

不同储藏时期香肠菌群结构的变化及优势腐败菌研究

滕安国, 张芹, 蒋怡, 李冰馨

(天津科技大学食品工程与生物技术学院, 天津 300457)

摘要: 以天然肠衣的熏煮香肠为研究对象, 将新鲜香肠和腐败香肠分别取样, 提取 DNA, 采用高通量测序技术对两种香肠的菌群结构进行比较研究, 并确定优势腐败菌。结果表明: 腐败香肠菌群丰度和均匀度较新鲜香肠降低; 在属的水平上, 新鲜香肠中丰度最高的是 *Staphylococcus* (葡萄球菌属 90.64%), 而腐败香肠中丰度最高的是 *Weissella* (魏斯氏菌属 65.93%), 其次是 *Staphylococcus* (葡萄球菌属 33.79%); 在种的分类水平上, 新鲜香肠中 *Staphylococcus equorum* (马胃葡萄球菌 25.59%) 和 *Staphylococcus vitulinus* (小牛葡萄球菌 18.01%) 丰度最高, 腐败香肠中丰度最高的是 *Weissella viridescens* (绿色魏斯氏菌 46.04%), 其次是 *Weissella cibaria* (食窦魏斯氏菌 19.68%)。结果提示: 与新鲜香肠的菌群组成相比较, 腐败香肠的菌群结构发生了显著的变化; 腐败香肠中的优势腐败菌是 *Weissella viridescens*, 该种微生物在香肠储藏过程中大量增殖, 主导了产品的腐败; 在生产过程中需消除 *Weissella viridescens*, 以延长产品货架期, 提高产品品质。

关键词: 熏煮香肠; 菌群结构; 优势腐败菌; 高通量测序

文章编号: 1673-9078(2019)02-40-46

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2019.2.006

Studies on the Microbial Profiles and Dominant Spoilage Bacteria in Sausage during Different Storage Periods

TENG An-guo, ZHANG Qin, JIANG Yi, LI Bing-xin

(College of Food Engineering and Biotechnology Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China)

Abstract: In this study, the smoked sausage in a natural casing was investigated through extracting DNA from fresh sausage and spoiled sausage for comparison on the microbial profiles by high-throughput sequencing technology and determination of dominant spoilage bacteria. Results showed that the abundance and uniformity of spoilage sausage were lower than those of fresh sausage. At the genus level, the bacteria with the highest abundance was *Staphylococcus* (90.64%) in fresh sausage, whilst *Weissella* (65.93%) and *Staphylococcus* (33.79%) in spoiled sausage had the highest and second highest abundance, respectively. At the species level, *Staphylococcus equorum* and *Staphylococcus vitulinus* had the highest abundance in fresh sausage (25.59% and 18.01%, respectively), whilst *Weissella viridescens* (46.04%) and *Weissella cibaria* (19.68%) were the most abundant in spoiled sausage. These results indicated that the microbial profile of spoilage sausage differed significantly from that of fresh sausage, and the dominant spoilage bacteria in spoiled sausage was *Weissella viridescens* (which could proliferate greatly during sausage storage thus would dominate the spoiled products). Accordingly, *Weissella viridescens* should be eliminated during the production process to prolong the product shelf life and improve product quality.

Key words: smoked and cooked sausage; structure of microbiota; dominant spoilage bacteria; high-throughput sequencing

熏煮香肠是一类以畜禽肉为原料, 经绞碎、腌制、斩拌、充填、蒸煮、冷却等工艺制作的香肠类熟肉制品, 其在加工过程中采用较低的温度 (65~85 °C), 在

收稿日期: 2018-10-17

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31501442); 天津科技大学大学生实验室创新基金项目 (1714A308; 1814A203)

作者简介: 滕安国(1982-), 男, 实验师, 硕士, 研究方向: 肉品加工与质量控制

通讯作者: 张芹(1981-), 女, 助理研究员, 硕士, 研究方向: 食品微生物

低温冷链下运输和销售。低温生产保留了肉制品的营养与风味, 技术安全高、市场广阔, 但因蒸煮温度较低、水分含量和 pH 相对较高, 且以天然肠衣灌肠的熏煮香肠, 天然肠衣具有营养性, 导致此类肉制品极易腐败变质, 即使在 4~8 °C 的低温条件下储藏, 3~5 d 即发生腐败变质, 造成了该类产品货架期短, 是制约其发展的瓶颈问题。

在导致肉制品腐败的因素中, 微生物引起的腐败最为严重和普遍, 微生物污染会导致肉的成分和感官

性状发生变化, 如色泽由鲜红、暗红变成暗褐甚至墨绿、表面发黏、甚至长霉, 产生白色、灰色的斑点等。香肠是优良的“天然培养基”, 富含各种营养基质, 为许多微生物的生长提供了营养物质, 造成了微生物的大量繁殖, 逐渐引起腐败。因而研究其致病微生物, 是解决香肠腐败问题的首要关键。致病微生物分析方法包括传统的微生物培养法、PCR-DGGE 法(荧光定量聚合酶链式反应与变性梯度凝胶电泳法)等^[1]。但因传统分析方法无法充分模拟微生物生长条件, 导致部分微生物无法被培养, 进而无法准确的分析微生物组成情况。

近几年, 随分子生物学技术的发展, 高通量测序技术作为一种无需进行微生物分离培养的检测技术, 不仅能检出无法培养的微生物, 而且能确定微生物的相对丰度, 因而该技术已广泛应用于肠道微生物分析、环境微生物分析等多个方面^[2,3]。为更好的研究香肠新鲜状态与腐败状态的菌群变化情况, 本研究采用高通量测序技术研究新鲜香肠与腐败香肠的菌群结构, 确定腐败香肠中的优势腐败菌及变化规律, 为在熏煮香肠产品的生产、储运过程中有效的控制此类微生物, 延长产品货架期、保障其安全品质提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料和仪器

熏煮香肠: 购于超市, 由天然肠衣灌肠。

PCR 仪: Bio-rad T100 梯度 PCR 仪。

1.2 方法

1.2.1 香肠基因组 DNA 提取与 PCR 扩增

剪取新鲜香肠表面的肠衣, 每组取 3 个重复, 以 N 表示。将香肠放于 4 °C 条件下储藏, 至表面出现黏液和斑点, 剪取表面的天然肠衣, 以 S 表示。采用 CTAB 法抽提样品基因组 DNA, 完成基因组 DNA 抽提后, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 完整性。取适量样品于离心管中, 使用无菌水稀释样品至 1 ng/μL。

采用引物 515F-806R 扩增细菌 16SrRNA 的 V4 区。PCR 反应的酶和缓冲液采用 New England Biolabs 公司的 Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer。反应程序: 98 °C 预变性 1 min; 30 个循环包括 98 °C, 10 s; 50 °C, 30 s; 72 °C, 30 s。每个样品的 PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。PCR 产物采用 Illumina 公司 TruSeq DNA PCR-Free Library Preparation Kit 文库试剂盒进行文库构建, 构建好的文

库经检测合格后, 采用 Hiseq 高通量测序平台进行高通量测序。

1.2.2 生物信息学分析

有效序列的提取: 将 Hiseq 测序得到的原始数据 Raw Data 根据 overlap 关系进行拼接, 将成对的 reads 拼接成一条序列, 同时对 reads 质量和 merge 的效果进行质量质控和过滤, 去除序列末端的后引物和接头序列、多碱基 N、polyA/T 尾巴及低质量碱基, 得到有效数据 Clean Data。

基因序列的生物信息学分析: (1)操作单元 (operational taxonomic units, OTU) 聚类和物种分类分析: 提取非重复序列, 与数据库中的 16S 核糖体序列进行比对, 相似性在 97% 以上的序列归并, 生成分类操作单元 OTU; (2)菌群分类学分析: 将 OTU 中全部序列与 Silva 数据库进行比对, 找出其最相近且可信度达 80% 以上的种属信息。并将每一个 OTU 中的所有序列进行类比, 找出同一 OTU 中的不同序列的最近祖先的种属信息。根据 Silva 库中的参考序列对 OTU 进行种属鉴定; 根据分类学分析比对结果, 在各个分类水平上对样品中群落结构进行菌群种类和丰度分析。

2 结果与讨论

2.1 新鲜香肠和腐败香肠微生物组成 Rank

abundance 曲线比较

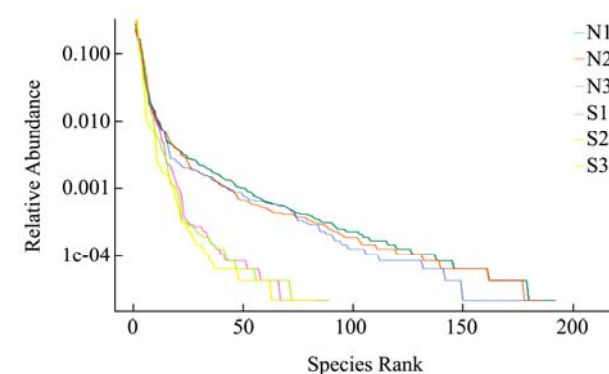


图 1 新鲜香肠及腐败香肠微生物 Rank abundance 曲线

Fig.1 Rank abundance curve of fresh sausage and spoilage sausage

Rank abundance 的 X 轴可以反映物种的丰度, 由图 1 可见, 新鲜香肠微生物 Rank abundance 曲线在横轴上范围较大, 因而其物种丰度较高, 而腐败香肠微生物的 Rank abundance 曲线在横轴上范围较小, 说明其物种丰度比新鲜香肠小; 而物种分布均匀度来看, 新鲜香肠组曲线下下降平缓, 表明其分布较均匀, 而腐

败香肠微生物分布均匀度较新鲜香肠有所降低。此结果表面，新鲜香肠储藏至腐败香肠的过程中，微生物的多样性降低，种类减少。

2.2 新鲜香肠微生物组成分类树比较

由图2和表1可见，正常香肠的微生物在科的分类水平上，主要检测到7个科的微生物，其中丰度最高的是Staphylococcaceae（葡萄球菌科82.53%，90.64%）、Unidentified Flavobacteriales（未确定的黄杆菌科4.758%，5.23%）、Leuconostocaceae（明串珠菌科1.554%，1.71%），其余微生物总和占该分类水平的3%以下。

在属的分类水平上，丰度最高的是*Staphylococcus*（葡萄球菌属），占细菌分类的90.64%，其次为*Chryseobacterium*（金黄杆菌属3.471%，3.81%）、

Bergeyella（伯杰菌属1.288%，1.41%）、*Weissella*（魏斯氏菌属1.109%，1.22%）；*Staphylococcus*常存在于发酵肉制品中，是传统肉制品中重要的微生物之一，可降解蛋白质、脂肪以促进风味物质的形成，消除过氧化氢，稳定产品色泽^[4-7]。*Chryseobacterium*分类学上归属于黄杆菌科，1994年由Vandamme等人分离鉴定^[8]。截止2017年，已从土壤、牛奶、水、绿茶等物质中分离鉴定出至少97个种（97 species），其主要为革兰氏阴性需氧菌^[9-11]。*Bergeyella*是一类不发酵糖的革兰氏阴性杆菌，于1994年由Vandamme等人发现^[8]，目前仅有2个种被鉴定出来^[12]，本研究中该属微生物在种水平上未分类到，说明该种微生物还未知。*Weissella*属于乳酸菌的明串珠菌科，目前已被分离鉴定的有19个种，其生存环境广泛，在植物、肉制品等均可分离得到，能参与食品的腐败变质。

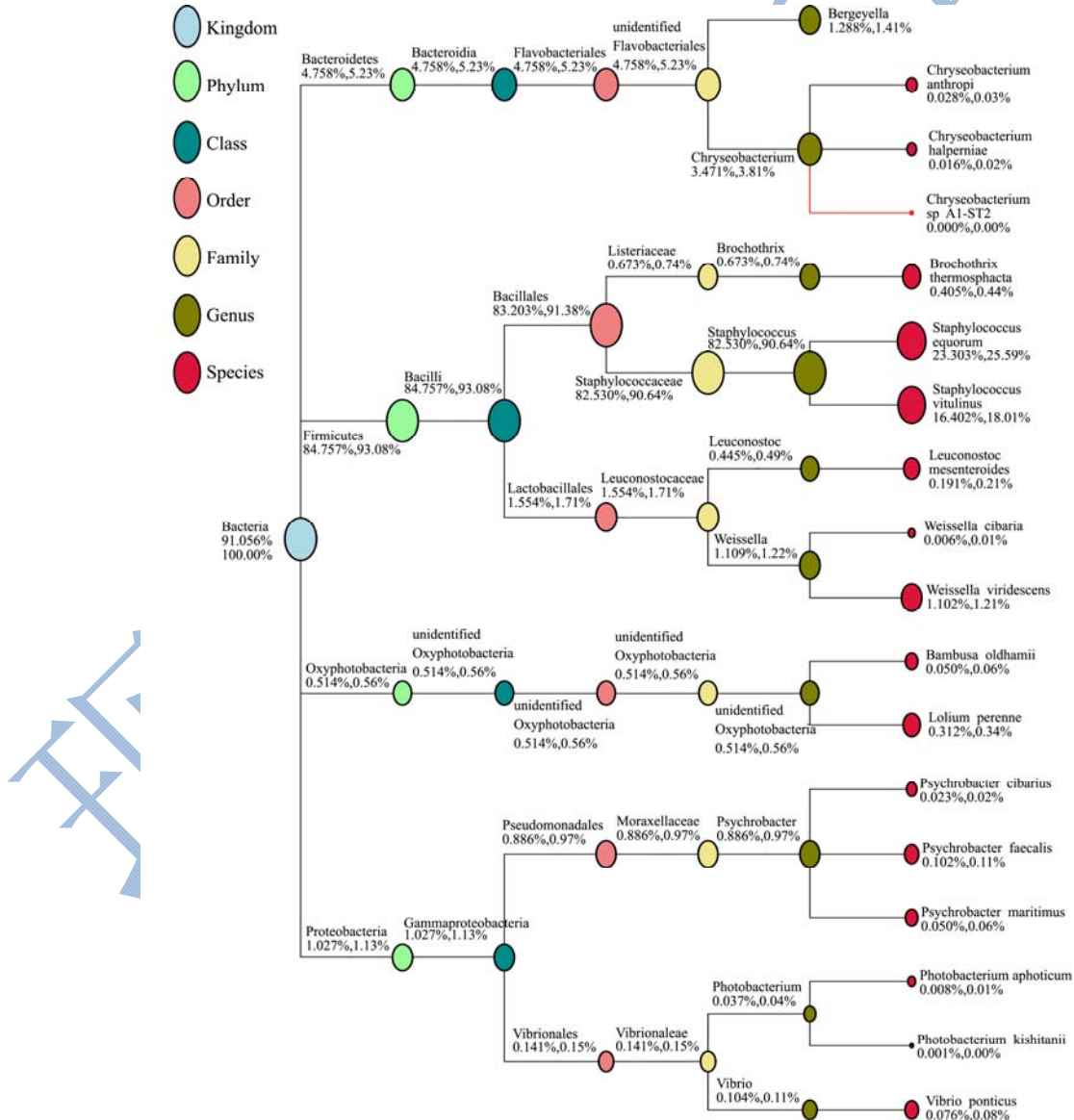


图2 新鲜组香肠特定微生物物种分类树

Fig.2 Taxonomic tree of special group in fresh sausage

表1 新鲜香肠科、属、种分类水平上微生物相对丰度

Table 1 Relative abundance of bacteria in fresh sausage at the levels of families, genus and species

科 相对丰度/%	属 相对丰度/%	种 相对丰度/%
Unidentified Flavobacteriales 未确定的黄杆菌科4.758%, 5.23%	<i>Bergeyella</i> 伯杰菌属 1.288%, 1.41%	
	<i>Chryseobacterium</i> 金黄杆菌属3.471%, 3.81%	<i>Chryseobacterium anthropi</i> 0.028%, 0.03% <i>Chryseobacterium halperniae</i> 0.016%, 0.02%
Listeriaceae 李斯特氏菌科0.673%, 0.74%	<i>Brochothrix</i> 环丝菌属 0.673%, 0.74%	<i>Brochothrix thermosphacta</i> 热杀环丝菌 0.405%, 0.44%
Staphylococcaceae 葡萄球菌科82.53%, 90.64%	<i>Staphylococcus</i> 葡萄球菌属 82.53%, 90.64%	<i>Staphylococcus equorum</i> 马胃葡萄球菌 23.303%, 25.59%
		<i>Staphylococcus vitulinus</i> 小牛葡萄球菌 16.402%, 18.01%
Leuconostocaceae 明串珠菌科1.554%, 1.71%	<i>Leuconostoc</i> 明串珠菌属 0.445%, 0.49%	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> 肠膜明串珠菌 0.191%, 0.21%
	<i>Weissella</i> 魏斯氏菌属 1.109%, 1.22%	<i>Weissella cibaria</i> 食窦魏斯氏菌 0.006%, 0.01% <i>Weissella viridescens</i> 绿色魏斯氏菌 1.102%, 1.21%
Unidentified Oxyphotobacteria 未确定的产氧光细菌科0.514%, 0.56%	Unidentified-Oxyphotobacteria 未确定的产氧光细菌0.514%, 0.56%	<i>Bambusa oldhamii</i> 0.05%, 0.06%
		<i>Lolium perenne</i> 多年生黑麦草 0.312%, 0.34%
Moraxellaceae 莫拉氏菌科0.886%, 0.97%	<i>Psychrobacter</i> 嗜冷杆菌属0.886%, 0.97%	<i>Psychrobacter cibarius</i> 养料嗜冷杆菌 0.02%
		<i>Psychrobacter faecalis</i> 粪嗜冷杆菌 0.11% <i>Psychrobacter maritimus</i> 近海生嗜冷杆菌 0.06%
Vibrionaceae 弧菌科0.141%, 0.15%	<i>Photobacterium</i> 发光杆菌属 0.037%, 0.04%	<i>Photobacterium aphoticum</i> 0.008%, 0.01%
	<i>Vibrio</i> 弧菌属 0.104%, 0.11%	<i>Vibrio ponticus</i> 0.076%, 0.08%

在种的分类水平上, *Staphylococcus equorum* (马胃葡萄球菌 23.303%, 25.59%) 和 *Staphylococcus vitulinus* (小牛葡萄球菌 16.402%, 18.01%) 丰度最高, 其次是 *Weissella viridescens* (绿色魏斯氏菌 1.102%, 1.21%)。 *S. equorum* 常在发酵香肠及其生产装置中被检测到, Corbière M B 等人在自然发酵的法国香肠中检测到 *S. equorum* 占 *staphylococcal* 的 49%^[10], Rantsiou K 等人在新鲜香肠中检测到 *S. equorum* 占 23.5%, 是发酵香肠中的优势菌群^[13-15], 本实验通过高通量测序的方法检测到该种菌占 25.59%, 在所有种中含量最高, 与以上报道一致。 *Staphylococcus vitulinus* 是革兰氏阴性不发酵糖的微生物, 常在牛肉、鸡肉、羊肉等肉类食品中存在, 我国于 2016 年将其列入可用于食品的菌种名单。本研究中, *Staphylococcus equorum* 和 *Staphylococcus vitulinus* 构成了正常香肠的优势菌群, 其作为香肠生产过程的发酵剂, 用以提高发酵食品的稳定性、缩短生产周期和丰富产品风味。另外, 新鲜香肠中也检测到了 *Weissella viridescens*, 该种微生物能参与到肉制品的腐败中, 可能是肉制品产生黏液或者

发绿的原因。

2.3 腐败香肠微生物组成分类树比较

由图3和表2可见, 腐败香肠中微生物多样性较新鲜香肠有较大程度降低。在科的分类水平上, 主要检测到 3 个科的微生物, 其中丰度最高的是 Leuconostocaceae (明串珠菌科 65.705%, 66.17%), 其次是 Staphylococcaceae (葡萄球菌科 33.548%, 33.79%), Unidentified Oxyphotobacteria 微量。与新鲜香肠的菌群组成相比较, Leuconostocaceae 丰度有较大程度提高, 而 Staphylococcaceae 降低明显。

在属的分类水平上, 丰度最高的是 *Weissella* (魏斯氏菌属 65.463%, 65.93%), 其次是 *Staphylococcus* (葡萄球菌属 33.548%, 33.79%), 另有少量的 *Leuconostoc* (明串珠菌属 0.242%, 0.24%)。与新鲜香肠的菌群组成相比较, 腐败香肠的菌群结构发生了显著的变化, 说明 *Weissella* 在储藏期间大量增殖, 成为优势菌群, 而新鲜香肠的优势菌群 *Staphylococcus* 占比有较大降低。 *Leuconostoc* 常存在于香肠的天然肠衣

中，本研究中，其在两种香肠中丰度变化不大。

在种的分类水平上，腐败香肠中丰度最高的是 *Weissella viridescens*（绿色魏斯氏菌 45.72%，46.04%），其次是 *Weissella cibaria*（食窦魏斯氏菌 19.541%，19.68%），而新鲜香肠中丰度最高的 *Staphylococcus equorum* 在腐败香肠中仅为 9.64%。本研究表明，腐败香肠中的优势腐败菌是 *Weissella viridescens*，虽然该种微生物在新鲜香肠中仅占 1.21%，但其在香肠储藏过程中大量增殖，主导了样品的腐败。本研究结果与束玮炜等人的报道相一致，束玮炜等人将烟熏火腿通过超高压处理，发现大部分微生物种群失活或死亡，仅有少量耐压微生物种群存活（*Weissella viridescens* 和 *Leuconostoc*

mesenteroides），最终主导了烟熏火腿的腐败^[16]。*Weissella viridescens* 能够发酵葡萄糖、果糖等产生乳酸、乙醇、乙酸等，导致香肠产生刺鼻的醋腥味，该微生物还会分泌黏性的胞外多糖至环境中，导致肉表面发黏。研究表明，*Weissella viridescens* 具有耐高温、高压、高盐的特点^[16-18]，这使得其能够耐受住生产过程中的熏煮、杀菌等工艺，并在最终的香肠产品中存活下来，继而主导了香肠的腐败。*Weissella cibaria* 常存在于含盐的发酵食品中，如泡菜、酱油中，泡菜中分离得到的 *Weissella cibaria* 经研究表明具有抗氧化特性，并能够降低胆固醇^[19]。在本研究中，从腐败香肠中检测到 *Weissella cibaria*，其是否参与到香肠的腐败及其作用机制有待进一步研究。

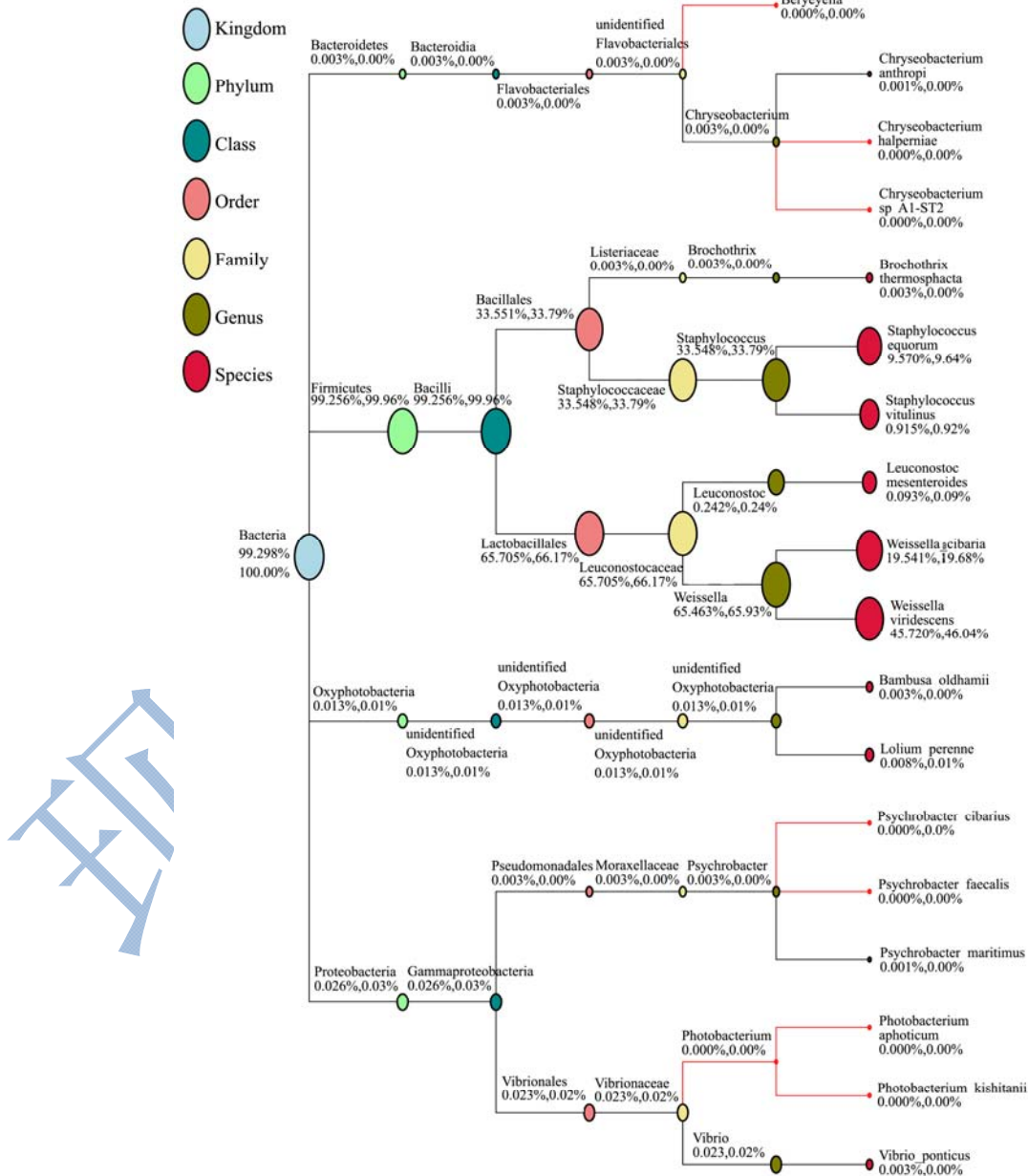


图 3 腐败组香肠特定微生物物种分类树

Fig.3 Taxonomic tree of special group in spoilage sausage

表2 腐败香肠科、属、种分类水平上微生物及相对丰度

Table 2 Relative abundance of bacteria in spoilage sausage at the levels of families, genus and species

科 相对丰度/%	属 相对丰度/%	种 相对丰度/%
Staphylococcaceae 葡萄球菌科33.548%, 33.79%	<i>Staphylococcus</i> 葡萄球菌属 33.548%, 33.79%	<i>Staphylococcus equorum</i> 马胃葡萄球菌9.57%, 9.64%
		<i>Staphylococcus vitulinus</i> 小牛葡萄球菌 0.915%, 0.92%
Leuconostocaceae 明串珠菌科65.705%, 66.17%	<i>Leuconostoc</i> 明串珠菌属0.242%, 0.24%	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> 肠膜明串珠菌0.093%, 0.09%
		<i>Weissella cibaria</i> 食突魏斯氏菌19.541%, 19.68%
		<i>Weissella viridescens</i> 绿色魏斯氏菌 45.72%, 46.04%
Unidentified Oxyphotobacteria 未定的产氧光细菌科0.013%, 0.01%	<i>Unidentified Oxyphotobacteria</i> 未定的产氧光细菌属0.013%, 0.01%	<i>Lolium perenne</i> 多年生黑麦草0.008%, 0.01%

3 结论

3.1 本研究采用高通量测序技术对新鲜香肠和腐败香肠的菌群结构进行比较研究,发现腐败香肠的菌群结构较新鲜香肠发生了显著的变化,菌群丰度和均匀度较新鲜香肠降低;腐败香肠中的优势腐败菌是 *Weissella viridescens* (绿色魏斯氏菌),该种微生物在新鲜香肠中含量较低,但在储藏过程中大量增殖,主导了产品的腐败。

3.2 在香肠的储藏过程中, *Weissella viridescens* 与其它微生物之间存在怎样的竞争抑制作用、该微生物具有怎样的生理特性,都需进一步的研究。*Weissella viridescens* 耐高温、高压、高盐,在生产过程中还需根据该菌的生理特性,采取有效措施降低其初始含量,才能更好的延长产品货架期,提高产品品质。

参考文献

- [1] 翁丽华,江芸,徐幸莲,等.PCR-DGGE研究热鲜肉贮藏过程中的菌相变化[J].食品科学,2012,33(23):199-203
WENG Li-hua, JIANG Yun, XU Xing-lian, et al. Changes in microflora of hot-boned pork during storage as analyzed by PCR-DGGE [J]. Food Science, 2012, 33(23): 199-203
- [2] 张芹,周中凯,任晓冲,等.高通量测序技术研究糖尿病大鼠与正常大鼠粪便菌群的结构差异[J].中国食品学报,2017, 17(6):232-239
ZHANG Qin, ZHOU Zhong-kai, REN Xiao-chong, et al. Comparison of faecal microbiota in rats with Type 2 diabetes and non-diabetic rats using Miseq high-throughput sequencing [J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2017, 17(6): 232-239
- [3] Staley C, Unno T, Gould T J, et al. Application of illumina next-generation sequencing to characterize the bacterial community of the upper Mississippi river [J]. Journal of Applied Microbiology, 2013, 115(5): 1147-1158
- [4] Casaburi A, Villani F, Toldrá F, et al. Protease and esterase activity of staphylococci [J]. International Journal of Food Microbiology, 2006, 112: 223-229
- [5] Talon R, Leroy S. Latest developments in meat bacterial starters-chapter 16: Advanced Technologies for Meat Processing [M]. CRC Press, Taylor and Francis group, New York, 2006, 401-418
- [6] Lebert I, Leroy S, Talon R. Microorganisms in traditional fermented meats-chapter 11: Handbook of Fermented Meat and Poultry [M]. Blackwell Publishing, Iowa, 2007, 113-124
- [7] Martin A, Cordoba J J, Aranda E, et al. Contribution of a selected fungal population to the volatile compounds on dry-cured ham [J]. International Journal of Food Microbiology, 2006, 110: 8-18
- [8] Vandamme P, Bernardet J F, Segers P, et al. Notes new perspectives in the classification of the *Flavobacteria*: Description of *Chryseobacterium* gen. nov., *Bergeyella* gen. nov., and *Empedobacter* nom. Rev [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 1994, 44: 827-831
- [9] Kämpfer P, Busse H J, McInroy J A, et al. *Chryseobacterium sediminis* sp. nov., isolated from a river sediment [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015, 65: 4019-4024
- [10] Kim T, Kim M, Kang O, et al. *Chryseobacterium frigidum* sp. nov., isolated from high-Arctic tundra soil, and emended

- descriptions of *Chryseobacterium bernardetii* and *Chryseobacterium taklimakanense* [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2016, 66: 609-615
- [11] Hantsis-Zacharov E, Senderovich Y, Halpern M. *Chryseobacterium Bovis* sp. nov., isolated from raw cow's milk [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2008, 58: 1024-1028
- [12] Kyung M S, Kyungin H, Jin-Yang B, et al. A new causative bacteria of infective endocarditis, *Bergeyella cardium* sp. nov [J]. Diagnostic Microbiology and Infectious Disease, 2015, 81: 213-216
- [13] Corbière M B, Leroy S, Talon R. Staphylococcal community of a small unit manufacturing traditional dry fermented sausages [J]. International Journal of Food Microbiology, 2006, 108: 210-217
- [14] Rantsiou K, Iacumin L, Cantoni C, et al. Ecology and characterization by molecular methods of *Staphylococcus* species isolated from fresh sausages [J]. International Journal of Food Microbiology, 2005, 97: 277-284
- [15] Sabine L, Isabelle L, Jean-Paul C, et al. Genetic diversity and biofilm formation of *Staphylococcus equorum* isolated from naturally fermented sausages and their manufacturing environment [J]. International Journal of Food Microbiology, 2009, 134: 46-51
- [16] 束玮炜,韩衍青,徐幸莲,等.超高压处理抑制低温烟熏火腿中的优势腐败菌[J].食品与生物技术学报,2011,30(6):1673-1689
- SHU Wei-wei, HAN Yan-qing, XU Xing-lian, et al. Inactivation of the predominant spoilage bacteria in sliced cooked ham by high pressure [J]. Journal of Food Science and Biotechnology, 2011, 30(6): 1673-1689
- [17] Comi G, Iacumin L. Identification and process origin of bacteria responsible for cavities and volatile off flavour compounds in artisan cooked ham [J]. International Journal of Food Science and Technology, 2012, 47: 114-121
- [18] Peirson M D, Guan T Y, Holley R A. Thermal resistances and lactate and diacetate sensitivities of bacteria causing bologna discoloration [J]. International Journal of Food Microbiology, 2003, 86: 223-230
- [19] Jang M H, Park E H, Yu J G, et al. Isolation of highly efficient beta-glucosidase producing lactic acid bacteria from Korea fermented vegetable Kimchi [J]. Journal of Biotechnology, 2010, 150: 368-369