

微生物对肉制品发酵的影响研究进展

邢巍^{1,2}, 刘贯勇^{1,2}, 牛保坤¹, 张瑞¹, 王瑞皓¹

(1.河南双汇投资发展股份有限公司, 河南 漯河 462000; 2.河南省肉品技术创新中心有限公司, 河南 漯河 462000)

摘要: 微生物对发酵肉制品的风味形成和营养价值有巨大的贡献, 分离鉴定发酵肉制品中的关键微生物, 开发新型发酵剂, 是推动发酵肉制品发展的重要技术保障。本文主要介绍发酵肉制品的种类及其优势微生物的研究现状, 对微生物在发酵肉制品中的作用机制进行综述, 并展望未来发酵肉制品的发展, 以期发酵肉制品的工业化生产提供理论指导。

关键词: 发酵肉制品; 微生物; 发酵; 功能性肉制品; 前景

Research Progress on the Effects of Microorganisms on the Fermentation of Meat Products

XING Wei^{1,2}, LIU Guanyong^{1,2}, NIU Baokun¹, ZHANG Rui¹, WANG Ruihao¹

(1.Henan Shuanghui Investment Development Co. Ltd., Luohe 462000, China;

2.Henan Meat Technology Innovation Center Co. Ltd., Luohe 462000, China)

Abstract: Microorganisms contribute greatly to the flavor formation and nutritional value of fermented meat products. Isolating and identifying key microorganisms from fermented meat products and developing new starter cultures are an important technical guarantee to promote the development of fermented meat products. In this paper, the types of fermented meat products and the current research status of the dominant microorganisms in fermented meat products are introduced, and the action mechanism of microorganisms in fermented meat products is reviewed. This paper concludes with an outlook on the future development of fermented meat products. We expect that this review will provide theoretical guidance for the development of fermented meat products in the future.

Keywords: fermented meat products; microorganism; fermentation; functional meat products; future prospect

DOI:10.7506/rlyj1001-8123-20221129-152

中图分类号: TS251.1

文献标志码: A

文章编号: 1001-8123 (2023) 04-0061-08

引文格式:

邢巍, 刘贯勇, 牛保坤, 等. 微生物对肉制品发酵的影响研究进展[J]. 肉类研究, 2023, 37(4): 61-68. DOI:10.7506/rlyj1001-8123-20221129-152. <http://www.rlyj.net.cn>

XING Wei, LIU Guanyong, NIU Baokun, et al. Research progress on the effects of microorganisms on the fermentation of meat products[J]. Meat Research, 2023, 37(4): 61-68. (in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/rlyj1001-8123-20221129-152. <http://www.rlyj.net.cn>

发酵肉制品作为一种传统肉制品, 因具有独特的风味、质地和营养价值及良好的贮藏性能而备受人们喜爱。发酵肉制品的生产始于为延长肉制品保存期而向其中添加糖或盐进行腌制, 随着时间的推移, 经过微生物的发酵作用形成产品独特品质, “发酵”因此成为国内外学者研究热点。根据产品特性, 发酵肉制品主要分为发酵火腿、香肠和腌腊肉制品, 诸如国内的四川腊肉、南京咸鸭、广式腊肠、金华火腿和国外的帕尔马火腿、萨拉米香肠等许多传统肉制品^[1]。

发酵是一种利用微生物或酶使原料肉发生一系列生化及物理变化的一种加工方式, 在发酵过程中, 会产生

酸化(碳水化合物分解代谢)、肌原纤维和肌浆蛋白的溶解和凝胶化、蛋白质和脂质的降解、亚硝基肌红蛋白的形成和脱水等变化, 其中产生的乳酸、小分子肽、游离脂肪酸和挥发性化合物是形成发酵肉制品风味的重要因子^[2]。当前发酵方法包括自然发酵和人工添加发酵剂调节发酵, 自然发酵过程中涉及的微生物主要来源于原材料和环境, 通过微生物间的竞争形成典型的优势微生物群落, 从而影响发酵肉制品的风味和质构; 发酵剂主要由细菌、酵母菌和霉菌组成, 可以通过快速形成优势菌群加快成熟过程, 或借助功能微生物分泌抗菌物质(如细菌素)来增强发酵肉制品

收稿日期: 2022-11-29

第一作者简介: 邢巍(1997—)(ORCID: 0000-0003-2137-1823), 男, 硕士, 研究方向为食品加工。E-mail: 376315995@qq.com

的安全性, 从而对发酵肉制品的品质和工业化发展发挥至关重要的作用^[3]。

发酵肉制品中的微生物主要有葡萄球菌、乳酸菌、微球菌、酵母菌、霉菌等^[4-6], 当前国内外学者对发酵肉制品的研究更关注微生物在发酵过程中的作用, 通过控制微生物的生长及其特殊酶的调控, 可以获得高品质的发酵肉制品。微生物的多样性对于发酵肉制品品质的形成和安全控制具有重要意义, 本文主要通过介绍发酵肉制品的微生物种类及其发酵作用, 概述益生菌等新型发酵剂对功能性发酵肉制品开发的应用潜力, 为我国发酵肉制品的研究提供一定理论参考。

1 发酵肉制品种类及优势微生物

发酵肉制品微生物种类丰富, 这些微生物因原料肉种类、盐含量、发酵工艺和地理环境等不同而差异明显^[7]。本部分详细概述不同发酵肉制品的优势微生物种类及其在产品成熟过程中的演替。

1.1 火腿

中国传统火腿包括浙江金华火腿、江苏如皋火腿、云南宣威火腿等极具地方特色的品种, 火腿的加工通常以整腿为原料, 借助腌制、风干、发酵及后熟等工序赋予产品特殊香味和诱人色泽^[7]。腌制是影响火腿安全性的关键工序, 该过程依赖高浓度食盐快速降低火腿中水分含量及水分活度, 以抑制致腐微生物的增殖。通过高通量测序技术, 发现腌制阶段的主要菌种包括科贝特菌、嗜冷杆菌、嗜盐菌和葡萄球菌等^[7], 这些菌株对高盐、低水分活度和低温环境具有较高适应能力, 因此成为火腿加工前期的优势微生物。发酵成熟对火腿品质形成发挥重要作用, 随着环境温度的升高, 该阶段区系微生物多样性和种群丰度处于较高水平且演替较快^[8]。在发酵过程中, 葡萄球菌和乳酸菌是金华火腿中的优势细菌, 葡萄球菌种类主要包括腐生葡萄球菌、马尾葡萄球菌, 乳酸菌主要被鉴定为尿马片球菌、戊糖片球菌和戊糖乳杆菌。有研究^[9]表明, 葡萄球菌对金华火腿特色风味可能具有最大的潜在作用。同时火腿中优势真菌包括酵母菌群和分布于火腿表面的霉菌, 汉逊德巴利酵母、赛道威汉逊酵母等是主要的酵母菌种, 而霉菌菌群随着发酵过程深入而改变, 其中发酵阶段前期主要是青霉, 如柑橘青霉、灰绿青霉等, 发酵后期主要是曲霉, 如萨氏曲霉、米曲霉等。在火腿区系微生物演替过程中, 霉菌能显著影响内部微生物的数量, 初始阶段, 霉菌和内部微生物同时增加, 当霉菌的数量增加到一定水平时, 就会抑制内部微生物的生长, 酵母菌是火腿中主要真菌, 占成熟火腿微生物总数的50%以上, 从腌制阶段开始就呈指数增长, 最终稳定在 10^7 CFU/g左右, 火腿酵母数量为其他

微生物的 $10\sim 10^3$ 倍, 这表明酵母在火腿发酵中起重要作用^[10-13]。

国外传统火腿主要产于地中海沿岸地区, 常见的有西班牙伊比利亚火腿、意大利帕尔马火腿、法国巴约纳火腿和德国黑森林火腿等。西班牙、意大利和法国均为温和的地中海气候, 因此环境湿度高、发酵成熟时间长是该地区火腿加工的主要特点, 其火腿肉质细嫩、香味浓郁。与我国传统火腿类似, 西方火腿中的优势微生物种群主要是微球菌、霉菌和酵母菌^[14]。有研究通过对伊比利亚火腿微生物的分离培养和鉴定, 发现葡萄球菌是主要细菌属, 青霉属、曲霉属和散囊菌属为主要霉菌, 其中普通青霉在腌制阶段占主体优势^[15], 在火腿腌制末期, 酵母菌则成为主要真菌, 其数量最大能达到 10^7 CFU/g, 且大多数酵母分离物(75%)被鉴定为汉逊德巴利酵母^[16]。Battilani等^[17]研究发现, 帕尔马火腿肌肉表面酵母菌数量为 $10^5\sim 10^7$ CFU/g, 脂肪表面数量为 $10^4\sim 10^6$ CFU/g, 整个成熟过程中酵母菌群的优势种为汉逊德巴利酵母、泽兰假丝酵母和黑角德巴利酵母。

1.2 发酵香肠

发酵香肠是指将绞碎的肉和脂肪与辅料混合后灌入肠衣, 经发酵、干燥、成熟而制成的具有发酵特性的肉制品。中式发酵香肠包括川味和广式香肠等, 目前采用自然条件发酵, 发酵环境中丰富的微生物种群参与到香肠的品质形成过程中, 赋予香肠独特的风味和质构特性, 其中乳酸菌和葡萄球菌是该过程中的两大主要微生物。Hu Yingying等^[18]在四川香肠中分离出乳杆菌、布罗氏丝菌、片球菌和葡萄球菌, 其中乳酸菌(75%)为优势微生物。谢科等^[19]从广式香肠中分离出19株葡萄球菌和12株乳酸菌, 并鉴定其主要优势菌为腐生葡萄球菌、木糖链球菌和乳杆菌, 次要优势菌为表皮葡萄球菌、科氏葡萄球菌和加氏乳球菌。有学者比较了16种中国传统香肠的微生物种群, 发现在大多数香肠中, 乳杆菌属、微球菌属为优势菌属^[20], 其中中式烟熏发酵香肠主要由魏斯氏菌属(25.32%)、片球菌属(16.67%)、乳杆菌属(7.93%)、乳球菌属(7.98%)、葡萄球菌属(6.78%)和链球菌属(4.74%)组成。

西式发酵香肠主要有萨拉米香肠、伊比利亚干发酵香肠等, 并且西式发酵香肠通过接种特定发酵剂进行生产, 微生物菌群较为单一, 且香肠成熟过程中一些腐败微生物增殖受到抑制直至消失^[1]。西式发酵香肠的微生物群主要由乳酸菌和凝固酶阴性球菌(包括微球菌和凝固酶阴性葡萄球菌)组成, 其中优势微生物是葡萄球菌属。Aquilanti等^[21]通过高通量测序萨拉米香肠中细菌菌落属水平, 发现葡萄球菌属含量占97.45%, 其次也检测到乳杆菌属(1.02%)和片球菌属(0.64%)。

1.3 其他发酵肉制品

1.3.1 腊肉

腊肉是一种以新鲜（冷冻）牲畜肉为主要原料并与其他辅料混合，通过腌制、烘烤干燥（或室外晾晒风干）、熏制等过程所制成的加工品。腊肉主要在国内南方地区盛行，有学者鉴定不同地理区域（盆地、山脉和高原）四川腊肉的细菌多样性，发现葡萄球菌属是四川不同地理区域腊肉中的优势属，其次检测到的乳杆菌相对丰度远低于葡萄球菌，不同地理组间的细菌群落结构存在显著差异，且受水分活度、pH值和亚硝酸盐水平等理化参数的影响^[22]。文开勇等^[23]对四川传统腊肉中微生物群落结构进行分析，发现葡萄球菌属是腊肉的优势菌，并且检测到曲霉是真菌属水平丰度最高物种，这可能与家庭式制作和贮藏环境有关。刀板香是安徽黄山地区特有的一种腊肉制品，朱早林等^[24]通过分离鉴定刀板香中优势微生物，发现葡萄球菌和嗜冷杆菌可作为刀板香良好的发酵剂。冯秀娟等^[25]研究湖南传统腊肉生产过程中的微生物种群，表明湖南传统腊肉中的优势菌为乳酸菌和葡萄球菌。综上，腊肉的优势微生物种属是乳酸菌属和葡萄球菌属，并且腊肉的传统加工导致表面含有霉菌。

1.3.2 酸肉

酸肉是一种南方地区少数民族传统的发酵肉制品，根据地域可分为湖南、广西和黔东南地区传统酸肉，中国传统酸肉一般是将生肉切片、盐、米粉（大米、玉米和糯米等）和调味料放入容器中密闭自然发酵而制成，酸肉特点是质地硬、酸味足，游离脂肪酸和活性肽丰富，营养价值高，拥有悠久食用历史和民族特色。Zhong Aiai等^[2]利用新鲜猪肉块、米饭和其他辅料放入容器中密封自然发酵60 d，通过高通量测序发酵阶段微生物群落的多样性，发现乳杆菌、魏斯氏菌、葡萄球菌和巨型球菌是酸肉中的主要微生物。王子媛等^[26]解析湖南部分地区酸肉细菌多样性差异，结果表明，慈利地区酸肉微生物种群主要为乳杆菌和葡萄球菌，古丈地区酸肉微生物种群主要为乳杆菌和魏斯氏菌，酸肉、酸鱼和低酸性发酵香肠的主要微生物菌属类似，以乳酸菌为主，其次还有葡萄球菌、酵母菌和微球菌，微生物与酸味之间存在正相关性。

1.3.3 发酵鱼

发酵鱼是传统地域特色产品，大部分采用自然发酵方法，依赖于环境中微生物的长期自然发酵。当前世界各地发酵鱼产品种类很多，其中来自亚洲和欧洲的传统鱼产品占较大比例^[27]。根据发酵鱼基质特性，产品可分为以下几类：发酵鱼体、发酵鱼露和发酵鱼酱，发酵鱼体是新鲜鱼通过腌制、干燥和长期厌氧发酵制成，鱼露和鱼酱则是通过鱼肉鲜味调料长时间发酵而成^[28]。

传统发酵鱼体包括臭鳊鱼、酸鱼、糟鱼等^[29]，臭鳊鱼是安徽黄山地区传统发酵产品，传统方法将鲜鱼密封装入有盐的木桶中经过短期发酵而成，赋予似臭非臭、肉质酥烂的特点。Wang Yueqi等^[30]研究3种不同加工工艺臭鳊鱼的微生物多样性，发现嗜酸性杆菌、梭杆菌和弧菌是臭鳊鱼中最主要的微生物。酸鱼是少数民族特色发酵食品，主要是将原料鱼、谷类物质和其他辅料密闭发酵而成，自然发酵过程中乳杆菌属、葡萄球菌属和巨型球菌属为优势菌属^[31]，其中乳酸菌种是发酵过程中最主要的优势菌落，因此赋予其独特风味。发酵鱼露和鱼酱是鱼类经腌渍、发酵、熬炼后形成的特殊风味调味品，其中鱼露是液体调味料，而鱼酱是糊状调味品。长时间的发酵工序导致鱼露和鱼酱具有独特的微生物群落，学者们探究鱼露发酵过程中的微生物时，发现酵母菌、乳酸菌、芽孢杆菌、葡萄球菌和微球菌等是鱼露中的核心微生物^[32]。发酵初期，随着盐的渗透和鱼肉基质初级分解，酵母菌、乳酸菌和微球菌成为优势菌群，进入发酵中期，葡萄球菌和乳酸菌是主要微生物，乳酸菌中主要是四联球菌等嗜盐乳酸菌，在发酵后期阶段，乳酸菌和芽孢杆菌成为主要微生物^[33]，发酵鱼酱微生物种群主要以乳酸菌、葡萄球菌和酵母菌为主^[34]，可以看出乳酸菌是鱼露和鱼酱发酵过程中最主要的微生物。

1.3.4 板鸭

板鸭是南方地区特色发酵肉制品，以鸭子为原料，经过屠宰、脱毛、掏空、清洗、腌制、整形、风干等加工而成，著名产品有南京板鸭、建瓯板鸭、南安板鸭和建昌板鸭等。Li Xiaomin等^[35]分析4个地区传统雷官板鸭、建瓯板鸭、南安板鸭和建昌板鸭的微生物多样性，结果表明，肠球菌、嗜冷杆菌、乳球菌、巨型球菌、盐藻和葡萄球菌是主要微生物菌群，通过相关性分析研究微生物与挥发性风味物质的关系，结果表明，叶酸和硬脂酸的产生与巨型球菌密切相关，曲霉菌与硬脂酸呈负相关，而肠球菌的存在说明板鸭生产缺乏工业标准化。此外，Li Xiaomin等^[36]从雷官板鸭中常见发酵剂（乳酸菌和葡萄球菌）分离鉴定出15种菌株，这些菌株安全性高、具有优异的益生菌特性，其中清酒乳杆菌D15、弯叶芽孢杆菌D2、模仿葡萄球菌D12有助于板鸭挥发性风味化合物的形成，可用作本土发酵剂，提高板鸭的质量与风味。

1.3.5 风干肉

风干肉是一种常见于西藏和内蒙古西部地区的传统肉制品，将牛羊肉切成小条并用香料处理、腌制并挂在阴凉处，自然风干约3个月形成直接食用的产品。新疆风干牛肉风干过程中的主要微生物为乳酸菌、葡萄球菌和微球菌，其中微生物总数为 8×10^8 CFU/g，乳酸菌数为 1.48×10^7 CFU/g，葡萄球菌和微球菌的数量约为

4.4×10^8 CFU/g^[37]，在发酵期间由于水分的流失导致细菌含量呈现降低趋势。田建军等^[38]在分析自然发酵风干牛羊肉微生物多样性时，发现传统风干肉的细菌丰度大于中西式发酵肉制品和烟熏发酵肉制品，并且以乳杆菌、葡萄球菌和乳球菌为主，而发酵剂接种后能显著降低风干肉的致病菌，降低微生物污染风险。

综上所述，传统发酵肉制品品质与微生物关系紧密，且主要产品特性形成于区系微生物的演替过程中，同时微生物的丰度和多样性也受到环境及产品本身理化性质改变的影响，从而在与产品、环境的动态互作过程中形成优势菌属，并且随着国内外学者对发酵过程的深入挖掘，各类优势微生物的生化特性及其在产品中的作用逐渐明晰。

2 发酵肉制品中微生物作用

发酵肉制品中的微生物主要包括乳酸菌属、葡萄球菌属、微球菌属、酵母菌属和霉菌属等，微生物对发酵肉制品的质构特性、风味特征和安全品质均起到关键作用。

2.1 乳酸菌

乳酸菌是发酵肉制品中存在最广泛的微生物，常见有乳杆菌、乳球菌和链球菌等。乳酸菌作为一种提供多种功能的益生菌，在产品的风味、质构特性、色泽及安全性方面发挥重要作用。

乳酸菌能够分泌胞外蛋白酶、脂肪酶及过氧化氢酶等，促进产品蛋白质、脂肪分解和发挥抗氧化作用，发酵产品中氨基酸、酯类、肽和短链脂肪酸等风味化合物前体物的形成均与乳酸菌特性有关。在乳酸菌的发酵过程中，肌肉中蛋白质的二级和三级结构发生变化，同时在内源性蛋白酶的作用下肌原纤维蛋白和肌浆蛋白分解成多肽，进一步通过内源性肽酶的作用降解为寡肽，乳酸菌利用寡肽在内的小分子肽生成游离氨基酸或肽类衍生物，为产品的特征风味物质提供重要的前体物质^[39-40]。有研究表明，乳酸菌产生的脂肪酶可将脂质底物甘油三酯和磷脂分解成游离脂肪酸，其中不饱和脂肪酸在过氧化物酶作用下产生醛，在脱氢酶和氢化酶的作用下可产生醇和酸，饱和脂肪酸在硫醇化酶、 β -酮酸脱羧酶和还原酶的作用下产生一种风味物质仲醇^[41]，同时脂肪的乳酸菌代谢产生游离脂肪酸和醛、酮类风味物质，其代谢产物可为乳酸菌进一步生成其他风味物质提供碳源。乳酸菌在发酵过程中通过乳酸脱氢酶、乙酰乳酸脱氢酶、双乙酰合酶等多种酶的作用将葡萄糖分解产生丙酮酸，产生具有乙酸盐和甲酸盐等香气的酯和乳酸等具有特殊风味的物质^[5]。

乳酸菌能够通过代谢作用利用葡萄糖生成乳酸，进而调节微环境的pH值，影响产品质构。乳酸菌会影响发

酵肉制品的质构特性，发酵过程中产生的乳酸会降低肉类的pH值，而pH值影响肌原纤维蛋白的保水能力，当pH值低于肌原纤维蛋白的等电点时，发酵肉制品的硬度和耐嚼性增加。生肉用盐腌制后会导致盐溶性蛋白被溶解，这些溶解的蛋白质在乳酸的作用下变性，形成凝胶结构^[42]。

乳酸菌能够参与到肉制品的发色过程中，为产品提供良好色泽。通常肉制品外源添加的亚硝酸盐被分解后还原为NO，NO与肌红蛋白反应生成亮红色的亚硝基肌红蛋白，促进产品发色，乳酸菌则能够通过一氧化氮合酶与高铁肌红蛋白产生NO进而促进亚硝基肌红蛋白的生成^[43]。

乳酸菌在产品品质的安全性方面也发挥重要作用。乳酸不仅会降低肉制品pH值，还抑制有害微生物的生长、降低水分活度和延长食品的保质期，此外，乳酸菌可产生细菌素，如乳酸链球菌素等抗菌物质，抑制病原菌生长，防止肉制品变质。谢垚垚^[44]以侗族酸肉中筛选到的弯曲乳杆菌SR6和戊糖片球菌SR4-2混合作为酸肉发酵剂生产发酵酸肉，结果表明，接入发酵剂发酵的酸肉较传统发酵酸肉发酵时间缩短并优于传统酸肉品质，具有体外清除自由基和保护DNA损伤的作用，并提高了产品的营养和安全性。

2.2 葡萄球菌

凝固酶阴性葡萄球菌（coagulase negative staphylococci, CNS）是发酵肉制品中最主要的微生物种群，而其中占优势的有木糖葡萄球菌、腐生葡萄球菌、马胃葡萄球菌、肉葡萄球菌和模仿葡萄球菌等；CNS能够影响发酵肉制品风味物质的形成、抗氧化活性、亚硝酸盐的还原，但是CNS的应用存在一定的潜在安全隐患，CNS的某些菌株在用作食品发酵剂时会产生生物胺和毒力因子^[45]。

CNS对风味物质的形成可分为4种主要作用模式：碳水化合物分解、氨基酸转化、脂质 β -氧化和酯酶活性转化，虽然碳水化合物分解产生乳酸主要由乳酸菌导致，而CNS也可将其转化为有机酸（乳酸和乙酸）和挥发性化合物（双乙酰、乙醛和乙酰脲），为发酵肉制品带来明显的黄油或乳制品香气^[46]。氨基酸的转化会产生具有香气的挥发性化合物，CNS产生的蛋白酶和肽酶分解蛋白质水平约占总蛋白水解量的40%，并且CNS可以将游离氨基酸转氨和脱羧为相应的支链醛、羧酸和醇等挥发性化合物，赋予肉制品果香^[47]。脂质 β -氧化则是游离脂肪酸经过一系列酶促反应生成 β -酮酸， β -酮酸经过脱羧反应生成甲基酮，如2-戊酮、2-己酮和2-庚酮，这有助于发酵肉制品风味的形成，芳香族酯化合物可以通过CNS的酯酶活性生成^[48]。CNS可以中和促氧化剂分子，产生的超氧化物歧化酶和过氧化氢酶具有较强的活性，超氧化物歧化酶能与超氧自由基反应生成过氧化氢，再被过

氧化氢酶转化为水和氧气, 延缓发酵肉制品脂质和蛋白质被过度氧化^[49]。CNS与乳酸菌类似, 通过产生硝酸盐还原酶产生NO进而促进肉制品发色。CNS是发酵肉制品风味形成的重要微生物, 但也存在安全风险, 有研究表明, 部分CNS能够产生低浓度的生物胺和葡萄球菌肠毒素^[50], 因此在发酵剂开发过程中有必要对发酵肉制品应用CNS进行安全性评估。牛雪峰^[51]从发酵火腿中筛选出小牛葡萄球菌和马胃葡萄球菌应用到发酵香肠中, 与传统发酵香肠相比, 接种发酵剂的发酵香肠微生物数量、感官、质构和风味化合物都有较大改善。

2.3 酵母菌

酵母菌是发酵肉制品中重要微生物种群, 已经分离出的发酵菌株包括汉逊氏酵母属、假丝酵母属、毕赤酵母属、隐球菌属、圆酵母属、酿酒酵母和毛孢菌属等, 其中汉逊氏酵母菌和假丝酵母菌是最常见的酵母菌^[52]。酵母菌可以通过其除氧性能稳定典型的红色, 抑制酸败并改善发酵肉制品的感官特性。酵母菌利用其脂解和蛋白水解活性促进发酵肉制品的风味发展, 有研究报道, 接种汉逊氏酵母菌的发酵香肠能加速脂肪分解, 进而提高游离脂肪酸、支链醛和酯的含量。此外, 酵母有助于抑制病原微生物, 如产赭曲霉毒素和产黄曲霉毒素霉菌^[53]。目前对于酵母菌对发酵肉制品的作用机制研究较少, 研究结论主要是在发酵肉模型中得出, 研究表明酵母菌的代谢能力、耐酸性和耐盐性、脂解和蛋白水解活性影响最终产品的风味。万晶莹^[54]从宣威火腿表面筛选出2株德巴利汉逊氏酵母Y61和Y67并初步应用到发酵香肠中, 结果表明, 接种酵母菌显著影响发酵香肠的理化性质、产品品质、外观特征及感官评价, 有效提高了发酵香肠的蛋白质和脂肪降解水平, 同时加速了香肠的成熟过程, 香肠中酸类和酯类物质的含量也显著提升。

2.4 霉菌

霉菌是西式发酵肉制品常见的微生物, 霉菌属于好氧真菌, 在发酵过程中附着在肉制品的表面, 可抑制腐败微生物的繁殖, 保持内部水分、抑制酸败和稳定色泽, 能够延长肉制品的保质期^[55]。常见的霉菌有青霉属和曲霉属, 其中青霉属的纳地青霉、产黄青霉是发酵肉制品中最重要的霉菌, 霉菌对发酵肉制品的作用主要是分解脂肪和蛋白质, 进而产生特殊风味物质, 目前的研究主要是接种霉菌发酵剂能够加快脂肪和蛋白质的水解, 提高风味物质的含量, 但霉菌是否能产生能够分解脂肪和蛋白质的酶还不明确^[7]。霉菌在改善发酵肉制品风味的同时, 还会产生次生代谢物霉菌毒素, 这对人体健康造成的危害极大, 在发酵肉制品中接种霉菌要谨慎对待, 陈杰^[56]从火腿中分离出曲霉并进行抑菌实验, 发现大部分曲霉菌株会产生毒素。程燕^[57]在四川香肠中接种

产黄青霉并发酵30 d, 与自然发酵相比, 发现产黄青霉在四川香肠发酵过程中能降低水分含量, 改善香肠的色泽、质构及滋味。

3 发酵肉制品的发展

3.1 开发新型发酵剂

发酵肉制品具有独特的感官特性和营养价值, 但也存在安全风险, 如生物胺、亚硝胺和霉菌毒素等危害物, 同时国内传统发酵肉制品还是以小作坊生产方式为主, 因此利用本地微生物的发酵特性开发新型发酵剂不仅可以增加大规模生产的可行性, 还可以提高发酵肉制品的质量和安全性^[58]。利用鉴定、分离出来的本地微生物作为发酵剂, 是基于这些微生物完全适应肉类环境, 并且能够主导该发酵肉制品的优势微生物群落^[59]。国外对发酵剂应用做了大量研究, 并广泛应用于发酵肉制品的工业化生产, 常见的乳酸菌发酵剂包括清酒乳杆菌、弯曲乳杆菌、植物乳杆菌、戊糖片球菌、乳酸片球菌和乳酸乳球菌, 葡萄球菌发酵剂有小牛葡萄球菌和木糖葡萄球菌, 酵母菌发酵剂有汉斯德巴氏酵母菌, 霉菌发酵剂包括纳地青霉和白青霉, 这些发酵剂经过复配形成系列发酵肉制品的发酵菌种。近年来, 国内对于发酵剂的研究逐渐受到重视, 但应用到发酵肉制品的生产还不成熟, 随着科学技术的发展, 宏基因组学和代谢组学的出现能够揭示产品发酵过程中的微生物演替和代谢产物变化, 有助于开发特定功能的发酵剂^[60]。

3.2 应用益生菌、副益生菌、后生元和益生元

益生菌被定义为活的微生物, 当摄入足够的量能影响人体的肠道微生物种群, 改善人体生理健康。发酵肉制品是益生菌的合适载体, 自然发酵过程中的生态位有利于益生菌的生存, 因此肉类是益生菌的天然潜在来源^[61]。同时益生菌需要具备良好的耐受力, 适应发酵过程环境和人体肠道环境, 还要满足人体健康需求^[62]。常见的益生菌发酵剂主要是乳酸菌和双歧杆菌, 还有部分酵母菌、乳球菌和肠球菌, 研究表明, 生产功能性发酵肉制品的菌株具有多样性, 包括长双歧杆菌KACC91563、屎肠球菌CECT410、屎肠球菌CRL183、干酪乳杆菌ATCC393、干酪乳杆菌SJP66、副干酪乳杆菌DTA83、鼠李糖乳杆菌LOCK900、植物乳杆菌CD101、嗜酸乳杆菌CRL1014、清酒乳杆菌23K、发酵乳杆菌R6和模仿葡萄球菌NJ201等, 这些菌株不仅满足益生菌应用发酵肉制品的要求, 还不影响产品最终质量(颜色、pH值、质地特性和感官属性)^[63], 其中, 益生菌表现出的益生特性有产生能够抗氧化和提高免疫力的代谢产物, 发酵肉制品中的生物活性肽具有降血脂、降血压作用, 另外, 益生菌代谢产物中的胞外多糖和脂壁

酸等物质表现出多种益生作用^[64]。目前对于益生菌在发酵肉制品中的应用还未完全开发和利用,对于益生菌保健作用的科学依据还不充分,但相关研究还在进行中,期待研究者能够解决这一问题。

益生菌在使用过程中会存在细胞活力、与基质化合物的相互作用以及不利于风险人群食用等问题,当前,副益生菌和后生元在开发具有功能性成分的生物技术产品方面具有宝贵的潜力,并且更容易在工业规模中使用^[65],因此,与益生菌相比,它们的应用可以提供多种技术优势,例如易于使用和贮藏、具有广泛pH值和温度范围内的稳定性等。副益生菌,也称为灭活益生菌,当补充足够的量时,可以有益改善宿主的免疫系统。研究表明,副益生菌提供的健康益处可以通过不同的途径实现,例如调节免疫系统、改善蠕动运动和增加双歧杆菌的数量^[66]。后生元被描述为活细菌(益生菌或非益生菌)产生的可溶性产物、副产物及细胞裂解后释放的副产物,因此,后生元可作为非活微生物或其成分的特定制剂,以促进对宿主的健康益处。副益生菌和后生元可以使用非热灭活方法(脉冲电场、超声波、高压或电离辐射)、喷雾、真空、流化干燥方法组合应用来生产^[67],科学证据表明,后生元和副益生菌具有多种功能特性,例如,生物活性化合物通过抑制分子或受体间的相互作用,有助于宿主微生物群的稳态^[68]。

益生元被定义为“肠道中宿主微生物选择性利用的底物,赋予健康益处”。常见的益生元包括乳果糖、低聚半乳糖、低聚果糖和菊粉等^[69],益生元有益于胃肠道(抑制病原体或刺激免疫反应)、心脏代谢(降低血脂水平和对胰岛素抵抗产生影响)、心理健康(产生对大脑功能、能量和认知有影响的代谢物)和骨骼强化(提高矿物质生物利用度)^[70],益生元的使用应满足抵抗胃肠道消化、可被肠道微生物发酵、促进肠道有益细菌的生长^[71]。另外,益生元纤维可作为脂肪替代品应用到发酵肉制品^[72],最常用的降低肉制品脂肪和钠含量的益生元有菊粉、抗性淀粉、聚葡萄糖、 α -环糊精和奇亚籽黏液等,目前这些物质正在功能性肉制品中得以应用。

4 结 语

发酵肉制品凭借独特的风味与营养价值已经越来越受到研究者的关注,其中微生物对产品的风味形成和功能特性起到重要作用。国内传统发酵肉制品种类丰富、风味独特,但还是以小作坊式的生产方式为主,难以满足人们日益增长的需求,了解发酵过程中关键微生物种群构成和演替,明确微生物代谢机制和风味物质形成机制对发酵肉制品的质量和工业化生产具有重要意义。未来的研究不仅是发酵肉制品的标准化,还要开发有健康益处的功能性发酵肉制品。

参考文献:

- [1] WANG Xinghui, ZHANG Yalin, REN H. Comparison of bacterial diversity profiles and microbial safety assessment of salami, Chinese dry-cured sausage and Chinese smoked-cured sausage by high-throughput sequencing[J]. LWT-Food Science and Technology, 2018, 90: 108-115. DOI:10.1016/j.lwt.2017.12.011.
- [2] ZHONG Aiai, CHEN Wei, DUAN Yufan, et al. The potential correlation between microbial communities and flavors in traditional fermented sour meat[J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 149: 111873. DOI:10.1016/j.lwt.2021.111873.
- [3] 李银辉, 王晔茹, 孟媛媛, 等. 即食发酵肉制品熟化机制研究进展[J]. 食品科学, 2022, 43(9): 337-345. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20210506-034.
- [4] XIAO Yaqing, LIU Yingnan, CHEN Conggui, et al. Effect of *Lactobacillus plantarum* and *Staphylococcus xylosus* on flavour development and bacterial communities in Chinese dry fermented sausages[J]. Food Research International, 2020, 135: 109247. DOI:10.1016/j.foodres.2020.109247.
- [5] 葛芮茵, 罗玉龙, 剧柠. 传统发酵肉制品中微生物菌群对风味形成的研究进展[J]. 微生物学通报, 2022, 49(6): 2295-2307. DOI:10.13344/j.microbiol.china.210563.
- [6] MAINAR M S, STAVROPOULOU D A, LEROY F. Exploring the metabolic heterogeneity of coagulase-negative staphylococci to improve the quality and safety of fermented meats: a review[J]. International Journal of Food Microbiology, 2017, 247: 24-37. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2016.05.021.
- [7] ASHAOLU T J, KHALIFA I, MESAK M A, et al. A comprehensive review of the role of microorganisms on texture change, flavor and biogenic amines formation in fermented meat with their action mechanisms and safety[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2021: 1-18. DOI:10.1080/10408398.2021.1929059.
- [8] 贺稚非, 甄宗圆, 李洪军, 等. 金华火腿发酵过程中微生物区系研究[J]. 食品科学, 2008, 29(1): 190-195.
- [9] HU Yingying, ZHANG Lang, WEN Rongxin, et al. Role of lactic acid bacteria in flavor development in traditional Chinese fermented foods: a review[J]. Critical Reviews in Food Science and Nutrition, 2022, 62(10): 2741-2755. DOI:10.1080/10408398.2020.1858269.
- [10] WANG Yanbo, LI Fan, CHEN Jian, et al. High-throughput sequencing-based characterization of the predominant microbial community associated with characteristic flavor formation in Jinhua Ham[J]. Food Microbiology, 2021, 94: 103643. DOI:10.1016/j.fm.2020.103643.
- [11] HUANG Aixiang, SIRISANSANEYAKUL S, CHISTI Y. Yunnan fermented meat: Xuanwei ham, Huotui[M]//KRISTBERGSSON K, OLIVEIRA J. Traditional foods: general and consumer aspects. New York: Springer Science+Business Media, 2016: 235-250. DOI:10.1007/978-1-4899-7648-2-16.
- [12] WANG Xinghong, MA Ping, JIANG Dongfu, et al. The natural microflora of Xuanwei ham and the no-mouldy ham production[J]. Journal of Food Engineering, 2006, 77(1): 103-111. DOI:10.1016/j.jfoodeng.2005.06.047.
- [13] SHAN Luying, LI Yingjiao, ZHENG Shi, et al. Analysis of the bacterial floral structure and diversity of Xuanwei ham by 16S rDNA sequencing[J]. Journal of Food Safety, 2020, 40(4): e12800. DOI:10.1111/jfs.12800.
- [14] MARTINEZ-ONANDI N, SANCHEZ C, NUNEZ M, et al. Microbiota of Iberian dry-cured ham as influenced by chemical composition, high pressure processing and prolonged refrigerated storage[J]. Food Microbiology, 2019, 80: 62-69. DOI:10.1016/j.fm.2019.01.002.



- [15] RODRIGUEZ A, RODRIGUEZ M, MARTIN A, et al. Presence of ochratoxin A on the surface of dry-cured Iberian ham after initial fungal growth in the drying stage[J]. *Meat Science*, 2012, 92(4): 728-734. DOI:10.1016/j.meatsci.2012.06.029.
- [16] BOSSE R, MULLER A, GIBIS M, et al. Recent advances in cured raw ham manufacture[J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2018, 58(4): 610-630. DOI:10.1080/10408398.2016.1208634.
- [17] BATTILANI P, PIETRI A, GIORNI P, et al. *Penicillium* populations in dry-cured ham manufacturing plants[J]. *Journal of Food Protection*, 2007, 70(4): 975-980. DOI:10.4315/0362-028X-70.4.975.
- [18] HU Yingting, ZHANG Lang, LIU Qian, et al. The potential correlation between bacterial diversity and the characteristic volatile flavour of traditional dry sausages from Northeast China[J]. *Food Microbiology*, 2020, 91: 103505. DOI:10.1016/j.fm.2020.103505.
- [19] 谢科, 余晓峰, 郑海松, 等. 传统分离培养结合PCR-DGGE技术分析广式腊肠中优势菌[J]. *食品科学*, 2013, 34(4): 157-160.
- [20] LI Lu, ZOU Dian, RUAN Liying, et al. Evaluation of the biogenic amines and microbial contribution in traditional Chinese sausages[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 872. DOI:10.3389/fmicb.2019.0087.
- [21] AQUILANTI L, SANTARELLI S, SILVESTRI G, et al. The microbial ecology of a typical Italian salami during its natural fermentation[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2007, 120(1/2): 136-145. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2007.06.010.
- [22] WANG Song, WANG Xingjie, PAN Wanshu, et al. Evaluation of bacterial diversity and quality features of traditional Sichuan bacon from different geographical region[J]. *Applied Sciences*, 2021, 11(20): 9738. DOI:10.3390/app11209738.
- [23] 文开勇, 汪月, 文鹏程, 等. 四川传统腊肉中微生物群落结构研究[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(3): 36-42. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.022133.
- [24] 朱旱林, 徐宝才, 黄千里. 徽式腊肉刀板香中优势微生物的分离鉴定[J]. *肉类研究*, 2022, 36(5): 7-13. DOI:10.7506/rlj1001-8123-20220322-021.
- [25] 冯秀娟, 刘成国, 娄爱华, 等. 湖南腊肉中优势菌种的筛选及初步鉴定[J]. *中国酿造*, 2012, 31(5): 127-130.
- [26] 王子媛, 宋庭羽, 邵毅君, 等. 慈利和古丈地区酸肉细菌多样性差异研究及其功能预测[J]. *食品与发酵工业*, 2021, 47(20): 126-132. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.026313.
- [27] 孙海鑫, 陈智慧, 王盛美, 等. 发酵鱼中菌群组成及发酵特性研究进展[J]. *食品工业科技*, 2022, 43(5): 424-431. DOI:10.13386/j.issn1002-0306.2021030067.
- [28] FENG Lin, TANG Nianchu, LIU Ruijie, et al. The relationship between flavor formation, lipid metabolism, and microorganisms in fermented fish products[J]. *Food and Function*, 2021, 12(13): 5685-5702. DOI:10.1039/D1FO00692D.
- [29] 吴永祥, 王婷婷, 张梦婷, 等. 徽州臭鳊鱼微生物多样性、品质特性及其酶解产物抗氧化能力分析[J]. *食品科学*, 2021, 42(2): 128-134. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20191016-154.
- [30] WANG Yueqi, SHEN Yingying, WU Yanyan, 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.
- [31] 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, 2020: 18-35.
- [32] 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.
- [33] 刘璐, 吴江丽, 杨金桃, 等. 发酵鱼酱酸产GABA乳酸菌的分离筛选及发酵特性[J]. *食品科学*, 2021, 42(18): 73-79. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200914-182.
- [34] 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: 25-32.
- [35] LI Xiaomin, DENG Jieying, WU Ying, et al. Insight into the correlation between microbial diversity and flavor profiles of traditional dry-cured duck from the metabolomic perspective[J]. *Food Research International*, 2022, 156: 111349. DOI:10.1016/j.foodres.2022.111349.
- [36] LI Xiaomin, DENG Jieying, NIE Wen, et al. Study on the safety and excellent probiotic properties of fermentation strains isolated from traditional dry-cured duck for starter development[J]. *Food Bioscience*, 2023, 51: 102244. DOI:10.1016/j.fbio.2022.102244.
- [37] 王俊钢, 李宇辉, 郭安民, 等. 新疆风干牛肉成熟过程中理化及微生物特性分析[J]. *食品与发酵工业*, 2016, 42(10): 129-133. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.201610022.
- [38] 田建军, 张开屏, 杨明阳, 等. 应用Illumina MiSeq测序技术比较风干肉中细菌多样性和微生物安全性[J]. *食品科学*, 2019, 40(8): 33-40. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20180504-043.
- [39] WANG Yi, HAN Jun, WANG Daixun, et al. Research update on the impact of lactic acid bacteria on the substance metabolism, flavor, and quality characteristics of fermented meat products[J]. *Foods*, 2022, 11(14): 2090. DOI:10.3390/foods11142090.
- [40] SAVIJOKI K, INGMER H, VARMANEN P. Proteolytic systems of lactic acid bacteria[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2006, 71(4): 394-406. DOI:10.1007/s00253-006-0427-1.
- [41] CHEN Qian, HU Yingying, WEN Rongxing, et al. Characterisation of the flavour profile of dry fermented sausages with different NaCl substitutes using HS-SPME-GC-MS combined with electronic nose and electronic tongue[J]. *Meat Science*, 2021, 172: 108338. DOI:10.1016/j.meatsci.2020.108338.
- [42] FADDA S, SANZ Y, VIGNOLO G, et al. Characterization of muscle sarcoplasmic and myofibrillar protein hydrolysis caused by *Lactobacillus plantarum*[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(8): 3540-3546. DOI:10.1128/AEM.65.8.3540-3546.1999.
- [43] FLORES M. Understanding the implications of current health trends on the aroma of wet and dry cured meat products[J]. *Meat Science*, 2018, 144: 53-61. DOI:10.1016/j.meatsci.2018.04.016.
- [44] 谢焱焱. 乳酸菌快速发酵低盐型酸肉的工艺及品质影响研究[D]. 贵阳: 贵州大学, 2018: 24-40.
- [45] 王松, 郭柯宇, 唐林, 等. 发酵肉制品中凝固酶阴性葡萄球菌的应用研究进展[J]. *食品与发酵工业*, 2020, 46(23): 293-300. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.024527.
- [46] 田媛, 吕重阳, 张玲玲, 等. 发酵肉制品中葡萄球菌的分离、鉴定及其对肉蛋白的降解能力[J]. *中国食品学报*, 2021, 21(7): 300-306. DOI:10.16429/j.1009-7848.2021.07.036.
- [47] CHEN Juan, ZHANG Jingbin, YANG Ziyao, et al. Characterization of indigenous coagulase-negative staphylococci isolated from Chinese spontaneously fermented meat products[J]. *Microbiological Research*, 2022, 263: 127160. DOI:10.1016/j.micres.2022.127160.
- [48] LOPEZ C M, CALLEGARI M L, PATRONE V, et al. Assessment of antibiotic resistance in staphylococci involved in fermented meat product processing[J]. *Current Opinion in Food Science*, 2020, 31: 17-23. DOI:10.1016/j.cofs.2019.09.002.
- [49] VAN DER VEKEN D, BENHACHEMI R, CHARMPI C, et al. Exploring the ambiguous status of coagulase-negative staphylococci in the biosafety of fermented meats: the case of antibacterial activity versus biogenic amine formation[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(2): 167. DOI:10.3390/microorganisms8020167.

- [50] TOFALO R, FUSCO V, BOHNLEIN C, et al. The life and times of yeasts in traditional food fermentations[J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2020, 60(18): 3103-3132. DOI:10.1080/10408398.2019.1677553.
- [51] 牛雪峰. 发酵火腿中产葡萄球菌的筛选及在发酵香肠中的应用[D]. 哈尔滨: 哈尔滨商业大学, 2020: 12-22.
- [52] 李珊珊, 祝超智, 崔文明, 等. 发酵肉制品中微生物发酵剂分离筛选及应用研究进展[J]. *肉类研究*, 2019, 33(7): 61-66. DOI:10.7506/rlyj1001-8123-20190424-089.
- [53] WEN Rongxing, YIN Xiaoyu, HU Yingying, et al. Technological properties and flavour formation potential of yeast strains isolated from traditional dry fermented sausages in Northeast China[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2022, 154: 112853. DOI:10.1016/j.lwt.2021.112853.
- [54] 万晶莹. 传统宣威火腿酵母菌的筛选及对发酵香肠品质的影响[D]. 大连: 大连工业大学, 2019: 18-23.
- [55] 余翔. 红曲菌肉品发酵菌株筛选、鉴定及其酸性蛋白酶功能特性研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2015: 20-28.
- [56] 陈杰. 金华火腿成熟过程中霉菌菌相构成、安全性及与其品质关系的研究[D]. 杭州: 浙江工商大学, 2007: 15-33.
- [57] 程燕. 四川香肠中产蛋白酶和脂肪酶霉菌菌株的分离、鉴定及其初步应用[D]. 雅安: 四川农业大学, 2012: 17-25.
- [58] DOS SANTOS CRUXEN C E, FUNCK G D, HAUBERT L, et al. Selection of native bacterial starter culture in the production of fermented meat sausages: application potential, safety aspects, and emerging technologies[J]. *Food Research International*, 2019, 122: 371-382. DOI:10.1016/j.foodres.2019.04.018.
- [59] TALON R, LEROY S, LEBERT I. Microbial ecosystems of traditional fermented meat products: the importance of indigenous starters[J]. *Meat Science*, 2007, 77(1): 55-62. DOI:10.1016/j.meatsci.2007.04.023.
- [60] LARANJO M, ELIAS M, FRAQUEZA M J. The use of starter cultures in traditional meat products[J]. *Journal of Food Quality*, 2017, 2017: 1-18. DOI:10.1155/2017/9546026.
- [61] SIRINI N, MUNEKATA P E S, LORENZO J M, et al. Development of healthier and functional dry fermented sausages: present and future[J]. *Foods*, 2022, 11(8): 1128. DOI:10.3390/foods11081128.
- [62] ANAS M, AHMAD S, MALIK A. Microbial escalation in meat and meat products and its consequences[M]//MALIK A, ERGINKAYA Z, ERTEN H. *Health and safety aspects of food processing technologies*. Springer, 2019: 29-49. DOI:10.1007/978-3-030-24903-8-3.
- [63] MUNEKATA P E S, PATEIRO M, TOMASEVIC I, et al. Functional fermented meat products with probiotics: a review[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2022, 133(1): 91-103. DOI:10.1111/jam.15337.
- [64] ZHOU Yang, CUI Yanhua, QU Xiaojun. Exopolysaccharides of lactic acid bacteria: structure, bioactivity and associations: a review[J]. *Carbohydrate Polymers*, 2019, 207: 317-332. DOI:10.1016/j.carbpol.2018.11.093.
- [65] 黄福青, 云芳菲, 滕坤玲, 等. 益生菌、益生元和后生元对食物过敏的影响和作用机制[J]. *微生物学报*, 2022, 62(3): 848-857. DOI:10.13343/j.cnki.wsxb.20210614.
- [66] SUGAWARA T, SAWADA D, ISHIDA Y, et al. Regulatory effect of paraprobiotic *Lactobacillus gasseri* CP2305 on gut environment and function[J]. *Microbial Ecology in Health and Disease*, 2016, 27(1): 30259. DOI:10.3402/mehd.v27.30259.
- [67] SALMINEN S, COLLADO M C, ENDO A, et al. The International Scientific Association of Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of postbiotics[J]. *Nature Reviews Gastroenterology and Hepatology*, 2021, 18(9): 649-667. DOI:10.1038/s41575-021-00440-6.
- [68] CUEVAS-GONZALEZ P F, LICEAGA A M, AGUILAR-TOALA J E. Postbiotics and paraprobiotics: from concepts to applications[J]. *Food Research International*, 2020, 136: 109502. DOI:10.1016/j.foodres.2020.109502.
- [69] GRANATO D, BARBA F J, BURSAC KOVACEVIC D, et al. Functional foods: product development, technological trends, efficacy testing, and safety[J]. *Annual Review of Food Science and Technology*, 2020, 11: 93-118. DOI:10.1146/annurev-food-032519-051708.
- [70] GONZALEZ-HERRERA S M, BERMUDEZ-QUINONES G, OCHOA-MARTINEZ L A, et al. Synbiotics: a technological approach in food applications[J]. *Journal of Food Science and Technology*, 2021, 58(3): 811-824. DOI:10.1007/s13197-020-04532-0.
- [71] GIBSON G R, HUTKINS R, SANDERS M E, et al. Expert consensus document: the International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics (ISAPP) consensus statement on the definition and scope of prebiotics[J]. *Nature Reviews Gastroenterology and Hepatology*, 2017, 14(8): 491-502. DOI:10.1038/nrgastro.2017.75.
- [72] FELISBERTO M H F, GALVAO M T E L, PICONE C S F, et al. Effect of prebiotic ingredients on the rheological properties and microstructure of reduced-sodium and low-fat meat emulsions[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2015, 60(1): 148-155. DOI:10.1016/j.lwt.2014.08.004.