

嗜盐微生物对发酵海鲜调味品风味影响研究进展

Research progress on the effects of halophilic microorganisms on the flavor of fermented seafood condiments

于靖¹ 杨锡洪^{1,2} 梁晨¹ 郁东兴^{3,4} 解万翠^{1,2,3,4}

YU Jing¹ YANG Xi-hong^{1,2} LIANG Chen¹ YU Dong-xing^{3,4} XIE Wan-cui^{1,2,3,4}

(1. 青岛科技大学海洋科学与生物工程学院, 山东 青岛 266042; 2. 山东省生物化学工程重点实验室, 山东 青岛 266042;

3. 青岛智科检验检测有限公司, 山东 青岛 266002; 4. 尚好科技有限公司, 山东 青岛 266002)

(1. College of Marine Science and Biological Engineering, Qingdao University of Science & Technology, Qingdao, Shandong 266042, China; 2. Key Laboratory for Biochemical Engineering of Shandong Province, Qingdao, Shandong 266042, China; 3. Qingdao Zhike Inspection and Testing Co., Ltd., Qingdao, Shandong 266002, China; 4. Shanghao Science and Technology Co., Ltd., Qingdao, Shandong 266002, China)

摘要:文章综述了嗜盐微生物在海鲜调味品发酵过程中的发酵机制,介绍了嗜盐菌代谢途径对传统发酵调味品特征风味的影响,阐述了其在盐胁迫、风味形成及生物胺降解中的作用,并从微生物组学影响的氨基酸代谢、支链醛形成及基因调控等层面论述了嗜盐微生物对风味的影响机理。

关键词:嗜盐微生物; 海鲜调味品; 发酵; 风味; 速酿工艺

Abstract: The fermentation mechanism of halophilic microorganisms during the fermentation of seafood condiments were reviewed, the influence of the metabolic pathway of halophilic bacteria on the characteristic flavor of traditional fermented condiments was introduced and its role in salt stress, flavor formation, and bioamine degradation was described. The mechanism of the influence of halophilic microorganisms on flavor was discussed in terms of amino acid metabolism, branched aldehyde formation and gene regulation influenced by microbiome.

Keywords: halophilic microorganism; seafood condiment; fermentation; flavor; fast brewing process

传统发酵型海鲜调味品如鱼露、虾酱等是由低值鱼虾蟹贝藻等经由盐渍、发酵等工艺加工制成^[1], 味道鲜美, 呈味成分丰富多样, 富含多种呈味氨基酸如甘氨酸、

谷氨酸、精氨酸和天门冬氨酸等, 以及多肽、低聚糖和牛磺酸等多种保健性成分^[2], 具有很大的发展前景及开发价值。但传统发酵过程中过高的盐度和自然温度导致发酵周期长、产量低、成本高、不利于规模化生产等弊端, 因此, 一些现代速酿技术如低盐保温工艺、外加酶法与外加曲法等成为近年来研究的重点方向。虽然速酿技术能显著缩短发酵进程, 减少产物的含盐量和腥臭味, 但快速发酵的产品风味难以与传统工艺媲美。因此, 在缩短发酵周期的基础上尽可能模拟传统产品风味, 是当前海鲜调味品速酿技术研究的热点问题。

传统发酵海鲜调味料的風味主要来源于微生物的发酵, 通过微生物间的作用使最初的原料转化为发酵过程中的蛋白质、脂肪等物质, 在一系列复杂化学反应中丰富产品风味。随着从各类海鲜调味品中分离出越来越多的微生物, 研究者们发现海鲜调味品的速酿技术可以通过一些性能优良的嗜盐菌株进行改良。Saithong 等^[3]在自然发酵的鱼制品中分离到 2 种乳酸菌, 能够显著缩短发酵周期, Yossan 等^[4]研究发现, 在发酵鱼酱油中筛选出的巨大芽孢杆菌(*Bacillus megaterium*), 能够产生碱性蛋白酶, 促进风味物质前体氨基酸的转化, 从而丰富产品醇香鲜美的口感。可见, 嗜盐微生物分泌的蛋白酶、肽酶、碱性磷酸酶等不仅能够促进原料底物进行分解及生物转化, 显著缩短发酵周期, 还能将肽和寡肽转化为前体氨基酸从而形成海鲜调味品特有的风味物质, 有利于海鲜调味品鲜美醇香气味的形成。文章拟介绍嗜盐微生物在海鲜调味快速发酵及风味形成中的应用, 从氨基酸代谢和基因调控层面阐明嗜盐菌对速酿产品风味影响机理, 以期为海鲜调味品现代化加工技术提供新的指导思路。

基金项目:国家重点研发计划项目(编号:2018YFD0901105); 国家自然科学基金项目(编号:31671825)

作者简介:于靖, 女, 青岛科技大学在读硕士研究生。

通信作者:杨锡洪(1963—), 男, 青岛科技大学教授, 博士。

E-mail: yangxihong63@163.com

解万翠(1969—), 女, 青岛科技大学教授, 博士。

E-mail: xiewancui@163.com

收稿日期:2020-04-01

1 传统海鲜调味品的发酵风味特征

常见的海鲜调味品包括鱼酱、虾酱、蟹酱、鱼露、蚝油、蚝油等,以海洋资源为原料,利用自身的酶或微生物通过一定的周期自然发酵而成。海鲜调味品发酵过程中,微生物能够利用其产生的胞内及胞外酶类加速原料底物的分解和生物转化,同时产生多肽、呈味氨基酸等多种利于良好风味形成的成分,以及各种挥发性和非挥发性风味物质共同组成的复杂化合物体系。

1.1 感官特征及特征性风味化合物

水产调味品品质的重要决定因素是其风味,明确风味物质的组成对调控与保持产品风味十分必要。在海鲜调味品发酵过程中,微生物与酶之间会在原料组分中相互作用,通过小分子物质的形成进而左右成品的风味,因此发酵工艺与产地不同而引起的挥发性物质组成差异使其形成了各自的风味特征。

醇类是海鲜调味品中主要挥发性物质之一,主要由多不饱和脂肪酸经脂肪酸氧化酶作用衍生而来^[5],是海鲜调味品植物香、肉香味和温和油脂味的主要来源^[6]。赵洪雷等^[7]在探究不同产地虾酱风味差异时发现,作为亚油酸降解产物的 1-辛烯-3-醇,呈现草香味和蘑菇香气,苯乙醇呈蜂蜜香和微略的玫瑰香。由不饱和脂肪酸氧化产生的醛类物质,阈值较低,因此在发酵水产调味品风味特征中发挥重要作用^[8],主要产生油烧味,但其中苯甲醛和苯乙醛具有坚果香、水果香和令人愉悦的风信子香等独特香气^[9],3-甲硫基丙醛具有肉香和马铃薯香。酮类的香气阈值远高于其同分异构体的醛类物质,由于其具有独特的花香和果香味,对海鲜调味品风味有一定增强作用^[10]。李莹等^[11]在分析传统锦州白虾虾酱挥发性物质时发现,2-壬酮呈有焦糖香和脂肪味,3-辛酮呈有水果香和略微的薰衣草气味,香叶基丙酮呈现蜡味、木香味和果香味。含硫类化合物能够赋予产品坚果香、果蔬香、烘烤香和肉类香气,二甲基二硫与二甲基三硫主要具有洋葱香等蔬菜香气,是海鲜发酵调味料特征风味物质。由脂肪氧化产物参与美拉德反应得到的吡嗪类物质,主要呈现坚果香和烘烤香味,Hou 等^[12]发现,吡嗪类既是酱类产品的特征性风味物质,也是鲜虾肉中主要的风味物质,可以赋予虾酱产品浓厚的酱香味和鲜味。

传统海鲜调味品开放式的自然发酵难以准确控制产品品质和风味,这是影响产品质量稳定的主要障碍,而现代发酵工艺得到的产品又往往存在风味不足的缺陷。因此,为实现产品质量和风味的稳定控制,海鲜调味品的速酿工艺还需要与微生物的发酵作用结合。

1.2 嗜盐微生物对海鲜调味品特征风味的影响

由传统海鲜调味品中分离的微生物,主要是一些嗜温及嗜盐的细菌,在发酵过程中对原料的分解和风味物

质的形成发挥着关键作用。如表 1 所示,它们所产生的蛋白酶、肽酶和碱性磷酸酶等能够与原料自身所产酶类协同作用,加快原料底物分解,充分利用原料中的蛋白质、脂肪等物质,促进海鲜调味品中重要营养和风味物质的形成^[22]。

海鲜调味品中的嗜盐菌所分泌的胞内及胞外酶类不仅能够适应发酵过程中高温高盐特点,还能够与原料自身内源酶和微生物协同作用加快原料底物分解,大大缩短发酵周期^[23]。Sinsuwan 等^[24]研究发现,存在于鱼酱油中的嗜盐枝芽孢杆菌(*Virgibacillus* sp.) SK37,在高盐溶液中产生的胞外蛋白酶仍有水解活性。Akolkar 等^[25]探究了盐杆菌(*Halobacterium* sp.) SP1 在加速鱼酱油发酵进程中的作用,最终发现微生物菌群间之间产生了累加效应,含有盐杆菌的 SP1(1)样品组在发酵中期,蛋白酶活性和 α -氨基含量均较高,可见,盐杆菌 SP1 能够作为理想发酵剂缩短鱼酱油的发酵周期。

嗜盐微生物能够充分利用原料中的蛋白质、脂肪等物质,将其降解为形成风味前体物质的寡肽、低聚肽及脂肪酸等,促进海鲜调味品特征风味中低分子挥发性酸和呈味氨基酸等重要营养和风味物质的形成^[26],构成海鲜调味品独特的口感和风味。Beddows 等^[27]在研究细菌对发酵鱼酱油风味影响时发现,鱼酱油中的氨基酸经由细菌的代谢作用能够衍生形成多种呈味氨基酸如丙酸、丁酸等,使产品形成独特的奶酪香气。Udomsil 等^[28]发现嗜盐微生物分泌的内源酶活性对发酵型海鲜调味品的风味形成有重要作用,从鱼酱油中筛选到的嗜盐四联球菌 MRC5-5-2 和 MS33,因其胞内氨基肽酶活性较高,可以产生促进产品肉味和杏仁味形成的苯甲醛和 2-甲基丙醇。Udomsil 等^[29]在进行鱼酱油速酿发酵时,将筛选到的葡萄球菌(*S. piscifermentans*) CMC5-3-1 作为功能性发酵剂,结果表明试验组中能够产生更多具有黑巧克力香气的 2-甲基丙醛。

表 1 不同海鲜调味品中嗜盐微生物及其所产的酶
Table 1 Halophilic microorganisms and their enzymes in different seafood condiments

微生物种类	酶的种类
泰国喜盐芽孢杆菌	胞外丝氨酸金属蛋白酶 ^[13]
嗜盐四联球菌	组氨酸脱羧酶 ^[14]
耐盐别样芽孢杆菌	胞外碱性磷酸酶 ^[15]
盐水四联球菌	组氨酸脱羧酶 ^[16]
嗜盐四联球菌 MS33 和 M11	胞内氨基肽酶 ^[17]
喜盐芽孢杆菌 SR5-3	丝氨酸蛋白酶 ^[18]
枝芽孢杆菌 SK33	丝氨酸蛋白酶 ^[19]
枝芽孢杆菌 SK37	胞外细胞结合蛋白酶 ^[20]
巨大芽孢杆菌	碱性蛋白酶 ^[21]

通过嗜盐微生物的代谢作用和生物转化还能够有效减少海鲜调味品发酵过程中不良风味的产生。向军等^[30]发现,产氨基肽酶的甲基营养型芽孢杆菌(*B. methylotrophicus*)能够将苦味肽氨基端的疏水氨基酸切除,有利于减轻发酵产品中的苦味。段旭昌等^[31]研究发现乳酸菌发酵可以使苦味氨基酸转化,改善甲鱼酶解液的整体风味,其中呈苦味的 Asp、Cys、Val、Ile、Lys 和 Arg 含量在发酵后明显减少,而呈微苦味的 Phe 和甜味的 Ala 含量略微增加。Fukami 等^[32]研究发现,在鱼酱油发酵进程中添加木葡萄球菌能够减少产品中的鱼腥臭味和腐败酸味,显著提升产品风味品质。利用嗜盐微生物代谢作用提高海鲜调味品中特征风味物质的含量,有利于改良速酿工艺中产品风味不足的缺陷。

2 传统发酵海鲜调味品嗜盐菌代谢及风味形成机制

微生物代谢作为海鲜调味品挥发性风味物质形成的主要途径,是指导传统海鲜调味品速酿发酵技术并提升风味品质的突破点。其中不同种类的嗜盐微生物其代谢通路和基因特征不同,在海鲜调味品的原料分解和风味形成过程中均发挥积极贡献。

2.1 氨基酸代谢模式及途径

蛋白质分解释放出足够的氨基酸对海鲜调味品形成完整的风味是必不可少的,蛋氨酸和半胱氨酸等氨基酸是发酵食品中风味物质的主要来源^[33]。研究^[34]发现,亮氨酸是具有调节蛋白质代谢作用的主要支链氨基酸,由亮氨酸通过酮酸和醛转化为乙醇的途径为 Ehrlich 途径。支链醛类物质是发酵食品中的重要风味化合物,其中3-甲基丁醛和2-甲基丁醛是酱油中最重要的气味剂之一,具有麦芽样或巧克力样的强烈香气,主要由微生物的 Ehrlich 途径和支链氨基酸的生物合成途径产生^[35]。如图1所示,3-甲基丁醛是亮氨酸分解代谢的中间体,亮氨酸与酮酸之间的氨基转移由亮氨酸氨基转移酶催化,通

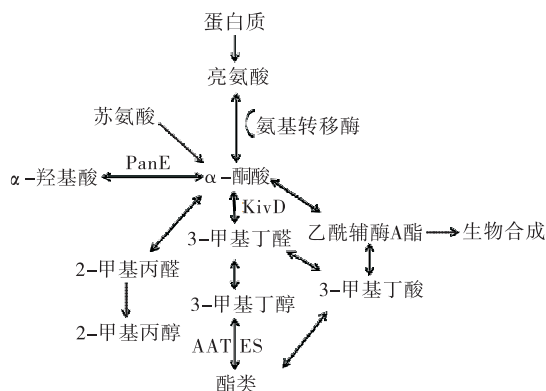


图1 亮氨酸代谢产生挥发性风味物质

Figure 1 Leucine metabolism produces volatile flavor substances

过对应的 α -酮酸进一步被羟基异氨酸脱氢酶(PanE)降解为羟基酸,被 α -酮酸脱羧酶(KivD)分解成醛、醇和酸等风味相关物质^[36]。在支链氨基酸代谢途径中, α -酮酸是关键节点物质^[37],因此,提高氨基酸浓度和转氨酶活性能够有效增加 α -酮酸含量,促进海鲜调味品发酵过程中特殊风味物质的形成。

由于多数细菌转氨酶活性较低,很难通过添加外源支链氨基酸来提高 α -酮酸的生成量,进而抑制了挥发性风味物质含量的增加。而野生嗜盐菌株通常生活在氨基酸含量低的环境中,它们依赖于自身氨基酸的生物合成,因此具有更多的氨基酸转化酶,为食品原料中蛋白质的降解提供了良好途径。Udomsil^[38]从发酵鱼酱油中筛选到7株乳酸菌,均具有较高的胞内氨基转化酶活性,促进了亮氨酸、精氨酸、甲硫氨酸、丙氨酸、和谷氨酸等呈味底物的分解转化,进而丰富鱼酱油产品的特征风味。将嗜盐微生物用于海鲜调味品发酵进程,不仅能够增加各种呈味氨基酸的含量,还能提高由氨基酸衍生出的风味化合物水平。

2.2 基于基因组学的代谢调控

编码氨基酸转化酶的基因受到许多特定机制的调控,包括对酶及其合成的生物化学控制,以及在转录水平上运作的调节因子^[39]。其中转氨酶基因(*araT*、*bcaT*、*kivD*、*ytjE*、*panE*)等的表达受全局调控因子 CodY 调控^[40]。CodY 在氨基酸降解、寡肽转运、胞外蛋白酶和支链氨基酸的生物合成等氮代谢方面具有重要的调控作用,能够通过改变转录速率调控靶基因的表达水平^[41]。CodY 基因的表达与胞内缬氨酸、异亮氨酸等支链氨基酸的水平有关,转氨酶基因表达水平在缬氨酸、异亮氨酸饥饿胁迫条件下能增强数倍。亮氨酸代谢产物3-甲基丁醛在异亮氨酸饥饿胁迫条件下的生成量比非饥饿培养条件增高了2倍。Yvon 等^[42]经研究发现亮氨酸、芳香族氨基酸和蛋氨酸转氨酶具有重叠的底物特性,将乳酸球菌属中的支链氨基转移酶敲除会导致亮氨酸转氨作用大大减少。此外,环境因素也能影响氨基酸代谢情况,例如在酸胁迫条件下,作为乳酸菌代谢产物的支链醛含量有所增加。

嗜盐菌不仅能通过改变碳、氮代谢来应对高酸、高盐等胁迫环境,还可以通过 CodY 调控自然感受相关基因,使菌体对外源 DNA 的摄入量得以提高,从而获取有助于应对胁迫环境的基因,增强菌株的生长能力。通过研究 CodY 调控对细菌的碳、氮代谢和自然感受态相关基因的影响,能够获得基因优化改良的嗜盐菌株,用于海鲜调味品的发酵生产工业。

Satomi 等^[43]在研究鱼酱油风味时发现,嗜盐四联球菌(*Tetragenococcus halophilus*)的质粒上含有 *hdc A* 基因,可以通过编码组氨酸脱羧酶将组氨酸转化为组胺,进而调节产品风味。Higuchi 等^[44]发现含有天冬氨酸脱羧

酶的嗜盐菌可通过其质粒上的 *aspD* 编码的脱羧作用,将天冬氨酸转化为丙氨酸,使酸性氨基酸的含量减少,甜味氨基酸的含量增加,从而使口感变得温和。Wakinaka 等^[45]用含溴甲酚紫的天冬氨酸指示剂从发酵鱼类食品中分离出嗜盐四球菌(*Tetragenococcus halophilus*),并证实其携带天冬氨酸脱羧酶基因(*aspD*),将此菌株作为鱼露发酵剂可以实现天冬氨酸向丙氨酸的转化,从而得到口感更加柔和的鱼露产品,同时阻止了生物胺在鱼露产品中的积累。因此,通过选定或敲除嗜盐微生物上的特定基因,可以调控氨基酸代谢产物,在减少生物胺积累的前提下提升海鲜调味品风味品质,为在发酵食品工业中利用基因工程改造技术获得适当菌株奠定了基础。

3 嗜盐微生物对生物胺等的影响

生物胺是存在于鱼酱油、虾酱等发酵产品中的碱性含氮化合物,能与亚硝酸盐反应生成亚硝胺等致癌物质^[46],过多的摄入可能导致人体中毒。部分嗜盐菌含有内源氨基氧化酶,能够通过氧化脱氨基作用将生物胺降解同时产生醛类和氨类等风味物质,从而降低海鲜调味品中生物胺的含量,提升产品的营养和保健功效。

姜维^[47]从传统发酵的鱼酱油中分离到了汕头盐单胞菌(*Halomonas shantousis* nov.),研究发现此菌株能在自身不积累生物胺的前提下将生物胺高效降解,将其作为功能发酵剂用于鱼酱油的发酵,能显著降低产品中腐胺、组胺、尸胺和酪胺含量。Zaman 等^[48]从鱼酱油中分离到了解淀粉芽孢杆菌 FS05 和肉葡萄球菌 FS19,发现这两种菌株均具有氨基氧化酶活性,能够显著降低鱼酱油发酵后期的组胺含量。

海鲜调味品中的嗜盐菌作为功能性发酵剂能够显著减少发酵过程中生物胺的积累,提高产品品质功效,有利于适应和促进中国食品工业的发展。

4 结束语

微生物发酵法的应用是海鲜调味品健康生产的重要发展趋势,应用嗜盐微生物中氨基酸转化酶调节原料底物的分解代谢,以及利用基因改造的嗜盐菌株调控代谢产物,能够在显著缩短发酵周期的同时有效模拟发酵产品的传统风味。继续探究嗜盐菌的具体代谢机制以及外源氨基酸对产品品质及特征风味影响从而改进生产工艺,有望在保持海鲜调味品传统风味的基础上,实现加工生产效率和产品品质的不断提升。

参考文献

[1] 陈晓婷, 吴靖娜, 苏永昌, 等. 海鲜调味品的种类及研究进展[J]. 渔业研究, 2018, 40(2): 163-168.
[2] 鲍佐宝, 刘加上, 陈晓星, 等. 基于响应面法的白姜海鲜调味品配方优化[J]. 安徽科技学院学报, 2018, 32(6): 73-80.
[3] SAITHONG P, PANTHAVEE W, BOONYARATANAKORN-

KIT M, et al. Use of a starter culture of lactic acid bacteria in Plaasom, a Thai fermented fish[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2010, 110(5): 553-557.
[4] YOSSAN S, REUNGSANG A, YASUDA M. Purification and characterization of alkaline protease from *Bacillus megaterium* isolated from Thai fish sauce fermentation process[J]. Science Asia, 2006, 32(4): 377-383.
[5] 李沛, 李库, 任达洪, 等. 酵母抽提物协助酱油减盐后对其风味物质的影响研究[J]. 中国酿造, 2019, 38(12): 92-96.
[6] KANI Y, YOSHIKAWA N, OKADA S, et al. Taste-active components in the mantle muscle of the oval squid *Sepioteuthis lessoniana* and their effects on squid taste[J]. Food Research International, 2008, 41(4): 371-379.
[7] 赵洪雷, 尹一鸣, 陈义莹, 等. 不同产地虾酱风味特征及差异分析[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(10): 194-200.
[8] 王炳华, 严利强, 胡建国. 不同方法制备鲢鱼鱼露风味物质比较[J]. 中国调味品, 2019, 44(12): 85-89, 98.
[9] MONICA F, M-ASUNCION D, AURORAM, et al. Effect of *Debaryomyces* spp. on aroma formation and sensory quality of dry-fermented sausages[J]. Meat Science, 2004, 68(3): 439-446.
[10] 明庭红, 裘迪红, 周君, 等. 基于植物乳杆菌发酵草鱼脱腥增香的研究[J]. 中国食品学报, 2017, 17(10): 202-210.
[11] 李莹, 吕欣然, 马欢欢, 等. 应用顶空-固相微萃取结合气相色谱-质谱联用技术分析传统锦州虾酱中挥发性物质[J]. 食品发酵与工业, 2016, 42(9): 210-216.
[12] HOU Ya-wei, WANG Jie, CAI Yi, et al. Biochemical change of fermented scallop (*Argopecten irradians Lamarck*) flour paste in different fermentation periods[J]. Frontiers of Agriculture in China, 2011, 5(4): 643-648.
[13] CHAIYANAN S, CHAIYANAN S, MAUGEL T, et al. Polyphasic taxonomy of a novel *Halobacillus*, *Halobacillus thailandensis* sp. nov. isolated from fish sauce[J]. Systematic and Applied Microbiology, 1999, 22(3): 360-365.
[14] SATOMI M, FURUSHITA M, OIKAWA H, et al. Diversity of plasmids encoding histidine decarboxylase gene in *Tetragenococcus* spp. isolated from Japanese fish sauce[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 148(1): 60-65.
[15] CHUPROM J, BOVORNREUNGROJ P, AHMAD M, et al. Statistical optimization for the improved production of an extracellular alkaline nuclease by halotolerant *Allobacillus halotolerans* MSP69: Scale-up approach and its potential as flavor enhancer of fish sauce [J]. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, 2016, 8: 236-247.
[16] KONAGAYA Y, KIMURA B, ISHIDA M, et al. Purification and properties of a histidine decarboxylase from *Tetragenococcus muriaticus*, a halophilic lactic acid bacterium[J]. Journal of Applied Microbiology, 2002, 92(6): 1136-1142.
[17] UDOMSIL N, RODTONG S, TANASUPAWAT S, et al. Proteinase-producing halophilic lactic acid bacteria isolated

- from fish sauce fermentation and their ability to produce volatile compounds[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2010, 141(3): 186-194.
- [18] NAMWONG S, HIRAGA K, TAKADA K, et al. A halophilic serine proteinase from *Halobacillus* sp. SR5-3 isolated from fish sauce: Purification and characterization[J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2006, 70(6): 1 395-1 401.
- [19] SINSUWAN S, RODTONG S, YONGSAWATDIGUL J. A NaCl stable serine proteinase from *Virgibacillus* sp. SK33 isolated from Thai fish sauce[J]. *Food Chemistry*, 2010, 119(2): 573-579.
- [20] SINSUWAN S, RODTONG S, YONGSAWATDIGUL J. Hydrolytic activity of *Virgibacillus* sp. SK37, a starter culture of fish sauce fermentation, and its cell-bound proteinases[J]. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2012, 28(8): 2 651-2 659.
- [21] YOSSAN S, REUNGSANG A, YASUDA M. Purification and characterization of alkaline protease from *Bacillus megaterium* isolated from Thai fish sauce fermentation process[J]. *Science Asia*, 2006, 32(4): 377-383.
- [22] 王聪, 樊燕, 李兆杰, 等. 发酵温度对南极磷虾虾酱流变特性和风味品质的影响[J]. *食品科学*, 2018, 39(15): 1-9.
- [23] 徐云强, 孙卫青, 熊光权, 等. 低盐鲫鱼鱼露发酵过程中的氨基酸分析[J]. *中国调味品*, 2018, 43(10): 85-90.
- [24] SINSUWAN S, RODTONG S, YONGSAWATDIGUL J. NaCl-activated extracellular proteinase from *Virgibacillus* sp. SK37 isolated from fish sauce fermentation[J]. *Journal of Food Science*, 2007, 72(5): C264-C269.
- [25] AKOLKAR A V, DURAI D, DESAI A J. *Halobacterium* sp. SP1(1) as a starter culture for accelerating fish sauce fermentation[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2010, 109(1): 44-53.
- [26] 宁豫昌, 吴祖芳, 翁佩芳. 微生物促进传统鱼酱油发酵和品质改善的研究进展[J]. *水产学报*, 2018, 42(9): 1 497-1 509.
- [27] BEDDOWS C, ARDESHIR A, DAUD W. Development and origin of the volatile fatty acids in Budu[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1980, 31(1): 86-92.
- [28] UDOMSIL N, RODTONG S, TANASUPAWAT S, et al. Proteinase-producing halophilic lactic acid bacteria isolated from fish sauce fermentation and their ability to produce volatile compounds[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2010, 141(3): 186-194.
- [29] UDOMSIL N, RODTONG S, TANASUPAWAT S, et al. Improvement of fish sauce quality by strain CMC5-3-1; A novel species of *Staphylococcus* sp. [J]. *Journal of Food Science*, 2015, 80(9): M2 015-M2 022.
- [30] 向军, 张金虎, 柴海云, 等. 甲基营养型芽孢杆菌产氨肽酶的发酵优化[J]. *中国酿造*, 2012, 31(5): 45-50.
- [31] 段旭昌, 徐怀德, 李志成, 等. 乳酸菌发酵法改良甲鱼蛋白酶解液风味的研究[J]. *中国食品学报*, 2004(4): 42-45.
- [32] FUKAMI K, FUNATSU Y, KAWASAKI K, et al. Improvement of fish-sauce odor by treatment with bacteria isolated from the fish-sauce mush (Moromi) made from frigate mackerel[J]. *Journal of Food Science*, 2004, 69(2): fms45-fms49.
- [33] STEFANIA C, CINZIA L R, ALESSANDRA P, et al. Influence of PDO Ragusano cheese biofilm microbiota on flavour compounds formation[J]. *Food Microbiology*, 2017, 61: 126-135.
- [34] CHEN Dai-an, YE Yang-fang, CHEN Juan-juan, et al. Evolution of metabolomics profile of crab paste during fermentation[J]. *Food Chemistry*, 2016, 192: 886-892.
- [35] SMIT Bart A, ENGELS Wim J M, SMIT Gerrit. Branched chain aldehydes: Production and breakdown pathways and relevance for flavour in foods[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2009, 81(6): 87-99.
- [36] FREIDING S, EHRLMANN M, VOGEL R. Comparison of different IlvE aminotransferases in *Lactobacillus sakei* and investigation of their contribution to aroma formation from branched chain amino acids[J]. *Food Microbiology*, 2012, 29(2): 11-14.
- [37] YONGSAWATDIGUL J, RODTONG S, RAKSAKULTHAI N. Acceleration of Thai fish sauce fermentation using proteinases and bacterial starter cultures[J]. *Journal of Food Science*, 2007, 72(9): 82-90.
- [38] UDOMSIL N. Role of lactic acid bacteria on chemical compositions of fish sauce[D]. Nakhon Ratchasima: Suranaree University of Technology, 2008: 15-17.
- [39] GARCÍA-CAYUELA Tomás, GÓMEZ de Cadiñanos Luz P, PELÁEZ Carmen, et al. Expression in *Lactococcus lactis* of functional genes related to amino acid catabolism and cheese aroma formation is influenced by branched chain amino acids[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2012, 159(3): 10-13.
- [40] DU Fang-min, ZHANG Xiao-yong, GU Hua-rong, 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): 83-89.
- [41] 赵悦. 转录因子 CodY 与 DNA 结合的功能域及关键氨基酸解析[D]. 天津: 天津大学, 2018: 11-13.
- [42] YVON M, CHAMBELLON E. Characterization and role of the branched-chain aminotransferase (BcaT) isolated from *Lactococcus lactis* subsp *cremoris* NCDO 763[J]. *Appl Environ Microbiol*, 2000, 66(2): 571-577.
- [43] SATOMI M, FURUSHITA M, OIKAWA H, et al. Diversity of plasmids encoding histidine decarboxylase gene in *Tetragenococcus* spp. isolated from Japanese fish sauce[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2011, 148(1): 60-65.

(下转第 234 页)

管理的需求也进行了财务电算化,但从整体上看,也仅仅只体现于应用财务管理的一些初级系统,未对一些计算机财务系统进行深入的挖掘与利用,未能实现公司整体管理系统财务系统的集成化管理,未能真正实现公司财务信息系统化、核算准确化、数据精确化,因此难以发挥这些计算机财务管理系统对企业会计工作的积极作用。

《会计信息化》第二部分和第三部分是作者结合精心设计的教学案例对会计信息化的一些系统以及这些系统的构建与应用从理论方面的阐释与讲解,并对这些信息系统在企业管理实践中高效性、合理性、科学性应用的策略和方法进行了研究。该部分,作者以理论联系实际的教学方法,通过对教学案例的剖析,深入浅出地阐述了会计软件开发的一些知识要点和一些关键环节。特别强调了开发平台的建设,因为只有强调开发平台的应用实际需求,才能体现系统开发的价值与功能,才能确定平台开发的主要内容。在这方面,作者从理论层面系统地阐述了有关会计软件开发平台建设的相关数据库构建与数据管理程序,并特别提到了 SQL 的语言以及其应用。基于这一语言的专业性以及其特殊的应用功能,作者对其进行了深入的剖析,介绍了其实际应用方向、应用特征、所发挥的作用等。作者还针对财务管理过程中的销存、账务处理系统,进行了手工数据处理演示,使人们深刻地认识到企业财务管理信息化建设的必要性和可行性。

正是由于目前各企业普遍存在的财务共性问题,使得传统的一些财务管理手段和一些财务信息系统逐渐呈现出诸多方面的局限性,这些局限性已经使得食品行业的财务管理在市场分析、行业前瞻、行业技术前沿、食品行业市场数据分析、食品行业发展规划等方面表现出了与社会发展的脱节,严重制约着 ERP 系统在中国食品行业的应用与发展。

作者还对应用 SQL 的语句建立财务管理数据库、编制各种财务管理具体表格和在会计工作中应用 SQL 的语句输入各工作环节的相关数据等进行了系统的分析和结合实例的演示。通过这些演示,作者分析了当前中国企业应用现代化财务管理系统的一些制约因素,特别是揭示出了当前企业中财务管理体制中的因素。正是这些体制的固化形式,使得企业的财务管理缺乏积极应用现代化信息技术以及其他信息化管理系统的有效机制,有的企业即使在应用现代化财务管理信息系统,但也缺乏灵活性和规范性,这在很大程度上弱化了财务管理系统对财务管理会计工作的促进作用。且通过这些应用演示,也使人们在对比分析过程中深刻了解了中国企业在应用财务管理系统中的缺陷。同时,通过这种应用演示所呈现出来的成效,体现出了企业财务管理会计信息化的优势,使人们对一些新的财务管理理念、财务管理模式、会计工作软件有了全新的认知。结合当前中国食品企业财务管理中的 ERP 系统应用现状,凸显了当前中国

企业应用财务信息管理系统的迫切需求,同时也使人们深刻地认识到了企业会计信息化发展的美好前景。

该书的第二、第三部分全面而系统地介绍了当前一些财务管理系统的理论知识以及其构建的相关复杂程序。这就要求各企业决策层在深刻认识财务信息管理系统应用的积极作用基础上,注重对财务人员信息素养的培养。要为这些财务人员创造各种有利条件,构建激励财务人员努力学习信息技术、积极应用信息技术、积极拓展财务管理信息化建设路径的有效机制,并强化相关的制度建设,以强化企业各阶层财务管理信息化建设的意识,推进企业财务管理会计信息化。

《会计信息化》一书不仅从理论层面向广大读者全面而系统地介绍了财务管理信息系统的一些理论知识,还结合具体的实例阐述了这些系统数据库建立、信息输入、数据建模、业务流程分析、业务功能设计、系统审计、系统账表计算等基于数据处理的相关流程,作为一本高校会计学、财务管理学、审计学等专业教材,能够具体的指导教师有关这方面的教学,也能够很好地引导学生展开这方面专业的系统学习。同时,作者基于扎实的理论基础对财务信息化系统的细致分析与研究,特别是对这些财务信息化系统在实际过程中一些具体环节的构建,为当前中国企业提供了有价值的借鉴,值得企业财会人员以及有关这方面的研究人员置之案头,时时研读。

(作者:段玉红,女,洛阳职业技术学院高级讲师)

(上接第 207 页)

- [44] HIGUCHI T, UCHIDA K, ABE K. Aspartate decarboxylation encoded on the plasmid in the soy sauce lactic acid bacterium, *Tetragenococcus halophila* D10 [J]. *Biosci Biotechnol Biochem*, 1998, 62(8): 1 601-1 603.
- [45] WAKINAKA Takura, IWA-TA Satomi, TAKEISHI Yuya, et al. Isolation of halophilic lactic acid bacteria possessing aspartate decarboxylase and application to fish sauce fermentation starter[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2018, 292(1): 137-143.
- [46] NRISINHA P, STEPHEN W, PHILANDER A, et al. Formation of *N*-nitroso-*N*-methylurea in various samples of smoked/dried fish, fish sauce, seafoods, and ethnic fermented/pickled vegetables following incubation with nitrite under acidic conditions[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2001, 49(4): 2 096-2 103.
- [47] 姜维. 一株耐盐性高效生物胺降解新菌的筛选、分类鉴定及应用研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2014: 11-13.
- [48] ZAMAN Z, BAKAR A, JINAP S, et al. Novel starter cultures to inhibit biogenic amines accumulation during fish sauce fermentation[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2011, 145(1): 84-91.