

香菇数量性状、遗传多样性和品种鉴定研究进展

林范学¹, 徐学锋², 朱九滨¹, 梁宝东¹, 赵强¹

(1. 济宁学院 生命科学与工程系, 山东 曲阜 273155; 2. 华南农业大学 食品学院, 广东 广州 510640)

摘要: 香菇是世界著名食药两用真菌之一, 我国目前香菇产量达世界总产的 80% 左右。香菇产业的蓬勃发展, 与香菇的遗传育种研究密不可分。现综述了香菇遗传育种研究中涉及到的香菇数量性状、遗传多样性及品种鉴定等内容。

关键词: 香菇; 数量性状; 遗传多样性; 品种鉴定; 综述

中图分类号: S 646.1⁺2 文献标识码: A 文章编号: 1001-0009(2011)12-0176-05

在香菇研究中, 探讨众多数量性状之间的关联性, 对于提高育种效率和减少工作量大有裨益; 分析香菇菌株之间的遗传多样性, 可以在宏观的角度对香菇种质资源进行科学合理地开发和保护; 开展品种鉴定的研究工作, 能够有效地推进香菇菌种管理和为育种者知识产权的保护等方面提供便捷、科学的理论和方法。因而, 在香菇数量性状、遗传多样性和品种鉴定研究等方面进行全面系统的综述和分析, 具有较大的理论和现实意义。

第一作者简介: 林范学(1971-), 男, 山东济宁人, 博士, 副教授, 研究方向为真菌遗传育种与生物技术。E-mail: fanxuelin@gmail.com。

基金项目: 山东省博士基金资助项目(2009BSA08009); 山东省教育厅资助项目(J08LE51); 济宁市重大招标课题资助项目(计科字 200701002)。

收稿日期: 2011-03-28

品科学, 2007(10): 460-463.

[51] 张燕. 笃斯越桔槲皮素的检测、制备及其功能特性研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2009.

[52] 石文娟, 林松毅, 刘静波, 等. 利用纤维素酶提取笃斯越桔花青素的研究[J]. 食品科学, 2007(11): 370-373.

[53] 张兴茂, 林松毅, 刘静波, 等. 长白山笃斯越桔果实原花青素浸提工艺的研究[J]. 食品科学, 2007(11): 186-188.

[54] 陶欣艺, 卢艳花, 周文瑜, 等. 欧洲越桔和笃斯越桔对神经细胞氧化损伤的保护作用[J]. 中国临床康复, 2005 9(33): 50-52.

1 香菇数量性状的研究

香菇的许多性状都属于数量性状, 性状间有着复杂的内在联系。在对香菇有关产量的主要性状, 平均菇重、菇数和鲜菇总产的相关性上, 发现菇数与鲜菇总产相关性达极显著水平^[1-3], 但与平均菇重呈现极显著的负相关^[3]。上述性状需要在出菇之后测量, 如果能够将其与菌丝长速或胞外酶活性等易于测定的性状联系起来, 将会提高育种效率和降低劳动强度。研究发现, 平均鲜重与羧甲基纤维素酶活性、木聚糖酶活性分别呈显著和极显著遗传负相关, 鲜菇总重与 2 种菌丝生长速度呈极显著的遗传正相关。由此可见, 从较易获取的菌丝生长速度和酶活性等性状出发, 可以对香菇的 2 个主要经济性状进行预测^[3]。另外还发现, 鲜菇总重与菇数 2 个性状, 和原基期与出菇期 2 个性状存在高度负相关, 说明原基期、出菇期愈短, 也即现原基和出菇愈早, 菇数和鲜菇产量便愈多、愈高。从研究结果来看, 这一结论对于香菇育种家选育早产高产的

[55] 张巍, 林松毅, 刘静波, 等. 笃斯越桔叶片多糖提取工艺的优化研究[J]. 食品科学, 2007(10): 283-286.

[56] 刘孟军. 中国野生果树[M]. 北京: 中国农业出版社, 1998: 333-337.

[57] 魏金城, 刘庆荣. 都柿果实成分分析[J]. 黑河科技, 1994(1): 7-8.

[58] 耿星河, 苏亚拉图, 敖日格尔, 等. 笃斯越桔阴干果实的营养成分及其食用价值分析[J]. 内蒙古师范大学学报(自然科学汉文版), 2006, 35(2): 223-225.

Research Progress on *Vaccinium uliginosum* Linn

ZONG Chang-ling, DENG Meng, ZONG Cheng-wen, CAO Hou-nan, LI Weng-jian

(Agriculture College of Yanbian University, Yanji, Jilin 133002)

Abstract: The authors gave an overview of progress made in researches on *Vaccinium uliginosum* Linn, systematically presented related research development and utilization and prospects of resource distribution, genetic analysis, biological characteristics, planting and breeding, harvesting and processing, nutritious and health-protected ingredients, so as to offer a reference for further studies.

Key words: *Vaccinium uliginosum* Linn; research; advance

菌株十分有助^[3]。通过遗传途径系数分析平均菇重、菇数、菇峰期 3 个性状对产量构成的相对重要性,发现这 3 个性状已包含了与产量有关的主要相关性状,另外平均菇重与菇数对产量均为正效应,但菇数所起的作用相对突出^[1]。

性状的遗传率是指一个群体内某种由遗传原因引起的变异在表型变异中所占的比重,现已成为进行选择育种时的基础数量指标。林芳灿等^[4]研究发现,在香菇几个主要性状中,遗传率最高的是菇峰期,为 86%,其次为菇柄直径 82%,菌柄长度 72%,单菇鲜重 62%,菌盖直径 51%,鲜菇产量的最低只有 47%,从结果来看,菇峰期和菌柄性状主要由遗传因素决定,可以较好地传递给后代。潘迎捷和伯海英^[5]估算了原生质体再生菌丝杂交后代菌丝生长速度和羧甲基纤维素酶活性的广义遗传率,二者分别是 61.0% 和 88.8%,这 2 种性状都可以较稳定地遗传到后代中,这为定向选育具有较高纤维素酶活性的香菇新菌种提供了一定的理论依据。

香菇多个数量性状之间存在着复杂的内在关联性,利用多元统计方法,可以把多个性状综合为少数几个关联性弱的性状群,然后从性状群出发进行育种研究,可以提高选择的效果和鉴定的准确性。通过因子分析,可以把 16 个主要数量性状分为弱相关的 5 个主因子,按照主因子所包含的性状及其所反映的生物学意义分别命名,并按方差贡献大小排列为菇形、菇柄、营养生长、生殖生长和转色等主因子^[2]。主因子内各性状关联性较强,而主因子之间关联性较弱,可以据此对目标性状的选择有针对性地进行侧重。利用主成分分析法,也可以得出类似的结论。林范学等^[3]对 110 个香菇杂交菌株的 16 个数量性状进行了主成分分析,发现 16 个性状可以缩减为 6 个主成分,按方差贡献率大小分别命名为单菇、发育、产量、酶活、原基和转色因子。从上述研究结果来看,菇型因子(或单菇因子)似乎是香菇众多性状中的主要影响因素,对单菇性状选择的可靠性要高于对产量性状的选择。

香菇杂交育种目前仍以孢子单核体为材料,对单核体进行配合力分析,对于亲本选配、杂种选择以及单核体的遗传研究均具有参考价值^[6]。林范学等^[7]分析了 13 个性状中各单核体的一般配合力(GCA)和杂交组合的特殊配合力(SCA)。研究发现,GCA 较高的单核体之间的杂交组合的 SCA 不见得高,但 GCA 低的单核体之间的杂交组合的 SCA 却很低,而高 GCA 单核体与低 GCA 单核体的杂交组合的 SCA 有可能较高。另外一般配合力较高的单核体的杂交组合在 13 个性状中的平均变异系数较小,且从整体上看,栽培菌株苏香的一般配合力高于野生菌株的一般配合力。由于香菇既能进行有性繁殖以产生丰富的遗传变异,又能进行无性繁殖而固定亲本优良性状的遗传特性,因而各亲本的 GCA 值的差异能真实代表菌株的遗传差异,并为杂交育种提供参考。研究中还发现,GCA 方差和 SCA 方差在不同性状中的大小不一致,表明针对

不同的育种目标,应分别侧重于 GCA 或 SCA 的效应。

可亲和的 2 个单核体杂交能够形成可育的双核体,在某些性状上,这 2 个单核体与其杂交后代双核体之间有没有一定的关联性,Miyazaki^[8]从菌丝长速性状入手对此进行了考察。该研究利用来自同一子实体的 15 个孢子单核体与其它具有不同遗传背景的单核体杂交,构成 5 个系列的双核体,用 Spearman 秩相关分析法对单核体和双核体菌丝长速进行了分析,证实单核体菌丝长速与其杂交后代双核体没有相关性。单核体杂交形成双核体后,双核体菌丝长速明显快于单核体,肯定存在 2 个单倍体的细胞核之间某些互作,这种互作关系看来是十分复杂的,还需从多个性状、大样本群体以及合适的统计学、分子生物学方法着手进行深入研究。

2 香菇遗传多样性的研究

遗传多样性也称基因多样性,是指自然界中每一个物种或种群的不同个体之间分子水平上存在的差异^[9]。一个物种遗传多样性越大,它对环境的适应能力越强。

交配型因子是控制香菇单核体亲和与否的重要遗传标记,利用交配型因子分析的方法,可以研究香菇遗传多样性。在日本香菇自然群体中,有报道说存在 138 个不同的 A 因子和 55 个不同的 B 因子^[10],但另外研究推测出仅有 40 个 A 和 63 个 B^[11]。相对而言,中国香菇自然群体中交配型因子有丰富得多,经估算存在 121 个特异的 A 因子和 151 个特异的 B 因子,由此形成的所有遗传性不同的双核体近 1.67 亿种之多^[12]。另外,通过对我国野生和栽培香菇交配型因子分析表明,中国栽培菌株交配型因子频率较低,相同因子较多,标明栽培菌株中同种异名、近亲交配等现象的存在是较为普遍的,而野生菌株的交配型因子重复频率要低的^[13-15]。

分子标记是目前研究香菇遗传多样性的主要工具,国内外不少学者对香菇野生菌株以及栽培菌株的遗传多样性做了大量的工作。

RFLP 是出现最早、应用最广泛的 DNA 标记技术之一,具有丰富性、稳定性、致密性、共显性等特点。Kulkarni 首先将 RFLP 技术用于香菇遗传多样性研究,发现 7 个菌株的遗传相似性在 0.43 ~ 0.9 之间,而且单孢分离物中也存在丰富的多样性条带^[16]。Molina 等^[17]用 RFLP 技术分析 *Lentinus* spp. 和 *Lentinula edodes* 等的 rDNA-ITS 区域,发现所有的 *Lentinula edodes* 菌株的限制性图谱相同,且与 *Lentinus* spp. 的有明显的区别,结果支持将香菇属 *Lentinula* 从 *Lentinus* 中分出来而独立成属。李英波等^[18]研究了 32 个野生和栽培香菇菌株的 RFLP,发现香菇遗传分离普遍存在于菌株间,限制性 DNA 片段存在着多态性。Fukuda 等^[19]利用 RFLP 分析了采自 1 个落木上的 18 个野生香菇菌株,发现分属 6 个不同交配型菌株的这 18 个菌株来源于至少 4 个不同的菌株,而且属

于统一基准株的菌株在落木上不超过 1 m 的距离。

由于 RAPD 标记具有快速简便、实验成本低、可用引物多和多态性高等特点,不少研究者采用该技术。Chiu 等^[20]研究发现,中国香菇栽培菌株遗传同质性很高,具有极端狭窄的基因库,而从福建相似生境中采集的 3 个野生菌株则遗传多样性较高。龚利娟等^[21]通过 RAPD 研究也发现,34 个中国香菇栽培菌株的遗传相关性极高,表明这些菌株间的遗传背景非常单一。王子迎等^[22]采用 RAPD 技术分析了 26 个安徽野生菌株和 6 个栽培菌株的遗传多样性,也证明野生菌株具有较丰富的遗传多样性,而栽培菌株遗传相似性较高。孙勇^[23]用 RAPD 技术分析了具有中国地域代表性的 53 个香菇野生菌株的遗传多样性,发现中国香菇自然群体的遗传多样性非常丰富,其中横断山脉、云南高原、台湾及华南地区菌株的多样性更为丰富。

AFLP 具有高度特异性,既克服了 RFLP 技术繁琐和耗时的缺点,又解决了 RAPD 等技术可信度低等问题。卓英等^[24]采用 AFLP 技术分析了收集到的 31 个主要香菇栽培菌株的 DNA 多态性,可将 31 个菌株可分成 4 个类群,类群 I 主要由上海农科院食用菌研究所和福建三明真菌研究所提供的香菇菌种组成,类群 II 全部由收集到的日本栽培品种组成,类群 III 由浙江庆元与福建三明真菌所的菌种组成,类群 IV 为上海农科院食用菌所的 7402。Lo 等^[25]利用 AFLP 标记将 10 个不同地区的香菇菌株划入 3 个遗传类群,来自中国大陆、台湾和日本的菌株分别位于不同的类群,栽培菌株差异较小,可能是杂交所致。Terashima 等^[26]通过对 AFLP 标记聚类分析和主协方差矩阵(PCO)分析,6 对 AFLP 引物可将 13 个菌株可以分为截然不同的 2 类,1 类包括秋冬出菇的中低温型的椴木栽培品种,另 1 类包括夏季室外出菇和椴木和木屑栽培品种。另外研究表明,利用 AFLP 标记可进行香菇株型分析,把 50 个菌株分为中低温型和中高温型二大类^[27]。

细胞核核糖体内转录间隔区(rDNA ITS)进化速率较快,可以提供较丰富的信息位点。Chiu 等^[28]通过对采集自湖北、陕西、云南野生菌株的 ITS 序列分析及前期研究结果,发现中国偏远山区野生香菇具有很高的遗传多样性。González-Rábade 等^[29]通过互联网香菇属 ITS 序列数据库构建系统发育树,发现香菇属至少有五大系谱,包括日本-香港-朝鲜、巴西-委内瑞拉-墨西哥-哥斯达黎加-美国、巴布亚新几内亚-澳洲、中国-俄罗斯、泰国-尼泊尔-朝鲜,其中墨西哥搜集的香菇属菌株主要分属 2 个系谱,而中国拥有 3 个系谱,但来自中国的菌株遗传多样性很低。徐学锋等^[30]利用 60 个中国野生香菇和 48 个其它地区同属的菌株的 ITS 序列数据,构建了香菇属内的系统发育树,可将 108 个香菇菌株分成了二大支共 7 个谱系,西半球一支 2 个谱系,东半球一支 5 个谱系,中国是惟一的拥有 2 个谱系的国家,并且无论是从谱系的数量、谱系的类型还是菌株的分布范围上看,中国谱系的地位似乎都更为重要,这表明中国(亚洲)是重要的香菇自然群体遗传多

样性中心。对 5 个亚洲群体和 2 个澳洲群体进行综合分析,发现中国西南群体的核苷酸多样性最高,其次为巴一澳、西北和泛中南等 3 个群体,东部沿海群体最低。

在香菇多样性研究中采用的还有 ISSR 和 SSR 等分子标记,都取得了较好的效果^[31-33]。通过香菇遗传多样性研究,可以发现,中国的香菇存在较高的遗传多样性,并且野生香菇的遗传多样性比栽培菌株高许多,在今后香菇育种及品种改良研究中,应注意多引入野生种质资源以丰富育种材料的遗传多样性。

3 香菇品种(菌株)鉴定

目前,通过分子手段鉴定香菇品种已成为一种重要的方法。RAPD 技术由于其简便易行,成本较低,在香菇菌株鉴定中应用较多。Zhang 等^[34]用 RAPD 标记对 15 个香菇菌株进行分析,证明 RAPD 标记可用于鉴别香菇菌种,并可用于育种和菌种改良。黄志龙等^[35]发现以 S42 作为引物进行扩增,产生的 RAPD 多态性片段可以有效地鉴别福建省已鉴定的 15 个香菇栽培菌株。鉴于 RAPD 技术的可靠性和稳定性差,对实验环境依赖程度较大,不少研究者逐渐倾向于利用其它分子生物学技术对香菇品种进行鉴定^[36]。

Kulkarni^[19]利用 RFLP 鉴定 7 个香菇菌株,结果表明,RFLP 用于鉴定香菇菌株较之用同工酶具有更精确的结果,另外 RFLP 用于鉴定菌株间的杂交后代,可以很好地区分杂交子 RFLP 谱带与亲本 RFLP 谱带的遗传关系。Terashima 等^[37]研究发现,干香菇菌褶 DNA 的 AFLP 多态性和菌丝体 DNA 的 AFLP 多态性几乎完全一致,从而为鉴定香菇品种提供了又一简便可靠方法。

郑海松等^[38]对中国 7 个主要香菇栽培品种的 25srRNA 基因中的 D1/D2 片段进行了 DNA 序列测定并分析同源性,发现所测定的 7 个香菇栽培品种之间的亲缘关系非常近,同源性很高,通过聚类可将这 7 个品种分为 2 类,即苏香、939 和 9311 为一类,26、申 10、135 和 7402 为一类。Saito 等^[39]利用 rDNA 基因区间 IGS1 和 IGS2 对 16 个香菇商品菌株的分析也表明,每个菌株都分别有独特的 IGS1 和 IGS2 内部次级重复区 SR1 和 SR2,通过对香菇 SR1 和 SR2 做 PCR 扩增,可以将不同菌株明确区分开来。

吴学谦等^[40]建立了一套基于将特异性 RAPD 标记转化为 SCAR 标记的菌株鉴定技术,可以在 1 d 时间内准确鉴定出香菇菌株 162 和申香 10 号菌株的真伪,表明 SCAR 标记可用于食用菌种质资源保护利用、品种分类与鉴定和假种辨别。宋春艳^[41]等在 RAPD 扩增的基础上获得了 1 个香菇段木栽培品种 135 菌株的 SCAR 标记,并利用该标记对 163 个香菇菌株上进行检测,鉴定出 9 个都含有 135 SCAR 标记的菌株。Li 等^[42]也根据 RAPD 标记设计了 3 对特异 SCAR 引物,通过复合 PCR 扩增,可以将商业菌株 Cr02 与其它 22 个供试菌株完全区分开来。

对香菇品种的鉴定,也可结合几种标记技术组合进行。应正河^[43]采用 RAPD、SRAP 和 ISSR 等分子标记分别对 40 个香菇栽培种进行聚类分析,发现 ISSR 标记的稳定性和重复性最好, RAPD 标记最差,综合这 3 种分子标记的分析,可以更容易地区分 40 个多态性较低的香菇栽培种,发现其中的 Cr66 与 L66、申香 4 号与 Cr33、武香与苏香等 3 对菌株可能为同种异名的菌株。张瑞颖等^[44]利用酯酶同工酶、RAPD、IGS1 和 IGS2 等 4 种方法鉴别 2 个野生香菇菌株和 19 个栽培香菇菌株,发现 4 种鉴别方法中 RAPD 的分辨率最高,与这 4 种鉴别方法的综合分析结果相同。

4 讨论

香菇育种研究最终会归结到对各个性状尤其是经济性状的研究,因此对其各个性状进行研究非常重要。然而,由于香菇的一些性状不像高等作物的那样易于分辨和测定,再加上香菇具有一次种植多次收获的特点,对香菇数量性状的研究不易进行,目前还处于起步阶段,研究方法也多参照对高等作物的研究,还没有建立起得到公认适合的研究体系。对数量性状进行研究,需要大量和详实的数据,工作量和劳动强度相对较大,周期较长,不易出成果,令不少研究者有意回避或望而却步,再加其它原因,使得在香菇数量性状研究方面缺乏人力和才力支撑。

目前香菇育种基本上还是以杂交育种为主,2 个可亲和的单核体配对杂交,可形成具有出菇能力的双核体杂交后代。因此,对香菇数量性状的研究,既涉及到杂交后代的有关性状,也涉及到杂交亲本单核体的有关性状,还涉及到获取单核体的直接亲本(可称为杂交亲本双核体)的有关性状。故而,1 个性状从杂交亲本双核体到杂交亲本单核体再到杂交后代,该性状是如何传递的,遗传率有多大,与其它性状产生什么样和多大的关联性,是比较复杂和不易着手研究的。但是,也正是由于香菇(包括其它大型真菌)具有如此特点,其遗传体系和特点在遗传学范畴内独树一帜,对其数量性状的研究既具有较高的理论意义,也具有较强的实用价值。

从对香菇遗传多样性的研究来看,我国香菇栽培菌株遗传背景狭窄,而野生菌株遗传背景非常丰富,这需要研究者在香菇育种研究中不断地引进野生香菇基因资源,育出更多适应性强的优质品种。但是,由于我国香菇栽培面积过大,栽培菌株的孢子随处散播,采集野生菌株已是难上加难。因此,对香菇野生种质资源的合理开发和保护,具有极大的理论和现实意义。在这些方面,首先需要对野生香菇进行科学的保藏或保护,再就是对野生菌株进行生物学特点、遗传特点和生产性能等的全方位研究,建立相应的数据库,以便于其后的香菇育种研究。

我国是香菇生产和出口大国,对香菇进行品种鉴定方面的研究,既是为了保护国内育种者的知识产权,也是为了避免在国际上因产权问题而产生的摩擦和损

失。虽然我国已于 2006 年颁布了《食用菌菌种管理办法》,但该办法是以菌种生产管理为主,很少涉及品种的知识产权保护内容。目前,已有学者提出食用菌品种的 DUS(即特异性 Distinctness、一致性 Uniformity 和稳定性 Stability)测试方法^[45-46],相信我国食用菌的知识产权保工作将逐渐展开和深入。在 DUS 测试中,品种的鉴定是基本内容,这就需建立我国香菇栽培品种的信息库,内容包括菌株的生物学特性、生产性能和 DNA 指纹图谱^[47]。其中,找到 DNA 指纹图谱中特异的标记最为关键,可以在遗传上区别菌株的真伪。前已述及,香菇品种鉴定中所用的 DNA 标记有很多,各种标记也各有优点。然而,在作物中广泛用于品种鉴定的另外一种分子标记 SSR 标记,尚未真正用于香菇的品种鉴定,相关文献很少^[32-33]。鉴于该标记具有稳定性好、多态性高、易于操作等特点,并且在不少作物中已经开发了用于品种鉴定的 SSR 引物及相应的测定程序,应当在包括香菇在内的食用菌品种鉴定和知识产权保护方面开展类似的研究。

参考文献

[1] 林芳灿.香菇主要数量性状的遗传相关及通径分析[J].食用菌学报,1995,2(2):9-12.
[2] 林范学,程水明,潘迎捷.香菇数量性状的因子分析[J].菌物学报,2004,23(4):502-507.
[3] 林范学,程水明,李安政,等.香菇数量性状的相关性分析和主成分分析[J].菌物学报,2006,25(4):579-586.
[4] 林芳灿,高国琪,张晓昱,等.香菇主要数量性状遗传率及相关性研究[J].华中农业大学学报,1993,12:27-30.
[5] 潘迎捷,伯海英.香菇单核原生质体再生菌丝的遗传性状分析[J].上海农业学报,1994,10(2):37-40.
[6] 王晓峰,崔鸿文.平菇主要性状的配合力分析[J].西南农业大学学报(自然科学版),1994,22(4):34-37.
[7] 林范学,程水明,林芳灿.香菇不同交配型单核体亲本配合力的测定[J].华中农业大学学报,2004,23(5):519-23.
[8] Mjyazak K. Heritability of mycelial growth rate in *Lentinula edodes* (shiitake mushroom)[J]. Bulletin of FFPRI, 2008, 7(4): 159-163.
[9] 季维智,宿兵.遗传多样性研究的原理与方法[M].杭州:浙江科学技术出版社,1999:1-19.
[10] Mori K, Zennyozu A, Kugimiya N. Analysis of the incompatibility factors in natural population of *Lentinus edodes*[J]. Jap J Genet, 1972, 47(5):359.
[11] Tokimoto K, Komastu M, Takemaru T. Incompatibility factors in natural population of *Lentinus edodes* in Japan[R]. Rept Tottori Mycol Inst, 1973, 10(4): 371-376.
[12] 林芳灿,汪中文,孙勇,等.中国香菇自然群体的交配型因子分析[J].菌物系统,2003,22(2):235-240.
[13] 林芳灿,张树庭.中国香菇栽培菌株不亲和性因子的分析[J].华中农业大学学报,1995,14(5):459-466.
[14] 朱朝辉,陈明杰,谭琦,等.中国主要香菇栽培菌种交配型基因的遗传分析[J].食用菌学报,2000,7(3):1-5.
[15] 康亚男,张树庭.中国香菇交配型和基因型的分析[J].真菌学报,1992,11(4):314-323.
[16] Kulkarni R K. DNA Polymorphisms in *Lentinula edodes*, the Shiitake Mushroom[J]. Appl Environ Microbiol, 1991, 57(6): 1735-1739.
[17] Molina F I, Shen P, Jong S G et al. Molecular evidence supports the separation of *Lentinula edodes* from *Lentinus* and related genera[J]. Canadian Journal of Botany, 1993, 70(12): 2446-2452.
[18] 李英波,罗信昌,李滨,等.香菇菌株限制性片段长度多态性[J].中国食用菌,1995,14(2):10-16.

- [19] Fukuda M, Mori Y. Genetic differences in wild strains of *Lentinula edodes* collected from a single fallen tree[J]. *Mycoscience*, 2003, 44, 365-368.
- [20] Chiu S W, Ma A M, Lin F C, et al. Genetic homogeneity of cultivated strains of shiitake (*Lentinula edodes*) used in China as revealed by the polymerase chain reaction[J]. *Mycological Research*, 1996, 100, 1393-1399.
- [21] 龚利娟, 李玉, 刘淑艳. 香菇品种遗传多样性 RAPD 分子标记的研究[J]. *菌物研究*, 2005, 3(1): 17-21.
- [22] 王子迎, 王书通. 安徽野生香菇遗传多样性及杂种优势的 RAPD 分析[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(9): 31-34.
- [23] 孙勇. 中国香菇自然群体遗传多样性[D]. 武汉: 华中农业大学, 2001: 1-45.
- [24] 卓英, 谭琦, 陈明杰, 等. 香菇主要栽培菌株遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *菌物学报*, 2006, 25(2): 203-210.
- [25] Lo T C, Kang M W, Wang B C, et al. Glycosyl linkage characteristics and classifications of exo-polysaccharides of some regionally different strains of *Lentinula edodes* by amplified fragment length polymorphism assay and cluster analysis[J]. *Anal Chim Acta*, 2007, 592(2): 146-53.
- [26] Terashima K, Matsumoto T, Hasebe K, et al. Genetic diversity and strain-typing in cultivated strains of *Lentinula edodes* (the shiitake mushroom) in Japan by AFLP analysis[J]. *Mycological Research*, 2002, 106(1): 34-39.
- [27] Matsumoto T, Terashima K, Hasebe K. Strain typing in cultivated strains of shiitake (*Lentinula edodes*) in Japan by AFLP analysis[R]. *Rep. Tottori Mycol. Inst.*, 2003, 41: 20-25.
- [28] Chiu S W, Chiu W T, Lin F C, et al. Diversity of rDNA sequences indicates that China harbours the greatest germplasm resource of the cultivated mushroom *Lentinula edodes*[A]. van Griensven, L J L D. *Science and cultivation of edible fungi*[C]. Maastricht, Netherlands: Proceedings of the 15th International Congress on the Science and Cultivation of Edible Fungi, 2000: 239-243.
- [29] Gonzalez — rabade N. Molecular characterization of wild and commercial strains of shiitake (*Lentinula* spp.) cultivated in Mexico and their potential for genetic improvement[D]. Universidad de las Americas Puebla Master Dissertation 2005.
- [30] 徐学锋, 林范学, 程水明, 等. 中国香菇自然种质的 rDNA 遗传多样性分析[J]. *菌物学报*, 2005, 24(1): 29-35.
- [31] Zhang R Y, Huang C Y, Zheng S Y, et. al. Strain-typing of *Lentinula edodes* in China with inter simple sequence repeat markers[J]. *Applied microbiology and biotechnology*, 2007, 74(1): 140-145.
- [32] 林范学, 程水明, 李安政, 等. 香菇 EST-SSR 引物筛选[J]. *农业生物技术学报*, 2007, 15(2): 358-359.
- [33] 肖扬, 李黎, 吴茜, 等. 香菇 SSR-PCR 技术体系的优化及其在遗传多样性分析中的初步应用[J]. *中国农学通报*, 2009, 25(2): 20-24.
- [34] Zhang Y, Molina F. Strain typing of *Lentinula edodes* by random amplified polymorphic DNA assay[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1995, 131: 17-20.
- [35] 黄志龙, 谢宝贵, 谢福泉, 等. 15 个代料栽培香菇菌株的分子鉴别[J]. *食用菌学报*, 2002, 9(3): 5-8.
- [36] Miyazaki K, Neda H. Evaluation of the Use of Outbred Lines for Screening of Genetic Markers in Shiitake (*Lentinula edodes*)[J]. *Breeding Science*, 2004, 54(1): 75-78.
- [37] Terashima K, Matsumoto T. Strain typing of shiitake (*Lentinula edodes*) cultivars by AFLP analysis focusing on a heat-dried fruiting body[J]. *Mycoscience*, 2004, 45: 79-82.
- [38] 郑海松, 陈明杰, 谭琦, 等. 25s rRNA 基因部分序列比较在香菇栽培菌种鉴定上的应用[J]. *食用菌学报*, 2002, 9(1): 10-12.
- [39] Saito T, Tanaka N, Shinozawa T. Characterization of subrepeat regions within rDNA intergenic spacers of the edible basidiomycete *Lentinula edodes*[J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2002, 66: 2125-2133.
- [40] 吴学谦, 李海波, 魏海龙, 等. SCAR 分子标记技术在香菇菌株鉴定上的应用研究[J]. *菌物学报*, 2005, 24(2): 259-266.
- [41] 宋春艳, 谭琦, 陈明杰. 香菇 135 菌株 SCAR 标记的验证[J]. *食用菌学报*, 2006, 13(3): 1-7.
- [42] Li H B, Wu X Q, Peng H Z, et al. New available SCAR markers: potentially useful in distinguishing a commercial strain of the superior type from other strains of *Lentinula edodes* in China[J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2008, 81(2): 303-309.
- [43] 应正河. RAPD, SRAP 和 ISSR 标记在香菇种质资源的应用及其 SCAR 标记的建立[D]. 福州: 福建农林大学, 2006.
- [44] 张瑞颖, 黄晨阳, 左雪梅, 等. 香菇菌株分子鉴别技术的分辨率比较[J]. *菌物学报*, 2005, 24(4): 517-524.
- [45] 张金鑫, 黄晨阳, 胡清秀. 食用菌品种鉴定及品种保护技术[J]. *中国食用菌*, 2005, 24(14): 14-16.
- [46] 付立忠, 吴学谦, 吴庆其, 等. 我国食用菌种质资源现状及其发展趋势[J]. *浙江林业科技*, 2005, 25(5): 43-48.
- [47] 边银丙. 我国香菇栽培种质资源与种质资源信息库建设[J]. *浙江食用菌*, 2008, 16(1): 12-15.

Research Review on the Quantitative Traits, Genetic Diversity and Cultivars Identification in *Lentinula edodes*

LIN Fan-xue¹, XU Xue-feng², ZHU Jiu-bin¹, LIANG Bao-dong¹, ZHAO Qiang¹

(1. Department of Life Science and Engineering, Jining University, Qufu, Shandong 273155, China; 2. College of Food Science, South China Agricultural University, Guangdong Guangzhou 510640, China)

Abstract: *Lentinula edodes* is one of the famous edible and medical fungi in the world, and its production in China reach about 80% of the total world output. The vigorous development of this mushroom is due to its genetic and breeding, which involves the quantitative traits, the genetic diversity and cultivars identification. This paper reviewed and discussed the aforementioned issues.

Key words: *Lentinula edodes*; quantitative traits; genetic diversity; cultivars identification; review