微生物所等在地衣型真菌系统学研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/11225.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

地衣是由地衣型真菌和相应的藻类或蓝细菌组成的稳定共生生态系统。作为先锋生物，地衣在干热、寒冷、高海拔、强光照等恶劣环境下历经长期演化而形成其独特的适应能力。叶上衣目地衣型真菌（*Strigulales*）是典型的叶生地衣，主要生长在热带地区的树叶上，是特殊生境的地衣资源，其因分布范围广而成为热带地区比较具有代表性的叶生物种，也是为数不多地隶属于座囊菌纲的地衣型真菌。收集和深入认识特殊生境来源的地衣，对于充分发掘利用未知地衣物种的应用潜力及加强生物资源的储备具有重要意义。

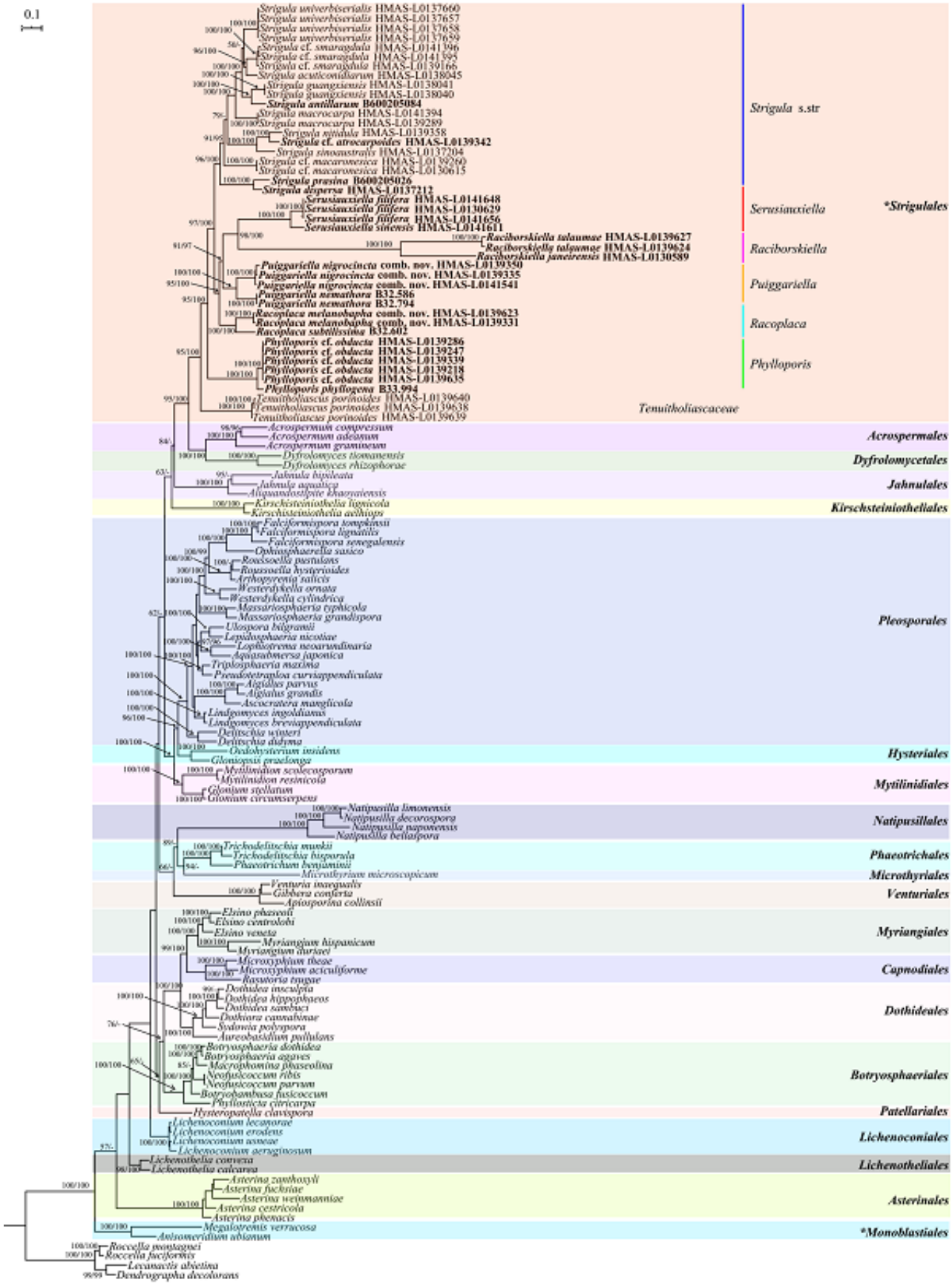
中国科学院院士、中科院微生物研究所研究员魏江春研究组从中国热带地区采集大量地衣标本，结合表型和基因型进行综合研究，发现从海南岛采集的隶属于叶上衣目的新种*Tenuitholiascus porinoides*，其双层囊壁不会形成小室结构，且在某些生长发育阶段，子囊呈单层壁。已有研究表明，地衣型真菌中子囊顶器的结构是携带重要遗传信息的分类学特征，通常用于高阶的分类单元。该子囊顶器的结构不同于叶上衣目仅含的叶上衣科（*Strigulaceae*）；多基因系统发育学分析也表明其代表该目一新科*Tenuitholiascaceae*中的一个新属*Tenuitholiascus*，进一步揭开座囊菌纲地衣型真菌的进化史。相关研究成果发表在*IMA Fungus*上。

叶上衣属（*Strigula*）作为叶上衣科（*Strigulaceae*）中大的类群，学界主要依据形态学特征对其分类，其分类系统较为混乱。研究团队联合德国、巴西、古巴等大学的科研人员，按照表基结合的思路，综合研究世界范围来源的叶上衣科（*Strigulaceae*）标本，修订叶上衣属的分类标准。研究表明，不同谱系其基因型（SSU，LSU，TEF1-α和RPB2）和表型特征的差异使其足以代表物种水平以上的进化显著单元（*Evolutionary Significant Unit*，ESU），因而将传统叶上衣属划分为六属。除狭义叶上衣属（*Strigula s.str*）外，恢复*Phylloporis*，*Puiggariella*，*Raciborskiella*和*Racoplaca*属，建立采集自中国海南的新属*Serusiauxiella*。该新属除参与共生的藻类与其他属不同外，其大分生孢子末端的附属丝结构呈现出独特的由缓慢至快速的生长行为，此现象可能与将大分生孢子固着在叶片表面有关。形态和序列分析结果揭示叶上衣科另外两个新属*Flagellostrigula*和*Swinscowia*。相关研究成果发表在*Fungal diversity*上，是我国地衣学者主体工作发表在该期刊上的首篇成果。

该研究为深入探讨座囊菌纲真菌类群间的系统发育关系提供新线索，有利于完善该纲的真菌分类系统。基于此，魏江春研究组助理研究员蒋淑华受邀以主要作者身份参与座囊菌纲分类系统更新和修订项目（*Refined families of Dothideomycetes：Orders and families incertae sedis in Dothideomycetes. Fungal diversity，accept*）。

研究工作获得微生物所菌物标本馆高级实验师邓红在研究过程中对标本管理的支持，魏江春与德国自由大学教授Robert
L ü cking共同指导该研究工作，蒋淑华为论文第一作者，英国自然历史博物馆教授David L. Hawksworth参与研究并作出重要贡献。研究工作得到国家自然科学基金应急管理项目、青年基金的资助。

论文链接：1、2



基于SSU，LSU，TEF1-α和RPB2基因的座囊菌纲系统发育树

研究团队单位：微生物研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发