

恩施和桐梓地区鲜广椒细菌群落结构及其感官品质解析

崔梦君^{1,2,3}, 赵慧君^{2,3}, 赵山山¹, 王强^{1,2,3}, 郭壮^{2,3}, 郝光飞^{1*}

(1. 河北工程大学 生命科学与食品工程学院, 河北 邯郸 056038; 2. 湖北文理学院 湖北省食品配料工程技术研究中心, 湖北 襄阳 441053; 3. 湖北文理学院 乳酸菌生物技术与工程襄阳市重点实验室, 湖北 襄阳 441053)

摘要: 该研究采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对采集于湖北省恩施土家族苗族自治州恩施市和贵州省遵义市桐梓县共计 18 份鲜广椒样品的细菌群落结构差异进行探究, 采用电子鼻和电子舌技术对其风味和滋味指标进行测定, 对优势细菌属与感官品质指标间的相关性进行解析。测序结果表明, 2 个地区鲜广椒细菌群落间 α 多样性差异不显著 ($P>0.05$), 而 β 多样性存在显著差异 ($P<0.05$)。乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*)、伴生乳杆菌属 (*Companilactobacillus*) 和广泛乳杆菌属 (*Latilactobacillus*) 在采集于恩施地区鲜广椒样品的平均相对含量显著偏高 ($P<0.05$), 而在桐梓鲜广椒中平均相对含量显著偏低 ($P<0.05$), 且 LEfSe 分析发现这 3 个优势细菌属可作为采集于恩施地区鲜广椒的生物标志属。感官品质指标测定发现, 采集于恩施地区的鲜广椒样品的酸味显著偏高 ($P<0.05$), 苦味和咸味显著偏低 ($P<0.05$)。相关性分析发现, 2 个地区鲜广椒样品的优势细菌属与滋味指标之间有的相关性显著 ($P<0.05$), 有的相关性极显著 ($P<0.01$), 而与风味指标之间相关性不显著 ($P>0.05$)。由此可见, 采集于恩施和桐梓地区鲜广椒样品的细菌群落结构和感官品质指标间存在明显差异, 且细菌类群与滋味指标之间具有一定相关性。

关键词: 鲜广椒; 高通量测序; 电子鼻; 电子舌; 相关性

Bacterial Community Structure and Sensory Quality of Zha-chili in Enshi and Tongzi

CUI Mengjun^{1,2,3}, ZHAO Huijun^{2,3}, ZHAO Shanshan¹, WANG Qiang^{1,2,3}, GUO Zhuang^{2,3}, HAO Guangfei^{1*}

(1. School of Life Sciences and Food Engineering, Hebei University of Engineering, Handan 056038, Hebei, China; 2. Hubei Provincial Engineering and Technology Research Center for Food Ingredients, Hubei University of Arts and Science, Xiangyang 441053, Hubei, China; 3. Xiangyang Lactic Acid Bacteria Biotechnology and Engineering Key Laboratory, Hubei University of Arts and Science, Xiangyang 441053, Hubei, China)

Abstract: In this study, Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was used to explore the differences in bacterial community structures of 18 samples of Zha-chili collected from Enshi City, Enshi Tujia and Miao Autonomous Prefecture, Hubei Province and Tongzi County, Zunyi, Guizhou Province, and electronic nose and electronic tongue techniques were used to determine their flavor and taste indicators. The correlation between dominant bacterial genera and sensory quality indicators was analyzed. The sequencing results showed no significant differences in the α -diversity of the bacterial community of Zha-chili from the two regions ($P>0.05$), while significant differences in β -diversity were observed ($P<0.05$). The average relative content of *Lactobacillus*, *Companilactobacillus*, and *Latilactobacillus* in the Zha-chili samples collected from Enshi was significantly higher ($P<0.05$), while that in the Zha-chili samples collected from Tongzi was significantly lower ($P<0.05$), and LEfSe analysis found that these three dominant bacterial genera could be used as biomarker genera for the Zha-chili samples collected from Enshi. The measurement of sensory quality indicators showed that the sourness of the Zha-chili samples collected from Enshi was significantly higher ($P<0.05$), and the bitterness and saltiness were significantly lower ($P<0.05$). Correlation analysis showed that some of the dominant

基金项目: 湖北省自然科学基金创新发展联合基金项目(2022CFD008); 湖北文理学院教师科研能力培育基金“科技创新团队”(2020kpyptd009)
作者简介: 崔梦君(1999—), 女(汉), 硕士研究生, 研究方向: 食品营养与健康。

*通信作者: 郝光飞(1982—), 男(汉), 副教授, 博士, 研究方向: 食品营养与健康。

bacterial genera for the Zha-chili samples collected from the two regions were significantly correlated with taste indicators ($P<0.05$); some were significantly correlated with taste indicators ($P<0.01$), but they were not significantly correlated with flavor indicators ($P>0.05$). It could be seen that there were significant differences in the bacterial community structure and sensory quality indicators of Zha-chili samples collected from Enshi and Tongzi, and there was a certain correlation between the bacterial community and taste indicators.

Key words: Zha-chili; high-throughput sequencing; electronic nose; electronic tongue; correlation

引文格式:

崔梦君,赵慧君,赵山山,等.恩施和桐梓地区鲜广椒细菌群落结构及其感官品质解析[J].食品研究与开发,2025,46(2):201-207.

CUI Mengjun, ZHAO Huijun, ZHAO Shanshan, et al. Bacterial Community Structure and Sensory Quality of Zha-chili in Enshi and Tongzi[J]. Food Research and Development, 2025, 46(2): 201-207.

鲜广椒是以新鲜的二荆条辣椒(*Capsicum annuum* L.)和玉米面或者大米为原料,经过密封发酵制成的一种辣椒制品^[1],以其酸香浓郁的特点深受西南地区人群的喜爱^[2]。微生物的发酵是鲜广椒酸香可口品质形成的重要原因^[3],然而不同地区、不同农户制作的鲜广椒因受到工艺、原材料和环境等因素的影响,导致其微生物群系存在一定差异。席啦等^[4]研究发现以小米辣为原材料的鲜广椒细菌群落丰富度和多样性低于二荆条辣椒和菜椒制作的鲜广椒。杨晨等^[5]研究发现采集于湖北省宜昌市兴山县的鲜广椒样品细菌群落多样性与丰度均显著低于湖南省湘西土家族苗族自治州保靖县。湖北省恩施土家族苗族自治州恩施市(以下简称恩施),地处武陵山区,森林覆盖率近70%,终年湿润,降水充沛^[6],贵州省遵义市桐梓县(以下简称桐梓),属亚热带高原季风湿润性气候,海拔差值大,气候垂直变化差异显著^[7]。由此可见,2个地区的环境和气候之间存在明显差异,导致微生物群系会有不同,因此对恩施和桐梓地区鲜广椒样品微生物群系进行比较分析具有重要意义。

由于鲜广椒发酵环境的开放与复杂,其微生物群系结构并未完全被了解,且传统纯培养方法很难对其蕴含的所有微生物群落进行鉴定。随着分子生物学技术的发展,高通量测序技术在鲜广椒微生物多样性解析方面有了一定的应用。Cai等^[8]使用高通量测序技术对3个地区鲜广椒细菌多样性进行了解析,发现采集于重庆地区和湖南地区鲜广椒的细菌群落丰富度高于湖北地区,Guo等^[9]使用该技术解析了采集于湖南省怀化市和贵州省铜仁市2个地区的鲜广椒样品,发现促生乳杆菌属(*Levilactobacillus*)、乳酸杆菌属(*Lactobacillus*)和魏斯氏菌属(*Weissella*)等共6个优势细菌属在2个地区之间存在显著差异($P<0.05$)。因此将高通量测序技术运用于恩施和桐梓地区鲜广椒样品细菌群

落结构解析具有可行性。

作为现代仿生学设备,基于人体嗅觉和味觉机理,电子鼻和电子舌实现了对食品风味和滋味的高效检测^[10],已被广泛运用于传统发酵食品的检测中。解云等^[11]将高通量测序技术和电子舌技术相结合,在对样品中微生物菌落结构和滋味品质进行解析的同时,进一步将两者进行关联分析,发现蔬菜鲜样品中优势细菌属与其滋味品质之间相关性极显著。因此运用电子鼻和电子舌技术对恩施和桐梓地区鲜广椒中微生物群落与感官品质之间的关系进行探究具有可行性。

本研究采用高通量测序技术,对采集于湖北省恩施土家族苗族自治州恩施市和贵州省遵义市桐梓县共计18个鲜广椒样品进行分析,揭示2个地区鲜广椒的细菌群落结构差异,同时结合仿生学技术对2个地区鲜广椒的风味和滋味指标进行差异性分析,进一步对微生物群系与感官品质指标相关性进行研究,以期为解析不同地区鲜广椒细菌多样性和品质差异的研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

鲜广椒样品:湖北省恩施土家族苗族自治州恩施市采集的10份鲜广椒样品编号为ES1~S10,贵州省遵义市桐梓县采集的8份鲜广椒样品编号TZ1~TZ8,所有样品均为商户使用当地原材料发酵自制而成;DNeasy mericon Food Kit 脱氧核糖核酸(deoxyribonucleic acid, DNA)基因组提取试剂盒:德国QIAGEN公司;清洁试剂盒:Axygen 生物技术有限公司;10×Buffer、DNA聚合酶、脱氧核糖核苷三磷酸(deoxy-ribonucleoside triphosphates, dNTP)缓冲液、rTaq酶、引物338F/806R(338F:5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3'和806R:5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'):上海

桑尼生物科技有限公司;阴离子溶液、阳离子溶液、内溶液、参比溶液:日本 INSENT 公司。

1.2 仪器与设备

Veriti FAST 梯度聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 仪:美国 ABI 公司;UVPCDS8000 凝胶成像分析系统:美国 Protein Simple 公司;Illumina MiSeq 高通量测序平台:美国 Illumina 公司;R920 机架式服务器:美国 DELL 公司;PEN3 电子鼻:德国 AIR-SENSE 公司;SA-402B 电子舌:日本 INSENT 公司。

1.3 试验方法

1.3.1 基因组 DNA 提取、PCR 扩增和高通量测序

按照 DNeasy mericon Food Kit DNA 基因组提取试剂盒说明书对鲜广椒样品的 DNA 进行提取,将经过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测合格的样品 DNA,使用通用引物 338F 和 806R 对细菌 16S rRNA 基因的 V₃~V₄ 区^[12]进行 PCR 扩增,将经过 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测合格的 PCR 产物送至上海美吉生物医药有限公司进行高通量测序。

1.3.2 生物学信息分析

使用 QIIME(v1.9.1)平台对高通量测序获得的序列进行分析。参照 Hu 等^[13]的方法对序列进行拼接和质控,使用 UCLUST 两步算法对质控后的序列按照 97% 的相似度进行分类操作单元矩阵 (operational taxonomic unit, OTU) 的划分^[14],去除带有嵌合体的 OTU 后,选取代表性序列使用 SILVA^[15]数据库进行比对从而获得细菌分类学注释,在此基础上对细菌群类群的 α 多样性进行计算,基于非加权的 UniFrac 距离对细菌群类群的 β 多样性进行解析。

1.3.3 鲜广椒风味品质测定

称取 8 g 鲜广椒样品于顶空瓶中,每个样品称取 3 个平行,在室温下静置平衡 1 h 使风味物质进行挥发,参照蒋立文等^[16]的测试条件进行测定,采样间隔时间 1 s/组,传感器清洗时间 120 s,归零时间 10 s,进样流量 400 mL/min,分析采样时间 60 s,选取 49、50、51 s 时传感器响应值的平均值进行数据分析。

1.3.4 鲜广椒滋味品质测定

称取 30 g 鲜广椒样品于 120 mL 蒸馏水中,静置 30 min 后 10 000 r/min 离心 10 min,取离心后的上清液进行抽滤,将滤液装于 100 mL 量筒内于 4 °C 冰箱静置 12 h,取中间层液体进行酸、苦、涩、咸、鲜、后味 A (苦的回味)、后味 B (涩的回味) 和丰度 (鲜的回味) 指标的测试,每个样品测定 3 个平行,取平均值进行数据分析。

1.4 数据处理

使用 R(v4.1.3)软件绘制箱型图、主成分分析图、普式分析图和相关性热图,使用 Origin2018 软件绘制堆积柱状图和箱型图,使用在线网站 (<http://hutten->

hower.sph.harvard.edu/galaxy/) 绘制线性判别分析 (linear discriminant analysis effect size, LEfSe) 图,使用 Past3 软件中的 Mann-Whitney 检验法进行显著性分析,使用置换多因素方差分析 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA) 对细菌群落 β 多样性进行比较分析。

2 结果与分析

2.1 两个地区鲜广椒细菌群落多样性分析

基于 MiSeq 高通量测序技术对采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品进行高通量测序后,共获得 533 461 条高质量 16S rRNA 基因序列,平均每个样品产生 29 637 条序列,将所得序列按照 97% 相似度聚类后得到 2 260 个 OTU。首先对 2 个地区鲜广椒样品细菌群落的 α 多样性指数进行了计算,发现采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品细菌群落的 Chao1 指数平均值分别为 455.73 和 370.10,发现物种数平均值分别为 238 和 206,香农指数平均值分别为 4.08 和 3.31,辛普森指数平均值分别为 0.79 和 0.64,经 Mann-Whitney 检验发现,2 个地区鲜广椒样品细菌群落的 α 多样性指数差异均不显著 ($P>0.05$)。由此可见,采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品的细菌群落物种丰富度和多样性没有显著差异。进一步基于非加权 UniFrac 距离对采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品细菌群落的 β 多样性进行分析,结果如图 1 所示。

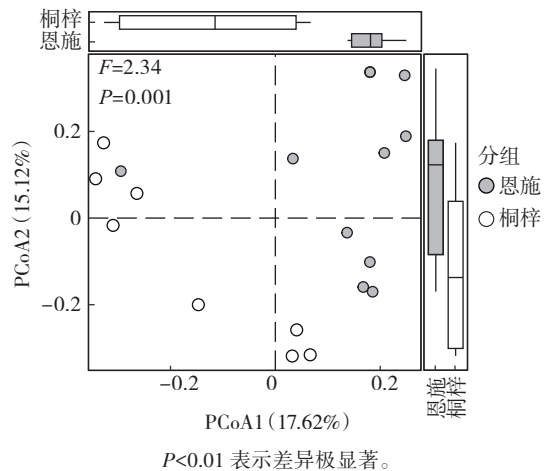


图1 基于非加权 UniFrac 距离对两个地区鲜广椒样品细菌群落 β 多样性分析

Fig.1 β diversity analysis of bacterial community in Zha-chili samples collected from two regions based on unweighted UniFrac distance

由图 1 可知,在仅考虑细菌种类而不考虑其丰度的情况下,采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品沿着第一主成分方向具有完全分离的趋势,其中采集于桐梓地区的样本主要位于 X 轴负方向,而采集于恩施地区的样本主要位于 X 轴正方向。由此可知,虽然 2 个

地区鲜广椒样品细菌群落存在一定交叠,但整体上群落结构存在一定差异。进一步经 PERMANOVA 检验发现,基于非加权 UniFrac 距离的细菌群落 β 多样性均存在极显著差异 ($P < 0.01$),表明采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品细菌群落结构存在显著差异。

2.2 两个地区鲜广椒群落构成比较分析

进一步对 2 个地区鲜广椒细菌群落的构成进行了分析,将平均相对含量大于 1.0% 的门定义为优势细菌门,结果如图 2 所示。

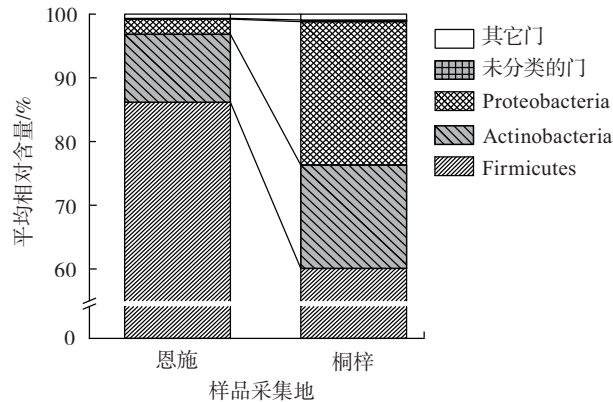


图2 两个地区鲜广椒样品优势细菌门相对含量的比较分析

Fig.2 Comparison of relative contents of dominant bacteria phyla in Zha-chili samples collected from two regions

由图 2 可知,在门水平上,采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒中优势细菌门有 3 个,分别为厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria),平均相对含量分别为 74.34%、13.42% 和 11.27%。李娜等^[17]和 Cai 等^[18]分别对采集于湖北省咸丰市和湖南省湘西土家族苗族自治州的鲜广椒样品进行细菌多样性解析发现,优势细菌门也为 Firmicutes、Actinobacteria 和 Proteobacteria,与本试验结果基本一致。由此可见,采集于不同地区的鲜广椒样品优势细菌门均以 Firmicutes 为主,平均相对含量超过 50%,据报道 Firmicutes 门类的微生物具有厌氧、耐酸和分解蛋白等特性,广泛存在于密封发酵的食品中^[19]。基于属水平,将平均相对含量大于 1.0% 的属定义为优势细菌属,结果如图 3 所示。

由图 3 可知,在属水平上,2 个地区的鲜广椒样品共有 15 个优势细菌属,分别为 *Lactobacillus*、迟缓乳杆菌属(*Lentilactobacillus*)、*Levilactobacillus*、红球菌属(*Rhodococcus*)、*Weissella*、伴生乳杆菌属(*Companilactobacillus*)、乳植物杆菌属(*Lactiplantibacillus*)、鲁希氏菌属(*Rouxiella*)、广泛乳杆菌属(*Latilactobacillus*)、明串珠菌属(*Leuconostoc*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、乳酪杆菌属(*Lacticaseibacillus*)、棒状杆菌属(*Corynebacterium*)、短杆菌属(*Brevibacterium*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*)。通过对优势细菌属的统计分析可知,采集于恩

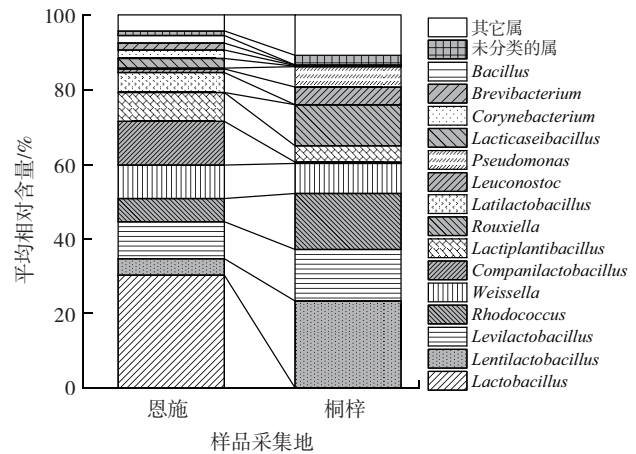


图3 两个地区鲜广椒样品优势细菌属相对含量的比较分析

Fig.3 Comparison of relative contents of dominant bacteria genus in Zha-chili samples collected from two regions

施地区的鲜广椒样品以 *Lactobacillus* 和 *Companilactobacillus* 为主,平均相对含量分别为 30.24% 和 11.77%,而采集于桐梓地区的鲜广椒样品以 *Lentilactobacillus*、*Rhodococcus* 和 *Levilactobacillus* 为主,平均相对含量分别为 23.27%、14.99% 和 13.83%。采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品中隶属于乳酸菌系的优势细菌属的平均相对含量均较高,分别为 81.85% 和 54.79%,说明乳酸菌在鲜广椒的发酵体系中可能发挥着重要作用。作为淀粉质食品发酵的必需微生物类群之一,乳酸菌的发酵能够将大分子物质分解成小分子物质,促进消化吸收^[20],还可以将碳水化合物转化为乳酸,赋予食物独特的风味,在一定程度上起到抑制杂菌和防腐败的效果^[21]。*Rhodococcus* 亦在采集于当阳和咸丰地区的鲜广椒样品中被检测出来,其平均对含量较低,为 0.01%~0.30%^[17],但采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品中 *Rhodococcus* 的平均相对含量达到 10.17%。作为条件致病菌^[22],*Rhodococcus* 可在土壤、岩石、地下水及动物的粪便等中存活^[23],能够引起人和动物的发烧、乏力、肺部脓肿等症状。而采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品发现 *Rhodococcus* 的相对含量过高,究其原因可能是鲜广椒的发酵环境较为开放,导致环境中的 *Rhodococcus* 进入发酵基质中发生富集。

进一步采用 LEfSe 对 2 个地区鲜广椒样品中微生物物种的差异性进行了甄别,结果如图 4 所示,其中纵坐标表示存在显著差异的分类单元,横坐标表示其对应的 LDA 得分。

由图 4 可知,2 个地区鲜广椒样品中共存在 8 个差异细菌类群,其中 *Lactobacillus*、*Companilactobacillus* 和 *Latilactobacillus* 在采集于恩施地区的鲜广椒中显著富集 ($P < 0.05$),丙酸杆菌属(*Cutibacterium*)、气球菌科(*Aerococcaceae*)、小单孢菌科(*Micromonosporaceae*)、小单孢菌目(*Micromonosporales*)和贫养菌属(*Abiotro-*

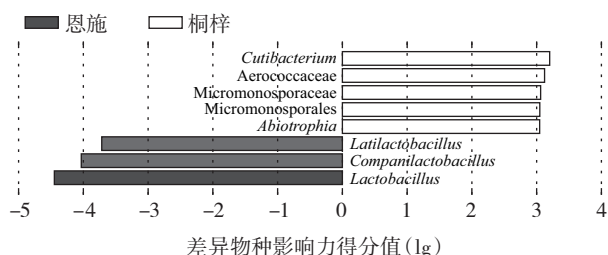


图4 基于 LEfSe 分析的微生物 LDA 分析

Fig.4 Microbial LDA based on LEfSe analysis

表1 电子鼻和电子舌传感器对两个地区鲜广椒样品响应值的差异性分析

Table 1 Difference of response values of Zha-chili samples collected from two regions based on electronic nose and electronic tongue sensors

指标	恩施				桐梓				显著性
	平均值	中位数	最大值	最小值	平均值	中位数	最大值	最小值	
W1C(芳香型化合物)	0.23	0.28	0.37	0.10	0.16	0.13	0.33	0.06	
W3C(芳香型化合物)	0.31	0.31	0.49	0.14	0.21	0.18	0.42	0.08	
W5C(烷烃芳香成分)	0.29	12.01	0.49	0.11	0.18	0.15	0.38	0.06	
W1W(无机硫化物)	67.88	24.15	101.84	23.53	80.75	85.05	126.68	29.54	
W2S(乙醇)	11.96	3.01	24.76	4.21	18.64	14.11	45.64	4.95	
W2W(有机硫化物)	1.42	1.35	1.82	1.19	1.65	1.55	2.39	1.19	
W3S(烷烃类)	1.45	1.29	1.76	1.30	1.63	1.50	2.47	1.23	
酸味	-3.71	-0.79	1.28	-20.95	-10.84	-11.64	-2.37	-21.23	*
苦味	0.04	0.49	1.36	-1.92	1.15	1.15	2.01	0.48	*
涩味	2.63	1.49	7.36	-0.15	1.49	1.64	3.53	-0.71	
咸味	-2.27	1.39	5.51	-14.69	4.21	5.06	8.18	-0.21	*
鲜味	1.83	1.11	6.33	-0.26	3.03	3.37	5.75	-3.11	
后味 A(涩的回味)	0.84	0.65	1.78	-0.25	0.34	0.51	1.23	-1.55	
后味 B(苦的回味)	0.68	0.43	2.28	0.16	0.47	0.14	2.05	0.01	
丰度(鲜的回味)	0.61	0.43	2.14	-0.23	2.02	1.98	5.50	-1.47	*

注:*表示恩施和桐梓地区风味与滋味指标之间差异显著(P<0.05)。

由表1可知,电子鼻部分传感器对2个地区鲜广椒样品具有较强响应值,具体体现在W1W(对无机硫化物灵敏)和W2S(对乙醇灵敏)上,而其他传感器的响应值均较低。由此可知,2个地区鲜广椒样品的挥发性风味物质主要以无机硫化物和乙醇类物质为主。由表1可知,经Mann-Whitney检验发现,采集于恩施地区的鲜广椒酸味显著偏高(P<0.05),而苦味、咸味和丰度显著偏低(P<0.05)。乳酸菌在发酵过程中会产生乳酸,因酸味与涩味正相关^[24],所以当乳酸积累过量时鲜广椒的涩味会加重,根据对2个地区鲜广椒细菌群落结构分析可知,采集于恩施地区的鲜广椒样品中乳酸菌相对含量明显高于桐梓地区,这也是造成2个地区酸味存在显著差异的主要原因。

2.4 鲜广椒优势细菌属与品质指标相关性分析

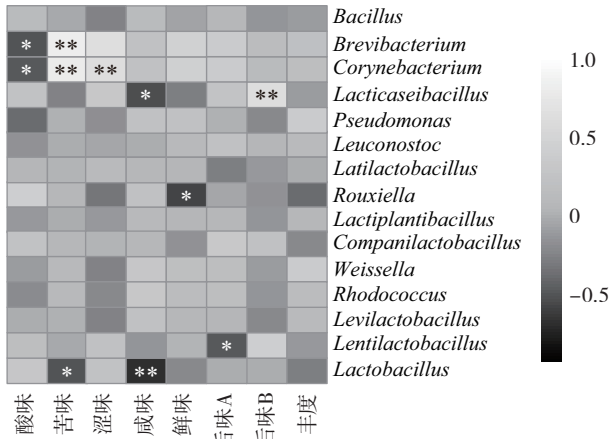
通过上述分析可知,微生物的组成及其代谢活动与产品品质之间存在一定的关联性,为探究细菌群落对鲜广椒感官品质之间的影响,进一步运用普氏分析方

法对优势细菌属与风味和滋味指标之间的相关性进行了计算。结果发现,优势细菌属与滋味指标之间相关性显著(M²=0.138 6,P=0.027),而与风味指标之间相关性不显著(M²=0.198 2,P=0.058),因此进一步对优势细菌属与滋味指标之间的相关性进行了探究,结果如图5所示。

2.3 两个地区鲜广椒风味和滋味指标差异性评价

采用电子鼻和电子舌技术对2个地区鲜广椒样品的风味与滋味品质进行分析,结果如表1所示。

由图5可知,Lactobacillus(乳酸杆菌属)与咸味极显著负相关(P<0.01),相关系数为-0.71,Lacticaseibacillus(乳酪杆菌属)与咸味显著负相关(P<0.05),相关系数为-0.56。乳酸在一定程度上对咸味会起到中和作用^[25],所以当乳酸菌含量相对较高时,合成的乳酸会增多,从而对咸味产生影响。Lactobacillus(乳酸杆菌属)与苦味显著负相关(P<0.05),相关系数为-0.51,Lacticaseibacillus(乳酪杆菌属)与后味B极显著正相关(P<0.01),相关系数为0.62,Lentilactobacillus(迟缓乳杆菌属)与后味A显著负相关(P<0.05),相关系数为-0.49,Rouxiella(鲁希氏菌属)与鲜味显著负相关(P<0.05),



*表示差异显著($P < 0.05$); **表示差异极显著($P < 0.01$)。

图5 两个地区鲜广椒样品的滋味指标和优势细菌属相关性分析
Fig.5 Correlation analysis of taste indicators and dominant bacteria genus in Zha-chili samples collected from two regions

相关系数为-0.58。

3 结论

采集于恩施和桐梓地区的鲜广椒样品在细菌菌群和感官品质间存在明显差异。*Lactobacillus* (乳酸杆菌属)、*Lentilactobacillus* (迟缓乳杆菌属)、*Levilactobacillus* (促生乳杆菌属)、*Weissella* (魏斯氏菌属)等15个细菌属为2个地区鲜广椒样品中的优势菌群,其中*Lactobacillus* (乳酸杆菌属)、*Companilactobacillus* (伴生乳杆菌属)和*Latilactobacillus* (广泛乳杆菌属)是采集于恩施地区鲜广椒样品的生物标志物。采集于恩施地区的鲜广椒样品酸味显著偏高,苦味和咸味显著偏低。研究发现鲜广椒风味和滋味品质的形成与细菌类群存在一定相关性。以期为进一步了解鲜广椒这一地方特色发酵食品的微生物类群提供了数据支撑。

参考文献:

[1] 赵欠,王丹,王巧碧,等.不同淀粉原料对鲜海椒发酵过程中香气形成的影响[J].现代食品科技,2016,32(4):182-193.
ZHAO Qian, WANG Dan, WANG Qiaobi, et al. Effects of different starch raw materials on aroma formation during fermentation to prepare Zha-chili[J]. Modern Food Science and Technology, 2016, 32(4): 182-193.

[2] 尹小庆,汤艳燕,阚建全,等.小米辣鲜辣椒发酵过程中风味物质及微生物多样性的变化[J].食品与发酵工业,2020,46(5):74-82.
YIN Xiaoping, TANG Yanyan, KAN Jianquan, et al. Analysis of flavor components and microbial diversity of Xiaomila Zhalajiao during fermentation[J]. Food and Fermentation Industries, 2020, 46(5): 74-82.

[3] DONG W W, SHEN H Y, LIU H M, et al. Unraveling the microbial community and succession during Zha-chili fermentation and their relationships with flavor formation[J]. Food Research International, 2022, 157: 111239.

[4] 席啦,熊英梅,王玉荣,等.3类辣椒对鲜广椒细菌类群和品质的影响[J].食品工业科技,2022,43(19):154-159.

XI La, XIONG Yingmei, WANG Yurong, et al. Effects of three peppers varieties on bacterial taxa and quality of Zhaguangjiao[J]. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(19): 154-159.

[5] 杨晨,柯悦,黄锶铎,等.不同地区鲜广椒细菌多样性比较研究[J].食品工业科技,2023,44(10):145-150.
YANG Chen, KE Yue, HUANG Sixing, et al. Comparative study on bacterial diversity of Zha-chili in different regions[J]. Science and Technology of Food Industry, 2023, 44(10): 145-150.

[6] 谭静,陈正洪,陈英英,等.湖北省生态旅游气候资源分析及区划[J].湖北农业科学,2022,61(15):67-74.
TAN Jing, CHEN Zhenghong, CHEN Yingying, et al. Climatic analysis and division of ecological tourism resources in Hubei Province[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2022, 61(15): 67-74.

[7] 田义超,王世杰,白晓永,等.桐梓河流域输沙量变化及其对气候和人类活动的响应[J].自然资源学报,2019,34(12):2701-2716.
TIAN Yichao, WANG Shijie, BAI Xiaoyong, et al. Sediment transport variation and its response to climate and human activities in Tongzi River Basin[J]. Journal of Natural Resources, 2019, 34(12): 2701-2716.

[8] CAI W C, TANG F X, WANG Y R, et al. Bacterial diversity and flavor profile of Zha-Chili, a traditional fermented food in China[J]. Food Research International, 2021, 141: 110112.

[9] GUO Z, WANG Y R, XIANG F S, et al. Evaluating the flavor and divergent bacterial communities in corn-based Zha-chili[J]. Food Bioscience, 2022, 46: 101563.

[10] TAN J Z, XU J. Applications of electronic nose (e-nose) and electronic tongue (e-tongue) in food quality-related properties determination: A review[J]. Artificial Intelligence in Agriculture, 2020, 4: 104-115.

[11] 解云,李悦琦,王玉荣,等.潜江地区蔬菜鲜细菌多样性与滋味品质的关联性分析[J].食品与发酵工业,2023,49(6):193-200.
XIE Yun, LI Yueqi, WANG Yurong, et al. Correlation analysis between bacterial diversity and taste quality of vegetables Zha-Chili in Qianjiang region[J]. Food and Fermentation Industries, 2023, 49(6): 193-200.

[12] 王玉荣,杨成聪,葛东颖,等.扩增区域对鲜广椒细菌 MiSeq 测序的影响[J].食品科学,2019,40(10):134-140.
WANG Yurong, YANG Chengcong, GE Dongying, et al. Influence of different amplified regions on results of bacterial diversity in Zhaguangjiao, a Chinese traditional fermented chili product, by MiSeq sequencing[J]. Food Science, 2019, 40(10): 134-140.

[13] HU X L, WANG K L, CHEN M G, et al. Profiling the composition and metabolic activities of microbial community in fermented grain for the Chinese strong-flavor Baijiu production by using the metatranscriptome, high-throughput 16S rRNA and ITS gene sequencings[J]. Food Research International, 2020, 138: 109765.

[14] MLAIK N, BAKONYI J, BORSODI A, et al. Microbial diversity in tanning wastewaters treatment reactors[J]. Environmental Progress & Sustainable Energy, 2015, 34(2): 401-410.

[15] MIODUCHOWSKA M, NITKIEWICZ B, ROSZKOWSKA M, et al. Taxonomic classification of the bacterial endosymbiont *Wolbachia* based on next-generation sequencing: Is there molecular evidence for its presence in tardigrades? [J]. Genome, 2021, 64(10): 951-958.

[16] 蒋立文,谢艳华,李跑,等. HS-SPME/GC-MS 和电子感官技术分析毛霉型豆豉发酵过程中风味品质[J].核农学报,2020,34(7):1497-1506.
JIANG Liwen, XIE Yanhua, LI Pao, et al. Analysis of the volatile flavor components and quality of *Mucor*-type Douchi with HS-SPME/GC-MS method and electric-sense technology[J]. Journal of

- Nuclear Agricultural Sciences, 2020, 34(7): 1497-1506.
- [17] 李娜, 张苗苗, 舒娜, 等. 咸丰和当阳地区鲜广椒细菌群落结构差异性研究[J]. 中国酿造, 2020, 39(10): 48-53.
LI Na, ZHANG Miaomiao, SHU Na, et al. Difference of bacterial community structure of Zhaguangjiao in Xianfeng and Dangyang Region[J]. China Brewing, 2020, 39(10): 48-53.
- [18] CAI W C, WANG Y R, HOU Q C, et al. Rice varieties affect bacterial diversity, flavor, and metabolites of Zha-chili[J]. Food Research International, 2021, 147: 110556.
- [19] YANG Y, WANG S T, LU Z M, et al. Metagenomics unveils microbial roles involved in metabolic network of flavor development in medium-temperature daqu starter[J]. Food Research International, 2021, 140: 110037.
- [20] 王登宇, 孔垂琴, 王冰, 等. 乳酸菌发酵对混合米粉理化特性及年糕品质的影响[J]. 中国食品学报, 2023, 23(3): 229-239.
WANG Dengyu, KONG Chuiqin, WANG Bing, et al. Effects of lactic acid bacteria fermentation on the physicochemical characteristics of mixed rice flour and the quality of rice cakes[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2023, 23(3): 229-239.
- [21] 王印壮, 段定定, 丁玉峰, 等. 葡萄糖素发酵过程中代谢产物的动态变化[J]. 食品科学, 2022, 43(18): 98-104.
WANG Yin Zhuang, DUAN Dingding, DING Yufeng, et al. Dynamic changes of metabolites during grape jiaosu fermentation[J]. Food Science, 2022, 43(18): 98-104.
- [22] 周诗琪, 华凯, 刘峥嵘. 马红球菌致手部脓肿 1 例[J]. 中国感染与化疗杂志, 2021, 21(1): 91-92.
ZHOU Shiqi, HUA Kai, LIU Zhengrong. Hand abscess caused by *Rhodococcus equi*: One case report[J]. Chinese Journal of Infection and Chemotherapy, 2021, 21(1): 91-92.
- [23] 谭娅文, 张千柔, 徐迦南, 等. 基于近 10 年红球菌发展的文献计量分析[J]. 微生物学通报, 2022, 49(11): 4934-4941.
TAN Yawen, ZHANG Qianrou, XU Jianan, et al. A bibliometric analysis of research on development of *Rhodococcus* over the past decade[J]. Microbiology China, 2022, 49(11): 4934-4941.
- [24] 吴慧琳, 李苗云, 朱瑶迪, 等. 利用电子舌分析热加工酸肉滋味特征[J]. 肉类研究, 2019, 33(12): 39-44.
WU Huilin, LI Miaoyun, ZHU Yaodi, et al. Electronic tongue analysis of taste characteristics of thermally processed sour meat[J]. Meat Research, 2019, 33(12): 39-44.
- [25] 彭勃, 侯莎, 周其洋, 等. 酱油发酵中乳酸菌的功能及其研究进展[J]. 中国调味品, 2022, 47(11): 216-220.
PENG Bo, HOU Sha, ZHOU Qiyang, et al. The function and research progress of lactic acid bacteria in soy sauce fermentation[J]. China Condiment, 2022, 47(11): 216-220.

加工编辑: 刘艳美

收稿日期: 2023-08-30

(上接第 171 页)

- [18] 宋社果, 李志成, 曹甲权, 等. 柠檬奶茶加工工艺研究[J]. 中国牛业科学, 2006, 32(6): 41-44.
SONG Sheguo, LI Zhicheng, CAO Jiaquan, et al. Studies on the processing technics of lemon milk tea[J]. China Cattle Science, 2006, 32(6): 41-44.
- [19] 陆智. 气相色谱-质谱指纹图谱结合聚类分析在薄荷香精风味品质稳定性分析中的应用[J]. 现代食品科技, 2018, 34(9): 283-290.
LU Zhi. Evaluation of flavor quality stability of peppermint essential oils using gas chromatography-mass spectrometry fingerprints in combination with cluster analysis[J]. Modern Food Science and Technology, 2018, 34(9): 283-290.
- [20] SANGOLKAR R D, KAWADKAR D K, BHANVASE B A, et al. Ultrasound assisted encapsulation of peppermint flavor in gum Arabic: Study of process parameters[J]. Journal of Food Process Engineering, 2019, 42(7): e13269.
- [21] 郭少莉, 张林奕, 谢立梅, 等. 牡丹籽油-枇杷汁爆珠的工艺优化研究[J]. 食品科技, 2024, 49(1): 64-71.
GUO Shaoli, ZHANG Linyi, XIE Limei, et al. Optimization on technology of peony seed oil-loquat juice hydrogel bursting beads[J]. Food Science and Technology, 2024, 49(1): 64-71.
- [22] 黄火梅, 王洪新, 崔新妍. 低升糖指数酥油茶粉的制备及品质评价[J/OL]. 食品与发酵工业, 1-11 [2024-11-27]. <https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039017>.
HUANG Huomei, WANG Hongxin, CUI Xinyan. Preparation and quality evaluation of buttered tea powder with low glycemic index[J/OL]. Food and Fermentation Industry, 1-11 [2024-11-27]. <https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039017>.
- [23] 李俊玲. 红薯茎叶功能性成分分析及其饮料的研制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2008.
LI Junling. Analysis of functional components of sweet potato stems and leaves and development of its beverage[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2008.

责任编辑: 王艳

收稿日期: 2024-08-30