

doi:10.11937/bfyy.20180775

狭义拟层孔菌属一个中国新纪录种

韩美玲¹, 杜娟², 刘世良³

(1. 廊坊师范学院 生命科学学院, 河北省高校食药菌资源开发应用技术研发中心, 河北 廊坊 065000;
2. 廊坊师范学院 科研处, 河北 廊坊 065000; 3. 北京林业大学 微生物研究所, 北京 100083)

摘要:为准确鉴定采自我国广东一个多孔菌标本的分类地位,以该标本的子实体为试材,采用形态学和系统发育分析相结合的方法,对其宏观形态和显微形态进行观察,测定了其延伸因子 1α (the translation elongation factor $1-\alpha$, *tefl*) 基因,并用最大似然法 (Maximum Likelihood analysis, ML)、最大简约法 (Maximum Parsimony, MP) 和贝叶斯分析法 (Bayesian Analysis, BI) 构建 *tefl* 基因的系统发育树。结果表明:该标本与采自委内瑞拉和美国的坚硬拟层孔菌标本具有相同的形态特征;在基于 *tefl* 基因构建的系统发育树上,该标本与采自委内瑞拉的坚硬拟层孔菌标本聚集在一起,并且形成了一个支持率很高的世系 ($BS=95\%$, $MP=87\%$, $BPP=0.99$)。因此,鉴定采自我国广东的多孔菌标本为坚硬拟层孔菌 *Fomitopsis durescens*。其分类地位的鉴定为今后野生多孔菌种质资源的生物学特性研究及开发利用奠定了基础。

关键词:木生真菌;多孔菌;坚硬拟层孔菌;分类

中图分类号:Q 949.32 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2018)20-0131-07

狭义拟层孔菌属 (*Fomitopsis sensu stricto*) 隶属担子菌门 (Basidiomycota), 伞菌亚门 (Agaricomycotina), 伞菌纲 (Agaricomycetes), 多孔菌目 (Polyporales), 拟层孔菌科 (Fomitopsidaceae), 拟层孔菌属 (*Fomitopsis* P. Karst.)。其主要特征是:担子果一年生至多年生,大部分无柄盖形,偶尔平伏反卷或具柄状的基部,韧质,木栓质至木质;孔口表面白色,奶油色至灰色或黄褐色;菌丝系统大部分二体系,生殖菌丝具锁状联合;子实层中囊状体偶见;担孢子圆柱形至椭圆形,无色,薄

壁,光滑^[1-2];主要引起木材的褐色腐朽^[3-6],是一类非常重要的木材褐色腐朽真菌,很多种类具有重要的药用价值。

我国的热带和亚热带地区是木腐菌多样性最为丰富的地区之一,已经陆续发现了许多木生真菌新纪录种^[7-11],课题组在研究我国热带和亚热带地区拟层孔菌属真菌多样性时,根据形态学和系统发育分析鉴定采自中国广东的一个多孔菌标本为坚硬拟层孔菌 *Fomitopsis durescens* (Overh. ex J. Lowe) Gilb. & Ryvarden, 该真菌以前在国内尚鲜见报道^[12-14],为中国新纪录种。该研究对该种进行了详细的描述,并对显微结构绘图和系统发育进行了分析,并列出了中国狭义拟层孔菌属 8 种真菌的检索表。

1 材料与方法

1.1 试验材料

研究标本采自中国广东省连景丰阳区菇场,

第一作者简介:韩美玲(1987-),女,博士,讲师,研究方向为菌物系统学与菌物应用。E-mail:meilinghan309@163.com.

基金项目:国家自然科学基金青年科学基金资助项目(31700024);廊坊市科学技术研究与发展计划资助项目(2017013180);河北省高校食药菌应用技术研发中心资助项目(YF201411);廊坊师范学院校级 A 类创新团队资助项目(LSCX-A201601)。

收稿日期:2018-04-16

现保存在北京林业大学微生物研究所标本馆(BJFC)。

1.2 试验方法

1.2.1 形态学研究

显微结构研究方法^[15]如下:用干标本制成切片,以棉蓝试剂(cotton blue)、碘试剂(melzer reagent)和5% KOH溶液作为切片浮载剂,显微测量和绘图均在棉蓝试剂的切片中进行,显微绘图借助于管状绘图仪,所有显微研究均在 Ni-kon E 80i 相差显微镜下进行。在种类描述中标本的孢子测量30个,其中5%数量极大值和极小值数据在括号中表示, L 表示孢子的平均长度, W 表示孢子的平均宽度, Q 表示孢子平均长与平均宽的比值, x/y 表示所测量的孢子数量/标本数;其它结构如菌丝直径、担子、囊状体等大小均测量10个,取极大值与极小值,宽度测量于其结构的最宽部位,长度测量于其顶端至基部分隔处。

1.2.2 系统发育分析

真菌基因组DNA的抽提:采用CTAB植物DNA提取试剂盒(北京艾德莱生物科技有限公司,北京)从烘干的子实体提取真菌基因组DNA,其操作按照试剂盒说明书进行。真菌DNA的完整性采用0.7%琼脂糖凝胶电泳进行检测。

真菌 *tefl* 序列的PCR扩增、克隆和测序:以真菌基因组DNA为模板,EF1-983F: 5'-GCYC-CYGGHCAYCGTGAYTTYAT-3' 和 EF1-1567R: 5'-ACHGTRCCRATACACCRATCTT-3' 为引物^[16](简并碱基:R=A或G,Y=C或T,H=A或T或C),PCR扩增其核糖体rDNA的延伸因子 1α (the translation elongation factor $1-\alpha$, *tefl*) 基因。PCR扩增体系:2×Easy Taq PCR Super-Mix 15 μ L, EF1-983F 和 EF1-1567R 各1 μ L, 真菌DNA 1 μ L, 补足灭菌双蒸水至30 μ L。PCR扩增程序:95℃预变性3 min; 94℃变性40 s, 54~59℃退火45 s, 72℃延伸1 min, 共35个循环; 72℃最后延伸10 min。PCR产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳检测后,将符合要求的PCR产物送至北京华大基因进行纯化和测序。

系统发育分析:将新测定的序列提交至 GenBank, 参比序列从 GenBank 下载, 所有序列的详细信息见表1。选择药用落叶松层孔菌 *Larici-*

fomes officinalis (Vill.) Kotl. & Pouzar 作为外群^[2]。所有序列先用 BioEdit^[17] 进行比对和手工校对(采用软件默认设置的参数), 然后用 ClustalX 1.83^[18] 转换成构建系统发育树需要的格式。最后分别在 RAxML 7.2.8^[19]、PAUP* 4.0b10^[20] 和 MrModeltest 2.3^[21] 中用最大似然法(Maximum Likelihood analysis, 简称 ML)、最大简约法(Maximum Parsimony, 简称 MP) 和贝叶斯分析法(Bayesian Analysis, 简称 BI) 构建系统发育树。

表1 研究标本的种名、标本号、采集地及 *tefl* 片段的 GenBank 序列号

Table 1 A list of species, specimens, localities and GenBank accession numbers of *tefl* sequences used in this study

种名 Species	标本号 Sample No.	采集地 Locality	GenBank 序列登记号 GenBank accession No. <i>tefl</i>
<i>Antrodia serialis</i>	Cui 9706	China	KR610741
<i>A. serialis</i>	Cui 10519	China	KP715337
<i>A. serialis</i>	Dai 7626	China	KR610740
<i>Daedalea allantoidea</i>	Dai 13612A	China	KR610723
<i>D. americana</i>	JV 0312/24. 7-J	USA	KR610705
<i>D. americana</i>	JV 0904/19	USA	KR610706
<i>D. americana</i>	JV 0904/20	USA	KR610707
<i>D. circularis</i>	Cui 10125	China	KR610708
<i>D. circularis</i>	Cui 10134	China	KR610709
<i>D. circularis</i>	Dai 13062	China	KR610710
<i>D. dickinsii</i>	Yuan 1090	China	KR610711
<i>D. dickinsii</i>	Yuan 2685	China	KR610712
<i>D. dickinsii</i>	Yuan 2707	China	KR610713
<i>D. modesta</i>	Cui 10124	China	KR610715
<i>D. modesta</i>	Cui 10151	China	KR610716
<i>D. modesta</i>	Dai 10844	China	KR610714
<i>D. quercina</i>	Dai 2260	Sweden	KR610718
<i>D. quercina</i>	Dai 12152	Czech Republic	KR610717
<i>D. quercina</i>	Dai 12659	Finland	KR610719
<i>Fomitopsis betulina</i>	Cui 10309	China	KR610727
<i>F. betulina</i>	Cui 10756	China	KR610725
<i>F. betulina</i>	Dai 11449	China	KR610726
<i>F. betulina</i>	Dai 12665	China	KR610724
<i>F. cana</i>	Cui 6239	China	KR610661
<i>F. cana</i>	Dai 9611	China	KR610660
<i>F. durescens</i>	O 10796	Venezuela	KR610669
<i>F. durescens</i>	7033	China	MG893870 ^a
<i>F. hemitephra</i>	O 10808	Australia	KR610675
<i>F. iberica</i>	O 10810	Portugal	KR610676
<i>F. meliae</i>	Dai 10035	China	KR610683
<i>F. meliae</i>	Roberts GA863	United Kingdom	KR610682

表 1(续)
Table 1(Continued)

种名 Species	标本号 Sample No.	采集地 Locality	GenBank 序列登记号 GenBank accession No. <i>tefl</i>
<i>F. meliae</i>	Ryvarden 16893	Unknown	KR610681
<i>F. nivosa</i>	JV 0509/52-X	China	KR610686
<i>F. palustris</i>	Cui 7597	China	KR610687
<i>F. palustris</i>	Cui 7615	China	KR610688
<i>F. pinicola</i>	Cui 10312	China	KR610689
<i>F. pinicola</i>	Cui 10405	China	KR610690
<i>F. pinicola</i>	Cui 10532	China	KR610691
<i>F. subtropica</i>	Cui 10140	China	KR610699
<i>F. subtropica</i>	Cui 10181	China	KR610700
<i>F. subtropica</i>	Cui 10578	China	KR610698
<i>Fragifomes niveomarginatus</i>	Cui 10108	China	KR610684
<i>F. niveomarginatus</i>	Wei 5583	China	KR610685
<i>Laricifomes officinalis</i>	JV 0309/49-J	USA	KR610757
<i>L. officinalis</i>	JV 9010/14	Slovakia	KR610758
<i>Niveoporofores spraguei</i>	4638	France	KR610696
<i>N. spraguei</i>	Cui 8969	China	KR610695
<i>N. spraguei</i>	JV 0509/62	USA	KR610697
<i>Rhodofores cajanderi</i>	Cui 9879	China	KR610663
<i>R. cajanderi</i>	Cui 9888	China	KR610662
<i>R. cajanderi</i>	JV 0410/14a,b-J	USA	KR610664
<i>R. incarnatus</i>	Cui 10348	China	KR610679
<i>R. incarnatus</i>	Yuan 2653	China	KR610678
<i>R. rosea</i>	Cui 10520	China	KR610692
<i>R. rosea</i>	Cui 10633	China	KR610693
<i>R. rosea</i>	JV 1110/9	Czech Republic	KR610694
<i>R. subfeei</i>	Cui 9229	China	KR610701
<i>R. subfeei</i>	Dai 10430	China	KR610702
<i>R. subfeei</i>	Dai 11887	China	KR610703
<i>Rhodofomitopsis feei</i>	JV 0610/K9-Kout	Mexico	KR610673
<i>R. feei</i>	Oinonen 6011906	Brazil	KR610671
<i>R. feei</i>	Ryvarden 37603	Venezuela	KR610670
<i>R. feei</i>	Uotila 42928	Australia	KR610672
<i>Rubellofores cystidiatus</i>	Cui 5481	China	KR610667
<i>R. cystidiatus</i>	Yuan 6304	China	KR610668

注:^a表示该研究新测定的序列。
Note:^a mean newly generated sequence for this study.

最大似然法采用“GTR+G+I”核酸替代模型^[19],设置 1 000 次自举分析^[22]。最大简约法分析中,所有参与分析序列上的位点均作为等权处理,位点上的空格(gap)视为缺失(missing data)。

Max-trees 设为 5 000,其它参数采用默认值,采用启发式搜索(heuristic search),进行 1 000 次自举分析^[23-26]。用以下参数用来表示系统进化树的特征:树长(Tree Length, TL)、趋同指数(Homoplasy Index, HI)、一致性指数(Consistency Index, CI)、重调一致性指数(Rescaled Consistency Index, RC)和保持指数(Retention Index, RI)。贝叶斯分析法的最佳模型在 MrModeltest 2.3^[21]中通过似然比检验(Hierarchical Likelihood Ratio Tests, hLRT)方法计算,得到最适合 Bayesian 分析的最佳参数。2 个独立的贝叶斯分析同时进行,随机树启动,每产生 1 棵树需要取样 100 代,贝叶斯分析收敛性结果通过 StdDev 参数小于 0.01 判断,分析时废除“burn-in period”产生的前四分之一的树^[26]。

用最大相似自持概率(Maximum Likelihood bootstrap proportions, BS)大于等于 75%、最大简约自持概率(Maximum Parsimony bootstrap proportions, MP)大于等于 75%和贝叶斯后置概率(Bayesian posterior probabilities, BPP)大于等于 0.95 来评估节点的可靠性^[26-27]。并将系统发育树上每个节点的支持率($BS \geq 50\%$; $MP \geq 50\%$; $BPP \geq 0.95$)标注出。

2 结果与分析

2.1 分类地位

根据真菌现代分类学观点^[2,28],坚硬拟层孔菌 *Fomitopsis durescens* 的分类地位属于担子菌门(Basidiomycota),伞菌亚门(Agaricomycotina),伞菌纲(Agaricomycetes),多孔菌目(Polyporales),拟层孔菌科(Fomitopsidaceae),拟层孔菌属(*Fomitopsis* P. Karst.),狭义拟层孔菌属(*Fomitopsis sensu stricto*)。

2.2 形态描述

坚硬拟层孔菌(图 1、2),
Fomitopsis durescens (Overh. ex J. Lowe)
Gilb. & Ryvarden, N. Amer. Polyp., Vol. 1
Abortiporus-Lindtneri (Oslo) 1:271 (1986),
= *Polyporus durescens* Overh. ex J. Lowe,
Mycotaxon 2(1):65 (1975)。
子实体:担子果一年生,无柄盖形,单生,硬木

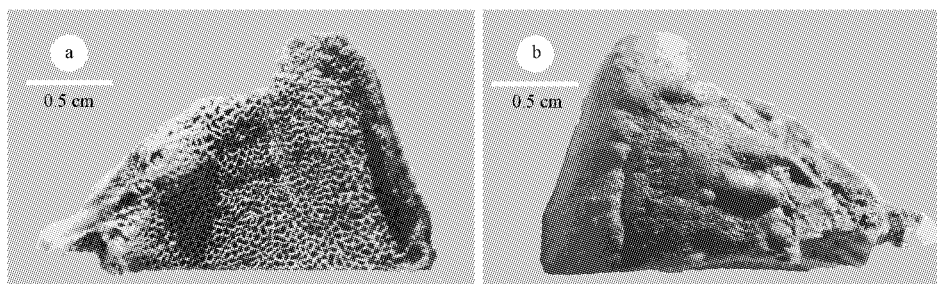
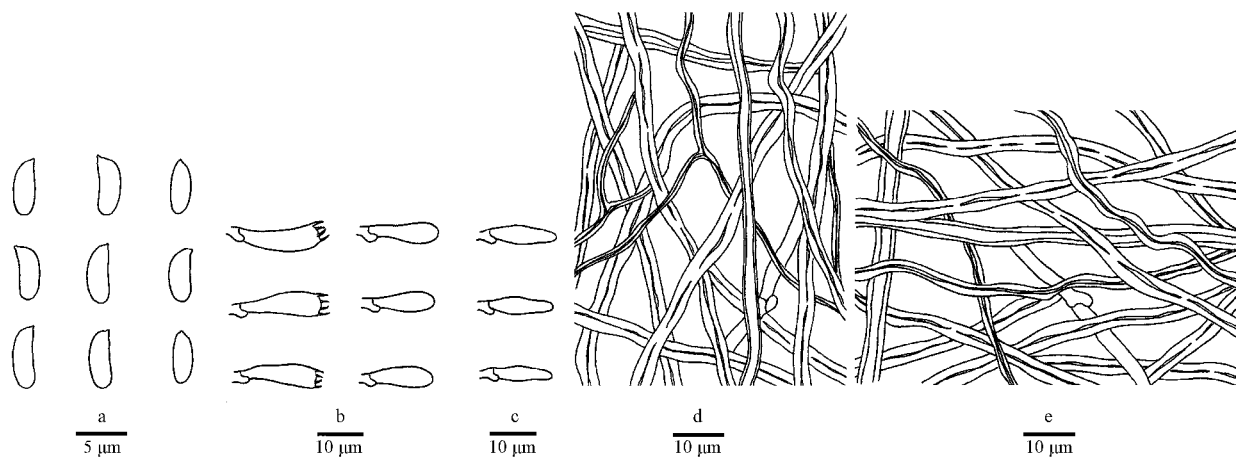


图1 中国坚硬拟层孔菌子实体

Fig. 1 Basidiocarps of *Fomitopsis durescens* in China

注:a. 担孢子;b. 担子和拟担子;c. 拟囊状体;d. 菌管菌丝;e. 菌肉菌丝。

Note:a. Basidiospores;b. Basidia and basidioles;c. Cystidioles;d. Hyphae from trama;e. Hyphae from context.

图2 中国坚硬拟层孔菌的显微结构

Fig. 2 Microscopic structures of *Fomitopsis durescens* in China

达3 cm,基部厚可达8 mm。菌盖表面淡黄色至橄榄褐色,靠近边缘部分有一条明显环沟,粗糙;边缘与菌盖同色或颜色较深,薄而锐,内卷。孔口表面赭黄色至土黄色;不育边缘不明显;孔口圆形至多角形,每毫米3~4个;管口边缘薄壁,全缘。菌肉淡黄色,硬木质,厚可达3.5 mm;菌管与孔口表面同色或颜色较深,硬木质,长可达4 mm。

菌丝结构:菌丝系统三体系;生殖菌丝具锁状联合;所有菌丝在棉蓝试剂和Melzer试剂中均呈负反应;菌丝组织在KOH试剂中组织变为褐色。

菌肉:生殖菌丝无色,薄壁,很少分枝,直径为2~4 μm;骨架菌丝占多数,厚壁具宽腔或实心,稍直或弯曲,很少分枝,交织排列,直径为2.5~6.0 μm;缠绕菌丝厚壁具窄腔或实心,弯曲,多分枝,直径为1.5~2.0 μm。

菌管:生殖菌丝无色,薄壁,很少分枝,直径为2.0~3.5 μm;骨架菌丝占多数,厚壁具宽腔或实心,稍直或弯曲,很少分枝,交织排列,直径为2.5~6.0 μm;缠绕菌丝厚壁具窄腔或实心,弯曲,多分枝,直径为1.5~2.5 μm。子实层中无囊状体,薄壁的拟囊状体常见,无色,纺锤形,基部具锁状联合1个,大小为(13~15) μm×(3.5~5) μm。担子无色,棍棒状,薄壁,顶端具担孢子梗4个,基部具锁状联合1个,大小为(16~19) μm×(5~6) μm;拟担子占多数,形状与担子相似,略小。

孢子:担孢子圆柱形,稍弯曲,在Melzer试剂和棉蓝试剂中均呈负反应,大小为(5.2~)5.5~6.6(~6.9) μm×2.0~2.7(~2.9) μm,平均长 $L=5.95 \mu\text{m}$,平均宽 $W=2.26 \mu\text{m}$,长宽比 $Q=2.63(n=30/1)$ 。

研究标本:中国,广东省,连景丰阳区菇场, 17.5.1984,7033(BJFC 010364)。

其它研究标本:坚硬拟层孔菌 *F. durescens*: USA, Ohio, West Elkton, on *Fagus* stump, 28.7.1917, L. O. Overholts 4215 (BJFC 012784); Venezuela, 14.4.1999, L. Ryvarden 41410 (O 10796;BJFC 012797)。

2.3 系统发育分析

基于 *tefl* 基因序列构建的狭义拟层孔菌属及近缘属真菌的系统发育树结果:共 65 条序列代表 26 个种,隶属 9 个属。在 490 个碱基中,266

个碱基特征是稳定的,13 个碱基为可变特征但是对于简约法是无效的,211 个碱基是有效的简约特征。结果共得到 6 个最大简约树,其信息特征为: $TL = 972$, $CI = 0.445$, $RI = 0.846$, $RC = 0.377$, $HI = 0.555$ 。贝叶斯分析法的最佳核苷酸替代模型为: $GTR + I + G$, $\text{lset nst} = 6$, $\text{rates} = \text{invgamma}$, $\text{prset statefreqpr} = \text{dirichlet}(1,1,1,1)$ 。最大简约法、贝叶斯分析法和最大似然法得到的系统发育树拓扑结构相似,使用最大似然法的树形,合并为图 3。

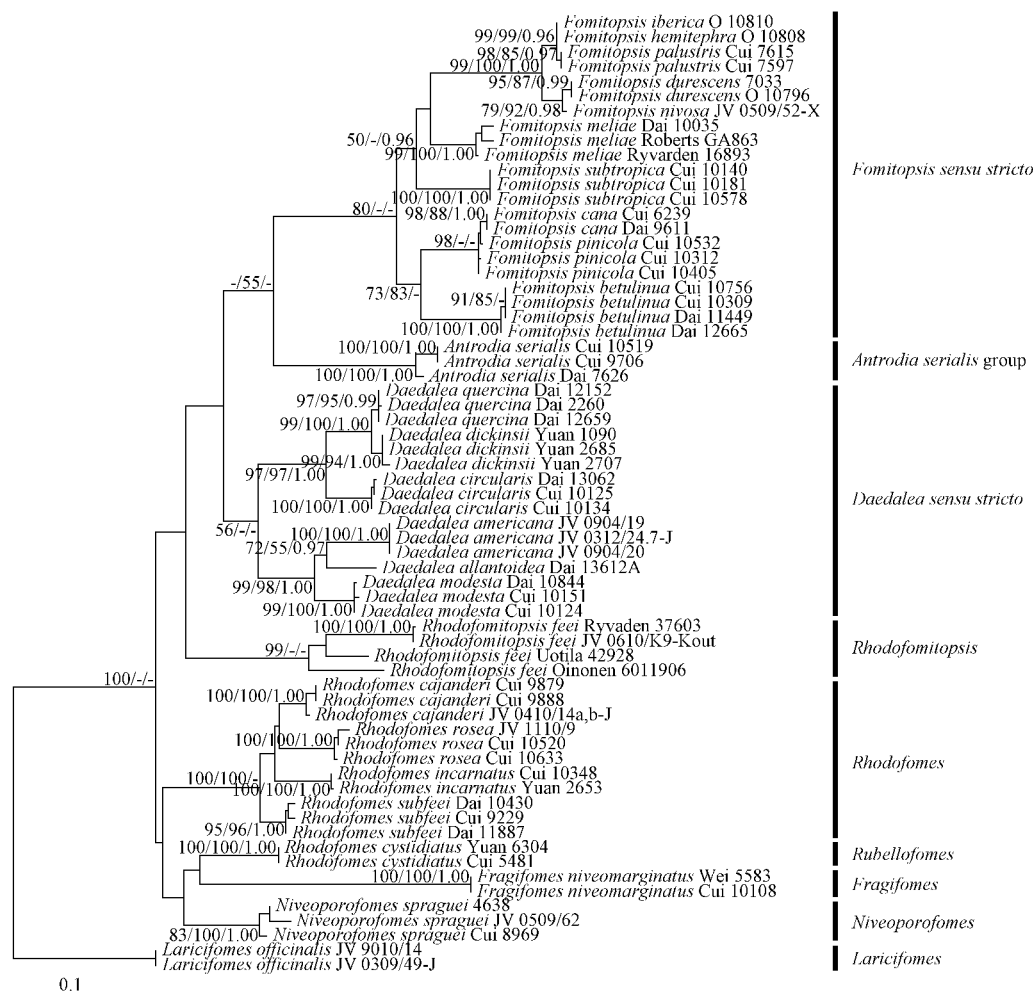


图 3 基于 *tefl* 构建的拟层孔菌属及近缘属真菌系统发育树

Fig. 3 Maximum likelihood tree illustrating the phylogeny of *Fomitopsis* and its related genera based on the *tefl* sequences dataset

在基于 *tefl* 用最大似然法、最大简约法和贝叶斯分析法构建的系统发育树(图 3)上,采自中

国广东的坚硬拟层孔菌 7033 与采自委内瑞拉的坚硬拟层孔菌 O 10796 聚在一起,并且形成了

中国狭义拟层孔菌属 8 个种检索表

1. 子实体多年生 红缘拟层孔菌 *Fomitopsis pinicola*
1. 子实体一年生至二年生 2
 2. 子实体平伏反卷 3
 2. 子实体盖形 4
 3. 担孢子大小为 $(5.0 \sim 6.2) \mu\text{m} \times (2.1 \sim 3.0) \mu\text{m}$ 灰拟层孔菌 *F. cana*
 3. 担孢子大小为 $(3.2 \sim 4.0) \mu\text{m} \times (1.8 \sim 2.1) \mu\text{m}$ 亚热带拟层孔菌 *F. subtropica*
 4. 菌盖具明显纸皮层, 生长在桦属树木上 桦拟层孔菌 *F. betulina*
 4. 菌盖不具纸皮层, 生长在非桦属树木上 5
 5. 菌盖表面具角质层 似雪拟层孔菌 *F. nivosa*
 5. 菌盖表面不具角质层 6
 6. 孔口每毫米 5~7 个 棟树拟层孔菌 *F. meliae*
 6. 孔口每毫米 2~4 个 7
 7. 新鲜时具恶臭味, 菌丝系统二体系 瘤盖拟层孔菌 *F. palustris*
 7. 新鲜时具无臭味, 菌丝系统三体系 坚硬拟层孔菌 *F. durescens*

一个支持率很高的世系 ($BS=95\%$, $MP=87\%$, $BPP=0.99$)。坚硬拟层孔菌与似雪拟层孔菌 *Fomitopsis nivosa* (Berk.) Gilb. & Ryvarden 关系密切, 二者形成了一个支持率较高 ($BS=79\%$, $MP=92\%$, $BPP=0.98$) 的分枝。

3 讨论

目前全世界共报道狭义拟层孔菌属 11 个种, 我国共报道了 7 个种^[1-2]。坚硬拟层孔菌最初发现于美国纽约和路易斯安那州之间的阔叶树林里, 引起阔叶树死树的褐色腐朽^[4]。在系统发育树上(图 3), 采自我国广东的坚硬拟层孔菌与采自委内瑞拉的坚硬拟层孔菌聚在一起, 且二者具有相同的形态特征; 但采自委内瑞拉的拟层孔菌具有较长和较窄的孢子^[4], 这种现象在拟层孔菌属其它种类的国内外标本研究中也报告^[29]。

坚硬拟层孔菌与似雪拟层孔菌较为相似: 菌盖半圆至扇形, 菌盖表面淡黄色至橄榄褐色, 孔口表面土黄色; 主要区别在于后者菌盖表面具角质层, 具有较小的孔口(每毫米 4~5 个)和二体系的菌丝系统^[1]。

综上所述, 该研究中采自中国广东的多孔菌标本在形态和系统发育上均与坚硬拟层孔菌标本相同。因此, 鉴定该标本的分类地位为: 坚硬拟层孔菌 *Fomitopsis durescens* (Overh. ex J. Lowe) Gilb. & Ryvarden, 其分类地位的鉴定, 为今后野

生多孔菌种质资源的生物学特性研究及开发利用奠定了基础。

参考文献

- [1] 韩美玲. 中国拟层孔菌属及近缘属的分类与系统发育研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2016.
- [2] HAN M L, CHEN Y Y, SHEN L L, et al. Taxonomy and phylogeny of the brown-rot fungi: *Fomitopsis* and its related genera[J]. Fungal Diversity, 2016, 80(1): 343-373.
- [3] RYVARDEN L, JOHANSEN I. A preliminary polypore flora of East Africa[M]. Oslo: Fungiflora, 1980.
- [4] GILBERTSON R L, RYVARDEN L. North American polypores. *Abortiporus lindtneria*[M]. Oslo: Fungiflora, 1986.
- [5] NÚÑEZ M, RYVARDEN L. East Asian polypores 2. Polyporaceae s. lato[J]. Synopsis Fungorum, 2001(14): 170-522.
- [6] RYVARDEN L, MELO I. Poroid fungi of Europe[J]. Synopsis Fungorum, 2014, 31: 1-455.
- [7] 徐士忠, 周彤桑, 王琳, 等. 云南锈革菌属真菌及新记录种[J]. 西南林业大学学报, 2003, 23(1): 53-58.
- [8] 赵长林, 崔宝凯. 产于海南的中国多年卧孔菌属两新记录种[J]. 菌物学报, 2011, 30(4): 536-541.
- [9] 何双辉, 李海蛟. 锈革菌属两个中国新记录种[J]. 广西植物, 2012a, 32(1): 19-22.
- [10] 何双辉, 李海蛟. 中国锈革菌属研究 I. 采自广东和安徽的三个中国新记录种[J]. 菌物学报, 2012b, 31(1): 50-54.
- [11] 李海蛟, 何双辉. 多孔菌三个中国新记录种[J]. 菌物学报, 2014, 33(5): 967-975.
- [12] DAI Y C. A checklist of polypores in China[J]. Mycosystema, 2009, 28: 315-327.
- [13] DAI Y C. Polypore diversity in China with an annotated

- checklist of Chinese polypores[J]. Mycoscience, 2012, 53(1): 49-80.
- [14] 李玉,李泰辉,杨祝良,等. 中国大型菌物资源图鉴[M]. 郑州:中原农民出版社,2015.
- [15] 崔宝凯,余长军,李海蛟. 中国纤孔菌属两新记录种[J]. 林业科学研究, 2009, 22(6): 784-787.
- [16] REHNER S. Primers for Elongation Factor 1- α (EF1- α)[J/OL]. Available at: <http://www.aftol.org/pdfs/EF1primer.pdf>, 2001.
- [17] HALL T A. Bioedit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT[J]. Nucleic Acids Symposium Series, 1999, 41: 95-98.
- [18] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAK F, et al. The Clustal_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools[J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [19] STAMATAKIS A. RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analysis with thousands of taxa and mixed models[J]. Bioinformatics, 2006, 22(21): 2688-2690.
- [20] SWOFFORD D L. PAUP *: Phylogenetic analysis using parsimony (* and other methods). Version 4.0b10[M]. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, 2002.
- [21] NYLANDER J A A. MrModeltest v2. Program distributed by the author[M]. Uppsala: Uppsala University, 2004.
- [22] HILLS D M, BULL J J. An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis[J]. Systematics and Biodiversity, 1993, 42(2): 182-192.
- [23] FELSENSTEIN J. Confidence intervals on phylogenies: an approach using the bootstrap[J]. Evolution, 1985, 39(4): 783-791.
- [24] 刘小勇. 毛霉目分子系统学初步研究[D]. 北京: 中国科学院研究生院, 2008.
- [25] 赵长林. 中国多年卧孔菌属的分类与系统发育研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2012.
- [26] 李海蛟. 中国栓孔菌属及近缘属的分类与系统发育研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2013.
- [27] ALFARO M E, ZOLLER S, LUTZONI F. Bayes or bootstrap? A simulation study comparing the performance of Bayesian Markov chain Monte Carlo sampling and bootstrapping in assessing phylogenetic confidence[J]. Molecular Biology and Evolution, 2003, 20(2): 255-266.
- [28] KIRK P M, CANNON P F, MINTER M W, et al. Dictionary of the fungi[M]. 10th ed. Wallingford, UK: CABI, 2008.
- [29] HAN M L, CUI B K. Morphological characters and molecular data reveal a new species of *Fomitopsis* (Polyporales) from southern China[J]. Mycoscience, 2015, 56(2): 168-176.

A New Chinese Record of *Fomitopsis sensu stricto*

HAN Meiling¹, DU Juan², LIU Shiliang³

(1. College of Life Science, Langfang Normal University/Edible and Medicinal Fungi Research and Development Center of Hebei University, Langfang, Hebei 065000; 2. Research Department, Langfang Normal University, Langfang, Hebei 065000; 3. Institute of Microbiology, Beijing Forestry University, Beijing 100083)

Abstract: In order to identify the taxonomic status of a polypore specimen collected from Guangdong, China, the macro morphology and microstructure of its fruiting body were observed, the translation elongation factor 1- α gene (*tefl*) gene was sequenced, a phylogenetic tree was constructed based on Maximum Likelihood (ML), Maximum Parsimony (MP) and Bayesian Inference (BI) for using the *tefl* sequences. Morphological observation showed that the specimen has the same characteristics with *Fomitopsis durescens* specimens collected from Venezuela and USA; in the *tefl* gene phylogenetic tree, the specimen collected from China and a *F. durescens* specimen collected from Venezuela clusters together forming a highly supported lineage ($MP = 95\%$, $BS = 87\%$, $BPP = 0.99$). Therefore, the specimen collected from Guangdong, China is identified as *Fomitopsis durescens*, the identification of its taxonomic status laid a foundation for the biological characteristics research and the development and utilization of wild polypore specimens.

Keywords: lignicolous fungi; polypore; *Fomitopsis durescens*; taxonomy