

「熟成塩タレ」の熟成過程における細菌叢解析

Analysis of bacterial flora during fermentation process of ripening salt source

福井 貴史・奥山 健斗・中山 美月・小林 照幸

Takashi FUKUI, Kento OKUYAMA, Mizuki NAKAYAMA
and Teruyuki KOBAYASHI

銚子漁港におけるさば類の水揚げ量は年間10万トン以上と、総水揚げ量の半数近くを占め、銚子で取り扱う主要な魚種となっている。しかしながら、その殆どはアニサキスやヒスタミンによる食中毒を避けるために生で提供されることはない。さばをはじめ魚介類の鮮度保持・加工・保存のために開発された「熟成塩タレ」は、焼成カキ殻、塩、及び、香味野菜を熟成した天然発酵液であるが、これにさばの身を漬けて急速冷凍することで生食を可能にしている。この「熟成塩タレ」は鮮度保持、旨味向上、矯臭作用に優れた効果があることが経験上わかっているが、その有用微生物の同定などの微生物学的分析はいまだなされていない。そこで、「熟成塩タレ」より微生物を培養・分離し、単離された微生物を分子遺伝学的手法により同定した。また次世代シーケンシングにより「熟成塩タレ」の発酵・熟成による細菌叢の変化を網羅的に解析した。

1. はじめに

日本で水揚げ量が最も多い魚種はさば類であり、年間約53.7万トン（平成30年）が水揚げされる¹⁾。これは日本の総漁獲の約16%を占める。また近年の銚子漁港におけるさば類の水揚げ量は、平成28年をピークに減少しているものの約11.6万トン（平成30年）と、総水揚げ量の約46%を占め、銚子漁港で取り扱う主要な魚種となっている²⁾。実に日本の総漁獲量の20%以上のさば類が銚子に水揚げされている。漁獲されるさば類はその多くが加工用原料として一律に凍結され、食用から飼料まで様々な用途に向けられているため、生食に供される量は極めて少ない。この理由として寄生虫であるアニサキスや主に *Photobacterium phosphoreum*、*Morganella morganii* などが産生するヒスタミンによる食中毒の予防が第一に挙げられる³⁾。一方で、大分県佐賀関で水揚げされる関

さばや神奈川県松輪で水揚げされる松輪さばは、「一本釣り」「面買い」「活け締め」等による徹底した鮮度保持により生食を可能としている⁴⁾。また、岩手県石巻で水揚げされる金華さばは、巻き網漁業で漁獲するが漁獲後にさばを船内凍結することで生食を可能としている⁴⁾。これら各産地における取り組みをみると、銚子で水揚げされるさばは、このようなブランド化による商品価値を高める機会を逸失してきたともいえる。そのような中で株式会社海辺里（つべり）代表取締役である渡辺義美氏は銚子うめえもん研究会を設立し、銚子で水揚げされたさばの生食を可能とするため、魚介類の鮮度保持・加工・保存のための技術開発に取り組んだ⁵⁾。その成果として「熟成塩タレ」（図1）の製法を確立し、製法特許を取得するに至った（特許番号4309375号）。これにより水揚げされたさばのうち、大型のものを選別の上「熟成塩タレ」により処理し急速冷凍することで「極上サバ」として生食提供が可能となった。最近では「極上サバ」もブランドとして認知されつつある。「極上サバ」の加工に必須である「熟成塩タレ」は高温焼成したカキ殻、食塩、香味野菜、及び海藻を素焼の甕で熟成した天然発酵液であり、単にさばに凍結処理を施したものよりも鮮度保持、

連絡先：福井貴史 tfukui@cis.ac.jp

千葉科学大学大学院薬学研究科

Graduate School of Pharmacy, Chiba Institute of Science
Graduate School

(2019年9月30日受付, 2019年12月13日受理)

旨味向上、矯臭作用に優れた効果があることが経験上わかっている。しかしながら、発酵食品である「熟成塩タレ」の品質に影響を与える重要な要素でありながらその微生物学的な分析はされていない。そこで「熟成塩タレ」中の微生物叢について、分子遺伝学的手法による微生物の同定を行うと同時に「熟成塩タレ」の発酵・熟成過程における細菌叢の変化を網羅的に解析した。

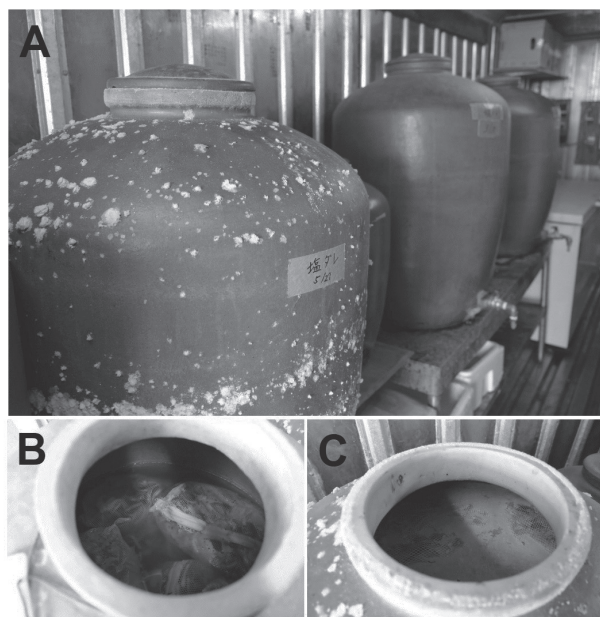


図1.「熟成塩タレ」の熟成

素焼甕によって熟成される(A)。熟成前の塩タレ(B)と、熟成後の塩タレ(C)。

2. 実験方法

2.1 培養条件とコロニーの計数

分離培養は、普通寒天培地(栄研化学)、MRS乳酸菌培地(Difco)、サブロー寒天培地の3種類、及びそれに「熟成塩ダレ」の塩分濃度である20%NaClを添加したもの、計6種類の培地を用いた。滅菌超純水にて100倍に希釈した「熟成塩ダレ」を1mLずつ寒天培地に滴下し、好氣的環境下において20、25、30、35、40、45°Cの各

温度で好氣的条件下培養した後、24時間毎にコロニー数を計測した。

2.2 単離された細菌の16S rRNAに基づく系統解析

得られたコロニーより、DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen)を用いて抽出したゲノムDNAを抽出した。得られたゲノムDNAを鋳型としPCR反応を行った。16S rRNA領域の増幅には16S-10F (5'-GTTTGATCCTGGC TCA-3')、及び16S-800R (5'-TACCAGGGTATCTAAT CC-3')を、rDNA ITS1領域の増幅にはITS-1F (5'-GT AACAAGGTTTCCGT-3')、及びITS-1R (5'-CGTTCTT CATCGATG-3')の各プライマーを用いてEx Taq DNA polymerase (タカラバイオ)により増幅した。増幅産物は1.0%アガロースゲル電気泳動を行い、増幅が確認されたものはABI Prism 3130 Genrtic Analyzer (Applied Biosystems)を用いて塩基配列を決定した。PCR増幅領域の塩基配列を確認し、BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)により、データベース上の既知の塩基配列情報との相同性検索を行った。

2.3 次世代シーケンサーによる網羅的解析

熟成塩タレの熟成開始前、及び熟成開始後2、4、8、12週間の各熟成過程の塩ダレよりNucleoSpin Tissue (MACHEREY-NAGEL)を用いてDNAを抽出し、これを鋳型とした。2-step tailed PCRにより16S rRNA遺伝子の増幅を行い、ライブラリを作製した。1st PCRはプライマー1st-341f_MIX (5'-ACACTCTTCCCTACACGACGCT CTCCGATCT-NNNNN-CCTACGGGNGGCWGCAC-3')、及び1st-805r_MIX (5'-GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTCCGATCT-NNNNN-GACTACHVGGTATCTAATCC-3')の各プライマーを用いてKOD Fx Neo DNA polymerase (東洋紡)により増幅した。2nd PCRはプライマー2nd F (5'-AATGATACGGCGACCACCGA GATCTACAC-Index2ACACTCTTCCCTACACGAC GC-3')、及び2nd R (5'-CAAGCAGAAGACGGCATA CAGAT-index1-GTGACTGGAGTTCAGACGTGTG-3')の各プライマーを用いてEx Taq DNA polymeraseにより増幅した。次世代シーケンサーMiSeq (illumina)を用

表1. 各サンプルの反応条件、及びシーケンシング結果

熟成後経過時間 (週)	1stPCR溶液濃度 (ng/μL)	サンプル識別用配列		ライブラリーの 濃度測定結果 (ng/μL)	シーケンシング結果	
		Index1	Index2		Rawリード数	99.9以上の配列 正確性%
0	17.2	ACGAATTC	TATAGCCT	25.8	39,707	84.5
2	17.1	ACGAATTC	ATAGAGGC	26.5	41,333	84.8
4	15.2	ACGAATTC	CCTATCCT	25.9	42,364	85.3
8	18.9	ACGAATTC	GGCTCTGA	26.5	38,383	85.0
12	17.1	ACGAATTC	AGGCGAAG	24.9	43,194	84.9

いて300bpペアエンドシーケンスを行った。各サンプルの生成物濃度、Index、Rawリード数は表1に示した。得られた配列情報をQiime 2 (<https://qiime2.org/>)により解析した。

3. 結果と考察

普通寒天培地、MRS乳酸菌培地、サブロー寒天培地、20%NaCl含有普通寒天培地、20%NaCl含有MRS乳酸菌培地、20%NaCl含有サブロー寒天培地の6種の培地を用いて、20、25、30、35、40、45°Cの各温度において好氣的環境下で完成した「熟成塩タレ」を培養し、培養開始から120時間まで24時間毎にコロニー形成数を計測した。NaCl未添加である3種の培地、即ち普通寒天培地、MRS乳酸菌培地、サブロー寒天培地では、培養開始から48時間の時点でコロニーが観察された。培養開始後48時間の各培地におけるコロニー形成数を図2に示した。それぞれ20°Cにおいて $4.0 \sim 7.0 \times 10^5$ CFU/mL、25°Cにおいて $6.0 \sim 9.0 \times 10^5$ CFU/mL、30°Cにおいて 6.0×10^5 CFU/mL、35°Cにおいて $6.0 \sim 8.0 \times 10^5$ CFU/mLのコロニーが形成された。20% NaCl含有培地では普通寒天培地の35°C、及び40°Cの条件でのみコロニーが観察された(図2)。20% NaCl含有普通寒天培地にて35°Cで培養した場合、培養開始から96時間の時点でコロニーが観察され、約 3.0×10^4 CFU/mLのコロニーが形成され、40°Cでは培養開始から120時間の時点でコロニーが観察され、約 1.3×10^4 CFU/mLのコロニーが形成された。

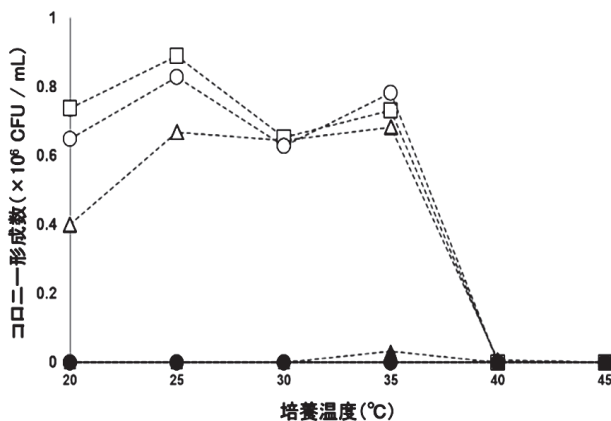


図2. 培養開始48時間後におけるコロニー形成数

6種の培地を用いて好氣的環境下20~45°Cの各温度で「熟成塩タレ」を培養し、コロニー形成数を計測した。△:普通寒天培地、□;サブロー培地、○;MRS寒天培地、▲;20%NaCl普通寒天培地、■;20%NaClサブロー培地、●;20%NaCl MRS寒天培地。

25°Cで48時間培養した普通寒天培地、20°Cで48時間培養したMRS乳酸菌培地、25°Cで48時間培養したサブロー寒天培地、30°Cで96時間培養、40°Cで96時間、及び120時間培養した20%NaCl含有普通寒天培地より、形成されたコロニーを分取し、ゲノムDNAを抽出した。抽出・精製したDNAを鋳型とし16S rRNA領域、及びrDNA ITS1領域をPCR法によって増幅し、アガロースゲル電気泳動によって確認した結果を図3に示した。全ての菌種で16S rRNA遺伝子のみが増幅され、rDNA ITS1遺伝子の増幅はみられなかったことから、得られたコロニーは全て真正細菌によるものと考えられた。BLASTによる相同性比較より、普通寒天培地、MRS乳酸菌培地、サブロー寒天培地から単離されたコロニーは全て同一の種と考えられ、それは*Sphingomonas*属細菌と97~99%の相同性を示した。*Sphingomonas*属はグラム陰性細菌に特有のリポ多糖を含まない、スフィンゴ糖脂質を有する水環境や土壌などの様々な環境に生息するグラム陰性細菌である⁶⁾。また、20%NaCl添加普通寒天培地より単離されたコロニーもいずれも同一の種と考えられ、*Chromohalobacter*属細菌と98~99%一致相同性を示し、日本の塩蔵食品から発見された*Chromohalobacter japonicus*の近縁種と考えられた⁷⁾。今回は、好氣的条件のみで培養を行ったことから分離培養可能であった細菌の種が限定されたことが懸念される。塩タレの熟成過程により近いと考えられる微好気条件、もしくは嫌気条件においての分離培養を行うことにより、より多様な菌種が分離できる可能性が考えられた。

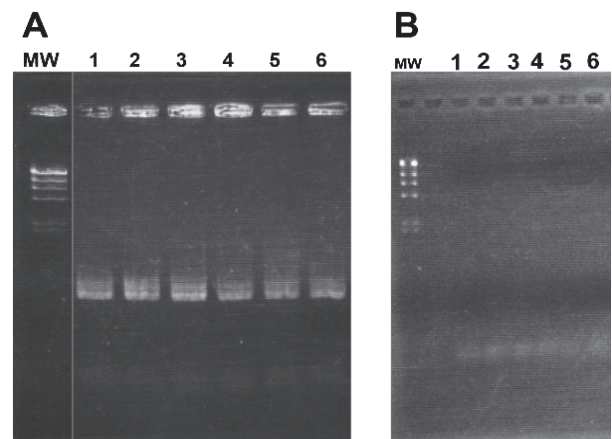


図3. 16S rRNA、ITS1領域の増幅

分取したコロニーより抽出したDNAを鋳型にPCRを行い16S rRNA、ITS1領域を増幅した。A、16S rRNA増幅産物、B、ITS1領域増幅産物。1; 普通寒天培地25°C、2; MRS乳酸菌培地20°C、3; サブロー寒天培地25°C、4; 20%NaCl普通寒天培地30°C、5; 20%NaCl普通寒天培地40°C(培養96時間後)、6; 20%NaCl普通寒天培地40°C(培養120時間)。

検出細菌			熟成期間(週)				
Family	Genus	Species	0	2	4	8	12
Aerococcaceae	Marinilactibacillus	psychrotolerans	0.07	0.45	0.28	0.22	0.03
Alcanivoracaceae	Alcanivorax		0.18	0.40	0.36	0.31	0.28
Alteromonadaceae	Marinobacter		1.05	2.46	1.42	0.53	0.13
Aurantimonadaceae	Marteella		0.13	0.05	0.05	0.03	0.03
Bacillaceae	Bacillus	flexus	0.00	0.25	0.07	0.00	0.00
Bacillaceae	Natronobacillus		0.56	1.68	1.10	0.64	0.19
Bacillaceae	Virgibacillus		0.09	0.00	0.00	0.00	0.00
Bacillaceae			0.20	0.00	0.00	0.00	0.00
Bacillaceae			0.10	0.00	0.00	0.00	0.04
Brevibacteriaceae	Brevibacterium	aureum	0.47	0.58	0.40	0.33	0.38
Comamonadaceae	Comamonas		0.54	0.09	0.07	0.05	0.00
Enterobacteriaceae	Citrobacter		0.21	0.00	0.00	0.00	0.00
Enterobacteriaceae	Citrobacter		0.10	0.00	0.00	0.00	0.00
Enterobacteriaceae	Pantoea		0.13	0.30	0.18	0.12	0.04
Enterobacteriaceae			0.20	0.00	0.00	0.00	0.00
Enterobacteriaceae			0.00	0.34	0.33	0.27	0.16
Enterobacteriaceae			0.00	0.13	0.14	0.00	0.07
Enterococcaceae	Tetragenococcus	halophilus	0.11	0.39	0.21	0.21	1.01
Enterococcaceae	Tetragenococcus	halophilus	0.00	0.30	0.30	0.27	0.93
Enterococcaceae	Tetragenococcus	halophilus	0.00	0.11	0.12	0.15	0.53
Enterococcaceae	Tetragenococcus	halophilus	0.00	0.17	0.00	0.00	0.00
Flavobacteriaceae	Sufflavibacter	maritimus	0.18	0.26	0.18	0.18	0.17
Flavobacteriaceae	Sufflavibacter	maritimus	0.07	0.19	0.14	0.16	0.21
Flavobacteriaceae			0.07	0.28	0.24	0.16	0.14
Halomonadaceae	Chromohalobacter		71.27	5.58	4.79	7.38	16.37
Halomonadaceae	Chromohalobacter		15.60	1.22	0.90	1.12	2.73
Halomonadaceae	Chromohalobacter		0.11	0.00	0.00	0.00	0.00
Halomonadaceae	Haererehalobacter	salaria	0.32	5.39	4.61	3.32	1.66
Halomonadaceae	Haererehalobacter	salaria	0.23	12.83	10.81	7.54	3.65
Halomonadaceae	Haererehalobacter	salaria	0.11	6.51	5.54	3.93	1.82
Halomonadaceae	Haererehalobacter		0.03	3.92	6.13	1.64	0.91
Halomonadaceae	Haererehalobacter	salaria	0.00	1.62	1.38	1.01	0.55
Halomonadaceae	Haererehalobacter	salaria	0.00	0.24	0.13	0.08	0.08
Halomonadaceae	Halomonas		0.71	7.02	5.12	3.67	1.77
Halomonadaceae	Halomonas		0.30	2.29	1.88	1.38	0.74
Halomonadaceae	Halomonas		0.25	0.00	0.00	0.00	0.00
Halomonadaceae	Halomonas		0.22	1.68	1.47	1.05	0.53
Halomonadaceae	Halomonas		0.20	0.05	0.00	0.00	0.00
Halomonadaceae	Halomonas		0.08	0.23	0.22	0.18	0.00
Halomonadaceae			0.61	0.51	0.37	0.28	0.00
Idiomarinaceae	Idiomarina		0.90	0.82	0.78	0.45	0.19
Idiomarinaceae	Idiomarina		0.67	0.57	0.47	0.25	0.17
Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidipiscis	0.19	1.02	0.55	0.23	0.00
Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidipiscis	0.00	0.50	0.36	0.12	0.08
Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidipiscis	0.00	0.53	0.28	0.12	0.00
Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidipiscis	0.00	0.56	0.32	0.12	0.00
Lactobacillaceae	Lactobacillus	acidipiscis	0.00	0.54	0.30	0.10	0.00
Moraxellaceae	Acinetobacter	johnsonii	0.28	0.07	0.00	0.00	0.00
Moraxellaceae	Acinetobacter	johnsonii	0.24	0.00	0.00	0.00	0.00
Moraxellaceae	Acinetobacter	johnsonii	0.19	0.00	0.00	0.09	0.00
Moraxellaceae	Acinetobacter	johnsonii	0.00	0.00	0.14	0.00	0.03
Salinisphaeraceae	Salinisphaera		0.22	10.79	29.93	54.82	62.01
Salinisphaeraceae	Salinisphaera		0.00	0.00	0.00	0.16	0.36
Salinisphaeraceae	Salinisphaera		0.00	0.00	0.00	0.00	0.28
Salinisphaeraceae	Salinisphaera		0.00	1.39	4.43	0.47	0.20
Shewanellaceae	Shewanella		0.19	0.00	0.00	0.02	0.00
Sphingomonadaceae	Sphingomonas		0.12	0.11	0.00	0.04	0.00
Vibrionaceae	Salinivibrio	costicola	0.04	14.60	8.29	4.06	0.84
Vibrionaceae	Salinivibrio	costicola	0.00	1.82	0.96	0.60	0.13
Vibrionaceae	Vibrio		0.00	3.98	1.57	0.69	0.28
Vibrionaceae	Vibrio		0.00	1.91	0.80	0.46	0.08
Vibrionaceae	Vibrio		0.00	1.66	0.81	0.45	0.00
Vibrionaceae	Vibrio		0.00	0.93	0.33	0.20	0.00
Exiguobacteraceae	Exiguobacterium		0.33	0.03	0.05	0.05	0.00
Rickettsiales U1			0.12	0.07	0.09	0.06	0.00
Streptophyta U11			0.44	0.16	0.21	0.13	0.06
Streptophyta U12			0.13	0.07	0.05	0.05	0.00

相対検出頻度 (%)	0	0.01-0.24	0.25-0.40	0.5-0.99	1.00-2.99
	2.50-4.99	5.00-9.99	10.00≤		

図4. 塩タレ熟成に伴う細菌叢の経時変化

検出リード数がいずれかの段階で25以上(相対検出頻度約0.1%)であった細菌について、それぞれの熟成前、及び各熟成段階における相対検出頻度を示した。

表2. 熟成期間による検出細菌科数の変化

	熟成期間(週数)				
	0	2	4	8	12
総リード数	27074	22977	24320	23331	27099
科の総数	30	26	24	20	16

「熟成塩タレ」各熟成期間の細菌叢解析における総リード数と検出された科の総数を表2に示した。熟成前の段階で検出された細菌は30科であったが、検出される細菌の科の総数は、熟成の進行に伴って減少していることが分かった。他に、科まで帰属できないものがStreptophyta目に2種類、Rickettsiales目に1種類確認された。検出リード数がいずれかの熟成段階で25以上のもの(相対検出頻度約0.1%)について、熟成による個別の相対検出頻度の変化を図4に示した。

熟成前の「熟成塩タレ」から検出された細菌は、86.9%がChromohalobacter属の2種類の細菌で占められていた。これら2種類の細菌は熟成に伴って検出頻度が著しく減少したが、12週間後には検出頻度が上昇した。この結果は、熟成ダレの塩濃度が高く選択圧が高いため熟成に用いる甕に由来するChromohalobacter属の検出がほとんどとなるが、熟成に伴って細菌叢は変化し多くの細菌の検出頻度が上がったと考えられた。Chromohalobacter属の一群は韓国の醤油であるガンジャンの発酵において有機酸やプロテシンの生産に密接に関係していることが示されている⁸⁾。このことからChromohalobacter属の有機酸産生が塩タレの熟成によって旨味向上、矯臭作用を示すだけでなく、熟成が進むに従って検出頻度が上昇する一連の細菌群が資化可能な物質を産生していることが示唆された。一方で、これ以外の検出頻度の大きな変化が観察された細菌であるHaererehalobacter属、Halomonas属、Salinivibrio属、Salinisphaera属、Vibrio属のそれぞれいくつかの細菌は、熟成2週間後より検出され、8週間まではその検出頻度が経時的に増大するが、12週間後には再度検出頻度が低下した。また、Lactobacillus属については、熟成過程を通じて相対検出頻度は低いものの、熟成開始2週間で相対検出頻度がピークとなり、その後熟成が進行するに従って現象した。これはLactobacillus属が添加されている香味野菜などに由来する糖のホモ乳酸発酵により代謝していることが推測され、産生される乳酸によって旨味の付与や矯臭に作用していることが示唆された⁹⁾。さらにSalinisphaera属に属する1種類のみは熟成に伴って検出頻度は増大し、12週間後には60%を超える検出頻度を示した。これらの相対的に高い比率で検出される細菌群は、いずれも好塩菌であ

り、熟成塩タレ中の高い塩濃度の環境を反映しているものと考えられた。検出された細菌の多くが発酵や塩蔵の過程で検出される細菌であり、例えばChromohalobacter属やHalomonas属は魚醤など海産物発酵食品から多数検出される¹⁰⁻¹³⁾。Haererehalobacter属やSalinisphaera属についてはいずれもその性質についてほとんど報告が無いものの、塩田やロメインレタスの塩蔵品、タラなどの干魚などから検出されることが報告されている¹⁴⁻¹⁶⁾。

「熟成塩タレ」の熟成は経験上8~12週間程度で完成し、さばの加工に用いられるが、本研究で明らかとした経時的な細菌叢変化によって裏付けることが出来たと考えられた。

謝辞

貴重な「熟成塩タレ」を提供頂きました株式会社海辺里 代表取締役 渡辺義美氏に深謝致します。

参考文献

- 1) 農林水産省：平成30年漁業・養殖業生産統計2019. http://www.maff.go.jp/j/tokei/kouhyou/kaimen_gyosei/attach/pdf/index-24.pdf, (参照2019-09-26) .
- 2) 銚子市漁業協同組合：平成30年主要魚種別水揚げ高2019. <http://www.choshi-gyokyo.jp/data/species.html>, (参照2019-09-26) .
- 3) 杉山広：食品媒介寄生虫による食中毒. 日本食品微生物学会雑誌, 27(1), 1-7, 2010.
- 4) 監修 全日本さば連合会, 著 池田陽子：サバが好き！旨すぎる国民的青魚のすべて. 山と溪谷社, 東京, 2018.
- 5) 株式会社海辺里：さば料理専門店の展開に向けて 不明. <http://tuberi.jp/sabaryouri-2.htm>, (参照2019-09-26).
- 6) White DC, Sutton SD, Ringelberg DB : The genus *Sphingomonas*: physiology and ecology. *Curr Opin Biotechnol*, 7(3), 301-306, 1996.
- 7) Sánchez-Porro C, Tokunaga H, Tokunaga M, Ventosa A : *Chromohalobacter japonicus* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a Japanese salty food. *Int J Syst Evol Microbiol*. 57(Pt 10), 62-2266, 2007

- 8) Jung JY, Chun BH, Jeon CO : *Chromohalobacter* is a Causing Agent for the Production of Organic Acids and Putrescine during Fermentation of Ganjang, a Korean Traditional Soy Sauce. *J Food Sci.* 80(12), M2853-2859, 2015
- 9) Patra JK, Das G, Paramithiotis S, Shin HS : Kimchi and Other Widely Consumed Traditional Fermented Foods of Korea: A Review. *Front Microbiol.* 28(7), 1493 (eCollection), 2016.
- 10) Guan L, Cho KH, Lee JH : Analysis of the cultivable bacterial community in jeotgal, a Korean salted and fermented seafood, and identification of its dominant bacteria. *Food Microbiol.* 28(1), 101-113, 2011.
- 11) Jung WY, Lee HJ, Jeon CO : *Halomonas garicola* sp. nov., isolated from saeu-jeot, a Korean salted and fermented shrimp sauce. *Int J Syst Evol Microbiol.* 66(2), 731-737, 2016.
- 12) Kim MS, Park EJ : Bacterial communities of traditional salted and fermented seafoods from Jeju Island of Korea using 16S rRNA gene clone library analysis. *J Food Sci.* 79(5), 927-934, 2014.
- 13) Jung JY, Lee HJ, Chun BH, Jeon CO : Effects of Temperature on Bacterial Communities and Metabolites during Fermentation of Myeolchi-Aekjeot, a Traditional Korean Fermented Anchovy Sauce. *PLoS One.* 11(3), e0151351, 2016.
- 14) Pegoraro N, Calado R, Duarte LN, Manco SC, Fernandes FJ, Polónia AR, Cleary DF, Gomes NC : Molecular analysis of skin bacterial assemblages from codfish and pollock after dry-salted fish production. *J Food Prot.* 78(5), 983-989, 2015.
- 15) Birdilla Selva Donio M, Chelladurai Karthikeyan S, Michaelbabu M, Uma G, Raja Jeya Sekar R : *Haererehalobacter* sp. JS1, a bioemulsifier producing halophilic bacterium isolated from Indian solar salt works. *J Basic Microbiol.* 58(7), 597-608, 2018.
- 16) Tallei TE, Fatimawali, Pelealu JJ : The data on metagenomic profile of bacterial diversity changes in the different concentration of fermented romaine lettuce brine. *Data Brief.* 25, 104190, 2019.