

篮状菌属的三个中国新记录种

徐可心¹ 单夏男² 余知和¹ 邓建新¹ 王龙³

①长江大学农学院 湖北 荆州 434025

②浙江师范大学化学与生命科学学院 浙江 金华 321004

③中国科学院微生物研究所真菌学国家重点实验室 北京 100101

摘要: 报道依据形态学和基于 *BenA*、*Rpb2* 和 rDNA ITS1-5.8S-ITS2 序列的分子系统学分析确定的篮状菌属篮状菌组 *Talaromyces* sect. *Talaromyces* 的 3 个中国新记录种, 即蛇床篮状菌 *T. cnidii*, 苹果篮状菌 *T. malicola* 和丘陵篮状菌 *T. tumuli*。 *T. cnidii* 生长较快, 形成典型的绒状菌落, 产生大量橄榄绿色分生孢子, 在 CYA 和 MEA 上菌落背面呈深红色; 其帚状枝为双轮生兼不规则生, 分生孢子椭圆形至卵形, 壁光滑, 大小不一。 *T. malicola* 生长适中, 在 CYA 上形成絮状兼绳状菌落且只产生少量分生孢子, 但在 MEA 上产生大量灰绿色分生孢子; 其帚状枝主要为紧密双轮生, 偶尔单轮生, 分生孢子球形至近球形, 壁光滑至稍粗糙。 *T. tumuli* 生长适中, 形成絮状兼绳状菌落并产生大量灰绿色分生孢子; 其帚状枝为双轮生兼不规则生, 排列不紧密, 瓶梗安瓿形, 分生孢子椭圆形至柠檬形, 壁光滑至稍粗糙。

关键词: 多相分类学, 霉菌, 青霉, 新记录

[引用本文] 徐可心, 单夏男, 余知和, 邓建新, 王龙, 2021. 篮状菌属的三个中国新记录种. 菌物学报, 40(8): 2181-2190
Xu KX, Shan XN, Yu ZH, Deng JX, Wang L, 2021. Three species of *Talaromyces* (Ascomycota, Eurotiales) new to China. Mycosystema, 40(8): 2181-2190

Three species of *Talaromyces* (Ascomycota, Eurotiales) new to China

XU Ke-Xin¹ SHAN Xia-Nan² YU Zhi-He¹ DENG Jian-Xin¹ WANG Long³

①College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China

②College of Chemistry and Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua, Zhejiang 321004, China

③State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract: Three species of *Talaromyces* sect. *Talaromyces* new to China are reported in this paper,

基金项目: 国家自然科学基金 (31750001); 中国科学院前沿科学重点研究项目 (QYZDY-SSW-SMC029); 科技部科技基础资源调查专项 (2019FY100700)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31750001), the Key Research Program of Frontier Science, Chinese Academy of Sciences (QYZDY-SSW-SMC029), and the National Project on Scientific Groundwork, Ministry of Science and Technology of China (2019FY100700).

Corresponding authors. E-mail: djxin555@hotmail.com, wl_dgk@163.com

ORCID: XU Ke-Xin (0000-0001-6419-6143), DENG Jian-Xin (0000-0002-7304-5603), WANG Long (0000-0001-6774-6999)

Received: 2021-03-15, accepted: 2021-03-27

namely *T. cnidii*, *T. malicola* and *T. tumuli*. They are identified by using morphology method and molecular phylogenetics based on *BenA*, *Rpb2* and rDNA ITS1-5.8S-ITS2 sequences. *T. cnidii* grows relatively fast, forming typical velutinous colonies with abundant olive-green conidia *en masse*, showing dark red on reverse sides of CYA and MEA, producing biverticillate and irregular penicilli with ellipsoidal to ovoid, smooth-walled conidia different in size. *T. malicola* grows moderately and forms floccose and funiculose colonies on CYA with sparse sporulation, but with heavy sporulation on MEA, producing compact biverticillate and occasionally monoverticillate penicilli with globose to subglobose, smooth-walled to slightly roughened conidia. *T. tumuli* has a moderate growth rate, forming floccose and funiculose colonies with abundant grey-green conidia *en masse*; its penicilli are biverticillate and irregular, and loosely positioned, bearing ampuliform phialides and ellipsoidal to lemon-shaped, smooth-walled to slightly roughened conidia.

Key words: polyphasic taxonomy, moulds, *Penicillium*, new record

篮状菌属 *Talaromyces* C.R. Benj. 于 1955 年建立 (Benjamin 1955), 隶属于真菌界 Fungi, 子囊菌门 Ascomycota, 散囊菌纲 Eurotiomycetes, 散囊菌目 Eurotiales, 发菌科 Trichocomaceae。篮状菌通常产生类似于青霉 *Penicillium* Link 无性繁殖结构的帚状枝 (penicillus), 因此篮状菌最初被当做青霉来研究, 但其帚状枝通常为对称双轮生 (symmetrical biverticillate), 有些种还会产生有性繁殖的子囊果称为裸囊壳 (gymnothecium), 而青霉的帚状枝通常为单轮生、两轮生、三轮生甚至不规则生, 其有性繁殖子囊果为闭囊壳 (cleistothecium)。Raper & Thom (1949) 在其专著《青霉手册》(《A manual of penicillia》) 中, 无论有性型和无性型将篮状菌划归在双轮对称组 (*Penicillium* section *Biverticillata-Symmetrica* Thom) 中。Pitt (1979) 将只发现无性型的篮状菌物种放在 subgenus *Biverticillium* Pitt 中, 将产生裸囊壳的种放在 *Talaromyces* 中。基于 rDNA ITS1-5.8S-ITS2 (ITS)、 β -微管蛋白基因 (β -tubulin gene, *BenA*)、钙调蛋白基因 (calmodulin gene, *CaM*) 和 RNA 多聚酶 II 第二大亚基基因 (DNA-dependent RNA polymerase II second largest subunit

gene, *Rpb2*) 的分子系统学 (molecular phylogenetics) 研究显示双轮亚属和篮状菌属的种与青霉其他亚属的种分属不同的演化支 (clade) (Wang & Zhuang 2007; Houbraken & Samson 2011; Samson *et al.* 2011)。2012 年的《国际藻类、真菌和植物命名法规》(墨尔本法规) [International code of nomenclature for algae, fungi, and plants (Melbourne Code)] 认可 *Talaromyces* 为上述青霉属双轮亚属和篮状菌属物种的合法属名 (McNeill *et al.* 2012)。

Talaromyces 目前共分 8 个组 (section) 约 175 种 (Yilmaz *et al.* 2014; Houbraken *et al.* 2020; Sun *et al.* 2020; Wei *et al.* 2021)。篮状菌组 sect. *Talaromyces* 是篮状菌属的最大组, 截至本文投稿时全球该组已经报道 76 个种, 我国报道了 36 个种 (Tzean *et al.* 1994; 孔华忠和王龙 2007; Chen *et al.* 2016; Wang *et al.* 2016a; Wang *et al.* 2016b; Wang *et al.* 2017; Jiang *et al.* 2018; Su & Niu 2018; 陈晗等 2020; Houbraken *et al.* 2020; 王龙等 2020; Sun *et al.* 2020; 孙剑秋等 2020; 单夏男等 2021; 王龙等 2021; Wei *et al.* 2021)。本研究报道从我国 6 个省的土壤和纸张样品中分离得到 6 株篮状菌, 经多相分类学鉴定为 6 个种, 即糙孢篮状

菌组 sect. *Trachyspermi* 的艾斯尤特篮状菌 *T. assiutensis* 及 sect. *Talaromyces* 的紧密篮状菌 *T. adpressus*、梭形篮状菌 *T. fusiformis*、川芎篮状菌 *T. cnidii*、苹果篮状菌 *T. malicola* 和丘陵篮状菌 *T. tumuli*, 其中 *T. cnidii*、*T. malicola* 和 *T. tumuli* 确定为我国新记录种。

1 材料与方法

1.1 样品采集和分离

样品采自我国浙江、山东、山西、贵州、四川、河北, 其中土壤样品取表层土下面的富含腐殖质的土壤约 20g 置于无菌的塑料袋中封好, 纸张样品约 5g 剪碎后放入无菌的塑料袋中封好。样品分离采用改进的倍比稀释倾倒平皿法 (Malloch 1981), 即采用 0.1% 琼脂水溶液 (agar water solution) 代替无菌水制作样品悬浊液并将倾倒平皿改为涂布平皿 (王龙等 2020), 分离得到的 6 株篮状菌经鉴定后将每个种的菌株保存于中国普通微生物菌种保藏中心 (CGMCC)。

1.2 形态学研究方法

菌落形态研究采用查氏酵母精琼脂 (Czapek yeast autolysate agar, CYA) 于 25℃、37℃、5℃ 和麦芽精琼脂 (5% malt extract agar, MEA) 于 25℃ 培养 7d 后观察、描述和照相, 颜色的描述参照 Ridgway (1912) 的色谱, 显微结构研究挑取在 MEA 25℃ 培养 7d 产生的分生孢子结构做光学显微镜载片观察、照相、描述并鉴定 (Pitt 1979; Samson *et al.* 2010; Yilmaz *et al.* 2014)。

1.3 PCR 扩增和测序

基因组 DNA 的提取参考 Wang & Zhuang (2004) 的方法, 扩增 *BenA* 的引物为 bt2a 和 bt2b (Glass & Donaldson 1995), *Rpb2* 引物为 T1 和 E2 (Jiang *et al.* 2018), ITS 的引物为 ITS5 和 ITS4 (White *et al.* 1990)。PCR 扩增反应在无菌的 0.2mL 薄壁平盖 Eppendorf 管

中进行, 20μL 反应体系含有基因组 DNA 1.0μL, 正向和反向引物 (10μmol/L) 各 0.5μL, 双蒸水 8μL, 2×PCR 扩增缓冲液 (0.05U/μL *Taq* polymerase, 4mmol/L MgCl₂, 0.4mmol/L dNTPs) 10μL。PCR 程序为 94℃ 预变性 3min, 然后进行 30 个循环: 94℃ 变性 30s, 50℃ 退火 30s, 72℃ 延伸 30s, 最后 72℃ 延伸 5min。PCR 产物各取 5μL 与 5μL 的 100bp DNA ladder 用 2.0% 的琼脂糖凝胶 (agarose gel) 在 80V 电压下电泳 15min, 用 0.5g/mL 的溴乙锭 (ethidium bromide, EB) 染色 10min 后在波长 365nm 和 254nm 的紫外灯下观察。显示单一、明亮扩增区段长度条带的 PCR 扩增产物 (*BenA* 约 400bp, *Rpb2* 约 800bp, ITS 约 600bp) 由睿博兴科生物技术有限公司用 ABI3730 (Applied Biosystems, Drive Foster City, CA, USA) 进行双向直通测序。

1.4 分子系统学分析

测序得到的原始序列用软件 Bioedit 7.0.9 (Hall 1999) 进行人工校对、编辑, 得到准确无误的全区段序列后提交到 GenBank。选择篮状菌组 48 个物种的模式菌株及代表菌株 50 株和本研究的 6 个菌株进行分子系统学分析, 以 *T. assiutensis* 作为外群。这些菌株的 *BenA*、*Rpb2*、ITS 序列用 MEGA 6 (Tamura *et al.* 2013) 分别进行对位排列 (alignment) 并编辑修剪后做成序列矩阵, 然后用最大似然法 (maximum likelihood, ML) 分析并采用自展法 (bootstrap) 进行 1 000 次重复评估各分支的可靠性, 其中空格 (gap) 选择 partial deletion (Hall 2003); 这些序列矩阵还采用贝叶斯法 (Bayes inference, BI) 进行后验概率分析 (Posterior probability, PP) (Ronquist *et al.* 2012)。首先进行 *BenA*、*Rpb2* 和 ITS 序列的单独分析以检查其谱系一致性 (genealogical concordance) (Taylor *et al.* 2000), 然后再连接成 *BenA*-*Rpb2*-ITS 组合序列进行统一分析 (图 1)。

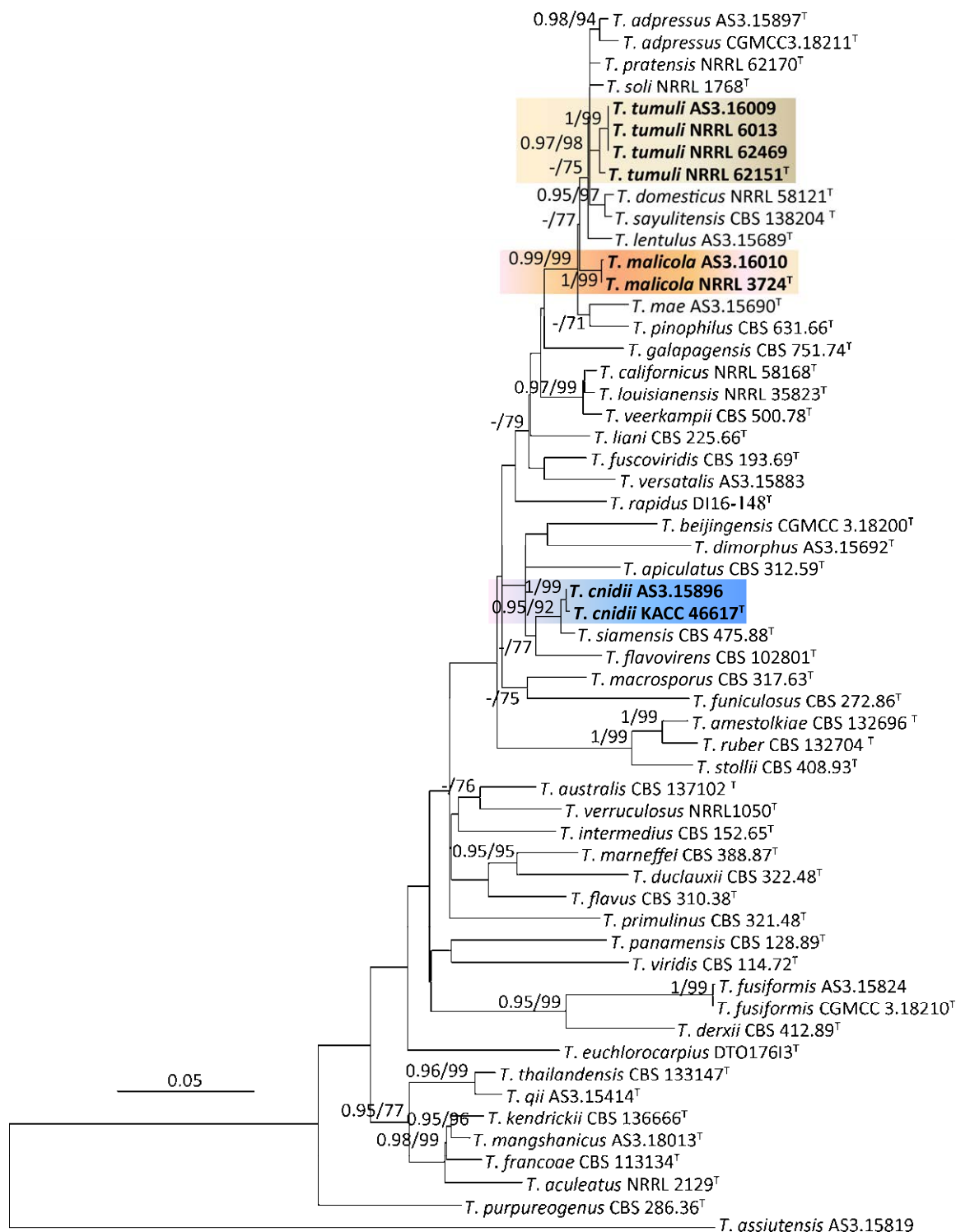


图 1 基于 *BenA-Rpb2*-ITS 的 ML 系统发育树 BI 后验概率大于等于 0.95 和 Bootstrap 支持率大于等于 70% 的分支标注在分支节点处, ^T 表示模式菌株, 粗体表示新记录种; 标尺=0.05 每核苷酸替代率

Fig. 1 The ML phylogram inferred from the concatenated *BenA-Rpb2*-ITS partial sequences. Posterior probabilities of BI over 0.95 and percentages over 70% derived from 1 000 replicates are indicated at the nodes, ^T indicates ex-type strains, and the species new to China are indicated in boldface. Bar=0.05 substitutions per nucleotide position.

2 结果与分析

经 *BenA*、*Rpb2*、ITS 分别进行的分子种系学分析显示,这 3 个遗传标记均得到谱系一致的结果(数据未展示),该 3 个遗传标记的序列链接后成为 *BenA-Rpb2-ITS* 组合序列矩阵共 1 524 个位点(site),ML 最适替代模型为 K2+G1。基于该组合序列矩阵的分子系统学分析显示菌株 AS3.15896 与 *T. cnidii* 的模式菌株 KACC 46617 同在一个分支,Bootstrap 支持率为 99%,BI 后验概率为 1;菌株 AS3.16010 与 *T. malicola* 的模式菌株 NRRL 3724 同在一个分支,Bootstrap 支持率为 99%,BI 后验概率为 1;菌株 AS3.16009 与 *T. tumuli* 的模式菌株 NRRL 62151 等 3 株菌同在一个分支,Bootstrap 支持率为 98%,BI 后验概率为 0.97。依据形态学和分子系统学分析确认这些菌株的鉴定准确无误,参考我国已报道的篮状菌物种,确定这 3 个种均为我国新记录种(图 1–图 4)。

2.1 蛇床篮状菌 图 2

Talaromyces cnidii S.H. Yu, T.J. An & H.K. Sang, Journal of Microbiology 51: 707, 2013.

在查氏酵母精琼脂(CYA)上 25℃、7d,菌落直径 28–30mm,薄,平坦,边缘于培养基内,整齐;质地绒状;分生孢子结构大量,呈橄榄灰绿色 Olive-Gray to Dark Olive-Gray (R. Pl. LI);菌丝体呈白色;渗出液无;可溶性色素无;背面中部呈胭脂掌红色 Nopal Red (R. Pl. I),外围呈浅橙黄色 Light Orange-Yellow (R. Pl. III)。

在麦芽精琼脂(MEA)上 25℃、7d,菌落直径 42–44mm,薄,平坦,中央稍突起,边缘于培养基表面,整齐;质地绒状;分生孢子结构大量,橄榄灰绿色,近于 Olive-Citrine (R. Pl. XVI);菌丝体呈白色;渗出液无;可溶性色素无;背面中央呈红色,其余褐黄色。

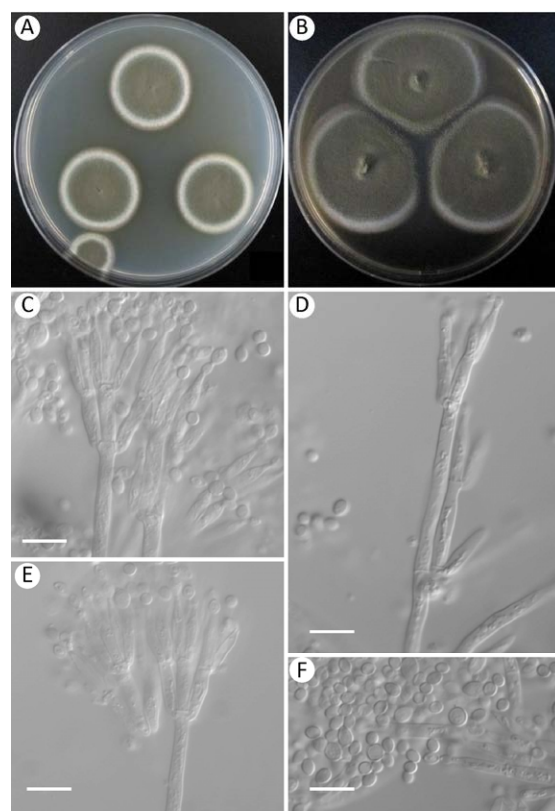


图 2 蛇床篮状菌 *Talaromyces cnidii* AS3.15896 的形态学性状 A, B: 在 CYA 和 MEA 上 25℃ 培养 7d 的菌落; C–E: 分生孢子梗; F: 分生孢子。标尺=10μm

Fig. 2 Morphology of *Talaromyces cnidii* AS3.15896. A, B: Colonies on CYA and MEA at 25°C in 7d; C–E: Conidiophores; F: Conidia. Scale bars=10μm.

在 CYA 上 37℃、7d,正常生长,形成 15–17mm 的菌落,类似于 CYA 上 25℃。在 CYA 上 5℃、7d,未生长。

分生孢子梗发生于基内菌丝,孢梗茎 150–350×3–3.5μm,壁光滑;帚状枝双轮生,排列不紧密,偶尔不规则生;梗基每轮 4–6 个,排列不紧密,9–12×2.5–3μm;瓶梗披针形,每轮 2–6 个,10–12×2–3μm;分生孢子椭圆形至卵形,3.5–4×2.5–3μm,有些较大,可达 5μm,壁光滑。

分布和基物:山西太原纸张(TY7121-11=AS3.15896)。

注:该种生长较快,形成典型绒状菌落,

在 37℃ 正常生长；帚状枝双轮生，排列不紧密，偶见不规则生；分生孢子椭圆形至卵形，大小不一，壁光滑。

2.2 苹果篮状菌 图 3

Talaromyces malicola Jurjević & S.W. Peterson, Fungal Biology 123: 756, 2019.

在查氏酵母精琼脂 (CYA) 上 25℃、7d，菌落直径 28–30mm，较薄，平坦，边缘于培养基内，流苏状；质地绒状覆盖壳粉色絮状及绳状菌丝体 Shell Pink (R. Pl. XXVIII)；分生孢子结构稀疏，橄榄灰色 Olive Gray (R. Pl. LI)；菌丝体在边缘呈白色，近边缘呈浅油黄色 Cream Color (R. Pl. XVI)；渗出液和可溶性色素无；背面呈浅赭黄色 Light Ochraceous Buff (R. Pl. XV)。

在麦芽精琼脂 (MEA) 上 25℃、7d，菌落直径 40–41mm，较薄，平坦，边缘于培养基内，整齐；质地绒状兼短絮绳状；分生孢子结构大量，豆绿色 Pea Green (R. Pl. XLVII)；菌丝体呈浅绿黄色 Light Green-Yellow (R. Pl. V)；渗出液无；可溶性色素无；背面呈殖民黄色 Colonial Buff (R. Pl. XXX)。

在 CYA 上 37℃、7d，菌落直径 9–10mm，类似于 CYA 上 25℃。

在 CYA 上 5℃、7d，未生长。

分生孢子梗发生于表面菌丝和气生菌丝，孢梗茎 50–150×3–3.5μm，孢子壁光滑；帚状枝主要双轮生，偶尔单轮生；梗基每轮 6–10 个，8–12×3–4μm；瓶梗披针形，每轮 6–8 个，9–12×2.5–3μm；分生孢子球形至近球形，3–4×2.5–3μm，壁光滑至稍粗糙。

主要特征：生长适中，菌丝体呈白色兼淡粉色，分生孢子灰绿色，在 MEA 上的菌落形态类似青霉，在 37℃ 正常生长；帚状枝主要双轮生，偶尔单轮生，分生孢子球形至近球形，壁光滑至稍粗糙。

分布和基物：四川成都彭州县土壤 (PZ3-2=AS3.16010)。

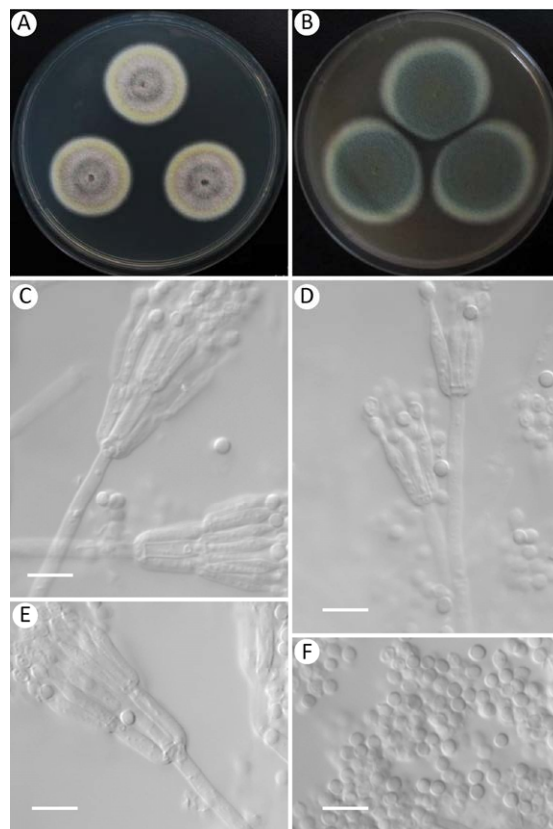


图 3 苹果篮状菌 *Talaromyces malicola* AS3.16010 的形态学性状 A, B: 在 CYA 和 MEA 上 25℃、7d 的菌落；C–E: 分生孢子梗；F: 分生孢子. 标尺=10μm

Fig. 3 Morphology of *Talaromyces malicola* AS3.16010. A, B: Colonies on CYA and MEA at 25°C in 7d; C–E: Conidiophores; F: Conidia. Scale bars=10μm.

2.3 丘陵篮状菌 图 4

Talaromyces tumuli Jurjević & S. W. Peterson, Fungal Biology 123: 758, 2019.

在查氏酵母精琼脂 (CYA) 上 25℃ 培养 7d，菌落直径 23–28mm，较薄，表面具适量辐射状沟纹，边缘于培养基内部，整齐；质地绒状兼短絮绳状；分生孢子结构大量，灰绿色，近于豆绿色 Pea Green to Gnaphalium

Green (R. Pl. XLVII); 菌丝体呈白色; 渗出液无或少量, 无色; 可溶性色素无; 背面呈赭黄色 Yellow Ocher (R. Pl. XV)。

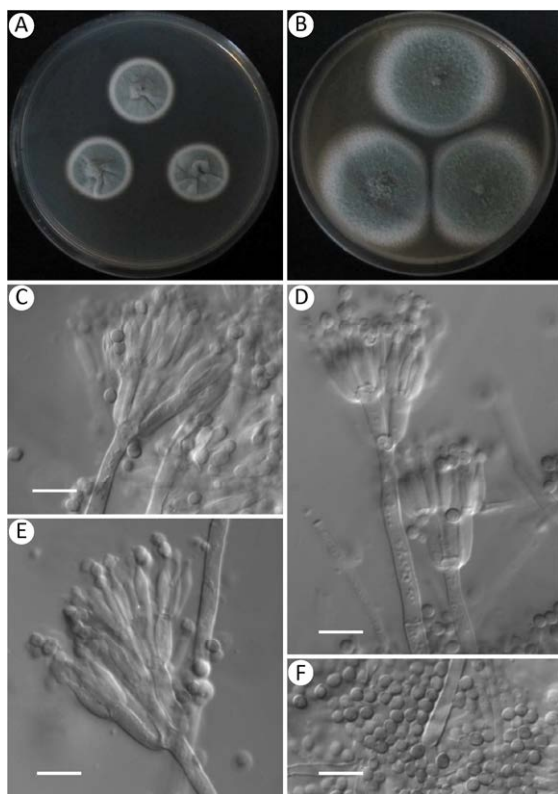


图 4 丘陵篮状菌 *Talaromyces tumuli* AS3.16009 的形态学性状 A, B: 在 CYA 和 MEA 上 25℃、7d 的菌落; C-E: 分生孢子梗; F: 分生孢子. 标尺=10μm

Fig. 4 Morphology of *Talaromyces tumuli* AS3.16009. A, B: Colonies on CYA and MEA at 25°C in 7d; C-E: Conidiophores; F: Conidia. Scale bars=10μm.

在麦芽精琼脂 (MEA) 上 25℃ 培养 7d, 菌落直径 48–50mm, 较薄, 平坦, 边缘于培养内部, 规则; 质地绒状兼绳状; 分生孢子结构大量, 灰绿色, 近于豆绿色 Pea Green (R. Pl. XLVII); 菌丝体呈白色; 无渗出液; 无可溶性色素; 背面呈褐黄色, 近于 Colonial Buff (R. Pl. XXX)。

在 CYA 上 37℃、7d, 菌落直径 23–25mm, 类似于 CYA 上 25℃。

在 CYA 上 5℃、7d, 未生长。

分生孢子梗发生于表面菌丝和绳状菌丝, 孢梗茎 50–200×3–4μm, 孢子壁光滑; 帚状枝主要双轮生, 偶尔单轮生和不规则生; 梗基每轮 8–12 个, 8–12×3–4μm; 瓶梗披针形, 每轮 6–10 个, 9–10×2.5–3μm; 分生孢子椭球形至柠檬形, 3–4×2.5–3μm, 壁光滑至稍粗糙。

主要特征: 生长适中, 菌丝体呈白色, 分生孢子灰绿色, 在 MEA 上的菌落形态类似青霉, 在 37℃ 正常生长; 帚状枝主要双轮生, 偶尔单轮生, 分生孢子椭球形至柠檬形, 壁光滑至稍粗糙。

分布和基物: 河北蠡县土壤 (LX2-4=AS 3.16009)。

3 讨论

Talaromyces cnidii 在美国、韩国、泰国均有发现 (Sang *et al.* 2013; Visagie *et al.* 2014; Guevara-Suarez *et al.* 2017), 其中美国的菌株分离自支气管肺泡灌洗液 (bronchoalveolar lavage, BAL), 泰国的 6 个菌株分离自室内尘土, 模式菌株 KACC 46617 分离自韩国草药日本川芎 *Cnidium officinale* (蛇床属) 干燥后的根, 本研究报道的菌株 AS3.15896 分离自纸张。该种可能广泛分布于人类活动场所, 而且能在 37℃ 正常生长, 因此有可能对人类健康造成威胁。我国的菌株 AS3.15896 在菌落形态上与模式菌株几乎完全相同, 其帚状枝及各个部分的形态和尺度与模式菌株也非常接近, 但其产生一些不规则帚状枝, 而模式菌株只产生双轮生帚状枝。该菌株与模式菌株在 *BenA*、*Rpb2* 和 ITS 序列上分别各有 1 个碱基的差异。 *BenA*-*Rpb2*-ITS 组合序列的分子种系学分析显示我国菌株与模式菌株同在一个分支且支持率非常显著 (图 1)。

Talaromyces malicola 此前只发现于意大利

利,而且 GenBank 只记录了其模式菌株 NRRL 3724 的序列。我国菌株 AS3.16010 与模式菌株在 *CYA* 菌落形态上非常相似,均形成絮状和绳状脏粉色及牙黄色菌丝体,分生孢子稀疏,呈灰色。但在 *MEA* 上我国菌株形成绒状菌落且产生大量分生孢子,而模式菌株形成絮状兼绳状菌落,只产生适量分生孢子。它们的显微结构几乎完全相同,其分生孢子梗均发生于表面菌丝和气生菌丝,帚状枝为双轮生兼单轮生,分生孢子均为球形至近球形,壁光滑至稍粗糙 (Peterson & Jurjević 2019)。该菌株与模式菌株在 *BenA* 序列上只有 2 个碱基的差异,在 *Rpb2* 和 ITS 序列上完全相同。组合序列的分子种系学分析显示该菌株与模式菌株同在一个分支且具有显著的支持率 (图 1)。

Talaromyces tumuli 此前发现于美国 and 南非,GenBank 只记录了 6 株菌的序列。我国的菌株 AS 3.16009 与模式菌株 NRRL 62151 在 *CYA* 和 *MEA* 的菌落形态上很相似,这两株菌均产生絮状兼绳状菌落及大量灰绿色分生孢子,只是我国菌株在 *MEA* 上比模式菌株生长较快 (48–50mm vs. 36–42mm)。该菌株在显微结构上与模式菌株几乎完全相同,均产生双轮生和单轮生及不规则生帚状枝,排列不紧密,瓶梗安瓿形,分生孢子椭圆形至柠檬形,壁光滑至稍粗糙 (Peterson & Jurjević 2019)。该菌株与模式菌株在 *BenA* 序列上有 5 个碱基的差异,但与另外 2 个菌株,即 NRRL 6013 和 NRRL 62469 完全相同,在 *Rpb2* 序列上与模式菌株及 NRRL 6013 和 NRRL 62469 完全相同,在 ITS 序列上与模式菌株只有 1 个核苷酸的差异,而与另外 2 个菌株完全相同。组合序列的分子系统学分析也显示该菌株与 *T. tumuli* 的模式菌株及另外 2 个菌株同在一个分支且具有显著的支持率 (图 1)。

[REFERENCES]

- Benjamin CR, 1955. Ascocarps of *Aspergillus* and *Penicillium*. *Mycologia*, 47: 669-687
- Chen AJ, Sun BD, Houbraken J, Frisvad JC, Yilmaz N, Zhou YG, Samson RA, 2016. New *Talaromyces* species from indoor environments in China. *Studies in Mycology*, 84: 119-144
- Chen H, Ding G, Sun BD, Zhang Z, Wang L, Chen AJ, 2021. Current taxonomy of *Talaromyces* and three new Chinese records. *Mycosystema*, 40(5): 1200-1215 (in Chinese)
- Glass NL, Donaldson GC, 1995. Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. *Applied and Environmental Microbiology*, 61: 1323-1330
- Guevara-Suarez M, Sutton DA, Gené J, García D, Wiederhold N, Guarro J, Cano-Lira JF, 2017. Four new species of *Talaromyces* from clinical sources. *Mycoses*, 60: 652-622
- Hall BG, 2013. Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 1229-1235
- Hall TA, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41: 95-98
- Houbraken J, Kocsube S, Visagie CM, Yilmaz N, Wang XC, Meijer M, Kraak B, Hubka V, Samson RA, Frisvad JC, 2020. Classification of *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces* and related genera (Eurotiales): an overview of families, genera, subgenera, sections, series and species. *Studies in Mycology*, 95: 5-169
- Houbraken J, Samson RA, 2011. Phylogeny of *Penicillium* and the segregation of *Trichocomaceae* into three families. *Studies in Mycology*, 70: 1-55
- Jiang XZ, Yu ZD, Ruan YM, Wang L, 2018. Three new species of *Talaromyces* sect. *Talaromyces* discovered from soil in China. *Scientific Reports*,

- 8: 4932
- Kong HZ, Wang L, 2007. Flora fungorum sinicorum. Vol. 35, *Penicillium* et teleomorphi cognati. Science Press, Beijing. 1-284 (in Chinese)
- Malloch D, 1981. Moulds: their isolation, cultivation and identification. University of Toronto Press, Toronto. 1-97
- McNeill J, Barrie FR, Buck WR, Demoulin V, Greuter W, Hawksworth DL, Herendeen PS, Knapp S, Marhold K, Prado J, Prud'homme van Reine WF, Smitt GF, Wiersema JH, Turland NJ, 2012. International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants, Melbourne Code, Regnum Vegetabile 154. Koeltz Scientific Books, Koenigstein. 1-257
- Peterson SW, Jurjević Ž, 2019. The *Talaromyces pinophilus* species complex. Fungal Biology, 123: 745-762
- Pitt JI, 1979. The genus *Penicillium* and its teleomorphic states *Eupenicillium* and *Talaromyces*. Academic Press, London. 1-634
- Raper KB, Thom C, 1949. A manual of the penicillia. Williams and Wilkins, Baltimore. 1-875
- Ridgway R, 1912. Color standards and color nomenclature. Published by the author. Washington DC, USA. 1-53
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP, 2012. MRBAYES 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model selection across a large model space. Systematic Biology, 61: 539-542
- Samson RA, Houbraken J, Thrane U, Frisvad JC, Andersen B, 2010. Food and indoor fungi (2nd ed.) CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, the Netherlands. 1-390
- Samson RA, Yilmaz N, Houbraken J, Spierenburg H, Seifert KA, 2011. Phylogeny and nomenclature of the genus *Talaromyces* and taxa accommodated in *Penicillium* subgenus *Biverticillium*. Studies in Mycology, 70: 159-183
- Sang H, An TJ, Kim CS, Shin GS, Sung GH, Yu SH, 2013. Two novel *Talaromyces* species isolated from medicinal crops in Korea. The Journal of Microbiology, 51: 704-708
- Shan XN, Xu KX, Ruan YM, Wang L, 2021. Four species of *Talaromyces* new to China. Mycosystema, 40(5): 1216-1231 (in Chinese)
- Su L, Niu YC, 2018. Multilocus phylogenetic analysis of *Talaromyces* species isolated from cucurbit plants in China and description of two new species, *T. cucurbitiradicus* and *T. endophyticus*. Mycologia, 110: 375-386
- Sun BD, Chen AJ, Houbraken J, Frisvad JC, Wu WP, Wei HL, Zhou YG, Jiang XZ, Samson RA, 2020. New section and species in *Talaromyces*. MycoKeys, 68: 75-113
- Sun JQ, Ruan YM, Jin SY, Wang L, 2021. The importance of *Talaromyces* and its taxonomy. Journal of Fungal Research, Doi: 10.13341/j.jfr.2020.1374 (in Chinese)
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S, 2013. MEGA 6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Molecular Biology & Evolution, 30: 2725-2729
- Taylor JW, Jacobson DJ, Kroken S, Kasuga T, Geiser DM, Hibbett DS, Fisher MC, 2000. Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. Fungal Genetics and Biology, 31: 21-32
- Tzean SS, Chiu SC, Chen JL, Hseu SH, Lin, GH, Liou GY, Che CC, Hsu WH, 1994. *Penicillium* and related teleomorphs from Taiwan. Food Industry Research and Development Institute, Hsinchu, Taiwan, China. 1-158
- Visagie CM, Hirooka Y, Tanney JB, Whitfield E, Mwange E, Meijer M, Amend KA, Seifert KA, Samson RA, 2014. *Aspergillus*, *Penicillium* and *Talaromyces* isolated from house dust samples collected around the world. Studies in Mycology, 78: 63-139
- Wang L, Sun JQ, Jin SY, 2020. Two new records of *Talaromyces* section *Islandici* species from China. Journal of Liaocheng University (Natural Science Edition), 33(4): 78-84 (in Chinese)

- Wang L, Ruan YM, Jin SY, 2021. *Talaromyces cecidicola* and *T. pseudostromaticus*, two species of *Talaromyces* section *Purpurei* new to China. Journal of Liaocheng University (Natural Science Edition), Doi: 10.19728/j.issn1672-6634.2020.06.001 (in Chinese)
- Wang L, Zhuang WY, 2004. Designing primer sets for amplification of partial calmodulin genes from penicillia. Mycosystema, 23: 466-473
- Wang L, Zhuang WY, 2007. Phylogenetic analyses of penicillia based on partial calmodulin gene sequences. BioSystems, 88: 113-126
- Wang QM, Zhang YH, Wang B, Wang L, 2016a. *Talaromyces neofusisporus* and *T. qii*, two new species of section *Talaromyces* isolated from plant leaves in Tibet, China. Scientific Reports, 6: 18622
- Wang XC, Chen K, Qin WT, Zhuang WY, 2017. *Talaromyces heiheensis* and *T. mangshanicus*, two new species from China. Mycological Progress, 16: 73-81
- Wang XC, Chen K, Xia YW, Wang L, Li TH, Zhuang WY, 2016b. A new species of *Talaromyces*, Trichocomaceae, from the Xisha Islands, Hainan, China. Phytotaxa, 267: 187-200
- Wei S, Xu X, Wang L, 2021. Four new species of *Talaromyces* sect. *Talaromyces* discovered in China. Mycologia, 113: 492-508
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor JW, 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MS, Gelfand DH (eds.) PCR protocols: a guide to methods and applications. Academic Press, New York, USA. 315-322
- Yilmaz N, Visagie CM, Houbraken J, Frisvad JC, Samson RA, 2014. Polyphasic taxonomy of the genus *Talaromyces*. Studies in Mycology, 78: 175-341
- [附中文参考文献]
- 陈晗, 丁刚, 孙炳达, 张争, 王龙, 陈娟, 2021. 篮状菌属分类概述及三个中国新记录种. 菌物学报, 40(5): 1200-1215
- 单夏男, 徐可心, 阮永明, 王龙, 2021. 篮状菌属的四个中国新记录种. 菌物学报, 40(5): 1216-1231
- 孔华忠, 王龙, 2007. 中国真菌志. 第 35 卷. 青霉属及其相关有性型属. 北京: 科学出版社. 1-284
- 孙剑秋, 阮永明, 金世宇, 王龙, 2021. 篮状菌属的重要性及其分类学研究概况. 菌物研究, Doi: 10.13341/j.jfr.2020.1374
- 王龙, 阮永明, 金世宇, 2021. 虫瘿篮状菌和伪子座篮状菌——篮状菌属紫篮状菌组的两个我国新记录种. 聊城大学学报 (自然科学版), Doi: 10.19728/j.issn1672-6634.2020.06.001
- 王龙, 孙剑秋, 金世宇, 2020. 篮状菌属岛篮状菌组的两个中国新记录种. 聊城大学学报 (自然科学版), 33(4): 78-84

(本文责编: 王敏)