



## 白酒可培养微生物数据库构建

邹伟<sup>1,2\*</sup>, 寇慧<sup>1</sup>, 韩畅<sup>3</sup>

<sup>1</sup>四川轻化工大学生物工程学院, 四川 宜宾 644005

<sup>2</sup>四川轻化工大学浓香型白酒资源微生物开发与大数据应用研究室, 四川 宜宾 644005

<sup>3</sup>上海美吉生物医药科技有限公司, 上海 200120

**摘要:** 【目的】白酒可培养微生物的分离筛选是白酒行业重要的研究内容, 本文旨在构建中国白酒生产环境中可培养微生物信息数据库。【方法】数据库信息主要来源于通过人工查阅和整理目前已发表的白酒微生物的相关的文献报道和菌种保藏中心相关的筛选自白酒生态系统的微生物信息。数据库主要设计 3 个功能: (1) 白酒可培养微生物信息检索: 通过菌株名称、分离位置、培养基、代谢产物等为条件检索相关的白酒可培养微生物信息, 从而获取该白酒微生物详细的生理生化与分类学信息; (2) 培养基信息检索: 通过特定培养基成分, 培养基编号和名称检索相关的培养基信息, 包括培养的组成和配制方法。(3) 数据更新: 在线上传新的可培养微生物和培养基信息。【结果】目前数据库共收 1221 种白酒可培养微生物和 295 种培养基信息, 网址为: <http://cmbaijiu.i-sanger.com/>。【结论】本数据库是我国白酒领域首个可培养微生物信息的数据库, 将有助于白酒微生物培养的相关研究工作开展。

**关键词:** 白酒, 可培养微生物, 培养基, 数据库

白酒是中国国酒<sup>[1]</sup>, 2020 年全国规模以上白酒企业产量达  $740.73 \times 10^7$  L, 总销售额超过 5836.39 亿元。白酒的生产过程中微生物群落起着重要作用, 与白酒的品质密切相关<sup>[2]</sup>。白酒生产系统中的微生物群落是一个巨大的资源宝库。开发白酒微生物可以选育优良的酿酒微生物, 用于改善白酒的品质<sup>[3]</sup>; 同时白酒微生物中也存在大

量的潜在资源微生物<sup>[4]</sup>, 可用于工业发酵生产特定的代谢产品。从 20 世纪 50 年代开始, 白酒微生物的分离筛选工作一直是酿酒工作者研究的热点。许多具有独特功能的重要酿酒微生物被分离筛选并鉴定, 有效的推动了白酒行业的发展。同时, 相关研究工作建立了一系列高效的分离筛选培养基, 可用于白酒微生物的培养。但是, 相

基金项目: 四川轻化工大学人才引进项目(2020RC36); 川酒文化国际传播研究中心资助(CJCB2021-06)

\*通信作者。E-mail: weizou1985@163.com

收稿日期: 2021-06-23; 修回日期: 2021-11-05; 网络出版日期: 2021-11-10

关工作成果较为零散，目前尚未出现一种数据库平台可以查阅现阶段白酒可培养微生物信息，可有效的协助白酒工作者快速查找相关白酒微生物及其培养方法和所产风味物质。构建酿酒微生物代谢产物及其菌种库以及风味物质数据库是未来中国白酒研究和发展的重点之一<sup>[5]</sup>。

## 1 材料和方法

### 1.1 数据来源

白酒可培养微生物数据库(Database of cultivated microorganisms of Chinese Baijiu, CMBaijiu)数据主要来源于：(1) 目前已发表的白酒微生物的相关的文献报道；(2) 菌种保藏中心相关的筛选自白酒生态系统的微生物信息。主要提取的信息有微生物所属种属、分离位置、培养基成分以及培养条件、主要发酵产物、白酒香型、微生物与其他微生物的相互作用关系、菌种编号、

以及参考文献。截止目前，共整理出 1221 种微生物，295 种培养基，囊括相关文献 194 篇。

### 1.2 数据库平台的系统架构

白酒可培养微生物数据库系统主要包括 2 部分(图 1)：前端页码与后端管理系统。

前端页面主要包括：(1) 首页，主要是数据库简介以及数据库相关的统计信息；(2) 微生物和培养基的检索页面，可以通过不同的检索栏目检索相关的白酒微生物和培养基信息；(3) 数据上传，主要是外界科研人员可以自己按照一定格式上传相关的白酒微生物和培养基信息，用于数据库的更新；(4) 联系我们，主要是项目团队的联系途径。

后端管理系统主要包括登录系统，进入后可以对上传的培养基和微生物数据库进行审核，审核通过后可以将数据上传网上，实现数据更新。另外的系统设置中设计了不同的管理权限，包括角色管理、权限管理和管理员管理。

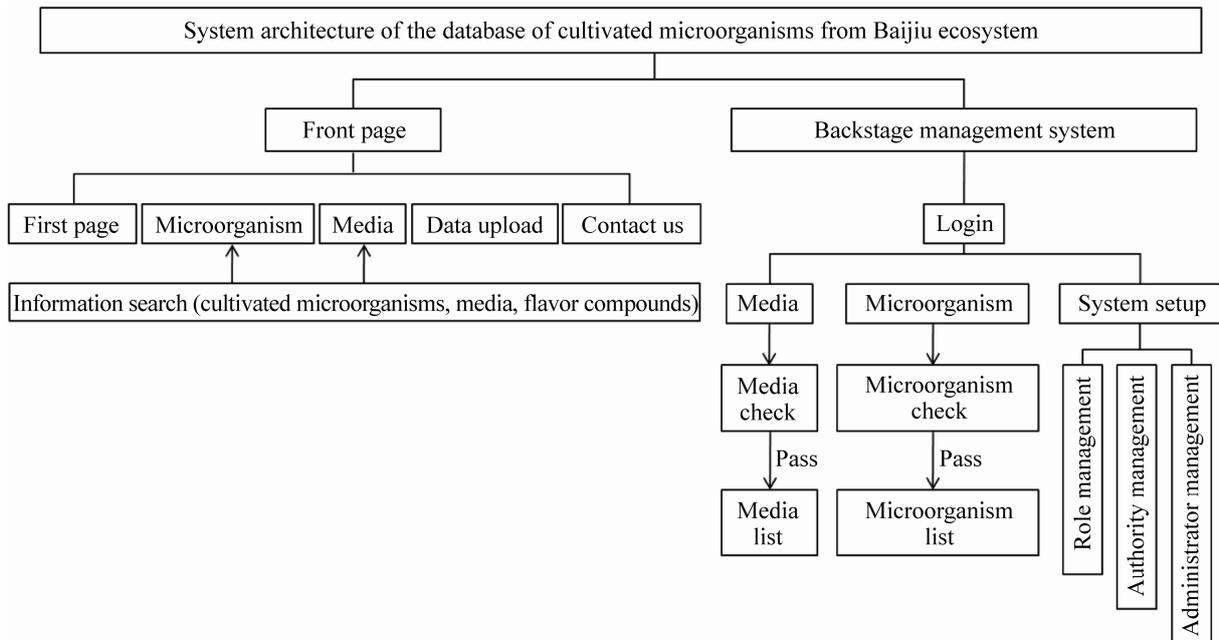


图 1. 白酒可培养微生物数据库平台架构图

Figure 1. Platform architecture diagram of the database of cultivated microorganisms from Baijiu ecosystem.

### 1.3 数据库平台运行环境介绍

白酒可培养微生物数据库平台前端采用 HTML+CSS+Jquery 技术, 并在 Layui 框架上进行页面排版, 后端语言选用 PHP7+, 在 Thinkphp6 框架基础上进行开发, 数据库采用 Mysql5.7。

该项目采用的编译器是 PhpStorm, 数据库管理工具 Navicat, 线上运行环境为 LNMP (Linux+Nginx+Mysql+PHP), 硬件环境为 1U 机架式服务器。处理器: Xeon E5620, 内存: 1G DDR3 REG ECC, 硬盘: SSD 100G。

## 2 结果和讨论

### 2.1 白酒可培养微生物数据库平台特性

白酒可培养微生物数据库(网址: <http://cmbaijiu.i-sanger.com/>), 目前囊括了已发表

论文以及专利中所报道的所有白酒相关微生物的信息数据, 共包括 1221 种微生物, 295 种培养基和相关文献 194 篇。同时, 平台数据会随着新出现的数据不断更新。另外, 该平台还设有英文版本, 方便相关数据的国际交流。

### 2.2 白酒可培养微生物数据库检索功能

**2.2.1 白酒可培养微生物信息检索:** CMBaijiu 数据库平台针对可培养微生物设计了 4 种检索栏目, 菌株名称、筛选信息以及参考文献信息和代谢产物信息。可以通过检索相关的信息, 得到所有已报道的白酒微生物信息。例如查询目前已报道的从窖泥中筛选的白酒微生物, 可以在检索栏输入“窖泥”, 最终检索得到 196 个菌株信息(图 2)。点击最左边的菌种数据库编号, 可以从弹出窗口中得到该菌株的详细信息。例如点击“BJX2017clce001”, 即出现该菌的详细信息(图 3)。

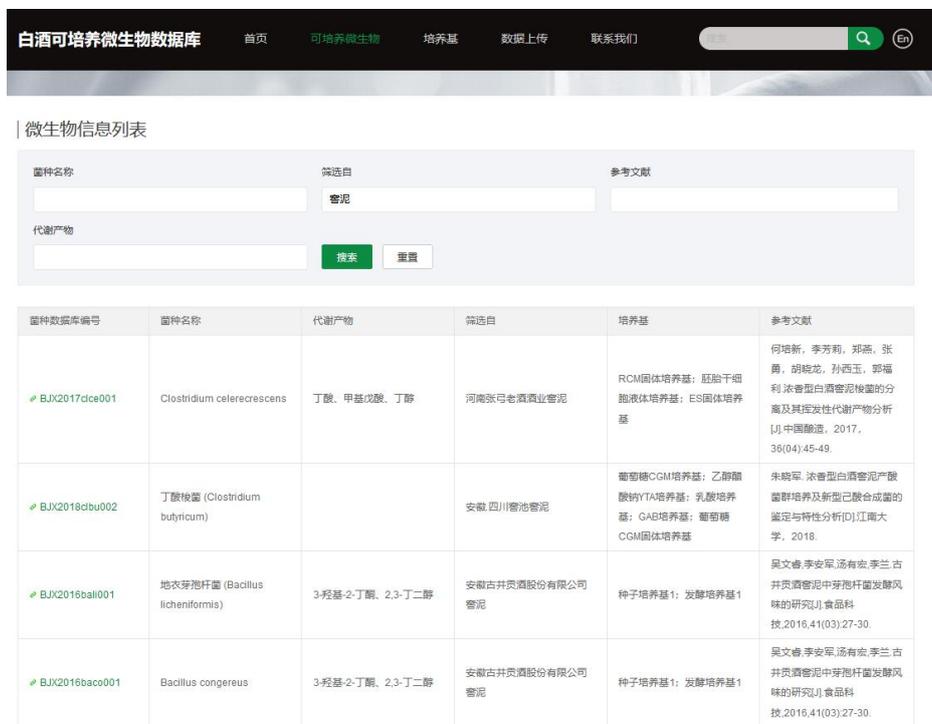


图 2. 白酒可培养微生物检索事例(以“窖泥”检索条件)

Figure 2. Retrieval cases of cultivated microorganisms of Chinese Baijiu. Using “pit mud” as the key words.



图 3. 白酒可培养微生物数据库编号 BJX2017clce001 微生物详细信息

Figure 3. Detail information of microorganism numbered “BJX2017clce001” in CMBaijiu.

**2.2.2 培养基检索信息:** 数据库平台设计了 4 个培养基检索栏目: 培养基数据库编号、培养基名称、培养基成分以及参考文献。从白酒微生物检索处得到的培养基信息可以在这里检索得到详细的培养基成分及其配制方法, 为后期实验提供支持。例如梭菌的培养基里通常含有半胱氨酸盐酸盐, 在检索栏里输入“半胱氨酸盐酸盐”, 最终可以得到 10 种培养基信息(图 4)。

### 2.3 数据上传

CMBaijiu 数据库平台设置了数据上传功能, 可以让白酒微生物领域工作者上传自己的可培养白酒微生物数据到 CMBaijiu 数据库平台(图 5)。CMBaijiu 数据库平台提供了上传的可培养微生物信息和培养基信息模板文件, 按照所设的格式就可以完成数据上传。

## 3 结论

白酒微生物及其功能对白酒品质具有重要影响。解析白酒微生物群落的结构和功能来阐释白酒关键风味物质形成机理是目前白酒研究的热点。该项工作主要需阐明 2 个问题: (1) 微生物群落系统中的微生物组成及其动态变化; (2) 微生物群落系统中各组成成员的功能以及群落的系统功能。针对第 1 个问题, 主要通过微生物纯培养分离筛选群落中的微生物并鉴定物种类别<sup>[6]</sup>; 同时基于免培的技术如变性梯度凝胶电泳(DGGE)、扩增子测序等也用于研究微生物群落系统中成员组成<sup>[4]</sup>。针对第 2 个问题, 可通过纯培养微生物解析其生理特性与功能, 也可通过全基因组测序和功能注释详细了解该微生物的遗传背景和代谢潜力<sup>[7]</sup>; 同时, 基于群落水平

培养基数据库名称	培养基名称	成分(每升培养基)	参考文献
BJM025	RCM固体培养基	蛋白胨10g, 牛肉膏10g, 酵母膏3g, 葡萄糖5g, 可溶性淀粉1g, 氯化钠5g, 乙酸钠3g, L-半胱氨酸盐酸盐0.5g	何培新, 李芳莉, 郑燕, 张勇, 胡晓龙, 孙西玉, 郭福利. 浓香型白酒窖泥梭菌的分离及其挥发性代谢产物分析[J]. 中国酿造, 2017, 36(04):45-49.
BJM026	强化梭菌培养基 (RCM)	蛋白胨10g, 酵母膏3g, 牛肉膏10g, 葡萄糖5g, 可溶性淀粉1g, 乙酸钠3g, L-半胱氨酸盐酸盐0.5g, 氯化钠3g, 蒸馏水1000mL, 琼脂20g, pH 8.5, 刃天青3mg/L, 121°C 灭菌30min	Hirsch A, Grinstead E. Methods for the growth and enumeration of anaerobic spore-formers from cheese, with observations on the effect of nisin[J]. Journal of Dairy Research, 1954, 21(1):101-110. 田雨思, 衡小成, 邹伟, 等. 浓香型白酒窖泥中梭菌的分离、鉴定及产丁酸性能的比较研究[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(23):60-65. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/TS.021767. 勾文君, 田源, 孔小勇, 吴非非, 方芳. 洋河酒窖泥细菌群落结构与菌株产酸能力分析[J]. 微生物学通报, 2020, 47(06):1651-1661.
BJM054	发酵培养基9 (同RCM培养基)	蛋白胨10g, 酵母膏3g, 葡萄糖5g, 可溶性淀粉1g, 乙酸钠3g, L-半胱氨酸盐酸盐0.5g, 刃天青钠盐 (厌氧指示剂) 1mg, 琼脂20g, 自然pH, 121°C 灭菌20min	田雨思, 衡小成, 邹伟, 等. 浓香型白酒窖泥中梭菌的分离、鉴定及产丁酸性能的比较研究[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(23):60-65. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/TS.021767.
BJM085	富集培养基1	4-吗啉乙磺酸0.5g, 磷酸二氢钾0.5g, 碳酸氢钠0.3g, 硝酸铵0.3g, 无水碳酸钾0.15g, 酵母膏1g, 蛋白胨1.5g, 葡萄糖0.5g, 可溶性淀粉5g, 乙酸钠3g, 乳酸钠3mL/L, L-半胱氨酸盐酸盐1g, 窖泥浸提液20mL/L, 刃天青钠盐 (厌氧指示剂) 1mL, 自然pH, 121°C 灭菌20min	田雨思, 衡小成, 邹伟, 等. 浓香型白酒窖泥中梭菌的分离、鉴定及产丁酸性能的比较研究[J]. 食品与发酵工业, 2019, 45(23):60-65. DOI:10.13995/j.cnki.11-1802/TS.021767.

图 4. 培养基信息检索事例(以“半胱氨酸盐酸盐”为检索条件)

Figure 4. Retrieval cases of media information in CMBaijiu. Using “cysteine hydrochloride” as the key words.

白酒可培养微生物数据库 首页 可培养微生物 培养基 数据上传 联系我们

数据上传

微生物信息 [上传文件](#) 微生物信息上传表格模板 [模板下载](#)

培养基信息 [上传文件](#) 培养基信息上传表格模板 [模板下载](#)

上传流程

↓ 下载模板 → 填写完成 → ↑ 数据上传 → 成功 → 数据审核 → 通过 → 数据库显示

图 5. 白酒可培养微生物数据库数据上传页面

Figure 5. Data upload page of the CMBaijiu.

的宏基因组测序、宏蛋白质组学、宏转录组学也能分析微生物群落中各成员的组成与功能元件<sup>[8-10]</sup>。常用的免培分析方法均依赖于现有的、有限数量的参考基因组以及所用参考基因组的覆盖度和质量。而白酒生产过程涉及的微生物生态系统环境较为特殊，缺乏大量的可培养微生物的参考信息。因此，基于已有微生物培养基信息，大量高覆盖率地筛选白酒可培养微生物是解析白酒微生物群落机制的前提。基于此，白酒可培养微生物数据库基本整合了目前所有的已鉴定的白酒可培养微生物及其培养信息，共包括 1221 种微生物和 295 种培养基(截止 2021 年 10 月 27 日)。本数据库的构建，将推进白酒可培养微生物的发展，以及解析白酒微生物群落机制。但是该数据库也存在一些亟待改进的地方：(1) 数据库数据均来自于文献和菌株保藏信息，自身保藏的菌种信息还不是很多；(2) 仅包含白酒可培养微生物的培养信息，相关的 16SrRNA 信息或基因组信息并未提供，限制了数据库的进一步开发应用。白酒可培养微生物数据库后期将围绕这些问题持续改进。

## 参 考 文 献

- [1] Zheng XW, Han BZ. Baijiu (白酒), Chinese liquor: History, classification and manufacture. *Journal of Ethnic Foods*, 2016, 3(1): 19–25.
- [2] Liu HL, Sun BG. Effect of fermentation processing on the flavor of baijiu. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2018, 66(22): 5425–5432.
- [3] Xu Y. Study on liquor-making microbes and the regulation & control of their metabolism based on flavor-oriented technology. *Liquor-Making Science & Technology*, 2015(2): 1–11, 16. (in Chinese)
- 徐岩. 基于风味导向技术的中国白酒微生物及其代谢调控研究. *酿酒科技*, 2015(2): 1–11, 16.
- [4] Zou W, Zhao CQ, Luo HB. Diversity and function of microbial community in Chinese strong-flavor baijiu ecosystem: a review. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 671.
- [5] Sun BG, Sun JY, Gong LL, Sun XT. Perspectives on the long-term development trend and research emphasis of Chinese Baijiu (Chinese Liquor). *Journal of Light Industry*, 2016, 31(1): 6–11. (in Chinese)
- 孙宝国, 孙金沅, 宫俐莉, 孙啸涛. 中国白酒中长期发展趋势与研究重点之管见. *轻工学报*, 2016, 31(1): 6–11.
- [6] Xu JL, Sun LP, Xing X, Sun ZB, Gu HY, Lu X, Li ZP, Ren Q. Culturing bacteria from fermentation pit muds of baijiu with culturomics and amplicon-based metagenomic approaches. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 1223.
- [7] Wang YS, Li B, Dong H, Huang XD, Chen RY, Chen XJ, Yang LJ, Peng B, Xie GP, Cheng W, Hao B, Li CR, Xia JF, Zhang BC. Complete genome sequence of *Clostridium kluyveri* JZZ applied in Chinese strong-flavor liquor production. *Current Microbiology*, 2018, 75(11): 1429–1433.
- [8] Tao Y, Wang X, Li XZ, Wei N, Jin H, Xu ZC, Tang QL, Zhu XY. The functional potential and active populations of the pit mud microbiome for the production of Chinese strong-flavour liquor. *Microbial Biotechnology*, 2017, 10(6): 1603–1615.
- [9] Zhou W, Liao ZM, Wu ZY, Suyama T, Zhang WX. Analysis of the difference between aged and degenerated pit mud microbiome in fermentation cellars for Chinese Luzhou-flavor baijiu by metatranscriptomics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2021, 101(11): 4621–4631.
- [10] Liu MK, Tang YM, Guo XJ, Zhao K, Penttinen P, Tian XH, Zhang XY, Ren DQ, Zhang XP. Structural and functional changes in prokaryotic communities in artificial pit mud during Chinese baijiu production. *mSystems*, 2020, 5(2): e00829-19.

# Construction of the database of cultivated microorganisms for Chinese Baijiu

Wei Zou<sup>1,2\*</sup>, Hui Kou<sup>1</sup>, Chang Han<sup>3</sup>

<sup>1</sup> College of Bioengineering, Sichuan University of Science and Engineering, Yibin 644005, Sichuan Province, China

<sup>2</sup> Research Laboratory of Baijiu Resource Microorganisms and Big Data, Sichuan University of Science and Engineering, Yibin 644005, Sichuan Province, China

<sup>3</sup> Shanghai Majorbio Bio-pharm Technology Co., Ltd, Shanghai 200120, China

**Abstract:** [Objective] Isolation and screening of cultivated microorganisms in Baijiu is an important research focus in Baijiu industry. The aim of this paper is to construct the database of cultivated microorganisms from the ecosystem of Chinese Baijiu (CMBaijiu). [Methods] The data of CMBaijiu is collected from the published literatures on the Baijiu microorganisms and microbial information from Baijiu ecosystem by strain preservation center. The database contains three main functions: (1) Retrieval of cultivated microorganisms in Baijiu: the information of cultivated microorganisms in Baijiu can be retrieved by the strain name, isolated locations, the medium and the metabolites, so as to obtain the detailed physiological, biochemical and taxonomic information of the microorganisms. (2) Retrieval of media information: medium information including culture composition and preparation methods can be retrieved by specific components, culture media numbers and names. (3) Data update: online uploading information of new cultivated microorganisms and media. [Results] At present, a total of 1221 kinds of culturable microorganisms and 295 kinds of medium information are collected in the CMBaijiu. The website of CMBaijiu is <http://cmbaijiu.i-sanger.com/>. [Conclusion] CMBaijiu is the first database of cultivated microbial information in Chinese Baijiu industry and could be help for the study of cultivated microorganisms in Baijiu.

**Keywords:** Baijiu, cultivated microorganism, medium, database

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the Grant from Sichuan University of Science and Engineering (2020RC36) and by the Sichuan Baijiu Culture International Communication Research Center (CJCB2021-06)

\*Corresponding author. E-mail: weizou1985@163.com

Received: 23 June 2021; Revised: 5 November 2021; Published online: 10 November 2021

**邹伟**, 四川绵阳人, 博士, 四川轻化工大学生物工程学院副教授、硕士生导师。主要研究方向为白酒微生物系统生物学, 包括利用基因与比较基因组学、代谢网络模型的构建与模拟解析白酒资源微生物生理代谢和进化特性, 白酒相关风味物质发酵优化, 白酒微生物数据库开发。目前相关领域已发表论文9篇, 其中SCI论文6篇。

