

DOI:10.3969/j.issn.2096-8248.2024.04.005

斑玉蕈子实体转录组测序及解析*

王伟霞^{a,b,c}, 陈源^{a,b,c}, 童小嫣^{a,b,c}, 王源^{a,b,c},
李欣怡^{a,b,c}, 李心妍^{a,b,c}, 陈金日^{a,b,c}, 吴少杰^{a,b,c}, 李福后^{a,b,c}

(江苏海洋大学 a. 江苏省海洋生物资源与环境重点实验室; b. 江苏省海洋生物技术重点实验室;
c. 江苏省海洋生物产业技术协同创新中心, 江苏 连云港 222005)

摘要: 利用 Illumina 技术对斑玉蕈成熟子实体进行转录组测序, 经过数据组装和优化评估, 共获得 38 112 个转录本, 去冗余后得到 16 580 个 unigene。将 unigene 序列与 Nr, GO, KEGG 等数据库进行比对, 共有 12 655 个 unigene 获得功能注释, 占比 76.33%。基于 GO 和 KEGG 数据库, 将获得功能注释的 unigene 划分为 38 个和 22 个功能亚类。在 GO 分子功能类别中, 发现这些 unigene 主要归类于催化活性、结合及转运活性等, 这与香菇、玉木耳等多种食用菌子实体的分子功能类别相类似。在此基础上, 挖掘和分析了斑玉蕈采后生理过程的关键基因, 发现大量参与呼吸作用、细胞壁降解等代谢途径的关键基因, 同时鉴定了 166 个转录因子, 其中锌指蛋白是数量最多的一类转录因子, 共 78 个。研究结果为食用菌采后分子调控提供重要理论支持。

关键词: 斑玉蕈; 转录组测序; 转录因子

中图分类号: TS255.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 2096-8248(2024)04-0033-07

引用格式: 王伟霞, 陈源, 童小嫣, 等. 斑玉蕈子实体转录组测序及解析[J]. 江苏海洋大学学报(自然科学版), 2024, 33(4): 33-39.

Transcriptome Sequencing and Analysis of *Hypsizygus marmoreus* Fruiting Body

WANG Weixia^{a,b,c}, CHEN Yuan^{a,b,c}, TONG Xiaoyan^{a,b,c}, WANG Yuan^{a,b,c}, LI Xinyi^{a,b,c},
LI Xinyan^{a,b,c}, CHEN Jinri^{a,b,c}, WU Shaojie^{a,b,c}, LI Fuhou^{a,b,c}

(a. Jiangsu Key Laboratory of Marine Bioresources and Environment;

b. Jiangsu Key Laboratory of Marine Biotechnology; c. Co-innovation Center of

Jiangsu Marine Bio-industry Technology, Jiangsu Ocean University, Lianyungang 222005, China)

Abstract: In the study, transcriptome sequencing was performed for the mature fruiting bodies of *Hypsizygus marmoreus* using Illumina technology. A total of 38 112 transcripts were obtained after data assembly and optimization evaluation, and after removing redundancy, 16 580 unigenes were obtained. By comparing the unigene sequences with databases such as Nr, GO, and KEGG, a total of 12 655 unigenes obtained functional annotations, accounting for 76.33%. Based on GO and KEGG databases, unigenes that obtained functional annotations were divided into 38 and 22 functional subcategories. In the GO molecular functional category, it was found that these unigenes were mainly classified into catalytic activity, binding and transport activity, which was similar to

* 收稿日期: 2024-02-13; 修订日期: 2024-05-09

基金项目: 江苏省高等学校大学生创新创业训练计划项目(SY202311641638005)

作者简介: 王伟霞(1977—), 女, 河南新乡人, 讲师, 硕士, 研究方向为食用菌工厂化栽培与加工, (E-mail)2003000023@jou.edu.cn.

通信作者: 李福后(1978—), 男, 山东德州人, 副教授, 博士, 研究方向为食用菌工厂化栽培与加工, (E-mail)lifuhou2002@163.com.

the molecular functional categories of various edible mushrooms such as *Lentinula edodes* and *Auricularia cornea*. On this basis, key genes involved in the post harvest physiological processes were excavated and analyzed. A large number of key genes involved in metabolic pathways such as respiration and cell wall degradation were found. 166 transcription factors were identified, among which zinc finger proteins were the most abundant type of transcription factors, with a total of 78. The results provide important theoretical support for post harvest molecular regulation of edible mushrooms.

Key words: *Hypsizygus marmoreus*; transcriptome sequencing; transcription factor

0 引言

斑玉蕈(*Hypsizygus marmoreus*),又名玉蕈、真姬菇等,其味道鲜美,口感爽滑,且营养丰富,广受消费者青睐^[1-2]。斑玉蕈含有较为丰富的黄酮、皂苷、总酚等生物活性物质,具有抗氧化、降血压、提高免疫力等功效^[3-4]。近年来,斑玉蕈产量逐年提高,已经成为我国第三大食用菌工厂化栽培种类^[5]。但在采后和贮藏过程中,斑玉蕈子实体易出现软化、褐变和菇柄中空等现象,从而影响商品质量,造成一定的经济损失。因此,探究斑玉蕈采后衰老机制,延长子实体保鲜时间,对产业发展具有重要意义。

转录组测序是一种高通量、低成本获取生物遗传信息的方法,广泛应用于食用菌差异基因表达分析、分子标记开发等研究^[6-9]。本研究利用转录组测序技术,以斑玉蕈子实体为材料,对其进行深度测序;通过挖掘生长发育关键基因,为食用菌采后分子调控提供一定的理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料及其处理

采集新鲜、生长近成熟的斑玉蕈子实体,利用聚乙烯保鲜袋分装后置于4℃冰箱预冷。将预冷后的子实体分为2组,第1组直接于4℃冰箱贮存,分别在0 d,10 d采样,记为A组和B组。第2组首先利用体积分数为0.42 μL/L 1-甲基环丙烯(1-MCP)熏蒸20 h,然后置于4℃冰箱贮存,在10 d采样,记为C组。每组子实体数量为50个,3次重复。为了保持材料的一致性,均采集菌盖组织,采后立即液氮速冻并保存备用。

1.2 文库构建和测序

将保存的样品研磨粉碎后,首先利用 TRIzol 试剂

(Invitrogen)进行总 RNA 提取,然后进行 RNA 质量和浓度检测(RNA 总量>1 μg,质量浓度>35 ng/μL)。用带有 Oligo (dT)的磁珠分离 mRNA,并将 mRNA 片段化(200~300 bp)。加入反转录酶和随机引物,以 mRNA 片段为模板,合成 cDNA 第一链;在 DNA 聚合酶 I 作用下,合成 cDNA 第二链。以双链 cDNA 为基础,依次进行末端修复、加“A”碱基以及连接测序接头等操作;选择合适大小的双链 cDNA 进行 PCR 扩增,完成文库构建。利用 Illumina Novaseq 6000 平台进行 mRNA 测序。

1.3 序列分析和功能注释

对测序获得的原始数据进行去冗化处理(包括接头序列和低质量 reads),获得 Clean data。使用 Trinity 软件对 Clean data 进行组装,使用 BUSCO 软件评估组装的完整性,对获得的转录本进行长度分布统计。

将转录本与 Nr, SwissProt, Pfam, COG, GO, KEGG 等数据库进行比对,获得基因的功能注释,并进行分类统计。

1.4 结构域分析

在 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)官网,利用 Conserved Domains Search 在线软件进行转录因子结构域分析,根据结构域的类型不同进行转录因子分类。

1.5 差异表达基因筛选

参考张建等^[10]方法。利用软件 RSEM,计算每个基因的 FPKM(Fragments PerKilobase of exon model per Million mapped fragments)。利用 DEG-seq 筛选差异表达基因,以错误发现率 $FDR < 0.05$, $|\log_2(\text{fold change})| > 1$ 为筛选标准。

2 结果与分析

2.1 测序数据分析

完成 A,B,C 3 组共 9 个样品的转录组分析,获

得 74.16 Gb Clean data, Q30 碱基质量比 92.68% 以上。经过测序数据组装和优化评估,共获得 38 112 个转录本(Transcription),去冗余后获得 16 580 个 unigene,平均长度为 1 521 bp, N50 长度为 2 560 bp。

对 16 580 个 unigene 长度进行统计,结果见图 1。长度在 200~500 bp 所占比例最高,为 34%;其次为 501~1 000 bp,占比 16%;长度 > 2 000 bp 的 unigene 个数为 3 743,占比 27%。

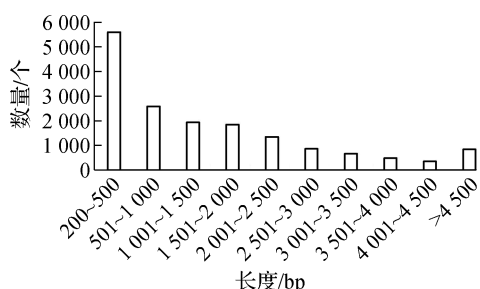


图 1 斑玉蕈 unigenes 长度分布情况

Fig. 1 Unigenes length distribution of *Hypsizygus marmoratus*

2.2 基因功能注释和分类

将 unigene 序列与 Nr, SwissProt, GO, KEGG, COG, Pfam 等数据库进行比对,并对基因的功能注释结果进行统计,如表 1 所示,具有功能或代谢通路注释的 unigene 总数为 12 655 个,占 unigene 总数的 76.33%。

在 Nr 数据库中,12 541 个 unigene 获得功能注释,占 unigene 总数的 75.64%,而在 Pfam 数据库,只有 28 个 unigene 获得功能注释,占 unigene 总数的 0.17%。

表 1 Unigenes 功能注释结果统计

Table 1 Function annotation results statistics of Unigenes

数据库类型	unigene 数量/个	百分比/%
Nr	12 541	75.64
SwissProt	5 262	31.74
GO	7 725	46.59
KEGG	3 919	23.64
COG	1 247	7.52
Pfam	28	0.17
全部数据库	12 655	76.33

2.2.1 GO 功能分类 在 GO 数据库,有 7 725 个 unigene 获得功能注释,它们分别归类于生物学过程(Biological process)、细胞组分(Cellular component)及分子功能(Molecular function) 3 大类(见图 2)。在生物学过程类别中,这些 unigene 归类于 14 个亚类,主要包括细胞过程(Cellular process)(2 259 个)、代谢过程(Metabolic process)(2 230

个)等。在细胞组分类别中,这些 unigene 归类于 12 个亚类,参与细胞膜部分(Membrane part)、细胞部分(Cell part)及细胞器部分(Organelle part)的 unigene 数量比较多,分别有 3 010, 2 114, 1 024 个。在分子功能类别中,这些 unigene 也归类于 12 个亚类,参与催化活性(Catalytic activity)、结合(Binding)及转运活性(Transporter activity)的 unigene 数量比较多,分别有 4 056, 3 401, 479 个。

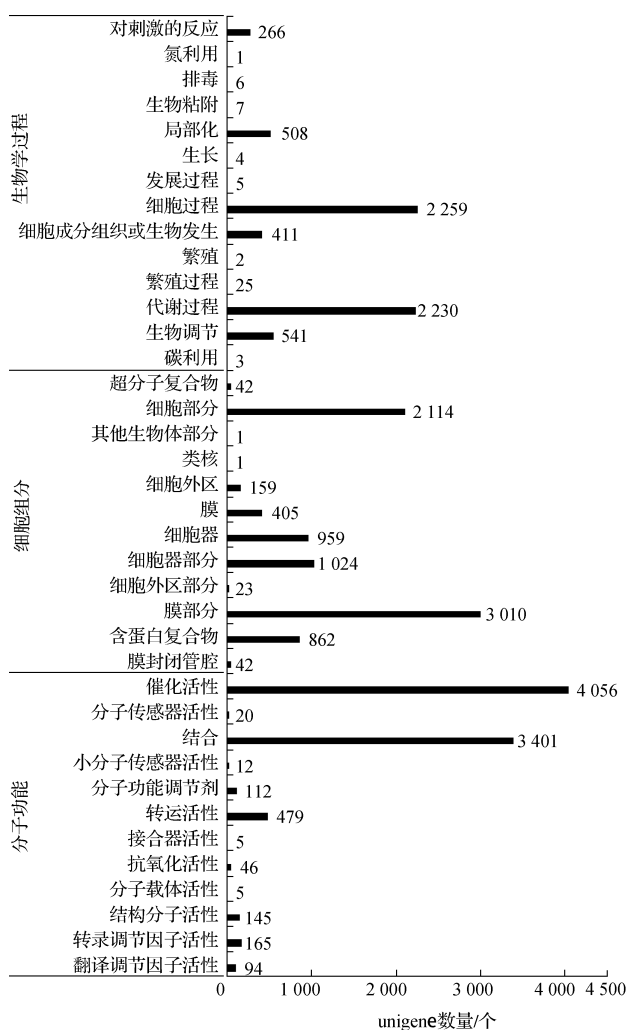


图 2 Unigenes 序列 GO 功能分类

Fig. 2 GO function classification of unigenes

在分子功能类别中,香菇、玉木耳、金针菇、羊肚菌等多种食用菌子实体的功能亚类与斑玉蕈子实体的功能亚类相类似^[11-14],主要涉及催化活性(Catalytic activity)、结合(Binding)及转运活性(Transporter activity)等,这表明不同食用菌子实体的蛋白功能存在一定的相似性,这为进一步研究食用菌子实体的蛋白功能提供了理论基础。

2.2.2 KEGG 代谢途径分类 在 KEGG 数据库中,有 3 919 个 unigene 具有代谢通路注释,涉及代谢(Metabolism)、遗传信息处理(Genetic information processing)、细胞过程(Cellular processes)、环境信息处理(Environmental information processing)、生物体系统(Organismal systems)、人类疾病(Human diseases) 6 大类代谢通路,分布于 22 个代

谢通路(见图 3)。其中,获得功能注释最多的 5 条代谢通路分别是碳水化合物代谢(Carbohydrate metabolism,382 个)、翻译(Translation,275 个)、运输和分解代谢(Transport and catabolism,255 个)、氨基酸代谢(Amino acid metabolism,243 个)、折叠、分类和降解(Folding, sorting and degradation,238 个)。

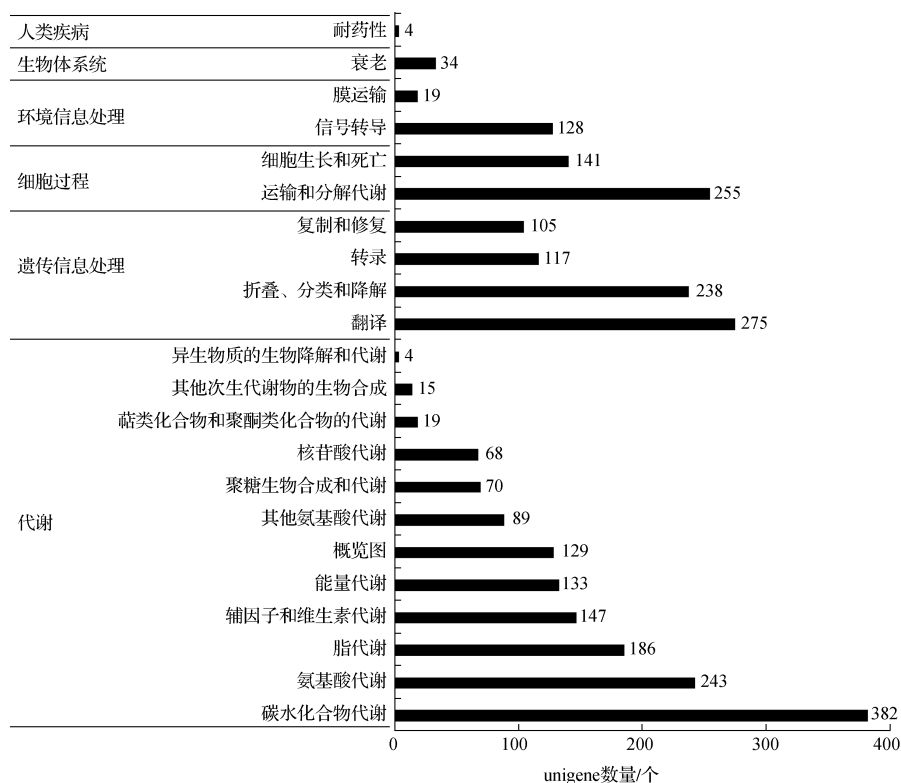


图 3 Unigenes 序列 KEGG 代谢通路

Fig. 3 KEGG metabolic pathways of unigenes

2.2.3 COG 功能分类 如图 4 所示,在 COG 功能分类注释中,有 1 247 个 unigene 被归类于 21 个功能类别。在 21 个功能类别中,占比最大的为未知功能类别(Function unknown),为 639 个,这表明斑玉蕈有较多的蛋白质尚没有功能注释,需要对这些未知功能蛋白进行深入挖掘和分析。除未知功能类别外,最主要的 3 类分别为碳水化合物运输和代谢(Carbohydrate transport and metabolism,125 个),翻译后修饰、蛋白质转换、伴侣(Posttranslational modification, protein turnover, chaperones, 73 个),次生代谢产物的生物合成、运输和分解代谢(Secundary metabolites biosynthesis, transport and catabolism,69 个)等。

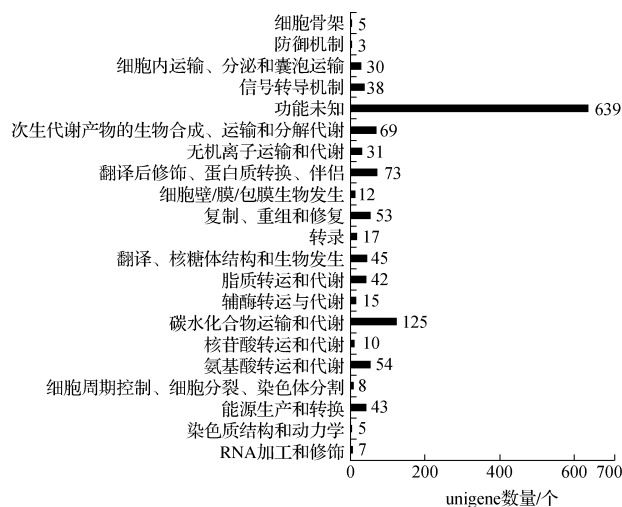


图 4 Unigenes 序列 COG 功能分类

Fig. 4 COG function classification of unigenes

2.3 斑玉蕈采后生理过程关键基因的筛选和分析

2.3.1 转录因子相关基因分析 转录因子(Transcription factor, TF)是一种可以直接结合或间接作用于核酸分子特定序列,从而对基因表达发挥调节作用(激活或抑制)的蛋白质分子。转录因子在真菌的生长发育、环境响应等方面发挥着重要的调节作

用^[15-16]。在斑玉蕈成熟子实体转录组中,共鉴定了 166 个转录因子。根据结构域的类型不同,这些转录因子共分为 24 类(见图 5)。数量最多的一类转录因子是 Zn(II)2Cys6,有 64 个,占比 39%;其次是 bZIP(碱性亮氨酸拉链),有 14 个,占比 8%;基本转录因子 TF II 有 13 个,占比 8%。

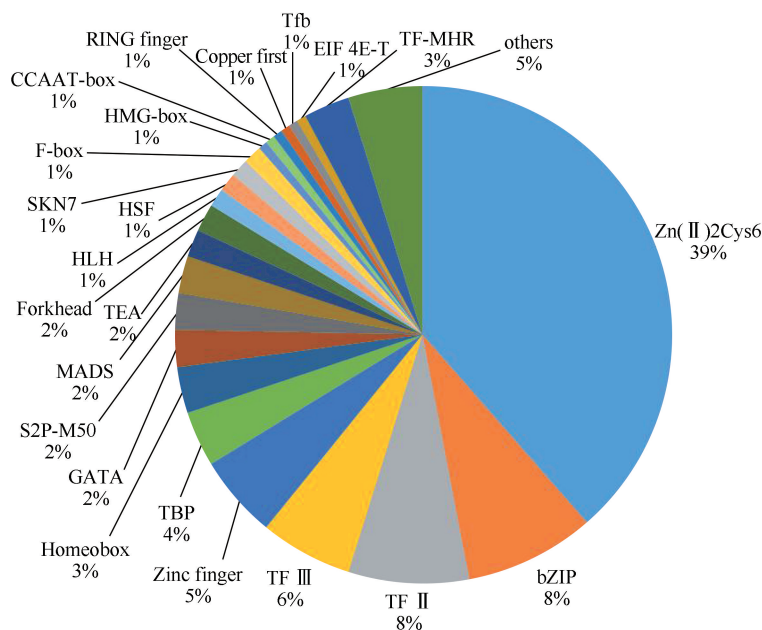


图 5 斑玉蕈转录因子的分布

Fig. 5 Distribution of transcription factors of *Hypsizygus marmoreus*

2.3.2 呼吸作用相关基因分析 在生物体内,呼吸作用主要包括糖酵解(Embden-meyerhof-parnas, EMP)、三羧酸循环(Tricarboxylic acid, TCA)、磷酸戊糖途径(Pentose phosphate pathway, PPP)和氧化

磷酸化(Oxidative phosphorylation)等。斑玉蕈子实体采收后,其贮藏品质与这些呼吸作用密切相关,通过挖掘和利用呼吸作用的关键酶,可以有效调控子实体的呼吸强度,延缓衰老(见表 2)。

表 2 呼吸途径部分 unigenes 序列信息

Table 2 Partial unigenes information of respiratory pathway

基因序号	蛋白名称	参与途径	蛋白分子量/kDa
TRINITY_DN7980_c0_g1	己糖激酶	糖酵解	55
TRINITY_DN7960_c0_g1	磷酸果糖激酶-1	糖酵解	90
TRINITY_DN2843_c0_g1	柠檬酸合酶	三羧酸循环	51
TRINITY_DN1266_c0_g1	异柠檬酸脱氢酶[NAD] subunit 1	三羧酸循环	41
TRINITY_DN2599_c1_g1	异柠檬酸脱氢酶[NADP]	三羧酸循环	51
TRINITY_DN6468_c0_g1	异柠檬酸脱氢酶[NAD] subunit 2	三羧酸循环	40
TRINITY_DN4303_c0_g1	6-磷酸葡萄糖脱氢酶	磷酸戊糖途径	58
TRINITY_DN3979_c1_g1	6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶	磷酸戊糖途径	62
TRINITY_DN2958_c1_g1	ATP 合酶 α 亚基	氧化磷酸化	107
TRINITY_DN4543_c0_g1	ATP 合酶 β 亚基	氧化磷酸化	58
TRINITY_DN13260_c0_g1	ATP 合酶 γ 亚基	氧化磷酸化	33
TRINITY_DN11531_c0_g1	细胞色素 c 氧化酶 subunit 1	氧化磷酸化	58
TRINITY_DN9450_c0_g3	细胞色素 c 氧化酶 subunit 2	氧化磷酸化	29

糖酵解是葡萄糖分解代谢的重要途径,在斑玉蕈成熟子实体转录组中,共鉴定了45个参与糖酵解的 unigene,包括己糖激酶(Hexokinase)、磷酸果糖激酶-1(Phosphofructokinase)等关键酶。三羧酸循环是糖、脂、氨基酸等代谢的最终途径,也是糖、脂、氨基酸等代谢相互联系的枢纽,在转录组中,共鉴定了15个参与三羧酸循环的 unigene,包括柠檬酸合酶(Citrate synthase)、异柠檬酸脱氢酶(Isocitrate dehydrogenase)等关键酶。磷酸戊糖途径也是糖代谢的重要途径,在转录组中,共鉴定了29个参与磷酸戊糖途径的 unigene,包括6-磷酸葡萄糖脱氢酶(Glucose-6-phosphate dehydrogenase)、6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶(6-phosphogluconate dehydrogenase)等关键酶。氧化磷酸化是细胞生命活动的主要能量来源,是ATP生产的主要途径,在转录组中,共发现63个 unigene 参与该过程,包括ATP合酶(ATP synthase)、细胞色素c氧化酶(Cytochrome c oxidase)等。

2.3.3 细胞壁降解相关基因分析 食用菌在采后贮藏过程中,子实体易出现软化现象,严重影响其商品价值和食用品质。子实体的软化与细胞壁的降解及结构的改变密切相关,主要涉及葡聚糖、几丁质、纤维素等组分的降解^[17-18]。

葡聚糖是真菌细胞壁的主要成分,在斑玉蕈转录组中,共鉴定葡聚糖酶20个,包括2个 β -1,6内切葡聚糖酶、1个 β -1,3内切葡聚糖酶、13个 β -1,4内切葡聚糖酶、4个外切葡聚糖酶。几丁质虽然含量相对较少,但也是维持细胞壁稳定的主要结构成分,共发现几丁质降解酶类9个,包括5个几丁质酶、4个几丁质脱乙酰酶。纤维素含量与子实体硬度呈现正相关,共鉴定纤维素降解酶类8个。子实体细胞壁的降解及结构的改变是以上降解酶类协同作用的结果^[19]。

从A,B,C3组样品中共筛选出4个与细胞壁降解有关的差异表达基因,包括 β -1,4内切葡聚糖酶基因 *egl1*、外切葡聚糖酶基因 *cbh1*、几丁质酶基因 *chiA1*、纤维素酶基因 *celB* 等(见图6)。

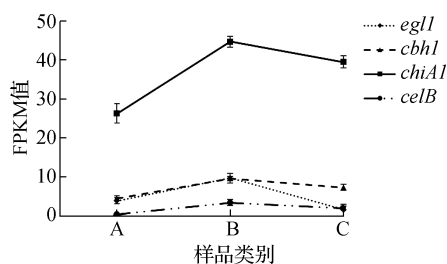


图6 细胞壁降解相关基因分析

Fig. 6 Analysis of cell wall degradation related genes

从图6可知,这些基因的表达趋势较一致,在4℃贮藏期间,这些基因的表达量上调,而经过1-MCP处理后,这些基因的表达量下调,推测这些基因与细胞壁的软化和降解相关。

3 讨论

本研究利用Illumina技术对斑玉蕈成熟子实体进行转录组测序,虽然斑玉蕈基因组已经测序,但缺少良好的基因注释,所以选择无参转录组分析。经过数据组装和优化评估,获得平均长度为1521 bp的16580个 unigene(最长的转录本),与Nr数据库比对结果显示,有12541个得到注释,占比75.64%。通过 unigene 序列的GO和COG功能分类,以及KEGG代谢途径分析,为探究子实体采后衰老机制,挖掘关键基因提供了重要理论基础。

转录因子在真菌菌丝生长发育、环境响应、菌核形成、次级代谢产物合成等方面发挥着重要的调节作用^[20-21]。在斑玉蕈成熟子实体转录组中,共鉴定了166个转录因子,其中,锌指蛋白是最多的一类转录因子,包括Zn(II)2Cys6(64个)、Zinc finger(9个)、RING-finger(1个)、GATA(4个)等,共78个。目前,关于Zn(II)2Cys6锌指蛋白的报道较多^[22-25];赵琛等^[22]认为Zn(II)2Cys6锌指蛋白FfZCP09,FfZCP28,FfZCP32,FfZCP60和FfZCP62可能以负调控方式参与金针菇对蓝光照射的响应过程。程慧娇等^[23]认为Zn(II)2Cys6锌指蛋白Tg-PRO1可能参与调控子实体的发育过程。

食用菌品质劣变是一个复杂的综合过程,包括呼吸作用、营养物质消耗、细胞壁降解等多种代谢过程^[26-27]。在斑玉蕈成熟子实体转录组中,共鉴定多个参与糖酵解、三羧酸循环、磷酸戊糖途径和氧化磷酸化等呼吸作用的关键酶,这也表明,子实体在采后仍然保持着较高的呼吸代谢水平。细胞壁降解及结构改变是子实体软化的主要原因,是多种细胞壁降解酶协同作用的结果,在转录组中,共鉴定葡聚糖酶20个、几丁质降解酶类9个、纤维素降解酶类8个,这些酶的底物包括葡聚糖、几丁质和纤维素等细胞壁多糖的主要类型,在细胞壁降解代谢中发挥着重要作用。通过以上信息的分析,能够挖掘子实体采后与呼吸作用、营养物质消耗、细胞壁降解等过程相关的关键酶,为采后分子调控提供重要理论支持。后续的研究将围绕这些关键酶,进一步深化功能研究,为食用菌贮藏保鲜等研究提供帮助。

参考文献:

- [1] 戴建成,陈辉,张津京,等. 外源性 L-抗坏血酸对斑玉蕈子实体发育过程中氧化还原体系的影响[J]. 南京农业大学学报,2021,44(4):686-694.
- [2] 黄天宇,唐利华,郑婷婷,等. 精氨酸对斑玉蕈菌丝生长的影响[J]. 菌物学报,2023,42(2):609-619.
- [3] 王琦,章勤学. 蟹味菇的营养价值及生物活性成分研究[J]. 食品研究与开发,2010,31(1):173-174.
- [4] 吴莹莹,鲍大鹏,李燕,等. 蟹味菇和白玉菇的蛋白质及氨基酸营养评价与分析[J]. 上海农业学报,2021,37(1):13-21.
- [5] 李佳欢,金文松,孙淑静,等. 斑玉蕈‘闽真5号’的选育报告[J]. 菌物学报,2022,41(2):321-323.
- [6] 张建,黄天宇,鲍大鹏,等. 利用转录组分析光照对香菇菌丝生长的影响[J]. 食用菌学报,2023,30(3):1-10.
- [7] 李玉,朱秋瑾,李巧珍,等. 利用转录组分析茉莉酸甲酯对金针菇原基生长的影响[J]. 食用菌学报,2022,29(3):1-9.
- [8] 马杰,屈雯,陈春艳,等. 基于转录组序列的羊肚菌 EST-SSR 标记开发与遗传多样性分析[J]. 江苏农业学报,2020,36(5):1282-1290.
- [9] 尚俊军,汪滢,龚明等. 利用转录组信息揭示刺芹侧耳单核和双核菌丝中小 RNA 的表达差异[J]. 食用菌学报,2020,27(2):17-23.
- [10] 张建,黄天宇,鲍大鹏,等. 利用转录组分析光照对香菇菌丝生长的影响[J]. 食用菌学报,2023,30(3):1-10.
- [11] 沈楠,张荆城,王成晨,等. 香菇子实体发育过程中的转录组研究[J]. 园艺学报,2022,49(4):801-815.
- [12] 杨和川,苏文英,谭一罗,等. 玉木耳转录组测序及褐变相关基因的挖掘[J]. 江西农业学报,2020,32(5):7-12.
- [13] 刘丽娜. 金针菇颜色突变型的遗传属性研究[D]. 长沙:湖南师范大学,2017.
- [14] 王金秋,叶鸿亮,梁道崑,等. 梯棱羊肚菌子实体转录组测序及解析[J]. 食品科学,2018,39(18):81-87.
- [15] HE Ronglin, ZHANG Lin, LAN Jinling, et al. *Cm-crfl*, a putative Zn₂Cys₆ fungal transcription factor, is involved in conidiation, carotenoid production, and fruiting body development in *Cordyceps militaris* [J]. *Biology*, 2022, 11(10): 1535.
- [16] HAN Pengjie, HUA Zhongyi, ZHAO Yuyang, et al. *PuCRZ1*, an C2H2 transcription factor from *Polyporus umbellatus*, positively regulates mycelium response to osmotic stress[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1131605.
- [17] 易琳琳,应铁进. 食用菌采后品质劣变相关的生理生化变化[J]. 食品工业科技,2012,33(24):434-436.
- [18] 赵天鹏,郜海燕,周拥军,等. 食用菌菌体自溶机制的研究进展[J]. 食品安全质量检测学报,2014,5(6):1733-1738.
- [19] 丁树东,李艳杰. 食用菌子实体采后软化机制的研究进展[J]. 中国果菜,2019,39(11):13-19.
- [20] CARRILLO A J, SCHACHT P, CABRERA I E, et al. Functional profiling of transcription factor genes in *Neurospora crassa* [J]. *G3 (Bethesda)*, 2017, 7(9): 2945-2956.
- [21] 徐新然,吕海宁,周爽,等. 真菌次级代谢转录调控研究进展[J]. 菌物研究,2019,17(3):125-137.
- [22] 赵琛,陶永新,马新斌,等. 金针菇 Zn₂Cys₆ 型锌指转录因子家族分析及其对蓝光的响应[J]. 食用菌学报,2021,28(6):1-10.
- [23] 程慧娇,张成花,王刚正,等. 广东虫草 Zn(II)₂Cys₆ 转录因子 TgPRO1 克隆及表达分析[J]. 食用菌学报,2021,28(1):22-29.
- [24] 张雪蕊,张子蕴,王毅,等. 桑黄 Zn(II)₂Cys₆ 锌簇蛋白转录因子及其在不同碳氮源条件下的表达[J]. 菌物学报,2021,40(7):1676-1687.
- [25] 王艳玲,尚敏敏,张素玮,等. 参与丝状真菌次级代谢 Zn(II)₂Cys₆ 锌簇蛋白转录因子的生物信息学分析[J]. 基因组学与应用生物学,2021,40(1):204-215.
- [26] 王霆,负建民,毕阳,等. 双孢蘑菇采后品质劣变过程中风味物质的变化规律[J]. 食品与发酵工业,2022,48(6):39-45.
- [27] 倪震丹. 采后环境调控香菇软化的效应与机理研究[D]. 杭州:浙江大学,2018.

(责任编辑:李琴 实习编辑:张昌保)