

## 昆明植物所牛肝菌系统发育研究取得新进展

文章来源：昆明植物研究所

发布时间：2014-03-18

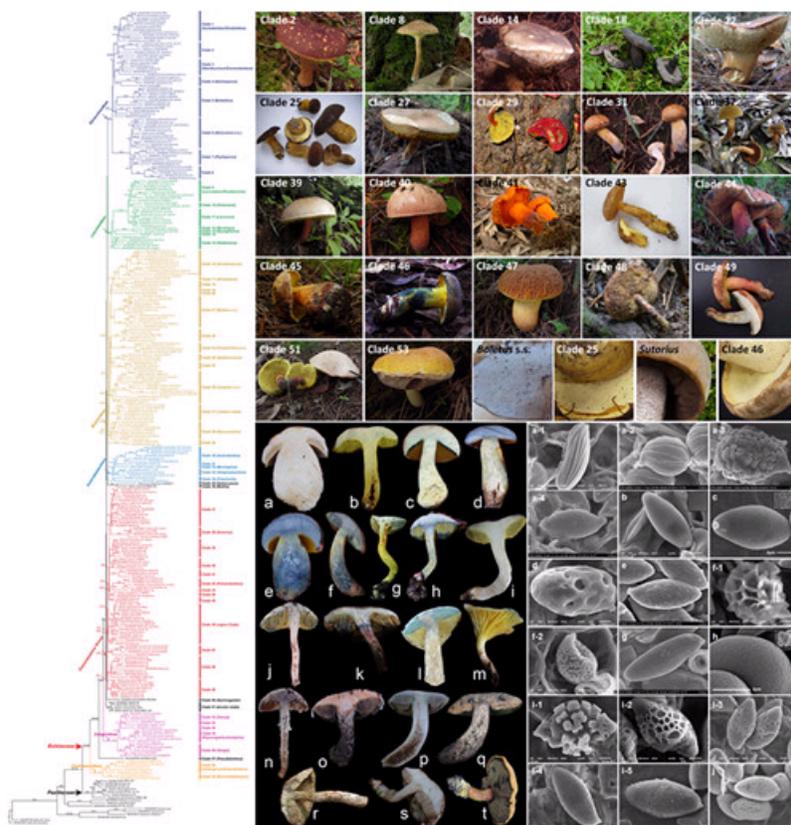
【字号：小 中 大】

牛肝菌科真菌因其重要的经济价值和特殊的生态价值，长期以来一直是各国菌物学家关注的“明星”真菌。在这类真菌中，既有重要的食用菌，也有易混的毒菌，在国内外因误食毒牛肝菌而中毒的事件频频发生。该科真菌能与十余科植物形成外生菌根关系，表现出较强的生态专一性和适应性，物种繁多、形态多样、结构复杂，属种区分困难，亲缘关系不清。被认为是真菌分类中最为困难的类群之一。真菌分类鼻祖弗莱斯（E. M. Fries）曾说“没有比牛肝菌更棘手的了”。

中国科学院昆明植物研究所杨祝良研究组经过十多年的材料搜集，在前人研究的基础上，通过与国内外同行的合作，基于四个基因片段的DNA序列，结合形态及超微结构特征，对该科的系统发育进行了研究，相关成果发表在真菌学主流期刊*Fungal Diversity*上（Wu et al. 2014. doi:10.1007/s13225-014-0283-8）。

该工作主要新意在于：1）首次较清晰地构建了牛肝菌科分子系统发育框架，发现七个亚科级主干分支，发表4个新亚科；识别出59个属级（或亚属级）支系，其中22个为新支系，证明了11个已知属为单系；2）对该科物种的关键形态特征，如子实体受伤变色与否、担孢子纹饰、子实体形态、子实层孔堵塞与否等进行了推演研究，发现该科关键形态性状都经历了多次起源；3）将牛肝菌科担孢子的纹饰划分为11种类型，其中2种类型为本次首次发现。

该研究得到国家自然科学基金重大国际合作研究项目（No. 31210103919）、国家重点基础研究发展计划（No. 2014CB138305）及中国科学院和国家外国专家局创新团队国际合作伙伴计划的资助。



牛肝菌科分子系统发育框架

打印本页

关闭本页