

基于高通量测序技术研究不同品种桃果实的微生物多样性

罗冬兰, 瞿光凡, 马超, 巴良杰, 王瑞, 曹森
(贵阳学院, 贵阳 550005)

摘要: **目的** 探究贵州不同品种桃果实附着的微生物菌群组成情况。**方法** 以镇远红桃、镇远艳红桃和玉屏黄桃为试材, 利用高通量测序技术分析贵州不同品种桃果实微生物的多样性。**结果** 红桃的主要优势细菌属为泛菌属、鞘氨醇单孢菌属和假单胞菌属, 优势真菌属为枝孢菌属、交链孢属和曲霉属; 艳红桃的优势细菌属为拟杆菌属、布老特氏菌属和甲基杆菌属, 优势真菌属为链核盘菌属、枝孢菌属和交链孢属; 黄桃的优势细菌属为甲基杆菌属、鞘氨醇单孢菌属和棒状杆菌属, 优势真菌属为枝孢菌属、链核盘菌属和交链孢属。此外, α 多样性分析表明艳红桃的真菌多样性最高, 而黄桃的真菌多样性次之; β 多样性分析表明构成不同品种桃群落组成有明显差异, 而黄桃与红桃的群落组成相似程度更高。**结论** 研究初步明确了贵州不同品种桃果实的微生物多样性, 为不同品种桃果实的绿色生产和贮藏保鲜提供理论基础。

关键词: 桃; 高通量测序; 微生物群落; 多样性分析

中图分类号: S609⁺.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-3563(2022)11-0140-07

DOI: 10.19554/j.cnki.1001-3563.2022.11.018

Microbial Diversity of Peach Fruits of Different Varieties Based on High-throughput Sequencing

LUO Dong-lan, QU Guang-fan, MA Chao, BA Liang-jie, WANG Rui, CAO Sen

(Guiyang College, Guizhou 550005, China)

ABSTRACT: The work aims to explore the composition of microbial flora attached to the peach fruits of different varieties in Guizhou (a province in China). Taking Zhenyuan red peach, Yanhong peach and Yuping yellow peach as test materials, high-throughput sequencing technology was used to analyze the microbial diversity of different peach varieties in Guizhou. The results showed that the main dominant bacterial genera of red peach were *Pantoea*, *Sphingomonas* and *Pseudomonas*, and the dominant fungal genera were *Cladosporium*, *Alternaria* and *Aspergillus*; The dominant bacterial genera of the brilliant red peach are *Bacteroides*, *Blautia* and *Methylobacterium*, the dominant fungal genera are *Monilinia*, *Cladosporium* and *Alternaria*; The dominant bacterial genera of the yellow peach are *Methylobacterium*, *Sphingomonas* and *Corynebacterium*, and the dominant fungi are *Cladosporium*, *Monilinia* and *Alternaria*. In addition, α diversity analysis showed that the fungal diversity of red peach was the highest, and followed by yellow peach, β diversity analysis showed that there were significant differences in the community composition of different peach varieties, while the com-

收稿日期: 2022-05-07

基金项目: 贵州省科技计划(黔科合支撑[2020]1Y137号, 黔科中引地[2020]4018号); 贵阳市财政支持贵阳学院学科建设与研究生教育项目(2021-xk14)

作者简介: 罗冬兰(1991—), 女, 贵阳学院讲师, 主要研究方向为农产品贮藏与加工等。

通信作者: 曹森(1988—), 男, 贵阳学院教授, 主要研究方向为农产品贮藏与加工; 王瑞(1979—), 男, 贵阳学院教授, 主要研究方向为农产品贮藏与加工。

munity composition of yellow peach and red peach was more similar. This study preliminarily defined the microbial diversity of different peach fruits in Guizhou and provided a theoretical basis for green production, storage and preservation of different peach fruits.

KEY WORDS: peach; high-throughput sequencing; microbial communities; diversity analysis

原产于我国的桃树是蔷薇科 (*Rosaceae*) 李属 (*Prunus* L.), 属于多年落叶生果树, 因其具有丰富的风味营养物质和矿质元素等, 深受消费者的喜爱^[1-2]。目前, 我国桃产量和种植面积在世界上均为第一^[3]。据统计, 贵州省桃树种植面积已经超过 100 万亩, 主要栽培品种为镇远红桃、艳红桃和玉屏黄桃。由于桃果实采收期集中, 皮薄多汁, 易受微生物侵染, 导致采后不耐贮藏等问题, 已经成为桃产业高质量发展的限制因素^[4-5], 因此, 研究桃果实微生物多样性, 对提高桃品质, 延长桃贮藏期提供理论基础。

近年来, 高通量测序技术得到快速发展, 已经广泛应用于不同学科领域^[6-8]。与微生物分离培养技术相比, 高通量测序技术优点能够直接提取待测样品中的总 DNA 用于检测其样品中微生物的多样性^[9-10]。对于批量测定样品的 DNA 测序, 高通量测序技术具有明显优势, 其特点无偏性和高灵敏度的测试结果^[11], 越来越多研究者关注。目前国内对桃采后病害的研究主要集中在生产地区方面的研究报道, 而针对不同桃品种果实采后微生物多样性研究相对较少, 因此, 研究旨在探究采用高通量测序技术进行分析贵州产区主要 3 个品种桃果实 (镇远红桃、艳红桃和玉屏黄桃) 微生物多样性, 以期探明贵州产区不同桃果实微生物多样性的结构特征, 旨在为桃果实的绿色生产和贮藏保鲜提供理论基础。

1 实验

1.1 材料

主要材料: 以贵州主要栽培品种镇远红桃、镇远艳红桃和玉屏黄桃为实验材料。随机从镇远红桃 (记作 A1、A2、A3)、镇远艳红桃 (记作 B1、B2、B3) 和玉屏黄桃 (记作 C1、C2、C3) 果园中取样, 每组样本来自不同果园的 6 个果实的混合果肉样本。

1.2 方法

1.2.1 样品基因组 DNA 提取及扩增

采用十六烷基三甲基溴化铵法 (CTAB) 提取样品基因组 DNA^[12]。分别取来自不同产区的桃果实加入液氮, 充分研磨后取适量转入已灭菌的 EP 管中, 总 DNA 采用试剂盒并根据说明书进行提取。提取后的 DNA 纯度和浓度用琼脂糖凝胶电泳方法确定 DNA 完整性^[12]。最后用无菌水将其质量浓度调至 1 ng/ μ L。

以质量浓度为 1 ng/ μ L 的基因组 DNA 为模板进行 PCR 检测, 细菌以 16SV4 区引物 (515F 和 806R) 进行聚合酶链式反应 (PCR) 扩增, 真菌以 ITS1 区引物 (ITS5-1737F 和 ITS2-2043R) 进行 PCR 扩增。PCR 条件: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 60 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 30 个循环; 72 °C 延伸 10 min。扩增 PCR 产物经电泳检测切胶回收, 经检测调至合格后送至北京诺禾致源生物信息科技有限公司进行测序。

1.2.2 纯度检测

PCR 产物经过质量分数为 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测, 并进行等量混样, 混匀。利用 2% 脂糖凝胶电泳再次进行检测后, 采用胶回收试剂盒 (Qiagen 公司) 对目的条带进行回收。

1.2.3 高通量测序

采用 NEBNext® Ultra™ IIDNA Library Prep Kit 试剂盒进行文库构建。利用文库进行 Qubit 和 Q-PCR 定量分析, 并使用 NovaSeq6000 进行测序。样本数据通过截去 barcode 和引物序列后, 使用 FLASH^[13] 软件对其片段拼接, 得到原始序列。随后使用 fastp 软件对其原始序列进行质控得到质控序列。最后使用 Usearch 软件去除质控序列与数据库的嵌合体^[14], 从而获取有效序列数。采用 Uparse 软件 (v7.0.1001) 以序列相似性为 97% 的阈值进行操作分类单元聚类 (OTU) 进行生物多样性和群落分析。对 OTU 数据进行分析, 并在门、属的水平上对各个样本中的真菌、细菌进行物种丰度统计, 确定优势菌属。

1.2.4 多样性分析

α 多样性分析往往用于研究样本内微生物群落多样性^[12]。样品中微生物群落多样性通常以不同指数表示, 例如 Chao、Coverage、Shannon、Simpson 等。其中, Chao 指数代表样品菌群丰度; Coverage 指数代表群落中丰度; Shannon 指数代表样品菌群多样性; Simpson 反映各样本的覆盖率。 β 多样性分析往往是研究不同样本的微生物群落构成的比较分析^[9], 通常用主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA)。PCA 分析可以将高维数据通过线性变换进行降维, 投影到维度较低的空间坐标系中, 展现不同样本的自然分布情况, 使得评价结果更加完整和科学, PCA 分析可以反映样本间的差异性^[15-16]。利用 Mothur 软件进行 α 多样性分析和基于加权 Unifrac 算法进行主成分分析。

2 结果与分析

2.1 样品测序数据分析

由表 1 可知,原始序列范围为 94 076~109 214 条,过滤掉低质量序列后细菌质控序列范围为 92 893~107 641 条,过滤嵌合体后的有效序列范围为 81 165~105 815 条,碱基数量为 33 183 463~43 056 943,平均长度为 406~410 个碱基对(bp),去除植物体内的线粒体、叶绿体相关序列后获得 OTU 数量范围为 120~710。真菌群落(表 2)组成进行分析发现,原始序列范围为 85 287~101 749 条,质控序列范围为 84 453~101 010 条,有效序列范围为 84 071~100 226 条,碱基数量为 25 177 238~29 125 700 个核苷酸(nt),平均长度为 285~303 个碱基对,获得 OTU 数量范围为 28~67。另外,通过分析不同品种桃子 OTU 平均数量发现,不同品种桃子的 OTU 平均数量大小关系为 B>C>A;而 B 品种桃子的 OTU 平均数量高于其他 2 个品种,说明艳红桃

的微生物群落更丰富。

2.2 基于门水平的不同品种桃菌群组成分析

2.2.1 基于门水平的不同品种桃细菌组成分析

不同品种桃细菌前 5 门类的水平见图 1。不同品种桃细菌主要有变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidota*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*)。其中镇远红桃(A)的优势细菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)和放线菌门(*Actinobacteriota*),其平均丰度分别为 49.46%、32.76%;而镇远艳红桃(B)的优势细菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidota*),其平均丰度分别为 58.78%、27.68%;玉屏黄桃(C)的优势细菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)和放线菌门(*Actinobacteriota*),其平均丰度分别为 53.68%、34.25%。另外酸杆菌门(*Acidobacteriota*)在不同品种桃的细菌组成中占比最低。由此说明,不同品种桃共有的优势菌门为变形菌门(*Proteobacteria*)。

表 1 不同品种桃细菌有效序列与 OTU 数量统计

Tab.1 Bacterial effective sequences and OTU numbers of different peach varieties

分组	原始序列数	质控序列数	有效序列数	碱基数量	平均长度 (bp)	OTU 数量
A1	98 998	98 029	96 114	39 371 858	410	134
A2	109 214	107 641	105 815	43 056 943	407	170
A3	97 309	96 036	95 065	38 627 073	406	120
B1	99 185	98 025	81 165	33 183 463	409	710
B2	102 671	101 471	91 152	37 357 580	410	603
B3	104 750	103 445	93 700	38 353 253	409	734
C1	96 700	95 399	90 563	37 029 711	409	315
C2	100 726	99 381	97 847	39 750 060	406	257
C3	94 076	92 893	89 772	36 592 106	408	228

表 2 不同品种桃真菌有效序列与 OTU 数量统计

Tab.2 Fungus effective sequences and OTU numbers of different peach varieties

分组	原始序列数	质控序列数	有效序列数	碱基数量	平均长度 (bp)	OTU 数量
A1	96 298	95 427	95 066	28 837 569	303	34
A2	85 287	84 453	84 071	25 177 238	299	28
A3	95 682	94 592	94 115	28 418 445	302	49
B1	93 454	92 602	92 256	27 672 470	300	67
B2	96 336	95 512	95 176	28 845 512	303	52
B3	101 749	101 010	100 226	29 125 700	291	71
C1	95 751	94 715	94 394	28 550 309	302	31
C2	93 907	93 024	92 689	26 371 742	285	39
C3	96 201	95 239	94 898	28 650 556	302	37

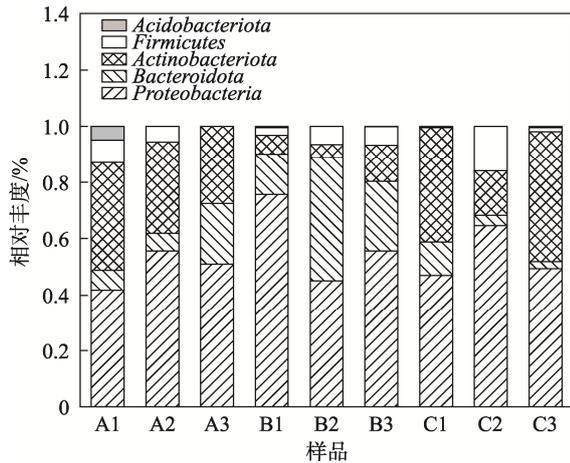


图 1 细菌 (门) 水平
Fig.1 Bacterial (phylum) level

2.2.2 基于门水平的不同品种桃真菌组成分析

不同品种桃真菌前 5 门类的水平见图 2。不同品种桃真菌主要有子囊菌门 (*Ascomycota*)、担子菌门 (*Basidiomycota*)、被孢菌门 (*Mortierellomycota*)、壶菌门 (*Chytridiomycota*)、罗兹菌门 (*Rozellomycota*)。子囊菌门 (*Ascomycota*) 在镇远红桃 (A)、镇远艳红桃 (B)、玉屏黄桃 (C) 的平均丰度分别为 79.34%、72.69% 和 90.30%；担子菌门 (*Basidiomycota*) 在镇远红桃 (A)、镇远艳红桃 (B)、玉屏黄桃 (C) 的平均丰度分别为 18.62%、10.58% 和 8.75%；而壶菌门 (*Chytridiomycota*)、罗兹菌门 (*Rozellomycota*) 在不同品种桃的真菌组成占比较低。由此说明, 子囊菌门 (*Ascomycota*)、担子菌门 (*Basidiomycota*) 均是不同品种桃的优势真菌门。

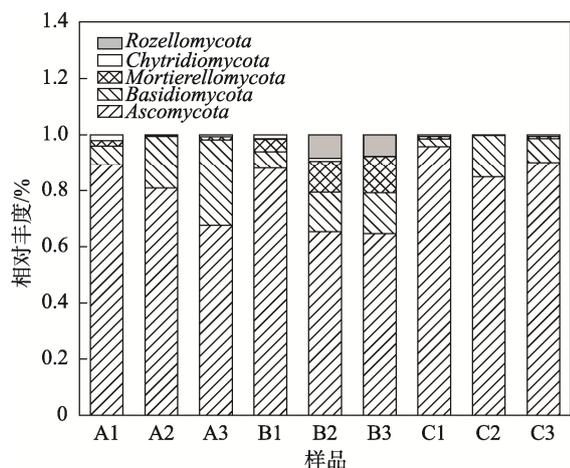


图 2 真菌 (门) 水平
Fig.2 Fungal (phylum) level

2.3 基于属水平的不同品种桃菌群组成分析

不同品种桃细菌前 10 属类的水平见图 3。不同

品种桃细菌主要有泛菌属 (*Pantoea*)、拟杆菌属 (*Bacteroides*)、甲基杆菌属 (*Methylobacterium*)、鞘氨醇单孢菌属 (*Sphingomonas*)、棒状杆菌属 (*Corynebacterium*)、布老特氏菌属 (*Blautia*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、短小杆菌属 (*Curtobacterium*)、链霉菌属 (*Streptomyces*)。其中镇远红桃 (A) 的主要优势细菌属为泛菌属 (*Pantoea*)、鞘氨醇单孢菌属 (*Sphingomonas*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*)，其平均丰度分别为 55.96%、15.22% 和 13.24%，优势细菌约占总体的 84.42%；艳红桃 (B) 的优势细菌属为拟杆菌属 (*Bacteroides*)、布老特氏菌属 (*Blautia*) 和甲基杆菌属 (*Methylobacterium*)，其平均丰度分别为 39.23%、19.26% 和 11.85%，优势细菌约占总体的 70.34%；玉屏黄桃 (C) 的优势细菌属为甲基杆菌属 (*Methylobacterium*)、鞘氨醇单孢菌属 (*Sphingomonas*) 和棒状杆菌属 (*Corynebacterium*)，其平均丰度分别为 48.86%、17.00% 和 13.28%，优势细菌约占总体的 79.14%。另外，葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、链霉菌属 (*Streptomyces*)、短小杆菌属 (*Curtobacterium*) 在 3 种桃细菌的占比均偏低。由此说明, 不同品种桃的细菌群存在明显差异。

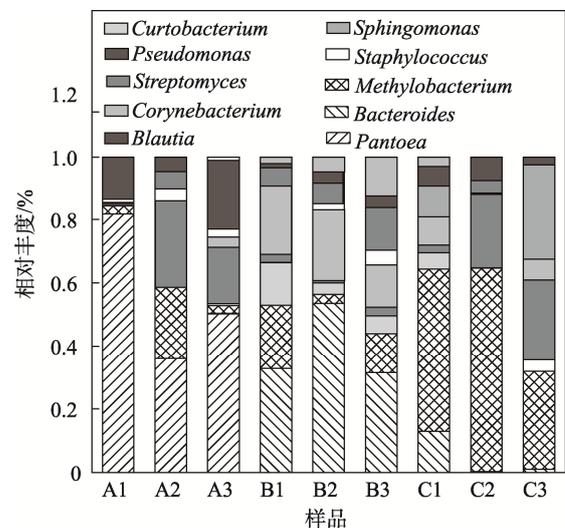


图 3 细菌 (属) 水平
Fig.3 Bacterial (genus) level

不同品种桃真菌前 10 属类的水平见图 4。不同品种桃真菌主要有枝孢菌属 (*Cladosporium*)、链核盘菌属 (*Monilinia*)、赤霉菌属 (*Gibberella*)、交链孢属 (*Alternaria*)、膜盘菌属 (*Hymenoscyphus*)、节枝孢属 (*Articulospora*)、被孢霉属 (*Mortierella*)、曲霉属 (*Aspergillus*)、镰刀菌属 (*Fusarium*)、枝顶孢属 (*Acremonium*)。其中镇远红桃 (A) 的主要优势真菌属为枝孢菌属 (*Cladosporium*)、交链孢属

(*Alternaria*) 和曲霉属 (*Aspergillus*)，其平均丰度分别为 50.06%、16.07%和 14.84%，优势真菌约占总体的 80.97%；艳红桃 (B) 的优势真菌属为链核盘菌属 (*Monilinia*)、枝孢菌属 (*Cladosporium*) 和交链孢属 (*Alternaria*)，其平均丰度分别为 57.15%、16.35%和 10.86%，优势真菌约占总体的 84.36%；黄桃 (C) 的优势真菌属为枝孢菌属 (*Cladosporium*)、链核盘菌属 (*Monilinia*) 和交链孢属 (*Alternaria*)，其平均丰度分别为 67.74%、16.43%和 10.30%，优势真菌约占总体的 94.47%。赤霉菌属 (*Gibberella*)、镰刀菌属 (*Fusarium*)、枝顶孢属 (*Acremonium*) 在 3 种桃真菌的占比均偏低。另外，镇远艳红桃有独有的膜盘菌属 (*Hymenoscyphus*) 和节枝孢属 (*Articulospora*)。由此说明，不同品种桃的真菌群存在明显差异。

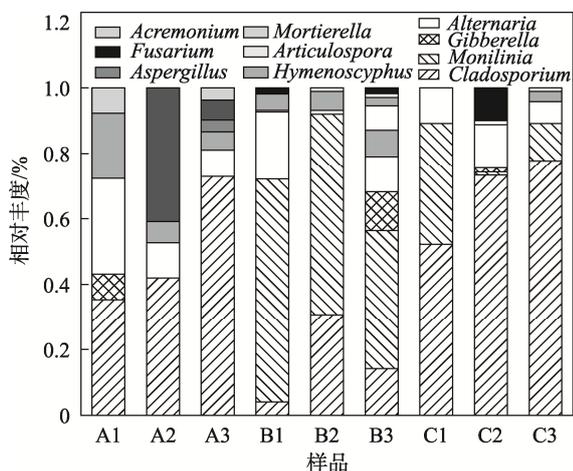


图4 真菌(属)水平
Fig.4 Fungal (genus) level

2.4 不同品种桃微生物群落的 α 多样性分析

由表 3 和表 4 可知，各样本的 Coverage 均为 1，说明测序对不同品种桃的样本细菌和真菌的覆盖率均很高，符合其样品中微生物多样性分析的要求。表 3 说明，不同品种的桃样品 Chao 指数平均值大小关系为 B>C>A，说明艳红桃 (B) 细菌的群落的丰富度最高，玉屏黄桃 (C) 细菌的丰度次之；Shannon 指数和 Simpson 指数平均值大小关系均为 B>C>A，说明镇远艳红桃的细菌多样性最高，而红桃的细菌多样性最低。表 4 说明，不同品种的桃样品 Chao 指数平均值大小关系为 B>A>C，说明镇远艳红桃 (B) 真菌的群落的丰富度最高，镇远红桃 (A) 真菌的丰度次之。Shannon 指数和 Simpson 指数平均值大小关系均为 B>C>A，说明镇远明艳红桃的真菌多样性最高，而黄桃的真菌多样性次之。

表 3 不同品种桃细菌群落的多样性分析
Tab.3 Diversity analysis of endophytic bacterial communities in peach of different varieties

分组	Chao	Coverage	Shannon	Simpson
A1	134.375	1	1.906	0.616
A2	171.4	1	1.362	0.43
A3	120.667	1	0.766	0.193
B1	710.714	1	5.714	0.893
B2	603.125	1	4.019	0.763
B3	734.167	1	4.14	0.712
C1	315.143	1	3.007	0.684
C2	257.667	1	1.203	0.277
C3	229.429	1	2.795	0.687

表 4 不同品种桃真菌群落的多样性分析

Tab.4 Diversity analysis of endophytic fungal communities in peach of different varieties

分组	Chao	Coverage	Shannon	Simpson
A1	34.000	1	2.509	0.785
A2	28.000	1	2.690	0.796
A3	49.000	1	2.624	0.781
B1	67.000	1	2.782	0.801
B2	52.250	1	2.436	0.775
B3	71.000	1	4.120	0.860
C1	31.000	1	2.525	0.786
C2	39.500	1	3.138	0.853
C3	37.000	1	2.602	0.791

2.5 不同品种桃微生物群落的 β 多样性分析

细菌群落主成分分析见图 5，其中第 1 主成分贡献率为 73.19%，第 2 主成分贡献率为 17.77%，累计贡献率为 90.96%。由此可以看出样品间细菌群落的相似关系。主成分分析将 3 个品种的桃子很好地区分开，说明构成不同品种桃细菌群落有明显差异。玉屏黄桃 (C) 距离镇远红桃 (A) 最近，而距离镇远艳红桃 (B) 较远，说明玉屏黄桃与镇远红桃的细菌群落相似程度更高。真菌群落主成分分析见图 6，其中第 1 主成分贡献率为 72.83%，第 2 主成分贡献率为 22.91%，累计贡献率为 95.74%，说明 2 个主成分可以显示出样品真菌群落的相似关系。3 个品种的桃子在主成分分析时能很好地区分开，说明构成不同品种桃真菌群落有明显差异。玉屏黄桃 (C) 距离红桃 (A) 最近，而距离艳红桃 (B) 较远，说明玉屏黄桃与镇远红桃的真菌群落相似程度更高，这与不同品种桃细菌群落关系相似。

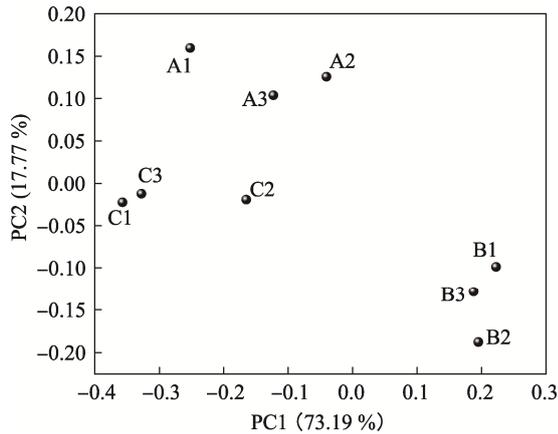


图 5 细菌群落主成分分析

Fig.5 Principal component analysis of bacterial communities

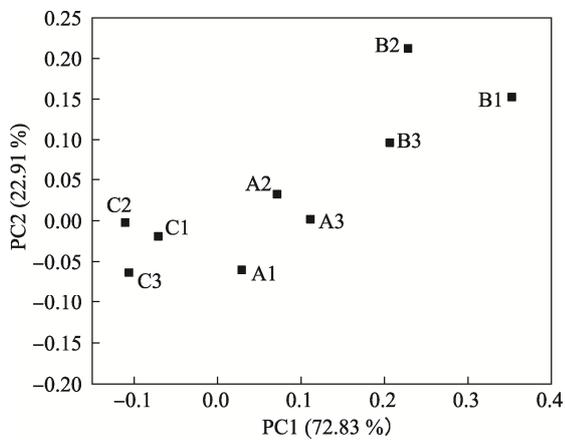


图 6 真菌群落主成分分析

Fig.6 Principal component analysis of fungal communities

3 结语

文中通过高通量测序技术对不同品种桃微生物菌群组成对比分析发现,镇远红桃的主要优势细菌属为泛菌属、鞘氨醇单孢菌属和假单胞菌属,优势真菌属为枝孢菌属、交链孢属和曲霉属;镇远艳红桃的优势细菌属为拟杆菌属、布老特氏菌属和甲基杆菌属,优势真菌属为链核盘菌属、枝孢菌属和交链孢属;玉屏黄桃的优势细菌属为甲基杆菌属、鞘氨醇单孢菌属和棒状杆菌属,优势真菌属为枝孢菌属、链核盘菌属和交链孢属。此外, α 多样性分析表明镇远艳红桃的真菌多样性最高,而玉屏黄桃的真菌多样性次之, β 多样性分析表明构成不同品种桃群落组成有明显差异,而玉屏黄桃与镇远红桃的群落组成相似程度更高。该研究初步明确了贵州不同品种桃果实的微生物多样性,为研发抑菌试剂奠定基础,并为不同品种桃果实的绿色生产和贮藏保鲜提供理论支撑。

参考文献:

- [1] 张颖. 四个桃品种生物学特性及果实生长发育规律研究[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2021: 1-7.
ZHANG Ying. Study on Biological Characteristics and Fruit Growth and Development of Four Peach Varieties by[D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology, 2021: 1-7.
- [2] 刘影, 李晓宇, 杜小龙, 等. 不同涂膜处理对水蜜桃常温贮藏品质的影响[J]. 食品研究与开发, 2019, 40(12): 1-5.
LIU Ying, LI Xiao-yu, DU Xiao-long, et al. Effects of Different Coating Treatments on the Storage of Honey Peach[J]. Food Research and Development, 2019, 40(12): 1-5.
- [3] 张春岭, 刘慧, 刘杰超, 等. 基于主成分分析与聚类分析的中、早熟桃品种制汁品质评价[J]. 食品科学, 2019, 40(17): 141-149.
ZHANG Chun-ling, LIU Hui, LIU Jie-chao, et al. Evaluation of Juice Quality of Mid-Early Ripening Peach Varieties Based on Principal Component Analysis and Cluster Analysis[J]. Food Science, 2019, 40(17): 141-149.
- [4] 曹森, 王瑞, 刘莹, 等. 基于主成分分析的 1-MCP 处理对艳红桃货架期品质的影响[J]. 江苏农业学报, 2017, 33(1): 197-203.
CAO Sen, WANG Rui, LIU Ying, et al. Effect of 1-MCP on the Yanhong Peach Shelf Quality Based on the Principle Component Analysis[J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2017, 33(1): 197-203.
- [5] ZHAO Yao-yao, TANG Ji-xing, SONG Cong-cong, et al. Nitric Oxide Alleviates Chilling Injury by Regulating the Metabolism of Lipid and Cell Wall in Cold-Storage Peach Fruit[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2021, 169: 63-69.
- [6] LI Xin-fu, LI Cong, YE Hua, et al. Changes in the Microbial Communities in Vacuum-Packaged Smoked Bacon during Storage[J]. Food Microbiology, 2019, 77: 26-37.
- [7] 李婕, 黄琳翔, 詹艺舒, 等. 双孢蘑菇贮藏保鲜过程中菇体表面的菌相变化[J]. 食品工业科技, 2019, 40(9): 109-114.
LI Jie, HUANG Lin-xiang, ZHAN Yi-shu, et al. Changes of Microflora on the Surface of Agaricus Bisporus Fruit Body during Chilled Storage[J]. Science and Technology of Food Industry, 2019, 40(9): 109-114.
- [8] AREGBE A Y, MU Tai-hua, SUN Hong-nan. Effect of Different Pretreatment on the Microbial Diversity of Fermented Potato Revealed by High-Throughput Sequencing[J]. Food Chemistry, 2019, 290(3): 125-134.
- [9] 赵金丽, 魏婉莹, 沈春蕾, 等. 基于高通量测序的紫贻贝中微生物群落分析[J]. 现代食品科技, 2019,

- 35(2): 253-258.
- ZHAO Jin-li, WEI Wan-ying, SHEN Chun-lei, et al. Microbial Community Analysis of Mussel (*Mytilus Edulis*) Based on High-Throughput Sequencing[J]. *Modern Food Science and Technology*, 2019, 35(2): 253-258.
- [10] 曹荣, 张井, 孟辉辉, 等. 高通量测序与传统纯培养方法在牡蛎微生物群落分析中的应用对比[J]. *食品科学*, 2016, 37(24): 137-141.
- CAO Rong, ZHANG Jing, MENG Hui-hui, et al. Microbial Flora Analysis of Oyster: A Comparison between Traditional Plate Culture Method and High Throughput Sequencing[J]. *Food Science*, 2016, 37(24): 137-141.
- [11] 石浩, 王仁才, 王芳芳, 等. 软腐猕猴桃果实真菌类病原菌的生物多样性分析[J]. *现代食品科技*, 2020, 36(4): 126-137.
- SHI Hao, WANG Ren-cai, WANG Fang-fang, et al. Biodiversity Analysis of Fungal Pathogens from Soft-Rotting Kiwifruit[J]. *Modern Food Science and Technology*, 2020, 36(4): 126-137.
- [12] 刘晓静, 朱静, 楚敏, 等. 库车小白杏采后内生细菌群落代谢特征及结构组成的变化[J]. *食品科学*, 2018, 39(22): 141-146.
- LIU Xiao-jing, ZHU Jing, CHU Min, et al. Changes in Carbon Metabolism Characteristics and Community Composition of Endophytic Bacteria in Postharvest Kuqa-Grown Apricot[J]. *Food Science*, 2018, 39(22): 141-146.
- [13] MAGOČ T, SALZBERG S L. FLASH: Fast Length Adjustment of Short Reads to Improve Genome Assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [14] HAAS B J, GEVERS D, EARL A M, et al. Chimeric 16S rRNA Sequence Formation and Detection in Sanger and 454-Pyrosequenced PCR Amplicons[J]. *Genome Research*, 2011, 21(3): 494-504.
- [15] 陈楚英, 刘善军, 付永琦, 等. 基于PCA分析‘南丰’和‘新余’蜜橘的耐贮性差异[J]. *热带作物学报*, 2019, 40(12): 2474-2480.
- CHEN Chu-ying, LIU Shan-jun, FU Yong-qi, et al. Analysis of Storage Tolerance Difference Between 'Nanfeng' and 'Xinyu' Tangerine Based on PCA[J]. *Journal of Tropical Crops*, 2019, 40(12): 2474-2480.
- [16] 梁媛, 周绪霞, 张丞彦, 等. 基于PCA分析臭氧减菌结合气调包装对糙米储藏品质的影响[J]. *中国粮油学报*, 2018, 33(10): 91-97.
- LIANG Yuan, ZHOU Xu-xia, ZHANG zheng-yan, et al. Effect of Ozone Sterilization Combined with Modified Atmosphere Packaging on Storage Quality of Brown Rice Based on PCA[J]. *Chinese Journal of Grain and Oil*, 2018, 33(10): 91-97.

责任编辑: 曾钰婵