

新疆野生阿魏蘑的 IGS2-RFLP 及培养特征多样性分析

赵梦然¹ 李远东¹ 李艳春² 张金霞¹ 黄晨阳^{1*}

¹ 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

² 中国科学院昆明植物研究所 东亚植物多样性与生物地理学重点实验室 云南 昆明 650201

摘要: 对 28 个新疆野生阿魏蘑样本进行 IGS2-RFLP 分析和双核体培养特征多样性分析。IGS2-RFLP 分析结果表明, 3 种限制性内切酶共产生的多态性条带比率 (PPB) 为 96.4%, 总样本的 Shannon 信息指数 (I) 和 Nei's 基因多样性指数 (H) 分别为 0.364 和 0.230, 平均相似系数 0.665, 表明其具有丰富的遗传多样性。在相似系数 0.36 水平上, UPGMA 聚类分析将供试样本分为白灵侧耳和刺芹侧耳阿魏变种两个种群, 且白灵侧耳的遗传多样性更为丰富。双核体培养特征多样性分析结果表明, 供试样本间在最适生长温度、温度敏感性以及菌落形态等培养特征上具明显差异, 基于 UPGMA 聚类分析大致将供试的野生阿魏蘑样本分为菌丝生长快、菌落形态舒展和菌丝生长慢、菌落局限两大组。双核体培养特征聚类与 IGS2-RFLP 分析聚类存在一定相关关系, 培养特征有可能作为野生阿魏蘑种质鉴定的白灵侧耳的检出标志。

关键词: 野生阿魏蘑, 培养特征, 遗传变异, 聚类分析

Genetic diversity analysis of wild ferula mushroom based on IGS2-RFLP markers and cultural characteristics

ZHAO Meng-Ran¹ LI Yuan-Dong¹ LI Yan-Chun² ZHANG Jin-Xia¹ HUANG Chen-Yang^{1*}

¹Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences; Key Laboratory of Microbial Resources, Ministry of Agriculture, Beijing 100081, China

²Key Laboratory for Plant Diversity and Biogeography of East Asia, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan 650201, China

Abstract: The genetic diversity was estimated based on analysis of IGS2-RFLP markers and cultural characteristics for 28 wild ferula mushrooms collected from Xinjiang Autonomous Region, China. It was showed that the percentage of polymorphic bands (PPB) from three restriction endonucleases was 96.4%, Shannon's information index (I) and Nei's gene diversity (H) were 0.364 and 0.230, respectively. The average similarity coefficient was 0.665, indicating abundant genetic diversity in the wild resources of ferula mushroom. All the samples could be divided into two groups, *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* and *P. eryngii* var. *ferulae*,

基金项目: 国家重点基础研究发展计划 (2014CB138305); 现代农业产业技术体系建设专项资金 (CARS24); 物种资源保护 (农作物) 项目 (2015NWB044)

*Corresponding author. E-mail: huangchenyang@caas.cn

收稿日期: 2015-03-27, 接受日期: 2015-05-19

at similarity of 0.36 based on the UPGMA cluster analysis. The genetic diversity of the former was more abundant than that of the latter. The observation of partial cultural characteristics demonstrated the obvious differences among tested samples in optimum temperature, temperature sensitivity and the morphology of colonies. Twenty-eight samples were roughly clustered into two groups, one was featured by fast growing hyphae and stretched colony and another with slow growing hyphae and limited colony. Correlation analysis showed that the cluster based on cultural characteristics was basically consistent with the results of IGS2-RFLP markers. The cultural characteristics might be served as a trait to identify the samples for *P. eryngii* var. *tuoliensis*, but the inference remained to be verified by using much more samples.

Key words: wild ferula mushroom, cultural characteristics, genetic variation, cluster analysis

阿魏蘑 (*Ferula mushroom*) 是新疆当地对生长在伞形花科阿魏属植物根茎部的侧耳属野生菌的统称 (Zhang *et al.* 2006), 其味道鲜美、质地优良, 并兼有药用价值 (甘勇和吕作舟 2001), 在我国仅分布在新疆的塔城、阿勒泰和木垒等少数地区 (陈忠纯 1986)。

野生状态下, 阿魏蘑子实体形态存在较大差异, 颜色上有白色、乳白色、浅米黄色之分, 形状上有扇形、匙形、掌状、浅漏斗状、马蹄形等之别, 菌柄着生方式有侧生、偏生、近中生等形式。阿魏蘑野生菌株的培养特征也存在较大差异, 有的菌丝密集, 菌落局限、馒头状、无同心圆或辐射纹, 长速缓慢; 有的菌丝较稀疏, 平展于培养基表面, 有同心圆, 长速快 (曹玉清等 1985; 牟川静和曹玉清 1986; 牟川静等 1987)。Zhang *et al.* (2006) 利用 ITS、IGS1-RFLP 和 IGS2-RFLP 分析揭示, 新疆阿魏蘑由白灵侧耳 *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* C.J. Mou 和刺芹侧耳阿魏变种 *P. eryngii* (DC. Fr.) Qué. var. *ferulae* Lanzi 两个独立群体构成。刘芳等 (2011) 利用 RAPD、ISSR 和 SRAP 3 种标记对 11 个阿魏蘑栽培菌株进行多样性分析, 相异系数在 0–0.84 间。赵梦然等 (2012) 利用 SCoT 标记对 63 株中国野生白灵侧耳进行遗传多样性分析, 9 条 SCoT 引物所产生的多态性条带比率为 92.52%, Nei's 基因多样性指数为 0.262, 揭示野生白灵侧耳高水平的遗传多样性。但至今未见对阿魏蘑野生种质培养特征的详细报道。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试样本为野生子实体经组织分离获得的双核体 (表 1), 保藏于国家食用菌标准菌株库 (China Center for Mushroom Spawn Standards and Control, CCMSSC)。供试样本已经 ITS、COI 和 DNA *Topo* 分析完成生物学种鉴定 (黄晨阳等 2009, 2010; 宋驰等 2011)。

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取: 收集菌丝, 液氮研磨, 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。1% 琼脂糖凝胶检测 DNA 的质量和浓度。-20 保存备用。

1.2.2 IGS2-RFLP 引物与扩增: 引物、扩增体系和反应条件参照黄晨阳等 (2005) 的方法。扩增产物经 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测。采用 *Rsa*、*Hpa*、*Hae* 3 种限制性内切酶 (10U/μL, NEB), 37 酶切 3–4h。酶切体系为 PCR 产物 5μL, Buffer 1μL, 内切酶 1μL, 双蒸水 2μL。

1.2.3 最适生长温度: 从液氮冻存罐中取出, 水浴解冻, 继代培养活化至菌丝长势呈良好状态。使用 Difco™ Potato Dextrose Agar 培养基, 直径 90mm 的培养皿, 培养基 25mL/皿。使用直径 0.5cm 的打孔器, 沿菌落边缘取相同菌龄接种物接种。设 5、10、15、20、25、30、35 共 7 个梯度, 各设 5 个重复, 每天观察生长情况并划线, 直至出现第一个长满的平板, 终止培养。菌丝生长速度以菌落直径计量。

表 1 野生阿魏蘑供试样本及参照菌株

Table 1 The tested samples for ferula mushroom and the reference strains

来源	菌株编号 (CCMSSC)	种名
Origin	Strain No.	Species
新疆阿勒泰地区青河县	00924, 00925, 00926, 00927, 00928, 00931, 00932, 00933,	白灵侧耳
Qinghe, Altay, Xinjiang	00938, 00939, 00945, 00946, 00947, 00950, 00951, 00952,	<i>Pleurotus eryngii</i> var. <i>tuoliensis</i>
	00966	
	00937, 00940, 00941, 00948, 00959, 00960, 00968	刺芹侧耳阿魏变种
		<i>P. eryngii</i> var. <i>ferulae</i>
新疆阿勒泰地区富蕴县	00974, 00976, 00978	白灵侧耳
Fuyun, Altay, Xinjiang		<i>P. eryngii</i> var. <i>tuoliensis</i>
新疆石河子市	00973	白灵侧耳
Shihezi, Xinjiang		<i>P. eryngii</i> var. <i>tuoliensis</i>
新疆昌吉自治州木垒县	00489*	白灵侧耳
Mori, Changji, Xinjiang		<i>P. eryngii</i> var. <i>tuoliensis</i>
新疆塔城地区	00465*	刺芹侧耳阿魏变种
Tacheng, Xinjiang		<i>P. eryngii</i> var. <i>ferulae</i>

注：*参照菌株。

Note: *Strain control.

1.2.4 菌丝培养特征：菌株活化、培养基和接种方法同 1.2.3。最适生长温度下避光培养 14d，观测培养特征，包括菌落直径、菌丝密度、气生菌丝发达程度、菌落颜色、菌落边缘形状、色素。

1.2.5 数据分析：根据IGS2-RFLP酶切图谱的分析结果，有条带记为1，无条带记为0，构建初始0、1矩阵。利用GenAlEx 6.4 (Peakall & Smouse 2006) 计算多态性条带比率 (percentage of polymorphic bands, PPB)、Nei's 基因多样性 (Nei's gene diversity, H)、Shannon's Information 指数 (I)。依据分子数据，使用NTSYSpc 2.1软件对样本进行UPGMA聚类分析。参照植物新品种特异性、一致性和稳定性测试指南——白灵侧耳 (NY/T 2438-2013)，对表型性状赋值后，进行频率分析、计算样本间的欧式距离。以表型数据为基础，采用NTSYSpc 2.1软件对样本进行UPGMA聚类分析。将表型性状欧氏距离矩阵与IGS2-RFLP标记遗传距离矩阵进行Mantel 相关性检测 (Lapointe & Legendre

1992)。

2 结果与分析

2.1 野生阿魏蘑 IGS2-RFLP 分析

Rsa、*Hpa*、*Hae* 对样本IGS2区域酶切，产生28条DNA片段，其中27条具有多态性，多态性比率为96.4%。以此分析的总样本Shannon信息指数 (I) 和Nei's基因多样性指数 (H) 分别为0.364和0.230；供试材料的相似性系数在0.33-1.00之间，平均0.665。这表明供试的野生阿魏蘑菌株间存在较大的遗传差异。其中CCMSSC 00950和CCMSSC 00951的相似性系数最大 (1.00)。根据材料间的遗传相似性系数进行聚类分析 (图1)，相似系数在0.36水平上将供试材料分为白灵侧耳和刺芹侧耳阿魏变种两大组，这与样本物种鉴定的结果完全一致。

对白灵侧耳和刺芹侧耳阿魏变种的遗传多样性分别进行分析表明，白灵侧耳总样本的多态性条

带比率为78.6%，Nei's基因多样性指数0.219，Shannon信息指数为0.332，相似系数范围在0.36–1.00，平均相似系数为0.68；刺芹侧耳阿魏变种的多态性条带比率、Nei's基因多样性指数及Shannon信息指数分别为53.6%、0.186和0.266，相似系数范围在0.42–0.92之间，平均为0.67。

2.2 野生阿魏蘑培养特征分析

阿魏蘑在5–30条件下都可生长，在35条件下，接种物均不能萌发。28个供试材料的最适生长温度不完全相同，对温度的生长反应也不同（图2）。其中26个样本的最适生长温度为25，仅CCMSSC 00927和CCMSSC 00959两个样本的最适生长温度为30。CCMSSC 00927、CCMSSC 00937、CCMSSC 00940、CCMSSC 00941、CCMSSC 00948、CCMSSC 00959、CCMSSC 00960、CCMSSC 00966、CCMSSC 00968等9个样本在不同温度下的菌丝长速都很慢，对温度变化也不甚敏感；而其余

19个样本温度反应敏感，在不同温度下长速变化明显。对温度反应敏感的样本均为白灵侧耳，在对温度反应不敏感的样本中，包含了2个白灵侧耳（CCMSSC 00927和CCMSSC 00966），其余7个均为刺芹侧耳阿魏变种。

最适温度下培养14d，不同样本表现出自身特有的培养特征（图3），菌丝密度有稀疏（21%）、中等（29%）、浓密（50%）之分，气生菌丝发达程度有少（29%）、中（32%）、多（39%）之别，菌落颜色多为白色和乳白色，所占比例分别为54%和32%，菌落边缘圆整和不圆整的各占约50%，个别样本CCMSSC 00933、CCMSSC 00939、CCMSSC 00945、CCMSSC 00946和CCMSSC 00951有色素产生，其余样本均不产生色素（表2）。

根据培养特征进行UPGMA聚类分析，将28个野生阿魏蘑分为2大组（图4）。A组菌落舒展，菌丝生长快，对温度变化非常敏感，包括19个样

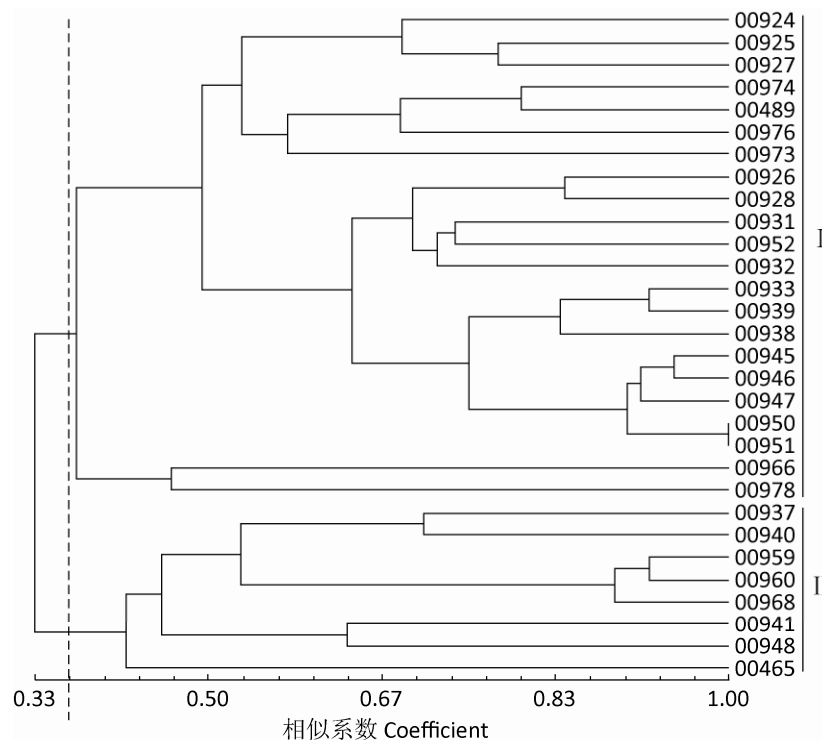


图1 野生阿魏蘑IGS2-RFLP分子标记的UPGMA聚类图

Fig. 1 UPGMA dendrogram generated from IGS2-RFLP marker for wild ferula mushroom.

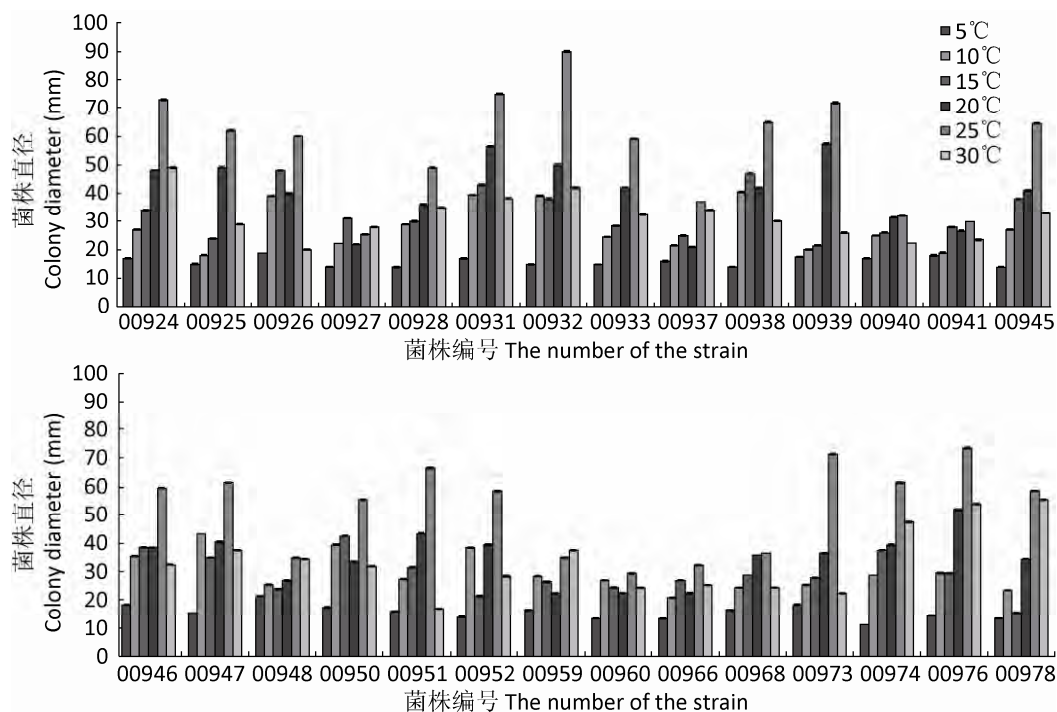


图 2 供试样本在不同温度下的生长速度

Fig. 2 Mycelial growth rate under different temperatures for wild ferula mushroom.

表 2 野生阿魏蘑供试样本的培养特征及频率统计

Table 2 The description of culture characteristics for ferula mushroom

培养特征 Characteristics	特征描述 Description	频率 Frequency (%)
菌丝密度 Density of hyphae	稀 Sparse	21
	中 Medium	29
	密 Dense	50
气生菌丝量 Aerial hypha development	少 Little	29
	中 Medium	32
	多 Much	39
菌落颜色 Color of colony on surface	白色 White	54
	乳白色 Cream	32
	其他 Others	14
菌落边缘形状 Shape of colony edge	圆形 Circle	46
	其他 Others	54
有无色素 Pigment	有 Present	18
	无 Absent	82
最适生长温度 Optimum temperature	15°C	4
	25°C	92
	30°C	4
温度敏感性 Temperature sensitivity	敏感 Sensitivity	68
	不敏感 Insensitivity	32



图 3 最适温度下供试样本的培养特征

Fig. 3 Cultural characteristics of tested samples under optimum temperature.

本，均为白灵侧耳；B 组菌落局限，菌丝生长慢，对温度变化反应不敏感，包括 9 个样本，其中多数是刺芹侧耳阿魏变种，2 株是白灵侧耳。A 组又可以色素的有无分为 A-1 和 A-2 两个亚组，B 组可依据菌丝密度将 CCMSCC 00927 与其他 8 个材料区分开来，分别形成 B-1 和 B-2 两个亚组。A-1 亚组又分为 3 个小组：A1-1，菌落边缘圆整；A1-2，菌落浓密，可将培养基完全覆盖；A1-3，菌落稀疏，不

能将培养基完全覆盖。A-2 亚组又可根据菌落边缘是否圆整将 CCMSCC 00946 与其他 4 个材料区分，形成 A2-1 和 A2-2 两个小组。

2.3 野生阿魏蘑样本的培养特征与 IGS2-RFLP 标记相关性分析

实验表明，野生阿魏蘑的培养特征和 IGS2 区域都具有丰富的多样性。将基于培养特征产生的欧氏距离矩阵和基于 IGS2-RFLP 标记产生的遗传距离

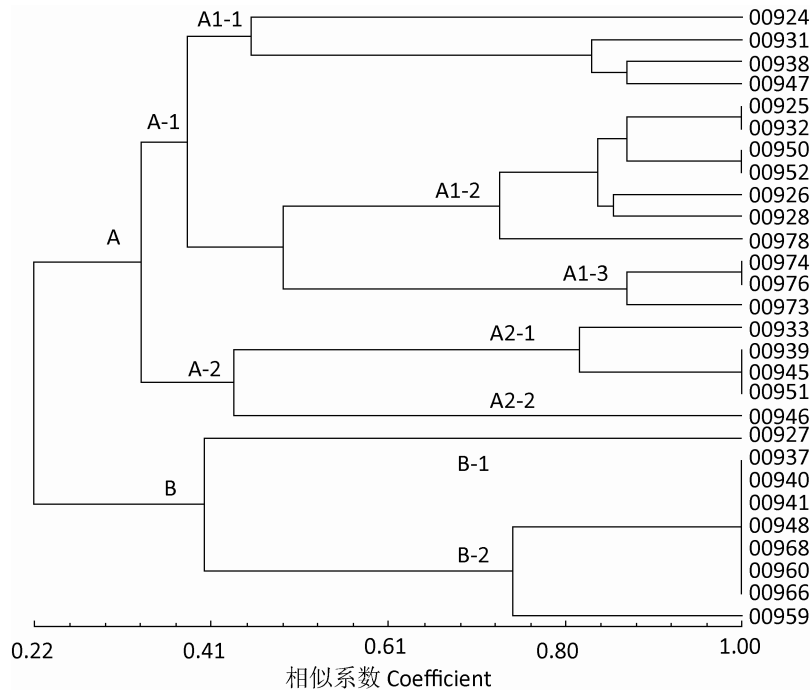


图 4 野生阿魏蘑 28 个供试样本培养特性的 UPGMA 聚类图

Fig. 4 UPGMA dendrogram of 28 wild ferula mushrooms based on cultural characteristics.

矩阵进行 Mantel 相关性分析, 结果表明二者之间存在显著中等相关关系($r=0.347$, $P=0.01$, <0.05)。呈现 A 组培养特征的样本与 IGS2-RFLP 分析结果完全一致; 呈现 B 组培养特征的并非完全是刺芹侧耳阿魏变种, 其中的 CCMSCC 00927 和 CCMSCC 00966 是白灵侧耳。这表明白灵侧耳存在着菌落舒展和菌落局限两类培养特征的野生种质。

3 讨论

可培养性和培养的良好生长是大型真菌利用的基本前提。然而, 多年来对大型真菌的研究, 较多地集中在子实体形态、分类、遗传多样性和栽培方面, 对野生种质资源的培养特征及其多样性的研究较少。

应用分子标记技术研究大型真菌的遗传多样性是近年的研究热点之一。利用 IGS2-RFLP 分子标记进行真菌遗传多样性研究的国内外相关报道已

屡见不鲜。Carriconde *et al.* (2008) 利用 IGS2-RFLP 标记确定了雕文口蘑 *Tricholoma scalpturatum* (Fr.) Quélet 的遗传多样性水平及其居群结构存在的物理标尺范围。Çepni *et al.* (2013) 采用这一分子标记检测到了两种镰刀菌 *Fusarium culmorum* W.G. Smith Sacc. 和 *F. graminearum* Schwabe 种内高水平的遗传变异 (PPB 均为 88%)。张金霞等 (2004) 提出由于 IGS2-RFLP 比 RAPD 标记更具稳定性和可重复性, 是白灵侧耳遗传多样性研究的有效分子标记。赵梦然等 (2013) 的研究结果表明, 与 ISSR 和 SCoT 标记相比, IGS2-RFLP 除了难以反应样本的地域来源之外, 在检测多态性位点比率、揭示位点平均的预期杂合度、多态性检测效率以及检测样本间遗传差异等方面并没有显著差异。除了新疆阿魏蘑, IGS2-RFLP 标记还被应用于刺芹侧耳 *P. eryngii* (DC. Fr.) Quél., 香菇 *Lentinula edodes* (Berk.) Pegler, 木耳 *Auricularia auricula-judae* (Bull.) Quél. 等食用

菌遗传多样性研究(黄晨阳等 2005; 吴茜 2010; 李黎 2011)。

本研究利用 IGS2-RFLP 标记对野生阿魏蘑进行聚类分析的结果表明,野生阿魏蘑实际由两个独立种群构成,具有丰富的遗传多样性,这种遗传变异不仅体现在种群间的遗传分化,还体现在种内个体间的遗传差异。本研究揭示出白灵侧耳较高的多态性条带比率、基因多样性指数和 Shannon 信息指数,表明白灵侧耳较刺芹侧耳阿魏变种具有更为丰厚的遗传背景。然而白灵侧耳样本间的平均相似系数高于刺芹侧耳阿魏变种,表明白灵侧耳样本间的遗传差异度较刺芹侧耳阿魏变种略低。杂交亲本的选择配是食用菌杂交育种成败的关键环节(张金霞等 2004),亲本 DNA 水平上的遗传背景越丰富,亲本的选择余地越大;亲本间的遗传差异越明显,杂种优势就越强(王子迎和王书通 2006)。对于选育者来说,这两个种群都可能蕴藏着较大的育种潜力。

由 IGS2-RFLP 聚类图可以看出,21 个白灵侧耳并没有完全按照样本的地理来源聚类,这与前人研究结果一致(Çepni *et al.* 2013)。3 种限制性内切酶对 IGS2 区域酶切,并未将 CCMSSC 00950 和 CCMSSC 00951 有效区分,表明这两个样本可能为同一菌株,但仍有待于应用其他手段做进一步确认。

双核体培养特征的差异也是遗传背景差异的重要体现,培养特征为野生阿魏蘑提供了快捷有效的种质鉴定及利用的选择标识。本研究呈现的野生种质温度反应敏感性、最适生长温度、长速、菌落形态等培养特征的显著差异将为阿魏蘑野生种质的利用提供科学方法和借鉴。糙皮侧耳 QTL 定位研究表明,糙皮侧耳菌丝长速与产量性状密切相关(Larraya *et al.* 2002)。食用菌野生种质系列培养特征的观测对其利用具有重要意义。

白灵侧耳与刺芹侧耳阿魏变种双核体培养特征存在一定程度的交叉,菌落局限并不是刺芹侧耳阿魏变种的独有特征。推测可能与这两个种群分化较晚有关,白灵侧耳形成在前,刺芹侧耳阿魏变种

分化在后。培养特征可以作为白灵侧耳野生种质鉴定的培养标识,而不能为刺芹侧耳阿魏变种鉴定所用。

[REFERENCES]

- Cao YQ, Mou CJ, Chen ZC, Wang XY, 1985. Preliminary study on some biological characteristics of *Pleurotus ferulae*. *Microbiology China*, 12(3): 97-101 (in Chinese)
- Carriconde F, Gryta H, Jargeat P, Mouhamadou JB, Gardes M, 2008. High sexual reproduction and limited contemporary dispersal in the ectomycorrhizal fungus *Tricholoma scalpturatum*: new insights from population genetics and spatial autocorrelation analysis. *Molecular Ecology*, 17: 4433-4445
- Cepni E, Tunali B, Gurel F, 2013. Genetic diversity and mating types of *Fusarium culmorum* and *Fusarium graminearum* originating from different agro-ecological regions in Turkey. *Journal of Basic Microbiology*, 53(8): 686-694
- Chen ZC, 1986. Preliminary research on the domestication of *Pleurotus ferulae*. *Edible Fungi of China*, 1986: 16-17 (in Chinese)
- Gan Y, Lv ZZ, 2001. Studies on physical and chemical properties and immunological activities of polysaccharides from *Pleurotus ferulae*. *Mycosystema*, 20(2): 228-232 (in Chinese)
- Huang CY, Chen Q, Gao S, Gao W, Zhang JX, 2010. Analysis of internal transcribed spacer regions of main species of the genus *Pleurotus*. *Mycosystema*, 3(29): 365-372 (in Chinese)
- Huang CY, Li CX, Zhang JX, 2009. Phylogenetic relationship of *Pleurotus* species based on partial sequences of DNA topoisomerase. *Journal of Plant Genetic Resources*, 10(4): 529-534 (in Chinese)
- Huang CY, Zhang JX, Zheng SY, Guan GP, Zhang RY, 2005. Analysis of intergenic spacer 2 diversity of ribosome DNA for strains of *Pleurotus eryngii*. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 13(5): 592-595 (in Chinese)
- Lapointe FJ, Legendre P, 1992. Statistical significance of the matrix correlation coefficient for comparison independent for phylogenetic trees. *Systematic Biology*, 41(3): 378-384
- Larraya LM, Idareta E, Arana D, Ritter E, Pisabarro AG, Ramirez

- L, 2002. Quantitative trait loci controlling vegetative growth rate in the edible basidiomycete *Pleurotus ostreatus*. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(3): 1109-1114
- Li L, 2011. Studies on genetic diversity of *Auricularia auricula-judae* cultivated germplasm resources in China. PhD Dissertation, Huazhong Agricultural University, Wuhan. 61-69 (in Chinese)
- Liu F, Liu XR, Xiong F, Zhu J, Xie BG, 2011. The DNA fingerprint analysis and identification of *Pleurotus ferulae*. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 27(16): 132-135 (in Chinese)
- Mou CJ, Cao YQ, 1986. The mushroom of *Pleurotus ferulae* in Xinjiang and its domesticated and cultural traits. *Edible Fungi*, 1986: 4-5 (in Chinese)
- Mou CJ, Cao YQ, Ma JL, 1987. A new variety of *Pleurotus ferulae* and its cultural characters. *Acta Mycologica Sinica*, 6(3): 153-156 (in Chinese)
- Peakall R, Smouse PE, 2006. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1): 288-295
- Song C, Chen Q, Xu JY, Zhang JX, Bian YB, Huang CY, 2011. Application of CO1 for rapid identification of *Pleurotus* species. *Mycosystema*, 30(4): 663-668 (in Chinese)
- Wang ZY, Wang ST, 2006. Analysis of genetic diversity and heterosis of *Lentinus edodes* strains in Anhui province of China using ISSR. *Mycosystema*, 25(2): 211-216
- Wu Q, 2010. Analysis of diversity for the wild strains of *Lentinus edodes* from China by SRAP and IGS2. Master Thesis, Huazhong Agricultural University, Wuhan. 41-44 (in Chinese)
- Zhang JX, Huang CY, Ng TB, Wang HX, 2006. Genetic polymorphism of ferula mushroom growing on *Ferula sinkiangensis*. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 71(3): 304-309
- Zhang JX, Huang CY, Zhang RY, Guan GP, 2004. RAPD and IGS analysis of *Pleurotus nebrodensis* cultivars in China. *Mycosystema*, 23(4): 514-519 (in Chinese)
- Zhao MR, Chen Q, Huang CY, Zhang JX, Wu XL, 2012. SCoT analysis of genetic polymorphism for wild germplasm of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* from China. *Acta Horticulturae Sinica*, 39(12): 2475-2482 (in Chinese)
- Zhao MR, Chen Q, Zhang JX, Wu XL, Huang CY, 2013. Comparison studies of genetic diversity of *Pleurotus eryngii* var. *tuoliensis* by IGS2-RFLP, SCoT and ISSR markers. *Mycosystema*, 32(4): 682-689 (in Chinese)

[附中文参考文献]

- 陈忠纯, 1986. 阿魏侧耳驯化初报. 中国食用菌, 1986: 16-17
- 曹玉清, 牟川静, 陈忠纯, 王秀云, 1985. 阿魏侧耳某些生物学特性的初步研究. 微生物学通报, 12(3): 97-101
- 甘勇, 吕作舟, 2001. 阿魏蘑多糖理化性质及免疫活性研究. 菌物系统, 20(2): 228-232
- 黄晨阳, 陈强, 高山, 高巍, 张金霞, 2010. 侧耳属主要种类 ITS 序列分析. 菌物学报, 29(3): 365-372
- 黄晨阳, 李翠新, 张金霞, 2009. 基于 DNA 拓扑异构酶基因部分序列的侧耳属系统发育分析. 植物遗传资源学报, 10(4): 529-534
- 黄晨阳, 张金霞, 郑素月, 管桂萍, 张瑞颖, 2005. 刺芹侧耳 (*Pleurotus eryngii*) rDNA 的 IGS2 多样性分析. 农业生物技术学报, 13(5): 592-595
- 李黎, 2011. 中国木耳栽培种质资源的遗传多样性研究. 华中农业大学博士论文, 武汉. 61-69
- 刘芳, 刘新锐, 熊芳, 朱坚, 谢宝贵, 2011. 阿魏蘑的 DNA 指纹分析与鉴定. 中国农学通报, 27(16): 132-135
- 牟川静, 曹玉清, 1986. 新疆阿魏侧耳及其驯化培养特征. 食用菌, 1986: 4-5
- 牟川静, 曹玉清, 马金莲, 1987. 阿魏侧耳一新变种及其培养特征. 真菌学报, 6(3): 153-156
- 宋驰, 陈强, 徐璟煜, 张金霞, 边银丙, 黄晨阳, 2011. CO1 在侧耳属物种快速鉴定中的应用. 菌物学报, 30(4): 663-668
- 吴茜, 2010. 中国香菇自然种质遗传多样性 SRAP 和 IGS2 分析. 华中农业大学硕士论文, 武汉. 41-44
- 王子迎, 王书通, 2006. 安徽野生香菇遗传多样性及杂种优势的 ISSR 分析. 菌物学报, 25(2): 211-216
- 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
- 赵梦然, 陈强, 黄晨阳, 张金霞, 邬向丽, 2012. 中国野生白灵菇遗传多样性的 SCoT 分析. 园艺学报, 39(12): 2475-2482
- 赵梦然, 陈强, 张金霞, 邬向丽, 黄晨阳, 2013. IGS2-RFLP、SCoT 和 ISSR 在白灵侧耳遗传多样性分析中的比较研究. 菌物学报, 32(4): 682-689