

DOI: 10.13652/j.spjx.1003.5788.2026.60005

沪酿 3.042 强化大曲菌酶特性与白酒生香的关联性研究

余有贵^{1,2} 杨 涛³ 朱栋才³ 李 杰³ 吴立平³ 邵琦琦³
杨 陶¹ 陈正培⁴ 汤向阳^{2,3}

(1. 邵阳学院生态酿酒湖南省现代产业学院, 湖南 邵阳 422000; 2. 生态酿酒新技术与应用湖南省重点实验室, 湖南 邵阳 422000; 3. 江西李渡酒业有限公司, 江西 南昌 331700; 4. 重庆正雅生物科技有限公司, 重庆 405807)

摘要: [目的] 探究沪酿 3.042 在白酒酿造中的跨界强化效果。[方法] 在李渡白酒传统中高温大曲原料中植入添加量为 1% 的沪酿 3.042 种子培养强化大曲及其回糟酿酒, 以酒曲和回糟基酒为样品, 运用单分子实时测序及顶空固相微萃取—气相色谱—质谱联用技术, 解析大曲理化特性、微生物群落组成及基酒风味化合物与大曲主要微生物的关联性。[结果] ① 强化大曲水分略降 ($P > 0.05$), 酸度显著下降 ($P < 0.05$), 液化力略升 ($P > 0.05$), 蛋白酶、糖化力、发酵力和酯化力均显著上升 ($P < 0.05$)。② 强化大曲细菌多样性下降、真菌多样性上升, 优势菌属为芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、莱德伯格菌属 (*Lederbergia*)、海恩德氏菌属 (*Heyndrickxia*) 和克罗诺杆菌属 (*Cronobacter*)、嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*) 和曲霉菌属 (*Aspergillus*) 6 类。③ 强化组基酒与对照组风味化合物种数差异小 ($P > 0.05$), 但总量平均提升 22.19% ($P > 0.05$), 酮类提升 81.32% ($P < 0.05$), 吡嗪类提升 360.26% ($P < 0.01$), 酯类、醛类略有提升而醇类略有减少 ($P > 0.05$), 有 20 种差异性关键化合物 ($P < 0.05$, VIP > 1), 以果香、花香、奶香和焦香香气为主。④ 米曲霉 (*Aspergillus*)、枯草芽孢杆菌 (*Bacillus*) 与甲基丁酸乙酯呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与吡嗪类、酮类化合物呈正相关。[结论] 添加 1% 的沪酿 3.042 种子可改善中高温大曲理化及微生物结构, 提升李渡基酒关键风味化合物含量。

关键词: 沪酿 3.042; 强化大曲; 理化性质; 微生物群落; 风味化合物; 白酒酿造

Correlation between enzymatic characteristics of Huniang 3.042-fortified Daqu and aroma production in Baijiu brewing

YU Yougui^{1,2} YANG Tao³ ZHU Dongcai³ LI Jie³ WU Liping³ SHAO Qiqi³
YANG Tao¹ CHEN Zhengpei⁴ TANG Xiangyang^{2,3}

(1. Modern Industrial College of Ecological Brewing in Hunan Province, Shaoyang University, Shaoyang, Hunan 422000, China; 2. Hunan Provincial Higher Education Key Laboratory of New Technology and Application for Ecological Baijiu Production, Shaoyang University, Shaoyang, Hunan 422000, China; 3. Jiangxi Li Du Liquor Co., Ltd., Nanchang, Jiangxi 331700, China; 4. Chongqing Zhengya Biotechnology Co., Ltd., Chongqing 405807, China)

Abstract: [Objective] To explore the cross-border enhancement effect of Huniang 3.042 in Baijiu brewing. [Methods] One percent of Huniang 3.042 seed culture is inoculated into the traditional medium-high temperature Daqu raw materials for fortified Daqu production and

基金项目: 中央引导地方科技发展专项资金项目 (编号: 2024ZYC029); 湖南省创新型省份建设专项资金项目 (编号: 2025RC3283); 湖南省普通高等学校科技创新团队支持项目 (编号: 湘教通 [2023] 233 号); 校企合作项目 (编号: 2024HX23, 2026HX01, 2025hx291, 2025hx292)

通信作者: 陈正培 (1989—), 男, 重庆正雅生物科技有限公司副教授, 硕士。E-mail: zhengyabio@126.com
汤向阳 (1968—), 男, 江西李渡酒业有限公司高级经济师。E-mail: txy799@zjld.com

收稿日期: 2026-01-02 **改回日期:** 2026-02-10

引用格式: 余有贵, 杨涛, 朱栋才, 等. 沪酿 3.042 强化大曲菌酶特性与白酒生香的关联性研究 [J]. 食品与机械, 2026, 42(2): 10-23.

Citation: YU Yougui, YANG Tao, ZHU Dongcai, et al. Correlation between enzymatic characteristics of Huniang 3.042-fortified Daqu and aroma production in Baijiu brewing [J]. Food & Machinery, 2026, 42(2): 10-23.

fermentation with refermentation grains. Then, with the Daqu and the crude Baijiu fermented by refermentation grains as samples, the physicochemical properties and microbial community composition of the Daqu, as well as the correlation between the flavor compounds in the crude Baijiu and the primary microorganisms in the Daqu are analyzed using single-molecule real-time sequencing (SMRT) and headspace solid-phase microextraction-gas chromatography-mass spectrometry (HS-SPME-GC-MS). [Results] ① The fortified Daqu exhibits slightly decreased water content ($P>0.05$), significantly decreased acidity ($P<0.05$), slightly increased liquefaction power ($P>0.05$), as well as significantly increased protease, saccharification power, fermentation power, and esterification power ($P<0.05$). ② The fortified Daqu shows decreased bacterial diversity and increased fungal diversity, with 6 dominant microbial genera of *Bacillus*, *Lederbergia*, *Heyndrickxia*, *Cronobacter*, *Thermoascus*, and *Aspergillus*. ③ Compared with the control group, the crude Baijiu of the fortified Daqu group demonstrates a small difference in flavor compound types ($P>0.05$), increased total amount of flavor compounds by 22.19% ($P>0.05$), including ketones increased by 81.32% ($P<0.05$) and pyrazines by 360.26% ($P<0.01$), slightly increased esters and aldehydes, as well as slightly decreased alcohols (all $P>0.05$). Furthermore, 20 key differential compounds are determined ($P<0.05$, VIP >1), mainly presenting fruity, floral, creamy, and roasted aromas. ④ *Aspergillus* and *Bacillus* are positively correlated with ethyl methyl butyrate ($P<0.05$), while they are positively correlated with pyrazine and ketone compounds. [Conclusion] Fortification with 1% Huniang 3.042, medium-high temperature Daqu demonstrates improved physicochemical properties and microbial structures, thereby increasing key flavor compound content in Li Du crude Baijiu.

Keywords: Huniang 3.042; fortified Daqu; physicochemical property; microbial community; flavor compound; Baijiu brewing

大曲是中国传统白酒固态发酵的核心驱动力,其内含复杂的微生物菌群(细菌、酵母、霉菌)及酶系^[1],主导着白酒风味化合物的代谢途径,直接决定了酒体风味物质的生成与最终品质^[2-3]。不同类型的大曲决定了不同香型白酒的风格,特香型白酒作为中国 12 种香型白酒之一,具有独特香气^[4],其微生物类群独具特色。Chen 等^[5]研究发现,特香型白酒酿造大曲中,醋酸杆菌属(*Acetobacter*)和毕赤酵母属(*Pichia*)是大曲表面部位的优势微生物,而曲霉属(*Aspergillus*)、克罗彭斯泰德菌属(*Kroppenstedtia*)、海洋芽孢杆菌属(*Oceanobacillus*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*)则在大曲中心部位占据优势。

然而,传统大曲的品质受气候、地理、工艺及人工经验等因素影响显著,导致产品批次稳定性欠佳。为突破这一瓶颈,基于功能微生物的强化大曲技术应运而生,通过定向引入或富集特定产香、产酶菌株,旨在从源头精准调控白酒风味谱并提升其品质^[6]。目前,强化大曲研究多聚焦于从白酒酿造体系内部筛选功能菌株^[7-8]。例如,Fu 等^[9]探究了添加含黑曲霉 NCUF413.1 和酿酒酵母 NCUF304.1 的生物强化大曲,可以改变微生物群落结构,提高发酵粮醅的乙醇产量和香气化合物含量,进而提升白酒品质。范斌强等^[10]研究表明,外源引入黑茶中的冠突散囊菌(*Eurotium cristatum*)对中高温大曲进行强化,能有效提升大曲的糖化力与酯化力($P<0.05$),展现了跨界功能菌的应用潜力。

米曲霉(*Aspergillus oryzae*)具备卓越的产酶能力,可分泌蛋白酶、糖化酶、酯化酶等多种酶类^[11-12]。米曲霉是传统发酵食品(如酱油、豆酱)中的安全菌种,其跨界应用于白酒大曲强化领域,虽极具创新价值,但目前仍是一个

尚未深入探索的研究方向,其在复杂白酒发酵体系中如何影响土著微生物、酶系及调控风味机制尚不明。试验拟将酱油源米曲霉沪酿 3.402 跨界用于李渡白酒中高温大曲强化,以 1% 添加量植入原料,对比强化大曲与普通大曲在核心理化指标、微生物群落、酿酒生香效能上的差异,挖掘基酒风味物质与大曲微生物、酶活性的关联,旨在为提升大曲品质和基酒风味提供依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与仪器

1.1.1 主要材料

菌种:沪酿 3.042(*Aspergillus oryzae* CICC 2339),实验室保存;

面粉、麸皮、鲜酒糟:市售;

乙醇:分析纯,国药集团化学试剂有限公司;

甲醇、乙腈:纯度 $\geq 99.9\%$ (HPLC 级),赛默飞世尔科技(中国)有限公司;

甲酸:纯度 $\geq 98\%$ (HPLC 级),上海乾思生物科技有限公司;

2-丙醇:纯度 $\geq 99.9\%$ (HPLC 级),德国默克公司;

2-氯-L-苯丙氨酸:纯度 $\geq 98\%$,上海泰坦科技股份有限公司;

Q5®超保真 DNA 聚合酶:规格 M0491L,新英格兰生物实验室(NEB)公司;

Quant-iT PicoGreen 双链 DNA(dsDNA)定量检测试剂盒、琼脂糖:赛默飞世尔科技(中国)有限公司。

1.1.2 主要仪器

PCR 扩增仪:2720 型,美国应用生物系统(ABI)公司;

酶标仪:FLX800T型,伯腾生命科学有限公司;
 电泳仪:DYY-6C型,北京六一生物科技有限公司;
 凝胶成像系统:BGgdsAUTO(130)型,北京百晶生物技术有限公司;
 冷冻离心机:Centrifuge 5424 R型,艾本德中国有限公司;
 冷冻离心机:Centrifuge 5430R型,艾本德中国有限公司;
 多样品冷冻研磨仪:Wonbio-96c型,上海万柏生物科技有限公司;
 台式快速离心浓缩干燥器:LNG-T88型,太仓市华美生化仪器厂;
 液相色谱系统:Transcend UHPLC型,赛默飞世尔科技(中国)有限公司;

质谱仪:Exploris240型,赛默飞世尔科技(中国)有限公司。

1.2 试验方法

1.2.1 工艺流程 沪酿 3.042 菌种强化的生产试验工艺流程如图 1 所示。参照文献[13]将面粉、麸皮、鲜酒糟和水按一定比例混合制成酒曲坯。试验分为扩大培养菌种、制作中高温大曲和新曲经贮存 180 d 的陈曲粉碎后用于回糟酿酒 3 个环节。正常曲的对照组 A,强化曲的试验组 C 中米曲霉沪酿 3.042 麸曲种子添加量为 1.0%(质量分数,以小麦和麸皮两者总质量计)。A、C 组同时培养 3 个批次的平行试验曲,先取样测定理化指标和微生物群落结构;再将其用于回糟酿酒,进行 3 个批次的平行回糟酿酒试验,得到相应的酒样 CG 和 AOG。

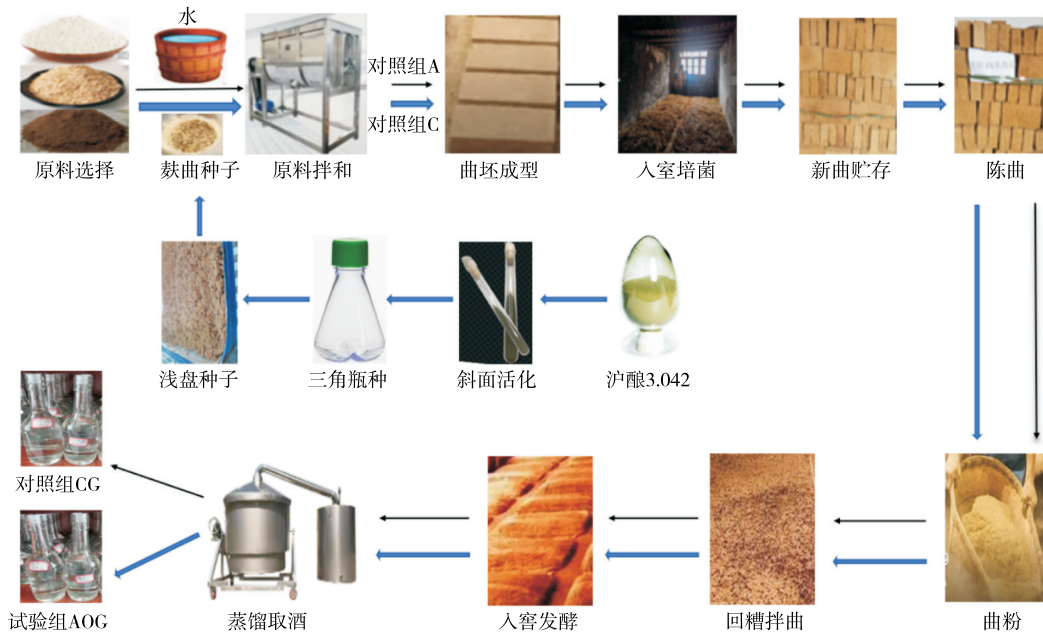


图 1 沪酿 3.042 菌种强化生产试验工艺流程

Figure 1 Production trial process to fortify Huniang 3.042 strain

1.2.2 大曲取样方法 在 A、C 组的 3 个批次试验曲堆中,分别从每组每个批次的下、中、上 3 层中各选取中高温大曲 3 块,同一批次的每个试验组中 9 块曲样组成 1 个小组样,将其粉碎过 40 目筛并混合成一个样品,每组得到 3 个小组样共 27 块曲,分别记作 A₁、A₂、A₃、C₁、C₂、C₃,将其分别分成两份,一份样品于 4 °C 贮藏用于分析理化参数,另一份样品于 -80 °C 贮藏用于检测微生物群落^[14]。

1.2.3 基酒取样方法 将 3 个批次 A、C 组陈曲粉碎后分别标记为 A₁、A₂、A₃、C₁、C₂、C₃,用于回糟酿酒。选取发酵正常的窖池 18 个,分 3 个批次进行酿酒,每批次 6 个,其中 A、C 组试验曲各 3 个。在每个窖池上一轮次蒸馏取酒后

留取 1 甑回糟,冷却、加曲、拌匀,控制回糟发酵入窖条件为淀粉 10%~12%、水分 58%~60%、酸度 2.2~2.4 mmol/10 g、温度 19~21 °C, A、C 组酒曲添加量分别为 10.0、8.5 kg/甑,移入窖池底部,加粮糟直至封窖。发酵 30 d 后,取窖底回糟醅,单独拌入老糠装甑馏酒,经截头去尾接取中间酒。将同一批次的同一组酒曲生产的 3 个平行基酒混匀,取酒样装瓶,共得到 6 个基酒样,分别标记 CG₁、CG₂、CG₃ 和 AOG₁、AOG₂、AOG₃,于 4 °C 贮藏备用。

1.2.4 理化指标测定

(1) 水分、酸度、液化力、糖化力、发酵力、酯化力:参照 QB/T 4257—2011。

(2) 蛋白酶:参照SB/T 10317—1999。

1.2.5 微生物检测 采用MagBeads FastDNA Kit for Soil (116564384)试剂盒提取大曲总基因组DNA,使用引物338F (5'-ACTCTACGGGAGGCAGCA-3'), 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对细菌16S rRNA V3~V4区进行扩增;使用引物对ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3')和ITS2 (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对真菌ITS1区进行扩增和测序,扩增条件:98℃预变性5 min;98℃变性30 s,55℃退火45 s,使引物与模板充分退火;72℃延伸45 s,循环30次;72℃保持延伸5 min,12℃保存。PCR使用25 μL反应体:Q5 high-fidelity DNA polymerase 0.25 μL,5×Reaction Buffer 5 μL,5×High GC Buffer 5 μL,dNTP (10 mmol/L)22 μL,DNA模板2 μL,正向引物(10 μmol/L)1 μL,反向引物(10 mol/L)1 μL,无菌水8.75 μL。回收目的片段并进行纯化后送派森诺生物科技有限公司进行测序验证^[15]。

1.2.6 酒样挥发性化合物测定 采用LC-MS方法检测。

(1) 样品处理:精确移取200 μL样品至1.5 mL离心管中;加入800 μL提取液($V_{\text{甲醇}}:V_{\text{乙腈}}=1:1$),含4种内标(L-2-氯苯丙氨酸等);涡旋混匀30 s,低温超声提取30 min(5℃,40 kHz);将样品于-20℃静置30 min;4℃、13 000×g离心15 min,移取上清液,氮气吹干;加入120 μL复溶液($V_{\text{乙腈}}:V_{\text{水}}=1:1$)复溶;涡旋混匀30 s,低温超声萃取5 min(5℃,40 kHz);4℃、13 000×g离心10 min,移取上清液至带内插管的进样小瓶中上机分析;每个样本分别移取20 μL上清液混匀后作为质控样本。

(2) 色谱条件:色谱柱为ACQUITY UPLC HSS T3 (100 mm×2.1 mm,1.8 μm);流动相A为95%水+5%乙腈(含0.1%甲酸),流动相B为47.5%乙腈+47.5%异丙醇+5%水(含0.1%甲酸),进样量3 μL,柱温40℃。

(3) 质谱条件:样品经电喷雾电离,分别采用正、负离子扫描模式采集质谱信号。扫描范围70~1 050 m/z;鞘气流速60 L/min;辅助气流速20 L/min;加热温度350℃;毛细管温度320℃;正喷雾电压3 400 V;负喷雾电压-3 000 V;S-Lens电压70 V;碰撞能分别为20%,40%,60%;分辨率60 000 Full MS;分辨率15 000 MS²。

(4) 酒样中化合物分析:根据化合物质谱特征,对特征离子进行提取,采用Progenesis QI v3.0 (Waters Corporation, Milford, USA)获得MS和MS/MS质谱信息,然后与代谢数据库(<http://www.hmdb.ca/>、<https://metlin.scripps.edu/>等)进行匹配,MS质量误差设置为 $<1\times 10^{-5}$,同时根据二级质谱匹配得分鉴定化合物。由上海美吉生物医药科技有限公司提供检测结果。

1.3 数据分析

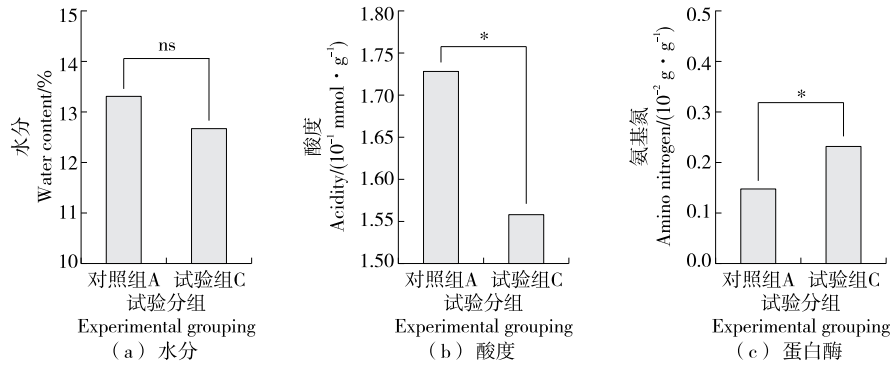
使用R语言中的microeco软件包(v1.14.0)计算多个分类水平上扩增子序列变异(ASV)的相对丰度^[16]。利用R语言(v4.2.1)中的vegan软件包(v2.6-10)将ASV表格稀释至统一测序深度后,计算群落丰富度(Chao1指数)、多样性(香农指数,Shannon)和布雷-柯蒂斯距离(Bray-Curtis distances)^[17]。使用R语言中的rstatix软件包(v0.7.2)进行统计分析。使用ropls软件包(v1.40.0)计算偏最小二乘判别分析(PLS-DA)的VIP值^[18]。使用R语言中的ggplot2软件包(v3.5.2)对微生物群落数据、理化性质和挥发性化合物进行可视化展示。利用网络工具(<https://www.omicstudio.cn/tool>)对微生物群落与理化性质或挥发性化合物之间的相关性进行可视化。使用比较基因组学工具Panacota(v1.4.0)进行微生物核心基因组分析,并使用Adobe Illustrator进行图像布局。采用PASW Statistics 18统计软件中方差分析(ANOVA)进行单因素方差分析,数据以“平均值±标准差”表示,显著性判断标准为 $P<0.05$ 。

2 结果与分析

2.1 1%沪酿3.042强化对大曲理化指标的影响

由图2和图3可知,与A组相比,C组水分均略有下降($P>0.05$),酸度显著下降($P<0.05$);液化力略有上升($P>0.05$),蛋白酶、糖化力、发酵力和酯化力均显著上升($P<0.05$),说明沪酿3.042强化后的大曲品质有所提高。从水分和酸度指标来看,沪酿3.042强化后水分含量略有下降($P>0.05$),说明强化大曲中微生物活动更旺盛,加速了水分代谢,有利于防止曲心窝水、杂色等异常现象;酸度显著下降($P<0.05$),与简晓平等^[19]的结果相反,可能是沪酿3.042抑制了产酸微生物的过度繁殖,或者通过代谢调节平衡了大曲的酸碱环境。

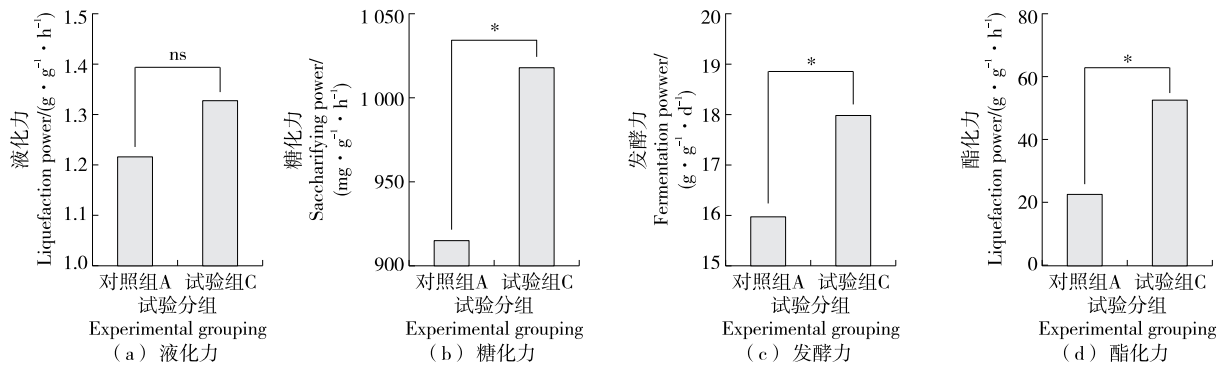
在酶活性方面,大曲是含有菌和酶的生物制剂,在制曲过程中,微生物代谢产生的各种酶,如淀粉酶、糖化酶、蛋白酶和酯化酶等,可用于白酒发酵中原料水解生成酒精和风味化合物^[20]。试验中,液化力、糖化力、蛋白酶、发酵力和酯化力的变化趋势与Mu等^[21]的研究结果一致,表明沪酿3.042强化可有效增强大曲酶系功能。蛋白酶作为蛋白质分解和调节微生物代谢环境的关键酶类,在风味物质合成过程中发挥了重要作用^[22]。试验中蛋白酶活性显著提升($P<0.05$)与袁华伟等^[23]的研究结果相符,进一步验证了米曲霉菌产蛋白酶的普适性。糖化力与液化力分别反映淀粉分解为葡萄糖及糊精的能力,试验中糖化力显著提升($P<0.05$),与Li等^[24]的结果一致,表明强化大曲可优化糖代谢途径。酯化力作为风味形成的关键指标,试验中酯化力显著提升($P<0.05$),与Yang等^[25]在



*表示统计学显著差异 ($P < 0.05$), ns 表示统计学非显著差异

图 2 沪酿 3.042 强化对大曲水分、酸度和蛋白酶的影响

Figure 2 Effects of Huniang 3.042 biofortification on water content, acidity, and protease in Daqu



*为显著差异 ($P < 0.05$), ns 为非显著差异

图 3 沪酿 3.042 强化对大曲液化力、糖化力、发酵力和酯化力的影响

Figure 3 Effects of Huniang 3.042 biofortification on liquefaction power, saccharification power, fermentation power, and esterification power in Daqu

中温大曲中通过宏基因组学揭示的酯化酶代谢网络活性增强趋势吻合,表明沪酿 3.042 强化可促进酯类风味物质合成。综上,添加 1% 沪酿 3.042 强化优化了中高温大曲的理化性质,为提升白酒出酒率与风味品质奠定了基础。

2.2 1% 沪酿 3.042 强化对大曲微生物群落结构的影响

2.2.1 对大曲细菌群落结构的影响 通过测序,所有样

品共产生 154 878 条测序序列,平均每个样品的测序量为 25 813。由图 4(a)和图(b)可知,C 组样品中细菌的 Chao1 指数比 A 组的明显增加,而 Shannon 多样性指数则降低,表明接种沪酿 3.042 增加了样品中细菌的丰度,但在一定程度上降低了其多样性。

由图 4(c)可知,大曲中检测到相对含量 > 1% 的优势

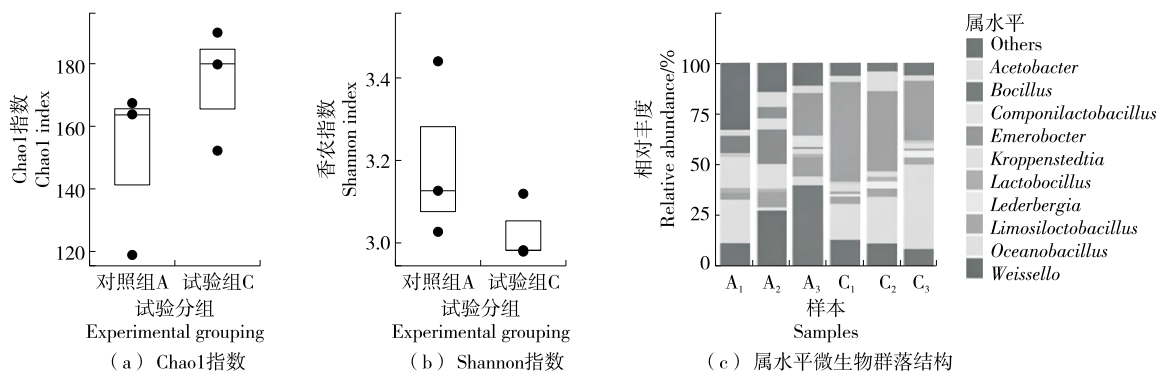


图 4 大曲样品中细菌的 α 多样性及优势微生物组成

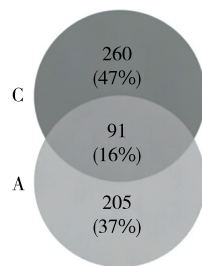
Figure 4 Alpha diversity and dominant microbial composition of bacteria in Daqu samples

菌属共 10 个。这些优势细菌中, C 组样品中有 4 种细菌比 A 组的增加, 分别为大洋芽孢杆菌属 (*Oceanobacillus*, $P > 0.05$)、莱德伯格菌属 (*Lederbergia*, $P > 0.05$)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*, $P < 0.05$) 和醋杆菌属 (*Acetobacter*, $P > 0.05$); C 组样品中有 6 种细菌比 A 组的减少, 分别为魏斯氏菌属 (*Weissella*, $P > 0.05$)、泥乳酸杆菌属 (*Limosilactobacillus*, $P > 0.05$)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*, $P > 0.05$)、克氏菌属 (*Kroppenstedtia*, $P > 0.05$)、肠杆菌属 (*Enterobacter*, $P > 0.05$) 和伴乳酸杆菌属 (*Companilactobacillus*, $P > 0.05$)。

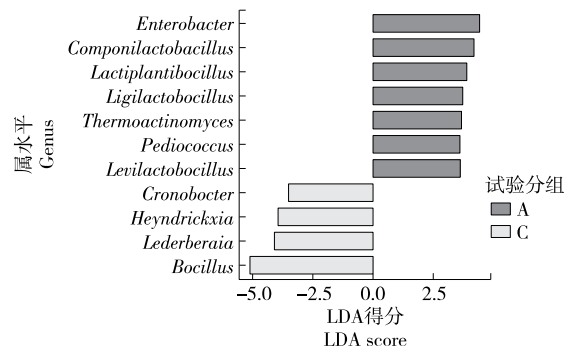
由图 5(a) 可知, 在所有细菌 ASV 中, 共有 91 个 ASV 为两组样品所共有, 共有的 ASV 中包含的微生物分别占 A、C 组的 30.74%, 25.93%, 表明共有菌群虽然仅占据了

16% 的 ASV 数量, 但其中所蕴藏的微生物仍构成了大曲中微生物的主体。因此, 沪酿 3.042 干预更多的是改变了样品中微生物群落中不同细菌类群的比例, 而非其类群的组成。

由图 5(b) 可知, C 组富集的菌属主要包括芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、莱德伯格菌属 (*Lederbergia*)、海恩德氏菌属 (*Heyndrickxia*) 和克罗诺杆菌属 (*Cronobacter*), 而 A 组富集的菌属主要包括肠杆菌属 (*Enterobacter*)、伴乳杆菌属 (*Companilactobacillus*)、植物乳植杆菌属 (*Lactiplantibacillus*)、利吉氏乳杆菌属 (*Ligilactobacillus*)、片球菌属 (*Pediococcus*)、嗜热放线菌属 (*Thermoactinomyces*) 和勒维乳杆菌属 (*Levilactobacillus*)。



(a) 共有细菌菌群维恩图



(b) 细菌差异性分析

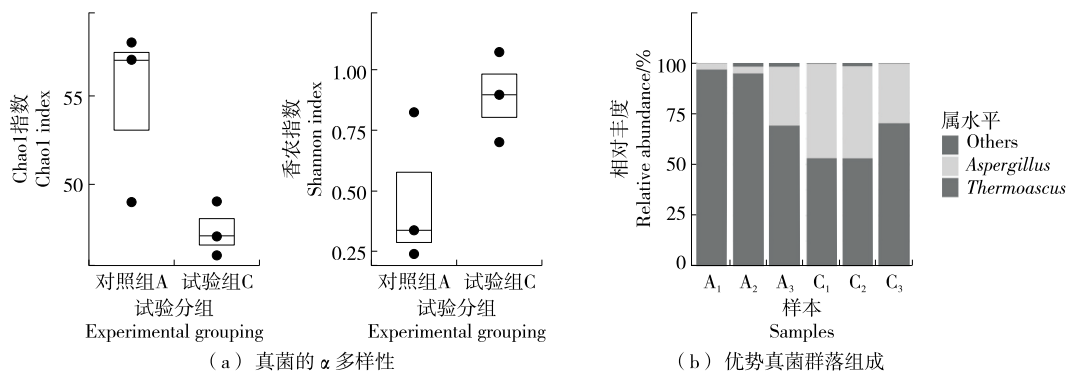
图 5 细菌共有菌群和差异菌群分析

Figure 5 Analysis of shared and differential bacterial flora

2.2.2 对大曲真菌的影响 通过测序, 所有样品真菌共产生了 130 734 条测序序列, 平均每个样品的测序量为 21 789。由图 6(a) 可知, C 组样品中真菌的 Chao1 指数比 A 组样品明显下降, 而 Shannon 多样性指数明显升高, 表明接种 1% 沪酿 3.042 降低了样品中真菌的丰度, 但在一定程度上增加了其多样性。该变化趋势与样品中细菌的变化趋势完全相反。由图 6(b) 可知, 样品中优势真菌构

成较为简单, 只有嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*) 和曲霉菌属 (*Aspergillus*, 11.77%) 的相对含量 $> 1\%$ 。此外, 与 A 组相比, C 组样品中曲霉菌属的相对丰度出现了明显升高 ($P > 0.05$), 表明沪酿 3.042 强化是提高大曲样品中曲霉菌属微生物的有效手段。

芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、大洋芽孢杆菌属 (*Oceanobacillus*)、嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*) 和曲霉菌



(a) 真菌的 α 多样性

(b) 优势真菌群落组成

图 6 大曲样品中真菌的 α 多样性及优势微生物组成

Figure 6 Alpha diversity and dominant microbial composition of fungi in Daqu samples

属 (*Aspergillus*) 在米曲霉的强化大曲中为优势菌属, 与 Yang 等^[26] 的报道具有一致性。同时, 芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、大洋芽孢杆菌属 (*Oceanobacillus*)、克氏菌属 (*Kroppenstedtia*)、嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*)、曲霉菌属 (*Aspergillus*) 和嗜热霉属 (*Thermomyces*) 等是高温大曲的核心菌群^[27-28], 强化大曲因芽孢杆菌和曲霉属丰富, 可能在糖化、生香等方面有更好表现^[29]。细菌和真菌多样性变化趋势相反, 可能与沪酿 3.042 强化后细菌和真菌之间的相互作用, 以及其对环境资源的竞争利用密切相关。Zhou 等^[30] 研究表明, 在固态发酵过程中, 米曲霉与优势细菌之间主要存在直接吸附与竞争两种相互作用形式, 其还能刺激米曲霉分泌更多的蛋白酶, 进而加速发酵原料的降解过程。在大曲强化过程中, 米曲霉沪酿 3.042 的添加量超过一定限度时, 大曲的微生态环境会发生改变。由于细菌和真菌在生态位上存在差异, 这种改变会产生两方面影响: 一方面, 有利于真菌共生, 从而使其多样性得以增加; 另一方面, 丝状真菌在生长过程中会产生影响其他微生物生长的次级代谢产物^[31], 这会导致部分细菌的生长受到竞争性抑制, 而部分细菌能够以代谢互作优势生长, 最终呈现出细菌丰度增加但多样性降低的情况。

He 等^[32] 将贝莱斯芽孢杆菌 (*Bacillus velezensis*) 和枯草芽孢杆菌 (*Bacillus subtilis*) 用于中高温大曲的强化, 提高了芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和乳酸菌属 (*Lactobacillus*) 的丰度, 与试验结果相反, 说明不同的功能菌强化产生的效果有一定的差异。然而, 试验结果与 Xu 等^[33] 的研究结果具有一致性, 提高了芽孢杆菌 (*Bacillus*) 的丰度而降低了乳酸菌 (*Lactobacillus*) 的丰度。芽孢杆菌和乳杆菌可能存在潜在的拮抗作用。因为乳酸菌可能产生乳酸和细菌素, 导致大曲的 pH 值降低^[34]。陈家晖^[35] 对白云边高温大曲进行内源性芽孢杆菌强化, 发现强化大曲中 *Aspergillus* 和 *Bacillus* 相对含量增加, 与试验结果具有一致性, 说明 *Aspergillus* 和 *Bacillus* 两者之间存在共生互作机制。

2.3 1% 沪酿 3.042 强化曲对回糟酿酒出酒量和基酒中风味化合物的影响

2.3.1 出酒量和基酒中总酸总酯含量比较

(1) 出酒量: 白酒酿造中酒精生成途径由淀粉双边发酵而成; 淀粉经霉菌分解为葡萄糖, 再由酵母菌无氧发酵转化为乙醇。出酒率反映了原料利用率、工艺水平及成本控制能力, 是衡量酿造效率和经济效益的关键指标。由图 7 可知, C、A 组大曲的回糟酿酒出酒量 (折算成 60%vol) 分别为 73.1、76.3 kg/甬 ($P>0.05$), AOG 组比 CG 组提高 4.38%, 说明 1% 沪酿 3.042 强化大曲有利于提高回糟中淀粉的产酒量, 从而能适当降低丢糟残余淀粉。

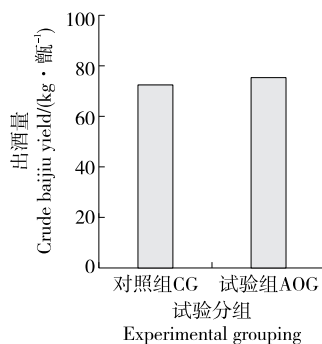


图 7 两组大曲回糟酿酒的出酒量比较

Figure 7 Yield of fermentation with refermentation grains between Daqu in two groups

(2) 基酒中总酸总酯含量: 酸类化合物是白酒的重要风味物质, 在白酒发酵过程中, 酵母菌、细菌等微生物会进行一系列的代谢活动, 产生各种有机酸, 为白酒中总酸的主要来源之一。酸类化合物与白酒中的其他成分如醇类、酯类等相互协调, 共同构成了白酒独特而丰富的口感和风味。适量的酸能赋予白酒醇厚、绵柔的感觉, 使酒体更加丰满、协调, 让消费者在饮用时感受到层次分明的味觉体验。总酸含量过少会使酒味淡且余味短, 含量过多则会使酸味过浓致口味粗糙。由图 8 可知, C、A 组大曲的回糟酿酒基酒中总酸含量分别为 2.28、1.85 g/L ($P>0.05$), AOG 组比 CG 组提高 23.24%。在白酒发酵过程中, 微生物如酵母菌、细菌等发挥着关键作用, 其通过一系列复杂的代谢活动合成各种酯类物质。酯类物质是白酒香气的主要来源, 不同的酯类具有各自独特的香气特征, 众多酯类共同作用, 形成了白酒丰富多样、复杂迷人的香气风格。它们与酒中的醇类、酸类、醛类等其他成分共同构成了一个复杂而和谐的香气体系。C、A 组大曲的回糟酿酒基酒中总酯含量分别为 6.03、5.39 g/L ($P>0.05$), AOG 组比 CG 组提高 11.87%。因此, 1% 沪酿 3.042 强化大曲有

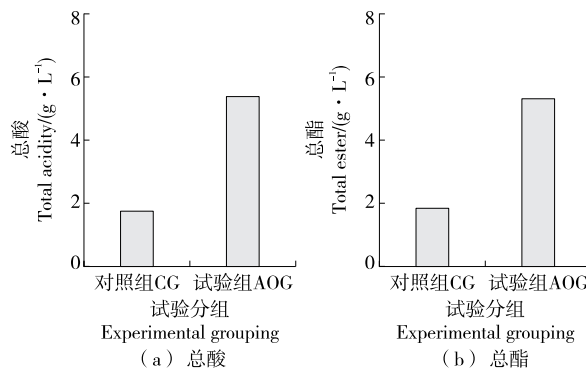


图 8 大曲回糟酿酒基酒中总酸总酯含量的比较

Figure 8 Comparison of total acid and ester content in the crude Baijiu fermented by refermentation grains

利于基酒中增酸增酯的效果。

2.3.2 基酒中定性风味化合物的比较

(1) 风味化合物种类: 由图9可知, AOG组中共检出94种风味化合物, 包括57种酯类、19种醇类、6种醛类、6种酮类、4吡嗪类和2种其他类化合物。CG组中共检出93种挥发性化合物, 包括55种酯类、19种醇类、6种醛类、7种酮类、4吡嗪类和2种其他类化合物。AOG组酯类较CG组多了2种而酮类少了1种, 两者之间在化合物的种数上无明显差异。

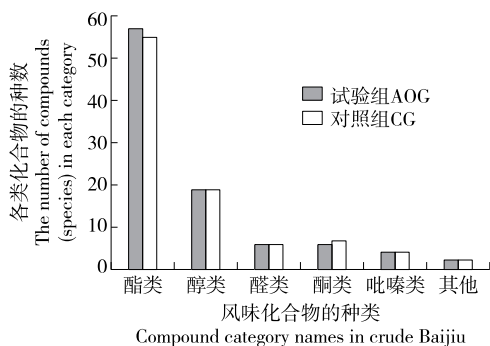


图9 两组大曲酿造基酒中风味化合物的种类

Figure 9 Flavor compound types in crude Baijiu produced by Daqu in two groups

(2) 风味化合物含量: 由图10可知, 与GC组相比, AOG组风味化合物总量平均提升22.19% ($P>0.05$), 酯类平均提升26.47% ($P>0.05$), 醛类平均提升16.30% ($P>0.05$), 酮类平均提升81.32% ($P<0.05$), 吡嗪类平均提升360.26% ($P<0.01$), 醇类平均减少7.27% ($P>0.05$), 其他类化合物平均减少2.05% ($P>0.05$)。

(3) 风味化合物的聚类分析: 由图11可知, 试验组中吡嗪类化合物和酮类化合物均显著高于对照组 ($P<0.01$, $P<0.05$), 酮类具有奶香、青草香, 主要为基酒贡献清香特

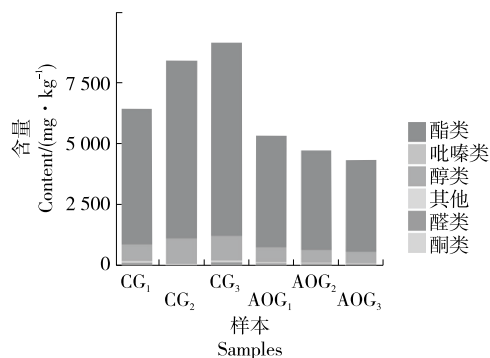


图10 两组大曲酿造基酒中风味化合物含量比较

Figure 10 Flavor compound content in crude Baijiu produced by Daqu in two groups

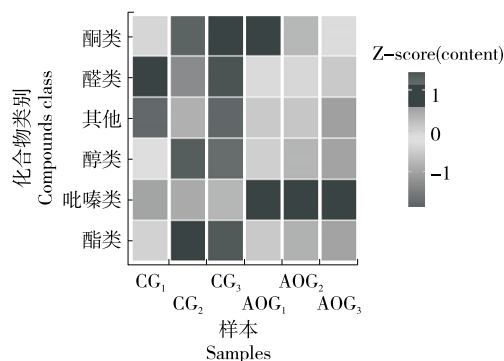


图11 两组大曲酿造基酒中风味化合物的热图

Figure 11 Heatmap of flavor compounds in crude Baijiu produced by Daqu in two groups

征; 吡嗪类化合物呈烘焙香、焦香和坚果香等^[36], 为基酒提供酱香特征的主要风味化合物之一。

2.3.3 基酒中存在显著性差异的香气活性化合物

(1) 基酒差异性风味化合物 ($OAV \geq 1$) 分析: 由图12可知, C组与A组酿造基酒中风味化合物香气活度值 OAV 存在显著性差异的化合物中, $VIP \geq 1$ 的化合物共37种, 包括24种酯类、2种醇类、3种醛类、4种酮类、4种吡嗪类。AOG组中有31种差异性化合物显著高于CG组, 而AOG组中只有6种差异性化合物较CG组显著减少, 包括1种醇类(丙醇)和5种酯类(2-甲基-2-苯乙基丙酸酯、癸基丙酸酯、乙酸正丙酯、己酸异戊酯和丙酸乙酯)。

(2) 基酒差异性风味化合物的方差分析: 由图12可知, 以 $P<0.05$, $VIP>1$ 作为筛选关键物质的标准, 共有20种差异性风味化合物对两组基酒的组成差异作出了重要贡献。根据 P 值大小, 可将20种差异性风味化合物分为3组: ① 14种化合物差异显著 ($P<0.05$), 包括12种AOG组 $>$ CG组的2-甲基丁酸乙酯、丁酸丁酯、乙酸乙酯、甲基丁酸乙酯、十三酸乙酯、戊酸乙酯、乙酸己酯、乙酸异戊酯、己酸甲酯、2-十三烷酮、壬酮和三甲基吡嗪; 2种AOG组 $<$ CG组的丙酸乙酯和己酸异戊酯。② 4种化合物差异非常显著 ($P<0.01$), 包括3种AOG组 $>$ CG组的2,5-二甲基吡嗪、己酸乙酯和十五烷酸乙酯; 1种AOG组 $<$ CG组的癸基丙酸酯。③ 2种化合物差异极显著 ($P<0.001$), 包括 β -苯乙醇和2,6-二甲基吡嗪, 且AOG组 $>$ CG组。

上述风味化合物在基酒中呈现的香气特征见表1, 其中醇为花香, 酯以果香、甜香或窖香为主, 酮为奶香、青草香, 吡嗪以炒豆香、烤面包香为主, 共同构建了李渡基酒浓、清、米、酱“四香”的复合香。

(3) 基酒差异性风味化合物的主成分分析: 将AOG组与CG组基酒中风味化合物集成为一个数据集, 利用主

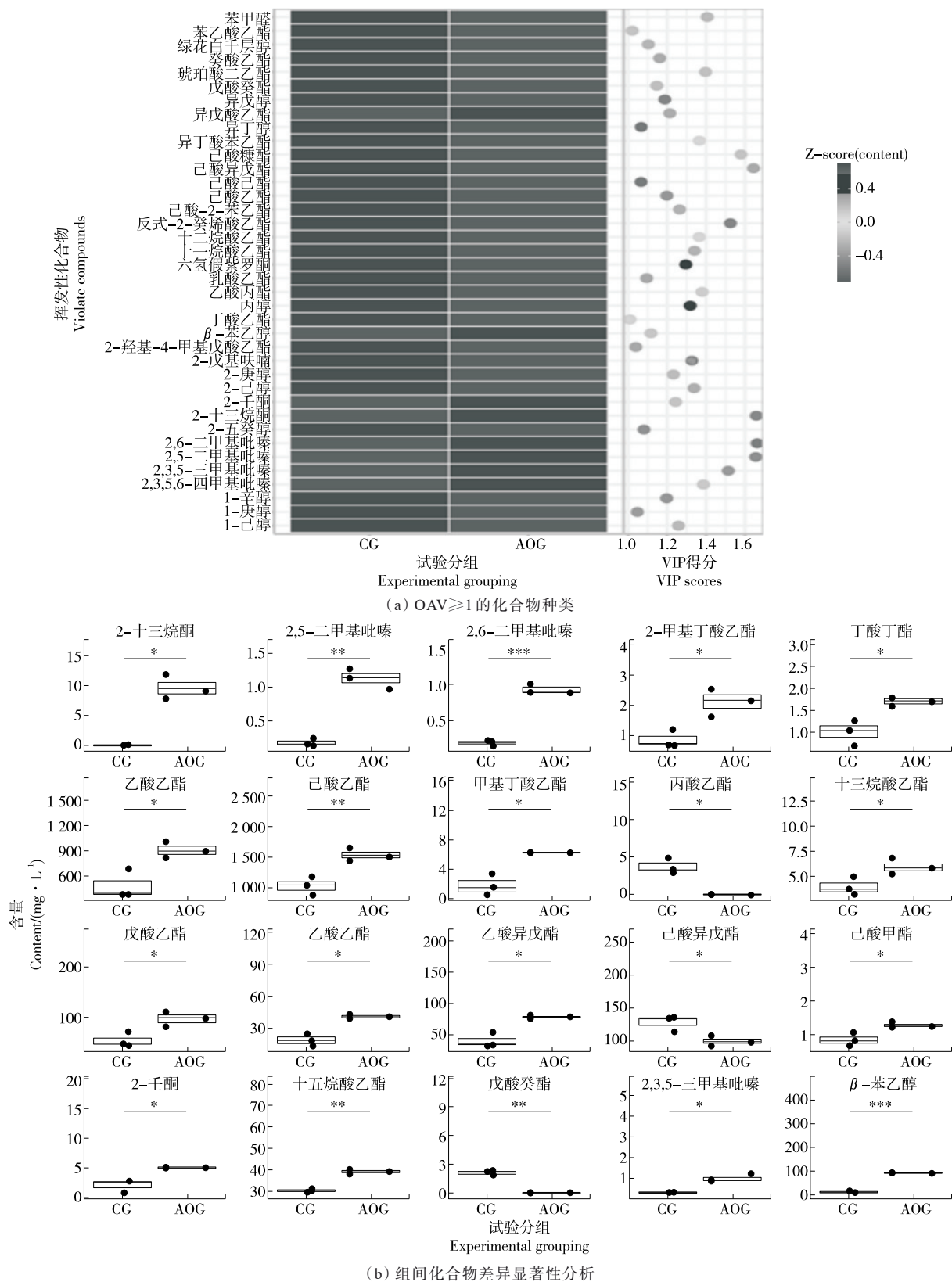


Figure 12 Compounds with OAV ≥ 1 and differential content in crude Baijiu produced by Daqu in two groups

表1 基酒中风味化合物的香气特征

Table 1 Aroma characteristics of flavor compounds in crude Baijiu

化合物	香气描述	参考文献
β -苯乙醇	玫瑰花香、花香	[37-38]
2-甲基丁酸乙酯	果香	
丁酸丁酯	果香	
乙酸乙酯	菠萝香、苹果香、水果香	[38]
甲基丁酸乙酯	果香	
十三酸乙酯	香根草香	
戊酸乙酯	水蜜桃香、花香、甜香	[37-38]
己酸乙酯	果香、甜香、窖香	[37]
乙酸异戊酯	果香、甜香	[39]
乙酸己酯	果香、甜香	[39]
丙酸乙酯	香蕉香、水果香	[38]
己酸甲酯	果香、青草香、甜香	[39]
己酸异戊酯	无记录	
十五烷酸乙酯	无记录	
癸基丙酸酯	无记录	
2-十三烷酮	坚果香、奶香	[39]
壬酮	奶香、青草香	[39]
2,5-二甲基吡嗪	炒豆香、青草香	[38]
2,6-二甲基吡嗪	烤面包香	[37-38]
三甲基吡嗪	坚果香、咖啡香、烤面包香	[38-39]

成分(PCA)进行分析(图13),PC1与PC2累计方差贡献率为90.0%,数据解释能力可接受。强化曲与常规曲各自酿制的基酒聚类清晰,且两种基酒的风味化合物有明显分离,表明1%沪酿3.042强化大曲对发酵生产的基酒具有显著影响。

沪酿3.042强化后大曲中米曲霉属为核心微生物,能分泌多种胞外酶特别是蛋白酶和淀粉酶,在原料蛋白质

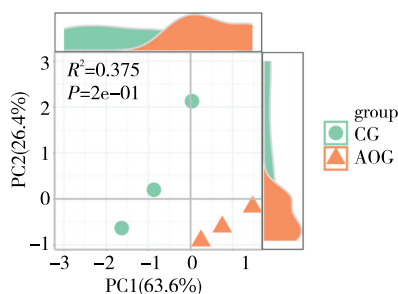


图13 两组大曲酿造基酒中风味化合物的主成分分析

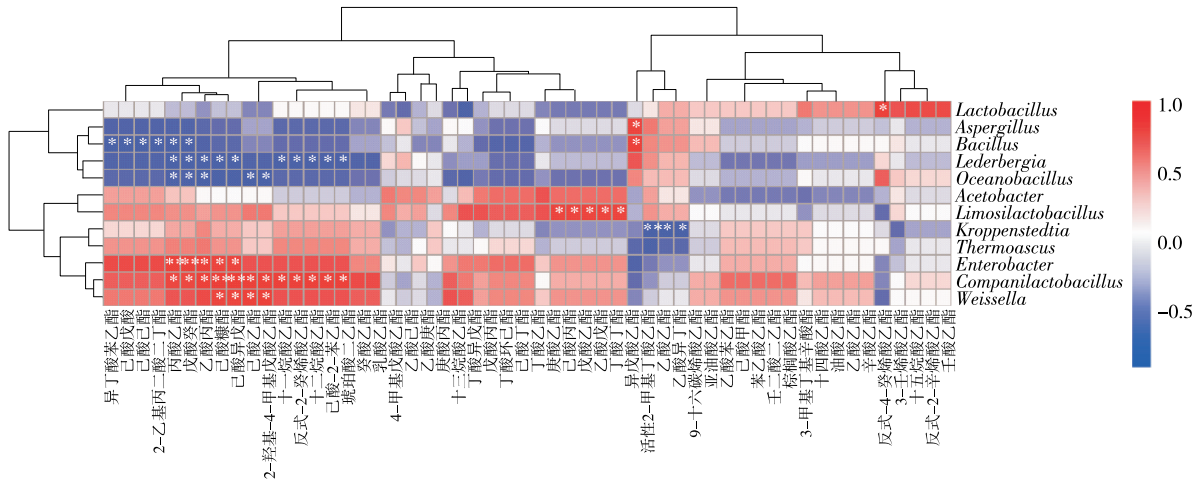
Figure 13 Principal component analysis of flavor compound composition in crude Baijiu produced by Daqu in two groups

和淀粉的降解中发挥关键作用^[40],不仅为芽孢杆菌等微生物的生长繁殖提供营养物质,还在特征风味形成相关的代谢网络中,高度表达的功能基因主要与氨基酸代谢和碳水化合物相关^[41],从而促进基酒中醇类、酯类、醛类、酮类、酸类、吡嗪类等关键风味化合物的合成,且已鉴定出508种不同微生物物种可通过脂肪酸和氨基酸代谢影响酯类合成^[33]。试验的强化曲基酒中,酯类和醇类为主,分别占风味物质总量的88%和9%以上,与Xu等^[33]的研究结果一致。其中,大多数酯类的气味阈值较低,对气味贡献巨大,且这些酯类中的许多可与酸类、醛类和醇类等共同影响白酒的口感^[42]。试验中醇类总量减少7.27%,但关键醇类如 β -苯乙醇含量显著增加($P<0.05$),这与芽孢杆菌强化后大曲中苯乙醇含量大幅提升的结果一致^[43],且与葡萄牙棒孢酵母强化乙酸乙酯含量显著增加的现象形成呼应^[33], β -苯乙醇和乙酸乙酯是构成米香型白酒骨架风味化合物的重要组成部分。酱香型风味化合物主要集中在酸类、醇类和吡嗪类物质,浓香型的优势风味物质主要集中在吡嗪类和酯类,清香型的优势风味物质主要集中在酯类和醇类^[44]。综上,AOG和CG组酒样在香气化合物的种类和浓度上存在显著差异,这些差异不仅反映了沪酿3.042强化曲对微生物类群结构优化产生了积极影响,还通过酿造过程促进了有益风味化合物的生成,从而直接提高了李渡基酒中浓香、米香、清香和酱香的复合香味品质。

2.4 基酒差异性风味化合物与大曲微生物之间的关联性

2.4.1 主要酯类化合物之间的相关性

酯类是中国白酒中种类最多、含量最丰富的微量成分,赋予果香和花香,主要通过微生物代谢的酯化反应和乙酰辅酶A途径合成^[31]。由图14可知,乳酸菌(*Lactobacillus*)与反式-4-癸烯酸乙酯呈显著的正相关($P<0.05$);曲霉菌(*Aspergillus*)与异戊酸乙酯呈显著的正相关($P<0.05$);芽孢杆菌(*Bacillus*)与异戊酸乙酯呈显著的正相关($P<0.05$),与异丁酸乙酯、己酸戊酯、己酸己酯、2-乙基丙二酸二丁酯、丙酸乙酯、戊酸癸酯呈显著负相关($P<0.05$);莱德伯格菌(*Lederbergia*)与丙酸乙酯、戊酸癸酯、乙酸丙酯、己酸糠酯、己酸异戊酯、十一烷酸乙酯、反式-2-癸烯酸乙酯、十二烷酸乙酯、己酸-2-苯乙酯、琥珀酸二乙酯呈显著负相关($P<0.05$);海洋芽孢杆菌(*Oceanobacillus*)与丙酸乙酯、戊酸癸酯、乙酸丙酯、己酸乙酯、2-羟基-4-甲基戊酸乙酯呈显著负相关($P<0.05$);柠檬明串珠菌(*Limosilactobacillus*)与庚酸乙酯、己酸丙酯、戊酸乙酯、乙酸戊酯、丁酸丁酯呈显著正相关($P<0.05$);克罗彭施泰特菌(*Kroppenstedtia*)与乙酸乙酯、乙酸异丁酯呈显著负相关($P<0.05$),与活性2-甲基丁酸乙酯极显著负相关($P<$



*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$

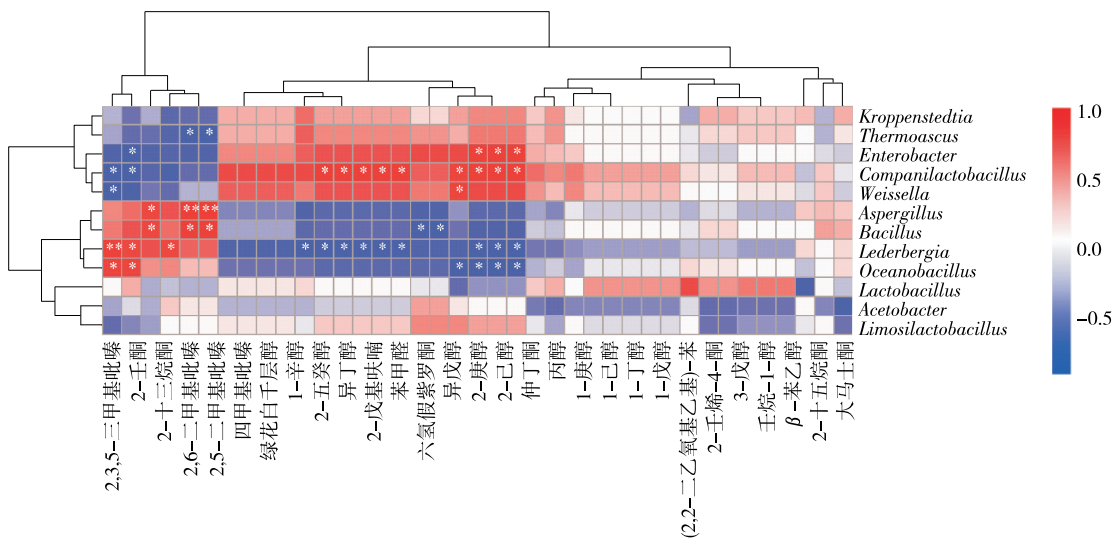
图 14 核心微生物与酯类化合物的相关性

Figure 14 Correlation between core microorganisms and ester compounds

0.01); 肠杆菌 (*Enterobacte*) 与丙酸乙酯、己酸糠酯、己酸异戊酯呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与戊酸癸酯、乙酸丙酯呈极显著正相关 ($P < 0.01$); 伴乳菌 (*Companilactobacillus*) 与丙酸乙酯、戊酸癸酯、乙酸丙酯、己酸乙酯、2-羟基-4-甲基戊酸乙酯、十一烷酸乙酯、反式-2-癸烯酸乙酯、十二烷酸乙酯、己酸-2-苯乙酯、琥珀酸二乙酯呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与己酸糠酯、己酸异戊酯呈极显著正相关 ($P < 0.01$); 魏斯氏菌 (*Weissella*) 与己酸糠酯、己酸异戊酯、己酸乙酯、2-羟基-4-甲基戊酸乙酯呈显著正相关 ($P < 0.05$)。

2.4.2 其他化合物之间的相关性 由图 15 可知, 在吡嗪类化合物中, 2, 3, 5-三甲基吡嗪与海洋芽孢杆菌

(*Oceanobacillus*) 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与莱德伯格菌 (*Lederbergia*) 呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与伴乳杆菌 (*Companilactobacillus*)、魏斯氏菌 (*Weissella*) 呈显著负相关 ($P < 0.05$); 2, 6-二甲基吡嗪与莱德伯格菌 (*Lederbergia*) 呈显著正相关 ($P < 0.05$); 2, 5-二甲基吡嗪、四甲基吡嗪与曲霉菌 (*Aspergillus*) 呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与芽孢杆菌 (*Bacillus*) 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*) 呈显著负相关 ($P < 0.05$)。在酮类化合物中, 壬酮与海洋芽孢杆菌 (*Oceanobacillus*)、莱德伯格菌 (*Lederbergia*) 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与伴乳杆菌 (*Companilactobacillus*)、肠杆菌 (*Enterobacter*) 呈显著负



*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$

图 15 核心微生物与其他化合物的相关性

Figure 15 Correlation between core microorganisms and other compounds

相关($P<0.05$); 2-十三烷酮与曲霉菌(*Aspergillus*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)呈显著正相关($P<0.05$)。在呋喃与醛类化合物中, 2-戊基呋喃、苯甲醛与莱德伯格菌(*Lederbergia*)呈显著负相关($P<0.05$), 与伴乳杆菌(*Companilactobacillus*)呈显著正相关($P<0.05$)。在醇类化合物中, 2-五癸醇、异丁醇与伴乳杆菌(*Companilactobacillus*)呈显著正相关($P<0.05$), 与莱德伯格菌(*Lederbergia*)呈显著负相关($P<0.05$); 1-辛醇与莱德伯格菌(*Lederbergia*)呈显著负相关($P<0.05$); 2-庚醇、2-己醇、仲丁醇与肠杆菌(*Enterobacter*)和伴乳杆菌(*Companilactobacillus*)呈显著正相关($P<0.05$), 与莱德伯格菌(*Lederbergia*)和伴乳杆菌(*Companilactobacillus*)呈显著负相关($P<0.05$); 异戊醇与伴乳杆菌(*Companilactobacillus*)和魏斯氏菌(*Weissella*)呈显著正相关($P<0.05$), 与海洋芽孢杆菌(*Oceanbacillus*)呈显著负相关($P<0.05$)。

试验组基酒中的吡嗪类化合物极显著高于试验组($P<0.01$), 这类化合物的烤香和坚果香气能提高基酒的酱香, 并有益于健康^[45]。试验中吡嗪类化合物与强化曲中 *Aspergillus*、*Bacillus*、*Lederbergia* 优势菌呈正相关, 与曲霉属和吡嗪类化合物的形成有密切联系的结果类似^[46-47]。

3 结论

通过系统评估添加1%的沪酿3.042对李渡白酒酿造中高温大曲的跨界强化效果, 明确揭示了该菌种在提升大曲酶活性(包括蛋白酶、糖化力、发酵力及酯化力)方面的显著作用, 同时观察到细菌多样性降低而真菌多样性升高的微生物群落优化现象。此强化策略有效促进了基酒中关键风味化合物的积累, 尤其是酮类和吡嗪类化合物含量显著提升。进一步的相关性分析阐明了 *Aspergillus*、*Bacillus* 等核心微生物与吡嗪类等关键风味化合物之间的正相关关系。

综上, 添加1%沪酿3.042的跨界强化策略不仅显著提升了中高温大曲的酶活性与微生物群落结构, 还极大丰富了李渡基酒的风味谱。但有关发酵过程目的菌群动态变化和酿酒品质影响还有待进一步探究。未来研究应聚焦: 剖析发酵过程菌群动态演变, 把握各阶段结构与功能变化; 全面评估强化大曲对酿酒质量的综合影响, 从理化指标、感官评价等多个维度进行系统分析。

参考文献

[1] GONG L J, QIN S, ZHENG X R, et al. Traceability between microbial community and environmental microbial community in Maotai-flavor Daqu[J]. Food Chemistry: X, 2025, 27: 102321.

[2] ALI A, WU Y F, LI W W, et al. Biotechnological approaches for targeted strain screening and enhancement of Daqu for quality Baijiu production[J]. Food Bioscience, 2024, 61: 104885.

[3] AUCHTUNG J M, HALLEN-ADAMS H E, HUTKINS R. Microbial interactions and ecology in fermented food ecosystems[J]. Nature Reviews Microbiology, 2025, 23(10): 622-634.

[4] 余有贵. 生态酿酒新技术及应用[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2025: 150-154.

YU Y G. New technologies and applications in brewing ecotypically[M]. Beijing: China Light Industry Press, 2025: 150-154.

[5] CHEN Y R, LI K M, LIU T, et al. Analysis of difference in microbial community and physicochemical indices between surface and central parts of Chinese special-flavor Baijiu Daqu [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 11: 592421.

[6] ZHANG J B, HOU Y C, LIU Q S, et al. Fortified Jiuqu of the Chinese Baijiu: a review on its functional microorganisms, strengthening effects, current challenges, and perspectives[J]. Food Bioscience, 2023, 55: 103045.

[7] 赵英, 翟忠英, 姜庆昊, 等. 产酱香味芽孢杆菌的选育及特征香气分析[J]. 食品与机械, 2025, 41(1): 18-25.

ZHAO Y, ZHAI Z Y, JIANG Q H, et al. Breeding of *Bacillus* for producing sauce-flavor and analysis of characteristic aroma [J]. Food & Machinery, 2025, 41(1): 18-25.

[8] 苏凤, 卫春会, 曾波, 等. 中高温大曲中红曲霉的筛选及应用 [J]. 食品与机械, 2024, 40(5): 203-209.

SU F, WEI C H, ZENG B, et al. Screening and application of *Monascus* in medium and high temperature Daqu[J]. Food & Machinery, 2024, 40(5): 203-209.

[9] FU G M, CAI W Q, DONG B, et al. Effects of bio-augmented Daqu on microbial community, aroma compounds and physicochemical parameters of fermented grains during the brewing of Chinese special-flavor Baijiu[J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2023, 103(1): 273-282.

[10] 范斌强, 吴浩人, 余有贵, 等. 黑茶菌添加量对包包曲培菌过程品质的影响[J]. 食品与机械, 2021, 37(5): 27-32, 77.

FAN B Q, WU H R, YU Y G, et al. The effect of dark tea fungus on the quality of wrapped starter culture process[J]. Food & Machinery, 2021, 37(5): 27-32, 77.

[11] GUO X G, LIN M H, LE T N, et al. Impact of aspergillus species on microbial community dynamics and their associations with fermentation properties in fermented walnut-based soy sauce[J]. Foods, 2025, 14(22): 3 921.

[12] 蒋立文, 张浩东, 覃业优, 等. 渥堆期间水分对浏阳豆豉微生物及品质风味的影响[J]. 食品与机械, 2024, 40(5): 11-20, 136.

JIANG L W, ZHANG H D, QIN Y Y, et al. The effects of moisture on microorganisms, quality, and flavor of Liuyang

- Douchi during the pile fermentation period[J]. *Food & Machinery*, 2024, 40(5): 11-20, 136.
- [13] 汤向阳, 吴立平, 余有贵, 等. 中高温大曲中窝水曲与正常曲的质量差异性研究[J]. *酿酒科技*, 2024(7): 101-105.
TANG X Y, WU L P, YU Y G, et al. Study on the quality difference between normal medium/high-temperature Daqu and Daqu with residual moisture[J]. *Liquor-Making Science & Technology*, 2024(7): 101-105.
- [14] LUO Y, LIAO H, WU L M, et al. Temperature adaptability drives functional diversity and horizontal gene transfer within microbial communities in Daqu solid-state fermentation[J]. *Bioresource Technology*, 2025, 433: 132770.
- [15] 葛怀锐, 赵赞, 陈非凡, 等. 功能微生物组对浓香型白酒上层酒醅发酵微生物群落及挥发性风味物质的影响[J]. *微生物学通报*, 2026, 53(1): 402-419.
GE H R, ZHAO Y, CHEN F F, et al. Effects of the functional microbiome on the microbial community and volatile flavor compounds of the upper-layer fermented grains of Nongxiangxing Baijiu[J]. *Microbiology China*, 2026, 53(1): 402-419.
- [16] LIU C, LI C N, JIANG Y Q, et al. A guide for comparing microbial co-occurrence networks[J]. *iMeta*, 2023, 2(1): e71.
- [17] ZHUANG J, WU Z, SONG J W, et al. Gut microbes on the risk of advanced adenomas[J]. *BMC Microbiology*, 2024, 24(1): 264.
- [18] WANG Y W, HUANG J L. Untargeted metabolomic analysis of metabolites related to body dysmorphic disorder (BDD)[J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2023, 23(1): 70.
- [19] 简晓平, 施永祥, 王涛, 等. 机制大曲和人工大曲生物、理化指标比较分析[J]. *酿酒科技*, 2014(1): 55-58.
JIAN X P, SHI Y X, WANG T, et al. Comparative analysis of biological and physiochemical indexes of artificial Daqu and machine-made Daqu[J]. *Liquor-Making Science & Technology*, 2014(1): 55-58.
- [20] LIU J J, CHEN J Y, FAN Y, et al. Biochemical characterisation and dominance of different hydrolases in different types of *Daqu* - a Chinese industrial fermentation starter[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2018, 98(1): 113-121.
- [21] MU Y L, LI Y S, WU Y M, et al. The key proteolytic enzyme analysis of industrial *Aspergillus oryzae* at solid-state koji fermentation with a local database extension[J]. *Food Bioscience*, 2024, 58: 103738.
- [22] ZHANG J, LIU S P, SUN H L, et al. Metagenomics-based insights into the microbial community profiling and flavor development potentiality of Baijiu Daqu and Huangjiu wheat Qu[J]. *Food Research International*, 2022, 152: 110707.
- [23] 袁华伟, 赵余, 王玉婷, 等. 高温大曲制曲过程中水解酶系及理化性质的动态变化研究[J]. *酿酒*, 2023, 50(4): 31-36.
YUAN H W, ZHAO Y, WANG Y T, et al. Study on the dynamic changes of hydrolytic enzymes and physicochemical properties during the production of Maotai-flavor Daqu[J]. *Liquor Making*, 2023, 50(4): 31-36.
- [24] LI J Y, LIU B, FENG X J, et al. Comparative proteome and volatile metabolome analysis of *Aspergillus oryzae* 3.042 and *Aspergillus sojae* 3.495 during koji fermentation[J]. *Food Research International*, 2023, 165: 112527.
- [25] YANG Y, WANG S T, LU Z M, et al. Metagenomics unveils microbial roles involved in metabolic network of flavor development in medium-temperature Daqu starter[J]. *Food Research International*, 2021, 140: 110037.
- [26] YANG Y, ZOU Y F, ZENG K J, et al. Effect of *Bacillus subtilis* fortified inoculation on the microbial communities in different niches of Daqu[J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2022, 134(5): 407-415.
- [27] YANG L, FAN W L, XU Y. Effects of storage period and season on the microecological characteristics of Jiangxiangxing high-temperature Daqu[J]. *Food Research International*, 2024, 196: 115034.
- [28] ZHU Q, CHEN L Q, PENG Z, et al. Analysis of environmental driving factors on core functional community during Daqu fermentation[J]. *Food Research International*, 2022, 157: 111286.
- [29] 康新玥, 郭莹, 秦立芹, 等. 不同地区酱香型高温大曲制曲过程理化指标及挥发性风味化合物分析[J]. *中国酿造*, 2025, 44(6): 116-122.
KANG X Y, GUO Y, QIN L Q, et al. Analysis of physiochemical indicators and volatile flavor compounds in the process of sauce-flavor high-temperature Daqu in different regions[J]. *China Brewing*, 2025, 44(6): 116-122.
- [30] ZHOU J W, WANG J Y, ZHOU Y L, et al. Microbial community structure and interactions between *Aspergillus oryzae* and bacteria in traditional solid-state fermentation of Jiangqu[J]. *Food Microbiology*, 2023, 116: 104346.
- [31] LI H D, LIU S Y, LIU Y B, et al. Functional microorganisms in Baijiu Daqu: research progress and fortification strategy for application[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1119675.
- [32] HE G Q, DONG Y, HUANG J, et al. Alteration of microbial community for improving flavor character of Daqu by inoculation with *Bacillus velezensis* and *Bacillus subtilis*[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2019, 111: 1-8.
- [33] XU Y Q, ZHAO J R, LIU X, et al. Flavor mystery of Chinese traditional fermented Baijiu: the great contribution of ester compounds[J]. *Food Chemistry*, 2022, 369: 130920.
- [34] HU X L, DU H, REN C, et al. Illuminating anaerobic microbial community and cooccurrence patterns across a quality gradient in Chinese liquor fermentation pit muds[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2016, 82(8): 2506-2515.
- [35] 陈家晖. 内源性芽孢杆菌的生物强化对大曲的理化特性和

- 微生物群落的影响[D]. 武汉: 武汉轻工大学, 2022: 47-57.
- CHEN J H. Effect of bioaugmented inoculation on physicochemical characteristics and microbiota dynamics during Daqu fermentation using autochthonous bacillus strains[D]. Wuhan: Wuhan Polytechnic University, 2022: 47-57.
- [36] XIAO Z B, YU D, NIU Y W, et al. Characterization of different aroma-types of Chinese liquors based on their aroma profile by gas chromatography - mass spectrometry and sensory evaluation[J]. *Flavour and Fragrance Journal*, 2016, 31 (3): 217-227.
- [37] WANG Z, WANG S, LIAO P F, et al. HS-SPME combined with GC-MS/O to analyze the flavor of strong aroma Baijiu Daqu[J]. *Foods*, 2022, 11(1): 116.
- [38] 范文来, 徐岩. 白酒79个风味化合物嗅觉阈值测定[J]. *酿酒*, 2011, 38(4): 80-84.
- FAN W L, XU Y. Determination of odor thresholds of volatile aroma compounds in Baijiu by a forced-choice ascending concentration series method of limits[J]. *Liquor Making*, 2011, 38(4): 80-84.
- [39] XIAO P, LV S L, XU L, et al. Characterization of microbial community succession and flavor formation during fermentation in Chinese northern strong-flavor Daqu[J]. *Journal of Food Biochemistry*, 2025, 2 025(1): 9279456.
- [40] HE B, HU Z H, MA L, et al. Transcriptome analysis of different growth stages of *Aspergillus oryzae* reveals dynamic changes of distinct classes of genes during growth[J]. *BMC Microbiology*, 2018, 18(1): 12.
- [41] ZHANG L L, XIONG S J, DU T H, et al. Unraveling the core functional microbiota involved in metabolic network of characteristic flavor development during soy sauce fermentation[J]. *Food Bioscience*, 2024, 58: 103697.
- [42] QIAN Y L, AN Y Q, CHEN S, et al. Characterization of Qingke liquor aroma from Tibet[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2019, 67(50): 13 870-13 881.
- [43] HE G Q, HUANG J, ZHOU R Q, et al. Effect of fortified Daqu on the microbial community and flavor in Chinese strong-flavor liquor brewing process[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 56.
- [44] 曹丹, 吕嘉桢, 楚京赢, 等. 凤香型酒曲中稳态真菌与其理化特性及风味物质的关联解析[J]. *中国食品学报*, 2025, 25(8): 259-273.
- CAO D, LÜ J L, CHU J Y, et al. Analysis of the association between stable fungi and physicochemical properties and flavor substances in Fengxiangxing Daqu[J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2025, 25 (8): 259-273.
- [45] XU Y Q, WU M Q, NIU J L, et al. Characteristics and correlation of the microbial communities and flavor compounds during the first three rounds of fermentation in Chinese sauce-flavor Baijiu[J]. *Foods*, 2023, 12(1): 207.
- [46] LIU Y, SONG H L, LUO H Z. Correlation between the key aroma compounds and gDNA copies of *Bacillus* during fermentation and maturation of natto[J]. *Food Research International*, 2018, 112: 175-183.
- [47] JIN Y, LI D Y, AI M, et al. Correlation between volatile profiles and microbial communities: a metabonomic approach to study Jiang-flavor liquor Daqu[J]. *Food Research International*, 2019, 121: 422-432.