

浓香型白酒窖底泥和窖壁泥理化、细菌结构和风味成分的差异及相关性分析

代良超, 刘 丹, 杨岱霖, 邹永芳, 文 静*

(舍得酒业股份有限公司, 四川 遂宁 629000)

摘要: 为揭示窖底泥和窖壁泥对浓香型白酒品质的影响, 采用常规检测方法、高通量测序技术分析窖底泥和窖壁泥的理化指标、细菌群落结构, 采用气相色谱分析其酿造原酒中的挥发性风味物质, 并对其进行相关性分析。结果表明, 窖底泥pH值(6.53)与铵态氮含量(944.13 mg/kg)均显著高于窖壁泥(5.98、849.19 mg/kg); 还原糖含量(310.40 mg/kg)显著低于窖壁泥(493.60 mg/kg) ($P < 0.05$)。窖底泥和窖壁泥共检出3个优势细菌门、12个优势细菌属(相对丰度 $>1\%$), 其中, 窖底泥特有优势菌属为氢孢菌属(*Hydrogenispora*)与热粪杆菌属(*Caldicoprobacter*); 窖壁泥特有优势菌属为梭菌属12(*Clostridium_sensu_stricto_12*)。从窖底糟原酒中检出挥发性风味物质199种, 其主体酯类物质及己酸等风味物质含量高于窖壁糟原酒。相关性分析表明, 窖底泥与腐殖质及有效磷呈显著相关($P < 0.05$), 窖壁泥与铵态氮呈显著正相关($P < 0.05$); *Clostridium_sensu_stricto_12*、产己酸菌属(*Caproiciproducens*)与己酸乙酯等的合成密切相关, 高级脂肪酸乙酯与有效磷相关性最强。本研究为窖池养护提供理论参考。

关键词: 浓香型白酒; 窖泥; 细菌群落; 原酒; 挥发性风味成分; 高级脂肪酸乙酯; 相关性分析

Differences and Correlation Analysis of Physicochemical Property, Bacterial Community Structure and Flavor Components Between Bottom and Wall Pit Muds of Strong-Flavor Baijiu

DAI Liangchao, LIU Dan, YANG Dailin, ZOU Yongfang, WEN Jing*

(Shede Spirits Co. Ltd., Suining 629000, China)

Abstract: To elucidated the influence of bottom and wall pit muds on the quality for strong-flavor (Nongxiangxing) Baijiu, the physicochemical indicators and bacterial community structures of bottom and wall pit muds were determined by conventional detection methods and high-throughput sequencing technology. The volatile flavor compounds in the base liquor brewed from corresponding pit mud were determined by gas chromatography, followed by correlation analysis. The results showed that the pH (6.53) and ammonium nitrogen content (944.13 mg/kg) of bottom pit mud were significantly higher than those of wall pit mud (pH 5.98, ammonium nitrogen: 849.19 mg/kg) ($P < 0.05$). Conversely, the reducing sugar content of bottom pit mud (310.40 mg/kg) was significantly lower than that of wall pit mud (493.60 mg/kg) ($P < 0.05$). In bottom and wall pit muds, a total of three dominant bacterial phyla and 12 dominant bacterial genera (relative abundance $> 1\%$) were detected. Among these, the dominant genera unique to bottom pit mud were *Hydrogenispora* and *Caldicoprobacter*, while the dominant genus unique to wall pit mud was *Clostridium_sensu_stricto_12*. A total of 199 volatile flavor substances were detected in the base liquor from bottom pit mud fermented grains, and the content of its main ester substances and flavor substances such as caproic acid is higher than that of the base liquor from wall pit mud fermented grains. Correlation analysis indicates that the bottom pit mud is significantly correlated with humus and available phosphorus ($P < 0.05$). The wall pit mud was significantly positively correlated with ammonium nitrogen ($P < 0.05$). The synthesis of *Clostridium_sensu_stricto_12* and *Caproiciproducens* were closely associated with the synthesis of ethyl

收稿日期: 2025-10-31

基金项目: 中国生态酿酒产业技术研究院项目(SD-ST-007)

第一作者简介: 代良超(1996—)(ORCID: 0000-0002-1519-2450), 男, 助理工程师, 硕士, 研究方向为白酒酿造。

E-mail: SYNY8244@163.com

*通信作者简介: 文静(1975—)(ORCID: 0009-0007-6045-947X), 女, 高级工程师, 学士, 研究方向为白酒酿造。

E-mail: 651204349@qq.com

hexanoate, and higher fatty acid ethyl esters had the strongest correlation with available phosphorus. This study provided a theoretical reference for the maintenance of fermentation pits.

Keywords: strong-flavor Baijiu; pit mud; bacterial community; base liquor; volatile flavor compound; higher fatty acid ethyl ester; correlation analysis

DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.06.020

中图分类号: TS262.3; TS261.1

文献标志码: A

文章编号: 0254-5071 (2026) 06-0157-09

引文格式:

代良超, 刘丹, 杨岱霖, 等. 浓香型白酒窖底泥和窖壁泥理化、细菌结构和风味成分差异及相关性分析[J]. 中国酿造, 2026, 45(6): 157-165. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.06.020. <http://www.chinabrewing.net.cn>

DAI Liangchao, LIU Dan, YANG Dailin, et al. Differences and correlation analysis of physicochemical property, bacterial community structure and flavor components between bottom and wall pit muds of strong-flavor Baijiu[J]. China Brewing, 2026, 45(6): 157-165. (in Chinese with English abstract) DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2026.06.020. <http://www.chinabrewing.net.cn>

浓香型白酒是以泥窖为发酵容器, 采用续糟配料、多菌密闭共酵工艺酿制而成的蒸馏酒, 因其窖香浓郁、绵甜爽净、余味悠长等而广受欢迎, 产量与销量约占白酒总体的70%以上^[1]。泥窖发酵是浓香型白酒生产最典型的工艺特征, 赋予浓香型白酒独特的风味。因此, 窖泥品质是影响浓香型白酒品质的核心要素, 其中, pH值以及腐殖质、有效磷、铵态氮含量等直接影响微生物的生长, 进而影响酿造过程中风味物质的合成^[2-3]。

揭示窖池微生态因子对酒体风味的塑造与调控机制具有重要意义。窖池作为一个复杂的微生态系统, 其不同位置下微生态环境的不同导致了质量指标(pH值、酸度、养分)及微生物群落结构的差异, 进而影响酒体品质及风味^[4-5]。曾波等^[6]对窖底泥及窖壁泥的理化指标和细菌群落进行分析, 结果表明, 窖底泥及窖壁泥理化指标与微生物群落存在空间差异, 其中pH值对窖底泥中细菌群落影响最大, 氢孢菌属(*Hydrogenispora*)是窖底泥的标志性菌属, 参与酸代谢的酶在窖壁泥中的相对丰度更高。肖琴等^[7]研究表明, 5年窖泥原核微生物多样性总体上高于10年和20年窖泥, 且不同空间位置窖泥的微生物多样性有较大区别。目前, 关于浓香型白酒研究集中于窖泥窖龄、窖泥理化及微生物群落等方面, 鲜见窖泥对原酒风味影响的研究报道。

本研究采用常规检测方法和高通量测序技术分析窖底泥、窖壁泥的理化指标、细菌群落结构, 并采用气相色谱(gas chromatography, GC)分析其酿造原酒中的挥发性风味物质, 并对窖泥理化指标、微生物群落与原酒挥发性风味成分进行相关性分析, 旨在为窖泥功能菌筛选、窖池养护和白酒生产提供理论基础及技术支撑。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

20年窖池的窖泥及对应糟层原酒采自四川省某浓香型白酒企业。其取样示意图见图1, 窖泥位置分别包括窖池底部及窖壁, 采用5点取样法, 以窖壁和窖底为平面, 将窖壁对角线的中点作为中心采样点, 对角线上距离中心点1/2处作为样点, 每个样点分别采集100 g, 进行混合后作为窖底泥样, 共取5口不同的窖池, 标记为BM1、BM2、BM3、BM4、BM5; 窖壁按相同方法采样, 标记为WM1、WM2、WM3、WM4、WM5。取窖底酒醅蒸馏综合酒样(乙醇体积分数60.5%)作为窖底糟原酒, 标记为BL1、BL2、BL3、BL4、BL5; 与窖壁采样点相同高度的窖壁酒醅混合后蒸馏作为窖壁糟原酒, 标记为WL1、WL2、WL3、WL4、WL5。

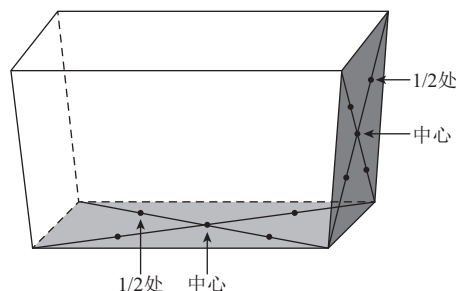


图1 取样示意图

Fig. 1 Sampling schematic diagram

葡萄糖、酒石酸钾钠、重铬酸钾(均为分析纯) 西陇科学股份有限公司; 苯酚、硫酸汞(均为分析纯) 上海麦克林生化科技有限公司; 亚硫酸氢钠(分析纯) 上海易恩化学技术有限公司; 氯化钠(分析纯) 成都金山化学试剂有限公司; 磷酸二氢钾(分析纯) 成都科龙化工试剂厂; 四水合钼酸铵、碘化钾

(均为分析纯) 广东光华科技股份有限公司; 己酸、己酸乙酯、乙酸乙酯、乳酸乙酯、乙酸正丁酯等标准品(均为色谱纯) 阿拉丁试剂(上海)有限公司; 乙醇(色谱纯) 成都市科隆化学品有限公司。E.Z.N.A.[®] 土壤DNA提取试剂盒 上海晶诺生物科技有限公司。

1.2 仪器与设备

ME204T分析天平 梅特勒托利多(上海)有限公司; 8890 GC仪 安捷伦科技(中国)公司; UV-2400紫外分光光度计 上海美谱达仪器有限公司; Centrisart A-14C-1EU高速冷冻离心机 赛多利斯科学仪器(北京)有限公司; PHS-3C pH计 上海仪电科学仪器股份有限公司; T100聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)仪、PowerPac Basic电泳仪 美国Bio-Rad公司; NanoDrop One超微量分光光度计 美国赛默飞世尔科技公司。

1.3 方法

1.3.1 窖泥理化指标检测

采用窖泥鲜样测定pH值、水分含量、铵态氮含量、还原糖含量。pH值采用pH计测定^[8]; 水分含量采用重量法测定^[9]; 铵态氮含量采用纳氏试剂比色法测定^[6]; 还原糖含量采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定。

将窖泥鲜样平铺后置于通风干燥处放置7 d自然风干, 研磨成粉(100目)后用于测定腐殖质含量、有效磷含量。腐殖质含量采用油浴法测定^[10]; 有效磷含量采用氟化铵-盐酸比色法测定^[11]。

1.3.2 窖泥总DNA提取、PCR扩增和高通量测序

使用土壤DNA提取试剂盒提取窖泥微生物总DNA, 采用超微量分光光度计测定DNA浓度和纯度, 通过1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA提取质量。选择338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对16S rRNA基因的V3~V4可变区进行扩增, PCR扩增体系及条件参考曾波等^[6]方法。利用2%琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物后, 将PCR产物送至上海美吉生物技术有限公司使用Illumina MiSeq平台进行测序分析。

1.3.3 原酒风味成分检测

原酒风味成分采用GC仪分析。

样品预处理: 准确吸取1.0 mL酒样, 加入100 μ L内标混合溶液(乙酸正戊酯、2-乙基丁酸、叔戊醇质量浓度均为1.5 g/L), 待测。

GC条件: DB-WAX-UI毛细管色谱柱(30 m $\times$ 0.25 mm, 0.25 μ m), 进样口温度240 $^{\circ}$ C, 进样量1 μ L, 分流比30:1, 载气为高纯度N₂, N₂流量为1 mL/min,

氢气流量30 mL/min, 空气流量400 mL/min。升温程序为初始温度35 $^{\circ}$ C, 保持3 min, 以6 $^{\circ}$ C/min升温至150 $^{\circ}$ C, 再以8 $^{\circ}$ C/min升温至210 $^{\circ}$ C, 保持10 min, 后运行至240 $^{\circ}$ C保持10 min, 采用氢火焰离子化检测器, 检测器温度250 $^{\circ}$ C。

定性定量分析: 采用保留时间定性, 采用内标法定量。

1.4 数据分析

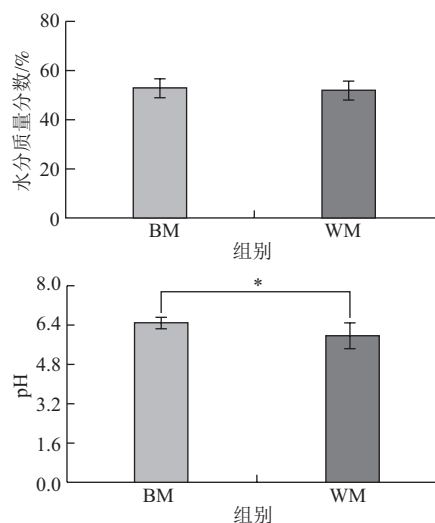
原始序列经Trimmomatic软件完成质控后, 通过FLASH软件拼接。基于97%的序列相似度进行操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类分析, 并筛除单序列和嵌合体。利用RDP classifier对每条有效序列进行物种分类注释及Silva数据库(SSU123)比对。结果以 $\bar{x} \pm s$ 的形式表示, 采用Excel 2019处理数据, R v3.6.3绘图。

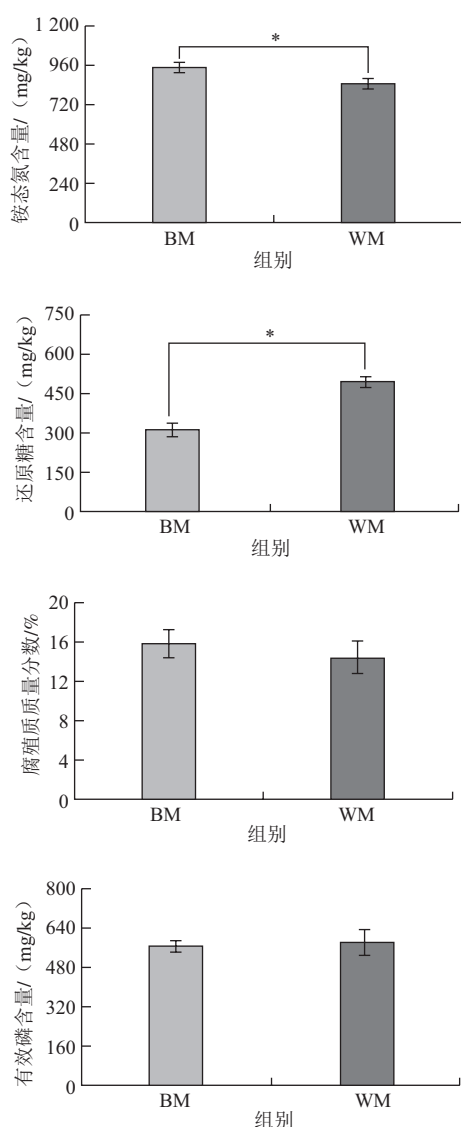
2 结果与分析

2.1 不同窖泥理化指标分析

2.1.1 窖底泥及窖壁泥理化指标分析

由图2可知, 窖底泥和窖壁泥的pH值、铵态氮和还原糖含量差异显著($P < 0.05$)。窖底泥的pH值(6.53)与铵态氮含量(944.13 mg/kg)均显著高于窖壁泥的pH值与铵态氮含量(5.98、849.19 mg/kg)($P < 0.05$)。该结果与张明珠等^[12]研究的池底泥pH值及铵态氮含量大于窖壁泥的结果一致。而窖底泥的还原糖含量(310.40 mg/kg)显著低于窖壁泥(493.60 mg/kg)($P < 0.05$), 这与吴浪涛^[13]的研究结果一致。窖底泥和窖壁泥的水分质量分数(52.78%、52.16%)、腐殖质质量分数(15.85%、14.38%)及有效磷含量(560.31、580.04 mg/kg)无显著差异($P > 0.05$)。





*.差异显著 ($P < 0.05$)。

图2 窖底泥和窖壁泥理化指标

Fig. 2 Physicochemical indicators of bottom and wall pit muds

2.1.2 基于理化指标窖泥样品主成分分析 (principal component analysis, PCA)

通过成分矩阵对指标的代表性进行判断, 设定载荷值大于0.6为具有高度的代表性与解释力^[14-15]。窖泥理化指标的载荷值均大于0.6, 表明预选指标对PC具有高度的代表性, 无需剔除。基于理化指标对不同窖泥样品进行PCA。由图3可知, PC1、PC2方差贡献率分别为33.17%、32.35%, 累计方差贡献率大于65%, 能解释原始数据的变异性^[16-17]。窖底泥的理化指标均在坐标轴的第2、3象限, 而窖壁泥理化指标主要集中在第1、4象限, 因此不同位置的理化指标存在整体差异。因此, 通过PCA可有效区分窖底泥和窖壁泥样品。

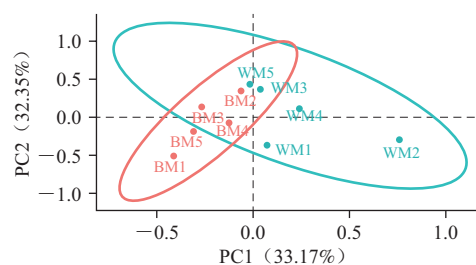


图3 基于理化指标不同窖泥样品PCA得分图

Fig. 3 Principal component analysis (PCA) score plot of different pit mud samples based on physicochemical indexes

2.2 不同窖泥细菌群落结构分析

2.2.1 窖底泥及窖壁泥细菌群落结构分析

将窖泥细菌群落序列进行OTU物种注释, 检出51个门、924个属。选取排名前7的门及排名前30的细菌属进行分析 (“其他”表示排名靠后的门或属)。由图4a可知, 窖壁泥、窖底泥共检出3个优势菌门 (平均相对丰度 > 1%), 其中, 窖底泥、窖壁泥中共有优势菌门为厚壁菌门 (Firmicutes) 及放线菌门 (Actinobacteriota)。而拟杆菌门 (Bacteroidota) 则为窖底泥所特有, 其平均相对丰度为1.85%。

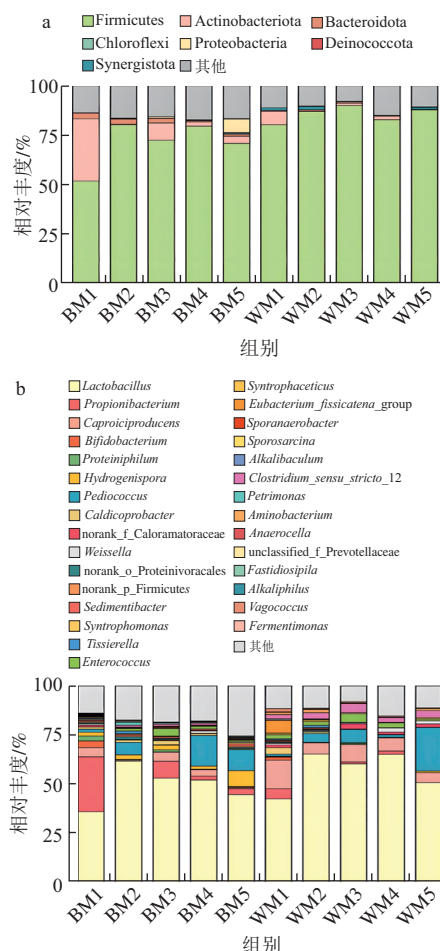


图4 基于门水平 (a) 及属水平 (b) 不同窖泥样品细菌群落结构分析
Fig. 4 Analysis of bacterial community structure in different pit mud samples at phylum (a) and genus (b) levels

厚壁菌门 (Firmicutes) 是窖底泥与窖壁泥的绝对优势菌门 (平均相对丰度均大于70.96%), Firmicutes包括芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、乳球菌属 (*Lactococcus*) 及梭菌属 (*Clostridium*) 等, 为窖泥中常见的细菌群落^[18]。其次, 优势细菌门为放线菌门 (Actinobacteriota), 其在窖底泥、窖壁泥中的平均相对丰度分别为9.24%、1.96%。Actinobacteriota普遍分布于土壤中, 为窖池中常见的细菌群落^[19]。窖底泥中特有的优势菌门为拟杆菌门 (Bacteroidota, 1.85%), 有研究指出, Bacteroidota为窖底泥微生物群落中的优势菌门, 能将 Fe^{3+} 转化成 Fe^{2+} , 从而使得窖泥颜色灰白青, 出现老熟特征^[20-21]。

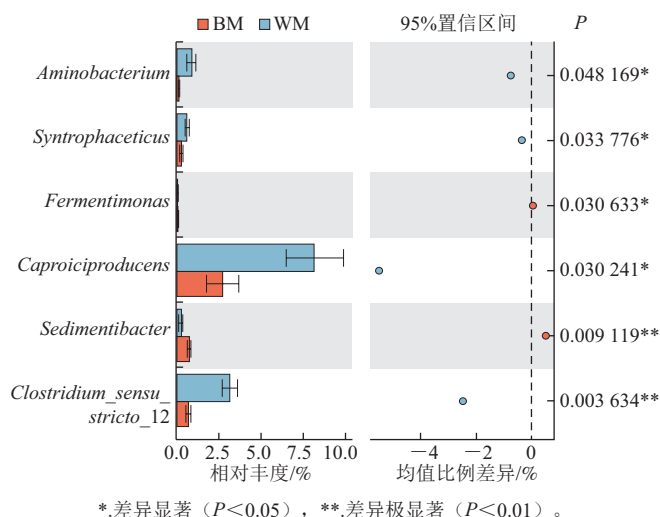
由图4b可知, 窖壁泥与窖底泥中共检出12个优势细菌属 (平均相对丰度>1%), 窖底泥优势细菌属有7个, 分别为乳杆菌属 (*Lactobacillus*, 49.40%)、丙酸杆菌属 (*Propionibacterium*, 8.34%)、片球菌属 (*Pediococcus*, 6.91%)、氢孢菌属 (*Hydrogenispora*, 3.26%)、产己酸菌属 (*Caproiciproducens*, 2.71%)、肠球菌属 (*Enterococcus*, 1.46%) 及热粪杆菌属 (*Caldicoprobacter*, 1.15%)。窖壁泥的优势细菌属有9个, 分别为乳杆菌属 (*Lactobacillus*, 56.70%)、产己酸菌属 (*Caproiciproducens*, 8.18%)、片球菌属 (*Pediococcus*, 7.16%)、肠球菌属 (*Enterococcus*, 2.35%)、梭菌属12 (*Clostridium_sensu_stricto_12*, 3.13%)、丙酸杆菌属 (*Propionibacterium*, 1.61%) 及norank_f_Caloramatoraceae (1.41%) 等。其中, 窖壁泥和窖底泥共有的优势细菌属包括乳杆菌属 (*Lactobacillus*)、肠球菌属 (*Enterococcus*)、产己酸菌属 (*Caproiciproducens*) 和片球菌属 (*Pediococcus*)。其原因可能是, 乳杆菌属和片球菌属具有较强的乳酸发酵能力, 能够适应窖池中富含营养且微氧的特殊生态环境, 并通过快速产酸降低环境pH值, 从而抑制其他竞争性微生物的生长, 成为数量上的优势类群^[22-23]。肠球菌属不仅参与酯类等风味物质的合成, 还可能产生4-甲基苯酚等代谢产物, 可在一定程度上促进窖泥老熟和品质提升^[24]。产己酸菌属则在生态功能上表现出明显的代谢依赖性, 其以乳酸菌代谢产生的乳酸以及窖内积累的乙醇为底物, 在严格的厌氧条件下合成己酸, 为己酸乙酯等关键风味物质提供前体^[25]。

此外, 不同窖池窖泥位置也富集了各自特有的微生物类群。窖底泥特有的优势菌属为氢孢菌属 (*Hydrogenispora*) 和热粪杆菌属 (*Caldicoprobacter*), 二者均属于梭菌纲, 在复杂有机物降解和风味代谢中发挥重要作用, 有助于提升白酒风味复杂性^[26]。窖壁泥特有的优势菌属为梭菌属12 (*Clostridium_sensu_stricto_12*), 其代谢产物

以己酸为主, 直接参与窖池内己酸乙酯的合成, 对浓香型白酒典型风格的形成具有关键作用^[27]。

2.2.2 窖底泥与窖壁泥差异细菌菌群分析

为明确窖底泥与窖壁泥细菌群落的组间差异, 基于群落相对丰度进行严格的统计假设检验。由图5可知, 窖底泥与窖壁泥在主要菌属相对丰度上呈现出显著差异。窖底泥中, 梭菌属12 (*Clostridium_sensu_stricto_12*) 的平均相对丰度为0.68%, 极显著低于窖壁泥 (3.13%) ($P<0.01$)。此外, 窖底泥中的氨基酸杆菌属 (*Aminobacterium*, 0.12%)、产己酸菌属 (*Caproiciproducens*, 2.71%) 以及共养单胞菌属 (*Syntrophomonas*, 0.26%) 亦均显著低于窖壁泥 ($P<0.05$), 其在窖壁泥中的平均丰度分别达0.86%、8.18%和0.59%。与之相反, 沉积物杆菌属 (*Sedimentibacter*) 在窖底泥中的平均相对丰度为0.75%, 极显著高于窖壁泥 (0.22%) ($P<0.01$); 发酵单胞菌属 (*Fermentimonas*) 在窖底泥中的丰度为0.07%, 亦显著高于窖壁泥 (0.01%) ($P<0.05$)。这些相对丰度差异显著的菌属构成了区分窖壁与窖底泥细菌群落的关键生物标志物。



*.差异显著 ($P<0.05$), **.差异极显著 ($P<0.01$)。
图5 窖底泥及窖壁泥样品中差异细菌属Stamp图
Fig.5 Stamp diagram of differential bacterial genera in bottom and wall pit mud samples

梭菌属12 (*Clostridium_sensu_stricto_12*) 及产己酸菌属 (*Caproiciproducens*) 是窖壁泥中的常见菌属之一, 可产生丁酸、己酸等有机酸, 是生成酯类物质的重要前体^[28]。共养单胞菌属 (*Syntrophomonas*) 会产生多种挥发性酸及直链醇^[29], 这些物质可能与形成白酒中醇厚感、复杂香气的重要前体物质有关。共养单胞菌属 (*Syntrophomonas*) 及发酵单胞菌属 (*Fermentimonas*) 与乙酸、丁酸等产生有关^[30-31]。综上, 这些微生物均有利于合成己酸等短链脂肪酸, 为白酒关键风味物质的生

成提供前体。而窖壁泥中菌群更侧重风味前体物质的合成与转化。

2.3 不同原酒挥发性风味物质分析

2.3.1 窖底糟与窖壁糟原酒的挥发性风味成分分析

由图6可知,不同窖池位置的原酒挥发性风味成分的组成较为一致,主要包括酯类、醇类、酸类、醛类及酮类。窖底糟、窖壁糟原酒分别共检测出199、189种挥发性风味物质,其中,窖底糟原酒中分别检出酯类69种、醇类53种、酸类45种、醛类14种、酮类14种及其他类4种,窖壁糟原酒中分别检出酯类63种、醇类53种、酸类42种、醛类15种、酮类12种及其他类4种。窖底糟原酒中酯类(16.79 g/L)、醇类(9.91 g/L)、酸类(3.89 g/L)及酮类(0.43 g/L)物质的总含量均高于窖壁糟原酒(分别为10.48、3.16、2.16、0.29 g/L)。而窖底糟原酒中醛类物质质量浓度(0.49 g/L)低于窖壁糟(0.79 g/L)。综上所述,窖底糟原酒检出的挥发性风味物质种类更丰富,酯类、醇类、酸类及酮类物质含量较高。

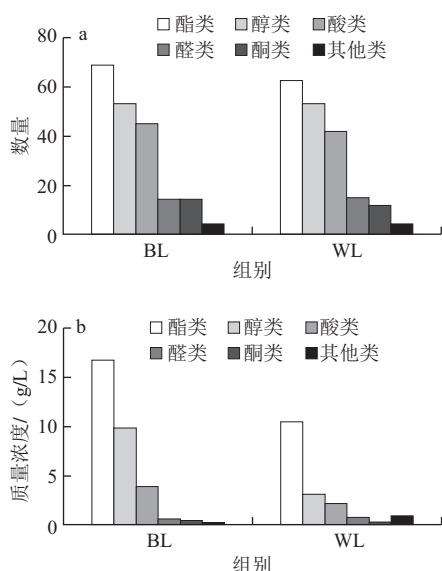


图6 窖底糟与窖壁糟原酒的挥发性风味成分种类(a)及含量(b)
Fig. 6 Types (a) and contents (b) of volatile flavor compounds in base liquor from bottom and wall pit mud fermented grains

对2种样品共有且含量较高的前27种挥发性风味物质进行分析,结果见图7。己酸乙酯、乙酸乙酯、丁酸乙酯及乳酸乙酯是浓香型白酒中的主体酯类物质,以己酸乙酯的浓郁窖香为主体,乙酸乙酯及丁酸乙酯的果香为衬托,再由乳酸乙酯的绵甜进行融合与平衡,从而对白酒风味呈现主要贡献^[32-33]。窖底糟原酒中己酸乙酯、乙酸乙酯、丁酸乙酯、乳酸乙酯、己酸丁酯、癸酸乙酯的平均质量浓度分别为2.851 4、1.208 3、0.266 6、0.833 4、0.024 6 g/L及0.002 1 g/L,分别是窖壁糟原酒的2.03、1.08、3.67、2.60、4.65倍及1.55倍。

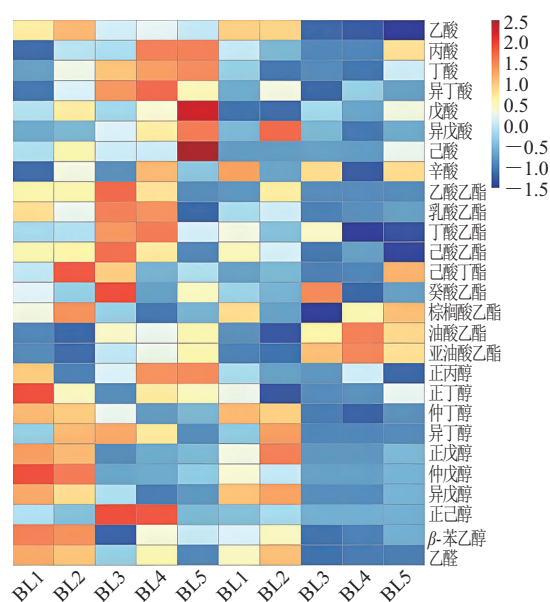


图7 窖底糟与窖壁糟原酒的挥发性风味成分含量 heatmap
Fig. 7 Heatmap of volatile flavor compound content in base liquor from bottom and wall pit mud fermented grains

窖底糟原酒中的棕榈酸乙酯、油酸乙酯、亚油酸乙酯质量浓度分别为0.033 3、0.016 9、0.048 1 g/L,低于窖壁糟原酒。脂肪酸是白酒中重要的呈香物质,同时,适量的脂肪酸能使得白酒口感更加协调,并烘托主题香^[34]。窖底糟原酒中的己酸、乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸、异戊酸质量浓度分别为0.205 7、0.350 1、0.005 9、0.183 6、0.003 0、0.022 1、0.003 2 g/L,分别是窖壁糟原酒的2.92、1.27、1.56、2.70、1.83、2.35、1.56倍。而窖底糟原酒中的辛酸质量浓度(0.001 5 g/L)低于窖壁糟原酒。

适量的高级醇对于白酒厚重感、饮后适感等具有重要影响^[35]。窖底糟原酒中正丙醇、正丁醇、仲丁醇、异丁醇、正戊醇、仲戊醇、正己醇及 β -苯乙醇的质量浓度分别为0.781 2、0.841 5、0.082 0、0.035 7、0.013 8、0.046 5 g/L、0.046 5 g/L及0.002 88 g/L,分别是窖壁糟原酒的4.33、4.95、3.33、1.02、2.22、2.81、1.69倍及1.73倍。

综上,窖底糟原酒中主要挥发性风味成分含量更高,尤其体现在主体酯类及己酸等特征性风味物质上,酒质相对更优。该研究结果与张朝正等^[36]研究结论一致。

2.3.2 基于挥发性风味物质不同原酒样品PCA

为进一步对窖底糟与窖壁糟原酒的前27种挥发性风味成分进行PCA,结果见图8。PC1方差贡献率为49.84%,PC2方差贡献率为35.65%,累计方差贡献率为85.49%,说明前2个PC涵盖了27个挥发性风味成分中的85.49%的数据信息,能够很好地代表浓香型白酒的

主要挥发性风味成分信息。窖底糟原酒样品主要分布在PC1负轴、PC2中轴附近区域；窖壁糟原酒样品集中在PC1正轴区域。除WL5外，2个样品的分布区域无重叠。因此，通过PCA可有效区分2组样品。

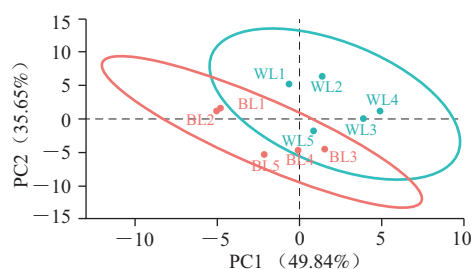


图8 基于挥发性风味物质窖底糟与窖壁糟原酒PCA得分图
Fig. 8 PCA score plot of base liquor from bottom and wall pit mud fermented grains based on volatile flavor compounds

2.4 不同位置窖泥理化-微生物-原酒风味物质相关性分析

2.4.1 细菌菌群与理化指标的相关性分析

本研究采用Mantel检验分析窖壁泥与窖底泥理化因子距离矩阵间的相关性，结果见图9。相关性强度依据Mantel's r 值的绝对值进行划分： $|r| > 0.3$ 为强相关， $0.1 < |r| \leq 0.3$ 为中等至强相关。结果表明，窖底泥与腐殖质及有效磷呈现显著正相关 ($P < 0.05$)。窖壁泥与铵态氮呈现显著正相关 ($P < 0.05$)，其次，与腐殖质呈现极显著负相关 ($P < 0.01$)。窖底泥形成了一个以腐殖质和磷营养为特征的微环境，而窖壁泥以氮代谢为特征的微环境。

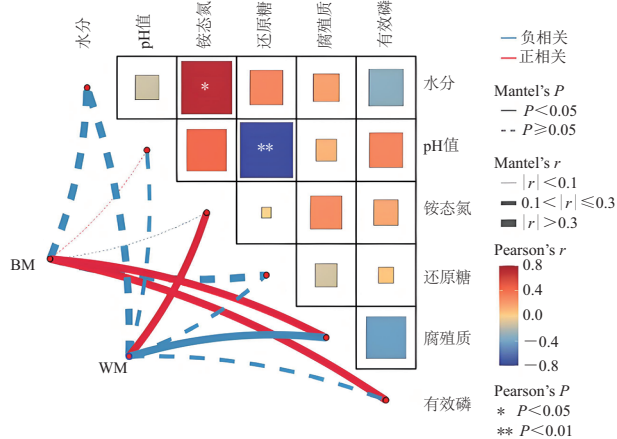


图9 不同窖泥样品理化因子Mantel检验
Fig. 9 Mantle test for physicochemical factors of different pit mud samples

通过冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 进一步探究理化因子与差异细菌菌群群落结构之间的相关性。由图10可知，腐殖质、pH值及有效磷与窖底泥样品的细菌群落结构呈正相关。还原糖、水分与铵态氮与窖壁泥样品的细菌群落结构呈正相关。此外，腐

殖质、pH值与*Fermentimonas*与*Sedimentibacter*呈正相关。*Sedimentibacter*是浓香型白酒窖泥中的优势菌属之一；*Fermentimonas*作为腐生菌，可能以腐殖质作为碳源^[37]。腐殖质通常具有调节窖泥pH值的作用，其在老窖池中的积累有助于维持适宜的窖泥pH值，从而塑造稳定的窖池微生态环境^[38]。铵态氮与*Clostridium_sensu_stricto_12*与*Caproiciproducens*呈正相关，还原糖含量与*Aminobacterium*与*Syntrophaceticus*呈正相关，水分含量与*Aminobacterium*具有较强正相关。综上，腐殖质、pH值与窖底泥细菌群落结构具有相关性，而铵态氮、还原糖与窖壁泥细菌群落结构具有一定的相关性。

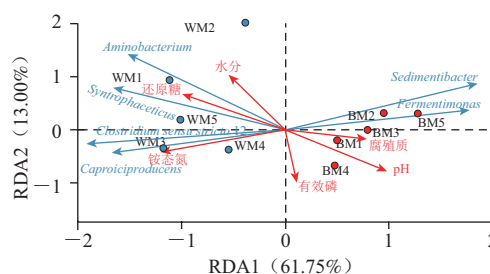


图10 理化因子与差异细菌菌群相关性分析
Fig. 10 Correlation analysis between physicochemical factors and differential bacterial flora

2.4.2 主要微生物群落与挥发性风味成分的相关性网络分析

选取相对丰度排名前27的原酒挥发性风味物质与属水平相对丰度排名前30的细菌属，基于Spearman相关性算法 ($|r| > 0.6$ 且 $P < 0.05$) 进行微生物共现网络分析。由图11可知，*Caproiciproducens*和*Clostridium_sensu_stricto_12*与己酸乙酯等物质相关性最强。其中，*Caproiciproducens*主要与酯类物质（如己酸乙酯、丁酸己酯、乳酸乙酯）和醇类物质（如正己醇、异丁醇、正戊醇）呈显著正相关，与己酸也呈正相关。*Clostridium_sensu_stricto_12*与己酸乙酯、乳酸乙酯、辛酸、正丙醇等呈显著正相关。*Caproiciproducens*和*Clostridium*（包含*Clostridium_sensu_stricto_12*）是窖泥中常见的细菌，也是其核心功能微生物^[39]。张会敏等^[31]研究表明，*Caproiciproducens*是浓香型白酒窖泥的优势菌属之一；王依文等^[37]研究证实*Caproiciproducens*主要与酯类物质和己酸呈正相关；毛凤娇等^[40]的研究表明，*Clostridium_sensu_stricto_12*与己酸乙酯等呈正相关。此外，*Clostridium_sensu_stricto_12*已被证明是己酸的主要代谢微生物^[26]。这与本研究结果一致。

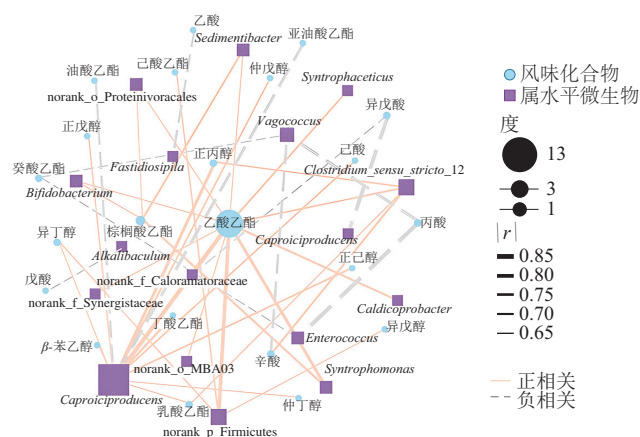


图 11 相对丰度排名前30的细菌属与挥发性风味成分的相关性网络分析
Fig. 11 Correlation network analysis of the top 30 bacterial genera in relative abundance and volatile flavor components

2.4.3 差异细菌菌群和理化因子与高级脂肪酸乙酯的相关性分析

浓香型白酒窖底糟原酒中的高级脂肪酸乙酯（主要包括油酸乙酯、亚油酸乙酯和棕榈酸乙酯）含量普遍较低，而这些物质是造成低度白酒浑浊的重要因素。因此，对上述3种高级脂肪酸乙酯与微生物群落结构及关键理化因子之间的相关性进行分析。0.4<|r|≤0.6为弱相关，0.6<|r|≤0.8为中等相关^[23]。由图12可知，在理化因子方面，有效磷与油酸乙酯（ $r=0.761$ ）及亚油酸乙酯（ $r=0.649$ ）呈显著中等正相关（ $P<0.05$ ）；腐殖质则与油酸乙酯（ $r=-0.498$ ）及亚油酸乙酯（ $r=-0.480$ ）呈弱负相关。在微生物群落方面，*Sedimentibacter*与棕榈酸乙酯（ $r=-0.465$ ）及亚油酸乙酯（ $r=-0.513$ ）呈弱负相关；*Syntrophaceticus*与油酸乙酯（ $r=-0.414$ ）及亚油酸乙酯（ $r=-0.405$ ）呈负弱相关；*Fermentimonas*与亚油酸乙酯（ $r=-0.430$ ）亦呈弱负相关。综上，有效磷与高级脂肪酸乙酯之间的相关性最强。

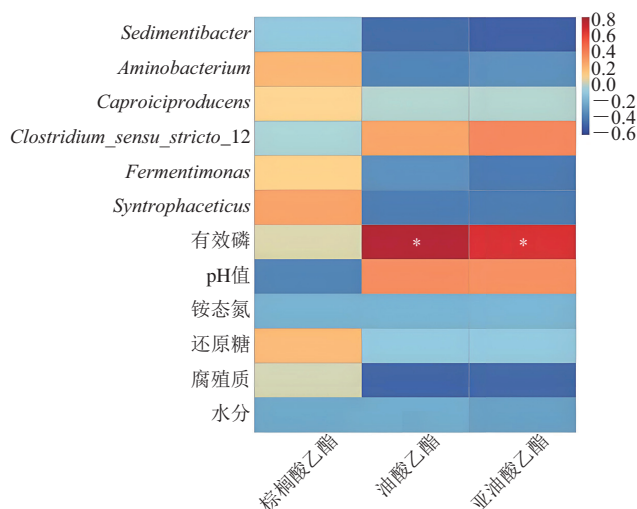


图 12 理化因子及差异细菌菌群与高级脂肪酸乙酯的相关性
Fig. 12 Correlation analysis of physicochemical factors, differential bacterial flora and higher fatty acid ethyl esters

3 结论

本研究系统解析了窖池窖底及窖壁的理化性质、微生物群落结构及对应糟层的原酒挥发性风味成分的差异，并对其进行相关性分析。结果表明，窖底泥的pH值与铵态氮含量显著高于窖壁泥（ $P<0.05$ ），窖底泥的还原糖含量显著低于窖壁泥（ $P<0.05$ ）。窖底泥和窖壁泥共检出3个优势细菌门（相对丰度>1%）、12个优势细菌属，其中，窖底泥、窖壁泥特有优势菌属分别为氢孢菌属（*Hydrogenispora*）与热粪杆菌属（*Caldicoprobacter*）、梭菌属12（*Clostridium_sensu_stricto_12*）。窖底糟、窖壁糟原酒中挥发性风味物质分别检出199种、189种，其主体酯类物质及己酸等风味物质含量在窖底糟原酒中较高。窖底泥与腐殖质及有效磷呈显著相关，窖壁泥与铵态氮呈显著正相关（ $P<0.05$ ）；*Clostridium_sensu_stricto_12*、*Caproiciproducens*与己酸乙酯等的合成密切相关，高级脂肪酸乙酯与有效磷相关性最强。综上，本研究揭示了窖池窖底泥和窖壁泥的“理化因子-功能微生物”之间相关性，为浓香型白酒窖池微生态调控及白酒的品质提升提供了理论依据及技术支持。

参考文献:

- [1] ZOU W, ZHAO C Q, LUO H B. Diversity and function of microbial community in Chinese strong-flavor Baijiu ecosystem: a review[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 671. DOI:10.3389/fmicb.2018.00671.
- [2] 祁祥玮, 吴培文, 张媛媛, 等. 浓香型白酒发酵过程中窖泥细菌群落与挥发性物质的动态变化规律及相关性分析[J]. 食品与发酵工业, 2025, 51(21): 123-132. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.042451.
- [3] 赵金松, 肖琴, 施美林, 等. 浓香型白酒不同窖龄及位置窖泥微生物多样性与理化因子的比较分析[J/OL]. 食品与发酵工业, 1-15[2025-12-23]. <https://doi.org/10.13995/j.cnki.11-1802/ts.044243>.
- [4] FU J X, CHEN L, YANG S Z, et al. Metagenome and analysis of metabolic potential of the microbial community in pit mud used for Chinese strong-flavor liquor production[J]. Food Research International, 2021, 143: 110294. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110294.
- [5] 刘茂柯. 浓香型白酒传统窖泥微生物多样性及人工窖泥微生物群落演替与酿造酒质变化的关系[D]. 雅安: 四川农业大学, 2019. DOI:10.27345/d.cnki.gsnyu.2019.001424.
- [6] 曾波, 邹永芳, 饶家权, 等. 浓香型白酒窖底泥和窖壁泥细菌群落结构差异性分析[J]. 食品科学, 2023, 44(18): 223-230. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221013-125.
- [7] 肖琴, 何平, 周瑞平, 等. 不同窖龄及位置浓香型白酒窖泥微生物群落多样性与理化因子的比较分析[J]. 食品科学, 2023, 44(20): 165-174. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221018-173.
- [8] WANG X J, ZHU H M, REN Z Q, et al. Characterization of microbial diversity and community structure in fermentation pit mud of different ages for production of strong-aroma Baijiu[J]. Polish Journal of Microbiology, 2020, 69(2): 151-164. DOI:10.33073/pjm-2020-018.

- [9] 杜相林. 淡雅浓香型白酒窖泥强化及其酒体风味物质分析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2022. DOI:10.27345/d.cnki.gsnyu.2022.000875.
- [10] MEHLICH A. Photometric determination of humic matter in soils, a proposed method[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 1984, 15(12): 1417-1422. DOI:10.1080/00103628409367569.
- [11] LIU X Z, MENG W, LIANG G H, et al. Available phosphorus in forest soil increases with soil nitrogen but not total phosphorus: evidence from subtropical forests and a pot experiment[J]. PLoS ONE, 2014, 9(2): e88070. DOI:10.1371/journal.pone.0088070.
- [12] 张明珠, 吴学风, 穆冬冬, 等. 基于高通量测序的窖泥原核微生物群落结构及其理化因子相关性分析[J]. 食品科学, 2021, 42(18): 111-118. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200916-207.
- [13] 吴浪涛. 浓香型白酒窖泥梭菌的趋化性与代谢特性研究[D]. 无锡: 江南大学, 2022.
- [14] 马龙, 燕伟, 王淑玉, 等. 不同地区来源浓香型白酒窖泥古菌群落结构分析[J]. 中国酿造, 2025, 44(2): 185-190. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2025.02.027.
- [15] 岳小淋, 向双全, 钱宇, 等. 不同等级浓香型白酒基酒挥发性风味物质差异分析[J]. 中国酿造, 2025, 44(6): 258-265. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2025.06.037.
- [16] 郭晓霞. 几种多元统计分析方法的研究及其简单应用[D]. 杭州: 杭州电子科技大学, 2015.
- [17] 程铁轺, 李明春, 张莹, 等. 主成分分析法在浓香型白酒酒质评价中的应用研究[J]. 中国酿造, 2011, 30(1): 89-90. DOI:10.3969/j.issn.0254-5071.2011.01.026.
- [18] 姜雨函. 不同配方人工窖泥的特性比较及应用研究[D]. 成都: 四川大学, 2021. DOI:10.27342/d.cnki.gscedu.2021.003929.
- [19] 翟磊, 刘瑞娜, 张京涛, 等. 浓香型白酒窖池中细菌群落结构的研究[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(13): 78-84. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.033887.
- [20] 任海伟, 孙一帆, 王希, 等. 不同窖龄及位置浓香型白酒窖泥中细菌群落结构的差异性分析[J]. 食品与发酵工业, 2023, 49(9): 103-111. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.032026.
- [21] 曾波, 蒲吉洲, 陈秋旭, 等. 不同位置窖泥酶活力及其细菌群落结构相关性分析[J]. 食品与发酵工业, 2024, 50(4): 102-109. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.035340.
- [22] WANG C D, CHEN Q, WANG Q, et al. Long-term batch brewing accumulates adaptive microbes, which comprehensively produce more flavorful Chinese liquors[J]. Food Research International, 2014, 62: 894-901. DOI:10.1016/j.foodres.2014.05.017.
- [23] 胡晓龙. 浓香型白酒窖泥中梭菌群落多样性与窖泥质量关联性研究[D]. 无锡: 江南大学, 2015.
- [24] 刘博, 杜海, 王雪山, 等. 基于高通量测序技术解析浓香型白酒中窖泥臭味物质4-甲基苯酚的来源[J]. 微生物学通报, 2017, 44(1): 108-117. DOI:10.13344/j.microbiol.china.160087.
- [25] 邹斐, 叶力, 冯亮, 等. 窖泥微生物多样性及窖泥评价与养护研究进展[J]. 食品科学, 2024, 45(16): 320-328. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20230510-086.
- [26] HE G Q, HUANG J, WU C D, et al. Bioturbation effect of fortified Daqu on microbial community and flavor metabolite in Chinese strong-flavor liquor brewing microecosystem[J]. Food Research International, 2020, 129: 108851. DOI:10.1016/j.foodres.2019.108851.
- [27] 李俊辉, 刘英杰, 隋丽娜, 等. 浓香型白酒增加己酸乙酯降低乳酸乙酯的研究进展[J]. 中国酿造, 2019, 38(1): 1-4. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2019.01.001.
- [28] LIU M K, TANG Y M, GUO X J, et al. Deep sequencing reveals high bacterial diversity and phylogenetic novelty in pit mud from Luzhou Laojiao cellars for Chinese strong-flavor Baijiu[J]. Food Research International, 2017, 102: 68-76. DOI:10.1016/j.foodres.2017.09.075.
- [29] WANG X S, DU H, XU Y. Source tracking of prokaryotic communities in fermented grain of Chinese strong-flavor liquor[J]. International Journal of Food Microbiology, 2017, 244: 27-35. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2016.12.018.
- [30] 曾丽云, 袁玉菊, 张倩颖, 等. 窖泥细菌群落结构与基酒挥发性组分相关性分析[J]. 食品科技, 2017, 42(2): 9-13. DOI:10.13684/j.cnki.spkj.2017.02.005.
- [31] 张会敏, 王艳丽, 孟雅静, 等. 浓香型白酒新、老窖池池壁泥与池底泥原核菌群结构分析[J]. 食品科学, 2020, 41(18): 180-187. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20190723-307.
- [32] 杨亮, 占杨杨, 魏刚, 等. 基于气质联用法的两种香型白酒挥发性成分差异分析[J]. 中国酿造, 2018, 37(10): 76-81. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2018.10.015.
- [33] 郭雪峰, 程玉鑫, 黄永光, 等. 不同香型白酒感官风味及挥发性化合物结构特征[J]. 食品科学, 2022, 43(21): 43-54. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20211019-200.
- [34] 孙金沅, 宫俐莉, 刘国英, 等. 古井贡酒酒醅挥发性香气成分的GC-MS与GC-O分析[J]. 食品科学, 2016, 37(24): 87-93. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201624013.
- [35] 蒋洋, 张翠英, 李于, 等. 酒类风味物质对人体乙醇代谢影响的研究进展[J]. 食品科学, 2021, 42(15): 242-250. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20200525-295.
- [36] 张朝正, 张天爽, 董思文, 等. 窖泥中挥发性物质和微生物群落的空间分布规律及其关系[J]. 食品工业科技, 2022, 43(5): 147-157. DOI:10.13386/j.issn1002-0306.2021060205.
- [37] 王依文, 田瑶瑶, 张克粉, 等. 不同季节及层级浓香型白酒窖泥微生物群落多样性与风味物质的比较及相关性分析[J]. 食品科学, 2025, 46(4): 100-109. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20240605-023.
- [38] 刘治国, 方超, 张晓元, 等. 浓香型白酒窖泥理化因子、微生物群落、感官质量以及相关性研究进展[J]. 食品科学, 2023, 44(21): 351-358. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221030-309.
- [39] 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. DOI:10.1128/aem.03409-15.
- [40] 毛凤娇, 黄均, 周荣清, 等. 人工窖泥微生物群落对浓香型白酒发酵过程风味代谢物形成的影响[J]. 食品科学, 2024, 45(4): 125-134. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20230517-164.