

DOI: 10.16861/j.cnki.zggc.2025.0793

基于 CiteSpace 分析近 10 年中国食药菌遗传育种的热点与前沿趋势

李尽哲¹, 杨宛如¹, 耿立², 王恒³, 黄雅琴¹

(1. 信阳农林学院药学院 河南信阳 464000; 2. 宁津县现代农业发展服务中心 山东宁津 253400;
3. 焦作工贸职业学院生物工程学院 河南焦作 451450)

摘要: 以 CNKI 和 Web of Science 核心数据库中 349 篇食药菌遗传育种相关核心期刊文献为基础, 采用文献计量学方法系统分析了 2015—2025 年间中国食药菌遗传育种领域的研究动态。结果显示, 该领域年度发文量呈持续增长趋势, 已形成一批活跃的核心研究机构与领军学者, 研究热点主要集中于“遗传育种”“育种技术”“羊肚菌”3 个方面, 未来趋势指向“高产优质菌种”和“科学育种技术”。总体来看, 高产、优质、抗逆这 3 个特性是菌种选育的重点, 利用分子标记、基因编辑、转录组和代谢组等前沿技术辅助育种正逐步成为该领域的研究热点。

关键词: 食药菌; 遗传; 育种; 热点; CiteSpace

中图分类号: S646 文献标志码: A 文章编号: 1673-2871(2026)04-253-10

Hotspots and frontier trends of genetic breeding of edible and medicinal fungi in China over the past decade based on CiteSpace analysis

LI Jinzhe¹, YANG Wanru¹, GENG Li², WANG Heng³, HUANG Yaqin¹

(1. College of Pharmacy, Xinyang Agriculture and Forestry University, Xinyang 464000, Henan, China; 2. Modern Agricultural Development Service Center of Ningjin County, Ningjin 253400, Shandong, China; 3. College of Bioengineering, Jiaozuo College of Industry and Trade, Jiaozuo 454150, Henan, China)

Abstract: Based on 349 core journal articles related to genetic breeding of edible and medicinal fungi from the CNKI and Web of Science Core Collection databases, this study systematically analyzed research trends in the field of genetic breeding of edible and medicinal fungi in China from 2015 to 2025 using bibliometric methods. The results showed that the annual number of publications in this field had exhibited a continuous growth trend, with a number of active core research institutions and leading scholars emerging. Research hotspots were primarily focused on three aspects, including “genetic breeding”, “breeding techniques”, and “*Morchella*”. Future trends point toward “high-yield and high-quality strains” and “scientific breeding techniques”. Overall, the three characteristics of high yield, superior quality, and stress resistance are the key priorities of strain breeding. The use of advanced technologies such as molecular markers, gene editing, transcriptomics and metabolomics to assist in breeding is gradually becoming a research hotspot in this field.

Key words: Edible and medicinal fungi; Genetics; Breeding; Hotspots; CiteSpace

遗传育种是推动食药菌产业走向现代化、工业化、精准化的核心驱动力, 不仅可以解决高产、品质是否达标、对逆境是否有抵抗力等问题, 还可以确保菌种少退化乃至不退化^[1]。数量性状的遗传育种是当前的热门研究领域, 通过数量性状遗传育种可以缩短生长周期、提高生物转化率, 选择菌盖大小适中、厚度均匀、色泽鲜亮、菌柄长短合适的品

种^[2]。野生药用菌的活性成分含量波动大, 通过遗传育种可以提高一些药用菌中的有效成分含量, 选育优良菌种并进行标准化栽培, 可以保证药材质量的一致性和可靠性^[3]; 通过诱变或基因工程等手段, 可获得能产生新结构活性物质的菌株, 为新药研发提供资源^[4]。此外, 通过遗传育种可以将具有高营养或药用价值的野生菌进行驯化栽培, 有利于加强

收稿日期: 2025-11-21; 修回日期: 2026-03-02

基金项目: 国家自然科学基金(12305399); 河南省食药菌产业技术体系专项资金(HARS22-08-G1); 河南省高等教育教学改革研究与实践项目(2024SJGLX0937); 校级学术骨干项目(信农教(2023)18号)

作者简介: 李尽哲, 男, 教授, 研究方向为食药菌生产及深加工。E-mail: xynz1688@163.com.

通信作者: 黄雅琴, 女, 教授, 主要从事中药资源与开发研究工作。E-mail: hyaqin88@163.com

野生菌物资源保护,同时更好地满足多样化的市场需求^[5]。

为此,本文采用 CiteSpace 6.2.R4、Bibliometrix 软件,从 CNKI 核心期刊与 Web of Science 核心合集数据库筛选了近 10 年国内具有代表性的文献数据,通过数据网络可视化分析,捕捉食药菌遗传育种领域的热点问题、研究机构和重要学者,通过突现词分析探索食药菌遗传育种领域的前沿、动态与发展趋势,并结合具体文献对研究热点进行重点解析,以期为进一步突破食药菌遗传育种相关研究、促进食药菌产业高质量可持续发展提供参考。

1 材料与方法

1.1 数据来源

本文数据来源于 CNKI 核心期刊与 Web of Science 数据库。(1)在中国知网期刊高级检索页面,选择检索条件:“2015—2025 年”“来源类型:SCI 来源期刊、EI 来源期刊、核心期刊、CSCD”,依次检索主题词“‘食药菌’并含‘遗传’”“‘食药菌’并含‘育种’”“‘食药菌’并含‘分子标记’”“‘食药菌’并含‘基因编辑’”,2025 年 9 月 22 日记为检索日期。(2)在 Web of Science 核心合集数据库检索页面,限定“第一作者单位为中国机构”,依次输入“edible fungi(食用菌)”“Medicinal Fungi(药用菌)”“genetic breeding(遗传育种)”“molecular marker(分子标记)”“‘CRISPR/Cas9(基因编辑技术)’”“‘strain(菌株)’and‘improvement(改良)’”等为关键词进行

精确检索,文献发表年限为 2015—2025 年,从中筛选第一作者工作单位为国内机构的文献。共获得中文文献 564 篇、英文文献 248 篇,通过在检索结果页面阅读文章摘要,分别去除偏离主题及重复的中英文文献 414 篇、49 篇,筛选出相关中文文献 150 篇、英文文献 199 篇,作为本文分析的基础数据;中、英文文献均来源于期刊中发文量前 10 位的期刊(表 1~2)。

1.2 分析方法

将检索出的 CNKI 文献数据导出为 Refworks 格式文件,Web of Science 文献导出为纯文本格式文件,应用 CiteSpace 6.2.R4 和 Bibliometrix 对年度发文量统计、关键词共现与聚类分析、关键词时区分析和突现词分析、机构共现分析与机构合作网络分析、作者共现分析与作者合作网络分析等进行可视化分析,并生成对应的知识图谱。

2 结果与分析

2.1 CiteSpace 知识图谱分析

2.1.1 高频关键词 通过分析高频关键词,可以直观地了解食药菌遗传育种领域的研究热点分布。(1)基于 CNKI 数据,利用 CiteSpace 对关键词进行可视化分析,并选择 Key word 作为节点进行聚类分析,时间跨度(time slicing)为 2015—2025 年,时间分区(years per slice)设置为 1。运算后得到 188 个关键词节点,365 条连线;发现近 10 年国内食药菌遗传育种研究高频关键词为“育种”“食用菌”“香菇”“羊肚菌”“金针菇”“分子标记”等(表

表 1 2015—2025 年 CNKI 中文核心期刊中国食药菌遗传育种领域发文量(前 10)

Table 1 The number of paper published genetic breeding of edible and medicinal fungi in China research in CNKI-indexed Chinese core journals (Top 10, 2015 to 2025)

排名 Rank	期刊 Journal	出版周期 Publication cycle	复合影响因子(2025 年版) Composite impact factors (2025 Edition)	发文量 Number of paper published
1	食用菌学报 <i>Acta Edulis Fungi</i>	双月刊 Bimonthly	2.972	12
2	菌物学报 <i>Mycosystema</i>	月刊 Monthly	3.267	10
3	北方园艺 <i>Northern Horticulture</i>	半月刊 Semimonthly	2.582	8
4	中国瓜菜 <i>China Cucurbits and Vegetables</i>	月刊 Monthly	2.232	4
5	福建农业学报 <i>Fujian Journal of Agricultural Sciences</i>	月刊 Monthly	1.681	4
6	江苏农业科学 <i>Jiangsu Agricultural Sciences</i>	半月刊 Semimonthly	2.864	2
7	菌物研究 <i>Journal of Fungal Research</i>	双月刊 Bimonthly	3.955	2
8	微生物学通报 <i>Microbiology China</i>	月刊 Monthly	2.801	2
9	分子植物育种 <i>Molecular Plant Breeding</i>	半月刊 Semimonthly	2.554	2
10	生物技术通报 <i>Biotechnology Bulletin</i>	月刊 Monthly	2.623	2

注:数据来源于 CNKI。

Note: Data sourced from CNKI.

表 2 2015—2025 年 Web of Science 期刊中国食药菌遗传育种研究领域发文量概况(前 10)
Table 2 The overview of paper published on genetic breeding of edible and medicinal fungi in China research from Web of Science(Top 10, 2015 to 2025)

排名 No.	期刊 Journal	出版周期 Publication cycle	JCR 影响因子(2024—2025 年版) JCR Impact Factor(2024—2025 Edition)	发文量 Number of paper published
1	<i>FEMS Microbiology Letters</i>	Semimonthly	2.2	8
2	<i>Journal of Fungi</i>	Monthly	4.0	6
3	<i>International Journal of Medicinal Mushrooms</i>	Quarterly	1.4	6
4	<i>Scientific Horticulturae</i>	Semimonthly	3.1	4
5	<i>Frontiers in Microbiologys</i>	Quarterly	4.0	4
6	<i>Microbial Biotechnology</i>	Quarterly	4.8	4
7	<i>Food</i>	Semimonthly	4.7	4
8	<i>Applied and Environmental Microbiology</i>	Semimonthly	3.7	3
9	<i>Process Biochemistry</i>	Quarterly	3.7	3
10	<i>Journal of Agricultural and Food Chemistry</i>	Weekly	6.2	2

注:数据来源于 Web of Science 核心合集数据库。

Note: Data sourced from Web of Science core collection database.

3,图 1-A)。(2)基于 Web of Science 数据,运算后得到 254 个关键词节点,910 条连线;高频关键词为“expression(生长)、evolution(进化)、mushroom(蘑菇)、strains(菌株)、*Agaricus bisporus*(双孢菇)、edible mushroom(食用菌)”(表 3,图 1-B)。

使用对数似然法(LLR)对高频关键词进行聚类,得到关键词聚类图谱,以明确表现研究热点的知识结构特征。通过聚类分析,中、英文文献分别得到 8 个聚类(cluster),且聚类模块值(Q 值)分别为 0.685 7、0.610 9,均大于 0.3,表明聚类结构显著;聚类平均轮廓值(S 值)分别为 0.893 3、0.862 3,均大于 0.7,表明聚类结果可靠。主要的中文关键词

聚类包括“聚类分析、育种、食用菌、诱变育种、羊肚菌、原生质体、育种技术、农杆菌”等(表 4、图 1-C),英文关键词聚类包括“genome editing(基因编辑)、intro(导论)、candidate genes(候选基因)、*Agaricus bisporus*(双孢菇)、*Morchella esculenta*(羊肚菌)、filamentous fungi(丝状真菌)、endophytic fungus(内生真菌)、aneuploidy(非整数倍)”等(表 4、图 1-D)。

关键词时区分析和突现词分析:关键词时区视图(图 2-A、B)和突现词分析(图 2-C、D)结果显示,近 10 年来国内食药菌遗传育种研究热点存在阶段性演变的发展特征。从中文文献来看,2015—2017 年的突现词为“转录组、分子标记、金针菇”,分

表 3 2015—2025 年国内食药菌遗传育种研究中前 10 位关键词的词频和中心度统计

Table 3 Word frequency and central degree statistics of the top 10 key words in genetic breeding of edible and medicinal fungi in China research 2015 to 2025

中文文献 Chinese literature				英文文献 English literature			
序号 No.	频次 Frequency	中心度 Centrality	关键词 Key words	序号 No.	频次 Frequency	中心度 Centrality	关键词 Key words
1	21	0.39	食用菌 Edible fungi	1	19	0.37	Expression
2	17	0.29	羊肚菌 <i>Morchella esculenta</i>	2	12	0.23	Evolution
3	16	0.29	分子标记 Molecular marker	3	29	0.22	Mushroom
4	10	0.27	香菇 <i>Lentinula edodes</i>	4	12	0.17	Strains
5	12	0.23	杂交育种 Hybrid breeding	5	20	0.14	<i>Agaricus bisporus</i>
6	11	0.23	育种 Breeding	6	9	0.13	Aflp
7	7	0.11	育种技术 Breeding technology	7	7	0.13	Edible mushroom
8	4	0.11	原生质体 Protoplast	8	12	0.12	Button mushroom
9	4	0.11	杂交 Hybridization	9	10	0.11	Annotation
10	9	0.09	聚类分析 Cluster analysis	10	8	0.11	<i>Pleurotus ostreatus</i>

注:中心度值大于 0.1,表明该节点在食药菌遗传育种相关研究领域知识演变中起到关键作用。

Note: The centrality value is greater than 0.1, which indicated that this node played a key role in the evolution of knowledge in the field of genetic breeding of edible and medicinal fungi.

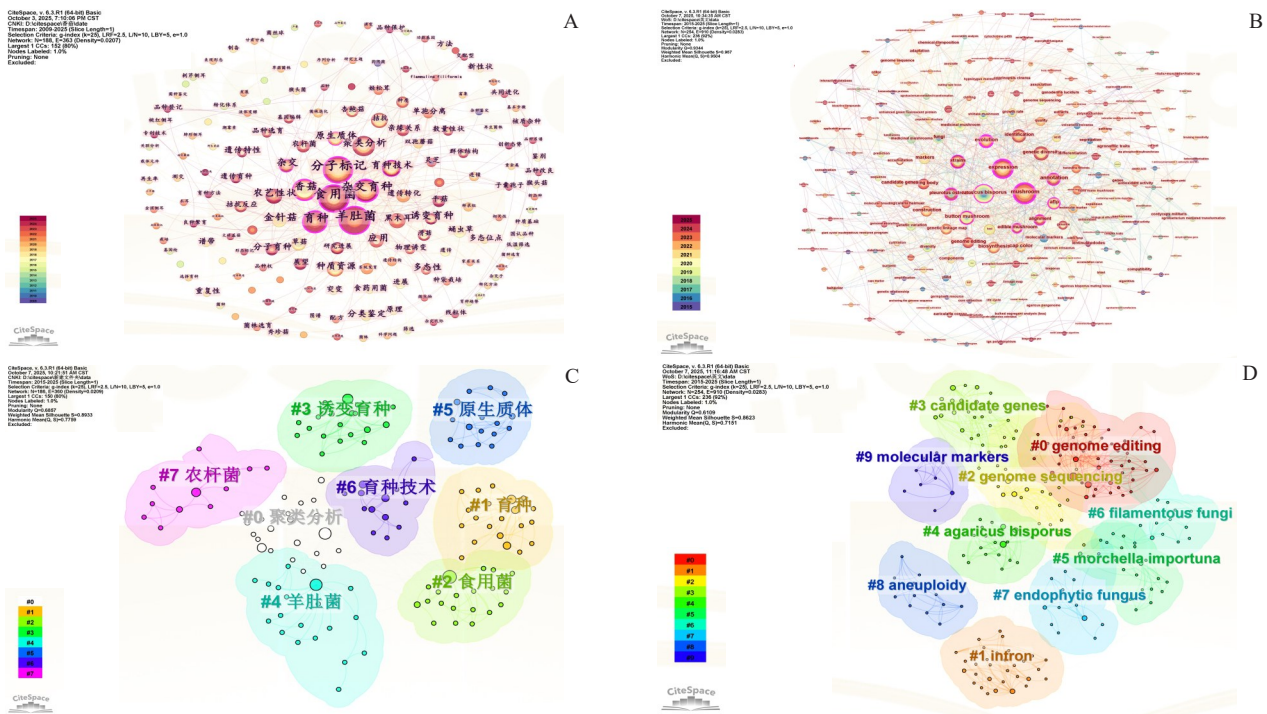


图1 国内食药菌遗传育种研究文献关键词共现知识图谱(A、B)、聚类知识图谱(C、D)

Fig. 1 Key words co-occurrence knowledge map (A, B), clustering knowledge map (C, D) in genetic breeding of edible and medicinal fungi research of China

子在金针菇等食用菌遗传与品种改良中的应用是该阶段研究者们探索的重点;2018—2020年的突现词为“菌株退化、农艺性状、转录组”,显示食药菌研究拓展到菌株退化等新对象,且深入到转录组层面探究其遗传机制;2021—2025年的突现词为“姬松茸”,说明该阶段姬松茸成为人们的研究热点。2015—2016年的突现词为“molecular markers(分子标记)、*Agaricus bisporus*(双胞蘑菇)、button mushroom(小白蘑菇)”,表明对双胞蘑菇开展分子标记这一时期的研究热点;2017年的突现词为*Pleurotus ostreatus*(平菇)、medicinal mushroom(药用菌),表明这一年平菇和药用菌被研究者关注较多;2018—2023年的突现词为“genetic variation(遗传变异)、tool(工具)、genetic diversity(遗传多样性)、genome editing(基因编辑)、quality(质量)、*Flammulina filiformis*(金针菇)、winter mushroom(也指金针菇)、*Auricularia heimuer*(黑木耳)”,表明这一时期的研究热点是借助基因编辑技术对金针菇、黑木耳进行遗传改良,以提升其产品质量。

2.1.2 研究机构与作者合作情况 研究机构共现分析:研究机构共现分析能够直观地显示出2015—2025年间我国哪些机构在食药菌遗传育种领域较为活跃,并处于研究成果产出较多的优势地位。

从研究机构共现图谱(图3-A、B)可见,中文文献中10年间在食药菌遗传育种研究领域贡献最大的机构为上海市农业科学院食用菌研究所,英文文献中贡献最大的机构为Shanghai Academy of Agricultural Sciences(上海市农业科学院),属于同一个机构。其他主要机构的发文情况见表5。

研究机构聚类分析:由图3-C、D可见,基于中文文献的研究机构聚类,得到182个节点、147条连线,其密度值(density)仅为0.0089,英文文献的研究机构聚类后,得到109个节点、204条连线,其密度值为0.0374,表明10年间国内食药菌遗传育种研究领域的机构合作度还极低。可能的原因如下:一是国内外资源交流不足,国内高校研究目标和企业研发目标脱节;二是食药菌遗传育种研究方面育种成本高、风险高,短期效益低,这始终制约着高校、科研院所与食用菌生产企业之间的交流合作。

作者合作网络分析:通过对可视图谱的分析,发现近10年CNKI发文数量最多的作者是鲍大鹏,其次是谭琦、尚晓冬、宋春艳、章炉军、李红、陆欢、宋莹、张敏、李玉等,以上学者构成了我国食药菌遗传育种研究领域的领军人物。中文文献作者共现分析图谱显示237个节点,426条连线,网络密度为

表 4 2015—2025 年国内食药菌遗传育种研究关键词聚类结果

Table 4 Cluster analysis of key words in genetic breeding research of edible and medicinal fungi (2015 to 2025)

中文文献 Chinese literature			英文文献 English literature		
聚类 Cluster ID	S 值 Silhouette	关键词 Key words	聚类 Cluster ID	S 值 Silhouette	关键词 Key words
#0 聚类分析 Cluster analysis	0.868	聚类分析 Cluster analysis、分子标记 Molecular marker、简单序列重复间去标记 ISSR、随机扩增多态性 DNA 标记 RAPD、草菇 <i>Volvariella volvacea</i> 、滑菇 <i>Pholiota nameko</i> 、数量性 Quantitative	#0 Genome editing	0.834	Symptom; Posttraumatic stress disorder; Population; Civilians; Major depression
#1 育种 Breeding	0.917	羊肚菌 <i>Morchella esculenta</i> 、品种选育 Variety breeding、核糖体 DNA 内转录间隔区 rDNA ITS、多基因联合 Multigene combination、配方 Formulation、菌种鉴定 Strain identification	#1 Intro	0.820	Public health management; Biological weapon; Outbreak, bioterrorism; Local and systemic infection
#2 食用菌 Edible fungi	0.837	食用菌 Edible fungi、专利技术 Patented technology、鉴别 Identification、应用进展 Application progress、物理诱变 Physical mutagenesis	#2 Candidate genes	0.772	Mass destruction; Subway sarin attack; Disaster management; Emergency; Breast cancer; Radiation attack
#3 诱变育种 Mutation breeding	0.989	诱变育种 Mutation breeding、分子育种 Molecular breeding、杂交育种 Cross breeding、食用菌育种 Edible fungi breeding、育种目标 Breeding goal、方法 Method	#3 <i>Agaricus bisporus</i>	0.855	Bereavement; Television; Perceived risk; Personal threat; Political affiliation; Recovery
#4 羊肚菌 <i>Morchella esculenta</i>	0.870	育种 Breeding、农艺性状 Agronomic traits、展望 Prospect、种质资源 Germplasm resources、进展 Progress、大球盖菇 <i>Stropharia rugosoannulata</i> 、食用菌遗传学 Genetics of edible fungi、木耳 <i>Auricularia auricula-judae</i>	#4 <i>Morchella importuna</i>	0.853	Surveillance; Contact tracing, Diagnosis; Population surveillance cultivation substrate; Salmone
#5 原生质体 Protoplast	0.925	原生质体 Protoplast、杂交 Cross、筛选 Screening、桃红侧耳 <i>Pleurotus djamor</i> 、数量性状 Quantitative trait	#5 Filamentous fungi	0.930	Terrorist attacks; Response; New york; Stress; Culture; Hazards of modern life; Containing composted sawdust
#6 育种技术 Breeding technology	0.926	育种技术 Breeding technology、双孢蘑菇 <i>Agaricus bisporus</i> 、木耳 <i>Auricularia auricula-judae</i> 、研究进展 Research progress、基因枪 Gene gun、蛹虫草 <i>Cordyceps militaris</i> 、遗传转化 Genetic transformation	#6 Endophytic fungus	0.924	Forensic science; Terrorist bombings; Physical; Rat damage; Lungs; Charge explosives; Homemade explosives; Improvised explosive; Devices
#7 农杆菌 <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	0.833	农杆菌 <i>Agrobacterium tumefaciens</i> 、香菇 <i>Lentinus edodes</i> 、菌丝球 Mycelial pellet、转化体系 Transformation system、gus 染色 GUS assay、刺芹侧耳 <i>Pleurotus eryngii</i> 、新品种 New variety、杂交子 Hybrid strain、拮抗 Antagonism、潮霉 <i>Trichoderma</i>	#7 Aneuploidy material	0.983	Virus; Burkholderia mallei; Bacillus anthracis; Encephalitis

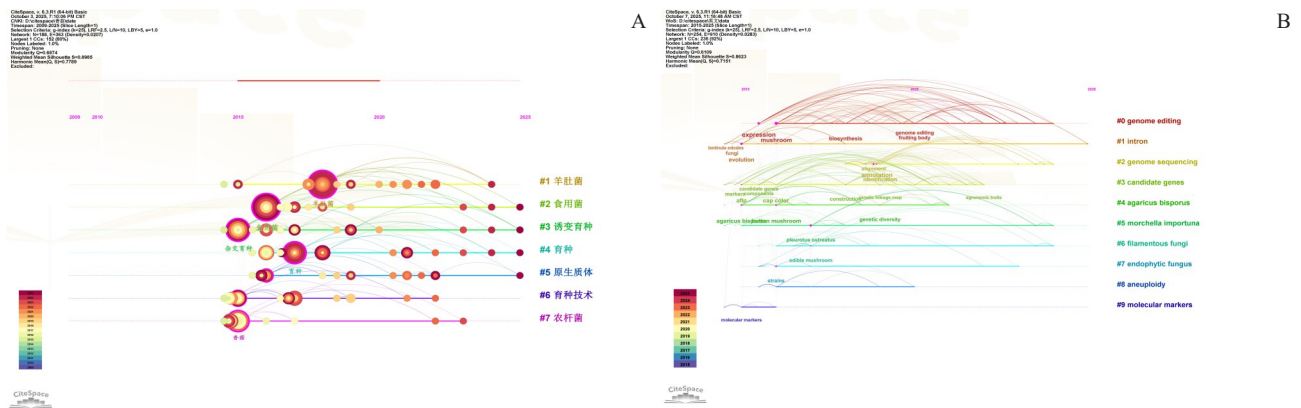
注: S 值为聚类平均轮廓值, S>0.5 表明聚类合理, S>0.7 表明聚类是令人信服的。

Note: The S-value represents the average silhouette coefficient of clusters. An S-value >0.5 indicates reasonable clustering, while S-value >0.7 suggests convincing clustering.

0.015 2(图 4-A);英文文献作者共现分析图谱显示 226 个节点,434 条连线,网络密度为 0.017 1(图 4-B)。具体来说,上海市农业科学院鲍大鹏、谭琦、尚晓冬、宋春艳、章炉军等作者间,华中农业大学肖扬、龚文兵、边银丙、李闯等作者间,吉林农业大学李玉、付永平、戴月婷、宋冰等作者间,以及中国科学院刘肖斌、杨祝良、李静等作者间,华南农业大学林俊芳、郭丽琼、陈柏雄、何宝林等作者间连线紧密,分别组成了较紧密的食药菌遗传育种技术领域的研究攻坚团队。

2.2 研究热点解析

2.2.1 关键词时区脉络图分析 由图 5 可知,学者在 2017—2018 年间,比较关注食药菌种质资源、以草菇尤其是香菇的遗传育种、以 ISSR 为代表的食药菌分子标记技术。在 2019—2021 年间,研究人员开始关注食药菌的遗传多样性、遗传育种技术(杂交育种及各种遗传转化手段)方面。2022—2023 年间,在食药菌的遗传育种方面,人们更多地关注其农艺性状,原生质体融合育种技术



国内突现强度前 13 的突现词
Top 13 key words with the strongest citation bursts

关键词 Key words	年份 Year	中心度 Strength	开始 Begin	结束 End	2010—2025
香菇 <i>Lentinula edodes</i>	2015	2.80	2015	2017	
金针菇 <i>Flammulina filiformis</i>	2015	1.35	2015	2018	
蛹虫草 <i>Cordyceps militaris</i>	2015	1.24	2015	2017	
杏鲍菇 <i>Pleurotus eryngii</i>	2015	0.94	2015	2016	
种质资源 Germplasm resources	2016	1.08	2016	2017	
分子标记 Molecular marker	2015	0.89	2017	2018	
菌株退化 Strain degeneration	2018	0.90	2018	2020	
转录组 Transcriptome	2019	1.05	2019	2020	
遗传转化 Genetic transformation	2015	1.02	2019	2021	
姬松茸 <i>Agaricus blazei</i>	2021	1.04	2021	2022	
黑木耳 <i>Auricularia heimuer</i>	2017	1.09	2022	2023	
农艺性状 Agronomic traits	2018	1.04	2022	2025	
育种 Breeding	2017	1.84	2023	2025	

Top 14 key words with the strongest citation bursts

Key words	Year	Strength	Begin	End	2010—2025
Molecular markers	2015	2.20	2015	2016	
<i>Agaricus bisporus</i>	2015	4.00	2016	2018	
Button mushroom	2016	1.92	2016	2019	
<i>Pleurotus ostreatus</i>	2017	2.28	2017	2018	
Medicinal mushroom	2017	1.92	2017	2020	
Genetic variation	2018	1.82	2018	2019	
Tool	2019	2.14	2019	2021	
Genetic diversity	2019	1.84	2019	2021	
Markers	2015	2.42	2020	2021	
Quality	2021	1.88	2021	2022	
<i>Flammulina filiformis</i>	2022	2.45	2022	2023	
Genome editing	2020	2.29	2022	2025	
Winter mushroom	2022	1.96	2022	2023	
<i>Auricularia heimuer</i>	2023	1.92	2023	2025	

图 2 国内食药菌遗传育种研究文献关键词时区视图(A、B)及突现词分析(C、D)
Fig. 2 Key words time zone view (A, B) and burst word analysis (C, D) in genetic breeding of edible and medicinal fungi research in China

成为人们关注的焦点,尤其是随着羊肚菌栽培面积的扩大,羊肚菌育种相关领域成为国内研究的热点。由图 6 可知,在 2016—2018 年间,比较关注双孢蘑菇的遗传育种和分子标记。在 2019—2020 年间,其研究内容主要集中在食药菌的遗传多样性方面。2021—2023 年间,食药菌遗传育种领域研究进入活跃期,蘑菇的进化基因组学、生物信息学相关研究成为热点。2024—2025 年间,对食药菌遗传领域研究热度降低,少量的研究集中在食药菌转录组学相关研究辅助育种。

2.2.2 食药菌高频研究品种的育种重点与技术应用 10 年间国内食药菌遗传育种领域涉及的常见品种有香菇、羊肚菌、金针菇、杏鲍菇、黑木耳、蛹虫草、姬松茸、大球盖菇、草菇、滑菇等。其中羊肚菌属于食药两用菌,具有机体免疫力调节、抗疲劳、抑制肿瘤、降血脂、抗氧化等多种活性^[6],且口感鲜美等深受市场欢迎,近年来羊肚菌的栽培范围越来越大,相关研究涉及种质资源、农艺性状、育种技术等多方面^[7];香菇作为传统优势品种,研究集中在

遗传转化、菌株改良等领域^[8-9];金针菇是早期分子技术应用的核载体^[10],相关研究推动了分子标记在其他食药菌遗传育种中的普及。由于双孢菇在国外食药菌领域占据主导地位,因此,其食药菌领域的遗传育种相关研究主要围绕双孢菇开展。

2.2.3 分子标记与组学技术在食药菌遗传育种中的核心应用 分子标记与组学技术作为食药菌遗传育种的“精准导航系统”,从基础资源解析到定向品种培育构建起全链条技术支撑。分子标记技术以高特异性与稳定性成为育种实践的核心工具;ISSR、SRAP 等标记可快速区分白灵菇不同极性单核菌株^[11],通过聚类分析预判杂交子表型相关性,显著提升育种效率,通过开发 SCAR 标记^[12],实现了白灵菇育种中目标菌株的精准筛选;SSR 标记能构建香菇主栽品种特异指纹图谱,Liu 等^[13]利用 SSR 标记成功鉴定 25 个香菇商业品种中的 23 个,有效解决“同物异名”的菌种鉴定难题,SNP 标记通过功能基因序列分析可实现 15 个香菇栽培菌株的完全

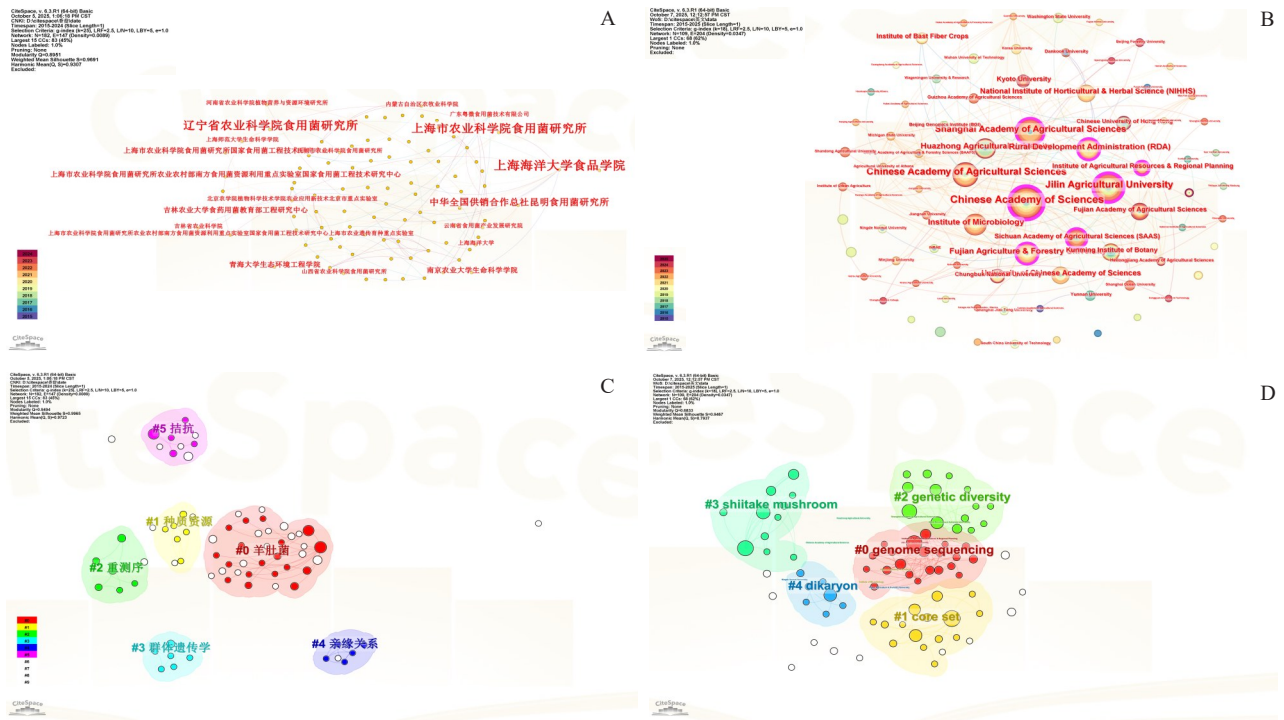


图3 研究机构共现图谱(A、B)和聚类图谱(C、D)
Fig. 3 Research institutions network map (A, B) and cluster map (C, D)

表5 2015—2025年国内食药菌遗传育种领域发文量排名前10研究机构

Table 5 Top 10 research institutions in terms of publication volume in the field of genetic breeding of edible and medicinal fungi in China from 2015 to 2025

中文文献 Chinese literature	英文文献 English literature		
机构名称 Organization name	机构名称 Organization name		
上海市农业科学院食用菌研究所 Institute of Edible Fungi, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	28	Shanghai Academy of Agricultural Sciences	8
辽宁省农业科学院食用菌研究所 Edible Fungi Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences	12	Huazhong Agricultural University	7
吉林农业大学 Jilin Agricultural University	10	Jilin Agricultural University	6
福建省农业科学院食用菌研究所 Edible Fungi Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences	9	Chinese Academy of Sciences	5
中华全国供销合作总社昆明食用菌研究所 Kunming Edible Fungi Research Institute, All China Federation of Supply and Marketing Cooperatives	8	Fujian Agriculture & Forestry University	5
中国农业科学院农业资源与农业区划研究所 Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences	7	Chinese Academy of Agricultural Sciences	4
河北工程大学园林与生态工程学院 College of Landscape and Ecological Engineering, Hebei University of Engineering	6	Nanjing Normal University	3
云南农业大学食用菌研究所 Edible Fungi Research Institute, Yunnan Agricultural University	5	South China Agricultural University	3
杭州市农业科学研究院菌种站 Strain Station, Hangzhou Academy of Agricultural Sciences	5	Sichuan Academy of Agricultural Sciences	2
内蒙古自治区农牧业科学院 Inner Mongolia Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences	4	Wageningen University & Research	2

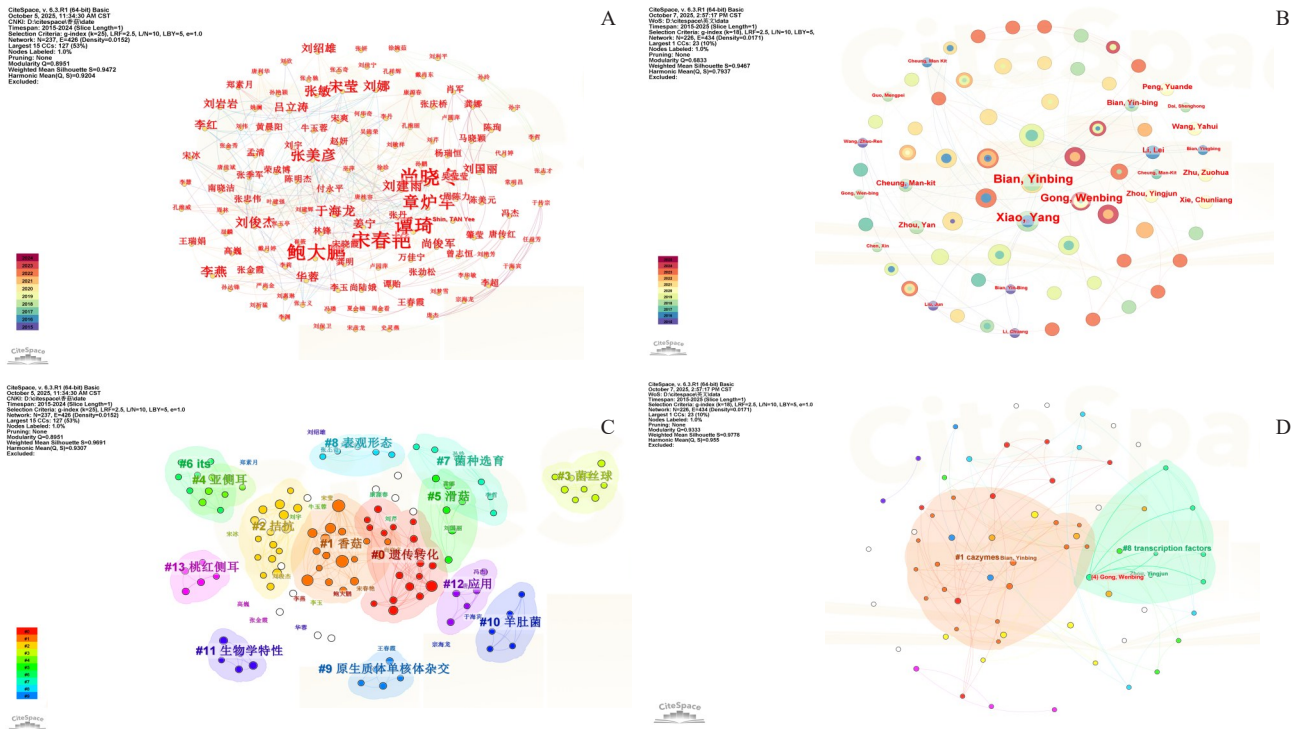


图4 作者合作网络图谱(A、B)和聚类图谱(C、D)
 Fig. 4 Author cooperative network map (A, B) and cluster map (C, D)

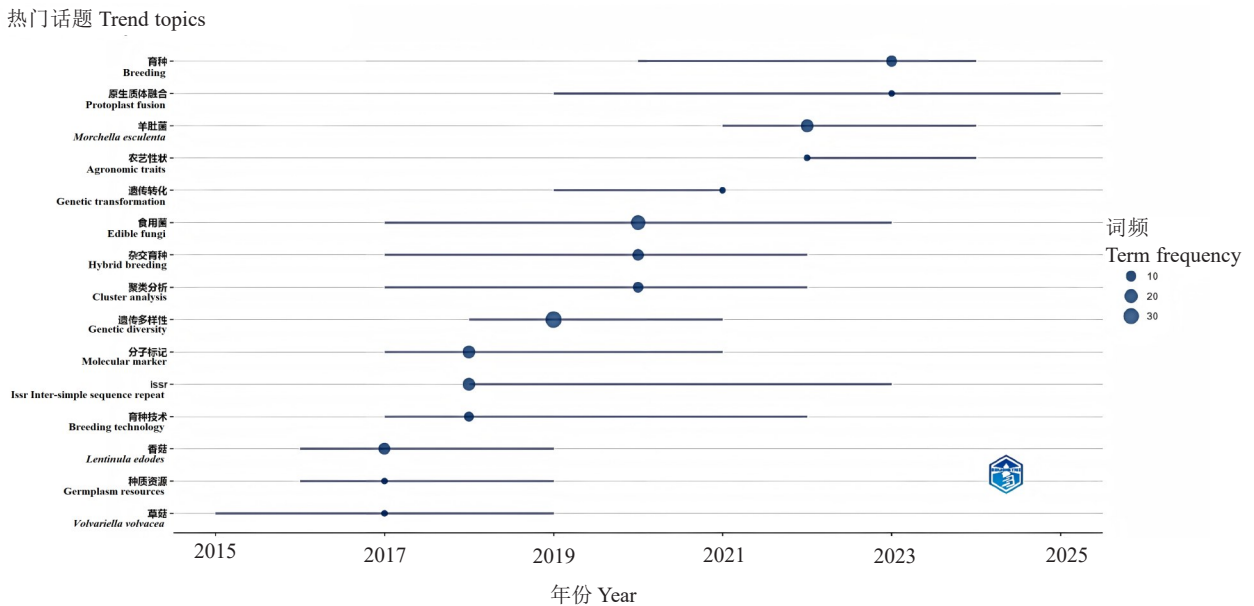


图5 中文文献关键词时区脉络图
 Fig. 5 Timezone context map of key words in Chinese literature

区分,展现出在菌种精准鉴定中的独特优势^[14]。组学技术则为育种提供深度机制解析,转录组学在金针菇品质改良、菌种复壮研究领域的应用成果卓著,尤其是通过解析基因表达谱,辅助食用菌的分子育种成为研究的热点^[15-16]。代谢组技术可精准定位与食用菌活性成分合成相关的代谢通路,结合分子标记的关联分析,实现多糖、三萜等功效成分的定向

调控,为食药菌优质品种培育提供分子机制参考^[17]。近年来,利用转录组和代谢组技术辅助食药菌育种,推动了高效育种体系的构建,加快食用菌优良品种选育已经成为业内的共识。

2.2.4 食药菌菌株退化问题及遗传改良策略研究 菌株退化是食药菌产业稳定发展的核心瓶颈,表现为菌丝生长减缓、子实体产量下降、抗逆性

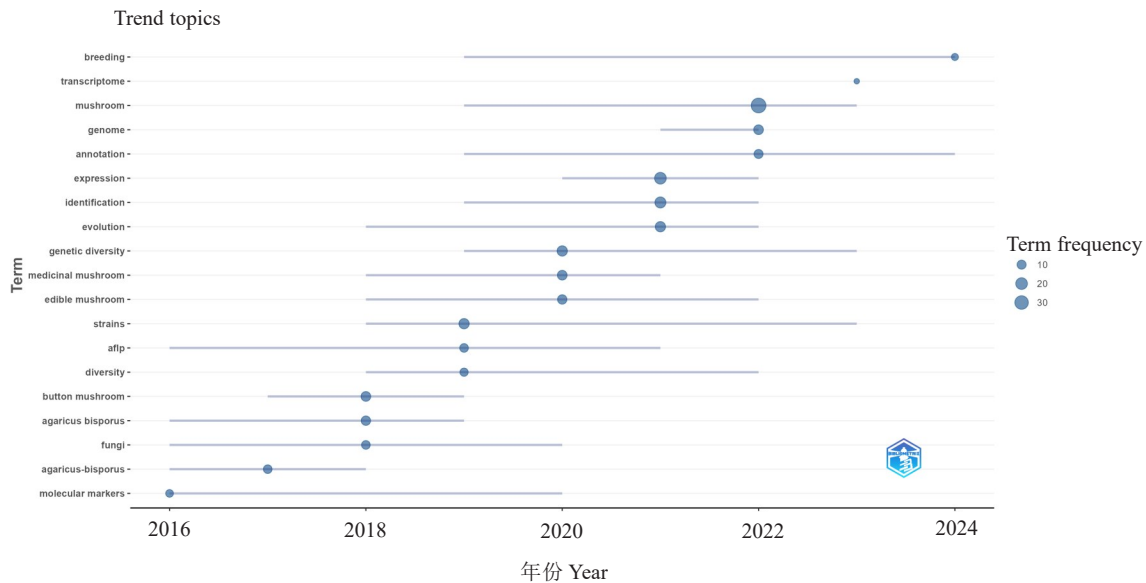


图6 英文文献关键词时区脉络图

Fig. 6 Timezone context map of key words in English literature

衰退及品质劣化等特征,其成因涉及遗传漂变、近交衰退、活性氧累积引发的代谢紊乱等多重因素^[18]。甘颖等^[19]研究显示,菌种退化的一个重要表现是子实体形成障碍,这一过程与保守的交配型基因座 MAT(mating-type)调控的有性生殖系统密切相关。Wang 等^[20]研究发现,草菇的菌株退化与活性氧的积累相关,其菌株的退化与复壮跟谷胱甘肽过氧化物酶基因的表达关系密切。针对上述这些问题,遗传改良策略已形成从机制解析到技术落地的完整体系:在分子诊断层面,借助转录组与代谢组联用技术,可精准定位退化关键基因与代谢通路;在育种改良层面,分子标记辅助育种技术可高效筛选稳定菌株,通过开发 SCAR 标记实现优良菌株的精准选育^[21],而基因工程技术则能定向增强菌株稳定性。这些策略的综合应用,为构建食药菌菌种长效稳定体系提供了关键技术支撑^[22]。

3 展望

通过对国内外食药菌遗传育种领域的文献进行可视化分析,结果表明,食药菌遗传育种领域的相关研究总体上呈现出深化趋势,主要集中在羊肚菌、香菇和双孢菇 3 个种类上,高产、优质、抗逆是选育的重点,利用分子标记、基因编辑和组学技术辅助育种是当前研究的热点。

当前分子标记、组学技术已成为遗传育种的核心支撑^[23],多组学联合在食药菌育种中应用广泛,比如赵旭^[24]以香菇主栽品种及高温恢复型菌株

IN44 为材料,通过表型测定、内参基因筛选及多组学检测,从多分子层面解析香菇高温胁迫应答的分子模式与机制,为耐高温香菇品种的选育奠定了基础。未来需进一步推动多技术协同创新:一方面,应强化基因编辑技术在食药菌定向改良中的应用^[25],针对“高产、抗逆、优质”关键性状开发精准编辑体系,解决传统育种周期长、性状调控难的痛点;另一方面,原生质体融合、农杆菌介导转化、辐射育种等这些传统技术亟须与代谢组学、表观遗传学等技术结合,提升育种效率^[26]。

随着食药菌产业集约化发展,资源消耗与生态保护的矛盾逐渐凸显。在“三物循环”理念的指引下未来研究应兼顾“产业效益”与“生态友好”:一方面,加强食药菌种质资源的系统性保护,建立国家级种质资源库,对野生菌株进行基因测序与保藏,避免因过度驯化导致遗传多样性流失;另一方面,探索“循环农业”模式,利用组学技术筛选能高效降解农业废弃物(如秸秆、木屑)的菌株,开发“废弃物-菌渣-有机肥”的循环利用技术,降低栽培过程中的资源消耗与环境污染,同时提高土壤微生物活性^[27]。此外,需关注气候变化对食药菌生长的影响^[28],通过基因编辑、驯化筛选等技术培育耐高温、耐高湿、抗低温等适应性菌株,提升产业应对极端环境的能力,实现食药菌遗传育种与生态可持续发展的协同。

参考文献

- [1] 边银丙.食用菌遗传育种学[M].北京:高等教育出版社,2022.

- [2] 张丹,董浩然,徐蒋振,等.食用菌遗传连锁图谱研究现状[J].食用菌学报,2024,31(3): 100-112.
- [3] 吴晓蕻,刘艳芳,张劲松,等.白肉灵芝‘云灵3号’选育[J].食用菌学报,2024,31(5): 37-45.
- [4] 杨万里,张劲松,唐晨旻,等.灵芝常用诱变育种与高通量筛选的研究进展[J].微生物学通报,2025,52(8): 3684-3699.
- [5] 张金霞.中国食用菌菌种学[M].北京:中国农业出版社,2011.
- [6] LI P, DAI X F, CHEN X F, et al. Recent advances in the bioactive polysaccharides and other key components from *Morchella* spp. and biological activities: A review[J]. Carbohydrate Research, 2025, 554: 109515.
- [7] 支彩艳,乔俊,赵建国,等.羊肚菌人工栽培技术研究进展[J].北方园艺,2021(15): 143-150.
- [8] 鲍大鹏.食用菌杂交育种中的技术策略(上)[J].食用菌学报,2024,31(6): 1-16.
- [9] 鲍大鹏.食用菌杂交育种中的技术策略(下)[J].食用菌学报,2025,32(1): 123-135.
- [10] 吕志文,杨环,魏传正,等.金针菇 MNP 分子标记菌株鉴别技术建立[J].菌物学报,2024,43(1): 22-38.
- [11] MOHAMED M H, ASSAL E M S D E S, DIN E G Y K A, et al. Analysis of genetic diversity and population structure in some Egyptian Berseem (*Trifolium alexandrinum*) accessions based on ISSR, SCoT and SRAP markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2024, 71(8): 4885-4899.
- [12] PARNMEN S, NOORON N, PRINGSULAKA O, et al. Discrimination of lethal russula subnigricans from wild edible and morphologically similar mushrooms in the genus russula using SCAR markers[J]. Food Control, 2024, 158: 110239.
- [13] LIU X B, FENG B, LI J, et al. Genetic diversity and breeding history of winter mushroom (*Flammulina velutipes*) in China uncovered by genomic SSR markers[J]. Gene, 2016, 591(1): 227-235.
- [14] ZHOU M, ZHAI R, XIE X Y, et al. Integrated biorefinery process for dual production of fermentable sugars and functional humic acids from lignocellulose[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2025, 311: 143185.
- [15] 刘静,王伟霞,李福后.多组学分析金针菇正常和退化菌株的碳氮代谢途径[J].北方园艺,2025(11): 40-47.
- [16] 李文云,卢雪伟,邵悠然,等.基于转录组分析金针菇子实体发育过程中 GABA 生物合成机制[J].食用菌学报,2025,32(3): 13-27.
- [17] SUN Y H, HE B J, CAO X M, et al. Metabolomics analysis reveals the formation mechanism of *Cordyceps militaris* fruiting bodies in liquid culture[J]. Food Chemistry, 2025, 495(Part 3): 146651.
- [18] 田甜,姚澜,范冬雨,等.金针菇退化菌丝的生理生化特征[J].微生物学通报,2021,48(10): 3603-3611.
- [19] 甘颖,陈杰,林俊彬,等.食用菌菌种退化机制及保藏方法研究进展[J].菌物研究,2025,23(4): 322-329.
- [20] WANG W P, TAN Q F, WANG Q L, et al. Glutathione peroxidase gene regulates substrate development and prevents strain aging in *Volvariella volvacea*[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2024, 289: 138835.
- [21] 张瑞颖,胡丹丹,左雪梅,等.分子标记技术在食用菌遗传育种中的应用[J].中国食用菌,2011,30(1): 3-7.
- [22] XIE M Y, WANG F X, ZHOU X Y, et al. Multi-omics approaches for advancing edible fungi: From genomics-enabled strain development to metabolomics-guided postharvest preservation[J]. Food Bioscience, 2025, 71: 107161.
- [23] 曾雨康,李荣春.食用菌生物育种技术前沿方法及其未来展望[J].北方园艺,2025(17): 116-122.
- [24] 赵旭.基于多组学联合分析的香菇高温胁迫研究[D].合肥:中国科学技术大学,2019.
- [25] 张志刚,张劲松,邹根,等.基于 CRISPR/Cas9 方法构建‘沪农灵芝1号’基因编辑系统[J].食用菌学报,2023,30(2): 9-18.
- [26] DONG Y T, MIAO R Y, FENG R C, et al. Edible and medicinal fungi breeding techniques, a review: Current status and future prospects[J]. Current Research in Food Science, 2022, 5: 2070-2080.
- [27] HU Q Y, YANG J, CHEN Z P, et al. Rice-edible mushroom *Stropharia rugosoannulata* rotation mitigates net global warming potential while enhancing soil fertility and economic benefits[J]. European Journal of Agronomy, 2025, 164: 127521.
- [28] MARERA A, LEBLANC H, ARAGÓN J M D, et al. Analysis of climate change impacts on the biogeographical patterns of species-specific productivity of socioeconomically important edible fungi in Mediterranean forest ecosystems[J]. Ecological Informatics, 2024, 81: 102557.

作者更正

2026年第39卷第1期发表的韩闯等的论文《采用ISSR评价东北地区不同滑菇栽培品种性状》(DOI: 10.16861/j.cnki.zggc.2025.0208),由于撰写与校对疏忽,导致原标注的基金项目:黑龙江省省属科研院所科研业务费项目(CZBZ202406003)编号有误,正确的编号应为CZBZ202506003,特此更正。

此更正不影响论文研究内容、数据、结论及作者署名。

韩 闯