



食品工业科技

SCIENCE AND TECHNOLOGY OF FOOD INDUSTRY

半月刊

权威 · 核心 · 领先 · 实用 · 全面

美国《化学文摘》CA

日本科学技术振兴机构数据库JST

北大核心期刊

中国生物医学文献系统SinoMed收录期刊

中国精品科技期刊

英国《食品科技文摘》FSTA

中国科技核心期刊CSTPCD

RCCSE中国核心学术期刊

中国农林核心期刊A

酱腌菜中微生物及与产品风味品质关系研究进展

李彤, 乌日娜, 张其圣, 王芳芳, 刘春丽, 丁瑞雪, 闫丹丽, 武俊瑞

Research Progress of Microorganisms in Pickles and Their Relationship with Flavor and Quality of Products

LI Tong, WU Rina, ZHANG Qisheng, WANG Fangfang, LIU Chunli, DING Ruixue, YAN Danli, and WU Junrui

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13386/j.issn1002-0306.2021070300>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

传统发酵食品中微生物多样性与风味形成之间关系及机制的研究进展

Research Progress on Relationship and Mechanism between Microbial Diversity and Flavor Development in Traditional Fermented Foods

食品工业科技. 2021, 42(9): 412-419

红茶菌微生物群落多样性及其分析方法的研究进展

Research Advances on Microbial Diversity and Its Analytical Methods of Kombucha

食品工业科技. 2019, 40(24): 311-317

传统发酵乳制品中微生物多样性研究

Study on the diversity of microbial in traditional fermented dairy products

食品工业科技. 2018, 39(1): 131-136

基于高通量测序技术分析东北豆酱的微生物多样性

Analysis of Microbial Diversity of Northeast Soy Sauce Based on High-throughput Sequencing Technology

食品工业科技. 2020, 41(12): 100-105

南山牧场生鲜牛乳理化指标与微生物多样性对比分析

Comparative Analysis of Physical and Chemical Indexes and Microbial Diversity of Fresh Cow Milk in Nanshan Pasture

食品工业科技. 2021, 42(3): 101-107

不同保鲜处理对鲜湿米线品质及腐败样品微生物多样性的影响

Effects of Different Preservation Treatments on Quality of Wet Rice Noodles and Microbial Diversity of Spoiled Samples

食品工业科技. 2021, 42(21): 158-165



关注微信公众号，获得更多资讯信息

李彤, 乌日娜, 张其圣, 等. 酱腌菜中微生物及与产品风味品质关系研究进展 [J]. 食品工业科技, 2022, 43(14): 475–483. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2021070300

LI Tong, WU Rina, ZHANG Qisheng, et al. Research Progress of Microorganisms in Pickles and Their Relationship with Flavor and Quality of Products[J]. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(14): 475–483. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2021070300

· 专题综述 ·

酱腌菜中微生物及与产品风味品质 关系研究进展

李 彤¹, 乌日娜¹, 张其圣², 王芳芳³, 刘春丽⁴, 丁瑞雪¹, 闫丹丽¹, 武俊瑞^{1,*}

(1.沈阳农业大学食品学院, 辽宁省食品发酵技术工程研究中心,

沈阳市微生物发酵技术创新重点实验室, 辽宁沈阳 110866;

2.四川东坡中国泡菜产业技术研究院, 四川省食品发酵工业研究设计院有限公司, 四川成都 611130;

3.沈阳榆园食品工业有限公司, 辽宁沈阳 110172;

4.锦州小菜有限责任公司, 辽宁锦州 121013)

摘 要: 酱腌菜是中国传统发酵食品, 在中国已有几千年的历史。酱腌菜因其独特的风味品质和益生作用在世界范围内作为健康食品受到广泛关注。近年来, 随着下一代高通量测序技术、第三代测序技术、宏基因组学以及宏转录组学等分子生物学技术在发酵食品研究中的广泛应用, 有关酱腌菜中的微生物群落多样性及其作用机制方面的研究取得了重要进展, 然而, 相关归纳总结还不够全面。因此, 本文重点对近年来酱腌菜中的微生物与风味物质形成的关系及风味物质的形成机制、酱腌菜中微生物的控制与利用等方面取得的最新研究进展进行了归纳总结, 并阐述了酱腌菜中微生物的多样性以及益生作用, 以期为进一步深入研究酱腌菜风味物质形成机制、提升酱腌菜产品风味品质, 从而实现传统酱腌菜的现代化加工提供参考。

关键词: 酱腌菜, 微生物多样性, 风味形成机制, 益生作用, 功能性微生物

中图分类号: TS255.53

文献标识码: A

文章编号: 1002-0306(2022)14-0475-09

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2021070300

本文网刊:



Research Progress of Microorganisms in Pickles and Their Relationship with Flavor and Quality of Products

LI Tong¹, WU Rina¹, ZHANG Qisheng², WANG Fangfang³, LIU Chunli⁴, DING Ruixue¹, YAN Danli¹,
WU Junrui^{1,*}

(1.College of Food, Shenyang Agricultural University, Liaoning Food Fermentation Technology Engineering Research Center, Shenyang Key Laboratory of Microbial Fermentation Technology Innovation, Shenyang 110866, China;

2.Sichuan Dongpo China Kimchi Industry Technology Research Institute, Sichuan Food Fermentation Industry Research and Design Institute Co., Ltd., Chengdu 611130, China;

3.Shenyang Yuyuan Food Industry Co., Ltd., Shenyang 110172, China;

4.Jinzhou Xiaocai Co., Ltd., Jinzhou 121013, China)

Abstract: Pickle is a traditional Fermented food in China, which has a history of thousands of years. Pickles have attracted wide attention as a health food in the world because of their unique flavor, quality and probiotics. In recent years, as the next generation of high-throughput sequencing technologies, the third generation sequencing technology, acer genomics and transcriptome study etc are widely used in the study of molecular biology technology in fermented food. Researches on the

收稿日期: 2021-07-26

基金项目: 国家自然科学基金面上项目 (31972047); 辽宁省自然科学基金地区联合基金项目 (2020-MZLH-34); 沈阳市中青年科技创新领军人才项目 (RC200495); 沈阳市科技创新平台项目 (21-103-0-14, 21-104-0-28)。

作者简介: 李彤 (1997-), 女, 硕士, 研究方向: 食品生物技术, E-mail: ht171827@163.com。

*** 通信作者:** 武俊瑞 (1977-), 男, 博士, 教授, 研究方向: 食品生物技术, E-mail: junruiwu@126.com。

microbial community diversity and function mechanism in the pickles have made significant progress, however, the relevant generalizations are not comprehensive enough. Therefore, this paper focuses on the relationship between microorganisms in pickles and the formation of flavor substances in recent years, the formation mechanism of flavor substances, summarizes the control and utilization of microorganisms in pickles and other aspects of the latest research progress, and describes the diversity and probiotics of microorganisms in pickles. It is expected to provide reference for further study on the formation mechanism of the flavor substances of pickles, improve the flavor quality of pickles, and realize the modern processing of traditional pickles.

Key words: pickled vegetables; microbial diversity; flavor formation mechanism; probiotics; functional microorganism

酱腌菜是指以新鲜蔬菜为主要原料,经微生物发酵而成的各种蔬菜制品,其历史悠久,文化底蕴深厚。早在商周时期,就有关于酱腌菜的记载,《周礼·天官》记载:“大羹不致五味也,铡羹加盐菜矣”。此文中的“羹”便是用咸肉或咸菜做成的汤,这是我国对酱腌菜最早的记载^[1],此后,历朝历代对酱腌菜均有详细的记载和论述。起初酱腌菜的出现是为了延长蔬菜的贮藏期,弥补蔬菜季节性不足的问题,后来因为酱腌菜口感清脆,风味独特,对人体健康有利而倍受消费者青睐。

近年来,随着分子生物学技术的发展,国内外研究学者已经对酱腌菜中的微生物群落以及风味成分进行了深入研究,研究发现,酱腌菜中的优势微生物对人体具有多种益生作用,并且与风味物质的形成具有重要相关性。一方面,酱腌菜中的微生物利用蔬菜汁液中的营养物质,代谢生成有机酸、游离氨基酸、甘糖醇以及酯类、醇类及含硫化物等风味物质,赋予酱腌菜产品独特的香气和滋味^[2]。另一方面,酱腌菜中的微生物,尤其是乳酸菌,已被鉴定为益生菌的丰富来源库,可促进人体健康^[3]。因此,本文重点对酱腌菜中微生物对风味物质形成的影响机制进行了阐释,并对酱腌菜中微生物的多样性、益生作用及微生物的利用与控制:如新型杀菌技术、真空包装技

术、新型发酵剂的选用、新型生物防腐剂的利用等方面取得的最新研究进展进行了全面归纳总结。

1 酱腌菜中微生物群落组成研究进展

最初,国内外学者们主要采用微生物分离培养的方法来研究酱腌菜中的微生物群落。然而环境中可培养的微生物不足总量的 20%,因此,利用传统的分离培养法不足以揭示酱腌菜中的微生物群落组成^[4]。近年来,由于分子生物学技术的发展,学者们在分子水平上更全面、深入地对酱腌菜中的微生物群落进行了研究。表 1 是根据国内外学者采用高通量测序、宏基因组学等研究方法分析出的酱腌菜发酵过程中的核心微生物群落的归纳总结。

由表 1 可知,细菌是酱腌菜中最主要的微生物,含量丰富,种类多样。在属水平上,明串珠菌属、乳杆菌属、乳球菌属、片球菌属、魏斯氏菌属、微球菌属、单胞菌属、盐单胞菌、芽孢杆菌属、不动杆菌属、葡萄球菌属、弧菌属等是多种酱腌菜发酵过程中存在的优势细菌群落。其中,魏斯氏菌属、明串珠菌属、弧菌属、片球菌属等为酱腌菜发酵初期的主要优势菌属,乳杆菌属和葡萄球菌属等为酱腌菜发酵中期和后期的主要优势菌属^[10]。不同种类酱腌菜发酵过程中起主导作用的优势菌属不同,这可能是由于蔬菜原料和发酵方式的不同,如:魏斯氏菌属是辣椒发酵

表 1 酱腌菜发酵过程中的核心微生物群落

Table 1 The core microbial community in the fermentation of pickles

酱腌菜	属水平上的主要微生物群落		参考文献
	主要细菌群落	主要真菌群落	
榨菜(芥菜茎)	<i>Lactobacillus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Arcobacter</i> , <i>Vibrio</i> , <i>Halomonas</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Weissella</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Flavobacterium</i> , <i>Sphingomonas</i> , <i>Idiomarina</i> ,	<i>Debaryomyces</i> , <i>Guehomyces</i> , <i>Kazachstania</i> , <i>Sterigmatomyces</i> , <i>Sporidiobolus</i>	[5-7]
发酵萝卜	<i>Pediococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Marinospirillum</i> , <i>Idiomarina</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Halanaerobium</i> , <i>Halomonas</i>	<i>Kazachstania</i> , <i>Pichia</i> , <i>Candida</i> , <i>Millerozyma</i>	[8-9]
发酵豇豆	<i>Lactobacillus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Vibrio</i>	<i>Starmerella</i> , <i>Sugiyamaella</i> , <i>Millerozyma</i>	[10-11]
东北酸菜	<i>Lactobacillus</i> , <i>Serratia</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Enterobacter</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Klebsiella</i>	<i>Candida</i> , <i>Cladosporium</i> , <i>Gibberella</i> , <i>Aspergillus</i>	[12]
发酵辣椒	<i>Weissella</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Tatumella</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Brachybacterium</i> , <i>Microbacterium</i>	<i>Aspergillus</i>	[13-15]
发酵卷心菜	<i>Pediococcus</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Serratia</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Gluconacetobacter</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Achromobacter</i> , <i>Pediococcus</i>	<i>Candida</i> , <i>Periconia</i> , <i>Rhodococcus</i> , <i>Pantoea</i>	[16]
发酵竹笋	<i>Lactobacillus</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Cyanobacteria_norank</i> , <i>Aerococcus</i> , <i>Marinobacterium</i>		[17]
雪里蕻	<i>Lactobacillus</i> , <i>Halanaerobium</i> , <i>Halomonas</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Weissella</i>		[18-19]
发酵黄瓜	<i>Pediococcus</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Pantoea</i> , <i>Acinetobacter</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Citrobacter</i> , <i>Raoultella</i> , <i>Pseudomonas</i>		[20]

前期的优势菌属,并随着发酵的进行,其含量逐渐降低,魏斯氏菌属的存在的原因可能是辣椒发酵中加入的辣椒和大蒜^[15];葡萄球菌属在发酵辣椒和发酵卷心菜发酵中期和后期占主导地位,这可能归因于葡萄球菌属的耐盐特性^[13,16]。

除细菌外,酱腌菜中还存在毕赤酵母、德巴利氏酵母属、假丝酵母属、汉逊酵母属、*Milleromyces* 等相对丰度较高的酵母菌^[21],酵母菌能在缺氧条件下进行酒精发酵,产生的乙醇与有机酸形成酯,从而增加酱腌菜的香味。与细菌群落相似,不同酱腌菜发酵过程中起主导作用的酵母菌也具有特异性,如:*Milleromyces* 在豇豆酱腌菜和萝卜酱腌菜发酵中期丰度较高,但其在酱腌菜发酵中的作用有待进一步分析^[9-10];球拟假丝酵母是豇豆酱腌菜发酵后期的主导菌属,其在豇豆酱腌菜所有微生物中丰度最高^[10],据报道,球拟假丝酵母能显著提高威代尔冰酒中甘油和酒精的产量^[22]。

由上述可知,腌菜中的微生物群落主要以细菌为主,尤其是乳酸菌,其次是酵母菌,这与 Xie 等^[23]研究的中国东北自然发酵豆酱中的微生物群落结构相似,而与发酵面制品、葡萄酒等以酵母菌为主的微生物群落结构相差很大^[24]。

2 酱腌菜中微生物的益生作用

酱腌菜是分离筛选益生菌的优质来源,如乳杆菌属、明串珠菌属、片球菌属和魏斯氏菌属等乳酸菌是参与酱腌菜发酵过程的主要益生菌,具有抗炎、抗氧化、抗肿瘤、免疫调节活性、降低脂肪及胆固醇、抑制病原菌等益生作用。对酱腌菜产品中益生菌的益生作用的研究不仅有助于功能性发酵食品的研发,而且可以为疾病的诊断和治疗提供新的手段。

2.1 抗炎及免疫调节活性

炎症是机体免疫系统对刺激的一种防御反应,这些刺激可能激活炎症信号通路,如核因子(NF- κ B)、丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)、Janus 激酶信号转导子和转录激活子(JAK-STAT)通路,这些通路是许多慢性疾病的病理基础^[25]。研究发现,作为酱腌菜中的益生菌,乳酸菌及其代谢产物对多种炎症及免疫反应具有调节功能^[3]。Le 等^[26]发现芥菜酱腌菜中的植物乳杆菌通过降低细胞中白细胞介素-6(IL-6)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)、诱导型一氧化氮合酶(iNOS)和环氧化酶 2(COX2)的表达水平而显著抑制促炎因子 NO 的产生,对脂多糖诱导的小鼠巨噬细胞炎症反应发挥抑制作用。Masashi 等^[25]研究表明,从泡菜中分离的植物乳杆菌对由 2,4-二硝基氯苯(DNCB)诱导的小鼠皮炎具有抑制作用。

2.2 抗氧化、抗癌活性

从酱腌菜中分离筛选的优势益生菌菌株通过上调 Nrf2 等具有抗氧化作用的转录调控因子的表达发挥抗氧化、抗癌作用。Qian 等^[27]发现从四川泡菜中分离的一株植物乳杆菌,能显著上调 nNOS、Mn-SOD、

Nrf2 等因子的表达,下调 iNOS(诱导型一氧化氮合酶)在小鼠肝脏和脾脏的表达,进而拮抗 D-半乳糖诱导的小鼠氧化和衰老,说明该植物乳杆菌是具有抗氧化、抗衰老作用的优质乳酸菌。Thiruvengadam 等^[28]从印度酸菜中筛选和鉴定出了副干酪乳杆菌,其产生的胞外多糖具有自由基和过氧化氢清除能力等抗氧化能力,说明副干酪乳杆菌及其多糖可用于抗氧化剂的开发。Liu 等^[29]从四川泡菜中分离和鉴定的发酵乳杆菌菌株上调了舌癌组织中 Nrf2、HO-1、GST 和 Bax 等具有抗氧化应激作用的转录调控因子的表达,进而降低舌癌对免疫系统和氧化平衡的影响,增强了抗氧化能力,从而具有预防舌癌的作用。

2.3 降低脂质、胆固醇作用

国内外研究表明:含有乳酸菌的发酵食品具有降低胆固醇能力,长期服用乳酸菌发酵食品可以预防心血管疾病的发生^[30]。马长路等^[31]从自然发酵的传统东北发酵酸菜中分离出了具有降胆固醇能力的植物乳杆菌。Zhu 等^[32]从四川泡菜中分离的一株植物乳杆菌能通过 PPAR- α 信号通路有效抑制高脂饮食诱导的小鼠肥胖。Wang 等^[33]从东北酸菜中分离出的戊糖乳杆菌可通过 AMPK 信号通路改善高脂饮食诱导的高脂血症。因此酱腌菜中的优势乳酸菌可通过对体内信号通路的调节调控心血管疾病的发生。

2.4 其他有益功能

酱腌菜中的微生物还具有缓解便秘、预防糖尿病、改善非酒精性脂肪肝等作用。Li 等^[34]发现从泡菜中分离的一株植物乳杆菌能有效缓解便秘,具有良好的益生菌潜力和应用价值。Huang 等^[35]从酸菜中筛选鉴定出一种植物乳杆菌,其代谢产生的胞外多糖能有效抑制胰腺 α -淀粉酶的活性,在预防和缓解糖尿病方面具有潜在的应用价值。Park 等^[36]发现从韩国发酵卷心菜中分离的两株植物乳杆菌对高脂肪高糖饮食诱导的大鼠非酒精性脂肪肝具有控制作用,是非酒精性脂肪性肝病的潜在治疗剂。

3 酱腌菜中微生物与风味品质形成的关系及机制研究

近年来,利用转录组学、宏基因组学等对酱腌菜中的微生物的代谢研究表明,在酱腌菜发酵过程中,首先是由微球菌属等环境微生物启动发酵,然后是以明串珠菌为主导的同型乳酸发酵,最后是以乳杆菌属为主导的异性乳酸发酵^[19],整个代谢过程形成了有机酸、游离氨基酸、游离糖以及挥发性风味物质等多种代谢产物,因此,酱腌菜中的微生物与风味品质的形成具有重要关系,是风味物质形成的最重要的途径。

3.1 酱腌菜中微生物对风味形成的影响机制

如图 1 所示,在酱腌菜发酵过程中,微生物在体内酶的作用下,通过碳水化合物代谢、氨基酸代谢、脂肪代谢三种途径,将酱腌菜中的脂肪、蛋白质和碳水化合物等大分子营养物质分解为游离脂肪酸、葡

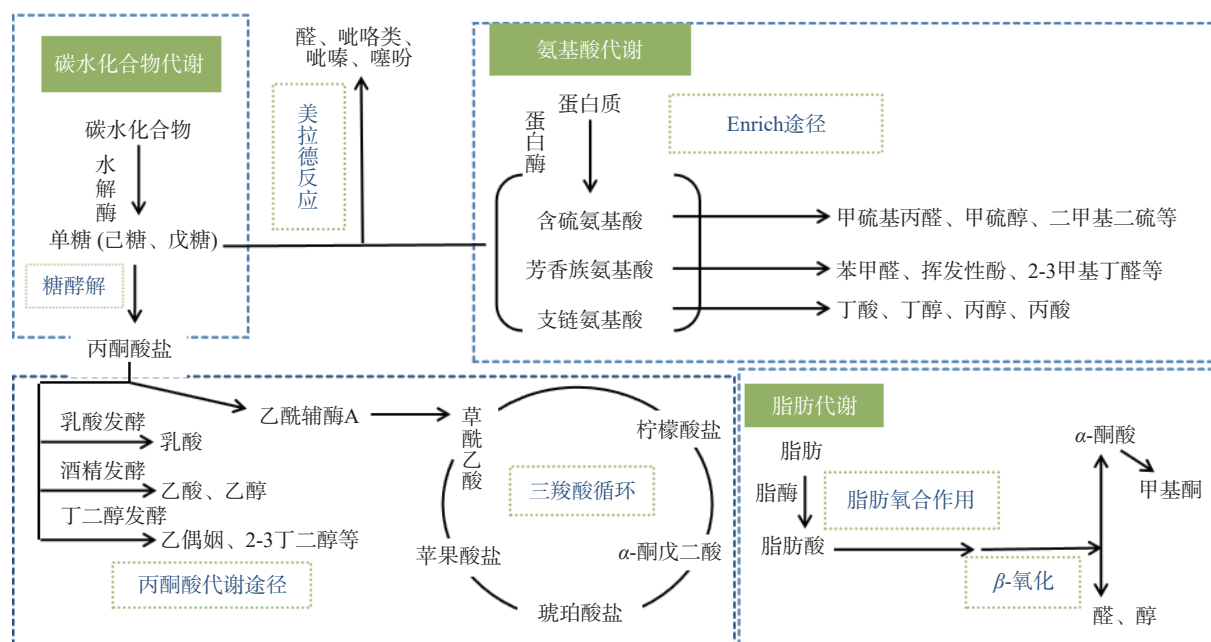


图1 微生物代谢途径中风味物质的形成机制

Fig.1 Mechanism for the formation of flavor substances in the microbial metabolic pathway

葡萄糖和半乳糖、短链肽等初级代谢产物,并进一步代谢生成多种次级代谢产物,形成酱腌菜独特的风味^[37]。碳水化合物代谢是微生物利用酱腌菜汁液中的营养物质在水解酶的作用下,生成单糖,并进一步通过糖酵解途径将单糖转化为丙酮酸,随后,酱腌菜中的乳酸菌、酵母菌等优势微生物通过乳酸发酵、酒精发酵、丁二醇发酵、有机酸发酵将丙酮酸转化成乳酸、乙醇、乙醛、乙偶姻及多种挥发性风味物质。其中,乳酸发酵是最重要的代谢过程,分为同型乳酸发酵和异型乳酸发酵,明串珠菌属、乳球菌属和部分乳杆菌属为异型乳酸发酵的主要乳酸菌,在酱腌菜发酵前期含量丰富,片球菌属、乳杆菌属、魏斯氏菌属等为同型乳酸发酵的主要乳酸菌,在发酵中期和后期含量丰富^[38]。乳酸菌通过乳酸发酵产生乳酸,使酱腌菜具有独特的酸味。在榨菜发酵过程中,乳杆菌属和片球菌属可通过丙酮酸代谢途径将丙酮酸分解为乳酸^[5]。氨基酸代谢是微生物在转氨酶、脱氢酶、脱羧酶、裂解酶的作用下,通过 Enrich 途径,将支链氨基酸转化为酸类和醇类,将含硫氨基酸转化为含硫化物,将芳香族氨基酸转化为苯甲醛、挥发性酚等风味成分^[39]。由于原辅料的加入,酱腌菜中还存在脂肪代谢,即微生物通过脂肪氧合作用和 β -氧化作用将脂肪酸转化为醛类、酮类、羟基脂肪酸等。综上所述,通过微生物代谢,酱腌菜发酵生成了有机酸、游离氨基酸、糖类以及多种挥发性风味物质。但是微生物的代谢功能与风味形成之间的相关性还需要进一步研究。

3.2 微生物代谢产生有机酸

有机酸是酱腌菜中最重要的呈味物质。在酱腌菜发酵初期,微生物会将蔬菜汁液中的碳水化合物通过糖酵解途径生成丙酮酸等代谢产物,丙酮酸等代谢

产物在微生物体内酶的作用下又会进一步被降解为乳酸,如榨菜发酵过程中,片球菌属和乳杆菌属体内含有的 L-乳酸脱氢酶能将丙酮酸分解为 L-乳酸^[5]。目前,大量研究表明,乳杆菌属、魏斯氏菌属、片球菌属等优势乳酸菌都与有机酸的生成有关。如有研究发现魏斯氏菌和植物乳杆菌共接种发酵泡菜可以加速泡菜发酵初期非挥发性有机酸的生成^[40]。马艺荧^[41]研究发现,乳杆菌属和片球菌属是东北酸菜发酵过程中的主要优势菌属,并且与乳酸、乙酸、琥珀酸、草酸等有机酸的产生有关,片球菌属与发酵后期丙酸和戊酸含量的增加有关,使酸菜具有尖酸味儿。酱腌菜中的乳酸菌与有机酸生成的相关性还需要进一步的分析,并且有机酸可能有助于酱腌菜产品的最终风味的形成。

3.3 微生物代谢产生氨基酸

氨基酸是酱腌菜中呈鲜物质的重要贡献者,目前,在腌制蔬菜中已发现的氨基酸达 30 多种^[42]。根据氨基酸的呈味特性,可以将其分为鲜味、甜味、苦味、无味四种。天冬氨酸和谷氨酸具有鲜味特征;丝氨酸、半胱氨酸具有甜味特征;亮氨酸,苯丙氨酸具有苦味特征^[43]。Wang 等^[44]发现谷氨酰胺、精氨酸、天冬酰胺是辣椒糜发酵过程中含量较高的氨基酸,是苦味和鲜味的来源。在酱腌菜发酵过程中,氨基酸含量随着发酵时间的增加呈现先增加后减少趋势。首先酱腌菜中的微生物利用蛋白质作为氮源,将蛋白质分解为多种氨基酸。如 Xiao 等^[16]发现酱腌菜发酵中期氨基酸浓度普遍升高,产生四种必需氨基酸:缬氨酸、亮氨酸、异亮氨酸和赖氨酸。Zhao 等^[45]研究发现泡菜卤水中的植物乳杆菌、布氏乳杆菌和乙醇球菌共同作用可显著增加泡菜中的谷氨酸、甘氨酸含量。Luo 等^[46]发现用明串珠菌、乳杆菌和魏斯氏

菌混合接种发酵酱腌菜,可使产品中乳酸、甘露醇、鲜味和甜味氨基酸含量增加。可见,酱腌菜中氨基酸种类和含量的增加是多菌共同作用的结果。随着发酵的进行,酱腌菜中的微生物也可分解氨基酸产生苯乳酸、乙酸苯酯及苯乙醇等风味物质,如在泡菜发酵后期,微生物含有的谷氨酸脱氢酶可将谷氨酸转化为 γ -氨基丁酸^[45],氨基酸含量逐渐减少并趋于稳定。

3.4 微生物代谢产生游离糖

游离糖既是酱腌菜中重要的呈甜物质,也是微生物代谢的能量来源。发酵初期,异型乳酸发酵会将糖类大分子转化为葡萄糖、果糖等游离糖,使酱腌菜中的游离糖含量上升。如在榨菜发酵前期,明串珠菌会将多余的大分子糖类转化为葡萄糖和甘糖醇。随着微生物的大量繁殖,游离糖又会被分解为醇类、酸类、酯类等挥发性风味物质^[47]。故在酱腌菜发酵过程中游离糖含量先短暂增加,后一直呈减少趋势。

3.5 微生物代谢产生挥发性风味物质

酱腌菜中微生物发酵产生的挥发性风味物质有酸类、酮类、醛类、酚类、醇类、酯类、烃类、醚类、含硫化合物等。表 2 是利用气相色谱-质谱联用法(GC-MS)分析的几种酱腌菜产品中的主要挥发性风味物质。

由表 2 可知,利用不同蔬菜种类发酵而成的酱腌菜产品中的风味物质不同。如竹笋经微生物发酵后,生成了乙醇、1-己醇、己醛、甲氧基苯基胍等风味物质,这些风味成分共同构成了酸笋的酸臭味^[52]。大叶芥菜发酵过程中生成了具有芳香气味的腈类物质,主要是乙烯乙腈和烯丙基腈,对发酵芥菜的香气成分有很大影响。腈类物质主要是通过硫代葡萄糖苷经芥子酶降解生成的配糖体脱去硫原子而形成^[53]。然而,在发酵过程中,新鲜蔬菜中一些原有的风味成分含量逐渐减少,如在芥菜发酵过程中,原本含有的异硫氰酸酯类和醛类物质逐渐被酶和微生物分解^[5],使生成的榨菜辛辣味减弱。

由表 1、表 2 所知,不同种酱腌菜中所含的风味成分不同,主要归因于不同种类蔬菜发酵过程中发挥作用的核心微生物有差别,然而,有研究发现,同种蔬菜发酵过程因加入的优势菌种不同,产生的风味也有

差别。如 Liang 等^[12]发现用植物乳杆菌发酵酸菜可以提高酸菜中醇类、酯类、烃类和腈类物质的浓度,而 Zhao 等^[54]用副干酪乳杆菌接种发酵酸菜,发现相比自然发酵,可以加速和增加酸菜中游离糖的消耗,并且生成更多的萜类、酮类和醚类等风味成分。酱腌菜中某些优势菌种的添加可以促进特定风味物质的生成,如有研究发现,将戊糖乳杆菌作为益生菌发酵剂用于葱属植物的发酵,发酵过程中产生了更多的具有强烈的香味和多种健康益处烯丙基硫醇,说明戊糖乳杆菌可以促进烯丙基硫醇的生成^[55]。

4 酱腌菜中微生物的控制与利用

微生物发酵是蔬菜腌制过程中是最重要的生物过程,其中,有益微生物利用蔬菜中的蛋白质、糖类等营养物质,代谢产生多种风味物质,赋予酱腌菜清脆、爽口的口感和适宜的酸味。而有害微生物会大量分解糖类产生令人不愉快气味的丁酸、生成有害物质亚硝胺及使产品发霉、变质。因此,为提高酱腌菜的风味品质,对酱腌菜中的有害微生物的控制及功能性微生物的利用显得越来越重要。

4.1 酱腌菜中有害微生物的控制技术

4.1.1 非热杀菌工艺 非热杀菌技术有超高压杀菌、辐照杀菌、臭氧杀菌、低温等离子体杀菌、高密度二氧化碳杀菌。近年来,低温等离子体处理、高密度二氧化碳(DPCD)技术作为新型的非热加工技术在食品保鲜方面显示出了潜力。低温等离子体处理原理是等离子体中存在的活性自由基、带电粒子、紫外线灯与细菌发生物理化学反应,可以有效地破坏细菌、病毒及其他代谢产物,在产品贮藏期间抑制腐败微生物生长,是一种快速、安全、无毒性残留的新型广谱杀菌技术。Zhao 等^[56]发现低温等离子体处理萝卜酱腌菜能够有效地去除酵母菌,尤其是产气酵母菌,同时保留乳酸菌,具有与巴氏杀菌相似的安全品质。高密度二氧化碳(DPCD)杀菌是通过二氧化碳的分子效应和压力来达到杀菌和钝酶的目的,与热杀菌相比,DPCD 技术在低温条件下就能有效杀菌,与超高压相比,能最大限度地保持食品的营养、风味及新鲜度^[57]。有研究表明^[58],DPCD 作为一种新型的非热杀菌技术,与热处理相比显著提高了腌制胡萝卜的硬

表 2 酱腌菜产品中的主要挥发性风味物质
Table 2 Main volatile flavor compounds in pickles

酱腌菜	挥发性风味物质	参考文献
发酵辣椒	芳樟醇, 4-甲基-1-戊醇, 桉树脑, 水杨酸甲酯, 癸酸, 乙酯, α -紫罗兰酮, 苯酚, 苯乙烯, 十一酸, 乙酯, 2-甲氧基-4-乙烯基苯酚	[2,44,48]
发酵萝卜	吡啶-2-硫酮, 二甲基三硫, 3-(甲硫基)丙基异硫氰酸酯, 二甲基苯甲醛, 壬醛	[9]
发酵豇豆	3-辛醇, 3-辛烯醇, 二甲基己烯, 环庚烯乙醇, 二甲基苯甲醛, 壬醛	[2]
东北酸菜	壬酸乙酯, 2-甲基戊酸乙酯, 二甲基二硫化物	[49]
糖醋蒜	二烯丙基硫醚, 二烯丙基二硫醚, 异丁香酚, 乙酸丁酯, 3-甲基丁醇, 丙酮	[50]
雪菜	异硫氰酸酯类, 苯甲醛, 苯乙醇, 二甲基二硫乙酸乙酯, 3-丁烯腈, 苯酚, 乙醇, 3-(2,6,6-三甲基-1-环己烯-1-基)丙烯醛	[18,51]
发酵竹笋	乙醇, 1-己醇, 己醛, 甲氧基苯基胍, 1-辛烯-3-醇, 香叶醇, 对甲酚, 壬醛, 癸醛, (E)-2-壬烯醛, 苯乙醇	[52]
榨菜	异硫氰酸酯, 己醛, (戊)-2-己烯醛, 苯甲醛, 苯乙醛, 3-丁烯腈, 乙醇, (Z)-3-己烯醇, 苯乙醇, 乙酸乙酯, 乙酸丁酯, 二甲基二硫化物	[5-7]
发酵大叶芥菜	异硫氰酸烯丙酯, 苯甲醛, 苯乙醛, β -紫罗酮和6-甲基-3-庚酮, 3,5,5-三甲基-1-己烯, 乙烯乙腈, 烯丙基腈	[53]

度、色泽和 β -胡萝卜素含量。

4.1.2 真空包装技术 目前,酱腌菜常用的包装技术有充气包装、气调包装、罐装、无菌包装、盐溶液包装、真空包装等。因导致酱腌菜腐败变质的微生物多数为好氧性微生物,而在真空条件下大多数好氧细菌和真菌的繁殖受到抑制,因此真空包装是现今酱腌菜生产中应用较广的包装技术,它能延长产品的货架期、防止产品腐败变质、保持产品的色、香、味、形及营养价值。Ge等^[59]发现,与充气包装和盐溶液包装相比,真空包装能抑制微生物入侵,降低果胶酶活性,使酱腌菜的可溶性果胶含量增加,从而使酱腌菜在贮藏过程中的硬度提高。Zhao等^[60]发现与传统的盐溶液包装相比,真空包装对生物胺、亚硝酸盐和氨基酸态氮的产生抑制效果最好,这说明真空包装在酱腌菜生产中的应用更具有安全性。

4.2 腌菜中功能性微生物的利用

4.2.1 新型功能性发酵剂的选用 从酱腌菜中分离筛选出的优势菌株可用作发酵剂生产具有目标功能特性的酱腌菜。一是人工接种可用来生产低盐酱腌菜的发酵剂,如He等^[61]发现,与酸菜中的弯曲乳杆菌在低盐浓度下生长更占优势,且可滴定酸和乳酸浓度均高于高处理盐浓度的酸菜,可见,该弯曲乳杆菌菌株可作为优良新型发酵剂来生产低盐酱腌菜。二是某些优势菌株作为发酵剂还可降解酱腌菜中的亚硝酸盐,人工接种具有亚硝酸盐还原作用的优势菌株是目前控制酱腌菜中亚硝酸盐含量的新工艺。有研究发现,酸菜中的假单胞菌具有硝酸还原酶基因和亚硝酸盐还原酶基因,其中亚硝酸盐还原酶可介导亚硝酸盐还原为氨,该发现为酸菜中亚硝酸盐的检测乃至消除提供了新的有力依据^[62]。Du等^[63]以干酪乳杆菌作为发酵剂接种发酵酸菜,降低了酸菜发酵过程中的亚硝酸盐浓度。三是选择无毒的不产生生物胺的益生菌作为发酵剂可作为目前酱腌菜生产的新工艺,由微生物分泌的脱羧酶对氨基酸进行脱羧产生生物胺,生物胺含量超标是酱腌菜产品存在的主要问题,具有健康风险。有研究发现从传统家庭自制酱腌菜中分离的一株植物乳杆菌分离物未检测到任何生物胺,说明该植物乳杆菌不产生生物胺,是一种理想的发酵剂,可用于酱腌菜的发酵生产^[64]。

4.2.2 新型天然微生物防腐剂的利用 天然微生物防腐剂是一种新型防腐剂,相比化学防腐剂,天然微生物防腐剂具有安全、无毒、价格低廉、易获取等优点。微生物对病原菌的抑制机理是:细菌在代谢过程中会生成细菌素,细菌素是一种具有抑菌活性的多肽或前体多肽,对病原菌具有拮抗作用^[65]。目前,已在酱腌菜中分离和鉴定了多种具有抑制病原菌作用的益生菌。Joana等^[66]分离筛选的植物乳杆菌能产生对单核细胞增生李斯特菌具有抑制作用的细菌素,可作为一种新型天然生物防腐剂。Sungmin等^[65]从自然发酵泡菜中分离筛选和鉴定了一株产细菌素的解

淀粉芽孢杆菌,该菌株产生的细菌素对食源性致病菌单核细胞增生李斯特氏菌具有抑制作用,表明从泡菜中分离的解淀粉芽孢杆菌可被视为候选生物防腐剂,应用于食品加工。另外,Lü等^[67]从泡菜中分离出了具有较强群体猝灭活性的植物乳杆菌,该菌株能够破坏温和气单胞菌(一种革兰氏阴性病原体,其毒力因子的产生和生物膜的形成受群体感应系统的调节)的生物膜结构、降低预制生物膜的厚度,因此,该植物乳杆菌是一种很有前途的群体感应抑制剂,可作为食品加工过程中的新型防腐剂使用。

5 结语与展望

近年来,随着人们生活水平的提高和生活方式的变化,酱腌菜产品的风味品质及对人体健康问题受到了极高的重视。目前,国内外研究学者已经对酱腌菜中微生物的多样性及其益生作用、微生物与产品风味品质的相关性及其作用机制等方面进行了深入研究。在此基础上,研究学者们从酱腌菜中筛选出了多种功能微生物作为发酵剂和天然防腐剂,为生产具有独特风味和营养品质的优质酱腌菜提供了重要参考。

随着宏基因组学、蛋白质组学、转录组学等分子生物学技术的发展,未来对酱腌菜的研究可从以下几个方面进行。一是更加全面深入地探究酱腌菜中微生物的生理特征、遗传特性,揭示酱腌菜中微生物的演替规律以及微生物对风味物质形成的影响机制。在深入研究酱腌菜中微生物与风味品质相关性的基础上,筛选具有特定功能性的优良菌株作为发酵剂生产优质酱腌菜。二是针对目前酱腌菜的加工方式仍然以自然发酵为主,存在生产周期长、产品外观色泽差、产品风味品质不稳定等问题,要更加深入地探讨酱腌菜的新型加工工艺。三是传统工艺制作的酱腌菜常加入大量化学添加剂如甜味剂、色素、防腐剂等,然而,化学添加剂的过量会对人体肾脏造成负担,因此,应选用新型天然原辅料替代化学添加剂,不仅能提高产品营养价值和风味品质,还保证了产品的安全性。另外,为了提高酱腌菜产品的品质与安全性,还应深入研究既能提高检测效率、又能减小检测带来的产品损害的新型检测技术。酱腌菜产品新型检测技术的研究与开发将为酱腌菜产业的升级以及现代化加工提供新的理论支撑。

参考文献

- [1] 洪光住. 我国各类型酱腌菜起源史[J]. 中国调味品, 1987(1): 24-27. [HONG G Z. The origin history of pickles in China[J]. China Condiment, 1987(1): 24-27.]
- [2] RAO Y, QIAN Y, TAO Y F, et al. Characterization of the microbial communities and their correlations with chemical profiles in assorted vegetable Sichuan pickles[J]. Food Control, 2020, 113: 107174.
- [3] ROGHAYEH S, FARZANEH S, RANA B, et al. Anti-inflammatory and immunomodulatory properties of fermented plant

- foods[J]. *Nutrients*, 2021, 13(5): 1516.
- [4] WARD D M, WELLER R, BATESON M M. 16S rRNA sequences reveal numerous uncultured microorganisms in a natural community[J]. *Nature*, 1990, 345(6270): 63–65.
- [5] LIANG H P, CHEN H Y, ZHANG W X, et al. Investigation on microbial diversity of industrial Zhacai paocai during fermentation using high-throughput sequencing and their functional characterization[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2018, 91: 460–466.
- [6] ZHANG C C, ZHANG J M, LIU D. Biochemical changes and microbial community dynamics during spontaneous fermentation of Zhacai, a traditional pickled mustard tuber from China[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2021, 347: 109199.
- [7] YANG J X, LI F Z, ZHANG Y L, et al. Metagenomic analysis of microbial community succession during the pickling process of Zhacai (preserved mustard tuber) and its correlation with Zhacai biochemical indices[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2020, 101(4): 1646–1658.
- [8] TANG Y Y, ZHOU X R, HUANG S G, et al. Microbial community analysis of different qualities of pickled radishes by Illumina MiSeq sequencing[J]. *Journal of Food Safety*, 2019, 39(2): e12596.
- [9] YU R, TAO Y F, CHEN X, et al. The characteristics and correlation of the microbial communities and flavors in traditionally pickled radishes[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2020, 118: 108804.
- [10] 魏雯丽, 宫尾茂雄, 吴正云, 等. 基于宏转录组学技术解析工业豇豆泡菜发酵过程中活性微生物群落结构变化[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(10): 60–65. [WEI W L, GONG W M X, WU Z Y, et al. Analysis of community structure changes of active microorganisms during fermentation of industrial cowpea pickles based on metatranscriptomics[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2020, 46(10): 60–65.]
- [11] GUO Z, WANG Y R, XIANG F S, et al. Bacterial diversity in pickled cowpea (*Vigna unguiculata* [Linn.] Walp) as determined by illumina miseq sequencing and culture-dependent methods[J]. *Current Microbiology*, 2021, 78(4): 1–12.
- [12] LIANG H P, HE Z, WANG X Y, et al. Effects of salt concentration on microbial diversity and volatile compounds during suancai fermentation[J]. *Food Microbiology*, 2020, 91: 103537.
- [13] XU X X, WU B B, ZHAO W T, et al. Correlation between autochthonous microbial communities and key odorants during the fermentation of red pepper (*Capsicum annuum* L.)[J]. *Food Microbiology*, 2020, 91: 103510.
- [14] SONG H Y, WHON T W, KIM J, et al. Microbial niches in raw ingredients determine microbial community assembly during kimchi fermentation[J]. *Food Chemistry*, 2020, 318: 126481.
- [15] WANG J, WANG R, XIAO Q, et al. Analysis of bacterial diversity during fermentation of Chinese traditional fermented chopped pepper[J]. *Letters in Applied Microbiology*, 2019, 69(5): 346–352.
- [16] XIAO Y S, XIONG T, PENG Z, et al. Correlation between microbiota and flavours in fermentation of Chinese Sichuan paocai[J]. *Food Research International*, 2018, 114: 123–132.
- [17] 李薇, 吴良如, 索化夷, 等. 基于高通量测序方法研究腌制麻竹笋发酵过程中细菌群落的动态演替[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(24): 9–15. [LI W, WU L R, SUO H Y, et al. Study on the dynamic succession of bacterial community during the fermentation of pickled *Dendrocalamus latiflorus* shoots by high-throughput sequencing[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2020, 46(24): 9–15.]
- [18] ZHANG J M, ZHANG C C, XIN X T, et al. Comparative analysis of traditional and modern fermentation for Xuecai and correlations between volatile flavor compounds and bacterial community[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 631054.
- [19] ZHANG J M, ZHANG C C, WU W C, et al. Correlation of the bacterial communities with umami components, and chemical characteristics in Zhejiang Xuecai and fermented brine[J]. *Food Research International*, 2021, 140: 109986.
- [20] PÉREZ-DÍAZ I M, DICKEY A N, FITRI R, et al. Modulation of the bacterial population in commercial cucumber fermentations by brining salt type[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2020, 128(6): 1678–1693.
- [21] AN F Y, SUN H J, WU J R, et al. Investigating the core microbiota and its influencing factors in traditional Chinese pickles[J]. *Food Research International*, 2021, 147(5): 110543.
- [22] 洪梦楠. *Starmerella bacillaris* 酵母的筛选及其在威代尔冰酒酿造中的应用[D]. 锦州: 锦州医科大学, 2020. [HONG M N. Screening of *Starmerella bacillaris* yeast and its application in the production of wedale ice wine[D]. Jinzhou Medical University, 2020.]
- [23] XIE M X, AN F Y, ZHAO Y, et al. Metagenomic analysis of bacterial community structure and functions during the fermentation of da-jiang, a Chinese traditional fermented food[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2020, 129(5): 109450.
- [24] 王雪薇, 杜展成, 武运, 等. 葡萄酒功能性微生物选育研究进展[J]. *中外葡萄与葡萄酒*, 2018, 222(6): 87–91. [WANG X W, DU Z C, WU Y, et al. Research progress on breeding of functional microorganisms in wine[J]. *Grape and Wine at Home and Abroad*, 2018, 222(6): 87–91.]
- [25] MASASHI M, NOBUAKI O, HIROSHIGE K. *Lactiplantibacillus plantarum* 22A-3 isolated from pickle suppresses ovalbumin-induced food allergy in BALB/c mice and 2, 4-dinitrochlorobenzene-induced atopic dermatitis in NC/Nga mice[J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2021, 132(3): 271–278.
- [26] LE B, ANH P T, YANG S H, et al. Enhancement of the anti-inflammatory effect of mustard kimchi on RAW 264.7 macrophages by the *Lactobacillus plantarum* fermentation-mediated generation of phenolic compound derivatives[J]. *Foods*, 2020, 9(2): 181.
- [27] QIAN Y, ZHANG J, ZHOU X R, et al. *Lactobacillus plantarum* CQPC11 isolated from Sichuan pickled cabbages antagonizes D-galactose-induced oxidation and aging in mice[J]. *Molecules*, 2018, 23(11): 3026.
- [28] THIRUVENGADAM S, SELVAM P, DURAIRAJ K, et al. Biomedical and therapeutic potential of exopolysaccharides by *Lactobacillus paracasei* isolated from sauerkraut: Screening and characterization[J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2021,

- 28(5): 2943–2950.
- [29] LIU B H, ZHANG J, YI R K, et al. Preventive effect of *Lactobacillus fermentum* CQPC08 on 4-nitroquinoline-1-oxide induced tongue cancer in C57BL/6 mice[J]. *Foods*, 2019, 8(3): 93.
- [30] 胡勇, 文晓荣, 常自超, 等. 降胆固醇乳酸菌的分离鉴定[J]. *中国乳品工业*, 2015, 43(2): 20–23. [HU Y, WEN X Y, CHANG Z C, et al. Isolation and identification of cholesterol lowering lactic acid bacteria[J]. *China Dairy Industry*, 2015, 43(2): 20–23.]
- [31] 马长路, 焦梦丽, 罗红霞, 等. 传统东北酸菜中乳杆菌的分离鉴定及其降胆固醇特性研究[J]. *食品研究与开发*, 2019, 40(21): 209–213. [MA C L, JIAO M L, LUO H X, et al. Isolation and identification of *Lactobacillus* from traditional northeast sauerkraut and its cholesterol lowering characteristics[J]. *Food Research and Development*, 2019, 40(21): 209–213.]
- [32] ZHU K, TAN F, MU J F, et al. Anti-obesity effects of *Lactobacillus fermentum* CQPC05 isolated from Sichuan pickle in high-fat diet-induced obese mice through PPAR- α signaling pathway[J]. *Microorganisms*, 2019, 7(7): 194.
- [33] WANG Y, YOU Y, TIAN Y, et al. *Pediococcus pentosaceus* PP04 ameliorates high-fat diet-induced hyperlipidemia by regulating lipid metabolism in C57BL/6N mice[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2020, 68(51): 15154–15163.
- [34] LI F, ZHOU H, ZHOU X R, et al. *Lactobacillus plantarum* CQPC05 isolated from pickled vegetables inhibits constipation in mice[J]. *Applied Sciences*, 2019, 9(1): 159.
- [35] HUANG Z H, F X, ZHU X Y, et al. An exopolysaccharide from *Lactobacillus plantarum* H31 in pickled cabbage inhibits pancreas α -amylase and regulating metabolic markers in HepG2 cells by AMPK/PI3K/Akt pathway[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2020, 143(5): 775–784.
- [36] PARK E J, LEE Y S, KIM S M, et al. Beneficial effects of *Lactobacillus plantarum* strains on non-alcoholic fatty liver disease in high fat/high fructose diet-fed rats[J]. *Nutrients*, 2020, 12(2): 542.
- [37] MIN K P, YOUNG S K. Mass spectrometry based metabolomics approach on the elucidation of volatile metabolites formation in fermented foods: A mini review[J]. *Food Science and Biotechnology*, 2021, 30(7): 881–890.
- [38] KIM K H, CHUN B H, BAEK J H, et al. Genomic and metabolic features of *Lactobacillus sakei* as revealed by its pan-genome and the metatranscriptome of kimchi fermentation[J]. *Food Microbiology*, 2020, 86: 103341.
- [39] MARILLEY L, CASEY M G. Flavours of cheese products: Metabolic pathways, analytical tools and identification of producing strains[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2004, 90(2): 139–159.
- [40] XIANG W L, ZHANG N D, LU Y, et al. Effect of *Weissella cibaria* co-inoculation on the quality of Sichuan pickle fermented by *Lactobacillus plantarum*[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2020, 121: 108975.
- [41] 马艺莹. 东北酸菜发酵过程中细菌多样性及有机酸的变化规律[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2019. [MA Y Y. Variation of bacterial diversity and organic acids during fermentation of northeast sauerkraut[D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2019.]
- [42] 徐娟娟, 刘东红. 腌制蔬菜风味物质组成及其形成机理研究进展[J]. *食品工业科技*, 2012, 33(11): 414–417. [XU J D, LIU D H. Research progress on flavor components and formation mechanism of pickled vegetables[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2012, 33(11): 414–417.]
- [43] 李晓. 低盐腌渍黄瓜质构与风味变化的研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2019. [LI X. Study on texture and flavor changes of low salt pickled cucumber[D]. Shandong Agricultural University, 2019.]
- [44] WANG Y R, ZHOU H, DING S H, et al. Changes in free amino acids of fermented minced peppers during natural and inoculated fermentation process based on HPLC-MS/MS[J]. *Journal of Food Science*, 2020, 85(9): 2803–2811.
- [45] ZHAO N, ZHANG C, YANG Q, et al. Selection of taste markers related to lactic acid bacteria microflora metabolism for Chinese traditional paocai: A gas chromatography-mass spectrometry-based metabolomics approach[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2016, 64(11): 2415–22.
- [46] LUO Y L, LIU Y L, REN T, et al. Sichuan paocai fermented by mixed-starter culture of lactic acid bacteria[J]. *Food Science and Nutrition*, 2020, 8(10): 5402–5409.
- [47] 吴晓红, 高生平, 蒋彩云, 等. 榨菜发酵过程中原核微生物群落结构及其理化因子的动态演替[J]. *食品与发酵工业*, 2021, 47(1): 27–34. [WU X H, GAO S P, JIANG C Y, et al. Dynamic succession of prokaryotic microbial community structure and its physicochemical factors in mustard tuber fermentation process[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2021, 47(1): 27–34.]
- [48] XU X X, WU B B, ZHAO W T, et al. Shifts in autochthonous microbial diversity and volatile metabolites during the fermentation of chili pepper (*Capsicum frutescens* L.)[J]. *Food Chemistry*, 2021, 335: 127512.
- [49] XIAO Y S, HUANG T, HUANG C, et al. The microbial communities and flavour compounds of Jiangxi yancai, Sichuan paocai and Dongbei suancai: Three major types of traditional Chinese fermented vegetables[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2020, 121: 108865.
- [50] 肖岚, 李娟, 孟金蕾. 腌制对大蒜挥发性风味物质以及生物活性物质的影响[J]. *食品与发酵工业*, 2021(14): 183–189. [Xiao L, Li J, MENG J L. Effects of pickling on volatile flavor compounds and bioactive compounds of garlic[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2021(14): 183–189.]
- [51] 刘大群, 张程程. 基于厌氧环境的低盐雪菜挥发性风味物质分析[J]. *食品工业科技*, 2018, 39(22): 225–230, 234. [LIU D Q, ZHANG C C. Analysis of volatile flavor compounds in low salt sauerkraut based on anaerobic environment[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2018, 39(22): 225–230, 234.]
- [52] ZHENG J, ZANG F S, ZHOU C H, et al. Comparison of flavor compounds in fresh and pickled bamboo shoots by GC-MS and GC-olfactometry[J]. *Japanese Society for Food Science and Technology*, 2014, 20(1): 129–138.
- [53] 陈艳, 蒋依琳, 唐玉娟, 等. 大叶芥菜发酵过程中挥发性成

- 分变化研究[J]. 食品科技, 2019, 44(11): 90–96. [CHEN Y, JIANG Y L, TANG Y J, et al. Study on the changes of volatile components in the fermentation process of *Brassica juncea*[J]. Food Science and Technology, 2019, 44(11): 90–96.]
- [54] ZHAO D, DU R P, PING W X, et al. *Lactobacillus paracasei* HD1.7 used as a starter modulates the bacterial community and metabolome profile during fermentation of Chinese cabbage[J]. *Letters in Applied Microbiology*, 2018, 67(4): 411–419.
- [55] MI J Y, HEE S, YUN K, et al. *Lactobacillus pentosus* SMB718 as a probiotic starter producing allyl mercaptan in garlic and onion-enriched fermentation[J]. *Food and Function*, 2020, 11(12): 10913–10924.
- [56] ZHAO N, GE L H, HUANG Y L, et al. Impact of cold plasma processing on quality parameters of packaged fermented vegetable (radish paocai) in comparison with pasteurization processing: insight into safety and storage stability of products[J]. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*, 2020, 60: 102300.
- [57] 刘文营, 黄丽燕, 卢晓明, 等. 高密度二氧化碳技术在食品加工中的应用研究[J]. 食品工业科技, 2011, 32(12): 509–511, 514. [LIU W Y, HUANG L Y, LU X M, et al. Research of the application of dense phase carbon dioxide in food processing[J]. Food Industry Science and Technology, 2011, 32(12): 509–511, 514.]
- [58] WANG D, MA Y, SUN X, et al. Effect of dense phase carbon dioxide treatment on physicochemical and textural properties of pickled carrot[J]. *CyTA-Journal of Food*, 2019, 17(1): 988–996.
- [59] 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.
- [60] ZHAO N, LAI H M, HE W, et al. Reduction of biogenic amine and nitrite production in low-salt paocai by controlled package during storage: A study comparing vacuum and aerobic package with conventional salt solution package[J]. *Food Control*, 2020, 123: 107858.
- [61] 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.
- [62] SONG Q Z, ZHAO F K, WANG B B, et al. Metagenomic insights into Chinese northeast suancai: predominance and diversity of genes associated with nitrogen metabolism in traditional household suancai fermentation[J]. *Food Research International*, 2021, 139: 109924.
- [63] DU R P, SONG G, ZHAO D, et al. *Lactobacillus casei* starter culture improves vitamin content, increases acidity and decreases nitrite concentration during sauerkraut fermentation[J]. *International Journal of Food Science and Technology*, 2018, 53(8): 1925–1931.
- [64] PRIYANKA V, RAMESHA A, GAYATHRI D, et al. Molecular characterization of non-biogenic amines producing *Lactobacillus plantarum* GP11 isolated from traditional pickles using HRESI-MS analysis[J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2021, 58(6): 2216–2226.
- [65] SUNGMIN J, CHAERIN W, IRORITA F J, et al. Bacteriocinogenic potential of *Bacillus amyloliquefaciens* isolated from kimchi, a traditional Korean fermented cabbage[J]. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, 2021: 1–18.
- [66] JOANA B, HELENA A, BEATRIZ S, et al. Characterization of a *Lactiplantibacillus plantarum* R23 isolated from arugula by whole-genome sequencing and its bacteriocin production ability[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2021, 18(11): 5515.
- [67] LÜ X Y, CUI T Q, DU H, et al. *Lactobacillus plantarum* CY 1-1: A novel quorum quenching bacteria and anti-biofilm agent against *aeromonas sobria*[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2021, 137: 110439.