生物技术通报
· 研究报告 · BIOTECHNOLOGY BULLETIN 2026, 42(10):250-256

山西省伞菌目3个中国新记录种

张前达[1] 马晓庆[1] 刘晋涛[1] 常明昌[1, 2] 孟俊龙[1, 2*] 王术荣[1, 2, 3*]
（1.山西农业大学食品科学与工程学院，晋中 030801；2.食用菌种质创新与资源利用山西省重点实验室，晋中 030801；3.江苏安惠生物科技有限公司，南通 226000）

摘 要： 【目的】准确鉴定采自山西省吕梁山和太行山区的3份疑似中国新记录伞菌标本，丰富山西省大型真菌物种多样性。【方法】采用形态学与分子系统学相结合的方法，基于宏观形态和显微结构观察，并结合ITS等多基因序列构建最大似然法和贝叶斯推断系统发育树，综合分析3个物种的系统分类地位。【结果】综合形态与分子数据，确定3个物种分别为祖凯雷利氏粉褶菌（*Entoloma zuccherellii*）、红褐丝盖伞（*Inocybe rufobrunnea*）和斑点滴褶菇（*Staktophyllus guttulatus*），为中国新记录种。系统发育分析结果与形态鉴定高度一致。【结论】首次报道了上述3种伞菌在中国的分布，扩展了其地理分布范围，也为相关类群的生物地理学和演化研究提供了新素材。

关键词： 伞菌目；系统发育分析；形态学分析；新记录
DOI: 10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2026-0344

Three New Chinese Records of Agaricales Species from Shanxi Province, China

ZHANG Qian-da[1] MA Xiao-qing[1] LIU Jin-tao[1] CHANG Ming-chang[1, 2] MENG Jun-long[1, 2*] WANG Shu-rong[1, 2, 3*]
（1. *College of Food Science and Engineering, Shanxi Agricultural University, Jinzhong* 030801; 2. *Shanxi Key Laboratory of Edible Fungus Germplasm Innovation and Resource Utilization, Jinzhong* 030801; 3. *Jiangsu Alphay Bio-technology Co., Ltd., Nantong* 226000）

Abstract: 【Objective】To accurately identify three agaric specimens collected from the Lyuliang and Taihang Mountains in Shanxi Province that are suspected to be new records for China, and to enrich the macrofungal species diversity of Shanxi Province. 【Method】A combination of morphological and molecular systematics was employed to determine the taxonomic status of the three species. Based on observations of macro-morphology and microstructural characteristics, and using ITS and other multilocus sequences, maximum likelihood (ML) and Bayesian inference (BI) phylogenetic trees were constructed for comprehensive analysis. 【Result】Based on comprehensive morphological and molecular data, the three species were identified as *Entoloma zuccherellii*, *Inocybe rufobrunnea*, and *Staktophyllus guttulatus*, which are newly recorded species in China. The phylogenetic analysis results were highly consistent with the morphological identification. 【Conclusion】This study reports the distribution of the three agaric species in China for the first time, expanding their known geographic range and providing new material for biogeographic and evolutionary research on related taxa.

Keywords: Agaricales; phylogenetic analysis; morphological analysis; new records

祖凯雷利氏粉褶菌（*Entoloma zuccherellii*）模式标本采自意大利，于2000年曾以祖凯雷利氏红盖菇*Rhodocybe zuccherellii*这一基原异名发表[1]。2009年，荷兰真菌学家Co-David基于RPB2、nLSU和mtSSU等多基因位点构建系统发育树，并结合孢子形态（利用扫描电镜和透射电镜）将其新组合至粉褶菌属[2]。该种在欧洲的记录极为零星，只在荷兰、意大利和西班牙等欧洲国家被报道，常发现其生于栎

收稿日期：2026-03-27
基金项目：山西省重点研发计划项目（202402140601016），山西省科技重大专项计划“揭榜挂帅”项目（202301140601015），山西省现代农业产业技术体系建设项目（2025CYJSTX09-05）
*通信作者：王术荣 wangsr2015@126.com，孟俊龙 mengjunlongseth@126.com

属（*Quercus*）或松属（*Pinus*）植物腐木上[3–5]。

红褐丝盖伞（*Inocybe rufobrunnea*）由瑞士真菌学家Favre于1955年首次发表，模式产地为瑞士，生于土壤并与仙女木属（*Dryas*）植物形成外生菌根伴生关系[6]。近年来，该种在欧洲产光滑孢子丝盖伞的多型性研究与新种发表工作中多次被列为关键比较对象。在分子系统发育上，该物种分类地位明确，且与近缘种纤细丝盖伞（*I. exilis*）之间的形态与分子界限已得到较为清晰的厘定[7]。目前，该物种在欧洲丹麦、瑞士、荷兰、奥地利、德国等多地均有报道，多生长于低海拔柳属（*Salix*）、桤木属（*Alnus*）及杨属（*Populus*）等多种阔叶树及松属（*Pinus*）林地下[8]。

斑点滴褶菇（*Staktophyllus guttulatus*）由意大利真菌学家Giacomo于1881年以*Panaeolus guttulatus*为名首次描述[9]，后经Giovanni在2023年基于ITS、nLSU多基因分子系统发育分析将其重新组合至滴褶菇属（*Staktophyllus*）[10]。该种在中亚（伊朗、巴基斯坦）和欧洲（意大利、希腊）等地均有报道，常生于松树枯枝落叶层上，亦见于较温暖环境（如沙丘后缘的草地沙质土）[11–12]。

山西省属温带大陆性季风气候区，植被以阔叶林为主[13]，菌类资源丰富。近年来，该地区新物种资源的发表主要集中在口蘑科[14–16]、牛肝菌科[17]、蜡伞科[18]、层腹菌科[19]、地星科[20]和枝瑚菌科[21]等，同时报道了梭孢杯伞属[22]、钝囊蘑属[23]、鬼伞属[24]和马鞍菌属[25]的一些中国新记录物种。这些新分类单元的发现，显著丰富了我国真菌资源的种类与地理分布信息。然而，相较于吕梁山和太行山地区丰富的菌类多样性，本底调查仍显不足，系统性研究有待加强。本研究对采自山西省吕梁山和太行山区3份疑似中国新记录标本开展物种鉴定研究和系统发育分析，旨在丰富山西省大型真菌物种多样性。

1　材料与方法

1.1　材料

供试标本采集于山西省境内太行山和吕梁山及其周边，经干燥后保存于山西农业大学菌物标本馆（Fungarium of Shanxi Agricultural University, FSAU）。

1.2　方法

1.2.1　形态学鉴定方法　在野外生态环境拍照记录的基础上，本研究采用经典分类学方法，对其宏观与微观特征进行观察。使用尼康显微成像系统（Nikon Eclipse Ni U）进行显微观察与图像采集，孢子测量遵循随机性原则，每次均统计显微镜视野内全部孢子。孢子尺寸数据来源于菌盖、菌褶或菌柄。孢子的测量数量不低于50个，其他结构不低于20个[26]。

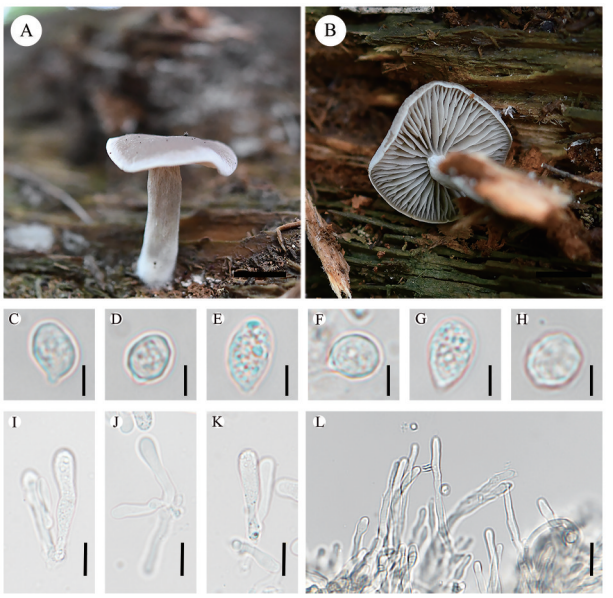
1.2.2　分子系统发育分析方法　采用E.Z.N.A.® Forensic DNA Kit试剂盒提取样品DNA，使用超微量紫外分光光度计测定DNA浓度。以提取的DNA为模板，分别使用引物ITS4/ITS5扩增ITS区[27]，LR0R/LR5扩增nLSU区[28]，MS1/MS2扩增mtSSU区[29]和RPB2-6F/RPB2-7CR扩增RPB2区[30]。PCR产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳验证后，使用E.Z.N.A.® Cycle-Pure Kit试剂盒纯化，送擎科生物科技有限公司进行双向测序。序列通过NCBI-BLAST进行比对分析。最大似然法（maximum likelihood, ML）系统发育树的构建采用MEGA10软件计算模型，自举值为2 000。采用贝叶斯分析法（bayesian inference, BI）构建MrBayes树，使用软件MrMTgui计算构建贝叶斯树的最佳模型，最后用软件Figtree v1.4对进化树进行后续处理。参与分析的序列包括自测序列和GenBank中下载序列。

2　结果

2.1　祖凯雷利氏粉褶菌 *Entoloma zuccherellii* Noordel.

菌盖直径1.5–2.5 cm，凸形，中间凹陷，边缘内卷，具弱透明条纹，有弱霜晶状微绒毛，中央深褐色，边缘红褐色。菌肉在菌盖中极少，气味不明显。菌褶直生至稍延生，间距稍宽，具两排小菌褶，厚且呈锯齿状，易碎，上部紫褐色，向边缘处逐渐变为与菌盖边缘同色，边缘不规则，颜色大致均匀。菌柄长2.5–3 cm，粗5–8 mm，圆柱状，下半部略扭曲，下半部红褐色，上半部与菌盖同色，幼时整个覆盖着白色易消失的菌丝，柄顶有霜晶状微绒毛（图1）。

孢子（5.5–）5.8–6.6（–7.0）×（4.7–）5.0–5.8（–5.9）μm，Q=（0.92–）1.00–1.32（–1.47），Qv=1.2，具有4–7个或多或少明显的角，或有时角更多但非常弱，变化为近瘤状，常为近球形而无明显角，



A–B：子实体；C–H：孢子；I–K：担子；L：褶缘囊状体。标尺：A–B=1 cm；C–H=5 μm；I–J=10 μm

A–B: Basidiomata. C–H: Spores. I–K: Basidia. L: Pleurocystidia. Bars: A–B=1 cm; C–H=5 μm; I–J=10 μm

图1 祖凯雷利氏粉褶菌的子实体和微观结构

Fig. 1 Basidiomata and microstructure of *Entoloma zuccherellii*

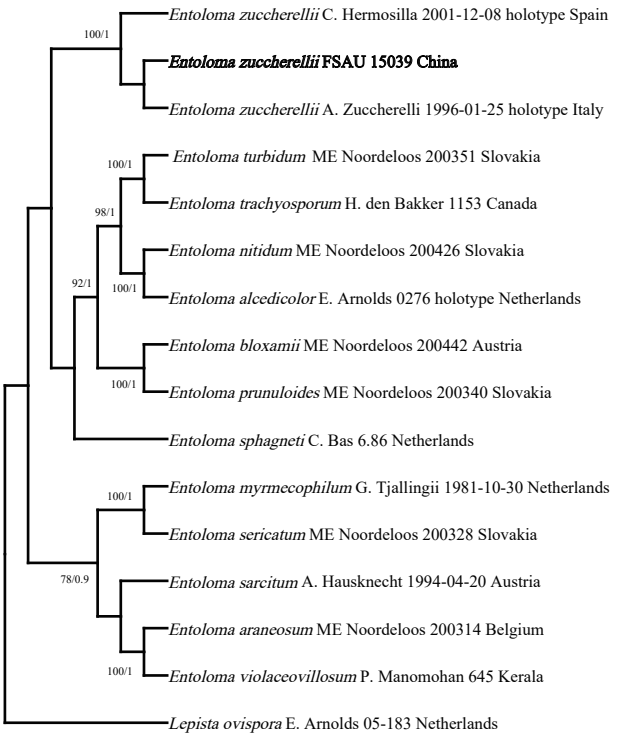
尖突明显，壁薄，常含一个大油滴。担子（25–35）×（10–15）μm，棒状至圆柱状，有时瓶状，具4个孢子，内含颗粒物，担子小梗长约4 μm。褶侧囊状体无。褶缘囊状体（40–45）×（15–25）μm（顶端宽8–12 μm），透明或内含颗粒物，有时壁厚。盖囊体未发现。盖皮由宽5–12 μm的圆柱状菌丝组成，其末端元素游离且未分化；皮下层由短至长的元素组成，为圆柱状至腊肠状或膨大状；两层中的色素均为壁生，在5% KOH溶液中观察时带有黄绿色斑点或颗粒。柄皮由平行、圆柱状、有隔的菌丝组成。锁状联合各处均无（图1）。

生境：夏秋季单生长于阔叶林腐木上。

分布：中国，西班牙，意大利。

研究标本：山西省晋中市和顺县白云村上野沟，2022年8月3日，王腾云，郭李峰，贾鸥阳，FSAU 15039。基因序列号：PZ273469（ITS），PZ256683（nLSU），PZ260761（RPB2），PZ267089（mtSSU）。

分子发育分析：经比对，本研究ITS序列与*Entoloma zuccherellii*参考序列的相似度为99.8%（604/605）。基于ITS区（605 bp）、nLSU区（867 bp）、mtSSU区（554 bp）和RPB2区（597 bp）4个DNA片段，总长度为2 623 bp。采用最大似然法和贝叶斯法构建的系统发育树表明，本文所描述的物种与*Entoloma zuccherellii*聚为一支，获得100%的最大似然支持率和1.0的贝叶斯后验概率支持（图2）。



内部节点的统计数值分别为ML/BI所得的数值，本研究所获取的序列用加粗字体表示，选用*Leepista ovispora*作为外类群，标尺表示进化距离

The statistical values of the internal nodes are the values obtained by ML/BI. The sequences obtained in this study are represented in bold font. *Leepista ovispora* is selected as the outgroup, and the scale bar represents the evolutionary distance

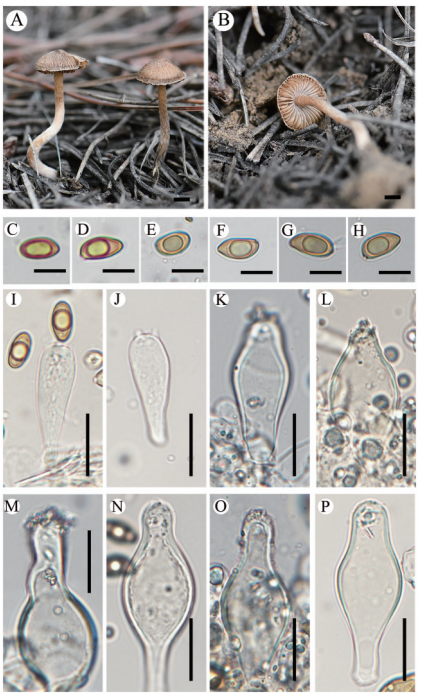
图2 基于ITS、nLSU、mtSSU和RPB2序列构建的祖凯雷利氏粉褶菌ML系统发育树

Fig. 2 *E. zuccherellii* ML phylogenetic tree based on ITS, nLSU, mtSSU和RPB2 sequences

2.2 红褐丝盖伞 *Inocybe rufobrunnea* J. Favre

菌盖直径2–5 cm，凸形，具相当粗糙的纤维，幼时被白色纤维状菌幕，深褐色。菌肉在菌盖处淡白色，菌柄处（特别是皮层）略带红褐色。菌褶窄

贴生，深红褐色，边缘疣状、白色。菌柄长5–10 cm，粗5–10 mm，等粗，实心，上部黄褐色至橙褐色，下部颜色稍深，基部深红褐色，顶端可见稍被粉状物，向下具纵向白色纤维（图3）。



A–B：子实体；C–H：孢子；I–J：担子；K–L：侧囊状体；M–N：褶缘囊状体；O–P：柄生囊状体。标尺：A–B=0.5 cm；C–H=5 μm；I–P=20 μm

A–B: Basidiomata. C–H: Spores. I–J: Basidia. K–L: Pleurocystidia. M–N: Cheilocistidia. O–P: Caulocistidia. Bars: A–B=0.5 cm, C–H=5 μm, I–P=20 μm

图3　红褐丝盖伞的子实体和微观结构

Fig. 3　Basidiomata and microstructure of *Inocybe rufobrunnea*

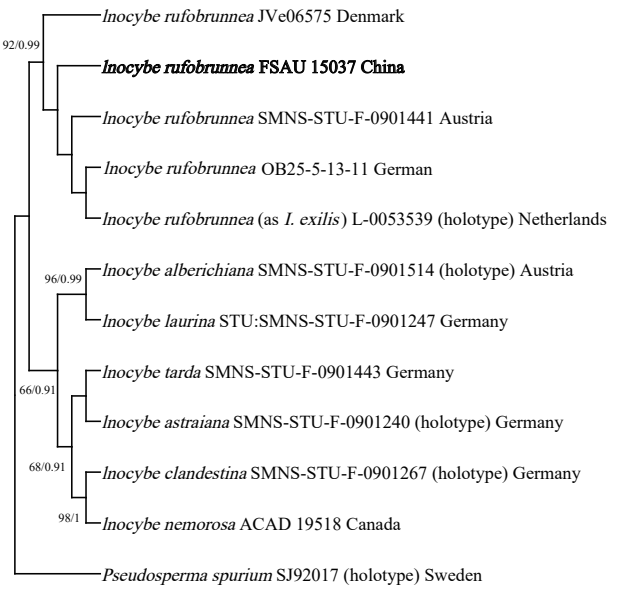
孢子（10.7–）11.0–14.8（–15.2）×（6.3–）6.6–8.5（–8.8）μm，Q =（1.22–）1.29–2.24（–2.41），Qv = 1.7，光滑，长椭圆形，顶端钝圆至乳突状。担子（25–37）×（7–12）μm，2–4孢子。褶侧囊状体（45–70）×（14–22）μm，多为（近）纺锤形或（近）瓶形，混有近棒状的囊状体，顶端通常含结晶，顶部壁厚达2.0 μm，遇3% KOH呈黄绿色。褶缘囊状体（34–65）×（15–18）μm，形态和大小跟侧囊体相似。柄囊体（30–55）×（13–16）μm，仅存在于菌柄顶部附近，近圆柱形或近纺锤形，大小与褶缘囊状体相似（图3）。

生境：夏秋季单生或群生于油松为主的针叶林地上。

分布：中国，丹麦，荷兰，奥地利，瑞士，德国。

研究标本：山西省朔州市怀仁县清凉山，2022年8月29日，王术荣，刘晋涛，FSAU 15037。基因序列号：PZ256682（ITS），PZ256677（nLSU）。

分子发育分析：经比对，本研究ITS序列与*Inocybe rufobrunnea*参考序列的相似度为99.2%（600/605）。基于总长1 555 bp的ITS区（605 bp）和部分nLSU区（950 bp）序列构建的系统发育树表明，本研究标本与*I. rufobrunnea*聚在同一分支，并获得强力支持（ML 92%/BI 0.99）。此前Bandini等[7]已指出*I. exilis*应为*I. rufobrunnea*的同物异名，本文的系统发育结果支持该结论（图4）。



内部节点的统计数值分别为ML/BI所得的数值，本研究所获取的序列用加粗字体表示，选用*Pseudosperma spurium*作为外类群，标尺表示进化距离

The statistical values of the internal nodes are the values obtained by ML/BI. The sequences obtained in this study are represented in bold font. *Pseudosperma spurium* is selected as the outer taxa, and the ruler represents the evolutionary distance

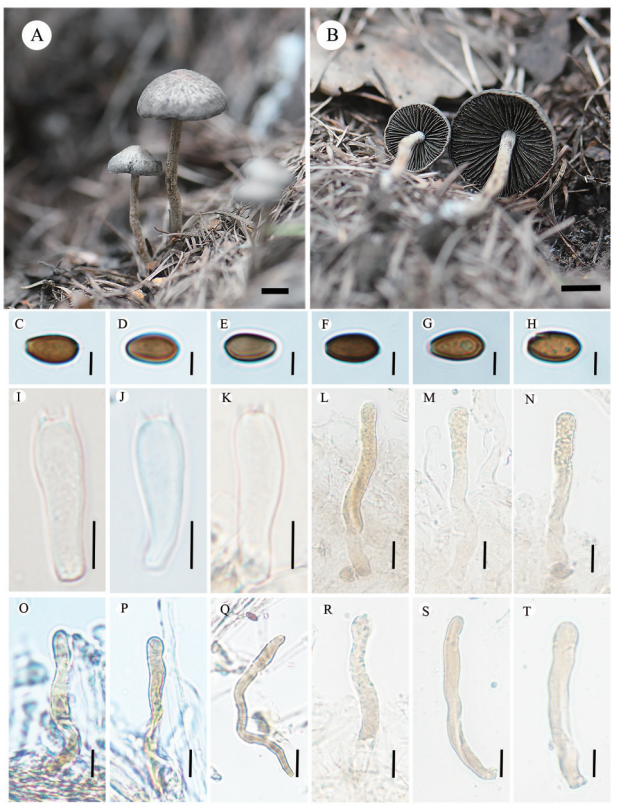
图4　基于ITS和nLSU序列构建的红褐丝盖伞ML系统发育树

Fig. 4　*I. rufobrunnea* ML phylogenetic tree based on ITS and nLSU sequences

2.3 斑点滴褶菇 *Staktophyllus guttulatus*（Bres.）Consiglio.

菌盖直径1.5–3 cm，初期凸起呈钟形，后期不规则展平，具低矮脐凸，偶见轻微凹陷，深褐色或黑棕色，边缘内卷，后逐渐平展，表面光滑，无光泽，覆盖细微白色粉状物。菌肉薄而脆，白色，无特殊气味，味道温和。菌褶较密，波状弯曲，微凹直生型，初期灰白色，迅速转为黑色，褶缘呈白色，具细绒毛结构，渗出微细白色水滴（随孢子成熟转为黑色）。菌柄长4–10 cm，粗2–8 mm，近圆柱形，灰白色，基部稍膨大，中空，顶端呈米棕色，基部常被白色菌丝覆盖（图5）。

孢子 （7.1– ）7.2–10.4 (–10.5）×（3.5– ）3.9–5.7 (–5.8）μm，Q =（1.24–）1.26–2.67（–3.00），Qv = 1.8，近球形至椭圆形，深褐色，半透明至亚透明，壁厚1–1.5 μm，具明显尖突及油滴，萌发孔中央位，宽1–1.5 μm。担子（20–35）×（7–11） μm，棒状，常中部缢缩，多为四孢形。菌髓规则，由含黄褐色的圆柱形菌丝组成，宽7–15 μm。侧囊体不育。褶缘囊状体（30–45）×（12–17）μm，透明至黄橙色，顶部色浓，常被黄色黏液包裹。菌盖表皮为薄壁组织，厚40–100 μm。盖囊体（30–45）×（12–15）μm，类似褶缘囊状体，常覆盖黄色无定形黏稠物。柄囊体（45–55）×（10–20）μm，形态同褶缘囊状体，但更大，密集簇生并覆黏液。锁状联合存在（图5）。



A–B：子实体；C–H：孢子；I–K：担子；L–N：褶缘囊状体；O–Q：柄生囊状体；R–T：盖生囊状体；标尺：A–B=1 cm，C–H=5 μm，I–T=10 μm

A–B: Basidiomata. C–H: Spores. I–K: Basidia. L–N: Cheilocystidia. O–Q: Caulocystidia. R–T: Pileocystidia. Bars: A–B=1 cm, C–H=5 μm, I–T=10 μm

图5 斑点滴褶菇的子实体和微观结构

Fig. 5 Basidiomata and microstructure of *Staktophyllus guttulatus*

生境：夏秋季群生于落叶松林地上。

分布：中国，伊朗，巴基斯坦，意大利，希腊。

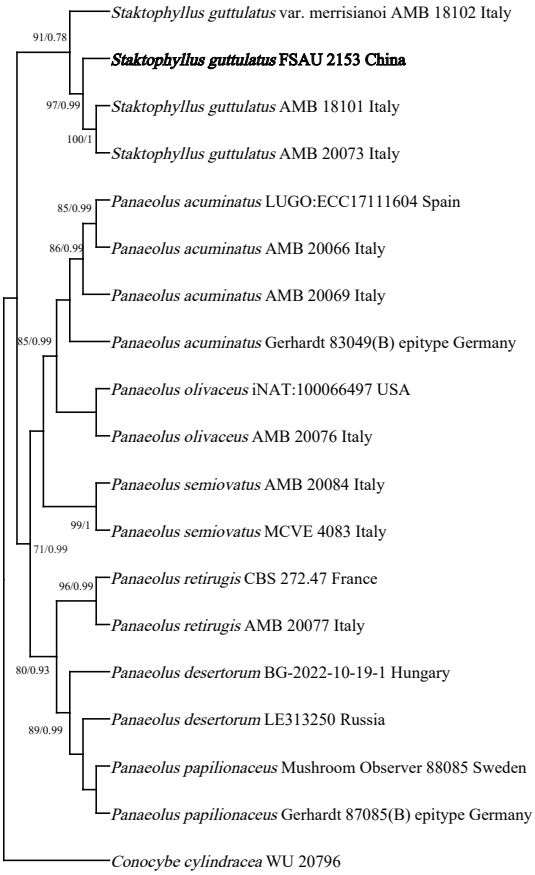
研究标本：山西省吕梁市交口县水头镇大南沟，2022年8月23日，王术荣，刘晋涛，FSAU 2153。基因序列号：PZ256681（ITS），PZ256676（nLSU）。

分子发育分析：经比对，本研究ITS序列与*Staktophyllus guttulatus*参考序列的相似度为99.7%（631/633）。基于总长1 542 bp的ITS区（633 bp）和部分nLSU区（909 bp）序列进行系统发育分析，采用最大似然法和贝叶斯法构建系统发育树。结果显示，本文所描述的物种与*Staktophyllus guttulatus*聚为一支，获得97%的最大似然自展支持率和0.99的贝叶斯后验概率。*S. guttulatus*所代表的进化枝构成的支系位于所有其他分支的基部（图6）。

3 讨论

祖凯雷利氏粉褶菌*E. zuccherellii*的典型形态特征包括棱角状孢子、红褐色菌盖以及柄顶有霜晶状微绒毛。在形态学研究上，本研究材料与欧洲标本基本一致，但孢子体积略小且菌盖边缘颜色稍浅，这些差异可能属于地理分布范围内的种内变异[2]。系统发育分析表明本研究材料的序列与*E. zuccherellii*模式标本聚在同一分支，并进一步支持了将*E. pluteisimilis*处理为*E. zuccherellii*异名的观点[3–5]。在生态方面，该物种生于阔叶林腐木上，生境类型与意大利记录基本一致，表明该种对生境具有相对稳定的生态偏好[7]。

红褐丝盖伞*I. rufobrunnea*的典型形态特征包括深褐色菌盖、红褐色菌褶及菌柄表面具纵向白色纤维。本次在山西发现的红褐丝盖伞与已报道在欧洲



内部节点的统计数值分别为ML/BI所得的数值，本研究所获取的序列用加粗字体表示，选用*Conocyybe cylindracea*作为外类群，标尺表示进化距离

The statistical values of the internal nodes are the values obtained by ML/BI. The sequences obtained in this study are represented in bold font. *Conocyybe cylindracea* is selected as the outer taxa, and the ruler represents the evolutionary distance

图6　基于ITS和nLSU序列构建的斑点滴褶菇ML系统发育树

Fig. 6　*S. guttulatus* ML phylogenetic tree based on ITS and nLSU sequences

发现的模式标本宏观描述极为相近，微观形态孢子大小近似。分子系统发育分析显示，本研究对应标本与欧洲的*I. rufobrunnea*聚为同一分支（ML 92%/BI 0.99）。与欧洲标本相比，本研究对应标本的菌盖颜色略深，菌柄基部深红褐色更为明显，且孢子尺寸略小[8]，这些差异可能属于地理分布范围内的种内变异。此外，本研究对应标本的褶侧囊状体顶端壁厚略薄，但形态（纺锤形至瓶形）高度一致。本次在山西采集的此物种发现生于以油松为主的针叶林地上，而欧洲标本生于阔叶树匍匐柳的钙质沙丘沙地[10]，与本研究对应标本生境有明显差异，表明其生境可能较为宽泛。本物种的生境、生态和分布尚需进一步深入探究和明确。

斑点滴褶菇*S. guttulatus*的典型特征包括菌褶边缘分泌特征性黄色胶滴、杏仁形大型孢子。在宏观形态上，本研究标本比意大利模式标本菌盖和菌褶颜色略浅，这可能与生长地域的环境差异有关。微观形态方面，两者在孢子、担子、缘囊体、侧囊体、褶缘囊状体以及菌盖皮层细胞的大小与形状基本无差异。分子系统发育分析表明该物种与斑褶菇属核心类群形成明确的平行分支，其作为独立属的地位得到了充分的分子证据支持。本次在山西发现该物种生长于落叶松林地上，与意大利模式标本生境高度一致[11]。该物种在北半球的欧洲等地曾有分布记录，属于典型的北温带分布种[12]。

本研究首次报道上述3种伞菌在中国的分布，各物种的已知地理分布范围扩大至东亚地区，进一步丰富了山西省伞菌目物种多样性记录。相关标本及序列数据可为粉褶菌属、丝盖伞属及斑点滴褶菇属物种的生物地理学及演化研究提供重要基础资料。

4　结论

首次报道了中国新记录种祖凯雷利氏粉褶菌（*E. zuccherellii*）、红褐丝盖伞（*I. rufobrunnea*）和斑点滴褶菇（*S. guttulatus*）。形态鉴定结果与基于ITS、nLSU、mtSSU和RPB2等序列的系统发育分析结果一致，3份标本的基因序列在系统发育树上与各自模式标本聚于同一分支。

参考文献

[1] Noordeloos M, Anton H. Tre nuove Entolomataceae (Agaricales) dall' Italia [J]. Bolletino Del Gruppo Micologico G. Bresadola, 2000, 43(3): 23-33.

[2] Co-David D, Langeveld D, Noordeloos ME. Molecular phylogeny and spore evolution of Entolomataceae [J]. Persoonia, 2009, 23(1): 147-176.

[3] Morozova O, Pham THG. New species of *Entoloma* subgenera cubospora and *Leptonia* (Agaricales, Basidiomycota) from central Vietnam [J]. JoF, 2023, 9(6): 621.

[4] Holec J, Noordeloos ME. On the infraspecific variability and taxonomic position of *Entoloma zuccherellii* [J]. Mycotaxon, 2010, 112(1): 283-289.

[5] Voto P. *Entoloma zuccherellii* from the Nordio wood (Italy) [J]. Mycological Observations, 2022, 6: 116-121.

[6] Favre J. Les champignons supérieurs de la zone alpine du Parc National Suisse [R]. Index of Fungi, 1955, 5(33): 105-201.

[7] Bandini D, Oertel B, Eberhardt U. More smooth-spored species of *Inocybe* (*Agaricales*, *Basidiomycota*): type studies and 12 new species from Europe [J]. Persoonia, 2022, 48(1): 91-149.

[8] Zhou YL, Deng LS, Yang SD, et al. Phylogenetic analysis, morphological studies, element profiling, and muscarine detection reveal a new toxic *Inosperma* (Inocybaceae, Agaricales) species from tropical China [J]. Front Microbiol, 2023, 14: 1326253.

[9] Bresadola G. Fungi Tridentini novi, vel nondum delineati, descripti, et iconibus illustrati [M]. Vienna: C. Gerold's Sohn, 1883.

[10] Consiglio G, Marchetti M. Contributo alla conoscenza del Genere *Panaeolus* sensu lato [J]. Associazione Micologica Bresadola, 2023, 66(3): 209-286.

[11] Seidmohammadi E, Abbasi S, Asef M. The first report of *Panaeolus olivaceus* and *Panaeolus guttulatus* from Iran [J]. Taxon Biosyst, 2019, 11(1): 23-30.

[12] Senn-Irlet B, Nyffenegger A, Brenneisen R. *Panaeolus bisporus*—an adventitious fungus in central Europe, rich in psilocin [J]. Mycologist, 1999, 13(4): 176-179.

[13] 孙淑婧. 山西省林业生态旅游发展潜力与路径 [J]. 山西林业, 2024, (6): 20-21.
Sun SJ. Development potential and path of forestry eco-tourism in Shanxi Province [J]. For Shanxi, 2024, (6): 20-21.

[14] 刘虹, 郭尚, 范黎. 山西著名野生食用蘑菇红银盘: 漏斗伞属新物种 [J]. 山西大学学报: 自然科学版, 2019, 42(1): 275-280.
Liu H, Guo S, Fan L. *Infundibulicybe hongyinpansp*.nov., a well-known edible fungus from Shanxi based on both nrDNA-ITS and morphological analysis [J]. J Shanxi Univ Nat Sci Ed, 2019, 42(1): 275-280.

[15] 王术荣, 刘淑琴, 孟俊龙, 等. 山西太行山地区锈囊蘑属两新种 [J]. 菌物学报, 2022, 41(12): 1921-1931.
Wang SR, Liu SQ, Meng JL, et al. Two new species of *Melanoleuca* from Taihang mountains in Shanxi Province [J]. Mycosystema, 2022, 41(12): 1921-1931.

[16] Mao N, Yang JJ, Zhang YX, et al. Species diversity of *Tricholoma* (Agaricales, Tricholomataceae) from Shanxi Province of northern China with the description of four new species [J]. MycoKeys, 2025, 112: 59-80.

[17] Mao N, Zhao TY, Zhang YX, et al. Boletaceae from Shanxi Province of northern China with descriptions of ten new species [J]. Mycosphere, 2023, 14(1): 2013-2091.

[18] 张宇欣, 毛宁, 李颖, 等. 山西省蜡伞属真菌物种多样性及一新种的描述 [J]. 微生物学通报, 2024, 51(12): 5159-5176.
Zhang YX, Mao N, Li Y, et al. Species diversity of *Hygrophorus* (Hygrophoraceae, Agaricales) in Shanxi Province and description of *Hygrophorus brunneodiscoides* sp. nov [J]. Microbiol China, 2024, 51(12): 5159-5176.

[19] Li T, Mao N, Fu HY, et al. Two new species of *Hymenogaster* (Hymenogastraceae, Agaricales) from China based on morphological and molecular markers [J]. Diversity, 2024, 16(5): 303.

[20] Wu YQ, Liu SQ, Wang TY, et al. *Geastrum sanglinense*, a new species from the Manghe Rhesus Monkey National Nature Reserve, China [J]. Mycoscience, 2024, 65(1): 12-18.

[21] Li Y, Mao N, Zhang YX, et al. Catalogue of fungi in China 2. *Ramaria* from northern China [J]. Mycology, 2025, 16(1): 59-90.

[22] 刘淑琴, 王浩豪, 武艳群, 等. 下迪锈囊蘑(*Melanoleuca dirensis*)—锈囊蘑属中国新记录种 [J]. 东北林业大学学报, 2022, 50(7): 77-80.
Liu SQ, Wang HH, Wu YQ, et al. *Melanoleuca dirensis*: a newly recorded species of *Melanoleuca* Pat.in China [J]. J Northeast For Univ, 2022, 50(7): 77-80.

[23] 刘虹, 张泽乾, 毛宁. 基于形态特征和ITS片段分析确认山西发现极地梭孢杯伞 [J]. 中国食用菌, 2023, 42(1): 15-19.
Liu H, Zhang ZQ, Mao N. The finding of *Atractosporocybe polaris* in Shanxi Province based on both morphological and molecular evidences [J]. Edible Fungi China, 2023, 42(1): 15-19.

[24] 武艳群, 何轶榕, 刘淑琴, 等. 鬼伞属中国新记录种——椰枣色孢鬼伞 [J]. 东北林业大学学报, 2023, 51(8): 136-139.
Wu YQ, He YR, Liu SQ, et al. A new recorded species of *Coprinus* in China: *Coprinus spadiceisporus* [J]. J Northeast For Univ, 2023, 51(8): 136-139.

[25] 王腾云, 王静怡, 孟俊龙, 等. 马鞍菌属3个中国新记录 [J]. 微生物学通报, 2023, 50(8): 3372-3381.
Wang TY, Wang JY, Meng JL, et al. Three new records of *Helvella* in China [J]. Microbiol China, 2023, 50(8): 3372-3381.

[26] 朱力扬, 图力古尔. 中国刺毛鬼伞属的物种多样性 [J]. 菌物学报, 2024, 43(3): 73-103.
Zhu LY, Tuliguer. Species diversity of *Tulosesus* (Psathyrellaceae, agaricales) in China [J]. Mycosystema, 2024, 43(3): 73-103.

[27] 赵杰. ITS序列分析及其在植物真菌病害分子检测中的应用 [J]. 陕西农业科学, 2004, 50(4): 35-37.
Zhao J. ITS sequence analysis and its application in molecular detection of plant fungal diseases [J]. Shaanxi J Agric Sci, 2004, 50 (4): 35-37.

[28] 农倩, 张雯龙, 蓝桃菊, 等. 一株抗香蕉枯萎病DSE菌株的筛选鉴定及抗病机理初探 [J]. 热带作物学报, 2017, 38(3): 559-564.
Nong Q, Zhang WL, Lan TJ, et al. Screening and identification of dark septate endophyte strain L-14 and its mechanism of banana *Fusarium* wilt disease resistance [J]. Chin J Trop Crops, 2017, 38 (3): 559-564.

[29] Liu YJ, Whelen S, Hall BD. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerse II subunit [J]. Mol Biol Evol, 1999, 16(12): 1799-1808.

[30] 黄宏强, 范小燕, 陶亚群, 等. 三七黑斑病病原菌的复核鉴定 [J]. 长江大学学报: 自科版, 2016, 13(15): 6-9, 3.
Huang HQ, Fan XY, Tao YQ, et al. Morphological and molecular identification of the *Alternaria* species causing black spot disease on *Panax notoginseng* [J]. J Yangtze Univ Nat Sci Ed, 2016, 13(15): 6-9, 3.

（责任编辑　朱琳峰）