

糍粑辣椒酱发酵进程及微生物群落的动态变化

李艾蒙¹, 吴东², 李金桩², 杨建², 贾利蓉^{1*}

(1. 四川大学轻工科学与工程学院, 四川成都 610065) (2. 四川漫味龙厨生物科技有限公司, 四川眉山 620010)

摘要: 该文章对糍粑辣椒酱 120 d 发酵进程及微生物群落变化进行研究, 分析糍粑辣椒酱发酵周期内总酸、pH 值、电子鼻响应值及活菌数的动态变化, 结合宏基因组学解析菌群演替。结果表明, 发酵过程中 pH 值从 4.73 降至 4.11, 总酸含量由 8.28 g·kg⁻¹ 升至 13.53 g·kg⁻¹; 电子鼻各传感器响应值在发酵后显著降低。乳酸菌、细菌和酵母菌数于发酵中期增至 5.45、5.51 和 2.79 lg CFU/g, 霉菌数在初期达峰值 2.16 lg CFU/g; 末期时乳酸菌和细菌降至 5.21 和 5.35 lg CFU/g 并趋于稳定, 酵母菌和霉菌降至 10 CFU/g 以下。 α -多样性显示细菌主导糍粑辣椒酱发酵, 发酵前期细菌群落的优势菌属为葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、明串珠菌属 (*Leuconostoc*)、乳植杆菌属 (*Lactiplantibacillus*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和魏斯氏菌属 (*Weissella*), 中后期演替为果乳杆菌属 (*Fructilactobacillus*); 真菌群落以接合酵母属 (*Zygosaccharomyces*)、曲霉属 (*Aspergillus*)、斯塔莫酵母属 (*Starmerella*) 和威克汉姆酵母属 (*Wickerhamiella*) 共同作为优势菌属参与发酵。研究结果为糍粑辣椒酱工艺优化及发酵型火锅底料开发提供了理论基础。

关键词: 糍粑辣椒酱; 发酵进程; 宏基因组; 多样性; 群落演替

文章编号: 1673-9078(2026)07-68-77 DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2026.7.0630

Dynamic Changes in the Fermentation Process and Microbial Community of Ciba Chili Paste

LI Aimeng¹, WU Dong², LI Jinzhuang², YANG Jian², JIA Lirong^{1*}

(1.College of Biomass Science and Engineering, Sichuan University, Chengdu 610065, China)

(2.Sichuan Manwei Longchu Biotechnology Co. Ltd., Meishan 620010, China)

Abstract: The 120-day fermentation process and microbial community changes in Ciba chili paste were investigated. Dynamic changes in total acid, pH, electronic nose response values, and viable microbial counts during the fermentation cycle were analyzed. Metagenomic analysis was employed to elucidate microbial community succession. The results showed that pH decreased from 4.73 to 4.11, whereas total acid content increased from 8.28 to 13.53 g·kg⁻¹ during fermentation. The response values of all electronic nose sensors decreased significantly after fermentation. Lactic acid bacteria, bacteria, and yeast counts increased to 5.45, 5.51, and 2.79 lg CFU/g, respectively, during the middle stage of fermentation, whereas the mold count peaked at 2.16 lg CFU/g in early-stage fermentation. In the final stage, lactic acid bacteria and bacteria counts decreased to 5.21 and 5.35 lg CFU/g, respectively, and stabilized, whereas yeast and mold counts dropped to <10 CFU/g. Based on α -diversity analysis, bacteria were the dominant microbial community in Ciba chili paste fermentation; *Staphylococcus*, *Leuconostoc*, *Lactiplantibacillus*, *Bacillus*, and *Weissella* were dominant in the early stage and were succeeded by *Fructilactobacillus* in the

引文格式:

李艾蒙,吴东,李金桩,等.糍粑辣椒酱发酵进程及微生物群落的动态变化[J].现代食品科技,2026,42(7):68-77.

LI Aimeng, WU Dong, LI Jinzhuang, et al. Dynamic changes in the fermentation process and microbial community of ciba chili paste [J]. Modern Food Science and Technology, 2026, 42(7): 68-77.

收稿日期: 2025-05-07; 修回日期: 2025-07-06; 接受日期: 2025-07-08

基金项目: 四川大学-四川漫味龙厨生物科技有限公司校企合作项目(24H0707)

作者简介: 李艾蒙(1999-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 食品工程, E-mail: liaimenglam@163.com

通讯作者: 贾利蓉(1972-), 女, 博士, 教授, 研究方向: 农产品贮藏与加工, E-mail: jialirong@scu.edu.cn

middle-late stage. The fungal community was dominated by *Zygosaccharomyces*, *Aspergillus*, *Starmerella*, and *Wickerhamiella*, which were collectively involved in the fermentation process. These findings provide a theoretical basis for optimizing Ciba chili paste production and developing a fermented hotpot base.

Key words: Ciba chili paste; fermentation process; metagenomics; microbial diversity; community succession

糍粑辣椒酱是云贵川渝地区特色生制辣椒制品的典型代表，以干辣椒经湿热处理（煮制或蒸制）捣碎后复配生姜、大蒜等香辛料共同调制而成，凭借独特的质构特征与风味表现，被广泛应用于家常菜肴烹饪、佐餐调味等场景^[1]，更是炒制火锅底料的主要原料。全国火锅市场规模已于 2024 年达到 6 175 亿元，预计 2025 年增至 6 500 亿元，但近几年火锅的发展势头遇到瓶颈，面临转型升级的紧迫挑战。这是由于传统火锅底料是直接采用糍粑辣椒酱与油脂、香辛料等炒制而成，其味道直辣刺激，高温加工也会破坏其中的热敏性成分和香气物质，同时高浓度的辣椒素、花椒素等致炎因子易破坏肠道粘膜，导致胃肠道紊乱，致使食用火锅后出现燥热上火、腹痛腹泻等问题，与现代消费者追求的健康饮食理念产生明显冲突，阻碍了市场发展^[1,2]。

近年来，生物发酵技术为糍粑辣椒酱加工提供了新思路。相关研究表明，辣椒发酵过程中存在着复杂的微生物体系，这些微生物的演替代谢活动驱动着发酵进程并影响最终产品的品质特性，其代谢产物能够提高整体风味质量或降低辣椒的刺激感^[3,4]。深入了解辣椒发酵过程中微生物变化规律及其与发酵进程的关系，对于改良发酵工艺和解析发酵机制至关重要。朱建仓^[1]通过对糍粑辣椒发酵过程中各项指标的动态监测，揭示了其理化环境变化与微生物活动的关联，为认识发酵进程提供了基础数据；Liu 等^[5]通过对不同发酵期辣椒酱进行原位微生物接种研究，发现了乳酸菌属、片球菌属、魏斯氏菌属、接合酵母属和毕赤酵母属等微生物类群在发酵过程中的优势地位及其演替动态，强调了特定微生物类群与发酵阶段的关键联系；Wang 等^[6]系统追踪了糍粑辣椒酱在 28 d 发酵周期内的微生物群落演变，明确了乳植杆菌属、魏斯氏菌属和明串珠菌属等作为优势细菌属的演替规律，并指出这些菌群的变化与发酵体系的整体改变密切相关。

虽然发酵辣椒制品已成为食品科学领域的重要研究方向，但是针对发酵糍粑辣椒酱这一特色产品的系统性研究仍较为缺乏。本研究以火锅底料生产企业自行开发的发酵型糍粑辣椒酱为研究对象，研究其发酵过程中 pH 值、总酸及电子鼻响应特征的动态变化，以了解糍粑辣椒酱的发酵进程，结合微生物活菌数与

宏基因组学分析微生物在不同发酵阶段的群落结构演替规律，为企业优化现有发酵工艺及配方设计提供科学的数据与理论依据，为开发发酵型火锅底料产品打下基础。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

1.1.1 试验材料

发酵糍粑辣椒酱，四川漫味龙厨生物科技有限公司自制：将干辣椒煮制、破碎后，加入白酒、生姜、甜瓣子等辅料制作成糍粑辣椒酱，再接入 0.026 wt.% 的直投式植物乳植杆菌混合均匀，后装入发酵坛于室外阴凉处密封发酵 120 d，期间不再翻动。

直投式植物乳植杆菌（蔬菜发酵剂 I 型，活菌数 $\geq 1.0 \times 10^{10}$ CFU/g），四川高福记生物科技有限公司；甜瓣子，蚕豆接种米曲霉等菌种制曲、发酵而成，成都市郫都区兴泰食品有限公司；干辣椒、白酒、生姜等原辅料，市售。

1.1.2 试验试剂

MRS 培养基、平板计数琼脂、马铃薯葡萄糖琼脂（均为生物试剂），青岛海博生物技术有限公司；氯化钠（分析纯）、氢氧化钠（分析纯），上海泰坦科技股份有限公司；固体二氧化碳，成都久久金元科技有限公司；E.Z.N.A.® Soil DNA Kit DNA 抽提试剂盒，美国 Omega 公司；FastPfu DNA 聚合酶，北京全式金生物技术有限公司。

1.2 仪器与设备

iNose 电子鼻，上海瑞芬国际贸易有限公司；YX280/15 手提式不锈钢压力蒸汽灭菌锅，上海三申医疗器械有限公司；DNP-9162 电热恒温培养箱，上海精宏实验设备有限公司；XK97-A 菌落计数器，青岛聚创环保集团有限公司；PHS-3C 型 pH 计，上海仪电科学仪器有限公司；TG18.5 台式高速离心机，上海卢湘仪离心机仪器有限公司；THZ-82 回旋式气浴恒温振荡器、HH-S6 数显恒温水浴锅，常州国宇仪器制造有限公司；T100 Thermal Cycler PCR 仪，美国 BIO-RAD 公司；JY600C 电泳仪，北京君意东方电泳设备有限公司。

1.3 试验方法

1.3.1 样品采集及处理

于发酵 0、10、20、30、60、90、120 d 时，利用插入式无菌取样器定点在发酵物上中下层各取 50 g 样品并混合均匀装入无菌采样袋，每次取三份。一份样品保持室温，立即进行微生物学检验，其余样品置于 -80 ℃ 下低温保藏备用，并于 2 周内完成相关实验。各样品按发酵时间分别标记为 F0、F10、F20、F30、F60、F90、F120。

1.3.2 理化指标及微生物指标测定

pH 值的测定：参照 GB 5009.237-2016；总酸的测定：参照 GB 12456-2021 中第二法“pH 计电位滴定法”；乳酸菌活菌数的检测：参考 GB 4789.35-2023 并稍作修改，为防止菌落蔓延，培养基凝固后于表面再覆盖一薄层培养基，结果以 lg CFU/g 表示；细菌总活菌数的检测：参考 GB 4789.2-2022，方法修改同乳酸菌活菌数检测，结果以 lg CFU/g 表示；酵母菌及霉菌活菌数的检测：参照 GB 4789.15-2016，结果以 lg CFU/g 表示。每次实验重复测定 3 次。

1.3.3 电子鼻测定

表 1 电子鼻传感器名称与其敏感物质
Table 1 Names of electronic nose sensors and their sensitive substances

序号	传感器名称	敏感物质类型
1	S1	氨、胺类化合物
2	S2	硫化氢、硫
3	S3	氢气
4	S4	醇类、有机溶剂
5	S5	食品烹饪过程中的挥发性气体
6	S6	甲烷、沼气、碳氢化合物
7	S7	易燃气体
8	S8	挥发性有机化合物(用于环境空气污染检测)
9	S9	氢氧化物、汽油、煤油
10	S10	烷烃、可燃气体
11	S11	芳香化合物
12	S12	硫化物
13	S12	甾醇、三萜类化合物
14	S14	内酯、吡嗪

iNose 电子鼻独特的交互敏感多传感器阵列由 14 种金属氧化物半导体传感元件 (MOS) 组成，不同传感器的性能描述如表 1 所示。参考葛艳争等^[7]的方法并适当修改，取 10 g 样品于 50 mL 离心管中，用保鲜

膜密封，平衡 30 min 后手动进样。传感器自清洗时间 90 s，数据调零时间 10 s，进样流量 1 L·min⁻¹，数据采集时间 60 s。每个样品平行测试 5 次，取后 3 次传感器在第 58~60 秒时获得的稳定信号进行汇总与分析。

1.3.4 宏基因组测序

取 6 g 样品于 100 mL 无菌锥形瓶中，加入 30 mL 无菌生理盐水，充分震荡后用无菌纱布过滤去除发酵物，滤液装入 50 mL 无菌离心管，于 4 ℃ 下 10 000 r·min⁻¹ 离心 8 min 后去除上清液以获得沉淀。根据 E.Z.N.A.® soil DNA kit 说明书对样品沉淀进行微生物群落总基因组 DNA 抽提；随后利用 1 wt.% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性，并通过 Covaris M220 将 DNA 随机片段化；筛选约 350 bp 的 DNA 片段构建 Illumina 双端测序文库，包括连接 Y 型适配体、磁珠筛选去除接头自连片段、PCR 扩增富集文库有效片段，以及氢氧化钠变性制备单链 DNA；通过桥式 PCR 在流动槽芯片上固定 DNA 片段，经扩增形成高密度 DNA 簇，最终采用边合成边测序 (SBS) 技术，在 DNA 聚合酶和荧光标记的 dNTP 作用下进行循环测序，通过采集荧光信号获取序列信息。整个流程严格遵循 Illumina 测序标准操作规程，以确保数据质量。

1.4 数据分析

实验结果以平均值 ± 标准差表示，均采用 Excel 进行数据记录。采用 SPSS 25 进行显著性差异分析，P<0.05 被认为具有统计学差异，同组数据不同小写字母表示差异显著；运用 Fastp v0.23.0、BWA v0.7.17、MEGAHIT v1.1.2、Prodigal v2.6.3、CD-HIT v4.6.1、SOAPaligner soap2.21release、Diamond v2.0.13 等软件对宏基因原始数据进行统计、质控及优化处理，并比对 NR 数据库；使用 Origin 2024、R 语言、SIMCA 14.1 等软件对数据进行可视化处理、统计学分析和相关绘图。

2 结果与分析

2.1 糍粑辣椒酱发酵进程分析

2.1.1 总酸及pH值的趋势变化

pH 值和总酸含量的变化是糍粑辣椒酱在发酵过程中微生物代谢活动的综合反映，对辣椒酱的感官品质有着极大的影响^[8]。如图 1 所示，糍粑辣椒酱的总酸含量呈先缓慢增长后稳定一段时间，再显著增加，随后趋于稳定的趋势。由于样品中含有一定比例的已发酵甜瓣子，使得样品初始总酸含量较高，为 8.28 g·kg⁻¹，随着发酵的进行，最终达到 13.53 g·kg⁻¹。与之对应的是，

糍粑辣椒酱 pH 值呈先下降后略有回升、再急速下降、随后基本稳定的趋势,整个发酵过程中糍粑辣椒酱的 pH 值从 4.73 下降至 4.11。这些变化主要是由于产酸微生物的代谢活动,其通过糖酵解和三羧酸循环等途径产生有机酸,导致体系 pH 值下降和总酸含量升高。

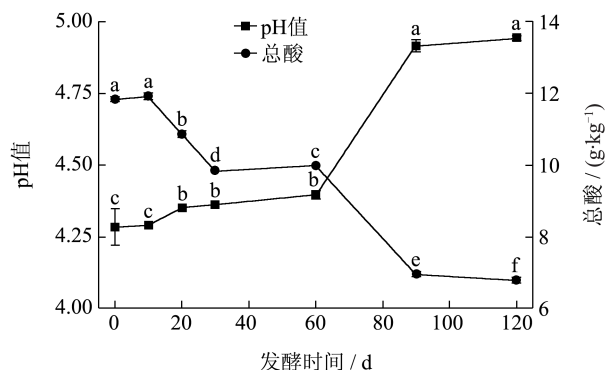


图 1 糍粑辣椒酱发酵过程中 pH 值、总酸含量的变化趋势

Fig.1 Trends of pH and total acid content during the fermentation of Ciba chili paste

注: 同组数据中不同的小写字母表示具有显著差异 ($P < 0.05$)。下同。

2.1.2 电子鼻响应特征变化

为根据不同发酵时间糍粑辣椒酱的初步气味变化判断发酵进程,利用电子鼻的 14 个传感器响应值绘制雷达图(图 2a),7 组发酵糍粑辣椒酱样品的雷达图轮廓表现出相似的信号,除传感器 S3、S14 响应值极低且无显著性差异 ($P > 0.05$),其余传感器均出现不同程度的响应。整体而言,与未发酵样品(F0)对比,发酵 120 d 的样品(F120)各传感器响应强度均出现不同程度的降低并具有显著性差异 ($P < 0.05$)。随着发酵进行,S1 传感器的响应呈现波动性下降趋势,0~30 d 响应值约降低 30%,30~60 d 时短暂回升至初始值的 85%,60~90 d 重新衰减至稳定,在 90~120 d 时保留初始值的 66.7%。除此之外,S2、S4~S13 传感器组的响应强度均不断减弱,发酵初期响应值急剧下降约 40%,在 30~60 d 进入平台期,随后再次呈现梯度衰减,最终在 90~120 d 时维持初始响应强度的 50% 左右。

有研究表明,甜瓣子发酵以蛋白质代谢为主,并随着发酵积累大量氨基酸,其主导微生物(霉菌、乳酸菌等)与氨基酸态氮、蛋白酶活性高度相关^[9]。原料中引入的甜瓣子带入了大量氨基酸脱氨基生成氨、胺类物质,故 S1 传感器初始响应值相对较高;结合图 1 可以看出,0~30 d 微生物代谢酶解、有机酸生成会快速消耗挥发性前体物质,如氨、胺类、硫化物等,

导致各传感器响应值下降^[10-13];而 30~60 d 由于部分微生物代谢短暂活跃,发酵环境动态调整,S1 传感器响应值出现回升而其他传感器进入平台期;60~120 d 优势菌群建立起竞争平衡关系,长时间发酵形成高酸性环境,抑制腐败菌并促进烃类、萜类、醇类等氧化生成难挥发代谢物,各响应值不断下降,直至在 90 d 后稳定^[14-16]。传感器的动态响应模式说明,发酵初期微生物酶解活化会快速消耗相应物质,中期会因为环境波动影响微生物代谢活性,生成部分过渡产物,中后期发酵体系能够形成动态平衡以积累发酵产物,并于末期稳定达到发酵终点。

这一变化规律与发酵体系中微生物群落演替及代谢路径转变直接相关,同时也说明发酵能够降低糍粑辣椒酱中的不良气味和刺激感,这种响应值的整体降低可作为表征糍粑辣椒酱发酵进程的有效指标。其变化趋势与图 1 对比,基本可以判定 0~30 d 为发酵初期,发酵环境初步形成;30~60 d 为发酵中期,因微生物生长代谢导致发酵体系波动;60~90 d 为发酵中后期,优势微生物占主导并活跃代谢;90~120 d 进入发酵末期,微生物衰亡致使发酵体系趋于稳定。采用无监督的主成分分析(PCA)和有监督的偏最小二乘判别分析(PLS-DA)对电子鼻数据进行多元统计学分析,如图 2b、2c 所示,样本整体表现为组内聚集和组间离散,说明样品组内关联度高,组间存在明显差异。但发酵 90 d 和 120 d 的样品未能明显分离,存在显著的交叉重叠,表明两者无显著性差异,进一步说明糍粑辣椒酱在发酵 90 d 后气味趋于稳定,可作为发酵末期终止发酵。PLS-DA 置换检验图中所有 Q2 点均低于最右侧 Q2 点或回归线与 Y 轴的交点小于等于 0 时,PLS-DA 模型可靠,从图 2d 可看出本研究模型是可靠的。

2.2 糍粑辣椒酱发酵过程中微生物活菌数的变化分析

活菌数直接反映了发酵过程中优势微生物(如乳酸菌、酵母菌)的增殖活性,其数量变化与 pH 值、有机酸积累等关键理化指标显著相关。于松峰^[17]研究发现传统豆瓣辣椒酱在辣椒胚发酵期,乳酸菌数、酵母菌数和细菌总数的变化趋势呈先上升后下降;在辣椒胚和甜瓣子的混合发酵期,乳酸菌数呈下降趋势,细菌总数先上升后下降,酵母菌数先下降再上升后下降。如图 3 所示,本研究中糍粑辣椒酱发酵过程中的微生物活菌数动态变化特征与传统豆瓣辣椒酱发酵工艺中的辣椒胚至混合发酵期具有相似性,可能是样品中添加了一定比例已发酵甜瓣子的缘故。

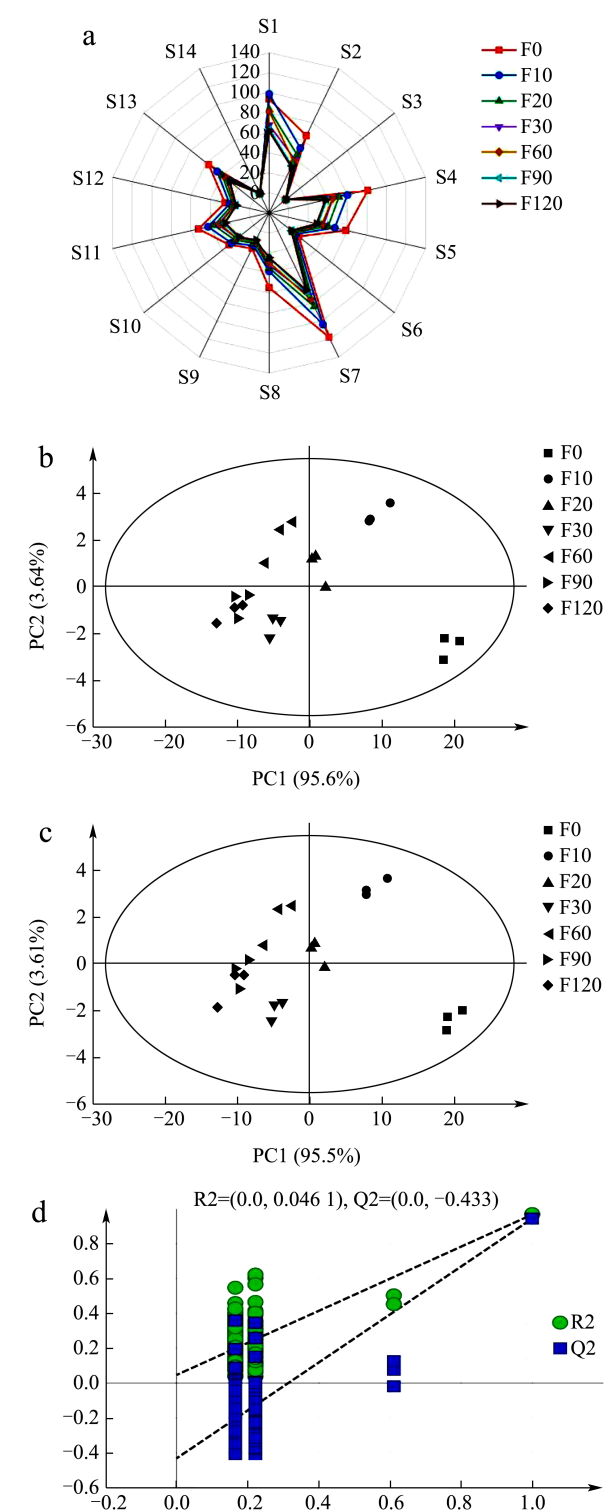


图 2 糍粑辣椒酱发酵过程中电子鼻多元统计分析

Fig.2 Multivariate statistical analysis of the electronic nose during the fermentation of Ciba chili paste

注: a. 雷达图; b.PCA 得分图; c.PLS-DA 得分图; d.PLS-DA 置换检验图。

如图 3a 所示, 发酵糍粑辣椒酱的起始乳酸菌活菌数为 4.76 lg CFU/g, 呈先增加后减少, 再快速增加的

趋势, 并于 60 d 时数量达到峰值约 5.45 lg CFU/g, 随后再次减少至相对稳定 (5.17~5.21 lg CFU/g)。发酵初期, 乳酸菌在繁殖过程中可能受到高度白酒、高浓度辣椒素的胁迫和其他微生物的竞争抑制, 生长缓慢甚至减少; 发酵中期辣椒素可能被芽孢杆菌、霉菌等微生物所降解, 乳酸菌逐渐适应环境, 活性增强并迅速增殖; 发酵中后期随着营养物质消耗和代谢物积累, 乳酸菌数缓慢下降。结合图 1 发现, 由于微生物的滞后性, pH 值和总酸含量的变化稍晚于乳酸菌, 说明发酵过程中乳酸菌可能是主要产酸微生物, 直接影响相关理化指标的改变。发酵末期的乳酸菌活菌数、pH 值和总酸含量均保持相对稳定, 有机酸生成速率与消耗速率达成动态平衡, 此时营养物质基本耗尽, 乳酸菌停止对数生长进入稳定后期或衰亡期初期。

由图 3b 可知, 初始细菌总数为 5.11 lg CFU/g, 其变化趋势与乳酸菌活菌数的变化趋势相似, 于 60 d 时达到峰值 5.51 lg CFU/g, 90~120 d 维持在 5.32~5.35 lg CFU/g。这可能是由于乳酸菌代谢产生的有机酸和细菌素对其他微生物具有显著的抑制作用, 同时低 pH 值环境进一步限制了非耐酸微生物的生长, 使得乳酸菌在总菌落数中占据主导地位, 其变化情况直接反映了总菌落数的变化趋势。

在糍粑辣椒酱发酵过程中, 初始酵母菌数在 10 CFU/g 以下, 呈现先快速增加再缓慢增加至 2.79 lg CFU/g, 随后迅速减少至 10 CFU/g 以下的趋势 (图 3c)。这可能是由于酵母菌作为兼性厌氧菌, 在初期富氧的环境下能进行有氧呼吸, 同时适宜的环境 pH 值使得酵母菌迅速增殖; 而发酵中期随着乳酸菌增长和氧气消耗, 酵母代谢途径转变为糖酵解, 生长速率减缓; 发酵中后期环境中的营养物质被急速消耗, 大量代谢产物 (如乳酸、乙酸、乙醇等) 的堆积导致酵母菌细胞膜损伤, 快速消亡。值得注意的是, 发酵过程中酵母菌数的变化速率和趋势随乳酸菌的变化情况而变动, 说明二者存在相互协同和竞争的双重关系, 共同为发酵型糍粑辣椒酱的风味形成发挥作用。

米曲霉是传统豆瓣辣椒酱的甜瓣子发酵期的优势微生物, 糍粑辣椒酱中添加的甜瓣子为样品提供了相当数量的霉菌^[9]。如图 3d, 样品中起始霉菌数为 1.1 lg CFU/g, 呈先上升至 2.16 lg CFU/g 后下降至 10 CFU/g 以下的趋势。发酵前期氧气充足、pH 值适宜, 霉菌能够分泌淀粉酶、纤维素酶优先降解辣椒中的多糖为菌体生长提供碳源, 故迅速繁殖至峰值; 随着发酵的推进, 氧气消耗导致厌氧环境形成, 乳酸菌等微生物前期代谢产生的有机酸累积形成低 pH 值环境 (pH 值降至 4.5 以下), 迫使霉菌数急速减少直至小于 10 CFU/g。霉菌在前期的代谢活动产生了大量葡

葡萄糖和氨基酸等小分子物质,为后续乳酸菌和酵母菌的二次生长提供了必需的碳氮源,从而推动了发酵过程的微生物演替。这些微生物活菌数的变化也对应了图1、图2中总酸和电子鼻的响应波动,进一步说明发酵进程及产品品质受微生物驱动影响。

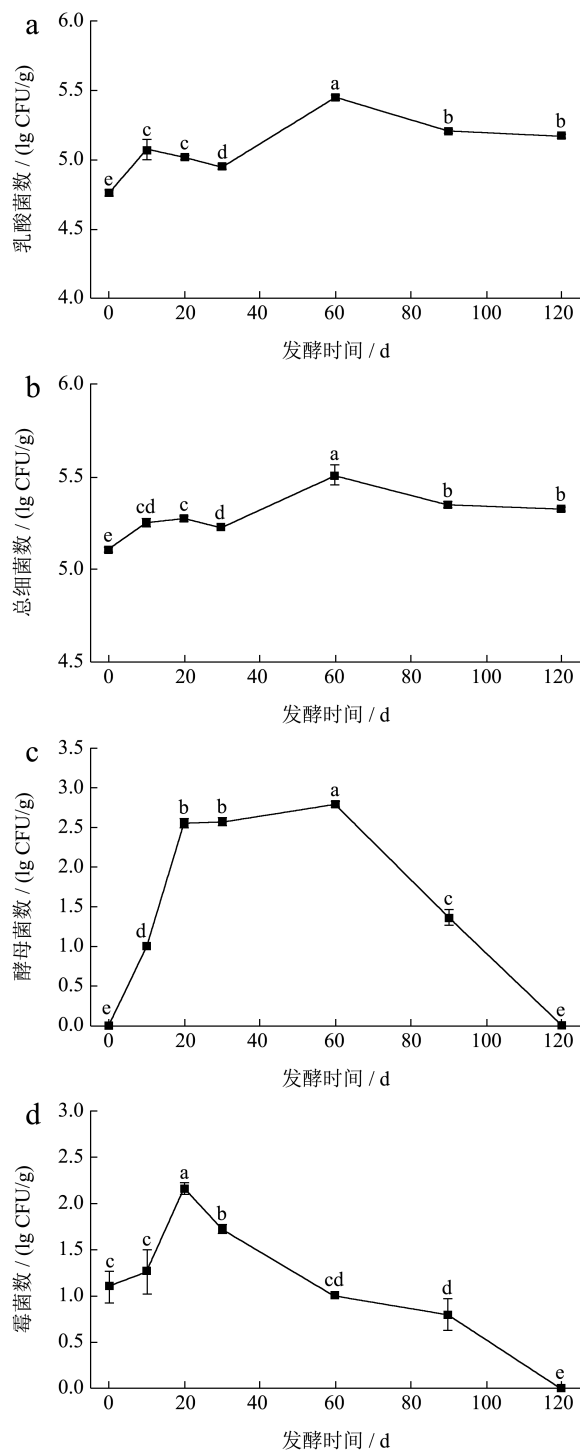


图3 糍粑辣椒酱发酵过程中微生物活菌数的变化趋势

Fig.3 Trend of microbial viable counts during fermentation of Ciba chili paste

2.3 糍粑辣椒酱发酵过程中微生物多样性分析

本研究对糍粑辣椒酱不同发酵时间的7个样品进行宏基因组测序,每个样本获得41 765 304~49 538 336条原始序列读数(raw reads),接着对原始测序数据进行数据质控,剪切掉数据中的低质量 reads,平均99.42%的总原始序列读数通过了质量控制。进一步对质控后数据去除宿主污染,共得到106 930 032条高质量序列,平均每个样本15 275 719条。结果表明各样品测序数据量合理,基因组的测序深度能够满足后续分析。

分别对7个糍粑辣椒酱样品的细菌与真菌的测序数据展开 α -多样性描述,表2展示了基于物种水平的4个典型 α -多样性指数的定量比较结果。其中Chao指数反映了群落丰富度,值越大,群落物种种类越多;Shannon指数和Simpson指数反映了群落多样性,Shannon指数值越大、Simpson指数值越小则代表物种多样性越高;Coverage指数反映了群落覆盖度,值越接近1,则样本中序列被测出的概率越高,结果可靠性越高。

由表2可知,糍粑辣椒酱中微生物的Coverage指数均为1,说明群落多样性被充分捕捉,本次测序结果能够代表样本中微生物的真实情况。就细菌群落而言,其Chao指数随着发酵推进先增加后减少,而Shannon指数持续下降至稳定,与Simpson指数呈负相关。Chao指数的上升说明初期的发酵体系激活了多种环境微生物的增殖,导致物种丰富度短暂升高;发酵中期,由于优势菌种的竞争和代谢物的积累抑制了低丰度菌群的生长,使群落趋于简化,物种丰富度下降。Shannon指数的持续降低和Simpson指数的升高则反映了群落均匀度的下降和优势菌种的主导地位增强。这一变化规律与Chen等^[18]的研究结果呈现相似的趋势,类似现象在传统发酵食品(如腐乳)的细菌群落研究中也有报道,表明这是微生物发酵系统中的典型演替模式^[19]。

真菌群落的各指数变化趋势与细菌相似,但数据变化幅度较小。说明尽管环境改变导致部分敏感菌种淘汰,但真菌整体仍保持较高多样性,证实其环境耐受性更强。而数据的微小波动表明群落中始终未形成绝对优势真菌,而是维持了多菌种共存的平衡状态,这可能与不同真菌在发酵中后期的糖化、产香等代谢功能互补有关,类似的模式也体现在切碎红辣椒发酵的真菌群落研究中^[18],这也反映了真菌群落结构的稳定性。

表 2 发酵糍粑辣椒酱宏基因组测序α-多样性指数定量结果

Table 2 Quantitative results of α-diversity index from macro-genome sequencing of fermented Ciba chili paste

样品	细菌				真菌			
	Coverage	Chao1	Shannon	Simpson	Coverage	Chao1	Shannon	Simpson
F0	1	910	3.30	0.12	1	68	3.64	0.04
F10	1	1 156	2.58	0.22	1	96	3.53	0.05
F20	1	1 174	2.50	0.24	1	91	3.37	0.07
F30	1	1 425	2.51	0.23	1	131	3.31	0.08
F60	1	961	0.31	0.91	1	52	2.89	0.10
F90	1	567	0.14	0.96	1	17	2.43	0.11
F120	1	493	0.14	0.96	1	17	2.52	0.09

对比细菌和真菌的 α-多样性指数可以得出，细菌的 Chao 指数始终高于真菌，表明其占绝对数量优势，这可能与细菌更广的生态适应性有关。值得注意的是，发酵中期及以后细菌群落多样性骤然下降，而真菌保持稳定多样性，暗示真菌群落对环境压力（如 pH 值下降、营养耗尽）具有更强适应性。这种差异可能与功能分工有关，细菌在前中期主导乳酸发酵等初级代谢，而真菌在中后期负责风味物质合成等次级代谢，说明在本研究中发酵型糍粑辣椒酱的主要优势菌群为细菌，也揭示了发酵系统中真菌与细菌群落演替的差异性。

2.4 糍粑辣椒酱发酵过程中菌群结构动态变化分析

2.4.1 细菌群落结构演替

微生物群落结构分析可以提供发酵过程微生物组装的轮廓，以了解微生物在发酵过程中的物种组成。辣椒发酵过程取决于多种细菌的相互作用，细菌群落结构直接影响发酵辣椒质量^[6]。如图 4 所示，根据物种丰度表和物种注释表，计算糍粑辣椒酱发酵过程中细菌群落在门水平和属水平上的相对丰度比例，选取丰度占比≥0.01 的物种分类，将每个样本各组分的相对丰度以堆叠柱状图展示。

在门水平，所有样品共鉴定出 3 个细菌门，主要为芽孢杆菌门（Bacillota）和假单胞菌门（Pseudomonadota），两者平均相对丰度占整体的 99% 以上。芽孢杆菌门为原来的厚壁菌门（Firmicutes），假单胞菌门是由变形菌门（Proteobacteria）除去 ε 变形菌纲、δ 变形菌纲、寡弯菌纲后改名而来^[20]。由图 4a 可知，芽孢杆菌门的相对丰度呈上升趋势，从 0 d 的 76.42% 上涨至 120 d 的 99.97%，在整个发酵过程中始终占据绝对优势地位；假单胞菌门的相对丰度则随着发酵的进行由 0 d 的 21.36% 下降至 30 d 的 1.79%，发酵中后期其相对丰度占比已小于 0.1%。说明在糍粑辣

椒酱发酵过程中，芽孢杆菌门和假单胞菌门存在竞争抑制关系，发酵推进形成的高酸性和厌氧环境有利于耐酸且厌氧的芽孢杆菌门生长，同时代谢产生的抗菌物质也进一步抑制了假单胞菌门的生存^[21]。在本研究中，糍粑辣椒酱的发酵细菌菌群从芽孢杆菌门和假单胞菌门主导向芽孢杆菌门单一主导转移，这一微生物演替规律与辣椒发酵体系中常见的优势菌群更替现象高度同步^[6]。

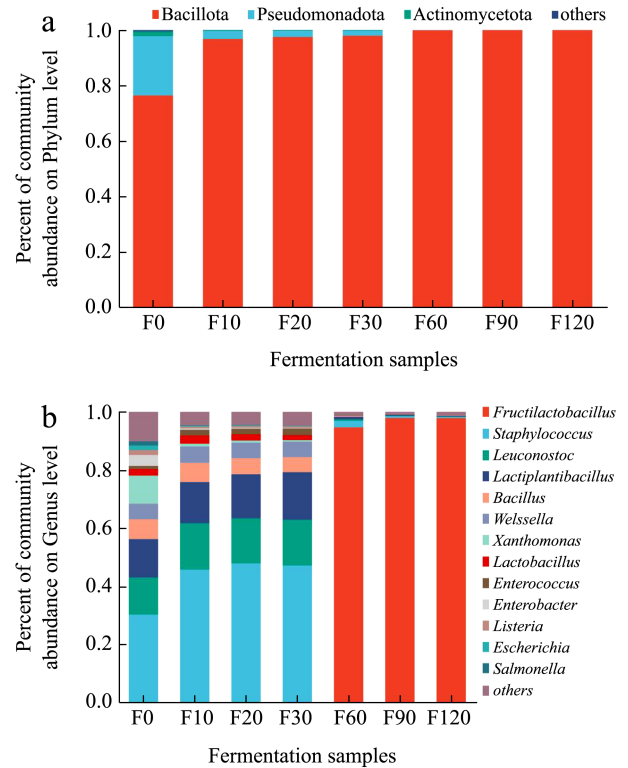


图 4 糍粑辣椒酱发酵过程中细菌群落结构分布
Fig.4 Distribution of bacterial community structure during fermentation of Ciba chili paste

注：a. 门水平；b. 属水平。

图 4b 表明，糍粑辣椒酱发酵过程中共鉴定出 13 个细菌属。发酵初期的优势菌属为葡萄球菌属

(*Staphylococcus*)、明串珠菌属(*Leuconostoc*)、乳植杆菌属(*Lactiplantibacillus*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和魏斯氏菌属(*Weissella*)，这5个菌属隶属于芽孢杆菌门，也是传统发酵豆瓣辣椒酱的优势菌^[22]，其总相对丰度在0 d时占比68.38%，之后30 d增加至89.59%。其中仅葡萄球菌属的丰度占比显著增加，从30.19%增加至46.97%，这可能与原料中添加了白酒和甜瓣子有关。高度白酒能够抑制多数细菌生长，而葡萄球菌属特有的醇脱氢酶赋予其突出的乙醇耐受性；初期pH值适宜、碳氮源丰富的有氧环境也有利于兼性厌氧的葡萄球菌生长，这些适应性特征共同导致其在发酵前期形成竞争优势^[23]。而芽孢杆菌属和魏斯氏菌属的相对丰度保持稳定，明串珠菌属和乳植杆菌属出现小幅度提升，证明此时其受到环境压力和葡萄球菌属的显著抑制，接种的直投式植物乳植杆菌并未在发酵体系中起到引导作用，而是甜瓣子带入的菌种在发挥作用。

发酵中后期时，初期优势细菌属骤降至4%及以下，优势菌属演替为果乳杆菌属(*Fructilactobacillus*)。根据图4b可知，该菌属在前期并未检测出，第30天时出现少量(丰度占比仅0.11%)，而后在发酵中期迅速繁殖至丰度占比94.65%(30~60 d)，接着缓慢上升并稳定在98%左右(90~120 d)，说明发酵中期出现了微生物群落的剧烈演替，从而影响发酵体系。这一结果与常见辣椒酱发酵过程中微生物群落变化截然不同，需结合该菌属的代谢特性和发酵周期内相关指标变化进行推断^[6,8,22,24,25]。果乳杆菌属主要分解利用果糖生成乳酸、乙酸和乙醇等代谢物，耐酸且能够耐15%乙醇，而植物乳植杆菌仅耐2%~6%乙醇，其相关培养方法需添加10%左右乙醇，适当的乙醇含量反而有助于其生长^[26,27]。推测由于发酵初期兼性厌氧菌的繁殖，优先消耗了大量葡萄糖等碳源，同时微生物代谢降解多糖释放果糖，相较于优先利用葡萄糖的乳植杆菌属，果乳杆菌属能够快速利用果糖增殖；结合图2a电子鼻雷达图中S4、S7传感器响应值变化情况，初始酒精在大部分代谢以后，发酵环境中的酒精含量在30~120 d时达到果乳杆菌属繁殖的较适浓度，但仍抑制乳植杆菌属等的生长，故果乳杆菌属活跃起来并大量繁殖，进一步说明发酵前接种的植物乳植杆菌未对发酵过程提供较大帮助。已有报道发现辣椒原料中果糖含量高于葡萄糖，一些发酵辣椒的研究中表明接种食果糖乳杆菌(*F. fructivorans*)的产品较接种其他菌种所获得的感官品质更好，验证了本研究中发酵优势菌转变为果乳杆菌属的结果可靠性^[28,29]。

在优势细菌属中，明串珠菌属、乳植杆菌属、魏

斯氏菌属、果乳杆菌属都隶属于乳酸菌，丰度总占比变化趋势与理化指标、乳酸菌活菌数的变化情况(图1、图3a)能够吻合，证实了乳酸菌的功能主导地位 and 微生物群落动态监测的可靠性；经基因注释对比，果乳杆菌属中食果糖乳杆菌种占比高达98%。这也为糍粑辣椒酱的配方优化和工艺改进提供了新的思路，发酵辣椒的菌种选择可突破传统植物乳植杆菌的限制，食果糖乳杆菌等菌种可能更适用于本实验中的糍粑辣椒酱。但其尚未列入国家《可用于食品的菌种名单》，若需投入工业化生产，必须按照相关法律法规和标准程序进行申报和审批。原料中引入的甜瓣子带来的复杂微生物在发酵初期活跃，此时乳酸菌被显著抑制，理化及感官指标同样受到影响，可根据微生物演替规律将接种乳酸菌或添加甜瓣子的时间调整至发酵体系的变化节点即发酵中期，以提高发酵效率。

假单胞菌门包括黄单胞菌属(*Xanthomonas*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)、埃希氏菌属(*Escherichia*)和沙门氏菌属(*Salmonella*)，发酵第0天总相对丰度占比为13.46%，此后随发酵时间变化持续下降，至发酵中后期已基本无法检出。这4种菌属均对食品具有潜在影响，黄单胞菌属常见于植物表面，可能引致农产品腐败；肠杆菌属和埃希氏菌属中的部分菌种，如产气肠杆菌、致病性大肠杆菌等，会导致食品变质或食源性疾病；沙门氏菌属是重要的食源性病原体，污染肉类、蛋类后会引发严重感染^[30]。其总丰度占比的下降，进一步证实了假单胞菌门受芽孢杆菌门竞争和环境压力的抑制，说明发酵在改善糍粑辣椒酱品质的同时，也能够消除潜在致病菌以提高产品安全性。

2.4.2 真菌群落结构演替

图5展示了糍粑辣椒酱发酵过程中真菌群落落在门水平和属水平上的微生物结构，其中各分类丰度占比 ≥ 0.01 。由图5a可知，所有样品共鉴定出4个真菌门，主要为子囊菌门(*Ascomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)，两者平均丰度占比达整体的96%以上。其中担子菌门的相对丰度随着发酵的进行由0 d的26.88%不断下降至120 d的2.41%，而子囊菌门由64.78%增加至95.21%，说明子囊菌门在糍粑辣椒酱发酵中作为绝对优势菌门起着重要作用。担子菌门多为腐生、共生和寄生真菌，其初期具有一定占比可能是源于原料携带的天然菌群及其对富氧环境的适应性，随着发酵体系酸度上升和氧气消耗，其活性受到抑制，原料中的高度白酒同样抑制了其生长，导致其竞争力下降；而子囊菌门的部分真菌，尤其是酵母菌和丝状真菌具有显著的耐酸、耐乙醇的特性，故其在厌氧发

酵阶段占据优势，这些适应性特征使子囊菌门成为主导发酵进程的关键功能类群^[31]。

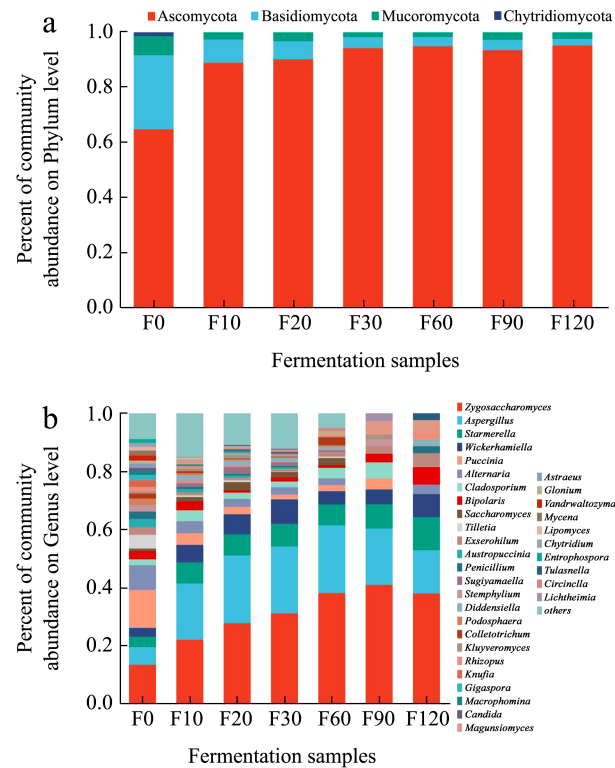


图 5 糍粑辣椒酱发酵过程中真菌群落结构分布

Fig.5 Distribution of fungal community structure during fermentation of Ciba chili paste

注：a. 门水平；b. 属水平。

图 5b 表明，糍粑辣椒酱发酵过程中共鉴定出 35 个真菌属，优势菌属主要是隶属于子囊菌门的接合酵母属 (*Zygosaccharomyces*)、曲霉属 (*Aspergillus*)、斯塔莫酵母属 (*Starmerella*)、威克汉姆酵母属 (*Wickerhamiella*)。4 个菌属的总丰度占比由第 0 天的 26.09% 快速上升，并于发酵 30~120 d 时维持在 70%~74% 区间，且这 4 个菌属相互之间的相对比例保持在一定的范围内波动。接合酵母属和威克汉姆酵母属主导乙醇和酯类（如乙酸乙酯）的合成，能够赋予发酵食品特殊的香气和风味；曲霉属分泌的淀粉酶能促进多糖降解成小分子糖，提供碳源的同时还能够中和发酵食品的酸味；斯塔莫酵母属是酿酒中的一种重要酵母，耐高乙醇环境，能够生成槐糖脂和乙醇为发酵食品风味作出重要贡献^[24,32-35]。结合表 2 中真菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数，再次证实了发酵过程中真菌群落始终维持着多菌种功能互补的平衡状态，未出现单一绝对优势菌属。

3 结论

本研究选用接种 0.026 wt.% 直投式植物乳植杆

菌并加入甜瓣子的糍粑辣椒酱，分析其在不同发酵时间点的 pH 值、总酸含量、电子鼻响应值、活菌数及微生物多样性和群落结构变化。结果表明，随着发酵推进，糍粑辣椒酱的 pH 值由 4.73 降至 4.11，总酸含量由 8.28 g·kg⁻¹ 升至 13.53 g·kg⁻¹，形成了高酸性环境；电子鼻所有传感器响应值在发酵后均显著降低，与理化指标对照后可将整个发酵周期划分为发酵初期（0~30 d）、中期（30~60 d）、中后期（60~90 d）和末期（90~120 d）四个阶段；此外，发酵 90 d 和 120 d 的样品在气味上无显著差异（*P* > 0.05），进一步确认 120 d 可作为发酵终点。这些理化风味指标的变化情况与主要微生物的演替趋势是相吻合的。结合活菌数和宏基因组分析发现，发酵过程由细菌群落主导、真菌群落辅助，发酵初期优势细菌属为葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、明串珠菌属 (*Leuconostoc*)、乳植杆菌属 (*Lactiplantibacillus*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和魏斯氏菌属 (*Weissella*)，由原料（甜瓣子）引入的葡萄球菌属主导，在中期以后演替成果乳杆菌属 (*Fructilactobacillus*) 为单一绝对优势菌属；接种的植物乳植杆菌可能因环境压力、接种量过少等并未起到引导发酵的作用；黄单胞菌属 (*Xanthomonas*)、肠杆菌属 (*Enterobacter*)、埃希氏菌属 (*Escherichia*) 和沙门氏菌属 (*Salmonella*) 等潜在致病菌随发酵迅速死亡，中后期已无法检出。真菌群落结构分布中，功能性优势真菌属由接合酵母属 (*Zygosaccharomyces*)、曲霉属 (*Aspergillus*)、斯塔莫酵母属 (*Starmerella*)、威克汉姆酵母属 (*Wickerhamiella*) 组成，多菌种共同主导后熟生香，维持功能互补的平衡状态并保持真菌多样性。

综上所述，本研究明确了糍粑辣椒酱的发酵进程，揭示了各发酵阶段中细菌和真菌的群落演替规律，为适合辣椒发酵制品的菌种筛选提供了新的参考，为糍粑辣椒酱发酵工艺的改进及调控发酵型火锅底料的产品品质提供了理论依据。

参考文献

[1] 朱建仓.发酵型糍粑辣椒微生物结构及挥发性风味物质变化研究[D].成都:成都大学,2023.

[2] WU B Z, ZHU C L, DENG J, et al. Effect of Sichuan pepper (*Zanthoxylum* genus) addition on flavor profile in fermented Ciba chili (*Capsicum* genus) using GC-IMS combined with E-Nose and E-Tongue [J]. *Molecules* (Basel, Switzerland), 2023, 28(15): 5884.

[3] 贺子玉,黄娇丽,易有金,等.低盐接种发酵辣椒对其风味品质的提升作用[J].现代食品科技,2024,40(2):273-283.

[4] XIAO Y, ZHANG S Y, LIU Z J, et al. Effect of inoculating *Pichia* spp. starters on flavor formation of fermented chili pepper: Metabolomics and genomics approaches [J]. *Food Research*

- International, 2023, 173(P2): 113397.
- [5] LIU D T, CHEN J, LI X, et al. Revealing the microbial contributions in chili paste fermentation by inoculating in situ microbiome [J]. LWT, 2024, 191: 115632.
- [6] WANG T Y, XIONG Y L, YUAN H B, et al. Characterization of flavor profiles and microbial communities in Ciba chili fermentation using metagenomics, untargeted metabolomics, and flavoromics [J]. Food Bioscience, 2025, 66: 106100.
- [7] 葛艳争,孙晓雪,安永强,等.基于气相色谱——离子迁移谱、感官、电子鼻分析不同贮藏时间辣椒油风味成分[J].食品与机械, 2025,41(2):12-21.
- [8] ARYEE A N A, OWUSU K J, SENWO Z, et al. Characterizing fermented habanero pepper (*Capsicum chinense* L.) [J]. Food Chemistry Advances, 2022, 1: 100137.
- [9] 李雄波.含盐量对郫县豆瓣甜瓣子发酵过程的影响及其酿造新工艺的研究[D].成都:成都大学,2020.
- [10] HU Y Y, ZHANG L, WEN R X, et al. Role of lactic acid bacteria in flavor development in traditional Chinese fermented foods: A review [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2022, 62(10): 2741-2755.
- [11] LIU Z J, CAI S B, ZHANG S Y, et al. A systematic review on fermented chili pepper products: Sensorial quality, health benefits, fermentation microbiomes, and metabolic pathways [J]. Trends in Food Science & Technology, 2023, 141: 104189.
- [12] CHEN Z A, CHEN H, DU H, et al. Dynamic changes in physicochemical property, biogenic amines content and microbial diversity during the fermentation of Sanchuan ham [J]. Food Science and Human Wellness, 2024, 13(1): 506-516.
- [13] 李伟丽,丛梦,张聪,等.甜瓣子发酵过程中7种生物胺形成规律及其抑制作用研究[J].食品与发酵工业,2023,49(7):106-111.
- [14] HADJ S J, CALANI L, CIRLINI M, et al. Effect of fermentation with single and co-culture of lactic acid bacteria on okara: Evaluation of bioactive compounds and volatile profiles [J]. Food & Function, 2021, 12(7): 3033-3043
- [15] 吴昭庆,胡萍,程华,等.基于PCR-DGGE技术对糍粑辣椒腐败过程细菌多样性动态研究[J].中国调味品,2021,46(3):50-55.
- [16] 焦昱玮,窦兆婷,田硕,等.HS-SPME-GC-MS结合电子鼻技术分析马铃薯浓汁发酵过程中挥发性物质的变化[J].食品工业科技,2024:1-11.
- [17] 于松峰.传统豆瓣辣椒酱发酵过程细菌群落演替及其与风味物质变化的对应分析[D].天津:天津科技大学,2017.
- [18] CHEN Z A, GENG Y Y, WANG M, et al. Relationship between microbial community and flavor profile during the fermentation of chopped red chili (*Capsicum annum* L.) [J]. Food Bioscience, 2022, 50: 102071.
- [19] HUANG X N, YU S Z, HAN B Z, et al. Bacterial community succession and metabolite changes during sufu fermentation [J]. LWT, 2018, 97: 537-545.
- [20] OREN A, GARRITY G M. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2021, 71(10): 5056.
- [21] CAO S Y, ZHAO C N, XU X Y, et al. Dietary plants, gut microbiota, and obesity: Effects and mechanisms [J]. Trends in Food Science & Technology, 2019, 92: 194-204.
- [22] 任文博,陈楠,律娜,等.郫县豆瓣细菌多样性及群落结构动态变化[J].微生物学报,2023,63(7):2809-2821.
- [23] XIE Y Q X, WEI D Z, LIN J P. Engineering an alcohol dehydrogenase from *Gluconobacter oxydans* for improved production of a bulky ezetimibe intermediate [J]. Molecular Catalysis, 2024, 569: 114586.
- [24] 武亚婷,杜木英,何欢欢,等.基于高通量测序技术分析新疆不同地区自然发酵辣椒酱微生物群落多样性[J].食品与发酵工业, 2019,45(21):221-228.
- [25] 宁明,赵馨馨,董蕴,等.基于Illumina MiSeq测序技术不同地区辣椒酱细菌多样性分析[J].中国调味品,2020,45(2):58-63.
- [26] 布坎南,中国科学院微生物研究所.伯杰氏细菌鉴定手册[M].北京:科学出版社,1984.
- [27] 章志超,吴鑫,朱应飞.导致黄酒酸败的食果糖乳杆菌的分离、鉴定及其检测条件优化[J].食品科学,2018,39(20):161-166.
- [28] 王雪雅,吴华丽,丁筑红,等.纯种乳酸菌接种发酵辣椒综合品质特性研究[J].中国酿造,2016,35(9):119-124.
- [29] LI M L, LAO F, PAN X, et al. Insights into the mechanisms driving microbial community succession during pepper fermentation: Roles of microbial interactions and endogenous environmental changes [J]. Food Research International, 2024, 179: 114033.
- [30] CHIANG Y C, TSEN H Y, CHEN H Y, et al. Multiplex PCR and a chromogenic DNA macroarray for the detection of *Listeria monocytogens*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae*, *Enterobacter sakazakii*, *Escherichia coli* O157:H7, *Vibrio parahaemolyticus*, *Salmonella* spp. and *Pseudomonas fluorescens* in milk and meat samples [J]. Journal of Microbiological Methods, 2012, 88(1): 110-116.
- [31] FAN Z Y, WANG Z L, DENG W Q, et al. Authenticity assessment of fermented chili: Alteration of quality and microbial profiles caused by deterioration of raw materials [J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2025, 142: 107426.
- [32] 李凯敏,付桂明,吴酬飞,等.特香型白酒酿造过程中真核微生物菌群演替[J].食品科学,2017,38(22):131-136.
- [33] WANG H X, TANG J Q, LV J Y, et al. Physiological and transcriptomic insights into sugar stress resistance in osmophilic yeast *Zygosaccharomyces rouxii* [J]. Food Microbiology, 2024, 117: 104395.
- [34] ENGLEZOS V, RANTSIOU K, TORCHIO F, et al. Exploitation of the non-Saccharomyces yeast *Starmerella bacillaris* (synonym *Candida zemplinina*) in wine fermentation: Physiological and molecular characterizations [J]. International Journal of Food Microbiology, 2015, 199: 33-40.
- [35] 张疆睿,张利华,石依博,等.代谢改造熊蜂生假丝酵母提高酸型槐糖脂产量[J].微生物学报,2019,59(11):2094-2106.