



侯强川,张田,王俊麟,等. 隆中对酒业不同颜色高温大曲风味品质和细菌多样性研究[J]. 轻工学报, 2025, 40(5): 11-19.
HOU Q C, ZHANG T, WANG J L, et al. Study on the flavor quality and bacterial diversity of high-temperature Daqu with different colors produced by Longzhongdui winery[J]. Journal of Light Industry, 2025, 40(5): 11-19.
DOI: 10. 12187/2025. 05. 002

隆中对酒业不同颜色高温大曲风味品质和细菌多样性研究

侯强川^{1,2,3}, 张田^{1,2,3}, 王俊麟³, 彭东³, 郭力³, 郭壮^{1,2,3}

1. 湖北文理学院 湖北省食品配料工程技术研究中心, 湖北 襄阳 441053;
2. 襄阳市酿酒生物技术与应用企校联合创新中心, 湖北 襄阳 441053;
3. 襄阳市兼香型白酒固态酿造企校联合创新中心, 湖北 襄阳 441053

摘要: 采用电子传感技术和 MiSeq 高通量测序技术, 对隆中对酒业生产的黑色高温大曲(黑曲)、白色高温大曲(白曲)和黄色高温大曲(黄曲)的风味品质和细菌多样性进行研究。结果表明: 在风味方面, 白曲中芳香类、烷烃类和脂类物质的含量相对丰富, 黑曲中硫化物、醇类和醛酮类的含量相对丰富, 黄曲中各香气成分的含量介于黑曲和白曲之间。在滋味方面, 黑曲的滋味特征相对独特, 其在酸味、苦味、涩味、丰度(鲜的回味)、后味 A(涩的回味)和后味 B(苦的回味)指标上均显著优于白曲和黄曲($P < 0.05$)。在微生物构成方面, 3 种颜色高温大曲的细菌多样性差异不显著, 但白曲中的细菌丰富度显著高于黑曲($P < 0.05$); 优势细菌属主要由糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*, 28.95%)、高温放线菌属(*Thermoactinomyces*, 21.07%)、克罗彭斯特德菌属(*Kroppenstedtia*, 10.06%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 8.94%)等组成。3 种颜色高温大曲的菌群群落结构与其风味品质之间存在显著相关关系, 其中克罗彭斯特德菌属均与 W1C(对芳香烃化合物灵敏)和 W3C(对氨类和芳香成分灵敏)的响应值之间呈显著正相关关系($P < 0.05$); 高温放线菌属和魏斯氏菌属(*Weissella*)与鲜味指标之间均呈显著正相关关系, 而与酸味、涩味、后味 A 和后味 B 指标之间均呈显著负相关关系($P < 0.05$)。

关键词: 高温大曲; 风味品质; 细菌多样性; 电子传感技术; MiSeq 高通量测序

中图分类号: TS201.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-1553(2025)05-0011-09

0 引言

中国古语云:“曲为酒之骨”, 这深刻阐述了酒曲在酿酒工艺中的核心地位。作为我国酿酒工艺不可或缺的重要部分, 酒曲富含微生物、酶系和风

味前体物质, 对酒体的风味品质有重要影响^[1-2]。根据制作原料和工艺的差异, 酒曲可分为大曲、小曲、麦曲、麸曲、红曲等类型。我国三大主流香型白酒——酱香型、浓香型和清香型, 均以大曲作为主要的糖化发酵剂^[3-5]。根据发酵温度范围不同, 大

收稿日期: 2024-11-08; 修回日期: 2025-03-11; 出版日期: 2025-10-15

基金项目: 湖北省高等学校优秀中青年科技创新团队计划项目(T2023022)

作者简介: 侯强川(1988—), 男, 山东省菏泽市人, 湖北文理学院副教授, 博士, 主要研究方向为食品生物技术。E-mail: houqiangchuan@163.com

通信作者: 郭壮(1984—), 男, 山东省曲阜市人, 湖北文理学院教授, 博士, 主要研究方向为食品生物技术。E-mail: guozhuang1984@163.com

曲可进一步划分为高温大曲、中温大曲、低温大曲等类型^[6]。其中,以小麦为主要原料制作的高温大曲不仅是酿造酱香型白酒的主要发酵剂之一,而且由于其投入比例较高,亦是酱香型白酒的主要原料^[7]。在高温大曲生产过程中,由于发酵时曲块堆积位置不同,各曲块所处的发酵微环境也存在巨大的差异,这导致同一曲房会同时生产出黑色、白色和黄色 3 种不同颜色的高温大曲^[8]。在实际生产中,酿酒师会根据经验去调整不同颜色高温大曲的投入比例^[9]。然而,这种基于主观经验的生产方法可能导致不同批次或不同酿酒师之间的操作存在差异,从而影响产品品质的稳定性和一致性。因此,深入解析不同颜色高温大曲的微生物群落结构及其与品质指标之间的相关关系,不仅可为高温大曲的标准化生产提供理论依据,还能为优化不同颜色高温大曲的使用、提升产品品质稳定性提供科学指导。

近年来,高通量测序技术在酿酒领域的应用日益广泛,特别是基于 MiSeq 高通量测序平台的扩增子测序技术,已被广泛应用于酒曲^[5]、酒醅^[10]、窖泥^[11]等酿酒领域的微生物群落结构解析。例如, Y. R. Wang 等^[12]利用该技术,发现克罗彭斯特德菌属(*Kroppenstedtia*)、糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)等细菌类群在湖北尧治河酒业高温大曲中普遍存在且相对丰度较高。此外,基于该技术的多项研究^[13-15]表明,同一企业生产的不同颜色高温大曲之间的微生物群落结构差异远小于不同企业之间的差异,如茅台高温大曲中菌群的相对丰度和多样性、菌群彼此之间的相关关系、菌群中移动元件相对含量等均显著高于湖北保康地区生产的高温大曲。在风味品质分析方面,电子鼻、电子舌等电子传感技术凭借适用性广、检测快速、操作便捷、数据实时监测等优势,在酒曲等相关样品的分析中发挥着重要作用^[16-17]。该技术不仅克服了传统感官评价方法主观性强和稳定性不足的缺点,而且能提供客观、精确和可重复的数据。而电子鼻与电子舌联合使用能够全面捕获酒曲的风味特征,为酒曲的品质控制和工艺优化提供有力的数据支持。

中国白酒产业具有鲜明的区域特色,然而,目前对湖北襄阳地区白酒产业相关发酵基质中的微生物群落结构及品质特性研究尚浅。鉴于此,本研究拟选取襄阳市具有代表性的隆中对酒业有限公司制作的高温大曲为研究对象,采用多学科交叉的研究方法,利用电子传感技术和 MiSeq 高通量测序技术解析该高温大曲的风味品质和细菌多样性,同时明确优势细菌属与品质指标之间的相关关系,以期丰富人们对我国区域特色酒曲风味特性和微生物多样性的认识,为推动白酒产业的高质量发展提供参考。

1 材料与方法

1.1 主要材料与试剂

1.1.1 主要材料 黑色、白色和黄色 3 种高温大曲(分别简称为黑曲、白曲和黄曲)样品,各 10 块,共计 30 份样品,于 2024 年 6 月采集自湖北省襄阳市隆中对酒业有限公司。所有大曲样品均采用同一批次小麦原料,由同一班组人员在同一生产车间按照标准工艺生产。样品采集后装入无菌自封袋,在常温条件下运送至湖北文理学院实验室。在实验室内,将每块曲样逐一粉碎并充分混匀。制备完成的实验样品于-40℃超低温冰箱中保存,备用。

1.1.2 主要试剂 微生物宏基因组 DNA 提取试剂盒,美国 Omega Bio-Tek 公司;dNTP 和 rTaq 聚合酶,宝日医生物技术(北京)有限公司。引物 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')/806R(5'-GGACT-ACHVGGGTWTCTAAT-3'),上海诺蔚生物科技有限公司;MiSeq 测序配套试剂,美国 Illumina 公司;电子舌配套试剂,日本 Insent 公司。

1.2 主要仪器与设备

MiSeq PE300 型高通量测序平台,美国 Illumina 公司;R930 型机架式服务器,美国 Dell 公司;PEN3 型电子鼻,德国 Aisense 公司;SA402B 型电子舌,日本 Insent 公司。

1.3 实验方法

1.3.1 风味特征分析方法 称取 10 g 大曲粉装入顶空瓶中,于 45℃条件下水浴 15 min 后顶空进样,其中设备自清洁时间为 90 s,进样时间为 5 s,测样

时间为 60 s,归零时间为 10 s,样品流速为 300 mL/min^[18]。电子鼻系统配备 7 个特异性传感器,分别为 W1C(对芳香烃化合物灵敏)、W3C(对氨类和芳香成分灵敏)、W5C(对烯烃和芳香族物质灵敏)、W1W(对无机硫化物灵敏)、W2S(对醇类和醛酮类物质灵敏)、W2W(对有机硫化物灵敏)和 W3S(对烷烃和脂类物质灵敏)。检测过程中,选取各传感器在 49~51 s 的检测响应值用于后续分析。参照孙文佳等^[19]的方法,使用电子舌对样品的酸味、苦味、涩味、咸味、鲜味、后味 A(涩的回味)、后味 B(苦的回味)和丰度(鲜的回味)这 8 项滋味指标进行测定。

1.3.2 宏基因组 DNA 提取、PCR 扩增和 MiSeq 高通量测序 参照 W. C. Cai 等^[5]的研究方法,使用宏基因组 DNA 提取试剂盒提取样品中微生物的总 DNA;对提取的 DNA 质量进行检测,合格的 DNA 样品使用引物 338F/806R 对其 16S rRNA V₃—V₄ 区进行 PCR 扩增;将合格的扩增产物通过 MiSeq 高通量测序平台进行序列测定,确保每个样品测序深度不低于 50 000 条。

1.3.3 生物信息学分析方法 参照郭壮等^[20]的方法,基于 QIIME(v. 1.9.1)平台对测序数据进行生物信息学分析。具体分析步骤如下:1)删除接头序列,并根据双端关系将序列进行拼接;2)剔除错配率≥0.2、引物碱基错配数≥2 bp 或 barcode 碱基有错配的低质量序列;3)对筛选出的高质量序列按照 97% 相似度构建分类操作单元(Operational Taxonomic Units,OTU)^[21];4)对各 OTU 进行嵌合体检查^[22],剔除属于嵌合体的 OTU;5)从每个 OTU 中选取最长序列作为代表序列,基于 RDP 数据库(Version 11.5)进行物种注释^[23];6)通过计算样本在相同测序深度下的 α 多样性指数评估样品中菌群的丰富度和多样性,同时基于主坐标分析(Principal Coordinates Analysis,PCoA)评估不同颜色高温大曲细菌群落结构的 β 多样性。

1.4 数据处理

采用 R(v. 4.3.2)软件对不同颜色高温大曲的菌群群落结构、气味和滋味指标进行多元统计分析。具体方法包括:1)使用 R 语言 vegan 包(v. 2.6-8)进行 PCoA 分析,探究不同颜色高温大曲群落结构的

整体差异;2)通过 R 语言 stats 包(v. 4.3.2)进行 Mann-Whitney 检验,比较各颜色高温大曲菌群群落、气味和滋味指标之间的差异性;3)使用 ade4 包(v. 1.7-22)中的普氏分析(Procrustes Analysis)揭示优势菌群与风味指标之间的相关性;4)使用 psych 包(v. 2.4.12)中的 Spearman Rank 检验评估优势菌属与风味指标之间的相关性。最后使用 Origin 2021 和 R 软件中的 ggplot2 包(v. 3.5.1)进行数据可视化分析。

2 结果与分析

2.1 不同颜色高温大曲风味特征分析

基于电子鼻的不同颜色高温大曲气味指标分析结果如图 1 所示。由图 1 可知,各电子鼻传感器对 3 种颜色高温大曲的响应值均呈现显著差异,其中 W1W 的平均响应值最高(>15.0),W2S、W2W 和 W3S 的平均响应值次之(>1.0),W1C、W3C 和 W5C 的平均响应值较低(0~1.0)。这说明本研究采集的高温大曲中,无机硫化物、醇类、醛酮类、有机硫化物、烷烃和脂类物质相对丰富。Mann-Whitney 检验结果显示,3 种颜色高温大曲之间各传感器响应值均存在显著差异($P<0.05$)。具体而言,W1C、W3C、W5C 和 W3S 对白曲的响应值显著较高($P<0.05$),表明白曲中芳香类、烷烃和脂类物质含量较高;W1W、

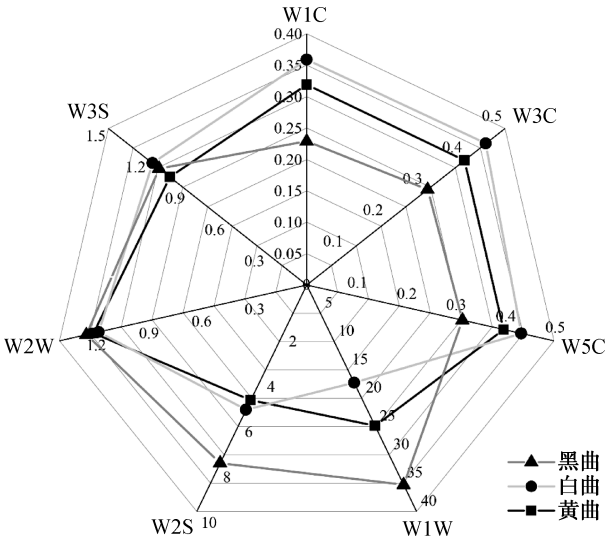


图 1 基于电子鼻的不同颜色高温大曲气味指标分析结果

Fig. 1 Analysis results of odor indicators of high-temperature Daqu with different colors based on electronic nose

W2S 和 W2W 对黑曲的响应值显著较高 ($P<0.05$), 表明黑曲中无机硫化物、醇类、醛酮类和有机硫化物含量较高; 各传感器对黄曲的响应值则介于黑曲和白曲之间。这一结果与 W. C. Cai 等^[15]的研究结果存在差异, 后者研究结果显示黑曲中脂类和芳香化合物相对丰富, 而白曲和黄曲中醇类、醛酮类和有机硫化物相对丰富。这也反映了不同企业生产的高温大曲在风味特征方面存在明显差异。另外, 除了 W2S 和 W3S, 其他传感器对黑曲和白曲的响应值差异较为显著, 表明这 2 种颜色高温大曲在气味特征上的差异相对更大。这可能与发酵过程中的美拉德反应程度有关, 该反应程度对食品的色泽、气味和滋味均有较大影响^[24-25]。从 3 种高温大曲颜色的褐变程度可以推断, 黑曲的美拉德反应最为强烈, 黄曲次之, 白曲最弱, 这种反应程度的差异可能是导致不同颜色高温大曲之间气味品质差异的重要原因之一。

基于电子舌的不同颜色高温大曲滋味指标分析结果如图 2 所示, 其中空心点代表平均值, 实心点代表异常值; * 代表差异显著 ($P<0.05$), ** 代表差异非常显著 ($P<0.01$), *** 代表差异极显著 ($P<0.001$), 下同。由图 2 可知, 3 种颜色高温大曲在 8

个滋味指标方面均存在显著差异 ($P<0.05$), 且差异主要存在于黑曲与白曲和黄曲之间。其中, 黑曲在酸味、苦味、涩味、丰度、后味 A 和后味 B 指标上的相对强度均显著高于白曲和黄曲 ($P<0.05$), 在咸味指标上的相对强度显著高于黄曲 ($P<0.05$), 而在鲜味指标上的相对强度显著弱于白曲 ($P<0.05$)。这表明黑曲的滋味特征相较于白曲和黄曲更为独特, 而白曲和黄曲的滋味特征较为相似。这与 Z. Guo 等^[14]采用电子舌对其他酱香型白酒企业生产的高温大曲滋味特征的分析结果较一致。

2.2 不同颜色高温大曲细菌多样性分析

MiSeq 高通量测序结果显示, 3 种颜色高温大曲共获得 1 668 986 条序列, 通过质量控制后得到 1 620 839 条高质量序列。高质量序列按照 97% 相似度划分为 14 045 个 OTU, 平均每个样品中含有 54 028 条序列和 2266 个 OTU。不同颜色高温大曲细菌的 Chao1 指数、Shannon 指数和基于 Bray-curtis 距离的 PCoA 结果如图 3 所示, 其中 a) 和 b) 箱体中的实心点为样品的数值点, NS 代表差异不显著 ($P>0.05$)。由图 3a) 和 b) 可知, 黑曲、白曲和黄曲细菌的平均 Chao1 指数分别为 2225、3098 和 2743, 平均 Shannon 指数分别为 4.42、4.88 和 4.25。经 Mann-

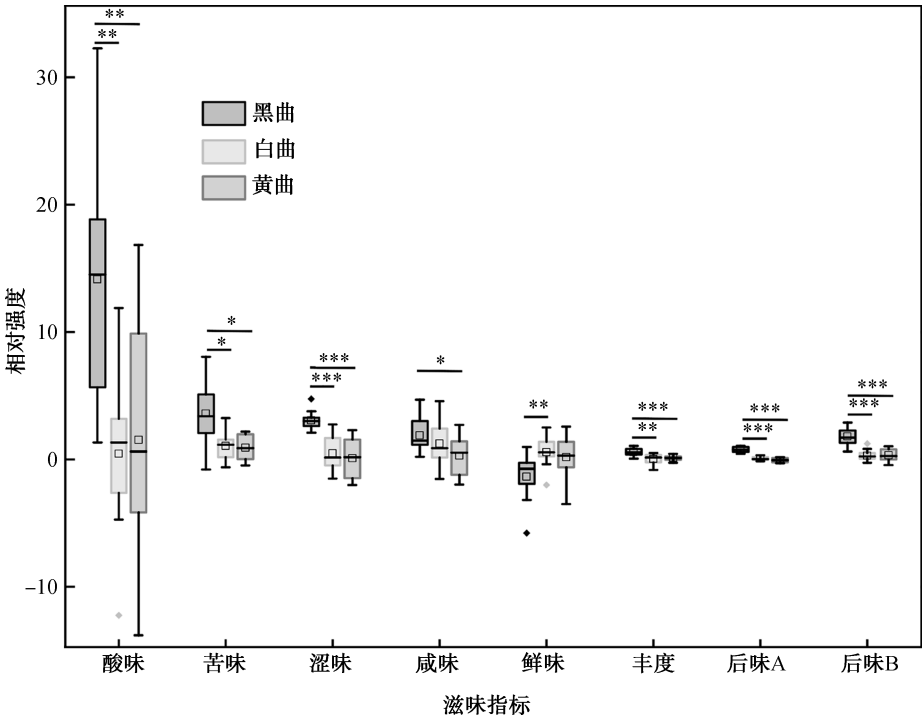


图 2 基于电子舌的不同颜色高温大曲滋味指标分析结果

Fig. 2 Analysis results of taste indicators of high-temperature Daqu with different colors based on electronic tongue

Whitnay 检验发现,白曲中细菌的 Chao1 指数显著高于黑曲($P<0.05$),而 3 种颜色高温大曲的 Shannon 指数之间不存在显著差异($P>0.05$)。这说明白曲中的细菌丰富度显著高于黑曲,但 3 种颜色高温大曲细菌之间的多样性差异相对较小。由图 3c)可知,白曲和黄曲的样本点重叠区域较多,均分布在第一象限和第三象限对角线的下方,而黑曲的样本点则分布在第一象限和第三象限对角线的上方,与黄曲和白曲样本点有明显分离趋势。这说明白曲和黄曲的细菌群落结构较为相似,而黑曲的细菌群落结构较为特殊,与前文风味特征分析结果一致。

通过各 OTU 与数据库的比对注释,所有序列共鉴定到 22 个门、368 个属。基于平均相对含量大于 1.00% 的原则,不同颜色高温大曲中的优势细菌门和优势细菌属构成如图 4 所示。由图 4a)可知,3 种颜色高温大曲的微生物菌群以厚壁菌门(Firmicutes, 53.50%)、放线菌门(Actinobacteria, 38.79%)和变形菌门(Proteobacteria, 6.97%)为主。Mann-Whitney 检验发现,厚壁菌门在黄曲中的平均相对含量显著较高($P<0.05$),而放线菌门和变形菌门在黑曲中的平均相对含量显著较高($P<0.05$)。由图 4b)可知,优势细菌属共 8 个,分别为隶属于放线菌门的糖多孢菌属(28.95%)和红球菌属(*Rhodococcus*, 7.96%);隶属于厚壁菌门的高温放线

菌属(*Thermoactinomyces*, 21.07%)、克罗彭斯特德菌属(10.06%)、芽孢杆菌属(8.94%)、葡萄球菌属(*Staphylococcus*, 7.23%)和魏斯氏菌属(*Weissella*, 5.55%);隶属于变形菌门的假单胞菌属(*Pseudomonas*, 1.79%)。经 Mann-Whitney 检验发现,黄曲中高温放线菌属的平均相对含量显著高于黑曲($P<0.05$),其在黄曲中的平均相对含量达 40.13%,而在黑曲中仅为 5.84%;白曲中克罗彭斯特德菌属的平均相对含量显著高于黑曲($P<0.05$),其在白曲中的平均相对含量达 17.91%,而在黑曲中仅为 0.71%;而黑曲中红球菌属和假单胞菌属的平均相对含量均显著高于白曲和黄曲($P<0.05$),二者在黑曲中的平均相对含量分别为 17.73% 和 12.74%,但在白曲和黄曲中均低于 5.00%。高温放线菌属和克罗彭斯特德菌属是高温大曲中常见的嗜热和耐热菌群,具有高效产酶特性,是发酵过程中的关键菌群^[26-27]。红球菌属也是酒曲中广泛存在的菌群之一,其与红曲中的乳酸乙酯、异丁醇等醇酯类挥发性香气成分存在正相关关系^[28],还与大曲中氨基酸、脂类和类脂类分子的含量密切相关^[29]。而在以往的研究^[30]中,假单胞菌属被认为是对发酵具有不良影响的微生物。因此,黄曲和白曲中高平均相对含量的嗜热菌群对于降解原料中的大分子物质起着重要作用,而黑曲中富集的微生

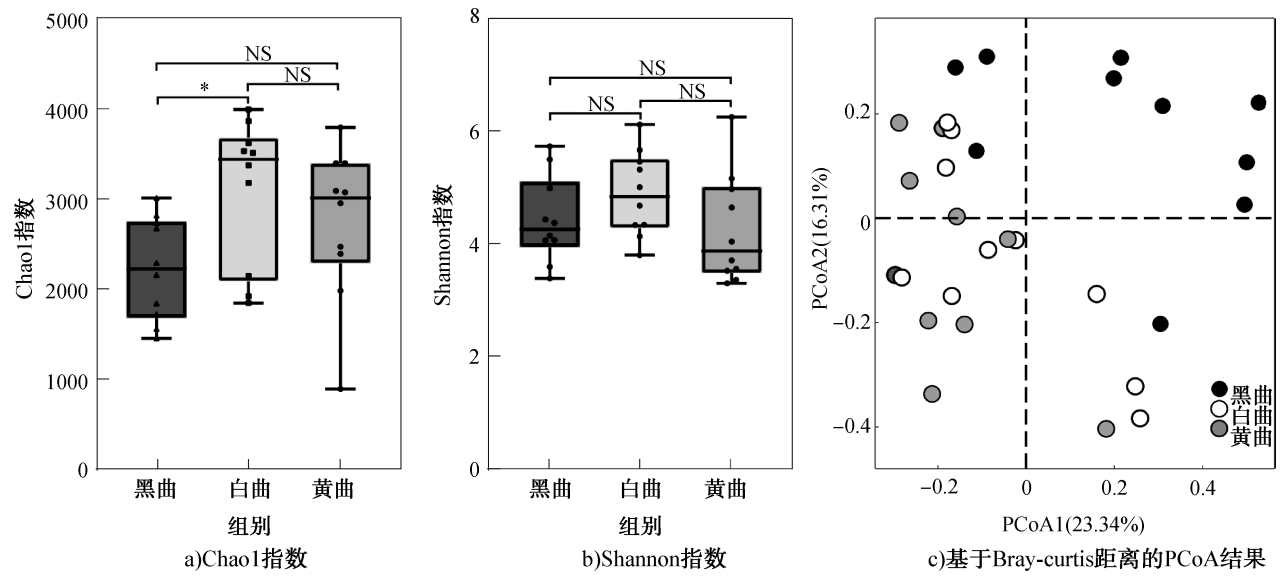


图 3 不同颜色高温大曲细菌的 Chao1 指数、Shannon 指数和基于 Bray-curtis 距离的 PCoA 结果
Fig. 3 Bacterial Chao1 index, Shannon index, and PCoA results based on Bray-Curtis distance of high-temperature Daqu with different colors

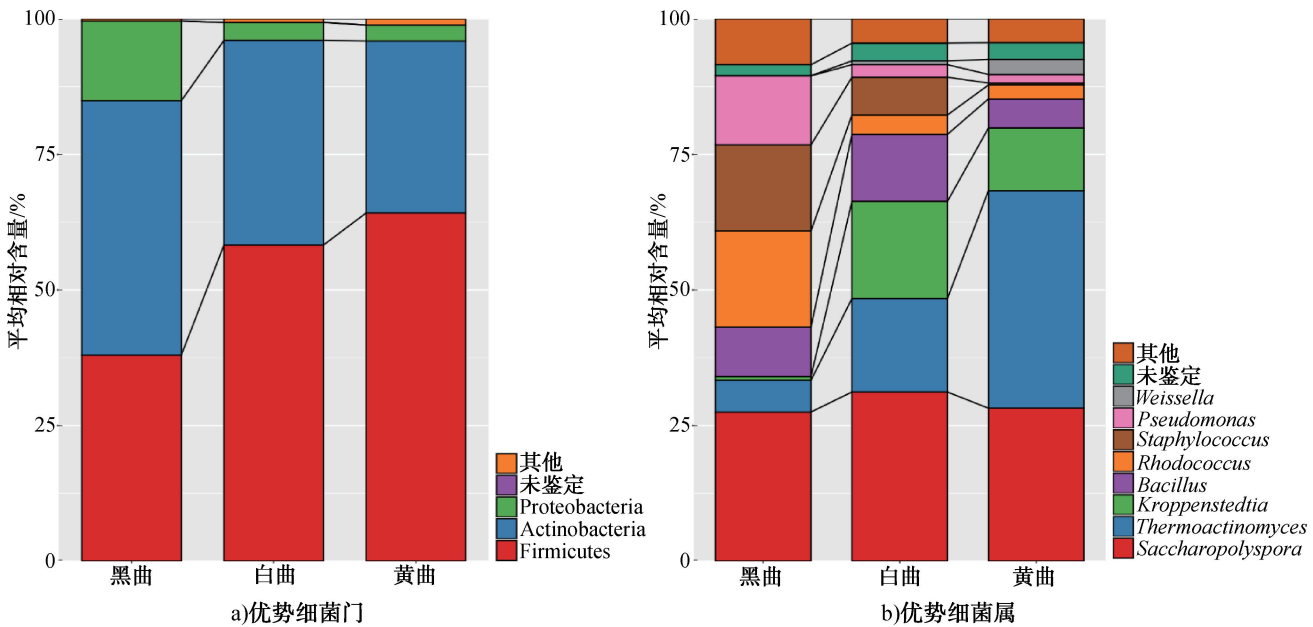


图 4 不同颜色高温大曲中的优势细菌门和优势细菌属构成
Fig. 4 The composition of dominant bacterial phyla and genera in high-temperature Daqu with different colors

物则可能在香气风味物质的形成方面发挥更重要的作用。

2.3 优势细菌属与风味品质之间的相关性分析

不同颜色高温大曲中优势细菌属与风味品质之间的普氏分析结果如图 5 所示。由图 5 可知,两个数据集点坐标间的偏平方和(M^2)为 0.778, P 值为 0.002, 达到了显著性水平 ($P < 0.01$), 表明不同颜色高温大曲中优势细菌属与风味品质之间具有显著相关性。

本研究进一步对高温大曲中优势细菌属之间及优势细菌属与风味指标之间的 Spearman 相关性进行了分析, 结果如图 6 所示。由图 6 可知, 假单胞菌属、红球菌属和葡萄球菌属三者之间存在显著正相关关系 ($P < 0.05$), 同时假单胞菌属和红球菌属均与气味指标中的 W1C、W3C、W5C 及滋味指标中的鲜味存在显著负相关关系 ($P < 0.05$), 而与气味指标中的 W1W、W2S 及滋味指标中的酸味、涩味、后味 A 和后味 B 存在显著正相关关系 ($P < 0.05$)。此外, 魏斯氏菌属与高温放线菌属之间、芽孢杆菌属与克罗彭斯特德菌属之间存在显著正相关关系 ($P < 0.05$), 魏斯氏菌属与芽孢杆菌属之间、高温放线菌属与葡萄球菌属之间存在显著负相关关系 ($P < 0.05$)。克罗彭斯特德菌属与气味指标中的 W1C 和 W3C 存在显著正相关

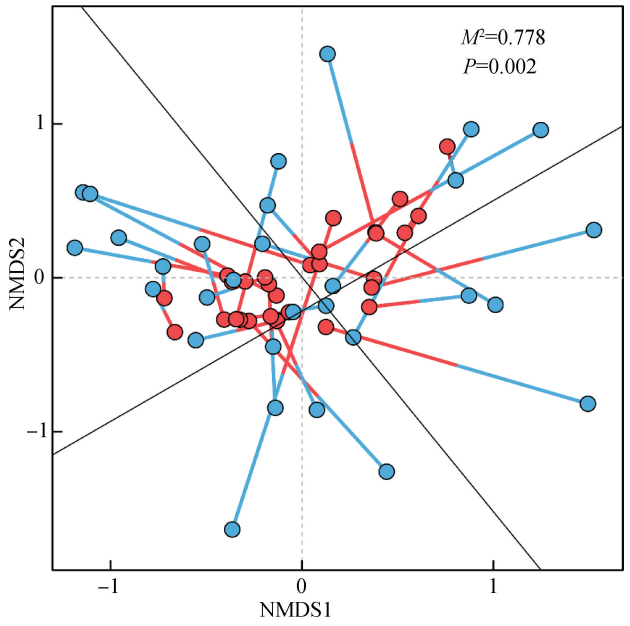


图 5 不同颜色高温大曲中优势细菌属与风味品质之间的普氏分析结果

Fig. 5 Results of the Procrustes analysis between the dominant bacterial genera and flavor qualities of high-temperature Daqu with different colors

关系 ($P < 0.05$)。同时, 魏斯氏菌属和高温放线菌属均与鲜味呈显著正相关关系 ($P < 0.05$), 但与气味指标中的 W3S 及滋味指标中的酸味、涩味、后味 A 和后味 B 存在显著负相关关系 ($P < 0.05$)。

已有研究^[31]发现, 假单胞菌属在大曲发酵过程

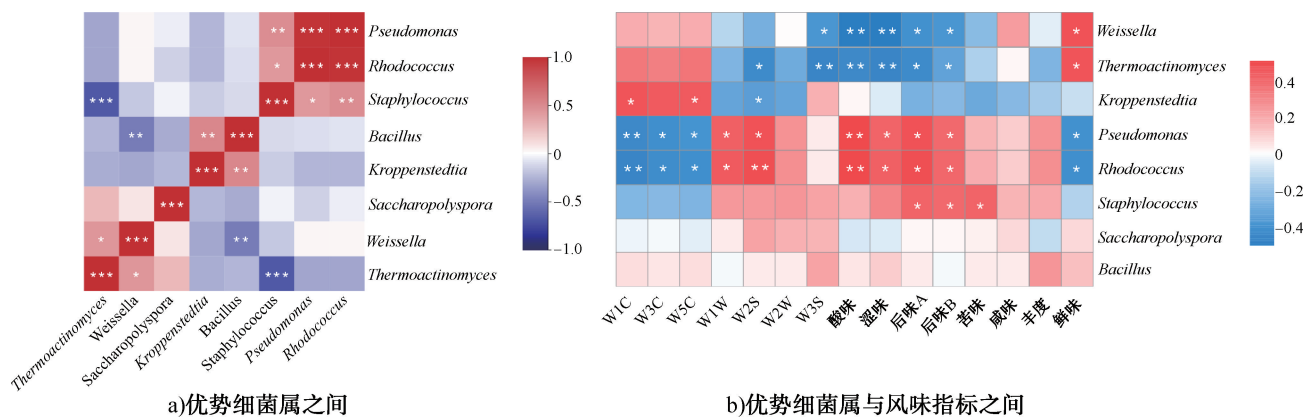


图 6 不同颜色高温大曲中优势细菌属之间及优势细菌属与风味指标之间的 Spearman 相关性分析结果
Fig. 6 Results of Spearman correlation analysis among dominant bacterial genera as well as between dominant bacterial genera and flavor qualities of high-temperature Daqu with different colors

中可以合成吩嗪,该物质具有明显的苦味和金属味,是白酒中的不良成分之一。此外, W. W. Zhuansun 等^[32]研究发现,葡萄球菌属与酚类物质的生成有关,该类物质也是白酒中苦味和涩味的重要来源。这可能是这些菌与检测结果中苦味和涩味显著正相关的原因之一。同时考虑到红球菌属均与假单胞菌属和葡萄球菌属之间存在显著正相关关系,推测该菌可能也具有产生苦味和涩味的能力,需要在后续生产中,适当控制其在酒曲中的含量。魏斯氏菌属与高温放线菌属之间存在显著正相关关系,二者是酒醅发酵过程中风味物质的主要贡献者^[33],这可能也是二者与鲜味正相关,同时与一些不良滋味负相关的主要原因。芽孢杆菌属与克罗彭斯特德菌属之间同样存在显著正相关关系, Y. Zeng 等^[34]研究发现,这两种菌可分别产生水解酶和 α -淀粉酶,是大曲糖化力和发酵力的重要贡献者,具有将原料中的大分子物质转化为葡萄糖和氨基酸的能力;这两种菌也是重要的产香功能微生物,对高温低水分的发酵环境具有很强的适应性^[35]。因此,在后续工艺优化中,应重点控制假单胞菌属、红球菌属、葡萄球菌属等菌属在酒曲中的丰富度,同时适当提升魏斯氏菌属、高温放线菌属、芽孢杆菌属、克罗彭斯特德菌属等有益菌属的含量。

3 结论

本研究运用电子传感技术和 MiSeq 高通量测序技术对隆中对酒业 3 种颜色高温大曲的风味品

质和细菌多样性进行了系统分析,得到如下结论: 3 种颜色高温大曲在风味特征和微生物群落方面均呈现显著差异。白曲以芳香类、烷烃和脂类物质为主要香气成分,并具有最高的细菌丰富度;黑曲则富含硫化物、醇类和醛酮类物质,且表现出较强的酸味、苦味和涩味特征;黄曲的各项指标介于黑曲和白曲之间。糖多孢菌属、高温放线菌属、克罗彭斯特德菌属、芽孢杆菌属等是 3 种颜色高温大曲中的主要优势细菌属,其中克罗彭斯特德菌属可促进芳香物质的形成,而高温放线菌属和魏斯氏菌属则有助于改善滋味特征。本研究结果可深化人们对襄阳地区不同颜色高温大曲特性的认识,也为改进大曲制作工艺和提升白酒品质提供了科学依据。未来可进一步探究这些优势菌属对大曲风味形成的具体调控机制,为大曲品质的定向改良提供理论支持。

参考文献:

[1] WANG B W, WU Q, XU Y, et al. Specific volumetric weight-driven shift in microbiota compositions with saccharifying activity change in starter for Chinese Baijiu fermentation [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9:2349.

[2] ZHENG X W, TABRIZI M R, ROBERT NOUT M J, et al. Daqu-A traditional Chinese liquor fermentation starter[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2011, 117(1): 82-90.

[3] YANG L, FAN W L, XU Y. Qu-omics elucidates the formation and spatio-temporal differentiation mechanism

- underlying the microecology of high temperature Daqu [J]. Food Chemistry, 2024, 438(4):137988.
- [4] GUAN T W, YANG H, OU M Y, et al. Storage period affecting dynamic succession of microbiota and quality changes of strong-flavor Baijiu Daqu [J]. LWT-Food Science and Technology, 2021, 139:110544.
 - [5] CAI W C, WANG Y R, NI H, et al. Diversity of microbiota, microbial functions, and flavor in different types of low-temperature Daqu [J]. Food Research International, 2021, 150:110734.
 - [6] XIAO C, LU Z M, ZHANG X J, et al. Bio-heat is a key environmental driver shaping the microbial community of medium-temperature Daqu [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2017, 83(23):e01550-17.
 - [7] SHI W, CHAI L J, FANG G Y, et al. Spatial heterogeneity of the microbiome and metabolome profiles of high-temperature Daqu in the same workshop [J]. Food Research International, 2022, 156:111298.
 - [8] ZHU Q, CHEN L Q, PU X X, et al. The differences in the composition of Maillard components between three kinds of sauce-flavor Daqu [J]. Fermentation, 2023, 9(9):860.
 - [9] 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.
 - [10] CAI W C, WANG Y R, LIU Z J, et al. Depth-depended quality comparison of light-flavor fermented grains from two fermentation rounds [J]. Food Research International, 2022, 159:111587.
 - [11] 毛凤娇, 黄钧, 周荣清, 等. 高效定向驯化人工窖泥功能菌群及机制的研究 [J]. 食品与发酵工业, 2024, 50(8):211-218.
 - [12] WANG Y R, CAI W C, WANG W P, et al. Analysis of microbial diversity and functional differences in different types of high-temperature Daqu [J]. Food Science & Nutrition, 2020, 9(2):1003-1016.
 - [13] 侯强川, 王玉荣, 王文平, 等. 茅台和尧治河高温大曲细菌群落结构差异及功能预测 [J]. 食品与发酵工业, 2022, 48(1):36-44.
 - [14] GUO Z, XIANG F S, HOU Q C, et al. Analysis of bacterial community structure and taste quality of different colored high-temperature Daqu in the Xiangyang region, China [J]. LWT-Food Science and Technology, 2023, 188:115411.
 - [15] CAI W C, XUE Y A, WANG Y R, et al. The fungal communities and flavor profiles in different types of high-temperature Daqu as revealed by high-throughput sequencing and electronic senses [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12:784651.
 - [16] KARAKAYA D, ULUCAN O, TURKAN M. Electronic nose and its applications: A survey [J]. International Journal of Automation and Computing, 2020, 17(2):179-209.
 - [17] ROSS C F. Considerations of the use of the electronic tongue in sensory science [J]. Current Opinion in Food Science, 2021, 40:87-93.
 - [18] HUANG M Z, LI T T, HARDIE W J, et al. Comparative characterization and sensory significance of volatile compounds in *Rosa roxburghii* Tratt fruit from five geographic locations in Guizhou, China [J]. Flavour and Fragrance Journal, 2022, 37(3):163-180.
 - [19] 孙文佳, 方毅斐, 汪廷彩, 等. 基于电子舌技术的豉香型白酒分类识别研究 [J]. 中国酿造, 2020, 39(9):182-185.
 - [20] 郭壮, 葛东颖, 尚雪娇, 等. 退化 and 正常窖泥微生物多样性的比较分析 [J]. 食品工业科技, 2018, 39(22):93-98.
 - [21] WEI Z G, ZHANG X D, CAO M, et al. Comparison of methods for picking the operational taxonomic units from amplicon sequences [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12:644012.
 - [22] POLLOCK J, GLENDINNING L, WISEDCHANWET T, et al. The madness of microbiome: Attempting to find consensus “best practice” for 16S microbiome studies [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2018, 84(7):e02627-17.
 - [23] BRANDT M I, TROUCHE B, QUINTRIC L, et al. Bioinformatic pipelines combining denoising and clustering tools allow for more comprehensive prokaryotic and eukaryotic metabarcoding [J]. Molecular Ecology Resources, 2021, 21(6):1904-1921.
 - [24] LUO S, ZHANG Q L, YANG F, et al. Analysis of the formation of sauce-flavored Daqu using non-targeted metabolomics [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13:857966.
 - [25] VAN BOEKEL M A J S. Formation of flavour compounds in the Maillard reaction [J]. Biotechnology Advances, 2006, 24(2):230-233.
 - [26] XI X, YANG F, CHEN L, et al. Dynamic changes of bacteria communities in Moutai-flavour Daqu during storage analysed by next generation sequencing [J]. Letters in Applied Microbiology, 2022, 75(6):1486-1496.
 - [27] XIA Y, ZHU M, DU Y K, et al. Metaproteomics reveals protein composition of multiple saccharifying enzymes in Nongxiangxing Daqu and Jiangxiangxing Daqu under different thermophilic temperatures [J]. International Journal of Food Science & Technology, 2022, 57(8):5102.
 - [28] QUAN S K, WANG Y, RAN M F, et al. Contrasting the microbial community and non-volatile metabolites involved in ester synthesis between Qing-flavor Daqu and Nong-flavor Daqu [J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2023, 136(3):213-222.
 - [29] CHEN G M, YUAN Y J, TANG S W, et al. Comparative analysis of microbial communities and volatile flavor components in the brewing of Hongqu rice wines fermented with different starters [J]. Current Research in

Food Science,2023,7;100628.

[30]

DOYLE C J, GLEESON D, O'TOOLE P W, et al. Impacts of seasonal housing and teat preparation on raw milk microbiota; A high-throughput sequencing study[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2016, 83(2) :e02694-16.

[31]

YUE S J, HUANG P, LI S, et al. Enhanced production of 2-hydroxyphenazine from glycerol by a two-stage fermentation strategy in *Pseudomonas chlororaphis* GP72AN[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, 68(2) :561-566.

[32]

ZHUANSUN W W, XU J, LI Z Q, et al. Dynamic changes in the microbial community, flavour components in Jiupei of a novel Maotai-Luzhou-flavoured liquor under various daqu blending modes and their correlation analysis[J]. LWT-Food Science and Technology, 2022, 172;114167.

[33]

WANG Y, QUAN S K, XIA Y, et al. Exploring the regulated effects of solid-state fortified Jiuqu and liquid-state fortified agent on Chinese Baijiu brewing[J]. Food Research International, 2024, 179;114024.

[34]

ZENG Y, WANG Y, CHEN Q, et al. Dynamics of microbial community structure and enzyme activities during the solid-state fermentation of Forgoud Daqu: A starter of Chinese strong flavour Baijiu[J]. Archives of Microbiology, 2022, 204(9) :577.

[35]

ZHU C T, CHENG Y X, SHI Q L, et al. Metagenomic analyses reveal microbial communities and functional differences between Daqu from seven provinces[J]. Food Research International, 2023, 172;113076.

Study on the flavor quality and bacterial diversity of high-temperature Daqu with different colors produced by Longzhongdui winery

HOU Qiangchuan^{1,2,3}, ZHANG Tian^{1,2,3}, WANG Junlin³, PENG Dong³, GUO Li³, GUO Zhuang^{1,2,3}

1. Hubei Provincial Engineering and Technology Research Center for Food Ingredients, Hubei University of Arts and Science, Xiangyang 441053, China;
2. Xiangyang Liquor Brewing Biotechnology and Application Enterprise-University Joint Innovation Center, Xiangyang 441053, China;
3. Xiangyang Jianxiangxing Baijiu Solid-state Brewing Enterprise-University Joint Innovation Center, Xiangyang 441053, China

Abstract: Electronic sensing technology and MiSeq high-throughput sequencing technology were used to study the flavor quality and bacterial diversity of black high-temperature Daqu (black-HTD), white high-temperature Daqu (white-HTD), and yellow high-temperature Daqu (yellow-HTD) produced by Longzhongdui winery. The results showed that in terms of flavor, white-HTD had relatively high contents of aromatic compounds, alkanes, and lipids, black-HTD had relatively high contents of sulfur compounds, alcohols, aldehydes, and ketones, and the contents of aroma components in yellow-HTD were between those of black-HTD and white-HTD. In terms of taste, black-HTD had relatively unique taste characteristics and was significantly better than white-HTD and yellow-HTD in terms of acidity, bitterness, astringency, richness (umami aftertaste), aftertaste A (astringent aftertaste), and aftertaste B (bitter aftertaste) ($P < 0.05$). In terms of microbial composition, there were no significant differences in bacterial diversity. However, the bacterial richness in white-HTD was significantly higher than that in black-HTD ($P < 0.05$). The dominant bacterial genera in the three types of high-temperature Daqu mainly included *Saccharopolyspora* (28.95%), *Thermoactinomyces* (21.07%), *Kroppenstedtia* (10.06%), and *Bacillus* (8.94%). There was a significant correlation between the microbial community structure and flavor quality of the three types of high-temperature Daqu. Specifically, *Kroppenstedtia* showed a significant positive correlation with the response values of W1C (sensitive to aromatic hydrocarbon compounds) and W3C (sensitive to ammonia and aromatic components) ($P < 0.05$). *Thermoactinomyces* and *Weissella* showed significant positive correlations with umami indicators but significant negative correlations with sourness, astringency, aftertaste A, and aftertaste B ($P < 0.05$).

Key words: high-temperature Daqu; flavor quality; bacterial diversity; electronic sensing technology; MiSeq high-throughput sequencing