



財團法人 食品工業發展研究所

## 生物資源保存及研究簡訊

第25卷第2期

中華民國101年6月發行

補助單位：經濟部技術處 / 執行單位：財團法人食品工業發展研究所

### 本期內容

#### 中心新聞 1

- ◎ 國科會生技醫藥國家型科技計畫資源中心審查小組蒞臨本所生資中心進行「台灣醫用細胞和微生物資源庫」100年度計畫評鑑與現地訪查

#### 研發成果 2

- ◎ 16S rRNA 基因序列比對在國人細菌鑑定上之應用現況
- ◎ 傳統發酵食品現代化技術—麴、酒、醋、Nata、臭豆腐

### 國科會生技醫藥國家型科技計畫資源中心審查小組蒞臨本所生資中心進行「台灣醫用細胞和微生物資源庫」100年度計畫評鑑與現地訪查



◀ 國科會生技醫藥國家型科技計畫(NRPB)審查小組於本年6月13日蒞臨本所，現場查訪與評鑑本所執行「台灣醫用細胞和微生物資源庫」計畫，會議由NRPB資源中心分項計畫召集人即中央研究院副院長陳建仁院士(左排中央)主持。

(圖：企劃室 羅瑞娟研究員 提供)

國科會生技醫藥國家型科技計畫(NRPB)審查小組於本年6月13日蒞臨本所，針對資源中心「藥物化學及生物性樣品庫」分項下本所負責執行之「台灣醫用細胞和微生物資源庫」計畫進行現地訪查與評鑑。審查小組包括中央研究院翁啟惠院長、陳建仁副院長、9位審查委員(包含6位中研院院士)以及8位資源中心計畫辦公室人員等。審查會議由資源中心計畫分項召集人陳建仁副院長主持，在本所陳樹功所長致詞歡迎後，由計畫共同主持人朱文深博士簡報100年度計畫執行成果，另由廖啟成副所長介紹生資中心技術研發概況，並訪視生物資源保存庫房各項核心設施，以及幹細胞實驗室與醫用微生物安全操作實驗區域等。與會審查委員均十分肯定本所建立的完善生物資源保存與管理系統，也期許我們能將此核心能量擴充到生技醫藥相關研發所需資源之收存與提供，以發揮其產業價值。

「台灣醫用細胞和微生物資源庫」乃針對生技醫藥國家型計畫所設定之目標，建置一符合研究人員需求之醫用生物材料中心，包括醫用生物樣品細胞庫和微生物病原體庫，提供高品質、多樣性和多量化之生物材料和相關委託服務，以達到促進國內新藥與新醫療技術之發展。自100年9月正式對外提供17項醫用細胞及病原微生物服務項目，包括EBV轉染細胞服務、初代(幹)細胞提供、人類胚胎幹細胞株提供及客製化服務(如人類腫瘤細胞DNA萃取)等。本計畫並積極與行政院衛生署疾病管制局和國內生醫研究單位，洽談合作及病原微生物生物材料之引進，期能藉由醫用生物檢體細胞庫之建立和重要臨床病原微生物及抗藥性菌株之收存與提供等服務平台，做為生技產業進行新藥篩選和開發新型檢驗試劑之重要基礎，以促進國內生技醫藥之研究發展。相關資源與服務之提供，請參考下列網址：  
<http://mcmr.bcrc.firdi.org.tw>。

(文：生資中心 黃麗娜 研究員)

# 16S rRNA 基因序列比對在 國人細菌鑑定上之應用現況

生資中心 / 資深研究員  
李福臨

## I. 前言

細菌包括對人類有益之醋酸菌、乳酸菌等發酵食品菌種，或工業上之生產菌，農業、環境上之有用菌種等，也有對人類飲食或身體危害之病原菌等。其鑑別、鑑定的方法一直有持續性、進步性之發展，尤其是分子層次的方法更是大家所注目、追求的。微生物保存負責人就被寄望在某些特定分類群 (taxon) 有高水準的研究，以充分瞭解現在分類學之動向，即時掌握菌名之更新；另外微生物鑑定業務也是一流的保存機構責無旁貸之使命，因為不管基礎研究或應用性上，首先都必須先確認使用之微生物菌名，亦即此微生物必須是經過可信賴的專業人員鑑定過的。然而國內細菌鑑定上有許多領域的研究人員利用 16S rRNA 基因序列比對的方式，在比傳統方法較短時間就決定其菌名，但是此方式鑑定出來的菌名之真實性令人堪憂。本文僅就最近國人在細菌鑑定上應用 16S rRNA 基因序列比對之現況，以長年以來本所鑑定研究與服務經驗累積之觀點分析解讀，提供產官學各界參考。

## II. 細菌鑑定演變之概要

細菌在二十世紀經歷主要以形態學、培養特徵、生理生化特性，化學分析技術輔助；分子生物學技術以 DNA 為基礎之基因定序技術和基因指紋圖譜等方法，以鑑定細菌<sup>(1)</sup>。然而利用分子序列來鑑定細菌已成為目前的主要依據，又以核糖體核糖核酸 (Ribosomal RNA, rRNA) 最為常用，其特性如下：

(一) 具足夠的普遍性：所有的生物皆可發現它們的存在。(二) 高度保守性：在基因演化過程中，核酸序列較為穩定，不易受培養、分離等環境干擾而發生變異，能用來測量生物彼此間的類緣關係。(三) 演化速率慢：從遠古時代到現在生物的 rRNA 變異極少，目前利用 rRNA 基因 (簡稱 rDNA) 序列作為微生物分類之依據已被廣泛認同。鑑定細菌之分子生物技術的發展過程，最初是藉由直接萃取 5S rRNA，而得到自然界微生物族群的分佈<sup>(14)</sup>。但 5S rRNA 可提供的資訊相當少，且缺乏獨立的變異序列區段，因此限制了於複雜生態系的實用性。而 23S rRNA 由於其序列太長，雖提供足夠的演化上訊息，但需要花費更多定序的時間，故於生物的分類上較少利用。至於原核生物的 16S rRNA 比 5S rRNA 提供更多可靠的資訊供分析，因此被建議用

來進行微生物生態研究<sup>(19)</sup>。

Woese 提出以 16S rRNA 序列作為研究細菌演化的工具後，其資料庫累積至今，已有數以萬計之多，為細菌最常使用的序列<sup>(29)</sup>。至於 rRNA 基因序列研究方面，因為生物幾乎都有 rRNA，它在演化上非常穩定，rRNA 被認為來自相同之祖先，是微生物系統進化研究之有用因子。一般微生物都有保守性較高之 small subunit rRNA (SSU rRNA，細菌為 16S，而真菌為 18S) 與 large subunit rRNA (LSU rRNA，細菌為 23S，而真菌為 25-28S) 為其結構基因；而基因間之內轉錄間隔區域 (Internal transcribed spacer, ITS region) 變異較大；重覆單位間的 Intergenic spacer (IGS) 區域包括 External transcribed spacer (ETS) 區域與 Non-transcribed spacer (NTS) 區域，在物種間差異較大。16S rRNA 存在於所有細菌中，其序列包含兩區域，亦即高度保守區域 (highly conserved regions) 與高度可變區 (highly variable regions)，但在細菌間具高度保守性<sup>(9)</sup>。不同屬間的 16S rRNA 序列有較大差異，但難以提出量化標準。而 16S rRNA 序列的差異可作為定種的依據，曾經有報導 16S rRNA 序列相似度大於 97% 的兩株細菌，即可能是同一種細菌<sup>(22)</sup>，但現在 >1450bp 的正確定序技術已經準確到 99% 以上可能同一種細菌，16S rRNA 基因 (簡稱 16S rDNA) 定序分析可比較序列以確定其分類地位，被選定為公認的分類指標。自從 1990 年代以來定序的方法逐漸成熟，累積出龐大的序列數據，對原核

生物的分類產生了重大的改變，過去倚靠形態、生理及化學特性架構的分類系統已被修改，新版的 Bergey's Manual of Systematic Bacteriology 列出的原核生物分類採用 16S rRNA 基因類源關係作為骨幹，重新編排分類<sup>(6,7,10)</sup>。

### III. 以 16S rRNA 基因序列比對的方式鑑定細菌之例子、時常有的困難及國人鑑定報告

16S rRNA 基因序列信息的最有吸引力的潛在用途之一是，提供不符合任何公認生化特性之分離株，或根據商業鑑定系統，菌株只是產生一種“可能性很低”或“可以接受”的結果，在這種情形時屬名和種名的鑑定<sup>(13)</sup>。微生物鑑定的傳統方法需要確認形態及生理特性的差異，來界定屬和種；但是用於確定表現型不尋常的微生物，全部和部分之 16S rRNA 基因測序方法已成為有用的工具<sup>(21)</sup>。

常規條件下在臨床實驗室，利用 16S rDNA 測序以鑑定細菌的實用性，已經被報導。在超過 30 個月期間，分別從臨床樣本中獲得了 683 株細菌，測序和分析結果顯示，對於其中 568 株 (83.1%)，該序列可提供物種水平之鑑定。108 株 (15.8%)，只限於鑑定到屬的水平，而仍然有 7 株 (1%)，不能由 16S rDNA 序列分析得以鑑定。綜合得知未能鑑定細菌的分類位階有 3 個原因：a. 物種之間難以區分，b. 序列資料庫中缺乏任何密切接近之菌種，c. 序列中有未定序好的位置<sup>(18)</sup>。

列舉一些以 16S rRNA 基因

序列比對的方式鑑定之各國成果，如下所示：

1996 年  $\beta$ -亞群氨氧化細菌相關的土壤和海洋 16S rRNA 基因序列之分子多樣性；1998 年以 16S rRNA 基因分析，確定嗜中溫和嗜熱顆粒污泥之系統發育多樣性；2000 年大量收集的環境和臨床無法辨認之細菌分離株的 16S rDNA 序列分析；2002 年代表性的淡水細菌：從湖泊和河流的浮游生物提供之 16S rRNA 基因序列分析；2003 年由 16S 核糖體 RNA 分析確定水稻青貯乳酸細菌的系統發育多樣性；2005 年一株抗重金屬銅銅細菌的分離、鑑定及其 16S rDNA 的序列分析；2006 年利用 16S rDNA 序列分析鑑定一株產抗菌物質的微生物菌株；2009 年使用的 16S rDNA 序列分析鑑定副溶血性弧菌；2009 年利用 16S rRNA 基因的序列分析鑑定飲用水中的細菌種群；2010 年從血培養的厭氧、非產孢革蘭氏陽性桿菌以 16S rRNA 基因測序之鑑定；2010 年小鬚鯨的腸道中分離的兼性厭氧菌，以 16S rRNA 基因序列分析的鑑定。以上並沒有各篇作者以外的研究人員去把各篇的

菌株拿來再正確完整的鑑定，目前沒辦法統計以上的例子之正確率。

以 16S rRNA 基因序列比對的方式鑑定細菌時常有的困難：Patel 等人<sup>(20)</sup>報告，以傳統的生化方式鑑定腸球菌是非常費時的；而市售的快速鑑定系統，對於少見菌種的鑑定，正確率又不高。至於 16S rDNA 雖然已廣泛用於細菌分類及菌種鑑定，但由於 16S rDNA 的基因序列保守性太高，對於演化相近的菌種不一定能做有效的區分。Li (2004) 報告，八株分離株的 16S rRNA 基因序列顯示，與最有可能的物種都有大於 99% 的核苷酸相似性<sup>(17)</sup>。正如一些鏈球菌物種顯示，其 16S rRNA 基因序列的差異都小於 1%，16S rRNA 基因測序是能夠確實鑑定出一些，但不是全部的鏈球菌種。以下列舉幾個比對時，同一屬中 >99% 相似性的實例，如表 1 所示。

16S rRNA 基因序列分析之利用者應該要注重新異常對結果會產生令人誤解的印象，和導致數據更難了解的警訊：例如 a. 由英國卡迪夫大學生物科學院、資訊學院、生物統計

表 1、同一屬中序列相似度大於 99% 之菌群實例

Rank	Name	Strain	Pairwise Similarity
1	<i>Streptococcus thermophilus</i> (製作優酪乳之嗜熱鏈球菌)	ATCC 19258(T)	100.000
2	<i>Streptococcus salivarius</i>	ATCC 7073(T)	99.734
3	<i>Streptococcus vestibularis</i>	ATCC 49124(T)	99.602

註：比對 1520 bp

Rank	Name	Strain	Pairwise Similarity
1	<i>Lactobacillus gasseri</i> (保健用乳酸菌)	ATCC 33323(T)	100.000
2	<i>Lactobacillus taiwanensis</i>	FIRDI 006(T)	99.605
3	<i>Lactobacillus johnsonii</i> (保健用乳酸菌)	ATCC 33200(T)	99.412

註：比對 1506 bp

與生物資訊學組和醫學遺傳研究所等學術單位共同發表，執行一個被稱為 Pintail 計劃，由 19 個菌門篩選 1399 個序列，發現至少 5.0% 窩藏的重大錯誤<sup>(5)</sup>。例如 b. 在公共數據庫中，經由分析有相當數量的不同來源嵌合 16S rDNA 序列被鑑定出來。這表示儘管研究人員之間共同意識到 PCR 產生的人造物，嵌合序列，亦即系統演化上新奇不存在的生物，在分子系統演化調查時經常被忽略<sup>(12)</sup>。例如 c. PCR 的原理是將想要複製的 DNA 序列當做模板 (template)，在遵循 Waston-Crick 互補規則下，產生另一條新的 DNA 序列，而這條新的 DNA 序列理想上和原來的一樣。但在實驗的過程中，可能由於實驗環境污染或人為失誤，使得複製出來的序列不是原來樣板的序列，而變成包含不同來源之嵌合體 (chimera) 或嵌合序列<sup>(4)</sup>。雖然最低 500-525 bp，其中包括多變量 5' 區域可能是足夠的鑑別某些群體的細菌，Drancourt 等人<sup>(11)</sup> 根據自己的若干有關以 16S rDNA 序列作為參考方法鑑定細菌之標準，建議全長的 16S rDNA 序列應該被使用。在比對時，應使用長度相同，至少 1500 bp 的全長序列進行相似性搜索，並且 an ungapped program 應該被使用。在最近的一篇 review 中敘述，只要有可能，要使用全長的 16S rDNA 序列，特別是對 groups，如 *Campylobacter* 菌種，被確認為一種可行的技術。

國人鑑定報告中有些好的範例，如當某個菌之 16S rDNA 序列與其最接近者之差異足過大時，利用此比對以鑑定該菌，可以很快得到正確之菌

名 *Haemophilus parainfluenzae*<sup>(2)</sup>。也有很多是一般利用者的共同想法：別人使用這個方法，自己也跟著使用，就可以很快在電腦上出現學名，再以序列相似度最高者之菌名下結論。一般常見的疏忽為：缺少註明供比對之菌株編號與序列編號，使讀者無法判別供比對之菌株菌名的正確性？或者沒有列出相似性 (%)，無法得知比對菌株間是多麼接近到可能同一種細菌？還有定序品質管制之重要性也常為人所疏忽。現在需強調一些鑑定上應該注意的重點，如下所示：1. 用於比對的菌株都要是標準菌株 (細菌、酵母菌都有) 或是「經過嚴格驗證其菌名的參考菌株」(目前真菌的某些物種缺少標準菌株時，可選用這種菌株)。2. 若有幾個種名的相似性都是極高 (>99%) 時，須增加其他有力的數據再詳細區分，最有名的如使用本所曾經致力研究的 *gyrB* 基因序列比對<sup>(3,24,26)</sup>，可確認 16S rDNA 之鑑定結果，並可補足 16S rDNA 鑑別力不足的問題，其他包括 *rpoB*、*recA*、*PheS*、*dnaK* 等高度保守的蛋白質編碼基因 (protein-coding genes) 或持家基因 (housekeeping genes)，在種的鑑定上，都比 16S rRNA 基因序列可以提供更高的分辨率。3. 16S rDNA 序列相似度最高者不一定是正確的鑑定結果菌名。而且有一些電腦比對上的建議：與 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 網站 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 之 16S rRNA 基因庫進行比對，固然是一般使用者最常用的方式，現在有一個『專門比對細菌標準菌株』之網站 EzTaxon server 2.1 ([\[ezbiocloud.net/\]\(http://eztaxon-server.ezbiocloud.net/\);  
<http://147.47.212.35:8080/>\)，可以很容易用「Identify」功能比對出如表 1 樣式的菌名報表，可說是一種很方便研判待鑑定分離株之方式。](http://eztaxon-</a></p>
</div>
<div data-bbox=)

#### IV. 本所在細菌鑑定上利用 16S rRNA 基因序列比對之實務經驗

國際 Bioresource Collection 中心的目錄上公開銷售之菌株必須：

1. viable - - 要測 viability。(類似 Total Viable Count)；
2. pure - - 要測 purity。(檢視菌落形態；必要時測 2 種形態菌落之 16s rDNA)；
3. Scientific name (生物學名) 要正確，依照鑑定演進可分為用 a. 傳統法 (簡寫成 T 法) 鑑定、b. T 法 + 化學分類學實驗法 (簡寫成 C 法) 鑑定、c. T 法 + 分子分類學實驗法 (簡寫成 M 法) 鑑定、d. T 法 + C 法 + M 法 (polyphasic taxonomic study / analysis) 鑑定。目前細菌方面分子分類學實驗法中 16S rDNA 序列分析是最方便的技術，完成的天數最少、正確性也可被接受 (但是技術上需要不斷訓練，如 BCBI database 中 - - 相同菌株序列有些差異)。1999 年由德國生資中心 DSMZ 引進此技術，開始用於 1. 委託鑑定細菌業務 (細菌每年所外約 135 株菌；所內 4 株菌)；2. 確保菌株正確性，複核細菌業務 (新收菌株、暢銷菌株、補充庫房菌株等優先，另外排定逐月逐年要完成之菌株)；3. 新種細菌等研究與發表；本土光合細菌分離、收集與歸群；4. 傳統發酵食品技術移轉業務，發酵細菌分離後之鑑定傳統發酵食

品技術移轉廠商原有的發酵細菌經過分離後，利用 16S rRNA 基因序列比對，配合其他方法鑑定為：馬祖研發聯盟計畫某公司之醋酸菌、竹山某公司之醋酸菌、埔里某公司之醋酸菌，後兩者與當今已知種名差異大，而且是不同物種(研判為2個新穎菌種)。

現在 BCRC 的細菌 16S rDNA 序列分析不斷地加緊進行，期望早日完成那約 4500 株之分子複核(authentication)。本所生物資源中心複核(authenticate)其保存菌株之有效案例：很快得知早期保存菌株菌名是錯誤的。例如 1. BCRC 10605 (1990 年以前引進之菌株)原提供之美國菌種中心 ATCC 標示為 *Bacillus circulans*，但是利用 16S rDNA 複核為 *Lactobacillus kefiranofaciens* (1988 新種發表, 2003 才有序列)(比對表省略)，很快得到警訊。從利用 16S rDNA 複核實驗觀點：1990 年以前還沒有利用 rDNA 複核的技術與足夠之軟體及序列資料庫)，也許當初 ATCC 給的菌就不對(ATCC 當時是沒有利用 rDNA 複核的)，現在已經確認菌管內菌體已經不是 *Bacillus circulans*。這種情況之解決方法就是從知名的保存中心重新引進同一株菌體，先利用 rDNA 複核確認後，再公開銷售此菌株。例如 2. BCRC 17174 原提供之美國菌種中心 ATCC 31750 標示為 [*Agrobacterium* sp. deposited as *Alcaligenes faecalis* subsp. *myxogenes*]，但是利用 16S rDNA 複核為如下種名，很快得到警訊。例如 3. BCRC 13521 原提供之美國菌種中心 ATCC 700743 標示為 *Mesorhizobium*

*loti*，但是利用 16S rDNA 複核為如下種名；很快得知菌名錯誤。自 98 年度開始收集保存台灣本土海洋細菌，為了解這些本土海洋細菌的多樣性和其應用潛力，針對分離自 18 個海洋生物樣品的 169 株本土海洋細菌，進行 16S rRNA 基因序列分析，結果顯示他們分別隸屬於 49 個屬，具有豐富的生物多樣性，其中部份的屬已有相關應用文獻發表。另外，有 18 株為新穎性菌株或可能之新種，可供開發單位優先使用。

本所在細菌鑑定上利用 16S rRNA 基因序列比對之之成果，發表鑑定五個新種 *Pseudomonas taiwanensis*、*Lactobacillus taiwanensis*、*Paenibacillus taiwanensis*、*Paenibacillus taichungensis*、*Chryseobacterium taiwanense*、一個新屬新種 *Chitinibacter tainanensis*<sup>(8,15,16,23,25,28)</sup> 和數個同種異名 (*Bacillus velezensis* 與 *Bacillus amyloliquefaciens*；*Bacillus axarquiensis*、*Bacillus malacitensis* 與 *Bacillus mojavensis*)<sup>(26,27)</sup>。現在細菌之 16S rRNA 等之序列研究在世界各處慢慢增加，待累積大量數據後，將會改變一些現有之分類體系。

## V. 結論

整體而言，16S rRNA 基因序列分析的功能應該是非常好的，因為當應用到大量收集表現型難以辨認的細菌菌株時，它能夠完成許多的初步鑑定。但是為了提高這一性能，應努力充實更正確的 16S rDNA 數據庫，使具有高品質序列之資料庫。雖然 Drancourt 等人根據很

多有關以 16S rDNA 序列作為鑑定細菌的參考方法時，建議全長的 16S rDNA 序列應該被使用。在比對時，至少 1500 bp 的全長序列進行相似性搜索，並且 an ungapped program 應該被使用。但是用於處理大量細菌保存菌株之複核時，約 500bp 之序列可能是足夠察覺菌名是否有誤，也可節省藥材、人力等成本。

大家都用核酸序列進行研究比對，但是因為公共 database 存在著許多異常序列，故“使用者要能善用，而不要被誤導”。(胺基酸序列比對也有同樣之議題待克服吧!)。國人有很多誤用的現況，會產出令人誤解或與事實不符的研究結果(菌名)；這些應該是需要被正視的科技界尚待解決之議題。若是再善用細菌領域之多重基因座序列分型法(multilocus sequence analysis, MLSA)，更能解決有些個別基因序列分析所無法嚴格判定之窘境。

## 參考文獻

1. 石濤。2006。環境微生物，七版，鼎茂圖書出版股份有限公司，臺北。
2. 李南瑤、張家銘、李欣純、吳綺容、李致毅、洪元彬、鍾志桓、柯文謙。2007。壹例培養陰性感性心內膜炎之個案：利用分子方法鑑定病原菌。台灣內科醫學會會員大會學術演講論文，C1-06。
3. 李福臨。2008。利用 *gyrB* 基因序列鑑別產業用微生物。產業用微生物的探索鑑別與應用研討會。台灣大學。P.67-90。
4. 楊昌彪、薛佑玲、黃國璽。2007。嵌合排列演算法及其過濾方法。行政院國家科學委員會專題研究計畫結案報告。
5. Ashelford, K. E., Chuzhanova, N. A., Fry, J. C., Jones, A. J., Weightman, A. J. 2005. Appl. and Environ. Microbiol. 71: 7724.
6. Boone, D. R., Castenholz, R. W. and Garrity, G. M. (Eds.). 2001. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, 2nd edn, Volume 1 "The Archaea and the Deeply Branching and Phototrophic Bacteria", 721 pages. Springer, New York.

7. Brenner, D. J., Krieg, N. R., Staley, J. T. and Garrity, G. M. (Eds.). 2004. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 2nd ed. Volume 2 "The Proteobacteria." Part A, The Introductory Essays (332 pages); Part B, The Gammaproteobacteria (1203 pages); and Part C The Alpha-, Beta-, Delta-, and Epsilonproteobacteria (1256 pages). Springer, New York.
8. Chern L. L., Stackebrandt, E., Lee, S. F., Lee, F. L., Chen, J. K. and Fu, H. M. 2004. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 54: 1387.
9. Dams, E., L. Hendriks, Y. van de Peer, J. M. Neefs, G. Smits, I. Vandenbempt and R. de Wachter. 1988. *Nucleic Acid Res.* 16: r87.
10. De Vos, P., Garrity, G., Jones, D., Krieg, N. R., Ludwig, W., Rainey, F. A., Schleifer, K.-H., Whitman, W. B. (Eds.). 2009. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 2nd ed. Volume 3 "The Firmicutes", 1450 pages. Springer, New York.
11. Drancourt, M., C. Bollet, A. Carlioz, R. Martelin, J.-P. Gayral, and D. Raoult. 2000. *J. Clin. Microbiol.* 38:3623.
12. Hugenholtz, P., and T. Huber. 2003. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 53:289.
13. Janda, J. M., and S. L. Abbott. 2007. *J. Clin. Microbiol.* 45:2761.
14. Lane, D.J., Pace, B., Olsen, G.J., Stahl, D.A., Sogin, M.L., Pace, N.R., 1985. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 82, 6955.
15. Lee, F. L., Kuo, H. P., Tai, C. J., Yokota, A. and Lo, C. C. 2007. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57: 1351.
16. Lee, F. L., Tien, C. R., Tai, C. J., Wang, L. T., Liu, Y. C. and Chern, L. L. 2008. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58: 2640.
17. Li, K. H., 2004. Identification of bacterial pathogens by 16S ribosomal RNA gene sequencing. Master thesis of Medical Sciences, Faculty of Medicine of The University of Hong Kong.
18. Mignard, S. and J.P. Flandrois. 2006. *Journal of Microbiological Methods* 67: 574.
19. Olsen, G. J., S. J. Lane, Giovannoni, N. R. Pace and D. A. Stahl. 1986. *Annu. Rev. Microbiol.*, 40: 337.
20. Patel, R., K. E. Piper, M. S. Rouse, J. M. Steckelberg, J. R. Uhl, P. Kohner, M. K. Hopkins, F. R. Cockerill III, and R. C. Kline. 1998. *J. Clin. Microbiol.* 36: 3399.
21. Petti, C. A., C. R. Polage, and P. Schreckenberger. 2005. *J Clin Microbiol.* 43(12): 6123.
22. Stackebrandt, E, and Goebel, B. M. 1994. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 44:846.
23. Tai, C. J., Kuo, H. P., Lee, F. L., Chen, H. K., Yokota, A. and Lo, C. C. 2006. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 56 (8): 1771
24. Wang, L. T., F. L. Lee, C. J. Tai, and H. Kasai. 2007a. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57: 1846.
25. Wang, L. T., Kuo, H. P., Wu, Y. C., Tai, C. J. and Lee, F. L. 2009. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 59: 2064.
26. Wang, L. T., Lee, F. L., Tai, C. J. and Kuo, H. P. 2008. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 58: 671.
27. Wang, L. T., Lee, F. L., Tai, C. J., Yokota, A. and Kuo, H. P. 2007b. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57: 1663.
28. Wang, L. T., Tai, C. J., Wu, Y. C., Chen, Y. B., Lee, F. L., and Wang, S. L. 2010. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60: 2094.
29. Woese, C. R. 1987. *Microbiol. Rev.* 51: 221-71.

## 中心公告

# 真菌命名相關規定之重大變革

第十八屆國際植物學會議 (XVIII International Botanical Congresses) 於2011年7月在澳洲墨爾本舉行，本次會議對於植物、真菌及藻類之命名法規通過數項重大變更，影響真菌新種命名發表之新規定如下：

### 1. 新的法規標題

為反映法規所涵蓋之分類群，法規之標題由國際植物命名法規 (International Code of Botanical Nomenclature) 更改為國際藻類、真菌及植物命名法規 (International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants)。

2. 自2012年1月1日起，以可攜式文件格式(PDF)在具有國際標準書號 (ISBN) 或國際標準期刊號 (ISSN) 之電子出版品上發表新名，亦可視為有效發表。

3. 自2012年1月1日起，發表新的菌名允許以英文或拉丁文描述。

### 4. 一種真菌，一個菌名

30年以來法規允許部份真菌之有性世代及無性世代分別使用不同的菌名，新版法規刪除這項

規定，2013年1月1日起，一種真菌使用一個菌名，原本廣泛使用的名稱將被保留。

### 5. 真菌發表新名必須於被認可之典藏系統註冊

依據新的規定，真菌新的菌名必須於被認可之典藏系統(例如MycoBank)註冊新名及描述圖示等相關資訊，發表時需引用典藏系統核發之鑑別碼，這項新的規定將於2013年1月1日生效。

(生資中心研究員 劉桂郁 整理)

### 資料來源：

1. Hawksworth, D.L. 2011. *IMA Fungus* 2: 155162. doi:10.5598/ imafungus.2011.02.02.06
2. Knapp, S. et al. 2011. *Taxon* 60: 14981501.
3. Miller, J.S. et al. 2011. *PhytoKeys* 5: 13. doi: 10.3897/phytokeys.5.1850
4. Norvell, L. and S. Redhead. 2012. <http://msa2012.net/media/pdf/guide.pdf>.
5. Turland, N. 2011. Key decisions of the Nomenclature Section of the XVIII IBC. <http://www.scienceinpublic.com.au/media-releases/decisions-of-the-congress-on-nomenclature>

# 傳統發酵食品現代化技術

## -- 麴、酒、醋、Nata、臭豆腐

生資中心  
陳漢根 技師  
李福臨 資深研究員

### I. 前言

傳統發酵食品淵遠流長，歷史悠久，先人為了保存得之不易的食物，或是改變食物的風味與性質，無意或有意的發現，並保留下許多的發酵方法流傳於後世，而現今流傳下來且仍保存完整的最早史籍為北魏賈思勰所撰之「齊民要術」，在該書籍第七卷及第八卷章節中詳細記載了先民從事麴、酒、醋(酢)、醬、豉、魚鮓等發酵食品製作的方法，而該史籍於宋朝更流傳至日本，於日本金澤文庫亦保留有舊抄卷子本，深深地影響著東方傳統發酵食品的演進及發展。

然而傳統發酵食品製造的成敗與品質的好壞往往受許多外在因子左右，例如季節、氣候、環境、溫度、微生物的消長與產地原料等限制。因此發酵食品的製造，非常仰賴製作者的經驗、感官與運氣，傳統生產流程曠久費時，產品良率不穩定，常造成業者金錢和品牌的損失。更甚者，如果有危害人體的微生物或代謝物產

生，在產品進入市場後，可能成為公共衛生上不定時的炸彈。因此。傳統發酵食品產業需蛻變成長，以因應現代食品衛生與品質的要求。

### II. 生物資源保存及研究中心(生資中心)承先啓後，傳統創新

在經濟部科技專案支持下，生資中心廣泛收集傳統發酵食品用菌株，舉凡製麴、釀酒、釀醋、醬油、味噌、豆腐乳、臭豆腐等釀造食品用菌株均有收錄保存，而生資中心亦積極投入人力和物力，構建麴、酒、醋、Nata等糖化菌、酵母菌、醋酸菌應用等上下游產品技術平台，如圖1所示，並拓建豆類發酵產品生產技術，如臭豆腐、味噌、豆腐乳等。導入純菌接種、發酵調控的新思維觀念，進行優良菌種篩選、培養基改良、製程量化與標準化等新生物技術，以科學化的研究方法與管理，將傳統發酵食品進行現代化的製程與管控，多年來秉持著默默耕耘，為維護及保存本土發酵產

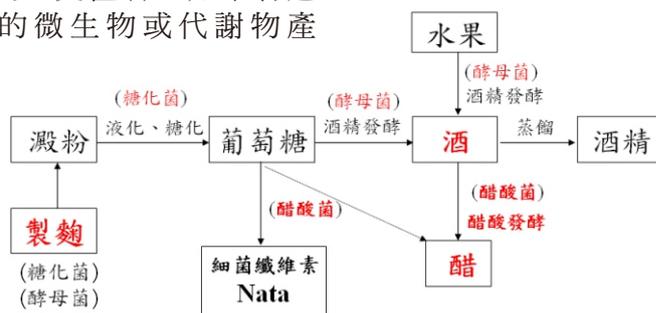


圖1、麴、酒、醋、Nata發酵聯帶關係圖

業菌種而努力，不斷地自行篩選分離或協助業者引進國外傳統發酵食品菌種，長期妥善保存優良且具高產能之微生物供產業界使用，以促進各項發酵食品之研究與製造。並更輔導國內業者進行發酵技術升級，提升加工層次，以強化其競爭能力。

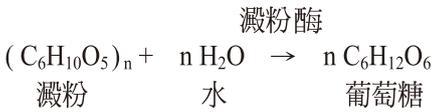
### (一)糖化菌、酵母菌應用— 麴、甜酒釀、酒

#### 1. 麴：

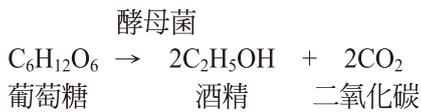
麴，為東方民族釀造穀類酒的起始劑(starter)，為以微生物製「麴」(或稱「曲」)當作「菌元」，用以糖化澱粉性物質並進行酒精發酵。製麴用的微生物主要為糖化菌及酵母菌，而常見的糖化菌包括有 *Aspergillus* (麴黴屬)、*Rhizopus* (根黴屬)、*Mucor* (毛黴屬)、*Amylomyces* (澱粉黴菌屬)、*Monascus*(紅麴菌屬)等，代表菌種如日本清酒麴(Koji)的 *Aspergillus oryzae* (米麴菌)、琉球泡盛麴的 *Aspergillus awamori*、臺灣米類酒釀造用的白麴(Peka)及東南亞酒藥中的 *Rhizopus oryzae* (米根麴菌)、應用於紅麴及紅露酒生產用的 *Monascus purpureus* (紫紅麴菌)、應用於阿米洛法(*Amylo process*)工業化生產酒精於糖化階段的所使用的糖化菌 *Mucor rouxii* 及 *Amylomyces rouxii* (澱粉黴菌)等。而產酒精之酵母菌以 *Saccharomyces cerevisiae* (釀酒酵母)為主要的作用菌種。

(1)糖化作用：即澱粉性物質經由微生物的澱粉酶(或稱澱粉酵素)作用，將澱粉轉化成糖類物質的過程。而糖化菌之所以能將澱粉性物質轉化成糖類物質，主要是由於糖化菌具有一些能分解澱粉的澱粉酵素(或稱澱粉酶)。而糖

化菌中與糖化作用有關的酵素有  $\alpha$ -amylase、 $\beta$ -amylase、glucoamylase、pullulanase、cellulase、hemicellulase。



(2)酒精發酵：乃酵母菌將糖類物質進行醱解作用且代謝生成酒精及二氧化碳的過程。



## 2.甜酒釀

甜酒釀，為釀造米酒過程中的前期產物。甜酒釀軟而多汁，含有甜味、酒味與水果香，甜甜醉人的幸福滋味，廣受大眾喜愛，可以直接食用與飲用，也可用來調理多種美味的料理，例如酒釀蛋與酒釀湯圓等，由於甜酒釀含有豐富的葡萄糖及氨基酸，自古為婦女坐月子的滋補聖品。

## 3.酒

酒，依發酵原料分類主要分為水果酒及穀類酒，為我國最大宗的發酵產業，隨著酒類事業開放進口及民營化，目前台灣市場上已是百家爭鳴的局面，但因酒類產品需另課徵酒稅、消費者對酒類產品具品牌的忠誠度及衛生安全上考量等因素，其實產值主要還是集中在幾家大的酒商上，故欲投入此項事業者，需審慎評估，以降低投資風險。

生資中心於「糖化菌、酵母菌應用—麴、甜酒釀、酒」計畫中主要致力於酒類發酵用菌種之分離純化及學名鑑定，並將這些優良的菌種妥善保存於生物資源保存及研究中心，並提供產業界業使用與開發，以奠定台灣酒類發酵產業工業化量的生產基礎。另外，生資

中心亦致力於進行釀酒微生物之評估，篩選優良的糖化菌及酵母菌菌株進行菌元(starter)製作，進行酒類釀造，並探討酒類發酵過程中微生物的消長變化情形，以縮短發酵時間，且品質更穩定、產量更高，並獲得「含甜味之酒精性食品之製造方法」中華民國發明專利第165912號，而相關技術移轉成果如表1所示。

## (二)醋酸菌應用-醋、醋飲料、細菌性纖維素(Bacterial cellulose)/Nata

醋酸菌依其代謝產物主要可區分為產醋酸(Acetic acid)及產細菌性纖維素Nata二種醋酸菌。

### 1.醋及醋飲料

醋，為醋酸菌利用糖質或

酒精原料進而代謝發酵生成醋酸，自古「醋」即為民生不可或缺之調味用品，然而近年，醋被認為有美容瘦身保健等功能，市場上亦陸續推出直接飲用之醋飲料產品，而使這酸溜的漿液開拓更大的天地，且市場正逐年擴大中。

醋酸菌為格蘭氏陰性細菌，其形態為桿狀，絕對好氣性，其代謝酒精產生醋酸之機制如圖2及圖3所示，醋酸菌代謝酒精的過程為醋酸菌運用自身酵素系統中之乙醇去氫酶(Alcohol dehydrogenase)將乙醇(酒精)進行脫氫代謝轉化成乙醛，再利用乙醛去氫酶(Acetaldehyde dehydrogenase)繼續脫氫將乙醛代謝轉化成乙酸(醋酸)，其代表菌種包括 *Acetobacter aceti*、*Acetobacter pasteurianus*等。

表1、麴、酒釀及酒等應用相關技術移轉及輔導案

技術移轉/輔導廠商	計畫名稱	年份
成崧農產公司	酵母菌之培養技術	1995
小霖酵母行(林隆成)	甜酒釀及其發酵菌種之研發--白麴	1998
金蘭食品股份有限公司	甜酒釀及其發酵菌種之研發--白麴及甜酒釀	1998~1999
泰山企業股份有限公司	含酒精飲料之酵母菌培養及應用--楊桃酒	1998~1999
陳貞志	米發酵飲料生產技術	2001~2002
自然純釀生技有限公司	「經濟部中小企業即時技術輔導計畫」—釀酒用糖化菌及酵母菌之活化培養 與增殖保存	2009~2010
金魚飲食店	「馬祖地方特產產業研發聯盟」phase1 計畫—白麴製作技術導入	2009~2010
金魚飲食店	「馬祖地方特產產業研發聯盟」phase2 計畫—白麴量產製作技術導入	2010~2011
宏利釀醋廠	「馬祖地方特產產業研發聯盟」phase2 計畫—紅麴、白麴及醋酸菌衍生應用商品開發	2010~2011
林義和工坊	馬祖老酒粕美白活性及安全性評估	2011~2012

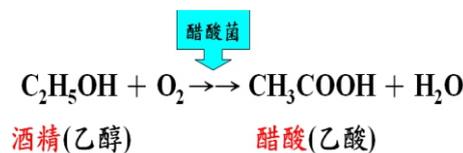


圖2、醋酸發酵

(Gullo and Giudici, 2008)

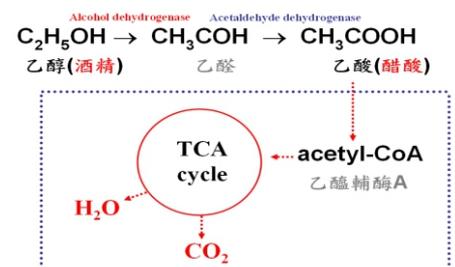


圖3、醋酸菌代謝酒精產醋酸之機制

(Gullo and Giudici, 2008)

生資中心執行經濟部科技專案計畫，研發改進食用醋的發酵技術平台，篩選不同風味及產酸能力的醋酸菌，並利用純菌接種技術，精準控制生產參數，增加發酵速度，達到高產量、高良率的要求。以穀類、水果等農產品進行釀造發酵成穀類醋、水果醋等，同時開發米醋浸泡水果、花、草等製作養生醋，或稀釋調配為醋飲料。另外，可消化市場上生產過剩之農產品，提升經濟價值，讓台灣的醋文化更添多元。

目前開發的釀造醋有米醋、高粱酒糟醋、小米醋、桑椹醋、草莓醋、龍眼醋等，而開發之「耐熱性及高醋酸生產性醋酸桿菌」並獲得中華民國發明專利第225890號及美國發明專利第6096528號。而技術移轉的廠商包括關山農會、甲好

生物技術公司、宏傑企業社、金蘭食品股份有限公司、陳稼莊果園、陳稼莊自然農業有限公司、杜康行、自然純釀生技有限公司、百家珍釀造食品股份有限公司、金芳泉生物科技股份有限公司、萬成食品廠(金門)、正高食品企業有限公司(金門)與宏利釀醋廠(馬祖)等，如表2所示，並衍生眾多商品化產品。

## 2. 細菌性纖維素 (Bacterial cellulose)--Nata

Nata，俗稱椰果，原意是指椰汁或鳳梨汁等汁液發酵的產物，為醋酸菌所產生的天然纖維(Cellulose)，浮在含糖液體上層形成凝膠狀物。而醋酸菌代謝葡萄糖(Glucose)生成細菌性纖維素之代謝圖如圖4所示，其代表菌種為*Gluconacetobacter xylinus* (*Acetobacter xylinum*)。

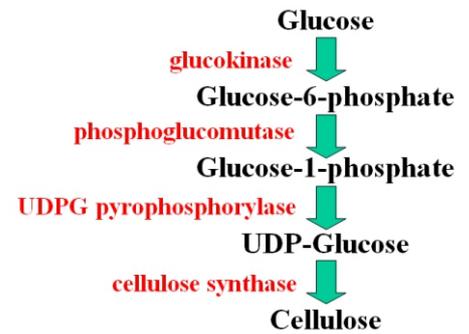


圖4、醋酸菌代謝葡萄糖(Glucose)生成細菌性纖維素之代謝圖 (Holmes, 2004)

Nata為東南亞傳統發酵食品，一般常見添加於果凍與水果罐頭中，由於為細菌性纖維素所組成，難被人體消化吸收，食用後有飽食感且熱量低，可以促進腸道蠕動及排便，防止便秘，並具有可降低血中膽固醇的機能，所以可作為低熱量減肥食品與高纖維之機能性食品。目前常見添加於果凍與水果罐頭中。應用椰果衍生出的許多甜點與飲料，成為適合各年齡層的休閒食品，它的減肥與保健機能，更受到愛美人士的青睞，而擠身入機能性食品之列。

生資中心執行經濟部科技專案計畫，研發更適合醋酸菌生長且生產Cellulose的培養基配方，以取代傳統以椰子水為培養液之發酵方法，不但縮短發酵時間且提昇產量，克服產地原料的限制及季節性供貨的不良影響，將Nata生產成本降到每公斤新台幣10元以下。而為了帶動國內細菌性纖維素Nata的應用與成長，生資中心並擘劃Nata應用產業發展藍圖，如圖5所示，以供國內業者參考與佈局，而相關技術移轉成果如表3所示。

在食品產業應用上，Nata添加於蒟蒻椰果果凍中進行外銷，成功為台灣打下國際市場，於2001年上半年達到最高峰，蒟蒻椰果果凍外銷平均

表2、醋及醋飲料應用相關技術移轉及輔導案

技術移轉/輔導廠商	計畫名稱	年份
關山農會	食用小米醋之研發	1997
甲好生物技術公司	醋飲料發酵菌種之篩選及開發	1998~1999
萬成食品廠	「協助國內傳統工業技術升級計畫」—金門高粱酒糟醋技術開發與輔導	1999~2000
陳稼莊果園(陳坤生)	醋飲料生產技術之技術諮詢及輔導--桑葚醋	2000~2001
金蘭食品股份有限公司	米醋及其發酵菌種之研發技術	2004~2005
宏傑企業社	醋飲料及其發酵菌種之研發-草莓醋	2005
杜康行	「經濟部中小企業即時技術輔導計畫」—釀造醋品質改善技術輔導--米醋、果醋之殺菌及品管	2007
陳稼莊自然農業有限公司	「經濟部中小企業即時技術輔導計畫」—浸泡醋品質改進及糙米醋之試製--米醋及糙米醋	2007~2008
自然純釀生技有限公司	「醋酸菌純菌培養技術導入」--荔枝醋	2008
宏利釀醋廠	「馬祖地方特產產業研發聯盟」phase1 計畫—醋酸菌純菌培養技術導入	2009~2010
正高食品企業有限公司	「金門地方特產酒糟再利用研發聯盟」—醋酸菌純菌培養技術導入	2009~2010
百家珍釀造食品股份有限公司	醋飲料發酵菌種之篩選	2010~2011
杜康行	「經濟部中小企業即時技術輔導計畫」—醋酸菌純菌培養技術導入	2011
金芳泉生技公司 (授權中華民國發明專利第225890號)	蜂蜜醋飲料生產技術之技術諮詢及輔導	2011

每個月出口五百個貨櫃，每月出口金額約 3.5 億台幣 (90.7.20.工商時報)，為台灣賺進不少外匯。

在化妝品應用產業上，為目前一波成長的潛力商品。細菌性纖維素 Nata 的纖維直徑約為 50~80 nm，為奈米級材料，保溼性、保水性佳，已成為高檔化妝品品牌面膜指定用基材，並在日本、韓國、中國大陸及台灣造成旋風及熱潮，前景與錢景值得期待。

在工業、醫療與光電產業應用上，也由於細菌性纖維素 Nata 的纖維具奈米級的物理特性，而使得 Nata 成為一項具有商機的新興材料，可應用在各個層面的材料需求上，例如工

業上可製造玻璃纖維濾片、過濾膜、音響震動膜、高強度材料、增進紙張張力與可分解性材料等產品，或是化妝品的保溼劑與增稠劑；在醫療材料上，Nata 纖維可以作為創傷敷料或人工皮膚的原料，用以取代現行高價格的敷材，Nata 纖維潛力無窮，有多種新用途值得開發，為材料科學的發展注入一個新的契機。

### (三) 臭豆腐

臭豆腐相傳為清朝康熙八年(公元1669年)科舉落第書生王致和無意中發明，起先為維持生計製作豆腐沿街叫賣，但豆腐沒賣完想將賣剩的豆腐作豆腐乳，結果歪打正著變成臭的豆腐，但吃起來味道還不錯，

因此「王致和臭豆腐」逐漸在民間流傳開來，且代代相傳，至清朝光緒年間，臭豆腐已經成為京城名吃，並為慈禧太后所賞識，從此庶民粗食晉升宮廷御膳小菜，臭豆腐因而聲名大噪。而目前在臺灣只要有夜市就有賣臭豆腐的攤販，而且發展出眾多口味及吃法，從油炸臭豆腐搭配台式泡菜、清蒸臭豆腐、麻辣臭豆腐、碳烤臭豆腐，臭豆腐儼然已成為台灣的特色小吃。為了讓中華文化飲食瑰寶-「臭豆腐」能夠蛻變進而發揚光大，希望能將臭豆腐以中央工廠進行嚴格品管生產，並結合現代物流連鎖體系，將傳統發酵食品臭豆腐從攤販、夜市等市集場所，提昇至連鎖加盟體系，並開發多元化之臭豆腐產品，發展適合不同國界或飲食文化的臭豆腐產品，為臭豆腐進軍國際市場鋪路。

生資中心執行經濟部科技專案，從傳統自然發酵之臭滷水中，篩選出優良發酵菌株，並導入純菌接種、發酵調控的新思惟觀念，以科學化的研究方法與管理，將傳統發酵食品導入現代化的製程、管控與生產，已獲得中華民國、中華人民共和國、香港、新加坡、美國等國家發明專利，如表4所示，而相關技術移轉成果如表5所示。

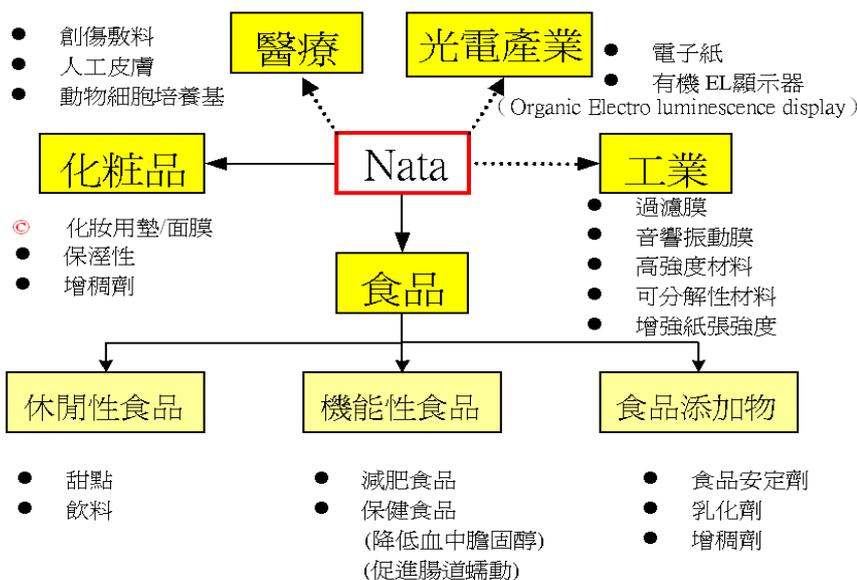


圖5、Nata 應用產業發展藍圖

表3、細菌性纖維素(Bacterial cellulose)--Nata應用相關技術移轉及輔導案

技術移轉/輔導廠商	計畫名稱	年份
正質事業股份有限公司	Nata 生產菌種之篩選及開發 -- 椰果	2001
喬志亞生技股份有限公司	Nata 生產菌種之篩選及開發 -- 椰果	2001
永豐餘造紙股份有限公司	Nata 生產菌種之篩選與開發 --「細菌性纖維材料 Nata 發酵生產技術」-- 細菌性纖維素之面膜基材	2005~2006
儕陞生化技術股份有限公司	Nata 生產菌種之篩選與開發-細菌性纖維材料 Nata 發酵生產技術	2011

## II. 生資中心建立微生物發酵技術平台，產品應用多元化

生資中心於傳統發酵食品現代化技術開發上，運用糖化菌、酵母菌及醋酸菌已成功建立白麴、穀類酒、水果酒、穀類醋、水果醋及細菌性纖維素 Nata 等微生物發酵技術平台，如圖1麴、酒、醋、Nata 關聯圖所示。而擊劃 Nata 應用產業發

展藍圖，如圖5所示，以帶動國內細菌性纖維素Nata市場成長。另外，構建製作臭豆腐浸泡用之臭滷水發酵平台，並成功移轉業者，如表5所示。而傳統發酵食品現代化技術相關技術應用商品化實績如圖6~圖15所示。



圖6、小霖酵母行--白麴 (林隆成)

表4、食品所臭豆腐相關專利

專利名稱	國別及證號	專利迄期
用於製造生臭豆腐之菌群及滷水組合物及製造生臭豆腐之方法	中華民國 160083	2002/08/01-2018/12/16
	美國 US 6106873	2000/08/21-2019/04/12
	美國 US 6350606	2002/02/26-2019/04/12
	大陸 ZL 98125700.3	2004/05/05-2018/12/16
	大陸 ZL 03155065.7	2005/12/14-2018/12/16
	新加坡 103242	2005/02/28-2019/04/09
	新加坡 122756	2006/11/30-2019/04/09
	香港 HK1067153	2006/04/07-2018/12/17
一種偵測製備臭豆腐之臭滷水最佳發酵程度之方法	中華民國 I 243022	2005/11/11-2020/01/30
	新加坡 93899	2004/02/27-2020/10/10



圖7、宏利釀醋廠--  
(1)馬祖老酒DIY麴組 (紅麴+白麴)  
(2)白麴

表5、臭豆腐、味噌及豆腐乳等豆類發酵食品相關技術移轉及輔導案

技術移轉/輔導廠商	計畫名稱	年份
德昌食品股份有限公司	純菌發酵臭豆腐之製造	1995~1996
盧德恩	臭豆腐發酵菌種及其製程技術	2002~2003
新蓬萊食品股份有限公司	「經濟部中小企業即時技術輔導計畫」-豆腐乳生產用菌種之分離、純化及保存之輔導	2007~2008
葶响商店 (授權中華民國發明專利第 160083 號)	臭豆腐發酵菌種及其製程技術	2009~2010
喜味來企業社 (授權中華民國發明專利第 160083 號)	臭豆腐發酵菌種及其製程技術	2010
穀盛食品股份有限公司	「北中南老舊工業區計畫」-味噌釀造用乳酸菌之純菌培養技術導入	2010
國立台灣大學 (僅授權使用中華民國發明專利第 160083 號之 A2 菌組)	臭豆腐發酵菌群	2011
新蓬萊食品股份有限公司 (授權中華民國發明專利第 160083 號)	臭豆腐發酵菌種及其製程技術	2012
嘉森食品有限公司 (授權中華民國發明專利第 160083 號)	臭豆腐發酵菌種及其製程技術	2012



圖8、金蘭食品公司  
--雪花釀及Miss Lu Lu



圖9、馬祖林義和工坊  
--馬祖老酒DIY活動



圖10、陳稼莊果園/陳稼莊自然農業有限公司--桑椹醋、米醋及糙米醋



圖11、杜康行  
--活醋系列產品



圖13、宏利釀醋廠--糯米醋及紅麴糯米醋



圖12、自然純釀生技有限公司-荔枝醋及花香草系列醋產品



圖14、正質事業股份有限公司--Nata及蒟蒻椰果果凍



圖15、永豐餘造紙股份有限公司--生物纖維面膜



#### IV. 結語--科技專案為支持產業躍進的關鍵力量

發酵產業，隨著時間一路演變，從老師傅的優秀手藝，遵從古法釀造，到現在專業技術投入，在經濟部科技專案的支持及執行下，生資中心在傳統發酵食品的製程及管控上導入新的觀念及技術，以符合更現代化的要求趨勢；以創新的思惟，青出於藍，傳承千年祖先留給我們的智慧，進而從事更衛生、更安全、更穩定及更具經濟效益發酵產業，賦予新的生命和價值。優良具高產能之微生物在本所妥善長期保存，且供產業界使用，同時積

極開發本土產業發酵菌種，減低對國外菌種與技術的依賴，不但大幅提昇此等產業的利用性與應用，更奠定工業化量產之基礎，對產業的提升及影響力更為宏大。

#### 參考文獻

- 1.江金標。1980。高粱麵中微生物之特性簡介。製酒科技專論彙編 2:100-104。
- 2.李福臨。1999。Nata一種發酵高纖維食品之研究近況。食品工業 31(2): 21-26。
- 3.林俊杰。1996。釀酒有關之酵素。製酒科技專論彙編18:158-168。
- 4.袁國芳。2009。黃麴與米麴。食品工業41(11): 3-10。
- 5.陳漢根。2005。穀類酒釀造過程中之代謝物生成反應。食品工業 37(2): 21-28。
- 6.陳漢根。2010。細菌纖維素Nata的

應用。食品工業42(7): 31-40。

- 7.維基百科。臭豆腐  
<http://zh.wikipedia.org/wiki/%E8%87%AD%E8%B1%86%E8%85%90>
- 8.劉桂郁。2009。白麴。食品工業 41(11):11-21。
- 9.繆啟倫校釋，繆桂龍參校(北魏賈思勰撰)。1982。齊民要術校釋。農業出版社，中國。
- 10.野白喜久雄、吉澤淑、鎌田耕造、水沼武二。1988。釀造の事典。朝倉書店，日本。
- 11.Gullo, M. and Giudici, P. 2008. Acetic acid bacteria in traditional balsamic vinegar: Phenotypic traits relevant for starter cultures selection. International Journal of Food Microbiology 125:4653.
- 12.Holmes, D. 2004. Bacterial cellulose. Department of Chemical and Process Engineering, University of Canterbury, Christchurch, New Zealand.

### 生物資源保存及研究簡訊 第90期

發行者：財團法人食品工業發展研究所  
發行人：陳樹功所長  
主編：陳倩琪  
編輯：劉桂郁、王俐婷、吳柏宏、廖麗娟

本著作權依補助契約歸屬財團法人食品工業發展研究所

地址：新竹市食品路331號  
電話：(03)5223191-6  
傳真：(03)5224171-2  
承印：彥光打字印刷商行  
電話：(03)5301116  
ISSN:1021-7932  
GPN:2009001214  
中華郵政新竹誌字第0030號  
交寄登記證登記為雜誌交寄

