

Fungal Genomics (The Mycota XIII)

真菌基因组学

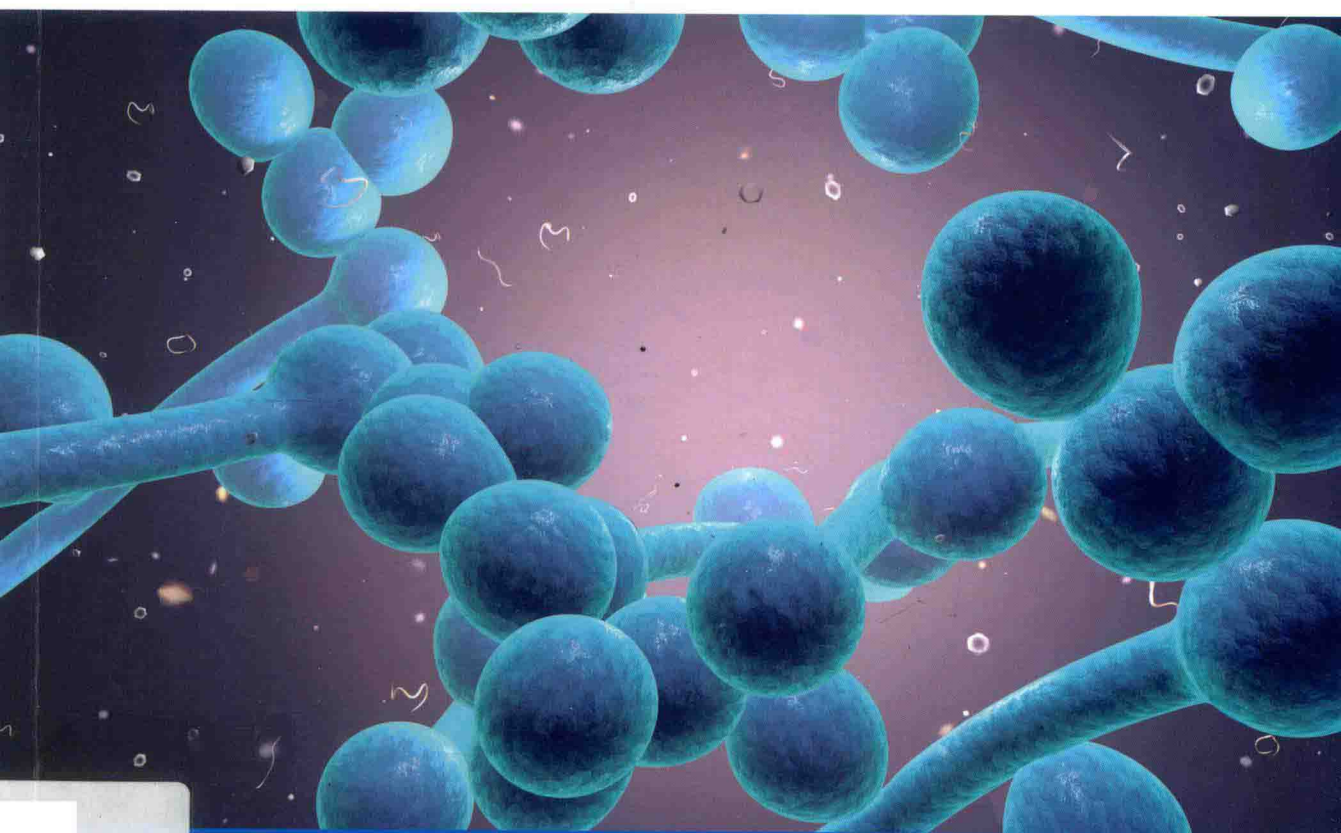
[德] M. 诺鲁申 (Minou Nowrousian) 主编

[德] K. 埃塞尔 (Karl Esser) 丛书主编

秦玉琪 张丽丽 译

王禄山 审校

◀ (原著第二版) ▶



化学工业出版社

Fungal Genomics (The Mycota XIII)

真菌基因组学

[德] M. 诺鲁申 (Minou Nowrousian) 主编

[德] K. 埃塞尔 (Karl Esser) 丛书主编

秦玉琪 张丽丽 译

王禄山 审校

◀ (原著第二版) ▶



化学工业出版社

· 北京 ·

图书在版编目(CIP)数据

真菌基因组学/(德)M. 诺鲁申主编;秦玉琪,张丽丽译.
北京:化学工业出版社,2017.10
ISBN 978-7-122-30456-8

I. ①真… II. ①诺…②秦…③张… III. ①真菌-基
因组-研究 IV. ①Q949.32

中国版本图书馆CIP数据核字(2017)第199130号

Translation from the English language edition:
Fungal Genomics edited by Minou Nowrousian
ISBN 978-3-642-45217-8
Copyright © Springer-Verlag Berlin Heidelberg 2014
Springer is a part of Springer Science+Business Media
All Rights Reserved.

本书中文简体字版由 Springer 授权化学工业出版社独家出版发行。
未经许可,不得以任何方式复制或抄袭本书的任何部分,违者必究。

北京市版权局著作权合同登记号:01-2016-6350

责任编辑:傅四周 孟 嘉
责任校对:宋 夏

装帧设计:韩 飞

出版发行:化学工业出版社(北京市东城区青年湖南街13号 邮政编码100011)
印 装:三河市延风印装有限公司
787mm×1092mm 1/16 印张22³/₄ 彩插2 字数547千字 2018年1月北京第1版第1次印刷

购书咨询:010-64518888(传真:010-64519686) 售后服务:010-64518899
网 址: <http://www.cip.com.cn>
凡购买本书,如有缺损质量问题,本社销售中心负责调换。

定 价:118.00元

版权所有 违者必究

作者简介



Karl Esser

1924年出生，德国波鸿鲁尔大学（Ruhr-Universität Bochum）普通植物学系的退休教授。他的主要研究方向为应用相关的真菌基础和分子遗传学。Karl Esser与同事们一起，首次发现了高等真菌中的质粒。由于他的工作以及贡献，他获得了三个荣誉博士学位，以及多项国内外奖励。



Minou Nowroussian

1971年出生，德国波鸿鲁尔大学普通与分子植物学系的团队负责人。她的主要研究方向为真菌发育和进化，并特别关注复杂多细胞结构，如子实体的发育；研究工作包括分子生物学、遗传学、基因组学和计算生物学。

撰稿者名单

KYRIA BOUNDY-MILLS

Phaff Yeast Culture Collection, University of California, Davis, CA, USA

AXEL A. BRAKHAGE

Department of Molecular and Applied Microbiology, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology-Hans Knoell Institute (HKI), Jena, Germany; and Department of Molecular and Applied Microbiology, Friedrich Schiller University, Jena, Germany

ALISTAIR J. P. BROWN

Aberdeen Fungal Group, School of Medical Sciences, Institute of Medical Sciences, University of Aberdeen, Aberdeen, UK

JUAN I. CASTRILLO

Cambridge Systems Biology Centre and Department of Biochemistry, University of Cambridge, Cambridge, UK

IRINA DRUZHININA

Research Area Biotechnology and Microbiology, Institute of Chemical Engineering, Vienna University of Technology, Vienna, Austria

JAY C. DUNLAP

Department of Genetics, Geisel School of Medicine at Dartmouth, Hanover, NH, USA

IULIANA V. ENE

Aberdeen Fungal Group, School of Medical Sciences, Institute of Medical Sciences, University of Aberdeen, Aberdeen, UK; and Department of Molecular Microbiology and Immunology, Brown University, Providence, RI, USA

MICHAEL FREITAG

Department of Biochemistry and Biophysics, Center for Genome Research and Biocomputing, Oregon State University, Corvallis, OR, USA

KEVIN FULLER

Department of Genetics, Geisel School of Medicine at Dartmouth, Hanover, NH, USA

TONI GABALDÓN

Bioinformatics and Genomics Programme, Centre for Genomic Regulation (CRG), Barcelona, Spain; and Universitat Pompeu Fabra (UPF), Barcelona, Spain

DONALD M. GARDINER

Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Plant Industry; Queensland Bioscience Precinct, St. Lucia, Brisbane, Australia

THORSTEN HEINEKAMP

Department of Molecular and Applied Microbiology, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology-Hans Knoell Institute (HKI), Jena, Germany; and Department of Molecular and Applied Microbiology, Friedrich Schiller University, Jena, Germany

KRISTINA S. HILDÉN

Department of Food and Environmental Sciences, University of Helsinki, Helsinki, Finland

JENNIFER HURLEY

Department of Genetics, Geisel School of Medicine at Dartmouth, Hanover, NH, USA

NORA KOESTER-EISERFUNK

Department of Molecular and Applied Microbiology, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology-Hans Knoell Institute (HKI), Jena, Germany; and Department of Molecular and Applied Microbiology, Friedrich Schiller University, Jena, Germany

CHRISTIAN P. KUBICEK

Research Area Biotechnology and Microbiology, Institute of Chemical Engineering, Vienna University of Technology, Vienna, Austria

JENNIFER J. LOROS

Department of Genetics, Geisel School of Medicine at Dartmouth, Hanover, NH, USA; and Department of Biochemistry, Geisel School of Medicine at Dartmouth, Hanover, NH, USA

MIIA R. MÄKELÄ

Department of Food and Environmental Sciences, University of Helsinki, Helsinki, Finland

MARINA MARCET-HOUBEN

Bioinformatics and Genomics Programme, Centre for Genomic Regulation (CRG), Barcelona, Spain; and Universitat Pompeu Fabra (UPF), Barcelona, Spain

KEVIN MCCLUSKEY

Fungal Genetics Stock Center, University of Missouri-Kansas City, Kansas City, MO, USA

VERA MEYER

Department of Applied and Molecular Microbiology, Institute of Biotechnology, Berlin University of Technology, Berlin, Germany

BENJAMIN M. NITSCH

Department of Applied and Molecular Microbiology, Institute of Biotechnology, Berlin University of Technology, Berlin, Germany

MINOU NOWROUSIAN

Lehrstuhl für Allgemeine und Molekulare Botanik, Ruhr-Universität Bochum, Bochum, Germany

RICHARD P. OLIVER

Australian Centre for Necrotrophic Fungal Pathogens, Department of Environment and Agriculture, Curtin University, Bentley, WA, Australia

STEPHEN G. OLIVER

Cambridge Systems Biology Centre and Department of Biochemistry, University of Cambridge, Cambridge, UK

MONIKA SCHMOLL

Health and Environment Department, Bioresources Unit, Austrian Institute of Technology GmbH (AIT), Tulln, Austria

BERNHARD SEIBOTH

Research Area Biotechnology and Microbiology, Institute of Chemical Engineering, Vienna University of Technology, Vienna, Austria

EKATERINA SHELEST

Systems Biology/Bioinformatics, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology–Hans-Knoell-Institute, Jena, Germany

KAR-CHUN TAN

Australian Centre for Necrotrophic Fungal Pathogens, Department of Environment and Agriculture, Curtin University, Bentley, WA, Australia

FRANCES TRAIL

Department of Plant Biology, Department of Plant, Soil and Microbial Sciences, Michigan State University, East Lansing, MI, USA

VITO VALIANTE

Department of Molecular and Applied Microbiology, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology–Hans Knoell Institute (HKI), Jena, Germany; and Department of Molecular and Applied Microbiology, Friedrich Schiller University, Jena, Germany

KERSTIN VOIGT

Jena Microbial Resource Collection, Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology–Hans-Knoell-Institute, Jena, Germany; and Department of Microbiology and Molecular Biology, Institute of Microbiology, University of Jena, Jena, Germany

RONALD P. DEVRIES

CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands

ARIC WIEST

Fungal Genetics Stock Center, University of Missouri-Kansas City, Kansas City, MO, USA

译者前言

《真菌基因组学》是由德国波鸿鲁尔大学Karl Esser教授担任主编、施普林格出版社出版的一套关于真菌基础研究与应用研究丛书《真菌》中的第13卷。这套丛书共有15卷，不仅包括对真菌的细胞生物学、遗传学、生物化学以及生物技术的研究，同时还包括了对真菌与微生物、植物、动物和人类的关系，以及真菌在医药、工业和农业的应用的研究。这套丛书自出版后获得了真菌科学界的普遍认可。

在刚刚看到此书的第二版时，我们就有了将此书翻译成中文的想法，这是因为，真菌基因组学研究时代已经来临。特别是第二代测序技术的发展，使得利用基因组序列信息和各种组学技术对真菌的生物系统的结构、功能和进化的分子基础进行解析成为可能。基因组学是强大的研究工具，它开启了过去无法想象的对真菌各种生物学问题进行深入的调查研究之门。

在本书的翻译过程中，我们本着实事求是的态度、认真负责的精神，反复校对，以求如实地体现作者的意图和科学的本质。由于生物学英文专有名词与中文的差异，以及新的英文专有名词不断出现，个别词汇上的翻译可能会有不当，但我们在适当位置如括弧中将原来的英文名词一并列出，希望读者能够更加容易辨别。

为了使本书早日与广大读者见面，化学工业出版社的领导给予了大力支持，相关编辑室和负责出版发行的同志也多方协助，在此表示特别感谢！

由于译校者水平有限，译文不妥之处在所难免，敬请读者批评指正。

秦玉琪 王禄山

山东大学生命科学学院

山东大学国家糖工程技术研究中心

2017年10月

丛书序言

真菌学，即真菌的研究，起始于植物学的一个分支。直到20世纪初，真菌学还通常被实验科学所忽视，仅作为描述性的学科。1904年，Blakeslee报道了关于真菌的自身不相容性，即“异宗配合”现象，这激发了研究者们对真菌交配型有性生殖的研究。很快，研究者们证实真菌的有性生殖同样遵循孟德尔遗传，因此，可以对真菌进行标准的遗传分析。Burgeff、Kniep和Lindgren是早期真菌遗传学的主要研究者。

这些研究，以及弗莱明（获得1945年诺贝尔奖）发现青霉素的研究，促进了真菌研究的发展。在这一阶段，主要开展了诱变以及突变株的生化分析。这些基础研究的主要研究对象为粗糙脉孢菌（*Neurospora crassa*）。Beadle和Tatum提出了“一个基因一个酶”的假说，并获得了1958年的诺贝尔奖，这也是真菌研究领域的第二个诺贝尔奖。随后，对其它真菌也开展了生化遗传学的基础研究，特别是到20世纪60年代中期，对酿酒酵母（*Saccharomyces cerevisiae*）的研究，极大地促进了真核分子生物学的研究，并在分子生物学领域能够与细菌的研究竞争。

在真菌遗传学和分子生物学领域研究的进步主要得益于真菌生物化学、植物病理学、病原真菌学以及分类学的研究。如今，在应用研究上，人们对真菌的遗传操作非常感兴趣。DNA介导的转化系统的建立，以及分子水平上基因表达及调控的研究极大地拓展了真菌在生物技术上的应用。真菌的应用研究不仅包括工业真菌，还包括真菌在农业以及环境科学中的应用。

这些对真菌基础理论的研究以及实验系统和应用的研究，促使我们编写了这一丛书：《真菌》。这一命名将真菌与植物、动物或原生动物相区分。为保证丛书的连贯性，书中主要类别的真菌命名如下：

假真菌（*Pseudomycota*）

门：卵菌门（*Oomycota*）（绵霉属、疫霉属、腐霉属）

门：丝壶菌门（*Hyphochytriomycota*）

真真菌（*Eumycota*）

门：壶菌门（*Chytridiomycota*）（异水霉属）

门：接合菌门（*Zygomycota*）（毛霉属、须霉属、布拉氏霉）

门：双核菌门（*Dikaryomycota*）

亚门：子囊菌亚门（*Ascomycotina*）

酵母菌（酿酒酵母、裂殖酵母）

子囊菌（脉孢菌、柄孢壳菌、曲霉）

亚门：担子菌亚门

异担子菌（黑粉菌、银耳）

同担子菌（裂褶菌、鬼伞）

在《真菌》这套丛书中，并没有黏菌（slime molds）。尽管黏菌在传统上归为真菌，但是它们呈现非真菌的形态，它们通过内吞作用吸收营养，在营养生长期，细胞不具有细胞壁，与特定的原生动物非常相似。

本丛书主要关注三个基本问题：什么是真菌，真菌的行为，真菌与人类的关系。在编辑眼中，这些问题应该是早就完成的。

在真核生物中，真菌性质多样。真菌为非自养代谢，吸收有机碳源和氮源。真菌具有比较坚固的细胞壁，因此，它吸收营养而非吞入。大多真菌为单倍体生物，通过孢子进行无性或性生殖。根据孢子特征和产生的方式可以进行真菌分类。尽管孢子的类型众多，基本上可以分为以下两种：(i) 通过营养菌丝有丝分裂形成的无性孢子；(ii) 通过特化的结构减数分裂形成的有性孢子，这些特化的结构通常聚集成为子实体。真菌的营养状态或者是单细胞（如酵母）或者是菌丝，后者可以延伸并分枝。

除了以上特征，孢子的可获得性，特别是单倍体营养体减数分裂的孢子，使得真菌作为实验研究的对象具有很大的吸引力。

腐生的真菌能够在非常简单或特定的基质上生长，不仅产生初级代谢产物，同时还能产生重要的次级代谢产物。作为天然的化学产物，这些代谢产物在抗生素和生物活性复合物的生产方面具有重要作用。真菌中，酵母可以作为重要的发酵菌株；其它真菌可以用来生产酶、柠檬酸和其它有机化合物，并可应用于食品发酵。

真菌可以进入各种生态位。腐生真菌主要生活在有机残余物中；致病真菌能够侵染植物和动物；有些真菌甚至还能在其它真菌上生长。除了在土壤中存在，它们也存在于水生环境，真菌孢子还会污染空气。某些真菌是可食用的，某些却是有毒的。许多真菌与植物或其它生物一起可以形成菌根或地衣；也可以是内生真菌或是直接的病原菌。真菌与动物系统的关系也是多种多样的：有些为捕食性真菌，可以捕食线虫；有些小型真菌可以生活在厌氧的瘤胃中；许多昆虫致病真菌可以作为生防真菌服务于人类。是的，真菌无所不在又非常重要。保守性估计存在超过10000种真菌。真菌的研究方法很多，从对自然界中发现的真菌的描述到实验室中细胞和分子水平的研究，所有这些研究都能够扩展我们对真菌的了解，提高我们利用真菌服务于人类的能力。

我们邀请了真菌研究中各个领域的专家编写了本丛书。各个卷的编辑在选题和组织人员撰写的过程中付出了巨大的努力，我们表示特别感谢。在第一版中，可能会有一些错漏，我们希望读者加以指出，便于我们在后续版本中改正。

最后，我们感谢施普林格出版社帮助此丛书的出版。

丛书主编

Karl Esser, 德国波鸿 (Bochum)

Paul A. Lemke, 美国阿拉巴马州奥本 (Auburn)

1994年4月

丛书序言补遗

在1989年德国雷根斯堡（Regens burg）第4届国际真菌学大会上，Paul Lemke（美国）、Czeschlik（施普林格出版社）与我们共同讨论了出版关于真菌研究的丛书。开始时，我们有些保守，但经过深入讨论，我们认为出版一套丛书是可行的。我们将此丛书命名为《真菌》。

我和Paul Lemke最初设计出版覆盖真菌研究领域的7卷。第1卷于1994年完成，并在加拿大温哥华第五届国际真菌学大会上展示。其它卷也陆续完成。1995年Paul Lemke去世后，我成为唯一的丛书编辑。第10～12卷的编辑工作得到了Joan Bennett的大力支持。

这部丛书自出版后获得了科学界的认可，但是对于真菌研究领域的覆盖并不完全，因此，我们决定加入另外8卷。此外，有12卷出版了第二版，还有几卷的第三版也在准备中。

感谢施普林格出版社，感谢出版社工作人员Andrea Schlitzberger的支持。

Karl Esser

德国波鸿

2014年4月

本卷前言（第二版）

自从2005年本丛书第13卷的第一版出版后，真菌基因组技术迅速发展。第二代测序技术的发展不仅应用于基因组测序，而且应用于阐明基因组结构以及基因组范围的基因表达的研究。丝状真菌基因敲除技术的快速进步，使得构建大规模基因敲除库成为可能。对粗糙脉孢菌来说，几乎所有的基因都获得了敲除株。在本卷第一版准备的过程中，酿酒酵母和其它酵母的基因组分析已经进行；丝状真菌的基因组时代已经到来，并应用于基础和应用研究中。

本书第二版的内容包括14章，覆盖了子囊菌、担子菌以及其它基础真菌，从致病性的基础理论到工业应用进行了综述。

当然，这并不意味着本书能够全面覆盖真菌基因组研究这一快速发展的领域。与第一版相似，本书着重阐明基因组学对真菌研究的影响，以及对生物学问题的影响（我向那些研究领域并不在本书范围内的研究者道歉）。

本书分为4个部分。第一部分“基因组测序及外延”包括4章：阐明了基因组学的信息和技术对模式生物如酵母研究的影响（第1章），以及对研究较少的一些常见真菌的影响（第2章），新的多基因组比较的分析技术（第3章），基因组学对微生物培养的影响（第4章）。第二部分“细胞和发育生物学”对真菌生物学的重要问题进行了阐述，如真菌染色质的组织（第5章），真菌生理节律（第6章），真菌子实体的发育（第7章）。第三部分“生物技术相关的基因组学”着重讨论了真菌基因组上编码的植物生物物质转化酶（第8章），以及重要的工业真菌（第9章和第10章）。第四部分“致病性”包含对植物致病真菌的基因组学分析（第11章和第12章），以及动物/人致病真菌的基因组学分析（第13章和第14章）。

非常感谢对此书第二版的出版作出贡献的所有作者，他们是各自研究领域的专家，他们的工作对所有真菌基因组学研究领域的科学家来说都是非常重要的。

本卷主编
Minou Nowrousian
德国波鸿
2013年10月

本卷前言(第一版)

令真菌学家激动的是,真菌基因组时代已经来临。从一个博士生的整个研究课题就是测序一个基因的时代,到现在可以在数周之内完成对一个真菌基因组的测序,这种进步令人难以置信。在过去的几年中,一系列真菌的基因组序列已经公开,其中包括烟曲霉(*Aspergillus fumigatus*)、光滑念珠菌(*Candida glabrata*)、新型隐球菌(*Cryptococcus neoformans*)、汉逊德巴利酵母(*Debaryomyces hansenii*)、乳酸克鲁维酵母(*Kluyveromyces lactis*)、稻瘟病菌(*Magnaporthe grisea*)、粗糙脉孢菌(*Neurospora crassa*)、解脂耶氏酵母(*Yarrowia lipolytica*)。此外,其它一些真菌(如念珠菌、球孢子菌、组织胞浆菌、球腔菌、肺孢菌和酵母菌的一些菌株)的基因组序列也即将公开。这些真菌基因组的测序基本可以在60天左右完成。这些基因组序列能够为包括进化、生命周期、细胞生物学和真菌侵袭等在内的人类健康相关的研究提供大量的数据。

根据所研究真菌菌株的不同,基因组学技术具有不同的应用。基因组序列对某些真菌来说仅仅是一个开始。对于这些真菌,基因组分析只是研究的早期阶段。对于很多真菌研究来说,基于基因组序列的基因注释完全不够,微阵列或转录组测序分析也不完全。酿酒酵母的基因组序列公开已经超过10年,这是第一个基因组学研究的真核生物。得益于酿酒酵母完善的分子生物学技术,这种模式生物为功能基因组学和系统生物学中许多领域的研究打下了基础。在酿酒酵母中,(几乎)所有的基因都已经获得了敲除株,并进行了基因功能的研究。研究者们可以选择不同的酵母微阵列进行转录组的研究,也可以与基因组范围的染色质免疫沉淀结果相结合。在酿酒酵母中,已经有许多研究小组开始了高通量的蛋白质组研究。酵母中蛋白质-蛋白质间的相互作用的大规模分析在几年之前就已经开始报道。代谢物组也正在应用于酵母生理学的系统分析。因此,对于许多研究小组来说,所面临的问题已经从数据的获得转向如何正确整合并解释这些海量数据。正在开发分析软件以整合基因组、转录组、蛋白质组、相互作用组以及代谢物组的数据。作为结果,基因组研究为真菌细胞生物学研究提供了全局视角。在《真菌基因组学》这卷书中,主要存在两个问题。第一,一本书无法覆盖真菌基因组学研究领域的所有范围;第二,真菌基因组学研究的发展非常快速,使得本书的内容落后于当前的发展。但是,新的发展并不妨碍本书的出版。因此,本书并不期望能够覆盖所有真菌基因组学研究最新的发现(我向那些研究领域并不在本卷范围内的研究者道歉)。事实上,我们有两个目标。第一(如本卷的第13章),阐述基因组对不同真菌研究的现有影响和潜在影响——在这些真菌中,有些基因组信息比较完整,有些还不太完整。第二,阐述基因组学如何应用于真菌研究的不同领域;在一些章节中阐明了真菌基因组学通用的基础理论。本书分为三个部分,第一部分为“真菌系统生物学和进化”,从基因组时代先驱性的模式生物酿酒酵母开始阐述,同时也阐述了其代谢物组学和系统生物学,以提醒读者在基因组测序和转录组测序之外,基因组学研究还有其它重要的应用。这一部分中的其它章节阐释了

基因组测序对真菌进化研究的巨大影响，以及新的生物信息学技术在发现真菌毒力相关基因中的作用。

第二部分“真菌节律和响应”，阐述了真菌生物学中的一些热点问题，包括生理节律、压力响应、分泌、极性生长以及细胞形态发生。这些章节覆盖了一系列真菌，包括丝状真菌和酵母。与前面所说的相同，这些内容对基因组学如何推动现有研究做了阐述。

最后一部分关注“真菌致病性”，这一领域与医学相关。这一部分对蛋白质组和转录组方法展开讨论，蛋白质组学和转录组学对人类重要致病真菌的病理学研究提供了新的研究视角。

非常感谢本书所有的作者，这些作者在各自的研究领域具有很高的知名度，感谢他们在百忙中为本卷的完成作出的努力！

本卷主编
Alistair J. P. Brown
英国阿伯丁
2005年7月

目 录

第1部分 基因组测序及外延	1
第1章 以酵母菌为模式菌株对复杂疾病的系统生物学研究	2
I. 引言	2
II. 以酵母菌为模式菌株的系统生物学研究以解析复杂疾病的基本机理与网络	4
A. 酵母作为研究真核生物和人类疾病的模型	4
1. 酵母作为研究真核生物和系统生物学的模型	4
2. 酵母作为研究人类疾病分子系统生物学的模型	5
B. 复杂疾病系统的生物学基本机理与网络的综合研究：典型病例和 应用——酵母新模型	12
1. 多因子复杂疾病	12
2. 目标、实验系统、设计、数据分析整合策略	13
3. 酵母系统生物学研究复杂疾病的基本网络：典型病例和应用——从酵母 到人类的新的疾病模型	14
III. 小结	18
参考文献	19
第2章 真菌基本谱系的基因组学研究：系统发育基因组学研究显示具有 共同起源	28
I. 引言	28
A. 前基因组时代的知识积累：我们知道多少种真菌？	28
B. 基因组时代的最新状态：取得什么成果？	29
II. 真菌基本谱系的进化：系统发育基因组角度的相关研究	32
A. 水生的运动孢子（游动孢子）真菌	33
1. 芽枝霉门	33
2. 壶菌门	34
3. 新美鞭菌门	35
B. 陆生的不动孢子真菌	36
1. 毛霉门	37
2. 被孢霉门	41

3. 虫霉菌门	41
4. 球囊菌门	42
C. 与真菌具有共同祖先的其它微生物	42
1. 隐真菌门 (罗兹壶菌目): 异水霉罗兹壶菌	42
2. 微孢子虫	44
3. 核形虫目-Fonticula 类群: 简单核形虫和 <i>Fonticula alba</i>	44
4. 中黏菌门 (鱼孢霉菌科)	45
Ⅲ. 真菌基本谱系的进化: 系统发育基因组的相关研究	45
Ⅳ. 基本真菌的基因组的主要特征	46
A. 全基因组复制	46
B. 基因复制、串联重复	47
V. 小结	48
参考文献	48

第3章 真菌系统发育基因组学研究..... 55

I. 引言	55
Ⅱ. 确定跨越基因组的基因: 直系同源和旁系同源	55
Ⅲ. 系统发育基因组学方法重构物种进化树	56
A. 进化背景下基因组学	56
B. 构建真菌进化树	57
Ⅳ. 关注基因家族历史: 从基因组到系统发育组学	60
V. 真菌进化过程的研究	61
A. 基因家族的扩增与全基因组复制	61
B. 水平基因转移	63
C. 真菌磷酸盐代谢中的水平基因转移	64
Ⅵ. 比较分析认识真菌生物学	65
Ⅶ. 基于比较基因组的蛋白质功能预测	66
Ⅷ. 小结	66
参考文献	67

第4章 基因组数据驱动菌种保藏的发展..... 72

I. 引言	72
Ⅱ. 菌种保藏中心	72
A. 菌种保藏中心认证	73

B. 生物多样性公约	75
Ⅲ. 真菌全基因组分析	76
A. 参考基因组序列	76
B. 同物种多分离菌株的测序	78
C. 后基因组时代的菌株等效性	83
Ⅳ. 基因组技术对菌种保藏中心的影响	84
A. 基因本体论驱动的菌种保藏中心目录	84
B. 重测序的等位基因目录	84
Ⅴ. 小结	85
参考文献	86

第2部分 细胞和发育生物学 89

第5章 真菌染色质及其对基因表达的调控作用..... 90

I. 引言	90
II. 染色质结构的调控：并非所有的修饰都是“表观遗传”调控	91
III. 染色质结构单元：丝状真菌中的组蛋白组分	93
IV. 参与组蛋白修饰的蛋白	98
V. 异染色质形成的控制	98
VI. 丝状真菌中的兼性异染色质	100
VII. 小结	103
VIII. 真菌基因组和转录组的网上资源	103
参考文献	103

第6章 脉孢菌中的光生物学及生物钟调控..... 113

I. 引言	113
II. 真菌光生物学	113
A. 真菌为什么要感光?	113
B. 真菌光受体：生物化学与分布	114
1. 基于黄素的蓝光受体	114
2. 红光敏感的光敏色素	118
3. 视紫红质和视紫蛋白相关蛋白	118
4. 小结	119