

不同季节大曲生产过程中真菌群落结构的演变

Deep sequencing reveals fungal community evolution in the production of *Daqu* fermented different seasons

朱文优^{1,2} 聂尧¹ 徐岩¹

ZHU Wen-you^{1,2} NIE Yao¹ XU Yan¹

(1. 江南大学工业生物技术教育部重点实验室, 江苏 无锡 214122;

2. 宜宾学院固态发酵资源与利用四川省重点实验室, 四川 宜宾 644000)

(1. *The Key Laboratory of Industrial Biotechnology of Ministry of Education, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China*; 2. *Solid-state Fermentation Resource Utilization Key Laboratory of Sichuan Province, Yibin University, Yibin, Sichuan 644000, China*)

摘要:采用高通量测序技术和多元统计方法,对比研究夏秋两季高温大曲生产过程中的真菌群落结构及其演变。结果表明,夏季大曲的主要真菌有 14 个属,秋季大曲有 17 个属,且夏季大曲的主要真菌在秋季大曲中均存在;*Pichia*、*Saccharomycopsis* 和 *Wickerhamomyces* 是夏秋两季大曲生产起始的主要真菌,其中 *Pichia* 是秋季大曲生产全程的主要真菌类群,*Thermoascus* 是夏季大曲发酵后期的优势真菌类群;秋季大曲生产过程中真菌类群数量更多,而夏季大曲真菌物种分布更均匀;夏秋两季大曲生产过程可分为 2 个阶段,分别以 8 d 和 12 d 为分界线,秋季大曲生产过程更易受外界条件影响,特别是生产前期。

关键词:大曲;真菌群落结构;高通量测序技术;生产季节

Abstract: In this paper, it was studied that the changes of fungal community in the production of *Daqu* between the summer and autumn by using high-throughput sequencing technology and multivariate statistical methods. It was showed that the main fungi in the production of *Daqu* in summer were 14 genera as well as that were 17 genera in autumn. The main fungi in the production of *Daqu* in summer were all existed in *Daqu* produced in autumn. *Pichia*, *Saccharomycopsis* and *Wickerhamomyces* were the main fungi in the beginning of *Daqu* production in the two seasons of summer and autumn, and *Pichia* was the main fungus in the whole production of *Daqu* in autumn. *Thermoascus* was the main fungus in the late stage of *Daqu* production in summer. The fungi species in the production of *Daqu* in autumn were more than that in summer, but the distribution of fungi in the production of *Daqu* in summer was more uniform than that in autumn. The *Daqu* production can be divided into two stages whose dividing lines were respectively 8 d and 12 d in the summer and autumn. It was more easily affected by external conditions when *Daqu* produced in autumn, especially in the early stage of production.

Keywords: *Daqu*; fungal community; high-throughput sequencing; production season

Keywords: *Daqu*; fungal community; high-throughput sequencing; production season

大曲是白酒酿造真菌的主要来源,包括霉菌和酵母菌。白酒生产采用典型的“双边”发酵工艺,即糖化与发酵同步进行。在白酒发酵生产中,首先需在淀粉水解酶的作用下将谷物淀粉水解成葡萄糖等中间产物,为白酒组分的形成提供物质基础。白酒酿造处于 pH 3.0 左右的强酸环境^[1],只有霉菌分泌的酸性淀粉水解酶类才能起作用^[2],即霉菌在白酒发酵的糖化环节起着关键作用。酵母菌是合成乙醇和酯类等白酒重要成分的主要微生物^[3-4]。同时,真菌参与构建白酒酿造微生态系统^[5]。因此,真菌是白酒发酵生产过程中的关键基础微生物。

不同季节生产的大曲,其发酵性能往往不同^[6]。在白酒生产中,常将不同季节生产的大曲混合使用,如将伏曲与桃花曲混用^[4]。这种经验做法部分缓解了大曲质量波动对白酒

基金项目:国家自然科学基金重点项目(编号:31530055);国家 863 计划项目(编号:2013AA102108);国家自然科学基金项目(编号:3127192);国家重点研发计划项目(编号:2016YFD0400503);宜宾市科技重点项目(编号:2015-8);固态发酵资源与利用四川省重点实验室开放课题(编号:2016GTY001);酿酒生物技术及应用四川省重点实验室项目(编号:NJ2014-10)

作者简介:朱文优,男,副教授,江南大学在读博士研究生。

通信作者:徐岩(1962—),男,江南大学教授,博士生导师,博士。

E-mail: yxu@jiangnan.edu.cn

聂尧(1977—),男,江南大学教授,博士生导师,博士。

E-mail: ynie@jiangnan.edu.cn

收稿日期:2017-08-27

酒生产的影响,但时常不能奏效。对大曲生产过程中微生物的控制,才是解决不同季节大曲质量问题的根本。这需以理解季节影响大曲生产中微生物群落结构的差异为基础。目前,关于这个方面的报道较少,其研究仍处于较低水平。从研究手段来看,主要采用微生物培养技术和 DGGE 技术等传统手段,基于高通量测序技术的研究报道仅见 1 篇^[4]。从研究内容来看,集中于微生物类群总数、理化指标的变化分析,未见季节对大曲发酵过程中微生物群落结构演变影响的研究。赵荣寿等^[7]半经验性地认为季节显著影响高温大曲的质量;姚霞等^[8]采用微生物培养法,只分析了不同季节大曲霉菌、酵母等数量和理化指标的动态变化;侯建光等^[9]分析了冬夏两季成品大曲感官和理化指标的变化。Han 等^[4]采用目前最先进的分子生态学研究手段——高通测序技术,只研究了春夏两季成品大曲中微生物群落结构的差异,是目前大曲微生物群落研究的最高水平。综上所述,目前尚未开展不同季节大曲生产过程中微生物群落结构的演变研究,对季节影响大曲微生物的认识严重不足。

基于此,本试验采用高通量测序技术和多元统计方法,对夏秋两季大曲生产过程中的真菌群落结构及其变化进行了较为系统的研究,以期阐明季节对大曲发酵过程中真菌群落结构演变的影响,为大曲生产过程优化及控制提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

1.1.1 样品

夏秋季培菌期和储存期的中高温大曲样品:川南某酒企。

1.1.2 主要试剂

硫酸铜、酒石酸钾钠等:AR 纯,中国医药集团总公司化学试剂有限公司;

可溶性淀粉、琼脂粉等:BR 纯,中国医药集团总公司化学试剂有限公司;

Tris 饱和酚、氯仿、异戊醇等:超纯,上海生工股份有限公司;

E.Z. N. A.™ Soil DNA kit、E. Z. N. A.™ Gel Extraction Kit;美国 Omega Bio-Tek 公司。

1.1.3 主要仪器

超纯水仪:Milli-Q 型,美国 Millipore 公司;

高速冷冻离心机:Avanti J-E 型,美国 Beckman Coulter 公司;

分光光度计:NanoDrop 8000 型,美国 Thermo 公司;

凝胶成像仪:GEL DOC2000 型,美国 Bio-Rad 公司;

电泳仪:Sub-cell 系统型,美国 Bio-Rad 公司。

1.2 试验方法

1.2.1 PDA 培养基和孟加拉红培养基的配制 参照文献^[10]⁵⁸。

1.2.2 0.1 mol/L PBS 缓冲液、Buffer Z 缓冲液和 3 mol/L 醋酸钠溶液(pH 5.2)的配制 参照文献^[10]²⁰。

1.2.3 酵母菌和霉菌的计数 参照文献^[11]²⁰⁰⁻²⁰⁷。

1.2.4 理化指标测定

(1) 品温的测定:参照文献^[11]⁵⁸⁻⁷⁰。

(2) 大曲的水分含量、酸度、糖化力和液化力等理化指标的测定:参照文献^[11]⁶¹⁵⁻⁶²²。

1.2.5 宏基因组提取 参照文献^[10]²¹⁻²²。

1.2.6 高通量测序与序列处理 委托北京奥维森基因科技有限公司完成。

1.2.7 OTU 分析 将相似度为 97% 的序列归类为同一个 OTU^[12-15],利用 QIIME(v1.8.0)软件将拼接过滤后的 clean tags 聚类为 OTU,进而获得每个 OTU 的代表性序列,并统计各个样品中 OTU 的丰度信息,其丰度初步说明了样品的物种丰富程度。

1.2.8 稀疏曲线 随机从样本中抽取一系列一定数量的序列(为横坐标)与它们所能代表 OTU 的数目(为纵坐标)所构建的曲线,主要用于指导测序深度(即测序获得的序列数)的选取。

1.2.9 分类学分析 使用 QIIME(v1.8.0)软件,选取阈值为 97%,将各 OTU 的代表性序列与 UNITE 数据库进行比对和分类,确定各 OTU 的分类地位。

1.2.10 群落多样性分析 α -多样性采用 Chao1 index、Shannon index 和 observed species 3 个指数进行表征,采用软件 Qiime pipeline 辅助计算^[16-17]。 β -多样性采用非度量多维尺度分析(NMDS)法进行表征,采用 UniFrac 等软件进行分析^[18-20]。

1.2.11 数据处理 以 SPSS V22(SPSS Inc., USA)为统计分析手段,采用方差分析(ANOVA)和邓肯多重比较分析法(Duncan's multiple-range test),当 $P < 0.05$ 时,则认为其差异显著。

2 结果与讨论

2.1 大曲理化指标动态变化

本研究监测了不同季节大曲生产过程中理化指标动态变化,结果见图 1。

由图 1 可知,夏秋两季大曲生产过程中,其发酵温度、水分含量、酸度、液化力、糖化力和发酵力等 6 个理化指标的变化趋势基本相同。从图 1(a)可知,大曲品温均符合大曲“前缓,中挺,后缓落”的一般规律,说明本试验用大曲样品均为正常大曲,其中秋季大曲(LA)的升温速度更快、夏季大曲(LS)的顶温更高。从图 1(b)可知,大曲水分含量与品温呈负相关,夏季大曲的升温慢、顶温高,其原因是夏季大曲的初始水分含量更高^[21]。秋季大曲的酸度略高于夏季大曲[图 1(c)],但其差异不显著($P > 0.05$),主要是因为秋季大曲发酵温度更低而使微生物生长更旺盛^[21-22]。同时发现,秋季大曲的液化力高于夏季大曲[图 1(d)],且差异显著($P < 0.05$)。从图 1(e)可知,秋季大曲的糖化力也显著地高于夏季大曲($P < 0.05$)。夏秋两季大曲的发酵力,除其达最大值时的发酵时间不同外,其他基本相同[图 1(f)]。总之,本试验用的大曲样品均为正常大曲,其发酵温度、水分含量、酸度、液化

力、糖化力和发酵力 6 个指标的变化趋势基本相同,但液化力和糖化力 2 个指标存在显著性差异。由此可知,不同季节生产的大曲,其发酵性能存在显著性差异。

2.2 酵母菌和霉菌数量动态变化

在培菌期,不同季节大曲生产中酵母菌和霉菌的变化趋势见图 2。

由图 2 可知,夏秋两季大曲生产过程中酵母菌和霉菌的生长变化趋势基本相同,且与酸度、液化力、糖化力和发酵力等的变化基本吻合。在发酵前期,大曲水分和温度较适宜微生物生长,酵母菌和霉菌快速增殖。在发酵中期,发酵温度高且水分含量低,抑制了酵母菌和霉菌的生长,因而呈下降态势。发酵后期,品温回落,霉菌和酵母菌出现二次增长现象。

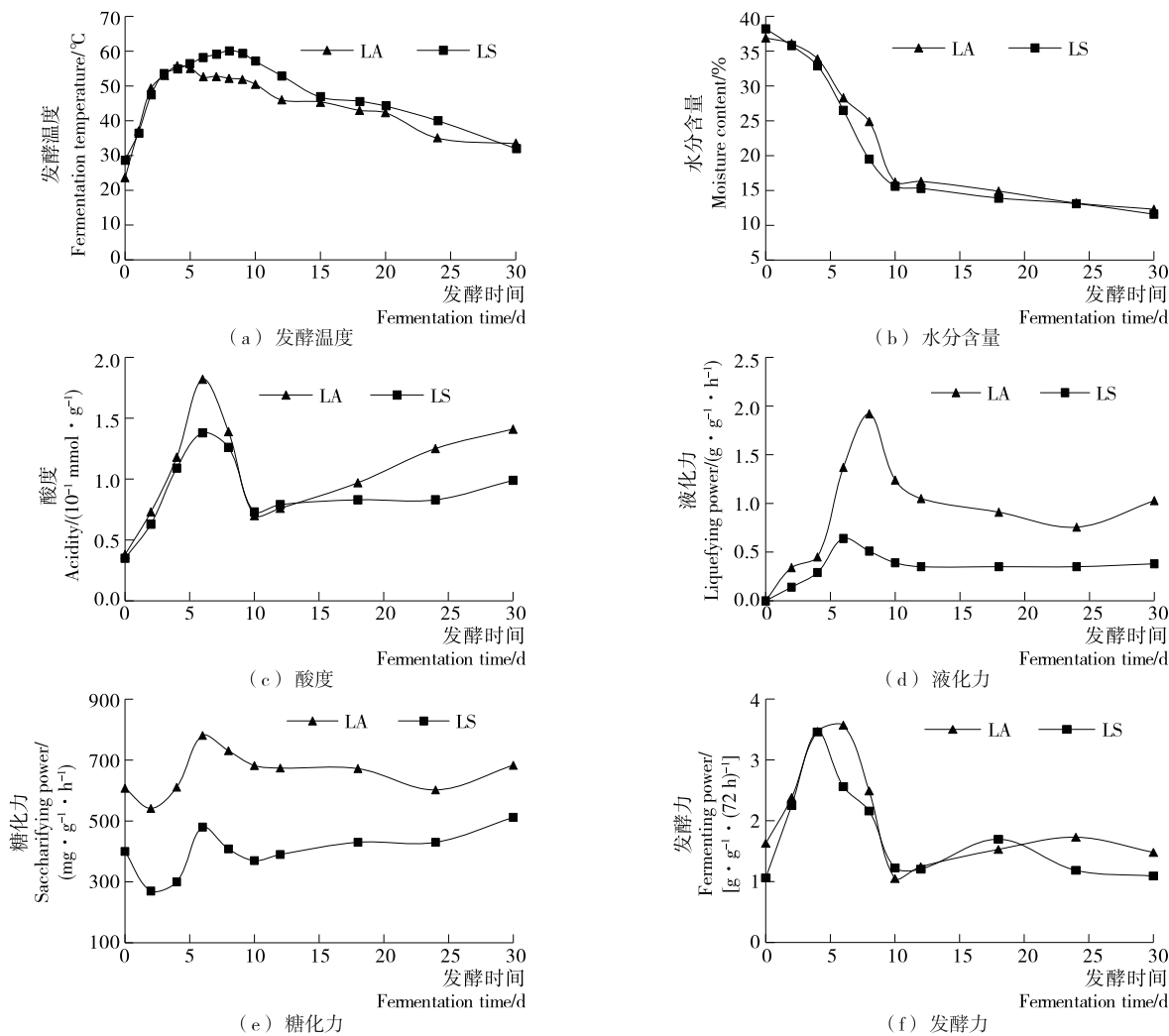


图 1 大曲生产过程中理化指标的动态变化

Figure 1 Dynamic change of physicochemical indexes in the production of *Daqu*

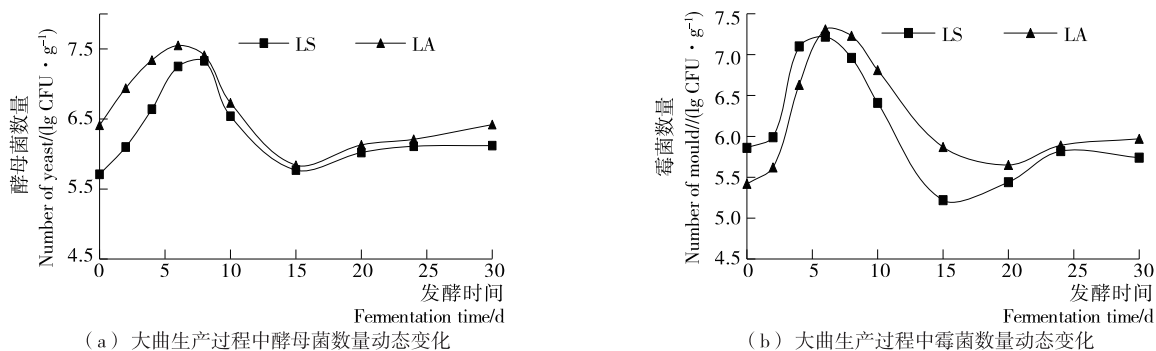


图 2 大曲生产过程中酵母菌和霉菌的动态变化

Figure 2 Dynamic change of yeast and mould during the *Daqu* processes

2.3 高通量测序数据统计及优化

对 24 个夏秋两季大曲生产及贮存期样品进行 Mesiq 测序,共获得 1 804 162 条 ITS1 序列,优化后得到 1 686 629 条高质量的序列,平均每个样本 70 276.21 条序列,统计结果见表 1。

由图 3 可知,24 个被测样品的稀疏曲线尚未完全达到平稳状态。但是,在 reads \geq 32 930 时,各样品的 goods coverage 指数均 $>$ 99.4%,说明继续增加测序深度对发现新 OTU 的边缘贡献很小^[23]。因此,选择 reads 数为 32 930 作为各样品的临界测序深度合理、可行。

表 1 优化序列长度分布情况

Table 1 The distribution of optimized sequence length

序列长度/bp	序列数量	比例/%
120~180	684 097	40.56
180~240	41 997	2.49
240~300	934 055	55.38
300~360	13 999	0.83
360~420	11 975	0.71
420~480	337	0.02
480~540	169	0.01

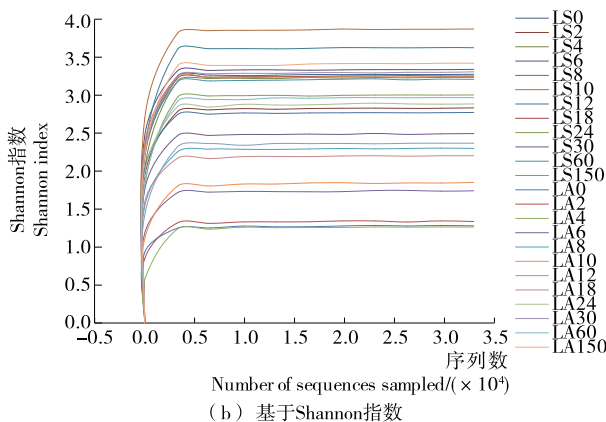
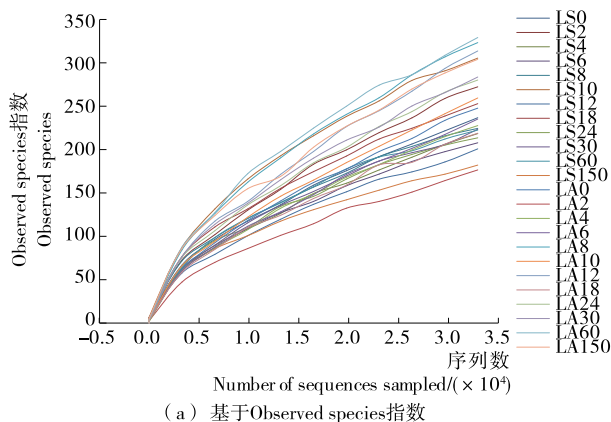


图 3 夏秋两季大曲样品的稀疏曲线

Figure 3 Rarefaction curves for *Daqu* samples from summer and autumn

经筛选优化后的 1 686 629 条高质量序列,在 0.97 相似度下聚类,共获得 9 251 个 OTU,各样本的统计结果见图 4。

由图 4 可知,与夏季大曲相比,除第 2 天和第 8 天的样品外,秋季大曲生产过程及贮存阶段样品中的 OTU 数量更大,同时这 2 种生产过程及贮存阶段大曲样品中的 OTU 的数量存在显著性差异($P<0.05$)。由此可知,无论是生产过程还是贮存阶段,秋季大曲中的真菌类群比夏季大曲更为丰富多样,初步表明季节对大曲生产过程中真菌群落结构的影响较大。

2.4 不同季节大曲生产过程中真菌群落结构变化

按“属”分类水平,对不同季节大曲生产中真菌群落结构的演变进行了分析,见图 5。

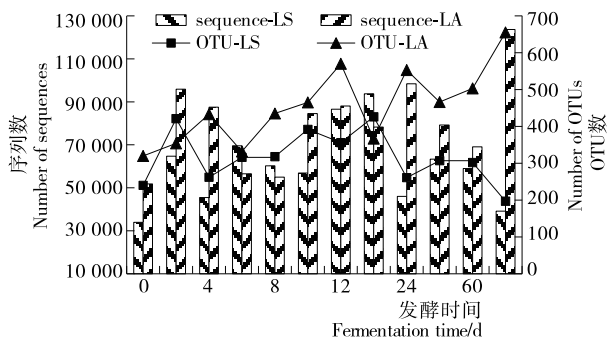


图 4 各样本中真菌有效序列数和 OTU 数

Figure 4 Number of sequences and OTU in different samples

在所有试验大曲样品中,共检测到 53 个属。由图 5 可知,夏季大曲中相对丰度 $>0.1\%$ 的属有 14 个,分别为 *Pichia*、*Saccharomycopsis*、*Wickerhamomyces*、*Hyphopichia*、*Thermoascus*、*Thermomyces*、*Rhizomucor*、*Aspergillus*、*Rhizopus*、*Candida*、*Penicillium*、*Lichtheimia*、*Debaryomyces*、*Mucor*;秋季大曲中相对丰度 $>0.1\%$ 的属有 17 个,包括夏季大曲中的 14 个属,其他 3 个属为 *Alternaria*、*Wallemia*、*Trichomonascus*。秋季大曲中,*Pichia* 的初始相对丰度为 83.86%,随大曲发酵进行逐渐下降,到发酵结束时相对丰度仍达 36.69%,是秋季大曲中的主要真菌类群;它在夏季大曲中同样是重要的微生物且变化趋势相同,但相对丰度却明显更低,到发酵终了时仅为 6%。*Wickerhamomyces* 在夏季大曲中的初始相对丰度为 30.15%,但随发酵进行迅速降低,到发酵结束时仅为 2.19%;它在秋季大曲发酵过程中的相对丰度却较为稳定。*Thermoascus* 在夏季大曲中的初始相对丰度仅为 5.2%,但随发酵的进行迅速增加,到发酵结束时高达 54.64%;它在秋季大曲发酵过程中的相对丰度却较为稳定,维持在 2.23%左右。因此,通过对比分析夏秋两季大曲在“属”水平上的真菌群落结构及其变化情况,初步发现秋季大曲的真菌类群更多,而夏季大曲中的真菌分布更加均匀。

2.5 不同大曲中真菌群落多样性变化分析

2.5.1 相似度树状图分析 以各样品中可鉴定到“属”水平的真菌种群为对象,采用 Bray-Curtis 算法,分别对夏秋两季大曲样品进行相似度树状图聚类分析,见图 6。

由图 6(a)和(b)可知,夏秋两季大曲的生产过程均分为

2 个阶段,但这 2 种大曲生产阶段的划分时间点不同。夏季大曲的生产过程以 8 d 左右为界限,秋季大曲则以 12 d 左右为界限。由图 6(c)可知,夏秋两季生产的大曲样品大致分成了 2 个大枝,即夏秋两季大曲生产过程样品各自聚在一起,表明不同季节大曲生产过程中的真菌群落结构差异显著,即季节对大曲生产过程中的真菌具有显著性的影响。

2.5.2 α -多样性分析 以样品中可鉴定到“属”水平的真菌种群为对象,对各样品的 Chao1、observed species 和 Shannon 3 个 α -多样性指数的变异显著性进行分析,见图 7~9。

由图 7(a)可知,秋季大曲的 Chao1 指数显著大于夏季大曲的($P < 0.05$),且秋季大曲 Chao1 指数的离散度更大。

进一步对夏秋两季大曲生产前期及生产后期的 Chao1 指数变化情况进行了分析。由图 7(b)可知,秋季大曲生产前期的 Chao1 指数略大于夏季大曲生产前期的($P > 0.05$),且其离散度更大。由图 7(c)可知,秋季大曲生产后期的 Chao1 指数显著大于夏季大曲的($P < 0.05$),但它们的离散度相当。Chao1 是用于估算群落中含 OTU 数目的指数。由此可知,秋季大曲生产过程中的真菌物种数量要高于夏季大曲,尤其是在大曲的发酵后期。同时,从大曲生产过程中 Chao1 指数的离散度变化可知,秋季大曲生产过程中的真菌物种波动大,初步表明其更易受外界环境条件的影响,特别是其生产前期。

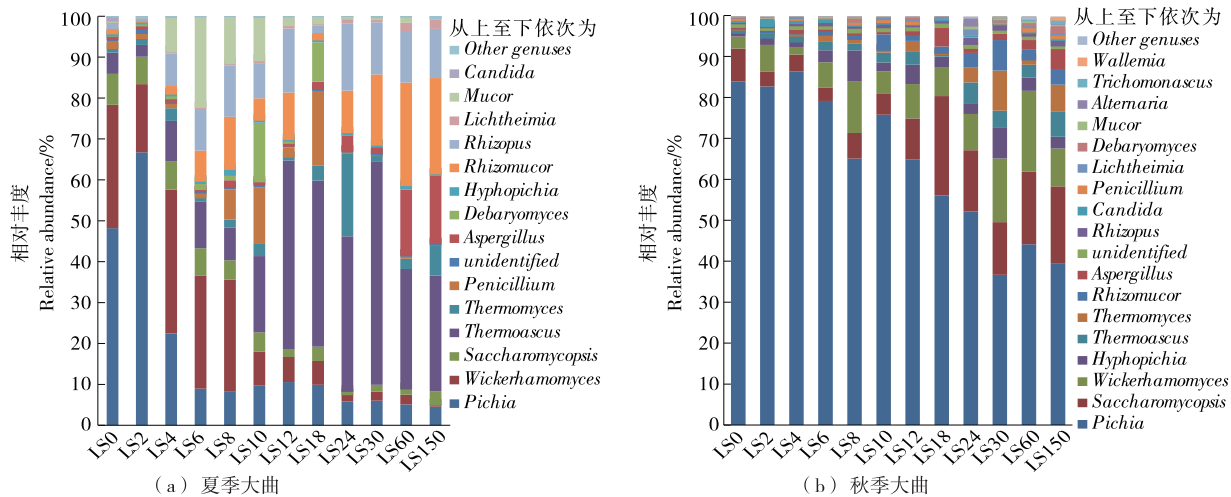


图 5 不同季节大曲生产过程中属分类水平真菌群落结构变化

Figure 5 Dynamic change of fungal community in *Daqu* samples at genus level

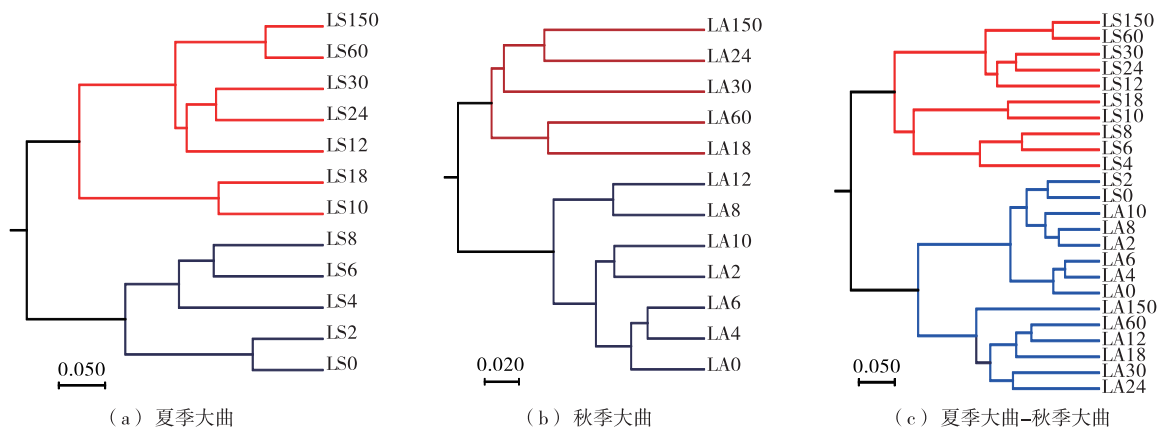


图 6 大曲样品相似度聚类树图

Figure 6 The clustering analysis of *Daqu* samples based on fungal community

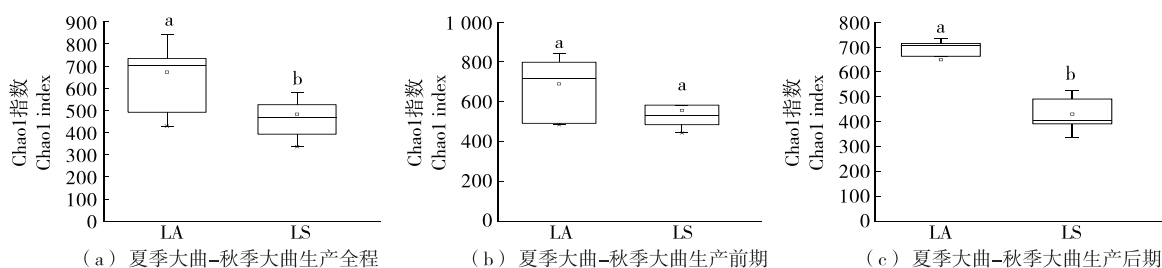


图 7 样品中真菌群落 Chao1 指数变异分析

Figure 7 Box and whisker plots of the variance in Chao1 index of fungal communities

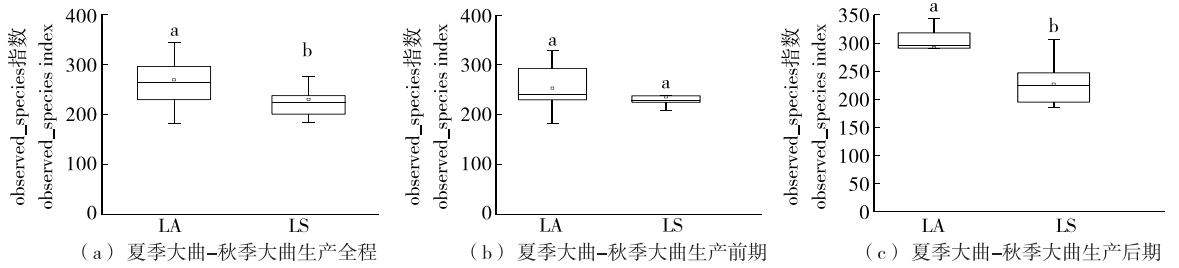


图8 样品中真菌群落 observed species 变异分析

Figure 8 Box and whisker plots of the variance in observed species of fungal communities

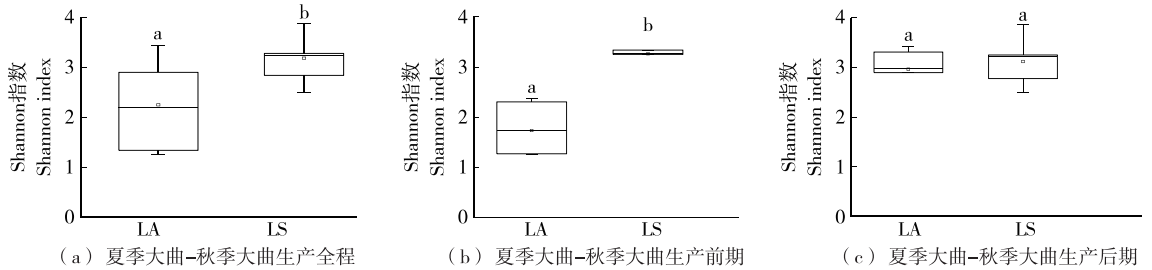


图9 样品中真菌群落 Shannon 指数变异分析

Figure 9 Box and whisker plots of the variance in Shannon index of fungal communities

由图8(a)可知,秋季大曲生产过程中的 observed species 指数显著大于夏季大曲的($P < 0.05$),且其离散度也更大。由图8(b)可知,秋季大曲生产前期的 observed species 指数略大于夏季大曲的($P > 0.05$),同时其离散度也更大。由图8(c)可知,秋季大曲生产后期的 observed species 指数显著大于夏季大曲的($P < 0.05$),但它们的离散度相当。与 Chao1 指数相同,observed species 指数的结果也表明秋季大曲生产过程中的真菌物种多于夏季大曲,尤其是在大曲的发酵后期。同时,说明秋季大曲生产过程更易受外界环境条件的影响,特别是其生产前期。

由图9(a)可知,夏季大曲的 Shannon 指数显著大于秋季大曲的($P < 0.05$),同时秋季大曲 Shannon 指数的离散度更大。Shannon 指数是用来估算样本中群落复杂程度的常用指标。通常样品中物种数量越多、分布越均匀,Shannon 指数越大,其生态系统越稳定。夏秋两季大曲生产过程中的 OTU 数量、Chao1 指数和 observed species 指数的分析结果表明,秋季大曲中的真菌类群更多。由此可知,夏季大曲 Shannon 指数更大的原因在于其物种分布更均匀,有利于大曲微生物生态系统的稳定,是夏季大曲质量普遍更高的重要原因。由图9(b)可知,夏季大曲发酵前期的 Shannon 指数显著大于秋季大曲的($P < 0.05$),同时秋季大曲 Shannon 指数的离散度更高。而夏秋两季大曲发酵后期的 Shannon 指数相当($P > 0.05$),且其 Shannon 指数的离散度也相当[图9(c)]。说明季节显著影响大曲生产过程中的真菌群落结构,尤其是大曲发酵前期更易受外界环境条件的影响。这提示大曲生产过程具有较强的“修复”能力,能在不同的起始点上得到性质接近的同类大曲。说明对大曲的生产控制应该在大曲发酵前期进行,同时强化某单一的微生物可能不能奏效,而应该强化混合微生物制剂,如优质老曲。

3 结论

高通量测序结果表明,夏季大曲中主要真菌有 14 个属,秋季大曲有 17 个属,且夏季大曲的主要真菌在秋季大曲中均存在。*Pichia*、*Saccharomycopsis*、*Wickerhamomyces* 3 个属是夏秋两季大曲生产初始的主要真菌类群,其在夏季大曲中的总相对丰度约为 86%,在秋季大曲中更高达 95%;发酵结束时在夏季大曲中的总相对丰度仅为 10%左右,在秋季大曲中则仍高达 65%。*Pichia* 是秋季大曲整个生产过程中的主要真菌类群,其起始相对丰度为 83.86%,发酵结束时仍达 36.69%。*Thermoascus* 在夏季大曲发酵过程中从初始相对丰度仅为 5.2%,增加到 50%左右,在其发酵后期成为优势真菌类群;而它在秋季大曲整个生产过程中一直维持在 2%左右的低水平。相似度树状图分析结果表明,大曲生产过程可以分为 2 个阶段,夏季大曲以 8 d 左右为分界线,秋季大曲以 12 d 左右为分界线;且夏秋两季大曲生产过程中的真菌群落结构存在显著差异。 α -多样性分析结果表明,秋季大曲生产过程中的真菌类群更多,而夏季大曲的真菌分布更均匀。真菌分布均匀是夏季大曲质量普遍更高的重要原因。同时发现,秋季大曲生产过程更易受外界环境条件的影响,特别是生产前期。

参考文献

- [1] 赖登辉,薛常有,潘华文.入窖七因素的变化规律及相互关系的研究(四):入窖酸度[J].酿酒科技,2011(4):43-45.
- [2] 黄永光.酱香型白酒酿造中 *Aspergillus henebergii* 及其分泌酸性蛋白酶的研究[D].无锡:江南大学,2014:1-4.
- [3] 孙神英.不同酵母菌对白酒风味成分的影响[D].武汉:武汉轻工大学,2014:5-9.
- [4] HAN Xing-lin, JIA Shi-ru, ZHANG Wu-jiu. Analysis of Daqu produced in different seasons[J]. Journal of the Institute of

- Brewing, 2016, 122(3): 397-402.
- [5] LI Xiao-ran, MA En-bo, YAN Liang-zhen, et al. Bacterial and fungal diversity in the traditional Chinese liquor fermentation process[J]. International Journal of Food Microbiology, 2011, 146(1): 31-37.
- [6] SUN Wei-ning, XIAO Hua-zhi, PENG Qian, et al. Analysis of bacterial diversity of Chinese Luzhou-flavor liquor brewed in different seasons by Illumina Miseq sequencing[J]. Annals of Microbiology, 2016(66): 1 293-1 301.
- [7] 赵荣寿, 吴先远, 梁亭, 等. 酱香型高温大曲生产季节讨论[J]. 酿酒科技, 2015(8): 60-61.
- [8] 姚霞, 明红梅, 周健, 等. 泸型大曲冬夏两季培菌期微生态的比较研究[J]. 食品研究与开发, 2015, 36(3): 134-137.
- [9] 侯建光, 郭富祥, 樊建辉, 等. 寒暑季节仰韶陶香型大曲指标差异性的研究[J]. 酿酒, 2016(1): 23-26.
- [10] 王海燕. PCR-DGGE 技术对清香型汾酒微生物群落结构演变规律的研究[D]. 无锡: 江南大学, 2014.
- [11] 沈怡方. 白酒生产技术全书[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 1998.
- [12] EDGAR R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, 26(19): 2 460-2 461.
- [13] BARBERÁN A, BATES S T, CASAMAYOR E O, et al. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. The ISME Journal, 2012, 6(2): 343-351.
- [14] VANWONTERGHEM I, JENSEN P D, DENNIS P G, et al. Deterministic processes guide long-term synchronised population dynamics in replicate anaerobic digesters[J]. The ISME Journal, 2014, 8(10): 2 015-2 028.
- [15] CARDINALE M, GRUBE M, ERLACHER A, et al. Bacterial

- networks and co-occurrence relationships in the lettuce root microbiota[J]. Environmental Microbiology, 2015, 17(1): 239-252.
- [16] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature Methods, 2010, 7(5): 335-336.
- [17] ZHANG Ming-lu, LIU Wen-jun, NIE Xue-biao, et al. Molecular analysis of bacterial communities in biofilms of a drinking water clearwell[J]. Microbes and Environments, 2012, 27(4): 443-448.
- [18] WANG Hai-yan, GAO Yi-bao, FAN Qing-wen, et al. Characterization and comparison of microbial community of different typical Chinese liquor Daqu by PCR-DGGE[J]. Letters in Applied Microbiology, 2011, 53(2): 134-140.
- [19] DE LEONARDIS A, MACCIOLA V, IORIZZO M, et al. Effective assay for olive vinegar production from olive oil mill wastewaters[J]. Food Chemistry, 2018, 240: 437-440.
- [20] TAO Yong, LI Jia-bao, RUI Jun-peng, et al. Prokaryotic communities in pit mud from different-aged cellars used for the production of Chinese strong-flavored liquor[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014, 80(7): 2 254-2 260.
- [21] BELLÍ N, BAU M, MARÍN S, et al. Mycobiota and ochratoxin A producing fungi from Spanish wine grapes[J]. International Journal of Food Microbiology, 2006, 111: S40-S45.
- [22] LEE G-I, LEE H-M, LEE C-H. Food safety issues in industrialization of traditional Korean foods[J]. Food Control, 2012, 24(1): 1-5.
- [23] ALAIN K, QUERELLOU J. Cultivating the uncultured: limits, advances and future challenges [J]. Extremophiles, 2009, 13(4): 583-594.

《保鲜与加工》杂志 2018 年征订征稿启事

- 中文核心期刊
- 中国科技核心期刊
- RCCSE 中国核心学术期刊
- 中国农业核心期刊
- 中国北方优秀期刊
- 中国学术期刊(光盘版)收录期刊
- 美国《化学文摘》(CA)收录期刊
- 英国《国际农业与生物科学研究中心》(CABI)收录期刊
- 英国《食品科技文摘》(FSTA)收录期刊

主管:天津市农业科学院

主办:国家农产品保鲜工程技术研究中心(天津)

国际标准连续出版物号:ISSN 1009-6221

国内统一连续出版物号:CN 12-1330/S

邮发代号:6-146 双月刊,逢单月 10 日出版,单价 18 元,全年 108 元。

《保鲜与加工》杂志是我国农产品采后技术研究领域的中文核心期刊,据中国知网的最新统计结果,5 年复合影响因子为 1.340。本刊主要报道农产品保鲜与加工相关领域基础理论、新技术、新工艺、新设备、新材料的研究成果及国内外相关行业的动态与信息。主要设置专家论坛、保鲜研究、加工研究、检测分析、信息与物流、专题论述、食品安全、技术指南、行业资讯、科普沙龙、科技前沿、政策法规等栏目。适于科技人员、农业技术推广人员、相关企业管理和技术人员、大专院校师生及广大从事保鲜与加工技术研发领域的人士参阅。

欢迎在全国各地邮局(所)或各编辑部订,欢迎广大读者踊跃投稿,并诚邀刊登各类相关广告。

通讯地址:天津市西青区津静公路 17 公里处,国家农产品保鲜工程技术研究中心(天津)《保鲜与加工》编辑部,邮编:300384

电话:022-27948711,联系邮箱:bxyjg@163.com,投稿平台:www.bxyjg.com

●欢迎订阅 发布广告

- 中文核心期刊
- 中国科技核心期刊
- RCCSE 中国核心学术期刊
- 国内外公开发行人刊
- 入选《中国知识资源总库·科技精品期刊》
- 《中国学术期刊综合评价数据库》来源期刊
- 《中国期刊网》全文数据库收录期刊
- 万方数据—数字化期刊群全文收录期刊
- 俄罗斯《文摘杂志》(AJ, VINITI) 收录期刊
- 美国《化学文摘》(CA) 收录期刊
- 波兰《哥白尼索引》(IC) 收录期刊
- 英国《食品科技文摘》(FSTA) 收录期刊
- 英国《全球健康》(Global Health) 收录期刊
- 英国《国际农业与生物科学研究中心》(CABI) 收录期刊
- 美国《乌利希指南》(UPD) 收录期刊

《中国调味品》 CHINA CONDIMENT

《中国调味品》杂志是中文核心期刊。于1976年创刊,是调味品行业国内外公开发行的专业技术刊物。三十多年来我刊本着为行业服务,推动行业技术进步的宗旨,以先进性、实用性、信息量大的特点办刊,受到业内人士欢迎。

《中国调味品》主要刊载食品添加剂、酱油、食醋、盐、酱腌菜、豆腐乳、方便面、香辛料、鲜味剂、甜味剂、核苷酸、复合调味料及有关调味技术等领域的新技术、新工艺、新设备等内容。设有“基础研究”、“技术研发”、“分析检测”、“食品添加剂”、“专论综述”等专栏。

有人用调味品 食品工业文摘

刊号:ISSN 1000-9973 邮发代号:14-13 月刊 大16开 正文200页 15.00元/期 180.00元/年
CN 23-1299/TS

地址:哈尔滨利民经济开发区南京路6号 邮编:150025 电话(传真):0451-87137077 87137088
E-mail: zgtwp1976@vip.163.com

开户行:哈尔滨银行利民开发区支行 户名:哈尔滨市食品工业研究所有限公司 帐号:1278011151860079

《中国调味品》杂志社 全国调味品科技情报中心站