

# 清香型白酒固态酿造过程中酵母种群结构和多样性分析

王薇 吴群 徐岩\*

(江南大学 生物工程学院 工业生物技术教育部重点实验室 江苏 无锡 214122)

**摘要:** 【目的】探索清香型白酒固态酿造过程中酵母的种群结构和生态多样性变化规律, 为科学认识白酒酿造的过程与机制提供理论依据。【方法】运用 WL 鉴别培养基和 26S rRNA D1/D2 序列分析方法对清香型白酒 3 种典型大曲和酒醅发酵过程的酵母进行分类学研究。【结果】从清香型白酒固态酿造过程中共鉴定出 10 种酵母, 分别为 *Saccharomyces cerevisiae*、*Issatchenkia orientalis*、*Pichia anomala*、*Saccharomycopsis fibuligera*、*Pichia fermentans*、*Trichosporon asahii*、*Hanseniaspora osmophila*、*Pichia farinosa*、*Pichia membranifaciens* 和 *Clavispora lusitaniae*。其中 *T. asahii*、*C. lusitaniae*、*H. osmophila*、*P. membranifaciens*、*P. farinosa* 和 *P. fermentans* 为首次从清香型白酒酿造过程中分离获得的酵母种类。考察 3 种典型大曲(清茬、红心、后火曲)和大茬、二茬酒醅发酵过程的酵母种群结构变化规律显示, 3 种大曲具有相同的优势菌种 *S. fibuligera*, 但三者酵母结构组成差异较大, 且清茬曲含有最多的酵母数量和种类。酒醅发酵过程中的酵母种群结构与 3 种大曲均明显不同, 大茬和二茬酒醅酵母结构也不同, 两种酒醅发酵后期的优势酵母均为 *S. cerevisiae*, 而发酵前期优势酵母则分别是 *H. osmophila* 和 *P. membranifaciens*。【结论】深入研究了清香型白酒酿造过程中微生物的分布特征和规律, 对认识清香型白酒酿造过程和群体微生物的发酵机制, 以及丰富我国传统酿造食品微生物的研究, 具有重要的理论和实践价值。

**关键词:** 清香型白酒, 酵母, 26S rRNA D1/D2, 种群结构

基金项目: 国家科技支撑计划重点项目(No. 2007BAK36B02, 2008BAI63B06); 国家自然科学基金项目(No. 31000806); 中国白酒 169 计划; 江苏省产学研前瞻性联合研究项目(No. BY2010116); 中央高效基本科研业务费专项资金资助(No. JUSRP11013)

\*通讯作者: Tel: 86-510-85864112; 信箱: yxu@jiangnan.edu.cn

收稿日期: 2011-12-27; 接受日期: 2012-02-09

# Identification and analysis of yeast community structure in Chinese light-style liquor brewing process

WANG Wei WU Qun XU Yan\*

(The Key Laboratory of Industrial Biotechnology, Ministry of Education, School of Biotechnology, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China)

**Abstract:** [Objective] This work aimed to explore yeast community structure and ecological diversity in making process of Chinese light-style liquor, which would be beneficial for scientifically understanding of the formation mechanism of Chinese light-style liquor. [Methods] Yeast variety and quantity during making process of Chinese light-style liquor was investigated by WL medium and 26S rRNA D1/D2 region sequence analysis. [Results] Ten yeast species were identified as *Saccharomyces cerevisiae*, *Issatchenkia orientalis*, *Pichia anomala*, *Saccharomycopsis fibuligera*, *Pichia fermentans*, *Trichosporon asahii*, *Hanseniaspora osmophila*, *Pichia farinosa*, *Pichia membranifaciens* and *Clavispora lusitaniae*. Among them, *T. asahii*, *P. membranifaciens*, *H. osmophila*, *P. farinosa* and *P. fermentans* were firstly isolated in Chinese light-style liquor. Although the quantity of *S. fibuligera* dominated in three types of *Daqu*, yeasts ecological distribution was different. There were the most amount and varieties of yeast species in *Daqu* of *Qincha*. Yeast community structure of fermented grain was also different from that of *Daqu* and difference also existed between fermented grain of *Dacha* and *Ercha*. *S. cerevisiae* was dominant at later stage of liquor fermentation, while the dominant species in *Dacha* and *Ercha* were *H. osmophila* and *P. membranifaciens* at early stage, respectively. [Conclusion] This work deeply studied the yeast distribution characteristics and community structure in making process of Chinese light-style liquor, which would show great value in scientifically understanding of the formation mechanism of Chinese light-style liquor.

**Keywords:** Chinese light-style liquor, Yeast, 26S rRNA D1/D2, Community structure

清香型白酒是我国最古老的酒种之一, 具有清香纯正, 醇甜柔和, 自然谐调, 余味爽净的特点。它的优良品质与其微生物群落和酿造工艺密切相关。其生产包括制曲和发酵两个过程。在制曲过程中, 3 种不同大曲依靠自然界各种微生物富集到用淀粉质原料制成的曲坯上, 经过培养、贮藏, 成为成品大曲。在发酵过程中, 大茬、二茬酒醅依靠大曲提供的微生物进行多微共酵, 形成复杂的白酒风味成分<sup>[1]</sup>。但是由于清香型白酒酿造过程复杂, 其酿造机制目前并不清晰。微生物

是白酒酿造的关键因素, 认识清香型白酒酿造过程中微生物的变化规律是科学认识白酒酿造过程与机制的必要途径, 对白酒酿造技术的发展也具有重要作用。

酵母是饮料酒酿造过程中的重要功能微生物, 它不仅影响酒的产量, 还影响酒的质量<sup>[2-4]</sup>。目前国际上对饮料酒酿造酵母的研究已非常深入, 例如在葡萄酒酿造中已发现了 18 个属, 70 多个种的相关酵母, 并且清晰认识了功能酵母在酿造中的变化规律<sup>[5]</sup>。然而, 目前对于中国白酒的

典型代表清香型白酒固态酿造中酵母的认识并不清晰。清香型白酒酿造属于开放式的多菌种固态发酵过程,与国外其它饮料酒相比而言,其酿造酵母的种类及其变化规律更具复杂性。尽管清香型白酒酒醅发酵过程中酵母的种类以及酵母总数的变化趋势已有相关报道<sup>[6]</sup>,但是总体而言仍处于起步阶段,而且目前对于整个酿造过程中酵母生态分布和种群结构变化规律仍然不够清楚。

近年来,随着 DNA 序列分析技术的日趋成熟和简易化,酵母 26S rRNA 基因的序列分析已经被广泛应用于酵母的分类鉴定以及多样性研究<sup>[7-8]</sup>,这使得酵母的分类学研究更加快捷和准确。本文结合酵母常用鉴别培养基——WL 鉴别培养基,运用 26S rRNA D1/D2 序列分析方法,系统而准确地研究了酵母菌群在清香型白酒 3 种典型大曲和酒醅酿造过程的生态分布和种群结构,为进一步解析清香型白酒酵母功能、筛选适合清香型白酒酿造的优良酵母奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品

某清香型白酒厂三种典型大曲(储存 60 d 的清茬曲、红心曲、后火曲)和大茬、二茬酒醅(发酵 0、2、5、8、10、15、20、25 d 样品),所有样品均 4 °C 保藏。

### 1.2 培养基

WL 鉴别培养基配方见文献[9]。

### 1.3 酵母的分类<sup>[10]</sup>

将白酒大茬、二茬样品梯度稀释后均匀涂布于 WL 培养基固体平板上,根据酵母在 WL 固体平板上的颜色和形态,对酵母进行分类。

### 1.4 基因组总 DNA 的提取

采用玻璃珠法<sup>[11]</sup>,所用试剂均购自 TaKaRa

公司。

### 1.5 26S rRNA D1/D2 基因的扩增与测序

PCR 扩增程序: 94 °C 4 min; 94 °C 45 s, 55 °C 45 s, 72 °C 1 min, 共 35 个循环; 72 °C 10 min。电泳确认目标产物有无及效果。所得 PCR 产物经纯化送交上海生物工程技术服务有限公司测序。

## 2 结果与讨论

### 2.1 WL 鉴别培养基初步分类

WL 培养基是一种初步鉴定培养基,主要是基于菌落颜色及菌落形态来区分酵母,广泛用于葡萄酒酿造过程中酵母的分类研究<sup>[12]</sup>。本试验以 WL 培养基对清香型白酒大曲和酒醅样品进行研究,共分离得到 398 株酵母, WL 培养基分类结果如表 1 所示。通过分类可初步将清香型白酒 3 种典型大曲中的酵母分为 13 类(图 1)。

### 2.2 26S rRNA D1/D2 区的序列分析

根据 WL 培养基初步分类分析结果,从每一类中选取 10–15 株代表性菌株,进行 26S rRNA D1/D2 区的序列分析。结果表明所分离的酵母菌株属于 6 个属共 10 种,分别为 *Saccharomyces cerevisiae*、*Issatchenkia orientalis*、*Pichia anomala*、*Saccharomycopsis fibuligera*、*Pichia fermentans*、*Trichosporon asahii*、*Hanseniaspora osmophila*、*Pichia farinosa*、*Pichia membranifaciens* 和 *Clavispora lusitaniae* (表 2)。在这 10 种酵母中,只有 *S. cerevisiae*、*I. orientalis*、*P. anomala* 和 *S. fibuligera* 被报道存在于白酒酿造过程中,而 *H. osmophila* 和 *C. lusitaniae* 是中国白酒中首次发现的酵母种类, *T. asahii*、*P. membranifaciens*、*P. farinosa* 和 *P. fermentans* 是清香型白酒中首次发现的酵母种类。该结果是对中国清香型白酒酿造酵母资源的补充,同时也表明了清香型白酒酿造过程具有丰富的酵母资源。

表 1 清香型白酒固态酿造过程中分离的酵母在 WL 鉴别培养基上的菌落形态  
Table 1 Morphology description of yeast colonies cultured on WL medium during Chinese light-style liquor brewing process

菌株类型 Strain type	菌株颜色 Strain colour	菌落形态 Strain form
FJ-1	中心淡绿, 边缘白色	表面光滑, 有光泽, 边缘光滑, 圆形凸起(菌落直径 $d=7$ mm 左右)
FJ-2	淡绿色	表面有纹理, 无光泽, 边缘整齐, 菌落平坦( $d=10$ mm 左右)
FJ-3	中心淡绿、边缘白色	表面光滑, 有光泽, 边缘光滑, 微凸( $d=4$ mm 左右)
FJ-4	淡绿色	绒毛状突起, 无光泽, 边缘呈放射状( $d=7$ mm 左右)
FJ-5	淡绿色	表面皱褶、帽状突起、边缘整齐、无光泽( $d=7$ mm 左右)
FJ-6	乳白色	表面干燥, 无光泽, 边缘整齐, 面粉状凸起( $d=6$ mm 左右)
FJ-7	乳白色	表面光滑, 无光泽, 边缘光滑, 帽状突起( $d=5$ mm 左右)
FJ-8	深绿色	表面光滑, 有光泽, 边缘光滑, 微凸( $d=3$ mm 左右)
FJ-9	奶油色带淡绿色	表面皱褶, 有光泽, 圆形凸起, 边缘光滑(菌落直径 $d=6$ mm 左右)
FJ-10	墨绿色	表面光滑, 有光泽, 边缘光滑, 中心微凸( $d=4$ mm 左右)
FJ-11	边缘白色, 中心淡绿色	表面有规则纹路, 无光泽, 边缘整齐, 中心隆起( $d=5$ mm 左右)
FJ-12	灰白色	表面粗糙, 无光泽, 边缘整齐, 圆形突起( $d=8$ mm 左右)
FJ-13	中央淡绿色, 边缘白色	表面有纹理, 边缘整齐, 菌落扁平(菌落 $d=8$ mm 左右)

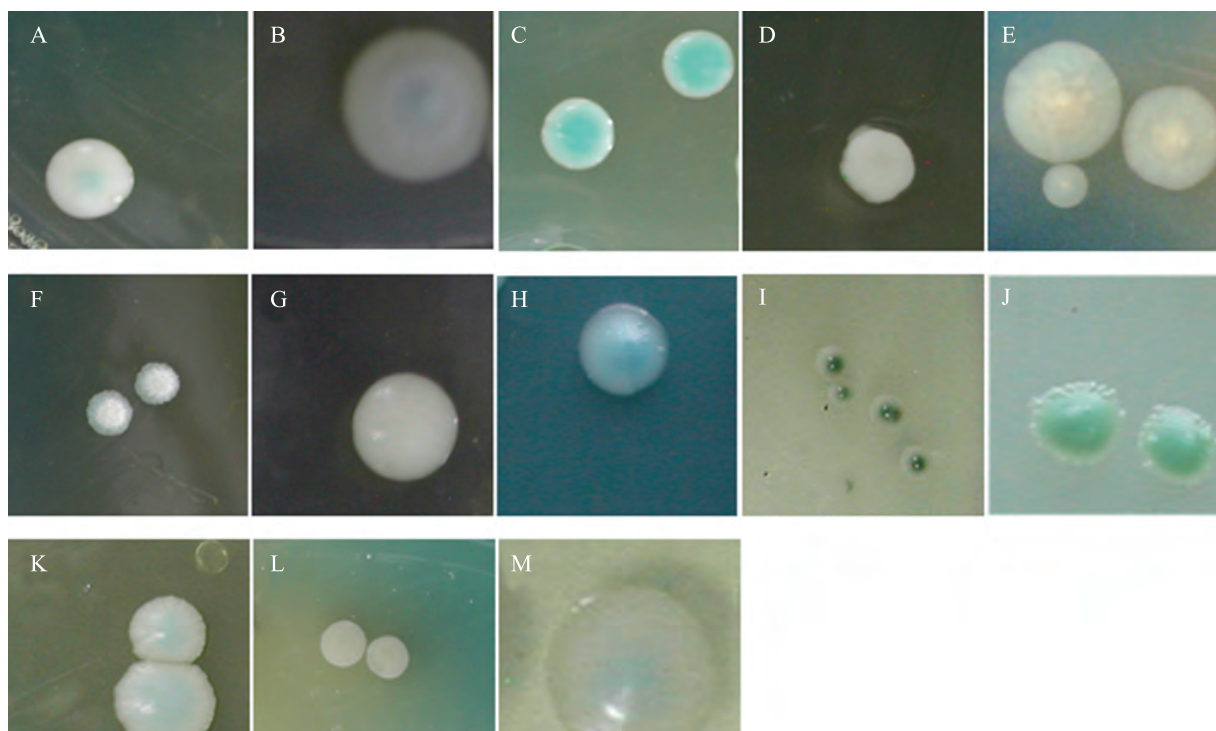


图 1 WL 鉴别培养基上酵母的菌落形态

Fig. 1 Morphology of yeasts colonies cultured on WL medium

Note: A: FJ-1; B: FJ-2; C: FJ-3; D: FJ-4; E: FJ-5; F: FJ-6; G: FJ-7; H: FJ-8; I: FJ-9; J: FJ-10; K: FJ-11; L: FJ-12; M: FJ-13.

表 2 酵母 26S rRNA D1/D2 区域序列分析结果  
Table 2 Yeasts identified by sequence analysis of the 26S rRNA D1/D2 region

种名 Species	菌株类型 Strain type	序列登录号 GenBank accession number	与模式菌株的序列相似性 Sequence similarity to type strain (%)
<i>S. cerevisiae</i>	FJ-1、FJ-9	JQ665243	99
<i>I. orientalis</i>	FJ-2、FJ-13	JQ665241	99
<i>H. osmophila</i>	FJ-10	JQ665249	99
<i>S. fibuligera</i>	FJ-4	JQ665244	99
<i>T. asahii</i>	FJ-5	JQ665245	99
<i>P. farinose</i>	FJ-6	JQ665246	99
<i>C. lusitaniae</i>	FJ-7	JQ665240	99
<i>P. anomala</i>	FJ-3、FJ-8	JQ665242	100
<i>P. fermentans</i>	FJ-11	JQ665247	99
<i>P. membranifaciens</i>	FJ-12	JQ665248	99

2.3 清香型白酒 3 种典型大曲中酵母种群结构

大曲为白酒发酵提供了微生物来源,是白酒酿造的原动力。清香型白酒酿造过程采用由不同工艺生产的清茬、红心、后火 3 种大曲,按一定配比接种后进行地缸发酵,表明了 3 种大曲在微生物提供方面具有不同的作用<sup>[13]</sup>。因此考察 3 种大曲酵母菌群的结构能够解释清香型白酒 3 种大曲之间的差异。清香型白酒 3 种典型大曲中酵母数量及菌群结构如表 3 所示。结果表明 3 种大曲中酵母总数相近,其中 *S. fibuligera*、*I. orientalis*、*S. cerevisiae* 和 *P. anomala* 是 3 种大曲中共有的酵母种类,而且 *S. fibuligera* 在 3 种大曲中均为绝对优势菌。*S. fibuligera* 是大曲上霉的主要微生物,在白酒大曲中广泛存在;而且该菌有较好的糖化和产酯作用,能产生淀粉酶、蛋白酶和  $\beta$ -葡萄糖苷酶,在发酵食品行业有较好的应用前景<sup>[14]</sup>。*P. anomala* 广泛存在于酿酒环境中,其酒精发酵能力仅次于 *S. cerevisiae*,并且产乙酸乙酯能力很强<sup>[15]</sup>。*I. orientalis* 在浓香型白酒习酒大曲和泸州老窖酒醅样品中也被检测到,具有降解有机酸的功能<sup>[16-17]</sup>。清茬、红心、后火 3 种大曲在酵母结

构上差异较大。清茬曲中的酵母种属最多(7 个种),其中 *C. lusitaniae* 和 *T. asahii* 是仅存在于该类曲中的特有菌种,但含量极少;红心曲中鉴定有 5 种酵母,而且该类曲中 *I. orientalis*、*P. anomala* 和 *S. cerevisiae* 的数量明显高于另外两种大曲;后火曲中酵母总数量相对较少,鉴定有 6 种酵母,其中 *P. fermentans* 是仅存在于该类曲中的特有菌株。

综上所述,清香型白酒 3 种大曲中酵母种群结构差异较大,且不同曲的酵母种类和数量具有不同的特点,这正体现了清香型白酒利用 3 种大曲按一定配比用于酿造过程的相辅相成作用<sup>[18]</sup>。

2.4 清香型白酒酒醅固态发酵过程中酵母种群结构

考察清香型白酒酿造过程中大茬、二茬酒醅发酵过程中的酵母菌群结构变化规律,结果如图 2 所示。随着发酵的进行,两种酒醅发酵过程中酵母总数量均明显下降,推测这是由于随着酒醅发酵的进行,发酵地缸中的氧逐渐减少,乙醇和酸等化学成分逐渐增加,对乙醇和酸耐受差的酵母逐渐开始死亡<sup>[19]</sup>。

表 3 清香型白酒 3 种典型大曲中酵母种类及分布  
Table 3 Distribution of yeast species in three representative types of *Daqu* in Chinese light-style liquor

种名 Species	数量( $\times 10^6$ CFU/g) Quantity ( $\times 10^6$ CFU/g)		
	清茬曲 <i>Daqu</i> of <i>Qincha</i>	红心曲 <i>Daqu</i> of <i>Hongxin</i>	后火曲 <i>Daqu</i> of <i>Houhuo</i>
<i>S. fibuligera</i>	12.50	10.00	11.00
<i>I. orientalis</i>	2.50	3.00	0.50
<i>S. cerevisiae</i>	0.50	1.50	0.05
<i>C. lusitaniae</i>	0.05	—	—
<i>P. anomala</i>	0.50	1.00	0.05
<i>P. farinosa</i>	0.05	—	0.05
<i>P. fermentans</i>	—	—	Tr
<i>T. asahii</i>	0.05	—	—
种类 Types	7	4	6
总数 Total	16.15	15.50	11.65

注: —: 未分离到; Tr: 存在但很少( $< 5 \times 10^4$  CFU/g).  
Note: —: Not identified; Tr: Presence but is rarely.

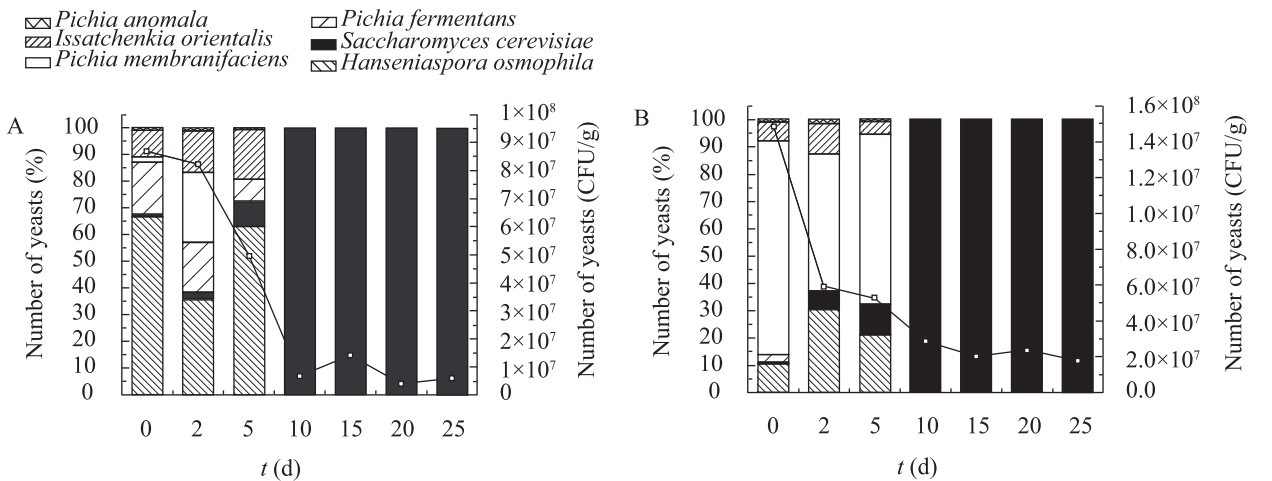


图 2 清香型白酒酒醅发酵过程中(大茬: A; 二茬: B)酵母菌群落结构变化规律

Fig. 2 Yeast community structure during fermentative process (*Dacha*: A; *Ercha*: B) of Chinese light-style liquor

大茬和二茬酒醅酵母种类也相同, 二者在发酵初期主要有 6 种酵母, 分别为 *P. anomala*、*I. orientalis*、*P. membranifaciens*、*P. fermentans*、*S. cerevisiae* 和 *H. osmophila*。其中 *S. cerevisiae*、*I. orientalis*、*P. anomala* 和 *P. fermentans* 主要来

自于大曲, 由于 *H. osmophila* 和 *P. membranifaciens* 在大曲中并未发现, 推测这 2 种酵母可能由环境富集产生。*H. osmophila* 是中国白酒中首次分离到的酵母种类, 该菌能产乙酸 2-苯乙酯等风味物质<sup>[20]</sup>。*P. membranifaciens* 曾在茅台酒酒醅中

被分离到<sup>[21]</sup>。根据3种大曲中酵母的分布特点可知,酒醅中的 *S. cerevisiae*、*I. orientalis* 和 *P. anomala* 主要来源于红心曲和清茬曲,而 *P. fermentans* 主要来源于后火曲。*P. fermentans* 是清香型白酒中首次发现的酵母,该菌在传统发酵奶制品中存在,产2-苯乙醇等风味物质<sup>[22-23]</sup>。另外,尽管 *S. fibuligera* 在大曲中是明显的优势菌,但在酒醅中该菌数量很少( $<1 \times 10^7$  CFU/g),说明该酵母的数量可能是在大曲使用前的贮存过程中降低的。

尽管大茬和二茬酒醅中酵母种类相同,但二者在整个发酵过程中酵母结构演变规律存在较大差异。在酒醅发酵初期(0-5 d),两种酒醅中含有的优势酵母不相同,其中大茬主要是 *H. osmophila*,二茬主要是 *P. membranifaciens*;但到发酵后期,两种酒醅中几乎仅有酒精耐受性较高的 *S. cerevisiae* 存在。*I. orientalis* 和 *P. anomala* 在大茬、二茬发酵过程中数量相近,且都仅在发酵前期(0-5 d)少量存在( $<1 \times 10^7$  CFU/g)。

清香型白酒生产中存在大茬和二茬两种酒醅进行的发酵,且生产出的两种酒存在一定差异,两种酒醅中酵母结构的差异可能也是导致这两个茬次酒差异的重要原因<sup>[24]</sup>。

### 3 结论

本文首次综合采用 WL 鉴别培养基和 26S rRNA D1/D2 序列鉴定方法对中国传统清香型白酒酿造过程中的酵母进行了分类学研究,认识了整个酿造过程中酵母种群结构演变规律,发现3种典型大曲具有不同的菌群结构,表明了清香型白酒生产中三者的混合使用为白酒发酵生产提供了丰富多样的酵母资源。同时大茬和二茬两种酒醅也具有不同的菌群结构及变化趋势,这对2个茬次酒的差异具有一定的影响。另外,本文发现了以前在清香型白酒酿造中从未发现的酵母,

这对于扩充清香型白酒酿造微生物学的理论知识具有重要的意义。本研究内容对科学认识清香型白酒酿造过程和机制,以及丰富我国传统酿造食品微生物学的研究,具有重要的理论和实践价值。

### 参 考 文 献

- [1] 熊子书. 中国三大香型白酒的研究(三)清香·杏花村篇[J]. 酿酒科技, 2005(7): 17-21.
- [2] Verbelen PJ, Dekoninck TML, Saerens SMG, et al. Impact of pitching rate on yeast fermentation performance and beer flavour[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2009, 82(1): 155-167.
- [3] Verginer M, Leitner E, Berg G. Production of volatile metabolites by grape-associated microorganisms[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2010, 58(14): 8344-8350.
- [4] Chen S, Xu Y. The Influence of yeast strains on the volatile flavour compounds of Chinese rice wine[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2010, 116(2): 190-196.
- [5] 赵光鳌, 尹卓容, 张继民, 等译. 葡萄酒酿造学—原理及应用[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2001.
- [6] 韩莎, 雷振河, 李琦, 等. 汾酒酿造过程中可培养微生物的群落结构与代谢规律研究[J]. 食品与发酵工业, 2009, 35(1): 9-13.
- [7] Kurtzman CP, Robnett CJ. Identification and phylogeny of ascomycetous yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 1998, 73(4): 331-371.
- [8] Fell JW, Boekhout T, Fonseca A, et al. Biodiversity and systematics of basidiomycetous yeasts as determined by large-subunit rDNA D1/D2 domain sequence analysis[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2000, 50(3): 1351-1371.
- [9] 杨莹, 徐艳文, 薛军侠, 等. WL 营养琼脂对葡萄酒相关酵母的鉴定效果验证[J]. 微生物学杂志,

- 2007, 27(5): 75–78.
- [10] Yarrow D, Kunzman CP, Fell JW. The Yeasts, a Taxonomic Study[M]. 4th ed. Amsterdam: Elsevier Science Publishers, 1998: 77–100.
- [11] 澳斯柏 F, 金斯顿 RE, 塞德曼 JG, 等. 精编分子生物学实验指南[M]. 颜子颖, 王海林, 译. 北京: 科学出版社, 1998: 522–523.
- [12] Cavazza A, Grando MS, Zini C. Rilevazione della flora microbica di mostie vini[J]. Vignevini, 1992, 9: 217–220.
- [13] 李超, 穆琳, 王建耀, 等. 汾型大曲的理化指标和微生物指标分析[J]. 中国酿造, 2009, 202(1): 140–142.
- [14] Machida M, Ohtsuki I, Fuku S, et al. Nucleotide sequences of *Saccharomycopsis fibuligera* genes for extracellular  $\beta$ -Glucosidases as expressed in *Saccharomyces cerevisiae*[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1988, 54(12): 3147–3155.
- [15] 王元太. 清香型白酒酿造技术[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2009.
- [16] Zhang WX, Qiao ZW, Tang YQ, et al. Analysis of the fungal community in Zaopei during the production of Chinese Luzhou-flavour liquor[J]. Journal of the Institute of Brewing, 2007, 113(1): 21–27.
- [17] 张磊, 施思, 张文学, 等. 浓香型白酒大曲中酵母菌的分离和鉴定[J]. 酿酒科技, 2010, 191(5): 39–41.
- [18] 李奇, 相里加雄. 汾酒三种大曲酿酒性能对比分析[J]. 酿酒科技, 2011(4): 63–64.
- [19] Li XR, Ma EB, Yan LZ, et al. Bacterial and fungal diversity in the traditional Chinese liquor fermentation process[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 146(1): 31–37.
- [20] Viana F, Gil JV, Vallés S, et al. Increasing the levels of 2-phenylethyl acetate in wine through the use of a mixed culture of *Hanseniaspora osmophila* and *Saccharomyces cerevisiae*[J]. International Journal of Food Microbiology, 2009, 135(1): 68–74.
- [21] 姚翠萍, 王和玉, 林琳, 等. 一株膜璞毕赤酵母的生理特性及其代谢产物研究[J]. 酿酒科技, 2011(7): 57–59.
- [22] 倪慧娟. 新疆地区和青海地区传统发酵乳制品中酵母菌的生物多样性[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学博士学位论文, 2009.
- [23] Chung H Jr, Lee SL, Cheng CC. Production and molar yield of 2-phenylethanol by *Pichia fermentans* L-5 as affected by some medium components[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2000, 90(2): 142–147.
- [24] 沈怡方. 白酒生产技术全书[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2009.

## 编辑部公告

### 《微生物学通报》英文刊名

《微生物学通报》之前使用的英文刊名“Microbiology”因在国际上有重名,造成了本刊在被国内外作者引用以及国外数据库收录时英文刊名的混乱,这大大影响了本刊在国际上的传播,也不利于对我刊引用数据的统计。经本届编委会讨论,以及主办单位批准,本刊英文刊名自 2010 年起变更为“Microbiology China”,请各位作者、读者和数据库引用时注意使用。