



李玉

中国工程院院士，俄罗斯科学院外籍院士。现任国际药用菌学会主席，中国菌物学会名誉理事长，中国食用菌协会名誉会长等职。从事菌物科学与食用菌工程技术和产业化研究，建成了位居国内前列水平的菌类种质资源库。获得国家自然科学奖二等奖1项、何梁何利基金科学与技术进步奖1项、吉林省科技进步奖一等奖3项、二等奖2项。在学术刊物上发表论文800余篇，其中160篇被“SCI”收录或引用，著作30余部，获得国家已授权发明专利20余项。在国内率先形成了专科、本科、硕士、博士、博士后较完整的菌物科学与食用菌工程人才培养体系，对我国的菌物事业做出突出贡献。

食用菌表型组技术研究进展

袁晓辉^{1,2} 付永平^{1,2} 肖世俊^{1,2} 李长田² 王迪² 李玉^{1,2*}

① 吉林农业大学科技部食用菌新种质创制国际联合研究中心 吉林 长春 130118

② 吉林农业大学食药菌教育部工程研究中心 吉林 长春 130118

摘要：食用菌已成为我国农业的第五大种植业，在“精准扶贫”战役中发挥了重要作用。然而，经过40年的快速发展，食用菌行业依然面临着众多问题亟待解决，尤其是在工厂化栽培生产中我们还严重依赖国外选育的菌种。随着基因测序和表型组等新技术的蓬勃发展，“数据驱动”的生物学研究取得了一系列突破性进展。这些新技术也为解决食用菌行业面临的问题带来了机遇。其中表型组研究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。本文重点描述了食用菌表型性状，介绍了表型组技术在食用菌研究中的应用，同时回顾了植物表型组技术的进展和应用领域，并讨论了食用菌表型组研究的关键技术和面临的挑战。期望通过对食用菌基因组、表型组、代谢组等多组学技术的整合研究和大数据的积累，推动“数据驱动”的食用菌遗传育种和栽培生产。

关键词：食用菌，表型组，机器视觉，人工智能，大数据

[引用本文] 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
Yuan XH, Fu YP, Xiao SJ, Li CT, Wang D, Li Y, 2021. Research progress on mushroom phenotyping. Mycosystema, 40(4): 721-742

基金项目：国家自然科学基金（U20A2046）；菌类作物优质高产抗病种质资源挖掘、创制及应用学科创新引智基地（“111”基地）（D17014）

Supported by the National Natural Science Foundation of China (U20A2046), and Program of Creation and Utilization of Germplasm of Mushroom Crop of “111” Project (D17014).

* Corresponding author. E-mail: yuli966@126.com

Received: 2021-02-22, accepted: 2021-03-08

Research progress on mushroom phenotyping

YUAN Xiao-Hui^{1, 2} FU Yong-Ping^{1, 2} XIAO Shi-Jun^{1, 2} LI Chang-Tian² WANG Di² LI Yu^{1, 2}✉

①A International Cooperation Research Center of China for New Germplasm Breeding of Edible Mushrooms, Jilin Agricultural University, Changchun, Jilin 130118, China

②Engineering Research Center of Edible and Medicinal Fungi of Ministry of Education, Jilin Agricultural University, Changchun, Jilin 130118, China

Abstract: Edible mushrooms have become the fifth largest cultivation industry in China and played important roles in the battle of targeted poverty alleviation. Although rapid growth has been realized over the past 40 years, China's edible mushroom industry is still facing many problems that need to be solved urgently. For example, we still rely heavily on cultivated varieties from abroad. With the development of new technologies such as gene sequencing and phenotyping, a series of breakthroughs have been made in "data-driven" biological research. These new technologies also bring opportunities to solve the problems faced by our mushroom industry. Among them, phenotyping using optical equipment and sensors digitizes the data of naked-eye observation and manual measurement. Combination of data of genomics and metabolomics generates big data of "edible-mushroom-omics" which provides new ideas for mushroom classification, germplasm resource evaluation, breeding, gene function research and cultivation. In this article, mushroom phenotyping was described and the development of plant phenotyping technology was reviewed, and the application and challenges for edible mushroom phenome research were discussed. Integrated study of multi-omics data, including genomics, phenomics, metabolomics will hopefully promote the development of "data-driven" genetic breeding and cultivation of edible mushrooms.

Key words: edible mushrooms, phenomics, computer vision, artificial intelligence, big data

食用菌是人类重要的食物之一，不仅能够提供丰富的氨基酸、纤维素和维生素等营养物质，还具有提高免疫力、抗肿瘤等药用功能（李玉和包海鹰 2020）。黄璐琦院士团队通过对灵芝使用的起源考古学研究，将人类使用灵芝的时间推进到距今 6 800 年前的新石器时代（袁媛等 2018）。中国自古以来一直有栽培食用菌的传统。公元 100 年，王充的《论衡·初稟篇》中描述：“紫芝之栽如豆”，是人类栽培食用菌的最早记录。改革开放以来，我国食用菌产业得到了快速发展，

40 年间食用菌的产量增长了 700 倍（李玉和康源春 2021）。2019 年，中国食用菌产量近 4 000 万 t，占世界总产量的 75%以上，是我国继粮、油、果、菜后的第五大种植业，对我国的经济建设起到了重要作用。食用菌凭借其“不与人争粮、不与粮争地、不与地争肥、不与农争时、不与其他行业争资源”的特点，成为推进循环农业、维护国家食品安全、实现废弃物资源化的朝阳产业，在国家供给侧改革、产业结构调整、“一带一路”、大健康产业和“乡村振兴”战略发挥

着重要作用。尤其是在“精准扶贫”战役中，全国 592 个国家级贫困县中有 426 个最先开展了食用菌扶贫，其种植的经济效益达到大田作物 3–10 倍。2020 年，习近平总书记在陕西柞水称赞“小木耳，大产业”，既是对食用菌产业以往成绩的认可，也对食用菌产业未来发展提出了更高要求，更是食用菌产业的发展动力。

中国的食用菌产业将迎来新一轮的发展机遇，然而我们也要清楚地认识到，我国食用菌产业依然是大而不强，基础研究薄弱，还有一系列重大问题有待解决。特别是在种质资源收集、鉴定、菌种选育、生产装备等诸多方面亟需突破。例如：我国工厂化栽培的品种几乎都来自日本或欧美，具有自主知识产权的工厂化栽培品种匮乏。另外，大部分工厂缺少对栽培过程的系统优化，导致生产成本居高不下；并且缺乏统一的生产规范，无法保证食用菌的产量和品质，难以真正实现稳产，因此难以满足下游食品、医药、美容、整形和大健康等行业对于原料品质的要求。此外，与水稻、玉米等作物相比，食用菌的基础研究相对落后，甚至缺乏基本的研究范式（鲍大鹏 2020），没有良好的基础研究，技术应用也很难取得突破。

虽然食用菌产业面临众多的问题与挑战，以基因测序和机器视觉为代表的大数据技术为实现其跨越式发展带来希望。正如显微镜、荧光 PCR、测序、基因编辑等技术给生命科学带来了颠覆性的变革（Gao 2021），大数据技术也逐渐将生命科学从“实验驱动”变为“数据驱动”。近年来，在人类及动植物研究领域，大数据技术已经取得了突破性进展。例如，谷歌的 DeepMind 利用大数据和人工智能技术成功解决了生命科学领域 50 年来的重大难题——蛋白折叠预测

（Callaway 2020）；李家洋等指出“智能作物”是育种的新方向，其利用基因组、表型组等组学数据信息，提出水稻从头驯化新策略（Yu *et al.* 2021），有望给世界粮食生产带来颠覆性的革命。因此，如何借鉴其他物种的研究经验，实现数据驱动的食用菌研究，是一个值得探讨的问题。

和其他物种一样，为了充分利用大数据技术进行食用菌研究，首先要解决高通量数据采集的问题。目前基因组、转录组、蛋白组、代谢组的高通量测序仪器日趋成熟，获取这些数据的成本也急剧下降。但是，高通量表型组的设备研发却一直没有很大的进展。在生物学和遗传育种领域，表型是指构成生物体的全部特征，包括外观、基本维度、形态和颜色，是基因型和环境因素互相作用的结果。表型数据的缺失已经成为分子育种和基因功能研究的突出瓶颈（Scheben & Edwards 2018）。与基因组、转录组相比，表型组特征缺乏统一定义，不同物种、不同观测环境、不同观测时期都可能需要特定的方法来获取表型数据，所以需要针对不同的问题研发专用的设备或者算法。近年来，表型组研究在世界范围内得到空前的重视，并取得了一定进展（Houle *et al.* 2010; Zhao *et al.* 2019）。中国的表型组研究也取得不错成绩，南京农业大学创办了植物表型组期刊，复旦大学创办了人类表型组研究的学术期刊，国家和各地政府也分别建立动物表型组大科学装置，作物表型组大科学装置和人类表型组中心。与动植物相比，食用菌的表型组研究还处于起步阶段。从技术层面上来说，食用菌表型特征与作物有很多相似之处，例如：产量、生育期、抗病性等。因此，可以借鉴作物表型组的成功经验进行食用菌表型设备和数据分析研究。

整体而言,食用菌表型组研究内容可以分为硬件和软件研发。硬件研发主要是针对不同场景开发专用设备获取图像,如培养皿扫描和智能出菇箱等。软件研发主要是从图像中自动获取表型特征,例如:菌丝体生长速度、子实体大小和形态等。利用食用菌表型组设备,可以减少大量人工劳动,大幅提高实验效率。采用软件自动提取表型特征,保证了特征采集标准的一致性,提高表型观测的精度。不仅如此,通过计算机视觉技术,还可以定义新的图像表型特征(Choudhury *et al.* 2019),这些特征能够帮助研究人员进行更加精细的物种分类,也可以用于复杂农艺性状的分解,有利于基因调控网络解析。

本文首先回顾作物表型组技术的进展,然后讨论这些技术如何推进食用菌分类、育种和栽培研究,最后对食用菌表型的关键技术及未来发展进行讨论。

1 植物表型组技术进展

成像设备和传感器技术是表型参数测量的基础。近年来,成像设备和传感器技术在表型组学上的应用极大推进了表型测量方法的创新与发展。目前植物表型测量使用的图像和传感器技术主要有以下几种:彩色数码相机、深度相机、光检测和测距(LiDAR)、X射线断层扫描(CT)仪、荧光传感器、热成像仪以及高光谱相机等,每种技术有不同的特点和应用场景。

1.1 可见光成像技术

可见光(red-green-blue, RGB, 400–700nm 光谱)成像具有分辨率高、效率高、易推广等特点,是目前植物表型检测中常用且重要的数据采集方法(袁杰等 2016),并已集成到大多数表型研究平台中(如 TraitMill、PlantScreen、LemnaTec 等)(Reuzeau *et al.* 2006; Zhang *et al.* 2019),为动植物生物学

和遗传育种提供了有效解决方案。可见光成像中彩色数码相机只能获取目标的 2D 成像,虽然成本低、效率高,但是丢失了 3D 空间中另一个维度的数据(Zhang *et al.* 2017)。与之相比,深度相机能够同时提供 RGB 和深度信息。这种相机利用结构光(structured-light)(Katz & Adler 2012)、双目视觉(stereo)(Geng 2011)或者光飞行时间法(time-of-flight)(Li 2014),输出目标的深度、幅度和强度图像,重构目标的 3D 模型,从而获得更多的空间和体积特征(仇瑞承等 2019)。

近年来,深度相机在植物表型组学中得到了较为广泛的应用。在分析植物高度和地上生物量的关系中,Maimaitijiang *et al.* (2019)基于 UAS 立体图像的摄影测量 workflow 生成高密度点云,从点云中可以得出二维(2D)冠层结构度量(例如冠层高度和冠层投影底面积)以及三维体积度量。与 2D 结构指标相比,包含树冠水平和垂直属性的三维指标能够更好地估算地上生物量。陈兵旗等(2011)基于双目立体视觉建立了大田玉米三维生长模型,并实现了大田玉米表型参数的实时测量和生长过程的三维显示。根据不同成像技术的优点,结合多种成像技术是当前的表型组学的趋势。Burton *et al.* (2012)开发了一种高通量和高分辨率的表型平台,该平台将激光光学与三维(3D)图像相结合,描述根部解剖结构(Chimungu *et al.* 2015)。基于可见光的表型观测方法可以连续、实时和原位地获取目标生长图像,从中获取表型数据,追踪目标变化过程,为遗传育种和基因功能研究提供准确依据。

1.2 高光谱成像技术

高光谱成像技术指在特定光谱域内以一定的光谱分辨率($\leq 10\text{nm}$)划分出多个窄波段形成数据立方,具有光谱和图像检测合二为一的优势,既可以定量化提取植物某一点

的光谱信息,又可以获取其整体的形状信息。高光谱成像技术已广泛地应用于生态植被研究、海洋遥感、地质调查、大气研究、环境遥感等领域,发挥着重要的作用(童庆禧等 2016)。

高光谱成像技术在作物表型组研究方面也取得了初步进展。通过对植物高光谱图像数据的分析,可获取植物生理特征、植物初级生产力与生物量、作物单产估计、植物病虫害等级等信息(Lowe *et al.* 2017)。相较于传统成像技术(如 RGB 成像),高光谱技术在光谱范围与精度方面具有显著优势,可以获得被测对象更多的特征,有利于做出更加精确的表型描述。Ge *et al.* (2016)在对玉米生长过程中水分利用和含水量的研究中发现,相较于 RGB 图像,高光谱图像能更准确地预测玉米叶片的水分含量。Feng *et al.* (2017)开发了一个高通量的高光谱成像系统,获取水稻生物量的相关特征,并发现了红光(680–760nm)对于研究水稻的表型和遗传至关重要。

1.3 CT 成像技术

CT 扫描(computed tomography, CT)(Mairhofer *et al.* 2012)是一种构建 3D 模型的方式, X 射线根据目标成分的不同(例如根系和土壤)产生不同的衰减,从而可视化目标的内部构造。CT 技术的优势主要体现在两个方面:一方面,可以大幅度节省解剖目标观测内部所需要的劳动密集型工作;另一方面,可以实现持续、无损地观测一个不断发生变化的目标。

CT 技术在人类及动植物研究领域均有成熟的应用。Hoffman *et al.* (2016)使用 CT 技术研究慢性阻塞性肺疾病的亚表型。Kuyinu *et al.* (2016)使用 CT 技术提取人类关节表型,在了解早期骨关节炎变化方面作出了巨大贡献。Liu *et al.* (2020)将 CT 技术用于无

损地提取小麦内部表型。利用 X-ray CT 替代传统的测量工作是未来的趋势(Wu *et al.* 2019)。Pan *et al.* (2018)将 X-ray Micro-CT 应用于玉米根部组织的 3D 成像,分割出木质部导管。该方法比起传统手动测量玉米根导管束的方法更高效和准确。CT 也可以在自然土壤环境中无创观察植物根系的生长,记录土壤基质孔隙体积,提供更高的分辨率,有助于研究植物的细根(Wasson *et al.* 2019)。

2 表型组技术在食用菌中应用

食用菌的表型组研究首先要明确表型观测的对象,依据不同的发育阶段和功能,食用菌表型组的观测对象可以分为:孢子、菌丝(体)和子实体。每个观测对象都有各自的特征描述,例如:孢子大小、菌丝(体)生长速度、子实体形态等(图 1),这些特征描述构成了食用菌表型组本体库,也是食用菌表型组研究的规范和标准。本文主要阐述植物表型组技术如何自动获得孢子、菌丝(体)、子实体的特征。

2.1 食用菌主要表型

2.1.1 孢子表型:孢子是菌物的繁殖器官,其表型特征主要包括孢子印、长度、宽度、颜色、表面纹饰等,是菌物的身份证,也是物种分类的主要指标(Orton 1955; Cui *et al.* 2011; Yu *et al.* 2011; 邓春英 2012; Liimatainen *et al.* 2014; Soop 2014; 张明 2016; Delgat *et al.* 2019; Du *et al.* 2019)。通过孢子印可以快速明确物种的孢子颜色、菌盖大小、菌褶的排列及疏密程度等特征(邵力平等 1984; Largent & Baroni 1988; 杨祝良 2015; Lee *et al.* 2019)。鳞伞属一些物种如小孢鳞伞、多脂鳞伞、翘鳞伞、胶状鳞伞等在孢子形态、大小、颜色和芽管等方面存在较明显的区别(Bessette *et al.* 1997; 田恩静

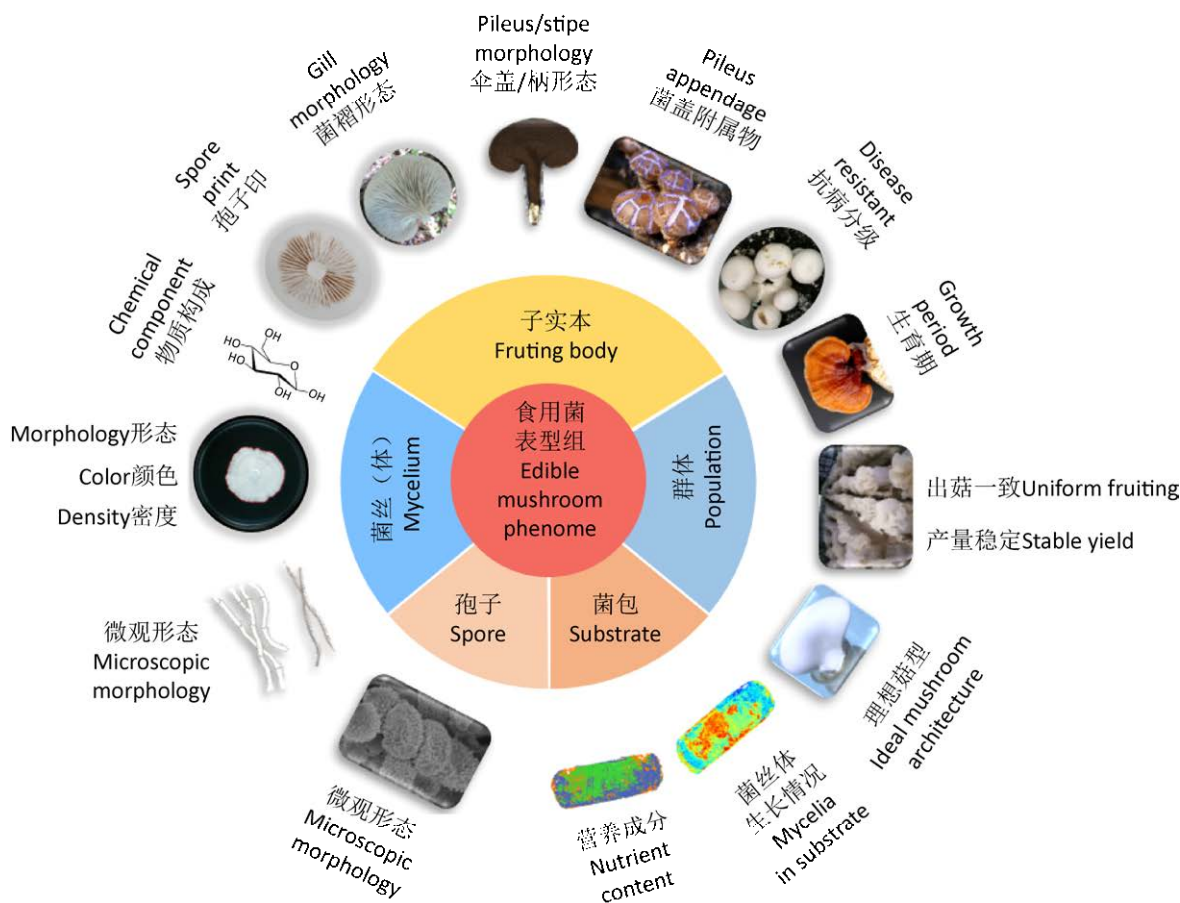


图 1 食用菌研究主要表型分类 菌包表型图像引用自 Wei *et al.* (2017)

Fig. 1 Phenotype of edible mushroom. The phenome of mushroom substrate is cited from Wei *et al.* (2017).

2011; Knudsen & Nordica 2012; 李玉等 2018)。因此,可以利用这些表型特征对鳞伞属不同物种进行初步鉴定。

孢子的形态结构观察需要借助高倍显微镜,并且经过专业培训的研究人员才能进行表型测量和物种分类的判断。因此,传统孢子形态研究的通量还比较低。随着显微图像研究手段的进步,研究人员已经开始利用显微图像分析技术对细胞进行描述和分类(陆新泉等 2001; 杨帅和金帆 2021)。这些技术为菌物孢子微观表型的观察记录和分析提供了新方法,在孢子形态特征描述、计数和智能识别分类等领域都具有广泛的应用价值。

2.1.2 菌丝(体)表型:菌丝是孢子培养于合

适的培养基中萌发延伸形成的管状结构组织(李玉等 2018)。菌丝的微观特征也是分类学上非常重要的指标(Dai 2010; 图力古尔 2012)。同时,菌丝体的宏观表型特征,包括菌丝体生长速度、密度、颜色、特殊物质成分含量等,是菌种温度适应性、抗杂性和抗病性评价的主要依据(张金霞和赵永昌 2017; 李玉等 2018)。这些特征在食用菌种质资源评价和育种中都有着非常重要的应用。

菌丝(体)的微观和宏观表型也是图像处理技术的典型应用方向。人工培养细菌菌落表型与真菌菌丝(体)表型研究的场景类似。目前,细菌菌落表型设备和分析软件已经较为成熟,能自动进行菌落计数、菌落形态描述和菌种识别等功能(Khan *et al.* 2018)。

然而，专门针对于真菌菌丝（体）表型分析的设备和软件尚不完善，是阻碍大规模菌丝（体）表型记录、分析和应用的主要原因。本团队 2020 年开发了菌丝体拍照的设备和分析软件（图 2A、2B），提供了真菌菌丝体表型拍照、存档和分析的一体化解决方案。目前该设备和软件可以在 10s 内获得单个培养皿菌丝体大小、密度、颜色和生长速度等表型，极大地降低了菌丝体表型图像获取的难度和成本。同时，菌丝体的水分、糖类、蛋白质和次级代谢产物等成分的含量也是菌丝体的重要表型。代谢组技术的发展为菌丝体代谢物质组成和含量检测提供了技术支撑，但是代谢组技术成本偏高，且处理样本的通量还需要进一步提升。目前，基于高光

谱的表型组技术为代谢物检测提供了高效的无接触、无损且准确的方案，并已经在发酵和食品化学中得到了应用。红外光谱的特征吸收峰也逐步可以作为特异标记，反映灵芝菌丝体中的多糖含量（Ma *et al.* 2018），然而相关技术在食用菌菌丝体表型研究领域的报道还相对较少。

菌包在食用菌栽培过程中为菌丝和子实体的生长发育提供水分和碳水化合物等营养物质，也是食用菌栽培废物资源化利用的关键。因此，掌握菌包内营养成分和菌丝体生长情况对于食用菌栽培和循环农业发展极为重要。食用菌菌包表型性状主要包括菌包内菌丝体生长情况和菌包内物质组成，包括水分、纤维素、蛋白质和重金属含量等。

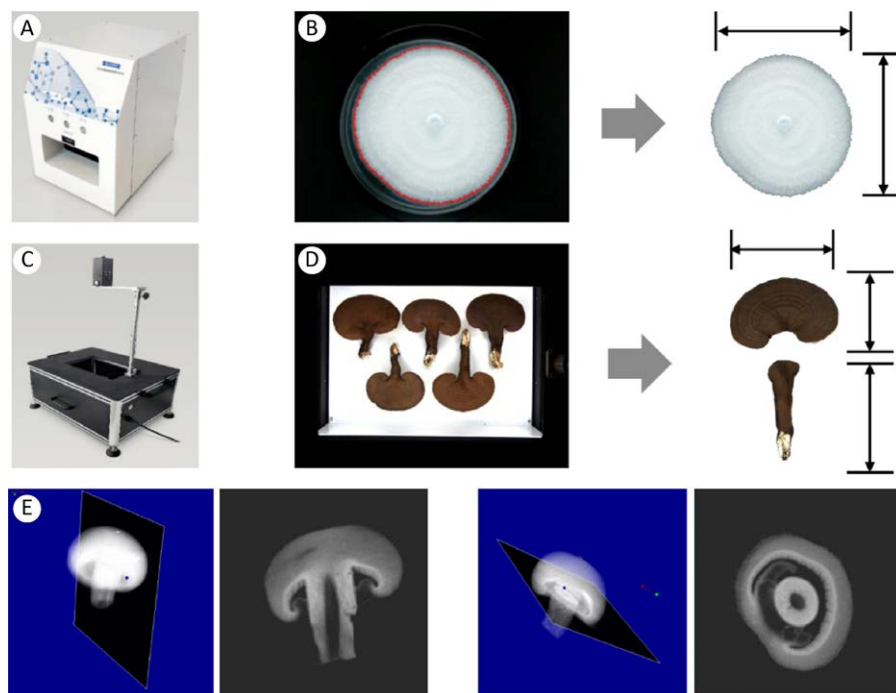


图 2 食用菌表型组设备 A: 菌丝体扫描设备；B: 菌丝体分析软件自动获取菌丝体生长速度等形态；C: 子实体扫描设备；D: 子实体分析软件自动获得赤芝菌柄长度等特征；E: 双孢菇的 CT 扫描图像，可以无损获得菌盖、菌柄内部结构特征

Fig. 2 Phenotyping instruments for edible mushroom. A: The instrument for mycelium screening; B: Software to analyze morphological characters for mycelia; C: The screening instrument for fruiting body; D: Software for acquiring fruiting body morphological characters of *Ganoderma lingzhi*; E: Using X-ray CT technique to obtain inner structural characters of fruiting body of *Agaricus bisporus*.

菌包内菌丝体生长情况的传统分析方法主要是依靠肉眼和经验观察,而物质成分检测主要依靠主观判断或者化学计量法。将可见光和超光谱技术应用到菌包内营养成分和菌丝体生长情况的检测,可以测定废弃菌包的水分、碳水化合物、木质素和蛋白含量,也可以将菌包内菌丝体和基质进行有效区分,从而了解菌丝体的生长情况(Wei *et al.* 2017)。但是,总体来说高通量的菌包表型应用案例还很少。随着智慧栽培和循环农业的发展,对菌包的表型分析将会是菌物表型组非常有前景的应用方向之一。

2.1.3 子实体表型:子实体是人类主要食用和药用的食用菌组织,不同类型食用菌的子实体表型定义有所不同。典型伞菌如香菇、金针菇、双孢蘑菇、草菇等子实体主要包括菌盖、菌柄、菌褶、菌幕、菌环、菌托等部分(佩格勒等 1993; 田恩静 2011; Zhao *et al.* 2016; 李玉等 2018; Wang *et al.* 2018),多孔菌如灵芝等子实体主要包括菌盖、菌柄、菌管和菌肉等部分(戴玉成等 2013; Li *et al.* 2015; 赵长林 2016; Cui *et al.* 2019; Shen *et al.* 2019),而木耳子实体主要为耳片(Wu *et al.* 2014; 李玉等 2018; 吴芳等 2020)。根据菌物分类学、食用菌遗传育种和栽培等方面的基础和生产研究工作,子实体表型可分为3类:形态结构表型、品质表型和生理功能表型。子实体的形态结构表型主要包括菌盖、菌褶和菌柄的形态和结构,例如菌盖形状、颜色和附属物、菌褶密度、菌柄长度等。品质表型主要包括蛋白质、纤维、多糖、萜类、皂苷、嘌呤和可溶性固形物等物质含量,以及子实体含水量、硬度、货架期、贮藏期、褐变和表面损伤程度等。生理功能表型包括生育期、抗病性、抗虫性、耐高/低温、镉等重金属富集、光生理、湿度和二氧化碳敏感

性等。

目前子实体形态结构表型依靠传统工具和人工测量(Dai & Cui 2011; 李玉等 2018)。近年来,作物表型组的研究经验表明,基于图像的表型组技术可以提高食用菌子实体形态表型研究的效率(Whan *et al.* 2014; Xiong *et al.* 2019)。子实体的大部分形态结构表型,例如菌盖长宽、颜色和附属物、菌柄长度和菌褶间距等表型都可以利用二维RGB图像分析技术来实现自动化,并且可以利用CT透射技术获得子实体内部结构特征。本团队2020年研发了食用菌子实体图像快速获取的设备和表型提取的软件(图2C-2E),形成了高通量子实体表型研究的解决方案。此外,子实体的部分特征很难用尺寸进行衡量,例如菌褶的样式和菌盖的附属物,需要利用图像拓扑结构进行描述。作物表型组研究中叶片叶脉表型的分析(Yu *et al.* 2016),也为菌褶和菌盖附属物等复杂表型提供了技术框架和参考。

目前子实体品质和生理功能表型的定性和定量测量,例如子实体含水量和次级代谢产物含量等,主要依靠传统的化学计量方法。近年来,光谱技术的应用为子实体的物质含量表型提供了新的技术,Chen *et al.* (2012)发现近红外漫反射光谱的特征吸收峰强度与灵芝多糖和三萜的含量相关系数分别达到了97.3%和98.9%。然而,传统的光谱分析方法存在破坏性,大规模检测的成本高、周期长。因此,子实体物质组成的定性和定量特征还需要效率更高的检测技术来实现,其中最具有应用前景的技术就是高光谱技术。目前高光谱技术已经初步应用于双孢蘑菇和香菇的品质和生理功能表型的评价,包括子实体含水量、可溶性固形物含量、褐变、表面机械损伤和抗病性等(Taghizadeh *et al.* 2009; Gaston

et al. 2010; Lin *et al.* 2019; Shinoda *et al.* 2020; Xiao *et al.* 2020; Younas *et al.* 2020a, 2020b, 2020c)。

2.1.4 群体表型: 群体表型指在相同或相似的生长环境下, 不同个体组成的群体整体展示出来的表型特征。在同一批栽培实验中, 同一菌种不同菌包, 甚至是同一菌包的不同子实体之间, 也有可能表现出不同的表型, 因此, 群体表型特征可以平均不同个体的表型差异。食用菌栽培特征决定了其群体表型与育种目标和产业需求密切相关, 主要包含一致性、丰产性、适应性、抗性、周期性等。

目前, 食用菌群体表型基本上都是依靠肉眼观察和经验判断, 尚缺乏群体表型技术和应用的报道, 但是作物群体表型组研究可以为食用菌的群体表型信息获取和分析提供参考。作物田间表型研究中声呐传感器可以测量植株高度, 红外传感器可以测量冠层温度, CCD 相机可以获得可见光图像, 高光谱相机获得光谱数据。目前, 科研人员将这些不同类型的传感器和光学仪器集成于田间行走的机器人或者无人机上, 对水稻、玉米和棉花等大田作物的产量、生育期、抗病性等群体特征进行监控和定量描述 (Boyes *et al.* 2001; Sanchez 2013; Makanza *et al.* 2018)。作物群体表型组技术进一步实现了主要作物重要田间表型的无人监测, 可以作为食用菌群体表型研究的参考。

2.2 表型组技术在食用菌中的应用领域

表型组在菌物分类、种质资源评价、育种、栽培和深加工领域都有非常重要的应用 (表 1)。

2.2.1 菌物分类学研究: 在分类学领域, 综合利用表型和基因型数据进行系统发育和物种鉴定已经成为分类学研究的标准技术手段 (Dai *et al.* 2010; Wu *et al.* 2014, 2016; Cui

2018)。研究人员也普遍认识到高分辨率成像技术、虚拟分类实验室 (VTL) 等措施能够促进分工协作, 从而提高研究效率 (Orr *et al.* 2021)。基于图像的表型组技术可以精细化测量已知表型, 例如孢子、菌丝 (体)、菌盖、菌柄和菌褶的形态特征等, 降低测量结果的主观性, 为物种鉴定提供更加高质量的信息 (Wu *et al.* 2015)。更重要的是, 表型组技术可以在大量图像基础上利用深度学习等新技术手段, 发现和定义新的表型, 实现物种的精细分类。例如大豆表型组研究中, Gan *et al.* (2019) 利用图像分析开发了多级叶脉拓扑结构的识别算法, 并以此定义了新的叶脉表型特征。因此, 基于表型组和基因组构成菌物分类研究的大数据基础, 将会在菌物分类研究中发挥重要的作用, 提高分类学研究的效率和准确度。

2.2.2 食用菌种质资源鉴定与评价: 种质资源是新品种选育的关键。虽然国内多家单位相继建立了食用菌种质资源库, 例如国家食用菌改良中心、吉林农业大学科技部食用菌新种质资源创制国际联合研究中心和中国农业微生物保藏中心食用菌分中心-上海市农业科学院等 (孔维丽等 2015; 陈晓光等 2020), 但是由于缺乏高效与准确的食用菌表型鉴定技术, 种质资源的鉴定和评价工作严重滞后。现代表型组技术能够提高食用菌种质资源鉴定和评价的效率, 例如显微图像处理技术可以用于描述孢子形态表型; RGB 图像和 CT 透射技术可以自动获取菌丝体和子实体的外部和内部形态特征, 包括菌丝体生长速度、厚度和颜色、菌盖形状和附属物、菌褶模式和菌柄长度等; 高光谱图像和分析技术可以用于菌丝体和子实体的物质构成的定性和定量检测, 包括初级和次级代谢产物等。同时, 基于 RGB 图像和高光谱技术, 结合模式识别

和深度学习的人工智能算法,可以完成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,从而建立规模化和标准化的食用菌种质资源表型鉴定技术体系。

2.2.3 食用菌育种:新一代育种技术对提高食用菌育种创新能力具有重要作用,其中基因型和表型信息是关键基因和育种的核心。随着测序技术的快速发展,高通量基因型数据的获取越来越容易,食用菌表型数据的获取和分析成为育种最大的障碍。传统食用菌育种表型数据的获取存在效率低、主观性强、缺乏统一标准等问题,严重影响了关键功能基因定位和育种应用的效率。科学家对水稻和棉花等作物表型组的研究发现,结合高分辨率 RGB 图像和高光谱的多模态融合分析技术可以提升表型数据精度,从而提高全基因组关联分析 (genome wide association study, GWAS) 等基因定位分析结果的精度 (Gan *et al.* 2019; Zhang *et al.* 2019)。在食用菌育种研究中,菌丝体和子实体的生长速度、生育周期、物质构成和抗逆特征等重要表型特征,可以通过 RGB 图像、高光谱和 CT 技术获得。同时,理想株型是作物的重要育种目标,研究人员发现作物的理想株型与产量密切相关 (Jiao *et al.* 2010)。食用菌菇型是商品性的重要衡量指标,利用图像技术定义和量化理想菇型的特征,有助于通过育种及改善栽培技术获得高品质产品。除此之外,群体表型也是食用菌育种重点关注的目标。特别是对于食用菌农法栽培来说,通过群体表型选择获得产量稳定且出菇一致的品种,对于下游菌菇分级和深加工都十分重要。

2.2.4 食用菌栽培:工厂化栽培是未来食用菌的主要生产方式,然而目前工厂化生产情况监控和环境调节大部分还依赖于生产人员。

如何通过工业化生产转向智能化生产,不仅是大农业发展的趋势,也是食用菌行业未来发展的要求。食用菌智能栽培需要对菌丝体和子实体的生长和健康情况进行实时监控。基于图像和光谱的表型组技术,不仅可以对栽培环境下病原真菌的孢子进行智能识别,而且可以根据子实体和菌包的形态和颜色等情况判断不同的发育阶段或者发病情况,从而调节光照、湿度、温控和风速等生产参数或者向生产人员进行预警。随着生产环境和对应处理数据的增多,人工智能技术甚至可以进行自动地精准环境控制,进一步提高生产效率和效果,真正实现全周期无人操作的智能栽培技术体系。

2.2.5 食用菌深加工和循环农业:除了物种分类、种质资源评价、育种和栽培方面,高通量表型组在食用菌采摘、运输、深加工和废弃物高效利用方面也有广泛应用。例如,食用菌在采摘和运输过程中容易受到机械损伤和病原菌侵染等不利因素的影响从而降低商品价值;废弃菌包高效利用的前提条件是需要对菌包内的碳水化合物、蛋白质和病原菌侵染情况进行评价。这些食用菌性状可以利用高通量的表型组技术对食用菌和废弃菌包的品质进行智能分类和分选。目前,研究人员已经使用高光谱技术实现双孢蘑菇采摘后的贮藏方案优化、运输中的机械碰撞损伤评估和质量快速分级 (Gowen *et al.* 2008; Gowen *et al.* 2009; Taghizadeh *et al.* 2010; Taghizadeh *et al.* 2011)。基于 RGB 图像和高光谱的人工智能数据分析可以对视野范围内的子实体和菌包进行模式识别,并对水分含量、活性物质组成、机械损伤和病菌感染进行分级鉴定,在此基础上结合机械化的智能设备,就可以为食用菌采摘、运输、深加工和废弃菌包高效利用提供高效、无接触、无损伤的技术方案。

表 1 食用菌表型以及应用领域

Table 1 Phenotype technologies for edible mushrooms and their applications

应用类型 Applications	表型类型 Phenotypes	示例 Examples	传统检测方法 Conventional manners	表型组技术 菌物应用 Phenomics applications in fungi	表型组技术 作物等应用 Phenomics applications in crops etc.
菌物分类 Fungal taxonomy	孢子形态 Spore morphology	孢子大小和表面纹饰等 Spore size and surface ornamentation	显微观察、手工测量、 主观描述 Microscopic observation, manual measurement and subjective description	-	Lu <i>et al.</i> 2001
	菌丝形态 Mycelium morphology	单系、双系和 三系菌丝系统等 Monomitic, dimitic and trimitic mycelium morphology	显微观察、手工测量、 主观描述 Microscopic observation, manual measurement and subjective description	-	Kong <i>et al.</i> 2013
	子实体形态 Fruiting body morphology	子实体菌褶形态等 Gill morphology in fruiting body	手工测量、主观描述 Manual measurement and subjective description	-	Deng <i>et al.</i> 2020
种质资源鉴定 与评价 Germplasm resource identification and evaluation	孢子形态 Spore morphology	孢子大小和形状等 Spore size and shape	显微观察、手工测量、 主观描述 Microscopic observation, manual measurement and subjective description	-	Yang & Jin 2021
	菌丝体形态 Mycelium morphology	菌丝体颜色和密度等 Mycelial color and density	手工测量、主观描述 Manual measurement and subjective description	-	Yu <i>et al.</i> 2016
	子实体形态 Fruiting body morphology	子实体菌盖和菌柄大 小、形状和颜色等 Size, shape and color for fruiting body pileus and stipe	手工测量、主观描述 Manual measurement and subjective description	-	Xiong <i>et al.</i> 2019
	菌丝体和子实 体物质构成 Mycelium and fruiting body chemical component	菌丝体和子实体 次级代谢产物和 香味物质等 Secondary metabolites and aroma component for mycelium and fruiting body	化学计量方法, 气液相色谱, 光谱技术 Chemometrics, gas liquid chromatography and spectrum technology	Ma <i>et al.</i> 2018; Chen <i>et al.</i> 2012; Ma <i>et al.</i> 2018	Han & Liu 2020
	菌丝体和子实 体抗逆性 Mycelium and fruiting body stress-resistance	菌丝体和子实体抗病 和冷刺激耐受性 Disease resistance and cold tolerance for mycelium and fruiting body	主观描述 Subjective description	Gaston <i>et al.</i> 2010	Mao <i>et al.</i> 2008

待续

续表 1

分子育种 Molecular breeding	菌丝生长特征 Mycelium growth characters	室温下菌丝的 生长速度等 Mycelial growth rate under the room temperature	手工测量、主观描述 Manual measurement and subjective description	-	Wang <i>et al.</i> 1994
	子实体生育周期 Fruiting body growth period	原基形成、出菇、 产孢等生育周期 Period to form primordium, fruiting body and spore	主观描述 Subjective description	-	Lu <i>et al.</i> 2020
	菌丝体和子实 体物质构成 Mycelium and fruiting body chemical component	菌丝体和子实体内多糖 和三萜类物种含量等 Polysaccharide and triterpenoid content in mycelia and fruiting body	化学计量方法, 气液相色谱, 光谱技术 Chemometrics, gas liquid chromatography and spectrum technology	Ma <i>et al.</i> 2018; Chen <i>et al.</i> 2012; Xiao <i>et al.</i> 2020; Ma <i>et al.</i> 2018	Suarez <i>et al.</i> 2017
	理想菇型 Ideal mushroom architecture	菌盖和菌柄大小和 形状等的最优组合 Ideal combination of fruiting body pileus and stipe shape and size to maximize the yield	肉眼观察、手工测量、 主观描述 Visual inspection, manual measurement and subjective description	-	Jiao <i>et al.</i> 2010
	群体一致性 Uniformity in population	同一品种不同个体出菇 周期和形态的一致性等 Uniformity for fruiting body formation and morphology for individuals in population	肉眼观察、主观描述 Visual inspection and subjective description	-	
	产量测定 Yield estimation	通过群体估计一批 出菇的产量等 Yield estimation for a population from images	肉眼观察、手工测量 Visual inspection and manual measurement	-	Weng <i>et al.</i> 2019; Keightley & Bawden 2010
	菌丝体和子实 体抗逆性 Mycelium and fruiting body stress-resistance	菌丝体和子实体抗病 和温度敏感性等 Disease resistance and sensitivity for temperature fluctuation	肉眼观察、主观描述 Visual inspection and subjective description	Gaston <i>et al.</i> 2010	Parent <i>et al.</i> 2015
食用菌栽培 Mushroom cultivation	孢子形态 Spore morphology	孢子形状和表面纹饰 等用于致病真菌识别 Intelligent pathogenic fungal recognition based on spore shape and surface ornamentation	显微观察、手工测量、 主观描述 Microscopic observation, manual measurement and subjective description	Yue 2015; Wang 2016	Chu 2020

待续

续表 1

	子实体形态	染病和缺水等情况	肉眼观察、化学计量方法、	Shinoda	Chai 2011;
	Fruiting body	下的子实体形态	主观描述	et al.	Zhang et al.
	morphology	Fruiting body	Visual inspection,	2020	2019
		morphology for	chemometrics and		
		infection or dehydration	subjective description		
	子实体生育	基于子实体的发育	肉眼观察、主观描述	-	Friedli et al.
	周期	状态调整栽培环境等	Visual inspection		2016;
	Fruiting body	Intelligent recognition	and subjective description		Silva-Perez et al.
	growth period	for primordium, fruiting			2018
		body and spore formation			
		to tune cultivation			
		environment			
深加工和	子实体形态	子实体机械损伤程度、	肉眼观察、主观描述	Chen et al.	
循环农业	和物质构成	子实体内可溶性固态物	Visual inspection	2008	
Deep processing	Fruiting body	质等，用于深加工筛选	and subjective description		
and recycling	morphology	Mechanical bruises and			
agriculture	and chemical	soluble solid content			
	component	identification in fruiting			
		body for deep processing			
	菌包物质构成	菌包基质的水分、蛋白和	化学计量方法，	Wei et al.	
	Substrate	碳水化合物等营养成分	气液相色谱，光谱技术	2017	
	nutrition	Water, protein and	Chemometrics, gas liquid		
	component	carbohydrate content	chromatography and		
		in substrate	spectrum technology		
	菌包状态	检测菌包的菌丝	肉眼观察、主观描述	Wei et al.	
	Substrate	体或者是否染病等	Visual inspection	2017	
	status	Mycelium and infection	and subjective		
		detection in substrate	description		

3 食用菌表型组的关键技术

表型组是推动食用菌研究迈向“数据驱动”的重要技术支撑。因此，从数据科学的角度来看，研究人员需要根据食用菌研究的特点，解决数据采集、分析、存储、应用几个环节中存在的关键技术问题。

3.1 数据采集设备

设备是表型特征提取的基础，只有获得符合要求的原始图像信息才能自动提取正确表型数据。因此，表型设备的开发要根据食用菌分类、育种和栽培等方面的特点针对不

同的应用场景开发。如上所述，食用菌表型组的技术与植物表型组最为相似，但也有不同，主要体现在：食用菌大部分在工厂或者设施大棚中栽培，与大田作物相比环境可控，设备工作环境相对简单；并且，食用菌的个体较小，不像植物那样存在严重的叶片等遮挡现象，这些特征在一定程度上降低了食用菌表型设备的研发难度。但是，设备研发需要自动化、机械、信息、计算机和食用菌领域的研究人员紧密合作，依然是一项极具挑战的任务。目前，缺少合适的食用菌表型组设备也是当前研究亟需解决的问题。一方面，

表型组设备具备高度高通量、自动化及便利性等特征；另一方面，高性价比也是表型设备的重要指标。

3.2 数据分析算法

食用菌的表型组设备主要基于可见光、超光谱和 CT 扫描技术。目前，从这些成像技术产生的图像中自动提取表型特征具有相当的挑战性。首先，需要一个标准的表型特征定义，也就是本体库，本体库描述了如何获得相应的表型特征，研究人员对表型特征的测量均需要遵循本体库的描述。在植物表型组研究领域，本体库的构建正在逐步完善（Cooper & Jaiswal 2016），而食用菌方面还没有类似的工作报道。因此，建立食用菌的表型本体库是十分重要的工作。前文描述了食用菌表型测量的规范，这些规范是定义食用菌表型本体库的基础。其次，需要根据本体库的定义开发相应算法自动提取表型参数。在这个过程中，大规模人工标注的训练集必不可少，训练集的构建需要计算机和食用菌分类学、遗传育种研究人员协作，完善的训练集将能够提升算法的准确性。最后，需要开发基于机器视觉、多模态融合和深度学习等技术的图像表型特征提取算法，其中可解释深度学习是一个有潜力的方法。

3.3 数据管理与共享

表型设备会产生大量的图像数据，一张高清图像的文件超过 100M，随着时间积累和观测对象的增加，数据量很容易达到 PB 级别。如此海量的数据无论是分析还是存储都需要强大的软硬件系统支持。在数据分析方面，高性能 CPU 集群能够提供强大的分析能力，通过容器技术可以较为容易的实现程序部署和弹性计算。更高的实时分析能力则需要 GPU 或专用 FPGA 服务器，这对分析程序的编写提出了更高要求。在数据存储和共享方面，海量数据的检索、分析和共享都需要一个

智能的数据管理系统。根据 FAIR（Findability, Accessibility, Interoperability, Reusability）原则（Wilkinson *et al.* 2016），每条数据都必须可检索、可访问、可解释、可复用，这就要求系统为每条数据分配一个永久地址，并且详细记录数据的属性信息。

3.4 多组学整合分析

表型组数据需要和其他数据整合分析才能发挥真正作用。随着高通量表型数据不断产出，数据整合分析算法就显得尤为重要。在分类学研究中，表型数据和基因数据相互补充有望解决分类学中存在的分歧问题（Remsen *et al.* 2017）；在基因功能定位研究中，GWAS 算法可以整合表型和基因数据，解析控制性状的基因调控网络（Tam *et al.* 2019）；在分子设计育种模型中，全基因组选择算法能够根据个体的基因型预测表型，帮助育种家设计杂交组合及筛选后代（Yin *et al.* 2020）；在实际生产中，整合产量、生育期等表型和生产环境数据设计最优的生产模型，能够帮助企业获得最佳收益。

4 展望

随着科技的发展，人类社会已经进入大数据和人工智能时代，人工智能技术给各行各业带来了巨大的变革。随着测序技术的发展，基因组、转录组、蛋白组等数据已经得到前所未有的增长，而且各类传感器的普及让我们较为容易地获得温度、湿度、光照、气体成分等栽培环境信息，但是相比之下，获得表型数据的成本依然居高不下。表型组设备通过光学和传感器技术将肉眼观察和手工测量的数据数字化，丰富了农业数据。基于这些大数据的智能化模型能够精确指导作物育种、栽培和生产，真正实现“精准农业”。

与动植物相比，食用菌具有基因组小、栽培周期短、栽培环境可控等特点，数据的

采集成本相对较低。因此,通过对食用菌基因组、表型组、代谢组等多组学技术的研究,有望实现食用菌研究数据的快速积累,迈向“数据驱动”的新时代。

[REFERENCES]

- Bao DP, 2020. Discussion on the construction of edible mushroom discipline based on the development of edible mushroom industry in China. *Journal of Fungal Research*, 18(3): 139-148+136 (in Chinese)
- Bau T, 2012. Colorful world of mushroom. Shanghai Science Popularization Press, Shanghai. 1-227 (in Chinese)
- Bessette A, Bessette AR, Fischer DW, 1997. Mushrooms of northeastern North America. Syracuse University Press, Syracuse. 71-73
- Boyes DC, Zayed AM, Ascenzi R, Mccaskill AJ, Grlach J, 2001. Growth stage-based phenotypic analysis of arabidopsis: a model for high throughput functional genomics in plants. *The Plant Cell*, 13(7): 1499-1510
- Burton AL, Williams M, Lynch JP, Brown KM, 2012. RootScan: software for high-throughput analysis of root anatomical traits. *Plant and Soil*, 357(1): 89-203
- Callaway E, 2020. 'It will change everything': DeepMind's AI makes gigantic leap in solving protein structures. *Nature*, 588(7837): 203-204
- Chai AL, 2011. Study on diagnosis of vegetable foliage diseases based on computer vision and spectral analysis. PhD Dissertation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing. 1-106 (in Chinese)
- Chen BQ, He C, Ma YP, Bai YL, 2011. 3D image monitoring and modeling for corn plants growth in field condition. *Transactions of the CSAE*, 27(S1): 366-372 (in Chinese)
- Chen XG, Liu YC, Liang XW, Xie YZ, Wu QP, Hu HP, 2020. An overview on edible and medicinal mushroom databases. *Acta Edulis Fungi*, 27(3): 115-126 (in Chinese)
- Chen Y, Xie MY, Yan Y, Zhu SB, Nie SP, Li C, Wang YX, Gong XF, 2008. Discrimination of *Ganoderma lucidum* according to geographical origin with near infrared diffuse reflectance spectroscopy and pattern recognition techniques. *Analytica Chimica Acta*, 618(2): 121-130
- Chen Y, Xie MY, Zhang H, Wang Y, Nie S, Li C, 2012. Quantification of total polysaccharides and triterpenoids in *Ganoderma lucidum* and *Ganoderma atrum* by near infrared spectroscopy and chemometrics. *Food Chemistry*, 135(1): 268-275
- Chimungu JG, Loades KW, Lynch JP, 2015. Root anatomical phenes predict root penetration ability and biomechanical properties in maize (*Zea mays*). *Journal of Experimental Botany*, 66(11): 3151-3162
- Choudhury SD, Samal A, Awada T, 2019. Leveraging image analysis for high-throughput plant phenotyping. *Frontiers in Plant Science*, 10: 508
- Chu GK, 2020. Study on detection of spores of rice blast. Master Thesis, Shandong Agricultural University, Tai'an. 1-60 (in Chinese)
- Cooper L, Jaiswal P, 2016. The plant ontology: a tool for plant genomics. *Methods in Molecular Biology*, 5: 89-114
- Cui BK, Du P, Dai YC, 2011. Three new species of *Inonotus* (Basidiomycota, Hymenochaetaceae) from China. *Mycological Progress*, 10: 107-114
- Cui BK, Li HJ, Ji X, Zhou JL, Song J, Si J, Yang ZL, Dai YC, 2019. Species diversity, taxonomy and phylogeny of Polyporaceae (Basidiomycota) in China. *Fungal Diversity*, 97: 137-392
- Cui YY, Cai Q, Tang LP, Liu JW, Yang ZL, 2018. The family Amanitaceae: molecular phylogeny, higher-rank taxonomy and the species in China. *Fungal Diversity*, 91: 5-230
- Dai YC, 2010. Hymenochaetaceae (Basidiomycota) in China. *Fungal Diversity*, 45: 131-343
- Dai YC, Bau T, Cui BK, Qin GF, 2013. Illustrations of medicinal fungi in China. *Northeast Forestry*

- University Press, Harbin. 1-653 (in Chinese)
- Dai YC, Cui BK, 2011. *Fomitiporia ellipsoidea* has the largest fruiting body among the fungi. *Fungal Biology*, 115: 813-814
- Dai YC, Cui BK, Liu XY, 2010. *Bondarzewia podocarpi*, a new and remarkable polypore from tropical China. *Mycologia*, 102: 881-886
- Delgat L, Dierickx G, Wilde S, Angelini C, Crop E, Lange R, Halling R, Manz C, Nuytinck J, Verbeken M, 2019. Looks can be deceiving: the deceptive milkcaps (*Lactifluus*, Russulaceae) exhibit low morphological variance but harbor high genetic diversity. *IMA Fungus*, 10: 14
- Deng CY, 2012. Taxonomy of *Marasmius* sect. *Globulares* sensu lato from China. PhD Dissertation, South China University of Technology, Guangzhou. 1-157 (in Chinese)
- Deng Y, Wu HR, Zhu HJ, 2020. Recognition and counting of citrus flowers based on instance segmentation. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 36(7): 200-207 (in Chinese)
- Du XH, Wu DM, He GQ, Wei W, Xu N, Li TL, 2019. Six new species and two new records of *Morchella* in China using phylogenetic and morphological analyses. *Cell Cycle*, 111(5): 857-870
- Feng H, Guo ZL, Yang WN, Huang CL, Chen GX, Fang W, Xiong X, Zhang HY, Wang GW, Xiong LZ, Liu Q, 2017. An integrated hyperspectral imaging and genome-wide association analysis platform provides spectral and genetic insights into the natural variation in rice. *Scientific Reports*, 7: 4401
- Friedli M, Kirchgessner N, Grieder C, Liebisch M, Mannale M, Walter A, 2016. Terrestrial 3D laser scanning to track the increase in canopy height of both monocot and dicot crop species under field conditions. *Plant Methods*, 12(1): 9
- Gan Y, Rong Y, Huang F, Hu L, Yu X, Duan P, 2019. Automatic hierarchy classification in venation networks using directional morphological filtering for hierarchical structure traits extraction. *Computational Biology & Chemistry*, 80: 187-194
- Gao CX, 2021. Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*, 184(6): 1621-1635
- Gaston E, Frías J, Cullen P, Colm POD, Gowen AA, 2010. Visible near-infrared hyperspectral imaging for the identification and discrimination of brown blotch disease on mushroom (*Agaricus bisporus*) caps. *Journal of Near Infrared Spectroscopy*, 18(5): 341-353
- Geng J, 2011. Structured-light 3D surface imaging: a tutorial. *Advances in Optics and Photonics*, 3(2): 128-160
- Ge YF, Bai G, Stoerger V, Schnable JC, 2016. Temporal dynamics of maize plant growth, water use, and leaf water content using automated high throughput RGB and hyperspectral imaging. *Computers and Electronics in Agriculture*, 127: 625-632
- Gowen A, Tsenkova R, Esquerre C, Downey G, O'Donnell C, 2009. Use of near infrared hyperspectral imaging to identify water matrix co-ordinates in mushrooms (*Agaricus bisporus*) subjected to mechanical vibration. *Journal of Near Infrared Spectroscopy*, 17(6): 363-371
- Gowen AA, O'Donnell CP, Taghizadeh M, Cullen PJ, Frias JM, Downey G, 2008. Hyperspectral imaging combined with principal component analysis for bruise damage detection on white mushrooms (*Agaricus bisporus*). *Journal of Chemometrics*, 22(3-4): 259-267
- Gowen AA, Tsenkova R, Esquerre C, Downey G, O'Donnell CP, 2009. Use of near infrared hyperspectral imaging to identify water matrix co-ordinates in mushrooms (*Agaricus bisporus*) subjected to mechanical vibration. *Journal of Near Infrared*, 17(1): 363-371
- Han ZZ, Liu J, 2020. Detecting aflatoxin B1 in peanuts by hyperspectral subpixel decomposition. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 20(3): 244-250 (in Chinese)
- Hoffman EA, Lynch DA, Barr RG, Beek EJR, Parraga G,

2016. Pulmonary CT and MRI phenotypes that help explain chronic pulmonary obstruction disease pathophysiology and outcomes. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 43(3): 544-557
- Houle D, Govindaraju D, Omholt S, 2010. Phenomics: the next challenge. *Nature Reviews Genetics*, 11: 855-866
- Jiao YQ, Wang YH, Xue DW, Wang J, Yan MX, Liu GF, Dong GJ, Zeng DL, Lu ZF, Zhu XD, 2010. Regulation of *osspl14* by *osmir156* defines ideal plant architecture in rice. *Nature Genetics*, 42(6): 541-544
- Katz S, Adler A, 2012. Depth camera based on structured light and stereo vision: U.S. Patent Application, 12(877): 595
- Keightley K, Bawden GW, 2010. Original paper: 3D volumetric modeling of grapevine biomass using Tripod LiDAR. *Computers and Electronics in Agriculture*, 74(2): 305-312
- Khan AM, Torelli A, Wolf I, Gretz N, 2018. AutoCellSeg: robust automatic colony forming unit (CFU)/cell analysis using adaptive image segmentation and easy-to-use post-editing techniques. *Scientific Reports*, 8: 7302
- Knudsen H, Nordica VJF, 2012. Agaricoid, boletoid, clavarioid, cyphelloid and gastroid genera. *Nordsvamp, Copenhagen*. 12-14
- Kong WL, Yuan RQ, Kong WW, Zhang YT, Kang YC, Han YE, 2015. Research progress, history and current situation of spawn preservation of edible fungus. *Edible Fungi of China*, 34(5): 1-5 (in Chinese)
- Kuyinu EL, Narayanan G, Nair LS, Laurencin CT, 2016. Animal models of osteoarthritis: classification, update, and measurement of outcomes. *Journal of Orthopaedic Surgery and Research*, 11(1): 1-27
- Largent DL, Baroni TJ, 1990. How to identify mushrooms to genus VI: modern genera. *Mycologia*, 82(3): 410
- Lee H, Wissitrassameewong K, Park MS, Verbeken A, Eimes J, Lim YW, 2019. Taxonomic revision of the genus *Lactarius* (Russulales, Basidiomycota) in Korea. *Fungal Diversity*, 95(4): 275-335
- Li L, 2014. Time-of-flight camera-an introduction. Technical White Paper, SLOA190B. <https://www.tij.co.jp/jp/lit/wp/sloa190b/sloa190b.pdf>
- Li TH, Hu HP, Deng WQ, Wang DM, Tsering T, 2015. *Ganoderma leucocontextus*, a new member of *G. lucidum* complex from Tibet of China. *Mycoscience*, 56(1): 81-85
- Li Y, Bao HY, 2020. Mycomedicines in China. Central China Farmers Publishing House, Zhengzhou. 1-21 (in Chinese)
- Li Y, Kang YC, 2021. Production of edible mushroom in China. Central China Farmers Publishing House, Zhengzhou. 1-10 (in Chinese)
- Li Y, Li TH, Yang ZL, Bau T, Dai YC, 2018. Atlas of Chinese macrofungal resources. Central China Farmers Publishing House, Zhengzhou. 1-1351 (in Chinese)
- Liimatainen K, Niskanen T, Dima B, Kytövuori I, Ammirati JF, Frøslev TG, 2014. The largest type study of Agaricales species to date: bringing identification and nomenclature of *Phlegmacium* (*Cortinarius*) into the DNA era. *Persoonia*, 33: 98-140
- Lin X, Xu JL, Sun DW, 2019. Investigation of moisture content uniformity of microwave-vacuum dried mushroom (*Agaricus bisporus*) by NIR hyperspectral imaging. *Lwt*, 109: 108-117
- Liu WZ, Liu C, Jin JY, Li DY, Fu YP, Yuan XH, 2020. High-throughput phenotyping of morphological seed and fruit characteristics using x-ray computed tomography. *Frontiers in Plant Science*, 11: 601475
- Lowe A, Harrison N, French AP, 2017. Hyperspectral image analysis techniques for the detection and classification of the early onset of plant disease and stress. *Plant Methods*, 13: 80
- Lu SJ, Dong LD, Fang C, Liu SL, Kong LP, Cheng Q, Chen LY, Su T, Nan HY, Zhang D, Zhang L, Wang ZJ, Yang YQ, Yu DY, Liu XL, Yang QY, Lin XY, Tang Y, Zhao XH, Yang XQ, Tian CE, Xie QG, Li X, Yuan XH, Tian ZX, Liu BH, Weller JL, Kong FJ, 2020. Stepwise selection on homeologous PRR genes

- controlling flowering and maturity during soybean domestication. *Nature Genetics*, 52(4): 428-436
- Lu XQ, Li N, Chen SF, 2001. Research on application of morphological, color features and neural network to the recognition of lung cancer cells. *Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics*, 1: 87-92 (in Chinese)
- Ma Y, He H, Wu J, Wang C, Chao K, Huang Q, 2018. Assessment of polysaccharides from mycelia of genus *Ganoderma* by mid-infrared and near-infrared spectroscopy. *Scientific Reports*, 8(1): 10
- Ma YH, Zhang QQ, Zhang QF, He HQ, Chen Z, Zhao Y, Wei D, Kong MG, Huang Q, Metsälä M, 2018. Improved production of polysaccharides in *Ganoderma lingzhi* mycelia by plasma mutagenesis and rapid screening of mutated strains through infrared spectroscopy. *PLoS One*, 13(9): 0204266
- Maimaitijiang M, Sagan V, Sidike P, Maimaitiyiming M, Hartling S, Peterson KT, Maw MJW, Shakor N, Mockler T, Fritsch FB, 2019. Vegetation index weighted canopy volume model (CVMVI) for soybean biomass estimation from unmanned aerial system-based RGB imagery. *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing*, 151: 27-41
- Mairhofer S, Zappala S, Tracy SR, Sturrock C, Bennett M, Mooney SJ, Pridmore T, 2012. RooTrak: automated recovery of three-dimensional plant root architecture in soil from X-ray microcomputed tomography images using visual tracking. *Plant Physiology*, 158: 561-569
- Makanza R, Zaman-Allah M, Cairns JE, Eyre J, Burgue J, Pacheco A, 2018. High-throughput method for ear phenotyping and kernel weight estimation in maize using ear digital imaging. *Plant Methods*, 15(1): 49
- Mao HP, Zhang YH, Hu B, 2008. Segmentation of crop disease leaf images using fuzzy C-means clustering algorithm. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 9: 136-140 (in Chinese)
- Orr M, Ferrari RR, Hughes AC, Chen J, Zhu CD, 2021. Taxonomy must engage with new technologies and evolve to face future challenges. *Nature Ecology & Evolution*, 5(1): 3-4
- Orton PD, 1955. The genus *Cortinarius* I. The Naturalists, London. 1-80
- Pan X, Ma L, Zhang Y, Wang J, Du J, Guo X, 2018. Reconstruction of maize roots and quantitative analysis of metaxylem vessels based on X-ray micro-computed tomography. *Canadian Journal of Plant Science*, 98: 457-466
- Parent B, Shahinnia F, Maphosa L, Berger B, Rabie H, Chalmers K, Kovalchuk A, Langridge P, Fleury D, 2015. Combining field performance with controlled environment plant imaging to identify the genetic control of growth and transpiration underlying yield response to water-deficit stress in wheat. *Journal of Experimental Botany*, 66(18): 5481-5492
- Pegler DN, Young TWK, Yao YJ, 1993. Nomenclature of shii-take and its taxonomic position. *Acta Mycologica Sinica*, 12(3): 226-231 (in Chinese)
- Qiu RC, Wei S, Zhang M, Li H, Sun H, Liu G, Li MZ, 2019. Study on the correlation between nitrogen, phosphorus, potassium and pH in five crop garden economic crops. *China Agricultural Digest: Agricultural Engineering*, 31(1): 23-36+55 (in Chinese)
- Remsen JV, Patten, Michael A, 2017. Complementary roles of phenotype and genotype in subspecies delimitation. *The Journal of Heredity*, 108(4): 462-464
- Reuzeau C, Frankard V, Hatzfeld Y, Sanz A, van Camp W, Lejeune P, Chris de Wilde, Lievens K, Wolf J, Vranken E, Peerbolte R, Broekaert W, 2006. Traitmill™: a functional genomics platform for the phenotypic analysis of cereals. *Plant Genetic Resources*, 4(1): 20-24
- Sanchez AP, 2013. Development and evaluation of a field-based high-throughput phenotyping

- platform. Functional Plant Biology, 41(1): 68-79
- Scheben A, Edwards D, 2018. Bottlenecks for genome-edited crops on the road from lab to farm. Genome Biology, 19(1): 178
- Shao LP, Shen RX, Zhang SX, Xiang CT, Tang SL, 1984. Fungal taxonomy. China Forestry Publishing House, Beijing. 227-258 (in Chinese)
- Shen LL, Wang M, Zhou JL, Xing JH, Cui BK, Dai YC, 2019. Taxonomy and phylogeny of *Postia*. Multi-gene phylogeny and taxonomy of the brown-rot fungi: *Postia* (Polyporales, Basidiomycota) and related genera. Persoonia, 42: 101-126
- Shinoda K, Konno N, Suzuki T, 2020. Non-destructive analysis of the moisture content in shiitake mushrooms (*Lentinula edodes*) using near-infrared imaging at 1 450nm. Mycoscience, 61(5): 235-239
- Silva-Perez V, Molero G, Serbin S, Condon A, Reynolds M, Furbank R, Evans J, 2018. Hyperspectral reflectance as a tool to measure biochemical and physiological traits in wheat. Journal of Experimental Botany, 69(3): 483-496
- Soop K, 2014. *Cortinarius* in Sweden. 14th ed. Éditions Scientrixk, Sweden. 1-110
- Suarez LA, Apan A, Werth J, 2017. Detection of phenoxy herbicide dosage in cotton crops through the analysis of hyperspectral data. International Journal of Remote Sensing, 38(23): 6528-6553
- Sun LY, Han JW, Hu XT, Guo L, 2013. Cell segmentation in microscopic images of mice brain based on markov random field theory. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 26(5): 498-503 (in Chinese)
- Taghizadeh M, Gowen AA, O'Donnell CP, 2009. Prediction of white button mushroom (*Agaricus bisporus*) moisture content using hyperspectral imaging. Sensing and Instrumentation for Food Quality and Safety, 3(4): 219-226
- Taghizadeh M, Gowen AA, O'Donnell CP, 2011. Comparison of hyperspectral imaging with conventional RGB imaging for quality evaluation of *Agaricus bisporus* mushrooms. Biosystems Engineering, 108(2): 191-194
- Taghizadeh M, Gowen AA, Ward P, O'Donnell CP, 2010. Use of hyperspectral imaging for evaluation of the shelf-life of fresh white button mushrooms (*Agaricus bisporus*) stored in different packaging films. Innovative Food Science & Emerging Technologies, 11(3): 423-431
- Tam V, Patel N, Turcotte M, Michelle, Bosse Y, Pare G, Meyre D, 2019. Benefits and limitations of genome-wide association studies. Nature Reviews Genetics, 5
- Tian EJ, 2011. Taxonomy and molecular phylogeny of several genera of Strophariaceae from China. PhD Dissertation, Jilin Agricultural University, Changchun. 1-138 (in Chinese)
- Tong QX, Zhang B, Zhang LF, 2016. Current progress of hyperspectral remote sensing in China. Journal of Remote Sensing, 20(5): 689-707 (in Chinese)
- Wang JF, Yang K, Liu H, An Z, Duan SZ, 1994. Studies on seed selection and kinetic model of microorganism enzymatic steroid transformation using computer image texture analysis technique. Chemical Journal of Chinese Universities, 5: 750-753 (in Chinese)
- Wang PM, Liu XB, Dai YC, Horak E, Steffen K, Yang ZL, 2018. Phylogeny and species delimitation of *Flammulina*: taxonomic status of winter mushroom in East Asia and a new European species identified using an integrated approach. Mycological Progress, 17: 1013-1030
- Wang ZJ, 2016. Identification of mildewy fungi of storage paddy based on computer vision. Master Thesis, Nanjing Agricultural University, Nanjing. 1-87 (in Chinese)
- Wasson AP, Nagel KA, Tracy S, Watt M, 2019. Beyond digging: noninvasive root and rhizosphere phenotyping. Trends in Plant Science, 25: 119-120
- Wei M, Geladi P, Xiong S, 2017. NIR hyperspectral imaging and multivariate image analysis to characterize spent mushroom substrate: a

- preliminary study. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 409(9): 2449-2460
- Weng Y, Zeng R, Wu CM, Wang M, Wang XJ, Liu YJ, 2019. A survey on deep-learning-based plant phenotype research in agriculture. *Scientia Sinica (Vita)*, 49(6): 698-716 (in Chinese)
- Whan AP, Smith AB, Cavanagh CR, Jean-Philippe FR, Shaw LM, Howitt CA, Bischof L, 2014. GrainScan: a low cost, fast method for grain size and colour measurements. *Plant Methods*, 10(1): 23
- Wilkinson MD, Dumontier M, Aalbersberg IJ, Appleton G, Axton M, Baak A, Blomberg N, Boiten JW, Santos LBS, Bourne PE, Bouwman J, Brookes AJ, Clark TI, Crosas M, Dillo I, Dumon O, Edmunds S, Evelo CT, Finkers R, Gonzalez-Beltran A, Gray AJG, Groth P, Goble C, Grethe JS, Heringa J, Hoen PAC, Hooft R, Kuhn T, Kok R, Kok J, Lusher SJ, Martone ME, Mons AR, Packer AL, Persson B, Rocca-Serra P, Roos M, Schaik RV, Sansone SA, Schultes E, Sengstag T, Slater T, Strawn G, Swertz MA, Thompson M, Lei JVD, Muligen EV, Velterop J, Waagmeester A, Wittenburg P, Wolstencroft K, Zhao J, Mons B, 2016. The fair guiding principles for scientific data management and stewardship. *Scientific Data*, 3: 160018
- Wu D, Guo Z, Ye J, Feng H, Liu J, Chen G, Zheng J, Yan D, Yang X, Xiong X, Liu Q, Niu ZY, Xiong LZ, Yang WN, 2019. Combining high-throughput micro-CT-RGB phenotyping and genome-wide association study to dissect the genetic architecture of tiller growth in rice. *Journal of Experimental Botany*, 70: 545-561
- Wu F, Yuan Y, He SH, Bandara AR, Hyde KD, Malysheva V, Dai YC, 2015. Global diversity and taxonomy of the *Auricularia auricula-judae* complex (Auriculariales, Basidiomycota). *Mycological Progress*, 14: 95
- Wu F, Yuan Y, Malysheva V, Du P, Dai YC, 2014. Species clarification of the most important and cultivated *Auricularia* mushroom “heimuer”: evidence from morphological and molecular data. *Phytotaxa*, 186(5): 241-253
- Wu F, Zhao Q, Yang ZL, Ye SY, Rivoire B, Dai YC, 2020. *Exidia yadongensis*, a new edible species from East Asia. *Mycosystema*, 39(7): 1203-1214
- Wu G, Feng B, Xu J, Zhu XT, Li YC, Zeng NK, Hosen MI, Yang ZL, 2014. Molecular phylogenetic analyses redefine seven major clades and reveal 22 new generic clades in the fungal family Boletaceae. *Fungal Diversity*, 69: 93-115
- Wu G, Li Y C, Zhu XT, Zhao K, Han LH, Cui YY, Li F, Xu JP, Yang ZL, 2016. One hundred noteworthy boletes from China. *Fungal Diversity*, 81: 25-188
- Xiao KP, Liu Q, Wang LQ, Zhang B, Zhang W, Yang WJ, Hu QH, Pei F, 2020. Prediction of soluble solid content of *Agaricus bisporus* during ultrasound-assisted osmotic dehydration based on hyperspectral imaging. *Lwt*, 122: 109030
- Xiong B, Wang B, Xiong SW, Lin CD, Yuan XH, 2019. 3D morphological processing for wheat spike phenotypes using computed tomography images. *Remote Sensing*, 11(9): 1110
- Yang S, Jin F, 2021. Characterization and control of bacterial phenotypes at the single cell level. *Chinese Science Bulletin*, 66(3): 367-383 (in Chinese)
- Yang ZL, 2015. Atlas of the Chinese species of Amanitaceae. Science Press, Beijing. 1-228 (in Chinese)
- Yin L, Zhang H, Zhou X, Yuan XH, Zhao SD, Li XY, Liu XL, 2020. KAML: improving genomic prediction accuracy of complex traits using machine learning determined parameters. *Genome Biology*, 21(1): 146
- Younas S, Liu C, Qu H, Mao Y, Zheng L, 2020a. Multispectral imaging for predicting the water status in mushroom during hot-air dehydration. *Journal of Food Science*, 85(4): 903-909
- Younas S, Mao Y, Liu C, Liu W, Zheng L, 2020b. Efficacy study on the non-destructive determination of water fractions in infrared-dried *Lentinus edodes* using multispectral imaging. *Journal of Food Engineering*, 289: 110226

- Younas S, Mao Y, Liu CH, Murtaza MA, Ali Z, Wei LY, Liu W, Zheng L, 2020c. Measurement of water fractions in freeze-dried shiitake mushroom by means of multispectral imaging (MSI) and low-field nuclear magnetic resonance (LF-NMR). *Journal of Food Composition and Analysis*, 96: 103694
 - Yu H, Lin T, Meng XB, Du HL, Zhang JK, Liu GF, Chen MJ, Jing YH, Kou LQ, Li XX, Gao Q, Liang Y, Liu XD, Fan ZL, Liang YT, Cheng ZK, Chen MS, Tian ZX, Wang YH, Chu CC, Zuo JR, Wan JM, Qian Q, Han B, Zuccolo A, Wing RA, Gao CX, Liang CZ, Li JY, 2021. A route to *de novo* domestication of wild allotetraploid rice. *Cell*, 184: 1-15
 - Yu XD, Deng H, Yao YJ, 2011. *Leucocalocybe*, a new genus for *Tricholoma mongolicum* (Agaricales, Basidiomycota). *African Journal of Microbiology Research*, 5(31): 5750-5756
 - Yu XH, Xiong SW, Gao YS, Zhao Y, Yuan XH, 2016. Multiscale crossing representation using combined feature of contour and venation for leaf image identification. In 2016 International Conference on Digital Image Computing: Techniques and Applications. IEEE. <https://ieeexplore.ieee.org/document/7797067>
 - Yuan J, Du JJ, Guo XY, 2016. Research progress on maize plant phenotype detection based on visible image. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 18(6): 90-96 (in Chinese)
 - Yuan Y, Wang YJ, Sun GP, Wang YR, Cao LJ, Shen YM, Yuan B, Han D, Huang LQ, 2018. Archaeological evidence suggests earlier use of *Ganoderma* in Neolithic China. *Chinese Science Bulletin*, 63(13): 1180-1188 (in Chinese)
 - Yue LL, 2015. The feature extraction and recognition of spore images based on machine learning. Master Thesis, Southwest University, Chongqing. 1-53 (in Chinese)
 - Zhang DR, Fang H, He Y, 2019. Research of crop disease based on visible/near infrared spectral image technology: a review. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 39(6): 1748-1756 (in Chinese)
 - Zhang HH, Yin LL, Wang MY, Yuan XH, Liu XL, 2019. Factors affecting the accuracy of genomic selection for agricultural economic traits in maize, cattle, and pig populations. *Frontiers in Genetics*, 10: 189
 - Zhang JX, Zhao YC, 2017. Germplasm resources of edible mushrooms. Science Press, Beijing. 1-537 (in Chinese)
 - Zhang M, 2016. Molecular phylogenetic studies on the family Boletaceae in southern China, and taxonomic study on the genus *Aureoboletus* in China. PhD Dissertation, South China University of Technology, Guangzhou. 1-149 (in Chinese)
 - Zhang XH, Huang CL, Wu D, Qiao F, Li WQ, Duan LF, Wang K, Xiao YJ, Chen GX, Liu Q, Xiong LZ, Yang WN, Yan JB, 2017. High-throughput phenotyping and QTL mapping reveals the genetic architecture of maize plant growth. *Plant physiology*, 173(3): 1554-1564
 - Zhao CL, 2016. Taxonomy and phylogeny of *Tyromyces* and *Ceriporiopsis*. PhD Dissertation, Beijing Forestry University, Beijing. 1-160 (in Chinese)
 - Zhao CJ, Zhang Y, Du JJ, Guo XY, Wen WL, Gu SH, Wang JL, Fan JC, 2019. Crop phenomics: current status and perspectives. *Frontiers in Plant Science*, 10: 714
 - Zhao MG, Zhang JX, Chen Q, Wu XL, Gao W, Deng WQ, Huang CY, 2016. The famous cultivated mushroom bailinggu is a separate species of the *Pleurotus eryngii* species complex. *Scientific Reports*, 6: 33066
- [附中文参考文献]
- 鲍大鹏, 2020. 基于中国食用菌产业发展的食用菌学科建设探讨. *菌物研究*, 18(3): 139-148+136
- 柴阿丽, 2011. 基于计算机视觉和光谱分析技术的蔬菜叶部病害诊断研究. 中国农业科学院博士论文, 北京. 1-106
- 陈兵旗, 何醇, 马彦平, 白由路, 2011. 大田玉米长势的三维图像监测与建模. *农业工程学报*, 27(S1): 366-372
- 陈晓光, 刘远超, 梁晓薇, 谢意珍, 吴清平, 胡惠

- 萍, 2020. 食药菌数据库概况. 食用菌学报, 27(3): 115-126
- 褚桂坤, 2020. 水稻稻瘟病孢子的检测研究. 山东农业大学硕士论文, 泰安. 1-60
- 邓春英, 2012. 中国小皮伞属广义球盖组分类学研究. 华南理工大学博士论文, 广州. 1-157
- 邓颖, 吴华瑞, 朱华吉, 2020. 基于实例分割的柑橘花朵识别及花量统计. 农业工程学报, 36(7): 200-207
- 戴玉成, 图力古尔, 崔宝凯, 秦国夫, 2013. 中国药用真菌图志. 哈尔滨: 东北林业大学出版社. 1-653
- 韩仲志, 刘杰, 2020. 高光谱亚像元分解预测花生中的黄曲霉毒素 B₁. 中国食品学报, 20(3): 244-250
- 孔维丽, 袁瑞奇, 孔维威, 张玉亭, 康源春, 韩玉娥, 2015. 食用菌菌种保藏历史、现状及研究进展概述. 中国食用菌, 34(5): 1-5
- 李玉, 包海鹰, 2020. 中国菌物药. 郑州: 中原农民出版社. 1-21
- 李玉, 康源春, 2021. 中国食用菌生产. 郑州: 中原农民出版社. 1-10
- 李玉, 李泰辉, 杨祝良, 图力古尔, 戴玉成, 2018. 中国大型菌物资源图鉴. 郑州: 中原农民出版社. 1-1351
- 陆新泉, 李宁, 陈世福, 2001. 形态、颜色特征及神经网络在肺癌细胞识别中的应用研究. 计算机辅助设计与图形学学报, 1: 87-92
- 毛罕平, 张艳诚, 胡波, 2008. 基于模糊 C 均值聚类的作物病害叶片图像分割方法研究. 农业工程学报, 9: 136-140
- 佩格勒 DN, 杨 TWK, 姚一建, 1993. 香菇的学名及其在当代真菌分类中的位置. 真菌学报, 3: 226-231
- 仇瑞承, 魏爽, 张漫, 李寒, 孙红, 刘刚, 李民赞, 2019. 作物表型组学测量方法综述. 中国农业文摘-农业工程, 31(1): 23-36
- 邵力平, 沈瑞祥, 张素轩, 项存悌, 谭松山, 1984. 真菌分类学. 北京: 中国林业出版社. 227-258
- 孙立晔, 韩军伟, 胡新韬, 郭雷, 2013. 基于 Markov 随机场理论的鼠脑切片显微图像的分割研究. 模式识别与人工智能, 26(5): 498-503
- 田恩静, 2011. 中国球盖菇科几个属的分类与分子系统学研究. 吉林农业大学博士论文, 长春. 1-138
- 童庆禧, 张兵, 张立福, 2016. 中国高光谱遥感的前沿进展. 遥感学报, 20(5): 689-707
- 图力古尔, 2012. 多彩的蘑菇世界-东北亚地区原生态蘑菇图谱. 上海: 上海科学普及出版社. 1-227
- 王积分, 阳葵, 刘宏, 安中, 段世铎, 1994. 计算机图象识别辅助菌种筛选及对甾体激素微生物酶反应的研究. 高等学校化学学报, 5: 750-753
- 王振杰, 2016. 计算机视觉对稻谷储藏霉变真菌的识别研究. 南京农业大学硕士论文, 南京. 1-87
- 翁杨, 曾睿, 吴陈铭, 王猛, 王秀杰, 刘永进, 2019. 基于深度学习的农业植物表型研究综述. 中国科学: 生命科学, 49(6): 698-716
- 杨祝良, 2015. 中国鹅膏科真菌图志. 北京: 科学出版社. 1-228
- 杨帅, 金帆, 2021. 单细菌表型的高通量表征和控制. 科学通报, 66(3): 367-383
- 袁杰, 杜建军, 郭新宇, 2016. 基于可见光图像的玉米植株表型检测研究进展. 中国农业科技导报, 18(6): 90-96
- 袁媛, 王亚君, 孙国平, 王烨然, 曹丽娟, 沈岳明, 袁冰, 韩东, 黄璐琦, 2018. 中药灵芝使用的起源考古学. 科学通报, 63(13): 1180-1188
- 岳路路, 2015. 基于机器学习的真菌孢子显微图像的特征提取与识别. 西南大学硕士论文, 重庆. 1-53
- 张德荣, 方慧, 何勇, 2019. 可见/近红外光谱图像在作物病害检测中的应用. 光谱学与光谱分析, 39(6): 1748-1756
- 张金霞, 赵永昌, 2017. 食用菌种质资源学. 北京: 科学出版社. 1-537
- 张明, 2016. 华南地区牛肝菌科分子系统学及中国金牛肝菌属分类学研究. 华南理工大学博士论文, 广州. 1-149
- 赵长林, 2016. 干酪菌属和拟蜡孔菌属真菌的分类与系统发育研究. 北京林业大学博士论文, 北京. 1-160

(本文责编: 王敏)