

香菇遗传多样性研究进展

罗海凌^{1,2}, 邹龙玉¹, 方雪婷¹, 苏德伟^{1,2}

(1. 福建农林大学 菌草研究所, 福建 福州 350002; 2. 国家菌草工程技术研究中心, 福建 福州 350002)

摘要:遗传多样性研究对香菇种质资源的保护、开发和利用具有重大意义。该文从研究方法、地域差异和农艺性状特征系统地综述了香菇遗传多样性的研究概况, 以期对香菇核心种质资源的构建和有效利用提供指导。

关键词:香菇; 遗传多样性; 研究进展

中图分类号:S 646.1⁺2 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2014)21-0185-03

香菇(*Lentinula edodes*)是一种可食用的大型木腐担子菌, 迄今为止已有上千年的人工栽培历史^[1]。目前, 香菇是世界上产量仅次于双孢蘑菇(*Agaricus bisporu*)的第二大栽培菌^[2]。近年来, 伴随着香菇产销量的持续增长, 其栽培、育种、保鲜加工等方面逐渐受到人们的重视。香菇菌种是香菇生产中最重要生产资料之一, 也是香菇生产发展的前提和关键, 菌种优劣直接决定了其产品的产量和质量^[3]。然而, 随着全球香菇栽培日渐增多, 其质量却没有显著提高, 如何有效利用不同香菇品种的优势, 并进一步开发其栽培价值, 已成为香菇生产者亟需解决的重要问题。

遗传多样性主要是指地球上所有生物所携带的遗传信息的总和, 但通常所说的遗传多样性是指种内不同种群之间或一个种群内不同个体的遗传变异。遗传多

样性的表现形式是多层次的, 主要包括表型多样性、染色体多态性、蛋白质多态性及 DNA 多态性等方面的内容。遗传多样性通过影响上述各层次的生物性状, 导致生物体的不同适应性, 进而影响生物的分布和演化^[4]。遗传多样性的研究对于了解物种起源、种源的适应性、基因资源分布及基因资源保护等具有重要的理论和实际意义^[5]。通过香菇遗传多样的研究, 不仅可以进行菌株鉴定并确立其 DNA 指纹图谱, 从分子生物学角度准确识别菌种, 还可为育种工作提供参考, 为中国香菇种质资源的合理评价、有效保护和永续利用提供科学依据^[6]。近年来, 国内外学者对香菇的遗传多样性开展了全面而系统的研究, 获得了大量成果, 但尚缺乏其系统归纳和总结。现就香菇遗传多样性方面的研究进展作一综述, 以期对该领域的研究起到积极的促进作用。

1 香菇遗传多样性研究方法

遗传标记主要是指可以明确反映遗传多态性的生物特征, 它是生物分类学、育种学、遗传学和物种进化等研究的主要技术指标之一。当前遗传标记主要有 4 种类型: 形态标记、细胞学标记、蛋白质标记和 DNA 分子标记^[7]。常用的标记方法主要有: 同工酶技术、RAPD、RFLP、AFLP、ISSR、SRAP、SNPs 等。

第一作者简介:罗海凌(1976-), 男, 硕士, 农艺师, 现主要从事菌草栽培和食用菌研究开发等工作。

责任作者:苏德伟(1986-), 男, 硕士, 研究实习员, 现主要从事生态农业和农业生物技术以及食药菌等研究与开发工作。

基金项目:科技部国家中心组建资助项目(2011FU125X11); 福建省科技重大专项资助项目(2012NZ0002)。

收稿日期:2014-07-14

Abstract: As the characteristic industry for poverty alleviation is increasingly popular, the development of Fuping jujube industry for poverty alleviation has strong reference to 'Yanshan-Taihang mountain areas'. However, there still exist some problem about Fuping jujube industry at present, such as weak employment drive, low earned revenue income and poor enthusiasm mobilize, etc. To promote the development of Fuping jujube industry and give full play to its power for poverty alleviation, the issue layered numerous influencing factors, from all aspects of the industry chain, according to their importance with the Interpretive Structural Model, and gets the fundamental causes in restricting the industry to help the poor, and finally puts forward the corresponding countermeasures and suggestions. It hopes that all these could provide theoretical basis for poverty alleviation of Fuping jujube industry and provide a new idea for the poverty alleviation of characteristic industry in "Yanshan-Taihang mountain areas".

Keywords: poverty alleviation; jujube industry; influence factors; interpretive structural model; countermeasures

遗传多样性是影响香菇遗传育种的重要因子之一,野生种质资源的遗传多样性研究对了解其遗传变异程度有着很大作用,为育种中种质资源的选择提供了依据^[8]。

随着遗传标记技术的深入应用,香菇遗传多样性研究不断取得新的突破。卓英等^[3]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,并采用 6 对引物共扩增得到了 443 条 DNA 带,其中共有条带为 189 条,多态性比率为 57.34%,说明收集到的香菇菌种具有一定的遗传多样性,它们之间存在一定的遗传差异。王子迎等^[9]采用 RAPD 技术,利用 17 个引物对 26 个安徽野生香菇菌株和 6 个香菇栽培品种进行了遗传多样性分析,并构建遗传相关聚类图。结果表明,在 128 个 RAPD 标记中,多态性标记为 104 个,占 81.3%,当以相异距离 0.25 为阈值时,32 个菌株被划为 5 个 RAPD 遗传组,多数菌株之间遗传相似性较低,菌株间在 DNA 水平上存在比较显著的遗传变异,具有较丰富的遗传多样性。王子迎等^[10]采用 ISSR 技术,利用 13 个引物对 26 个安徽野生香菇菌株和 6 个香菇栽培品种进行了遗传多样性分析,并构建了遗传相关聚类图,并根据 ISSR 分析选择遗传距离远近不同的亲本进行组合杂交,评价了其杂种优势。在 78 个 ISSR 标记中,多态性标记为 61 个,占 78.2%。聚类分析显示,当以相异距离 0.23 为阈值时,32 个菌株被划为 5 个 ISSR 遗传组,多数菌株之间遗传相似性较低。

Zhang 等^[11]利用 10 个 RAPD 标记对美国 15 个香菇栽培品种进行菌株鉴定,指出 RAPD 分子标记可以很好的应用于香菇育种及菌株鉴定中。Fu 等^[12]采用 RAPD、ISSR、SRAP 3 种分子标记技术对中国 23 个香菇栽培菌株进行遗传多样性分析,发现供试菌株可以分为 3 组或 4 组,栽培菌株之间存在较低的遗传多样性。作者由此认为必须将新的种质资源引入到育种中,扩大香菇的遗传基础,改善香菇的遗传弱点。Terashima 等^[13]采用 AFLP 技术对日本 15 个香菇主要栽培菌株进行遗传多样性和菌株鉴定分析,结果表明 AFLP 在栽培香菇中的存在一定的变异范围,可以作为菌株鉴定的有效分子标记。Zhang 等^[14]对中国 15 个栽培菌株和 2 个野生菌株进行 ISSR 分析,可将供试菌株划分为中高温和中低温 2 组,结果表明 ISSR 有足够的敏感性,可应用于遗传多样性分析中。Liu 等^[15]利用基于 SRAP、ISSR、RAPD 开发的 SCAR 标记对中国 24 个主要的商业菌株进行分析,可将供试菌株很好的区分开来,结果表明 SCAR 标记在香菇特性和遗传多样性的研究具有较高的特异性。

2 中国香菇遗传多样性地域差异

徐锐^[16]利用 34 对 SSR 引物对采集自全国 14 个省

份、8 个植物区系的 94 个香菇菌株进行了遗传多样性分析,结果表明我国南北菌株之间存在一定的差异,并且通过观察发现,源自同一地区的菌株优先聚为一小支,香菇遗传多样性与地理来源间存在一定的相关性。同时,这与孙勇等^[6]、肖扬等^[17]、Xu 等^[18]的研究结果是一致的。吴茜^[19]采用 SRAP 技术对分布在全国 9 个省份的 53 个香菇野生菌株进行了遗传多样性分析,结果表明供试野生香菇自然种群可分为三大类群,且供试菌株呈现良好的地域分布规律。在自然群体中,香菇个体间的遗传差异与其空间分布之间存在一定的联系,随着空间距离的增大,菌株间的异质性相应越高^[20]。Xiao 等^[21]应用 SSR 分子标记方法对中国野生香菇进行研究,将 56 个菌株分成三大类群,认为与其它地区的菌株相比云南高原、横断山脉、台湾以及中国南部地区的香菇遗传多样性更为丰富。我国香菇野生种质资源丰富为杂交育种提供了重要的材料基础,合理开发和利用这些资源将是提高香菇育种水平的前提和保障。

3 香菇遗传多样性农艺性状特征研究

我国香菇丰富的种质资源,不仅为杂交育种提供了重要的材料基础,而且大大提高了香菇育种的成功率,为优质、高产香菇品种的产生提供了保障。王春莹^[22]对 117 个野生香菇菌株进行栽培试验,结果表明菌柄直径、菌柄长度、菌盖直径、菌盖厚度、单菇鲜重均与产量具有极显著的正相关性。徐锐^[16]对 94 个香菇菌株进行栽培试验,结果表明在与产量相关的性状中,单菇鲜重与菇数之间存在极显著负相关,菇数与鲜菇总重之间存在极显著正相关,这表明菇数对鲜菇总重的影响更重要,与林范学等^[23]、林芳灿^[24]的研究结果一致。林范学^[25]研究也指出鲜菇产量与原基期和出菇期之间存在极显著负相关,与该研究的结果一致,并对今后的香菇早产高产型菌株的育种起到了一定的指导作用。此外,沈天峰等^[26]研究表明,一级菌种菌丝生长速度与鲜菇总重之间相关性不显著。

4 香菇遗传多样性研究展望

总体来看,我国自然香菇种群具有丰富的遗传多样性,其中云南高原、横断山脉、台湾和华南地区菌株的遗传多样性尤为突出。综合利用多种现代生物技术改善香菇的遗传多样性是今后香菇种质资源工作的重要内容。

香菇的遗传多样性研究尽管已经做了大量的工作,但与普通作物相比还有较大差距,应综合运用多种遗传标记手段,摸清现有种质资源的整体遗传结构,特别是进行深入进行特殊种质的研究,为核心种质的构建和资源有效利用提供指导。

参考文献

- [1] 徐学峰,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.
- [2] 张树庭, 林芳灿. 蕈菌遗传与育种[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- [3] 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.
- [4] 陈灵芝, 马克平. 生物多样性科学: 原理与实践[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2001.
- [5] 中国科学院生物多样性委员会. 生物多样性研究的原理与方法[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1994.
- [6] 孙勇, 林芳灿. 中国香菇自然种质遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 菌物系统, 2003, 22(3): 387-393.
- [7] 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [8] Chen X, Min D, Yasir T A, et al. Genetic diversity, population structure and linkage disequilibrium in elite Chinese winter wheat investigated with SSR markers[J]. Plos One, 2012, 7(9): 6-10.
- [9] 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): 31-33.
- [10] 王子迎, 王书通. 安徽野生香菇遗传多样性及杂种优势的 ISSR 分析[J]. 菌物学报, 2006, 25(2): 211-216.
- [11] Zhang Y, Molina E. Strain typing of *Lentinula edodes* by random amplified polymorphic DNA assay[J]. Fems Microbiol Lett, 1995, 131: 17-20.
- [12] Fu L Z, Zhang H Y, Wu X Q, et al. Evaluation of genetic diversity in *Lentinula edodes* strains using RAPD, ISSR and SRAP markers[J]. World Microbiol Biotechnol, 2010, 26: 709-716.
- [13] Terashima K, Matsumoto T, Hasebe K. Genetic diversity and strain-typing in cultivated strains of *Lentinula edodes* (the shiitake mushroom) in Japan by AFLP analysis[J]. Mycol Res, 2002, 106: 34-39.
- [14] Zhang R, Huang C, Zheng S, et al. Strain-typing of *Lentinula edodes* in China winter simple sequence repeat markers[J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2007, 74: 140-145.
- [15] Liu J Y, Ying Z H, Liu F, et al. Evaluation of the use of SCAR markers for screening genetic diversity of *Lentinula edodes* Strains[J]. Curr Microbiol, 2012, 64: 317-325.
- [16] 徐锐. 野生香菇数量性状与 SSR 分子标记的关联分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2013.
- [17] 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.
- [18] Xu X F, Lin A Z, Chen S M, et al. Reappraisal of phylogenetic status and genetic diversity analysis of Asian populations of *Lentinula edodes* [J]. Progress in Natural Science, 2006, 16: 274-280.
- [19] 吴茜. 中国香菇自然种质遗传多样性 SRAP 和 IGS2 分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2010.
- [20] 代江红, 林芳灿. 香菇自然群体中个体间的空间分布及其遗传联系[J]. 菌物系统, 2001, 20(1): 100-106.
- [21] Xiao Y, Liu W, Dai Y H, et al. Using SSR markers to evaluate the genetic diversity of *Lentinula edodes*' natural germplasm in China[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2010, 26: 527-536.
- [22] 王春莹. 野生香菇种质资源的评价及特异种质发掘[D]. 福州: 福建农林大学, 2009.
- [23] 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.
- [24] 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): 9-12.
- [25] 林范学. 香菇分子遗传图谱构建和数量性状座位(QTL)分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2007.
- [26] 沈天峰, 申进文, 王付才, 等. 平菇菌丝体生长速度与子实体产量的相关性研究[J]. 中国食用菌, 2002(21): 18-19.

Research Advance on Genetic Diversity of *Lentinula edodes*

LUO Hai-ling^{1,2}, ZOU Long-yu¹, FANG Xue-ting¹, SU De-wei^{1,2}

(1. Juncao Research Institute, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002; 2. China National Engineering Research Center of Juncao Technology, Fuzhou, Fujian 350002)

Abstract: The research on genetic diversity has great significance to the germplasm resources protection, development and utilization of *Lentinula edodes*. The article systematically summarized the research states of *Lentinula edodes* genetic diversity, based on the research methods, regional differences and agronomic traits, aims provide the guidance to the construction and effective utilization of *Lentinula edodes* core germplasm resources.

Keywords: *Lentinula edodes*; genetic diversity; research progress