DOI:10.12441/spyswjs.20240507002 [文章编号] 1673-1689(2025)03-0130-12

不同感官特性酱香大曲风味物质组成差异分析

赵雯宇[1,2,3] 胡建锋[1,2,3] 吴 成[1,2,3] 谢 丹[1,3] 杨军林[1,2,3] 尹延顺[1,3] 朱晓春[1,3]
胡 峰[1,2,3] 汪地强[1,2,3*]

(1. 贵州习酒股份有限公司,贵州 习水 564600; 2. 贵州省白酒制造业创新中心,贵州 遵义 563000; 3. 中国轻工业酱香型白酒智能酿造工程技术研究中心,贵州 习水 564600)

摘要:【目的】为探究不同感官特性酱香大曲风味物质组成差异及其分别与游离氨基酸和细菌群落组成间的相关性,初步解析酱香大曲风味形成的原因。【方法】采用顶空固相微萃取与气相色谱-质谱联用(HS-SPME-GC-MS)技术、超高效液相色谱与高分辨质谱联用(UPLC-HRMS-QAMS)技术及高通量测序技术测定不同感官特性酱香大曲中风味物质、游离氨基酸及细菌群落组成,分析游离氨基酸及细菌群落组成差异对酱香大曲风味的影响。【结果】从酱香大曲中共检出75种风味物质和14种游离氨基酸,其中风味物质以吡嗪类、醇类、酸类、酯类、醛类物质为主,黄曲和黑曲较为相似,与白曲存在较大差异;游离氨基酸质量分数为3.76~9.22 mg/g,以苦味氨基酸为主,且曲皮较曲心游离氨基酸质量分数更为丰富。相关性分析表明,酱香大曲中赖氨酸、酪氨酸、色氨酸、瓜氨酸等多种游离氨基酸与吡嗪类、酯类、酸类、醛类等物质的代谢合成密切相关;克罗彭斯特菌属(*Kroppenstedtia*)是黄曲曲皮(YP)的特征细菌属,主要与乳酸乙酯、苯乙酸乙酯等酯类物质的代谢合成密切相关,假单胞菌属(*Pseudomonas*)是黄曲曲心(YX)、黑曲曲皮(BP)和黑曲曲心(BX)的特征细菌属,主要与5-甲基-2-苯基-2-己烯醛、苯甲醛、2-苯基-2-丁烯醛等醛类物质呈显著正相关,白曲曲皮(WP)和白曲曲心(WX)分别以芽球菌属(*Blastococcus*)和火山渣芽孢杆菌属(*Scopulibacillus*)为特征细菌属,与乳酸乙酯、2-苯基-2-丁烯醛、5-甲基-2-苯基-2-己烯醛等物质呈显著负相关。【结论】不同感官特性酱香大曲的风味物质组成存在差异,该研究可进一步揭示酱香大曲形成机理。

关键词:酱香型白酒;高温大曲;风味物质;游离氨基酸

Differences of Flavor Substances in Maotai-flavor Daqu Samples with Different Sensory Characteristics

ZHAO Wenyu[1,2,3] *HU Jianfeng*[1,2,3] *WU Cheng*[1,2,3] *XIE Dan*[1,3] *YANG Junlin*[1,2,3]
YIN Yanshun[1,3] *ZHU Xiaochun*[1,3] *HU Feng*[1,2,3] *WANG Diqiang*[1,2,3*]

(1. Guizhou Xijiu Co., Ltd., Xishui 564600, China; 2. Guizhou Province Baijiu Manufacturing Innovation Center, Zunyi 563000, China; 3. China Light Industry Jiangxiang Baijiu Eco-Brewing Engineering Technology Research Center, Xishui 564600, China)

Abstract: [**Objective**] This study aims to compare the flavor substances in Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics, explore their correlations with free amino acids and bacterial community composition, and preliminarily analyze the reasons for the flavor formation of Maotai-flavor Daqu. [**Method**] The flavor substances, free amino acids, and bacterial community composition in Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics were analyzed by headspace solid-phase microextraction coupled with gas

基金项目:贵州省工业和信息化发展专项资金项目(黔财工[2023]153号);贵州省科技计划项目(黔科合支撑[2023]一般342,黔科合支撑[2023]一般343,黔科合成果[2023]一般145)。
通信作者:汪地强(1976—),男,博士,研究员,主要从事白酒酿造与风味研究。E-mail:diqiangwang@163.com
收稿日期:2024-05-07 **修回日期:**2024-06-18

chromatography-mass spectrometry (HS-SPME-GC-MS), ultra-high performance liquid chromatography coupled with high-resolution mass spectrometry and quantitative analysis of multi-components by a single marker (UPLC-HRMS-QAMS), and high-throughput sequencing, respectively. The effects of different free amino acids and bacterial community composition on the flavor of Maotai-flavor Daqu were analyzed. [**Result**] A total of 75 flavor substances and 14 free amino acids were identified in Maotai-flavor Daqu, of which the flavor substances were mainly pyrazines, alcohols, esters, acids, and aldehydes. Yellow and black Daqu had similar flavor substances, with greater differences from white Daqu. The mass fraction of free amino acids ranged from 3.76 to 9.22 mg/g, with bitter amino acids being dominant, and the mass fraction of free amino acids in Qupi was higher than that in Quxin. The correlation analysis showed that multiple free amino acids such as lysine, tyrosine, tryptophan, and citrulline were closely related to the metabolism and synthesis of pyrazines, esters, acids, and aldehydes. *Kroppenstedtia* was the characteristic bacterial genus of yellow Qupi (YP) samples, and it was closely related to the metabolism and synthesis of esters such as ethyl lactate and ethyl phenylacetate. *Pseudomonas* was the characteristic bacterial genus of yellow Quxin (YX), black Qupi (BP), and black Quxin (BX) samples, and it had significantly positive correlations with aldehydes such as 5-methyl-2-phenyl-2-hexenal, benzaldehyde, and 2-phenyl-2-butenal. The main bacterial genera of white Qupi (WP) and white Quxin (WX) samples were *Blastococcus* and *Scopulibacillus*, respectively, which had significantly negative correlations with ethyl lactate, 2-phenyl-2-butenal, and 5-methyl-2-phenyl-2-hexenal. [**Conclusion**] The flavor substances vary in Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics, and the investigation in this field could further reveal the formation mechanism of Maotai-flavor Daqu.

Keywords: Maotai-flavor Baijiu; high-temperature Daqu; flavor substances; free amino acids

酱香大曲以小麦为主要原料，采用高温堆积发酵工艺，温度可达60 ℃以上，具有供给菌源、糖化发酵、投粮生香等作用，是赋予酒体酱香和焦香等香气特征的重要来源之一，因此大曲本身的风味品质不容忽视[1]。酱香大曲在高温堆积发酵过程中，由于发酵仓不同位置的环境温度、湿度等条件不同，发酵结束后的出仓曲块根据其感官特性可分为黄曲、黑曲和白曲。不同颜色酱香大曲的感官特性具有显著差异，黄曲皮厚、酱香浓郁、糖化力较低；而黑曲、白曲皮薄，其中黑曲发酵温度较高，可闻到明显焦糊味，白曲糖化率高而酱香味较弱[2-3]。此外，酱香大曲中的微生物种类共通性和丰度差异性在曲块的不同部位差异明显[4]，好氧性细菌多分布在大曲表面和边缘，嗜温性细菌多存在于曲心。在发酵初期，酵母菌在大曲表面迅速生长，但后期只能在曲心中少量检出。曲皮、曲心的感官特性亦有区别，已有研究人员针对不同酱香大曲的风味物质开展研究。向凡舒等[5]利用电子鼻技术解析高温大曲风味品质，发现黄曲中的芳香类物质检测值高于黑曲，而其他香气成分检测值低于黑曲，并且绝大多数的白曲检测值介于两者之间，表明黄曲风味品质较优。乙偶姻是四甲基吡嗪的前体物质，具有甜香、奶制品香及脂肪风味，而四甲基吡嗪则具有烘焙香[6]。王颖等[7]研究表明，3种大曲中风味物质类别及质量分数不同，白曲中四甲基吡嗪和乙偶姻质量分数最高，推断白曲是酱香型白酒中甜香及烘焙香的主要来源。当前研究者多聚焦于不同颜色大曲的风味物质组成及理化指标分析，针对不同部位大曲的香气特征及成因报道较少。

发酵仓内较高的温度条件有利于酱香大曲中的微生物发酵生成酶与代谢产物，赋予大曲独特风味，并为酱香型白酒提供风味基底[8-9]。细菌是白酒酿造过程中重要的产香微生物，也是酱香大曲的主要菌群，以糖多孢菌属（*Saccharopolyspora*）、芽孢杆菌属（*Bacillus*）、乳球菌属（*Lactococcus*）等为主，可以分泌淀粉酶、蛋白酶等多种酶类，并水解原料生成可发酵性糖和游离氨基酸[10]，大曲中丰富的细菌可能对曲香形成有重要影响，并进一步影响酒体风味品质。此外，已有研究表明游离氨基酸作为微生物生长过程中的有效氮源，是大曲风味物质形成的前体物质[11-12]。例如，氨基酸在氨基酸脱氢酶的作用下转化为氨，可与乙偶姻通过缩合作用生成四甲基吡嗪，直接参与大曲中独特风味物质的形

成[13]。陈心雨等[14]研究发现酱香大曲高温堆积发酵过程中产生的游离氨基酸与碳水化合物会发生美拉德反应，可对酱香大曲颜色及品质产生影响。张巧玲等[15]对3种酱香大曲中的游离氨基酸进行比较，结果表明黑曲中总游离氨基酸质量分数最高，黄曲次之，白曲最低，不同大曲中游离氨基酸质量分数具有明显差异，并且可能与大曲风味形成有关。然而目前，关于游离氨基酸及细菌群落组成差异与酱香大曲风味形成的关联性研究较少。基于此，作者利用HS-SPME-GC-MS技术检测不同感官特性酱香大曲中的风味物质，采用UPLC-HRMS-QAMS技术测定大曲中的游离氨基酸质量分数，同时，结合高通量测序技术分析酱香大曲的细菌群落多样性，研究酱香大曲风味物质组成差异及其分别与游离氨基酸和细菌群落组成间的相关性，初步解析酱香大曲风味形成的原因，以期为阐明不同感官特性酱香大曲差异并提升其品质提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

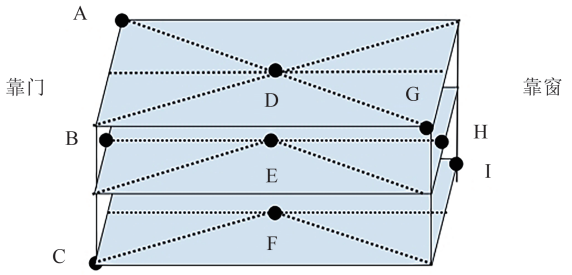
NaCl（分析纯）：成都金山化学试剂公司；甲醇（色谱纯）：德国Merck公司；甲酸（色谱纯）：美国Thermo Fisher Scientific公司；2-乙基丁酸（纯度≥98%）：上海安谱实验科技股份有限公司；氨基酸标准品（*L*-赖氨酸、*L*-组氨酸、*L*-精氨酸、甘氨酸、*L*-脯氨酸、*L*-苏氨酸、*L*-瓜氨酸、*L*-缬氨酸、*L*-甲硫氨酸、*L*-酪氨酸、*L*-异亮氨酸、*L*-亮氨酸、*L*-苯丙氨酸、*L*-色氨酸，纯度≥98%）：德国Merck公司；E.Z.N.A™ Mag-Bind Soil DNA Kit试剂盒：美国Omega BioTek公司；聚合酶链式反应引物：上海翌圣生物科技股份有限公司。

高分辨质谱联用仪：UPLC-QE Focus型，美国Thermo Fisher Scientific公司；气相色谱-质谱联用仪：Agilent GC7890-5975 MSD型，美国Agilent公司；台式高速冷冻离心机：MIKRO 220R型，德国Hettich公司；超纯水系统：Aquaplore3S型，美国艾科浦公司；干式恒温器：TND03-H-H混匀型，深圳托能达科技有限公司；电子天平：AR2130/C型，奥豪斯上海公司；自动蒸汽灭菌器：KG-AP32L型，日本ALP公司；PCR仪：ETC811型，北京东胜创新生物科技有限公司。

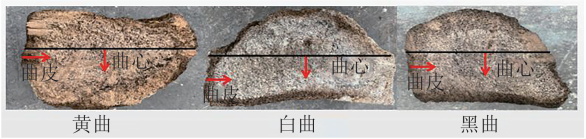
1.2 试验方法

1.2.1 取样方法

酱香大曲样品采自GZXJ公司制曲车间。大曲高温堆积发酵（约40 d）结束后，按发酵仓门、中、窗不同位置的上、中、下层随机取样，分别取白曲（上层）、黄曲（中层）、黑曲（下层）各3块，共计9个样品，置于无菌密封取样袋中，于−4 ℃保存并带回实验室。取样示意图见图1。将采集的大曲样品分别按黄曲、白曲、黑曲分类后，按照大曲表皮向内延伸1~3 cm为曲皮、大曲由中心部位向外延伸1~3 cm为曲心进行取样分析，见图2。样品经粉碎过筛（0.5 mm孔径）后用于后续分析。



(a) 发酵仓内大曲取样示意图



(b) 不同感官特性酱香大曲取样示意图

图1 取样示意图

Fig. 1 Sampling diagram

1.2.2 酱香大曲风味物质检测

利用HS-SPME-GC-MS技术测定大曲的风味物质。HS-SPME条件：称取3 g粉碎大曲样品于20 mL顶空瓶中，加入3 mL饱和NaCl溶液及50 μL 1.040 8 g/L的2-乙基丁酸内标溶液；采用120 μm DVB/CAR/PDMS萃取纤维头，插入已于50 ℃平衡10 min的顶空瓶，顶空吸附30 min，于250 ℃解吸5 min后进行GC-MS分离鉴定。GC-MS条件：DB-WAX色谱柱（30 m×0.25 mm×0.25 μm）；载气（He）流量1.0 mL/min；升温程序为起始温度40 ℃，保持3 min，之后以3 ℃/min升至150 ℃，保持2 min，以7 ℃/min升至230 ℃/min，保持5 min；进样口温度250 ℃，不分流进样；电子轰击离子源（EI）；电子能量70 eV；离子源温度230 ℃；四极杆温度150 ℃；传输线温度250 ℃；质荷比扫描范围

30~550。定性与半定量分析：检测出的风味物质通过NIST.20谱库鉴定，对匹配度大于80%的结果进行定性分析，采用面积归一化法对风味物质进行半定量分析。

1.2.3　酱香大曲游离氨基酸检测

参考杨军林等[16]的测定方法分析酱香大曲中游离氨基酸质量分数。准确称取0.1 g过筛样品于50 mL离心管内，加入30 mL超纯水振荡混匀2 min，超声15 min，于10 000 r/min离心5 min，取上清液过0.22 μm微孔滤膜后，上机检测分析。

1.2.4　Illumina Miseq高通量测序

按照E.Z.N.A™ Mag-Bind Soil DNA Kit试剂盒使用指南提取酱香大曲微生物的总基因组DNA。DNA的浓度和纯度用紫外可见光谱比值法评估。参考吴成等[17]的方法使用引物341F（5′-CCTACGGGNGGCWGCAG-3′）和805R（5′-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3′）对细菌16S rRNA基因的V3—V4区进行PCR扩增。扩增体系：15 μL 2×Hieff® Robust PCR Master Mix、1 μL正向及反向引物、20~30 ng DNA模板，用双蒸水（ddH_2O）补齐体系至30 μL。扩增程序：在95 ℃条件下预变性3 min；94 ℃变性20 s，55 ℃退火20 s，72 ℃延伸30 s，25次循环；最终72 ℃延伸5 min降到4 ℃。采用Illumina Miseq测序平台，对细菌16S rRNA基因的V3—V4区进行高通量测序分析，样本的建库和测序由生工生物工程（上海）股份有限公司完成。

1.3　数据处理

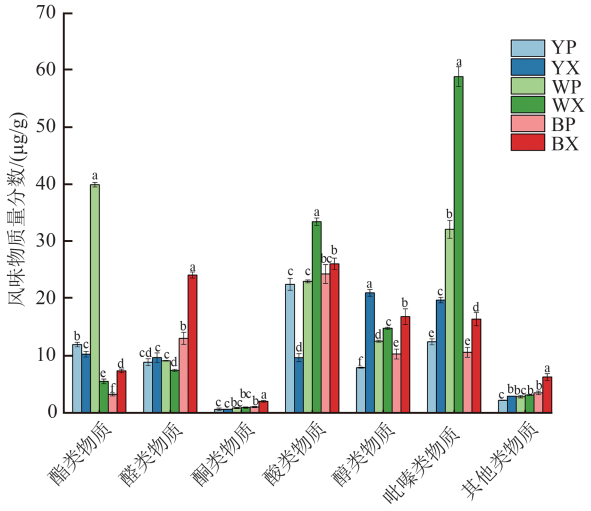
通过识别和过滤（下机序列经cutadapt去除引物接头序列后，根据overlap关系拼接成一条序列，并按照barcode进行处理）得到高通量测序的有效序列数据。将相似度>97%的有效序列进行可操作分类单元（operational taxonomic units，OTU）划分，利用RDP数据库进行比对，采用R语言和Origin 2022绘制Upset图、韦恩图以及物种相对丰度聚类图，显著性和相关性分析通过SPSS 22.0软件进行，并采用软件TBtools绘制风味物质相对丰度气泡图。利用OmicShare tools（http://www.omicshare.com/tools）绘制游离氨基酸与风味物质相关性网络图，分别选取相对丰度排名前10的细菌属以及质量分数排名前44的风味物质，计算Spearman相关性系数，选择显著性P<0.01的微生物与风味物质，通过软件Cytoscape 5.0绘制相关性网络分析图。

2　结果与讨论

2.1　不同感官特性酱香大曲风味物质组成分析

酱香大曲中所含挥发性化合物多是酱香型白酒的关键风味物质[18]。采用HS-SPME-GC-MS测定不同感官特性酱香大曲风味物质，共检测到75种风味物质，包括18种酯类、9种醛类、14种酸类、8种醇类、6种酮类和9种吡嗪类物质以及11种其他类物质，其中吡嗪类、醇类、酸类、酯类、醛类物质在所有组中占主导地位（见图2）。“酸高”是酱香型白酒一大特点[19]，不同酱香大曲中酸类物质丰富，除YX外，所有酱香大曲中的酸类物质质量分数均高于20 μg/g，由此可见，YX对白酒酿造过程中酸味形成的影响最小。此外，酯类物质在WP中较丰富，为（39.87±0.73）μg/g，主要以乙酸乙酯为主；吡嗪类物质在不同大曲中的质量分数差异显著（P<0.05），BP含10.57 μg/g，WX含58.76 μg/g，并且相同颜色大曲曲皮的吡嗪类质量分数始终低于曲心，曲心位置发酵温度高更有利于吡嗪类物质生成。

为进一步解析不同感官特性酱香大曲的风味差异，采用Heatmap对大曲中的风味物质进行聚类分析，结果如图3所示。YX和BX、YP和BP、WX和WP分别被聚为3个类别，表明白曲与黄



同一类风味物质对应的不同小写字母表示差异显著（P<0.05）。

图2　不同感官特性酱香大曲风味物质组成

Fig. 2　Composition of flavor substances of Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics

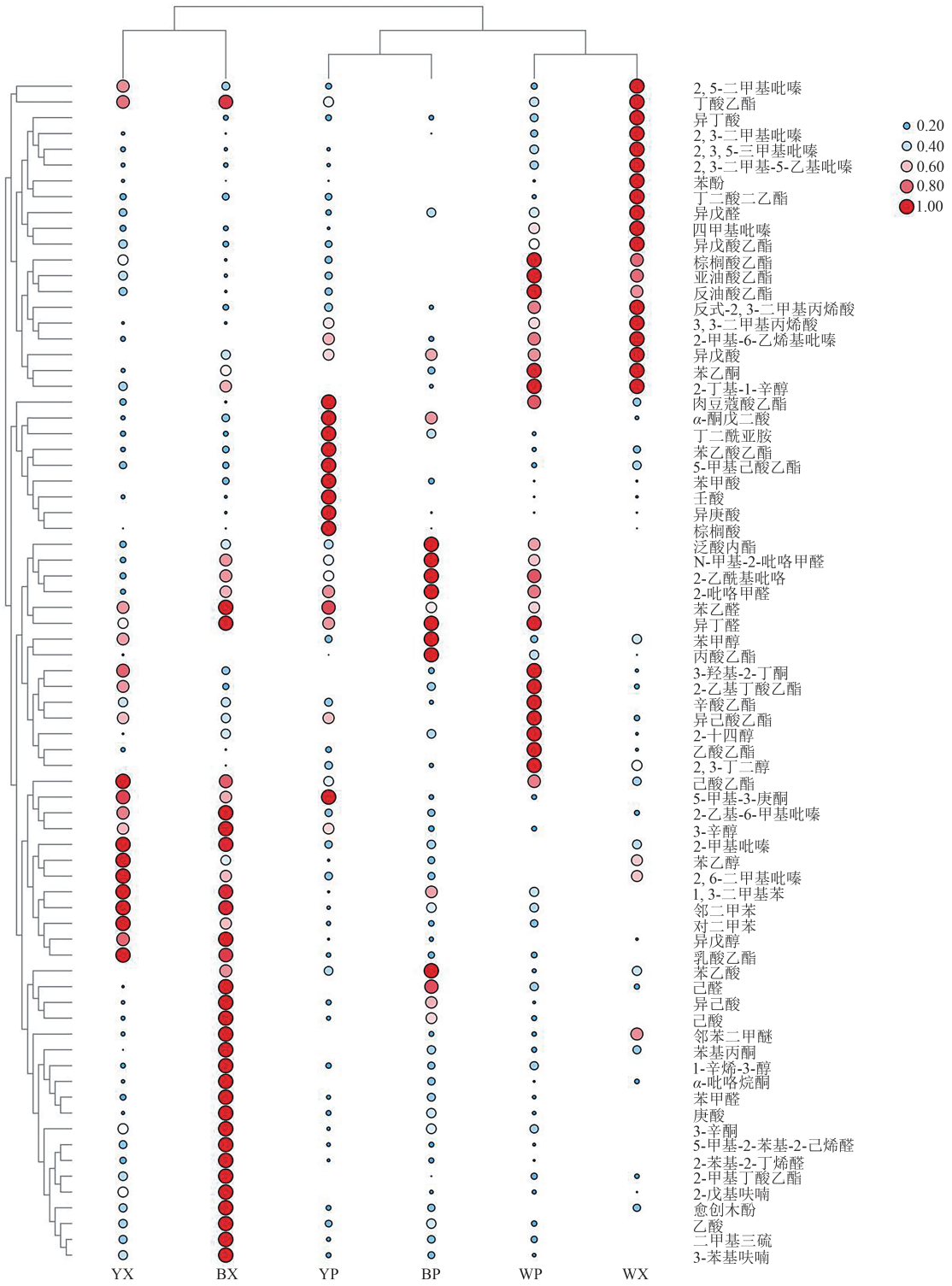


图 3　不同感官特性酱香大曲风味物质的 Heatmap

Fig. 3　Heatmap of flavor substances of Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics

曲、黑曲风味物质组成存在较大差异，而黄曲和黑曲较为相似。YX 和 BX 中己酸乙酯、乳酸乙酯、异戊醇、邻二甲苯、对二甲苯、1，3-二甲基苯、2-甲基吡嗪和 2，6-二甲基吡嗪等物质较丰富，而 BX 中愈创木酚、乙酸、二甲基三硫、3-苯基呋喃等物质质量分数较高，其中愈创木酚具有烟熏香气[20]，是黑曲中烟熏味的主要来源。YP 和 BP 被聚为一类，YP 中 α-酮戊二酸、苯甲酸、壬酸、异庚酸等风味物

质较为丰富，而BP中苯乙酸、2-乙酰基吡咯、2-吡咯甲醛、异丁醛、苯甲醇、丙酸乙酯、己醛等物质较为丰富。与已有研究结果一致，黑曲中的醛类物质比白曲和黄曲更丰富[7]。白曲中2,5-二甲基吡嗪、2,3-二甲基吡嗪、2,3,5-三甲基吡嗪、四甲基吡嗪等物质质量分数高于黑曲和黄曲，检测出的吡嗪类物质质量分数为（58.76±1.74）μg/g。Li等[21]研究表明，吡嗪类物质可以影响白曲微生物的代谢产物组成，其中四甲基吡嗪、三甲基吡嗪和2,5-二甲基吡嗪对其影响较大，且在白曲中质量分数较高，与本研究结果一致。此外，WX中还含有较为丰富的油酸乙酯、丁酸乙酯、异戊酸乙酯、棕榈酸乙酯等高沸点酯。棕榈酸乙酯、油酸乙酯有维持酒体香气品质稳定的作用，但过量会引起酒体产生浑浊现象[22-23]。大曲中大量的酯类物质可能与后期酿成的酒体品质存在重要关联。大曲中不同挥发性化合物间会进一步发生化学反应生成其他对白酒风味形成具有重要贡献的成分，比如大曲中丰富的醇和有机酸能在微生物复杂的代谢作用下合成酯类物质，如乙酸与醇通过酯化反应进一步生成乙酸乙酯等[24-26]，大曲中风味物质的形成复杂多变，研究其来源及对风味品质的影响具有重要意义。

2.2　不同感官特性酱香大曲风味与游离氨基酸关联分析

2.2.1　不同感官特性酱香大曲中游离氨基酸组成差异

如表1所示，通过测定不同感官特性酱香大曲游离氨基酸质量分数，共检出14种游离氨基酸，总量在3.76~9.22 mg/g，与张巧玲等[15]研究结果相似。不同颜色酱香大曲的总游离氨基酸质量分数存在显著差异（P<0.05），其中曲皮>曲心，具体表现为YP>BP>WP>YX>BX>WX，这可能与大曲在发酵仓内所处的空间位置有关[5]。结果表明，酱香大曲样品中亮氨酸及缬氨酸质量分数较高，分别占氨基酸总质量的14.03%~22.92%和12.44%~20.96%，YP中这2类物质质量分数最高；而组氨酸、胱氨酸及瓜氨酸在3种酱香大曲中质量分数较低，均小于0.1 mg/g。

表1　不同感官特性酱香大曲中游离氨基酸质量分数

Table 1　Mass fractions of free amino acids in Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics

类别	游离氨基酸	质量分数/（mg/g）					
		WP	WX	YP	YX	BP	BX
甜味氨基酸	苏氨酸	0.343 8±0.007 5^{c}	0.226 3±0.006 6^{e}	0.521 6±0.020 3^{a}	0.384 7±0.006 8^{b}	0.337 0±0.005 0^{c}	0.267 3±0.013 5^{d}
	甘氨酸	0.445 2±0.021 4^{c}	0.316 5±0.018 8^{e}	0.584 3±0.008 1^{a}	0.384 7±0.011 1^{d}	0.490 6±0.007 6^{b}	0.335 4±0.027 4^{e}
苦味氨基酸	组氨酸	0.055 9±0.002 5^{c}	0.046 6±0.000 1^{d}	0.083 4±0.000 5^{b}	0.098 6±0.006 4^{a}	0.030 2±0.000 3^{e}	0.043 0±0.001 1^{d}
	精氨酸	0.235 5±0.015 1^{d}	0.362 7±0.013 0^{c}	0.877 5±0.005 8^{a}	0.918 9±0.062 9^{a}	0.416 3±0.004 3^{c}	0.519 8±0.018 5^{b}
	胱氨酸	0.004 6±0.000 6^{b}	0.005 8±0.000 2^{a}	0.005 0±0.000 1^{ab}	0.004 7±0.000 4^{b}	—	—
	甲硫氨酸	0.011 2±0.002 4^{c}	0.011 1±0.000 3^{c}	0.008 2±0.000 2^{c}	0.106 9±0.000 1^{a}	0.006 9±0.000 5^{c}	0.056 6±0.004 1^{b}
	瓜氨酸	0.041 4±0.003 2^{b}	0.094 3±0.003 1^{a}	0.031 9±0.002 5^{c}	0.001 1±0.000 7^{d}	—	—
	缬氨酸	1.133 0±0.036 1^{b}	0.527 9±0.022 0^{d}	1.407 6±0.026 6^{a}	0.743 0±0.005 1^{c}	1.349 3±0.075 5^{a}	0.817 4±0.049 3^{c}
	赖氨酸	0.393 1±0.014 7^{d}	0.441 9±0.004 8^{c}	0.890 9±0.001 0^{a}	0.647 6±0.022 6^{b}	0.420 3±0.001 8^{cd}	0.357 4±0.004 3^{e}
	酪氨酸	0.390 1±0.003 7^{d}	0.387 7±0.003 9^{d}	1.047 2±0.040 8^{a}	0.590 6±0.003 8^{b}	0.489 2±0.025 1^{c}	0.432 9±0.028 6^{d}
	异亮氨酸	0.738 9±0.040 8^{c}	0.335 3±0.002 0^{e}	0.909 2±0.010 2^{a}	0.473 2±0.017 6^{d}	0.825 3±0.023 1^{b}	0.504 8±0.006 7^{d}
	亮氨酸	1.322 9±0.078 1^{c}	0.527 8±0.014 3^{f}	1.657 7±0.005 6^{a}	1.012 7±0.035 6^{e}	1.475 6±0.063 1^{b}	1.128 5±0.020 1^{d}
	苯丙氨酸	0.824 9±0.056 6^{b}	0.431 8±0.016 7^{d}	1.139 5±0.025 6^{a}	0.583 9±0.018 0^{c}	0.586 9±0.016 1^{c}	0.536 0±0.037 1^{c}
	色氨酸	0.105 2±0.001 1^{a}	0.045 9±0.001 5^{c}	0.054 2±0.002 9^{b}	0.025 6±0.000 5^{d}	0.009 3±0.001 5^{e}	0.010 1±0.000 1^{e}

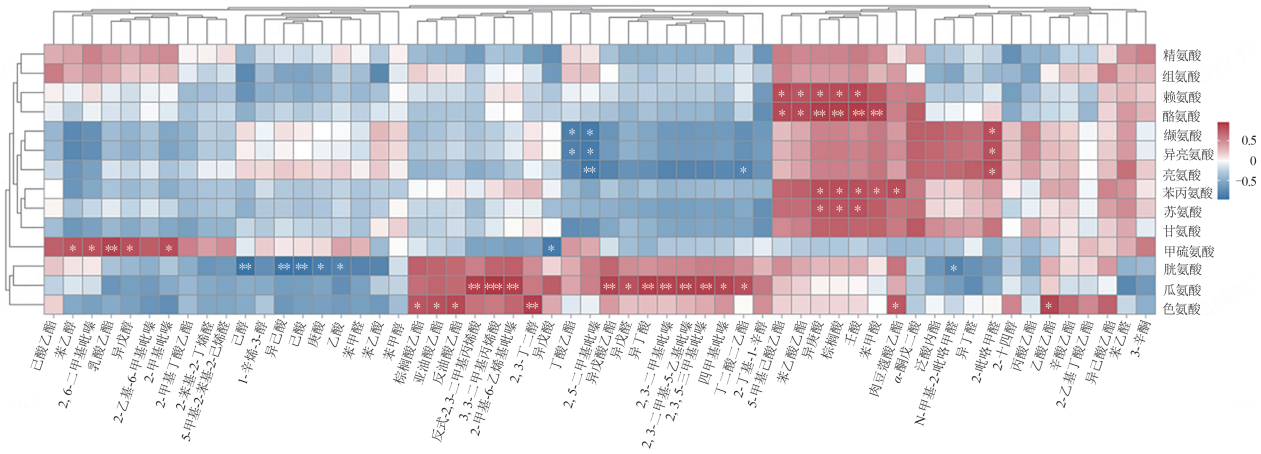
注：同行不同小写字母表示不同感官特性酱香大曲中游离氨基酸质量分数具有显著性差异（P<0.05）；“—”表示未检出。

进一步根据氨基酸呈味特性将14种游离氨基酸分为甜味和苦味2大类，其中苦味氨基酸最多，包括组氨酸、精氨酸、胱氨酸、甲硫氨酸、瓜氨酸、缬氨酸、赖氨酸、酪氨酸、异亮氨酸、亮氨酸、苯丙氨酸和色氨酸；甜味氨基酸包括苏氨酸和甘氨酸[27-28]。如表1所示，不同感官特性酱香大曲中苦味氨基酸质量分数为3.21~8.11 mg/g，甜味氨基酸质量分数为0.54~1.11 mg/g，并且YP中游离氨基酸最为丰富。相关研究表明，缬氨酸、亮氨酸作为支链氨基酸，可显著提高葡萄酒中高级醇及相应乙酸酯的质量分数。张双梅等[29]发现，通过添加亮氨酸显著增加了桑葚酒中异戊醇、乙酸异戊酯

及辛酸乙酯的质量分数，添加缬氨酸显著增加了桑葚酒中异丁醇和乙酸异丁酯的质量分数。酱香大曲中丰富的缬氨酸、亮氨酸可能对酱香型白酒的酯、醇类相关风味形成有积极作用。

2.2.2　不同感官特性酱香大曲风味物质与游离氨基酸相关性分析

在高温堆积发酵过程中，游离氨基酸作为酱香大曲中风味物质的前体物质之一，会与还原糖发生美拉德反应，生成多种风味成分[30]。选择酱香大曲中吡嗪类、酸类、醛类、醇类和酯类物质共58种风味物质与游离氨基酸进行相关性分析。如图4所示，与酱香大曲风味物质密切相关的游离氨基酸主要包括赖氨酸、酪氨酸、苯丙氨酸、甲硫氨酸、胱氨酸、瓜氨酸和色氨酸。其中，色氨酸主要与棕榈酸乙酯、亚油酸乙酯、反油酸乙酯等酯类物质呈显著正相关；2-甲基-6-乙烯基吡嗪、2，3-二甲基吡嗪、2，3-二甲基-5-乙基吡嗪、2，3，5-三甲基吡嗪、四甲基吡嗪与瓜氨酸呈显著或极显著正相关；2，6-二甲基吡嗪与甲硫氨酸呈显著正相关。吡嗪具有类似于炒坚果、烤肉的怡人香气[31]，瓜氨酸和甲硫氨酸与该香气形成存在正向关联。此外，胱氨酸、赖氨酸、酪氨酸、苯丙氨酸及苏氨酸与酸味形成相关；胱氨酸与异己酸、己酸、庚酸、乙酸等酸类物质呈显著或极显著负相关；其余氨基酸与异庚酸、棕榈酸、壬酸等酸类物质呈显著或极显著正相关；另外，酪氨酸及苯丙氨酸还与苯甲酸呈显著正相关。李雯[32]对2，5-二甲基吡嗪前体氨基酸——苏氨酸的合成途径进行了解析，研究表明苏氨酸影响酱香风味形成的主要途径可能是通过代谢产生2，5-二甲基吡嗪来实现的，2，5-二甲基吡嗪质量分数与酱香风味的浓郁程度呈正相关。此外，相关研究表明饮料酒中的高级醇主要是通过发酵过程中氨基酸的脱氨基和脱羰基代谢产生，如苏氨酸可产生正丙醇、缬氨酸可产生异丁醇、亮氨酸可产生异戊醇、苯丙氨酸可产生2-苯乙醇，并且也与多种含氮化合物的形成有关；α-氨基酸与吡嗪类物质杂环氮原子的形成有直接关系[33-35]。



*—0.01≤P<0.05；**—0.001<P<0.01；***—P≤0.001。

图4　酱香大曲风味物质与游离氨基酸的相关性Heatmap

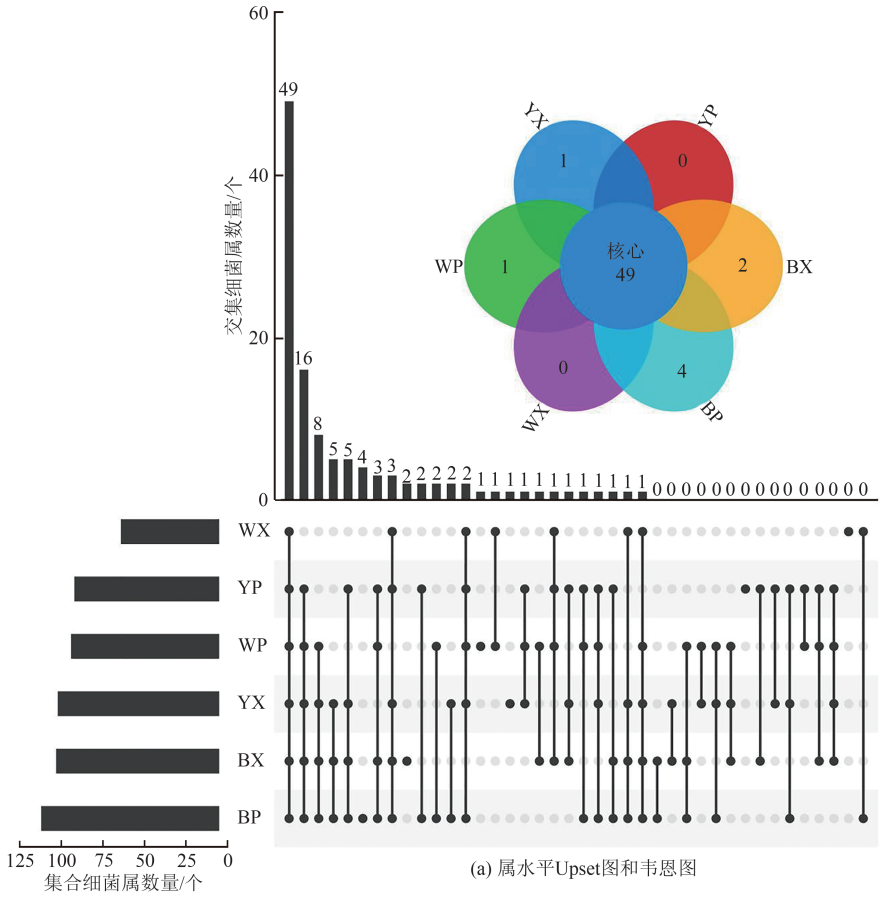
Fig. 4　Heatmap of the correlations between flavor substances and free amino acids in Maotai-flavor Daqu

2.3　不同感官特性酱香大曲风味与细菌群落关联分析

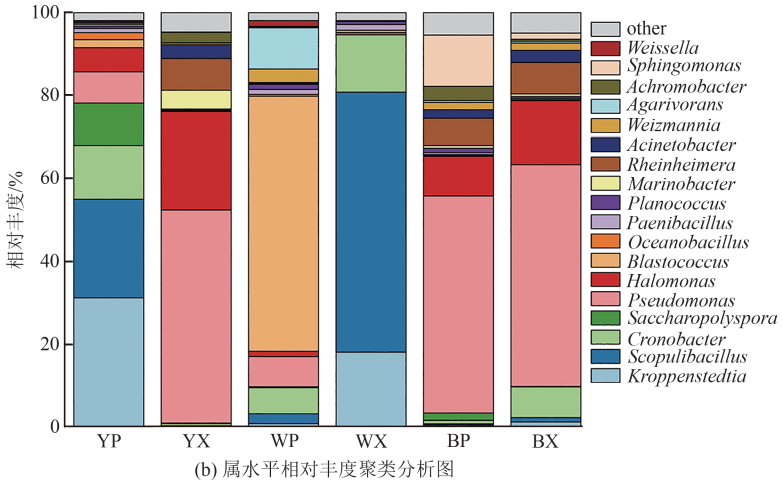
2.3.1　不同感官特性酱香大曲细菌群落组成差异

采用Illumina Miseq测序平台分析不同感官特性酱香大曲细菌群落组成，共获得303 638条原始序列，经过双端序列拼接和筛选，共产生了284 048条有效序列，平均长度为427.08 bp，所有样本的覆盖率>99%，测序结果可以代表样本中细菌群落组成情况。基于细菌属水平绘制Upset图，如图5所示，不同感官特性酱香大曲共有细菌属49种，其中BX中独有2种，BP中独有4种，WP和YX中各独有1种，而WX和YP中未检测出独有细菌属。进一步基于属水平对不同感官特性酱香大曲的细菌群落组成进行统计分析，不同感官特性酱香大曲样品的细菌群落组成存在差异，具体表现为：YP中克罗彭斯特菌属（相对丰度31.17%）、火

山渣芽孢杆菌属（相对丰度23.82%）和克罗诺杆菌属（*Cronobacter*，相对丰度12.95%）为优势细菌属；YX中假单胞菌属（相对丰度52.42%）、盐单孢菌属（*Halomonas*，相对丰度23.79%）和莱茵海默氏菌属（*Rheinheimera*，相对丰度7.65%）为优势细菌属。BP和BX的细菌群落组成较为相似，其中假单胞菌属最为丰富，相对丰度分别为52.43%和53.53%。WP中芽球菌属、嗜琼胶菌属（*Agarivorans*）和假单胞菌属相对丰度较高，分别为61.57%、9.96%、7.31%；而火山渣芽孢杆菌属（相对丰度62.77%）、克罗彭斯特菌属（18.06%）和克罗诺杆菌属（相对丰度13.84%）是WX的优势细菌属。



(a) 属水平Upset图和韦恩图



(b) 属水平相对丰度聚类分析图

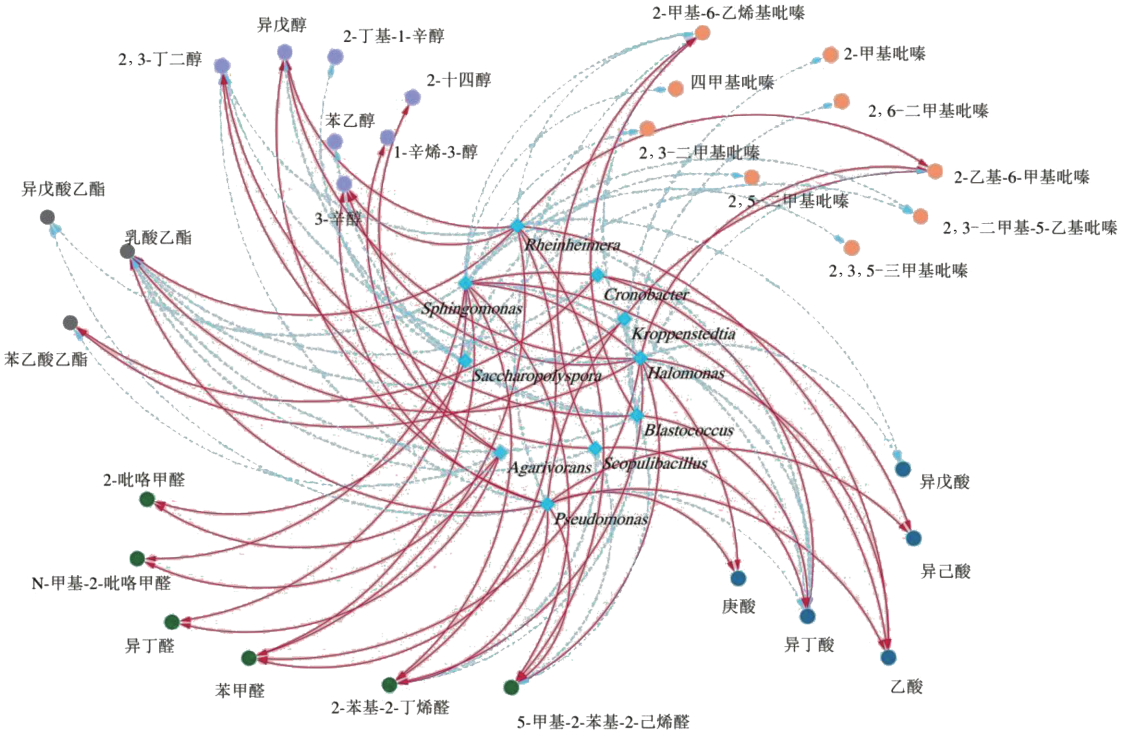
图5　不同感官特性酱香大曲细菌群落组成分析

Fig. 5　Analysis of bacterial community composition of Maotai-flavor Daqu samples with different sensory characteristics

邹恬杏等[36]研究表明，克罗彭斯特菌属有利于乳酸、乙酸及乙酸乙酯等风味物质形成，是多种香型白酒酿造大曲的优势细菌属，与大曲的产香机理密切相关。盐单孢菌属可通过参与物质运输、氨基酸及核苷酸生物合成等生物代谢过程，影响风味化合物形成。嗜琼胶菌属可促进发酵过程中的糖化生香[37-38]，对酱香型白酒风味形成具有重要作用。此外，在YX、BX和BP中检测出了丰富的假单胞菌属，而WX和WP的优势菌属分别为火山渣芽孢杆菌属和芽球菌属。研究表明，火山渣芽孢杆菌属、芽球菌属及假单胞菌属被广泛发现于高温大曲中，其中火山渣芽孢杆菌属及芽球菌属耐热性较低，在WX、WP中相对丰度较高，而假单胞菌属耐热性较强，在YX、BX、BP中相对丰度较高[39-41]。

2.3.2 不同感官特性酱香大曲风味物质与细菌群落组成相关性分析

酱香大曲的风味特性与多种细菌存在关联，张倩[42]采用高通量测序技术研究大曲发酵过程中的微生物群落结构变化及差异，发现高温大曲曲心中与风味物质呈显著相关的细菌主要是克罗彭斯特菌属、芽孢杆菌属和高温放线菌属（*Thermoactinomyces*），而曲皮中主要是不动杆菌属（*Acinetobacter*）和假单胞菌属。此外，乙酸和乳酸合成代谢差异以及嗜热菌的分布差异可能是曲皮、曲心微生物差异的重要原因，与本研究结论相似。相关性网络分析见图6，对酱香大曲风味物质与细菌群落间存在的关联作用进行解析发现，假单胞菌属在YX、BP、BX中相对丰度较高，其主要与5-甲基-2-苯基-2-己烯醛、苯甲醛、2-苯基-2-丁烯醛等醛类物质，以及乳酸乙酯、异戊醇、庚酸、乙酸等风味物质呈显著正相关。克罗彭斯特菌属是YX的优势细菌属之一，其主要与乳酸乙酯、苯乙酸乙酯等酯类物质的形成密切相关。研究表明，高温大曲中克罗彭斯特菌属在不同级别大曲中有较大的差异，这与大曲风味物质代谢有关[39]。火山渣芽孢杆菌属及芽球菌属在WX、WP中相对丰度较高，且均与乳酸乙酯、2-苯基-2-丁烯醛、5-甲基-2-苯基-2-己烯醛等风味物质呈显著负相关，与异丁酸、2，3-丁二醇、2-甲基-6-乙烯基吡嗪等物质呈显著正相关。



红色线条—显著正相关；蓝色线条—显著负相关。

图6 酱香大曲风味物质与细菌群落组成（属水平）相关性网络图

Fig. 6 Correlation network between flavor substances and bacterial community composition (genus level) in Maotai-flavor Daqu

3 结论

HS-SPME-GC-MS检测结果表明，吡嗪类、醇类、酸类、酯类和醛类物质是酱香大曲的主要风味物质，并且不同感官特性酱香大曲中风味物质的组成不同，黄曲与黑曲较为相似，曲皮、曲心差异较大，相同颜色大曲中，曲心部位的吡嗪类质量分数更高。UPLC-HRMS-QAMS及高通量测序结果表明，酱香大曲风味物质差异与游离氨基酸及细菌群落组成存在关联。酱香大曲中苦味氨基酸丰富，并且曲皮位置的游离氨基酸质量分数均高于曲心位置，其中赖氨酸、酪氨酸、瓜氨酸、色氨酸等游离氨基酸与酱香大曲中吡嗪类、酯类、酸类和醛类等主要风味物质的代谢合成密切相关。不同感官特性酱香大曲的细菌群落组成存在差异，并且黄曲与黑曲较为接近，克罗彭斯特菌属、假单胞菌属、芽球菌属和火山渣芽孢杆菌属等优势细菌属分别与大曲中部分酯类、酸类、醇类、醛类及吡嗪类物质的代谢合成显著相关。

参考文献

[1] 吴成，程平言，谢丹，等. 酱香型白酒高温大曲发酵过程中真菌多样性研究[J]. 食品与生物技术学报，2023，42(6)：95-103.
WU C，CHENG P Y，XIE D，et al. Investigation on fungal diversity during high-temperature Daqu fermentation of sauce-flavor Baijiu [J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2023，42(6)：95-103.(in Chinese)

[2] 唐佳代，石雨菲，赵益梅，等. 不同感官特性酱香型大曲理化指标与霉菌群落关联分析[J]. 食品工业科技，2024，45(3)：153-161.
TANG J D，SHI Y F，ZHAO Y M，et al. Correlation analysis of physical and chemical indicators and mold community in sauce-flavored Daqu with different sensory characteristics [J]. Science and Technology of Food Industry，2024，45(3)：153-161.(in Chinese)

[3] CAI W C，XUE Y A，WANG Y R，et al. The fungal communities and flavor profiles in different types of high-temperature Daqu as revealed by high-throughput sequencing and electronic senses [J]. Frontiers in Microbiology，2021，12：784651.

[4] 莫祯妮，邱树毅，曾祥勇，等. 基于Illumina Hiseq高通量测序分析酱香型白酒大曲曲皮和曲心的细菌群落差异[J]. 中国酿造，2022，41(2)：48-52.
MO Z N，QIU S Y，ZENG X Y，et al. Difference of bacterial community in different parts of high-temperature Daqu based on Illumina Hiseq high-throughput sequencing [J]. China Brewing，2022，41(2)：48-52.(in Chinese)

[5] 向凡舒，蔡文超，田龙新，等. 襄阳地区高温大曲真菌群落结构及其风味品质解析[J]. 食品科学，2023，44(24)：211-219.
XIANG F S，CAI W C，TIAN L X，et al. Analysis of fungal community structure and flavor quality of high-temperature Daqu from Xiangyang，China [J]. Food Science，2023，44(24)：211-219.(in Chinese)

[6] 黄治国，刘娜，卫春会，等. 高温大曲曲房空气中可培养细菌的分离鉴定及产酶特性[J]. 食品与机械，2021，37(5)：15-21.
HUANG Z G，LIU N，WEI C H，et al. Isolation，identification and enzyme production characteristics of culturable bacteria in the air of high-temperature Daqu fermentation room[J]. Food & Machinery，2021，37(5)：15-21.(in Chinese)

[7] 王颖，邱勇，王隆，等. 不同产区酱香型高温大曲黑、白、黄曲的理化、挥发性成分差异性分析[J]. 中国调味品，2022，47(6)：155-159.
WANG Y，QIU Y，WANG L，et al. Analysis on the differences of physicochemical indexes and volatile components of black，white and yellow koji at high temperature with Maotai flavor in different production areas[J]. China Condiment，2022，47(6)：155-159.(in Chinese)

[8] LI P，LIN W F，LIU X，et al. Effect of bioaugmented inoculation on microbiota dynamics during solid-state fermentation of Daqu starter using autochthonous of *Bacillus*，*Pediococcus*，*Wickerhamomyces* and *Saccharomycopsis* [J]. Food Microbiology，2017，61：83-92.

[9] GAN S H，YANG F，SAHU S K，et al. Deciphering the composition and functional profile of the microbial communities in Chinese Moutai liquor starters [J]. Frontiers in Microbiology，2019，10：1540.

[10] 戴奕杰，李宗军，田志强，等. 酱香型白酒酿造过程中微生物及其代谢产物研究进展[J]. 酿酒科技，2018(11)：85-96.
DAI Y J，LI Z J，TIAN Z Q，et al. Research progress in microbes and their metabolites during the fermentation of Jiangxiang Baijiu [J]. Liquor-Making Science & Technology，2018(11)：85-96.(in Chinese)

[11] PROCOPIO S，BRUNNER M，BECKER T. Differential transcribed yeast genes involved in flavour formation and its associated amino acid metabolism during brewery fermentation [J]. European Food Research and Technology，2014，239(3)：421-439.

[12] YIN H，HE Y，DENG Y，et al. Application of Plackett-Burman experimental design for investigating the effect of wort amino acids on flavour-active compounds production during lager yeast fermentation [J]. Journal of the Institute of Brewing，2017，123(3)：300-311.

[13] 刘延波，张世凯，赵志军，等. 高产淀粉酶细菌的分离鉴定及产酶条件优化[J]. 食品与机械，2020，36(1)：65-71.
LIU Y B，ZHANG S K，ZHAO Z J，et al. Isolation and identification of amylase bacterial and optimization of enzyme production conditions by response surface[J].

Food & Machinery，2020，36(1)：65-71.(in Chinese)
[14] 陈心雨，刘念，王超凯，等. 高温大曲中美拉德反应的研究进展[J]. 食品与发酵科技，2023，59(6)：109-112.
CHEN X Y，LIU N，WANG C K，et al. Research progress of Maillard reaction in high temperature Daqu[J]. Food and Fermentation Science & Technology，2023，59(6)：109-112.(in Chinese)
[15] 张巧玲，吕锡斌，秦兴，等. 酱香型白酒高温大曲游离氨基酸比较分析[J]. 中国酿造，2019，38(4)：53-57.
ZHANG Q L，LV X B，QIN X，et al. Comparative analysis of free amino acids in high temperature Daqu of Moutai-flavor Baijiu[J]. China Brewing，2019，38(4)：53-57.(in Chinese)
[16] 杨军林，田栋伟，程平言，等. 一种高温大曲生产过程中品质监控的方法：CN116399994A[P]. 2023-07-07.
[17] 吴成，程平言，谢丹，等. 酱香型白酒4轮次堆积发酵理化因子、风味物质与微生物群落相关性分析[J]. 食品科学，2023，44(2)：240-247.
WU C，CHENG P Y，XIE D，et al. Correlation analysis among physicochemical parameters，flavor compounds and microbial community during fourth round of heap fermentation of Jiang-flavor Baijiu[J]. Food Science，2023，44(2)：240-247.(in Chinese)
[18] 唐平，山其木格，王丽，等. 白酒风味化学研究方法及酱香型白酒风味化学研究进展[J]. 食品科学，2020，41(17)：315-324.
TANG P，SHAN Q M G，WANG L，et al. A review of research methods in Baijiu flavor chemistry and recent progress in the flavor chemistry of Maotai-flavored Baijiu[J]. Food Science，2020，41(17)：315-324.(in Chinese)
[19] 范文来，张艳红，徐岩. 应用HS-SPME和GC-MS分析白酒大曲中微量挥发性成分[J]. 酿酒科技，2007(12)：74-78.
FAN W L，ZHANG Y H，XU Y. Analysis of volatile microconstituents in Daqu by HS-SPME and GC-MS[J]. Liquor-Making Science & Technology，2007(12)：74-78.(in Chinese)
[20] 沈世明，梁明锋，张娇娇，等. 酱香高温大曲风味轮的初步构建及其香气特征分析[J]. 食品与发酵工业，2023，49(1)：73-78.
SHEN S M，LIANG M F，ZHANG J J，et al. Preliminary construction of sauce-flavored high temperature Daqu flavor wheel and its aroma characteristic analysis[J]. Food and Fermentation Industries，2023，49(1)：73-78.(in Chinese)
[21] LI D N，HUANG W，WANG C X，et al. The complete genome sequence of the thermophilic bacterium *Laceyella sacchari* FBKL4.010 reveals the basis for tetramethylpyrazine biosynthesis in Moutai-flavor Daqu[J]. MicrobiologyOpen，2019，8(12)：e922.
[22] 梁慧珍，刘正，卢延想，等. 酱香型白酒浑浊成分解析及降度酒除浊研究[J]. 中国酿造，2022，41(8)：51-56.
LIANG H Z，LIU Z，LU Y X，et al. Analysis of turbidity components and turbidity removal for alcohol-reduced sauce-flavor Baijiu[J]. China Brewing，2022，41(8)：51-56.(in Chinese)
[23] 陈晓漫，连旭东，叶思廷，等. 磁性固相萃取-气质联用-同位素内标法精准检测白酒中8种高级脂肪酸乙酯[J]. 食品科学技术学报，2024，42(3)：58-69.
CHEN X M，LIAN X D，YE S T，et al. Accurate detection of 8 long-chain fatty acid ethyl esters in Baijiu based on magnetic solid phase extraction-gas chromatography-mass spectrometry combined with isotope internal standards[J]. Journal of Food Science and Technology，2024，42(3)：58-69.(in Chinese)
[24] 赵静溶，徐友强，朱华，等. 浓香型白酒风味乙酯微生物合成机制研究进展[J]. 食品与生物技术学报，2022，41(10)：1-16.
ZHAO J R，XU Y Q，ZHU H，et al. Research progress on microbial synthetic mechanism of flavor ethyl esters in strong-flavor Baijiu[J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2022，41(10)：1-16.(in Chinese)
[25] FAN W L，QIAN M C. Characterization of aroma compounds of Chinese “Wuliangye” and “Jiannanchun” liquors by aroma extract dilution analysis[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry，2006，54(7)：2695-2704.
[26] ZHU S K，LU X，JI K L，et al. Characterization of flavor compounds in Chinese liquor Moutai by comprehensive two-dimensional gas chromatography/time-of-flight mass spectrometry[J]. Analytica Chimica Acta，2007，597(2)：340-348.
[27] 罗睿雄，魏玲，王光瑛，等. 20份黄皮种质资源果肉游离氨基酸对风味品质和药用价值的影响及其评价[J]. 热带作物学报，2024，45(3)：485-494.
LUO R X，WEI L，WANG G Y，et al. Effect of free amino acids of 20 wampee germplasm resources pulp on flavor quality and medicinal value and its evaluation[J]. Chinese Journal of Tropical Crops，2024，45(3)：485-494.(in Chinese)
[28] 路怀金，刘通讯，赵谋明，等. 2株米曲霉的特色酶系对酱油理化指标及品质的影响[J]. 中国食品学报，2021，21(5)：230-237.
LU H J，LIU T X，ZHAO M M，et al. Effects of enzyme profiles of two different *Aspergillus oryzae* strains on physicochemical indexes and quality of soy sauce[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology，2021，21(5)：230-237.(in Chinese)
[29] 张双梅，郑莹媛，张秀艳. 外源添加单一氨基酸对桑葚酒风味品质的影响[J]. 中国酿造，2021，40(12)：29-34.
ZHANG S M，ZHENG Y Y，ZHANG X Y. Effects of exogenous single amino acids addition on flavor and quality of mulberry wine[J]. China Brewing，2021，

40(12):29-34.(in Chinese)
[30] 杨军林,田栋伟,王佳,等. 超高效液相色谱-质谱-一测多评法结合质量控制图在高温大曲生产过程品控分析中的应用[J]. 食品与发酵工业,2024,50(8):290- 298.
YANG J L, TIAN D W, WANG J, et al. Application of ultra-high performance liquid chromatography high-resolution mass spectrometry-quantitative analysis of multi-components by single-marker method combined with quality control chart in quality control analysis of high temperature Daqu production process[J]. Food and Fermentation Industries, 2024, 50 (8): 290-298.(in Chinese)
[31] 孙细珍,熊亚青,倪兴婷,等. 吡嗪类化合物对酱香型白酒香气特征的影响分析[J]. 食品与发酵工业,2025,51(1):305-311.
SUN X Z, XIONG Y Q, NI X T, et al. Analysis of the effect of pyrazine compounds on the aroma characteristics of Jiangxiangxing Baijiu[J]. Food and Fermentation Industries,2025,51(1):305-311.(in Chinese)
[32] 李雯. 苏氨酸对酱香风味的影响[D]. 贵阳:贵州大学,2020.
[33] 曾朝珍,张永茂,康三江,等. 发酵酒中高级醇的研究进展[J]. 中国酿造,2015,34(5):11-15.
ZENG C Z, ZHANG Y M, KANG S J, et al. Research progress of higher alcohols in fermented wine[J]. China Brewing,2015,34(5):11-15.(in Chinese)
[34] 郭永昊,李倞霆,孙珍,等. 利用代谢组学方法分析不同糖化条件对酿酒酵母代谢途径以及啤酒中风味物质形成的分析[J]. 现代食品科技,2023,39(11):235-241.
GUO Y H, LI J T, SUN Z, et al. Metabolomics analysis of metabolic pathways of *Saccharomyces cerevisiae* and formation of flavor substances in beer under different saccharification conditions[J]. Modern Food Science and Technology,2023,39(11):235-241.(in Chinese)
[35] 朱艳美,陈亨业,邓高琼,等. 高温大曲白酒中吡嗪类化合物的检测、来源、香气和功能活性研究进展[J]. 食品工业科技,2023,44(5):420-428.
ZHU Y M, CHEN H Y, DENG G Q, et al. Research progress of the detection, source, aroma and functional activity of pyrazine compounds in high temperature Daqu Baijiu[J]. Science and Technology of Food Industry, 2023,44(5):420-428.(in Chinese)
[36] 邹恬杏,苏伟,母应春,等. 洞酿酱香酒第四轮次酒醅发酵过程中微生物群落与挥发性代谢物分析[J]. 中国酿造,2023,42(6):64-71.
ZOU T X, SU W, MU Y C, et al. Analysis of microbial community and volatile metabolites during the fourth round fermented grains fermentation of Dongniang sauce-flavor Baijiu[J]. China Brewing, 2023, 42(6): 64-71.(in Chinese)
[37] 舒志万,王智博,陶宇杰,等. 盐单胞菌假定蛋白基因的功能预测与克隆表达及耐盐相关性[J]. 生物学杂志,2023,40(6):12-18.
SHU Z W, WANG Z B, TAO Y J, et al. Functional prediction and clonal expression of hypothetical protein gene and validation of salt tolerance correlation in the genus *Halomonas*[J]. Journal of Biology, 2023, 40(6): 12-18.(in Chinese)
[38] 林清菁,潘崇良,蒋霞敏,等. 一株海藻多糖降解菌的分离与鉴定[J]. 微生物学通报,2014,41(11):2208-2215.
LIN Q J, PAN C L, JIANG X M, et al. Isolation and identification of a seaweed polysaccharide degrading bacteria strain[J]. Microbiology China, 2014, 41(11): 2208-2215.(in Chinese)
[39] YAO S, ZHAI L, XIN C H, et al. *Scopulibacillus daqui* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from high temperature Daqu [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2016, 66(11): 4723-4728.
[40] LUEDEMANN G M. *Geodermatophilus*, a new genus of the *Dermatophilaceae* (actinomycetales)[J]. Journal of Bacteriology, 1968, 96(5): 1848-1858.
[41] 孟天毅,李长文,山其木格,等. 酱香强化大曲发酵过程中微生物的变化[J]. 酿酒科技,2015(5):65-68.
MENG T Y, LI C W, SHAN Q, et al. The change of microbes in the fermenting process of intensified Jiangxiang Daqu [J]. Liquor-Making Science & Technology, 2015(5): 65-68.(in Chinese)
[42] 张倩. 中高温大曲发酵过程中曲皮和曲心微生物群落结构和功能差异及形成机制[D]. 自贡:四川轻化工大学,2021.

(责任编辑:史润东东)