

# 茅台镇产区不同生境 微生物群落构建差异解析

近期,由贵州大学韩霜为第一作者,题为“Homogeneous selection and immigration limitation jointly shape brewing-suitable microbiomes in distillery workshops across Maotai Town(同质选择与迁移限制共同塑造茅台镇酿酒厂车间内酿造适宜的微生物群落)”的研究文章在国际期刊《Food Research International》上发表。

该研究在贵州省茅台镇的12家酿酒厂开展了跨越7个生境(生境是指物种或物种群体赖以生存的生态环境)梯度的大规模调查,生境涵盖:糟醅、大曲、酿酒车间内环境灰尘、贮曲车间环境灰尘、酿酒厂区内(车间外)环境灰尘、酿酒厂区外环境灰尘以及外围乡镇环境灰尘,共采集384个样本。

通过对细菌和真菌进行16S与ITS的扩增子测序,研究结果发现:7个生境在微生物多样性、群落组成及推断的物种互作方面存在显著差异:发酵生境(糟醅和大曲)表现出较低的微生物多样性、特定类群的富集以及更简单但更紧密的微生物共现网络结构。酿酒厂车间室内与室外环境间存在显著的微生物“扩散屏障”,活跃的、



双向的微生物迁移主要发生在车间内部,从而相互塑造车间内部环境灰尘与发酵生境的微生物群落。相反,来自车间室外环境的微生物迁移受到强烈限制。不同生境微生物群落构建机制存在显著差异:车间室内环境(灰尘与发酵生境)主要受同质选择驱动,而车间室外环境,则主要受异质选择和扩散限制影响。

总体而言,茅台镇酿酒厂车间内持续高温高湿的环境条件形成了强烈的环境过滤作用,通过同质选择促进发酵适应型微生物的富集,并在一定程度上限制外源微生物的输入。该研究为茅台镇高温生产环境提供了“半透性”生态框架的实证证据,并为酒厂生产管理质量控制提供了具有可操作性的科学依据。

## 技术前沿

### 酒厂污泥生物转化新研究

近期,由中国科学院成都生物研究所的陈健凌为第一作者,题为“酒厂污泥生物转化过程理化指标及细菌群落演变规律研究”的文章,在《中国酿造》上发表。研究以酒厂污泥为主料,进行35d的超高温好氧堆肥中试实验,测定不同阶段堆肥的理化指标及细菌群落多样性,并对其进行相关性分析。

结果表明,堆肥后样品鲜质量降低50.70%,总氮、铵态氮含量分别降低至3.93%、6.71g/kg,硝态氮、胡敏酸含量、胡敏酸与富里酸比值及种子发芽指数分别提高至327.46mg/kg、59.24g/kg、2.73、108.90%,说明在中试规模下的堆肥减量化、无害化效果显著。

研究还发现,堆肥过程中细菌菌群

丰富度降低、多样性增加,群落结构发生较大演变。在门水平上,优势菌门由变形菌门(Proteobacteria)逐渐演替为厚壁菌门(Firmicutes);在属水平上,优势菌属由嗜冷杆菌属(Psychrobacter)和不动杆菌属(Acinetobacter)逐渐演替为芽孢杆菌属(Bacillus)和直丝菌属(Planifilum)。芽孢杆菌属、八叠球菌属(Sporosarcina)与堆肥温度极显著正相关( $P < 0.01$ ),直丝菌属、糖单孢菌属(Saccharomonospora)等与种子发芽指数和胡敏酸含量极显著正相关( $P < 0.01$ ),嗜冷杆菌属、不动杆菌属等与富里酸含量极显著正相关( $P < 0.01$ ),与胡敏酸含量和种子发芽指数极显著负相关( $P < 0.01$ )。

### 白酒发酵正丙醇积累机制被破译

近日,天津科技大学张翠英教授团队在国际期刊《Food Bioscience》(IF:5.9)上发表了题为“Deciphering the mechanism underlying the n-propanol accumulation in Baijiu fermentation: A novel perspective from the interplay between acetic acid and microbial metabolism(破译白酒发酵中正丙醇积累机制:乙酸与微生物代谢相互作用的新视

角)”的研究性论文。研究基于宏基因组学与发酵参数动态监测,系统解析了造沙轮次微生物群落演替及发酵参数与主要风味物质的动态变化;结合相关性分析、代谢通路解析、体系外模拟发酵及生产验证,阐明了正丙醇生成与积累机制,揭示了微生物与有机酸协同驱动正丙醇形成的内在规律,为白酒发酵关键风味物质的精准调控与品质稳定提供了理论依据。

小时候,父母陪我们捉迷藏  
 长大了,我们不能跟父母“捉迷藏”

家和万事兴 百善孝为先

爱不逾期 孝别等待

中宣部宣教局 中国文明网