

西沙永乐群岛曲霉属新系 *Paraflavipedes* 及 2 个真菌新物种

郑喜萌^{1,2}, 杨 骁^{2,3}, 张世清², 熊子君², 马 帅², 黄小龙^{1*}, 郭志凯^{2*}

1. 海南大学生命健康学院, 海南海口 570228; 2. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所/海南省热带微生物资源重点实验室/海南省热带农业生物资源保护与利用重点实验室, 海南海口 571101; 3. 南京农业大学三亚研究院, 海南三亚 572024

摘 要: 西沙群岛地处低纬度地区, 位于印度季风和亚洲季风的中间地带, 其独特而多样的生态系统, 为众多微生物提供了栖息地, 催生了丰富多样的微生物资源。由于大多数岛屿地理位置偏远且滨海植被处于寡营养的先锋阶段, 因此微生物群落可能与植被复杂的岛屿存在差异。通过对西沙群岛滨海土壤的真菌多样性进行研究, 从当地的珊瑚土壤样本中分离出 2 个曲霉属 (*Aspergillus*) 真菌新物种, 即并黄柄曲霉 (*A. paraflavipes*) 和甘泉曲霉 (*A. ganquanensis*)。根据形态学比对和多基因联合 (*ITS+BenA+CaM+RPB2*) 系统发育分析表明, 这些物种表现出独特的分类地位和形态特征, 综合结果可以确认为新的分类单元。并黄柄曲霉和甘泉曲霉分别属于曲霉属下环绕亚属 (subgen. *Circumdati*) 的黄柄组 (sect. *Flavipedes*) 和环绕组 (sect. *Circumdati*)。根据系统发育分析结果显示, 并黄柄曲霉在黄柄组 (sect. *Flavipedes*) 中是一个平行于黄柄系 (ser. *Flavipedes*) 的单独谱系; 并且通过形态学比较, 发现其孢梗茎 (stipes) 和顶囊 (vesicle) 尺寸远小于该组其他物种; 此外, 在生长速度方面, 与并黄柄曲霉相近的黄柄系中仅有 *A. ardalensis* 和 *A. templicola* 能在 40 °C 的察氏酵母培养基 (CYA) 上生长, 且生长速度极为缓慢 (生长速度 < 10 mm, 7 d), 而 *A. paraflavipes* 则能以相对较快的速度 (21~24 mm, 7 d) 生长。综上所述, 本研究提出设立一个新系并黄柄系 (ser. *Paraflavipedes*) 以容纳并黄柄曲霉, 详细的形态学比对以及鉴定结果描述在文中阐述。多基因联合系统发育分析显示甘泉曲霉在环绕组 (sect. *Circumdati*) 的菌核系 (ser. *Sclerotiorum*) 中呈现独特分支, 且形态结构与该系中的物种相似。本研究分离并记录了 2 个源于西沙群岛的曲霉属真菌, 拓展了对西沙群岛的真菌多样性认知, 并且在人类活动影响该生态系统之前, 记录其生物多样性的工作尤为重要。

关键词: 西沙群岛; 新物种; 曲霉菌属; 分类学

中图分类号: S476.1 文献标志码: A

One New Series (*Paraflavipedes*) of *Aspergillus* and Two Novel Fungal Species from Xisha Coral Islands, China

ZHENG Ximeng^{1,2}, YANG Xiao^{2,3}, ZHANG Shiqing², XIONG Zijun², MA Shuai², HUANG Xiaolong^{1*}, GUO Zhikai^{2*}

1. School of Life and Health Sciences, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences / Hainan Key Laboratory of Tropical Microbe Resources / Key Laboratory for Biology and Genetic Resources of Tropical Crops of Hainan Province, Haikou, Hainan 571101, China; 3. Sanya Institute of Nanjing Agricultural University, Sanya, Hainan 572024, China

Abstract: Xisha Islands are located in a low-latitude area that straddles the boundary between the Indian and eastern Asian monsoon systems. The unique and diverse ecosystem provides habitats for numerous microorganisms, generating exceptionally rich microbial resources. Due to the remote geographical locations of most islands and the fact that the

收稿日期 2025-10-20; 接受日期 2025-11-20

基金项目 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (No. 1630052024022); 海南省教育厅三亚崖洲湾科技城博士研究生科研创新基金联合项目 (No. HSPHDSRF-2024-09-011); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目 (No. 1630042025014)。

作者简介 郑喜萌 (2000—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 热带微生物资源挖掘。*通信作者 (Corresponding authors): 黄小龙 (HUANG Xiaolong), E-mail: huangxiaolong@hainanu.edu.cn; 郭志凯 (GUO Zhikai), E-mail: guozhikai@catasitbb.cn。

coastal vegetation is in the vanguard stage of oligotrophic conditions, the microbial communities may differ from those of islands with complex vegetation. In this study, through the research on the fungal diversity of coastal coral sandy soil in Xisha Islands, two new species of *Aspergillus*, namely *A. paraflavipes* and *A. ganquanensis*, were isolated from the local coral sandy soil samples using potato-dextrose agar. Identifications of new species were carried out based on various methods such as detection of growth rate in plate culture, observation of colony morphology in plate growth, microscopic morphological comparison, and multi-gene combined phylogenetic analysis (*ITS-BenA-CaM-RPB2*). The results showed that the species exhibited taxonomic status and morphological characteristics that are different from those of existing species. By integrating various detection methods and comparison results, they could be regarded as new taxonomic units. *A. paraflavipes* and *A. ganquanensis* belonged to the genus *Aspergillus*, subgen. *Circumdati* in sect. *Flavipedes* and sect. *Circumdati*, respectively. According to the results of the combined phylogenetic analysis of multiple genes, *A. paraflavipes* in sect. *Flavipedes* was a separate lineage parallel to the ser. *Flavipedes*. According to its microscopic morphological structure, it is shown that the conidiomata of *A. paraflavipes* was very special, and the size of its stipes and vesicles was much smaller than that of other species in the sect. *Flavipedes*. According to the growth rate detection results, *A. paraflavipes* could grow at a relatively fast rate (21–24 mm, 7 days) on Czapek yeast autolysate (CYA) at 40 °C. Among the ser. *Flavipedes* similar to *A. paraflavipes*, only *A. ardalensis* (growth rate ≤ 2 mm, 7 days) and *A. templicola* (4–8 mm, 7 days) could grow on CYA at 40 °C. And its growth rate was extremely slow, and none of the other species grow. Based on the results of phylogenetic analysis, microscopic morphological observation and growth rate comparison, it is believed that *A. paraflavipes* is located in an undiscovered series in sect. *Flavipedes*. Therefore, we propose to establish a new strain, ser. *Paraflavipedes*, to accommodate *A. paraflavipes*. The detailed morphological comparison and the description of the identification results were described in the article. Multi-gene combined phylogenetic analysis showed *A. ganquanensis* presented a unique branch in the sect. *Circumdati*, ser. *Sclerotiorum*, showing similar morphology to those of the species in this series. This study isolated and documented two new species of *Aspergillus* originated from the Xisha Islands, expanding our understanding of the fungal diversity of the Xisha Islands. Moreover, it is particularly important to record the biodiversity of the ecosystem before human activities affecting it.

Keywords: Xisha Islands; new species; *Aspergillus*; taxonomy

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2026.03.017

海洋生态系统是地球上最大的生物圈, 蕴藏着丰富的微生物资源, 并参与全球重要的生态演化过程^[1-2]。而真菌作为复杂海洋微生物的重要组成部分, 高度参与海洋生命的进化进程, 真菌凭借强大的适应能力, 在热液喷口、深海冷渗漏区和极地等极端环境中仍广泛分布且数量庞大^[3-6]。经过长期的协同进化, 真菌与海洋生物形成了共生或寄生关系, 深刻影响着海洋生态系统的稳定性和生物多样性^[7-9]。与此同时, 真菌的适应策略涉及多种代谢机制, 通过这些机制, 可以产生多种生物活性物质, 因此利用海洋真菌开发药物及抗生素先导化合物就成为了新的研究热点^[10-11]。此外, 海洋真菌在可持续材料生产和生物循环经济中也展现出了巨大潜力^[12]。值得注意的是, 随着高通量测序技术的发展, 科学家揭示了海洋栖息地中存在大量未被发现的真菌类群^[13]。由此可见, 海洋真菌不仅自身具有重大研究价值, 其对不同领域的影响亦不可小觑。

曲霉属是真菌中物种丰富、分布广泛的一个

属, 常见于热带/亚热带地区、深海及极地等各类栖息地^[14-16]。由于曲霉属具有产生真菌毒素 (如黄曲霉毒素、赭曲霉毒素)、病原体 (烟曲霉)、食品发酵 (酱油、味噌)、药物 (洛伐他汀、霉酚酸) 等特性, 对人类健康、农业和制药业产生重大影响^[17-22]。此外, 由于曲霉属家族复杂、物种多样, 因此在原有分类体系之上, 引入了更细化的分类单元, 并且需要结合形态学比对数据及多基因位点 (如 *ITS*、*BenA*、*CaM*、*RPB2* 等标记基因) 的系统发育分析, 才能阐明这些属内的种间关系^[22]。通过对多个珊瑚岛滨海土壤样本进行分离, 获得 *ITS* 相似度较低的真菌菌株, 根据系统发育分析和形态学观察, 对这些菌株进行鉴定。

1 材料与方法

1.1 材料

样本采自海南西沙群岛的永乐群岛甘泉岛 (16°30'28"N, 111°35'10"E)。采样点选择在岛屿近岸区域 (各点间距至少 200 m), 因为这些区域

与海洋生态系统关联度高，且存在植被。土壤样本采自植被根际附近 30~90 cm 深度(具体深度视根系特征和土壤基质而定)，采后立即分装于无菌塑料袋（每袋约 50 g），并保存于低温环境。所有样本带回实验室后立即进行真菌分离。

1.2 方法

1.2.1 真菌分离 采用改良的稀释平板法分离真菌。将 1.0 g 土壤样品悬浮于 10 mL 灭菌水中，在 28 ℃、200 r/min 摇床条件下培养 2 h，随后将上层悬液按梯度浓度（10⁻²、10⁻³、10⁻⁴）进行稀释。取 200 mL 稀释后的悬液涂布于 1/4 PDA 培养基（含蔡啶酮酸 50 mg/L），每个浓度设置 5 个重复。所有培养基均在 25 ℃下培养，每 24 h 观察 1 次，选取单个真菌菌落接种至独立培养基^[23]。所有测试样本均保存于中国热带农业科学院热带生物科学与生物技术研究所以真菌标本馆（FCATAS，中国海口）。

1.2.2 形态学观察 形态学鉴定采用标准方法^[20-21]。

分离的真菌菌落分别接种于察氏琼脂（CZ）、察氏酵母琼脂（CYA）、麦芽提取物琼脂（MEA）、酵母提取物琼脂（YES）及马铃薯葡萄糖琼脂（PDA）等培养基上进行培养，每种培养基设置 3 个重复。在 25 ℃避光培养 7 d 后，使用 MMI 细胞切割增强系统和 KEYENCE VHX-6000 显微镜记录菌落生长特征及形态。颜色鉴定参照文献[24]。每个分离株制备 3~5 张培养基载玻片进行观察，然后随机选取分生孢子、分生孢子梗及孢子囊各 30 个进行形态测量分析。

1.2.3 分子试验 培养 7 d 后的 PDA 单菌株用于 DNA 提取，由擎科生物科技有限公司（中国昆明）完成。针对内部转录间隔区（ITS）、β-微管蛋白（BenA）、钙调蛋白（CaM）及 RNA 聚合酶 II 第二大亚基（RPB2）的聚合酶链式反应（PCR）扩增，采用引物对进行常规方法扩增，引物序列见表 1，具体方法见表 2。PCR 产物测序由擎科生物科技有限公司（中国昆明）完成。

表 1 引物序列
Tab. 1 Primer sequence

基因 Gene	引物名称 Primer name	引物序列（5'-3'）Primer sequence (5'-3')	参考文献 Reference
ITS	ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	[25]
	ITS4	TCCTCCGCTTATTGATATGC	
BenA	Bt2a	GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC	[26]
	Bt2b	ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC	
CaM	CF1L	GCCGACTCTTTGACYGARGAR	[20, 27]
	CF4	TTTYTGCATCATRAGYTGGAC	
RPB2	fRPB2-5F	GAYGAYMGWGATCAYTTYGG	[20, 28]
	fRPB2-7cR	CCCATRGCTTGYTTTCCCCAT	

表 2 不同基因的 PCR 反应条件
Tab. 2 PCR conditions for different genes in this study

基因 Gene	引物 Primer	预变性 Pre-denaturation	循环阶段（循环 35 次）Cycle stage (35 cycles)			最终延伸 Final extension	参考文献 Reference
			变性 Denaturation	退火 Annealing	延伸 Extension		
ITS	ITS1F/ITS4	94 ℃, 85 s	95 ℃, 35 s	55 ℃, 55 s	72 ℃, 45 s	72 ℃, 10 min	[25]
BenA	Bt2a/Bt2b	95 ℃, 2 min	95 ℃, 30 s	56 ℃, 30 s	72 ℃, 1 min	72 ℃, 8 min	[26]
CaM	CF1/CF4	94 ℃, 5 min	95 ℃, 45 s	55 ℃, 45 s	72 ℃, 1 min	72 ℃, 7 min	[20, 27]
RPB2	5F/7CR	94 ℃, 45 s; 50~52 ℃ (0.5 ℃ 梯度退火) 循环 5 次	95 ℃, 30 s	56 ℃, 30 s	72 ℃, 1 min	72 ℃, 8 min	[20, 28]

1.2.4 系统发育分析 采用 MEGA 12 软件^[29]对原始序列进行组装，相关数据见表 3。不同基因位点的比对采用 MAFFT v. 7 软件^[30]完成，并进行人工校正。通过 jModelTest v. 2.1.7 软件^[31]筛选

出基于赤池信息准则(Akaike information criterion, AIC)的最佳拟合核苷酸替换模型。基因串联（ITS+BenA+CaM+RPB2）系统发育分析采用最大似然法（ML）和贝叶斯推断法（BI），其中 BI

分析使用 MrBayes v. 3.2.7 软件^[32]完成, ML 分析通过 CIPRES 在线平台的 XSEDE 8.2.12 软件搭载 RAxML-HPC2 工具^[32-33]进行, 采用 1000 次自举

重复。试验设置 4 个马尔可夫链蒙特卡洛(Markov Chain Monte Carlo, MCMC)并行运行, 共生成 100 万代, 在模型稳定后, 利用剩余 75%的树状图计

表 3 本研究所用曲霉菌亚属 (*Circumdati*) 的种和序列
Tab. 3 Species and sequences of *Aspergillus* subgenus *Circumdati* used in this study

物种 Species	菌株号 Strain No.	系 Series	GenBank 登录号 GenBank accession No.			
			ITS	BenA	CaM	RPB2
<i>A. alboluteus</i>	CBS145855T	<i>Spelaei</i>	MW448663	MW478497	MW478511	MW478532
<i>A. alboluteus</i>	CBS145854	<i>Spelaei</i>	MW448664	MW478498	MW478512	MW478533
<i>A. albobiridis</i>	CBS142665T	<i>Spelaei</i>	LT798909	LT798936	LT798937	LT798938
<i>A. ardalensis</i>	CCF4031T	<i>Flavipedes</i>	FR733808	HG916683	HG916725	HG916704
<i>A. ardalensis</i>	IHEM17781	<i>Flavipedes</i>	MW448667	LN909026	MW478515	MW478536
<i>A. flavipes</i>	NRRL302T	<i>Flavipedes</i>	EF669591	EU014085	EF669549	EF669633
<i>A. flavipes</i>	NRRL4852	<i>Flavipedes</i>	LM999909	LM644261	LM644241	LM644260
<i>A. iizukae</i>	CBS138188	<i>Flavipedes</i>	KJ775550	KJ775072	KJ775279	KP987020
<i>A. iizukae</i>	CBS541.69T	<i>Flavipedes</i>	EF669597	EU014086	EF669555	EF669639
<i>A. iizukae</i>	CCF1895	<i>Flavipedes</i>	FR727134	FR775336	HG916728	HG916707
<i>A. inusitatus</i>	CBS147044T	<i>Spelaei</i>	MW448669	MW478502	MW478517	MW478542
<i>A. lanuginosus</i>	NRRL4610T	<i>Spelaei</i>	EF669604	EU014080	EF669562	EF669646
<i>A. lupppiae</i>	NRRL6326T	<i>Spelaei</i>	EF669617	EU014079	EF669575	EF669659
<i>A. micronesiensis</i>	CBS138183T	<i>Flavipedes</i>	KJ775548	KJ775085	KJ775355	KP987023
<i>A. micronesiensis</i>	CCF2026	<i>Flavipedes</i>	HG915893	HG916684	HG916726	HG916705
<i>A. movilensis</i>	CCF4410T	<i>Spelaei</i>	KP987089	HG916697	HG916740	HG916718
<i>A. movilensis</i>	S1040	<i>Spelaei</i>	MW448674	MW478503	MW478522	MW478551
<i>A. neoflavipes</i>	CBS260.73T	<i>Flavipedes</i>	EF669614	EU014084	EF669572	EF669656
<i>A. neoniveus</i>	CBS261.73T	<i>Neonivei</i>	EF669612	EU014098	EF669570	KP987024
<i>A. okavangoensis</i>	CMW56636T	<i>Flavipedes</i>	MW480880	MW480788	MW480706	MW480790
<i>A. olivimuriae</i>	NRRL66783T	<i>Olivimurarium</i>	MH298877	MH492010	MH492011	MH492012
<i>A. plumeriae</i>	CGMCC3.25202T	<i>Spelaei</i>	ON563147	ON231292	ON470835	ON470843
<i>A. polyporicola</i>	CCF6262	<i>Spelaei</i>	MW448676	MW478505	MW478524	MW478553
<i>A. polyporicola</i>	NRRL32683T	<i>Spelaei</i>	EF669595	EU014088	EF669553	EF669637
<i>A. spelaeus</i>	CCF4425T	<i>Spelaei</i>	HG915905	HG916698	HG916741	HG916719
<i>A. spelaeus</i>	CCF4886	<i>Spelaei</i>	LM999908	LM644272	HG916748	LM644259
<i>A. suttoniae</i>	CBS143866T	<i>Flavipedes</i>	LT899487	LT899536	LT899589	LT899644
<i>A. templicola</i>	CBS138181T	<i>Flavipedes</i>	KJ775545	KJ775092	KJ775394	KP987017
<i>A. templicola</i>	CCF4698	<i>Flavipedes</i>	HG915902	HG916695	HG916738	HG916716
<i>A. templicola</i>	CBS138180	<i>Flavipedes</i>	KP987081	KJ775087	KP987064	KP987038
<i>A. urmiensis</i>	CBS139557	<i>Flavipedes</i>	KP987072	KP987039	KP987055	KP987029
<i>A. urmiensis</i>	CBS139558T	<i>Flavipedes</i>	KP987073	KP987041	KP987056	KP987030
<i>A. xishaensis</i>	CGMCC3.20890T	<i>Flavipedes</i>	OM414848	OM475628	OM475632	OM475636
<i>A. yunnanensis</i>	CGMCC3.19711T	<i>Janorum</i>	MN066373	MN072909	MN072911	MN072913
<i>A. sesamicola</i>	CBS 137324T	<i>Circumdati</i>	KJ775437	KJ775063	KJ775233	MN969092
<i>A. melleus</i>	NRRL 5103	<i>Circumdati</i>	EF661425	EF661326	EF661391	EF661309
<i>A. pallidofulvus</i>	NRRL 4789	<i>Circumdati</i>	EF661423	EF661328	EF661389	EF661306
<i>A. ochraceus</i>	NRRL 398	<i>Circumdati</i>	EF661419	EF661322	EF661381	EF661302
<i>A. ostianus</i>	NRRL 420	<i>Circumdati</i>	EF661421	EF661324	EF661385	EF661304

续表 3 本研究所用曲霉菌亚属 (*Circumdati*) 的种和序列
Tab. 3 Species and sequences of *Aspergillus* subgenus *Circumdati* used in this study (continued)

物种 Species	菌株号 Strain No.	系 Series	GenBank 登录号 GenBank accession No.			
			ITS	BenA	CaM	RPB2
<i>A. westerdijkiae</i>	NRRL 3174	<i>Circumdati</i>	EF661427	EF661329	EF661360	EF661307
<i>A. affinis</i>	CBS 129190T	<i>Circumdati</i>	GU721090	GU721092	GU721091	MN969063
<i>A. cretensis</i>	NRRL 35672T	<i>Circumdati</i>	FJ491572	AY819977	FJ491534	EF661311
<i>A. muricatus</i>	NRRL 35674	<i>Circumdati</i>	EF661434	EF661356	EF661377	EF661314
<i>A. auricomus</i>	NRRL 391	<i>Circumdati</i>	EF661411	EF661320	EF661379	EF661300
<i>A. neobridgeri</i>	NRRL 13078	<i>Steyniorum</i>	EF661410	EF661345	EF661359	EF661298
<i>A. roseoglobulosus</i>	NRRL 4565T	<i>Steyniorum</i>	EF661406	EF661333	FJ491555	EF661299
<i>A. fresenii</i>	NRRL 4077	<i>Steyniorum</i>	EF661409	EF661341	EF661382	EF661296
<i>A. bridgeri</i>	NRRL 13000	<i>Steyniorum</i>	EF661404	EF661335	EF661358	EF661290
<i>A. persii</i>	NRRL 35669T	<i>Steyniorum</i>	FJ491580	AY819988	FJ491559	EF661295
<i>A. sclerotiorum</i>	NRRL 415	<i>Steyniorum</i>	EF661400	EF661337	EF661384	EF661287
<i>A. salwaensis</i>	DTO 297-B5	<i>Steyniorum</i>	KJ775447	KJ775056	KJ775244	n.a.
<i>A. subramanianii</i>	NRRL 6161T	<i>Steyniorum</i>	EF661403	EF661339	EF661397	EF661289
<i>A. steynii</i>	NRRL 35675T	<i>Sclerotiorum</i>	EF661416	EF661347	EF661378	JN121428
<i>A. elegans</i>	NRRL 4850	<i>Sclerotiorum</i>	EF661414	EF661349	EF661390	EF661316
<i>A. occultus</i>	CBS 137330T	<i>Sclerotiorum</i>	KJ775443	KJ775061	KJ775239	MN969084
<i>A. pseudoelegans</i>	CBS 112796T	<i>Sclerotiorum</i>	FJ491590	AY819962	FJ491552	EF661282
<i>A. insulicola</i>	NRRL 6138	<i>Sclerotiorum</i>	EF661430	EF661353	EF661396	EF661286
<i>A. ochraceopetaliformis</i>	NRRL 4752	<i>Sclerotiorum</i>	EF661429	EF661350	EF661388	EF661283
<i>A. pulvericola</i>	CBS 137327T	<i>Sclerotiorum</i>	KJ775440	KJ775055	KJ775236	MN969088
<i>A. robustus</i>	NRRL 6362	<i>Robusti</i>	EF661176	EU014101	EF661357	EF661033
<i>A. paraflavipes</i>	FCATAS 12861	<i>Paraflavipedes</i> ser. nov.	PQ897234	PV035871	PV035875	PV035878
<i>A. ganquanensis</i>	FCATAS 12863	<i>Steyniorum</i>	PQ897235	PV035872	PV035876	PV035879

算后验概率值 (PP)。

2 结果与分析

2.1 系统发育分析

将菌株 FCATAS 12861 和 FCATAS 12863 的基因序列在 NCBI 数据库进行比对后，下载亲缘关系最近的已知菌株的基因序列。将下载的基因序列进行串联后构建系统发育树，确定菌株 FCATAS 12861 和菌株 FCATAS 12863 与现有物种的亲缘关系。表 4 为所用串联数据集的特征参数。研究发现, *A. paraflavipes* 和 *A. ganquanensis* 分别归属于 subgen. *Circumdati* 下的 sect. *Flavipedes* 和 sect. *Circumdati*。值得注意的是, *A. paraflavipes* 在 subgen. *Circumdati* 中与 ser. *Flavipedes* 和 ser. *spelaei* 这 2 个系列形成姐妹群关系 (100/1 PP/BS), 因此我们初步将其归入新分类单元 “*Paraflavipedes*” (图 1)。 *A. ganquanensis* 在 ser. *Sclerotiorum* 中呈现独特分支，其进化关系与 *A.*

pseudoelegans、*A. insulicola*、*A. ochraceopetaliformis* 及 *A. pulvericola* 十分接近 (图 2)。

2.2 形态学描述

2.2.1 并黄柄系新系 Series *Paraflavipedes* X. M Zheng & Z. K. Guo, ser. Nov.

Mycobank: MB859536

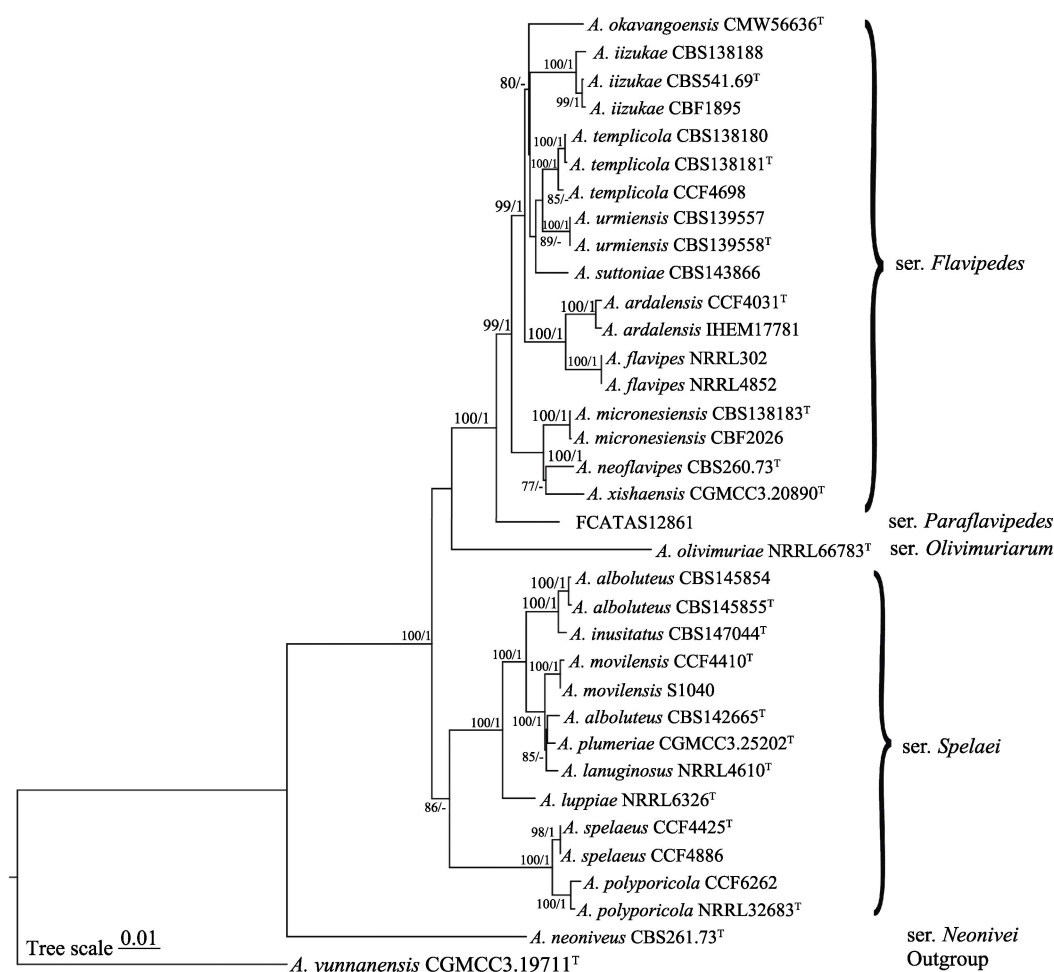
Etymology: The epithet was named after *A. paraflavipes*.

Type: *Aspergillus paraflavipes* X. M Zheng & Z. K. Guo, sp. nov.

In *Aspergillus* subgenus *Circumdati* section *Flavipedes*.

表 4 串联数据集的详细参数
Tab. 4 Detailed characteristics of the datasets

数据集 Dataset	序列数 No. of Seq.	序列长度 Length of alignment/bp	BI 替换模型 Model for BI	ML 碱基替换模型 Model for ML
sect. <i>Flavipedes</i>	37	2719	JC+I+G	GTR+I+G
sect. <i>Circumdati</i>	26	3385	JC+I+G	GTR



节点处的数据分别为最大似然法自展值 (BS) $\geq 77\%$ 和贝叶斯后验概率 (PP) ≥ 0.90 。

以 *A. yunnanensis* CGMCC3.19711^T 为外类群。^T 表示模式标本。

BS $\geq 77\%$ or PP ≥ 0.90 are indicated at nodes. The tree was rooted to *A. yunnanensis* CGMCC3.19711^T. ^T indicated the Ex-type.

图 1 菌株 FCATAS 12861 在 sect. *Flavipedes* 中的系统发育关系

Fig. 1 Phylogenetic relationships of FCATAS 12861 in sect. *Flavipedes*

词源学: 根据其系内菌株 *A. paraflavipes* 命名。

主模式: *Aspergillus paraflavipes* X. M Zheng & Z. K. Guo, sp. nov.

系统发育: series *Parflavipedes* 隶属于 subgen. *Circumdati* 的 sect. *Flavipedes* 分支。贝叶斯分析结果明确显示, 该系与 ser. *Flavipedes* 及 ser. *Spelaei* 形成姐妹关系 (图 1)。

形态特征与生理特性: 菌落生长速度适中 (在 25 °C 下培养基培养 7 d 后, 菌落直径长至 27 mm), 37/40 °C 条件下生长速度基本一致; 分生孢子呈白色或浅橄榄黄色。培养过程中未观察到有性态形态, 培养中未观察到菌核形成。产孢结构双层; 孢梗茎平滑细长, 从基底部位到顶囊透明且无隔膜结构; 顶囊主要呈梨形, 梗基覆盖顶囊表面 1/3~2/3 区域; 瓶梗呈烧瓶形; 分生孢子

呈球形至近球形, 彼此连接成链状分布。该系与 ser. *Spelaei* 存在显著差异, 在 40 °C 培养基中生长良好; 与 ser. *Flavipedes* 相比, 顶囊和孢梗茎尺寸更小, 且在 40 °C 培养基中的生长速度更快。

2.2.2 并黄柄曲霉新种 *Aspergillus paraflavipes* X. M Zheng & Z. K. Guo, sp. nov. (图 3)

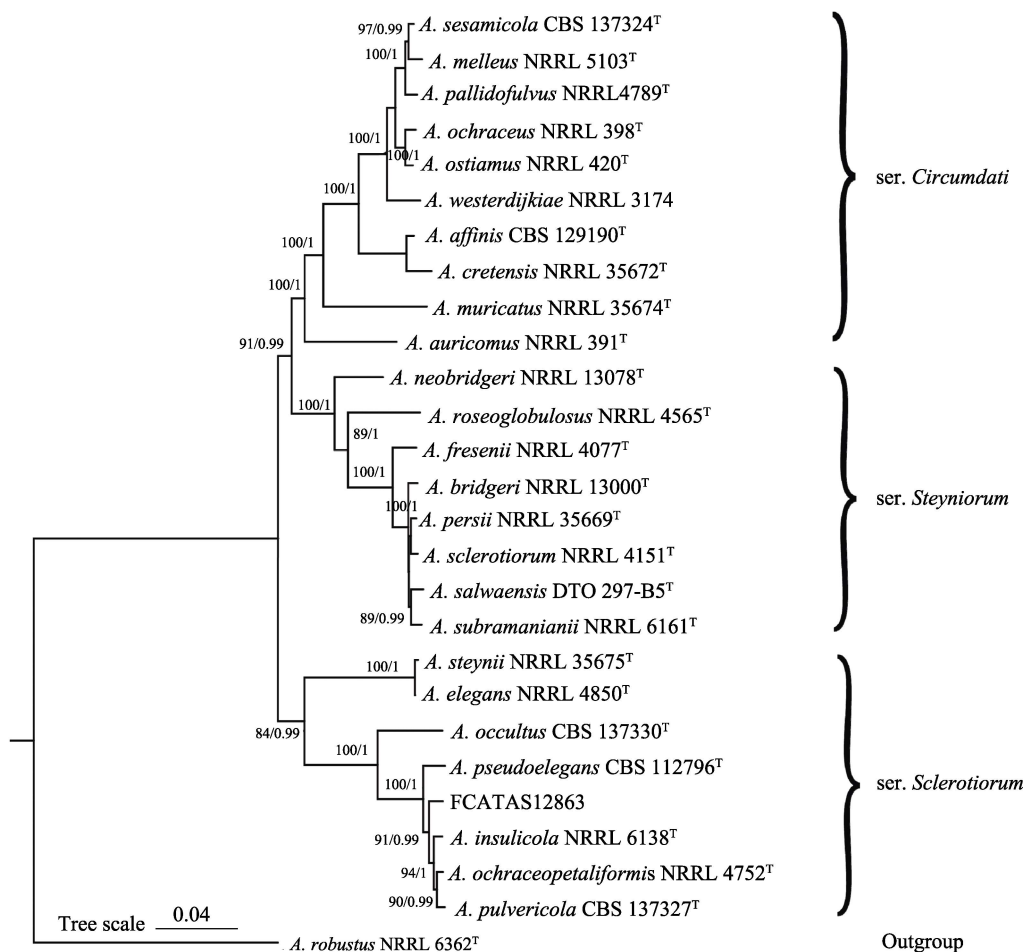
Mycobank: MB859529

Etymology: The epithet refers to the ser. *Flavipedes*, “para-” is used to describe the phylogenetic position of the fungus.

In *Aspergillus* subgenus *Circumdati* section *Flavipedes* series *Paraflavipedes*.

Typus: China, Hainan Province, Sansha City, Xisha District, Xisha Islands, Yongle Islands, Ganquan Island, coral soil samples, August 2023, Z. J. Xiong & X. M. Zheng. Holotype FCATAS 12861.

DNA barcodes: ITS PQ897234, BenA PV035871,



节点处的数据为最大似然法自展值 (BS) $\geq 84\%$ 和贝叶斯后验概率 (PP) ≥ 0.99 。

以 *A. robustus* NRRL 6362T 为外类群。^T 表示模式标本。

BS $\geq 84\%$ or PP ≥ 0.99 are indicated at nodes. The tree was rooted to *A. olivimuriae* NRRL 66783T. ^T indicated the Ex-type.

图 2 菌株 FCATAS 12863 在 sect. *Circumdati* 中的系统发育关系

Fig. 2 Phylogenetic relationships of FCATAS 12863 in sect. *Circumdati*

CaM PV035875, RPB2 PV035878.

词源学：命名参考黄柄系 (ser. *Flavipedes*)，前缀“*para-*”用于描述该物种系统发育所在的位置。

主模式：在中国海南省三沙市西沙群岛，永乐群岛，甘泉岛。于 2023 年 8 月采自珊瑚土样品。模式菌株编号为 FCATAS 12861。

DNA Genbank 编号：ITS PQ897234, BenA PV035871, CaM PV035875, RPB2 PV035878。

菌落直径：在 25 °C 下培养 7 d 后，CZ、PDA、YES、MEA 培养基上的菌落直径分别为 14~17、26~28、25~26、24 mm；在 25、30、37、40 °C 下培养 7 d 后，CYA 培养基上的菌落直径分别为 26~28、28~29、25~27、21~24 mm。

菌落特征：在 25 °C 下 CZ 培养基上培养 7 d 后，菌落近圆形，中心略微隆起；边缘不明显；

菌丝呈米黄色，反面中心呈赭橙色；质地绒毛状；无孢子形成；无可溶性色素；无渗出物。在 25 °C 下 MEA 培养基上培养 7 d 后，菌落近圆形，呈放射状沟槽状，中心隆起；边缘狭窄且完整；菌丝白色；质地绒毛状；孢子形成密集；大量分生孢子呈鲜黄色；棕色可溶性色素；无渗出物；反面呈棕褐色，边缘呈奶油色。在 25 °C 下 PDA 培养基上培养 7 d 后，菌落近圆形，呈放射状沟槽状，中心隆起；边缘狭窄且完整；菌丝浅赭黄色到浅米色；质地绒毛状且中心絮状；孢子形成密集；大量分生孢子呈鲜黄色；棕色可溶性色素；渗出物呈棕色；反面棕褐色，边缘呈奶油色。在 25 °C 下 YES 培养基上培养 7 d 后，菌落近圆形，呈同心沟槽状，中心凸起；边缘中等狭窄且完整；菌丝白色；质地绒毛状；孢子形成稀疏且呈白色；

无可溶性色素；无渗出物；反面呈奶油色。在 25/30 °C 下 CYA 培养基上培养 7 d 后，菌落圆形；呈放射状沟槽状，中心凹陷；边缘狭窄且完整；菌丝区域浅橄榄-浅米色，孢子形成密集呈橄榄色；菌落表面绒毛状；棕色可溶性色素；无渗出物；反面呈深橄榄色。在 37/40 °C 下 CYA 培养基上培养 7 d 后，菌落圆形；强烈径向和同心沟状，中心隆起；边缘狭窄，完整；菌丝呈浅橄榄黄色，孢子形成密集且呈橄榄黄色；菌落表面绒毛状；棕色可溶性色素；深橄榄色渗出物；背面深橄榄色（图 3）。

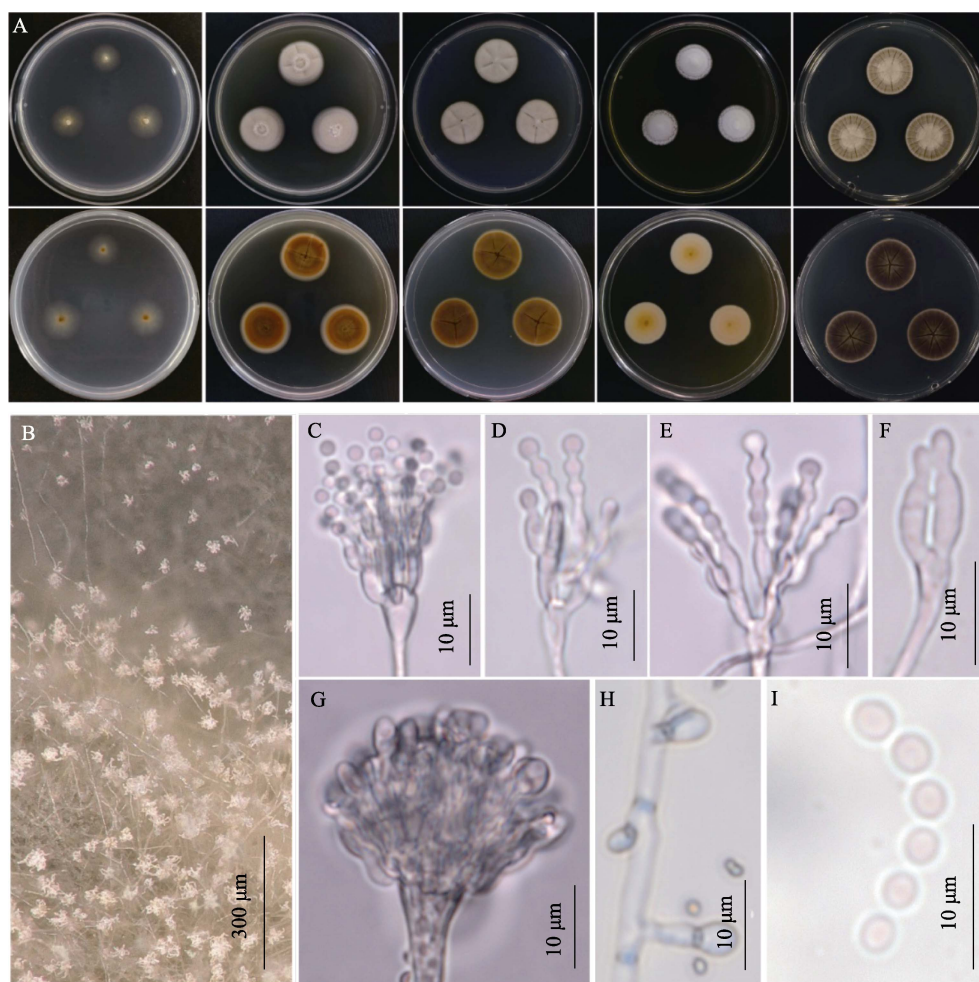
形态特征：分生孢子头呈辐射状；孢梗茎透明光滑，壁厚 260~1300 $\mu\text{m} \times 1.4 \sim 3.3 \mu\text{m}$ ；产孢结构双层，偶见单层；顶囊近球形至梨形，直径 4.0~9.0 $\mu\text{m} \times 2.5 \sim 7.0 \mu\text{m}$ ；梗基长 4.0~6.0 $\mu\text{m} \times 2.0 \sim$

2.5 μm ，圆柱形，覆盖囊泡表面的 1/3~2/3；瓶梗呈烧瓶形，直径 2.8~7.7 $\mu\text{m} \times 1.4 \sim 2.3 \mu\text{m}$ ；分生孢子直径为 1.6~2.8 μm ，球形至近球形，表面光滑（图 3）。

该物种与黄柄系（ser. *Flavipedes*）聚为一类，但其顶囊尺寸和孢梗茎均显著小于此系内其他物种（表 5）。此外，在黄柄组（sect. *Flavipedes*）中，尚无菌株能在 40 °C 下 CYA 培养基上培养 7 d 生长良好，但该菌株能够呈现中等生长速度（菌落直径为 21~24 mm）。在 ser. *Flavipedes* 中，*A. ardalensis* 是在 40 °C 下培养基中生长最快的菌种，但培养 7 d 后其直径仅有 4~8 mm（表 6）。

2.2.3 甘泉曲霉新种 *Aspergillus ganquanensis* X. M Zheng & Z. K. Guo, sp. nov.（图 4）

Mycobank: MB859533



A: 菌落形态，从左至右依次为 CZ、MEA、PDA、YES、CYA 培养基，上下分别为正反面；B: MEA 培养基上的菌落细节；

C~H: 分生孢子梗；I: 分生孢子。

A: Colony morphology, from left to right are CZ, MEA, PDA, YES, CYA culture media, with the top and bottom representing the positive and negative sides, respectively; B: Colony details on MEA medium; C~H: Conidiophores; I: Conidium.

图 3 并黄柄曲霉 FCATAS 12861 菌株培养特征及形态

Fig. 3 Culture characteristics and morphology of *A. paraflavipes* FCATAS 12861 strain

表 5 菌株 FCATAS 12861 与相近系 ser. *Flavipedes* 物种的形态学比较
Tab. 5 Morphological comparisons between strain FCATAS 12861 and related species in ser. *Flavipedes*

物种 Species	孢子大小及形态 Conidia size/ μm & surface	顶囊大小 Vesicle size/ μm	孢梗茎 Stipe	
			长 Length/ μm	宽 Width/ μm
<i>A. micronesiensis</i>	(2)2.5~3.5(4), 光滑	(4)6~16(31)	250~1900	2~10
<i>A. urmiensis</i>	2.0~3.0, 光滑	(17)20~23(30)	(350)700~850(1330)	(5)8~10(12)
<i>A. templicola</i>	2.0~3.0, 光滑	(6)9~23	120~1400	3.5~10
<i>A. suttoniae</i>	2.0~3.5, 光滑	(6)12~17	180~420	4.5~6.5
<i>A. iizukae</i>	2.0~3.0(3.5), 光滑	(6)14~20(35)	200~1500	(3.5)5~10(13.5)
<i>A. flavipes</i>	2.0~3.0, 光滑	7~11	极少>1000	3~6
<i>A. ardalensis</i>	2.5~3.0, 光滑	(5)7~19	通常>1000	3~8(9)
FCATAS 12861	1.6~2.8, 光滑	(2.5)4~7(9)	260~590(1310)	(1.4)2.6~3.3

注：括号中的数据为最小极端值或最大极端值，不属于普遍情况。
Note: The data in parentheses represent the minimum or maximum extreme values, which are not part of the general case.

Etymology: The epithet meaning source-dweller, in reference to the fungal source.

In *Aspergillus* subgenus *Circumdati* section *Circumdati* series *Sclerotiorum*.

Typus: China, Hainan Province, Sansha City, Xisha District, Xisha Islands, Yongle Islands, Ganquan Island, coral soil samples, August 2023, Z. J. Xiong & X. M. Zheng. Holotype FCATAS 12863.

DNA barcodes: ITS PQ897235, BenA PV035872, CaM PV035876, RPB2 PV035879.

词源学：该名称来源于最初的采集地点。

主模式：在中国海南省三沙市西沙群岛，永乐群岛，甘泉岛。于 2023 年 8 月采自珊瑚土样品。模式菌株编号为 FCATAS 12863。

DNA Genbank 编号：ITS PQ897235, BenA PV035872, CaM PV035876, RPB2 PV035879。

菌落直径：在 25 ℃ 下培养 7 d 后，CZ、PDA、YES、MEA 培养基上的菌落直径分别为 26~28、50~51、62~64、41~42 mm；在 25、30、37 ℃ 下培养 7 d 后，CYA 培养基上的菌落直径分别为 49~51、52~54、39~40 mm。

菌落特征：在 CZ 培养基 25 ℃ 培养 7 d 后，菌落呈圆形，表面絮状；边缘不透明；菌丝白色，后变为黄褐色，反面亦然；无孢子形成；无可溶性色素；无渗出物。在 MEA 培养基 25 ℃ 培养 7 d 后，菌落近圆形，呈同心沟状；中心绒毛状絮状质地；边缘宽阔；菌丝白色至乳白色；孢子形成密集且呈奶油色；无可溶性色素；无渗出物；背面呈肉桂黄，边缘白色。在 PDA 培养基 25 ℃ 培养 7 d 后，菌落呈圆形，中心隆起；边缘宽阔且

表 6 菌株 FCATAS 12861 与相近系 ser. *Flavipedes* 物种的生长速度比较
Tab. 6 Growth rate between strain FCATAS 12861 and related species in ser. *Flavipedes*

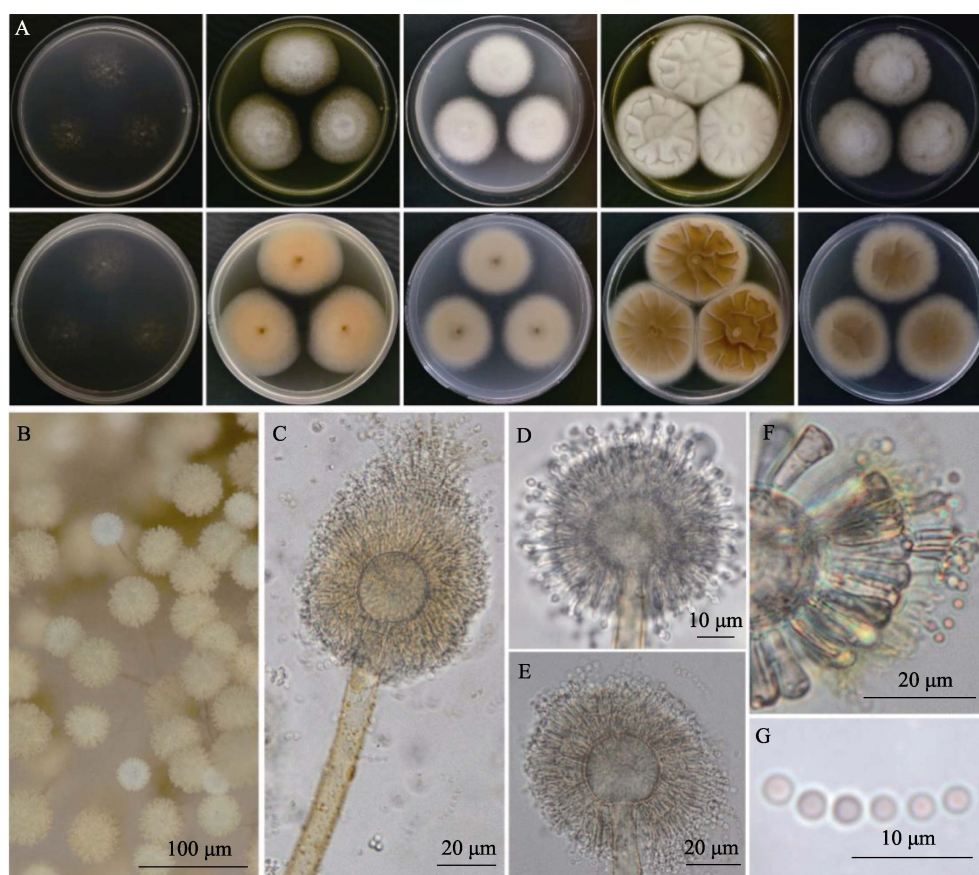
物种 Species	菌落直径 Colony diameter/mm						
	YES ^a	CZ ^a	MEA ^a	CYA			
				25 ℃	30 ℃	37 ℃	40 ℃
<i>A. micronesiensis</i>	35~44	9~25	18~28	14~30	30~36	17~25	—
<i>A. urmiensis</i>	21~24	20~24	23~27	28~32	n.a.	21~23	—
<i>A. templicola</i>	32~38	21~28	23~30	21~32	35~36	22~25	+
<i>A. suttoniae</i>	16~19	20~22	24~25	24~25	32~33	14~16	—
<i>A. iizukae</i>	23~24	13~25	13~30	16~35	n.a.	18~21	—
<i>A. flavipes</i>	n.a.	25~28	25~35	25~35	n.a.	17~19	—
<i>A. ardalensis</i>	n.a.	20~28	25~28	25~28	n.a.	23~25	4~8
FCATAS 12861	25~26	14~17	24	26~28	28~29	25~27	21~24

注：均培养 7 d，相近系物种数据基于文献[34-38]。a 为 25 ℃ 下培养，n.a. 表示无数据，— 表示不生长，+ 表示生长受限 (≤ 2 mm)。
Note: All were cultivated for 7 days, data of similar species based on references [34-38]. a is cultivated at 25 ℃, n.a. indicates countless data, — indicates no growth, + indicates restricted growth (≤ 2 mm).

完整；菌丝白色，质地絮状至略带绒毛；孢子形成密集呈茶黄色；无可溶性棕色色素；无渗出物；背面呈奶油色。在 YES 培养基 25 °C 培养 7 d 后，菌落近圆形，呈沟型放射状，中心隆起；边缘宽阔且完整；菌丝白色至乳白色；质地绒毛状；孢子形成密集呈奶油色；无可溶性色素；无渗出物；背面呈赭黄-淡黄，边缘乳白色。在 CYA 培养基 25/30 °C 培养 7 d 后，菌落呈圆形，中心凸起；边缘宽阔且完整；孢子形成白色至乳白色；菌落表面絮状；无可溶性色素；无渗出物；背面赭黄-

淡黄，边缘乳白色。在 CYA 培养基 37 °C 培养 7 d 后，菌落与 25/30 °C 相似，背面整体呈柏木黄色（图 4）。

形态特征：分生孢子头呈辐射状；柄部透明至黄色，壁面粗糙，直径 460~790 μm ×7.5~13.1 μm ；小梗呈双层结构；顶囊球形，宽 14~27 μm ，小梗完全覆盖孢子头；梗基长 4.9~19.8 μm ×3.1~5.9 μm ，圆柱形；瓶梗呈圆柱形，直径 4.2~10.0 μm ×2.3~3.1 μm ；分生孢子直径 1.9~2.3 μm ，球形，表面光滑（图 4）。



A: 菌落形态，从左至右依次为 CZ、MEA、PDA、YES、CYA 培养基，上下分别为正反面；

B: MEA 培养基上的菌落细节；C~F: 分生孢子梗；G: 分生孢子。

A: Colony morphology, from left to right are CZ, MEA, PDA, YES, CYA culture media, with the top and bottom representing the positive and negative sides, respectively; B: Colony details on MEA medium; C~F: Conidiophores; G: Conidium.

图 4 甘泉曲霉 FCATAS 12863 菌株培养特征及形态

Fig. 4 Culture characteristics and morphology of *A. ganquanensis* FCATAS 12863 strain

该物种在分类学上与 *A. pseudoelegans*、*A. insulicola*、*A. ochraceopetaliformis* 和 *A. pulveicola* 关系较近，其显微形态也十分类似。但甘泉曲霉（*A. ganquanensis*）在 CYA 培养基 37 °C 下的菌落直径几乎是其他物种的 2 倍，并且无可溶性色素，与其他物种也不同^[39]。

3 讨论

真菌广泛分布于多种生态位，其中大多数在其栖息环境中发挥着关键作用。真菌多样性研究是受科学发展与商业利益驱动的全球性课题，其成果旨在拓展基础资源库。目前陆生真菌的研究进展远超海洋真菌，相较于陆地栖息地，海洋环

境中的真菌生物多样性也较低^[40]。真菌可通过孢子释放和大气传播扩散, 由于其强大的扩散能力, 某些高耐受性属可能具有全球分布特性。对于那些最终进入海洋生态位的真菌, 尽管与陆生种群存在密切关联, 但长期受环境与本地微生物群落影响, 逐渐演化出不同的进化方向。另一方面, 海洋栖息地的真菌也参与本地微生物的基因交流, 从而引发更深层次的动态演化。因此, 未被采样或采样不足的海洋生态位可能为发现新型真菌类群提供独特机遇。西沙群岛因其独特的地理位置构成了一个相对隔绝的生态系统, 其地表大部分由多年积累的生物体颗粒构成。此外, 这些珊瑚砂基质中的原始微生物群落可能形成与众不同的进化谱系, 进而孕育特殊生物多样性, 使其成为发现新颖微生物的理想来源。WANG 等^[41-42]从西沙群岛沙质土壤中分离出 4 个新型曲霉属物种和 1 个篮状菌 (*Talaromyces*) 新物种, 并建立了新系 *ser. Hainanici*。随后, JURJEVIC 等^[43]在夏威夷硬木枯枝上鉴定出一种新型曲霉。本研究构建了包含一个新物种的新系列——并黄柄系 (*ser. Paraflavipedes*), 同时鉴定了另一个曲霉新物种, 这些发现可能印证热带岛屿生态系统中真菌群落的特异性。在对当地岛屿的考察中, 多数岛屿都具有相似的近岸环境特征——高温、低营养的沙质基质, 通常被先锋植物覆盖。这或许解释了为何 2 种新型曲霉能在高温环境下良好生长。

随着海洋天然产物研究的蓬勃发展, 热带环境中的微生物 (如珊瑚、红树林、海绵、鱼类等) 被视为重要研究热点。近年来确实已成功分离并鉴定了大量生物活性物质, 如聚酮化合物、萜类、生物碱、肽类等^[44]。然而, 关于热带海洋岛屿栖息地代谢物的研究记录却寥寥无几。众所周知, 特定环境能够激活真菌沉默的生物合成途径, 从而可能产生具有生物活性的代谢物以增强适应能力并争夺生存空间。考虑到该生态系统的独特性, 这些新型菌株在合成未知化合物方面展现出巨大潜力。例如, 由于这些菌株在 40 °C 条件下生长迅速, 可采用高温培养进行发酵, 这使得我们能够尝试与传统方法不同的特殊条件。

本研究通过多位点基因系统发育分析, 确定了 2 种新型真菌物种及 1 个新系列 (隶属于黄曲霉亚门副黄曲霉科)。此外, 通过宏观/微观形态学特征比对, 新颖菌株也表现出显著的特征差异 (与已知物种相比)。这些成果不仅拓展了西沙群

岛真菌多样性, 更为此类环境中发现新物种提供了有力证据。此外, 这些新型资源因其耐热特性, 在农业、医药领域, 尤其在工业应用中具有潜在价值。然而, 受地理环境和人为因素影响, 当地生态环境已逐渐发生改变。因此, 亟需对西沙群岛真菌多样性展开深入研究, 并建立具有地域特色的微生物标本库。

参考文献

- [1] AZAM F, MALFATTI F. Microbial structuring of marine ecosystems[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, 5(8): 782-791.
- [2] FUHRMAN J A. Microbial community structure and its functional implications[J]. *Nature*, 2009, 459(7244): 193-199.
- [3] RAGHUKUMAR S. Extreme marine environments[M]//RAGHUKUMAR S. *Fungi in coastal and oceanic marine ecosystems: marine fungi*. Cham: Springer International Publishing, 2017: 219-263.
- [4] VARRELLA S, BARONE G, TANGHERLINI M, RASTELLI E, DELL'ANNO A, CORINALDESI C. Diversity, ecological role and biotechnological potential of Antarctic marine fungi[J]. *Journal of Fungi*, 2021, 7(5): 391.
- [5] SHEKARRIZ E, CHEN J W, XU Z M, LIU H B. Disentangling the functional role of fungi in cold seep sediment[J]. *Microbiology Spectrum*, 2023, 11(1): e01978-22.
- [6] BURGAUD G, LE CALVEZ T, ARZUR D, VANDENKORNHUYSE P, BARBIER G. Diversity of culturable marine filamentous fungi from deep-sea hydrothermal vents[J]. *Environmental Microbiology*, 2009, 11(7): 1588-1600.
- [7] RICHARDS T A, JONES M D M, LEONARD G, BASS D. Marine fungi: their ecology and molecular diversity[J]. *Annual Review of Marine Science*, 2012, 4: 495-522.
- [8] GLADFELTER A S, JAMES T Y, AMEND A S. Marine fungi[J]. *Current Biology*, 2019, 29(5): R191-R195.
- [9] GROSSART H P, VAN DEN WYNGAERT S, KAGAMI M, WURZBACHER C, CUNLIFFE M, ROJAS-JIMENEZ K. Fungi in aquatic ecosystems[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2019, 17(6): 339-354.
- [10] IMHOFF J F. Natural products from marine fungi—still an underrepresented resource[J]. *Marine Drugs*, 2016, 14(1): 19.
- [11] CARROLL A R, COPP B R, GRKOVIC T, KEYZERS R A, PRINSEP M R. Marine natural products[J]. *Natural Product Reports*, 2024, 41(2): 162-207.
- [12] HYDE K D, BALDRIAN P, CHEN Y P, CHETHANA K W T, DE HOOG S, DOILOM M, GOMES DE FARIAS A R, GONÇALVES M F M, GONKHOM D, GUI H, HILÁRIO S, HU Y W, JAYAWARDENA R S, KHYAJU S, KIRK P M,

- KOHOUT P, LUANGHARN T, MAHARACHCHIKUMBURA S S N, MANAWASINGHE I S, MORTIMER P E, NIEGO A G T, PHONEMANY M, SANDARGO B, SENANAYAKE I C, STADLER M, SURUP F, THONGKLANG N, WANASINGHE D N, BAHKALI A H, WALKER A. Current trends, limitations and future research in the fungi[J]. *Fungal Diversity*, 2024, 125(1): 1-71.
- [13] RINKE C, SCHWIENTEK P, SCZYRBA A, IVANOVA N N, ANDERSON I J, CHENG J F, DARLING A, MALFATTI S, SWAN B K, GIES E A, DODSWORTH J A, HEDLUND B P, TSIAMIS G, SIEVERT S M, LIU W T, EISEN J A, HALLAM S J, KYRPIDES N C, STEPANAUSKAS R, RUBIN E M, HUGENHOLTZ P, WOYKE T. Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter[J]. *Nature*, 2013, 499(7459): 431-437.
- [14] PANG X Y, ZHOU X F, LIN X P, YANG B, TIAN X P, WANG J F, XU S H, LIU Y H. Structurally various sorbicillinoids from the deep-sea sediment derived fungus *Penicillium* sp. SCSIO06871[J]. *Bioorganic Chemistry*, 2021, 107: 104600.
- [15] SUN C X, LIU X Y, SUN N, ZHANG X M, SHAH M, ZHANG G J, CHE Q, ZHU T, LI J, LI D H. Cytotoxic nitrobenzoyl sesquiterpenoids from an Antarctica sponge-derived *Aspergillus insulicola*[J]. *Journal of Natural Products*, 2022, 85(4): 987-996.
- [16] DA SILVA T H, GOMES E C Q, GONÇALVES V N, DA COSTA M C, VALÉRIO A D, DE ASSIS SANTOS D, JOHANN S, CONVEY P, ROSA C A, ROSA L H. Does maritime Antarctic permafrost harbor environmental fungi with pathogenic potential?[J]. *Fungal Biology*, 2022, 126(7): 488-497.
- [17] PITT J I. The current role of *Aspergillus* and *Penicillium* in human and animal health[J]. *Journal of Medical and Veterinary Mycology*, 1994, 32(1): 17-32.
- [18] LOUW J P, KORSTEN L. Pathogenic *Penicillium* spp. on apple and pear[J]. *Plant Disease*, 2014, 98(5): 590-598.
- [19] VISAGIE C M, YILMAZ N, KOCSUBÉ S, FRISVAD J C, HUBKA V, SAMSON R A, HOUBRAKEN J. A review of recently introduced *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces* and other Eurotiales species[J]. *Studies in Mycology*, 2024, 107: 1-66.
- [20] VISAGIE C M, HOUBRAKEN J, FRISVAD J C, HONG S-B, KLAASSEN C H W, PERRONE G, SEIFERT K A, VARGA J, YAGUCHI T, SAMSON R A. Identification and nomenclature of the genus *Penicillium*[J]. *Studies in Mycology*, 2014, 78: 343-371.
- [21] SAMSON R A, VISAGIE C M, HOUBRAKEN J, HONG S-B, HUBKA V, KLAASSEN C H W, PERRONE G, SEIFERT K A, SUSCA A, TANNEY J B. Phylogeny, identification and nomenclature of the genus *Aspergillus*[J]. *Studies in Mycology*, 2014, 78: 141-173.
- [22] HOUBRAKEN J, KOCSUBÉ S, VISAGIE C M, YILMAZ N, WANG X C, MEIJER M, KRAAK B, HUBKA V, BENSCH K, SAMSON R A. Classification of *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces* and related genera (Eurotiales): an overview of families, genera, subgenera, sections, series and species[J]. *Studies in Mycology*, 2020, 95: 5-169.
- [23] ZHANG Z F, ZHOU S Y, EURWILAICHITR L, INGSRI-SWANG S, RAZA M, CHEN Q, ZHAO P, LIU F, CAI L. Culturable mycobiota from Karst caves in China II, with descriptions of 33 new species[J]. *Fungal Diversity*, 2021, 106(1): 29-136.
- [24] RIDGWAY R. Color standards and color nomenclature[M]. Washington, D.C.: The author, 1912.
- [25] GARDES M, BRUNS T D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes—application to the identification of mycorrhizae and rusts[J]. *Molecular Ecology*, 1993, 2(2): 113-118.
- [26] LOUISE GLASS N, 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.
- [27] PETERSON S W, VEGA F E, POSADA F, NAGAI C. *Penicillium coffeae*, a new endophytic species isolated from a coffee plant and its phylogenetic relationship to *P. fellutanum*, *P. thiersii* and *P. brocae* based on parsimony analysis of multilocus DNA sequences[J]. *Mycologia*, 2005, 97(3): 659-666.
- [28] LIU Y J, WHELEN S, HALL B D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1999, 16(12): 1799-1808.
- [29] KUMAR S, STECHER G, SULESKI M, SANDERFORD M, SHARMA S, TAMURA K. MEGA12: molecular evolutionary genetics analysis version 12 for adaptive and green computing[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2024, 41(1): msae263.
- [30] KATO H K, STANDLEY D M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2013, 30(4): 772-780.
- [31] DARRIBA D, TABOADA G L, DOALLO R, POSADA D. jModelTest 2: more models, new heuristics and high-performance computing[J]. *Nature Methods*, 2012, 9(8): 772.
- [32] STAMATAKIS A. RAXML-VI-HPC: maximum likelihood-

- based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models[J]. *Bioinformatics*, 2006, 22(21): 2688-2690.
- [33] MILLER M A, PFEIFFER W, SCHWARTZ T. Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees[C]//Proceedings of the 2010 Gateway Computing Environments Workshop (GCE). New York: IEEE, 2010: 1-8.
- [34] VISAGIE C M, HIROOKA Y, TANNEY J B, WHITFIELD E, MWANGE K, MEIJER M, AMEND A S, SEIFERT K A, SAMSON R A. *Aspergillus*, *Penicillium* and *Talaromyces* isolated from house dust samples collected around the world[J]. *Studies in Mycology*, 2014, 78: 63-139.
- [35] JURJEVIĆ Z, HOUBRAKEN J, SKLENÁŘ F, KOLAŘÍK M, ARENDRUP M C, JØRGENSEN K M, SIQUEIRA J P Z, GENÉ J, YAGUCHI T, EZEKIEL C N. Re-examination of species limits in *Aspergillus* section *Flavipedes* using advanced species delimitation methods and description of four new species[J]. *Studies in Mycology*, 2021, 99: 100120.
- [36] ARZANLOU M, SAMADI R, FRISVAD J C, HOUBRAKEN J, GHOSTA Y. Two novel *Aspergillus* species from hypersaline soils of the national park of Lake Urmia, Iran[J]. *Mycological Progress*, 2016, 15(10): 1081-1092.
- [37] SIQUEIRA J P Z, WIEDERHOLD N, GENÉ J, GARCÍA D, ALMEIDA M T G, GUARRO J. Cryptic *Aspergillus* from clinical samples in the USA and description of a new species in section *Flavipedes*[J]. *Mycoses*, 2018, 61(10): 814-825.
- [38] MAGESWARI A, CHOI Y, THAO L D, LEE D, KIM D H, PARK M S, HONG S B. Re-identification of *Aspergillus* subgenus *Circumdati* strains in Korea led to the discovery of three unrecorded species[J]. *Mycobiology*, 2023, 51(3): 288-299.
- [39] VISAGIE C M, VARGA J, HOUBRAKEN J, MEIJER M, KOCSUBÉ S, YILMAZ N, FOTEDAR R, SEIFERT K A, FRISVAD J C, SAMSON R A. Ochratoxin production and taxonomy of the yellow aspergilli (*Aspergillus* section *Circumdati*)[J]. *Studies in Mycology*, 2014, 78: 1-61.
- [40] BÄRLOCHER F, BODDY L. Aquatic fungal ecology: how does it differ from terrestrial?[J]. *Fungal Ecology*, 2016, 19: 5-13.
- [41] WANG X C, ZHUANG W Y. New species of *Aspergillus* (Aspergillaceae) from tropical islands of China[J]. *Journal of Fungi*, 2022, 8(3): 225.
- [42] WANG X C, CHEN K, XIA Y W, WANG L, LI T H, ZHUANG W Y. A new species of *Talaromyces* (Trichocomaceae) from the Xisha Islands, Hainan, China[J]. *Phytotaxa*, 2016, 267(2): 187.
- [43] JURJEVIC Z, PETERSON S W, HORN B W. *Aspergillus* section *Versicolores*: nine new species and multilocus DNA sequence based phylogeny[J]. *IMA Fungus*, 2012, 3(1): 59-79.
- [44] KAMAT S, SUREESH D, MODI S, KUMARI M, JAYABASKARAN C. Marine fungi as a bioresource of medicinal entities[M]//DESHMUKH S K, TAKAHASHI J A, SAXENA S. *Fungi bioactive metabolites*. Singapore: Springer International Publishing, 2024: 207-239.