

YM

现代 微生物学进展

主编 彭珍荣 副主编 陶涛 卫扬保

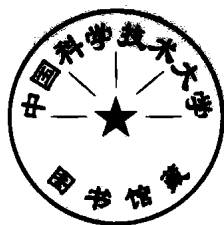


武汉大学出版社

093-53

现代微生物学进展

主 编 彭珍荣
副主编 陶 涛
卫扬保



武汉大学出版社

(鄂)新登字 09 号

图书在版编目(CIP)数据

现代微生物学进展/彭珍荣主编;陶涛,卫扬保副主编·—武汉:
武汉大学出版社,1995.6

ISBN 7-307-01900-0

I. 现…

II. ①彭… ②陶… ③卫…

III. 微生物学—进展—现代—论文集

IV. Q93—53

武汉大学出版社出版发行

(430072 武昌 珞珈山)

武汉市汉桥印刷厂印刷

1995年6月第1版 1995年6月第1次印刷

开本:850×1168 1/32 印张:11.875

字数:305千字 印数:1—1000

ISBN 7-307-01900-0/Q·19 定价:11.80元

前 言

受中国微生物学会基础微生物学专业委员会的委托，首届全国青年微生物学工作者学术研讨会于 1992 年 11 月 20~22 日在武汉大学举行。会议共收到学术论文 231 篇，会议期间进行了大会学术论文报告和小组学术交流。会议开得紧张热烈，很成功。它反映了我国青年微生物学工作者正在继承和发扬老一辈学者的艰苦奋斗、辛勤耕耘、勇于创新的光荣传统和严谨学风，是第一次对我国青年微生物学工作者的检阅。通过这次盛会不仅进行了学术交流和合作，相互学习和了解，而且新、老朋友，青、老专家增进了友谊，团结一致，携手共进，这对我国微生物学的发展，尤其是对青年人才的培养有着重要而深远的意义。

为了便于进行学术交流，会前曾编辑出版了“首届全国青年微生物学工作者学术研讨会论文摘要集”。会后，许多学者，特别是青年同志，强烈要求选择部分论文全文刊出，以更利于相互交流和学习，这也是巩固“首届全国青年微生物学工作者学术讨论会”成果的好措施。为此，我们征集了学术研讨会中交流的部分论文和少数尚未交流的论文，编辑成“现代微生物学进展”一书。本书分综述论文和研究论文两部分，其内容几乎遍及微生物学各个领域的国内外研究动态和进展，尤其是以我国一批青年微生物学工作者在实验条件很差的情况下所取得的丰硕研究成果为其重要内容，更显得可喜可贵。这不仅使读者得以扩大知识面，及时获得有关信息，而且对我们微生物工作者是鼓励、鞭策和促进。

微生物学曾为生命科学作出巨大贡献，生物科学的重大发现

和理论，许多都是首先在微生物学中得到突破和证实的，一直处于生命科学研究的前沿。而且，微生物的应用，已继动、植物产业之后，成为重要的微生物产业，是生物学的三大支柱之一。21世纪生命科学将成为自然学科的带头学科之一，微生物学无疑仍将起着重要作用。微生物学大有可为，希望寄托于青年微生物学工作者，我们甘作人梯，深信我国青年发扬中华民族的美德，定能攀登上微生物学的高峰。

本书在出版过程中陶涛、卫扬保、黄汉平同志做了大量的工作，同时也得到了多方面的帮助，王莉娟同志绘制了全部插图，武汉大学生命科学学院微生物学和免疫学系给予了大力支持，十分感谢。由于征稿不够全面、周到，编辑时间仓促，问题、缺点甚至错误都会出现，敬请指教、斧正。

彭珍荣

1994年5月于珞珈山

目 录

计算机与微生物学的发展.....	(1)
食用菌及食用菌分类的研究进展.....	(8)
微生物混合生长的类型及其优势	(18)
微生物原生质体融合及遗传标记问题	(23)
智能生物材料——细菌视紫质分子研究进展	(30)
微生物菊粉酶的研究进展	(42)
谷氨酰胺合成酶的研究进展	(51)
嗜热细菌产蛋白酶的研究现状	(61)
趋磁细菌研究进展	(70)
趋磁细菌磁小体研究现状	(85)
极端嗜盐菌的结构与功能、进化和嗜盐的分子基础	(93)
极端嗜盐菌的基因分子生物学特性.....	(103)
极端嗜盐菌的遗传因子及其遗传转化系统的建立.....	(113)
水环境病毒研究动向.....	(131)
人类新型疱疹病毒研究进展.....	(136)
草鱼出血病研究进展.....	(150)
一种新的检测饮用水中大肠菌群和大肠埃希氏菌 的方法.....	(160)
环境中细菌生理类群的研究及其意义.....	(168)
神农架林区和自然保护区放线菌资源调查 (一)	(180)
武汉东湖紫色非硫细菌的分布及数量的周年动态.....	(190)
中国土著大豆根瘤菌血清类群及其分布的初步调查.....	(198)
新疆根瘤菌及其共生固氮抗逆性研究.....	(206)
果胶细菌诱导根瘤菌进入油菜根系结瘤的研究.....	(221)

大肠杆菌中心钠素融合蛋白保护肽的设计研究·····	(228)
培养基组成对斜卧青霉 JU-A10 菌株产酶和孢子产生 的影响·····	(237)
土曲霉金色变种 AT8951 菊粉酶的研究·····	(245)
纤维素分解菌黑曲霉 C ₆ 的诱变育种和产酶条件 的研究·····	(254)
氨基糖利用菌的筛选及生长特性的研究·····	(261)
深层发酵法生产普鲁兰多糖的研究·····	(271)
玉米黄浆废液的单细胞蛋白研究·····	(283)
山苍子油抗金黄色葡萄球菌的细胞动力学研究·····	(291)
采用共价结合的 L-B 膜技术制备细菌视紫质分子薄膜及 其光电特性研究·····	(298)
金针菇原生质体制备、再生及紫外线灭活研究·····	(304)
抗体在病毒感染细胞表面的活性效应·····	(311)
广州郊区芜青花叶病毒芜青株系生化性质的 研究 (一) ·····	(318)
微生物学在抗生素的人体生物利用度和药代动力学研究中 的应用·····	(327)
用高效液相色谱法测定酵母浸出粉中 B 族维生素 的方法·····	(331)
草鱼出血病病毒高渗浸泡感染稀有鮎鲫方法的研究·····	(344)
EB 病毒体外转化 B 淋巴细胞的研究 ·····	(350)
原生质体融合中亲株标记的选择与应用·····	(356)
产 L-Dopa 的嗜麦芽假单胞菌的固定化 ·····	(364)

计算机与微生物学的发展

王戈林

(武汉大学生命科学院 武汉)

现代微生物学的发展正处于从定性到定量的转化阶段。计算机技术由于具有其他技术无法比拟的优越性,在这一转化中起到相当的推动作用。21 世纪将是计算机科学与生物学大发展和作为带头学科的时代,二者的有力结合,将开辟更广阔的前景。

一、微生物资源的开发利用

微生物生长、繁殖过程中表现出无数种状态(包括宏观状态和微观状态),这些状态构成的信息由数字、字母和符号代表,即为数据。微生物信息处理就是对这些数据进行收集、传递、存储和加工的过程。通过对微生物众多信息处理,可找到它们的内在联系和规律性,更充分地开发和利用微生物这一类天然资源,尽量减少它们对人类的危害。

世界微生物数据中心(WDC)是微生物数据存储、检索和分析中心,已实现了菌种保藏日常工作的自动化,并于 1982 年出版了用计算机编辑的第二版《世界菌种保藏目录》,1986 年又出版了第三版。目前,WDC 保存了世界上 56 个国家 327 个保藏单位的生物资源数据,范围遍及细菌、酵母、真菌、藻类、地衣类、原生动物、细胞培养物、动植物病毒、细菌病毒、昆虫病毒等。

中国微生物资源数据库(MRDC)^[1]于 1991 年 1 月通过技术鉴定。该库包括微生物性状库、微生物产品市场信息库、微生物名称库、微生物名词库、国际交流用 RKC 代码库和一个微生物学数值分类软件包 MINTS。数据库中的数据全部是与微生物学家

目前正在研究开发的微生物资源有关的数据，每条记录的信息都与一个活菌种相对应。此数据库的建立和扩展必将大大提高我国微生物菌株数据的保存质量，促进微生物资源共享，提高我国微生物菌种保藏质量，进一步促进微生物资源的开发利用。

另一方面，微生物工作者还致力于建立关于某种微生物特性的小数据库。K. L. Brown 等^[2]用计算机数据文件存储细菌孢子抗热性数据，包括孢子形成、孢子回复、不同温度下的存活时间。数据文件在 VAX11/750 计算机上用 Minitab 和一检索程序操作，能快速操作和分析大量有关细菌孢子热抗性的信息。

二、细菌的分类鉴定

计算机在微生物学中首先被用于细菌鉴定^[3]。实用效果最佳的是概率鉴定法，已广泛应用于自动诊断装置中。这种方法的特点是快速、价廉、可靠。

C. Geary 等^[4]建立了鉴定从人身上分离的链球菌的数据库。这一数据库的建立是从 225 株参考菌株和 1567 个临床分离物中得到的，包括 15 项传统特性试验和一多点接种系统，用数据库的概率检索，临床分离到的 559 株菌中有 529 株（94.6%）鉴定到种的水平。B. Doering 等^[5]用计算机鉴定肉和肉产品上的乳酸菌，用概率矩阵法计算未知菌株对每一参考种的概率，并提供对每一参考种每一特性的阳性结果的概率加权值，“鉴定分数”用 SPSS[®] 软件在 BS2000 型 Simens 计算机上计算得到，他们对 176 株菌进行传统的二叉式检索，并在计算机程序 CIBAC 帮助下，得到 98% 的一致性。

计算机辅助的鉴定系统对有关种特性试验结果的数据库要求很高。现在许多鉴定数据库质量不高的原因是库中包括了一些不属于该分类群的无关菌株。一个好的方法是按某种客观标准将与该分类群特性相差很远的菌株排除出去。C. D. Langham 等^[6]开发了一计算机程序 OUTLIER 来检出被测菌群中的无关菌株，此程序能提供菌株累积数对菌株距分类群中心距离的曲线，这一距离

与菌株是否属于该分类群相关，若一菌株离分离群中心很远，就不可能属于该分类群，这就是可能性的客观试验标准。从曲线看，菌株数据符合卡方分布。这一程序便于在建立数据库时，将畸形菌株鉴定出并排除掉。

近年来，各种各样自动化、计算机化的微生物鉴检装置不断推陈出新。在美国国际工业和宇航技术中占有重要地位的麦克唐纳·道格拉斯公司推出 Vitek 系列化的微生物自动检验和免疫诊断系统^[3]，其代表作是 Vitek AMS (Auto Microbio System)，是用计算机对微生物生长全过程中的物理信息和化学信息的综合处理器，它的最大优点是一台仪器能分别或同时完成临床标本中微生物的诊断、计数、鉴定或药敏试验等；瑞典 Basel 公司的 COBAS MICRO 仪器也是同一类的半自动化系统；惠普公司还成立了 HP-Genechem 公司，加紧研制免疫诊断、微生物发酵过程的计算机监检系统。

再者，微量鉴检系统 (microsystem) 以成本低廉，使用方便而受到大力推广，这些微量鉴检系统配以计算机，已商品化生产。厌氧菌鉴定系统^[7]分为两类：依赖于细菌生长和不依赖于细菌生长。前者包括 Anaerobe-Tek (A/T) 系统、API-20A 系统、Minitek 系统和 Anaerobe Combo Panel 等；后者包括 RapID-ANA 系统、An-Ident 系统。

数值分类法使微生物分类工作定量化、数字化，但需进行大量计算，计算机的协助^[3]使数值分类达到自动化、客观化。

三、发酵过程控制

计算机技术在自动控制领域的应用越来越显示出优越性，尤其是近年来单片机及 STD 总线模板的普及和完善，其可靠性和灵活性更高。在自动控制系统中，计算机处理是一个“信息处理”环节，通过对预定数学模型的计算，实现对系统的控制，自动发酵罐即是一例。

计算机应用在发酵过程上主要面临四大任务——数据管理、

生物物料平衡、能源管理和过程优化控制。数据管理指生化参数的获得、比较、运算和贮存，过程的优化控制指对补料系统、搅拌系统和尾气系统的控制。随着计算机技术的发展，缺乏合适的发酵重要中间参数的探测传感器已不是对发酵过程实施最优控制的障碍。人们将监测发酵系统直接参数的传感器与计算机相连，根据在线 (on-line) 测得的各种参数和特定数学模型，迅速分析整理求得一系列重要参数。

在大规模生化反应器的洁霉素发酵过程^[8]中，由上位机的 PS/2 Model 80 和从 Pro-log 公司引进的下位机 STDps1.22 组成二级计算机控制系统，不仅能稳定参数，而且始终使微生物菌体代谢处于半饥饿状态，从而达到最大限度地分泌洁霉素。

在次级代谢物发酵中，生长的最适 pH 与产物合成的最适 pH 有很大区别。计算机能通过对细菌生理过程的模拟和对数学模型的计算，找到最适发酵条件。Z. Chu 等^[9]在研究头孢菌素 C 发酵过程中，建立了细胞生长动力学模型，利用计算机解决数学模型的非线性回归问题，同时在计算机上用典型回归方法处理数据得到相关函数，制成轮廓图，从轮廓图上可知得到最高产物的最适发酵条件。H. E. Klei 等^[10]将一软件——BPS 模拟程序用在 IBM 个人机上，用生化过程模拟器模拟出各种游离或固定化生化反应器尺寸，并进行放大，此软件对生化产品发酵过程的具体数学模拟很有用。

此外，计算机还能很好地完成灭菌、培养基配制、装罐、接种、取样、放罐、后处理等顺序操作。随着计算机价格的下降，计算机已在发酵研究中得到普及。

四、图像分析

用计算机进行图像分析能将图像的特征抽提出来，显示图像所反映的真实情况，也可完成图像存储、显示等操作，从而提高生物图片的清晰度。

计算机图像分析包括图像捕获和增强、分节、实物测定、测

量和分析。安装在显微镜上的照像机可完成图像捕获,经过计算机将空间、色调进行数字转换、产生像素排列。捕获的图像可用计算机显像装置增强,提高清晰度。J. R. Lawrence 等^[11]用计算机增强的暗视野显微镜对细菌在表面的生长和行为进行定量分析。他们开发了一计算机图像分析程序 IBAS2000,利用单个或多个图像入口、差分图像、图像平均和大小形状等因素来完成暗视野显像的分析,使生长在表面微环境的细菌的菌落动力学、细菌生长速率、运动速率等得到定量,弥补了暗视野显微镜放大倍数低的弱点。

丝状菌的形态学测定在抗生素发酵的工艺设计和操作中很重要。大多抗生素发酵中,菌丝缠结使发酵液高度粘稠而成为非牛顿流体,带来热质传递问题。有人用光学显微镜与电子数字转换器相连进行丝状菌形态学特征研究,但这种方法劳动强度大、操作要求高,难以自动化。H. L. Adams 等^[12]用计算机自动图像分析法进行丝状菌的形态测定,将所获图像进行加工,使所需区域从背景中突出出来并骨架化,再对每一分析区域进行数据储存、测量和统计分析等处理。这种方法能快速测定大量菌丝体,对丝状菌的发酵研究很有意义。

由此看来,计算机和显微技术的结合已显示出强大生命力。计算机图像分析还应用于菌落和噬菌斑计数、颗粒大小及分布测定、抗生素和维生素分析等方面。J. Sjollem^[13]用自动图像分析法快速进行流动室附着细菌的计数。J. Bloem 等^[14]也开发一个 GWBASIC 程序在 MS-DOS 下的个人机上操作,能快速进行土壤涂片的显微计数,并计算种群富集度,避免了传统直接显微点计数法费力但效率不高的缺点。抗生素的最小抑制浓度(MIC)常用琼脂扩散法测定抑菌圈大小而确定。T. E. Awkebuech 等^[15]根据有关抑菌圈的数学公式,用计算机代替人工测量抑菌圈的直径及结果计算,使琼脂扩散法能直接确定 MIC,对抗生素效价和抗菌素敏感性试验很有效。生物素分析常用微生物比浊法测定,操作繁

琐, 条件不易控制, 结果往往不稳定。鄂超苏等^[16]建立了一套生物素快速平板测定法, 利用计算机处理结果, 给出标准曲线的线性方程及其相关系数, 算出每个样品中生物素的浓度。这一方法省时、简便、准确。现有判断免疫荧光显微反应的滴定终点仅凭观察者肉眼用阴阳性水平表示, 结果常因反应物、观察者、仪器的差异而变化。D. S. Kaplan 等^[17]发展了一种可靠的定量方法, 用显微镜对载玻片表面的荧光物进行光度测量, 计算机控制显微镜光度计将光强转化为电压, 从而用客观定量的方法取代了主观的滴定终点法。

五、其它

计算机已开始应用于分子生物学。在建立基因文库设计克隆数时, 必须保证选择的克隆数足够大。M. Veiga 等^[18]的GWBASIC程序能在 IBM AT 计算机上计算一完整基因在一个或多个给定克隆数中的概率, 并能显示包含某完整基因克隆数的概率分布图(泊松分布), 得到最大概率值。以分子生物学为基础的生物技术专家系统也已问世。

现代微生物学的发展中遇到的计算问题越来越多, 计算机不仅能进行简单的数值计算, 而且能对数据进行综合分析和加工, 自动提供处理结果。J. M. Lacroix 等^[19]通过微机的 Pascal 系统计算不同生态点微生物群落的优势度及其标准偏差, 对微生物群落进行统计分析, 对大范围的细菌生理分布的环境学研究很有用。V. Furst 等^[20]将电泳后的干胶用 Ambis Beta 扫描仪探测得到原数据后再用计算机对这些数据进行分析, 得到相应微生物的“指纹”。电泳分析的自动化, 也使之更加定量化。

微生物学文献涉及面广, 分散在许多邻近学科期刊中, 给传统的手工查阅文献、搜集情报带来很大困难。近来发展的国际联机情报检索(International On-Line Information Retrieval)^[21], 可以很好克服这个问题。它利用检索终端, 通过卫星通讯网络与地球上任何地方与之相联系的情报检索系统联机, 运用一些特定的

指令和检索策略与检索系统的电脑进行“人机对话”，具有检索范围广泛而深入，查找快速的特点。最大的检索系统是美国 Lockheed 公司的 DIALOG 系统。现在，联机检索终端已普及到我国许多省会城市和大型图书情报单位，可以提供联机情报检索服务。

综上所述，计算机技术的应用和发展，为推动微生物学产生新的突破创造了条件。

参 考 文 献

- [1] 梅丽文. 微生物学通报, 1991, 18: 120—121.
- [2] Brown KL, J. Appl. Bacteriol., 1988, 65: 49—54.
- [3] 彭珍荣. 微生物学技术. 武汉: 武汉大学出版社, 1986.
- [4] Geary C. Clin. Pathol., 1989, 42: 289—294.
- [5] Doering B. Syst. Appl. Microbiol., 1988, 11: 67—74.
- [6] Langham C D. J. Appl. Bacteriol., 1989, 66: 339—352.
- [7] 何道生. 微生物学通报, 1990, 17: 214—217.
- [8] 徐川育. 计算机时代, 1991, 2: 1—4.
- [9] Chu Z. Biotechnol. & Bioeng., 1988, 32: 277—288.
- [10] Klei HE. in Biotechnology: Scale-up and Mixing, 185—199, 1987.
- [11] Lawrence J R. J. Microbiol. Methods, 1989, 10: 123—138.
- [12] Adams HL. Biotechnol. & Bioeng., 1988, 32: 707—712.
- [13] Sjollem J. J. Microbiol. Methods, 1989, 9: 73—78.
- [14] Bloem J. J. Microbiol. Methods, 1992, 16: 203—213.
- [15] Awebuch TE. J. Microbiol. Methods, 1989, 9: 1—7.
- [16] 鄂超苏等. 微生物学报, 1993, 33: 157—160.
- [17] Kaplan DS. J. Clin. Microbiol., 1989, 27: 442—447.
- [18] Veiga M. J. Microbiol. Methods, 1992, 16: 23—32.
- [19] Lacroix JM. CABIOS, 1987, 3: 309—312.
- [20] Furst V. J. Microbiol. Methods, 1992, 15: 327—335.
- [21] 方善康. 微生物学通报, 1988, 15: 234—235.

食用菌及食用菌分类的研究进展

但汉斌 杨文博

(南开大学微生物系 天津)

食用菌作为人类生存的普通食物可以认为比栽培植物的出现具有更为久远的历史。因为在人类学会根据自己的需要栽培谷物、饲养动物之前,其食物的主要来源,只能是捕捉猎物、采摘野菜、野果或采食野生的食用菌。在几千年漫长的岁月中,人们一直食用营养丰富的香菇、美味牛肝菌、口蘑等食用菌,却没有真正去研究它们。

食用菌作为一门学科的建立应该说始于19世纪初期,而对食用菌生物学特性和人工栽培的系统研究只是在本世纪才开始进行。限于篇幅,本文拟对食用菌这一名称的起源、发展以及食用菌的分类系统作一简单的介绍并提出几点拙见与同行们共同切磋。

一、食用菌名称的起源及发展

在我国,近代食用菌这一名称的最早提出者应当首推我国著名的食用菌专家杨新美教授。早在1934年他以史么山署名出版的《食用菌栽培法》一书^[1]中提出的“可食真菌”(英译为edible fungi)即是今天普遍使用的“食用菌”名称的早期概念。时至今日,食用菌名称的概念已随着科学研究的发展逐步外延扩展到包括可食、不可食、及有毒的大型真菌这一广义的范围了。

追溯历史,在中国古代著作中出现的许多称谓均指食用菌^[2,3],它们或者代表某一种食用菌,或者代表某一类食用菌,如:“栲”、“栲”、“栲”、“栲”均为木耳的别名;“芝”在《本草纲目·菜

部五·芝》中指土壤中生长的菌类；“菌”、“芝”在许慎《说文》中指地上生长的菌类，又称“土菌”、“地蕈”；据陈士瑜先生^[1]考证，这一类古代称谓共有 50 多个。许多称谓一直沿用至今，如“菌”、“蕈”、“菇”、“枹”、“芝”等，其中某些称谓在日本语中也被广泛采用。事实上如今的食用菌正是蕈菌、枹、芝、菇等的总称。

何谓食用菌？研究者们有不同的理解和定义。如果单从字面上理解，它就是可食真菌（edible fungi），但是人们并不把食用酵母菌或食用真菌蛋白（如镰刀菌菌体）放在食用菌的研究范围之内。对食用菌的理解至少应该是指具有大型子实体的一类真菌。食用菌是否一定可以食用？从目前的研究中不难看出，所谓“食用菌研究”，既包括了对可食的，也包括了对不可食或有毒的大型真菌的研究，所以笔者认为，“食用菌”是否可以作如下定义：

食用菌是指在某一生活时期，个体的某些部位可食，或经处理后可以食用的一类大型真菌；在分类上，食用菌隶属于子囊菌和担子菌的范畴，广义的食用菌还应包括不可食的大型真菌和有毒的大型真菌。

上述定义既规定了狭义的食用菌类群，也提出了广义的食用菌范畴，在定义的前半部用“某一生活时期”、“个体的某些部位”、“经处理后”来界定食用菌“可食”的严格范围，即食用菌的可食并不是指食用菌生活周期中的任何一个时期均可食；也不表明食用菌的整个个体都可食；同时，也不意味着任何可食的食用菌通过简单的处理（如水煮、煎、炒）就完全可食。当然，某些食用菌的“可食”要求并不严格，如人工栽培的二孢蘑菇（*Agaricus bisporus*）或平菇（*Pleurotus spp.*），只要子实体不是太老，不论用何种烹饪方法处理，它们的整个子实体均可成为美味的食品。但有的“食用菌”的“可食”却要求得很严格，如鬼伞类（*Coprinus*）食用菌，它们的子实体在幼时美味，成熟后却有毒；竹荪类（*Dictyophora*）食用菌仅菌柄和菌裙可食，它的菌盖和菌

托有臭味，不宜食用。定义的后半部分扩大了食用菌的研究范围，因为对不可食的大型真菌和有毒大型真菌的研究不论是对这类真菌生物学特性的探讨还是资源的开发利用均是有裨益的。

食用菌的英文翻译，我国学者一般采用 edible fungi，如国内的两种食用菌杂志《食用菌》译为《Edible Fungi》，《中国食用菌》译为《Edible Fungi of China》。一般中国大陆学者发表的英文文献中也均以 edible fungi 称谓食用菌。而欧美学者一般用 mushroom 表示食用菌。比如美国的食用菌研究所，英文为 American Mushroom Institute，《食用菌通报》（美）英文为《Mushroom News》。国内常把 mushroom 译为“蘑菇”，如上述的《Mushroom News》有人译为《蘑菇通报》，作者认为这种译法并不贴切。在国外，mushroom 一词的起源及发展与汉语“食用菌”一样源远流长，它的原始概念确实对应于我国传统观念上的蘑菇——圆圆的菌盖，粗实的菌柄，此外 mushroom 还有生长迅速之意^[4]。如原子弹爆炸后形成的 mushroom clouds 叫蘑菇云；形容事物发展迅速称为 mushroom growth（象雨后春笋般生长）。但 mushroom 一词随着研究的日益深入，研究范围的日益扩展，它早已不仅仅是指伞菌类（*Agaricales*）的蘑菇（狭义 mushroom）^[5]，还包括不可食或有毒的大型真菌（toadstool），而且尚包括那些没有菌盖或菌柄的一类奇形怪状的大型真菌。泛言之，科学研究中的 mushroom 包容了所有大型的肉质真菌^[6]。因此，笔者认为 mushroom 译为“食用菌”更科学更合理。

在汉语中，还有一个称谓与食用菌词意相当即“蕈菌”，由香港中文大学张树庭教授提议并界定与英文 mushroom 同义^[7]。在张的定义中，蕈菌按其用途被分为四大类：食用蕈菌（edible mushroom）、药用蕈菌（medical mushroom）、有毒蕈菌（poisonous mushroom）和其它蕈菌（other mushroom 这是一类功效未明的蕈菌）。其实，蕈菌一词在中国古代著作中早已出现^[2]，《本草拾遗》中说：“地生者为菌，木生者为樛，江东人呼为蕈”，所以用“蕈