# Article information:

Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 Million Species | Microbiology Spectrum
<https://journals.asm.org/doi/10.1128/microbiolspec.FUNK-0052-2016>

# Article summary:

1. 根据新的证据，全球真菌多样性的估计范围为2.2到3.8百万种。过去几十年来，新物种的描述速度没有显示出趋于饱和的迹象，并且在分子方法应用于物种界定后的2010年代甚至加快了。研究半隐蔽物种复合体中隐藏的（半）隐蔽物种识别表明，在此类研究之前和之后被认可的物种数量大致相差一个数量级。

2. 从植物：真菌比例推断出来的数据也提供了新证据，包括从环境序列研究中生成的信息，以及对同一地点进行分子和野外工作数据比较。还有一些未被发现的物种等待在热带生物多样性热点、很少被探索的栖息地（如寄生真菌）和等待研究的收藏材料中。

3. 目前已经确认的真菌物种约为12万个，这只是实际数量范围内最好情况下8%、最坏情况下3% 的命名。改进估计主要依赖于可靠统计和系统发育方法来分析不断增加的环境序列数据量。

# Article rating:

Appears moderately imbalanced: The article provides some useful information, but is missing several important points or pieces of evidence that would be required to present the discussed topics in a balanced and reliable way. You are encouraged to seek a more balanced perspective on the presented issues by exploring the provided research topics and looking at different information sources.

# Article analysis:

这篇文章主要讨论真菌的多样性问题，并提出了一个更新的全球真菌多样性估计。然而，文章存在一些潜在的偏见和问题。

首先，文章没有提供足够的证据来支持其所得出的结论。它只是引用了一些研究和数据，但没有详细说明这些数据是如何得出的，也没有提供其他可能的解释或观点。因此，读者很难确定这些估计是否可靠。

其次，文章忽略了一些重要的考虑因素。例如，它没有讨论物种定义和识别方法对估计结果的影响。不同的物种定义方法可能导致不同数量和比例的物种被识别和描述。此外，文章还未涉及到环境变化对真菌多样性的影响以及人类活动对真菌群落的破坏等问题。

此外，文章中存在一些片面报道和无根据的主张。例如，在讨论新物种描述速率时，文章声称在分子方法应用之后加速增长，但并未提供具体证据来支持这一说法。同样，在讨论植物：真菌比例时，文章只是简单地引用了几个研究，并未深入探讨这个比例如何得出以及其可靠性。

文章还存在一些缺失的考虑点。例如，它没有讨论物种灭绝和物种形成之间的平衡关系，以及如何确定一个物种是否已经被描述和命名。这些因素都可能对真菌多样性估计产生重要影响。

最后，文章没有提供足够的反驳或探索其他观点的空间。它只是简单地给出了一个估计范围，并未讨论其他可能的解释或观点。这导致读者无法全面了解真菌多样性问题的复杂性。

总之，这篇文章在讨论真菌多样性问题时存在一些潜在的偏见和问题。它没有提供足够的证据来支持其结论，并忽略了一些重要的考虑因素和其他可能的观点。因此，读者应该对其中所提出的主张保持怀疑，并进一步探索该领域中其他研究和观点。

# Topics for further research:

* 物种定义和识别方法对真菌多样性估计的影响
* 环境变化对真菌多样性的影响
* 人类活动对真菌群落的破坏
* 分子方法对新物种描述速率的影响
* 植物：真菌比例的可靠性和如何得出
* 物种灭绝和物种形成之间的平衡关系以及如何确定一个物种是否已经被描述和命名

# Report location:

<https://www.fullpicture.app/item/3d4a5a9a64f9feebc6a7c3ca124207c3>