



王玉荣,王鑫,圣群航,等. 不同发酵温度对鲊广椒滋味品质及微生物群落的影响[J]. 轻工学报,2026,41(1):16-25.  
WANG Y R, WANG X, SHENG Q H, et al. Effects of different fermentation temperatures on taste quality and microbial flora of zha-chili[J]. Journal of Light Industry, 2026, 41(1): 16-25.  
DOI: 10.12187/2026.01.002

# 不同发酵温度对鲊广椒滋味品质及微生物群落的影响

王玉荣<sup>1,2</sup>,王鑫<sup>1,2</sup>,圣群航<sup>1,2</sup>,张海波<sup>1,2</sup>,侯强川<sup>1,2</sup>,郭壮<sup>1,2</sup>

1. 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;  
2. 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:**【目的】揭示不同发酵温度对鲊广椒滋味品质及微生物群落的影响。【方法】采用电子舌技术对不同发酵温度(20 °C、25 °C、30 °C 和 35 °C)下鲊广椒的滋味品质进行评价,并结合 MiSeq 高通量测序技术对其微生物群落结构进行解析,最后基于普氏分析对微生物群落与滋味品质进行关联性分析。【结果】不同发酵温度下,鲊广椒的滋味品质和微生物群落结构均存在显著性差异( $P < 0.05$ ),主要细菌属为乳杆菌属(*Lactobacillus*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*),主要真菌属为生丝毕赤酵母属(*Hyphopichia*)、曲霉菌属(*Aspergillus*)、枝孢菌属(*Cladosporium*)、赤霉菌属(*Gibberella*)、柯达酵母属(*Kodamaea*)和季也蒙酵母属(*Meyerozyma*),其中 20 °C 发酵鲊广椒的酸味更为突出,微生物种类更优,乳杆菌属为其主要优势细菌属,生丝毕赤酵母属为其主要优势真菌属,不动杆菌属(*Acinetobacter*)、罗森伯格氏菌属(*Rosenbergiella*)和枝孢菌属为区别于其他 3 组微生物群落结构的关键菌属;鲊广椒的微生物群落与滋味指标之间存在显著相关性( $P < 0.05$ ),且优势微生物之间的相互作用共同促进了鲊广椒滋味特征的构建。【结论】20 °C 发酵鲊广椒的微生物群落丰富度和滋味品质均较好。

**关键词:**鲊广椒;发酵温度;微生物群落;滋味品质;相关性

**中图分类号:**TS201.3    **文献标识码:**A    **文章编号:**2096-1553(2026)01-0016-10

## 0 引言

鲊广椒(Zha-chili)是我国华中地区一种极具代表性的传统发酵食品,通常以碾碎的米粉和新鲜的红辣椒为主要原料,混匀后于发酵罐中压实,在室温条件下自发厌氧发酵 15~30 d 制作而成<sup>[1]</sup>。相较于泡菜<sup>[2]</sup>、米酒<sup>[3]</sup>等其他传统发酵食品,鲊广椒

的发酵方式和制作工艺独特,具有含氧量和水活度更低、碳水化合物含量高等特点<sup>[4]</sup>。目前,关于鲊广椒的研究主要围绕不同地域和原料对其微生物群落和风味品质的影响展开。例如, W. C. Cai 等<sup>[5]</sup>比较分析了重庆、湖北和湖南三地鲊广椒样品的细菌多样性和风味品质,发现不同地区鲊广椒在细菌群落结构和感官品质上均存在显著差异,且滋

收稿日期:2024-12-25;修回日期:2025-03-17;出版日期:2026-02-15

基金项目:国家自然科学基金青年科学基金项目(32402047);湖北省高等学校优秀中青年科技创新团队计划项目(T2023022)

作者简介:王玉荣(1993—),女,湖北省襄阳市人,湖北文理学院副教授,博士,主要研究方向为食品生物技术。E-mail: wangyurong1993@163.com

通信作者:郭壮(1984—),男,山东省曲阜市人,湖北文理学院教授,博士,主要研究方向为食品生物技术。E-mail: guozhuang1984@163.com

味差异远大于风味差异;另外,他们还比较了以糯米和籼米为原料自制的鲊广椒样品的细菌多样性和感官品质,发现不同原料制作的鲊广椒的细菌群落结构差异显著,以糯米为原料的鲊广椒的细菌群落丰富度更高;风味受原料的影响较大,酸味、鲜味、丰富性等特征风味与细菌群落呈显著相关性<sup>[6]</sup>。然而,有关不同发酵温度下鲊广椒的品质特征和微生物群落结构的研究尚未见报道。有研究<sup>[7]</sup>指出,发酵温度是发酵食品生产中应重点考虑的因素之一。Z. He 等<sup>[8]</sup>采用 HiSeq 高通量测序结合气相色谱-质谱联用(GC-MS)技术分析了不同发酵温度下酸菜的细菌多样性和挥发性风味物质,发现随着发酵温度的升高,酸菜中的优势细菌属不断变化,挥发性风味物质的种类有所增加,且细菌群落与挥发性风味物质的生成高度相关。因此,有必要深入探究发酵温度对鲊广椒微生物群落及产品品质的影响。

滋味是评价发酵食品品质的重要感知指标之一。有研究<sup>[4]</sup>表明,酸味和鲜味是鲊广椒的典型滋味特征。随着技术的不断更新与发展,电子舌(E-tongue)等新型仿生设备凭借检测快速、实时数字化监测等特点,在食品质量检测领域的应用日益广泛<sup>[9]</sup>。同时,在生物技术方面,以 MiSeq 高通量测序平台为代表的第二代高通量测序技术凭借无需培养、通量高、检测速度快等优点,被广泛用于解析不同类型发酵食品的微生物群落结构<sup>[10]</sup>。郭壮等<sup>[11]</sup>使用 MiSeq 高通量测序技术和仿生技术对泡菜水的细菌群落结构和产品品质进行了分析,并进一步揭示了其细菌群落与品质之间的潜在相关性,发现片球菌属(*Pediococcus*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)为主要细菌属,且乳杆菌属与芳香型化合物的形成呈显著正相关,假单胞菌属与酸味指标呈显著负相关。因此,将 MiSeq 高通量测序技术与仿生技术相结合用于分析鲊广椒的滋味品质及微生物群落具有可行性。

鉴于此,本研究拟使用电子舌技术对 20 ℃、25 ℃、30 ℃ 和 35 ℃ 这 4 个温度下发酵的鲊广椒的滋味品质进行数字化评价,采用 MiSeq 高通量测序技术解析其微生物群落结构,并基于普氏分析揭示

微生物群落与滋味品质之间的关联性,以期为鲊广椒品质提升和产业化发展提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 主要材料与试剂

大米、二荆条辣椒、食盐、花椒、白胡椒粉和白酒,市售;参比溶液、阴阳离子溶液和内部溶液,日本 INSENT 公司;DNeasy mericon Food Kit 食品基因组 DNA 提取试剂盒,德国 QIAGEN 公司;正反向引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')/806R (5'-GGACTTACHVGGGTWTCTAAT-3') 和 ITS1F (5'-CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA-3')/ITS2R (5'-GCT GCGTTCTTCATCGATGC-3'),上海桑尼生物科技有限公司;MiSeq 高通量测序配套试剂,美国 Illumina 公司。

### 1.2 主要仪器与设备

HH-2 型数显恒温水浴锅,江苏荣华仪器制造有限公司;SA 402B 型电子舌,日本 INSENT 公司;Veriti FAST 型 PCR 仪,美国 ABI 公司;DYY-12 型电泳仪,北京六一仪器厂;UVPCDS8000 型凝胶成像分析系统,美国 ProteinSimple 公司;ND-2000C 型微量紫外分光光度计,美国 Nano Drop 公司;MiSeq PE300 型高通量测序平台,美国 Illumina 公司;R930 型机架式服务器,美国 DELL 公司。

### 1.3 实验方法

**1.3.1 豉广椒样品制作** 1)配方:大米 750 g,二荆条辣椒 225 g,食盐 75 g,花椒 3.15 g,白胡椒粉 3.15 g,白酒 3 mL,蒸馏水 45 mL。

2)步骤:将大米和二荆条辣椒淘洗干净,晾干后粉碎,依次装入经热烫处理的发酵罐中,同时加入食盐、花椒、白胡椒粉等调味辅料,搅拌均匀后加入蒸馏水,盖上碗盖,喷洒白酒以助封口,最后将发酵罐分别放置在 20 ℃、25 ℃、30 ℃ 和 35 ℃ 条件下自然发酵 28 d,即得鲊广椒样品。每个温度条件下均设置 3 罐平行重复,以便后续数据处理。

**1.3.2 豉广椒滋味品质评价** 准确称取 30 g 豉广椒样品于 120 mL 蒸馏水中,搅拌后于 45 ℃ 恒温水浴锅中静置 30 min,随后以 12 000 r/min 离心 10 min,取上清液抽滤,参照王玉荣等<sup>[12]</sup>的方法,使用电子

舌对鲊广椒滤液的酸味、苦味、涩味、咸味和鲜味这5个基本味,以及后味-A(涩的回味)、后味-B(苦的回味)和丰度(鲜的回味)这3个回味特征进行数字化评价,并均以20℃发酵鲊广椒的1号样品作为对照。

**1.3.3 微生物多样性分析方法** 使用DNeasy mericon Food Kit食品基因组DNA提取试剂盒提取鲊广椒样品中微生物宏基因组DNA,并使用1.0%琼脂糖凝胶电泳法和微量紫外分光光度计分别测定提取物的纯度和浓度。分别使用带有核苷酸标签(Barcode)的正反向引物338F/806R和ITS1F/ITS2R对样品中细菌16S rRNA的V<sub>3</sub>—V<sub>4</sub>区和真菌的ITS区序列进行PCR扩增<sup>[13-14]</sup>,继而对其产物进行纯度检测,将检测合格的PCR产物置于MiSeq高通量测序平台进行双端测序。

基于重叠区域,利用FLASH软件对双端测序的原始reads进行拼接,参照Z. Guo等<sup>[15]</sup>的方法对拼接好的序列进行过滤,去除引物、短序列和低质量碱基,为后续分析提供高质量的序列数据。基于QIIME(v.1.9.1)分析平台对鲊广椒样品的微生物多样性进行分析。在利用PyNAST工具进行序列校准后,基于97%相似性,使用UCLUST软件对序列进行聚类以产生操作分类单元(Operational Taxonomic Units, OTU)<sup>[16]</sup>,再通过UCHIME软件去除嵌合体序列<sup>[17]</sup>,参考数据库RD<sup>P</sup>(v.11.5)、GreenGene(v.13.5)和SILVA(v.13.2)进行细菌物种注释<sup>[18-20]</sup>,同时参考数据库UNITE(v.7.2)进行真菌物种注释<sup>[21]</sup>,最后计算鲊广椒样

品中微生物的4种 $\alpha$ 多样性指数(Chao 1指数、发现物种数、香农指数和辛普森指数),并通过非加权的UniFrac距离进行主坐标分析(Principal Coordinates Analysis, PCoA)。

## 1.4 数据处理

使用多元方差分析(Multivariate Analysis of Variance, MANOVA)方法计算不同发酵温度下鲊广椒样品微生物群落之间的差异。利用Origin 2017绘制带误差线的微生物 $\alpha$ 多样性柱状图,采用R(v.4.1.3)软件绘制微生物 $\beta$ 多样性散点图、相对含量柱状图、核心OTU瀑布图、识别潜在关键物种的特异性-占有率图和普氏分析图,通过Cytoscape(v.3.7.2)绘制相关性网络图。

## 2 结果与分析

### 2.1 鱼广椒的滋味品质分析

不同发酵温度下鲊广椒的滋味指标测定结果见表1。由表1可知,20℃发酵鲊广椒的酸味显著高于其他3组( $P<0.05$ ),而鲜味显著低于其他3组( $P<0.05$ )。这与尚雪娇等<sup>[22]</sup>的研究结果较一致,即湖北当阳地区的鲊广椒在酸味指标上表现突出。J. Charve等<sup>[23]</sup>的研究表明,鲜味是氨基酸的主要呈味特征之一,其中天冬氨酸(Asp)和谷氨酸(Glu)含量不仅反映了鲊广椒的鲜味特征,亦可作为进一步产生风味物质的底物。因此,在后续研究中可进一步测定不同发酵温度下鲊广椒的氨基酸含量,以深入探究不同发酵温度对鲊广椒鲜味特征的影响。20℃发酵鲊广椒的咸味和丰度均显著高于35℃

表1 不同发酵温度下鲊广椒的滋味指标测定结果

Table 1 Determination results of taste indexes in zha-chili at different fermentation temperatures

滋味指标	发酵温度/℃			
	20	25	30	35
酸味	0.39(-0.02~1.20) <sup>a</sup>	-3.49(-6.34~-0.73) <sup>b</sup>	-5.60(-7.43~-3.89) <sup>b</sup>	-4.39(-5.54~-3.36) <sup>b</sup>
苦味	-0.77(-2.06~0.00) <sup>b</sup>	-0.49(-1.77~0.52) <sup>b</sup>	1.09(-1.69~2.94) <sup>ab</sup>	2.45(2.04~2.92) <sup>a</sup>
涩味	-0.73(-1.73~0.00) <sup>b</sup>	-0.75(-1.98~0.14) <sup>b</sup>	1.13(-2.13~2.88) <sup>ab</sup>	3.07(2.49~3.67) <sup>a</sup>
咸味	-0.89(-1.44~0.00) <sup>a</sup>	-0.24(-0.81~0.20) <sup>a</sup>	-1.35(-2.85~-0.24) <sup>ab</sup>	-3.1(-3.92~-2.10) <sup>b</sup>
鲜味	-0.50(-0.92~0.00) <sup>b</sup>	0.09(-0.17~0.43) <sup>a</sup>	0.34(0.07~0.56) <sup>a</sup>	0.14(0.05~0.19) <sup>a</sup>
后味-A	-0.39(-0.62~0.00) <sup>b</sup>	-0.98(-1.19~-0.87) <sup>b</sup>	1.95(-1.73~3.83) <sup>ab</sup>	3.79(3.75~3.81) <sup>a</sup>
后味-B	-0.25(-0.62~0.00) <sup>b</sup>	-0.83(-0.98~-0.68) <sup>b</sup>	1.73(-1.31~3.25) <sup>ab</sup>	3.19(3.08~3.27) <sup>a</sup>
丰度	0.24(0.00~0.57) <sup>a</sup>	-0.46(-0.70~-0.33) <sup>ab</sup>	-0.15(-0.92~0.91) <sup>ab</sup>	-1.22(-1.84~-0.35) <sup>b</sup>

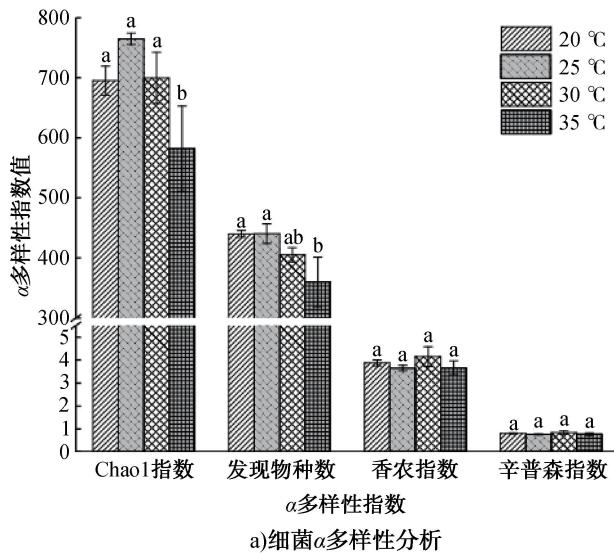
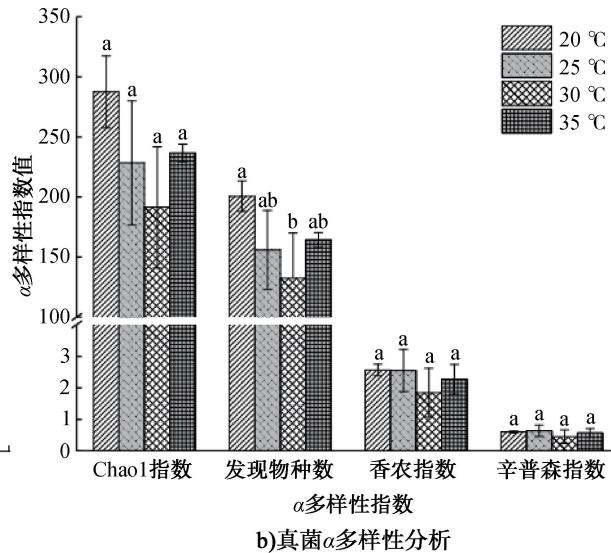
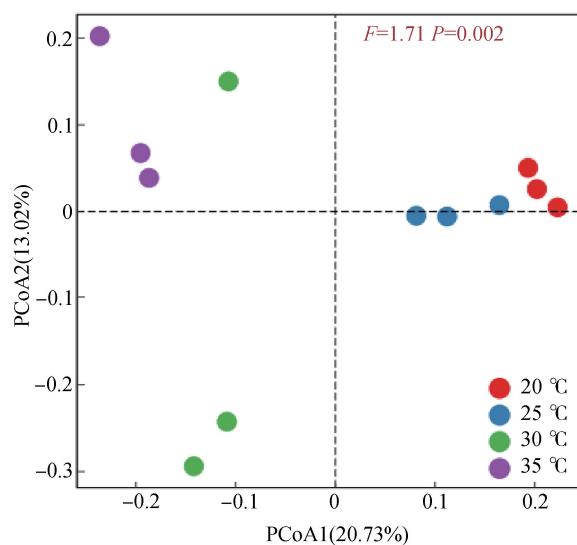
注:同行不同小写肩标字母表示组间差异显著( $P<0.05$ ),下同。

发酵鲊广椒( $P<0.05$ ),而其苦味、涩味、后味-A和后味-B均显著低于35℃发酵鲊广椒( $P<0.05$ ),这可能与不同发酵温度下鲊广椒中微生物群落的生长代谢有关。此外,不同发酵温度下鲊广椒的滋味特征变化主要体现在酸味上。整体而言,不同发酵温度下鲊广椒的滋味品质存在明显差异,且20℃发酵鲊广椒的滋味品质更为突出。

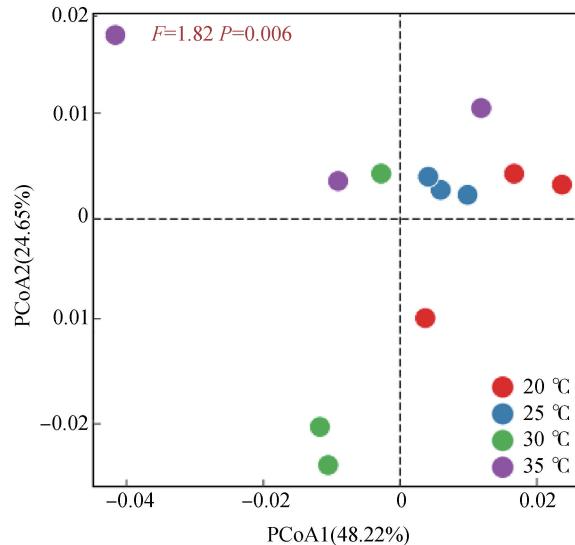
## 2.2 鱖广椒的微生物多样性分析

对鲊广椒样品进行MiSeq高通量测序,12份样品共获得206 690条高质量16S rRNA基因序列,平均每份样品17 224条;共获得580 083条高质量ITS基因序列,平均每份样品48 340条。基于97%相似

性聚类,分别获得7751个细菌OTU和2000个真菌OTU。经OTU注释发现,7751个细菌OTU被鉴定为9个门、14个纲、23个目、40个科、57个属和58个种;2000个真菌OTU被鉴定为2个门、8个纲、16个目、32个科、39个属和69个种。为了分析不同发酵温度下鲊广椒的微生物复杂性和差异性,本研究通过计算 $\alpha$ 多样性指数来衡量其微生物群落的丰富度和多样性<sup>[24]</sup>,再基于非加权UniFrac距离对其进行微生物群落进行PCoA分析,结果如图1所示,a)中细菌 $\alpha$ 多样性指数和b)中真菌 $\alpha$ 多样性指数分别由测序深度为12 010条和14 010条的序列计算获得,不同小写字母表示组间差异显著( $P<0.05$ )。由

a)细菌 $\alpha$ 多样性分析b)真菌 $\alpha$ 多样性分析

c)基于非加权UniFrac距离的细菌PCoA分析



d)基于非加权UniFrac距离的真菌PCoA分析

图1 不同发酵温度下鲊广椒的微生物群落多样性解析结果

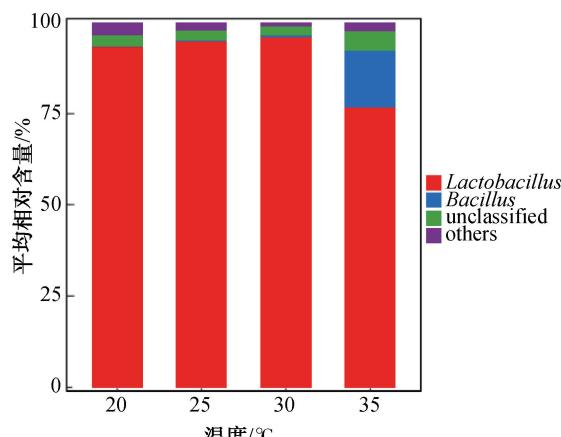
Fig. 1 Analysis results of microbial flora diversity in zha-chili at different fermentation temperatures

图 1a) 和 b) 可知, 不同发酵温度下鲊广椒细菌的丰富度和多样性在整体上均明显高于真菌。其中, 20 ℃ 发酵鲊广椒细菌的 Chao 1 指数和发现物种数均显著高于 35 ℃ 发酵鲊广椒 ( $P < 0.05$ ), 其真菌的 Chao 1 指数和发现物种数亦明显高于其他 3 组, 而不同发酵温度下鲊广椒中微生物的香农指数和辛普森指数均无显著差异 ( $P > 0.05$ )。因此, 不同发酵温度下鲊广椒中微生物群落的变化主要体现在其物种丰富度上。由图 1c) 和 d) 可知, 20 ℃ 和 25 ℃ 发酵鲊广椒样品全部位于  $X$  轴正半轴, 而 30 ℃ 和 35 ℃ 发酵鲊广椒样品全部位于  $X$  轴负半轴, 且不同发酵温度下鲊广椒的微生物群落差异极显著 ( $P < 0.01$ )。因此, 不同发酵温度下鲊广椒中微生物群落结构存在明显差异。

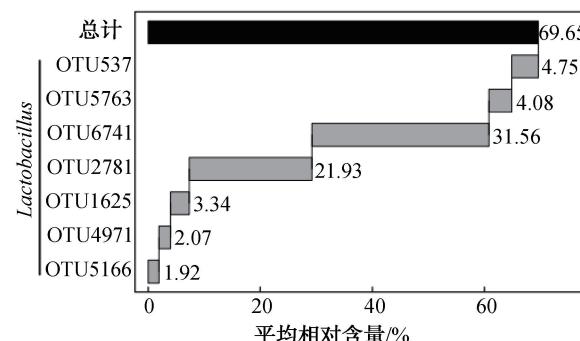
## 2.3 鱼广椒的微生物群落结构解析

不同发酵温度下鲊广椒的细菌群落结构如图 2 所示, 其中, 将平均相对含量  $> 1.00\%$  的细菌属或

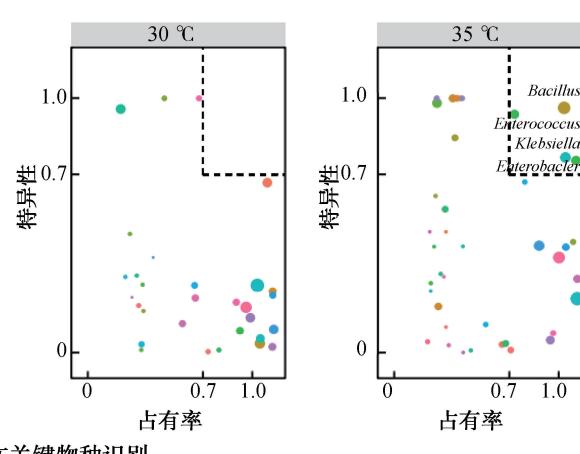
真菌属定义为优势细菌属或优势真菌属, 将存在于所有样品中的 OTU 定义为核心 OTU, c) 图中圆点颜色代表群落种类, 圆点大小代表平均相对含量, 下同。由图 2a) 可知, 不同发酵温度下鲊广椒样品中有 2 个优势细菌属, 分别为乳杆菌属 (90.18%) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*, 4.05%)。研究<sup>[25]</sup>表明, 在发酵过程中, 乳杆菌属不仅可通过产生有机酸(主要是乳酸和乙酸)来增加发酵食品的酸味, 还可利用乳酸获得能量进行代谢。值得注意的是, 芽孢杆菌属在 20 ℃ 发酵鲊广椒中的平均相对含量为 0, 而在 35 ℃ 发酵鲊广椒中则显著偏高 ( $P < 0.05$ ), 为 15.60%。因此, 随着发酵温度的升高, 最具耐受性的芽孢杆菌属<sup>[26]</sup>的平均相对含量逐渐增加。有研究<sup>[27]</sup>表明, 部分芽孢杆菌属为条件致病菌, 例如蜡样芽孢杆菌 (*Bacillus cereus*), 人体摄入后会引起食物中毒, 出现恶心、呕吐等症状。由图 2b) 可知, 不同发酵温度下鲊广椒样品存在 97 个核心 OTU, 而



a) 优势细菌属平均相对含量柱状图



b) 核心细菌群落平均相对含量瀑布图



c) 细菌潜在关键物种识别

图 2 不同发酵温度下鲊广椒的细菌群落结构

Fig. 2 Bacterial community structure in zha-chili at different fermentation temperatures

平均相对含量>1.00%的核心 OTU 仅有 7 个,且均隶属于乳杆菌属,分别为 OTU6741 (31.56%)、OTU2781 (21.93%)、OTU537 (4.75%)、OTU5763 (4.08%)、OTU1625 (3.34%)、OTU4971 (2.07%) 和 OTU5166 (1.92%),累积平均相对含量为 69.65%。因此,不同发酵温度下鲊广椒中存在大量核心细菌群落,且均以乳杆菌属为主。

经  $\beta$  多样性分析发现,不同发酵温度下鲊广椒的细菌群落结构存在显著差异( $P<0.05$ ),因而本研究进一步通过计算细菌属的特异性-占有率来识别可能造成其细菌群落结构产生差异的潜在关键物种。特异性-占有率图可清晰地反映同一环境中微生物群落的分布和特异性,以及不同环境中微生物群落的差异。本研究中的特异性是指某个菌属在特定环境中的平均相对含量与其在所有鲊广椒中的平均相对含量的比值,比值越大,该菌属在特定环境中的特异性越高;占有率是指某个菌属在特定环境中发现的数量与特定环境中样品总数的比值,可反映该菌属在特定环境中的均匀度。由图 2c)可知,20 ℃发酵鲊广椒中识别到 3 个潜在关键菌属,分别为黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 和罗森伯格氏菌属 (*Rosenbergiella*);25 ℃发酵鲊广椒中识别到 2 个潜在关键菌属,分别为欧文氏菌属 (*Erwinia*) 和芽殖球菌属 (*Blastococcus*);35 ℃发酵鲊广椒中识别到 4 个潜在关键菌属,分别为芽孢杆菌属、肠球菌属 (*Enterococcus*)、克雷伯氏菌属 (*Klebsiella*) 和肠杆菌属 (*Enterobacter*);30 ℃发酵鲊广椒中未识别到潜在关键菌属。结合物种丰富度可知,不动杆菌属和罗森伯格氏菌属为 20 ℃发酵鲊广椒区别于其他 3 组细菌群落结构的关键菌属。

不同发酵温度下鲊广椒的真菌群落结构如图 3 所示。由图 3a)可知,不同发酵温度下鲊广椒样品有 6 个优势真菌属,分别为生丝毕赤酵母属 (*Hyphopichia*, 77.21%)、曲霉菌属 (*Aspergillus*, 7.82%)、枝孢菌属 (*Cladosporium*, 3.94%)、赤霉菌属 (*Gibberella*, 3.79%)、柯达酵母属 (*Kodamaea*, 3.75%) 和季也蒙酵母属 (*Meyerozyma*, 1.54%)。有研究<sup>[28]</sup>表明,在发酵过程中,生丝毕赤酵母属不仅

能增加食品的营养价值,还能赋予其特殊的风味。曲霉菌属、赤霉菌属等霉菌属普遍存在于各发酵温度下的鲊广椒中,且随着发酵的进行,它们在一定程度上可产生有机酸、酶、抗生素等多种代谢产物,为发酵后期其他微生物的生长提供营养物质<sup>[29]</sup>;然而,随着发酵温度的逐渐升高,这些霉菌属的平均相对含量显著增加( $P<0.05$ )。有研究<sup>[30]</sup>表明,部分霉菌属亦可通过分泌毒素对人体造成危害。由此可推测,较高的发酵温度有助于潜在致病菌的生长,使得鲊广椒存在一定的食品安全隐患。值得注意的是,在不同发酵温度下,鲊广椒样品中出现了各优势真菌属平均相对含量分布不均的现象。例如,枝孢菌属在 20 ℃发酵鲊广椒中的平均相对含量显著偏高( $P<0.05$ ),为 14.50%,而在其他 3 个组中不足 1.20%。相较于 35 ℃发酵鲊广椒,20 ℃发酵鲊广椒中曲霉菌属、柯达酵母属和季也蒙酵母属的平均相对含量均显著偏低( $P<0.05$ )。由图 3b)可知,不同发酵温度下,鲊广椒样品中存在 9 个平均相对含量>1.00%的核心 OTU,分别为隶属于生丝毕赤酵母属的 OTU1612 (54.04%)、OTU1875 (6.85%)、OTU867 (6.76%)、OTU835 (2.24%) 和 OTU1283 (1.79%),隶属于曲霉菌属的 OTU1430 (6.51%),隶属于枝孢菌属的 OTU613 (3.30%),隶属于赤霉菌属的 OTU1261 (3.13%) 和隶属于季也蒙酵母属的 OTU5166 (1.54%),累积平均相对含量为 86.16%。因此,不同发酵温度下鲊广椒中亦存在大量核心真菌菌群,且均以生丝毕赤酵母属为主。

经  $\beta$  多样性分析发现,不同发酵温度下鲊广椒的真菌群落结构亦存在显著差异( $P<0.05$ ),因而本研究进一步通过计算真菌属的特异性-占有率来识别可能造成其真菌群落结构产生差异的潜在关键物种。由图 3c)可知,20 ℃发酵鲊广椒中识别到 3 个潜在关键菌属,分别为威克汉姆酵母属 (*Wickerhamomyces*)、红曲霉属 (*Monascus*) 和枝孢菌属,35 ℃发酵鲊广椒中识别到 4 个潜在关键菌属,分别为柯达酵母属、毕赤酵母属 (*Pichia*)、季也蒙酵母属和曲霉菌属,而 25 ℃ 和 30 ℃ 发酵鲊广椒中均未识别到潜在关键菌属。结合物种丰富度可知,枝孢菌属为 20 ℃发酵鲊广椒区别于其他 3 组真菌

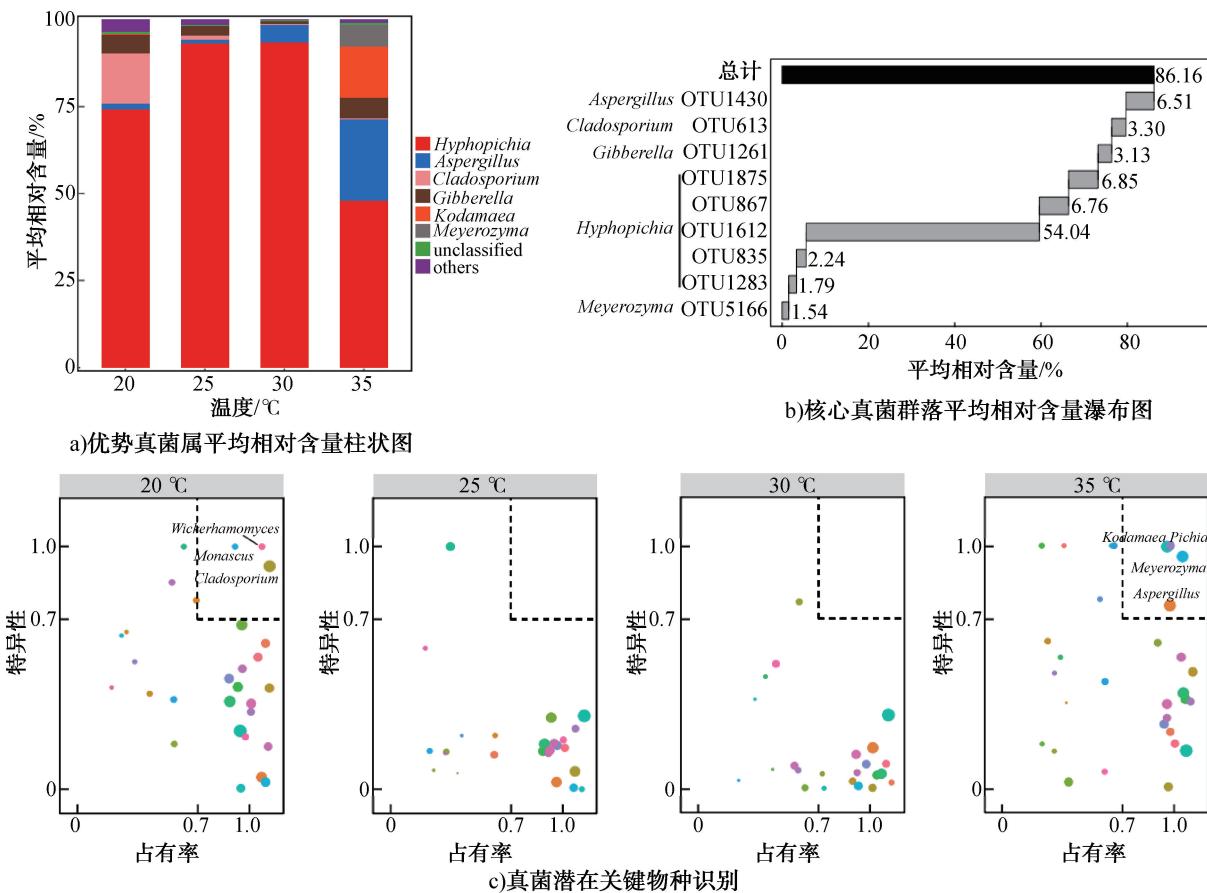


图3 不同发酵温度下鲊广椒的真菌群落结构

Fig. 3 Fungal community structure in zha-chili at different fermentation temperatures

群落结构的主要关键菌属,这可能与制作鲊广椒时所挑选的原料和开放式的发酵条件有关。辣椒表面的一些糖分、蛋白质等营养物质及表面的微环境可能为枝孢菌属提供了初始的部分营养和生长位点,且玉米粉是鲊广椒中的主要碳水化合物来源,其为枝孢菌属的生长提供了丰富的碳源和能量。同时,20 °C接近枝孢菌属的最适生长温度范围,在此温度下,枝孢菌属细胞内的酶活性较高,能够高效地进行各种生化反应,使其生长繁殖速度加快<sup>[31]</sup>。此外,有研究<sup>[32]</sup>指出,枝孢菌属为有害菌,其主要感染蔬菜植物并让其产生叶斑,进而影响其食用安全性。因此,在后续研究中应严格把控原材料、制作环境、发酵温度等因素,以提升鲊广椒产品的品质与安全性。

## 2.4 鱼广椒中微生物群落与滋味品质的相关性分析

为解析鲊广椒中微生物群落与滋味品质之间的关系,本研究进一步基于普氏分析绘制了细菌和真菌群落与滋味指标之间的相关性网络图,如

图4所示,c)中实线表示正相关,虚线表示负相关,线越粗代表相关性越大;\*表示相关性显著( $P < 0.05$ ),\*\*表示相关性极显著( $P < 0.01$ )。由图4a)和b)可知,鲊广椒中微生物群落与滋味指标之间存在显著相关性( $P < 0.05$ )。由图4c)可知,微生物群落与滋味指标之间存在复杂的构效关系,其中,乳杆菌属与咸味的形成存在显著正相关性( $P < 0.05$ );芽孢杆菌属与咸味的形成存在显著负相关性( $P < 0.05$ );枝孢菌属与酸味的形成存在极显著正相关性( $P < 0.01$ ),与鲜味的形成存在显著负相关性( $P < 0.05$ )。综合前文研究结果可知,在鲊广椒发酵过程中,乳杆菌属细胞内富含多种糖代谢关键酶,能借糖酵解(EMP)、磷酸酮解(PK)等代谢途径,将原料中的糖类高效转化为丙酮酸,并进一步被还原为乳酸,为鲊广椒赋予鲜明的酸味<sup>[33]</sup>。部分芽孢杆菌属在特定条件下,也能通过糖酵解途径将糖类转化为丙酮酸,再进一步转化为乳酸,赋予鲊广椒酸味<sup>[34]</sup>。此外,部分曲霉菌属也能通过糖酵解途径将糖类转

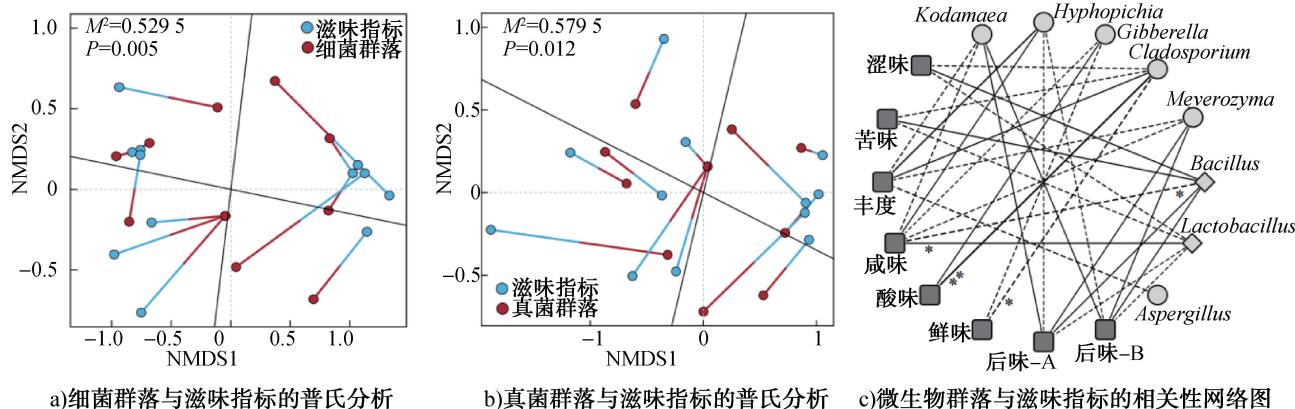


图 4 不同发酵温度下鲊广椒中微生物群落与滋味品质的相关性

Fig. 4 Correlation between microbial flora and taste quality in zha-chilli at different fermentation temperatures

化为丙酮酸,进而转化为柠檬酸、苹果酸等有机酸,这些有机酸能共同提升发酵产物的酸度,促进酸味的形成<sup>[35]</sup>。生丝毕赤酵母属在发酵时,一方面可通过糖酵解途径将糖类转化为丙酮酸,部分丙酮酸再转化为乙酸等有机酸,促进酸味的形成;另一方面,其还能代谢甘油生成甘油酸,提升体系酸度,同时可改变发酵环境的微生态,协同其他微生物增加有机酸产量,丰富酸味<sup>[36]</sup>。因此,在发酵过程中,微生物群落之间的相互作用共同促进了鲊广椒滋味特征的形成。

### 3 结论

本研究使用电子舌和 MiSeq 高通量测序技术对 20 °C、25 °C、30 °C 和 35 °C 这 4 个发酵温度下制作的鲊广椒的滋味品质和微生物群落进行了分析,得到如下结论:不同发酵温度下鲊广椒的滋味品质和微生物群落均存在显著差异,其中以 20 °C 发酵鲊广椒的滋味品质和微生物群落最突出。相较于其他 3 组样品,20 °C 发酵鲊广椒的酸味较为突出,主要细菌属为乳杆菌属,主要真菌属为生丝毕赤酵母属,且曲霉菌属、罗森伯格氏菌属和枝孢菌属是导致其区别于其他 3 组微生物群落结构的主要关键菌属。同时,乳杆菌属、芽孢杆菌属、枝孢菌属等与滋味指标之间存在着复杂的构效关系。未来可进一步探究关键菌属之间的互作机制,并利用代谢组学解析风味形成通路,优化发酵工艺,拓展产品应用,助力鲊广椒品质提升与产业发展。

### 参考文献:

- CAI W C, WANG Y R, HOU Q C, et al. PacBio sequencing combined with metagenomic shotgun sequencing provides insight into the microbial diversity of zha-chili [J]. Food Bioscience, 2021, 40:100884.
- AN F Y, SUN H J, WU J R, et al. Investigating the core microbiota and its influencing factors in traditional Chinese pickles [J]. Food Research International, 2021, 147:110543.
- CHEN G M, HUANG Z R, WU L, et al. Microbial diversity and flavor of Chinese rice wine (Huangjiu): An overview of current research and future prospects [J]. Current Opinion in Food Science, 2021, 42:37–50.
- 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.
- 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.
- 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.
- MASSERA A, ASSOF M, SARI S, et al. Effect of low temperature fermentation on the yeast-derived volatile aroma composition and sensory profile in Merlot wines [J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 142:111069.
- HE Z, CHEN H Y, WANG X Y, et al. Effects of different temperatures on bacterial diversity and volatile flavor compounds during the fermentation of suancai, a traditional fermented vegetable food from northeastern China [J]. LWT-Food Science and Technology, 2020,

- 118:108773.
- [9] PERIS M, ESCUDER-GILABERT L. Electronic noses and tongues to assess food authenticity and adulteration [J]. *Trends in Food Science & Technology*, 2016, 58:40–54.
- [10] LARIN A K, KLIMINA K M, VESELOVSKY V A, et al. An improved and extended dual-index multiplexed 16S rRNA sequencing for the Illumina HiSeq and MiSeq platform [J]. *BMC Genomic Data*, 2024, 25(1):8.
- [11] 郭壮, 吴璞颖, 赵楠, 等. 泡菜水品质和细菌类群的关联性 [J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(23):47–51.
- GUO Z, WU P Y, ZHAO N, et al. Relevance study between microbial structure and quality of Paocai brine [J]. *Food and Fermentation Industries*, 2020, 46(23):47–51.
- [12] 王玉荣, 代凯文, 沈馨, 等. 鲜广椒真菌多样性及其对滋味品质影响的评价 [J]. 食品科学, 2018, 39(18):173–178.
- WANG Y R, DAI K W, SHEN X, et al. Characterization of fungal microflora and its influence on taste quality of Zhaguangjiao, a Chinese traditional fermented chili product [J]. *Food Science*, 2018, 39(18):173–178.
- [13] XU N, TAN G C, WANG H Y, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, 74:1–8.
- [14] LIN L J, DU F M, ZENG J, et al. Deep insights into fungal diversity in traditional Chinese sour soup by Illumina MiSeq sequencing [J]. *Food Research International*, 2020, 137:109439.
- [15] GUO Z, WANG Y R, XIANG F S, et al. Bacterial diversity in pickled cowpea (*Vigna unguiculata* [Linn.] Walp) as determined by Illumina MiSeq sequencing and culture-dependent methods [J]. *Current Microbiology*, 2021, 78(4):1286–1297.
- [16] PRASAD D V, MADHUSUDANAN S, JAGANATHAN S. uCLUST-a new algorithm for clustering unstructured data [J]. *ARPN Journal of Engineering and Applied Sciences*, 2015, 10(5):2108–2117.
- [17] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(16):2194–2200.
- [18] COLE J R, CHAI B, FARRIS R J, et al. The ribosomal database project (RDP-II): Introducing *myRDP* space and quality controlled public data [J]. *Nucleic Acids Research*, 2007, 35:D169–D172.
- [19] DESANTIS T Z, HUGENHOLTZ P, LARSEN N, et al. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(7):5069–5072.
- [20] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools [J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, 41(D1):D590–D596.
- [21] ABARENKOV K, NILSSON R H, LARSSON K H, et al. The UNITE database for molecular identification and taxonomic communication of fungi and other eukaryotes: Sequences, taxa and classifications reconsidered [J]. *Nucleic Acids Research*, 2024, 52(D1):D791–D797.
- [22] 尚雪娇, 雷炎, 代凯文, 等. 当阳地区鲜广椒品质的评价 [J]. 食品研究与开发, 2018, 39(24):33–38.
- SHANG X J, LEI Y, DAI K W, et al. Quality evaluation of Zhaguangjiao samples collected from Dangyang [J]. *Food Research and Development*, 2018, 39(24):33–38.
- [23] CHARVE J, MANGANELLO S, GLABASNIA A. Analysis of umami taste compounds in a fermented corn sauce by means of sensory-guided fractionation [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2018, 66(8):1863–1871.
- [24] DE LOS DOLORES SOTO DEL RIO M, DALMASSO A, CIVERA T, et al. Characterization of bacterial communities of donkey milk by high-throughput sequencing [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2017, 251:67–72.
- [25] YAO Y Z, PAN S Y, FAN G, et al. Evaluation of volatile profile of Sichuan dongcui, a traditional salted vegetable, by SPME-GC-MS and E-nose [J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2015, 64(2):528–535.
- [26] 刘青阳, 黄晓宁, 陆玮, 等. 中高温大曲中芽孢杆菌多样性及代谢特征研究 [J]. 中国酿造, 2022, 41(7):26–31.
- LIU Q Y, HUANG X N, LU W, et al. Diversity and metabolic characteristics of *Bacillus* strains isolated from medium-high temperature Daqu [J]. *China Brewing*, 2022, 41(7):26–31.
- [27] 杨春晖, 王文平, 续丹丹. 腐乳及其生产过程中蜡样芽孢杆菌的防控及检测方法研究进展 [J]. 中国调味品, 2023, 48(9):214–220.
- YANG C H, WANG W P, XU D D. Research progress on control and detection methods of *Bacillus cereus* in Sufu and its production process [J]. *China Condiment*, 2023, 48(9):214–220.
- [28] 张鹏飞, 乌日娜, 武俊瑞. 传统发酵大豆制品挥发性成分和微生物多样性的研究进展 [J]. 中国酿造, 2018, 37(12):1–6.
- ZHANG P F, WU R N, WU J R. Research advance on volatile components and microbial diversity of traditional fermented soybean products [J]. *China Brewing*, 2018, 37(12):1–6.
- [29] 李静心, 王艳丽, 何宏魁, 等. 基于高通量测序技术解析高温大曲和中高温大曲的真菌群落结构 [J]. 食品与发酵工业, 2018, 44(12):52–59.
- LI J X, WANG Y L, HE H K, et al. High-throughput sequencing revealed fungal community structures at high temperature Daqu and medium temperature Daqu [J]. *Food and Fermentation Industries*, 2018, 44(12):52–59.
- [30] 姚有莉, 吴国芳, 加曲才让, 等. 霉菌毒素的危害及生物

- 降解策略[J]. 家畜生态学报, 2024, 45(11):1-6.
- YAO Y L, WU G F, JIAQU C R, et al. Harm and biodegradation strategy of mycotoxins [J]. Journal of Domestic Animal Ecology, 2024, 45(11):1-6.
- [31] AIRAJ SOLD, LEGRAND N N G, YANG Q Y, et al. Microclimatic parameters affect *Cladosporium* rot development and berry quality in table grapes [J]. Horticultural Plant Journal, 2022, 8(2): 171-183.
- [32] 薛蓓,于佳俊,杨帆,等. 基于高通量测序技术的宁夏贺兰山东麓产区酿酒葡萄微生物多样性的研究[J]. 食品与发酵工业, 2022, 48(14):75-83,92.
- XUE B, YU J J, YANG F, et al. Microbial diversity of wine grapes from Ningxia wine-growing areas using high-throughput sequencing [J]. Food and Fermentation Industries, 2022, 48(14):75-83,92.
- [33] 席啦,熊英梅,王玉荣,等. 3类辣椒对鲊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 L, XIONG Y M, WANG Y R, 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.
- [34] 于钊瑞,赵鑫,邱峰. 双歧杆菌、乳杆菌和芽孢杆菌产细菌素和多糖研究进展[J]. 食品工业科技, 2021, 42(24):396-406.
- YU Z R, ZHAO X, QIU F. Bacteriocins and polysaccharides from *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* and *Bacillus* [J]. Science and Technology of Food Industry, 2021, 42(24):396-406.
- [35] WUY, XU Q H, CHEN Z L, et al. Synthetic biology meets *Aspergillus*: Engineering strategies for next-generation organic acid production[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2025, 41(2):36.
- [36] 张金萍,于佳俊,贾福晨,等. 基于宏基因组学分析西藏青稞酒发酵过程中微生物多样性与风味形成的关系[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(5):310-321.
- ZHANG J P, YU J J, JIA F C, et al. Macrogenomics-based analysis of the relationship between microbial diversity and flavour formation during the fermentation of Tibetan highland barley wine [J]. Food and Fermentation Industries, 2025, 51(5):310-321.

## Effects of different fermentation temperatures on taste quality and microbial flora of zha-chili

WANG Yurong<sup>1,2</sup>, WANG Xin<sup>1,2</sup>, SHENG Qunhang<sup>1,2</sup>, ZHANG Haibo<sup>1,2</sup>, HOU Qiangchuan<sup>1,2</sup>, GUO Zhuang<sup>1,2</sup>

1. *Hubei Provincial Engineering and Technology Research Center for Food Ingredients, Hubei University of Arts and Science, Xiangyang 441053, China*;

2. *Xiangyang Lactic Acid Bacteria Biotechnology and Engineering Key Laboratory, Hubei University of Arts and Science, Xiangyang 441053, China*

**Abstract: [ Objective ]** This study aimed to reveal the effects of different fermentation temperatures on the taste quality and microbial flora of zha-chili. **[ Methods ]** The taste quality of zha-chili fermented at different temperatures (20 °C, 25 °C, 30 °C, and 35 °C) was evaluated using an electronic tongue technique, while its microbial community structure was analyzed via MiSeq high-throughput sequencing technology. Finally, the correlation between the microbial flora and taste quality was determined based on procrustes analysis. **[ Results ]** Significant differences were observed in both the taste quality and microbial flora structure of zha-chili under different fermentation temperatures ( $P < 0.05$ ). The dominant bacterial genera were *Lactobacillus* and *Bacillus*, while the major fungal genera included *Hyphopichia*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Gibberella*, *Kodamaea*, and *Meyerozyma*. Among these, zha-chili fermented at 20 °C exhibited a more prominent sour taste and a more favorable microbial composition: *Lactobacillus* was the dominant bacterial genus, and *Hyphopichia* was the major dominant fungal genus. Additionally, *Acinetobacter*, *Rosenbergiella*, and *Cladosporium* were identified as the key bacterial genera distinguishing its microbial community structure from the other three temperature groups. A significant correlation was found between the microbial flora and taste indexes of zha-chili fermented at different temperatures ( $P < 0.05$ ), and the interactions among dominant microorganisms collectively shaped the taste characteristics of zha-chili.

**[ Conclusion ]** Zha-chili fermented at 20 °C exhibits both higher microbial flora richness and better taste quality.

**Key words:** zha-chili; fermentation temperature; microbial flora; taste quality; correlation