DOI:10.12441/spyswjs.20250401006 [文章编号] 1673-1689(2025)10-0143-09

新疆吐鲁番葡萄及葡萄干表皮真菌多样性分析

孙 蕾[1,2] 祁来芳[2] 梁秋艳[2] 韩璡烜[2] 范田丽[2] 马玉花[1*]

(1. 新疆师范大学化学化工学院,新疆 乌鲁木齐 830054; 2. 新疆维吾尔自治区产品质量监督检验研究院,新疆 乌鲁木齐 830011)

摘要:【目的】探究新疆吐鲁番葡萄干制过程中可能存在的影响葡萄干品质的有害真菌,分析品种与葡萄及葡萄干表皮真菌群落组成及其多样性的关系。**【方法】**选取吐鲁番某葡萄园区的4种热销葡萄品种(‘无核白’‘博尔特’‘香妃’‘黑无核’)为研究对象,采用高通量测序技术分析葡萄和葡萄干表皮真菌群落多样性。**【结果】**葡萄和葡萄干表皮真菌群落中,在真菌门水平上,Ascomycota和Basidiomycota占据了主导地位,其中Ascomycota在葡萄干中的平均相对丰度(92.24%)高于葡萄(81.43%),而Basidiomycota在葡萄中的平均相对丰度(9.35%)高于葡萄干(2.44%);在真菌属水平上,葡萄中的优势真菌属主要包括*Aspergillus*、*Cladosporium*、*Alternaria*和*Hanseniaspora*,*Aspergillus*在葡萄干中的平均相对丰度(61.75%)高于葡萄(43.97%),而*Cladosporium*在葡萄中的平均相对丰度(8.61%)高于葡萄干(5.76%)。此外,作者还发现了*Aspergillus carbonarius*、*Cladosporium cladosporioides*和*Aspergillus versicolor*等优势真菌。**【结论】**从物种的各分类注释水平来看,葡萄和葡萄干表皮中,存在可能产生真菌毒素的*Aspergillus carbonarius*、*Cladosporium cladosporioides*、*Aspergillus versicolor*和未知分类等潜在污染菌,且在各分类水平上均存在差异。污染菌在葡萄干制前后均存在,且无明显变化,表明其持续存在于葡萄的干制过程中。

关键词:葡萄表皮;高通量测序;微生物群落;多样性

Diversity of Fungi on the Surfaces of Grapes and Raisins in Turpan, Xinjiang

SUN Lei[1,2] *QI Laifang*[2] *LIANG Qiuyan*[2] *HAN Jinxuan*[2] *FAN Tianli*[2] *MA Yuhua*[1*]

(1. College of Chemistry and Chemical Engineering, Xinjiang Normal University, Urumqi 830054, China; 2. Xinjiang Uygur Autonomous Region Product Quality Supervision and Inspection Research Institute, Urumqi 830011, China)

Abstract: [**Objective**] This study aims to understand the potential harmful fungi that may affect the quality of raisins during the drying process of grapes from Turpan, Xinjiang and to explore the relationships between varieties and the fungal community structure and diversity on the surfaces of grapes and raisins. [**Method**] Four popular grape varieties (‘Thompson Seedless’, ‘Boerte’, ‘Xiangfei’, and ‘Seedless Black’) in a grapery in Turpan were selected as research objects. The fungal diversity on the surfaces of grapes and raisins was analyzed *via* high-throughput sequencing. [**Result**] The dominant fungal phyla on the surfaces of grapes and raisins were Ascomycota and Basidiomycota. The average relative abundance of Ascomycota on the surfaces of raisins (92.24%) was higher than that on the surfaces of grapes (81.43%), while Basidiomycota had higher average relative abundance on the surfaces of fresh grapes (9.35%) than that on the surfaces of raisins (2.44%). At the genus level, the dominant fungal genera on the surfaces of grapes were *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Alternaria*, and *Hanseniaspora*. The average relative abundance of *Aspergillus* on the surfaces of raisins (61.75%) was higher

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2022D01B42,2024D01A104);新疆维吾尔自治区人才发展基金第二批重点人才计划项目—智力援疆创新拓展人才计划项目(小组团援疆团队)。

通信作者:马玉花(1987—),女,博士,副教授,博士研究生导师,主要从事分析化学研究。E-mail:240615641@qq.com

收稿日期:2025-04-01 **修回日期:**2025-05-12

than that on the surfaces of grapes (43.97%), while the average relative abundance of *Cladosporium* on the surfaces of grapes (8.61%) was higher than that on the surfaces of raisins (5.76%). Additionally, dominant fungal species such as *Aspergillus carbonarius*, *Cladosporium cladosporioides*, and *Aspergillus versicolor* were identified. [**Conclusion**] At various taxonomic annotation levels of species, the surfaces of grapes and raisins may harbor pathogenic fungi such as *Aspergillus carbonarius*, *Cladosporium cladosporioides*, *Aspergillus versicolor*, and unclassified taxa which potentially produce mycotoxins. These fungi varied between grapes and raisins at different taxonomic levels. Pathogenic fungi were present before and after grape drying with no significant change, indicating their persistence throughout the drying process.

Keywords: grape surface; high-throughput sequencing; microbial community; diversity

近年来，我国葡萄种植面积和产量持续提升，已成为全球葡萄生产和消费的重要市场。这一趋势不仅反映了国内葡萄产业的蓬勃发展，也体现了葡萄及其加工产品（葡萄干、葡萄酒等）的市场需求在不断增加。中国最大的葡萄产区位于新疆，且主要集中在吐鲁番地区，该地区葡萄年产量超 100 万 t，产品远销国内外[1-2]。葡萄富含水分、糖分、维生素等多种营养物质，其中糖质量分数高达 73%，维生素 C 质量分数可达 5.5~6.0 mg/100 g[3]。葡萄表皮作为与外界环境接触的第一道屏障，承载着丰富多样的微生物群落。然而，经过自然晾晒或人工干燥等加工处理后，葡萄干的水分含量大幅降低，理化性质发生显著变化，其表皮微生物的组成和多样性也可能随之发生明显改变。

真菌作为微生物群落的重要组成部分，在水果的生长、贮存及后续加工产品的品质形成和稳定性维持中发挥着关键作用。一方面，某些真菌能够与葡萄共生，参与其生理代谢过程，例如，一些酵母菌可以利用葡萄中的糖分进行发酵，在适宜条件下有利于葡萄酒等产品的风味形成；另一方面，某些真菌在特定环境下可能成为致病菌，产生真菌毒素，导致葡萄及其制品腐败变质，影响其食用安全性和商业价值[4]。

长期以来，为了控制葡萄及葡萄干表皮的微生物污染，提高品质与卫生安全性，葡萄干的卫生状况被视为衡量其品质的重要指标。研究表明，葡萄干中存在真菌毒素污染问题，如 Wang 等[5]采集了中国 4 个不同气候区种植的 10 种坚果和干果，从中检测到了黄曲霉毒素。Sharma 等[6]调查了印度勒克瑙市的葡萄干卫生状况，发现其微生物污染较严重，葡萄干上的菌落总数达 10^5~<10^6 CFU/g，其中还检出了致病菌。尽管已有大量关于葡萄干表皮微生物的研究，但关于葡萄在干制过程中的真菌多样性变化及其与葡萄干真菌群落关系的研究仍较为缺乏，同时也缺乏针对真菌毒素污染防控方法的系统性分析。

随着现代分子生物学技术的快速发展，高通量测序技术已被广泛应用于水果及其制品的微生物多样性鉴定。作者探究了葡萄和葡萄干表皮微生物群落的结构组成及其真菌多样性，明确了葡萄表皮优势菌群的分布特征，解析了葡萄及葡萄干表皮真菌群落的组成和动态变化规律，以期为葡萄的病害控制、保鲜策略，以及葡萄干加工过程的质量控制、相关产品的微生物安全性保障提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

1.1.1 样本

选取新疆吐鲁番某葡萄园区的 4 种适宜干制的葡萄品种（‘无核白’‘博尔特’‘香妃’‘黑无核’）作为样本。

1.1.2 试剂

十六烷基三甲基溴化铵（CTAB）：北京诺莱博德科技有限公司；酶：美国纽英伦生物技术公司；通用 DNA 纯化试剂盒：天根生化科技（北京）有限公司。

1.1.3 仪器与设备

高速冷冻离心机：Hettich380R 型，德国 Hettich 公司；均质器：SMASHER 型，法国生物梅里埃公司；PCR 仪：BIO-RAD T100 型，美国伯乐公司；核酸电泳仪：琼脂糖水平电泳仪：DYCP-32C 型，北京六一仪器厂；生物分析仪：Agilent 5400 型，美国安捷伦公司。

1.2　方法

1.2.1　样本采集

样本采集分为2个阶段：2023年8月完成4种葡萄（B组）的采集；2023年10月完成4种葡萄干（A组）的采集。‘无核白’‘博尔特’‘香妃’‘黑无核’葡萄样本的编号分别定义为：Bwx、Bbx、Bxx、Bhx，其对应葡萄干样本的编号分别定义为：Awg、Abg、Axg、Ahg。

1）葡萄样本的采集：各取10株生长良好的葡萄植株，用无菌剪刀分别采集每株葡萄树3个部位（上、中、下）的成熟、无虫害果实，混合均匀，置于无菌袋中，每组3个重复，冷链快速运输至实验室进行葡萄表皮微生物的采集。

2）干葡萄样本的采集：各取10株生长良好的葡萄植株，用无菌剪刀分别采集每株葡萄树3个部位（上、中、下）的成熟、无虫害果实，通过传统的晾晒方法进行干制，干制后将其混合均匀，置于无菌袋中，每组3个重复，冷链快速运输至实验室进行葡萄干表皮微生物的采集。

1.2.2　样本预处理

分别称取100 g葡萄和葡萄干样本于无菌袋中，用无菌棉拭子多次擦拭葡萄，然后加入400 mL 0.1 mol/L磷酸盐缓冲液（phosphate buffered solution，PBS）（pH 7.5）；将100 g葡萄干置于400 mL PBS中浸泡20 min，轻微振荡。最终获得葡萄和葡萄干的菌悬液，将菌悬液少量多次地转移至50 mL无菌离心管中，12 000 r/min离心10 min，弃去上清液，将沉淀置于新的无菌离心管中，于−20 ℃保存备用。

1.2.3　DNA提取和PCR扩增

用CTAB法提取样本DNA，用1 g/dL琼脂糖凝胶电泳测定样本DNA的纯度和浓度，用无菌水将样本质量浓度稀释至1 ng/μL。用真菌ITS1F区引物F（5′-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3′）和R（5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′）[7]可变区进行PCR扩增。

以稀释后的基因组DNA为模板，使用带Barcode的特异引物和Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer，使用高效和高保真的酶进行PCR扩增，确保扩增的效率和准确性。PCR反应体系（30 μL）为：Phusion Master Mix（2×）15 μL、Forward Primer（1 μmol/μL）1 μL、Reverse Primer（1 μmol/μL）1 μL、gDNA（1 ng/μL）10 μL、H_2O 3 μL。PCR扩增程序[8]为：98 ℃预变性1 min；98 ℃变性10 s，50 ℃退火30 s，72 ℃延伸30 s，进行30个循环；72 ℃延伸5 min。

1.2.4　PCR产物的纯化和混样

根据PCR产物浓度进行等体积混样，用琼脂糖凝胶电泳纯化PCR产物，再进行纯化回收。

1.2.5　高通量测序

使用NEB Next® Ultra DNA Library Prep Kit建库试剂盒进行文库构建，再使用生物分析仪进行检测，用qPCR进行定量，使用Illumina平台进行测序[9]。

1.2.6　数据处理与分析

将原始序列的fastQ文件转换为可用QIIME2软件进行后续处理的文件格式，再用该软件进行质控、修剪、去噪、拼接及去除嵌合体，得到最终特征序列表格[10]。后续在UNITE数据库中进行比对，得到物种的分类信息表[11]。可操作分类单元（operational taxonomic units，OTU）是一种在微生物学和生态学研究中，用于将微生物序列聚类为群落的基本单位，常用于统计分析扩增特征的序列在丰度、多样性指数、物种注释水平等群落组成上的特征。

2　结果与讨论

2.1　数据质控和OTU分析

高通量测序结果见表1，葡萄干表皮真菌群落共产生610 388条有效序列，葡萄干Abg、Ahg、Awg和Axg的有效序列分别为154 332、152 621、152 488、150 947条；葡萄表皮真菌群落共产生569 499条有效序列，葡萄Bbx、Bhx、Bwx和Bxx的有效序列分别为142 195、146 272、132 119、148 913条。此外，每个重复样本测序通量为13万~18万条，这表明测序深度能够充分覆盖样本中的真菌，且可清晰呈现样本的真菌组成情况。

2.2　不同品种葡萄和葡萄干表皮真菌群落归类分析

由表2~3和图1~2可知，4种葡萄干Abg、Ahg、Awg和Axg表皮真菌中共同注释到5个界、11个门、28个纲、66个目、139个科、245个属、375个种和1 404个OTU。4种葡萄Bbx、Bhx、Bwx和Bxx表皮真菌中共同注释到1个界、7个门、24个纲、60个目、139个科、262个属、406个种和1 558个OTU。

表 1 样本的高通量测序结果

Table 1 High-throughput sequencing results of samples 单位：条

样本编号	原始序列数	过滤后的序列数	去噪后的序列数	拼接后的序列数	有效序列数
Abg	182 605	160 966	160 630	157 044	154 332
Ahg	182 911	159 432	159 077	156 651	152 621
Awg	185 068	163 023	162 757	157 234	152 488
Axg	183 556	164 378	164 130	157 592	150 947
Bbx	177 876	154 096	153 785	144 141	142 195
Bhx	185 876	156 516	156 023	148 572	146 272
Bwx	184 273	143 633	143 201	137 212	132 119
Bxx	186 002	160 258	159 661	155 824	148 913

表 2 样本各水平物种数量注释表

Table 2 Number of annotated taxa at different levels for samples 单位：个

样本编号	各水平物种注释数量							OTU
	界	门	纲	目	科	属	种	
Abg	2	9	23	55	109	174	261	721
Ahg	5	6	17	37	68	98	128	367
Awg	2	5	16	36	74	103	155	368
Axg	3	4	14	30	56	82	118	299
Bbx	1	5	19	41	84	125	161	441
Bhx	1	5	16	41	97	154	215	492
Bwx	1	5	21	50	100	161	212	589
Bxx	1	6	21	45	91	156	231	593

表 3 样本各水平物种数量共同注释表

Table 3 Number of common annotated taxa at different levels for grape samples and raisin samples 单位：个

组别	各水平物种共同注释数量							各水平物种共同注释的OTU
	界	门	纲	目	科	属	种	
A组	5	11	28	66	139	245	375	1 404
B组	1	7	24	60	139	262	406	1 558

从样本的真菌分类水平来看，不同品种葡萄和葡萄干表皮真菌在分类水平上存在差异，葡萄表皮的真菌注释水平相对较高、种类更丰富，葡萄干表皮的真菌注释水平相对较低。

2.3 不同品种葡萄及葡萄干表皮真菌群落OTU分析

Venn图可用于统计多个样本中独有和共有的OTU，且可直观地表现样本的OTU组成相关性及重叠情况[12]。由图2可知，4种葡萄干表皮真菌群落共注释到1 755个OTU，Abg、Ahg、Awg和Axg表皮真菌群落中分别注释到表皮真菌721、367、368、299个。4种葡萄表皮真菌群落共注释到2 115个OTU，Bbx、Bhx、Bwx和Bxx表皮真菌群落中分别注释到441、492、589、593个。

此外，葡萄干Abg、Ahg、Awg、Axg中，特有的表皮真菌OTU分别为561、240、232、187个，分别占总OTU的31.97%、13.68%、13.22%、10.66%，共有的表皮真菌OTU为59个，占总OTU的3.36%；葡萄Bbx、Bhx、Bwx和Bxx中，特有的表皮真菌OTU分别为261、266、370、364个，分别占总OTU的12.34%、12.58%、17.49%、17.21%，共有的表皮真菌OTU为98个，占总OTU的4.63%。综上，4种葡萄和葡萄干表皮真菌的OTU及其占比均存在差异。

2.4 基于门、属、种水平的样本表皮前10个真菌群落结构分析

2.4.1 真菌门水平的结构分析

由图3可知，4种葡萄和葡萄干表皮的真菌群落中，优势真菌门（相对丰度>1%）包括Ascomycota、Basidiomycota及未知分类（unclassified）。Mortierellomycota、Mucoromycota、Glomeromycota、Chytridiomycota、Rozellomycota的相对丰度<1%。

在Abg、Ahg、Awg、Axg、Bhx、Bbx、Bwx、Bxx中，Ascomycota的相对丰度分别为87.58%、88.28%、94.91%、98.19%、81.81%、85.89%、75.03%、82.98%；Basidiomycota的相对丰度分别为5.50%、2.72%、1.10%、0.43%、8.42%、8.13%、10.50%、10.36%。4种葡萄干中Ascomycota的相对丰度均高于4种葡萄；而4种葡萄中Basidiomycota的相对

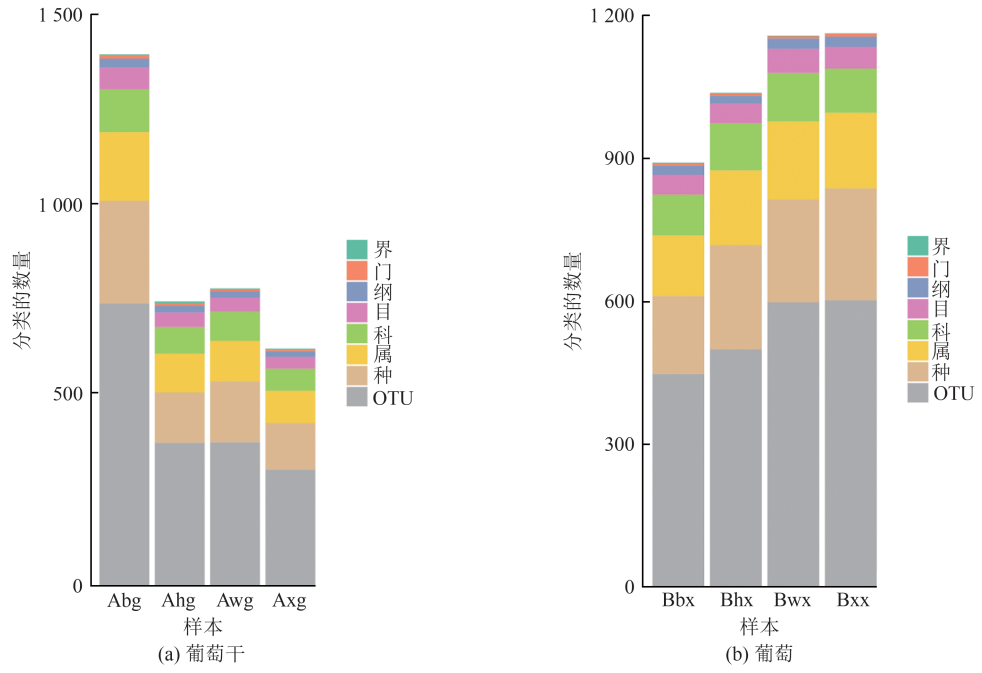


图 1　葡萄和葡萄干表皮真菌群落的分类单元注释结果

Fig. 1　Fungal community taxonomic annotation results on the surfaces of grapes and raisins

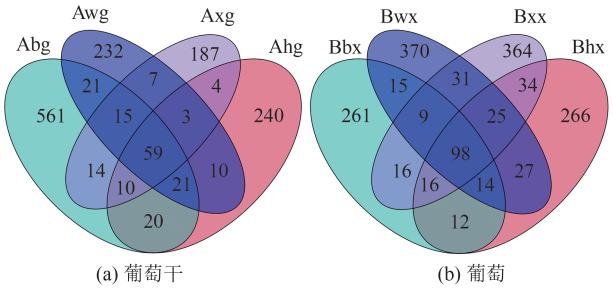


图 2　葡萄和葡萄干表皮真菌 OTU Venn 图

Fig. 2　Venn diagram of OTU on the surfaces of grapes and raisins

丰度均高于 4 种葡萄干，表明在干制过程中，Ascomycota 的真菌更适应低水分环境，而 Basidiomycota 的真菌可能因水分变化而减少。

结果表明，不同样本中的优势真菌门（如 Ascomycota）基本相同，而相对丰度存在差异。有研究表明，Ascomycota 是葡萄表皮的优势真菌门[13-16]。此外，圆叶葡萄‘Warden’表皮的五大优势真菌门分别为 Ascomycota、Basidiomycota、Mucorales、Dematiomycota 和 Cryptomycota[17-18]。除了上述五大优势真菌门外，本研究中还注释到了 Glomeromycota、Chytridiomycota，这可能与葡萄品种、产地等因素有关。

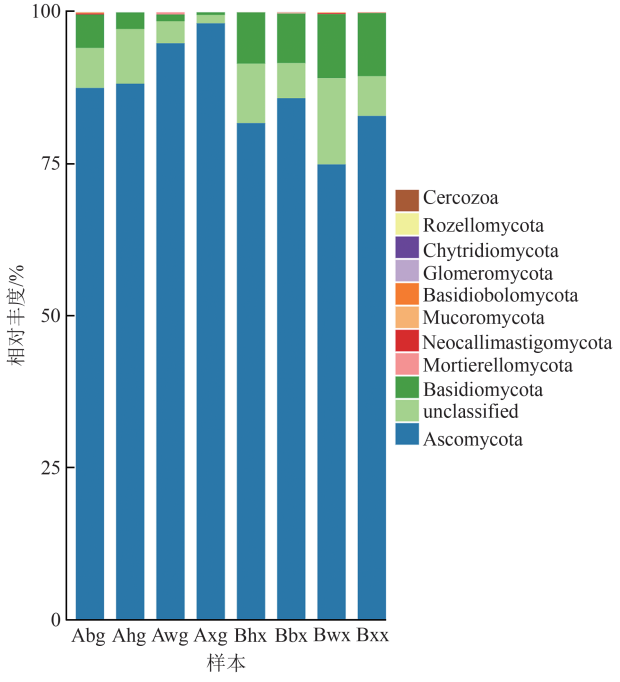


图 3　葡萄和葡萄干表皮真菌门水平的结构分析

Fig. 3　Structural analysis of fungal communities at the phylum level on the surfaces of grapes and raisins

2.4.2　真菌属水平的结构分析

由图 4 可知，在葡萄和葡萄干表皮真菌群落中，优势真菌属（相对丰度>1%）包括 *Aspergillus*、*Cladosporium*、*Alternaria* 和 *Hanseniaspora*。其中，

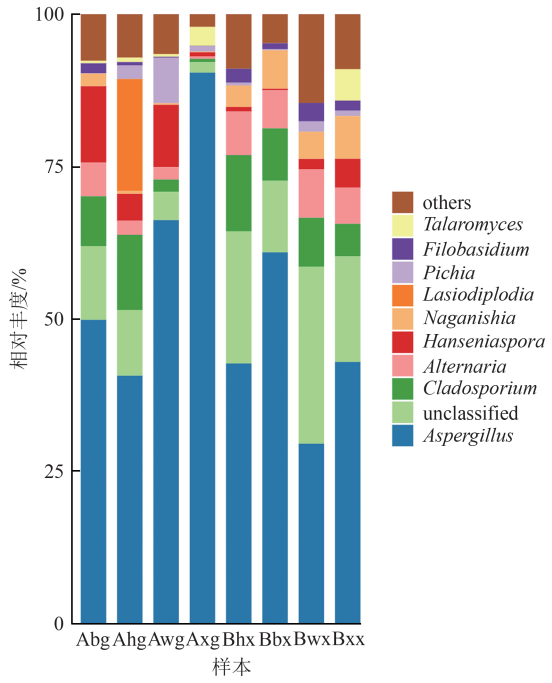


图 4 葡萄和葡萄干表皮真菌属水平的结构分析

Fig. 4 Structural analysis of fungal communities at the genus level on the surfaces of grapes and raisins

部分样本（如 Ahg、Awg、Bwx 等）还注释到了 *Pichia* 和 *Lasiodiplodia* 这 2 个属。

在 Abg、Ahg、Awg、Axg、Bhx、Bbx、Bwx、Bxx 中，*Aspergillus* 的相对丰度分别为 49.80%、40.63%、66.18%、90.39%、42.63%、60.88%、29.47%、42.89%；*Cladosporium* 的相对丰度分别为 8.17%、12.34%、2.00%、0.53%、12.51%、8.59%、8.03%、5.32%。4 种葡萄干中 *Aspergillus* 的相对丰度大部分高于 4 种葡萄，4 种葡萄中 *Cladosporium* 的相对丰度大部分高于 4 种葡萄干。葡萄干中 *Aspergillus* 相对丰度的增加可能与干制过程中样品水分减少、糖分浓缩有关，这种环境更有利于 *Aspergillus* 真菌的生长。

2.4.3 真菌种水平的结构分析

由图 5 可知，在葡萄和葡萄干表皮真菌群落中，优势真菌（相对丰度 >1%）为 *Aspergillus carbonarius*、*Cladosporium cladosporioides* 和 *Aspergillus versicolor*。在 Abg、Ahg、Awg、Axg、Bhx、Bbx、Bwx、Bxx 中，*Aspergillus carbonarius* 相对丰度最高，分别为 21.12%、9.63%、15.47%、62.32%、39.27%、33.76%、24.84%、13.15%。结果表明，*Aspergillus carbonarius* 在葡萄和葡萄干中均

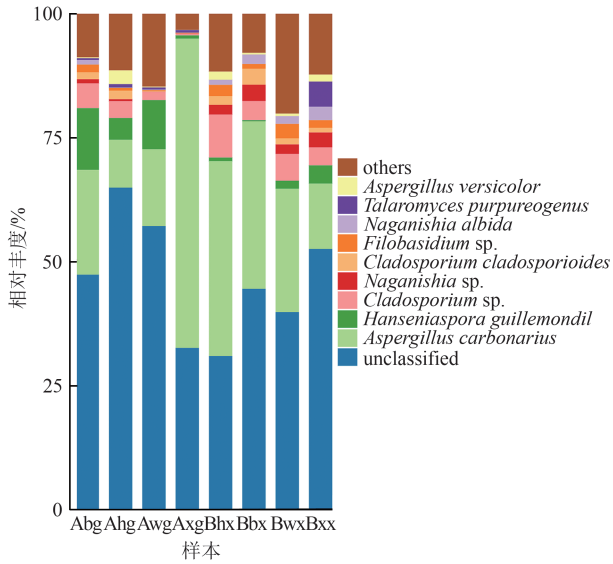


图 5 葡萄和葡萄干表皮真菌种水平的结构分析

Fig. 5 Structural analysis of fungal communities at the species level on the surfaces of grapes and raisins

存在，且 *Aspergillus carbonarius* 在葡萄干中的平均相对丰度为 27.14%，在葡萄中的平均相对丰度为 27.76%，且葡萄和葡萄干中 *Aspergillus carbonarius* 的水平无显著差异。

结果表明，葡萄干中 *Aspergillus* 的相对丰度普遍高于葡萄。有研究指出，来源于 *Aspergillus* 的赭曲霉毒素污染情况是全球关注的热点问题[19]；葡萄中 *Cladosporium* 的相对丰度高于葡萄干，结合上述结果可知，葡萄在生长发育阶段易发生相关病害。

2.5 α多样性分析结果

Chao1 指数、Simpson 指数和 Shannon 指数常被用来评估样本的物种多样性[20]。Chao1 指数主要用于评估样本中物种的丰富度，即物种数量；Shannon 指数和 Simpson 指数主要反映样本的物种多样性[21-23]。

样本的 Chao1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数结果见图 6。结果表明，葡萄的真菌多样性显著高于葡萄干。葡萄的 Chao1 指数（179~241）普遍高于葡萄干（119~260），表明葡萄的真菌群落更为丰富。然而，Kruskal Wallis 分析显示，葡萄与葡萄干之间的 α 多样性无显著差异（P>0.05），说明干制过程中真菌群落的多样性变化较小。

此外，同一品种葡萄和葡萄干的 Chao1 指数

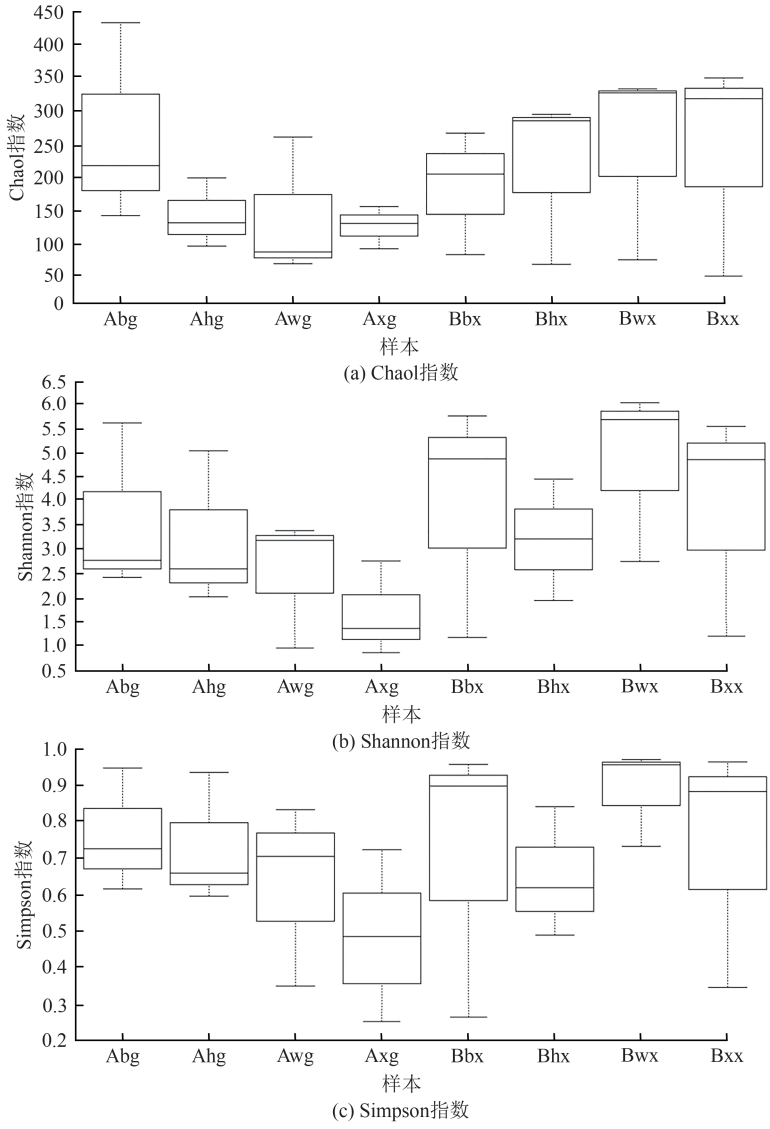


图 6　α 多样性分析结果

Fig. 6　α-Diversity analysis results

（P=0.79>0.05）、Shannon 指数（P=0.53>0.05）和 Simpson 指数（P=0.46>0.05）均无显著性差异，说明葡萄在干制过程中真菌群落的丰富度和多样性变化较小。

2.6　葡萄和葡萄干表皮真菌的主成分分析（PCA）

PCA 是一种用方差分解对多维数据进行降维，从而提取出数据中最主要的元素和结构的方法[24]。样本间的距离越小，即样本越聚集，表明其相似度越高[25]。由图 7 可知，主成分 1（PC1）的贡献率为 10.74%，主成分 2（PC2）的贡献率为 8.20%，主成分 3（PC3）的贡献率为 8.08%，除个别组内样本点没有重叠外，其余样本间距离较近，出

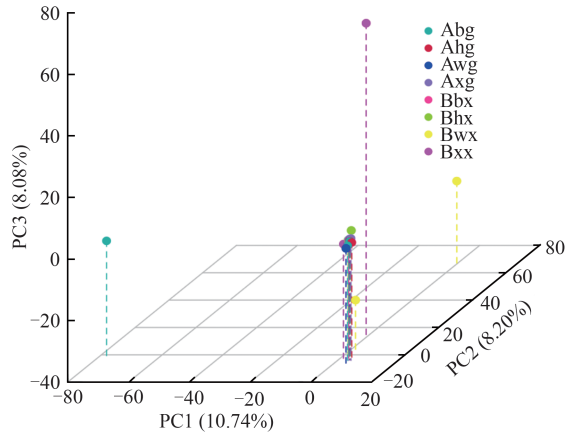


图 7　基于 OTU 的真菌群落 PCA 分析

Fig. 7　PCA analysis of fungal communities based on OTU

现聚集、重叠现象，说明葡萄和葡萄干表皮真菌群落结构差异不显著。PCA分析结果与α多样性结果具有一致性，均说明葡萄在干制过程中真菌群落的稳定性。

3 结论

从物种的各分类注释水平来看，葡萄与葡萄干在各分类水平上均存在差异且复杂多样，不同样本中，可能存在会产生真菌毒素的潜在污染菌，包括 *Aspergillus carbonarius*、*Cladosporium cladosporioides*、*Aspergillus versicolor* 和未知分类等。生物多样性指数、分类学统计等分析结果表明，污染菌在葡萄干制前后无明显变化，说明污染菌的风险因子一直伴随。*Aspergillus* 是葡萄干霉菌污染及影响其食品安全的潜在威胁因子，葡萄干样本中 *Aspergillus* 的相对丰度普遍高于葡萄样本。

该研究有助于提升对不同品种葡萄及葡萄干表皮真菌多样性的认知，但不足以代表葡萄干的整体污染情况，结论仍具有局限性，为进一步控制葡萄及葡萄干表皮的微生物污染，提高其品质及安全性，还需深入研究其他品种的葡萄干真菌污染情况。

参考文献

[1] 孙蕾，韩璠烜，梁秋艳. 葡萄果实中10种氨基甲酸酯类农药的快速测定[J]. 中外葡萄与葡萄酒，2023(1)：52-55.
SUN L，HAN J X，LIANG Q Y. Rapid determination of ten carbamate pesticides in grape[J]. Sino-Overseas Grapevine & Wine，2023(1)：52-55.(in Chinese)

[2] 薛锋，潘绪兵，魏登攀，等. 5个无核葡萄品种在吐鲁番地区的栽培性状及制干特性分析[J]. 新疆农业科学，2023，60(1)：105-115.
XUE F，PAN X B，WEI D P，et al. Analysis on cultivation characteristics and raisin characteristics of five seedless grape cultivars in Turpan region[J]. Xinjiang Agricultural Sciences，2023，60(1)：105-115.(in Chinese)

[3] 李忠新，朱占江，杨莉玲，等. 推进新疆葡萄干走向国际市场的技术对策研究[J]. 新疆农业科学，2012，49(6)：1103-1109.
LI Z X，ZHU Z J，YANG L L，et al. Study on the technical countermeasure of promoting Xinjiang raisin into the international market[J]. Xinjiang Agricultural Sciences，2012，49(6)：1103-1109.(in Chinese)

[4] 谢汉忠，黄玉南，李君，等. 葡萄及其制品中真菌毒素研究进展[J]. 农学学报，2017，7(12)：70-75，121.
XIE H Z，HUANG Y N，LI J，et al. Research progress of mycotoxins in grapes and its products[J]. Journal of Agriculture，2017，7(12)：70-75，121.(in Chinese)

[5] WANG Y J，NIE J Y，YAN Z，et al. Occurrence and co-occurrence of mycotoxins in nuts and dried fruits from China[J]. Food Control，2018，88：181-189.

[6] SHARMA S，CHANDRA P，MISHRA C，et al. Microbiological quality and organochlorine pesticide residue in commercially available ready-to-eat raisins[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology，2008，81(4)：387-392.

[7] MUKHERJEE P K，CHANDRA J，RETUERTO M，et al. Oral mycobiome analysis of HIV-infected patients：identification of *Pichia* as an antagonist of opportunistic fungi[J]. PLoS Pathogens，2014，10(3)：e1003996.

[8] 牟穰，毛健，孟祥勇，等. 黄酒酿造过程中真菌群落组成及挥发性风味分析[J]. 食品与生物技术学报，2016，35(3)：303-309.
MOU R，MAO J，MENG X Y，et al. Analysis of fungi diversity and volatile flavor compounds in Chinese rice wine fermentation process[J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2016，35(3)：303-309.(in Chinese)

[9] MORGAN H H，DU TOIT M，SETATI M E. The grapevine and wine microbiome：insights from high-throughput amplicon sequencing[J]. Frontiers in Microbiology，2017，8：820.

[10] CALLAHAN B J，MCMURDIE P J，ROSEN M J，et al. DADA2：high-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. Nature Methods，2016，13(7)：581-583.

[11] BOKULICH N A，KAEHLER B D，RIDEOUT J R，et al. Optimizing taxonomic classification of marker-gene amplicon sequences with QIIME 2's q2-feature-classifier plugin[J]. Microbiome，2018，6(1)：90.

[12] 赵德庆，于平，乔飞. 基于高通量测序分析海南粗榧树皮和叶片中微生物多样性[J]. 山东农业科学，2021，53(8)：54-59.
ZHAO D Q，YU P，QIAO F. Analysis of microbial diversity in bark and leaves of *Cephalotaxus hainanensis* by high-throughput sequencing techniques[J]. Shandong Agricultural Sciences，2021，53(8)：54-59.(in Chinese)

[13] 张世伟，陈曦，钟其顶，等. 不同品种酿酒葡萄表皮微生物群落多样性分析[J]. 生物技术通报，2017，33(3)：

128-137.
ZHANG S W，CHEN X，ZHONG Q D，et al. Microbial communities on the wine grape surfaces of different cultivars[J]. Biotechnology Bulletin，2017，33(3)：128-137.(in Chinese)

[14] 赵昱，李静媛，解万翠，等. 四个不同产区酿酒葡萄果皮微生物多样性的研究[J]. 食品与发酵工业，2021，47(11)：53-60.
ZHAO Y，LI J Y，XIE W C，et al. Microbial diversity of wine grape skins from four different regions in China[J]. Food and Fermentation Industries，2021，47(11)：53-60.(in Chinese)

[15] PINTO C，PINHO D，SOUSA S，et al. Unravelling the diversity of grapevine microbiome[J]. PLoS One，2014，9(1)：e85622.

[16] STEVANATO P，BERTAGGIA M，STELLIN F. Soil biological and biochemical traits linked to nutritional status in grapevine[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition，2014，14(2)，421-432.

[17] 孙大运，尹玲，郭泽西，等. 圆叶葡萄Warden果皮微生物多样性分析[J]. 热带农业科学，2025，45(3)：23-29.
SUN D Y，YIN L，GUO Z X，et al. Analysis of microbial community diversity in muscadine(*Muscadinia rotundifolia* Michx.) Warden grape skins[J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture，2025，45(3)：23-29.(in Chinese)

[18] SUN D Y，QU J J，HUANG Y，et al. Analysis of microbial community diversity of muscadine grape skins[J]. Food Research International，2021，145：110417.

[19] GARMENDIA G，VERO S. Occurrence and biodiversity of *Aspergillus* section *Nigri* on 'Tannat' grapes in Uruguay[J]. International Journal of Food Microbiology，2016，216：31-39.

[20] 阴耕云，肖冬，王凯，等. 基于16S rRNA基因测序分析烟叶发酵过程中表面微生物的多样性[J]. 食品与生物技术学报，2024，43(3)：102-112.
YIN G Y，XIAO D，WANG K，et al. Analyzing microbial diversity on tobacco leaves surface during fermentation process based on 16S rRNA gene sequencing[J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2024，43(3)：102-112.(in Chinese)

[21] WANG Y，SHENG H F，HE Y，et al. Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater，intertidal wetland，and marine sediments by using millions of Illumina tags[J]. Applied and Environmental Microbiology，2012，78(23)：8264-8271.

[22] The Human Microbiome Project Consortium. Structure，function and diversity of the healthy human microbiome[J]. Nature，2012，486(7402)：207-214.

[23] MORENO C E，RODRÍGUEZ P. A consistent terminology for quantifying species diversity?[J]. Oecologia，2010，163(2)：279-282.

[24] AVERSHINA E，FRISLI T，RUDI K. *De novo* semi-alignment of 16S rRNA gene sequences for deep phylogenetic characterization of next generation sequencing data[J]. Microbes and Environments，2013，28(2)：211-216.

[25] 曹文轩，郑琦，岳玲，等. 几种天然植物精油的抑菌活性及协同增效研究[J]. 食品与生物技术学报，2024，43(5)：101-109.
CAO W X，ZHENG Q，YUE L，et al. Antibacterial activity and synergistic enhancement of several natural plant essential oils[J]. Journal of Food Science and Biotechnology，2024，43(5)：101-109.(in Chinese)

（责任编辑：闫林红）