

泡菜微生物群落结构及其动态机制研究概述*

邹伟,赵长青,赵兴秀,张静

(四川理工学院 生物工程学院,四川 自贡,643000)

摘要 综述了最近几年关于泡菜发酵过程中微生物群落的研究进展,重点讲述了泡菜微生物群落结构组成与动态变化,以及外界因素对泡菜微生物群落的影响与利用,同时也展望了宏基因组学技术和基于此的系统生物学技术在泡菜微生物群落机制解析中的应用。

关键词 泡菜;微生物群落;乳酸菌;宏基因组学

泡菜主要以新鲜蔬菜为原料,添加或不添加辅料,在3%~7%的食盐水中,经微生物自然发酵15~30 d,腌渍成菜^[1]。泡菜是我国传统发酵食品,早在距今3千多年前的商朝就已经是人们饮食文化的一部分^[2],其味道酸鲜纯正,脆嫩芳香,清爽可口,同时还富含多种纤维素、氨基酸和微量元素,能促进肠胃消化,提高人体免疫能力。近20年,我国泡菜产业发展迅速,2013年中国泡菜的产值已突破150亿元,年均增长速度为20%~30%。目前,泡菜的生产采用高盐、浸泡等传统生产工艺,生产环境差,规模偏小,工序复杂,劳动强度大,受季节影响等限制,产品质量极不稳定,其国际知名度与韩国泡菜(kimchi)、日本泡菜相比较低。造成这些现象的实质是泡菜的生产过程是依靠自然微生物发酵进行,微生物群落在泡菜腌制过程中产生各种酶,以及自身生长过程中产生的中间代谢产物等,为泡菜特殊风味物质的产生提供物质基础。这一过程耗时较长且容易受到自然环境中区域、温度、湿度等因素的影响,因而不同批次产品的质量会出现较大的差异,从而导致产品质量参差不齐。目前泡菜的生产工艺急需进行标准化升级,强化生产工艺,稳定产品的质量。解决目前现状的关键是弄清我国泡菜发酵过程对其特殊风味物质形成相关的微生物群落组成及其发酵机制。本文主要综述了近几年针对泡菜微生物群落发酵机制的研究进展。

1 泡菜中微生物群落结构

泡菜的发酵是一个开放式、厌氧的环境,初始微生物是盐水浸没时残留于蔬菜上的微生物,随着发酵的进行,微生物群落的种类和数量不断演替,最终使泡菜形成特有的风味^[3]。这其中对风味起主要作用的是乳酸菌、酵母菌,同时还存在一些其他的微生物。

早期主要通过传统的分离纯化和形态生理特征鉴定来研究泡菜中的乳酸菌系。例如钟之绚等在泡白菜的发酵前检测植物乳杆菌,中期有植物乳杆菌、格氏乳杆菌、弯曲乳杆菌、德氏乳杆菌德氏亚种和乳糖亚种,后期有植物乳杆菌和棉子糖链球菌,共5种和2个亚种^[4]。最近,Xiong Tao等发现泡菜发酵过程中优势乳酸菌有 *Enterococcus faecalis*、*Lactococcus lactis* subsp. *Lactis*、*Leuconostoc mesenteroides* subsp. *Mesenteroides*、*Lactobacillus plantarum*、*Lactobacillus casei* 和 *Lactobacillus zeae*^[5]。细菌形态生理特征鉴定适用于属的鉴别,而对种的确定不太明显^[6]。基于菌种16S rRNA序列结合传统形态生理特征方法可以更精确鉴定分离的菌种。盛海圆等利用此法鉴定了从传统泡菜中筛得的46株菌,分布于乳杆菌属、肠球菌属、葡萄球菌属和片球菌属4个属的9个种,并发现存在 *Lactobacillus namurensis* 和巴氏葡萄球菌^[7]。上述方法局限于对可培养微生物的鉴定,但目前实验室能够培养分离出的微生物占环境样品的比例不到1%^[8],因此需要一系列“免培”的检测方法(如聚合酶链式反应和变性梯度凝胶电泳相结合(PCR-DGGE)、16S rRNA基因文库等)用于研究泡菜发酵过程乳酸菌群落的组成、丰度及其变化情况。代道芳同时用生理形态鉴定和PCR-DGGE鉴定了泡菜中的乳酸菌系^[9],发现经表型特征和系统的生理生化

第一作者:博士,讲师(张静为通讯作者,E-mail:jingzhang3019@126.com)

*酿酒生物技术及应用四川省重点实验室项目(NJ2014-08);自贡市科技局项目(2013ZC10);四川理工学院校级项目(2013RC12)

收稿日期:2015-02-08,改回日期:2015-03-01

实验鉴定,泡菜中的乳酸菌为乳杆菌属、链球菌属、四联球菌属 3 个属,植物乳杆菌、德氏乳杆菌、干酪乳杆菌、乳酸链球菌、盐水四联球菌 5 个种。经 DGGE 鉴定出泡菜中含有的保加利亚乳杆菌、乳酸链球菌、漫

游球菌、植物乳杆菌、嗜酸乳杆菌有较近的亲缘关系,相似性达到 100%。类似的关于泡菜乳酸菌群落的研究详见表 1。

表 1 国内泡菜发酵微生物群落的相关研究
Table 1 Research on the microbial community of Chinese sauerkraut fermentation

时间	方法	主要结论	参考文献
2005	PCR-DGGE	首次应用 PCR-DGGE 技术分析我国传统发酵食品泡菜中乳酸菌的多样性,发现泡菜样品中可能含有小片球菌、植物乳杆菌、乳酸乳球菌、德氏乳杆菌等。	[10]
2010	表型与生理生化鉴定结合 16S rRNA 基因序列	发现泡菜中乳酸菌分布于乳杆菌属、肠球菌属、葡萄球菌属和片球菌属 4 个属的 9 个种:植物乳杆菌、布氏乳杆菌、香肠乳杆菌、消化乳杆菌、 <i>Lactobacillus namurensis</i> 、短乳杆菌、耐久肠球菌、巴氏葡萄球菌、戊糖片球菌。	[7]
2011	表型与生理生化鉴定;PCR-DGGE	经表型特征和系统的生理生化实验鉴定,泡菜中的乳酸菌为乳杆菌属、链球菌属、四联球菌属 3 个属,植物乳杆菌、德氏乳杆菌、干酪乳杆菌、乳酸链球菌、盐水四联球菌 5 个种;通过 DGGE 鉴定出泡菜中含有保加利亚乳杆菌、乳酸链球菌、漫游球菌、 <i>Lactobacillus vermoldensis</i> 、嗜酸乳杆菌有较近的亲缘关系。	[9]
2012	16S rRNA 基因文库	鉴定出泡菜中 29 个细菌菌群,其中干酪乳杆菌、植物乳杆菌、乳酸片球菌、短乳杆菌和棒状乳杆菌是优势菌群。	[11]
2012	表型与生理生化鉴定	发现泡菜发酵过程由 <i>L. mesenteroides</i> subsp. <i>mesenteroides</i> 启动,然后 <i>E. faecalis</i> 、 <i>L. lactis</i> 、 <i>L. zeae</i> 占据主导,最终由 <i>L. plantarum</i> 和 <i>L. casei</i> 完成。	[5]
2013	PCR-DGGE	发现四川家庭制作泡菜中的细菌种类比较丰富,真菌相对较少。细菌中 <i>Lactobacillus</i> 是优势种群,占细菌总数 56%,其中植物乳杆菌在泡菜发酵中发挥着重要的作用,非培养细菌占总数的 32%;主要真菌为 <i>Meyerozyma guilliermondii</i> 和 <i>Kodamaea ohmeri</i> 的近缘种。	[12]
2013	16S rRNA 基因文库	发现泡菜中细菌主要为乳酸菌,分布在 <i>Lactobacillus</i> 和 <i>Pediococcus</i> 两个属,分别占 88.4% 和 10.1%。 <i>L. pentosus</i> 、 <i>L. plantarum</i> 和 <i>P. damnosus</i> 是其中的优势菌种,分别占 58.4%、16.3% 和 10.1%,其他菌种主要有 <i>L. paralimentarius</i> 、 <i>L. sunkii</i> 、 <i>L. brevis</i> 、 <i>L. kisonensis</i> 、 <i>L. acetotolerans</i> 、 <i>L. namurensis</i> 分别占 7.8%、4.7%、3.1%、1.6%、0.8% 和 0.8%。	[13]
2013	表型与生理生化鉴定	初步确定四川泡菜发酵的优势菌群有植物乳杆菌、肠膜明串珠菌和短乳杆菌及耐乙醇片球菌等。	[14]
2014	稀释涂布平板计数	发现泡菜发酵过程乳酸菌、醋酸菌起主要作用,丁酸菌、酵母菌起辅助作用。	[15]
2014	分离、鉴定、平板计数	从自制四川泡菜样品中共分离鉴定 2 种酵母:单孢酿酒酵母、膜璞毕赤酵母。2 种酵母菌都存在于泡菜发酵前期,随后数量持续减少,在主要发酵时期的第 3~5 天减少最快,5 天后消失。	[16]
2014	16S rRNA 基因文库	证实泡菜中存在 <i>Acinetobacter</i> sp.、 <i>Pseudomonas fragi</i> 、 <i>Klebsiella</i> sp.、 <i>Citrobacter</i> sp.、 <i>Betaproteobacteria</i> sp. 和乳酸菌,乳酸菌包括: <i>Leuconostoc mesenteroides</i> 、 <i>L. curvatus</i> 、 <i>L. Plantarum</i> 、 <i>L. oligofermentans</i> 。	[17]

上述研究主要针对泡菜中乳酸菌的构成,对乳酸菌在泡菜发酵过程中的动态演变却研究较少(表 1)。通常在泡菜发酵启动时主要是酸耐受性低、微厌氧的乳酸菌如 *Leuconostoc* 属的 *Leu. mesenteroides*、*Leu. Citreum*,随着发酵的进行乳酸积累,严格厌氧环境的形成、酸耐受性高、严格厌氧的乳酸菌如 *Lactobacillus*、*Weissella* 属的 *L. sakei*、*L. plantarum*、*W. koreensis* 渐占主导^[18]。XIONG Tao 等通过传统方法证实泡菜发酵启动过程 *L. mesenteroides* subsp. *Mesenteroides* 占主导,然后逐步由 *E. faecalis*、*L. lactis*、*L. zeae* 替代,最终由 *L. plantarum* 和 *L. casei* 完成发酵^[5]。目前,基于“免培”的方法探究中国泡菜中乳酸菌群落动态变化的研究尚无,这也是未来研究的一个热点方向。

除乳酸菌外,酵母菌在泡菜发酵中也起着重要作

用。酵母菌能消耗可发酵糖,主要生成乙醇、少量甘油和一些特殊风味的醇类物质,可抑制有害菌如腐败菌的生长,有利于泡菜后熟阶段发生醋化反应和芳香物质的形成。张先琴等通过 PCR-DGGE 发现四川地区家庭制作泡菜中真菌主要有热带假丝酵母、汉逊德巴利酵母、奥默柯达菌和一些不可培养的真菌等^[12]。曾俊等从自制四川泡菜中分离鉴定 2 种酵母:单孢酿酒酵母、膜璞毕赤酵母,它们均存在于泡菜发酵前期,随着发酵进行数量持续减少,5 d 后消失^[16]。此外,酵母菌 *P. manshurica*、*P. kudriavzevii*、*C. tropicalis* 等经鉴定大量繁殖会使腌渍品的表面生花,产生不愉快的酸臭味,最终导致产品变质^[19],必须引起重视。

在泡菜发酵过程中,除乳酸菌、酵母之外还存在其他微生物。张宗舟等发现泡菜中微生物菌系还包

括醋酸菌和丁酸菌^[15]。Yang Hongyan 等通过基因文库鉴定发现泡菜中存在 *Acinetobacter* sp.、*Pseudomonas fragi*、*Klebsiella* sp.、*Citrobacter* sp.、*Betaproteobacteria* sp. 等细菌^[17]。田伟等发现泡菜中不可培养细菌占总细菌数的 32%，但不可培养微生物在泡菜中的作用还有待阐明^[13]。另外，Lu 等人证实泡菜中存在噬菌体可侵染乳酸菌^[20]。最近，研究人员在韩国泡菜中发现噬菌体基因^[21]，相关研究在国内尚未见报道。

2 外界因素对泡菜微生物群落的影响

泡菜发酵是一个多种微生物共存的混合发酵体系，不同的发酵蔬菜品种，气候、地域、过程加工的参数均能够影响泡菜发酵过程的微生物群落，最终导致风味、口感、营养的不同。通过操纵这些因素，使微生物群落朝着有利的方向演替，是改造泡菜生产工艺的关键。泡菜中起主要作用的是乳酸菌系^[22]，因此需要调控发酵条件，促进乳酸菌的生长繁殖，并抑制有害微生物的生长。乳酸菌最适宜的温度范围是 26 ~ 30 °C^[23]，在该温度段，乳酸菌生长繁殖最快，产酸率最高。发酵初始时为抑制兼性厌氧细菌和酵母的生长，温度不宜过高，待乳酸积累一定量后，可适当提高温度，发酵结束后应将温度降低，防止产酸过高。杨瑞等发现在发酵温度为 26 °C 时，泡菜中微生物的生长速度远比 18 °C 时快，但乳酸菌此时不能形成生长优势^[24]。

泡菜生产过程需要加入一定量的食盐，泡菜微生物群落成员对食盐浓度的耐受性各不相同。通常乳酸菌能够耐受 8% 的食盐浓度^[25]，发酵泡菜常用的食盐浓度在 3% ~ 6%^[23, 25]，浓度过低时乳酸菌虽然生长迅速，但对有害微生物的抑制不明显，食盐浓度应控制在既能抑制有害微生物又不影响乳酸菌发酵活动的范围之内。尹立端等发现 10% 的食盐能延长异型乳酸菌的发酵时间，较显著抑制真菌和肠道菌的生长，4% 的食盐能缩短异型乳酸菌的发酵时间，较大程度抑制肠道菌和芽孢菌的生长，7% 的食盐腌制的泡菜产品感官评定优于前 2 种^[26]。研究表明在较低温度下发酵，6% 的盐浓度比 8% 的盐浓度能更好地促进乳酸菌的生长^[24]。

pH 是影响微生物生长的重要因子，在泡菜发酵过程中，随着乳酸菌的繁殖，大量分泌乳酸，造成溶液中 pH 值的下降。但在腌制初期，需要控制发酵的初始 pH，抑制其他的杂菌生长，乳酸菌一般能够耐受的

环境 pH 为 1.5 ~ 5^[14, 27]，若酸度低于此范围，便不能生长。黄琴发现添加 0.5% 乳酸能有效地缩短发酵时间，抑制一部分腐败微生物的生长，产品的色香味最好^[28]。

发酵过程中乳酸菌是厌氧菌，而部分有害菌是好氧菌，隔绝空气就可抑制这部分有害菌的活动。真空度越高越有利于对泡菜中乳酸菌的增殖，对泡菜中的其他杂菌的抑制作用越明显^[29]。另外，泡菜生产中加入不同比例的天然物质，可以增进泡菜的风味。添加花椒、大蒜、茴香、辣椒能明显促进乳酸菌生长^[24, 30]，添加花椒同时还能促进酵母的生长^[24]。孙力军等进一步证实大蒜、茴香、辣椒 3 种香辛料主要对明串珠菌和植物乳杆菌有促进作用^[30]。

在发酵初始添加乳酸菌活菌制剂，促使乳酸菌在发酵初始便处于优势地位，缩短发酵周期，也是常用的调控泡菜发酵微生物群落结构的手段。与自然发酵相比，直投乳酸菌剂发酵具有缩短发酵周期，降低发酵盐用量，提高益生菌含量等优点^[31]。目前泡菜直投式菌剂有单独用植物乳杆菌^[32]、嗜酸乳杆菌^[33]或者混合使用多种乳酸菌如：肠膜明串珠菌和植物乳杆菌^[34]、戊糖片球菌和植物乳杆菌^[35]、短乳杆菌和植物乳杆菌^[36]。熊涛等发现相比于自然发酵，直投式发酵菌剂对泡菜微生物群落中病原菌（大肠菌群、沙门氏菌与金黄色葡萄球菌）的生长具有显著抑制作用^[32]。

3 宏基因组学技术在泡菜微生物群落中的应用

近年来，随着高通量测序技术的发展，宏基因组学（也称元基因组学，metagenomics）在分析发酵过程微生物群落变化等方面展现出巨大的优势^[37]。在元基因组学研究中，借助于大规模序列分析，在基因序列分析的基础上，结合生物信息学分析工具和相关数据库，能够发现大量过去无法得到的未知微生物新基因或新的基因簇，这对了解微生物区系组成、进化历程和代谢特点，挖掘具有应用潜力的新基因等都具有重要意义^[38]。目前，宏基因组分析已用于发酵食品中的微生物群落研究方面，Jung 等利用 454GS FLX Titanium 对 Kimchi 发酵过程中微生物群落宏基因组学测序，通过宏基因组序列分析研究了 Kimchi 发酵过程中菌群结构、代谢潜力、群落遗传特征的变化^[21]。但是宏基因组学分析通常仅集中于物种或基因层面，且这些信息是分散的、相互联系较少的，难以得出明确的、全面的结论。而实际的微生物群落中各

个成分是相互作用的,形成一个交错的网络。整合这些宏基因组分析得到的物种和功能基因集合,构建从宏基因组学数据到微生物群落生理特性的联系,并能分析和预测相应的生理功能特点^[39],也是后续工作的热点。随着宏基因组学技术以及系统生物学技术的发展,构建微生物群落水平的代谢网络模型显得至关重要,也成为一种趋势^[39]。目前,该类系统代谢模型已成功用在分析种间共生、竞争、寄生与进化等相互关系^[40]。系统生物学技术研究泡菜发酵过程微生物群落机制的基本路线即通过宏基因组测序,认识泡菜发酵过程的关键微生物以及关键功能基因,在此基础上构建泡菜发酵过程微生物群落规模的代谢网络模型,借助于系统生物学分析方法,解析泡菜发酵过程不同阶段的代谢特性,关键节点等,从而揭示泡菜发酵过程的相关机制。系统生物学技术的应用,将为泡菜的生产工艺现代化、标准化改进提供理论基础,同时也为其他传统酱腌菜研究提供参考。

参 考 文 献

- [1] 李幼筠. 中国泡菜的研究[J]. 中国调味品, 2006(1): 57-63.
- [2] 陈功, 夏有书, 张其圣, 等. 从中国泡菜看四川泡菜及泡菜坛[J]. 中国酿造, 2010(8): 5-8.
- [3] 李文斌, 宋敏丽, 唐中伟, 等. 自然发酵泡菜微生物群落变化的研究[J]. 中国食物与营养, 2008(11): 22-24.
- [4] 钟之绚, 郭剑. 酸白菜发酵中乳酸菌群的分析[J]. 微生物学报, 1995, 35(1): 74-76.
- [5] XIONG T, GUAN Q, SONG S, et al. Dynamic changes of lactic acid bacteria flora during Chinese sauerkraut fermentation[J]. Food Control, 2012, 26(1): 178-181.
- [6] 杨瑞鹏, 赵学慧. 几种酸泡菜中乳酸菌的分离与鉴定[J]. 华中农业大学学报, 1987, 6(4): 346-350.
- [7] 盛海圆, 郭艳萍, 常艳, 等. 传统泡菜中乳酸菌多样性的分析[J]. 中国微生态学杂志, 2010, 22(7): 580-582, 586.
- [8] Kaeberlein T, Lewis K, Epstein S S. Isolating "uncultivable" microorganisms in pure culture in a simulated natural environment[J]. Science, 2002, 296(5 570): 1 127-1 129.
- [9] 代道芳. 基于宏基因组学技术的传统发酵泡菜中乳酸菌多样性研究[D]. 南宁: 广西大学, 2011.
- [10] 付琳琳. 应用 PCR-DGGE 技术分析泡菜中乳酸菌的多样性[D]. 南昌: 南昌大学, 2005.
- [11] 张良, 曾泽生, 邢雅阁, 等. 四川特色泡菜发酵微生物区系状况调查研究[J]. 中国调味品, 2012, 37(11): 43-47.
- [12] 张先琴, 张小平, 敖晓琳, 等. PCR-DGGE 分析四川地区家庭制作泡菜中微生物多样性[J]. 食品科学, 2013, 34(12): 129-134.
- [13] 田伟, 张琦比, 邓珍珍, 等. 利用 16S rRNA 分析传统四川发酵泡菜中的细菌多样性[J]. 食品科学, 2013, 34(17): 215-218.
- [14] 陈功, 张其圣, 余文华, 等. 四川泡菜乳酸菌多样性及其功能特性[J]. 食品与发酵工业, 2013, 39(3): 1-4.
- [15] 张宗舟, 王玉洁, 石宝珍. 泡菜生产的微生物区系分析[J]. 中国酿造, 2014, 33(3): 24-27.
- [16] 曾骏, 陈安均, 蒲彪, 等. 传统四川泡菜中酵母菌的动态变化规律[J]. 食品科学, 2014, 35(7): 81-85.
- [17] YANG H, ZOU H, QU C, et al. Dominant microorganisms during the spontaneous fermentation of Suan Cai, a Chinese fermented vegetable[J]. Food Science and Technology Research, 2014, 20(5): 915-926.
- [18] CHANG J Y, CHANG H C. Improvements in the quality and shelf life of Kimchi by fermentation with the induced bacteriocin-producing strain, *Leuconostoc citreum* GJ7 as a starter[J]. Journal of Food Science, 2010, 75(2): M103-M110.
- [19] 敖晓琳, 蔡义民, 夏姣, 等. 引起泡菜“生花”腐败微生物的分离鉴定[J]. 食品科学, 2013, 34(21): 204-208.
- [20] Lu Z, Breidt F, Plengvidhya V, et al. Bacteriophage ecology in commercial sauerkraut fermentations [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(6): 3 192-3 202.
- [21] Jung J Y, Lee S H, Kim J M, et al. Metagenomic analysis of Kimchi, a traditional Korean fermented food [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, 77(7): 2 264-2 274.
- [22] Daeschel M A, Andersson R E, Fleming H P. Microbial ecology of fermenting plant materials[J]. FEMS Microbiology Letters, 1987, 46(3): 357-367.
- [23] 赵文红, 黄小丹, 范敏华, 等. 自然发酵泡菜中乳酸菌的分离及特性研究(一)[J]. 广州食品工业科技, 2003, 18(1): 77-79.
- [24] 杨瑞, 张伟, 陈炼红, 等. 发酵条件对泡菜发酵过程中微生物菌系的影 [J]. 食品与发酵工业, 2006, 31(3): 90-92.
- [25] 付莎莉, 陈安均, 蒲彪, 等. 食盐浓度对传统四川泡菜发酵过程中乳酸菌菌相的影响[J]. 食品与发酵工业, 2013, 39(8): 102-107.
- [26] 尹利端, 韩北忠, 黄晶晶, 等. 萝卜泡菜发酵过程中食盐对微生物变化的影响[J]. 中国酿造, 2005, 144(3): 19

- 21.
- [27] 彭灯水,颜正财,汤春梅,等. 泡菜优良发酵乳酸菌耐受特性研究[J]. 食品与发酵科技,2010, 46(4):50-52, 55.
- [28] 黄琴. 有机酸对发酵蔬菜品质影响的研究[D]. 重庆: 西南大学,2009.
- [29] 王世宽,冉燃,侯华,等. 减压处理对四川泡菜微生物菌系的影响[J]. 中国酿造,2009, 202(1):101-102, 104.
- [30] 孙力军,张中,孙德坤,等. 4种香辛料对泡菜发酵过程中乳酸菌生长的影响[J]. 食品与发酵工业, 2004,30(8):22-24, 29.
- [31] 唐雪鹭. 直投式乳酸菌剂发酵泡菜的研究现状及展望[J]. 中国调味品,2012,37(12):1-4.
- [32] 熊涛,关倩倩,谢明勇. 直投式与传统发酵泡菜工艺中病原菌的变化规律[J]. 食品科学,2012, 33(13):140-143.
- [33] 方义川,杨虹坤,何谦,等. 直投式乳酸菌发酵剂的研制[J]. 现代食品科技,2012,28(8):990-994.
- [34] 寿禹亮,刘丽波,李艾黎,等. 直投式发酵剂生产四川泡菜的研究[J]. 食品工业科技,2012, 33(8):236-238.
- [35] 赵爽,孙娟,刘书亮,等. 泡菜直投式乳酸菌发酵剂的制备[J]. 食品工业科技,2014,35(17):171-175, 179.
- [36] 贺稚非,向瑞玺,李洪军,等. 泡菜活性直投式乳酸菌发酵剂的研究[J]. 食品科学,2006, 27(8):191-197.
- [37] Handelsman J, Rondon M R, Brady S F, et al. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products[J]. Chemistry and Biology,1998, 5(10):R245-R249.
- [38] Kunin V, Copeland A, Lapidus A, et al. A bioinformatician's guide to metagenomics[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews,2008,72(4):557-578.
- [39] Zengler K, Palsson B O. A road map for the development of community systems (CoSy) biology[J]. Nature Reviews Microbiology,2012,10(5):366-372.
- [40] Lewis N E, Nagarajan H, Palsson B O. Constraining the metabolic genotype-phenotype relationship using a phylogeny of in silico methods[J]. Nature Reviews Microbiology,2012,10(4):291-305.

Structure and variation mechanism of microbial community in Chinese sauerkraut fermentation: a review

ZOU Wei, ZHAO Chang-qing, ZHAO Xing-xiu, ZHANG Jing

(Sichuan University of Science & Engineering, College of Bioengineering, Zigong 643000, China)

ABSTRACT In this article, we reviewed recent researches on the microbial community in Chinese sauerkraut fermentation, with emphasis on the composition and variation of microbial community in Paocai and influence of the outer factors on the microbial community in Paocai and how to use these factors in Paocai production. Further, we made a perspective on the application of metagenomics and systems biology approaches on the mechanism of microbial community in Paocai fermentation.

Key words Paocai; microbial community; lactic acid bacteria; metagenomics