明串珠菌属、乳球菌属和肉杆菌属是风干肠中的主要乳酸菌^[34],有学者报道称由于乳酸杆菌和乳酸球菌能够将蛋白质分解为肽和氨基酸,因此它们被认为是香肠中形成独特酸味和丰富风味的主要原因^[35]。到成熟结束时,CK组、MNI组、MNIP组和FBFAP组风干肠成品中,不动杆菌属、弧菌属、沙雷氏菌属、发光细菌属、香味菌属、嗜冷杆菌属、克雷伯菌属和米勒氏菌等革兰氏阴性腐败菌相对丰度分别降为22.53%、19.35%、22.27%、26.11%。MNI组中这些腐败细菌的相对丰度低于其它3组,分析其原因,可能是成熟过程大量乳杆菌(如植物乳杆菌)具有抑制其它腐败微生物生长繁殖的作用。Wang等^[36]研究表明植物乳杆菌LPL-1产生的一种新型IIa类细菌素,对食源性细菌具有杀菌活性,Gao等^[37]研究表明,清酒乳杆菌能产生广谱抗菌细菌素,抑制有害微生物的生长。葡萄球菌在MNIP组风干肠成品中相对丰度占比最高(2.75%),且在种水平上鉴定出以木糖葡萄球

菌为主,其余3组风干肠成品中葡萄球菌相对丰度低于1%。葡萄球菌具有硝酸还原酶活性、过氧化氢酶活性等,可以提高产品的颜色稳定性,减少酸败的发生^[38]。

2.5 4组风干肠感官评定结果

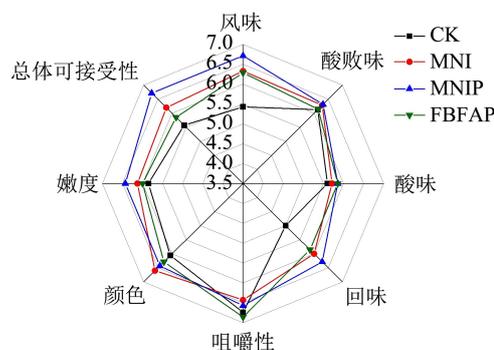


图4 4组风干肠感官评定结果

Fig.4 Sensory evaluation results of 4 groups of air-dried sausages

感官评价是预测氧化稳定性、产品保质期和消费者可接受性的最重要方法^[39]。经过培训后的感官评定小组对4组风干肠成品的感官属性(嫩度、颜色、咀嚼性、回味、酸味、酸败味、风味和整体可接受性)进行评估,其结果如图4所示。CK组、MNI组、MNIP组、FBFAP组风干肠在酸败味和酸味感官属性方面表现出相似的分值,小组成员对4组样品没有发现明显的酸败味和酸味差异。与CK组相比,3个处理组具有较好的颜色、回味、嫩度、风味和整体可接受性,MNI组、MNIP组和FBFAP组在嫩度上的得分高于CK组,可能是3个实验组中微生物能产生大量的胶原蛋白酶,提高了风干肠的嫩度^[40],Sun等^[41]研究发现,从哈尔滨风干肠中分离出的短乳杆菌产生的蛋白酶可与肌凝蛋白轻链、重链和肌钙蛋白相互作用,可加速肉蛋白的降解,促进肉质嫩度,进而改善哈尔滨干香肠的风味和品质。MNI组和MNIP组风干肠在咀嚼性方面不及FBFAP组和CK组,可能是添加的MNI和MNIP促进肉馅中乳酸菌产生大量蛋白酶,使肌原纤维蛋白水解变性,形成致密的凝胶结构,再经过20d的风干成熟过程,使水分散失,进而增加了MNI组和MNIP组风干肠的咀嚼,在许多研究中,咀嚼性受到蛋白质水解的积极影响,而不受硬度的积极或消极变化的影响,研究发现,蛋白质的水解现象和水分结合能力影响香肠的咀嚼性,进而影响风味的释放和感知^[42]。后期可以考虑进行微发酵或缩短成熟时间来改善MNI组和MNIP组风干肠的咀嚼性能。整体而言MNIP组风干肠有较好风味、回味、嫩度,且总体可

接受性得分为组内最高,说明添加 MNIP 能提高风干肠的感官属性。研究表明微生物与风干肠中独特的风味有着必然的联系。Chen 等^[43]发现,从酸肉中分离的木糖葡萄球菌 SX16 和植物乳杆菌 CMRC6 在体外具有优异的蛋白水解活性,可改善香肠的感官特性。许多乳酸菌中被鉴定出脂肪酶、酯酶和磷脂酶,且大多数乳酸菌脂肪酶具有细胞外活性。脂肪酶能在发酵的肉制品中产生独特的风味,研究表明,植物乳杆菌,具有很强的脂解活性,有助于风味和香气的形成^[44]。

3 结论

加入 MNI、MNIP 和 FBFAP 能促进肉馅中乳酸菌在发酵过程中快速繁殖而成为优势菌群,抑制腐败微生物如肠杆菌科、假单胞菌和酸敏感性葡萄球菌的生长。4 组风干肠中乳酸菌、肠杆菌科、假单胞菌和葡萄球菌数在成熟过程中呈不同程度的减少。在整个成熟过程中, MNI 组和 MNIP 组肠杆菌科、假单胞菌和葡萄球菌数显著低于 CK 组 ($p < 0.05$), MNI 组乳酸菌在成熟的整个阶段为组内最高。加入 FBFAP 能抑制风干肠成品中的肠杆菌科数 ($5.54 \lg \text{cfu/g}$) 和假单胞菌数 ($5.66 \lg \text{cfu/g}$), 但其抑制效果不及 MNI ($4.23 \lg \text{cfu/g}$ 、 $4.76 \lg \text{cfu/g}$) 和 MNIP ($3.93 \lg \text{cfu/g}$ 、 $4.33 \lg \text{cfu/g}$) 组,说明在接种有发酵剂 PRO-MIX5 的风干肠中加入 MNI 对腐败微生物的抑制效果优于 FBFAP。微生物多样性分析结果表明,4 组风干肠在成熟第 1 d 和第 20 d 的基于门水平的微生物群主要为厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门,其中厚壁菌门和变形菌门最丰富,占相对丰度的 93% 以上;在属水平上的鉴定结果表明:乳酸杆菌是 MNI、MNIP 组的优势菌属,在种水平上鉴定出主要为植物乳杆菌 (68.33%、50.20%) 和少量的清酒乳杆菌 (6.57%、3.46%), 其相对丰度随着成熟时间的延长略有降低。乳酸杆菌和链球菌是 FBFAP 组风干肠成品的优势菌属,在种水平上鉴定为清酒乳杆菌 (16.60%)、副乳房链球菌 (24.42%) 和少量的植物乳杆菌 (6.99%), CK 组在成熟过程中乳酸菌群更加多样化。革兰氏阴性腐败微生物在 4 组风干肠中相对丰度随成熟过程进行呈降低趋势,在 MNI 组的相对丰度最低为 19.35%。加入 MNI、MNIP 能显著提高风干肠的安全性, MNIP 能提高风干肠的质地、色泽、风味等感官性能。

参考文献

[1] CHEN Xi, LI Jiapeng, ZHOU Tong, et al. Two efficient nitrite-reducing *Lactobacillus* strains isolated from traditional fermented pork (Nanx Wudl) as competitive starter cultures

for Chinese fermented dry sausage [J]. Meat Science, 2016, 121: 302-309

[2] Lorenzo José M, Gómez María, Fonseca Sonia. Effect of commercial starter cultures on physicochemical characteristics, microbial counts and free fatty acid composition of dry-cured foal sausage [J]. Food Control, 2014, 46: 382-389

[3] WANG Zhengli, WANG Zhengxi, JI Lili, et al. A review: microbial diversity and function of fermented meat products in China [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 645435

[4] Laranjo Marta, Potes Maria Eduarda, Elias Miguel. Role of starter cultures on the safety of fermented meat products [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 853-853

[5] Leroy Frederic, Tom Goudman, L De Vuyst. The influence of processing parameters on starter culture performance [J]. Handbook of Fermented Meat and Poultry, 2014, 2: 169-175

[6] Justyna Polka, Annalisa Rebecchi, Vincenza Pisacane, et al. Corrigendum to "Bacterial diversity in typical Italian salami at different ripening stages as revealed by high-throughput sequencing of 16S rRNA amplicons" [J]. Food Microbiology, 2015, 46: 342-356

[7] ZANG Jinhong, XU Yanshun, XIA Wenshui, et al. Dynamics and diversity of microbial community succession during fermentation of Suanyu, a Chinese traditional fermented fish, determined by high throughput sequencing [J]. Food Research International, 2018, 111: 565-573

[8] Galimberti A, Bruno A, Mezzasalma V, et al. Emerging DNA-based technologies to characterize food ecosystems [J]. Food Research International, 2015, 69: 424-433

[9] Van Reckem E, Claeys E, Charmpi C, et al. High-throughput amplicon sequencing to assess the impact of processing factors on the development of microbial communities during spontaneous meat fermentation [J]. International Journal of Food Microbiology, 2021, 354: 109322

[10] Belleggia L, Ferrocino I, Reale A, et al. Portuguese cacholeira blood sausage: a first taste of its microbiota and volatile organic compounds [J]. Food Research International, 2020, 136: 109567

[11] 李秀明,刘静静,闫利娟,等.乳酸菌抑制 N-亚硝胺形成的机理探究及应用效果[J].食品科学,2020,41(2):141-147

LI Xiuming, LIU Jingjing, YAN Lijuan, et al. Inhibition mechanism and application of lactic acid bacteria on N-nitrosamine formation [J]. Food Science, 2020, 41(2): 141-147

[12] 李秀明,常妮妮,吴晨燕,等.微生物亚硝化抑制剂对红肠品

- 质的影响[J].肉类研究,2019,33(2):13-18
- LI Xiuming, CHANG Yani, WU Chenyan, et al. Effects of microbial nitrification inhibitors on the quality of red sausage [J]. Meat Research, 2019, 33(2): 13-18
- [13] 樊晓盼,施煜,刘一鸣,等.天然牛肉调味基料的增稠工艺优化[J].食品研究与开发,2019,40(14):81-85
- FAN Xiaopan, SHI Yu, LIU Yiming, et al. Optimization of thickening process for natural beef flavor [J]. Food Research and Development, 2019, 40(14): 81-85
- [14] 熊凤娇,马俪珍,王洋.二次回归正交设计优选阻断 NDMA 形成的亚硝化抑制剂[J].肉类研究,2018,32(60):29-34
- XIONG Fengjiao, MA Lizhen, WANG Yang. Optimization of nitrosation inhibitors for blocking N-nitrosodimethylamine formation based on quadratic regression orthogonal design [J]. Meat Research, 2018, 32(60): 29-34
- [15] 李玉娥,李晓宏,朱迎春,等.商业发酵剂对发酵香肠成熟过程中理化性质的影响[J].肉类研究,2019,33(8):42-47
- LI Yu'e, LI Xiaohong, ZHU Yingchun, et al. Effects of commercial starter cultures on physicochemical properties of fermented sausage during ripening [J]. Meat Research, 2019, 33(8): 42-47
- [16] 朱迎春,王洋,樊晓盼,等.基于宏基因组学技术分析不同贮藏条件下鲢鱼片中的菌相变化[J].中国农业科学,2017,50(5):913-923
- ZHU Yingchun, WANG Yang, FAN Xiaopan, et al. Metagenomic analysis of bacterial phases of catfish fillets under different storage conditions [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2017, 50(5): 913-923
- [17] Essid I, Hassouna M. Effect of inoculation of selected *Staphylococcus xylosum* and *Lactobacillus plantarum* strains on biochemical, microbiological and textural characteristics of a Tunisian dry fermented sausage [J]. Food Control, 2013, 32(2): 707-714
- [18] Zhao L, Jin Y, Ma C, et al. Physico-chemical characteristics and free fatty acid composition of dry fermented mutton sausages as affected by the use of various combinations of starter cultures and spices [J]. Meat Science, 2011, 88(4): 761-766
- [19] Lorenzo J M, Franco D. Fat effect on physico-chemical, microbial and textural changes through the manufactured of dry-cured foal sausage lipolysis, proteolysis and sensory properties [J]. Meat Science, 2012, 92(4): 704-714
- [20] Spaziani M, Del Torre M, Stecchini M L. Changes of physicochemical, microbiological, and textural properties during ripening of Italian low-acid sausages. Proteolysis, sensory and volatile profiles [J]. Meat Science, 2009, 81(1): 77-85
- [21] Casquete R, Benito M J, Martín A, et al. Microbiological quality of salchichón and chorizo, traditional Iberian dry-fermented sausages from two different industries, inoculated with autochthonous starter cultures [J]. Food Control, 2012, 24(1-2): 191-198
- [22] Ojha K S, Kerry J P, Duffy G, et al. Technological advances for enhancing quality and safety of fermented meat products [J]. Trends in Food Science & Technology, 2015, 44(1): 105-116
- [23] Chen Q, Liu Q, Sun Q, et al. Flavour formation from hydrolysis of pork sarcoplasmic protein extract by a unique LAB culture isolated from Harbin dry sausage [J]. Meat Science, 2015, 100: 110-117
- [24] Stavropoulou D A, De Maere H, Berardo A, et al. Species pervasiveness within the group of coagulase-negative staphylococci associated with meat fermentation is modulated by pH [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 2232
- [25] Stavropoulou D A, De Maere H, Berardo A, et al. Pervasiveness of *Staphylococcus carnosus* over *Staphylococcus xylosum* is affected by the level of acidification within a conventional meat starter culture set-up [J]. International Journal of Food Microbiology, 2018, 274: 60-66
- [26] Zhong A, Chen W, Duan Y, et al. The potential correlation between microbial communities and flavors in traditional fermented sour meat [J]. LWT, 2021, 149(1): 111873
- [27] Chen Xi Z, Zhi Fei H, Hong Jun L. Research of bacteriocins from lactic acid bacteria and their applications in preservation of meat products [J]. Food and Fermentation Industries, 2017, 43(7): 271-277
- [28] Hu Y, Zhang L, Zhang H, et al. Physicochemical properties and flavour profile of fermented dry sausages with a reduction of sodium chloride [J]. LWT, 2020, 124: 109061
- [29] Zhang Y, Qin Y, Wang Y, et al. *Lactobacillus plantarum* LPL-1, a bacteriocin producing strain, changed the bacterial community composition and improved the safety of low-salt fermented sausages [J]. LWT, 2020, 128: 109385
- [30] Deng F, Wang Y, Shang X, et al. Bacterial diversity of sausages in Enshi of Hubei province [J]. Meat Research, 2018, 32: 18-22
- [31] Wang X, Zhang Y, Ren H, et al. Comparison of bacterial diversity profiles and microbial safety assessment of salami,

- Chinese dry-cured sausage and Chinese smoked-cured sausage by high-throughput sequencing [J]. LWT, 2018, 90: 108-115
- [32] Wang X H, Ren H Y, Liu D Y, et al. Effects of inoculating *Lactobacillus sakei* starter cultures on the microbiological quality and nitrite depletion of Chinese fermented sausages [J]. Food Control, 2013, 32(2): 591-596
- [33] Li J X, Wang W, Wang X H, et al. The source and formation of flavor substances in fermented sausage [J]. Food Sci Technol, 2015, 40: 160-165
- [34] Zhou N, Zhang J X, Fan M T, et al. Antibiotic resistance of lactic acid bacteria isolated from Chinese yogurts [J]. Journal of Dairy Science, 2012, 95(9): 4775-4783
- [35] Georgieva R, Iliev I, Haertlé T, et al. Technological properties of candidate probiotic *Lactobacillus plantarum* strains [J]. International Dairy Journal, 2009, 19(11): 696-702
- [36] Wang Y, Qin Y, Zhang Y, et al. Antibacterial mechanism of plantaricin LPL-1, a novel class IIa bacteriocin against *Listeria monocytogenes* [J]. Food Control, 2019, 97: 87-93
- [37] Gao Y, Li D, Liu X. Bacteriocin-producing *Lactobacillus sakei* C2 as starter culture in fermented sausages [J]. Food Control, 2014, 35(1): 1-6
- [38] Olesen P T, Meyer A S, Stahnke L H. Generation of flavour compounds in fermented sausages the influence of curing ingredients, *Staphylococcus* starter culture and ripening time [J]. Meat Science, 2004, 66(3): 675-687
- [39] Seleshe S, Kang S N. Effect of different *Pediococcus pentosaceus* and *Lactobacillus plantarum* strains on quality characteristics of dry fermented sausage after completion of ripening period [J]. Food Science of Animal Resources, 2021, 41(4): 636
- [40] Pal G K, Suresh P V. Microbial collagenases: challenges and prospects in production and potential applications in food and nutrition [J]. RSC Advances, 2016, 6(40): 33763-33780
- [41] Sun F, Wang H, Liu Q, et al. Effects of temperature and pH on the structure of a protease from *Lactobacillus brevis* R4 isolated from Harbin dry sausage and molecular docking of the protease to the meat proteins [J]. Food Bioscience, 2021, 42: 101099
- [42] Buettner A, Schieberle P. Exhaled odorant measurement (EXOM)-a new approach to quantify the degree of in-mouth release of food aroma compounds [J]. LWT - Food Science and Technology, 2000, 33(8): 553-559
- [43] Chen X, Mi R, Qi B, et al. Effect of proteolytic starter culture isolated from Chinese Dong fermented pork (Nanx Wudl) on microbiological, biochemical and organoleptic attributes in dry fermented sausages [J]. Food Science and Human Wellness, 2021, 10(1): 13-22
- [44] García-cano L, Rocha-mendoza D, Kosmerl E, et al. Technically relevant enzymes and proteins produced by LAB suitable for industrial and biological activity [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2020, 104(4): 1401-1422

(上接第 125 页)

- [11] 沈佳奇. 麦芽根多肽制备及其抑制 α -葡萄糖苷酶活性的研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2019
- SHEN Jiaqi. Preparation of malt root polypeptides and their inhibition of α -glucosidase activity [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2019
- [12] 刘富月, 王晓东, 李守鹏, 等. 不同品种生姜提取物对 α -葡萄糖苷酶的抑制作用[J]. 食品与发酵工业, 2014, 40(12): 6-9
- LIU Fuyue, WANG Xiaodong, LI Shoupeng, et al. Inhibitory effect of different ginger extracts on α -glucosidase [J]. Food and Fermentation Industries, 2014, 40(12): 6-9
- [13] Marangon M, Vincenzi S, Lucchetta M, et al. Heating and reduction affect the reaction with tannins of wine protein fractions differing in hydrophobicity [J]. Analytica Chimica Acta, 2010, 660(1-2): 110-118
- [14] 吴嘉澜, 王笑园, 王坤立, 等. 生姜营养价值及药理作用研究进展[J]. 食品工业, 2019, 40(2): 237-240
- WU Jialan, WANG Xiaoyuan, WANG Kunli, et al. Advances in studies on the nutritional value and pharmacological action of ginger [J]. Food Industry, 2019, 40(2): 237-240
- [15] 李跃华, 宁月宝. 黑姜姜辣素的提取及小鼠降血糖研究[J]. 吉林畜牧兽医, 2020, 3: 91-93
- LI Yuehua, NING Yuebao. Study on extraction of gingerol from black ginger and hypoglycemia in mice [J]. Jilin Animal Husbandry and Veterinarian, 2020, 3: 91-93
- [16] Buddanavar A T, Nandibewoor S T. Multi-spectroscopic characterization of bovine serum albumin upon interaction with atomoxetine [J]. Journal of Pharmaceutical Analysis, 2017, 7(3): 148-155