

doi:10.11937/bfyy.20174507

北京地区野生羊肚菌分离与鉴定

果禹鑫¹, 尹玉婷¹, 纪鑫梦¹, 陈青君¹, 张国庆², 马萱³

(1. 北京农学院 植物科学技术学院, 农业应用新技术北京市重点实验室, 北京 102206;

2. 北京农学院 生物科学与工程学院, 北京 102206; 3. 北京农学院 植物生产国家级实验教学示范中心, 北京 102206)

摘要:以北京地区采集的野生羊肚菌为试材, 对其子囊果进行组织分离, 采用 CTAB 法提取羊肚菌 DNA, 琼脂糖电泳检测, ITS 序列测定和构建分子系统发育树, 通过分离鉴定比较北京山区野生羊肚菌, 以期对羊肚菌的人工栽培和菌种资源利用提供依据。结果表明: 分离到羊肚菌菌株 7 份, 各菌株亲缘关系很近, 菌丝形态相似, 但颜色深浅、菌核多少、菌丝生长速度明显不同。系统发育分析表明, 所采集的北京野生羊肚菌均属于黄色羊肚菌类群。

关键词:北京; 野生羊肚菌; ITS 序列分析; 系统发育

中图分类号:S 646.7(21) **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2018)13-0145-08

羊肚菌 (*Morchella* spp.) 属子囊菌亚门 (Ascomycota)、盘菌纲 (Discomycetes)、盘菌目 (Pezizales)、羊肚菌科 (Morchellaceae)、羊肚菌属 (*Morchella*), 由于菌帽外表有形如羊肚般褶皱而命名^[1]。国内在西南、中原、华中各地、华东区域均有发现, 国外则出现在北美洲、亚洲 (日本、印度、朝鲜) 和欧洲^[2]。

近年来, 野生羊肚菌在掠夺性、毁灭性的采挖下, 分布范围和产量呈现明显下降趋势^[4]。如何有效地保护和合理利用野生羊肚菌资源, 已经成为亟待解决的问题^[5]。野生羊肚菌受特殊生长环境和收获季节的限制产量较少, 且随着日益增长的商业需求, 长期供不应求, 价格昂贵, 20 世纪 70 年代人工栽培羊肚菌的研究就已经展开, 目前在川渝等地已经实现大田和温室的规模化生产, 其他地区也陆续开展适应性研究^[3], 但由于栽培技术的提升和优良品种的选育, 野生羊肚菌资源仍

然是人们研究和关注的重点。

传统的羊肚菌属物种分类主要依据子实体的外观形状、菌丝、子囊、子囊孢子及侧丝的形态特征^[6-7]。基于 ITS 序列的真菌鉴定和亲缘关系的研究表明, 羊肚菌划分为黄色、黑色和变红羊肚菌 3 个支系^[8]。刘伟等^[9]的研究结果表明, 2 个地区羊肚菌形态学上的差异是由于环境或发育不同阶段的差异造成的。形态学分类具有不确定性, 很容易出现同菌异名及同名异菌现象。近年来, DNA 序列分析, 特别是 ITS 序列分析技术, 能实质性地反映出属间、种间及菌株之间的碱基对差异, 已被广泛应用于真菌属内不同种间或近似属间的分类研究^[10-16]。北京地区春季是野生羊肚菌的发生期, 但有关野生羊肚菌资源的种类和分类调查少有报道。该研究对采集自北京的野生羊肚菌进行了分离、培养, 以期对羊肚菌的人工驯化和资源利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试羊肚菌于 2016 年 4 月整株采集于北京市延庆山区的大庄科、慈母川、花沟, 存放于收集袋中, 带回实验室常温保存。

第一作者简介:果禹鑫(1994-), 女, 硕士研究生, 研究方向为珍稀食用菌栽培。E-mail:1126424943@qq.com.

责任作者:陈青君(1963-), 女, 博士, 教授, 研究方向为设施与林地食用菌栽培生理。E-mail:cqj3305@126.com.

基金项目:2017 年北京市农委资助项目 (PXM2017-036204-000011)。

收稿日期:2018-02-07

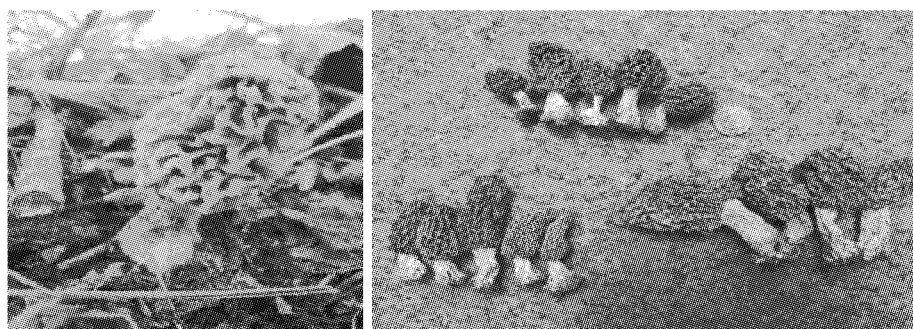


图1 北京野生羊肚菌采集

Fig. 1 Collection of wild *Morchella* in Beijing

1.2 试验方法

1.2.1 子囊果分离

将采集到的野生羊肚菌表面用浓度为 75% 的酒精消毒,再用无菌水进行清洗,挑取子囊果内部无污染处组织接种在备好的综合 PDA 培养基的试管斜面上,获得了 7 份野生羊肚菌菌株,编号为 Y1~Y7,在 25 °C 的培养箱中培养,长满后备用^[17]。

1.2.2 菌丝培养观察

选择未污染、菌丝生长旺盛、菌核数量较多的试管种^[18],用打孔器分别接种于综合 PDA 培养基中央,Y1~Y7 每个扩繁 10 个培养皿,统一置于 25 °C 恒温培养箱中培养,每天观察、测量并记录菌丝的生长情况。

菌丝日均长速测定:每天测量一次菌落直径,取平均值,根据测得的菌落直径和培养的天数计算出每日长速,培养 3~4 d 菌丝体长满培养皿后不再进行测量^[19]。

显微观察:用打孔器将直径为 5 mm 的菌株块接种在综合 PDA 培养皿的中央,在距离接种点 0.5 cm 处,斜插入灭菌的盖玻片,插入深度以不碰到培养皿盖为准,25 °C 培养。待菌丝体爬上盖玻片后,取出盖玻片进行菌丝体显微观察并拍照。

1.2.3 拮抗试验

用直径为 5 mm 的无菌打孔器(或灭菌枪头)将 7 个已经长满的羊肚菌菌株每 3 个菌株均匀接种于同一综合 PDA 培养皿中,接种后统一在 25 °C 恒温箱培养,观察拮抗反应。

1.2.4 DNA 提取

将 Y1~Y7 的菌丝(菌株接种在固体培养基上,25 °C 活化培养,3 d 长满)用无菌棒刮下适量放入研钵(研钵提前预冷),倒入液氮后充分研磨,成粉末状后快速装入离心管并放入液氮瓶里保存。按照试剂盒说明书步骤操作,加入试剂、震荡、离心、晾干等。收集 DNA 产物并进行琼脂糖电泳检测 DNA 浓度。

1.2.5 PCR 扩增及检测

ITS-PCR 扩增反应体系为 50 μ L: 2 \times Taq Plus PCR Master Mix 25 μ L, Primer 1、Primer 4 各 2 μ L;模板 DNA 2 μ L, ddH₂O 19 μ L。PCR 程序设定如表 1。

表1 PCR 程序设定

Table 1 PCR program setting

温度 Temperature/℃	时间 Time		内容 Content
94	5 min	} 35 个循环	预变性
94	30 s		变性
58	30 s		退火
72	30 s		延伸
72	7 min		延伸

采用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 ITS-PCR 扩增产物,PCR 琼脂凝胶电泳仪设置为 120 V、120 A、50 min,凝胶成像之后取出拍照观察,PCR 产物送上海生工生物工程技术有限公司测序。

1.2.6 基于 ITS 序列分析的分类学鉴定

将已经获得的 Y1~Y7 的 ITS 序列在 NCBI 进行 BLAST 比对(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>),选取相似科属但是不同株系的羊

肚菌 ITS 序列,用 Clustal_X 软件对所得序列进行 1 000 次校正、比对分析,使用 MEGA 6.0 软件、用 Neighbor-joining 法构建系统进化树,进行同源关系比较与作图^[20]。

2 结果与分析

2.1 野生羊肚菌形态特征

7 株野生羊肚菌菌孢子囊果形态如图 2 所示,菌帽尖顶形或圆形,褐黄至深褐色。Y1、Y4 和 Y6 菌帽纹路较为规整,Y2、Y3、Y7 则纹路较为混乱。除 Y4 和 Y7 菌柄发黄之外,其余菌柄较白。Y5 子囊果整体形态与其它相差较大,整体黄色,且菌帽褶皱较为开散。

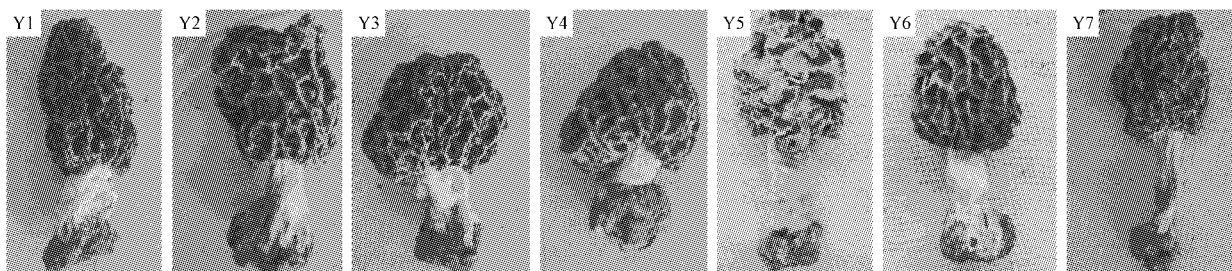


图 2 野生羊肚菌子囊果

Fig. 2 Wild *Morchella* sporocarp

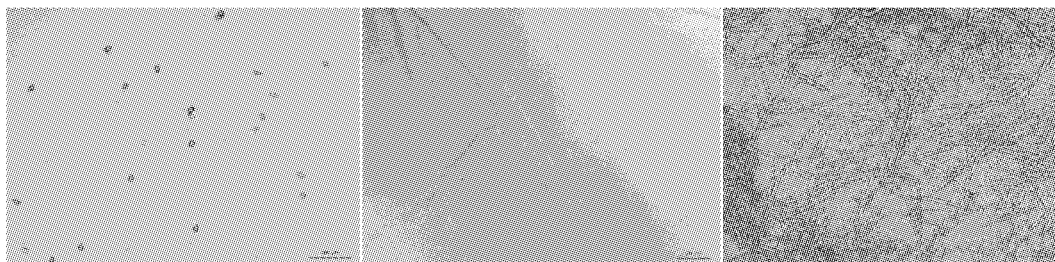


图 3 显微镜观察野生羊肚菌孢子和菌丝

Fig. 3 Microscopy of wild *Morchella* spores and hyphae

2.1.2 菌丝培养观察

Y1、Y2 和 Y7 的菌丝生长速度较快,Y3、Y5 和 Y6 比较慢。Y6 菌丝颜色初期呈白色,后逐渐变黄,且气生菌丝较多。Y1、Y3 最先出现菌核,菌核逐渐变硬,由白黄变黄褐。菌落形态如图 4 所示,25 ℃培养约 3 d 长满培养皿,生长初期为白黄色,随着培养时间的增加,菌落逐渐变成浅黄至黄褐色,菌核也逐渐由白色转变为深黄褐色。

2.1.1 显微观察

通过显微镜观察 7 个菌株菌丝形态,可见初级菌丝、次生菌丝及三级菌丝萌发。孢子呈椭圆形,短半径在 $(14.39 \pm 0.74) \mu\text{m}$,长半径在 $(19.29 \pm 1.57) \mu\text{m}$ 。该结果与董爱荣等^[21]关于羊肚菌生物学菌丝形态及孢子大小的研究结果一致。菌株菌丝显微形态如图 3 所示,菌丝浅黄至黄褐色,较多分枝,为有隔菌丝,交织成网。生长前期为无色透明,且表面光滑,生长中期逐渐变为黄棕色,且有分叉,生长后期菌丝开始皱缩,且重叠增多^[22],与大部分羊肚菌形态特征相似。菌丝形态初期差别较小,细密,放射状生长,菌丝颜色由白变黄,后期特征较前期有所差异。

7 个菌株菌丝形态相似,但颜色深浅、菌核多少、菌丝生长速度明显不同(表 2)。

2.2 拮抗试验

拮抗试验表明,在生长初期 Y3 和 Y4、Y1 和 Y5、Y3 与 Y5 有明显的拮抗反应,但最终长在一起,说明它们亲缘关系较近。而 Y4 与 Y7 的亲缘关系较远(图 5)。

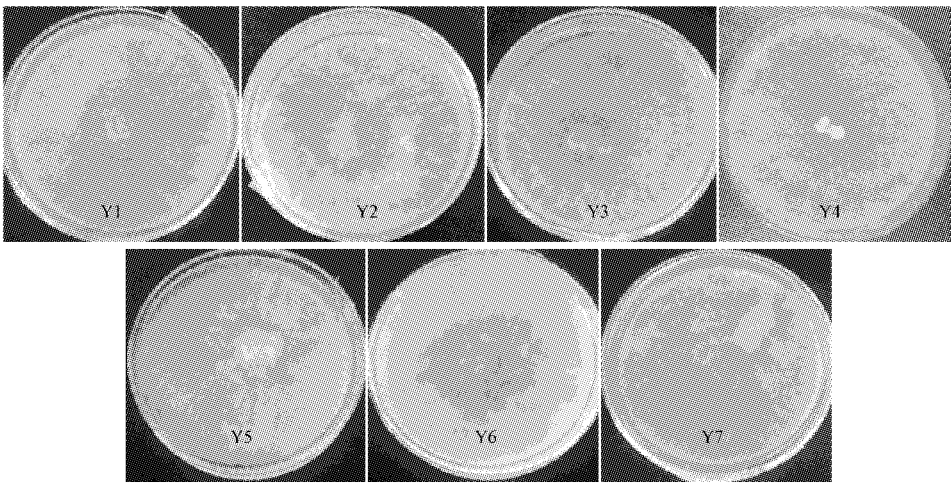


图 4 野生羊肚菌平板培养(PDA 25 °C)
Fig. 4 Wild *Morchella* plate culture (PDA 25 °C)

表 2 野生羊肚菌平板培养(PDA 25 °C)
Table 2 Wild *Morchella* plate culture (PDA 25 °C)

编号 No.	菌丝生长速度 Mycelial growth rate/(cm · d ⁻¹)	菌丝长势(+) Hyphae growth (+)	菌丝颜色 Mycelium color	菌核数量 Sclerotia quantity	菌核颜色 Sclerotium color
Y1	1.02±0.05c	+	褐	+++	黄,边缘白
Y2	1.12±0.28b	++	黄褐	++	黄白
Y3	0.81±0.11f	++	褐	+++	褐
Y4	0.95±0.09d	+	黄白	+	黄
Y5	0.85±0.20e	+	黄褐	++	褐,边缘黄
Y6	0.77±0.22g	+++	白	+	黄褐
Y7	1.24±0.08a	++	黄褐	+	黄白

注: +表示菌丝长势程度,分为+, ++, +++。
Note: + shows mycelial growth potential, divided into +, ++, +++.

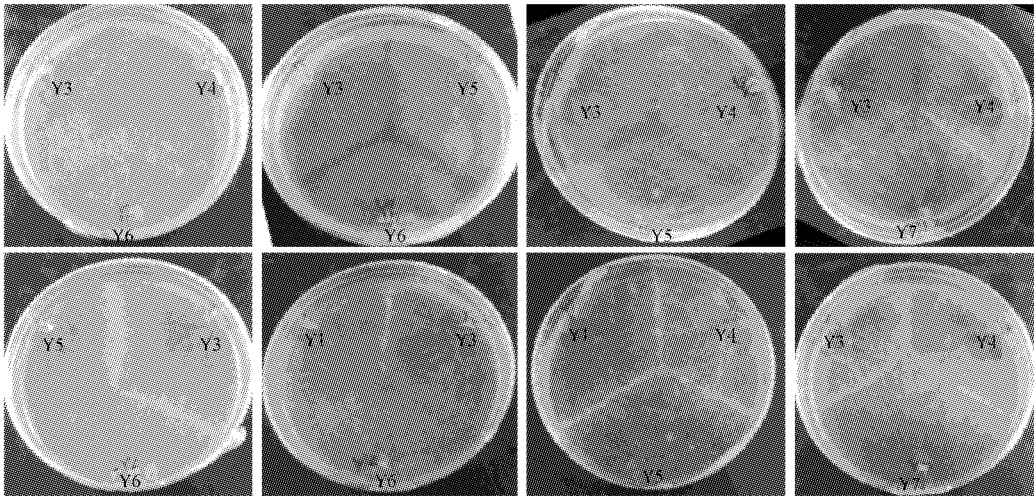
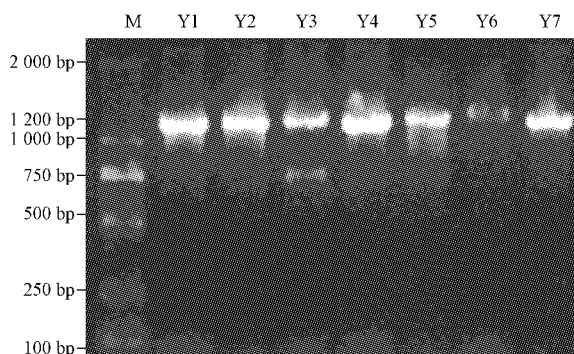


图 5 野生羊肚菌拮抗试验
Fig. 5 Wild *Morchella* antagonistic test

2.3 基于 ITS 序列的系统发育分析

经初步检测得到 Y1~Y7 的序列长度分别为 Y1:1 266 bp, Y2:1 125 bp, Y3:1 136 bp, Y4:1 134 bp, Y5:1 126 bp, Y6:1 129 bp, Y7:1 127 bp (图 6)。登录 NCBI 上传序列, BLAST 结果表明, 序列长度均为 1 023 bp, 与 *Morchella spongiosa* EU834821.1 相似度为 99%。初步推断该试验得到的 7 株野生羊肚菌属于黄色羊肚菌类群 (yellow morel group)。

系统发育树如图 7 所示, 菌株与 *M. esculenta*, *M. spongiosa* 的相似性最高, 将几类目前较为公认的羊肚菌代表与之比较, 可以看出 Y1~Y7 归于第一大支黄色羊肚菌类群 (yellow morel group)。系统发育树如图 8 所示, 在种的水平上, Y1~Y7 菌株间的关系很近, 与拮抗试验结果相符。



注: M 为 DL 2 000 DNA marker。

Note: M is DL 2 000 DNA marker.

图 6 野生羊肚菌 ITS 片段检测结果

Fig. 6 Amplified ITS fragment of wild *Morchella* PCR

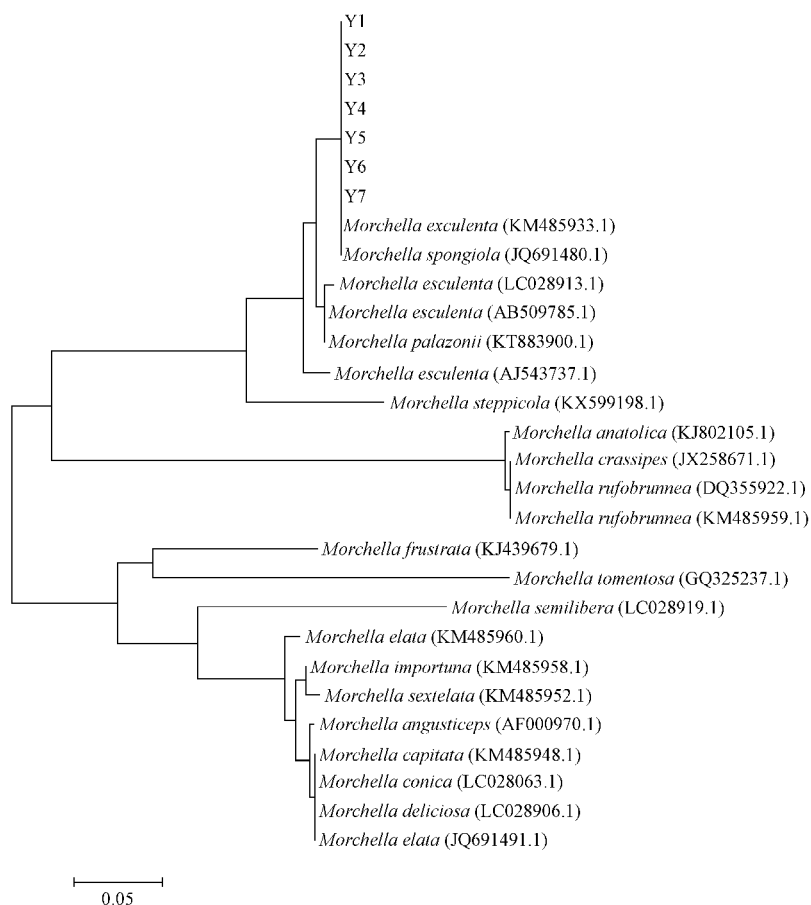


图 7 基于 ITS 序列构建的羊肚菌属间系统发育分析

Fig. 7 Phylogenetic analysis of *Morchella escherichia* based on ITS sequence

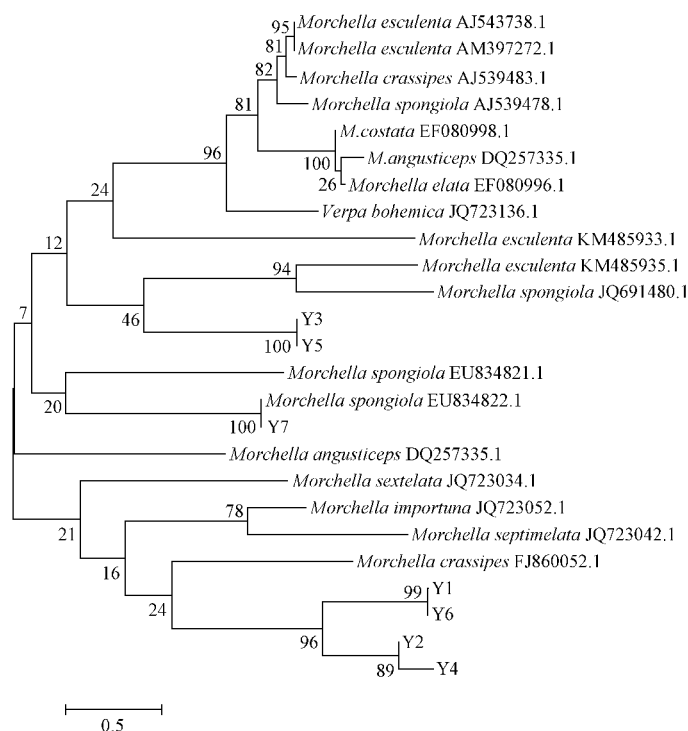


图8 基于 ITS 序列构建的羊肚菌种间系统发育分析

Fig. 8 Phylogenetic analysis of *Morchella* species based on ITS sequence

3 讨论

该调查主要对属于燕山山脉的延庆山区进行了羊肚菌采集,菌株相似性较高,这可能与地理气候环境有关。该研究与闫晓雪等^[22]的西南地区野生羊肚菌的集中分布,成片分布情况大致相同。该研究调查北京野生羊肚菌主要发生于杨树下,而储甲松等^[23]的羊肚菌调查主要发生在泡桐树下。该研究发现野生羊肚菌在雨后生长迅速,易被采集,与大部分野生羊肚菌相同,产量与降雨量呈正相关^[24-26]。通过羊肚菌拮抗试验,说明了 7 株羊肚菌基本属于一类,与马瑜等^[27]的羊肚菌不同栽培品种间拮抗试验反应结果相似。根据何培新等^[28]文献报道黄色尖顶羊肚菌的序列长度为 1 150~1 220 bp,而黑色羊肚菌的 ITS 长度为 740~750 bp,该研究中野生羊肚菌平均序列在 1 023 bp,均属于黄色尖顶羊肚菌。常用的 ITS 鉴定也并不能百分之百将序列与种名一一对应,同名异物和同物异名现象也很多。较普通 ITS 系统发育树,联合矩阵发育树中更能明显的看出羊肚菌的

种间差异,经过序列对比得到的结果也更可靠^[29]。

该研究中图 6 中 Y3 的条带与其它的不太一样,有可能是 Y3 处于黄色羊肚菌与黑色羊肚菌在系统发育树上相近的位置,所以既有序列长度 1 136 bp 的条带,又有序列长度 650 bp 的条带,也可能是其它因素导致,还有待于进一步分析。

深入而广泛的野生羊肚菌资源调查、分子鉴定、生境分析等,有助于羊肚菌的种质资源挖掘、菌种选育。今后还有必要对北京多个地区乃至华北地区的野生羊肚菌资源进行调研,其分类和资源研究尚需进一步研究。

4 结论

拮抗试验表明该研究分离的 7 个野生羊肚菌菌株亲缘关系很近,菌丝形态相似,但颜色深浅、菌核数量、菌丝生长速度明显不同。通过 ITS 鉴定,7 个野生羊肚菌菌株属于黄色羊肚菌类群。

参考文献

- [1] LIU H, XU J, LI X, et al. Effects of microelemental fertilizers on yields, mineral element levels and nutritional compositions

of the artificially cultivated *Morchella conica* [J]. *Scientia Horticulturae*, 2015, 189(1): 86-93.

[2] 武冬梅, 许文涛, 谢宗铭, 等. 新疆野生羊肚菌物种多样性研究[J]. *食品工业科技*, 2015, 36(2): 167-172.

[3] 宋金枝, 于剑瑞, 刘伟, 等. 长白山区野生羊肚菌结构与生长分析[J]. *江苏农业科学*, 2016, 44(9): 231-232.

[4] 武冬梅, 谢宗明, 李全胜, 等. 新疆伊犁野生羊肚菌种质资源调查及生境分析[J]. *中国食用菌*, 2013, 32(3): 12-14.

[5] 何培新, 刘伟, 蔡英丽, 等. 我国人工栽培和野生黑色羊肚菌的菌种鉴定及系统发育分析[J]. *郑州轻工业学院学报(自然科学版)*, 2015, 30(3/4): 26-29.

[6] 戴芳澜. *中国真菌总汇* [M]. 北京: 科学出版社, 1979: 238-239.

[7] 沈洪, 陈明杰, 赵永昌, 等. 云南羊肚菌 rDNA 的 ITS 序列与亲缘关系分析[J]. *食用菌学报*, 2007, 14(2): 15-18.

[8] RFFAELE C, GENNARO C, ERNESTO L. Characterization and pathogenicity of *Pestalotiopsis uvicola* causing black leaf spot on carob (*Ceratonia siliqua* L.) in Italy [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2013, 137(4): 655-661.

[9] 刘伟, 冯丽, 张亚平. 新疆羊肚菌 rDNA 的 ITS 序列分析[J]. *石河子大学学报(自然科学版)*, 2009, 27(5): 584-587.

[10] 陈剑山, 郑服从. ITS 序列分析在真菌分类鉴定中的应用[J]. *安徽农业科学*, 2007, 35(13): 3785-3786.

[11] 李海波, 吴学谦, 王立武, 等. 青藏高原黄绿蜜环菌纯培养菌种的分离培养及分子鉴定[J]. *菌物学报*, 2008, 27(6): 873-883.

[12] 林晓民, 李振岐, 王少先. 真菌 rDNA 的特点及在外生菌根菌鉴定中的应用[J]. *西南农业学报*, 2005, 14(2): 120-125.

[13] 刘文丛, 刘颖, 郭相, 等. 滇西北地区羊肚菌的分子鉴定及 ITS 序列分析[J]. *江苏农业科学*, 2012, 40(2): 31-34.

[14] WHITE T J, BRUNS T D, LEE S, et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics in PCR protocols: A guide to methods and applications [M]. New York: Academic Press, 1990: 315-322.

[15] BRUNS T D, WHITE T J, TAYLOR J W. Fungal molecular systematics [J]. *Annual Review of Ecology and Systematics*,

1991(22): 525-564.

[16] GEML J, LAURSEN G A, TIMLING I, et al. Molecular phylogenetic biodiversity assessment of arctic and boreal ectomycorrhizal *Lactarius* Pers. (Russulales; Basidiomycota) in Alaska, based on soil and sporocarp DNA [J]. *Molecular Ecology*, 2009, 18(10): 2213-2227.

[17] VOLK T J, LEANARD T J. Cytology of the life-cycle of *Morchella* [J]. *Mycological Research*, 1990, 94(3): 399-406.

[18] 刘伟, 张亚, 何培新. 羊肚菌生物学与栽培技术 [M]. 长春: 吉林科学技术出版社, 2017.

[19] 胡克兴, 董雪, 范黎. 羊肚菌属分子系统学研究进展 [J]. *微生物学通报*, 2004, 31(6): 115-119.

[20] 王寿南, 陈青君, 张国庆, 等. 一株野生桑黄的分生孢子与生物学特性 [J]. *应用与环境生物学报*, 2016(4): 667-674.

[21] 董爱荣, 吴庆禹, 何力, 等. 羊肚菌的生物学特性 [J]. *东北林业大学学报*, 2002, 30(4): 28-30.

[22] 闫晓雪, 时小东, 陈国珍, 等. 西南部分野生羊肚菌 ITS 序列鉴定及生境分析 [J]. *微生物学杂志*, 2016, 36(6): 48-53.

[23] 储甲松, 张扬, 江本利, 等. 安徽省野生羊肚菌资源调查 [J]. *安徽农业科学*, 2015, 43(29): 112-114.

[24] 朱斗锡, 何荣华. 羊肚菌不同菌株生物学特性及优良品种选育 [J]. *中国食用菌*, 2008, 27(6): 15-16.

[25] DU X H, ZHAO Q, YANG Z L. Diversity, evolutionary history and cultivation of morels: A review [J]. *Mycosystema*, 2014, 33(2): 183-197.

[26] 武冬梅, 谢宗明, 李全胜, 等. 新疆伊犁野生羊肚菌种质资源调查及生境分析 [J]. *中国食用菌*, 2013, 32(3): 12-14.

[27] 马瑜, 申坚定, 宋君锋, 等. 羊肚菌不同栽培品种间拮抗试验反应 [J]. *中国食用菌*, 2017, 36(5): 80-82.

[28] 何培新, 刘伟, 蔡英丽, 等. 我国人工栽培和野生黑色羊肚菌的菌种鉴定及系统发育分析 [J]. *郑州轻工业学院学报(自然科学版)*, 2015(3): 26-29.

[29] 熊川, 李小林, 李强, 等. 四川秋季发生的两种羊肚菌生境调查与鉴定 [J]. *菌物学报*, 2016, 35(1): 29-38.

Isolation and Identification of Wild Morels in Beijing

GUO Yuxin¹, YIN Yuting¹, JI Ximeng¹, CHEN Qingjun¹, ZHANG Guoqing², MA Xuan³

(1. College of Plant Science and Technology, Beijing University of Agriculture/Beijing Key Laboratory for Agricultural Application and New Technique, Beijing 102206; 2. College of Biological Sciences and Engineering, Beijing University of Agriculture, Beijing 102206; 3. National Demonstration Center for Experimental Plant Production Education, Beijing University of Agriculture, Beijing 102206)

Abstract: The wild *Morchella* collected in Beijing was used as test material, by tissue separation method, CTAB method was used to extract *Morchella* DNA, agarose electrophoresis, ITS sequencing and molecular phylogenetic tree were conducted. Wild *Morchella* in Beijing mountainous area were isolated and identified, in order to provide basis for artificial cultivation of *Morchella esculenta* and

doi:10.11937/bfyy.20173722

植物激素对杏鲍菇菌丝体
生长代谢的影响李福后¹, 王伟霞¹, 吉苗¹, 孙强²

(1. 淮海工学院 海洋生命与水产学院, 江苏 连云港 222005; 2. 连云港永强食用菌有限公司, 江苏 连云港 223500)

摘要:以工厂化栽培菌株杏鲍菇 Y1 为试材, 结合固体培养和液体培养方法, 研究3种植物激素(二氯苯氧乙酸(2,4-D)、萘乙酸、赤霉素)对杏鲍菇菌丝体生长代谢的影响。结果表明: 固体培养中加入赤霉素和萘乙酸有利于菌丝的生长; 二氯苯氧乙酸(2,4-D)在低浓度下促进菌丝的生长, 高浓度则抑制菌丝的生长。液体培养中 $50 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 赤霉素有利于多酚氧化酶和漆酶活性提高, 而 2,4-D 和萘乙酸则抑制降解酶活性; 赤霉素和 2,4-D 均有利于发酵液中菌丝球密度的积累。同工酶电泳结果表明, 外源植物激素能够增强酯酶同工酶和超氧化物歧化酶(SOD)同工酶的活性。

关键词: 杏鲍菇; 植物激素; 同工酶; 菌丝球**中图分类号:** S 646.1⁺41 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2018)13-0152-05

杏鲍菇(*Pleurotus eryngii*)属伞菌目、侧耳科、侧耳属, 又名刺芹侧耳, 其肉质肥厚, 味道鲜美, 集食用、药用、食疗功能于一体, 深受消费者的青睐^[1-3]。目前, 杏鲍菇在我国栽培广泛, 如何提高杏鲍菇的工厂化栽培水平是目前研究的重要内容。

植物激素可以调控植物的生长、发育与分化, 如赤霉素能促进细胞伸长和分裂, 萘乙酸有助于顶端生长和极性运输等^[4-6]。近年来, 关于植物激素对食用菌生长影响的报道越来越多, 且主要集

中在菌丝生物量、菌丝生长速度、酶活性以及胞外蛋白和多糖含量等方面^[7-11]。该研究以工厂化栽培菌株为材料, 结合固体培养和液体培养方法, 研究了不同种类和不同浓度的植物激素对杏鲍菇菌丝体生长代谢的影响, 包括降解酶、同工酶以及菌丝球特性等方面, 以期能为植物激素在杏鲍菇液体菌种生产方面的应用提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试工厂化栽培菌株: 杏鲍菇 Y1, 由连云港市某食用菌有限公司提供。

固体培养基: 以 PDA 培养基为基础, 加入不同浓度的植物激素(表 1)。液体培养基: 以 PDB

第一作者简介: 李福后(1978-), 男, 博士, 讲师, 研究方向为食用菌工厂化栽培。E-mail: lifuhou2002@163.com.

基金项目: 江苏省政策引导类计划资助项目(BN2016055)。

收稿日期: 2018-02-01

utilization of microbial resources. The results showed that 7 isolates of *Morchella* were successfully isolated. The phylogenetic relationship of the isolates was very close. The mycelial morphology were similar, but the color depth, number of sclerotia, and mycelial growth rate were significantly different. Phylogenetic analysis showed that the wild morch collected in Beijing belonged to the yellow morel group.

Keywords: Beijing; wild *Morchella*; ITS sequence analysis; phylogeny