

白酒酿造环境对工人鼻腔微生物菌群结构的影响

近日,宿迁学院研究团队联合江苏洋河酒厂股份有限公司、江南大学,在微生物领域国际权威期刊《Microbiology Spectrum》发表论文《Occupational exposure to Baijiu fermentation environments alters nasal microbiota composition: a comparative analysis of Strong-flavor and Sesame-flavor production systems(白酒发酵环境职业暴露改变鼻腔微生物菌群组成:浓香与芝麻香生产体系的对比分析)》。该研究首次系统对比浓香型、芝麻香型白酒发酵环境对车间作业人员鼻腔微生物群落的作用效应。研究证实,酿酒环境职业暴露并未改变鼻腔菌群整体多样性,但显著重塑了菌群群落结构,造成多种厌氧菌属水平系统性下降。

研究团队分别采集浓香型、芝麻香型酿酒车间工人,以及无发酵环境接触的包装车间工人的鼻腔拭子样本,同步收集车间空气、酒醅、大曲等环境样品,依托16S rRNA高通量测序结合FEAST溯源模型进行解析。

结果显示,三组人员鼻腔菌群的物种丰富度与整体多样性差异不显著,但群落组成出现明显分化,其中,



芝麻香型车间工人的鼻腔菌群相较于非暴露组偏移程度最大。组间差异分析表明,两类发酵车间工人鼻腔内Caproiciproducens、Petrimonas、Proteiniphilum等6种厌氧菌属含量显著降低,并未发现显著富集的菌属。

分析认为,上述厌氧菌自身抗氧化防御体系薄弱,极易受到车间乙醇蒸汽及氧化环境的抑制;芝麻香型白酒特有的高温堆积工艺,进一步放大了环境对人工鼻腔微生物的筛选压力。FEAST溯源分析显示,入窖酒

醅、大曲与车间空气是环境微生物向人体鼻腔输入的主要来源,合计贡献占比18.6%-21.4%,鼻腔内接近80%的微生物仍来自人体自身固有的核心菌群。

该研究揭示了酿酒环境微生态与职业人群人体微生态的关联,为解读中国传统白酒“天人合一”的酿造思想提供了新的科学依据,同时对构建产区自然生态、酿造微生态、人体微生态三位一体的白酒产区生态体系,具有重要的理论参考价值。

■技术前沿

贾湖酿酒:酒曲与谷芽酿造微体遗存新证

近日,由斯坦福大学、中国科学技术大学合作完成的贾湖遗址酿酒遗存最新研究成果《重新审视贾湖九千年前的发酵酒:酒曲与谷芽酿造技术的微体遗存新证据》,在国际遗产类期刊《Heritage》上发表。

该研究对16件陶片表面残留物进行了微体遗存分析。分析发现大量淀粉粒、植硅体和真菌遗存,其中包括红曲霉(Monascus)闭囊壳、菌丝和酵母细胞,同时,研究还发现了由酶水解、糖

化糲加工以及加热糊化造成的淀粉损伤特征。植物遗存包括稻米、黍亚科和小麦族谷物、薏苡、芡实以及其他植物。稻米淀粉和红曲霉遗存的出现率最高,表明稻米和红曲霉构成了酒曲酿造的基础。与此同时,该研究也发现了与谷芽糖化相符的证据。结合此前的化学分析结果,这些发现表明,贾湖的酿酒技术主要采用酒曲糖化,同时也使用谷芽糖化,而蜂蜜和水果可能提供了额外的可发酵糖分。

酱酒新老厂房酿造差异新研究

近日,由贵州习酒股份有限公司的孙昭为第一作者,题为“酱香型白酒新老厂房酿造环境对发酵过程酒醅微生物及风味物质组成差异初探”的文章,在《食品与发酵工业》上发表。该研究以新厂房(投产时间<3年)与老厂房(投产时间>20年)环境和酒醅为研究对象。

结果显示,理化方面,新厂房酒醅在发酵早期的还原糖消耗更剧烈,全周期各阶段的酸度及乳酸含量均高于老厂房,出窖中层酸度老厂房3.95mmol/10g、新厂房4.17mmol/10g,而老厂房产酸进程平缓且具有更高的乙酸富集

优势;微生物多样性上,环境样本中老厂房窖泥真菌OTUs达2400±92.00,高于新厂房;酒醅中,堆积中期老厂房芽孢杆菌属占比35%,新厂房乳杆菌属占比71%,老厂房真菌中毕赤酵母属丰度持续稳定在70%以上。溯源分析表明,堆积阶段真菌主要来源于地面,真菌来源存在差异;驱动因子方面,老厂房微生物受乙酸等酸类因子影响更显著,新厂房则以水分等为核心驱动;风味物质上,老厂房总酯从48.08μg/g增至385.55μg/g,新厂房达到峰值199.31μg/g后回落,且其出窖总醇含量低于老厂房。



一个礼盒一棵树
倡导绿色包装 节约生态资源