

■技术前沿

近日,三得利集团旗下研发机构三得利全球创新中心(SIC)宣布,已成功解析啤酒花耐旱性的遗传机制,并对外发布。

该研究结合干旱环境下啤酒花的产量、植株性状等表型分析,同时,借助下一代测序技术开展基因组测序,定位与耐旱性状相关的基因组区域,并在该区域内筛选、验证耐旱候选基因。

研究发现,基因组分析定位到啤酒花3号染色体上一处与耐旱性相关的基因区域,并进一步分析锁定该区域内

的候选基因HIMYB113。对比公开的啤酒花参考基因组,耐旱株系的HIMYB113基因启动子区域存在多个单核苷酸多态性(SNP)突变。携带该遗传变异的植株,在干旱条件下新芽生长能力显著更强,可实现从基因层面对耐旱啤酒花开展高效选育。

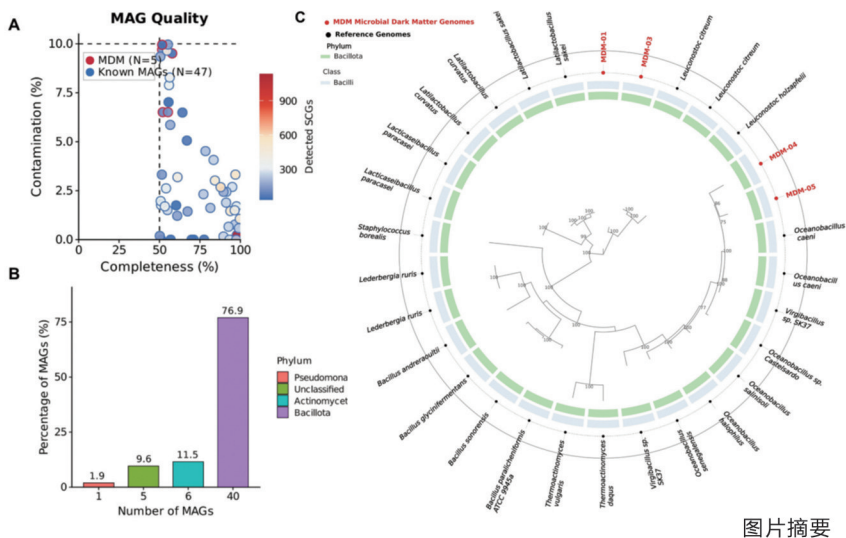
该研究团队于2024年11月成功培育出全新的耐旱啤酒花品种,目前,该新品种正在捷克萨茨(Zatec)产区开展约4.2公顷的大规模大田试验,并对品质、产量等指标进行综合评估。

近日,宁夏大学杨真悦、宋琳娜等在国际期刊《Trends in Food Science & Technology》上发表了题为“Emerging Insights into Wine Polysaccharides: Mechanisms, Evolutions and Applications in Wine Flavor Management (葡萄酒多糖研究新进展:作用机制、酿造演变及其在风味调控中的应用)”的综述论文。

该研究围绕葡萄酒多糖的风味调控作用,系统总结了葡萄酒多糖的来源及主要结构类型,重点综述了多糖与黄

烷醇、挥发性有机化合物、花色苷和蛋白质等风味活性物质之间的分子相互作用,及其对葡萄酒口感、滋味、香气、色泽等感官属性的影响;同时分析了浸渍及其他酿造技术对多糖组成和结构动态变化的影响,并进一步总结了外源多糖在葡萄酒风味调控中的应用。

研究表明,葡萄酒多糖可通过多种分子相互作用参与葡萄酒风味的形成,浸渍是其组成和结构动态演变的重要阶段,而合理添加不同来源的外源多糖,则能对葡萄酒的香气、口感和稳定性进行调控。



图片摘要

近日,贵州理工学院食品研究团队联合劲牌有限公司、劲牌茅台镇酒业有限公司,在国际食品科学领域TOP 期刊《Food Research International》上,发表了题为“Temporal dynamics and metabolic potential of microbial dark matter during dry storage of high-temperature Daqu revealed by metagenome-assembled genomes”(基于宏基因组组装基因组解析高温大曲干贮过程中微生物暗物质的时间动态与代谢潜力)的研究论文。

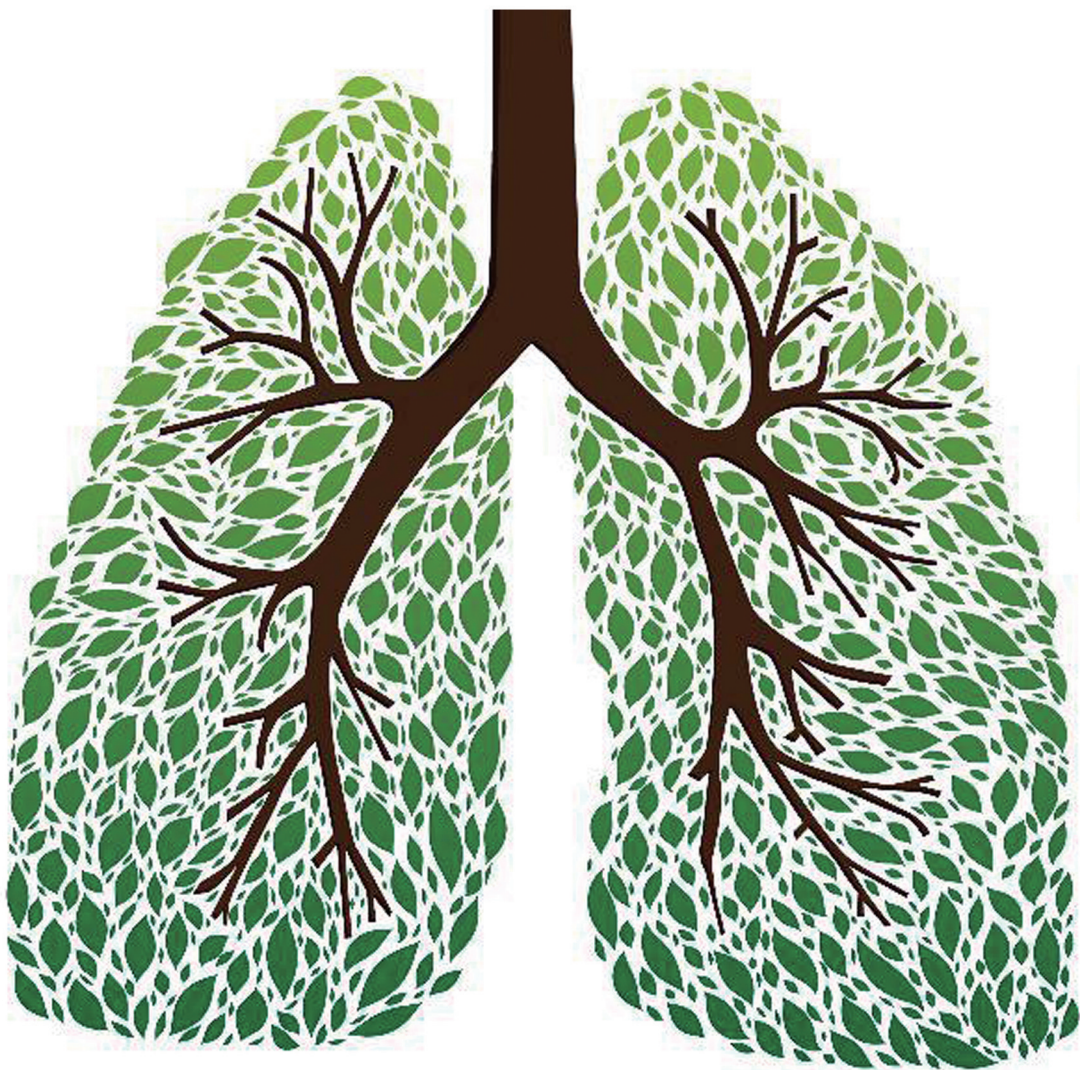
该研究以6个月干仓储藏周期的酱香高温大曲为研究对象,采用宏基因组组装基因组(MAG)技术开展基因组水平的系统解析。研究共重建获得52个中高质量宏基因组组装基因组,从中鉴定出5个全新的微生物暗物质谱系,包含4个厚壁菌门细菌谱系与1个古菌类群。比较基因组分析显示,这类未培养微生物与大曲优势可培养菌群存在显著功能分化:其基因组富含碳水化合物转运、发酵产酸相关基因,具备较强的底物利用与产酸潜能;次级代谢合成基因簇数量精简,但序列新颖性突出。时序动态分析表明,不同仓储微生物境下的微生物

暗物质呈现差异化的群落演替规律;常规大曲理化指标对该类群的群落变化解释度有限,仅糖化酶活性呈现微弱关联趋势。

该研究为大曲成熟过程微生物机制研究拓展了重要的新方向,丰富传统固态发酵体系的微生物基因组资源库,也为大曲生产工艺优化与品质精准调控提供了理论参考。目前,该研究结论均基于宏基因组层面的预测分析,后续团队将结合多组学技术与

靶向分离培养手段,进一步验证这类微生物的实际生理功能与产业应用价值。

该研究基于宏基因组组装基因组技术,系统解析了酱香高温大曲6个月干仓储藏过程中微生物暗物质的类群组成、代谢潜能与时序演替规律,揭示了未培养微生物在大曲陈化过程中的独特生态位与功能潜力,为大曲品质调控提供了全新的基因组学研究视角。



同呼吸 共命运

保护森林就是保护地球之肺