

破堆移位解决酱香酒冬季堆积发酵异常研究

Study on the abnormality among accumulation and fermentation of Maotai-flavor Liquor in winter by turning and translocation stacking

袁再顺¹ 胡 萍¹ 陈 乾² 王晓宇³

YUAN Zai-shun¹ HU Ping¹ CHEN Qian² WANG Xiao-yu³

(1. 贵州大学酿酒与食品工程学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州茅台酒厂(集团)习酒
有限责任公司, 贵州 习水 564600; 3. 贵州大学生命科学学院, 贵州 贵阳 550025)

(1. School of Liquor and Food Engineering, Guizhou University, Guiyang, Guizhou 550025, China;

2. Kweichow Xi Jiu Co. Ltd., Maotai Group, Xishui, Guizhou 564600, China;

3. College of Life Science, Guizhou University, Guiyang, Guizhou 550025, China)

摘要:通过对一、二轮次堆积发酵中异常发酵堆 A 进行破堆移位处理,以同一车间正常堆积发酵酒醅 B 为对照,研究酒醅中发酵微生物及理化指标变化规律,分析破堆移位对入库酒产量、质量影响的相关性。试验结果表明:破堆移位处理能使异常堆恢复正常升温、降低酒醅的总酸与水分含量,并显著增加二轮次酒醅中还原糖含量;该处理对堆积酒醅中好氧细菌如芽孢杆菌的生长有显著促进作用,并显著减少乳酸杆菌的含量,绝大部分优势真菌在破堆移位处理后含量均有所增加;该处理保证了酒的质量和产量,且能显著增加二轮次酒的产量。研究结果表明“破堆移位”在生产中可以有效解决气温较低环境下出现的堆积发酵异常现象。

关键词:酱香型白酒;堆积发酵;发酵异常;破堆移位

Abstract: Under the condition of low temperature in winter, the accumulation and fermentation of Maotai-flavor liquor often shows abnormal heating. In this experiment, the abnormal fermentation heap A in the first and second rounds of fermentation was treated with Turning and translocation stacking. The normal accumulation of fermented grain B in the same workshop was used as a control to study the changes of fermentation microbes and physical and chemical indicators in the fermented grains, and analyze their correlation with the quality and yield of wine. Results: the turning and translocation stacking treatment could restore the normal temperature of the abnormal heap, reduce the total acid and water content, and significantly increase the reduc-

ing sugar content in the second rounds of fermented grains; the growth of aerobic bacteria such as *Bacillus* in sputum has a significant effect, and significantly reduced the content of *Lactobacilli*. Most of the dominant fungi have increased after the turning and translocation stacking; this treatment ensures the quality of the wine. And it can significantly increase the production of second rounds of wine. The above results indicate that turning and translocation stacking can effectively solve the accumulation and fermentation anomaly phenomenon in the environment with low temperature in production, which is worthy of reference application in production.

Keywords: Maotai-flavor liquor; accumulated fermentation; fermented abnormal; turning and translocation stacking

酱香型白酒是经过一系列的固态发酵过程而得^[1], 主要分为大曲制作、堆积发酵、酒精发酵^[2-4]。酱香酒与其他香型白酒的最大区别在于发酵过程中的高温环境,特有的高温固态发酵过程涉及多种微生物,从而赋予了独特的酱香风味^[5]。高温堆积是酿造酱香型白酒的重要环节,该环节网络了空气中大量的微生物进行发酵,产生酶类,并在微生物及酶类的共同作用下产生酒体中的香味及前体物质,为窖内发酵创造条件,对优质酒的形成起着关键性作用^[4]。有研究报道,堆子的温度达到 46~55℃时入窖发酵能更好地产酒和产酱香^[6-7];仅加入高温大曲,不进行高温堆积,结果下一轮次不产酒^[8];堆积发酵时间短,温度低(43~45℃),产酒多,但酱香不突出^[9];堆积发酵时间长,堆积温度较高(50℃左右),产酒较多,酱香突出,风格典型^[10]。

酱香型白酒一年一个生产周期,主要包括 8 次发酵,7 次取酒^[11-12]。但是,一、二轮次发酵正处于气温较低的

基金项目:国家自然科学基金项目(编号:31460444)

作者简介:袁再顺,女,贵州大学在读硕士研究生。

通信作者:胡萍(1970—),女,贵州大学教授,博士。

E-mail: hp7085@163.com

收稿日期:2019-01-25

1~3 月份,堆积酒醅容易出现“不来温,顶部没温度,冷心”等发酵异常现象,从而导致发酵不彻底,进而影响酒的产量与质量。破堆移位是探索解决堆积发酵异常的一种措施,该措施是将升温不正常或不升温的堆子四周挖开后,将其转移到旁边的空地上进行再次堆积发酵,一般酒醅会很快升温至正常下窖温度。以往研究^[13]表明,堆积酒醅温度达 50℃左右时,采用破堆移位可有效降低入池温度,提高酱香型白酒的出酒率及优质品率。但是,破堆移位处理后酒醅温度能否迅速上升,以及对酒醅后续的出酒率及质量有无影响,目前尚不清楚。因此,对破堆移位解决酱香酒冬季堆积发酵异常的研究是十分必要的。

本研究以酱香型白酒同生产车间一、二轮次堆积发酵酒醅为研究对象,通过堆积发酵过程中酒醅的温度、水分、还原糖等理化指标及微生物菌群变化进行深入研究,同时结合出酒率和入库酒的质量进行分类对比,摸清破堆移位对冬季气温较低情况下酱香型白酒堆积发酵及其产酒量和质量的影响,为进一步加强酿酒生产工艺的把控提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

选择某酱香型白酒企业同一车间,生产保持相同操作的 1、2 轮次堆积发酵酒醅 A 堆(发酵异常)、B 堆(发酵正常)为研究对象。分别对堆子顶部(离堆顶 10 cm)、中心(离地高度 100~120 cm)、底部(离地高度 20~30 cm)进行混合采样,其中 A 堆,堆积第 1 天命名为 A1,堆积第 3 天命名为 A3,破堆移位处理后堆积第 5 天命名为 A5;B 堆,堆积第 1 天命名为 B1,堆积第 3 天命名为 B3,堆积第 5 天命名为 B5。

3,5-二硝基水杨酸:分析纯,国药集团化学试剂有限公司;

氢氧化钠:分析纯,天津市永大化学试剂有限公司;

葡萄糖:分析纯,成都金山化学试剂有限公司;

土壤 DNA 提取试剂盒:美国 Omega Bio-Tek 公司。

1.2 仪器与设备

电子分析天平:FA2004N 型,上海菁海仪器有限公司;

台式高速冷冻离心机:TGL20M 型,长沙麦佳森仪器设备有限公司;

紫外可见分光光度计:L5S 型,上海仪电分析仪器有限公司;

探针式数显温度计:ST 型,上海金龙精密仪表厂;

PCR 仪:Speed Cycler 型,德国 Analytikjena 公司;

高通量测序仪:GS junior 型,美国 Roche 公司。

1.3 方法

1.3.1 温度的测量 使用工具探针式数显温度计对堆子

的顶部(离堆顶 10 cm)、中心(离地高度 100~120 cm)、底部(离地高度 20~30 cm)进行温度测量,取 3 个部位的平均值,测温点与采样点对应。

1.3.2 水分含量的测定 根据 GB 5009.3—2016《食品中水分含量测定》中的直接干燥法进行测定。

1.3.3 总酸的测定 参照 GB/T 12456—2008《食品中总酸的测定》进行酒醅总酸的测定。

1.3.4 还原糖的测定 参照文献^[14]。

1.3.5 微生物菌落结构分析 使用 E.Z.N.A.土壤 DNA 试剂盒提取酒醅中微生物的总 DNA。酒醅样品的细菌 16S rDNA V3~V4 区扩增用引物 338F (5'-ACTC-CTACGGGAGGCAGCAG-3') 和引物 806R (5'-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3')^[15]进行扩增;酒醅样品的真菌 ITS1 区扩增用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATT-TAGAGGAAGTAA-3') 和引物 ITS2R (5'-GCTGCGT-TCTTCATCGATGC-3')^[16]进行扩增。PCR 扩增产物用 Illumina miseq 测序平台进行高通量测序,利用 Greengene 数据库进行物种注释。

1.3.6 感官评定 酱香白酒入库酒的各个等级有一个评分范围,评定小组共由 7 名评酒师组成,独立进行评分。评分标准见表 1。

表 1 酱香型白酒基酒感官评定标准

Table 1 Sensory evaluation criteria for base wine of Maotai-flavor liquor

等级	分值	标准
酱香	90~100	无色(微黄)透明,无悬浮物,酱香(味)突出,丰满,醇厚,后味长
一级甜	80~89	无色(微黄)透明,无悬浮物,酱香(味)明显,醇和,味甜,尾净
二级甜	70~79	无色(微黄)透明,无悬浮物,有酱香味,略有生粮味,酸涩味,后味微苦
混合	60~69	无色(微黄)透明,酱香味淡,有生粮味,酸涩味较重,后味苦
次品	<60	酒体浑浊,无酱香味,酸涩味重等

1.4 数据处理

试验数据用 Origin 9.0 进行绘图,用 SPSS 16.0 中的 Duncan 检验法进行差异显著性分析 ($P<0.05$)。

2 结果与分析

2.1 温度变化

由图 1 可知,一轮次酒生产时,车间环境气温在 11℃左右,堆积酒醅在整个升温过程均缓慢,需堆积到第 7 天才能达到入窖要求的温度。A 堆在堆积第 1~3 天时,温度上升缓慢(从 21.3℃上升到 25.6℃),B 堆则从堆积第 1 天 21.5℃上升到第 3 天 30℃。出现这种情况时,一般

车间生产上会判定 A 堆出现了发酵异常。采取破堆移位处理,继续堆积到第 5 天时,A 堆温度迅速上升达到 36.3℃,接近 B 堆酒醅第 5 天温度 36.8℃。在接下来堆积升温的过程中(第 6~7 天),2 个酒醅的温度差<1℃,在第 7 天均达到 46℃。

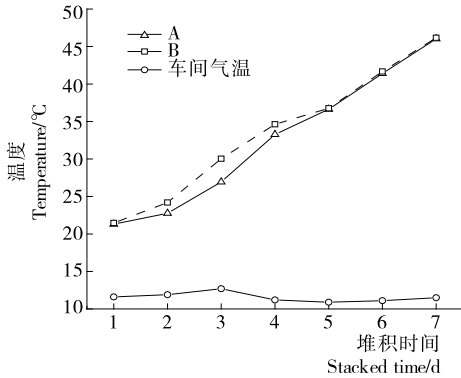


图 1 样品 A、B 堆一轮次堆积酒醅温度变化趋势
Figure 1 Sample A and B first rounds of fermented grains temperature trends

由图 2 可知,二轮次酒生产时,车间环境气温在 18℃ 以上。B 堆在堆积第 1~3 天温度由 34.3℃ 升至 41.7℃,而 A 堆的温度呈缓慢上升趋势(33.8℃ 升到 37.7℃),表明 A 堆的堆积发酵升温异常。因此,对 A 堆进行破堆移位处理,继续堆积发酵到第 5 天时,2 个堆的温度均为 46℃,达到了入窖温度要求。以上结果表明破堆移位处理能使堆积异常发酵酒醅恢复正常升温。

2.2 理化性质的变化

由表 2 可知,一轮次堆积发酵过程中 B 堆的水分含量呈上升趋势,而水分含量在 A 堆发酵异常时,水分含量显著高于正常发酵堆的堆积第 3 天,但在破堆移位后,A 堆的水分含量显著低于 B 堆;二轮次堆积发酵过程中,B 堆的水分含量在第 1~3 天呈下降趋势,在第 3~5 天呈上升趋势。相反地,A 堆在堆积第 1~3 天呈上升趋势,在破堆移位处理后呈下降趋势,到第 5 天酒醅的水分含

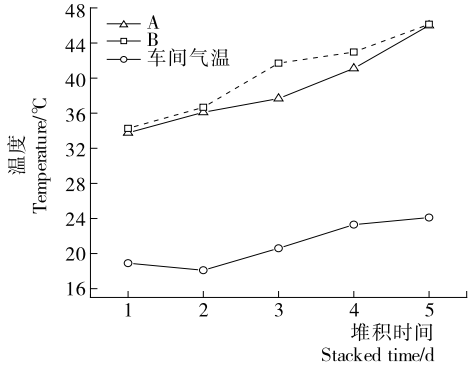


图 2 样品 A、B 堆二轮次堆积酒醅温度变化趋势
Figure 2 Sample A and B second rounds of fermented grains temperature trends

量极显著低于 B 堆。以上结果表明:一、二轮次堆积发酵出现异常时,酒醅的水分含量均显著高于正常发酵堆,破堆移位处理使酒醅的水分减小,可能是破堆移位重新使酒醅温度升高,同时在翻堆移位过程中部分水分消耗所致。

一轮次堆积酒醅在发酵过程中,2 个堆酒醅的总酸含量呈逐渐下降趋势,而破堆移位处理后的总酸含量显著高于正常发酵堆第 5 天;二轮次堆积发酵过程中,第 1~3 天 A 堆酒醅总酸含量呈上升趋势,但 B 堆酒醅总酸呈下降趋势,破堆移位处理后 A 堆总酸含量迅速下降并显著低于正常发酵值。以上结果表明,一、二轮次堆积发酵异常时,酒醅中总酸含量均高于正常发酵值,破堆移位处理能有效降低酒醅中总酸含量。

还原糖含量在一定程度上反映了酱香型酒醅酿造过程中糖化与发酵速度的平衡与协调关系^[17]。由表 2 可知,在一轮次堆积过程中 2 个堆积酒醅中还原糖含量均呈先增加后减少趋势,且 B 堆中还原糖含量显著高于异常发酵的 A 堆;在二轮次发酵中,A 堆发生异常时,还原糖含量迅速下降,破堆移位处理后,还原糖含量升高并显著高于正常发酵值。以上结果表明,一、二轮次堆积发酵发生异常时,酒醅中还原糖含量均低于正常发酵堆,破堆

表 2 一、二轮次堆积酒醅理化指标的变化[†]

Table 2 Changes of physicochemical indexes of fermented grains on first and second round

样品	一轮次堆积酒醅			二轮次堆积酒醅		
	水分含量/%	总酸含量/(g·kg ⁻¹)	还原糖含量/%	水分含量/%	总酸含量/(g·kg ⁻¹)	还原糖含量/%
A1	47.64±0.02 ^d	0.92±0.01 ^a	2.89±0.03 ^f	49.54±0.02 ^e	0.94±0.02 ^c	3.92±0.05 ^a
A3	49.24±0.05 ^c	0.82±0.02 ^b	5.25±0.10 ^b	51.74±0.03 ^b	1.02±0.01 ^a	1.41±0.05 ^e
A5	49.44±0.15 ^b	0.79±0.02 ^{bc}	4.29±0.05 ^e	50.93±0.03 ^d	0.79±0.01 ^d	3.70±0.05 ^b
B1	46.62±0.04 ^e	0.91±0.03 ^a	4.63±0.06 ^c	51.41±0.02 ^c	1.00±0.01 ^{ab}	2.23±0.04 ^d
B3	47.12±0.11 ^d	0.76±0.03 ^c	5.92±0.04 ^a	50.93±0.07 ^d	0.94±0.01 ^c	2.73±0.06 ^c
B5	50.39±0.09 ^a	0.67±0.02 ^d	4.47±0.10 ^d	52.55±0.02 ^a	0.97±0.01 ^b	2.81±0.07 ^c

[†] 不同字母表示差异显著(P<0.05)。

移位处理对二轮次堆积酒醅中还原糖产生是有利的,但对一轮次作用效果不明显,可能是一轮次酒生产时,环境温度较低,产酶微生物及其水解酶的活性较低。

2.3 微生物菌群结构变化分析

2.3.1 一轮次酒醅中微生物群落结构变化 图3为轮次堆积酒醅中细菌在科水平上的菌落结构变化。2个堆积酒醅中共检出9种优势细菌,分别为芽孢杆菌科(*Bacillaceae*)、高温放线菌科(*Thermoactinomycetaceae*)、乳酸杆菌科(*Lactobacillaceae*)、醋杆菌科(*Acetobacteraceae*)、假单胞杆菌科(*Pseudonocardiaceae*)、肠杆菌科(*Enterobacteriaceae*)、放线菌科(*Actinopolysporaceae*)、明串珠菌科(*Leuconostocaceae*)、类杆菌科(*Bacteriodaceae*)。

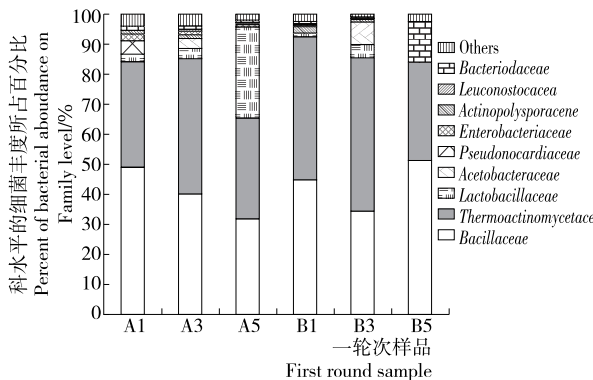


图3 一轮次堆积酒醅中细菌群落结构变化

Figure 3 Changes of the bacterial community structure of fermented grains in the first round

A堆中芽孢杆菌在堆积过程中逐渐减少,但芽孢杆菌在B堆中呈先减少后增加的趋势。高温放线菌在2个堆中均呈先增加后减少趋势。在堆积发酵过程中,A、B堆酒醅中乳酸杆菌均逐渐增加。醋杆菌和假单胞杆菌呈先增加后减少趋势。肠杆菌在两堆酒醅堆积过程均呈下降趋势。放线菌在A堆堆积的第1天酒醅中含量1.46%,显著高于B堆(0.68%),且在2个酒醅的堆积过程均呈下降趋势。明串珠菌在2个堆积酒醅中变化趋势相同,均呈下降趋势,且均在第1天呈现最大值,分别为1.12%,0.49%;A堆在堆积发酵异常的第3天类杆菌科的含量达到1.17%,但在B堆堆积发酵的过程其含量<0.02%。结果表明,破堆移位处理后,除芽孢杆菌外,A堆堆积酒醅中的其他优势细菌均与正常发酵的生长趋势相同,其中乳酸杆菌的增长显著高于正常发酵酒醅。

由图4可知,在科水平上,2个堆积酒醅中共有6种优势真菌检出,分别是散囊菌目(*norank_o_Eurotiales*)、未分类的散囊菌目(*Unclassified_o_Eurotiales*)、嗜热真菌科(*Thermoasceae*)、发菌科(*Trichocomaceae*)、酵母目(*norank_o_Saccharomycetales*)、未分类的酵母目(*Unclassified_o_Saccharomycetales*)。B堆中的散囊菌目真菌随堆积进行呈下降趋势,在堆积第1~3天为绝对优势

菌群,但第5天含量仅占0.62%;在A堆中同样以散囊菌目为绝对优势菌,随堆积时间的推移散囊菌目呈下降趋势,破堆移位处理后酒醅中散囊菌目真菌的含量仍呈下降趋势。未分类的散囊菌目在B堆的堆积过程中逐渐减少;在A堆进行破堆移位处理后,其含量有所增加。嗜热真菌在2个堆积酒醅均随堆积时间的延长逐渐增多,A堆进行破堆移位处理后,由异常时的17.82%增至29.90%。发菌科真菌在B堆发酵的第1~3天含量几乎相等,但第5天其含量显著下降;在A堆进行破堆移位处理后,其含量由异常时的11.39%增至13.60%。酵母目在B堆堆积第5天时为绝对优势真菌,在其他样品中含量均<0.07%。未分类的酵母目在堆积第5天占17.49%,但在其他5组样品中均未检测到。以上结果表明,一轮次堆积异常酒醅在进行破堆移位处理后,除酵母菌外,其他优势真菌的含量均有所增加。

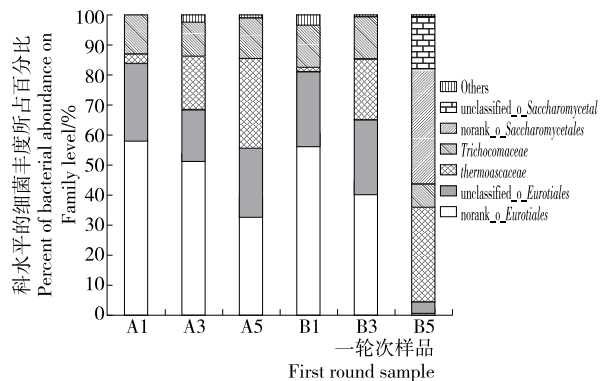


图4 一轮次堆积酒醅中真菌群落结构变化

Figure 4 Changes of the fungi community structure of fermented grains in the first round

2.3.2 二轮次酒醅中微生物群落结构变化 图5为二轮次堆积酒醅中细菌在科水平上的菌落结构变化。共检出8种优势细菌,分别是芽孢杆菌科(*Bacillaceae*)、高温放线菌科(*Thermoactinomycetaceae*)、乳酸杆菌科(*Lactobacillaceae*)、毛螺菌科(*Lachnospiraceae*)、假单胞杆菌科(*Pseudonocardiaceae*)、葡萄球菌科(*Staphylococcaceae*)、消化链球菌(*Peptostreptococcaceae*)、醋杆菌科(*Acetobacteraceae*)。

B堆中芽孢杆菌随堆积时间的增加逐渐增加,但A堆在发生发酵异常时,芽孢杆菌呈下降趋势(从第1天的40.93%降到32.38%),破堆移位处理后,芽孢杆菌的相对丰度增至47.58%。高温放线菌在B堆的堆积过程中呈下降趋势;在A堆的堆积第1~3天时,呈下降趋势,破堆移位处理后高温放线菌含量增加到46.64%。乳酸杆菌在B堆的堆积过程中逐渐增多,在A堆发生异常时,乳酸杆菌的含量迅速增至22.23%,为所测样品中最大值,但破堆移位处理后,其含量减至2.36%。以上结果表明,翻堆带入氧气,高温放线菌为好氧菌,乳酸杆菌为厌氧菌,

因此二者变化趋势与 B 堆相反。

毛螺菌在 B 堆的堆积过程中逐渐减少;在 A 堆发生异常时其含量有所增加,但破堆移位处理后,毛螺菌含量减至 0.06%。假单胞杆菌、葡萄球菌、消化链球菌和醋酸杆菌在 2 个堆的堆积发酵过程中的变化趋势相同。以上结果表明,破堆移位处理使堆子温度达到入窖要求时,有利于芽孢杆菌、高温放线菌等需氧菌的生长,不利乳酸杆菌等厌氧菌的生长。

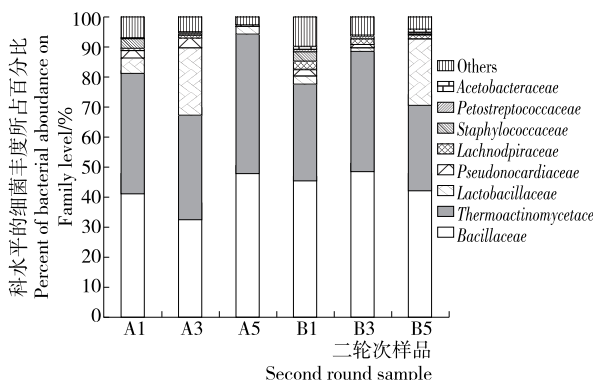


图 5 二轮次堆积酒醅中细菌群落结构变化

Figure 5 Changes of the bacterial community structure of fermented grains in the second round

由图 6 可知,在科水平上 2 个堆子的酒醅中共有 6 种优势真菌群落检出,分别是酵母目(*norank_o_Saccharomycetales*)、散囊菌目(*norank_o_Eurotiales*)、未分类的散囊菌目(*Unclassified_o_Eurotiales*)、嗜热真菌科(*Thermoasaceae*)、发菌科(*Trichocomaceae*)和红曲霉科(*Monascaceae*)。酵母目真菌在 B 堆的堆积过程中快速增多,并在第 3~5 天成为绝对优势菌,相对含量分别占 84.10%,93.56%;A 堆中酵母目真菌在堆积过程中呈增加的趋势,破堆移位处理后其含量降低,但仍为绝对优势菌。正常发酵的堆积酒醅 B 堆中散囊菌目真菌随堆积时间的延长其含量逐渐减少;在 A 堆中同样以散囊菌目为

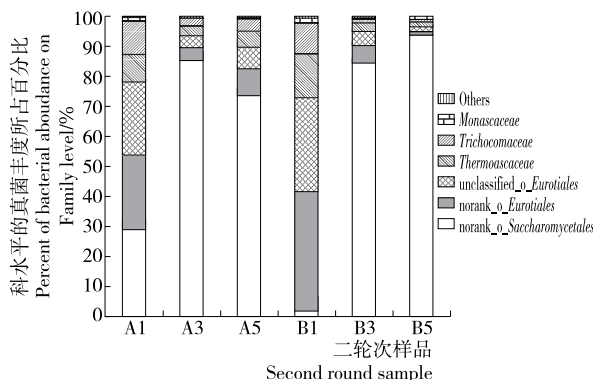


图 6 二轮次堆积酒醅真菌群落结构变化

Figure 6 Changes of the fungi community structure of fermented grains in the second round

主要优势真菌,破堆移位处理后由异常的 4.49% 增至 9.14%。未分类的散囊菌目在 B 堆的堆积过程中逐渐减少;在 A 堆进行破堆移位处理后,其含量由异常时的 3.99% 增至 7.03%。嗜热真菌和发菌科在 B 堆的堆积过程中逐渐减少,在 A 堆进行破堆移位处理后,其含量较异常酒醅均有所增加。结果表明,在二轮次堆积发酵过程中,A 堆第 1 天的真菌群落结构与 B 堆相似,但其酵母菌含量(28.75%)显著高于 B 堆第 1 天(1.74%)。红曲霉在 2 个堆子的堆积过程中呈先减少后增加趋势。以上结果表明,破堆移位处理后,除酵母菌外,其他优势真菌的含量均有所增加,且均高于正常发酵值,有利于后期酒精发酵进行。

2.4 酱香酒产量的变化分析

一、二轮次堆积发酵异常后采取破堆移位处理的 A 堆和正常发酵的 B 堆在经后续窖内发酵后,产酒量如图 7 所示。2 个窖池一轮次酒的产量均低于二轮次酒;A 堆发生异常,采用破堆移位处理后,一轮次酒的产量低于 B 堆,二轮次酒的产量高于 B 堆。以上结果表明,破堆移位处理对一轮次酒产量的影响不显著,但能显著提高二轮次酒的产量。说明气温环境对产酒量影响较大。由于一轮次酒生产时为每年 1~2 月份,环境气温 11℃ 左右,明显低于二轮次酒生产的 2~3 月份,温度可达 18℃ 左右。虽然破堆移位处理能使酒醅温度迅速升至正常,很多微生物的生长呈增长态势,但酵母菌的增长不明显。但二轮次酿酒时,A 堆又表现为堆积发酵异常,但经过破堆移位处理后,其后续产酒量却高于正常发酵酒堆。因此,后续应就堆积酒醅微生物区系变化与温度之间相关性做深入研究。

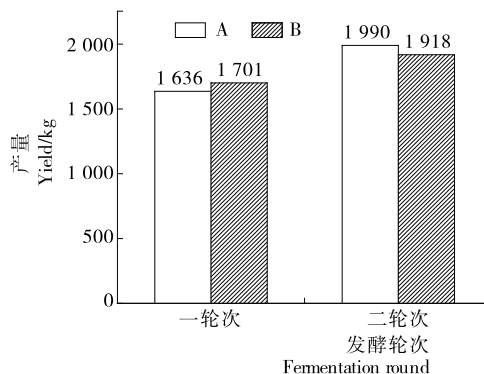


图 7 A、B 堆酒醅的产酒量对比分析

Figure 7 Comparative analysis of the yield between A and B grains

2.5 酱香酒质量的变化分析

7 名评酒师分别对一、二轮次 A、B 酒醅所产基酒进行感官评定,评分结果如表 3 所示。结果表明,2 个窖池的一、二轮次所产基酒的质量评分在(73.6±3.8)~(75.7±

表 3 A、B 酒醅一、二轮次所产基酒质量评分表

Table 3 Qualities scores of the first and second round base liquor in A and B

轮次	1 号	2 号	3 号	4 号	5 号	6 号	7 号	平均值	质量等级
一轮次酒 A	70	75	80	75	75	75	80	75.7±3.5	二级甜
一轮次酒 B	80	75	75	75	70	75	75	75.0±2.9	二级甜
二轮次酒 A	80	80	75	75	70	70	75	75.0±4.1	二级甜
二轮次酒 B	80	75	70	70	70	75	75	73.6±3.8	二级甜

3.5),按表 1 酱香型白酒基酒感官评定标准,将这 4 种基酒的质量等级均定为二级甜。以上结果说明,破堆移位处理能保证酱香型白酒的质量。

3 结论

本研究对酱香型白酒一、二轮次同一生产车间相邻 2 个堆积酒醅的发酵情况进行了跟踪研究,并对发酵异常的 A 堆进行了破堆移位处理。结果表明,破堆移位处理后异常堆恢复正常升温,且能显著增加二轮次酒醅中还原糖含量,有效降低酒醅的总酸含量与水分含量。运用高通量测序技术对一、二轮次堆积酒醅中的微生物菌落结构分析表明,破堆移位处理对一轮次酒醅中细菌的影响不显著,但可以显著增加二轮次堆积酒醅中好氧菌如芽孢杆菌和高温放线菌的含量,并减少乳酸杆菌的含量。异常酒醅在“破堆移位”后,除酵母菌外,其他优势真菌的含量均有所增加。对入库酒的产量与质量进行对比分析也表明,破堆移位能保证一、二轮次酒的产量和质量,并且能使二轮次酒的产量显著提高。因此,该试验证实了破堆移位能显著改善酱香酒一、二轮次冬季生产时易发生的堆积发酵不升温的异常现象。但是,发酵异常酒醅中优势菌的变化规律及破堆移位对窖内发酵的影响机制尚未十分清楚,需后续对其进行深入剖析,以明确破堆移位对酱香型白酒发酵的作用机理,为酿造高品质的酱香型白酒的质量控制提供理论支撑。

参考文献

[1] XU Yan, JI Ke-liang. Moutai (Maotai): production and sensory properties [M]//Alcoholic Beverages: Sensory Evaluation and Consumer. [S. l.]: Woodhead Publishing, 2012: 315-330.

[2] ZHENG Xiao-wei, TABRIZI M R, NOUT M J R, et al. Daqu-atraditional Chinese liquor fermentation starter [J]. Journal of the Institute of Brewing, 2012, 117(1): 82-90.

[3] WU Qun, XU Yan, CHEN Liang-qiang. Diversity of yeast species during fermentative process contributing to Chinese Maotai-flavour liquor making[J]. Letters in Applied Microbiology, 2012, 55(4): 301-307.

[4] ZHANG Rong, WU Qun, XU Yan. Aroma characteristics of Moutai-flavour liquor produced with *Bacillus licheniform* is,

by solid-state fermentation[J]. Letters in Applied Microbiology, 2013, 57(1): 11-18.

[5] WANG Qiang, ZHANG Hong-xun, LIU Xiu. Microbial Community Composition Associated with Maotai Liquor Fermentation[J]. Journal of Food Science, 2016, 81(6): 1 485-1 494.

[6] 尚柯. 酱香型白酒高温堆积工艺机理的初步研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2016: 17.

[7] 杨漫江. 堆积发酵对酱香型白酒风味物质形成的影响[J]. 酿酒科技, 2011(7): 72-73.

[8] 游玲, 聂骊锟, 石晓东, 等. 温度对芝麻香白酒堆积发酵的影响[J]. 食品与发酵工业, 2015, 41(9): 69-73.

[9] WU Qun, CHEN Liang-qiang, XU Yan. Yeast community associated with the solid state fermentation of traditional Chinese Maotai-flavor liquor [J]. International Journal of Food Microbiology, 2013, 166(2): 323-330.

[10] 周恒刚. 酱香型白酒生产工艺的堆积[J]. 酿酒科技, 1999 (1): 5-7.

[11] 戴奕杰, 田志强, 黄家岭, 等. 酱香型白酒生物化学及微生物学研究进展[J]. 酿酒科技, 2016(3): 100-105.

[12] WANG Ming-yao, YANG Jian- gang, ZHAO Qing-song, et al. Research Progress on Flavor Compounds and Microorganisms of Maotai Flavor Baijiu [J]. Journal of Food Science, 2019, 84(1): 6-18.

[13] 卓毓崇, 蒋英丽, 王会, 等. 破堆移位降温技术对酱香型白酒出酒率的影响[J]. 酿酒科技, 2014(11): 55-57.

[14] 赵凯, 许鹏举, 谷广烨. 3,5-二硝基水杨酸比色法测定还原糖含量的研究[J]. 食品科学, 2008(8): 534-536.

[15] XU Nan, TAN Guang-cai, WANG Hong-yuan, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. European Journal of Soil Biology, 2016, 74(2): 1-8.

[16] ADAMS R I, MILETTO M, TAYLOR J W, et al. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances[J]. The ISME Journal, 2013, 7(7): 1 262-1 273.

[17] 王丹丹. 白酒发酵过程中酶系与物系的相关性研究[D]. 北京: 北京理工大学, 2015: 29.