

---

# 研究为真菌基因组进化及生态位分化提供新见解

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35015.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！*

研究为真菌基因组进化及生态位分化提供新见解。近日，山西农业大学棉花研究所研究团队首次系统解析了担子菌门C2H2锌指蛋白基因家族的进化模式、功能分化和生态适应性，为真菌基因组进化及生态位分化提供了新见解。相关研究成果发表在《真菌杂志》(Journal of Fungi)上。

C2H2锌指蛋白是真核生物中最大的转录因子家族之一，在细胞分化、胁迫响应和次生代谢中发挥关键作用。然而，担子菌门作为物种多样性更高、生态功能更复杂的类群，其C2H2基因家族的系统研究仍较为缺乏。

研究通过对30种代表性担子菌物种的比较基因组学分析，鉴定出1032个C2H2基因，并将其划分为6个进化分支(Group I-VI)。研究发现，Group II (37.1%)构成保守的核心调控网络，而Group III和Group V分别与木材降解菌(如裂褶菌)和食用菌(如平菇)的生态功能特异性扩张相关。

该研究通过同源网络分析发现，核心基因簇在强纯化选择下高度保守，而外围基因簇接近中性进化，揭示了C2H2基因家族在维持保守调控网络与驱动生态适应中的双重作用。这些发现不仅深化了对真菌转录调控网络进化机制的理解，还为作物病害防控和木质纤维素生物转化工程提供了潜在靶点。

山西农业大学棉花研究所段超为论文第一作者及通讯作者。该研究得到山西农业大学引进人才科研启动项目和棉花研究青年培育项目基金的资助。(来源：中国科学报 李晨)

相关论文信息：<https://doi.org/10.3390/jof11070487>

作者：段超等 来源：《真菌杂志》

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](https://www.iikx.com)转发