

국내 미기록 진균 5종 보고

안금란¹ · 김보영¹ · 이근식¹ · 현민우³ · 이찬중³ · 김성환^{1,2*}

¹단국대학교 미생물학과, ²단국대학교 생물다양성연구소, ³국립원예특작과학원 버섯과

A Report of Five Unrecorded Fungal Species of Korea

Geum Ran Ahn¹, Bo Young Kim¹, Geun Sick Lee¹, Min Woo Hyun³, Chan Jung Lee³ and Seong Hwan Kim^{1,2*}

¹Department of Microbiology, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

²Institute of Biodiversity, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

³Mushroom Research Division, National Institute of Horticultural and Herbal Science, Eumseong 55365, Korea

ABSTRACT : During a survey of the activities of fungi in steamed sweet potato, stored garlic, agricultural by-products for mushroom cultivation media, and pinewood chips from a pinewood nematode-infected tree, numerous fungal samples were isolated and identified. This study identified five species that have not been previously reported in Korea, namely *Geomyces pannorum*, *Neopestalotiopsis javaensis*, *Penicillium allii*, *Penicillium chermesinum*, and *Ophiognomonina setacea*. For all identified species, the cultural features of colonies formed on growth media, their morphological characteristics observed by a light microscope, and their molecular phylogenetic relationships based on nucleotide sequences of the internal transcribed spacer rDNA region or calmodulin gene were described.

KEYWORDS : *Geomyces pannorum*, *Neopestalotiopsis javaensis*, *Penicillium allii*, *Penicillium chermesinum*, *Ophiognomonina setacea*

서론

국내에서는 다양한 환경(공기, 토양, 식물, 인체, 동물 등)에서 진균이 존재한다고 보고되어 왔다. 최근 발표된 몇몇의 논문을 보면, 가야시대 무덤 토양에서 진균 9종이 분리되었고 [1], 전통주인 소곡주를 제조하는 공장의 공기로부터 총 12종의 진균이 보고되었다 [2]. 뿐만 아니라 전통음식을 제조하는 발효된 식품소재인 메주에서도 *Aspergillus* 그룹에 속하는 *A. niger* 21균주, *A. luchuensis* 14균주, *A. tubingenensis* 10균주, *A. welwitshiae* 9균주 등이 존재하는 것이 보고되었다 [3]. 이렇듯 여러 환경에서 다양한 진균의 존재는

매년 꾸준히 보고되고 있으며 이는 국내에 존재하는 진균 다양성을 파악하는 근간이 되고 있다.

2015년 썬 고구마, 저장마늘, 소나무재선충병에 감염된 목재칩, 버섯재배용 재료에서 진균을 분리하였으며 시료에 대하여 국내 진균 보고가 존재하는지 문헌검색을 하였다. 국내 고구마에서 분리한 진균의 보고는 2007년부터 2009년까지 전북 익산지역의 고구마 재배농가에서 육묘중인 고구마의 지체부가 잘록해지고 줄기가 물러지면서 흰색의 곰팡이가 피어 시들거나 고사하는 증상인 *Sclerotium rolfsii*에 의한 고구마 흰비단병 보고가 있다 [4]. 그러나 썬 고구마에서 분리된 진균 보고는 아직 없는 실정이다. 일반적으로 마늘은 장마기 직전에 주로 수확하여 저장기간 동안에 장마기와 고온 다습한 여름의 기온을 거치게 되어 재배환경, 수확시기, 저장온도 등에 영향을 많이 받는다. 특히 마늘 저장 중 피해를 많이 주는 병원균으로는 *Penicillium hirsutum*, *Fusarium oxysporum*, *Stemphyllium botryosum* 등이 알려져 있으며 저장방법과 마늘의 상태에 따라 5~50% 정도에 이르는 큰 손실을 주고 있다 [5]. 특히 푸른곰팡이가 자주 발생하므로 좀 더 조사가 필요한 실정이다. 버섯재배용 배지의 농업부산물로는 면실박, 비트펄프, 밀집, 벚짚, 피트모스 등을 톱밥 등과 함께 섞어서 느타리, 양송이, 표고 등 다양한 버섯 재배에 사용되고 있는 바 농업부산물 출처에 따라 다양한 진균이 존재할 가능성이 존재한다. 소나무는 한

Kor. J. Mycol. 2016 December, 44(4): 240-246
<https://doi.org/10.4489/KJM.2016.44.4.240>
 pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
 © The Korean Society of Mycology

*Corresponding author
 E-mail: piceae@dankook.ac.kr

Received October 30, 2016
 Revised November 7, 2016
 Accepted December 2, 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.

반도에 자생하는 침엽수의 절반을 차지하며 남부 도서와 해안부터 북부의 고산지대까지 가장 넓게 분포하여 자연경관과 생태계의 유지·보존에 중요하며 경제적 가치도 높은 자원이다. 그런데 최근 국내에 소나무재선충병이 발생하여 급속히 소나무가 고사하면서 국가적으로 커다란 생태적, 경제적 피해가 발생하였다[6]. 소나무재선충병에 감염된 소나무에서 다양한 진균이 보고되어 있는 바 지속적인 조사가 필요한 실정이다[7]. 이에 따라 본 연구에서는 이들 4 가지 식물체 재료로부터 국내 미기록 진균 5종을 분리하여 균 정보를 보고하고자 한다.

재료 및 방법

시료 채집 및 순수분리

2015년 2월부터 6월까지 총 4개의 시료를 채집하였다. 2월에 천안의 재래시장의 한 마늘 판매대에서 저장된 마늘에서 하얗게 곰팡이가 핀 마늘을 채집하였으며, 4월에는 제주도의 꽃지왁에서 소나무재선충병에 감염되어 벌목 처리된 등치 부위에서 목재칩 조각을 채집하였다(Fig. 1B, 1C). 5월에는 부여의 한 버섯재배농가에서 톱밥에 농업부산물 재료를 섞어서 만든 버섯재배용 배지를 채집하였다(Fig. 1D). 6월에는 천안의 한 가정집에서 식용으로 재배된 고구마를 찌서 보관하는 도중에 고구마의 껍질에 검게 곰팡이가 발생한 고구마를 채집하였다(Fig. 1A). 각각의 시료마다 일반적인 진균 분리 방법으로 처리방법을 다르게 수행하였다.

저장된 마늘에서 핀 하얀 곰팡이와 찌 고구마는 해부현미경을 통해 관찰 후 암피실린을 100 µg/mL 농도로 첨가한 potato dextrose agar (PDA; Difco, Detroit, MI, USA)에 살균된 접종 핀으로 균사를 옮겨서 3일간 25°C 조건 배양기에 배양 후 자라나온 균사를 새 배지로 옮겨가며 순수 분리하였다. 소나무재선충병에 감염된 목재칩 시료는 5% 차아염소산나트륨 용액에 1분 간 표면 살균 후 멸균한 증류수에 1분 간 세척하였다. 100% 에탄올에 1분 간 다시 표면 살균 후 멸균한 증류수에 1분 간 세척하여 멸균된 필터 여지에 상치하고 생물안전 캐비닛에서 물기가 마를 정도까

지 자연 건조하였다. 건조 후 소나무재선충병에 감염된 목재칩 시료를 암피실린을 100 µg/mL 농도로 첨가한 PDA에 치상하였다. 치상한 배지를 2일간 25°C 조건 배양기에 배양 후 자라나온 균사를 새 배지로 옮겨가며 순수 분리하였다[8]. 버섯재배용 배지의 경우 배지 1 g을 멸균된 증류수 20 mL에 첨가 후 균일하게 섞어준 후 10³까지 단계별 희석하여 100 µL씩 3반복으로 PDA 배지에 도말하였다. 도말한 배지는 3일간 25°C 조건 배양기에 배양한 다음 자라나온 균사를 새 배지로 옮겨가며 순수 분리하였다.

형태학적 및 분자생물학적 동정

순수 분리된 진균의 균총의 형태를 육안으로 관찰하고 사진으로 기록하였다. 균사, 포자 등 미세구조는 광학현미경(Axioskop40; Carl Zeiss, Oberkochen, Germany)을 이용하여 관찰하였다. 또한 분자적 특징을 알아보기 위해 drilling 방법에 따라 genomic DNA를 추출하고[9], ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCG-3') / ITS4(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') [10]과 cmd5(5'-CCGAGTACAAGGAGGCCTTC-3') / cmd6 (5'-CCGATAGAGGTCATAACGTGG-3') [11] 프라이머를 이용하여 internal transcribed spacer (ITS) rDNA region과 calmodulin gene sequence를 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)으로 증폭하였다. ITS region은 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. Calmodulin gene은 94°C에서 5분간 predenaturation 한 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.

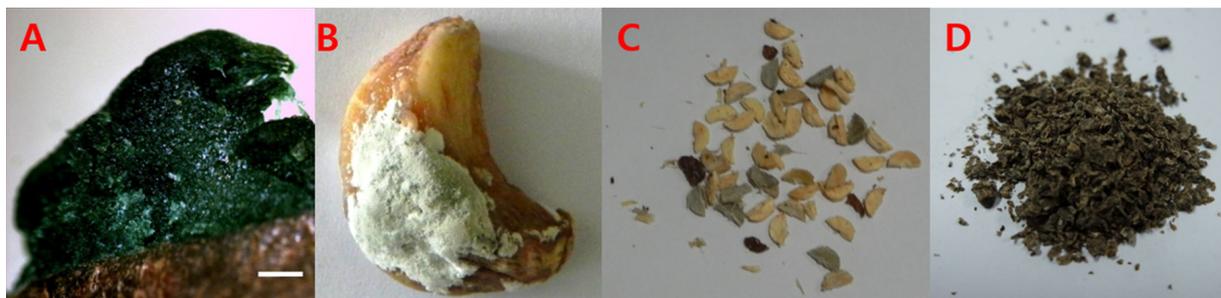


Fig. 1. A stereomicroscopic image (40×) (A) and photos (B~D) of plant materials used for fungal isolation in this study. A, part of steamed sweet potato peel; B, a garlic piece (diameter 3 cm); C, pinewood chips (diameter 1~1.3 cm); D, flakes of mushroom cultivation media (scale bar = 10 mm).

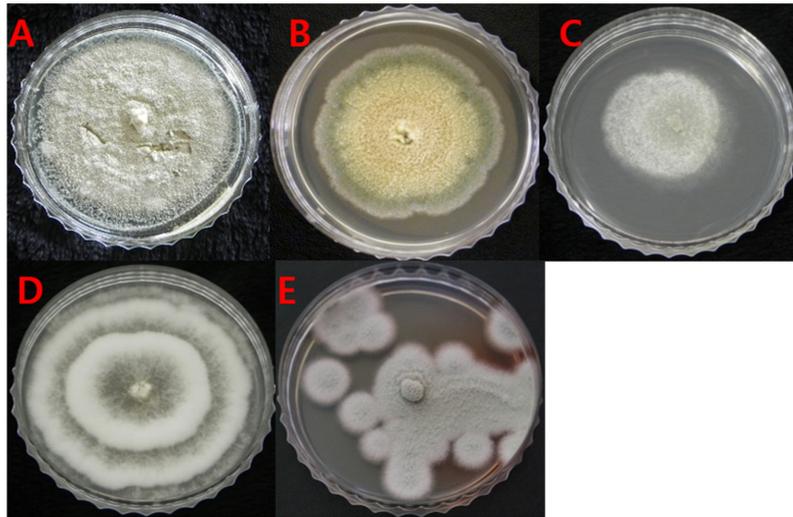


Fig. 2. Colony morphology of the five fungal isolates grown on potato dextrose agar plate at 25°C for 7 days. A, DK10-2; B, DK10-3; C, DK10-16; D, DK10-17; E, DK10-300.

분석된 염기서열은 분자동정을 위해 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 ITS 염기서열들과 상동성을 비교하였다. *Penicillium*속 균의 경우는 ITS 염기서열에 더하여 추가로 calmodulin 유전자 염기서열의 상동성을 비교하였다. 계통분석을 위해서는 분리 균주와 관련된 분류군의 염기서열을 NCBI의 GenBank에서 다운받아 MEGA 6 프로그램 [12]을 이용하여 염기서열의 유사도 및 계통학적 분석을 수행하였다. 계통도는 neighbor-joining 방법 [13]으로 분석하였고 계통도 가지의 clade 신뢰도는 1,000번의

bootstrap resampling을 수행하여 평가하였다.

결과 및 고찰

형태적 특징 관찰

4개의 시료에서 분리된 진균을 배지의 균총을 형태적으로 구분하였을 때 뚜렷하게 5개 그룹으로 나누어졌다. 이에 따라 이들 그룹의 대표적 균주로서 찢고구마로부터 분리된 DK10-2, 저장마늘로부터 분리된 DK10-3, 소나무재선충병에 감염된 목재칩으로부터 분리된 DK10-16와 DK10-17, 버섯재배용 배지 재료로부터 분리된 DK10-300 균주를 선택하여 동정하였다. PDA에 7일간 배양 후 균총의 형태를

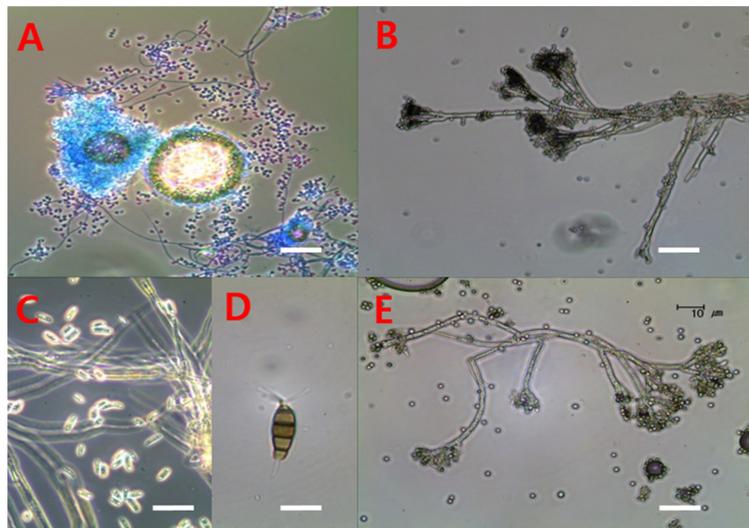


Fig. 3. Light microscopic images of conidia and mycelia of the five fungal species isolated in this study. A, DK10-2; B, DK10-3; C, DK10-16; D, DK10-17; E, DK10-300 (scale bars = 10 µm).

관찰하였을 때, DK10-2 균주는 회색 또는 아이보리로 균일하며 조밀하게 자라나는 모양을 나타냈고(Fig. 2A), DK10-3 균주는 균총이 환을 이루며 중앙에서 노란색에서 녹색으로 성장하였다(Fig. 2B). DK10-16 균주는 균총의 색은 회색에서 흰색으로 자라며 중앙보다 성장할수록 조밀하게 성장하였다(Fig. 2C). DK10-17 균주는 균총의 색은 아이보리이며 물결 모양으로 성장하고 환을 이루는 부분에 조밀하게 성장하였다(Fig. 2D). DK10-300 균주는 녹회색으로 균총이 성장하였으며 붉은색의 색소를 배출하였다(Fig. 2E).

광학현미경으로 관찰하였을 때 DK10-3 균주는 10~11 × 3~4 μm 크기의 타원형 형태의 경자가 분생포자경에서 5~6개가 분지되어 있었고, 4~5개 구형의 1.5~2 × 2~2.5 μm 크기의 분생포자가 연속적으로 경자에 존재하는 전형적인 *Penicillium*속 구조를 가지고 있었다(Fig. 3B). DK10-300 균주는 DK10-3 균주와 유사한 4.2~5.0 × 3.1~3.5 μm 크기의 타원형 형태의 경자가 분생포자경에서 7~8개가 분지되어 있었고, 구형의 1~2 × 1.5~2 μm 크기의 분생포자가 경자에 존재하는 이 또한 전형적인 *Penicillium*속 구조를 가지고 있었다(Fig. 3E). DK10-2 균주는 타원형의 1~1.2 × 0.5~1 μm 크기의 분생포자를 가지고 있었다(Fig. 3A). DK10-16 균주는 균사에 7.2~7.5 × 2~2.1 μm 크기의 타원형의 포자를 가지고 있었다(Fig. 3C). DK10-17 균주는 방망이 모형의 5~25 × 3~10 μm 크기에 3개의 격막을 가지고 4~6 μm 크기의 부속지 3개를 가지고 있었다(Fig. 3D). 조사된 균주 중 포자를 형성하는 균주들에 대한 포자의 형태적 특

징의 비교 결과는 기 보고된 종의 형태적 특성과 같이 Table 1에 비교 제시하였다.

분자생물학적 동정 및 계통분석학적 위치분석

분리한 균주를 ITS 염기서열에 기반하여 분자계통학적 방법으로 동정한 결과 DK10-2 균주는 *Geomyces pannorum* (Link) Sigler & J.W. Carmich와 100%, DK10-16 균주는 *Ophiognomonina setacea* (Pers.) Sogonov와 100%, DK10-17균주는 *Neopestalotiopsis javaensis* Maharachch., K. D. Hyde & Crous와 100%의 상동성을 보였다(Table 2). 그리고 *Penicillium*속의 형태적 특징을 보유한 균주 DK10-3과 DK10-300는 calmodulin 유전자 염기서열을 기반으로 동정한 결과 DK10-3 균주는 *Penicillium allii* Vincent & Pitt 그리고 DK10-300 균주는 *Penicillium chermesinum* Biourge와 100% 상동성을 보였다. 결정된 염기서열을 기반으로 neighbor-joining 방법을 분석한 계통도는 Fig. 4에 제시하였다. 이 계통도는 maximum-likely hood 방법으로 분석하였을 때에도 tree topology에 차이가 나지 않아 neighbor-joining 방법으로 분석한 결과만을 제시하였다. 분리된 균주들은 각각의 균주들이 동정된 종들과 같은 그룹을 형성하는 것을 확인하였다. 이에 따라 형태적(Table 1, Figs. 2, 3), 분자생물학적 분석 결과(Table 2, Fig. 4)를 종합하여 DK10-2는 *G. pannorum* [14], DK10-3는 *P. allii* [15], DK10-16는 *O. setacea* [16], DK10-17는 *N. javaensis* [17], DK10-300는 *P. chermesinum* [18]로 각각 동정하였다(Fig. 4).

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

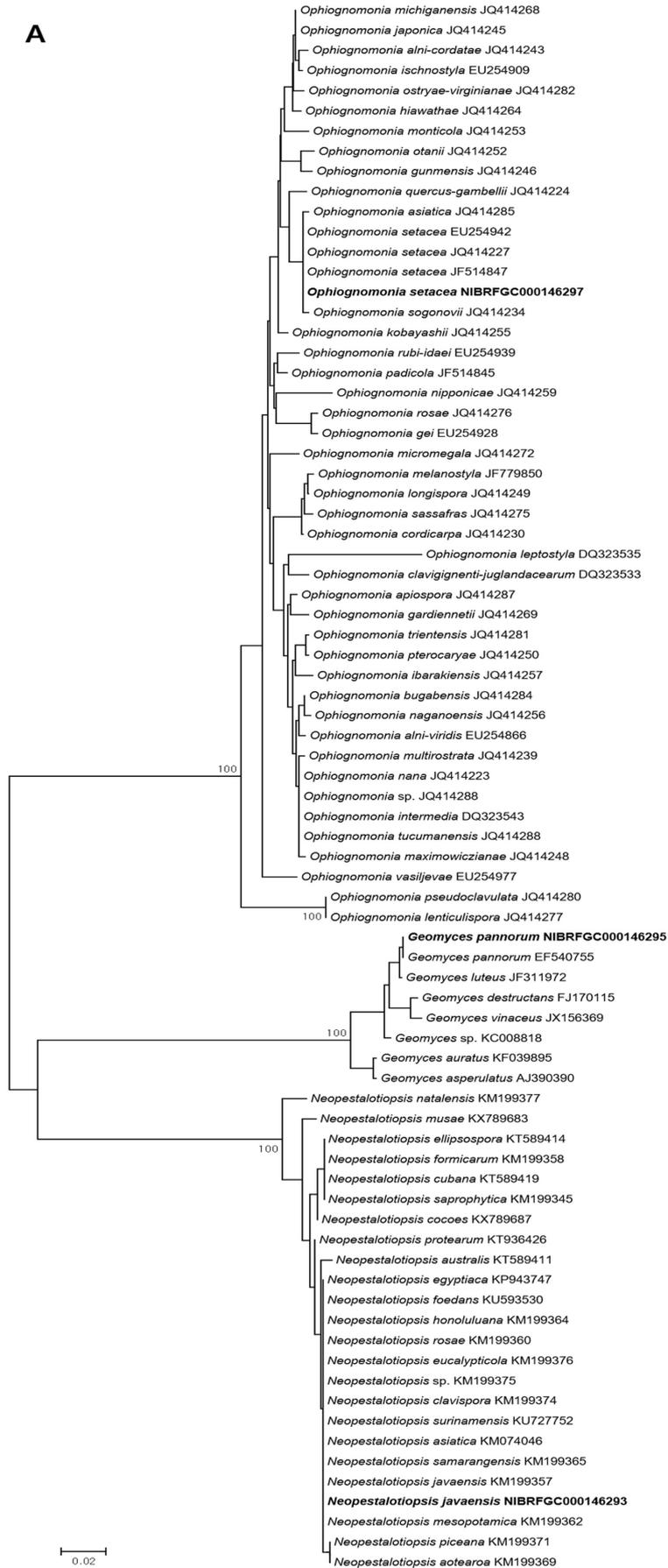
Isolates /plant material/ reference species	Color	Shape	Diameter size (μm)
DK10-2/sweet potato	grey or ivory	obovoidal	1~1.2 × 0.5~1
<i>Geomyces pannorum</i> [14]	grey, brown	obovoidal, ellipsoidal	3~6 × 2.3~2.5
DK10-3/garlic	yellow to green	globose	1.5~2 × 2~2.5
<i>Penicillium allii</i> [15]	greyish green	globose	6.5~11 × 2.8~3.2
DK10-16/pinewood chip	grey to white	ellipsoidal	7.2~7.5 × 2~2.1
<i>Ophiognomonina setacea</i> [16]	dark brown or black	ellipsoidal	11.5~12.9 × 2~2.3
DK10-17/ pinewood chip	ivory	clavate	3~12 × 2~7
<i>Neopestalotiopsis javaensis</i> [17]	dark brown to black	globose to clavate	5~25 × 3~10
DK10-300/mushroom media	gray green, pink pigment	short branches, globose	1~2 × 1.5~2
<i>Penicillium chermesinum</i> [18]	light yellow to flesh or clay colors	short branches, globose	6~8 × 2~2.5

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

Isolates	Nucleotide sequence	GenBank accession No.	The closest taxa in GenBank	Identity (%)
DK10-2	ITS rDNA	KX982663	<i>Geomyces pannorum</i>	100
DK10-3	Calmodulin gene	KY010685	<i>Penicillium allii</i>	100
DK10-16	ITS rDNA	KX982661	<i>Ophiognomonina setacea</i>	100
DK10-17	ITS rDNA	KX982662	<i>Neopestalotiopsis javaensis</i>	100
DK10-300	Calmodulin gene	KY010686	<i>Penicillium chermesinum</i>	100

ITS, internal transcribed spacer.

A



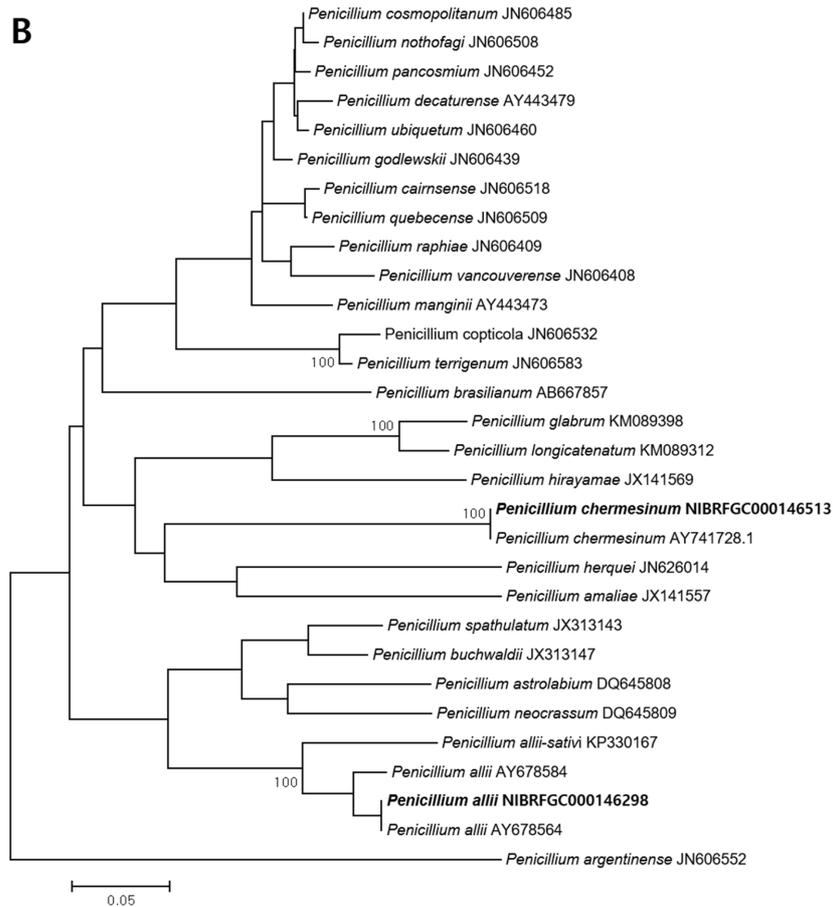


Fig. 4. Phylogenetic relationships of the five fungal isolates inferred by the neighbor joining analysis based on the internal transcribed spacer rDNA (A) or the calmodulin gene (B) sequences. DK10-2 (NIBRFGC000146295), DK10-3 (NIBRFGC000146298), DK10-16 (NIBRFGC000146297), DK10-17 (NIBRFGC000146293), and DK10-300 (NIBRFGC000146513), were in bold. Bootstrap values are given above/below the node.

동정된 균들은 문헌 검색 결과 국내 미기록 종이였다. 동정된 균주의 생체시료는 국립생물자원관에 기탁하여 DK10-2는 NIBRFGC000146295, DK10-3는 NIBRFGC000146298, DK10-16는 NIBRFGC000146297, DK10-17는 NIBRFGC000146293, DK10-300는 NIBRFGC000146513으로 기탁번호를 각각 부여 받았다. 이들 균주의 분석된 ITS 및 calmodulin gene 염기서열은 NCBI의 GenBank DNA database에 등록하였고 등록번호는 Table 2에 제시하였다.

*Geomyces pannorum*는 토양이나 공기에서 종종 분리되는 주로 사물영양성 분해균이다[19]. 본 연구에서는 한국 사람들이 즐겨먹는 식용의 찐고구마에서 분리되어 부생의 오염균으로 생각된다. 그러나 매우 드물지만 동물 또는 식물, 인체의 손톱이나 피부에 병을 일으키는 것으로 보고되어 있기 때문에 향후 균 특성에 대해서는 좀 더 연구가 필요하다고 생각된다[19]. *Penicillium allii*는 2006년 노지에서 재배 중인 마늘에 병을 일으키는 균으로 보고되었는데 세계 마늘 2대 생산국인 아르헨티나의 마늘 재배지에서 푸른곰팡이병이 발생하여 분리한 결과, *P. allii*로 동정되었다[20]. 이

번 연구에서는 저장마늘에서 분리하였기에 마늘에서 나타나게 된 원인이 마늘 재배 중 감염되어 저장기간까지 잠복하여 나타나게 되었는지 아니면 저장기간 중 오염되어 나타나게 되었는지 알 필요가 있다. 따라서 병원성을 나타내는 식물병원균인지에 대한 검토가 차후 이루어져야 할 것이다. 한편 Singh et al. [21]은 *P. chermesinum*에서 phospholipase A2의 새로운 억제제인 plastatin과 luteosporin을 발효를 통하여 생산하였다. 뿐만 아니라 *A. niger*와 같이 배양하면 flavanone을 생산한다고 알려져 이 균은 산업적 활용 가치가 있는 균으로 생각된다[22]. 소나무재선충병에 감염된 목재칩에서 분리된 *Ophiognomonina setacea*와 *Neopestalotiopsis javaensis*에 대한 정보는 아직 균학적으로 분류 특성 이외에는 알려진 바가 없다. 따라서 소나무재선충과의 상호작용이 있는지 이 또한 향후 검토가 필요하다. 이상의 문헌 조사에 의거하여 볼 때 본 연구에서 분리된 5개 균주는 국내 자원으로서는 이용 가치가 있다고 판단되며 앞으로 그 특성에 대한 추가적인 검토가 필요한 것으로 결론지었다.

적 요

2015년 찢고구마, 저장 마늘, 소나무재선충병에 감염된 목재칩, 버섯재배 배지용 농업부산물 등의 식물재료로부터 진균을 조사하던 중 5종의 진균을 분리하고 동정하였다. 본 논문에서는 동정된 *Geomyces pannorum*, *Neopestalotiopsis javaensis*, *Ophiognomonina setacea*, *Penicillium allii*, *Penicillium chermesinum* 등 5종 진균을 국내 미기록 진균으로 보고하고자 한다. 이들 미기록 균류에 대한 배양 배지에서 집락 형성 특성과 광학현미경 관찰을 의한 미세구조 특성, 그리고 internal transcribed spacer (ITS) rDNA region 또는 calmodulin 유전자 염기서열에 기반한 분자계통학적 관계에 대해 기술하였다.

Acknowledgements

This work was carried out with the support of the Project on Survey and Discovery of Indigenous Species of Korea funded by NIBR of Ministry of Environment (MOE) and Cooperative Research Program for Agriculture Science & Technology Development (PJ011125062016), Rural Development Administration, Republic of Korea.

REFERENCES

- Ha BS, Ko SC, Jo AR, Kim SR, Kim SW, Ro HS. Microbial diversity inside ancient tombs and burial accessories from Gaya Age. *Kor J Mycol* 2013;41:67-73.
- Park JE, Jeon YJ, Kim JH, Kim SH. Isolation and identification of filamentous fungi from indoor air of a Sogokju traditional rice wine factory. *Kor J Mycol* 2008;36:1-8.
- Hong SB, Kim DH, Kim SH, Bang N, Kwon SW. Identification of black *Aspergillus* strains isolated from Meju. *Kor J Mycol* 2013;41:132-5.
- Kim JH, Kim SC, Cheong SS, Choi KH, Kim DY, Shim HS, Lee WH. Stem rot of sweet potato (*Ipomoea batatas*) caused by *Sclerotium rolfsii* in Korea. *Res Plant Dis* 2013;19:118-20.
- You OJ, Lee YH, Jin YD, Kim JB, Hwang SG, Han SH, Kim JE. Antifungal activity of pesticides to control dry rot and blue mold during garlic storage. *Korean J Pestic Sci* 2007;11:331-8.
- Jung J, Han H, Ryu SH, Kim W. Microsatellite variation in the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner and Buhner) Nickle in South Korea. *Genes Genomics*. 2010; 32:151-8.
- Hyun MW, Kim JH, Suh DY, Lee SK, Kim SH. Fungi isolated from pine wood nematode, its vector Japanese pine sawyer, and the nematode-infected Japanese black pine wood in Korea. *Mycobiology* 2007;35:159-61.
- 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, Filipiński 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.
- Sigler L, Carmichael JW. Taxonomy of *Malbranchea* and some other Hyphomycetes with arthroconidia. *Mycotaxon* 1976;4: 349-488.
- Vincent MA, Pitt JI. *Penicillium allii*, a new species from Egyptian garlic. *Mycologia* 1989;81:300-3.
- Sogonov MV, Castlebury LA, Rossman AY, Farr DF, White JF. The type species of the genus *Gnomonia*, *G. gnomon*, and the closely related *G. setacea*. *Sydowia* 2005;57:102-20.
- Maharachchikumbura SS, Hyde KD, Groenewald JZ, Xu J, Crous PW. *Pestalotiopsis* revisited. *Stud Mycol* 2014;79:121-86.
- Biourge P. Les moisissures du groupe *Penicillium* Link: étude monographique. Leuven: L'Universite De Louvain; 1923.
- Gianni C, Caretta G, Romano C. Skin infection due to *Geomyces pannorum* var. *pannorum*. *Mycoses* 2003;46:430-2.
- Valdez JG, Makuch MA, Ordovini AF, Masuelli RW, Overy DP, Piccolo RJ. First report of *Penicillium allii* as a field pathogen of garlic (*Allium sativum*). *New Dis Rep* 2006;13:4.
- Singh PD, Johnson JH, Aklonis CA, Bush K, Fisher SM, O'Sullivan J. Two new inhibitors of phospholipase A₂ produced by *Penicillium chermesinum*. Taxonomy, fermentation, isolation structure determination and biological properties. *J Antibiot (Tokyo)* 1985;38:706-12.
- Kostrzewa-Suslow E, Dmochowska-Gładysz J, Białoska A, Ciunik Z. Microbial transformations of flavanone by *Aspergillus niger* and *Penicillium chermesinum* cultures. *J Mol Catal B Enzym* 2008;52-53:34-9.