

# 浓香型白酒窖泥理化因子、微生物群落、感官质量以及相关研究进展

刘治国<sup>1</sup>, 方超<sup>1</sup>, 张晓元<sup>2</sup>, 刘玲<sup>1</sup>, 慕济锺<sup>1</sup>, 林良才<sup>1,\*</sup>, 张翠英<sup>1,\*</sup>

(1.天津科技大学生物工程学院, 天津 300457; 2.山东省药学科学院, 山东 济南 250101)

**摘要:** 全泥窖池作为传统浓香型白酒的发酵设备和功能微生物的主要栖息地, 其窖泥质量在很大程度上决定了酒的品质。长期实践和大量研究均表明, 决定窖泥质量的三大指标中理化因子是基础, 微生物菌落是核心, 感官指标是导向, 其中前两者之间相互依赖、相互影响, 并共同作用于后者。本文比较了近年来关于窖泥质量相关的研究方法和结论, 以便于业界快速概览浓香型白酒窖泥质量评价体系及研究演进, 并有利于浓香型白酒生产实践和后续研究。

**关键词:** 窖泥质量; 理化因子; 窖泥微生物; 感官指标

## Research Progress on Physicochemical Factors, Microbial Community and Sensory Quality of Nongxiangxing Baijiu Pit Mud and Correlation among Them

LIU Zhiguo<sup>1</sup>, FANG Chao<sup>1</sup>, ZHANG Xiaoyuan<sup>2</sup>, LIU Ling<sup>1</sup>, MU Jizhe<sup>1</sup>, LIN Liangcai<sup>1,\*</sup>, ZHANG Cuiying<sup>1,\*</sup>

(1. School of Biological Engineering, Tianjin University of Science and Technology, Tianjin 300457, China;

2. Shandong Academy of Pharmaceutical Sciences, Jinan 250101, China)

**Abstract:** The cellar is the fermentation equipment and the main habitat of functional microorganisms for traditional Nongxiangxing Baijiu, and the quality of cellar mud largely determines the quality of Baijiu. Long-term practice and a large number of studies have shown that among the three major indicators that determine the quality of pit mud, the physicochemical factors are the basis, the microbial communities are the core, and the sensory indicators are the guide. The former two are interdependent and interact with each other, jointly acting on the last one. This paper presents a comparison of the research methods and findings on cellar mud quality in recent years in order to provide a quick overview of the cellar mud quality evaluation system and research evolution for the industry and to facilitate the production and subsequent research of Nongxiangxing Baijiu.

**Keywords:** pit mud quality; physicochemical factors; pit mud microorganisms; sensory indicators

DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221030-309

中图分类号: TS261.1

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630 (2023) 21-0351-08

引文格式:

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、感官质量以及相关研究进展[J]. 食品科学, 2023, 44(21): 351-358. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221030-309. <http://www.spkx.net.cn>

LIU Zhiguo, FANG Chao, ZHANG Xiaoyuan, et al. Research progress on physicochemical factors, microbial community and sensory quality of Nongxiangxing Baijiu pit mud and correlation among them[J]. Food Science, 2023, 44(21): 351-358.

(in Chinese with English abstract) DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221030-309. <http://www.spkx.net.cn>

收稿日期: 2022-10-30

基金项目: 天津市科技计划项目 (22ZYJDSS00050)

第一作者简介: 刘治国 (1997—) (ORCID: 0000-0001-7243-8827), 男, 硕士研究生, 研究方向为现代酿造技术。

E-mail: 1964337349@qq.com

\*通信作者简介: 林良才 (1983—) (ORCID: 0000-0003-0645-1446), 男, 副教授, 博士, 研究方向为现代酿造技术。

E-mail: lclin@tust.edu.cn

张翠英 (1979—) (ORCID: 0000-0003-4926-4202), 女, 教授, 博士, 研究方向为现代酿造技术。

E-mail: cyzhangcy@tust.edu.cn

近年来,浓香型白酒因其独特的风味和良好的口感被消费者广泛接受,据统计,其在中国白酒行业中的市场占有率约为70%<sup>[1]</sup>。传统浓香型白酒采用的是“泥窖固态发酵”<sup>[2]</sup>,全泥窖池是浓香型白酒发酵必不可少的先决条件,相比于酱、凤、特、芝麻等香型的发酵设备更容易附着且适宜微生物的生长繁殖,随着窖龄不断增加,最终形成了具有较高生物多样性和功能多样性的窖泥微生物生态系统。固态发酵即谷物经蒸煮后拌入大曲置于窖池中,在此阶段糖化和发酵同时进行,这与西方蒸馏酒所采用的先糖化后发酵的方式存在显著差异。自然固态发酵是涉及功能微生物群落与原料消耗及产物形成的复杂动态过程<sup>[3]</sup>,窖池中的环境变量和微生物群落会直接或间接地影响风味化合物的形成<sup>[4]</sup>。长期的生产实践表明,老窖池发酵生产的白酒质量要优于新窖池<sup>[5]</sup>。因此,全面剖析窖泥理化因子、窖泥功能微生物群落结构和多样性以及窖泥感官质量评价等成为浓香型白酒行业长期持续的研究热点<sup>[6-8]</sup>。本综述总结了前人对浓香型白酒窖池的研究方法和结论,以期为业界了解比较窖泥质量研究演进提供便利,同时也为控制窖泥培养条件和窖泥养护乃至基础研究提供必要的借鉴和启发。图1为浓香型全泥窖池涉及的主要理化因子、微生物群落和风味化合物。

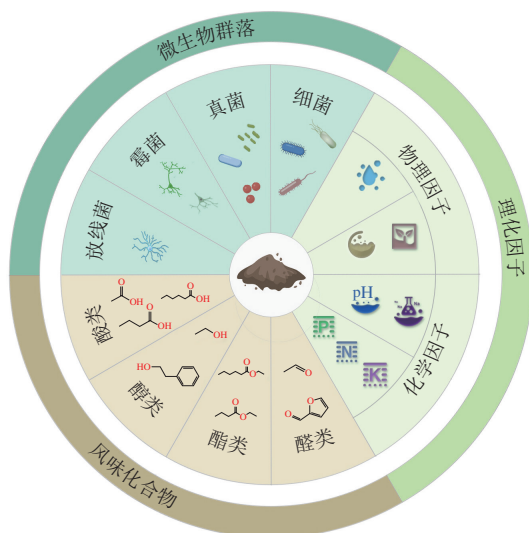


图1 窖泥理化因子、微生物群落和风味化合物

Fig. 1 Physicochemical factors, microbial communities and flavor compounds of pit mud

## 1 窖泥理化因子对窖池质量的影响

窖池作为营养物质的载体和微生物的栖息地,其环境在较大程度上决定了微生物群落结构及演替<sup>[9]</sup>。窖泥含

水量与窖泥微生物的生长代谢存在密切关系,菌体所需要的营养物质必须呈水溶液状态才能被吸收利用<sup>[10]</sup>,水分含量过低会导致窖泥板结、微生物生长困难;水分含量过高则会出现窖泥挂壁困难及垮窖等问题。窖池的pH值是影响窖泥质量的另一个关键因素,酸度过高会影响微生物细胞膜电荷变化,从而抑制窖泥微生物的生长代谢<sup>[11]</sup>,甚至会影响窖泥中微生物的演替。无机盐是构成菌体和酶,以及促进酶作用的重要成分,无机盐包括磷酸盐、硫酸盐、氯化物及K、N、P、Na、Mg、Fe、Ca等元素的化合物,这些物质是微生物生长繁殖和生理代谢所必需的微量元素,适量范围的微量元素对维持窖泥质量和提高白酒品质起着重要作用。腐殖质是评价土壤肥力的指标,除了可以为窖泥微生物提供必需的基本养分外,还有助于维持窖泥良好的保水性,减缓乳酸亚铁和乳酸钙的形成<sup>[12]</sup>。因此,深入研究窖泥的理化性质,调节微生物发酵环境,从而建立窖泥品质指标和稳定浓香型白酒的品质具有重要的指导意义。

### 1.1 窖泥理化因子与窖龄之间的关系

目前对窖泥理化因子的研究多集中在窖龄的相关性方面。有研究表明,pH值和水分含量是影响窖泥质量的关键指标<sup>[8]</sup>。一般新窖泥的pH值较低,不过随着窖龄的增加,新窖泥逐渐趋于老熟,pH值呈上升趋势<sup>[13]</sup>,优质老窖泥的pH值一般维持在7左右<sup>[12-14]</sup>。窖泥含水量随窖龄的增加而增加,这可能意味着微生物的代谢活动在新老窖泥中存在差异,含水量越高的窖泥微生物代谢活性越高<sup>[15]</sup>。吴浪涛等<sup>[16]</sup>对10年和30年的窖泥理化因子进行了比较,结果表明10年窖泥的己醇和乳酸含量较高,而含水量、有效磷、速效钾含量以及己酸、丁酸乙酯、己酸乙酯等关键风味物质含量均是30年窖泥较高,与之前相关研究结论一致。为进一步揭示窖泥理化性质随窖龄增加的变化趋势,Tao Yong等<sup>[17]</sup>分别对1~50年窖泥的理化性质进行了分析,结果发现pH值和 $\text{NH}_4^+$ 含量随窖龄增加而增加,乳酸含量则随窖龄增加而降低。结合之前的研究结论可推测,随着窖龄的增加,窖泥中的微生物菌群代谢链逐渐趋于新的平衡,在一定程度上可以促进环境中乙醇、乙酸、丁酸、乳酸含量的降低,同时提高 $\text{NH}_4^+$ 和己酸的含量。另外有研究表明,乳酸和乙醇均具有抑菌作用。当二者的含量下降并趋于一定的浓度范围时,窖泥的理化环境更适宜功能微生物菌群的生长,这也是环境因子对功能微生物菌群影响的综合体现<sup>[18-19]</sup>。表1展示了新老窖泥中常见的理化因子及其变化趋势。

表1 新老窖泥的理化因子及其变化趋势

Table 1 Physicochemical factors of new and old pit mud and their changing trends

指标	变化趋势	指标	变化趋势
pH	升高 <sup>[20-22]</sup>	速效钾含量	升高 <sup>[20]</sup>
NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> 含量	升高 <sup>[17,21-23]</sup>	乙醇含量	降低 <sup>[24]</sup>
水分含量	升高 <sup>[15,17,21-23]</sup>	乙酸含量	降低 <sup>[17,21]</sup>
腐殖质含量	降低 <sup>[17]</sup>	丁酸含量	降低 <sup>[21,23]</sup>
总氮含量	基本稳定 <sup>[17,20]</sup>	己酸含量	升高 <sup>[21,23]</sup>
钙含量	降低 <sup>[20]</sup>	乳酸含量	降低 <sup>[17,21,23]</sup>
有效磷含量	升高 <sup>[20-23]</sup>		

## 1.2 窖泥理化因子与窖池空间位置之间的关系

同一窖龄的窖池虽然是一个整体,但是在空间结构上窖底泥和窖壁泥的理化环境存在较大的差异。相比于窖壁,窖底所处的环境氧气含量更少,并长期浸泡在黄水中,pH值、水分、微量元素等指标水平比窖壁泥要高,长期的实践和研究均表明接触窖底的酒醅发酵所产生的风味化合物含量要高于接触窖壁泥的酒醅<sup>[25]</sup>。所以目前大多数研究仅仅通过窖池的使用时间为依据来评价某一窖池的各项指标具有一定的局限性。因此,有必要对窖池的不同空间位置进行深入的研究,从而全面剖析窖池的各项指标。李俊辉等<sup>[26]</sup>通过对比窖壁泥和窖底泥与窖龄之间的变化趋势发现,窖壁泥的pH值随窖龄的增加呈下降趋势,由最初的中性逐渐变为酸性,而窖底泥的pH值则呈先降低后逐渐上升趋势,最终稳定在7.5左右。随着窖龄的增加,有效磷、速效钾等微量元素均呈现逐渐增加的趋势。但就含量而言,窖底泥远远高于窖壁泥。胡晓龙等<sup>[27]</sup>以浓香型白酒35年的窖泥为研究对象,对窖壁上、中、下层和窖底窖泥的理化因素进行了解析,结果表明窖壁不同位置的含水量、乙醇、总酸以及有效磷含量随窖壁深度的增加逐渐上升,pH值与NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量的变化趋势则与之相反。与窖壁泥相比,窖底泥pH值、有效磷和NH<sub>4</sub><sup>+</sup>的含量较高,且pH值和有效磷含量显著高于窖壁的上层窖泥。形成这一结果的主要原因可能是窖壁泥透气性较好,且含氧量较高,为好氧的产酸菌提供了良好的生长环境,最终导致pH值下降。而窖底泥因长期处于厌氧的环境下,逐渐形成一条完整的代谢链,不同微生物之间相互作用使得pH值处于接近中性的状态。

为进一步揭示窖泥不同空间位置理化性质之间的差异,徐相辉等<sup>[28]</sup>通过对浓香型白酒新老窖泥底部1~7 cm深度的理化性质进行分析,发现新老窖泥的pH值与窖泥深度呈明显的正相关,水分、腐殖质、各种有机酸含量与窖泥的深度呈负相关,NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量在老窖泥不同深度中差异不明显,在新窖泥中随窖泥的深度增加而增加。张会敏等<sup>[29]</sup>对不同深度窖泥理化性质与菌群结构之间的关联性研究也表明新窖泥5~7 cm深度的窖泥质量与老窖泥

1~3 cm深度的窖泥质量相当。从以上研究结果可以看出新窖泥深层质量较浅层更高,且可以推测底层窖泥的成熟可能是由深层窖泥优先开始的。在窖池理化因子与窖池空间位置关系的研究中,不同垂直深度上表现出规律性差异,在新窖池的使用过程中,发酵产生的黄水在窖底表层和浅层逐渐积累,其中含有的大量有机酸导致pH值处于较低水平,随着窖池深度深入至5~7 cm位置处,水分含量呈递减趋势,有机酸被微生物降解使得pH值逐渐上升,较适宜的环境为微生物的富集提供了基础。另有研究表明,新窖池是从角落优先老化的<sup>[18]</sup>,一个可能的原因是黄水在角落的渗透比其他位置弱,特别是更深角落的微生物有更多时间进行自我繁殖以发挥降酸功能。

## 1.3 综合窖泥理化因子评价窖泥质量水平

Zhang Huimin<sup>[24]</sup>、Chai Lijuan<sup>[30]</sup>、李芳莉<sup>[31]</sup>等的研究表明,不同酒厂的窖泥在某些理化指标方面存在较大差异。考虑到研究结论仅来源于单个酒企的窖泥样品,且样品量较少,胡晓龙等<sup>[32]</sup>以河南省5个地区的6家浓香型酒企的窖泥样品为研究对象,对河南酒企的窖泥理化指标进行综合评价。结果表明,6家酒企窖泥的平均水分质量分数、总酸含量、pH值、有效磷含量和NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量分别为39.21%、7.51 mg/g、5.36、214.7 mg/kg和699.0 mg/kg。任良栋等<sup>[12]</sup>对全国各省份46家有代表性的浓香型白酒企业的窖泥理化及微生物指标进行分析发现,窖泥水分质量分数高于30%的企业占比76%,窖泥产酸能力大于100 mg/100 mL的企业占比84.78%,pH值大于5.5的企业占比78.46%,窖泥腐殖质质量分数大于2%的企业占比89%,NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量大于800 mg/kg的企业占比93%。通过对窖泥产酸情况和窖泥中梭菌数量的相关性分析表明,窖泥产酸能力与窖泥中梭菌数量呈正相关,且窖泥的产酸能力越强,原酒中己酸乙酯含量越高,乙酸乙酯和乳酸乙酯含量之比越低。窖泥理化因子除影响菌群结构外,不同理化因子之间也存在显著相关性,其中pH值与窖泥含水量和NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量呈显著正相关,总酸含量与NH<sub>4</sub><sup>+</sup>含量呈显著负相关。该研究可以为酒企的窖泥养护和人工窖池提供数据参考和理论支撑。

## 2 窖泥微生物群落的研究进展

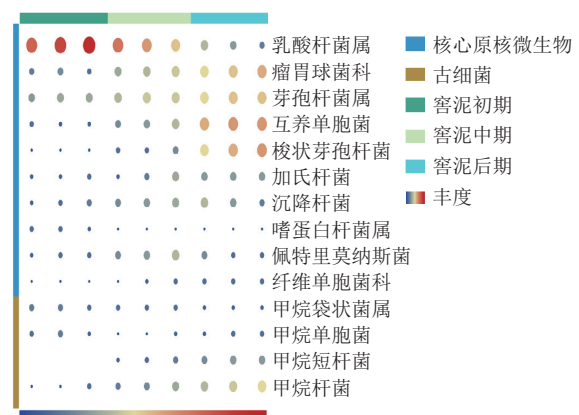
在正常、连续、长期的生产过程中,窖池中的微生物不断被驯化,最终形成相对稳定的微生物菌群,主要包括细菌、古细菌等微生物,这些微生物的结构、丰度以及种间相互作用等因素对浓香型白酒形成独特风味发挥着至关重要的作用。以往研究窖泥微生物的方式大多基于传统的分离培养技术,但是由于窖泥中的微生物

大多数属于厌氧微生物,其厌氧要求和培养条件的不明确极大地限制了研究人员对窖泥微生物的全面认识和深入剖析。近年来随着微生物学、现代生物技术和分子生物学等周边学科的迅速发展,传统分离培养技术与现代分子生物学技术的有机结合成为了研究窖泥微生物的有力武器,如将聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳(polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis, PCR-DGGE)<sup>[33]</sup>、16S rRNA基因克隆文库、磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acid, PLFA)生物标志物、荧光原位杂交(fluorescence *in situ* hybridization, FISH)、高通量测序等技术应用于窖泥微生物群落结构和多样性演替等方面的解析,极大地提高了对窖泥样品中微生物演替的认识水平。以往关于大曲、酒醅和窖泥的研究结果表明,温度、水分、氧气、pH值以及金属离子等环境条件是微生物演替的重要驱动因素。此外,微生物之间的相互作用决定了微生物群落的结构。在窖泥长期重复的生产使用中,高酸度、缺氧、乙醇等环境胁迫作用不断驱使窖泥对微生物定向筛选,窖泥中的原核微生物是白酒香味成分的前驱动力,是多种香味产生的主要来源,这些微生物群落结构和多样性的差异可能是造成我国浓香型白酒风味多样化的原因之一。

### 2.1 窖泥原核微生物结构和多样性演替

据目前已有文献报道,窖泥中的原核微生物主要优势门是厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)、广古菌门(Euryarchaeota)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、互养菌门(Synergistetes)、放线菌门(Actinobacteria)<sup>[17,34-37]</sup>。主要的优势菌群有梭菌属(*Clostridium*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)、互养单胞菌属(*Syntrophomonas*)。窖泥在成熟过程中微生物丰度会发生显著的变化,在新窖泥中厚壁菌门是优势菌门,尤其是乳球菌和乳酸菌<sup>[38]</sup>。随着窖龄的增加,厚壁菌门的丰度会逐渐下降,除乳酸菌之外的其他菌属,如未分类的厌氧菌属,未分类的梭菌属、梭菌、假单胞菌等丰度会呈上升趋势。老窖泥中典型的菌属为梭菌,梭菌可以利用乙醇、乙酸和乳酸为底物合成丁酸和己酸<sup>[39-40]</sup>,这两种酸是浓香型白酒中丁酸乙酯和己酸乙酯的前体物质<sup>[41-42]</sup>,在酒体风味特征方面起着重要作用。随着窖池使用时间的延长,老窖泥中乳酸菌的丰度相比新窖泥显著降低,而梭状芽孢杆菌、甲烷杆菌、甲烷短杆菌等的含量增加<sup>[43]</sup>。Zheng Qi等<sup>[34]</sup>采用Illumina MiSeq测序揭示了窖龄30年窖泥和300年窖泥的微生物多样性;Liu Maoke等<sup>[44]</sup>通过Illumina MiSeq测序研究了40年和400年泸州老窖窖泥细菌群落的多样性,二者结果均表明两个窖龄样本微生物的结构无显著性差异,但在窖泥微生物的丰度上有较大差异。Chai Lijuan等<sup>[45]</sup>通过实时荧光定量PCR(quantitative real-time PCR,

qPCR)分析了30、100、300年窖泥样品的微生物群落,结果表明梭状芽孢杆菌的相对丰度与窖龄呈显著的正相关,拟杆菌的相对丰度与窖龄呈显著的负相关<sup>[46]</sup>,此结果与之前的报道一致,因此梭状芽孢杆菌和拟杆菌的丰度可作为鉴别窖泥质量的潜在指标。Tan Guangxun等<sup>[11]</sup>使用焦磷酸测序技术研究了1~50年窖泥样品中原核生物群落结构和多样性的变化情况,聚类分析结果表明,1年窖龄的微生物形成集群,25年和50年窖龄的微生物也倾向于形成1个集群,10年窖龄的微生物在两个集群中间无规则地分布,表明它们处于初始驯化期(1年)到成熟期(25年以上)之间的过渡状态。Wang Xujia等<sup>[47]</sup>采用Roche 454焦磷酸测序技术和磷脂脂肪酸分析技术揭示了5、30年和100年窖龄的窖泥样品中原核生物群落的结构和多样性,研究显示Shannon指数在窖龄5~30年区间的窖泥样品中显著降低,在窖龄30~100年区间的窖泥样品中趋于稳定。造成这一结果的原因可能是微生物对窖泥独特生境(富含有机质、高酸度和缺氧)的适应模式,适应性微生物逐渐被富集,而不适应性微生物逐渐被淘汰,最终形成稳定的群落结构,综合之前的研究结论可以大致推测出窖泥的成熟约需要25~30年<sup>[15]</sup>。根据文献[20,48-49]的结论,窖泥成熟过程中核心微生物以及古细菌的演替过程如图2所示。



丰度由蓝色到红色表示数量由低到高;圆圈的直径与数量成正比。

图2 核心微生物及古细菌随窖龄增长的演替过程

Fig. 2 Succession of core microorganisms and archaea in pit mud with cellar age

### 2.2 窖泥真核微生物结构和多样性演替

与原核微生物相比,对真核微生物的研究多集中在大曲制作和贮藏期微生物群落结构和多样性的变化以及酒醅入池发酵后酒醅的微生物群落组成和演替等方面,对窖泥中真核微生物结构和多样性的研究相对较少。孟雅静等<sup>[50]</sup>采用Illumina高通量测序技术对浓香型白酒的窖壁泥和窖底泥中真核菌群的结构进行了分析,结果表明在老窖池池底泥的6个样品中,只有1个样品被成功扩增测序,说明老窖池池底泥中真菌的含量非常少。

对该样本分析发现,在属水平上优势真核菌属(相对丰度大于1%)在窖底泥与窖壁泥的差异明显。新窖池底泥中的真核菌群组成比较单一,假丝酵母占绝对优势,两组样本的窖壁泥的真核菌群组成较为丰富。老窖池壁泥的优势真核菌属有毕赤酵母属、假丝酵母属、马拉色菌属、嗜热子囊菌属等;新窖池壁泥的优势真核菌属有假丝酵母属、毕赤酵母属、曲霉属等。王春艳等<sup>[51]</sup>对宋河浓香型白酒不同窖龄窖泥与窖底泥真菌群落结构的分析结果表明,窖壁泥中真菌丰富度和多样性均高于窖底泥,新窖泥中主要有青霉菌属、毡盘菌属和被孢酶属等,老窖泥中主要有嗜热真菌属、曲霉属和根毛霉属。以上研究表明窖泥位置和窖龄都对真菌的群落结构有所影响,窖壁泥中真菌菌物种多样性和丰富度均高于窖底泥。另外,Liu Maoke等<sup>[52]</sup>采用DGGE和Illumina MiSeq测序方法研究了四川省不同年份窖泥的真菌群落结构,并确定子囊菌、担子菌和接合菌是四川窖泥的主要真菌门。与该研究结果不同的是,Cai Wenchao等<sup>[53]</sup>采用高通量测序技术揭示了新疆地区窖泥不同深度真菌群落的结构和多样性,发现新疆地区窖泥无论深度如何,优势真菌门均为子囊菌、担子菌和霉菌。究其原因,可能是两地区优势真菌门的差异可能是区域地理气候不同、土壤差异以及窖泥理化性质等多重因素共同造成的。

### 3 窖泥感官质量评价

感官评价以其简单、直观、快捷以及不需要借助任何仪器设备和固定的检验场所等优点而被广泛应用于食品行业,在原料和产品的鉴定中具有不可替代的作用。在浓香型白酒生产过程中,窖泥感官是评价窖泥质量的重要参考依据。栖息在窖泥中的微生物不断适应窖池环境,并从窖泥和黄水中摄取营养物质进行生长繁殖和复杂的代谢活动,从而使得窖泥在视觉、嗅觉以及触觉等方面发生不同程度的变化,最终导致窖泥品质之间的差异。酿酒师傅凭借长期的实践经验,通过窖泥的感官特性就可以初步判断窖泥品质的优劣,这也是目前酒企对窖泥质量评判最常用的方法<sup>[54]</sup>。

#### 3.1 色泽

色泽是反映窖泥老熟程度的一个重要指标。一般来说,随着长时间连续发酵,窖泥不断成熟,色泽由黄土色逐渐变成灰褐色或黑褐色,表面湿润光滑且具有光泽,这是优质窖泥所具备的典型特征。而质量中等的窖泥一般呈黄褐色,质量较差的窖泥呈黄色或者呈现出制作窖泥时泥质的本色。

#### 3.2 气味

优质老窖泥带有浓郁的酒香和酯香,且香味纯正持久。质量中等的窖泥窖香味较正,有较好的酒香和酯香,

香味持续时间稍短。质量较差的窖泥含有淡淡的酒香和酯香,有一定的异味,比如酸味、腐败味、生泥味等。

#### 3.3 质地

质地主要反应窖泥的物理状态,优质窖泥有明显的黏手感、断层有气泡,用手轻轻捻动,其有天鹅毛般的质地。质量中等的窖泥表层较柔熟细腻,有一定的黏稠感,断面有气泡。质量较差或者退化的窖泥,样品中常会有晶体或白色颗粒析出,有时甚至伴随着窖泥板结。

梁欢<sup>[55]</sup>、余有贵<sup>[56]</sup>等对不同质量窖泥样品理化性质、微生物群落结构及其多样性以及所产酒体感官和风味化合物进行分析,并以此作为窖泥等级划分和评分的依据,最终结果与窖泥感官评价的结果相一致。李觅等<sup>[57]</sup>在色泽、气味、质感等感官评价的基础上,又加入了理化指标和微生物指标,建立了窖泥质量评分标准,并确定每个指标的评分细则和分值权重。如表2所示,利用该方法对3、10、30年窖龄的窖泥进行了评价,每个窖龄的3组平行样品平均得分分别为6.4、8.0、8.7,结果与“老窖产好酒”的说法基本一致。

表2 窖泥质量评定的标准<sup>[57]</sup>  
Table 2 Criteria for pit mud quality assessment<sup>[57]</sup>

指标	等级(评分)	标准要求
色泽	一级(10)	灰褐色或黑褐色,无投入原料本色
	二级(7)	黄褐色,无投入原料本色
	三级(3)	黄色或主体泥色,无其他原料本色
气味	一级(10)	浓郁的老窖泥气味,有酯香酒香,香气纯正,香味持久,无异杂味
	二级(7)	窖泥有酯香酒香味,香气正,香味较持久,无异杂味
	三级(3)	香气欠正,有少许霉味、生味、腐烂味、腥臭味等
质地	一级(10)	无刺手感,细腻,断面有气泡,质地均匀无杂质,有明显黏稠感
	二级(7)	刺手感明显,较细腻,断面有气泡,均匀基本无杂质,有一定的黏稠感、刺手感
	三级(3)	刺手感明显,欠细腻,断面较死板,较均匀,有少许杂质,略带黏稠感
水分 质量分数/%	9	35
	8	34
	7	33
	6	32
	5	31
	4	30
	3	<30
pH	10	6.0~7.5
	8	5.0~6.0或7.5~8.0
	5	4.5~5.0
	3	<4.5或>8.0
	10	≥1.3
微生物总数/ (10 <sup>11</sup> 个/g 干泥)	8	1.0~1.3
	5	0.8~1.0
	0	≤0.8
芽孢杆菌数/ (10 <sup>11</sup> 个/g 干泥)	10	≥1.0
	8	0.8~1.0
	5	0.5~0.8
	0	≤0.5

#### 4 窖泥理化因子、微生物群落、感官质量三者之间的相关性

##### 4.1 窖泥理化因子与微生物群落之间的相关性

窖泥理化因子是影响微生物群落 $\alpha$ -多样性及 $\beta$ -多样性的重要因素,目前发表的文献大多基于冗余分析(redundancy analysis, RDA)来阐明微生物群落结构与理化因子之间的相关性。虽然不同文献中环境因子和微生物群落的相关性和显著性略有差异,但是从这些研究结果可以看出明显的相似性。Tao Yong等<sup>[17]</sup>对比不同窖龄窖泥研究发现,乳酸、pH值、 $\text{NH}_4^+$ 和丁酸水平与原核微生物的丰度显著相关,其中pH值和 $\text{NH}_4^+$ 含量与拟杆菌门和广古菌门的相对丰度呈正相关,而与厚壁菌门的相对丰度呈负相关。刘梅等<sup>[58]</sup>研究了窖泥理化因子与微生物群落之间的相关性,结果表明 $\text{NH}_4^+$ 含量、pH值、总氮含量分别和厚壁菌门、互养菌门比例呈正相关,与变形菌门、绿弯菌门比例呈负相关。有效磷含量与互养菌门和放线菌门比例呈正相关。腐殖酸含量和变形菌门比例呈正相关。通过RDA可以进一步看出 $\text{NH}_4^+$ 、总氮、有效磷含量和pH值对微生物群落的影响最大,其次为水分、腐殖酸、钙和铁元素含量。胡晓龙等<sup>[59]</sup>对3个不同质量等级窖泥中厌氧微生物群落以及共生模式的分析结果表明,pH值、 $\text{NH}_4^+$ 含量、有效磷含量主要与梭状芽孢杆菌、甲烷杆菌和拟杆菌的相对丰度呈正相关,而与芽孢杆菌、乳酸菌的相对丰度呈负相关,同时该研究结论也阐述了随窖龄的增加窖池产己酸能力增加的原因。在窖池使用过程中,窖泥的理化指标会影响微生物的生长代谢、酶活性,进而导致微生物群落的改变<sup>[32]</sup>。因此,深入认识窖泥理化性质与微生物的关联性分析有助于进一步指导新老窖泥的日常养护。

##### 4.2 窖泥微生物群落与感官质量之间的联系

窖泥的质量本质上取决于窖泥中所含微生物的种类及数量,随着窖龄的增加,窖池微生物适应并改造理化环境的能力不断增强,当功能微生物积累到一定程度,其代谢产生的物质逐渐改变窖泥的视觉、嗅觉以及触觉等品质,这就为窖泥的感官质量提供了评价基础。微生物产生的风味化合物主要包括酯类、醇类、酸类、醛酮类以及芳香族化合物等,其中酯类是放香的主体物质,酯类大多属于较易挥发且香气较强的一类化合物,具有令人愉悦的花香或果香气味。酸类物质一般不易挥发,属于白酒中重要的呈味物质,但是酸可以与醇发生酯化反应,从而生成具有放香作用的酯类物质。醇类物质是香和味之间的桥梁,醇类物质的沸点一般较低、易挥发,在挥发的过程中“拖带”出其他组份物质挥发,因此是重要的助香化合物。同样,醛类物质和酮类物质也具有助香和提香的作用。吴浪涛等<sup>[16]</sup>在不同窖泥样品中

共检测到101种风味物质,通过对比10年和30年窖泥样品中挥发性化合物发现,30年窖泥样品中酯类化合物显著高于10年窖泥,酸类物质含量无明显差异,10年窖泥样品中的醇类物质含量显著高于30年窖泥样品。这些物质随着窖池长期、反复的使用逐渐和窖泥融为一体,使得窖泥具有浓郁的窖香味和酒香味,并伴随着色泽的不断加深<sup>[60]</sup>,最终可作为评价窖泥感官质量的重要指标。

##### 4.3 窖泥理化因子与感官质量之间的联系

从本质上来讲,浓香型白酒窖池的组成可以分为两个部分,即培养基和菌种。培养基又可以细分为载体物质(主要是泥质)和营养物质(如水分、腐殖质、无机元素等)。在窖泥制作过程中,培养基配方直接决定窖泥初始的理化环境,而理化环境是否适宜又直接决定微生物的生长繁殖情况。窖池的泥质一般采用吸水性较强的黄黏土,另外加入一定量的泥炭以增加窖泥中的腐殖质含量。除此之外,泥炭还具有良好的保水性能和酸度缓冲作用。一些酒企在窖泥制作中可能还会选择藕塘泥,藕塘泥中含有较高含量的氨态氮、腐殖质和微生物菌系,较黄黏土更有利于窖泥的老熟。水分可以将泥质、曲粉、酒醅及其他有机质充分混合成黏稠的半固态,水分质量分数一般在39%~45%之间为宜,从而有利于后期搭窖时窖泥附着于窖壁。酒醅微生物在发酵过程中会产生乙酸、乳酸等大量有机酸,这些有机酸会随黄水逐渐向窖泥中渗透,有机酸的积累会使pH值降低,最终导致窖泥酸化<sup>[61]</sup>,甚至板结。另外,若因日常养护不善致使pH值过高,窖泥则会出现较明显的氨味。腐殖质主要由C、H、O、N、P、S等元素构成,这些元素是窖泥微生物生长繁殖所必需的营养物质,此外腐殖质具有一定的缓冲性,可以使黄黏土疏松,使砂土、糟醅等颗粒物质黏结,是窖泥形成团粒结构的良好胶结剂<sup>[12]</sup>。微生物可有效利用 $\text{NH}_4^+$ 中的氮元素, $\text{NH}_4^+$ 含量在一定程度上可以反映窖泥的质量,但是 $\text{NH}_4^+$ 含量过高容易导致窖泥臭味明显。在浓香型白酒长期的生产酿造过程中,酿酒师傅可以依据窖泥一系列的感官变化来判断窖泥各个理化指标是否保持在一个相对均衡的水平上,同时从侧面反映窖泥微生物生长的环境是否适宜。

#### 5 结语

大量研究表明,不同质量等级的窖泥之间,pH值以及水分、 $\text{NH}_4^+$ 、有效磷、速效钾、己酸含量随窖泥质量的提升而增加,而腐殖质、 $\text{Ca}^{2+}$ 、乙醇、乳酸、乙酸含量则随窖泥质量的提升而降低,在生产实践中可作为反映不同窖泥质量的评价指标<sup>[62]</sup>。在窖泥的使用过程中,窖泥微生物得以不断富集,代谢链逐渐趋于完整,有机

酸的分解代谢是pH值上升的主要原因。N、P、K是微生物生长繁殖所必需的化学元素，其含量的多少可以反映窖泥微生物谢旺盛与否。窖泥中Ca<sup>2+</sup>的含量可以作为评价新窖泥和退化窖泥的特征指标。窖泥微生物是生产优质浓香型白酒的关键所在，但窖泥微生物是一个庞大且复杂的群体，目前，通过现代化技术大量地研究解析了窖泥微生物的结构和群落演替，为研究窖泥功能微生物的组成和人工窖泥的培养提供了科学依据。在此基础上还可以进一步分析微生物群落的种间关系，从而利用协同作用让微生物产生更多的风味化合物。相比于理化指标和微生物指标，窖泥感官质量受到主观因素影响较大，这就要求评价者需要有一定的实践经验并经过系统的培训。酒企还可以进一步细化评分细则和权重分配，从而更加全面、准确地为窖泥感官评价提供参考依据。另外，在后续开展此类研究时，可以进一步扩大样本量以及对窖泥的老熟过程进行持续跟踪研究，得到各个指标准确的变化趋势和规律，为窖泥的综合质量评价和养护提供切实可行的理论依据。

#### 参考文献：

- [1] HU Xiaolong, DU Hai, XU Yan. Identification and quantification of the caproic acid-producing bacterium *Clostridium kluyveri* in the fermentation of pit mud used for Chinese strong-aroma type liquor production[J]. International Journal of Food Microbiology, 2015, 214: 116-122. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2015.07.032.
- [2] 江鹏, 何朝玖, 彭春芳, 等. 浓香型白酒窖泥养护探讨[J]. 中国酿造, 2021, 40(2): 12-15. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2021.02.003.
- [3] TAN Yuwei, ZHONG Heping, ZHAO Dong, et al. Succession rate of microbial community causes flavor difference in strong-aroma Baijiu making process[J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 311: 108350. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108350.
- [4] HU Xiaolong, TIAN Ruijie, WANG Kangli, et al. The prokaryotic community, physicochemical properties and flavors dynamics and their correlations in fermented grains for Chinese strong-flavor Baijiu production[J]. Food Research International, 2021, 148: 110626. DOI:10.1016/j.foodres.2021.110626.
- [5] CHAI Lijuan, QIAN Wei, ZHONG Xiaozhong, et al. Mining the factors driving the evolution of the pit mud microbiome under the impact of long-term production of strong-flavor Baijiu[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(17): e88521. DOI:10.1128/AEM.00885-21.
- [6] 吴衍庸, 齐义鹏, 徐成基, 等. 泸州大曲酒窖泥中微生物的生态分布和嫌气发酵特征[J]. 微生物学通报, 1980(3): 108-112.
- [7] 王明跃, 张文学, 王海英, 等. 不同窖龄窖泥古菌的系统发育多样性分析[J]. 应用与环境生物学报, 2012, 18(6): 1043-1048. DOI:10.3724/SP.J.1145.2012.01043.
- [8] 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, 2022, 43(17): 1-11. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20221013-125.
- [9] ZHU Min, ZHENG Jia, XIE Jun, et al. Effects of environmental factors on the microbial community changes during medium-high temperature Daqu manufacturing[J]. Food Research International, 2022, 153: 110955. DOI:10.1016/j.foodres.2022.110955.
- [10] 沈怡方. 白酒生产技术全书[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 1998: 41-43.
- [11] TAN Guangxun, HU Yuanliang, HUANG Yinna, et al. Analysis of bacterial communities in pit mud from Zhijiang Baijiu distillery using denaturing gradient gel electrophoresis and high-throughput sequencing[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2020, 126(1): 90-97. DOI:10.1002/jib.595.
- [12] 任良栋, 郭维伟, 陆奉勇, 等. 窖泥指标分析与质量评价机制研究[J]. 酿酒科技, 2020(10): 70-75. DOI:10.13746/j.njkj.2020186.
- [13] 郭杰, 徐姿静, 彭奎, 等. 不同年份窖泥理化指标的对比研究[J]. 酿酒科技, 2021(6): 134-136. DOI:10.13746/j.njkj.2021027.
- [14] 魏云. 优质人工窖泥的培养及其在应用中质量变化趋势[J]. 酿酒, 2021, 48(4): 68-70. DOI:10.3969/j.issn.1002-8110.2021.04.017.
- [15] WANG Xujia, ZHU Hongmei, REN Zhiqiang, 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.
- [16] 吴浪涛, 丁文骏, 谢专, 等. 不同时期窖泥理化因子、风味物质和细菌组成的相关性[J]. 微生物学通报, 2022, 49(3): 1030-1047. DOI:10.13344/j.microbiol.china.210775.
- [17] TAO Yong, LI Jiabao, RUI Junpeng, et al. Prokaryotic communities in pit mud from different-aged cellars used for the production of Chinese strong-flavored liquor[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014, 80(7): 2254-2260. DOI:10.1128/AEM.04070-13.
- [18] ZHANG Huimin, MENG Yajing, WANG Yanli, et al. Prokaryotic communities in multidimensional bottom-pit-mud from old and young pits used for the production of Chinese strong-flavor Baijiu[J]. Food Chemistry, 2020, 312: 126084. DOI:10.1016/j.foodchem.2019.126084.
- [19] ZHAO Jihua, MA Hongzhi, WU Wenyu, et al. Product spectrum analysis and microbial insights of medium-chain fatty acids production from waste biomass during liquor fermentation process: effects of substrate concentrations and fermentation modes[J]. Bioresource Technology, 2023, 368: 128375. DOI:10.1016/j.biortech.2022.128375.
- [20] ZHENG Yan, HU Xiaolong, JIA Zhongjun. Co-occurrence patterns among prokaryotes across an age gradient in pit mud of Chinese strong-flavor liquor[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2020, 66(9): 495-504. DOI:10.1139/cjm-2020-0012.
- [21] MU Yu, HUANG Jun, ZHOU Rongqing, et al. Exploring the response patterns of strong-flavor Baijiu brewing microecosystem to fortified Daqu under different pit ages[J]. Food Research International, 2022, 155: 111062. DOI:10.1016/j.foodres.2022.111062.
- [22] 王春艳, 宋建阳, 吕慧鑫, 等. 基于高通量测序的宋河浓香型白酒不同窖龄窖泥细菌群落结构分析[J]. 中国酿造, 2019, 38(9): 163-166. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2019.09.031.
- [23] WANG Xujia, ZHU Hongmei, REN Zhiqiang, 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.
- [24] ZHANG Huimin, MENG Yajing, WANG Yanli, et al. Prokaryotic communities in multidimensional bottom-pit-mud from old and young pits used for the production of Chinese strong-flavor Baijiu[J]. Food Chemistry, 2020, 312: 126084. DOI:10.1016/j.foodchem.2019.126084.
- [25] 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.
- [26] 李俊辉, 张志伟, 刘英杰, 等. 浓香型白酒窖泥理化性质及高通量法分析窖泥微生物[J]. 齐鲁工业大学学报, 2018, 32(6): 25-28. DOI:10.16442/j.cnki.qlgydxxb.2018.06.005.
- [27] 胡晓龙, 王康丽, 余苗, 等. 浓香型窖泥原核微生物群落多样性及其在窖池中的空间异质性[J]. 食品与发酵工业, 2020, 46(11): 77-84. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/ts.023541.

- [28] 徐相辉, 常强, 孙伟, 等. 文王浓香型白酒不同深度新老窖泥理化性质与微生物演替分析[J]. 食品工业科技, 2022, 43(21): 129-136. DOI:10.13386/j.issn1002-0306.2022020052.
- [29] 张会敏, 王艳丽, 孟雅静, 等. 浓香型白酒发酵新老窖泥理化因子和原核微生物群落结构差异分析[J]. 食品科学, 2020, 41(6): 207-214. DOI:10.7506/spkx1002-6630-20190723-307.
- [30] CHAI Lijuan, WEI Qian, ZHONG Xiaozhong, et al. Mining the factors driving the evolution of the pit mud microbiome under the impact of long-term production of strong-flavor Baijiu[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(17): e88521. DOI:10.1128/AEM.00885-21.
- [31] 李芳莉. 浓香型白酒窖泥微生物群落结构分析及其对原酒风味物质的影响[D]. 郑州: 郑州轻工业学院, 2018: 45-47.
- [32] 胡晓龙, 田瑞杰, 张勇, 等. 6家河南酒企窖泥理化性质及其地域特征研究[J]. 轻工学报, 2021, 36(6): 1-8. DOI:10.12187/2021.06.001.
- [33] LIU Maoke, ZHAO Ke, TANG Yuming, et al. Analysis of *Clostridium* cluster I community diversity in pit mud used in manufacture of Chinese Luzhou-flavor liquor[J]. Food Science and Biotechnology, 2015, 24(3): 995-1000. DOI:10.1007/s10068-015-0127-7.
- [34] ZHENG Qi, LIN Bairong, WANG Yibin, et al. Proteomic and high-throughput analysis of protein expression and microbial diversity of microbes from 30- and 300-year pit muds of Chinese Luzhou-flavor liquor[J]. Food Research International, 2015, 75: 305-314. DOI:10.1016/j.foodres.2015.06.029.
- [35] LU Mengmeng, ZHOU Weicheng, JI Fang, et al. Profiling prokaryotic community in pit mud of Chinese strong-aroma type liquor by using oligotrophic culturing[J]. International Journal of Food Microbiology, 2021, 337: 108951. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108951.
- [36] LIU Huilin, SUN Baoguo. Effect of fermentation processing on the flavor of Baijiu[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2018, 66(22): 5425-5432. DOI:10.1021/acs.jafc.8b00692.
- [37] 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.
- [38] ZHANG Min. Profiling the effects of physicochemical indexes on the microbial diversity and its aroma substances in pit mud[J]. Letters in Applied Microbiology, 2020, 71(6): 667-678. DOI:10.1111/lam.13380.
- [39] ZOU Wei, YE Guangbin, ZHANG Kaizheng. Diversity, function, and application of *Clostridium* in Chinese strong flavor Baijiu ecosystem: a review[J]. Journal of Food Science, 2018, 83(5): 1193-1199. DOI:10.1111/1750-3841.14134.
- [40] ZHU Xiaoyu, ZHOU Yan, WANG Yi, et al. Production of high-concentration *n*-caproic acid from lactate through fermentation using a newly isolated *Ruminococcaceae* bacterium CPB6[J]. Biotechnology for Biofuels, 2017, 10: 102. DOI:10.1186/s13068-017-0788-y.
- [41] HU Xiaolong, DU Hai, XU Yan. Identification and quantification of the caproic acid-producing bacterium *Clostridium kluyveri* in the fermentation of pit mud used for Chinese strong-aroma type liquor production[J]. International Journal of Food Microbiology, 2015, 214: 116-122. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2015.07.032.
- [42] CHAI Lijuan, XU Pengxian, QIAN Wei, et al. Profiling the Clostridia with butyrate-producing potential in the mud of Chinese liquor fermentation cellar[J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 297: 41-50. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2019.02.023.
- [43] 李学思, 王杨, 曹振华, 等. 窖泥微生物与酒体质量的关联性分析[J]. 酿酒科技, 2021(9): 74-79. DOI:10.13746/j.njkj.2021045.
- [44] LIU Maoke, TANG Yuming, GUO Xiaojia, 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.
- [45] CHAI Lijuan, QIAN Wei, ZHONG Xiaozhong, et al. Mining the factors driving the evolution of the pit mud microbiome under the impact of long-term production of strong-flavor Baijiu[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(17): e88521. DOI:10.1128/AEM.00885-21.
- [46] WANG Chuandong, QIAN Qi, LI Chenghou, et al. Long-term batch brewing accumulates adaptive microbes, which comprehensively produce more flavorful Chinese liquors[J]. Food Research International, 2014, 102: 68-76. DOI:10.1016/j.foodres.2017.09.075.
- [47] WANG Xujia, ZHU Hongmei, REN Zhiqiang, 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.
- [48] DING Xiaofei, WU Chongde, ZHANG Liqiang, et al. Characterization of eubacterial and archaeal community diversity in the pit mud of Chinese Luzhou-flavor liquor by nested PCR-DGGE[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2014, 30(2): 605-612. DOI:10.1007/s11274-013-1472-4.
- [49] YAN Gong. Analysis of microbial community diversity and physicochemical factors in pit mud of different ages based on high-throughput sequencing[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2022, 68(11): 674-686. DOI:10.1139/cjm-2022-0125.
- [50] 孟雅静, 张会敏, 王艳丽, 等. 浓香型白酒窖泥的真核菌群结构分析[J]. 现代食品科技, 2020, 36(5): 96-103. DOI:10.13982/j.mfst.1673-9078.2020.5.014.
- [51] 王春艳, 付博辰, 郭书贤, 等. 宋河浓香型白酒不同窖龄窖壁泥与窖底泥真菌菌群结构分析[J]. 中国酿造, 2021, 40(2): 88-91. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2021.02.017.
- [52] LIU Maoke, TANG Yuming, ZHAO Ke, et al. Determination of the fungal community of pit mud in fermentation cellars for Chinese strong-flavor liquor, using DGGE and Illumina MiSeq sequencing[J]. Food Research International, 2017, 91: 80-87. DOI:10.1016/j.foodres.2016.11.037.
- [53] CAI Wenchao, XUE Yu'ang, TANG Fengxian, et al. The depth-dependent fungal diversity and non-depth-dependent aroma profiles of pit mud for strong-flavor Baijiu[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 6(12): 789845. DOI:10.3389/fmicb.2021.789845.
- [54] 常少健, 王超凯, 刘义会, 等. 基于模糊数学模型的窖泥质量评估体系的构建及应用[J]. 酿酒科技, 2018(12): 70-73. DOI:10.13746/j.njkj.2018229.
- [55] 梁欢. 北方浓香型白酒窖泥品质及微生物多样性分析[D]. 石家庄: 河北经贸大学, 2021: 88.
- [56] 余有贵, 张文武, 曹乐, 等. 老化窖池与常规窖池的窖泥特性与发酵性能比较[J]. 食品与机械, 2015, 31(1): 2-5. DOI:10.13652/j.issn.1003-5788.2015.01.001.
- [57] 李冕, 郭杰, 常少健, 等. 利用快速评价方法评价不同年份窖泥质量[J]. 酿酒科技, 2018(12): 23-26. DOI:10.13746/j.njkj.2018237.
- [58] 刘梅, 邓杰, 谢军, 等. 基于微生物群落结构相关的窖泥品质理化指标的筛选[J]. 食品科学, 2018, 39(19): 44-50. DOI:10.7506/spkx1002-6630-201819008.
- [59] HU Xiaolong, DU Hai, REN Cong, 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.
- [60] 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: 113.
- [61] 江鹏, 何朝玖, 彭春芳, 等. 浓香型白酒窖泥养护探讨[J]. 中国酿造, 2021, 40(2): 12-15. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2021.02.003.
- [62] 黄润娜, 侯建光, 崔璐芸, 等. 陶甬型白酒正常和退化窖泥细菌群落多样性解析及其理化影响因素[J]. 中国酿造, 2022, 41(8): 25-31. DOI:10.11882/j.issn.0254-5071.2022.08.005.