DOI:10.13652/j.spjx.1003.5788.2022.81082 [文章编号] 1003-5788(2023)03-0001-10

传统鲊鱼固态发酵过程中细菌群落与挥发性风味物质的相关性

The potential correlation between bacterial community and the characteristic volatile flavour of traditional fermented fish during solid fermentation

于美娟[1] 杨 慧[1] 黄绿红[1] 谭 欢[2] 张 群[1]

YU Mei-juan[1] *YANG Hui*[1] *HUANG Lu-hong*[1] *TANG Huan*[2] *ZHANG Qun*[1]

(1. 湖南省农产品加工研究所,湖南 长沙 410125;2. 湖南省食品测试分析中心,湖南 长沙 410125)

(1. *Hunan Agricultural Product Processing Institute*, *Changsha*, *Hunan* 410125, *China*;
2. *Hunan Food Test and Analysis Centre*, *Changsha*, *Hunan* 410125, *China*)

摘要:目的:了解传统鲊鱼发酵过程中微生物演替及挥发性风味物质的变化规律。**方法:**采用传统微生物计数、高通量测序、气相色谱—质谱联用等方法,探究传统鲊鱼固态发酵过程中(0~180 d)微生物菌消长和挥发性风味化合物的变化以及两者的相关性。**结果:**传统微生物计数和高通量测序两种方法得出葡萄球菌、乳酸菌类是传统发酵鲊鱼发酵过程中的主要优势细菌属。在发酵 0~180 d 的样品中共检出挥发性化合物 69 种,主要包括酸类、醇类、醛类、酮类、含 N 化合物、含苯化合物、芳香烷烃化合物、酯类,其种类和含量随着发酵时间变化而变化。相关性分析发现,葡萄球菌与含 N 化合物类呈正相关,与醇类化合物负相关;乳酸菌与壬酸、1-辛烯-3-醇、壬醛、肉豆蔻醛、2,4-二甲基苯乙烯、癸烯、己酸乙酯显著正相关($0.01<P<0.05$),与庚酸、3-甲基丁酸、2,3-丁二醇、2,6-二叔丁基对甲酚、胡椒烯、肉豆蔻乙酯显著负相关;柠檬酸杆菌、特布尔氏菌属、嗜冷杆菌属、不动杆菌属、海洋螺菌目、黄杆菌目等微生物虽然在整个发酵过程中相对丰度不高,但与风味物质形成也存在明显的相关性。**结论:**微生物群落与挥发性风味化合物随发酵时间的延长发生一系列的变化,两者之间具有显著相关性。

关键词:鲊鱼;细菌群落;高通量测序;挥发性风味物质;气相色谱—质谱联用

Abstract: Objective: This study aimed to investigate the microbial succession and the changes of volatile flavor substances in traditional fermented fish. **Methods:** Traditional microbial counting methods, high-throughput sequencing, gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) were applied to explore the effects of different fermentation times of traditional fermented fish (0~180 d) on microflora changes and the volatile flavor compounds during the processing of the solid fermentation process of traditional fermented fish as well as on the correlation between them. **Results:** The results showed that the main dominant bacterial genera included *Staphylococcus*, *Lactobacillus*, etc. That there were 69 volatile flavor components in fermentation process, mainly including acids, alcohols, aldehydes, ketones, N compound; benzene compound, alkyl aromatic compound, esters. and their types and contents changed with the fermentation time. The correlation analysis results showed that *Staphylococcus* was positively correlated with N-containing compounds and negatively correlated with alcohols. Lactobacillus was significant positively correlated with nonanoic acid, 1-octen-3-ol, nonanal, tetradecanal, 2, 4-dimethyl styrene, decyl ene, ethyl caproate ($0.01<P<0.05$). And negatively correlated with heptenic acid, 3-methylbutyric acid, 2, 3-butanediol, 2, 6-di-tert-butyl p-cresol, Copaene and myristic ethyl ester. Although the relative abundance of microorganisms such as *Citrobacter*, *Turbulella*, *Psychrobacter*, *Acinetobacter*, *Oceanospirillales* and *Flavobacteria* was relatively low in the whole fermentation process, there was also an obvious correlation with the formation of flavor substances. **Conclusion:** The microbial community and volatile flavor compounds have a series of changes with fermentation time, and there is a significant

基金项目:湖南省自然科学基金(编号:2020JJ4392);湖南省现代农业水产产业技术体系岗位专家资金项目(编号:湘农发[2019]105 号);湖南省重点研发计划项目(编号:2022NK2038)

作者简介:于美娟(1976—),女,湖南省农产品加工研究所研究员,硕士生导师,硕士。E-mail:82923686@qq.com

收稿日期:2022-10-16 **改回日期:**2023-01-27

correlation between them.

Keywords: Zhayu; bacterial community; high-throughput sequencing; volatile compounds; gas chromatography-mass spectrometry

鲊鱼是流传于湖南、湖北、广西、贵州、四川等地苗族、土家族、侗族等少数民族居民生活中的一种特色发酵鱼制品，鱼块经盐等调料腌渍，自然晾晒、风干或晾干，配上米粉、辣椒等其他辅料，利用鱼体自身携带及发酵环境中存在的微生物在适宜温度和湿度条件下自然发酵而成[1]。由于地理位置、环境因素、鱼类来源及制作工艺的不同，使得其产品风味特征各具特色[2-3]。

鱼肉在发酵过程中其蛋白质、脂肪、糖类等大分子化合物在微生物和酶的作用下分解成易于被人体消化和吸收的小分子化合物[4-6]，同时微生物的代谢演替也决定风味物质的组成和含量[7-8]。即发酵鱼风味的形成主要依赖于发酵微生物所分泌的酶活及其代谢活动，两者具有一定相关。目前对发酵鱼微生物种类和风味物质成分鉴定[9-11]，以及通过添加外源微生物来提高发酵鱼制品的整体风味开展了大量研究[10,12]。但是，对传统鲊鱼固态发酵过程中微生物代谢如何影响风味物质形成却缺乏系统性探索。

研究拟模拟传统工艺制作酢鱼，采用微生物计数法、高通量测序平台、气相色谱—质谱(GC-MS)等分析技术，解析发酵阶段微生物菌群和挥发性风味物质的变化趋势。探究微生物菌落数消长，细菌菌群结构变化与风味化合物种类形成的相关性，以期为实现工业化生产提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

鲜草鱼、调味料、香辛料：市售；

营养琼脂培养基、MRS 培养基、结晶紫中性红胆盐葡萄糖琼脂培养基、甘露醇氯化钠琼脂培养基、GSP 琼脂培养基：广州环凯微生物科技有限公司；

DNA 凝胶回收试剂盒：德国 Qiagen 公司；

TruSeq 文库构建试剂盒、MiSeq 测序试剂盒：美国 Illumina 公司。

1.2 主要仪器设备

萃取头：75μm CAR/PDMS 型，美国 Supelco 公司；

气相色谱—质谱联用仪：7890-5975 型，美国安捷伦公司；

测序仪：Illumina HiSeq 型，美国 Illumina 公司；

酶标仪：Flx800 型，美国 Bio Tek 公司；

恒温培养箱：GNP-9160 型，上海精宏实验设备有限公司。

1.3 方法

1.3.1 样品制作与采集 取 3～4 kg 草鱼数条，去内脏，切块，食盐添加量 3 g/100 g 鱼肉，低温 5～10 ℃腌制 12 h，烘箱 40 ℃烘至鱼块含水量为 35%～45%，然后加香辛料装坛密封，常温(20 ℃左右)发酵，发酵期间定期(0，10，20，30，50，70，90，120，150，180 d)取样，样品一式 3 份，微生物菌落数计数直接取样分析，其余的样品真空包装后置于－80 ℃低温冰箱保存。

1.3.2 微生物计数 菌落计数(CFUs)采用平板稀释法，25 g 样品于 225 mL 的无菌水中，取稀释 10^{-3}～10^{-8} 的菌悬液倒平板。菌落总数培养采用 PCA(Plate Count Agar)平板，30 ℃培养 72 h；乳酸细菌培养采用 MRS(de Man，Rogosa，Sharpe Agar)平板，30 ℃培养 72 h；乳酸杆菌培养采用改进型 MRS 平板即在 MRS 培养基中添加 0.2%的山梨酸钾，30 ℃培养 72 h；微球菌和葡萄球菌培养采用 MSA(Mannital Salt Agar)培养基，30 ℃培养 72 h；肠杆菌培养采用结晶紫中性红胆盐葡萄糖琼脂 VRBGD 平板，37 ℃培养 24 h；假单胞菌用 GSP 琼脂培养基，26 ℃培养 72 h。然后对菌落进行计算。

1.3.3 高通量测序分析 样品中细菌 DNA 提取方法采用文献[1]所用方法。提取的总 DNA 检测合格后将一式 3 份的样本混合均匀送至北京诺禾致源生物科技有限公司使用 Illumina Hiseq2500 PE250 高通量测序平台进行测序。利用 Uparse 软件[13]进行 OTU 聚类；用 RDP Classifier[14]方法与 GreenGene 数据库[15]进行物种注释分析(设定阈值为 0.8～1.0)，并分别在各个分类水平：界、门、纲、目、科、属、种统计各样本的群落组成。

1.3.4 挥发性化合物分析

(1) 顶空固相微萃取条件：称取 10 g 样品放入顶空固相微萃取(headspace-solid phase microextraction，HS-SPME)样品瓶中，加入 4 mL 饱和氯化钠溶液，于 65 ℃条件下水浴 10 min，将经过老化处理过的 75 μm CAR/PDMS 萃取头插入顶空瓶中，65 ℃萃取 20 min，迅速将萃取头置于 250 ℃进样口下解吸 3 min。

(2) 色谱条件：DB-5MS 毛细管柱(30 m×25 mm，0.25 μm)；载气为高纯氦气；氦气流速 1.0 mL/min；进样量 1 μL；不分流进样；进样口温度 250 ℃；升温程序：柱温 40 ℃，保持 2 min，以 4 ℃/min 升至 60 ℃，再以 5 ℃/min 升至 100 ℃，后以 8 ℃/min 升至 240 ℃，保持 6 min。

(3) 质谱条件：离子源温度 230 ℃；电子能量 70 eV；电离方式为电子轰击离子源；质量扫描范围 m/z 40～400。

(4) 定性与定量分析：通过采用 NIST 2005 和 Willey7 标准图库自动检索，确定化合物成分；相对含量按峰面积归一化计算。

1.4 数据处理

由 Excel 和 SPSS 22.0 对数据进行统计分析，其分析结果由平均值±标准差(SD)表示。采用 Origin 9.1 软件作曲线图，R 语言 4.1.2 版作热图。

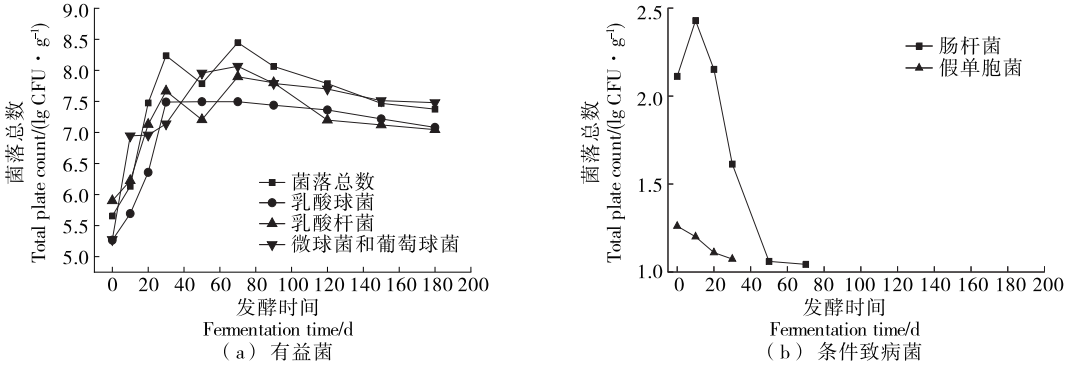
2　结果与分析

2.1　基于培养法分析发酵过程中微生物菌落的消长

采用平板稀释法菌落计数(CFUs)对传统鲊鱼固态发酵过程中细菌总数、乳酸球菌、乳酸杆菌、微球菌和葡萄球菌、肠杆菌、假单胞菌的菌落总数进行检测分析,结果见图1。

由图1(a)可知,菌落总数和乳酸杆菌在发酵0～30 d时随着时间的延长菌落数呈增长的趋势,但在发酵30～50 d时却有稍微下降趋势,然后又趋于上升,发酵70 d时菌落数值达到最大,细菌总数为8.44 lg CFU/g,乳酸杆菌为7.89 lg CFU/g,随后下降到一定值时趋于平稳状态;乳酸球菌菌落总数在发酵0～30 d时呈增长趋势,随后趋于平稳;微球菌和葡萄球菌菌落总数在发酵0～70 d时趋于增长,随后随着时间延长菌落总数缓慢下降并趋于平稳状态。

由图1(b)可知,发酵期间,肠杆菌、假单胞菌的菌落总数随发酵时间延长而迅速下降。肠杆菌在发酵70 d时,其菌落总数<10 CFU/g;而假单胞菌在发酵30 d时,其菌落总数<10 CFU/g,可能是因为乳酸菌和葡萄球菌在适当的环境下通过产生酸类物质和抗菌素等途径抑制腐败菌或病原性微生物的生长[16-18]。



(a) 有益菌　　(b) 条件致病菌

图1　传统鲊鱼不同发酵时间微生物菌落数变化

Figure 1　Changes in the microbe quantity in different fermentation periods of traditional fermented fish

2.2　基于高通量测序分析发酵过程中细菌群落结构动态变化

为了进一步清晰地了解传统鲊鱼固态发酵过程中细菌群落结构动态变化,采用Illumina HiSeq测序平台,利用双末端测序(Paired-End)的方法,构建小片段文库进行双末端测序,根据RDP数据库同源性序列比对测序数据至少在1个时间段内其菌属丰度值>0.1%的细菌菌群进行归类分析,结果见表1。在整个发酵过程中以厚壁菌门为主,占总菌群的59.177%～97.699%,其次是变形菌门,占1.211%～23.864%;第三是放线菌门,占0.183%～3.172%;第四是拟杆菌门,占0.050%～2.321%,其所含细菌门水平与王泽晗等[19]研究的苗族酸酐鱼的微生物菌落结构特征大致相似。

葡萄球菌和乳酸菌是发酵水产制品中最常见的微生物,葡萄球菌属和芽孢杆菌属是高盐发酵鱼制品的主要微生物[20-21],乳酸菌是低盐发酵鱼制品的主要微生物[22-24],从传统计数法(图1)和高通量测序分析(表1)都得出葡萄球菌、乳酸菌类是传统发酵鲊鱼发酵过程中的主要微生物,其葡萄球菌属贯穿整个发酵周期,其次是乳酸球菌属。

从整个发酵过程的微生物变化趋势可知,发酵0 d时,细菌种类丰富,包含葡萄球菌、乳酸球菌属、假单胞菌属、海洋螺菌目、红螺菌目、放线菌目、黄杆菌目等,其中葡萄球菌和乳酸球菌属占有绝对优势。发酵0～10 d时,各种微生物竞争生长,快速形成厌氧或微氧环境,使得葡萄球菌得到快速生长,而乳酸球菌属和其他菌属极速下降。发酵20～50 d时,乳酸球菌属、芽孢杆菌属、乳酸杆菌属、魏斯氏菌属、土壤芽孢杆菌属迅速生长,可能是因为大部分葡萄球菌能分泌具有活性蛋白酶,使蛋白质降解成小分子肽和游离氨基酸,为乳酸类细菌的生长繁殖提供了营养因子[25]。发酵50～180 d时,乳酸球菌属、乳酸杆菌属生长属于下降趋势,土壤芽孢杆菌属、芽孢杆菌属、魏斯氏菌属慢慢消失,而葡萄球菌属却呈增长趋势。此外,在整个发酵过程中,肠杆菌目、假单胞杆菌、海洋螺菌目、黄杆菌目等腐败菌和条件致病菌与发酵时间负相关(其海洋螺菌目与发酵时间呈极显著负相关),此结果与平板稀释法菌落计数所得结论基本相似,可能是因为乳酸菌在发酵过程中产生大量的乳酸,迅速降低发酵体系的pH,从而抑制其生长繁殖[10]。

2.3　发酵过程中挥发性化合物的变化

在鲊鱼发酵过程中,其蛋白质、脂质等大分子化合物在微生物及其相关酶系作用下发生水解,参与氨基酸代谢及脂质代谢等途径,形成特征风味物质[26]。传统鲊鱼固态发酵过程中(0～180 d),风味化合物发生着一系列变化,一些化合物下降,而另一些先增加后保持稳定或下降,结果见表2、图2和图3。

表 1　传统鲅鱼固态发酵过程中优势菌属丰度相对百分数†

Table 1　Relative percentage of abundance of dominant bacteria in traditional fermented fish solid state fermentation

门水平	目水平	属水平	丰度相对百分数/%										相关系数 R
			0 d	10 d	20 d	30 d	50 d	70 d	90 d	120 d	150 d	180 d	
厚壁菌门	芽孢杆菌目	葡萄球菌属	33.38	49.76	11.120	6.62	5.03	5.99	19.44	20.76	28.18	65.85	0.371
		盐水球菌属	0.12	0.009 9	0.039	0.006 2	0.003 7	0.001 7	—	0.003 3	0.004 8	0.011	−0.483
		土壤芽孢杆菌属	0.001 9	—	0.088	0.18	0.17	0.004 9	0.001 8	—	0.004 8	0.006 9	−0.451
		芽孢杆菌属	—	—	0.15	0.18	0.18	—	—	—	—	—	0.756
	乳酸杆菌目	乳酸球菌属	9.46	1.57	4.35	9.73	9.02	7.42	6.43	2.52	5.72	1.38	−0.446
		乳酸杆菌属	—	0.003 9	0.67	0.70	0.74	0.041	0.044	0.023	0.69	0.42	−0.400
		魏斯氏菌属	—	—	0.43	0.57	0.61	—	0.001 8	—	—	—	−0.781
	其他		16.22	14.42	80.85	78.45	75.91	75.26	71.39	73.84	61.45	28.79	0.090
变形菌门	肠杆菌目	柠檬酸杆菌属	1.08	6.10	0.12	0.19	0.15	0.19	0.07	0.034	0.032	0.009 9	−0.445
		特布尔西氏菌属	1.28	0.23	0.18	0.068	0.034	0.04	0.016	0.066	—	0.026	−0.524
	假单胞杆菌目	嗜冷杆菌属	0.007 9	0.61	0.23	0.17	0.18	0.16	0.13	0.14	0.15	0.18	−0.248
	菌目	不动杆菌属	0.005 9	0.18	0.13	0.13	0.009 7	—	—	0.001 6	—	—	−0.606
	海洋螺菌目	*Candidatus Portiera* #	1.33	1.19	0.097	0.13	0.12	0.18	0.094	0.076	0.12	0.12	−0.578
		海单胞菌属	0.11	0.12	0.028	0.043	0.026	0.009 9	0.011	0.012	0.013	0.008 7	−0.706*
	红杆菌目	十八杆菌属	0.65	0.87	0.049	0.11	0.071	0.15	0.11	0.053	0.075	0.051	−0.579
		Pseudoruegeria #	0.36	0.37	0.016	0.074	0.039	0.086	0.059	0.009 9	0.034	0.021	−0.616
		Phaeobacter #	0.12	0.11	0.004 9	0.023	0.009 3	0.039	0.019	0.012	0.016	0.003 5	−0.602
	红螺菌目	*Nisaea* #	0.24	0.14	0.011	0.006 2	0.005 6	0.008 3	0.003 6	0.009 9	0.006 4	0.005 2	−0.564
	伯克氏菌目	RS62#	0.24	0.19	0.013	0.019	0.007 5	0.015	0.013	0.009 9	0.019	0.016	−0.563
	脱硫杆菌目	硝化刺菌属	0.14	0.11	0.013	0.008 2	0.032	0.022	0.011	0.026	0.022	0.035	−0.467
	嗜甲基菌目	*Methylotenera* #	0.25	0.25	0.015	0.025	0.017	0.04	0.023	0.008 2	0.026	0.024	−0.566
	其他		18.15	13.32	0.82	1.85	1.52	1.39	1.18	1.59	1.56	1.25	−0.566
放线菌门	放线菌目	棒状杆菌属	0.79	0.12	0.023	0.074	0.054	0.001 7	—	—	0.004 8	0.018	−0.500
		冷杆菌属	0.10	0.074	0.008 1	0.025	0.013	0.028	0.027	0.013	0.016	0.019	−0.548
	其他		2.28	1.71	0.49	0.24	0.18	0.29	0.28	0.17	0.33	0.17	−0.570
拟杆菌门	黄杆菌目	*Sediminicola* #	0.21	0.17	0.006 5	0.021	0.009 3	0.019	0.018	0.009 9	0.009 6	0.008 7	−0.575
		黄杆菌属	0.17	0.19	0.003 2	0.008 2	0.001 9	0.012	0.005 4	0.001 6	0.004 8	0.003 5	−0.561
	其他		1.79	1.96	0.04	0.098	0.06	0.14	0.10	0.087	0.091	0.087	−0.565

†　表中列出的菌属表示至少在 1 个时间段内其菌属丰度值＞0.1%；“#”为该属暂无查到相对应的中文名称；“—”表示未检出；“*”表示在 0.05 水平(双侧)上显著相关。

发酵过程中鲅鱼共检出了 69 种化合物，其中酸类 8 种，醇类 7 种，醛类 11 种，酮类 6 种，含 N 化合物 10 种，含苯化合物 4 种，烷芳香烃化合物 11 种，酯类 12 种。有研究[27−28]报道，酸类、醇类、醛类、酮类和酯类等几类化合物在不同发酵鱼制品中都是主要挥发性物质，只是其含量各有差异。试验也得出了相似结果，不同发酵时间的样品，各类化合物差异显著。如发酵 0 d 时，只检测到 18 种挥发性化合物，酸类、醛类、醇类、烷芳香烃化合物和酯类化合物占比较高，其中以己酸、1-辛烯-3-醇、己醛、甲基环戊烷、柠檬烯、己酸乙酯为主；发酵 10 d 时，挥发性化合物增加到 26 种，新产生庚酸、戊醇、肉豆蔻醛、3-羟基-2-丁酮等物质；发酵 20 d 时，化合物增加到 30 种，醇类和酮类化合物含量上升，尤其是 2,3-丁二醇(占 18.52%)，3-羟基-2-丁酮(占 22.37%)增加明显；发酵 30 d 时，挥发性化合物增加到 40 种，以醇类化合物为主；发酵 50 d 后，酸类化合物、含 N 化合物和酯类化合物的种类随发酵时间延长呈增长趋势，到发酵 180 d 时，其含 N 化合物相对百分含量增加显著，也出现了含硫化合物。

2.4　主要微生物菌群与挥发性风味的相关性分析

对鲅鱼中 24 个细菌属和 61 种化合物进行相关性分析，如图 4 所示，葡萄球菌属与苯乙酮、吡嗪类化合物存在显著正相关($0.01<P<0.05$)，与1-辛烯-3-醇、苯乙醇

表 2　传统鲅鱼固态发酵过程中风味化合物峰面积相对百分含量†

Table 2　Relative percentage of abundance of flavor compound in traditional fermented fish solid state fermentation　%

化合物种类	化合物名称	0 d	10 d	20 d	30 d	50 d	70 d	90 d	120 d	150 d	180 d
酸类	乙酸	ND	ND	0.072±0.032^{f}	0.048±0.007^{f}	2.566±0.004^{d}	1.745±0.198^{e}	1.660±0.007^{e}	3.131±0.140^{c}	4.804±0.053^{b}	6.326±0.175^{a}
	甲基乙酸	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.381±0.009^{c}	0.374±0.030^{c}	13.410±0.102^{a}	4.107±0.079^{b}
	庚酸	ND	2.519±0.001^{b}	3.845±0.038^{a}	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	3-甲基丁酸-	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.298±0.014^{c}	1.166±0.104^{a}	0.576±0.053^{b}	0.576±0.083^{b}
	2-甲基丁酸	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	1.465±0.356^{a}	0.692±0.080^{b}	0.341±0.054^{c}
	己酸	9.694±0.689^{c}	8.173±0.005^{d}	ND	7.287±0.036^{d}	6.255±0.290^{e}	11.420±0.533^{b}	11.990±1.243^{b}	2.909±0.048^{f}	13.160±0.844^{a}	5.455±0.035^{e}
	辛酸	ND	ND	ND	ND	0.478±0.001^{b}	0.357±0.029^{c}	0.371±0.007^{c}	ND	1.340±0.192^{a}	0.574±0.065^{b}
	壬酸	ND	ND	ND	0.246±0.049^{c}	0.231±0.003^{c}	0.182±0.015^{cd}	0.233±0.024^{c}	0.162±0.006^{d}	0.257±0.088^{a}	0.201±0.032^{cd}
醇类	戊醇	ND	0.794±0.001^{b}	ND	1.371±0.070^{a}	ND	0.406±0.055^{c}	ND	ND	ND	ND
	1-己醇	3.277±0.091^{f}	9.764±0.288^{b}	4.400±0.327^{e}	27.230±0.287^{a}	8.085±0.124^{c}	6.288±0.056^{d}	2.737±0.214^{g}	ND	1.069±0.185^{h}	ND
	2,3-丁二醇	ND	ND	18.520±0.131^{a}	5.203±0.072^{f}	4.405±0.271^{fg}	4.775±0.336^{g}	6.122±0.363^{e}	11.700±0.109^{c}	16.470±0.451^{b}	9.099±0.841^{d}
	1-辛烯-3-醇	6.898±0.540^{b}	6.154±0.142^{c}	5.253±0.024^{d}	10.030±0.0440^{a}	9.701±0.440^{a}	10.269±0.864^{a}	9.835±0.157^{a}	3.078±0.034^{e}	6.881±0.082^{b}	0.167±0.031^{f}
	苯乙醇	ND	ND	0.731±0.073^{b}	0.432±0.089^{d}	0.749±0.054^{b}	0.888±0.072^{a}	0.872±0.105^{a}	0.631±0.001^{c}	0.348±0.010^{de}	0.331±0.021^{e}
	1-壬醇	ND	ND	ND	0.151±0.016	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	反-3-辛烯-2-醇	ND	ND	ND	0.153±0.010	ND	ND	ND	ND	ND	ND
醛类	3-甲氧基丙醛	0.305±0.071	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	己醛	15.880±0.118^{b}	4.090±0.197^{ef}	3.424±0.385^{f}	5.472±0.046^{e}	13.790±0.207^{c}	13.855±2.731^{c}	17.880±0.114^{a}	8.286±0.100^{d}	3.176±0.055^{f}	0.817±0.016^{g}
	2-庚烯醛	ND	ND	ND	1.773±0.192^{a}	0.210±0.041^{b}	ND	ND	1.629±0.221^{a}	0.052±0.001^{c}	
	苯甲醛	ND	ND	ND	ND	0.745±0.050^{cd}	0.704±0.001^{cd}	2.150±0.495^{a}	0.834±0.056^{c}	1.424±0.153^{b}	0.526±0.021^{d}
	苯乙醛	ND	ND	ND	ND	0.605±0.001^{d}	0.616±0.027^{d}	0.968±0.024^{a}	0.649±0.008^{c}	0.830±0.024^{b}	0.293±0.006^{e}
	反-2-辛烯醛	ND	0.540±0.001^{d}	ND	0.690±0.067^{c}	0.661±0.007^{c}	ND	1.380±0.105^{a}	ND	1.220±0.105^{b}	0.273±0.068^{e}
	壬醛	2.632±0.070^{b}	2.991±0.059^{a}	0.650±0.028^{f}	2.090±0.187^{cd}	2.065±0.070^{cd}	1.952±0.086^{d}	2.212±0.179^{c}	2.130±0.055^{cd}	2.259±0.154^{c}	1.039±0.110^{e}
	壬烯醛	ND	ND	ND	0.150±0.032^{c}	ND	ND	0.431±0.065^{a}	ND	0.229±0.044^{b}	ND

续表 2

化合物种类	化合物名称	0 d	10 d	20 d	30 d	50 d	70 d	90 d	120 d	150 d	180 d
醛类	(*E*)-2-壬烯醛	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.153±0.014^{b}	0.160±0.003^{ab}	0.176±0.029^{a}	ND
	2,4-癸二烯醛	ND	ND	ND	0.095±0.004^{f}	0.126±0.004^{e}	0.246±0.006^{c}	0.249±0.042^{c}	0.539±0.003^{a}	0.444±0.011^{b}	0.188±0.007^{d}
	肉豆蔻醛	ND	0.126±0.000^{d}	0.254±0.058^{b}	0.188±0.015^{c}	0.396±0.007^{a}	ND	ND	ND	0.128±0.002^{d}	ND
酮类	3-羟基-2-丁酮	ND	2.226±0.000^{de}	22.370±2.918^{a}	5.692±0.356^{b}	2.310±0.253^{de}	2.595±0.838^{d}	4.780±0.179^{bc}	3.630±0.005^{cd}	0.649±0.000^{ef}	0.287±0.090^{f}
	辛酮	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	8.608±0.809^{a}	ND	2.637±0.874^{b}
	环庚酮	0.350±0.006	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	苯乙酮	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.122±0.001
	3,5-辛二烯-2-酮	ND	ND	ND	0.713±0.054^{e}	0.890±0.028^{d}	2.220±0.078^{b}	2.215±0.052^{b}	1.111±0.123^{c}	2.521±0.204^{a}	0.214±0.062^{f}
	4-异丙烯基环己酮	ND	ND	ND	ND	0.287±0.001	ND	ND	ND	ND	ND
含 N、S 化合物	2,5-二甲基吡嗪	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.529±0.031
	三甲基吡嗪	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	14.242±0.588
	3-乙基-2,5-甲基吡嗪	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.261±0.009^{b}	ND	0.293±0.057^{a}
	四甲基吡嗪	ND	ND	0.364±0.127^{e}	0.253±0.003^{e}	0.336±0.006^{e}	0.483±0.002^{e}	2.253±0.513^{d}	10.380±0.099^{c}	13.390±0.556^{b}	25.224±1.341^{a}
	2,3,5-三甲基-6-乙基吡嗪	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.470±0.014^{c}	0.311±0.004^{b}	1.398±0.017^{a}
	2-氨基哌嗪	ND	ND	ND	0.251±0.003^{d}	0.353±0.021^{c}	0.326±0.025^{c}	0.537±0.108^{b}	0.506±0.007^{b}	0.687±0.006^{a}	ND
	4-氨基嘧啶	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.153±0.001^{a}	0.150±0.001^{b}
	N-乙基苯胺	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.155±0.001	ND
	乙基苯甲酰胺	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.122±0.001
	3,5-二甲基苯并噻吩	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	0.048±0.002
含苯化合物	甲苯	0.125±0.007	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	对二甲苯	0.147±0.005	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	2,4-二甲基苯乙烯，	0.440±0.011^{d}	0.948±0.033^{b}	ND	0.639±0.018^{c}	1.218±0.116^{a}	0.618±0.026^{c}	ND	ND	ND	ND
	2,6-二叔丁基对甲酚	0.221±0.009^{b}	0.311±0.013^{a}	0.171±0.001^{c}	0.094±0.011^{e}	0.100±0.005^{e}	0.281±0.001^{a}	0.158±0.001^{c}	0.122±0.003^{d}	0.108±0.011^{e}	0.050±0.005^{f}
烷芳香烃	甲基环戊烷	17.293±0.360	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
化合物	十四烷	ND	0.240±0.001^{c}	0.205±0.010^{c}	0.208±0.003^{bc}	0.278±0.090^{ab}	0.336±0.040^{a}	0.270±0.001^{ab}	0.376±0.078^{a}	0.210±0.085^{c}	0.167±0.010^{c}

续表 2

化合物种类	化合物名称	0 d	10 d	20 d	30 d	50 d	70 d	90 d	120 d	150 d	180 d
烷芳香烃	十五烷	ND	0.563±0.005^{bc}	0.498±0.063^{d}	0.363±0.004^{ef}	0.523±0.093^{cd}	0.603±0.031^{b}	0.580±0.061^{bc}	1.085±0.497^{a}	0.408±0.026^{e}	0.347±0.017^{f}
化合物	十六烷	0.137±0.006^{b}	0.120±0.000^{bv}	0.124±0.012^{bc}	0.079±0.001^{c}	0.139±0.029^{b}	0.135±0.006^{b}	0.174±0.040^{a}	0.125±0.003^{bc}	0.103±0.051^{c}	0.083±0.001^{c}
	右旋柠檬烯	9.426±0.111^{b}	10.596±0.004^{a}	3.851±0.719^{ef}	5.829±0.338^{c}	3.314±0.490^{g}	6.128±0.050^{c}	3.998±0.707^{e}	4.667±0.443^{d}	3.453±0.002^{fg}	3.668±0.315^{edg}
	癸烯	ND	ND	0.358±0.001^{c}	0.361±0.001^{b}	0.624±0.004^{a}	ND	ND	ND	ND	ND
	alpha-松油醇	ND	ND	ND	0.198±0.002^{b}	ND	0.247±0.001^{a}	ND	ND	ND	ND
	茴香脑	0.175±0.007^{g}	0.536±0.005^{e}	0.608±0.076^{d}	0.618±0.042^{d}	0.797±0.011^{b}	0.969±0.076^{a}	0.655±0.024^{d}	0.713±0.027^{c}	0.492±0.067^{ef}	0.446±0.043^{f}
	胡椒烯	ND	0.119±0.001^{b}	ND	ND	ND	ND	0.095±0.002^{d}	0.233±0.008^{a}	0.112±0.006^{c}	0.114±0.002^{c}
	A-姜黄烯	0.206±0.007^{h}	0.755±0.047^{c}	0.763±0.053^{c}	0.429±0.090^{g}	0.677±0.061^{d}	0.826±0.055^{b}	0.579±0.026^{ef}	0.967±0.036^{a}	0.629±0.021^{de}	0.544±0.058^{f}
	β-防风根烯	ND	ND	0.112±0.000^{d}	ND	0.115±0.001^{d}	0.173±0.029^{a}	0.138±0.001^{b}	0.121±0.001^{cd}	0.139±0.001^{b}	0.130±0.003^{bc}
	B-倍半水芹烯	ND	0.283±0.004^{a}	0.214±0.022^{b}	0.132±0.012^{d}	0.217±0.062^{b}	0.269±0.020^{a}	0.167±0.031^{c}	0.204±0.001^{b}	0.105±0.007^{de}	0.084±0.001^{e}
酯类[c]	己酸乙酯	26.550±1.639^{b}	37.618±0.653^{a}	11.498±0.063^{g}	18.676±0.358^{e}	18.190±0.275^{e}	24.416±0.554^{c}	15.079±1.199^{f}	21.842±0.188^{d}	7.841±0.256^{h}	0.089±0.001^{i}
	辛酸乙酯	0.226±0.016^{h}	0.666±0.003^{f}	0.238±0.080^{h}	0.423±0.008^{g}	0.759±0.019^{e}	0.899±0.080^{d}	1.057±0.068^{c}	1.689±0.026^{a}	1.445±0.147^{b}	1.024±0.101^{c}
	壬酸乙酯	ND	0.391±0.001^{bc}	0.093±0.013^{d}	0.348±0.013^{c}	0.419±0.011^{b}	0.561±0.075^{a}	0.531±0.009^{a}	0.552±0.002^{a}	0.535±0.005^{a}	0.377±0.098^{bc}
	庚酸乙酯	ND	ND	ND	1.366±0.150^{b}	0.503±0.130^{c}	1.986±0.291^{a}	ND	ND	ND	ND
	癸酸乙酯	ND	0.131±0.001^{bc}	0.100±0.005^{e}	0.071±0.005^{f}	0.141±0.014^{b}	0.122±0.012^{cd}	0.109±0.016^{de}	0.165±0.001^{a}	0.113±0.014^{de}	0.112±0.014^{de}
	月桂酸乙酯	ND	ND	ND	ND	0.090±0.007^{bc}	0.091±0.001^{bc}	0.079±0.002^{c}	0.135±0.006^{a}	0.104±0.041^{b}	0.106±0.021^{b}
	肉豆蔻酸乙酯	ND	ND	ND	ND	ND	0.340±0.044^{d}	0.393±0.015^{cd}	0.940±0.168^{a}	0.457±0.004^{bc}	0.467±0.058^{b}
	邻苯二甲酸二乙酯	ND	0.460±0.044^{de}	0.748±0.019^{c}	0.509±0.056^{d}	0.813±0.092^{c}	0.942±0.146^{b}	0.724±0.038^{c}	1.278±0.140^{a}	0.397±0.079^{de}	0.330±0.014^{e}
	十六碳烯酸乙酯	ND	ND	0.421±0.064^{c}	0.271±0.024^{d}	0.534±0.165^{b}	0.196±0.008^{d}	0.268±0.066^{d}	1.086±0.096^{a}	0.532±0.004^{b}	0.536±0.000^{b}
	棕榈酸乙酯	ND	0.184±0.000^{f}	0.453±0.051^{d}	0.350±0.040^{e}	0.725±0.086^{c}	0.686±0.013^{c}	0.744±0.065^{c}	1.697±0.078^{a}	0.832±0.084^{b}	0.847±0.032^{b}
	亚油酸乙酯	ND	ND	0.081±0.008^{c}	ND	0.013±0.001^{e}	0.020±0.000^{e}	0.101±0.006^{b}	0.145±0.003^{a}	0.051±0.020^{d}	0.096±0.004^{b}
	油酸乙酯	ND	ND	0.222±0.051^{c}	0.103±0.001^{e}	0.172±0.048^{d}	0.129±0.026^{de}	0.188±0.012^{cd}	0.604±0.085^{a}	0.204±0.043^{c}	0.436±0.007^{b}

† ND 表示未检出;同行小写字母不同表示不同发酵时间的样品之间差异显著($P<0.05$)。

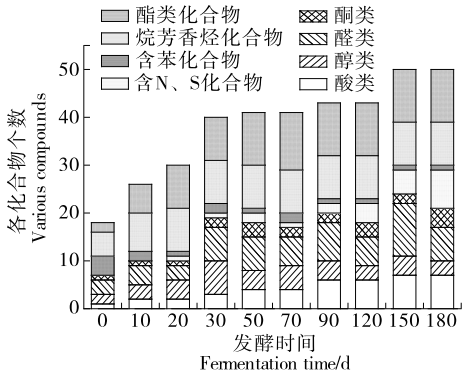


图 2　不同发酵时间各类风味化合物个数

Figure 2　The number of flavor compounds in different fermentation time

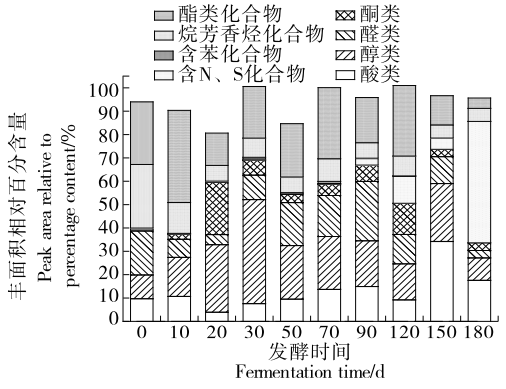
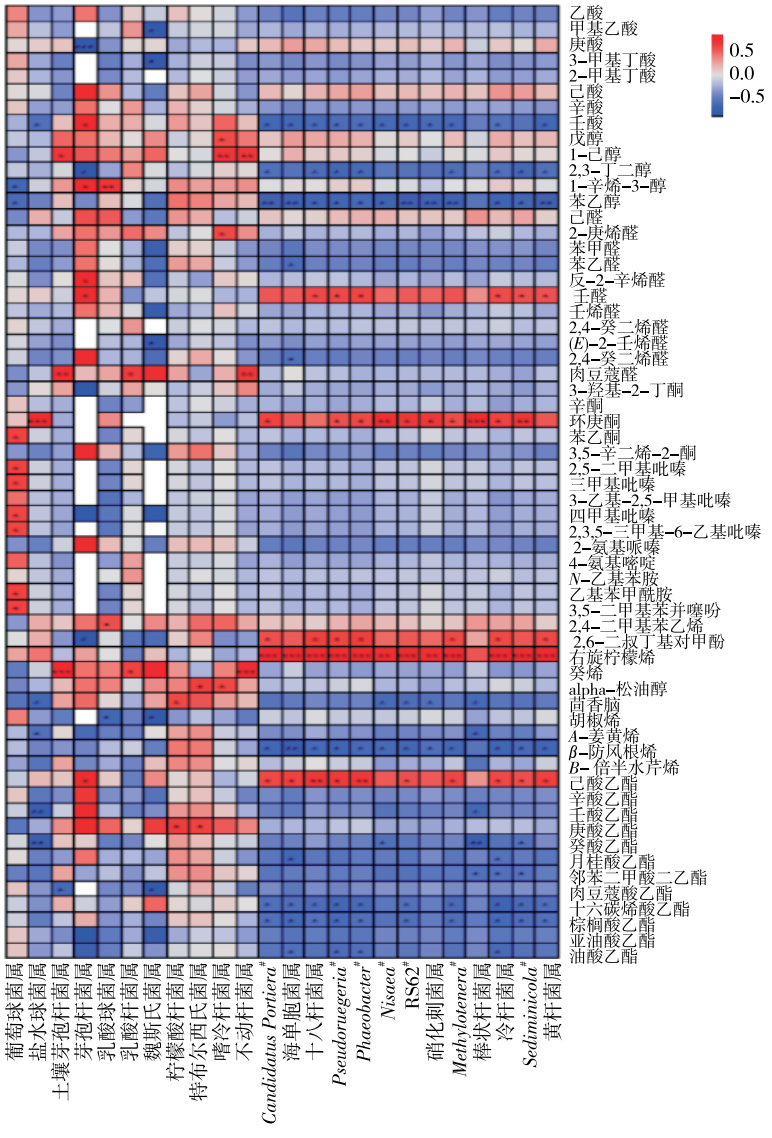


图 3　不同发酵时间风味化合物丰面积相对百分含量

Figure 3　Relative percentage of flavor compounds in different fermentation times



* 表示细菌与挥发性风味物质显著性为 $0.01<P<0.05$；* * 表示 $0.001<P<0.01$；* * * 表示 $P\leqslant 0.001$

图 4　细菌菌落与挥发性化合物相关性热图

Figure 4　Mogram of correlation between bacterial colony and volatile compounds

显著负相关($0.01<P<0.05$)。芽孢杆菌属与酯类、醛类和醇类化合物呈正相关,与酸类呈负相关。乳酸球菌属、乳酸杆菌属和魏斯氏菌属等乳酸菌与壬酸、1-辛烯-3-醇、壬醛、肉豆蔻醛、2,4-二甲基苯乙烯、癸烯、己酸乙酯显著正相关($0.01<P<0.05$),与庚酸、3-甲基丁酸、2,3-丁二醇、2,6-二叔丁基对甲酚、胡椒烯、肉豆蔻乙酯显著负相关。据报道[29],葡萄球菌参与脂肪的降解过程,大量的脂肪酸被释放出来,可进一步转化形成甲基酮和醛等挥发性风味成分。芽孢杆菌与酮类、醛类、醇类等挥发性风味物质的产生有关[30]。乳酸菌通过代谢降解脂肪酸,同时产生酪酸、乙酸、丁酸、辛酸等短链脂肪酸[31]。杜颖琦等[32]研究发酵鲭鱼发现,乳杆菌属是导致发酵鲭鱼中酮类、醇类等多数挥发性风味成分含量高的主要因素;葡萄球菌则对酯类物质起主要贡献。虽然各发酵食品中葡萄球菌和乳酸菌所得风味物质有所差异,但这些结果均说明葡萄球菌和乳酸菌对发酵食品的特征风味物质形成发挥重要作用。

如图 4 所示,随发酵时间延长而其相对丰度值呈下降趋势的菌属如柠檬酸杆菌、特布尔氏菌属、嗜冷杆菌属、不动杆菌属、海洋螺菌目、红杆菌目、放线菌目、黄杆菌目等与风味物质形成存在明显的相关性,即如乙醇、2-庚烯醛、肉豆蔻醛、癸烯、α-松油醇、庚酸乙酯、与壬醛、环庚酮、右旋柠檬烯、乙酸乙酯显著正相关,与壬酸、2,3-丁二醇、苯乙醇、酯类化合物等显著负相关。如杜颖琦等[32]在发酵鲭鱼中发现魏斯氏菌、不动杆菌、嗜甲基菌等微生物虽然相对丰度不高,但与挥发性风味的形成也存在显著相关性。这可能是由于微生物之间相互作用也会影响风味物质形成所致[33-34]。

3　结论

葡萄球菌、乳酸菌类是传统发酵鲅鱼发酵过程中的主要微生物。在传统鲅鱼发酵过程(0～180 d)中共鉴定出 69 种挥发性化合物,发酵初期以醛类、烷芳香烃化合物、酯类为主,随着发酵时间的延长其酸类、醇类、酮类、含 N 化合物随之增加。相关性分析发现,葡萄球菌与含 N 化合物类呈正相关,与醇类化合物负相关;乳酸菌与壬酸、1-辛烯-3-醇、壬醛、肉豆蔻醛、2,4-二甲基苯乙烯、癸烯、己酸乙酯显著正相关($0.01<P<0.05$),与庚酸、3-甲基丁酸、2,3-丁二醇、2,6-二叔丁基对甲酚、胡椒烯、肉豆蔻乙酯显著负相关;柠檬酸杆菌、特布尔氏菌属、嗜冷杆菌属、不动杆菌属、海洋螺菌目、黄杆菌目等微生物虽然在整个发酵过程中相对丰度不高,但与风味物质形成也存在明显的相关性。说明挥发性风味物质的变化是多种微生物协同作用的结果。

研究探讨了微生物与挥发性化合物的相关性,关于发酵鱼制品中主要优势菌产生醛类、酸类、醇类和酯类等风味物质的代谢途径和影响机制有待进一步研究。

参考文献

[1] 于美娟, 谭欢, 马美湖, 等. 传统固态发酵鱼中细菌群落多样性与品质特征分析[J]. 食品科学, 2017, 38(8): 86-95.
YU M J, TAN H, MA M H, et al. Bacterial community diversity and quality characteristics in traditional solid-fermented fish[J]. Food Science, 2017, 38(8): 86-95.

[2] ZANG J H, XU Y S, XIA W S, et al. Quality, functionality, and microbiology of fermented fish: A review[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2020, 60(7): 1 228-1 242.

[3] 王蔚新, 夏文水, 许艳顺, 等. 传统固态发酵淡水鱼品质及安全性研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2014, 5(4): 1 093-1 099.
WANG W X, XIA W S, XU Y S, et al. Research progress on properties and safety of traditional solid-fermented fish[J]. Journal of Food Safety and Quality, 2014, 5(4): 1 093-1 099.

[4] KUDA T, TANIBE R, MORI M, et al. Microbial and chemical properties of *aji-no-susu*, a traditional fermented fish with rice production in the Noto Peninsula, Japan[J]. Fisheries Science, 2009, 75: 1 499-1 506.

[5] RABIE M, SIMON-SARKADI L, SILIHA H, et al. Changes in free amino acids and biogenic amines of Egyptian salted-fermented fish (Feseekh) during ripening and storage[J]. Food Chemistry, 2009, 115(2): 635-638.

[6] YIN L J, PAN C L, JIANG S T. Effect of lactic acid bacterial fermentation on the characteristics of minced mackerel[J]. Journal of Food Science, 2002, 67(2): 786-790.

[7] ZANG J H, XU Y S, XIA W S, et al. Correlations between microbiota succession and flavor formation during fermentation of Chinese low-salt fermented common carp (*Cyprinus carpio* L.) inoculated with mixed starter cultures[J]. Food Microbiology, 2020, 90: 103487.

[8] WANG Z H, XU Z, SUN L M, et al. Dynamics of microbial communities, texture and flavor in Suan zuo yu during fermentation [J]. Food Chemistry, 2020, 332: 127364.

[9] 王雪锋, 李春萍, 吴佳佳, 等. 臭鳜鱼发酵中滋味成分的鉴定与分析[J]. 中国食品学报, 2015, 15(1): 222-229.
WANG X F, LI C P, WU J J, et al. Identification and analysis of the tasty compounds in stinky mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) during fermentation[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2015, 15(1): 222-229.

[10] 胡锦鹏, 吴曼铃, 时瑞, 等. 乳酸菌在发酵鱼制品加工中的应用研究概述[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(9): 287-289.
HU J P, WU M L, SHI R, et al. Research progress on lactic acid bacteria in production of fermented fish[J]. Food and Fermentation Industries, 2020, 46(9): 285-289.

[11] ZANG J H, XU Y S, XIA W S, et al. Dynamics and diversity of microbial community succession during fermentation of Suan yu, a Chinese traditional fermented fish, determined by high throughput sequencing[J]. Food Research International, 2018, 111: 565-573.

[12] ZANG J H, XU Y S, XIA W S, et al. Correlations between microbiota succession and flavor formation during fermentation of

Chinese low-salt fermented common carp (*Cyprinus carpio* L.) inoculated with mixed starter cultures[J]. Food Microbiology, 2020, 90: 103487.

[13] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature Methods, 2010, 7(5): 335-336.

[14] EDGAR R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10(10): 996-998.

[15] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, et al. UCHIME Improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. Bioinformatics, 2011, 27(16): 2 194-2 200.

[16] RAPSANG G F, JISHI S R. Molecular and probiotic functional characterization of *Lactobacillus* spp. associated with traditionally fermented fish, *tungtap* of meghalaya in northeast India[J]. Proc Natl Acad Sci, 2013(10): 1 007-1 018.

[17] 王乃富, 李春阳, 阎征. 乳酸菌发酵对鳙鱼肉糜菌相与品质的影响[J]. 食品科学, 2011, 32(7): 92-96.
WANG N F, LI C Y, YAN Z, et al. Effect of lactic acid fermentation on microflora and physico-chemical properties of minced bighead carp[J]. Food Science, 2011, 32(7): 92-96.

[18] ZENG X F, XIAO W S, JIANG Q X, et al. Effect of autochthonous starter cultures on microbiological and characteristics of Suan yu, a traditional Chinese low salt fermented fish[J]. Food Control, 2013, 33(2): 344-351.

[19] 王泽晗, 陶昱豪, 孙黎明, 等. 苗族酸酢鱼发酵过程中微生物群落、氨基酸及水分动态变化规律[J]. 食品科学, 2021, 42(12): 116-122.
WANG Z H, TAO Y H, SUN L M, et a1. Dynamic changes of microbial community, amino acid composition and moisture distribution during the fermentation of Miao ethnic Suanzuo fish [J]. Food Science, 2021, 42(12): 116-122.

[20] BAO R Q, LIU S S, JI C F, et al. Shortening fermentation period and quality improvement of fermented fish, *Chouguiyu*, by co-inoculation of *Lactococcus lactis* M10 and Weissella cibaria M3[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 03003.

[21] DAI Z, LI Y, WU J, et al. Diversity of lactic acid bacteria during fermentation of a traditional Chinese fish product, Chouguiyu (stinky mandarinfish) [J]. Journal of Food Science, 2013, 78(11): M1778-M1783.

[22] ZHANG H, LI Y, XU K, et al. Microbiological changes and biodiversity of cultivable indigenous bacteria in Sanbao larger yellow croaker (*Pseudosciaena crocea*), a Chinese salted and fermented seafood[J]. Journal of Food Science, 2015, 80(4): M776-M781.

[23] GUAN L, CHO K H, LEE J H. Analysis of the cultivable bacterial community in *jeotgal*, a Korean salted and fermented seafood, and identification of its dominant bacteria[J]. Food Microbiology, 2011, 28(1): 101-113.

[24] GASSEM M A. Microbiological and chemical quality of a traditional salted-fermented fish (Hout-Kasef) product of jazan region, saudi arabia[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2019, 26(1): 137-140.

[25] MARUI J, BOULOM S, PANTHAVEE W, et al. Culture-independent analysis of the bacterial community during fermentation of *pa-som*, a traditional fermented 6sh product in Laos[J]. Fisheries Science, 2014, 80(5): 1 109-1 115.

[26] WANG Y, SHEN Y, WU Y, et al. Comparison of the microbial community and flavor compounds in fermented mandarin fish (*Siniperca chuatsi*): Three typical types of Chinese fermented mandarin fish products[J]. Food Research International, 2021, 144: 110365.

[27] 李莹, 白凤翎, 励建荣. 发酵海产品中微生物形成挥发性代谢产物研究进展[J]. 食品科学, 2015, 36(15): 255-259.
LI Y, BAI F L, LI J R. Advances in research microbial volatile organic compounds from fermented seafood[J]. Food Science, 2015, 36(15): 255-259.

[28] LEE P R, CHONG I S M, YU B, et al. Effects of sequentially inoculated Williopsis saturnus and Saccharomyces cerevisiae on volatile profiles of papaya wine[J]. Food Research International, 2012, 45(1): 177-183.

[29] 吴海燕, 杨磊, 李思东, 等. 生物催化风味在水产品加工中的应用[J]. 广东化工, 2010, 37(7): 66-67.
WU H Y, YANG L, LI S D, et al. The application of biocatalysis-flavor-technology in aquatic processing[J]. Guangdong Chemical Industry, 2010, 37(7): 66-67.

[30] XIANG Y Z, LI X Y, ZHENG H L, et al. Purification and antibacterial properties of a novel bacteriocin against *Escherichia coli* from *Bacillus subtilis* isolated from blueberry ferments[J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 146: 111456.

[31] 马媛, 耿伟涛, 王金菊, 等. 乳酸菌代谢与食品风味物质的形成[J]. 中国调味品 2019, 44(1): 159-163, 172.
MA Y, GENG W T, WANG J J, et al. Lactic acid bacteria metabolism and formation of food flavor substances[J]. China Condiment, 2019, 44(1): 159-163, 172.

[32] 杜颖琦, 范丽莉, 欧昌荣, 等. 鲭鱼发酵过程中挥发性风味成分与细菌种群演替的相关性研究[J]. 食品工业科技, 2022, 43(20): 152-162.
DU Y Q, FAN L L, OU C R, et al. Correlation between volatile flavor components and bacterial population succession during mackerel fermentation[J]. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(20): 152-162.

[33] LIU J, WU Q, WANG P, et al. Synergistic effect in core microbiota associated with sulfur metabolism in spontaneous Chinese liquor fermentation[J]. Applied Environmental Microbiology, 2017, 83(24): e01475-17.

[34] WANG S, WU Q, NIE Y, et al. Construction of synthetic microbiota for reproducible flavor compound metabolism in Chinese light-aroma-type liquor produced by solid-state fermentation[J]. Applied Environmental Microbiology, 2019, 85(10): e03090-18.