

표고 재배사 실내 공기에서 분리한 국내 미기록 진균

권혁우¹ · 윤여홍¹ · 김준영¹ · 김성환^{1*} · 고한규²

¹단국대학교 미생물학과, ²산림버섯연구센터

New Records of Fungi Isolated from Indoor Air of Greenhouse Used for Shiitake Cultivation in Korea

Hyuk Woo Kwon¹, Yeo Hong Yun¹, Jun Young Kim¹, Seong Hwan Kim^{1*} and Han Kyu Ko²

¹Department of Microbiology and Institute of Basic Sciences, Dankook University, Cheonan 330-714, Korea

²Forest Mushroom Research Center, National Forest Cooperative Federation, Yeosu 469-803, Korea

ABSTRACT: Mold contamination is one of the detrimental factors affecting sawdust media-based shiitake cultivation in greenhouses. During mold monitoring of indoor air of greenhouses, several fungi were isolated. Among them, *Aspergillus pulverulentus* and *Cosmospora butyri* were found to be new in Korea and *Lecanicillium psalliotae* and *L. antillanum* were known in Korea without taxonomic validation. In this study the morphological characteristics and phylogenetic analysis based on the internal transcribed spacer (ITS) rDNA region or β -tubulin gene of the four identified species were described.

KEYWORDS : Indoor air mold, New record, Sawdust media, Shiitake

표고 [*Lentinula edodes* (Berk.) Pegler, 1975]는 담자균문 주름버섯목 낙엽버섯과의 버섯으로 맛과 풍미가 뛰어나며 향암과 항비만 효과를 가지고 있는 고가의 식용버섯이다 [1, 2]. 1950년대에 제주도 한라산에서 시작된 국내의 표고 재배는 재배 기술의 발달과 더불어 안정된 생산 기반이 구축되었고 더불어 재배 농가 수도 꾸준히 증가하고 있다. 표고를 재배하기 위해서 원목을 이용하는 방식과 톱밥 배지를 이용하는 방식이 사용된다. 원목을 이용하는 전통적인 방식은 고품질의 표고를 생산할 수 있지만 많은 노동력이 필요하며, 원목에 표고종균 접종 후 그 다음해에 자실체를 수확하기 때문에 자금 회전율이 늦다는 단점이 있다.

반면에 톱밥 배지를 사용하는 재배 방식은 원목 재배 방식에 비해서 재배 환경의 관리가 비교적 쉽고 노동력이 덜 필요하며 자금 회전율이 상대적으로 빠르다는 장점이 있다. 이런 이유로 원목 재배와 더불어 최근 톱밥 배지를 이용한 재배 방식의 선호도가 높아져 가고 있다.

원목 재배와 톱밥 재배 모두 균류에 의해 심각한 피해를 받을 수 있다. 표고 재배에 피해를 주는 주요 진균으로는 *Aspergillus*, *Penicillium*, *Trichoderma* 속 등에 속하는 종들이 보고되었다 [3-5]. 이들 진균은 포자를 많이 형성하며 기류에 따라 쉽게 부유하여 공기 중으로 비산하기 때문에 위생적으로 볼 때 표고 재배사 내의 실내공기질 관리가 필요하다. 이에 따라 진균의 오염을 예방하기 위해서 재배사 내 공기 중에 부유하는 진균 포자에 대하여 지속적인 모니터링이 요구되고 있다. 본 논문에서는 표고 재배사의 공기 중 존재하는 진균을 모니터링 하는 과정에서 분리 동정한 진균 종 중에서 국내 미기록 종 2종과 더불어 국내에 이름은 알려져 있으나 균학적으로 입증되어 있지 않은 2종에 대하여 균학적 정보를 보고하고자 한다.

부유진균은 2013년 3월부터 2013년 7월까지 충청남도 청양과 전라남도 장흥에 위치한 표고 재배사 내의 실내 공기로부터 채집하였다. 공기 채취는 ISO 16000-18에 기반한 충돌법에 따라 Andersen sampler (Single Stage Ambient Viable Sampler, Model 10-880; Tisch Environmental,

Kor. J. Mycol. 2015 March, 43(1): 58-63
<http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2015.43.1.58>
 pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
 © The Korean Society of Mycology

***Corresponding author**

E-mail: piceae@dankook.ac.kr

Received December 31, 2014

Revised January 21, 2015

Accepted March 5, 2015

© This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

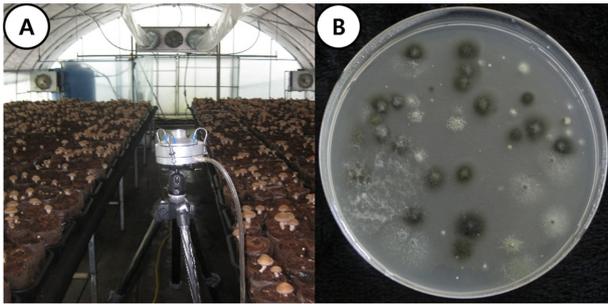


Fig. 1. An example of indoor air sampling using Andersen-samplers in a greenhouse for shiitake cultivation (A). An example of fungal colony formed on malt extract agar (MEA) after grown at 25°C for 3 days (B).

Cleves, OH, USA)를 사용하여 28.3 L/min 유량으로 1분간 채집하였다[6]. 공기 채집은 표고 재배사의 가운데 지점에서 진행하였고 높이는 1.3 m 높이에서 수평을 맞추어 수행하였다(Fig. 1). 배양 배지로서는 암피실린(ampicillin)을 100 g/mL 농도로 첨가한 MEA (malt-extract agar, Difco, BD science, France)를 사용하였다.

실내 공기를 채집한 배지를 3~5일 동안 25°C 배양기에서 배양하였고, 자라난 진균은 단포자 분리를 통해 순수분리를 하였다. 순수분리된 진균의 미세구조는 광학현미경(Axioskop40, Carl Zeiss, Jena, Germany)을 이용하여 관찰하였다. 분리된 균들의 형태학적 특징은 Table 1에 정리하였다. 또한 분자적 특징을 알아보기 위해 drilling 방법에 따라 genomic DNA를 추출하고[7], internal transcribed spacer 1 (ITS1) (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCG-3')/ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')[8]과 BT12 (5'-GTGTCAATGCAGAAGGTCTC-3')/T10 (5'-ACGATAGGTTCACCTCCAGAC-3')[9, 10] 프라이머를 이용하여 ITS region과 β -tubulin gene sequence를 polymerase chain reaction (PCR) 증폭하였다. PCR 증폭은 ITS region과 β -

tubulin gene 모두 동일하게 진행하였다. 94°C에서 5분간 predenaturation 한 후, denaturation 94°C 30초, annealing 56°C 30초, elongation 72°C 30초 조건에서 총 30 cycle 진행하고 마지막으로 72°C에서 10분간 final extension하여 수행하였다. PCR 증폭된 DNA 산물은 1% (w/v) 아가로스 겔 전기영동을 수행하여 확인한 후 High Pure PCR Product Purification Kit (Roche, Basel, Swiss)를 사용하여 정제하고 마크로젠사(Seoul, Korea)에 의뢰하여 염기서열을 분석하였다. 분석균주와 관련된 taxon의 염기서열은 NCBI의 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>)에서 다운받아 사용하였고 MEGA 5 프로그램[11]을 이용하여 염기서열의 유사도 및 phylogenetic analysis를 수행하였다. 계통도는 neighbor-joining 방법[12]으로 분석하였고 계통도 가지의 clade 신뢰도는 1,000번의 bootstrap resampling을 수행하여 평가하였다.

사용된 비교 균주 염기서열에는 *Aspergillus pulverulentus* 표준균주(CBS 558.65)의 β -tubulin sequence, *Lecanicillium antillanum* 표준균주(CBS 350.85)와 *L. psalliotae* 표준균주(CBS 532.81)의 ITS sequence를 포함하여 분석하였다. *Cosmospora butyri* 표준균주(CBS 301.38)는 ITS sequence가 GenBank에 등록되지 않아서 등록된 ATCC 52620 균주의 ITS sequence를 사용하여 분석하였다. 동정된 DK8-5, DK8-6, DK8-7, DK8-12 균주는 국립생물자원관에 기탁하여 NIBRFGC000130016, NIBRFGC000130017, NIBRFGC000130018, NIBRFGC000130022 등으로 각각 기탁번호를 받았다.

균주 DK8-6(*Aspergillus pulverulentus*)

충남 청양의 표고 재배사 내 공기에서 분리되었다. Potato dextrose agar (PDA) 배지에 25°C에서 7일 동안 배양한 결과 균총의 직경은 약 72 mm 정도이었고 균사의 밀도는 조밀하였다(Fig. 2A). 균총 표면의 색상은 검은색으로 표면에 삼출물은 보이지 않았다. 배지 뒷면의 증양은 옅은 노란색

Table 1. Morphological characters of the fungal isolates characterized in this study

| Isolates | Classification (Phylum) | Colony color | Conidiophores | | | Conidia | | |
|--|-------------------------|---------------|--|---|--------------------------------------|----------------|-------------------|--------------------------------------|
| | | | Color | Shape | Size (μ m) | Color | Shape | Size (μ m) |
| DK10-6 <i>Aspergillus pulverulentus</i> | Ascomycota | Grayish black | White (mycelium), Black (conidial heads) | Large conidial heads | 980 \pm 200 \times 2.3 \pm 0.3 | Brownish black | Globose | 2.3 \pm 0.1 \times 2.3 \pm 0.1 |
| DK10-7 <i>Cosmospora butyri</i> | Ascomycota | White | White | unbranched | 3.2 \pm 0.6 \times 1.3 \pm 0.2 | Hyaline | Oval, one septate | 8.2 \pm 0.3 \times 4.2 \pm 0.2 |
| DK10-5 <i>Lecanicillium antillanum</i> | Ascomycota | White | White | Differentiated and erect, verticillately branched | 68 \pm 8 \times 2.5 \pm 0.2 | Hyaline | Oval | 4.6 \pm 0.1 \times 1.3 \pm 0.1 |
| DK10-12 <i>Lecanicillium psalliotae</i> | Ascomycota | Ivory | White | Aculeate, rather long | 38 \pm 6 \times 2.1 \pm 0.2 | Hyaline | Ellipsoidal | 7.5 \pm 0.2 \times 3.7 \pm 0.1 |

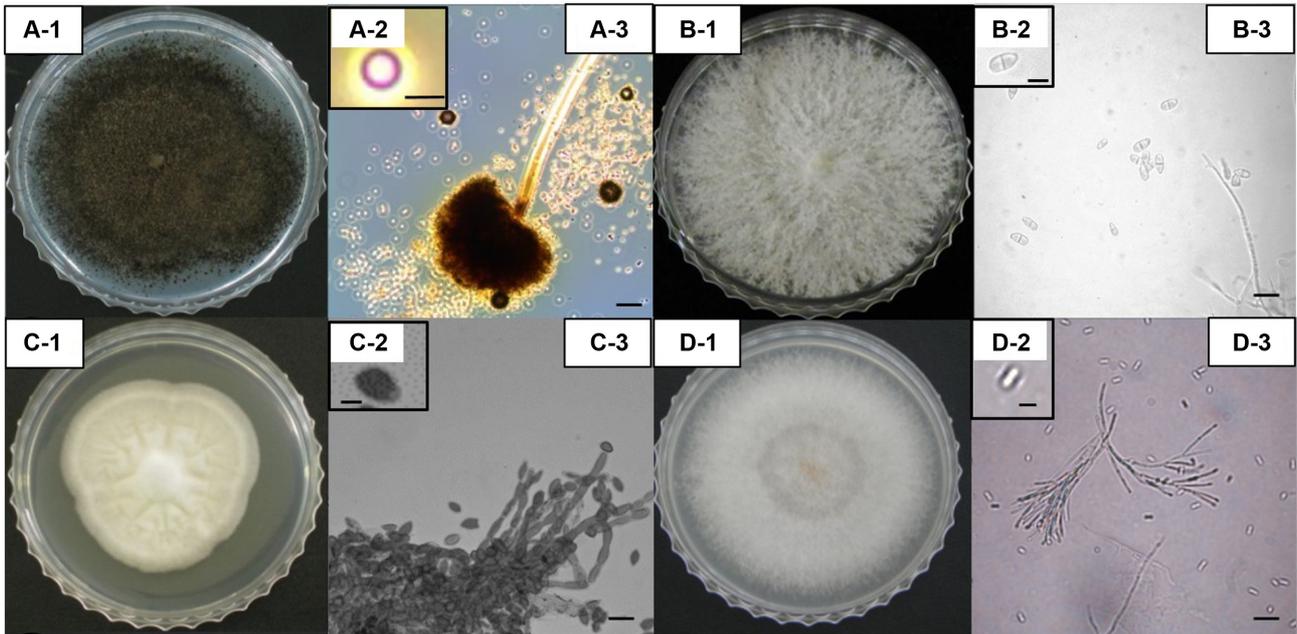


Fig. 2. Colony morphology on malt-extract agar (MEA) plate and optical microscopic images of conidia and mycelia of the four fungal species isolated from indoor air of greenhouses for shiitake cultivation. (A) DK10-6, (B) DK10-7, (C) DK10-12, (D) DK10-5. (scale bars: A-2, B-2, C-2, D-2 = 3 μ m), (scale bars: A-3, B-3, C-3, D-3 = 10 μ m).

이며 가장자리로 갈수록 엷은 미색을 나타내었다. Conidiophore는 $980 \pm 200 \times 2.3 \pm 0.3 \mu$ m 크기로서 상단 끝에 conidiophore head를 형성하였다(Fig. 2A-1, 2A-2, Table 1). Conidia는 어두운 갈색의 $2.3 \pm 0.1 \times 2.3 \pm 0.1 \mu$ m 크기의 둥근 모양이었다. 이는 기존에 보고된 *A. pulverulentus* (McAlpine) Wehmer 균의 특징과 유사하였다[13]. DK8-6 균주는 최근에 보고된 *Aspergillus Nigri* 색선에 속하는 종 [14]들과 더불어 비교시 *A. pulverulentus* 표준균주인 CBS 558.65의 β -tubulin gene sequence (HE984408)과 99% 유사도를 보였고 *A. tubingensis* (AY820007)과는 97% 유사도를 보였다. 반면에 *A. pulverulentus* 표준균주(HE984408)은 *A. tubingensis* (AY820007)과 98% 유사도를 나타내었다. 이러한 유사도에 맞게 phylogenetic analysis 결과 계통수에서 DK8-6는 *A. pulverulentus*, *A. tubingensis*와 같은 위치에 존재하였다(Fig. 3). *A. pulverulentus*는 땅콩 작물에 crown rot 또는 collar rot을 일으키는 식물병원균으로 국내 미기록 종이다[15]. 산업적으로는 β -xylosidase를 생산하여, xylooligosaccharides로부터 hydroquinone β -xyloside를 합성하는데 사용된 보고가 있다[16].

균주 DK8-7(*Cosmospora butyri*)

전남 장흥의 표고 재배사 내 실내공기에서 분리되었다. PDA 배지에 25°C에서 7일 동안 배양한 결과 균총의 직경은 약 80 mm 정도이며, 균사의 조밀도가 높지 않았다. 균총 표면의 색상은 하얀색이며 단단하였다. 뒷면은 하얗거나 반투명하였다(Fig. 2B). 분생포자와 분생포자경을 관찰

한 결과, conidiophore는 unbranched하고 conidia는 투명하며 $8.2 \pm 0.3 \times 4.2 \pm 0.2 \mu$ m 크기의 타원형이었고 1개의 격벽을 가지고 있었다(Fig. 2B-2, 2B-3, Table 1). 이 균주는 *C. butyri* (ATCC 52620) 균주의 ITS sequence와 99%의 유사도를 보였고 phylogenetic analysis 결과 계통수에서도 *C. butyri*와 같은 위치에 존재하였다(Fig. 4). 국내 미기록 종인 *C. butyri*는 이전에 *Tilachlidium butyri* J.F.H. Beyma로 보고되었다가 *Acremonium butyri* (J.F.H. Beyma) W. Gams로 재분류되었는데 최근 2011년에 *Cosmospora butyri* (J.F.H. Beyma) Grfenhan, Seifert & Schroers로 다시 분류된 균이다[17]. *C. butyri*는 2차 대사물질로 orbenticin을 생산하며 *Phytophthora infestans*, *Pyricularia oryzae*와 *Erysiphe graminis* p.v. *hordei* 같은 식물병원성 진균을 약하게 억제한다는 보고도 있다[18]. 이에 따라 향후 DK8-7 균주가 표고 재배에 있어서 표고 균사의 생육을 억제하는 지 검토가 필요할 것으로 생각한다.

균주 DK8-12(*Lecanicillium psalliotae*)

충남 청양의 표고 재배사 내 실내공기에서 분리되었다. PDA 배지에 25°C에서 7일 동안 배양한 결과 균총의 직경은 약 55 mm 정도였고 균사의 밀도는 조밀하지 않았다(Fig. 2C). 균총 표면의 색상은 아이보리색이고, 뒷면은 반투명하였다. Conidiophore는 aculeate로서 다소 긴 형태였고 conidia는 $7.5 \pm 0.2 \times 3.7 \pm 0.1 \mu$ m 크기의 타원형이며 투명하였다(Fig. 2C-2, 2C-3, Table 1). 이 균주는 *Lecanicillium psalliotae* 표준균주(CBS 532.81)의 ITS 염기서열(JN049846)

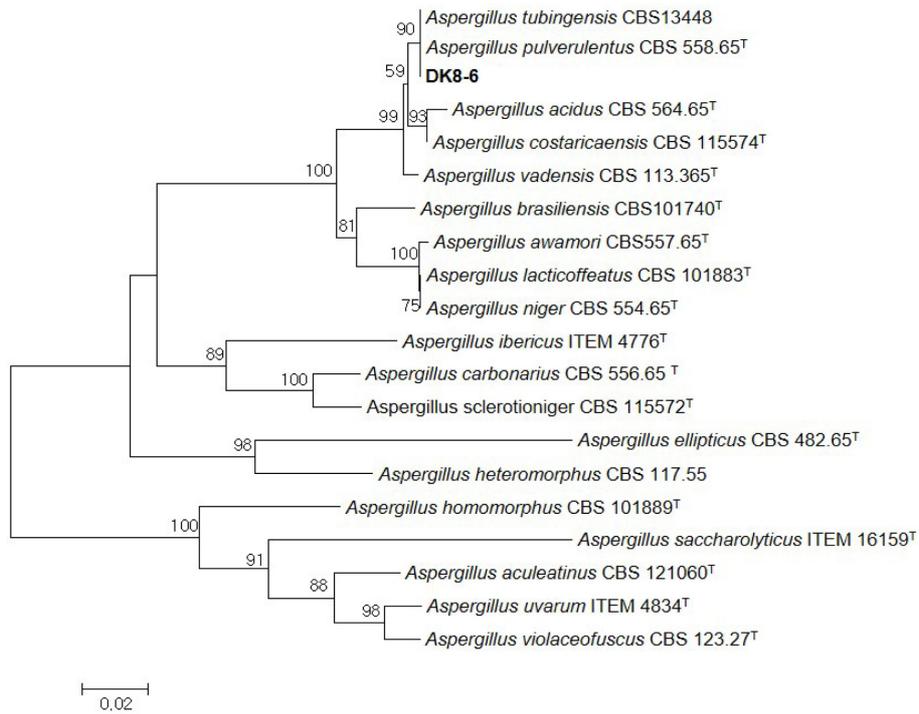


Fig. 3. Phylogenetic analysis for DK8-6 and related species inferred by the neighbor-joining method based on the β -tubulin gene sequences. Bootstrap values based on 1,000 replications are shown above the node. Scale bar, 0.02 nucleotide substitution per site. T means the type strain.

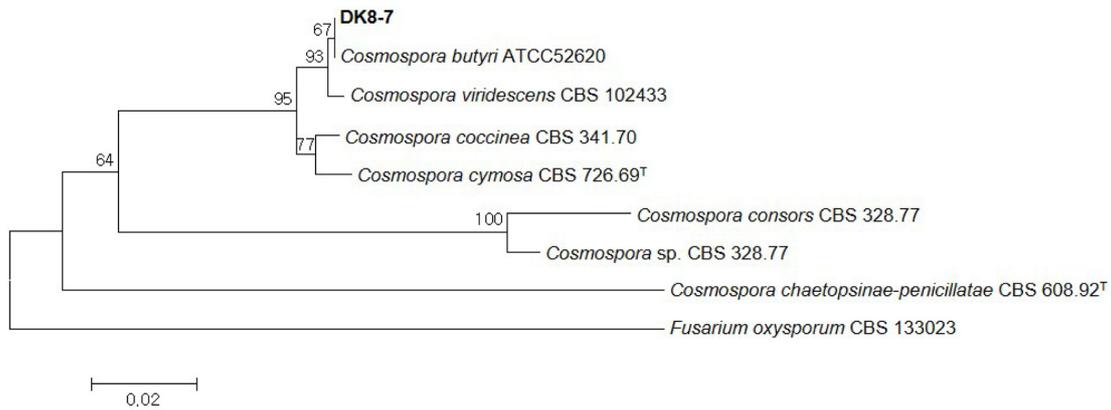


Fig. 4. Phylogenetic analysis for DK8-7 and related species inferred by the neighbor-joining method based on the internal transcribed spacer rDNA sequences. Bootstrap values based on 1,000 replications are shown above the node. Scale bar, 0.02 nucleotide substitution per site. T means the type strain.

과 99%의 유사도를 나타내었고 phylogenetic analysis 결과에서도 *L. psalliotae*와 함께 계통도상에 위치하였다(Fig. 5). *L. psalliotae*는 이전에 *Verticillium psalliotae* Treshew로 분류되었다가 Zare 등[19]에 의해 2001년 *L. psalliotae*로 재분류되었다. *L. psalliotae*가 생산하는 chitinase 및 serine protease는 뿌리혹 선충인 root-knot nematode *Meloidogyne incognita*에 살선충 효과가 있어 biocontrol 균으

로 가능성이 보고되어 있다[20, 21]. 국내에서도 선충 방제 관련하여 *L. psalliotae*가 분리되었다는 보고[22]가 있으나 형태적 특성이나 유전자 분석 등 분류학적으로 균학적 특성을 입증하지 않았고 더불어 알려진 균주 수집 센터에 균주가 기탁되지 않았다. 따라서 본 연구에서 균학적으로 동정된 DK8-12 균주가 한국의 *L. psalliotae* 대표 균주로 사용될 수 있을 것으로 기대된다.

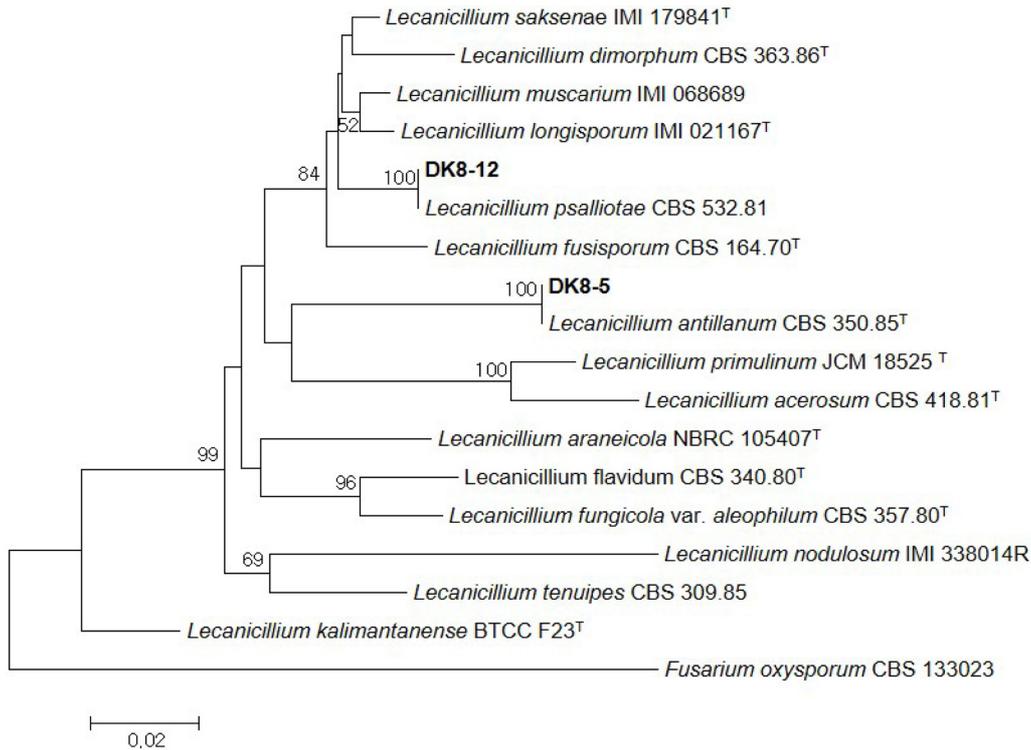


Fig. 5. Phylogenetic analysis for DK8-5, DK-812 and related species inferred by the neighbor-joining method based on the internal transcribed spacer rDNA sequences. Bootstrap values based on 1,000 replications are shown above the node. Scale bar, 0.02 nucleotide substitution per site. T means the type strain.

균주 DK8-5(*Lecanicillium antillanum*)

충남 청양의 표고 재배사 내 실내공기에서 분리되었다. PDA 배지에 25°C에서 7일 동안 배양한 결과 균총의 직경은 약 65 mm 정도이었고 균사의 밀도는 조밀하였다(Fig. 2D). 균총 표면은 부드럽고, 앞면과 뒷면 모두 흰색이었다. Conidiophore는 흰색이며 윤생형으로 가지 형태로 분지되어 있고, 타원형의 conidia를 많이 형성하였다(Fig. 2D-2, 2D-3, Table 1). Conidia 크기는 $4.6 \pm 0.1 \times 1.3 \pm 0.1 \mu\text{m}$ 였다. 이 균주는 *L. antillanum* 표준균주(CBS 350.85)의 ITS 염기서열(NR111097)과 99%의 유사도를 나타내었고 phylogenetic analysis 결과에서도 계통도상에 *L. antillanum*과 함께 위치하였다(Fig. 5). *L. antillanum*는 이전에 *Verticillium antillanum* R.F. Castañeda & G.R.W. Arnold로 분류되었다가 Zare 등[19]에 의해 2001년 *L. antillanum* (R.F. Castañeda & G.R.W. Arnold) Zare & W. Gams로 재분류되었다. 국내에서의 분리 보고는 Nguyen 등[23]에 의해 선충의 알을 분해하는 chitinase에 대한 연구 보고가 있다. 그러나 이 보고에서 형태적 특성에 대한 서술은 없었으며 ITS 유전자 염기서열을 분석하였다고 재료 및 방법에서는 서술하고 있으나 본문에서는 18S rDNA에 의거한 계통수로 보고하고 있어서 오류가 존재하였다. 또한 GenBank 탐색을 통해 94%의 유사도를 보인다고 하였다. 이에 반하여 본 연구에서 동정된 DK8-5 균주는 *L. antillanum* 표준균주

와 99%의 유사도를 보이고 있다. 본 연구에서 형태적 특성의 기술과 더불어 국립생물자원관에 기탁된 바 DK8-5 균주 역시 한국의 *L. antillanum* 대표 균주로 사용이 기대된다.

적 요

진균에 의한 오염은 재배사에서 톱밥 배지를 이용한 표고 재배에 중대한 영향을 미치기 때문에 표고 재배사 실내공기에 존재하는 진균에 대한 모니터링을 수행하던 중 여러 진균을 분리하였다. 분리된 진균 중에는 국내 미기록인 *Aspergillus pulverulentus*와 *Cosmospora butyri* 등 2종을 비롯하여 기록은 있으나 균학적 확증이 부족한 *Lecanicillium psalliotae*와 *L. antillanum* 등 2종이 존재하였다. 본 논문에서는 이들 균류에 대한 형태적 특성과 더불어 internal transcribed spacer (ITS) rDNA region 또는 β -tubulin 유전자 염기서열에 기반한 계통학적 분석 결과를 기술하였다.

Acknowledgements

This work was supported by National Institute of Biological Resource (NIBR No 2013-02-001) and Golden Seed Project(Center for Horticultural Seed Development, No. 213003-04-2-CGH00), Ministry of Agriculture, Food and

Rural Affairs (MAFRA), Ministry of Oceans and Fisheries (MOF), Rural Development Administration (RDA) and Korea Forest Service (KFS).

REFERENCES

- Nanba H, Mori K, Toyomasu T, Kuroda H. Antitumor action of shiitake (*Lentinus edodes*) fruit bodies orally administered to mice. *Chem Pharm Bull (Tokyo)* 1987;35:2453-8.
- Lee MR, Oh DS, Wee AJ, Yun BS, Jang SA, Sung CK. Anti-obesity effects of *Lentinus edodes* on obese mice induced by high fat diet. *J Korean Soc Food Sci Nutr* 2014;43:194-9.
- Liao YM. Microorganisms contaminated in the process of cultivation and their effect on production of shiitake. *J Agric Res China* 1993;42:187-99.
- Kim CS, Park MS, Kim SC, Maekawa N, Yu SH. Identification of *Trichoderma*, a competitor of shiitake mushroom (*Lentinula edodes*), and competition between *Lentinula edodes* and *Trichoderma* species in Korea. *Plant Pathol J* 2012;28:137-48.
- Togashi I, Itoh K, Gisusi S, Harada A. Distribution of airborne fungi in fruiting houses for the sawdust-based cultivation of *Lentinus edodes*. *J Hokkaido For Prod Res Inst* 1997; 11:1-4.
- Andersen AA. New sampler for the collection, sizing, and enumeration of viable airborne particles. *J Bacteriol* 1958;76: 471-84.
- Kim SH, Uzunovic A, Breuil C. Rapid detection of *Ophiostoma piceae* and *O. quercus* in stained wood by PCR. *Appl Environ Microbiol* 1999;65:287-90.
- White TJ, Bruns TD, Lee SB, Taylor JW. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, editors. *PCR protocols: a guide to methods and applications*. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
- O'Donnell K, Kistler HC, Tacke BK, Casper HH. Gene genealogies reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of *Fusarium graminearum*, the fungus causing wheat scab. *Proc Natl Acad Sci USA* 2000;97: 7905-10.
- Kim JJ, Kim SH, Lee S, Breuil C. Distinguishing *Ophiostoma ips* and *Ophiostoma montium*, two bark beetle associated sapstain fungi. *FEMS Microbiol Lett* 2003;222:187-92.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol Biol Evol* 2011;28:2731-9.
- Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987;4:406-25.
- Raper KB, Fennell DI. *The genus Aspergillus*. Baltimore: Williams & Wilkins; 1965.
- Jurjević Z, Peterson SW, Stea G, Solfrizzo M, Varga J, Hubka V, Perrone G. Two novel species of *Aspergillus* section *Nigri* from indoor air. *IMA Fungus* 2012;3:159-73.
- Podile AR, Kishore GK. Biological control of peanut disease. In: Gnanamanickam SS, editor. *Biological control of crop diseases*. New York: CRC Press; 2002. p. 131-60.
- Sulistyo J, Kamiyama Y, Ito H, Yasui T. Enzymatic synthesis of hydroquinone beta-xylloside from sylooligosaccharides. *Biosci Biotech Biochem* 1994;58:1311-3.
- Gräfenhan T, Schroers HJ, Nirenberg HI, Seifert KA. An overview of the taxonomy, phylogeny, and typification of nec-triaceous fungi in *Cosmospora*, *Acremonium*, *Fusarium*, *Stilbella*, and *Volutella*. *Stud Mycol* 2011;68:79-113.
- Roy K, Chatterjee S, Deshmukh SK, Vijayakumar EK, Ganguli BN, Fehlhaber HW. Orbutecin, a new secondary metabolite from *Acremonium butyri*. *J Antibiot (Tokyo)* 1996;49:1186-7.
- Zare R, Gams W, Evans HC. A revision of *Vercillium* section *Prostrata*. V. the genus *Pochonia*, with notes on *Rotiferophthora*. *Nova Hedwigia* 2001;73:51-86.
- Gan Z, Yang J, Tao N, Liang L, Mi Q, Li J, Zhang KQ. Cloning of the gene *Lecanicillium psalliotae* chitinase Lpch1 and identification of its potential role in the biocontrol of root-knot nematode *Meloidogyne incognita*. *Appl Microbiol Biotechnol* 2007;76:1309-17.
- Yang J, Huang X, Tian B, Wang M, Niu Q, Zhang K. Isolation and characterization of a serine protease from the nematophagous fungus, *Lecanicillium psalliotae*, displaying nematocidal activity. *Biotechnol Lett* 2005;27:1123-8.
- Nguyen VN, Ju WT, Kim YJ, Jung WJ, Kim KY, Park RD. Suppression of cucumber root-knot nematode *Meloidogyne incognita* by chitinolytic fungi *Lecanicillium psalliotae* A-1 and *Lecanicillium antillanum* B-3. *J Chitin Chitosan* 2014;19:93-9.
- Nguyen NV, Kim YJ, Oh KT, Jung WJ, Park RD. The role of chitinase from *Lecanicillium antillanum* B-3 in parasitism to root-knot nematode *Meloidogyne incognita* eggs. *Biocontrol Sci Technol* 2007;17:1047-58.