

东北酸菜发酵乳酸菌的筛选及评价

赵玉娟, 刘才子, 高岩松, 赵子健, 高磊, 杨舸, 王超, 李盛钰*

(吉林省农业科学院农产品加工研究所, 国家乳品加工技术研发分中心, 吉林长春 130033)

摘要: 为获得适用东北酸菜发酵的乳酸菌菌株, 该研究通过对来源于发酵蔬菜 10 株乳酸菌的生长性能和发酵特性进行评价, 发现植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 显示出显著的发酵潜力: 培养 16 h 后, 发酵液 OD₆₀₀ 值分别升高至 1.707 和 1.672, 而 pH 值分别降低至 3.93 和 3.88, 培养 24 h 后, 可滴定酸度 (TA) 含量为 65.62 g/L 和 63.21 g/L, 对亚硝酸盐的降解率达到 96.41% 和 95.78%, 在 5% NaCl 溶液中培养 24 h 后 OD₆₀₀ 值仍达到 1.51 以上, 综合评价菌株 YJ132 和 UA107 可作为发酵菌种用于东北酸菜发酵。利用 YJ132 和 UA107 制备酸菜, 发酵末期酸菜样品中 TA 含量为 35.96 g/L, 还原糖和可溶性蛋白含量降低至 6.51 mg/g 和 111.27 μg/g, 并在发酵初期显著降低亚硝酸盐的含量, 与对照组相比差异极显著 ($P<0.01$)。接种乳酸菌可抑制有害菌肠杆菌的增殖 ($P<0.01$), 增加酸菜中微生物群落的多样性, 同时乳杆菌在发酵中后期始终是优势菌群, 由此推断 YJ132 和 UA107 是通过调控微生物群落来提升东北酸菜的品质。综上所述, YJ132 和 UA107 是适用于东北酸菜发酵的优良乳酸菌菌种。

关键词: 东北酸菜; 乳酸菌; 筛选评价; 理化特性; 微生物多样性

章编号: 1673-9078(2024)03-121-130

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2024.3.0401

Screening and Evaluation of Lactic Acid Bacteria for Dongbei Suancai Fermentation

ZHAO Yujuan, LIU Caizi, GAO Yansong, ZHAO Zijian, GAO Lei, YANG Ge, WANG Chao, LI Shengyu*

(Institute of Agricultural Products Processing Technology, Jilin Academy of Agricultural Sciences /National R&D Center for Milk Processing, Changchun 130033, China)

Abstract: In order to obtain the lactic acid bacteria strains suitable for the fermentation of Dongbei Suancai, the growth performance and fermentation characteristics of 10 lactic acid bacteria strains isolated from fermented vegetables were evaluated in this study. It was found that *Lactiplantibacillus plantarum* YJ132 and *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides* UA107 exhibited significant fermentation potential: After 16 h of fermentation, the optical densities at 600 nm (OD₆₀₀) of their fermentation broth increased to 1.707 and 1.672, respectively, whilst their pHs decreased to 3.93 and 3.88, respectively. After 24 h of fermentation, the titratable acidity (TA) reached 65.62 g/L and 63.21 g/L, respectively, and the degradation rate of nitrite reached 96.41% and 95.78%, respectively. Even after 24 h of cultivation in a 5% NaCl solution, the OD₆₀₀ remained above 1.51. Overall evaluation of YJ132 and UA107 revealed their suitability as fermentation strains for Dongbei Suancai. Using YJ132 and UA107 for Suancai fermentation, the final product had a TA content of 35.96 g/L.

引文格式:

赵玉娟,刘才子,高岩松,等.东北酸菜发酵乳酸菌的筛选及评价[J].现代食品科技,2024,40(3):121-130.

ZHAO Yujuan, LIU Caizi, GAO Yansong, et al. Screening and evaluation of lactic acid bacteria for Dongbei Suancai fermentation [J]. Modern Food Science and Technology, 2024, 40(3): 121-130.

收稿日期: 2023-04-04

基金项目: 吉林省农业科技创新工程自由创新 (CXGC2021ZY012); 财政部和农业农村部: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-36) 共同资助

作者简介: 赵玉娟 (1980-), 女, 硕士, 副研究员, 研究方向: 益生菌与发酵食品, E-mail: sunny3173@126.com

通讯作者: 李盛钰 (1977-), 男, 博士, 研究员, 研究方向: 益生菌与发酵食品, E-mail: lisy720@126.com

The contents of reducing sugar and soluble protein decreased to 6.51 mg/g and 111.27 $\mu\text{g/g}$, respectively. The nitrite content was significantly reduced in the early stage of fermentation compared with the control group ($P<0.01$). The inoculated LAB inhibited the proliferation of harmful bacteria, such as *Escherichia coli* ($P<0.01$), and increased the microbial diversity in the Suancai with *Lactobacillus* being the dominant bacterial group during the middle and late fermentation stages. Accordingly, it is inferred that YJ132 and UA107 improve the quality of Suancai by regulating the microbial community. In summary, YJ132 and UA107 are excellent LAB strains that are suitable for the fermentation of Dongbei Suancai.

Key words: Dongbei Suancai; LAB; screen and assess; physicochemical characteristics; microbial diversity

东北酸菜是一种传统发酵蔬菜,其滋味酸爽可口,开胃解腻,营养丰富,有益健康而深受东北地区人们的喜爱^[1]。传统东北酸菜加工是利用白菜原料和环境微生物自发发酵而成^[2,3],但是这种自发发酵周期相对较长,生产效率低下,另外由于发酵过程菌群组成复杂,易受外源性腐败微生物的污染造成腐烂、霉变,影响酸菜的风味^[4],从而导致酸菜产品质量不可控^[5]。

近年来,乳酸菌在东北酸菜发酵中的应用加快了东北酸菜的发酵方式从传统自发发酵模式向工业化发酵模式转变的进程。不同种属的乳酸菌在东北酸菜的发酵过程中,通过不同的代谢途径产生了丰富的代谢产物,赋予酸菜独特的风味^[6]。因此在酸菜发酵过程中接种乳酸菌,有利于改善酸菜的营养和感官特性,并延长保质期^[7]。Yang等^[4]从酸菜中分离出多株乳酸菌,通过研究单一乳酸菌接种对酸菜品质的影响,发现接种植物乳杆菌和副干酪乳杆菌分别提高了酸菜中酯类和内酯的含量。利用弯曲乳杆菌 LC-20 发酵酸菜时,在 1% 盐溶液条件下 LC-20 生长迅速且产生大量的有机酸,高通量测序结果表明乳酸杆菌为优势菌群,且感官评分得分最高^[8]。为了更好地提升东北酸菜的品质,越来越多的研究在发酵过程中使用两种或多种乳酸菌共培养作为发酵剂。例如, Song等^[9]探讨戊糖球菌 20192 和植物乳杆菌 20193 对酸菜品质的影响,结果表明经混合菌株发酵后影响了酸菜样品中的细菌群落,同时提高乳酸、乙酸、柠檬酸、琥珀酸、苹果酸和酒石酸等有机酸的含量。当前,一些企业开始将乳酸菌混合发酵剂用于东北酸菜生产,但由于缺少优良的工业化菌株,混合发酵剂对东北酸菜风味的改善仍然有限^[10]。

优良发酵性能的乳酸菌发酵剂是提高东北酸菜发酵品质,加快东北酸菜工业化进程的有效途径。为了获得适用于东北酸菜发酵的乳酸菌菌株,本文通过对多株传统发酵食品来源的乳酸菌的生长和发

酵特性进行分析,从中筛选出适用于东北酸菜生产的乳酸菌菌种,并将其应用于酸菜发酵,通过酸菜理化指标的检测和微生物群落分析,揭示接种乳酸菌对东北酸菜营养成分代谢和微生物群落的调控作用。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

白菜 (*Brassica rapapekinensis*), 在长春市秋菜市场购买, 室外晾晒 3 d, 修整、清洗后备用。

MRS、结晶紫中性红胆盐 (VRBA) 和沙氏葡萄糖琼脂含氯霉素 (SDA) 培养基, 青岛海博生物。考马斯亮蓝法蛋白含量测试盒 (M1805B) 和还原糖含量测试盒 (M1506B), 苏州梦犀生物。其他试剂均为分析纯。

1.2 仪器与设备

pH 计 (PHS-3G), 上海雷磁; MLS-3780 高压蒸汽灭菌锅, 日本 Sanyo 公司; BCN-1360B 无菌超净工作台, 哈尔滨东联; HZQ-Q 电热恒温培养箱, 上海一恒; Sorvall Evolotion RC 高速冷冻离心机, 美国 Thermo 公司; Spectramax ABS plus 酶标仪, 美国 Molecular devices Corporation 公司。

1.3 菌株及培养

本研究所选用的 10 株乳酸菌均为本团队分离自中国传统发酵食品东北酸菜和辣白菜, 经生理生化和 16S rDNA 分子鉴定为植物乳植杆菌 (*Lactiplantibacillus plantarum*)、鼠李糖乳酪杆菌 (*Lactocaseibacillus rhamnosus*) 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 (*Leuconostoc mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, *Leu. mesenteroides* subsp. *mesenteroides*), 具体来源和培养条件如表 1 所示。使用前将活化的各菌株接种于 MRS 肉汤中, 乳杆菌于 37 $^{\circ}\text{C}$ 条件下培养 16 h, 而肠膜明串珠菌于 30 $^{\circ}\text{C}$ 条件下培养 24 h, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存备用。

表 1 试验菌株来源及培养条件

Table 1 Source and cultivation conditions of experimental strains

菌株	来源	鉴定结果	培养条件
S6-5	东北酸菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
SC9	东北酸菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
SC79	东北酸菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
CCA8-6	辣白菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
NA136	东北酸菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
YJ132	东北酸菜	植物乳植杆菌 (<i>Lactiplantibacillus plantarum</i>)	37 ℃, 16 h
KRS-2	辣白菜	鼠李糖乳酪杆菌 (<i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i>)	37 ℃, 16 h
JAAS8	东北酸菜	鼠李糖乳酪杆菌 (<i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i>)	37 ℃, 16 h
UA102	辣白菜	肠膜明串珠菌肠膜亚种 (<i>Leu. mesenterides</i> subsp. <i>mesenteroides</i>)	30 ℃, 24 h
UA107	辣白菜	肠膜明串珠菌肠膜亚种 (<i>Leu. mesenterides</i> subsp. <i>mesenteroides</i>)	30 ℃, 24 h

1.4 适用于东北酸菜发酵乳酸菌的筛选

参考 Yang 等^[4]方法, 将各乳酸菌接种于 MRS 液体培养基中, 调整细胞悬浮液的初始 OD₆₀₀ 为 0.1~0.2 后于最适条件下培养 24 h, 分别于 0、4、8、12、16、20、24 h 收集发酵液, 测定菌株的生长速率和产酸能力。将各菌株接种到含 125 μg/mL 亚硝酸钠的 MRS 液体培养基中, 调整接种量使得各乳酸菌初始细胞悬浮液的活菌数为 5.0×10⁷ CFU/mL, 分别于 8、12、24 h 收集发酵液, 利用盐酸萘乙二胺比色法测定不同乳酸菌降解亚硝酸盐的能力^[11]。将各菌株接种于 NaCl 含量分别为 1%、3%、5% (质量分数) 的 MRS 培养基中, 调整接种量使得各乳酸菌初始细胞悬浮液的活菌数为 5.0×10⁷ CFU/mL, 37 ℃ 培养 24 h 后, 测试其在波长 600 nm 下的吸光率 (OD₆₀₀), 评估各乳酸菌对 NaCl 溶液的耐受能力^[12]。

1.5 东北酸菜的发酵

植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 接种于 MRS 肉汤中, 分别于 37 ℃ 和 30 ℃ 条件下培养 16 h 和 24 h。二株乳酸菌发酵液于 6 000 r/min、4 ℃ 离心 8 min, 灭菌生理盐水洗涤两次, 调整菌液的活菌数为 10⁸ CFU/mL, 4 ℃ 保存。

将白菜码入陶瓷缸 (容积为 30 L), 按白菜鲜重的 1% (质量分数) 加入食盐, 并加入适量的水。试验分为对照组和乳酸菌组, 每组设五个重复。对照组不接种乳酸菌, 采用自然发酵; 乳酸菌组按 5.0×10⁶ CFU/g 白菜鲜重接种乳酸菌 (植物乳植杆菌 YJ132: 肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107=1:1)。在控温培养箱发酵 (温度控制在 15 ℃), 发酵周期为 30 d。分别于发酵初期 (6 d)、发酵中期 (18 d)、

发酵末期 (30 d) 无菌收集酸菜汁并采集酸菜叶片^[4], -40 ℃ 冻存用于后续理化和微生物多样性分析。

1.6 东北酸菜理化指标的检测

东北酸菜汁的 pH 值由 pH 计直接测定^[3]。可滴定酸度含量的测定参考 Pino 等^[7]方法, 以乳酸表示。将东北酸菜叶片匀浆, 并使用检测试剂盒测定酸菜样品中的可溶性蛋白和还原糖的含量^[13,14]。采用盐酸萘二胺法测定酸菜叶片中亚硝酸盐的浓度^[4]。

1.7 东北酸菜中微生物的测定

1.7.1 平板计数法测定活菌数

无菌取 1.0 mL 酸菜汁样品, 采用标准平板计数程序进行微生物计数^[15]。分别利用 MRS、VRBA 和 SDA 琼脂培养基对乳酸菌、总肠杆菌、酵母和霉菌进行计数。MRS 琼脂培养基在 37 ℃ 条件下培养 48~72 h, VRBA 培养基在 37 ℃ 培养 24~48 h, SDA 培养基在 23 ℃ 下培养 96 h。

1.7.2 高通量测序

无菌收集酸菜汁样品, 送至上海派森诺生物科技公司进行高通量测序。利用 V3-V4 细菌区域特异性引物 338F 引物 (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806R 引物 (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 扩增细菌 16S rRNA。扩增产物在 Illumina MiSeq 平台 (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) 上进行量化并用 QIIME 工具 (ver. 1.9) 分析样品微生物群落的变化情况。用 Chao1、Shannon 和 Simpson 指数分析样品的 α 多样性, 以各样本的距离矩阵绘制主坐标分析 (PCoA) 分析, 来探讨样品间的 β 多样性。此外, 通过热图比较不同样品在属水平上的差异,

并利用门水平的相对丰度来确定细菌群落结构。

1.8 数据处理与统计分析

试验结果以平均值 ± 标准差 (SD) 表示。使用 SPSS 软件 (version 20.0) 分析试验数据, 采用独立样本 *t* 检验、单因素方差分析和 2-way 方差分析对不同样品进行差异显著性分析。

2 结果与分析

2.1 适用于酸菜生产乳酸菌的筛选

2.1.1 生长速率和产酸能力

乳酸菌在最适温度下培养迅速生长, 大部分乳酸菌在培养至 16 h 时进入稳定期的初期, 结果如表 2 所示。不同菌株的生长速率不同, 其中 CCA8-6、

YJ132、JAAS8、UA107 生长速度最快, 生长至 16 h 时, 菌液的吸光度 (OD₆₀₀) 达到 1.672~1.787, 属于生长速度快的菌株。

随着发酵时间的延长, 各乳酸菌发酵液中的 pH 值呈下降趋势, 培养至 16 h 发酵液的 pH 值基本下降至 4.0 以下 (表 3)。不同菌株在生长过程中的产酸能力结果如表 3 所示, 菌株产酸能力由强到弱依次为: JAAS8、S6-5、YJ132、KRS-2、UA107、UA102, 发酵 24 h 乳酸的含量达到 61.45 g/L 以上, 其中 JAAS8 产酸量最高, 培养 24 h 后产酸量达 77.65 g/L。Yang 等^[4]对 10 株乳酸菌的生长速率和产酸能力进行分析, 发现不同菌株的生长性能不同, 菌株 CH4 培养 24 h 后菌液的 OD₆₀₀ 最高, 且培养 72 h 后该菌株产酸量最大, 达到 19.04 g/100 mL, 与本研究的结果相一致。

表 2 乳酸菌的生长速率
Table 2 Growth rate changes of lactic acid bacteria

菌株	0 h	4 h	8 h	12 h	16 h	20 h	24 h
SC9	0.166±0.017 ^{ab}	0.777±0.092 ^{ab}	1.424±0.163 ^{ab}	1.632±0.144 ^a	1.654±0.189 ^{ab}	1.732±0.115 ^a	1.763±0.169 ^a
CCA8-6	0.144±0.021 ^{ab}	1.030±0.108 ^{cd}	1.156±0.019 ^a	1.651±0.107 ^a	1.787±0.218 ^a	1.762±0.136 ^a	1.796±0.199 ^a
NA136	0.179±0.021 ^{bc}	0.958±0.110 ^{bc}	1.412±0.178 ^{ab}	1.513±0.099 ^b	1.609±0.168 ^b	1.671±0.092 ^{ab}	1.719±0.118 ^{ab}
SC79	0.214±0.024 ^c	0.996±0.112 ^c	1.473±0.167 ^b	1.509±0.093 ^b	1.664±0.173 ^{ab}	1.688±0.089 ^{ab}	1.726±0.127 ^{ab}
S6-5	0.105±0.017 ^d	0.710±0.119 ^a	1.312±0.153 ^{ab}	1.473±0.119 ^b	1.539±0.163 ^b	1.576±0.086 ^b	1.603±0.157 ^b
KRS-2	0.103±0.021 ^d	0.945±0.107 ^{bc}	1.444±0.154 ^b	1.592±0.088 ^{ab}	1.659±0.125 ^b	1.732±0.103 ^a	1.725±0.195 ^{ab}
JAAS8	0.208±0.029 ^c	1.108±0.113 ^{cd}	1.457±0.158 ^b	1.613±0.108 ^a	1.685±0.176 ^a	1.718±0.086 ^a	1.692±0.231 ^{ab}
YJ132	0.131±0.013 ^{ad}	1.152±0.131 ^{cd}	1.526±0.137 ^b	1.633±0.083 ^a	1.707±0.119 ^a	1.729±0.088 ^a	1.811±0.194 ^a
UA102	0.203±0.014 ^c	1.049±0.084 ^{cd}	1.468±0.157 ^b	1.589±0.112 ^{ab}	1.671±0.186 ^{ab}	1.699±0.096 ^{ab}	1.672±0.105 ^b
UA107	0.151±0.018 ^{ab}	1.209±0.130 ^d	1.563±0.141 ^b	1.662±0.134 ^a	1.672±0.162 ^{ab}	1.737±0.145 ^a	1.779±0.123 ^a

注: 表中上标的 a、b、c、d 表示同一发酵时间不同乳酸菌之间差异显著 ($P < 0.05$)。下表同。

表 3 乳酸菌生长过程中 pH 值及可滴定酸度变化情况
Table 3 The changes of pH and titratable acidify during the growth of lactic acid bacteria

菌株	pH 值				可滴定酸度/(g/L)			
	0 h	8 h	16 h	24 h	0 h	8 h	16 h	24 h
SC9	6.15±0.05 ^{ab}	4.39±0.06 ^{ab}	4.06±0.05 ^b	4.21±0.06 ^{ab}	11.34±0.65 ^a	29.92±2.93 ^b	46.31±4.01 ^a	50.95±2.57 ^a
CCA8-6	6.09±0.08 ^b	4.19±0.12 ^b	3.89±0.08 ^{ab}	3.84±0.11 ^c	12.48±0.75 ^{ab}	31.98±2.01 ^b	38.13±3.05 ^c	49.59±2.03 ^a
NA136	6.06±0.09 ^{bc}	4.27±0.09 ^b	3.88±0.09 ^{ab}	3.82±0.08 ^c	11.28±0.88 ^a	26.57±1.02 ^a	35.12±1.86 ^c	37.94±1.65 ^b
SC79	6.03±0.09 ^{bc}	4.32±0.12 ^{ab}	3.99±0.12 ^{ab}	4.02±0.08 ^{ac}	11.94±1.09 ^a	31.12±2.66 ^b	44.84±2.68 ^a	57.14±1.86 ^c
S6-5	6.26±0.08 ^a	4.52±0.16 ^a	4.25±0.09 ^c	4.26±0.10 ^b	12.24±0.72 ^{ab}	31.31±0.98 ^b	55.11±0.97 ^b	66.02±1.54 ^d
KRS-2	6.23±0.08 ^a	4.35±0.13 ^{ab}	3.91±0.11 ^{ab}	3.92±0.12 ^c	12.96±0.83 ^{ab}	32.55±2.11 ^b	55.63±0.81 ^b	64.48±1.53 ^d
JAAS8	5.91±0.10 ^c	4.31±0.12 ^b	3.85±0.12 ^a	3.81±0.14 ^c	14.16±0.45 ^{bc}	33.92±1.32 ^b	55.79±3.51 ^b	77.65±1.77 ^c
YJ132	6.14±0.08 ^{ab}	4.23±0.14 ^b	3.93±0.08 ^{ab}	3.99±0.11 ^{ac}	13.32±0.72 ^{bc}	33.86±2.38 ^b	60.28±1.76 ^b	65.62±2.14 ^d
UA102	6.01±0.11 ^c	4.26±0.10 ^b	3.95±0.14 ^{ab}	3.92±0.13 ^c	14.58±0.54 ^c	35.16±1.05 ^b	55.68±2.66 ^b	61.45±1.51 ^d
UA107	6.15±0.09 ^{ab}	4.18±0.10 ^b	3.88±0.11 ^{ab}	3.81±0.12 ^c	13.08±0.75 ^{bc}	32.75±0.53 ^b	58.47±1.69 ^b	63.21±1.41 ^d

表 4 乳酸菌降解亚硝酸盐的能力和在NaCl溶液中的生长情况

Table 4 The ability of LAB to degrade nitrite and growth conditions in NaCl solution

菌株	亚硝酸盐/($\mu\text{g/mL}$)			在 NaCl 溶液中的生长情况 (OD_{600})			
	8 h	16 h	24 h	对照组	1% NaCl	3% NaCl	5% NaCl
SC9	17.16 \pm 1.11 ^a	8.13 \pm 1.03 ^{ab}	6.39 \pm 0.42 ^a	1.77 \pm 0.13 ^a	1.54 \pm 0.09 ^{a*}	1.49 \pm 0.09 ^{ab**}	1.37 \pm 0.06 ^{a**}
CCA8-6	11.16 \pm 1.15 ^c	6.82 \pm 0.74 ^a	5.28 \pm 0.72 ^{ab}	1.86 \pm 0.11 ^b	1.57 \pm 0.08 ^{a**}	1.34 \pm 0.07 ^{a**}	1.03 \pm 0.07 ^{c**}
NA136	15.55 \pm 1.21 ^{ab}	7.45 \pm 0.86 ^{ab}	6.07 \pm 0.61 ^a	1.79 \pm 0.13 ^a	1.66 \pm 0.09 ^{ab}	1.38 \pm 0.12 ^{a**}	1.13 \pm 0.09 ^{bc**}
SC79	20.14 \pm 1.94 ^d	8.87 \pm 0.78 ^{bc}	5.73 \pm 0.43 ^{ab}	1.79 \pm 0.15 ^a	1.65 \pm 0.07 ^{ab}	1.57 \pm 0.09 ^{b*}	1.43 \pm 0.14 ^{a**}
S6-5	20.69 \pm 1.81 ^d	9.98 \pm 0.88 ^c	6.44 \pm 0.84 ^a	1.74 \pm 0.21 ^a	1.59 \pm 0.03 ^a	1.35 \pm 0.12 ^{a**}	1.28 \pm 0.09 ^{ab**}
KRS-2	12.84 \pm 1.09 ^{bc}	6.43 \pm 0.62 ^a	5.19 \pm 0.66 ^b	1.78 \pm 0.14 ^a	1.72 \pm 0.03 ^b	1.57 \pm 0.06 ^{b*}	1.48 \pm 0.07 ^{a**}
JAAS8	17.74 \pm 1.51 ^a	7.97 \pm 0.93 ^{ab}	5.41 \pm 0.74 ^{ab}	1.84 \pm 0.11 ^b	1.56 \pm 0.07 ^{a*}	1.31 \pm 0.15 ^{a**}	1.07 \pm 0.19 ^{c**}
YJ132	13.48 \pm 0.98 ^{bc}	6.11 \pm 0.72 ^a	5.36 \pm 0.63 ^{ab}	1.85 \pm 0.25 ^b	1.71 \pm 0.03 ^b	1.61 \pm 0.09 ^{b*}	1.51 \pm 0.08 ^{a**}
UA102	16.65 \pm 1.31 ^a	6.43 \pm 0.63 ^a	5.39 \pm 0.86 ^{ab}	1.81 \pm 0.14 ^a	1.62 \pm 0.15 ^{ab}	1.46 \pm 0.06 ^{ab**}	1.33 \pm 0.07 ^{ab**}
UA107	11.76 \pm 1.07 ^c	6.15 \pm 0.85 ^a	4.48 \pm 0.56 ^b	1.82 \pm 0.11 ^a	1.68 \pm 0.07 ^{ab}	1.58 \pm 0.09 ^{b*}	1.52 \pm 0.08 ^{a**}

注: * 表示乳酸菌在不同浓度 NaCl 溶液中的生长情况与对照组相比差异显著 ($P < 0.05$), ** 表示差异极显著 ($P < 0.01$)。

2.1.2 亚硝酸盐降解和对NaCl溶液的耐受能力

10 株乳酸菌具有不同的亚硝酸盐降解能力 (表 4), 且不同菌株开始降解亚硝酸盐的时间不同, 有的菌株在发酵初始阶段就开始迅速降解亚硝酸盐, 如 KRS-2、YJ132、CA8-6、UA107, 发酵至 8 h 时发酵液中的亚硝酸钠含量降低至 11.16~13.48 $\mu\text{g/mL}$ 之间; 发酵至 24 h, 各菌株发酵液的亚硝酸盐含量均在 5.0 $\mu\text{g/mL}$ 左右, 而 YJ132、CCA8-6、UA107、KRS-2 对亚硝酸盐的降解率达到了 95.7% 以上。Yang 等^[4] 研究结果表明不同乳酸菌具有不同的亚硝酸盐消耗能力。培养 48 h 后, 仅 3 株菌 (CH4、CH6 和 CH5) 对亚硝酸盐的降解能力在 90% 以上, 而本研究所筛选的乳酸菌对亚硝酸盐的降解能力远高于上述结果, 说明不同来源不同种属的乳酸菌对亚硝酸盐的消耗能力不同。本研究发现 10 株乳酸菌对 NaCl 溶液表现出不同的耐受能力 (表 4), 菌株的生长量随 NaCl 溶液质量分数增加而下降, 当 NaCl 质量分数为 1% 时, 各菌株生长几乎不受影响, 而当 NaCl 质量分数增大到 5% 时, CCA8-6、NA136、JAAS8 的生长能力较差, 菌体生长受到抑制, 吸光度 (OD_{600}) 降低至 1.2 以下, 而 YJ132、KRS-2、UA107、S79 在含有 5% NaCl 培养基中培养 24 h 后 OD_{600} 仍在 1.43~1.52, 因此这 4 株菌对 NaCl 溶液具有较强的耐受能力。盐的添加是酸菜发酵的关键点之一, 因为它影响微生物生长的类型和程度以及最终产品的感官特性, Beganović 等^[12] 测定 25 株菌对 4%~6% NaCl 溶液的耐受能力时发现, 仅 *Lactobacillus brevis* SF15 菌株具有较强的 NaCl

耐受能力外, 其余菌株的生长均被 NaCl 抑制, 与本研究结果相一致。

乳酸菌在发酵蔬菜的发酵过程中发挥着重要的作用, 因此选择合适的乳酸菌是决定发酵蔬菜品质和风味的关键因素, 而乳酸菌的产酸和降解亚硝酸盐能力筛选是应用于发酵蔬菜的重要指标之一^[4]。乳酸菌通过代谢发酵蔬菜中的碳水化合物, 产生乳酸和其他有机酸降低酸菜的 pH 值, 这些有机酸对产品的防腐、抑制食品腐败菌具有重要意义^[3], 同时可赋予发酵蔬菜清脆的口感和风味^[16]。益生菌可通过多种途径降解亚硝酸盐, 例如通过代谢过程中产生的酸化作用抑制肠杆菌的生长, 促进酸菜中亚硝酸盐的还原, 或者通过消耗酸菜中的氮源使其不能转化为亚硝酸盐等等^[17,18]。而不同种属乳酸菌降解亚硝酸盐的能力也不同, 弯曲乳杆菌, 短乳杆菌, 清酒乳杆菌对亚硝酸盐的降解率分别为 66.0%、57.1% 和 87.9%^[19], 而植物乳植杆菌和肠膜明串珠菌降解亚硝酸盐的能力较高, 达到 90.17%^[20] 和 95.92%^[21], 而本研究也得到了类似的结果。通过对 10 株乳酸菌的生长特性和发酵特性进行评价, 发现植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 发酵 16 h 后, OD_{600} 分别升高至 1.707 和 1.672, pH 值降低至 3.93 和 3.88, 培养 24 h 后, TA 含量分别为 65.62 g/L 和 63.21 g/L, 对亚硝酸盐的降解能力为 96.41% 和 95.78%, 在 5% NaCl 溶液中培养 24 h 后的 OD_{600} 仍达到 1.51 和 1.52, 综合评价植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 是可用于后续酸菜发酵的乳酸菌菌种。

表 5 酸菜理化指标的组间效应检验

Table 5 Testing the inter-group effects of physicochemical indicators in Suancai

理化指标	源	III 型平方和	df	均方	F	P	偏 Eta 方
pH 值	组别	1.023	1	1.023	53.367	0.000	0.690
	发酵时间	23.140	2	11.570	603.552	0.000	0.981
	组别 * 发酵时间	0.057	2	0.029	1.498	0.244	0.111
总酸	组别	129.401	1	129.401	22.345	0.000	0.482
	发酵时间	4 395.913	2	2 197.956	379.551	0.000	0.969
	组别 * 发酵时间	63.040	2	31.520	5.443	0.011	0.312
可溶性蛋白	组别	6 057.723	1	6 057.723	14.383	0.001	0.375
	发酵时间	255 767.532	2	127 883.766	303.640	0.000	0.962
	组别 * 发酵时间	3 095.225	2	1 547.612	3.675	0.041	0.234
还原糖	组别	85.042	1	85.042	30.315	0.000	0.558
	发酵时间	603.287	2	301.644	107.528	0.000	0.900
	组别 * 发酵时间	39.333	2	19.667	7.011	0.004	0.369
亚硝酸盐	组别	2.454	1	2.454	65.158	0.000	0.731
	发酵时间	4.180	2	2.090	55.489	0.000	0.822
	组别 * 发酵时间	3.316	2	1.658	44.010	0.000	0.786

2.2 酸菜的理化特性

为了判断本研究中在检测理化指标时不同的试验组与发酵时间之间是否存在交互影响,本研究在利用 2-way 方差分析前对理化指标测定中组别和发酵时间的交互作用进行统计分析,结果如表 5 所示。在测定 pH 值时,不同试验组和发酵时间的交互作用对酸菜 pH 值影响不显著 ($F=0.498$, $P=0.244$),不存在交互作用,因此方差分析主要分析主效应;而在测定总酸、可溶性蛋白、还原糖、亚硝酸盐时,不同试验组和发酵时间之间的交互作用对酸菜的总酸、可溶性蛋白、还原糖、亚硝酸盐影响显著 ($F=5.443$, $P=0.011$; $F=3.675$, $P=0.041$; $F=7.011$, $P=0.004$; $F=44.010$, $P=0.000$),因此后续对这四个理化特性进行统计分析时主要分析交互效应和简单效应。

接种乳酸菌对酸菜理化指标的影响如表 6 所示。随着发酵时间的延长,东北酸菜汁的 pH 值逐渐降低,而酸菜叶中总酸含量逐渐升高,发酵至 30 d,乳酸菌组酸菜的 pH 值和 TA 含量分别为 3.80 和 35.96 g/L,与对照组相比差异显著 ($P<0.05$, $P<0.01$)。Hu 等^[3]利用不同乳酸菌发酵酸菜,发现接种乳酸菌的酸菜 pH 值急剧下降,然后逐渐下降,

最后趋于稳定,在整个发酵过程中,接种乳酸菌样品的 pH 值明显低于自然发酵样品,与本研究结果一致。发酵过程中,两组东北酸菜的总酸和还原糖含量均不断下降,发酵至 18 d,乳酸菌组还原糖和可溶性蛋白含量均显著降低至 9.54 mg/g 和 176.96 μg/g,与对照组相比差异极显著 ($P<0.01$),但发酵至 30 d 两组含量基本一致。整个发酵过程中,酸菜中亚硝酸盐含量呈下降趋势,发酵 6 d 时对照组中亚硝酸盐含量为 1.85 mg/kg,而乳酸菌组降低至 0.35 mg/kg,与对照组相比差异极显著 ($P<0.01$),说明接种乳酸菌能加速亚硝酸盐的代谢。发酵至 30 d 时 2 种酸菜中亚硝酸盐含量在 0.24~0.26 mg/kg,低于国标规定泡菜中的亚硝酸盐含量为 20 mg/kg 的限量标准。张栩采用肠膜明串珠菌、干酪乳杆菌、植物乳杆菌作为发酵剂进行酸菜发酵,在发酵过程中酸菜的还原糖呈下降趋势,发酵 30 d 时,植物乳杆菌和干酪乳杆菌发酵的酸菜中还原糖的残留量分别为 4.73 g/L 和 4.26 g/L,与本研究结果一致。而亚硝酸盐含量在发酵 0~10 d 迅速降低,在发酵 30 d 时三种乳酸菌发酵酸菜亚硝酸盐含量的范围在 0.95~0.97 mg/L 之间,高于本研究乳酸菌发酵酸菜的亚硝酸盐含量^[22]。

表 6 接种乳酸菌对酸菜理化特性的影响

Table 6 The effect of inoculating LAB on the physicochemical characteristics of Suancai

组别		pH 值	总酸/(g/L)	可溶性蛋白/($\mu\text{g/g}$)	还原糖/(mg/g)	亚硝酸盐/(mg/kg)
对照组	6 d	6.13 \pm 0.06 ^a	2.45 \pm 0.11 ^a	351.06 \pm 30.64 ^a	20.62 \pm 2.23 ^a	1.86 \pm 0.47 ^a
	18 d	4.32 \pm 0.17 ^b	12.89 \pm 1.65 ^b	232.11 \pm 15.68 ^b	13.33 \pm 2.11 ^b	0.48 \pm 0.06 ^b
	30 d	4.07 \pm 0.16 ^b	28.45 \pm 2.08 ^c	117.19 \pm 8.96 ^c	6.89 \pm 1.33 ^c	0.26 \pm 0.01 ^c
乳酸菌组	6 d	5.65 \pm 0.15 ^{a**}	2.89 \pm 0.39 ^{a*}	326.86 \pm 14.81 ^a	14.68 \pm 2.07 ^{a**}	0.35 \pm 0.02 ^{a**}
	18 d	3.96 \pm 0.14 ^{b**}	17.39 \pm 3.21 ^{b*}	176.96 \pm 21.48 ^{b**}	9.54 \pm 0.71 ^{b**}	0.29 \pm 0.04 ^{b*}
	30 d	3.80 \pm 0.11 ^{c*}	35.96 \pm 4.15 ^{c**}	111.27 \pm 7.19 ^c	6.51 \pm 0.91 ^c	0.24 \pm 0.01 ^b

注: *表示乳酸菌组与对照组在相同发酵时间内相比差异显著 ($P < 0.05$), **表示差异极显著 ($P < 0.01$)。a、b、c表示同一实验组不同发酵时间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.3 平板计数法测定酸菜中的活菌数

本研究利用平板计数法测定不同发酵时间样品中不同微生物的活菌数,在监控酸菜发酵过程的同时对其安全性进行评价,结果如图 1 所示。在发酵过程中,乳酸菌的数量迅速增加,在发酵第 6 天时活菌数达到 7.94 log CFU/mL,而对照组仅为 6.81 log CFU/mL,差异极显著 ($P < 0.01$),且在后续的发酵过程中,乳酸菌的活菌数始终显著高于对照组 ($P < 0.05$),且在发酵 18 d 时达到最大值,乳酸菌组为 8.28 log CFU/mL。霉菌和酵母的活菌数随着发酵时间的延长而呈现下降的趋势,发酵结束时,对照组霉菌和酵母的数量显著高于乳酸菌组 ($P < 0.01$),活菌数分别为 4.06 log CFU/mL 和 2.31 log CFU/mL,这与之前的发现相一致^[8],分析原因是由于营养竞争,乳酸菌和酵母菌相互对抗而导致酵母和霉菌数量降低。而接种乳酸菌可以有效的降低酸菜样品中有害菌肠杆菌的数量,在发酵 30 d 时,乳酸菌组和对照组酸菜中肠杆菌的数量分别为 1.07 log CFU/mL 和 3.66 log CFU/mL,差异极显著 ($P < 0.01$),说明接种乳酸菌的酸菜乳酸菌成为优势菌群后,抑制了有害微生物的生长。Hu 等^[3]利用不同的乳酸菌接种到酸菜中,检测发酵酸菜样品中的微生物种类,发现乳酸菌始终是优势菌群,且肠杆菌科细菌的数量逐渐降低,与本研究结果相一致。Yang 等^[6]利用乳酸菌发酵酸菜时微生物的变化规律与本研究相似,乳酸菌均呈现先升后降的变化规律,峰值出现在第 12 天,达到 10.13 log CFU/mL,而酵母菌的数量在发酵 30 d 时,仍达到 3.35 log CFU/mL,高于本研究中乳酸菌组的数量。

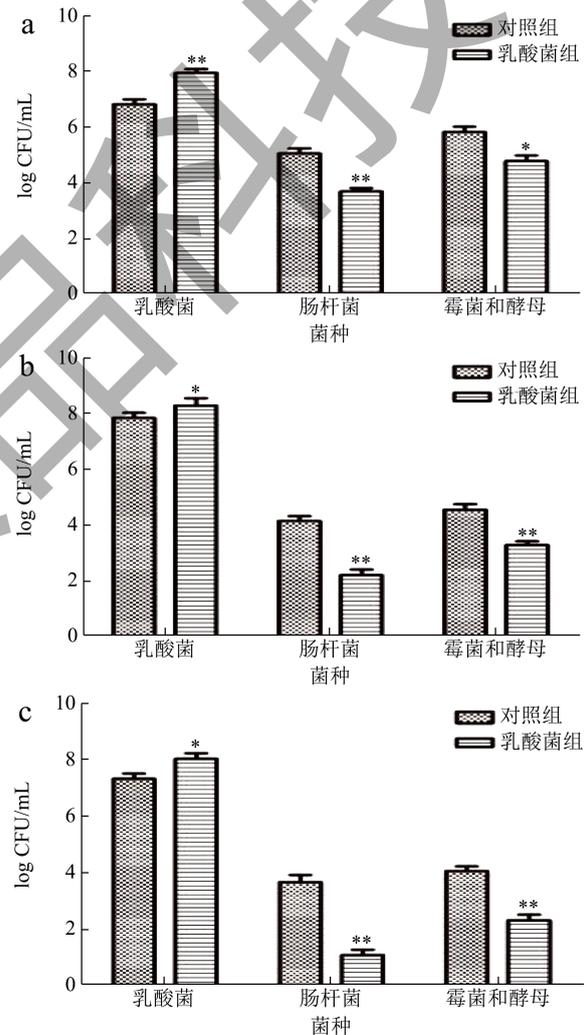


图 1 发酵过程中的微生物菌落动态变化情况

Fig.1 The dynamic changes in microbial colonies during the fermentation process

注:(a) 发酵 6 d; (b) 发酵 18 d; (c) 发酵 30 d。
*表示乳酸菌组与对照组相比差异显著 ($P < 0.05$), **表示差异极显著 ($P < 0.01$)。

2.4 高通量测序分析酸菜样品中微生物群落的变化

接种乳酸菌对东北酸菜发酵过程中微生物群落的影响如图2所示。在发酵过程中, Chao1、Shannon 和 Simpson 指数均呈上升趋势, 说明东北酸菜样品的微生物物种总数和多样性逐渐增加(图2a~c), 发酵中期对照组的 Simpson 指数为0.969, 而乳酸菌组升高至0.988, 与对照组相比差异显著 ($P < 0.05$)。β多样性分析表明, 乳酸菌组和对照组样品位于两个不同的区域, 且发酵18 d和30 d的微生物相似性更高(图2e), 说明随着发酵时间的延长, 接种乳酸菌后样品中的微生物群落发生变化。

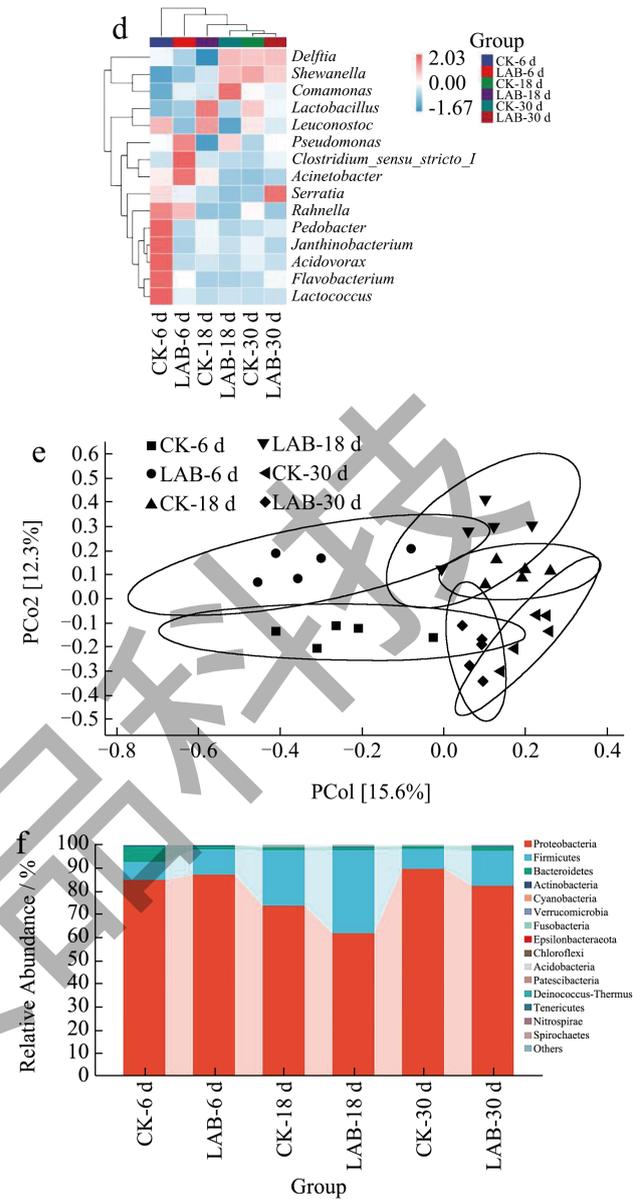
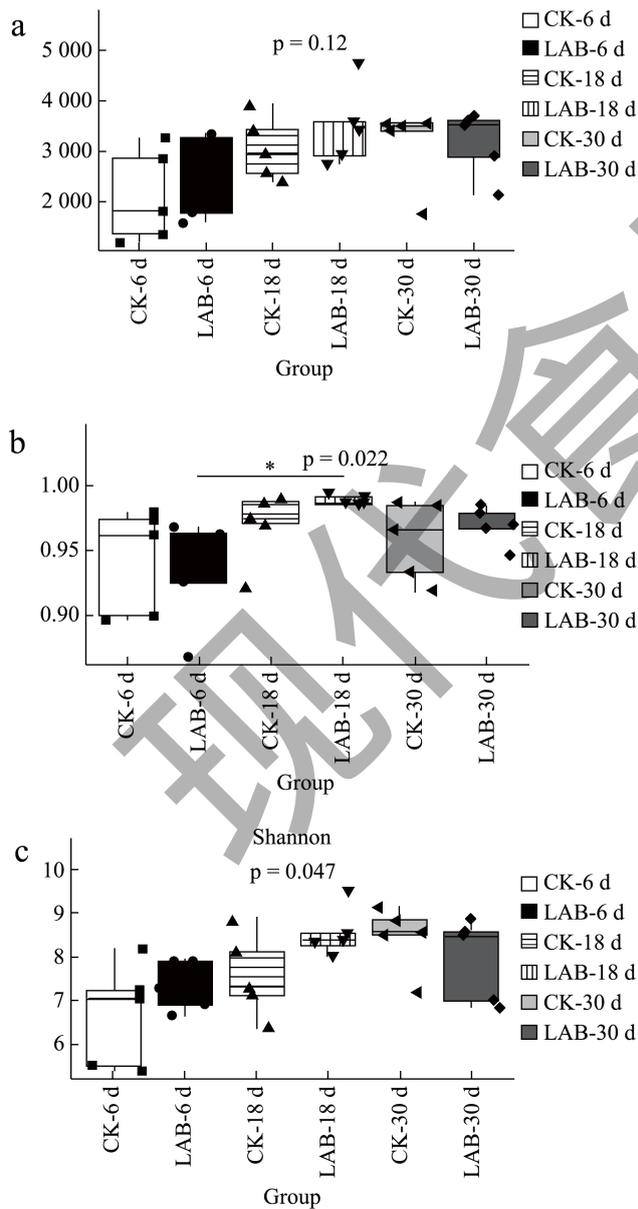


图2 接种乳酸菌对酸菜微生物群落的影响

Fig.2 The effect of inoculating LAB starter on microbial community of Suancai

注: (a) Chao1 指数; (b) Shannon 指数; (c) Simpson 指数; (d) 物种组成热图(属水平); (e) 距离矩阵与 PCoA 分析; (f) 物种组成分析(门水平)。* 表示乳酸菌组与对照组相比差异显著 ($P < 0.05$)。

物种组成热图(图2d)和微生物分类相对丰度(图2f)结果显示, 在发酵过程中酸菜样品中的微生物群落发生很大变化, 但是在发酵中后期乳酸菌始终属于优势菌群。发酵初期(6 d), 对照组酸菜中对人类具有潜在危害的不动杆菌(*Acinetobacter*)和对动物具有潜在危害的黄杆菌(*Flavobacterium*)等丰度较高, 而这些细菌在乳酸菌组丰度都显著降

低；发酵中期（18 d），乳酸菌组酸菜样品中肠膜明串珠菌的数量增加，占微生物总数的 1.53%，而乳杆菌（*Lactobacillus*）数量显著增加，占微生物总数的 31.68%，但是样品中可污染和腐败食品的假单胞菌（*Beudomonas*）、希瓦氏菌（*Shewanella*）等潜在有害菌的相对丰度低于对照组；发酵末期（30 d），乳杆菌属的含量有所下降，但乳酸菌组中乳杆菌属的含量仍达到 11% 以上。Yang 等^[23]利用高通量测序检测了接种乳酸菌发酵酸菜样品中微生物群落的改变，结果表明在发酵过程中乳酸菌数量逐渐增加，发酵结束时达到最大丰度，而假单胞菌和肠杆菌科细菌的比例在发酵初期较高，然后随着发酵的进行逐渐减少，与本研究结果相一致。

东北酸菜中微生物的种类和数量对产品的品质和口感有重要的影响，因此为了监控酸菜发酵过程中微生物的群落变化，本研究采用传统的平板计数结合高通量测序对不同发酵阶段酸菜样品中的微生物进行检测。平板计数法可以直观的反应样品中常见微生物的数量，本研究分别检测了酸菜中的乳杆菌、肠杆菌、酵母和霉菌。肠杆菌在发酵过程中是一种不受欢迎的类群，在微生物评价中被认为是潜在污染的指标^[24]，本研究接种乳酸菌后样品中肠杆菌的数量显著降低，这可能与乳酸菌形成的酸性环境和释放的抗菌肽有关^[25]。相似的结果出现在酸菜样品中的酵母和霉菌，与对照组相比，接种乳酸菌组的酵母和霉菌与对照组相比差异显著（ $P < 0.01$ ），说明酵母、霉菌与乳酸菌存在着营养竞争的关系，由于接种乳酸菌成为体系中的优势菌群，酵母菌和霉菌的生长受到乳酸菌的抑制，这与 Gerardia 等^[26]的研究结果相一致。而高通量测序技术对酸菜中的微生物群落结构进行进一步的深入分析，更详细的揭示酸菜样品微生物的多样性。高通量测序结果与平板计数结果相符，接种乳酸菌可以有效的抑制有害微生物的数量，而乳杆菌在发酵过程中始终是优势菌群，这可能与它们较强的耐酸能力有关，这些结果与先前的报告相一致^[27,28]。因此通过检测接种乳酸菌后酸菜样品中微生物群落的改变，结合酸菜理化指标的提升，证明酸菜中微生物群落变化对酸菜品质有显著的影响。另外在酸菜发酵过程接种乳酸菌时由于不同微生物之间互相作用，会产生多种代谢产物，如有机酸、氨基酸、酯类等，它们将贡献酸菜独特的风味特征^[23]。因此我们下一步的工作将继续开展植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 对酸菜样品中营养成分的代谢调

控，如氨基酸、挥发性风味物质、有机酸等等，利用代谢组学进一步阐述所筛选的乳酸菌菌种对酸菜品质提升的科学依据。

3 结论

本文通过对 10 株乳酸菌的生长特性和发酵特性进行综合评价，发现植物乳植杆菌 YJ132 和肠膜明串珠菌肠膜亚种 UA107 生长速度快、产酸能力强，能快速降解亚硝酸盐，并对 NaCl 溶液有较强的耐受能力，因此确定 YJ132 和 UA107 是可适用于东北酸菜发酵的菌种。将 YJ132 和 UA107 混合菌株接种发酵东北酸菜，显著提升了东北酸菜的品质。混合菌株提高了酸菜的理化特性，可溶性蛋白、还原糖、亚硝酸盐均显著低于对照组；混合菌株改善了酸菜的微生物群落构成，使得乳杆菌在发酵中后期始终是优势菌群。因此，将 YJ132 和 UA107 研制适用于东北酸菜生产的发酵剂，有助于推进东北酸菜产品的标准化和酸菜的产业化。

参考文献

- [1] 马欢欢,吕欣然,林洋,等.传统东北酸菜自然发酵过程中乳酸菌与营养物质同步分析[J].食品与发酵工业,2017,43(2):79-84.
- [2] 邹思博,赵明伟,纪超凡,等.自然发酵东北酸菜中抗氧化乳酸菌的筛选及其益生性研究[J].食品安全质量检测学报,2023,14(1):42-50.
- [3] HU W, YANG X, JI Y, et al. Effect of starter cultures mixed with different autochthonous lactic acid bacteria on microbial, metabolome and sensory properties of Chinese northeast sauerkraut [J]. Food Research International, 2021: 148, 110605.
- [4] YANG X, HU W, XIU Z, et al. Comparison of northeast sauerkraut fermentation between single lactic acid bacteria strains and traditional fermentation [J]. Food Research International, 2020, 137(7): 109553.
- [5] 陈晟,罗佳瑶,蒋立文,等.我国腌渍蔬菜产业现状分析及改进对策[J].中国酿造,2018,37(7):6-10.
- [6] YANG X, HU W, JIANG A, et al. Effect of salt concentration on quality of Chinese northeast sauerkraut fermented by *Leuconostoc mesenteroides* and *Lactobacillus plantarum* [J]. Food Bioscience, 2019, 30: 100421.
- [7] PINOA, VACCALLUZZO A, SOLIERI L, et al. Effect of sequential inoculum of beta-glucosidase positive and probiotic strains on brine fermentation to obtain low salt sicilian table olives [J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 174.
- [8] HE J L, LI F Z, WANG Y, et al. Fermentation characteristics

- and bacterial dynamics during Chinese sauerkraut fermentation by *Lactobacillus curvatus* LC-20 under varied salt concentrations reveal its potential in low-salt suancai production [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2021, 132(1): 33-40.
- [9] SONG G, HE Z, WANG X Y, et al. Improving the quality of Suancai by inoculating with *Lactobacillus plantarum* and *Pediococcus pentosaceus* [J]. *Food Research International*, 2021, 148: 110581.
- [10] 王勇. 模拟不同工艺发酵白菜 (*Brassica pekinensis* Rupr) 制作过程中细菌菌群结构和风味成分的变化[D]. 雅安: 四川农业大学, 2020.
- [11] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. GB 5009.33-2016 食品安全国家标准食品中亚硝酸盐与硝酸盐的测定[S].
- [12] BEGANOVIĆ J, KOS B, PAVUNC A L, et al. Traditionally produced sauerkraut as source of autochthonous functional starter cultures [J]. *Microbiological Research*, 2014, 169(7-8): 623-632.
- [13] LIU Q Z, CHEN Z Q, HUANG L K, et al. The effects of a combined amendment on growth, cadmium adsorption by five fruit vegetables, and soil fertility in contaminated greenhouse under rotation system [J]. *Chemosphere*, 2021, 285: 131499.
- [14] GE L H, LAI H M, HUANG Y L, et al. Comparative evaluation of package types in alleviating textural softening and package-swelling of Paocai during storage: insight into microbial invasion, cell wall pectinolysis and alteration in sugar and organic acid profiles [J]. *Food Chemistry*, 2021, 365: 130489.
- [15] PENAS E, MARTINEZ-VILLALUENGA C, PIHLAVA J, et al. Evaluation of refrigerated storage in nitrogen-enriched atmospheres on the microbial quality, content of bioactive compounds and antioxidant activity of sauerkrauts [J]. *LWT-Food Science & Technology*, 2015, 61(2): 463-470.
- [16] YANG Y, FAN Y, LI T, et al. Microbial composition and correlation between microbiota and quality-related physiochemical characteristics in chongqing radish paocai [J]. *Food Chemistry*, 2022, 369: 130897.
- [17] LU Y, ZHANG L, ZHANG Y, et al. Nitrite degradation lactic acid bacteria isolated from traditional Chinese fermented foods: a review [J]. *Journal of Food Protection*, 2019, 82(7): 1132-1142.
- [18] WANG Z, SHAO Y. Effects of microbial diversity on nitrite concentration in paocai, a naturally fermented cabbage product from China [J]. *Microbiology*, 2018, 72: 185-192.
- [19] KIM S H, KANG K H, KIM S H, et al. Lactic acid bacteria directly degrade N-nitrosodimethylamine and increase the nitrite-scavenging ability in kimchi [J]. *Food Control*, 2017, 71: 101-109.
- [20] ZHANG Q, ZENG L, TAN X, et al. An Efficient γ -Aminobutyric Acid (GABA) producing and nitrite reducing ability of *Lactobacillus plantarum* BC114 isolated from chinese Paocai [J]. *Food Science & Technology Research*, 2017, 23(5): 749-755.
- [21] 刘笑笑, 金永梅, 吴迪, 等. 传统发酵酸菜中降解亚硝酸盐肠膜明串珠菌的分离鉴定及特性分析[J]. *中国酿造*, 2020, 39(6): 58-62.
- [22] 张栩. 不同乳酸菌发酵对酸菜的风味物质形成及品质指标的影响[J]. *中国酿造*, 2021, 40(4): 133-137.
- [23] YANG X Z, HU W Z, XIU Z L, et al. Microbial dynamics and volatilome profiles during the fermentation of Chinese northeast sauerkraut by *Leuconostoc mesenteroides* ORC 2 and *Lactobacillus plantarum* HBUAS 51041 under different salt concentrations [J]. *Food Research International*, 2020, 130: 108926.
- [24] 蔡文超. 植物源乳酸菌的筛选及其在红枣汁发酵中代谢产物的研究[D]. 石河子: 石河子大学, 2022.
- [25] LEE M, SONG J H, PARK J M, et al. Bacterial diversity in Korean temple kimchi fermentation [J]. *Food Research International*, 2019, 126: 108592.
- [26] GERARDIA C, TRISTEZZA M, GIORDANO B L, et al. Exploitation of Prunus mahaleb fruit by fermentation with selected strains of *Lactobacillus plantarum* and *Saccharomyces cerevisiae* [J]. *Food Microbiology*, 2019, 84: 103262.
- [27] JUNG J Y, LEE S H, LEE H J, et al. Effects of *Leuconostoc mesenteroides* starter cultures on microbial communities and metabolites during kimchi fermentation [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2012, 153: 378-387.
- [28] XU Z, HE H, ZHANG S, et al. Effects of inoculants *Lactobacillus brevis* and *Lactobacillus parafarraginis* on the fermentation characteristics and microbial communities of corn stover silage [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7: 13614.