

孙小龙,付永前.米根霉复合诱变筛选高产 *L*-乳酸的形态突变菌株及碳代谢流分析[J].江苏农业科学,2019,47(1):294-299.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.01.069

# 米根霉复合诱变筛选高产 *L*-乳酸的形态突变菌株及碳代谢流分析

孙小龙,付永前

(台州学院生命科学学院,浙江台州 318000)

**摘要:**以米根霉(*Rhizopus oryzae*) NRRL 395 为出发菌株,通过紫外线与亚硝基胍(nitroso-guanidin,简称 NTG)复合诱变,筛选出几株形态突变株,其 *L*-乳酸产量较高,在此基础上,对得到的 3 株形态突变菌株 LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3 和出发菌株 NRRL 395 进行代谢流分析。结果表明,在发酵初期,不同菌种的碳代谢流整体变化差别并不明显,尤其是流向有机酸合成的碳源所占的比例基本相同,此时细胞更多地合成生物量以及代谢所需的蛋白,对于球状菌体,其流向生物合成所需的碳相对较多;当发酵进入后期,碳流更多地用于有机酸的合成,而此时,不同菌体形态的碳代谢流明显发生变化,均匀球状菌体更有利于碳代谢流的流动,尤其是 LA-UN-1 球状菌体碳代谢流更易于流向 *L*-乳酸合成途径,而原始菌株流向 *L*-乳酸合成途径的碳流最小。

**关键词:**米根霉;*L*-乳酸;碳代谢流;形态突变菌株;诱变选育

**中图分类号:** S182 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)01-0294-05

乳酸是世界上公认的三大有机酸之一,用途极为广泛。乳酸作为一种古老而重要的有机酸,自 1780 年首次被发现至今,已被广泛应用于食品、医药、农业、化工等方面<sup>[1-3]</sup>。按其构型及旋光性可分为 *L*-乳酸、*D*-乳酸、*DL*-乳酸等 3 类。*L*-乳酸是一种重要的天然有机酸<sup>[4]</sup>,世界上对 *L*-乳酸的需求量在逐年上升,增长率高达 15%,尤其近几年,人们利用 *L*-乳酸聚合生成聚乳酸(polylactic acid,简称 PLA),用以解决日益严重的环境污染问题,具有重大意义<sup>[5-6]</sup>。当前,*L*-乳酸生产方法分为发酵法、合成法和酶法,发酵法一般是以玉米、大米、甘薯等淀粉质为原料,经微生物综合利用代谢而成<sup>[7]</sup>。米根霉(*Rhizopus oryzae*)由于合成 *L*-乳酸光学纯度高,而被越来越多地应用于 *L*-乳酸的发酵生产中,但米根霉发酵由于其菌体形态不稳定而影响其应用。球状菌体作为米根霉合成 *L*-乳酸的潜在形态而越来越引起人们的关注,针对菌球形态控制的研究也越来越广泛<sup>[8-9]</sup>。目前,大量文献报道,丝状真菌的菌体形态受遗传因素控制<sup>[10-12]</sup>。在此基础上,本试验尝试利用紫外线和亚硝基胍(nitroso-guanidin,简称 NTG)复合诱变,筛选有利于 *L*-乳酸高产的形态突变株,并深层次探讨 *L*-乳酸高产形态突变菌株、出发菌株在不同阶段的代谢流变化,以期对米根霉形态的基因调控研究提供经验和借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

1.1.1 供试菌株 米根霉(*Rhizopus oryzae*)出发菌株 NRRL 395,由台州学院生物资源研究所保藏。

1.1.2 培养基 马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar,简称 PDA)培养基:称取 200 g 去皮马铃薯,切块煮沸 30 min,用双层纱布过滤,向滤液中添加 20 g 葡萄糖和 20 g 琼脂,补水至 1 000 mL,于 121 ℃灭菌 30 min。种子培养基:30 g/L 葡萄糖,4 g/L 蛋白胨,0.2 g/L  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ ,0.2 g/L  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 。发酵培养基:100 g/L 葡萄糖,4 g/L 蛋白胨,0.2 g/L  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ ,0.2 g/L  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 。

### 1.2 试验方法

1.2.1 培养条件与方法 将米根霉 NRRL 395 接种于 PDA 斜面培养基上,置于 30 ℃恒温培养箱中培养 7 d,取培养好的斜面菌种,用无菌生理盐水洗脱孢子,接入三角瓶中,30 ℃、200 r/min 振荡 30 min,打碎孢子团块与孢子囊,使孢子充分散开,经无菌脱脂棉过滤,用血球计数板计数并调整孢子浓度为  $10^6$  个/mL;取 1 mL 孢子液接入装有 50 mL 种子培养基的 250 mL 三角瓶中,于 30 ℃、200 r/min 恒温摇床中培养 24 h 得到种子液;种子液接入 5 L 发酵罐(购自上海保兴生物设备工程有限公司)进行发酵。发酵条件:温度为 30 ℃,搅拌转速为 200 r/min,装液量为 3 L,接种量为 10%,通气量为 1.0 L/min,pH 值用  $\text{CaCO}_3$  控制在 5.5~6.0 范围内。

1.2.2 复合诱变选育 采用紫外线与 NTG 进行复合诱变选育,具体参考文献[13]。首先取 0.5 mL 孢子液,均匀涂布在直径为 90 mm 无菌培养皿上,用无菌风干后,在 30 W 紫外灯下照射 20 min,照射高度为 20 cm;然后用 0.5 mL 生理盐水洗脱,洗脱的孢子悬浊液用浓度为 100 g/mL 的磷酸盐缓冲液(pH 值为 7.0)在 30 ℃条件下处理 60 min。最后把反应液均

收稿日期:2017-09-01

基金项目:国家自然科学基金(编号:21106091)。

作者简介:孙小龙(1989—),女,江苏盐城人,硕士,主要从事可再生资源的开发利用及微生物的代谢调控研究。E-mail:377801324@qq.com。

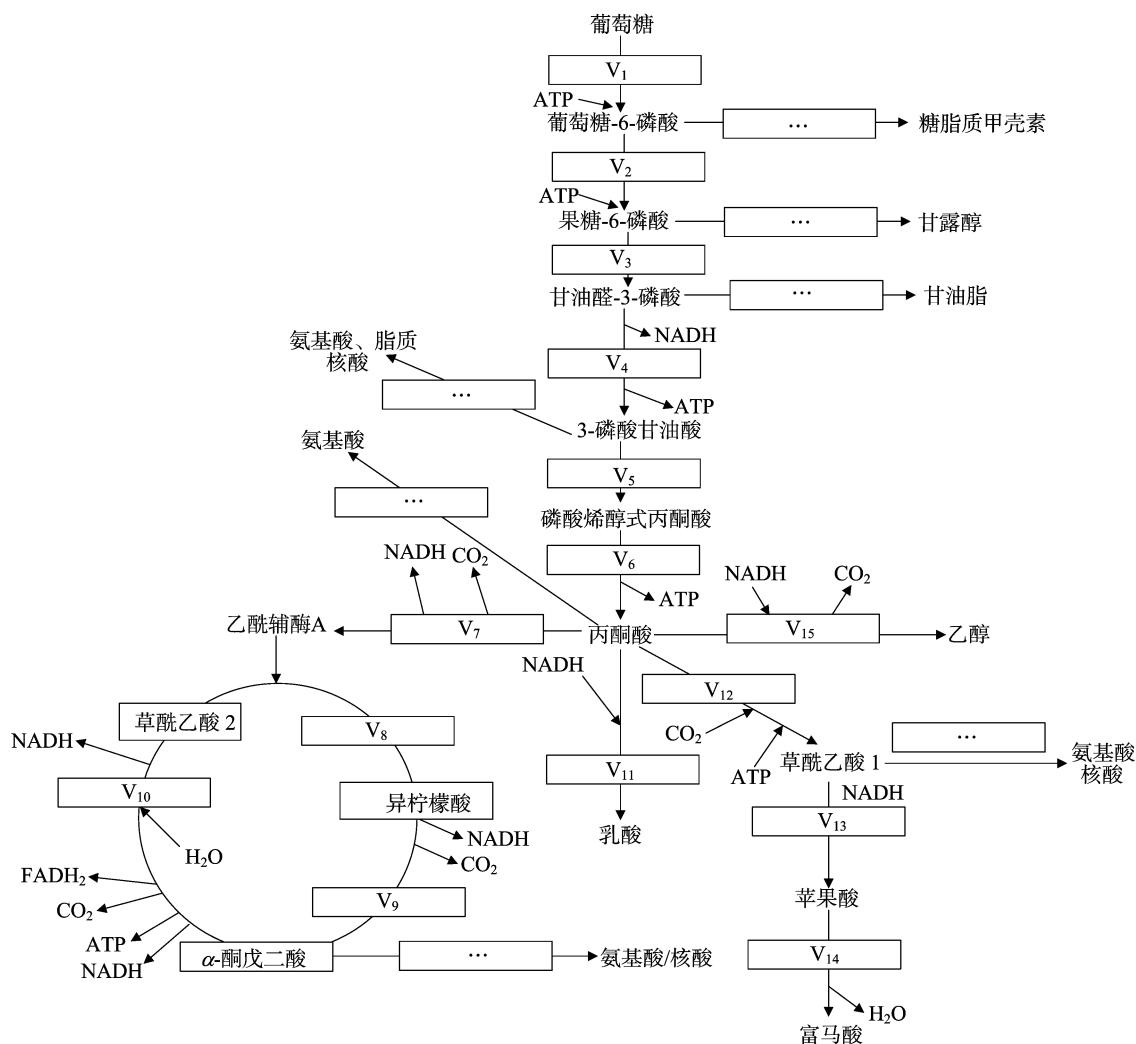
通信作者:付永前,博士,副教授,主要从事微生物代谢及可再生资源的研究。Tel:(0576)88660338;E-mail:fuyq@tzc.edu.cn。

匀涂布在配好的 PDA 培养基平板上,30 ℃ 培养 2~4 d,生长出的米根霉菌体成熟后洗脱进行种子和发酵培养,进而筛选菌体形态和 L-乳酸高产菌种。

### 1.3 代谢流网络模型建立

细胞大分子物质(糖、脂类、蛋白质)涉及的代谢网络非常复杂,要建立一个完整的网络是比较困难的,因此作简化处

理。根据相关文献<sup>[14-17]</sup>、米根霉的生化反应网络<sup>[18]</sup>以及京都基因与基因组百科全书(Kyoto encyclopedia of genes and genomes,简称 KEGG)等数据库资源,结合米根霉的生长代谢特性,建立米根霉利用葡萄糖发酵产乳酸的反应网络及其代谢流网络模型(图 1),其中包括主要的碳骨架代谢途径。



V<sub>1</sub>为己糖激酶; V<sub>2</sub>为磷酸葡萄糖异构酶; V<sub>3</sub>为醛缩酶; V<sub>4</sub>为磷酸甘油醛脱氢酶; V<sub>5</sub>为烯醇化酶; V<sub>6</sub>为丙酮酸激酶; V<sub>7</sub>为丙酮酸脱氢酶复合体; V<sub>8</sub>为柠檬酸合酶; V<sub>9</sub>为异柠檬酸脱氢酶; V<sub>10</sub>为苹果酸脱氢酶; V<sub>11</sub>为乳酸脱氢酶; V<sub>12</sub>为丙酮酸羧化酶; V<sub>13</sub>为苹果酸脱氢酶; V<sub>14</sub>为延胡索酸酶; V<sub>15</sub>为乙醇脱氢酶

图1 米根霉合成乳酸代谢网络模型

构建代谢网络模型时作出以下简化和假设:(1)只考虑主要中心碳代谢反应的物流平衡;(2)对于中间代谢物的代谢库采用拟稳态假设,即瞬间浓度变化速率为0;(3)几个连续且无分支点的反应简化成1个反应式,所有反应方程包括生物量合成的过程均按固定比例进行;(4)能量供需平衡,即维持生物量与产物生成反应途径中消耗的能量与糖酵解途径(又称 EMP 途径, embden - meyerhof - parnas pathway, 简称 EMP 途径)、三羧酸循环(tricarboxylic acid cycle, 简称 TCA)产生的能量总数相等,辅酶 I (nicotinamide adenine dinucleotide, 简称 NADH) 与还原型核素二核苷酸(flavine adenine dinucleotide, 简称 FADH<sub>2</sub>) 都可以通过电子传递链生产腺嘌呤核苷三磷酸(adenosine triphosphate, 简称 ATP);(5)

菌体组分,如 DNA、RNA、蛋白质等大分子的合成途径使用米曲霉反应模型<sup>[11]</sup>,在磷酸戊糖途径(pentose phosphate pathway, 简称 PPP)的中间代谢产物中亦有流向大分子的流量,但由于与其他标出的途径相比流量甚微,因此忽略不计;(6)葡萄糖进入细胞时须消耗 ATP;(7)TCA 作为主要的能源提供途径,其中间代谢物的积累可以忽略不计。模型中包含的反应如表 1 所示。整个代谢网络含有 53 个反应,44 个中间代谢物,此时自由度为 9。该代谢网络中有 6 个可测速率,即葡萄糖消耗速率以及乳酸、富马酸、乙醇和生物量的生成速率,加上二氧化碳的含量变化速率。由于可测定的速率数量小于自由度,通过 Matlab 7.5 软件求解代谢分布。在此代谢网络中,葡萄糖作为碳源被细胞吸收,因此在代谢通量的计算

表 1 米根霉合成乳酸代谢模型中包含的反应

反应	编号	反应过程
葡萄糖摄取反应	1	葡萄糖 + ATP = 6 - 磷酸葡萄糖
糖酵解途径	2	6 - 磷酸葡萄糖 = 6 - 磷酸果糖
	3	6 - 磷酸果糖 + ATP = 2 甘油醛 - 3 - 磷酸
	4	甘油醛 - 3 - 磷酸 = 3 - 磷酸甘油酸 + NADH + ATP
	5	3 - 磷酸甘油酸 = 磷酸烯醇式丙酮酸
	6	磷酸烯醇式丙酮酸 = 丙酮酸 + ATP
三羧酸循环	7	丙酮酸 = 乙酰辅酶 A + NADH + CO <sub>2</sub>
	8	乙酰辅酶 A + 草酰乙酸 = 异柠檬酸
	9	异柠檬酸 = α - 酮戊二酸 + NADH + CO <sub>2</sub>
	10	α - 酮戊二酸 + H <sub>2</sub> O = 草酰乙酸 + FADH <sub>2</sub> + CO <sub>2</sub> + ATP + 2NADH
乳酸、苹果酸、富马酸和乙醇的生物合成	11	NADH + 丙酮酸 = 乳酸
	12	CO <sub>2</sub> + ATP + 丙酮酸 = 草酰乙酸
	13	NADH + 草酰乙酸 = 苹果酸
	14	苹果酸 = 富马酸 + H <sub>2</sub> O
	15	NADH + 丙酮酸 = 乙醇 + CO <sub>2</sub>
氨基酸的合成	16	α - 酮戊二酸 + NADH + ATP = 谷氨酸
	17	葡萄糖 + 2ATP = 谷氨酰胺
	18	葡萄糖 + 2NADH + ATP = 脯氨酸
	19	天冬氨酸 + 谷氨酸 + 谷氨酰胺 + CO <sub>2</sub> + NADH + 5ATP = 精氨酸 + α - 酮戊二酸 + 苹果酸
	20	乙酰辅酶 A + 2 谷氨酸 + NADH + 2ATP = 赖氨酸 + α - 酮戊二酸
	21	谷氨酸 + 草酰乙酸 = 天冬氨酸 + α - 酮戊二酸
	22	天冬氨酸 + 谷氨酰胺 + 2ATP = 天冬酰胺 + 谷氨酸
	23	天冬氨酸 + 2NADH + ATP = 高丝氨酸
	24	高丝氨酸 + ATP = 苏氨酸
	25	谷氨酸 + 丙酮酸 + 苏氨酸 + NADH = 异亮氨酸 + α - 酮戊二酸 + CO <sub>2</sub> + ATP
	26	高丝氨酸 + 2ATP = 高半胱氨酸
	27	高半胱氨酸 + NADH = 甲硫氨酸
	28	甲硫氨酸 + ATP = S - 腺苷甲硫胺酸
	29	S - 腺苷半胱胺酸 + 2ATP = 高半胱氨酸
	30	3 - 磷酸甘油酸 + 谷氨酸 = 丝氨酸 + α - 酮戊二酸 + NADH
	31	丝氨酸 = 甘氨酸
	32	高半胱氨酸 + 丝氨酸 = 半胱氨酸 + 琥珀酰辅酶 A + NADH
	33	谷氨酸 + 丙酮酸 = 丙氨酸 + α - 酮戊二酸
	34	2 丙氨酸 + NADH = 酮异戊酸 + CO <sub>2</sub>
	35	酮异戊酸 + 谷氨酸 = 缬氨酸 + α - 酮戊二酸
核苷酸生物合成	36	酮异戊酸 + 乙酰辅酶 A + 谷氨酸 = 亮氨酸 + α - 酮戊二酸 + CO <sub>2</sub> + NADH
	37	ATP + 谷氨酰胺 = 组氨酸 + α - 酮戊二酸 + 2NADH
	38	天冬氨酸 + 谷氨酰胺 + 4ATP = 尿苷三磷酸 + 谷氨酸 + NADH
核苷酸生物合成	39	谷氨酰胺 + 2ATP = 胞苷三磷酸 + 谷氨酸
	40	天冬氨酸 + 2 谷氨酰胺 + 4ATP + 甘氨酸 = 5 - 氨基咪唑 - 4 - 甲酰胺核糖核苷酸 + 2 谷氨酸 + 苹果酸 + NADH
	41	5 - 氨基咪唑 - 4 - 甲酰胺核糖核苷酸 = 次黄嘌呤核苷酸 + NADH
	42	天冬氨酸 + 次黄嘌呤核苷酸 + 2ATP = 苹果酸
	43	谷氨酰胺 + 4ATP + 次黄嘌呤核苷酸 = GTP + 谷氨酸 + NADH
高分子生物合成	44	0.095 丙氨酸 + 0.044 精氨酸 + 0.046 天冬酰胺 + 0.046 天冬氨酸 + 0.011 半胱氨酸 + 0.080 谷氨酸 + 0.080 谷氨酰胺 + 0.094 甘氨酸 + 0.020 组氨酸 + 0.045 异亮氨酸 + 0.069 亮氨酸 + 0.057 赖氨酸 + 0.014 甲硫氨酸 + 0.047 脯氨酸 + 0.066 丝氨酸 + 0.048 苏氨酸 + 0.064 缬氨酸 = 蛋白质
	45	0.242ATP + 0.258 胞苷三磷酸 + 0.258 鸟苷三磷酸 + 0.242 尿苷三磷酸 + 1.242NADH + ATP = RNA
	46	0.256ATP + 0.196 胞苷三磷酸 + 0.286 鸟苷三磷酸 + 0.262 尿苷三磷酸 + ATP = DNA
	47	1.1S - 腺苷半胱氨酸 + 3.8CO <sub>2</sub> + 18.12 乙酰辅酶 A + 18ATP + 0.623 甘油醛 - 3 - 磷酸 + 0.623FADH <sub>2</sub> + 0.3 葡萄糖 - 6 - 磷酸 + 24.1NADH + 11.1S - 腺苷甲硫氨酸 + 0.4 丝氨酸 + 2.6O <sub>2</sub> = 脂质
	48	葡萄糖 - 6 - 磷酸 + ATP = 糖类
	49	果糖 - 6 - 磷酸 + NADH = 甘露醇

续表 1

反应	编号	反应过程
大分子的生物合成	50	甘油三磷酸 + FADH <sub>2</sub> = 丙三醇
	51	NADH + 0.5O <sub>2</sub> = 2.6ATP
	52	FADH <sub>2</sub> + 0.5O <sub>2</sub> = 1.6ATP
生物质合成	53	0.400 蛋白质 + 0.053RNA + 0.008DNA + 0.068 脂质 + 0.140 糖 + 0.140 几丁质 + 0.033 甘露醇 + 0.007 丙三醇 = 生物质

中,将不同时间段初始葡萄糖利用的比值定义为 100。

1.4 分析方法

发酵液的预处理:每隔一段时间对发酵液进行取样,于高速离心机上 3 000 r/min 离心 10 min,分离得到上清液用于成分的检测;葡萄糖、L-乳酸、富马酸、苹果酸、乙醇、CO<sub>2</sub> 的检测方法参考文献[13]。细胞干质量测定:对发酵液进行过滤,用蒸馏水洗涤 2~3 次,置于 60℃ 恒温鼓风干燥箱至烘干至恒质量,用电子天平称质量。菌体电镜观察方法参考文献[19]。

2 结果与分析

2.1 复合诱变处理米根霉 NRRL 395 菌株

利用紫外线和 NTG 复合诱变处理出发菌株 NRRL 395。诱变处理过后,经过初筛和复筛,筛选出高产 L-乳酸的形态突变株,这些菌株与出发菌株 NRRL 395 相比,在相同的培养条件下易形成球状菌体,并且 L-乳酸含量比出发菌株高,进一步对这几株菌株的菌体形态进行电镜观察发现,其球状菌

体形态在微观环境下各异(图 2),LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3 等 3 株菌株的菌球形态较为规则,近乎圆形;LA-UN-4、LA-UN-5、LA-UN-6 等 3 株菌株的形态偏向于椭圆形,而且形态越来越不规则;LA-UN-7、LA-UN-8 等 2 株菌株的菌球形态较为松散,基本呈现放射状;另外,在菌球周边菌丝分布上,LA-UN-1 菌株形成的菌球较为光滑,菌丝分散较少,其他菌株的菌球周边菌丝呈不同程度的放射状,尤以 LA-UN-7、LA-UN-8 最为明显。与此同时,对以上 8 株菌株与出发菌株进行乳酸发酵试验。观察发现,其乳酸产量差别较大,其中 LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3 等 3 株菌株的乳酸产量相对较高,最高均达到 40 g/L 以上,均高于原始菌株,而其他 5 株菌株,虽然也成球状菌体,但乳酸产量都偏低。对 LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3 等 3 株菌株在相同条件下培养得到的菌体进行乳酸发酵并进行观察发现,LA-UN-1 菌株的产酸能力要明显高于 LA-UN-2、LA-UN-3 菌株(图 3),且 LA-UN-1 传 10 代后,其乳酸产量以及菌球形态并未发生较大变化。

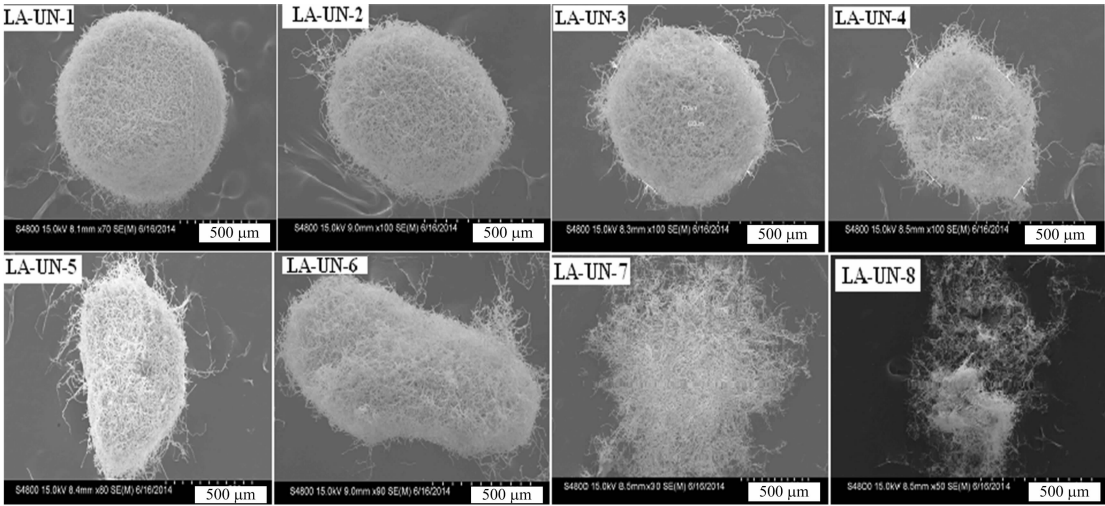


图2 不同诱变菌株的菌体形态

本试验利用紫外辐射和亚硝基胍复合诱变产乳酸的米根霉野生菌株 NRRL 395,得到形态突变菌株 LA-UN-1,该菌株培养易形成直径在 1.0~1.4 mm 之间的球形菌体,在该菌株培养形态下,L-乳酸发酵产量最高达到 59.5 g/L,比野生菌株产量提高 54.5%。虽然,在之前的研究过程中发现,不同的培养条件如培养基、pH 值等对菌体的形态都有影响,然而在筛选乳酸高产突变株的过程中,意外地发现通过紫外线和 NTG 诱变,同样可以得到形态突变菌株。从而,进一步验证了通过诱变选育手段,同样可得到形态诱变菌株。因此,可以进一步推测,生物个体发育与基因有序的选择性表达有关,许多变异的产生都是由于基因表达的变化所致,因此,通过比较

同一类细胞给予不同刺激而产生的差异表达基因,可为揭示形态变化规律,探索菌体形态形成机制提供强有力的依据。

2.2 诱变菌株与出发菌株的代谢流分析

以选育所得到 3 株菌株 LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3 和出发菌株 NRRL 395 进行发酵试验,并对发酵 24 h 后以及发酵结束后进行代谢流分析。由图 4-A 可知,在发酵初期,碳源的整体变化差别并不是很明显,尤其是流向有机酸合成的碳源所占的比例基本相同,而此时,碳源流向生物大分子物质的流量多一些,无论是氨基酸、核酸,还是碳水化合物或脂类均明显大于发酵后期,说明在发酵前期,细胞更多地合成生物量以及代谢所需的蛋白,且此时细胞中参与

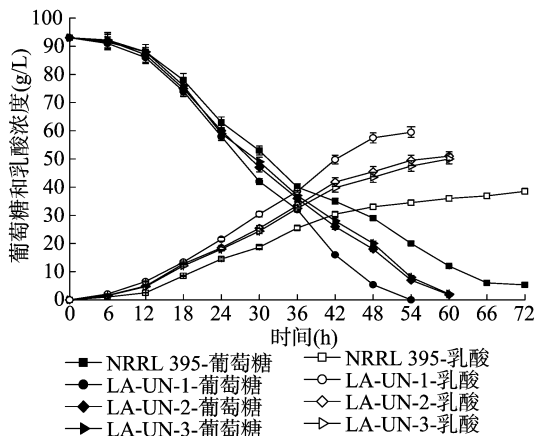
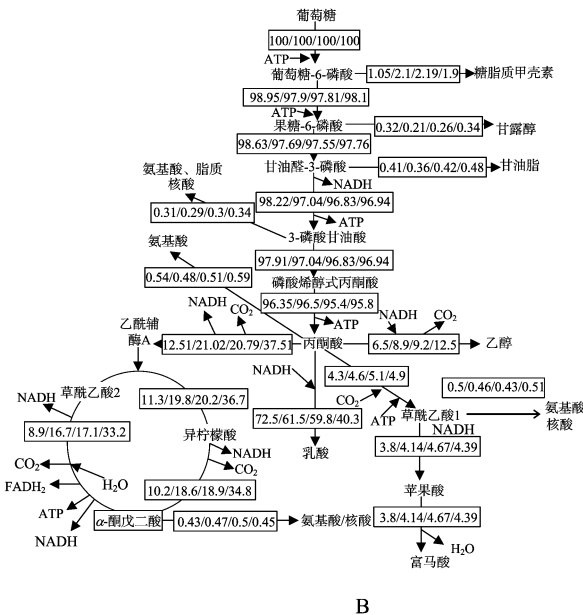
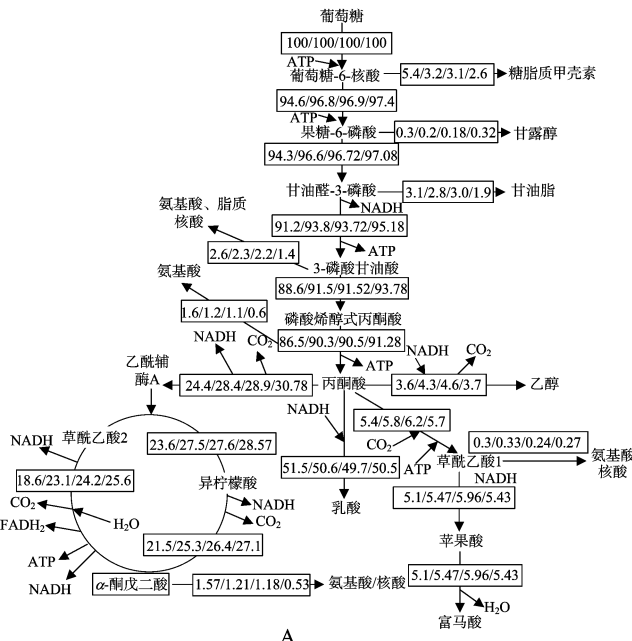


图3 不同菌株的乳酸发酵曲线



图中方框中的数字分别代表 LA-UN-1、LA-UN-2、LA-UN-3、NRRL 395 菌株的碳代谢流, 为百分比(%)

图4 发酵 24 h 后(A)和发酵结束后(B)不同形态的米根霉菌体产乳酸的代谢流分析

### 3 结论

本试验利用紫外辐射和亚硝基胍复合诱变产乳酸的米根霉野生菌株 NRRL 395, 得到形态突变菌株 LA-UN-1, 该菌株培养易形成直径在 1.0~1.4 mm 之间的球形菌体, 在该菌株培养形态下, *L*-乳酸发酵产量最高达到 59.5 g/L, 比野生株产量提高了 54.5%; 在拟稳态的假设基础上, 根据乳酸合成涉及到的生化过程以及菌体生长、产物的代谢过程, 构建米根霉的乳酸代谢网络数学模型, 并对诱变菌株和出发菌株进行代谢流对比分析; 菌种在发酵初期, 球状菌体流向生物合成所需的碳流量相对较多。当发酵进入指数期后, LA-UN-1 流向乳酸的碳流最大, 而原始菌株流向乳酸的碳流最小。不同的培养条件如培养基、pH 值等对菌体的形态都有影响, 因此针对下一步的研究, 可以通过优化培养基改变菌体形态, 以提高乳酸的产量, 培养基的组分可以影响发酵产物的浓度、转化率、生产强度等。因此, 可以采用单因子试验、Plackett-Burman 设计和中心组合设计试验对改组后的优良菌株进行

生物量积累反应须要消耗大量的能量和小分子物质, 如氨基酸、核苷酸等。同时也发现, 对于球状菌体, 其流向生物合成所需的碳流量相对较多, 也可能是菌球在聚集过程中, 需要更多的物质来参与聚集反应。

从图 4-B 中可以看出, 发酵后期流向生物大分子的碳流与发酵前期相比明显减少, 而有机酸合成的碳流逐渐增加, 由此可见, 当发酵进入指数期后, 碳流更多地用于有机酸的合成, 而此时, 不同菌体形态的碳流明显发生变化, 流向乳酸的碳流在球状菌体下, 尤其是 LA-UN-1 菌株培养的菌球最大, 而原始菌株流向乳酸的碳流最小, 与最大碳流相比, 减少 44% 以上, 而此时流向生物大分子的碳流相差不大。因此, 笔者进一步分析认为, 其原因可能是球状菌体在发酵前期, 菌体合成了更多有利于乳酸合成的生物大分子或环境, 其具体原因还有待于进一步研究。

培养基优化, 以提高 *L*-乳酸的产率和对糖的转化率并降低发酵成本, 为该菌株的工业化生产打下基础。

### 参考文献:

- [1] 齐宏秀. 乳酸的应用及生产情况[J]. 辽宁化工, 1996(1): 20-21.
- [2] 曹本昌, 徐建林. *L*-乳酸研究综述[J]. 食品与发酵工业, 1993(3): 56-61.
- [3] 王博彦, 金其荣. 发酵有机酸生产与应用手册[M]. 北京: 中国轻工业出版社, 2000: 30-36.
- [4] Ruengruglikit C, Hang Y D. *L*(+) - Lactic acid production from corncoobs by *Rhizopus oryzae* NRRL-395[J]. LWT - Food Science and Technology, 2003, 36(6): 573-575.
- [5] 李学梅, 林建平, 李绍壮. 固定化米根霉电渗析发酵生产 *L*-乳酸的研究[J]. 食品科学, 1996, 17(9): 12-16.
- [6] 乔长晨, 汤凤霞, 苏建宇, 等. *L*-乳酸高产菌株的诱变选育[J]. 食品工业科技, 2002, 23(2): 35-38.
- [7] Eiteman M A, Ramalingam S. Microbial production of lactic acid[J]. Biotechnology Letters, 2015, 37(5): 955-972.

孙莉娟,徐 阳,鲁德金,等. 江苏省单季稻生育期内极端气候事件的分区变化[J]. 江苏农业科学,2019,47(1):299-303.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.01.070

# 江苏省单季稻生育期内极端气候事件的分区变化

孙莉娟<sup>1</sup>, 徐 阳<sup>2</sup>, 鲁德金<sup>1</sup>, 黄 进<sup>3</sup>

(1. 安徽省人工影响天气办公室,安徽合肥 230031; 2. 安徽省农村综合经济信息中心/安徽省农业生态大数据工程实验室,安徽合肥 230031;  
3. 南京信息工程大学应用气象学院,江苏南京 210044)

**摘要:**利用江苏地区 52 个气象站点 1961—2012 年逐日最高温、最低温、降水资料及单季稻产量逐年数据,提取了单季稻生育期内(5—10 月)的 18 个极端气候指数进行气候分区,分析了不同子区域极端气候事件的变化及对产量的影响。基于各站点极端气候指数的多年均值,主成分和聚类分析的结果表明,江苏省可以划分为苏西北角、苏西北部、苏北部、苏西南部、苏南部和苏东南角 6 个气候子区域;生育期内极端气候指数的 M-K 趋势检验结果表明,多数子区域强降水事件的频次和强度有所加剧,而日最高温和日最低温的极值呈现出显著上升趋势,其中苏南地区的增湿增暖趋势尤为显著。生育期内极端气候指数与单季稻产量的相关分析表明,强降水是影响产量的主要气候要素,其中暴雨日数和极端雨天总雨量对产量的负效应最为显著,6 个子区域中苏西南部和苏南部的产量对降水波动更为敏感。

**关键词:**江苏省;极端气候指数;气候分区;单季稻

**中图分类号:** S162.5<sup>+</sup>3;S162.2

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1002-1302(2019)01-0299-05

近百年来,全球气候正经历着一次以气候变暖为主要特征的显著变化<sup>[1]</sup>。随着全球变暖,极端天气气候事件发生的频率或强度可能改变,高温热浪事件的强度、持续时间及频率会增加,干旱少雨地区旱情可能进一步加重,而湿润地区的强降水事件则可能加剧<sup>[2]</sup>。尽管极端气候事件是一种发生概

率较小的天气气候现象,但突发性和危害性强,对社会经济、食物供给、生态环境发展造成严重的损失,带来巨大负面影响,并且威胁人类生命与健康,因此引起了各国政府和学者的重视<sup>[3]</sup>。极端气候事件诱发的气象灾害已成为制约农业稳定生产的重要因素之一,因而引起了社会各界更为广泛的关注。江苏省是中国水稻重要主产区之一,全省以种植单季稻为主,水稻产量占全省粮食总产的 60% 左右,约占全国水稻总产的 10%,单产则常年稳居全国各主产省之首<sup>[4]</sup>。鉴于江苏省对于我国粮食安全的重要地位,探讨极端气候事件的时空变化对研究区气候变化背景下水稻种植的防灾减灾有着重要意义。本研究重点尝试了基于江苏省单季稻生育期内极端

收稿日期:2017-09-05

基金项目:安徽省气象局新技术集成项目(编号:AHXJ201706);江苏省高校自然科学研究面上项目(编号:16KJB170008);安徽省科技攻关项目(编号:1501031078)。

作者简介:孙莉娟(1988—),女,江苏泰州人,硕士,工程师,主要从事农业气象、气候变化的研究。E-mail:sljclimate@163.com。

[8] Fu Y Q, Yin L F, Zhu H Y, et al. Effects of pellet characteristics on L-lactic acid fermentation by *R. oryzae*: pellet morphology, diameter, density, and interior structure [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology, 2014, 174(6): 2019-2030.

[9] Liao W, Liu Y, Frear C, et al. A new approach of pellet formation of a filamentous fungus - *Rhizopus oryzae* [J]. Bioresource Technology, 2007, 98(18): 3415-3423.

[10] Meyer V, Arentshorst M, Flitter S J, et al. Reconstruction of signaling networks regulating fungal morphogenesis by transcriptomics [J]. Eukaryotic Cell, 2009, 8(11): 1677-1691.

[11] Riquelme M. Tip growth in filamentous fungi: a road trip to the apex [J]. Annual Review of Microbiology, 2013, 67(1): 587-609.

[12] Brody S, Tatum E L. Phosphoglucosylase mutants and morphological changes in *Neurospora crassa* [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1967, 58(3): 923-930.

[13] Bai D M, Zhao X M, Li X G, et al. Strain improvement of *Rhizopus oryzae* for over-production of L(+) - lactic acid and metabolic flux analysis of mutants [J]. Biochemical Engineering Journal, 2004, 18(1): 41-48.

[14] Schmidt C G, Furlong E B. Effect of particle size and ammonium sulfate concentration on rice bran fermentation with the fungus *Rhizopus oryzae* [J]. Bioresource Technology, 2012, 123: 36-41.

[15] Xu Q, Li S, Fu Y, et al. Two-stage utilization of corn straw by *Rhizopus oryzae* for fumaric acid production [J]. Bioresource Technology, 2010, 101(15): 6262-6264.

[16] Maas R H W, Springer J, Eggink G, et al. Xylose metabolism in the fungus *Rhizopus oryzae*: effect of growth and respiration on L(+) - lactic acid production [J]. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology, 2008, 35(6): 569-578.

[17] Pitkänen J P, Aristidou A, Salusjärvi L, et al. Metabolic flux analysis of xylose metabolism in recombinant *Saccharomyces cerevisiae* using continuous culture [J]. Metabolic Engineering, 2003, 5(1): 16-31.

[18] Wright B E, Longacre A, Reimers J. Models of metabolism in *Rhizopus oryzae* [J]. Journal of Theoretical Biology, 1996, 182(3): 453-457.

[19] Fu Y Q, Li S, Zhu H Y, et al. Removal of cadmium(II) by mycelial pellet of *Rhizopus oryzae* from aqueous solution [J]. Asian Journal of Chemistry, 2012, 24(11): 5313-5318.