



专论与综述

中国白酒酒曲微生物组研究进展及趋势

王柏文^{1,3} 吴群^{1,3} 徐岩^{*1,2} 孙宝国³

1 江南大学教育部工业生物技术重点实验室 江苏 无锡 214122

2 江南大学食品科学与技术国家重点实验室 江苏 无锡 214122

3 北京工商大学北京食品营养与人类健康高精尖创新中心 北京 100048

摘要: 酒曲是中国白酒酿造过程的糖化发酵剂,对酿造酒体的品质与风味有重要影响,其质量与其中的微生物结构和酶系组成有重要关联。近年来基于现代生物学技术对白酒酒曲微生物组的研究表明,该体系具有丰富的科学内涵与广阔的应用价值。酒曲微生物组具有微生物物种丰度高、酶系功能复杂多样等特点,并与制备环境存在显著交互作用。基于酒曲微生物组特点,研究者通过强化功能微生物制备强化大曲或接种功能微生物制备纯种酒曲,以实现提高酒曲质量与酿造功能的目标。本文就传统白酒酒曲微生物组的基本特征、酒曲微生物组理论应用与实践以及酒曲微生物组研究趋势进行简要综述。

关键词: 酒曲, 微生物组, 微生物菌群, 酶

Recent advances and perspectives in study of microbiome in Chinese *Jiuqu* starterWANG Bowen^{1,3} WU Qun^{1,3} XU Yan^{*1,2} SUN Baoguo³

1 Key Laboratory of Industrial Biotechnology, Ministry of Education, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China

2 State Key Laboratory of Food Science and Technology, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China

3 Beijing Advanced Innovation Center for Food Nutrition and Human Health, Beijing Technology and Business University, Beijing 100048, China

Abstract: *Jiuqu* starter serves as the saccharifying and fermenting agent for Chinese baijiu production, and plays an important role in determining the quality and flavor characteristics of baijiu. The quality of *Jiuqu* is associated with the compositions of its microbial communities and enzymes. Studies on *Jiuqu* microbiome would reveal rich scientific connotation and have extensive application prospects. *Jiuqu* microbiome presents a high microbial diversity and has abundant enzymes. Meanwhile, *Jiuqu* microbiome is correlated

Foundation items: National Key Research and Development Program of China (2018YFD0400402, 2016YFD0400503); National Natural Science Foundation of China (31530055); Science and Technology Project of Jiangsu Province (BE2017705); National First-Class Discipline Program of Light Industry Technology and Engineering (LITE2018-12)

***Corresponding author:** Tel: 86-510-85918201; E-mail: yxu@jiangnan.edu.cn

Received: 25-06-2020; **Accepted:** 11-10-2020; **Published online:** 19-01-2021

基金项目: 国家重点研发计划(2018YFD0400402, 2016YFD0400503); 国家自然科学基金(31530055); 江苏省科技项目(BE2017705); 国家轻工技术与工程一流学科自主课题(LITE2018-12)

***通信作者:** Tel: 0510-85918201; E-mail: yxu@jiangnan.edu.cn

收稿日期: 2020-06-25; **接受日期:** 2020-10-11; **网络首发日期:** 2021-01-19

with the manufacturing environmental factors. Based on profiles of *Jiuqu* microbiome, researchers try to enhance functional microbes to develop intensified *Jiuqu* or develop pure culture, to improve the quality and brewing function of *Jiuqu*. In this review, we summarized advances in traditional *Jiuqu* microbiome features, *Jiuqu* microbiome theory development and application, and research direction of *Jiuqu* microbiome in recent years.

Keywords: *Jiuqu* starter, microbiome, microbial communities, enzyme

中国白酒酿造技艺是一种历史悠久的食品生物加工技术,“酒曲为糖化发酵剂”是该生产过程的典型特征^[1-2]。白酒酿造过程中,酒曲用以保证糖化、发酵同时进行,该特点区别于西方酿造食品的先糖化后发酵的生产方式^[3],也决定了白酒独特的香型与风格品质。酒曲作为一个“多菌多酶”微生物制品^[4-5],是酿造微生物与功能酶的主要载体;长期的生产实践表明,酒曲质量是影响白酒品质与风味的重要因素,其质量的优劣很大程度上取决于微生物群落组成及其代谢功能特征^[5-7]。因此,深入剖析酒曲微生物组特征及形成机制,对控制改善酒曲品质、提高白酒生产质量、促进白酒产业机械化改造及制造装备升级具有重要意义。

近年来,研究表明酒曲微生物组具有微生物物种多样性高、代谢产物复杂多样、酶系资源丰富等特点^[4-5]。宏基因组学、宏转录组学、宏蛋白质学等现代生物学技术在酒曲微生物组研究中的应用,为认识和筛选功能微生物及功能酶提供了重要指导,也为制备强化酒曲及开发新型纯种酒曲提供了潜在可利用的功能微生物^[8-9]。传统酒曲制备多于自然发酵条件下进行,其微生物菌群种类及丰度易受原料、生产工艺、环境等多种因素的影响^[10-11]。基于微生物学、代谢组学、统计学等技术手段的组分析,阐述了酒曲制备过程中微生物群落演替规律及其代谢特征,这为控制酒曲制备工艺以提高其品质提供重要理论指导^[11]。此外,传统酒曲制备作为一个自然发酵的过程,易受质量标准化、食品安全等潜在问题的挑战,基于现代微生物组学技术鉴定筛选功能微生物用以制备新型纯种酒曲,是解决酒曲质量不均一及潜在食品安全问题的重要途径,也是该行业今后发展的重要研究方向。

虽然白酒酒曲微生物组研究取得了一定进展,但从系统生物学角度揭示酒曲微生物组的特征及其对白酒发酵代谢的调控机制研究却较为匮乏。因此,基于微生物学、功能基因组学、代谢组学、生物信息学和系统生物学等微生物组学技术的整合分析,在酒曲微生物组学特征解析及理论研究上具有广阔的应用前景,一方面能够深入挖掘酒曲微生物及其基因和酶资源,从中筛选获取影响发酵的功能微生物和功能酶;另一方面可以从整体微生物群落角度来认识酿造微生物,揭示不同白酒的微生物群落组成、物种多样性及其变化规律,进而全面了解白酒微生物群落的代谢机理和不同白酒风味特征的形成机理,这是该研究领域未来发展的重要趋势^[12-15]。本文将着重介绍近年来中国白酒酒曲微生物组研究方面所取得的进展,并对未来发展方向和应用前景进行展望。

1 中国白酒酒曲微生物组的研究进展

酒曲作为一种“多菌多酶”微生物制品,是白酒酿造微生物、功能酶、风味及其前体物质的重要载体,其“菌、酶、风味”三系的种类与丰度决定了白酒独特的风味品质与风格特征^[4-5]。微生物组学技术及相关研究方法的应用逐步解析出酒曲微生物与酶系的组成,并进一步揭示出环境因子与酒曲定殖微生物菌群存在显著相互作用,这将为认识酒曲酿造功能与本质、实现酒曲可调控可操作化制备过程提供重要的理论参考。

1.1 微生物群落结构及物种多样性解析

白酒行业通用酒曲主要有大曲、小曲等^[4-5]。大曲,又称块曲或砖曲,以小麦、大麦或豌豆为原料,经粉碎、加水混捏、压成形似砖块的曲坯,并

从自然界富集各种微生物培养而成,根据其培养温度可分为高温大曲、中温大曲、低温大曲等^[4]。小曲多以米粉或米糠为原料,有时会添加中草药为辅料,并接入一定量的母曲制成曲坯,于控温控湿条件下培养而成,因其体积小而被称为“小曲”^[5]。酒曲的制备过程即为从环境中富集微生物的过程,是白酒酿造微生物的重要来源^[4-5]。传统微生物可培养方法主要是利用微生物生长特性,利用选择性的培养基将微生物进行分离培养,并根据微生物形态、生理生化特征或遗传特征进行鉴定^[16-20],但是这种方法不仅工作量大、费时,而且在微生物多样性研究中存在很大的局限性。自然环境条件下存在大量不可培养的微生物,该方法并不能完全反映微生物群落的全貌。针对上述问题,免培养技术在从全局角度认识酒曲微生物群落组成及物种多样性的研究上可提供重要帮助。目前,采用磷脂脂肪酸(Phospholipid Fatty Acid, PLFA)、变性梯度凝胶电泳(Polymerase Chain Reaction-Denaturing Gradient Gel Electrophoresis, PCR-DGGE)、单链构象多态性(Polymerase Chain Reaction-Single Strand Conformation Polymorphism, PCR-SSCP)、核糖体

基因间隔区分析(Ribosomal Intergenic Spacer Analysis, RISA)和高通量测序(High-Throughput Sequencing, HTS)等技术,较为清晰、全面地揭示了酒曲微生物群落组成及物种成员,主要涵盖霉菌、细菌、真菌和放线菌等物种^[21-43](表 1)。比较不同酒曲的微生物群落成员发现,各类酒曲群落中霉菌和真菌成员较为相近,其优势成分主要为根霉、曲霉、酿酒酵母、毕赤酵母属等;但在细菌群落成员上存在较大差异;小曲群落中优势细菌成员为乳杆菌属、魏斯氏菌属、片球菌属、克雷伯氏菌属、不动杆菌属和醋杆菌属等,而传统大曲群落的优势细菌成员为芽孢杆菌属、肠杆菌属等(表 1)。分析发现:大曲和小曲在制作原料、接种方式和培养条件上均存在明显差异;不同酒曲制备过程中,微生物成员对环境压力的适应性是不同培养模式下酒曲微生物群落形成的重要驱动力。

然而,相较于传统可培养方法,未培养方法在揭示这些环境中特定微生物的代谢功能上存在一定不足^[44]。因此,采用可培养结合未培养分析,或者组合使用多种微生物组学技术,是揭示酒曲功能微生物及其原位代谢特征的重要途径和手段。

表 1 传统酒曲中的微生物群落成员
Table 1 Microbial community members in traditional Jiuqu starter

名称 Name	分类 Class	主要微生物 Main microbes		
		霉菌 Molds	细菌 Bacteria	酵母菌 Yeasts
Daqu	High-temperature Daqu (60–70 °C) ^[23-28]	<i>Mucor</i> , <i>Thermoascus</i> , <i>Thermomyces</i>	<i>Bacillus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Microbacterium</i> , <i>Rubellimicrobium</i> , <i>Saccharopolyspora</i> , <i>Thermoactinomyces</i>	<i>Candida</i> , <i>Hanseniaspora</i> , <i>Hansenula</i> , <i>Pichia</i> , <i>Saccharomyces</i>
	Medium-temperature Daqu (50–60 °C) ^[29-35]	<i>Absidia</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Rhizomucor</i>	<i>Bacillus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Lichtheimia</i>	<i>Pichia</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Saccharomycopsis</i>
	Low-temperature Daqu (40–50 °C) ^[36-38]	<i>Absidia</i> , <i>Amylomyces</i> , <i>Rhizomucor</i> , <i>Rhizopus</i>	Acetic acid bacteria, <i>Bacillus</i> , <i>Enterobacteriales</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Weissella</i>	<i>Pichia</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Saccharomycopsis</i> , <i>Wickerhamomyces</i>
Xiaoqu ^[39-43]		<i>Absidia</i> , <i>Aspergillus</i> , <i>Rhizopus</i>	Acetic acid bacteria, <i>Acinetobacter</i> , <i>Corynebacterium</i> , <i>Deinococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Weissella</i> , <i>Xanthomonas</i>	<i>Hansenula</i> , <i>Pichia</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Saccharomycopsis</i>

1.2 酶系结构、组成及功能解析

酒曲作为一个独特的微生态系统,其微生物代谢产生丰富的酶资源,对后期白酒发酵过程的糖化、乙醇和风味代谢具有重要影响。传统可培养研究根据分离微生物的酶活力,并结合催化底物和产物的动态变化,认识酒曲中酶系种类和功能^[45-46]。近年来,基于双向电泳、宏转录组和宏蛋白质组学等技术建立的未培养方法,开始应用于解析酒曲酶系结构与功能^[8-9,47-49];目前已于酒曲体系鉴定到1 000余种蛋白质(表 2),其功能主要涉及糖代谢、蛋白质水解、次生代谢产物合成、结构蛋白、细胞周期调控、细胞防御机制、能量代谢、蛋白质翻译折叠和合成、蛋白质转运等^[9]。另外,相关研究也整合宏基因组学与宏蛋白质组学分析,基于鉴定功能酶的物种注释分析,建立酒曲微生物组与酶系的关联性研究,对酒曲群落中功能微生物成员予以鉴定^[9]。此外,酒曲培养常在高温、高湿等极端环境下进行,其体系具有潜在耐受性能突出的酶资源。在现有微生物组学数据的指导下,研究者已从酒曲体系分离出多个耐受性能突出的新型酶分子,例如 Yi 等从浓香型白酒生产使用的中温大曲中筛选获取了真菌来源耐高温的 α -淀粉酶和内切葡聚糖酶,上述酶可作为研究对象,开发应用于发酵食品及酶工业等领域^[50-52]。目前,虽然酒曲酶系组成研究取得了一定进展,但酒曲酶系对白酒发酵过程的影响却尚未深入揭示。

1.3 生产环境与微生物群落之间的相互作用

中国传统酒曲的生产多采用开放式自然发酵的培养方式,酿造环境(空气、地面、运输工具等)中微生物种类和丰度对酒曲微生物群落形成及其品质安全具有重要影响^[53]。曲坯培养过程中,多种内生环境因子(温度、酸度、水分等)对酒曲微生物群落的物种与丰度及演替规律有重要影响,例如温度因素通过调控曲坯发酵前期微生物群落的演替规律而影响成品曲中微生物群落的组成^[10-11,54-56]。这些制备环境与酒曲微生物群落相互作用的研究,对认识酒曲微生物群落形成及演替规律具有重要帮助,但培养过程中酒曲微生物形成的驱动机制研究鲜有报道。此外,已有研究表明酒曲微生物组成对后续白酒主发酵过程的微生物菌群结构与丰度有重要影响^[42-43,57]。基于微生物溯源分析的研究结果显示:大曲为白酒发酵过程提供 60%–80%的真菌群落和 20%–30%的细菌群落,这些大曲来源的微生物对白酒发酵过程的乙醇或风味代谢有重要贡献^[57]。因此,认识与揭示酒曲微生物群落形成的驱动机制,对调控酒曲微生物群落组成、促进后期白酒主发酵过程具有重要意义。

2 酒曲微生物组理论的应用与实践

2.1 基于多组学联用技术的酒曲微生物群落结构与功能分析

传统可培养分析与现代未培养分析在酒曲微生物研究中存在着各自的优势和不足,组合应用可

表 2 传统酒曲中蛋白组特征研究

Table 2 Study of proteomic perspectives in traditional Jiuqu starter

名称 Name	分类 Class	研究方法 Methods	蛋白点与蛋白质数 Spot/Proteins	注释微生物 Annotation microbes
Daqu	High-temperature ^[49]	2D-PAGE, MALDI-TOF/TOF MS	89/84	<i>Aspergillus</i> , <i>Bacillus</i>
	Medium-temperature ^[8]	Metatranscriptomics	–/932	<i>Mucorales</i> , <i>Saccharomycetales</i>
	Low-temperature ^[47-48]	2D-PAGE, LC-MS/MS	–/122	<i>Aspergillus</i> , <i>Penicillium</i> , <i>Rhizopus</i> , <i>Rhizomucor</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Schizosaccharomyces</i>
Xiaoqu ^[9]		LC-MS/MS	3 973/1 733	<i>Aspergillus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pichia</i> , <i>Saccharomyces</i> , <i>Rhizopus</i>

Note: –: No description

培养分析和多种微生物组学技术能够互为补充,是揭示酒曲功能微生物及原位代谢特征的重要途径^[8-9]。采用可培养、扩增子测序和宏蛋白质组学等多种技术手段的联用分析,已在小曲研究中取得重要进展,不仅筛选获取了重要糖化功能微生物(根霉、曲霉和根毛霉等),而且揭示了原位体系中各糖化微生物的组成和产酶特征,并认识到各成员在分泌糖化酶上具有协同作用^[8,58]。此外,相关研究也建立了酒曲微生物群落的物种多样性与相应白酒发酵过程中代谢产物的相关性分析,用以揭示酒曲微生物群落对白酒发酵过程的影响;2020年Chen等研究发现曲药中根霉、片球菌属等微生物的含量对绍兴酒发酵过程中乙醇及风味物质的代谢具有显著相关性^[43]。因此,基于微生物学、功能基因组学、代谢组学、生物信息学和系统生物学等微生物组学技术的整合分析,在酒曲微生物组学特征解析及理论研究上具有广阔的应用前景。

2.2 酒曲微生物群落的形成机制及其对白酒发酵过程的影响

已有研究表明酒曲微生物组成对后续白酒主发酵过程的微生物生长代谢具有重要影响^[42-43,57],因此,认识和揭示酒曲微生物来源、群落形成机制及其对白酒发酵过程的影响,对控制提高酒曲质量、促进白酒发酵有重要影响。

以高通量测序技术为基础建立的微生物溯源分析,揭示了制备过程中原料、空气、地面及运输工具等是酒曲定殖微生物的重要来源,其中,操作工具、室内地面是酒曲中真菌微生物的重要来源,制曲原料是其细菌群落的重要来源^[53];同时,该分析也进一步揭示了酒曲为白酒发酵过程提供61%–80%的真菌群落与9%–27%的细菌群落^[57,59]。除微生物外,酒曲也为白酒发酵过程提供重要水解酶^[1-5]。基于宏蛋白质组学分析,建立的白酒发酵过程中酶系溯源分析结果显示:酒曲为白酒发酵过程提供80%以上的糖化酶;同时,酒曲来源糖化酶的协同作用有利于促进白酒发酵过程中的乙醇代谢^[58]。此外,酒曲研究已认识到曲坯内生环境

因子(温度、酸度、水分等)对其微生物群落的演替规律有重要影响^[10-11,54-56],相关研究也进一步从不同制曲工艺的产酶特征及其驱动因素开展,揭示了曲坯表观因子(容重等)通过调控体系内的水分迁移与酸度变化来影响酒曲微生物群落的形成^[9]。

上述研究对酒曲微生物的来源、群落形成机制及其对白酒发酵过程的影响进行了初步探索,对我们控制工艺参数制备高品质酒曲、促进传统制造设备的工业化及现代化改造具有重要意义。

2.3 基于微生物组学分析筛选功能微生物,以开发制备强化酒曲与新型纯种酒曲

传统酒曲制备于自然式开放条件下进行,其微生物定殖及群落形成易受多种环境因素的影响,这造成成品酒曲中的微生物品质均一性及质量稳定性存在一定的缺陷^[1]。为了加强对制曲过程的调控及定向改造或强化酒曲特定功能,众多研究者通过生物强化特定微生物(芽孢杆菌、片球菌、威克汉姆酵母或覆膜孢酵母属等)以改良酒曲的酿造功能,强化后的酒曲对白酒主发酵过程中酿造微生物的群落多样性及代谢具有显著影响^[60-64]。但是由于酒曲微生物群落具有较强的鲁棒性(微生物群落在人为或自然环境扰动下维持其酿造功能的特性),添加单一或几株菌种进行强化虽然能提高部分微生物的丰度,但对酒曲的菌群结构影响较小^[65]。

为了克服传统酒曲质量均一性差以及强化大曲酿造性能难改造等问题,白酒研究者也尝试基于微生物组学分析从传统酒曲体系鉴定、分离功能微生物,并将其接种于麸皮、糠壳、大米等原料中制备纯种麸曲,以达到提高制曲过程的可调控、可操作性以及定向改造酒曲酿造功能的目标^[26,66-67]。当前在微生物组学数据导向下,研究者已从酒曲体系筛选到多株耐受性强、风味代谢优良的菌株,为制备纯种麸曲提供了众多可供选择的对象^[16-20,68-69]。酱香型、清香型、芝麻香型白酒生产中较多采用麸曲酿造,目前广泛使用的麸曲主要包括霉菌麸曲、酵母麸曲、细菌麸曲和混合麸曲等(表3)。相较于传统酒曲,麸曲酿酒过程在淀粉利用率、出酒率、

表 3 白酒生产中常用的麸曲

Table 3 Modern bran Koji for Chinese baijiu fermentation

分类	名称	原料	主要微生物	功能特征
Class	Name	Raw materials	Main microbes	Functional profile
Pure <i>Fuqu</i>	Moldy <i>Fuqu</i> ^[70]	Bran, husks, rice	<i>Rhizopus</i> , <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus oryzae</i> , <i>Aspergillus albicans</i>	Higher amylase activity
	Yeasty <i>Fuqu</i> ^[71-72]	Bran	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> , ester yeasts	Outstanding ester production
	Bacterial <i>Fuqu</i> ^[67]	Bran, soybean meal	<i>Bacillus licheniformis</i>	Higher flavors producing
	Mix <i>Fuqu</i> ^[73]	Bran, corn flour	<i>Rhizopus</i> , <i>Endomycopsis</i> , <i>Geotrichum candidum</i> , <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , ester yeasts, <i>Bacillus subtilis</i> , <i>Bacillus licheniformis</i>	Higher liquor production

产酸产酯性能及特征风味成分代谢上存在一定优势,但与优质大曲酒的风味特征与品质风格还存在一定差距^[74],这是由于新工艺麸曲的微生物群落结构较单一,造成其微生物群落功能及稳定性尚未达到传统酒曲的水平。

3 中国白酒酒曲微生物组研究发展趋势

3.1 制曲过程中微生物菌群形成与环境的相互作用

酒曲在白酒酿造过程中具有重要地位,从其微生物成员的酿造功能分析来看:(1)霉菌分泌淀粉酶、蛋白酶、脂肪酶等实现对原料中大分子物质的降解,为其他微生物成员的生长提供可利用的小分子营养物质。(2)制曲过程富集的多种类型酵母菌,如酿酒酵母与生香酵母,在白酒主发酵过程中能代谢产生丰富的醇类与酯类物质等。(3)曲坯中富集的多种细菌在白酒酿造过程中可代谢产生不同类型的风味成分;霉菌、酵母菌和细菌等微生物在制曲原料上的定殖、组装及相互作用对酒曲微生物群落及酿造功能形成有重要影响,从而决定了白酒主发酵过程的出酒率、生香性能以及产品品质。基于扩增子测序技术的微生物组学分析研究已揭示:制曲过程中不同类型微生物成员在时间序列上存在一定的演替规律;同时,也认识到多种环境因子(温度、酸度、水分等)对酒曲微生物群落的物种与丰度以及演替规律有重要影响;此外,相关研究也揭示出表观因子(容重等)是酒曲微生物群落形成的重要驱动因素,类似容重等表观因子通过调控

体系内部水分迁移和酸度变化,进而影响酒曲功能微生物的生长及代谢产酶^[9-11,55]。因此,深入揭示多种环境因子及其协同作用对酒曲微生物群落形成及演替变化的影响,对控制、定向提高酒曲品质有重要意义,而不同功能微生物在曲坯中组装、相互作用及演替机制还需要进一步研究证明。

3.2 酒曲微生物组对白酒主发酵过程的影响

白酒研究者已广泛认识到酒曲微生物对白酒主发酵过程的出酒率及酿造酒体的品质风格有重要影响^[42-43,57]。微生物与酶作为酒曲影响白酒发酵过程的重要载体,基于溯源分析的现有研究已揭示出酒曲对白酒发酵过程中酿造微生物群落及酶谱的贡献度:酒曲为后续白酒主发酵过程提供了重要的好氧和兼性厌氧菌;同时也为该过程提供了绝大部分的糖化酶,而且关键酶的协同作用可促进该过程中的乙醇代谢^[57-59]。基于多种微生物组学技术的组合分析,从微生物和酶角度深入剖析酒曲微生物体系对白酒主发酵过程的影响是该研究领域的重要研究方向,一方面可为我们提供准确、科学、合理评价酒曲质量的微生物与酶系指标,另一方面可指导我们定向调控制曲过程提高酒曲品质或筛选功能微生物及酶制备纯种酒曲,以达到促进白酒发酵的目标。

4 展望

中国白酒酒曲微生物组具有微生物物种丰富、酶系功能复杂多样等特点,长期实践形成的生产技艺中所蕴含的科学内涵有待深入剖析,复杂的微生

物体系所有蕴含的应用价值有待深入挖掘。酒曲微生物组学研究有助于丰富发酵食品微生物组学研究的基本理论,构建基于微生物组学特征的新型酒曲质量评价体系,以及发掘微生物物种及酶资源。

4.1 丰富发酵食品微生物组学研究的基本理论

白酒酒曲的生物学本质体现为微生物、酶、风味及其前体物质,酒曲影响发酵食品品质的潜在途径主要表现为2个方面:一是从酿造环境中富集微生物并代谢产酶;另一方面是酒曲微生物与酶系影响白酒主发酵过程中微生物群落的形成及代谢,这些途径主要蕴含了如下微生物组学研究的相关问题:微生物菌群定殖组装机制、微生物群落成员之间的相互作用、生物与非生物因素对微生物菌群演替及相互作用的影响等。酒曲培养过程可用于解析霉菌、酵母菌与细菌3类微生物菌群的组装机理,以及环境因子(培养方式、温度、酸度和水分等)对微生物群落形成的调控机制。酒曲对白酒主发酵过程的影响及调控途径,可用于研究特定微生物或酶成员之间的相互作用,进一步可用于研究生物与非生物因素扰动下白酒酿造菌群的稳定性及代谢功能变化。

4.2 构建基于微生物组学特征的新型酒曲质量评价体系

当前酒曲质量评价体系主要从感官特征、理化指标和生物指标来评价酒曲质量,长期生产实践发现现行酒曲质量评价体系无法真实反映酒曲的实际酿造功能,其原因在于:对酒曲中影响白酒主发酵过程的关键微生物和酶的认知缺乏,同时关键微生物和酶对白酒发酵过程的影响也不清晰。目前,相关研究对酒曲酶系的形成机制及其对白酒发酵过程的影响进行了初步探索,为构建新型酒曲质量评价体系提供了一定理论参考与技术支持^[9,58]。因此,基于系统生物学研究深入剖析驱动白酒发酵的关键微生物和酶,揭示酒曲对此类微生物和酶的贡献度,并以此为基础构建出以特定微生物或酶丰度、量效比例为指标的酒曲质量评价体系,这将为准确、科学、合理地评价酒曲质量、指导传统酒曲

培养工艺升级、定向提升机械化麸曲的酿造功能具有重要意义。

4.3 微生物及酶资源开发

微生物组学研究发现,酒曲微生物体系存在着数百种微生物和上千种功能酶。目前对酒曲微生物资源的挖掘多是采用可培养分析,也有研究者在微生物组学数据的指导下从酒曲微生物体系中筛选出性能突出的降解酶^[50-52]。上述分离获取的纯种微生物或酶可进一步强化于酒曲体系,以定向提高酒曲的某一特定功能,而强化微生物或酶对原位体系的扰动及其对白酒发酵代谢的影响还需要深入探究。同时,酒曲微生物的强化方式或纯种曲的开发依然是酒曲微生物组研究的重要方向。此外,由于酒曲体系存在着大量未培养微生物,导致酒曲体系还存在大量的微生物与酶系资源未得到认识与开发利用。未来研究需要建立难培养微生物的可培养方法,以深入挖掘酒曲体系微生物及酶系资源,为现代生物技术产业提供可利用的新型操作对象。

REFERENCES

- [1] Jin GY, Zhu Y, Xu Y. Mystery behind Chinese liquor fermentation[J]. Trends in Food Science & Technology, 2017, 63: 18-28
- [2] Liu HL, Sun BG. Effect of fermentation processing on the flavor of Baijiu[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2018, 66(22): 5425-5432
- [3] Zhu Y, Tramper J. Koji: where East meets West in fermentation[J]. Biotechnology Advances, 2013, 31(8): 1448-1457
- [4] Shen YF. Baijiu Shengchan Jishu Quanshu[M]. Beijing: China Light Industry Press, 1998 (in Chinese)
沈怡方. 白酒生产技术全书[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 1998
- [5] Yu QW. Chuantong Baijiu Niangzao Jishu[M]. Beijing: China Light Industry Press, 2010 (in Chinese)
余乾伟. 传统白酒酿造技术[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2010
- [6] Wu SK, Xie J, Cheng TY, Wei CH, Huang ZG, Deng J. Correlation between quality index and bacterial community of Luzhou flavor *Daqu*[J]. Food Research and Development, 2019, 40(4): 158-164 (in Chinese)
吴树坤, 谢军, 程铁轵, 卫春会, 黄治国, 邓杰. 不同地区浓香型大曲质量指标与细菌群落相关性研究[J]. 食品研究与开发, 2019, 40(4): 158-164

- [7] Zhao JS, Zhang L, Sun XT, Bian MH, Zheng FP. Study on the correlations between microbial community characteristics and physicochemical indicators of Maotai-flavor *Daqu*[J]. Genomics and Applied Biology, 2019, 38(1): 199-204 (in Chinese)
赵金松, 张良, 孙啸涛, 边名鸿, 郑福平. 酱香型大曲微生物群落特征与理化指标的相关性研究[J]. 基因组学与应用生物学, 2019, 38(1): 199-204
- [8] Huang YH, Yi ZL, Jin YL, Huang MJ, He KZ, Liu DY, Luo HB, Zhao D, He H, Fang Y, et al. Metatranscriptomics reveals the functions and enzyme profiles of the microbial community in Chinese Nong-flavor liquor starter[J]. Frontiers in Microbiology, 2017, 8: 1747
- [9] Wang BW, Wu Q, Xu Y, Sun BG. 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
- [10] Li P, Lin WF, Liu X, Wang XW, Luo LX. Environmental factors affecting microbiota dynamics during traditional solid-state fermentation of Chinese *Daqu* starter[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 1237
- [11] Xiao C, Lu ZM, Zhang XJ, Wang ST, Ao L, Shen CH, Shi JS, Xu ZH. 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
- [12] Wolfe BE, Button JE, Santarelli M, Dutton RJ. Cheese rind communities provide tractable systems for *in situ* and *in vitro* studies of microbial diversity[J]. Cell, 2014, 158(2): 422-433
- [13] Wolfe BE, Dutton RJ. Fermented foods as experimentally tractable microbial ecosystems[J]. Cell, 2015, 161(1): 49-55
- [14] Keisam S, Romi W, Ahmed G, Jeyaram K. Quantifying the biases in metagenome mining for realistic assessment of microbial ecology of naturally fermented foods[J]. Scientific Reports, 2016, 6: 34155
- [15] Zhernakova A, Kurilshikov A, Bonder MJ, Tigchelaar EF, Schirmer M, Vatanen T, Mujagic Z, Vila AV, Falony G, Vieira-Silva S, et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and diversity[J]. Science, 2016, 352(6285): 565-569
- [16] Fan GS, Sun BG, Xu D, Teng C, Fu ZL, Du YH, Li XT. Isolation and identification of high-yield ethyl acetate-producing yeast from Gujinggong *Daqu* and its fermentation characteristics[J]. Journal of the American Society of Brewing Chemists, 2018, 76(2): 117-124
- [17] Fu ZL, Sun BG, Li XT, Fan GS, Teng C, Alaa A, Jia YM. Isolation and characterization of a high ethyl acetate-producing yeast from Laobaigan *Daqu* and its fermentation conditions for producing high-quality Baijiu[J]. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 2018, 32(5): 1218-1227
- [18] Li RY, Zheng XW, Zhang X, Yan Z, Wang XY, Han BZ. Characterization of bacteria and yeasts isolated from traditional fermentation starter (Fen-*Daqu*) through a ¹H NMR-based metabolomics approach[J]. Food Microbiology, 2018, 76: 11-20
- [19] Li DN, Huang W, Qiu SY. *Thermoflavimicrobium daqui* sp. nov., a thermophilic microbe isolated from Moutai-flavour *Daqu*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2019, 69(9): 2709-2716
- [20] Xu D, Yin Y, Ali B, Zhang Y, Guo LN, Xu XM. Isolation of yeast strains from Chinese liquor *Daqu* and its use in the wheat sourdough bread making[J]. Food Bioscience, 2019, 31: 100443
- [21] Ling YX, Li WY, Tong T, Li ZM, Li Q, Bai ZH, Wang GJ, Chen JH, Wang YG. Assessing the microbial communities in four different *Daqu*s by using PCR-DGGE, PLFA, and biolig analyses[J]. Polish Journal of Microbiology, 2020, 69(1): 27-37
- [22] Luo HB, Huang ZG, Li H, Zhang Q, Wei CH. PCR-SSCP analysis of the pronucleus microbial communities in Luzhou-flavor *Daqu*[J]. Microbiology China, 2009, 36(9): 1363-1367 (in Chinese)
罗惠波, 黄治国, 李浩, 张强, 卫春会. 浓香型大曲原核微生物群落的 PCR-SSCP 解析[J]. 微生物学通报, 2009, 36(9): 1363-1367
- [23] Shanqimuge, Liang HZ, Zhang CX, Shao CF, Peng XP, Liang LQ, Su J, Li CW. A DGGE marker-mediated fast monitoring of bacterial diversity and comprehensive identification of high-temperature *Daqu* starter[J]. Journal of Food Science, 2015, 80(7): M1519-M1525
- [24] Wang XD, Ban SD, Hu BD, Qiu SY, Zhou HX. Bacterial diversity of Moutai-flavour *Daqu* based on high-throughput sequencing method[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2017, 123(1): 138-143
- [25] Gan SH, Yang F, Sahu SK, Luo RY, Liao SL, Wang HY, Jin T, Wang L, Zhang PF, Liu X, et al. Deciphering the composition and functional profile of the microbial communities in Chinese Moutai liquor starters[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1540
- [26] Wang XD, Qiu SY, Li P, Ban SD. Analysis of microbial community structure in traditional and automated Moutai-flavor *Daqu*[J]. Journal of the American Society of Brewing Chemists, 2019, 77(2): 140-146
- [27] Yao S, Liu Y, Li H, Ge YY, Zhang MJ, Xin CH, Xu L, Cheng C. Bacterial communities during the process of high-temperature *Daqu* production of roasted sesame-like flavour liquor[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2015, 121(3): 440-448
- [28] Xie MW, Lv FX, Ma GX, Farooq A, Li HH, Du Y, Liu Y. High throughput sequencing of the bacterial composition and dynamic succession in *Daqu* for Chinese sesame flavour liquor[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2020, 126(1): 98-104
- [29] Zheng XW, Yan Z, Nout MJR, Boekhout T, Han BZ, Zwietering MH, Smid EJ. Characterization of the microbial community in different types of *Daqu* samples as revealed

- by 16S rRNA and 26S rRNA gene clone libraries[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2015, 31(1): 199-208
- [30] Yang JG, Dou X, Han PJ, Bai FY, Zhou J, Zhang SY, Qin H, Ma YY. Microbial diversity in *Daqu* during production of Luzhou flavored liquor[J]. Journal of the American Society of Brewing Chemists, 2017, 75(2): 136-144
- [31] Yang JG, Dou X, Ma YY. Diversity and dynamic succession of microorganisms during *Daqu* preparation for Luzhou-flavour liquor using second-generation sequencing technology[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2018, 124(4): 498-507
- [32] Zou W, Zhao CQ, Luo HB. Diversity and function of microbial community in Chinese strong-flavor Baijiu ecosystem: a review[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 671
- [33] Yan SB, Tong QQ, Guang JQ. Yeast dynamics and changes in volatile compounds during the fermentation of the traditional Chinese strong-flavor *Daqu*[J]. LWT, 2019, 106: 57-63
- [34] Yan SB, Chen XS, Guang JQ. Bacterial and fungal diversity in the traditional Chinese strong flavour liquor *Daqu*[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2019, 125(4): 443-452
- [35] Fan GS, Du YH, Fu ZL, Chen M, Wang Z, Liu PX, Li XT. Characterisation of physicochemical properties, flavour components and microbial community in Chinese Guojing roasted sesame-like flavour *Daqu*[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2020, 126(1): 105-115
- [36] Zhang HX, Zhang XH, Zhao JL, Du XW, Ma B. Analysis of the microbial communities of three kinds of Fen-*Daqu* by PLFAs[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2016, 122(1): 34-41
- [37] Fan GS, Sun BG, Fu ZL, Xia YQ, Huang MQ, Xu CY, Li XT. Analysis of physicochemical indices, volatile flavor components, and microbial community of a light-flavor *Daqu*[J]. Journal of the American Society of Brewing Chemists, 2018, 76(3): 209-218
- [38] Zhao QS, Yang JG, Zhang KZ, Wang MY, Zhao XX, Su C, Cao XZ. Lactic acid bacteria in the brewing of traditional *Daqu* liquor[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2020, 126(1): 14-23
- [39] Wu HC, Zhang SY, Ma YY, Zhou J, Luo HB, Yang JG. Comparison of microbial communities in the fermentation starter used to brew *Xiaoqu* liquor[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2017, 123(1): 113-120
- [40] Cai HY, Zhang T, Zhang Q, Luo J, Cai CG, Mao JW. Microbial diversity and chemical analysis of the starters used in traditional Chinese sweet rice wine[J]. Food Microbiology, 2018, 73: 319-326
- [41] Wang J, Zhong QP, Yang YY, Li HR, Wang L, Tong YG, Fang X, Liao ZL. Comparison of bacterial diversity between two traditional starters and the round-Koji-maker starter for traditional Cantonese chi-flavor liquor brewing[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 1053
- [42] Tang QX, He GQ, Huang J, Wu CD, Jin Y, Zhou RQ. Characterizing relationship of microbial diversity and metabolite in Sichuan *Xiaoqu*[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 696
- [43] Chen C, Liu Y, Tian HX, Ai LZ, Yu HY. Metagenomic analysis reveals the impact of *Jiuyao* microbial diversity on fermentation and the volatile profile of Shaoxing-jiu[J]. Food Microbiology, 2020, 86: 103326
- [44] Franzosa EA, Hsu T, Sirota-Madi A, Shafquat A, Abu-Ali G, Morgan XC, Huttenhower C. Sequencing and beyond: integrating molecular 'omics' for microbial community profiling[J]. Nature Reviews Microbiology, 2015, 13(6): 360-372
- [45] Liu JJ, Chen JY, Fan Y, Huang XN, Han BZ. 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
- [46] Wang XD, Ban SD, Qiu SY. Analysis of the mould microbiome and exogenous enzyme production in Moutai-flavor *Daqu*[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2018, 124(1): 91-99
- [47] Zhang WB. The extraction of glucoamylase and metaproteome analysis of fragrance *Daqu*[D]. Linfen: Master's Thesis of Shanxi Normal University, 2014 (in Chinese)
张武斌. 清香大曲糖化酶的提取及宏蛋白质组学分析[D]. 临汾: 山西师范大学硕士学位论文, 2014
- [48] Zhang XH, Zhang WB, Duan JY. Identification of crude proteins from *Daqu* (yeast for making hand liquor) for light-fragrant Chinese liquor by proteomics method[J]. Food Science and Technology, 2015, 40(9): 258-264 (in Chinese)
张秀红, 张武斌, 段江燕. 宏蛋白质组学方法对清香大曲蛋白分析[J]. 食品科技, 2015, 40(9): 258-264
- [49] Liu LS. Metaproteomic research of high temperature *Daqu* of soy sauce aroma type liquor[D]. Fuzhou: Master's Thesis of Fujian Normal University, 2016 (in Chinese)
刘龙山. 酱香型白酒高温大曲的宏蛋白组学研究[D]. 福州: 福建师范大学硕士学位论文, 2016
- [50] Yi ZL, Fang Y, He KZ, Liu DY, Luo HB, Zhao D, He H, Jin YL, Zhao H. Directly mining a fungal thermostable α -amylase from Chinese Nong-flavor liquor starter[J]. Microbial Cell Factories, 2018, 17: 30
- [51] Qiao YX, Zhao XY, Zhu J, Tu R, Dong LB, Wang L, Dong ZY, Wang QH, Du WB. Fluorescence-activated droplet sorting of lipolytic microorganisms using a compact optical system[J]. Lab on a Chip, 2017, 18(1): 190-196
- [52] Ali B, Yi ZL, Fang Y, Chen LC, He KZ, Liu DY, Luo HB, Zhao D, Zheng J, He H, et al. Characterization of a fungal thermostable endoglucanase from Chinese Nong-flavor *daqu* by metatranscriptomic method[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2019, 121: 183-190
- [53] Du H, Wang XS, Zhang YH, Xu Y. Exploring the impacts of raw materials and environments on the microbiota in Chinese *Daqu* starter[J]. International Journal of Food

- Microbiology, 2019, 297: 32-40
- [54] Wang HY, Xu Y. Effect of temperature on microbial composition of starter culture for Chinese light aroma style liquor fermentation[J]. Letters in Applied Microbiology, 2015, 60(1): 85-91
- [55] Li P, Liang HB, Lin WT, Feng F, Luo LX. Microbiota dynamics associated with environmental conditions and potential roles of cellulolytic communities in traditional Chinese cereal starter solid-state fermentation[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, 81(15): 5144-5156
- [56] Yi ZL, Jin YL, Xiao Y, Chen LC, Tan L, Du AP, He KZ, Liu DY, Luo HB, Fang Y, et al. Unraveling the contribution of high temperature stage to Jiang-flavor *Daqu*, a liquor starter for production of Chinese Jiang-flavor Baijiu, with special reference to metatranscriptomics[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 472
- [57] Wang XS, Du H, Zhang Y, Xu Y. Environmental microbiota drives microbial succession and metabolic profiles during Chinese liquor fermentation[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2017, 84(4): e02369-17
- [58] Wang BW, Wu Q, Xu Y, Sun BG. Synergistic effect of multiple saccharifying enzymes on alcoholic fermentation for Chinese Baijiu production[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2020, 86(8): e00013-20
- [59] Wang XS, 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
- [60] He GQ, Dong Y, Huang J, Wang XJ, Zhang SY, Wu CD, Jin Y, Zhou RQ. Alteration of microbial community for improving flavor character of *Daqu* by inoculation with *Bacillus velezensis* and *Bacillus subtilis*[J]. LWT, 2019, 111: 1-8
- [61] Song JK, Tang HL, Liang HB, Luo LX, Lin WF. Effect of bioaugmentation on biochemical characterisation and microbial communities in *Daqu* using *Bacillus*, *Saccharomycopsis* and *Absidia*[J]. International Journal of Food Science & Technology, 2019, 54(8): 2639-2651
- [62] He GQ, Huang J, Wu CD, Jin Y, Zhou RQ. 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
- [63] Li WW, Fan GS, Fu ZL, Wang WH, Xu YQ, Teng C, Zhang CN, Yang R, Sun BG, Li XT. Effects of fortification of *Daqu* with various yeasts on microbial community structure and flavor metabolism[J]. Food Research International, 2020, 129: 108837
- [64] Wang P, Wu Q, Jiang XJ, Wang ZQ, Tang JL, Xu Y. *Bacillus licheniformis* affects the microbial community and metabolic profile in the spontaneous fermentation of *Daqu* starter for Chinese liquor making[J]. International Journal of Food Microbiology, 2017, 250: 59-67
- [65] Li P, Lin WF, Liu X, Wang XW, Gan X, Luo LX, Lin WT. Effect of bioaugmented inoculation on microbiota dynamics during solid-state fermentation of *Daqu* starter using autochthonous of *Bacillus*, *Pediococcus*, *Wickerhamomyces* and *Saccharomycopsis*[J]. Food Microbiology, 2017, 61: 83-92
- [66] Ma RF, Sui L, Zhang JS, Hu JR, Liu P. Polyphasic characterization of yeasts and lactic acid bacteria metabolic contribution in semi-solid fermentation of Chinese Baijiu (traditional fermented alcoholic drink): towards the design of a tailored starter culture[J]. Microorganisms, 2019, 7(5): 147
- [67] Zhang WQ, Si GR, Rao ZM, Li JL, Zhang X, Mei J, Wang JS, Ye M, Zhou P. High yield of tetramethylpyrazine in functional *Fuqu* using *Bacillus amyloliquefaciens*[J]. Food Bioscience, 2019, 31: 100435
- [68] Li DN, Huang W, Wang CX, Qiu SY. The complete genome sequence of the thermophilic bacterium *Laceyella sacchari* FBKL4.010 reveals the basis for tetramethylpyrazine biosynthesis in Moutai-flavor *Daqu*[J]. MicrobiologyOpen, 2019, 8(12): e922
- [69] Wang ZY, Li P, Luo LX, Simpson DJ, Gänzle MG. *Daqu* fermentation selects for heat-resistant *Enterobacteriaceae* and bacilli[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2018, 84(21): e01483-18
- [70] Ye GB, Luo HB, Wang Y, Bian MH, Yang XD. Research on the application of *Rhizopus* strain 3.866 in the production of bran *Fuqu*[J]. Liquor-making Science & Technology, 2014(9): 56-58,68 (in Chinese)
叶光斌, 罗惠波, 王毅, 边名鸿, 杨晓东. 根霉3.866在川法麸曲中的应用研究[J]. 酿酒科技, 2014(9): 56-58,68
- [71] Guo KK, Xiao N, Xiao DG. Application of active dry yeast with high-yield of acetate ester in the production of Qingxiang *Fuqu* Baijiu[J]. Liquor-Making Science & Technology, 2018(1): 38-40,46 (in Chinese)
郭凯凯, 肖楠, 肖冬光. 高产酯酿酒活性干酵母在清香型麸曲酒生产中的应用研究[J]. 酿酒科技, 2018(1): 38-40,46
- [72] Xia Y, Xie J, Huang D, Luo HB, Yang WB. Optimization of processing technology of *Fuqu* with *Wickerhamomyces anomalus*[J]. Food Research and Development, 2018, 39(22): 118-123 (in Chinese)
夏玒, 谢军, 黄丹, 罗惠波, 杨文斌. 异常威克汉逊酵母的麸曲制作工艺优化[J]. 食品研究与开发, 2018, 39(22): 118-123
- [73] Gou M, Wang HZ, Yuan HW, Zhang WX, Tang YQ, Kida K. Characterization of the microbial community in three types of fermentation starters used for Chinese liquor production[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2015, 121(4): 620-627
- [74] Hu ZP, Ke F, Ye JX, Zhu S. Comparative analysis of the quality of Mixiang Baijiu produced by handmade *Jiuqu*/Mechanical *Jiuqu*[J]. Liquor-making Science & Technology, 2019(3): 90-93 (in Chinese)
胡志平, 柯锋, 叶静萱, 朱思. 纯手工酒曲与机械酒曲的米香型白酒品质对比分析[J]. 酿酒科技, 2019(3): 90-93