张英, 胡景辉, 张娇娇, 等. 基于微生物组学技术探究不同大曲品质与酿造性能的相关性 [J]. 食品工业科技, 2026, 47(6): 150−159. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030091

ZHANG Ying, HU Jinghui, ZHANG Jiaojiao, et al. Investigating the Correlation between Different Daqu Qualities and Brewing Performance Based on Metagenomics Technology[J]. Science and Technology of Food Industry, 2026, 47(6): 150−159. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030091

· 生物工程 ·

基于微生物组学技术探究不同大曲品质与酿造性能的相关性

张　英[1], 胡景辉[2,3], 张娇娇[2,3], 鄢定波[4], 周　涛[2,3], 周靖怡[2,3], 韩兴林[2,3,*], 赵金松[1,*]

（1.四川轻化工大学生物工程学院, 四川 宜宾 644000;
2.中国食品发酵工业研究院有限公司, 北京 100015;
3.国家酒类品质与安全国联合研究中心, 北京 100015;
4.湖北漳兰河农业科技发展有限公司, 湖北 十堰 442108）

摘　要: 为系统解析不同香型大曲的品质特征差异及其在同一酿造工艺下的发酵效能，深入阐明大曲品质参数与白酒风味特征的内在关联机制，本研究从理化指标、微生物群落结构特征及其酿酒效果三个维度对中温、中高温和高温三种大曲进行系统性对比分析并解析三者间的内在联系。理化指标结果显示，中温大曲的水分含量、糖化力和液化力最高，高温大曲的酸度最高。微生物群落结构分析发现，曲霉属（*Aspergillus*，丰度占比 70.90%）、嗜热丝孢菌属（*Thermomyces*，丰度占比 10.74%）、芽孢杆菌属（*Bacillus*，丰度占比 32.54%）、葡萄球菌属（*Staphylococcus*，丰度占比 15.56%）为中温大曲中的主要优势微生物菌属；曲霉属（*Aspergillus*，丰度占比 75.52%）、*Saccharomycetales*（丰度占比 14.97%）、魏斯氏菌属（*Weissella*，丰度占比 16.65%）为中高温大曲的主要优势微生物菌属；曲霉属（*Aspergillus*，丰度占比 33.84%）、嗜热丝孢菌属（*Thermomyces*，丰度占比 33.67%）、枝芽孢菌属（*Virgibacillus*，丰度占比 25.52%）、*Kroppentedtia*（丰度占比 24.10%）为高温大曲的优势微生物菌属。酿酒效果分析发现，三种大曲酒中存在 9 种差异性风味物质，感官上中温大曲酒果香甜美，协调爽净；中高温大曲酒粮香好；高温大曲酒香气丰富，回味纯厚。相关性分析结果表明，酸度与热子囊菌属、枝芽孢菌属丰度呈正相关，液化力与小尖霉属、葡萄球菌属、糖多孢菌属丰度呈正相关，糖化力与 *Pantoea* 丰度呈正相关，发酵力与魏斯氏菌属丰度呈正相关。大曲理化特性对大曲微生物群落组成具有显著影响。曲霉属丰度与甲醇、异丁醇含量呈负相关；芽孢杆菌属、葡萄球菌属、糖多孢菌属丰度与乙酸乙酯、乳酸乙酯含量呈正相关；乳酸杆菌属丰度与乙酸乙酯含量呈负相关。不同香型大曲理化和微生物组成存在差异，同一工艺下不同香型大曲酒样风格以工艺的风格为主，大曲理化性质及微生物多样性与白酒品质息息相关。研究揭示了大曲与工艺对白酒风格的影响、大曲理化及微生物与白酒风味的内在联系，为提高不同香型白酒品质及香型融合奠定理论基础。

关键词: 大曲, 理化性质, 微生物群落, 风味物质, 相关性分析

中图分类号: TS262.3　　**文献标识码:** A　　**文章编号:** 1002−0306(2026)06−0150−10

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2025030091

本文网刊:

Investigating the Correlation between Different Daqu Qualities and Brewing Performance Based on Metagenomics Technology

ZHANG Ying[1], HU Jinghui[2,3], ZHANG Jiaojiao[2,3], YAN Dingbo[4], ZHOU Tao[2,3], ZHOU Jingyi[2,3], HAN Xinglin[2,3,*], ZHAO Jinsong[1,*]

（1.College of Bioengineering, Sichuan University of Light Chemical Technology, Yibin 644000, China;

收稿日期: 2025−03−10

基金项目: 四川省科技计划资助（21ZYZFZDYF0019）; 国家重点研发计划传统酿造食品智能制造技术研究及示范项目（2022YFD2101205）。

作者简介: 张英（1997−）, 女, 硕士研究生, 研究方向: 酿酒过程分析与调控, E-mail: 2822546255@qq.com。

*** 通信作者:** 韩兴林（1983−）, 男, 博士, 高级工程师, 研究方向: 发酵工程, E-mail: hanian2009@163.com。

赵金松（1980−）, 男, 博士, 正高级工程师, 研究方向: 白酒生产、酒体设计, E-mail: 420940314@qq.com。

2.China National Research Institute of Food and Fermentation Industries Co., Ltd., Beijing 100015, China；
3.International Joint Research Center of Quality and Safety of Alcoholic Beverages, Beijing 100015, China；
4.Hubei Zhanglanhe Agricultural Science and Technology Development Co., Ltd., Shiyan 442108, China）

Abstract: To systematically analyze the quality characteristics of different types of Daqu and their fermentation efficiency under the same brewing process, and to elucidate the intrinsic correlation between Daqu quality parameters and baijiu flavour characteristics, this study systematically compared and analyzed the physicochemical indices, microbial community structures, and brewing effects of medium-, medium-high-, and high-temperature Daqu. Furthermore, the internal relationships among these three aspects were examined. The analysis of physicochemical indices revealed that medium-temperature Daqu exhibited the highest moisture content, saccharifying power, and liquefaction power, while high-temperature Daqu showed the highest acidity. In terms of microbial community structure, the main dominant genera in medium-temperature Daqu were *Aspergillus* (70.90% abundance), *Thermomyces* (10.74% abundance), *Bacillus* (32.54% abundance), and *Staphylococcus* (15.56% abundance). In medium-high-temperature Daqu, the dominant genera included *Aspergillus* (75.52% abundance), *Saccharomycetales* (14.97% abundance), and *Weissella* (16.65% abundance). High-temperature Daqu was primarily characterized by the presence of *Aspergillus* (33.84% abundance), *Thermomyces* (33.67% abundance), *Virgibacillus* (25.52% abundance), and *Kroppentedtia* (24.10% abundance). The analysis of the brewing effect showed nine different flavour substances in the three kinds of Daqu baijiu. The sensory experience of medium-temperature Daqu baijiu was sweet and harmonious. Medium-high-temperature Daqu baijiu had a pleasing grain aroma, and high-temperature Daqu baijiui had a rich aroma and pure aftertaste. The results of the correlation analysis indicated that acidity was positively correlated with the abundance of *Thermoascus* and *Virgibacillus*. Liquefaction power positively correlated with *Wallemia*, *Staphylococcus*, and *Saccharopolyspora* abundance. Additionally, saccharifying power was positively correlated with *Pantoea*, while fermentation power was positively correlated with *Weissella* abundance. The physicochemical properties of Daqu significantly influenced its microbial community composition. *Aspergillus* showed a negative correlation with the content of methanol and isobutanol. *Bacillus*, *Staphylococcus*, and *Saccharopolyspora* abundance were positively correlated with ethyl acetate and ethyl lactate, whereas *Lactobacillus* abundance was negatively correlated with ethyl acetate content. The various flavour types of Daqu differed significantly in the physicochemical and microbial compositions among the various flavour types of Daqu. Within the same process, the style of different flavour types of Daqu baijiu was primarily determined by the processing style. The physicochemical properties and microbial diversity of Daqu were closely linked to the quality of baijiu. This study demonstrated the influence of Daqu and processing methods on baijiu style, explored the relationship between Daqu's physicochemical and microbial aspects and baijiu flavour, and provided a theoretical foundation for enhancing the quality of different flavour baijiu and integrating various flavour types.

Key words: Daqu; physicochemical property; microbiological population; flavor compounds; correlation analysis

大曲是中国酿酒的传统糖化发酵剂，是白酒发酵过程中微生物主要来源，对白酒品质和风格形成起着重要作用[1]。根据传统制曲顶火温度，浓、清、酱三种白酒酿造大曲分别是中高温大曲、中温大曲和高温大曲，由于原料、制曲工艺、制曲条件等的差异，不同香型的大曲在理化特性和微生态群落上存在明显不同，这使得酿造出的白酒各具特色[2]。大曲理化指标、微生物群落结构以及酒中风味物质之间存在一定的联系。

王清龙等[3] 对河南不同地区浓香型大曲理化性质和微生物多样性进行分析，发现不同大曲在糖化力、酸度和酯化力上存在显著差异，大曲理化对微生物群落结构影响显著。徐锦等[4] 对不同香型大曲微生态结构及发酵特性进行相关性分析，发现芽孢杆菌属与糖化力、液化力、发酵力、癸酸乙酯、苯乙醇呈正相关；嗜热霉菌属与己酸乙酯、异戊醇、乳酸乙酯、乙酸、川芎嗪呈正相关。ZHANG 等[5] 研究不同地区低温大曲微生物多样性及功能特性，发现乳酸菌和产乙酸盐的细菌分别在随州低温大曲和太原低温大曲中贡献高。YU 等[6] 对南北地区清香大曲理化指标、微生物群落及挥发性成分进行相关性分析，发现南方地区清香大曲水分含量、酸度、淀粉和糖化力高，北方地区清香大曲发酵、酯化和液化力高；南方清香大曲以芽孢杆菌属、*Kroppenstedtia*、酵母菌属和热囊菌属为主，而北方清香大曲则以芽孢杆菌属、普雷沃氏菌属和酵母菌属为主；吡嗪的挥发性成分在南方大曲中显著高于北方大曲，而醇类化合物在北方大曲中比在南方大曲中更显著。现有研究对大曲的理化特性和微生物群落结构进行了较为系统的探讨，并揭示了微生物对发酵过程和白酒风味的影响。然而，研究仍存在微生物群落功能性分析不足以及不同香型大曲之间差异研究不足等问题。大曲特性与白酒品质相关，现有研究主要分析不同香型大曲与各自香型白酒的关联性，跨香型大曲在相同发酵体系中的性能比较研究亟待加强，这对完善大曲质量评价体系和实现风味定向调控具有重要意义。

本研究以三种香型大曲为糖化发酵剂，采用同一工艺酿造白酒，揭示同一工艺下不同香型大曲酿酒风味及感观差异，表明工艺对白酒的重要性。通过分析不同大曲理化性质、微生物群落结构及酒中风味物质的差异，并通过统计学分析技术探究三者之间的关联性，解析与大曲品质相关的重要指标，为提高不同香型白酒品质以及香型融合奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

中温大曲（MTD） 湖北省某酒厂提供；中高温大曲（MHTD） 四川省某酒厂提供；高温大曲（HTD） 贵州省某酒厂提供。各企业将成品曲块通过顺丰快递运送到实验室，实验室对曲块进行粉碎并充分混匀后使用；氢氧化钠、盐酸、次甲基蓝、葡萄糖、硫酸铜、酒石酸钾钠、碘、无水乙酸钠、可溶性淀粉等分析纯，天津市福晨化学试剂厂；乙酸乙酯、丁酸乙酯、乳酸乙酯、棕榈酸乙酯、油酸乙酯、亚油酸乙酯、丁二酸二乙酯、乙酸异戊酯、辛酸乙酯、甲酸乙酯、乙酸苯乙酯、己酸乙酯、十四酸乙酯、癸酸乙酯、甲醇、仲丁醇、正丙醇、异戊醇、2,3-丁二醇、活性戊醇、1,2-丙二醇、正丁醇、β-苯乙醇、正己醇、苯甲醇、乙醛、乙缩醛、异戊醛、异丁醛、丙酮、3-羟基-2-丁酮等标准品 纯度均>99.0%，美国 Sigma-Aldrich 公司；Fast DNA® Spin Kit for Soil 试剂盒、TruSeq® DNA PCR Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒 美国 Illumina 公司。

GP-1502 型分析天平 上海奥豪斯仪器有限公司；Clarus 580 气相色谱仪（GC）：配备氢火焰离子检测器（flame ion-ization detector, FID） 美国热点公司；5 L304 食品级不锈钢发酵罐 购自淘宝；HH S6A 型电热恒温水浴锅 北京利伟永兴仪器有限公司；DHG-9030 烘箱 上海恒科技有限公司；MiSeq 测序平台 美国 Illumina 公司。

1.2 实验方法

1.2.1 酿造实验 本研究的酿造实验是采用清香型白酒酿造工艺实行的小型固态发酵实验。采用容量为 5 L 的陶坛作为发酵罐，投粮量为 1 kg/坛，原料粉碎度为 4、6、8 瓣，润粮 22~24 h 后蒸粮 80 min，打量水为投粮量的 30%，加曲量为投粮量的 12%，每种大曲进行三轮重复实验，每轮次三种大曲同时投粮，轮次间投粮时间不超过 3 d。具体流程如下：

原料→粉碎→润粮→蒸粮→打量水、摊晾→加曲→入坛发酵→蒸馏取酒。

1.2.2 大曲理化性质分析方法 大曲水分、酸度、淀粉、糖化力、液化力和发酵力的测定均参照 QB/T 4257-2011 酿酒大曲通用分析方法。

1.2.3 大曲微生物测定方法 采用 Fast DNA® Spin Kit for Soil 试剂盒提取大曲的总 DNA，提取后的 DNA 采用 Nanodrop 进行定量，并通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量。细菌使用细菌引物 515 和 806R，扩增 V4 高变区，真菌使用真菌引物 ITS1F/ITS2R，扩增区域为 ITS1-1F 区。利用建库试剂盒 TruSeq® DNA PCR Free Sample Preparation Kit 进行文库构建。然后送往生物科技有限公司，利用 Illumina MiSeq 测序平台对 DNA 片段进行双端测序。测序得到的序列先根据 overlap 关系进行拼接，同时对序列质量进行质控和过滤，区分样本后进行多样性指数分析和群落结构的统计分析。

1.2.4 白酒挥发性风味物质的测定 采用气相色谱法对酒体中挥发性风味物质进行定性定量分析。酒样预处理：取 10 mL 酒样，加入 1% 内标（叔戊醇、乙酸正丁酯、2-乙基丁酸质量浓度分别为 103 mg/L、106 mg/L、101 mg/L）100 μL，混匀后进行 GC 分析。GC 条件：CP-Wax 57 CB（50 m×0.25 mm×0.2 μm）毛细管色谱柱；进样口温度 240 ℃，进样量 1 μL；载气为高纯氮气（N_2）（纯度>99.999%），流速 1 mL/min，分流比 20∶1；氢气流速 45 mL/min，空气流速 450 mL/min；升温程序为起始温度 35 ℃，恒温 3 min，以 3 ℃/min 程序升温至 100 ℃，以 8 ℃/min 程序升温至 150 ℃，随即以 15 ℃/min 程序升温至 200 ℃，恒温 20 min。检测器温度 250 ℃；参考 NIST 数据库结合出峰时间对风味物质定性，根据内标物峰面积与风味物质峰面积的比值计算出白酒挥发性风味物质的相对浓度。

1.2.5 酒样感官品评 由 3 名国家品酒师和经过筛选、培训的 5 名研究生组成感官品评小组，品评员对每个酒样样品进行品尝，对酒样的风格特征进行评价。评分要求：0—没有察觉；1—刚能察觉，难以辨识；2—非常轻；3—较轻；4~5—中等；6~7—较强；8~9—主导[7]。

1.3 数据处理

重复三次实验，以平均值±标准差的形式呈现。利用 excel 2010 对数据进行初步处理分析；Origin 2022 软件绘制柱状图和热图；采用 IBM SPSS Statistics 22 对实验数据进行比较平均值单因素方差分析（ANVOA），P<0.05 被认为具有统计学意义；采用 IBM SPSS Statistics 22 对实验数据进行 Pearson 相关性分析，P<0.05 为显著相关，P<0.01 为极显著相关。SIMCA 14.1 软件进行正交偏最小二乘判别分析，利用 VIP>1 为条件筛选差异香气物质，冗余分析（RDA）使用在线数据分析平台（https://cloud.metware.cn）进行。

2 结果与分析

2.1 不同大曲理化指标差异性分析

大曲的水分含量和酸度对发酵过程以及白酒的质量有重要影响。适中的水分能确保微生物活性和发酵效率，释放恰当的香气和风味，而水分过多或过少则可能影响发酵效果和酒体的风味[8]。酸度则对

微生物环境和酒体稳定性至关重要[9]。适中的酸度有助于抑制有害微生物，促进有益微生物的活跃，同时避免过强的酸味或涩味，使酒体风味更加圆润和谐[10]。不同大曲样品的理化数据见表 1。三种大曲的水分和酸度差异较大，MTD 的水分含量最高，HTD 的酸度最高。三种大曲水分含量为 10~14 g/100 g，酸度为 0.7~1.7 mmol/10 g。MTD 的水分含量较陈佩等[11] 研究的清香型大曲水分含量高，这可能与不同企业制曲和储存环境有关。MHTD 的水分和酸度符合标准 QB/T 4259 浓香大曲中规定的范围：水分≤14%、酸度在 0.3~1.5 mmol/10 g。HTD 的酸度较唐佳代等[12] 研究的酱香型大曲低，但与 HOU 等[13] 的研究结果一致。三种大曲的淀粉含量无显著差异，可能是大曲均选用淀粉含量较高的小麦做原料导致的，且淀粉含量不是限制性指标[14]。

表 1　供试大曲样品理化指标

Table 1　Physicochemical data of test Daqu samples

理化指标	MTD	MHTD	HTD
水分含量(g/100 g)	13.6±0.1^{a}	10.3±0.1^{c}	11.5±0.3^{b}
酸度(mmol/10 g)	0.70±0.03^{c}	0.81±0.01^{b}	1.67±0.02^{a}
淀粉含量(g/100 g)	62.1±2.5^{ns}	60.9±1.8^{ns}	62.2±0.5^{ns}
糖化力(mg/g·h)	1162±23^{a}	803±8^{b}	221±41^{c}
液化力(g/g·h)	1.69±0.18^{a}	0.09±0.01^{b}	0.06±0.02^{b}
发酵力(g/0.5 g·72 h)	0.22±0.04^{c}	0.77±0.12^{a}	0.60±0.02^{b}

注：不同字母表示同一行指标差异显著(P<0.05)，ns表示无显著性差异。

大曲糖化力是指大曲中酶类物质在一定条件下，将淀粉或其他复杂糖类转化为可发酵糖的能力，液化力是指大曲中的酶对淀粉进行液化反应的能力，发酵力是指大曲中含有的微生物(如酵母菌、乳酸菌等)将糖类转化为酒精等发酵产物的能力[15]。大曲理化是大曲发酵是否成熟以及大曲质量的直接指标[16]。大曲糖化力、液化力和发酵力三者共同作用，决定了白酒的品质和风味。MTD 的糖化力显著高于 MHTD(P<0.05)，MHTD 的糖化力显著高于 HTD (P<0.05)，可见随着大曲温度的升高，大曲糖化力逐渐降低。MTD 的液化力显著高于 MHTD(P<0.05)，MHTD 和 HTD 的液化力无显著差异，但也表现出随着大曲温度的升高液化力逐渐降低的趋势。这与不同品温大曲是不同香型白酒酿造工艺有关，MTD 是清香型白酒酿造大曲，清香型白酒酿造工艺是发酵二茬即结束，因此需要大曲促进原料糖化，提升原料利用率，提高出酒率。而 MHTD、HTD 分别是浓香型和酱香型白酒的酿造大曲，两种香型白酒酿造工艺复杂，如酱香有七个轮次，原料糖化太快不利于后几个轮次的发酵产酒，影响白酒品质。

2.2　不同大曲微生物差异分析

通过高通量测序分析不同大曲微生物群落结构，以探究其内在差异。对 3 种大曲的真核微生物群落结构进行分析，见图 1。由图 1a 可知，3 种大曲共检出 143 个真核微生物属，其中 63 个真核微生物属

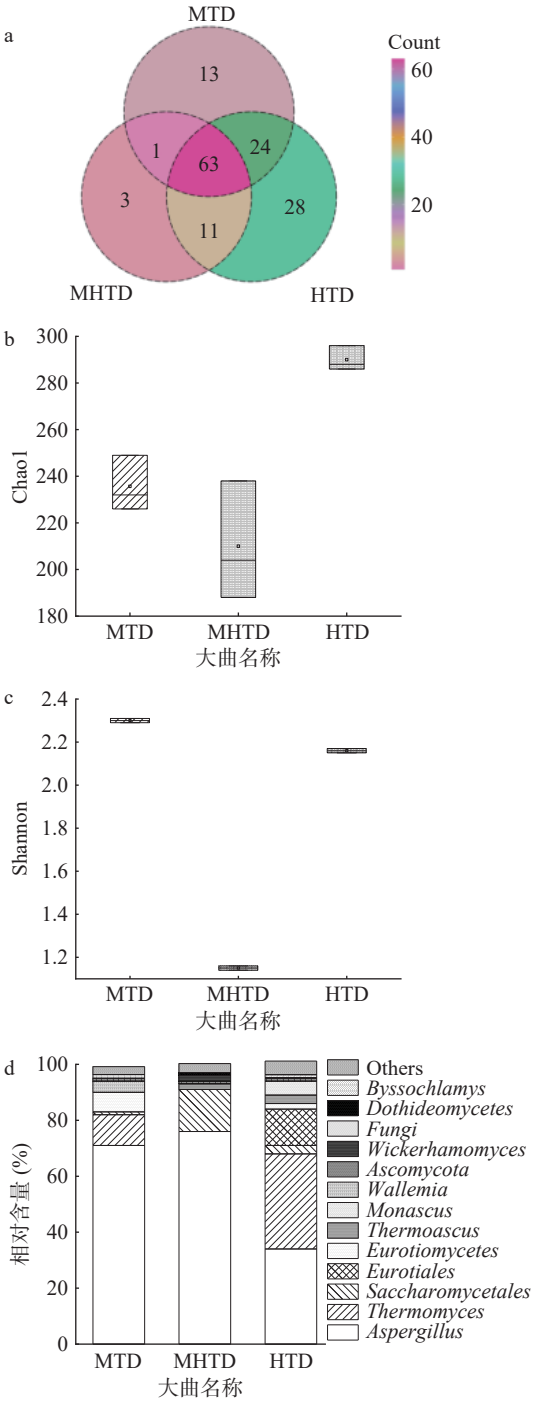


图 1　三种大曲的真核微生物群落结构分析

Fig.1　Analysis of eukaryotic microbial community structure of three kinds of Daqu

注：a：基于属水平的 Venn 图，b：基于属水平的 Chao1 图，c：基于属水平的 Shannon 图，d：真核微生物群落分布规律。

为 3 种大曲共有，占真核微生物群落总量的 44.06%。Chao1 表示微生物的多样性，Shannon 表示微生物的菌落丰度和均匀度[17]。由图 1b 可知，3 种大曲中高温大曲的微生物物种最多样。由图 1c 可知，3 种大曲 Shannon 指数的关系为 MTD>HTD>MHTD，可见中温大曲的真核微生物群落丰度和均匀度最高。真核微生物群落分布规律(图 1d)结果表明，MTD 的主要优势真核微生物属为曲霉属(*Aspergillus*，丰度占比 70.90%)、嗜热丝孢菌属(*Thermo-*

myces, 10.74%)等; MHTD 的主要优势真核微生物属为曲霉属(*Aspergillus*, 丰度占比 75.52%)、*Saccharomycetales*(14.97%)等; HTD 的主要优势真核微生物属为曲霉属(*Aspergillus*, 丰度占比 33.84%)、嗜热丝孢菌属(*Thermomyces*, 33.67%)、*Eurotiales*(12.59%)等。有研究表明, 曲霉属(*Aspergillus*)含量与己酸、己酸丁酯、癸酸乙酯、戊酸乙酯呈正相关[18], 己酸和己酸乙酯是浓香型白酒的重要风味化合物, 因此中高温大曲中曲霉属的含量相对较高; 嗜热丝孢菌属具有编码与糖化和乙醇发酵相关酶的潜力, 对白酒风味代谢具有促进作用[19]。3 种大曲真核微生物属水平上共有的菌种多, 但优势真核微生物属种类和数量间存在差异, 这可能导致 3 种大曲酿造性能存在差异的原因。

对 3 种大曲的原核微生物群落结构进行分析, 见图 2。由图 2a 可知, 3 种大曲共检出 202 个原核微生物属, 其中 62 个原核微生物属为 3 种大曲共有, 占总细菌含量的 30.69%。由图 2b 可知, 随着大曲温度的升高原核微生物物种数逐渐增高。由图 2c 可知, 中高温大曲的原核微生物群落丰度和均匀度最高。原核微生物群落分布规律(图 2d)结果表明, 3 种大曲中主要的原核微生物优势菌属有 22 个, MTD 的优势原核微生物属为芽孢杆菌属(*Bacillus*, 丰度占比 32.54%)、葡萄球菌属(*Staphylococcus*, 15.56%)、糖多孢菌属(*Saccharopolyspora*, 14.23%)等; MHTD 的优势原核微生物属为魏斯氏菌(*Weissella*, 丰度占比 16.65%)、*Limosilactobacillus*(10.90%)、*Kroppenstedtia*(9.50%)等; HTD 的优势原核微生物属为枝芽孢菌属(*Virgibacillus*, 丰度占比 25.52%)、*Kroppenstedtia*(24.10%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*, 11.97%)、海洋芽孢杆菌属(*Oceanobacillus*, 10.11%)等。有研究表明, 芽孢杆菌属的蛋白酶活和淀粉酶活较高, 促进原料分解, 为发酵积累丰富的前体物质。MTD 中芽孢杆菌属丰度最高, 这可能是其糖化力和液化力较 MHTD 和 HTD 高的原因。高温大曲优势微生物的结果与 DENG 等[20] 的研究结果 *Kroppenstedtia*、芽孢杆菌属为主要优势微生物一致。中温大曲以芽孢杆菌属为主, 高温大曲表现出比中温大曲更高的微生物复杂性和稳定性与 CUI 等[21]的研究结果一致。

2.3 不同大曲酿造白酒品质分析

为研究不同大曲酿造白酒风味物质含量差异, 采用气相色谱对三种大曲酿造白酒酒样中的风味物质含量进行了定量分析, 主要包括酯类、醇类、醛类和酮类共四大类, 其中酯类 16 种, 醇类 15 种, 醛类 5 种, 酮类 3 种。

白酒中酯类物质是主要的呈香物质[22]。由图 3 可知, 三种大曲酒样中酯类物质含量为 1056.95~6438.09 mg/L, 在众多风味物质中占比大, 其含量和比例决定着酒体的风格和质量。以清香型大曲酿造工艺为基础, 不同大曲酿造白酒的乙酸乙酯含量均较高, 其次是乳酸乙酯。在清香型白酒中乙酸乙酯含量通常高于乳酸乙酯的含量, 且乙乳比通常要求>1[23]。MTD、NHTD、HTD 酒样中乙乳比分别为 1∶0.30、1∶0.27、1∶0.38, 清香风格典型。MTD 酒样中己酸乙酯和丁二酸二乙酯含量显著高于 MHTD 和 HTD (P<0.05), 己酸乙酯是浓香型白酒的主体香气成分,

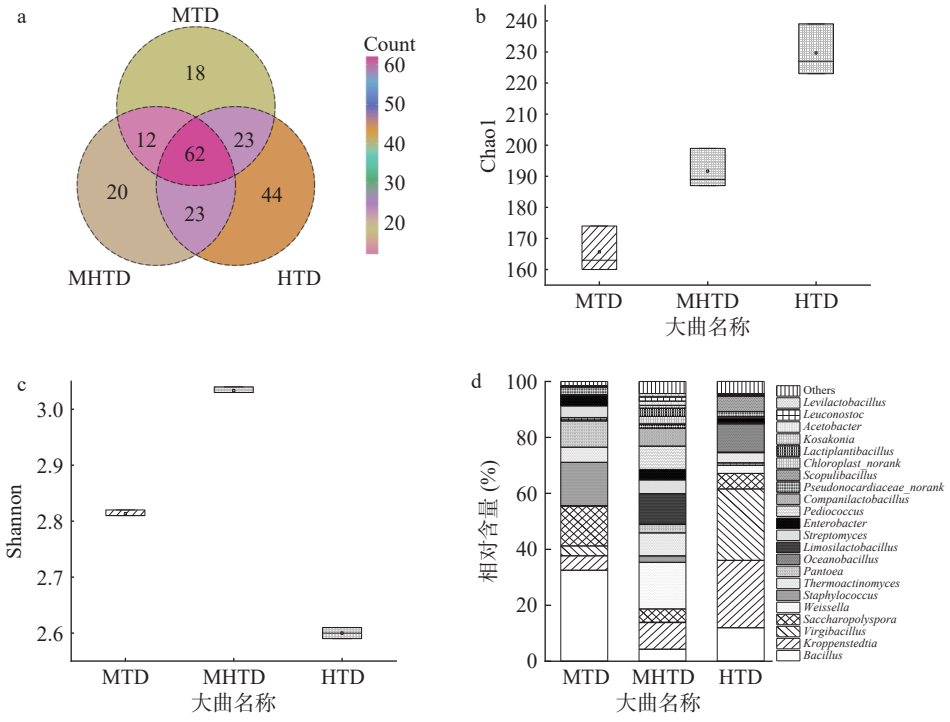


图 2 三种大曲的原核微生物群落结构分析

Fig.2 Analysis of prokaryotic microbial community structure of three kinds of Daqu

注: a: 基于属水平的 Venn 图; b: 基于属水平的 Chao1 图; c: 基于属水平的 Shannon 图; d: 原核微生物群落分布规律。

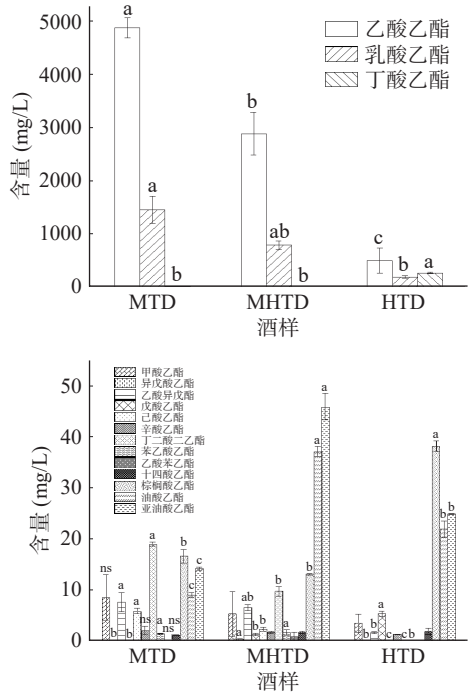


图 3　不同大曲酒样酯类物质含量

Fig.3　Content of esters in different Daqu liquor samples

注：同一物质在不同酒样下，字母不同表示具有显著性差异（P<0.05），ns 表示无显著性差异（其他对应样品标注省略）；图 4~图 5 同。

说明白酒风味物质含量与工艺相关。MHTD 酒样中油酸乙酯和亚油酸乙酯含量显著高于 MTD 和 HTD（P<0.05）；HTD 酒样中戊酸乙酯和棕榈酸乙酯含量显著高于 MTD 和 MHTD（P<0.05）。

白酒中醇类化合物是白酒中重要的风味物质，沸点低、易挥发，起到助香和促进酒体协调的作用[24]。白酒中的醇类物质主要分为甲醇和高级醇，甲醇是白酒中主要的卫生指标，根据 GB 2757-2012 食品安全国家标准 蒸馏酒及其配制酒规定白酒中甲醇含量必须小于 600 mg/L[25]；高级醇是白酒风味贡献物质之一，具有水果香、花香、蜂蜜香等，令人愉悦[26]。由图 4 可知，MTD、MHTD、HTD 酒样中甲醇含量分别为 271.83±30.33、65.64±28.53、157.35±20.20 mg/L，均符合此标准。2,3-丁二醇、异丁醇、异戊醇、1,2-丙二醇、正丙醇、正丁醇、活性戊醇是主要的高级醇，不同大曲酒样中高级醇含量存在差异。

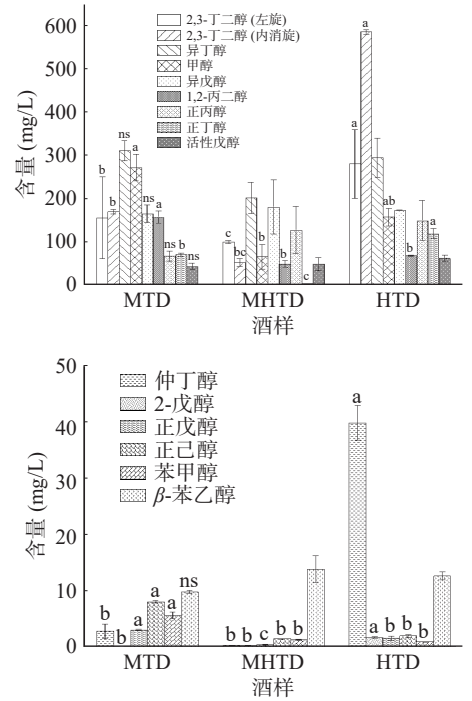


图 4　不同大曲酒样醇类物质含量

Fig.4　Alcohol content of different Daqu liquor samples

白酒中适量的醛类物质有助于提升白酒风味、平衡香气、促进香气释放以及改善口感等但过量时会产生不良气味，影响白酒口感[27]。由图 5A 可知，大曲酒样中共检测到乙醛、乙缩醛、异戊醛、糠醛和异丁醛 5 种醛类物质。其中乙醛和乙缩醛是主要的醛类物质，对白酒风味起着协调作用[28]。3 种大曲酒样中 HTD 酒中乙醛含量显著高于 MHTD（P<0.05）。由图 5B 可知，3 种大曲酒样中共检测到 3 种酮类物质：丙酮、2-戊酮和 3-羟基-2-丁酮，丙酮和 2-戊酮均为白酒贡献水果香[29]，3-羟基-2-丁酮对白酒有增香和调味作用，使酒体更丰满、口感圆润[30]。不同大曲酒样醛类物质含量存在差异。

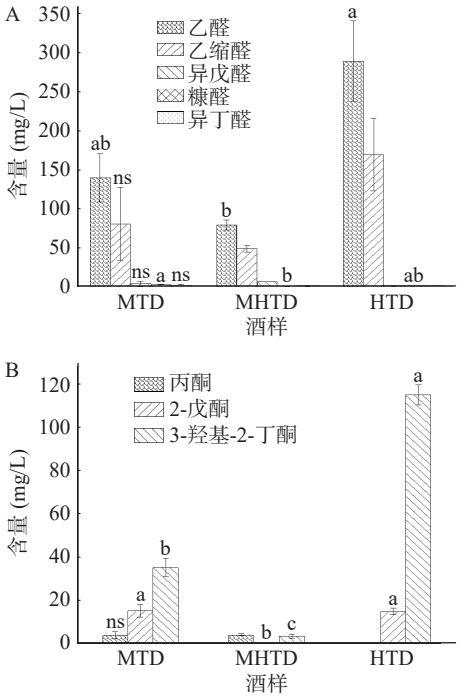


图 5　不同大曲酒样醛类、酮类物质含量

Fig.5　Aldehyde and ketone content in different Daqu liquor samples

注：A：醛类，B：酮类。

由图 6 可知，三种大曲采用同一工艺酿造的白酒感官风格不同。其中 MTD 酒样酯香、醛香、果香突出，绵甜爽净，整体协调性好；MHTD 酒样粮香突出，酸香较强，口感柔和协调，但回味较短；HTD 酒样酸香、焦香、酱香突出，口感柔和醇厚，回味较长。由

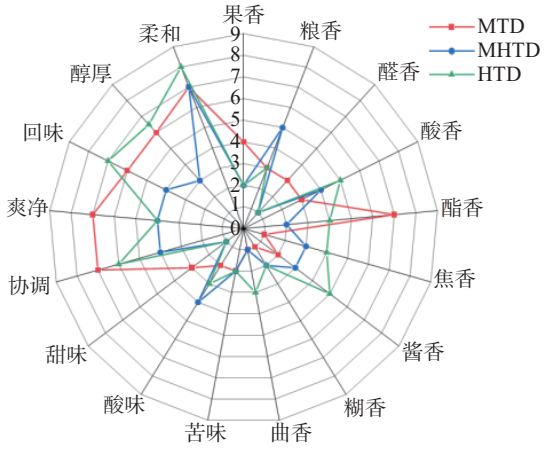


图 6　三种大曲酒样感官品评雷达图

Fig.6　Radar chart of sensory evaluation of three kinds of Daqu liquor samples

此可见，中温大曲酿酒果香、酯香好，酒体绵甜，协调感和爽净度高；中高温大曲酿酒粮香好；高温大曲酿酒酸香、焦香、酱香、曲香好，酒体回味感、纯厚度和柔和度均较高。

2.4　不同大曲白酒香气差异成分分析

为进一步明确不同大曲酒样的差异性风味物质，对酒样气相色谱检测结果进行 PLS-DA 分析，分析结果如图 7 所示。该模型提取的 2 个主成分解释了 82.4%。分析中的自变量拟合指数(R^2x)为 0.997，因变量拟合指数(R^2y)为 0.99，模型预测指数(Q^2)为 0.99，R^2 和 Q^2 越接近 1 表示模型越稳定可靠，Q^2>0.5 为有效模型，Q^2>0.9 为出色模型。对模型进行了 200 次置换检验，通过检验图可以看出所有位于左边的 R^2 和 Q^2 值均低于右边的 R^2 和 Q^2 值，Q^2 回归线的截距为负值，表明该模型未过拟合。变量投影重要

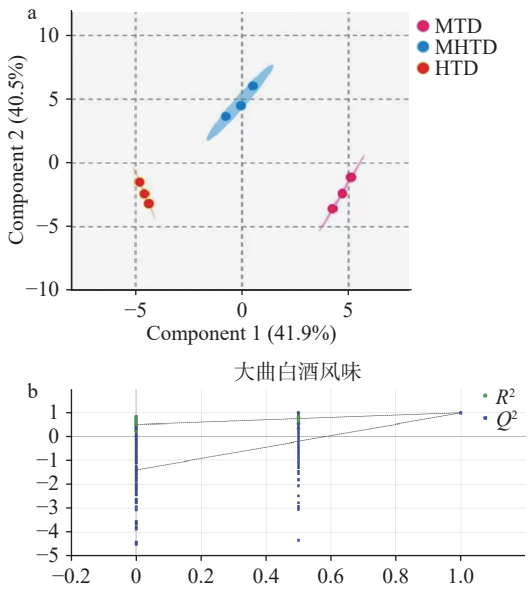


图 7　不同大曲酒样香气成分 PLS-DA 分析图

Fig.7　PLS-DA analysis diagram of aroma components in different Daqu liquor samples

注：a：得分图；b：200 次置换检验图。

度(VIP)表征了分类过程中各量的重要性，VIP 值大于 1 的变量对不同样本组之间的区分起着重要作用。根据 VIP>1 的标准筛选出三种大曲酒样的差异香气物质 9 种，具体化合物在表 2 中列出，其中酯类 3 种，醇类 5 种，醛类 1 种。

表 2　不同大曲酒样风味差异标志物

Table 2　Flavor difference markers of different Daqu liquor samples

序号	差异标志物	VIP值
1	乙酸乙酯	4.11093
2	乳酸乙酯	2.24589
3	丁酸乙酯	1.24903
4	2,3-丁二醇(内消旋)	1.8798
5	甲醇	1.43711
6	异丁醇	1.11895
7	2,3-丁二醇(左消旋)	1.09439
8	正丁醇	1.04480
9	乙醛	1.20352

2.5　大曲理化指标与微生物间的相关性分析

为探究 3 种大曲理化指标对核心微生物群落组成的影响，选择理化指标与丰度占比前 10 的真核微生物属及原核微生物属进行冗余分析(RDA)。如图 8 所示，在真核微生物方面，除淀粉外的大曲理化指标对大曲优势真核微生物属影响较大，酸度与热子囊菌属(*Thermoascus*)、*Eurotiales*、红曲霉(*Monascus*)、*Ascomycota* 丰度呈正相关。液化力和糖化力与小尖霉属(*Wallemia*)、*Eurotiomycetes* 丰度

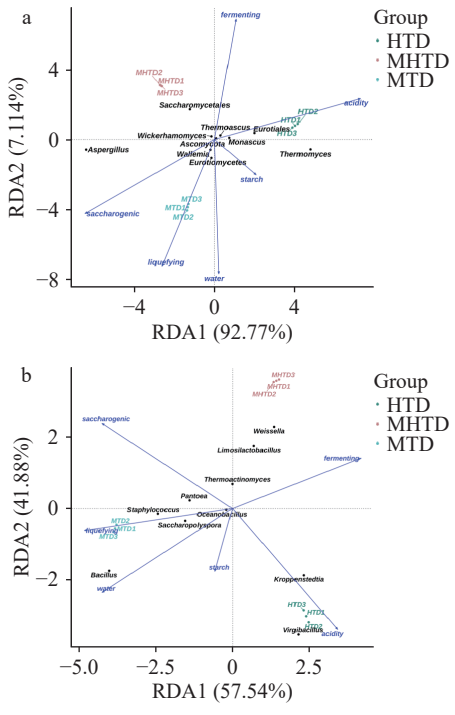


图 8　大曲理化指标与优势微生物群落的 RDA

Fig.8　RDA of Physicochemical indexes of Daqu and dominant microbial community

注：a：真核微生物属；b：原核微生物属。

呈正相关。在原核微生物中，酸度与 HTD 中的 *Kroppenstedtia*、枝芽孢菌属（*Virgibacillus*）丰度呈正相关。水分、淀粉和液化力与 MTD 中的葡萄球菌属（*Staphylococcus*）、糖多孢菌属（*Saccharopolyspora*）、海洋芽孢杆菌属（*Oceanobacillus*）、芽孢杆菌属（*Bacillus*）丰度呈正相关。糖化力与 *Pantoea* 丰度呈正相关关系，发酵力与魏斯氏菌属（*Weissella*）、*Limosilactobacillus* 丰度呈正相关。因此大曲中微生物群落制约着大曲的理化性质，可通过调控大曲中菌群组成调节大曲理化性质。

2.6　大曲品质与白酒风味物质相关性分析

采用 mantel test 检验对大曲品质和酒样差异性化合物间进行相关性分析。由图 9a 可知，大曲水分含量与乙酸乙酯、乳酸乙酯、正丁醇含量呈显著正相关；大曲酸度与乙酸乙酯、乳酸乙酯、丁酸乙酯、2,3-丁二醇、正丁醇、乙醛含量呈显著性正相关；大曲糖化力与除甲醇和异丁醇外的差异性风味物质含量呈显著正相关；大曲液化力和发酵力均与乙酸乙酯、乳酸乙酯含量呈显著正相关。

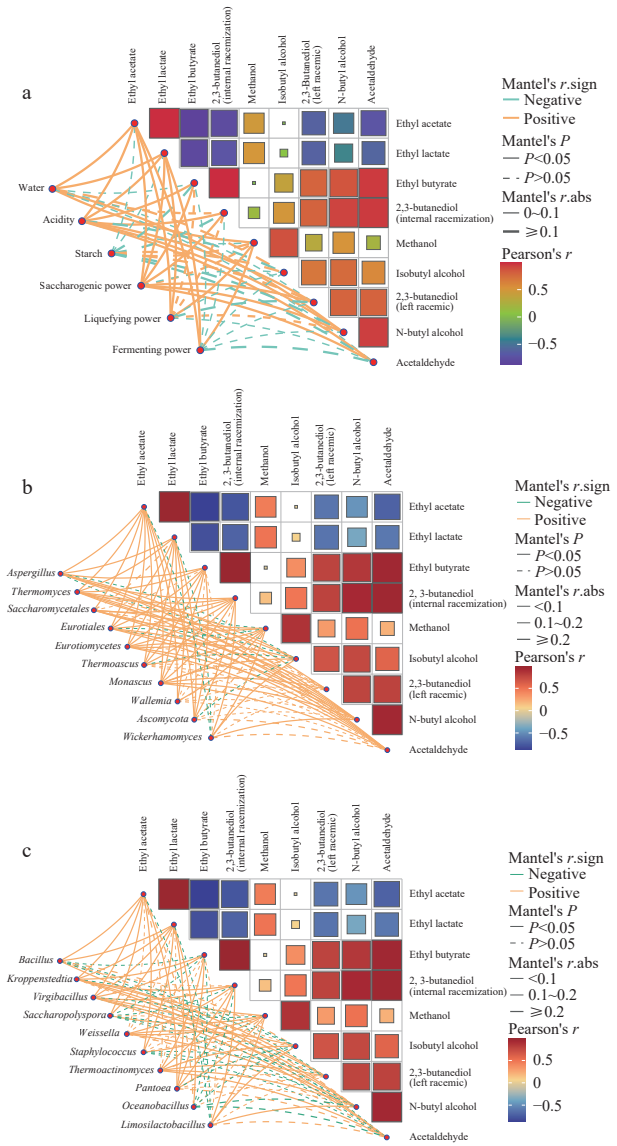


图 9　白酒差异香气物质与大曲品质的相关性热图

Fig.9　Correlation heat map of differential aroma substances in liquor and Daqu quality

注：a：大曲理化指标，b：优势真核微生物属，c：优势原核微生物属。

微生物间相互作用共同调控着白酒风味物质的形成。由图 9b 可知，大曲优势真核微生物属中曲霉属（*Aspergillus*）、*Eurotiales* 均与甲醇含量呈负相关；曲霉属（*Aspergillus*）、*Eurotiales*、热子囊菌属（*Thermoascus*）、*Ascomycota* 均与异丁醇含量呈负相关；*Wickerhamomyces* 与乙酸乙酯和乳酸乙酯呈显著性负相关。大曲优势真核微生物属基本与差异性风味物质呈正相关。曲霉属（*Aspergillus*）是三种大曲共有的优势真核微生物属，在白酒发酵中通过酶催化分解大分子，生成挥发性风味物质，促进酿酒原料预处理，增加微生物多样性，提升发酵稳定性，从而影响白酒的香气、口感和质量。不同菌株的代谢特征决定最终风味。

由图 9c 可知，大曲优势原核微生物属中芽孢杆菌属（*Bacillus*）、*Kroppenstedtia*、枝芽孢菌属（*Virgibacillus*）、糖多孢菌属（*Saccharopolyspora*）、魏斯氏菌属（*Weissella*）、葡萄球菌属（*Staphylococcus*）、热放线菌属（*Thermoactinomyce*）、*Pantoea*、海洋芽孢杆菌属（*Oceanobacillus*）均与乙酸乙酯和乳酸乙酯呈正相关，乳酸杆菌属（*Limosilactobacillus*）与乙酸乙酯含量呈负相关。芽孢杆菌属是各类大曲中最重要且最具代表性的细菌之一，能够分泌蛋白酶、淀粉酶、纤维素酶和葡萄糖淀粉酶水解原料中的营养物质，产生丰富的风味化合物，在白酒的发酵过程中发挥着关键作用[31]。微生物生长与代谢通过酶催化反应影响白酒发酵中的风味物质生成。研究表明，三种大曲中微生物种类多样，群落结构与相互作用复杂，导致酶系和挥发性风味物质的差异。对大曲菌群组成的调节最终可调控大曲酿酒风味物质组成，从而影响白酒品质。

3　结论

本研究通过全面解析中温、中高温、高温大曲的理化指标、微生物群落结构以及酿酒风味物质成分，揭示了它们的差异并解析了大曲品质之间以及大曲品质与白酒品质之间的相关性。研究结果表明：大曲理化指标方面，中温大曲的水分含量、糖化力和液化力最高，这可能与其酿造工艺特点“清蒸清茬，清蒸二次清”有关；高温大曲的酸度最高。微生物群落方面，3 种大曲中共检测出 13 个主要的真核微生物菌属，22 个主要的原核微生物菌属，不同温度大曲的优势微生物不同。高温大曲真核微生物菌属和原核微生物菌属的物种多样性最高，中温大曲真核微生物菌属的群落丰度和均匀度最高；中高温大曲原核微生物菌属的群落丰度和均匀度最高。酿酒效果方面，三种大曲酒样风味物质均以乙酸乙酯和乳酸乙酯为主，但乙酸乙酯、乳酸乙酯、丁酸乙酯、正丁醇和乙醛等

9 种差异性物质在三种大曲酒样中存在显著差异。感官品评结果表明，不同大曲酿酒风格不同。相关性分析结果表明，酸度、液化力和糖化力与多个优势原核、真核微生物属呈正相关，显著影响大曲微生物群落组成。大曲理化指标基本与差异性风味物质含量呈正相关。大曲优势微生物与大多数差异性风味物质含量呈正相关。可通过调节大曲中微生物组成调节白酒品质。

本研究为不同香型大曲在白酒生产中的合理应用提供了数据支持，同时为白酒行业做香型融合提供了参考。本研究揭示了微生物群落与白酒风味物质含量的相关性，但尚未阐明微生物代谢途径对风味物质形成机制的影响。后续研究可重点解析微生物代谢网络与风味物质合成的内在关联，从而为定向调控风味物质形成及功能化大曲开发提供理论依据。

© The Author(s) 2026. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

参考文献

[1] 丁润月, 李姝, 魏阳, 等. 不同颜色高温大曲形成机理及特性差异研究进展[J/OL]. 食品与发酵工业, 1−11[2025-02-28]. DOI: 10.13995/j.cnki.11-1802/ts.040518. [DING R Y, LI S, WEI Y. et al. Research progress on formation mechanism and characteristic differences of hightemperature Daqu of different colors[J/OL]. Food and Fermentation Industries, 1−11[2025-02-28]. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.040518.]

[2] 毛文定, 马文聪, 孙威, 等. 不同香型白酒酿造大曲微生物群落与理化指标关联分析[J]. 中国酿造, 2024, 43(7): 147−153. [MAO W D, MA W C, SUN W. et al. Correlation analysis between microbial community and physiochemical indexes in Daqu for different flavor Baijiubrewing[J]. China Brewing, 2024, 43(7): 147−153.]

[3] 王清龙, 李海登, 刘延波, 等. 河南不同地区浓香型白酒大曲理化性质和微生物多样性分析[J]. 中国酿造, 2022, 41(11): 31-38. [WANG Q L, LI H D, LIU Y B. et al. Physicochemical property and microbial diversity of strong-flavor Baijiu Daqu indifferent regions of Henan[J]. China Brewing, 2022, 41(11): 31-38.]

[4] 徐锦, 冯文聪, 朱澳迪, 等. 不同香型大曲微生态结构及其发酵特性相关性分析[J]. 食品科学, 2024, 45(13): 104−114. [XU J, FENG W C, ZHU A D. et al. Correlation analysis between microecological structure and fermentation characteristics of different aroma types of Daqu[J]. Food Science, 2024, 45(13): 104−114.]

[5] ZHANG Z, MENG Y, ZHAN J, et al. Comparative analysis of microbial diversity and functional characteristics of low-temperature Daqu from different regions in China[J]. Food and Bioproducts Processing, 2024, 147: 483−494.

[6] YU Q, MOU F, XIAO J, et al. Correlational analysis of physicochemical indexes, microbial communities, and volatile components in light-flavor Daqu from north and south regions of China [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2024, 40(2): 54−54.

[7] 胡景辉, 尉嘉眙, 刘永贵, 等. 不同馏分清香型白酒感官质量与风味构成相关性分析[J]. 酿 酒科技, 2020, (05): 32-37. [HU J H, YU J Y, LIU Y G, et al. Correlation between Sensory Quality and Flavor Composition of Qingxiang Baijiu of Different Distillates[J]. Liquor-Making Science and Technology, 2020(5): 32-37.]

[8] HU X, CHEN P, TIAN J, et al. Predicting the moisture content of Daqu with hyperspectral imaging[J]. International Journal of Food Engineering, 2021, 17(1): 37−47.

[9] 焦丹丹, 聂叶, 焦富, 等. 高温大曲翻仓曲理化指标近红外检测方法的建立[J]. 酿酒科技, 2024(11): 96−102. [JIAO D D, NIE Y, JIAO F, et al. Detection of physicochemical indexes of semi-finished high-temperature Daqu based on near-infrared spectroscopy[J]. Liquor-Making Science & Technology, 2024(11): 96−102.]

[10] 任海伟, 李云帆, 阿丽米热·克热穆, 等. 不同等级金徽酒大曲储存过程中的细菌群落演替规律和组装机制[J/OL]. 食品科学1−13[2025-02-28] doi: http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.2206.TS.20240821.1651.070.html. [REN H W, LI Y F, ALIMIRE·KRM, et al. Community succession pattern and assembly mechanism of bacteria during storage of different grades of strong-flavor Jinhui Daqu[J/OL]. Food Science, 1−13[2025-02-28]. doi: http://kns. cnki. net/kcms/detail/11. 2206. TS. 20240821. 1651.070. html.]

[11] 陈佩, 翟彩宁, 刘莹, 等. 白水地区清香型大曲理化指标及真菌多样性分析[J]. 食品发酵与工业, 2024, 50(10): 197−204. [CHEN P, ZHAI C L, LIU Y, et al. Analysis of physicochemical indexes and fungal diversity of light-flavor Daqu from Baishui region[J]. Food and Fermentation Industries, 2024, 50(10): 197−204.]

[12] 唐佳代, 石雨菲, 赵益梅, 等. 不同感官特性酱香型大曲理化指标与霉菌群落关联分析[J]. 食品工业科技, 2024, 45(3): 153−161. [TANG D J, SHI Y F, ZHAO Y M, et al. Correlation analysis of physical and chemical indicators and mold community in sauce-flavored daqu with different sensory characteristics[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(3): 153−161.]

[13] HOU Q, WANG Y, QU D, et al. Microbial communities, functional, and flavor differences among three different-colored high-temperature Daqu: A comprehensive metagenomic, physicochemical, and electronic sensory analysis[J]. Food Research International, 2024, 184: 114257.

[14] 邓杰, 张曼, 周杰, 等. 2 种浓香型白酒大曲中微生物群落结构及功能研究[J]. 食品科学技术学报, 2024, 42(4): 75−85. [DENG J, ZHANG M, ZHOU J, et al. Research on microbial community structure and function in 2 strong flavor Baijiu Daqu[J]. Journal of Food Science and Technology, 2024, 42(4): 75−85.]

[15] LIANG F, ZHONG Z, MA M, et al. Effect of storage on microbioa and enzyme proteomic profile of low-temperature Daqu[J]. Food Bioscience, 2024, 59: 104242.

[16] LIU Y, LI H, LIU W, et al. Bioturbation analysis of microbial communities and flavor metabolism in a high-yielding cellulase *Bacillus* subtilis biofortified Daqu[J]. Food Chemistry: X, 2024, 22: 101382.

[17] 邓阿玲, 唐杰, 朱楚天, 等. 黑色高温大曲在固态发酵过程中的微生物群落及风味化合物演替驱动机制[J]. 食品科学, 2024, 45(23): 102−112. [DENG A L, TANG J, ZHU C T, et al. Investigation of the driving mechanism for evolution of microbial community structure and volatile flavor-compounds of black Daqu during the fermentation process[J]. Food Science, 2024, 45(23): 102−112.]

[18] 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. [WANG Y W, TIAN Y Y, ZHANG K F, et al. Comparison and correlation analysis of microbial commu-

nity diversity and flavor compounds in different seasons and layers of pit mud of Luzhou-flavor Baijiu[J]. Food Science, 2025, 46(4): 100−109.]
[19] 赵慧君, 王玉荣, 侯强川, 等. 滨州地区高温和中温大曲真菌类群解析及其感官品质关联性分析[J/OL]. 食品工业科技, 1−15[2025-02-28]. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2024070282. [ZHANG H J, WANG Y R, HOU Q C, et al. Analysis of fungal communities of high-temperature and medium-temperature daqu in binzhou region and their correlation with sensory quality[J/OL]. Science and Technology of Food Industry, 1−15[2025-02-28]. doi:10.13386/j.issn1002-0306.2024070282.]
[20] DENG L, MAO X, LIU D, et al. Comparative analysis of physicochemical properties and microbial composition in high-temperature Daqu with different colors[J]. Frontiers in Microbiology, 2020, 11: 588117.].
[21] CUI M, CAI W, YU P, et al. Characterization and correlation analysis of bacterial composition and physicochemical quality in high- and medium-temperature Daqu from China's binzhou region[J]. Current Microbiology, 2025, 82(2): 72−72.
[22] 张金萍, 于佳俊, 贾福晨, 等. 基于宏基因组学分析西藏青稞酒发酵过程中微生物多样性与风味形成的关系[J/OL]. 食品与发酵工业, 1−15[2025-02-28]. DOI: 10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039101. [ZHANG J P, YU J J, JIA F C, et al. Macrogenomics-based analysis of the relationship between microbial diversity and flavour formation during the fermentation of Tibetan highland barley wine [J/OL]. Food and Fermentation Industries, 1−15[2025-02-28]. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.039101.]
[23] 杨荣, 华进, 周亚宾. 白酒酿造过程中乳酸乙酯产生机理及“降乳”技术研究进展[J]. 食品工业科技, 2024, 45(20): 398−406. [YANG R, HUA J ZHOU Y B. Progress in the research of the mechanism of ethyl lactate production and "ethyl lactate reduction" techniques in the baijiu brewing process[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(20): 398−406.]
[24] 陈燕梅. 川法小曲白酒风味品质特征解析[D]. 成都: 成都大学, 2024. [CHEN H Y. Analysis of the flavor characteristics of Sichuan Xiaoqu Baijiu[D]. Chengdu: Chengdu University, 2024.]
[25] 史琳铭, 杜艳红, 聂建光, 等. 不同品种高粱理化品质与清茬大曲白酒风味品质的相关性研究[J]. 食品工业科技, 2025, 46(2): 231−238. [SHI L M, DU Y H, NIE J G, et al. Study on the relationship between the sorghum's physicochemical attributes and the flavor components of Qing stubble Daqu Baijiu[J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(2): 231−238.]
[26] 蔡文琴, 洪丽霞, 吴生文, 等. 特香型白酒酿造用不同种类大米营养成分和挥发性香气成分的差异性分析[J]. 中国酿造, 2022, 41(2): 29−33. [CAI W Q, HONG L X, WU S W, et al. Difference analysis ofnutrient compounds and volatile aroma compounds ofdifferent types of rice used in Te-flavor Baijiubrewing[J]. China Brewing, 2022, 41(2): 29−33.]
[27] HONG J, ZHAO D, SUN B. Research progress on the profile of trace components in Baijiu[J]. Food Reviews International, 2023, 39(3): 1666−1693.
[28] 刘帅, 王晓勇. 基于古法清香型酿造工艺的不同发酵期原酒品质对比分析[J]. 酿酒, 2022, 49(5): 54−56. [LIU S, WANG X Y. Comparative analysis of original wine quality in different fermentation stages based on ancient fragrant brewing technology[J]. Liquor Making, 2022, 49(5): 54−56.]
[29] 王迪. DQ 酱香型白酒中微量成分及主体风味的研究[D]. 邯郸: 河北工程大学, 2020. [WANG D. Study on minor component and main Flavor in DQ Jiang-flavour Chinese spirits[D]. Handan: Hebei University of Engineering, 2020.]
[30] 余小斌, 黄张君, 刘小刚, 等. 酱香型不同轮次及等级基酒的感官和风味成分特征分析[J]. 中国酿造, 2024, 43(8): 61−73. [YU X B, HUANG Z J, LIU X G, et al. Analysis ofsensory and flavor components characteristics ofsauce-flavor Baijiubase liquor with different rounds and grades[J]. China Brewing, 2024, 43(8): 61−73.]
[31] 梁二宏, 李金洋, 李微微, 等. 3 种高温大曲功能特征与微生物群落结构差异性分析[J]. 食品科学, 2024, 45(21): 166−175. [LIANG E H, LI J Y, LI W W, et al. Differences in functional characteristics and microbial community structures of three types of high-temperature Daqu[J]. Food Science, 2024, 45(21): 166−175.]