

啤酒酿造过程对麦芽蛋白结构的影响研究

金蓓¹ 李琳¹ 李冰¹ 刘国琴^{1,2} 朱玉魁¹ 廖加宁²

(1.华南理工大学轻工与食品学院,广东 广州 510640;2.广州珠江啤酒集团有限公司,广东 广州 510315)

摘要: 研究了啤酒酿造过程对麦芽蛋白组分结构和理化性质的影响。结果表明,在酿造过程中蛋白含量逐渐降低,二级结构逐步打开,并使其理化性质发生改变,影响着啤酒的最终品质。从麦汁到发酵液, α -螺旋含量明显降低而无规则卷曲含量却显著增加,导致表面疏水性值和巯基含量降低,形成高分子量蛋白亚基,而从发酵液到啤酒,二级结构变化较小,但表面疏水性值和巯基含量明显增加,蛋白亚基强度降低且有部分蛋白亚基消失。

关键词: 啤酒; 酿造过程; 理化特性; 蛋白结构

中图分类号:TS262.5;TS261.4;TS261.7 文献标识码:A 文章编号:1001-9286(2009)03-0021-05

Effects of Brewing Process on the Structure of Malt Protein

JIN Pei¹, LI Lin¹, LI Bing¹, LIU Guo-qin^{1,2}, ZHU Yu-Kui¹ and LIAO Jia-ning²

(1.Light Industry & Food Science College of South China Technical Institute, Guangzhou, Guangdong 510640;

2. Guangzhou Zhujiang Beer Group Co.Ltd., Guangzhou, Guangdong 510305, China)

Abstract: The effects of brewing process on the structure and the physicochemical properties of malt protein were studied in this paper. The results showed that protein content decreased gradually during the brewing process, secondary structure unfolded gradually, which resulted in the change of physicochemical properties of malt protein and further influenced beer quality. From wort to fermented wort, α -helix content decreased while random coil content increased significantly, which resulted in the decrease of hydrophobicity and sulfhydryl content and the formation of high molecular weight protein. From fermented wort to beer, secondary structure had little change, hydrophobicity and sulfhydryl content obviously increased, the intensity of protein subunit bands decreased, as well as part of protein bands vanished.

Key words: beer; brewing process; physicochemical properties; protein structure

啤酒的酿造过程可分为以下几个工序:糖化、麦汁煮沸、发酵、啤酒的澄清与稳定化处理^[1~2]。啤酒中的蛋白质均来自大麦蛋白,这些蛋白在酿造过程中发生了一系列的结构和化学变化,从而使得啤酒蛋白成为具有表面活性的物质,有利于啤酒泡沫的形成及稳定性。大麦蛋白中仅有部分水溶性蛋白在酿造过程中能够抵抗水解和热变性,最终存留在啤酒中,而啤酒中最主要的是两种蛋白Protein Z和脂转移蛋白(LTP1)^[3~4]。大麦中LTP1本身起泡性能较差,但经过糖化工序中的糖基化作用和麦汁煮沸工序中的热变性作用可以增加LTP1的双亲性,更有助于吸附在啤酒泡沫的空气-水的界面上,提高其起泡性能^[5~8];而Protein Z则通过美拉德反应形成具有不同酸性等电点的异构体^[9~10]。

尽管从目前所报道的文献来看,蛋白组分在糖化过程中发生糖基化和酰化作用,而在麦汁煮沸中发生热变性,导致结构展开,但对麦芽蛋白在整个酿造过程中的理

化性质和结构的变化在国内外尚无进行深入研究的报道,本研究旨在深入探讨改变麦芽蛋白功能特性的内在化学基础。

1 材料与方法

1.1 材料

麦芽、麦汁、发酵液和啤酒等原料均由珠江啤酒有限公司所提供;Baudin是新品种,品质优良,近几年被引入中国啤酒生产,所以,本研究将该麦芽品种应用于啤酒生产中,并取样于煮沸前的麦汁,发酵液和成品啤酒应用于本研究。

1.2 仪器和设备

LGJ-10 冷冻干燥机(北京四环科学仪器厂);高速冷冻离心机(日本日立公司);ECP3000 三恒电泳仪(北京六一仪器厂);UVP 凝胶成像系统(White/Ultraviolet Transilluminator, 美国);HPLC 氨基酸自动分析仪(美国

基金项目 广东省自然科学基金项目(05200617)、广东高校科技成果转化产业化项目(cgzhzd0704)和广东省科技计划项目(0711110400050)。

收稿日期:2008-12-10

作者简介:金蓓(1981-),女,博士研究生。

通讯作者:李琳(1962-),男,教授,博士生导师,主要研究方向为糖类物质及其药物制备与生物利用,E-mail:scutfelinli@yahoo.cn。

Waters 公司);凯氏定氮仪(BUCHI K-350,瑞士);J-810 园二色谱仪(Jasco,日本);F4500 荧光分光光度计(Hitachi,日本);紫外可见光光度计(UV-1100,北京瑞利)

1.3 方法

1.3.1 酿造过程中蛋白的提取

向麦汁、发酵液和啤酒中缓慢添加硫酸铵使其相对饱和度达到 80%,并继续混合搅拌 30 min,使之形成沉淀,通过离心(7000 g, 20 min)收集沉淀,再将沉淀充分溶解于水中,并在 4℃下透析,最后冷冻干燥。利用微量凯氏定氮法(N×6.25)测定其蛋白含量。

1.3.2 氨基酸含量的测定

采用高效液相色谱(HPLC)分析麦汁,发酵液和啤酒蛋白中的氨基酸组成。氨基酸检测条件:美国 Waters HPLC,PICO,TAG 氨基酸分析柱,温度为 38℃,流速为 1 mL/min,检测波长为 254 nm。

1.3.3 表面疏水性的测定

采用荧光探针剂 ANS 法。将蛋白质样品溶于 pH 7.0、0.01 mol/L 的磷酸盐缓冲液中,样品浓度为 0.15~0.60 mg/mL。激发波长为 390 nm,发射波长 470 nm。取不同浓度的样品 2 mL,分别测定样品的荧光强度(FI₀)和样品加入 10 μL 的 ANS 溶液(8 mmol/L,pH7.0、0.01 mol/L 磷酸盐缓冲液配制)后的荧光强度(FI₁)。FI₁与 FI₀的差值记为 FI,以蛋白质浓度为横坐标,FI 为纵坐标作图,曲线初始段的斜率即为蛋白质分子的表面疏水性指数 H。

1.3.4 巯基含量的测定

取蛋白粉样品 60 mg 溶于 10 mL Tris-Gly 缓冲液,10000 g 离心 10 min,取上清液 2 mL 加入 0.02 mL 浓度 4 g/L 的 Ell man 试剂,25℃保温 5 min,用分光光度计在 412 nm 下测定吸光度值。以不加样品,而加 Ell man 试剂为空白,以不加 Ell man 试剂,而加样品溶液测其浑浊度。

巯基含量的计算: $-\text{SH}(\mu\text{mol/g}) = 73.53 \times A_{412} \times D/C$

式中: A_{412} ——加 DTNB 时样品的吸光度—不加 DTNB 时样品的吸光度;

D——稀释倍数;

C——样品固形物含量。

1.3.5 SDS-PAGE 电泳分析

首先,将麦汁蛋白冻干粉溶解于样品缓冲液(0.0625 mol/L Tris-HCl,5%(v/v)巯基乙醇,2%(w/v)SDS,10%丙三醇,0.002%(v/v)溴酚蓝,pH6.8)以及不加巯基乙醇的样品缓冲液中,在室温下振荡 3 h,再在沸水中煮沸 5 min,离心(10000 g,5 min)。电泳上样量为 10 μL,电泳分离胶丙烯酰胺浓度为 15%,浓缩胶浓度为 4%。电泳完毕后,采用考马斯亮蓝染色 1 h,用蒸馏水漂洗数次

后,再用脱色液脱色直到谱带清晰为止。

1.3.6 园二色谱分析

首先,取适量的蛋白粉溶解于去离子水中,10000 g 离心,取上清液再用去离子水稀释至 0.5 mg/mL。园二色谱扫描波长范围 190~250 nm;扫描速率 100 nm/min;光程 1 mm;扫描次数 3 次。

2 结果与分析

2.1 酿造过程中蛋白和氨基酸组成和含量的变化

啤酒的品质和稳定性与蛋白和氨基酸含量密切相关。目前,已有报道证实了啤酒中蛋白质和氨基酸的含量取决于啤酒的生产过程。然而,至今仍没有研究定量啤酒生产过程中蛋白质和氨基酸。因此,本研究考察麦汁、发酵液、啤酒中蛋白质和氨基酸的含量差异。酿造过程中蛋白含量的对比结果见表 1,酿造过程中氨基酸含量的变化见表 2。

表 1 酿造过程中蛋白含量的对比

项目	麦汁	发酵液	啤酒
蛋白含量(g/L)	1.261	0.845	0.467

表 2 酿造过程中氨基酸含量的变化 (mg/100 g)

氨基酸	麦汁	发酵液	啤酒
天冬氨酸	2265.34	2776.88	2816.16
谷氨酸	9220.12	13419.92	13490.65
丝氨酸	1772.21	2584.33	2444.34
甘氨酸	1856.19	2294.22	2285.75
组氨酸	1005.42	1125.79	1177.93
精氨酸	1878.54	2077.18	2095.67
苏氨酸	1463.98	2218.14	1778.76
丙氨酸	1474.37	2343.42	1836.83
脯氨酸	3509.62	5582.98	6211.62
酪氨酸	1340.96	1619.43	1909.84
缬氨酸	1723.44	1991.83	2256.84
蛋氨酸	536.48	523.87	758.01
半胱氨酸	150.04	98.41	325.40
异亮氨酸	1073.72	1309.91	1583.35
亮氨酸	2094.16	2209.57	2778.00
苯丙氨酸	1323.31	1617.42	2325.34
赖氨酸	962.62	784.98	1163.31
总量	33650.52	44578.26	47237.80

从表 1 和表 2 中可看出,在啤酒酿造过程中蛋白质和氨基酸含量发生了明显的变化,在啤酒酿造过程中蛋白含量逐步降低,且啤酒中蛋白含量明显低于麦汁和发酵液中蛋白含量,而氨基酸含量增加,这与 Gorinstein 等人的研究相一致^[11],并符合国际啤酒生产标准。从表 2 中还可看出,脯氨酸和赖氨酸含量是所有氨基酸中最高的,也是啤酒中最为重要的 2 种氨基酸。众所周知,脯氨酸残基与原花青素发生亲和作用并参与芳香化合物的形成,从而影响啤酒的品质^[12]。尽管啤酒生产过程中蛋白质含

量逐渐降低,并且结果在可接受的范围内,但不能保证啤酒中仍存在部分蛋白会引起啤酒的不稳定。

2.2 在酿造过程中疏水性的变化

疏水相互作用对蛋白质的稳定性、构象和功能具有重要意义,是维持蛋白质三级结构最重要的作用力。而荧光探针 ANS 法是一种经典的评价蛋白质表面疏水性的方法。ANS 探针的荧光量子产率与最大发射波长取决于环境中的极性。在水溶液中的荧光量子产率很低,而当其结合到蛋白质或膜上时,荧光量子产率大为提高,这样可以用来指示探针在蛋白质和膜上结合的极性^[13]。加入过量的疏水性探针,所测得的荧光强度与蛋白质浓度的比值作图得到该曲线的最初斜率 H_0 ,而 H_0 的值即可认为是蛋白质表面疏水性指数。酿造过程中蛋白疏水性的变化见图 1。

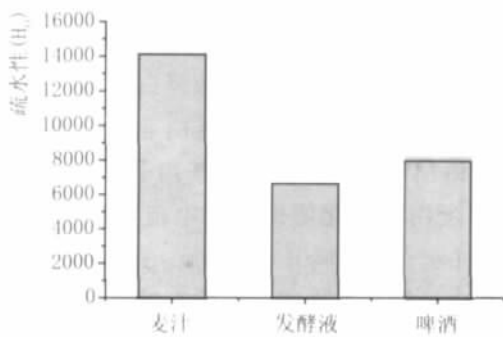


图 1 酿造过程中蛋白疏水性的变化

从图 1 中可看出,从麦汁到发酵液,表面疏水性明显降低,这可能是由于麦汁煮沸使其蛋白结构展开而后再通过疏水相互作用又发生聚集,这样减少了 ANS 结合位点。而第二种解释就是使其原来伸展的蛋白分子向折叠收拢的分子形态转变,使疏水基团由分子表面向分子内部转移,从而导致疏水性的降低。而啤酒表面疏水性值略高于发酵液,这可能是由于啤酒过滤和稳定性处理过程使其二级结构和三级结构逐步打开,多肽链变得舒展,破坏了蛋白质分子内部疏水的相互作用,使原先埋藏于分子内部的诸多疏水区域暴露出来,有更多的疏水性氨基酸残基暴露于表面,产生了更多的疏水性区域,有利于蛋白分组在空气-水界面上的吸附和展开,从而有助于啤酒泡沫的形成。

2.3 在酿造过程中巯基含量的变化

蛋白质中的巯基和二硫键,具有很高的反应活性,是蛋白质中的重要功能基团。探讨食品中蛋白质的巯基和二硫键时普遍采用的是 Ell man 于 1959 年发明的方法,即利用 DTNB (5,5'-dithiobis-2,2'-nitrobenzoic acid, 5,5'-二硫双-2-硝基苯甲酸)与游离巯基(-SH)反应,在 412 nm 处生成有最大吸收峰的黄色物质后,采用分光光度法测定^[14]。酿造过程中巯基含量的变化结果见图 2。

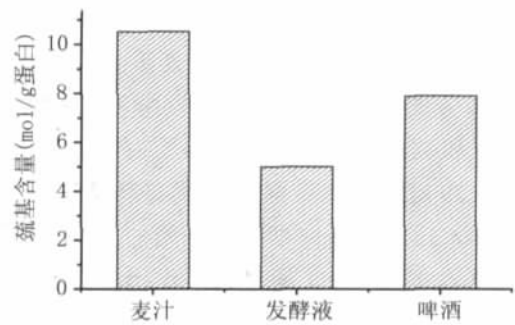
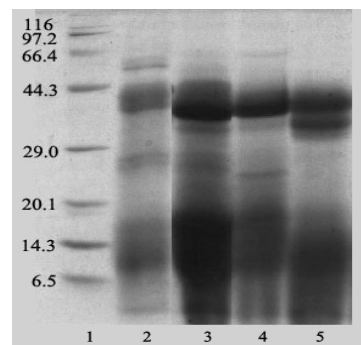


图 2 酿造过程中巯基含量的变化

从图 2 可发现,从麦汁到发酵液,这一过程中巯基含量降低,这可能是因为在在此过程中麦汁蛋白三维结构发生变化,蛋白结构部分展开,从而导致无序结构增多,疏水结合及离子结合的键被切断,巯基暴露出来;但由于酿造过程是在有氧条件下进行的,暴露出来的巯基可能被空气中的氧气氧化,通过游离巯基(-SH)内部反应形成二硫键(-S-S-),使部分蛋白分子发生了聚集,从而使使得巯基含量减少。而从发酵液到啤酒过程中,而啤酒的熟化和过滤使蛋白分子多肽链发生部分断裂,比较紧密的结构松散开来或瓦解,原来在分子内部的部分巯基暴露出来,巯基含量略有增加。这一结果与疏水性分析相一致,麦汁煮沸过程有部分通过疏水作用而形成聚集物,麦汁发酵(尤其是二次发酵过程)和啤酒澄清会使蛋白紧密结构部分瓦解,内部基团部分暴露出来,导致疏水性和巯基含量增加。

2.4 在酿造过程中蛋白亚基的变化

酿造过程中蛋白亚基的变化结果见图 3。



1.Marker; 2.水溶性麦芽蛋白; 3.麦汁蛋白;
4.发酵液蛋白; 5.啤酒蛋白

图 3 酿造过程中蛋白亚基的变化

从图 3 可以看出,麦汁蛋白、发酵液蛋白和啤酒蛋白的 SDS-PAGE 图谱较为类似,同以前的报道一致,但在 Silva 等人的研究中^[15]观察到 116~205 kDa 的蛋白带出现在麦汁蛋白和啤酒蛋白的电泳图中,在本研究中却未出现。即发现 MW (指蛋白分子量)40 kDa 和 MW6.5~20.1 kDa 的蛋白亚基带均存在于麦汁蛋白、发酵液蛋

白和啤酒蛋白电泳图中。MW40 kDa 的蛋白带可能对应的是 protein Z, 该组分也可能是其重要的组成成分。麦汁中大部分的蛋白组分都可在发酵液中探测到, 但 MW40 kDa 和 MW6.5~20.1 kDa 的蛋白带强度降低, 此外 MW25~29 kDa 蛋白带强度也明显降低, 而 MW25 kDa 和 MW66 kDa 的蛋白带强度却增加, 这可能是由于在此过程中部分蛋白分子通过疏水作用或是巯基-二硫键交替作用形成聚集物而造成的。同时 MW25 kDa 这个蛋白亚基显著地出现在发酵液蛋白图谱中, 而这可能是由于酵母细胞的降解所导致的。从发酵液到啤酒, MW66 kDa 蛋白带在啤酒电泳图中消失, MW25~29 kDa 间的蛋白带强度显著降低, 尤其是 MW25 kDa 在啤酒电泳图谱中几乎消失, 而 MW6.5~20.1 kDa 间的蛋白带强度也有所降低, 这可能是由于啤酒的过滤和稳定性处理导致蛋白结构部分展开使其部分蛋白亚基消失或其强度降低。但在啤酒蛋白电泳图中 MW35 kDa 的蛋白带强度却明显增加。由图 3 也可知, 麦芽水溶性蛋白主要分布在 MW66 kDa、35~40 kDa、29kDa 和 6.5~17 kDa, 则可推测, 麦汁和啤酒中的蛋白组分主要来自大麦水溶性蛋白, 这些蛋白组分能够抵抗得住酿造过程中酶解和热变性作用。目前, 有文献推测, MW6.5~20.1 kDa 的蛋白组分可能是来自大分子醇溶蛋白的酶解中间产物, 并可能作为泡沫活性蛋白, 有助于啤酒泡沫的形成^[16]。

2.5 在酿造过程中蛋白结构的变化

圆二色谱(CD)是一种研究溶液中蛋白构象广泛使用的方法, 它能直接用来解释蛋白的二级结构类型和 4 种类型的含量^[17]。实验测得 α -螺旋、 β -折叠、 β -转角和无规则卷曲的相对含量见表 3。

表 3 酿造过程中蛋白 4 种结构含量的对比 (%)

项目	麦汁	发酵液	啤酒
α -螺旋	30.1	21.2	19.8
β -折叠	14.7	17.1	17.9
β -转角	14.4	13.8	13.2
无规则卷曲	40.8	47.9	49.1

表 3 表明, 2 种麦芽蛋白在酿造过程中其 α -螺旋含量明显降低, β -转角的含量也略有降低, 而 β -折叠和无规则卷曲含量增加, 尤其是无规则卷曲的含量, 这说明麦芽蛋白在酿造过程中的结构由有序变为无序。尤其是从麦汁到发酵液这一过程中, 麦芽蛋白的二级结构的变化极大, 而这种结果的产生主要是在麦汁煮沸和啤酒发酵过程中, 诱导了维持蛋白二级结构的作用力如氢键等, 改变了其分子的空间结构, 导致蛋白质分子充分伸展开来。 β -转角含量的降低可能是由于部分 β -转角转化为 β -折叠结构, 而在酿造过程中一个重要的变化是 α -螺旋/ β -折叠比值降低, 这使得最终啤酒蛋白柔韧性增加, 从而促

使啤酒泡沫的形成以及有助于泡沫的稳定性。同时这一结果也验证了啤酒酿造过程中蛋白分子结构展开, 使其各蛋白亚基的理化特性发生了改变。

3 结论

研究发现麦芽蛋白组分理化特性的改变与酿造过程密切相关。从麦汁到发酵液的过程中, 尽管蛋白分子结构展开, 即 α -螺旋含量明显降低, β -折叠含量增加, 而无规则卷曲含量却大幅度增加, 导致内部活性基团(如巯基和疏水性基团)暴露出来, 但其后疏水性基团则通过疏水作用聚集起来, 暴露出来的巯基可能是被空气中的氧气氧化并通过巯基-二硫键交替反应使部分蛋白分子发生了聚集, 从而使其高分子蛋白亚基(MW25 kDa 和 MW66 kDa)强度增加。而从发酵液到啤酒的过程中, 将会削弱维持空间结构的作用力, 但其影响不大, 即 α -螺旋含量略有降低, 而 β -折叠和无规则卷曲含量增加, 使其小部分内部活性基团继续暴露出来, 导致蛋白疏水性值和巯基含量都略有增加, 然而使其各蛋白亚基强度降低, 且 MW66 kDa 和 MW25 kDa 蛋白亚基几乎消失。正是由于酿造过程中蛋白的变化使得啤酒中疏水性蛋白暴露出来, 以及蛋白分子结构展开(α -螺旋/ β -折叠比值降低)导致啤酒蛋白柔韧性的增加, 都将有助于啤酒泡沫的形成。

参考文献:

- [1] Lewis, M.J., Young, T.W. Brewing[M]. Aspen Publisher: Gaithersberg, MD, 2001.
- [2] 程殿林. 啤酒生产技术[M]. 北京: 化学工业出版社, 2005. 113-231.
- [3] Hejgaard, J. Origin of dominant beer protein immunochemical identity with β -amylase-associated protein from barley[J]. J. Inst. Brew. 1977, 83, 94-96.
- [4] Kaersgaard, P.; Hejgaard, J. Antigenic beer macromolecules, an experimental survey of purification methods[J]. J. Inst. Brew. 1979, 85, 103-111.
- [5] Sørensen, S. B.; Bech, L. M.; Muldbjerg, M.; Beenfeldt, T.; Breddam, K. Barley lipid transfer protein 1 is involved in beer foam formation[J]. Master Brew. Assoc. Am. Tech. Q. 1993, 30: 136-145.
- [6] Bech, L. M.; Vaag, P.; Heinemann, B.; Breddam, K. Throughout the brewing process barley lipid transfer protein 1 (LTP1) is transformed into a more foam promoting form[J]. Proc. Eur. Brew. Conv. 1995, 561-568.
- [7] Jegou, S.; Douliez, J. P.; Molle, D.; Boivin, P.; Marion, D. Purification and structural characterization of LTP1 polypeptides from beer[J]. J. Agric. Food Chem. 2000, 48, 5023-5029.
- [8] Jegou, S.; Douliez, J. P.; Molle, D.; Boivin, P.; Marion, D. Evi-

- dence of the Glycation and Denaturation of LTP1 during the malting and brewing process[J]. J. Agric. Food. Chem., 2001, 4942-4949.
- [9] Evans, D.E., and Sheehan, M.C. Do not be fobbed off: The substance of beer foam- a review[J]. J. Am. Soc. Brew. Chem., 2002, 60, 47-57.
- [10] Hejgaard, J., and Kaersgaard, P. Purification and properties of the major antigenic beer protein of barley origin[J]. J. Inst Brew, 1983, 89, 402-410.
- [11] Gorinstein, S.; Zemser, M.; Albores, F.V.; Ochoa, J.L.; Lopez, O.P.; Scheler, Ch.; Salnikow, J.; Belloso, O.M.; Trakhtenberg, S. Proteins and amino acids in beers, their contents and relationships with other analytical data[J]. J. Food Chem. 1999, 67, 71-78.
- [12] Outtrup, H. Haze active peptides in beer[J]. In: Proc. Congr. Eur. Brew. Conv. Zurich, 1989, 22, 609-616.
- [13] Turner, D.C., & Brand, L. Quantitative estimation of protein binding site polarity. Fluorescence of N-arylaminonaphthalene-sulfonates[J]. Biochemistry. 1968, (7): 3381-3385.
- [14] Beveridge T, Toma S J, Nakai S. Determination of -SH and S-S groups in some food proteins using Ellman's reagent[J]. J. Food Sci, 1974, 39(1): 49-51.
- [15] Silva, F., Nogueira, L.C., Goncalves, C., Ferreira, A.A., Ferreira, I. M.P.L.V.O., & Teixeira, N. Electrophoretic and HPLC methods for comparative study of the protein fractions of malts, worts, and beers produced from Scarlett and Prestige barley (*Hordeum vulgare* L.) varieties[J]. Food Chem, 2008, 106: 820-829.
- [16] Hao, J.G., Li, Q., Dong, J.J. et al. Identification of the major proteins in beer foam by Mass Spectrometry following Sodium Dodecyl Sulfate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis[J]. J. Am. Soc. Brew. Chem., 2006, 64(3): 166-174.
- [17] VENYAMINOV S Y, YANG J T. Determination of protein secondary structure. In circular dichroism and the conformational analysis of biomolecules[M]. New York: Fasman, G D, 1996. 69-107.

(上接第 20 页)

- from real flavor concentrates by pervaporation[J]. Journal of Membrane Science, 2006, 279: 86-93.
- [2] S. Alvarez, F.A. Riera, R. Alvarez, et al. A new integrated membrane process for producing clarified apple juice and apple juice aroma concentrate[J]. Journal of Food Engineering, 2000, 46: 109-125.
- [3] Cristina C. Pereira. Pervaporative recovery of volatile aroma compounds from fruit juices[J]. Journal of Membrane Science, 2006, 274: 1-23.
- [4] Ahmadreza Raisi, Abdolreza Aroujalian, Tahereh Kaghazchi. Multicomponent pervaporation process for volatile aroma compounds recovery from pomegranate juice[J]. Journal of Membrane Science, 2008, 322: 339-348.
- [5] 曾里, 曾凡骏, 肖泽仪, 等. 硅橡胶复合膜用于改进新型白酒品质的研究[J]. 酿酒, 2004, 31(4): 79-82.
- [6] 许荣强, 肖泽仪, 伍勇, 等. 硅橡胶复合膜用于白酒风味成分透汽化分离的实验研究[J]. 酿酒, 2003, 30(6): 19-22.
- [7] 谭淑娟, 肖泽仪, 李磊, 等. 膜渗透蒸发用于葡萄酒脱醇的实验研究[J]. 精细化工, 2003, 20(2): 69-71.
- [8] 胡世文, 肖泽仪, 汤晓玉, 等. 膜生物反应器苹果原汁发酵研究 [J]. 四川大学学报(工程科学版), 2006, 38(3): 81-86.
- [9] 汤晓玉, 王维慧, 胡世文, 等. 膜生物反应器苹果原汁发酵研究 [J]. 四川大学学报(工程科学版), 2007, 39(5): 86-91.
- [10] 肖泽仪, 汤晓玉, 张鸿翔, 等. 苹果原汁发酵加工技术[P]. 中国发明专利: CN101156709, 2008.
- [11] TANG Xiaoyu, XIAO Zeyi, SHI Er. Fermentation of Apple Juice in a PDMS Membrane Bioreactor[C]. Proceedings of the 4th Joint China/Japan Chemical Engineering Symposium, 2007.
- [12] 伍云涛, 丁文武, 邹庆, 等. 固定化酵母-膜生物反应器连续发酵生产乙醇的研究[J]. 酿酒, 2008, 35 (2): 53-56.
- [13] GB 11856-1997, 白兰地国家标准[S].
- [14] 段辉, 李记明, 姜忠军. 不同类型及来源白兰地的主要质量指标的比较[J]. 食品与发酵工业, 2007, 33(10): 50-53.
- [15] 朱宝镛. 葡萄酒工业手册[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 1995.
- [16] 王龚堂. 白兰地工艺学[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2001.
- [17] Carl Lachat, 马兆瑞. 苹果酒酿造技术[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2004.

“优质白酒立体发酵模式研究”项目获好评

本刊讯 2009年2月12日,四川省经济委员会组织专家对泸州老窖股份有限公司承担的四川省重大产业技术创新专项“优质白酒立体发酵模式的研究”项目进行了中期绩效评估。

据悉,专家组在听取了项目总结报告后,认真查看了相关评估资料,并考察了现场。专家组对泸州老窖公司的“优质白酒立体发酵模式”项目表示充分肯定,对目前该公司在此项目科研领域内取得的成绩表示赞赏。同时,在此基础上建议进一步优化窖泥功能菌生物反应器的设计和制造,提升优质酒生产基地的机械化水平,完善两大操作规程。(小小)