

江苏单二大麦麦芽主要酿造品质的形成

王璐^{1*}, 陆健^{2,3}, 商曰玲^{2,3}, 金昭^{2,3}

(1. 无锡中粮工程科技有限公司, 无锡 214035; 2. 江南大学粮食发酵工艺与技术国家工程实验室, 无锡 214122;
3. 江南大学生物工程学院, 无锡 214122)

摘要: 江苏啤酒大麦在国内啤酒行业具有重要的作用, 但其质量也存在一些明显的不足, 影响了其广泛应用于啤酒生产中。本文对江苏啤酒大麦及其麦芽中存在的微生物及其影响、所形成的真菌毒素进行了综述。并针对江苏啤酒大麦麦芽过滤性能的缺陷原因进行了探讨, 为进一步推进江苏啤酒大麦产业链的健康发展提供了思路。

关键词: 江苏; 啤酒大麦; 麦芽; 品质; 微生物

Formation of major brewing quality of Jiangsu Daner barley malt

WANG Lu^{1*}, LU Jian^{2,3}, SHANG Yue-Ling^{2,3}, JIN Zhao^{2,3}

(1. COFCO Engineering and Technology Co., Ltd., Wuxi 214035, China;
2. National Engineering Laboratory for Cereal Fermentation Technology, Jiangnan University, Wuxi 214122, China;
3. School of Biotechnology, Jiangnan University, Wuxi 214122, China)

ABSTRACT: Malting barley produced in Jiangsu province has an important role in the domestic beer industry. But there are some obvious quality shortcomings in Jiangsu malting barley and this impacts its wide use in the beer production. In this paper, the microbial community in Jiangsu malting barley and malt, their impact to the quality of barley or malt, and the formation of mycotoxins were reviewed. Also, the reasons for the filtration defects of barley malt were discussed. It could provide ideas to further promote the healthy development of malting barley chain in Jiangsu.

KEY WORDS: Jiangsu; malting barley; malt; quality; microorganism

1 江苏啤酒大麦面临的机遇与挑战

1.1 我国啤酒大表现状

作为世界第一大啤酒生产国, 我国啤酒产量2012年已经达到4902万千升, “中国酿酒产业十二五规划”预期到2015年实现啤酒产量5450万千升。因

此, 啤酒行业对啤酒大麦麦芽(由啤酒大麦通过在人工控制、适宜的外界条件下, 有限地发芽而得到的产品)的高需求量将继续保持^[1]。但在我国消耗的啤酒大麦麦芽中, 进口大麦麦芽(进口啤酒大麦在国内所生产的麦芽)占据了主导地位, 近十年进口啤酒大麦占到我国总啤酒大麦用量的一半以上, 2010年, 进

基金项目: 国家自然科学基金项目(31171736)、国家高技术发展(863)计划项目(2013AA102109)、江苏省普通高等学校科研成果产业化推进项目(JHB2012-26)

Fund: Supported by the National Natural Science Foundation of China (31171736), the National High Technology Research and Development Program of China (863 Program, 2013AA102109) and the Key Project of Educational Commission of Jiangsu Province of China (JHB2012-26)

*通讯作者: 王璐, 工程师, 主要研究方向为粮食加工。E-mail: wanglu918@hotmail.com

*Corresponding author: WANG Lu, Engineer, COFCO Engineering and Technology Co., Ltd., No.186, Huihe Road, Binhu District, Wuxi 214035, China. E-mail: wanglu918@hotmail.com

口啤酒大麦比重占到 65%，2012 年共进口啤酒大麦 252.8 万吨，占 62.1%。大量进口啤酒大麦已经严重影响我国啤酒行业的发展，影响到啤酒生产成本的控制。

国内啤酒行业对进口啤酒大麦麦芽有刚性需求，啤酒企业通常使用优质的进口啤酒大麦麦芽来酿造高档、高品质啤酒，尤其是国际著名啤酒公司在我国国内的控股或独资企业对高品质啤酒大麦麦芽有着大量刚性需求。优质的进口啤酒大麦价格要高于国产啤酒大麦，但是，从生产麦芽的过程控制(进口啤酒大麦的麦芽生产过程要易于控制，稳定性高)、麦芽综合品质以及原料利用率(进口啤酒大麦麦芽的都要高)等方面综合考虑其“性价比”，大型、中型啤酒企业都愿意使用进口啤酒大麦麦芽。国内还缺乏与优质进口啤酒大麦相抗衡的大麦品种及足够的产量。

1.2 江苏啤酒大麦的优势与不足

近几年我国大麦总面积(约 1903 万亩)逐渐下滑，其中啤酒大麦播种面积 623.2 万亩。在中国主要的啤酒大麦三大产区(甘肃、新疆产区；江苏产区；黑龙江、内蒙古产区)中，甘肃省的啤酒大麦品质较优，在国内算第一档次的，部分大麦的品质能够达到国际优质啤酒大麦的水平，近年来主要由于种植的比价效应，甘肃省啤酒大麦的种植面积与产量急剧下降。

江苏啤酒大麦种植面积达 180 万亩，是种植面积最多的省。江苏啤酒大麦有着其不可替代的优势，有一批大麦育种专家长期潜心致力于啤酒大麦的育种工作，并颇有成效；有专门的农场种植啤酒大麦，产量、质量比较稳定；有较好的大麦加工条件与企业，国内最大的两家麦芽集团公司都设有工厂；尤其是江苏及周围省份有很好的麦芽消费市场，在江苏、上海、浙江有很大的啤酒生产能力与消费市场，国内产销量最大的五家啤酒集团公司在这些省市都有生产工厂，对于相对低价、优质的江苏啤酒大麦麦芽有很大的需求量。但是，相比优质啤酒大麦而言，大部分江苏啤酒大麦的品质还存在不少差距，主要表现在：微生物污染及其导致的毒素残留；生产出的麦汁过滤较困难、容易产生浑浊，导致酿造出的啤酒易形成浑浊等，这些已经成为严重制约江苏啤酒大麦麦芽在啤酒酿造中应用的最主要的原因。

2 微生物及真菌毒素对江苏啤酒大麦麦芽的影响

2.1 啤酒大麦及麦芽中存在的微生物与真菌毒素

大麦在田间自然生长过程、收获、仓储和制麦期间会受到来自空气、土壤等周围环境中微生物的侵染。侵染大麦的微生物有 200 余种，包括细菌、放线菌、酵母菌、线虫、病毒、原生动物和黏菌。大麦微生物主要包括革兰氏阴性、阳性细菌，酵母和丝状真菌。至今已在大麦表面及内部检测到 150 多种丝状真菌和酵母，大麦微生物主要来源于收获田间、贮藏及制麦过程中。许多外在和内在因素会影响大麦微生物的多样性和大麦微生物群落结构，比如大麦品种、当地气候、土壤类型、农艺、贮藏和运输过程等。因此，不同地域生产的大麦，具有不同的微生物群落。大麦收获过程中，其微生物群落组成会显著改变。一些微生物会丢失，而在大麦-麦芽-啤酒产业链中，每个过程都会引入新的微生物种类^[2]。

大麦微生物在制麦过程中会因外界因素满足其生长条件而大量繁殖。虽然制麦过程的焙焦阶段会杀死大量微生物，但最终成品麦芽中的活菌数要比大麦中的多^[2]。制麦过程微生物同样会受到麦芽厂设备及运作条件的影响，各个麦芽厂会有特定的微生物群落^[3]。由于制麦工艺的不同，各麦芽厂的主要污染菌也不同。附着在大麦表面的微生物有一些属耐热真菌，故在麦芽焙焦过程中，高温不能将菌体完全杀死，且部分微生物如曲霉、分支孢菌属、青霉菌仍继续生长。尽管如此，焙焦对麦芽的细菌数量还是有显著影响的，实验证明焙焦后的细菌数可下降 95%^[4]。

真菌毒素(mycotoxins)是由真菌在农作物的田间、储藏或运输过程中产生的一种有毒的次级有毒代谢产物。真菌毒素污染在啤酒酿造中是一项严重的食品安全问题。作为农产品的天然污染物，真菌毒素在谷物的田间生长和储藏过程中都可能产生，存留在酿造原料中，在制麦和酿造过程中，残留或重新形成的毒素有可能被带进啤酒中^[5,6]。

大麦在田间生产时易感染镰刀菌属的真菌，其产生的脱氧雪腐镰刀菌烯醇(deoxynivalenol, DON)是大麦、麦芽和啤酒中存在几率最大的一类真菌毒素^[6]。人类中毒者常伴有呕吐、腹泻、头晕、步伐不稳似酒醉样等症状，DON 可能在体内有一定的蓄积，有遗传毒性，但无致癌和致突变的作用^[7]。DON 耐

热、不易被酵母代谢。虽然 DON 的毒性较弱,但存在广泛,已被 FAO/WHO 确定为最危险的自然发生食品污染物之一,并限定每人每日最大吸收量为 1 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 体重。世界上许多国家和地区对谷物中的 DON 规定了限量标准,根据 GB2761-2011,我国对大麦中 DON 的限量为 1.0 mg/kg ^[8]。而在美国市场上啤酒原料中 DON 含量超出,就可能被拒绝收购^[9]。

黄曲霉、寄生曲霉等易侵染储藏期间的大麦等谷物,并产生一种毒性很强的真菌毒素-黄曲霉毒素(aflatoxins, AFs)。AFs 十分耐热,加热至 230 $^{\circ}\text{C}$ 才能被完全破坏。已发现的 18 种 AFs 中,以 AFB₁ 毒性和致癌性最强,是联合国粮农组织和世界卫生组织(FAO/WHO)公认的头号危险毒素。AFB₁ 被人或动物吸收后经代谢生成中间代谢物并与蛋白质结合,阻断其转录和翻译过程^[10]。我国对大麦和大米中 AFB₁ 的限量分别为 5.0 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 和 10 $\mu\text{g}/\text{kg}$ ^[8]。

赭曲霉、硫色曲霉等侵染储藏期的大麦等谷物时,易产生赭曲霉毒素(ochratoxin)其中赭曲霉毒素 A(OTA)的毒性最大,在霉变的谷物和饲料中最常见。OTA 主要毒害动物的肾脏和肝脏,肾脏是第一靶器官。OTA 对热极其稳定,通过加热脱毒的效果也较差^[11]。我国对谷物及其碾磨加工品 OTA 的限量为 5.0 $\mu\text{g}/\text{kg}$ ^[8]。

2.2 微生物对大麦麦芽品质的负面影响

污染了大量微生物的大麦会提高大麦收割后种子的休眠,造成大麦水敏性,降低发芽力,增加制麦损失。大麦表面的微生物在制麦过程的浸麦阶段会增加呼吸强度,减少大麦的根生长等。微生物的生长会引起大麦升温,导致大麦发芽力下降^[12]。其原因是大麦的胚积聚有大量的类脂和可溶于乙醇的棉籽糖、蔗糖、麦芽糖等。霉菌具有解脂能力并能利用蔗糖、棉籽糖作为碳源进行生长繁殖,从而破坏了胚的生物特性,影响大麦的发芽;另一方面,微生物对氧气的竞争,使水中的氧气不易进入胚,大麦就不发芽或发芽迟缓,同时某些被激活的微生物进入胚使大麦失活^[12]。

微生物对制麦的影响还体现在制麦过程中,微生物的存在使得麦芽溶解受到严重影响。在大麦发芽过程中,由于微生物污染诱导大麦开启自身免疫系统,分泌抗菌肽等,造成麦芽蛋白分解产物、淀粉分解产物种类和数量的差异。在发芽期间,微生物会产

生一系列有机酸物质和小分子肽等代谢产物,在影响大麦正常发芽的同时,菌体分泌的淀粉水解酶和蛋白水解酶(包括 α -淀粉酶和蛋白酶等)可导致大麦淀粉的过度降解,而菌体的代谢产物也会影响麦芽溶解^[13]。

2.3 江苏啤酒大麦制麦过程中的微生物及其产生的真菌毒素

2.3.1 江苏啤酒大麦制麦过程中的微生物

目前,国内已建立了 nested PCR-DGGE 分析啤酒大麦、大麦麦芽中微生物的方法,通过调研江苏单二啤酒大麦、大麦麦芽及制麦过程中的微生物,发现江苏单二啤酒大麦中的微生物数量较其他产区偏高,大麦中的细菌有不动杆菌属、肠杆菌属、泛菌属、欧文氏菌属,及少量的假单胞菌属和葡萄球菌属细菌,真菌有假丝酵母属、链格孢属、镰刀菌属、地丝菌属和毛球腔菌属等^[14]。其对应麦芽的微生物种类更加丰富,除大麦中检测到的细菌外还有埃希氏杆菌属、乳球菌属及和金黄杆菌属,真菌还有隐球酵母属、毕赤酵母属、出芽短梗霉菌、麦类黑变病菌属、旋孢腔菌、颖枯壳针孢、葱叶枯病菌。与其他产区的啤酒大麦、麦芽相比,江苏啤酒大麦微生物群落种类较多,啤酒大麦中镰刀菌属含量明显偏高^[14]。

通过分离培养,结果显示^[14]江苏单二啤酒大麦制麦过程数量最多的微生物为细菌,其次为酵母和丝状真菌;浸麦和发芽阶段的细菌数量迅速增加,到发芽结束时细菌数量达到最大,而后随着干燥的进行,细菌数量不断减少;样品中酵母数量的变化趋势与细菌基本类似,而丝状真菌的数量稍有些不同,浸麦初期丝状真菌的数量有较明显的降低,发芽阶段不断上升,排潮后数量依然在上升,直到焙焦结束得到的成品麦芽中才又有所下降。Nested PCR-DGGE 结果表明^[14],江苏啤酒大麦制麦过程中的革兰氏阴性细菌有不动杆菌属、肠杆菌属、欧文氏菌属、黄杆菌属、克吕沃菌属、泛菌属、法氏沃氏菌,革兰氏阳性细菌有节杆菌属、短杆菌属、乳杆菌属、明串珠菌属、链球菌属;真菌主要有链格孢属、假丝酵母属、毕赤酵母属、地霉属、旋孢腔菌属、地丝菌属、核腔菌属、内脐蠕孢属、葱叶枯病菌与毛球腔菌属等子囊菌亚门真菌,以及根霉属等接合菌亚门真菌。某些丝状真菌会造成啤酒真菌毒素污染问题,也可能带来一些有毒的次级代谢产物等。江苏啤酒大麦与加拿大

Metcarlfe 大麦制麦过程中检测到的细菌种类数目一致; Metcarlfe 大麦制麦过程中检测到的真菌中以酵母和类酵母真菌偏多, 而江苏单二啤酒大麦制麦过程中检测到的真菌种类则更加丰富^[14]。

2.3.2 真菌毒素

采用 HPLC 方法检测了 2008~2009 年国内市场上啤酒大麦、麦芽和啤酒中 DON 的情况。国内市场上啤酒大麦中的 DON 出现的几率较大(93%), 其中江苏大麦和麦芽中 DON 含量相对较高, 抽检的 7 份江苏啤酒大麦中全部含有 DON, 且 2 份样品中 DON 含量超过国家标准的限量。研究发现, 镰刀菌属的真菌是 DON 的来源^[15,16]。

采用 HPLC 检测 2009~2011 年国内市场上的部分啤酒大麦、大麦麦芽和大米样品中 AFB₁^[17], 这些啤酒原料中 AFB₁ 的含量均低于国家的限量标准。10 份大麦样品中均没有检测到 AFB₁。而大麦麦芽和大米中 AFB₁ 的检出率分别为 42.9%和 25%, 江苏的 7 份大麦麦芽中都检出了 AFB₁, 且有 3 份的 AFB₁ 含量较高。

2011 年, 唐坤甜等^[18]采用 HPLC 检测国内市场上部分大麦中 OTA 含量的情况。这 15 个大麦中 OTA 含量均低于国家标准的限量。江苏的 3 个大麦中 OTA 的含量相对其它产区的要高, 分别为 0.075 μg/kg、0.157 μg/kg 和 0.205 μg/kg。

总体而言, 江苏的大麦和大麦麦芽中 DON、AFB₁ 和 OTA 出现的概率和含量水平比其它来源的较高, 这与江苏地区温暖湿润的气候等因素有关。同时, 这也表明在江苏啤酒大麦制麦、酿酒过程中, 需要密切关注其受到的微生物污染情况, 并采取适当的措施加以控制。

3 江苏啤酒大麦麦芽过滤性能缺陷的研究

江苏啤酒大麦经过长期的、品种的不断改良, 麦芽的浸出率、糖化力、库尔巴哈值等酿造性能指标已较好满足啤酒行业的要求, 但是至今为止, 江苏啤酒大麦麦芽的过滤性能差仍然是一个严重的缺陷。为了解决江苏啤酒大麦麦芽的过滤性能差的问题, 国内麦芽企业基本上仅考虑制麦工艺改良^[19,20], 啤酒企业为了应付这样的局面, 或者被迫减少江苏大麦麦芽的使用比例; 或者不得不以增加成本的方式来使用价格高的复合型酶制剂; 或者不得不以增加成本

的方式使用多种生产助剂, 来提高啤酒的非生物稳定性, 同时增加了生产操作过程的复杂性。但是, 这些措施只能解决表面的问题, 不能解决根本问题, 导致啤酒企业使用江苏啤酒大麦麦芽处于消极的状态。

针对江苏啤酒大麦麦芽过滤性能缺陷主要对策有: 育种专家在大麦育种过程中解决; 麦芽企业在麦芽制造过程中解决; 啤酒企业在麦汁制造过程中解决。显然, 麦芽企业与啤酒企业都不能从根本上解决这个问题。从大麦品种着手是比较切实可能的。

国内对于影响过滤性能的主要物质 β-葡聚糖和阿拉伯木聚糖及其被降解规律的了解与初步掌握, 还是近十年内才开始的。国内外的研究发现, 大麦发芽过程中未充分溶解的大分子 β-葡聚糖和木聚糖会阻碍麦汁和啤酒的过滤^[21,22]。Bamforth 等发现大麦发芽和啤酒酿造过程中 β-葡聚糖和 β-葡聚糖酶活力对麦汁和啤酒的粘度有重要的影响^[23], Sungurtas 等发现了麦汁中的木聚糖与麦汁粘度正相关性很大^[24], Li 等提出了多聚阿拉伯木聚糖的概念, 可以用来反映发芽过程中大分子木聚糖的降解程度, 被美国酿造化学家协会认同^[25], 为研究大麦发芽过程中木聚糖降解和木聚糖酶活力的变化打下了基础。基于对 β-葡聚糖和木聚糖影响过滤性能的大量报道, 江苏啤酒大麦的育种专家把降低 β-葡聚糖和木聚糖的含量, 以及提高 β-葡聚糖酶和木聚糖酶活力作为育种的目标, 也取得了一些成效^[26], 但是国内啤酒企业还是反映: 江苏啤酒大麦麦芽的过滤性能还没有得到显著的改善。

之前, 仅认识到蛋白酶、β-葡聚糖酶、木聚糖酶、淀粉酶是影响麦芽过滤性能的, 并且从这些酶的角度来改良大麦品质, 但是效果并不明显, 主要是因为这四大酶系实在是太丰富了, 以β-葡聚糖的酶解为例, 涉及的酶就有: β-1,3 葡聚糖内切酶、β-1,4 葡聚糖内切酶、β-1,3 葡聚糖外切酶、β-1,4 葡聚糖外切酶、纤维二糖酶、昆布二糖酶等, 不可能仅从单一的β-葡聚糖酶角度就能明显改善啤酒大麦麦芽的过滤性能。所以, 有必要在蛋白质组的水平上, 全面了解影响江苏啤酒大麦麦芽过滤性能的所有水解酶蛋白以及酶抑制剂, 掌握各具体酶蛋白种类的缺失、或活性上的不足, 结合其影响过滤性能的重要程度、以及依赖于大麦品种本身的程度, 从啤酒酿造性能要求的角度提供给江苏啤酒大麦育种专家全新的、系统的水解酶方面的筛选指标。

最近的研究发现, 麦汁的过滤速度慢是大麦发芽过程中未被充分降解的蛋白质、 β -葡聚糖、木聚糖和淀粉等大分子物质共同作用的结果^[27,28], 这个结论与大麦胚乳细胞的结构组成复杂的事实相符合。胚乳细胞以淀粉颗粒为核心, 外层包裹着 70% 的 β -葡聚糖和 30% 的阿拉伯木聚糖及其他物质, 最外层又包裹着一层蛋白质, 细胞之间交联着蛋白质。大麦发芽过程中在这些大分子物质充分降解的情况下, 才不会出现麦汁过滤困难的问题。在大麦发芽过程中, 大麦糊粉层分泌的蛋白酶、 β -葡聚糖酶、木聚糖酶、淀粉酶和各种酶调节蛋白质, 协同降解胚乳细胞中的蛋白质、 β -葡聚糖、木聚糖和淀粉等大分子物质。而这几大类水解酶和调节蛋白质又包括很多种蛋白质, 目前在大麦中已被鉴定出的有: 内肽酶、羧肽酶、氨肽酶、 α -淀粉酶、 β -淀粉酶、 α -淀粉酶/胰蛋白酶抑制剂、 β -(1-3, 1-4)葡聚糖内切酶、 β -1,3 葡聚糖内切酶异构体(约 8 种)、 β -1,4 葡聚糖内切酶、 β -1,3 葡聚糖外切酶、 β -1,4 葡聚糖外切酶、 β -1,4 木聚糖内切酶同工酶 I 和 II、木聚糖外切酶、阿拉伯糖苷酶、内切木聚糖酶抑制剂、木聚糖酶抑制剂等, 还存在一些目前没有被发现的酶相关蛋白质, 它们共同参与了影响麦芽过滤性能的大分子物质的代谢^[29,30]。综上, 大麦本身结构中的大分子蛋白质和发芽过程中由糊粉层分泌的酶相关活性蛋白质, 共约有几百种蛋白质可能与麦芽的过滤性能有关。

研究发现, 江苏大麦麦芽比其它来源大麦麦芽的过滤性能(通过协定麦汁的过滤速度和浊度反映)要差, 见表 1。收集江苏大麦麦芽的协定麦汁中浑浊物质, 分析其成分, 发现糖类占 50%~70%, 蛋白质占 30%~40%, 这说明了在制麦和糖化过程中江苏大麦和麦芽中的物质代谢程度较低。

采用比较蛋白质组学的手段对比了过滤性能差

异较大的江苏(单二品种)和进口(加拿大 Metcalfe 品种)大麦麦芽中代谢蛋白质组。结果表明, 在大麦麦芽和制麦过程中, 过滤性能差异较大的江苏单二和加拿大 Metcalfe 麦芽之间差异明显的蛋白质主要包括水解酶、病程相关蛋白质、胁迫蛋白质和氧化还原相关蛋白质。水解酶(β -淀粉酶、 α -淀粉酶 1、阿拉伯呋喃糖苷水解酶(AXAH)、1,4- β -D-甘露聚糖内切酶前体和酯酶)、热休克蛋白、谷胱甘肽还原酶和 Zn-超氧化物歧化酶等在单二大麦麦芽和制麦过程中的表达量较低, 而病程相关蛋白质[丝氨酸蛋白酶抑制剂 Z7(serpin Z7)、 α -淀粉酶/胰蛋白酶抑制剂 CMb、几丁质酶和非特异性脂肪酸转移酶 1(LTP1)]和过氧化物酶等在 Metcalfe 大麦麦芽和制麦过程中表达量较高。这些差异蛋白质的揭示, 对于解释江苏啤酒大麦麦芽过滤性能缺陷的原因将有重要的参考意义^[31,32]。

比较差异较为显著的 β -淀粉酶、AXAH 和 POD 的酶活力在单二和 Metcalfe 大麦麦芽之间的差异, 发现 β -淀粉酶和 AXAH 在 Metcalfe 大麦麦芽中的活力较高, 而 POD 的活力在单二大麦麦芽中较高, 与比较蛋白质组学的研究结果一致。为了进一步证实这些差异蛋白质对江苏大麦麦芽过滤性能的影响, 从单二大麦麦芽中分别分离纯化出差异较大的蛋白质(β -淀粉酶、serpinZ7 和 POD), 并添加到单二大麦麦芽的糖化过程中, 考察其对过滤性能的影响。表 2^[33]和表 3^[32]分别为添加 β -淀粉酶和 serpinZ7 到协定糖化的起始阶段, 对江苏单二大麦麦芽过滤性能的影响。

目前, 正在进一步对从江苏单二大麦麦芽中分离纯化的 serpinZ7 影响过滤性能的机理进行研究。初步的结果表明, serpinZ7 具有较强的稳定性, 温度达到 100 °C 下保持 30 min 仍然没有变性, 且不被植物和微生物来源的蛋白酶降解。但 serpinZ7 并没有显示出对大麦麦芽中的蛋白酶有抑制作用。

表 1 2010~2012 年啤酒大麦麦芽的过滤性能
Table 1 The filterability of barley malt in 2010~2012

麦芽的大麦产地	麦芽份数	过滤速度范围 (mL/30 min)	过滤速度平均值 (mL/30 min)	浊度范围 (EBC)	浊度平均值 (EBC)	粘度范围 (mPa)	粘度平均值 (mPa)
江苏	14	125~260	185	4.73~13.50	7.73	1.49~1.71	1.53
甘肃、黑龙江	8	255~305	275	1.73~4.20	2.82	1.39~1.55	1.46
澳大利亚	6	280~320	300	1.54~1.82	1.73	1.36~1.43	1.39
加拿大	8	285~310	295	1.61~2.05	1.82	1.34~1.48	1.41

表2 添加 β -淀粉酶对江苏单二大麦麦芽过滤性能的影响^[33]($n=3$)
Table 2 Effect of β -amylase on the filterability of Jiangsu Daner barley malt ($n=3$)

过滤性能参数	对照	添加 β -amylase 40 U/g	添加 β -amylase 80 U/g	添加 β -amylase 120 U/g
浊度 (EBC)	6.83±0.12	3.50±0.06	2.30±0.04	1.97±0.03
过滤速度(mL/30 min)	125±5	134±5	145±5	158±5
粘度(mPas)	1.67±0.01	1.61±0.01	1.55±0.02	1.53±0.01

表3 添加 serpin Z7 对江苏单二大麦麦芽过滤性能的影响^[32]($n=3$)
Table 3 Effect of serpin Z7 on the filterability of Jiangsu Daner barley malt ($n=3$)

过滤性能参数	对照	添加 Serpin Z7 300 μ g/g	添加 Serpin Z7 600 μ g/g
浊度 (EBC)	6.83±0.12	6.30±0.10	5.20±0.06
过滤速度(mL/30 min)	125±5	107±5	80±5 (30min 后过滤很难进行)
粘度(mPas)	1.67±0.01	1.69±0.01	1.74±0.03

4 展望

随着全球气候变暖,环境污染更加严重及恶劣环境天气的频繁出现,啤酒大麦麦芽中的有害微生物也在不断增加,而现今啤酒厂遇到的发酵问题也逐渐增多,比如麦汁、啤酒过滤困难,浊度高,易浑浊;毒素残留;啤酒喷涌;酵母提前絮凝及啤酒风味差等。由微生物导致的麦芽及啤酒品质降低,已受到研究者与啤酒企业的广泛关注,同时,对微生物与啤酒大麦麦芽的相互作用也有了比较深入了解。但是,由于微生物种类的复杂性,啤酒大麦麦芽中的微生物群落结构研究,及微生物是怎样影响啤酒品质和怎样预测并控制各类问题的发生,仍是亟需深入研究的课题。江苏啤酒大麦品质的进一步改善还需要大麦育种、种植,麦芽加工、啤酒酿造各方的共同努力,以市场为导向,面向实际,加快相应的应用基础性研究与开发,必将有力的推进江苏啤酒大麦产业链的良性健康发展。

参考文献

- [1] 中国酒业协会啤酒分会. 2012 年中国酒业协会啤酒分会工作报告[J]. 啤酒科技, 2013, 5: 2-12.
China Alcoholic Drinks Industry Association(CADA)-Beer branch. Work report of China Alcoholic Drinks Industry Association-Beer branch in 2012 [J]. Beer Sci Technol, 2013, 5: 2-12.
- [2] Noots I, Delcour JA, Michiels CW. From field barley to malt: detection and specification of microbial activity for quality aspects [J]. Crit Rev Microbiol, 1999, 25(2): 121-153.
- [3] O'sullivan C, Guilbault G. Commercial quartz crystal microbalances-theory and applications [J]. Biosens Bioelectron, 1999, 14(8): 663-670.
- [4] 栾静, 赵长新. 大麦微生物对制麦和啤酒酿造的影响及其控制[J]. 食品工业科技, 2008, 29(12): 297-299.
Luan J, Zhao CX. Control of mold and effects of barley microbe on malting and brewing [J]. Sci Technol Food Ind, 2008, 29(12): 297-299.
- [5] 武千钧, 杨超霞, 杨梅. 酿造原料和啤酒中的真菌毒素研究进展[J]. 啤酒科技, 2005, 5: 10-13.
Wu QJ, Yang CX, Yang M. Research progress on mycotoxins in beer and raw materials [J]. Beer Sci Technol, 2005, 5: 10-13.
- [6] 陆健, 赵海峰. 啤酒及其生产原料中的真菌毒素[J]. 食品工业科技, 2006, 27(7): 185-189.
Lu J, Zhao HF. Mycotoxins in beer and raw materials [J]. Sci Technol Food Ind, 2006, 27(7): 185-189.
- [7] Rocha O, Ansari K, Doohan FM. Effects of trichothecene mycotoxins on eukaryotic cells: A review [J]. Food Addit Contam, 2005, 22(4): 369-378.
- [8] GB2761-2011 食品安全国家标准 食品中真菌毒素限量[S].
GB2761-2011 National food safety standards-Maximum levels of Mycotoxins in foods [S].
- [9] Schwarz PB, Horsley RD, Steffenson BJ, et al. Quality risks associated with the utilization of *Fusarium* Head Blight infected malting barley [J]. J Am Soc Brew Chem, 2006, 64(1): 1-7.
- [10] 马志科, 咎林森. 黄曲霉毒素危害、检测方法及生物降解研究进展[J]. 动物医学进展, 2009, 30(9): 91-94.
Ma ZK, Zan LS. Progress on hazard, detection techniques and biodegradation of aflatoxin [J]. Progr Vet Med, 2009, 30(9):

- 91-94.
- [11] 高翔,李梅,张立实. 赭曲霉毒素A的毒性研究进展[J]. 国外医学(卫生学分册), 2005, 32(1): 51-55.
Gao X, Li M, Zhang LS. Research progress on Ochratoxin A [J]. Foreign Med Sci (Sect Hyg), 2005, 32(1): 51-55.
- [12] Van Nierop SNE, Rautenbach M, Axcell BC, *et al.* The impact of microorganisms on barley and malt quality - A review [J]. J Am Soc Brew Chem, 2006, 64(2): 69-78.
- [13] Noots I, Derycke V, Jensen HE, *et al.* Studies on barley starchy endosperm cell wall degradation by *Rhizopus* VII. [J]. J Cereal Sci, 2003, 37(1): 81-90.
- [14] 梁小刚. 江苏啤酒大麦制麦过程中微生物的研究[D]. 江南大学, 2013.
Liang XG. Study of the microbes in the malting process of Jiangsu malting barley [D]. Jiangnan University, 2013.
- [15] 金昭,陆健,蔡国林,等. HPLC法测定啤酒原料中的脱氧雪腐镰刀菌烯醇毒素[J]. 啤酒科技, 2009, 3: 44-47.
Jin Z, Lu J, Cai GL, *et al.* Determination of deoxynivalenol in barley and malt by HPLC [J]. Beer Sci Technol, 2009, 3: 44-47.
- [16] 金昭. 啤酒酿造过程中脱氧雪腐镰刀菌烯醇的初步研究[D]. 江南大学, 2009.
Jin Z. Preliminary study on Deoxynivalenol during the brewing [D]. Jiangnan University, 2009.
- [17] 杜元正,蔡国林,陆健,等. 固相萃取-高效液相色谱法测定啤酒原辅料中的黄曲霉毒素 B1[J]. 食品与发酵工业, 2012, 38(2): 168-173.
Du YZ, Cai GL, Lu J, *et al.* Determination of aflatoxin B1 in raw materials of beer by SPE-HPLC [J]. Food Ferment Ind, 2012, 38(2): 168-173.
- [18] 唐坤甜,赵彩云,谷方红. 中国大麦中赭曲霉毒素污染现状初探[J]. 浙江农业科学, 2011, 1: 148-150.
Tang KT, Zhao CY, Gu FH. Preliminary study on contaminant status of ochratoxin in barley in China [J]. J Zhejiang Agric Sci, 2011, 1: 148-150.
- [19] 鞠云东,张开利,王妮娅,等. 糖化温度对7°P麦汁阿拉伯木聚糖、 β -葡聚糖的影响研究[J]. 酿酒, 2008, 35(4): 44-47.
Ju YD, Zhang KL, Wang NY, *et al.* Effects of mashing time on arabinoxylan and β -glucan in 7°P beer [J]. Liquor Making, 2008, 35(4): 44-47.
- [20] 郑翔鹏,王国川,林海峰. 木聚糖酶在啤酒中的应用研究[J]. 啤酒科技, 2008, 9: 27-31.
Zheng XP, Wang GC, Lin HF. Application of xylanase in beer [J]. Beer Sci Technol, 2008, 9: 27-31.
- [21] Hery RJ. Genetic and environmental variation in the pentosan and β -glucan contents of barley and their relation to malting quality [J]. J Cereal Sci, 1986, 4: 269-277.
- [22] 李胤,陆健,顾国贤. 啤酒中阿拉伯木聚糖的溶解、降解及堵塞膜机制的研究[J]. 啤酒科技, 2005, 5: 19-31.
Li Y, Lu J, Gu GX. Solubilization, degradation and membrane plugging of arabinoxylan in brewing [J]. Beer Sci Technol, 2005, 5: 19-31.
- [23] Bamforth CW. β -Glucan and β -glucanases in malting and brewing [J]. Pract Aspects, 1994, 69: 12-21.
- [24] Sungurtas J, Swanston JS, Davies HV, *et al.* Xylan-degrading enzymes and arabinoxylan solubilisation in barley cultivars of differing malting quality [J]. J Cereal Sci, 2004, 39(2): 273-281.
- [25] LI Y, Lu J, Gu GX, *et al.* Characterization of the enzymatic degradation of arabinoxylans in grist containing wheat malt using response surface methodology [J]. J Am Soc Brew Chem, 2005, 63: 171-176.
- [26] Zhang GP, Wang JM, Chen JX. Analysis of β -glucan content in barley cultivars from different locations of China [J]. Food Chem, 2002, 79(2): 251-254.
- [27] Gianinetti A, Toffoli F, Cavallero A. Improving discrimination for malting quality in barley breeding programmes [J]. Field Crop Res, 2005, 94 (3): 189-200.
- [28] Edney MJ, Eglinton JK, Collins HM, *et al.* Importance of endosperm modification for malt wort fermentability [J]. J Inst Brew, 2007, 113 (2): 228-238.
- [29] Finnie C, Bak-jensen KS, Laugesen S, *et al.* Differential appearance of isoforms and cultivar variation in protein temporal profiles revealed in the maturing barley grain proteome [J]. Plant Sci, 2006, 170: 808-821.
- [30] Finnie C, Svensson B. Review: barley seed proteomics from spots to structures [J]. J Proteomics, 2009, 72(4): 315-324.
- [31] Jin Z, Mu YW, Sun JY, *et al.* Proteome analysis of metabolic proteins (pI 4-7) in barley (*Hordeum vulgare*) malts and initial application in malt quality discrimination [J]. J Agri Food Chem, 2013, 61: 402-409.
- [32] Jin Z, Li XM, Gao F, *et al.* Proteomic analysis of differences in barley (*Hordeum vulgare*) malts with distinct filterability by DIGE [J]. J Proteomics, 2013, DOI:10.1016/j.jprot.2013.05.038.
- [33] 慕钰文. 江苏啤酒大麦麦芽中 β -淀粉酶对过滤性能的影响[D]. 江南大学, 2013.
Mu YW. Effect of β -amylase from Jiangsu barley malt on the filterability [D]. Jiangnan University, 2013.

(责任编辑: 张宏梁)

作者简介



王璐, 硕士, 主要研究方向为粮食加工。
E-mail: wanglu918@hotmail.com