

我国发酵鱼制品菌群组成与风味代谢相关性研究进展

周冰倩^{1,2}, 刘永乐^{1,2}, 黄轶群^{1,2}, 李向红^{1,2}, 王发祥^{1,2}, 马夏吟^{1,2,*}

(1.长沙理工大学食品与生物工程学院, 湖南 长沙 410114;

2.湖南省水生资源食品加工工程技术研究中心, 湖南 长沙 410114)

摘要: 发酵是一种传统的鱼类贮藏方式, 在发酵过程中, 原料或环境中携带的微生物通过自身代谢能够促进碳水化合物、蛋白质及脂肪的分解利用, 从而生成丰富的风味物质。不同地区的人们通过添加不同的原辅料以及控制盐含量、发酵温度、发酵时间等条件, 得到风味、形态均大不相同的发酵鱼制品, 同时各类发酵鱼制品中微生物组成的差异性导致其特征性风味物质的组成也各不相同, 因此研究不同发酵鱼制品中的菌群组成, 探究微生物代谢与特征性风味物质形成的相关性成为当前研究的热点之一。本文针对国内不同类型发酵鱼制品, 对其发酵工艺、菌群组成、特征性风味物质及产生机制的相关研究进行整理和讨论, 分析发酵条件对菌群组成、进一步对风味形成的影响; 同时对比不同微生物与风味物质相关性研究方法的特点, 为今后探索发酵鱼风味形成机制及对发酵鱼风味进行精准调控提供参考方向。

关键词: 传统发酵鱼制品; 菌群组成; 特征风味物质; 微生物代谢; 相关性分析; 组学分析

Research Progress in the Correlation between Microbial Community Composition and Flavor Metabolism of Fermented Fish Products in China

ZHOU Bingqian^{1,2}, LIU Yongle^{1,2}, HUANG Yiqun^{1,2}, LI Xianghong^{1,2}, WANG Faxiang^{1,2}, MA Xiayin^{1,2,*}

(1. School of Food Science and Bioengineering, Changsha University of Science and Technology, Changsha 410114, China;

2. Hunan Aquatic Resources Food Processing Engineering Technology Research Center, Changsha 410114, China)

Abstract: Fermentation is a traditional way of fish storage. During the fermentation process, microorganisms in raw materials or the environment can promote the decomposition and utilization of carbohydrates, proteins, and fats through metabolism, thereby generating rich flavor substances. People in different regions make different types of fermented fish products with different flavors by using different raw materials and ingredients and controlling conditions such as salt content, fermentation temperature, and fermentation time. The differences in the microbial community composition in various types of fermented fish products result in different compositions of characteristic flavor substances. Therefore, the microbial community composition in different fermented fish products and the correlation between microbial metabolism and the formation of characteristic flavor compounds are current research hotspots. This review summarizes recent studies on the fermentation process, microbial community composition, characteristic flavor substances and their formation mechanisms in different types of fermented fish products in China, and analyzes the impact of fermentation conditions on the microbial community composition and flavor formation. Besides, this review compares the characteristics of research methods for the correlation between different microorganisms and flavor substances. This review will provide a reference and direction for exploring the formation mechanism of the flavor of fermented fish and for the precise regulation of fermented fish flavor in the future.

Keywords: traditional fermented fish products; microflora composition; characteristic flavor substances; microbial metabolism; correlation analysis; omics analysis

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20230810-069

中图分类号: TS254.4

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630(2024)07-0281-09

收稿日期: 2023-08-10

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(31972106); 湖南省重点研发项目(2022NK2032)

第一作者简介: 周冰倩(1999—)(ORCID: 0009-0005-7310-7428), 女, 硕士研究生, 研究方向为水产品加工与贮藏。

E-mail: zhoubingqian0815@163.com

*通信作者简介: 马夏吟(1991—)(ORCID: 0000-0001-8976-1700), 女, 讲师, 博士, 研究方向为水产品加工与贮藏。

E-mail: 1137977621@qq.com

引文格式:

周冰倩, 刘永乐, 黄轶群, 等. 我国发酵鱼制品菌群组成与风味代谢相关性研究进展[J]. 食品科学, 2024, 45(7): 281-289.

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20230810-069. <http://www.spkx.net.cn>

ZHOU Bingqian, LIU Yongle, HUANG Yiqun, et al. Research progress in the correlation between microbial community composition and flavor metabolism of fermented fish products in China[J]. Food Science, 2024, 45(7): 281-289. (in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/spkx1002-6630-20230810-069. <http://www.spkx.net.cn>

发酵是一种古老的保存鲜鱼的方法, 通过发酵不仅可以延长鱼肉的保藏期, 还使鱼肉的风味、质地、色泽及营养得到增强。发酵鱼制品作为许多国家饮食文化的重要组成部分, 深受国内外消费者喜爱, 同时由于不同地区的发酵环境差异较大, 发酵原料和工艺各具特色, 因此各地的发酵鱼制品风味迥异。根据不同分类标准, 当前我国传统发酵鱼制品可以分为以下几类(图1)。根据发酵方式可分为传统发酵和接种发酵。传统发酵法利用环境所带的微生物进行自然发酵, 发酵鱼产品品质受环境、季节和经验等因素的影响较大, 主要存在于家庭式小作坊中; 而接种发酵通过添加微生物发酵剂, 能够稳定发酵鱼中微生物组成、缩短发酵周期、提升风味品质, 为传统发酵鱼制品提供工业化发展方向^[1]。发酵原料中碳水化合物含量也会影响发酵过程中微生物代谢过程, 如在酸鱼和鲈鱼的制作工艺中通常会添加熟制米粉, 碳水化合物分解后产生的糖类为后续发酵提供能量, 同时也产生特殊风味物质^[2-3]。发酵鱼中食盐添加量对微生物菌群组成及风味形成有重要影响^[2,4]。根据盐添加量可将发酵鱼分为高盐发酵和低盐发酵, 高盐发酵盐添加量通常超过总质量的20%, 而低盐发酵盐添加量占总质量的3%~8%^[5]。在发酵过程中, 多种微生物通过复杂的代谢过程促进了原料中碳水化合物、蛋白质及脂质的分解和氧化反应, 从而产生了一系列低分子质量风味化合物, 形成各地发酵鱼独特的风味^[6], 而不同类型的发酵鱼制品中微生物组成及代谢存在较大差异, 且同一种发酵鱼制品的菌群组成随发酵时间的延长处于动态演变的过程中, 因此探究不同发酵鱼制品中微生物菌群组成及其与风味形成机制间的相关性是实现传统发酵鱼制品产业化的研究重点之一。

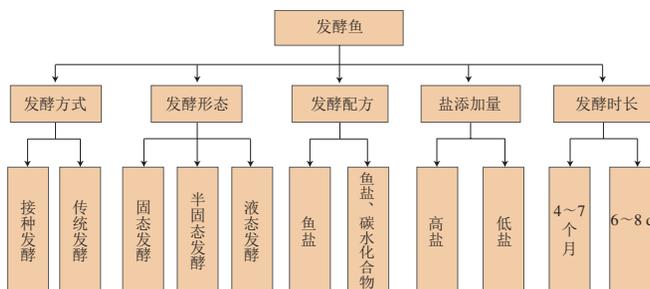


图1 我国传统发酵鱼制品分类

Fig. 1 Classification of traditional fermented fish products in China

风味物质的形成与发酵鱼中多种微生物的代谢活动相关, 发酵鱼制品中的微生物丰富多样, 可根据其对发酵的作用分为有益菌、致病菌和腐败菌。当有益菌是优势菌群时能够抑制杂菌生长繁殖, 同时促进良好风味物质产生, 例如, 乳酸菌在多种发酵鱼制品中被鉴定为优势发酵菌株, 能有效抑制魏斯氏菌属 (*Weissella*)、毛壳菌属 (*Chaetomium*) 等腐败菌的生长, 并产生令人愉悦的气味^[7]。随着分子生物学技术的发展, 宏基因组、宏转录组和宏蛋白组等多组学技术的联用使人们对发酵鱼中微生物的多样性有了更多的认识^[7], 而基于多维液相/气相色谱-质谱及核磁共振技术的代谢组学技术推动了发酵鱼中微生物代谢调控及特征风味的研究, 进一步促进了发酵鱼中微生物演替规律与风味物质形成相关性的研究^[8]。不同发酵鱼制品中挥发性风味物质的含量差别较大, 据报道可将发酵鱼中关键风味物质归为醇类、醛类、酸类、酮类、酯类、酚类、含氮化合物、芳香化合物、含硫化合物、碳氢化合物等^[9]。其中醇类化合物主要与碳水化合物、氨基酸和脂肪的代谢相关, 具有蘑菇气味^[10-11]; 醛类化合物是脂质氧化的降解产物或通过不饱和脂肪酸在微生物和酶的作用下降解产生^[12], 具有令人愉快的气味, 如青草味、麦芽香味、水果香味和奶酪味^[13-14]; 酮类化合物是微生物发酵、氧化产生的多不饱和脂肪酸和氨基酸, 具有甜味、花香和果香味^[15]; 酯类化合物通常是由醇和有机酸的非酶酯化反应或微生物的酶催化反应形成的, 具有芳香气味^[16]。当前, 标准化和规模化是传统发酵鱼制品的发展趋势, 因此对发酵过程进行规范化控制成为亟需解决的问题, 而探究发酵鱼中微生物菌落组成及其代谢与风味物质形成机制的相关性则是规范化控制的理论基础。本文针对我国主要发酵鱼制品的菌落组成、关键风味物质及其相关性的相关研究进行总结, 为今后探索发酵鱼风味形成机制及对发酵鱼风味进行精准调控提供参考方向。

1 我国发酵鱼制品菌群组成与风味代谢相关性

目前我国传统发酵鱼制品的种类约有8种, 其中关于酸鱼、臭鳃鱼、鱼露及鱼酱的研究报道较多, 而鱼茶、鱼鲑等发酵鱼制品的相关研究较少。由表1可知, 在不同地区因原料不同导致在发酵过程中产生菌群也存在差异, 因而每个地区发酵鱼制品的风味独具一格。

表1 我国常见传统发酵鱼制品
Table 1 Common traditional fermented fish products in China

发酵鱼	原料	优势菌	添加盐质量分数/%	主要产地	参考文献
酸鱼	稻田鱼、盐、糯米饭、辣椒	乳杆菌属、四联球菌属	20	贵州	[5,10,17-23]
臭鳊鱼	鲤鱼、熟制玉米粉、盐	乳酸杆菌属、葡萄球菌属	2~6	浙江、江苏	[11,24-31]
糟鱼	鳊鱼、熟制玉米粉、盐	乳酸菌、梭菌、嗜冷菌属、弧菌	6	安徽	[1,9,32-37]
鱼辣酱	淡水鱼、盐、酒糟、白酒	芽孢杆菌、葡萄球菌、乳酸菌、酵母菌	8	浙江、江苏	[38]
鱼酱	鲢鱼、辣椒	乳酸菌、酵母菌	3	西南地区	[39-41]
鱼鲊	鲟鱼、河鲀鱼	未报道	12~6	江苏	[42-46]
鱼茶	草鱼、盐、辣椒、米粉	未报道	2	湖南	[47]
鱼露	高山鱼、稻米	乳球菌、乳杆菌、酵母菌	未报道	海南	[48]
	低值鱼、鱼内脏	乳酸菌、酵母菌、霉菌	10~15	广东	[49-59]

1.1 固态发酵鱼

1.1.1 酸鱼

酸鱼是贵州省黔东南地区及江浙地区的一种传统佳肴,根据食盐添加量可将制作工艺分为高盐发酵和低盐发酵2种。贵州地区的传统高盐发酵酸鱼食盐添加量约为20%,发酵条件为室温(25℃左右)发酵4~7个月,因其盐含量较高,因此产品中生物胺、挥发性盐基氮和丙二醛含量较低,具有较高安全性^[17]。与高盐发酵相比,低盐酸鱼食盐添加量仅为2%~6%,更容易滋生腐败微生物,因此在传统发酵中往往通过控制发酵温度或缩短发酵时间来提高酸鱼品质,一般发酵条件为室温(25℃左右)发酵4周左右或在较低温度(15℃左右)发酵24d左右^[4,18-19]。近年来采用低盐与发酵剂结合强化发酵法制作酸鱼,不仅能缩短发酵时间,还起到提升风味、提高产品安全性的作用^[20]。

盐含量及发酵条件的差异导致不同酸鱼制品中微生物菌群出现差异。在高盐发酵酸鱼中常见报道的优势细菌菌属为植物乳植杆菌属、四链球菌属、葡萄球菌属及魏斯氏菌属^[21-23]。其中植物乳植杆菌在发酵及风味形成中具有主导作用,且其耐盐能力可达到20%左右^[23],其菌落数量与含盐量具有显著相关性^[5]。四链球菌属和葡萄球菌属的耐盐能力普遍较高,在30%盐含量下仍然能生长^[55]。而低盐酸鱼制品中菌群组成受发酵条件的影响较大。在Zang Jinhong等^[24]的研究中,鲤鱼肉经过3g/100mL盐水腌制48h、干燥3h及与玉米粉混合后,在25℃条件下发酵4周,期间酸鱼中植物乳植杆菌和微球菌占主导地位,但其丰度在4周内较大的波动,此外葡萄球菌、乳酸乳球菌、明串珠菌、肠球菌及片球菌属均占有一定的丰度;在Wang Zehan等^[19]的研究中,鲤鱼肉经过5%食盐干腌、干燥、与香料混合后,在8%盐含量下15℃发酵24d,期间葡萄球菌在酸鱼发酵前期及中期占绝对的主导地位,魏斯氏菌属的丰度则在发酵后期(8~24d)才逐渐由0.3%上升至46%左右,而植物乳植杆菌在其中占比非常少。除细菌外,酵母菌,如酿酒酵母、柯达酵母、结合酵母等,因其耐盐性好且偏好在酸性环境中生长,也是酸鱼中的常见微生物,与乳酸

菌在酸鱼风味的形成中起协同作用。相比自然发酵,接菌强化发酵对稳定酸鱼中菌群组成起到了显著作用^[25],微生物菌群的差异性及动态变化是造成酸鱼制品间或发酵过程中风味物质差异性的主要原因,低盐发酵酸鱼因其微生物组成更为丰富,且符合当今减盐发酵的健康理念,成为近年来的研究热点。臧金红^[4]根据气味活度值从传统低盐酸鱼中筛选出乳酸乙酯、十六酸乙酯、4-乙炔基愈创木酚、2-辛烯醛、2-乙酰基呋喃、辛酸乙酯、苯甲醛和异戊酸等关键风味物质。相关研究表明,醇类和酯类物质是低盐酸鱼风味组成中的重要部分,其中醇类物质在发酵初期含量较高,而酯类物质的含量在成熟期逐步升高^[4,18-19]。Zang Jinhong等^[24]通过层次聚类分析将酸鱼的发酵过程分为3个阶段:第1阶段(0d)特征风味物质为1-辛烯-3-醇、丙酮、2-丁酮和2-乙基呋喃;第2阶段(0~2周)产生大量的酸、醛和醇类挥发性风味物质,奠定了酸鱼的整体风味;第3阶段(2~4周)脂类大量产生,增加了酸鱼的芳香气味。脂类风味物质主要是通过酯化和醇解途径生成的,可分为乙酸酯和脂肪酸乙酯2类。风味物质的产生与发酵过程中微生物菌群演变密不可分,在植物乳植杆菌、木糖葡萄球菌及酿酒酵母混菌发酵的低盐酸鱼中,酵母菌丰度不断降低,植物乳植杆菌丰度逐步提升,与之成正相关的乙酸异戊酯、乳酸乙酯及辛酸乙酯等酯类物质含量随之增加^[27]。在3株菌单独接种发酵中,植物乳植杆菌对酯类物质产生的促进作用最为显著,而酿酒酵母对醇类物质含量的促进作用最为显著^[11]。同时Gao Pei等^[26]对植物乳植杆菌、木糖葡萄球菌及酿酒酵母的脂肪代谢及乙酸酯合成能力进行考察,发现3株菌均具有一定的酯酶活性,在低pH值和低水分活度条件下,植物乳植杆菌酯酶活性仍可以维持较高水平;此外,植物乳植杆菌产生乙酸酯的能力强于其余2种发酵菌株,被认为是参与乙酸异戊酯生成的重要菌株^[26],主要通过碱性条件下酯化作用和酸性条件下醇解作用2种途径生成乙酸酯,其中涉及到的关键酶有羧酸酯酶、醇脱氢酶和醇酰基转移酶^[27]。以上研究表明酿酒酵母与酸鱼前期醇类物质的产生相关,而植物乳植杆菌与酸鱼发酵后期酯类风味物质的增加具有密切联系。目前酸鱼中菌群组成及特征风味物质如表2所示。

表2 不同发酵工艺酸鱼中的优势菌与特征风味物质

产地	发酵辅料及条件	优势菌	风味物质		参考文献
			实验方法	特征风味物质	
湖南省张家界市	高盐发酵	乳酸杆菌属、四联球菌属、葡萄球菌属	未报道	未报道	[22]
湖南省湘西地区	小米发酵	乳酸杆菌属、四联球菌属	气相色谱-质谱联用 (gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)	戊醛、庚醛	[21]
贵州省黔东南州	辣椒发酵	乳酸杆菌属、四联球菌属、葡萄球菌属、魏斯氏菌属	未报道	反-2-己烯-1-醇、反- β -辛烯、 α -松油醇、茴香酮、茴香脑、苯甲醛	[1]
贵州省黔东南州	淡水鱼、16%~18%盐、香辛料, 室温发酵4~7个月	乳酸杆菌属、四联球菌属、葡萄球菌属	未报道	未报道	[1]
湖北省	鲤鱼、5%盐、香辛料, 15℃发酵24 d	乳酸杆菌属、葡萄球菌属、巨大球菌属、魏斯氏菌属	顶空-固相微萃取-GC-MS (headspace-solid-phase microextraction-GC-MS, HS-SPME-GC-MS)	乙酸、乙酸乙酯、3-甲基-1-丁醇、己酸乙酯、壬醛	[19]
		乳酸杆菌属、巨大球菌属、肠球菌属、明串珠菌属、片球菌属、乳酸球菌属、葡萄球菌属		乙醇、乙酸、1-辛烯-3-醇、2-羟基-丙酸乙酯、乙酸乙酯	[10,24]
江苏省无锡市	鲤鱼、2%蔗糖、3%盐、熟制玉米粉、香辛料, 25℃发酵6周	植物乳植杆菌120	HS-SPME-GC-MS	3-甲基-1-丁醇乙酸酯、乙酸乙酯、乙酸-2-苯基乙酯、3-甲基-1-丁醇	[10]
		木糖葡萄球菌135		乙酸乙酯、苯乙醇、3-甲基-1-丁醇、乙醇	
		酿酒酵母31		苯乙醇、乙醇、1-辛烯-3-醇	
		植物乳植杆菌120、木糖葡萄球菌135、酿酒酵母31	GC-MS、GC-嗅闻 (GC-olfactometry, GC-O)、电子鼻	乳酸乙酯、十六酸乙酯、4-乙烯基愈创木酚、2-辛烯醛、(E,E)-苯甲醛和异戊酸	[4]

除发酵菌株对脂肪的利用外, 微生物对碳水化合物、蛋白质的分解利用及相关风味物质的产生也受到越来越多关注^[28]。酸鱼发酵过程中肌浆、肌原纤维蛋白不断分解成可溶性肽及游离氨基酸, 使酸鱼鲜味得到提升^[29], 一方面有助于发酵有益菌(植物乳植杆菌和酿酒酵母)快速成为优势菌株^[30], 另一方面, 游离氨基酸可作为前体物质通过微生物代谢为多种风味物质^[31]。酸鱼中高级醇、醛, 如苯乙醇、苯甲醛和3-甲基-1-丁醇主要通过氨基酸代谢产生, 涉及到的关键酶包括氨基酸脱羧酶、氨基酸转移酶和酮酸脱羧酶, 且分析表明, 亮氨酸能够在支链氨基酸转氨酶和亮氨酸转氨酶催化下生成3-甲基-1-丁醇, 该代谢过程与葡萄球菌属密切相关^[25]。Zang Jinhong等^[29]利用代谢组学分析酸鱼发酵过程中风味物质形成的代谢途径及与之相关联的微生物, 发现3种酵母菌参与糖酵解过程, 而随后的丙酮酸代谢及混菌发酵过程由不同的微生物参与, 其中植物乳植杆菌属、片球菌属及肠球菌属参与乙酰辅酶A、有机酸、醇和醛生成的诸多过程, 酸鱼发酵中碳水化合物的利用过程不能由某一种属的微生物单独完成, 即便是丰度较低的微生物也对发酵风味的形成有一定的贡献, 但是目前微生物利用碳水化合物及氨基酸产生风味物质的代谢途径还有待深入研究。

1.1.2 臭鳊鱼

臭鳊鱼的传统制作工艺分为干腌发酵法和水腌发酵法2种: 干腌法采用食盐擦拭鱼体, 放入桶内自然发酵; 而水腌发酵法则用淡盐水喷洒鱼体, 层层铺在容器内发酵, 待鱼鳃仍存淡红、鱼鳞未脱、鱼肉散发出淡臭的风味但尚未变质时得到成品^[32]。臭鳊鱼的发酵过程是在低盐(4%~8%)及厌氧条件下进行的短期发酵, 发酵时间一般不超过8 d, 参与发酵的微生物群落结构复杂且动态

变化较大, 因此掌控发酵程度, 进行适度发酵才能产生似臭非臭的独特风味^[1]。对湖南、湖北和安徽地区14个品牌的臭鳊鱼进行研究, 细菌群落结构差异显著, 漫游球菌属、梭菌属、嗜冷杆菌属、植物乳植杆菌属及肥大杆菌属等在不同品牌臭鳊鱼中占据优势地位, 而真菌菌群结构主要由霉菌构成, 其中被孢霉门、毛壳霉菌属、枝孢霉属及赤霉菌属的丰度较为相似^[33-34]。另一方面, 由于臭鳊鱼多为整鱼发酵, 鱼体背部与腹部的菌群组成也存在差异性, 其中梭杆菌属在臭鳊鱼腹部的含量显著高于其在背部鱼肉中的含量, 而变形菌属含量则在鱼肉腹部较高, 这可能与腹部鱼肉脂肪含量较高, 更适合变形菌属生长有关^[35]。

目前臭鳊鱼中微生物代谢与风味物质产生机制的相关研究多是通过多组学数据进行的相关性分析(表3), 不同种类臭鳊鱼风味物质鉴定结果表明, 芳樟醇、醛类物质、吡啶及三甲胺等含氮物质是其中的特征风味物质^[1,8,35-36]。其中含氮化合物是臭鳊鱼特征性“臭味”主要来源, 一些细菌, 如希瓦氏菌、弧菌能在厌氧环境下将三甲胺氧化物还原为三甲胺^[36], 梭菌属则参与吡啶的产生, 其前体物质可能为色氨酸^[15]; 嗜冷杆菌和弧菌可通过微生物酶的作用将脂肪氧化成脂肪醛类, 从而促进己醛、庚醛、壬醛含量增多^[9]; 弓形菌属、嗜冷菌属和希瓦氏菌是臭鳊鱼发酵产品中产生风味化合物芳樟醇、三甲胺、*D*-柠檬烯、桉树醇、己醛、1-辛烯-3-醇的主要微生物^[37]; 嗜冷杆菌、梭杆菌和氨基酸球菌有助于芳樟醇、三甲胺、吡啶和乙酸香叶酯等风味物质的形成, 但嗜冷杆菌与梭杆菌的过度发酵可能会导致风味降低^[9]。此外, Yang Daqiao等^[8]通过多肽组学分析臭鳊鱼风味肽形成过程中的蛋白酶, 其中内肽酶主要为金属内肽酶、天冬氨酸内肽酶和半胱氨酸内肽酶, 而外肽酶主要为氨肽

表3 不同发酵工艺臭鳊鱼中的优势菌与特征风味物质

Table 3 Dominant bacteria and characteristic flavor substances in stinky mandarin fish produced by different fermentation processes

产地	发酵原辅料及条件	优势菌	风味物质		参考文献
			实验方法	特征风味物质	
安徽省	鳊鱼、6%盐、香辛料，12℃发酵7d	弧菌、梭杆菌属、嗜冷菌属、交替假单胞菌属、嗜冷杆菌属	电子鼻、GC-离子迁移色谱(GC-ion mobility spectrometry, GC-IMS)	吡嗪、2-甲基-3-辛醇、芳樟醇、1-辛烯-3-醇、胡椒酮、茴香脑、壬醛、己醛	[8]
安徽省	鳊鱼、8%盐、香辛料，15℃发酵8d	嗜冷杆菌属、希瓦氏菌属、冷单胞菌属、肉杆菌弓形菌属		芳樟醇、D-柠檬烯、己醛、壬醛、癸醛、胡椒酮、吡嗪、三甲胺	
安徽省	鳊鱼、4%盐、香辛料，(20±5)℃发酵10d	肉杆菌、弧菌、嗜冷杆菌属、希瓦氏菌属、漫游球菌属	HS-SPME-GC-MS	芳樟醇、D-柠檬烯、己醛、壬醛、癸醛、胡椒酮、吡嗪、三甲胺	[36]
安徽省	鳊鱼、6%盐，(20±5)℃发酵7d	弧菌、漫游球菌属、冷单胞菌属		庚二醛、苯乙酮、吡嗪、三甲胺、苯酚	
安徽省	鳊鱼、5%盐、香辛料，20℃发酵12d	嗜冷杆菌属、梭杆菌属、氨基酸球菌属	HS-SPME-GC-MS	芳樟醇、三甲胺、吡嗪、乙酸香叶酯	[33]

酶和羧肽酶，进一步通过代谢组学及相关性分析探究关键肽酶及风味肽的形成与漫游球菌、肠球菌、冷杆菌、乳球菌等菌属之间的关系，与风味物质相关的具体微生物代谢通路尚有待实验验证。

不同于大部分腌鱼制品中占优势地位的乳酸菌，臭鳊鱼中的优势微生物多为腐败菌或条件致病菌，如梭杆菌属和嗜冷杆菌属，这些微生物对臭鳊鱼风味形成既有促进作用，同时也有负面影响，因此利用臭鳊鱼中优势菌属进行强化发酵的相关研究较少，而接种乳酸菌发酵成为改善臭鳊鱼口感和风味的方法^[37]。Bao Ruiqi等^[11]在臭鳊鱼中接种乳酸乳球菌M10和食窦魏斯氏菌M3可缩短29%的发酵时间，且2株菌能促进吡嗪含量的增加。周迎芹等^[34]发现，接种清酒乳杆菌SMF-L5发酵的臭鳊鱼比自然发酵臭鳊鱼具有更好的色泽、质构和风味品质，清酒乳杆菌SMF-L5可作为优良的乳酸菌发酵剂在臭鳊鱼工业化生产上具有应用潜力。

1.2 半固态发酵鱼

鱼酱是一种深受我国消费者喜爱的半固体调味品，传统制作方法需将鱼块与香辛料混合发酵1年左右^[39]，在发酵过程中，鱼肉蛋白在内源酶及微生物蛋白酶的作用下发生水解，逐步由固体变成半固体状，因此现代生产工艺中，往往通过破碎鱼肉、添加外源蛋白酶或添加蛋白酶产量高的发酵剂加快蛋白的水解过程，缩短发酵周期至8周左右^[40]。研究表明，传统发酵鱼酱酸与采用现代发酵工艺制作的鱼酱在菌群组成上具有显著差异：雷山鱼酱酸中占优势地位的细菌菌属为节杆菌属(11.246%)和雷尔氏菌属(10.929%)^[41]；而在实验室中自然发酵的鱼辣椒酱优势菌属为乳杆菌(45.76%)和魏斯氏菌(36.49%)^[41]，这可能与二者发酵环境及发酵时间的差异有关。

另一方面，传统市售鱼酱酸调味品的特征挥发性风味物质为酸类、烯萜类和酯类，这3类风味物质含量占挥发性物质总量80%以上^[41]，其中烯萜类物质大多数来自于香辛料和辣椒^[41-42]，这类烯萜气味强烈、阈值较低。在实验室中，由具有较好蛋白分解能力的毕赤酵母、木糖葡萄球菌、肉葡萄球菌、戊糖片球菌和乳酸片球菌组

成的混合发酵剂被用来制作鱼酱^[40,43-44]，发现经过强化发酵鱼酱的风味组成发生变化：在挥发性风味物质中，酯类物质含量显著提升，而醇类物质含量则减少，这与菌株的脂肪水解能力相关；氨基酸总量也显著提升，其中甜味氨基酸(丝氨酸和甘氨酸)、鲜味氨基酸(谷氨酸和天冬氨酸)及风味物质前体氨基酸(支链氨基酸)含量与自然发酵组相比显著增加^[43]。在Zhou Yue等^[45]对发酵鱼酱的研究中，通过代谢组学分析发现，接种贝莱斯芽孢杆菌对氨基酸代谢通路的影响最为显著，其中赖氨酸、丙氨酸、精氨酸、谷氨酸、支链氨基酸、丝氨酸和苏氨酸的代谢均受到影响，氨基酸含量的增加不仅提供了甜味和咸味物质，同时氨基酸代谢的加强促进了琥珀酸、乙酸等风味物质生成。因此在鱼酱的强化发酵中，菌株的酯酶活性和蛋白酶活性是首要考虑因素^[45]，此外，还可以通过添加外源赖氨酸的方法提高发酵鱼酱风味品质^[46]。

1.3 液态发酵鱼

鱼露是一种由低值鱼类及其加工副产物发酵制成的液体调味品，汁液呈棕红色或红褐色，不仅滋味鲜美且富含小分子、蛋白肽、矿物质元素、牛磺酸等重要营养物质，是东南亚地区普遍使用的一种水产调味品。传统鱼露发酵方法是将原料与盐混合，置于日光下，经过长时间腌渍和自然发酵后将发酵物进行过滤，再通过后期勾兑、煮沸灭菌等工艺得到成品^[49]。传统鱼露发酵周期可长达2~3年，因此食盐添加量很高(可达20%)^[50]，现代鱼露在传统工艺的基础上，通过加曲、加酶、保温等技术可达到缩短酿造周期、降低盐度及减少腥味的目的^[51-54]。传统鱼露发酵中占优势地位的多为耐盐能力较强的微生物，李春生等^[52]研究鱼露在12个月发酵过程中的菌群演替规律，发现在前6个月中盐厌氧菌属为主要优势菌属，其丰度从初期的3.08%增长至42.46%，但随后盐厌氧菌属丰度有所下降，而发光杆菌属、四联球菌属、盐单胞菌属的相对丰度增加，在发酵后期则以盐单胞菌属为主要优势菌属。Du Fangmin等^[53]也有类似报道，在发酵后期四联球菌属代替盐厌氧菌属成为优势菌属。

表4 不同发酵工艺鱼露中的优势菌与特征风味物质

Table 4 Dominant bacteria and characteristic flavor substances in fish sauce produced by different fermentation processes

产地	发酵原辅料及条件	优势菌	风味物质		参考文献
			实验方法	特征风味物质	
广东省	鲮鱼、30%盐, 发酵12个月	盐厌氧菌属、盐单胞菌属、发光杆菌属、四联球菌属	GC-MS	3-甲硫基丙醛、3-甲基丁醛、1-辛烯-3-醇、2-乙基呋喃	[52]
广东省广州市	鲮鱼、18%盐, 35℃发酵45d	盐水四联球菌属(接种)、四联球菌属、无色杆菌属、葡萄球菌属	HS-SPME-GC-MS	1-辛烯-3-醇、2-十一烷酮、苯甲醛、十四酸甲酯	[18]
广东省汕头市	鲮鱼、30%盐, 发酵15个月	四联球菌属、盐厌氧菌属、盐单胞菌属、肉杆菌属、假单胞菌属	未报道	未报道	[53]
广东省汕头市	鲮鱼	未报道	HS-SPME-GC-MS	丁酸、乙酸、3-甲基丁酸、3-甲基丁醇、3-甲基戊酸	
广东省东莞市	鲮鱼、磷虾	未报道	HS-GC-IMS	苯酚、丁酸、1,2-苯二甲酸二丁酯、2-己基丁醇	[59]
福建省	青鳞鱼、糠虾	未报道	电子鼻	苯酚、苯基乙醇、丁酸、3-甲基丁酸、邻苯二甲酸异丁酯	

目前已有研究报道了不同发酵工艺制作鱼露中菌群组成及特征性风味物质, 如表4所示。其中以耐盐菌为主的发酵促使鱼露形成了独特的风味物质, 在一些研究中3-甲硫基丙醛和1-辛烯-3-醇为鱼露特征风味化合物^[54-57], 其中3-甲硫基丙醛带有土豆香味, 1-辛烯-3-醇带有蘑菇香味。通过代谢组学的相关性分析, 发现3-甲硫基丙醛和1-辛烯-3-醇的产生与盐厌氧菌具有正相关性^[53]。此外, 盐厌氧菌属还与鱼露中三甲胺的产生具有正相关性, 与乙酸乙酯的产生呈显著负相关, 尤其在发酵后期盐单胞菌属(*Halomonas*)对鱼露的挥发性风味起到了重要的作用, 从而抑制水果香味的形成, 促进鱼腥味的产生^[54]。

研究发现, 耐盐菌体内的各种酶类在鱼露的高盐环境下也能保持活性, Wang Yueqi等^[57]利用蛋白质组学方法分析鱼露在12个月发酵过程中的蛋白变化, 发现在发酵中期(3~6个月)鱼露中的蛋白质含量最高、变化最大, 而在所有鉴定的蛋白质中, 氨基酸转运与代谢相关的酶类蛋白质含量最高, 肽酶在发酵过程中的变化较大。经过基因组比对分析, 这些蛋白质多来自于盐厌氧菌属、嗜冷菌属、发光杆菌属和四联球菌属^[58]。蛋白酶及肽酶水解蛋白质产生的氨基酸是多种风味物质前体, 且研究^[59]表明, 鱼露发酵过程中蛋白酶活性与风味物质呈正相关。

2 发酵鱼中菌群组成与风味物质研究方法

2.1 发酵鱼中风味物质的测定方法

风味在中文中是指嗅觉、味觉和三叉神经特性的复杂结合, 包括滋味和气味两部分^[60], 一直以来发酵食品的滋味和气味都是研究热点。因为发酵鱼肉中挥发性风味物质的成分具有复杂性和不稳定性, 不同提取方法、检测方法及判断标准得到的样品中挥发性风味物质组成及含量可能存在差异。目前发酵鱼制品挥发性风味物质提取及检测鉴定的最常用方法为HS-SPME-GC-MS, 该方法对大分子风味物质具有较高灵敏度, 但对低分子质量及痕量化合物的分辨能力较弱^[61]。一些研究中采用HS-GC-IMS方法测定挥发性风味物质, 能够显著提高精确度和灵敏度, 同时HS-GC-IMS可以清楚地反映发酵过程中鱼肉风味物质组成变化, 但是GC-IMS数据

库具有局限性, 阻碍了对风味物质进一步定量分析^[9]。人类嗅觉系统对不同的风味化合物存在不同的阈值, 而GC-MS或GC-IMS只能通过数据库鉴定出化合物的种类及含量, 无法用于确定单一挥发性成分对最终整体风味的贡献大小, 因此, 气味活性值(odor active value, OAV)通常被用于评价风味物质对整体香气的贡献, 对某种香气物质而言, 其OAV为含量与阈值的比值, OAV大于1时表明该物质是食品的关键风味成分^[8,62]。在发酵食品中, 一些含量较低的挥发性物质不能被GC-MS或GC-IMS检测出, 但其嗅觉阈值较低, OAV较高, 可能是重要风味物质。随着分子感官科学发展, GC-O逐步被用于发酵鱼制品关键特征性风味物质的检测中^[31]。GC-O法是一种将嗅觉和仪器检测结合起来的分析技术, 利用人类嗅觉比任何仪器都要灵敏的特点, 令嗅辨员在气味仪出口处记录所闻到的香气, 定性描述香气信息及香气强度^[62]。此外, 电子鼻是快速分析样品中挥发性风味物质的一种方法, 但该方法不能对风味物质进行准确的鉴定^[63]。

以上所述的风味物质检测方法各有优缺点, 因此一些研究采用了多种方法结合的手段来准确、全面地分析发酵鱼制品中的挥发性风味物质, 如利用HS-SPME-GC-MS和GC-IMS结合、HS-SPME-GC-MS和电子鼻结合甚至3种方法结合的手段鉴定风味物质。Nie Shi等^[64]研究发酵鲈鱼风味物质, 分别利用GC-IMS和GC-MS鉴定出36、104种风味化合物, 其中20种物质被2种方法共同检出, 一些烃类化合物仅在GC-MS方法中被检测到, 这可能与GC-MS中采用了HS-SPME的提取方法从而获得了更多的风味化合物有关。在对发酵草鱼关键风味物质的研究中, 利用HS-SPME-GC-MS和GC-O的方法分别鉴定出80、44种风味化合物, 共有21种物质被2种方法共同鉴定出来, 其中OAV大于1的关键风味物质主要包括与水果香气相关的乙酸乙酯、己酸乙酯等酯类, 以及与刺激性气味和不良风味相关的醛类(乙醛、己醛等); 此外, 还可以将GC-O与GC-MS结合, 采用GC-O-MS方法对特征风味物质进行定量描述^[65]。

在对发酵鱼制品非挥发性风味物质的研究中, 探究游离氨基酸、游离脂肪酸及有机酸的组成及含量是分析

影响发酵鱼制品滋味的重要因素。此外,一些研究对样品中可能的风味肽进行探究, Yang Daqiao等^[8]通过组学技术研究表明,漫游球菌、消化链球菌、不动杆菌、嗜冷杆菌、肠球菌属产蛋白酶微生物属对鲜味肽的形成起主要作用。近年来,随着分子生物学技术的不断发展,组学分析的方法越来越多地被用在发酵鱼制品微生物组成及其代谢的研究中,代谢组学技术逐步被应用在发酵鱼制品的风味物质检测中,该技术能够分析挥发性风味物质和非挥发性风味物质代谢物谱,并说明风味物质与非挥发性物质之间的相关性。

2.2 发酵鱼中微生物菌群组成研究方法

复杂的微生物代谢是发酵鱼制品风味形成的关键,因此,探究发酵鱼制品中微生物菌群组成及其代谢网络成为研究的热点。近几年,国内外对微生物的分析技术主要以高通量测序为主,由于细菌在发酵鱼制品风味品质的形成中占主导作用,因此研究多针对细菌16S rRNA基因的V3~V4序列进行分析,探究发酵鱼中细菌的菌群组成^[19,36-37];此外,发酵酸鱼的研究中有学者以内部转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)序列为对象分析其中的真菌菌群组成^[15]。除高通量测序以外,基质辅助激光解吸飞行时间质谱技术也被用来分析发酵鱼制品中细菌的菌群组成^[1]。以上2种方法分别对发酵鱼中的细菌和真菌菌群的组成及丰度进行分析,对样品中全部微生物丰度进行分析的相关研究较少,而宏基因组学可以较好地解决该问题^[19]。同时,宏基因组学能够对环境样品所包含的全部微生物的遗传组成及其群落功能进行分析,不仅能够得到样品中微生物菌群组成及丰度,还可以对微生物基因功能分布及次生代谢物生物合成途径进行深入分析。

2.3 微生物代谢与风味物质形成的相关性研究

当前对发酵鱼中微生物组成及代谢与风味物质形成之间的相关性,存在包括Spearman相关性分析、冗余分析、偏最小二乘回归(partial least squares regression, PLS)分析、正交偏最小二乘回归分析及双向正交偏最小二乘(bidirectional orthogonal partial least squares, O2PLS)等多种分析方法。其中Spearman相关性分析仅能对2组变量进行线性分析,而不能检测多个变量之间的关系,一般用于微生物菌落与风味物质间相关性的初步分析^[15,33-34,36],此外, Yuan Li等^[28]采用利氏肠球菌和乳酸肠球菌混合接种发酵,与自然发酵13 d的发酵鱼进行研究,通过Spearman相关性分析表明蛋白酶活性和发酵鱼质构与辛醛、壬醛等多种风味物质呈显著正相关。更为常用的组学数据分析方法为PLS, PLS结合冗余分析不仅可用于微生物组学数据与关键风味化合物之间的相关性分析^[10],也可以用于多组风味化合物数据之间的比较分

析^[19]。而多组学数据之间的相关性常用O2PLS模型进行整合, O2PLS模型是偏最小二乘法的扩展,使用O2PLS模型进行组学相关性分析不仅可以获得相关性系数,还可以获得变量在模型中的权重变量投影重要性(variable important for the projection, VIP),该方法被广泛应用于发酵鱼制品中主要游离氨基酸、脂肪酸、特征性风味物质、关键微生物菌属及关键酶类的预测。Yang Daqiao等^[8]利用O2PLS模型,依据VIP ≥ 1.2 选取对臭鳊鱼鲜味形成有贡献的38种鲜味肽,对臭鳊鱼中产蛋白酶的10株菌株与38种鲜味肽进行Pearson相关性分析,得出漫游球菌属、消化链球菌属、不动杆菌属、嗜冷杆菌属、肠球菌属对34簇同源性基团鲜味肽的形成有重要作用。

3 结语

发酵鱼制品因其较高的营养价值和感官、风味品质具有良好的市场前景和发展潜力,但发酵过程中微生物菌群组成的不确定性导致的风味品质不稳定是阻碍其市场化及规模化的主要原因,因此研究发酵鱼制品微生物菌群组成与风味物质产生的相关性机制成为当前研究热点。综上所述,当前研究存在以下几点问题:微生物菌群组成与风味物质形成的关系研究多是基于2种或多种组学数据之间的相关性分析,结论多基于分析预测,缺少代谢通路、关键酶及关键基因在某类风味物质产生过程中的功能验证等;得出的相关性分析结果未能反向指导发酵鱼的生产过程,缺乏基于微生物菌群控制的发酵鱼风味调控技术,相关理论有待进一步研究;利用优良菌株进行强化发酵是发酵鱼产品工业化的发展方向,因此强化发酵条件下发酵剂对微生物菌群组成及风味物质代谢的影响机制有待进一步研究。

参考文献:

- [1] BAO R Q, LIU S S, JI C F, et al. Shortening fermentation period and quality improvement of fermented fish, Chouguiyu, by co-inoculation of *Lactococcus lactis* M10 and *Weissella cibaria* M3[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 3003. DOI:10.3389/fmicb.2018.03003.
- [2] LIU J G, LIN C X, ZHANG W, et al. Exploring the bacterial community for starters in traditional high-salt fermented Chinese fish (Suanyu)[J]. *Food Chemistry*, 2021, 358: 129863. DOI:10.1016/j.foodchem.2021.129863.
- [3] 谭汝成, 欧阳加敏, 卢晓莉, 等. 接种植物乳杆菌和戊糖片球菌发酵对鱼鲜品质的影响[J]. *食品科学*, 2007, 28(12): 268-272.
- [4] 臧金红. 酸鱼发酵过程中特征风味形成与微生物的关系研究[D]. 无锡: 江南大学, 2021: 12-25. DOI:10.27169/d.cnki.gwqgu.2020.000070.
- [5] 林城杏. 传统高盐发酵酸鱼乳酸菌菌群结构及强化发酵作用研究[D]. 贵阳: 贵州大学, 2019: 11-49.
- [6] HONG H, ZHOU Y D, WU H, et al. Lipid content and fatty acid profile of muscle, brain and eyes of seven freshwater fish:

- a comparative study[J]. Journal of the American Oil Chemists' Society, 2014, 91(5): 795-804. DOI:10.1007/s11746-014-2414-5.
- [7] YANG Z X, WU R H, WEI X H, et al. Moderate fermentation contributes to the formation of typical aroma and good organoleptic properties: a study based on different brands of Chouguiyu[J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 152: 112325. DOI:10.1016/j.lwt.2021.112325.
- [8] YANG D Q, LI C S, LI L H, et al. Novel insight into the formation mechanism of umami peptides based on microbial metabolism in Chouguiyu, a traditional Chinese fermented fish[J]. Food Research International, 2022, 157: 111211. DOI:10.1016/j.foodres.2022.111211.
- [9] WANG Y Q, WU Y Y, SHEN Y Y, et al. Metabolic footprint analysis of volatile organic compounds by gas chromatography-ion mobility spectrometry to discriminate mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) at different fermentation stages[J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 2021, 9: 805364. DOI:10.3389/fbioe.2021.805364.
- [10] FENG L, TANG N C, LIU R J, et al. The relationship between flavor formation, lipid metabolism, and microorganisms in fermented fish products[J]. Food and Function, 2021, 12(13): 5685-5702.
- [11] GAO P, WANG W X, JIANG Q X, et al. Effect of autochthonous starter cultures on the volatile flavour compounds of Chinese traditional fermented fish (Suan yu)[J]. International Journal of Food Science and Technology, 2016, 51(7): 1630-1637. DOI:10.1111/ijfs.13134.
- [12] 傅润泽, 沈建, 王锡昌. 底播虾夷扇贝活品流通前后挥发性成分的对比如分析[J]. 食品科学, 2015, 36(2): 110-113. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201502021.
- [13] WANG Y, JIANG Y T, CAO J X, et al. Study on lipolysis-oxidation and volatile flavour compounds of dry-cured goose with different curing salt content during production[J]. Food Chemistry, 2016, 190: 33-40. DOI:10.1016/j.foodchem.2015.05.048.
- [14] WAH T T, WALAISRI S, ASSAVANIG A, et al. Co-culturing of *Pichia guilliermondii* enhanced volatile flavor compound formation by *Zygosaccharomyces rouxii* in the model system of Thai soy sauce fermentation[J]. International Journal of Food Microbiology, 2013, 160(3): 282-289. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2012.10.022.
- [15] YANG Z X, LIU S S, LÜ J, et al. Microbial succession and the changes of flavor and aroma in Chouguiyu, a traditional Chinese fermented fish[J]. Food Bioscience, 2020, 37: 100725. DOI:10.1016/j.fbio.2020.100725.
- [16] WANG Y Q, LI C S, ZHAO Y Q, et al. Novel insight into the formation mechanism of volatile flavor in Chinese fish sauce (Yu-lu) based on molecular sensory and metagenomics analyses[J]. Food Chemistry, 2020, 323: 126839. DOI:10.1016/j.foodchem.2020.126839.
- [17] LIN C X, ZHANG F R, YANG Q, et al. Microorganism and physicochemical characteristic of high-salt (Suan Yu), a traditional Chinese fermented fish[J]. Journal of Aquatic Food Product Technology, 2021, 30(8): 916-931. DOI:10.1080/10942912.2021.1957049.
- [18] GAO P, JIANG Q X, XU Y S, et al. Aroma profiles of commercial Chinese traditional fermented fish (Suan yu) in Western Hunan: GC-MS, odor activity value and sensory evaluation by partial least squares regression[J]. International Journal of Food Properties, 2020, 23(1): 213-226. DOI:10.1080/10942912.2020.1716790.
- [19] WANG Z H, XU Z, SUN L M, et al. Dynamics of microbial communities, texture and flavor in Suan zuo yu during fermentation[J]. Food Chemistry, 2020, 332: 127364. DOI:10.1016/j.foodchem.2020.127364.
- [20] 吴康, 谢静晖, 王倩倩, 等. 红曲菌发酵对低盐半干鲢鱼的提味增鲜作用[J]. 食品科学, 2021, 42(8): 137-142. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200228-316.
- [21] 单玉鑫, 徐文欢, 李采婵, 等. 酸鱼产品中微生物群落结构与品质之间的关系研究[J]. 食品工业科技, 2020, 41(6): 277-283. DOI:10.13386/j.issn1002-0306.2020.06.047.
- [22] 席啦, 凌霞, 刘长玲, 等. 张家界市酸鱼细菌类群解析及其功能预测[J]. 中国酿造, 2021, 40(2): 92-96. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2021.02.018.
- [23] LIU J G, LIN C X, ZHANG W, et al. Exploring the bacterial community for starters in traditional high-salt fermented Chinese fish (Suan yu)[J]. Food Chemistry, 2021, 358: 129863. DOI:10.1016/j.foodchem.2021.129863.
- [24] ZANG J H, XU Y S, XIA W S, et al. Dynamics and diversity of microbial community succession during fermentation of Suan yu, a Chinese traditional fermented fish, determined by high throughput sequencing[J]. Food Research International, 2018, 111: 565-573. DOI:10.1016/j.foodres.2018.05.076.
- [25] ZENG X F, YANG Q, ZHANG W, et al. Effects of liquid smoking on the microbiological and physicochemical characteristics of Suan yu, a traditional Chinese fermented fish product[J]. Journal of Aquatic Food Product Technology, 2021, 30(3): 296-314.
- [26] GAO P, JIANG Q X, XU Y S, et al. Esterase activities of autochthonous starter cultures to increase volatile flavour compounds in Chinese traditional fermented fish (Suan yu)[J]. International Journal of Food Properties, 2017, 20(Suppl 1): S663-S672.
- [27] GAO P, JIANG Q X, XU Y S, et al. Biosynthesis of acetate esters by dominate strains, isolated from Chinese traditional fermented fish (Suan yu)[J]. Food Chemistry, 2018, 244: 44-49. DOI:10.1016/j.foodchem.2017.10.007.
- [28] YUAN L, ZHANG Q Q, ZHAO F, et al. Dynamic changes and correlation analysis of protease activities, texture and flavour compounds during fish fermentation (suan yu) using mixed culture (*Enterococcus rivorum* and *Enterococcus lactis*)[J]. International Journal of Food Science and Technology, 2023, 58(5): 2312-2324. DOI:10.1111/ijfs.16360.
- [29] ZANG J H, YU D W, LI T R, et al. Identification of characteristic flavor and microorganisms related to flavor formation in fermented common carp (*Cyprinus carpio* L.)[J]. Food Research International, 2022, 155: 111128. DOI:10.1016/j.foodres.2022.111128.
- [30] YANG J, LU J, ZHU Q Z, et al. Isolation and characterization of a novel *Lactobacillus plantarum* MMB-07 from traditional Suan yu for *Acanthogobius hasta* fermentation[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2021, 132(2): 161-166. DOI:10.1016/j.jbiosc.2020.12.016.
- [31] WANG W X, XIA W S, GAO P, et al. Proteolysis during fermentation of Suan yu as a traditional fermented fish product of China[J]. International Journal of Food Properties, 2017, 20(Suppl 1): S166-S176. DOI:10.1080/10942912.2017.1293089.
- [32] 吴永祥, 俞昌浩, 王婷婷, 等. 传统发酵臭鳊鱼的研究概述[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(19): 299-306. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.021280.
- [33] SHEN Y Y, WU Y Y, WANG Y Q, et al. Contribution of autochthonous microbiota succession to flavor formation during Chinese fermented mandarin fish (*Siniperca chuatsi*)[J]. Food Chemistry, 2021, 348(2): 129107. DOI:10.1016/j.foodchem.2021.129107.
- [34] 周迎芹, 孙子怡, 黄晶晶, 等. 臭鳊鱼源清酒乳杆菌的分离鉴定及其在臭鳊鱼发酵中的应用[J]. 食品科学, 2022, 43(12): 194-202. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20210818-232.

- [35] BELLEGGIA L, AQUILANTI L, FERROCINO I, et al. Discovering microbiota and volatile compounds of surstromming, the traditional Swedish sour herring[J]. Food Microbiology, 2020, 91: 103503. DOI:10.1016/j.fm.2020.103503.
- [36] WANG Y Q, SHEN Y Y, WU Y Y, et al. Comparison of the microbial community and flavor compounds in fermented mandarin fish (*Siniperca chuatsi*): three typical types of Chinese fermented mandarin fish products[J]. Food Research International, 2021, 144: 110365. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110365.
- [37] 柯泽华. 臭鳊鱼风味物质鉴定及优选菌株对其风味的影响研究[D]. 邯郸: 河北工程大学, 2021: 38-49. DOI:10.27104/d.cnki.gbhjy.2021.000006.
- [38] 李改燕. 糟鱼发酵过程中微生物菌群和风味变化的研究[D]. 宁波: 宁波大学, 2009: 11-23.
- [39] 华倩. 接种微生物发酵剂对鱼酱酸品质提升研究[D]. 无锡: 江南大学, 2020: 6-7. DOI:10.27169/d.cnki.gwqgu.2020.000097.
- [40] 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. DOI:10.16429/j.1009-7848.2022.04.034.
- [41] HUA Q, SUN Y Y, XU Y S, et al. Bacterial community succession and biogenic amine changes during fermentation of fish-chili paste inoculated with different commercial starter cultures[J]. International Journal of Food Science and Technology, 2021, 56(12): 6752-6764. DOI:10.1111/ijfs.15376.
- [42] BIS-SOUZAC V, PATEIRO M, DOMÍNGUEZ R, et al. Volatile profile of fermented sausages with commercial probiotic strains and fructooligosaccharides[J]. Journal of Food Science and Technology, 2019, 56(12): 5465-5473. DOI:10.1007/s13197-019-04018-8.
- [43] WANG J J, WANG R R, XIAO Q, et al. SPME/GC-MS characterization of volatile compounds of Chinese traditional-chopped pepper during fermentation[J]. International Journal of Food Properties, 2019, 22(1): 1863-1872. DOI:10.1080/10942912.2019.1684320.
- [44] LI L, XU Y S. Influence of *Lactobacillus plantarum* on managing lipolysis and flavor generation of *Staphylococcus xylosus* and *Saccharomyces cerevisiae* in fish paste[J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 140(2): 110709. DOI:10.1016/j.lwt.2020.110709.
- [45] ZHOU Y, MA X Y, WU J X, et al. NMR-based metabolic analysis of *Bacillus velezensis* DZ11 applied to low-salt fermented coarse fish involved in the formation of flavor precursors[J]. Food Science and Technology, 2023, 43: e117022. DOI:10.1590/fst.117022.
- [46] GAO R C, ZHENG Z Y, ZHOU J, et al. Effects of mixed starter cultures and exogenous L-Lys on the physicochemical and sensory properties of rapid-fermented fish paste using longsnout catfish by-products[J]. LWT-Food Science and Technology, 2019, 108: 21-30. DOI:10.1016/j.lwt.2019.03.053.
- [47] 卢晓莉. 鱼鲞制品中乳酸菌的分离、筛选及应用[D]. 武汉: 华中农业大学, 2008: 13-22.
- [48] 雷鸣. 海南鱼茶微生物多样分析及发酵菌株的分离鉴定[D]. 天津: 天津科技大学, 2019: 13-31. DOI:10.27359/d.cnki.gtqgu.2019.000132.
- [49] 郑婷婷, 陈泳斌, 周静, 等. 鱼露发酵工艺及风味品质分析研究进展[J]. 食品研究与开发, 2022, 43(3): 186-192.
- [50] 柯欢, 张崑, 陈平平, 等. 鱼露加工工艺研究进展[J]. 中国调味品, 2020, 45(4): 136-140.
- [51] CHUENJIT C, PAO-CHUAN H. Effect of black bean koji enzyme on fermentation, chemical properties and biogenic amine formation of fermented fish sauce[J]. Journal of Aquatic Food Product Technology, 2022, 31(1/5): 259-270. DOI:10.1080/10498850.2022.2035879.
- [52] 李春生, 王悦齐, 李来好, 等. 传统鱼露发酵过程中细菌群落演替及其挥发性风味形成的影响分析[J]. 食品科学, 2018, 39(24): 85-92. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201824014.
- [53] DU F M, ZHANG X Y, GU H R, et al. Dynamic changes in the bacterial community during the fermentation of traditional Chinese fish sauce (TCFS) and their correlation with TCFS quality[J]. Microorganisms, 2019, 7(9): 371. DOI:10.3390/microorganisms7090371.
- [54] WANG Y Q, LI C S, ZHAO Y Q, et al. Novel insight into the formation mechanism of volatile flavor in Chinese fish sauce (Yu-lu) based on molecular sensory and metagenomics analyses[J]. Food Chemistry, 2020, 323: 126839. DOI:10.1016/j.foodchem.2020.126839.
- [55] LI C S, LI W J, LI L H, et al. Microbial community changes induced by a newly isolated salt-tolerant *Tetragenococcus muritacticus* improve the volatile flavor formation in low-salt fish sauce[J]. Food Research International, 2022, 56: 111153. DOI:10.1016/j.foodres.2022.111153.
- [56] DING A Z, ZHU M, QIAN X Q, et al. Effect of fatty acids on the flavor formation of fish sauce[J]. LWT-Food Science and Technology, 2020, 134: 110259. DOI:10.1016/j.lwt.2020.110259.
- [57] WANG Y Q, WU Y Y, LI C S, et al. Genome-resolved metaproteomic analysis of microbiota and metabolic pathways involved in taste formation during Chinese traditional fish sauce (Yu-lu) fermentation[J]. Frontiers in Nutrition, 2022, 9: 851895. DOI:10.3389/fnut.2022.851895.
- [58] ZHU W H, LUAN H W, BU Y, et al. Changes in taste substances during fermentation of fish sauce and the correlation with protease activity[J]. Food Research International, 2021, 102(8): 3150-3159. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110349.
- [59] 江津津, 严静, 郑玉玺, 等. 不同产地传统鱼露风味特征差异分析[J]. 食品科学, 2021, 42(12): 206-214. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200825-335.
- [60] 许宇振. 肉品中挥发性与非挥发性风味成分检测技术研究进展[J]. 肉类工业, 2021(9): 40-45. DOI:10.3969/j.issn.1008-5467.2021.09.008.
- [61] ZHANG H Y, HUANG D, PU D D, et al. Multivariate relationships among sensory attributes and volatile components in commercial dry porcini mushrooms (*Boletus edulis*)[J]. Food Research International, 2020, 133: 109112. DOI:10.1016/j.foodres.2020.109111.
- [62] 戴临雪, 徐欢欢, 岳元媛, 等. 基于电子鼻的不同包装形式植物硒盐货架期间气味变化研究[J]. 食品工业, 2023, 44(5): 160-163.
- [63] 李扬, 李妍, 李栋, 等. 基于ROAV和嗅闻技术分析乳脂的关键风味化合物[J]. 食品科学, 2023, 44(6): 262-267. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20220529-348.
- [64] NIE S, LI L H, WANG Y Q, et al. Discrimination and characterization of volatile organic compound fingerprints during sea bass (*Lateolabrax japonicus*) fermentation by combining GC-IMS and GC-MS[J]. Food Bioscience, 2022, 50: 2212-4292. DOI:10.1016/j.fbio.2022.102048.
- [65] ZHOU Y Q, WU S M, PENG Y L, et al. Effect of lactic acid bacteria on mackerel (*Pneumatophorus japonicus*) seasoning quality and flavor during fermentation[J]. Food Bioscience, 2021, 41(3): 100971. DOI:10.1016/j.fbio.2021.100971.