罗银梅, 叶振峰, 乔朝晖, 等. 冷鲜猪肉贮藏过程中细菌与真菌群落演替分析 [J]. 食品工业科技, 2026, 47(10): 355−364. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025040158

LUO Yinmei, YE Zhenfeng, QIAO Zhaohui, et al. Analysis of Bacterial and Fungal Community Successionduring Cold Storage of Pork[J]. Science and Technology of Food Industry, 2026, 47(10): 355−364. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025040158

· 贮运保鲜 ·

冷鲜猪肉贮藏过程中细菌与真菌群落演替分析

罗银梅[1,2], 叶振峰[3], 乔朝晖[1], 吕文涛[2], 马灵燕[2], 肖英平[2,*]

（1.宁波大学食品科学与工程学院, 浙江 宁波 315000;
2.浙江农业科学院农产品质量安全全国重点实验室, 农产品质量安全与营养研究所, 浙江 杭州 310000;
3.宁海县动物卫生监督所, 浙江 宁波 315000）

摘　要: 为揭示冷鲜猪肉在贮藏过程中微生物菌群结构的变化规律，本试验将猪肉置于 4 ℃ 贮藏保存，分别在第 0、1、3、5、7 d 各取 5 份样品，测定其菌落总数、霉菌和酵母菌总数及挥发性盐基氮含量的变化，并进一步通过细菌 16S rRNA 基因和真菌 ITS 高通量测序技术分析菌群结构的变化。结果显示：在整个贮藏过程中，菌落总数和挥发性盐基氮含量均呈上升趋势，分别从 3.88 lg CFU/g、5.77 mg/100 g 增加至 6.83 lg CFU/g、23.26 mg/100 g（P<0.05），霉菌和酵母菌总数呈现先升高后降低的趋势，贮藏 3 d 时显著增加为 2.71 lg CFU/g（P<0.05）；真菌和细菌的丰富度 Chao1 和多样性 Shannon 指数均显著降低（P<0.05），β-多样性分析显示不同贮藏时间冷鲜猪肉的菌群结构显著差异（P<0.05）。在贮藏阶段环丝菌属（*Brochothrix*）显著增加（P<0.05），至 7 d 时，环丝菌属的相对丰度达到 70.56%，成为优势菌属，而乳球菌属（*Lactococcus*）和不动杆菌属（*Acinetobacter*）显著降低（P<0.05）；在真菌属水平上，*Kurtzmaniella*、德巴利氏酵母属（*Debaryomyces*）、曲霉菌属（*Aspergillus*）、线黑粉酵母属（*Filobasidium*）和假丝酵母属（*Candida*）为优势菌属，其中 *Kurtzmaniella* 相对丰度随着贮藏时间的延长显著增加（P<0.05），而假丝酵母属、线黑粉酵母属和曲霉菌属等相对丰度显著减少（P<0.05）。Spearman 分析显示，细菌环丝菌属和乳球菌属分别与真菌 *Kurtzmaniella*、假丝酵母属表现出较强的正相关关系。本研究表明环丝菌属、乳球菌属、不动杆菌属和真菌 *Kurtzmaniella*、假丝酵母属是导致冷鲜猪肉在贮藏过程中肉变质的主要微生物，研究结果为延长冷鲜猪肉的货架期和品质控制提供理论基础。

关键词: 冷鲜猪肉, 贮藏, 细菌, 真菌, 菌群结构, 优势菌

中图分类号: TS251.5+1　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1002−0306(2026)10−0355−10

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2025040158　　本文网刊:

Analysis of Bacterial and Fungal Community Succession during Cold Storage of Pork

LUO Yinmei[1,2], YE Zhenfeng[3], QIAO Zhaohui[1], LÜ Wentao[2], MA Lingyan[2], XIAO Yingping[2,*]

（1.College of Food Science and Engineering, Ningbo University, Ningbo 315000, China;
2.National Key Laboratory of Agricultural Product Quality and Safety, Institute of Agricultural Product Quality Safety and Nutrition, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310000, China;
3.Ninghai County Animal Health Supervision Office, Ningbo 315000, China）

Abstract: To reveal the change pattern of microbial community structure in fresh pork during storage, samples were stored

收稿日期: 2025−04−14

基金项目: 浙江省自然科学基金（LR25C170001）。

作者简介: 罗银梅（1998−）, 女, 硕士研究生, 研究方向: 食品微生物, E-mail: 1546579621@qq.com。

*** 通信作者:** 肖英平（1984−）, 男, 博士, 研究员, 研究方向: 畜产品质量安全研究, E-mail: ypxiaozju@126.com。

at 4 ℃ in this experiment. Five samples were collected at 0, 1, 3, 5, and 7 days respectively. The changes in the total number of colonies, the total number of mold and yeast, and the content of volatile basic nitrogen were measured. Furthermore, the bacterial 16S rRNA genes and fungal ITS high-throughput sequencing were further used to analyze the changes in the structure of microbial flora. The results showed that throughout the storage period, both the TVC and TVB-N content exhibited upward trends, increasing from 3.88 lg CFU/g and 5.77 mg/100 g to 6.83 lg CFU/g and 23.26 mg/100 g, respectively (P<0.05). The mold and yeast counts showed a trend of first increasing and then decreasing, with a significant increase to 2.71 lg CFU/g observed at 3 days of storage (P<0.05). Both Chao1 richness and Shannon diversity indices of bacteria and fungi exhibited significant declines (P<0.05). The β-diversity analysis revealed that the structures of bacteria and fungi were significantly difference across storage periods (P<0.05). At the genus level, the relative abundance of *Brochothrix* increased significantly during the storage stage and reached to 70.56%, becoming the dominant genus at Day 7, while *Lactococcus* and *Acinetobacter* showed marked depletion (P<0.05). Fungal communities were predominated by *Kurtzmaniella*, *Debaryomyces*, *Aspergillus*, *Filobasidium*, and *Candida*. Notably, the relative abundance of *Kurtzmaniella* increased significantly with prolonged storage (P<0.05), contrasting with reductions in *Candida*, *Filobasidium*, and *Aspergillus* (P<0.05). Spearman correlation analysis demonstrated significant positive correlations between the bacterial genera *Brochothrix* and *Lactococcus* and the fungal genera *Kurtzmaniella* and *Candida*, respectively. This study highlights *Brochothrix*, *Lactococcus*, *Acinetobacter*, and the fungal taxa *Kurtzmaniella* and *Candida* as critical contributors to chilled pork spoilage. These findings provide a theoretical foundation for optimizing shelf-life extension and quality control strategies in chilled pork preservation.

Key words: chilled pork; storage; bacteria; fungi; community structure; dominant bacterium

冷鲜猪肉作为全球消费量最大的肉类之一[1], 其丰富的蛋白质、脂类、矿物质和维生素等营养成分在满足人体营养需求的同时, 也为微生物增殖提供了理想基质。尤其是必需营养素和高水分的协同作用, 导致新鲜猪肉极易发生腐败变质。在肉类腐败的复杂机制中, 微生物群落演替被认为是核心诱因, 其中贮藏时间作为影响肉类中微生物生长的重要因素之一[2], 会通过影响微生物的生长代谢显著改变冷鲜猪肉的货架期。微生物的生长会引起猪肉颜色、气味、质地和其他腐败特性的变化[3−4]。然而目前对冷鲜肉腐败机制的研究主要集中在细菌的种类、生长特性及其对肉类品质的影响上[5], 值得注意的是, 真菌在食品腐败过程中的作用被长期忽视。相较于细菌, 真菌在空气中的传播范围更广[6], 已有研究在腐烂的食品中检测到霉菌和酵母菌[7], 并在香肠[8]、核桃[9] 和大麦[10] 等食品中检测到真菌的多样性, 但在冷鲜肉贮藏过程中真菌群落动态及其细菌的关系尚未见报道。

目前冷藏和冷冻是肉类储存中最常用的两种条件, 其中冷藏通过抑制酶活性和微生物生长, 延长猪肉保质期, 故被广泛应用于其贮藏[11]。而猪肉含有丰富的营养基质, 即使在冷藏条件下, 微生物的生长代谢活动仍难以完全抑制[12]。冷鲜猪肉在贮藏期间, 微生物通过分解利用碳水化合物、蛋白质、核酸和脂类等营养成分, 释放胺类、吲哚、硫化物等腐败代谢产物, 进而影响肉品质量和安全性[13]。研究表明, 在低温贮藏条件下, 猪肉腐败状况与微生物的类型和数量有关[14], 如 Li 等[15] 在腐败猪肉中检测到大量的假单胞菌(*Pseudomonas*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)和发光杆菌属(*Photobacterium*)。因此, 监测冷鲜猪肉在贮藏过程中细菌群落和真菌群落的演替与互作, 对于识别关键腐败菌群的主要来源、延长猪肉保质期及开发精准抑腐策略具有重要意义。基于此, 本研究利用高通量测序技术对冷鲜猪肉贮藏过程中细菌和真菌群落变化进行分析, 系统解析了 4 ℃ 贮藏条件下冷鲜猪肉表面细菌和真菌菌群结构的演替规律, 通过构建微生物互作网络模型, 阐明了关键腐败细菌和真菌的互作关系, 为冷鲜肉的防腐保鲜和品质控制提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

鲜猪肉(后腿肉) 购自杭州农贸综合市场; 无菌生理盐水(0.9% NaCl)、平板计数琼脂、马铃薯葡萄糖琼脂 杭州微生物试剂有限公司; 硼酸、盐酸 分析纯, 西陇科学股份有限公司; 琼脂糖 西班牙 Biowest 公司。

Kjeltec 9 凯氏定氮仪 Foss 公司; 5427R 高速离心机 Eppendorf(德国); SW-CF-IF 超净工作台 苏州安泰空气技术有限公司; HYCD-290 冰箱 海尔公司; i100Illumina Miseq 型测序仪 Illumina 公司。

1.2 实验方法

1.2.1 样品分组与包装 取当天同一屠宰批次的猪肉, 在无菌操作室内将猪肉平均分成 25 份, 每份 100 g, 放入聚乙烯材质的无菌袋中(320 mm×200 mm), 手动排出袋内空气进行封口包装[15], 置于 4 ℃ 冰箱贮藏, 在 0、1、3、5、7 d 取样待测, 每个时间点取 5 个重复。

1.2.2 菌落总数和挥发性盐基氮的测定 菌落总数、霉菌和酵母菌总数分别参照 GB 4789.2-2022《食品安全国家标准 食品微生物学检验 菌落总数测定》[16]、GB 4789.15-2016《食品安全国家标准 食品微

生物学检验 霉菌和酵母计数》[17] 方法测定。挥发性盐基氮（Total Volatile Base Nitrogen, TVB-N）参照 GB 5009.228-2016《食品安全国家标准 食品中挥发性盐基氮的测定》[18] 方法测定。

1.2.3　微生物基因组 DNA 提取及扩增子测序　使用 FastLee DNA Kit for Feces 试剂盒（Thermo Scientific）提取猪肉中微生物基因组 DNA，并利用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测提取的 DNA 浓度。以引物 515 F 和 907 R 对细菌 16S rRNA 基因的 V3~V4 区进行 PCR 扩增及以引物 ITS3F-ITS4R 对真菌 ITS 的 3F-4R 区进行 PCR 扩增。PCR 反应程序为：98 ℃ 1 min，98 ℃ 10 s，50 ℃ 30 s，72 ℃ 60 s，重复 30 个循环后，72 ℃ 5 min。

1.2.4　生物信息学分析　采用 NEB Next® UltraTM Ⅱ DNA 构建试剂盒生成测序文库，在 Illumina 平台对文库进行测序，同时对序列质量进行质控过滤。序列分析由 UPARSE 软件包进行，相似度为 100% 的序列被分配到相同的扩增子序列变体（Amplicon Sequence Variant, ASV），并使用 uclust 为每个有代表性的序列注释分类信息。为了计算 Alpha 多样性，对 ASV 表进行稀释，并使用 QIIME2 检验分析微生物组成的多样性指数，包括 ASV 数量、Chao 1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数。Beta 多样性通过 Bray-Curtis 距离进行主坐标分析（Principal Co-ordinates Analysis, PCoA）。

1.3　数据处理

使用 SPSS 27.0 软件进行单因素方差分析（One-way ANOVA），Duncan 法多重比较，显著水平为 $P<0.05$，结果以均值±标准差表示，并使用 GraphPad Prism 9.5 软件绘制图。筛选相对丰度大于 0.01% 的菌属，结合非参数检验与线性判别分析（Linear Discriminant Analysis, LDA），通过 LEfSe 分析组间菌群丰度的差异（LDA>2，$P<0.05$），进一步利用 Gephi 软件以 Spearman 相关系数（$|r|>0.8$，$P<0.05$）绘制菌群之间相关性网络图。

2　结果与分析

2.1　贮藏过程中菌落总数、霉菌和酵母菌总数的变化

从图 1 看出，在猪肉贮藏过程中，菌落总数呈现动态演替特征。随着贮藏时间的延长菌落总数显著上升（$P<0.05$），在 1~3 d 贮藏期间增长速度最快，至 7 d 时，猪肉样品的菌落总数达到了 6.83 lg（CFU/g）；而霉菌和酵母菌总数呈先升高后降低的趋势，贮藏前期霉菌和酵母菌总数缓慢增加，随着贮藏时间的推移，贮藏 5 d 后开始减少，至贮藏结束时降低为 2.41 lg（CFU/g）。

2.2　贮藏过程中挥发性盐基氮含量的变化

挥发性盐基氮（TVB-N）是衡量肉类新鲜度的重要指标，也是评估猪肉品质的重要参数[19]。如图 2 所示，贮藏前（0 d）猪肉中的挥发性盐基氮含量为

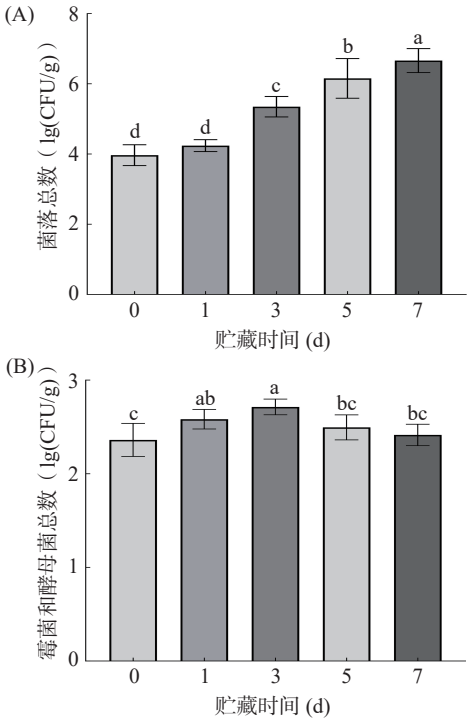


图 1　贮藏期间猪肉中细菌总数（A）、霉菌和酵母菌总数（B）的变化

Fig.1　Changes in TVC (A), TYMC (B) in pork during cold storage

注：不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$），图 2、图 8~图 9 同。

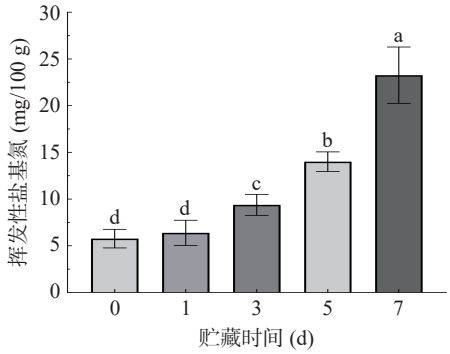


图 2　贮藏期间猪肉中挥发性盐基氮含量的变化

Fig.2　Changes in TVB-N in pork during cold storage

5.77 mg/100 g，随着贮藏时间的延长显著增加（$P<0.05$），至 5 d 和 7 d 时分别增加为 14.01 mg/100 g、23.26 mg/100 g。而 TVB-N 的升高反映蛋白质和非蛋白化合物的降解导致的肉质劣变，主要源于微生物的大量繁殖（菌落总数升高）[20]。猪肉在冷藏 7 d 后的菌落总数（TVC）超过了 6 lg CFU/g 上限，因此，同时使用 TVC 和 TVB-N 作为猪肉腐败判定标准更为可靠。

2.3　贮藏过程中细菌和真菌结构变化

2.3.1　Alpha 多样性分析　Chao 1 指数通常反映物种丰富度，而 Simpson 和 Shannon 指数用于评估微生物群落多样性水平，Shannon 指数越大，同时 Simpson 指数越小则表明群落多样性越高。从表 1 看出，细菌和真菌 ASV 数量、丰富度指数 Chao 1

表 1 冷鲜猪肉在贮藏过程中细菌和真菌 Alpha 多样性

Table 1 Bacterial and fungal Alpha diversity of chilled pork during storage

微生物类别	Alpha多样性指数	样本处理				
		D0	D1	D3	D5	D7
细菌	ASV	308.20±26.60^{a}	178.60±23.12^{bc}	269.40±59.65^{ab}	206.40±19.31^{abc}	129.60±17.08^{c}
	Shannon	3.19±0.19^{a}	2.61±0.11^{b}	2.30±0.26^{b}	2.08±0.09^{b}	1.50±0.15^{c}
	Simpson	0.12±0.02^{c}	0.16±0.01^{c}	0.34±0.05^{b}	0.34±0.02^{b}	0.48±0.03^{a}
	Chao1	310.60±26.60^{a}	181.20±21.96^{bc}	271.20±59.95^{ab}	209.80±19.23^{abc}	130.20±16.79^{c}
真菌	ASV	80.20±34.25^{a}	71.60±22.11^{a}	72.20±12.64^{a}	41.80±10.64^{b}	37.20±9.93^{b}
	Shannon	2.23±1.05^{a}	2.06±0.25^{ab}	1.24±0.39^{bc}	0.80±0.36^{c}	1.19±0.70^{c}
	Simpson	0.30±0.30^{b}	0.30±0.06^{b}	0.58±0.12^{a}	0.71±0.12^{a}	0.58±0.19^{a}
	Chao1	80.20±34.25^{a}	71.60±22.11^{a}	72.20±12.64^{a}	41.80±10.64^{b}	37.20±9.93^{b}

注: D0、D1、D3、D5、D7分别为在4 ℃下贮藏第0、1、3、5、7 d的样品。同行不同小写字母表示差异显著(P<0.05)。

和 Shannon 指数均随贮藏时间的延长呈现波动和下降趋势(P<0.05), 其中细菌和真菌的 ASV 数量和丰富度指数 Chao 1 均在 7 d 时达到最低值(表 1), 说明冷藏会降低冷鲜猪肉中菌群的丰富度。贮藏后期(7 d)细菌的 Shannon 指数达到最低值, 而真菌的 Shannon 指数至 7 d 时出现回升现象, 可能是由于随着贮藏时间的增加, 环境中氧含量逐渐下降, 脂肪、蛋白质等营养物质会因微生物的繁殖被不断消耗, 导致可供细菌利用的资源逐渐减少, 从而适应低氧环境的细菌会通过分泌抗菌物质抑制其他敏感细菌的生长, 导致细菌多样性下降。与此同时, 在低氧环境和营养消耗情况下, 多数真菌(如酵母菌、霉菌)属于兼性厌氧或耐低氧生物, 能分泌更高效的酶类分解剩余的复杂有机物, 更利于真菌的生长[21]。因此, 随着贮藏时间的延长, 冷鲜猪肉表面细菌与真菌的多样性和丰富度下降, 至贮藏第 7 d, 由细菌菌群逐渐演替为真菌菌群主导。

2.3.2 Beta 多样性分析 基于 Bray-Curits 距离的主坐标分析(PCoA)显示, 贮藏时间显著影响冷鲜猪肉表面的微生物群落结构(P<0.05)。细菌群落演替呈现阶段性特征(图 3A): 0 d 和 1 d 的猪肉样品相互聚集, 3 d 和 5 d 的样品相互聚集, 表明它们之间的细菌群落组成较为相似, 贮藏至 7 d 的样品细菌群落结构与其他样品差异较大, 表明后期腐败阶段形成特征菌群; 真菌群落结构变化呈现不同的模式(图 3B), 0 d 样品在 PCoA1 轴上与其他样品间显著分离, 而 1~7 d 样品沿 PCoA2 轴逐步迁移, 形成连续演变轨迹。

2.3.3 菌群组成分析 在门水平上, 变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidota)是冷鲜猪肉贮藏期间的优势细菌菌门, 相对丰度占整个细菌群落的 98.72%(图 4(A))。在贮藏过程中, 厚壁菌门的相对丰度逐渐增加, 从初始贮藏(0 d)的 63.80% 持续上升至贮藏后期(7 d)的 92.16%, 并成为贮藏后期的优势菌门。在属水平上, 贮藏初期(1 d)冷鲜猪肉表面优势菌属为巨球菌属(*Macrococcus*)、乳球菌属(*Lactococcus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)和魏斯氏菌属(*Weissella*), 随着贮藏时间增加, 至贮藏中期(3~5 d)时, 乳球菌属、不动

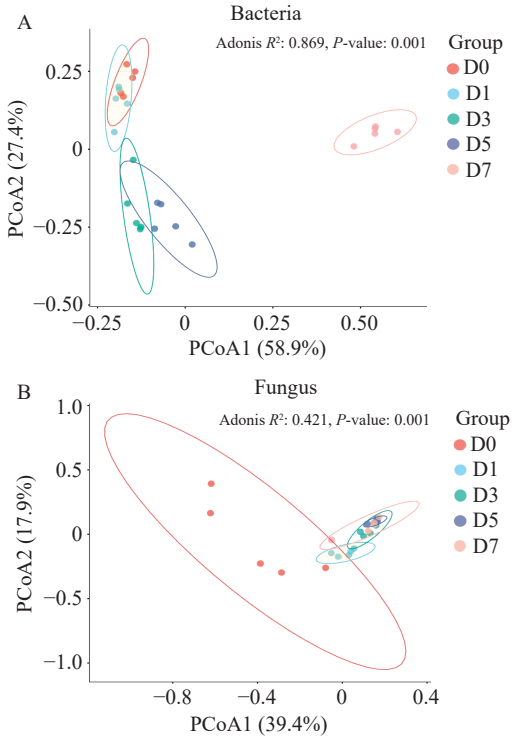


图 3 细菌群落(A)和真菌群落(B)的主坐标分析(PCoA)

Fig.3 Principal coordinate analysis (PCoA) of bacterial (A) and fungal (B) communities

杆菌属和魏斯氏菌属相对丰度逐渐减少, 巨球菌属相对丰度持续上升并占据主导地位, 到贮藏后期(7 d)其优势菌属主要为环丝菌属(*Brochothrix*), 相对丰度可达 70.56%。

如图 5A 所示, 猪肉在整个贮藏过程中的核心真菌主要来源于两个门, 子囊菌门(Ascomycota, 85.71%)和担子菌门(Basidiomycota, 13.03%), 其相对丰度占所有真菌的 98.74%。在贮藏过程中, 子囊菌门的相对丰度持续上升, 并始终维持较高值, 至 7 d 时达到了 94.73%。在属水平上, 贮藏前(0 d)冷鲜猪肉表面优势菌属为 *Kurtzmaniella*、线黑粉酵母属(*Filobasidium*)和曲霉菌属(*Aspergillus*), 贮藏 1 d 后, 逐渐被 *Kurtzmaniella*、德巴利氏酵母属(*Debaryomyces*)和假丝酵母属(*Candida*)占据主导地位, 随着贮藏时间的延长, 至贮藏中后期(3~7 d)时, 冷鲜猪

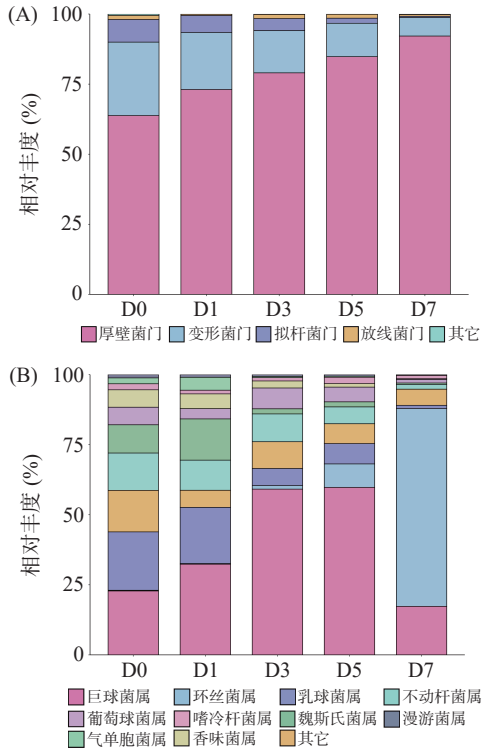


图 4　细菌优势菌门(A)和菌属(B)

Fig.4　Bacterial dominant phylum (A) and genus (B)

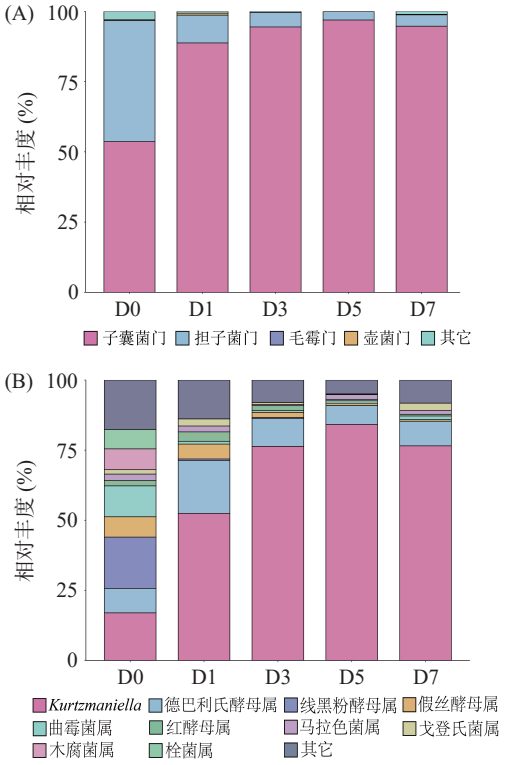


图 5　真菌优势菌门(A)和菌属(B)

Fig.5　Fungal dominant phyla (A) and genera (B)

肉表面的优势菌属为 *Kurtzmaniella* 和德巴利氏酵母属，其中 *Kurtzmaniella* 属的相对丰度在 5 d 时达到最高值(84.14%)，随后开始缓慢下降，至 7 d 时相对丰度为 76.54%。此外，所有样品中均存在的菌属主要为 *Kurtzmaniella* 和假丝酵母属等。

2.3.4　菌群互作网络分析　基于 Spearman 相关系数($|r|$>0.8, P<0.05)分别构建了冷鲜猪肉贮藏过程中细菌与真菌群落的属水平互作网络。细菌群落互作显示，在整个贮藏过程中主要由属于变形菌门和厚壁菌门的细菌菌属构成了密切复杂的网络共生图(图 6)。贮藏前(0 d)冷鲜猪肉表面细菌之间的互作关系较强，联系也更加紧密，而贮藏至 7 d 样品中细菌菌属之间的互作关系减弱，且大部分菌属之间主要呈正相关关系，如不动杆菌属与鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)呈正相关，嗜冷杆菌属与溶杆菌属(*Lysobacter*)呈正相关，而存在负相关关系的菌属相对较少。与细菌群落相比，真菌之间的互作关系相对较弱。贮藏前主要由子囊菌门和担子菌门的菌属构成了网络共生图(图 7)，随着贮藏时间的延长，至贮藏中期猪肉样品中的真菌互作较为活跃，联系也更加紧密，到贮藏后期(7 d)时冷鲜猪肉表面真菌之间的互作减弱，并主要以子囊菌门的 *Kurtzmaniella* 属、曲霉菌属和假丝酵母属等菌属形成紧密的共生网络。

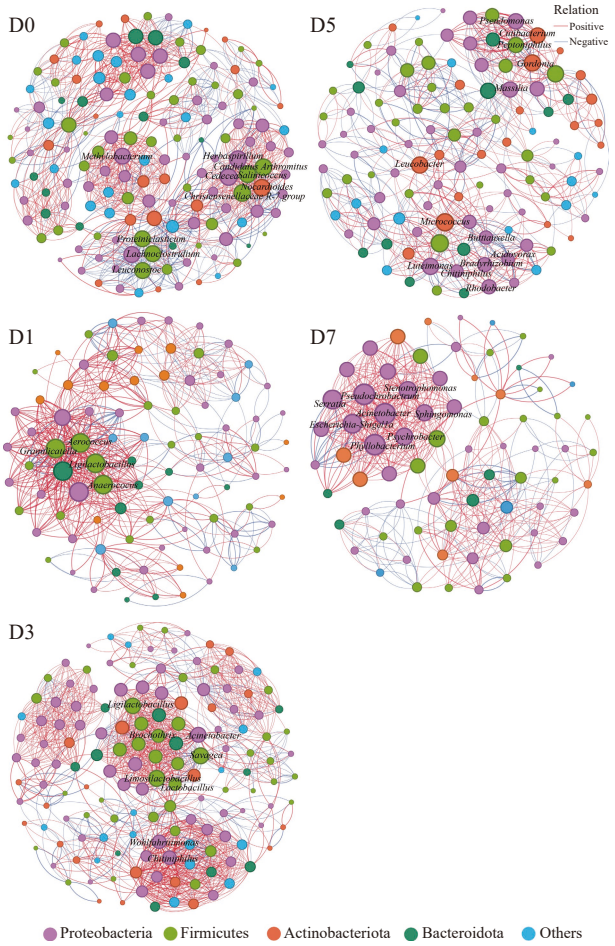


图 6　冷鲜猪肉中细菌互作网络分析

Fig.6　Analysis of bacterial mutualistic networks in chilled pork

注：红色线条表示正相关，蓝色线条表示负相关，图 7 同。

2.3.5　关键差异细菌　为了深入解析微生物群落的动态分布，对细菌属水平上相对丰度大于 0.01% 的菌属进行 LEfSe 分析(LDA>2, P<0.05)，共筛选出 48 个差异细菌菌属(图 8A)。在整个贮藏过程中，环

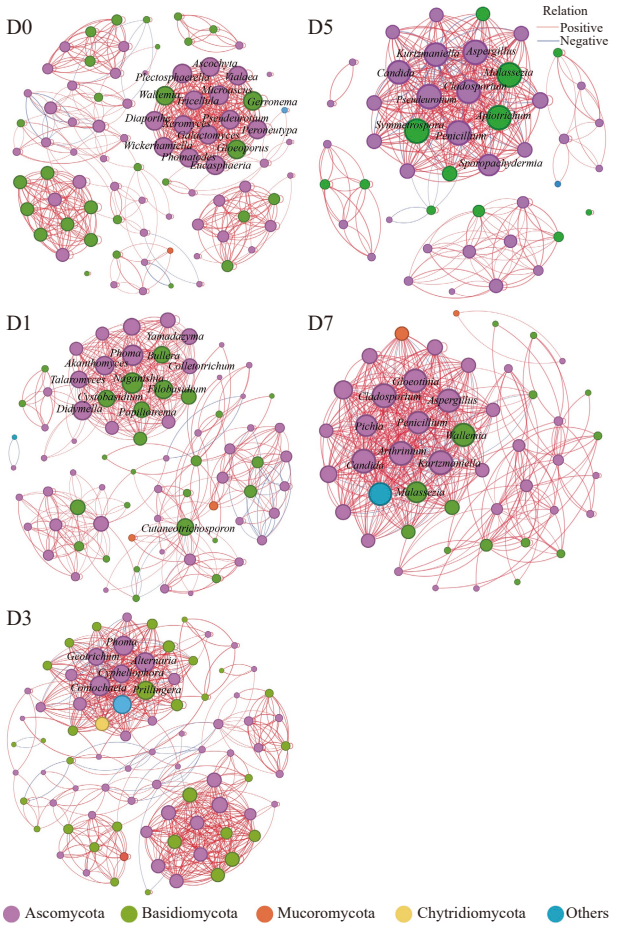


图 7　冷鲜猪肉中真菌互作网络分析

Fig.7　Analysis of fungal mutualistic networks in chilled pork

丝菌属、巨球菌属、乳球菌属、不动杆菌属和假单胞菌属的相对丰度发生显著变化(图 8B)。其中环丝菌属的相对丰度显著增加，贮藏后期达到了 70.56%(P<0.05)，巨球菌属相对丰度在 0~3 d 期间保持增加趋势，至 5 d 开始下降，并在 7 d 时达到了最低值(17.31%)。而假单胞菌属与其相反，其相对丰度则呈现出先下降后上升趋势。此外，乳球菌属和不动杆菌属的相对丰度在整个贮藏过程中显著降低(P<0.05)，可能是由于环丝菌属的迅速增长，导致到贮藏后期时逐渐被环丝菌属所取代。

2.3.6　关键差异真菌　对真菌属水平上相对丰度大于 0.01% 的菌属进行 LEfSe 分析(LDA>2，P<0.05)，共筛选出 7 个差异菌属(图 9A)。在整个贮藏过程中，*Kurtzmaniella* 属和假丝酵母属变化较为显著(P<0.05)，其中 *Kurtzmaniella* 的相对丰度始终保持增加趋势，并在 5 d 时达到了最高值(84.14%)，随后开始缓慢降低，但整体上其相对丰度始终保持较高值。假丝酵母属在贮藏期间其相对丰度显著降低(P<0.05)，至贮藏后期时相对丰度降为 0.59%(图 9B)。

2.3.7　细菌与真菌的关联分析　进一步采用 Spearman 相关性深入分析细菌与真菌在冷鲜猪肉贮藏过程中的互作($|r|$>0.6，P<0.05)，从图 10 可知，在整个贮藏期间，优势腐败真菌 *Kurtzmaniella* 和假丝酵母属在微生物群落互作关系中占据关键地位，与其他多种细菌表现出较强的相互作用。其中贮藏后期的优势腐败真菌 *Kurtzmaniella* 与优势腐败细菌环丝菌属表现出较强的正相关关系(r=0.7044)，与贮藏后

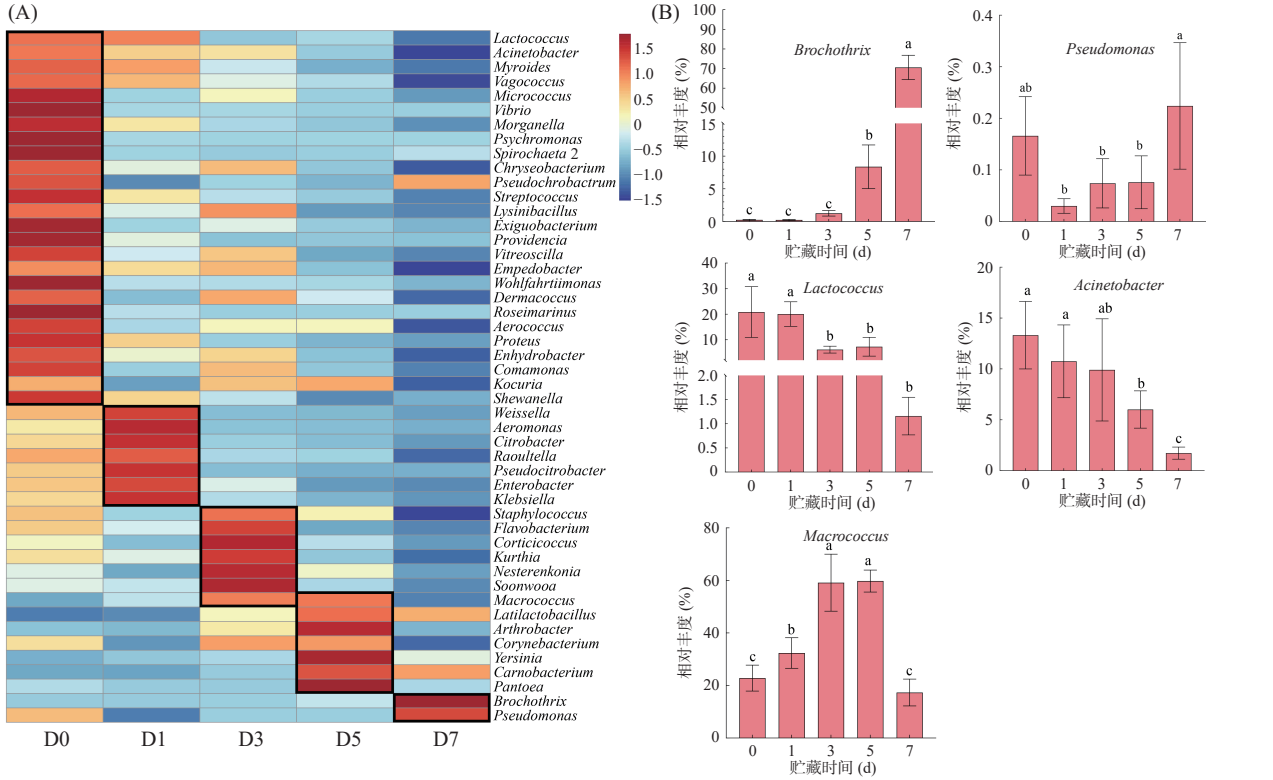


图 8　差异菌细菌菌属热图(A)和优势菌属丰度图(B)

Fig.8　Heat map of differential bacteriophage genera (A) and abundance of dominant genera (B)

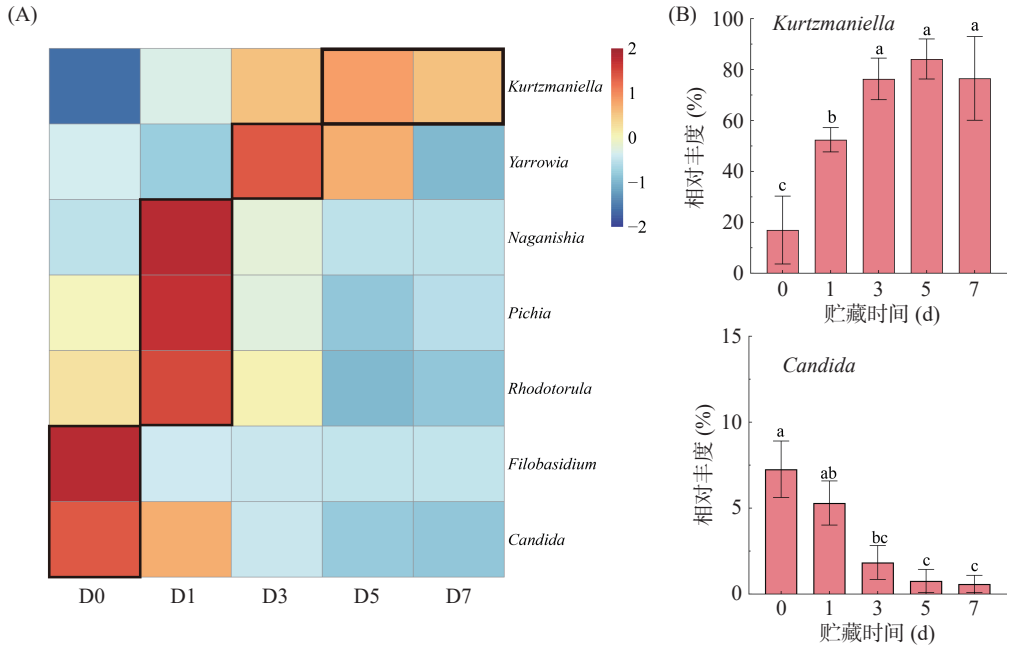


图 9　差异真菌菌属热图(A)和优势菌属丰度图(B)

Fig.9　Heat map of differential fungal genera (A) and abundance of dominant genera (B)

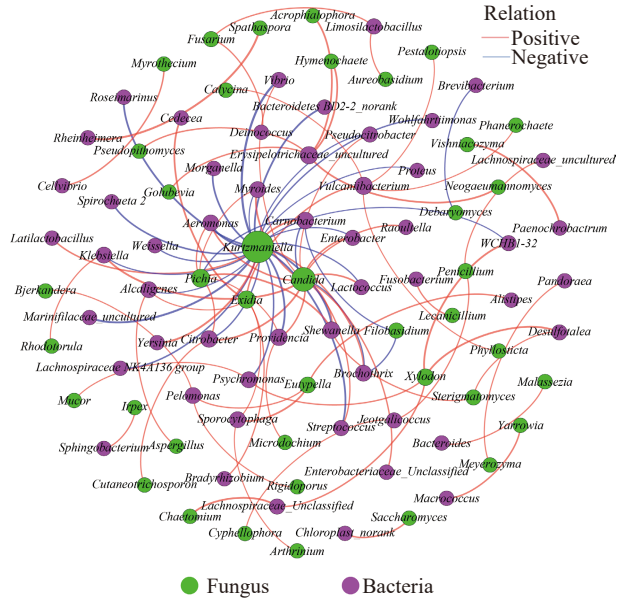


图 10　细菌与真菌相关性分析

Fig.10　Bacterial and fungal correlation analysis

期显著减少的乳球菌属表现出负相关关系(r=−0.6390)。

3　讨论

微生物的污染是导致猪肉腐败变质的主要原因，其数量能够作为判断肉类制品新鲜程度的指标[22]。在本研究中，猪肉的菌落总数呈现出不断增长趋势，贮藏 7 d 时，菌落总数超过了 GB/T 9959.2-2008《分割鲜、冻猪瘦肉》中微生物允许上限 6 lg (CFU/g)，猪肉可能已经发生腐败变质，该研究结果与 Li 等[4] 的结果一致；霉菌和酵母菌总数作为评价猪肉卫生状况和潜在腐败变质风险的重要指标，其生长繁殖需要一定的水分和营养物质等条件[23]。本研究中贮藏初期霉菌和酵母菌因适应贮藏环境而增殖，后期可能因细菌过度繁殖导致营养竞争加剧、代谢产物积累及氧气、水分活度等环境条件改变，从而抑制了霉菌和酵母菌生长，使其数量发生下降[24]。挥发性盐基氮被广泛用于判断肉类和肉制品新鲜度的重要质量指标[19]，在本研究中，挥发性盐基氮含量的上升趋势揭示了鲜猪肉在贮藏期间持续变质，贮藏至 7 d 时，TVB-N 的含量达到了 23.26 mg/100 g，超过了 GB 2707-2016《鲜(冻)畜、禽产品》中规定的腐败限量(≤15 mg/100 g)。此外，TVB-N 的增加与 TVC 的变化呈正相关，与 Wang 等[25] 报道 TVB-N 值的增长趋势与鸡肉贮藏过程中的微生物菌落总数一致，表明冷鲜猪肉在贮藏期间，微生物的污染对其品质影响较大。

肉类在贮藏过程中发生的腐败变质主要归因于特定腐败微生物的生长繁殖，而鲜肉上特定微生物的生长主要是由初始携带的微生物菌群和贮藏时间决定的[26]。因此，为解析贮藏时间影响猪肉腐败进程的微生物机制，本研究进一步利用高通量测序技术对冷鲜猪肉贮藏过程中细菌和真菌群落结构及多样性进行分析。研究表明，随着贮藏时间的延长，猪肉表面微生物多样性及丰富度逐渐降低[27]，本研究结果与之一致。通过对冷鲜猪肉细菌群落的物种组成分析显示，在门水平上，厚壁菌门、变形菌门和拟杆菌门为冷鲜猪肉贮藏期间的优势菌门，这与以往的研究结果一致[28]。在属水平上，不动杆菌属、巨球菌属、乳球菌属和环丝菌属在整个贮藏过程中相对丰度较高，不动杆菌属、假单胞菌属、泛菌属和环丝菌属已被证实是猪肉贮藏过程中的优势腐败菌[29]，表明贮藏期间猪肉出现变质。不动杆菌属作为革兰氏阴性好氧菌，属于条件致病菌，其相对丰度快速降低可能与贮藏后期假单胞菌属的增长有关。假单胞菌属在生长繁殖过程中可能与不动杆菌属竞争营养成分，产生的代谢产

物和生物毒素在环境中积累，导致氧气含量出现下降，从而抑制了不动杆菌属的增殖[30]。而假单胞菌属和环丝菌属几乎占已识别的腐败菌属的 90%[31]，与本研究检测到环丝菌属优势化规律具有一致性。然而，Yi 等[27] 关于新鲜猪肉的研究中发现假单胞菌是主要腐败菌，与本研究结果存在差异，这可能是因为包装方式和材质不同。研究表明，不同的包装方式对减少相应优势腐败菌有积极作用，其中真空包装能降低不动杆菌属、环丝菌属的相对丰度，气调包装能有效地控制假单胞菌属和不动杆菌属的增殖[32]；不同企业生产的鲜宰猪肉其初始微生物群落结构不同，也有可能导致贮藏后期的优势菌属不同[33]。

假单胞菌属作为新鲜食品变质的重要细菌菌群，其有强大的代谢活性，并能分泌多种蛋白质酶和脂肪酶，从而促进肉类中蛋白质和脂肪的分解[5]。此外，假单胞菌属还能释放出各种初级或次级代谢物，如酮、挥发性脂肪酸、硫化氢、胺和乙酸等，这些代谢物会引发肉类的氧化及酸败，从而影响其风味、颜色和质地[34]。在本研究中，贮藏前冷鲜猪肉表面假单胞菌属的相对丰度较低，随着贮藏时间的增加，至第 7 d 时缓慢增加到 0.22%，其相对丰度在整个贮藏期间均保持较低值，而环丝菌属相对丰度较高。Li 等[15] 在三文鱼中也发现了类似的结果，随着贮藏时间的增加，环丝菌属成为其贮藏后期的优势菌属。此外，在海鲜制品中，游离氨基酸、水和适宜的 pH 也为环丝菌属提供了有利的生长环境[35]。研究发现，环丝菌属可以从肉制品中分离出来，并能在低温贮藏环境中存活，如冷冻真空包装的熟羊肉和 4 ℃ 贮藏的新鲜鸡肉中均有检测到，对肉类加工产业造成重大经济损失[36−37]。本研究中，冷鲜猪肉表面菌群结构随着贮藏时间的延长呈现动态变化特征，优势菌属由贮藏初期的巨球菌属逐步演替为环丝菌属主导。研究发现，环丝菌属在牛肉贮藏 7 d 后成为优势菌群[38]，作为典型腐败菌，该菌属通过特定代谢途径显著缩短有氧贮藏肉品的货架期[39]。环丝菌属的快速生长进一步证实了其为嗜冷菌，并且可以分解代谢猪肉基质来生长，Fall 等[40] 也证实了环丝菌属在肉基质中的作用。

与细菌群落相比，冷鲜猪肉表面真菌的多样性较低。本研究对真菌群落的物种组成分析显示，在门水平上，主要为子囊菌门和担子菌门，而子囊菌门是整个贮藏过程中的优势菌门，这与以往研究结果一致[10]。属水平上，贮藏前期，冷鲜猪肉表面的优势菌属为 *Kurtzmaniella*、线黑粉酵母属和曲霉菌属，而曲霉属的特定菌株具有代谢产生次级毒性代谢产物的能力，其生物合成途径可产生赭曲霉毒素和棒曲霉素等有毒化合物，它们能够对人类造成严重影响[41]。贮藏中期，逐渐被假丝酵母属和德巴利氏酵母属占据主导地位，而假丝酵母属、德巴利氏酵母菌属、红酵母属和毛孢菌属是鲜肉和乳制品中最常见的菌属[6,42]。研究表明，假丝酵母可代谢生成乳酸丙酯、丁酸乙酯及辛酸乙酯等呈香物质，其果香与奶酪风味特征可增强食品风味层次[43]。然而，根据 GB 2707-2016《食品安全国家标准 鲜(冻)畜、禽产品》对冷鲜肉感官品质的规定，此类香气属于异味范畴。贮藏后期，优势菌属演替为 *Kurtzmaniella* 和德巴利氏酵母属主导，由此可见霉菌和酵母菌在整个贮藏过程中占据了大部分的种类。研究表明，部分酵母菌种可抑制腐败菌的繁殖[44]，姚文娟等[45] 在针对拮抗酵母菌株对梨果毛霉菌(*Mucor*)及青霉菌(*Penicillium*)抑制效果的研究中发现，红酵母属菌株对这两种霉菌表现出一定的抑制作用。本研究检测到的真菌菌群中，曲霉属、*Kurtzmaniella* 和德巴利氏酵母属为优势菌属，表明这三个属的真菌在猪肉腐败过程中形成核心微生物群落，其代谢活性可能对猪肉腐败变质具有重要影响。此外，微生物相互作用对微生物群落结构变化起到重要的作用[46]，因此，使用斯皮尔曼相关性进一步解析细菌与真菌之间的关系。结果显示，优势腐败真菌 *Kurtzmaniella* 属与优势腐败细菌环丝菌属表现出较强的正相关关系，与贮藏后期显著减少的乳球菌属表现出负相关关系。呈正相关的菌属往往具有相似的环境适应能力，它们之间可能存在某种互惠共生关系，因此，推测猪肉在贮藏期间，细菌与真菌可能发生了协同作用，共同加速了冷鲜猪肉的腐败变质。随着贮藏时间的增加，嗜冷菌环丝菌属通过分泌蛋白酶分解肌原纤维蛋白，同时脂肪酶催化脂肪氧化生成己醛等挥发性物质，与此同时，真菌 *Kurtzmaniella* 属、曲霉属和酵母属等通过分泌低温活性水解酶突破肌肉组织屏障，加速蛋白质与碳水化合物分解[47−48]，进而导致肉类的腐败变质。因此，基于冷鲜猪肉的优势腐败菌群分析(4 ℃ 贮藏第 7 d 时环丝菌属和 *Kurtzmaniella* 占比均超过 70%)，可以通过靶向抑制细菌环丝菌属和真菌 *Kurtzmaniella* 的增殖入手，从而有效减缓猪肉腐败速率，提升其贮藏稳定性与货架期。

4 结论

本研究系统揭示了冷鲜猪肉在 4 ℃ 贮藏过程中微生物群落的动态演替规律。贮藏期间，微生物总数和挥发性盐基氮含量显著升高，同时细菌与真菌群落的多样性和丰富度均持续下降。贮藏初期，优势细菌属为巨球菌属、乳球菌属和不动杆菌属，优势真菌属为 *Kurtzmaniella*、线黑粉酵母属和曲霉菌属；贮藏后期，以细菌属环丝菌属和真菌 *Kurtzmaniella* 为绝对优势类群。相关性分析显示，腐败细菌环丝菌属与腐败真菌 *Kurtzmaniella* 呈正相关，表明二者在腐败后期可能形成了特定的相互作用，协同加速了肉品腐败进程。这些微生物群落的动态变化与猪肉贮藏过程中的品质劣变密切相关，未来研究可进一步聚焦于这些优势腐败菌(细菌和真菌)的代谢途径及其互作如何具体影响品质劣化，并基于此开发天然抗菌剂以延长肉制品的保质期。

© The Author(s) 2026. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

参考文献

[1] ZHOU Zhonglian, REN Fangqi, HUANG Qianli, et al. Characterization and interactions of spoilage of *Pseudomonas fragi* C6 and *Brochothrix thermosphacta* S5 in chilled pork based on LC-MS/MS and screening of potential spoilage biomarkers[J]. Food Chemistry, 2024, 444: 138562.

[2] DOULGERAKI A I, ERCOLINI D, VILLANI F, et al. Spoilage microbiota associated to the storage of raw meat in different conditions[J]. International Journal of Food Microbiology, 2012, 157(2): 130−141.

[3] JAFFRÈS E, LALANNE V, MACÉ S, et al. Sensory characteristics of spoilage and volatile compounds associated with bacteria isolated from cooked and peeled tropical shrimps using SPME–GC–MS analysis[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 147(3): 195−202.

[4] LI Ning, ZHANG Youxiong, WU Qingping, et al. High-throughput sequencing analysis of bacterial community composition and quality characteristics in refrigerated pork during storage[J]. Food Microbiology, 2019, 83: 86−94.

[5] YANG Feiyan, HE Xudong, WEN Xin, et al. Integrated lipidomics and microbiomics reveal the quality changes of fresh yak tenderloin during storage[J]. Food Chemistry: X, 2024, 24: 101984.

[6] 张昊伟, 李宇辉, 王霆, 等. 新疆伊犁地区肉羊屠宰过程中真菌多样性及交叉污染分析[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(6): 201−209. [ZHANG H W, LI Y H, WANG T. et al. Analysis of fungal diversity and cross-contamination during slaughtering of mutton sheep in Yili, Xinjiang[J]. Food and Fermentation Industries, 2023, 49(6): 201−209.]

[7] OSAILI T M, HASAN F, AL-NABULSI A A, et al. Effect of essential oils and vacuum packaging on spoilage-causing microorganisms of marinated camel meat during storage[J]. Foods, 2021, 10(12): 2980.

[8] WANG Xinhui, WANG Songhu, ZHAO Hai. Unraveling microbial community diversity and succession of Chinese Sichuan sausages during spontaneous fermentation by high-throughput sequencing[J]. Journal of Food Science and Technology, 2019, 56(7): 3254−3263.

[9] 方圆, 苏高雅, 王卫雄, 等. 基于高通量测序技术分析霉变核桃仁真菌多样性[J]. 中国食品学报, 2023, 23(8): 369−378. [FANG Y, SU G Y, WANG W X, et al. Analysis of fungal diversity of moldy walnut kernel based on high-throughput sequencing technology[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2023, 23(8): 369−378.]

[10] CAO Dongmei, LOU Yuhao, JIANG Xiujie, et al. Fungal diversity in barley under different storage conditions[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 895975.

[11] CUSTÓDIO F B, VASCONCELOS-NETO M C, THEODORO K H, et al. Assessment of the quality of refrigerated and frozen pork by multivariate exploratory techniques[J]. Meat Science, 2018, 139: 7−14.

[12] TEUTEBERG V, KLUTH I K, PLOETZ M, et al. Effects of duration and temperature of frozen storage on the quality and food safety characteristics of pork after thawing and after storage under modified atmosphere[J]. Meat Science, 2021, 174: 108419.

[13] FANG Jinyu, FENG Lifang, LU Haixia, et al. Metabolomics reveals spoilage characteristics and interaction of *Pseudomonas lundensis* and *Brochothrix thermosphacta* in refrigerated beef[J]. Food Research International, 2022, 156: 111139.

[14] LIU Fang, GUO Yizhi, LI Yunfei. Interactions of microorganisms during natural spoilage of pork at 5 ℃[J]. Journal of Food Engineering, 2006, 72(1): 24−29.

[15] LI Yingchang, ZHAO Nan, LI Yuanyuan, et al. Dynamics and diversity of microbial community in salmon slices during refrigerated storage and identification of biogenic amine-producing bacteria[J]. Food Bioscience, 2023, 52: 102441.

[16] 中华人民共和国国家卫生健康委员会, 国家市场监督管理总局. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 菌落总数测定: GB 4789.2-2022[S]. 北京: 中国标准出版社, 2022. [National Health Commission of the People's Republic of China, State Administration for Market Regulation. National food safety standard-microbiological examination of foods-detection of aerobic bacterial count: GB 4789.2-2022[S]. Beijing: Standards Press of China, 2022.]

[17] 食品安全国家标准 食品微生物学检验 霉菌和酵母计数: GB 4789.15-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016. [National Health and Family Planning Commission, National Food and Drug Administration. National food safety standard Food microbiological examination: Enumeration of moulds and yeasts: GB 4789.15-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016.]

[18] 中华人民共和国国家卫生健康委员会, 国家市场监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中挥发性盐基氮的测定: GB 5009.228-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016. [National Health Commission of the People's Republic of China, State Administration for Market Regulation. National food safety standard-determination of volatile salt base nitrogen in foods: GB 5009.228-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016.]

[19] WANG Xinhui, REN Hongyang, WANG Wei, et al. Effects of inoculation of commercial starter cultures on the quality and histamine accumulation in fermented sausages[J]. Journal of Food Science, 2015, 80(2): M377−M383.

[20] KUNG H F, LEE Y C, LIN C W, et al. The effect of vacuum packaging on histamine changes of milkfish sticks at various storage temperatures[J]. Journal of Food and Drug Analysis, 2017, 25(4): 812−818.

[21] 马慧敏, 杨建远, 余诚玮, 等. 草鱼肉在 4 ℃ 冷藏中微生物多样性演变的研究[J]. 食品工业科技, 2026, 47(4): 215−225. [MA H M, YANG J Y, YU C W, et al. Study on the evolution of microbial diversity in grass carp meat during 4 ℃ refrigeration[J]. Science and Technology of Food Industry, 2026, 47(4): 215−225.]

[22] 丛军, 李星. 基于电子鼻、电子舌技术的荣昌猪肉及其制品贮藏过程新鲜度检测研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(7): 192−201. [CONG J, LI X. Detection of freshness of Rongchang pork and its products during storage based on electronic nose and electronic tongue technology[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(7): 192−201.]

[23] 孟胜亚, 张文会. 不同包装处理对糌粑贮藏品质的影响研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2024, 15(15): 113−118. [MENG S Y, ZHANG W H. Effects of different packaging treatments on storage quality of tsampa[J]. Journal of Food Safety & Quality, 2024, 15(7): 192−201.]

[24] 郑智丹. 小酥肉方便菜肴的加工与保藏研究[D]. 郑州: 河南农业大学, 2017. [ZHENG Z D. Study on the processing and preservation of convenient dish fried pork strips[D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2017.]

[25] WANG Zhiqi, LI Ping, ZHOU Hui, et al. An insight into the changes in the microbial community of Kantuan-sliced chicken during storage at different temperatures[J]. Journal of Food Processing and Preservation, 2022, 46(5).
[26] ZHANG Yuemei, LI Qian, LI Dongping, et al. Changes in the microbial communities of air-packaged and vacuum-packaged common carp (*Cyprinus carpio*) stored at 4 ℃[J]. Food Microbiology, 2015, 52: 197−204.
[27] YI Zhengkai, XIAO Xingning, CAI Wei, et al. Unraveling the spoilage characteristics of refrigerated pork using high-throughput sequencing coupled with UHPLC-MS/MS-based non-targeted metabolomics[J]. Food Chemistry, 2024, 460: 140797.
[28] 王新惠, 孙劲松, 赵芮, 等. 冷鲜猪肉贮藏过程中细菌群落结构演替规律分析[J]. 中国食品学报, 2021, 21(9): 233−240. [WANG X H, SUN J S, ZHAO R, et al. Analysis of the succession of bacterial community structure of chilled pork during storage[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2021, 21(9): 233−240.]
[29] WANG Xinhui, DENG Yuanhong, SUN Jinsong, et al. Unraveling characterizations of bacterial community and spoilage profiles shift in chilled pork during refrigerated storage[J]. Food Science and Technology, 2022, 42: e80321.
[30] 赵萍, 金文刚, 兰阿峰, 等. 基于 Illumina MiSeq 测序技术分析大鲵肉冷藏过程中微生物菌群演替规律[J]. 食品科学, 2022, 43(20): 172−182. [ZHAO P, JIN W G, LAN A F, et al. Succession of microbial community in giant salamander (*Andrias davidianus*) meat during cold storage investigated by Illumina MiSeq High-Throughput sequencing[J]. Food Science, 2022, 43(20): 172−182.]
[31] ZHAO Fan, WEI Zhenqian, ZHOU Guanghong, et al. Effects of different storage temperatures on bacterial communities and functional potential in pork meat[J]. Foods, 2022, 11(15): 2307.
[32] 麦栩滔, 王文卓, 郑宇航, 等. 不同包装方式对冷鲜鸡肉微生物菌群多样性的影响[J]. 食品工业科技, 2023, 44(13): 367−374. [MAI X T, WANG W Z, ZHENG Y H, et al. Effects of different packaging methods on the microbial diversity in chilled chicken[J]. Science and Technology of Food Industry, 2023, 44(13): 367−374.]
[33] YANG Chao, CHE You, QI Yan, et al. High-throughput sequencing of viable microbial communities in raw pork subjected to a fast cooling process[J]. Journal of Food Science, 2017, 82(1): 145−153.
[34] ALTAKHIS M, PILLIDGE C J, OSBORN A M, et al. Assessment of the potential use of MALDI-TOF MS for the identification of bacteria associated with chilled vacuum-packaged lamb meat[J]. Meat Science, 2021, 177: 108508.
[35] WANG Fang, SHENG Jun, CHEN Yixuan, et al. Microbial diversity and dominant bacteria causing spoilage during storage and processing of the Antarctic krill, *Euphausia superba*[J]. Polar Biology, 2021, 44(1): 163−171.
[36] GUO Ziwei, CHEN Yibing, WU Yuqin, et al. Changes in meat quality, metabolites and microorganisms of mutton during cold chain storage[J]. Food Research International, 2024, 189: 114551.
[37] LIANG Rongrong, YU Xiaoqiao, WANG Renhuan, et al. Bacterial diversity and spoilage-related microbiota associated with freshly prepared chicken products under aerobic conditions at 4 ℃[J]. Journal of Food Protection, 2012, 75(6): 1057−1062.
[38] ERCOLINI D, FERROCINO I, NASI A, et al. Monitoring of microbial metabolites and bacterial diversity in beef stored under different packaging conditions[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, 77(20): 7372−7381.
[39] RUSSO F, ERCOLINI D, MAURIELLO G, et al. Behaviour of *Brochothrix thermosphacta* in presence of other meat spoilage microbial groups[J]. Food Microbiology, 2006, 23(8): 797−802.
[40] FALL P A, PILET M F, LEDUC F, et al. Sensory and physicochemical evolution of tropical cooked peeled shrimp inoculated by *Brochothrix thermosphacta* and *Lactococcus piscium* CNCM I-4031 during storage at 8 ℃[J]. International Journal of Food Microbiology, 2012, 152(3): 82−90.
[41] ANDRADE M J, THORSEN L, RODRÍGUEZ A, et al. Inhibition of ochratoxigenic moulds by *Debaryomyces hansenii* strains for biopreservation of dry-cured meat products[J]. International Journal of Food Microbiology, 2014, 170: 70−77.
[42] GARNIER L, VALENCE F, MOUNIER J. Diversity and control of spoilage fungi in dairy products: An update[J]. Microorganisms, 2017, 5(3): 42.
[43] 刘文翰, 王斌, 姬茹婕, 等. 星形假丝酵母在强化赤霞珠葡萄酒玫瑰香气中的应用[J]. 中国酿造, 2021, 40(12): 45−51. [LIU W H, WANG B, JI R J, et al. Application of *Candida zemplinina* in enhancing rose-like aroma of cabernet sauvignon wine[J]. China Brewing, 2021, 40(12): 45−51.]
[44] DURA M. Effect of growth phase and dry-cured sausage processing conditions on *Debaryomyces* spp. generation of volatile compounds from branched-chain amino acids[J]. Food Chemistry, 2004, 86(3): 391−399.
[45] 姚文娟, 桑丁次措, 邓茵, 等. 6 株拮抗酵母对梨毛霉菌(*Mucor* sp.)和青霉菌(*Penicillium* sp.)防效测定[J]. 保鲜与加工, 2016, 16(6): 25−29. [YAO W J, SANG D C C, DENG Y, et al. Bio-control efficacy of six antagonistic yeasts against *Mucor* sp. and *Penicillium* sp. of pear[J]. Storage and Process, 2016, 16(6): 25−29.]
[46] NIU Jialiang, LI Weiwei, DU Binghao, et al. Temporal heterogeneity of microbial communities and flavor metabolism during storage of high-temperature Daqu[J]. Food Chemistry, 2025, 464: 141577.
[47] MIGUEL M, KIM S H, LEE S S, et al. Composition and functional diversity of bacterial communities during swine carcass decomposition[J]. Animal Bioscience, 2023, 36(9): 1453−1464.
[48] MOHAMED H M A, ALJASIR S F, MOFTAH R F, et al. Mycological evaluation of frozen meat with special reference to yeasts[J]. Veterinary World, 2023: 571-579.