

不同加工环境自然发酵羊肉香肠细菌多样性与挥发性风味物质关联分析

牛茵¹, 尹礼国², 杨梓垚¹, 王洁¹, 刀筱芳¹, 林亚秋¹, 陈娟^{1*}

(1. 西南民族大学食品科学与技术学院, 四川成都 610041) (2. 宜宾学院农林与食品工程学部, 四川宜宾 644001)

摘要: 为了探究不同加工环境下羊肉香肠理化性质和风味品质的差异, 该研究运用高通量测序技术和代谢组学技术对四川省成都市、乐山市和安徽省安庆市手工制作自然发酵羊肉香肠的常规理化特性、细菌多样性和挥发性风味物质对比分析。结果表明, 安庆样品中微生物的丰富度水平和物种多样性水平最高; 三个加工环境样品中葡萄球菌属、环丝菌属、*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属、拟杆菌属、*Odoribacter* 属、乳酸杆菌属等相对丰度较高; 成都样品的差异物种为葡萄球菌属, 乐山样品的差异物种为环丝菌属, 安庆样品的差异物种为 *Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属与一个无法鉴定的菌属。成都和乐山样品的挥发性风味物质组成相似, 以醛类物质为主, 安庆样品则存在一定差异, 以酯类物质为主。羊肉发酵香肠中优势菌群与关键挥发性风味物质存在显著的正相关性, 表明优势微生物种类决定了关键挥发性风味物质种类。研究结果为阐明不同加工环境下羊肉香肠的细菌菌群结构及挥发性风味特征提供数据支持, 为从加工环境角度揭示传统发酵香肠优势菌群对关键挥发性风味的影响提供了科学依据。

关键词: 自然发酵羊肉香肠; 加工环境; 细菌多样性; 挥发性风味物质; 关联分析

文章编号: 1673-9078(2023)01-270-280

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2023.1.0257

Correlation Analysis of Bacterial Communities and Volatile Flavor Compounds of Naturally Fermented Mutton Sausages from Different Processing Environments

NIU Yin¹, YIN Ligu², YANG Ziyao¹, WANG Jie¹, DAO Xiaofang¹, LIN Yaqiu¹, CHEN Juan^{1*}

(1.College of Food Sciences and Technology, Southwest Minzu University, Chengdu 610041, China)

(2.Agricultural and Environmental Engineering, Yibin University, Yibin 644001, China)

Abstract: To investigate the differences in the physical and chemical properties and flavor quality of mutton sausages under different processing environments, the conventional physical and chemical characteristics, bacterial diversity, and volatile flavor substances of naturally fermented mutton sausages hand-made in Chengdu and Leshan in Sichuan Province and Anqing in Anhui province were compared and analyzed using high-throughput sequencing and metabolomics techniques. The results revealed that the richness and species diversity levels of microorganisms were highest in Anqing samples; the relative abundances of *Staphylococcus* spp., *Cyclospora* spp., *Lachnospiraceae* NK4A136 group spp., *Bacteroides* spp., *Odoribacter* spp., and *Lactobacillus* spp. were high in the three processing environment samples. The differential species detected in the Chengdu samples and Leshan samples were *Staphylococcus* spp. *Cyclospora* spp., respectively, and the differential species in Anqing samples were *Lachnospiraceae* NK4A136 group spp., along with an unidentifiable genus. The volatile flavor composition of Chengdu and Leshan samples was similar and mainly conferred by aldehydes, whereas the flavor of Anqing samples was mainly conferred by

引文格式:

牛茵,尹礼国,杨梓垚,等.不同加工环境自然发酵羊肉香肠细菌多样性与挥发性风味物质关联分析[J].现代食品科技,2023,39(1):270-280

NIU Yin, YIN Ligu, YANG Ziyao, et al. Correlation analysis of bacterial communities and volatile flavor compounds of naturally fermented mutton sausages from different processing environments [J]. Modern Food Science and Technology, 2023, 39(1): 270-280

收稿日期: 2022-03-09

基金项目: 国家自然科学基金项目(32072723); 固态发酵资源利用四川省重点实验室开放基金项目(2021GTJC06); 西南民族大学研究生创新项目(CX2021SZ74)

作者简介: 牛茵(1998-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 畜产品加工与安全, E-mail: 912949380@QQ.com

通讯作者: 陈娟(1980-), 女, 博士, 副研究员, 研究方向: 食品微生物与食品安全。E-mail: chenjl221@126.com

esters. A significant positive correlation was detected between the dominant flora and key volatile flavor substances in mutton fermented sausages, indicating that the dominant microbial species determined the key volatile flavor substances present. The bacterial flora structure and volatile flavor characteristics of mutton sausages vary under different processing environments. The results of this study provide a basis for determining the effect of dominant flora in traditional fermented sausages on key volatile flavors from the processing environment.

Key words: naturally fermented mutton sausage, processing environment; bacterial community; volatile flavor compound; correlation analysis

发酵香肠是指将一定比例的瘦肉搅碎后与丁状脂肪按一定比例与辅料混合均匀后灌入肠衣,再在自然或微生物作用下发酵形成的具有特殊风味、色泽和质地且货架期较长的一类传统发酵肉制品^[1]。风味是影响香肠品质的重要指标之一。发酵香肠最终的风味由发酵过程中的化学反应与微生物代谢反应共同决定^[2,3],其中微生物代谢反应对发酵香肠的特征风味形成起决定作用。自然发酵香肠中内在微生物的多样性由原材料、加工环境和加工设备等方面共同决定。

对于不同加工环境下的香肠,挥发性风味物质和微生物群落结构的关联研究相对较少。Hu等^[4]对东北5个不同区域的干发酵香肠进行分析,发现乳杆菌、明串珠菌、乳球菌等为优势菌属,且与挥发性物质中的羧酸、醇类的形成呈现正相关性。Yu等^[5]对湘西4个地区香肠的挥发性风味物质与微生物菌群进行分析,结果表明 *Solanum-torvum*, *Pseudomonas* 属对湘西香肠挥发性风味物质的形成起着积极作用。由此可见,发酵香肠的特征风味与微生物群落组成具有重要关联。

我国是羊肉生产消费大国,自20世纪90年代以来我国羊肉产量已跃居世界第一^[6]。随着羊肉产量的不断提升,羊肉的加工也脱离传统家庭烹饪方式,转向腌制、卤制、熏烤、干制、油炸以及香肠等深加工制品。目前关于羊肉香肠的研究主要是不同发酵剂与加工工艺对羊肉发酵香肠挥发性风味物质及其理化的影响。胡冠华等^[7]对不同成熟时间下的羊肉香肠进行研究,发现成熟3~4 d的羊肉香肠感官品质最佳。王德宝等^[8]向燕麦羊肉香肠中接种清酒乳杆菌与木糖葡萄球菌复合发酵剂,研究发现加工过程中挥发性风味物质的相对含量呈现先上升后下降的趋势,且醛类物质是主要的风味物质。对于羊肉发酵香肠挥发性风味物质的研究相对较多,然而,关于羊肉发酵香肠中微生物多样性与挥发性风味物质的关联分析较少。

我国四川与安徽地区是传统发酵肉制品的主要生产地与消费地。四川地区和安徽地区拥有生产加工发酵肉制品的悠久历史和独特环境条件。本研究采用高通量测序技术和代谢组学技术对四川(成都、乐山)和安徽(安庆)不同加工环境下自然发酵羊肉香肠的常规理化特性、细菌多样性和挥发性风味物质等进行

分析,进一步对优势菌群与关键挥发性风味物质进行关联分析,为阐明不同加工环境下羊肉香肠细菌菌群对风味的影响提供科学依据,为筛选高产优良风味的菌株和提升发酵羊肉香肠的品质提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

羊肉和肠衣:分别购买于不同加工环境当地市场,加工环境1为四川省成都市、加工环境2为四川省乐山市、加工环境3为安徽省安庆市。

试剂和培养基:亚硝酸钠、硝酸钠、抗坏血酸、葡萄糖、蔗糖、氯化钠,成都科隆化学品有限公司;环己酮,成都化夏化学试剂有限公司;C7-C40正构烷烃标准品,上海安谱实验科技股份有限公司;甘露醇氯化钠琼脂培养基(Mannitol Salt Agar, MSA)、MRS琼脂(MRS Agar, MRSA)、胰蛋白胍大豆肉汤(Tryptic Soy Broth, TSB)、平板计数琼脂培养基(Plate Count Agar, PCA),青岛海博生物有限公司。

1.2 仪器与设备

pH-starMATTHAUS; HR83水分含量测定仪METTLER-TOLEDO; XHF-D高速分散器,宁波新芝生物有限公司; Trace DSQ型气相色谱-质谱(Gas Chromatography Mass Spectrometry, GC-MS)联用仪(配置Triplus自动进样器),美国Thermo公司; UV1810S紫外分光光度计,上海佑科仪器有限公司; CR-400色差仪, CHROMA METER。

1.3 实验方法

1.3.1 发酵羊肉香肠的制备与取样

参照胡冠华的方法^[7],家庭手工制作羊肉香肠:取于当地市场购买的肥瘦比例4:1的羊肉1000 g搅成肉馅,加入食盐2.5% (m/m),蔗糖和葡萄糖各0.5% (m/m),硝酸钠和亚硝酸钠各70 mg,抗坏血酸500 mg,充分搅拌后在0~4℃条件下腌制24 h。将腌制好的肉馅灌入清洗好的肠衣中,晾晒于室外,自然发酵26 d。样品制作时间为2021年2月~3月,期间

成都市的温度为 10~26 °C, 平均相对湿度为 69%; 乐山市的温度为 12~23 °C, 平均相对湿度为 70%; 安庆市的温度为 7~27 °C, 平均相对湿度为 74%。样品中所有微生物均来源于加工环境与原材料自带原始菌群。

不同加工环境的羊肉发酵香肠分两批次制作, 每批次取 3 份样品, 每个加工环境为 6 份样品。依据样品的加工地点, 分别编号为 Group_S1 (成都)、Group_S2 (乐山)、Group_S3 (安庆)。对每个加工环境的 6 份样品进行常规特性和细菌多样性测定, 其中 4 份样品进行代谢组学分析。

1.3.2 常规特性测定

1.3.2.1 微生物指标测定

菌落总数的测定方法参照《GB 4789.2-2016 食品安全国家标准 食品微生物学检验 菌落总数测定》^[9]; 乳酸菌数的测定参照《GB 4789.35-2016 食品安全国家标准 食品微生物学检验 乳酸菌检验》^[10]; 葡萄球菌数量的测定方法为, 将样品梯度稀释后涂布于 MSA 培养基, 于 37 °C 下培养 48 h 后进行计数得到葡萄球菌数量。

1.3.2.2 pH 值测定

使用手持式 pH 计 pH-star 对样品的 pH 值进行测定。

1.3.2.3 水分含量测定

使用 HR83 水分含量测定仪进行水分含量测定, 将样品剪碎后取 1 g 放置于测定盘中, 测定不同样品的水分含量。

1.3.2.4 亚硝酸盐含量与 TBARS 值的测定

亚硝酸盐含量与 TBARS 值的测定分别参照《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》^[11]、《GB 5009.181-2016 食品安全国家标准 食品中丙二醛的测定》^[12]。

1.3.2.5 色度值的测定

将样品去皮剪碎后, 平铺于平板中, 按压成厚度约为 1 cm 的薄片, 选取 6 个不同的部位使用色差仪 CHROMA METER CR-400 进行测定。 L^* 表示样品的亮度, a^* 表示样品的红绿度, b^* 表示样品的黄蓝度。

1.3.3 顶空固相微萃取-气相色谱质谱联用技术 (HS-SPME/GC-MS) 测定挥发性风味物质

1.3.3.1 HS-SPME/GC-MS 测定条件

HS-SPME 条件: 称取 5 g 样品, 装入 20 mL 顶空瓶中, 加入 10 μ L 内标物环己酮 (0.475 μ g/ μ L 丙酮) 后密封。于 80 °C 恒温平衡 10 min 后, 用 50/30 μ m DVB/CAR/PEMS (美国 Supelco 公司) 萃取头萃取 30 min (80 °C), 然后将萃取头在进样口解析 (230 °C, 2 min)。

GC 条件: 使用 TG-WAXMSB 色谱柱 (30 m \times 0.25 mm, 0.25 μ m), 进样口温度 230 °C, 不分流模式,

初始柱温 40 °C, 维持时间 3 min, 再以 5 °C/min 升温速率升温至 210 °C, 维持 5 min, 载气为氦气 (纯度 >99.999%), 流速 1.0 mL/min。

MS 条件: 接口温度 210 °C, 传输线温度 230 °C, 电压 1.2 kV, 全扫描模式, 质量扫描范围 40~500 m/z , 扫描时间 2 s, EI 离子源, 离子源温度 250 °C, 电子能量 70 eV。

1.3.3.2 挥发性风味物质定性定量分析

定性: 结果经计算机自动检索 (NIST 14) 进行定性分析, 同时由 Xcalibur 软件系统完成手动对照检索, 要求正反向匹配因子均大于 800, 可能性大于 80%; 通过 C7-C40 的正构烷烃标准物, 按照以下公式计算测定物质的保留指数 (Retention Index, RI)^[13]。并与数据库 (<http://www.flavornet.org/flavornet.html>) 中查询到的保留指数进行比较。

$$RI = \frac{T_x - T_n}{T_{n+1} - T_n} \times 100 + n \times 100 \quad (1)$$

式中:

RI——样品的保留指数;

T_x 、 T_n 、 T_{n+1} ——样品、正构烷烃 C_n 、正构烷烃 C_{n+1} 的保留时间, min。

定量: 利用峰面积归一法计算各挥发性物质的相对百分含量。

1.3.4 关键挥发性风味物质评定

参考刘登勇等^[14]的方法, 利用 ROAV 法确定传统发酵羊肉香肠中的关键挥发性风味物质。计算公式如下:

$$OAV = \frac{C\%}{T} \quad (2)$$

$$ROAV_i = \frac{OAV_i}{OAV_{max}} \times 100 \quad (3)$$

式中:

C%——测定挥发性风味物质的相对百分含量;

T——相同物质的风味阈值, μ g/kg。

所有物质的 ROAV 均小于等于 100, 物质的 ROAV 值越大对样品风味的贡献也越大。ROAV > 1 的物质被定义为所分析样品的关键风味化合物。

1.3.5 细菌多样性分析

1.3.5.1 香肠样品 DNA 提取与测序

使用 DNeasy PowerSoil 试剂盒 (德国希尔登 Qiagen 公司) 从香肠样品中分离出细菌 DNA。分别用 NanoDrop 2 000 分光光度计 (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) 和琼脂糖凝胶电泳测定 DNA 浓度和完整性。采用通用引物 343F-5'-TACGGRAGGCAGCAG-3' 和 798R-5'-AGGGTATCTAATC CT-3' 对微生物 16S rRNA 的

V3~V4 区进行 PCR 扩增。PCR 产物用 agcourt AMPure XP beads 纯化, 用 Qubit dsDNA 试剂盒定量。将纯化产物送至欧易生物医学科技有限公司(上海)进行测序分析。

1.3.5.2 数据处理及分析

对原始数据进行过滤处理, 得到优化序列(Clean Tags), 去除嵌合体后得到有效序列(Valid Tags), 对质控得到的有效序列按照 97%的相似度进行 OTU 分类(Operational Taxonomic Unit, OTU)。利用上海欧易公司提供的在线微生物分析平台(OECloud Tools at <http://cloud.oebiotech.cn>)进行微生物多样性分析。

1.3.6 数据处理

文中所有数据均表示为平均值±标准误差, 并采用 SPSS Statistics 22 软件中 Duncan 多重比较对常规特性指标进行显著性分析, $p < 0.05$ 表示差异显著, $p < 0.01$ 表示差异极显著; 利用上海欧易公司提供的在线分析平台(OECloud Tools at <http://cloud.oebiotech.cn>)进行细菌群落 β 多样性分析、LEf Se 分析、主成分分析和指示性风味物质与核心菌群的关联分析。

2 结果与讨论

2.1 不同加工环境羊肉香肠常规特性结果

由表 1 可知, 不同加工环境样品的 pH 值、水分

表 1 不同加工环境自然发酵羊肉香肠的常规特性

Table 1 Physicochemical properties of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

样品	Group_S1	Group_S2	Group_S3
pH 值	5.99±0.02 ^a	5.91±0.01 ^a	5.97±0.05 ^a
水分含量/%	3.48±1.42 ^a	6.20±0.83 ^a	5.73±0.67 ^a
亚硝酸盐含量/(mg/kg)	4.22±0.36 ^b	8.27±2.99 ^a	1.57±0.29 ^b
TBARS/(mg/kg)	1.63±0.42 ^a	0.68±0.07 ^b	1.20±0.27 ^{ab}
L^*	37.27±0.94 ^a	46.04±7.40 ^a	50.92±0.93 ^a
a^*	11.15±1.57 ^a	10.12±1.63 ^a	8.45±1.59 ^a
b^*	14.88±1.18 ^a	12.69±2.17 ^a	14.61±1.28 ^a
细菌总数/(log CFU/g)	8.15±0.44 ^a	7.13±0.17 ^b	7.15±0.48 ^b
葡萄球菌数/(log CFU/g)	7.83±0.60 ^a	6.75±0.37 ^b	6.05±0.85 ^b
乳酸菌数/(log CFU/g)	7.18±0.34 ^a	6.92±0.44 ^b	6.97±0.31 ^b

注: 同一行中相同字母表示差异不具有显著性 ($p > 0.05$), 不同字母表示差异具有显著性 ($p < 0.05$)。

表 2 不同加工环境自然发酵羊肉香肠细菌 alpha 分析结果

Table 2 Alpha diversity indices of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

Samples	OTUs	chao1	goods_coverage	shannon	simpson
Group_S1	6 093	3 379.115	0.99	6.41	0.81
Group_S2	5 912	3 389.573	0.99	5.74	0.84
Group_S3	7 210	4 093.442	0.99	9.94	1.00

含量、色度值的差异均没有显著性。乐山样品的亚硝酸盐显著高于成都样品和安庆样品 ($p < 0.05$); 乐山样品的 TBARS 值与安庆样品之间差异不存在显著性, 但与成都样品的差异具有显著性 ($p < 0.05$); 成都样品的细菌总数、葡萄球菌数与乳酸菌数均显著高于其余两个地区样品 ($p < 0.05$)。

2.2 不同加工环境羊肉香肠细菌多样性结果

三个加工环境共 18 份样品, 检测出有效序列 1 234 875 条, 每份样品平均产生 68 604 条有效序列。为得到更高质量及更精准的生物信息分析结果, 对有效序列的质量进行质控过滤(对双端 Reads 拼接、过滤后), 共产生 1 004 512 条优化序列, 每份样品平均产生 55 806 条优化序列。

2.2.1 细菌 α 多样性分析

由表 2 可知, 三个加工环境样品的 C 值均达到 0.99, 表明样品的测序结果可以反应样品的真实状况, 且安庆样品的 OTUs 是三个样品中最高的。同时, 安庆样品的 chao1 指数、shannon 和 simpson 指数是三个样品中最大的, 表明该样品中细菌的丰富度水平和物种多样性水平都是最高的, 且与其余两个加工环境的样品差异明显。成都样品与乐山样品细菌的丰富度水平和物种多样性差异不明显, 较为相似。

2.2.2 不同加工环境样品基于门、属水平的细菌菌群结构分析

2.2.2.1 不同加工环境样品基于门水平菌群结构分析

图 1 为不同加工环境发酵香肠样品基于门水平相对丰度前 15 的细菌群落结构分布柱形图。成都样品的优势菌门为厚壁菌门 (Firmicutes) 占比 65.83%，拟杆菌门 (Bacteroidetes) 占比 18.67%，其余包括变形菌门 (Proteobacteria) 占比 7.76% 以及其他菌门。乐山样品的优势菌门为厚壁菌门占比 70.05%，拟杆菌门占比 14.72%，其余包括变形菌门占比 8.33% 以及其他菌门。安庆样品的优势菌门为拟杆菌门占比 37.97%，厚壁菌门占比 30.76%，其余包括变形菌门占比 15.86% 以及其他菌门。可见，成都和乐山样品的优势菌门为厚壁菌门与拟杆菌门，厚壁菌门相对丰度在 65% 以上，拟杆菌门相对丰度在 10%~20% 之间，厚壁菌门占绝对优势，这两个样品加工环境位于四川省，门水平细菌群落结构相似；安庆样品中优势菌门虽然仍为拟杆菌门和厚壁菌门，但是两种菌门的相对丰度均在 30%~40% 之间无明显差异，该样品加工环境位于安徽省，门水平细菌群落结构明显不同于四川省加工环境样品。

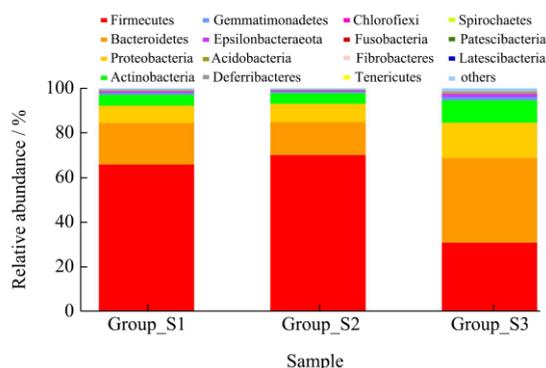


图 1 不同加工环境羊肉香肠门水平细菌菌群结构分布图

Fig.1 Relative abundances of bacteria at the phylum level of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

2.2.2.2 不同加工环境样品基于属水平菌群结构分析

选取属水平上相对丰度前 15 的细菌绘制成柱状图。由图 2 可知，三个加工环境样品中葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、环丝菌属 (*Brochothrix*)、*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、*Odoribacter* 属、乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*) 等相对丰度较高。成都样品特别优势的菌属为葡萄球菌属 (52.39%)，乐山样品特别优势的菌群为环丝菌属 (33.45%) 和葡萄球菌属 (24.15%)，安庆样品没有特别优势的菌属，各菌属之间相对丰度差异小。可见，在属水平细菌菌群结构上，成都和乐山样品具有一定相似性但仍存在差异，它们与安庆样

品差异明显。

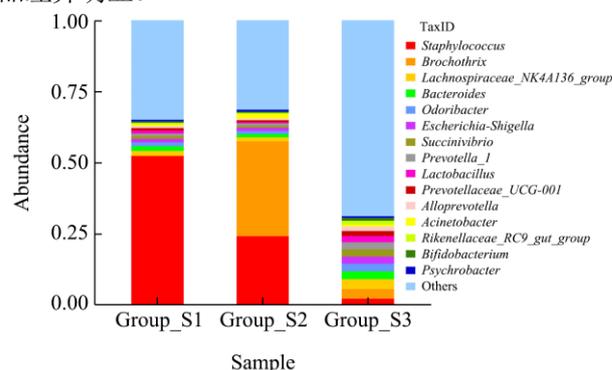


图 2 不同加工环境羊肉香肠属水平细菌菌群结构分布图

Fig.2 Relative abundances of bacteria at the genus level of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

周莹等^[15]利用高通量测序技术对徽派腊肉加工过程中微生物菌群结构研究发现，葡萄球菌属、乳杆菌属、链球菌属、嗜冷杆菌属、盐弧菌属和不动杆菌属的相对丰度较高是优势菌。周迎芹等^[16]探究不同发酵方式对黄山臭鳊鱼菌群构成的影响，结果表明干腌方式的优势菌属为嗜冷杆菌属、乳酸杆菌属与假交替单胞菌属，嗜冷杆菌属、梭菌属与乳酸杆菌属则是湿腌发酵臭鳊鱼的优势菌属。本研究的安庆羊肉香肠中 *Lachnospiraceae_NK4A136_group*、环丝菌属、拟杆菌属、葡萄球菌属、乳酸杆菌属和不动杆菌属等相对丰度较高，与周莹和周迎芹报道的结果有相同菌属，但也存在一些寄居于肠道的菌属如 *Lachnospiraceae_NK4A136_group* 和拟杆菌属，推测可能是香肠制作过程中由肠衣带入。

Huang 等^[17]通过高通量测序的方法对不同市的传统香肠进行研究，结果表明四川地区香肠中优势菌属为乳酸杆菌属、葡萄球菌属、环丝菌属、魏斯氏菌属、*Pantoea* 等。Wang 等^[18]对四川香肠自发发酵过程中微生物菌群的多样性研究，发现 30 天样品中优势菌属是乳酸杆菌属、魏斯氏菌属、环丝菌属、葡萄球菌属与片球菌属。本研究发现成都与乐山羊肉香肠中优势菌属为环丝菌属、葡萄球菌属、*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属、拟杆菌属、*Odoribacter* 属、乳酸杆菌属等，与 Huang 等^[17]和 Wang 等^[18]报道相比较，大部分菌属都相同，比如葡萄球菌属、环丝菌属和乳酸杆菌属，可见这些菌属为四川地区发酵香肠中的主要细菌类别。

2.2.2.3 不同加工环境样品 β 多样性分析结果

由图 3 可知，PCoA1 与 PCoA2 分别解释了不同加工环境香肠样品中 44.95% 和 25.27% 的信息，两个主坐标之和为 70.22%，这两个坐标能很好地表示样品中的微生物菌群信息。成都、乐山和安庆样品之间较为分散，

不同的样品可以被明显地区分开, 该结果与样品在属水平上细菌菌群结构分析一致, 三个加工环境的样品具有不同的优势菌属且细菌菌群结构也存在差异。

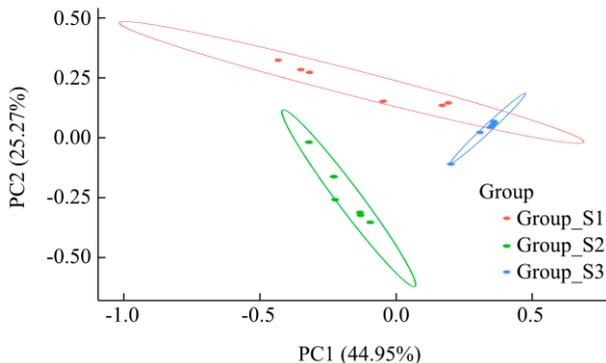


图3 不同加工环境羊肉香肠细菌菌群主坐标分析图 (Bray_Curtis) 置信区间 0.95

Fig.3 PCoA results of bacterial communities of naturally fermented mutton sausages from different processing environments based on bray curtis distance with 95% confidence level

研究发现不同气候不同区域环境的微生物不同^[19], 很大程度上决定了不同加工环境样品的细菌菌群结构各具特点。例如对广东与云南省的自制酸笋中的微生物进行多样性与典型相关性分析, 结果表明虽然在属水平上两个地区样品的优势菌属差异不具有显著性, 但是在种水平上某些种的差异性具有显著性 ($p < 0.05$), 例如 *L. acetotolerans* 在广东样品中的相对丰度为 62.81% 而在云南样品中的相对丰度仅为 38.67%, 典型相关性分析结果表明温度、经度和海拔 3 个环境因子对酸笋微生物菌群组成的影响大于理化因子^[20]。此外, 宜昌地区腊肠样品的优势菌属为葡萄球菌、乳酸杆菌、魏斯氏菌、明串珠菌等, 恩施地区腊肠样品中的优势菌属为葡萄球菌、乳酸杆菌、环丝菌^[21], 可见宜昌和恩施两市同属湖北省, 但不同市腊肠间的优势菌属有相同也存在差异。

在本研究的三个加工环境中, 成都市、乐山市位于四川盆地而安庆市位于长江下游北岸, 三市所属地区同属亚热带季风气候, 然而因地势的区别, 成都市、乐山市的气候特征更类似于温带海洋性气候, 冬季平均温度比长江中下游地区高许多, 且昼夜温差更小。安庆市的相对湿度高于成都市与乐山市, 且安庆市的温差较其余两个地方更大, 不一样的气候条件是三个地方香肠样品微生物菌群结构不同的重要原因。此外, 与安庆市相比, 虽然成都市和乐山市同属四川省, 两市的气候条件更相似且地理位置更临近, 但是发酵香肠细菌的菌群结构 (属水平) 仍然存在差异, 说明不仅不同省间而且同省不同市间发酵香肠细菌微生态

结构均不同。

2.2.2.4 不同加工环境样品 Lef Se 分析结果

Lef Se 分析 (Linear Discriminant Analysis, LDA) 可展示丰度具有显著性差异的物种, 本研究采用该分析方法确定不同地区样品的差异性物种。由图 4 可知在三个样品中共有 24 种具有显著差异的类群。由图 5 可知, 成都样品的差异性物种是葡萄球菌属, 乐山样品的差异性物种为环丝菌属, 安庆样品的差异物种有 *Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属与一个无法鉴定到属水平的菌属, 该结果与不同加工环境样品在属水平上的优势菌群结果一致。其中安庆样品的指示性物种最多, 推测原因可能是该样品中细菌多样性是最丰富的, 与 α 多样性分析的结果一致。

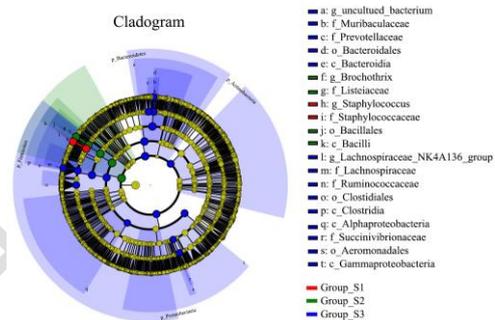


图4 不同加工环境羊肉香肠差异物种注释分支例图

Fig.4 Example diagram of different species annotation branch of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

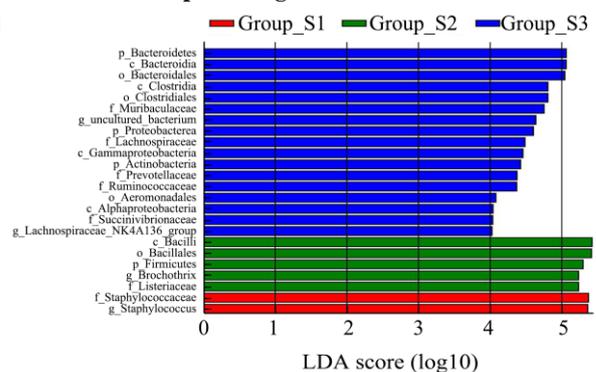


图5 不同加工环境羊肉香肠差异物种 score 图 (score > 4)

Fig.5 Different species score chart of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

2.3 不同加工环境羊肉香肠挥发性风味物质分析

2.3.1 不同加工环境羊肉香肠挥发性风味物质比较分析

取-气相色谱/质谱联用技术检测三个加工环境羊肉香肠挥发性风味物质, 总离子流色谱图 (Total Ion

Chromatogram, TIC) 如图 6 所示。经 NIST 11 标准谱库检索比对和保留指数的计算对化合物定性分析, 利用峰面积归一法计算各化合物的相对百分含量。成都四份重复样品中检出潜在的关键挥发性风味化合物 31 种, 非共有的潜在嗅感物质 36 种; 乐山四份重复样品中检出潜在的关键挥发性风味化合物 37 种, 非共有的潜在嗅感物质 41 种; 安庆四份重复样品中检出潜在的关键挥发性风味化合物 34 种, 非共有的潜在嗅感物质 49 种。三个加工环境香肠样品中非共有的潜在嗅感物质可能是导致各样品重复测定之间质量差异的因素, 不作为本研究分析对象。因此, 三个样品潜在的关键挥发性风味化合物共计 42 种, 除风味阈值较高的烃类化合物^[11]外共计 30 种如表 3 所示, 包括醛、醇、酮、酯、内酯、吡嗪、呋喃和其他类化合物等。

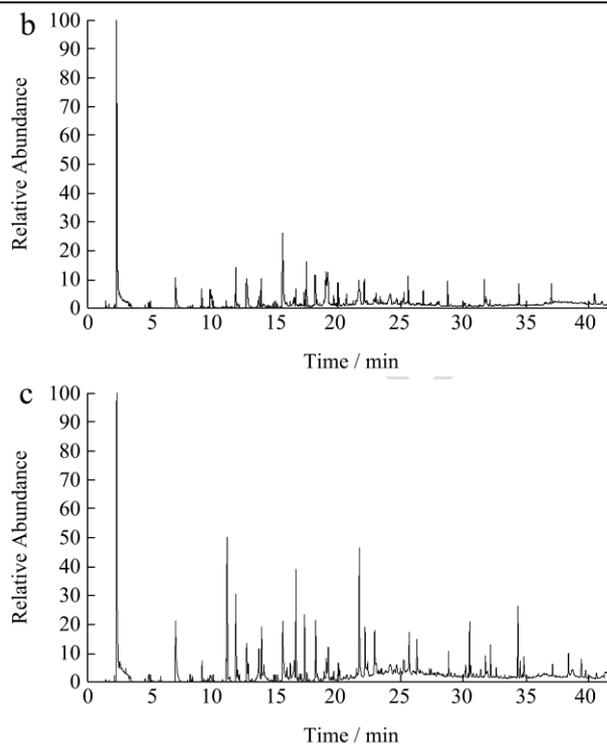
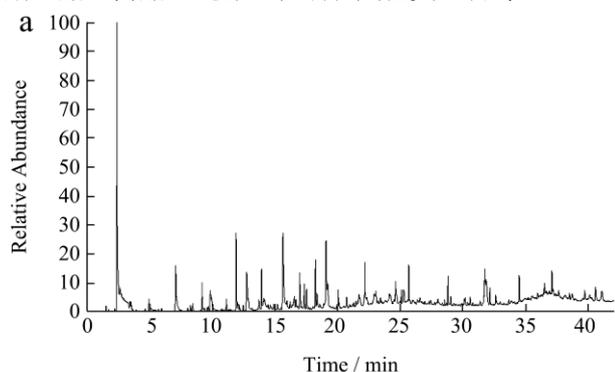


图 6 羊肉香肠样品挥发性风味成分总离子流色谱图

Fig.6 Total ion current chromatograms of volatile flavor compounds of naturally fermented mutton sausages

注: a: 成都羊肉香肠样品; b: 乐山羊肉香肠样品; c: 安庆羊肉香肠样品。

表 3 不同加工环境自然发酵羊肉香肠潜在的关键挥发性风味物质相对百分含量和相对气味活度值

Table 3 Relative percentage and ROAV of potential key volatile compounds of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

物质名称	阈值 ^[22] ($\mu\text{g}/\text{kg}$)	RT /min	RI	Group_S1		Group_S2		Group_S3	
				相对百分 含量%	ROAV	相对百分 含量%	ROAV	相对百分 含量%	ROAV
醛类(9种)									
己醛	4.50	7.05	1 087.95	4.55 \pm 0.70	10.86	4.32 \pm 0.14	8.29	5.47 \pm 0.69	26.79
反式-2-辛烯醛	3.00	16.39	1 428.07	1.14 \pm 0.33	4.08	1.74 \pm 0.07	5.02	1.72 \pm 0.10	12.62
癸醛	3.00	18.34	1 503.25	1.35 \pm 0.12	4.82	0.90 \pm 0.03	2.58	0.57 \pm 0.06	4.19
壬醛	1.10	15.46	1 392.65	10.23 \pm 0.09	100.00	10.01 \pm 0.96	78.49	4.99 \pm 0.31	100.00
异戊醛	1.10	3.65	931.64	0.48 \pm 0.08	4.71	0.41 \pm 0.03	3.24	0.32 \pm 0.04	6.49
庚醛	2.80	9.20	1 166.31	1.96 \pm 0.65	7.51	2.70 \pm 0.16	8.31	0.49 \pm 0.05	3.89
苯甲醛	41.70	19.05	1 532.11	5.75 \pm 0.39	1.48	4.10 \pm 0.38	0.85	1.19 \pm 0.08	0.63
4-乙基苯甲醛	123.23	23.40	1 714.67	*		1.46 \pm 0.16	0.10	*	
2-十一烯醛	5.00	24.18	1 749.33	n.d.		3.79 \pm 0.25	6.53	*	
小计				25.46		29.43		14.75	
醇类(5种)									
1-辛烯-3-醇	1.50	17.31	1 463.46	2.14 \pm 0.08	15.32	1.43 \pm 0.15	8.22	3.33 \pm 0.36	48.99
正戊醇	150.20	11.91	1 263.21	*		0.41 \pm 0.02	0.02	0.43 \pm 0.05	0.06
芳樟醇	0.22	19.69	1 558.13	n.d.		2.56 \pm 0.59	100.00	n.d.	
苯乙醇	564.23	28.08	1 930.39	n.d.		0.87 \pm 0.05	0.01	*	
柏木脑	-	31.84	2 119.58	n.d.		1.44 \pm 0.05		n.d.	
小计				2.14		6.71		3.76	

续表 3

物质名称	阈值 ^[22] /($\mu\text{g}/\text{kg}$)	RT /min	RI	Group_S1		Group_S2		Group_S3	
				相对百分 含量%	ROAV	相对百分 含量%	ROAV	相对百分 含量%	ROAV
酮类(2种)									
香叶基丙酮	60.00	26.56	1 857.94	1.00 \pm 0.16	0.02	*		0.27 \pm 0.01	0.10
4-羟基-4-甲基-2-戊酮	-	15.17	1 381.99	0.42 \pm 0.03		0.44 \pm 0.05		0.37 \pm 0.03	
小计				1.42		0.44		0.64	
酯类(9种)									
癸酸乙酯	5.00	21.69	1 641.28	n.d.		*		7.91 \pm 0.79	34.89
十四酸乙酯	4 000.00	30.48	2 049.75	n.d.		0.31 \pm 0.03	0.00	2.18 \pm 0.22	0.01
棕榈酸乙酯	2 000.00	34.33	2 253.59	n.d.		0.50 \pm 0.10	0.00	3.18 \pm 0.31	0.04
油酸乙酯	870.00	38.37	2 465.00	n.d.		*		1.33 \pm 0.20	0.04
丁酸乙酯	0.90	5.87	1 040.56	n.d.		n.d.		0.47 \pm 0.02	11.53
己酸乙酯	5.00	11.17	1 236.79	n.d.		n.d.		10.63 \pm 1.60	46.87
辛酸乙酯	19.30	16.64	1 437.69	n.d.		n.d.		4.58 \pm 0.28	5.23
壬酸乙酯	377.00	19.23	1 539.43	n.d.		n.d.		1.94 \pm 0.09	0.11
月桂酸乙酯	5 900.00	26.29	1 845.33	n.d.		n.d.		1.87 \pm 0.14	0.01
小计				0.00		0.81		34.09	
内酯类(1种)									
γ -十二内酯	0.43	36.51	2 376.13	1.12 \pm 0.41	27.92	*		n.d.	
小计				1.12		0.00		0.00	
吡嗪类(1种)									
川芎嗪	2 525.02	17.52	1 471.54	8.55 \pm 4.90	0.04	*		n.d.	
小计				8.55		0.00		0.00	
呋喃类(1种)									
2-戊基呋喃	5.80	10.49	1 212.5	0.99 \pm 0.17	1.83	*		n.d.	
小计				0.99		0.00		0.00	
其他类(2种)									
罗汉柏烯	-	21.23	1 622.13	n.d.		0.75 \pm 0.04		n.d.	
乙基麦芽酚	-	32.34	2 142.33	n.d.		0.52 \pm 0.06		n.d.	
小计				0.00		1.27		0.00	

注: n.d.表示未检出; *表示在每个地区的4份重复样品中个别样品检出, 不作为该地区样品潜在的关键物质; -表示无法查到该化合物的阈值; 下表同。

醛类物质是脂肪降解的主要产物且大部分风味阈值较低, 对发酵香肠整体风味具有较大的影响^[23]。成都和乐山样品中醛类物质相对百分含量最高, 分别为25.46%与29.43%, 醛类物质中含量最高的物质为己醛与壬醛, 己醛、壬醛的前体物质是油酸与亚油酸。张洪礼^[24]对黔北麻羊加工产品以及孙学颖^[25]对不同配料及发酵剂发酵的羊肉香肠研究发现, 醛类物质中含量最高的是己醛与壬醛, 该结果与本研究结果相一致。研究报道羊肉中主要的脂肪酸有硬脂酸、棕榈酸、油酸、亚油酸等^[26,27], 为高产己醛和壬醛提供了丰富的前体物质。

酯类物质由醇与酸经酯化作用形成, 多具有芳香风味, 对香肠的风味也具有十分重要的作用。安庆样

品中酯类物质相对百分含量最高(34.09%), 主要为己酸乙酯与癸酸乙酯。乙酯类物质赋予产品果香味和奶油香味, 是促进发酵香肠风味形成的重要物质。内酯类物质主要由游离脂肪酸经 β -氧化形成。加工环境2样品的酯类多为内酯化合物, 内酯类化合物能够赋予产品各种果香风味。

发酵香肠中醇类化合物的来源较为广泛, 其中多数来源于碳水化合物的代谢, 部分还可能来源于脂肪的氧化。三个样品中检测到醇类物质含量最高的是1-辛烯-3-醇和芳樟醇, 1-辛烯-3-醇是一种亚油酸氢过氧化物的降解产物, 阈值极低, 具有类似蘑菇的气味, 为香肠的整体风味提供积极作用; 芳樟醇具有花香风

味, 常来源于香辛料的添加。常海军^[28]对重庆城口香肠研究发现芳樟醇是醇类物质中含量最高的, 毛永强^[29]对陇西传统腊肉进行研究发现腊肉中关键风味化合物的醇类物质为 1-辛烯-3-醇与芳樟醇, 与本研究结果相似。

酮类物质多由美拉德反应或脂类氧化反应生成, 具有奶油香或果香味, 且阈值较低^[30], 对香肠的风味具有一定积极作用。本研究中酮类物质种类相对较少, 仅有 3 种。其中含量最高的物质为香叶基丙酮, 它的主要作用是提香, 该物质在香料研究中报道较多。李儒仁^[31]、刘巧瑜^[32]对西班牙香肠与广式腊肠进行研究, 酮类物质中含量最多的物质为 2,3-丁二酮、乙偶姻与本研究结果不一致, 可能是由于样品所选用的原材料不同, 加工工艺不同等原因。

2.3.2 不同加工环境样品挥发性风味物质主成分分析

以三个样品中所有潜在的关键挥发性风味物质进行主成分分析, 主成分得分图如图 7 所示, 从图中可以看出, PC1 与 PC2 分别解释了不同香肠样品中 77.38% 和 13.45% 的风味物质信息, 两个主成分之和为 90.83%, 可以表示样品中的风味物质信息。从图 7 可以看出, 安庆样品与成都和乐山样品相距较远, 表明安庆样品的挥发性风味物质组成明显不同于成都和乐山样品, 而成都和乐山样品相对较为聚集, 表明这两个样品间挥发性风味物质组成具有一定相似性。该结果与挥发性风味物质种类和含量比较分析结果一致, 成都和乐

山样品中含量最高的挥发性风味物质是醛类物质, 而安庆样品中含量最高的物质是酯类物质。

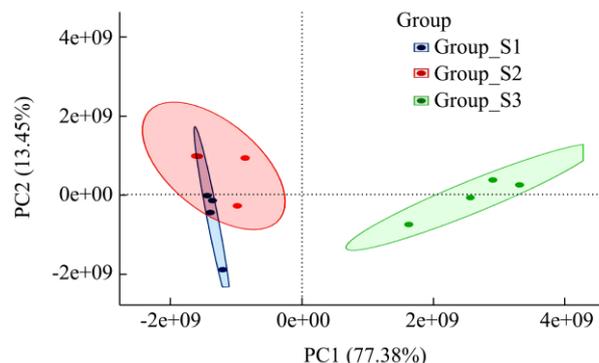


图 7 不同加工环境羊肉香肠中风味物质主成分分析得分图 (置信区间 0.90)

Fig.7 Principal component analysis score map of flavor substances in naturally fermented mutton sausages from different processing environments with 90% confidence level

2.3.3 基于 ROAV 分析不同地区样品关键风味化合物

挥发性物质对样品风味的影响不仅与物质含量有关, 还与物质的阈值有关。为确定对风味起重要作用的物质, 本研究采用 ROAV 法对物质进行筛选。ROAV>1 的物质是样品的关键风味化合物。由表 3 可知, 成都样品中 ROAV>1 的物质有 10 种, 乐山样品中 ROAV>1 的物质有 9 种, 安庆样品中 ROAV>1 的物质有 11 种。三个加工环境羊肉香肠的关键挥发性风味化合物共计 16 种, 见表 4。

表 4 不同加工环境羊肉香肠关键挥发性风味物质

Table 4 Key volatile compounds of mutton sausages from different processing environments

物质名称	Compound	风味描述	Group_S1	Group_S2	Group_S3
己醛	hexanal	青草味、油脂味	4.55±0.70	4.32±0.14	5.47±0.69
反式-2-辛烯醛	trans-2-octenal	坚果味、油脂味	1.14±0.33	1.74±0.07	1.72±0.10
1-辛烯-3-醇	1-octen-3-ol	蘑菇味	2.14±0.08	1.43±0.15	3.33±0.36
癸醛	decanal	油脂味	1.35±0.12	0.90±0.03	0.57±0.06
γ-十二内酯	γ-dodecalactone	水果味	1.12±0.41	*	n.d.
2-戊基呋喃	2-pentylfuran	豆香、清香、蔬菜香	0.99±0.17	*	n.d.
壬醛	nonanal	油脂味	10.23±0.09	10.01±0.96	4.99±0.31
异戊醛	3-methylbutyraldehyde	奶油味	0.48±0.08	0.41±0.03	0.32±0.04
庚醛	heptanal	油脂味	1.96±0.65	2.70±0.16	0.49±0.05
苯甲醛	benzaldehyde	杏仁味	5.75±0.39	4.10±0.38	1.19±0.08
芳樟醇	linalool	花香味	n.d.	2.56±0.59	n.d.
癸酸乙酯	ethyl caprate	椰子味	n.d.	*	7.91±0.79
2-十一烯醛	2-undecenal	油脂味	n.d.	3.79±0.25	*
丁酸乙酯	ethyl butyrate	水果味	n.d.	n.d.	0.47±0.02
己酸乙酯	ethyl hexanoate	水果味	n.d.	n.d.	10.63±1.60
辛酸乙酯	ethyl caprylate	水果味	n.d.	n.d.	4.58±0.28

2.4 不同加工环境羊肉香肠优势菌群与关键挥发性风味物质关联分析

本研究选取了不同加工环境的羊肉香肠样品中的关键挥发性风味物质与样品中属水平上前 15 的优势菌群进行关联性分析如图 8 所示。

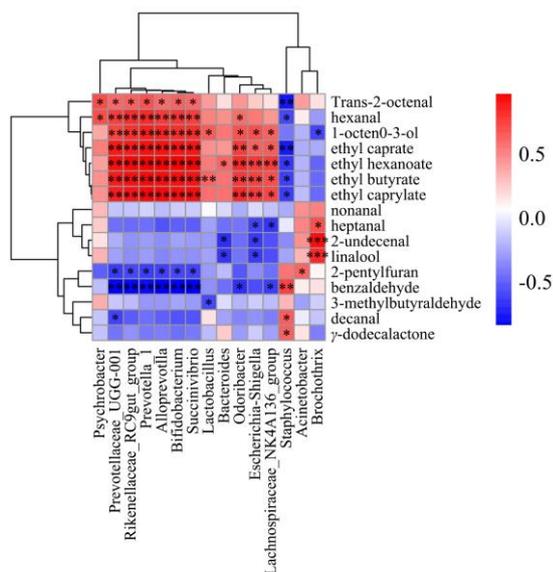


图 8 不同加工环境羊肉香肠中优势菌群与关键挥发性风味物质关联分析

Fig.8 Heatmap of Spearman rank correlation between the predominant genera and key volatile properties of naturally fermented mutton sausages from different processing environments

注: *表示 $p < 0.05$, **表示 $p < 0.01$, ***表示 $p < 0.001$ 。

如图 8 所示,成都样品中优势菌属与 10 种关键风味物质中的 8 种具有正相关性,其中葡萄球菌与苯甲醛具有极显著正相关性 ($p < 0.01$),与癸醛、 γ -十二内酯具有显著正相关性 ($p < 0.05$),1-辛烯-3 醇与 *Lachnospiraceae_NK4A136_group*、*Odoribacter*、大肠埃希菌均具有显著正相关性 ($p < 0.05$),*Odoribacter* 与己醛具有显著正相关性 ($p < 0.05$)。

乐山样品中优势菌属与 9 种关键风味物质均具有正相关性,其中环丝菌与芳樟醇、2-十一烯醛具有极其显著正相关性 ($p < 0.001$),与庚醛具有显著正相关性 ($p < 0.05$),葡萄球菌与苯甲醛具有极显著正相关性 ($p < 0.01$),与 γ -十二内酯、癸醛具有显著正相关性 ($p < 0.05$),*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 与 1-辛烯-3 醇、癸酸乙酯均具有显著正相关性 ($p < 0.05$)。

在安庆样品中相对丰度前五的菌属与 11 种关键风味物质均呈现正相关,*Succinivibrio* 与癸酸乙酯、丁酸乙酯、己酸乙酯、辛酸乙酯,环丝菌与 2-十一烯

醛均具有极其显著正相关性 ($p < 0.001$),*Succinivibrio* 与 1-辛烯-3 醇、己醛,*Odoribacter* 与癸酸乙酯、丁酸乙酯、己酸乙酯、辛酸乙酯,*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 与己酸乙酯呈现极显著正相关性 ($p < 0.01$),*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 与癸酸乙酯、丁酸乙酯、辛酸乙酯,环丝菌与庚醛,拟杆菌与己酸乙酯,*Odoribacter* 与 1-辛烯-3 醇、己醛,*Succinivibrio* 与反式-2-辛烯醛都具有显著正相关性 ($p < 0.05$)。上述结果表明不同样品中关键风味物质的种类在很大程度上受到该样品中优势微生物的影响。

因此,本研究从加工环境角度,得出发酵羊肉香肠中优势微生物种类决定了关键挥发性风味物质种类的结论,为发酵肉制品中微生物代谢反应决定其特征风味形成这一重要论断提供了有力的数据支撑。

3 结论

通过细菌多样性分析对成都、乐山和安庆自然发酵羊肉香肠的微生物菌群结构进行研究,结果表明安庆样品的微生物的丰富度水平和物种多样性水平最高;在菌群结构方面,三个加工环境样品中葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、环丝菌属 (*Brochothrix*)、*Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、*Odoribacter* 属、乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*) 等相对丰度较高;差异菌属方面,成都样品的差异物种为葡萄球菌属,乐山样品的差异物种为环丝菌属,安庆样品的差异物种为 *Lachnospiraceae_NK4A136_group* 属与一个无法鉴定的菌属。利用 HS/SPME-GC/MS 技术结合 PCA 分析对成都、乐山和安庆自然发酵羊肉香肠的挥发性风味物质进行分析,结果表明成都和乐山样品的挥发性风味物质组成相似,主要以醛类物质为主,安庆样品与其余两个样品的挥发性风味物质组成具有一定差异,主要以酯类物质为主。羊肉发酵香肠中优势菌群与关键挥发性风味物质存在显著的正相关性,表明优势微生物种类决定了关键挥发性风味物质种类。

参考文献

[1] Casaburi A, Aristoy M, Cavella S, et al. Biochemical and sensory characteristics of traditional fermented sausages of Vallo di Diano (Southern Italy) as affected by the use of starter cultures [J]. Meat Science, 2007, 76(2): 295-307

[2] 刘英丽,杨梓妍,万真,等.发酵剂对发酵香肠挥发性风味物质形成的作用及影响机制研究进展[J].食品科学,2021,42(11):284-296

[3] Ferrocino I, Bellio A, Giordano M, et al. Shotgun

- metagenomics and volatilome profile of the microbiota of fermented sausages [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, 84(3): e02120-17
- [4] Hu Y, Zhang L, Liu Q, et al. The potential correlation between bacterial diversity and the characteristic volatile flavour of traditional dry sausages from Northeast China [J]. *Food Microbiology*, 2020, 91: 103505
- [5] Yu M, Xiang X, Tan H, et al. Potential correlation between volatiles and microbiome of Xiang xi sausages from four different regions [J]. *Food Research International*, 2021, 139: 109943
- [6] 王卫,陈林,白婷,等.四川羊肉加工产业技术发展研究[J]. *食品与发酵科技*,2017,53(1):74-77
- [7] 胡冠华,王德宝,赵丽华,等.成熟时间对羊肉发酵香肠品质及风味的影响[J].*中国食品学报*,2021,21(2):194-202
- [8] 王德宝,马文淑,王柏辉,等.成熟时间对燕麦羊肉香肠食用品质、脂质氧化及风味物质积累的影响[J].*食品与发酵工业*,2020,46(11):191-198
- [9] GB 4789.2-2016,食品安全国家标准食品微生物学检验菌落总数测定[S]
- [10] GB 4789.35-2016,食品安全国家标准食品微生物学检验乳酸菌检验[S]
- [11] 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] GB/T 35252-2017,动植物油脂 2-硫代巴比妥酸值的测定直接法[S]
- [13] 李素,周慧敏,赵冰,等.卤汤牛肉贮藏过程中挥发性风味物质分析[J].*食品科学*,2020,41(18):203-209
- [14] 刘登勇,周光宏,徐幸莲.确定食品关键风味化合物的一种新方法:“ROAV”法[J].*食品科学*,2008,7:370-374
- [15] 周莹,王兆明,涂健,等.基于 16S rRNA 的徽派腊肉加工过程中微生物群落结构分析[J].*肉类研究*,2021,35(3):1-7
- [16] 周迎芹,鄢嫣,殷俊峰,等.发酵方式对黄山臭鳃鱼菌群组成及挥发性物质的影响[J].*肉类研究*,2019,33(10):36-43
- [17] Huang Z, Shen Y, Huang X, et al. Microbial diversity of representative traditional fermented sausages in different regions of China [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2021, 130(1): 133-141
- [18] Wang X, Wang S, Zhao H. Unraveling microbial community diversity and succession of Chinese Sichuan sausages during spontaneous fermentation by high-throughput sequencing [J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2019, 56(7): 3254-3263
- [19] 吴树坤,谢军,卫春会,等.四川不同地区浓香型大曲微生物群落结构比较[J].*食品科学*,2019,40(14):144-152
- [20] Guan Q, Zheng W, Mo J, et al. Evaluation and comparison of the microbial communities and volatile profiles in homemade suansun from Guangdong and Yunnan provinces in China [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2020, 100(14): 5197-5206
- [21] 周亚澳,黄怡,王韵博,等.宜昌腊肠与恩施腊肠细菌多样性的比较分析[J].*肉类研究*,2020,34(10):8-13
- [22] L J Van Gemert. *Compilations of Odour Threshold Values in Air, Water and Other media (Second Enlarged and Revised Edition)* [M]. Science Press, 2011
- [23] Ordóñez J, Hierro E, Bruna J, et al. Changes in the components of dry-fermented sausages during ripening [J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 1999, 39(4): 329-67
- [24] 张洪礼,王伦兴,陈德琴,等.不同黔北麻羊加工产品中挥发性风味物质分析[J].*肉类研究*,2020,34(7):78-83
- [25] 孙学颖,辛晓琦,刘建林,等.不同配料及发酵剂对羊肉发酵香肠滋味及香气成分的影响[J].*食品工业科技*,2020,41(11): 21-27
- [26] Obert C, Payam V, Voster M, et al. Nutritional enhancement of sheep meat fatty acid profile for human health and wellbeing [J]. *Food Research International*, 2018, 104: 25-38
- [27] 郭俊强,徐晓锋,谢忠奎,等.脂肪酸对羊肉品质的影响研究进展[J].*中国饲料*,2019,23:69-75
- [28] 常海军,周文斌,朱建飞.重庆城口香肠挥发性风味成分分离与鉴定[J].*食品科学*,2016,37(6):146-152
- [29] 毛永强,李彦虎,贡建民,等.传统陇西腊肉制作过程中挥发性风味物质变化分析[J].*食品与发酵工业*,2021,47(4):144-152
- [30] Calkins C, Hodgen J. A fresh look at meat flavor [J]. *Meat Science*, 2007, 77(1): 63-80
- [31] 李儒仁,钟桂霞,赵拎玉,等.市售西班牙自然发酵香肠的食用品质特征分析[J].*肉类研究*,2020,34(6):64-71
- [32] 刘巧瑜,蔡诗鸿,曾晓房,等.广式腊肠干燥过程中风味及其呈味机制的研究[J].*食品科技*,2019,44(8):109-115