

皱木耳种质遗传特性评价及优良菌株筛选

孔令建¹, 孙明斌¹, 山显奇¹, 金玲¹, 姚方杰^{1,2}, 鲁丽鑫¹

(1. 吉林农业大学园艺学院 长春 130118; 2. 吉林农业大学·中国食用菌新种质培育国际合作研究中心 长春 130118)

摘要:为明确皱木耳种质资源表型性状和遗传差异,筛选优异种质,并为后续新品种选育和种质创新提供参考依据,以9个不同地理来源的皱木耳菌株为试验材料,采用体细胞不亲和性试验、ITS序列鉴定及SRAP分子标记技术分析菌株间的遗传关系,并结合农艺性状隶属函数进行综合评价。结果表明,ITS鉴定9个供试菌株均为皱木耳;体细胞不亲和性试验中36个组合均出现明显拮抗线,说明各菌株间存在差异性;SRAP分子标记聚类分析显示,在相似系数为0.36时可将供试菌株划分为南方类群和北方类群,揭示了菌株间具有丰富的遗传背景。不同菌株的生育期、产量、耳片颜色及耳片褶皱等农艺性状差异显著,综合隶属函数评价结果,菌株C9得分最高(0.919),其生育期(77 d)、产量(3.91 kg·100 kg⁻¹干料)及商品性状均表现优良;菌株C3具有较好的商品性状,耳片较大、浅黄色;菌株C4生育期短(77 d),产量高(4.03 kg·100 kg⁻¹干料);菌株C5耳片红褐色、耳片腹面脉状褶皱。4个优异种质可作为优良杂交菌株选育的亲本材料。

关键词:皱木耳; SRAP; 农艺性状; 隶属函数; 种质评价

中图分类号: S646.6

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2026)08-054-09

Evaluation of genetic characterization and screening of excellent strains of *Auricularia delicata* germplasm

Kong Lingjian¹, Sun Mingbin¹, Shan Xianqi¹, Jin Ling¹, Yao Fangjie^{1,2}, Lu Lixin¹

(1. College of Horticulture, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, Jilin, China; 2. Jilin Agricultural University/International Cooperative Research Center of China for New Germplasm Breeding of Edible Mushroom, Changchun 130118, Jilin, China)

Abstract: To clarify the phenotypic traits and genetic differences of *Auricularia delicata* germplasm resource, screen excellent germplasm, and provide a reference for new variety breeding and germplasm innovation, this study used nine strains from different geographical origins as materials. Somatic incompatibility tests, ITS sequence identification, and SRAP molecular marker techniques were employed to analyze the genetic relationships among the strains, combined with a comprehensive evaluation based on the membership function of agronomic traits. The results showed that ITS sequence identification confirmed that all nine tested strains were *A. delicata*. In the somatic incompatibility tests, all 36 combinations exhibited obvious antagonistic lines, indicating differences among the strains. SRAP molecular marker cluster analysis revealed that at a similarity coefficient of 0.36, the tested strains could be divided into a southern group and a northern group, indicating differences among the strains. Significant differences were observed among strains in agronomic traits such as growth period, yield, ear color, and ear fold. According to the comprehensive membership function, strain C9 scored the highest (0.919), with excellent performance in growth period (77 d), yield (3.91 kg·100 kg⁻¹ dry substrate), and commercial traits. Strain C3 showed good commercial traits, with large ears and light yellow color. Strain C4 had a short growth period (77 d) and high yield (4.03 kg·100 kg⁻¹ dry substrate). Strain C5 featured reddish-brown ear color with vein-like folds on the ventral side. These four excellent germplasm resources can serve as parental materials for the selection and breeding of superior hybrid strains.

Key words: *Auricularia delicata*; Sequence-related amplified polymorphism; Agronomic trait; Membership function; Evaluation of germplasm resource

收稿日期: 2026-02-25; 修回日期: 2026-03-31

基金项目: 国家重点研发计划(2023YFD1201600)

作者简介: 孔令建, 男, 在读硕士研究生, 主要研究方向为食用菌种质资源评价。E-mail: 1959143060@qq.com

通信作者: 鲁丽鑫, 女, 讲师, 主要从事食用菌遗传育种研究。E-mail: lixinl@jlau.edu.cn

皱木耳 [*Auricularia delicata* (Mont. ex Fr.) Henn.] 隶属于担子菌门 (Basidiomycota)、蘑菇纲 (Agaricomycetes)、蘑菇目 (Agaricales)、木耳科 (Auriculariaceae), 又称鹿肚耳、脆木耳, 是一种兼具食用与药用价值的食用菌^[1]。其子实体富含 β -葡聚糖、氨基酸、蛋白质和粗多糖, 具有增强人体免疫功能的效果^[2-4]。此外, 皱木耳作为传统药物在印度曼尼普尔邦等地被用于治疗胃肠道及肝脏疾病^[5]。其独特的蘑菇风味和口感, 特别是子实体腹面脉状和网状皱褶结构, 不仅丰富了食物的层次感, 还能保留烹饪过程中食材的独特风味, 赢得了消费者的普遍喜爱^[3]。近年来, 皱木耳逐渐成为我国新兴食用菌种类之一, 在我国西南地区形成规模化生产, 但目前皱木耳资源挖掘较少, 生产上品种单一、遗传背景狭窄, 均为野生驯化品种, 存在菌种易老化、种源不清等情况, 容易造成主栽品种产量不稳定和品种混杂, 从而限制了皱木耳产业的健康发展。

目前, 对皱木耳种质资源和品种选育的研究主要聚焦在资源鉴定、农艺性状表型评价、驯化新品种和栽培条件优化等方面, 曹雪莲等^[1]通过对皱木耳表型性状多样性分析发现, 子实体颜色、耳片大小有较大差异, 其多样性程度高, 具有较大的种质挖掘潜力, 为新品种的选育奠定了物质基础。钱可晴等^[6]通过测定皱木耳菌丝的生长速度及长势, 筛选出最适母种配方及生长条件, 在碳源为葡萄糖、氮源为酵母浸粉的母种培养基上培养 (pH=6.0、28 ℃), 有利于促进菌丝的生长发育。张桐等^[3]通过对野生皱木耳菌株驯化并成功选育鹿肚耳新品种; 许娟等^[4]通过野生种质系统选育出新品种并命名为黔皱耳 1 号; 冯云利等^[7]通过系统育种技术成功选育出新品种中菌皱木耳 1 号。前人对于皱木耳的研究多聚焦于单一表型层面, 缺乏对种质遗传背景与农艺性状的系统性分析, 难以系统揭示种质资源的遗传差异。

SRAP (sequence-related amplified polymorphism) 分子标记技术具有操作简便、性能稳定且在基因组中的均匀分布等优势^[8], 已广泛应用于灰树花^[9]、金顶侧耳^[10]、大球盖菇^[11]等食用菌种质多样性研究中。隶属函数法在种质资源评价和食用菌基质评价筛选中具有严格的客观性和极高的准确性, 同时操作简便, 结果直观可靠^[12]。郇晨鹏等^[13]利用隶属函数和主成分分析评价不同番茄果实品质, 筛选出品质最佳的品种。高迎东^[14]采用隶属函数对平菇、姬菇等 5 种食用菌在不同配方条件下的菌株农

艺性状进行综合评价, 从而筛选出最优的栽培配方。周春衡等^[15]基于隶属函数法评价不同配方下平菇生长和品质变化, 综合评价筛选出适宜的栽培基质配方。郝振坤等^[16]通过隶属函数评价 11 种食用菌在泡核桃基质上的生长适应性。因此, 本研究以皱木耳菌株为试验材料, 通过 ITS (internal transcribed spacer) 序列鉴定、体细胞不亲和性试验、SRAP 分子标记技术与农艺性状测定相结合的方法, 运用隶属函数法对供试菌株进行综合评价, 旨在揭示皱木耳种质资源的遗传差异, 筛选出适合育种的优良菌株, 为后续皱木耳育种和种质创新提供参考依据和育种材料, 对促进皱木耳产业高质量发展具有重要现实意义。

1 材料与方法

1.1 供试菌株

9 株皱木耳菌株信息如表 1 所示, 其中, C9 为地方品种, C7、C8 为杂交菌株。所有菌种保藏于吉林农业大学园艺学院。

表 1 皱木耳供试菌株信息		
Table 1 Information on test strains of <i>A. delicata</i>		
菌株编号 Strain number	菌株名称 Strain name	来源 Source
C1	Z2	贵州剑河 Jianhe, Guizhou
C2	Y1	广西柳州 Liuzhou, Guangxi
C3	Z1	贵州剑河 Jianhe, Guizhou
C4	Y2	广西柳州 Liuzhou, Guangxi
C5	山羊 101 Shanyang 101	山东临沂 Linyi, Shandong
C6	羊肚耳 Yangduer	河北保定 Baoding, Hebei
C7	A14×Z1	吉林农业大学 Jilin Agricultural University
C8	A14×Y1	吉林农业大学 Jilin Agricultural University
C9	中菌皱木耳 1 号 Zhongjunzhoumuer No. 1	中华全国供销合作总社 昆明食用菌研究所 Kunming Edible Fungi Research Institute of the All-China Federation of Supply and Marketing Cooperatives

1.2 试验设计

试验于 2024 年 12 月至 2025 年 8 月在吉林农业大学园艺学院菌类蔬菜实验室进行, 母种培养基采用 PDA 培养基配方, 培养料配方为阔叶树木屑

含量(ϕ ,下同)78%,麸皮含量 20%,石灰含量 1%,石膏含量 1%,含水量 60%。选用聚丙烯栽培袋,规格为 17 cm×33 cm,菌袋每袋装料量 300 g 湿料。121 ℃高压灭菌 2 h,待菌袋冷却后接种,每个菌株接种 60 袋,25 ℃避光培养发菌。出菇试验采用完全随机排列,3 次重复,在环境可控的出菇房内按照常规方法进行出菇管理。

1.3 ITS 鉴定

使用 ITS 通用引物 ITS1 (5'-TCCGTAGGT-GAACCTGCGG-3')和 ITS4(5'-TCCTCCGCTTATT-GATATGC-3')对提取到的不同菌株 DNA 进行 PCR 扩增和测序^[17],利用琼脂糖电泳检测 PCR 扩增产物是否合格,并由吉林省库美生物科技有限公司对扩增产物进行测序,测序完成后在 NCBI 数据库(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)中完成 BLAST 的比对分析,利用 MEGA 软件(v5.1)构建系统发育树^[18]。

1.4 体细胞不亲和性试验

将活化后的 9 个皱木耳菌株接种于 90 mm 的 PDA 培养基中,将 3 个不同菌株的菌块接在同一个 PDA 培养基上,每个菌块间隔 2 cm,3 次重复,在 25 ℃恒温生化培养箱中培养 15 d,观察不同菌株之间的交界处是否有拮抗反应,有拮抗反应的标记为“+”,无拮抗反应的标记为“-”。

1.5 SRAP 分子标记筛选与扩增分析

1.5.1 DNA 的提取 使用改良 CTAB 法^[19]提取皱

木耳菌株 DNA。利用琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计测定 DNA 质量和浓度,并将每个菌株的 DNA 浓度(ρ ,后同)稀释到 50 ng· μL^{-1} ,放置于-20 ℃保藏备用。

1.5.2 PCR 扩增体系及分析 从通用 SRAP 分子标记中选择 9 个上游引物和 17 个下游引物^[20-21],如表 2 所示,由吉林省库美生物科技有限公司合成。SRAP-PCR 反应体系 25 μL :DNA 模板 1 μL ,上下游引物各 1 μL ,MasterMix 12.5 μL ,ddH₂O 9.5 μL ;反应条件为:95 ℃预变性 5 min;95 ℃变性 30 s,35 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 1 min,5 个循环;95 ℃变性 30 s,50 ℃退火 1 min,72 ℃延伸 1 min,35 个循环;72 ℃延伸 10 min,4 ℃保存。PCR 完成后吸取 8 μL PCR 扩增产物,利用 1.4%的琼脂糖电泳,通过紫外凝胶成像系统对电泳条带进行观察并保存图像。统计电泳图谱所形成的条带,对扩增出来的条带分别赋值,扩增出来的条带为 1,未扩增出来的为 0,用 NTSYSpc 软件(v2.10)非加权平均法(UPGMA)进行聚类分析绘制聚类图。

1.6 菌丝生物学特性测定

将菌块接种于 PDA 培养基中央,25 ℃恒温培养箱培养 15 d,每个菌株 3 次重复。采用十字划线法标记菌丝生长速度,并使用游标卡尺测量菌丝生长速度,观察并记录菌丝的菌落形态、菌落色素、菌落密度、菌丝颜色,比较不同菌株间的生长速度。

表 2 SRAP 引物序列信息
Table 2 Sequence information of SRAP primers

正向引物 Forward primer	引物序列 Primer sequence	反向引物 Reverse primer	引物序列 Primer sequence
me1	TGAGTCCAAACCGGATA	em1	GACTGCGTACGAATTAAT
me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	em2	GACTGCGTACGAATTTCG
me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
me4	TGAGTCCAAACCGGACC	em4	GACTGCGTACGAATTTGA
me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	em5	GACTGCGTACGAATTAAC
me6	TGAGTCCAAACCGGTAG	em6	GACTGCGTACGAATTGCA
me7	TGAGTCCAAACCGGTTG	em7	GACTGCGTACGAATTATG
me8	TGAGTCCAAACCGGTGT	em8	GACTGCGTACGAATTAGC
me9	TGAGTCCAAACCGGTCA	em9	GACTGCGTACGAATTACG
		em10	GACTGCGTACGAATTTAG
		em11	GACTGCGTACGAATTTCTG
		em12	GACTGCGTACGAATTGTC
		em13	GACTGCGTACGAATTGGT
		em14	GACTGCGTACGAATTCAG
		em15	GACTGCGTACGAATTCTG
		em16	GACTGCGTACGAATTCGG
		em17	GACTGCGTACGAATTCCA

1.7 农艺性状测定

从将菌种接种于栽培袋次日起,至菌袋打孔前为满袋期,从接种次日至菌袋出现原基为原基期,菌袋出现可采收的耳片为子实体时期。采收后随机选取 15 个耳片,使用游标卡尺测量长、宽、厚,计算长宽比。肉眼观察耳片的颜色(浅黄色、褐色和红褐色)和褶皱(脉状和网格状)^[1]。木耳自然晾干,使用电子天平测量鲜耳和干耳的质量,鲜质量与干质量之比即为泡发度。将每个菌株菌袋的实际产量换算为每 100 kg 干料对应的干耳产量。

1.8 数据处理及分析

试验数据使用 Excel 2019 进行整理,采用 SPSS 24.0 进行单因素方差分析,并利用隶属函数对皱木耳菌株进行综合评价。其隶属函数值计算公式为:

$$U_{ij} = (X_{ij} - X_{\min}) / (X_{\max} - X_{\min})$$

其中, X_{ij} 表示菌株(j)的性状(i)的隶属函数

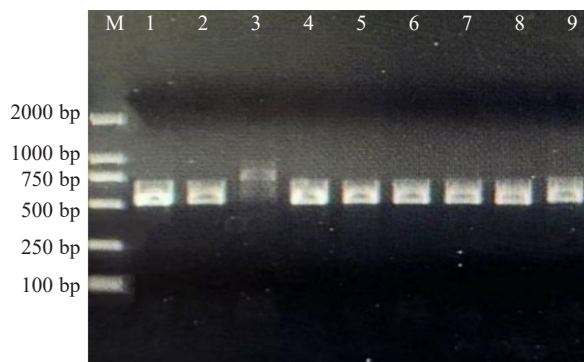
值。 $X_{\max}$ 和 $X_{\min}$ 分别为该性状指标的最大和最小测量值。所有性状隶属函数值的平均值即综合评价值 D 。

$$D = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n U_{ij}$$

2 结果与分析

2.1 ITS 鉴定分析

9 个皱木耳菌株的 ITS 序列扩增产物电泳结果如图 1 所示,每个菌株均在 500~750 bp 处只存在 1 个清晰条带,无杂带,PCR 扩增特异性良好。从图 2 的系统发育树可以看出,以香菇、黑木耳为外群,9 株供试菌株均与 GenBank 中已鉴定的皱木耳 *Auricularia delicata* 序列(OL839322.1、OP975777.1 等)聚为一支,Bootstrap 支持率达 99%,表明供试菌株均为皱木耳,分子鉴定结果可靠。



注: M 为 2000 bp DNA Marker。1~9 为供试菌株 C1~C9。下同。

Note: M denotes the 2000 bp DNA marker. Number 1-9 represent the test strains C1-C9. The same below.

图 1 供试菌株 ITS-PCR 扩增产物的琼脂糖凝胶电泳图

Fig. 1 Agarose gel electrophoresis of ITS-PCR amplification products from the test strains

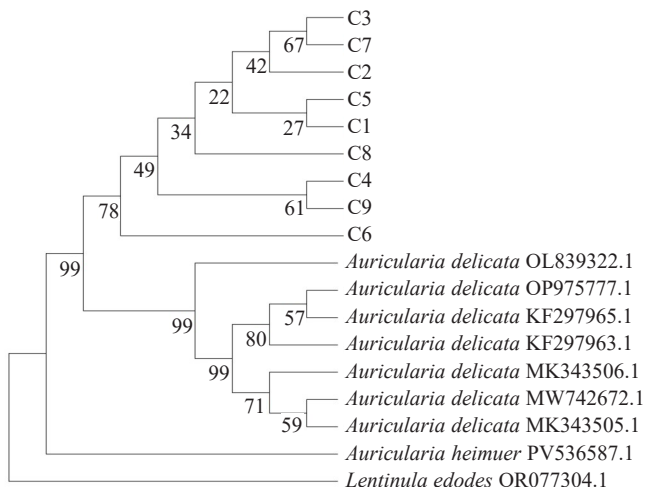


图 2 供试菌株 ITS-PCR 扩增产物构建的系统发育树

Fig. 2 Phylogenetic tree constructed from ITS-PCR amplification products of test strains

2.2 体细胞不亲和性分析

对9株皱木耳菌株进行体细胞不亲和性试验,共计36个拮抗组合,所有组合的菌株间均产生明显拮抗现象,拮抗线表现为隆起型(图3)。由表3统计结果可见,9个菌株间均存在拮抗反应,表明皱木耳菌株之间在体细胞水平上存在明显的遗传差异,且该差异不依赖于地理来源或亲本关系。



注:菌株间拮抗线为隆起型。

Note: Protrude type among the test strains.

图3 供试菌株间的拮抗反应(部分)

Fig. 3 Antagonistic reaction of the test strains(partial)

表3 供试菌株体细胞不亲和性试验结果
Table 3 Results of somatic incompatibility test for the test strains

菌株编号 Strain number	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8
C2	+							
C3	+	+						
C4	+	+	+					
C5	+	+	+	+				
C6	+	+	+	+	+			
C7	+	+	+	+	+	+		
C8	+	+	+	+	+	+	+	
C9	+	+	+	+	+	+	+	+

注: + 表示存在拮抗现象。

Note: + indicates the presence of an antagonistic reaction.

2.3 利用SRAP分子标记对皱木耳菌株的遗传特性分析

通过153对SRAP引物组合对9个供试菌株进行扩增,共筛选出14对多态性好、条带清晰、分布合理的引物。如表4所示,14对引物共扩增出174个条带,不同引物组合扩增的条带数在10~16

个,平均每对引物扩增出12.43个条带。其中,me3-em10引物组合扩增能力最强,扩增出16个条带,me1-em17和me5-em12引物组合的扩增条带数最少,仅扩增出10个。14对引物共扩增出165个多态性条带,多态性比率达94.83%,平均每对引物产生11.79个多态性条带,表明供试菌株具有丰富的遗传多样性。图4为引物组合me3-em1对9个菌株的扩增结果,条带清晰且重复性好。

从聚类树状图5可见,9株皱木耳菌株的遗传

表4 筛选出的SRAP引物组合及其扩增结果
Table 4 SRAP primer combinations screened in the experiment and their amplification results

序号 Number	引物组合 Primer pair	总条带数 Total band number	多态性条带数 Polymorphism band number
1	me1-em2	11	11
2	me1-em10	12	12
3	me1-em17	10	9
4	me2-em1	11	11
5	me3-em1	12	12
6	me3-em10	16	16
7	me5-em12	10	10
8	me6-em1	15	14
9	me6-em4	12	9
10	me6-em9	15	14
11	me6-em12	11	10
12	me7-em4	15	15
13	me8-em1	13	13
14	me9-em1	11	9
总数 Total		174	165

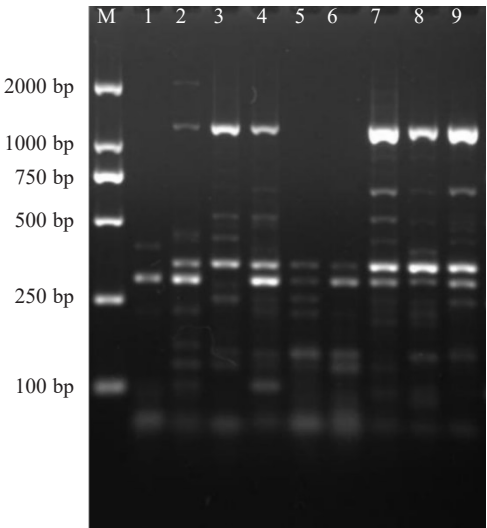


图4 引物组合me3-em1的扩增产物电泳图
Fig. 4 Electrophoresis pattern of amplification products by the primer me3-em1

相似系数介于 0.27~0.63。在相似系数 0.36 处可分为 2 个类群,且具有明显的地理分布特征:南方类群(I)包含 C1、C2、C3、C4、C7、C8、C9,均来自云南、贵州、广西等南方省份,其中杂交菌株 C7、C8 因亲本之一来源于贵州,故聚类于南方类群;北方类群(II)包含 2 株菌株 C5、C6,分别来自山东和河北,与南方类群存在着较大的遗传差异,这可能与长期的地理隔离和气候适应有关。在相似系数 0.57 处,南方类群进一步分为 4 个亚群,其中 C1 与 C3(均来自贵州)、C2 与 C4(均来自广西)分别聚为一类,印证了地理来源对遗传背景的影响。

2.4 皱木耳菌株菌丝体生物学特性分析

从表 5 可知,9 个皱木耳菌株菌丝生长速度差异显著,菌丝平均生长速度为 $2.991\text{ mm}\cdot\text{d}^{-1}$,菌丝生长速度最快的菌株 C7 为 $3.670\text{ mm}\cdot\text{d}^{-1}$,显著高于(C5 除外)其他菌株;菌丝生长最慢的菌株 C4,为 $2.273\text{ mm}\cdot\text{d}^{-1}$ 。在菌丝浓密度方面,C7 菌株表现为中等,其余菌株表现为浓密。所有菌株菌落形态均表现为均匀,菌丝颜色均为白色,菌落分泌色素不明显。

2.5 皱木耳菌株农艺性状分析

皱木耳菌株间的农艺性状表现出较大差异,具体性状数据见表 6。在生育期方面:满袋时间在

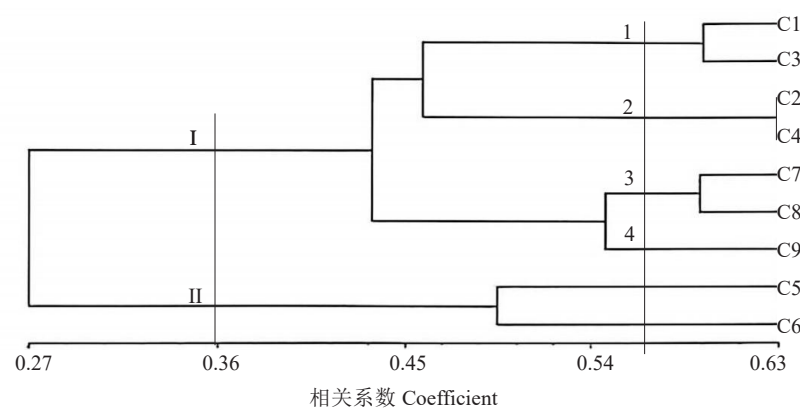


图 5 基于 SRAP 分子标记的皱木耳菌株聚类分析树状图

Fig. 5 Cluster analysis tree diagram of the test strains by SRAP molecular markers

表 5 供试菌株菌丝体生物学特性

Table 5 Mycelial characteristics of the test strains

菌株编号 Strain number	菌丝平均生长速度 Average growth rate/(mm·d ⁻¹)	菌落形态 Colony morphology	分泌色素 Colony pigment	菌落颜色 Mycelium color	菌丝浓密度 Mycelial density
C1	2.673±0.035 e	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C2	2.837±0.050 d	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C3	3.580±0.090 b	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C4	2.273±0.035 g	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C5	3.620±0.030 ab	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C6	2.413±0.035 f	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C7	3.670±0.056 a	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	中等 Moderately dense
C8	3.207±0.045 c	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant
C9	2.643±0.031 e	均匀 Uniform	不明显 Inconspicuous	白色 White	浓密 Luxuriant

注:同列数字后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。下同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference at 0.05 level. The same below.

37~43 d,平均满袋时间为 39 d,满袋期最短的菌株是 C4 和 C6,菌株 C5 所需时间最长。原基期在 48~54 d,平均出现原基的时间为 51 d,原基期最短的菌株是 C4 和 C9,最长的菌株是 C5。子实体采收期在 77~83 d,平均为 79 d,采收期最早的菌株是 C3、C4 和 C6,最晚的菌株是 C5。所有菌株每 100 kg 干料产干耳质量在 3.29~4.03 kg,其中产量最高的菌株是 C4,其次是 C6,产量最低的菌株是 C5。由生育期和产量数据可知,生育期短且产量较高的菌株 C4 和 C9,生育期较长且产量较低的菌株是 C5。

皱木耳菌株间商品性状也存在显著差异,耳片

的长度范围在 39.773~48.934 mm,耳片最长的菌株是 C9,最短的菌株是 C6。耳片宽度在 48.536~61.337 mm,宽度最大的菌株是 C3,菌株 C6 宽度最小。耳片厚度在 2.492~3.139 mm,菌株 C4 耳片最厚,最薄的菌株为 C6。9 株皱木耳菌株耳片腹面均有褶皱,其中 C5 为脉状,其余菌株均为网格状。耳片的颜色包括褐色、浅黄色、红褐色 3 种,其中 C2、C4、C7、C9 为褐色,C1、C3、C6、C8 为浅黄色,C5 为红褐色(图 6)。耳片泡发度在 7.046~12.736,泡发度最高的菌株是 C9,泡发度最低的菌株是 C6。从综合农艺性状数据可以看出,菌株 C9 的综合表现

表 6 皱木耳菌株农艺性状
Table 6 Agronomic traits of *A. delicata*

菌株编号 Strain number	长度 Length/ mm	宽度 Width/ mm	长/宽 L/W	厚度 Thickness/ mm	颜色 Color	褶皱 Wrinkle	泡发度 Foaming degree	满袋时间 Germination time/d	原基期 Primordium stage/d	子实体时期 Maturation stage/d	产量 Yield/ (kg·100 kg ⁻¹)
C1	47.099± 3.287 ab	58.153± 3.768 ab	0.67	2.949± 0.390 ab	浅黄色 Light yellow	网格状 Reticulate	10.582± 1.143 bc	42±1	53±1	81±1	3.45± 0.684 c
C2	43.723± 3.389 bc	54.227± 3.178 bc	0.78	2.809± 0.316 abc	褐色 Brown	网格状 Reticulate	11.290± 0.584 b	41±1	52±1	80±1	3.51± 0.256 bc
C3	48.856± 2.530 a	61.337± 7.912 a	0.88	3.001± 0.229 a	浅黄色 Light yellow	网格状 Reticulate	9.838± 1.474 c	38±1	49±1	77±2	3.82± 0.427 ab
C4	47.989± 4.599 ab	59.714± 4.494 ab	0.81	3.139± 0.309 a	褐色 Brown	网格状 Reticulate	10.554± 0.839 bc	37±1	48±2	77±2	4.03± 0.085 a
C5	44.474± 4.242 ab	55.436± 5.450 ab	0.87	2.560± 0.355 bc	红褐色 Reddish brown	脉状 Veined	11.296± 0.835 b	43±1	54±1	83±2	3.29± 0.085 c
C6	39.773± 2.595 c	48.536± 6.442 c	0.79	2.492± 0.207 c	浅黄色 Light yellow	网格状 Reticulate	7.046± 0.438 e	37±1	49±1	78±1	3.94± 0.598 a
C7	43.717± 3.589 bc	58.623± 6.240 ab	0.72	2.899± 0.296 ab	褐色 Brown	网格状 Reticulate	10.290± 1.005 bc	39±1	51±2	80±1	3.87± 0.854 a
C8	45.684± 5.663 ab	60.787± 6.616 ab	0.72	2.793± 0.382 abc	浅黄色 Light yellow	网格状 Reticulate	8.402± 1.040 d	40±1	51±1	80±1	3.82 ±1.025 ab
C9	48.934± 4.371 a	60.993± 2.897 a	0.86	2.925± 0.157 ab	褐色 Brown	网格状 Reticulate	12.736± 1.054 a	38±1	48±1	77±1	3.91 ±0.171 a

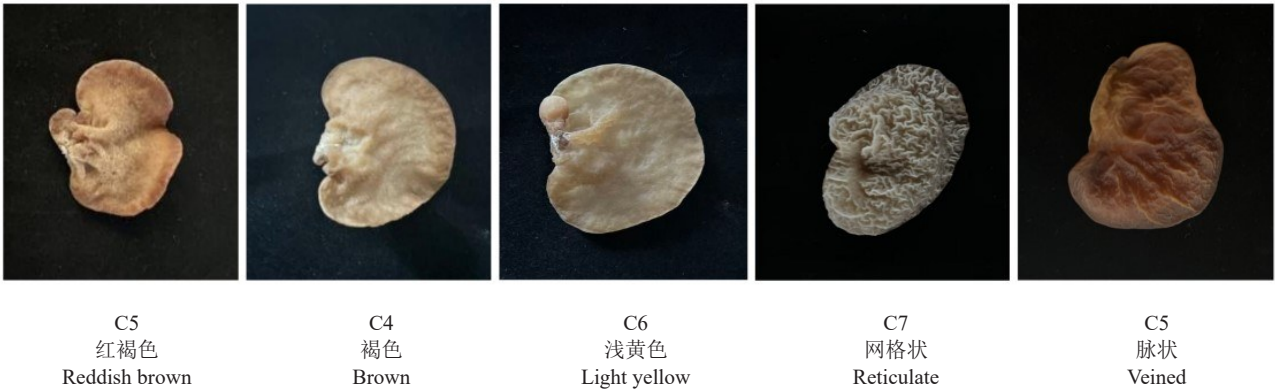


图 6 皱木耳菌株商品性状示例
Fig. 6 Examples of characteristics of the fruiting body of *A. delicata*

较好,具有商品性状优良、生育期短、产量较高的特点。菌株 C3 耳片较大;C4 具有生长期短、产量高的特点;C5 耳片褶皱和颜色明显区别于其余菌株,因此 C3、C4、C5、C9 可以作为特异种质。

2.6 基于隶属函数对皱木耳菌株数量性状的综合评价

采用隶属函数法对皱木耳数量性状进行综合评价,从表 7 可以看出,综合得分范围在 0.356~0.919,由高到低依次为 C9、C3、C4、C7、C8、C2、C1、C5、C6。C9 综合得分最高,表明其在供试种质中综合表现最优,可优先作为皱木耳种质创新及优良杂交菌株选育的亲本材料。

表 7 皱木耳综合得分及评价结果

Table 7 Comprehensive score and evaluation result for <i>A. delicata</i>		
菌株编号 Strain number	综合得分 Comprehensive score	排名 Rank
C1	0.472	7
C2	0.500	6
C3	0.848	2
C4	0.844	3
C5	0.441	8
C6	0.356	9
C7	0.532	4
C8	0.504	5
C9	0.919	1

3 讨论与结论

食用菌遗传多样性研究主要通过基础生物学特性观察、体细胞不亲和性试验、酯酶同工酶及 SRAP、SSR 等分子标记技术,其中拮抗反应是鉴定菌株亲缘关系的传统方法,但该技术缺乏规范评估标准,仅依靠体细胞不亲和性试验鉴定菌株之间的亲缘关系,结果不够精确^[22-23]。本研究在体细胞不亲和性试验中,36 个菌株组合均出现明显的拮抗现象,初步表明了供试菌株间存在遗传差异;进一步采用多态性丰富、操作简便的 SRAP 分子标记分析,发现 9 个菌株在相似系数 0.36 处可划分为 2 个类群,两种结果相互印证,从而获得了可靠的分析结果。前人利用拮抗试验和 SRAP 分子标记技术在对黑木耳^[17]、鸡腿菇^[24]、秀珍菇^[25]的种质资源多样性研究中,也能将菌株区分开来。此外,本研究基于遗传多样性分析发现,供试菌株可根据地理来源进行聚类,刘俊等^[21]基于 SRAP 分子标记得出不同野生香菇菌株可以按地区进行分类的结论,表明该技术组合可精准验证皱木耳菌株间的遗传差异,且

供试菌株可按地理来源进行有效区分。

农艺性状是种质评价与优良菌株筛选的重要指标,本研究通过测定生育期、产量、泡发度等农艺性状,结合隶属函数法将数量性状差异量化,直观反映菌株综合表现^[26]。结果显示,C7 与 C8 菌株综合得分相近,且 SRAP 标记将二者聚为同一亚群,推测可能源于共同亲本,导致表型与遗传背景均高度相似,这印证了表型隶属函数分析与分子标记结合的双重评价体系可确保结果的客观性与全面性^[27]。此外,隶属函数值分析表明,南方菌株数量性状综合得分普遍高于北方菌株,推测可能的原因如下:一方面,皱木耳野生种质资源主要分布于我国南方地区,长期适应温暖湿润气候条件,在栽培过程中更易表现出优良特性;另一方面,由于北方菌株来源相对单一,遗传多样性较低,一定程度上限制了其在综合评价中的表现。隶属函数法在种质资源评价中应用广泛,评价结果直观,但该方法仍存在一定局限性:一方面,各性状在综合评价中被人为赋予权重,难以体现不同性状在育种目标中的重要性差异;另一方面,该方法对差异大的异常数值较为敏感,单个性状的异常表现可能对综合评分产生较大影响^[28-29]。因此,在实际育种中,应进一步结合性状权重分析等方法进行全面评价,以确保评价结果的科学性和可靠性。本研究中 C9 菌株综合得分最高,具有较好的数量性状,可作为后续优良杂交菌株选育的亲本材料。

综上所述,9 个皱木耳菌株表现出丰富的遗传多样性,SRAP 分子标记能够有效区分供试菌株。本研究筛选出 4 个特异种质:菌株 C3 商品性状优良,耳片较大;C4 生育期较短且产量较高;C5 耳片呈红褐色,具脉状褶皱特征;C9 泡发度最优,隶属函数综合评价得分最高。上述 4 个特异菌株可作为皱木耳重要性状遗传分析及新品种选育研究的重要遗传材料。

致谢:感谢中华全国供销合作总社昆明食用菌研究所提供中菌皱木耳 1 号菌种。

参考文献

- [1] 曹雪莲,陈影,王迪,等.中国皱木耳类种群种质资源鉴定和表型性状分析[J].菌物学报,2024,43(12):20-33.
- [2] 许娟,徐彦军,江苏燕,等.基于响应面法对中国皱木耳菌种液体发酵培养基优化[J].菌物学报,2024,43(4):107-120.
- [3] 张桐,徐安然,杨迪,等.鹿肚耳与 3 种木耳的营养价值评价[J].食用菌,2021,29(1):28-33.
- [4] 许娟,邹琴,徐彦军,等.中国皱木耳黔皱耳 1 号生物学特性及

- 营养品质[J]. 菌物学报, 2023, 42(7): 1517-1529.
- [5] Wangkheirakpam S D, Joshi D D, Leishangthem G D, et al. Hepatoprotective effect of *Auricularia delicata* (Agaricomycetes) from India in rats: Biochemical and histopathological studies and antimicrobial activity[J]. International Journal of Medicinal Mushrooms, 2018, 20(3): 213-225.
- [6] 钱可晴, 徐安然, 杨迪, 等. 木耳属新品种鹿肚耳的生物学特性和驯化[J]. 食用菌学报, 2020, 27(1): 36-41.
- [7] 冯云利, 华蓉, 刘绍雄, 等. 皱木耳中菌皱木耳 1 号的选育[J]. 食用菌学报, 2024, 31(3): 21-28.
- [8] 李新风, 姜晓东, 郝晓娟, 等. 40 株尖镰孢菌 SRAP 遗传多样性分析[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2020, 40(5): 66-74.
- [9] 谢红艳, 王艳, 万鲁长, 等. 灰树花杂交菌株鲁灰 86 的选育[J]. 食用菌学报, 2020, 27(2): 31-37.
- [10] 陈雪, 姚方杰, 方明, 等. 吉林省金顶侧耳种质资源评价及优良菌株筛选[J]. 菌物研究, 2022, 20(1): 42-50.
- [11] 詹美蓉, 严胜泽, 罗情情, 等. 基于 SRAP 分子标记和农艺性状的大球盖菇种质资源遗传多样性分析[J]. 南方农业学报, 2024, 55(12): 3563-3573.
- [12] 李建波, 邓珂. 作物种质资源常用综合评价方法[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(3): 40-46.
- [13] 郇晨鹏, 杨燕宁, 程博, 等. 基于主成分分析和隶属函数分析法评价不同番茄果实品质[J]. 中国瓜菜, 2026, 39(3): 113-119.
- [14] 高迎东. 不同葡萄枝条基质配比栽培五种侧耳属食用菌的应用研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2023.
- [15] 周春衡, 王文林, 张雯龙, 等. 基于隶属函数法对不同基质配方下平菇生长和品质的综合评价[J]. 南方农业学报, 2024, 55(12): 3615-3624.
- [16] 郝振坤, 张文娥, 田风华, 等. 11 种食用菌在泡核桃木屑基质中的适应性综合评价[J]. 种子, 2022, 41(9): 59-67.
- [17] 刘昆昂, 马宏, 刘萌, 等. 采用 rDNA-ITS 和 SRAP 综合分析黑木耳栽培种的遗传多样性[J]. 分子植物育种, 2021, 19(24): 8223-8232.
- [18] 耿晓进, 蒋秋梦, 张腾洋, 等. 秦皇岛地区三种野生食用菌分子鉴定与系统发育分析[J]. 北方园艺, 2021(8): 111-116.
- [19] 王婷, 姚方杰, 崔婉华, 等. 榆耳回交菌株遗传多样性[J]. 菌物学报, 2024, 43(11): 80-91.
- [20] 姚方杰, 鲁丽鑫, 王鹏, 等. SRAP 法鉴定黑木耳菌种真实性[J]. 北方园艺, 2017(24): 178-182.
- [21] 刘俊, 马超君, 向星洁, 等. 基于 SRAP 标记构建野生香菇核心种质库[J]. 食用菌学报, 2017, 24(1): 7-17.
- [22] 彭新红, 刘颖聪, 陈绪涛, 等. 茶薪菇‘赣茶 AS-5’担孢子单核体菌株的交配型鉴定及菌丝生长速度[J]. 微生物学通报, 2025, 52(1): 263-275.
- [23] 宋艺添, 姚方杰, 鲁丽鑫, 等. 香菇种质评价及自交菌株菌丝遗传特性研究[J]. 吉林农业大学学报, 2024, 46(3): 415-424.
- [24] 高傲, 刘宇, 宋庆港, 等. 基于 ISSR 和 SRAP 分子标记的 22 株鸡腿菇遗传多样性和亲缘关系分析[J]. 中国食用菌, 2021, 40(4): 92-98.
- [25] 柯斌榕, 兰清秀, 卢政辉, 等. 秀珍菇主栽品种遗传差异及农艺性状比较[J]. 东南园艺, 2023, 11(4): 241-247.
- [26] 江苏燕, 吴安波, 于飞, 等. 不同基质配方对黑木耳胞外酶活、农艺性状及产量的影响[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2025, 56(3): 505-516.
- [27] Avin F A, Bhassu S, Shin T Y, et al. Molecular classification and phylogenetic relationships of selected edible *Basidiomycetes* species[J]. Molecular Biology Reports, 2012, 39(7): 7355-7364.
- [28] 王永朝, 许丽婷, 朱雪荣, 等. 基于模糊数学隶属函数法的免整枝小果型西瓜品种综合评价[J]. 安徽农业科学, 2025, 53(13): 28-31.
- [29] 刘丙花, 唐贵敏, 梁静, 等. 基于隶属函数法评价 15 个石榴品种(系)果实品质[J]. 山东农业科学, 2024, 56(11): 68-75.