农业环境科学学报
JOURNAL OF AGRO-ENVIRONMENT SCIENCE
中文核心期刊/CSCD
请通过网上投稿系统投稿
网址：http://www.aes.org.cn

花生黄曲霉毒素产毒菌种群区系和地理分布

白艺珍, 岳晓凤, 张奇, 李培武

引用本文:
白艺珍, 岳晓凤, 张奇, 李培武. 花生黄曲霉毒素产毒菌种群区系和地理分布[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(12): 2577-2583.

在线阅读 View online: https://doi.org/10.11654/jaes.2022-1159

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

哈茨木霉菌HNA12在防控玉米黄曲霉毒素污染中的应用
张丽芳, 许旖旎, 曹阳, 刘力强
农业环境科学学报. 2022, 41(12): 2688-2693 https://doi.org/10.11654/jaes.2022-1056

黄曲霉*ste20-like*基因功能鉴定及与*ste20*基因功能的比较
马龙雪, 李旭, 邢福国
农业环境科学学报. 2022, 41(12): 2660-2671 https://doi.org/10.11654/jaes.2022-1110

黑曲霉对生物炭中磷释放及形态转化的影响
李涵, 来张汇, 吴代赦, 吴山
农业环境科学学报. 2021, 40(9): 1915-1922 https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0174

不同形态氮素对黑曲霉降解小麦秸秆的影响
管浩, 王利妍, 金梦灿, 田达, 郜红建
农业环境科学学报. 2022, 41(10): 2298-2306 https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0227

DDRT-PCR技术分析籽粒苋镉胁迫下相关基因的差异表达
晋海军, 胡洪利, 陈惠, 张世熔, 吴琦, 孙蓉, 唐自钟
农业环境科学学报. 2015(9): 1659-1664 https://doi.org/10.11654/jaes.2015.09.005

关注微信公众号，获得更多资讯信息

白艺珍, 岳晓凤, 张奇, 等. 花生黄曲霉毒素产毒菌种群区系和地理分布[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(12): 2577-2583.
BAI Y Z, YUE X F, ZHANG Q, et al. Geographical distribution of aflatoxin-producing fungus in peanut[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(12):2577-2583.

开放科学OSID

花生黄曲霉毒素产毒菌种群区系和地理分布

白艺珍[1,2,5,6,7], 岳晓凤[1,2,5,6,7], 张奇[1,2,3,5,6,7], 李培武[1,2,3,4,5,6,7*]

(1.中国农业科学院油料作物研究所, 武汉 430062; 2.农业农村部油料作物生物学与遗传育种重点实验室, 武汉 430062; 3.湖北洪山实验室, 武汉 430062; 4.湘湖实验室, 杭州 310021; 5.农业农村部生物毒素检测重点实验室, 武汉 430062; 6.国家农业检测基准实验室(生物毒素), 武汉 430062; 7.农业农村部油料产品质量安全风险评估实验室(武汉), 武汉 430062)

摘　要:花生是我国重要的食油兼用作物,黄曲霉及其毒素分布广、危害大,可贯穿田间、储藏、加工、流通多环节,是威胁花生质量安全的主要风险因子之一。土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌是花生感染产毒的主要源头,系统研究花生田间黄曲霉菌和寄生曲霉菌的分布,对开展花生黄曲霉毒素污染预警和绿色防控意义重大。本文重点研究论述了花生田间黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布的影响因素和种群生物地理分布特征等,提出了当前土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布研究中存在的问题和未来重点研究方向。

关键词:黄曲霉菌;寄生曲霉菌;土壤;分布;花生

中图分类号:S435.652　　**文献标志码:**A　　**文章编号:**1672-2043(2022)12-2577-07　　doi:10.11654/jaes.2022-1159

Geographical distribution of aflatoxin-producing fungus in peanut

BAI Yizhen[1, 2, 5, 6, 7], YUE Xiaofeng[1, 2, 5, 6, 7], ZHANG Qi[1, 2, 3, 5, 6, 7], LI Peiwu[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7*]

(1.Oil Crops Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430062, China; 2. Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan 430062, China; 3. Hubei Hongshan Laboratory, Wuhan 430062, China; 4. Xianghu Laboratory, Hangzhou 310021, China; 5. Key Laboratory of Detection for Mycotoxins, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan 430062, China; 6. National Agricultural Testing Benchmark Laboratory (Biotoxin), Wuhan 430062, China; 7. Laboratory of Risk Assessment for Oil Seeds Products (Wuhan), Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan 430062, China)

Abstract: Peanut is an important oil crop both for oil extraction and direct consumption in China. *Aspergillus flavus* and produced toxins are widely distributed at the stage of fields, storage, processing and circulation and has been recognized as main risk factors for the quality and safety of peanut. *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* reserved in soil serves as major sources of aflatoxin-producing fungi in peanut. Systematic study on the distribution of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* in peanut fields is of great significance for early warning and ecological prevention and control of peanut aflatoxin. This paper summarizes the novel research results on the influencing factors and biogeographical distribution of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* in peanut fields, and puts forward the existing problems and future directions of population biogeographical distribution of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* in peanut fields.

Keywords: *Aspergillu flavus; Aspergillus parasiticus;* soil; distribution; peanut

收稿日期:2022-11-12　　**录用日期:**2022-12-13

作者简介:白艺珍(1982—),女,河南宜阳人,硕士,助理研究员,从事农产品质量安全研究。E-mail:baiyizhen@caas.cn

***通信作者:**李培武　E-mail:peiwuli@oilcrops.cn

基金项目:国家自然科学基金重点项目(32030085);湖北洪山实验室重大项目(2021hszd015);湖北省重点研发计划项目(2021BBA227);国家农产品质量安全风险评估专项(GJFP20210101)

Project supported: The Key Program of the National Natural Science Foundation of China(32030085); The Major Program of Hubei Hongshan Laboratory (2021hszd015); The Key Research and Development Program in Hubei Province (2021BBA227); National Risk Assessment Project Plan (GJFP20210101)

曲霉属真菌自1729年被佛罗伦萨牧师和真菌学家P. A. MICHELI首次定名为“aspergillum”，按产孢结构区分，截止目前已鉴定得到类似种250个，其中农业研究关注较多的是黄曲霉和寄生曲霉。黄曲霉（*Aspergillus flavus*）于1809年被LINK首次用于黄曲霉近缘种的统称，是土壤中一类常见的营腐生霉菌，在世界各地广泛存在，作为一种条件致病菌，黄曲霉宿主广泛，在农业领域有关玉米、大米、小麦、棉籽、花生、坚果等的报道较多，其中花生和玉米受害最重[1-3]。寄生曲霉于1912年被SPEARE首次发现[4]，其与黄曲霉关系密切。随着黄曲霉和寄生曲霉有性阶段的发现，*Aspergillus flavus* 和 *Aspergillus parasiticus* 仅用于指代黄曲霉菌和寄生曲霉菌的无性阶段。黄曲霉菌和寄生曲霉菌在侵染宿主过程中会产生一系列次生代谢产物，如黄曲霉毒素、环匹阿尼酸等，其中黄曲霉毒素因其强毒性和致癌性，成为危害农产品和食品生产及食用消费安全的重要危害因子。黄曲霉毒素污染危害引发的人畜中毒事件和高额经济损失屡有发生，如最早发生于20世纪60年代的英国10万火鸡死亡事件，美国乔治亚州花生每年因黄曲霉毒素污染造成经济损失高达2 500万美元[2]。联合国粮食及农业组织（FAO）统计显示，每年全世界约25%的农作物受到霉菌及其毒素污染[4]。

黄曲霉菌在世界范围内的空气和土壤中广泛存在。一方面可能与其分生孢子可随气流或昆虫传播有关，大气温度和水分活度是影响黄曲霉生长的关键因子，黄曲霉最适生长温度范围为12~48 ℃，多项研究表明黄曲霉主要分布在纬度45°以内，高发纬度为16°~35°[1-2]。另一方面，与土壤中微生物群落多样性有关，所有黄曲霉毒素产毒菌都是土壤微生物，但不同产毒菌发生的分布特点不同，如黄曲霉菌产生的分生孢子主要分布在温暖地带的空气和土壤中，寄生曲霉主要分布在热带或亚热带的土壤中，美国、阿根廷和西非寄生曲霉菌常见于花生等地下结实作物，黄曲霉菌则多见于玉米、棉籽、坚果等地上作物[5]，戴显红[6]的研究发现花生果际土壤微生物种群多样性与黄曲霉毒素污染分布存在一定相关性，表现为辽宁阜新花生田真菌多样性高于江西樟树。黄曲霉和寄生曲霉菌大部分生活史是作为腐生生物在土壤中度过的，以分生孢子、菌核或菌丝形式存在，是花生、玉米等宿主作物的主要初侵染源。菌核是菌丝体不断分化，纠结在一起形成的菌丝体组织颗粒，主要功能是抵御不良环境。菌核可以在极端环境下存活并产生孢子，在高温干旱条件下大量繁殖，菌核萌发产生菌丝，再发育形成分生孢子，地上结实作物黄曲霉侵染产毒以气流传播为主，地下结实作物以土壤中昆虫、流水传播为主。国内外围绕黄曲霉和黄曲霉毒素已开展了广泛研究，如黄曲霉及其毒素的致病性、分类、抗性育种、污染分布、检测方法、风险评估、防控策略等，但对作为黄曲霉毒素产生源头的黄曲霉侵染定殖途径、影响因素、田间分布特征等未做体系化研究，本文着重对国内外田间土壤黄曲霉毒素产毒菌分布进行系统综述，以期为花生黄曲霉毒素污染早期分子预警和绿色综合防控提供依据。

1 花生田间黄曲霉毒素产毒菌生活史

花生感染黄曲霉后产生黄曲霉毒素的过程主要包括侵染源（如土壤黄曲霉或已感病植物残体、黄曲霉菌等病原生物）通过一定途径传播到花生种子或植株上发生初次侵染，发病后病部产生分生孢子等繁殖体引起再次侵染，以分生孢子、菌核或菌丝的形式度过花生等作物的休眠期，并在作物下一个生长季开始新的病害循环。花生黄曲霉毒素与土壤黄曲霉菌种群密度和发生率密切相关。ORUM等[7]报道美国农作物黄曲霉毒素高发区土壤中黄曲霉菌密度高达3 000 CFU·g^{-1}。GONÇALEZ等[8]的研究发现花生饱果期、荚果成熟期、荚果干燥后的黄曲霉菌发生率分别为43.92%、33.60%和7.55%，花生播种期和饱果期土壤黄曲霉菌落数高达2 000 CFU·g^{-1}和5 000 CFU·g^{-1}，花生开花和下针期未分离出黄曲霉菌，土壤是花生荚果感染黄曲霉菌和寄生曲霉菌的主要途径，而非空中气流传播。花生籽仁中黄曲霉毒素的高污染率间接证明毒素发生与土壤中黄曲霉菌种群密度呈高度相关性。

1.1 田间黄曲霉毒素产毒菌分布的影响因素

作物种类及轮作方式、土壤温湿度和土壤质地是影响土壤中产毒真菌种群分布的主要影响因子。土壤中产毒真菌通过分生孢子、菌核和菌丝等繁殖体侵入花生种子或植株，被感染的植株体因富含的营养成分被降解利用（如纤维素、木质素、淀粉、脂质和蛋白等），因此又可反向补给土壤中的黄曲霉群落。自然界中的黄曲霉菌和寄生曲霉菌的主要营养来源是死的或活的植物体。土壤中不同菌的种群密度差异与耕作方式、作物种植地干旱发生频率、土壤温度和花生种子对黄曲霉菌侵染的敏感性差异等有关。

花生孢果期或收获期土壤干旱胁迫是影响土壤

黄曲霉菌种群分布变化的关键因素。HORN等[9]的研究表明，在农作物收获期，分生孢子等繁殖体通过机械或人工收获等农事操作被释放进入空气或通过田间病株进入土壤，从而使土壤中黄曲霉菌种群落密度显著提高。ORUM等[7]的研究发现亚利桑那州沙漠地区夏季棉铃形成时土壤中黄曲霉种群和S型菌株占比都较高。HORN等[10-11]通过对美国花生产区土壤中黄曲霉菌种群分布的研究发现，黄曲霉易感产毒作物种植田发生干旱胁迫的频率与土壤中黄曲霉菌种群数量成正比。干旱高发的美国南方土壤黄曲霉菌密度一直处在较高水平。HORN等[11]对美国乔治亚州西南部花生和玉米田土壤中黄曲霉菌和寄生曲霉菌的研究发现：无干旱胁迫下，花生和玉米田间土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布比例稳定；干旱胁迫下，玉米田土壤中黄曲霉菌数量显著增加，可能与联合收割机造成玉米粒碎片或植株残体被带入土壤有关。SHEARER等[12]和MCGEE等[13]对爱荷华州收获后玉米田土壤黄曲霉菌密度的研究表明，在无连续干旱发生的情况下，年度间玉米田土壤黄曲霉菌菌落数变化显著，6 a内浮动范围在0.3~1 231 CFU·g^{-1}之间。SANDERS等[14]的研究表明，花生收获后期，干旱高温土壤更有利于黄曲霉菌在花生荚果上的侵染和定殖。

轮作作物种类也是影响土壤中黄曲霉菌变化的重要因素之一，黄曲霉菌易感作物连作或轮作会显著增加土壤中黄曲霉菌种群数。JAIME-GARCIA等[15]连续3 a对美国德克萨斯州南部11个农田中S型菌株和黄曲霉菌繁殖体定量监测发现，不同季节黄曲霉菌种群数量和S型菌株发生率存在显著差异，温暖季节土壤中黄曲霉菌平均菌落数和S型菌株占比分别为718 CFU·g^{-1}和32.3%，而寒冷季节仅为403 CFU·g^{-1}和16.9%。前茬作物种类也会对黄曲霉菌种群数量和S型菌株发生率产生影响，玉米影响最大，棉花次之，高粱最低。花生与玉米轮作时，土壤中黄曲霉菌种群数高达1 628 CFU·g^{-1}。土壤表面温度与黄曲霉种群中S型菌株占比呈正相关。ANGLE等[16]对美国密苏里州不同栽培管理方案对田间土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌种群分布影响的研究发现，在综合采用传统耕作与小麦-红三叶草-玉米轮作体系土壤中分离得到黄曲霉菌和寄生曲霉菌繁殖体最多，两菌株在规模化农业用地周围的原始草原、森林和休耕地的土壤中存在数量极低，单独种植大豆的土壤中菌株数量显著低于大豆-小麦轮作模式，传统的耕作方式会将大量玉米植株残体带入土壤，这可能是导致小麦-红三叶草-玉米轮作体系土壤中菌株种群数量最多的原因之一。寄生曲霉菌是优势种群，黄曲霉菌占总菌株数的43%，寄生曲霉菌占57%。BARROS等[17]的研究结果表明，大豆-玉米-花生轮作体系下，黄曲霉菌是优势种群，这可能与黄曲霉菌无宿主特异性有关，使其可以在土壤中度过多种作物生长期。GRIFFIN[18]和ABBAS等[19]对美国密西西比三角洲地区土壤黄曲霉菌种群空间分布的研究表明，土壤中黄曲霉菌种群数量显著受前茬作物影响，前茬是玉米的土壤中黄曲霉菌种群数（794 CFU·g^{-1}）显著高于棉花（251 CFU·g^{-1}）和小麦（457 CFU·g^{-1}）。TSURUTA等[20]对泰国土壤中黄曲霉菌分布的研究显示，玉米田土壤中黄曲霉菌种群数量显著高于其他植被，玉米田黄曲霉菌种群数显著高于花、草等，玉米田土壤样本中黄曲霉菌种群数范围为1 900~3 667 CFU·g^{-1}，而花田仅为33~1 700 CFU·g^{-1}。高军侠等[21]对中国辽宁玉米产区土壤黄曲霉菌种群变化影响因素的研究发现，与连作相比，轮作可明显降低土壤黄曲霉菌种群数量，灌溉、施氮、作物品种和种植密度等对土壤黄曲霉菌种群数量无影响。

土壤质地也是影响土壤中黄曲霉菌种群变化的重要因素，土壤种类直接决定了黄曲霉菌的生长环境，从而间接影响了黄曲霉菌种群分布特征。相较于砂土，黏土和壤土更适宜黄曲霉菌生长繁殖。黏土有机质含量高，通透性差；砂土质地松散，养分少；壤土通透性和持水能力介于黏土和砂土之间。MEHAN等[22]对印度花生田土壤类型与黄曲霉菌种群相关性的研究发现，变性土中黄曲霉菌种群产毒力显著低于轻质砂土或红砂壤土。JAIME-GARCIA等[23]对美国德克萨斯州南部土壤中轮作作物与黄曲霉菌种群结构相关性的研究发现，S型菌株占比与土壤中黏土含量呈正比，与砂土含量呈反比，前茬作物为棉花时土壤中S型菌株占比较高，轮作作物为玉米时土壤中黄曲霉菌繁殖体数量较高。张杏[24]对中国花生产区土壤取样的研究发现，黏土中黄曲霉菌菌落数最多（平均菌落数175.1 CFU·g^{-1}），壤土（95.5 CFU·g^{-1}）次之，砂土（28.1 CFU·g^{-1}）最少。

1.2 田间黄曲霉毒素产毒菌种群特征

黄曲霉菌种群是特定时间和空间内同种黄曲霉菌形成的群体。土壤中黄曲霉菌种群密度与寄主作物黄曲霉毒素污染发生频率高度相关。黄曲霉菌是一种形态复杂的物种，根据菌核大小分为L型和S型

两种表型：L型菌株菌核直径大于400 μm，S型菌株菌核直径小于400 μm；L型菌株可以产生黄曲霉毒素B，S型菌株产生黄曲霉B和G两类。S型菌株按产毒类型又可分为S_B型和S_{BG}型，S_B型只产生黄曲霉毒素B，S_{BG}型产生黄曲霉毒素B和毒素G。HORN等[11]的研究显示，阿根廷、西非、东南亚、澳大利亚发现有S_B型和S_{BG}型两类，而美国仅发现有S_B型。ORUM等[7]对美国亚利桑那州西南部尤马县土壤中黄曲霉菌种群时空分布规律的研究发现，土壤样本中S型菌株检出率为100%，S型菌株在总分离菌株中比例达93%，在距离采样点1~5 km内，繁殖体密度和菌株组成均存在最大变异，黄曲霉菌平均种群密度夏天接近1 000 CFU·g^{-1}，春天少于100 CFU·g^{-1}。除黄曲霉外，寄生曲霉、集蜂曲霉、*Aspergillus terrus*、*Aspergillus niger*、*Aspergillus fumigatus*等也可产生黄曲霉毒素，但寄生曲霉等寄主范围较窄，研究报道较少[1,11,25-26]。HORN等[10]对美国新墨西哥东部-乔治亚州-维吉尼亚东部花生产区的研究显示，土壤中曲霉菌分布与种植作物种类密切相关，德克萨斯州和路易斯安娜州中东部棉花产区以S型菌株为主，从阿拉巴马州中南部到维吉尼亚东部以寄生曲霉菌为主，花生种植区以寄生曲霉菌为主，此外，在该生产区还发现有*Aspergillus tamarii*、*A. caelatus*和*A. nomius*等，但发生频率很低。BARROS等[27]对阿根廷花生种植区土壤中黄曲霉菌种群的研究发现，土壤中黄曲霉菌优势种群是L型菌株，占比总种群数的59%，S型菌株产毒力高于L型菌株和非菌核菌株。JAIME-GARCIA等[23]连续3 a对美国德克萨斯州南部土壤取样的研究发现，黄曲霉菌种群结构呈斑片状分布，不同地区土壤中S型菌株占比存在显著差异，中部沿海地区（30.7%）显著高于格兰德河流域（4.8%）。

2 田间黄曲霉毒素产毒菌生物地理分布

土壤中黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布差异主要体现在病原菌的繁殖体密度、检出率和产毒力等方面。土壤中的种群具有遗传多样化，黄曲霉菌在土壤和农作物中的稳定性尚不清楚，但总体上说，黄曲霉菌是引发田间黄曲霉毒素污染的主要病原物，个体基因型在田间表现出集群分布模式。黄曲霉菌多分布在温带和热带农业生态区的土壤和油籽类作物中，寄生曲霉菌则多发于花生田。当土壤中同时存在这两种病原物时，黄曲霉菌的侵染力和竞争力显著强于寄生曲霉菌，但寄生曲霉产毒潜力更大。

2.1 国外花生土壤黄曲霉毒素产毒菌地理分布

国内外报道表明土壤黄曲霉菌分布呈聚集特征，黄曲霉菌主要分布在纬度26°~35°，寄生曲霉在纬度0~15°。HORN等[10]对美国新墨西哥东部-乔治亚州-维吉尼亚东部花生产区166块花生田土壤采样的分析结果显示，不同田块间曲霉菌种类差异大，但总体上优势种群是黄曲霉菌。BARROS等[17]对阿根廷科尔多瓦省花生田土壤中曲霉属真菌种群结构的研究表明，在3个采样点中，两个点在花生种植期及收获期土壤中的真菌种群总数和曲霉种类无显著差别，黄曲霉菌是花生播种期和收获期的优势种群，在总菌株中占比为70%~90%，寄生曲霉菌占10%~30%，不同产地及花生生育期的产毒菌株和不产毒菌株比例存在显著差异。GONÇALEZ等[8]对巴西花生整个生育期荚果带菌情况的研究表明，真菌毒素污染发生水平与风传真菌、环境和土壤条件具有相关性，花生荚果中主要为镰刀菌（26%）、曲霉菌（17%）和青霉菌（5%），土壤真菌种群中青霉菌、镰刀菌和曲霉菌占比分别为100%、84%和8%，空气真菌种群中曲霉菌和青霉菌占比分别为18%和8%。花生生育期镰刀菌的高发生率与高水分活度和温度等环境条件密切相关。JAIME-GARCIA等[15]的研究指出，在北美、南美、非洲的棉籽和玉米宿主作物中，S型菌株在黄曲霉菌种群中占比普遍较高，黄曲霉菌种群在20~50 km种植区域内存在时间和空间变异，主要体现在种群结构和大小的变化。TAKAHASH等[28]对日本神奈川县黄曲霉菌分布和产毒能力的研究发现，13份土壤样本分离得到9株黄曲霉菌，菌落数范围为10~1 300 CFU·g^{-1}，横滨土壤样本检出最大菌落数，产毒类型主要为黄曲霉毒素B_1和B_2。OKAZAKI等[29]对日本九州地区黄曲霉菌和寄生曲霉菌种群的研究表明，田间土壤中黄曲霉菌种群数较低，总种群数在39.7 CFU·g^{-1}以下，优势种群可能是黄曲霉菌，未发现寄生曲霉菌。TSURUTA等[20]和EHRLICH等[30]对泰国土壤中黄曲霉菌分布的研究显示，黄曲霉菌种群分布存在明显的地理差异，地处泰国、老挝、缅甸三国交界的清莱，黄曲霉菌种群数量最高，产生大量小菌核的菌株仅在清迈山区有分布。除黄曲霉菌外，土壤中*A. nomius*也是泰国产黄曲霉毒素的病原物之一。TRAN-DINH等[31]对越南花生、玉米和土壤取样的研究发现，85份样本中优势种群为黄曲霉菌，未发现寄生曲霉菌，未经耕作的土壤中未发现黄曲霉菌。NJOROGE等[32]对赞比亚花生土壤中黄曲霉菌种群分布的研究发现，*Aspergillus*

flavus（S型）、*A. parasiticus*、*A. niger*、*A. nomius*、*A. oryzae*、*A. tamarii*和*A. terreus*等黄曲霉菌与花生黄曲霉毒素污染有关。MEHAN等[22]的研究证实印度花生产区分离得到的黄曲霉菌株只产生黄曲霉毒素B_1。

2.2 中国花生田间黄曲霉毒素产毒菌地理分布

中国花生产区土壤黄曲霉菌分布呈明显的地域特征，与已报道花生黄曲霉毒素污染分布呈高度相关性。张杏[24]对中国69个花生产地土壤黄曲霉菌分布的研究发现，土壤中高黄曲霉菌种群（>200 CFU·g^{-1}）主要集中在东经106°18′~117°67′，北纬21°02′~32°53′，海拔19.8~115.0 m。YAO等[33]对中国花生和土壤微生物种群结构的研究发现，花生和土壤中黄曲霉菌丰度呈现出从高纬度到低纬度逐渐递增的趋势。ZHANG等[34]对黄曲霉菌在中国4个花生产区土壤中分布的研究结果表明，从土壤分离得到的344份产毒菌株中，黄曲霉菌是优势种群，占比接近94.2%，寄生曲霉菌占比仅为5.8%。黄曲霉菌种群密度最高的是长江流域（1 039.3 CFU·g^{-1}），其次为东南沿海产区（191.5 CFU·g^{-1}），最低为东北产区（2.4 CFU·g^{-1}）。朱婷婷[35]对全国58个主产县市的580份土壤样本的研究结果也获得了一致结论，即花生田间土壤优势菌群是黄曲霉菌，占总菌株数的98%，寄生曲霉菌占1.5%。张杏[24]从全国11个代表性花生产地采集546份土壤样本的研究发现，长江流域江西樟树土壤样中黄曲霉菌菌落数最高（255.0 CFU·g^{-1}），东北辽宁阜新最低（65.6 CFU·g^{-1}）。这些研究结论与丁小霞[36]对中国产后花生黄曲霉毒素污染分布系统研究结果一致，长江流域花生产区黄曲霉毒素污染最重，东北花生产区污染最轻。张初蜀[37]的研究发现中国花生土壤中不产菌核菌株（NS）占比最高（41.59%），其次为L型菌株（31.75%）和S型菌株（26.67%）。长江流域产区以L型和NS型为主；东南沿海产区主要以L型和S型菌株为主；黄河流域产区存在L型、NS型和S型3种；东北产区以S型菌株和NS型菌株为主，未发现L型菌株。从花生土壤中分离得到的344个菌株中，黄曲霉菌占94.2%，寄生曲霉菌占5.8%，产毒菌株占69.2%，不产毒菌株占38.8%。朱婷婷[35]从花生田土壤中分离得到产毒菌株占总菌数的79%，高产毒菌株主要集中在南方和长江流域产区，北方和东北产区较低。近年来有关不同产地花生土壤曲霉菌分布的研究屡有报道，这进一步证实了中国种植花生土壤黄曲霉区域化分布特征。张姝娟等[38]对襄阳的宜城、枣阳、谷城、襄州4个花生主产区土壤的研究发现，襄阳花生种植区土壤中黄曲霉菌落数高达5 997.6 CFU·g^{-1}，但平均产毒力低。郭志青等[39]的研究发现山东烟台、青岛、临沂、泰安、枣庄、菏泽等产地土壤黄曲霉菌检出范围为3.33%~33.33%。韩小敏等[40]的研究发现临沂平邑县、沂南县、沂水县、莒南县、临沭县等花生种植地土壤黄曲霉菌在总真菌菌落数中平均占比仅为0.27%。刘付香等[41]对广东10个花生产地土壤黄曲霉菌分布的研究得出，广东清远土壤黄曲霉菌数量最多（160 CFU·g^{-1}），惠州和广州次之，汕头最少。杨博磊等[42]的研究也得到了相似结论，长江流域（湖北黄冈、四川南充）土壤黄曲霉菌检出率和带菌量高于东南沿海（广东湛江）、黄淮地区（河北保定）和西北地区（新疆吐鲁番）。

3 展望

黄曲霉菌和寄生曲霉菌在土壤中广泛存在，其与土壤、作物和大气环境之间建立了复杂的共生互作关系。国内外研究表明，土壤中黄曲霉菌和寄生曲霉菌是感染花生的初侵染源，与花生继发的黄曲霉毒素污染紧密相关。自20世纪末至今，美国、阿根廷、印度等花生生产和贸易大国，围绕黄曲霉菌形态、分子生物学特征、生活史、分类、分子侵染机制、产毒力、遗传多样性、抗性育种等开展了深入研究，但已有研究往往集中在一个对象或环节，而未从整体上对黄曲霉菌从土壤到作物迁移产毒机制开展综合系统的研究，特别是对作为初侵染源的土壤中黄曲霉菌地理分布的研究报道更少。未来从源头上对黄曲霉毒素产毒菌分布及动态变化影响因素开展体系化研究，将对花生黄曲霉毒素污染预警和绿色防控具有重大现实意义。

（1）深化土壤产毒菌-花生互作产毒机制研究。土壤微生态环境复杂，土壤中黄曲霉菌和寄生曲霉菌的种群动态变化受到多种因素影响，如花生收获前干旱胁迫、花生连作或易感作物连作、黄曲霉菌或寄生曲霉菌遗传变异等。相较于土壤生态位多样性，作物对产毒菌株选择优势可能与其自身产毒能力有关，土壤中不良生存环境（如高温、营养竞争等）更有利于保持黄曲霉菌产毒力。未来深入开展黄曲霉菌和寄生曲霉菌在土壤和花生中的分布机制研究，将为花生黄曲霉毒素污染防控提供理论支撑。

（2）持续加强花生种植区土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布监测。与美国机械化连片种植模式不同，中国目前的生产方式仍主要以个体生产为主，单个生产地块之间生态微环境差异大，相较于花生作物本身，

土壤中生态位更为复杂。目前有关土壤中黄曲霉菌分布的研究，土壤样本主要来自辽宁、山东、河北、河南、湖北、广东等代表性产区的个别典型田块，缺乏细化的系统研究。因此，未来从宏观层面上加强不同花生生态区或产地或单个田块土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌的分布连续监测，储备土壤中黄曲霉菌和寄生曲霉菌的时空动态分布基础数据，将为开展花生黄曲霉毒素绿色精准防控提供关键决策数据支撑。

（3）强化花生种植区土壤黄曲霉菌和寄生曲霉菌分布基础数据库构建。随着电子信息、计算机、云平台等信息技术的发展，近年基于大数据信息的管理决策系统研发备受关注，未来着力开发整合花生产地、干旱发生情况、田块曲霉菌种群密度或产毒力、作物轮作、土壤类型、土壤水分活度、大气温湿度等多元数据信息的黄曲霉毒素污染预报预警系统，将为推动黄曲霉毒素智慧化绿色防控体系建设提供重要支撑。

参考文献：

[1] AMAIKE S, KELLER N P. *Aspergillus flavus*[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2011, 49：107-133.

[2] KLICH M A. *Aspergillus flavus*：The major producer of aflatoxin[J]. *Molecular Plant Pathology*, 2007, 8(6)：713-722.

[3] HEDAYATI M T, PASQUALOTTO A C, WARN P A, et al. *Aspergillus flavus*：Human pathogen, allergen and mycotoxin producer[J]. *Microbiology*, 2007, 153：1677-1692.

[4] GOURAMA H, BULLERMAN L B. *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*：Aflatoxigenic fungi of concern in foods and feeds：A review [J]. *Journal of Food Protection*, 1995, 58(12)：1395-1404.

[5] EHRLICH K C. Non-aflatoxigenic *Aspergillus flavus* to prevent aflatoxin contamination in crops：Advantages and limitations[J]. *Microbiology*, 2014, 5：1-9.

[6] 戴显红. 花生果际微生态环境对黄曲霉毒素污染影响研究[D]. 北京：中国农业科学院, 2017：52-70. DAI X H. Study on the effects of peanut geocarposphere micro-ccological environment on aflatoxin contamination[D]. Beijing：Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2017：52-70.

[7] ORUM T V, BIGELOW D M, NELSON M R, et al. Spatial and temporal patterns of *Aspergillus flavus* strain composition and propagule density in Yuma County, Arizona, soils[J]. *Plant Disease*, 1997, 81(8)：911-916.

[8] GONÇALEZ E, NOGUEIRA J H C, FONSECA H, et al. Mycobiota and mycotoxins in Brazilian peanut kernels from sowing to harvest[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2008, 123：184-190.

[9] HORN B W, GREENE R L, DORNER J W. Effect of corn and peanut cultivation on soil populations of *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* in southwestern Georgia[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1995, 61(7)：2472-2475.

[10] HORN B W, DORNER J W. Soil populations of *Aspergillus* species from section Flavi along a transect through peanut-growing regions of the United States[J]. *Mycologia*, 1998, 90(5)：767-776.

[11] HORN B W. Ecology and population biology of aflatoxigenic fungi in soil[J]. *Journal of Toxicology-Toxin Reviews*, 2003, 22(2/3)：351-379.

[12] SHEARER J F, SWEETS L E, BAKER N K. A study of *Aspergillus flavus/parasiticus* in Iowa crop fields：1988—1990[J]. *Plant Disease*, 1992, 76：19-22.

[13] MCGEE D C, OLANYA O M, HOYOS G M, et al. Populations of *Aspergillus flavus* in the Iowa cornfield ecosystem in years not favorable for aflatoxin contamination of corn grain[J]. *Plant Disease*, 1992, 80：742-746.

[14] SANDERS T H, BLANKENSHIP P D, COLE R J, et al. Effect of soil temperature and drought on peanut pod and stem temperatures relative to *Aspergillus flavus* invasion and aflatoxin contamination[J]. *Mycopathologia*, 1984, 86：51-54.

[15] JAIME-GARCIA R, COTTY P J. Crop rotation and soil temperature influence the community structure of *Aspergillus flavus* in soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42：1842-1847.

[16] ANGLE J S, DUNN K A, WAGNER G H. Effect of cultural practices on the soil population of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus* [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1982, 46：301-304.

[17] BARROS G, TORRES A, PALACIO G, et al. *Aspergillus species* from section Flavi isolated from soil at planting and harvest time in peanut-growing regions of Argentina[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2003, 83：1303-1307.

[18] GRIFFIN G J. Influence of crop rotation and minimum tillage on the population of *Aspergillus flavus* group in peanut field soil[J]. *Plant Disease*, 1981, 65(11)：898-900.

[19] ABBAS H K, ZABLOTOWICZ R M, LOCKE M A. Spatial variability of *Aspergillus flavus* soil populations under different crops and corn grain colonization and aflatoxins[J]. *Canadian Journal of Botany-Revue Canadienne De Botanique*, 2004, 82：1768-1775.

[20] TSURUTA O, GOTO T, SAITO M, et al. The distribution of *Aspergillus flavus* in Thailand soils：An examination in rainy season(August—September, 1985)[J]. *Proceedings of the Japanese Association of Mycotoxicology*, 1986, 23：59-61.

[21] 高军侠, 党宏斌, 刘作新. 田间管理措施减少玉米黄曲霉侵染的效果研究[J]. 安徽农业科学, 2008, 36(28)：12318-12319. GAO J X, DANG H B, LIU Z X. Study on effect of field management measures on reducing *Aspergillus flavi* infection in maize field[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2008, 36(28)：12318-12319.

[22] MEHAN V K, REDDY S V, NAHDI S, et al. Aflatoxin-producing potential of various strains of *Aspergillus flavus* from groundnut fields in different soil types[J]. *International Arachis Newsletter*, 1995, 15：42-43.

[23] JAIME-GARCIA R, COTTY P J. Spatial relationships of soil texture and crop rotation to *Aspergillus flavus* community structure in south Texas[J]. *Phytopathology*, 2006, 96：599-607.

[24] 张杏. 中国典型花生产区黄曲霉菌分布、产毒力与侵染研究[D]. 北京：中国农业科学院, 2019：11-23. ZHANG X. Study on the dis-

tribution, toxigenicity and infection of *Aspergillus flavus* in typical peanut producing areas in China[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019:11-23.

[25] DIENER U L, COLE R J, SANDERS T H, et al. Epidemiology of aflatoxin formation by *Aspergillus flavus*[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 1987, 25:249-270.

[26] HORN B W. Biodiversity of *Aspergillus* section Flavi in the United States: A review[J]. *Food Additives and Contaminants*, 2007, 24(10): 1088-1101.

[27] BARROS G, TORRES A, CHULZE S. *Aspergillus flavus* population isolated from soil of Argentina's peanut-growing region. Sclerotia production and toxigenic profile[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2005, 85:2349-2353.

[28] TAKAHASHI T, ONOUE Y, FUJISAWA T, et al. Distribution and aflatoxin productivity of *Aspergillus flavus* in field soils in Kanagawa prefecture[J]. *Proceedings of the Japanese Association of Mycotoxicology*, 1991, 33:17-24.

[29] OKAZAKI H, SAITO M, TSURUTA O. Population levels of *Aspergillus flavus* and *A. parasiticus* in field soils in two areas of Kyushu district[J]. *Annual Phytopathology Society Japanese*, 1992, 58:208-213.

[30] EHRLICH K C, KOBBEMAN K, MONTALBANO B G, et al. Aflatoxin-producing *Aspergillus species* from Thailand[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2007, 114:153-159.

[31] TRAN-DINH N, KENNEDY I, BUI T, et al. Survey of Vietnamese peanuts, corn and soil for the presence of *Aspergillus flavus* and *Aspergillus parasiticus*[J]. *Mycopathologia*, 2009, 168:257-268.

[32] NJOROGE S M C, KANENGA K, SIAMBI M, et al. Identification and toxigenicity of *Aspergillus* spp. from soils planted to peanuts in eastern Zambia[J]. *Peanut Science*, 2016, 43(2):148-156.

[33] YAO Y P, GAO S Y, DING X X, et al. The microbial population structure and function of peanut peanut and their effects on aflatoxin contamination[J]. *LWT-Food Science and Technology*, 2021, 148:111285.

[34] ZHANG C S, SELVARAJ J N, YANG Q L, et al. A survey of aflatoxin: Producing *Aspergillus* sp. from peanut field soils in four agroecological zones of China[J]. *Toxins*, 2017, 9(1):1-14.

[35] 朱婷婷. 花生土壤中产黄曲霉毒素菌的分布、产毒力与毒素污染研究[D]. 北京:中国农业科学院, 2018:24-38. ZHU T T. Study on the distribution, potential of aflatoxigenic fungi and toxins contamination in peanut soils[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2018:24-38.

[36] 丁小霞. 中国产后花生黄曲霉毒素污染与风险评估方法研究[D]. 北京:中国农业科学院, 2011:26-56. DING X X. Study on post-harvest peanut aflatoxins contamination and risk assessment in China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011:26-56.

[37] 张初蜀. 中国四个生态区花生土壤中黄曲霉菌分布、产毒特征及遗传多样性研究[D]. 北京:中国农业科学院, 2013:22-37. ZHANG C S. Study on the distribution, aflatoxin production and genetic diversity of *Aspergillus flavus* in soils of peanut fields in four agroecological zones of China[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013:22-37.

[38] 张姝娟, 王雪, 褚乾梅, 等. 襄阳市主要花生种植区土壤中黄曲霉菌分布及产毒力研究[J]. 中国油料作物学报, 2022, 44(4):901-909. ZHANG S J, WANG X, CHU Q M, et al. Distribution, aflatoxin production of *Aspergillus flavus* in soils of main peanuts planting areas in Xiangyang China[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2022, 44(4):901-909.

[39] 郭志青, 吴菊香, 张霞, 等. 山东省花生产区土壤和荚果汇总黄曲霉菌及其毒素污染状况调查[J]. 中国油料作物学报, 2019, 41(5): 765-772. GUO Z Q, WU J X, ZHANG X, et al. *Aspergillus flavus* and aflatoxins contamination investigation in soil of Shandong peanut production area and peanut pods[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2019, 41(5):765-772.

[40] 韩小敏, 王伟, 李凤琴, 等. 山东临沂部分地区2012年产花生真菌污染调查[J]. 中国食品卫生杂志, 2013, 25(6):501-504. HAN X M, WANG W, LI F Q, et al. Survey on fungi contamination of peanut harvested in 2012 collected from parts of Linyi district in Shandong [J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2013, 25(6):501-504.

[41] 刘付香, 李少雄, 王文皓, 等. 广东花生产区土壤黄曲霉产毒菌落分布初步研究[J]. 花生学报, 2010, 39(4):23-26. LIU F X, LI S X, WANG W H, et al. Studies on distribution of *Aspergillus flavus* lony in soil in Guangdong[J]. *Journal of Peanut Science*, 2010, 39(4): 23-26.

[42] 杨博磊, 耿海荣, 王刚, 等. 我国花生土壤黄曲霉菌分布与产后花生黄曲霉毒素污染相关性研究[J]. 核农学报, 2021, 35(4):863-869. YANG B L, GENG H R, WANG G, et al. The relationship between *Aspergillus flavus* in peanut soil and aflatoxin contamination of peanut in China[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2021, 35(4):863-869.

(责任编辑:朱晓昱)