李欣蔚,高香兰,邓微,等. 基于高通量测序的实仓不同点位稻谷的理化性质及真菌群落结构差异比较[J]. 轻工学报,2025,40(3):1-9.
LI X W,GAO X L,DENG W,et al. Comparison of differences in physicochemical properties and fungal community structure of paddy at different positions in real warehouses using high-throughput sequencing[J]. Journal of Light Industry,2025,40(3):1-9. DOI:10.12187/2025.03.001

基于高通量测序的实仓不同点位稻谷理化性质及真菌群落结构差异比较

李欣蔚,高香兰,邓微,张宗芮,周钢霞

辽宁省农业科学院 粮食科学研究所,辽宁 沈阳 110032

摘要:对实仓不同点位的稻谷进行为期12个月的跟踪监测,测定其水分含量、脂肪酸值和霉菌总数,并采用高通量测序技术解析真菌群落结构的变化规律。结果表明:随着储藏时间的延长,中心点位稻谷样品(CS、LTS、LTS2)和四周点位稻谷样品(SS、HTS、HTS2)的水分含量均有所下降,而脂肪酸值均有所升高,其中SS样品携带的霉菌总数高于同期的CS样品,而HTS2样品霉菌的生长繁殖受到抑制,总数低于同期的LTS2样品;四周点位稻谷样品的Chao1和Observed species指数均逐渐减小,Shannon和Simpson指数均先减小后增大,Pielou's evenness指数均大于同期四周点位稻谷样品;中心点位稻谷样品的Chao1、Observed species、Shannon和Simpson指数均先增大后减小,且Good's coverage指数同四周点位稻谷样品一样,均大于0.99。实仓不同点位稻谷样品的真菌群落被分为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、毛霉门(Mucoromycola)、油壶菌门(Olpidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)这5个主要菌门,且巨座壳属(*Magnaporthe*)等菌属及早熟副茎孢菌(*Parastagonospora_ poae*)等菌种在不同点位稻谷样品中呈现不同的变化趋势;所有点位稻谷样品共有的ASV/OTU数量为38个,其中拥有独特真菌数量最多的是LTS样品,拥有独特真菌数量最少的是SS样品;另外,主成分分析(PCA)显示四周点位稻谷样品分布相对分散,而中心点位稻谷样品分布相对集中。因此,相较于实仓的四周点位,中心点位可提供相对更稳定的微环境,更有利于粮情的稳定。

关键词:稻谷;储藏;高通量测序;真菌群落结构;粮情
中图分类号:TS210.1 **文献标识码**:A **文章编号**:2096-1553(2025)03-0001-09

0 引言

粮食储备对保障国家粮食安全、稳定市场供应和应对突发事件具有重要作用[1-2]。稻谷作为我国首要的储备粮种,其种植历史悠久,可追溯至公元前12 000~16 000年[3-4]。我国是世界上最大的稻谷种植和消费国,目前稻谷年产量已高达2.12×10^8 t[5]。稻谷收获后的水分含量为20%~30%,需及时干燥处理,否则易发生霉变[6]。干燥处理后的稻谷多采用带壳形式储藏,而粮堆温度会随着粮仓温度的变化而变化[7-8]。粮堆表层、沿仓墙部分等受外界环境影响较大,属于粮堆温度变化的活跃区域,而粮堆中心部分

收稿日期:2024-10-24;**修回日期**:2025-02-11;**出版日期**:2025-06-15
基金项目:辽宁省科学计划项目面上项目(2023010714-JH3/107);中国博士后基金项目(254358)
作者简介:李欣蔚(1987—),女,辽宁省沈阳市人,辽宁省农业科学院高级工程师,博士,主要研究方向为食品微生物、粮食储藏。E-mail:xinweili.love@163.com

则受外界环境影响较小[9-10],形成了粮堆中间冷心层[11]。这种微环境的差异性会影响稻谷真菌群落的演替变化,易形成粮情风险点。

稻谷在储藏期间的品质变化难以通过常规方法进行监测,目前常采用的传统平板分离法需对样品进行微生物分离、纯化、再培养等操作,而稻谷中可培养微生物种类不足总微生物种类的 10%,因此该方法无法准确分析稻谷中真菌群落的结构及多样性[12]。以样品中提取的全部微生物 DNA 为研究对象的高通量测序技术则可弥补上述不足,该技术可全面捕捉微生物群落信息,尤其在稻谷真菌测序方面,通过采集稻谷表面菌群并利用 ITS1 区序列进行扩增和测序,可深入研究复杂基因组[13]。目前,针对稻谷真菌群落的研究主要集中在模拟储藏过程中稻谷表面单一菌种的培养方面[14],而对实仓实际储藏过程中的动态监测尚未见报道。

基于此,本文拟选取本溪明山国家粮食物资储备库 4 号高大平房仓为样品采集示范仓,对新入仓不同点位的稻谷进行为期 12 个月的跟踪监测,测定其水分含量、脂肪酸值和霉菌总数,并利用高通量测序技术分析储藏条件下实仓不同点位稻谷真菌群落结构的变化,以期为储备粮种粮情风险点的预测提供参考。

1　材料与方法

1.1　主要材料与试剂

1.1.1　实验样品　本溪明山国家粮食物资储备库 4 号高大平房仓的仓房长 31.5 m、宽 20.2 m,存粮线高 4.95 m,距墙壁 0.5 m 处铺设 0.5 m 宽的踏粮板。以三层五点法进行取样,取样点位置如图 1 所示。定点位置分别以距粮堆表面 2.4 m、3.6 m、4.8 m 为上层、中层和下层(纵向层数);距粮仓东南角(3#)、东北角(2#)、西南角(4#)和西北角(1#)1.5 m 处及粮仓中央点(5#)定为取样点(平面点)。共取 15 份稻谷样品,每份稻谷样品 0.5 kg。第 1 次取样时间为 2022 年 6 月 28 日,粮仓温度为 24 ℃,相对湿度为 54%,将仓壁四周 4 个取样点的 3 层稻谷样品进行混匀,命名为 SS;将中心点位取样点 5# 的 3 层稻谷样品进行混匀,命名为 CS。第 2 次取样时间为 2022 年 12 月 23 日,粮仓温度为 10 ℃,相对湿度为 60%,中心点位混合稻谷样品命名为 LTS,四周点位混合稻谷样品命名为 HTS。第 3 次取样时间为 2023 年 6 月 1 日,粮仓温度为 21 ℃,相对湿度为 56%,中心点位混合稻谷样品命名为 LTS2,四周点位混合稻谷样品命名为 HTS2。

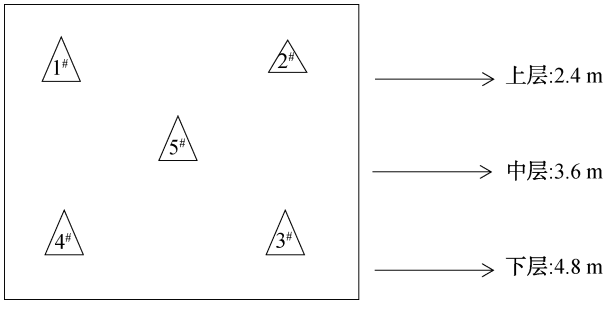

图 1　取样点位置图

Fig. 1　Location map of sampling sites

1.1.2　主要试剂　马铃薯葡萄糖琼脂(Potato Dextrose Agar,PDA),北京陆桥技术有限责任公司;无水乙醇(分析纯),国药集团化学试剂有限公司;酚酞指示剂(分析纯)、0.025 mol/L NaOH 标准滴定液(分析纯),西陇化工股份有限公司。

1.2　主要仪器与设备

JC-LDQ-1800W 型电动深层扦样器,德国 GEA 公司;SW-CJ-1D 型超净工作台,英国 Stable Micro Systems 公司;MJ-150-11 型恒温恒湿箱,北京科伟永兴仪器有限公司;LDZX-50KBS 型立式高压蒸汽灭菌,上海佑科仪器有限公司;TP-220A 型电子天平,上海舜宇恒平科学仪器有限公司;PH-240(A)型鼓风干燥箱,上海塞耐机械有限公司;JXFM110 型锤式旋风磨,九阳食品有限公司。

1.3　实验方法

1.3.1　水分含量测定　根据《食品安全国家标准　食品中水分的测定》(GB 5009.3—2016)[15]中的直接干燥法,对稻谷样品中的水分含量进行测定。称取适量的稻谷样品,将其置于干燥器中,在规定的温度和时间条件下进行干燥后,称其质量并计算稻谷样品的水分含量。

1.3.2　脂肪酸值测定　根据《谷物碾磨制品　脂肪酸值的测定》(GB/T 15684—2015)[16]中的方法,测定稻谷样品的脂肪酸值。

1.3.3 霉菌总数测定 根据《食品安全国家标准 食品微生物学检验 霉菌和酵母计数》(GB 4789.15—2016)[17]中的方法,对稻谷样品中的霉菌进行计数。

1.3.4 样品基因组 DNA 提取及 PCR 扩增 取 25 g 稻谷样品于装有 225 mL 无菌水的锥形瓶中,振荡 30 min,制备 10^{-1} 菌液稀释液,提取菌液的总 DNA 并进行纯化,制备符合测序要求的总 DNA。采用 50 μL 反应体系进行扩增,反应完成后利用琼脂糖电泳或聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测,并做均一化处理。标准真菌 ITS1 区片断长度为 250 bp,上游引物为 ITS5F(GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG),下游引物为 ITS1R(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)。利用 Miseq-PE250 测序平台,结合 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 制备测序文库;对合格的文库样本进行梯度稀释,并根据预定的测序需求按比例混合;通过 NaOH 处理将文库转化为单链形式,以便进行上机测序[18-19]。

1.4 数据处理分析

使用 Fastp V0.20.0 软件对原始序列进行质量控制,采用 MEGAHIT V1.1.2 软件进行拼接,应用 Uparse V2.6.3 软件进行操作分类单元(Operational Taxonomic Unit,OTU)聚类并过滤嵌合体。通过 Chao1、Shannon、Simpson、Coverage 等指数对真菌群落的 α 多样性进行评估;基于物种注释结果,通过热图、韦恩(Venn)图、ASV(Amplicon Sequence Variant)/OTU 对稻谷样品中的物种组成进行解析;利用主成分分析(Principal Component Analysis,PCA)方法解析组间差异,并评估不同组间真菌群落的差异性。

2 结果与分析

2.1 实仓不同点位稻谷样品水分含量和脂肪酸值分析

实仓不同点位稻谷样品水分含量和脂肪酸值的变化如图 2 所示。由图 2a)可知,中心点位、四周点位的稻谷样品水分含量在跟踪监测过程中均有所下降,位于粮仓四周点位的稻谷样品水分含量由 15.5%(SS 样品)降至 12.6%(HTS2 样品),位于粮仓中心点位的稻谷样品水分含量由 15.0%(CS 样品)降至 14.2%(LTS2 样品),即四周点位稻谷样品的水分含量下降幅度较大。

由图 2b)可知,中心点位、四周点位稻谷样品的脂肪酸值在跟踪监测过程中均呈上升的趋势,四周点位稻谷样品的脂肪酸值上升幅度较明显,由 13.7 mg/g(SS 样品)上升至 16.2 mg/g(HTS2 样品);中心点位稻谷样品的脂肪酸值上升幅度较平缓,由 13.6 mg/g(CS 样品)上升至 14.6 mg/g(LTS2 样品)。

2.2 实仓不同点位稻谷样品霉菌总数分析

储藏过程中由于粮堆点位温度的变化,霉菌种类会由田间霉菌向储藏霉菌转变,且数量也会随之变化。实仓不同点位稻谷样品霉菌总数的变化如图 3 所示。由图 3 可知,SS 样品携带的霉菌总数高于同期的 CS 样品;随着储藏时间的延长,HTS2 样品霉菌的生长繁殖受到环境的抑制,霉菌总数低于同期的 LTS2 样品。J. I. Pitt 等[20]研究也发现,江苏某高大平房仓储藏的不同点位稻谷样品的霉菌总

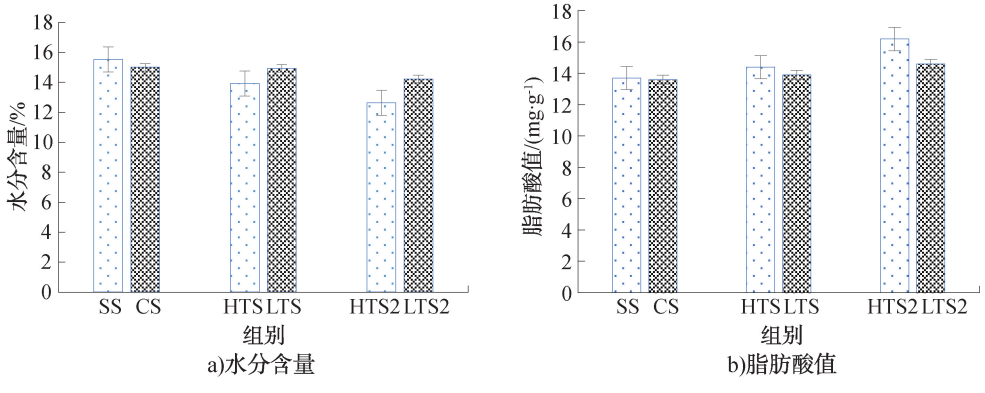

图 2 实仓不同点位稻谷样品水分含量和脂肪酸值的变化

Fig. 2 Changes in moisture and fatty acid values of paddy samples at different positions in real warehouses

数存在显著差异,其仓壁位置稻谷样品的霉菌总数低于粮堆内部稻谷样品的霉菌总数。

2.3　实仓不同点位稻谷样品真菌群落 α 多样性分析

Chao1 和 Observed species 指数可表征样品真菌群落的丰富度,Shannon 和 Simpson 指数可表征真菌群落的多样性,Pielou's evenness 和 Good's coverage 指数可分别表征真菌群落的均匀度和覆盖度。实仓不同点位稻谷样品真菌群落多样性指数箱线图如图 4 所示。由图 4 可知,对于 Chao1 和 Observed species 指数,随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品逐渐减小,而中心点位稻谷样品先增大后减小,表明随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品真菌群落的丰富度减弱,而中心点位稻谷样品真菌群落的丰富度先增强后减弱。对于 Shannon 和 Simpson 指数,随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品先减小后增大,而中心点位稻谷样品先增大后减小,表明随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品真菌群落的多样性先减弱后增强,而中心点位稻谷样品真菌群落的多样性先增强后减弱。对于 Pielou's evenness 指数,中心点位稻谷样品均大于同期四周点位稻谷样品,表明中心点位稻谷样品真菌群落的均匀度都高于同期的四周点位稻谷样品,这可能是由于四周点位稻谷样品的水分含量下降较快,使其自身携带的真菌大量死亡,导致真菌群落均匀度低于同期中心点位稻谷样品,但随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品的温度和水分含量又逐渐适宜真菌的生长繁殖,其均匀度逐渐增大;而中心点位微环境相对稳定,其真菌群落均匀度也较稳定。对于 Good's coverage 指数,所有点位稻谷样品均大于 0.99,表明测序结果的覆盖度符合要求。

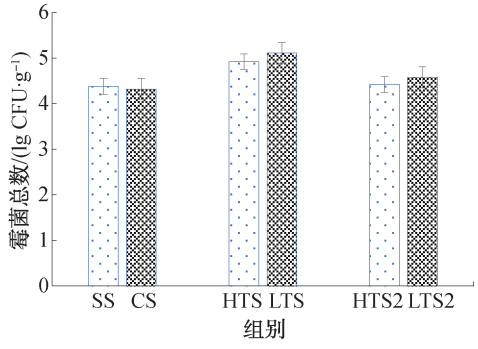

图 3　实仓不同点位稻谷样品霉菌总数的变化

Fig. 3　Changes in mold counts in paddy samples at different positions in real warehouses

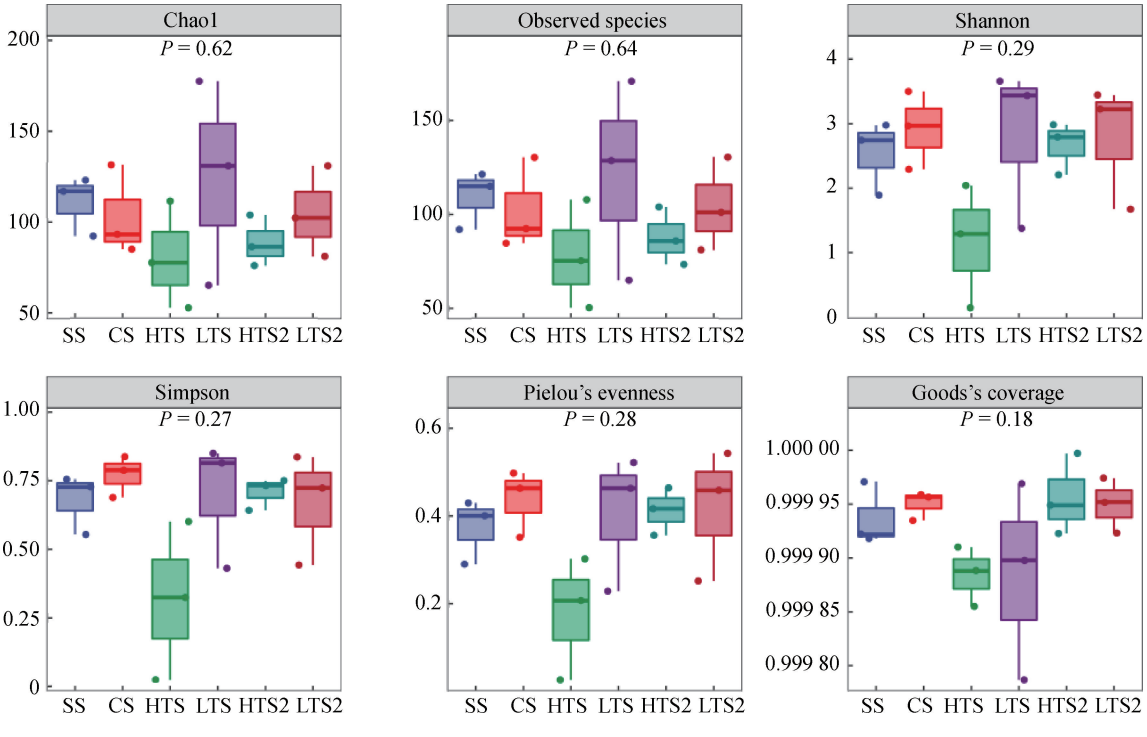

图 4　实仓不同点位稻谷样品真菌群落多样性指数箱线图

Fig. 4　Box plots showing the diversity indices of paddy samples at different positions in real warehouses

2.4 实仓不同点位稻谷样品真菌群落组成分析

实仓不同点位稻谷样品真菌群落在门水平上的组成如图5所示。由图5可知,实仓不同点位稻谷样品真菌群落在门水平上被分类为5个主要菌门,分别是子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、毛霉门(Mucoromycola)、油壶菌门(Olpidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)。在四周点位稻谷样品中,子囊菌门相对丰度最高,且随着储藏时间的延长呈先增加后减少的变化趋势;在中心点位稻谷样品中也观察到相似的变化趋势。随着储藏时间的延长,担子菌门的相对丰度在四周点位稻谷样品中呈先减少后增加的变化趋势,而在中心点位稻谷样品中呈先增加后减少的变化趋势。此外,油壶菌门和被孢霉门的相对丰度均较小,羊肚菌门相对丰度没有明显变化。

实仓不同点位稻谷样品真菌群落在属水平上的组成如图6所示。由图6可知,随着储藏时间的延长,在四周点位稻谷样品中,球腔菌属(*Mycosphaerella*)、*Saitozyma*、*Papiliotrema*、弯孢菌属(*Curvularia*)、盾壳菌属(*Coniothyrium*)、白布勒担孢酵母菌属(*Bulleromyces*)、双极霉属(*Bipolaris*)和*Setophoma*的相对丰度均呈升高的趋势;壳针孢属(*Septoria*)、*Symmetrospora*、链格孢属(*Alternaria*)、*Moesziomyces*和*Neosetophoma*的相对丰度均呈降低的趋势;*Dioszegia*和帚枝霉属(*Sarocladium*)的相对丰度均呈先降低后升高的趋势;汉纳酵母菌属(*Hannaella*)、微座孢属(*Microdochium*)、巨座壳属(*Magnaporthe*)、*Parastagonospora*和镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度均未发生明显变化。在中心点位样品中,*Dioszegia*、微座孢属、*Parastagonospora*、球腔菌属、*Saitozyma*、弯孢菌属、盾壳菌属、白布勒担孢酵母菌属和*Symmetrospora*的相对丰度均呈上升的趋势;巨座壳属、帚枝霉属、*Neosetophoma*、镰刀菌属、双极霉属和*Moesziomyces*的相对丰度均呈下降的趋势;壳针孢属、*Papiliotrema*、汉纳酵母菌属、*Setophoma*和链格孢属的相对丰度均呈先上升后下降的趋势。巨座壳属归属于子囊菌门,是感染谷物的植物病原菌,这表明稻谷自身携带的病原菌在进入储藏阶段后,其生长繁殖会受到抑制,进而相对丰度降低[21]。链格孢属是土壤、植物中常见的腐生菌,多兼性寄生于植物上,会引起经济植物病害,造成田间和产后损失。镰刀菌属的各个种广泛分布于土壤和植物中,能够产生赤霉素和镰刀毒素,对人和动物均有强烈毒性[22]。以上田间有害菌属相对丰度的下降,表明本研究的储藏条件可有效降低稻谷自身携带的有害真菌数量。在储藏进入第二阶段,即第二次取样时,四周点位和中心点位稻谷

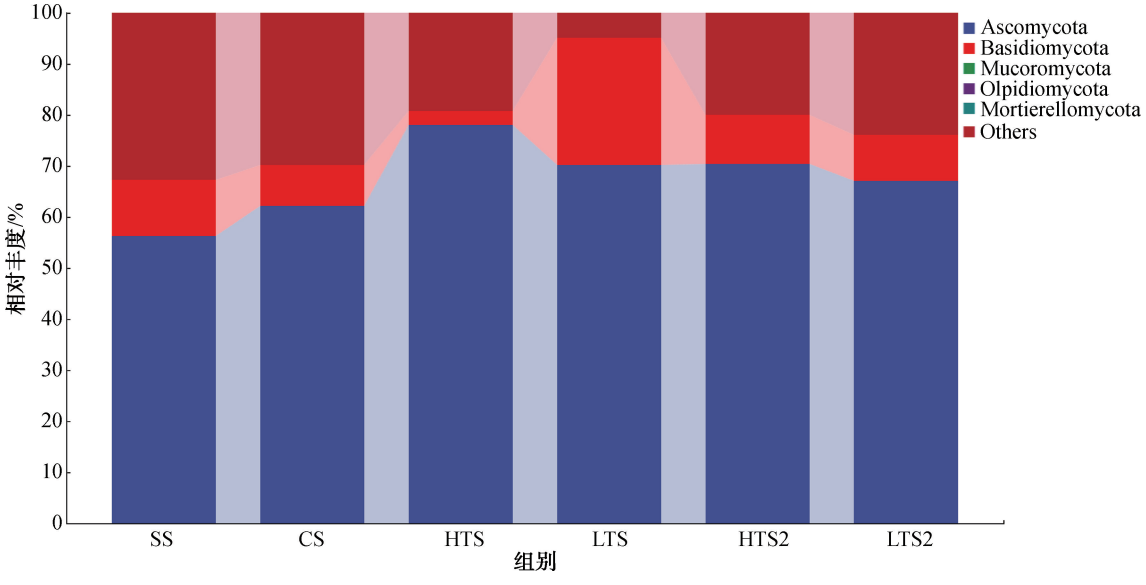

图5 实仓不同点位稻谷样品真菌群落在门水平上的组成

Fig. 5 Composition of fungal communities at phylum level in paddy samples at different positions in real warehouses

样品的优势菌属出现了明显变化,这可能是由于实仓中的环境温度、相对湿度会随着季节发生变化,水分和热量在粮堆表面、仓壁、稻谷颗粒间的传导过程会导致不同点位稻谷样品的真菌群落结构存在差异。

实仓不同点位稻谷样品真菌群落在种水平上的组成如图7所示。由图7可知,在四周点位稻谷样品中,稻瘟病菌(*Magnaporthe_grisea*)、金黄色蝶形担孢酵母(*Papiliotrema_aurea*)和*Papiliotrema_fuscus*的相对丰度均呈先上升后下降的变化趋势;黑孢霉(*Neosetophoma_samararum*)、*Mycosphaerella_tassiana*和*Microdochium_novae-zelandiae*的相对丰度均呈持续下降的变化趋势;汉纳酵母菌(*Hannaella_sinensis*)、*Setophoma_chromolaenae*和*Hannaella_zeae*的相对丰度均呈先下降后上升的变化趋势。在中心点位稻谷样品中,稻瘟病菌、汉纳酵母菌、金黄色蝶形担孢酵母和*Setophoma_chromolaenae*的相对丰度均呈先升高后下降的变化趋势;黑孢霉的相对丰度呈持续下降的变化趋势;*Mycosphaerella_tassiana*的相对丰度呈先下降后上升的变化趋势,而早熟副茎孢菌(*Parastagonospora_poae*)和*Microdochium_novae-zelandiae*的相对丰度均呈持续增加的变化趋势。其中,早熟副茎孢菌属于镰刀菌属,而镰刀菌属被认为与赤霉病的发生高度相关[17]。本研究只在中心点位稻谷样品中检出早熟副茎孢菌,但在四周点位稻谷样品中未检测到。黑孢霉会引发一种症状与稻瘟病相似的新型叶斑病,严重影响水稻的产量及品质,但其病原尚无鉴定报道[23]。因此,可通过控制稻谷储藏前的水分含量或调节储藏条件来减少病原真菌的生

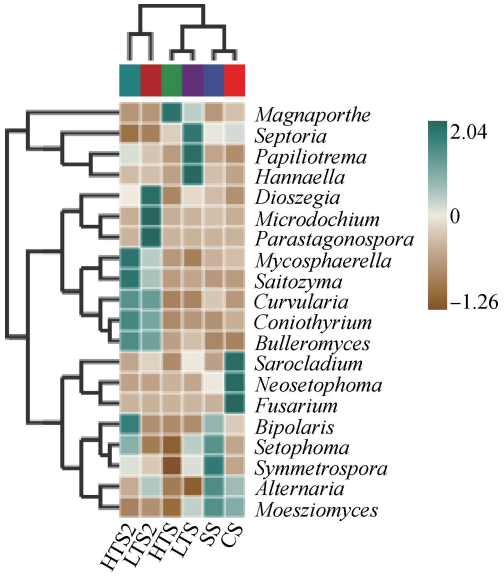

图6　实仓不同点位稻谷样品真菌群落在属水平上的组成

Fig. 6　Composition of fungal communities at the genus level of paddy samples at different positions in real warehouses

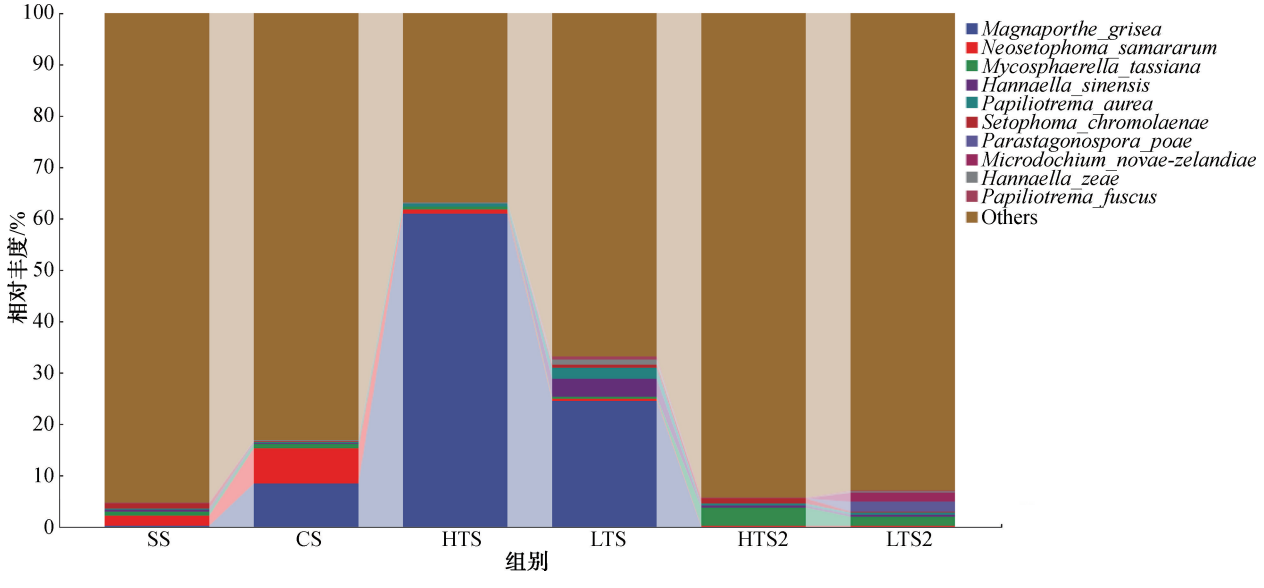

图7　实仓不同点位稻谷样品真菌群落在种水平上的组成

Fig. 7　Composition of fungal communities at the species level in paddy samples at different positions in real warehouses

成,从源头上保证稻谷的品质与安全。

2.5 实仓不同点位稻谷样品真菌群落差异分析

实仓不同点位稻谷样品真菌群落差异比较 Venn 图如图 8 所示,其中重叠彩色圆圈区域标注的数字表示共有 ASV/OTU 数量。由图 8 可知,四周点位稻谷样品共有的 ASV/OTU 数量为 50 个,且随着储藏时间的延长,样品中独有的真菌数量先显著减少后有所增加;而中心点位稻谷样品共有的 ASV/OTU 数量为 58 个,且随着储藏时间的延长,各样品中独有的真菌均先增加后减少,这可能是由于中心点位较四周点位的粮情更稳定,四周点位稻谷样品自身携带的真菌受环境条件限制而产生竞争效应,因此数量减少。所有点位稻谷样品共有的 ASV/OTU 数量为 38 个,其中拥有独特真菌数量最多的样品是 LTS,拥有独特真菌数量最少的样品是 SS。表明进入第二储藏期后,中心点位稻谷样品的特征菌属种类增加,这与 α 多样性指数的变化趋势一致;而四周点位稻谷样品在初始阶段的特征真菌

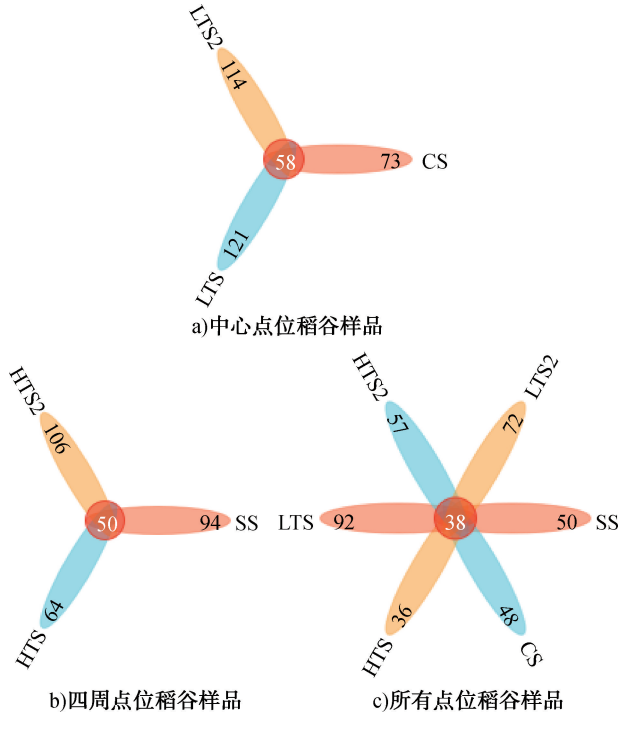

图 8 实仓不同点位稻谷样品真菌群落差异比较 Venn 图

Fig. 8 Venn diagrams comparing fungal communities in paddy samples at different positions in real warehouses

数量最少,这可能是因为与中心点位稻谷样品相比,四周点位稻谷样品的水分含量、脂肪酸值变化较明显,导致真菌生长活跃并产生相互抑制,使得部分真菌死亡。

2.6 实仓不同点位稻谷样品真菌群落 PCA 分析

实仓不同点位稻谷样品真菌群落 PCA 分析图如图 9 所示。由图 9 可知,中心点位和四周点位稻谷样品均在初始阶段(SS、CS)分布相对分散,表明二者在储藏初期的真菌群落差异较大;四周点位稻谷样品(SS、HTS、HTS2)分布也相对分散,表明随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品的真菌群落差异较大,这可能是由四周点位稻谷样品在储藏阶段的粮情不稳定所致。中心点位稻谷样品(CS、LTS、LTS2)分布相对集中,表明随着储藏时间的延长,中心点位稻谷样品的真菌群落差异较小,这可能是由中心点位稻谷样品在储藏阶段的粮情较稳定所致。

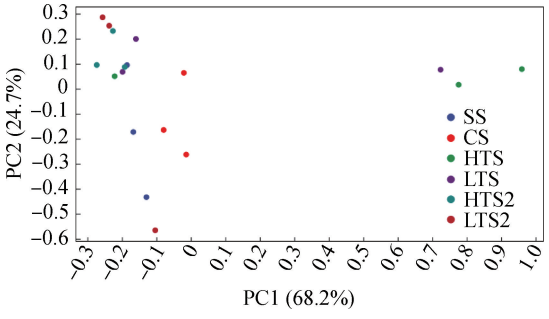

图 9 实仓不同点位稻谷样品真菌群落 PCA 分析图

Fig. 9 PCA of fungal communities in paddy samples at different positions in real warehouses

3 结论

本文对本溪明山国家粮食物资储备库 4 号高大平房仓中新入仓的稻谷进行了为期 12 个月的跟踪监测,结合理化指标检测和高通量测序技术,研究了储藏过程中实仓不同点位稻谷的理化性质和真菌群落结构差异,发现随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品的水分含量和脂肪酸值的变化幅度大于中心点位稻谷样品,且储藏中后期四周点位稻谷样品的霉菌总数低于同期中心点位稻谷样品。α 多样性指数和真菌群落差异分析显示,随着储藏时

间的延长,四周点位稻谷样品真菌群落的丰富度减弱,多样性先减弱后增强,均匀度都高于同期四周点位稻谷样品,而中心点位稻谷样品真菌群落的丰富度和多样性均先增强后减弱;各点位稻谷样品的真菌群落包括子囊菌门、担子菌门、毛霉门、油壶菌门和被孢霉门这5个主要菌门,且巨座壳属等菌属及早熟副茎孢菌等菌种在不同点位稻谷样品中呈现不同的变化趋势。PCA分析显示,随着储藏时间的延长,四周点位稻谷样品的真菌群落差异较大,而中心点位稻谷样品的真菌群落差异较小。因此,相较于四周点位,粮堆中心点位能够提供相对更稳定的微环境,从而更有利于粮情的稳定。另外,特征菌群在不同分类水平下的差异及变化揭示了不同点位稻谷样品的真菌群落在储藏阶段的演替规律,可为防霉体系的建立提供依据,也可为进一步明确粮情风险点及开发粮情预警系统提供参考。

参考文献:

[1] 普莫喆,陈希,钟钰,等.季节性流动视角下的中国粮食储备规模估算:基于粮食产销流动中断风险的分析[J].中国农村经济,2023(5):2-22.

[2] 谭斌,翟小童.我国全谷物产业发展背景、现状与未来[J].粮油食品科技,2024,32(1):1-11,13.

[3] BAUTISTA R C,COUNCE P A. An overview of rice and rice quality[J]. Cereal Foods World,2020,65(5):52-60.

[4] ZHAI Y H,PAN L H,LUO X H,et al. Effect of electron beam irradiation on storage,moisture and eating properties of high-moisture rice during storage[J]. Journal of Cereal Science,2022,103:103407.

[5] 王炫凯,曲宝成.我国稻谷储藏技术的发展现状及未来趋势[J].粮食问题研究,2022(1):44-48.

[6] OLORUNFEMI B J,KAYODE S E. Post-harvest loss and grain storage technology:A review[J]. Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology,2021,9(1):75-83.

[7] 韩赟,梁静,李成,等.稻谷储藏品质研究技术现状[J].农业工程,2020,10(12):45-49.

[8] 赵亚琪.国际粮食市场波动对我国的影响[J].中国经贸导刊(中),2020(9):85-88.

[9] DE GUZMAN C,ESGUERRA M,LINSCOMBE S,et al. Genetic analysis of photoperiod/thermosensitive male sterility in rice under US environments[J]. Crop Science,2017,57(4):1957-1965.

[10] 刘慧,周建新,方勇,等.稻谷储藏过程中微生物及品质变化规律研究[J].中国粮油学报,2020,35(1):126-131.

[11] HU S K,HU P S. Research progress and prospect of functional rice[J]. Chinese Journal of Rice Science,2021,35,311-325.

[12] 陈一帆,舒在习.六种优质籼稻后熟期间的品质变化比较[J].食品工业科技,2022,43(6):342-350.

[13] 李欣蔚.基于高通量测序探究东北粳稻储藏期间真菌群落的演替[J].现代食品科技,2022,38(7):98-106.

[14] 赵苹.基于水剂法分提制备液态羊尾油的初步研究[D].合肥:安徽大学,2021.

[15] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会.食品安全国家标准　食品中水分的测定:GB 5009.3—2016[S].北京:中国标准出版社,2017.

[16] 国家质量监督检验检疫总局,中国国家标准化管理委员会.谷物碾磨制品　脂肪酸值的测定:GB/T 15684—2015[S].北京:中国标准出版社,2015.

[17] 国家卫生和计划生育委员会.食品安全国家标准　食品微生物学检验　霉菌和酵母计数:GB 4789.15—2016[S].北京:中国标准出版社,2017.

[18] ZHANG Q F. Purple tomatoes,black rice and food security[J]. Nature Reviews Genetics,2021,22(7):414.

[19] 方宝庆,葛志文,高瑀珑,等.不同储藏时间稻谷在粮仓不同位置的品质及霉菌差异分析[J].江苏农业科学,2018,46(10):195-199.

[20] PITT J I,DAVID MILLER J. A concise history of mycotoxin research[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry,2017,65(33):7021-7033.

[21] LI W T,CUI J,LI J F,et al. Analysis of the fungi community variation during rice storage through high throughput sequencing[J]. Processes,2022,10(4):754.

[22] YU Y,CLARK J S,TIAN Q S,et al. Rice yield response to climate and price policy in high-latitude regions of China[J]. Food Security,2022,14(5):1143-1157.

[23] 徐圆程,刘慧,王光宇,等.基于高通量测序分析储藏稻谷中的真菌群落结构与优势菌属[J].食品科学,2021,42(24):92-99.

Comparison of differences in physicochemical properties and fungal community structure of paddy at different positions in real warehouses using high-throughput sequencing

LI Xinwei, GAO Xianglan, DENG Wei, ZHANG Zongrui, ZHOU Gangxia

Grain Science Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110032, *China*

Abstract: Paddy samples at different positions in real warehouses were monitored for 12 months to determine their moisture content, fatty acid value, and total mold count. The changes in fungal community structure were analyzed using high-throughput sequencing technology. The results showed that as storage time prolonged, the moisture content of paddy samples at center positions (CS, LTS, LTS2) and peripheral positions (SS, HTS, HTS2) decreased, while the fatty acid value increased. The total mold count of SS samples was higher than that of CS samples at the same time point, whereas mold growth and reproduction in HTS2 samples were inhibited, resulting in a lower total count compared to LTS2 samples at the same time point. For paddy samples at peripheral positions, the Chao1 and Observed species indices gradually decreased, while the Shannon and Simpson indices first decreased and then increased. The Pielou's evenness index of paddy samples at center positions was higher than that of samples at peripheral positions at the corresponding time points. The Chao1, Observed species, Shannon, and Simpson indices ofpaddy samples at center positions first increased and then decreased, and the Good's coverage index for all samples was greater than 0.99. The fungal communities in paddy samples from different positions were classified into five main phyla: Ascomycota, Basidiomycota, Mucoromycota, Olpidiomycota, and Mortierellomycota. Fungal genera such as *Magnaporthe* and species such as *Parastagonospora_poae* exhibited distinct variation trends in paddy samples from different positions. Furthermore, among all paddy samples, 38 ASV/OTU were shared. LTS samples had the highest number of unique fungi, while SS samples had the lowest. In addition, principal component analysis (PCA) revealed that paddy samples at peripheral positions were relatively dispersed in distribution, while those at center positions were relatively concentrated. This indicates that, compared to peripheral positions in real warehouses, center positions provide a more stable microenvironment, which is more favorable for maintaining grain conditions.

Key words: paddy; storage; high-throughput sequencing; fungal community structure; grain condition

[责任编辑:杨晓娟]