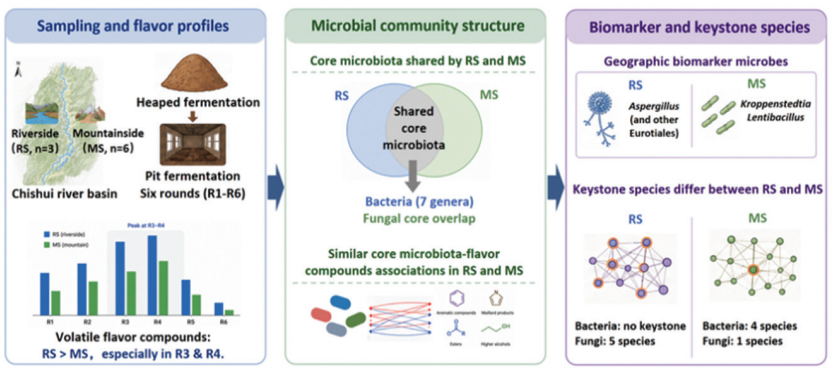
酱酒多轮酒醅的微生物群落与风味化合物比较

近日,由茅台学院酿酒工程学院时伟教授作为第一作者,郭举教授、张春林教授作为通讯作者,与贵州仁怀茅台镇珍藏酒业有限公司研究人员联合,在国际期刊《Food Research International》(Q1,IF= 8.85)上发表了题为“Comparative analysis of microbial communities and flavor compounds in multi-round fermented grains of Jiang- flavor Baijiu from river-side and mountain locations(临河与山地酱香型白酒多轮发酵酒醅的微生物群落与风味化合物比较)”的研究论文。

该研究在赤水河流域选取滨河(RS)与山地(MS)两个点位,连续6个发酵轮次(R1-R6),系统对比两地酒醅的理化特性、挥发性风味物质以及微生物群落动态变化。结果表明,区位对风味物质积累的影响在中间轮次(R3-R4)表现最为显著,滨河点位的挥发性风味物质总相对含量高于山地点位。堆积发酵阶段,细菌群落以克罗彭斯特菌属(Kroppenstedtia)、慢芽孢杆菌属(Lentibacillus)、芽孢杆菌属(Bacillus)为优势;窖内发酵阶段则以醋乳杆菌属(Acetilactobacillus)占主导。优势真菌属包括复膜孢酵母属、嗜热霉菌属、接合酵母属与酵母菌属。



图文摘要:临河与山地样品在中轮次风味积累上呈现差异;两地核心菌群及其风味关联模式总体相似,但地理指示菌和网络关键节点不同。RS、MS分别表示临河与山地,n表示酒厂数。图中柱形与网络为趋势和结构示意;关键节点依据网络拓扑阈值识别,不代表已验证的功能或因果作用。

在所有轮次、两个点位中,细菌与真菌群落的构建均以随机过程为主。PERMANOVA检验显示,地理区位显著影响真菌群落结构,但对细菌群落结构无显著影响。LEfSe与随机森林分析筛选出两地专属的生物标记物:曲霉属(Aspergillus)在滨河点位富集;克罗彭斯特菌属、慢芽孢杆菌属在山地点位富集。

尽管存在上述差异,但两个点位拥有高度相似的核心微生物组(7个细菌属、4个真菌属),并且微生物-风味关联网络具有保守性。网络分析进一步发现,两地的关键物种差异巨大:山地点位检出4种细菌关键物种,滨河点位无细菌关键物种;滨河点位检出5种真菌关键物种,而山地点位仅1种真菌关键物种。研究为酱香白酒的微生物风土提供了全新认知,对不同生产场地的品质管控、风味优化具备实践指导意义。

■技术前沿

孙宝国团队解析白酒风味形成

近日,北京工商大学孙宝国院士团队李秀婷教授课题组在食品科学领域著名综述期刊《Trends in Food Science & Technology》(IF=17.4,中科院一区Top期刊)上发表了题为“白酒风味如何‘接力’形成——固态发酵生态筛选与跨阶段功能接力研究进展”的综述性论文。

该研究围绕中国白酒固态发酵,提出“生态筛选-群落组装-跨阶段功能接力-风味形成”的分析框架,并重点讨论了不同工艺环境如何塑造微生物及其代谢功能。研究发现,温度、水分、氧气、酸性环境和底物结构等因素共同形成阶段特异的生态筛选,影响群落组成及其代谢潜力。水解作用释放可发酵糖、氨基酸和脂肪酸等底物,后续微生物进一步生成乙醇、有机酸;在部分白酒体系中,厌氧链延长还可形成丁酸、己酸等中链脂肪酸,为酯类形成提供前体。因此,白酒风味更可能是不同微生物和酶系协同作用的结果,而非单一优势菌的产物。不过,目前不少所谓“跨阶段接力”仍主要依据群落变化或微生物—代谢物相关性推断,直接追踪和因果验证仍不足。虽然酶在简化水相体系中能够催化酯类合成,但尚不能证明其在真实粮醅中的贡献大小。

脂质氧化对高温大曲褐变及风味形成的影响

近日,由中国农业大学的Meina Jiang为第一作者,题为“不饱和脂肪酸相关的脂质氧化对高温大曲褐变及风味形成的作用影响”的文章在国际期刊《Food Chemistry》(IF=10.4)上发表。

该研究系统阐明了不同褐变强度高温大曲(黑曲、黄曲、白曲)中关键不饱和脂肪酸相关脂质氧化对褐变及特征风味形成的影响,并探讨了微生物群落、脂肪酶活性等生物与非生物因素对不饱和脂肪酸代谢的调控作用。

该研究结果为高温大曲质量评价和褐变调控提供了新的科学依据,对指导制曲原料选择和大曲生产工艺优化提供了理论支持,有助于提升白酒酿造品质。

