

# 中国野生白灵菇遗传多样性的 SCoT 分析

赵梦然, 陈 强, 黄晨阳, 张金霞, 邬向丽\*

(中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 农业部农业微生物资源收集与保藏重点实验室, 北京 100081)

**摘 要:** 对来自新疆裕民、托里、青河等 3 个县的 63 株野生白灵菇 (*Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*) 的遗传多样性进行了 SCoT 分析。9 条 SCoT 引物共产生 147 条带, 多态性条带比率为 92.52%, 平均多态性条带数为 15.11。总样本的 Nei's 基因多样性指数为 0.261, Nei's 遗传一致度 0.612 ~ 0.932, 平均为 0.772, 这表明中国野生白灵菇具有丰富的遗传多样性。聚类分析和主坐标分析结果高度相似, 几乎将供试样本完全按地理分布划分为 3 大类群, 表明野生白灵菇的遗传多样性与地理分布密切相关。遗传距离分析表明, 3 个居群中, 裕民居群与托里居群的亲缘关系最近, 遗传距离为 0.086; 托里居群与青河居群的亲缘关系最远, 遗传距离为 0.156。相关性分析表明, 遗传距离与直线地理距离和经向地理距离均不存在相关性, 而与纬向地理距离存在明显的正相关关系。

**关键词:** 白灵菇; 聚类分析; 主坐标分析; 遗传距离

**中图分类号:** S 646

**文献标志码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2012) 12-2475-08

## SCoT Analysis of Genetic Polymorphism for Wild Germplasm of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* from China

ZHAO Meng-ran, CHEN Qiang, HUANG Chen-yang, ZHANG Jin-xia, and WU Xiang-li\*

(Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences; Key Laboratory of Microbial Resources, Ministry of Agriculture, Beijing 100081, China)

**Abstract:** The genetic diversity was analyzed by start codon targeted (SCoT) markers for 63 wild strains of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* collected from three counties in Xinjiang Autonomous Region, China. A total of 147 bands were generated from nine SCoT primers, of which 92.52% was polymorphic, and each primer generated 15.11 bands in average. Nei's genetic diversity index was 0.261. The similarity coefficient ranged from 0.612 to 0.932, and the average 0.772. These results revealed rich genetic diversity in the wild resources of *P. eryngii* var. *tuoliensis*. Principal coordinate analysis was identical to the cluster analysis. All the samples could be divided into three groups with their geographical origins, which indicated the genetic diversity related closely to geographical distribution for this organism. With the genetic distances assay, the genetic relationship for the samples collected from Yumin and Tuoli was the closest ( $GD = 0.086$ ) and that from Tuoli and Qinghe was the farthest ( $GD = 0.156$ ) among the three populations. Correlation analysis revealed latitude distance, rather than longitude or geographical distance, was related to genetic distance.

收稿日期: 2012-07-09; 修回日期: 2012-09-28

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项项目 (202-34)

\* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: wuxiangli088@yahoo.com.cn)

**Key words:** *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*; cluster analysis; principal coordinate analysis; genetic distance

白灵菇，学名刺芹侧耳托里变种（*Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* C. J. Mou），是刺芹侧耳（*P. eryngii*）在中国独立进化的一个分支（Kawai et al., 2008；黄晨阳 等，2011），自然分布于新疆塔城、阿尔泰等地的阿魏滩上（牟川静 等，1987），是新疆特有的野生种质资源和名贵土特产。自 20 世纪 80 年代开始在中国驯化栽培白灵菇（牟川静 等，1987），目前已经成为食用菌的重要栽培种类之一。

大型真菌子实体形态分化远不及作物或绿色植物多样，且由于其对环境条件反应极其敏感而不稳定，为遗传多样性的分析带来诸多不便。分子标记技术克服了这种不足，且不受发育时期的影响，使结果更为准确可靠，从而成为大型真菌种质资源遗传多样性研究的重要手段之一。RFLP、RAPD、ISSR、SSR 是应用最为广泛的分子标记，但是由于不能很好地与目标性状连锁，应用受到限制。随着功能基因组学研究的深入和生物信息学的发展，SCoT（start codon targeted polymorphism）等目的基因分子标记被广泛开发应用。SCoT 引物长为 18 bp，易于建立技术体系，克服了 RAPD 重复性差和 RFLP 操作繁杂的缺点，引物根据基因起始密码子侧翼序列的保守性开发而来（Joshi et al., 1997；Hawkins, 1998；Sawant et al., 1999），不需要预先得知基因组序列信息，通用性强。Collard 和 Mackill（2009）通过对 10 种基因型水稻的遗传多样性分析和对 14 个水稻回交群体的验证，证明 SCoT 标记可以检测出不同基因型水稻间的微小差异，并能准确反映供试材料间的亲缘关系。利用 SCoT 标记对不同品种的龙眼、葡萄进行遗传多样性分析表明，SCoT 标记不仅可以准确反映栽培品种间的亲缘关系，还显示出品种的地理来源（陈虎 等，2010；Guo et al., 2012）。SCoT 标记已被应用于多种植物的遗传多样性分析，但是在食用菌相关研究中还未见报道。

本研究中利用 SCoT 分子标记技术，对来自新疆裕民、托里、青河的 63 株野生白灵菇进行遗传多样性分析，为我国白灵菇野生种质的挖掘利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试菌株详见表 1，保藏于国家食用菌标准菌株库（China Center for Mushroom Spawn Standards and Control, CCMSSC）。每个采集点的采集范围均在方圆 5 km 范围内。

表 1 白灵菇供试样本及样本编号  
Table 1 The tested samples for *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* and sample number

来源 Origin	位置 Location	样本编号（CCMSSC） Sample No. (CCMSSC)
裕民 Yumin	82.92°E, 46.19°N	02253, 02482, 02485, 02486, 02491, 02492, 02493, 02495, 02496, 02497, 02499, 02502, 02503, 02505, 02506, 02507, 02510, 02511, 02514, 02517, 02518, 02519, 02520, 02591, 02592, 02593, 02598, 02599, 02601, 02602, 02603, 02605, 02607, 02608, 02610, 02614, 02618, 02619, 02633, 02635, 02636, 02637, 02639, 02640, 02644 02645, 02646, 02650, 02654, 02657, 02658, 02662, 02663
托里 Tuoli	83.56°E, 46.00°N	03229, 03230, 03234, 03235, 03286
清河 Qinghe	89.88°E, 46.60°N	00930, 00935, 00942, 00949, 03105

1.2 基因组 DNA 的提取

使用植物基因组 DNA 提取试剂盒（天根生化科技有限公司）提取 DNA，1%琼脂糖凝胶检测

DNA 质量和浓度。- 20 ℃保存备用。

1.3 SCoT 引物与扩增

引物及其序列于表 2。

扩增反应体系 20 μL，其中 dNTPs (2.5 mmol · L<sup>-1</sup>) 2 μL，引物 (0.2 mmol · L<sup>-1</sup>) 0.8 μL，10 × Buffer 2 μL，10 U · μL<sup>-1</sup> r*Taq* DNA 聚合酶 0.1 μL (TaKaRa)，DNA 模板 10 ~ 20 ng。扩增程序：94 ℃预变性 4 min；94 ℃变性 1 min，55 ℃复性 1 min，72 ℃延伸 2 min，35 个循环；最后 72 ℃ 10 min。

扩增产物经 1.2%的琼脂糖凝胶电泳检测。

表 2 用于 SCoT 分析的引物序列  
Table 2 The primers used in SCoT analyses for *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*

引物名称 Primer name	引物序列 (5' - 3') Sequence (5' - 3')
S13	ACGACATGGCGACCATCG
S14	ACGACATGGCGACCACGC
S15	ACGACATGGCGACCGCGA
S19	ACCATGGCTACCACCGGC
S27	ACCATGGCTACCACCGTG
S28	CCATGGCTACCACCGCCA
S29	CCATGGCTACCACCGGCC
S30	CCATGGCTACCACCGGCG
S31	CCATGGCTACCACCGCCT

1.4 数据分析

对 SCoT 扩增产物的电泳结果进行人工比对、校正，有条带记为 1，无条带记为 0，构建初始 0、1 数据矩阵。利用 GenAlEx 6.4 (Peakall & Smouse, 2006) 计算多态性条带数及其比率 (Percentage of polymorphic bands, *PPB*)、Nei's 基因多样性 (Nei's gene diversity, *H*)。应用 POPGENE 1.31 软件计算样本间的 Nei's 遗传一致度 (Nei's genetic identity, *GI*) 和居群间的 Nei's 遗传距离 (Nei's genetic distance, *GD*)。

使用 NTSYSpc Version 2.1 软件根据 SM 相似系数按非加权组算术平均数法 (UPGMA) 进行遗传相似性聚类。

主坐标分析 (Principal coordinate analysis, PCoA) 是用较少的主坐标对分类单元进行有效地排序并使损失的信息最小的一种分析方法，本研究采用此种方法进行样本间关系分析。使用 NTSYSpc Version 2.1 软件中的 Dcenter 程序进行 SM 系数矩阵转换，并用 Eigen 程序求特征值和特征向量进行主坐标分析，2D plot 生成主坐标图。

2 结果与分析

2.1 SCoT 标记的多态性分析

SCoT-PCR 扩增图谱清晰，稳定性较好。9 条 SCoT 引物对 63 个供试样本进行 PCR 扩增 (表 3)，共计产生 147 条带，多态性条带数为 136，多态性条带百分率为 92.52 %。不同引物扩增的多态性条带数为 11 ~ 21 条，平均每个引物产生的多态性条带为 15.11 条，多态性比率较高。引物 S28 对裕民居群部分菌株的扩增结果如图 1。

表 3 SCoT 引物扩增结果  
Table 3 The amplification results of SCoT primers for *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*

引物 Primer	扩增条带总数 Band	多态性条带数 Polymorphic band	多态性比率/% Percentage of polymorphic bands
S13	17	15	88.24
S14	21	21	100.00
S15	16	13	81.25
S19	21	20	95.21
S27	18	17	94.44
S28	12	11	91.67
S29	13	12	92.31
S30	16	16	100.00
S31	13	11	84.62
平均 Mean	16.33	15.11	
合计 Total	147	136	92.52

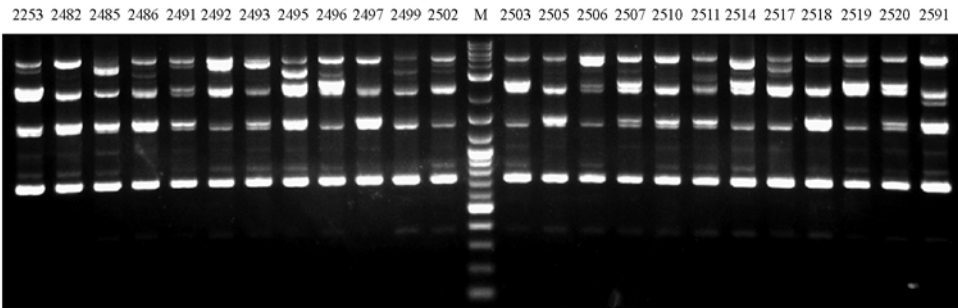


图 1 SCoT 引物 S28 对裕民居群部分菌株的扩增电泳图谱  
Fig. 1 The partial SCoT profile from S28 primer for Yumin population of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*  
M: 2-log DNA ladder.

利用显性分子标记 SCoT 进行遗传多样性分析的结果表明，总样本的 Nei's 基因多样性指数 ( $H$ ) 为 0.261。一般显性分子标记在某一位点上的理论等位基因数最多为 2，因此 Nei's 基因多样性指数的最大值为 0.5。该结果表明中国野生白灵菇的遗传多样性水平较高。

2.2 样本间遗传一致度分析

基于 SCoT 分析，供试菌株的一致度  $GI$  值 0.612 ~ 0.932，平均 0.772，表明中国野生白灵菇种质资源具有丰富的遗传多样性。在 63 个野生白灵菇样本中，两青河样本 CCMSSC 00930 和 CCMSSC 00935 之间一致度最大，为 0.932；来自裕民的样本 CCMSSC 02610 和托里的样本 CCMSSC 03286 之间一致度最小，为 0.612。这种较低的遗传一致度充分表明了不同地域样本间具有的较大遗传差异。

2.3 聚类分析和主坐标分析 (PCoA)

对 SCoT 扩增结果进行聚类分析 (图 2)，在 SM 相似系数为 0.717 的水平上，63 个供试样本几乎完全按地理分布分为 3 大组，裕民的 53 个样本聚在同组内。在相似系数为 0.780 的水平上，托里的 5 个样本聚在同组内。在相似系数 0.750 的水平上，采自青河的 CCMSSC 03105 进入托里居群，而其余 4 个青河样本自成一组。这表明野生白灵菇的遗传多样性与地理分布密切相关。

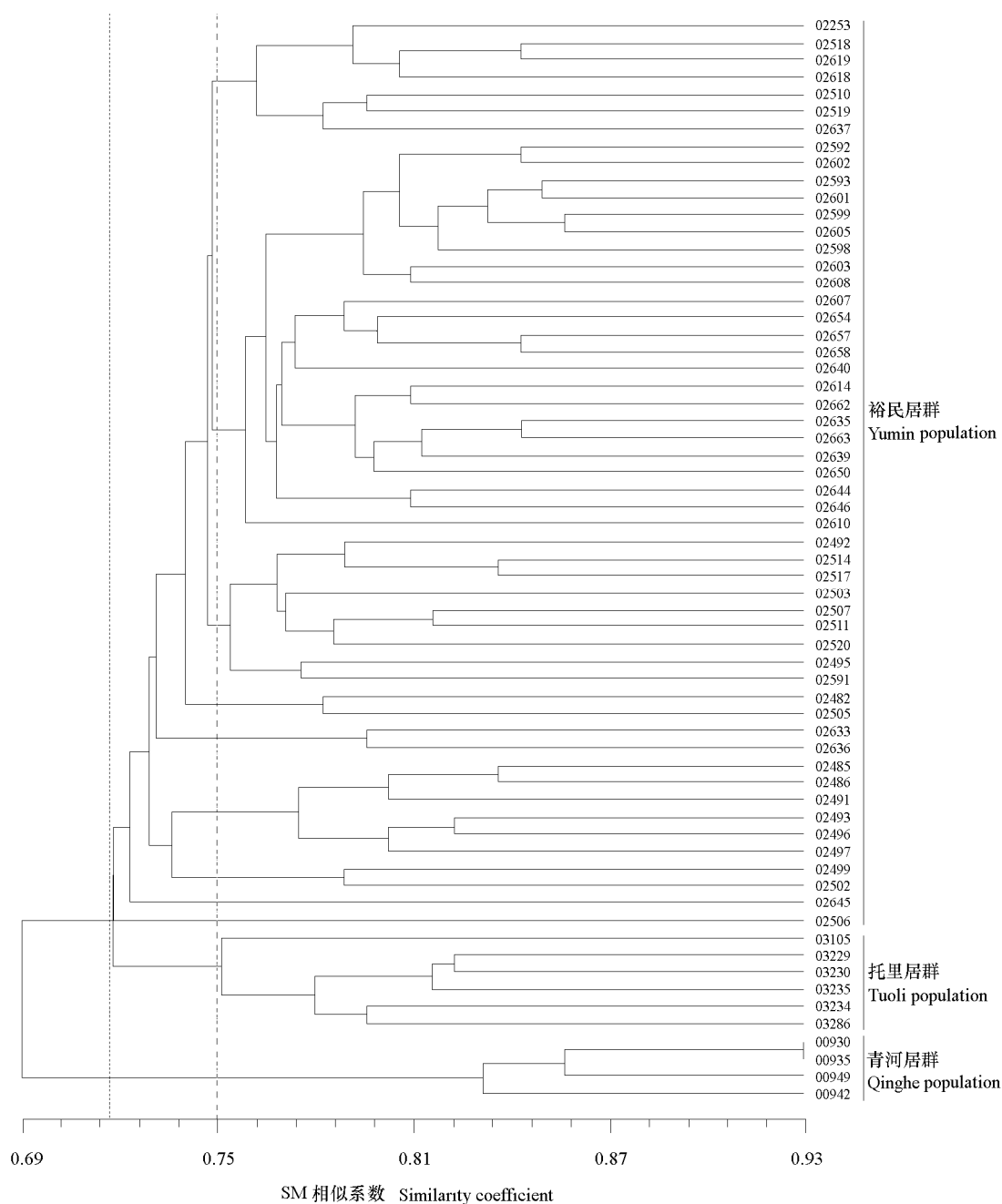


图 2 白灵菇 63 个供试菌株 SCoT 分子标记的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 UPGMA dendrogram generated from SCoT marker for 63 strains of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*

基于 SM 相似系数对野生白灵菇样本进行主坐标分析, 结果显示, 第一主坐标和第二主坐标分别解释了 7.37% 和 6.64% 的样本间相关性。将供试样本投影到第一、第二主坐标构成的平面上(图 3), 63 个野生白灵菇样本在第一和第二主坐标排序中也分为 3 个类群。第 I 类群包括所有采自裕民的野生样本, 共计 53 个; 第 II 类群包括采自青河的野生样本 4 个; 第 III 类群共有 6 个样本, 除 CCMSSC 03105 采自青河以外, 其余样本均采自托里。主坐标分析的类群划分结果与聚类分析结果高度一致, 主坐标分析能够更加清楚直观地显示出野生白灵菇种质间的居群关系。

由图 2 和图 3 可知, 虽然聚类分析和主坐标分析的类群划分结果一致, 但是两种方法在研究类群内样本间亲缘关系方面上却存在差异。主坐标分析图显示, CCMSSC 00935 和 CCMSSC 00930 是第 II 类群内样本间亲缘关系最远的一组样本, 而聚类分析图则显示这两个样本在所有供试样本中的相似系数最大, 这表明 CCMSSC 00935 的遗传背景可能较为复杂。

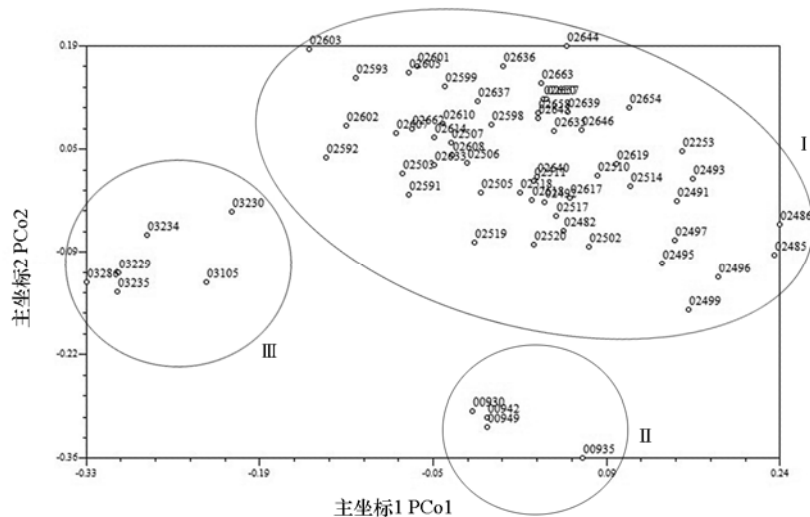


图 3 基于 SCoT 标记的白灵菇 63 个供试菌株的主坐标分析

I: 裕民居群; II: 清河居群; III: 托里居群。

Fig. 3 The principal coordinate analysis based on SCoT markers for 63 strains of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis*

I: Yumin population; II: Qinghe population; III: Tuoli population.

## 2.4 遗传距离与直线地理距离和经纬向地理距离的相关性

根据样本采集地, 可将供试样本分为裕民居群、托里居群和清河居群。裕民居群与托里居群的遗传距离较小 ( $GD = 0.086$ ), 表明两个居群间亲缘关系较近; 托里居群与清河居群的遗传距离较大 ( $GD = 0.156$ ), 表明两者间的亲缘关系较远。

对 3 个居群间的遗传距离与直线地理距离和经纬向地理距离进行相关性分析, 结果显示遗传距离与直线地理距离和经向地理距离的相关系数  $r$  分别为 0.77 ( $P > 0.05$ ) 和 0.76 ( $P > 0.05$ ), 而遗传距离与纬向地理距离的相关系数  $r$  为 0.99 ( $P < 0.01$ ), 表明居群间遗传距离与直线地理距离和经向地理距离不存在相关性, 而与纬向地理距离呈显性相关。

## 3 讨论

刺芹侧耳托里变种是刺芹侧耳种族群的重要成员之一。由于刺芹侧耳生态和经济上的重要性 (Zervakis & Balis, 1996; Lewinsohn et al., 2000), 引起研究者的关注。Lewinsohn 等 (2001) 利用 RAPD 估算以色列刺芹侧耳 (*P. eryngii*) 的基因多样性指数 ( $H$ ) 为 0.2264; Urbanelli 等 (2003) 利用等位酶技术估算意大利刺芹侧耳 (*P. eryngii*) 和阿魏侧耳 (*P. ferulae*) 的  $H$  分别为 0.233 和 0.172。本研究中对中国分布的刺芹侧耳托里变种自然群体进行 SCoT 分析, 多样性指数  $H$  达到 0.261, 表明其遗传多样性较其他变种丰富。在中国, 托里变种仅分布在新疆北疆地区的阿魏滩上, 分布范围

远不及刺芹变种和阿魏变种广泛 (Urbanelli et al., 2003)。如此丰富的遗传多样性可能与新疆地区昼夜温差大、干燥、多风的气候特点有关。研究表明基因多样性水平与温度、干旱指数具有强相关性 (Lewinsohn et al., 2005)。适应胁迫 (如干旱、高温) 和短暂的异质性环境有助于提高遗传多样性水平 (Nevo & Beiles, 1988; Nevo, 1998)。

张金霞等 (2004) 对中国现有的 4 个白灵菇栽培品种的遗传多样性进行 RAPD 和 IGS2-RFLP 分析, 两种分子标记产生的多态性条带比率分别为 32% 和 64%。本研究中采用的 SCoT 标记产生的多态性远远高出这一数据, 表明中国白灵菇的野生种质遗传多样性远远高于栽培种质。

3 个野生白灵菇居群间的亲缘关系与其地理位置存在一定的相关性。与直线地理距离和经向地理距离相比, 纬向地理距离与居群遗传距离间更具规律性, 即纬向距离相差最小的居群, 亲缘关系最近; 纬向距离相差最大的居群, 亲缘关系最远。纬度与自然生态环境的平均气温密切相关, 纬度决定的气温差异会进一步影响降雨、大气湿度等, 从而有可能影响白灵菇各居群的遗传分化。经度与地势关系紧密, 一般来讲, 随着经度的降低地势逐渐升高, 但是高山与盆地相间的地形特点使新疆境内的地势相差悬殊, 不具规律, 推测这是导致经度与遗传距离相关性不显著的可能原因。

不同研究者对刺芹侧耳 (*P. eryngii*)、松茸 (*Tricholoma matsutake*) 的研究表明, 居群遗传距离与地理距离具有显著的正相关性 (Lewinsohn et al., 2005; Xu et al., 2008), 本研究结果并非如此, 这可能是新疆特殊的气候所致。新疆干燥多风的特殊气候有助于孢子的长距离传播, 由孢子传播介导的基因流动可能在一定程度上削弱了距离隔离效应。

近年来, 越来越多的学者开始采用主坐标分析处理分子标记所获的数据, 研究种质的亲缘关系 (Renganayaki et al., 2001; Sun et al., 2003)。本研究中采用聚类分析和主坐标分析两种方法研究野生白灵菇变种水平的遗传多样性, 两种方法都能按分布区域把供试样本很好地划分开, 但两种分析方法所表达的信息各具特点: 聚类分析能够量化地体现种质间的遗传关系, 主坐标分析能够从不同方向和层面更直观地反映类群之间和类群内的遗传关系, 穆生奇等 (2008) 认为在研究材料间的亲缘关系时, 应把两种分析方法综合使用, 相互验证、相互补充, 这样得到的结果会更充分、更准确。

聚类分析和主坐标分析中采自青河的 CCMSSC 03105 进入了托里居群, 推测这一样本可能不是真正意义的野生种质, 其双核营养体样本可能至少有一个核来自栽培品种。青海商业规模栽培白灵菇已有 20 年以上的历史, 使用的栽培品种是托里野生种质驯化而来。在多年的农业方式栽培中, 将自然产生大量的担孢子, 并释放于自然环境中, 侵染寄主植物。这一推测有待试验验证。

## References

- Collard B C Y, Mackill D J. 2009. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: A simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27 (1): 86 - 93.
- Chen Hu, He Xin-hua, Luo Cong, Zhu Jian-hua, Li Feng. 2010. Analysis on the genetic diversity of 24 longan (*Dimocarpus longan*) accessions by SCoT markers. *Acta Horticulturae Sinica*, 37 (10): 1651 - 1654. (in Chinese)
- 陈 虎, 何新华, 罗 聪, 朱建华, 李 峰. 2010. 龙眼 24 个品种的 SCoT 遗传多样性分析. *园艺学报*, 37 (10): 1651 - 1654.
- Guo D L, Zhang J Y, Liu C H. 2012. Genetic diversity in some grape varieties revealed by SCoT analyses. *Molecular Biology Reporter*, 39 (5): 5307 - 5313.
- Hawkins J D. 1998. A survey on intron and exon lengths. *Nucleic Acids Research*, 16 (21): 9893 - 9905.
- Huang Chen-yang, Chen Qiang, Deng Wang-qiu, Li Tai-hui, Gao Wei, Zhang Jin-xia. 2011. Correction of scientific name for cultivated Bai-Ling-Gu in China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 12 (5): 825 - 827, 832. (in Chinese)
- 黄晨阳, 陈 强, 邓旺秋, 李泰晖, 高 巍, 张金霞. 2011. 中国栽培白灵菇学名的订正. *植物遗传资源学报*, 12 (5): 825 - 827,

832.

- Joshi C P, Zhou H, Huang X Q, Chiang V L. 1997. Context sequences of translation initiation codon in plants. *Plant Molecular Biology*, 35 (6): 993 – 1001.
- Kawai G, Babasaki K, Neda H. 2008. Taxonomic position of a Chinese *Pleurotus* “Bai-Ling-Gu” : It belongs to *Pleurotus eryngii* (DC.: Fr.) Quél. and evolved independently in China. *Mycoscience*, 49: 75 – 87.
- Lewinsohn D, Nevo E, Hadar Y, Wasser S P, Beharav A. 2000. Ecogeographical variation in the *Pleurotus eryngii* complex in Israel. *Mycological Research*, 104 (10): 1184 – 1190.
- Lewinsohn D, Nevo E, Wasser S P, Hadar Y, Beharav A. 2001. Genetic diversity in populations of the *Pleurotus eryngii* complex in Israel. *Mycological Research*, 105 (8): 941 – 951.
- Lewinsohn D, Wasser S P, Resbetnikov S V, Hadar Y, Beharav A, Nevo E. 2005. Morphological, ecological, and genetic characterization of the *Pleurotus eryngii* species complex in Israel. *International Journal of Medicinal Mushrooms*, 7: 429 – 430.
- Mou Chuan-jing, Cao Yu-qing, Ma Jin-lian. 1987. A new variety of *Pleurotus ferulae* and its cultural traits. *Acta Mycologica Sinica*, 6 (3): 153 – 156. (in Chinese)
- 牟川静, 曹玉清, 马金莲. 1987. 阿魏侧耳一新变种及其培养特性. *真菌学报*, 6 (3): 153 – 156.
- Mu Sheng-qi, Gu Xing-fang, Zhang Sheng-ping, Wang Xiao-wu, Wang Ye. 2008. Genetic diversity of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm by SSR. *Acta Horticulturae Sinica*, 35 (9): 1323 – 1330. (in Chinese)
- 穆生奇, 顾兴芳, 张圣平, 王晓武, 王 烨. 2008. 栽培黄瓜种质遗传多样性的 SSR 鉴定. *园艺学报*, 35 (9): 1323 – 1330.
- Nevo E, Beiles A. 1988. Genetic parallelism of protein polymorphism in nature: Ecological test of the neutral theory of molecular evolution. *Biological Journal of the Linnean Society*, 35: 229 – 245.
- Nevo E. 1998. Molecular evolution and ecological stress at global, regional and local scales: The Israeli perspective. *Journal of Experimental Zoology*, 282: 95 – 119.
- Peakall R, Smouse P E. 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6: 288 – 295.
- Renganayaki K, Read J C, Fritz A K. 2001. Genetic diversity among texas bluegrass genotypes (*Poa arachnifera* Torr.) revealed by AFLP and RAPD markers. *Theoretic and Applied Genetics*, 102: 1037 – 1045.
- Sawant S V, Singh P K, Gupta S K, Madnala R, Tuli R. 1999. Conserved nucleotide sequences in highly expressed genes in plants. *Journal of Genetics*, 78 (2): 123 – 131.
- Sun G, Bond M, Nass H, Martin R, Dong Z. 2003. RAPD polymorphisms in spring wheat cultivars and lines with different level of *Fusarium* resistance. *Theoretic and Applied Genetics*, 106: 1059 – 1067.
- Urbanelli S, Rosa V D, Fanelli C, Fabbri A A, Reverberi M. 2003. Genetic diversity and population structure of the Italian fungi belonging to the taxa *Pleurotus eryngii* (DC.: Fr.) Quél and *P. ferulae* (DC.: Fr.) Quél. *Heredity*, 90: 253 – 259.
- Xu J P, Sha T, Li Y C, Li Y C, Zhao Z W, Yang Z L. 2008. Recombination and genetic differentiation among natural populations of the ectomycorrhizal mushroom *Tricholoma matsutake* from southwestern China. *Molecular Ecology*, 17: 1238 – 1247.
- Zervakis G I, Balis C. 1996. A pluralistic approach in the study of *Pleurotus* species with emphasis on compatibility and physiology of the European morphotaxa. *Mycological Research*, 100: 717 – 731.
- Zhang Jin-xia, Huang Chen-yang, Zhang Rui-ying, Guan Gui-ping. 2004. RAPD and IGS analysis of *Pleurotus nebrodensis* cultivars in China. *Mycosystema*, 23 (4): 514 – 519. (in Chinese)
- 张金霞, 黄晨阳, 张瑞颖, 管桂萍. 2004. 中国栽培白灵侧耳的 RAPD 和 IGS 分析. *菌物学报*, 23 (4): 514 – 519.