

## 肉座菌目 3 个中国新记录种

吴晓倩<sup>1,2</sup>, 余知和<sup>3</sup>, 曾昭清\*<sup>1</sup>

1 中国科学院微生物研究所 真菌学国家重点实验室, 北京 100101

2 中国科学院大学, 北京 100049

3 长江大学 生命科学学院, 湖北 荆州 434025

吴晓倩, 余知和, 曾昭清. 肉座菌目 3 个中国新记录种[J]. 微生物学通报, 2025, 52(1): 373-382.

WU Xiaolian, YU Zhihe, ZENG Zhaoqing. Three new records of *Hypocreales* in China[J]. Microbiology China, 2025, 52(1): 373-382.

**摘要:** 【背景】土壤中蕴藏着丰富的丝状真菌, 这些真菌对生物多样性研究及新活性化合物开发具有重要意义。【目的】调查我国部分地区土壤真菌的物种多样性, 储备战略生物资源。【方法】利用稀释平板法分离土壤菌株, 测量菌落直径, 观察微观形态特征, 并提供详细描述和图示。提取菌丝 DNA, 测定内转录间隔区(internal transcribed spacer regions, ITS)和核糖体 DNA 大亚基(large subunit nuclear ribosomal DNA, LSU)序列, 采用贝叶斯法(Bayesian inference, BI)和最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树。【结果】综合形态特征和分子生物学结果, 发现肉座菌目(*Hypocreales*) 3 个种, 分别是微孢新枝顶孢(*Neoacremonium minutisporum*)、韦尔德威斯近帚枝霉(*Parasarocladium wereldwijsianum*)和萨西贾帚枝霉(*Sarocladium sasijaorum*)。【结论】参考国内已报道的肉座菌目物种, 确定这 3 个种为中国新记录种, 研究结果丰富了我国丝状真菌的物种多样性。

**关键词:** 子囊菌; 新枝顶孢属; 近帚枝霉属; 帚枝霉属; 系统发育

资助项目: 国家自然科学基金(32270009); 科技基础资源调查专项(2023FY101300, 2019FY100700); 中国科学院战略生物资源计划能力建设项目(KFJ-BRP-017-082)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (32270009), the Science & Technology Fundamental Resources Investigation Program (2023FY101300, 2019FY100700), and the Capacity-building Project of the Chinese Academy of Sciences for Strategic Biological Resources Program (KFJ-BRP-017-082).

\*Corresponding author. E-mail: zengzq@im.ac.cn

Received: 2024-04-26; Accepted: 2024-05-13; Published online: 2024-06-13

## Three new records of *Hypocreales* in China

WU Xiaoqian<sup>1,2</sup>, YU Zhihe<sup>3</sup>, ZENG Zhaoqing<sup>\*1</sup>

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

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3 College of Life Sciences, Yangtze University, Jingzhou 434025, Hubei, China

**Abstract:** **[Background]** Soil harbors abundant filamentous fungi which are of great significance for the research on biodiversity and the development of new bioactive compounds. **[Objective]** To investigate the soil fungal diversity in some areas of China and reserve biological resources. **[Methods]** Fungal strains were isolated by the dilution-plate method from soil samples. The colony characteristics and microscopic morphology of these strains were observed, measured, described and graphed. The genomic DNA was extracted from mycelia, and the ITS and LSU regions were sequenced. Bayesian inference and maximum likelihood methods were employed to construct phylogenetic trees. **[Results]** Based on the morphological characteristics and molecular data, three *Hypocreales* species, *Neocremonium minutisporum*, *Parasarocladium wereldwijnianum* and *Sarocladium sasijaorum* were identified. **[Conclusion]** Referring to the reported *Hypocreales* species in China, we confirmed these three species as new records in China. The results enrich the species diversity of fungi in China.

**Keywords:** *Ascomycetes*; *Neocremonium*; *Parasarocladium*; *Sarocladium*; phylogeny

肉座菌目(*Hypocreales*)建立于 1897 年<sup>[1]</sup>, 隶属于真菌界(*Fungi*)子囊菌门(*Ascomycota*)粪壳纲(*Sordariomycetes*)。其主要特征是子囊果为子囊壳, 极少数为闭囊壳, 肉质或炭质, 颜色鲜艳、白色, 罕见暗褐色、蓝紫色或黑色; 子囊单囊壁, 壁薄, 棒状、圆柱形, 偶尔阔棒状或近球形; 子囊孢子形状、大小各异, 无色至淡褐色, 具有一至多个分隔, 少数种类为砖格状或线形<sup>[2]</sup>。该目真菌世界广布, 尤其在热带、亚热带和温带地区具有丰富的物种多样性, 存在于陆地、淡水及海洋生境的土壤、水和空气中, 或植物、昆虫、苔藓、地衣和其他真菌的表面或内部<sup>[2-3]</sup>。Maharachchikumbura 等<sup>[4]</sup>将该目划分为 *Bionectriaceae*、*Clavicipitaceae*、*Cordycipitaceae*、*Hypocreaceae*、*Nectriaceae*、*Niessliaceae*、*Ophiocordyciptiaceae* 和

*Stachybotriaceae* 共 8 科。随后 *Calcarisporiaceae*<sup>[5]</sup>、*Cocoonihibitaceae*<sup>[6]</sup>、*Flammocliadiellaceae*<sup>[7]</sup>、*Myrotheciomyetaceae*<sup>[8]</sup>、*Sarocladiaceae*<sup>[9]</sup>、*Tilachliaceae*<sup>[10]</sup>、*Ijuhyaceae*、*Stromatonectriaceae*、*Xanthonectriaceae*<sup>[11]</sup>、*Polycephalomycetaceae*<sup>[12]</sup> 和 *Neocremoniaceae*<sup>[13]</sup> 陆续被纳入, 目前共包括 19 科 300 余属。其中的 *Neocremoniaceae* 由 Hou 等<sup>[13]</sup>于 2023 年建立, 目前仅包括模式属 *Neocremonium*, 该属共 5 种。*Sarocladiaceae* 由 Crous 等<sup>[9]</sup>于 2018 年建立, 包括 *Parasarocladium* 和 *Sarocladium*。*Parasarocladium* 包括 11 种, 主要存在于土壤、海洋、叶表, 部分种类具有耐盐特性<sup>[14-15]</sup>。*Sarocladium* 共 36 种, 部分成员是植物内生菌, 对植物具有良好的促生作用, 一些种类对重金属的吸收表现出良好的潜力<sup>[16-18]</sup>。

土壤中蕴含着丰富的丝状真菌<sup>[19-20]</sup>, 一些种类能够产生具有抗炎、抗肿瘤、抑菌和杀线虫活性的代谢产物<sup>[21-24]</sup>, 部分种对塑料<sup>[25]</sup>、染料<sup>[26]</sup>、重金属<sup>[27]</sup>等有害物质具有一定的降解能力, 在工农业和医药健康等领域具有广泛的应用潜力<sup>[26-30]</sup>。我国幅员辽阔、地形地貌复杂, 开展土壤真菌多样性研究对于储备战略生物资源和开发新的生物活性化合物兼具理论和实践意义。

本研究通过稀释涂布平板法对我国青海和山东部分地区的滩涂沉积物和土壤样品开展真菌多样性研究, 以期丰富我国肉座菌目真菌的物种多样性。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 样品

本研究的滩涂沉积物样品采集自山东省潍坊市弥河口和青岛市城阳区白沙河口, 土壤样品采集于青海省海西蒙古族藏族自治州德令哈市, 样品存放于 4 °C 冰箱。

### 1.2 培养基

海水马铃薯葡萄糖(sea salts-potato dextrose agar, ss-PDA)培养基(g/L): 马铃薯 200.0, 葡萄糖 20.0, 琼脂 20.0, 海盐 30.0; 海水麦芽浸膏(sea salts-malt extract agar, ss-MEA)培养基(g/L): 麦芽浸膏 30.0, 蛋白胨 3.0, 琼脂 20.0, 海盐 30.0; 玉米葡萄糖琼脂(cornmeal dextrose agar, CMD)培养基、合成低营养琼脂(synthetic nutrient-poor agar, SNA)培养基和燕麦琼脂(oatmeal agar, OA)培养基参照文献<sup>[31-33]</sup>配制。

### 1.3 主要试剂和仪器

植物基因组 DNA 提取试剂盒 DP305, 北京天根生化科技有限公司; 2×Rapid *Taq* Master Mix, 南京诺唯赞生物科技股份有限公司。光照培养箱, 上海一恒科学仪器有限公司; 恒温水浴锅, 金坛市杰瑞尔电器有限公司; 光学显微

镜, Wetzlar 公司; 显微镜相机, Jena 公司; PCR 仪, Applied Biosciences 公司。

### 1.4 菌株的分离

采用稀释平板法进行菌株分离, 研究菌株保藏于中国普通微生物菌种保藏中心(China General Microbiological Culture Collection Center, CGMCC)。

### 1.5 形态学观察

将菌块接种于 PDA、CMD、SNA 或 OA 培养基中, 置于 25 °C 光照培养箱中, 黑暗和光照交替 12 h 培养 7-14 d。记录菌株生长情况, 测量菌落直径, 观察菌落形态和颜色, 用光学显微镜观察并用显微镜相机拍照记录。

### 1.6 基因组 DNA 的提取、PCR 扩增及序列测定

利用植物基因组 DNA 提取试剂盒 DP305 提取菌丝基因组 DNA。采用通用引物 ITS5 (5'-GGTGAGAGATTTCTGTGC-3')和 ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')<sup>[34]</sup>, 以及 LR0R (5'-ACCCGCTGAACTTAAGC-3')和 LR5 (5'-ATCCTGAGGGAACTTC-3')<sup>[35]</sup>扩增内转录间隔区(internal transcribed spacer regions, ITS)序列和核糖体 DNA 大亚基(large subunit nuclear ribosomal DNA, LSU)序列。PCR 反应体系: 上、下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, 2×Rapid *Taq* Master Mix 12.5 μL, 模板 1 μL, 双蒸水补足 25 μL。PCR 反应条件(ITS): 95 °C 5 min; 95 °C 15 s, 55 °C 15 s, 72 °C 30 s, 35 个循环; 72 °C 10 min。PCR 反应条件(LSU): 95 °C 5 min; 95 °C 15 s, 50 °C 30 s, 72 °C 45 s, 30 个循环; 72 °C 10 min。扩增产物送北京诺赛基因组研究中心有限公司进行测序, 获得序列提交至 GenBank。

### 1.7 系统发育树的构建

使用 BioEdit 7.0.5.3<sup>[36]</sup>进行序列拼接、比对和编辑, 运用 BLASTn 在 NCBI (<https://www>.

ncbi.nlm.nih.gov/)数据库进行检索。对 ITS 序列分别采用最大似然法(maximum likelihood, ML)和贝叶斯法(Bayesian inference, BI)构建系统发育树。ML 分析使用 GTRCAT 模型通过 RAxML 进行<sup>[37]</sup>, 采用随机增加分类群的方法计算最大似然支持率(maximum likelihood bootstrap support, MLBS)。利用 MrModeltest v2<sup>[38]</sup>确定模型, 使用 MrBayes v3.2<sup>[39]</sup>进行 BI 分析, 使用 Markov Chain Monte Carlo (MCMC)检索运算 100 万代; 忽略前 2 500 棵树, 从剩余的树中计算贝叶斯支持率(Bayesian inference posterior probability,

BIPP)。生成的系统发育树使用 Tree View v1.6.6<sup>[40]</sup>查看。

## 2 结果与分析

### 2.1 中国新记录种的形态描述

#### 2.1.1 微孢新枝顶孢 图 1

*Neocremonium minutisporum* (Sukapure & Thirum.) L.W. Hou, L. Cai & Crous, in Hou, Giraldo, Groenewald, Rämä, Summerbell, Huang, Cai & Crous, Stud. Mycol. 105: 60, 2023.

≡ *Cephalosporium minutisporum* Sukapure & Thirum., Mycologia 55: 566, 1963.

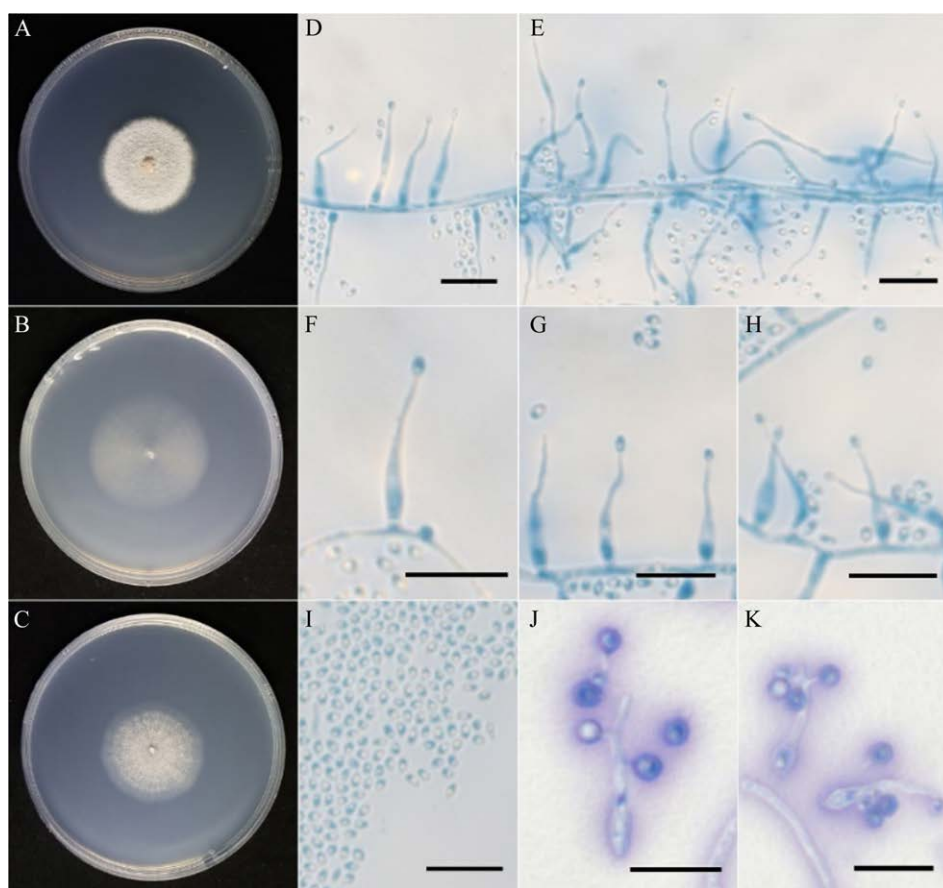


图 1 微孢新枝顶孢(CGMCC 3.22914)的菌落和微观特征 A-C: 25 °C培养 7 d 的菌落形态(A: PDA; B: CMD; C: SNA); D-H: 分生孢子梗和分生孢子; I: 分生孢子; J 和 K: 厚垣孢子。标尺: D-K, 10 μm。  
Figure 1 Colonies and microscopic structure of *Neocremonium minutisporum* (CGMCC 3.22914). A-C: Colonies after 7 d at 25 °C (A: PDA; B: CMD; C: SNA); D-H: Conidiophores and conidia; I: Conidia; J, K: Chlamydospores. Bars: D-K, 10 μm.

= *Acremonium minutisporum* (Sukapure & Thirum.) W. Gams, *Cephalosporium-artige Schimmelpilze* (Stuttgart): 51, 1971.

在 PDA 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 38–39 mm, 表面絮状, 气生菌丝致密, 淡粉色, 不产色素; 在 CMD 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 40–42 mm, 气生菌丝稀疏, 白色, 不产色素; 在 SNA 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 35–36 mm, 气生菌丝较稀疏, 白色, 不产色素。分生孢子梗无色, 不分枝或简单分枝, 产孢细胞为单瓶梗, 圆锥形, 长 12.5–26.0 μm, 基部宽 1.3–3.3 μm, 顶部宽 0.8–1.1 μm; 分生孢子卵圆形, 少数短杆形, 无分隔, 无色, 表面平滑,

(1.8–2.8) μm×(1.3–1.6) μm, 末端具黏性, 通常聚集成团; 厚垣孢子从分生孢子梗侧生, 球形至近球形, 表面平滑, 厚壁, (2.7–3.3) μm×(2.4–3.0) μm。

研究菌株: 菌株号: 46802 (保藏号 CGMCC 3.22914, ITS、LSU GenBank 登录号: PP455492、PP455504); 采集时间: 2022 年 9 月 27 日; 采集地点: 山东省潍坊市弥河口, 滩涂沉积物; 经纬度: 37°9′22″N, 119°9′15″E; 采集人: 朱海燕。

世界分布: 中国、印度。

### 2.1.2 韦尔德威斯近帚枝霉 图 2

*Parasarocladium wereldwijnianum* Hern.-Restr., in Crous et al., *Fungal Systematics and Evolution* 7: 312, 2021.

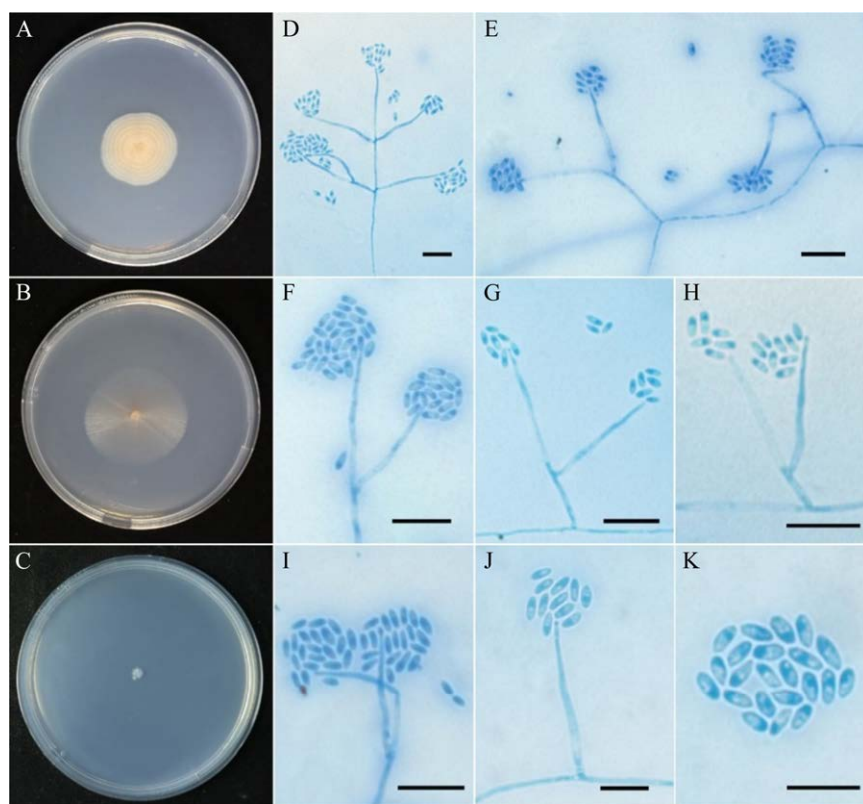


图 2 韦尔德威斯近帚枝霉(CGMCC 3.22904)的菌落和微观特征 A–C: 25 °C 培养 7 d 的菌落形态(A: PDA; B: CMD; C: SNA); D–J: 分生孢子梗和分生孢子; K: 分生孢子。标尺: D–K, 10 μm。

Figure 2 Colonies and microscopic structure of *Parasarocladium wereldwijnianum* (CGMCC 3.22904). A–C: Colonies after 7 d at 25 °C (A: PDA; B: CMD; C: SNA); D–J: Conidiophores and conidia; K: Conidia. Bars: D–K, 10 μm.

在 PDA 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 32–33 mm, 表面絮状, 气生菌丝致密, 肉粉色, 不产色素; 在 CMD 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 44–45 mm, 气生菌丝稀疏, 白色, 不产色素; 在 SNA 培养基上, 25 °C 生长 7 d 菌落直径 0.5–0.6 mm, 气生菌丝极稀疏, 白色, 不产色素。分生孢子梗无色, 不分枝或简单分枝, 产孢细胞为单瓶梗, 圆锥形, 长 23.5–32.4 μm, 基部宽 1.4–2.1 μm, 顶部宽 0.6–1.2 μm; 分生孢子椭圆形至纺锤形, 无分隔, 无色, 表面平滑, (4.0–5.8) μm × (1.6–2.8) μm, 末端具黏性, 通常聚集成团。

研究菌株: 菌株号: BS01 (保藏号 CGMCC 3.22904, ITS、LSU GenBank 登录号: PP455493、PP455505); 采集时间: 2022 年 9 月 30 日; 采集地点: 山东省青岛市城阳区白沙河口, 滩涂沉积物; 经纬度: 36°15'42"N, 120°18'25"E; 采集人: 王蒙蒙。

世界分布: 中国、荷兰。

### 2.1.3 萨西贾帚枝霉 图 3

*Sarocladium sasijaorum* Hern.-Restr., in Crous et al., Fungal Systematics and Evolution 7: 326, 2021.

在 PDA 培养基上, 25 °C 生长 14 d 菌落直径 26–30 mm, 表面絮状, 气生菌丝致密, 白色,

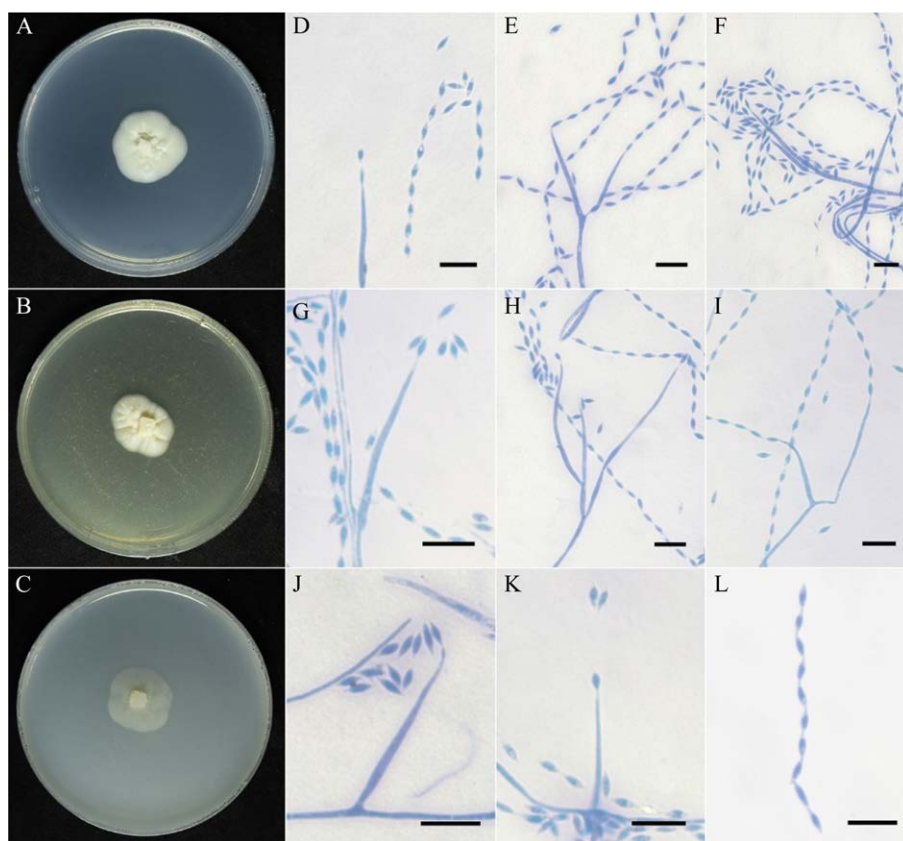


图 3 萨西贾帚枝霉(CGMCC 3.22938)的菌落和微观特征 A–C: 25 °C 培养 14 d 的菌落形态(A: PDA; B: MEA; C: OA); D–K: 分生孢子梗和分生孢子; L: 分生孢子。标尺: D–L, 10 μm。

Figure 3 Colonies and microscopic structure of *Sarocladium sasijaorum* (CGMCC 3.22938). A–C: Colonies after 14 d at 25 °C (A: PDA; B: MEA; C: OA); D–K: Conidiophores and conidia; L: Conidia. Bars: D–L, 10 μm.

不产色素；在 MEA 培养基上，25 °C 生长 14 d 菌落直径 18–24 mm，气生菌丝致密，白色，不产色素；在 OA 培养基上，25 °C 生长 14 d 菌落直径 26–30 mm，气生菌丝稀疏，白色，不产色素。分生孢子梗无色，不分枝，产孢细胞为单瓶梗，圆锥形，长 21.3–41.6 μm，基部宽 1.2–2.1 μm，顶部宽 0.7–1.0 μm；分生孢子纺锤形，成熟后呈柠檬形，末端尖，无分隔，无色，表面平滑，(4.7–6.1) μm×(1.3–1.9) μm。

研究菌株：菌株号：26011 (保藏号 CGMCC 3.22938, ITS、LSU GenBank 登录号：PP455494、PP455506)；采集时间：2021 年 4 月 24 日；采集地点：青海省海西蒙古族藏族自治州德令哈

市，根基土壤；经纬度：37°32′25″N, 95°11′21″E；采集人：魏鑫丽、张婷婷。

世界分布：中国、荷兰。

## 2.2 系统发育分析

为了清晰地显示 3 个种的系统发育位置，选择肉座菌目的 26 种 29 个菌株，以 *Stachybotrys chartarum* 为外群，采用 ML 和 BI 方法构建 ITS 序列系统发育树。结果显示，BI 树和 ML 树的拓扑结构基本一致，最大似然法分析产生的进化树显示菌株 46802、BS01 和 26011 分别与 *Neocremonium minutisporum*、*Parasarocladium wereldwijsianum* 和 *Sarocladium sasijaorum* 聚类在一起(图 4)，从而支持了上述形态学研究结果。

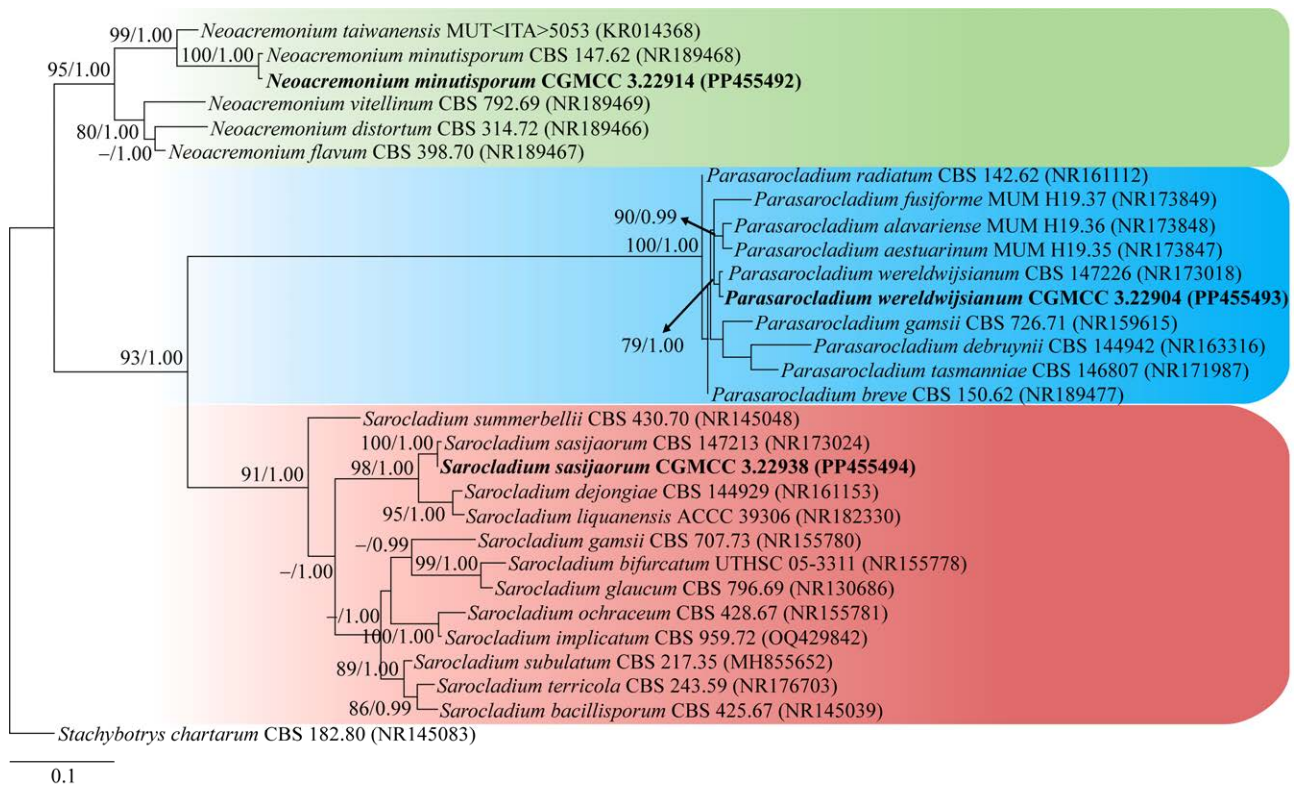


图 4 基于 ITS 序列构建的最大似然树 粗体显示 3 个中国新记录种；括号中文本为 GenBank 登录号；最大似然支持率大于 75%、贝叶斯支持率大于 0.90 标注于分支节点上左、右侧；标尺表示进化距离。

Figure 4 Maximum likelihood phylogram constructed from ITS sequences. The three Chinese new records are shown in bold; Text in brackets presented GenBank accession number; MLBS>75% (left) and BIPP>0.90 (right) are indicated at the nodes; Scale label presented distance scale.

### 3 讨论

微孢新枝顶孢最初由 Sukapure 和 Thirumalachar<sup>[41]</sup>描述,发现于印度的盐沼土壤。菌株 CGMCC 3.22914 分离自山东潍坊滩涂沉积物,其菌落形态、分生孢子等特征与 Hou 等<sup>[13]</sup>的描述基本一致,中国菌株与印度模式菌株(CBS 147.62)相比,在 PDA 培养基上的气生菌丝较致密,分生孢子略短(1.8–2.8  $\mu\text{m}$  vs. 2.5–4.3  $\mu\text{m}$ )。基于 ITS 序列构建的系统发育树显示,CGMCC 3.22914 与 CBS 147.62 以高支持率聚类在一起(MLBS/BIPP=100%/1.00),它们的 ITS 序列相差 2 bp (486/488)、LSU 序列相差 1 bp (867/868),上述差异被视为种内变异。

最初韦尔德威斯近帚枝霉被发现于其模式产地荷兰乌得勒支的土壤中<sup>[42]</sup>,菌株 CGMCC 3.22904 分离自山东省青岛市的滩涂沉积物,其菌落形态、分生孢子等特征与 Crous 等<sup>[42]</sup>的原始描述基本一致,仅瓶梗顶部较窄(0.6–1.2  $\mu\text{m}$  vs. 1.0–1.5  $\mu\text{m}$ )。基于 ITS 序列构建的系统发育树显示,CGMCC 3.22904 与 CBS 147226 聚为一支(MLBS/BIPP=79%/1.00),二者的 ITS 序列相差 3 bp (555/558),LSU 完全相同(852/852),本研究将上述差异视为种内变异。

萨西贾帚枝霉由 Crous 等<sup>[42]</sup>描述,过去仅发现于荷兰,本研究菌株 CGMCC 3.22938 分离自青海省海西土壤,其菌落形态、分生孢子等特征与原始描述基本一致,仅瓶梗略长(21.3–41.6  $\mu\text{m}$  vs. 16–32  $\mu\text{m}$ ),瓶梗顶部稍窄(0.7–1.0  $\mu\text{m}$  vs. 1.0–1.5  $\mu\text{m}$ )。基于 ITS 序列构建的系统发育树显示,CGMCC 3.22938 与 CBS 147213 聚类在一起(MLBS/BIPP=100%/1.00),其 ITS 序列相差 1 bp (489/490),LSU 完全相同(779/779),本研究将上述差异视为种内变异。

### 4 结论

综合形态学特征和分子生物学结果,发现分离自青海省海西土壤和山东滩涂沉积物样品的 3 个肉座菌目真菌为中国新记录种。研究结果对中国土壤真菌物种多样性及其地理分布进行了补充,对于丰富真菌资源及新生物活性化合物的探索开发具有一定价值。

### 致谢

感谢中国科学院微生物研究所魏鑫丽、黄婷、王蒙蒙和朱海燕在样品采集和菌株分离中的帮助。

### REFERENCES

- [1] LINDAU G. *Hypocreales*[A]. Engler HA, Prantl KA (eds.) Die Natürlichen Pflanzenfamilien. part I, section 1[M]. Leipzig: Verlag W. Engelmann, 1897: 343-372.
- [2] ROSSMAN AY, SAMUELS GJ, ROGERSON CT, LOWEN R. Genera of *Bionectriaceae*, *Hypocreaceae* and *Nectriaceae* (*Hypocreales*, *Ascomycetes*)[J]. *Studies in Mycology*, 1999(42): 1-248.
- [3] HYDE KD, NORPHANPHOUN C, MAHARACHCHIKUMBURA SSN, BHAT DJ, JONES EBG, BUNDHUN D, CHEN YJ, BAO DF, BOONMEE S, CALABON MS, CHAIWAN N, CHETHANA KWT, DAI DQ, DAYARATHNE MC, DEVADATHA B, DISSANAYAKE AJ, DISSANAYAKE LS, DOILOM M, DONG W, FAN XL, et al. Refined families of *Sordariomycetes*[J]. *Mycosphere*, 2020, 11: 305-1059.
- [4] MAHARACHCHIKUMBURA SSN, HYDE KD, GARETH JONES EB, MCKENZIE EHC, HUANG SK, ABDEL-WAHAB MA, DARANAGAMA DA, DAYARATHNE M, D'SOUZA MJ, GOONASEKARA ID, HONGSANAN S, JAYAWARDENA RS, KIRK PM, KONTA S, LIU JK, LIU ZY, NORPHANPHOUN C, PANG KL, PERERA RH, SENANAYAKE IC, et al. Towards a natural classification and backbone tree for *Sordariomycetes*[J]. *Fungal Diversity*, 2015, 72(1): 199-301.
- [5] SUN JZ, LIU XZ, HYDE KD, ZHAO Q, MAHARACHCHIKUMBURA SSN, CAMPORESI E, BHAT J, NILTHONG S, LUMYONG S. *Calcarisporium xylariicola* sp. nov. and introduction of *Calcarisporiaceae* fam. nov. in *Hypocreales*[J]. *Mycological Progress*, 2017, 16(4): 433-445.
- [6] ZHUANG WY, ZENG ZQ. *Cocoonihibitus sinensis* gen. et sp. nov. on remaining leaf veins of cocoons in a new family (*Cocoonihibitaceae* fam. nov.) of *Hypocreales*[J]. *Mycosystema*, 2017, 36(12): 1591-1598.



- [7] CROUS PW, SCHUMACHER RK, LOMBARD L, GIRALDO A, CHRISTENSEN M, GARDIENNET A, NAKASHIMA C, PEREIRA OL, SMITH A, GROENEWALD JZ. Fungal systematics and evolution: fuse 1[J]. *Sydowia*, 2015, 67: 81-118.
- [8] CROUS PW, WINGFIELD MJ, BURGESS TI, ST J HARDY GE, GENÉ J, GUARRO J, BASEIA IG, GARCÍA D, GUSMÃO LFP, SOUZA-MOTTA CM, THANGAVEL R, ADAMČÍK S, BARILI A, BARNES CW, BEZERRA JDP, BORDALLO JJ, CANO-LIRA JF, DE OLIVEIRA RJV, ERCOLE E, HUBKA V, et al. Fungal planet description sheets: 716-784[J]. *Persoonia*, 2018, 40: 240-393.
- [9] CROUS PW, LUANGSA-ARD JJ, WINGFIELD MJ, CARNEGIE AJ, HERNÁNDEZ-RESTREPO M, LOMBARD L, ROUX J, BARRETO RW, BASEIA IG, CANO-LIRA JF, MARTÍN MP, MOROZOVA OV, STCHIGEL AM, SUMMERELL BA, BRANDRUD TE, DIMA B, GARCÍA D, GIRALDO A, GUARRO J, GUSMÃO LFP, et al. Fungal planet description sheets: 785-867[J]. *Persoonia*, 2018, 41: 238-417.
- [10] LOMBARD L, van der MERWE NA, GROENEWALD JZ, CROUS PW. Generic concepts in *Nectriaceae*[J]. *Studies in Mycology*, 2015, 80: 189-245.
- [11] PERERA RH, HYDE KD, JONES EBG, MAHARACHCHIKUMBURA SSN, BUNDHUN D, CAMPORESI E, AKULOV A, LIU JK, LIU ZY. Profile of *Bionectriaceae*, *Calcarisporiaceae*, *Hypocreaceae*, *Nectriaceae*, *Tilachliidiaceae*, *Ijuhyaceae* fam. nov., *Stromatonectriaceae* fam. nov. and *Xanthonectriaceae* fam. nov.[J]. *Fungal Diversity*, 2023, 118(1): 95-271.
- [12] XIAO YP, WANG YB, HYDE KD, ELENÍ G, SUN JZ, YANG Y, MENG J, YU H, WEN TC. *Polycephalomycetaceae*, a new family of clavicipitoid fungi segregates from *Ophiocordycipitaceae*[J]. *Fungal Diversity*, 2023, 120(1): 1-76.
- [13] HOU LW, GIRALDO A, GROENEWALD JZ, RĂMĂ T, SUMMERBELL RC, HUANG GZ, CAI L, CROUS PW. Redispersion of acremonium-like fungi in *Hypocreales*[J]. *Studies in Mycology*, 2023, 105(1): 23-203.
- [14] CROUS PW, COWAN DA, MAGGS-KÖLLING G, YILMAZ N, LARSSON E, ANGELINI C, BRANDRUD TE, DEARNALEY JDW, DIMA B, DOVANA F, FECHNER N, GARCÍA D, GENÉ J, HALLING RE, HOUBRAKEN J, LEONARD P, LUANGSA-ARD JJ, NOISRIPOOM W, REA-IRELAND AE, ŠEVČÍKOVÁ H, et al. Fungal planet description sheets: 1112-1181[J]. *Persoonia*, 2020, 45: 251-409.
- [15] GONÇALVES MFM, VICENTE TFL, ESTEVES AC, ALVES A. Novel halotolerant species of *Emericellopsis* and *Parasarocladium* associated with macroalgae in an estuarine environment[J]. *Mycologia*, 2020, 112(1): 154-171.
- [16] GARCÍA-LATORRE C, RODRIGO S, MARIN-FELIX Y, STADLER M, SANTAMARIA O. Plant-growth promoting activity of three fungal endophytes isolated from plants living in dehesas and their effect on *Lolium multiflorum*[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13: 7354.
- [17] ZHANG LH, WANG CH, GUO BY, YUAN ZD, ZHOU XY. Reproductive strategy response of the fungi *Sarocladium* and the evaluation for remediation under stress of heavy metal Cd(II)[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2024, 271: 115967.
- [18] GONG QH, XIANG L, YE BT, LIU D, WANG HM, MA LY, LU XL. Characterization of an antimony-resistant fungus *Sarocladium kiliense* ZJ-1 and its potential as an antimony bio-remediator[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 462: 132676.
- [19] LIU C, WANG XC, YU ZH, ZHUANG WY, ZENG ZQ. Seven new species of *Eurotiales* (*Ascomycota*) isolated from tidal flat sediments in China[J]. *Journal of Fungi*, 2023, 9(10): 960.
- [20] WANG XC, ZHANG ZK, ZHUANG WY. Species diversity of *Penicillium* in southwest China with discovery of forty-three new species[J]. *Journal of Fungi*, 2023, 9(12): 1150.
- [21] WANG GS, YUAN YL, LI ZK, ZHU JH, SHE ZG, CHEN Y. Cytosporones with anti-inflammatory activities from the mangrove endophytic fungus *Phomopsis* sp. QYM-13[J]. *Marine Drugs*, 2023, 21(12): 631.
- [22] ZENG WN, JIN C, WANG B, CHEN LY, PAN CX, CHEN SJ, HUANG GL, ZHENG CJ. Secondary metabolites from the mangrove-derived fungus *Penicillium* sp. TGM112 and their bioactivities[J]. *Chemistry of Natural Compounds*, 2022, 58(3): 574-577.
- [23] ZHONG LF, LING J, LUO LX, YANG CN, LIANG X, QI SH. *Lecanicilliums* A-F, thiodiketopiperazine-class alkaloids from a mangrove sediment-derived fungus *Lecanicillium kalimantanense*[J]. *Marine Drugs*, 2023, 21(11): 575.
- [24] 刘宇. 土壤真菌 *Aspergillus ochraceus* 次级代谢产物生物活性物质研究[D]. 青岛: 青岛理工大学硕士学位论文, 2019.
- LIU Y. Study on secondary metabolites and biological activities of fungus *Aspergillus ochraceus*[D]. Qingdao: Master's Thesis of Qingdao University of Technology, 2019 (in Chinese).
- [25] 杨帅. 深海塑料降解真菌的多样性及一株深海真菌耐盐枝孢 *Cladosporium halotolerans* 6UPA1 降解水性聚氨酯的机制初探[D]. 厦门: 自然资源部第三海洋研究所硕士学位论文, 2021.
- YANG S. The diversity of plastic degrading fungi in deep-sea sediments and preliminary study on the degradation mechanism of waterborne polyurethane by a deep-sea fungus *Cladosporium halotolerans* 6UPA1[D]. Xiamen: Master's Thesis of Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, 2021 (in Chinese).
- [26] 陈梦扬, 姚泽秀, 李永春, 吴涵韬, 徐秋芳, 魏健, 秦华. 雷竹林土壤染料降解真菌筛选与脱色效果初步研究[J]. *浙江农林大学学报*, 2016, 33(3): 418-426.
- CHEN MY, YAO ZX, LI YC, WU HT, XU QF, WEI J, QIN H. Decolorizing synthetic dyes with fungi screened from a *Phyllostachys violascens* stand[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2016, 33(3): 418-426 (in Chinese).
- [27] 李媛媛. 钩状木霉 BSL01 去除重金属 Cr(VI) 的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学硕士学位论文, 2019.
- LI YY. Removal of heavy metal Cr(VI) by *Trichoderma hamatum* BSL01[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Forestry University, 2019 (in Chinese).
- [28] 赵江源, 范箫艺, 邹雪峰, 杨佩文, 唐蜀昆, 李铭刚,

- 刘世巍, 丁建海. 土壤真菌 *Aspergillus fumigatus* 固体发酵产物的化学成分及抗氧化活性研究[J]. 天然产物研究与开发, 2022, 34(1): 70-75.
- ZHAO JY, FAN XY, ZOU XF, YANG PW, TANG SK, LI MG, LIU SW, DING JH. Study on chemical composition and antioxidant activity of solid fermented product of soil fungus *Aspergillus fumigatus*[J]. Natural Product Research and Development, 2022, 34(1): 70-75 (in Chinese).
- [29] 陈丽君, 张宝新, 张杭锋, 张辉, 王继栋. 土壤真菌 *Curvularia affinis* HS-FG-196 抗肿瘤化学成分的再研究[J]. 天然产物研究与开发, 2019, 31(5): 838-842.
- CHEN LJ, ZHANG BX, ZHANG HF, ZHANG H, WANG JD. Further study on the antitumor chemical constituents from soil fungus *Curvularia affinis* HS-FG-196[J]. Natural Product Research and Development, 2019, 31(5): 838-842 (in Chinese).
- [30] 邹进梅. 三株三七土壤真菌次生代谢产物及其生物活性研究[D]. 昆明: 云南大学硕士学位论文, 2021.
- ZOU JM. Secondary metabolites and their bioactivities of three rhizospheric fungi from *Panax notoginseng*[D]. Kunming: Master's Thesis of Yunnan University, 2021 (in Chinese).
- [31] 周静, 陈敏, 李筠, 刘云章, 王长云. 一株枝网刺柳珊瑚共附生真菌 *Peniophora* sp. 次级代谢产物研究[J]. 中国海洋药物, 2012, 31(4): 8-13.
- ZHOU J, CHEN M, LI Y, LIU YZ, WANG CY. Secondary metabolites from a fungus *Peniophora* sp. isolated from a gorgonian *Echinogorgia* sp.[J]. Chinese Journal of Marine Drugs, 2012, 31(4): 8-13 (in Chinese).
- [32] NIRENBERG HI. Studies on the morphologic and biologic differentiation in *Fusarium* section *Liseola*[J]. Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, 1976, 169: 1-117.
- [33] CROUS PW, VERKLEY GJM, GROENEWALD JZ, SAMSON RA. Fungal Biodiversity. CBS Laboratory Manual Series[M]. Utrecht: Westerdijk Fungal Biodiversity Institute, 2009: 1-269.
- [34] WHITE TJ, BRUNS T, LEE S, TAYLOR J. Amplification and Direct Sequencing of Fungal Ribosomal RNA Genes for Phylogenetics[M]//PCR Protocols. Amsterdam: Elsevier, 1990: 315-322.
- [35] REHNER SA, SAMUELS GJ. Taxonomy and phylogeny of *Gliocladium* analysed from nuclear large subunit ribosomal DNA sequences[J]. Mycological Research, 1994, 98(6): 625-634.
- [36] HALL TA. 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.
- [37] STAMATAKIS A. RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models[J]. Bioinformatics, 2006, 22(21): 2688-2690.
- [38] NYLANDER JAA. MrModeltest v2. Program distributed by the author[J]. Bioinformatics, 2004, 24: 581-583.
- [39] RONQUIST F, TESLENKO M, van der MARK P, AYRES DL, DARLING A, HÖHNA S, LARGET B, LIU L, SUCHARD MA, HUELSENBECK JP. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space[J]. Systematic Biology, 2012, 61(3): 539-542.
- [40] PAGE RDM. Tree View: an application to display phylogenetic trees on personal computers[J]. Computer Applications in the Biosciences, 1996, 12(4): 357-358.
- [41] SUKAPURE RS, THIRUMALACHAR MJ. Studies on *Cephalosporium* species from India: I[J]. Mycologia, 1963, 55(5): 563-569.
- [42] CROUS PW, HERNÁNDEZ-RESTREPO M, SCHUMACHER RK, COWAN DA, MAGGS-KÖLLING G, MARAIS E, WINGFIELD MJ, YILMAZ N, ADAN OCG, AKULOV A, ÁLVAREZ DUARTE E, BERRAF-TEBBAL A, BULGAKOV TS, CARNEGIE AJ, de BEER ZW, DECOCK C, DIJKSTERHUIS J, DUONG TA, EICHMEIER A, HIEN LT, et al. New and interesting fungi. 4[J]. Fungal Systematics and Evolution, 2021, 7: 255-343.