

DOI: 10.13652/j.spjx.1003.5788.2023.81166

榨菜二次发酵过程中差异代谢物分析

刘玉凌¹ 任 亭¹ 赵志平² 罗远莉¹

(1. 重庆市渝东南农业科学院, 重庆 408000; 2. 成都大学, 四川 成都 610106)

摘要: [目的] 探究榨菜二次发酵过程中代谢物的变化。[方法] 以腌制 6 个月的盐脱水榨菜为原料, 在陈年泡菜母水中进行二次发酵, 采用液相色谱—串联质谱技术结合多元统计分析, 确定榨菜二次发酵前后的差异代谢物。[结果] 二次发酵后筛选出 147 种差异代谢物, 主要为有机酸及其衍生物、有机杂环化合物、脂质和类脂质分子、苯类化合物、苯丙烷类和多酮类化合物等。苦味氨基酸(组氨酸、精氨酸、酪氨酸、缬氨酸)下调, 乳酸、乙酸、苯乙酸、棕榈酸、亚油酸、酚酸等物质上调。富集分析到丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢、精氨酸和脯氨酸代谢、精氨酸生物合成 3 条代谢通路 with 差异代谢物相关性最显著。[结论] 榨菜经二次发酵后滋味物质更丰富、香味更浓郁、口感更佳。

关键词: 非靶向代谢组学; 榨菜; 二次发酵; 差异代谢物; 代谢通路

Analysis of differential metabolites during the secondary fermentation of Zhacai

LIU Yuling¹ REN Ting¹ ZHAO Zhiping² LUO Yuanli¹

(1. Southeast Chongqing Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 408000, China;

2. Chengdu University, Chengdu, Sichuan 610106, China)

Abstract: [Objective] This study aimed to investigate the changes of metabolites during the secondary fermentation process of Zhacai. [Methods] After 6 months of salt-dehydrated pickled cabbage, the different metabolites before and after secondary fermentation were determined by liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) combined with multivariate statistical analysis. [Results] 147 different metabolites were screened after secondary fermentation, mainly including organic acids and their derivatives, organic heterocyclic compounds, lipids and lipid molecules, phenolic compounds, phenylpropane and polyketone compounds. Bitter amino acids (histidine, arginine, tyrosine and valine) down-regulated, lactic acid, acetic acid, phenylacetic acid, palmitic acid, linoleic acid, phenolic acid and other substances up-regulated. The Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway enrichment analysis of the differential metabolites showed that Alanine, aspartate and glutamate metabolism, arginine and proline metabolism, and arginine biosynthesis were the most significantly correlated with the major differential metabolites. [Conclusion] After secondary fermentation, Zhacai have richer flavor substances, stronger aroma, and better taste.

Keywords: non-targeted metabolomics; Zhacai; secondary fermentation; differential metabolites; metabolic pathways

榨菜是以青菜头(茎用芥菜)为原料经腌制发酵后形成的一种半干态腌制菜, 已传承百年, 美誉全球^[1]。代谢组学是近年来兴起的分析生物体内小分子物质代谢规律的一种新型技术手段, 被广泛应用于食品科学、医学、农业、环境等领域^[2-4]。唐富豪等^[5]应用非靶向代谢组学对客家酸芥菜中酚类化合物进行分析, 共检出 136 种酚类物质, 明确了多酚物质在客家酸芥菜乳酸发酵过程中的变化机制。

张钰麟等^[6]基于代谢组学探明了 3 种不同年份大头菜发酵差异代谢物主要为有机酸、氨基酸、核酸及其衍生物, 显著代谢途径主要有苯丙氨酸代谢、磷酸戊糖途径、果糖和甘露糖代谢 3 条。Zhao 等^[7]运用代谢组学分析了低温低盐大头菜发酵 0, 45, 90 d 的代谢物, 发现不同发酵时间的差异代谢物主要有氨基酸及其衍生物、糖醇和碳水化合物, 及与差异物显著相关的 2 条氨基酸代谢途径。

基金项目: 重庆市自然科学基金面上项目(编号: cstc2021jcyj-msxmX0977, CSTB2023NSCQ-MSX1084); 重庆市技术创新与应用发展重点专项项目(编号: CSTB2022TIAD-KPX0084); 四川省科技计划项目(编号: 2024YFHZ0113)

通信作者: 罗远莉(1979—), 女, 重庆市渝东南农业科学院副研究员, 博士。E-mail: 823979902@qq.com

收稿日期: 2023-11-23 **改回日期:** 2024-05-22

目前,榨菜发酵过程中主要代谢物差异尚不明确,研究拟以腌制6个月的盐脱水榨菜为原料,在优质陈年泡菜水中进行二次发酵,以提升榨菜产品的天然发酵滋味、香味物质,并通过非靶向代谢组学方法分析榨菜二次发酵过程中主要代谢产物的变化和相关代谢通路,探索榨菜滋味、香味物质形成的机制,为榨菜产品的多元化开发提供新路径,同时也为定向调控榨菜品质提供依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与amp;仪器

1.1.1 材料与amp;试剂

盐脱水榨菜(发酵6个月)、陈年泡菜水:实验室自制; 甲醇、乙腈、甲酸、丙醇:色谱纯,美国 Thermo Fisher 公司。

1.1.2 主要仪器设备

高通量组织破碎仪:Wonbio-96c型,上海万柏生物科技有限公司;

高速冷冻离心机:Centrifuge 5430R型,德国 Eppendorf公司;

HSS T3 色谱柱:100 mm×2.1 mm, 1.8 μm, 美国 Waters公司;

电子天平:NewClassic MF MS105DU型,瑞士 Mettler Toledo公司;

超高效液相色谱串联傅里叶变换质谱:UHPLC-Q Exactive HF-X型,美国 Thermo Fisher公司。

1.2 方法

1.2.1 样品制备

(1) 盐脱水榨菜的制备:新鲜青菜头,去筋,一盐6%(一层菜一层盐)腌制10 d,翻坛,补加二盐6%(一层菜一层盐),密封发酵6个月。

(2) 陈年泡菜水的制备:新鲜青菜头、萝卜,清洗,切块,沥干水分,菜水质量比1:1,食盐6%(按菜质量比),再添加一定比例的花椒、辣椒、大蒜、姜、冰糖,密封发酵15 d,此为第1代泡菜水。取出成熟菜块,加新鲜菜块,同时补加菜块质量分数2%的食盐,密封发酵7 d,此为第2代泡菜水。第5代时更换新鲜辣椒、大蒜、姜,按此方法循环发酵10轮,得到陈年泡菜水(pH值3.3左右,食盐5.5%左右,乳酸菌总数 1.5×10^9 CFU/mL左右)。

(3) 榨菜二次发酵样品的制备:将密封发酵至6个月的盐脱水榨菜在清水中浸泡进行脱盐,脱至盐度6%左右,按菜水质量比1:1在陈年泡菜水中进行二次发酵,平行6坛。分别在0, 15, 30, 45, 60, 75 d取样,依次记为E0~E5,液氮处理后置于-80℃冰箱备用。

1.2.2 代谢物提取 称50 mg固体和泡菜水混合样品,加400 μL体积比为4:1的甲醇-水提取液(含0.02 mg/mL的L-2-氯苯丙氨酸内标)进行代谢产物提取。将样品溶液于-10℃、50 Hz研磨6 min,40 kHz低温超声30 min,-20℃放置30 min,13 000×g低温离心15 min,最后吸上

清液用于分析。质控样本(QC)由全部样品混合液制备,并在每5~15个样品之间插入一个QC。

1.2.3 理化指标测定

(1) 总酸含量:根据GB 12456—2021。

(2) 亚硝酸盐含量:根据GB 5009.33—2016。

1.2.4 LC-MS/MS分析

(1) 色谱条件:进样体积3 μL,柱温40℃,流速0.40 mL/min。流动相A为95%水+5%乙腈(含0.1%甲酸);流动相B为47.5%乙腈+47.5%异丙醇+5%水(含0.1%甲酸)。洗脱过程:正离子模式下0~3 min,0%~20% B;3.0~4.5 min,20%~35% B;4.5~5.0 min,35%~100% B;5.0~6.3 min,100% B;6.3~6.4 min,100%~0% B;6.4~8.0 min,0% B;负离子模式下0~1.5 min,0%~5% B;1.5~2.0 min,5%~10% B;2.0~4.5 min,10%~30% B;4.5~5.0 min,30%~100% B;5.0~6.3 min,100% B;6.3~6.4 min,100%~0% B;6.4~8.0 min,0% B。

(2) 质谱条件:采用电喷雾离子源,正、负离子喷雾电压分别为3.50,-3.50 kV,质量扫描范围70~1 050 (*m/z*)。离子传输管温度325℃;鞘气气压344.74 kPa;辅助气加热温度425℃,气压89.63 kPa;一级质谱分辨率6 000,二级质谱分辨率7 500,采用DDA模式采集数据。

1.3 数据处理

采用SPSS Statistics 17.0软件进行数据方差分析,Origin 8.1软件绘图。LC-MS/MS原始数据经Progenesis QI处理得到一个数据矩阵,经缺失值填补、归一化等处理后用SIMCA(14.1)进行多元统计分析。根据HMDB代谢公共数据库以及美吉自建库得到代谢物信息,同时通过变量权重值(VIP)以及*t*检验中的*P*值来选出差异代谢物,通过KEGG数据库进行代谢通路注释,找出差异代谢物参与的通路;根据通路注释分析的*P*值、Impact值,找到显著的关键代谢通路。

2 结果与分析

2.1 不同发酵时间榨菜总酸及亚硝酸盐的变化

由图1可知,榨菜二次发酵后总酸含量快速上升后趋于稳定。由于陈年泡菜水中乳酸菌群丰富,榨菜二次发酵时,乳酸菌快速生长繁殖并大量产酸,随着发酵时间的延长,不耐酸菌群受到抑制,总酸含量缓慢上升并趋于稳定。

亚硝酸盐是腌制蔬菜中最常见的有害物质,不仅会将血液中的低铁血红蛋白氧化成高铁血红蛋白引起组织缺氧,还能与体内含氮化合物结合形成强致癌的亚硝基化合物^[8]。由图1可知,亚硝酸盐含量呈先上升后下降趋势,发酵30 d时出现亚硝峰,且二次发酵后亚硝酸盐含量更低,低于绿色食品酱腌菜中亚硝酸盐的限量值(4 mg/kg)。这可能是二次发酵前期带入的杂菌使原料中的硝酸盐还原成亚硝酸盐形成亚硝峰,随着乳酸菌的大量繁殖,杂菌生长受到抑制,乳酸菌中的还原酶逐步分解亚硝酸盐,使亚硝峰有效降低^[9]。

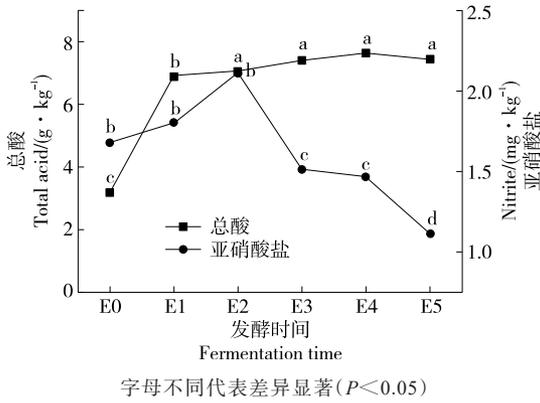


图1 榨菜二次发酵总酸和亚硝酸盐的变化

Figure 1 Changes in total acid and nitrite of secondary fermented Zhacai

2.2 不同发酵时间榨菜代谢物主成分分析(PCA)

由图2可知, QC样本聚集程度良好, 且分布在原点附近, 说明试验稳定性较好, 数据可信度较高。每一个散点代表一个样本, 不同的形状表示不同的发酵时间, 各散点之间距离越近, 样本中代谢物相似度越高; 反之, 差异越大^[10-11]。各组样本点(E0、E1、E2、E3、E4、E5)越集中, 说明同一发酵时间点的样本重复性好。榨菜二次发酵前后样本分布距离较远, 且二次发酵不同发酵时期样本(E1、E2、E3、E4、E5)距离也较远, 说明二次发酵使榨菜代谢物发生了显著变化。

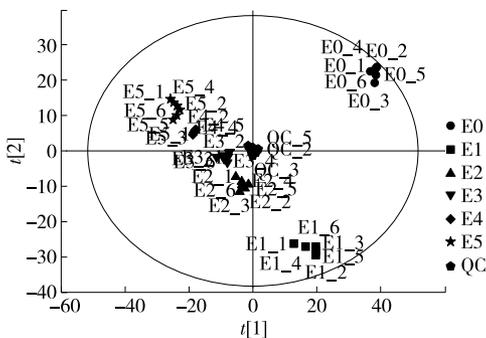


图2 榨菜二次发酵PCA得分散点图

Figure 2 PCA score scatter plot of secondary fermented Zhacai

2.3 不同发酵时间榨菜代谢物偏最小二乘法判别分析

偏最小二乘法判别分析(PLS-DA)能够进一步呈现各样品间的差异, 更加直观地表达模型的分离效果, 因此进一步对不同发酵时间榨菜样本进行PLS-DA分析。由图3可知, 榨菜二次发酵60 d前各样品间均显著分离, 表示榨菜二次发酵时间的改变导致代谢物也发生显著性变化, 60 d后差异不明显。PLS-DA模型参数 $R^2X=0.735$, $R^2Y=0.820$ 均在0.5以上, 且 $Q^2=0.735$, 说明试验模型较稳定^[12], 能够用来解释和预测榨菜二次发酵代谢物之间的

差异。进一步对PLS-DA模型进行200次循环迭代置换检验以防止其有过拟合现象, 结果如图4所示。由图4可知, 回归线呈上升趋势, Q^2 回归线与Y轴截距(0, -0.574)在负半轴, 未出现过拟合现象, 说明置换检验过关, PLS-DA模型具有较好的稳定性和预测性, 适合探索榨菜二次发酵不同时期的代谢差异。

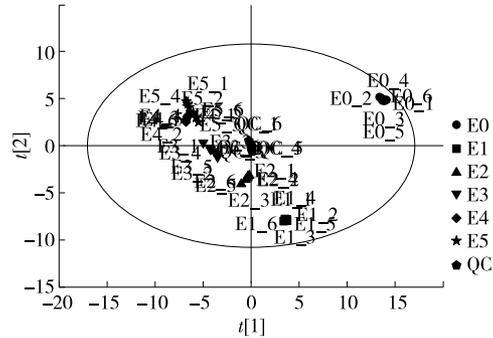


图3 榨菜二次发酵PLS-DA得分散点图

Figure 3 PLS-DA score scatter plot of secondary fermented Zhacai

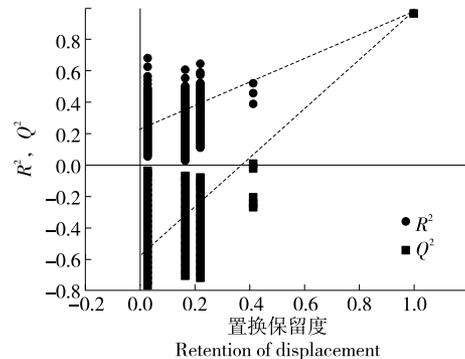


图4 榨菜二次发酵置换检验图

Figure 4 Permutation test of secondary fermented Zhacai

2.4 差异代谢物的筛选及分析

以VIP值>1.3, 同时t检验的P值<0.05^[13]作为筛选条件判断榨菜二次发酵前(E0)后(E5)代谢物的差异, 根据差异倍数(FC)判断差异代谢物的上调、下调, 结果见表1。由表1可知, 共找出147种差异代谢物, 其中有有机酸及其衍生物占比高达20.55%, 有机杂环化合物、脂质和类脂质分子占比>17%, 苯类化合物、苯丙烷类和多酮类占比>10%。显著上调的物质有80种, 其中脂质和类脂质分子16种、苯类化合物14种、有机酸及其衍生物13种; 下调物质有67种, 其中有有机酸及其衍生物17种、有机杂环化合物15种。

有机酸是发酵蔬菜滋味、风味的主要物质, 许多有机酸还具有显著的生物活性。有研究^[14]表明, 发酵蔬菜中的有机酸主要由发酵体系中的微生物生长代谢产生。榨

表1 榨菜二次发酵前后差异代谢物
Table 1 Different metabolites before and after secondary fermentation Zhacai

差异代谢物类别	差异代谢物个数	占比/%	上调个数	下调个数
有机酸及其衍生物	30	20.55	13	17
有机杂环化合物	27	18.49	12	15
脂质和类脂质分子	26	17.81	16	10
苯类化合物	20	13.70	14	6
苯丙烷类和多酮类化合物	15	10.27	7	8
有机氧化合物	10	6.85	7	3
生物碱及其衍生物	5	3.42	2	3
核苷酸及其类似物	5	3.42	3	2
有机氮化合物	2	1.37	2	0
木质素及其化合物	1	0.68	1	0
其他类	5	3.42	2	3

菜二次发酵后乳酸、乙酸、苯乳酸增加,柠檬酸减少,苹果酸先减少后增加。乳酸酸味温和,有后酸味,乙酸酸味刺激,能强化食欲,其变化与糖降解及乳酸菌的生长代谢相关^[15]。苯乳酸是天然的生物防腐剂,对许多细菌、真菌具有抑制作用,且在酸性、高温环境下性质稳定^[16-17]。这与理化结果一致,说明二次发酵后多种有机酸的共同作用可赋予榨菜爽口的特点,同时有助于提高食用安全品质。

氨基酸是微生物代谢过程中的重要组分,有些氨基酸不仅具有一定的生物活性,还具有甜、鲜、苦、涩等滋味,种类的不同直接影响发酵蔬菜的口感滋味^[18-20]。对差异代谢物中占比较高的氨基酸、脂肪酸、黄酮类化合物进行热图分析。由图5可知,榨菜二次发酵过程中多种氨基酸的变化大多呈下调趋势,但并不是完全一致的。天冬氨酸、谷氨酸下调,蛋氨酸先上调后下调,组氨酸、精氨酸、酪氨酸、缬氨酸等苦味氨基酸为下调的差异代谢物。多种苦味氨基酸的下调,说明二次发酵能降低榨菜的苦涩味,促使榨菜风味更纯正。

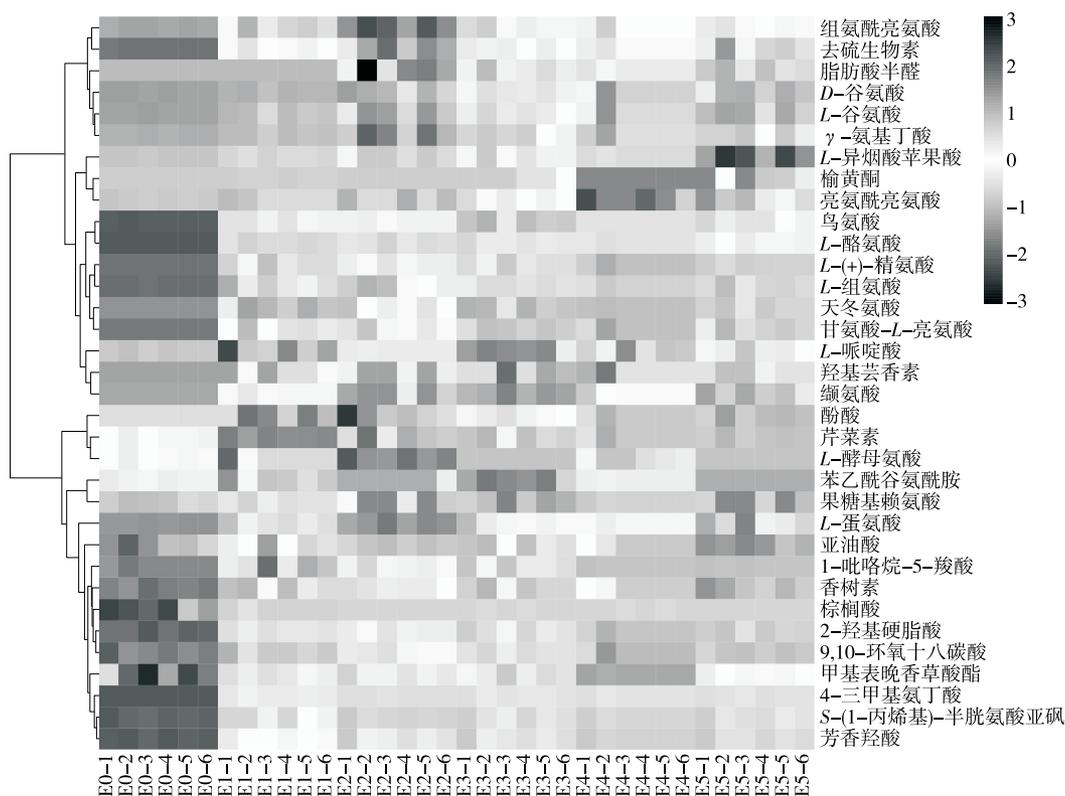


图5 主要差异代谢物聚类热图

Figure 5 Cluster heatmap of major different metabolites

脂质和类脂质分子中的酚酸、亚油酸、棕榈酸、芳香羧酸为上调的差异代谢物。酚酸是生物体内具有一定活性的物质,乳酸菌代谢有利于其活性增强,其含量的上调也有利于发酵蔬菜风味、口感的形成^[21]。苯类化合物中的苯乙酸为上调的差异代谢物。亚油酸的上调可促进亚

油酸乙酯的合成,苯乙酸可提供甜蜜味,棕榈酸、亚油酸乙酯是酱香型食品中的主要风味物质^[22-23]。说明榨菜经二次发酵后,风味、滋味变得丰富浓郁。

2.5 主要差异代谢物通路分析

经KEGG数据库对差异代谢物参与的代谢通路进行

注释分析。根据 P 值 < 0.05 和 Impact 值 > 0.1 , 找到 3 条显著的关键代谢通路, 分别为丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢、精氨酸和脯氨酸代谢、精氨酸生物合成。由图 6 可知, 3 条代谢通路均为氨基酸类代谢通路, 其中谷氨酸参与了 3 条代谢途径, 说明氨基酸类的代谢对榨菜二次发酵后的

风味、口感影响较大。唐丽等^[24]研究表明, 谷氨酸、丙氨酸、精氨酸等氨基酸对发酵蔬菜的风味贡献较大。赵萍等^[25]研究发现, 精氨酸、谷氨酸的代谢与菌落总数显著相关。这也说明微生物的代谢是榨菜二次发酵代谢物的关键影响因素。

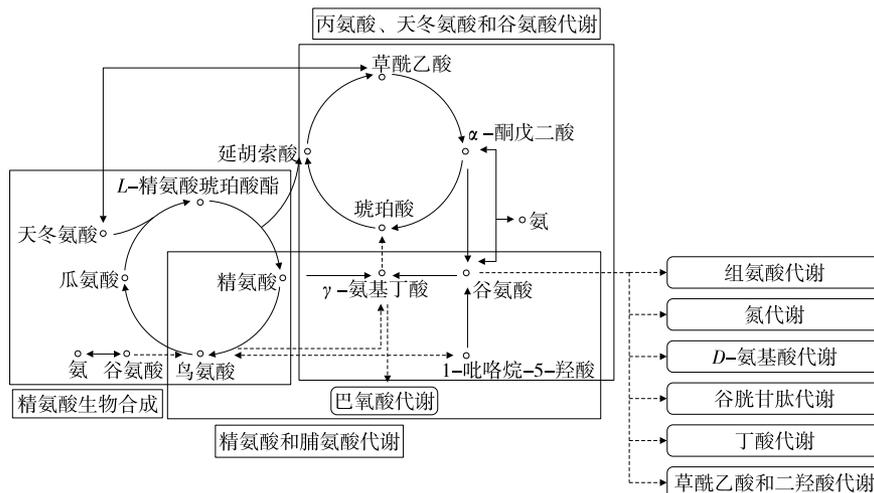


图 6 关键代谢通路图

Figure 6 Integrated analysis of major metabolic pathways

3 结论

研究基于 LC-MS/MS 的非靶向代谢组学技术, 探讨了榨菜二次发酵前后代谢物的差异, 共筛选到以有机酸及其衍生物、有机杂环化合物、脂质和类脂质分子、苯类化合物、苯丙烷类和多酮类化合物为主的 147 种差异代谢物。榨菜经二次发酵后苦味氨基酸下调, 脂质和类脂分子中的酚酸、亚油酸、棕榈酸、芳香羧酸等物质上调, 其活性物质和香味物质更丰富。富集到丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢、精氨酸和脯氨酸代谢、精氨酸生物合成 3 条与氨基酸代谢相关的显著代谢通路, 理论上为榨菜发酵风味、滋味的精准调控提供一定的方向。酱腌菜发酵是多种微生物相互作用的一个复杂活动过程, 为深入解析榨菜发酵代谢物和微生物的关系, 还需利用宏基因组学、转录组学、蛋白组学等多组学技术探索榨菜发酵过程微生物调控的机理。

参考文献

[1] 李瑶, 余永, 陈海, 等. 低盐榨菜加工中的危害因素分析及控制研究进展[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(18): 374-380.
LI Y, YU Y, CHEN H, et al. Research progress on hazard factors analysis and control of low-salt tuber mustard processing[J]. Food and Fermentation Industries, 2023, 49(18): 374-380.
[2] MURITHI J M, OWEN E S, ISTVAN E S, et al. Combining stage specificity and metabolomic profiling to advance

antimalarial drug discovery[J]. Cell Chemical Biology, 2020, 27(2): 158-171, 3.
[3] ALMUHAYAWI M S, HASSAN A H A, AL JAOUNI S K, et al. Influence of elevated CO₂ on nutritive value and health-promoting prospective of three genotypes of Alfalfa sprouts (Medicago Sativa)[J]. Food Chemistry, 2021, 340: 128147.
[4] 李林, 邓娜, 张博, 等. 多组学技术及其在食品研究中的应用[J]. 食品与机械, 2023, 39(2): 17-24.
LI L, DENG N, ZHANG B, et al. Advances of multi-omics and its research progress in food[J]. Food & Machinery, 2023, 39(2): 17-24.
[5] 唐富豪, 滕建文, 韦保耀, 等. 基于非靶向代谢组学评价传统发酵对客家芥菜酚类化合物组成的影响[J]. 食品与发酵工业, 2021, 47(8): 128-133.
TANG F H, TENG J W, WEI B Y, et al. Evaluation of the influence of traditional fermentation on the composition of phenolic compounds in Hakka pickled mustard greens based on non-targeted metabolomics[J]. Food and Fermentation Industries, 2021, 47(8): 128-133.
[6] 张钰麟, 陈泓帆, 赵志平, 等. 长期发酵大头菜差异代谢物及其关联代谢通路分析[J]. 食品科学, 2022, 43(22): 192-198.
ZHANG Y L, CHEN H F, ZHAO Z P, et al. Analysis of differential metabolites and related metabolism pathways in long-term fermented Kohlrabi fermented for different periods [J]. Food Science, 2022, 43(22): 192-198.
[7] ZHAO Z P, CHEN H F, ZHANG Y L, et al. Metabolites

- changes of a low-temperature and low-salt fermented Chinese kohlrabi during fermentation based on non-targeted metabolomic analysis[J]. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 2023, 7: 1156173.
- [8] WU R N, YU M L, LIU X Y, et al. Changes in flavour and microbial diversity during natural fermentation of suan-cai, a traditional food made in Northeast China[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2015, 211(19): 23-31.
- [9] 姚荷, 谭兴和, 张春艳, 等. 发酵蔬菜中乳酸菌降解亚硝酸盐的研究进展[J]. *中国酿造*, 2018, 37(7): 22-25.
- YAO H, TAN X H, ZHANG C Y, et al. Research progress on nitrite degradation by lactic acid bacteria in fermented vegetables[J]. *China Brewing*, 2018, 37(7): 22-25.
- [10] 李鑫磊, 俞晓敏, 林军, 等. 基于非靶向代谢组学的白茶与绿茶、乌龙茶和红茶代谢产物特征比较[J]. *食品科学*, 2020, 41(12): 197-203.
- LI X L, YU X M, LIN J, et al. Comparative metabolite characteristics of white tea with green tea, oolong tea and black tea based on non-targeted metabolomics approach[J]. *Food Science*, 2020, 41(12): 197-203.
- [11] 燕飞, 曲东, 纪鹏彬, 等. 基于非靶向代谢组学分析杜仲金花茶发酵过程中代谢物的特征[J]. *食品科学*, 2023, 44(10): 300-309.
- YAN F, QU D, JI P B, et al. Characterization of metabolites during the fermentation of *Eucommia* tea based on non-targeted metabolomics[J]. *Food Science*, 2023, 44(10): 300-309.
- [12] 张雷, 张璐璐, 孙洪蕊, 等. 基于非靶向代谢组学的焙焦油莎豆粕精酿啤酒主发酵期代谢物变化研究[J]. *中国酿造*, 2022, 41(5): 89-95.
- ZHANG L, ZHANG L L, SUN H R, et al. Metabolite changes of craft beer of baked *Cyperus esculentus* meal during main fermentation based on untargeted metabolomics[J]. *China Brewing*, 2022, 41(5): 89-95.
- [13] LIU J G, LIU Y Q, JIA M, et al. Association of enriched metabolites profile with the corresponding volatile characteristics induced by rice yellowing process[J]. *Food Chemistry*, 2021, 349: 129173.
- [14] CAO J L, YANG J X, HOU Q C, et al. Assessment of bacterial profiles in aged, home-made Sichuan paocai brine with varying titratable acidity by PacBio SMRT sequencing technology[J]. *Food Control*, 2017, 78: 14-23.
- [15] 张晶, 陈悦, 余偲, 等. 短乳杆菌发酵苹果汁工艺优化及有机酸变化[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(2): 180-187.
- ZHANG J, CHEN Y, YU S, et al. Optimization of fermentation apple juice by *Lactobacillus* and changes of organic acids[J]. *Food and Fermentation Industry*, 2020, 46(2): 180-187.
- [16] CORTES-ZAVALA O, LOPEZ-MALO A, HERNANDEZ-MENDOZA A, et al. Antifungal activity of lactobacilli and its relationship with 3-phenyllactic acid production[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2014, 173: 30-35.
- [17] YANG X Y, LI J P, SHI G C, et al. Improving 3-phenyllactic acid production of *Lactobacillus plantarum* AB-1 by enhancing its quorum-sensing capacity[J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2019, 56(5): 2605-2610.
- [18] 胡明珍, 刘慧燕, 潘琳, 等. 基于非靶向代谢组学分析副干酪乳杆菌发酵枸杞汁各阶段代谢差异[J]. *食品科学*, 2022, 43(8): 142-149.
- HU M Z, LIU H Y, PAN L, et al. Non-targeted metabolomics analysis of differential metabolite profiles of Goji Juice fermented by *Lactobacillus paracasei*[J]. *Food Science*, 2022, 43(8): 142-149.
- [19] 梁叶星, 张玲, 高飞虎, 等. 重庆水豆豉发酵过程中 NaCl、还原糖和氨基酸变化与滋味的形成[J]. *食品与发酵工业*, 2019, 45(18): 27-34.
- LIANG Y X, ZHANG L, GAO F H, et al. Changes in NaCl, reducing sugar and amino acids and formation of tastes in Chongqing Shuidouchi during fermentation[J]. *Food and Fermentation Industry*, 2019, 45(18): 27-34.
- [20] XIAO Y S, HUANG T, HUANG C L, 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.
- [21] 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.
- [22] 赵兴秀, 何义国, 吴华昌, 等. 7种市售甜面酱香味成分分析研究[J]. *中国调味品*, 2014, 39(3): 107-111.
- ZHAO X X, HE Y G, WU H C, et al. Analysis of flavor components in seven sweet flour paste from market[J]. *Chinese Condiment*, 2014, 39(3): 107-111.
- [23] 李芳香, 张稳, 时伟, 等. 酱香型酒糟萃取液的 GC-MS 分析及应用[J]. *中国酿造*, 2021, 40(2): 159-162.
- LI F X, ZHANG W, SHI W, et al. GC-MS analysis and application of sauce-flavor distilled grains extract[J]. *China Brewing*, 2021, 40(2): 159-162.
- [24] 唐丽, 赵雅娇, 魏雯丽, 等. 不同原料四川工业泡菜的风味成分分析[J]. *食品科技*, 2022, 47(3): 303-310.
- TANG L, ZHAO Y J, WEI W L, et al. Analysis of flavor components in Sichuan industrial pickles with different raw materials[J]. *Food Science and Technology*, 2022, 47(3): 303-310.
- [25] 赵萍, 刘俊霞, 兰阿峰, 等. 基于 UPLC-MS 非靶向代谢组学分析大鲵肉冷藏过程中代谢物的变化[J]. *食品科学*, 2022, 43(22): 267-280.
- ZHAO P, LIU J X, LAN A F, et al. Analysis of metabolites in Giant Salamander meat during cold storage using non-targeted metabolomics based on ultra-high performance liquid chromatography-mass spectrometry[J]. *Food Science*, 2022, 43(22): 267-280.