

# 传统发酵食品中的微生物及其代谢作用

范琳琳, 陈启和\*

(浙江大学食品科学与营养系, 浙江大学馥莉食品研究院, 浙江省食品微生物技术研究重点实验室, 杭州 310058)

**摘要:** 传统发酵食品体系是功能性食品微生物的重要来源。多样的微生物构成了发酵食品的复杂微生态环境, 其代谢作用与发酵制品的品质和风味密切相关, 许多功能性微生物也赋予了发酵制品特殊的活性。但与此同时, 微生物代谢的过程中也伴随有害物质的产生, 传统发酵食品的安全问题也成了人们的关注焦点。因此, 探究发酵食品中微生物的群落组成和代谢作用对发酵食品的质量控制和新功能的发掘都具有重要意义。随着分子生物学技术的发展, 传统发酵食品微生物的群落组成逐步得到解析, 微生物在发酵环境中的作用也越来越多地被研究。本文对大豆发酵食品、食醋、发酵酒类、普洱茶、红曲等传统发酵食品中的微生物及其代谢作用进行了综述, 并对发酵食品中功能性微生物的研究方向进行了展望。

**关键词:** 传统发酵食品; 微生物群落; 功能性食品微生物; 微生态

## Composition and its mechanism of microflora in traditional fermented foods

FAN Lin-Lin, CHEN Qi-He\*

(Department of Food Science and Nutrition, Fuli Institute of Food Science, Zhejiang University, Zhejiang Provincial Key Laboratory of Food Microbiotechnology Research, Hangzhou 310058, China)

**ABSTRACT:** Traditional fermented food system is an important resource of identifying functional food microorganisms. Many kinds of microorganisms constitute the complex micro-ecology environment of fermented foods, which is closely related to the quality and flavor of the fermentation products. At the same time, many fermentation products also were given some special activities due to the functional microorganisms. But in the process of microbial metabolism, there are also some harmful substance produced. The traditional fermented food safety problem has become the focus of researches. Therefore, to explore the community composition and metabolism of microbes in fermented foods is of great significance to control the quality of fermented foods and the excavation of new activities. With the development of molecular biology technology, microbial community structure of the traditional fermented food has been analyzed. Furthermore, the role of microbes in the fermentation environment is also increasingly studied. In this paper, the structure and mechanism of microflora in traditional fermented food, such as soybean fermentation food, vinegar, fermented liquors, Pu'er tea, and red yeast rice, etc were summarized, and the research highlights of functional microbes in fermented food were discussed.

**KEY WORDS:** traditional fermented food; microflora; functional food microorganisms; micro-ecology

基金项目: 国家自然科学基金项目(31171734、31371825)、浙江省自然科学基金项目(LY12C20009)和浙江大学馥莉食品研究院基金

**Fund:** Supported by the Natural Science Foundation of China (31171734, 31371825), Natural Science Fund of Zhejiang Province(LY12C20009), Zhejiang University Fuli Institute of Food Science Special Education Fund.

\*通讯作者: 陈启和, 教授、博士生导师, 主要研究方向为食品生物安全与生物技术。E-mail: chenqh@zju.edu.cn

\*Corresponding author: CHEN Qi-He, Professor, Department of Food Science and Nutrition, Fuli Institute of Food Science, Zhejiang University, No.866, Yuhangtang Road, Xihu District, Hangzhou 310058, China. E-mail: chenqh@zju.edu.cn

## 1 引言

传统发酵食品历史悠久,种类繁多。典型的有发酵酒精饮料、发酵乳制品、发酵豆制品、发酵水果蔬菜、发酵肉制品、发酵谷物食品等。传统食品发酵体系是由一种或多种微生物构成的独特微生态环境,其中的微生物被称为发酵食品的“灵魂”,与发酵制品的品质和风味有直接关系<sup>[1,2]</sup>。同时,许多微生物在代谢过程中能产生活性物质,赋予发酵食品特殊的保健功能。对发酵食品中的功能性食品微生物进行分析,并将其应用于食品、医药、保健品等行业,前景十分广阔。

传统发酵过程中,参与代谢的微生物经过自发地在生产原料中富集,形成了复杂的群落结构。经过长期的工艺发展,这些功能微生物群落结构已逐渐趋于稳定<sup>[3]</sup>。但由于传统食品在自然条件下发酵酿制,受地理环境、人为因素等影响,不同地区同种发酵食品的品质特性存在较大差异,归因于微生物群落作用的不同。在发酵工艺研究过程中,一些重要微生物未能发挥其作用,发酵食品中微生物的作用机制也难以揭示。由于缺乏对发酵工艺过程中的微生物分析,产物累积机制等的研究,传统发酵企业发展相对滞后,产品质量也难以控制。因此,分析并认知传统发酵食品的微生态环境,揭示微生物菌群作用机制对传统发酵食品行业的革新发展显得尤为重要。

随着分子生态学技术的应用和发展,克隆文库分析、遗传指纹图谱分析、探针杂交等技术被应用于微生物群落结构组成和功能的研究<sup>[3]</sup>,许多传统发酵食品的微生态体系得到解析,本文重点综述了传统发酵大豆、食醋、酒类、发酵茶等食品中微生物群落组成和代谢作用,并对其未来研究方向进行展望。

## 2 传统大豆发酵食品中的微生物及其代谢作用

传统大豆发酵食品主要有酱油、豆酱、腐乳和豆豉等,制曲是其发酵的关键步骤,曲中的微生物及其分泌的胞外酶对食品后期发酵过程中的风味形成、营养成分变化及功能因子形成等有重要影响<sup>[4]</sup>。我国传统酱油酿制及日本传统酱油发酵生产过程中使用的发酵剂“Koji”,其主要微生物是霉菌,其中以米曲霉(*Aspergillus oryzae*)为主<sup>[5,6]</sup>。在发酵过程中,米曲霉

分泌多种水解酶,水解原料曲中的蛋白质和碳水化合物,分解物质可供其他微生物利用,产生独特的风味物质和营养物质<sup>[7,8]</sup>。同时,在霉菌的作用下,一些不溶性膳食纤维降解为水溶性糖类,提高了发酵豆制品的功能性和可利用性<sup>[9]</sup>。

乳酸菌在酱油的酿制过程中也起关键性作用<sup>[10]</sup>。与酱油风味形成有关系的乳酸菌有嗜盐片球菌(*Pediococcus halophilus*)、酱油四联球菌(*Tetracoccus Sojae*)、植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)等。嗜盐乳酸菌(*Lactobacillus*)在盐水发酵前期产生乳酸,使盐酸化,利于形成特殊风味。而且乳酸菌生长速度快,抑制了其他杂菌的生长。一些耐高渗透压、耐盐性强的酵母,如鲁氏酵母(*Saccharomyces rouxii*)和嗜盐球拟酵母(*Torulopsis halophilus*),对酱油香气和风味的形成影响极大。耐盐酵母菌在发酵过程中,随着盐水浓度的增大而迅速增殖,并且能够进行酒精发酵,一些醇类物质的生成增加了酱油的风味。鲁氏酵母为发酵型酵母,在酱油发酵前期生长繁殖,发酵葡萄糖、麦芽糖等成分生成乙醇、甘油、琥珀酸及其他微量成分,并与嗜盐片球菌联合作用生成糠醇,使酱油具有特殊的香气<sup>[11]</sup>。耐盐酵母已被应用于日本酱油及国内酱油的工业化生产,对酱油的品质控制有重要作用。

纳豆是日本的一种传统发酵食品。它是大豆经过接入纯种的纳豆芽孢杆菌(*B.subtilis*)发酵后制成的,具有特殊香气和黏性<sup>[12]</sup>。发酵过程中,纳豆芽孢杆菌分泌多种酶,分解代谢原料基质产生多种氨基酸物质、有机酸及低聚糖等,赋予纳豆特殊的香气和质地<sup>[13,14]</sup>。而且在纳豆菌发酵纳豆的过程中还产生了一些生理活性物质纳豆激酶、凝乳酶、维生素K、多聚谷氨酸等,使纳豆具有多种保健功能,如抗肿瘤、降血压、抗菌、降血糖、抗氧化等<sup>[15-17]</sup>。因此,纳豆菌作为一种功能性益生菌在食品、医药、饲料等行业应用前景广阔,是具有较高价值的功能性食品微生物。

## 3 传统食醋酿制过程中的微生物及其代谢作用

我国的传统食醋以镇江香醋、山西老陈醋等最为著名,其他国家比较著名的传统食醋有意大利香脂醋<sup>[18]</sup>、日本米醋、西班牙葡萄酒醋<sup>[19]</sup>等。

传统食醋中的主要功能微生物包括醋酸菌、乳酸

菌、霉菌、酵母等。霉菌的主要作用是降解蛋白质、多糖等大分子物质<sup>[20]</sup>。酵母菌在酒精发酵阶段利用单糖,在醋酸发酵阶段,其自身发生自然降解,并释放出营养物质,供其他微生物利用。醋酸菌的主要功能是氧化糖和乙醇,可将乙醇氧化为高浓度的醋酸,同时还能生成大量的有机酸。食醋中的乳酸菌能够产生大量的乳酸,起到缓解食醋刺激的酸味,改善口感的作用。芽孢杆菌产生的具有高度活性的蛋白酶可以将蛋白质水解成氨基酸,这些氨基酸对食醋的风味和色泽起着重要的作用<sup>[20,21]</sup>。

但由于地理环境、发酵方式差异,不同食醋之间的微生物菌落结构不同,造成口味和营养的差异。据研究报道<sup>[22]</sup>,镇江香醋中主要细菌属为乳酸菌(*Lactobacillus*),醋酸菌(*Acetobacter*),葡糖醋杆菌(*Gluconacetobacter*),葡萄球菌(*Staphylococcus*),肠杆菌(*Enterobacter*)等,真菌只有一个属:酵母菌属(*Saccharomyces*)。对山西老陈醋研究菌群发现<sup>[23]</sup>,老陈醋酿酒过程中酵母菌和细菌是其主要微生物。其中,酵母菌有德克酵母属(*Dekkera* sp.),酒香酵母属(*Breffanomyces* sp.),卵孢酵母属(*Oosporium* sp.),克鲁弗氏酵母属(*Kluveromyces* sp.)和毕赤酵母属(*Pichia* sp.),醋酸发酵过程中的产酸功能菌为植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*)和巴氏醋酸杆菌(*Acetobacter pasteurianus*)。对意大利香醋中醋酸菌的多样性进行分析<sup>[24]</sup>,发现醋酸菌是其中最主要的功能微生物。日本传统米醋的生产过程中微生物群落的动态变化情况<sup>[25]</sup>,在酿造初期,真菌主要为米曲霉和酵母菌属,在酒精发酵阶段,酵母菌和乳酸菌共存,在醋酸开始积累的阶段,细菌主要为醋酸乳杆菌(*Lactobacillus acetotolerance*)和巴氏醋杆菌(*Acetobacter pasteurianus*)。韩国食醋中的主要微生物<sup>[26]</sup>,糖化阶段为曲霉属(*Aspergillus* sp.),酒精发酵阶段为酵母属(*Saccharomyces* sp.)和类酵母属(*Saccharomycodes* sp.),醋酸发酵阶段为醋酸菌属(*Acetobacter* sp.)。可见,不同地区和品种的食醋在发酵过程中的微生物种类不同,作用机制也不同,从而也造成了不同的发酵食醋风味和营养物质迥异。尽管已经对发酵食醋中微生物进行了大量研究,发酵食醋中的功能微生物群落结构及群落的演替规律和代谢机制仍需进一步研究,这将有益于发酵制剂的研发和传统发酵食醋产业的标准化。

#### 4 传统酒类酿造过程中的微生物及其代谢作用

传统发酵酒类主要有黄酒、米酒、白酒等酒种。我国发酵酒历史悠久,具有其独特的发酵工艺和丰富的酒体。曲是酿酒的原动力,酒的风味及营养物质的形成与曲中的微生物有着密切关系。

酒曲中微生物菌群主要有霉菌、酵母菌和细菌等。霉菌主要起糖化作用。曲霉、根霉、红曲霉等具有较高的糖化能力。酵母菌主要有假丝酵母、酒精酵母、产酯酵母和毕赤酵母等。其中,扣囊复膜孢酵母(*Saccharomycopsis fibuligera*)能够产淀粉酶、酸性蛋白酶以及 $\beta$ -糖苷酶,酿酒酵母是主要酒化功能菌,为一些耐酒精、产酒精能力强的菌株。这两种菌是酒曲中的优势酵母菌。非酿酒酵母具有较强的酯合成能力,主要在发酵后期赋予酒香<sup>[27]</sup>。

白酒是独具中华传统文化特色的传统发酵食品<sup>[28]</sup>。白酒的香气来源于发酵后期产酯酵母合成酯类增香,同时芽孢杆菌大量繁殖。芽孢杆菌利用淀粉、蛋白质等大分子物质,代谢产酸产香,是主要的优势菌群<sup>[29]</sup>。对清香型小曲酒微生物分析发现,小曲酒中细菌的种类较多,主要以乳酸菌和芽孢杆菌属为主。酵母类主要包括扣囊复膜孢酵母(*Saccharomycopsis fibuligera*)、异常赤酵母(*Pichia anomala*)和酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*);其中酵母菌 *Pichia anomala* 具有较高的产酯能力。霉菌种类相对较少,以米根霉(*Rhizopus oryzae*)为主<sup>[28]</sup>。

另外一种独具中国传统特色的发酵酒为黄酒。其中,红曲黄酒是以糯米为主要原料,添加红曲、药白曲,经多种微生物发酵酿造而成。传统红曲黄酒酿造过程中酵母菌菌群结构处于动态变化趋势,并最终趋于稳定。前期,酵母菌主要以扣囊复膜孢酵母为优势菌,随着酿造过程的进行,扣囊复膜孢酵母的比例逐渐减少<sup>[30]</sup>,酿酒酵母逐渐成为酿造过程的优势酵母菌类型。非酿酒酵母在酿造过程中能够产生特殊的酯香味物质或产生不同的高级醇,形成黄酒的特殊风味<sup>[31]</sup>。除风味物质外,一些功能性成分和代谢性有害物质,如氨基甲酸乙酯<sup>[32,33]</sup>等也伴随着发酵过程产生。但目前国内对其形成和积累机制的研究相对不足,主要是由于对传统发酵酒酿造工艺过程中的微生物群落的分析、传统工艺的发酵机制尚不明确,对功能微生物的代谢变化认识不清楚。

## 5 传统茶类发酵过程中的微生物及其代谢作用

普洱茶是发酵茶类中最具发酵特色的茶品。渥堆发酵是形成普洱茶汤色明亮,陈香回甘品质特色的关键。普洱茶渥堆的实质是微生物参与的固态发酵过程<sup>[34]</sup>。

目前,已确定的普洱茶发酵过程中的微生物类群主要包括各类霉菌、酵母、细菌、放线菌等。其中霉菌属的如黑曲霉(*Aspergillus niger*)和 *Blastobotrys adenivorans* 是其发酵优势菌群<sup>[35]</sup>。黑曲霉利用发酵基质代谢产生多种酶类及有机酸,与普洱茶内含成分(纤维素、茶色素、多糖类等)及香气成分的形成有关<sup>[36,37]</sup>。臭曲霉和日本曲霉能降解单宁,促进没食子酸形成、产生深红色。黄青霉能分泌葡萄糖氧化酶等多种酶类、葡萄糖酸、柠檬酸、抗坏血酸等有机酸及青霉素,能消除和抑制杂菌,对普洱茶醇和品质的形成可能有辅助作用。酵母菌能产生多种酶和生理活性物质,与普洱茶甘、醇、厚的品质特点相关。芽孢杆菌属细菌能产生丰富的多酚氧化酶和过氧化物酶等,有利于提高普洱茶品质及缩短发酵时间。放线菌能产生大量茶多酚、氨基丁酸和斯他汀等对人体健康有益的物质<sup>[38,39]</sup>。

## 6 其他传统发酵食品发酵过程中的微生物及其代谢作用

红曲是中国传统发酵食品,在日本、韩国等越来越受欢迎。红曲菌最早是在中国发现并应用,随后西方及日本学者也分离到了红曲菌。

红曲霉(*Monascus purpureus*)是红曲发酵中的主要菌群。在发酵过程中,红曲霉以熟米为底物,发酵产生醇、酯、酸等多种芳香物质初级代谢产物和多种水解酶类如淀粉酶、蛋白酶、半乳糖酶、核糖核酸酶等,产生优质香气和甘甜味道。红曲霉能够代谢产生多种有益物质如天然红曲色素、Monacolin K、 $\gamma$ -氨基丁酸等<sup>[40-42]</sup>。因此,红曲也被广泛应用于食品、酿造等行业。然而,红曲霉在代谢过程中能分泌真菌毒素桔霉素<sup>[43,44]</sup>,红曲也受到安全质疑。因此,急需解决抑制或减少桔霉素的产生,促进有益成分的合成问题。近年来,桔霉素的快速安全检测技术、红曲的微生态环境分析及红曲菌合成次生代谢产物作用机制及其调控的研究成为研究热点<sup>[45]</sup>。

在传统发酵香肠的生产过程中,不同发酵阶段的主导菌群有所不同,赋予肉制品独特的风味。如在我国传统广式香肠<sup>[46]</sup>、意大利发酵香肠<sup>[47]</sup>、希腊发酵香肠<sup>[48,49]</sup>等传统发酵香肠中,乳酸菌、革兰氏阳性菌及球菌的存在均能够提高香肠的品质。香肠色泽的改善及风味物质的生成与乳酸菌生成的乳酸有关。葡萄球菌和微球菌,在发酵肉制品的成熟过程中起稳定颜色、形成香气、降解蛋白等作用<sup>[50]</sup>。酵母菌可产生一种独特的酵母风味,从而可提升产品的感官和质量,并对发色过程的稳定性发挥一定作用。少量霉菌能够水解脂肪和蛋白,产生特有的“霉菌香气”<sup>[51]</sup>。

## 7 讨论与展望

传统发酵食品体系是功能性食品微生物挖掘的重要来源。目前已经对发酵食品中的微生物做了大量研究工作,但其微生物群落结构与功能并未得到全面分析,许多功能性食品微生物并没有得到开发和应用。加之传统发酵过程中会伴随有害物质的生成,造成发酵食品不安全。菌群之间的相互作用机制、次生代谢产物的合成途径及调控成为研究热点。发酵食品的安全问题、有害物质的快速检测技术及其抑制手段的研究也一直是传统发酵食品研究的重点。此外,传统的微生物筛选培养方法极大限制了微生物菌群结构研究。随着分子生物学的发展,分子生物学技术也越来越多地被引入到微生物生态研究中。应用微生物生态技术不仅可以揭示发酵过程中微生物菌群的演替规律,探讨食品发酵过程中微生物的种群结构组成和功能,而且能够阐明微生物群落与其环境之间的关系,指导微生物群落功能的定向调控。这也将促进功能性食品微生物资源的开发和应用,加速传统发酵食品行业的发展。

### 参考文献

- [1] 燕平梅, 马雁飞, 倪玲. 发酵食品中微生物多样性研究方法进展[J]. 中国酿造, 2011, (2):12-15.  
Yan PM, Ma YF, Ni L. Research advance in methods of microbial diversity in fermented food [J]. China Brew, 2011, (2):12-15.
- [2] 韩北忠, 吴小禾, 龚雷. 代谢组学在食品发酵研究中的应用现状及展望[J]. 中国食品学报, 2011, 11(9): 220-224.  
Han BZ, Wu XH, Gong X. Application of metabolomics in food fermentation: status and prospect [J]. Chin Inst Food Sci, 2011, 11(9): 220-224.

- [3] 许伟, 张晓君, 李崎, 等. 微生物分子生态学技术在传统发酵食品行业中的应用研究进展[J]. 食品科学, 2007, 12: 521–525.  
Xu W, Zhang XJ, Li Q, *et al.* Application of microbial molecular ecology techniques in research on traditional fermented food industry [J]. Food Sci, 2007, 12: 521–525.
- [4] 蒋立文. 发酵豆豉的研究进展[J]. 食品安全质量检测学报, 2013, 4(6): 1808–1814.  
Jiang LW. Research progress of Douchi fermentation [J]. J Food Saf Qual, 2013, 4(6): 1808–1814.
- [5] Yan YZ, Qian YL, Ji FD. Microbial composition during Chinese soy sauce koji-making based on culture dependent and independent methods [J]. Food Microbiol, 2013, (34): 189–195.
- [6] Wicklow DT, Mcalpin CE, Yeoh QL, *et al.* Diversity of *Aspergillus oryzae* genotypes (RFLP) isolated from traditional soy sauce production within Malaysia and Southeast Asia [J]. Mycoscience, 2007, 48, 373–380.
- [7] Machida M, Yamada O, Gomi K. Genomics of *Aspergillus oryzae*: Learning from the history of Koji mold and Exploration of its future [J]. DNA Res, 2008, 15(4): 173–183.
- [8] Lioe HN, Selamat J, Yasuda M. Soy sauce and its umami taste: a link from the past to current situation [J]. J Food Sci, 2010, 75: 71–76.
- [9] 李琳, 李海梅, 何胜华, 等. 米曲霉发酵豆渣酶解液的研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2012, 3(2): 140–144.  
Li L, Li HM, He SH, *et al.* Study on fermentation of enzymatic hydrolysate of soybean dregs by *Aspergillus oryzae* [J]. J Food Saf Qual, 2012, 3(2): 140–144.
- [10] 谢显华. 酱油发酵过程微生物群落结构的动态研究[D]. 广州: 华南理工大学, 2010.  
Xie XH. Study on the dynamic changes of microbial community during fermentation process of soy sauce [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2010.
- [11] Michael J, Janine HV. Growth of the salt tolerant yeast *Zygosaccharomyces rouxii* in microtiterplates: effects of NaCl, pH and temperature on growth and fusel alcohol production from branched-chain amino acids [J]. FEMS Yeast Res, 2003, 3: 313–318.
- [12] Bitna K, Bo YB, Mah JH. Biogenic amine formation and bacterial contribution in Natto products [J]. Food Chem, 2012, (135): 2005–2011.
- [13] Yoshioka K, Sekine M, Otake K. Physical properties of viscous materials in natto prepared at various fermentation temperatures [J]. J Jpn Soc Food Sci, 2007, (54): 452–455.
- [14] Yoshikawa Y, Chen PY, Zhang B. Evaluation of seed chemical quality traits and sensory properties of natto soybean [J]. Food Chem, 2014, (153): 186–192.
- [15] Sumi H, Hamada H, Tsushima H, *et al.* A novel fibrinolytic enzyme (nattokinase) in the vegetable cheese natto: a typical and popular soybean food in the Japanese diet [J]. Experientia, 1987, 43(10): 1110–1111.
- [16] Taniguchi-Fukatsu A, Yamanaka-Okumura H, Kawakami Y, *et al.* Natto and viscous vegetables in a Japanese-style breakfast improved insulin sensitivity, lipid metabolism and oxidative stress in overweight subjects with impaired glucose tolerance subjects [J]. Clin Nutr Suppl, 2011, 6(1): 117.
- [17] Esaki H, Onozaki H, Osawa T. Antioxidative activity of fermented soybean products [J]. LACS Symposium Series, 1994, (546): 353–360.
- [18] Garofalo C, Silvestrig G, Aquilanti L, *et al.* PCR-DGGE analysis of lactic acid bacteria and yeast dynamics during the production processes of three varieties of Panettone [J]. J Appl Microbiol, 2008, 205(1): 243–254.
- [19] Veags C, Mateo E, Gonzalea A. Population dynamics of acetic acid bacteria during traditional wine vinegar production [J]. Int J Food Microbiol, 2010, 138(1–2): 130–136.
- [20] 聂志强, 汪越男, 郑宇, 等. 传统食醋酿造过程中微生物群落的多样性及功能研究进展[J]. 中国酿造, 2012, (7): 1–6.  
Nie ZQ, Wang YN, Zheng Y, *et al.* The diversity and functional feature of microflora in traditional vinegar brewing process [J]. China Brew, 2012, (7): 1–6.
- [21] Xu Y, Wang D, Fan WL, *et al.* Traditional Chinese biotechnology [J]. Biotechnol China II: Chem, Energy Environ, 2010, 122: 189–233.
- [22] Xu W, Huang ZY, Zhang XJ, *et al.* Monitoring the microbial community during solid-state acetic acid fermentation of Zhenjiang aromatic vinegar [J]. Food Microbiol, 2011, 28(6): 1175–1181.
- [23] 弓晓艳. 老陈醋酿造过程中微生物群落结构与功能研究[D]. 太原: 山西大学, 2010.  
Gong XY. Research on microbial community structure and function during the brewing process of Shanxi over-mature vinegar [D]. Taiyuan: Shanxi University, 2010.
- [24] De VL, Gullo M, Landi S, *et al.* Application of denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) analysis to evaluate acetic acid bacteria in traditional balsamic vinegar [J]. Food Microbiol, 2006, 23(8): 809–813.
- [25] Haruta S, Ueno S, Egawa I, *et al.* Succession of bacterial and fungal communities during a traditional pot fermentation of rice vinegar assessed by PCR-mediated denaturing gradient gel electrophoresis [J]. Int J Food Microbiol, 2006, 109(1–2): 79–87.
- [26] Seo H, Jenó BY, Yun A, *et al.* Effect of glasswort (*Salicornia herbacea* L.) on microbial community variations in the vine-

- gar-making process and vinegar characteristics [J]. *J Microbiol Biotech*, 2010, 20(9):1322–1330.
- [27] 李丹宇. 浓香型大曲制备过程中理化指标及微生物群落演替规律的研究[D]. 自贡: 四川理工学院, 2013.
- Li DY. The study on the succession law of physicochemical index and microbial community in the preparation of luzhou-flavor Daqu [D]. Zigong: Sichuan University of Science & Engineering, 2013.
- [28] 唐洁. 清香型小曲酒微生物群落结构及功能的研究[D]. 无锡: 江南大学, 2012.
- Tang J. Characterization of the structure and function of the microbial community in light aroma type liquor started by Xiaoqu [D]. Wuxi: Jiangnan University, 2012.
- [29] 陈林. 酱香型白酒发酵过程中微生物群落结构分析[D]. 北京: 北京林业大学, 2013.
- Chen L. Study on the bacterial community structure on fermentation of Maotai-flavor [D]. Beijing: Beijing Forest University, 2013.
- [30] 吕旭聪, 翁星, 黄若兰. 红曲黄酒酿造用曲及传统酿造过程中酵母菌的多样性研究[J]. *中国食品学报*, 2012, 12(1): 182–190.
- Lv XC, Weng X, Huang RL, et al. Research on biodiversity of yeasts associated with hongqu glutinous rice wine starters and the traditional brewing process [J]. *Chin Inst Food Sci*, 2012, 12(1): 182–190.
- [31] Viana F, Gil JV, Genovés S, et al. Rational selection of *non-Saccharomyces* wine yeasts for mixed starters based on ester formation and enological traits [J]. *Food Microbiol*, 2008, 25(6): 778–785.
- [32] 焦志华, 陈启和. 发酵饮品中氨基甲酸乙酯的研究进展[J]. *食品安全质量检测学报*, 2013, 4(5): 1299–1307.
- Jiao ZH, Chen QH. Recent advance on ethyl carbamate derived from the fermented spirits [J]. *J Food Saf Qual*, 2013, 4(5): 1299–1307.
- [33] 肖泳, 邓放明. 发酵食品中氨基甲酸乙酯的研究进展[J]. *食品安全质量检测学报*, 2012, 3(3): 216–221.
- Xiao Y, Deng FM. Research progress on ethyl carbamate in fermented food [J]. *J Food Saf Qual*, 2012, 3(3):216–221.
- [34] 宛晓春. 茶叶生物化学[M]. 中国农业出版社, 2003.
- Tang XC. Tea biochemistry [M]. China Agriculture Press, 2003.
- [35] Michiharu A, Naohiro T, Yoshito I, et al. Characteristic fungi observed in the fermentation process for Puer tea [J]. *Int J Food Microbiol*, 2008, (124):199–203.
- [36] 杨晓萍. 普洱茶渥堆发酵过程中微生物群落结构及功能酶基因的克隆[D]. 广州: 华南理工大学, 2013.
- Yang XP. Microbial community structure during Pu-erh tea fermentation and clone of functional enzyme genes [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2013.
- [37] Xu X, Yan M, Zhu Y. Influence of fungal fermentation on the development of volatile compounds in the Puer tea manufacturing process [J]. *Eng Life Sci*, 2005, (5): 382–386.
- [38] 周红杰, 李家华, 赵龙飞, 等. 渥堆过程中主要微生物对云南普洱茶品质形成的研究 [J]. *茶叶科学*, 2004, 24(3):212–218 .
- Zhou HJ, Li JH, Zhao LF, et al. Study on main microbes on quality formation of Yunnan Puer Tea during pile-fermentation process [J]. *J Tea Sci*, 2004, 24(3):212–218 .
- [39] 许波, 洪涛, 唐湘华, 等. 普洱茶发酵过程中微生物及其应用研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2010, 38(1): 334–336, 356.
- Xu B, Hong T, Tang XH, et al. Research on progress of microbe and its application during the fermentation process of Puer Tea [J]. *J Anhui Agri Sci*, 2010, 38(1): 334–336, 356.
- [40] 孙艳君. 红曲中红曲菌的分离、鉴定及产色素的研究[D]. 武汉: 武汉工业学院, 2011.
- Sun YJ. Isolation, identification and pigment production research of *Monascus* from red yeast rice [D]. Wuhan: Wuhan University of Technology, 2011.
- [41] Tsuji K, Iehikawa T, Tanabe N, et al. Antihypertensive activities of Beni-Koji extracts and  $\gamma$ -aminobutyric acid in spontaneously hypertensive rats [J]. *Jpn J Nutr*, 1992, (50):285–291.
- [42] Song FH, El-Demerdash A, Shwn-Ji SHL, et al. Fast screening of lovastatin in red yeast rice products by flow injection tandem mass spectrometry [J]. *J Pharmaceut Biomed*, 2012, (57): 76–81.
- [43] 张郡莹, 杨强, 张婵, 等. 4 株红曲霉发酵产生次级代谢产物的分析[J]. *食品安全质量检测学报*, 2014, 5(1): 148–153.
- Zhang JY, Yang Q, Zhang C, et al. Analysis of the secondary metabolites produced by 4 strains of *Monascus* [J]. *J Food Saf Qual*, 2014, 5(1): 148–153.
- [44] Kycko S, Shiho SS, Yoko K, et al. Analytical method for citrinin in *Monascus* colour [J]. *Jpn J Food Chem*, 1998, 5: 64–68.
- [45] 季利, 陈莎, 陈福生, 等. 红曲菌次级代谢产物生物合成途径及相关基因的研究进展 [J]. *微生物学通报*, 2013, 40(2): 294–303.
- Li L, Chen S, Chen FS, et al. Review on biosynthetic pathway of secondary metabolites and the related genes in *Monascus spp.* [J]. *Microbiol Chin*, 2013, 40(2): 294–303.
- [46] 谢科. 广式腊肠微生物群落分析及产地溯源研究[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2012.
- Xie K. Analysis of microbial community and study on traceability of producing area for Cantonese sausage [D]. Hefei: Hefei University of Technology, 2012.
- [47] Coppola R, Giagnacovo B, Iorizzo M, et al. Characterization of *lactobacilli* involved in the ripening of soppressata molisana, a typical southern Italy fermented sausage[J]. *Food Microbiol*,

1998, (15): 347–353.

- [48] Drosinos EH, Mataragas M, Xiraphi N, *et al.* Characterization of the microbial flora from a traditional Greek fermented sausage [J]. *Meat Sci*, 2005, (65): 307–317.
- [49] Papamanoli E, Tzanetakis N, Litopoulou-Tzanetaki E, *et al.* Characterization of lactic acid bacteria isolated from a Greek dry-fermented sausage in respect of their technological and probiotic properties [J]. *Meat Sci*, 2003, (65):859–867.
- [50] Papamanoli E, Kotzekidou P, Tzanetakis N, *et al.* Characterization of *Micrococcaceae* isolated from dry fermented sausage [J]. *Food Microbiol*, 2002, 19, 441–449.
- [51] Bruna J, Ordonez JA. Microbial and physico-chemical changes during the fermented sausages superficially inoculated with or having added a *Penicillium aurantiogriseum* [J]. *Meat Sci*, 2001, 59(1): 88–93.

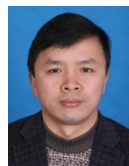
(责任编辑: 张宏梁)

## 作者简介



范琳琳, 博士研究生, 主要研究方向为生物转化与代谢工程。

E-mail: 11213025@zju.edu.cn



陈启和, 博士、教授, 主要研究方向为食品生物安全、食品生物技术和生物转化与代谢工程。

E-mail: chenqh@zju.edu.cn