

赵欣, 张钰婧, 陈旭峰, 等. 不同生产模式和季节下山西老陈醋酒精和醋酸发酵微生物菌落总数最高峰时期真菌群落的对比分析[J]. 食品工业科技, 2025, 46(12): 197–205. doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2024120330

ZHAO Xin, ZHANG Yujing, CHEN Xufeng, et al. Comparison of Fungal Communities at Peak Total Microbial Colony Count during Alcohol and Acetic Acid Fermentation in Shanxi Aged Vinegar under Different Production Modes and Seasons[J]. Science and Technology of Food Industry, 2025, 46(12): 197–205. (in Chinese with English abstract). doi: 10.13386/j.issn1002-0306.2024120330

· 生物工程 ·

不同生产模式和季节下山西老陈醋酒精和醋酸发酵微生物菌落总数最高峰时期真菌群落的对比分析

赵欣¹, 张钰婧², 陈旭峰², 许女^{2,*}

(1. 太原学院材料与化学工程系, 山西太原 030032;

2. 山西农业大学食品科学与工程学院, 山西省食醋酿造技术创新中心, 山西晋中 030801)

摘要: 为研究不同生产模式和季节的山西老陈醋真菌群落结构多样性, 本文采用高通量测序技术对不同季节的山西老陈醋传统手工、现代机械生产模式酒精发酵、醋酸发酵微生物菌落总数最高峰样品的真菌多样性进行检测。结果表明, 传统手工和现代机械生产模式酒精发酵阶段微生物菌落总数最高峰时期的酒醪样品分别检测到 41 个、45 个真菌属。以四个季节的菌属平均相对丰度统计, 传统手工模式优势菌属为酿酒酵母属 (*Saccharomyces*, 21.36%)、曲霉属 (*Aspergillus*, 11.76%)、嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*, 5.16%) 和哈萨克斯坦酵母属 (*Kazachstania*, 2.89%); 现代机械生产模式优势菌属为曲霉属 (*Aspergillus*, 29.88%)、假丝酵母属 (*Candida*, 25.43%)、酿酒酵母属 (*Saccharomyces*, 6.68%)、哈萨克斯坦酵母属 (*Kazachstania*, 3.81%) 和被孢霉属 (*Mortierella*, 2.26%)。传统手工和现代机械生产模式醋酸发酵阶段微生物菌落总数最高峰时期的醋醅样品分别检测到 55 个、70 个真菌属, 其中传统手工模式优势菌属为哈萨克斯坦酵母属 (*Kazachstania*, 2.41%)、曲霉属 (*Aspergillus*, 2.58%)、线黑粉菌属 (*Filobasidium*, 3.75%)、酿酒酵母属 (*Saccharomyces*, 7.59%)、链格孢属 (*Alternaria*, 14.98%) 和枝孢属 (*Cladosporium*, 18.09%); 现代机械生产模式优势菌属为假丝酵母属 (*Candida*, 2.65%)、曲霉属 (*Aspergillus*, 4.33%)、枝孢属 (*Cladosporium*, 9.69%) 和链格孢属 (*Alternaria*, 15.80%)。同一生产模式下, 酒醪和醋醅的真菌结构呈现显著的季节差异性, 在季节相同的情况下, 不同生产模式下酒醪和醋醅的真菌群落多样性和结构呈现明显不同。

关键词: 山西老陈醋, 生产模式, 真菌群落

中图分类号: TS264.2

文献标识码: A

文章编号: 1002-0306(2025)12-0197-09

DOI: 10.13386/j.issn1002-0306.2024120330



本文网刊:

Comparison of Fungal Communities at Peak Total Microbial Colony Count during Alcohol and Acetic Acid Fermentation in Shanxi Aged Vinegar under Different Production Modes and Seasons

ZHAO Xin¹, ZHANG Yujing², CHEN Xufeng², XU Nü^{2,*}

(1. Department of Materials and Chemical Engineering, Taiyuan University, Taiyuan 030032, China;

2. College of Food Science and Engineering, Shanxi Province Vinegar Brewing Technology Innovation Center, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China)

Abstract: To investigate the diversity of fungal community structures in Shanxi aged vinegar under different production

收稿日期: 2024-12-26

基金项目: 山西省重点研发计划项目 (202202130501011)。

作者简介: 赵欣 (1983-), 女, 博士, 副教授, 研究方向: 食品发酵与生物技术, E-mail: 85552913@qq.com。

* 通信作者: 许女 (1979-), 女, 博士, 教授, 研究方向: 传统酿造食品机理与应用技术, E-mail: xunv_2004@163.com。

modes and seasons, high-throughput sequencing technology was employed in this study to detect the fungal diversity in samples collected during the peak periods of microbial colony counts in both alcohol fermentation and acetic acid fermentation processes. These samples represented traditional manual production and modern mechanical production modes across different seasons. The results showed that 41 and 45 fungal genera were detected in alcohol fermentation mash (Jiulao) samples at peak total microbial colony count under traditional manual and modern mechanical production modes. Based on the average relative abundance of fungal genera across four seasons, the dominant fungal genera under traditional manual production mode were *Saccharomyces* (21.36%), *Aspergillus* (11.76%), *Thermoascus* (5.16%), and *Kazachstania* (2.89%). In contrast, the dominant fungal genera under modern mechanical mode were *Aspergillus* (29.88%), *Candida* (25.43%), *Saccharomyces* (6.68%), *Kazachstania* (3.81%), and *Mortierella* (2.26%). During acetic acid fermentation, fermentation grains (Cupei) samples from traditional manual and modern mechanical production modes at peak total microbial colony count were found to contain 55 and 70 fungal genera, respectively. The dominant fungal genera under traditional manual mode were *Kazachstania* (2.41%), *Aspergillus* (2.58%), *Filobasidium* (3.75%), *Saccharomyces* (7.59%), *Alternaria* (14.98%) and *Cladosporium* (18.09%). In contrast, the dominant fungal genera under modern mechanical mode were *Candida* (2.65%), *Aspergillus* (4.33%), *Cladosporium* (9.69%) and *Alternaria* (15.80%). The fungal community structures of Jiulao and Cupei showed significant differences across different seasons. Moreover, the diversity and community structure of fungi exhibited distinct differences under different production modes.

Key words: Shanxi aged vinegar; production modes; fungal community

山西老陈醋起源于 3000 多年前,具有悠久的历史,其酿造工艺可以概括为:“蒸、酵、熏、淋、陈”,独特的酿造技术在 2008 年被评为“国家级非物质文化遗产”^[1-2]。食醋发酵过程中复杂的微生物菌群演替,产生的众多代谢产物的积累、转化赋予了山西老陈醋独特的风味特征。除细菌菌群外,真菌菌群在整个食醋酿造过程的作用尤为关键,酿醋关键真菌主要包括根霉、曲霉、毛霉和毕赤酵母、丛梗孢酵母、汉逊酵母、球拟酵母、假丝酵母等^[3-4]。霉菌能产生淀粉酶、蛋白酶、谷氨酰胺酶、果胶酶、半纤维素酶、纤维素酶等众多丰富的酶系,与多种有机酸、氨基酸、酯类等风味物质的形成密切相关^[5]。酵母菌主要在酿醋过程中的酒精发酵阶段发挥作用,除产醇、产酯、产香外,对乙偶姻等川芎嗪前体物质的积累也具有重要的积极作用^[6]。

当前,山西老陈醋生产存在传统手工与现代机械两种模式。传统手工生产模式主要采用陶缸发酵工艺,整个发酵过程的控制主要依靠老师傅多年的经验和直观感觉,具有劳动强度大、生产效率低、能耗大、难以实现标准化等缺陷^[7]。现代机械生产模式主要采用不锈钢糖化罐、酒精发酵罐和醋酸发酵池及物料输送传动带、气流输送系统、自动投配料、翻醅机等,全程机械化、自动化设备,极大提高了食醋生产效率、标准化和清洁化。但与传统手工相比,采用现代不锈钢酒精发酵罐、发酵池发酵食醋,在提高生产效率的同时,存在产酸速率、产酸总量、风味、浊度等感官品质欠佳等问题^[8-10]。这主要是由于不同的生产工艺模式所营造的发酵微生态环境的不同而导致的菌群结构变化的差异性,从而使食醋终产品风味代谢物、体态等品质不同。

目前鲜有关于山西老陈醋不同生产工艺模式下对整个发酵过程微生物菌群和品质参数变化的比较研究。仅山西紫林醋业的郎繁繁等^[11]针对醋酸发酵

阶段,研究了传统和机械两种发酵方式对醋醅中乙偶姻、川芎嗪积累过程的影响,结果表明,相比于传统的醋缸发酵和熏醅模式,现代机械条形池更有利于川芎嗪的形成。本文主要采用高通量测序技术,创新性地将研究维度拓展至跨季节(春、夏、秋、冬)与跨生产模式(传统/机械)的双重对比,研究比较了山西老陈醋传统手工和现代机械两种生产模式下,不同季节的真菌菌群的多样性,可进一步揭示传统食醋的酿造机理、优化生产工艺,解析菌群互作对风味物质形成的影响,为山西老陈醋装备的升级、改造、创制和配套工艺的优化提供基础数据支持,从而提升产品的地域特色和市场竞争力。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

本实验样品 采自山西某醋厂传统手工陶缸酿造发酵缸(酒精发酵周期 15 d, 醋酸发酵周期 10 d)和现代不锈钢酒精发酵罐、醋酸发酵池生产模式(酒精发酵周期 8 d, 醋酸发酵周期 14 d),两种生产模式原料配比一致;DNA 纯化回收试剂盒 德国 Qiagen 公司;Tris-平衡酚 北京索莱宝科技有限公司;乙二胺四乙酸钠 天津市恒兴试剂有限公司;其他试剂均为国产分析纯。

170-4406 型水平电泳系统、Universal Hood II 型凝胶成像系统、T100 型 PCR 仪 美国 Bio-Rad 公司;5417R 型高速冷冻离心机 德国 Eppendorf 公司;NanoDrop2000 型微量紫外-可见光分光光度计 美国 Thermo Scientific 公司。

1.2 实验方法

1.2.1 样品采集方法及老陈醋酒精和醋酸发酵菌落总数最高峰天数确定 山西老陈醋生产流程为原料蒸煮、糖化完成后厌氧条件下进行酒精发酵,之后在有氧条件下进行醋酸发酵。酒精发酵和醋酸发酵周

期因生产模式、生产企业不同,具有差异性。

分别在春季、夏季、秋季、冬季连续 3 批次采样,传统手工生产模式采集酒精发酵阶段第 0(J0)、1(J1)、2(J2)、4(J4)、6(J6)、8(J8)、10(J10)、12(J12)、14(J14)、15(J15) d 的酒醪样品和醋酸发酵第 0(C0)、1(C1)、2(C2)、4(C4)、6(C6)、8(C8)、10(C10) d 的醋醅样品。现代机械生产模式采集酒精发酵第 0(J0)、1(J1)、2(J2)、4(J4)、6(J6)、8(J8) d 的酒醪样品和醋酸发酵第 0(C0)、1(C1)、2(C2)、4(C4)、6(C6)、8(C8)、10(C10)、12(C12)、14(C14) d 的醋醅样品。

酒醪样品采集:从随机 3 个搅拌均匀的酒精发酵缸或发酵罐中各取 300 mL 酒醪混匀;醋醅样品采集:从随机 3 个翻醅后的醋酸发酵缸或从翻醅后的醋酸发酵池首、中间、尾部距离池边 30 cm 处各取 300 g 醋醅混匀,以上样品置于 -80°C 保存备用。

采用 PCA 微生物菌落总数平板计数琼脂培养基对样品进行菌落总数检测^[12],确定酒精发酵菌落总数最高峰天数和醋酸发酵菌落总数最高峰天数。

1.2.2 Illumina Miseq 高通量测序 参考文献 [5] 中的方法,对不同生产模式下,不同生产季节微生物菌落总数最高峰天数的酒醪样品和醋醅样品进行宏基因组提取,采用微量紫外-可见分光光度计检测提取的基因组,其 $\text{OD}_{260\text{ nm}/280\text{ nm}}$ 值在 1.8~2.0 范围内,则表明该基因组质量合格,可用于后续测序。以提取的基因组 DNA 为模板,加入真菌对应区域特异性引物、PCR Master Mix 对真菌 ITS1 区域进行扩增。真菌对应区域特异性引物为:ITS1F: (5'-CTTGGTCA-TTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS1R: (5'-GCTGCGTTCTT-CATCGATGC-3')。反应体系 (25 μL) 包括 12.5 μL PCR Master Mix、1 μL 正向引物、1 μL 反向引物、2 μL 模板 DNA 及 8.5 μL 无菌 ddH₂O。扩增条件为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;随后 30~35 个循环的 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s、55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s、72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s;最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 终延伸 5 min,4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。扩增产物送至北京百迈克进行文库构建及测序。

1.3 数据处理

使用 FLASH v1.2.7 软件,通过 overlap 关系对各样品的 reads 进行拼接,即可得到原始 Tags 数据 (Raw Tags),使用 Trimmomatic v0.33 软件,对拼接得到的 Raw Tags 进行过滤,得到高质量的 Tags 数据 (Clean Tags),再使用 UCHIME v4.2 软件,鉴定并去除嵌合体序列,得到最终有效数据 (Effective Tags)^[13-14],每组包含 3 个独立生物学重复样本 ($n=3$),所有样本均通过两次独立测序以验证数据稳定性。基于 Effective Tags 数据,利用 97% 相似度阈值划分操作分类单元 (operational taxonomic units, OTU),计算各组 Shannon 和 Simpson 指数、Chao1 和 ACE 指数的均值 $\pm$ 标准差,以评估样品 α -多样性。

2 结果与分析

2.1 两种生产模式下发酵过程微生物菌落总数的动态变化

2.1.1 两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数的动态变化 对不同季节采用传统手工模式和现代机械模式山西老陈醋酒精发酵过程三批次酒醪进行微生物菌落总数的测定,结果如图 1 所示。无论传统手工模式还是现代机械模式,不同季节酒醪微生物菌落总数整体变化都呈先上升后下降趋势,这是因为酒精发酵初始阶段,由于原料营养物质充足、环境适宜,微生物大量繁殖,酒精发酵 3 d 后传统手工工艺进行封口处理,而现代机械发酵罐中氧气被耗尽,好氧细菌大量死亡,并随着酒精的生成及代谢产物的积累抑制了部分不耐酒精微生物的生长,使得下降趋势较明显。不同生产模式下,不同生产季节的酒醪样品中微生物菌落总数均在酒精发酵第 4 d 达到峰值,传统手工生产模式下酒醪微生物菌落总数峰值分别为 7.62(春季)、7.59(夏季)、8.38(秋季)和 7.46 lg CFU/mL(冬季);现代机械生产模式下酒醪微生物菌落总数峰值分别为 7.42(春季)、7.59(夏季)、7.98(秋季)和 7.09 lg CFU/mL(冬季)。

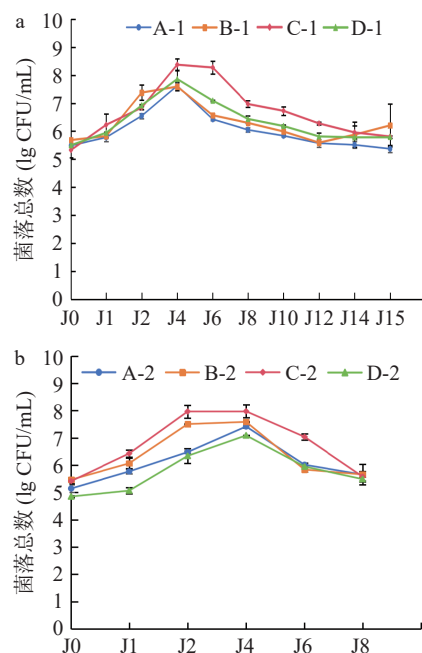


图 1 不同季节两种生产模式酒精发酵过程中微生物菌落总数的变化

Fig.1 Variations of total microbial colony count during alcohol fermentation stage under two production modes across different seasons

注: a: 不同季节传统手工生产模式酒精发酵过程中微生物菌落总数的变化; b: 不同季节现代机械生产模式酒精发酵过程中微生物菌落总数的变化; A: 春季; B: 夏季; C: 秋季; D: 冬季; 图 2 同。

2.1.2 两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数的动态变化 对不同季节采用传统手工模式和现代机

械模式山西老陈醋醋酸发酵过程 3 批次醋醅进行微生物菌落总数的测定,结果如图 2 所示。采用传统手工生产模式的醋酸发酵周期为 10 d,而采用现代机械生产模式的醋酸发酵周期为 14 d。无论传统手工模式还是现代机械模式,不同季节醋醅微生物菌落总数整体变化都呈先上升后下降趋势,这是因为醋酸发酵初期加入了麸皮和谷糠等辅料,提供了营养物质及生长因子,同时接入“火醅”(接入上一批醋酸发酵第 3 d 的醋醅作为发酵剂),使得微生物菌落总数快速增加,随着醋酸发酵的进行,醋醅酸度升高导致 pH 降低,再加上营养物质的不断消耗,限制了细菌的生长。不同生产模式下,不同生产季节的醋醅样品中的微生物菌落总数都在醋酸发酵第 4 d 达到峰值,传统手工生产模式下醋醅微生物菌落总数峰值分别为 7.16(春季)、6.78(夏季)、7.18(秋季)和 7.07 lg CFU/g(冬季);现代机械生产模式下醋醅微生物菌落总数峰值分别为 7.02(春季)、6.85(夏季)、7.06(秋季)和 6.99 lg CFU/g(冬季)。

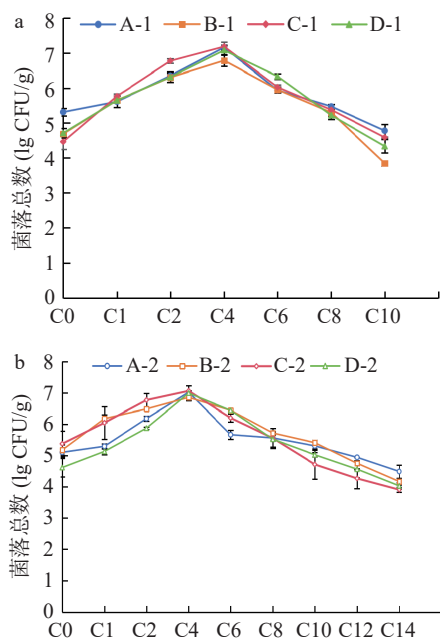


图 2 不同季节两种生产模式醋酸发酵过程中微生物菌落总数的变化

Fig.2 Variations of total microbial colony count during acetic acid fermentation stage under two production modes across different seasons

2.2 两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数最高峰真菌多样性

由 2.1.1 可知,在不同生产模式下,不同生产季节的酒醅样品中的微生物菌落总数最高峰时期为酒精发酵第 4 d,在门和属水平上,对两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数最高峰时期的酒醅样品进行真菌多样性分析。

2.2.1 真菌群落 α -多样性 α -多样性主要对酒精发酵微生物菌落总数最高峰酒醅样品中真菌群落的丰度和多样性进行分析,包括 ACE、Chao1、

Shannon 及 Simpson 等指数^[15-16]。其中 ACE 和 Chao1 指数反映样品真菌群落的丰度,ACE 和 Chao1 指数越高,真菌群落数量越多,而 Shannon 及 Simpson 指数则反映真菌群落种类的多样性,Shannon 指数值越高,Simpson 指数值越低,即 Shannon 指数/Simpson 指数越高,真菌群落多样性越高^[17-19]。

由表 1 可知,两种生产模式的酒醅样品真菌群落 α -多样性,传统手工模式真菌群落的 ACE 指数和 Chao1 指数的均值分别为 565.59 和 493.44,而现代机械模式真菌群落的 ACE 指数和 Chao1 指数均值分别为 556.88 和 445.13,表明传统手工生产模式的真菌群落数量丰度较高;传统手工模式真菌群落的 Shannon 指数/Simpson 指数的均值为 16.16,而现代机械模式真菌群落的 Shannon 指数/Simpson 指数的均值为 4.53,说明两种生产模式中传统手工生产模式的酒精发酵微生物菌落总数最高峰酒醅样品真菌群落种类多样性较高。综合分析,传统手工生产模式酒精发酵过程中,发酵环境更加自然多变,导致更多微生物间互作,使得真菌群落丰富度和多样化更高,而现代机械化生产通常在更加受控的发酵环境中进行,可能会限制某些微生物的生长^[20]。

表 1 山西老陈醋两种生产模式酒精发酵微生物菌落总数最高峰真菌群落 α -多样性分析

Table 1 Alpha-diversity analysis of fungal communities at peak total microbial colony count during alcohol fermentation stage in Shanxi aged vinegar under two production modes

样品	真菌群落 α -多样性			
	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
A-1	313.53±10.181	280.00±9.405	1.65±0.045	0.30±0.034
A-2	298.41±9.234	271.66±9.308	1.43±0.034	0.36±0.013
B-1	341.93±10.543	330.14±10.458	4.02±0.025	0.09±0.011
B-2	225.60±9.203	244.56±9.581	1.05±0.021	0.56±0.023
C-1	660.02±14.205	539.12±10.401	6.12±0.086	0.94±0.093
C-2	1027.49±20.304	604.12±14.302	4.11±0.059	0.80±0.076
D-1	946.86±16.298	824.50±16.203	7.80±0.128	0.98±0.072
D-2	676.02±14.302	660.17±15.325	6.92±0.102	0.97±0.098

注:A:春季;B:夏季;C:秋季;D:冬季;1:传统手工模式;2:现代机械模式,表2同。

2.2.2 两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数最高峰真菌群落门、属水平上的相对丰度

2.2.2.1 两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数最高峰门水平的真菌群落分析 采用两种生产模式的酒精发酵最高峰酒醅样品优势真菌门丰度有一定的差异。由图 3 所示,传统手工模式和现代机械模式酒醅样品都主要检测到 6 个真菌门,优势菌门为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)。子囊菌门(Ascomycota)在现代机械模式四个季节的酒醅样品中平均相对丰度最高,为 88.64%,而担子菌门(Basidiomycota)在传统手工模式四个季节的酒醅样品中平均相对丰度最高,为 8.03%。杨玲

等^[21]研究发现,采用山西老陈醋工艺发酵第 3 d 的酒醪共检测到 4 个真菌门,其中子囊菌门(Ascomycota)的平均相对丰度为 99.86%,为绝对优势菌门,本文研究结果与之一致。

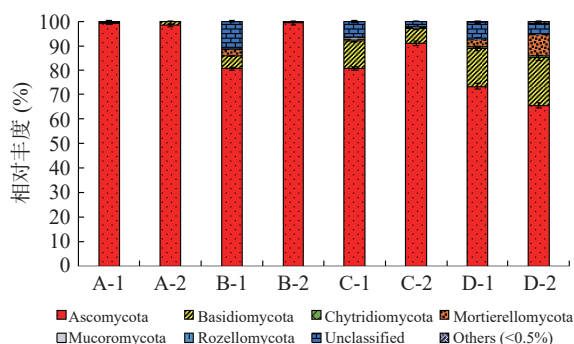


图 3 不同季节传统手工、现代机械生产模式酒精发酵微生物菌落总数最高峰真菌门相对丰度

Fig.3 Relative abundance of fungal phyla at peak total microbial colony count during alcohol fermentation under traditional manual and modern mechanical production modes across different seasons

注: A: 春季; B: 夏季; C: 秋季; D: 冬季; 1: 传统手工模式; 2: 现代机械模式; 图 4~图 6 同。

在春季,采用传统手工模式酒醪共检测到 3 个真菌门,分别为子囊菌门(Ascomycota, 99.19%)、担子菌门(Basidiomycota, 0.31%)和被孢霉门(Mortierellomycota, 0.05%),而采用现代机械生产模式酒醪共检测到 2 个真菌门,分别为子囊菌门(Ascomycota, 98.48%)、担子菌门(Basidiomycota, 1.52%);在夏季,采用传统手工和现代机械酒醪共检测到 5 个真菌门,其中担子菌门(Basidiomycota)相对丰度分别为 5.25%、0.12%,差异比较显著;秋季采用不同生产模式的酒醪均检测到 6 个真菌门,其中子囊菌门(Ascomycota)相对丰度最高,传统手工模式和现代机械模式分别为 80.88%、91.13%;在冬季采用不同生产模式的酒醪均检测到 5 个真菌门,未检测到毛霉门(Mucoromycota),其中相对丰度差异较大的为子囊菌门(Ascomycota),传统手工模式中子囊菌门相对丰度较高,相差 7.88%。

2.2.2.2 两种生产模式下酒精发酵微生物菌落总数最高峰属水平的真菌群落分析 由图 4 所示,采用两种生产模式的酒精发酵最高峰酒醪样品真菌的种类和优势菌属及其丰度差异显著。传统手工生产模式酒醪样品主要检测到 41 个真菌属,按四个季节的菌属平均相对丰度统计,优势菌属为酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 21.36%)、曲霉属(*Aspergillus*, 11.76%)、嗜热子囊菌属(*Thermoascus*, 5.16%)和哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 2.89%);现代机械生产模式酒醪样品主要检测到 45 个真菌属,按四个季节的菌属平均相对丰度统计,优势菌属为曲霉属(*Aspergillus*, 29.88%)、假丝酵母属(*Candida*, 25.43%)、酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 6.68%)、哈

萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 3.81%)和被孢霉属(*Mortierella*, 2.26%)。寇蓉^[22]研究发现,传统山西陈醋酿造工艺酒醪中酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、曲霉属(*Aspergillus*)为优势真菌属,本研究结果与之较相近。李敏^[23]研究也表明,山西老陈醋酒精发酵过程中酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、曲霉属(*Aspergillus*)和假丝酵母属(*Candida*)为优势菌属。杨玲等^[21]和范三红等^[24]还证明了维克汉姆酵母属(*Wickerhamomyces*)、红曲霉属(*Monascus*)和嗜热子囊菌属(*Thermoascus*)在传统发酵山西老陈醋酒醪中的优势性。

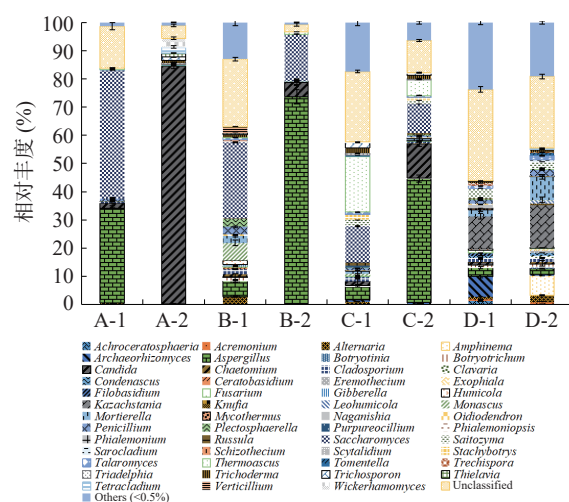


图 4 不同季节传统手工、现代机械生产模式酒精发酵微生物菌落总数最高峰真菌属相对丰度

Fig.4 Relative abundance of fungal genera at peak total microbial colony count during alcohol fermentation under traditional manual and modern mechanical production modes across different seasons

同一生产模式下,不同季节的酒醪样品中真菌群落组成具有显著差异。传统手工工艺下,春、夏、秋季的菌属菌群类似,主要是酿酒酵母属、曲霉属、链格孢属、红曲霉属、嗜热子囊菌属;冬季菌群与前三季相比菌群差异显著,除了曲霉属是优势菌属外,哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 11.58%)和古根菌属(*Archaeorhizomyces*, 7.21%)占优势比例。由于所采样品企业的酒精发酵陶缸位于地下二层,前三季车间温度稳定在 25~30℃,天然控温效果较好,冬季天气寒冷,出于成本考虑,车间未进行供暖保温设施操作,因此导致冬季菌群结构与前三季比具有显著差异性。现代机械生产模式下,夏、秋两季的菌群相似性较高,主要的优势菌属为曲霉属、酿酒酵母属和假丝酵母属。春季优势菌属为假丝酵母属(*Candida*, 84.45%)、威克汉姆酵母属(*Wickerhamomyces*, 3.07%)和四枝孢霉属(*Tetracladium*, 2.20%)。冬季现代机械生产模式与传统手工生产模式类似,则主要是哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 15.23%)、被孢霉属(*Mortierella*, 8.38%)和曲霉属(*Aspergillus*, 2.52%)。

目前山西大多数企业采用的食醋酒精发酵罐,仅安装有温度监测探头和降温措施,并未安装 pH、溶氧、酒精度监测探头和升温措施,山西春、冬两季气候温度变化差异大,造成菌群差异显著。

因此,为保证山西老陈醋酒精发酵过程中微生物菌群的季节相似性和产品稳定性,可以从灵活调整发酵工艺、发酵时间、稳定环境温度,开发在线监测,智能调控新装备等进行全面优化和提升。

2.3 两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数最高峰真菌多样性

由 2.1.2 可知,在不同生产模式下,不同生产季节的醋醅样品中的微生物菌落总数最高峰时期为醋酸发酵第 4 d,在门和属水平上,对两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数最高峰时期的醋醅样品进行真菌多样性分析。

2.3.1 真菌群落 α -多样性 由表 2 可知,对比两种生产模式的醋酸发酵最高峰醋醅样品真菌群落 α -多样性,传统手工模式真菌群落的 ACE 指数和 Chao1 指数的均值分别为 551.48 和 539.54,而现代机械模式真菌群落的 ACE 指数和 Chao1 指数均值分别为 556.11 和 545.10,说明现代机械生产模式的醋酸发酵最高峰醋醅真菌群落数量丰度较高;传统手工模式真菌群落的 Shannon 指数/Simpson 指数的均值为 14.62,而现代机械模式真菌群落的 Shannon 指数/Simpson 指数的均值为 13.83,说明传统手工生产模式的醋酸发酵最高峰醋醅真菌群落种类多样性较高。

表 2 山西老陈醋两种生产模式醋酸发酵微生物菌落总数最高峰真菌群落 α -多样性分析

Table 2 Alpha-diversity analysis of fungal communities at peak total microbial colony count during acetic acid fermentation stage in Shanxi aged vinegar under two production modes

样品	真菌 α -多样性			
	ACE指数	Chao1指数	Shannon指数	Simpson指数
A-1	258.56±9.134	379.00±10.245	2.73±0.023	0.13±0.021
A-2	247.74±9.234	372.23±10.458	2.69±0.039	0.14±0.034
B-1	224.32±9.345	222.27±9.234	2.70±0.045	0.11±0.047
B-2	267.31±9.268	292.75±9.367	2.97±0.078	0.15±0.036
C-1	715.15±15.789	639.24±14.267	3.86±0.045	0.80±0.026
C-2	787.37±16.896	587.08±13.278	7.59±0.056	0.99±0.057
D-1	1007.87±20.982	917.63±18.896	7.93±0.064	0.98±0.054
D-2	922.05±18.746	928.33±18.986	8.54±0.089	0.99±0.045

2.3.2 两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数最高峰真菌群落门、属水平上的相对丰度

2.3.2.1 两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数最高峰门水平的真菌群落分析 如图 5 所示,对不同季节的山西老陈醋的传统手工、现代机械制作工艺的醋酸发酵微生物菌落总数最高峰进行检测,按四个季节的两种生产模式菌门的平均相对丰度统计,醋酸发酵最高峰醋醅主要检测到 6 个真菌门:子囊菌

门(Ascomycota, 68.39%)、担子菌门(Basidiomycota, 22.11%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.17%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 1.12%)、毛霉门(Mucoromycota, 0.23%)和罗兹菌门(Rozellomycota, 0.25%),其中子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为醋酸发酵阶段最主要的优势真菌门。崔宁波^[25]研究表明,生料酿制的山西食醋醋酸发酵过程子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)均为优势菌门,最高相对丰度分别为 99.5% 和 34.6%,本研究结果与之类似。

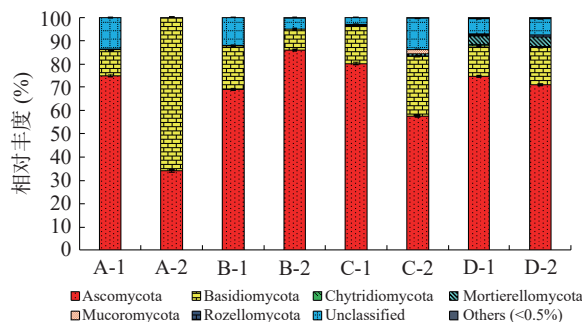


图 5 不同季节传统手工、现代机械生产模式醋酸发酵微生物菌落总数最高峰真菌门相对丰度

Fig.5 Relative abundance of fungal phyla at peak total microbial colony count during acetic acid fermentation under traditional manual and modern mechanical production modes across different seasons

在传统手工和现代机械生产模式的醋醅样品中,子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为优势菌门,其中子囊菌门在二者的平均相对丰度分别为 74.64%、62.15%,担子菌门在二者的平均相对丰度分别为 14.99%、29.23%。朱丹等^[26]研究发现,采用传统和机械制作工艺 6 个不同地区的醋厂的醋酸发酵过程优势菌门均为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota),平均相对丰度分别为 89.60%、7.49%,本研究结果与之类似。

在春季,采用传统手工生产模式醋醅主要检测到 4 个真菌门,分别为子囊菌门(Ascomycota, 74.87%)、担子菌门(Basidiomycota, 11.31%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.01%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 0.28%);采用现代机械生产模式醋醅主要检测到 2 个真菌门,分别为子囊菌门(Ascomycota, 34.10%)、担子菌门(Basidiomycota, 64.87%)。

在夏季,采用两种不同生产模式醋醅均检测到 4 个真菌门,其中优势真菌门为子囊菌门和担子菌门,子囊菌门在传统手工和现代机械生产模式醋醅平均相对丰度分别为 68.93%、86.03%;担子菌门在传统手工和现代机械生产模式醋醅平均相对丰度分别为 18.91%、9.01%。

在秋季,采用传统手工生产模式醋醅主要检测到 5 个真菌门,分别为子囊菌门(Ascomycota, 80.25%)、担子菌门(Basidiomycota, 16.40%)、被孢霉门

(Mortierellomycota, 0.10%)、毛霉门(Mucoromycota, 0.19%)和罗兹菌门(Rozellomycota, 0.03%); 采用现代机械生产模式醋醅主要检测到 6 个真菌门, 分别为子囊菌门(Ascomycota, 57.56%)、担子菌门(Basidiomycota, 25.81%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.12%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 1.01%)、毛霉门(Mucoromycota, 1.63%)和罗兹菌门(Rozellomycota, 0.14%)。

在冬季, 采用两种生产模式醋醅均检测到 5 个真菌门, 其中优势真菌门为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)。子囊菌门(Ascomycota)在传统手工和现代机械生产模式醋醅平均相对丰度分别为 74.50%、70.91%; 担子菌门(Basidiomycota)传统手工和现代机械生产模式醋醅平均相对丰度分别为 13.32%、16.23%。

四个季节两种生产模式微生物菌落总数最高峰醋醅中的优势真菌门均为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota), 其中子囊菌门(Ascomycota)占绝对的优势, 不同季节的两种生产模式子囊菌门(Ascomycota)的平均相对丰度存在差异, 其中夏季的平均相对丰度最高为 77.48%, 其次为冬季、秋季和春季。叶晓婷^[27]对镇江香醋不同季节醋醅中的优势菌门研究结果也证实, 其中子囊菌门(Ascomycota)是主要的优势菌门, 其相对丰度从高到低依次是秋季、冬季、夏季、春季, 菌群变化差异性体现了原料、工艺、气候和环境的差异性。

2.3.2.2 两种生产模式下醋酸发酵微生物菌落总数最高峰属水平的真菌群落分析 如图 6 所示, 在不同季节, 两种生产模式醋酸发酵微生物菌落总数最高峰醋醅样品共检测到 69 个真菌属, 根据四个季节的

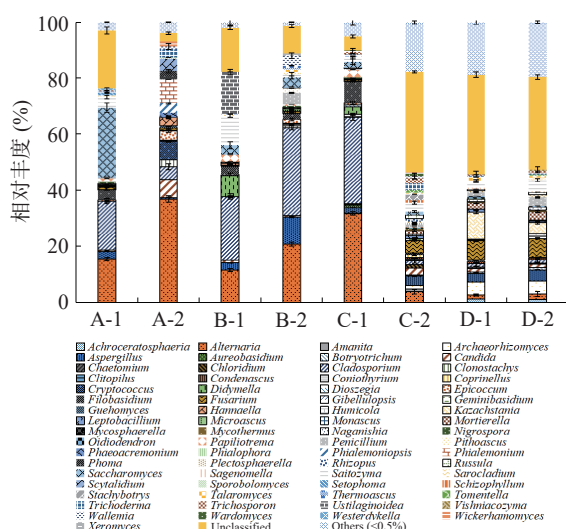


图 6 不同季节传统手工、现代机械生产模式醋酸发酵微生物菌落总数最高峰真菌属相对丰度

Fig.6 Relative abundance of fungal genera at peak total microbial colony count during acetic acid fermentation under traditional manual and modern mechanical production modes across different seasons

两种生产模式菌属的平均相对丰度统计, 其中优势菌属 2 个, 分别为链格孢属(*Alternaria*, 15.39%)和枝孢属(*Cladosporium*, 13.89%)。薛虎贵^[28]研究表明, 山西陈醋醋酸发酵阶段, 仍能检测出曲霉属(*Aspergillus*), 本研究结果与之存在一定差异, 而本研究结果与枝孢属(*Cladosporium*)相同。Nie 等^[29]研究发现, 山西老陈醋醋酸发酵后期, 复膜孢酵母属(*Saccharomycopsis*)、链格孢属(*Alternaria*)为该阶段的优势菌属。叶晓婷^[27]对不同季节镇江香醋醋醅研究发现, 酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、链格孢属(*Alternaria*)和曲霉属(*Aspergillus*)是占具绝对优势地位的真菌属。

采用两种生产模式的醋酸发酵微生物菌落总数最高峰醋醅样品真菌的种类和优势菌属及其丰度有一定的差异。传统手工生产模式醋醅样品主要检测到 55 个真菌属, 按四个季节的菌属的平均相对丰度统计, 其中优势菌属为哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 2.41%)、曲霉属(*Aspergillus*, 2.58%)、线黑粉菌属(*Filobasidium*, 3.75%)、酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 7.59%)、链格孢属(*Alternaria*, 14.98%)和枝孢属(*Cladosporium*, 18.09%), 王超敏^[30]研究发现, 在山西老陈醋的传统工艺中, 整个醋酸发酵过程的优势菌属为酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、链格孢属(*Alternaria*)和枝孢属(*Cladosporium*), 本文研究结果与之相类似。现代机械生产模式醋醅样品主要检测到 70 个真菌属, 按四个季节的菌属的平均相对丰度统计, 其中优势菌属为假丝酵母属(*Candida*, 2.65%)、曲霉属(*Aspergillus*, 4.33%)、枝孢属(*Cladosporium*, 9.69%)和链格孢属(*Alternaria*, 15.80%)。

在春季, 采用传统手工工艺醋醅主要检测到 25 个真菌属, 其中优势真菌属为酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、枝孢属(*Cladosporium*)、链格孢属(*Alternaria*)、线黑粉菌属(*Filobasidium*)和曲霉属(*Aspergillus*), 相对丰度分别为 24.91%、17.55%、15.44%、3.55% 和 2.76%; 采用现代机械工艺醋醅共检测到 23 个真菌属, 其中优势真菌属为链格孢属(*Alternaria*)、假丝酵母属(*Candida*)、枝孢属(*Cladosporium*)、节格孢属(*Scytalidium*)、木霉属(*Trichoderma*)和汉纳酵母属(*Hannaella*), 相对丰度分别为 36.90%、6.40%、4.54%、4.24%、3.01% 和 2.94%。

在夏季, 采用传统手工工艺醋醅共检测到 20 个真菌属, 其中优势菌属为枝孢属(*Cladosporium*, 22.73%)、链格孢属(*Alternaria*, 11.46%)、酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 3.34%)、线黑粉菌属(*Filobasidium*, 3.16%)和曲霉属(*Aspergillus*, 2.62%); 采用现代机械工艺醋醅共检测到 26 个真菌属, 其中优势菌属为枝孢属(*Cladosporium*, 31.57%)、链格孢属(*Alternaria*, 20.72%)、曲霉属(*Aspergillus*, 9.63%)、

酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 3.66%)和 *Wallemia* 属(3.53%)。相比于其他季节,夏季醋醅中的曲霉属相对丰度较高,叶晓婷^[27]也报道夏季镇江香醋醋醅中的曲霉属相对丰度显著高于其他季节。

在秋季,采用传统手工工艺醋醅主要检测到40个真菌属,其中优势菌属为链格孢属(*Alternaria*, 31.64%)、枝孢属(*Cladosporium*, 30.83%)、线黑粉菌属(*Filobasidium*, 7.69%)和酿酒酵母属(*Saccharomyces*, 2.11%);采用现代机械工艺醋醅主要检测到41个真菌属,其中优势菌属为链格孢属(*Alternaria*, 3.73%)、曲霉属(*Aspergillus*, 3.26%)和假丝酵母属(*Candida*, 2.54%)。

在冬季,采用传统手工工艺醋醅主要检测到29个真菌属,其中优势菌属为哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 9.62%)、古根菌属(*Archaeorhizomyces*, 4.73%)、曲霉属(*Aspergillus*, 3.03%)和被孢霉属(*Mortierella*, 2.44%);采用现代机械工艺醋醅主要检测到31个真菌属,其中优势菌属为古根菌属(*Archaeorhizomyces*, 4.73%)、曲霉属(*Aspergillus*, 3.94%)和哈萨克斯坦酵母属(*Kazachstania*, 3.85%)。

山西老陈醋醋酸发酵阶段采用手工陶缸和不锈钢发酵池开放式生产模式,醋酸发酵微生物菌落总数高峰期温度达45℃,属于高温醋酸发酵工艺,高温促使微生物菌群自我净化、组装、从而有利于保证菌群稳定性和最终产品风味、品质的稳定性。测定结果显示同一生产模式下,不同季节的醋醅样品中真菌群落组成具有显著差异。传统手工工艺下,春、夏、秋季的菌属菌群类似,主要是酿酒酵母属(*Saccharomyces*)、枝孢属(*Cladosporium*)、链格孢属(*Alternaria*)、线黑粉菌属(*Filobasidium*)和曲霉属(*Aspergillus*)。现代机械模式下,秋、冬两季优势真菌菌属的种类较相似。传统陶缸固态醋酸模式由于发酵体系小,翻醅均匀,从而有利于保证醋醅温度和溶氧的一致性,从而有利于保证醋醅稳定性和菌群的稳定性。现代机械不锈钢池大生产模式,由于受到发酵体系大及目前翻醅机性能所限,容易造成翻醅不均匀、溶氧量差、物料含水量高,菌群季节差异性大、醋产率低、批次品质不稳定等问题。因此发酵池的优化、翻醅机的迭代升级、大型固态醋酸发酵罐的开发及基于物联网的发酵监测系统,实时监控温度、酸度、乙醇浓度等,是未来重要的研究和产业化方向。

3 结论

本文对山西老陈醋传统手工陶缸和现代酒精发酵罐/固态醋酸发酵池两种不同生产模式、不同生产季节的酒精和醋酸发酵微生物菌落总数最高峰时期真菌群落进行分析,结果表明,不同生产模式下老陈醋生产菌群多样性和结构明显不同,同一生产模式下,菌群季节差异性也比较明显。在酒精发酵阶段,传统陶缸工艺下,春、夏、秋季酒醅真菌菌群类似,主要是酿酒酵母属、曲霉属、链格孢属、红曲霉属、嗜

热子囊菌属;冬季菌群与前三季相比菌群差异显著,除了曲霉属是优势菌属外,哈萨克斯坦酵母属和古根菌属占优势比例;在现代机械生产模式下,夏、秋两季的酒醅真菌菌群相似性较高。进入醋酸发酵阶段,传统陶缸手工模式在春季和夏季优势真菌菌属种类较相似,主要为酿酒酵母属、枝孢属、链格孢属、线黑粉菌属和曲霉属,而现代机械模式在不同季节真菌菌属种类相似性较小,夏季两种生产模式的优势真菌菌属种类较相似。本研究将为老陈醋酒精发酵、固态醋酸发酵智能装备研发、发酵体系多尺度参数的在线检测、数字化分析及调控关键技术的开发应用和产业化落地提供数据支持。

© The Author(s) 2025. 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] 黄孝东,徐业鑫. 非物质文化遗产生产性保护的探索与实践——以山西东湖醋园为例[J]. 西北民族研究, 2020(1): 187-199. [HUANG X D, XU Y X. Exploration and practice of productive protection of intangible cultural heritage: A case study of Donghu vinegar garden in Shanxi[J]. North West Ethno-national Studies North West Ethno-national Study, 2020(1): 187-199.]
- [2] 邢晓莹,孟卫凯,张慧妍,等. 基于高通量测序分析山西老陈醋醋酸发酵过程中细菌群落的演替规律[J]. 食品工业科技, 2024, 45(17): 147-154. [XING X Y, MENG W K, ZHANG H Y, et al. Bacterial community analysis of Shanxi aged vinegar during the fermentation by high-throughput sequencing[J]. Science and Technology of Food Industry, 2024, 45(17): 147-154.]
- [3] 陈旭峰,刘丹彤,王佳丽,等. 山西老陈醋大曲真菌群落结构及多样性分析[J]. 中国食品学报, 2021, 21(10): 206-214. [CHEN X F, LIU D T, WANG J L, et al. Analysis of fungal community structure and diversity in Daqu from Shanxi aged vinegar[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2021, 21(10): 206-214.]
- [4] 郭宏萍. 优良菌株组合发酵对食醋大曲和酿造过程中的代谢调控[D]. 晋中: 山西农业大学, 2021. [GUO H P. Metabolic regulation of vinegar Daqu and brewing process by combined brewing of excellent strains[D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2021.]
- [5] 张天震. 山西老陈醋微生物酿造机理及四大名醋指纹图谱差异性研究[D]. 晋中: 山西农业大学, 2019. [ZHANG T Z. The brewing mechanism by microorganisms of Shanxi aged vinegar and the difference of fingerprints in Chinese four famous vinegar[D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2019.]
- [6] 刘稼鑫,叶晓婷,余永建,等. 传统食醋发酵区系中微生物群落及相互作用关系研究进展[J]. 食品科学, 2023, 44(17): 225-234. [LIU J X, YE X T, YU Y J, et al. Microbial communities and their interaction in traditional vinegar fermentation process: A review[J]. Food Science, 2023, 44(17): 225-234.]
- [7] 曹晋宜,宋春雪,赵红年. 山西老陈醋两步醋酸发酵工艺新技术[J]. 中国调味品, 2016, 41(5): 103-106. [CAO J Y, SONG C X, ZHAO H N. Liquid-Solid acetic acid fermentation new technology of Shanxi mature vinegar[J]. China Condiment, 2016, 41(5): 103-106.]

- [8] 谢慧,张雷,曹胜炎,等.工业化固态发酵设备研究进展[J]. *生物加工过程*, 2017, 15(3): 42-52. [XIE H, ZHANG L, CAO S Y, et al. Advance of industrialized solid-state fermentators[J]. *Chinese Journal of Bioprocess Engineering*, 2017, 15(3): 42-52.]
- [9] 赵亚民. 固态发酵制醋工艺的全过程机械化[J]. *江苏调味副食品*, 1999(1): 16-18. [ZHAO Y M. The whole process of solid-state fermentation vinegar production is mechanized[J]. *Jiangsu Condiment and Subsidiary Food*, 1999(1): 16-18.]
- [10] 赵德安. 现代科技与传统工艺相结合提高食醋质量[J]. *中国酿造*, 2003(5): 1-4. [ZHAO D A. Improvement of vinegar quality by the combination of modern science and technology with traditional technology[J]. *China Brewing*, 2003(5): 1-4.]
- [11] 郎繁繁,夏瑶瑶,申瑾,等.不同酿造工艺对山西老陈醋乙偶姻及川芎嗪含量的影响[J]. *中国酿造*, 2024, 43(6): 128-132. [LANG F F, XIA Y Y, SHEN J, et al. Effects of different brewing techniques on the contents of ACEtoin and ligustrazine in Shanxi aged vinegar[J]. *China Brewing*, 2024, 43(6): 128-132.]
- [12] 中华人民共和国国家卫生健康委员会. GB 4789.2-2022 食品微生物学检验 菌落总数测定[S]. 北京: 中国标准出版社, 2022. [National Health Commission of the People's Republic of China. GB 4789.2-2022 Microbiological examination of food-Determination of total bacterial count[S]. Beijing: Standards Press of China, 2022.]
- [13] HRUTA S, UENO S, EGAWA I, et al. Succession of bacterial and fungal communities during a traditional pot fermentation of rice vinegar assessed by PCR-mediated denaturing gradient gel electrophoresis[J]. *Int J Food Microbiol*, 2006, 109(1-2): 79-87.
- [14] LIMBERIS J D, NALYVAYKO A, ERNST J D, et al. A simple, single-tube overlapping amplicon-targeted Illumina sequencing assay[J]. *PLoS One*, 2023, 18(9): e0288687.
- [15] HUANG T, LU Z M, PENG M Y, et al. Combined effects of fermentation starters and environmental factors on the microbial community assembly and flavor formation of Zhenjiang aromatic vinegar[J]. *Food Research International*, 2022, 152: 110900.
- [16] HU B, ZHOU M, SU J, et al. Study of fungal communities in dry red wine fermentation in Linfen appellation, Shanxi[J]. *Fermentation*, 2022, 8(10): 475.
- [17] 李荣源,卢红梅,秦兴,等.高通量测序分析赤水晒醋各生产阶段微生物群落结构变化[J]. *食品科学*, 2020, 41(24): 78-86. [LI R Y, LU H M, QIN X, et al. High-throughput sequencing study on changes in microbial community structure in different production stages of Chishui sun-dried vinegar[J]. *Food Science*, 2020, 41(24): 78-86.]
- [18] HUANG Y Y, LIANG Z C, LIN X Z, et al. Fungal community diversity and fermentation characteristics in regional varieties of traditional fermentation starters for Hongqu glutinous rice wine[J]. *Food Research International*, 2021, 141: 110146.
- [19] 张桂容,冯洁雅,蔡吉,等.四川晒醋固态发酵过程中理化因子与真菌群落结构的动态变化规律[J]. *食品工业科技*, 2022, 43(9): 131-138. [ZHANG G R, FENG J Y, CAI J, et al. Dynamic changes of physicochemical properties and fungal community structure during solid-state fermentation of Sichuan sun vinegar[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2022, 43(9): 131-138.]
- [20] PENG Q, ZHANG L L, HUANG J J, et al. Environmental factors affecting the diversity and composition of environmental microorganisms in the Shaoxing rice wine producing area[J]. *Foods*, 2023, 12(19).
- [21] 杨玲,彭佳伟,郭旭凯,等.基于高通量测序山西老陈醋和怀仁醋酒精发酵初期酒醅真菌菌群研究[J]. *中国酿造*, 2024, 43(4): 109-114. [YANG L, PENG J W, GUO X K, et al. Fungal flora of fermented grains of Shanxi aged vinegar and Huairan vinegar in early alcohol fermentation based on high-throughput sequencing[J]. *China Brewing*, 2024, 43(4): 109-114.]
- [22] 寇蓉. 液固发酵山西陈醋酿造微生物溯源与季节演替研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2022. [KOU R. Study on microbial source tracking and seasonal succession of Shanxi mature vinegar with liquid-solid fermentation craft[D]. Taiyuan: Taiyuan University of Technology, 2022.]
- [23] 李敏. 夏冬两季食醋微生物群落演替特征及其特征微生物研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2019. [LI M. Succession characteristics of microbiota and characteristic microbes in vinegar brewing during summer and winter[D]. Taiyuan: Taiyuan University of Technology, 2019.]
- [24] 范三红,薛虎贵,白宝清,等.山西陈醋发酵过程微生物群落动态分析及差异菌属筛选[J]. *食品工业科技*, 2022, 43(24): 171-179. [FAN S H, XUE H G, BAI B Q, et al. Dynamic analysis of microbial community and selection of different genera during fermentation of Shanxi vinegar[J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2022, 43(24): 171-179.]
- [25] 崔宁波. 利用 DNA 高通量测序技术分析生料酿醋过程中的真菌多样性[D]. 太原: 山西大学, 2019. [CUI N B. Analysis of fungal diversity in vinegar brewing with raw materials by DNA high-throughput sequencing[D]. Taiyuan: Shanxi University, 2019.]
- [26] 朱丹,孙晓琪,张慧如,等.山西老陈醋发酵过程中真菌菌群结构及多样性[J]. *中国酿造*, 2023, 42(6): 103-108. [ZHU D, SUN X Q, ZHANG H R, et al. Structure and diversity of fungal community structure in Shanxi aged vinegar during fermentation process[J]. *China Brewing*, 2023, 42(6): 103-108.]
- [27] 叶晓婷. 不同季节镇江香醋风味品质差异性及与微生物菌群演替的相关性研究[D]. 镇江: 江苏科技大学, 2023. [YE X T. Study on the differences in flavor and quality of Zhenjiang aromatic vinegar in different seasons and their correlation with the succession of microbial flora[D]. Zhenjiang: Jiangsu University of Science and Technology, 2023.]
- [28] 薛虎贵. 陈醋发酵过程中风味物质变化及微生物群落分析[D]. 太原: 山西大学, 2023. [XUE H G. Changes of flavoring substances and microbial community in fermentation of vinegar[D]. Taiyuan: Shanxi University, 2023.]
- [29] NIE Z Q, ZHENG Y, DU H F, et al. Dynamics and diversity of microbial community succession in traditional fermentation of Shanxi aged vinegar[J]. *Food Microbiol*, 2015, 47: 62-68.
- [30] 王超敏. 山西老陈醋传统发酵工艺过程中菌群变化及优良菌株间的互作研究[D]. 晋中: 山西农业大学, 2021. [WANG C M. Changes of flora and the interaction between excellent strains in the traditional fermentation process of Shanxi aged vinegar[D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2021.]