

大球盖菇新品种“中菌金球盖1号”的基因组 Survey 分析*

李雪松^{1,2}, 刘绍雄^{1,3}, 孙达锋^{1,3}, 张俊波³, 马明³, 罗孝坤², 岳万松³, 华蓉^{1,2**}

(1.云南云菌(集团)有限公司, 云南 昆明 650221; 2.云南省食用菌产业发展研究院, 云南 昆明 650221;
3.中华全国供销合作总社昆明食用菌研究所, 云南 昆明 650221)

摘要: 大球盖菇 (*Stropharia rugosoannulata*) 是一种营养丰富、口味鲜美的食用菌, 也是极具开发潜力的药用真菌。为了深入对金黄色大球盖菇的子实体发育、颜色调控等遗传机理开展研究, 为金黄色大球盖菇基因组的精细图谱、分子育种等研究打下基础, 采用第二代高通量测序技术对金黄色大球盖菇品种“中菌金球盖1号”开展全基因组 Survey 分析。结果表明, 金黄色大球盖菇品种“中菌金球盖1号”的基因组大小约为 55.20 Mb, 测序深度为 140×, 杂合率为 0.80%, (G+C) 含量为 47.25%; 基因组初步组装后, 得到 25 802 条重叠群 (Contigs), Contig N50 为 14.923 Kb。该研究结果对于开展金黄色大球盖菇的颜色调控等遗传机理研究具有重要意义, 同时为金黄色大球盖菇下一步的基因组精细图谱的构建和分子育种提供依据。

关键词: 大球盖菇; 基因组 survey; 杂合率; 基因组大小; GC 含量

中图分类号: S646.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1003-8310(2022)07-0053-06

Genome Survey Analysis of New Variety ZJJQG001 of *Stropharia rugosoannulata*

LI Xue-song^{1,2}, LIU Shao-xiong^{1,3}, SUN Da-feng^{1,3}, ZHANG Jun-bo³,
MA Ming³, LUO Xiao-kun², YUE Wan-song³, HUA Rong²

(1.Yunnan Yunjun Sci-Tech group Co. Ltd., Kunming 650021, China;

2.Yunnan Edible Fungi Industry Development Research Institute, Kunming 650221, China;

3.Kunming Edible Fungi Institute of All China Federation of Supply and Marketing Cooperatives, Kunming 650221, China)

Abstract: *Stropharia rugosoannulata* is an edible fungus with rich nutrition, delicious taste and is also a medicinal fungus with great potential for development. The genome of *S. rugosoannulata* is the base to study the molecular colorful regulation mechanism and molecular breeding. In the study, the genome of *S. rugosoannulata* was measured by next-generation sequencing. The results showed that, the genome size of *S. rugosoannulata* was 55.20 Mb and the sequencing depth was 140×, the heterozygosity rate was 0.80%, (G+C) content was 47.25%. 25 802 scaffolds were obtained which was assembled and the Scaffold N50 was 14.923 Kb. According to the evaluation of the various indicators of *S. rugosoannulata* genome, it will provide a basis for colorful regulation mechanism and provide valuable data for molecular breeding.

Key words: *Stropharia rugosoannulata*; genome survey; hybridity percentage; genome size; GC content

大球盖菇 (*Stropharia rugosoannulata* Farl. ex Murrill) 别名皱环球盖菇、酒红色球盖菇、皱球盖等, 商品名为赤松茸^[1-2], 是一种营养丰富、味道鲜美的食用菌, 也是极具开发潜力的药用真菌^[3-4]。大球盖菇多糖对大鼠的精神疲劳、运动疲劳和免疫力、抗氧化、抗病毒等方面有积极影响, 同时对癌细胞有极显著的

抑制作用^[5-8]。此外, 大球盖菇凝集素对肝癌 Hep-G2 细胞和白血病 L1210 细胞均有抗增殖活性^[9-10]。

大球盖菇的市场需求在逐年扩大, 现在普遍售卖的品种菌盖为红褐色至葡萄酒红色, 或暗褐色品种。金黄色大球盖菇品种“中菌金球盖1号”是大球盖菇新品种, 具有菌盖颜色鲜艳、菌褶颜色浅、

* 基金项目: 云南省重大科技专项计划 (202002AE320003); 云南省科技人才与平台计划 (202005AE160001)。

作者简介: 李雪松 (1993—), 男, 硕士, 研究实习员, 主要从事食(药)用菌驯化、遗传育种方面研究。E-mail: lixuesong1@qq.com

** 通信作者: 华蓉 (1976—), 女, 本科, 副研究员, 主要从事食用菌育种和栽培方面研究。E-mail: 626300629@qq.com

收稿日期: 2022-04-29

产量高等优良性状, 市场潜力巨大^[11]。目前对大球盖菇的研究, 主要集中于其化学成分、胞外酶、生物学特性、原生质体再生和单核化、栽培、加工方法等方面^[12]。对于大球盖菇各栽培种之间的遗传关系, 不同品种的产量、颜色、出菇温度等具有较大差异的性状的遗传控制基因, 以及这些基因的遗传机理的相关研究尚未见报道^[13]。

基因组是一个细胞或一个生物体的所有遗传信息的集合, 这些信息可以阐明生物有机体与其所处环境之间的协调机制, 让研究者可以通过某一物种特定的遗传背景上直接去分析相关的生物学问题。目前, 随着高通量测序技术的快速发展, 在大型真菌中已有近 323 种 (其中 315 种分属于 70 个科, 另外有 8 个种不确定科别) 已完成或部分完成基因组测序和基因组大小评估^[14]。通过高通量测序技术, 对金黄色大球盖菇品种“中菌金球盖 1 号”(ZJJQG001) 的基因组大小、杂和率、(G+C) 含量及等信息进行评估, 为后续大球盖菇全基因组的测序策略以及高质量完整基因组图谱的绘制打下基础, 同时对大球盖菇颜色调控基因的挖掘、菌株筛选等研究具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 主要试验材料

试验材料为金黄色大球盖菇“中菌金球盖 1 号”。样品于 2021 年 6 月采自中华全国供销合作总社昆明食用菌研究所宝峰基地实验大棚, 带回实验室后取组织块放置于冻存管内, 液氮速冻 30 min 以上, 后置于-80℃超低温冰箱保存, 备用。

1.2 基因组 DNA 提取、检测及测序

采用改良 CTAB 法提取基因组 DNA, 使用德国 Qiagen Q13343 试剂盒纯化。用 NanoDrop 检测仪和 Qubit 检测仪检测浓度和纯度。采用 0.7% 琼脂糖凝胶电泳检测, Marker 使用日本宝生物公司 (TaKaRa) 15 kb DNA Marker 和 λ DNA /HindIII。

随机打断大球盖菇的 DNA 样品, 构建 1 个片段大小为 500 bp 的文库。构建好的文库通过武汉希望组生物科技有限公司的 MGI PE150 测序平台进行双末端测序。

1.3 原始数据的质量控制及数据污染评估

原始数据需要进行质控处理, 过滤低质量序列。首先利用软件 fastp 对原始数据进行过滤, 过滤标准

包括: 去掉 reads 接头序列; 截掉 reads 两端测序不准确的左右各 5 个碱基; 去除当中含有 N 的 reads; 当一条 reads 中超过 20% 的碱基质量分数小于 20%, 则舍弃该 reads 所对应的一对 reads。然后使用软件 FastQC 对有效数据 (clean data) 进行质控, 若质控合格, 则进行后续分析。

随机取 100 000 条质控后的 reads, 利用 BLASTN 将其与 NT 数据库进行比对^[15], 统计 reads 在 NT 库中的具体比对物种及分布比例, 以此来判断数据的污染情况。

1.4 基因组大小预估和杂合率估计

利用 findGSE 软件^[16]对序列文件中长度为 k 的短序列 (K-mer) 进行计数和统计; 随后, 使用 python 的 scipy 包, 根据拟南芥的基因组测序数据, 模拟目标序列对应深度下的杂合度, 预估基因组大小和杂合度。

1.5 初步组装基因组

采用 K-mer=17 构建 Contigs 和 Scaffold, 利用高质量数据进行 SOAP de novo^[17] 组装, 得到 Scaffold 序列后用 SOAP 将过滤后的 reads 比对到该组装序列上直接拼接, 获得原始基因组序列及碱基深度^[18]。对组装的基因组序列以 5 kb 为窗口, 无重复计算片段的平均 (G+C) 含量和平均深度并作图, 可以根据此图判断出测序数据的 (G+C) 偏向性和存在污染等问题。

2 结果与分析

2.1 基因组 DNA 检测

金黄色大球盖菇“中菌金球盖 1 号”的子实体经过基因组 DNA 提取后, 获得 107 μ L 的提取液。经 NanoDrop 检测质量浓度为 447.1 $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$, OD260/280 比值为 1.89, OD260/230 比值为 2.32; Qubit 检测质量浓度为 326.0 $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$, DNA 总量为 34.9 ng。提取的基因组 DNA 的 Nc/Qc (NanoDrop 检测质量浓度/Qubit 检测质量浓度) 的比值为 1.37, 说明提取 DNA 质量较好。

采用 0.7% 琼脂糖凝胶电泳检测。样本 DNA 主带在 20 000 bp 以上, 轻微断裂, 轻微降解, 点样孔中有轻微残留, 满足建库测序所需质量要求。

2.2 测序数据量、深度及污染评估

提取的基因组 DNA 测序获得 7.87 Gb 的原始数据 (raw data), 经过质控后得到约 7.25 Gb 的有效数据 (clean data)。正、反向测序数据分别为 read1、

read2，数据质量良好，可用于后续基因组大小估计、contigs 序列构建等分析。测序产生的原始 read (raw read) 为 52 442 796 条，过滤后的有效 read (clean read) 为 52 173 844 条，Q30 值为 91.63%、(G+C) 含量为 47.25%。经过分析获得金黄色球盖菇的基因

组的测序深度为 140×。

在开展进一步分析前，可通过 4 个碱基的含量与平均 (G+C) 含量分布，初步判断数据的质量。质控后碱基含量分布见图 1，平均 (G+C) 含量分布见图 2。

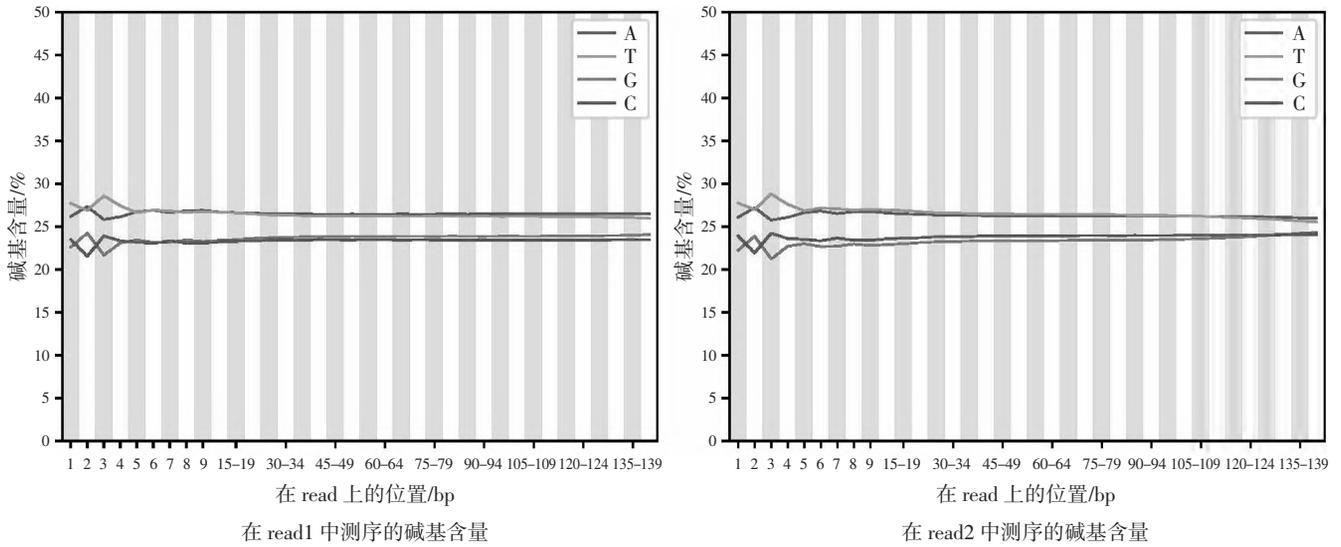


图 1 质控后碱基的含量分布图

Fig.1 The base content after quality control

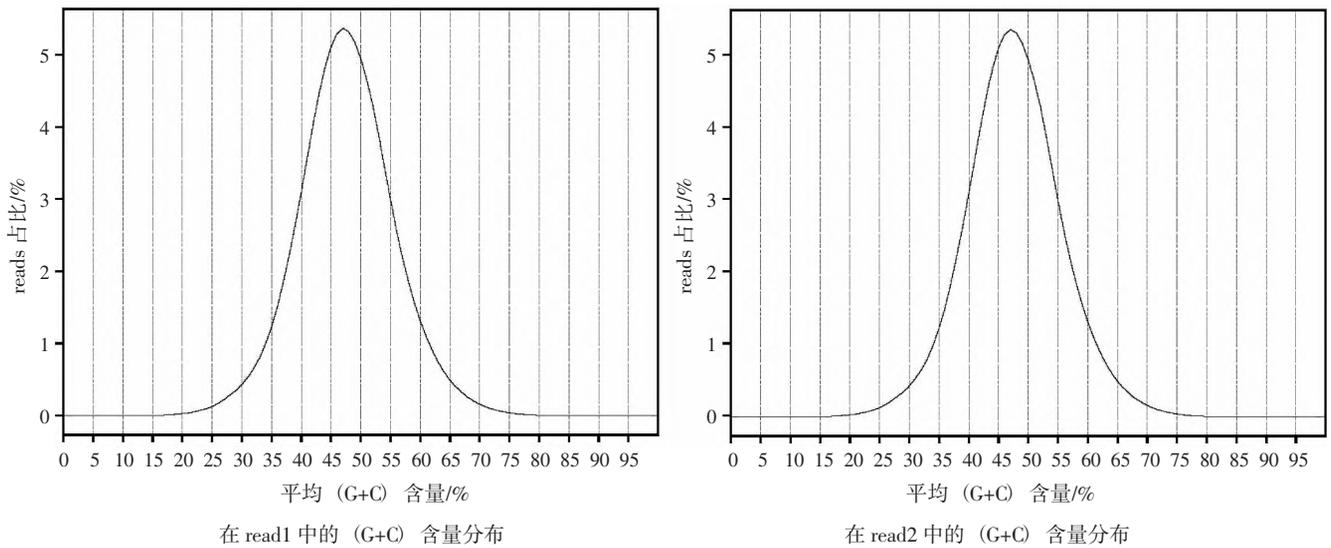


图 2 平均 (G+C) 含量分布图

Fig.2 Distribution diagram of average (G+C) content

注：纵轴表示不同 (G+C) 含量对应的 reads 的占比。

Note: The vertical axis represents the proportion of reads corresponding to different (G+C) content.

如图 1 所示，由于第二代高通量测序技术本身特性的限制，导致测序的前十几个碱基含量会有一些的波动。但在十几个碱基以后，A 与 T、G 与 C 含量基本一致，表明数据碱基含量合格。平均 (G+C) 含量分布是否符合正态分布是判断测序数据污染或部分 reads 构成子集偏差的重要标准之一。如图 2

所示，所得质控数据的平均 (G+C) 含量分布曲线形状接近正态，说明数据质量良好。

随机取 100 000 条质控后的 reads，利用 BLASTN 将其与 NT 数据库进行比对，统计 reads 在 NT 库中的具体比对物种及分布比例^[5]，结果见表 1。

由表 1 中可以看出，质控后的数据有 93% 未在

表1 物种比对统计

Tab.1 Species comparison statistics

物种	片段数目/条	类群
未匹配	96 084	未知
大球盖菇 (<i>Stropharia rugosoannulata</i>)	3 202	真菌
齿环球盖菇 (<i>Stropharia coronill</i>)	110	真菌
未知真菌 (uncultured fungus)	110	真菌
灰盖鬼伞 (<i>Coprinopsis cinerea</i>)	94	真菌
光帽鳞伞 (<i>Pholiota nameko</i>)	83	真菌
真姬菇 (<i>Hypsizygus marmoreus</i>)	81	真菌
黄褐环锈伞 (<i>Pholiota spumosa</i>)	72	真菌
毛栓菌 (<i>Trametes hirsuta</i>)	70	真菌
双色蜡蘑 (<i>Laccaria bicolor</i>)	49	真菌
长根垂膜菇 (<i>Hypholoma radicosum</i>)	45	真菌

数据库中找到对应序列, 但比匹配到的物种都是与试验材料近缘的大型真菌。其中, 可以匹配上的数据中有一半以上都能比对到大球盖菇的片段, 表明测序数据无污染, 获得的数据就是大球盖菇的基因组数据。

2.3 K-mer 分析及基因组大小和杂合率估计

用 K-mer=17 进行分析时使用的是质控后的有效数据 (7.25 Gb), 获得了 1 548 216 004 个 K-mer, 深度为 140×, 得出其频率分布详见图 3。

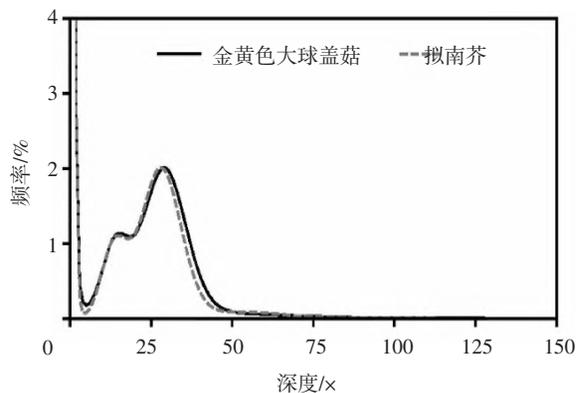


图3 金黄色大球盖基因组 K-mer 为 17 的分布曲线及杂合率模拟曲线

Fig.3 The frequency distribution of K-mer=17 and simulation curves of heterozygosity in *S. rugosoannulata* (golden yellow)

从图 3 可以看出, 深度为 29× 时出现的频率最高, 分布曲线成峰的情况较好, 即在 29× 附近有个主峰值。基因组中杂合子和重复序列的存在影响了 K-mer 深度分布^[18]。在最高峰值的一半左右会出现一个小峰, 因此判断大球盖菇基因组具有一定的杂合

率。利用 KMC 进行评估, 并利用模式物种拟南芥 (杂合率 0.80%) 的基因组模拟对应深度的短片段数据, 在杂合率不同梯度组合情况下进行 K-mer 曲线拟合来估计大球盖菇的杂合率^[15], 最终得到其杂合率为 0.80%。

根据 Survey 分析的结果, 在深度为 29× 附近是主峰值, 通过公式计算得到金黄色大球盖菇的初步基因组大小为 53.39 Mb 左右。

2.4 基因组初步组装及 (G+C) 含量分析

金黄色大球盖菇基因组组装分析结果见表 2。

表2 金黄色大球盖基因组组装结果统计

Tab.2 Genome assembly results of *S. rugosoannulata* (golden yellow) genome

数据类型	Contig		Scaffold	
	长度/bp	数目/条	长度/bp	数目/条
N50	14 943	665	14 943	665
N60	8 219	1 168	8 219	1 168
N70	4 292	2 101	4 292	2 101
N80	1 837	4 110	1 837	4 110
N90	617	9 382	617	9 382
最大长度	361 801	1	361 801	1
总计	55 195 731	25802	55 195 731	25 802
长度 ≥ 1 kb	47 512 952	6601	47 512 952	6 601
长度 ≥ 2 kb	43 593 294	3815	43 593 294	3 815
长度 ≥ 5 kb	37 453 980	1845	37 453 980	1 845

如表 2 所示, 初步组装后的金黄色大球盖菇基因组大小为 55.20 Mb, Contig N50 和 Scaffold N50 为 14 943 bp; scaffold 长度为 55 195 731.00 bp, scaffold 数量为 25 802.00 条; contig 长度为 55 195 731.00 bp, contig 数量为 25 802.00 条, 其中最长为 361 801 bp, 总长为 55 195 731 bp。金黄色大球盖菇的基因组信息显示该基因组为具有一定杂合率的复杂基因组, 后续的测序和组装需要考虑采用更长的测序读长和更精确的测序方法来克服基因组的杂合问题。

金黄色大球盖菇的 (G+C) 含量和覆盖深度见图 4。

由图 4 可知, 大球盖菇的基因组碱基深度主要分布在 50×~80× 和 100×~160×; 基因平均 (G+C) 含量主要分布在 40%~60%。基因组 (G+C) 含量无明显分离的聚团现象, 基因组碱基深度有少量分离,

说明基因组中无明显其他外源污染，大球盖菇为高杂合的物种。

2.5 与其他球盖菇科的基因组比较

在 NCBI 数据库中检索到 12 条球盖菇科的基因组信息，将其与金黄色大球盖菇进行比较，结果见表 3。

如表 3 所示，目前球盖菇属已有 1 种红色大球盖菇^[9]完成了全基因组测序，基因组大小为 50.41 Mb, (G+C) 含量为 47.8%。本研究中，基于第二代高通量测序技术的金色大球盖菇的基因组大小为 55.20 Mb，与红色大球盖菇的基因组大小相近，比其略大，在整个科的基因组中属于中等大小。

同时，结合图 4 可知，金黄色大球盖菇基因组的 (G+C) 含量为 47.25%，与目前已测的球盖菇科近缘物种基因组的含量相近^[20-23]。虽然，球盖菇科的各个物种的 (G+C) 含量存在一定的差异，但 (G+C) 含量都位于 46%~51% 之间，没有明显的过高或过低的现象。本次测序获得的数据的覆盖度为 140×，在整个球盖菇科物种中属于高覆盖度的物种，仅次于红韧黑伞 (*Hypholoma sublateritium*)^[24] 和古巴光盖伞 (*Psilocybe cubensis*)，结果是较为准确和可靠的。

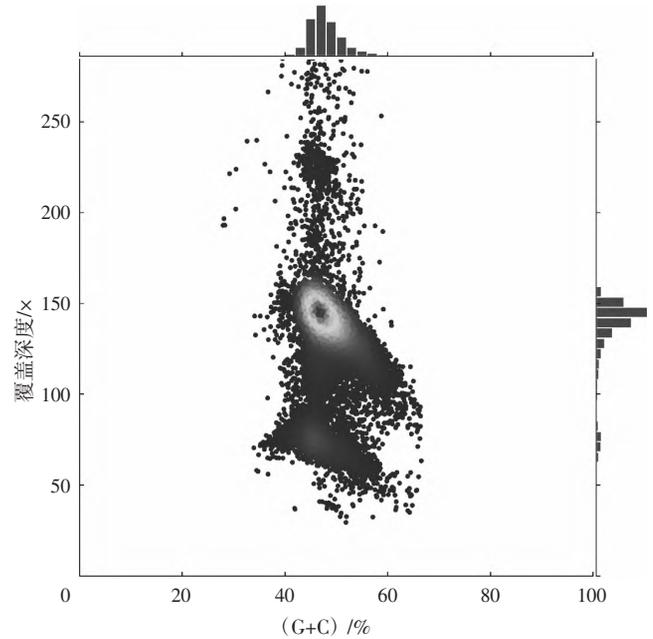


图 4 金黄色大球盖菇的 (G+C) 含量和覆盖深度
Fig.4 (G+C) content and average depth of *Stropharia rugosoannulata*

注：深色部分为散点中点的密度比较大的部分。
Note: The dark color part indicates the denser part of a point in a scatter.

表 3 大球盖菇基因组组装结果与 12 个球盖菇科基因组比较

Tab.3 Comparison of *Stropharia rugosoannulata* assembly results with twelve Strophariaceae genomes

种名	基因组大小 /Mb	(G+C) 含量/%	基因组覆盖 深度 /x	测序技术	公布时间
大球盖菇 (红) <i>Stropharia rugosoannulata</i>	50.41	47.8	51.00	Complete Genomics	2018-07-11
大球盖菇 (金黄) <i>Stropharia rugosoannulata</i>	55.20	47.25	140.00	MGISEQ-2000	—
暗蓝光盖伞 <i>Psilocybe cyanescens</i>	47.47	46.1	44.70	Illumina MiSeq	2018-02-22
古巴光盖伞 <i>Psilocybe cubensis</i>	46.41	46.41	200.00	PacBio Sequel	2021-03-24
<i>Psilocybe cf. subviscida</i>	53.02	49.2	75.54	PacBio RSII	2020-06-23
小孢鳞伞 <i>Pholiota microspora</i>	35.09	47.5	49.00	Complete Genomics	2018-07-11
多脂鳞伞 <i>Pholiota adiposa</i>	54.83	48.5	138.00	Illumina MiSeq; PacBio	2020-01-27
<i>Pholiota conissans</i>	43.96	47.0	102.30	Illumina	2020-11-15
<i>Pholiota molesta</i>	66.04	49.4	65.00	PacBio	2020-10-23
栲生火菇 <i>Flammula alnicola</i>	75.01	48.4	128.90	PacBio	2020-11-16
独生黄韧伞 <i>Hypholoma fasciculare</i>	49.75	50.1	48.84	Illumina HiSeq	2021-02-02
砖红韧黑伞 <i>Hypholoma sublateritium</i>	48.03	51.0	151.00	Illumina	2015-03-02
纹缘盔孢伞 <i>Galerina marginata</i>	59.42	48.0	34.00	454; Illumina	2014-06-06

3 讨论

菌类在自然界中占据重要的生态位，同时又是人类的食用和药用资源的重要来源^[13]；同时，具有丰富的生物多样性，包括物种多样性、遗传多样性

和生态多样性。但在我国食用菌产业的高速发展过程中，也出现了许多的科学问题^[25]，其中一些问题需要运用遗传学的方法来进行解答。目前随着高通量测序、遗传转化、基因编辑等分子生物学技术广泛、成功地运用于遗传学多个方面的研究，食用菌

遗传学正在成为一个研究热点领域^[25]。

通过对金黄色大球盖菇品种“中菌金球盖1号”进行全基因组调查,获得了7.87 Gb的高通量测序数据,基于K-mer为17进行Survey分析。金黄色球盖菇的基因组大小约为55.20 Mb,GC含量为47.25%,杂合率为0.80%,与球盖菇属的多脂鳞伞、砖红韧黑伞^[23]、古巴光盖伞等物种的基因组特征相似。但由于大球盖菇的杂合度为0.80%,后续考虑采用三代测序(Nanopore)结合二代测序(Illumina)以及光学图谱(Bio-NANO)的策略来获得高质量的基因组精细图,甚至是染色体级别的基因组完成图。

上述研究得到的金黄色大球盖菇Survey分析结果,将为高质量基因组完成图谱的绘制提供重要的科学依据。同时,为下一步金黄色球盖菇的颜色调控等遗传机理研究和菌株筛选等提供了一定的理论基础。

参考文献:

- [1] 赵政博, 田恩静. 球盖菇属真菌研究进展[J]. 菌物研究, 2018, 16 (3): 164-169.
- [2] 金银慧. 大球盖菇生物学特性的研究[J]. 农业与技术, 2020, 40 (24): 63-64.
- [3] 汪虹, 陈辉, 张津京, 等. 大球盖菇生物活性成分及药理作用研究进展[J]. 食用菌学报, 2018, 25 (4): 115-120.
- [4] 鄢庆祥, 孙朋, 杜同同, 等. 大球盖菇种植栽培与药用价值研究进展[J]. 北方园艺, 2019 (6): 163-169.
- [5] 王晓炜, 王峰, 陶明焯, 等. 大球盖菇提取物对CCl₄所致肝损伤小鼠的抗氧化作用研究[J]. 食品科学, 2008, 29 (12): 663-667.
- [6] 曹乐梅. 大球盖菇林地优质高产栽培技术研究 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2018.
- [7] 邵华. 大球盖菇多糖对大鼠运动疲劳恢复的影响[J]. 中国食用菌, 2020, 39 (7): 68-71.
- [8] 周新. 大球盖菇多糖对过度运动大鼠脾脏免疫机能及p-p38MAPK蛋白表达的影响[J]. 扬州大学学报: 农业与生命科学版, 2019, 162 (6): 74-78.
- [9] 蒋琳. 大球盖菇多糖(SR-1)与草黄口蘑多糖(TLG-1)的制备, 结构鉴定及生物活性研究[D]. 南充: 西华师范大学, 2019.
- [10] Zhang W, Tian G, Geng X, et al. Isolation and characterization of a novel lectin from the Edible mushroom *Stropharia rugosoannulata*[J]. Molecules, 2014, 19 (12): 19880-19891.
- [11] 张俊波, 刘绍雄, 华蓉, 等. 大球盖菇新品种“中菌金球盖1号”选育[J]. 中国食用菌, 2021, 40 (5): 10-15.
- [12] 朱建伟. 探析大球盖菇产业概况和发展前景[J]. 农业与技术, 2020, 40 (23): 38-39.
- [13] 刘娟, 闵冬青, 唐可兰, 等. 大球盖菇的研究现状及发展前景[J]. 湖南农业科学, 2021 (6): 113-117.
- [14] 图力古尔, 鲁铁. 蕈菌基因组测序的进展[J]. 菌物研究, 2017, 15 (3): 151-165, 148.
- [15] 江思容, 夏志强, 张辰笈, 等. 芭蕉芋和美人蕉全基因组Survey分析[J]. 分子植物育种, 2022, 20 (3): 765-771.
- [16] Sun H, Ding J, Mathieu P, et al. Find GSE: estimating genome size variation within human and *Arabidopsis* using k-mer frequencies[J]. Bioinformatics, 2018 (4): 550-557.
- [17] Li R, Zhu H, Ruan J, et al. De novo assembly of human genomes with massively parallel short read sequencing[J]. Genome Research, 2009, 20 (2): 265-272.
- [18] Shi L, Yi S, Li Y. Genome survey sequencing of red swamp crayfish *Procambarus clarkii*[J]. Molecular biology reports, 2018, 45 (5): 799-806.
- [19] Li H, Wu S, Xiao M, et al. The genome sequences of 90 mushrooms[J]. Scientific Reports, 2018, 8 (1): 9982.
- [20] Floudas D, Bentzer J, Ahrén D, et al. Uncovering the hidden diversity of litter-decomposition mechanisms in mushroom-forming fungi[J]. The ISME Journal, 2020, 14 (8): 2046-2059.
- [21] Steindorff AS, Carver A, et al. Comparative genomics of pyrophilous fungi reveals a link between fire events and developmental genes[J]. Environmental Microbiology, 2020, 23 (1): 99-109.
- [22] Al-Salihi SAA, Dao TT, Williams K, et al. The biogenetic origin of the biologically active naematolin of *hypholoma* species involves an unusual sesquiterpene synthase[J]. Molecular Biotechnology, 2019, 61 (10): 754-762.
- [23] Riley R, Salamov AA, Brown DW, et al. Extensive sampling of basidiomycete genomes demonstrates inadequacy of the white-rot/brown-rot paradigm for wood decay fungi[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, 111 (27): 9923-9928.
- [24] Kohler A, Kuo A, Nagy LG, et al. Convergent losses of decay mechanisms and rapid turnover of symbiosis genes in mycorrhizal mutualists[J]. Nature Genetics, 2015, 47 (4): 410-415.
- [25] 鲍大鹏. 我国食用菌遗传学的发展及展望[J]. 菌物学报, 2021, 40 (4): 806-821.

(本文编辑: 周 汐)