

采自吉林省敦化市的 2 个蘑菇目(*Agaricales*)新记录种

饶固¹, 李丹¹, 邱成², 张波^{*1}, 李玉^{*1}

1 吉林农业大学食药菌教育部工程研究中心, 吉林 长春 130118

2 敦化市太平国营林场, 吉林 敦化 133700

饶固, 李丹, 邱成, 张波, 李玉. 采自吉林省敦化市的 2 个蘑菇目(*Agaricales*)新记录种[J]. 微生物学通报, 2022, 49(9): 3849-3859

Rao Gu, Li Dan, Qiu Cheng, Zhang Bo, Li Yu. Two new record species of *Agaricales* from Dunhua city, Jilin province[J]. Microbiology China, 2022, 49(9): 3849-3859

摘 要: 【背景】在中国吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷进行大型真菌资源调查的过程中发现了 2 个物种。【目的】确定这 2 个物种的分类地位。【方法】采集大型真菌标本, 对其形态进行仔细观察和描述, 并提取 DNA、测定 rDNA ITS 序列, 基于最大似然法和贝叶斯法构建分子系统发育树。【结果】鉴定结果表明, 这 2 个蘑菇目物种分别是径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)和拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*), 在形态上与原始描述高度吻合, 系统发育分析也验证了形态学的鉴定结果。【结论】拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)系中国首次报道, 径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)为吉林省新记录种。

关键词: 大型真菌; 形态学; 系统发生学; 刺毛鬼伞属; 红菇属

Two new record species of *Agaricales* from Dunhua city, Jilin province

RAO Gu¹, LI Dan¹, QIU Cheng², ZHANG Bo^{*1}, LI Yu^{*1}

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

2 Taiping State-owned Forest Farm, Dunhua 133700, Jilin, China

Abstract: [Background] Two species were discovered during the investigation of macrofungal resources in Hancongling Red Leaf Valley, Dunhua city, Yanbian Korean Autonomous Prefecture, Jilin

基金项目: 新疆生产建设兵团重点领域科技攻关计划(2021AB004); 国家重点研发计划(2018YFE0107800, 2019YFD1001905-33); 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS20)

Supported by: Scientific and Technological Tackling Plan for Key Fields of Xinjiang Production and Construction Corps (2021AB004); National Key Research and Development Program of China (2018YFE0107800, 2019YFD1001905-33); Earmarked Fund for Modern Agroindustry Technology Research System (CARS20)

*Corresponding authors: E-mail: ZHANG Bo: zhangbofungi@126.com; LI Yu: yuli966@126.com

Received: 2022-01-06; Accepted: 2022-02-10; Published online: 2022-03-23

province, China. **[Objective]** To determine the taxonomic status of the two species. **[Methods]** The samples of macrofungi were collected, and their morphology was observed and described in detail. After DNA extraction, the rDNA ITS sequence of each species was determined, and phylogenetic trees were constructed based on maximum likelihood method and Bayesian inference. **[Results]** The two species were respectively identified as *Tulosesus callinus* and *Russula lakhanpalii*, with the morphology consistent with the original description. The phylogenetic analysis confirmed the identification results based on morphology. **[Conclusion]** *R. lakhanpalii* is firstly reported in China and *T. callinus* is a new record species in Jilin province.

Keywords: macrofungi; morphology; phylogeny; *Tulosesus*; *Russula*

大型真菌, 即广义上的“蘑菇”, 也被叫作“蕈菌”, 是指“肉眼可见, 徒手可摘”的一类真菌, 在分类上隶属于子囊菌门(*Ascomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)^[1-2]。大型真菌不仅具有广泛的经济价值, 在森林物质循环、生态系统演替等方面都发挥着重要的作用^[3]。尽管如此, 大型真菌依旧被认为是最缺乏研究的一类生物。

寒葱岭红叶谷红色旅游区位于中国吉林省延边朝鲜族自治州敦化市, 寒葱岭国营林场 56 林班内 201 国道旁, 距离敦化市约 50 km, 占地面积 5.44 km², 为国家 3A 景区。本区属长白山系牡丹岭支脉^[4], 以中山为主, 海拔 1 000 m 左右, 山顶缓和, 山坡坡度较大^[5]。本区气候属于温带大陆性湿润季风气候, 冬季昼短夜长, 寒冷而干燥, 夏季昼长夜短, 温暖而湿润。年平均气温 2.6 °C, 年平均降水 621.4 mm, 降水主要集中在六月至八月^[6]。该区属松花江水系牡丹江流域, 植被类型为长白山植物区系, 植物种类丰富^[6]。

寒葱岭具有独特的小气候, 岭上雨水丰富, 孕育了种类繁多的大型真菌。2019–2021 年, 我们在寒葱岭红叶谷红色旅游区进行了为期 3 年的大型真菌物种资源调查, 共采集标本 1 394 份, 目前鉴定出种 280 个, 已发现新种 2 个, 为吉林拟鬼伞(*Coprinopsis jilinensis*) G. Rao, H.N. Zhao, B. Zhang & Y. Li 和细小拟鬼伞(*Coprinopsis pusilla*) G. Rao, B. Zhang & Y.

Li^[7]; 中国新记录种 2 个, 为落叶生格氏菇(*Gerhardtia foliicola*) (Har. Takah.) N. Endo, S. Ushijima, Nagas., Sotome, Nakagiri & N. Maek^[8] 和密执安托光柄菇(*Volvopluteus michiganensis*) (A. H. Sm.) Justo & Minnis^[9]。本研究发现了蘑菇目(*Agaricales*)的一个中国新记录种径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*) (M. Lange & A.H. Sm.) D. Wächt. & A. Melzer 及一个省级新记录种拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*) A. Ghosh, K. Das & R.P. Bhatt, 分别隶属于小脆柄菇科(*Psathyrellaceae*)刺毛鬼伞属(*Tulosesus*)和红菇科(*Russulaceae*)红菇属(*Russula*), 现报道如下。

1 材料与方法

1.1 样品

本研究所涉及的大型真菌标本为我们在吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷(大致经纬度: 43°02'1.67"N, 127°59'36.55"E)采集所得, 烘干后保存于吉林农业大学菌物标本馆(Herbarium of Mycology of Jilin Agricultural University, 缩写“HMJAU”)。

1.2 主要试剂和仪器

新型植物基因组 DNA 提取试剂盒, 江苏康为世纪生物科技有限公司。光学显微镜, 徕卡显微系统(上海)贸易有限公司; 扫描电子显微镜(scanning electron microscope, SEM), 日立(中国)有限公司。

1.3 方法

对新鲜的子实体进行生境照片的拍摄及宏观形态的记录, 包括各个部位的大小、颜色、质地、附属物、有无伤变色等, 在烘箱中于 45 °C 烘 1–2 d 后干燥保存。用光学显微镜对干标本进行微观形态的观察, 主要的试剂包括 5% KOH 溶液、梅氏试剂和 1% 的刚果红溶液。形态学描述参考文献[10–11]。在扫描电镜下对子实体的担孢子、担子、侧囊体等结构进行观察, 电压为 2.0 kV, 工作距离 8 mm。描述中使用了以下符号: [n/m/p] 表示测量了 p 份标本 m 个子实体的 n 个担孢子; (a) b–c (d) 表示担孢子的长或宽, 90% 的测量数值落在 b 和 c 之间, a、d 分别为担孢子的最小值和最大值; avl×avw 分别表示担孢子的平均长度和平均宽度; Q 为担孢子的长宽比, avQ 为担孢子长宽比的样本算术平均数与标准差。

标本总 DNA 的提取采用江苏康为世纪生物科技有限公司的新型植物基因组 DNA 提取试剂盒, nrITS 区域扩增选用引物 ITS1 和 ITS4^[12–13], PCR 反应体系(25 μL): ddH₂O 13.5 μL, 10×*Taq* Buffer 5 μL, dNTPs (10 mmol/L) 1 μL, 上游引物(10 mmol/L) 1 μL, 下游引物(10 mmol/L) 1 μL, DNA 样品 2 μL, *Taq* Polymerase (2 U/μL) 1.5 μL。PCR 反应条件: 94 °C 4 min; 94 °C 40 s, 54 °C 40 s, 72 °C 1 min, 35 个循环; 72 °C 10 min; 4 °C 保存。PCR 产物在 0.5% 的琼脂糖凝胶电泳中检测条带, 测序工作委托生工生物工程(上海)股份有限公司完成, 测序所得结果用 SeqMan 7.1.0 (44.1)^[14] 拼接后提交至 GenBank。

序列比对在 MAFFT^[15] 中进行(自动策略和普通对齐模式), 比对结果用 Gblocks^[16–17] 获取保守区段, 使用 ModelFinder^[18] 选择最佳模型和参数, 所用模型均为 K2P+G4 (BIC 标准)。最大似然分析在 IQ-TREE 1.6.8^[19] 中进行, bootstrap 分析设置 1 000 个重复; 在 MrBayes 3.2^[20] 中进

行贝叶斯进化推断(2 次并行运行, 2 000 000 代), 以上初始 25% 的采样数据作为老化数据被丢弃。以上软件集成在 PhyloSuite 1.2.2^[21] 中。

2 结果与分析

2.1 径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*) (M. Lange & A.H. Sm.) D. Wächt. & A. Melzer 2020 (图 1, 图 2)

=*Coprinellus callinus* (M. Lange & A. H. Sm.) Vilgalys, Hopple & Jacq. Johnson 2001

=*Coprinus callinus* M. Lange & A. H. Sm. 1953

菌盖宽 0.8–1.3 cm, 幼时近圆锥状, 后逐渐变为卵圆形、钟形, 幼时中部深红棕色, 中部钝, 成熟后中部肉棕色, 向菌盖边缘色渐浅, 呈淡灰棕色, 表面密布放射状长沟纹, 有绒毛, 不黏, 菌盖易与菌柄分离。菌褶密, 附生或离生, 灰黑色, 从边缘向内色渐白, 不等长, 边缘平滑或波浪状, 含亮晶晶的白色颗粒。菌柄长 3–11 cm, 宽约 0.2 cm, 圆柱形、近圆柱形, 雪白色, 中生, 中空, 密布白色细绒毛, 近基部有雪白长刚毛。孢子印棕黑色。

担孢子[30/5/1][(9.8) 10–12 (12.2)] μm×(6.8–8) μm, avl×avw=10.9 μm×7.3 μm, Q=1.28–1.67 (1.69), avQ=1.50±0.13, 椭圆形、卵形, 在 5% KOH 溶液中淡棕色至深棕色, 拟淀粉质, 在梅氏试剂中呈现红棕色, 厚壁, 光滑, 存在芽孔。担子(20–42) μm×(9–11) μm, 宽棒状、烧瓶状, 4 小梗, 梗长 2–6 μm, 密集地分布在子实层, 薄壁至厚壁, 被 3–5 个假侧丝包围。褶缘不育, 缘囊体未见。侧囊体缺失。柄囊体(84–157) μm×(14–30) μm, 烧瓶形、荨麻蛰毛状或近球顶长颈瓶形, 薄壁, 不密集。菌盖表皮密布囊状体, (60–177) μm×(15–42) μm, 烧瓶形、荨麻蛰毛状或近球顶长颈瓶形, 基部一般膨大, 有时近球形, 薄壁至厚壁, 未成熟的盖皮囊状体呈现球形、近球形以及过渡态的长椭圆形,



图 1 径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)的生境照片、孢子印和担孢子扫描电镜图 A: 生境照片; B: 菌盖纵剥面及孢子印; C 和 D: 担孢子扫描电镜照片。标尺分别为: A: 2 cm; C: 2 μm ; D: 6 μm
 Figure 1 Habitat photographs, spore print and SEM photos of basidiospores of *Tulosesus callinus*. A: Habitat photographs; B: Pileus longitudinal stripping surface and spore print; C-D: SEM photos of basidiospores. Bars: A: 2 cm; C: 2 μm ; D: 6 μm .

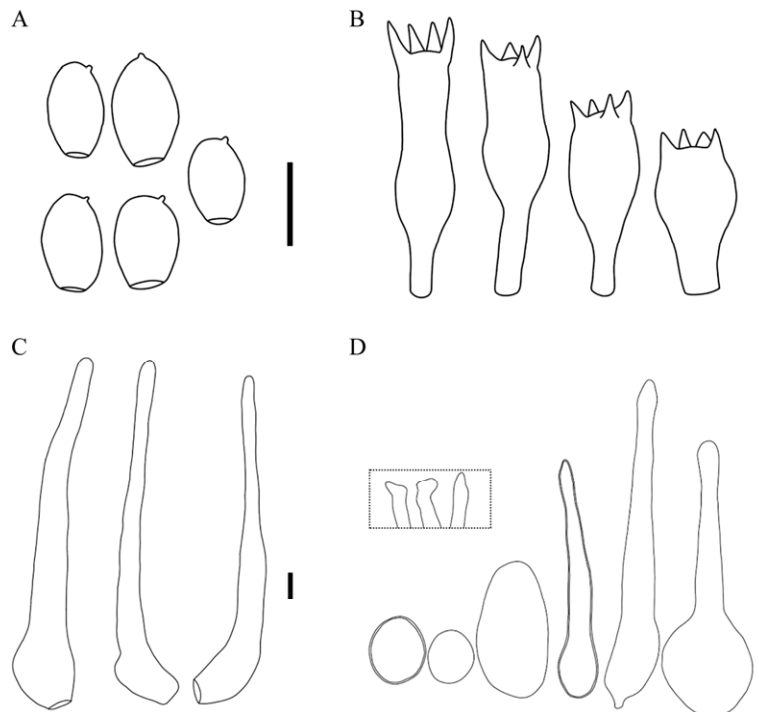


图 2 径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)显微结构手绘线稿图 A: 担孢子; B: 担子; C: 柄生囊状体; D: 盖皮元素及厚壁囊状体。标尺: 10 μm
 Figure 2 Freehand line drawing of the microstructure of *Tulosesus callinus*. A: Basidiospores; B: Basidia; C: Caulocystidia; D: Pileipellis elements and sclerocystidia. Bars: 10 μm .

直径可达 65 μm。菌柄菌丝处锁状联合可见。

生境：秋季丛生或散生于阔叶林枯枝落叶层的腐烂枯枝上。

分布：中国(吉林省和甘肃省)^[22]，以及丹麦^[23]、美国^[23]、荷兰^[24]、英国^[25]、塞尔维亚^[26]、土耳其^[27]、匈牙利^[28]。

研究标本：中国吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷，2019 年 7 月 17 日，饶固，HMJAU 59478。

讨论：径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)在国外是一个较为常见的物种^[23-28]，但关于径

边刺毛鬼伞(*T. callinus*)形态和系统发育的研究却少有报道。在形态上，本研究所观察的径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)标本中并未发现褶缘囊状体，这是与原始描述的主要差异^[23]，推测是由褶缘处发生自溶导致，可以在菌褶边缘看到明显的残缺且凹凸不平状。Ulje 等^[24]主要基于荷兰的标本对广义鬼伞属(*Coprinus sensu lato*)的大量物种进行了形态学研究，指出径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)的担孢子大小(10–13 μm)是这个种最重要的鉴别特征，这与本研究的结果一致。

在基于 nrITS 片段的系统发育分析中(图 3)，

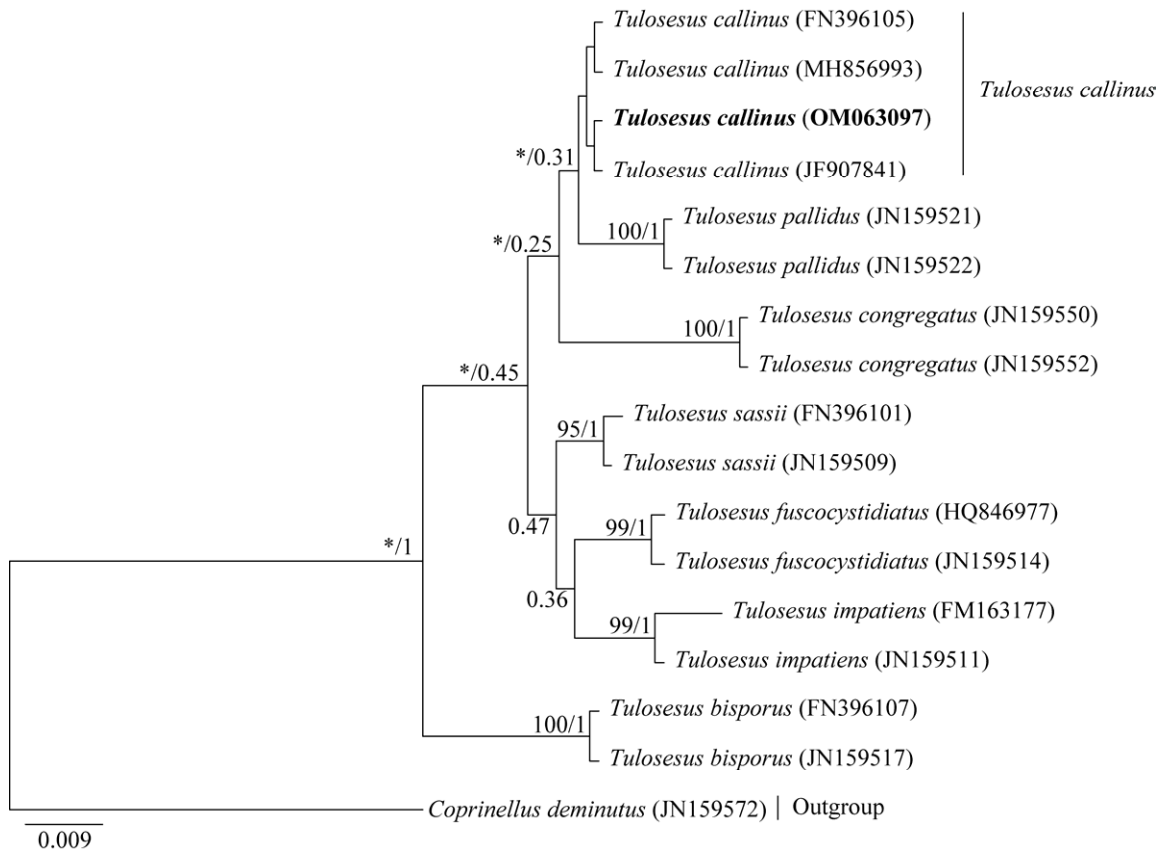


图 3 基于 rDNA ITS 序列构建的刺毛鬼伞属(*Tulosesus*)的贝叶斯系统发育树 内部结点 2 个值分别表示 maximum likelihood bootstrap (MLBP)/Bayesian posterior probability (BIPP)，GenBank 登录号标注在种名后面，本研究所获取的序列用加粗字体表示，选用 *Coprinellus deminutus* (Enderle) Valade 作为外群

Figure 3 Bayesian phylogenetic tree of *Tulosesus* based on rDNA ITS sequences. The two values of internal nodes respectively represent maximum likelihood bootstrap (MLBP)/Bayesian posterior probability (BIPP). The GenBank locus is marked after the species name. The sequence obtained in this study is represented in bold and *Coprinellus deminutus* (Enderle) Valade is selected as the outgroup.

源自中国的径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)与来自其他国家的 3 份径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)标本聚在了一个分支。在贝叶斯树中 *T. callinus* 与 *T. pallidus* 形成姐妹分支,而在最大似然树中, *T. callinus* 则与除 *C. deminutus* 和 *T. pallidus* 外的所有种形成姐妹分支, MLBP=62。 *T. callinus* 与 *T. pallidus* 具有较近的亲缘关系,常形成姐妹进化分支^[29-30], *T. pallidus* 不存在厚壁的囊状体(sclerocystidia)^[30],可以与 *T. callinus* 相区分。

将 4 份径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)的序列进行单独比对发现,源自中国的序列 OM063097 仅在第 174 个碱基上与其他 3 条序列存在 1 个碱基的差异(OM063097 与 FN396105 首末端还存在 3 个碱基的差异)。多次测序结果显示,源

自中国的径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)序列在第 174 个碱基上存在 A 或 G 的重叠位点,这里用 R 表示该位点。

2.2 拉氏红菇 (*Russula lakhanpalii*) A. Ghosh, K. Das & R.P. Bhatt 2019 (图 4, 图 5)

子实体杯伞状,中型至大型。菌盖宽 6.2–9.0 cm,淡棕黄色,表面不光滑,不黏,表皮不易与菌肉分离,边缘内卷,易开裂;菌肉白色,脆,伤不变色;菌褶极密,白色,直生带垂齿或稍延生,褶幅短,有分叉;菌柄 7.2–12.7 cm,宽 2.0–2.3 cm,近圆柱状,基部尖,白色至黄白色,基部黄色深,偏生,肉质至脆骨质,实心,成熟后中部稍空,基部存在白色菌丝体。



图 4 拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*)生境照片及微观结构扫描电镜照片 A 和 B:生境照片;C 和 D:担孢子、担子及侧生囊状体的扫描电镜照片。标尺: A 和 B 为 2 cm; C 和 D 为 2 μ m

Figure 4 Habitat photographs of *Russula Lakhanpalii* and SEM photos of its microstructure. A–B: Habitat photographs; C–D: SEM photos of basidiospores, basidia and pleurocystidia. Bars: A, B: 2 cm; C, D: 2 μ m.

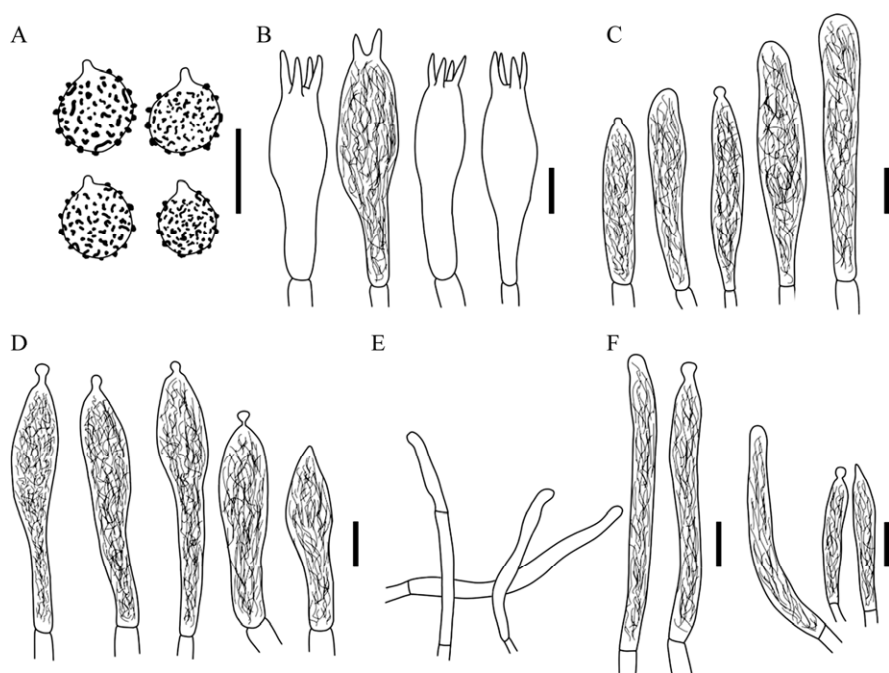


图 5 拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*)显微结构的手绘线稿图 A: 担孢子; B: 担子; C: 缘囊体; D: 侧囊体; E: 盖皮菌丝及盖皮囊状体; F: 柄囊体。标尺: 10 μm

Figure 5 Freehand line drawing of the microstructure of *Russula lakhanpalii*. A: Basidiospores; B: Basidia; C: Cheilocystidia; D: Pleurocystidia; E: Pileipellis and pileocystidia; F: Caulocystidia. Bars: 10 μm .

担孢子 $[30,3,1][8-9.8(10)]\mu\text{m}\times(7-9)\mu\text{m}$, $avl\times avw=8.9\mu\text{m}\times 7.9\mu\text{m}$, $Q=1.01-1.29$, $avQ=1.12\pm 0.06$, 球形、近球形至宽椭圆形, 无色, 厚壁, 表面具疣凸, 纹饰淀粉质。担子 $(36-49)\mu\text{m}\times(10-13)\mu\text{m}$, 近棒状至棒状, 厚壁, 2 或 4 小梗, 梗长 4-9 μm , 部分具结晶状的内含物。侧囊体 $(38-62)\mu\text{m}\times(6-11)\mu\text{m}$, 棒状、近棒状至近梭形, 具结晶状的内含物, 顶部多头状凸起。缘囊体 $(36-54)\mu\text{m}\times(6-10)\mu\text{m}$, 棒状、近棒状至近梭形, 稀疏, 较侧囊体小, 顶部分化多不明显, 褶皱不育。盖皮菌丝宽 2-7 μm , 绒毛型(tomentum), 淡黄色, 圆柱形至近圆柱形。盖皮囊状体 $(41-59)\mu\text{m}\times(3-10.5)\mu\text{m}$, 圆柱形、棒状、近棒状, 含结晶状的内容物, 部分顶端具头状凸起, 多位于盖皮下层。柄皮菌丝宽 2-9 μm ,

毛皮型(trichoderm), 圆柱形、近圆柱形, 无色至淡黄色。柄囊体 $(27-57)\mu\text{m}\times(4-8)\mu\text{m}$, 圆柱形、近圆柱形、棒状至梭形, 含结晶状的内容物, 部分顶端具头状凸起, 多位于柄皮下层。菌肉由球形的菌丝组成, 所有组织中锁状联合未见。

生境: 秋季散生或簇生于阔叶林地上。

分布: 中国(吉林省), 印度^[31]。

研究标本: 中国吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷, 2019 年 8 月 25 日, 饶固, HMJAU 59482。

讨论: 在形态上, 源自中国的拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*)与 Ghosh 等^[31]的原始描述存在一些差异, 主要体现在以下几点: (1) 担孢子较大, 前者 $avl\times avw=8.88\mu\text{m}\times 7.93\mu\text{m}$, 后者

为 $avl \times avw = 7.5 \mu m \times 6.7 \mu m$, 担孢子的长和宽通常较 Ghosh 等^[31]的描述大近 $1 \mu m$, 但形状吻合(前者 $Q=1.01-1.29$, 后者 $Q=1.08-1.16$); (2) 存在 2 梗的担子, 这点在扫描电镜下得到验证(图 4D)。

在系统发育分析中(图 6), 采自敦化市寒葱岭红叶谷的拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*)与其他 3 个地区分布的拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)聚在了一个分支, 并与 *R. variata* 形成姐妹进化支,

获得较高支持(61/0.77)。*R. lakhanpalii* 与 *R. variata* 具有较近的亲缘关系^[31], 但在宏观形态上却相差较大, *R. variata* 的菌盖常具紫色和绿色^[32], 可以与 *R. lakhanpalii* 相区分。

在 BLASTn 比对中, 采自红叶谷的拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)的序列 OM063098 与模式标本的序列 MN262088 相似度为 100%, 序列覆盖度为 98%。基于形态学和分子序列的综合研究显示, 该物种为拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)。

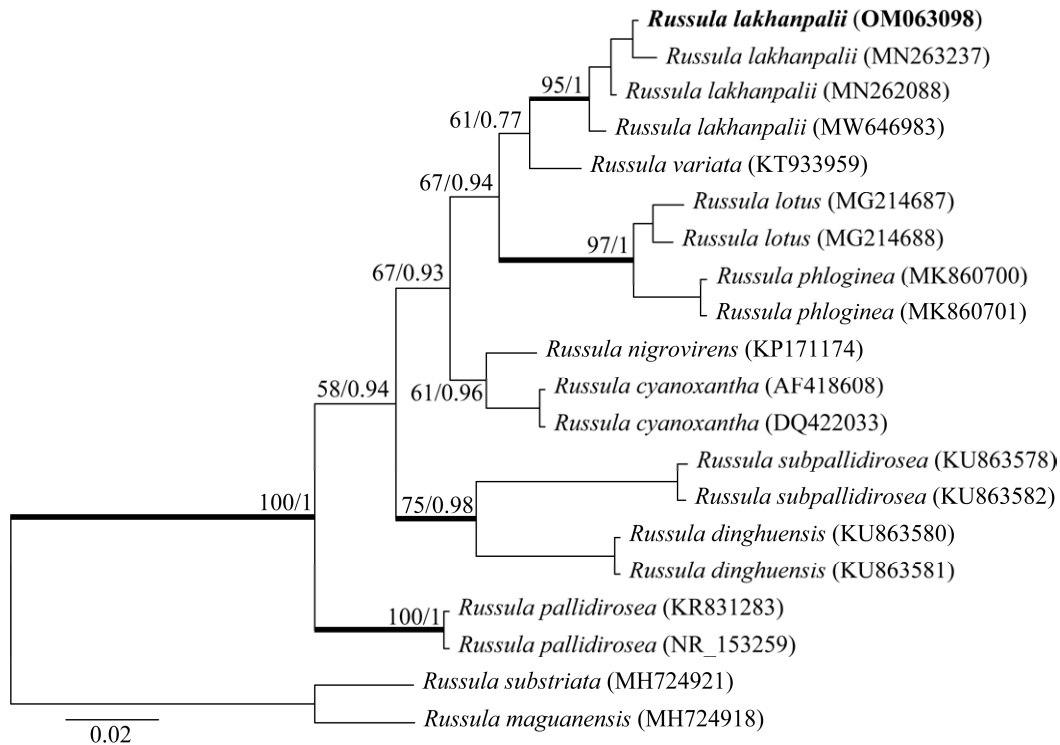


图 6 基于 rDNA ITS 序列构建的红菇属(*Russula*)的贝叶斯系统发育树 内部结点 2 个值分别表示 maximum likelihood bootstrap (MLBP)/Bayesian posterior probability (BIPP), 加粗的结点表示 $MLBP \geq 70$ 且 $BIPP \geq 95\%$, GenBank 登录号标注在种名后面, 本研究所获取的序列用加粗字体表示, 选用 *Russula substriata* J. Wang, X. H. Wang, Buyck & T. Bau 和 *R. maguanensis* J. Wang, X. H. Wang, Buyck & T. Bau 作为外群

Figure 6 Bayesian phylogenetic tree of *Russula* based on rDNA ITS sequences. The two values of internal nodes respectively represent maximum likelihood bootstrap (MLBP)/Bayesian posterior probability (BIPP). The nodes in bold represent $MLBP \geq 70$ and $BIPP \geq 95\%$. The GenBank locus is marked after the species name and the sequence obtained in this study is shown in bold. *Russula substriata* J. Wang, X. H. Wang, Buyck & T. Bau and *R. maguanensis* J. Wang, X. H. Wang, Buyck & T. Bau are selected as outgroups.

3 讨论与结论

径边刺毛鬼伞(*Tulosesus callinus*)隶属于小脆柄科(*Psathyrellaceae*)刺毛鬼伞属(*Tulosesus*), 1953年 Lange等^[23]基于丹麦和美国的一些标本首次描述了这个种, 将其命名为 *Coprinus callinus*, 其中一些标本由于盖皮囊状体以及担孢子存在差异被划分到该种的种下等级 *C. callinus* var. *callinus*。Redhead等^[33]基于分子研究, 将传统的鬼伞属细分为鬼伞属(*Coprinus*)、小鬼伞属(*Coprinellus*)、拟鬼伞属(*Coprinopsis*)及近地伞属(*Parasola*), *C. callinus* 和 *C. callinus* var. *callinus* 被新组合成 *Coprinellus callinus*。Wächter等^[34]基于分子系统发育证据和形态学特征, 将小脆柄菇科(*Psathyrellaceae*)划分成 16 个属, *Coprinellus callinus* 被新组合成径边刺毛鬼伞(*T. callinus*), 作为刺毛鬼伞属(*Tulosesus*)的模式种。属名 *Tulosesus* 是 *Setulosus* 相同字母异序词, 而 *Setulosus* 则是 *C. subsect. Setulosi* J. E. Lange, Dansk bot. Ark.中亚组“*Setulosi*”的基原异名, 可以用“刺毛鬼伞属”作为 *Tulosesus* 的中文学名^[35]。2021年9月出版的《甘肃连城国家级自然保护区大型真菌图鉴》^[22]中记载了一种名为“路边小鬼伞(*Coprinellus callinus*) (M. Lange & A. H. Sm.) Vilgalys, Hopple & Jacq. Johnson”的物种, 为径边刺毛鬼伞(*T. callinus*)的异名, 本研究系中国第二次科学报道。

拉氏红菇(*Russula lakhanpalii*)隶属于红菇科(*Russulaceae*)红菇属(*Russula*), Ghosh等^[31]在印度首次发现了拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)。Chen等^[36]在研究论文中提供了一份来自中国的拉氏红菇(*R. lakhanpalii*)的序列, 但并无形态学描述, 也未说明该种在中国的分布地区, 因此本研究将该种作为中国新记录种处理。

本研究利用经典形态学和分子系统学相结合的方法研究了采自吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷的一个中国新记录种以及一个省级新记录种, 尽管在微观形态上与原始表述有些许差异, 但大体上是高度吻合的, 结合 nrITS 序列进行系统发育分析, 确定了这 2 个物种的系统位置与亲缘关系, 进一步验证了形态学的鉴定结果。

致谢: 感谢吉林农业大学农业农村部北方食用菌资源利用重点实验室朱力杨博士在标本鉴定过程中提供的帮助; 感谢吉林省延边朝鲜族自治州敦化市寒葱岭红叶谷所有的工作人员对科研采集工作的支持。

REFERENCES

- [1] 李玉, 李泰辉, 杨祝良, 图力古尔, 戴玉成. 中国大型菌物资源图鉴[M]. 郑州: 中原农民出版社, 2015
Li Y, Li TH, Yang ZL, Tolgor B, Dai YC. Atlas of Chinese Macrofungi Resources[M]. Zhengzhou: Zhongyuan Farmers Publishing House, 2015 (in Chinese)
- [2] 图力古尔. 蕈菌分类学[M]. 北京: 科学出版社, 2018
Tolgor B. Mushroom Taxonomy[M]. Beijing: Science Press, 2018 (in Chinese)
- [3] 于占湖. 大型真菌多样性及在森林生态系统中的作用[J]. 中国林副特产, 2007(3): 81-85
Yu ZH. Macrofungi diversity and its role in forest ecosystems[J]. Forest By-Product and Speciality in China, 2007(3): 81-85 (in Chinese)
- [4] 王利群. 寒葱岭地区地形对啮齿动物生态分布的影响[J]. 通化师院学报, 1994, 15(2): 49-59
Wang LQ. Effects of topography on rodent ecological distribution in the Hancongling[J]. Journal of Tonghua Normal University, 1994, 15(2): 49-59 (in Chinese)
- [5] 王季平, 肖荣寰. 吉林省地方志编纂委员会编纂. 吉林省志-卷四-自然地理志[M]. 长春: 吉林人民出版社, 1992
Wang JP, Xiao RH. Physical Geography of Jilin province, Vol. 4[M]. Changchun: Jilin People's Press, 1992 (in Chinese)
- [6] 殷秀琴, 侯威岭. 敦化寒葱岭植被的初步研究[J]. 东

- 北师大学报(自然科学版), 1988, 20(1): 111-119
- Yin XQ, Hou WL. A preliminary study of vegetation in Hancongling region of Dunhua city[J]. Journal of Northeast Normal University, 1988, 20(1): 111-119 (in Chinese)
- [7] Rao G, Dai D, Zhao HN, Liang Y, Li Y, Zhang B. Two new psathyrelloid species of *Coprinopsis* (Agaricales, Psathyrellaceae) from China[J]. MycoKeys, 2021, 83: 85-103
- [8] Rao G, Hu JJ, Zhang ZH, Qi ZX, Zhang B, Li Y. *Gerhardtia foliicola* (Agaricales, Lyophyllaceae), a specific dweller on leaf litter from northern China[J]. Nova Hedwigia, 2021, 113(3/4): 491-505
- [9] 饶固, 戴丹, 张波, 李玉. 托光柄菇属—中国新记录种[J]. 微生物学通报, 2021, 48(10): 3791-3798
- Rao G, Dai D, Zhang B, Li Y. A new record species of *Volvolputeus* from China[J]. Microbiology China, 2021, 48(10): 3791-3798 (in Chinese)
- [10] Largent DL. How to Identify Mushrooms to Genus I: Macroscopic Features[M]. Eureka: Mad River Press, 1986
- [11] Largent DL, Johnson D, Watling R. How to Identify Mushrooms to Genus: Microscopic Features[M]. Eureka: Mad River Press, 1977
- [12] Gardes M, Bruns TD. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts[J]. Molecular Ecology, 1993, 2(2): 113-118
- [13] White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[J]. PCR protocols: a guide to methods and applications, 1990, 18(1): 315-322
- [14] Plasterer TN. Sequence Data Analysis Guidebook (Vol. 70)[M]. New York: Humana Press, 1997
- [15] Katoh K, Kuma KI, Toh H, Miyata T. MAFFT version 5: improvement in accuracy of multiple sequence alignment[J]. Nucleic Acids Research, 2005, 33(2): 511-518
- [16] Talavera G, Castresana J. Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments[J]. Systematic Biology, 2007, 56(4): 564-577
- [17] Castresana J. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis[J]. Molecular Biology and Evolution, 2000, 17(4): 540-552
- [18] Kalyaanamoorthy S, Minh BQ, Wong TKF, Von Haeseler A, Jeremiin LS. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates[J]. Nature Methods, 2017, 14(6): 587-589
- [19] Nguyen LT, Schmidt HA, Von Haeseler A, Minh BQ. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies[J]. Molecular Biology and Evolution, 2014, 32(1): 268-274
- [20] 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
- [21] Zhang D, Gao FL, Jakovlić I, Zou H, Zhang J, Li WX, Wang GT. PhyloSuite: an integrated and scalable desktop platform for streamlined molecular sequence data management and evolutionary phylogenetics studies[J]. Molecular Ecology Resources, 2020, 20(1): 348-355
- [22] 朱学泰, 蒋长生. 甘肃连城国家级自然保护区大型真菌图鉴[M]. 北京: 中国林业出版社, 2021
- Zhu XT, Jiang CS. Identification of Macrofungi in Liancheng National Nature Reserve, Gansu province[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2021 (in Chinese)
- [23] Lange M, Smith AH. The *Coprinus ephemerus* group[J]. Mycologia, 1953, 45(5): 747-780
- [24] Uljé CB, Bas C. Studies in *Coprinus*-II. subsection setulosi of section *Pseudocoprinus*[J]. Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 1991, 14(3): 275-339
- [25] Schafer D. *Coprinus* species at the grantley hall foray[J]. Field Mycology, 2001, 2(1): 25-28
- [26] Cvijanovic M, Stankovic M, Matavulj M, Lolic S, Pjanic B. Macrofungi of the Zasavica special nature reserve[J]. Matica Srpska Journal for Natural Sciences, 2009(116): 235-243
- [27] Kaya A. Contributions to the macrofungal diversity of Atatürk Dam Lake Basin[J]. Turkish Journal of Botany, 2015, 39: 162-172
- [28] Kamran M, Jabeen S. *Coprinellus ovatus* sp. nov. from Pakistan[J]. Mycotaxon, 2020, 135(2): 321-332

- [29] Hussain S, Usman M, Afshan NU, Ahmad H, Khan J, Khalid AN. The genus *Coprinellus* (*Basidiomycota*; *Agaricales*) in Pakistan with the description of four new species[J]. *MycKeys*, 2018(39): 41-61
- [30] Nagy LG, Házi J, Vágvölgyi C, Papp T. Phylogeny and species delimitation in the genus *Coprinellus* with special emphasis on the haired species[J]. *Mycologia*, 2012, 104(1): 254-275
- [31] Ghosh A, Das K, Bhatt RP, Hembrom ME. Two new species of the genus *Russula* from western Himalaya with morphological details and phylogenetic estimations[J]. *Nova Hedwigia*, 2020, 111(1/2): 115-130
- [32] Huffman DM, Tiffany LH, Knaphus G, Healy RA. *Mushrooms and Other Fungi of the Midcontinental United States*[M]. Iowa: University of Iowa Press, 2008
- [33] Redhead SA, Vilgalys R, Moncalvo JM, Johnson J, Hopple Jr JS. *Coprinus* Pers. and the disposition of *Coprinus* species sensu lato[J]. *TAXON*, 2001, 50(1): 203-241
- [34] Wächter D, Melzer A. Proposal for a subdivision of the family *Psathyrellaceae* based on a taxon-rich phylogenetic analysis with iterative multigene guide tree[J]. *Mycological Progress*, 2020, 19(11): 1151-1265
- [35] 朱力扬, 黄梅, 图力古尔. 中国鬼伞类真菌的分类[J]. *菌物学报*, 2022. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5180.Q.20220106.1209.008.html>
Zhu LY, Huang M, Tolgor B. Taxonomy of coprinoid fungi in China[J]. *Mycosystema*, 2022. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5180.Q.20220106.1209.008.html> (in Chinese)
- [36] Chen B, Song J, Chen YL, Zhang JH, Liang JF. Morphological and phylogenetic evidence for two new species of *Russula* subg. *Heterophyllidia* from Guangdong province of China[J]. *MycKeys*, 2021, 82: 139-157