

不同酒曲对江西米酒发酵过程中微生物群落及挥发性风味物质的影响

陈凤霞¹, 岳攸涵¹, 徐文生^{1,2,*}

(1.北京农学院食品科学与工程学院, 北京 102206;

2.农产品有害微生物及农残安全检测与控制北京市重点实验室, 北京 102206)

摘要:为探讨不同酒曲(CZQ、FTQ、PDQ)对江西米酒发酵过程中微生物群落结构及挥发性风味物质形成的影响,采用顶空固相微萃取-气相色谱-质谱技术分析挥发性风味物质组成,基于高通量测序技术解析微生物群落结构,并通过多元统计方法研究两者间的相关性。结果表明,从不同酒曲发酵米酒中共检出62种挥发性风味物质,通过主成分分析筛选出10种关键差异挥发性风味成分,其中苯甲醛、香橙烯等在PDQ组含量较高,2,3-丁二醇等在CZQ组含量较高,亚油酸乙酯等在FTQ组含量较高。微生物多样性分析结果显示,不同酒曲发酵米酒过程中微生物群落差异明显,10种核心细菌菌群中,乳球菌属(*Lactococcus*)在CZQ组、FTQ组占优势,乳植杆菌属(*Lactiplantibacillus*)、明串珠菌属(*Leuconostoc*)等在PDQ组中占优势;8种核心真菌菌群中,酵母属(*Saccharomyces*)在CZQ组占优势,酵母属及糖酵母属(*Saccharomycopsis*)等在PDQ组占优势,克拉维酵母属(*Clavispora*)在FTQ组占绝对优势。相关性分析揭示不同微生物和风味物质之间存在正相关关系,如乳球菌属与棕榈酸乙酯、葡萄糖杆菌属与3-甲基丁醇、毛霉属与2-苯乙醇等呈极显著正相关($P<0.01$),而戊酸、异戊酸等短链脂肪酸的形成也与多种微生物呈极显著正相关($P<0.01$)。该研究结果为传统米酒发酵工艺进一步优化及品质标准化提供理论依据。

关键词:米酒; 酒曲; 微生物群落; 风味物质

Effects of Different Jiuqu on Microbial Communities and Volatile Flavor Compounds in Jiangxi Rice Wine

CHEN Fengxia¹, YUE Youhan¹, XU Wensheng^{1,2,*}

(1. Food Science and Engineering College, Beijing University of Agriculture, Beijing 102206, China; 2. Key Laboratory of Agricultural Product Detection and Control of Spoilage Organisms and Pesticide Residue, Beijing 102206, China)

Abstract: To investigate the effects of different Jiuqu (CZQ, FTQ, PDQ) on microbial community structure and the formation of volatile flavor compounds during the fermentation of Jiangxi rice wine, the composition of volatile flavor compounds was analyzed with headspace solid-phase microextraction coupled with gas chromatography-mass spectrometry, the microbial community structure was characterized with high-throughput sequencing technology, and the correlations between them were explored by multivariate statistical methods. The results showed that a total of 62 volatile flavor compounds were detected, and 10 key differential flavor components were identified via principal component analysis (PCA). Among these, benzaldehyde and aromadendrene were found at higher levels in the PDQ group, 2,3-butanediol was more abundant in the CZQ group, and ethyl linoleate predominated in the FTQ group. Microbial diversity analysis revealed statistically significant differences in microbial communities among different starters groups. Among the 10 core bacterial genera, *Lactococcus* was dominant in the CZQ and FTQ groups, while *Lactiplantibacillus* and *Leuconostoc* were predominant in the PDQ group. Among the 8 core fungal genera, *Saccharomyces* was dominant in the CZQ group, *Saccharomyces* and *Saccharomycopsis* were dominant in the PDQ group, and *Clavispora* was the absolute dominant genus in the FTQ group. Correlation analysis revealed positive correlations between microorganisms and flavor compounds. Specifically, *Lactococcus* and ethyl palmitate, *Gluconobacter* and 3-methyl-1-butanol, as well as *Mucor* and 2-phenylethanol

收稿日期: 2025-07-08

基金项目: 北京市教委面上项目(KM201610020016)

第一作者简介: 陈凤霞(2000—),女,本科生,研究方向为酿酒工程。E-mail: 20036801@bua.edu.cn

*通信作者简介: 徐文生(1968—),男,副教授,硕士,研究方向为食品生物技术。E-mail: xuwinsh@bua.edu.cn

($P < 0.01$). In addition, the formation of short-chain fatty acids such as valeric acid and isovaleric acid was also positively correlated with multiple microorganisms ($P < 0.01$). The results of this study provide a theoretical basis for the further optimization of traditional rice wine fermentation processes and quality standardization.

Keywords: rice wine; Jiuqu; microbial community; flavor compounds

DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.05.012

中图分类号: TS262.4; TS261.1

文献标志码: A

文章编号: 0254-5071 (2026) 05-0093-10

引文格式:

陈凤霞, 岳攸涵, 徐文生. 不同酒曲对江西米酒发酵过程中微生物群落及挥发性风味物质的影响[J]. 中国酿造, 2026, 45(5): 93-102. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.05.012. <http://www.chinabrewing.net.cn>

CHEN Fengxia, YUE Youhan, XU Wensheng. Effects of different Jiuqu on microbial communities and volatile flavor compounds in Jiangxi rice wine[J]. China Brewing, 2026, 45(5): 93-102. (in Chinese with English abstract) DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.05.012. <http://www.chinabrewing.net.cn>

黄酒作为中国特有的传统发酵酒类, 以稻米、黍米等为主要原料, 在酒曲作用下经多菌种协同发酵而成。因其香气馥郁、口感醇厚柔和、营养丰富而深受消费者青睐^[1]。受地理气候、酿造工艺及饮食文化等影响, 我国形成了绍兴黄酒、江西米酒、陕西稠酒、福建红曲酒等多元区域化黄酒种类。其中, 江西米酒凭借独特香气、纯粹风味及营养优势, 在区域市场中占据重要地位^[2]。传统经验主导的酿造模式难以精准调控微生物代谢, 导致产品批次间风味物质组成波动显著^[3]。因此, 系统解析黄酒发酵过程中微生物群落组成动态、功能分化及代谢互作调控机制, 是推动黄酒产业升级的关键科学基础。

微生物群落是黄酒酿造的核心驱动力, 其组成结构、功能及微生物间的动态互作直接决定风味物质的形成与最终产品品质^[4]。酒曲(药)作为黄酒发酵启动者, 其核心微生物对发酵进程起主导作用。Peng Qi等^[5]从黄酒酒药中鉴定出11种关键微生物, 其中8种为发酵核心驱动菌; Wang Junyi等^[1]研究发现, 非酵母属真菌与客家黄酒80余种挥发性化合物的合成高度相关; 叶书建等^[6]通过相关性分析证实植物乳杆菌(*Lactiplantibacillus plantarum*)等5种乳酸菌可显著降低米浆水中的生物胺含量, 并通过菌群定向筛选实现了生物胺零增长的工业化模拟。近年来, 随着多组学技术(宏基因组学、代谢组学)与生物信息学方法的突破, 为黄酒微生物研究提供了全新研究思路: 从早期聚焦群落组成的描述性研究, 转向微生物代谢网络与风味形成机制的深度关联解析^[4]。这些均为构建黄酒发酵的精准调控策略奠定了坚实基础。

为探讨不同酒曲对江西米酒发酵过程中微生物群落结构及挥发性风味物质形成的影响, 本研究采用顶空固相微萃取(headspace solid-phase microextraction, HS-SPME)-气相色谱-质谱(gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)技术分析挥发性风味物质组

成, 采用高通量测序技术解析微生物群落结构, 并通过多元统计方法研究两者间的相关性, 为江西米酒酿造工艺优化及品质提升提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

糯米 市售, 产自江西省吉安市; 酒曲 市售, 产自江西吉安市不同区县, 包括CZQ酒曲(江西井冈山市)、FTQ酒曲(江西吉安县)、PDQ酒曲(江西安福县); 2-辛醇(色谱纯) 美国Sigma公司; 磁珠法土壤DNA提取试剂盒 美国Omega公司; 氯化钠(分析纯) 国药集团化学试剂有限公司; 琼脂糖粉(生化试剂) 法国Biowest SAS公司。其他试剂均为国产分析纯。

1.2 仪器与设备

PTC-100TM梯度聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)仪 美国MJ公司; 5957C-7980AGC-MS仪 美国安捷伦公司; 5427R高速冷冻离心机 德国Eppendorf公司; Sub-Cell GT核酸电泳仪 美国伯乐公司; Q33238荧光定量仪 美国Thermo Fisher Scientific公司。

1.3 方法

1.3.1 米酒酿造

采用3种酒曲(CZQ、FTQ、PDQ)分别酿造江西米酒, 每种酒曲设置2个生物学平行样, 分别标记为CZA/CZB(CZQ组)、FTA/FTB(FTQ组)、PDA/PDB(PDQ组)。发酵工艺: 称取500 g糯米/份, 用pH 5.6的凉开水浸泡24 h后沥干, 于上汽蒸锅蒸煮30 min, 冷却至30 ℃后转移至5 000 mL无菌烧杯中, 按0.8%加入对应粉碎酒曲并混匀, 室温静置发酵。分别于发酵1、3、5、10、15、30 d采集各平行酒醪样品进行高通量测序; 于发酵30 d采集发酵液进行挥发性风味物质检测, 每个样品设置8个重复。

1.3.2 挥发性风味物质测定

采用HS-SPME-GC-MS测定不同酒样的挥发性风味物质。

HS-SPME: 在20 mL顶空瓶中分别加入5 mL黄酒、2 g氯化钠、30 μ L 2-辛醇(内标, 300 mg/L), 60 $^{\circ}$ C水浴40 min, 将老化处理的SPME头插入样品瓶顶部进行顶空吸附30 min。萃取平衡后取出萃取头插入GC进样口, 250 $^{\circ}$ C解吸5 min。

GC条件: DB-5毛细管色谱柱(60 m $\times$ 0.25mm, 0.25 μ m); 程序升温: 初始温度50 $^{\circ}$ C, 保持2min; 以2 $^{\circ}$ C/min升温至115 $^{\circ}$ C, 保持3min; 以4 $^{\circ}$ C/min升温至200 $^{\circ}$ C; 以6 $^{\circ}$ C/min升温至230 $^{\circ}$ C, 保持10 min。载气为高纯氦气, 流速恒定为1.0 mL/min, 进样口温度250 $^{\circ}$ C, 不分流进样。

MS条件: 电子电离源, 电子能量为70 eV, 使用全扫描模式(m/z 50~550)。

定性、定量: 以挥发性风味物质的保留时间为定性依据, 使用GC-MS配套软件内置的NIST数据库对原始数据进行对比定性, 使用峰面积归一化法进行定量。

1.3.3 DNA提取和PCR扩增

采用DNA提取试剂盒提取酒醪样品中微生物的宏基因组DNA, 采用2%琼脂糖凝胶电泳检测DNA完整性, 采用荧光定量仪检测DNA样本浓度。以提取的宏基因组DNA为模板, 采用引物341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')对细菌16S rDNA的V3~V4区基因序列进行PCR扩增; 采用引物ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAAGTAA-3')和ITS1R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对真菌ITS1区域基因序列进行PCR扩增。PCR扩增体系: 2 $\times$ Hieff[®] Robust PCR Master Mix 15 μ L、正反引物各1 μ L、DNA模板20 ng, 加入双蒸水(ddH₂O)至30 μ L。PCR扩增程序: 95 $^{\circ}$ C预变性3 min; 95 $^{\circ}$ C变性30 s, 55 $^{\circ}$ C退火20 s, 72 $^{\circ}$ C延伸30 s, 共30个循环; 72 $^{\circ}$ C再延伸5 min, 4 $^{\circ}$ C保存。PCR扩增产物切胶纯化后精确定量, 依托生工生物科技(上海)有限责任公司采用Illumina MiSeq PE250平台进行高通量测序。

1.4 数据处理

使用Vsearch软件去除引物、质控后, 采用97%相似度水平对序列进行聚类以生成操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)代表序列、去除嵌合体、生成特征表等, 基于Silva 138.2数据库和UNITE数据库使用Mothur软件对OTU进行注释。利用R语言进行微生物多样性分析、随机森林分析、线性判别分析效应量(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)分析、Spearman相关性分析等多元统计分析和作图。相关性分析采用Gephi 0.10.1进行可视化。采用MetaboAnalyst 6.0进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。

2 结果与分析

2.1 不同酒曲对米酒挥发性风味物质的影响

由图1可知, 共检出62种挥发性风味物质, 包括酯类(20种)、酸类(16种)、醇类(11种)、醛类(3种)及其他类(12种)。其中, 酯类、醇类和酸类物质的含量最丰富, 是构成江西米酒香气特质的关键香气物质基础。

酯类物质是江西米酒中相对含量最高的挥发性风味物质, 其中乙酸乙酯、辛酸乙酯、月桂酸乙酯、棕榈酸乙酯、油酸乙酯、亚油酸乙酯等相对含量较高, 与桂江平等^[2]对江西米酒挥发性风味物质报道结果基本一致。这些高浓度的乙酯使米酒呈现出奶酪和水果的风味^[7-8]。其中乙酸乙酯、月桂酸乙酯和辛酸乙酯可以使米酒呈现一定的花果香味, 棕榈酸乙酯使米酒具有奶油香味^[9]。

醇类物质作为米酒主要香气活性物质, 其组成和含量明显影响米酒酒体风味复杂度^[10-11]。其中, 异戊醇、2,3-丁二醇、1-丁醇、2-苯乙醇等相对含量较高, 这与谷晓东等^[12]在红谷黄酒中的研究报道一致。其中2-苯乙醇具有独特而令人愉悦的玫瑰香、甜香香气, 对客家黄酒风味形成具有重要作用^[13]。

有机酸作为黄酒风味的重要调节剂, 在感官特征表现为酸感或发酵风味(如奶酪味、汗味等), 对黄酒形成清爽的口感和独特的风味层次具有协同增效作用^[14-15]。不同米酒样品中有机酸如乙酸、丁酸、己酸、庚酸相对含量较高, 与传统小曲发酵黄酒中酸类物质含量较高的报道^[16-17]一致。

不同米酒样品中检出的醛类物质主要为苯甲醛、糠醛等。其中苯甲醛是绍兴黄酒关键挥发性化合物^[18]。糠醛表现为杏仁味, 焦香糊香味, 可以促进香味物质的形成和转化^[17]。

由图2可知, PC1(21.4%)和PC2(17.4%)的累计方差贡献率为38.8%, 说明前2个PC可以解释38.8%的总变异。根据PCA得分和因子载荷确定10种主要差异标记物, 分别为苯甲醛、香橙烯、月桂酸乙酯、2,3-丁二醇、乙酸异戊酯、(2R,3R)-2,3-丁二醇、棕榈酸、亚油酸乙酯、硬脂酸乙酯和丙三醇。其中, 苯甲醛、香橙烯、月桂酸乙酯在PDQ组中相对含量较高, 赋予其花果香和甜香气^[1]; 2,3-丁二醇、3-甲基-1-丁基乙酯、(2R,3R)-2,3-丁二醇在CZQ组中相对含量丰富, 赋予其奶油和水果香气^[19]; 棕榈酸、亚油酸乙酯、十八酸乙酯和甘油在FTQ组中比较丰富, 赋予其果香、奶油香和脂肪香^[20]。这些代谢物的差异可能反映了不同酒曲微生物群落演替和功能分化, 进一步研究微生物群落的动态变化将有助于揭示其代谢机制。

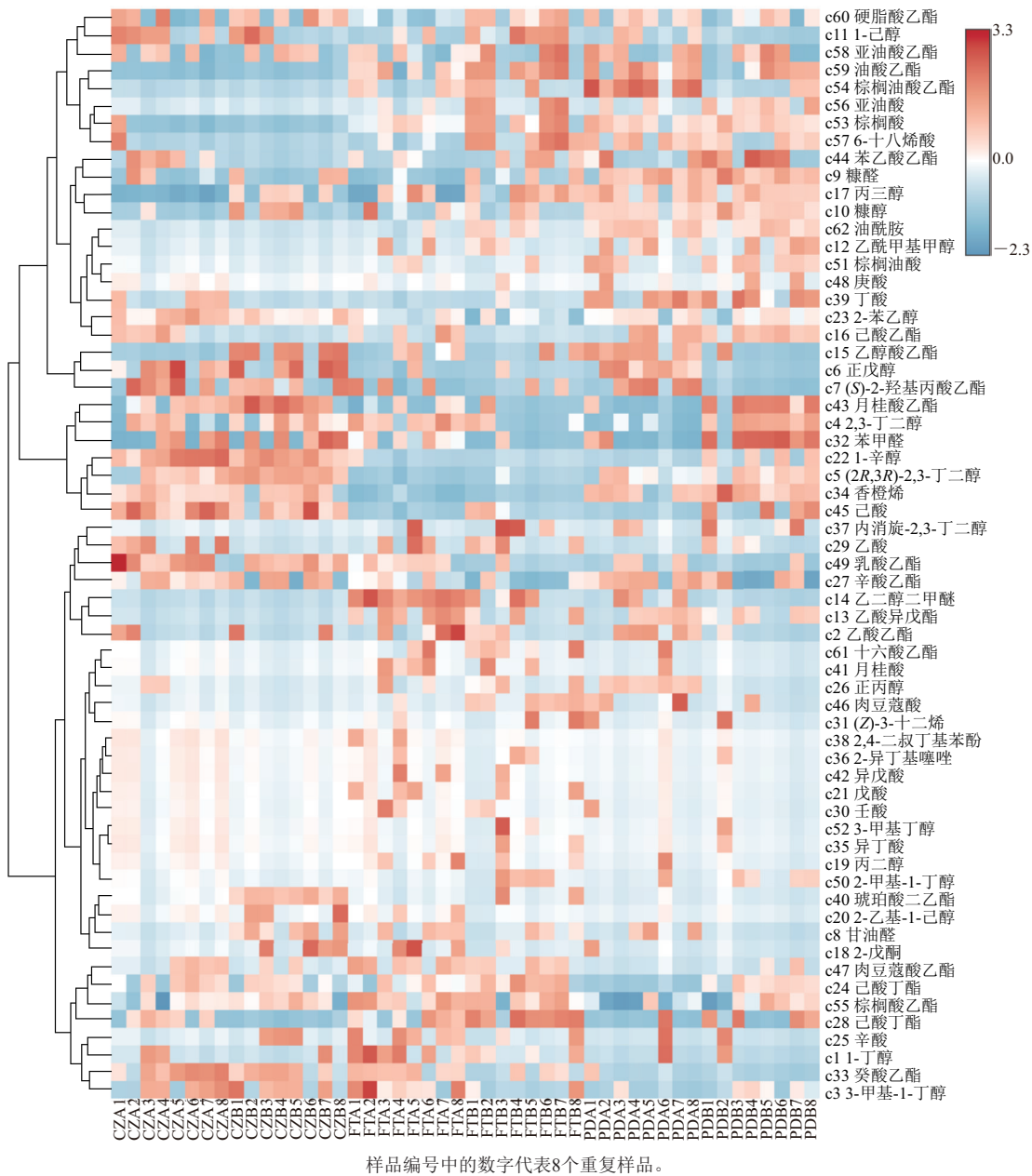
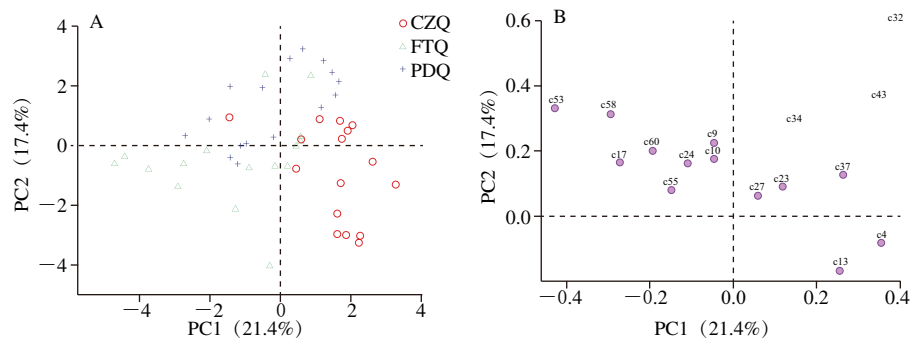


图1 不同酒曲发酵米酒中挥发性风味成分图
Fig. 1 Heatmap of volatile flavor components of rice wine fermented with different Jiuqu



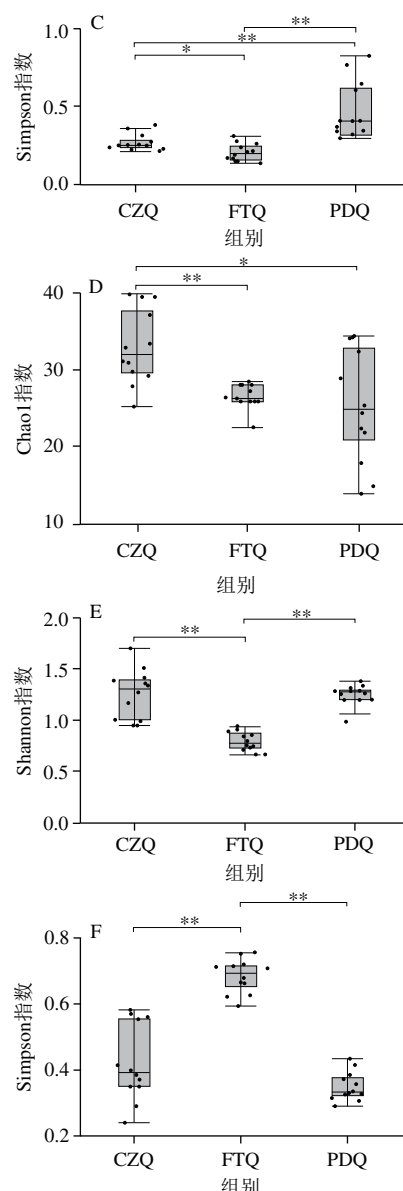
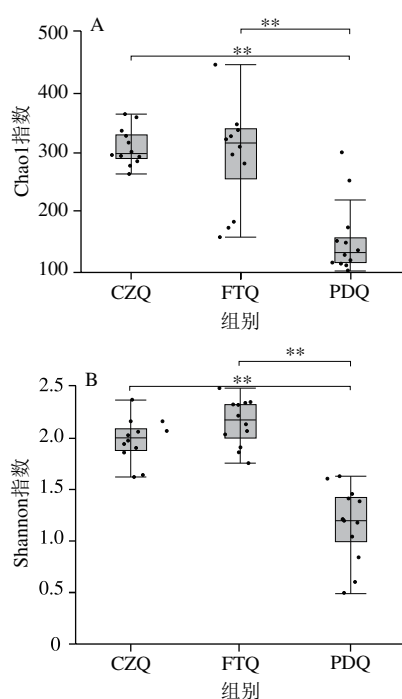
图B中编号所代表的挥发性风味物质与图1一致。

图2 基于挥发性风味物质不同酒曲发酵米酒样品的PCA得分图(A)及载荷图(B)
Fig. 2 PCA score plot (A) and loading plot (B) of rice wine fermented with different Jiuqu based on volatile flavor compounds

2.2 不同酒曲发酵米酒过程中微生物菌群多样性分析

2.2.1 α -多样性分析

黄酒酿造是一个复杂的多微生物协同发酵过程，其体系中蕴含着丰富且动态演替的微生物群落。作为驱动黄酒发酵代谢功能的核心生物载体，酒曲在发酵过程中对微生物群落结构变化与代谢功能间的调控机制的影响，仍有待进一步研究^[21]。在微生态研究中， α -多样性分析可以评估某个生态环境中样品物种的丰富度和均匀度，主要包括Chao1指数、Shannon指数、Simpson指数等，其中Chao1指数反映的是群落中微生物的丰富度，数值越高说明物种的丰富度越高，常用于估算环境中物种总数；Shannon指数和Simpson指数则反映环境中微生物的多样性，Shannon指数越大、Simpson指数越小，说明样本中群落多样性越高^[22]。由图3可知，在细菌菌群方面，CZQ组和FTQ组细菌菌群的丰富度和多样性显著或极显著高于PDQ组（ $P<0.05$ 、 $P<0.01$ ），且FTQ组最高。在真菌菌群方面，CZQ组真菌菌群丰富度显著或极显著高于PDQ组和FTQ组（ $P<0.05$ 、 $P<0.01$ ），而FTQ组真菌群落多样性则极显著低于PDQ组和CZQ组（ $P<0.01$ ）。此外，各组细菌菌群的丰富度和多样性均大于真菌菌群，这与绍兴黄酒中细菌菌群丰富度和多样性高于真菌菌群相一致^[22-23]，与丹阳黄酒酒曲真菌菌群多样性高于细菌菌群有所不同^[24]。



**差异极显著 ($P<0.01$), *差异显著 ($P<0.05$)。

图3 不同酒曲发酵米酒过程中细菌(A~C)和真菌(D~F)群落 α -多样性

Fig. 3 α -Diversity of bacterial (A~C) and fungal (D~F) communities during rice wine fermented with different Jiuqu

2.2.2 β -多样性分析

为了系统评估不同酒曲对米酒发酵过程中微生物群落动态的影响，进一步进行基于Bray-Curtis距离矩阵的主坐标分析 (principal coordinates analysis, PCoA) 及LEfSe分析。由图4A可知，在细菌菌群方面，PCo1和PCo2的方差贡献率分别为38.24%和12.70%，共解析了细菌群落总变异性的50.94%。PCo1轴的群落相似性分布特征可以有效区分不同酒曲来源样品，其中CZQ组和FTQ组在负轴距离比较近，说明细菌群落相近，而PDQ组在正轴与前两者菌落差距较大。PCo2轴则揭示了米酒发酵时序微生物群落演替的显著差异性。进一步

结合图4B可将细菌群落演替划分为2个典型阶段：主发酵期（0~5 d），该阶段显著差异细菌属为明串珠菌属（*Leuconostoc*）和小坂菌属（*Kosakonia*）（ $P<0.05$ 、 $LDA>4$ ）；后熟期（10~30 d），该阶段显著差异细菌属为乳植杆菌属（*Lactiplantibacillus*）（ $P<0.05$ 、 $LDA>4$ ）。由图4C可知，在真菌菌群方面，PCo1和PCo2的方差贡献率分别为57.079%和16.621%，共解析了真菌群落总变异性的73.70%。3组样品距离较远，说明真菌群落差异较大。

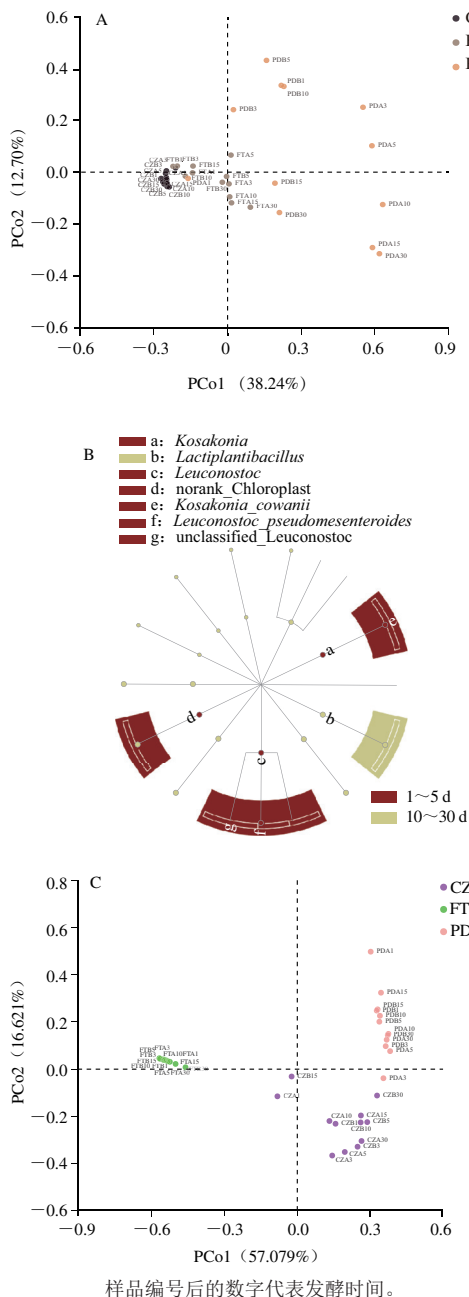


图4 不同酒曲发酵米酒过程中细菌菌群PCoA得分图(A)、LEfSe分析结果(B)及真菌菌群PCoA得分图(C)
Fig. 4 PCoA score plot (A) and LEfSe analysis results (B) of bacterial communities, and PCoA score plot of fungal communities (C) during rice wine fermented with different Jiuqu

为建立微生物群落与不同酒曲的关联模型，采用随机森林算法对每个微生物属的相对丰度与对应的酒曲进行回归分析，结果见图5。根据平均精度下降（mean decrease accuracy, MDA）值共筛选出12个细菌属（MDA>0.01）和9个真菌属（MDA>0.025）作为区分不同酒曲发酵样品的生物标志物。12个细菌属分别是葡萄糖杆菌属（*Gluconobacter*）、魏斯氏菌属（*Weissella*）、乳植杆菌属、不动杆菌属（*Acinetobacter*）、窄食单胞菌属（*Stenotrophomonas*）、粘液乳杆菌属（*Limosilactobacillus*）、马赛菌属（*Massilia*）、Unclassified Bacteria、假单胞菌属（*Pseudomonas*）、类芽孢杆菌属（*Paenibacillus*）、Unclassified Cyanobacteria、norank_KF-JG30-C25。9个真菌属分别是糖酵母属（*Saccharomycopsis*）、毕赤酵母属（*Pichia*）、汉逊酵母属（*Hanseniaspora*）、毛霉属（*Mucor*）、根霉属（*Rhizopus*）、威克汉姆酵母属（*Wickerhamomyces*）、柯达酵母属（*Kodamaea*）、地霉属（*Geotrichum*）、酵母属（*Saccharomyces*）。葡萄糖杆菌属作为醋酸菌主导乙醇氧化，与乳酸菌（如魏斯氏菌属、乳植杆菌属）共同贡献46.30%的重要性，这一结果提示有机酸平衡的核心调控网络可能由醋酸菌-乳酸菌的相互作用介导。不动杆菌属对米酒甜味影响较大^[25]，而条件致病菌窄食单胞菌属则预示某种潜在的风险^[26]。糖酵母属、毕赤酵母属及汉逊酵母属主导糖代谢与风味形成^[27-30]，与细菌葡萄糖杆菌属、魏斯氏菌属^[29]的有机酸代谢形成功能互补。关键霉菌毛霉属和根霉属提示原料液化阶段的淀粉酶活性，对米酒风味形成也有重要作用^[8]。

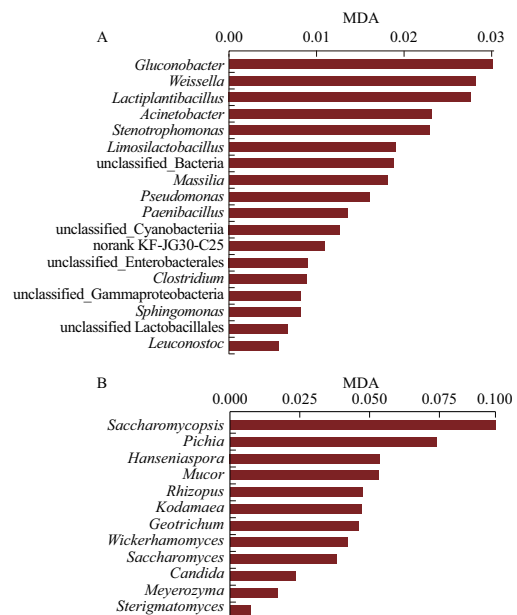


图5 不同酒曲发酵米酒过程中细菌(A)及真菌(B)菌群随机森林分析重要性柱状图
Fig. 5 Bar chart of random forest analysis importance for bacterial (A) and fungal (B) communities during rice wine fermented with different Jiuqu

2.3 不同酒曲发酵米酒过程中微生物群落结构变化

从3种不同酒曲发酵米酒醪样品中共注释到20个细菌门，主要为芽孢杆菌门（*Bacillota*）、假单胞菌门（*Pseudomonadota*）、蓝藻门（*Cyanobacteriota*）、放线菌门（*Actinomycetota*）和拟杆菌门（*Bacteroidota*）等。其中芽孢杆菌门的相对丰度为41.40%~94.90%，假单胞菌门的相对丰度为4.60%~33.60%。从3种不同酒曲发酵米酒醪样品中共注释到3个真菌门，分别为子囊菌门（*Ascomycota*）、接合菌门（*Mucoromycota*）和担子菌门（*Basidiomycota*），主要为子囊菌门（70.20%~99.20%）和接合菌门（0.80%~29.80%）。

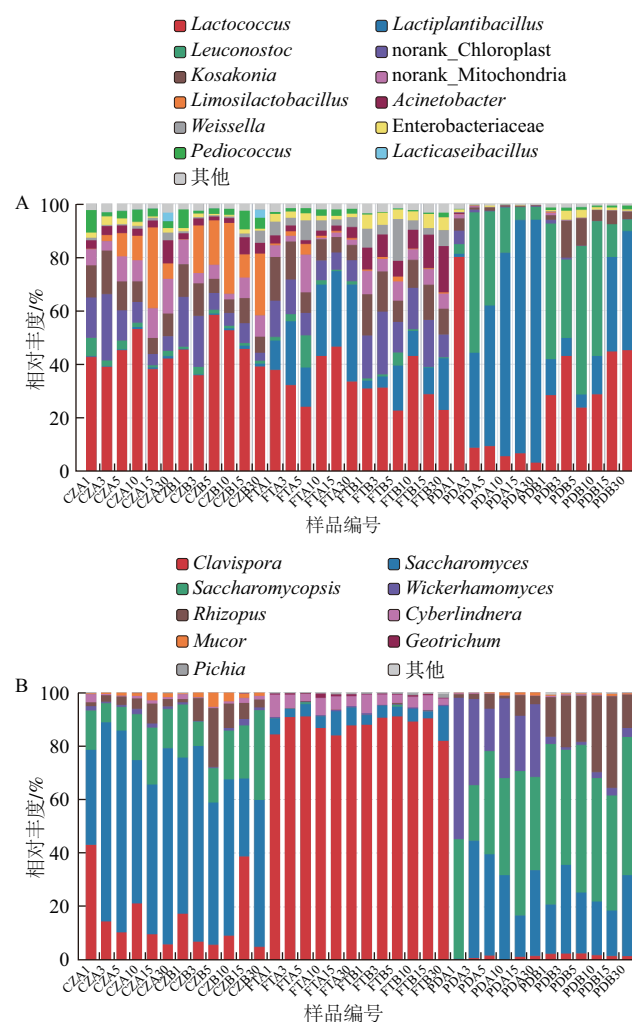


图6 基于属水平不同酒曲发酵米酒过程中细菌(A)及真菌(B)菌群结构

Fig. 6 Bacterial (A) and fungal (B) community structures at the genus level during rice wine fermented with different Jiuqu

由图6A可知，相对丰度>1.0%的核心细菌菌群有乳球菌属（*Lactococcus*）、小坂菌属、乳植杆菌属、粘液乳杆菌属、不动杆菌属、明串珠菌属、片球菌属（*Pediococcus*）、魏斯氏菌属等10个细菌属。乳球菌属、乳植杆菌属和明串珠菌属等在PDQ组中占优势，

其中PDA组和PDB组在发酵过程中细菌群落的演化不一致，可能与发酵过程中两者环境的细微差异有关；乳球菌属则在CZQ组和FTQ组中占绝对优势。乳酸菌被认为存在于各种传统发酵食品中，对传统发酵食品的发酵和风味有着重要的作用^[31]。结果表明，不同酒曲发酵米酒过程中的优势菌群有所不同，但均以乳球菌属、乳植杆菌属、魏斯氏菌属、片球菌属等构成核心菌群，本研究结果与已有研究中发酵黄酒的核心细菌群落以芽孢杆菌门为主的结论^[32-33]一致。

由图6B可知，相对丰度>1.0%的核心真菌菌群有酵母属（*Saccharomyces*）、糖酵母属、根霉属、克拉维酵母属（*Clavispora*）、威克汉姆酵母属、地霉属、毕赤酵母属、毛霉属8个真菌属。在FTQ组克拉维酵母属占绝对优势，CZQ组中酵母属占绝对优势，克拉维酵母属和糖酵母属也属于优势菌，PDQ组真菌演化比较复杂，酵母属、糖酵母属、根霉、威克汉姆酵母属等属于优势菌。酒药中的优势真菌属主要有酵母属、糖酵母属^[34]、根霉属和威克汉姆酵母属等^[35]，酵母在黄酒的初始发酵阶段起着关键的作用，酵母利用原材料中的糖分发酵产生乙醇和二氧化碳等，并产生各种各样的代谢副产物如酯类、醛类和有机酸等挥发性物质，协调了黄酒的感官属性^[36]。根霉常见于各种淀粉类发酵基质中，可以将淀粉分解为葡萄糖，进而产生乙醇、乳酸等各种风味物质，对黄酒的风味形成具有一定贡献^[37]。与酿酒酵母比较，非酿酒酵母（如威克汉姆酵母属、毕赤酵母属、汉逊酵母属）在发酵过程中可以分泌多种酶（ β -糖苷酶、酯酶等），大大增加化合物的种类和含量，对果酒的口感和风味复杂性产生积极影响^[38]。威克汉姆酵母是黄酒酒曲中常见的一种非酿酒酵母，具有酯酶活性高的特点，与酿酒酵母共发酵可以改善米酒的营养和风味^[39]。而汉逊酵母属具有高 β -葡萄糖苷酶和酯酶活性，在葡萄酒发酵过程中有助于乙酸盐酯和芳香族化合物的形成。

2.4 米酒发酵过程中微生物群落与挥发性风味化合物的相关性分析

为了确定米酒发酵过程中微生物群落与特定风味化合物生产之间的关系，选取差异微生物属和核心菌群的相对丰度值与挥发性化合物的相对含量进行相关性分析，计算菌属与挥发性风味物质间的Spearman相关性系数（ r ），选择 $|r|>0.8$ 且 $P<0.01$ 作为有效网络连接并绘图，结果见图7。

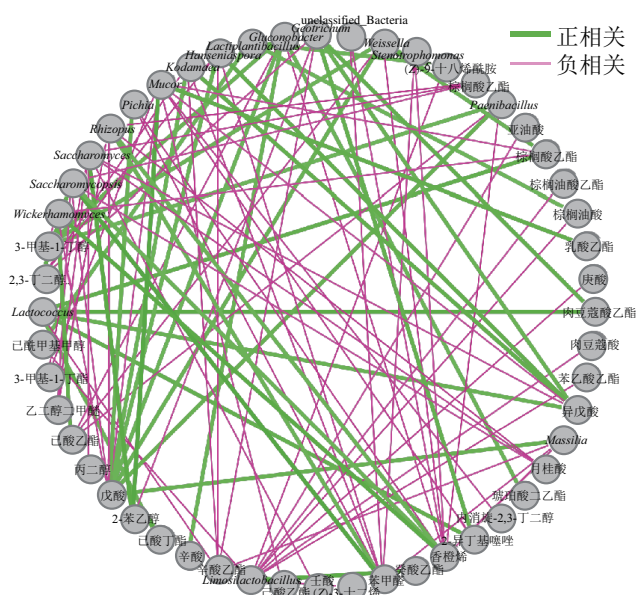


图7 米酒发酵过程中微生物与挥发性风味物质相关性分析
Fig. 7 Correlation analysis between microorganisms and volatile flavor compounds during rice wine fermentation

在黄酒微生物群落中,乳酸菌是风味物质形成的关键功能菌群^[40-41]。由图7可知,在细菌群落中,乳球菌属与棕榈酸乙酯、肉豆蔻酸乙酯、异戊酸、2-异丁基噻唑、己酸丁酯等的合成呈极显著正相关($P<0.01$),这与Liu Kunyi等^[9]在咖啡花黄酒发酵体系中观察到的乳球菌与上述乙酯类物质的正相关性结果高度一致。葡糖杆菌属与3-甲基丁醇、戊酸、辛酸等挥发性风味成分的形成呈极显著正相关($P<0.01$),葡糖杆菌属作为贵州西北部传统酒曲及部分葡萄酒发酵体系中的优势菌属,已被证实与多种挥发性风味物质的合成密切相关^[19,42]。此外粘液乳杆菌属作为常见益生菌,广泛应用于乳制品及发酵蔬菜制品中,已有研究表明其可致酸奶中14种挥发性风味成分含量降低^[43];本研究发现,粘液乳杆菌属仅与癸酸乙酯呈极显著正相关($P<0.01$),而与苯乙酸乙酯、肉豆蔻酸、庚酸、棕榈油酸、棕榈油酸乙酯等挥发性风味成分呈极显著负相关($P<0.01$)。

在真菌群落中,毛霉属和酵母属均与2-苯乙醇呈极显著正相关($P<0.01$),并与多种有机酸(如异戊酸、月桂酸等)呈极显著负相关($P<0.01$),可能与其在发酵过程中的生物脱酸有关^[44]。而汉逊酵母属与戊酸和异戊酸均呈极显著正相关($P<0.01$),可能与其在黄酒发酵中通过增加短链脂肪酸的浓度增强黄酒的风味有关^[45]。Yan Yingyin等^[44]研究发现,威克汉姆酵母属在黄酒发酵中对乙醇和酯类的形成有重要作用,与本研究威克汉姆酵母属和己酸乙酯等呈极显著正相关($P<0.01$)相同。

在挥发性风味物质方面,戊酸与多种微生物如葡糖杆菌属、马赛菌属、类芽孢杆菌属、魏斯氏菌属、汉

逊酵母属、柯达酵母属、毕赤酵母属等呈极显著正相关($P<0.01$),异戊酸与汉逊酵母属、乳球菌属等呈极显著正相关($P<0.01$),可能与短链脂肪酸在微生物互作中起重要作用有关^[46]。

3 结论

本研究采用HS-SPME-GC-MS联用技术,并结合高通量测序方法,对3种不同米酒生产酒曲发酵酒醪的挥发性风味物质及微生物群落结构进行研究,并分析其相关性。共检出62种挥发性风味物质,包括酯类20种、酸类16种、醇类11种等。通过PCA确定10种关键差异风味成分,其中苯甲醛、香橙烯等在PDQ组含量较高,2,3-丁二醇等在CZQ组含量较高,亚油酸乙酯等在FTQ组含量较高。采用高通量测序技术对江西米酒酿造群落结构研究发现,10种核心细菌菌群中,乳球菌属在CZQ组、FTQ组,乳植杆菌属、明串珠菌属等在PDQ组中占优势;8种核心真菌菌群中,酵母属在CZQ组,酵母属及糖酵母属在PDQ组,克拉维酵母属在FTQ组占绝对优势。采用随机森林算法对不同酒曲的微生物菌属解析回归分析,共筛选出葡糖杆菌属、魏斯氏菌属等12个细菌属和糖酵母属、毕赤酵母属等9个真菌属作为区分不同酒曲发酵样品的生物标志物。相关性分析证实乳球菌属与乙酯类物质合成、葡糖杆菌属与高级醇生成、毛霉属与2-苯乙醇代谢呈极显著正相关($P<0.01$),而戊酸和异戊酸等短链脂肪酸的形成也与葡糖杆菌属、魏斯氏菌属、汉逊酵母属等多种微生物具有极显著正相关($P<0.01$)。本研究结果为传统米酒通过定向微生物筛选实现风味精准调控提供了新思路,也为黄酒产业从经验酿造向科学控制转型奠定理论基础。

参考文献:

- [1] WANG J Y, WANG Z, HE F, et al. Effect of microbial communities on flavor profile of Hakka rice wine throughout production[J]. Food Chem X, 2024, 21: 101121.
- [2] 桂江平, 于化泓, 余勃, 等. 基于GC-MS江西米酒风味物质的分析及品质比较[J]. 中国酿造, 2023, 42(1): 231-237.
- [3] LIANG Z, CHEN S, WANG H, et al. Metagenomic and metabolomic profiling reveals the differences of flavor quality between hongqu rice wines fermented with gutian Qu and Wuyi Qu[J]. Foods, 2024, 13(19): 3114.
- [4] TANG A, PENG B. Metatranscriptomics reveals microbial community function succession and characteristic flavor formation mechanisms during black rice wine fermentation[J]. Food Chem, 2024, 457: 140428.
- [5] PENG Q, QUAN L, ZHENG H, et al. Analyzing the contribution of top-down and bottom-up methods to the construction of synthetic microbial communities in Jiuyao[J]. Food Microbiol, 2025, 129: 104759.

- [6] 叶书建, 刘甜甜, 毛健, 等. 黄酒循环浸米中核心微生物群落组装[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(8): 77-84.
- [7] LIU Y B, SUN M X, HOU P, et al. Analysis of microbial community structure and volatile compounds in pit mud used for manufacturing Taorong-type Baijiu based on high-throughput sequencing[J]. Sci Rep, 2022, 12(1): 7347.
- [8] MAO X, YUE S, XU D, et al. Research progress on flavor and quality of Chinese rice wine in the brewing process[J]. ACS Omega, 2023, 8(36): 32311-32330.
- [9] LIU K Y, SU R, WANG Q, et al. Interaction and dynamic changes of microbial communities and volatile flavor compounds during the fermentation process of coffee flower rice wine[J]. Front Microbiol, 2024, 15: 1476091.
- [10] HUANG Z, HONG J, XU J, et al. Exploring core functional microbiota responsible for the production of volatile flavour during the traditional brewing of Wuyi Hong Qu glutinous rice wine[J]. Food Microbiol, 2018, 76: 487-496.
- [11] CHEN G, YUAN Y, TANG S, et al. Comparative analysis of microbial communities and volatile flavor components in the brewing of Hongqu rice wines fermented with different starters[J]. Curr Res Food Sci, 2023, 7: 100628.
- [12] 谷晓东, 李素萍, 杨柳青, 等. 红谷黄酒发酵过程中微生物多样性与理化指标、挥发性风味的相关性分析[J]. 食品工业科技, 2022, 43(23): 133-143.
- [13] QIAN M, RUAN F G, ZHAO W H, et al. The dynamics of physicochemical properties, microbial community, and flavor metabolites during the fermentation of semi-dry Hakka rice wine and traditional sweet rice wine[J]. Food Chem, 2023, 416: 135844.
- [14] YE Y, WANG L, ZHAN P, et al. Characterization of the aroma compounds of Millet Huangjiu at different fermentation stages[J]. Food Chem, 2022, 366: 130691.
- [15] CHEN G, LI W, TONG S, et al. Effects of the microbial community on the formation of volatile compounds and biogenic amines during the traditional brewing of Hongqu rice wine[J]. Curr Res Food Sci, 2022, 5: 1433-1444.
- [16] HOU S W, LIANG Z H, WU Q, et al. Metagenomics reveals the differences in flavor quality of rice wines with Hongqu and Maiqu as the fermentation starters[J]. Food Microbiol, 2025, 125: 104647.
- [17] 余莉, 高瑞杰, 汪晗, 等. 复合酵母菌发酵对黄酒品质的影响[J]. 中国酿造, 2024, 43(10): 186-193.
- [18] YU H, XIE T, QIAN X, et al. Characterization of the volatile profile of Chinese rice wine by comprehensive two-dimensional gas chromatography coupled to quadrupole mass spectrometry[J]. J Sci Food Agric, 2019, 99(12): 5444-5456.
- [19] LIU Q, HAO N, MI L, et al. From microbial communities to aroma profiles: a comparative study of spontaneous fermentation in merlot and cabernet sauvignon wines[J]. Food Chem X, 2025, 26: 102317.
- [20] LI M, ZHAN P, WANG P, et al. Characterization of aroma-active compounds changes of Xiegun Huangjiu with different aging years based on odor activity values and multivariate analysis[J]. Food Chem, 2023, 405: 134809.
- [21] LUO Y, ZHANG C, LIAO H, et al. Integrative metagenomics, volatilomics and chemometrics for deciphering the microbial structure and core metabolic network during Chinese rice wine (Huangjiu) fermentation in different regions[J]. Food Microbiol, 2024, 122: 104569.
- [22] 宋建阳, 岑定运, 梁莉莹, 等. 南阳红谷黄酒发酵过程中挥发性风味物质与微生物群落相关性分析[J]. 中国酿造, 2023, 42(8): 135-139.
- [23] 谢玲, 龚小会, 张东亚, 等. 贵州特色米酒产区酒曲微生物群落多样性分析[J]. 中国酿造, 2024, 43(8): 170-176.
- [24] 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.
- [25] YANG Y, WANG H, SHUANG Q, et al. Novel insights into flavor formation in whey fermented wine: a study of microbial metabolic networks[J]. LWT-Food Sci Technol, 2024, 197: 115911.
- [26] ERINMEZ M, ASKIN F N, ZER Y. outbreak in a university hospital: epidemiological investigation and literature review of an emerging healthcare-associated infection[J]. Rev Inst Med Trop Sao Paulo, 2024, 66: e46.
- [27] CHEN L, DAI J, SHU Y, et al. Effects of *Saccharomycopsis fibuligera* on the formation of flavor substances and functional enzymes during turbid rice wine brewing[J]. Int J Food Microbiol, 2025, 439: 111238.
- [28] KONG C, ZHANG Q, WANG Y, et al. Decoding polysaccharides from two *Pichia* yeasts and their molecular interaction with wine fruity esters[J]. J Agric Food Chem, 2024, 72(22): 12707-12718.
- [29] XU B, MI T, MA S, et al. Insight into the autochthonous lactic acid bacteria as starter culture for improving the quality of Sichuan radish paocai: changes in microbial diversity and metabolic profiles[J]. Int J Food Microbiol, 2024, 425: 110877.
- [30] ZHANG T, LIAO Z, LI Z, et al. Dynamic changes in dissolved oxygen concentration, microbial communities, and volatile compounds during industrial oak-barrel fermentation of Sauvignon Blanc wine[J]. Food Res Int, 2024, 197(Pt 1): 115250.
- [31] CHENG W, CHEN X, XUE X, et al. Comparison of the correlations of microbial community and volatile compounds between pit-mud and fermented grains of compound-flavor Baijiu[J]. Foods, 2024, 13(2): 203.
- [32] 郭建华, 赵晓旭, 蒋海娇. 玉米黄酒发酵过程中微生物菌群结构与挥发性风味物质的相关性分析[J]. 中国调味品, 2023, 48(11): 84-89.
- [33] ZOU J, CHEN X, WANG C, et al. Microbial communities and correlation between microbiota and volatile compounds in fermentation starters of Chinese sweet rice wine from different regions[J]. Foods, 2023, 12(15): 2932.
- [34] YANG Y, ZHONG H, YANG T, et al. Characterization of the key aroma compounds of a sweet rice alcoholic beverage fermented with *Saccharomycopsis fibuligera*[J]. J Food Sci Technol, 2021, 58(10): 3752-3764.
- [35] 夏迪, 谭旭, 王丽, 等. 黄酒曲微生物多样性研究进展[J]. 中国酿造, 2024, 43(5): 6-11.
- [36] YAO L, SHI X, CHEN H, et al. Major active metabolite characteristics of *Dendrobium officinale* rice wine fermented by *Saccharomyces cerevisiae* and *Wickerhamomyces anomalus* cofermentation[J]. Foods, 2023, 12(12): 2370.
- [37] YANG Y, ZHONG H, YANG N, et al. Quality improvement of sweet rice wine fermented with *Rhizopus delemar* on key aroma compounds content, phenolic composition, and antioxidant capacity compared to *Rhizopus oryzae*[J]. J Food Sci Technol, 2022, 59(6): 2339-2350.
- [38] CHE X, LI B, ZENG J, et al. Effect of co-fermentation of non-*Saccharomyces* yeasts with *Saccharomyces cerevisiae* on the quality and flavor of blueberry wine[J]. Food Res Int, 2024, 196: 115051.
- [39] CHEN C, ZHENG Z, WANG Y, et al. Function-driven high-throughput screening and isolation of ester-producing strains for glutinous rice wine fermentation[J]. Food Res Int, 2025, 199: 115393.
- [40] PENG Q, ZHENG H, ZHOU H, et al. Elucidating core microbiota in yellow wine (Huangjiu) through flavor-oriented synthesis and construction of microbial communities[J]. Food Res Int, 2024, 197(Pt 1): 115139.

- [41] YAN Y, CHEN H Y, SUN L P, et al. The changes of microbial diversity and flavor compounds during the fermentation of millet Huangjiu, a traditional Chinese beverage[J]. PLoS ONE, 2022, 17(1): e262353.
- [42] ZHAO J, WANG Q, REN Z, et al. Legendary fermented herbs: an ethnobotanical study of the traditional fermentation starter of the Chuanqing people in Northwestern Guizhou, China[J]. J Ethnobiol Ethnomed, 2024, 20(1): 84.
- [43] GAO X, XIA Y, YU L, et al. Exploring the physicochemical, structural, metabolic, and flavor compounds of *Limosilactobacillus fermentum* in fermented yogurt through comparative genomics[J]. Food Chem, 2025, 465: 142000.
- [44] YAN Y Y, LIANG Z, HUO Y, et al. A comparative study of microbial communities, biogenic amines, and volatile profiles in the brewing process of rice wines with Hongqu and Xiaoqu as fermentation starters[J]. Foods, 2024, 13(15): 2452.
- [45] DENG Y, ZHENG H, ZHAO M, et al. Flavor characteristics and metabolomics of sweet rice wine fermented with different non-*Saccharomyces* yeasts[J]. Food Res Int, 2025, 211: 116473.
- [46] MANN E R, LAM Y K, UHLIG H H. Short-chain fatty acids: linking diet, the microbiome and immunity[J]. Nat Rev Immunol, 2024, 24(8): 577-595.