

DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20250220002

引用格式: 马妮, 彭亚鹏, 罗荣爱, 等. 云南省市售花生酱、芝麻酱中的细菌菌群分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2025, 16(16): 140–148.

MA N, PENG YP, LUO RAI, *et al.* Analysis of bacterial flora in peanut butter and sesame paste sold in Yunnan Province [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2025, 16(16): 140–148. (in Chinese with English abstract).

云南省市售花生酱、芝麻酱中的细菌菌群分析

马妮^{1,2}, 彭亚鹏¹, 罗荣爱¹, 汤晓召¹, 杨菁¹, 何玉凤¹, 范璐^{1,2*}

[1. 云南省疾病预防控制中心(云南省预防医学科学院), 昆明 650500;

2. 云南省公共卫生与生物安全重点实验室, 昆明 650500]

摘要: 目的 利用 16S rRNA 基因序列分析探究云南省市售花生酱及芝麻酱中细菌菌群构成及丰度、不同样本间物种组成和群落结构差异。**方法** 对 160 份云南省畅销花生酱、芝麻酱及混合酱中细菌菌群的 16S rRNA V4 区域进行扩增子测序并进行物种组成分析、物种丰度聚类分析、物种系统发生关系和多样性分析。

结果 特征序列分析发现芝麻酱所含特征序列数量最多, 花生酱次之, 混合酱最少。菌群组成分析发现这些特征序列主要来自变形菌门、蓝藻门、厚壁菌门, 属水平分析识别出的前 35 个属中包含李斯特菌属(*Listeria*)、埃希氏菌属/志贺氏菌属(*Escherichia-Shigella*)、梭菌属(*Clostridium_sensu_stricto_1*)、芽孢菌属(*Bacillus*)、弧菌属(*Vibrio*)、链球菌属(*Streptococcus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、气单胞菌属(*Aeromonas*)等。 α 多样性组间差异分析表明花生酱和芝麻酱物种多样性差异显著($P<0.05$)。**结论** 花生酱、芝麻酱、混合酱中细菌组成各不相同, 芝麻酱物种丰度最高。属水平识别出的前 35 个属中有 12 个属包含了能使人致病的种, 存在一定食品安全隐患, 生产企业和食品监管部门应引起重视。本研究为食品安全监管部门提供参考, 为坚果酱类食品的微生物安全标准制定提供了重要数据支撑。

关键词: 花生酱; 芝麻酱; 细菌菌群; α 多样性

Analysis of bacterial flora in peanut butter and sesame paste sold in Yunnan Province

MA Ni^{1,2}, PENG Ya-Peng¹, LUO Rong-Ai¹, TANG Xiao-Zhao¹, YANG Jing¹,
HE Yu-Feng¹, FAN Lu^{1,2*}

[1. Yunnan Center for Disease Control and Prevention (Yunnan Academy of Preventive Medicine), Kunming 650500, China; 2. Yunnan Provincial Key Laboratory of Public Health and Biosafety & Health Laboratory Center, Kunming 650500, China]

ABSTRACT: Objective To explore the bacterial community composition and abundance, as well as inter-sample variations in species composition and community structure in commercially available peanut butter and sesame paste

收稿日期: 2025-02-20

基金项目: 云南省医学高端人才培养计划项目(L-2024020); 云南省疾病预防控制中心(云南省预防医学科学院)自立立项科研项目(YNAPM2025-005)

第一作者: 马妮(1993—), 女, 硕士, 主管技师, 主要研究方向为食品安全检测。E-mail: 1052543614@qq.com

*通信作者: 范璐(1983—), 女, 硕士, 副主任技师, 主要研究方向为食品微生物检测与食物中毒检测。E-mail: 273886578@qq.com

sold in Yunnan Province using 16S rRNA gene sequence analysis. **Methods** A total of 160 samples encompassing best-selling peanut butter, sesame paste, and mixed spreads from Yunnan Province were subjected to 16S rRNA V4 region amplicon sequencing. Subsequent analyses included species composition profiling, abundance clustering, phylogenetic relationships, and diversity assessments. **Results** Characteristic sequence analysis revealed that sesame paste contained the highest number of characteristic sequences, followed by peanut butter, while mixed paste had the least. Bacterial community composition analysis indicated that these unique sequences predominantly belonged to the phyla Proteobacteria, Cyanobacteria and Firmicutes. At the genus level, the top 35 identified genera included *Listeria*, *Escherichia-Shigella*, *Clostridium_sensu_stricto_1*, *Bacillus*, *Vibrio*, *Streptococcus*, *Pseudomonas* and *Aeromonas*. α diversity analysis demonstrated significant differences in species diversity between peanut butter and sesame paste ($P < 0.05$). **Conclusion** Distinct bacterial compositions are observed among peanut butter, sesame paste, and mixed spreads, with sesame paste exhibiting the highest species abundance. Among the top 35 identified genera, 12 are known to include pathogenic species, posing potential food safety risks. It is imperative for manufacturers and regulatory authorities to address these concerns to ensure consumer safety. This study provides a reference for food safety regulatory authorities and offered important data support for the establishment of microbiological safety standards for nut butter products.

KEY WORDS: peanut butter; sesame paste; bacterial community; α -diversity

0 引言

芝麻酱和花生酱均属于常见的籽类及坚果加工食品调味品,富含蛋白质、不饱和脂肪酸、多种维生素等营养元素且食用口感浓郁、细腻,深受大众喜爱,在全球范围内有广泛的消费市场^[1]。云南省位于中国西南边陲,气候复杂且民族众多,各地各个民族都有着自己的地方特色食品^[2],特别是在气候炎热的地方喜欢食用凉拌食品,如云南地方特色食品凉米线、凉卷粉中的配料会大量用到花生酱和芝麻酱,另外,烧饵块和火锅的蘸料中也普遍用到花生酱和芝麻酱^[2]。花生酱、芝麻酱原料经过高温炒制、磨酱,以及酱本身的高脂、低水分环境不能支持大多数微生物的生长,通常被视为低风险产品。然而,花生酱等低水分食品引发的食源性疾病爆发事件时有发生^[3-4]。一般来说,细菌,包括一些食源性致病菌,在花生酱、芝麻酱等低水分食品中比在高水分食品中更耐热^[5]。这些低水分食物环境使得细菌在较长时间内处于休眠状态^[6-7]。另外这类食品通常具有较长的保质期,因此在全球供应链以及消费者购买以后保存时间较长。一旦发生细菌污染,这些细菌可能存在于产品的整个保质期内。然而花生酱、芝麻酱相关的食品安全标准中只是对耐高脂肪、低水分环境的沙门氏菌做了限制^[8],除此之外还有很多耐高温、高压、干燥的重要病原菌,如芽孢菌属、梭菌属等没有纳入食品安全风险监测项目中。

16S rRNA 位于原核细胞核糖体小亚基上,包括 10 个保守区域和 9 个高变区域,其中保守区在细菌间差异不大,高变区具有属或种的特异性,随亲缘关系不同而有一定的差异^[9-10]。因此,16S rRNA 可以作为揭示生物物种的特征

核酸序列,被认为是最适于细菌系统发育和分类鉴定的指标。16S rRNA 扩增子测序,通常是选择某个或某几个变异区域,利用保守区设计通用引物进行聚合酶链反应扩增,然后对高变区进行测序分析和菌种鉴定,16S rRNA 扩增子测序技术已成为研究样本中微生物群落组成结构的重要手段^[11-13]。因此,本研究通过对 160 份云南省市售花生酱、芝麻酱的 16S rRNA V4 区域进行扩增子测序对其细菌菌群组成、多样性等进行综合分析,了解云南省市售花生酱和芝麻酱的菌群组成情况以发现微生物污染风险,科学评估云南省花生、芝麻酱食品安全现状,为食品安全监管部门提供参考,为坚果酱类食品的微生物安全标准制定提供重要数据支撑。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在云南省包含昆明、大理、红河、普洱 4 个州市市场上共采集了 160 份样品,其中包括花生酱(HSJ) 79 份,芝麻酱(ZMJ) 55 份,花生芝麻混合酱(以下简称混合酱,HHJ) 26 份。

1.2 16S rRNA 基因高通量测序及分析

按国家食品安全风险评估中心《2023 年国家食品污染物和有害因素风险监测工作手册》(内部资料)中的扩增子项目操作流程,对样品进行分装送诺禾致源公司基于 illumina NovaSeq 测序平台进行 16S rRNA V4 区域扩增子测序和分析。 α 多样性是指一个特定区域或者生态系统内的多样性^[14],本研究中为从市场上采集到的 160 份样品。覆盖度指数用于评估本次花生酱、芝麻酱测序样本的序列覆盖度,测序覆盖度越高,覆盖度指数越大;直观观测到的物种数

和 Chao1 指数只表示物种的丰富度, Chao1 指数与样品中微生物群落丰度成正相关^[9]; Shannon 指数和 Simpson 指数表示物种的丰富度和均匀度, 数值越大, 微生物种类越丰富^[15]。使用 QIIME2 的 classify-sklearn 算法对每个特征序列(amplicon sequence variant, ASV)进行物种注释(注释数据库为: Silva 138.1), 根据 ASVs 注释结果和各样品特征表, 获得界、门、纲、目、科、属、种水平物种丰度表。基于不同分类水平的物种注释结果, 选取每个样本或分组在各分类水平(门、纲、目、科、属、种)上最大相对丰度排名前 10 的物种, 并将其余的物种设置为其他, 绘制出各样品(组)对应的物种注释结果在不同分类层级上的相对丰度柱形图, 根据该类图可以直观呈现两方面信息, 一方面是 3 个分组各样本在分类层级上含哪些优势物种, 另一方面是这些样本中各优势物种的相对丰度^[16]。用群落热图呈现群落物种组成及丰度信息, 反映不同分组(或样本)在各分类学水平上(本研究选择属水平进行展示)群落组成的相似性和差异性^[17]。 β 多样性是指不同环境群落之间的物种差异^[18], 主要通过计算加权 unifrac 距离、非加权 unifrac 距离、杰卡德距离、布雷柯蒂斯距离, 对各样本组物种相似性或差异性进行评估分析^[19-20]。

1.3 数据处理

利用统计学软件 SPSS 26 对数据进行显著性比较分析, 组间比较采用 χ^2 检验, 以 $P < 0.05$ 为差异具有统计学意义。使用在线网站(<https://magic.novogene.com/customer/main#/homeNew>)绘制韦恩图、物种丰度柱形图、热图、主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)图、箱形图及系统发育树。

2 结果与分析

2.1 16S rRNA 测序结果统计与多样性分析

2.1.1 特征序列分析

本研究在所有样本中测得 1600 多万条去除嵌合体之后的序列, 每个样本有 51215~190115 条序列(平均值 102849), 平均长度在 248.61~253.68 bp 之间, 嘌呤-胞嘧啶含量在 50.98%~55.46%之间, Q20、Q30 均在 90%以上。根据质控后的有效标签, 使用 QIIME 2 软件中的 DADA2 模块进行降噪, 并过滤掉丰度小于 5 的序列, 从而获得最终的 9115 条 ASVs, 其中花生酱中测得 4212 条 ASVs, 芝麻酱中测得 5218 条 ASVs, 混合酱中测得 1389 条 ASVs。

2.1.2 α 多样性分析

160 份花生酱、芝麻酱样本中覆盖度指数均大于 0.99, 表明本次测序结果已足够反映花生酱、芝麻酱样本所包含的微生物多样性, 测序深度为后续生物信息学分析提供较高的可信度。直观观测到的物种数目(也即操作分类单元, operational taxonomic units, OTUs), 160 份样本中抽取的 OTUs 数相差较大, 花生酱样品中 OTUs 数最多为 362, 最

少为 19, 芝麻酱样品中 OTUs 数最多为 551, 最少为 15, 混合酱样品中 OTUs 数最多为 317, 最少为 23, 表明各组样本之间的细菌菌群多样性差异较大。根据样品种类分组用各样本 OTUs 数作散点图(图 1), 经 T -test 检验对花生酱、芝麻酱、混合酱 3 组样本 OTUs 数进行组间差异分析, 结果显示, 花生酱与芝麻酱 OTUs 数差异具有统计学意义($P < 0.05$)。

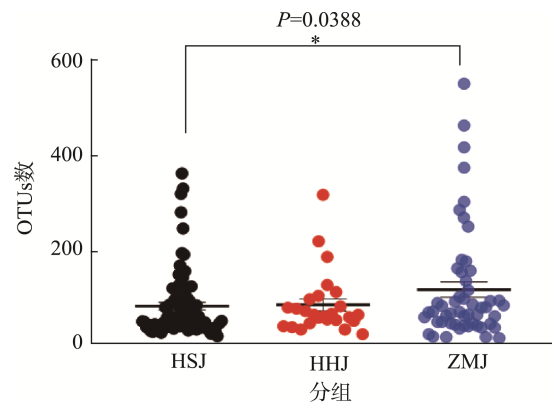


图 1 3 组样本中 OTUs 数分析图

Fig.1 OTUs number analysis diagram in 3 groups of samples

α 多样性指数组间差异分析中, 箱形图可以直观地反映组内物种多样性的中位数、离散程度、最大值、最小值、异常值。通过 Kruskal-Wallis 秩和检验分析花生酱、芝麻酱和混合酱组间物种多样性差异, 由图 2 可看出花生酱和芝麻酱物种多样性差异显著($P < 0.05$)。

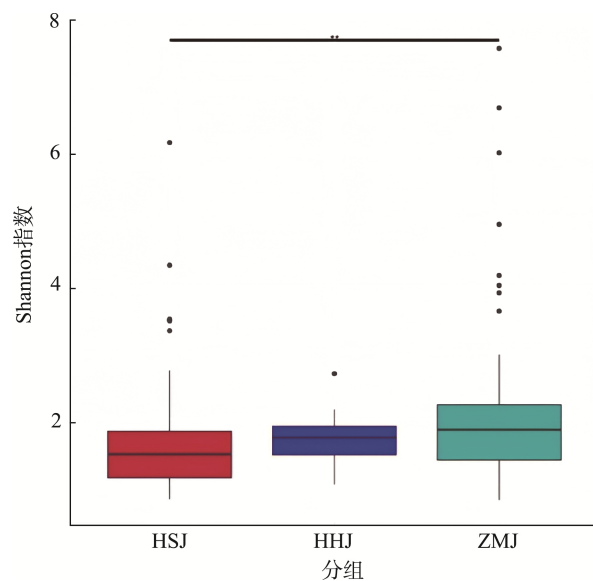


图 2 α 多样性指数组间差异箱形图

Fig.2 Box plot of inter group differences in α diversity index

2.2 物种组成分析

2.2.1 物种韦恩图分析

韦恩图可用于统计多组或多个样本中所共有的和独

有的物种数目, 根据所得到的特征序列进行 Venn 分析, 可直观展示不同种类样品的共有、特有的特征序列数目^[21]。由图 3 可看出, 花生酱特有的特征序列有 2967 个, 芝麻酱特有序列为 3978 个, 混合酱仅为 815 个。花生酱、芝麻酱和混合酱样品共有特征序列数量为 349 个, 占 3 种样品总序列数的 3.83% (349/9115); 花生酱和芝麻酱样品共有特征序列数量为 1130 个, 占两种样品总序列数的 13.61% (1130/8300); 花生酱和混合酱样品共有特征序列数量为 464 个, 占两种样品总序列数的 9.21% (464/5037); 芝麻酱和混合酱样品共有特征序列数量为 459 个, 占两种样品总序列数的 7.47% (459/6148)。

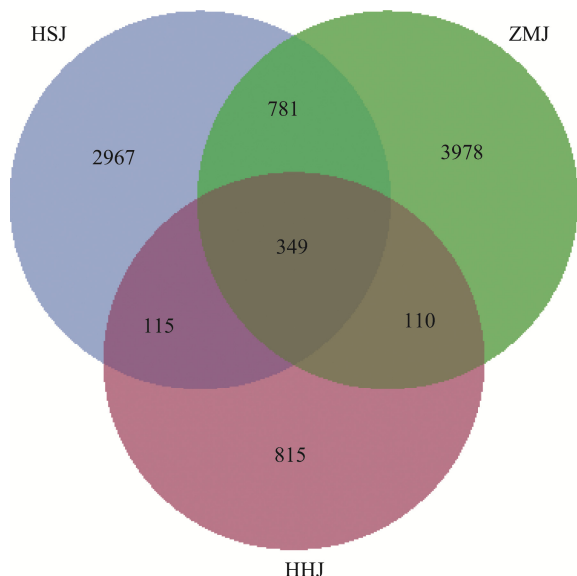


图 3 芝麻酱、花生酱、混合酱特征序列韦恩图
Fig.3 Venn diagram of characteristic sequences of sesame paste, peanut butter and mixed sauce

2.2.2 菌群组成分析

根据门水平物种注释结果, 本研究发现 160 份样品中共鉴定到 50 个细菌门, 其中花生酱鉴定到 38 个门, 芝麻酱 43 个门, 混合酱 29 个门。根据样品类别来看, 3 组样品中鉴定到相对丰度大于 1% 的 3 个优势细菌门(图 4), 平均相对丰度最高的细菌为蓝藻门(Cyanobacteria, 57.40%), 相对丰度较高的有变形菌门(Proteobacteria, 37.64%)和厚壁菌门(Firmicutes, 4.01%), 这些优势细菌门占总序列的 99.05%左右。

根据属水平物种注释结果(图 5), 花生酱中前 10 位菌属组成百分比分别为: 未被分类的蓝藻细菌(55.08%)、代尔夫特菌属(20.55%)、未被分类的 *Mitochondria* 属(15.31%)、寡养单胞菌属(3.15%)、联合乳杆菌属(1.49%)、乳杆菌属(0.50%)、不动杆菌属(0.44%)、链球菌属(0.33%)、肠球菌属(0.18%)、拟杆菌属(0.14%); 芝麻酱中前 10 位菌属组成百分比分别为: 未被分类的蓝藻细菌(52.19%)、未

被分类的 *Mitochondria* 属(19.04%)、代尔夫特菌属(12.01%)、联合乳杆菌属(2.69%)、寡养单胞菌属(1.70%)、链球菌属(1.49%)、芽孢杆菌属(1.29%)、乳杆菌属(0.90%)、罗尔斯通菌属(0.89%)、不动杆菌属(0.58%); 混合酱中前 10 位菌属组成百分比分别为: 未被分类的蓝藻细菌(64.90%)、未被分类的 *Mitochondria* 属(21.01%)、代尔夫特菌属(12.07%)、寡养单胞菌属(0.47%)、李斯特菌属(0.30%)、罗尔斯通菌属(0.15%)、芽孢杆菌属(0.08%)、假单胞菌属(0.07%)、泛菌属(0.06%)、鞘氨醇单胞菌属(0.04%)。

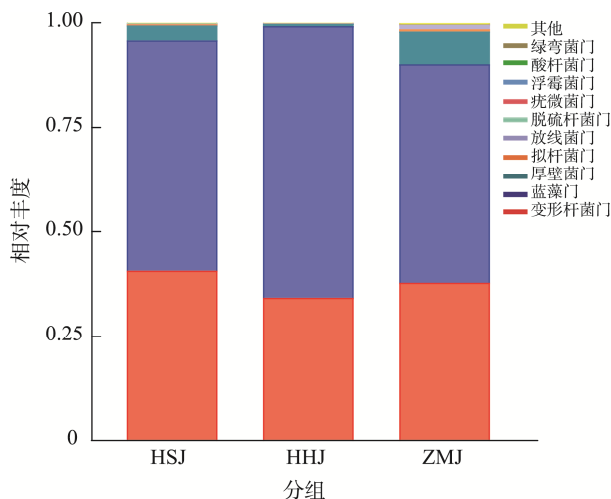


图 4 门分类水平各组样本优势细菌分布
Fig.4 Distribution of dominant bacteria in samples from each group at phylum level

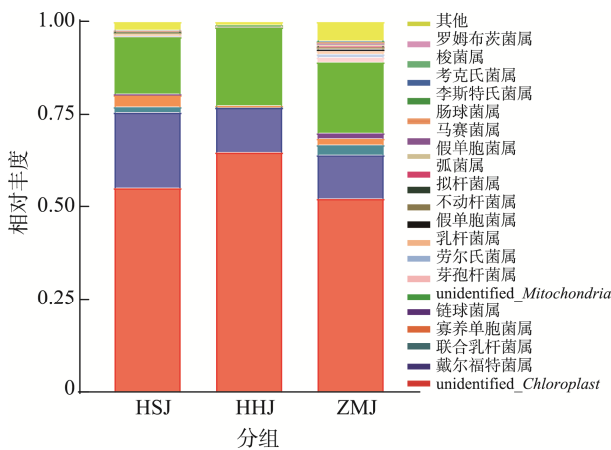


图 5 属分类水平各组样本优势菌分布情况
Fig.5 Distribution of dominant bacteria in samples of each group at genus level

2.2.3 物种丰度聚类分析

样本与物种关系主要由物种丰度聚类分析通过丰度聚类热图表示。根据所有样本在属水平的物种注释及丰度信息, 选取丰度排名前 35 的属, 进行聚类绘制成群落热图

(如图 6 所示), 图中颜色越深表示该物种聚集越多。从图中 6 可看出 3 组样品物种聚集差异较大, 均有物种出现不同程度聚集, 但集中在不同区间。花生酱中, 埃希氏菌属/志贺氏菌属(*Escherichia-Shigella*)、巨单胞菌属(*Megamonas*)、梭菌属 (*Clostridium_sensu_stricto_1*)、粪杆菌属 (*Faecalibacterium*)、罗氏菌属(*Romboutsia*)、代尔夫特菌属 (*Delftia*)、拟杆菌属(*Bacteroides*)等 11 个属聚集较多, 芝麻酱中弧菌属(*Vibrio*)、芽孢菌属(*Bacillus*)、气单胞菌属

(*Aeromonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、链球菌属 (*Streptococcus*)、乳杆菌属(*Limosilactobacillus*)等 14 个属聚集较多, 而混合酱中优势菌属为李斯特菌属(*Listeria*)和未被分类的蓝藻细菌(*Chloroplast*), 其他物种较分散。值得注意的是, 其中李斯特菌属、埃希氏菌属/志贺氏菌属、梭菌属、罗氏菌属、粪杆菌属、芽孢菌属、弧菌属、链球菌属、假单胞菌属、气单胞菌属、不动杆菌属、肠球菌属共 12 个属中包含有能使人致病的菌种。

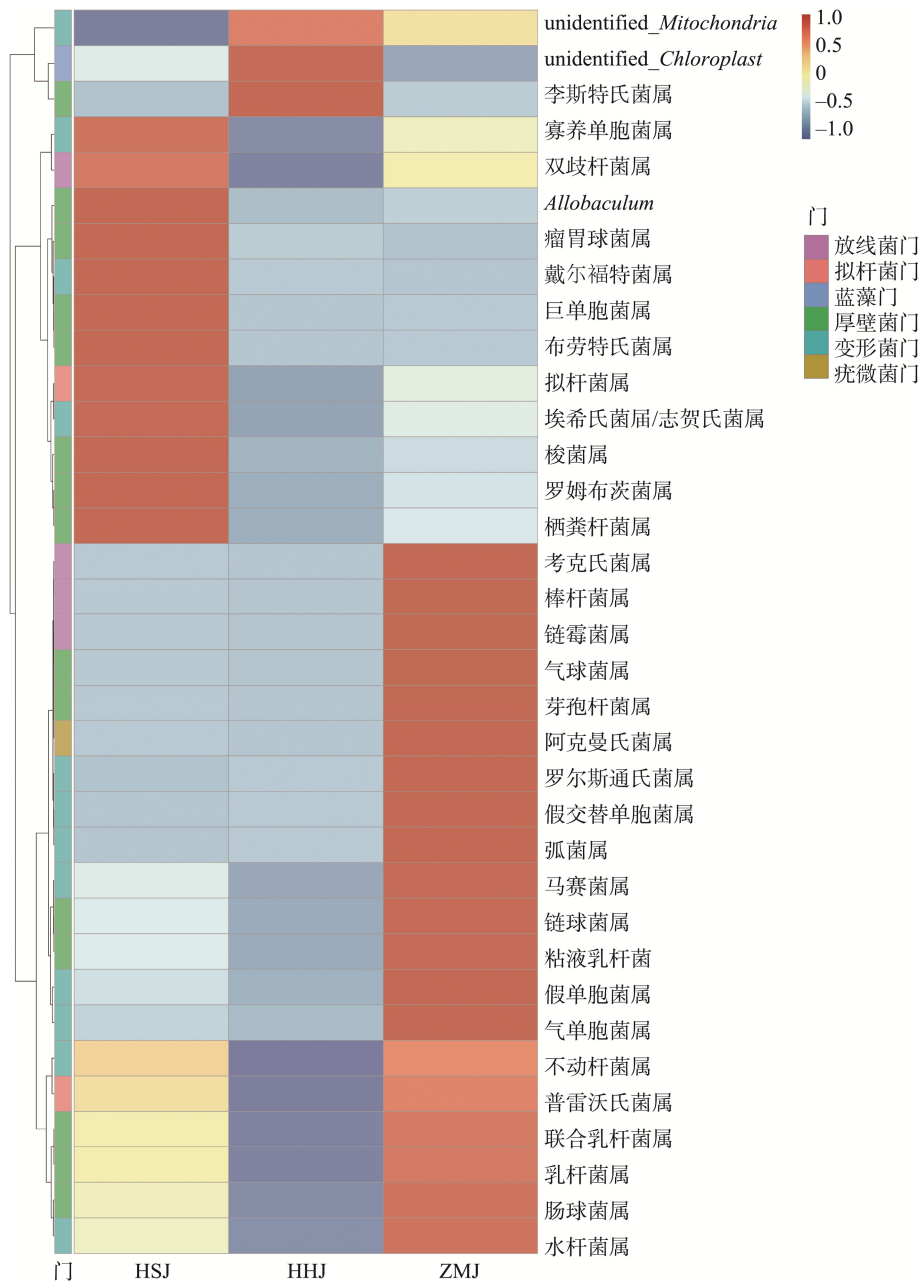


图 6 芝麻酱、花生酱属水平物种丰度聚类热图

Fig.6 Cluster heatmap of species abundance at the level of sesame paste and peanut butter genus

2.3 物种发育分析

为了进一步研究物种的发育分析关系, 绘制进化树能更直观地呈现其结果^[17], 本研究选择属水平进行。通过多序列比对得到排名前 100 属的代表序列, 如图 7 所示, 从门水平来看, 排名前 100 属物种聚集在蓝藻门、变形杆菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、疣微菌门、弯曲菌门、脱硫杆菌门 8 个门。花生酱、芝麻酱、混合酱 3 种类型样品中物种主要聚集在蓝藻门和变形杆菌门, 3 种类型样品在厚壁菌门中物种丰富度很高, 共识别到 43 个属, 但丰度却大大降低。

从样品类型看, 花生酱、芝麻酱、混合酱 3 种类型样品中物种主要聚集 3 个不同分支, 即未被分类的

Mitochondria 属、未被分类的 *Chloroplast* 属和戴尔福特菌属, 未被分类的 *Mitochondria* 属属于变形菌门 α 变形菌纲立克次氏体目中一种原核微生物, 未被分类的 *Chloroplast* 属属于蓝细菌门中一种常见细菌, 代尔夫特菌属属于变形杆菌门 γ -变形菌纲伯克氏菌目丛毛单胞菌科, 这与属分类水平物种丰度注释结果一致。

2.4 样本比较分析

本研究采用 PCoA 分析, 探究 3 组样本间菌群构成情况。结果显示(图 8), 3 组样本中各样本点间距离较大, 表明各组内菌群构成差异较大, 且 3 组样本间也存在一定距离, 花生酱、芝麻酱和混合酱群落呈分离状态, 提示 3 组样本的群落构成具有较大差异。

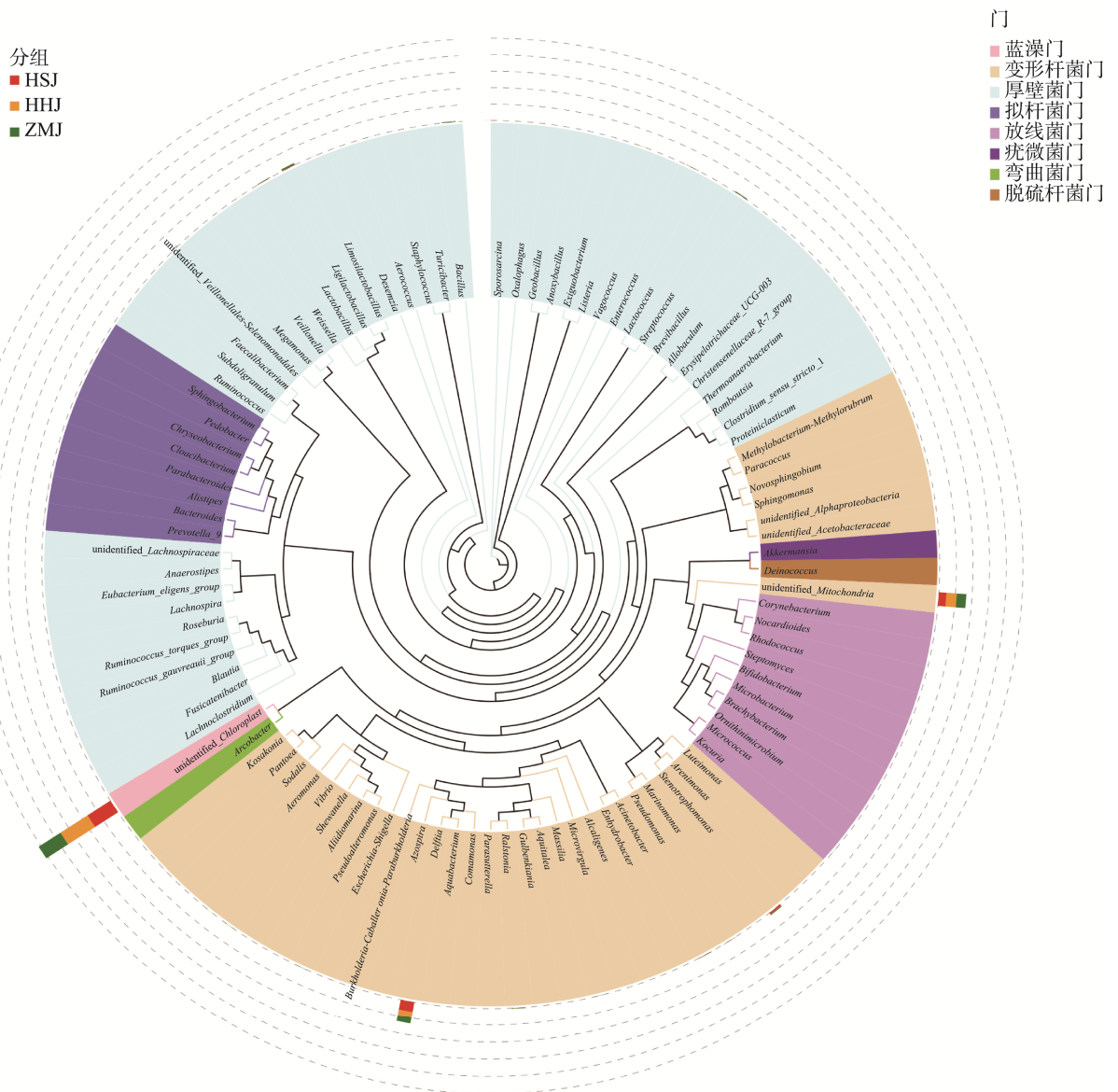


图 7 属水平物种系统发育树
Fig.7 Phylogenetic tree on genus level

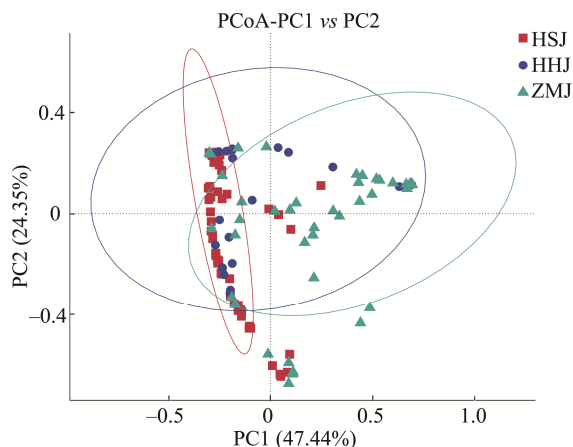


图 8 二维 PCoA 图
Fig.8 Two dimensional PCoA diagram

采用 Anosim 分析检验组间的差异是否显著大于组内差异,从而判断分组是否有意义^[22],并通过 Bray-Curtis 方法进行组间差异显著性检验。由表 1 可知, R 均大于 0,说明组间差异大于组内差异,且组间差异具有统计学意义(P 均小于 0.05)。

表 1 物种差异分析统计表

Table 1 Statistical table of species difference analysis

| 分组 | R | P |
|------------|---------|-------|
| HSJ vs HHJ | 0.14840 | 0.012 |
| HSJ vs ZMJ | 0.52430 | 0.001 |
| HHJ vs ZMJ | 0.06339 | 0.042 |

3 讨论

本研究韦恩分析表明花生酱、芝麻酱和混合酱样品细菌构成不甚相同,且芝麻酱样品所含的细菌种类最丰富,而混合酱样品中细菌种类丰度明显减少,这可能与混合酱制作工艺差异有关^[23-25]。物种组成分析发现花生酱、芝麻酱和混合酱中蓝藻门都占有绝对优势,这一研究结果与王鸣秋等^[26]对婴幼儿羊奶粉及米粉的研究结果一致,除此之外其他食品中蓝藻门丰度相对较高的有雷山鱼酱酸中^[15]、腌制臭鸡蛋中^[27]、川味发酵香肠中^[28]、新疆伊犁地区哈萨克族和柯尔克孜族的传统谷物发酵饮料中^[29]。花生酱、芝麻酱和混合酱中蓝藻门都占有绝对优势可能是因为花生酱、芝麻酱、混合酱的主要原料为花生/芝麻,花生属于豆科植物^[30],芝麻属于油料作物^[31],皆是一年生草本植物,具有固氮作用,蓝藻有很多种类(如螺旋藻)与固氮作用密不可分,因此花生/芝麻作为原料在加工过程中不可避免地带入较多的蓝藻^[32]。另一种可能是生产用水被蓝藻污

染,导致最终产品含有较多蓝藻,这些推测有待进一步证实。此外,厚壁菌门和变形菌门为优势菌门,这与汤晓召等^[2]研究结果一致。变形菌门是细菌中最大的一门,具有极为多样的形状和丰富的物种遗传多样性,包括很多可以进行固氮的细菌,同时也包括很多病原菌,通常是细菌性食物中毒的主要污染源^[9,29],花生酱、芝麻酱中该类细菌为优势菌,提示需加强对该类细菌中致病菌的监测。厚壁菌门细胞壁厚含肽聚糖量高,能够形成芽孢,在强碱性、高温、寒冷、高压和高盐等极端环境中都能生长^[33-34],推测花生、芝麻酱在生产过程中的高温、干燥环境使得这类细菌成为优势菌。3 组样品属水平物种丰度聚类热图中显示的物种聚集较多的李斯特菌属、埃希氏菌属/志贺氏菌属、梭菌属、罗氏菌属、粪杆菌属、芽孢杆菌属、弧菌属、链球菌属、假单胞菌属、气单胞菌属、不动杆菌属、肠球菌属中都包含有能使人致病的菌种,提示花生酱、芝麻酱有原料污染风险或卫生控制漏洞。企业应加强花生、芝麻原料的食源性致病菌筛查,优化灭菌工艺,食品安全监管部门应建立该产品致病菌快速检测标准,尤其重点关注李斯特菌属、埃希氏菌属/志贺氏菌属、产气荚膜梭菌、蜡样芽孢杆菌等高风险病原体。

4 结论

本研究以芝麻酱、花生酱为研究对象,在 4 个州市的市场上采集 160 份样本包含了花生酱、芝麻酱和花生/芝麻混合酱 3 种类型样本,对其 16S rRNA V4 区域进行扩增子测序并进行细菌群落组成和多样性分析,结果发现,3 组样本中特征序列数芝麻酱最多,花生酱居中,混合酱显著减少;3 组样本中细菌主要来自于变形菌门、蓝藻门、厚壁菌门,属水平分析发现 3 组样本菌群丰度存在较大差异,识别出的前 35 个优势菌属中有 12 个属包含有能使人致病的种(致病菌种属占比 34.3%),包含了易引发食物中毒的李斯特菌属,被列为肠道致病菌的埃希氏菌/志贺氏菌属,有产毒素风险的梭菌属,包含霍乱病原体的弧菌属等。这些结果表明花生酱、芝麻酱加工过程中存在多重微生物污染风险,生产企业需加强原料筛选和加工环境微生物管控,食品监管部门应重视对芝麻酱、花生酱终产品的致病菌风险监测。本研究下一步计划对花生酱、芝麻酱进行宏基因组测序分析,进一步解析菌群功能特征。

参考文献

- 施梦娇. 复合低脂芝麻酱的研制及稳定性研究[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2022.
- SHI MJ. Preparation and stability of compound low-fat sesame paste [D]. Hefei: Hefei University of Technology, 2022.
- 汤晓召, 杨祖顺, 何玉凤, 等. 昆明市售花生酱和芝麻酱的菌相初步分

- 析[J]. 食品安全质量检测学报. 2019, 10(22): 7665–7668.
- TANG XZ, YANG ZS, HE YF, *et al.* Bacterial community of peanut butter and sesame paste in Kunming market [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2019, 10(22): 7665–7668.
- [3] WHITNEY BM, PALACIOS A, WARREN B, *et al.* An Investigation of *Salmonella* senftenberg illnesses in the United States linked to peanut butter-2022 [J]. *Foodborne Pathogens and Disease*, 2024. doi: 10.1089/fpd.2024.0089
- [4] RACHON G, PEÑALOZA W, GIBBS PA. Inactivation of *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* and *Enterococcus faecium* NRRL B-2354 in a selection of low moisture foods [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2016, 231: 16–25.
- [5] JIN Y, PICKENS SR, HILDEBRANDT IM, *et al.* Thermal inactivation of *Salmonella* Agona in low-water activity foods: Predictive models for the combined effect of temperature, water activity, and food component [J]. *Journal of Food Protection*, 2018, 81(9): 1411–1417.
- [6] 钟超, 任媛媛, 鲁安怀, 等. 低能量环境中微生物生存策略[J]. 微生物学报, 2024, 64(12): 4480–4503.
- ZHONG C, REN YY, LU ANH, *et al.* Survival strategies of microorganisms in low-energy environments [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2024, 64(12): 4480–4503.
- [7] TAYLOR MH, TSAI HC, RASCO B, *et al.* Stability of *Listeria monocytogenes* in wheat flour during extended storage and isothermal treatment [J]. *Food Control*, 2018, 91: 434–439.
- [8] 匡燕云, 马淑棉, 牛娜, 等. GB 29921—2021《食品安全国家标准 预包装食品中致病菌限量》浅析[J]. 中国标准化, 2023(20): 130–135.
- KUANG YY, MA SM, NIU N, *et al.* Brief analysis of GB 29921—2021, *National standard for food safety—Pathogens standard for prepackaged foods* [J]. *China Standardization*, 2023(20): 130–135.
- [9] 宋相宇, 李鸣, 王虎虎, 等. 高通量测序分析白切鸡菌群多样性[J]. 食品科学, 2020, 41(17): 246–252.
- SONG XY, LI M, WANG HH, *et al.* Analysis of bacterial community diversity of soft-boiled chicken by high-throughput sequencing [J]. *Food Science*, 2020, 41(17): 246–252.
- [10] MOLANO LAG, VEGA-ABELLANEDA S, MANICHANH C. GSR-DB: A manually curated and optimized taxonomical database for 16S rRNA amplicon analysis [J]. *MSystems*, 2024, 9(2): e00950–23.
- [11] HOU X, WANG Y, CUIZHI LI, *et al.* Establishment of molecularbiological method for identification of bacteria by 16S rDNA and gyrBgene [J]. *Asian Agricultural Research*, 2023, 15(4): 21–25.
- [12] YOUSSEF N, SHEIK CS, KRUMHOLZ LR, *et al.* Comparison of species richness estimates obtained using nearly complete fragments and simulated pyrosequencing-generated fragments in 16S rRNA gene-based environmental surveys [J]. *Applied Environmental Microbiology*, 2009, 75(16): 5227–5236.
- [13] 徐越, 王芳妹, 李政, 等. 基于 16S rRNA 测序技术分析桶装水中野生铜绿假单胞菌的系统发育[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(20): 89–94.
- XU Y, WANG FM, LI Z, *et al.* Phylogenetic analysis of wild *Pseudomonas aeruginosa* in bottled water based on the 16S rRNA sequencing technology [J]. *Journal of Food Safety & Quality*, 2024, 15(20): 89–94.
- [14] ZHUOXIN L, JIE Z, HAO L, *et al.* Differences in alpha diversity of gut microbiota in neurological diseases [J]. *Frontiers in Neuroscience*, 2022, 16: 879318.
- [15] 张莉娟, 谷新晰, 孙记录, 等. 雷山鱼酱酸中微生物多样性及品质特性分析[J]. 中国食品学报, 2022, 22(4): 350–359.
- ZHANG LJ, GU XX, SUN JL, *et al.* Analysis of microbial diversity and quality characteristic of Leishan fish sauce acid [J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2022, 22(4): 350–359.
- [16] LU Y, CHEN J, ZHENG J, *et al.* Mucosal adherent bacterial dysbiosis in patients with colorectal adenomas [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 26337.
- [17] ZHOU YJ, LI JH, ROSS FRIEDMAN C, *et al.* Variation of soil bacterial communities in a chronosequence of rubber tree (*Hevea brasiliensis*) plantations [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 849.
- [18] JIN S, ZHAO D, CAI C, *et al.* Low-dose penicillin exposure in early life decreases Th17 and the susceptibility to DSS colitis in mice through gut microbiota modification [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7: 43662.
- [19] LOZUPONE C, LLADSER ME, KNIGHTS D, *et al.* UniFrac: An effective distance metric for microbial community comparison [J]. *The ISME Journal*, 2011, 5(2): 169–72.
- [20] LOZUPONE CA, HAMADY M, KELLEY ST, *et al.* Quantitative and qualitative β -diversity measures lead to different insights into factors that structure microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(5): 1576–1585.
- [21] JI P, RHOADS WJ, EDWARDS MA, *et al.* Impact of water heater temperature setting and water use frequency on the building plumbing microbiome [J]. *ISME Journal*, 2017, 11(6): 1318–1330.
- [22] SONG C, WANG B, TAN J, *et al.* Comparative analysis of the gut microbiota of black bears in China using high-throughput sequencing [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2017, 292(2): 407–414.
- [23] 巩阿娜, 刘红芝, 刘丽, 等. 花生酱制备工艺、品质分析及安全性评价研究进展[J]. 食品科学, 2015(13): 272–275.
- GONG AN, LIU HZ, LIU L, *et al.* Research progress on preparation technology, quality analysis and safety evaluation of peanut butter [J]. *Food Science*, 2015(13): 272–275.
- [24] 张浩玉, 麻琳, 孙强, 等. 加工工艺对芝麻酱稳定性的影响[J]. 食品工业科技, 2021(8): 42–48.
- ZHANG HY, MA L, SUN Q, *et al.* Effect of processing technology on the stability of sesame paste [J]. *Food Industry Science and Technology*, 2021(8): 42–48.
- [25] 刘素慧, 汪学德, 马宇翔, 等. 芝麻花生酱的制备及其流变学性质的研究[J]. 中国油脂, 2019, 44(2): 141–146.
- LIU SH, WANG XD, MA YX, *et al.* Study on preparation and rheological

- properties of sesame peanut butter [J]. *China Oils and Fats*, 2019, 44(2): 141–146.
- [26] 王鸣秋, 杨硕, 刘艳, 等. 婴幼儿羊奶粉及米粉中的细菌多样性分析[J]. *现代食品科技*, 2020, 36(2): 137–143.
- WANG MQ, YANG S, LIU Y, *et al.* Analysis of bacterial diversity in infant goat milk powder and rice flour [J]. *Modern Food Science and Technology*, 2020, 36(2): 137–143.
- [27] 陈伟, 李杨, 谷新晰, 等. 腌制臭鸡蛋中微生物多样性分析及关键物质含量测定[J]. *食品科学*, 2020, 41(22): 158–165.
- CHEN W, LI Y, GU XX, *et al.* Diversity of microbial community and key substances in naturally fermented stinky egg [J]. *Food Science*, 2020, 41(22): 158–165.
- [28] 赖茂佳, 牟燕, 易宇文, 等. 川味发酵香肠微生物多样性及风味物质相关性分析[J]. *食品工业科技*, 2025, 46(6): 303–314.
- LAI MJ, MOU Y, YI YW, *et al.* Correlation analysis between microbial diversity and flavor compounds in Sichuan fermented sausage [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2025, 46(6): 303–314.
- [29] 刘亚男, 张龔, 吴江超, 等. 新疆伊犁地区民族传统谷物发酵饮料的微生物多样性及功能预测[J/OL]. *食品与发酵工业*, 1–10. [2025-04-04]. DOI: 10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039254
- LIU YN, ZHANG Y, WU JC, *et al.* Microbial diversity analysis and function prediction of ethnic minority cereal fermented beverages in Yili, Xinjiang [J/OL]. *Food and Fermentation Industries*, 1–10. [2025-04-04]. DOI: 10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039254
- [30] 中国科学院中国植物志编辑委员会. *中国植物志*[M]. 北京: 科学出版社, 2004.
- Editorial Committee of *Flora of China*, Chinese Academy of Sciences. *Flora of China* [M]. Beijing: Science Press, 2004.
- [31] 宋国辉, 芦鑫, 孙强, 等. 芝麻组分对芝麻酱贮藏稳定性的影响[J]. *食品工业科技*, 2017, 38(18): 25–29, 35.
- SONG GH, LU X, SUN Q, *et al.* Effect of sesame components on storage stability of sesame paste [J]. *Food Industry Science and Technology*, 2017, 38(18): 25–29, 35.
- [32] 张敏, 张艳, 黄丽丽, 等. 基于16S rDNA高通量测序方法比较新疆西北部地区乳品中微生物的多样性[J]. *食品科学*, 2017, 38(20): 27–33.
- ZHANG M, ZHANG Y, HUANG LL, *et al.* Microbial diversity of dairy products in northwestern Xinjiang based on 16S rDNA high-throughput sequencing [J]. *Food Science*, 2017, 38(20): 27–33.
- [33] 赵凤, 李小义, 张效平, 等. 鲟鱼发酵过程中微生物的演替变化分析[J]. *食品科学技术学报*, 2019, 37(3): 67–75.
- ZHAO F, LI XY, ZHANG XP, *et al.* Analysis of microbial succession during sturgeon fermentation [J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2019, 37(3): 67–75.
- [34] 戴利铭, 李岚岚, 刘一贤, 等. 解淀粉芽孢杆菌生防菌 BS-3 全基因组测序及生物信息分析[J]. *微生物学通报*, 2021, 48(6): 2073–2088.
- DAI LM, LI LL, LIU YX, *et al.* Genome sequencing and bioinformatics analysis of *Bacillus amyloliquefaciens* strain BS-3 [J]. *Microbiology Bulletin*, 2021, 48(6): 2073–2088.

(责任编辑: 韩晓红 蔡世佳)