

江西齐云山大型真菌多样性及资源评价

朱正月¹, 肖敏², 马焱³, 陈名君⁴, 李增智⁴, 栾丰刚^{1,4*}

1 江西农业大学 国家林业和草原局鄱阳湖流域森林生态系统保护与修复重点实验室, 江西 南昌 330045

2 江西省崇义县思顺采育林场, 江西 赣州 341315

3 江西省崇义县林业局, 江西 赣州 341300

4 安徽农业大学 重大林业有害生物绿色防控安徽省重点实验室, 安徽 合肥 230036

摘要: 江西齐云山自然保护区地处华东和华南生物区系的过渡交汇带, 其独特的地理位置和多样的植被类型预示着该区域拥有丰富的真菌多样性。为系统阐明该区域大型真菌物种组成、区系特征及生态功能, 本研究基于 2022–2024 年的野外调查与标本采集数据, 通过整合形态学特征与分子系统学分析进行标本鉴定。共鉴定大型真菌 302 种, 隶属于子囊菌门和担子菌门, 分属 8 纲 22 目 68 科 145 属。物种组成分析表明, 优势科主要为牛肝菌科 Boletaceae、多孔菌科 Polyporaceae、红菇科 Russulaceae 等 7 科, 其物种数占物种总数的 43.71%; 优势属为红菇属 *Russula*、粉褶菌属 *Entoloma*、丝盖伞属 *Inocybe* 等 13 属, 其物种数占物种总数的 33.77%。功能类群分析显示, 其中包括食用菌 59 种(19.54%)、药用菌 39 种(12.91%)、有毒菌 45 种(14.90%)以及外生菌根菌 98 种(32.45%)。属级地理区系分析划分出 9 个分布区类型, 其中世界广布属(53.10%)占绝对优势, 其次为北温带分布属(17.24%)和泛热带分布属(13.79%), 反映了该区域大型真菌区系的生物地理过渡特征。依据《中国生物多样性红色名录——大型真菌卷》相关评估标准, 确定易危种(VU) 1 个、近危种(NT) 1 个; 此外, 还鉴定出中国特有种有 11 种, 凸显了该区域的特殊保护价值。本研究为生物地理过渡带的菌物学研究提供重要基础数据, 也为制定该区域真菌资源的保护策略与可持续利用方案奠定了科学基础。

关键词: 大型真菌; 物种多样性; 区系分析; 资源评价; 濒危等级

[引用本文]

朱正月, 肖敏, 马焱, 陈名君, 李增智, 栾丰刚, 2026. 江西齐云山大型真菌多样性及资源评价. 菌物学报, 45(2): 250181
Zhu ZY, Xiao M, Ma Y, Chen MJ, Li ZZ, Luan FG, 2026. Diversity and resource evaluation of macrofungi in Qiyunshan Mountain of Jiangxi Province. Mycosystema, 45(2): 250181

资助项目: 国家自然科学基金(31560203)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (31560203).

*Corresponding author. E-mail: FGLuan@jxau.edu.cn

ORCID: ZHU Zhengyue (0009-0009-6890-6638)

Received: 2025-06-12; Accepted: 2025-07-03

Diversity and resource evaluation of macrofungi in Qiyunshan Mountain of Jiangxi Province

ZHU Zhengyue¹, XIAO Min², MA Yi³, CHEN Mingjun⁴, LI Zengzhi⁴, LUAN Fenggang^{1,4*}

1 Key Laboratory of State Forestry Administration on Forest Ecosystem Protection and Restoration of Poyang Lake Watershed, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, Jiangxi, China

2 Sishun Cutting and Nursery Forestry Farm, Chongyi County, Jiangxi Province, Ganzhou 341315, Jiangxi, China

3 Forestry Bureau of Chongyi County, Jiangxi Province, Ganzhou, 341300, Jiangxi, China

4 Anhui Province Key Laboratory of Green Control for Major Forestry Pests, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, Anhui, China

Abstract: Qiyunshan National Nature Reserve, situated in eastern and southern China's biogeographical regions, exhibits unique geography and diverse vegetation, indicating high potential fungal diversity. To elucidate macrofungal species composition, geographical floristic diversity, and ecological functions of macrofungi in this region, comprehensive field surveys and specimen collections were conducted from 2022 to 2024 using line transect methodology and random sampling. Specimens were identified *via* integrated morphological characteristics and molecular phylogenetic analysis. A total of 302 macrofungal species was recorded and classified into 8 classes, 22 orders, 68 families, and 145 genera within the phyla Ascomycota and Basidiomycota. Species richness analysis revealed that seven families (*e.g.*, Boletaceae, Polyporaceae, and Russulaceae) were dominant, accounting for 43.71% of total identified species, and 13 dominant genera (*e.g.*, *Russula*, *Entoloma*, and *Inocybe*) comprised 33.77% of the total species. Ecological and economic functional assessment showed 59 species were putatively edible (19.54%), 39 putatively medicinal (12.91%), 45 poisonous (14.90%), and 98 mycorrhizal (32.45%). Genus-level geographical funga composition analysis revealed nine distribution patterns, of which cosmopolitan elements predominated (53.10%), followed by north temperate (17.24%) and pantropical (13.79%) elements, corroborating the regionally transitional character of mycobiota. Based on the "Redlist of China's Biodiversity—Macrofungi" and relevant IUCN criteria, one vulnerable (VU) and one near threatened (NT) species were recognised. Besides, 11 species were endemic to China, highlighting the significant conservation values of the region. This study provides critical data for targeted conservation and sustainable utilization of the fungal resources of the region.

Keywords: macrofungi; species diversity; floristic analysis; resource evaluation; endangered level

大型真菌是森林生态系统中关键的功能组分,在驱动物质循环、调控能量流动及维持生物多样性方面发挥着不可或缺的角色(Chang & Wasser 2018; Kinge *et al.* 2020; 徐维启等 2023; 俞嘉瑞和袁海生 2023)。它们通过分解有机质参与生态系统的营养循环(Clemmensen *et al.* 2015),与植物形成外生菌根共生体促进植物养分高效吸收(杨云礼等 2019; 韩利红和杨祝良 2020; Pec *et al.* 2020),同时 10 120 种和 692 种

被报道具有食用和药用价值(戴玉成和杨祝良 2008; Wu *et al.* 2019, 2022b; Li *et al.* 2021b),因而成为极具开发潜力的生物资源。近年来,随着对生态系统服务功能和生物资源利用的重视,“森林粮库”等概念被提出,凸显了深入了解和可持续利用森林生物资源(包括大型真菌)的重要性(魏杰等 2025; 赵熙 2025)。

大型真菌的多样性通常与其生境的植被多样性、生长基质多样性、环境气候和海拔等密切

相关(Kutszegi *et al.* 2015; Cui *et al.* 2018; Cui *et al.* 2019; Li *et al.* 2021a; Wu *et al.* 2022a; Yuan *et al.* 2023; Huo *et al.* 2024; Zhao *et al.* 2024)。江西齐云山自然保护区(简称齐云山自然保护区)地处罗霄山脉与南岭山脉的交会地带,属于中亚热带湿润季风气候区,是华东与华南生物区系的过渡与交会区域(刘小明等 2010)。该区域独特的地质历史和地理位置孕育了丰富的生物多样性,保留有许多古老、孑遗的植物成分,并形成了多样化的森林植被类型,主要包括常绿阔叶林、落叶阔叶林,温性针叶林、暖性针叶林以及山顶矮林和竹林等(宋述望等 2021)。这些多样性的生境类型为大型真菌的生长提供了丰富的基物和多样的生态位,预示着该区域可能拥有丰富的真菌物种多样性。

然而,目前关于齐云山自然保护区大型真菌资源的系统性调查仍显不足。例如,前期研究虽记录该区域部分大型真菌 180 种(陈言柳等 2019),但与邻近且生境相似的罗霄山脉其他区域(陈晔等 2011; 邓旺秋等 2020)相比,物种数量明显偏少,暗示该地区的真菌多样性家底远未被充分揭示。鉴于此,系统开展齐云山自然保护区大型真菌多样性调查,有助于全面阐明该区域的生物多样性组成、揭示其独特的菌物区系特点。同时,研究结果也将为该地区大型真菌资源的有效保护、可持续利用以及服务“森林粮库”提供关键的基础数据和科学支撑,对促进区域生态保护和社会经济的协调发展具有现实意义。本研究拟通过系统的野外调查和规范的标本采集,整合形态学与分子生物学方法,对齐云山自然保护区的大型真菌进行物种鉴定、多样性分析、区系特征阐明及资源评价,旨在全面揭示该地区大型真菌的物种多样性现状、生态功能及潜在利用价值,为后续菌物资源保护与开发奠定坚实基础。

1 材料与方法

1.1 研究材料

本研究所有标本均采集自齐云山自然保护区,于 2022–2024 年间,共进行了 6 次系统性野

外调查,具体日期如下:2022 年 6 月 28 日至 7 月 1 日、8 月 14 日至 18 日;2023 年 4 月 7 日至 10 日、6 月 8 日至 12 日、11 月 23 日至 25 日;2024 年 5 月 8 日至 10 日。调查时间覆盖了该区域大型真菌的主要生长季节(春、夏和秋 3 季),累计采集并制作成凭证标本 864 份。

野外工作中,对所有观察到的大型真菌新鲜子实体进行就地拍摄(包括生境照和特写),并详细记录采集信息[采集号、采集日期、地理坐标(GPS)、海拔、生境类型等]以及关键的宏观形态特征(如颜色、大小、形状、质地、有无乳汁、气味等)。采集的子实体经初步处理(如去除附着的土壤、枯枝落叶等)后,装入采集盒带回实验室。标本在 45 °C 条件下充分烘干,随后与足量的变色硅胶一同装入自封袋密封,统一保藏于江西农业大学林学院森林病虫害标本馆。

1.2 标本鉴定

1.2.1 形态学鉴定

依据经典分类方法进行(李玉等 2015; 图力古尔 2018)。详细记录并核查标本的宏观形态特征,主要子实体的大小、颜色质地;菌盖、子实层(如菌褶、菌管、菌齿等)、菌柄的形态,以及有无菌环、菌托等附属结构。标本采集时的生境信息(如基物类型、海拔、伴生植物等)也作为重要参考信息进行详细记录。

显微形态观察采用徒手切片法。使用 5% 的 KOH 溶液作为观察和复水介质,必要时用刚果红(congo red)染色。部分标本使用梅尔泽(Melzer)试剂处理以观察颜色反应。使用 Olympus BX53 光学显微镜进行观察并进行测量关键分类学特征,主要包括:担孢子/子囊孢子(形状、大小、颜色、表面纹饰、颜色反应等)、担子/子囊、菌丝系统、锁状联合的有无,以及子实层等组织的结构特征。

1.2.2 分子生物学鉴定

使用高效植物基因组 DNA 提取试剂盒(TSINGK[®], TSP102-50)提取干标本的总 DNA。选用引物对 ITS1F/ITS4 和 LR0R/LR5 分别扩增核糖体 DNA 的内转录间隔区(ITS)和 28S 核糖体 RNA 基因部分序列(LSU) (Vilgalys & Hester

1990)。扩增产物经 0.8%琼脂糖凝胶检验合格后,送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行双向 Sanger 测序。

获得的测序结果使用 Lasergene (DNASTAR, Madison, WI)中的 Seqman 软件包进行检查、编辑和拼接。拼接后序列在 NCBI 数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)中使用 BLAST 进行同源性搜索。物种鉴定主要依据 ITS 序列比对结果,通常参考相似性 $\geq 99\%$ 且覆盖度 $>90\%$ 的标准(Toju *et al.* 2012),并结合 LSU 序列比对结果和形态学特征进行确认。对于 BLAST 结果不明确或对扩增不成功和测序不成功样品以形态鉴定为准(Wang *et al.* 2021)。

1.2.3 物种确定和名录整理

最终的物种鉴定基于形态特征与分子数据的综合分析结果。物种名录的分类系统和名称均依据 Index Fungorum 数据库(<http://www.indexfungorum.org/>, 2025 年 4 月 30 日)进行核实,采用当前接受的有效学名。

1.3 物种分析及评价

根据分类鉴定结果,本研究统计了齐云山自然保护区大型真菌的科、属、种数量及各分类阶元物种比例。参照图力古尔和李玉(2000)的研究,将物种数 ≥ 10 种的科定义为优势科,物种数 ≥ 5 种的属定义为优势属。大型真菌的属级地理成分划分主要依据区系相关研究报道(Wu *et al.* 2014; Li *et al.* 2020; 牟光福和图力古尔 2023; Wang *et al.* 2023, 2024; Zhang *et al.* 2023; 胡永强等 2024; 任静等 2024; 郑海富等 2024; Qin *et al.* 2025; 武崇高等 2025; 杨云深等 2025)。对于区系研究不足的类群,结合 GBIF 数据库([https://www.gbif.org/occurrence/ search](https://www.gbif.org/occurrence/search) 2024, 2025 年 4 月 30 日)提供的全球分布信息进行辅助划分。

物种受威胁状况的评估参考中华人民共和国生态环境部和中国科学院共同发布的《中国生物多样性红色名录——大型真菌卷》(https://www.mee.gov.cn/xxgk/2018/xxgk/xxgk01/201805/t20180524_629586.html)中采用的评估方法,并结合本次调查的标本信息记录进行判定。此外,物种的

经济价值(如食用、药用、有毒等)信息通过查阅相关文献报道的物种名录进行归类(卯晓岚 2006; 戴玉成等 2010; 戴玉成 2012; Wu *et al.* 2019; 魏杰等 2021; Bian *et al.* 2023; Dong *et al.* 2023; 周林江等 2023; 图力古尔等 2024; Zhu *et al.* 2024; 图力古尔等 2025; Cui *et al.* 2025; Zhou *et al.* 2025)。

2 结果与分析

2.1 大型真菌物种组成

本研究共采集大型真菌标本 864 份,鉴定至种级分类单元的有 302 种(附表 1, 国家微生物科学数据中心 NMDCX0002144),隶属于真菌界 2 门 22 目 68 科 145 属。其中,子囊菌门包含 7 目 13 科 21 属 36 种,占总种数的 11.92%;担子菌门则包含 15 目 55 科 124 属 266 种,占总种数的 88.08%。

在研究区域中,较大科(具有 31–50 种的科)有 1 科 45 种,为牛肝菌科 Boletaceae, 占总科数的 1.47%和总种数的 14.90%;中等科(10–30 种)有 6 科 87 种,占总科数的 8.82%和总种数的 28.81%;寡种科(2–9 种)有 34 科 143 种,占总科数的 50.00%和总种数的 47.35%;单科单种共有 27 科 27 种,占总科数的 39.71%和总种数的 8.94%。

综上所述,齐云山自然保护区大型真菌资源丰富,以寡种科为主要成分,显示出一定的碎片化风险(表 1)。

2.2 优势科属分析

齐云山自然保护区的优势科包括 7 科(含 48 属和 132 种),占总科数的 10.29%和总种数的 43.71%。优势科牛肝菌科 Boletaceae 种类最多,共有 21 属、45 种,占总种数的 14.90%;其次是多孔菌科 Polyporaceae, 包含 11 属、21 种,占总种数的 6.95%;第三大科为红菇科 Russulaceae, 有 2 属、19 种,占总种数的 6.29%(图 1)。

优势属共有 13 属、102 种,占总属数的 8.97%和总种数的 33.77%。红菇属 *Russula* 种类最多,有 18 种,占总种数的 5.96%;第二大属是粉褶菌属 *Entoloma*, 包含 11 种,占总种数的 3.64%;第三大属是丝盖伞属 *Inocybe*, 有 10 种,

占总种数的 3.31% (图 1)。

2.3 属级地理成分分析

大型真菌区系地理成分通常根据属或种的分布类型进行划分,其中属级的区系地理成分分析相对更为准确。本研究对齐云山自然保护区的

145 个属进行了地理成分的统计分析,结果显示这些属可划分为 9 种类型,主要包括世界广布成分、泛热带成分和北温带成分。此外,研究中发现一个中国特有属——臧氏牛肝菌属 *Zangia*, 该属包含 1 属 1 种(表 2)。

表 1 齐云山自然保护区大型真菌物种组成

Table 1 Species composition of macrofungi in Qiyunshan National Nature Reserve

科 Families	属数 Number of genus	种数 Number of species	科 Families	属数 Number of genus	种数 Number of species
子囊菌门 Ascomycota			丝膜菌科 Cortinariaceae	2	5
虫草菌科 Cordycipitaceae	3	4	靴耳科 Crepidotaceae	1	5
火丝菌科 Pyrenomataceae	1	1	鸟巢菌科 Nidulariaceae	1	1
绿杯盘菌科 Chlorociboriaceae	1	1	蜡伞科 Hygrophoraceae	3	8
炭团菌科 Hypoxylaceae	1	1	膨瑚菌科 Physalacriaceae	4	6
柔膜菌科 Helotiaceae	1	1	牛舌菌科 Fistulinaceae	1	1
地舌菌科 Geoglossaceae	2	3	假脐菇科 Tubariaceae	1	1
肉座菌科 Hypocreaceae	1	2	拟层孔菌科 Fomitopsidaceae	1	1
核盘菌科 Sclerotiniaceae	1	1	地星科 Geastraceae	1	1
锤舌菌科 Leotiaceae	1	1	皮孔菌科 Porothelaceae	1	1
粒毛盘菌科 Neolactaceae	1	1	钉菇科 Gomphaceae	3	4
线虫草科 Ophiocordycipitaceae	5	12	圆孢牛肝菌科 Gyroporaceae	1	3
肉盘菌科 Sarcosomataceae	1	3	球盖菇科 Strophariaceae	3	5
炭角菌科 Xylariaceae	2	5	丝盖伞科 Inocybaceae	2	11
担子菌门 Basidiomycota			皱皮孔菌科 Ischnodermataceae	1	1
蘑菇科 Agaricaceae	1	4	红菇科 Russulaceae	2	19
层腹菌科 Hymenogastraceae	4	6	焗孔菌科 Laetiporaceae	1	1
韧革菌科 Stereaceae	2	3	马勃科 Lycoperdaceae	1	2
鹅膏菌科 Amanitaceae	1	7	小皮伞科 Marasmiaceae	3	7
多孔菌科 Polyporaceae	11	21	小菇科 Mycenaceae	2	9
耳匙菌科 Auriscalpiaceae	1	2	褐褶菌科 Gloeophyllaceae	1	1
牛肝菌科 Boletaceae	21	45	革耳科 Panaceae	1	1
色孢菌科 Callistosporiaceae	1	2	原毛平革菌科 Phanerochaetaceae	2	2
花耳科 Dacrymycetaceae	2	5	光柄菇科 Pluteaceae	1	1
美口菌科 Calostomataceae	1	1	口蘑科 Tricholomataceae	2	3
小脆柄菇科 Psathyrellaceae	4	5	小塔氏菌科 Tapinellaceae	2	2
齿菌科 Hydnaceae	2	5	裂褶菌科 Schizophyllaceae	1	1
皱皮菌科 Meruliaceae	3	3	绣球菌科 Sparassidaceae	1	1
齿耳菌科 Steccherinaceae	1	1	乳牛肝菌科 Suillaceae	1	1
铆钉菇科 Gomphidiaceae	1	1	莲叶衣科 Lepidostromataceae	1	1
笼头菌科 Clathraceae	1	1	革菌科 Thelephoraceae	1	3
珊瑚菌科 Clavariaceae	2	4	银耳科 Tremellaceae	1	2
粉褶菌科 Entolomataceae	2	12	胶瑚菌科 Tremellodendropsidaceae	1	1
类脐菇科 Omphalotaceae	5	12	干皮菌科 Incrustoporiaceae	1	2
锈革孔菌科 Hymenochaetaceae	4	7	总计 Total 68	145	302
粪锈伞科 Bolbitiaceae	2	5			

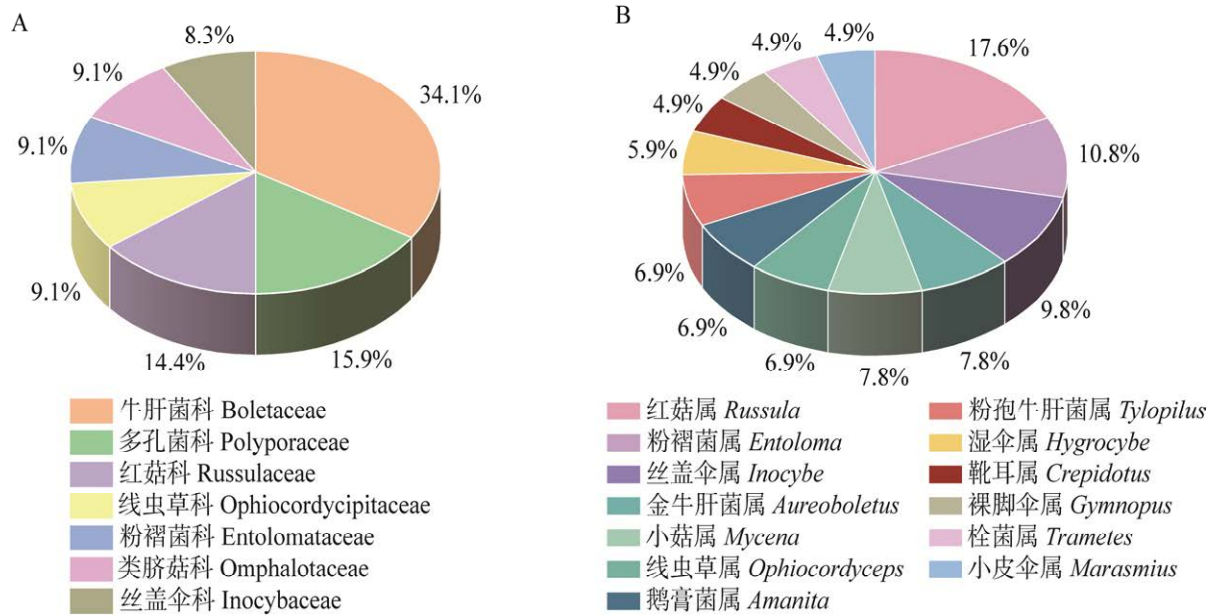


图 1 齐云山自然保护区大型真菌优势科属饼状图 A: 优势科; B: 优势属
 Fig. 1 Pie chart of dominant families and genera of macrofungi in Qiyunshan National Nature Reserve. A: Dominant families; B: Dominant genera.

表 2 齐云山自然保护区大型真菌属级分布类型统计

Table 2 Statistics of distribution types of macrofungal genera in Qiyunshan National Nature Reserve

分布带	分布类型	属数	占非广布成分比例
Distribution belt	Distribution-type	Number of genera	Proportion to non-cosmopolitan/%
广布属 Wide spread	世界广布成分 Cosmopolitan	77	-
热带属 Tropical	泛热带成分 Pantropic	20	35.71
	热带亚洲-热带大洋洲成分	1	1.79
	Trop. Asia-Australasia disjunctive	2	3.57
	热带亚洲-热带美洲成分	2	3.57
温带属 Temperate	Trop. Asia-America disjunctive	2	3.57
	北温带成分 N. Temp	25	44.64
	亚洲-欧洲分布成分	2	3.57
	Asian-European disjunctive	2	3.57
	东亚成分 E. Asia	2	3.57
中国特有属 Endemic to China	东亚-北美成分	3	5.36
	E. Asian-North American disjunctive	1	1.79
	中国特有成分 Endemic to China	1	1.79

2.3.1 世界广布成分

世界广布成分属具有较强扩散及生存能力,广泛分布于世界各大洲,且没有特定分布中心。在齐云山自然保护区,世界广布的大型真菌属有77个,占该地区大型真菌总属数的53.10%。这些属包括:蘑菇属 *Agaricus*、田头菇属 *Agrocybe*、鹅膏菌属 *Amanita*、密瑚菌属 *Artomyces*、金牛肝菌属 *Aureoboletus*、南牛肝菌属 *Austroboletus*、

白僵菌属 *Beauveria*、牛肝菌属 *Boletus*、色孢菌属 *Callistosporium*、胶角耳属 *Calocera*、黄盖小脆柄菇属 *Candolleomyces*、鸡油菌属 *Cantharellus*、拟蜡孔菌属 *Ceriporiopsis*、齿毛菌属 *Cerrena*、缘刺盘菌属 *Cheilymenia*、绿杯盘菌属 *Chlorociboria*、笼头菌属 *Clathrus*、珊瑚菌属 *Clavaria*、拟锁珊瑚菌属 *Clavulinopsis*、斜盖伞属 *Clitopilus*、锥盖伞属 *Conocybe*、鬼伞属

Coprinopsis、虫草属 *Cordyceps*、喇叭菌属 *Craterellus*、靴耳属 *Crepidotus*、拱顶伞属 *Cuphophyllus*、鳞盖伞属 *Cyptotrama*、花耳属 *Dacrymyces*、轮层炭菌属 *Daldinia*、拟层孔菌属 *Fomitopsis*、褐孔菌属 *Fuscoporia*、盔孢菌属 *Galerina*、地星属 *Geastrum*、老伞属 *Gerronema*、裸脚伞属 *Gymnopus*、圆孢牛肝菌属 *Gyroporus*、湿伞属 *Hygrocybe*、韧伞属 *Hypholoma*、棒束孢属 *Isaria*、灼孔菌属 *Laetiporus*、兰斯盘菌属 *Lanzia*、锤舌菌属 *Leotia*、马勃属 *Lycoperdon*、小皮伞属 *Marasmius*、小小孔菌属 *Microporellus*、小孔菌属 *Microporus*、小菇属 *Mycena*、微菇属 *Mycetinis*、新韧伞属 *Neolentinus*、脐菇属 *Omphalotus*、线虫草属 *Ophiocordyceps*、斑褶菇属 *Panaeolus*、革耳属 *Panus*、原毛平革菌属 *Phanerochaete*、黑柄孔菌属 *Picipes*、光柄菇属 *Pluteus*、多孔菌属 *Polyporus*、红孢牛肝菌属 *Porphyrellus*、小脆柄菇属 *Psathyrella*、伪干朽菌属 *Pseudomerulius*、裸盖菇属 *Psilocybe*、粉末牛肝菌属 *Pulveroboletus*、枝瑚菌属 *Ramaria*、红菇属 *Russula*、裂褶菌属 *Schizophyllum*、绒盖伞属 *Simocybe*、韧革菌属 *Stereum*、松塔牛肝菌属 *Strobilomyces*、特蓝伏革菌属 *Terana*、撒克斯特腹菌属 *Thaxterogaster*、革菌属 *Thelephora*、栓菌属 *Trametes*、银耳属 *Tremella*、胶瑚菌属 *Tremellodendropsis*、毛舌菌属 *Trichoglossum*、绒盖牛肝菌属 *Xerocomus* 和炭角菌属 *Xylaria*。

2.3.2 泛热带成分

泛热带成分属分布范围涵盖东西两半球的热带,可延伸至亚热带至温带,但其分布中心仍位于热带。在齐云山自然保护区,属于该成分的属有 20 个,占总属数的 13.79%。这些属包括:假芝属 *Amauroderma*、条孢牛肝菌属 *Boletellus*、美口菌属 *Calostoma*、粉褶菌属 *Entoloma*、灵芝属 *Ganoderma*、胶鸡油菌属 *Gloeocantharellus*、蜂窝菌属 *Hexagonia*、根刺射脉菌属 *Hydnophlebia*、锈革菌属 *Hymenochaete*、疣柄牛肝菌属 *Leccinellum*、香菇属 *Lentinula*、香菇属 *Lentinus*、干朽菌属 *Merulius*、小奥德蘑属 *Oudemansiella*、暗金钱菌属 *Phaeocollybia*、褶孔牛肝菌属

Phylloporus、丽烛衣属 *Sulzbacheromyces*、弯颈霉属 *Tolypocladium*、沟褶菌属 *Trogia* 和垂边红孢牛肝菌属 *Veloporphyrillus*。

2.3.3 热带亚洲-热带大洋洲成分

该成分分布于热带亚洲至大洋洲旧世界热带的东翼,通常不见于非洲大陆。在齐云山自然保护区,仅有二孢盘菌属 *Dicephalospora* 这 1 个属,占总属数的 0.69%。

2.3.4 热带亚洲-热带美洲成分

该成分间断分布于亚洲和美洲热带地区,部分可延伸至这两洲的亚热带地区。在齐云山自然保护区,属于该成分的有侧火菇属 *Pleuroflammula* 和罗叶腹菌属 *Rossbeevera* 这 2 个属,占总属数的 1.38%。

2.3.5 北温带成分

该成分分布于北半球温带,主要分布于亚洲、欧洲和北美洲。在齐云山自然保护区,属于该成分的属有 25 个,占总属数的 17.24%。这些属包括色钉菇属 *Chroogomphus*、拟金钱菌属 *Collybiopsis*、集毛菌属 *Coltricia*、丝膜菌属 *Cortinarius*、白鸟巢菌属 *Crucibulum*、牛舌菌属 *Fistulina*、暗皮伞属 *Flammulaster*、湿果伞属 *Gliophorus*、肉座菌属 *Hypomyces*、丝盖伞属 *Inocybe*、皱皮菌属 *Ischnoderma*、乳菇属 *Lactarius*、大金钱属 *Megacollybia*、无丝盘菌属 *Neolecta*、鳞伞属 *Pholiota*、假暗盘菌属 *Pseudoplectania*、假小孢伞属 *Pseudobaeospora*、黏柄小菇属 *Roridomyces*、罗伊杨牛肝菌属 *Royungia*、乳牛肝菌属 *Suillus*、小塔氏菌属 *Tapinella*、口蘑属 *Tricholoma*、陀螺菌属 *Turbinellus*、粉孢牛肝菌属 *Tylopilus* 和干酪菌属 *Tyromyces*。

2.3.6 东亚成分

该成分主要分布于东亚,包括中国、朝鲜、韩国、日本及俄罗斯远东地区,有时向南延伸至中国南部甚至中南半岛,向西可达印度、尼泊尔乃至巴基斯坦。在齐云山自然保护区,属于该成分的有薄瓢牛肝菌属 *Baorangia* 和拟多年卧孔菌属 *Perenniporiopsis* 这 2 个属,占总属数的 1.38%。

2.3.7 东亚-北美成分

该成分间断分布于东亚和北美洲温带及亚

热带地区。在齐云山自然保护区,属于该成分的有兰茂牛肝菌属 *Lanmaoa*、黏盖牛肝菌属 *Mucilopilus* 和网柄牛肝菌属 *Retiboletus* 这 3 个属, 占总属数的 2.07%。

2.3.8 亚洲-欧洲分布成分

该成分间断分布于亚洲和欧洲,其他洲未见分布。在齐云山自然保护区,属于该成分的有全缘孔菌属 *Haploporus* 和粘盖菌属 *Mucidula* 这 2 个属, 占总属数的 1.38%。

2.3.9 中国特有成分

该成分目前仅在中国分布,齐云山自然保护区仅有臧氏牛肝菌属 *Zangia* 这 1 个属, 占总属数的 0.69%。

2.4 大型真菌资源评价

齐云山自然保护区的大型真菌资源按照应用经济价值分为 6 类: 食用菌、药用菌、有毒真菌、外生菌根菌、木腐菌和应用价值不明。其中, 食用菌 59 种, 占总种数的 19.54%; 药用菌 39 种, 占总种数的 12.91%; 有毒真菌 45 种, 占总种数的 14.90%; 外生菌根菌 98 种, 占总种数的 32.45%; 木腐菌 63 种, 占总种数的 20.86%; 应用价值不明的种类有 104 种, 占总种数的 34.44% (附表 1, 图 2)。

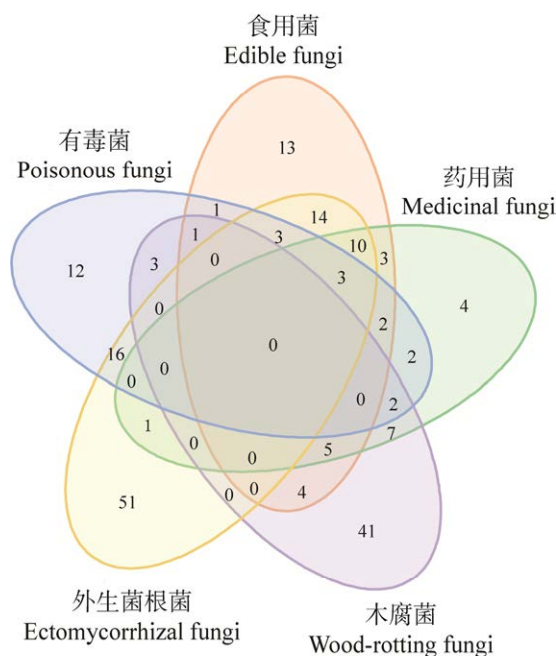


图 2 齐云山自然保护区大型真菌资源评价维恩图
Fig. 2 Venn diagram for the evaluation of macrofungal resources in Qiyunshan National Natural Reserve.

2.5 大型真菌濒危状况

根据《中国生物多样性红色名录——大型真菌卷》,对齐云山自然保护区内的大型真菌进行评估,评估等级分为数据不足(DD)、无危(LC)、易危(VU)和近危(NT) 4 种等级。本次调查共鉴定 302 个物种,其中已评估的物种有 177 种, 占物种总数的 58.61%。已评估物种中, 易危 1 种(占 0.33%), 近危 1 种(占 0.33%), 无危 121 种(占 40.07%), 数据不足的物种 54 种(占 17.88%)。仍有 125 种在红色名录中未作出评估, 需进一步关注和评估(附表 1, 图 3)。

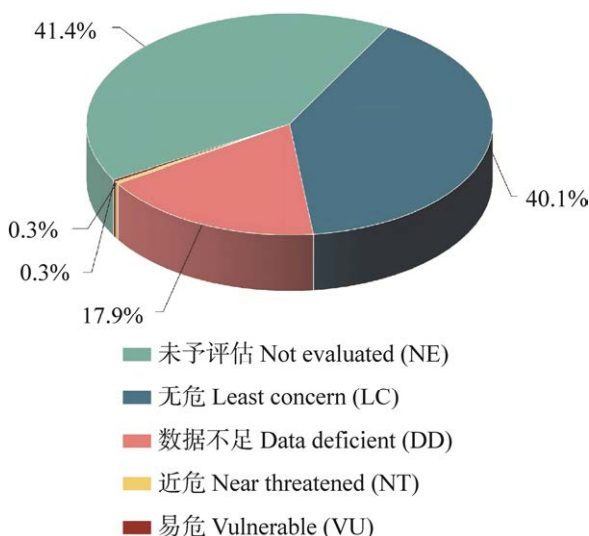


图 3 齐云山自然保护区大型真菌物种濒危状况
Fig. 3 Endangerment status of macrofungal species in Qiyunshan National Natural Reserve.

易危(VU)物种有 1 种, 为干巴糙孢革菌 *Thelephora ganbajun*。近危(NT)物种有 1 种, 为杯密瑚菌 *Artomyces pyxidatus*。中国特有种 11 种, 包括: 裂皮鹅膏 *Amanita rimosa*、袁氏鹅膏 *Amanita yuaniana*、重孔金牛肝菌 *Aureoboletus duplicatoporus*、纤细金牛肝菌 *Aureoboletus tenuis*、菌索拟蜡孔菌 *Ceriporiopsis fimbriata*、厚集毛孔菌 *Coltricia crassa*、云南小奥德蘑 *Oudemansiella yunnanensis*、褐盖褶孔菌 *Phylloporus brunneiceps*、双孢罗叶腹菌 *Rossbeevera bispora*、干巴糙孢革菌 *Thelephora ganbajun* 和黄盖臧氏牛肝菌 *Zangia citrina* (图 4)。

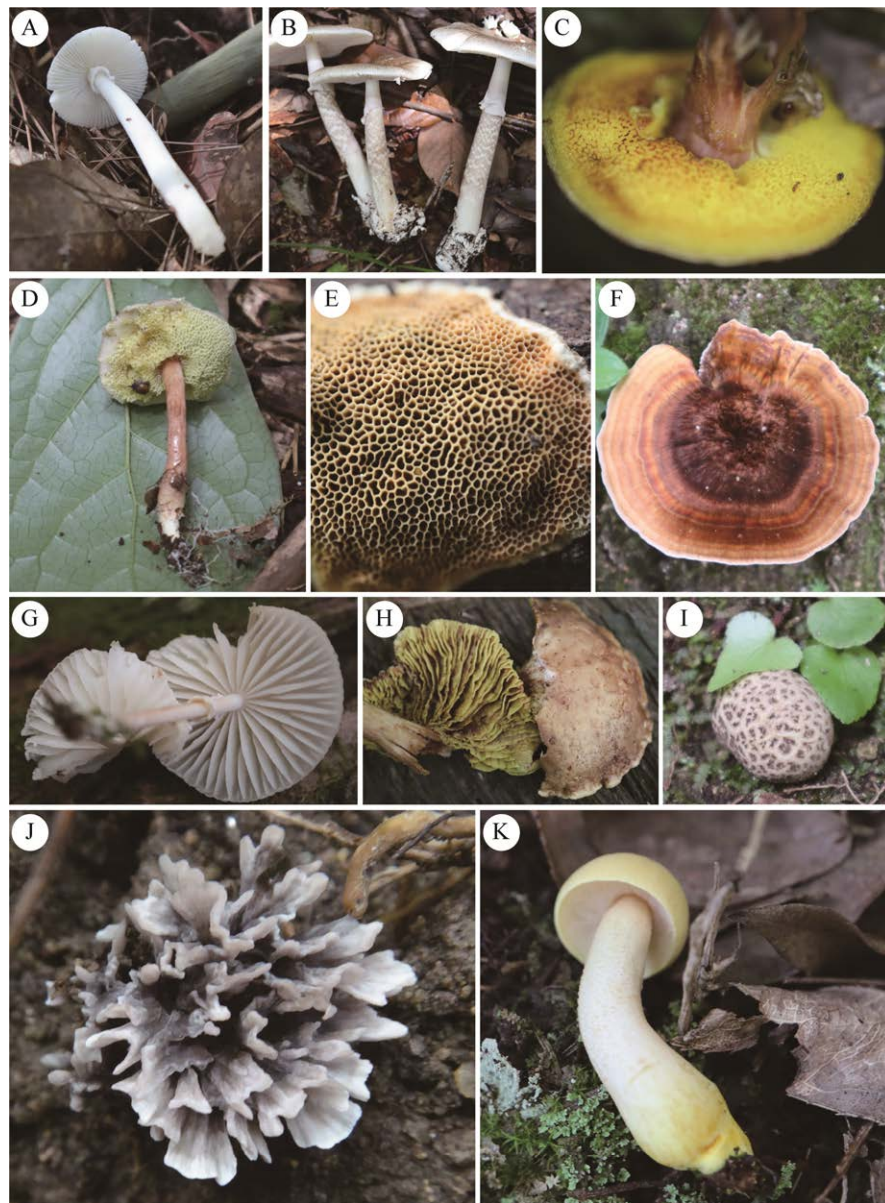


图 4 齐云山自然保护区大型真菌中国特有种 A: 裂皮鹅膏; B: 袁氏鹅膏; C: 重孔金牛肝菌; D: 纤细金牛肝菌; E: 菌索拟蜡孔菌; F: 厚集毛孔菌; G: 云南小奥德蘑; H: 褐盖褶孔菌; I: 双孢罗叶腹菌; J: 干巴糙孢革菌; K: 黄盖臧氏牛肝菌

Fig. 4 Chinese endemic species in Qiyunshan National Natural Reserve. A: *Amanita rimosa*; B: *Amanita yuaniana*; C: *Aureoboletus duplicatoporus*; D: *Aureoboletus tenuis*; E: *Ceriporiopsis fimbriata*; F: *Coltricia crassa*; G: *Oudemansiella yunnanensis*; H: *Phylloporus brunneiceps*; I: *Rossbeevera bispora*; J: *Thelephora ganbajun*; K: *Zangia citrina*.

2.6 与往期保护区大型真菌物种调查比较

陈言柳等(2019)在 2013 年 6 月至 2015 年 9 月期间对齐云山保护区进行调查, 该次调查共鉴定出 40 科 88 属 180 种, 其中子囊菌门 2 科 4 属 10 种, 担子菌门 38 科 84 属 170 种。本次研究中, 共鉴定出 68 科 145 属 302 种, 与前期调查结果相比, 科的相似性系数为 61.11%, 属

的相似性系数为 43.78%, 在物种的相似性系数中仅有 7.47%。这可能与采样时间的年际波动和采样策略密切相关, 同时也说明齐云山潜在的大型真菌物种丰富(表 3)。

相似性公式 $S = [2A / (B + C)] \times 100\%$

A 代表两期调查的共有数, B 和 C 分别代表两期调查各自数量。

表 3 齐云山自然保护区 2019 年调查与本次调查相似性

Table 3 Similarity between the 2019 investigation and the current investigation in Qiyunshan National Nature Reserve

时间	属	共有属	属的相似性系数	科	共有科	科级相似性系数	种	共有种	种的相似性系数
Time	Genera	Shared genera	Genetic similarity coefficient/%	Families	Shared families	Family similarity coefficient/%	Species	Shared species	Species similarity coefficient/%
2019	88	51	43.78	40	33	61.11	180	18	7.47
2025	145			68			302		

3 结论与讨论

本研究采用整合分类学方法(结合形态学观察与分子序列分析),对齐云山自然保护区大型真菌进行了系统调查,共鉴定物种 302 种,隶属 145 属。与陈言柳等(2019)在同一区域主要依赖宏观形态学方法报道的 180 种(隶属 88 属)相比,本研究揭示的物种数量增加了 67.8%。这一显著差异凸显了现代分类学手段,特别是分子标记(如 ITS 序列)在物种界定中的广泛应用,有效克服了以往研究中可能因依赖表型可塑性较强的宏观形态特征而导致的物种合并或误判问题,发现了诸多复合种,这与在全球和区域尺度上对大型真菌分类研究的观点相符(戴玉成等 2021; He *et al.* 2022; Wu *et al.* 2022a)。本研究确定的优势科(牛肝菌科、多孔菌科、红菇科等)和优势属(红菇属、粉褶菌属、丝盖伞属等)与陈言柳等(2019)研究结果存在部分重叠(如多孔菌科、红菇科、红菇属),但也表现出一定差异(如本研究中粉褶菌属和丝盖伞属的优势地位)。优势科属组成的这些差异可能归因于群落组成的年际波动、采样策略的差异,或更精确的物种界定带来的分类修订,提示未来研究需关注大型真菌群落结构的时空动态及其驱动机制。

齐云山自然保护区作为华东与华南两大生物区系的交汇过渡带,其独特的生物地理位置塑造了该区域大型真菌区系的组成特征。属级地理成分分析显示,世界广布属构成区系主体(53.10%),同时含有较高比例的北温带(17.24%)和泛热带(13.79%)成分。这一格局与陈言柳等(2019)的分析结果(其属级分析显示,世界广布属 72.72%,泛热带属 15.91%,北温带属 10.23%;种级分析结果,显示世界广布种 53.33%,热带/亚热带种 11.67%,北温带种 10.00%)在揭示温带

与热带成分交融特征方面具有一致性,共同支持了该区域区系的过渡性质。值得注意的是,本研究发现的北温带区系成分比例(17.24%)高于陈言柳等(2019)的报道(10.23%)。这可能与本研究采用了更广泛的采样策略、更长的调查周期,以及分子数据辅助下更精确的物种鉴定和归属有关,从而更全面地揭示了北温带成分的存在。这一发现进一步强化了齐云山作为南北生物区系过渡带的生物地理学意义。对江西广昌县抚河源保护区的研究亦呈现相似的地理成分格局,提示这可能是罗霄山脉乃至江西省大型真菌区系的共同特征(杨滢等 2022)。功能类群分析显示,外生菌根真菌物种占比较高(32.45%),这与保护区内多样的森林植被类型(如松科、壳斗科等优势树种)能提供丰富的潜在共生宿主资源密切相关(朱教君等 2003)。已有报道证明,外生菌根真菌数量包括 5 000 多个种和 250 多个属,它们与各种植物的细根形成互利共生关系(Sharma 2017)。而在担子菌门中,大约有 100 种真菌物种与 2%的维管植物(主要包括龙脑香科、壳斗科、桃金娘科和松科)有外生菌根关联(Brundrett & Tedersoo 2018; Corrales *et al.* 2018)。在这种共生关系中,外生菌根真菌的菌丝比植物根系更高效地吸收土壤养分并输送给宿主,而宿主植物则通过光合作用提供糖分作为回报(Nehls *et al.* 2010)。这表明外生菌根真菌在维系该区域森林生态系统的结构稳定性、功能多样性及高效养分循环中扮演着关键角色。本次对食用、药用及有毒真菌的资源评估以及该区域生物资源的合理利用与风险管理提供了最新的基础数据。

本研究基于现代整合分类学标准,为齐云山自然保护区构建了迄今最为详尽的大型真菌物种名录,显著提升了对该区域大型真菌物种多样性水平的认知。鉴定出易危(VU)和近危(NT)物

种各 1 种, 以及 11 种中国特有种, 明确了该保护区对于珍稀濒危及地方特有菌物种质资源保护的战略价值。特有种的存在是区域生物地理独特性的重要标志, 其记录对于制定优先保护策略和理解区域生物区系的形成历史至关重要(邓旺秋等 2020; 图力古尔和李玉 2000)。本研究再次证明, 采用形态学与分子生物学相结合的整合分类方法, 并辅以系统、持续的野外调查, 是准确评估区域大型真菌多样性本底、有效揭示隐存多样性以及监测群落动态变化的必要途径。长期积累的调查数据对于更准确、稳定地反映生物多样性格局至关重要(Yu *et al.* 2022)。因此, 本研究成果不仅是对齐云山乃至罗霄山脉区域菌物学的重要补充, 更为未来更大尺度上开展生物多样性格局分析、评估气候变化对菌物区系的影响, 以及制定科学合理的菌物资源可持续利用与保护策略提供了科学依据和数据支撑。

作者贡献

朱正月: 外业调查采样、物种鉴定、数据分析和论文初稿写作; 肖敏和马焱: 外出调查采样; 陈名君和李增智: 物种鉴定指导和论文修改; 栾丰刚: 外出调查采样、物种鉴定指导和论文写作。

利益冲突声明

该研究不存在任何潜在利益冲突的商业或财务关系。

[REFERENCES]

Bau T, 2018. Fungal taxonomy. Science Press, Beijing. 1-303 (in Chinese)

Bau T, Li HJ, Bao HY, Li Y, 2024. A revised checklist of poisonous mushrooms in China. *Journal of Fungal Research*, 22(4): 301-321 (in Chinese)

Bau T, Li Y, 2000. Fungal community diversity in Daqinggou Nature Reserve. *Acta Ecologica Sinica*, 8(6): 986-991 (in Chinese)

Bau T, Yang ZL, Chen ZH, Li TH, Li HJ, 2025. Poisonous mushrooms of China. Science Press, Beijing. 1-385 (in Chinese)

Bian LX, An Q, Wang XH, Chen L, Han ML, 2023. Diversity of wood-inhabiting macrofungi in the Taihang Mountains,

Northern China. *Mycosystema*, 42(11): 2188-2202

Brundrett MC, Tedersoo L, 2018. Evolutionary history of mycorrhizal symbioses and global host plant diversity. *New Phytologist*, 220(4): 1108-1115

Chang ST, Wasser SP, 2018. Current and future research trends in agricultural and biomedical applications of medicinal mushrooms and mushroom products. *International Journal of Medicinal Mushrooms*, 20(12): 1121-1133

Chen Y, Zhan SF, Peng Q, Fan YF, Du TZ, 2011. Preliminary analysis on macrofungi mycobiota in forest of northwest Jiangxi China. *Journal of Jilin Agricultural University*, 33(1): 31-35, 46 (in Chinese)

Chen YL, Lin YL, Su MS, Zhang LP, Zhang Y, Chen HM, 2019. Flora of macrofungi in Qiyun Mountain National Nature Reserve of Jiangxi. *Journal of Fungal Research*, 17(1): 26-34 (in Chinese)

Clemmensen KE, Finlay RD, Dahlberg A, Stenlid J, Wardle DA, Lindahl BD, 2015. Carbon sequestration is related to mycorrhizal fungal community shifts during long-term succession in boreal forests. *New Phytologist*, 205(4): 1525-1536

Corrales A, Henkel TW, Smith ME, 2018. Ectomycorrhizal associations in the tropics – biogeography, diversity patterns and ecosystem roles. *New Phytologist*, 220(4): 1076-1091

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 YJ, Wu YD, Jiang YH, Zhu AH, Wu F, Liu HG, Dai YC, Yuan Y, 2025. Diversity of macrofungi in southeast Xizang 1. the wood-decay fungi. *Mycology*, 16(2): 635-669

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, 2012. Pathogenic wood-decaying fungi on woody plants in China. *Mycosystema*, 31(4): 493-509 (in Chinese)

Dai YC, Yang ZL, 2008. A revised checklist of medicinal fungi in China. *Mycosystema*, 27(6): 801-824 (in Chinese)

Dai YC, Yang ZL, Cui BK, Wu G, Yuan HS, Zhou LW, He SH, Ge ZW, Wu F, Wei YL, 2021. Diversity and systematics of the important macrofungi in Chinese forests. *Mycosystema*, 40(4): 770-805 (in Chinese)

Dai YC, Zhou LW, Yang ZL, Wen HA, Bau T, Li TH, 2010. A revised checklist of edible fungi in China. *Mycosystema*, 29(1): 1-21 (in Chinese)

- Deng WQ, Li TH, Song ZP, Zhang M, Xu JY, Huang H, He Y, 2020. Floristic analysis and resource evaluation of macrofungi in the Luoxiao Mountains, China. *Biodiversity Science*, 28(7): 896-904 (in Chinese)
- Dong JH, Gu JY, Zhao CL, 2023. Diversity of wood-decaying fungi in Wenshan Area, Yunnan Province, China. *Mycosystema*, 42(3): 638-662
- Han LH, Yang ZL, 2020. Research progress on the biogeography of ectomycorrhizal fungi. *Journal of Fungal Research*, 18(1): 1-9 (in Chinese)
- He MQ, Zhao RL, Liu DM, Denchev TT, Begerow D, Yurkov A, Kemler M, Millanes AM, Wedin M, McTaggart AR, Shivas RG, Buyck B, Chen J, Vizzini A, Papp V, Zmitrovich IV, Davoodian N, Hyde KD, 2022. Species diversity of basidiomycota. *Fungal Diversity*, 114(1): 281-325
- Hu YQ, Li LY, Liu XZ, Lang N, Qi LL, Li Y, 2024. Diversity of macrofungi in the karst area of Sino-Vietnam border in Guangxi, South China. *Mycosystema*, 43(10): 66-81 (in Chinese)
- Huo W, Cui L, Yan P, He X, Zhang L, Liu Y, Li J, 2024. Diversity and composition of fungicolous fungi residing in macrofungi from the Qinling Mountains. *Journal of Fungi*, 10(9): 601
- Kinge TR, Goldman G, Jacobs A, Ndiritu GG, Gryzenhout M, 2020. A first checklist of macrofungi for South Africa. *MycoKeys*, 63: 1-48
- Kutszegi G, Siller I, Dima B, Takács K, Merényi Z, Varga T, Ódor P, 2015. Drivers of macrofungal species composition in temperate forests, West Hungary: functional groups compared. *Fungal Ecology*, 17: 69-83
- Li H, Guo J, Ye L, Gui H, Hyde KD, Xu J, Mortimer PE, 2021a. Composition of woody plant communities drives macrofungal community composition in three climatic regions. *Journal of Vegetation Science*, 32(2): e13001
- Li H, Tian Y, Menolli JN, Ye L, Karunarathna SC, Perez-Moreno J, Mortimer PE, 2021b. Reviewing the world's edible mushroom species: a new evidence-based classification system. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 20(2): 1982-2014
- Li T, Li T, Song B, Hosen MI, 2020. *Thelephora austrosinensis* (Thelephoraceae), a new species close to *T. ganbajun* from Southern China. *Phytotaxa*, 471(3): 208-220
- Li Y, Li TH, Yang ZL, Bau T, Dai YC, 2015. Atlas of macrofungi resources in China. Zhongyuan Peasant Publishing House, Zhengzhou. 1-1480 (in Chinese)
- Liu XM, Guo YR, Liu RL, 2010. Comprehensive scientific survey of the Qiyun Mountain Nature Reserve in Jiangxi. China Forestry Publishing House, Beijing. 6-184 (in Chinese)
- Mao XL, 2006. Poisonous mushrooms and their toxins in China. *Mycosystema*, 25(3): 345-363 (in Chinese)
- Mu GF, Bau T, 2023. Funga composition and characteristics in three karst forests of Guangxi, Southern China. *Mycosystema*, 42(7): 1461-1484 (in Chinese)
- Nehls U, Göhringer F, Wittulsky S, Dietz S, 2010. Fungal carbohydrate support in the ectomycorrhizal symbiosis: a review. *Plant Biology*, 12(2): 292-301
- Pec GJ, Simard SW, Cahill JF, Karst J, 2020. The effects of ectomycorrhizal fungal networks on seedling establishment are contingent on species and severity of overstorey mortality. *Mycorrhiza*, 30(2): 173-183
- Qin GF, Qin WM, Wang HC, Zhao J, Korhonen K, Chen J, Dai YC, Yuan Y, 2025. Phylogeny and species diversity of *Armillaria* in China based on morphological, mating test, and GCPSR criteria. *Mycology*, 16(2): 777-811
- Ren J, Wang K, Niu CY, Kang X, Li SM, Wang LA, Li GJ, 2024. Species diversity and funga of macrofungi in Yanshan area, North China. *Mycosystema*, 43(11): 49-64 (in Chinese)
- Sharma R, 2017. Ectomycorrhizal mushrooms: their diversity, ecology and practical applications. In: Varma A, Prasad R, Tuteja N (eds.) *Mycorrhiza-function, diversity, state of the art*. Springer, Cham. 99-131
- Song SW, Luo HT, Huang M, Wu ZM, Liu J, Song QA, 2021. The vegetation types and forest resources in Jiangxi Qiyunshan Nature Reserve. *South China Forestry Science*, 49(5): 34-38 (in Chinese)
- Toju H, Tanabe AS, Yamamoto S, Sato H, 2012. High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples. *PLoS One*, 7(7): e40863
- Vilgalys R, Hester M, 1990. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, 172(8): 4238-4246
- Wang CG, Dai YC, Kout J, Gates GM, Liu HG, Yuan Y, Vlasák J, 2024. Multi-gene phylogeny and taxonomy of *Physisporinus* (Polyporales, Basidiomycota). *Mycosphere*, 15: 1455-1521
- Wang CG, Zhao H, Liu HG, Zeng GY, Yuan Y, Dai YC, 2023. A multi-gene phylogeny clarifies species diversity, taxonomy, and divergence times of *Ceriporia* and other related genera in Ipicaceae (Polyporales, Basidiomycota). *Mycosphere*, 14(1): 1665-1729
- Wang Z, Wang XH, Qin WQ, Chen ZH, Deng WQ, Zhang JH, Bau T, 2021. *Lactarius mirus* sp. nov. (Russulaceae, Russulales), the first species of *Lactarius* subg. *Plinthogalus* with yellowing latex in China. *Mycosystema*, 40(7): 1591-1604

- Wei J, Cao ZH, Huang CY, 2025. Current situation analysis, problems, and countermeasures of edible forest mushroom industry based on the big food view. *Acta Microbiologica Sinica*, 65(4): 1714-1725 (in Chinese)
- Wei J, Gao W, Huang CY, 2021. A checklist of edible ectomycorrhizal mushrooms in China. *Mycosystema*, 40(8): 1938-1957 (in Chinese)
- Wu CG, Zhu T, Cui YL, Liu XF, Zhao Y, Diao GP, 2025. Macrofungal diversity in Jiejin Mountain National Forest Park, Heilongjiang Province. *Mycosystema*, 44(1): 240103 (in Chinese)
- Wu F, Man XW, Tohtirjap A, Dai YC, 2022a. A comparison of polypore funga and species composition in forest ecosystems of China, North America, and Europe. *Forest Ecosystems*, 9: 100051
- Wu F, Zhou LW, Vlasák J, Dai YC, 2022b. Global diversity and systematics of Hymenochaetales with poroid hymenophore. *Fungal Diversity*, 113(1): 1-192
- Wu F, Zhou LW, Yang ZL, Bau T, Li TH, Dai YC, 2019. Resource diversity of Chinese macrofungi: edible, medicinal and poisonous species. *Fungal Diversity*, 98: 1-76
- Wu G, Feng B, Xu J, Zhu XT, Li YC, Zeng NK, 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
- Xu WQ, Li Y, Li HJ, Liu DM, Yang N, Zhang Q, He SH, 2023. Species diversity and resource evaluation of macrofungi in Beijing. *Biodiversity Science*, 31(10): 136-143 (in Chinese)
- Yang Y, Zhao L, Chen YL, Lin YL, Zhang LP, Luan FG, Wu F, Huo GH, Yan JQ, 2022. Diversity and flora of macrofungi in the Fuheyuan Nature Reserve in Jiangxi Province. *Journal of Northwest Forestry University*, 37(2): 164-169 (in Chinese)
- Yang YL, Xu M, Zou X, Chen J, Ma HX, Yang L, Zhang J, 2019. Progress in the research of ectomycorrhizal fungi in the south of China. *Journal of West China Forestry Science*, 48(5): 131-142 (in Chinese)
- Yang YS, Wang WK, Deng CY, Han YF, 2025. Diversity of macrofungi in Guizhou Fuyan Nature Reserve. *Mycosystema*, 44(1): 25-39 (in Chinese)
- Yu H, Wang T, Skidmore A, Heurich M, Bassler C, 2022. 50 years of cumulative open-source data confirm stable and robust biodiversity distribution patterns for macrofungi. *Journal of Fungi*, 8(9): 981
- Yu JR, Yuan HS, 2023. Research progress on symbiotic interaction and host selection mechanisms of ectomycorrhizal fungi. *Mycosystema*, 42(1): 86-100 (in Chinese)
- Yuan Y, Bian LS, Wu YD, Chen JJ, Wu F, Liu HG, Zeng GY, Dai YC, 2023. Species diversity of pathogenic wood-rotting fungi (Agaricomycetes, Basidiomycota) in China. *Mycology*, 14(3): 204-226
- Zhang QY, Liu HG, Papp V, Zhou M, Dai YC, Yuan Y, 2023. New insights into the classification and evolution of *Favolaschia* (Agaricales, Basidiomycota) and its potential distribution, with descriptions of eight new species. *Mycosphere*, 14(1): 777-814
- Zhao H, Wu YD, Yang ZR, Liu HG, Wu F, Dai YC, Yuan Y, 2024. Polypore funga and species diversity in tropical forest ecosystems of Africa, America and Asia, and a comparison with temperate and boreal regions of the Northern Hemisphere. *Forest Ecosystems*, 11: 100200
- Zhao X, 2025. Developing forest food to enrich the forest granary. *Struggle*, 2025(6): 57-58 (in Chinese)
- Zheng HF, Shao YY, Huang HS, Wei QL, Huang FC, Liu B, 2024. Macrofungal diversity of White-headed Langurs Nature Reserve in Chongzuo, Guangxi, South China. *Mycosystema*, 43(10): 31-47 (in Chinese)
- Zhou HM, Dai YC, Bian LS, Liu HG, Vlasák J, Yuan Y, 2025. Diversity, divergence time, and biogeography of the genus *Albatrellus* (Agaricomycetes, Russulales). *Mycology*, 16(2): 738-776
- Zhou LJ, Geng BB, Zhang GL, Zhang YH, Tian XM, 2023. Diversity and resources of wood-rotting fungi in Shandong Province. *Mycosystema*, 42(12): 2331-2355 (in Chinese)
- Zhu AH, Zhang QY, Luo KY, He SH, Ma HX, 2024. Diversity of wood-inhabiting macrofungi in tropical areas of Yunnan Province, China. *Mycosystema*, 43(3):104-126
- Zhu JJ, Xu H, Xu ML, Kang HZ, 2003. Review on the ecological relationships between forest trees and ectomycorrhizal fungi. *Chinese Journal of Ecology*, 2023(6): 70-76 (in Chinese)
- [附中文参考文献]**
- 陈言柳, 林宇岚, 苏明声, 张林平, 张扬, 陈辉敏, 2019. 江西齐云山国家级自然保护区大型真菌区系特征研究. *菌物研究*, 17(1): 26-34
- 陈晔, 詹寿发, 彭琴, 樊有赋, 杜天真, 2011. 赣西北地区森林大型真菌区系成分初步分析. *吉林农业大学学报*, 33(1): 31-35, 46
- 戴玉成, 2012. 中国木本植物病原木材腐朽菌研究. *菌物学报*, 31(4): 493-509
- 戴玉成, 杨祝良, 2008. 中国药用真菌名录及部分名称的修订. *菌物学报*, 27(6): 801-824
- 戴玉成, 杨祝良, 崔宝凯, 吴刚, 袁海生, 周丽伟, 何双辉, 葛再伟, 吴芳, 魏玉莲, 2021. 中国森林大型真菌重要类群多样性和系统学研究. *菌物学报*, 40(4): 770-805
- 戴玉成, 周丽伟, 杨祝良, 文华安, 图力古尔, 李泰辉,

2010. 中国食用菌名录. 菌物学报, 29(1): 1-21
- 邓旺秋, 李泰辉, 宋宗平, 张明, 徐隽彦, 黄浩, 贺勇, 2020. 罗霄山脉大型真菌区系分析与资源评价. 生物多样性, 28(7): 896-904
- 韩利红, 杨祝良, 2020. 外生菌根真菌生物地理学研究进展. 菌物研究, 18(1): 1-9
- 胡永强, 李俐颖, 刘栩州, 郎宁, 祁亮亮, 李玉, 2024. 广西中越边境喀斯特地区大型真菌资源多样性. 菌物学报, 43(10): 66-81
- 李玉, 李泰辉, 杨祝良, 图力古尔, 戴玉成, 2015. 中国大型菌物资源图鉴. 郑州: 中原农民出版社. 1-1480
- 刘小明, 郭英荣, 刘仁林, 2010. 江西齐云山自然保护区综合科学考察集. 北京: 中国林业出版社. 6-184
- 卯晓岚, 2006. 中国毒菌物种多样性及其毒素. 菌物学报, 25(3): 345-363
- 牟光福, 图力古尔, 2023. 广西喀斯特三主要林区大型真菌区系组成及其特点. 菌物学报, 42(7): 1461-1484
- 任静, 王科, 牛彩云, 康霞, 李守勉, 王立安, 李国杰, 2024. 燕山地区大型真菌物种多样性及区系组成. 菌物学报, 43(11): 49-64
- 宋述望, 罗会潭, 黄萌, 吴治明, 刘骏, 宋庆妮, 2021. 江西齐云山自然保护区植被类型与森林资源特征. 南方林业科学, 49(5): 34-38
- 图力古尔, 2018. 蕈菌分类学. 北京: 科学出版社. 1-303
- 图力古尔, 李海蛟, 包海鹰, 李玉, 2024. 中国毒蘑菇新修订名录. 菌物研究, 22(4): 301-321
- 图力古尔, 李玉, 2000. 大青沟自然保护区大型真菌群落多样性研究. 生态学报, 8(6): 986-991
- 图力古尔, 杨祝良, 陈作红, 李泰辉, 李海蛟, 2025. 中国的毒蘑菇. 北京: 科学出版社. 1-385
- 魏杰, 曹子恒, 黄晨阳, 2025. 基于大食物观的森林食用菌产业现状、问题与对策. 微生物学报, 65(4): 1714-1725
- 魏杰, 高巍, 黄晨阳, 2021. 中国菌根食用菌名录. 菌物学报, 40(8): 1938-1957
- 武崇高, 朱桐, 崔云龙, 刘雪峰, 赵勇, 刁桂萍, 2025. 黑龙江街津山国家森林公园大型真菌多样性. 菌物学报, 44(1): 240103
- 徐维启, 李玥, 李海蛟, 刘冬梅, 杨宁, 张琦, 何双辉, 2023. 北京市大型真菌物种多样性调查与资源评价. 生物多样性, 31(10): 136-143
- 杨滢, 赵兰, 陈言柳, 林宇岚, 张林平, 栾丰刚, 吴斐, 霍光华, 颜俊清, 2022. 江西抚河源自然保护区大型真菌多样性与区系特征. 西北林学院学报, 37(2): 164-169
- 杨云礼, 徐明, 邹晓, 陈进, 马洪霞, 杨兰, 张健, 2019. 我国南方地区外生菌根真菌研究进展. 西部林业科学, 48(5): 131-142
- 杨云深, 王万坤, 邓春英, 韩燕峰, 2025. 贵州湄潭自然保护区大型真菌物种多样性. 菌物学报, 44(1): 25-39
- 俞嘉瑞, 袁海生, 2023. 外生菌根真菌的共生互作和宿主选择机制研究进展. 菌物学报, 42(1): 86-100
- 赵熙, 2025. 发展森林食品丰盈森林“粮库”. 奋斗, 2025(6): 57-58
- 郑海富, 邵元元, 黄海思, 韦秋路, 黄福常, 刘斌, 2024. 广西崇左白头叶猴自然保护区大型真菌多样性. 菌物学报, 43(10): 31-47
- 周林江, 耿彬彬, 张国利, 张英昊, 田雪梅, 2023. 山东省木材腐朽真菌多样性和资源. 菌物学报, 42(12): 2331-2355
- 朱教君, 徐慧, 许美玲, 康宏樟, 2003. 外生菌根菌与森林树木的相互关系. 生态学杂志, 2023(6): 70-76