

표고버섯 재배사에서 분리한 국내 미기록 진균 보고

안금란¹ · 권혁우¹ · 고한규² · 김성환^{1*}¹단국대학교 미생물학과 및 생물다양성연구소, ²산림조합중앙회 산림버섯연구센터

Unrecorded Fungal Species Isolated from Greenhouses Used for Shiitake Cultivation in Korea

Geum Ran Ahn¹, Hyuk Woo Kwon¹, Han Kyu Ko² and Seong Hwan Kim^{1*}¹Department of Microbiology and Institute of Biodiversity, Dankook University, Cheonan 31116, Korea²Forest Mushroom Research Center, National Forest Cooperative Federation, Yeosu 12653, Korea

ABSTRACT: Fungal contamination is a detrimental factor affecting sawdust media-based shiitake cultivation in greenhouses. During fungal monitoring of greenhouses used for shiitake cultivation, eight fungal species were isolated and identified from indoor air and mushroom flies collected in the greenhouses. The current study reported five species as new in Korea, viz. *Ascochyta hordei*, *Discosia artocreas*, *Mucor nidicola*, *Perenniporia medulla-panis*, and *Pseudozyma prolifica*, and confirmed two species, *Penicillium charlesii* and *Penicillium brevicompactum*, which were previously recorded in Korea without molecular taxonomic validation. The morphological characteristics and phylogenetic relationships based on nucleotide sequences of the internal transcribed spacer rDNA region or calmodulin gene were described for all identified species.

KEYWORDS: *Ascochyta hordei*, Greenhouse used for shiitake cultivation, *Mucor nidicola*, *Perenniporia medulla-panis*

서 론

표고(*Lentinula edodes*)는 담자균문 주름버섯목 느타리과 의 버섯으로 맛과 풍미가 뛰어나며 항암과 항비만 효과를 가지고 있는 고가의 식용버섯이다[1, 2]. 표고는 두 가지 방법으로 재배하며 원목을 이용하는 방식과 톱밥 배지를 이용하는 방식이 사용된다. 원목재배와 톱밥배지를 이용한 재배 모두 균류 감염에 의해 심각한 피해를 받을 수 있다. 표고 재배에 피해를 주는 주요 진균으로는 *Aspergillus*, *Pe-*

nicillium, *Trichoderma* 속 등의 여러 종들이 보고되었다 [3-5]. 이들 진균은 대량의 포자를 형성하고 기류에 따라 쉽게 부유하여 공기 중으로 비산하기 때문에 위생적으로 볼 때 표고 재배사 내의 실내공기 관리가 필요하다.

진균의 포자 또는 균사를 전방 시켜 표고 생산에 피해를 입히는 버섯파리는 파리목(Diptera) 검정날개버섯파리과(Sciaridae)에 속하는 해충으로 양송이, 느타리버섯과 함께 표고버섯 재배지에서도 중요한 해충으로 알려져 있다. 성충은 형태적으로 크기가 매우 작고 엷은 검은색을 띠어 검정날개 버섯파리라 불리기도 하며 유충은 식균성으로 주로 버섯의 자실체를 갉아 먹거나 상하게 하고, 간접적으로는 병을 옮겨 2차 피해를 유발하여 생산량에 큰 피해를 주기도 한다[6, 7].

이에 따라 진균의 오염을 예방하기 위해서 재배사내 환경 특히 공기에 부유하는 진균 포자에 대하여 지속적인 모니터링 및 버섯파리의 발생 제어가 요구된다. 본 논문에서는 지속적으로 실내공기질을 측정하는 농가에 버섯파리 발생 후 비산된 표고 재배사의 실내공기에 존재하는 진균을 모니터링하는 과정에서 분리한 진균, 그리고 채집한 버섯파리에서 분리한 진균종 중에서 국내 미기록 종에 대하여 균학적 정보를 제공하고자 한다.

Kor. J. Mycol. 2016 March, 44(1): 8-15
http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2016.44.1.8
pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
© The Korean Society of Mycology

*Corresponding author

E-mail: piceae@dankook.ac.kr

Received March 17, 2016

Revised March 17, 2016

Accepted March 18, 2016

©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.

재료 및 방법

공기시료 채집 및 순수분리

재배사내의 진균은 2014년 2월, 6월, 9월에 전라남도 장흥, 진도와 충청남도 청양에 위치한 표고 농장들의 실내공기를 포집한 후 분리하였다. 이들 공기 채집한 표고 농장 재배사는 버섯파리가 존재하는 공간이었다. 공기 채취는 ISO 16000-18에 기반한 충돌법에 따라 Andersen sampler (Single Stage Ambient Viable Sampler, Model 10-880; Tisch Environmental, Cleves, OH, USA)를 사용하여 28.3 L/min 유량으로 1분간 포집하였다[8]. 공기 채집은 표고버섯 재배사의 가운데 지점에서 진행하였고 높이는 1.3 m 높이에서 수평을 맞추어 수행하였다(Fig. 1). 배양배지로서는 암피실린(ampicillin)을 100 µg/mL 농도로 첨가한 malt-extract agar (Difco, Detroit, MI, USA)를 사용하였다. 실내 공기를 채집한 배지를 5일 동안 25°C 배양기에서 배양하였고, 자라난 진균은 단포자 분리를 통해 순수 분리하였다.

버섯파리 채집 및 순수분리

버섯파리의 채집은 실내공기를 포집한 장소에서 수행하였으며 원목 주변에 존재하는 버섯파리를 트랩을 설치하여 채집하였다. 채집한 버섯파리를 실험실로 옮긴 후 5% 차아염소산나트륨 용액에 1분 간 표면살균 후 멸균한 증류수에 1분 간 세척하였다. 100% 에탄올에 1분 간 다시 표면살균 후 멸균한 증류수에 1분 간 세척하여 멸균된 필터여지에 상치하고 생물안전 캐비닛에서 물기가 마를 정도까지 자연 건조하였다. 건조 후 버섯파리 시료를 암피실린을 100 µg/mL 농도로 첨가한 potato dextrose agar (PDA, Difco)에 치상하였다[9]. 치상한 배지를 2일간 25°C 조건 배양기에 배양 후 자라난 균사를 새 배지로 옮겨가며 순수 분리하였다.

형태학적 및 분자생물학적 동정

순수 분리된 진균의 미세구조는 광학현미경(Axioskop40; Carl Zeiss, Oberkochen, Germany)과 주사전자현미경(Field

Emission Scanning Electron Microscope/Energy Dispersive X-ray Spectrometer, S-4300; HITACHI, Tokyo, Japan)을 이용하여 관찰하였다. 또한 분자적 특징을 알아보기 위해 drilling 방법에 따라 genomic DNA를 추출하고[10], ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAA CCTGCG-3') / ITS4 (5'-TCCTCC GCTTATTGATATGC-3') [11]과 cmd5 (5'-CCGAGTACA AGGAGGCCTTC-3') / cmd6 (5'-CCGATAGAGGTCATA ACGTGG-3') [12] 프라이머를 이용하여 internal transcribed spacer (ITS) rDNA region과 calmodulin gene sequence를 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR) 증폭하였다. ITS region은 94°C에서 5분간 predenaturation 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. Calmodulin gene은 94°C에서 5분간 predenaturation 후, denaturation 94°C 30초, annealing 52°C 30초, elongation 72°C 30초 조건에서 총 30 cycle 진행하고 마지막으로 72°C에서 10분간 final extension하여 수행하였다. PCR 증폭된 DNA 산물은 1% 아가로스겔에서 전기영동을 수행하여 확인한 후 High Pure PCR Product Purification Kit (Roche, Indianapolis, IN, USA)를 사용하여 정제하고 마크로젠사(Seoul, Korea)에 의뢰하여 염기서열을 분석하였다.

분석된 염기서열은 분자동정을 위해 우선 진균의 바코드로 사용되는 ITS region 염기서열을 미국 National Center for Biotechnology Information(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)의 웹에 있는 BLAST 프로그램을 사용하여 DNA 데이터베이스에 등록되어 있는 진균들의 ITS와 상동성을 비교하였다. *Penicillium* 균의 경우는 ITS 염기서열에 더하여 추가로 calmodulin 유전자 염기서열의 상동성을 비교하였다. 계통분석을 위해서는 분리 균주와 관련된 taxon 염기서열을 NCBI의 GenBank에서 다운받아 MEGA 6 프로그램[13]을 이용하여 염기서열의 유사도 및 phylogenetic analysis를 수행하였다. 계통도는 neighbor-joining 방법[14]으로 분석하였고 계통도 가지의 clade 신뢰도는 1,000번의 bootstrap resampling을 수행하여 평가하였다.

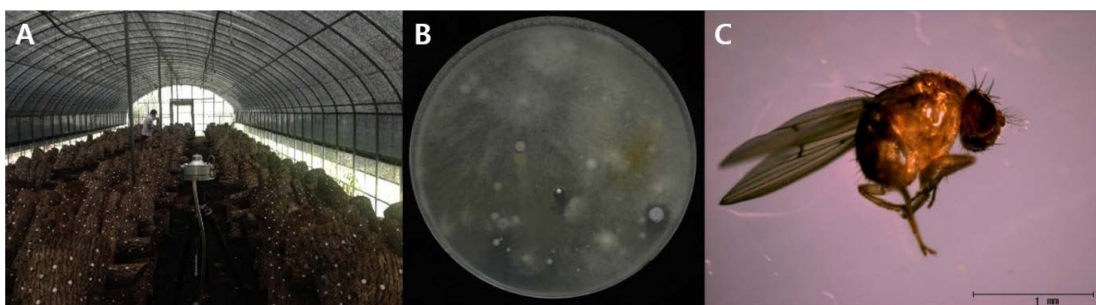


Fig. 1. An example of indoor air sampling using an Andersen-sampler in a greenhouse used for shiitake cultivation (A). An example of fungal colony formed on malt-extract agar after grown at 25°C for 5 days (B). Morphology of a mushroom fly collected in the greenhouse (C).

결과 및 고찰

형태적 특징 관찰

공기와 버섯파리로부터 분리된 진균은 배지의 균총을 형태적으로 구분하였을 때 8개 그룹으로 나누어졌다. 이에 따라 이들 그룹의 대표적 균주인 DK9-1, DK9-2, DK9-5, DK9-6, DK9-9, DK9-10, DK9-11, DK9-12 등을 대상으로 비교 분석하였다. PDA에 7일간 배양 후 균총의 형태를 관찰하였을 때, DK9-1 균주는 중앙에 노란색 환을 가지며 아이보리의 균사로 균일하게 자라나는 모양을 나타냈고(Fig. 1A-1), DK9-2 균주는 생장이 매우 빠르며 균사의 색은 회색으로 숨 구조처럼 부분 모양으로 자랐다(Fig. 1B-1). DK9-5 균주는 생장이 느리며 균총의 색이 흰색이고 중앙에 돔 모양으로 성장하였다(Fig. 1C-1). DK9-6 균주는 균사의 색은 회색에서 흰색으로 자라며 중앙에 녹회색의 환을 생성

하며 자랐다(Fig. 1D-1). DK9-9 균주는 중앙의 갈색 균사로부터 점점 아이보리색을 띄며 균사가 성장하였다(Fig. 1E-1). DK9-10 균주는 생장이 느리며 균총의 색이 노란색이고 방사형으로 성장하였다(Fig. 1F-1). DK9-11 균주는 생장이 느리며 균사의 색이 아이보리색을 띄며 불규칙하게 자랐다(Fig. 1G-1). DK9-12 균주는 생장이 느리며 중앙의 녹회색균사에서 짙은 녹색의 균사로 성장하였다(Fig. 1H-1).

광학현미경과 주사전자현미경으로 관찰하였을 때 DK9-1 균주는 $3.6 \pm 0.1 \times 2.5 \pm 0.2 \mu\text{m}$ 크기의 타원형 형태의 경자가 분생자경에서 7~8개가 분지하였고, 4~5개 타원형의 $1.6 \pm 0.2 \times 1.3 \pm 0.2 \mu\text{m}$ 크기의 분생포자가 연속적으로 경자에 존재하는 전형적인 *Penicillium*속 구조를 가지고 있었다(Fig. 1A-2). DK9-12 균주는 DK9-1 균주와 유사한 $3.6 \pm 0.1 \times 2.5 \pm 0.2 \mu\text{m}$ 크기의 타원형 형태의 경자가 분생자경에서 5~6개가 분지하였고, 구형의 $1.3 \pm 0.1 \times 1.3 \pm 0.3 \mu\text{m}$

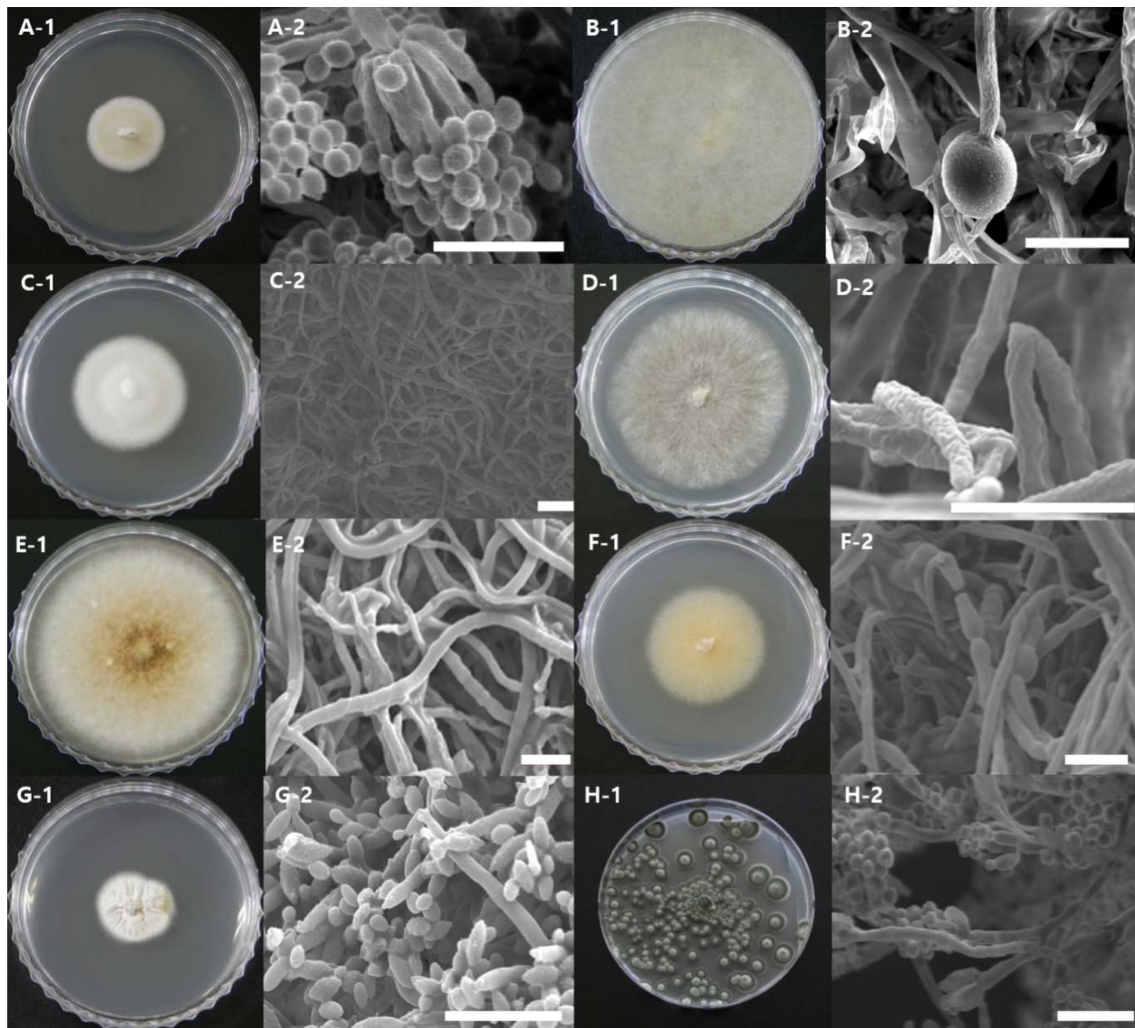


Fig. 2. Colony morphology on potato dextrose agar plate and scanning microscopic images of conidia and mycelia of the seven fungal species isolated from indoor air of greenhouses (A-F, H) and a species isolated from mushroom flies (G). A-1, A-2, DK9-1; B-1, B-2, DK9-2; C-1, C-2, DK9-5; D-1, D-2, DK9-6; E-1, E-2, DK9-9; F-1, F-2, DK9-10; G-1, G-2, DK9-11; H-1, H-2, DK9-12 (scale bars = 10 μm).

크기의 분생포자가 경자에 존재하는 전형적인 *Penicillium* 속 구조를 가지고 있었다(Fig. 1H-2). DK9-2 균주는 구형의 $4.9 \pm 0.1 \times 4.8 \pm 0.1 \mu\text{m}$ 크기의 분생포자를 가지고 있었다(Fig. 1B-2). DK9-5 균주, DK9-6 균주와 DK9-9 균주는 균사의 조밀도가 높게 형성되어 있었다(Fig. 1C-2, D-2, E-2). DK9-10 균주는 균사에 $4.3 \pm 0.2 \times 2.5 \pm 0.1 \mu\text{m}$ 크기의 곤봉모양의 포자를 가지고 있었다(Fig. 1F-2). DK9-11 균주는 전형적인 효모의 형태를 나타냈으며 출아된 포자는 타원형의 $2.3 \pm 0.2 \times 1.6 \pm 0.1 \mu\text{m}$ 크기를 가지고 있었다(Fig. 1G-2). 조사된 균주 중 포자를 형성하는 균주들에 대한 포자의 형태적 특징의 비교 결과는 Table 1에 제시하였다. 동정한 균주와 기 보고된 균주를 비교한 결과 형태적 특성은 유사하였다.

분자생물학적 동정 및 계통분석학적 동정

분리한 균주를 ITS 염기서열에 기반하여 분자생물학적 방법으로 동정한 결과 DK9-2 균주는 *Mucor nidicola*와 99%, DK9-5 균주는 *Perenniporia medulla-panis*와 100%, DK9-6 균주는 *Ascochyta hordei*와 100%, DK9-9 균주는 *Cochliobolus kusanoi*와 99%, DK9-10 균주는 *Discosia artocreas*와 100%, DK9-11 균주는 *Pseudozyma prolifica*와

100%의 상동성을 보였다(Table 2). 그리고 *Penicillium*속의 형태적 특징을 보유한 균주 DK9-1과 DK9-12는 calmodulin 유전자 염기서열을 기반으로 동정한 결과 DK9-1 균주는 *Penicillium charlesii*, 그리고 DK9-12 균주는 *Penicillium brevicompactum*와 100% 상동성을 보였다. 계통학적으로 분석한 결과 분리된 균주들은 각각의 균주들이 동정된 종들과 같은 그룹을 형성하였다. 그리하여 형태적(Table 1, Fig. 2), 분자생물학적 분석 결과(Table 2, Fig. 3)를 바탕으로 DK9-1은 *P. charlesii*, DK9-2는 *M. nidicola*, DK9-5는 *P. medulla-panis*, DK9-6는 *A. hordei*, DK9-9는 *C. kusanoi*, DK9-10는 *D. artocreas*, DK9-11은 *P. prolifica*, DK9-12는 *P. brevicompactum*로 각각 동정하였다(Fig. 2). 이중 *M. nidicola*, *P. medulla-panis*, *A. hordei*, *D. artocreas*, *P. prolifica*는 국내 미기록 종이였다. 동정된 균주의 생체시료는 국립생물자원관에 기탁하여 DK9-1은 NIBRFGC000138367, DK9-2는 NIBRFGC000138368, DK9-5는 NIBRFGC000138370, DK9-6는 NIBRFGC000138371, DK9-9는 NIBRFGC000138374, DK9-10는 NIBRFGC000138375, DK9-11은 NIBRFGC000138378, DK9-12는 NIBRFGC000138376으로 기탁번호를 각각 부여 받았다. 이들 균주의 분석된 ITS 및 calmodulin gene 염기서열은 NCBI 의 GenBank

Table 1. Morphological comparison of conidia between the Korean isolates and reference species

Isolates of this study/ reference species	Color	Shape	Diameter size (μm)
DK9-1	olivegreen	ovate, ellipsoidal	$1.6 \pm 0.2 \times 1.3 \pm 0.2$
<i>Penicillium charlesii</i> [21]	darkgreen	ovate to slightly elliptical, roughened	$2.5 \pm 0.5 \times 2.0 \pm 0.5$
DK9-2	greyish	ellipsoidal	$4.9 \pm 0.1 \times 4.8 \pm 0.1$
<i>Mucor nidicola</i> [17]	greyish	ellipsoidal	$3.0\sim 10.0 \times 2.0\sim 6.0$
DK9-10	brown	ellipsoidal	$4.3 \pm 0.2 \times 2.5 \pm 0.1$
<i>Discosia artocreas</i> [22]	olivaceous-brown	sausage-shaped (3-septate)	$14.0\sim 24.0 \times 2.0\sim 3.5$
DK9-11	ivory	ellipsoidal, yeast-like	$2.3 \pm 0.2 \times 1.6 \pm 0.1$
<i>Pseudozyma prolifica</i> [23]	-	narrowly ellipsoid, or narrowly obclavate, yeast-like	$7.0\sim 15.0 \times 1.5\sim 2.0$
DK9-12	olivegreen, green	ovate, ellipsoidal	$0.6 \pm 0.1 \times 2.5 \pm 0.2$
<i>Penicillium brevicompactum</i> [21]	green	ellipsoidal	$3.0\sim 4.5 \times 3.5\sim 4.0$

Table 2. Molecular identification of the fungal isolates using ITS rDNA or calmodulin gene sequences

Isolates	Nucleotide sequence	GenBank accession No.	The Closest taxa in GenBank	Maximum identity (%)
DK9-1	Calmodulin gene	KU933585	<i>Penicillium charlesii</i>	100
DK9-2	ITS rDNA	KU933579	<i>Mucor nidicola</i>	99
DK9-5	ITS rDNA	KU933580	<i>Perenniporia medulla-panis</i> voucher	100
DK9-6	ITS rDNA	KU933581	<i>Ascochyta hordei</i>	99
DK9-9	ITS rDNA	KU933582	<i>Cochliobolus kusanoi</i>	99
DK9-10	ITS rDNA	KU933583	<i>Discosia artocreas</i>	100
DK9-11	ITS rDNA	KU933585	<i>Pseudozyma prolifica</i>	100
DK9-12	Calmodulin gene	KU933586	<i>Penicillium brevicompactum</i>	100

ITS, internal transcribed spacer.

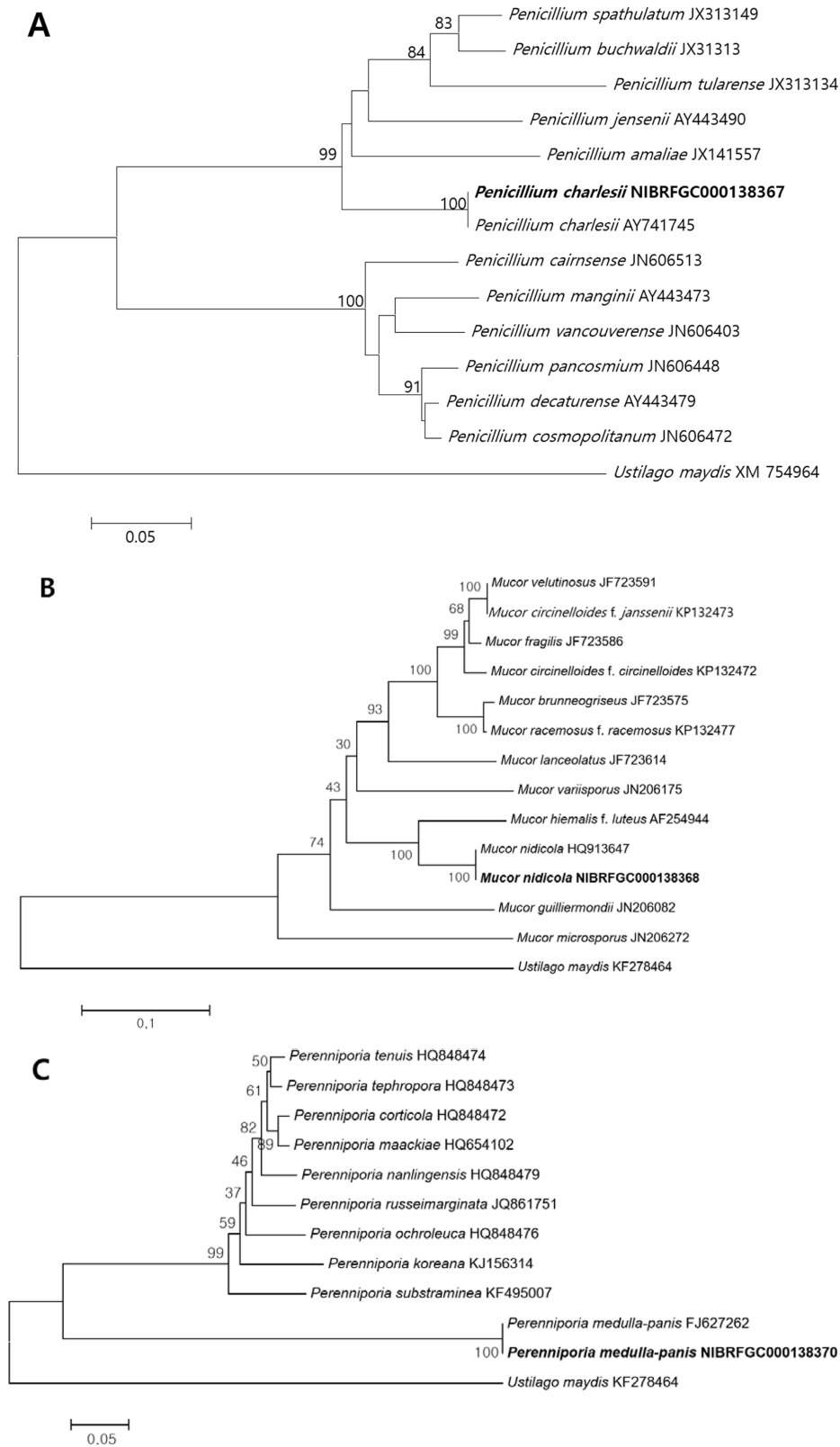


Fig. 3. Phylogenetic relationships of DK9-1 *Penicillium charlesii* (A), DK9-2 *Mucor nidicola* (B), DK9-5 *Perenniporia medulla-panis* voucher (C), DK9-6 *Ascochyta hordei* (D), DK9-9 *Cochliobotus kusanoi* (E), DK9-10 *Discosia artocreas* (F), DK9-11 *Pseudozyma prolifica* (G) and *Penicillium brevicompactum* (H) inferred by the neighbor joining analysis based on internal transcribed spacer rDNA (B-G) or calmodulin gene (A, H) sequence data. Bootstrap value was given above/below the node. The Korean isolates were in bold.

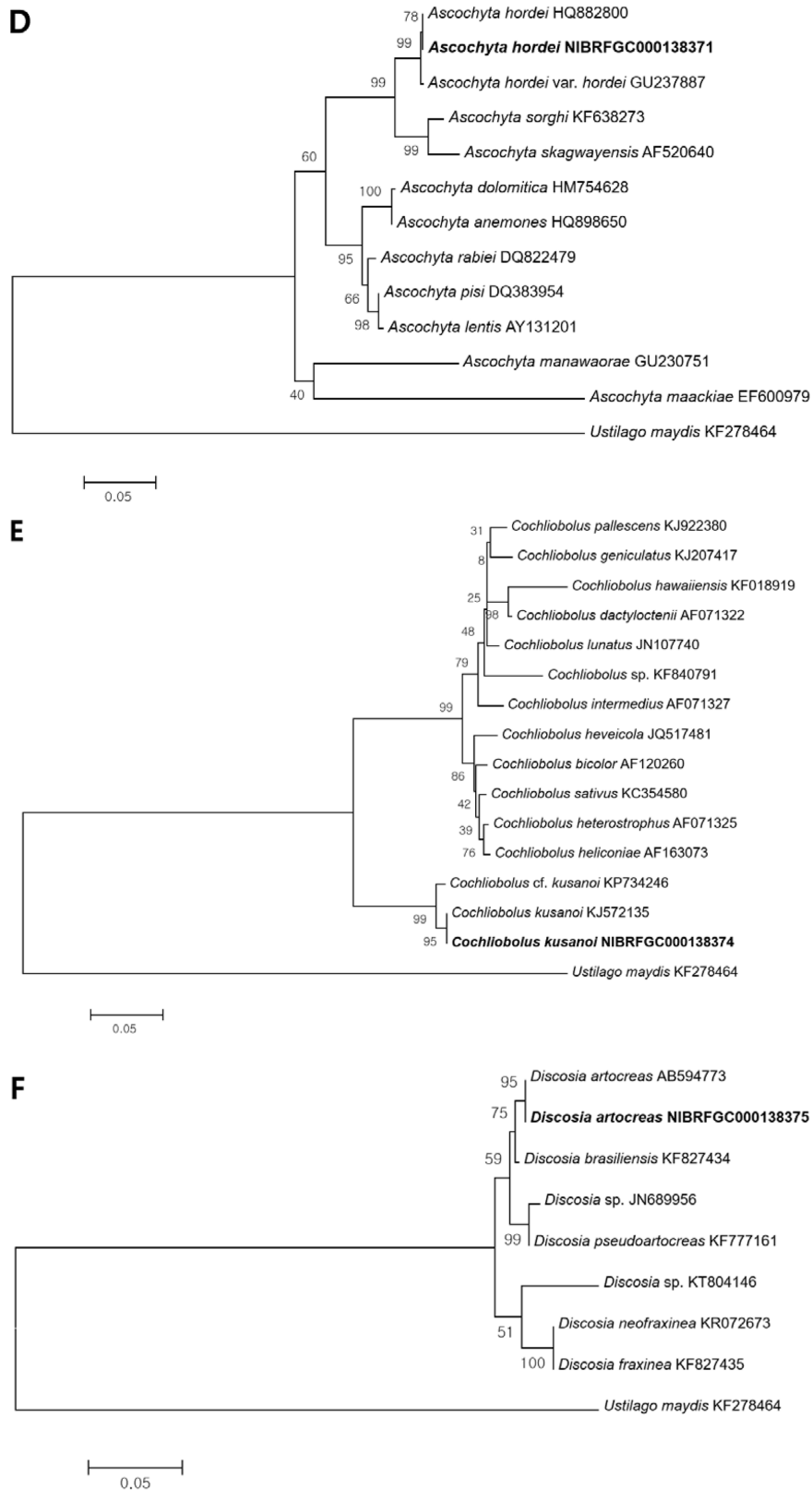


Fig. 3. Phylogenetic relationships of DK9-1 *Penicillium charlesii* (A), DK9-2 *Mucor nidicola* (B), DK9-5 *Perenniporia medulla-panis* voucher (C), DK9-6 *Ascochyta hordei* (D), DK9-9 *Cochliobolus kusanoi* (E), DK9-10 *Discosia artocreas* (F), DK9-11 *Pseudozyma prolifica* (G) and *Penicillium brevicompactum* (H) inferred by the neighbor joining analysis based on internal transcribed spacer rDNA (B-G) or calmodulin gene (A, H) sequence data. Bootstrap value was given above/below the node. The Korean isolates were in bold. (Continued)

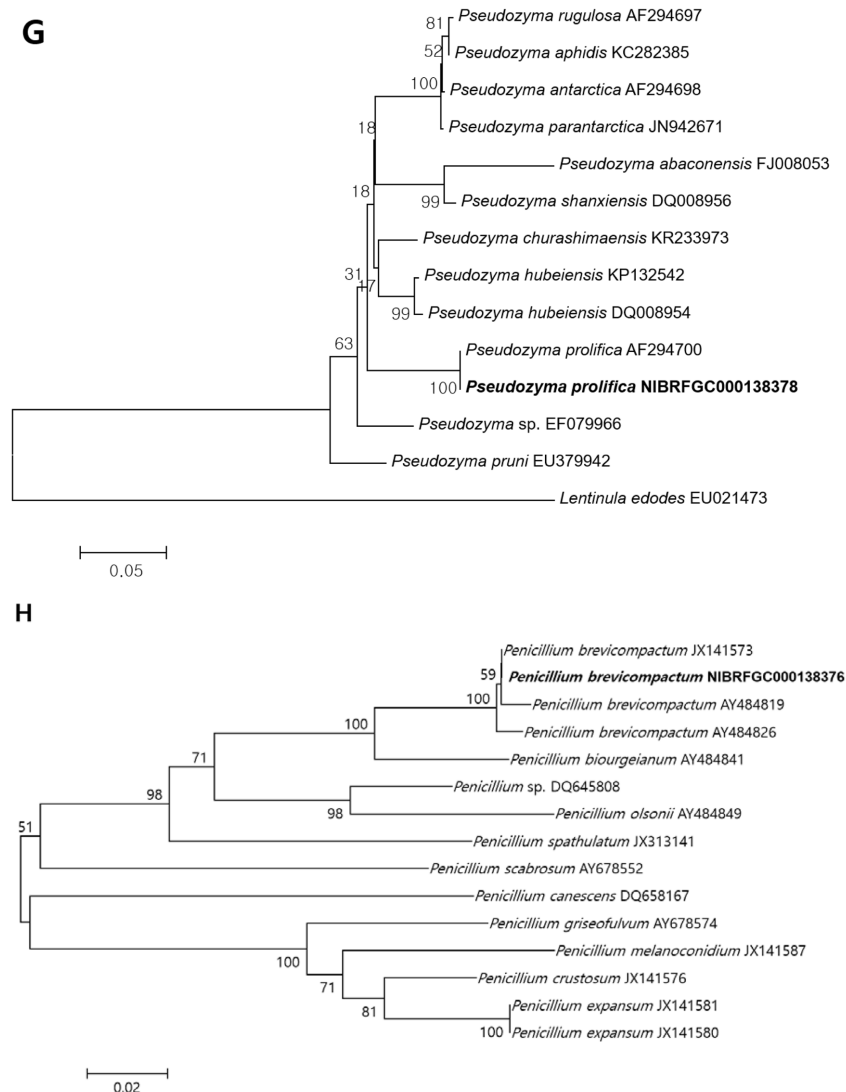


Fig. 3. Phylogenetic relationships of DK9-1 *Penicillium charlesii* (A), DK9-2 *Mucor nidicola* (B), DK9-5 *Perenniporia medulla-panis* voucher (C), DK9-6 *Ascochyta hordei* (D), DK9-9 *Cochliobotus kusanoi* (E), DK9-10 *Discosia artocreas* (F), DK9-11 *Pseudozyma prolifica* (G) and *Penicillium brevicompactum* (H) inferred by the neighbor joining analysis based on internal transcribed spacer rDNA (B-G) or calmodulin gene (A, H) sequence data. Bootstrap value was given above/below the node. The Korean isolates were in bold. (Continued)

DNA database에 등록하였고 등록번호는 Table 2에 제시하였다.

*P. charlesii*는 건과류인 피칸에 곰팡이가 핀 것을 분리 동정하여 보고된 균으로 곰팡이 독소인 citreoviridin을 생성하는 것으로 알려져 있다[15]. 이 독소는 동물뿐만 아니라 밀, 옥수수 같은 식물에도 독성을 나타낸다고 보고되었다. 최근 *P. citreonigrum*에서도 이 독소가 생성된다고 보고되었다[16]. *M. nidicola*는 2012년 invasive paper wasp인 *Polistes dominulus*의 nest에서 신종으로 분리되었다. 미국에서 최근에 보고된 종으로 아직 다른 특성에 대하여 보고가 되어 있지 않지만, 37°C 자라는 특성과 35°C에서 sporulation 한다고 보고되었다. 분류학적으로 논란이 있는 *M.*

hiemalis complex의 대표적 종으로 제안되고 있다[17]. *P. medulla-panis*는 담자균류이며, 인도에서 *Perenniporia*종에 의하여 폐에 진균구(Fungal ball)가 형성 되었다고 보고되었다[18]. *Ascochyta* sp.는 식물에 병을 일으키는 균으로 보고가 되어 있으며, 병아리콩(Chick pea)에서 아스코키타 마름병(*Ascochyta* blight)를 일으킨다고 알려졌다[19]. *P. charlesii*와 *P. brevicompactum*은 1980년 국내 보고가 되어 있으나[20] 형태학적 분석만 보고되어 있고 논문에 보고된 형태사진만으로는 종 구분하기 매우 어려운 실정이다. 특히 *Penicillium* 군류 분석은 형태만으로는 종 분석의 신뢰도가 낮은 바 분자적 분석에 따른 병합적 비교가 요구되고 있어서 이전에 보고된 균에 대한 추가 분석이 필요하다. 그러나 국

내에 보고된 균주가 존재하지 않는 바 본 연구에서 분리 동정된 DK9-1 균주와 DK9-12 균주를 각각 이들 종의 국내 대표 균주 자원으로 활용하는 것이 좋을 것으로 생각된다.

적 요

진균 오염은 톱밥배지를 이용한 실내 표고 재배에 있어서 피해를 주는 요인 중 하나이다. 표고 재배사를 대상으로 진균을 모니터링하는 중, 재배사의 실내공기와 재배사내에서 채집한 버섯파리로부터 여러 진균을 분리 동정하였다. 동정된 진균 중에는 *Mucor nidicola*, *Perenniporia medullaripanis*, *Discosia artocreas*, *Pseudozyma prolifica*, *Ascochyta hordei* 등을 국내 미기록종으로 보고하고, *Penicillium charlesii*와 *Penicillium brevicompactum*의 국내존재를 확인하였다. 본 논문에서는 이들 미기록 균류에 대한 형태적 특성과 더불어 internal transcribed spacer (ITS) rDNA region 또는 calmodulin 유전자 염기서열에 기반한 계통학적 관계에 대해 기술하였다.

Acknowledgements

This work was supported by National Institute of Biological Resource and Golden Seed Project (Center for Horticultural Seed Development, No. 213003-04-2-WTH 22), 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 the 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.
- Menzel F, Smith JE, Colauto NB. *Bradysia difformis* Frey and *Bradysia ocellaris* (Comstock): two additional neotropical species of black fungus gnats (Diptera: Sciaridae) of economic importance: a redescription and review. Ann Entomol Soc Am 2003;96:448-57.
- Shin SG, Lee HS, Lee SH. Dark winged fungus gnats (Diptera: Sciaridae) collected from shiitake mushroom in Korea. J Asia Pac Entomol 2012;15:174-81.
- Andersen AA. New sampler for the collection, sizing, and enumeration of viable airborne particles. J Bacteriol 1958;76:471-84.
- Choi MA, Park SJ, Ahn GR, Kim SH. Identification and characterization of *Paraconiothyrium brasiliense* from garden plant *Pachysandra terminalis*. Kor J Mycol 2014;42:262-8.
- 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.
- Hong SB, Cho HS, Shin HD, Frisvad JC, Samson RA. Novel *Neosartorya* species isolated from soil in Korea. Int J Syst Evol Microbiol 2006;56:477-86.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Mol Biol Evol 2013;30:2725-9.
- Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. Mol Biol Evol 1987;4:406-25.
- Cole RJ, Dörner JW, Cox RH, Hill RA, Cluter HG, Wells JM. Isolation of citreoviridin from *Penicillium charlesii* cultures and molded pecan fragments. Appl Environ Microbiol 1981;42:677-81.
- Rosa CA, Keller KM, Oliveira AA, Almeida TX, Keller LA, Marassi AC, Kruger CD, Devesa MV, Monteiro BS, Nunes LM, et al. Production of citreoviridin by *Penicillium citreonigrum* strains associated with rice consumption and beriberi cases in the Maranhão State, Brazil. Food Addit Contam Part A Chem Anal Control Expo Risk Assess 2010;27:241-8.
- Chowdhary A, Agarwal K, Kathuria S, Singh PK, Roy P, Gaur SN, Rodrigues AM, de Hoog GS, Meis JF. First human case of pulmonary fungal ball due to a *Perenniporia* species (a Basidiomycete). J Clin Microbiol 2012;50:3786-91.
- Madden AA, Stchigel AM, Guarro J, Sutton D, Starks PT. *Mucor nidicola* sp. nov., a fungal species isolated from an invasive paper wasp nest. Int J Syst Evol Microbiol 2012;62:1710-4.
- Khan MS, Ramsey MD, Corbière R, Infantino A, Porta-Pugila A, Bouznad Z, Scott ES. *Ascochyta* blight of chickpea in Australia: identification, pathogenicity and mating type. Plant Pathol 1999;48:230-4.
- Min KH, Hong SW, Yokoyama T. Hyphomycetes from Korean soil. The genus *Penicillium* with a teleomorphic state *Eupenicillium javanicum*. Korean J Microbiol 1980;18:91-103.
- Raper KB, Thom C. A manual of the penicillia. Baltimore: Williams & Wilkins; 1949.
- Matsushima T. Icones Microfungorum a Matsushima lecturum. Kobe: Matsushima; 1975.
- Bandoni RJ. On an undescribed, pleomorphic hyphomycete from litter. Bot J Linn Soc 1985;91:37-43.