

我国传统发酵肉制品中乳酸菌生物多样性的研究进展

陈 韵^{1,2}, 胡 萍^{1,2,*}, 湛剑龙^{1,2}, 李立郎^{1,2}

(1. 贵州大学生命科学学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州省农畜产品贮藏加工重点实验室, 贵州 贵阳 550025)

摘 要: 本文对我国传统发酵肉制品中乳酸菌生物多样性的研究进行综述, 列出我国发酵肉制品中乳酸菌的资源, 分别对比香肠、腌肉、酸肉等食品中乳酸菌的优势菌群, 总结现有的微生物多样性研究技术, 并进行展望, 以期研究肉制品优良发酵剂与其风味形成机理提供一定的参考。

关键词: 乳酸菌; 发酵肉制品; 多样性

Research Progress in Diversity of Lactic Acid Bacteria in Traditional Chinese Fermented Meat Products

CHEN Yun^{1,2}, HU Ping^{1,2,*}, ZHAN Jian-long^{1,2}, LI Li-lang^{1,2}

(1. College of Life Sciences, Guizhou University, Guiyang 550025, China;

2. Guizhou Key Laboratory of Agricultural and Animal Products Storage and Processing, Guiyang 550025, China)

Abstract: In this paper, the recent research progress in diversity of lactic acid bacteria in traditional fermented meat products of China is reviewed. The resources of LAB in fermented meat products in China, the predominant microorganisms of LAB in sausage, cure meat and sour meat are comparatively analyzed. The current research techniques for microbial diversity are summarized, and future prospects are put forward.

Key words: lactic acid bacteria; fermented meat products; diversity

中图分类号: TS201.3; TS251.51

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630(2013)13-0302-05

doi:10.7506/spkx1002-6630-201313064

乳酸菌的功能特性是近年来全世界一直重点研究的热点, 乳酸菌也是目前人类利用最为全面的微生物。乳酸菌中的一些作为对人和动物有健康促进作用的益生菌已被广泛应用到食品发酵和各种微生态制剂的生产。据统计, 近5a世界乳酸菌产业年产值已超过3000亿美元, 每年以20%的速度增长^[1]。发达国家都十分重视乳酸菌资源的发掘、研究和利用。而目前国内益生菌发酵制品采用的菌种和发酵剂几乎完全被国外企业垄断^[1], 真正具有自主知识产权的、来源中国本土的益生菌资源的开发还很少。

我国苗族、布衣族、侗族、水族等少数民族传统发酵肉制品具有历史悠久、风味独特、营养丰富、绿色和原生态的特点, 发掘其中的乳酸菌将为开发我国的微生物资源利用提供丰富的来源, 对保护本土原生态微生物资源也是十分必要的。但目前, 基于此方面的基础研究还很少, 本文主要对我国传统肉制品中乳酸菌生物多样

性进行阐述, 以期研究肉制品优良发酵剂与其风味形成机理提供一定的参考。

1 发酵肉制品中乳酸菌资源

我国少数民族几千年特殊生活方式沿传下来的独特发酵食品中, 蕴藏着十分丰富的微生物资源^[1], 特别是我国传统发酵肉制品中的乳酸菌资源十分丰富, 如表1所示。

表1 我国传统发酵食品中的乳酸菌
Table 1 LAB in traditional fermented foods of China

传统食品	来源	分离菌株	参考文献
腊肉	四川	<i>Lactobacillus pentosus</i>	[2]
		<i>L. alimentarius</i>	
		<i>L. casei</i>	
		<i>L. curvatus</i>	
		<i>L. sake</i>	
	湖南	<i>Lactococcus lactis</i>	[3]
		<i>L. plantarum</i>	

收稿日期: 2013-01-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(31260379)

作者简介: 陈韵(1988—), 女, 硕士研究生, 研究方向为食品营养与安全。E-mail: 7-win@163.com

*通信作者: 胡萍(1970—), 女, 教授, 博士, 研究方向为食品营养与安全。E-mail: ls.phu@gzu.edu.cn

续表1

传统食品	来源	分离菌株	参考文献
香肠	烟台(市售)	<i>L. delbrueckii</i> subsp. <i>delbrueckii</i>	[4]
		<i>L. bulgaricus</i>	
		<i>L. sake</i>	
		<i>L. alinentarius</i>	
	扬州(市售)	<i>L. pentosus</i>	[5]
		<i>L. sake</i>	
		<i>L. fructosus</i>	
		<i>L. farciminis</i>	
	四川	<i>L. casei</i>	[6]
		<i>L. plantarum</i>	
腊肉	山东	<i>L. curvatus</i>	[7]
		<i>L. casei</i>	
		<i>L. plantarum</i>	
		<i>L. sakei</i>	
	广式(自制)	<i>L. pentosus</i>	[8]
		<i>L. plantarum</i>	
	湖南	<i>Pediococcus pentosaceus</i>	[9]
		<i>L. delbrueckii</i>	
		<i>L. sake</i>	
		<i>Lactic streptococci</i>	
腊鱼	重庆	<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	[10]
		<i>L. paramesenteroides</i>	
		<i>Pediococcus acidilactici</i>	
		<i>L. johnsonii</i>	
	贵州	<i>L. plantarum</i>	[11]
		<i>Pediococcus pentosaceus</i>	
		<i>Pediococcus halophilus</i>	
		<i>Pediococcus cerevisiae</i>	
	湖北	<i>L. acidophilus</i>	[12]
		<i>Lactococcus lactis</i>	
板鸭	湖北	<i>L. casei</i>	[13]
		<i>L. bulgaricus</i>	
		<i>L. farciminis</i>	
		<i>L. lactis</i>	
	湖北	<i>L. plantarum</i>	[14]
		<i>L. curvatus</i>	
		<i>L. alimentarius</i>	
		<i>Pediococcus acidilactici</i>	
	扬州	<i>Pediococcus pentosaceus</i>	[15]
		<i>L. pentosus</i>	
咸鱼	北海	<i>Pediococcus pentosaceus</i>	[16]
		<i>Pediococcus pentosaceus</i>	

2 发酵肉制品中乳酸菌多样性的研究现状

在肉制品发酵中,乳酸菌起到了至关重要的作用,乳酸菌是肉制品发酵剂中研究最早的菌种。它能产生乳酸、细菌素等,可减少腐败,抑制病原微生物的生长和毒素的产生,减少亚硝胺的生成,提高产品的安全性、缩短生产周期,延长产品的货架期;另外,乳酸菌还能促进发色,防止氧化变色;促进风味的形成,提高产品的营养价值^[17-18]。

2.1 发酵香肠中的乳酸菌

发酵香肠亦称生香肠,是将绞碎的肉(常指猪肉或牛

肉)和动物脂肪以及糖、盐、发酵剂和香辛料等混合后灌进肠衣,经过微生物发酵而制成。乳酸菌是发酵香肠中的优势菌群,在香肠的发酵、保存、风味形成中发挥了至关重要的作用。乳酸菌能代谢可发酵碳水化合物生成乳酸等有机酸,使产品的pH值降低至4.5~5.5之间。乳酸的产生一方面能减少产品中亚硝酸盐的残留量。另一方面,乳酸还能够使肉中的蛋白质变性,使产品形成良好的质构,产生独特的风味。此外,一些乳酸菌还具有某些功能性质,作为益生菌改善肠道微生态^[19]。

最初用于发酵香肠发酵剂的乳酸菌菌种是从植物材料中分离和筛选获得的,主要是植物乳杆菌和戊糖片球菌,它们可以使产品形成独特的风味。植物乳杆菌是一种多功能的乳酸菌,在一系列微环境中都能存活,已经有研究证明它能在胃肠运输中存活,并可以移植入人体和其他动物的胃肠道^[20]。但是,接种发酵不能体现发酵香肠独特的风味,而且不能体现出乳酸菌的生物多样性。已经有学者研究过香肠自然发酵和接种发酵的区别:孙雷^[21]对比了自然发酵样品和接种植物乳杆菌发酵样品,发现后者的pH值、挥发性盐基氮值均明显低于自然发酵香肠;接种植物乳杆菌香肠中乳酸菌数、细菌总数、pH值、挥发性盐基氮值在添加木瓜蛋白酶和不添加木瓜蛋白酶组之间均没有显著差异。因此,从自然发酵香肠中分离和筛选性能优良的乳酸菌发酵剂已经越来越受到人们的关注。

自然发酵香肠中的乳酸菌的生物多样性决定了产品的地方特色。徐静等^[22]从自然发酵香肠中分离的68株乳酸菌中筛选出性能优良的2株,经鉴定均为干酪乳杆菌。邵单炫^[6]从四川、成都、乐山等20个地方采集家庭自然发酵香肠中26株菌,经鉴定这26株菌主要分为香肠乳杆菌、干酪乳杆菌、植物乳杆菌、弯曲乳杆菌等4种类群。马德功^[7]从当地自然发酵的香肠中分离纯化乳酸杆菌184株和酸杆菌184株。通过两级筛选,筛选出性能优良的乳酸杆菌3株。其中两种为干酪乳酸杆菌,一种为植物杆菌,经过一系列抗性实验后,发现它们符合发酵香肠发酵剂的基本要求,并且对金黄色葡萄球菌、大肠杆菌、沙门氏菌、单核细胞增生李斯特菌有很好的抑制作用,并对0.3%胆盐有很好耐受性,可活体摄入人体肠道。因此,其可作为益生型发酵剂用于功能性发酵香肠的生产。

在我国,从自然发酵香肠中筛选优良菌株还有很多研究,林伟涛等^[4]从烟台喜旺中式发酵干香肠中分离筛选出适合当地特色的、具有自然发酵香肠风味的微生物菌株,经过初步鉴定,得出5种乳酸杆菌,包括德氏乳杆菌德氏亚种、德氏乳杆菌保加利亚亚种、米酒乳杆菌、食品乳杆菌、戊糖乳杆菌。周红霞等^[23]在发酵香肠中分离得到了2株乳酸菌,这2株菌均有良好的生长特性、产酸能力、耐盐、耐亚硝酸盐能力,具有较好的发酵特性。

徐春仲^[24]从自然发酵香肠中分离出7株优势菌,并研究其主要发酵特性以及生化特性研究和鉴定,最终得出2株优良的香肠发酵剂。李星云等^[25]从自然发酵香肠中分离筛选优势菌以植物乳杆菌为参考菌株得出了4株适合发酵香肠的发酵剂。

以上研究从自然发酵香肠中筛选优良菌株,再按照肉制品发酵剂的筛选标准进行筛选,能体现出自然发酵香肠中乳酸菌的生物多样性,研究成果对我国传统发酵香肠的品质和工艺提供了产业化条件。

2.2 腌腊肉制品中乳酸菌多样性

金华火腿、宣威火腿以及民间传统发酵型肉制品是中国传统肉制品的杰出代表,但其工艺复杂、生产周期长、产品质量不稳定、生产成本高等特点都是我国传统腌腊肉制品存在的问题。国内现有的腌腊肉制品资源丰富,微生物区系较复杂,广泛存在着优良的乳酸菌株,如果能将它们应用到肉制品的发酵过程,将会改善传统肉制品的缺点,提高感官品质、使产品能工业化、标准化生产^[26]。

从传统发酵腊肉制品中分离、筛选乳酸菌株已有很多研究,刘晓蓉等^[27]从自然发酵的腊肉中分离出4株乳杆菌属,选育1株作为腊肉的优良发酵剂,表明了乳酸杆菌发酵有利于缩短发酵周期、降低亚硝酸盐含量、提高产品品质。刘书亮等^[2]从12个传统腌腊肉制品中分离得到52株乳酸菌,其中81%是乳杆菌,19%是乳球菌。其中可以满足乳酸菌发酵剂的基本条件的菌株有3株戊糖乳杆菌、1株食品乳杆菌、1株弯曲乳杆菌。冯秀娟等^[3]从湖南腊肉中分离优势菌,其中分出2株乳酸菌,分别为植物乳杆菌和食品乳杆菌。对这些菌株的耐盐、耐亚硝酸盐、产酸能力、生长曲线等一系列指标研究得出筛选菌株均符合肉品发酵剂。

有报道显示某些乳酸菌具有一定抗氧化活性。腌腊肉制品的氧化酸败是其变质的主要原因之一,添加抗氧化剂可一定程度上抑制肉制品的脂肪氧化。若能获得具有抗氧化能力的乳酸菌将是解决肉品氧化变质的另一条有效途径,但目前关于抗氧化肉品乳酸菌发酵剂的筛选尚鲜见报道。刘书亮等^[28]从四川传统腌腊肉制品中的58株乳酸菌初步筛选出8株适宜为肉品发酵剂菌株,再以清除·OH和DPPH自由基的能力复筛,得到1株具有抗氧化能力的戊糖乳杆菌。该菌株生长温度范围较广,对木糖葡萄球菌没有拮抗作用,小鼠急性毒性实验表明其为实际无毒,可用于功能性肉品发酵剂的开发。

当前利用的发酵剂有单一菌种发酵剂和混合菌种发酵剂。单一菌种发酵效果不如混合菌种好,所以混合菌种发酵剂成为肉制品发酵剂的发展方向^[29]。但目前,类似的研究少有报道。刘晓蓉等^[30]利用植物乳杆菌和啤酒片球菌混合发酵腊肉,其所得的产品颜色玫瑰红,质地干爽致密,具有浓郁香味。

2.3 发酵酸肉中乳酸菌多样性

酸肉是西南地区少数民族喜爱的一种民间发酵肉制品,特别是苗族、侗族、布衣族。不同地域、不同民族的酸肉腌方法有所不同,对于侗族传统酸肉微生物区系及品质研究已有相关报道^[31]。因为是自然发酵的肉制品,酸肉中含有多种有益微生物,是肉类专用发酵剂的重要生物资源,具有巨大开发潜力^[32]。

车科等^[10]从湘西传统酸肉中筛选得到5株代谢旺盛菌株,其中的优势米酒乳杆菌具有很好的发酵特性,符合酸肉产业化生产要求。加强对酸肉的深加工技术研究,对开发特色肉制品、拓宽肉制品的加工范围、提高附加值具有实际意义。章德法等^[9]从侗族发酵酸肉中分离出21株乳酸菌,确定2株球菌为戊糖片球菌,2株杆菌分别为德氏乳杆菌和米酒乳杆菌。4株乳酸菌都能耐受6% NaCl和150mg/kg NaNO₂,具有良好的发酵特性,同时生长产酸能力较强,可以作为微生物发酵剂的菌种来源。周才琼等^[11]从渝黔地区传统酸肉中分离乳酸菌,发现乳酸菌优势菌群主要是片球菌属和乳杆菌属,优势菌株戊糖片球菌、植物乳杆菌贯穿整个发酵过程。李宗军^[33]对湘西侗族传统发酵肉的产品特性进行了研究,结果表明米酒乳杆菌和片球菌是乳酸细菌中的优势菌株,分别占乳酸细菌总数的37.6%和21.6%,而且发现乳酸菌是侗族酸肉发酵中、后期的优势微生物。

2.4 其他发酵肉制品中乳酸菌多样性

我国少数民族地区有很多传统特色的发酵肉制品。例如苗族、侗族、布衣族、水族以“酸”为特点的“酸鱼”、“腌鱼”、“虾酸”等,采用自然发酵法很好地保存了当地自然环境的有益微生物(主要是乳酸菌),具有制作方式独特、用料天然、风味特殊(鲜香、酸、辣)、贮存时间长、抗氧化等显著特点^[34]。石敏等^[35]对黔东南地区侗族虾酱进行了微生物分析,发现乳酸菌主要是乳杆菌属、片球菌属和明串珠菌属的一些细菌。肖蓉等^[36]分离了云南牛干巴(腊牛肉)及其卤水中的细菌,得到17株乳杆菌属,占总优势细菌的29.3%。曾令彬等^[37]从腌腊鱼中共分离到20株乳酸菌,香肠乳杆菌是腌腊鱼加工中的优势乳酸菌。另外,陈红征^[38]从新疆少数民族特有的酸马肉中分离纯化出7株菌,其中鉴定出肉杆菌2株、德氏乳杆菌1株。

3 发酵肉制品中微生物多样性研究技术

随着生物技术的发展和应用,益生乳酸菌的研究手段也在不断进步。基因组、转录组、蛋白组和代谢组都为益生菌的系统研究提供了很好的思路 and 手段,可以让人们更加准确地筛选和评价益生菌^[39]。目前应用于微生物群落结构和多样性等微生物分子生态方面的分子生物

技术主要有肠杆菌基因间保守重复序列(ERIC)-PCR指纹图谱技术、以PCR为基础的rRNA及rDNA分析方法、环境16S rDNA文库的构建与组成分析技术、荧光原位杂交、变性梯度凝胶电泳(DGGE)、基于16S rRNA基因的分类微阵列以及宏基因组计划等。应用微生物传统研究方法结合分子指纹图谱技术研究少数民族传统发酵食品的微生物生态,进行乳酸菌的分离鉴定,确定优势功能菌群,为进一步研究乳酸菌的益生特性、开发益生菌种资源提供了快速、准确的先进技术和思路。例如:张春林等^[40]提取来自西藏地区的传统发酵乳样品中微生物宏基因组DNA,分别采用16S rRNA-RFLP和ITS-PCR分析发酵乳中细菌和真菌的微生物多样性;剧柠等^[41]采用AFLP技术对从云南大理白族地区牧民家庭制作乳扇用的酸乳清中分离出的70株乳杆菌进行多样性分析,并对优势菌群聚类,进行种内分型,共分出8个基因型。

但是,在以往的微生物群落多样性研究中,人们主要采用分子指纹图谱及生物芯片对菌群进行研究,这些方法都存在一定缺陷,如DGGE只能检测到样品中十几种优势菌,而无法检测痕量微生物;电泳条带中包含不只一种16S rDNA序列,要获悉具体的菌种信息,还需进行克隆、测序,实验操作繁琐;此外,采用这种方法不能反映微生物的丰度情况。而生物芯片通过固定在芯片上的探针来获得微生物多样信息,规则是只能验证已知,无法探索未知,通过信号强弱判断微生物的丰度也不十分准确。第二代高通测序技术——454焦磷酸测序,自2005年问世以来,以其数字化信号、高数据通量、高通量深度、高准确率等特点,已被广泛应用于肠道微生物、环境微生物的研究中。454 GS FLX基因组测序的原理是通过焦磷酸盐测序原理与微流体技术的整合。它是一种新型的依赖生物发光进行DNA序列分析的技术,在DNA聚合酶、ATP硫酸化酶、荧光素酶和双磷酸酶的协同作用下,将引物上每一个dNTP聚合与一次荧光信号释放偶联起来,通过检测荧光的释放和强度,达到实时测定DNA序列的目的,此技术读长较长,达300~500bp,能跨越16S rDNA序列一个或几个可变区,不需要荧光标记的引物或核酸探针,也不需要电泳,具有分析结果快速、准确、灵敏度高和自动化的特点,是微生物多样性研究的最佳平台^[42-44]。目前,该技术在土壤、海洋、活性污泥、废水、食品、化妆品、矿井和盐湖等环境微生物多样性研究中都有应用。Li等^[45]采用454测序技术研究中国传统酒发酵过程中的细菌与真菌的多样性。检测到的细菌分属于15个科,多于91%的16S rRNA基因序列归属于乳酸杆菌科,真菌分属于6个科,60%的真菌ITS1序列归属于酵母科。Lopez-Velasco等^[46]采用454测序技术,研究菠菜在冷藏前后所含微生物的变化,得知菠菜冷藏后包含了许多与冷藏前不同的微生物类群,冷藏后

微生物群落的丰富性、多样性、均一度都降低。但应用454高通量测序技术研究发酵肉制品中微生物多样性的分析却未见报道。

4 结 语

由以上综述得出:1)少数民族传统发酵肉制品中乳酸菌的多样性十分丰富,主要为乳杆菌属、乳链球菌属、肠球菌属、明串珠菌属等10多个种的乳酸菌。如干酪乳杆菌、植物乳杆菌、清酒乳杆菌、弯曲乳杆菌、嗜热链球菌、肠膜明串珠菌、德氏乳杆菌、粪肠球菌等;2)优势菌群突出。如植物乳杆菌、干酪乳杆菌、肠膜明串珠菌等对肉制品发酵过程中品质的形成中起着主导作用,并且菌种之间的相互协同作用保持了微生态的平衡;3)益生乳酸菌资源潜力巨大。从目前的现状发现,很多来自传统发酵食品中的乳酸菌被作为发酵剂,直接人工接种应用于生产。

近年来发酵肉制品在国际上作为功能性食品基料已广泛应用到医疗及整个食品工业中。加强传统发酵肉制品的乳酸菌及其功能研究对拓宽肉类的加工范围、提高肉制品附加值具有实际意义。目前对其系统来源、遗传特性、发酵特性、益生性及安全性等方面的研究并不充分,缺乏可靠的、多方面的基础数据支撑。应用分子生物学技术对传统发酵肉制品中乳酸菌的深入研究还处于起步阶段,应用分子技术结合传统微生物分析方法对其中的益生菌资源进行研究势在必行。

参考文献:

- [1] 张和平. 中国益生乳酸菌及益生发酵乳研究开发现状及发展对策[J]. 乳业科学与技术, 2009, 32(2): 51-54.
- [2] 刘书亮, 敖灵, 李燮昕, 等. 传统腌腊肉制品中乳酸菌的筛选与鉴定[J]. 食品与机械, 2007, 2(5): 14-16.
- [3] 冯秀娟, 刘成国, 姜爱华, 等. 湖南腊肉中优势菌种的筛选及初步鉴定[J]. 中国酿造, 2010, 31(5): 127-130.
- [4] 林伟涛, 徐世明, 吕家森, 等. 中式发酵干香肠中乳酸菌的分离筛选、鉴定和培养[J]. 食品工业科技, 2010, 31(1): 194-197.
- [5] 董杰, 蒋云升, 张文娟, 等. 兔肉香肠中乳酸菌分离与发酵特性的研究[J]. 扬州大学烹饪学报, 2010(2): 40-45.
- [6] 邵单炫. 发酵香肠中乳酸菌的分离、筛选及鉴定[D]. 雅安: 四川农业大学, 2011.
- [7] 马德功. 发酵香肠中乳酸菌的分离、筛选及其应用[D]. 济南: 山东轻工大学, 2008.
- [8] 刘冬香, 刘书亮, 张艾青, 等. 自然发酵中式香肠加工成熟过程中乳酸菌菌群研究[J]. 食品科技, 2007(9): 29-33.
- [9] 章德法, 徐为民, 徐幸莲. 侗族发酵酸肉中乳酸菌的筛选及鉴定[J]. 江苏农业学报, 2008, 24(6): 986-988.
- [10] 车科, 麻成金, 黄群, 等. 湘西传统酸肉乳酸菌分离、筛选及鉴定[J]. 中国酿造, 2008, 29(11): 25-29.
- [11] 周才琼, 李艳芳, 杜木英, 等. 渝黔地区传统酸肉发酵过程中微生物区系研究[J]. 食品工业科技, 2010, 31(4): 171-175.
- [12] 郭晓芸, 龙江, 张亮, 等. 贵州荔波传统酸肉微生物菌群与营养品质

- 评价[J]. 中国酿造, 2009, 30(7): 69-73.
- [13] 田国军, 尚艳艳, 黄泽元, 等. 腊鱼中优势乳酸菌的分离、纯化及性质鉴定[J]. 食品与发酵工业, 2011, 37(6): 78-81.
- [14] 谢静, 熊善柏, 曾令彬, 等. 腊鱼加工中的乳酸菌及其特性[J]. 食品与发酵工业, 2009, 35(6): 32-36.
- [15] 杨士章, 张焕新, 施帅, 等. 板鸭中优势乳酸菌的分离、筛选及鉴定[J]. 食品科学, 2010, 31(7): 242-246.
- [16] 杨锡洪, 吴海燕, 解万翠, 等. 风味咸鱼中乳酸菌和葡萄球菌的分离与鉴定[J]. 食品科学, 2009, 30(21): 192-194.
- [17] 李应华, 苏巧艳. 发酵香肠中乳酸菌的应用研究[J]. 肉类研究, 2009, 23(5): 21-23.
- [18] 凌静. 发酵肉制品的现状和发展趋势[J]. 肉类研究, 2007, 21(10): 5-7.
- [19] 马德功, 王成忠. 发酵香肠乳酸菌发酵剂筛选标准[J]. 肉类研究, 2007, 21(12): 31-33.
- [20] de VRIES M C, VAUGHAN E E, KLEEREBEZEM M, et al. *Lactobacillus plantarum*: survival, functional and potential probiotic properties in the human intestinal tract[J]. International Dairy Journal, 2006, 16: 1018-1028.
- [21] 孙雷. 发酵香肠成熟过程中微生物及理化变化[J]. 淮海工学院学报, 2004(4): 64-67.
- [22] 徐静, 金志雄. 自然发酵肉制品中干酪乳杆菌的分离和鉴定[J]. 食品与发酵工业, 2004, 30(5): 23-26.
- [23] 周红霞, 张红琳, 赵雅, 等. 发酵香肠中乳酸菌的分离筛选和鉴定[J]. 江苏农业学报, 2010(2): 281-282.
- [24] 徐春仲. 发酵香肠用菌种的分离、筛选及鉴定[J]. 中国酿造, 2010, 31(5): 88-92.
- [25] 李星云, 靳烨. 发酵香肠菌种的筛选及初步鉴定[J]. 食品与生物技术学报, 2010, 29(5): 765-769.
- [26] 晋晓, 盛占武. 发酵肉制品中微生物的作用[J]. 肉类工业, 2007(2): 15-18.
- [27] 刘晓蓉, 邓毛程, 连晓蔚, 等. 腌肉中乳酸菌的分离选育[J]. 中国酿造, 2009, 30(1): 36-38.
- [28] 刘书亮, 王焱, 叶劲松, 等. 抗氧化肉品发酵剂乳酸菌的筛选及特性[J]. 食品与发酵工业, 2010(7): 178-181.
- [29] 卢士玲, 吴桂春. 发酵肉制品优势菌研究现状[J]. 中国食物与营养, 2006(3): 22-24.
- [30] 刘晓蓉, 朱美娟. 乳酸菌发酵腊肉的研究[J]. 食品与机械, 2009(2): 141-143.
- [31] 李宗军, 江汉湖, 李罗明, 等. 侗族传统发酵肉的微生物特性[J]. 中国微生态学杂志, 2002, 14(2): 12-22.
- [32] 马菊. 国内外发酵肉制品历史及发展现状比较[J]. 肉类研究, 2006, 20(9): 45-47.
- [33] 李宗军. 湘西侗族传统发酵肉的产品特性[J]. 湖南农业大学学报, 2002, 28(1): 61-63.
- [34] 叶春, 马顺强, 张倩, 等. 酸肉肽抗氧化活性的研究[J]. 食品科学, 2010, 31(7): 94-103.
- [35] 石敏, 袁玮. 贵州黔东南地区侗族传统食品: 虾酱的研究与开发[J]. 食品科学, 2008, 29(8): 718-720.
- [36] 肖蓉, 徐昆龙, 刘旭川. 云南黄牛干巴(腊牛肉)中细菌的分离与鉴定[J]. 黄牛杂志, 1998, 24(3): 21-22.
- [37] 曾令彬, 谭汝成, 熊善柏, 等. 腌腊鱼加工中优势乳酸菌的分离与鉴定[J]. 食品工业科技, 2007(1): 115-117.
- [38] 陈红征, 杨洁. 发酵马肉中乳酸菌的分离筛选与鉴定[J]. 食品科技, 2010(1): 30-33.
- [39] 张勇, 刘勇, 张和平. 世界益生菌产品研究和发展趋势[J]. 中国微生态学杂志, 2009, 21(2): 185-194.
- [40] 张春林, 刘文俊, 张彦斌, 等. 西藏地区传统发酵乳宏基因组DNA的提取及微生物群落多样性分析[J]. 食品与发酵工业, 2010, 36(4): 15-21.
- [41] 剧柠, 张家超, 孙志宏, 等. 制作云南乳扇用酸乳清中乳杆菌的多样性分析[J]. 食品与生物技术学报, 2010, 29(5): 735-742.
- [42] SHENDURE J, JI H. Next-generation DNA sequencing[J]. Nature Biotechnology, 2008, 26(10): 1135-1145.
- [43] JAENICKE S, ANDER C, BEKEL T, et al. Comparative and joint analysis of two metagenomic datasets from a biogas fermenter obtained by 454-pyrosequencing[J]. PLoS One, 2011, 6(1): 514-519.
- [44] 华蔚颖, 徐昭, 张梦晖, 等. CVTree在454高通量测序分析菌群结构中的应用[J]. 中国微生态学杂志, 2010, 22(4): 312-317.
- [45] LI X R, MA E B, YAN L Z, et al. Bacterial and fungal diversity in the traditional Chinese liquor fermentation process[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 146(1): 31-37.
- [46] LOPEZ-VELASCO G, WELBAUM G E, BOYER R R, et al. Changes in spinach phylloepiphytic bacteria communities following minimal processing and refrigerated storage described using pyrosequencing of 16S rRNA amplicons[J]. Journal of Applied Microbiology, 2011, 110(5): 1203-1204.