

豫南地区香菇种质资源表型多样性分析及综合评价

史红鸽, 孙联合, 丁亚通, 郜熙阳, 刘珂, 郭海斌, 班新河

(驻马店市农业科学院 河南驻马店 463000)

摘要:为探究豫南地区香菇种质资源表型性状的变异特征,筛选优异核心种质,提高香菇种质资源的利用效率,以豫南地区 30 份香菇种质资源为材料,测定 9 个关键数量性状与 10 个质量性状,通过相关性分析、表型聚类分析、主成分分析对香菇种质资源表型性状进行多样性分析与综合评价。结果表明,供试的 30 份香菇种质具有丰富的遗传多样性。数量性状变异系数为 8.51%~23.14%, Shannon-Wiener 多样性指数为 1.59~2.04;质量性状变异系数为 22.14%~42.17%, Shannon-Wiener 多样性指数为 0.64~1.08。相关性分析显示,单菇鲜质量与单菇干质量的正相关性最强($r=0.93$);菌盖直径与单菇鲜质量($r=0.84$)、单菇干质量($r=0.80$)、菇形指数($r=0.53$)均呈极显著正相关。不同表型性状指标通过主成分分析得到 7 个主成分,累计贡献率 78.456%,利用主成分对应的方差贡献率作为权重系数建立综合评价模型,筛选出 10 份综合性状优良的重要育种材料;通过聚类分析将供试材料分为三大功能类群,第 I 类群(10 份)为低产高质型,数量性状表现中等,质量性状表现较优;第 II 类群(6 份种质)为高产优质型,单菇鲜质量均值 31.47 g,生物学效率 81.08%,适宜鲜销;第 III 类群(14 份种质)为小型加工型,单菇鲜质量均值 25.32 g,适宜烘干销售或者香菇罐头、脆片加工。本研究结果为豫南地区香菇种质资源评价利用、亲本选配及品种选育提供了重要的理论参考依据。

关键词:香菇;种质资源;数量性状;质量性状;综合评价

中图分类号:S646.1² 文献标志码:A 文章编号:1673-2871(2026)09-041-11

Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of *Lentinula edodes* germplasm resources in southern Henan

Shi Hongge, Sun Lianhe, Ding Yatong, Gao Xiyang, Liu Ke, Guo Haibin, Ban Xinhe

(Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Zhumadian 463000, Henan, China)

Abstract: To explore the variation characteristics of phenotypic traits in *Lentinula edodes* germplasm resources in southern Henan, screen high-quality core germplasm, and improve the utilization efficiency of *Lentinus edodes* germplasm resource, 30 *Lentinula edodes* germplasm resources from southern Henan were used as materials. Nine key quantitative traits and ten quality traits were determined. The correlation analysis, phenotypic cluster analysis, and principal component analysis were used to conduct diversity analysis and comprehensive evaluation on the phenotypic traits of *Lentinula edodes*. The results showed that the 30 tested *Lentinula edodes* germplasm resources had rich genetic diversity. For quantitative traits, the coefficient of variation ranged from 8.51% to 23.14%, and the Shannon-Wiener diversity index ranged from 1.59 to 2.04; for qualitative traits, the coefficient of variation ranged from 22.14% to 42.17%, and the Shannon-Wiener diversity index ranged from 0.64 to 1.08. Correlation analysis indicated that the fresh mass per fruiting body had the strongest correlation with the dry mass per fruiting body ($r=0.93$); the cap diameter showed extremely significant positive correlations with the fresh mass per fruiting body ($r=0.84$), dry mass per fruiting body ($r=0.80$), and fruiting body shape index ($r=0.53$). Seven principal components were obtained from different phenotypic trait indicators through principal component analysis, with a cumulative contribution rate of 78.456%. A comprehensive evaluation model was established using the variance contribution rate corresponding to the principal components as the weight coefficient, and 10 germplasm resources with excellent comprehensive traits were selected as important breeding materials. Through cluster analysis, the tested materials were divided into three functional groups: Group I (10 germplasm resources) was the

收稿日期:2025-11-19;修回日期:2026-05-29

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项资助(CARS-19);驻马店市 2024 年重大科技专项(ZMDSZDZX2024010);河南优势特色农业产业科技支撑行动计划项目(20240801005)

作者简介:史红鸽,女,副研究员,研究方向为食用菌遗传育种及栽培技术。E-mail:shihongge317@163.com

通信作者:班新河,男,研究员,研究方向为食用菌遗传育种及栽培技术。E-mail:ban.xh@163.com

low-yield and high-quality type, with moderate performance in quantitative traits and superior performance in qualitative traits; Group II (6 germplasm resources) was the high-yield and high-quality type, with an average fresh mass per fruiting body of 31.47 g and a biological efficiency of 81.08%, suitable for fresh sales; Group III (14 germplasm resources) was the small-sized processing type, with an average fresh mass per fruiting body of 25.32 g, suitable for dried sales, or processing into *Lentinula edodes* cans and crisps. The research results provide an important theoretical reference for the evaluation and utilization of *Lentinula edodes* germplasm resources, parent selection and matching, and variety breeding in southern Henan.

Key words: *Lentinula edodes*; Germplasm resource; Quantitative trait; Qualitative trait; Comprehensive evaluation

香菇(*Lentinula edodes*)是我国栽培规模最大、分布最广泛的食用菌,2023年产量占总食用菌产量的31.2%,具有增强免疫力、降低胆固醇、降血压、抗肿瘤等功效,是食药兼用型食用菌^[1-3]。香菇在全国范围均有栽培,南方主产区包括河南、福建、浙江等地,而豫南地区是河南省香菇的核心主产区,但存在优良品种多依赖国外引进、种质资源利用率低及专用加工品种匮乏等突出问题。优异的种质资源是新品种选育的基础,对豫南地区香菇种质资源表型性状分析与评价是高效利用引进资源、筛选与培育香菇新品种的重要环节,开展豫南地区香菇种质资源表型性状多样性及综合评价研究,对香菇种质资源评价及定向育种具有重要意义^[4]。豫南地区拥有丰富的香菇种质资源,为培育优质高产品种提供了材料保障。但如何精准评价与挖掘种质资源的遗传潜力及明确表型性状的内在关联,仍是制约育种效率的关键问题^[5]。

表型多样性是物种遗传多样性的重要组成部分,其分析为种质资源利用的核心环节,通常涵盖遗传背景和表型性状两个方面^[6-7]。目前,关于香菇种质资源遗传多样性的研究中表型性状综合评价鲜有报道,主要利用DNA分子标记评价香菇种质的遗传多样性,前人研究多侧重于香菇种质的亲缘类群划分^[8-9]、遗传标记开发^[10-13]、抗逆种质筛选^[14-15]及品质特性评价^[16-19]等方面。表型多样性可直观反映物种遗传多样性,是最直接且简便的遗传变异评价方法,在物种适应性及农艺性状改良方面具有重要意义,已在小麦、苹果、辣椒等多种物种中广泛应用^[20-22]。国内学者对香菇表型性状中部分数量性状进行研究,王春莹^[23]对117个野生香菇菌株进行栽培试验,结果表明,表型性状与产量具有极显著的正相关性;徐锐^[24]、林范学等^[25]、林芳灿^[26]对香菇菌株进行栽培试验,结果表明,在与产量相关的性状中,单菇鲜质量与菇数呈极显著负相关,菇数与鲜菇总质量呈极显著正相关;林范学^[27]研究表明,鲜菇产量与原基期和出菇期呈极显著负相关;任鹏飞

等^[28]对香菇几种胞外酶活性的动态变化及与产量等农艺性状的相关性进行了研究;刘芹等^[29]以43个香菇品种为研究对象,对其14个生物经济学指标进行统计分析,运用模糊数学和聚类分析的方法建立综合评价体系。然而,前人研究多聚焦单一数量性状,而对数量性状与质量性状(菌盖颜色、紧实度等)的综合分析较少,制约了部分优异种质的推广及利用,特别是针对豫南香菇主产区设施化栽培条件下数量性状与质量性状的互作关系及综合研究罕见报道。鉴于此,笔者以收集和保存的30份香菇种质资源为材料,首次在豫南设施化栽培条件下将数量性状与质量性状作为整体研究对象,通过表型多样性分析与综合评价,解析其遗传多样性特征,结合相关性分析明确性状间的内在联系,利用聚类分析与主成分分析提取核心评价指标并构建核心种质库,以期为豫南地区香菇种质精准、高效利用及定向育种提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料为驻马店市农业科学院食用菌研究所收集和保存的30份(ZLe1~ZLe30)香菇种质资源。

1.2 试验设计与栽培管理

试验于2023—2024年在国家食用菌产业技术体系驻马店试验站的试验基地开展。供试材料在屋脊型遮阳棚内种植,采用层架式栽培,共5层,一网一膜(越夏),出菇期去掉遮阳网。

培养料配方为木屑83%、麸皮15%、石灰2%。发菌期常规管理,菌丝满袋刺孔转色后进行常规出菇管理。试验采用层架式出菇,随机区组设计,3次重复。

1.3 测定指标及方法

参照《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 香菇》^[30](以下简称《测试指南》),并结合刘芹等^[29]的研究方法对香菇表型性状进行分析与测

定,经综合考量,确定 19 个表型性状作为研究对象。其中包括 9 个数量性状,分别为菌丝生长速度(mycelial growth rate, MGR)、菌盖直径(pileus diameter, PD)、菌盖厚度(pileus thickness, PT)、菌柄长度(stipe length, SL)、菌柄直径(stipe diameter, SD)、单菇鲜质量(fresh mushroom mass, FW)、单菇干质量(dry mushroom mass, DW)、菇形指数(mushroom shape index, MSI)、生物学效率(biological efficiency, BE);10 个质量性状,即菌盖颜色(pileus color, PC)、菌盖纵切面形状(longitudinal shape of pileus, LSP)、菌盖紧实度(pileus firmness, PF)、鳞片分布(scale distribution, SD)、鳞片大小(scale size, SS)、菌褶排列方式(arrangement pattern of gill, GA)、菌褶密度(gill density, GD)、菌柄紧实度(stipe firmness, SF)、菌柄纵切面形状(longitudinal section shape of stipe, LSS)、子实体着生状态(grow-

ing status of fruiting body, FBA)。

1.3.1 数量性状 每个菌株随机选取 30 个子实体(七八分成熟),用数显游标卡尺测定菌落半径、菌盖直径、菌盖厚度、菌柄长度、菌柄直径。菇形指数定义为菌盖直径与菌柄长度的比值,采用电子天平称取单菇鲜质量、干质量。生物学效率/%=子实体鲜菇总质量(kg)/培养料干质量(kg)×100。

将 5 mm 接种块接种于 PDA 培养皿(90 mm×15 mm)中,25 °C 恒温培养,菌丝满板时,测量菌落半径并计算菌丝生长速度,每份材料设置 3 次重复。菌丝生长速度/(mm·d⁻¹)=菌落半径(mm)/培养时间(d)。

1.3.2 质量性状 参照《植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 香菇》^[30]对质量性状进行赋值(表 1)。

表 1 香菇质量性状的赋值规则
Table 1 Assignment rules for qualitative trait of *Lentinula edodes*

质量性状 Quality trait	赋值规则 Assignment rule			
	1	2	3	4
菌盖颜色 PC	黄褐色 Yellowish-brown	褐色 Brown	红褐色 Reddish-brown	
菌盖纵切面形状 LSP	凹形 Concave	平形 Flat	凸形 Convex	具脐状 Umbonate
菌盖紧实度 PF	疏松 Loose	中 Medium	结实 Compact	
鳞片分布 SD	全部 Entire surface	周边 Peripheral		
鳞片大小 SS	无或极小 None or very small	小 Small	中 Medium	大 Large
菌褶排列方式 GA	直 Straight	波状 Undulate		
菌褶密度 GD	疏松 Loose	中 Medium	密 Dense	
菌柄紧实度 SF	软 Soft	中 Medium	硬 Hard	
菌柄纵切面形状 LSS	上细下粗 Obclavate	上下等粗 Equal	上粗下细 Clavate	
子实体着生状态 FBA	丛生 Caespitose	散生 Gregarious		

1.4 数据分析

采用 Excel 2022 计算数量性状与质量性状的变异系数,利用数据的平均数($\bar{x}$)和标准差(σ)进行 10 级分类,第 1 级小于 $\bar{x}-2\sigma$,每级间隔 0.5σ ,第 10 级大于 $\bar{x}+2\sigma$,每级的相对频率用于计算遗传多样性指数($H'=-\sum P_i \ln P_i$, P_i 为某性状第 i 级频率)^[7];采用 SPSS 26.0 进行相关性分析(Pearson 法)、主成分分析;采用 RStudio(v4.3.0)进行聚类分析;采用 Origin 2023 绘制图表。

2 结果与分析

2.1 香菇种质资源数量性状的遗传变异分析

由表 2 可知,30 份香菇种质资源的 9 个数量性状中,变异系数范围为 8.51%~23.14%,平均变异系数为 16.37%,其中单菇干质量的变异系数最大,变

表 2 香菇数量性状多样性分析
Table 2 Analysis of quantitative trait diversity of *Lentinula edodes*

数量性状 Quantitative trait	最小值 Min	最大值 Max	标准差 σ	变异系数 CV/%
菌丝生长速度 MGR/(mm·d ⁻¹)	6.80	10.90	1.33	15.26
菌盖直径 PD/mm	48.60	68.50	4.86	8.51
菌盖厚度 PT/mm	13.03	25.30	2.82	17.09
菌柄长度 SL/mm	31.20	51.55	4.78	12.63
菌柄直径 SD/mm	11.50	19.38	1.99	12.75
单菇鲜质量 FW/g	19.30	43.20	5.97	21.21
单菇干质量 DW/g	3.52	8.23	1.22	23.14
菇形指数 MSI	1.08	1.88	0.22	14.11
生物学效率 BE/%	36.87	83.98	14.05	22.64

异幅度为 3.52~8.23 g;其次是生物学效率,变异系数为 22.64%,变异幅度为 36.87%~83.98%。菌盖直

径的变异系数最小,仅为 8.51%,说明该性状在不同种质间相对稳定。

2.2 质量性状的变异分析与有序多态分析

由表 3 可知,30 份香菇种质资源的 10 个质量性状分布不均匀,多数性状偏向特定类型,菌盖颜色以褐色和黄褐色为主,红褐色(10%)稀少;子实体着生状态以散生为主。菌盖纵切面形状偏向凸形,分布频率为 60.00%,菌盖紧实度偏向结实(50.00%)。这表明供试材料在关键形态性状上存在一致性,可能与遗传背景或栽培环境有关。

10 个质量性状的变异系数介于 22.14%~42.17%,明显高于数量性状,反映质量性状具有较大的变异程度,更易通过定向选择实现改良。其中

菌柄纵切面形状变异系数最大,其次为菌盖颜色(39.65%)和菌褶密度(37.62%),而鳞片大小的变异系数最小。

2.3 香菇种质资源数量性状与质量性状的遗传多样性分析

由表 4 可知,香菇种质资源数量性状与质量性状变异类型丰富,遗传多样性指数(H')在 0.64~2.04,平均值为 1.31,遗传多样性排序为菌柄直径=生物学效率>菌盖直径>单菇干质量>菇形指数>单菇鲜质量>菌柄长度>菌丝生长速度>菌盖厚度>菌褶密度>菌柄纵切面形状>菌盖纵切面形状>菌盖颜色>菌盖紧实度>鳞片大小>菌柄紧实度>菌褶排列方式>鳞片分布>子实体着生状态。

9 个数量性状的遗传多样性指数为 1.59~2.04,平均为 1.91,表明不同种质资源间遗传差异明显,菌柄直径、生物学效率最高,其中菌柄直径性状分级以中等略细(4)为主,频率为 20%,生物学效率以中等及偏高(5、6、7)为主,频率均为 17%;菌盖直径遗传多样性指数较高(2.03),性状分级以中等大小(5)为主,频率为 20%;单菇干质量遗传多样性指数居第三位(1.96),性状以中等质量(5)为主,频率为 20%。鳞片分布、子实体着生状态遗传多样性指数较低,分别为 0.66、0.64,鳞片分布多为全部(3)或周边(7),其他级数频率为零,子实体着生状态多为散生(7),表现较为单一。其他性状遗传多样性指数在 0.68~1.94,遗传多样性丰富度也较高。由图 1 可知,数量性状遗传多样性指数较高,均大于 1,表明数量性状间具有丰富的遗传多样性,质量性状变异系数较大,表明其性状间差异较明显,适合作为遗传改良或选育的目标。

2.4 香菇种质资源数量性状和质量性状的相关性分析

由图 2 可知,香菇种质资源不同性状间呈正相关的有 112 对,呈负相关的有 59 对。其中呈显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)相关的性状共 16 对,包括正相关性状 12 对,负相关性状 4 对。单菇鲜质量与单菇干质量呈极显著正相关($r=0.93$),表明单菇鲜质量可直接反映干物质积累量,可作为产量早期预测的指标;菌盖直径与单菇鲜质量($r=0.84$)、单菇干质量($r=0.80$)、菇形指数($r=0.53$)均呈极显著正相关,证实增加菌盖直径可同步提升单菇质量与商品形态(菇形指数越高,菌盖相对菌柄更宽,符合鲜销偏好);菌丝生长速度与生物学效率呈显著正相关($r=0.45$),说明快速发菌可提升物质转化效率,为早出菇及高产提供支撑。鳞片大小与菌柄直径

表 3 香菇质量性状的变异分析与有序多态性状分析
Table 3 Variation analysis and ordered polymorphism analysis of *Lentinula edodes* in qualitative traits

质量性状 Quality trait	对应性状 Corresponding trait	频率 Frequency/ %	标准差 σ	变异 系数 CV/%
菌盖颜色 PC	黄褐色 Yellowish-brown	43.33	0.66	39.65
	褐色 Brown	46.67		
	红褐色 Reddish-brown	10.00		
菌盖纵切面 形状 LSP	凹形 Concave	3.33	0.67	25.39
	平形 Flat	36.67		
	凸形 Convex	60.00		
菌盖紧实度 PF	疏松 Loose	20.00	0.79	34.54
	中 Medium	30.00		
	结实 Compact	50.00		
鳞片分布 SD	全部 Entire surface	36.67	0.49	30.01
	周边 Peripheral	63.33		
鳞片大小 SS	小 Small	46.67	0.57	22.14
	中 Medium	50.00		
	大 Large	3.33		
菌褶排列方式 GA	直 Straight	56.67	0.50	35.16
	波状 Undulate	43.33		
菌褶密度 GD	疏松 Loose	26.67	0.76	37.62
	中 Medium	43.33		
	密 Dense	30.00		
菌柄紧实度 SF	软 Soft	6.67	0.60	25.91
	中 Medium	56.67		
	硬 Hard	36.67		
菌柄纵切 面形状 LSS	上细下粗 Obclavate	33.33	0.90	42.17
	上下等粗 Equal	20.00		
	上粗下细 Clavate	46.67		
子实体着 生状态 FBA	丛生 Caespitose	33.33	0.48	28.77
	散生 Gregarious	66.67		

表 4 香菇种质资源数量性状与质量性状的遗传多样性分析

Table 4 Analysis of genetic diversity of quantitative and qualitative traits in *Lentinula edodes* germplasm resources

性状 Trait	频率分布 Frequency distribution/%										遗传多样性指数 H'
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
菌丝生长速度 MGR	0	0	23	10	23	7	10	20	7	0	1.82
菌盖直径 PD	0	3	17	13	20	17	13	10	3	3	2.03
菌盖厚度 PT	0	0	3	30	37	7	13	3	0	7	1.59
菌柄长度 SL	0	0	17	27	0	17	20	7	3	3	1.86
菌柄直径 SD	3	7	3	20	17	17	17	7	10	0	2.04
单菇鲜质量 FW	0	0	20	17	7	27	13	10	3	3	1.88
单菇干质量 DW	0	0	17	17	20	17	13	7	7	0	1.96
菇形指数 MSI	3	0	20	13	17	10	17	17	3	0	1.94
生物学效率 BE	0	10	10	10	17	17	17	13	7	0	2.04
菌盖颜色 PC	0	0	43	0	0	0	47	0	0	10	0.72
菌盖纵切面形状 LSP	3	0	0	37	0	0	53	0	0	7	0.88
菌盖紧实度 PF	0	20	0	0	30	0	50	0	0	0	0.71
鳞片分布 SD	0	0	37	0	0	0	63	0	0	0	0.66
鳞片大小 SS	0	0	47	0	0	0	50	0	0	3	0.70
菌褶排列方式 GA	0	0	0	57	0	0	0	43	0	0	0.68
菌褶密度 GD	0	0	27	0	43	0	0	30	0	0	1.08
菌柄紧实度 SF	7	0	0	57	0	0	0	37	0	0	0.69
菌柄纵切面形状 LSS	0	0	33	0	20	0	47	0	0	0	1.04
子实体着生状态 FBA	0	0	33	0	0	0	67	0	0	0	0.64

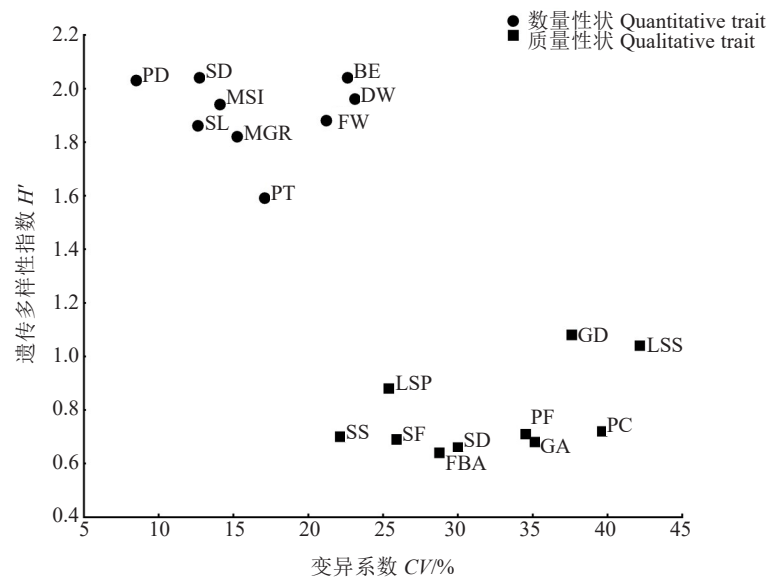


图 1 香菇种质资源数量性状与质量性状变异系数与遗传多样性指数的关系

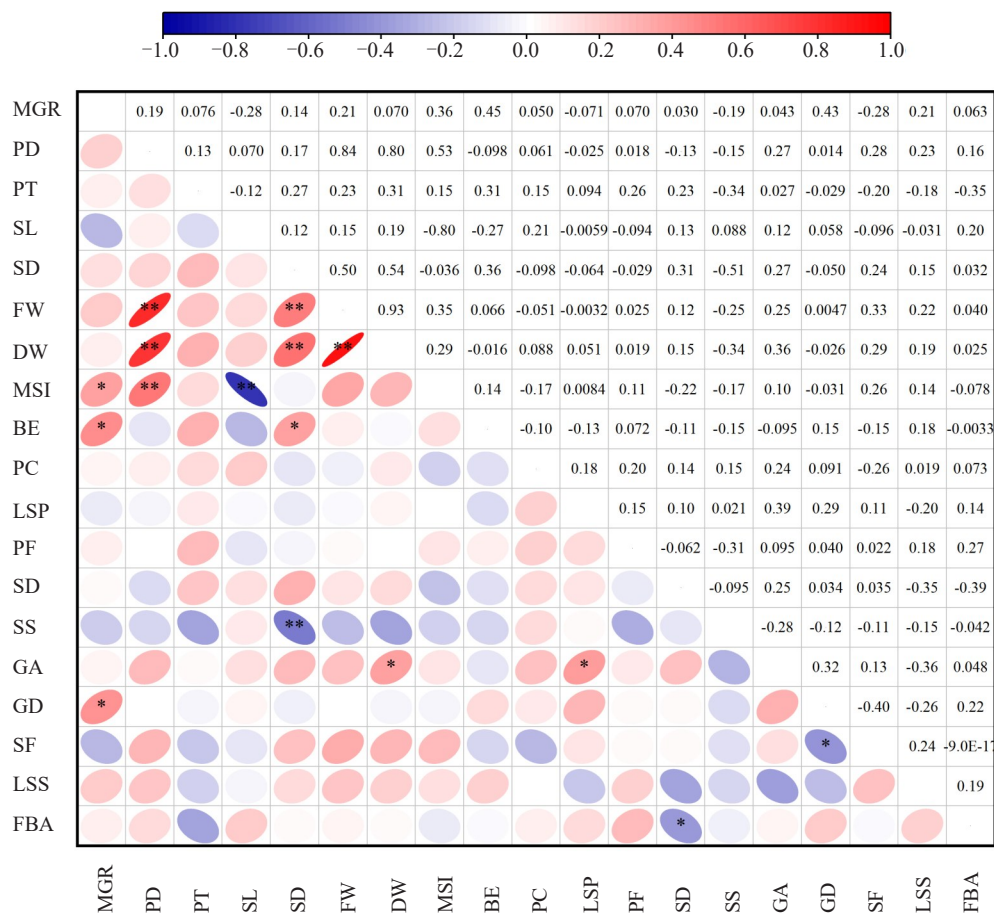
Fig. 1 The relationship between the coefficient of variation of quantitative and qualitative traits and the genetic diversity index of *Lentinula edodes* germplasm resource

呈极显著负相关($r=-0.51$),即鳞片越大,菌柄直径越小,提示鳞片发育可能与菌柄增粗存在营养竞争,在粗柄鲜销品种育种中需控制鳞片生长;菌褶密度与菌丝生长速度呈显著正相关($r=0.43$),即菌褶密度越高,菌丝生长越快,可能与两者共享营养吸收相关基因有关;菌盖纵切面形状与菌褶排列方式呈显著正相关($r=0.39$)。

2.5 基于香菇种质资源数量性状和质量性状的聚类分析与优良种质筛选

对 30 份香菇种质材料的 19 个表型性状数据

• 45 •



注:**表示在 0.01 水平上极显著相关,*表示在 0.05 水平上显著相关。

Note: ** indicates extremely significant correlation at 0.01 level, * indicates significant correlation at 0.05 level.

图 2 数量性状及质量性状相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis of quantitative trait and quantitative traits

进行聚类分析,将其划分为三大类群(图 3),将不同类群的性状进行多重比较,结果如表 5 所示。

类群 I(10 份,占比 33.33%):数量性状表现中等,生物学效率显著低于类群 II 和类群 III,菌盖直径、菌柄长度最大;质量性状表现较优,菌柄偏硬,为“低产高质量型”,适合培育高端鲜销品种(如礼品菇),也可作为香菇品质改良的亲本材料。

类群 II(6 份,占比 20.00%):数量性状表现较优,菌丝生长速度、生物学效率、单菇鲜质量、单菇干质量均高于类群 I 和类群 III;在质量性状上,菌盖紧实度最硬、菌柄紧实度适中,菌盖颜色以褐色为主,为“高产优质型”,可作为鲜销品种选育的核心亲本。

类群 III(14 份,占比 46.67%):数量性状表现较差,单菇鲜质量、单菇干质量、菌盖直径均显著小于类群 I 和类群 II,菌盖直径、菌盖厚度最小;在质量性状上,菌柄偏软,菌褶排列以直形为主,为“小型菇加工专用型”,可满足香菇罐头、香菇脆片等即食产

品对菌株“小个体、易入味”原料的需求,可作为加工专用品种的候选或者亲本材料。

2.6 主成分分析

对 ZLe1~ZLe30 的 9 个数量性状和 10 个质量性状进行主成分分析,结果如表 6 所示。前 7 个主成分因子可作为香菇种质评价的综合指标,累计贡献率达 78.456%,包含绝大多数的性状信息。每个主成分按照特征向量绝对值由高到低选取 2 个指标,前 7 个主成分共筛选出 11 个重点指标,分别是单菇鲜质量、单菇干质量、菌盖直径、菌柄长度、菌褶排列方式、菌丝生长速度、菌褶密度、生物学效率、子实体着生状态、菌柄直径、菌盖紧实度。PC1 的方差贡献率为 20.422%,特征值为 3.880,主要体现单菇性状特征(鲜质量、干质量);PC2 的方差贡献率为 12.954%,特征值为 2.461,主要关注菌柄、鳞片分布和菌褶特征;PC3 的方差贡献率为 11.886%,特征值为 2.258,主要突出菌丝和产量特征;PC4 的方差贡献率为 10.153%,特征值为 1.929,主要体现

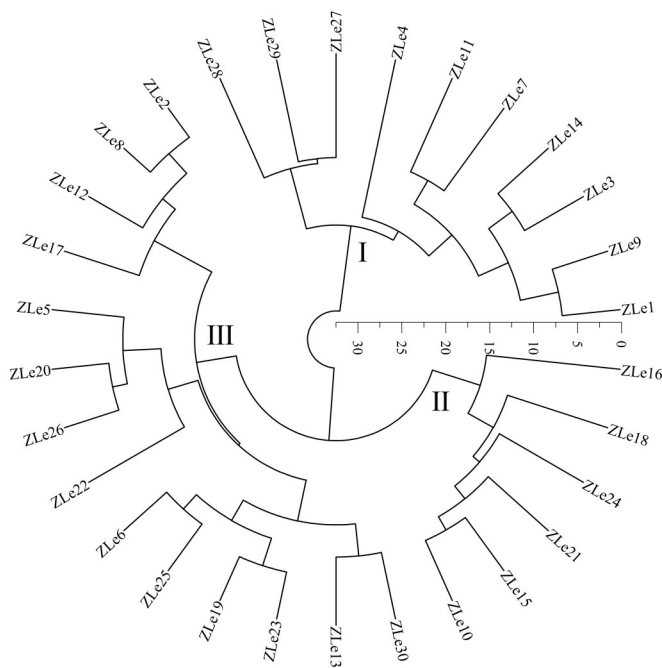


图 3 30 份香菇种质资源表型性状聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of phenotypic traits of 30 *Lentinula edodes* germplasm resources

表 5 三大类群的数量性状和质量性状多重比较

Table 5 Multiple comparisons of quantitative and quality traits across three major clusters

性状 Trait	类群 I Group I	类群II Group II	类群III Group III
菌丝生长速度 MGR/(mm·d ⁻¹)	8.25 b	9.78 a	8.55 b
菌盖直径 PD/mm	59.27 a	58.50 a	54.91 b
菌盖厚度 PT/mm	16.12 a	18.14 a	16.04 a
菌柄长度 SL/mm	39.53 a	36.85 a	37.09 a
菌柄直径 SD/mm	15.16 a	16.78 a	15.38 a
单菇鲜质量 FW/g	30.17 a	31.47 a	25.32 b
单菇干质量 DW/g	5.81 a	5.90 a	4.65 b
菇形指数 MSI	1.53 a	1.61 a	1.49 a
生物学效率 BE/%	45.73 c	81.08 a	65.60 b
菌盖颜色 PC	1.80 a	1.67 a	1.57 a
菌盖纵切面形状 LSP	2.80 a	2.83 a	2.43 a
菌盖紧实度 PF	2.30 a	2.67 a	2.14 a
鳞片分布 SD	1.80 a	1.67 a	1.50 a
鳞片大小 SS	2.60 a	2.33 a	2.64 a
菌褶排列方式 GA	1.60 a	1.50 a	1.29 a
菌褶密度 GD	1.90 a	2.17 a	2.07 a
菌柄紧实度 SF	2.50 a	2.33 a	2.14 a
菌柄纵切面形状 LSS	2.00 a	2.58 a	2.07 a
子实体着生状态 FBA	1.60 a	1.83 a	1.64 a

注:同行不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。

Note: Different small letters in the same row indicate significant difference at 0.05 level.

子实体着生状态及菌褶密度;PC5 的方差贡献率为 8.909%,特征值为 1.693,主要体现菌柄长度和直径

特征;PC6 的方差贡献率为 7.355%,特征值为 1.397,主要关注菌盖紧实度特征;PC7 的方差贡献率为 6.777%,特征值为 1.288,主要体现菌盖颜色特征。

2.7 香菇种质资源综合评价与优良种质筛选

香菇作为重要的食药兼用型食用菌,其品种选育的核心目标在于获得菌丝生长速度快、单菇质量大、生物学效率高、菌柄长度适宜、菌盖紧实度高且菇形指数高的优良性状。基于 7 个主成分的权重系数,构建 30 份香菇种质资源数量性状与质量性状的综合评价方程,通过标准化数据计算各种质的综合得分(F),其中 F 值越高,表明种质综合表现越优。 $F=0.260\ 29F_1+0.165\ 11F_2+0.151\ 50F_3+0.129\ 40F_4+0.113\ 56F_5+0.093\ 75F_6+0.086\ 38F_7$ 。

由表 7 可知,ZLe1~ZLe30 的综合得分(F)为-2.29~2.87,排名前 10 的优良种质中,类群II占 3 份(ZLe16、ZLe18、ZLe24),类群 I 占 4 份(ZLe29、ZLe28、ZLe27、ZLe14),类群 III 占 3 份(ZLe2、ZLe17、ZLe12),且前 3 名均来自类群 II,其中 ZLe16 的 F 值最高(2.87),ZLe18(2.02)次之,通过两者杂交,可实现高产与优质表型性状的聚合。筛选出的 10 份香菇种质在表型性状综合评价中表现突出,具有较高的商品价值与育种潜力,可作为以后香菇定向育种的核心亲本材料或者直接应用于生产栽培。

表 6 香菇种质资源不同性状主成分分析
Table 6 Principal component analysis of different traits in *Lentinula edodes* germplasm resource

性状 Trait	主成分 Principal component						
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7
菌丝生长速度 MGR	0.316	-0.299	0.605	0.211	0.142	-0.355	-0.054
菌盖直径 PD	0.790	-0.043	-0.271	0.266	-0.174	-0.292	0.217
菌盖厚度 PT	0.367	0.119	0.453	-0.432	0.054	0.195	0.457
菌柄长度 SL	-0.067	0.673	-0.379	0.199	0.507	-0.121	0.042
菌柄直径 SD	0.626	0.177	0.042	-0.304	0.443	0.120	-0.337
单菇鲜质量 FW	0.895	0.084	-0.224	0.026	0.042	-0.239	0.068
单菇干质量 DW	0.898	0.217	-0.224	-0.004	0.031	-0.137	0.135
菇形指数 MSI	0.513	-0.592	0.161	0.016	-0.574	-0.059	0.063
生物学效率 BE	0.200	-0.365	0.535	-0.125	0.408	-0.029	-0.124
菌盖颜色 PC	-0.014	0.415	0.167	0.294	0.033	0.037	0.633
菌盖纵切面形状 LSP	0.056	0.398	0.186	0.279	-0.456	0.303	-0.108
菌盖紧实度 PF	0.178	-0.050	0.256	0.296	0.047	0.711	0.294
鳞片分布 SD	0.112	0.560	0.165	-0.530	-0.035	-0.034	-0.032
鳞片大小 SS	-0.539	-0.011	-0.269	0.112	-0.206	-0.425	0.259
菌褶排列方式 GA	0.405	0.567	0.182	0.158	-0.347	0.072	-0.252
菌褶密度 GD	0.039	0.271	0.603	0.453	-0.045	-0.282	-0.289
菌柄紧实度 SF	0.368	-0.133	-0.584	-0.141	-0.270	0.337	-0.294
菌柄纵切面形状 LSS	0.270	-0.523	-0.283	0.246	0.435	0.153	0.153
子实体着生状态 FBA	0.054	-0.018	-0.097	0.789	0.218	0.191	-0.222
特征值 Eigenvalue	3.880	2.461	2.258	1.929	1.693	1.397	1.288
贡献率 Contribution rate/%	20.422	12.954	11.886	10.153	8.909	7.355	6.777
累计贡献率 Cumulative contribution rate/%	20.422	33.376	45.262	55.415	64.324	71.679	78.456

3 讨论与结论

种质资源的多样性分析是品种选育的重要基础^[31],遗传性丰富的种质资源可以有效提升育种水平,笔者通过对 30 份香菇种质资源的数量性状和质量性状进行描述和测定分析,全面地评估了供试香菇种质资源的遗传变异与多样性。结果表明,供试的 30 份香菇种质资源的数量性状表现出丰富的遗传多样性,其中一些与产量相关因子如单菇鲜质量、单菇干质量、生物学效率均表现出较高的变异水平,10 个质量性状表现出更高的表型离散度,变异系数为 22.14%~42.17%,明显高于数量性状,但是遗传多样性指数仅为 0.64~1.08,说明 30 份香菇种质在质量性状上存在较大差异,且质量性状的变异与多样性呈正相关趋势,与数量性状的规律一致,证实两类性状可通过协同选择实现“产量-品质”的同步优化。

相关性分析可反映出一种性状受另一种性状的影响,其中少数重要性状的改变可间接影响整体。董辉等^[32]对香菇菌株进行栽培出菇试验,测定 20 个性状指标,相关性分析表明,菌盖直径是预测单菇鲜质量的关键指标,同时与单菇干物质积累直

接相关,可能影响香菇产品加工价值。笔者通过相关性分析明确了 3 类关键关联:单菇鲜质量与干质量呈极显著正相关,可通过鲜质量快速预测干物质积累,简化育种筛选流程;菌盖直径与单菇质量、菇形指数呈极显著正相关,证实“增加菌盖直径”可同步提升产量与商品形态;菌丝生长速度是菌株分解能力、代谢强度与物质转运效率的综合体现,是实现高产的物质基础,本研究发现菌丝生长速度与菇形指数、生物学效率、菌褶密度呈显著正相关,表明提高菌丝生长速度、菌柄直径、菌盖厚度,有利于生物学效率提升,该结论与林范学等^[25]、林芳灿^[26]的研究结果一致。刘江成^[33]在对毛木耳进行不同配方基质栽培研究中发现,菌丝生长速度快的处理在始耳期、产量(生物学效率)和品质等性状上极显著或显著高于菌丝生长速度慢的处理;许志鸣等^[34]、王俊玲^[35]在杏鲍菇研究中发现,菌丝体前期生长速度与产量形成有关,菌株的菌丝生长速度与产量或生物学效率呈显著正相关,菌丝通过分泌胞外酶降解木质纤维素,快速完成营养生长,为后续产量形成储备足够物质;Larraya 等^[36]、刘新海等^[37]、谭啸等^[38]对平菇研究认为,菌丝生长速度与产量呈一定的正相关,但也有不同的看法,沈天峰等^[39]研究表明,一级

表 7 30 份香菇种质资源综合得分排名

Table 7 Comprehensive evaluation score and ranking of 30 *Lentinula edodes* germplasm resources

种质资源 Germplasm resource	主成分得分 Principal component score							F	排名 Rank
	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7		
ZLe1	1.58	-3.57	-2.44	0.97	-1.59	2.02	0.06	-0.41	21
ZLe2	2.52	-2.59	0.65	2.83	-0.25	-0.98	0.86	0.64	8
ZLe3	-0.64	1.77	-0.17	0.96	-0.73	-1.79	-0.61	-0.08	13
ZLe4	-4.73	4.54	-0.88	3.23	0.57	-0.89	-0.55	-0.25	17
ZLe5	-2.49	0.41	1.25	-1.44	-3.12	-1.55	-2.66	-1.31	27
ZLe6	-6.71	-0.40	-2.70	1.00	-0.50	-1.06	0.98	-2.14	29
ZLe7	0.02	0.34	-0.38	0.86	-3.01	2.22	-0.63	-0.07	12
ZLe8	2.63	-4.58	-0.38	-1.23	0.65	-2.87	0.16	-0.48	22
ZLe9	-0.14	0.22	-0.19	-1.75	-3.82	1.09	0.53	-0.54	24
ZLe10	1.23	-5.22	0.74	1.61	-0.03	-0.76	0.43	-0.26	18
ZLe11	-6.60	0.87	-2.80	-1.87	-0.46	-1.30	1.39	-2.29	30
ZLe12	0.51	-3.19	1.90	2.58	0.22	0.28	-0.68	0.22	10
ZLe13	-2.92	1.55	-0.57	0.59	0.87	-0.35	0.87	-0.36	19
ZLe14	3.76	2.25	1.30	2.43	0.29	-0.85	0.15	1.82	4
ZLe15	2.35	-3.52	-1.50	-0.75	1.75	2.13	-0.29	0.08	11
ZLe16	7.59	2.20	0.10	1.37	1.46	0.73	1.16	2.87	1
ZLe17	4.45	0.37	-1.63	-0.55	-1.41	-0.06	-2.40	0.51	9
ZLe18	4.44	1.45	6.00	-1.57	-2.13	0.75	1.01	2.02	2
ZLe19	-4.38	0.75	-0.22	-2.63	0.46	0.59	0.78	-1.20	26
ZLe20	-4.14	-1.26	0.51	1.63	2.17	1.11	1.59	-0.49	23
ZLe21	-0.01	-2.31	0.51	-0.25	0.92	-0.08	-1.63	-0.38	20
ZLe22	-3.49	-0.25	5.53	-3.51	0.93	1.03	2.10	-0.17	15
ZLe23	-3.38	2.69	1.11	-0.06	1.16	1.31	-2.32	-0.21	16
ZLe24	2.57	2.98	3.48	0.94	2.80	-1.13	-1.19	1.91	3
ZLe25	-5.89	-0.19	0.32	3.22	-0.74	1.74	0.41	-0.96	25
ZLe26	-2.72	-1.41	1.06	-3.23	0.93	-1.79	-1.14	-1.35	28
ZLe27	5.69	0.78	-3.47	-1.71	0.51	-1.61	1.87	0.92	7
ZLe28	4.17	3.09	-3.47	-2.20	0.91	1.93	-0.07	1.05	6
ZLe29	4.17	3.16	-1.06	0.37	-2.03	-1.12	1.38	1.26	5
ZLe30	0.56	-0.24	-2.44	-1.85	3.22	1.22	-1.58	-0.16	14

种菌丝体生长速度与子实体产量相关性不显著,二级种菌丝体生长速度与子实体产量呈负相关。

聚类分析法是分类学与多元分析相结合的统计方法,能够根据调查指标的相似性或差异性,定量确定不同品种间的亲疏关系并进行分类^[40]。张丹等^[31]对 42 份香菇种质资源进行遗传背景分析,将种质资源分为 6 个亚群;徐学锋等^[8]将全国范围内的 59 个野生香菇菌株划分到 3 个不同谱系;笔者根据香菇种质的表型性状进行聚类分析,与前人采用分子标记分析方法不同,本研究重点体现不同的表型性状,方便根据不同表型性状和育种目标选择亲本,为定向育种提供参考。本研究基于数量性状和质量性状将 30 份香菇种质资源划分三大类群,类

群Ⅱ为“高产优质型”菌株,适宜高产高效栽培;类群Ⅲ菌株可满足小型菇市场需求,适宜用作加工菌株。类群Ⅰ菌株生物学效率最低,但在菌盖直径/厚度、菌柄长度/紧实度、菌盖颜色、鳞片分布/大小等性状上表现突出,子实体菌盖直径大,菌柄最长,菌盖颜色最深,鳞片更明显,整体表现为低产高质菌株。此类菌株可作为培育高端品质型香菇品种的关键亲本材料或者中间育种材料,通过与类群Ⅱ开展定向杂交,可将低产菌株的优质形态基因导入高产体系,实现“产量+品质”性状聚合,尤其适合培育高端鲜销或礼品市场专用品种。

在对有相互关联、相互影响的多指标问题的分析中,利用主成分分析法可以将多个相关指标综合

成为较少的相互独立或不相关的新指标,并保持绝大部分的信息量。笔者将19个表型性状整合为7个核心主成分进行综合评价。前7个主成分累计贡献率达78.456%,能够涵盖大多数表型信息,共筛选出11个核心指标,这些指标在种质多样性方面具有重要的生物学意义。各主成分呈现明显的表型特征分化:主成分1、3主要关联与产量相关性性状,可作为产量改良的亲本筛选依据;主成分2、5、6集中反映子实体性状特征,为培育鲜销、加工香菇品种提供选择指标;主成分7主要主导菌盖颜色、厚度特征。通过建立综合得分模型,本研究实现了种质资源的量化评价,筛选出综合得分排名前10的种质,可作为核心育种材料,其表型性状组合优势明显,涵盖“鲜销、加工、高端”三类功能需求,可为定向育种提供精准种质材料,避免传统“单一产量筛选”导致的品质缺陷问题,同时解决豫南地区香菇产品加工专用品种匮乏问题。主成分分析法对种质的综合得分排名被广泛用于植物表型资源评价中,宋艺添等^[41]采用细胞不亲和、酯酶同工酶、农艺性状评价方法,筛选出遗传距离较远且优势互补的2个菌株,而本研究直接构建性状-成分关联网络,缩短种质评价流程。卓英等^[42]、王子迎等^[10]利用分子标记手段对香菇种质资源遗传多样性进行分析,并筛选核心种质。与前人研究相比,本研究提供了更直观的分类和评价方法。本方法通过降维分析有效解决了多性状综合评价的维度难题,建立指标筛选体系与主成分应用模型,为香菇定向育种提供了科学的表型性状选择标准和评价方法。后续研究可结合分子生物学手段验证表型性状的遗传调控机制。

综上所述,笔者通过对30份香菇种质资源的19个表型性状进行变异分析、聚类分析、相关性分析及主成分分析,证实了豫南地区香菇种质资源的表型多样性较高且变异类型丰富。首次在豫南设施化栽培条件下系统揭示香菇数量性状与质量性状间的协同或拮抗关系,明确质量性状对数量性状的调控机制,填补了该区域相关研究的空白;构建了基于“产量-品质”双目标的综合评价模型,为豫南设施栽培条件下优良种质的筛选提供了科学的评价方法,有效突破前人传统单一性状评价的局限性,提升了种质评价精准度。通过多指标整合分析,定向筛选出综合性状优良的种质10份,为香菇优质品种选育、杂交亲本选配及种质创新提供了理论依据与技术支持,同时为豫南地区香菇产业高产

优质品种筛选及区域化品种布局奠定了基础。

参考文献

- [1] 曹斌,张月吟,高博.全球香菇产业发展历史、现状及趋势[J].食用菌学报,2024,31(3):1-20.
- [2] 刘晓,闫语婷.香菇的营养价值及综合利用现状与前景[J].食品工业,2017,38(3):207-210.
- [3] 中国食用菌协会.2022年度全国食用菌统计调查结果分析[J].中国食用菌,2024,43(1):118-126.
- [4] 申进文,赵旭,李燕,等.河南省栽培平菇品种的种质资源评价[J].河南农业大学学报,2011,45(3):297-301.
- [5] 罗海凌,邹龙玉,方雪婷,等.香菇遗传多样性研究进展[J].北方园艺,2014(21):185-187.
- [6] Xu J P, Wang H C, Hu D M. Exploring genotype environment interactions for breeding edible mushrooms[J]. Acta Edulis Fungi, 2018, 25(2): 11-22.
- [7] 陈小敏,吴海冰,辜运富.香菇种质资源遗传多样性研究[J].四川农业科技,2019(12):40-44.
- [8] 徐学锋,林范学,程水明,等.中国香菇自然种质的DNA遗传多样性分析[J].菌物学报,2005,24(1):29-35.
- [9] 林芳灿.香菇遗传多样性及系统发育的研究[C]//中国菌物学会.中国菌物学会第四届会员代表大会暨全国第七届菌物学学术讨论会,2008:41-51.
- [10] 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.
- [11] 吴锦荣.基于香菇全基因组的SSR分子标记开发及其对香菇单核体遗传多样性分析[D].上海:上海海洋大学,2013.
- [12] 沈秀芬,章炉军,张美彦,等.Indel标记及其在食用菌研究中的应用与展望[J].上海农业学报,2020,36(3):136-140.
- [13] 沈秀芬,章炉军,张美彦,等.利用Indel标记分析中国香菇菌株的遗传多样性与群体结构[J].菌物学报,2021,40(9):2266-2281.
- [14] 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.
- [15] Hirano T, Sato T, Yaegashi K, et al. Efficient transformation of the edible basidiomycete *Lentinus edodes* with a vector using aglyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase promoter to hygromycin resistance[J]. Molecular and General Genetics, 2000, 263(6): 1047-1052.
- [16] 李艳艳,徐鸿雁,孟清,等.不同品种香菇子实体的主成分分析和综合品质评价[J].青海大学学报,2025,43(1):62-70.
- [17] 靳荣线,李峰,邹明,等.基于主成分分析法的不同等级香菇品质评价[J].中国瓜菜,2022,35(8):50-56.
- [18] 唐拥政,宋春艳,尚晓东,等.主成分分析法在香菇化学成分评价中的应用[J].食用菌学报,2014,21(3):66-69.
- [19] 周帅,薛俊杰,贾薇,等.食用菌菌丝体中糖醇类成分含量测定的研究[J].菌物学报,2013,32(5):862-867.
- [20] 金艳,宋全昊,肖永贵,等.黄淮南片麦区79份小麦品种(系)的遗传多样性分析[J].南方农业学报,2024,55(5):1296-1306.
- [21] 张学超,任海龙,唐式敏,等.伊犁天山160份野苹果种质资源表型性状的遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2021,22(6):1521-1530.
- [22] 刘林娅,黄亚成,杨那,等.81份辣椒种质资源表型性状的遗传

- 传多样性分析[J].热带作物学报,2023,44(4):706-715.
- [23] 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.
- [24] 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.
- [25] 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.
- [26] 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.
- [27] 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,2008.
- [28] 任鹏飞,任海霞,曲玲,等.香菇胞外酶活性变化及其与农艺性状的相关性分析[J].山东农业科学,2010(12):11-14.
- [29] 刘芹,孔维丽,崔筱,等.基于模糊数学和聚类分析的香菇品种综合品质评价[J].中国瓜菜,2021,34(11):37-46.
- [30] NY/T 2560—2014 植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南 香菇[S].
- [31] 张丹,庄振,季英磊,等.设施化专用香菇种质资源挖掘[J].菌物学报,2022,41(11):1889-1904.
- [32] 董辉,尚晓东,曹晖,等.若干香菇菌株出菇性状与产量的相关性因子分析[J].食药菌,2012,20(4):222-225.
- [33] 刘江成.不同级别菌种对毛木耳出菇性状和产量的影响[J].中国食用菌,2004,23(6):28-29.
- [34] 许志鸣,顾新伟,魏海龙,等.不同氮源对杏鲍菇菌丝体生长及子实体产量的影响[J].浙江农业科学,2004(4):196-197.
- [35] 王俊玲.杏鲍菇杂交亲本的筛选及 F₁ 代菌株杂种优势的预测[D].河北保定:河北农业大学,2004.
- [36] Larraya L M, Alfonso M, Pisabarro A G, et al. Mapping of genomic regions (quantitative trait loci) controlling production and quality in industrial cultures of the edible basidiomycete *Pleurotus ostreatus*[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(6):3617-3625.
- [37] 刘新海,王淑芳,卜庆梅,等.平菇液体种与固体种使用效果对比研究[J].江苏农业科学,2004(4):90-91.
- [38] 谭啸,陆晓民,徐旭士,等.新型食用菌增产素在平菇上的应用效果[J].安徽农业科学,2005,33(1):64-81.
- [39] 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(4):18-19.
- [40] 刘芹,崔筱,孔维丽,等.基于模糊数学和聚类分析的平菇品种综合品质评价[J].河南农业科学,2021,50(2):115-123.
- [41] 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.
- [42] 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.