

· 综 述 ·

火腿微生物研究进展

黄盼盼^{1,2}, 蒋先芝³, 田建卿¹

1 中国科学院微生物研究所 真菌学国家重点实验室, 北京 100101

2 中国科学院大学, 北京 100049

3 慕恩生物科技有限公司, 北京 102299

黄盼盼, 蒋先芝, 田建卿. 火腿微生物研究进展. 生物工程学报, 2018, 34(9): 1410–1418.

Huang PP, Jiang XZ, Tian JQ. Research advances in ham microorganisms. Chin J Biotech, 2018, 34(9): 1410–1418.

摘要: 数千年来, 微生物参与的食品发酵为人类保存食物和风味多元化提供了重要的方法。这些可再生且易于操作的发酵食品为研究微生物群落提供了理想的材料。干腌火腿就是传统发酵食品之一, 在微生物作用下其加工过程发生了蛋白质和脂肪的水解和氧化反应, 产生的一些化合物形成了火腿的独特风味。文中描述了不同地域火腿微生物类群及其对火腿品质形成的作用, 为火腿微生物今后的研究提出了参考。

关键词: 发酵食品, 微生物群落, 火腿

Research advances in ham microorganisms

Panpan Huang^{1,2}, Xianzhi Jiang³, and Jianqing Tian¹

1 State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3 Moon Biotech Co. Ltd, Beijing 102299, China

Abstract: Microbial communities of fermented foods have provided a tool for humans to preserve and develop flavor for long history. And they can also provide opportunities to study microbial community formation because of their reproducible and easy-to-manipulate feature. Dry-cured ham is one of the traditional fermented products. Some of the compounds produced during the hydrolysis and oxidation of proteins and fats in ham processing form a distinctive flavor of ham. Many microbes are involved in this process and biochemical reactions. In this review, we describe the ham microbial communities in different regions and their role in the formation of ham quality, and prospect the future research of ham microbiology.

Keywords: fermented food, microbial communities, ham

Received: December 15, 2017; **Accepted:** May 9, 2018

Supported by: National Natural Science Foundation of China (No. 41101238).

Corresponding author: Jianqing Tian. Tel: +86-10-64807512; E-mail: tianjq@im.ac.cn

国家自然科学基金 (No. 41101238) 资助。

数千年来,食品发酵是一种广泛应用于食品长期保存和食品风味的方法^[1-3]。发酵食品加工过程中,微生物通过分解、转化原料中的淀粉、蛋白质和脂肪,使发酵食品形成发酵之前不具备的特殊风味^[4]。经过数千年的发展,国内外发展出大量的发酵食品,如火腿、醋、奶酪和清酒等,这些发酵食品是各国饮食文化的重要组成部分,长期以来的发展使其形成了独特的生产方式和风味特征^[3,5]。

干腌火腿(Dry-cured ham)作为传统发酵食品之一,有着悠久的发展历史,是以食盐为主要腌制剂,经腌制、发酵和风干等加工工艺制作而成的一种发酵肉制品。在干腌火腿加工过程中火腿中的蛋白质和脂肪发生了复杂的生物化学变化,其水解和氧化等反应过程中生成的产物形成了干腌火腿独特的风味^[6]。数百年来,人们对传统干腌火腿生产技术进行不断地总结和创新,形成了一些地域特征明显的产品,西方比较著名的有美国的乡村火腿、西班牙的 Iberian 火腿和 Serrano 火腿、意大利的 Parma 火腿和 Light Italian Country 火腿、法国的 Bayonne 火腿和 Corsican 火腿。而我国较著名的有浙江金华火腿、江苏如皋火腿、云南宣威火腿和邓诺火腿、湖北大派火腿等。作为干腌火腿的生产大国,我国干腌火腿年产量达到 400 万只^[7]。火腿属于发酵肉类制品,其优良品质的形成与其成熟过程中微生物的作用是分不开的,经过微生物发酵作用,肉中蛋白质和脂肪降解为氨基酸和醇类化合物,这些化合物作为大量风味物质的前体物质从而使产品具有独特风味,而由于地域的不同使得微生物的种类存在差异,对火腿的发酵品质影响也不尽相同。微生物除了影响火腿风味的品质,还可以抑制一些致病菌和腐败菌的生长,大大提高产品的安全性。

1 火腿微生物多样性

食品发酵过程中,微生物群落相对简单,但

又具备一定复杂性,且有动态变化趋势和可重复性,使其成为研究群落结构形成机制及功能的理想材料。传统发酵食品多采用自然接种方式进行发酵,原料、工艺和环境三者共同决定了发酵过程中的微生物组成和丰度,进而影响发酵食品的安全性、风味及其品质^[3,8-9]。

1.1 火腿加工过程中微生物的动态变化

发酵食品从开始发酵到其成熟这一过程中,发酵微生物会随着时间的推移和外部环境的变化而变化。干腌火腿从加工到成熟的时间较长,期间火腿上的微生物数量呈动态变化。据贺稚非等^[10]报道,在金华火腿前处理阶段,鲜腿内部只检测到少量酵母,表面较多细菌,还有少量酵母和霉菌。在-25℃条件下放置一段时间之后,冻腿内部细菌数增加,特别是嗜冷假单胞菌,表面的细菌数减少,但乳酸菌和葡萄球菌比例增大。上盐后由于盐度较高,未检出微生物。晾晒过程中,火腿表面微生物迅速增加,进入发酵室后内部微生物很快增加到 10^6 CFU/g,优势菌群是葡萄球菌,其次是乳酸菌;汉森德巴利酵母 *Debaryomyces hansenii*、赛道威汉森酵母 *Hansenula sydowiorum* 和胶红酵母 *Rhodotorula glutinis* 等是内部酵母菌群中占优势的菌种,内部的微生物数量受火腿表面霉菌数的影响。发酵初期,二者一起增加,随着霉菌的数量增加到一定水平时会开始抑制内部微生物的生长,因此内部微生物数量减少;而当霉菌数减少时,内部微生物数量就会随之增加。发酵前期青霉菌占优势,主要有意大利青霉 *Penicillium italicum* 和简单青霉 *Penicillium simplicissimum* 等。发酵后期,曲霉菌为优势菌,主要包括萨氏曲霉 *Aspergillus sydowi*、灰绿曲霉 *Aspergillus glaucus* 和黄柄曲霉 *Aspergillus flavipes* 等。在干腌火腿早期阶段,涎沫假丝酵母 *Candida zeylanoides* 是优势酵母,而 *D. hansenii* 则是火腿成熟期的优势酵母^[11]。

胡永金等^[12]以云南三川火腿为研究材料发现,三川火腿表面和内部的葡萄球菌数在腌制期、风干期和焐灰期分别呈增长、稳定和减少状态;而火腿内部的假单胞菌的数量在风干期和焐灰期均高于表面;火腿表面和内部的霉菌数量在腌制后期急剧增长,焐灰期明显减少。

Lori 等^[13]对 Parma 火腿的研究则显示了从火腿表面样品中分离出乳球菌属细菌,从内部样品分离出耐盐菌,这两种类群参与了其微生物动态菌群的组成。

1.2 火腿中的优势微生物

食品发酵过程中,优势微生物的生长影响着食品的品质,是发酵食品风味和香气形成的关键。工艺和环境的不同导致不同火腿中的优势微生物不尽相同,进而导致不同种类的火腿品质各具特色。

国外的研究发现,从 Iberian 火腿表面微生物群落分析显示青霉菌是主要的类群^[14]。Comi 等^[15]发现 Istrian 火腿表面的主要真菌类群为散囊菌属、曲霉菌属和青霉菌属等。Virgili 等^[16]从 Italian 火腿表面分离得到 12 株酵母菌,属于德巴利酵母属、假丝酵母属和汉森酵母属。Alapont 等^[17]从 Spanish 火腿上分离的 74 株真菌中有 59 株属于青霉,其中普通青霉 *Penicillium commune* 和产黄青霉 *Penicillium chrysogenum* 为优势菌。

胡英英等^[18]对我国金华火腿表层的微生物研究发现霉菌最多,其次是细菌和酵母菌。在霉菌中 *P. chrysogenum*、圆弧青霉 *Penicillium cyclopium* 和蜡叶芽枝霉 *Cladosporium herbarum* 占优势,并且这些优势霉菌均能够分解火腿蛋白质和脂肪,产香浓郁,能在一定程度上抑制金黄色葡萄球菌和枯草芽孢杆菌,促进火腿品质的形成;细菌中有芽孢杆菌和微球菌属占优势,还有少数葡萄球菌属、假单胞杆菌属和黄杆菌属等;酵母菌中裂殖酵母属、隐球酵母属占优势。

甄宗圆等^[19]对金华火腿内部微生物多样性的研究发现,内部细菌中优势种群是由马胃葡萄球菌

Staphylococcus sequourm、马脉片球菌 *Pediococcus urinaequi* 和戊糖片球菌 *Pediococcus pentosaceus* 等组成。在真菌方面发现占优势的是青霉菌,包括 *P. italicum* 和 *P. simplicissimum*,除此还有曲霉菌,主要包括 *A. sydowi*、*A. flauipes* 和 *A. glaucus* 等。

余翔等^[20]对现代化发酵工艺制作的金华火腿的微生物多样性的研究发现,金华火腿内部的细菌优势种为乳酸菌,其次是葡萄球菌;在真菌方面,内部占优势的酵母菌主要是欧诺比假丝酵母 *Candida ernobii*、*R. glutinis*、*H. sydowiorum*、白色布勒掷孢酵母 *Bullera alba*、*D. hansenii* 和多形汉森酵母 *Hansenula polymorpha* 等。

除了金华火腿,研究人员还对其他火腿的微生物进行了研究。我们在对邓诺火腿表面微生物多样性研究中发现,三角山氏酵母 *Yamadazyma triangularis*、灰白曲霉 *Aspergillus niveoglaucus*、*D. hansenii* 和同心青霉 *Penicillium concentricum* 为主要真菌。李平兰等^[21]发现霉菌、微球菌和葡萄球菌是宣威火腿表面的优势菌群,且它们的数量明显高于肠杆菌、肠球菌和乳酸杆菌。黄占旺等^[22]发现霉菌和酵母菌是安福火腿表层的主要微生物,酵母菌和球菌则是内部的主要微生物,并筛选得到两株对形成火腿风味有促进作用的发酵微生物季也蒙假丝酵母 *Candida guilliermondii* 和木糖葡萄球菌 *Staphylococcus xylosus*。在对如皋火腿微生物生态体系的研究中发现,在整个发酵过程中,优势菌群是霉菌、酵母菌、杆菌和球菌,其中酵母菌、杆菌和球菌均能参与形成特色风味^[23-24]。黄艾祥等^[25]对云腿的研究发现葡萄球菌和霉菌为优势菌,其中优势细菌主要有表皮葡萄球菌 *Staphylococcus epidermidis*、肉葡萄球菌 *Staphylococcus carnosus*、*S. equourm*、*S. xylosus*、*P. pentosaceus*、嗜盐海球菌 *Marinococcus halophilus* 和变异微球菌 *Micrococcus varians* 等,霉菌有青霉、曲霉、拟青霉、毛霉、根霉和链孢霉属,酵母菌主要有红酵母、德巴利氏酵母和汉森酵母属等。李欣蔚等^[26]

对剑门火腿的研究表明,霉菌、酵母菌、微球菌和葡萄球菌是其主要的微生物,这些微生物在其表层分布多于内部,火腿内部的主要微生物为乳酸菌。

综上,可以发现火腿加工过程中的优势微生物主要是霉菌、酵母菌、球菌和乳酸菌,不同品牌火腿之间的微生物略有差别,如表 1 所示。国外火腿加工过程中发现的微生物主要是分布在微球菌科 *Micrococcaceae* 里的球菌,而国内火腿加工过程中发现的微生物更丰富一些,主要有青霉、曲霉、球菌以及酵母。

2 微生物与火腿风味形成

火腿风味的形成主要是蛋白质和脂肪的分解氧化。火腿微生物不仅能够通过分泌内源性的酶类促进干腌火腿成熟过程中发生脂肪水解反应,

而且还参与蛋白质水解作用,促进蛋白质降解产生多肽和游离氨基酸,而游离氨基酸含量变化对火腿风味的形成有重要贡献^[27-30]。火腿优势微生物是火腿风味形成的关键。

2.1 霉菌与火腿风味形成

霉菌产生的脂肪酶和蛋白酶能够使火腿中的蛋白质和油脂分解为游离脂肪酸、氨和游离氨基酸等,从而使火腿产生浓厚的香气^[20]。不产毒素的青霉属菌株显示出对猪肉制品的肌球蛋白有较高的水解活性^[31-32],并且它们还能增强肌原纤维蛋白的水解作用,产生可溶性含氮化合物^[33]。研究表明将橘灰青霉 *Penicillium aurantiogriseum* 和沙门柏干酪青霉 *Penicillium camemberti* 加入到有肉类成分的培养基中培养,发现其对风味的形成有积极的促进作用^[34],但具体是形成哪种风味化合物仍需进一步研究。

表 1 不同火腿发酵过程中的优势微生物类群

Table 1 Abundant microbes in different fermentation stage

Type of ham	Dominant microorganism		Reference
	Surface	Internal	
Iberian ham	<i>Penicillium</i>		[14]
Istrian ham	<i>Eurotium, Aspergillus, Penicillium</i>		[15]
Italian ham	Yeast		[16]
Spanish ham	<i>Penicillium</i>		[17]
		Yeast	[11]
Parma ham	<i>Penicillium</i>		[34]
	<i>Lactococcus</i>	Halotolerant rods	[13]
Jinhua ham	Mold bacteria yeast		[18]
	Mold	Yeast	[20]
	Mold	<i>Lactobacillus, Staphylococcus</i>	
	Mold	Yeast	[19]
		<i>Lactobacillus, Staphylococcus</i>	
		<i>Lactobacillus, Staphylococcus</i>	[10]
		Yeast	
Xuanwei ham	<i>Staphylococcus, Micrococcus</i> mold		[21]
Anfu ham	Mold yeast	Yeast, <i>Lactococcus</i>	[22]
Rugao ham		<i>Cocci, Bacillus, yeast</i>	[23]
	Mold	<i>Cocci, yeast</i>	[24]
Yun ham	Mold	<i>Staphylococcus</i>	[25]
Jianmen ham	Mold yeast		[26]
	<i>Staphylococcus, Micrococcus</i>		

为了研究分离自干腌火腿的 *P. chrysogenum* 菌株对挥发性化合物的影响, Martín 等^[35]将其与无菌的猪大排骨进行培养,并收集其成熟过程中产生的挥发性化合物,发现 *P. chrysogenum* 会导致脂肪氧化产生的化合物的减少以及来源于游离氨基酸的化合物的增加。陈杰等^[36]以自然成熟的金华火腿为对照,采用纳地青霉 *Penicillium nalgiovense* 人工接种法和喷洒抑霉剂等方法来研究霉菌生长与其品质间的关系,结果显示接种组火腿的氨基酸含量更高,说明霉菌对火腿的品质具有良好的促进作用。

2.2 酵母与风味形成

酵母是火腿中的优势微生物类群,它们代谢过程中产生的脯氨酸、色氨酸和维生素 E,与火腿的风味形成有直接关系^[37]。接种了德巴利酵母的火腿感官评分更高,说明德巴利酵母菌株能够保持干腌火腿的典型感官特性^[38]。

Martín 等^[35]将分离自干腌火腿的优势菌株 *D. hansenii* 接种到猪大排骨上,并测定其成熟过程中产生的挥发性化合物,发现这些化合物多属于醇类化合物,说明 *D. hansenii* 能够促进火腿的风味形成。

黄艾祥等^[25]发现,从云腿上筛选到的优势菌 诞沫假丝酵母作为发酵菌种,能够在一定程度上使肌肉蛋白质降解,其发酵液中天冬氨酸和组氨酸含量增加,促进风味形成。

2.3 球菌与风味形成

微球菌与葡萄球菌分泌的硝酸还原酶、过氧化氢酶和酯酶在维持火腿颜色、品质和抑制不良气味产生方面起着重要作用^[37]。焦玉等^[39]以如皋火腿、金华火腿为研究材料,从中分离得到 179 株革兰氏阳性球菌,并筛选出 3 株产香效果较好的菌株,分别为模仿葡萄球菌 *Staphylococcus simulans*、*S. epidermidis* 和腐生葡萄球菌 *Staphylococcus sarprophyticus*,它们可以水解蛋白

质从而提高游离氨基酸含量,也可以水解脂肪从而提高游离脂肪酸的含量。

于海等^[40]发现 *S. epidermidis*、*S. xylosus* 和耳氏葡萄球菌 *Staphylococcus auricularis* 分别使更多的杂环类化合物、醛类化合物以及脂类物质产生,对干腌肉制品风味的形成有良好的促进作用。研究还发现 *S. xylosus* 能够转换氨基酸,使亮氨酸或其他游离氨基酸含量增加^[22,41],从而协调干腌火腿的风味形成。

2.4 乳酸菌与风味形成

乳酸菌能够产生乳酸、醋酸和丙酸,在发酵过程中与代谢产物醇和醛等物质作用,从而促进风味物质的形成。同时乳酸代谢过程还产生酶类和多种氨基酸,从而增加食品的营养价值^[42-43]。贺稚非等^[10]研究发现,乳酸菌在火腿成熟产香时期起到了重要作用。赵九飞^[44]从金华火腿中分离得到 3 株产酸能力好和耐亚酸盐的乳酸菌,将其用作发酵菌株能够促进发酵肉制品品质的形成。还有研究采用发酵和酶解结合的方法,将乳酸菌加入酶解液中发酵,制得评分较高的风味基料^[45]。

3 微生物与火腿安全性

干腌火腿加工所需的时间很长,依照产地和品种的不同,一般为几个月至 2 年甚至更长。因此,微生物是保证其食用安全性的重要保障。霉菌作为火腿中的优势微生物,它们的大量繁殖能够在火腿表面形成厌氧的保护层,防止火腿中脂肪酸的氧化和好氧性腐败菌的生长^[21]。研究发现,通过人工接种 *P. nalgiovense*,使其成为火腿成熟过程中的优势菌群,竞争性抑制其他产毒霉菌或腐败性细菌,从而进一步保证新工艺下的金华火腿品质稳定,大大提高产品的安全性^[36]。酵母菌的生长消耗尽肉中的氧气,降低肉中 pH,防止火腿的腐败^[37]。而乳酸菌生长过程中产生的大量酸抑制发酵过程中有害微生物的生长^[43]。

虽然火腿发酵过程中, 优势有益微生物的大量生长能够抑制有害微生物, 但由于各地区和各品牌的干腌火腿在鲜腿原料和加工技术以及加工环境卫生方面存在着差异, 仍可能有致病微生物残存的风险。干腌火腿中致病微生物主要包括致病病毒、细菌和霉菌等, 其中细菌多为葡萄球菌、埃希氏菌和微球菌^[26,46-47], 真菌多为青霉菌等^[14]。研究人员从乡村火腿、Serrano 火腿和 Spanish 火腿检测到由葡萄球菌产生的葡萄球菌肠毒素 D 和生物胺^[48-49]。由金黄色葡萄球菌产生的肠毒素会引起炎症反应以及肺炎败血症等^[50]。同时, 研究人员在 Iberian 火腿中分离到能够产生赭曲霉毒素 A 的北青霉 *Penicillium nordicum*。青霉能够产生最广泛的真菌毒素, 例如赫曲霉毒素 A、棒曲霉毒素、桔霉素、黄绿青霉素和灰黄霉素等; 黄曲霉 *Aspergillus flavus* 产生黄曲霉毒素和环匹阿尼酸; 黑曲霉 *Aspergillus niger* 也能产生赭曲霉毒素 A^[14,51]。真菌毒素对人体的危害也是极大, 如对肾脏和肝脏有毒性, 导致 DNA 损伤和细胞周期停滞; 还会诱发恶心、呕吐和腹泻, 继而出现头痛、惊厥和失语等症状, 严重的会使神经麻痹、呼吸障碍以及致癌等^[52-54]。

4 展望

火腿微生物资源丰富, 其群落的构成有细菌为主体也有真菌为主体, 还有一些类群含有细菌和真菌的混合物。虽然有大量的研究分析了火腿微生物多样性及其组成, 但是这些微生物的具体作用机制, 包括微生物菌群的组装模式、过程和机制, 还未得到详细研究。微生物是如何相互作用参与到食品的发酵当中, 又是否存在协同进化相互促进的关系还尚未可知。目前已有一些与食物相关的微生物成为了模式生物, 如酿酒酵母 *Saccharomyces cerevisiae* 和乳酸乳球菌 *Lactococcus lactis*, 而与火腿相关的模式生物还尚未被发现。

发酵食品体系是人工建立的, 可重复性强且易于跟踪, 这对于探索微生物组学而言无疑是潜在的模式研究系统。目前已有学者以发酵奶酪皮这一发酵系统作为模式微生物生态系统^[42], 这为以后开发可跟踪的火腿发酵系统来进一步探究微生物组学提供了一个很好的思路。

REFERENCES

- [1] Marco ML, Heeney D, Binda S, et al. Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond. *Curr Opin Biotechnol*, 2017, 44: 94–102.
- [2] McGovern PE, Zhang JZ, Tang JG, et al. Fermented beverages of pre-and proto-historic China. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2004, 101(51): 17593–17598.
- [3] Wolfe BE, Dutton RJ. Fermented foods as experimentally tractable microbial ecosystems. *Cell*, 2015, 161(1): 49–55.
- [4] Ren C, Du H, Xu Y. Advances in microbiome study of traditional Chinese fermented food. *Acta Microbiol Sin*, 2017, 57(6): 885–898 (in Chinese).
任聪, 杜海, 徐岩. 中国传统发酵食品微生物组研究进展. *微生物学报*, 2017, 57(6): 885–898.
- [5] Jin GY, Zhu Y, Xu Y. Mystery behind Chinese liquor fermentation. *Trends Food Sci Tech*, 2017, 63: 18–28.
- [6] Lorenzo JM, Carballo J, Franco D. Effect of the inclusion of chestnut in the finishing diet on volatile compounds of dry-cured ham from Celta pig breed. *J Integr Agr*, 2013, 12(11): 2002–2012.
- [7] Dang YL. Study on the flavor of Jinhua Ham and Parma Ham [D]. Wuxi: Jiangnan University, 2009 (in Chinese).
党亚丽. 金华火腿和巴马火腿风味的研究[D]. 无锡: 江南大学, 2009.
- [8] Dunkel A, Steinhaus M, Kotthoff M, et al. Nature's chemical signatures in human olfaction: a foodborne perspective for future biotechnology. *Angew Chem*, 2014, 53(28): 7124–7143.
- [9] Tamang JP, Watanabe K, Holzapfel WH. Review: diversity of microorganisms in global fermented foods and beverages. *Front Microbiol*, 2016, 7: 377.
- [10] He ZF, Zhen ZY, Li HJ, et al. Microorganisms flora study on Jinhua ham fermentation. *Food Sci*, 2008, 29(1): 190–195 (in Chinese).
贺稚非, 甄宗圆, 李洪军, 等. 金华火腿发酵过程中

- 微生物区系研究. 食品科学, 2008, 29(1): 190–195.
- [11] Purriños L, Carballo J, Lorenzo JM. The influence of *Debaryomyces hansenii*, *Candida deformans* and *Candida zeylanoides* on the aroma formation of dry-cured “lacón”. *Meat Sci*, 2013, 93(2): 344–350.
- [12] Hu YJ, Chen H, Xue QL, et al. Study on the changes law of microbial flora during Yunnan Sanchuan ham processing. *J Light Indus*, 2017, 32(5): 8–15 (in Chinese).
胡永金, 陈红, 薛桥丽, 等. 云南三川火腿加工中微生物区系变化规律研究. *轻工学报*, 2017, 32(5): 8–15.
- [13] Lori D, Grisenti MS, Parolari G, et al. Microbiology of dry-cured ham. *Industria Conserve*, 2005, 80: 23–32.
- [14] Rodríguez A, Rodríguez M, Martín A, et al. Presence of ochratoxin A on the surface of dry-cured Iberian ham after initial fungal growth in the drying stage. *Meat Sci*, 2012, 92(4): 728–734.
- [15] Comi G, Orlic S, Redzepovic S, et al. Moulds isolated from Istrian dried ham at the pre-ripening and ripening level. *Int J Food Microbiol*, 2004, 96(1): 29–34.
- [16] Virgili R, Simoncini N, Toscani T, et al. Biocontrol of *Penicillium nordicum* growth and ochratoxin A production by native yeasts of dry cured ham. *Toxins*, 2012, 4(2): 68–82.
- [17] Alapont C, López-Mendoza MC, Gil JV, et al. Mycobiota and toxigenic *Penicillium* species on two Spanish dry-cured ham manufacturing plants. *Food Addit Contam Part A Chem Anal Control Expo Risk Assess*, 2014, 31(1): 93–104.
- [18] Hu YY, Zeng YZ, Weng ZF, et al. Microbial study on Jinhua Ham II. study on dominant species of microflora and their variations during the curing and aging of the hams. *J Hangzhou Univ*, 1983, 10(4): 108–114 (in Chinese).
胡英英, 曾云中, 翁芷芬, 等. 金华火腿微生物研究 II. 火腿盐制、发酵期间微生物优势种类及其变动的研究. *杭州大学学报*, 1983, 10(4): 108–114.
- [19] Zhen ZY. A study of the microbial flora of Jinhua ham [D]. Chongqing: Southwest Agricultural University, 2004 (in Chinese).
甄宗圆. 金华火腿微生物区系研究[D]. 重庆: 西南农业大学, 2004.
- [20] Yu X. A study of microbial flora of Jinhua ham from modern processing technology[D]. Chongqing: Southwest Agricultural University, 2005 (in Chinese).
余翔. 金华火腿现代化发酵工艺中微生物区系研究[D]. 重庆: 西南农业大学, 2005.
- [21] Li PL, Shen QW, Lv YN, et al. Analysis of main of microorganisms in Xuanwei ham. *Chin J Microecol*, 2003, 15(5): 262–263 (in Chinese).
李平兰, 沈清武, 吕燕妮, 等. 宣威火腿成熟产品中主要微生物菌相构成分析. *中国微生物生态学杂志*, 2003, 15(5): 262–263.
- [22] Huang ZW, Xu MS, Tang KJ, et al. Separation of fermentation microorganism in Anfu ham and its fermentation technology. *Acta Agric Univ Jiangxiensis*, 2003, 25(4): 635–638 (in Chinese).
黄占旺, 徐明生, 汤凯洁, 等. 安福火腿发酵微生物分离与发酵工艺研究. *江西农业大学学报*, 2003, 25(4): 635–638.
- [23] Jiang YS, Guo BG, Xi J, et al. Analysis of microbial bacteria groups for Rugao ham. *Cuisine J Yangzhou Univ*, 2004, 21(3): 10–12 (in Chinese).
蒋云升, 郭本功, 席军, 等. 如皋火腿微生物菌群分析. *扬州大学烹饪学报*, 2004, 21(3): 10–12.
- [24] Pan M. The relationship between fermentation bacteria and ham quality in Rugao ham[D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2007 (in Chinese).
潘明. 如皋火腿发酵菌群与火腿品质关系研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2007.
- [25] Huang AX. Study on the formation of quality traits and microbial roles of Yunnan dry cured ham[D]. Chongqing: Southwest University, 2006 (in Chinese).
黄艾祥. 云南干腌火腿品质特征形成与微生物作用研究[D]. 重庆: 西南大学, 2006.
- [26] Li XW, Chi YL, Jia DY, et al. Microflora and characteristics of main spoilage bacteria in Jianmen ham. *China Brew*, 2012, 31(11): 132–134 (in Chinese).
李欣蔚, 迟原龙, 贾冬英, 等. 剑门火腿菌相构成及主要腐败菌特性分析. *中国酿造*, 2012, 31(11): 132–134.
- [27] Toldrá F, Aristoy MC, Part C, et al. Muscle and adipose tissue aminopeptidase activities in raw and dry-cured ham. *J Food Sci*, 2010, 57(4): 816–818.
- [28] Careri M, Mangia A, Barbieri G, et al. Sensory property relationships to chemical data of Italian-type dry-cured ham. *J Food Sci*, 2010, 58(5): 968–972.
- [29] Harkouss R, Astruc T, Lebert A, et al. Quantitative study of the relationships among proteolysis, lipid oxidation, structure and texture throughout the dry-cured ham process. *Food Chem*, 2015, 166: 522–530.
- [30] Wang JH, Wang GY, Shang SQ, et al. Changes of free

- amino acid during processing of Xuanwei ham. *J Food Safety Quality*, 2015, 6(11): 4640–4644 (in Chinese).
- 王金浩, 王桂瑛, 尚思奇, 等. 宣威火腿加工过程游离氨基酸变化规律研究. *食品安全质量检测学报*, 2015, 6(11): 4640–4644.
- [31] Alapont C, Martínez-Culebras PV, López-Mendoza MC. Determination of lipolytic and proteolytic activities of mycoflora isolated from dry-cured teruel ham. *J Food Sci Technol*, 2015, 52(8): 5250–5256.
- [32] Martín A, Córdoba JJ, Rodríguez MM, et al. Evaluation of microbial proteolysis in meat products by capillary electrophoresis. *J Appl Microbiol*, 2001, 90(2): 163–171.
- [33] Martín A, Asensio MA, Bermúdez ME, et al. Proteolytic activity of *Penicillium chrysogenum* and *Debaryomyces hansenii* during controlled ripening of pork loins. *Meat Sci*, 2002, 62(1): 129–137.
- [34] Ockerman HW, Sánchez FJ, León CF. Influence of molds on flavor quality of Spanish ham. *J Muscle Foods*, 2007, 11(4): 247–259.
- [35] Martín A, Córdoba JJ, Benito MJ, et al. Effect of *Penicillium chrysogenum* and *Debaryomyces hansenii* on the volatile compounds during controlled ripening of pork loins. *Int J Food Microbiol*, 2003, 84(3): 327–338.
- [36] Chen J, Meng YC. Research on the relationship between molds and quality of Jinhua ham during ripening. *Food Ferment Indus*, 2009, 35(8): 138–142 (in Chinese).
- 陈杰, 孟岳成. 金华火腿成熟过程中霉菌生长与其品质关系. *食品与发酵工业*, 2009, 35(8): 138–142.
- [37] Wang QM, Yang RJ, Yan L. Research on the relationship between microbial diversity and quality of Xuanwei ham. *China Food Safety Mag*, 2016(33): 137–139 (in Chinese).
- 王桥美, 杨瑞娟, 严亮. 微生物多样性与宣威火腿品质关系的研究进展. *食品安全导刊*, 2016(33): 137–139.
- [38] Simoncini N, Pinna A, Toscani T, et al. Effect of added autochthonous yeasts on the volatile compounds of dry-cured hams. *Int J Food Microbiol*, 2015, 212: 25–33.
- [39] Jiao Y. Isolation and identification of *Staphylococcus aureus* in ham and its effect on fermented sausage [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2008 (in Chinese).
- 焦玉. 火腿中产香葡萄球菌的分离、鉴定及其对发酵香肠的影响[D]. 扬州: 扬州大学, 2008.
- [40] Yu H, Li X, Ge QF, et al. Effect of fermentation strains on volatile flavor components in dry-cured pork. *Food Sci*, 2010, 31(21): 266–270 (in Chinese).
- 于海, 李想, 葛庆丰, 等. 不同微生物菌株对干腌肉块挥发性风味化合物的影响. *食品科学*, 2010, 31(21): 266–270.
- [41] Beck HC, Hansen AM, Lauritsen FR. Catabolism of leucine to branched-chain fatty acids in *Staphylococcus xylosus*. *J Appl Microbiol*, 2004, 96(5): 1185–1193.
- [42] Wolfe BE, Button JE, Santarelli M, et al. Cheese rind communities provide tractable systems for in situ and in vitro studies of microbial diversity. *Cell*, 2014, 158(2): 422–433.
- [43] Yu LM. Research on fermented lion ham [D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2003 (in Chinese).
- 于立梅. 发酵里脊火腿的研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2003.
- [44] Zhao JF. The separation, identification and application of bacteria from the traditional fermented products [D]. Wuhan: Wuhan Polytechnic University, 2011 (in Chinese).
- 赵九飞. 我国传统发酵肉制品中细菌的分离、鉴定与应用研究[D]. 武汉: 武汉工业学院, 2011.
- [45] Ren LP, Wang JM. Optimizing the preparation process of dry-cured ham flavor base through fermentation combined with enzymolysis. *J Tianjin Univ Sci Technol*, 2015, 30(5): 26–31 (in Chinese).
- 任利平, 汪建明. 发酵酶解法制备干腌火腿风味基料过程中酶解条件的优化. *天津科技大学学报*, 2015, 30(5): 26–31.
- [46] Zhu SW. Progresses in the research of pathogenic microorganisms and parasites in dry-cured ham. *Food Ferment Indus*, 2006, 32(5): 101–104 (in Chinese).
- 竺尚武. 干腌火腿中致病微生物和寄生虫的研究进展. *食品与发酵工业*, 2006, 32(5): 101–104.
- [47] Zhang X, Chi YL, Miao T, et al. Antibacterial effects of different preservatives on the major spoilage microbes in traditional fermented ham. *China Cond*, 2013, 38(1): 14–17 (in Chinese).
- 张旋, 迟原龙, 缪婷, 等. 几种防腐剂对传统发酵火腿中主要腐败微生物抑菌效果的研究. *中国调味品*, 2013, 38(1): 14–17.
- [48] Portocarrero SM, Newman M, Mikel B. *Staphylococcus aureus* survival, staphylococcal enterotoxin production and shelf stability of country-cured hams manufactured under different processing procedures. *Meat Sci*, 2002, 62(2): 267–273.
- [49] Márta D, Wallin-Carlquist N, Schelin J, et al. Extended

- staphylococcal enterotoxin D expression in ham products. *Food Microbiol*, 2011, 28(3): 617–620.
- [50] Xu ZB, Liu XC, Li L, et al. Development of *Staphylococcus aureus* enterotoxin in food-borne bacteria. *Modern Food Sci Technol*, 2013, 29(9): 2317–2324 (in Chinese).
徐振波, 刘晓晨, 李琳, 等. 金黄色葡萄球菌肠毒素在食源性微生物中的研究进展. *现代食品科技*, 2013, 29(9): 2317–2324.
- [51] Mižáková A, Pipová M, Turek P. The occurrence of moulds in fermented raw meat products. *Czech J Food Sci*, 2002, 20(3): 89–94.
- [52] Huang XJ, Wang SM, Mao D, et al. Research progress on toxicity of *Aspergillus* mycotoxins. *J Food Safety Quality*, 2017, 8(5): 1679–1687 (in Chinese).
黄晓静, 王少敏, 毛丹, 等. 曲霉属真菌毒素的毒性研究进展. *食品安全质量检测学报*, 2017, 8(5): 1679–1687.
- [53] Solhuag A, Cathrine W, Christoffersen TE, et al. The mycotoxin alternariol induces DNA damage and differentiation of primary human macrophages. *Toxicol Lett*, 2015, 238(2): S219–S220.
- [54] Long M, Dong S, Ren YM, et al. Progress on harm and bacterial detoxification of three kinds of mycotoxins. *Prog Veteri Med*, 2014, 35(4): 106–109 (in Chinese).
龙森, 董双, 任艳苗, 等. 三种主要霉菌毒素的危害与微生物脱毒研究进展. *动物医学进展*, 2014, 35(4): 106–109.

(本文责编 郝丽芳)