

# 多组学驱动食用菌遗传育种研究范式转变

韩蓓<sup>1,2</sup>, 赵瑞琳<sup>1,2\*</sup>

1 中国科学院微生物研究所 微生物多样性与资源创新利用全国重点实验室, 北京 100101

2 中国科学院大学生命科学学院, 北京 100049

**摘要:** 中国是食用菌大国, 为了进一步增强产业创新能力, 加大食用菌的基础研究是关键突破口。近年来随着生物技术的快速发展, 组学驱动食用菌研究从表型描述向系统性机制解析转变。应用单一组学技术目前已在食用菌遗传基础、基因调控、蛋白动态、代谢通路及表型分析等分子调控研究取得了广泛进展, 但应用多组学联用整合分析才能解决单一组学数据片面化、碎片化的问题, 所以多组学技术逐渐成为食用菌遗传育种研究范式转变的核心驱动力。虽然目前研究仍面临数据质量、功能验证、计算资源、整合复杂性等挑战, 未来仍需聚焦底层技术革新、人工智能驱动、跨尺度整合、资源平台建设等, 继续推动多组学深度整合与创新应用, 助力食用菌产业高质量发展, 以满足粮食安全与大健康需求。

**关键词:** 食用菌; 多组学; 研究范式

[引用本文]

韩蓓, 赵瑞琳, 2026. 多组学驱动食用菌遗传育种研究范式转变. 菌物学报, 45(1): 250221

Han B, Zhao RL, 2026. Multi-omics drives a paradigm shift in research on genetic breeding of edible fungi. *Mycosystema*, 45(1): 250221

## Multi-omics drives a paradigm shift in research on genetic breeding of edible fungi

HAN Bei<sup>1,2</sup>, ZHAO Ruilin<sup>1,2\*</sup>

1 State Key Laboratory of Microbial Diversity and Innovative Utilization, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

2 College of Life Sciences, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

**Abstract:** China is a large country in the production of edible fungi. In order to further enhance the

资助项目: “十四五”国家重点研发计划(2022YFD1200605); 现代农业产业技术体系北京市创新团队(BAIC03)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China under the 14th Five-Year Plan (2022YFD1200605) and the Beijing Innovation Consortium of Agriculture Research System (BAIC03).

\*Corresponding author. E-mail: zhaorl@im.ac.cn

Received: 2025-07-20; Accepted: 2025-11-21

industrial innovation ability, increasing the basic research on edible fungi is the key breakthrough point. In recent years, with the rapid development of biotechnology, omics-drive research on edible fungi has shifted from phenotype description to systematic mechanism analysis. The application of single omics technology has achieved extensive progress in the genetic basis, gene regulation, protein dynamics, metabolic pathways, and phenotypic analysis of edible fungi. However, the problems of one-sided and fragmented data of single omics can be addressed only through integrated analysis of multi-omics. Therefore, multi-omics technology has gradually become the core driver for the paradigm shift in research on genetic breeding of edible fungi. Although the current research still faces challenges such as data quality, functional verification, computing resources, and integration complexity, future researches should focus on innovations in underlying technologies, AI-driven approaches, cross-scale integration, the construction of resource platforms, *etc.* Continued promotion of deep integration and innovative application of multi-omics will facilitate high-quality development of the industry of edible fungi, thereby meeting the needs of food security and public health.

**Keywords:** edible fungi; multi-omics; research paradigm

## 1 食用菌遗传育种研究现状

### 1.1 食用菌产业规模与科技短板的矛盾

随着生命科学技术的更迭与发展,包括基因组学、转录组学、蛋白组学等的组学技术已经逐渐成为生物学领域重要的研究工具。在诸多生物系统研究领域,食用菌研究正面临着前所未有的机遇与挑战。食用菌因兼具突出的营养价值、独特的生物学研究价值、显著的经济产业价值、重要的生态可持续发展功能,以及契合大健康与粮食安全的社会需求而备受关注。然而,由于食用菌生物学特性的复杂性与研究对象的特异性,传统研究方法已难以满足现代科研的需求。因此,基于多组学技术的食用菌深度研究,突破传统研究的局限性,加速食用菌种质资源开发、品种改良及产业化应用,不仅可为解析食用菌生物学特性提供更加系统性的研究视角,还能为食用菌产业发展提供创新性解决方案。

中国作为全球最大的食用菌生产国与消费国,2023年食用菌(鲜品)总产量4 336.04万t,总产值3 965.57亿元,占全球总产量80%以上(中国食用菌协会 2025),居世界首位,但产业规模扩张与科技支撑不足的矛盾日益突出。除了产品加工率不足6%、精深加工及高附加值产品开发滞后(汤昕明等 2019;杨文建等 2019)、

差异化设备不足、自动化生产装备依赖进口(任彩虹等 2025)外,菌种研发存在明显短板。我国食用菌80%主栽品种依赖进口(李昊等 2025),自主知识产权菌种匮乏,高效育种技术薄弱,工厂化率不足10%(发达国家达90%以上)(陈飞等 2023;李虎等 2024)。其主要原因是遗传育种基础研究薄弱,对重要性状调控机制解析不深入,导致自主育种效率低,多组学等前沿技术应用滞后,次生代谢产物合成、逆境适应等机理研究不透彻,成果向产业转化的有效衔接不足,种质资源利用不充分(戴玉成 2022;鲍大鹏和谭琦 2024;谷莉等 2025)。

中国食用菌产业的矛盾本质是“大而不强”,规模优势因科技短板无法转化为经济效益,破解上述矛盾需推动产业发展模式从规模扩张向质量效益转型,而多组学技术是破解这一困局的关键突破。通过整合基因组学、转录组学、蛋白组学、代谢组学、表型组学等多维数据,既能系统解析食用菌生长发育的分子机制,为菌种定向改良提供理论支撑,又能精准识别功能成分合成通路,推动高附加值产品开发,从而构建基础研究-技术创新-产业转化的协同链条,助力产业规模优势向科技经济优势转化。

### 1.2 组学技术从描述生物学向机制解析的范式转变

随着组学技术的革新,食用菌学研究范式

已发生根本性转变。传统研究长期依赖形态观察与生理指标测定的描述性方法, 聚焦单个或少数生物学特征的分析, 而现代研究已进入机制解析阶段, 通过多组学技术整合(基因组学、转录组学、蛋白组学、代谢组学、表型组学等), 系统探究食用菌生长发育、环境适应及药用价值的深层分子机制(吴冰等 2015; 钟雅婷等 2021; 黄丽雅等 2025; 梁俊敏等 2025)。

食用菌生物学过程(如发育调控、逆境应答、活性成分合成)涉及基因-转录-蛋白-代谢物的多层级网络互作, 单一组学技术(如单一转录组分析)仅能提供碎片化信息, 难以构建完整调控链条; 而多组学整合可深度解析不同生长阶段及环境条件下的基因表达模式、蛋白合成路径与代谢网络动态, 通过跨组学数据交叉验证规避技术偏差, 进而揭示复杂生物学特性的调控机理(Cao *et al.* 2023; Xie *et al.* 2025b)。多组学技术整合可以揭示基因、蛋白与代谢产物的多维互作机制, 为解析食用菌生长发育、环境响应及次级代谢提供理论框架, 通过关联分析实现从“现象描述”到“因果机制”的跨越, 精准定位关键调控级联与代谢通路, 揭示生物过程动态演变规律, 进而显著提升分子育种与合成生物学设计效率。

总之, 多组学技术驱动食用菌研究从表型描述进阶至机制解析, 这一转变丰富了对食用菌生命活动的认识, 为食用菌产业发展提供了强有力的科学支撑, 将积极推动食用菌产业的科技创新和可持续发展。

## 2 核心组学技术进展与突破

### 2.1 核心组学技术进展

#### 2.1.1 基因组学

基因组学是研究生物体全部基因(即基因组)结构、功能、进化的学科。基因组学作为食用菌研究的核心驱动力, 无论是从分类进化到功能基因挖掘, 还是从环境适应到共生机制解析等都取得了丰硕成果, 极大地推动了对食用菌生命本质的认知深化及产业应用创新与升级(凌志琳和赵瑞琳 2018; Yuan *et al.* 2019; 胡爽

2022; 刘远超 2022; Zhang *et al.* 2023b; Zhao *et al.* 2023; 刘逸婷等 2025)。

随着测序技术的普及与发展, 截至 2025 年 3 月, 全球已完成 130 余种食药菌的基因组测序, 例如茯苓 *Wolfiporia hoelen* (Fr.) Y.C. Dai & V. Papp、灵芝 *Ganoderma lingzhi* Sheng H. Wu, Y. Cao & Y.C. Dai(戴玉成等 2021)、香菇 *Lentinula edodes* (Berk.) Pegler、刺芹侧耳 *Pleurotus eryngii* (DC.) Quél. 等, NCBI 基因组数据库中收录了 2 992 条担子菌门 Basidiomycota 记录和 17 175 条子囊菌门 Ascomycota 记录。这些基因组数据为食用菌遗传资源挖掘提供了基础。例如, 中国科学院微生物研究所研究人员通过比较 199 个野生与栽培金针菇 *Flammulina filiformis* (Z.W. Ge, X.B. Liu & Zhu L. Yang) P.M. Wang, Y.C. Dai, E. Horak & Zhu L. Yang 菌株的基因组, 发现栽培群体基因组显著缩小(基因数量减少、遗传多样性降低), 并在驯化过程中丢失了  $\beta$ -内酰胺抗生素代谢和 MAPK 通路相关抗病基因, 揭示了人工选择导致的基因组退化及关键驯化性状的遗传基础(Liu *et al.* 2024)。在与几种真菌模式生物基因组比较中发现, 牛樟芝 *Taiwanofungus camphoratus* (M. Zang & C.H. Su) Sheng H. Wu, Z.H. Yu, Y.C. Dai & C.H. Su 中参与植物和真菌细胞壁降解的酶基因家族经历了显著的收缩, 为解释其在自然界罕见且人工栽培困难提供了分子基础(Chen *et al.* 2022)。研究者通过对双孢蘑菇 *Agaricus bisporus* (J.E. Lange) Imbach 核心基因相关多核苷酸多态性(cgMNP)标记构建系统发育树, 实现了 213 个野生与栽培菌株的精准鉴别, 这些标记在金针菇、酿酒酵母等不同物种的真菌菌株中也具有广泛适用性, 是高分辨率鉴定真菌菌株的新方法(Liu *et al.* 2025)。

当前, 基因组学正朝着单细胞组学与人工智能驱动精准设计方向迈进(Ahmed *et al.* 2024; Li GT *et al.* 2025; Nobori 2025; Pountain & Yanai 2025), 这将推动食用菌研究从资源描述转向机制驱动, 推动食用菌产业向精准化、高效化方向发展, 加速产业从经验育种向智能设计升级, 为攻克种源难题、增强产业竞争力

提供核心技术支撑。

### 2.1.2 转录组学

转录组学是研究特定细胞、组织或生物体在特定时空条件下所有 RNA 分子(包括 mRNA、非编码 RNA 等)的种类、数量、结构及其调控规律的学科。转录组学作为现代组学技术的重要分支,是研究基因表达和调控的重要手段,不仅能够分子层面上深入解析特定基因的表达模式,而且能揭示这些调控机制的复杂性。食用菌领域转录组分析为揭示食用菌的生长发育机制、环境响应和次生代谢产物调控等分子机制提供了重要依据(吴小梅 2016; 曹子健等 2022; 杨沁閻 2023)。

上海市农业科学院研究团队针对香菇转色阶段的细胞核与线粒体转录组互作展开研究,发现线粒体 *rps3* 基因除核糖体组装功能外,可能通过调控质膜重塑、纤维素代谢等途径参与褐膜形成,揭示了细胞质替换对转色程度的显著影响(Song *et al.* 2024)。金针菇的蓝光诱导实验转录组分析发现,蓝光会促进菌柄中低分子量碳水化合物的积累,并上调氧化酶基因、水解酶基因和葡聚糖合成酶基因的表达,提高菌柄对培养基的生物降解能力,从而提高了子实体的生长速度,这为解析蓝光促进蘑菇原基分化及子实体形成提供了理论依据(Wang H *et al.* 2024)。此外,茉莉酸甲酯处理金针菇原基的转录组数据表明,苯丙素代谢途径可能通过调控次生代谢物合成促进子实体发育(李玉等 2022)。蜜环菌 *Armillaria mellea* (Vahl) P. Kumm. 退化菌株的转录组分析显示,胞外酶活性相关基因表达异常,为菌种复壮技术开发指明方向(贺元川等 2022)。通过对脆黑木耳 *Auricularia fibrillifera* Kobayasi 干旱胁迫与复水反应状态的转录组分析,发现了参与重要生物学途径的候选基因和代谢产物可能调控木耳的耐旱性或复水作用并揭示了相应的机制,为耐旱真菌的育种和栽培提供了新的潜在靶点(Wang *et al.* 2022),为抗逆菌株的分子标记辅助筛选及基因编辑提供了理论依据。通过转录组学分析系统挖掘了牛樟芝羊毛甾烷型三萜的生物合成关键

酶,解析了羊毛甾烷型三萜的生物合成与修饰网络,丰富了大型真菌中羊毛甾烷型三萜的生物合成研究(Zhang *et al.* 2024)。

随着单细胞转录组和空间转录组技术的发展,食用菌研究将进入细胞异质性解析的新阶段(Du *et al.* 2025; Nobori 2025; Pountain & Yanai 2025)。利用整合表观转录组、翻译组的多维度组学分析,有望全面揭示基因表达调控的完整机制,加速食用菌精准育种,将推动食用菌产业朝着高效化、功能化、智能化方向发展。

### 2.1.3 蛋白质组学

蛋白质组学是研究特定时间和条件下细胞、组织或生物体中全部蛋白质的学科,聚焦蛋白质的组成、结构、功能、相互作用及动态变化,以质谱等为核心技术,弥补基因组学局限,在疾病诊断、药物研发等领域有重要价值,是连接基因组与生命功能的关键前沿学科,是后基因组时代的重要研究方向(Blackstock & Weir 1999; 查磊等 2017)。

蛋白质组学在食用菌领域的研究不仅为揭示食用菌的生理机制提供了新的视角,也为食用菌的遗传育种、免疫调节、保鲜技术等实际应用提供了理论支持。福建省农业科学院食用菌研究所王泽生研究团队基于蛋白质组学技术(iTRAQ-MS/MS),对双孢蘑菇 *As2796* 菌株 4 个发育阶段(原基期、幼菇期、采收期、开伞期)的蛋白质组分析揭示双孢蘑菇子实体发育阶段的差异表达蛋白,筛选并验证 3 个关键蛋白,为食用菌发育机制研究与遗传改良提供靶点(陈美元等 2015)。有研究利用无标记液相色谱-串联质谱技术结合比较蛋白质组学分析,检测了花脸香蘑 *Collybia sordida* (Schumach.) Z.M. He & Zhu L. Yang 从菌丝到成熟子实体 6 组样品的总蛋白,解析了该驯化菌株原基分化的调控蛋白表达谱的整体变化,并发现其驯化菌株在原基分化阶段、小子实体与中号可采收子实体的菌柄和菌盖中存在调控蛋白表达谱差异,揭示其子实体菌柄和菌盖的不同发育调控模式(Yang *et al.* 2024b)。上海农业科学院食用菌研究所研究人员通过比较低温冷胁迫前后草菇 *Volvariella*

*volvacea* (Bull.) Singer 菌丝体的蛋白质组, 发现低温胁迫通过泛素化(尤其是泛素结合酶 E2 家族的 UBEV2)减少草菇的蛋白质翻译和降解最终引发低温自溶, 而泛素结合酶抑制剂可提高草菇的抗寒性, 为提升草菇等食用菌子实体的低温贮藏品质提供了理论依据(Gong *et al.* 2020)。青岛农业大学于浩团队利用 Label-free 蛋白质组学技术解析白玉菇菌丝响应青霉菌胁迫的分子机制, 发现其通过上调解毒代谢与 DNA 修复蛋白同时下调核糖体合成与碳代谢蛋白, 形成“防御优先-生长妥协”的适应性策略, 为抗病菌株选育提供靶点(Yang *et al.* 2024a)。这些研究展示了多组学整合在揭示复杂生命过程方面的强大能力, 能够从基因表达、蛋白质功能和代谢表型多个层面提供互补信息, 构建更完整的生物学图景。这些研究不仅有助于理解食用菌的生理过程, 也为开发新型、绿色、高效的保鲜技术提供了理论支持。

尽管蛋白质组学在食用菌领域取得了显著进展, 但仍面临一些挑战。例如, 低丰度蛋白质的高灵敏度检测、复杂生物样品的高覆盖率、高通量分析以及蛋白质互作的动态高效表征等问题仍需进一步研究。此外, 蛋白质组学与基因组学、代谢组学等多组学技术的整合研究仍处于起步阶段, 需要进一步加强跨学科合作, 推动系统生物学的发展。

#### 2.1.4 代谢组学

代谢组学是一门研究生物体内小分子代谢物(如氨基酸、糖类、脂质、有机酸等, 通常分子量<1 000 Da)整体组成、动态变化及其与生物过程关联的学科。代谢组学是系统生物学的重要分支, 是以整体方式对生物体内代谢物进行分析, 从代谢途径和代谢网络 2 个方面揭示生物体代谢规律的一门科学。

食用菌领域代谢组学的研究策略是从整体上观察代谢网络的变化, 通过代谢组的数据分析来推断食用菌活性物质的合成路径, 进而提出生物合成途径中相关基因及酶的作用机制, 并为定向调控提供依据(刘芹等 2024; 刘询等 2024; 刘艳等 2024)。在亚洲兰茂牛肝菌

*Lanmaoa asiatica* G. Wu & Zhu L. Yang 研究中, 通过核磁共振( $^1\text{H-NMR}$ )、气相质谱(GC-MS)和液相质谱(LC-MS) 3 种代谢组学技术结合 SMICA-P 软件, 比较菌丝体与原基的差异代谢物, 鉴定出了 96 个显著上调差异物质及相关调控通路, 发现连接各通路的核心物质谷氨酸对原基萌发及生长有一定的促进作用, 这为亚洲兰茂牛肝菌的人工繁育奠定了基础(杨晓敏等 2023)。在不同灵芝菌株的研究中, 采用超高效液相色谱-质谱非靶向代谢组学技术, 结合主成分分析等统计方法, 发现不同灵芝菌株水提液的酸味、鲜味、苦味和咸味响应值差异比较大, 通过分析子实体水提液代谢物差异明确了与滋味相关的差异代谢物, 为解析灵芝滋味物质基础提供理论依据(黄昭宁等 2024)。浙江理工大学张晓丹团队采用解吸电喷雾电离质谱成像(DESI-MSI)结合非靶向代谢组学分析, 明确了 132 种代谢物(含 115 种三萜类)在灵芝子实体不同部位及 4 个成熟时期的空间动态分布, 为灵芝药用部位合理利用提供依据, 也为药用食用菌活性物质空间分布研究提供工具(Xia *et al.* 2024)。四川省食用菌研究所李小林团队运用液质联用(LC-MS/MS)代谢组学技术, 系统分析了 3 种不同肉色的毛木耳 *Auricularia cornea* Ehrenb. 品种子实体代谢物组成及差异, 鉴定出了不同肉色间的生物标志物及涉及的代谢通路, 为毛木耳品种改良和品质提升提供科学支撑(Ye *et al.* 2024a)。该团队还利用 LC-MS/MS 靶向氨基酸代谢组学技术, 分析了不同比例松果基质栽培的毛木耳氨基酸代谢谱差异, 揭示油性物质对其生长、产量及代谢物累积的影响, 为毛木耳栽培及品质改良提供新思路(Ye *et al.* 2024b)。

尽管代谢组学在食用菌研究中取得了诸多进展, 但仍面临一些挑战。例如, 代谢物的鉴定和定量分析仍需进一步优化, 以提高数据的准确性和可靠性。此外, 代谢组学数据的整合和分析也需要更先进的算法和工具支持。未来的研究应进一步加强代谢组学与其他组学技术的融合, 推动“数据驱动”的食

用菌研究,助力食用菌研究进入更加精准和系统的新阶段。

### 2.1.5 表型组学

表型组学是指在基因组水平上系统地研究某一生物或细胞在各种不同环境条件下表现出的所有可观测特征总和的学科(王璟璐等 2018)。表型组学通过高通量技术和系统生物学方法,全面解析了基因型-环境-表型间的复杂关系,突破了传统单一表型研究的局限。随着基因测序和大数据技术的发展,表型组学逐渐成为推动食用菌研究的重要手段。表型组学通过光学设备和传感器将肉眼观察和手工测量的数据数字化,与基因组、代谢组等数据构成食用菌组学大数据,为食用菌分类、种质资源评价、育种、基因功能和栽培等研究提供了新思路(袁晓辉等 2021)。

传统表型采集主要依赖于取样、分离与鉴定,存在样本不足、样本易污染和结果易丢失等问题。为了克服传统表型测量的瓶颈,研究人员开发了多种高通量表型组设备,通过综合运用现代表型采集技术,可以获得更全面的食用菌表型信息,从而为食用菌遗传育种提供丰富的基础材料。基于深度学习的图像分析技术可以用于孢子、菌丝(体)、菌盖、菌柄和菌褶的形态特征测量,降低测量结果的主观性,为物种鉴定提供更高质量的信息(陆嘉豪 2024)。此外,人工智能算法还可以用于菌丝体和子实体不同发育阶段和不同环境下的表型自动观测,从而实现客观的食用菌生育周期评价以及抗逆分级等。传统表型数据的积累也可以为现代表型采集提供支撑。在中国皱木耳类群种质资源的研究中,通过对 16 个表型性状进行多样性、相关性、聚类及主成分分析等表型组技术应用,筛选出 3 个关键评价指标,为其种质资源精准评价、新品种选育及 DUS (品种特异性、一致性和稳定性)测试指南研制提供了依据(曹雪莲等 2024)。在肺形侧耳 *Pleurotus pulmonarius* (Fr.) Quél.的研究中,通过图像识别技术对其菌丝体的表型组学分析,定量解析了轮廓(周长、半径、面积、生长速率、变化速度 5 项指标)和

纹理(菌丝体覆盖率、圆度、沟槽深度、密度、密度变化 5 项指标)特征,并结合纤维素酶活性验证,揭示了这些表型特征与菌丝体质量的关联,为秀珍菇育种早期的菌株高效精准筛选提供了技术支撑(Wang XY *et al.* 2024)。人工智能和大数据技术在食用菌表型组研究中的应用也日益广泛。在香菇的研究中,采用图像识别技术对其表型进行多视图图像分割,通过结合 SfM-MVS 三维重建及 CP-PointNet++点云分割技术,提取菌盖横径、纵径、高度及菌柄直径、高度等表型性状并结合机器学习实现产量估算,为香菇育种及产量预测提供了高效、非破坏性的技术支持,这种方法也适用于其他真菌的表型性状提取(Xu *et al.* 2025)。

## 2.2 面临的挑战和发展趋势

食用菌领域核心组学技术(涵盖基因组学、转录组学、蛋白质组学及代谢组学等)的应用与发展面临多重挑战。首要体现在数据质量与标准化层面:尽管当前多数食用菌完成了基因组测序工作,相关序列数据得以积累,但这些数据的实际应用价值尚未被充分挖掘与利用,如非模式食用菌基因组中非编码区调控元件和重复序列的生物学功能尚未被清楚解析,使得基因组注释覆盖率不足,在一定程度上限制了对基因组整体功能架构的深入研究;由于真菌细胞壁破壁效率受限,真菌蛋白质组研究存在覆盖度不足的问题,同时因低丰度蛋白(如转录因子)含量低微难以捕获,磷酸化、糖基化等翻译后修饰也因结构复杂而检出难度较大(Xie *et al.* 2025a)。同时虽然现有代谢物数据库可辅助基础代谢物鉴定与通路注释,但尚无整合多物种的食用菌代谢物核心库,食用菌特有代谢物缺乏系统注释,缺乏食用菌专属深度数据,需结合多工具组合与实验验证以弥补缺口。功能验证体系的薄弱是食用菌组学研究中的突出问题,主要体现在 2 个层面:其一,遗传操作效率偏低,且 CRISPR-Cas9 等高效基因编辑工具在多数食用菌中尚未实现成熟应用,限制了基因功能的直接干预研究;其二,表型与基因型关联的研究尚存在明显断层,组学分析筛选出

的候选基因缺乏高效的体内验证平台，现有研究常依赖酵母等异源表达系统进行功能验证，这一过程可能因宿主环境差异导致结果失真，难以准确反映基因在原始生物背景下的真实功能。同时各研究组的数据分散且缺乏有效交流，形成了相互隔离的数据孤岛，这在一定程度上阻碍了跨项目的数据挖掘工作。

目前，食用菌组学技术正经历从单一维度解析向多层次动态整合的范式转变，而未来的发展将依赖于底层技术的革新，长读长测序、空间组学及单细胞技术将突破现有分辨率极限。未来的关键突破点在于建立食用菌专用多组学数据库，并推动跨学科协作(如材料学与微流控技术结合开发原位检测设备)，最终实现从碱基序列到产品货架的精准调控。

### 3 多组学联用

#### 3.1 从单一组学到多组学联用

过去研究中，单一组学的研究方法存在数据共享困难、分析深度不足等问题，无法有效地整合多个组学数据。多组学联合研究需要多学科通过构建高效的组学数据共享平台，建立不同学科间的数据共享模式，为基因组、转录组、蛋白组、代谢组和表型组的整合分析提供技术支撑。近年来，以基因组学、蛋白质组学和代谢组学为代表的多组学联合研究取得了长足进步，并已成为一种全新的研究范式。食用菌多组学联合研究将为食用菌产业发展提供理论依据和技术支撑，提高食用菌产业研发水平，提升产业核心竞争力，实现产业可持续发展。

#### 3.2 多组学联用策略与技术瓶颈

##### 3.2.1 科学问题驱动的多组学研究框架

多组学技术的本质是“工具”，工具的选择和组合必须由科学问题决定。同时，多组学分析产生的规模庞大的数据集需要以科学问题为焦点，否则只能对生物现象进行“表层描述”，既难以揭示深层机制，也无法挖掘出具备科学意义与价值的核心结论。

多组学联用的核心是围绕具体科学问题进

行靶向性分析，而非盲目整合基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学等多维度数据，其底层逻辑是将科学问题作为贯穿研究全流程的核心线索，从研究设计、技术选型到数据整合、机制验证，均以解决具体科学问题为目标，最终实现从“现象描述”到“机制阐释”的突破。具体而言，搭建基于科学问题的多组学研究框架需遵循清晰的逻辑步骤：首先要明确核心科学诉求，例如针对某一生物学现象的分子机制研究，需先锁定具体目标如：核心分子的调控网络、不同层级生物分子的协同作用规律、关键功能性状的分子基础等；进而根据诉求选择适宜的组学整合分析(如基因组与转录组联用、蛋白组与代谢组整合等)，最终确定分析重点(如核心通路交叉验证、差异分子筛选注释)；同时需结合实际应用需求调整策略侧重，确保分析既紧扣科学本质又能回应产业应用诉求。

##### 3.2.2 多组学联用策略

多组学技术的出现，为食用菌研究提供了新的研究策略。通过整合不同的生物分子信息，多组学技术为食用菌的遗传机制、代谢过程以及进化历史等方面提供了更为深入和全面的理解。但如何将多组学技术有机结合，发挥出最大价值是目前的研究难点。

多组学技术联用的核心思路是通过整合不同层级的生物学数据(如基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学等)，从基因-转录-翻译再到在生物体内发挥功能的完整链条中解析生物系统的复杂调控机制，克服单一组学技术的信息碎片化、无法反映动态调控过程等的局限性。多组学联用的常见策略主要包括以下几个方面，这些策略旨在通过整合不同组学层次的数据，全面解析生物分子功能和调控机制：

(1) 层级关联分析：核心逻辑就是从“上游组学”到“下游组学”逐步关联，例如：基因组变异-转录组差异表达；差异表达基因-差异表达蛋白；差异表达蛋白-差异代谢物等，通过整合基因组、转录组、蛋白质组、代谢组等不同组学数据以揭示分子间的相互关系。

(2) 网络构建：通过共表达分析、互作预测、调控网络等方法，构建基因-蛋白-代谢物的相互作用网络，进而挖掘核心调控节点(如关键基因、限速酶、特征代谢物)。

(3) 通路富集整合：以 KEGG Pathway 等功能通路为核心，将不同组学的差异结果映射到同一代谢通路或信号通路，验证通路的协同变化，明确核心功能通路。

此外，多组学数据的整合需要使用统计学、机器学习以及其他方法和技术来处理和分析跨不同数据层次的信息。在食用菌进行多组学数据整合分析时，研究人员可以使用多种工具和方法来整合不同类型的组学数据(如基因组、转录组、蛋白质组、代谢组等)，以揭示其复杂的生物学机制。常用的工具包括 MOFA (multi-omics factor analysis)，基于贝叶斯因子模型，能有效识别跨组学的共享与特异变异模式，用于无监督学习算法并发现潜在驱动因子 (Argelaguet *et al.* 2018)；mixOmics 用于多变量分析，能够有效整合多组学数据并提取共享和特异的模式，包括了多种可视化手段用以展示结果 (Rohart *et al.* 2017)。此外，iSODA 作为一个交互式平台，支持单组学和多组学数据的并行分析，提供了丰富的可视化功能和模块化设计，适合探索复杂的组学关系 (Olivier-Jimenez *et al.* 2025)。工具的选择需要紧密围绕具体的生物学问题、数据类型以及对可解释性或预测性能的需求。在方法上，多组学数据整合通常涉及降维分析(如主成分分析 PCA、主坐标分析 PCoA)和聚类分析(如欧氏距离、曼哈顿距离、Bray-Curtis 差异)等步骤，以识别数据中的潜在模式和生物学关联 (Duan *et al.* 2024)。这些方法和工具的结合使用，有助于研究人员更全面地理解食用菌的生物学特性及其在不同环境条件下的适应机制。

### 3.2.3 多组学联用技术瓶颈

尽管多组学技术在食用菌研究中展现出巨大潜力，但在实际应用中仍面临以下技术瓶颈：

(1) 数据整合复杂性：不同组学数据在维度、噪声水平和动态范围等方面存在显著差异，

导致数据整合难度大 (Arkan & Muth 2023)。例如，代谢组学数据通常具有较高的噪声和低丰度问题，而基因组学数据则可能面临标准化不足的问题。此外，空间组学与蛋白质组学等新兴技术的数据异质性进一步加剧了整合难度。

(2) 计算资源需求高：多组学数据的规模庞大，涉及海量数据的存储、处理和分析，对计算资源提出了极高要求。例如，单细胞多组学数据的处理需要强大的算力支持，而深度学习模型的训练过程也依赖于高性能计算平台。

(3) 生物学解释困难：尽管多组学数据能够提供丰富的生物信息，但如何从中提取有意义的生物学见解仍然是一个挑战。例如，多维度关联分析容易受到混杂因素的干扰，导致因果推断困难。此外，不同组学数据之间的关联性可能并不直接反映生物学机制，需要借助复杂的统计和机器学习方法进行挖掘。

(4) 技术局限性：某些组学技术在灵敏度和分辨率方面存在局限。例如，低丰度蛋白质的检测仍然是一个难题，而空间组学技术在成本和自动化方面也面临挑战。此外，多组学数据的获取过程可能受到采样策略、样品制备和环境梯度等因素的影响，导致数据质量不稳定。

精准且量化的表型数据是多组学研究解读的核心基础。组学数据反映的基因、代谢物等分子层面的变化，需与具体表型特征建立关联才能获得明确的生物学意义。因此，高质量的表型数据是解析分子层面变化并阐明其生物学意义的根本前提，缺乏表型数据支撑的组学数据仅为孤立的分子信息集合。基于此，仍需持续强化组学数据获取能力及基因组、转录组等研究策略的创新，以促进多组学研究的深度与广度拓展，进而提升其在食用菌研究中的应用价值。

## 3.3 研究范例解析

### 3.3.1 多组学联用解析食用菌生长发育分子基础

食用菌的生长发育是从营养生长向生殖生长的复杂转变的生物学过程，近年来，整合基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学的

多组学联用技术，为系统解析这一生物过程提供了更加全面且崭新的视角。通过转录组与蛋白组联用技术，研究发现金针菇从原基期到伸长期的子实体发育中，菌柄和菌盖存在显著数量的差异基因与蛋白，且这些差异分子主要富集于催化活性相关功能及代谢通路，同时构建了差异蛋白互作网络并验证了关键基因，这为探究金针菇子实体的形成和生长发育过程的调控机制以及分子辅助育种提供了理论依据(孙源等 2024)。基于代谢组与转录组技术，研究系统首先分析了六妹羊肚菌 *Morchella sextelata* M. Kuo 在菌丝体、原基、幼菇和成熟子实体 4 个发育阶段的分子动态，随后通过 Pearson 相关性分析构建了关联基因-代谢物互作网络，并首次提出了环境因子通过激活转录因子调控代谢与形态发生的概念模型，揭示了碳水化合物、氨基酸和脂质代谢通路以及 C2H2 等转录因子在形态建成与成熟过程中的关键作用，为阐明羊肚菌从营养生长到生殖生长的转变机制提供了多组学依据，也为品种选育和栽培优化奠定了理论基础(Zhang *et al.* 2023a)。浙江省农业科学院园艺研究所蔡为明研究团队通过联用超高效液相色谱-串联质谱(UPLC-MS/MS)和高效液相色谱-质谱法代谢组(HPLC-MS)及转录组技术首次在皱环球盖菇 *Stropharia rugosoannulata* Farl. ex Murrill 中揭示了花青素的积累及其调控机制：研究首先通过代谢组学筛选出与颜色表型相关的差异代谢物(花青素)及与其积累趋势正相关的生长素，利用 HPLC-MS 进行了精准鉴定与定量；同时，转录组学分析锁定了花青素生物合成的差异表达基因；在此基础上，构建了转录因子-基因表达-代谢物相互作用网络，通过分子互作实验验证了生长素通过激活转录因子上调花青素合成关键基因的表达，从而将外部激素信号、转录调控与内部代谢表型的变化完整地串联起来，揭示了大型真菌中生长素-花青素调控网络新机制，为食用菌品质改良及功能性成分研发奠定理论依据，同时也印证了多组学在解析食用菌复杂生物学过程中连接表型、代谢与调控网络的重要性(Wang *et al.* 2025)。

### 3.3.2 多组学联用解析食用菌对环境响应的分子机制

食用菌在自然生长和栽培过程中面临多种生物和非生物胁迫，多组学技术为系统解析其环境响应机制提供了强大工具，为抗逆品种选育和栽培条件优化奠定了分子基础。通过生理指标检测结合转录组、代谢组联用技术，系统解析了黑木耳(品种“黑 29”)在 30 °C 和 35 °C 高温胁迫下的响应机制，发现高温抑制其菌丝生长，同时诱导抗氧化物质积累及谷胱甘肽转移动物(GST)活性增强，通过 KEGG 通路共富集整合发现高温胁迫特异性地激活了 MAPK 信号通路和 DNA 修复与细胞周期等转录响应以及辅因子生物合成和 ABC 转运蛋白等代谢适应通路，聚焦到 15 个高温响应候选基因和 3 种关键代谢物及相关通路，揭示了黑木耳通过抗氧化、基因调控与代谢重编程协同应对高温的分子机制，为耐高温育种提供多组学依据(Lu *et al.* 2025)。有研究以香菇主栽品种 18 菌株以及经诱变筛选得到的高温恢复型菌株 18N44 为材料，以 Pathway 分析为核心，先分别对转录组学差异基因、蛋白组学差异蛋白开展包括 GO 功能及富集、Pathway 功能及富集、互作等在内的生物信息分析，同时对代谢组学数据进行多元统计、代谢物定性定量及差异代谢物 Pathway 分析；再结合各组学差异分子的 Pathway 分析结果筛选共通路的基因、蛋白与代谢物开展多组学综合分析，并通过 KEGG 格式转换分子 ID 并映射至数据库，生成直观的整合 Pathway 通路图；此外，还利用 omicsbean 平台进行互作网络分析，将差异代谢物及其直接相关调控酶，与差异基因、差异蛋白及相关代谢通路整合，构建互作网络图，并筛选代表性差异分子用于后续研究。该研究中多组学联用整合分析突破了单一组学局限，揭示了香菇应对高温胁迫的核心防御系统中基于基因-蛋白-代谢物链条的全局调控网络，为香菇耐高温菌株选育及栽培优化提供依据(赵旭 2019)。在斑玉蕈 *Hypsizygus marmoreus* (Peck) H.E. Bigelow 的研究中，研究者利用转录组学、氨基酸靶向代

谢组学和有机酸靶向代谢组学技术,首先系统分析了不同发育阶段的基因表达谱及氨基酸、有机酸代谢物的动态变化特征,随后通过加权基因共表达网络分析(WGCNA)和KEGG通路富集分析,实现了基因表达模式与代谢物动态变化的关联性解析,进而识别出关键代谢物与基因模块的协同变化规律。该研究中多组学整合分析不仅揭示了精氨酸与柠檬酸在低温出菇过程中的协同积累机制,明确了一般性调控阻遏蛋白激酶2(GCN2)介导的翻译调控通路在低温响应中的核心作用,还为证实上述跨层次调控网络的解析需要依赖于多组学整合策略,单一组学技术无法阐明系统级机制提供了依据(Gong *et al.* 2022)。

### 3.3.3 多组学联用解析食用菌次级代谢调控网络

食用菌的次级代谢产物是其药用价值和风味品质的物质基础,次级代谢产物的合成受多层次调控网络控制,多组学联用为解析这些化合物的合成途径及调控网络提供了系统视角,为代谢工程育种和活性成分高效生产指明了方向。在食用菌多组学研究领域,灵芝是兼具药食价值的“仙草”及研究真菌发育与天然产物代谢合成的药用模式真菌,东北林业大学、中国中医科学院中药研究所、浙江寿仙谷医药股份有限公司等多家单位运用多组学技术,通过整合转录组、代谢组和发育轨迹分析对灵芝酸生物合成网络进行了解析:首先,利用高分辨率基质辅助激光解吸/电离质谱成像(MALDI-MSI)对原基和子实体中的灵芝酸分布进行了空间图谱绘制,揭示了灵芝酸在灵芝子实体中特异性富集于菌壳组织;随后利用单细胞转录组数据定位出在菌壳组织中高表达的29个CYP450基因,通过计算这些候选基因与已知灵芝酸合成基因在发育时间序列中的表达相关性,聚焦到14个高度协同表达的候选基因;最后,利用Monocle构建伪时间发育轨迹,从生物学上验证了外壳细胞是分化的起点和代谢活动的核心,为候选基因的筛选提供了发育生物学层面的关键证据。这一多维度整合策略实现了从空间定位、时间同步到发育起源的层层聚

焦,不仅系统性解析了灵芝酸合成机制,更构建了首个“空间-细胞-发育”多维整合的食用菌多组学框架,为食用菌天然产物合成机制解析提供了范式(Du *et al.* 2025)。在毛木耳子实体颜色控制位点及色素合成机制研究中,研究者采用多组学整合策略,通过结合转录组与代谢组分析共有的KEGG代谢通路构建色素合成Pathway模型,并利用基因表达量与代谢物丰度数据绘制基于O2PLS(双向正交偏最小二乘)模型的载荷图进而筛选高度正相关的基因-代谢物集合,再通过搭建色素合成相关基因与代谢物的Pearson相关性系数网络精细定位了通路中的核心基因与代谢物;这种多组学与多模型的系统性整合分析手段成功地阐明了毛木耳色素合成的完整生化途径,是任何单一组学或单一统计模型都无法完成的(马晓旭 2023)。在暗褐网柄牛肝菌*Phlebopus portentosus* (Berk. & Broome) Boedijn的研究中,研究人员采用基因组、转录组和代谢组三重整合策略:首先通过基因组注释鉴定次级代谢基因簇(如PKS、TPS),进而利用转录组和代谢组数据分别分析不同培养条件下基因表达和代谢物积累的变化,进行KEGG/GO富集分析获取独立数据;在此基础上,以基因组为背景,通过通路映射叠加两种组学富集通路、Pearson相关性分析构建基因共表达网络、JASPAR数据库预测转录因子结合位点等方式,实现多组学数据的深度关联,不仅验证了基因功能与代谢物的对应关系,还明确了特定聚酮脱氢酶(PKS)和萜烯脱氢酶(TPS)基因参与的次级代谢物合成及调控机制,为其次级代谢基因的挖掘及代谢转录调控研究奠定了基础(Kang *et al.* 2025)。在桑黄*Sanghuangporus sanghuang* (Sheng H. Wu, T. Hatt. & Y.C. Dai) Sheng H. Wu, L.W. Zhou & Y.C. Dai研究中,首先分别进行转录组与蛋白质组测序与差异分析,随后通过基因ID匹配整合数据,利用Spearman相关性分析和维恩作图筛选在mRNA与蛋白水平协同变化的靶点;发现酪氨酸酶在转录及蛋白层面均显著上调,同时通过功能富集锁定其与黑色素合成等通路的关

联；最终通过抑制剂实验验证了酪氨酸酶在多糖积累中的核心调控作用。该研究突破单一组学局限性，完整揭示多糖合成与降解的双路径调控网络，为解析桑黄多糖高产机制及遗传改良提供了关键依据(Li *et al.* 2023)。

食用菌组学研究在近年来取得了显著进展，建立了完整的科研体系(Li *et al.* 2024)，为深入了解食用菌的生物学特性和遗传机制提供了有力工具。然而，受大型真菌遗传操作系统复杂性、研究起步较晚等因素制约，仅少数食用菌实现了功能基因的验证(Luo *et al.* 2022；叶豆 2023；张健 2023；Liu *et al.* 2024；Li YX *et al.* 2025)，多数物种的组学分析与基因挖掘成果仍缺乏有效的功能验证支撑，这已成为制约食用菌分子育种与机制解析的重要挑战。

## 4 研究挑战与未来趋势

### 4.1 现存瓶颈与研究挑战

我国食用菌产业正处于由传统生产模式向现代生产模式转型的关键时期，产业规模呈现不断扩大的趋势。虽然食用菌产业已形成较大规模，但目前食用菌行业存在物种覆盖窄、研究不深入、产业转化缓慢等问题，缺乏具有国际影响力的基础研究和产业转化成果。基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学、细胞表型和遗传互作组学等多组学技术在食用菌中的应用起步较晚，存在数据共享困难、多组学整合度低等问题。

在食用菌多组学研究中，如何解决整合数据时的系列核心难题成为研究挑战。这些难题包括整合过程中如何保留关键生物特征并降低噪声干扰、不同组学间的检测平台差异与分辨率不匹配、部分组学数据(如单细胞多组学)存在覆盖度低、样本量有限及缺失值较多的问题，以及不同实验批次数据中存在的非生物性系统性偏差等。人工智能(AI)，特别是机器学习和深度学习技术，凭借其强大的非线性建模和特征提取能力与特征学习优势，成为了针对性破解难题的核心工具。AI 可以通过去噪自编码器、变分自编码器等模型解决食用菌多组学

数据的噪声与缺失问题；借助迁移学习、对抗性学习破解平台差异及批次效应；通过自监督与半监督学习则突破小样本局限等。这些技术的开发和应用将推动研究从数据整合迈向机制解析。同时，AI 技术正推动食用菌产业从传统生产转向数智化生产，并已在食用菌产业的环境调控、病害检测、基质优化、自动化采摘等核心环节实现了应用(朱新宇等 2024；刘航等 2025)，显著提升了生产效率和产品品质。然而，当前应用仍面临标准化数据集稀缺、部分前沿技术实际验证不足、初期投入成本较高等应用限制(朱新宇等 2024)。总体而言，AI 技术将继续驱动食用菌产业向精准化、自动化方向转型升级。

### 4.2 未来趋势

多组学技术的应用驱动了食用菌遗传育种研究范式的变革，推动了食用菌研究从以基础研究为主，向应用基础研究与应用研究并重的方向转变，为食用菌产业的高质量发展提供了新的方向。未来食用菌多组学研究需要继续加强组学数据获取、基因组和转录组研究策略的创新，促进多组学研究的深度和广度：一方面，人工智能驱动的多组学整合分析将大幅提升不同维度数据挖掘深度和预测精度，使菌株设计、工艺优化和产品开发更加精准高效；另一方面，跨尺度整合研究将成为主流，从分子、细胞到生态系统尺度的多源数据将构建更加全面的食用菌生物学图景。这两大趋势的融合，将推动食用菌研究从解析现象迈向精准调控，不仅为生命科学基础研究提供新范式，更能加速产业升级，让食用菌在保障粮食安全、促进人类健康中发挥更关键作用。

## 作者贡献

韩蓓：论文撰写及修改；赵瑞琳：论文指导及修改。

## 利益冲突声明

该研究不存在任何潜在利益冲突的商业或财务关系。

## [REFERENCES]

- Ahmed Z, Wan SB, Zhang F, Zhong W, 2024. Artificial intelligence for omics data analysis. *BMC Methods*, 1(1): 4
- Argelaguet R, Velten B, Arnol D, Dietrich S, Zenz T, Marioni JC, Buettner F, Huber W, Stegle O, 2018. Multi-omics factor analysis—a framework for unsupervised integration of multi-omics data sets. *Molecular Systems Biology*, 14(6): e8124
- Arikan M, Muth T, 2023. Integrated multi-omics analyses of microbial communities: a review of the current state and future directions. *Molecular Omics*, 19(8): 607-623
- Bao DP, Tan Q, 2024. The major scientific and technical issues in the development of Chinese edible mushroom industry. *Edible and Medicinal Mushrooms*, 32(4): 217-225 (in Chinese)
- Blackstock WP, Weir MP, 1999. Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins. *Trends in Biotechnology*, 17(3): 121-127
- Cao LP, Zhang Q, Miao RY, Lin JB, Feng RC, Ni YQ, Li WS, Yang DL, Zhao X, 2023. Application of omics technology in the research on edible fungi. *Current Research in Food Science*, 6: 100430
- Cao XL, Chen Y, Wang D, Tang J, Xie LY, Liu LX, 2024. Identification of germplasm resources and analysis of phenotypic traits of the *Auricularia delicata* complex in China. *Mycosystema*, 43(12): 240145 (in Chinese)
- Cao ZJ, Hu B, Xu ZX, Zheng SY, Wang CX, 2022. Research progress on transcriptomics of edible fungi under stress. *Northern Horticulture*, 6: 131-136 (in Chinese)
- Chen CL, Li WC, Chuang YC, Liu HC, Huang CH, Lo KY, Chen CY, Chang FM, Chang GA, Lin YL, Yang WD, Su CH, Yeh TM, Wang TF, 2022. Sexual crossing, chromosome-level genome sequences, and comparative genomic analyses for the medicinal mushroom *Taiwanofungus camphoratus* (Syn. *Antrodia cinnamomea*, *Antrodia camphorata*). *Microbiology Spectrum*, 10: e02032-21
- Chen F, Guo LL, Wu YC, Li Z, Huan MH, 2023. Advanced in key node technology in the development of downstream of edible fungi industry chain. *Journal of Microbiology*, 43(5): 101-106 (in Chinese)
- Chen MY, Liao JH, Li HR, Cai ZX, Guo ZJ, Wang ZS, 2015. Developmental proteomics analysis of the button mushroom *Agaricus bisporus*. *Mycosystema*, 34(6): 1153-1164 (in Chinese)
- China Edible Fungi Association, 2025. 2023 annual national edible fungi statistical survey results analysis. *Edible Fungi of China*, 44(1): 120-129 (in Chinese)
- Dai YC, 2022. New trend of edible and medicinal fungi research in China—based on publications in *Mycosystema* during 2000–2021. *Journal of Fungal Research*, 20: 141-156 (in Chinese)
- Dai YC, Yang ZL, Cui BK, Wu G, Yuan HS, Zhou LW, He SH, Ge ZW, Wu F, Wei YL, Yuan Y, Si J, 2021. Diversity and systematics of the important macrofungi in Chinese forests. *Mycosystema*, 40: 770-805 (in Chinese)
- Du YP, Peng S, Chen HG, *et al.* (more than 20 authors), 2025. Unveiling the spatiotemporal landscape of *Ganoderma lingzhi*: insights into ganoderic acid distribution and biosynthesis. *Engineering*, <https://doi.org/10.1016/j.eng.2025.03.030>
- Duan DD, Wang MY, Han JY, Li MY, Wang ZY, Zhou SP, Xin WS, Li XJ, 2024. Advances in multi-omics integrated analysis methods based on the gut microbiome and their applications. *Frontiers in Microbiology*, 15: 1509117
- Gong M, Huang TY, Li Y, Li JX, Tang LH, Su EZ, Zou G, Bao DP, 2022. Multi-omics analysis of low-temperature fruiting highlights the promising cultivation application of the nutrients accumulation in *Hypsizygus marmoreus*. *Journal of Fungi*, 8(7): 695
- Gong M, Li ZP, Wan JN, Chen MJ, Wang H, Shang JJ, Zhou SC, Tan Q, Wang Y, Bao DP, 2020. Chilling stress reduced protein translation by the ubiquitination of ribosomal proteins in *Volvariella volvacea*. *Journal of Proteomics*, 215: 103668
- Gu L, Gao Q, Yan D, Song S, Wang SX, Liu Y, Zong XC, Fan YY, 2025. Research status of edible fungi breeding in China. *Vegetables*, 6: 27-42 (in Chinese)
- He YC, Luo CS, Wei QY, Deng XS, Tan FY, Chen SJ, 2022. Effects of degeneration and rejuvenation on extracellular enzyme activity and transcriptome of *Armillaria mellea*. *Acta Edulis Fungi*, 29(3): 10-18 (in Chinese)
- Hu S, 2022. Functional genomics analysis and terpene synthase-related gene mining of *Ganoderma tsugae*. MS Thesis, Jilin Agricultural University, Changchun. 1-65 (in Chinese)
- Huang LY, Cai MJ, Hu HP, Wu XX, Liu YC, 2025. Research progress in functional genomics of edible and medicinal fungi. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, <https://link.cnki.net/urlid/34.1076.S.20250401.1110.012> (in Chinese)
- Huang ZN, Luo S, Song Y, Zhou Z, He LM, Yang Y, Luo X, 2024. Analysis of taste and differential metabolites of different *Ganoderma lucidum* strains based on electronic tongue and non-targeted metabolomics. *Science and Technology of Food Industry*, 45(20): 1-13 (in Chinese)
- Kang ZJ, Yuan XL, Zhang CG, Wang Y, Li L, Zheng Y, 2025. Genomic and multi-omics analysis of *Phlebopus portentosus*: effects of cultivation on secondary metabolites. *Journal of Fungi*, 11(4): 323

- Li GT, An LN, Yang WN, Yang L, Wei T, Shi JW, Wang JL, Doonan JH, Xie KB, Fernie AR, Lagudah ES, Wing RA, Gao CX, 2025. Integrated biotechnological and AI innovations for crop improvement. *Nature*, 643(8073): 925-937
- Li H, Chen Y, Zhang J, 2025. Research report on national factory production of edible fungi from 2023 to 2024. *Rural Enterprise Guide*, 1: 1-7 (in Chinese)
- Li H, Yan TW, Wu ZM, 2024. Realistic challenges and improvement strategies for the resilience of the edible mushroom industry chain under all-encompassing approach to food. *Edible and Medicinal Mushrooms*, 32(5): 281-288 (in Chinese)
- Li TT, Wang Q, Yang Y, Song DK, 2023. The mechanism of polysaccharide synthesis of *Sanghuangporus sanghuang* based on multi-omic analyses and feedback inhibition. *Carbohydrate Polymers*, 321: 121288
- Li WY, Zou G, Bao DP, Wu YY, 2024. Current advances in the functional genes of edible and medicinal fungi: research techniques, functional analysis, and prospects. *Journal of Fungi*, 10(5): 311
- Li Y, Zhu QJ, Li QZ, Lu H, Wang RJ, Yang H, Shang XD, Liu JY, 2022. Transcriptome analysis of effects of methyl jasmonate on primordium development of *Flammulina filiformis*. *Acta Edulis Fungi*, 29(3): 1-9 (in Chinese)
- Li YX, Cao JX, Zhan GP, Jia JH, Fan JD, Shen ZY, Chen LD, Sun SJ, 2025. Time-course proteomics analysis and gene function validation of promoting dimorphic transition of *Tremella fuciformis* by *Annulohyphoxylon stygium* extract. *Food Bioscience*, 71: 107188
- Liang JM, Wang K, Du Z, Zhao MJ, Cai L, Dai YC, 2025. Typification and genome analyses of early described fungal species: a case study of *Lysurus mokusin*, the first new fungal species described in China. *Mycosystema*, 44(4): 240296 (in Chinese)
- Ling ZL, Zhao RL, 2018. Research progress of genomics in cultivation and breeding of edible and medicinal fungi. *Acta Edulis Fungi*, 25(1): 93-106 (in Chinese)
- Liu F, Cai ZX, Kang WY, Chen WZ, Lu YP, Chen MY, Zhao RL, 2025. A new method for constructing high-resolution phylogenomic topologies using core gene-associated MNP markers: a case study from *Agaricus bisporus*. *Microbial Biotechnology*, 18(2): e70070
- Liu F, Ma XB, Han B, Wang B, Xu JP, Cao B, Ling ZL, He MQ, Zhu XY, Zhao RL, 2024. Pan-genome analysis reveals genomic variations during enoki mushroom domestication, with emphasis on genetic signatures of cap color and stipe length. *Journal of Advanced Research*, 75: 199-212
- Liu H, Yan TW, Qin JN, 2025. Analysis of developmental challenges and strategic pathways for the edible mushroom industry under the background of digital intelligence technology. *Edible and Medicinal Mushrooms*, 33(1): 1-9 (in Chinese)
- Liu Q, Shi ZW, Wu J, Huang B, Liang XD, Cui X, Hu SJ, Niu SY, Kong WL, 2024. Analyses of components and main pathways involved in fruiting body development of *Pleurotus ostreatus* based on untargeted metabolomics. *Mycosystema*, 43(2): 230221 (in Chinese)
- Liu X, He XL, Jia DH, Peng WH, Wang B, 2024. Analysis of metabolite difference between yellow and white strains of *Flammulina filiformis* based on untargeted metabolomics. *Mycosystema*, 43(8): 240065 (in Chinese)
- Liu Y, Huang CS, Yang BW, Xiang SX, Tang L, Huang Y, Wu J, Song ZG, Xing KK, 2024. Transcriptomics and metabolomics profiling coumestrol and psoralen synthesis pathways and potential regulators in *Inonotus hispidus* L-1. *Mycosystema*, 43(4): 230290 (in Chinese)
- Liu YC, 2022. Multi-omics approach for studies on the symbiotic characteristics of *Russula griseocarnosa*. PhD Dissertation, South China University of Technology, Guangzhou. 1-261 (in Chinese)
- Liu YT, Jiang XH, Yang CY, Chen JH, Wang CZ, Lü XM, Yang ZK, Deng YJ, Wu XP, 2025. Establishment of molecular markers in the whole genome of *Ganoderma lingzhi* elite varieties. *Mycosystema*, 44(3): 240141 (in Chinese)
- Lu F, Sun X, Dai XD, Zhang PQ, Ma YP, Xu YF, Wang L, Zhang JC, 2025. Integrated multi-omics analysis to investigate the molecular mechanisms underlying the response of *Auricularia heimuer* to high-temperature stress. *Journal of Fungi*, 11(3): 167
- Lu JH, 2024. Research on the extraction method of edible mushroom phenotypic parameters based on deep learning. MS Thesis, Guangxi University, Nanning. 1-67 (in Chinese)
- Luo Q, Li N, Xu JW, 2022. A methyltransferase LaeA regulates ganoderic acid biosynthesis in *Ganoderma lingzhi*. *Frontiers in Microbiology*, 13: 1025983
- Ma XX, 2023. Study on the identification of color control loci and the mechanism of pigment synthesis in the fruit bodies of *Auricularia cornea* based on multiomic. PhD Dissertation, Jilin Agricultural University, Changchun. 1-93 (in Chinese)
- Nobori T, 2025. Exploring the untapped potential of single-cell and spatial omics in plant biology. *New Phytologist*, 247(3): 1098-1116
- Olivier-Jimenez D, Derks RJE, Harari O, Cruchaga C, Ali M, Ori A, Di Fraia D, Cabukusta B, Henrie A, Giera M,

- Mohammed Y, 2025. iSODA: a comprehensive tool for integrative omics data analysis in single- and multi-omics experiments. *Analytical Chemistry*, 97: 2689-2697
- Pountain AW, Yanai I, 2025. Dissecting microbial communities with single-cell transcriptome analysis. *Science*, 389(6764): eadp6252
- Ren CH, Wang MY, Wu JJ, Zhou F, Zhou DH, Chen B, 2025. Research status and prospect of edible fungus factory equipment in China. *Journal of Chinese Agricultural Mechanization*, 46(5): 207-213 (in Chinese)
- Rohart F, Gautier B, Singh A, Lê Cao KA, 2017. MixOmics: an R package for omics feature selection and multiple data integration. *PLoS Computational Biology*, 13(11): e1005752
- Song XX, Zhang MY, Chen MJ, Shang XD, Zhou F, Yu HL, Song CY, Tan QS, 2024. Transcriptomic communication between nucleus and mitochondria during the browning process of *Lentinula edodes*. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 72(42): 23592-23605
- Sun Y, Liu A, Chen Y, Wang QJ, Wang W, 2024. Combined analyses of transcriptome and proteome during fruiting body development of *Flammulina filiformis*. *Mycosystema*, 43(12): 240109 (in Chinese)
- Tang XM, Feng YL, Guo X, Ma M, Chen ZQ, Wu SR, 2019. Analysis on the current situation and prospect of edible and medicinal fungi cultivation in China. *Northern Horticulture*, 8: 148-153 (in Chinese)
- Wang H, Zhao ST, Han ZY, Qi ZX, Han L, Li Y, 2024. Integrated transcriptome and metabolome analysis provides insights into blue light response of *Flammulina filiformis*. *AMB Express*, 14(1): 21
- Wang JL, Zhang Y, Pan XD, Lu XJ, Ma LM, Guo XY, 2018. Research progress and prospect of crop phenomics database. *China Agricultural Informatics*, 30(5): 13-23 (in Chinese)
- Wang M, Song TT, Jin QL, Zhang ZF, Shen YY, Lü GY, Fan LJ, Feng WL, Qu YM, Wang MY, Shen M, Lou HQ, Cai WM, 2025. From white to reddish-brown: the anthocyanin journey in *Stropharia rugosoannulata* driven by auxin and genetic regulators. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(7): 954-966
- Wang XY, Xu Y, Wei X, 2024. Phenotypic characteristics of the mycelium of *Pleurotus geesteranus* using image recognition technology. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 12: 1338276
- Wang YQ, Yang ZF, Shi LX, Yang R, Guo H, Zhang SQ, Geng GD, 2022. Transcriptome analysis of *Auricularia fibrillifera* fruit-body responses to drought stress and rehydration. *BMC Genomics*, 23(1): 58
- Wu B, Zhang XL, Cui BK, Dai YC, 2015. Comparative genomic analysis of edible (medicinal) fungi reveals different ecological habitats. *Mycosystema*, 34: 742-760 (in Chinese)
- Wu XM, 2016. Transcriptome analysis of the budding mushroom *Agaricus bisporus* fruiting at different stages. MS Thesis, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Hangzhou. 1-52 (in Chinese)
- Xia J, He XY, Yang W, Song HY, Yang JH, Zhang GL, Yang ZQ, Chen HM, Liang ZS, Kollie L, Abozeid A, Zhang XD, Li ZH, Yang DF, 2024. Unveiling the distribution of chemical constituents at different body parts and maturity stages of *Ganoderma lingzhi* by combining metabolomics with desorption electrospray ionization mass spectrometry imaging (DESI). *Food Chemistry*, 436: 137737
- Xie MY, Wang FX, Zhou XY, Zeng JP, Zhou Y, Wei T, Chen BX, 2025a. Multi-omics approaches for advancing edible fungi: from genomics-enabled strain development to metabolomics-guided postharvest preservation. *Food Bioscience*, 71: 107161
- Xie MY, Wang J, Wang FX, Wang JF, Yan YJ, Feng K, Chen BX, 2025b. A review of genomic, transcriptomic, and proteomic applications in edible fungi biology: current status and future directions. *Journal of Fungi*, 11(6): 422
- Xu XM, Li JY, Zhou J, Feng PY, Yu HL, Ma YT, 2025. Three-dimensional reconstruction, phenotypic traits extraction, and yield estimation of shiitake mushrooms based on structure from motion and multi-view stereo. *Agriculture*, 15(3): 298
- Yang QY, 2023. Combined localization and marker validation of lentinan content traits and related functional gene mining. MS Thesis, Sichuan Agricultural University, Ya'an. 1-62 (in Chinese)
- Yang WJ, Wang LQ, Hu QH, 2019. Development situation on processing technology and product innovation of edible mushroom in China. *Journal of Food Science and Technology*, 37(3): 13-18 (in Chinese)
- Yang XQ, Li SZ, Li XH, Zhang CX, Liu MJ, Guo LZ, Liu L, Yu H, 2024a. Comparative proteomics reveals the response and adaptation mechanisms of white *Hypsizygus marmoreus* against the biological stress caused by *Penicillium*. *Food Science and Human Wellness*, 13(3): 1645-1661
- Yang XQ, Liu MJ, Zhang YJ, Guo LZ, Wang JQ, Li SZ, Zhang Y, Li XB, Xu LL, Yu H, 2024b. Comparative proteomics analysis reveals the domesticated *Lepista sordida* primordium differentiation regulation mechanism and the subsequent different development patterns in the pileus and stipe. *Food Science and Human Wellness*, 13(5): 3066-3082

- Yang XM, Cui FX, Zhan XK, Yuan PY, Zhang XY, Chen PZ, Chen YY, An S, Zhou X, Liu JY, Lü W, Li ZJ, 2023. Metabolomic analyses of potential regulatory substances of primordium development of *Lanmaoa asiatica*. *Mycosystema*, 42(5): 1185-1202 (in Chinese)
- Ye D, 2023. Mining and functional study of blue light receptor genes in *Pleurotus eryngii*. PhD Dissertation, Huazhong Agricultural University, Wuhan. 1-138 (in Chinese)
- Ye L, Zhang B, Yang XZ, Huang Y, Luo JH, Zhang XP, Tan W, Song C, Ao ZH, Shen CH, Li XL, 2024a. Metabolomic profiling reveals biomarkers for diverse flesh colors in jelly fungi (*Auricularia cornea*). *Food Chemistry*, 446: 138906
- Ye L, Zhang B, Zhou J, Yang XZ, Zhang XP, Tan W, Li XL, 2024b. LC-MS/MS-based targeted amino acid metabolic profile of *Auricularia cornea* grown on pinecone substrate. *Food Chemistry*, 432: 137247
- Yuan XH, Fu YP, Xiao SJ, Li CT, Wang D, Li Y, 2021. Research progress on mushroom phenotyping. *Mycosystema*, 40(4): 721-742 (in Chinese)
- Yuan Y, Wu F, Si J, Zhao YF, Dai YC, 2019. Whole genome sequence of *Auricularia heimuer* (Basidiomycota, Fungi), the third most important cultivated mushroom worldwide. *Genomics*, 111: 50-58
- Zha L, Zhao RH, Yu CX, Zhao Y, Chen H, Zhang JJ, Chen MJ, 2017. Proteomics and its advance in edible fungi. *Molecular Plant Breeding*, 15(7): 2656-2661 (in Chinese)
- Zhang C, Shi XF, Zhang JX, Zhang YS, Liu W, Wang W, 2023a. Integration of metabolomes and transcriptomes provides insights into morphogenesis and maturation in *Morchella sextelata*. *Journal of Fungi*, 9(12): 1143
- Zhang J, 2023. Screening and functional study of cellulose degradation genes from *Auricularia heimuer* in response to different carbon sources. PhD Dissertation, Northeast Forestry University, Harbin. 1-78 (in Chinese)
- Zhang MZ, Xu JP, Callac P, Chen MY, Wu Q, Wach M, Mata G, Zhao RL, 2023b. Insight into the evolutionary and domesticated history of the most widely cultivated mushroom *Agaricus bisporus* via mitogenome sequences of 361 global strains. *BMC Genomics*, 24(1): 182
- Zhang YQ, Zhang M, Wang ZL, Bao YO, Wang YQ, Tian YG, Ye L, Ye M, 2024. Identification of key post-modification enzymes involved in the biosynthesis of lanostane-type triterpenoids in the medicinal mushroom *Antrodia camphorata*. *Angewandte Chemie International Edition*, 64(7): e202420104
- Zhao H, Dai YC, Wu F, Liu XY, Maurice S, Krutovsky KV, Pavlov IN, Lindner DL, Martin FM, Yuan Y, 2023. Insights into the ecological diversification of the Hymenochaetales based on comparative genomics and phylogenomics with an emphasis on *Coltricia*. *Genome Biology and Evolution*, 15(8): 1-15
- Zhao X, 2019. Study on high temperature stress of *Lentinus edodes* based on multi-omics analysis. PhD Dissertation, University of Science and Technology of China, Hefei. 1-164 (in Chinese)
- Zhong YT, Lin YM, Chen DJ, Peng YZ, Zeng YP, 2021. Review on integration analysis and application of multi-omics data. *Computer Engineering and Applications*, 57(23): 1-17 (in Chinese)
- Zhu XY, Yan TW, Wang LY, 2024. Path, challenges and countermeasures for the development of mushroom production empowered by artificial intelligence (AI). *Edible and Medicinal Mushrooms*, 32(6): 365-370 (in Chinese)

### [附中文参考文献]

- 鲍大鹏, 谭琦, 2024. 我国食用菌产业发展面临的重大科学问题和技术问题. *食药用菌*, 32(4): 217-225
- 曹雪莲, 陈影, 王迪, 唐杰, 谢丽源, 刘理旭, 2024. 中国皱木耳类种群质资源鉴定和表型性状分析. *菌物学报*, 43(12): 240145
- 曹子健, 胡宝, 徐子昕, 郑素月, 王春霞, 2022. 逆境胁迫下食用菌转录组学研究进展. *北方园艺*, 6: 131-136
- 陈飞, 郭玲玲, 吴英春, 李赞, 桓明辉, 2023. 食用菌产业链下游推移关键节点技术研究进展. *微生物学杂志*, 43(5): 101-106
- 陈美元, 廖剑华, 李洪荣, 蔡志欣, 郭仲杰, 王泽生, 2015. 双孢蘑菇子实体发育不同阶段蛋白质组分析. *菌物学报*, 34(6): 1153-1164
- 戴玉成, 2022. 中国食药用真菌研究发展的新趋势——以《菌物学报》2000–2021年发表论文分析. *菌物研究*, 20: 141-156
- 戴玉成, 杨祝良, 崔宝凯, 吴刚, 袁海生, 周丽伟, 何双辉, 葛再伟, 吴芳, 魏玉莲, 员瑗, 司静, 2021. 中国森林大型真菌重要类群多样性和系统学研究. *菌物学报*, 40: 770-805
- 谷莉, 高琪, 严冬, 宋爽, 王守现, 刘宇, 宗宪春, 范阳阳, 2025. 我国食用菌育种研究现状. *蔬菜*, 6: 27-42
- 贺元川, 罗昌树, 卫秋阳, 邓小书, 谭发银, 陈仕江, 2022. 退化和复壮蜜环菌菌株几个胞外酶活性的比较及转录组分析. *食用菌学报*, 29(3): 10-18
- 胡爽, 2022. 松杉灵芝的功能基因组学分析及萜类合酶相关基因挖掘. 吉林农业大学硕士学位论文, 长春. 1-65
- 黄丽雅, 蔡曼君, 胡惠萍, 吴晓贤, 刘远超, 2025. 食药用菌功能基因组学研究进展. *安徽农业科学*, <https://link.cnki.net/urlid/34.1076.S.20250401.1110.012>
- 黄昭宁, 罗舒, 宋怡, 周州, 贺黎铭, 杨园, 罗霞, 2024. 基于电子舌和非靶向代谢组学分析不同灵芝菌株滋

- 味和差异代谢物. 食品工业科技, 45(20): 1-13
- 李昊, 陈彦, 张俊, 2025. 2023年-2024年度全国食用菌工厂化生产情况调研报告. 乡镇企业导报, 1: 1-7
- 李虎, 颜廷武, 吴志旻, 2024. 大食物观下食用菌产业链韧性面临的现实挑战与提升对策. 食药菌, 32(5): 281-288
- 李玉, 朱秋瑾, 李巧珍, 陆欢, 王瑞娟, 杨慧, 尚晓冬, 刘建雨, 2022. 利用转录组分析茉莉酸甲酯对金针菇原基生长的影响. 食用菌学报, 29(3): 1-9
- 梁俊敏, 王科, 杜卓, 赵明君, 蔡磊, 戴玉成, 2025. 早期描述物种的模式标定及基因组解析: 以中国第一个被描述的真菌新种五棱散尾鬼笔为例. 菌物学报, 44(4): 240296
- 凌志琳, 赵瑞琳, 2018. 基因组学在食药菌栽培育种中的研究进展. 食用菌学报, 25(1): 93-106
- 刘航, 颜廷武, 秦江楠, 2025. 数智技术背景下食用菌产业发展困境及路径分析. 食药菌, 33(1): 1-9
- 刘芹, 师子文, 吴杰, 黄保, 梁雪迪, 崔筱, 胡素娟, 牛森园, 孔维丽, 2024. 基于非靶代谢组学的糙皮侧耳子实体发育的关联物质及主要代谢通路分析. 菌物学报, 43(2): 230221
- 刘询, 何晓兰, 贾定洪, 彭卫红, 王波, 2024. 基于非靶向代谢组学分析黄色和白色金针菇代谢物差异. 菌物学报, 43(8): 240065
- 刘艳, 黄传书, 杨碧文, 向舒翔, 唐露, 黄越, 吴均, 宋志光, 邢康康, 2024. 基于转录组学和代谢组学分析粗毛纤孔菌L-1中香豆雌酚和补骨脂素的合成途径及潜在调控因子. 菌物学报, 43(4): 230290
- 刘逸婷, 蒋晓涵, 杨春艳, 陈健辉, 王车昭, 吕晓萌, 杨治康, 邓优锦, 吴小平, 2025. 灵芝优良品种全基因组分子标记的建立. 菌物学报, 44(3): 240141
- 刘远超, 2022. 灰肉红菇多组学共生特性研究. 华南理工大学博士学位论文, 广州. 1-261
- 陆嘉豪, 2024. 基于深度学习的食用菌表型参数提取方法研究. 广西大学硕士论文, 南宁. 1-67
- 马晓旭, 2023. 基于多组学的毛木耳子实体颜色控制位点及色素合成机制研究. 吉林农业大学博士论文, 长春. 1-93
- 任彩虹, 王明友, 吴今姬, 周帆, 周德欢, 陈彬, 2025. 我国食用菌工厂化装备研究现状与展望. 中国农机化学报, 46(5): 207-213
- 孙源, 刘澳, 陈宇, 王庆佶, 王威, 2024. 转录组和蛋白组联合分析金针菇子实体发育过程. 菌物学报, 43(12): 240109
- 汤昕明, 冯云利, 郭相, 马明, 陈正启, 吴素蕊, 2019. 我国食药菌栽培现状分析及展望. 北方园艺, 8: 148-153
- 王璟璐, 张颖, 潘晓迪, 卢宪菊, 马黎明, 郭新宇, 2018. 作物表型组数据库研究进展及展望. 中国农业信息, 30(5): 13-23
- 吴冰, 章小灵, 崔宝凯, 戴玉成, 2015. 食(药)用真菌比较基因组分析揭示其生态特性. 菌物学报, 34: 742-760
- 吴小梅, 2016. 双孢蘑菇子实体不同发育时期的转录组分析. 浙江农林大学硕士论文, 杭州. 1-52
- 杨沁阁, 2023. 香菇多糖含量性状联合定位和标记验证以及相关功能基因挖掘. 四川农业大学硕士论文, 雅安. 1-62
- 杨文建, 王柳清, 胡秋辉, 2019. 我国食用菌加工新技术与产品创新发展现状. 食品科学技术学报, 37(3): 13-18
- 杨晓敏, 崔凤仙, 詹晓坤, 袁鹏宇, 张曦予, 陈鹏至, 陈幽幽, 安霜, 周雪, 刘佳艳, 吕为, 李宗菊, 2023. 代谢组分析亚洲兰茂牛肝菌原基发育的潜在调控物质. 菌物学报, 42(5): 1185-1202
- 叶豆, 2023. 杏鲍菇蓝光受体基因的挖掘和功能研究. 华中农业大学博士论文, 武汉. 1-138
- 袁晓辉, 付永平, 肖世俊, 李长田, 王迪, 李玉, 2021. 食用菌表型组技术研究进展. 菌物学报, 40(4): 721-742
- 查磊, 赵瑞华, 余昌霞, 赵妍, 陈辉, 张津京, 陈明杰, 2017. 蛋白质组学及其在食用菌中的研究进展. 分子植物育种, 15(7): 2656-2661
- 张健, 2023. 响应不同碳源黑木耳纤维素降解基因筛选及功能研究. 东北林业大学博士论文, 哈尔滨. 1-78
- 赵旭, 2019. 基于多组学联合分析的香菇高温胁迫研究. 中国科学技术大学博士论文, 合肥. 1-164
- 中国食用菌协会, 2025. 2023年度全国食用菌统计调查结果分析. 中国食用菌, 44(1): 120-129
- 钟雅婷, 林艳梅, 陈定甲, 彭昱忠, 曾远鹏, 2021. 多组学数据整合分析和应用研究综述. 计算机工程与应用, 57(23): 1-17
- 朱新宇, 颜廷武, 王璐瑶, 2024. 人工智能赋能食用菌生产发展的路径、阻碍因素与对策建议. 食药菌, 32(6): 365-370