

## 研究报告

## 中国发酵豆豉中微生物特征分析

贺春兰<sup>1</sup>, 李保龙<sup>2</sup>, 朱铭钰<sup>2</sup>, 陈慧慧<sup>2</sup>, 向雪松<sup>2</sup>, 毛宏梅<sup>2</sup>

(1. 青海大学附属医院, 青海 西宁 810001; 2. 中国疾病预防控制中心营养与健康所, 国家卫生健康委微量元素与营养重点实验室, 北京 100050)

**摘要:**目的 明确中国发酵豆豉中的微生物特征, 探究这些微生物的相互作用。方法 采集中国市场在售代表性豆豉 37 种, 用宏基因组测序技术分析微生物信息, 用非度量多维尺度分析(NMDS)将信息进行降维、分析和归类。使用 PERMANOVA 评估不同地区之间的群落差异是否显著, 使用 Mantel Test 分析地理距离和微生物群之间的关系, 用 LEfSe 估计每个差异的影响程度。同时构建共同丰度的微生物物种网络, 分析微生物之间的相互作用。结果 不同地区豆豉微生物多样性不同, 华中地区豆豉的微生物多样性相对较高。Mantel Test 分析表明, 豆豉中菌群距离与地理距离呈高度相关。豆豉含有的细菌中, 优势门为厚壁菌门(平均丰度 80.9%), 最丰富的目为芽孢杆菌目(平均丰度 66%), 含量最丰富的属为芽孢杆菌属(50.3%)。研究发现在中国的豆豉中有益菌和食源性致病菌是共同存在的, 主要的有益菌包括芽孢菌以及各种产乳酸菌, 食源性致病菌包括肠沙门菌、蜡样芽孢杆菌、金黄色葡萄球菌和阪崎氏年轻泰坦杆菌等。在物种网络中, 芽孢杆菌目相互之间可能形成协同关系, 而芽孢杆菌目与其他目的微生物特别是乳酸菌目的物种之间存在相互竞争。结论 我国豆豉中微生物丰富多样, 存在显著地区差异和特征, 大部分产品同时存在有益菌以及食源性致病菌。

**关键词:** 豆豉; 微生物; 宏基因组测序

中图分类号: R155 文献标识码: A 文章编号: 1004-8456(2023)10-1424-08

DOI: 10.13590/j.cjfh.2023.10.004

## Characterization of microorganisms in fermented douchi in China

HE Chunlan<sup>1</sup>, LI Baolong<sup>2</sup>, ZHU Mingyu<sup>2</sup>, CHEN Huihui<sup>2</sup>, XIANG Xuesong<sup>2</sup>, MAO Hongmei<sup>2</sup>

(1. Affiliated Hospital of Qinghai University, Qinghai Xining 810001, China; 2. Key Laboratory of Trace Element Nutrition, National Health Commission of the People's Republic of China, National Institute for Nutrition and Health, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100050, China)

**Abstract: Objective** The aim of this study was to elucidate the microbial characteristics of fermented soybean paste (douchi) in China and explore the microbial interactions in douchi. **Methods** Thirty-seven representative douchi samples were collected from a Chinese market, and microbial information was obtained by metagenomic sequencing. Douchi samples were clustered and illustrated using non-metric multidimensional scaling. Permutational multivariate analysis of variance was used to evaluate microbial community differences among regions. Mantel tests were performed to analyze the relation between geographic distance and microbiome dissimilarity. Linear discriminant analysis effect size was used to determine the microbial features that most likely explained the differences between the regions. A network was constructed to analyze the interactions between microorganisms. **Results** The results revealed a nearly significant difference in douchi microbial diversity across different regions, with higher microbial diversity observed in Central China. The Mantel test analysis demonstrated a strong correlation between microbial community distances in douchi and geographical distances. Among the bacteria present in douchi, the predominant phylum was Firmicutes (average abundance: 80.9%), the most abundant order was Bacillales (average abundance: 66%), and the most abundant genus was *Bacillus* (50.3%). This study also found that beneficial bacteria and foodborne pathogens coexist in douchi. The main beneficial bacteria included

收稿日期: 2023-06-21

基金项目: 北京市科学技术委员会(编号: Z191100008619006)营养健康预警测评平台建设及其指标体系的构建研究

作者简介: 贺春兰 女 副主任技师 研究方向为基础医学检验及微生物学检验 E-mail: 502435727@qq.com

通信作者: 向雪松 男 研究员 研究方向为食物营养 E-mail: xiangxs@nih.chiancdc.cn

毛宏梅 女 副研究员 研究方向为营养与食品卫生 E-mail: maohm@nih.chiancdc.cn

向雪松和毛宏梅为共同通信作者

*Bacillus* and various lactic-acid-producing bacteria. Foodborne pathogenic bacteria included *Salmonella enterica*, *Bacillus cereus*, *Staphylococcus aureus*, and *Cronobacter sakazaki*. Within the species network, a potential synergistic relation was observed among Bacillales species, whereas competitive interactions were observed between Bacillales and other microbial orders, including Lactobacillales. **Conclusion** Douchi in China harbors a diverse array of microorganisms and exhibits significant regional variations and distinct features. Most products contain both beneficial and foodborne pathogenic bacteria.

**Key words:** douchi; microorganism; metagenomic sequencing

豆豉是我国的传统发酵食品<sup>[1]</sup>,以黑豆或黄豆为主要原料,利用微生物发酵制成的一种调味品。通过微生物发酵作用可产生多种对人体有益的功能性物质,深受广大群众喜爱。以往研究主要集中在控制发酵加工过程中微生物对功能物质<sup>[2-3]</sup>和风味物质产生<sup>[4-5]</sup>的影响上,对于市售终产品豆豉的微生物构成及其微生物相互作用研究较少,不同地区豆豉产品微生物组成数据缺乏系统性研究。本研究基于宏基因组测序,采集我国加工工艺和销量有代表性的豆豉,探究中国发酵豆豉中的微生物特征,明确不同地区的豆豉微生物的构成,并探究这些微生物的相互作用,为建立豆豉的微生物群落数据库提供数据基础,同时为评估豆豉潜在的健康风险和益处提供理论支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

2022年2月—2022年3月,通过线上或线下方式采集中国市场在售代表性豆豉。豆豉按照地域划分,分别来自西南、华南、华东和华中,工艺分类包括米曲霉型、毛霉型和细菌型,原料分为黄豆和黑豆。

### 1.2 主要仪器与试剂

高速冷冻离心机(上海力申科学仪器有限公司),Illumina NovaSeq6000(美国Illumina公司),超声波清洗仪(上海必能信超声有限公司),漩涡器(德国IKA公司),NanoDrop™ 8000分光光度计(美国赛默飞),Qubit 4.0荧光定量仪(生命技术公司)。

HyperPlus试剂盒(美国KAPA生物技术公司),QIAamp PowerFecal Pro DNA试剂盒(QINEN公司)。

### 1.3 样品前处理

袋装豆豉在无氧条件下打开样品包装混匀,取15 g将豆豉样品磨匀后,用均质机均质。罐装豆豉从上、中、下部位各取5 g样品,共15 g混合后于破碎仪中破碎均质。

### 1.4 样本的微生物DNA提取和文库构建

采用DNeasy PowerSoil Pro Kit提取试剂盒进行样品中DNA提取,然后用Thermo NanoDrop 8000

分光光度计、Life Technologies Qubit 4.0和琼脂糖凝胶电泳进行DNA检测。使用HyperPlus无聚合酶链反应构建文库,文库DNA片段平均大小350 bp。

### 1.5 shotgun宏基因组测序和生物信息分析

采用MOCAT2<sup>[6]</sup>对测序数据进行生物信息分析。首先通过质量控制过滤掉低质量序列。使用SolexaQA对原始序列裁剪和过滤,过滤掉长度小于30 bp,质量评分小于20分的序列,获得高质量原始测序数据。高质量测序数据通过Kraken2来计算菌群的丰度<sup>[7]</sup>。

### 1.6 微生物网络集群的建立

为揭示豆豉中微生物物种之间的关系,构建共同丰度的微生物物种网络。将来自Kraken2的物种读取计数数据用R包FastSpar进行分析<sup>[8]</sup>,只有在每组中至少出现5个样本的物种才被纳入SparCC的微生物网络推断中,SparCC算法的高效和可并行实现,可以快速推断网络<sup>[8]</sup>。使用R包ggraph对网络进行可视化,将物种显示为节点,将物种之间的相关性显示为边缘<sup>[9]</sup>。

### 1.7 统计学分析

用R中的vegan包进行计算 $\alpha$ 多样性指数<sup>[10]</sup>,这里采用Shannon用于描述豆豉菌群的 $\alpha$ 多样性。采用NMDS将样本在低维空间进行定位、分析和归类,该方法同时保留了对象间原始关系。使用PERMANOVA对不同地区的豆豉菌群组成差异进行显著性检验。使用Mantel Test来分析地理距离和菌群Bray-Curtis距离之间的关系。使用线性判别分析效应大小(Linear discriminant analysis Effect Size,LEfSe)方法分析不同地区发酵豆制品中富集的微生物类群<sup>[11]</sup>。多组之间的比较采用Kruskal-Wallis  $H$ 检验。所有的统计计算在R语言(4.1.1版本)平台上进行。

## 2 结果

### 2.1 采样结果

综合考虑加工工艺、地域、销量、原料、风味等因素,共选取全国有代表性的37种豆豉。其中华南地区7个,西南地区16个,华中地区8个,华东地区6个;工艺上毛霉型豆豉6种,米曲霉型12种,细菌

型7种,其他12种;原料上黑豆型豆豉16种,黄豆型豆豉21种。

### 2.2 豆豉中微生物的多样性

4个主要产生地区的豆豉微生物多样性存在差异(Kruskal-Wallis H检验,  $P=0.066$ ),华中地区豆豉的微生物多样性相对较高(图1A)。由NMDS分析显示,西南地区豆豉的菌群组成明确区别于其他地区(图1B)。基于Bray-Curtis距离的PERMANOVA分析结果显示,地区因素对菌群组成的贡献显著( $R^2=0.186, P=0.002$ )。Mantel Test分析显示,豆豉中菌群距离与地理距离呈高度相关( $R=0.192, P<0.05$ , 图1C)。

### 2.3 豆豉中微生物组成

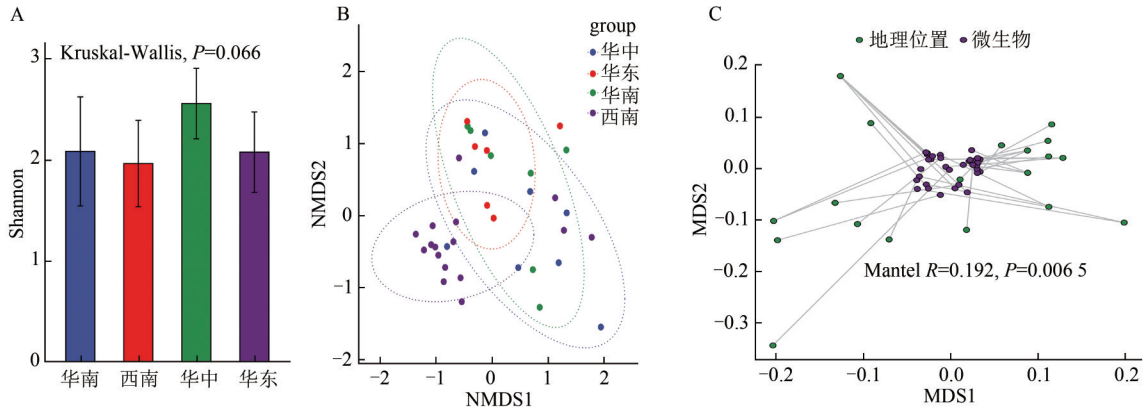
在豆豉菌群组成上,细菌占比更大,其次是真菌。基于Kraken2的结果,用比对到的读长计数大于500作为物种出现真阳性的阈值,共发现真菌18种,唯一出现在所有豆豉样本中的真菌是米曲霉菌(*Aspergillus oryzae*)。而在细菌中可发现474种,共同出现在所有豆豉的细菌主要来自芽孢杆菌属(*Bacillus*)和葡萄球菌属(*Staphylococcus*) (图2)。在细菌中,4个地区的优势门均为厚壁菌门

(*Firmicutes*) (平均丰度:华东92.1%,华南78.9%,西南68.2%,华中77.9%)。最丰富的目为芽孢杆菌目(*Bacillales*) (平均丰度:华东84.1%,西南65.5%,华中48.4%,华南47.7%)。含量最丰富的属芽孢杆菌属(*Bacillus*) (平均丰度:华东62.9%,西南44.7%,华南37.6%,华中32.1%) (图3)。

采用LEfSe进一步分析在不同地区豆豉微生物富集情况发现,在界水平,西南地区豆豉中主要是噬菌体病毒比较富集。另外,西南地区豆豉也富集了比较多的芽孢杆菌属的物种。华南地区豆豉中富集了放线菌门(*Actinobacteria*)的物种。华中地区豆豉富集了芽孢杆菌属(*Bacillus*)和葡萄球菌属(*Staphylococcus*)的物种。华东地区豆豉最丰富的物种为贝莱斯芽孢杆菌(*Bacillus velezensis*) (图4)。

### 2.4 豆豉中的特殊菌群

本研究发现在中国的发酵豆制品中有益菌和食源性致病菌是共同存在的,主要的有益菌包括芽孢菌以及各种产乳酸菌。芽孢菌如枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)与地衣芽孢杆菌(*Bacillus licheniformis*)等,这些菌本身用于食物的发酵。产乳酸菌主要来自乳酸菌属(*Lactobacillus*)、乳球菌属



注:A:4个地区豆豉多样性比较;B:4个地区的beta多样性分析结果;C:地理距离与菌群距离之间的关系

图1 豆豉中微生物的多样性

Figure 1 Diversity of microorganisms in Douchi

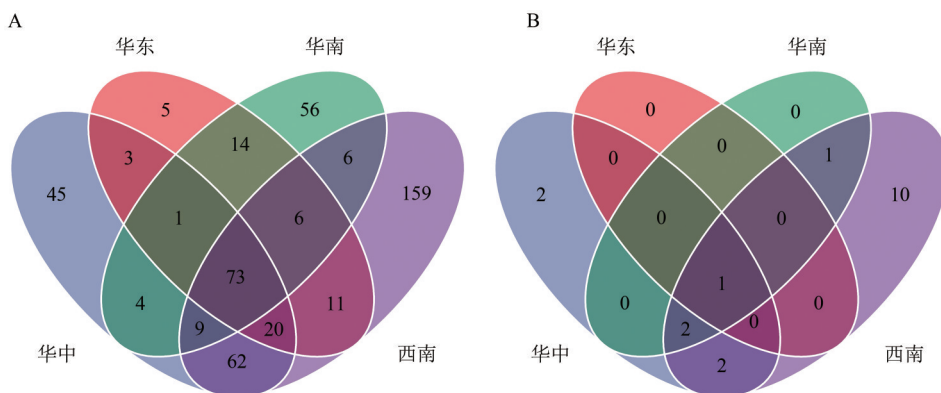
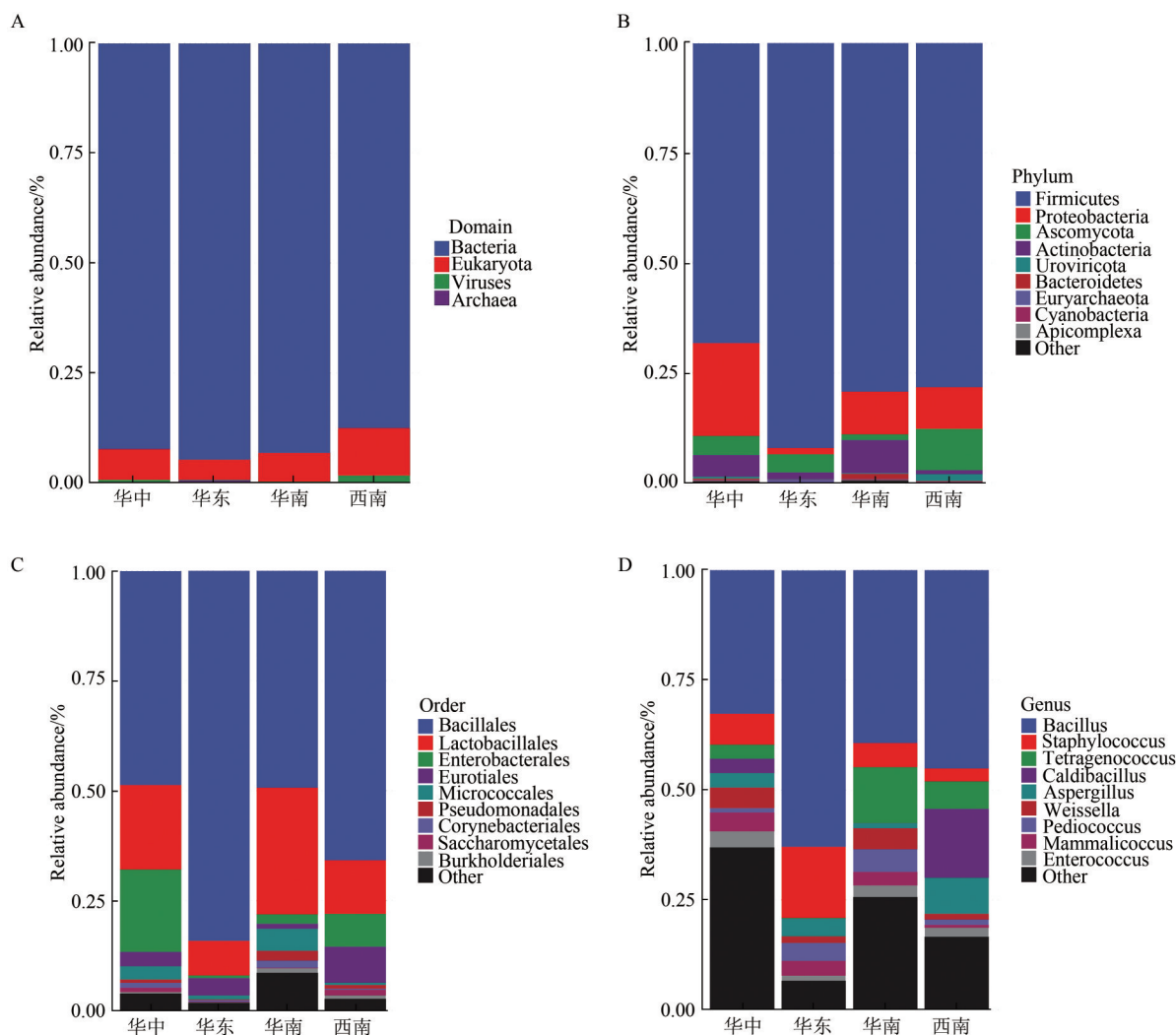


图2 不同地区细菌(A)和真菌(B)之间的交集

Figure 2 Intersection between bacteria (A) and fungi (B) in different regions



注:A:界;B:门;C:目;D:属

图3 不同地区豆豉微生物组成

Figure 3 Microbial composition of Douchi in different regions

(*Lactococcus*)明串珠菌属(*Leuconostoc*)、链球菌属(*Streptococcus*)和魏氏菌属(*Weissella*)(图5A),这些有益菌在4种地区的豆豉中均有检出,其中枯草芽孢杆菌存在于所有的豆豉样品中。同时本研究也发现了一些食源性致病菌。13种豆豉中发现肠沙门菌(*Salmonella enterica*),西南地区的16种豆豉中14种豆豉中含有蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*),华中地区8种豆豉中7种豆豉中含有金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*),华东地区6种豆豉中5种豆豉中含有金黄色葡萄球菌,华南、西南和华中的部分豆豉样品中含有单核细胞增生李斯特菌(*Listeria monocytogenes*)、阪崎氏年轻泰坦杆菌(*Cronobacter sakazakii*)在4个地区中都有检出(图5B)。在37种豆豉样品中只有1种来自西南地区的样品未发现食源性致病菌。

## 2.5 豆豉中微生物的相互作用

在物种网络分析中,共发现豆豉有48个共同丰度,在目的水平进行分析,芽孢杆菌目相互之间

可能形成协同关系,而芽孢杆菌目与其他目的微生物包括乳酸菌目之间相互竞争。经过聚类,我们观察到物种倾向于按其分类顺序关系聚类,在豆豉网络中,芽孢属内物种,包括解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)与贝莱斯芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌与地衣芽孢杆菌(*Bacillus licheniformis*)等两两直接表现为正相关,而枯草芽孢杆菌与乳酸菌类肠膜魏斯氏菌(*Weissella paramesenteroides*)、副地衣芽孢杆菌(*Bacillus paralicheniformis*)与乳酸菌融合魏斯氏菌(*Weissella confusa*)、米曲霉菌(*Aspergillus oryzae*)则与多种芽孢属物种表现为负相关(图6)。

## 3 讨论

### 3.1 豆豉中微生物的多样性

中国不同地区豆豉微生物构成存在明显差异。中国甘肃省的两个传统豆豉微生物多样性研究表明<sup>[12]</sup>地理因素可能影响豆中真菌多样性和细菌、真菌种类丰富度,这与本研究的结果一致。此外,不

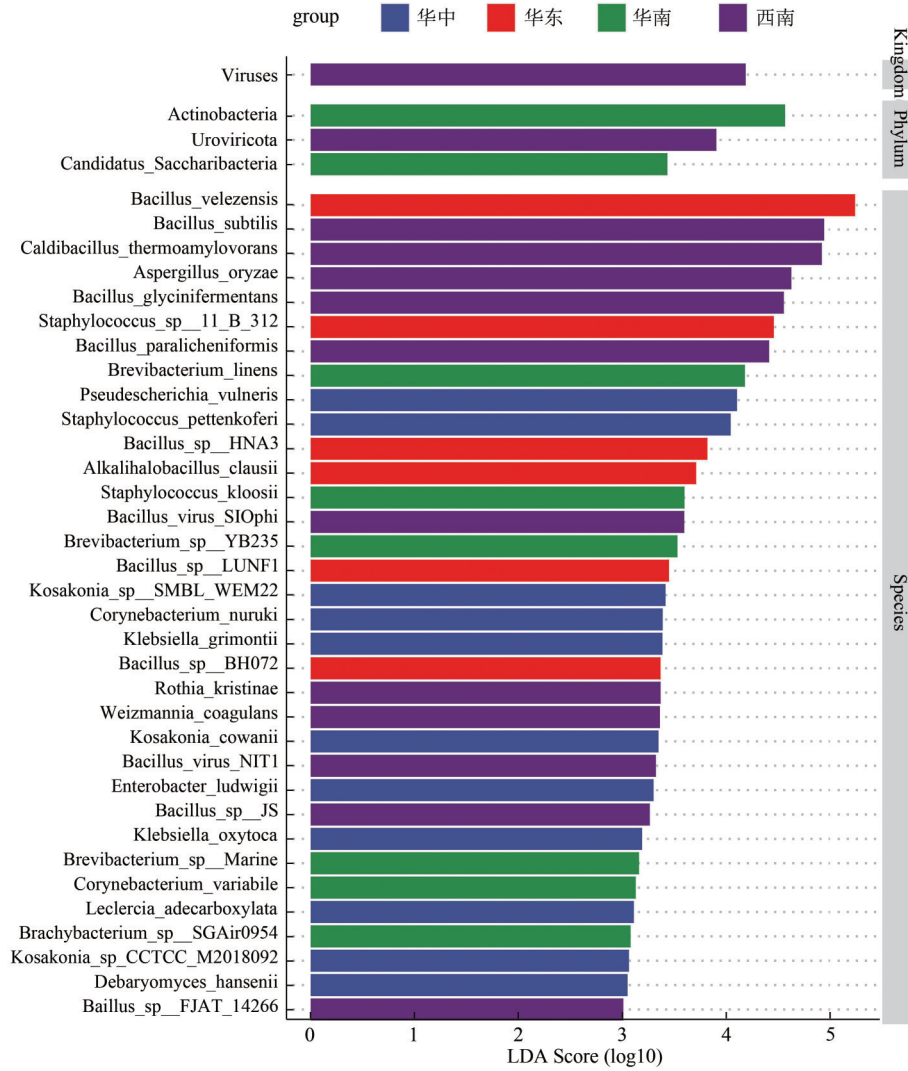


图4 LEfSe结果(LDA score > 3)

Figure 4 Linear discriminant analysis Effect Size

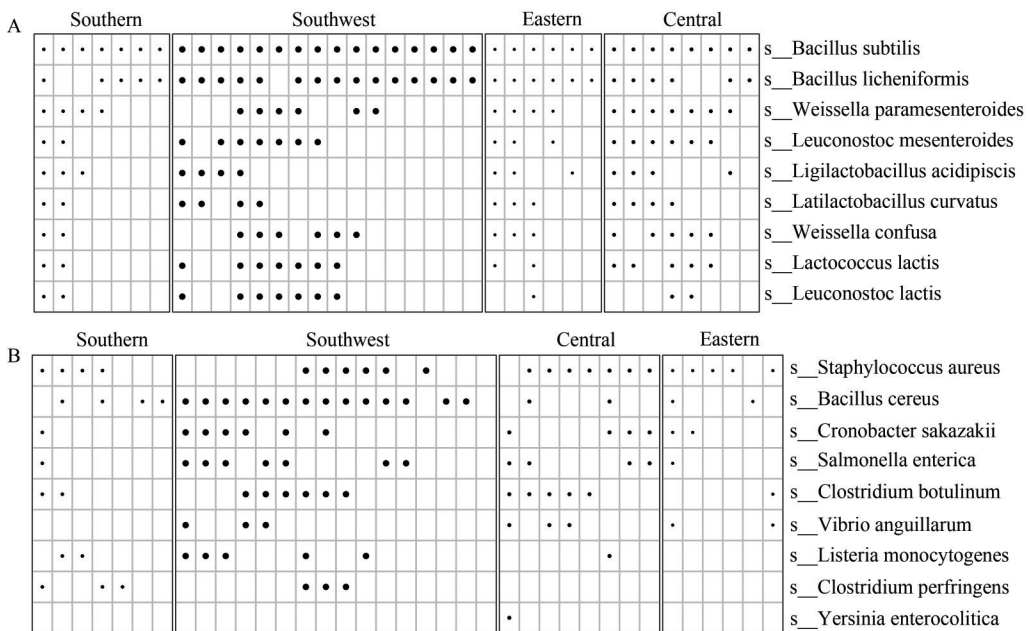


图5 中国发酵豆制品中的有益菌(A)和食源性致病菌(B)

Figure 5 Beneficial bacteria (A) and foodborne pathogens (B) in fermented soybean products from China

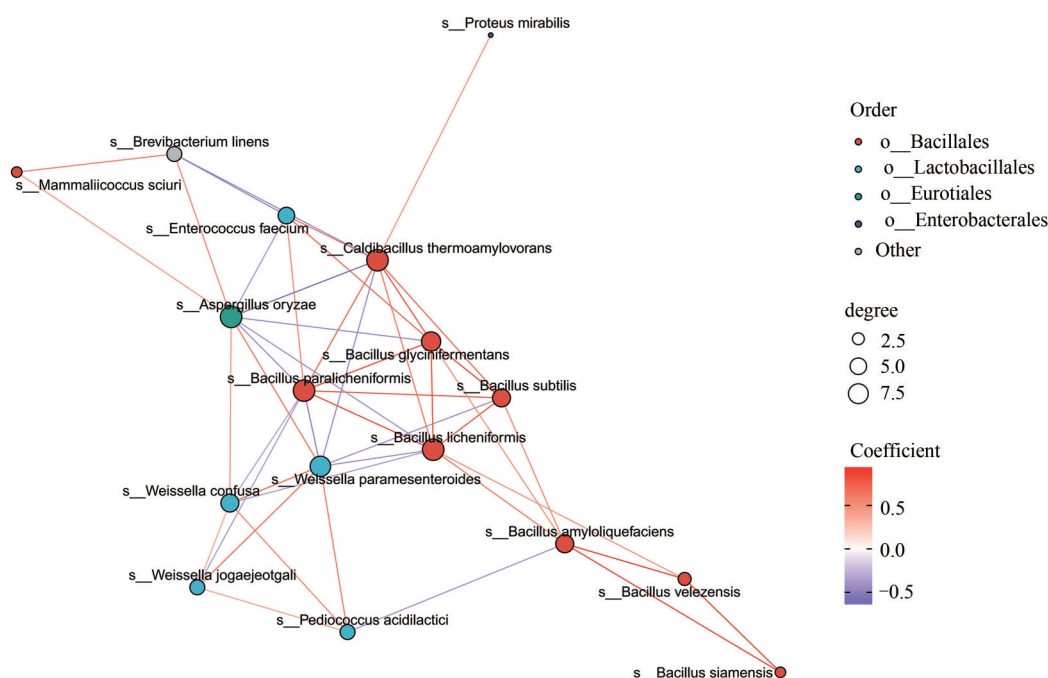


图6 豆豉中微生物相互作用网络

Figure 6 Microbial interaction network in Douchi

同地区的微生物也可能受到不同的加工工艺使用的发酵剂的影响。本研究发现菌群距离与地理距离呈高度相关,虽然大规模工业生产会掩盖距离对微生物的影响,但最终产品的微生物可能受到环境、气候、温度、湿度、pH 等的影响,可能导致距离相近的食品微生物组成相似,产区或地理位置可以通过其独特的土壤、水和阳光等影响食品的质量和风味特性,这可能是菌群与地理位置高度相关的原因。

### 3.2 豆豉中微生物构成

厚壁菌门和变形菌门通常存在于中国豆豉中。以往研究表明<sup>[13]</sup>,豆豉中以德巴利酵母属(*Debaryomyces*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、毕赤酵母属(*Pichia*)、曲霉属(*Aspergillus*)和酵母菌属(*Saccharomyces*)等为主要优势真菌。在本研究中发现,米曲霉菌(*Aspergillus oryzae*)出现在所有地区的豆豉样品中。米曲霉菌在发酵工业中被用来生产清酒、酱油和味噌,在发酵过程中发挥着重要作用<sup>[14]</sup>。米曲霉菌存在所有豆豉中,这可能是豆豉发酵过程中关键菌种。在细菌中,含量最丰富的均为芽孢属(*Bacillus*)芽孢杆菌,这与以往的结果是一致的<sup>[15]</sup>,芽孢杆菌作为发酵豆制品的主要微生物存在于纳豆、味噌、清国江、豆豉、Meju(韩国发酵食物)等日本、中国、印度尼西亚和韩国等东亚和东南亚国家的发酵豆制品中,其中以日本的纳豆研究较多<sup>[16]</sup>。本次研究发现在我国的豆豉中芽孢属芽孢杆菌也十分丰富,在 HU 等<sup>[17]</sup>的研究中发现,在中国豆豉中也鉴定出枯草芽孢杆菌 *Bacillus subtilis* DC27,可以产生

DFE27 酶(一种新型的溶纤维酶),这说明中国的豆豉和日本纳豆一样在血栓治疗和预防方面具有潜在的应用价值,但是目前仍需要动物实验和人体试验进一步的验证。

### 3.4 豆豉中的特殊菌群

本研究发现,有益菌和食源性致病菌共同存在于豆豉中。豆豉中枯草芽孢杆菌可以合成维生素 K<sub>2</sub><sup>[18]</sup>,维生素 K<sub>2</sub>是一种重要的微量营养素,可以促进钙的吸收<sup>[19]</sup>。JENOG 等<sup>[20]</sup>的研究表明,乳酸菌可以合成胞外多糖,可能发挥益生元的作用,有可能改变人体胃肠道微生物,降低人体胆固醇。而豆豉中也存在一些食源性致病菌,如蜡样芽孢杆菌(*Bacillus cereus*)是具有致病潜力的芽孢杆菌,被认为是导致中毒的常见食物污染物<sup>[21]</sup>。蜡样芽孢杆菌已被越来越多地证明可以使局部伤口和眼睛感染以及全身感染<sup>[22]</sup>。金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)是人类最常见的细菌感染之一,是多种人类感染的病原体,包括菌血症、感染性心内膜炎、皮肤和软组织感染<sup>[23]</sup>。本研究在大多数样品中还发现了食源性致病菌,如单核细胞增生李斯特菌(*Listeria monocytogenes*)、阪崎氏年轻泰坦杆菌(*Cronobacter sakazakii*),这些病原体的检出说明有必要在豆豉的生产中采取更严格的安全措施。

### 3.5 豆豉中微生物的相互作用

本研究发现,不同目之间的微生物形成了相互拮抗的关系。在其他生态系统中这种拮抗关系也同样存在,体外动物实验表明,乳酸杆菌属对肺炎

克雷伯菌有抑制作用<sup>[24]</sup>。而在人类肠道中,乳酸菌是限制多重耐药性杆菌科在肠道定植的关键<sup>[25]</sup>。ERMOLLENKO 等<sup>[26]</sup>的研究表明,乳酸杆菌对肺炎克雷伯菌的临床分离株具有拮抗活性,而且随着厚壁菌门、拟杆菌门、乳酸杆菌和普雷沃菌的比例增加,变形菌门和肠杆菌科的数量和梭状芽孢杆菌属的比例减少。这种拮抗关系可以为干预肠道中的有害细菌提供新的指导。

本研究通过宏基因组测序研究了豆豉中的细菌和真菌多样性,明确了不同地区豆豉优势门、属、种的细菌,确定不同地区豆豉的特征微生物以及其中的有益菌和有害菌,并初步探究了这些微生物的共丰度关系。研究结果提供了豆豉微生物群落多样性的数据,可用于指导豆豉的工业化生产。

## 参考文献

- [1] 田赛赛,何金城,韩燕,等.大豆及其发酵品的活性成分研究进展[J].药学服务与研究,2016,16(1):15-18.  
TIAN S S, HE J C, HAN Y, et al. Research progress of the active components of soybean and its fermented products [J]. Pharmaceutical Care and Research, 2016, 16(1):15-18.
- [2] 徐菁雯,王伟明,史海粟,等.豆豉和淡豆豉微生物组与功能成分研究进展[J].中国酿造,2022,41(6):18-23.  
XU J W, WANG W M, SHI H S, et al. Advances in microbiome and functional components of Douchi and Dan-Douchi [J]. China Brewing, 2022, 41(6):18-23.
- [3] CAO Z H, GREEN-JOHNSON J M, BUCKLEY N D, et al. Bioactivity of soy-based fermented foods: A review [J]. Biotechnology Advances, 2019, 37(1):223-238.
- [4] 卢露,郑晓莹.豆豉发酵中微生物及其功能研究进展[J].粮食与食品工业,2011,18(1):42-45.  
LU L, ZHENG X Y. Research advance on distribution and function of microorganism in Douchi fermentation process [J]. Cereal and Food Industry, 2011, 18(1):42-45.
- [5] LIU L B, CHEN X Q, HAO L L, et al. Traditional fermented soybean products: Processing, flavor formation, nutritional and biological activities [J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2022, 62(7):1971-1989.
- [6] KULTIMA J R, COELHO L P, FORSLUND K, et al. MOCAT2: A metagenomic assembly, annotation and profiling framework [J]. Bioinformatics, 2016, 32(16):2520-2523.
- [7] WOOD D E, LU J, LANGMEAD B. Improved metagenomic analysis with Kraken 2 [J]. Genome Biology, 2019, 20(1):257.
- [8] WATTS S C, RITCHIE S C, INOUE M, et al. FastSpar: Rapid and scalable correlation estimation for compositional data [J]. Bioinformatics, 2019, 35(6):1064-1066.
- [9] SI B B, LIANG Y X, ZHAO J, et al. GGraph: An efficient structure-aware approach for iterative graph processing [J]. IEEE Transactions on Big Data, 2022, 8(5):1182-1194.
- [10] OKSANEN J, KINDT R, LEGENDRE P. The vegan package: Community ecology package 2007 [J]. R Package Version, 2013:2.0-9.
- [11] CHANG F, HE S S, DANG C Y. Assisted selection of biomarkers by linear discriminant analysis effect size (LEfSe) in microbiome data [J]. Journal of Visualized Experiments: JoVE, 2022(183):e61715.
- [12] ZHANG W B, LUO Q Q, ZHU Y, et al. Microbial diversity in two traditional bacterial Douchi from Gansu Province in northwest China using Illumina sequencing [J]. PLoS One, 2018, 13(3):e0194876.
- [13] WANG Y R, XIANG F S, ZHANG Z D, et al. High-throughput sequencing-based analysis of fungal diversity and taste quality evaluation of Douchi, a traditional fermented food [J]. Food Science & Nutrition, 2020, 8(12):6612-6620.
- [14] KOBAYASHI T, ABE K, ASAI K, et al. Genomics of *Aspergillus oryzae* [J]. Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry, 2007, 71(3):646-670.
- [15] WANG Y R, XIANG F S, ZHANG Z D, et al. Characterization of bacterial community and flavor differences of different types of Douchi [J]. Food Science & Nutrition, 2021, 9(7):3460-3469.
- [16] 姚明静,杨杨,范婧,等.纳豆激酶的微生物生产及其生理功能的研究进展[J].食品工业科技,2022,43(14):435-444.  
YAO M J, YANG Y, FAN J, et al. Advance on nattokinase microbial production and physiological function [J]. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(14):435-444.
- [17] HU Y L, YU D, WANG Z T, et al. Purification and characterization of a novel, highly potent fibrinolytic enzyme from *Bacillus subtilis* DC27 screened from Douchi, a traditional Chinese fermented soybean food [J]. Scientific Reports, 2019, 9:9235.
- [18] 惠明,田青,邓凤妮.利用枯草芽孢杆菌 B53 发酵法生产维生素 K [J].安徽农业科学,2009,37(8):3450-3452.  
HUI M, TIAN Q, DENG F N. Production of vitamin K by fermentation with *Bacillus subtilis* B53 [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2009, 37(8):3450-3452.
- [19] WALTHER B, KARL J P, BOOTH S L, et al. Menaquinones, bacteria, and the food supply: The relevance of dairy and fermented food products to vitamin K requirements [J]. Advances in Nutrition (Bethesda, Md), 2013, 4(4):463-473.
- [20] JEONG D, KIM D H, KANG I B, et al. Modulation of gut microbiota and increase in fecal water content in mice induced by administration of *Lactobacillus kefirifaciens* DN<sub>1</sub> [J]. Food & Function, 2017, 8(2):680-686.
- [21] ZHOU G P, BESTER K, LIAO B, et al. Characterization of three *Bacillus cereus* strains involved in a major outbreak of food poisoning after consumption of fermented black beans (*Douchi*) in Yunan, China [J]. Foodborne Pathogens and Disease, 2014, 11(10):769-774.
- [22] EHLING-SCHULZ M, LERECLUS D, KOEHLER T M. The *Bacillus cereus* group: *Bacillus* species with pathogenic potential [J]. Microbiology Spectrum, 2019, 7(3):10-1128.
- [23] TAYLOR T A, UNAKAL C G. *Staphylococcus aureus* infection [M]. StatPearls. Treasure Island (FL), 2023.
- [24] TANG H J, CHEN C C, LU Y C, et al. The effect of *Lactobacillus*

- with prebiotics on KPC-2-producing *Klebsiella pneumoniae* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1050247.
- [25] DJUKOVIC A, GARZÓN M J, CANLET C, et al. *Lactobacillus* supports Clostridiales to restrict gut colonization by multidrug-resistant Enterobacteriaceae [J]. *Nature Communications*, 2022, 13: 5617.
- [26] ERMOLENKO E, GROMOVA L, BORSCHEV Y, et al. Influence of different probiotic lactic acid bacteria on microbiota and metabolism of rats with dysbiosis [J]. *Bioscience of Microbiota, Food and Health*, 2013, 32(2): 41-49.

## 《中国食品卫生杂志》顾问及第五届编委会名单

顾问:陈君石、黄璐琦、江桂斌、李林、沈建忠、吴清平、Jianghong Meng(美国)、Patrick Wall(爱尔兰)、Samuel Godefroy(加拿大)、Gerald Moy(美国)、Paul Brent(澳大利亚)、Marta Hugas(比利时)、Yukikko Yamada(日本)、Tom Heilandt(德国)、Andreas Hensel(德国)、Christopher Elliott(英国)、Christine Nelleman(丹麦)

主任委员:卢江

副主任委员:王竹天、李宁、孙长颢、王涛、谢剑炜、应浩、丁钢强、张峰、张永慧

主编:吴永宁

编委(按姓氏笔画排序)

丁钢强(中国疾病预防控制中心营养与健康所)	应浩(中国科学院上海营养与健康所)
于洲(国家食品安全风险评估中心)	张丁(河南省疾病预防控制中心)
于维森(青岛市疾病预防控制中心)	张峰(中国检验检疫科学研究院)
马宁(国家食品安全风险评估中心)	张卫兵(南通市疾病预防控制中心)
马会来(中国疾病预防控制中心)	张立实(四川大学华西公共卫生学院)
马群飞(福建省疾病预防控制中心)	张永慧(广东省疾病预防控制中心)
王君(国家食品安全风险评估中心)	张旭东(国家卫生健康委员会医院管理研究所)
王茵(浙江省医学科学院)	张剑峰(黑龙江省疾病预防控制中心)
王涛(浙江清华长三角研究院)	张朝晖(中国海关科学技术研究中心)
王硕(南开大学医学院)	张惠媛(中国海关科学技术研究中心)
王慧(上海交通大学公共卫生学院)	张遵真(四川大学华西公共卫生学院)
王永芳(国家卫生健康委员会卫生健康监督中心)	陈波(湖南师范大学化学化工学院)
王竹天(国家食品安全风险评估中心)	陈颖(中国检验检疫科学研究院)
王松雪(国家粮食和物资储备局科学研究院)	陈卫东(广东省市场监督管理局)
王晓英(中国动物疫病预防控制中心)	邵兵(北京市疾病预防控制中心)
计融(国家食品安全风险评估中心)	武爱波(中国科学院上海营养与健康所)
邓小玲(广东省疾病预防控制中心)	赵舰(重庆市疾病预防控制中心)
卢江(国家食品安全风险评估中心)	赵云峰(国家食品安全风险评估中心)
匡华(江南大学食品学院)	赵贵明(中国检验检疫科学研究院)
朱心强(浙江大学医学院)	钟凯(科信食品与营养信息交流中心)

(下转第1474页)