# 微生物所在担子菌酵母已知物种数量研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8776.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！*

担子菌酵母是以单细胞为主要繁殖方式的一类担子菌，在黑粉菌亚门(Ustilaginomycotina)、伞菌亚门(Agaricomycotina)和锈菌亚门(Pucciniomycotina)内都有分布。这些单细胞真菌不仅在真菌演化方面具有重要的系统地位，而且在工农业生产、生物制药、环境保护中具有非常广泛的应用价值。推荐阅读：SPSS，

在最新版本的酵母分类学专著*The Yeasts A Taxonomic Study*中共收录了约500余种担子菌酵母。但研究显示约有90%的未知类群还有待被发现。为了充分发掘利用未知担子菌酵母的应用潜力，加强战略生物资源的储备，中国科学院微生物研究所真菌学国家重点实验室酵母菌系统学和进化生物学研究组从几乎遍布国内的不同地区采集了1000多份植物和土壤样品，从中分离到近万株酵母菌，对其中1440株进行了基于ITS和26S rRNA基因D1/D2区序列分析的分子鉴定，共获得分布在58属内的300多个种(包括199个已知种和100多个未知种)。随后通过多基因(18S, ITS+5.8S, 26S rRNA，EF-1α,RPB1, RPB2和CYTB)序列分析，描述了分布在42个属的107个新种，并且在这些新种描述的基础上建立了2个新目、3个新科和8个新属。该研究使担子菌酵母的已知种数增加了20%以上，不仅丰富了我国酵母菌的菌种保藏量，而且发现了一些特殊形态的新类群，这些新类群恰恰处于系统演化的特殊位置，弥补了担子菌系统发育树上的很多间断。另外，在这100多个新种中有近五分之一的类群具有耐低温生长特性，这些类群在开发低温工业酶类和构建低温外源蛋白表达系统方面具有重要应用潜力。

该研究还对目前广泛应用于酵母菌物种鉴定的DNA条形码进行了评估。ITS和26S rRNA D1/D2区作为DNA条形码已经被广泛应用于酵母的物种鉴定中，目前一般认为，如果不同菌株在这两个区域内的核苷酸序列差异大于1%，就可以判断为属于不同的物种。这一种标准被称为“1% threshold”(或“1% rule”)。但该标准是否适应于所有酵母菌类群，不同属内的物种在ITS和D1/D2区的变异速率是否相同，是否需要针对不同的类群进行(case-by-case)具体分析，在酵母菌系统学研究者之间尚有争议。该研究对70多个属进行了属内种间的ITS和D1/D2区变异率分析，明确了每个属内的种间差异性。发现除了部分属的物种鉴定还需要其它标准辅助外，大部分属的物种鉴定可以应用“1% threshold”准则。

这一研究成果最近以*Diversity and phylogeny of basidiomycetous yeasts from plant leaves and soil: Proposal of two new orders, three new families, eight new genera and one hundred and seven new species*　为题发表于真菌学领域期刊*Studies in Mycology*上。李爱华为第一作者，项目研究员王启明和研究员白逢彦为共同通讯作者。相关研究课题得到国家自然科学基金委员会面上项目(No.31570016)和科技部基础性工作专项(No.2014FY210400)的资

助。

论文链接
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