DOI:10.12441/spyswjs.20240920002 [文章编号] 1673-1689(2025)11-0039-09

巴林右旗地区乳及传统发酵乳制品中细菌多样性分析

刘俐娟 白高娃 于靖和 王 芳 张有谊 朱 丽 乌云达来*

(内蒙古农业大学食品科学与工程学院,内蒙古 呼和浩特 010018)

摘要:【目的】探究巴林右旗地区乳及传统发酵乳制品中的细菌多样性,为该地区乳及传统发酵乳制品中细菌资源的开发利用提供参考。【方法】以采集自巴林右旗的牛乳、胡乳达及查嘎的32份样本为研究对象,基于16S rRNA高通量测序技术分析其细菌多样性。【结果】巴林右旗地区乳及传统发酵乳制品的细菌群落多样性和丰富度存在显著差异。牛乳、胡乳达及查嘎中优势细菌门均为厚壁菌门和变形菌门,但不同样本之间差异极其显著(P<0.001)。牛乳中优势细菌属为乳球菌属(91.53%),查嘎中优势细菌属为乳杆菌属(72.68%)和醋酸杆菌属(25.54%),胡乳达中优势细菌属为乳球菌属(33.88%)、乳杆菌属(15.41%)、醋酸杆菌属(11.89%)、链球菌属(8.99%)、片球菌属(6.50%)、肠杆菌属(5.65%)、葡糖杆菌属(3.88%)、魏斯氏菌属(2.98%)、肠球菌属(2.30%)和志贺菌属(2.22%),相较于查嘎和牛乳,胡乳达中细菌属更为丰富。通过细菌基因功能预测发现,乳及传统发酵乳制品中细菌的基因代谢功能在Pathway level 1相对丰度最高的是Metabolism;在Pathway level 2相对丰度最高的是Global and overview maps。【结论】巴林右旗乳及传统发酵乳制品细菌群落差异显著,胡乳达群落丰富度最高,三者优势菌门一致但菌属不同,酸性环境是影响细菌多样性的重要因素;虽群落有别,但其细菌基因功能相似。

关键词:巴林右旗;乳;传统发酵乳制品;细菌多样性;16S rRNA

Bacterial Diversity in Milk and Traditionally Fermented Dairy Products in Balin Right Banner

*LIU Lijuan BAI Gaowa YU Jinghe WANG Fang ZHANG Youyi ZHU Li Wuyundalai**

(School of Food Science and Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China)

Abstract: [**Objective**] This study explored the bacterial diversity in milk and traditional fermented dairy products in Balin Right Banner, aiming to lay a foundation for the development and utilization of bacterial resources in the milk and traditional fermented dairy products in this region. [**Method**] A total of 32 samples of cow milk, milk tofu, and sour fermentation supernatant of milk tofu were collected from Balin Right Banner, and their bacterial diversity was analyzed by 16S rRNA high-throughput sequencing. [**Result**] The diversity and abundance of bacterial communities varied among the milk and traditional fermented dairy products in Balin Right Banner. The dominant bacterial phyla were Firmicutes and Proteobacteria in cow milk, milk tofu, and sour fermentation supernatant of milk tofu, while their relative abundance varied among different samples (P<0.001). The dominant bacterial genus in cow milk was *Lactococcus* (91.53%), and those in the sour fermentation supernatant of milk tofu were *Lactobacillus* (72.68%) and *Acetobacter* (25.54%). The dominant bacterial genera in milk tofu were *Lactococcus* (33.88%), *Lactobacillus*

基金项目:国家自然科学基金项目(32360570);内蒙古自治区研究生教育教学改革项目(JGCG2023059)。

通信作者:乌云达来(1975—),男,博士,教授,硕士研究生导师,主要从事食品微生物及其生物技术研究。E-mail:wydlnm@126.com

收稿日期:2024-09-20 **修回日期:**2024-10-28

(15.41%), *Acetobacter* (11.89%), *Streptococcus* (8.99%), *Pediococcus* (6.50%), *Enterobacter* (5.65%), *Gluconobacter* (3.88%), *Weissella* (2.98%), *Enterococcus* (2.30%), and *Escherichia-Shigella* (2.22%). Bacterial genera were richer in milk tofu than in the sour fermentation supernatant of milk tofu and cow milk. The prediction of bacterial gene functions revealed that metabolism was the gene function with the highest relative abundance of bacteria in milk and traditionally fermented dairy products at the pathway level 1, and global and overview maps had the highest relative abundance at the pathway level 2. [**Conclusion**] The bacterial communities were significantly different among milk and traditional fermented dairy products in Balin Right Banner, and the bacterial richness was the highest in milk tofu. The dominant phyla of the three kinds of sample were the same, while the dominant genera were different. The acidic environment was an important factor affecting bacterial diversity. Although the bacterial communities are different, the bacterial gene functions are similar.

Keywords: Balin Right Banner; milk; traditional fermented dairy product; bacterial diversity; 16S rRNA

中国少数民族地区的居民很少直接饮用鲜奶，通常将其制作成不同形态不同风味的乳制品，这些传统乳制品已成为他们日常食物的主要组成部分[1]。其中内蒙古赤峰巴林右旗地区至今仍保留着家庭式作坊和手工制作方法[2]。胡乳达和查嘎是蒙古族广为流传的传统发酵乳制品，蕴含丰富的微生物资源，因营养丰富、风味独特而广受人们的喜爱[3]。新鲜牛乳经纱布过滤后于木桶中自然发酵，酸化分层后，取其下层酸乳凝块倒入锅内煮沸，分离出乳清，再将乳蛋白凝块捞出，在模具中阴干得到的乳黄、半透明且光泽的类似豆腐的乳制品即为胡乳达，俗称“奶豆腐”[4]。将胡乳达制作过程中析出的酸乳清收集起来，盛入容器，放在暖炕上继续发酵即为查嘎。较长时间发酵的查嘎，味极酸，具有解腻和助消化等作用[5]。依赖于当地独特的奶源、环境和生产习惯，其所存在的微生物被认为在传统发酵乳制品的典型特征方面发挥着重要作用。在制作胡乳达和查嘎的过程中，有诸多环境微生物参与发酵过程，这些环境微生物与原料乳中的微生物共同作用产生了独特的风味[6]。

Kuda等[7]证实，内蒙古传统发酵乳制品中存在乳酸菌发酵；Yu等[8]证实，蒙古国不同地区的传统发酵乳制品具有复杂的细菌组成；乌日娜等[9]从内蒙古正蓝旗传统发酵酸马奶中分离并鉴定出了干酪乳杆菌——*Lactobacillus casei* Zhang；Bao等[10]在蒙古国4个地区收集的12份Hurunge样本中发现了与细菌生长和繁殖有关的代谢基因。前人对传统乳制品乳酸菌的研究多集中在菌种鉴定上，对功能基因及代谢途径研究较少。随着社会经济的快速发展，传统发酵乳制品正在逐步被工业化、规模化生产所替代，采用自然发酵法制作各种乳制品的农牧家庭逐步减少，深入研究和开发利用本土传统发酵乳制品中乳酸菌资源已迫在眉睫。

作者利用高通量测序技术，基于细菌16S rRNA基因的V3—V4可变区序列，分析巴林右旗地区牛乳、胡乳达及查嘎中细菌多样性并预测其基因功能，以期提高对该地区乳及传统发酵乳制品中细菌多样性的认知，为该地区细菌资源的深入研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 样本的采集与保存

从内蒙古赤峰巴林右旗地区采集牛乳、胡乳达和查嘎样本共32份，其中牛乳样本11份，胡乳达样本17份，查嘎样本4份。胡乳达和查嘎的制作过程中均未添加任何食品添加剂和商业发酵剂。采样后，将样本储存在无菌50 mL离心管中，置于1 ℃车载冰箱运回实验室，储存于−80 ℃冰箱备用。

1.2 主要仪器与试剂盒

车载冰箱：C12S型，美国Mobicool公司；台式高速冷冻离心机：5804R型，德国Eppendorf公司；梯度PCR仪：Veriti 96-Well型，美国Thermo Fisher科技公司；电泳仪：HT-300型，美国BIO-RAD公司；超微量紫外分光光度计：NanoDrop 2000型，美国Thermo Fisher科技公司。

E.Z.N.A.® soil DNA kit试剂盒：天根生化科技（北京）有限公司。

1.3 试验方法

1.3.1 DNA提取和PCR扩增

根据E.Z.N.A.® soil DNA kit试剂盒说明书，抽提

总DNA，使用1 g/dL琼脂糖凝胶电泳检测，超微量紫外分光光度计测定DNA浓度和纯度，根据电泳DNA条带亮度和A_{260}/A_{280}值判断提取的DNA质量。使用338F（5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′）和806R（5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′），对16S rRNA基因V3—V4可变区按如下程序进行PCR扩增：94 ℃预变性5 min，30个循环（94 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸30 s），72 ℃稳定延伸10 min，最后在4 ℃保存。PCR反应体系：5× TransStart Fast*Pfu*缓冲液4 μL，2.5 mmol dNTPs 2 μL，5 μmol上游引物0.8 μL，5 μmol下游引物0.8 μL，TransStart Fast*Pfu* DNA聚合酶0.4 μL，模板DNA 10 ng，ddH_2O补足至20 μL，每个样本3个重复。

1.3.2 Illumina Miseq测序

将同一样本的PCR产物混合后，回收纯化，使用1 g/dL琼脂糖凝胶电泳检测。将检测合格的PCR产物用于后续测序分析。

1.3.3 测序数据优化

将PCR产物送至上海美吉生物医药科技有限公司进行Pacbio Sequel II System测序。使用Fastp软件对原始测序序列进行质控；使用FLASH软件进行拼接；使用UPARSE软件根据97%的相似度对序列进行OTU聚类并剔除嵌合体。最后利用RDP classifier对每条序列进行物种分类注释，比对Silva 16S rRNA数据库（version 138），设置比对阈值为70%。

1.3.4 生物信息学和统计分析

样本细菌16S rRNA基因序列抽平后，利用Mothur软件（v. 1.30.2）计算Shannon、Simpson、ACE、Chao、Coverage等指数，并绘制稀释性曲线图及Shannon指数曲线图。通过Qiime软件计算β多样性距离矩阵，绘制样本层级聚类图和PCoA图。基于细菌16S rRNA序列，使用PICRUSt 1、PICRUSt 2对样本中的细菌群落进行基因功能预测分析，找出微生物参与KEGG代谢的通路。生物信息学分析在Majorbio I-Sanger云平台进行。两组间比较采用Student's *t*检验，多组间采用单因素方差分析（ANOVA），并通过Duncan多重范围检验进行组间统计分析，$P>0.05$被认为无显著性差异，$P<0.05$被认为具有显著性差异，$P<0.01$被认为具有极显著性差异，$P<0.001$被认为具有极其显著性差异。使用Origin 2020 b和Illustrator 2022绘图。

2 结果与讨论

2.1 细菌基因序列特点

对采集自巴林右旗地区的32份乳及传统发酵乳制品样本进行基因序列分析和质控分析，共获得1 699 337条高质量细菌16S rRNA基因序列，平均每个样本产生高质量细菌序列53 104条（标准差7 728），细菌序列平均长度为428 bp。所有高质量16S rRNA基因序列以97%的序列一致性将序列共聚类成2 647个OTU。每个样本中细菌OTU数量在21~202（见表1）。

表1 细菌基因序列特点

Table 1 Bacterial gene sequence characteristics

样品类型	样品编号	序列数	OTU数	Coverage指数
牛乳	BY_02	50 368	45	0.999 6
	BY_06	49 450	26	0.999 9
	BY_26	44 389	58	0.999 5
	BY_30	39 632	74	0.999 5
	BY_36	61 439	61	0.999 7
	BY_38	44 914	81	0.999 4
	BY_40	46 009	62	0.999 5
	BY_42	45 590	42	0.999 6
	BY_46	46 529	36	0.999 6
	BY_54	46 530	56	0.999 5
	BY_62	44 999	61	0.999 5
胡乳达	BY_03	59 015	140	0.998 3
	BY_05	45 891	202	0.999 5
	BY_07	61 933	43	0.999 9
	BY_10	48 214	139	0.998 0
	BY_12	58 573	57	0.999 5
	BY_14	46 524	95	0.998 9
	BY_19	71 025	91	0.999 1
	BY_24	60 857	105	0.998 8
	BY_37	63 789	113	0.999 1
	BY_39	60 253	127	0.998 5
	BY_41	55 619	98	0.999 1
	BY_47	66 712	52	0.999 6
	BY_55	55 897	57	0.999 6
	BY_60	43 588	127	0.998 2
	BY_63	48 564	75	0.999 3
	BY_69	52 078	170	0.998 7
	BY_70	62 076	195	0.997 7
查嘎	BY_22	50 611	23	0.999 8
	BY_27	55 992	65	0.999 5
	BY_53	57 481	21	0.999 7
	BY_67	54 796	50	0.999 5

由图 1 可知，牛乳、胡乳达及查嘎的稀释曲线均趋于平缓，说明本次测序数据量充足，测序量合理，可用来研究细菌的群落结构。由表 1 可知，所有样本的 Coverager 指数均在 0.99 以上，说明样本测序结果具有真实性。因此本研究中细菌 16S rRNA 基因序列的测序量可以反映样本中绝大多数的菌群多样性信息，满足后续生物信息学分析的要求。

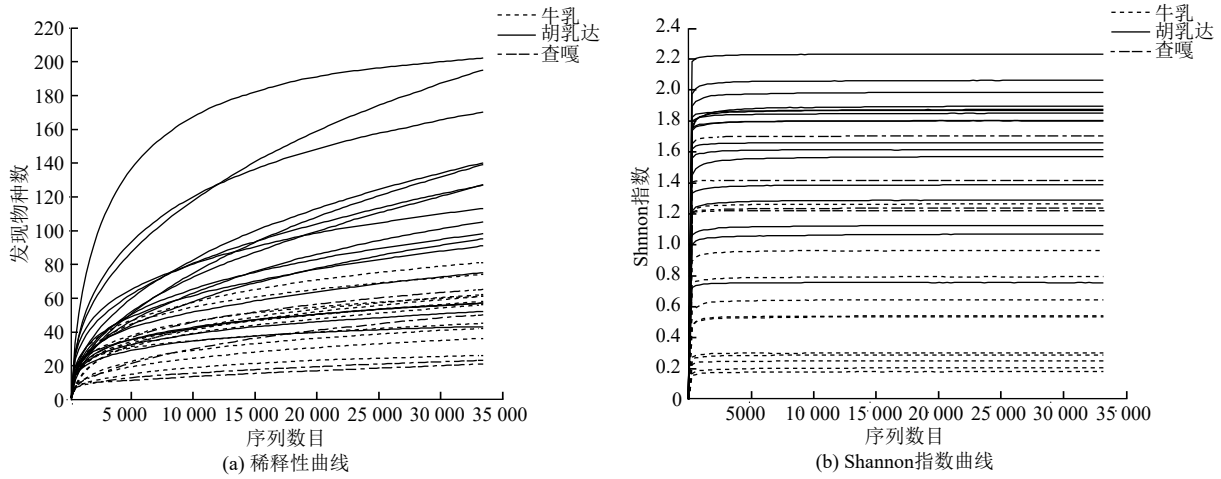


图 1　样本稀释性曲线和 Shannon 指数曲线

Fig. 1　Rarefaction curves and Shannon index curves of samples

2.2　细菌 α 多样性分析

由图 2(a)~(b)可知，牛乳的 Shannon 指数极显著低于胡乳达（P<0.001）和查嘎（P<0.01），Simpson 指数极其显著高于胡乳达和查嘎（P<0.001），说明牛乳中细菌群落多样性显著低于胡乳达和查嘎；而胡乳达的 Shannon 指数和 Simpson 指数与查嘎的无显著性差异（P>0.05），说明两者的细菌群落多样性差异不明显。由图 2(c)~(d)可知，胡乳达的 Chao 指数和 ACE 指数均极显著高于牛乳和查嘎（P<0.01），说明胡乳达中细菌群落丰富度显著高于牛乳和查嘎；而牛乳的 Chao 指数和 ACE 指数与查嘎的无显著性差异（P>0.05），说明两者的细菌群落丰富度差异不明显。综上所述，巴林右旗地区乳及传统发酵乳制品的细菌群落多样性和丰富度存在差异，牛乳经传统工艺制作成发酵乳制品后其细菌群落多样性和丰富度会发生相应的改变。

2.3　细菌群落的 Venn 图

在细菌 OTU 分类水平上，按照 97% 相似性对乳及传统发酵乳制品样本非重复序列对进行聚类，并绘制 Venn 图（见图 3），结果发现，牛乳、胡乳达和查嘎中 OTU 数目分别为 172、590、95 个，共有的 OTU 数目为 64 个，特有的 OTU 数目分别为 12、405、6 个，分别占各自样本总 OTU 的 6.98%、68.64%、6.32%。内蒙古地区传统发酵乳制品通常由家庭作坊生产，不同的乳制品，因制作方式、制作人、地理环境等影响会形成其特有 OTU，总体来说，胡乳达的菌群结构较为丰富，这与 α 多样性的分析结果一致。

2.4　细菌 β 多样性分析

由图 4(a)可知，17 份胡乳达中细菌被分为 3 大类，即样本 BY-47、BY-24、BY-07 及 BY-12 聚为一类，样本 BY-14、BY-70、BY-03 及 BY-10 聚为一类，其余 7 个样本聚为一类。由图 4(b)可知，牛乳、查嘎及胡乳达样本聚类呈明显分开的区域，表明牛乳、查嘎及胡乳达之间的细菌群落组成存在明显差异；牛乳和查嘎组内分布较为集中，表明细菌群落组成具有高度相似性。而胡乳达呈现分散分布，表明胡乳达细菌群落组成存在差异。巴林右旗地处西拉沐沦河北岸、大兴安岭南段山地，地势西北高，东南低，由西北海拔 1 700 m 向东南海拔 400 m 逐渐倾斜，为典型的温带大陆性气候，干旱少雨，风大沙多，冬寒夏热。作者在巴林右旗采集的样本均为牧民自制。采样地区的气候，采用的原料、制作手法和发酵环境等条件的不同，会使不同乳及传统乳制品中细菌菌群结构各不相

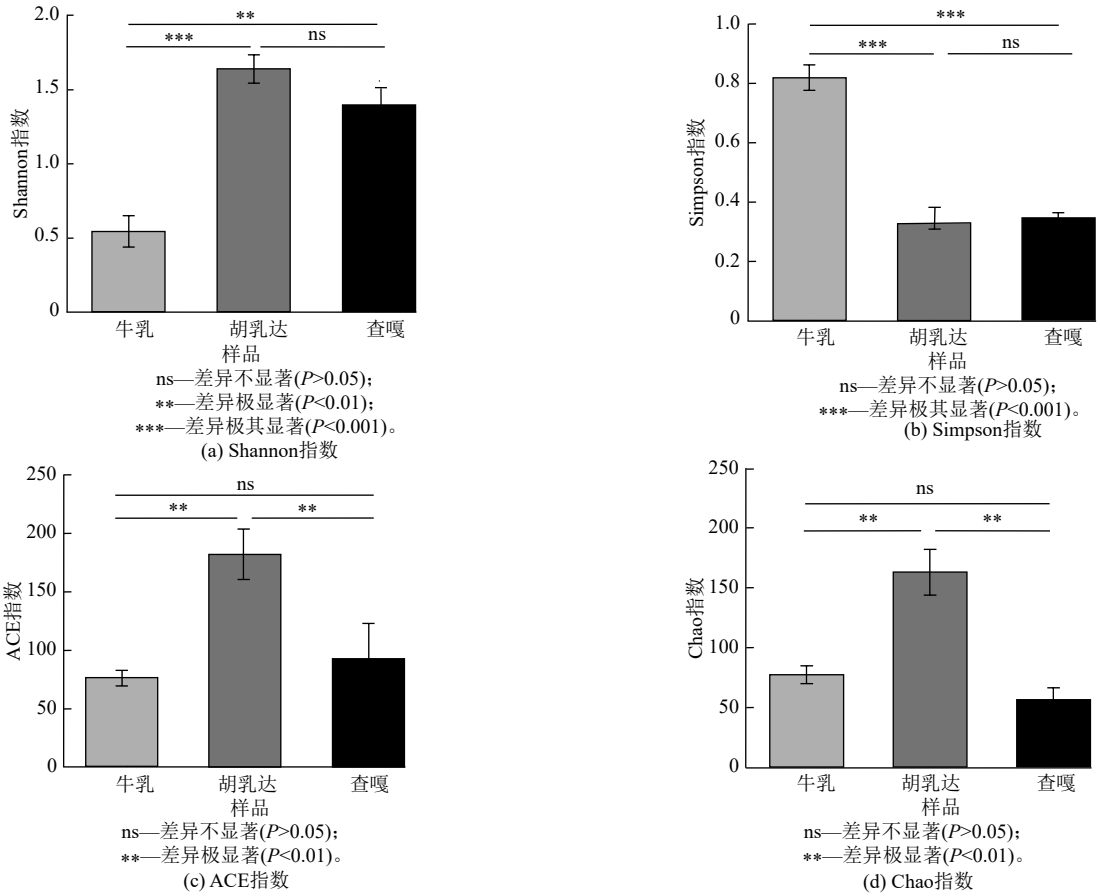


图2　细菌α多样性组间差异分析

Fig. 2　Bacterial alpha diversity indexes in different groups

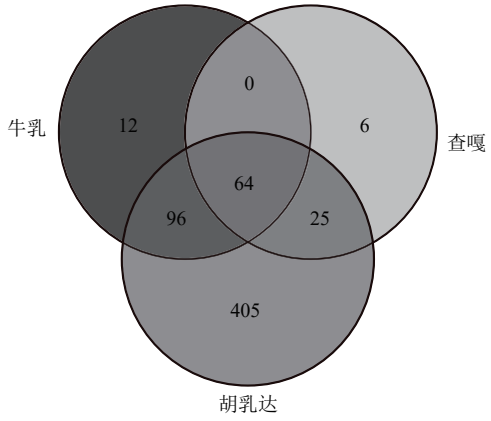


图3　基于OTU水平的细菌物种Venn图

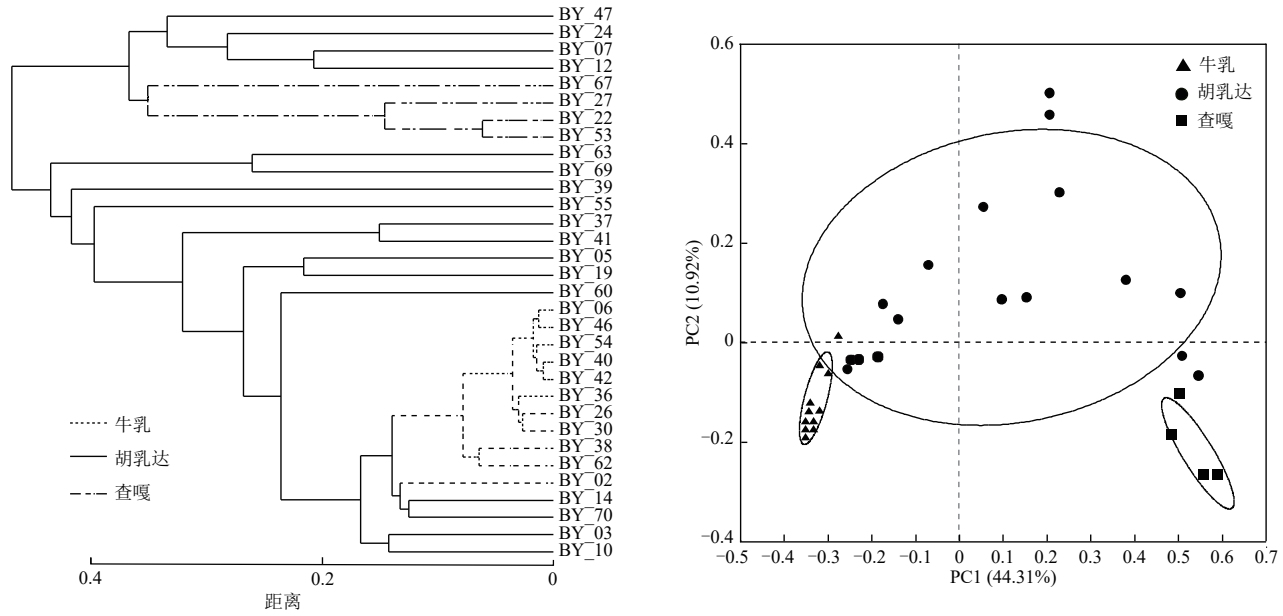
Fig. 3　Venn diagram of bacterial OTUs

同[11-12]。吕瑞瑞等[13]研究发现，地理环境和气候是影响胡乳达菌群结构的重要因素。

2.5　细菌群落组成与差异性分析

通过细菌群落组成分析可知，所有样本在细菌门分类水平上共鉴定出25个细菌门。牛乳、胡乳达及查嘎中优势菌门均为厚壁菌门（Firmicutes）和变形菌门（Proteobacteria）（见图5），两者在不同样本中具有极其显著差异（$P<0.001$）（见图6）。牛乳、胡乳达和查嘎中厚壁菌门的相对丰度分别为95.92%、72.02%、73.66%；变形菌门的相对丰度分别为3.73%、26.97%、26.32%，其余细菌门因相对丰度不足1.00%而被列入Others中。厚壁菌门是牛乳、胡乳达和查嘎的主要细菌菌门，这与Gao等[3]、Fan等[14]和Yu等[15]的研究结果一致。在牛乳中，厚壁菌门为主要优势菌门，随发酵的进行，变形菌门相对丰度增加，厚壁菌门相对丰度降低，表明在发酵过程中，两者存在相互作用。

在细菌属分类水平上共鉴定出325个菌属，牛乳中优势菌属为乳球菌属（*Lactococcus*，91.53%）、链球菌属（*Streptococcus*，1.37%），乳球菌属占绝对优势；查嘎中优势菌属为乳杆菌属（*Lactobacillus*，72.68%）和醋酸杆菌属（*Acetobacter*，25.54%），其他菌属相对丰度均不足1.00%；胡乳达中优势菌属为乳球菌属（*Lactococcus*，33.88%）、乳杆菌属



(a) UPGMA样本层级聚类　　(b) PCoA分析

图 4　β 多样性分析

Fig. 4　Beta diversity analysis

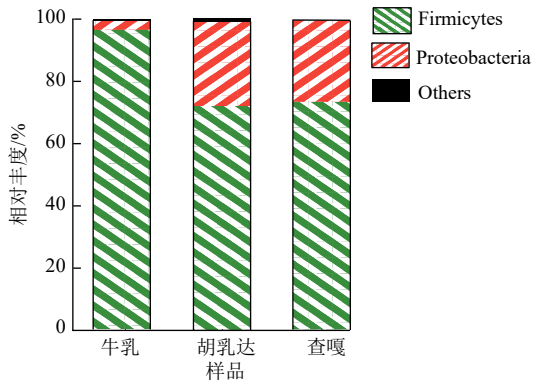
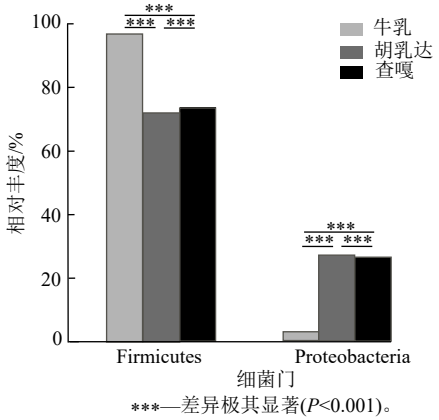


图 5　样品细菌门水平的群落丰富度

Fig. 5　Bacterial richness of samples at the phylum level



***—差异极其显著(P<0.001)。

图 6　门水平组间差异显著性检验

Fig. 6　Differences in relative abundance of bacterial phyla among groups

（*Lactobacillus*，15.41%）、醋酸杆菌属（*Acetobacter*，11.89%）、链球菌属（*Streptococcus*，8.99%）、片球菌属（*Pediococcus*，6.50%）、肠杆菌属（*Enterobacter*，5.65%）、葡糖杆菌属（*Gluconobacter*，3.88%）、魏斯氏菌属（*Weissella*，2.98%）、肠球菌属（*Enterococcus*，2.30%）、志贺菌属（*Escherichia-Shigella*，2.22%）、明串珠菌属（*Leuconostoc*，1.01%）（见图 7），胡乳达中菌属相较于牛乳和查嘎更为丰富。Gao 等[3]从内蒙古锡林郭勒盟采集的乳及传统乳制品中检测到乳球菌属为优势菌属，乳杆菌属为亚优势菌属。Zhong 等[16]和 Liang 等[17]发现，乳杆菌属、链球菌属及乳球菌属是自然发酵乳制品中的主要菌属。吕瑞瑞等[13]对不同地区胡乳达乳酸菌的多样性进行了分析，发现优势菌属是乳杆菌属、乳球菌属、链球菌属及葡萄球菌属，相对丰度介于 0.10% 与 1.00% 之间的菌属分别为肠球菌属、片球菌属、明串珠菌属、魏斯氏菌属，这与本研究结果基本一致，不同的是本研究还检测出醋酸杆菌属（11.89%）、肠杆菌属（5.65%）和葡糖杆菌属（3.88%）。醋酸杆菌属隶属变形菌门，在较高的温度（39~40 ℃）下可以发育，主要作用是氧化葡萄糖为葡萄糖酸，亦能氧化乙醇和生成乙酸并进一步将乙酸和乳酸氧化为二氧化碳和水[18]。乳杆菌属是参与乳糖消耗并生成乳酸和一些脂肪酸的主

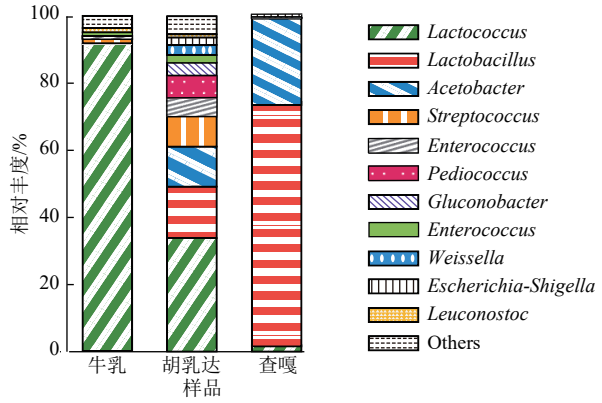
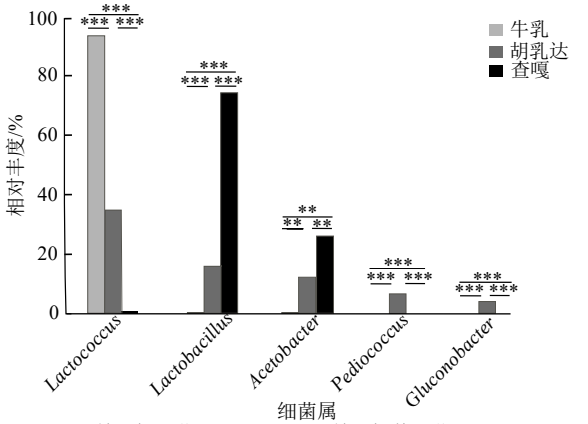


图 7　样品细菌属水平的群落丰富度

Fig. 7　Bacterial richness of samples at the genus level



—差异极显著(P<0.01)；*—差异极其显著(P<0.001)。

图 8　属水平组间差异显著性检验

Fig. 8　Differences in relative abundance of bacterial genera among groups

要乳酸菌属，对酸的忍耐性很强，适宜于在酸性条件（pH 5.5~6.2）下启动生长，且常常将乳制品的pH降到4.0以下，有助于改善发酵乳制品的质地、滋味和香味[19-20]。乳球菌属通过快速将乳糖转化为乳酸来启动发酵，由于具有快速酸化和凝结特性，通常用作乳制品发酵剂。乳球菌属可以促进酪蛋白降解产生挥发性代谢物，如双乙酰、乙偶姻等香气成分，从而提高乳制品的感官质量[21-22]，还可以产生蛋白水解酶和胞外多糖[23]。乳酸菌对酸环境有耐受性[24]，通常认为乳杆菌属的耐酸性高于乳球菌属，并且能提高发酵活性[25]。在生产胡乳达的过程中，乳球菌属快速地将牛乳中的乳糖转化为乳酸来启动发酵，醋酸杆菌属氧化葡萄糖产生葡萄糖酸同时氧化乳酸产生二氧化碳和水，使pH下降；而乳杆菌属对酸性环境的耐受性更强，在乳球菌属奠定一定酸性基础（pH降至5.0~5.5）后大量繁殖。所以耐酸性更强的乳杆菌属相对丰度增加，耐酸性较低的乳球菌属相对丰度降低；在分离凝乳块和查嘎的过程中，绝大部分乳酸都溶解在了水相的乳清中，酸性环境致使查嘎中乳杆菌属的相对丰度极其显著高于乳球菌属（P<0.001）（见图8）。综上所述，酸性环境是影响传统乳制品中细菌多样性的重要因素。

2.6　细菌基因功能预测分析

样本中细菌各种代谢相关通路基于KEGG数据库Pathway level 1相对丰度前6的基因功能主要为Metabolism、Genetic information processing、Environmental information processing、Human diseases、Cellular processes及Organismal systems，其中Metabolism相对丰度最高，见图9（a），说明Metabolism相关基因在细菌的生命活动中起着重要作用。在Pathway level 2相对丰度前6的基因功能有Global and overview maps、Carbohydrate metabolism、Amino acid metabolism、Membrane transport、Energy metabolism及Translation，其中Global and overview maps的相对丰度最高，见图9（b）。牛乳、胡乳达和查嘎的基因功能较为相似，但是胡乳达的基因功能相对丰度略高于牛乳和查嘎。微生物为获得生存和繁殖所需的能量和营养而进行合成代谢和分解代谢，而微生物的代谢特性是决定其状况的最重要因素[26]。KEGG可以系统分析基因功能，将基因组信息与更高阶的功能信息联系在一起[27]。作者在预测胡乳达和查嘎中细菌代谢相关基因时发现，碳水化合物代谢和氨基酸代谢在微生物中起主导作用。碳水化合物的分解通常在乳制品发酵过程中充当微生物生长发育的能量来源[28]，而氨基酸分解代谢是细菌的核心功能，能将蛋白质分解为小分子的氨基酸[19]。由此可知，牛乳、胡乳达及查嘎细菌中代谢相关的基因功能存在差异，并且传统发酵乳制品中代谢相关的基因功能比牛乳中的更为丰富，这些主要的代谢基因功能在传统发酵乳制品的保健功能中发挥着重要作用。这为人们提供了新的研究方向和研究思路，有利于民族地区传统发酵乳制品中益生菌的深入研究。

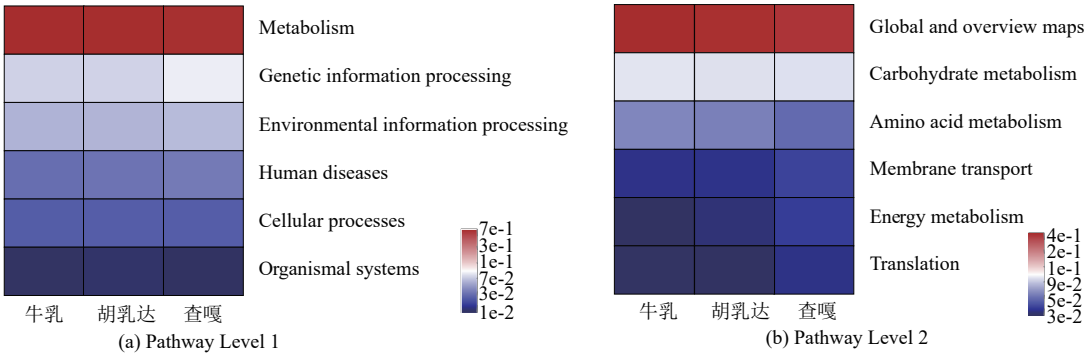


图 9　细菌基因功能预测相对丰度前 6 的基因功能

Fig. 9　Predicted top 6 bacterial gene functions in terms of relative abundance

3　结论

作者以内蒙古赤峰巴林右旗地区采集的乳及传统发酵乳制品样本为研究对象，基于 16S rRNA 高通量测序技术对其进行细菌多样性解析。结果表明，牛乳与查嘎、胡乳达之间的细菌群落组成存在明显差异，胡乳达的细菌群落丰富度极显著高于牛乳、查嘎（P<0.01）。在 3 种样品中共鉴定出 25 个细菌门和 325 个细菌属，牛乳、胡乳达及查嘎细菌菌群的优势菌门均为厚壁菌门和变形菌门；而牛乳的优势菌属为乳球菌属（91.53%），查嘎的优势菌属为乳杆菌属（72.68%）和醋酸杆菌属（25.54%），胡乳达的菌属相较于查嘎和牛乳更丰富。酸性环境下乳杆菌属的相对丰度极其显著高于乳球菌属（P<0.001），醋酸杆菌属相对丰度也极显著增加（P<0.01），表明在自然发酵过程中，为适应不同的环境，优势微生物会发生巨大变化，从而使乳制品中微生物的差异较大。通过细菌基因功能预测发现，乳及传统发酵乳制品的基因功能较为相似，在 Pathway level 1 相对丰度最高的是 Metabolism；在 Pathway level 2 相对丰度最高的是 Global and overview maps。细菌基因功能预测表明，碳水化合物代谢和氨基酸代谢在微生物中起主导作用。综上所述，巴林右旗乳及传统发酵乳制品细菌群落差异显著，胡乳达群落丰富度最高，三者优势菌门一致但菌属不同，酸性环境是影响细菌多样性的重要因素；虽群落有别，但其细菌基因功能相似。

参考文献

[1] ZHANG H P，CHEN X，DAN T，et al. Traditional Chinese fermented dairy foods[M]//Lactic Acid Bacteria. Dordrecht：Springer Netherlands，2014：493-535.

[2] 高日罕. 改革开放以来牧区奶业经营方式的变迁研究：以巴林右旗巴彦塔拉苏木宝木图嘎查为例[D]. 呼和浩特：内蒙古大学，2022.

[3] GAO M L，HOU H M，TENG X X，et al. Microbial diversity in raw milk and traditional fermented dairy products（Hurood cheese and Jueke）from Inner Mongolia，China[J]. Genetics and Molecular Research，2017，16（1）：1-13.

[4] 肖芳，朱建军，张红梅，等. 内蒙古锡盟地区传统奶皮子和奶豆腐的加工工艺调查[J]. 中国乳品工业，2016，44（11）：35-37.
XIAO F，ZHU J J，ZHANG H M，et al. Processing is of of Wrum and fermented milk curd in Xilingol league of Inner Mongolia[J]. China Dairy Industry，2016，44（11）：35-37.（in Chinese）

[5] 包福才，王文升. 蒙古族传统乳制品的开发浅见[J]. 中国乳品工业，1991，19（5）：212-214.
BAO F C，WANG W S. Development of traditional daily products in Inner Mongolia[J]. China Dairy Industry，1991，19（5）：212-214.（in Chinese）

[6] 尤利军. 自然发酵乳生境中乳酸菌群落稳定和基因组进化的研究[D]. 呼和浩特：内蒙古农业大学，2022.

[7] KUDA T，SARENGAOLE，TAKAHASHI H，et al. Alcohol-brewing properties of acid- and bile-tolerant yeasts co-cultured with lactic acid bacteria isolated from traditional handmade domestic dairy products from Inner Mongolia[J]. LWT-Food Science and Technology，2016，65：62-69.

[8] YU J，WANG W H，MENGHE B L G，et al. Diversity of lactic acid bacteria associated with traditional fermented dairy products in Mongolia[J]. Journal of Dairy Science，2011，94（7）：3229-3241.

[9] 乌日娜，张和平，孟和毕力格. 酸马奶中乳杆菌 *Lb. casei*. Zhang 和 ZL12-1 的 16S rDNA 基因序列及聚类

分析[J]. 中国乳品工业，2005，33(6)：4-9.
WU R N，ZHANG H P，MENGHE B L G. 16S rDNA sequence and cluster analysis of *Lb. casei.* Zhang and ZL12-1 isolated from Koumsis[J]. China Dairy Industry，2005，33(6)：4-9.(in Chinese)

[10] BAO W，HE Y X，LIU W. Diversity analysis of bacterial and function prediction in Hurunge from Mongolia[J]. Frontiers in Nutrition，2022，9：835123.

[11] CUEVAS-GONZÁLEZ P F，REYES-DÍAZ R，SANTIAGO-LÓPEZ L，et al. Microbiological quality and native lactic acid bacteria diversity of artisanal Mexican cheeses：a review [J]. Food Research International，2024，194：114876.

[12] ZHANG K L，JIA M Z，GUO Z，et al. Evaluation of bacterial diversity of traditional cheese in Tarbagatay Prefecture，China，and its correlation with cheese quality [J]. Food Science & Nutrition，2021，9(6)：3155-3164.

[13] 吕瑞瑞，杨成聪，李伟程，等. 不同地区奶酪中乳酸菌多样性研究[J]. 中国食品学报，2021，21(11)：201-208.
LV R R，YANG C C，LI W C，et al. Studies on lactic acid bacterial diversity of cheese from different areas[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology，2021，21(11)：201-208.(in Chinese)

[14] FAN H，HUO R，ZHAO J N，et al. Microbial diversity analysis of Jiaoke from Xilingol，Inner Mongolia[J]. Journal of Dairy Science，2020，103(7)：5893-5905.

[15] YU Z J，PENG C T，KWOK L Y，et al. The bacterial diversity of spontaneously fermented dairy products collected in northeast Asia[J]. Foods，2021，10(10)：2321.

[16] ZHONG Z，HOU Q，KWOK L，et al. Bacterial microbiota compositions of naturally fermented milk are shaped by both geographic origin and sample type[J]. Journal of Dairy Science，2016，99(10)：7832-7841.

[17] LIANG T T，XIE X Q，ZHANG J M，et al. Bacterial community and composition of different traditional fermented dairy products in China，South Africa，and Sri Lanka by high-throughput sequencing of 16S rRNA genes [J]. LWT-Food Science and Technology，2021，144：111209.

[18] LISDIYANTI P，KAWASAKI H，SEKI T，et al. Systematic study of the genus *Acetobacter* with descriptions of *Acetobacter indonesiensis* sp. nov.，*Acetobacter tropicalis* sp. nov.，*Acetobacter orleanensis* (Henneberg 1906) comb. nov.，*Acetobacter lovaniensis* (Frateur 1950) comb. nov.，and *Acetobacter estunensis* (Carr 1958) comb. nov.[J] The Journal of General and Applied Microbiology，2000，46(3)：147-165.

[19] XIAO M Y，HUANG T，HUANG C，et al. The microbial communities and flavour compounds of Jiangxi Yancai，Sichuan Paocai and Dongbei Suancai：three major types of traditional Chinese fermented vegetables[J]. LWT-Food Science and Technology，2020，121：108865.

[20] REZVANI F，ARDESTANI F，NAJAFPOUR G. Growth kinetic models of five species of *Lactobacilli* and lactose consumption in batch submerged culture[J]. Brazilian Journal of Microbiology，2017，48(2)：251-258.

[21] DEL RIO B，LADERO V，REDRUELLO B，et al. Lactose-mediated carbon catabolite repression of putrescine production in dairy *Lactococcus lactis* is strain dependent[J]. Food Microbiology，2015，48：163-170.

[22] CAVANAGH D，FITZGERALD G F，MCAULIFFE O. From field to fermentation：the origins of *Lactococcus lactis* and its domestication to the dairy environment[J]. Food Microbiology，2015，47：45-61.

[23] SONG A A，IN L L A，LIM S H E，et al. A review on *Lactococcus lactis*：from food to factory[J]. Microbial Cell Factories，2017，16(1)：55.

[24] 徐伟良，李春冬，郭梁，等. 蒙古族传统奶嚼口的微生物组成分析[J]. 食品与生物技术学报，2020，39(8)：106-111.
XU W L，LI C D，GUO L，et al. Analysis of microbial composition in Mongolian traditional Jiaokou [J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2020，39(8)：106-111.(in Chinese)

[25] ROGOSA M，MITCHELL J A，WISEMAN R F. A selective medium for the isolation and enumeration of oral and fecal lactobacilli[J]. Journal of Bacteriology，1951，62(1)：132-133.

[26] SHRESTHA P，KIM M S，ELBASANI E，et al. Prediction of trehalose-metabolic pathway and comparative analysis of KEGG，MetaCyc，and RAST databases based on complete genome of *Variovorax* sp. PAMC28711[J]. BMC Genomic Data，2022，23(1)：4.

[27] KANEHISA M，GOTO S. KEGG：Kyoto encyclopedia of genes and genomes[J]. Nucleic Acids Research，2000，28(1)：27-30.

[28] RIZO J，GUILLÉN D，FARRÉS A，et al. Omics in traditional vegetable fermented foods and beverages[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition，2020，60(5)：791-809.