

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

王 龙¹,阮永明²,金世宇³

(1.中国科学院 微生物研究所真菌学国家重点实验,北京 100101;2.浙江师范大学
化学与生命科学学院,浙江 金华 321004;3.北京市京西林场,北京 102300)

摘 要 篮状菌(*Talaromyces*)是土壤、空气、植物根际和叶际以及人类活动场所的常见霉菌,它们在增加土壤腐殖质、促进植物生长、矿物质吸收和抗病虫害等方面具有重要作用。系统调查我国篮状菌物种资源是一项非常重要的基础性工作,在该项工作中我们分别从河南卫辉和内蒙古额济纳旗的土壤中分离鉴定了2株篮状菌,即WH6-2=AS3.16006和EJ2-12=AS3.16005。通过形态学和基于 β -tubulin基因和rDNA ITS1-5.8S-ITS2序列的分子种系学研究,确定它们为篮状菌属紫篮状菌组(*Talaromyces* section *Purpurei*)的我国两个新记录种,即虫瘿篮状菌(*T. cecidicola*)和伪子座篮状菌(*T. pseudostromaticus*),特在本文中报道。

关键词 分类学;青霉;土壤霉菌;种系学

中图分类号

文献标识码 A

开放科学(资源服务)标识码(OSID)



Talaromyces Cecidicola and *T. Pseudostromaticus*, Two Species of *Talaromyces* Section *Purpurei* New to China

WANG Long¹, RUAN Yongming², JIN Shiyu³

(1. State Key Laboratory of Mycology, Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101; 2. College of Chemistry and Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004; 3. Beijing Jingxi Forest Farm, Beijing 102300)

Abstract *Talaromyces* species are common filamentous fungi inhabiting the soil, air, rhizosphere and phyllosphere of plants, which play an important role in enriching soil humus and improving the growth, mineral absorption, and disease and pest resistance of plants. It is a vital fundamental work to systematically investigate the *Talaromyces* species resource. During a survey of *Talaromyces* species in China, two strains, namely WH6-2=AS3.16006 from Henan Province and EJ2-12=AS3.16005 from Inner Mongolia, were discovered and identified as *T. cecidicola* and *T. pseudostromaticus*, respectively, according to morphological characters and phylogenetic analyses of β -tubulin gene and rDNA ITS1-5.8S-ITS2 sequences, thus are reported as two new record species of *Talaromyces* section *Purpurei* of China.

Key words Taxonomy; Penicillia; Soil fungi; Phylogenetics

收稿日期:2020-07-05

基金项目:国家自然科学基金项目(NSFC 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)资助

通讯作者:王龙,男,汉族,博士,副研究员,研究方向:青霉与曲霉系统分类学,E-mail: wl_dgk@sina.com.

0 引言

蓝状菌属(*Talaromyces* C.R. Benj.)物种是土壤植物残体的主要分解者,有些种类分解能力非常强大,如嗜松蓝状菌(*T. pinophilus* (Hedgc.) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert)和小疣蓝状菌(*T. verruculosus* (Peyronel) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert)分泌强大的纤维素酶从而有效分解木质纤维素^[1, 2]。还有些种类,如 *T. pinophilus* 和产紫蓝状菌(*T. purpurogenus* Samson, N. Yilmaz, Houbraken, Spierenb, Seifert, Peterson, Varga & Frisvad)分泌有机酸和磷酸酯酶,溶解无机磷酸钙及磷酸酯从而促进植物对磷元素的吸收^[3, 4]。另外,沃特曼蓝状菌(*T. wortmanni* (Klöcker) C.R. Benj.)在植物根际分泌挥发性有机物(volatile organic compounds, VOCs)从而促进植物生长及增强对病原菌的抗性^[5]。该属的大多数物种通常产生红色、粉色、黄色和橙色的菌丝体、渗出液和可溶性色素。这些色素属于聚酮类嗜氮酮次级代谢产物(polyketide azaphilone secondary metabolites),如丝红素(mitorubins)和红曲红色素(*Monascus* red pigments),有些色素有望开发为食品添加剂,如暗玫瑰蓝状菌(*T. atroroseus* N. Yilmaz, Frisvad, Houbraken & Samson)产生的色素^[6]。蓝状菌许多物种及特性有待发现和开发利用,而物种调查、分离、鉴定和保藏是这些工作的重要基础。

蓝状菌属绝大多数种的无性阶段产生对称双轮生帚状枝和披针形瓶梗,若存在有性阶段,则产生裸囊壳(gymnothecia)型子囊果,其内不规则着生不定数目的子囊,每个子囊内生有 8 个不规则分布的子囊孢子。子囊孢子通常呈椭圆形,壁带刺。Pitt^[7]根据双命名系统(dual naming system)将蓝状菌物种分别划归在蓝状菌属和青霉属的双轮亚属(*Penicillium* Link subgenus *Biverticillium*)中。后来的分子种系发生学(phylogenetics, Gr. phyle=tribe, genesis=birth)显示蓝状菌属和青霉属的双轮亚属的物种应属于同一个单系类群,从而支持取消双重命名系统而采用“一个真菌一个名称(one fungus, one name)”的命名系统^[8-11],最终确定 *Talaromyces* 作为这类物种的合法属。2014 年, Yilmaz et al. 承认了 *Talaromyces* 的 88 个种,并将 *Talaromyces* 分成 7 个组(sections),即蓝状菌组(section *Talaromyces*)、螺旋蓝状菌组(section *Helici* Yilmaz, Frisvad & Samson)、紫蓝状菌组(section *Purpurei* Stolk & Samson)、糙孢蓝状菌组(section *Trachyspermi* Yaguchi & Udagawa)、杆孢蓝状菌组(section *Bacillispori* Yilmaz, Frisvad & Samson)、近膨蓝状菌组(section *Subinflati* Yilmaz, Frisvad & Samson)和岛蓝状菌组(section *Islandici* (Pitt) Yilmaz, Frisvad & Samson),其中 *Talaromyces* section *Purpurei* 只有 10 个种^[12]。紫蓝状菌组的种类通常在培养较长时间后会产生产菌丝束(synnemata 或 coremia),具有该特征的物种曾经被 Pitt 划归于双轮亚属产束组(section *Coremigenum* (Biourge) Pitt)的树状系(series *Dendritica* Pitt)和杜克劳系(series *Duclauxii* Raper & Thom)^[7]。

紫蓝状菌组的物种属于稀有种(rare species),自从 2014 年以后,该组没有新的物种报道。我国 2007 年的《中国真菌志第 35 卷·青霉属及其相关有性型属》专著中该组无记录种^[13],直到本文投稿时我国也尚未报道过该组的物种。蓝状菌物种鉴定工作比较困难,主要因为其物种间的显微结构特征差别较小,因此除了一些特征明显的物种外,如绳状篮状菌(*T. funiculosus* (Thom) Samson)、马尔尼菲蓝状菌(*T. marneffei* (Segretain, Capponi & Sureau) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert),其准确鉴定主要依据分子种系学方法。国际上虽然选定了 rDNA ITS1-5.8S-ITS2(ITS)作为真菌的分子遗传标记码(genetic barcode),但 ITS 不能区分 *Talaromyces* 的近缘种,如艾米斯托克篮状菌(*T. amestolkiae* N. Yilmaz, Houbraken, Frisvad & Samson)和斯托尔篮状菌(*T. stollii* N. Yilmaz, Houbraken, Frisvad & Samson)。因此必须选择蛋白质基因作为候选遗传标记,如钙调蛋白基因(calmodulin gene)和 β -微管蛋白基因(β -tubulin gene, *BenA*), β -微管蛋白基因几乎可以区分 *Talaromyces* 的各个物种^[12]。在本研究中,我们依据形态学和基于 *BenA* 和 ITS 序列的分子种系学,鉴定出了 *Talaromyces* section *Purpurei* 的 2 个物种,即虫瘿蓝状菌 *T. cecidicola* (Seifert, Hoekstra & Frisvad) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert 和伪子座蓝状菌 *T. pseudostromaticus* (Hodges, G.M. Warner & Rogerson) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert,其中 *T. cecidicola* 菌株 WH6-2=AS3.16006 分离自河南卫辉农田土壤,*T. pseudostromaticus* 菌株 EJ2-12=AS3.16005 分离自内蒙古额济纳旗土壤。

1 材料与方法

1.1 菌株分离

土壤样品采自我国河南卫辉和内蒙古额济纳旗,样品约 25 g 置于无菌的塑料袋中封好。样品分离采用改进的 Malloch^[14] 的倍比稀释倾倒平皿法,即采用灭菌的 0.1% 羧甲基纤维素钠(CMC-Na, carboxymethyl cellulose sodium salt)或琼脂水溶液(agar water solution)代替无菌水制作样品悬浊液^[15],采用该分离方法分离效果很好,得到很多株蓝状菌。其中两株菌,即 WH6-2 和 EJ2-12 经鉴定属于 *Talaromyces* section *Purpurei* 并保存于中国普通微生物菌种保藏中心(China General Microbiological Culture Collection Center, CGMCC),保藏号分别为 AS3.16006 和 AS3.16005。

1.2 形态学研究

培养基及培养条件为查氏酵母精琼脂(CYA)25 °C、37 °C 和 5 °C,麦芽精琼脂(MEA)25 °C,均培养 7 d 后观察和描述^[16],菌落颜色的描述参照 Ridgway 的色谱^[17]。显微结构挑取在 MEA 25 °C 7 d 时的产孢子结构做光学显微镜载片观察和描述。

表 1 用于分子种系学分析的 *Talaromyces* Sect. *Purpurei* 的 10 种 12 株菌及外群 *T. helices* CBS 335.48^T

物种	菌株 ^a	<i>BenA</i>	ITS
<i>Talaromyces cecidicola</i> (Seifert, Hoekstra & Frisvad) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	CBS 101419 ^T =DAOM 233329	FJ753295	AY787844
	AS3.16006=WH6-2	MT192188	MT182957
<i>T. chlorolomus</i> Visagie & K. Jacobs	DAOM 241016 ^T =CV389	GU385736	FJ160273
<i>T. coalescens</i> (Quintan.) Samson, N. Yilmaz & Frisvad	CBS 103.83 ^T	JX091390	JN899366
<i>T. dendriticus</i> (Pitt) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	CBS 660.80 ^T	JX091391	JN899339
<i>T. pittii</i> (Quintan.) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	CBS 139.84 ^T	KJ865728	JN899325
<i>T. pseudostromaticus</i> (Hodges, G.M. Warner & Rogerson) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	CBS 470.70 ^T	HQ156950	JN899371
	AS3.16005=EJ2-12	MT192187	MT182956
<i>T. ptychoconidius</i> Visagie & K. Jacobs	DAOM 241017 ^T =CV2808=CV319	GU385733	FJ160266
<i>T. purpureus</i> (E. Müll. & Pacha-Aue) Stolk & Samson	CBS 475.71 ^T	GU385739	JN899328
<i>T. rademirici</i> (Quintan.) Samson, N. Yilmaz & Frisvad	CBS 140.84 ^T	KJ865734	JN899386
<i>T. ramulosus</i> (Visagie & K. Jacobs) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert	DAOM 241660 ^T =CV2837=CV113	FJ753290	EU795706
<i>T. helicus</i> (Raper & Fennell) C.R. Benj.	CBS 335.48 ^T	KJ865725	MH856373

注:a 模式菌株标有“T”, *T. helicus* CBS 335.48^T 为外群;本研究的 2 株菌用粗体显示。

1.3 分子种系学研究

DNA 的提取参考 Wang and Zhuang^[18]。扩增 *BenA* 的引物为 bt2a 和 bt2b^[19];扩增 ITS 引物选择 ITS5 和 ITS4^[20]。PCR 扩增反应在无菌的 0.2 mL 薄壁平盖 Eppendorf 管中进行,20 μL 反应体系含有基因组 DNA 1.0 μL,正向和反向引物(10 μM)各 0.5 μL,双蒸水 8 μL,2×PCR 扩增缓冲液(0.05 u/μL Taq polymerase, 4 mM MgCl₂, 0.4 mM dNTPs)10 μL。PCR 扩增反应程序为 94 °C 加热 3 min;然后共进行 30 个循环:94 °C 变性 30 s,50 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 30 s;最后在 72 °C 延伸 5 min。PCR 产物各取 5 μL 与 5 μL 的 100 bp DNA ladder 用 2.0% 的琼脂糖凝胶(agarose gel)在 80 V 电压下电泳 15 min,再用 0.5 g/mL 的溴乙锭(EB, ethidium bromide)染色 10 min 后在波长 365 和 254 nm 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 400 bp, ITS 约 600 bp)由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。原始序列用软件 Bioedit 7.0.9^[21] 进行人工校对、编辑,得到准确无误的全区段序列并提交到 GenBank。紫篮状菌组的 10 个物种的模式菌株和本研究的

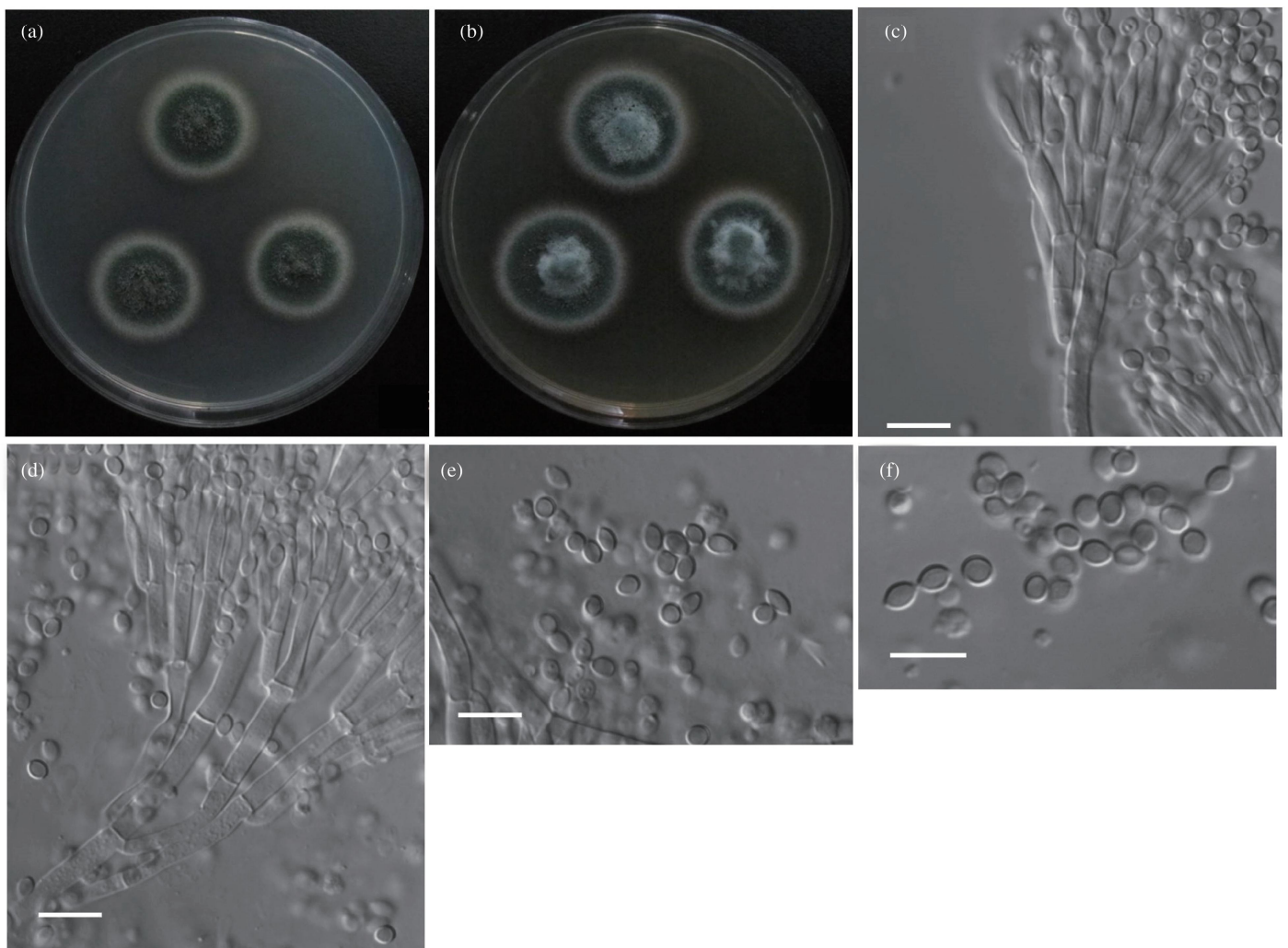
2 个菌株及外群螺旋蓝状菌(*T. helicus* (Raper & Fennell) C.R. Benj) 模式菌株 CBS 335.48 的 *BenA* 和 ITS 序列(Table 1), 以及 *BenA*-ITS 的组合序列分别用 MEGA 5^[22] 进行对位排列(alignment)后, 修剪掉序列不对齐的位点做成 3 个序列矩阵, 然后采用最大可能法(Maximum Likelihood, ML)分析, 并用自展法(bootstrap)进行 1000 次重复评估各分支的可靠性, 其中空格(gaps)选择“partial deletion^[23]”。另外, 这 3 个序列矩阵还采用贝叶斯法推断(Bayes Inference, BI)计算各分支的后验概率(posterior probability)^[24]。

2 结果

2.1 新纪录种的形态学描述

虫瘿篮状菌 *Talaromyces cecidicola* (Seifert, Hoekstra & Frisvad) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert, Stud. Mycol. 71: 175. 2011(图 1)。

≡ *Penicillium cecidicola* Seifert, Hoekstra & Frisvad, Stud. Mycol. 50: 520. 2004^[25]。



注:(a, b) 在 CYA 和 MEA 上 25 °C 7 d;(c, d) 分生孢子梗;(e, f) 分生孢子, 标尺:10 μm。

图 1 虫瘿篮状菌 *T. cecidicola* AS3.16006 的形态学性状

在查氏酵母膏琼脂(CYA)上 25 °C 7 d, 菌落直径 27-29 mm, 较薄, 平坦, 中央稍带短絮, 边缘于培养基内, 流苏状; 质地绒状兼短束状; 分生孢子结构大量, 暗绿色, 近于俄罗斯绿色至镍绿色(Russian Green to Nickel Green, R. Pl. XLII, XXXIII); 菌体白色; 无色小滴渗出液少量; 无可溶性色素; 背面中央呈暗红色, 近于栗色(Maroon, R. Pl. I), 边缘变浅至暖皮黄色(Warm Buff, R. Pl. XV)。

在麦芽精琼脂(MEA)上 25 °C 7 d, 菌落直径 31-33 mm, 较薄, 表面平坦, 中部稍厚, 边缘于培养基内, 流苏状; 质地绒状兼短束状; 分生孢子结构大量, 中部呈浅蓝绿色, 近于尼亚加拉绿色至深瓷绿色(Niagara Green to Dark Porcelain Green, R. Pl. XXXIII); 菌丝体呈白色; 淡黄小滴渗出液少量; 可溶性色素无; 背面中部呈褐红色, 近于维多利亚色(Victoria Lake, R. Pl. I), 外围变浅至浅褐黄色。

在 CYA 上 37 °C 7 d, 形成 2 mm 的菌落, 在 CYA 上 5 °C 7 d, 未生长。分生孢子梗发生于表面菌丝和

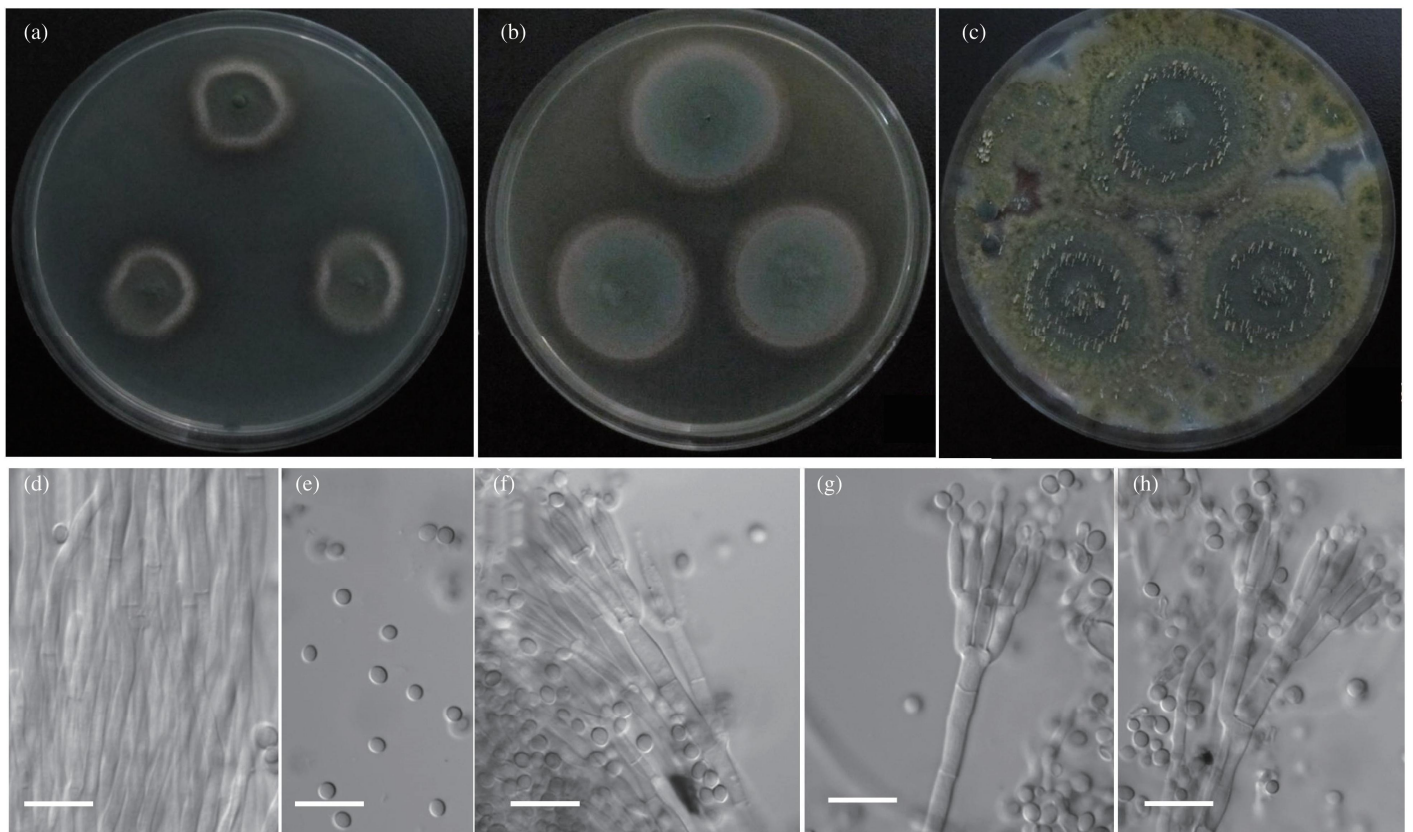
菌丝束,菌丝束 300-1000 μm ,孢梗茎 60-200 $\mu\text{m} \times 3-3.5 \mu\text{m}$,壁光滑;帚状枝双轮生、三轮生和四轮生或更复杂,排列不紧密;梗基每轮 4-8 个,10-15 $\mu\text{m} \times 2.5-3 \mu\text{m}$;瓶梗披针形,每轮 4-6 个,10-15 $\mu\text{m} \times 2.5-3 \mu\text{m}$,梗颈较短较细;分生孢子椭球形至柠檬形,3-4 $\mu\text{m} \times 2-3 \mu\text{m}$,壁光滑。

主要特征:生长较快,在 37 $^{\circ}\text{C}$ 生长局限,产生菌丝束但不明显,分生孢子暗蓝绿色;显微镜载片带绿色,帚状枝双轮生、三轮生和四轮生或更复杂,排列不紧密;瓶梗披针形,分生孢子椭球形至柠檬形,3-4 $\mu\text{m} \times 2-3 \mu\text{m}$,壁光滑. 该种产生次级代谢产物 apiculide A 及其它未定产物^[25]。

分布和基物:河南卫辉市庞寨乡柳卫村农田土壤 AS3.16006 = WH6-2, 35 $^{\circ}$ 26' 31.2"N 114 $^{\circ}$ 18' 10.8"E, 70 m。

伪子座篮状菌 *Talaromyces pseudostromaticus* (Hodges, G. M. Warner & Rogerson) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert, Stud. Mycol. 70: 176. 2011(图 2)。

\equiv *Penicillium pseudostromaticum* Hodges, G. M. Warner & Rogerson, Mycologia 62: 1106. 1970^[26]。



注:(a, b)在 CYA 和 MEA 上 25 $^{\circ}\text{C}$ 7 d;(c) 在 MEA 上 25 $^{\circ}\text{C}$ 14 d,可见向光性菌丝束;(d) 菌丝束结构;(e) 分生孢子;(f-h) 分生孢子梗,标尺:10 μm 。

图 2 伪子座篮状菌 *T. pseudostromaticus* AS3.16005 的形态学性状

在查氏酵母膏琼脂(CYA)上 25 $^{\circ}\text{C}$ 7 d,菌落直径 21-23 mm,较薄,平坦,边缘于培养基内,无规则;质地绒状;分生孢子结构大量,暗灰绿色,近于(Andover Green, R. Pl. XLVII);菌体白色;无渗出液;无可溶性色素;背面呈暗红色,近于牛血红色(Ox-Blood Red, R. Pl. XXXII)。

在麦芽精琼脂(MEA)上 25 $^{\circ}\text{C}$ 7 d,菌落直径 36-38 mm,较薄,表面平坦,边缘于培养基内,流苏状;质地绒状,14 d 后产生长约 5-8 mm 的菌丝束,具有向光性;分生孢子结构大量,暗灰绿色,近于(Andover Green to Pea Green, R. Pl. XLVII);菌丝体呈白色;渗出液无;可溶性色素无;背面呈红木色(Mahogany Red, R. Pl. II)。

在 CYA 上 37 $^{\circ}\text{C}$ 7 d,未生长,在 CYA 上 5 $^{\circ}\text{C}$ 7 d,未生长。

分生孢子梗发生于表面菌丝和菌丝束,14 d 后菌丝束长达 5-8 mm,孢梗茎 50-150 $\mu\text{m} \times 3-5 \mu\text{m}$,壁光滑;帚状枝双轮生,偶见三轮生和不规则生,排列紧密;副枝 2-4 个,排列紧,密,15-25 $\mu\text{m} \times 3-4 \mu\text{m}$;梗基每轮 4-6 个,排列紧密,10-15 $\mu\text{m} \times 2.5-4 \mu\text{m}$;瓶梗披针形,每轮 4-6 个,排列紧密,10-15 $\mu\text{m} \times 2.5-3 \mu\text{m}$;分生孢子近球形至椭球形,3-4 $\mu\text{m} \times 2-3 \mu\text{m}$,壁光滑。

主要特征:生长适度,在 MEA 上 14 d 后产生具有向光性的菌丝束;帚状枝双轮生,偶见三轮生和不规

则生,排列紧密;瓶梗披针形,分生孢子近球形至椭圆形,壁光滑。该种产生多种次级代谢产物,如 mitoru-brinic acid, secalonic acid D 和 *Monascus red pigment (azaphilone)*^[12]。

分布和基物:内蒙古额济纳旗胡杨林(*Populus euphratica* forest)土壤 AS3.16005 = EJ2-12, 42° 0' 36.0" N 101° 13' 26.4" E, 1300 m。

2.2 新纪录种的分子种系学证据

PCR 扩增 *BenA* 和 ITS 分别得到长约 400 bp 和 600 bp 序列的扩增子(amplicon), 经与 Sect. *Purpurei* 的 10 种模式菌株和外群模式菌株(Table 1)进行对位排列并修剪后分别得 447(*BenA*)个位点和 522 (ITS)个位点的矩阵,*BenA*-ITS 链接矩阵共 969 位点。

基于 *BenA*、ITS 和 *BenA*-ITS 这三个序列矩阵得到的系统发育树均显示菌株 AS3.16006 与 *T. cecidicola* 模式菌株 CBS 101419 同在一个分支,bootstrap 支持率分别为 100%、95%、99%, 后验概率分别为 1.00、0.98、1.00; 菌株 AS3.16005 与 *T. pseudostromaticus* 模式菌株 CBS 470.70 同在一个分支,bootstrap 支持率分别为 99%、99%、90%, 后验概率分别为 1.00、1.00、1.00。但在 ITS 的系统树中,*T. pseudostromaticus* 和 *T. pittii* (Quintan.) Samson, N. Yilmaz, Frisvad & Seifert 无法区分。*BenA* 和 *BenA*-ITS 均支持菌株 AS3.16006 鉴定为 *T. cecidicola*, AS3.16005 鉴定为 *T. pseudostromaticus*。单独 ITS 系统树分辨率较低,无法确定菌株 AS3.16005 的鉴定(图 3-5)。

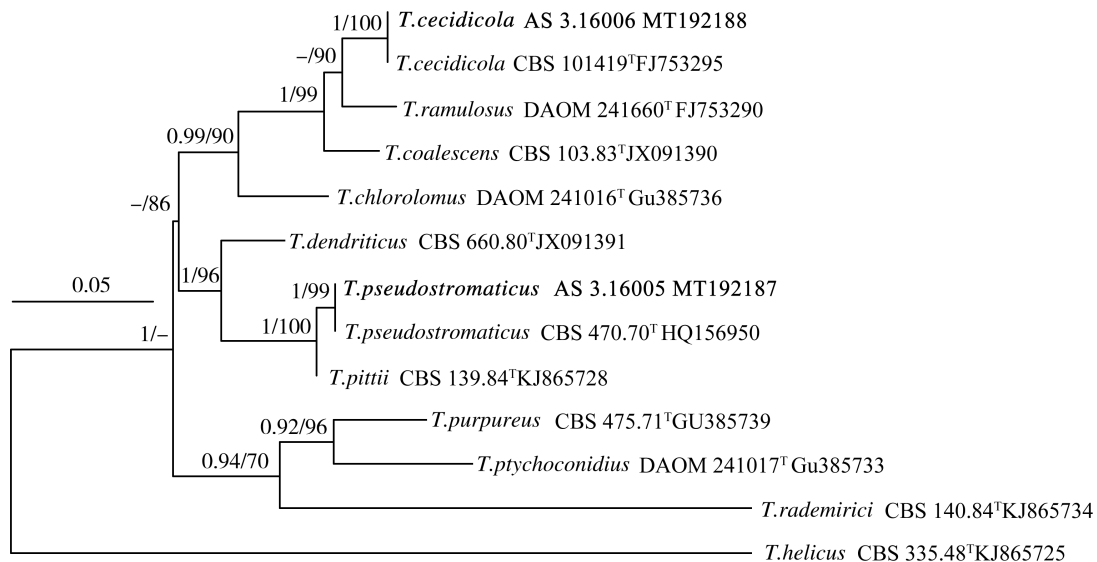


图 3 基于 *BenA* 的 ML 系统发育树。菌株 AS3.16006 与 *T. cecidicola* 的模式菌株 CBS 101419 同在一个分支,bootstrap 支持率为 100%,BI 后验概率为 1; 菌株 AS3.16005 与 *T. pseudostromaticus* 的模式菌株 CBS 470.70 同在一个分支,bootstrap 支持率为 99%,BI 后验概率为 1,标尺 = 0.05 每核苷酸替代率

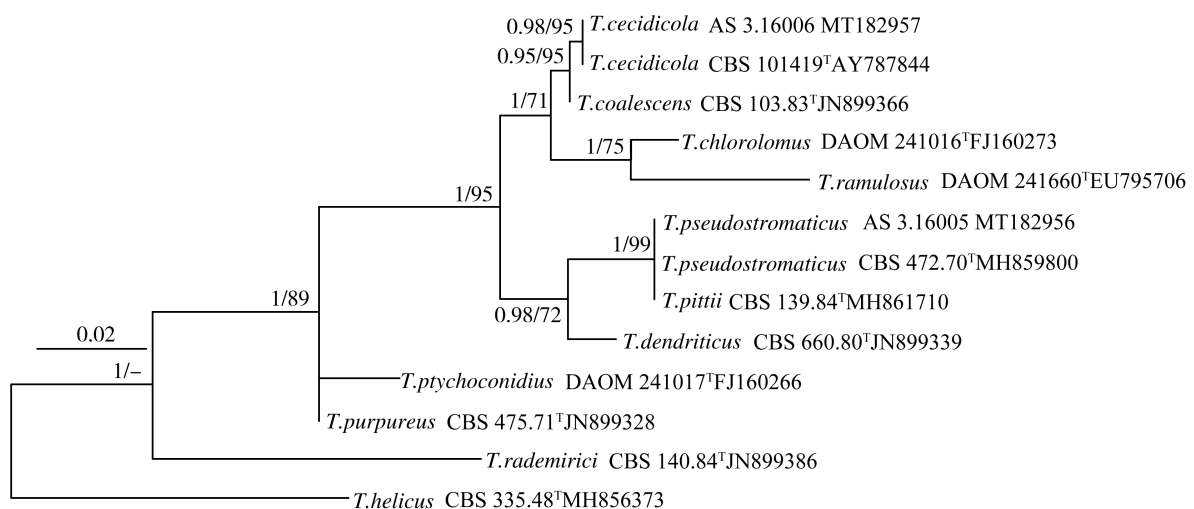


图 4 基于 ITS1-5.8S-ITS2 的 ML 系统发育树。菌株 AS3.16006 与 *T. cecidicola* 的模式菌株 CBS 101419 同在一个分支,bootstrap 支持率为 95%,BI 后验概率为 0.98; 菌株 AS3.16005 与 *T. pseudostromaticus* 的模式菌株 CBS 470.70 同在一个分支,bootstrap 支持率为 99%,BI 后验概率为 1,标尺 = 0.02 每核苷酸替代率

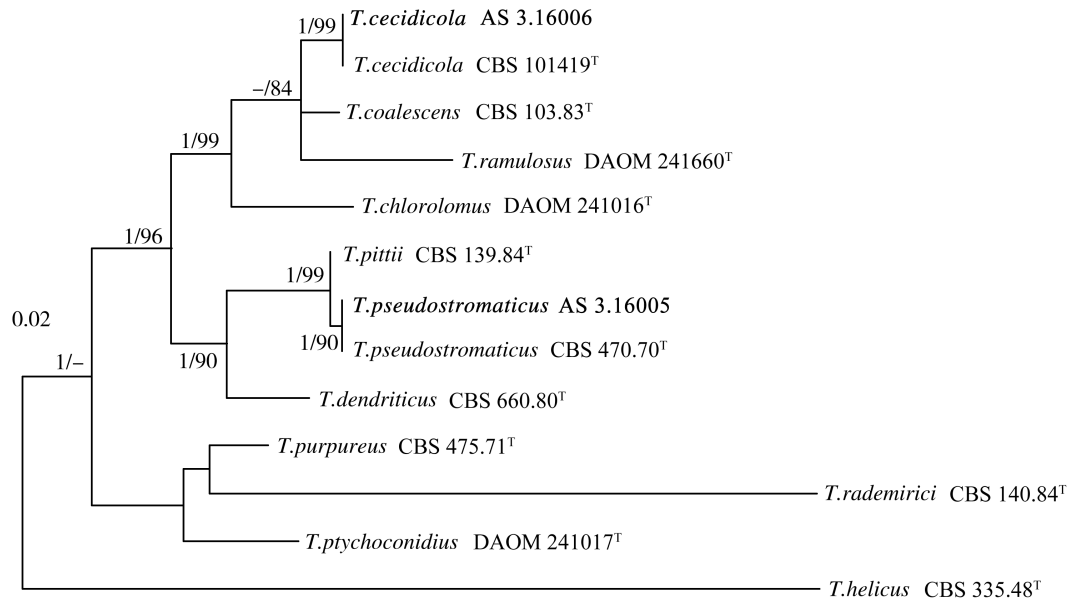


图5 基于*BenA*-ITS的ML系统发育树。菌株AS3.16006与*T. cecidicola*的模式菌株CBS 101419同在一个分支,bootstrap支持率为99%,BI后验概率为1;菌株AS3.16005与*T. pseudostromaticus*的模式菌株CBS 470.70同在一个分支,bootstrap支持率为90%,BI后验概率为1,标尺=0.02每核苷酸替代率

3 讨论

我国的*T. cecidicola*菌株AS3.16006比模式菌株CBS 101419生长稍慢(CYA: 27-29 vs. 33-34, MEA: 31-33 vs. 37-38 mm),而且其在CYA和MEA上产生绒状兼稍微颗粒状菌落,模式菌株则产生絮状兼绳状菌落。但在其它菌落形态上二者非常相似,比如它们均产生大量蓝绿色分生孢子,菌落背面呈棕红色,在37℃生长局限。在显微形态上,我国菌株AS3.16006产生一些比模式菌株相对复杂的分生孢子梗,但在其它方面则几乎完全相同,比如它们均产生大型的三轮生帚状枝,分生孢子呈椭球形至柠檬型,壁光滑^[12, 26]。在分子特征上,我国菌株AS3.16006与模式菌株的*BenA*和ITS序列完全相同,因此可以确定菌株AS3.16006鉴定为*T. cecidicola*(图3-5)。

*Talaromyces pseudostromaticus*是一个特征比较明显的种,比如其在培养时间较长时会产生向光性的菌丝束,产生双轮生和三轮生及不规则帚状枝和壁光滑的分生孢子。我国菌株AS3.16005均具有上述特征,而且其*BenA*和ITS序列与模式菌株CBS 470.70完全相同。虽然*T. pseudostromaticus*和*T. pittii*的ITS序列完全一样,但他们在形态上比较容易区分,例如*T. pittii*产生浸润状菌落且产生稀疏的分生孢子或几乎不产生分生孢子,而*T. pseudostromaticus*则产生绒状菌落和大量分生孢子。虽然*T. pittii*也产生菌丝束,但其长度要比*T. pseudostromaticus*的小得多(≤ 1 mm vs. 5-8 mm)。还有,*T. pittii*产生比较简单的双轮生和单轮生帚状枝,而*T. pseudostromaticus*则产生比较复杂的帚状枝,如双轮生、三轮生和不规则生^[12, 26]。根据以上这些形态区别,菌株AS3.16005不会被错误鉴定为*T. pittii*,而且依据*BenA*序列则可以可靠地区分它们(图3)。

参 考 文 献

- [1] FUJII T, HOSHINO T, INOUE H, et al. Taxonomic revision of the cellulose-degrading fungus *Acremonium cellulolyticum* nomen nudum to *Talaromyces* based on phylogenetic analysis[J]. FEMS Microbiological Letters, 2014, 351: 32-41.
- [2] GOYARI S, DWVI S H, BENGYELLA L, et al. Unveiling the optimal parameters for cellulolytic characteristics of *Talaromyces verruculosus* SGMNPf3 and its secretory enzymes[J]. Journal of Applied Microbiology, 2015, 119: 88-98.
- [3] YADAV B K, TARAFDAR J C. *Penicillium purpurogenum*, unique P solubilizers in Arid Agro-Ecosystems[J]. Arid Land Research and Management, 2011, 25: 7-99.
- [4] MAITY A, PAL R K, CHANDRA R, et al. *Penicillium pinophilum*-A novel microorganism for nutrient management in pomegranate (*Punica granatum* L)[J]. Scientia Horticulturae, 2014, 169: 111-117.
- [5] YAMAGIWA Y, INAGAKI Y, ICHINOSE Y, et al. *Talaromyces wortmannii* FS2 emits β -caryophyllene, which promotes plant growth and

- induces resistance[J].*Journal of General Plant Pathology*,2011,77:336-341.
- [6] FRISVAD J C, YILMAZ N, THRANE U, et al. *Talaromyces atroroseus*, a new species efficiently producing industrially relevant red pigments[J].*PLoS ONE*,2013,8(12):e84102.
- [7] PITT J I. The genus *Penicillium* and its teleomorphic states *Eupenicillium* and *Talaromyces*[M]. London, UK: Academic Press, 1979.
- [8] WANG L, ZHUANG W Y. Phylogenetic analyses of penicillia based on partial calmodulin gene sequences[J].*BioSystems*,2007,88:113-126.
- [9] HOUBRAKEN J, SAMSON R A. Phylogeny of *Penicillium* and the segregation of Trichocomaceae into three families[J].*Studies in Mycology*,2011,70:1-55.
- [10] SAMSON R A, YILMAZ N, HOUBRAKEN J, et al. Phylogeny and nomenclature of the genus *Talaromyces* and taxa accommodated in *Penicillium* subgenus *Biverticillium*[J].*Studies in Mycology*,2011,70:159-183.
- [11] MCNEILL J, BARRIE F R, BUCK W R, et al. International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Melbourne Code), Regnum Vegetabile 154[M]. Koenigstein, Germany: Koeltz Scientific Books, 2012.
- [12] YILMAZ N, VISAGIE C M, HOUBRAKEN J, et al. Polyphasic taxonomy of the genus *Talaromyces*[J].*Studies in Mycology*,2014,78:175-341.
- [13] KONG H Z, WANG L. Flora fungorum sinicorum vol. 35: *Penicillium* et teleomorphi cognati[M]. Beijing: Science Press, 2007:1-284 (in Chinese).
- [14] MALLOCH D. Moulds their isolation, cultivation and identification[M]. Toronto, Canada: University of Toronto Press, 1981.
- [15] WANG L, SUN J Q, JIN S Y. Two new records of *Talaromyces* section *Islandici* species from China[J].*Journal of Liaocheng University (Natural Science Edition)*,2020,33(4):78-84 (in Chinese).
- [16] SAMSON R A, HOUBRAKEN J, THRANE U, et al. Food and indoor fungi[M]. Utrecht, Netherlands: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, 2010.
- [17] RIDGWAY R. Color standards and color nomenclature[M]. Washington D C, USA: Published by the Author, 1912.
- [18] WANG L, ZHUANG W Y. Designing primer sets for amplification of partial calmodulin genes from penicillia[J].*Mycosystema*,2004,23:466-473.
- [19] GLASS N L, DONALDSON G C. Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous Ascomycetes[J].*Applied and Environmental Microbiology*,1995,61(4):1323-1330.
- [20] WHITE T J, BRUNS T, LEE S, et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[C].//Innis MA, Gelfand GH. PCR Protocols: a guide to methods and applications. San Diego: Academic Press, 1990.
- [21] HALL T A. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT[J].*Nucleic Acids Symposium Series*,1999,41:95-98.
- [22] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J].*Molecular Biology and Evolution*,2011,28(10):2731-2739.
- [23] HALL B G. Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA[J].*Molecular Biology and Evolution*,2013,30:1229-1235.
- [24] RONQUIST F, TESLENKO M, VAN D M, et al. MRBAYES 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model selection across a large model space[J].*Systematic Biology*,2012,61:539-542.
- [25] SEIFERT K A, HOEKSTRA ES, FRISVAD J C, et al. *Penicillium cecidicola*, a new species on cynipid insect galls on *Quercus pacifica* in the western United States[J].*Studies in Mycology*,2004,50:520.
- [26] HODGES C S J, WARNER G M, ROGERSON C T. A new species of *Penicillium*[J].*Mycologia*,1970,62:1106-1111.