

不同品种李子果酒发酵过程中细菌群落结构动态分析

刘 瑶^{1,2}, 刘成元^{1,2}, 苏 瑶^{1,2}, 冯 军^{1,2}, 唐玉明^{1,2}, 田新惠^{1,2,*}

(1.四川省农业科学院水稻高粱研究所(四川省农业科学院德阳分院), 四川 德阳 618000;

2.四川省泸州市酿酒科学研究所, 四川 泸州 646100)

摘 要:以脆红李和布朗李为研究对象,利用16S rRNA扩增子测序技术解析2种李子果酒发酵过程中细菌群落多样性及群落结构动态的演替规律。结果表明,根据细菌群落多样性的变化,脆红李果酒的发酵过程较为分散,没有明显的一致性,而布朗李果酒的发酵过程可以分为前期(0~3 d)和后期(9~15 d);脆红李果酒发酵过程中共注释到2个优势菌门、3个优势菌纲,6个优势菌属;布朗李果酒发酵过程中共注释到2个优势菌门、3个优势菌纲、8个优势菌属。其中变形菌门是2种李子果酒的共同优势菌门,在发酵过程中起着重要作用。基因功能预测结果表明,2种李子果酒发酵过程中细菌群落的基因功能主要与新陈代谢类功能有关,包括氨基酸代谢、碳水化合物合成、三羧酸循环等。

关键词:李子;品种;果酒;微生物多样性;高通量测序;群落结构

Dynamic Analysis of Bacterial Community Structure of Plum Fruit Wine with Different Varieties during Fermentation Process

LIU Yao^{1,2}, LIU Chengyuan^{1,2}, SU Yao^{1,2}, FENG Jun^{1,2}, TANG Yuming^{1,2}, TIAN Xinhui^{1,2,*}

(1. Rice and Sorghum Institute, Academy of Agricultural Sciences, Deyang 618000, China;

2. Institute of Luzhou Liquor Making Science of Sichuan Province, Luzhou 646100, China)

Abstract: Using Cuihongli (CHL) and Bulangli (BLL) as research subjects, the diversity and dynamic succession rule of bacterial communities during the fermentation of these two types of plum wines were analyzed by 16S rRNA amplicon sequencing technology. The results showed that based on the changes in bacterial community diversity, the fermentation process of wine CHL was relatively dispersed with no clear consistency, and the fermentation process of wine BLL could be divided into an early stage (0–3 d) and a late stage (9–15 d). A total of 2 dominant bacterial phyla, 3 dominant classes, and 6 dominant genera were annotated in wine CHL fermentation process. A total of 2 dominant phyla, 3 dominant classes, and 8 dominant genera were annotated in wine BLL fermentation process. Among which, Proteobacteria was the dominant phylum in two kinds of plum wine and played a key role during fermentation process. The results of gene function prediction indicated that the gene functions of bacterial communities during the fermentation of the two plum wines were mainly related to metabolic functions, including amino acid metabolism, carbohydrate biosynthesis, tricarboxylic acid cycle, etc..

Keywords: plum; variety; fruit wine; microbial diversity; high-throughput sequencing; community structure

DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.04.028

中图分类号: TS262.7

文献标志码: A

文章编号: 0254-5071 (2026) 04-0208-05

引文格式:

刘瑶, 刘成元, 苏瑶, 等. 不同品种李子果酒发酵过程中细菌群落结构动态分析[J]. 中国酿造, 2026, 45(4): 208-212.

DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.04.028. <https://www.chinabrewing.net.cn>

LIU Yao, LIU Chengyuan, SU Yao, et al. Dynamic analysis of bacterial community structure of plum fruit wine with different varieties during fermentation process[J]. China Brewing, 2026, 45(4): 208-212. (in Chinese with English abstract)

DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.04.028. <https://www.chinabrewing.net.cn>

收稿日期: 2024-12-26

基金项目: 四川省财政自主创新项目(2022ZZCX073); 四川省农业科学院 1+9 揭榜挂帅项目(1+9KJGG007);

四川省农业科学院水稻高粱研究所重点研发项目(2020SZDYF004)

第一作者简介: 刘瑶(1993—), 女, 研究实习员, 硕士, 研究方向为酿酒生物技术。E-mail: 532042387@qq.com

*通信作者简介: 田新惠(1981—), 女, 副研究员, 博士, 研究方向为食品发酵工程。E-mail: xytxh126@163.com

李子 (*Prunus salicina* Lindl. var. *salicina*), 又被称为嘉庆子、布霖, 为蔷薇科李亚科李属植物李树的果实, 主要产地位于中国南方地区^[1], 其果实不仅含有高品质蛋白质, 而且其必需氨基酸含量占总蛋白质量的20%~23%, 同时还含有丰富的钾、磷、钠、镁等对人体健康有益的矿质元素, 因而被誉为“五果之首”, 深受国人喜爱。根据联合国粮食及农业组织最新的数据表明, 我国李子的总种植面积和总产量占世界总种植面积和总产量的72%和54%^[2]。李子品种繁多, 风味独特, 营养价值高, 但由于成熟期大多在夏季, 鲜果贮运困难, 常导致其滞销和腐败^[3]。

近年来对李子果酒的研究大多集中在酿酒工艺^[4]、品种选择^[4]、发酵及风味特性^[5-6]等方面, 但在李子果酒微生物群落方面的研究还较少。张曼^[7]采用美极梅奇酵母与酿酒酵母混合发酵李子酒, 按照1:1的初始接种比例进行顺序接种, 主发酵11 d, 陈酿40 d, 此时能够获得品质更佳、风味更好、活性成分含量更高的李子酒, 终产品的乙醇体积分数为11.99%, 可溶性固形物为6.30 °Brix, 总酸质量浓度为5.94 g/L, 总酚质量浓度为2.1 mg/mL, 总黄酮质量浓度为0.45 mg/mL, 口感酸甜适宜、风味浓郁、香气突出。李静雅^[8]通过对催熟、化学降酸和苹果酸乳酸发酵的对比, 结果表明化学降酸幅度最大, 苹果酸乳酸发酵降酸幅度最小, 但是苹果酸转化为乳酸, 果酒的口感及风味最佳, 是茵红李果酒最优的降酸方法。王爱娟^[9]采用黑宝石李果为原料酿制发酵型李酒, 并对其果皮中花色苷稳定性及在不同陈酿环境下李酒的颜色特征进行了研究, 结果表明, 各种陈酿环境下的李果酒中的花色苷总量均小于陈酿前酒体中花色苷总量, 且花色苷总量与红度值有着极显著的正相关性, 与亮度值有着显著的负相关性。苏瑶等^[10]以脆红李和布朗李2个品种为原料酿造李子果酒, 并采用气相色谱-质谱联用技术对发酵过程的代谢物进行分析, 结果表明, 2个品种的李子果酒在发酵过程中共鉴定出436种代谢物, 筛选出144种有效代谢物, 品种间显著差异代谢物35种。潘翠萍等^[11]研究表明, 添加红曲的混菌发酵更适合用于李子酒的酿造, 有利于增加香气复杂性、稳定性和协调性。

为了探究不同品种李子果酒发酵过程中微生物群落结构变化, 本研究以布朗李 (BLL) 和脆红李 (CHL) 为研究对象, 以复合微生物菌剂为发酵剂制备李子果酒。采用16S rRNA 扩增子测序技术解析2个品种李子果酒发酵过程中微生物群落多样性及微生物群落结构动态的演替规律, 旨在揭示李子果酒发酵机理, 为李子果酒原料选择、品质提升及产业化生产提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

脆红李、布朗李、白砂糖 市购; 偏重亚硫酸钾、氢氧化钠、重铬酸钾、硫酸铜、酒石酸钾钠、无水乙醇、硫酸、磷酸 (均为分析纯) 成都市飞腾博川生物科技有限公司; 复合微生物菌剂 (酿酒酵母、汉逊酵母、毕赤酵母、鲁氏酵母等) 四川省今酿酿酒有限责任公司; DNeasy Power Soil基因组DNA提取试剂盒 德国 QIAGEN 公司。

1.2 仪器与设备

PHS-3C pH计 深圳天溯计量检测股份有限公司; CP153分析天平 奥豪斯仪器 (上海) 有限公司; 50 L发酵罐 佛山市潜信达酿酒包装设备有限公司; Applied Biosystems VeritiPro 96孔梯度聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 仪 美国 Thermo Fisher Scientific公司。

1.3 方法

1.3.1 2种李子果酒中细菌菌群的高通量测序分析

将2种李子果酒样品分别于50 mL离心管内高速离心后弃上清液, 取沉淀采用DNA提取试剂盒提取果酒样品微生物菌群宏基因组DNA。以其为模板, 采用引物338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。PCR扩增体系及PCR扩增程序参照文献^[12]。

1.3.2 高通量测序结果分析

将检验合格的PCR扩增产物委托上海派森诺生物科技股份有限公司, 在PacBio测序平台, 利用单分子实时测序的方法完成高通量测序。采用QIIME 2 (2019.4) 对16S rRNA扩增子序列进行优化处理: 首先调用cutadapt trim-paired切除序列的引物片段, 弃去未匹配引物的序列; 然后通过dada2 denoise-paired进行质控、去噪、拼接、去嵌合体。使用 Fastp 0.19.6和 FLASH 1.2.11软件对两端原始测序序列进行质控与拼接。基于默认参数, 使用QIIME 2 流程中的 DADA2 插件对质控拼接之后的优化序列进行降噪, 获得扩增子序列变体 (amplicon sequence variants, ASV)。利用PICRUST2软件进行细菌序列基因功能预测分析。

1.4 数据处理

利用 Excel 2016 对数据进行收集和处理; 采用SPSS Statistics 20进行统计分析; 利用Graphpad Prism 8.0.2以及Origin 2018进行绘图。

2 结果与分析

2.1 不同品种李子果酒中细菌菌群多样性分析

2.1.1 α -多样性分析

采用Illumina平台对群落DNA片段进行双端测序, BLL和CHL分别获得1 418 322条和1 348 952条高质量有效序列。样品有效序列的覆盖率为99.9%~100.0%, 表现出较好的测序效果, 测序结果能代表样品的真实情况^[13]。ACE指数、Chao1指数和Shannon指数描述菌群物种的丰富度与多样性, 指数越大, 说明群落多样性越高, 而Simpson多样性指数值越小, 群落多样性越高^[14]。由表1可知, CHL果酒发酵过程中, 细菌菌群的Chao1指数和Shannon指数均随着发酵时间的延长呈先下降后升高的趋势, 且均在发酵第1天达到最小值, 分别为115.90和3.13, 经过后期发酵后菌群物种多样性逐渐升高。BLL果酒细菌菌群的Chao1指数随着发酵时间的延长逐渐降低, 在第9天达到最低值, 其Shannon指数在第1天为最低值, 之后随着发酵时间延长, 菌群物种多样性逐渐增加。结果表明, 不同品种李子果酒的发酵过程显著影响了细菌群落的动态演替轨迹, CHL表现为“抑制-恢复”模式, BLL则呈现“持续调整-后期稳定”模式, 这反映出原料品种差异对发酵微生态的构建与演替具有关键调控作用。

表1 不同品种果酒发酵过程中细菌菌群的 α -多样性分析结果
Table 1 α -Diversity analysis results of bacterial communities of fruit wine with different varieties during fermentation process

多样性指数	李子品种	发酵时间/d				
		0	1	3	9	15
Shannon指数	CHL	3.39±0.04	3.13±0.06	3.32±0.26	3.44±0.08	3.41±0.16
	BLL	3.73±0.47	2.82±0.87	4.04±0.25	4.04±0.26	4.38±0.03
ACE指数	CHL	141.9±0.11	107.10±0.60	125.70±0.26	138.40±0.06	140.10±0.02
	BLL	186.50±0.08	142.80±0.05	138.10±0.01	108.80±0.16	117.20±0.01
Simpson指数	CHL	0.83±0.01	0.80±0.01	0.83±0.04	0.85±0.02	0.75±0.02
	BLL	0.81±0.07	0.67±0.18	0.89±0.02	0.90±0.02	0.62±0.00
Chao1指数	CHL	155.50±0.12	115.90±0.19	133.20±0.06	150.70±0.52	155.50±0.80
	BLL	195.50±0.88	151.50±0.04	140.40±0.04	113.10±0.52	120.70±0.12

2.1.2 β -多样性分析

主坐标分析 (principal coordinates analysis, PCoA) 能够基于细菌群落结构清晰地区分李子果酒在不同发酵时间点的样品, 从而揭示发酵进程中每个物种在2个群落的时间和分布差异^[14-15]。由图1a可知, PCo1解释了48.9%的变异, PCo2解释了24.1%的变异, 共解释了73.0%的变异。发酵0、1、3、9、15 d的CHL果酒样品细菌群落整体表现较为分散, 表明样品之间具有差异, 具有独特性, 发酵0、1、3 d的部分细菌群落稍微靠拢, 表明彼此之间具有一定的相似性。由图1b可知, PCo1解释了65.0%的变异, PCo2解释了10.0%的变异, 共解释了75.0%的变异。发酵0、1、3 d的果酒样品细菌群落在PCo1维度上靠近, 发酵9、15 d的果酒样品细菌群落聚在一起, 说明BLL

果酒细菌群落在发酵前期 (0~3 d) 和后期 (9~15 d) 也发生明显的变化。

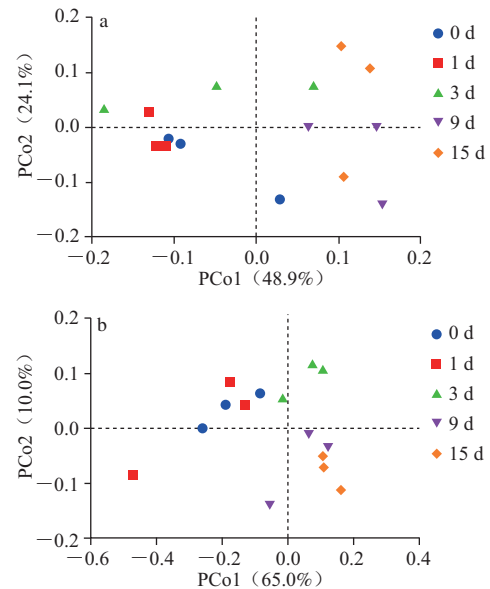


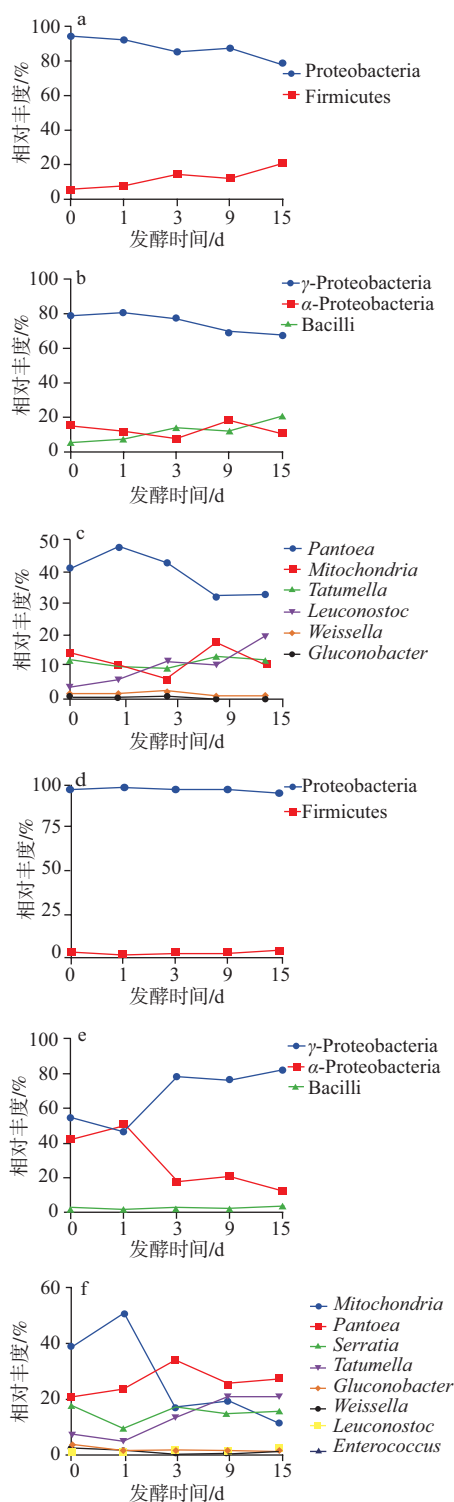
图1 基于ASV水平的脆红李 (a) 和布朗李 (b) 果酒发酵过程中细菌群落PCoA得分图

Fig. 1 Principal coordinates analysis score plots of bacterial communities of CHL (a) and BLL (b) fruit wine during fermentation process based on amplicon sequence variant level

2.2 不同品种李子果酒发酵过程中细菌群落组成分析

由图2可知, CHL果酒发酵过程中共注释到2个优势细菌门 (相对丰度>1.00%)、3个优势细菌纲 (相对丰度>1.00%) 及6个优势菌属 (相对丰度>1.00%)。BLL果酒发酵过程中共注释到2个优势细菌门 (相对丰度>1.00%)、3个优势细菌纲 (相对丰度>1.00%) 及8个优势菌属 (相对丰度>1.00%)。

由2a~c可知, 在CHL果酒发酵过程中, 门水平上, 变形菌门 (Proteobacteria) 为绝对优势菌门, 其相对丰度在发酵过程中变化区间为78.6%~93.9%, 厚壁菌门 (Firmicutes) 相对丰度在发酵过程中变化区间为5.8%~21.2%。在纲水平上, γ -变形菌纲 (γ -Proteobacteria) 相对丰度在发酵过程中变化区间为67.43%~80.58%, α -变形菌纲 (α -Proteobacteria) 相对丰度在发酵过程中变化区间为7.66%~18.33%, 芽孢杆菌纲 (Bacilli) 相对丰度在发酵过程中变化区间为5.8%~21.16%。在属水平上, 泛菌属 (Pantoea) 在发酵0~9 d内相对丰度呈先升高后降低趋势, 发酵后期 (9~15 d) 相对丰度趋于稳定, 维持在31.7%~32.4%; 而线粒体属 (Mitochondria)、塔特姆菌属 (Tatumella)、明串珠菌属 (Leuconostoc)、魏斯氏菌属 (Weissella)、葡萄糖酸菌属 (Gluconobacter) 相对丰度在发酵过程中变化区间分别为10.7%~14.2%、11.9%~12.2%、3.5%~19.4%、0.9%~1.8%及0.8%~1.1%。



a~c.分别为CHL在门、纲及属水平上的菌群组成；d~f.分别为BLL在门、纲及属水平上的菌群组成。

图2 CHL和BLL果酒发酵过程中优势细菌群落的变化
Fig. 2 Changes of dominant bacterial communities of CHL and BLL fruit wine during fermentation process

由图2d~f可知，在BLL果酒发酵过程中，门水平上，变形菌门为绝对优势菌门（94.8%~98.3%），

厚壁菌门相对丰度在发酵过程中变化区间为（2.8%~3.9%）；发酵0~3 d，在纲水平上， γ -变形菌纲相对丰度为47.0%~82.2%，而 α -变形菌纲相对丰度为18.25%~51.30%，芽孢杆菌纲相对丰度为1.25%~2.80%；发酵0~3 d，在属水平上，线粒体属在0~1 d相对丰度升高，随后呈下降趋势，泛菌属（*Pantoea*）相对丰度逐渐升高，沙雷氏菌属（*Serratia*）和塔特姆菌属相对丰度先下降再逐渐升高，葡萄糖酸菌属、魏斯氏菌属、明串珠菌属、肠球菌属（*Enterococcus*）在0~1 d相对丰度下降。发酵9~15 d，泛菌属相对丰度为24.76%~26.98%，沙雷氏菌相对丰度为15%~16%，塔特姆菌属相对丰度为20.2%~20.3%，葡萄糖酸菌属相对丰度0.8%~1.1%，明串珠菌属相对丰度为1.2%~1.4%，肠球菌属相对丰度为0.4%~1.2%。

2.3 细菌群落基因功能预测

果酒发酵过程中形成的香气成分主要有醇类、酯类、有机酸等，产生机制各不相同^[16]，不同的香味物质的产生，来源于不同的微生物代谢过程^[17-19]。由图3可知，对CHL和BLL果酒样品在0~15 d发酵过程中细菌序列基因功能呈现显著的时序动态与样本特异性模式。核心生物合成功能保持高度稳定，其中氨基酸合成在CHL和BLL果酒中分别维持在2.23%~2.26%与2.38%~2.41%。碳水化合物合成在CHL果酒中从0.60%升至0.64%，而在BLL果酒中保持在0.61%~0.63%的稳定水平。三羧酸循环在CHL果酒中从0.49%逐渐下降至0.46%，而在BLL果酒中从0.47%上升至0.50%。次生代谢物合成在CHL果酒中呈“U”形变化（0.49%~0.57%），在BLL果酒中则持续上升（0.44%~0.57%）。基因功能预测结果表明，2种李子果酒发酵过程中细菌群落的基因功能主要与新陈代谢类功能有关，包括氨基酸代谢、碳水化合物合成、三羧酸循环等。

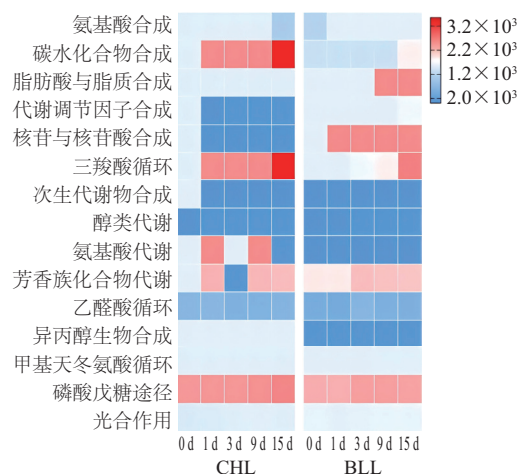


图3 CHL和BLL果酒发酵过程中细菌序列基因功能预测分析
Fig. 3 Prediction analysis of bacterial sequence gene function of CHL and BLL fruit wine during fermentation process

3 讨论

本研究使用16S rRNA基因测序技术分析2种不同李子果酒在发酵过程中细菌群落结构及其功能的动态变化。2种果酒样品在门水平上,均注释到厚壁门菌和变形菌门为优势细菌门,该结果与邓杰^[19]、罗爱国^[20]及母应春^[21]等通过V3~V4测序,发现清香型酒糟的优势细菌门为变形菌门和厚壁菌门结果一致,说明酒类发酵环境的微生物群落具有相似性。在纲水平上,2种果酒均注释到3种优势纲,分别为 γ -变形菌纲、 α -变形菌纲、芽孢杆菌纲,其中 α -变形菌纲在CHL果酒中保持较低水平,在BLL果酒中先升高再降低,趋势差异明显;芽孢杆菌纲是多种发酵食品中的主要菌群^[22],研究表明,芽孢杆菌门不仅是果酒发酵过程中优势菌,也是黄酒及食醋等多种发酵食品中主要群落^[23]。

基因功能预测结果表明,2种李子果酒发酵过程中细菌群落的基因功能主要与新陈代谢类功能有关,包括氨基酸代谢、碳水化合物合成、三羧酸循环等,这与叶晓芳^[24]研究结果一致。发酵过程中糖类经糖酵解途径进入柠檬酸循环生成有机酸和其他化合物,不仅为果酒提供各种独特风味的口感,同时通过碳水化合物代谢途径为微生物生长提供能量^[25-26]。

4 结论

本研究基于16S rRNA基因测序技术解析2种不同品种李子果酒发酵过程的细菌群落结构,在发酵过程中,细菌群落及其功能发生明显的变化。CHL果酒发酵过程中共注释到2个优势门(变形菌门、厚壁菌门);3个优势纲(γ -变形菌纲、 α -变形菌纲、芽孢杆菌纲);6个优势菌属(泛菌属、线粒体属、塔特姆菌属、明串珠菌属、魏斯氏菌属和葡萄糖酸菌属)。BLL果酒发酵过程中共注释到2个优势菌门(变形菌门、厚壁菌门)、3个优势菌纲(γ -变形菌纲、 α -变形菌纲、芽孢杆菌纲)、8个优势细菌属(线粒体属、泛菌属、沙雷氏菌属、塔特姆菌属、葡萄糖酸菌属、魏斯氏菌属、明串珠菌属、肠球菌属)。基因功能预测结果表明,2种李子果酒发酵过程中细菌群落的基因功能主要与新陈代谢类功能有关,包括氨基酸代谢、碳水化合物合成、三羧酸循环等。本研究解析2种不同品种李子发酵果酒过程中细菌群落结构的动态演替及其基因功能预测,为李子果酒产业化生产及品质提升奠定基础。

参考文献:

[1] 冯军,何俊尧,刘宏飞,等.不同糖度李子酒与桑葚酒发酵后混酿对品质及风味调控效应研究[J].酿酒科技,2025(12):60-64.

[2] 李亚兰.李子果酒工艺优化[D].宜宾:四川轻化工大学,2021.

[3] 周艳,陈雅,廖茂雯,等.不同品种李子品质特性及其酿酒适宜性评价[J].食品工业科技,2024,45(24):272-282.

[4] 李东,李静雅,雷雨,等.李子的品质特性及其精深加工产品研究进展[J].北方园艺,2022(19):128-135.

[5] 吴德光,刘政凯,王力腾,等.三华李果酒生产专用酵母的筛选与酿造性能比较[J].食品科技,2022,47(6):24-29.

[6] 赵驰,朱永清,董玲,等.李子果酒主发酵过程中理化指标及挥发性成分变化分析[J].中国酿造,2019,38(9):65-68.

[7] 张曼.美极梅奇酵母与酿酒酵母混合发酵对李子酒品质研究提升[D].重庆:西南大学,2022.

[8] 李静雅.茵红李果酒苹果酸-乳酸发酵技术的研究[D].宜宾:四川轻化工大学,2023.

[9] 王爱娟.黑宝石李酒发酵工艺优化及不同陈酿条件下李酒颜色特征的研究[D].雅安:四川农业大学,2014.

[10] 苏瑶,刘瑶,刘成元,等.不同品种李子果酒发酵过程中的代谢物差异[J].中国酿造,2026,45(2):67-73.

[11] 潘翠萍,吴忠红,杨雨函,等.红曲与酿酒酵母混合发酵对李子果酒风味与品质的影响[J].中国酿造,2025,44(12):182-188.

[12] 陈磊,戴亦军.基于Illumina MiSeq高通量测序技术分析丹阳黄酒酒曲中微生物菌群多样性[J].中国酿造,2024,43(6):141-145.

[13] GRICE E A, KONG H H, CONLAN S, et al. Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome[J]. Science, 2009, 5931: 1190-1192.

[14] 翟磊,于学健,冯慧军,等.宜宾产区浓香型白酒酿造生境中细菌的群落结构[J].食品与发酵工业,2020,46(2):18-24.

[15] 宋金敏,杨波,王阳光,等.低甲醇胡柚果酒酿造工艺优化及其香气成分分析[J].食品科技,2025,50(10):122-130.

[16] 陈敏.山楂酒中主要有机酸类物质的功效成分及功能研究[J].食品工程,2018(2):50-51;54.

[17] 侯鹏飞,余健霞,王淑霞,等.不同品种蓝莓果酒理化特性、酚类物质含量、香气成分含量及感官品质比较研究[J].食品科技,2025,50(5):130-138.

[18] 陈慧颖,李慧星,许彬,等.高通量测序研究浓香型酒醋的细菌菌群多样性及共变性[J].工业微生物,2021,51(4):35-43.

[19] 邓杰,黄治国,卫春会,等.基于高通量测序的浓香型白酒窖池细菌群落结构分析[J].现代食品科技,2015,31(7):50-55.

[20] 罗爱国,郝鑫瑞,郑同庆,等.基于Illumina MiSeq高通量测序分析清香型白酒酒糟微生物群落多样性[J].中国酿造,2022,41(1):98-102.

[21] 母应春,姜丽,苏伟.应用Illumina高通量测序技术分析3种酒曲中微生物多样性[J].食品科学,2019,40(14):115-122.

[22] 贾曼,杨絮,周国燕,等.高通量测序分析黄酒糟制香糟自然发酵过程中微生物群落多样性[J].食品科学,2023,44(14):190-196.

[23] 陈双.中国黄酒挥发性组分及香气特征研究[D].无锡:江南大学,2013.

[24] 叶晓芳.两种发酵方式百香果酒品质及微生物多样性的研究[D].昆明:云南农业大学,2023.

[25] KLOSOWSKI G, MIKULSKI D, MACKO D, et al. Influence of various yeast strains and selected starchy raw materials on production of higher alcohols during the alcoholic fermentation process[J]. Eur Food Res Technol, 2015, 240: 233-242.

[26] JEONG S H, LEE S H, JUNG J Y, et al. Microbial succession and metabolite changes during long-term storage of Kimchi[J]. J Food Sci, 2013, 78(5): M763-M769.