



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE  
MÉXICO

---

POSGRADO EN CIENCIAS  
BIOLÓGICAS

FACULTAD DE CIENCIAS

Caracterización y relaciones genéticas  
basadas en la región ITS1-5.8-ITS2 rDNA  
de cepas de *Pleurotus* spp. de diferentes  
colores cultivadas en México.

**T E S I S**

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE

MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA:

LUIS ANTONIO HERNÁNDEZ GONZÁLEZ

DIRECTOR DE TESIS: DR. HERMILO LEAL LARA

MÉXICO, D. F.

JUNIO, 2009.



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

*Dedicatoria:*

*A mis hijos: Jarel Itzá y Daniel Arit que han sido fuente de amor y felicidad. La inspiración alentadora para sobreponerme ante la adversidad.*

*A Marcia Yetlanezi que fue como mi hija y a quien siempre extrañaremos y recordaremos con su playera de los Pumas.*

*A Mamá y Papá por su inconmensurable amor e inquebrantable ejemplo.*

*A Cocó y Ara por su amor, apoyo y comprensión.*

*A las chiquitinas nuevas integrantes de la familia y fuente de renovada alegría Michelle Xenif y Zoe.*

*A mis familiares y amigos por el afecto, atención y apoyo brindado. Juli, Juli (chica), Lalo, Riki, Eleazar, Sixto, Guada, Sara, Quili, Sara (grande), Rosy, Diana, Salvador, Gustavo, Marliz, Rebe, Félix, Marcial, Samuel, Daleth, Rosalba, Carmelita, Marisol, Male, Claudia, Sofi, Alejandro, Penélope, Meztli, Eme, Mara, Lolita, Lilia, Anita, Clara, Elenita, Tere, Mario, Edith, Irene, Angeles, Leo, Gloria, Beto, Paco, Mario, Daniel, Panchito, Arnulfo, Hugo, Gaby, Víctor, Evaluz, Susi, Pablo, Norma, Deni, Raúl, Alma, Pedro, Jenny, Armando, .....*

Agradecimientos:

A la UNAM por permitirme seguir avanzando.

A Félix Castro quien me respaldó y acompañó en la fase decisiva experimental y documental del trabajo.

A las maestras Irma Delfín Alcalá y Soledad Chino Vargas quienes me brindaron la confianza para poder compartir el espacio académico con ellas.

Al profesor Marcial García Pineda quien me apoyó permitiéndome trabajar en el Invernadero.

Al Dr. Hermilo Leal Lara por su orientación siempre acertada, guiada por una sólida experiencia y espíritu de camaradería, motivando en todo momento hacia la culminación del proyecto a pesar de las dificultades que se presentaron.

Al Dr. Jorge Eduardo Campos Contreras quien ha sido un pilar fundamental para el desarrollo del trabajo, no sólo por el apoyo brindado del Laboratorio de Bioquímica Molecular, sino por sus contribuciones y observaciones siempre positivas y alentadoras en un clima de cooperación.

A la Maestra Rebeca Ramírez Carrillo por las cepas proporcionadas, y atinadas observaciones, pero sobre todas las cosas, por su valiosísima amistad y gentileza, impulsoras no sólo de la superación académica, sino del engrandecimiento personal.

Al Dr. Rodolfo de la Torre Almaráz cuyas propuestas marcaron el camino definitivo del trabajo y por el gran apoyo personal, de su laboratorio, de Vero, Salomé y Alejandro.

Al Dr. Daniel Martínez Carrera por el profesionalismo y lucidez de sus observaciones críticas marcadas por un entusiasmo científico ejemplar y de amistad.

A la Dra. Dulce Salmones por su gentileza y el valioso apoyo documental.

Al maestro Alejandro Monsalvo Reyes por el gran apoyo en la fase experimental y de análisis.

## CONTENIDO

Resumen	5
I. Introducción	6
1.1 Antecedentes	10
1.2 Justificación	13
1.3 Objetivos	14
II. Hipótesis	15
III. Materiales y Métodos	16
IV. Resultados	19
V. Análisis y Discusión	25
VI. Conclusiones	39
VII. Recomendaciones	40
VIII. Anexos	41
IX. Referencias	66
X. Abstract	71

## RESUMEN

La gran importancia económica que ha adquirido el cultivo de *Pleurotus* spp. ha motivado el aumento de investigaciones enfocadas al conocimiento del germoplasma, sin embargo, estas investigaciones aún siguen siendo insuficientes pues el énfasis sigue estando en el aspecto productivo. Dentro de algunas de las líneas de estudio que también han sido abordadas se encuentra la expresión del color en los píleos, lo que les permitirá a los productores la posibilidad de explorar nuevos mercados a partir de fenotipos novedosos. No obstante, las posibilidades de manejo de estos caracteres están restringidas e influenciadas por el conocimiento de la biología de las especies.

En el presente trabajo se caracterizaron y relacionaron genéticamente distintas cepas con base en las secuencias de la región ITS1-5.8-ITS2 del DNA ribosomal, región que ya ha sido reconocida por el apoyo que brinda en el reconocimiento de especies. Se analizaron 14 cepas de *Pleurotus* spp. que fueron cultivadas y fructificadas para registrar el color del píleo; el micelio fue colectado para la extracción de DNA y la consecuente secuenciación de la región ITS-1-5.8-ITS2 del rDNA. El análisis de las secuencias se realizó por dos vías, dando en ambos casos agrupamientos muy similares en los que se reconocen cuatro conjuntos, dos de los cuales están muy cerca de *P. pulmonarius* y *P. colombinus*, estos dos a su vez, muy cerca del conjunto afín a *P. ostreatus* y el cuarto restante muy cercano a *P. djamor*. Se obtuvieron cinco grupos de color, que fueron arena-marfil, gris, naranja-grisáceo, rosa y blanco. Con excepción de este último que sólo se presentó en *P. djamor*, no se detectó un color que fuera distintivo de alguno de los conjuntos. Incluso tres cepas presentaron color de píleo distinto al reportado en trabajos anteriores. Se discute la posibilidad de que haya cepas rosas que no pertenezcan a *P. djamor*, como hasta ahora se había creído.

## INTRODUCCIÓN

El consumo de hongos comestibles y medicinales se remonta a tiempos inmemorables y prácticamente en todas las culturas se encuentran datos de ello. Sin embargo el cultivo de los mismos es relativamente reciente, pues se calcula que el cultivo del champiñón *Agaricus bisporus* tiene aproximadamente unos 200 años en Europa (Royse y Sánchez, 2002). En otras partes del mundo como es el caso de Asia, se han elegido para su cultivo especies como *Lentilula edodes* y *Auricularia* spp. Aunque se tienen datos de que la tecnología del cultivo de hongos llegó a América desde el siglo XIX, no es sino hasta la segunda mitad el siglo XX en que esta industria tiene presencia en los mercados de distintos países de este continente.

El cultivo de *Pleurotus* spp es aún más reciente, pero ha tenido un gran auge dada la relativa sencillez y por la posibilidad de utilizar recursos que son desechos de actividades agropecuarias. En México se estima que el uso de la tecnología inició en 1974 (Martínez-Carrera *et al.*, 1992). Ya para finales del siglo pasado se observó un incremento de más del 400% en la producción, lo que ha hecho que México se coloque en el primer productor de América (Leal-Lara, 1998; Martínez-Carrera, 2002).

Dada la importancia económica de *Pleurotus*, en las últimas décadas han aumentado las investigaciones encaminadas a conocer y producir nuevas cepas con ventajas en algún aspecto que va desde lo productivo (Paredes *et al.*, 1996) hasta lo estético, pasando por la inducción en la producción de enzimas de interés industrial (Martínez-Carrera, 2002). Como lo muestra el estudio de Mora y Martínez-Carrera (2007) por razones obvias una de las mayores preocupaciones en el estudio de *Pleurotus* en México es el rubro de la producción. Como en cualquier proceso de mercadotecnia, la introducción de productos novedosos puede significar la posibilidad de cubrir gustos del consumidor que no han sido explotados, de tal suerte que los productores puedan obtener ventajas al tener la posibilidad de cultivar distintas especies y variedades de *Pleurotus* con colores y sabores distintos.

Es bien sabida la preferencia por los champiñones blancos sobre los oscuros en países latinoamericanos. Por lo que se refiere a los colores es de mencionarse los trabajos realizados por Valencia y Leal-Lara (1999) y por Valencia *et al.* (2001), en los que han estudiado la compatibilidad y la productividad de cepas con diversos colores. Adicionalmente, la búsqueda de nuevas variedades y el hecho de no centrar la atención en unas cuantas de ellas, conlleva el beneficio de contar con cepas que puedan ser cultivadas en condiciones ambientales distintas a las de las regiones Neárticas de donde proceden la mayoría de las cepas comerciales usadas en la actualidad (Huerta, 2007).

En esta búsqueda de nuevas variedades es de llamar la atención los esfuerzos que se hacen por mantener colecciones y generar inóculo de buena calidad (Salmones *et al.*, 2007; Sobal *et al.*, 2007 b). También salta a la vista la posibilidad de mejoramiento genético a través de métodos de cruza de micelios monospóricos (Martínez-Carrera, 1988 y Martínez-Carrera *et al.*, 1986) o de micelios desdicarriotizados (Valencia *et al.*, 2007, Ramírez-Carrillo *et al.*, 2007). Sin embargo, estos esfuerzos se ven dificultados por la baja capacidad de predicción del fenotipo, debido en parte a las características de la compatibilidad sexual que muestran los basidiomicetos en general y *Pleurotus* en particular y por lagunas en el conocimiento de genes de caracteres específicos y su expresión.

Tabla 1. Ejemplo de las modificaciones de la posición del género *Pleurotus* en los taxa superiores, hasta la propuesta mas reciente.

	Alexopoulos, <i>et al</i> (1996)	Kirk, <i>et al</i> (2001)	Index Fungorum (oct. 2008)
Phylum	Basidiomycota	Basidiomycota	Basidiomycota
Clase	Hymenomycetes	Basidiomycetes	Agaricomycetes
Orden	Agaricales	Agaricales	Agaricales
Familia	Tricholomataceae	Pleurotaceae	Pleurotaceae

El conocimiento de la taxonomía de *Pleurotus* es sin lugar a dudas de gran ayuda en este campo para proponer planes de mejoramiento genético además del enorme valor científico que esto representa, sin embargo aún hay grandes discusiones sobre su ubicación taxonómica

así como de cuántas y cuáles especies incluye (Huerta, 2007). Su ubicación ha ido variando en los últimos años como se muestra en la tabla 1, que ha pasado de la clase Hymenomycetes a la de Agaricomycetes y de la familia Tricholomataceae a Pleurotaceae.

Estos cambios se presentan en muchos grupos y no es un fenómeno exclusivo de las clasificaciones de hongos, sucede en protozoarios, plantas, bacterias y animales. De acuerdo con Zervakis *et al.* (1994) y Petersen (1995), los desacuerdos en la taxonomía de *Pleurotus* se han originado por varias razones entre las que cabe mencionar la mala identificación inicial, ausencia de especímenes tipo, inestabilidad de los caracteres morfológicos debido a cambios ambientales, reportes limitados de características fisiológicas y los escasos estudios de compatibilidad. Ya Chang y Hayes (1978) destacaban lo controversial que es la sección *Pleurotus* a diferencia de otras en las que hay caracteres morfológicos bastante claros, como por ejemplo en una *Amanita muscaria*, de ahí que los mismos autores hayan considerado como tentativas las especies propuestas en *Pleurotus* y recomiendan los estudios a partir de cruces. A este respecto Vigalys y Sun (1994) reportaron ocho grupos interestériles entre cepas de distinto origen geográfico. Petersen y Hughes (1997) reportaron seis grupos interestériles de entre siete especies de *Pleurotus*. Zervakis *et al.* (1994) reportaron ocho grupos interestériles de entre trece especies de *Pleurotus*. Bao, *et al.* (2004) reportaron 12 grupos interestériles de entre 25 especies de *Pleurotus*. Hasta la fecha se podrían diferenciar 15 grupos interestériles al reconocer las barreras de tipo reproductivo y no tanto por sus características morfológicas (Huerta, 2007), mismas que dicho sea de paso, pueden variar con las condiciones ambientales (Guzmán *et al.*, 1995).

La primera etapa en la caracterización, y que es básica en todos los organismos, es la descripción morfológica macroscópica, microscópica y fisiológica, y en particular en los hongos otros factores deben tomarse en cuenta como por ejemplo el hábito de crecimiento, el color, tamaño y la forma del píleo y estípite (Delgado *et al.*, 2005 y Largent, 1986), el tamaño y forma de las esporas y de las hifas, la trama y epicutis, por mencionar sólo algunos otros (Largent *et al.*, 1977); otras características de índole fisiológica que pueden ser consideradas son la tasa de crecimiento micelial, temperatura óptima de crecimiento y

fructificación, la productividad sobre distintos sustratos y los azúcares residuales (Sobal *et al.*, 2007a)

No obstante la importancia de esta primera etapa, desde los años 90s (Bruns *et al.*, 1991) han tenido auge propuestas metodológicas que dan mayor soporte a las descripciones morfológicas, mismas que en muchos casos pueden diferir en la misma especie por variación en las condiciones ambientales y de cultivo. Dentro de estas nuevas propuestas, por mencionar sólo algunas de las más utilizadas, se pueden enlistar las siguientes:

- a) Caracterización isoenzimática, en la que se usan los patrones de corrimiento electroforético producido por las isoenzimas que pueden diferenciar en distintos niveles taxonómicos, supra o infraespecíficos. (Zervakis y Labarere, 1992)
- b) Caracterización por RFLP. Siglas en inglés de Restriction fragment length polymorphism. En ésta se usan endonucleasas de restricción que cortan en sitios definidos el ADN y dependiendo de la ubicación de dichos sitios en el ADN de cada especie, pueden generarse distintos patrones electroforéticos en función de su peso molecular (Sagawa *et al.*, 1992).
- c) Caracterización por RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Con el refinamiento de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR, de Polymerase Chain Reaction) se han utilizado iniciadores (primers) pequeños de entre 10 a 20 bases de secuencia aleatoria que pueden adherirse a un sitio del ADN y replicar secciones de éste que pueden variar en tamaño de acuerdo a la especie (Stajic *et al.*, 2005).
- d) La caracterización de las regiones del ADN ribosomal, especialmente enfocada a la secuenciación nucleotídica de los Espaciadores Internos Transcritos (en inglés ITS) localizados entre el rADN nuclear 18s y el 28s (Martín y Rygiewicz, 2005)

## 1.1 Antecedentes

De lo dicho anteriormente y sin que sean excluyentes, se puede decir que ha habido tres corrientes en la caracterización de especies de *Pleurotus* en los últimos 20 años. La primera de ellas que retoma la escuela morfológica y que en la mayoría de los estudios se apoyan en los resultados de cruza (mating). La segunda que ha ido avanzando a la par del desarrollo de las técnicas en Biología Molecular. Y una tercera que ha intentado reunir a ambas.

Respecto a la primera de ellas se pueden referir investigaciones como las siguientes:

Guzmán *et al.* (1993) estudian *P. djamor* describiendo el color de los basidiocarpos y esporadas, el sistema hifal, las dimensiones de las esporas y queilocistidios, para poder establecer las relaciones y diferencias con *P. ostreatus*, *P. pulmonarius* y *P. opuntiae*.

Guzmán *et al.* (1994) trabajaron sobre el complejo *P. ostreatus*, mediante cruza y caracteres morfológicos entre los que cabe mencionar, el color de los píleos, láminas y esporadas, así como hábito de crecimiento y caracteres microscópicos.

Guzmán *et al.* (1995), investigaron mediante entrecruzamiento y observaciones de características morfológicas, así como el color de las esporadas, las formas rosas de *Pleurotus* que crecen en México, concluyendo que *Pleurotus djamor* tiene dos variedades rosas, una denominada *roseus* y otra *salmoneostramineus*.

Petersen (1995) en su estudio sobre los sistemas de apareamiento diserta sobre las dificultades que hay en la interpretación de la compatibilidad al momento de desprender conclusiones relativas a la sistemática de los hongos y comenta la posibilidad de que existan sistemas de apareamiento entre los hongos que aún no han sido descubiertos. Al revisar entre otros géneros, el caso de *Pleurotus djamor*, encontró que no había compatibilidad entre 2 cepas de color rosa (*P. salmoneostramineus* o *P. ostreatoroseus*) y sin embargo nehaplontes de ambas cepas presentaban compatibilidad con aislamientos monospóricos de *P. djamor* blanquecinos, e incluso con cepas grises de *P. opuntiae*.

En un abordaje distinto Valencia y Leal-Lara (1999) estudian la compatibilidad de cepas coloridas de *Pleurotus* spp, utilizando neohaplontes obtenidos por desdicariorización, encontrando que pueden ser compatibles cepas con píleos de colores diferentes.

Valencia (2002) estudia la expresión del color por apareamiento de neohaplontes compatibles, encontrando que la progenie puede expresar colores de píleos distintos a los parentales, como sucedió con una cruce de una cepa rosa y una blanca, cuya progenie presentó píleos amarillos.

En la segunda tendencia de caracterización de especies de *Pleurotus*, por métodos moleculares se mencionan a continuación algunos de los trabajos que han abordado el estudio de los genes relacionados con las subunidades ribosomales y más específicamente con la subunidad pequeña “SSU, 18S” (small subunit), la subunidad 5.8S, la subunidad grande “LSU, 25-28S” (large subunit) y la región de los ITS (ver anexo 2).

Bruns *et al.* (1992) proponen el uso de las secuencias de la subunidad pequeña del rRNA como un método útil en el análisis de las relaciones evolutivas de los hongos.

Vigalys y Sun (1994) estudiaron los patrones de especiación geográfica con base en el análisis del DNA ribosomal de ocho grupos interestériles. Encontrando que los patrones de distribución geográfica muestran los antiguos grupos evolutivos de especies ampliamente distribuidos a través del hemisferio norte y sur, antes de la separación de Pangea, hace aproximadamente 200 millones de años.

Bunyard *et al.* (1996) discuten sobre la resolución de clases genotípicas de *Pleurotus* a partir del análisis del DNA ribosomal mediante el uso de RFLP, encontrando que estas técnicas tienen mejor resolución que el análisis de caracteres morfológicos, aloenzimas y tipos de apareamiento.

En la revisión de Hwang y Kim (1999), evalúan las utilidades filogenéticas del análisis del DNA ribosomal y el DNA mitocondrial. Afirman que dependiendo de la región del DNA estudiada es la

información que puede obtenerse y por lo tanto la utilidad. Así por ejemplo el análisis de la región pequeña SSU (16-18S) nos ayuda a establecer las relaciones a nivel Phylum, Clase y Orden, en tanto que el análisis de la región grande LSU (23-28S) puede ayudarnos a discernir a nivel de Clase, Orden y Familia. Para el caso de las regiones ITS e IGS es posible establecer relaciones a nivel de Especie y poblaciones.

Zervakis *et al.* (2004) en un estudio del subgénero *Coremiopleurotus* que incluye taxa que producen fructificaciones synnematoideas, logran diferenciar con el empleo del análisis de secuencias de las regiones ITS1-5.8S-ITS2 rDNA, cinco especies de los aislamientos de diferentes regiones del mundo como *Pleurotus australis* (Australia y Nueva Zelanda), *Pleurotus abalonus* (Asia y Hawaii), *Pleurotus fuscusquamulosus* (Africa y Europa), *Pleurotus smithii* (México) y *Pleurotus cystidiosus* (para Norteamérica).

En la tercera corriente es de destacar los esfuerzos por unir la caracterización morfológica, las cruces y la biología molecular. Un trabajo pionero y que es importante destacar, aunque no se refiere al género *Pleurotus*, es el de Royse y May, (1982). Ellos relacionan el color de los píleos de *Agaricus brunnescens* con la similitud genética derivada del análisis de las isoenzimas alcohol deshidrogenasa (ADH), glutamato piruvato transaminasa (GPT), manosa-fosfato-isomerasa (MPI) y peptidasa con leucil-leucil-leucina (PEP-LLL). Del dendograma obtenido, sólo el color “golden white” se ubica en un grupo bien definido, en tanto las clases genotípicas con píleos de color café, crema y blancos se distribuyen sin mostrar alguna exclusividad.

Ya específicamente quienes abordan el estudio de las regiones del rDNA tenemos los trabajos de Petersen y Hughes (1997) que describen *Pleurotus abieticola* con la ayuda del análisis de secuencias de la región ITS1-5.8-ITS2, entrecruzamientos y caracteres morfológicos macroscópicos y microscópicos, lo que les permite ubicar la cercanía, pero en grupos separados de esta especie con *P. ostreatus*.

En un amplio trabajo realizado por Huerta (2007), enfocado al estudio de las cepas silvestres mexicanas del género *Pleurotus*, describe los agrupamientos derivados del análisis de la región ITS1-5.8-ITS2 del

rDNA, y lo conjunta con descripciones morfológicas y cruza con cepas testigo, encontrando concordancia con los grupos interestériles.

Sobal *et al.* (2007 b), quien además cita los trabajos de Ramírez, (2006) han trabajado recientemente con la caracterización de cepas comerciales y silvestres de *Pleurotus* del Centro de Recursos Genéticos de Hongos Comestibles (GREGENHC) del Colegio de Postgraduados, una de las colecciones más importantes del país, apoyándose de manera sustancial en la secuenciación de la región ITS1-5.8-ITS2 del rDNA, con la cual han podido hacer inferencias filogenéticas de las mismas.

## 1.2 Justificación

El conocimiento de la biodiversidad de los hongos es un recurso clave para el mejoramiento de su cultivo, así como de la producción de nuevas variedades destinadas a cubrir necesidades específicas del consumidor, de ahí que la caracterización del germoplasma en sus distintas facetas (morfológica, bioquímica, genética y molecular) sea un proceso fundamental, no sólo por su importancia taxonómica (Labarere y Bois, 2002), sino por la posibilidad de facilitar su manejo en la búsqueda de expresiones fenotípicas novedosas y de interés comercial, como es el caso del color. Tal es el interés que ha motivado trabajos conjuntos de la Facultad de Química y la Facultad de Estudios Superiores Iztacala, ambas de la Universidad Nacional Autónoma de México, con el fin de generar el conocimiento que ayude a comprender las bases de la expresión del color en el género *Pleurotus* en la prospectiva del establecimiento de planes de manejo que permitan el desarrollo de nuevas cepas. Para lo cual el presente estudio contribuye a resolver la interrogante que plantea la posibilidad de que cepas de *Pleurotus* spp. cercanas genéticamente puedan expresar un color de píleo característico de su grupo.

### 1.3

#### Objetivo general

Establecer las relaciones genéticas con base en las secuencias de la región ITS1-5.8-ITS2 del rDNA de 14 cepas de *Pleurotus* spp. de distintos colores, cultivadas en México.

#### Objetivos particulares

1.3.1. Caracterizar genéticamente las 14 cepas de *Pleurotus* spp con base en las secuencias de la región ITS1-5.8-ITS2 del rDNA.

1.3.2. Definir los conjuntos y sus relaciones genéticas de las cepas en cuestión analizando con Clustall.

1.3.3. Definir las relaciones y conjuntos de afinidades genéticas de las cepas estudiadas, con las especies reportadas en el GENBANK, mediante el BLAST, utilizando dos vías de análisis, Clustall y PAUP.

1.3.4 Confirmar el color de los píleos de las cepas estudiadas, comparándolo con el reportado en trabajos previos.

1.3.5. Comparar los conjuntos obtenidos con base en la expresión del color y los obtenidos del análisis genético.

## II.

## HIPÓTESIS

Dado que el análisis de secuencias de la región ITS1-5.8S-ITS2 del rDNA, ha mostrado ser significativo para establecer relaciones genéticas en concordancia con los grupos taxonómicos a nivel de especie, es de esperarse que al aplicar este mismo análisis a varias cepas del género *Pleurotus*, los conjuntos obtenidos reúnan a las de la misma especie y/o con características comunes.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

- 3.1 Material biológico

Para la selección del germoplasma se tomó en consideración que las cepas hubieran sido reportadas con coloraciones que pudieran ser catalogadas de forma separada o dentro de grupos definidos sin ambigüedades en la percepción del color. Para ello se tomó como antecedente el trabajo de Velencia y Leal-Lara (1999) y Valencia (2002). Estos autores estudiaron la compatibilidad de distintas cepas coloridas a partir del apareamiento de monocariontes obtenidos por un método conocido como desdicarriotización (Leal-Lara, 1980). De las cepas trabajadas por los autores, para el presente estudio se tomaron trece cepas y se agregó adicionalmente la cepa ATCC-58753 identificada como *P. ostreatus*, quedando como se muestra en la tabla 2. El material biológico se encuentra depositado en el cepario del Departamento de Alimentos y Biotecnología, de la Facultad de Química, Conjunto “E”, Lab. 324, de la Universidad Nacional Autónoma de México.

- 3.2 Cultivo para evaluar la estabilidad del color.

El micelio se cultivó en cajas Petri con agar (2%) y extracto de malta (1.5%) (Ramírez-Carrillo *et al.*, 2007). Mismo que se sembró en trigo esterilizado en autoclave por 30 min a 121°C y 15 libras, previamente humedecido durante 48 h y envasado en bolsas de polipapel conteniendo 250 g de trigo húmedo. El micelio se incubó a 25°C en oscuridad hasta invasión total por un lapso de 18 a 21 días. A partir de este momento los inóculos de aproximadamente 80 g fueron colocados en bolsas con 150 g de paja de trigo, cortada en secciones de 5 a 10 cm, humedecida por 72 h, y esterilizadas en las mismas condiciones de la semilla de trigo. Una vez invadida la paja por el micelio, las bolsas de sustrato, se descubrieron y distribuyeron aleatoriamente en una cámara con 17 a 22°C, donde se les indujo la fructificación con dos riegos diarios por aspersion e iluminación indirecta con un ciclo natural día/noche, al resguardo de la lluvia y cambios bruscos de temperatura. El color de los píleos fue determinado con las tablas de Munsell (1994).

Tabla 2.- Cepas de *Pleurotus* spp seleccionadas para el estudio de 4 agrupamientos. Se indica la catalogación del cepario de origen (especie, procedencia) y el color reportado por Valencia (2001) y el color de la cepa CDBB-H-302, mismo que fue confirmado en el presente estudio.

#	Cepas	Especie reportada	Procedencia (cepario)	Color del píleo
1	IE-200	<i>P. djamor</i>	Inst. Ecología, Méx	Blanco
2	IE-201	<i>P. djamor</i>	Inst. Ecología, Méx	Blanco
3	UAP-7	<i>Pleurotus</i> sp.	U. de Puebla, Méx	Arena
4	UAP-9	<i>Pleurotus</i> sp.	U. de Puebla, Méx	Marfil
5	IAP	<i>Pleurotus</i> sp.	Fac. de Química, UNAM	Marfil
6	CDBB-H-302	<i>P. ostreatus</i> ATCC 58753	CINVESTAV, Méx.	Arena
7	P-15	<i>Pleurotus</i> sp.	Pleos, Italia	Gris
8	IE-136	<i>P. columbinus</i>	Inst. Ecología, Méx	Gris
9	IB-67	<i>Pleurotus</i> sp.	U. de Guadalajara, Méx	Gris/rosáceo
10	ECS-130	<i>P. djamor</i>	Ecosur Chiapas, Méx	Rosa carey
11	IE-202	<i>P. djamor</i> var. <i>salmonostramineus</i> )	Inst. Ecología, Méx.	Rosa claro
12	RP	<i>Pleurotus</i> sp.	Productor en D.F., Méx	Rosa
13	POROS	<i>P. ostreatoroseus</i>	Stamets, USA	Rosa
14	ECS-127	<i>P. djamor</i>	Ecosur Chiapas, Méx	Rosa

- 3.3 Cultivo del micelio.

El micelio se cultivó en frascos de vidrio con capacidad de 250 ml, con 50 ml de medio líquido de peptona-levadura-glucosa (0.2% de extracto de levadura; 0.2% de peptona; 0.05% de MgSO<sub>4</sub>-7H<sub>2</sub>O; 0.046% de KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>; 0.1% de K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>; 2% de glucosa) por 20 días a 25°C y en oscuridad.

- 3.4 Extracción de ADN

El micelio se retiró de los frascos filtrando sobre malla de nylon estéril y se colocó en un mortero estéril con nitrógeno líquido y agregándolo conforme se molía para evitar la descongelación. Una vez molido y aún congelado, el polvo se colocó en tubos eppendorf de 1.5 ml. Para la extracción del ADN se utilizó el Dneasy Plant Mini Kit de QIAGEN™. El ADN se recibió en una solución con 100 µl y se guardó a -20 °C. Se verificó la cantidad y calidad del DNA por electroforesis en gel de agarosa al 0.8%.

- 3.5 Amplificación y secuenciación.

La región ITS1-5.8-ITS2 fué amplificadaa utilizando los iniciadores ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') e ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG -3') de SIGMA-ALDRICH™. La mezcla de reacción de PCR incluyó: 10 µl de agua destilada estéril, 1 µl de buffer de PCR, 0.5 µl de MgCl<sub>2</sub> (50 mM), 0.2 µl de dNTPs, 0.8 µl de mezcla de iniciadores (1 µM), 0.2 µl de Taq polimerasa (5 U/µl) y 0.5 µl de ADN. Las condiciones de reacción fueron las siguientes: 95°C por 5 min y 30 ciclos que consistieron de: a)1 min a 95°C, b) 45 seg. a 52°C y c)1 min. a 72°C enlazados por 7 min. a 72°C y concluyendo con la fase de reposo a 4°C. La presencia de los productos de PCR fue verificada por electroforesis en gel de agarosa al 1%. Los productos de PCR fueron purificados con EXOSAPT (usb)™. Se secuenciaron directamente en secuenciador automático modelo 3100 GENETIC ANALIZER™ de 16 capilares utilizando BIGDYE TERMINATOR™ versión 3.1 SEQUENCING KIT™, en electroforesis capilar con soporte de polímero DT3100pop6(BD)v3, con una longitud capilar de 50 cm y un tiempo de corrimiento de 2 h 30 min. El equipo está ubicado en la Facultad de Estudios Superiores, Iztacala, Laboratorio de Bioquímica Molecular de la Universidad Nacional Autónoma de México.

## IV

## RESULTADOS

### 4.1 Confirmación del color.

En la tabla 3 se muestran los colores observados de los púleos obtenidos en el presente trabajo y la comparación con otros estudios con el fin de definir la estabilidad del dicho carácter.

Tabla 3. Colores de los púleos obtenidos en este estudio, comparados con los reportados por Valencia *et al.* (1999) y Valencia (2002). Se muestran las cepas que mantienen la expresión del color y las que varían en dicho carácter. N/A = no aplica, la cepa no fue evaluada por el autor.

#	Cepas	Color del púleo observado	Color del púleo reportado por:	
			Valencia <i>et al.</i> (1999)	Valencia (2002)
1	IE-200	Blanco	Blanco	Blanco
2	IE-201	Blanco	N/A	Blanco
5	IAP	Marfil	N/A	Marfil
6	CDBB-H-302	Arena	N/A	N/A
3	UAP-7	Gris	Naranja pardusco	Arena
4	UAP-9	Gris	Beige naranja	Marfil
7	P-15	Gris	Gris	Gris
8	IE-136	Gris	Gris	Gris
9	IB-67	Naranja grisáceo	Naranja grisáceo	Gris/rosáceo
10	ECS-130	Rosa	Rosa	Rosa
11	IE-202	Rosa	N/A	Rosa
12	RP	Rosa	Rosa	Rosa
13	POROS	Rosa	Rosa	Rosa
14	ECS-127	Rosa	N/A	Rosa

Las cepas que mostraron estabilidad en la expresión del color de los píleos, como se muestra en la tabla 3, fueron IE-200 e IE-201 con un color blanco obtenido en el presente estudio y en el trabajo de Valencia (2002). Así mismo las cepas claramente rosas mantuvieron la misma expresión del color y fueron las cepas RP, ECS-130, ECS-127, POROS e IE-202. Por otra parte, las cepas IE-136, P-15 conservaron la coloración gris y la cepa IAP presentó la coloración marfil de acuerdo con el estudio de Valencia (*op cit*). Sin embargo las cepas que difieren en la expresión del color son IB-67 con tonalidades naranjas, así como las cepas UAP-7 y UAP-9 con tonalidades grises.

En función de estos resultados se obtiene el agrupamiento que se representa en la figura 1.

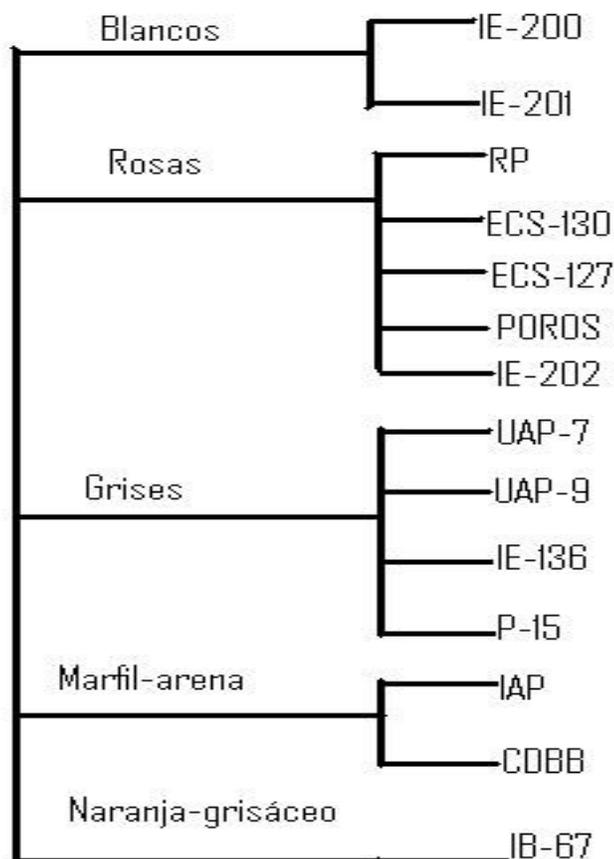


Figura 1. Esquema del agrupamiento derivado de la expresión del color de los píleos de las 14 cepas de *Pleurotus* spp. El dibujo es exclusivamente ilustrativo de los grupos de color, por lo que las distancias y longitudes de las líneas no representan ninguna magnitud.

## 4.2 Secuencias.

Las secuencias obtenidas fueron registradas en el GENBANK, (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). A continuación se enlistan, indicándose el número de acceso oficial:

**>IE201: FJ707366**  
CTGTCNCTTTTCTTCCAACCTCCGTCCGCGTTANNGATATGCCTTGGTTACNTNT  
TTCTNCNTCCAGATTANAAAGCTGGNCAATATNAGAATTGCATGCGTCTAGCGT  
AGATAATTATCACACTATGCGCAGAGGCCAACAAAGTCCCGCTAATGCATTTAAG  
AGGAGCCGACTTCAAAGAAAGAAGCCAGCAACCCCCAACAAATCCAAACAGCTA  
CAACAATAAAGTCATAGAGTTTGAGAATTTAATGACACTCAAACAGGCATGCC  
TTCGGAATACCAAAGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAAT  
TCTGCAATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAG  
CCAAGAGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTAAGTTTATAAGGCTCATGGCCTTGT  
CATTATAAACCATTCATTATAAAACATACATTTGGTGTGTGGTATAGTATAGGAA  
GTCGTTTTTAAGGGAAACCNAAGGCCTTTCAATTAAGAAAAAAACCCAAGGG  
TTACCCCAACCGGAATNNAT

**>IAP: FJ707367**  
TGGTCGCGTTTTNATTCCACCCTGTNTTTGTGGTTCGAATTGTCAANTTGTCTT  
GCGGCACGATTAGAGAGCTGGACTCTATTCATGCGTGCTATTGATGAGTGATAA  
TTATCACATCATGCGCAGAGGCCAATGAGAAGTCCTGCTAATGCATTTAAGAGGA  
GCCGACCTGTCAAGGCCAGCAGCCCCAACAAATCCAAACATCACAATTGGAAA  
GAAACCAAAGTGAGTTTGAGAATTTAATGACACTCAAACAGGCATGCCCTCGG  
AATACCAAGGGGCGCAAGGTGCGTTCAAAGATTCGATGATTCACTGAATTCTGC  
AATTCACATTACTTATCGCATTTCGCTGCGTTCTTCATCGATGCGAGAGCCAAG  
AGATCCGTTGTTGAAAGTTGTATTATGGTTTAAAGGCACAAGGCCCATTAATG  
ACATTCGTAGACATACATTTGGGGTGTGTAAGTAAATAGACTGCGTAGTCACAC  
CGAGACGTTTAAATCCAGCAACCAAGTCTGACGACTTGAGAGACGACTTCAC  
AGATCTATCAAAGTTCACAGGT

**>IB67: EF593119**  
TCGTNGTGACTGCGGAGGTCTTATGATTCCTATGGAGTTGTTGCTGGCCTCTAG  
GGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATAGATC  
TGTGAAGTCGTCCTTCAAGTCGTCAGACTTGGTTTGCTGGGATTTAAACGTCTC  
GGTGTGACAACGCAGTCTATTTACTTAACACACCCCAAATGTATGTCTACGAAT  
GTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTATAAACATAATAACAACCTTTCAACAACGGATC  
TCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAAT  
TGCAGAAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCCCTTGTA  
TTCCGAGGGGCATGCCTGTTTGAGTGTCAATTAATTCTCAAACCTCA

**>CDBB: EF593120**

TCGTAGTGACTGCGGAGGATCATTATGATTCACTATGGAGTTGTTGCTGGCCTC  
TAGGGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATAG  
ATCTGTGAAGTCGTCTCTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGCTGGGATTTAAACGTC  
TCGGTGTGACTACGCAGTCTATTTACTTACACACCCCAAATGTATGTCTACGAA  
ATGTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTTTAAACCATAATAACAACCTTTCAACAACGGA  
TCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGA  
ATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCCTTGGT  
ATTCCGAGGGGCATGCCTGTTTGAGTGTCAATTAATTCTCAAACCT

**>P15: EF593121**

TCGTNGTGACTGCGGAGGATCATTATGATTCCCTATGGAGTTGTTGCTGGCCTCT  
AGGGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATAGA  
TCTGTGAAGTCGTCTTTCAAGTCGTCAGACTTGGTTTGCTGGGATTTAAACGTC  
TCGGTGTGACAACACAGTCTATTTACTTAAACACACCCCAAATGTATGTCTACGA  
ATGTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTATAAACCATAATAACAACCTTTCAACAACGGA  
TCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGA  
ATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCCTTGGT  
ATTCCGAGGGGGCATGCCTGGTTTGAGTGTCAATTAATTCTCAAACCTCAC

**>ECS130: EF593122**

TCAAGCGGAGGAGGAGTCTTTTGATTACAAAGCTTTTGAGTTGTTTTGCTGGTC  
TCTAGGGACATTGTGCACGCTTCATTAGTTTCCACTTCATACCCCTGTGCACCT  
TTGATAGATTTTCGGTTTGGGTTATCCTTTGGTTTTTTTTTCTAATATGGAAGGGC  
TTTGGGTTCTTAAACGACTTCCATACCAACACACACCAAATGGAAGGTTT  
ATAATGAATGGGTTAAATGGACCAGGGCTTGAACCTTAAAACTTAATACACA  
ACTTTCAACAAACAGGGAACCCCTGGCTCTCGCACGATAGAAAA

**>ECS127: EF593123**

CAGCAGAAGTCTTATGATTACAAANCTTTTGAAGTTGTTTTGCTGGTCTCTAGG  
GACATTGTGCACGCTTCATTAGTTTCCACTTCATACCCCTGTGCACCTTTGAATA  
GATTTTCGGTTTGGGTTATCCTTTGGTTTTTTTTCYTAATTGAAAGGSCCTTTGGTTT  
CCTTAAACCACTTCTATACTATAACCCACCACCCAATGGATGTTTTATAATGGA  
ATGGGTTATAATGGCAAGGGCCTGGAGACCTTATAAACTTAATACAACCTTTCAA  
CAACGGATCTCTTGGCTCYCCCATCCATGAAAACCCAACCAATGCGATAAAGT  
AATGGGAAWTGSAAAT

**>IE-136: EF593124**

CTCGTGTGACCTGCGGAGTACATTATGAATTCCTATGGAGTTGTTGCTGGCCTC  
TAGGGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATA  
GATCTGTGAAAGTCGTCTTTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGTGCGGGGAATTTAA  
ACGTCYCGGGGGGACACACCCCAAATCCTATTTCACTTAACACCCCCCAAGATG  
TGTGTCCACAAAGTGTCTTTAGGGGGCCTTGCGCCTATAACCCATAATACATT  
TTTCAACAACGAGATCTCGGGGCTCTCGCATCT

**>IE-202: EF593125**

TGAGGAGTCATTATGATTACAAGCTTTTGAAGTTGTTTTGCTGGTCTCTAGGGA  
CATTGTGCACGCTTCATTAGTTTCCACTTCATACCCCTGTGCACCTTTGATAGAT  
TTCGGTTTGGGTTATCCTTTGGTTTTTTTTCTTAATTGAAAGGCCTTTGGTTTCC  
TTAAAACGACTTCTATACTATACCACACACCAAATGTATGTTTTATAATGAATGG  
TTTATAATGACAAGGCCATGAGCCTTATAAACTTAATACAACCTTTCAACAACGGA  
TCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAA  
TTGCAAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCTTTGGTATT  
CCGAAGGCATGCCTGTTTGAGTGGTCAATA

**>IE-200: EF593118**

GAGGAGGTCATTATGATTCAAAGCTTTTGAAGTTGTTTTGCTGGTCTCTAGGG  
ACATTGTGCACGCTTCATTAGTTTCCACTTCATACCCCTGTGCACCTTTGATAGA  
TTTCGGTTTGGGTTATCCTTTGGTTTTTTTTCTTAATTGAAAGGCCTTTGGGTTT  
CCTAAAAACAACCTCAATCCAATCCCACACCCCAAAGGTTGGTTTAAAAAGGAA  
GGTTTAAAAAGGCCAAGGCCWGAACCCTAAAAAACTAAAAACAATTTTCACCA  
ACGGAACCTCTGGGTTCTCCACCGATAAAAAACCCACCGAAAGGCCAAAAAGA  
AAGGGGAATTGCAAATTCAGGGAACCACCAACCTTTACCCCTTTGGCCCCCT  
TGGAATCCCAAAGGGCAGGCCGTTTAAAG

**>POROS: EF593126**

TCGTAGTGACTGCGGAGGTCATTATGATTCCTATGGAGTTGTTGCTGGCTCTAG  
GGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTCAACCACCTGTGAACTTTTATAGATC  
TGTGAAGTCGTCCTTCAAGTCGTCAGACTTGGTTTGGCTGGGATTTAAACGTCTC  
GGTGTGACAACGCAGTCTATTTACTTAACACACCCCAAATGTATGTCTACGAAT  
GTCATTTAATGGGCCTTGTGCCTATAAACCATAATAACAACCTTTCAACAACGGATC  
TCTTGGCTCTCGCATCGATGAAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAA  
TTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCTTTGGTA  
TTCCGAGGGGCATGCCTGTTTGAGTGTCAATTAATTCTCAAAC

**>RP: EF593127**

GAGGAGGTCATTATGATTTCAAAGCTTTTGAAGTTGTTTTGCTGGTCTCTAGG  
GACATTGTGCACGCTTCATTAGTTTCCACTTCATACCCCTGTGCACCTTTGATA  
GATTTTCGGTTTGGGTTATCCTTTGGTTTTTTTTCTTAATTGAAAGGCCTTTGGTT  
TCCTTAACACGACTTCTATACTATACCACACACCAAATGTATGTTTTATAATGAA  
TGGTTTATAATAACAAGGCCATGAGCCTTATAAACTTAATACAACCTTTCAACAAC  
GGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  
GTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCT  
TTGGTATTCCGAAGGGCATGCCTGT

>UAP7:

**EF593128**

TCGTAGTGACTGCGGAGGTCATTATGATTCCTATGGAGTTGTTGCTGGCTCTAG  
GGGCATGTGCACGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATAGATC  
TGTGAAGTCGTCTCTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGCTGGGATTTAAACGTCTCG  
GTGTGACTACGCAGTCTATTTACTTACACACCCCAAATGTATGTCTACGAATGT  
CATTTAATGGGCCTTGTGCCTTTAAACCATAATACTTTCAACAACGGATCTC  
TTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAAATGCGATAAGTAATGTGAATT  
GCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCCTTGGTATT  
CCGAGGGGCATGCCTGTTTGAGTGTCATTAATTCT

>UAP9:

**EF593129**

TCGTAGTGACTGCGGAGGCTTATGATTCCTATGGAGTTGTTGCTGGCCTCTAG  
GGGCATGTGCACAGCTTCACTAGTCTTTCAACCACCTGTGAACTTTTGATAGAT  
CTGTGAAGTCGTCTCTCAAGTCGTCAGACTTGGTTGCTGGGATTTAAACGTCTC  
GGTGTGACTACGCAGTCTATTTACTTACACACCCCAAATGTATGTCTACGAATG  
TCATTTAATGGGCCTTGTGCCTTTAAACCATAATACTTTCAACAACGGATCT  
CTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAAATGCGATAAGTAATGTGAAT  
TGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTGCGCCCCTTGGTAT  
TCCGAGGGGCCATGCCTGTTTGAGTGTCATTAATTCTCAAACCTCACTT

## V. ANÁLISIS Y DISCUSIÓN

**5.1 Primera vía de análisis.** Las secuencias obtenidas se alinearon con el software Multiple Sequence Alignments CLUSTAL W (1.83) usando los parámetros estándar. Las longitudes fueron uniformizadas a 290 caracteres, considerando las inserciones, removiendo los extremos no alineados. Se obtuvieron dos árboles con el más alto consenso que se presentan en las figuras 2 y 3.

En la figura 2 y mejor ordenados en la figura 3, se muestran en un primer plano tres conjuntos, el primero de ellos con dos subconjuntos, en uno de los cuales tenemos píleos de color gris, arena y marfil muy cercano a la cepa CDBB (ATCC-58753) registrada como *P. ostreatus*, y que son las cepas IAP, UAP-7 y UAP-9. El segundo conjunto lo constituyen las cepas con colores muy contrastantes como son la cepa POROS que es rosa, y que es reportada como *P. ostreatoroseus*, la IB-67 que es naranja grisáceo y grises como la cepa P-15 y la cepa IE-136, esta última identificada como *P. pulmonarius* y que ha sido estudiada por Pérez y Mata (2005). Esta diversidad hace de este conjunto el más polémico.

El tercer conjunto lo constituyen cepas identificadas como *P. djamor*, con píleos de color blanco como IE-200 e IE-201, así como rosas dentro del cual se encuentran las cepas ECS-127 y ECS-130 estudiadas por Huerta (2007) y las cepas IE-202 y RP.

La separación de los conjuntos coincide con lo encontrado por Vigalys y Sun (1994) al estudiar ocho grupos interestériles entre los que se encuentran *P. ostreatus*, *P. pulmonarius* y *P. djamor*, entre otros.

Con la finalidad de definir la cercanía de las cepas estudiadas con especies de *Pleurotus* reportadas y poder significar los agrupamientos a partir de las semejanzas genéticas se consultó la biblioteca del GenBank y se realizó el Blast (Basic local alignment search tool) (Altschul *et al.*, 1990) con todas las cepas, obteniéndose una lista de secuencias y cuyos datos de origen pueden consultarse en el anexo 1. En los subsecuentes árboles se les puede diferenciar por estar escritas en minúsculas. A partir de las mismas se procedió de igual forma que para los casos anteriores en el alineamiento y construcción de los árboles, obteniéndose los dos de más alto consenso que se

muestran en las figuras 4 y 5 respectivamente. Como se observa los grandes conjuntos se mantienen y las cercanías a las especies *P. ostreatus*, *P. pulmonarius* y *P. djamor* se confirma con el Blast.

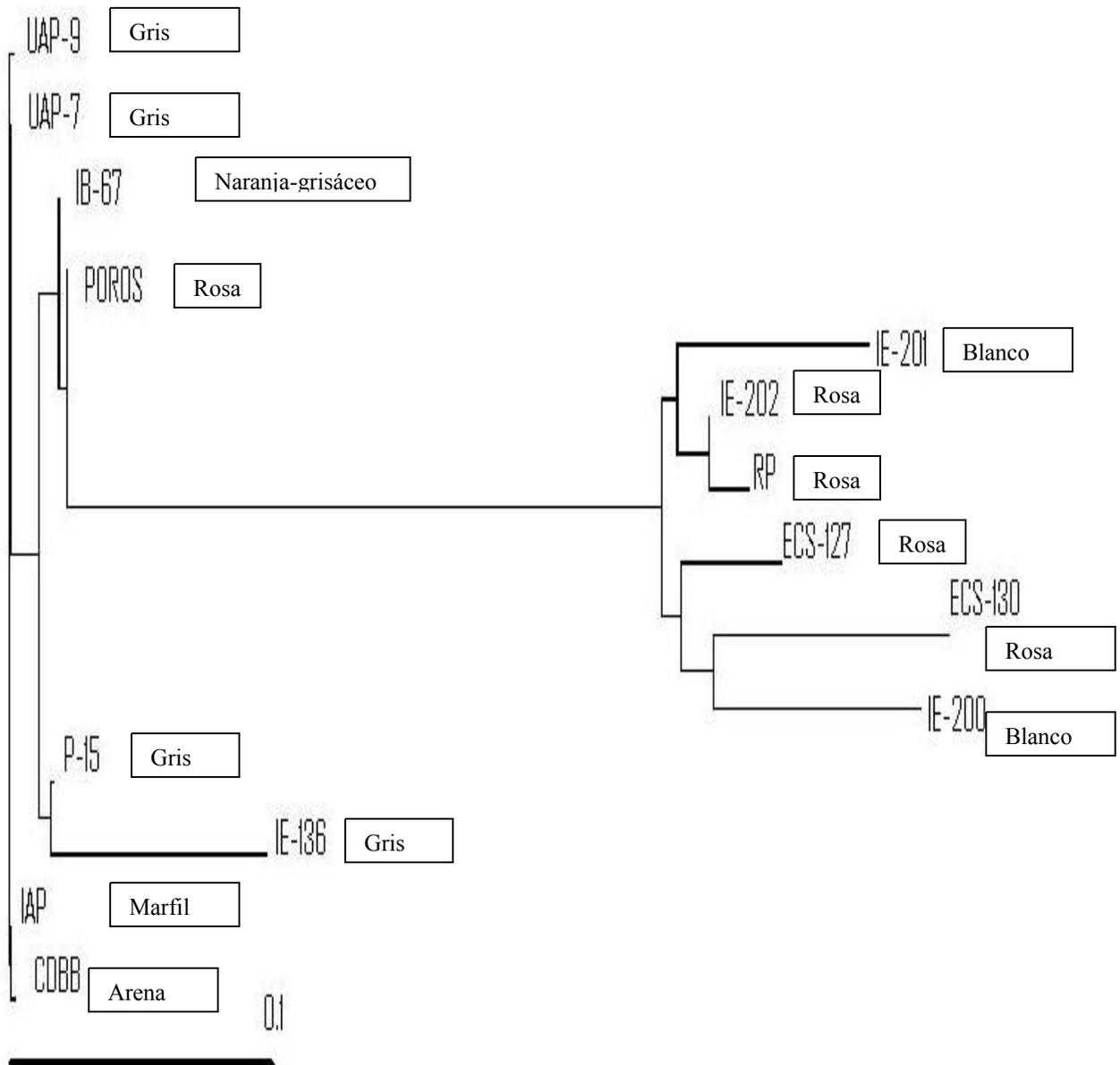


Figura 2. Primer árbol con el mayor consenso a partir de las secuencias uniformizadas en longitud posterior a su alineamiento. En este se han agregado etiquetas indicando los colores de los pileos.

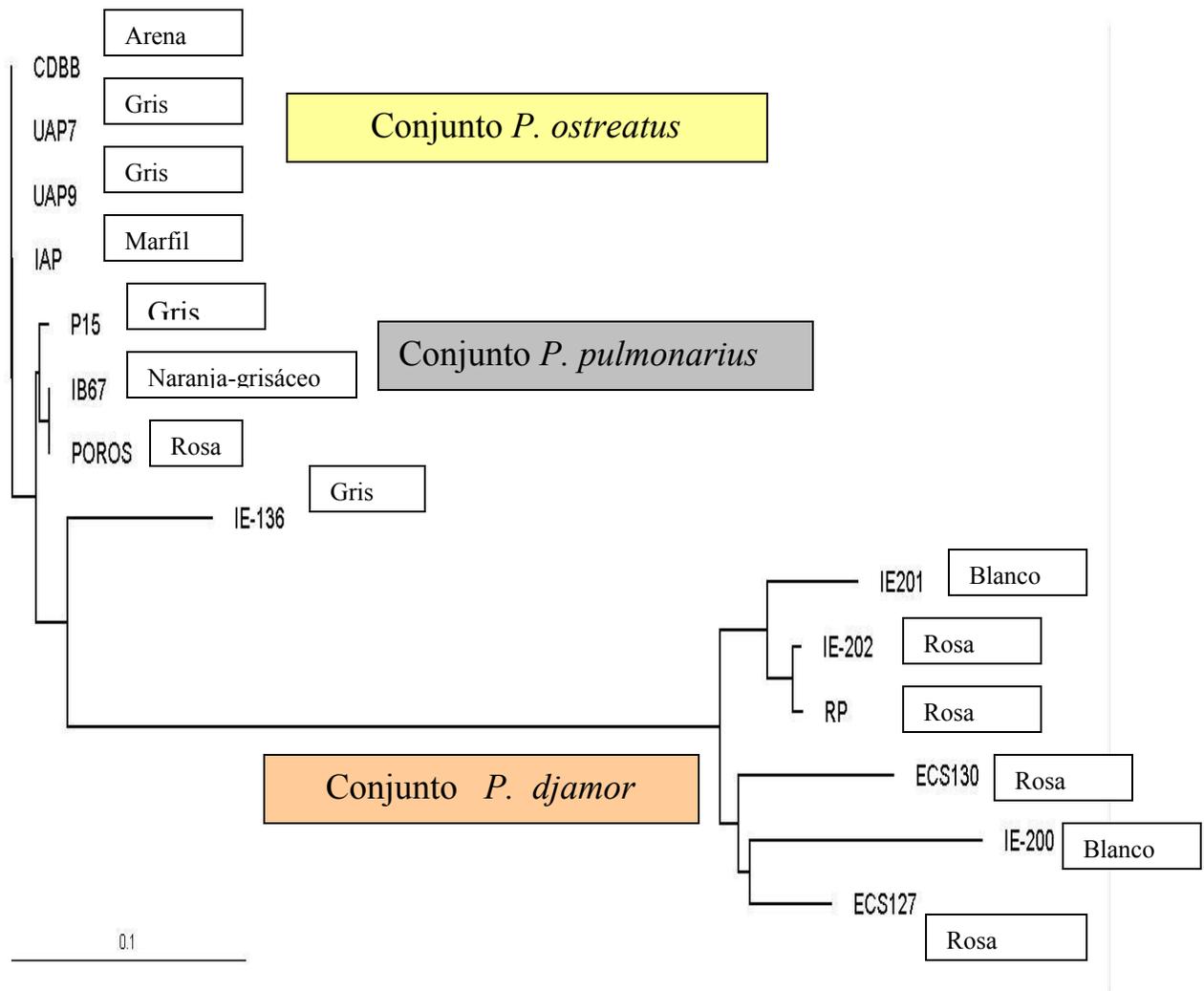


Figura 3. Segundo árbol de mayor consenso, obtenido del análisis de las secuencias y que muestra los tres conjuntos.

Es de destacar en primer término el conjunto de *P. djamor* donde las secuencias de las cepas tienen una alta similitud con cepas de esta especie, y con cepas de *P. salmoneostramineus* y *P. flavellatus*. En el caso de *P. salmoneostramineus* ha sido reconocida como una variedad de *P. djamor*, Guzmán *et al.* (1995) reconocieron la estrecha relación entre ambas. En un primer trabajo Petersen y Hughes (1993)

no encontraron compatibilidad con cepas de *P. djamor* de México y Puerto Rico. Sin embargo en 1995, Petersen describe tres variedades morfológicas de *P. djamor* entre las que se encuentran cepas rosas de *P. salmoneostramineus* y cepas blanquecinas-coco y oliva-pálido, reconocidas como *P. djamor*, así como grises de *P. opuntiae*. Salmones *et al* (2004) estudiaron la cepa rosa y la reconocieron como *P. djamor* var. *salmoneostramineus* y reportaron para ella coloraciones rosas, como en los estudios de Guzmán *et al.* (1995), aunque al realizar las cruza algunos de los descendientes presentaron color blanquecino. Un fenómeno similar había sido reportado en cepas de *P. salmoneostramineus* por Murakami y Takemaru (1990), quienes encuentran en los descendientes que una proporción corresponde a basidiocarpos rosas y otra parte a blancos, o albinos como ellos los llaman.

En el presente estudio la mayoría de las cepas con los píleos rosa y las dos cepas con píleo blanco se agrupan mediante el análisis de secuencias en un conjunto bien definido para *P. djamor* aunque las variedades no son fáciles de discriminar por la falta de datos. También es de hacer notar que las dos cepas blancas IE-200 e IE-201, se encuentran más cercanas a cepas rosas que entre ellas mismas. Esto concuerda con lo observado por Valencia y Leal-Lara (1999), Valencia (2001) y Valencia *et al.* (2007), quienes las colocan en grupos interestériles distintos y dentro de grupos relacionados con cepas rosas, IE-200 con RP y en el caso de IE-201 con la cepa IE-202, (ver tabla 4).

**Tabla 4.- Matriz de distancias** entre las cepas y su ubicación en cada uno de los tres conjuntos de afinidad genética, mismos que fueron definidos con el análisis de las secuencias de la región ITS1-5.8-ITS2 y del Blast (ver anexo 3 para detalle). Se complementa con una **matriz de compatibilidad** de acuerdo a los datos reportados en la literatura.

ESPECIES AFINES A LOS CONJUNTOS	CONJUNTOS NOMBRADOS CON LAS ESPECIES DE <i>PLEUROTUS</i> DE MAYOR AFINIDAD GENÉTICA																			
	COLOR DEL PILEO	CEPAS	<i>P. djamor</i>						<i>P. pulmonarius</i>				<i>P. ostreatus</i>							
			IE-200	ECS-130	ECS-127	IE-201	IE-202	RP	POROS	IB-67	P-15	IE-136	IAP	CDBB- H-302	UAP-7	UAP-9				
<i>P. djamor</i>	Blanco	IE-200		+	-	-	-	+	+	-	-									
	Rosa	ECS-130	0.157		-						+		-							
	Rosa	ECS-127	0.122	0.114		-	-	-	-	-	-									
	Blanco	IE-201	0.153	0.133	0.095		+	-	-	-	-									
	Rosa	IE-202	0.137	0.121	0.065	0.049		-	-	-	-									
	Rosa	RP	0.148	0.132	0.076	0.057	0.008		+	+	-									
<i>P. pulmonarius</i>	Rosa	POROS	0.402	0.375	0.344	0.364	0.335	0.33		+	-	-								
	Naranja grisáceo	IB-67	0.401	0.373	0.343	0.363	0.333	0.33	0		-	-								
	Gris	P-15	0.405	0.378	0.347	0.367	0.337	0.33	0.008	0.008										
	Gris	IE-136	0.431	0.412	0.39	0.409	0.38	0.37	0.079	0.078	0.075									
<i>P. ostreatus</i>	Marfil	IAP	0.402	0.375	0.346	0.36	0.331	0.32	0.016	0.016	0.016	0.087								
	Arena	CDBB-H-302	0.405	0.378	0.348	0.363	0.333	0.33	0.016	0.016	0.016	0.091	0							
	Gris	UAP-7	0.404	0.377	0.347	0.362	0.332	0.33	0.016	0.016	0.016	0.087	0	0						
	Gris	UAP-9	0.402	0.375	0.346	0.36	0.331	0.32	0.016	0.016	0.016	0.087	0	0	0					
Cepas de referencia	<i>P. djamor</i>			+	+															
	<i>P. columbinus</i>											+								
	<i>P. ostreatus</i>			-	-						-									

**Notas:** “+” indica compatibilidad positiva y “-” compatibilidad negativa. La nota numérica indica la fuente consultada: 1) Guzmán *et al.* (1994), 2) Huerta (2007), 3) Valencia y Leal-Lara (1999), 4) Valencia (2002). Los espacios vacíos indican carencia de información publicada.

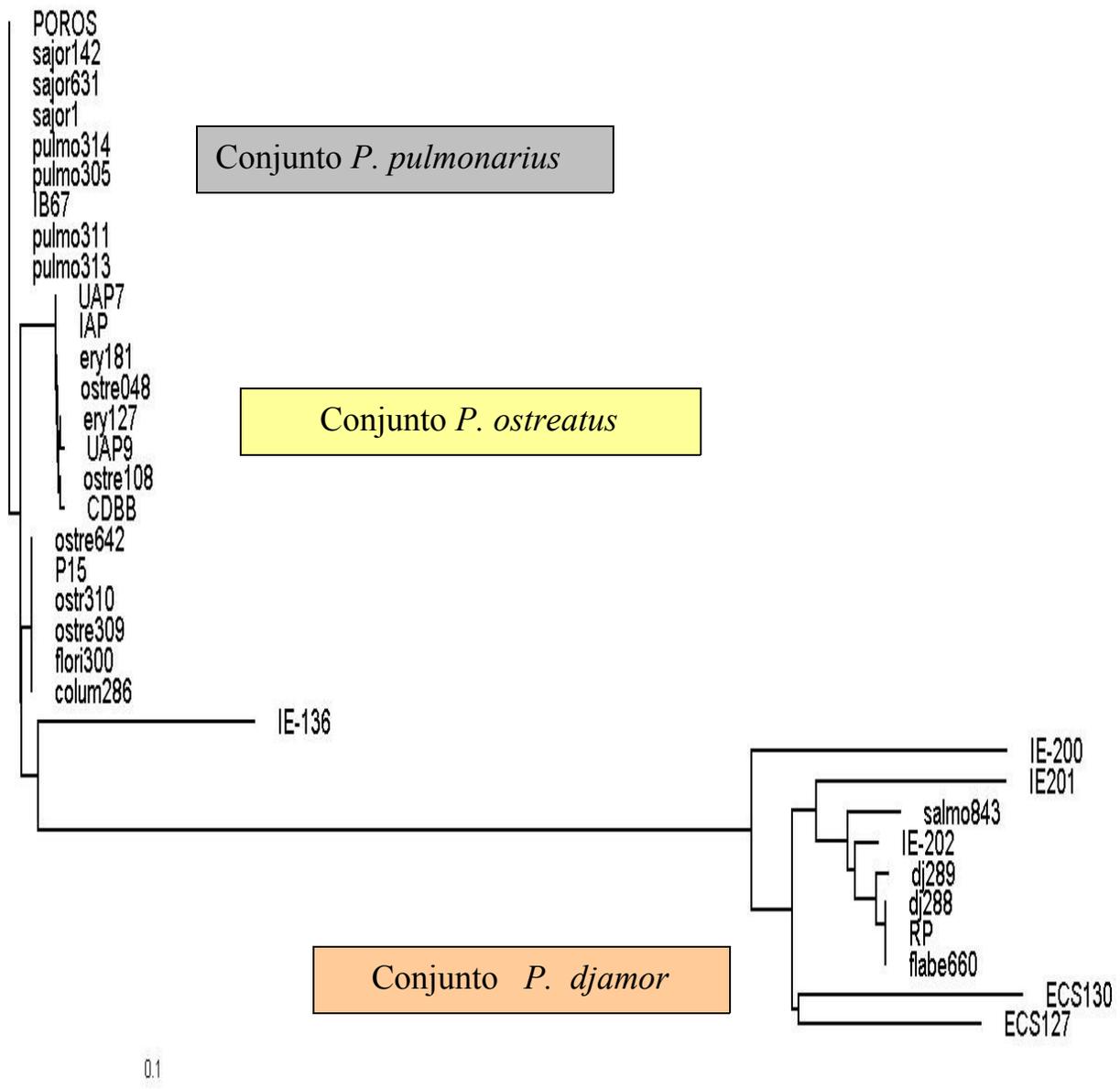


Figura 4. Tercer árbol obtenido del consenso más alto a partir de la consulta del Gen Bank y posterior al Blast realizado con todas las cepas estudiadas.

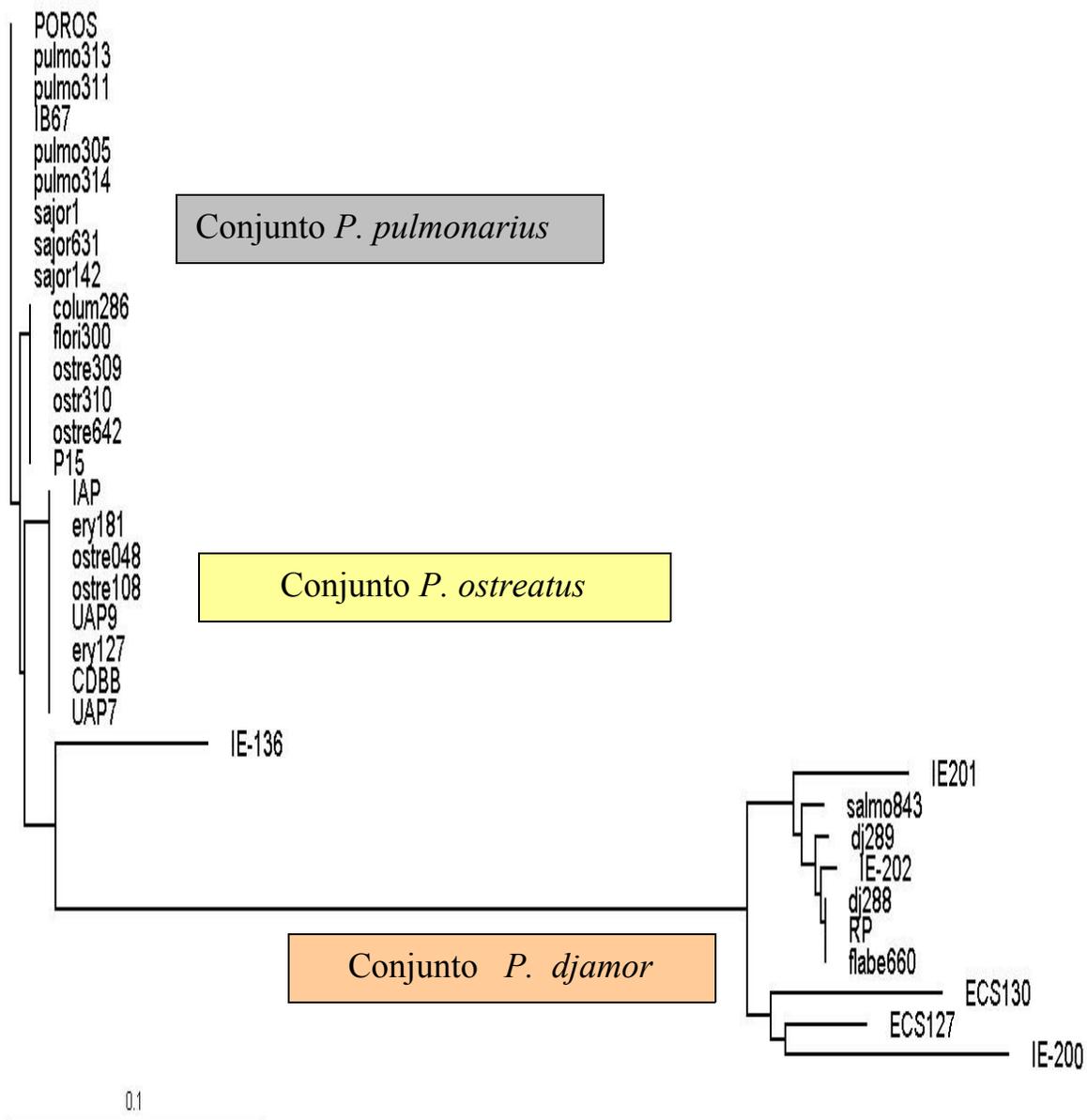


Figura 5. Cuarto árbol obtenido como par del consenso del mismo análisis del de la figura 4, a partir de las secuencias en las mismas condiciones. Se indican los principales conjuntos. Obsérvese lo heterogéneo del conjunto de *P. pulmonarius*.

El conjunto *P. pulmonarius* después del BLAST, se divide en tres subconjuntos. Llama la atención la separación de la cepa IE-136 de color gris, que se aleja ligeramente de los dos restantes en donde se encuentran separados *P. ostreatus* y *P. pulmonarius*. Con respecto a esta cepa, la IE-136, ha habido diferencias en su determinación ya que Guzmán *et al.* (1994) la incluyen dentro de *P. columbinus*, a partir de estudios morfológicos y apareamientos, coincidiendo en la coloración grisácea. Por otra parte, en el estudio de Pérez y Mata (2005) es reportada como *P. pulmonarius*. La distancia que se observa entre ambas especies pudiera sugerir que se trata de una especie o variedad distinta a ambas, como se verá mas abajo en las figuras 4 y 5 e incluso en la figura 6, después de hacer el análisis con la edición de las secuencias. También se separa la cepa P-15 de color gris compartiendo este subconjunto con cepas de las especies *P. ostreatus*, *P. columbinus* y *P. floridanus*. Son tan pequeñas las distancias que las separan que podrían ser consideradas como variedades de *P. ostreatus*. Aunque Guzmán *et al.* (1994) sostienen que *P. ostreatus* var. *ostreatus* y *P. ostreatus* var. *columbinus* son incompatibles y por lo tanto debiera en realidad ser nombrado como *P. columbinus* y describen para esta colores que van del azul-grisáceo oscuro al gris azuláceo, lo cual concuerda con el fenotipo de la cepa P-15. Los mismos autores discuten sobre la confusión alrededor de la especie *P. floridanus* sugiriendo que los especímenes así identificados pudieran tratarse de identificaciones erróneas.

El conjunto de *P. ostreatus* es muy consistente y se mantienen en él las cepas IAP (marfil), UAP-7 (gris), UAP-9 (gris) y la cepa CDBB, (arena), esta última identificada como *P. ostreatus* (ATCC-58753). Atraen a ellas a cepas de *P. ostreatus* y *P. eryngii*. La cercanía entre estas dos especies también ha sido establecida por Vigalys y Sun (1994), Iracabal *et al.* (1995), mediante el uso de un análisis de restricción polimórfica en DNA ribosomal, Bunyard *et al.* (1996) y Bao *et al.* (2004) mediante el estudio de la porción 5´ de la región 26S del DNA ribosomal.

En el conjunto *P. pulmonarius* además de cepas de esta especie, con el Blast, se atraen a cepas identificadas como *P. sajor-caju*. Esta cercanía también fue descrita por Iracabal (*op cit.*) y por Shnyreva y Shataer (2006). Sin embargo este conjunto pudiera considerarse como el más polémico pues en él se encuentran las cepas IB-67 (naranja-grisáceo) y de manera por demás interesante la cepa POROS, identificada como *P. ostreatoroseus*. Hasta el momento las cepas rosas conocidas habían sido

consideradas dentro del complejo *P. djamor* por Guzmán *et al.* (1995), Petersen (1995) y Huerta, (2007).

Valencia (2001) ubica la cepa POROS en un grupo interestéril con cepas rosas y blancas de *P. djamor*, como se observa en la tabla 4. Esto abre un campo de discusión pues es muy probable que el color rosa no sea exclusivo del complejo relacionado con *P. djamor*. Desafortunadamente no hay estudios mas detallados de esta cepa y por si fuera poco el tipo de *P. ostreatoroseus* Singer, está extraviado (Guzmán *et al.* 1995), y no se ha podido establecer con claridad varias de las características con las cuales fuera posible definir la pertenencia o no a esa especie de aislamientos como en el caso de la cepa POROS que fue obtenida con ese dato, por lo que se recomienda un detallado examen de características morfológicas, incluyendo las microscópicas a fin de evaluar su cercanía con *P. djamor* o con *P. pulmonarius*. Lo mismo se recomienda para la cepa IB-67 aunque este caso es distinto pues la coloración es poco consistente y al parecer varía con las condiciones ambientales. Ambas en el análisis de secuencias están muy cercanas y Valencia (2001) las reporta dentro del mismo grupo interestéril (ver tabla 4) con descendientes de color naranja-amarillo y pardo-amarillo.

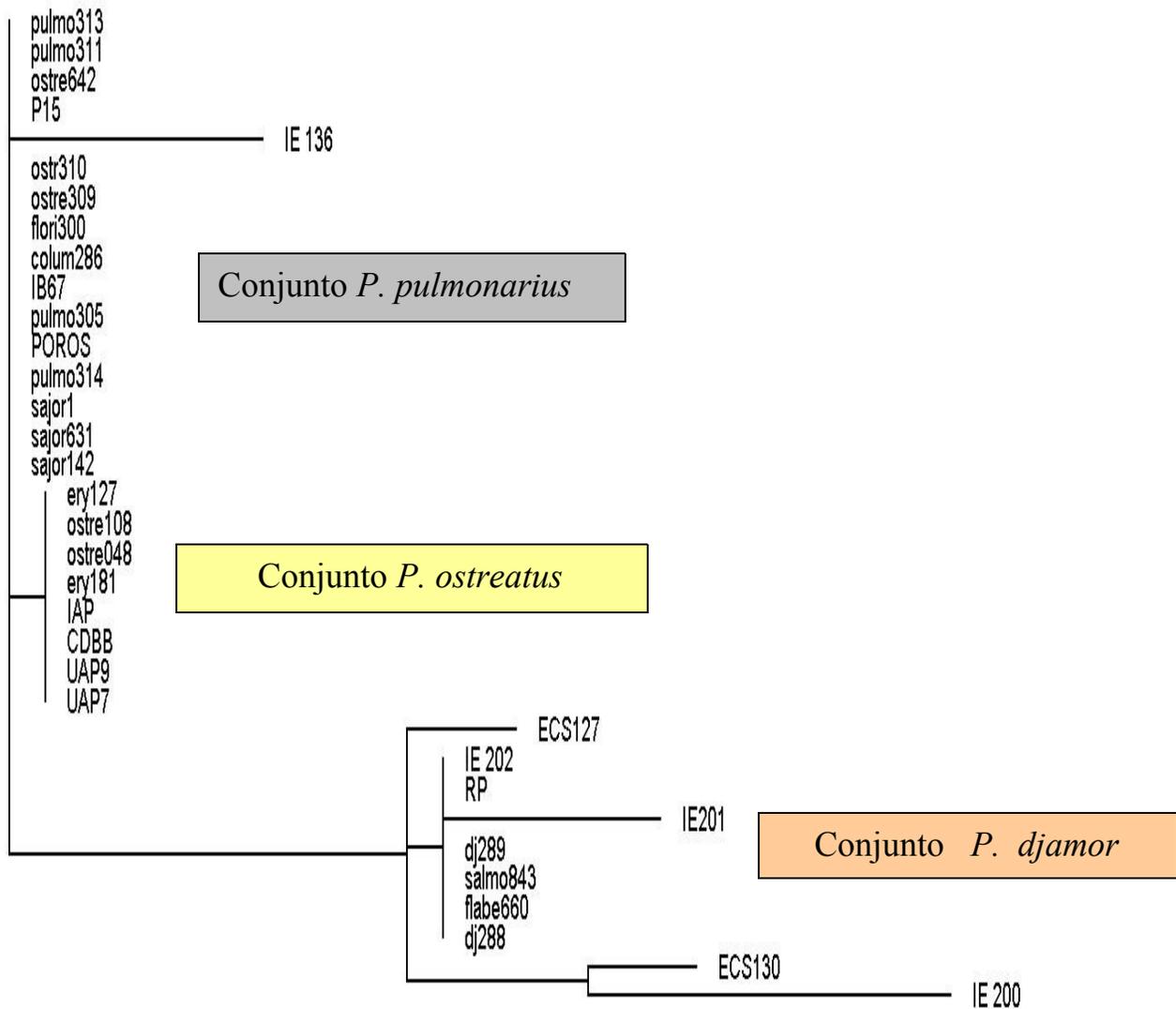
A un problema similar se han enfrentado en otros trabajos con una interrogante que quedó abierta en las investigaciones hechas por Bao *et al.* (2004 y 2005), en donde cepas identificadas como *P. djamor* y *P. flavellatus*, quedan estrechamente relacionadas con *P. ostreatus* y *P. pulmonarius*, a lo cual no encuentran explicación y comentan la posibilidad de una mala identificación debido a la variación en la expresión de los caracteres morfológicos y su influencia medioambiental. A partir del análisis de secuencias del presente estudio *P. flavellatus* se encuentra en el grupo de *P. djamor* La discusión de la cercanía de estas especies ha sido abordada por Guzmán *et al.* (1993) quienes abordan las confusiones entre *P. flavellatus* con *P. djamor*. Confusión que al parecer ha estado relacionada con la expresión del color.

**5.2 Segunda vía de análisis.** Las secuencias fueron editadas utilizando el programa PHYDE y alineadas manualmente. Se realizaron búsquedas parsimoniosas utilizando el programa PAUP 4.0b10 (Swofford, 2002), implementando el algoritmo PRAP que consiste en un bloque de comandos para PAUP (Müller, 2004) con diez replicas aleatorias de adición de taxón y con intercambios TBR (tree-bisection-reconnection) y no utilizando las opciones “steepest descent” y “multiples trees”. Los “gaps” se interpretaron

como datos perdidos. El apoyo estadístico fue medido con la prueba no paramétrica “bootstrap” implementada en PAUP. Las proporciones Bootstrap (BP) se basaron en 10,000 replicas, usando “simple-taxon-addition tree” como punto de inicio. De forma similar, las opciones de intercambio TBR, “steepest descent” y “multiples trees”, no fueron utilizadas y manteniendo un árbol en memoria. El árbol final fue desplegado con TreeGraph (Müller y Müller, 2004). De esta manera se obtuvieron los árboles que se muestran en las figuras 6 y 7. En ésta última se puede observar que se siguen manteniendo los tres principales conjuntos y se percibe una gran consistencia de 100% de los conjuntos *P. ostreatus*-*P. pulmonarius* en la parte media inferior de la figura 7, y el conjunto *P. djamor* en la mitad complementaria. Las distancias calculadas de este último análisis se presentan en la tabla 4. La mayor similitud es representada por un valor de cero. Estas distancias fueron las utilizadas por el software para la elaboración del sexto árbol que se presenta en la figura 7.

Dentro del conjunto de *P. djamor* se separan con una consistencia del 88% las cepas IE-200 y la ECS-130, blanca y rosa respectivamente y aunque el software no puede calcular la consistencia para la cepa ECS-127, pues no tiene cercanía estrecha con ninguna otra dentro del conjunto *P. djamor*, la magnitud de la línea nos indica una separación considerable del resto del subconjunto, que a su vez tiene una consistencia como tal, del 63%. En todo el conjunto de *P. djamor* hay cepas que presentan el píleo color blanco y cepas de color rosa.

De la misma forma que en el análisis anterior, no hay cercanía entre las cepas blancas, mas bien estas se agrupan estrechamente con alguna de las rosas respectivamente. Lo anterior fortalece la hipótesis de que se trate de un fenómeno de albinismo como lo propusieron Murakami y Takemaru (1990) y que también han reportado Salmenes *et al.* (2004). Aún así, el color blanco sí fue exclusivo de esta especie por lo que podría sugerirse fuera considerado como un carácter propio de la ella, a menos que se presente en alguna otra. Sin embargo hay un problema de apreciación y es el que resulta de los reportes de cepas “blanquecinas” (off-white) como por ejemplo en Petersen (1995). En este rubro podrían incluirse las cepas IAP y CDBB de color marfil y arena respectivamente.



1

Figura 6. Quinto árbol obtenido después de editar las secuencias por la segunda vía de análisis (ver texto) y construido con la ayuda del software de PAUP 4.0b 10.

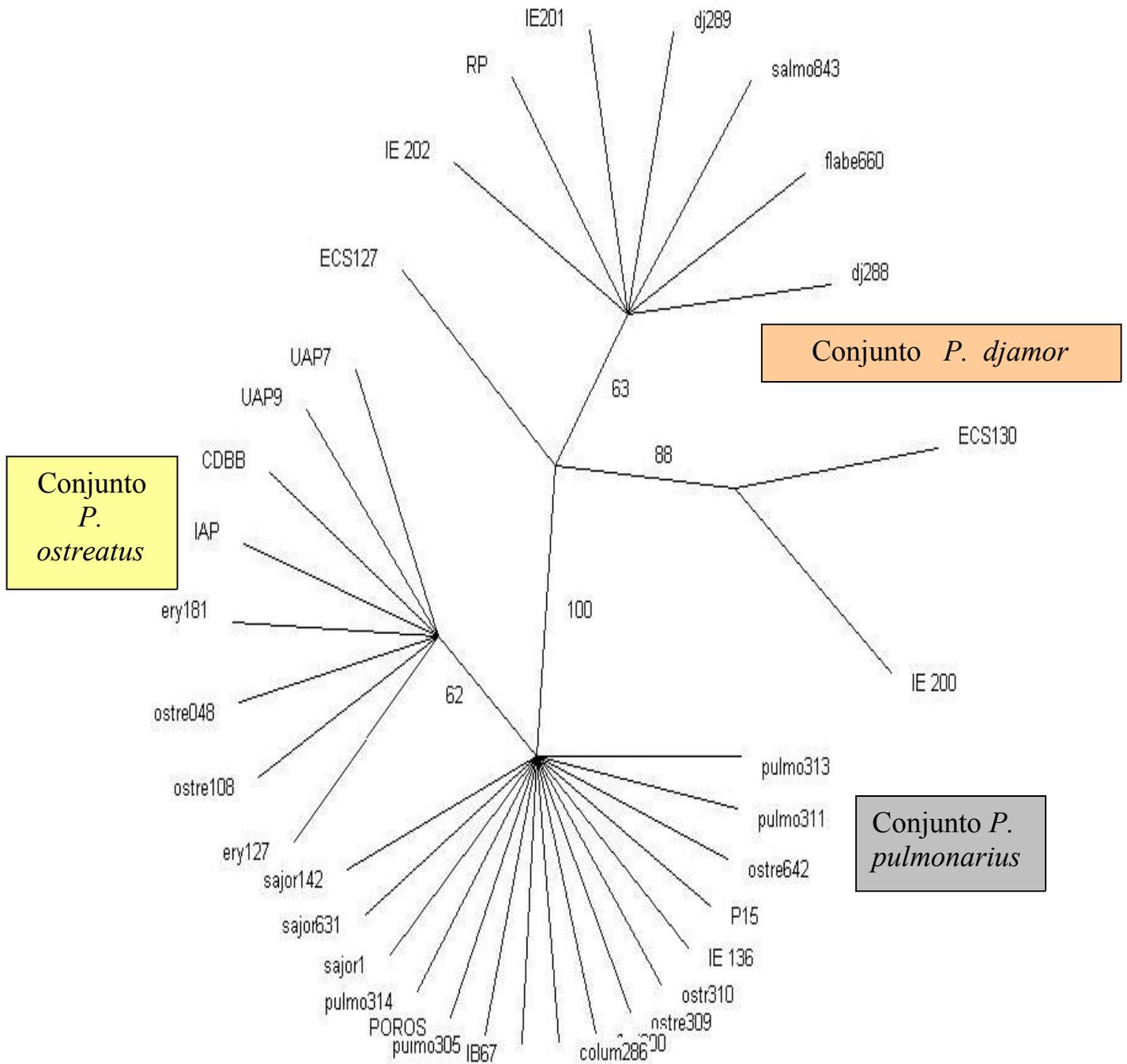


Figura 7. Sexto árbol sin raíz obtenido a partir de la segunda vía de análisis (ver texto) en el que se pueden observar los principales conjuntos y aparecen indicados los valores de consistencia en la rama que conduce a cada uno de ellos. El apoyo estadístico fue medido con la prueba no paramétrica "bootstrap" implementada en PAUP. Las proporciones Bootstrap (BP) se basaron en 10,000 replicas. El árbol final fue desplegado con TreeGraph.

Por otra parte, los conjuntos de *P. ostreatus* y *P. pulmonarius* se distancian entre sí con un valor de 62 que pudiera no ser significativo. Sin embargo al considerar que en gran parte de las investigaciones ambos grupos son separados por pertenecer a grupos interestériles distintos, la importancia de separarlos se resignifica (Bao, *et al.*, 2005; Guzmán, *et al.*; 1994, Huerta, 2007; Stajic *et al.*, 2005; Vigalys, Sun, 1994). Los colores dentro de este grupo son muy variados y en las cepas del conjunto *P. ostreatus*, como UAP-7 y UAP-9 los píleos expresan colores poco estables al estar influenciados, muy probablemente, por las condiciones ambientales de fructificación, como se muestra en la tabla 3 y en la figura 8, fenómeno que hicieron notar Guzmán *et al.* (1994) al discutir sobre las variaciones de color según la intensidad de la luz, temperatura, aireación y la concentración de CO<sub>2</sub>.



Figura 8. Algunas cepas no son consistentes en la expresión del color y éste puede variar con las condiciones ambientales de la fructificación.

Valencia y Leal-Lara (1999), Valencia (2002) y Valencia *et al.* (2007), ubicaron dentro del mismo grupo interestéril cepas que en el presente trabajo fueron ubicadas dentro del conjunto *P. pulmonarius* con cepas del conjunto de *P. djamor*, (ver tabla 4). Este fenómeno puede sugerirnos que los factores de incompatibilidad no necesariamente están asociados a

especiación y por lo tanto, en este proceso, dichos factores son compartidos entre especies, ya sea porque son escasos o bien porque el proceso aún no culmina la separación interespecífica. El fenómeno de “outbreeding” ya ha sido descrito con anterioridad y en el estudio de Bresinsky *et al.* (1987) se discute la posibilidad de que este fenómeno sea benéfico en *Pleurotus* favoreciendo la distribución de genes a través de las poblaciones así como la recombinación genética y su variación. En este punto es de llamar la atención los resultados obtenidos por Ramírez-Carrillo *et al.* (2007) quienes han logrado apareamientos de *Lentinula* con *Pleurotus*, que en la actualidad están siendo investigados en términos de sus productividades con la mira de favorecer su cultivo comercial. Sin embargo desde el punto de vista taxonómico, esto abre la discusión sobre si se debe ser concluyente en agrupar en una sola especie a aquellas cepas que se cruzan entre sí (mating). Hay que recordar que una de las teorías de especiación es la simpátrica, en la cual las subpoblaciones pueden tener otros tipos de aislamiento reproductivo sin que tenga que ser necesariamente el sexual o el genético, como por ejemplo el ecológico, estacional, mecánico o etológico y que pueden ser “neutralizados” con el cultivo en laboratorio.

## VI CONCLUSIONES.

Mediante las dos vías de análisis de las secuencias de la región ITS-1-5.8-ITS2 del DNA ribosomal se obtuvieron tres conjuntos, dos de los cuales se encuentran muy cercanos y se distribuyen alrededor de dos principales especies que son *P. ostreatus* y *P. pulmonarius*. El tercero lo define *P. djamor*.

De los conjuntos obtenidos, el de *P. djamor* y el de *P. ostreatus* concuerdan con los datos de la mayoría de las especies reportadas para las cepas.

El conjunto *P. pulmonarius* es muy heterogéneo y es posible que agrupe distintas variedades o incluso especies muy cercanas.

En al menos tres cepas (IB-67, UAP-7 y UAP-9) no hubo estabilidad en la expresión del color obtenido al compararlo con el reportado por otros autores para las mismas cepas.

De las cepas estudiadas se obtuvieron cinco conjuntos de color, que fueron: rosa, blanco, gris, marfil-arena y naranja grisáceo.

En el conjunto de *P. djamor* se presentan dos patrones de coloración, cepas blancas y rosas.

El color blanco sólo se presentó en el conjunto de *P. djamor* por lo que éste carácter podría considerarse como distintivo de la especie, en caso de que se pueda salvar la confusión con el término “blanquecino”

La pigmentación rosa no es exclusiva de *P. djamor*, pues también se encontró en la cepa POROS reportada como *P. ostreatoroseus* y que fue reconocida dentro del conjunto de *P. pulmonarius*.

Las cepas grises, marfil y arena se encuentran en el conjunto de *P. ostreatus*.

El conjunto de *P. pulmonarius* es quien presenta la mayor diversidad de colores que van desde el gris y naranja grisáceo al rosa.

## VII. RECOMENDACIONES

7.1 Es necesario que continúen los trabajos encaminados al mejor conocimiento del germoplasma nativo e importado a fin de contar con gran variedad de opciones genotípicas para las distintas necesidades biotecnológicas en función de la productividad, productos biosintéticos, diversidad climática y biótica, así como la multiculturalidad del país.

7.2 En el presente estudio las secuencias de las regiones ITS-1 e ITS2 fueron parciales, por lo que se recomienda completarlas a fin de obtener mayor información, ya que proporciona un alto valor taxonómico.

7.3 En un trabajo futuro se recomienda estudiar posibles efectos de plasticidad genética y adecuación a micronichos de cepas tanto cercanas como lejanas genéticamente con persistencia de líneas (especies) con mayor capacidad de adaptación a condiciones específicas.

7.4 De gran interés ha resultado la cepa POROS al ser una cepa rosa con gran cercanía genética a *P. pulmonarius*, por lo que se recomienda un estudio más detallado.

7.5 Se recomienda la estructuración de un único código de nomenclatura para las cepas de hongos, cuya base de datos sea coordinada por la Sociedad Mexicana de Micología pues a las distintas cepas les han sido asignadas diferentes clasificaciones y nomenclaturas de acuerdo al criterio de cada institución lo que dificulta el seguimiento de la información y la posibilidad de extrapolar resultados o inferir relaciones filogenéticas.

## VIII

## ANEXOS

### 8.1 Consulta de Gen Bank a partir del Blast realizado para cada una de las cepas estudiadas.

#### SEMEJANZAS CON IE-201

##### *Pleurotus djamor-289*

LOCUS EU424289 681 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus djamor* strain ACCC51300 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.  
ACCESSION EU424289  
VERSION EU424289.1 GI:186702671  
KEYWORDS .  
SOURCE *Pleurotus djamor*  
ORGANISM *Pleurotus djamor*  
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina; Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae; *Pleurotus*.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 681)  
AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.  
TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal transcribed spacer sequence  
JOURNAL Unpublished  
REFERENCE 2 (bases 1 to 681)  
AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12 Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..681  
/organism="*Pleurotus djamor*"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="ACCC51300"  
/db\_xref="taxon:34470"  
misc\_RNA <1..>681  
/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA"

##### *P. djamor*

```
1 ccttttgac ttacaaagct ttgagttgt ttgctggct tctagggaca ttgtgcacgc
61 ttccattagt tccactcat acccctgtgc accttgata gatttcggtt tgggtatcc
121 ttgggtttt ttctaattg gaaaggcct tggttcctt aacacgactt ctatactata
181 ccacacacca aatgtatgt ttattaatga atggtttata ataacaaggc catgagcctt
241 ataaacttaa tacaacttc aacaacggat ctctggctc tcgcatgat gaagaacgca
301 gcgaaatgca ataagtaatg tgaattgcag aattcagtg atcatcgaat cttgaacgcg
361 accttgcgcc ctttggtatt ccgaagggca tgccgtttg agtgcatta aattctcaaa
421 ctctatgac ttattgttg tagctgttg gattgctggg ggttgcctgg gtcttctttg
481 aagtcggctc ctctaaatg cattagcggg actttgttc cctcgcgc atgtgtataa
```

***Pleurotus djamor-288***

LOCUS EU424288 702 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus djamor* strain CBS 665.85 18S ribosomal RNA gene, partial  
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,  
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424288

VERSION EU424288.1 GI:186702670

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus djamor*

ORGANISM *Pleurotus djamor*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 702)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 702)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..702

/organism="*Pleurotus djamor*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CBS 665.85"

/db\_xref="taxon:34470"

misc\_RNA <1..>702

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 tccgtagtg aacctgcgga aggatcatta atgaattac aaaagcttt gaagttggtt
61 tgctggtctc tagggacatt gtcacgcct cattagttc cactcatac ccctgtgcac
121 ctttgataga ttgcggttg gggtatcct tggttttt ctaattgga aaggccttg
181 gttccttaa cagcattct atactatacc acacacaaa tgtatgttt attaatgaat
241 ggttataat aacaaggcca tgagcctat aaactaata caacttcaa caacggatct
301 ctggctctc gcatcgatga agaacgcagc gaaatcggat aagtaatgtg aattgcagaa
361 ttcagtgaat catcgaatct tgaacgcac ctgcgccct ttggtattcc gaagggcatg
421 cctggttgag tgcattaaa ttctcaact tctatgactt tattgttga gctggttga
481 ttgctggggg ttgctggcat ctctttgaa gtcggctct ctaaatagca ttagcgggac
541 tttgttgcct ctgcgatag tgtgataatt atctacgcta gacgatgca attctatat
601 tgtccagctt tcaatcgtc tcaagggaca attacttga caattgacc tcaaatcagg
661 taggactacc cgctgaactt aagcatatca ataagcggag ga
```

## SEMEJANZAS CON IAP

### ***Pleurotus eryngii*-127**

LOCUS EU520127 677 bp DNA linear PLN 02-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus eryngii* isolate NW450 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU520127

VERSION EU520127.1 GI:189162118

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus eryngii*

ORGANISM *Pleurotus eryngii*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 677)

AUTHORS Yu,Z., He,W. and Tang,M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (22-JAN-2008) College of Forestry, Northwest University of Agriculture and Forestry, Taicheng Road 3, Yangling, Shaanxi 712100, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..677

/organism="Pleurotus eryngii"

/mol\_type="genomic DNA"

/isolate="NW450"

/db\_xref="taxon:5323"

/country="China"

/collection\_date="2007"

/collected\_by="Z. Yu, M. Tang, W. He, Z. Zhang"

/note="authority: *Pleurotus eryngii* (DC. Fr.) Quel."

misc\_RNA <1..>677

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 tccgtagtg aacctgcgga aggatcatta atgaattcac tatggagttg ttgctggcct
61 ctaggggcat gtcacgctt cactagtctt tcaaccacct gtgaacttt gatagatctg
121 tgaagtcgtc tctcaagtcg tcagactgg ttgctgggat taaacgtct cgggtgact
181 acgcagtcta ttacttaca caccccaat gtatgtctac gaatgtcatt taatggcct
241 tgtgccttta aaccataata caacttcaa caacggatct ctggctctc gcatcgatga
301 agaacgcagc gaaatgcat aagtaatgtg aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct
361 ttgaacgcac ctgctgcccc ttgtattcc gaggggcatg cctgtttgag tgtcattaa
421 ttctcaact cactttggt tctttcaat tgtgatgtt ggattgttg gggctgctgg
481 ccttgacagg tcggctctc ttaatgcat tagcaggact tctcattgcc tctgcgcatg
541 atgtgataat tactactcat caatagcag catgaataga gtccagctct ctaatcgcc
601 gcaaggacaa ttgacaatt tgacctcaaa tcaggtagga ctaccgctg aacttaagca
661 tatcaataag cggagga
```

***Pleurotus ostreatus* 108**

LOCUS EU520108 678 bp DNA linear PLN 02-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus ostreatus* isolate NW437 18S ribosomal RNA gene, partial  
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,  
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU520108

VERSION EU520108.1 GI:189162099

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus ostreatus* (oyster mushroom)

ORGANISM *Pleurotus ostreatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 678)

AUTHORS Yu,Z., He,W. and Tang,M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (22-JAN-2008) College of Forestry, Northwest University  
of Agriculture and Forestry, Taicheng Road 3, Yangling, Shaanxi  
712100, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..678

/organism="*Pleurotus ostreatus*"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="NW437"  
/db\_xref="taxon:5322"  
/country="China"  
/collection\_date="2007"  
/collected\_by="Z. Yu, M. Tang, W. He, Z. Zhang"  
/note="type strain of *Pleurotus ostreatus*  
authority: *Pleurotus ostreatus* (Jacq. Fr.) Quel."

misc\_RNA <1..>678

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 tccgtagggtg aacctgcgga aggatcatta atgaattcac tatggagttg ttgctggcct
61 ctaggggcat gtcacgctt cactagtctt tcaaccacct gtgaacttt gatagatctg
121 tgaagtcgtc tctcaagtcg tcagactgg ttgctgggat taaacgtct cgggtgact
181 acgcagtcta ttacttaca caccccaat gtatgtctac gaatgcatt taatggcct
241 tgtgccttta aaccataata caacttcaa caacggatct ctggctctc gcatcgatga
301 agaacgcagc gaaatgcat aagtaatgtg aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct
361 ttgaacgcac ctgcgcccc ttgtattcc gaggggcatg cctgtttgag tgcattaaa
421 ttctcaaact cactttggtt tcttccaat tgtgatggtt ggattgttg gggctgctgg
481 ccttgacagg tcggctctc taaatgcat tagcaggact tctcattgcc tctgcgcatg
541 atgtgataat tactactcat caatagcacg catgaataga gtccagctct ctaatcgcc
601 gcaaggacaa ttgacaatt tgacctcaaa tcagggtagg actaccgct gaacttaagc
661 atatcaataa gcgaggga
```

***Pleurotus ostreatus* 048**

LOCUS EU162048 594 bp DNA linear PLN 01-JAN-2008  
DEFINITION *Pleurotus ostreatus* strain N001 internal transcribed spacer 1,  
partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and  
internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION EU162048

VERSION EU162048.1 GI:162296305

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus ostreatus* (oyster mushroom)

ORGANISM *Pleurotus ostreatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 594)

AUTHORS Naumann,A., Navarro-Gonzalez,M., Sanchez-Hernandez,O., Hoegger,P.J.  
and Kues,U.

TITLE Correct identification of wood-inhabiting fungi by ITS analysis

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 594)

AUTHORS Naumann,A. and Hoegger,P.J.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-SEP-2007) Faculty of Forest Sciences and Forest  
Ecology, Institute of Forest Botany, Buesgenweg 2, Goettingen  
37077, Germany

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..594

/organism="*Pleurotus ostreatus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="N001"

/db\_xref="taxon:5322"

/note="PCR\_primers=fwd\_name: ITS 1, rev\_name: ITS 4"

misc\_RNA <1..>594

/note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S  
ribosomal RNA, and internal transcribed spacer 2"

ORIGIN

```
1 ctatggagtt gttgctggcc tctaggggca tgtgcagcct tcactagtct ttcaaccacc
61 tgtgaacttt tgatagatct gtgaagtcgt ctctcaagtc gtcagacttg gttgctggga
121 tttaaagctc tcggtgtgac tacgcagctt atttacttac acaccccaaa tgatgtcta
181 cgaatgcat ttaatgggcc ttgtccctt aaaccataat acaacttca acaacggatc
241 tctggctct cgcacgatg aagaacgcag cgaatgcga taagtaatgt gaattgcaga
301 attcagtgaa tcatcgaatc ttgaacgca ccttgcgccc cttggtattc cgaggggcat
361 gcctgtttga gtgcatataa atttcaaac tcacttggg ttctttccaa ttgtgatgtt
421 tggattgttg ggggctgctg gccttgacag gtcggctcct cttaaagca ttgacaggac
481 ttctcattgc ctctgcgcat gatgtgataa ttactactca tcaatagcac gcatgaatag
541 agtccagctc tcaatcgtc cgcaaggaca attgacaat ttgacctcaa atca
```

## SEMEJANZAS CON IB-67

### ***Pleurotus pulmonarius* 313**

LOCUS EU424313 633 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus pulmonarius* strain CEMSC00649 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424313

VERSION EU424313.1 GI:186702695

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus pulmonarius*

ORGANISM *Pleurotus pulmonarius*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 633)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 633)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12 Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..633

/organism="*Pleurotus pulmonarius*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CEMSC00649"

/db\_xref="taxon:28995"

misc\_RNA <1..>633

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 acctatgat tcctatggag ttgtgctgg cctctagggg catgtgcacg cttcactagt
61 ctttcaacca cctgtgaact ttgatagat ctgtgaagtc gtcctcaag tcgtcagact
121 tggttgctg ggatttaaac gtctcgggtg gacaacgcag tctattfact taacacacc
181 caaatgatg tctacgaatg tcattaatg ggcctgtgc ctataaacca taatacaact
241 ttcaacaacg gatctctgg ctctcgcac gatgaagaac gcagcgaaat gcgataagta
301 atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcaccttgc gcccttgg
361 attccgaggg gcatgcctgt ttgagtgca ttaaattctc aaactcacat ttatttga
421 tgtttggatt gttgggggtt gctggctgta acaagtcggc tctcttaaa tgcattagca
481 ggacttctca ttgcctctgc gcatgatgtg ataattatca ctcatcaata gcacgcatga
541 atagagtcca gctctctaat cgctccgaag gacaattga caattgacc tcaaatcagg
601 taggactacc cgctgaactt aagcatatct aaa
```

***Pleurotus pulmonarius* 305**

LOCUS EU424305 644 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus pulmonarius* strain CEMSC00629 18S ribosomal RNA gene,  
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424305

VERSION EU424305.1 GI:186702687

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus pulmonarius*

ORGANISM *Pleurotus pulmonarius*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 644)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 644)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..644

/organism="*Pleurotus pulmonarius*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CEMSC00629"

/db\_xref="taxon:28995"

misc\_RNA <1..>644

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 caaatgatcc tatggagtgt ttgctggcct ctaggggcat gtcacgcgtt cactagtctt
61 tcaaccacct gtgaactttt gatagatctg tgaagtcgtc ctcaagtcg tcagacttgg
121 ttgctggga tttaaacgtc tcggtgtgac aacgcagctt attacttaa cacaccctaa
181 atgtatgtct acgaatgtca tftaatgggc cttgtgccta taaaccataa tacaacttcc
241 aacaacggat ctctggctc tcgcatcgat gaagaacgca gcgaaatgcg ataagtaatg
301 tgaattgcag aattcagtga atcatcgaat cttgaaacgc acctgccc ccttggtatt
361 cggaggggca tgctgtttg agtgtcatta aattctcaaa ctacattta tttgtgatgt
421 ttgattgtt gggggttgcg ggctgtaaca agtcggctcc tctaaatgc attagcagga
481 ctctcattg cctctgcgca tgatgtgata attatcactc atcaatagca cgcatgaata
541 gaggccagct ctctaactgt cggcaaggac aatttgacaa ttgacctca aatcaggtag
601 gactaccgca tgaactaag catatctaaa cgggggaaaa aaaa
```

***Pleurotus sajor-caju* 631**

LOCUS AM773631 464 bp DNA linear ENV 23-JUL-2007  
DEFINITION *Pleurotus sajor-caju* ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, isolate DK11.  
ACCESSION AM773631  
VERSION AM773631.1 GI:152955945  
KEYWORDS ENV; 5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.  
SOURCE *Lentinus sajor-caju* (*Pleurotus sajor-caju*)  
ORGANISM *Lentinus sajor-caju*  
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina; Agaricomycetes; Polyporales; Lentinaceae; Lentinus.  
REFERENCE 1  
AUTHORS Kharb,D. and Kuhad,R.C.  
TITLE Molecular diversity of lignin degrading white rot fungi  
JOURNAL Unpublished  
REFERENCE 2 (bases 1 to 464)  
AUTHORS Kharb,D.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (18-JUL-2007) Kharb D., Microbiology, University of Delhi, South Campus, Bineto Juarez Road, New Delhi- 110021, INDIA  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..464  
/organism="*Lentinus sajor-caju*"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="DK11"  
/isolation\_source="tree bark"  
/db\_xref="taxon:50053"  
/environmental\_sample  
misc\_feature 1..215  
/note="internal transcribed spacer 1, ITS1"  
gene 216..382  
/gene="5.8S rRNA"  
rRNA 216..382  
/gene="5.8S rRNA"  
/product="5.8S ribosomal RNA"  
misc\_feature 383..464  
/note="internal transcribed spacer 2, ITS2"

ORIGIN

```
1 tatggagtgtg ttgctggcct ctaggggcat gtcacgctt cactagtctt tcaaccacct
61 gtgaacttt gatagactgt tgaagtcgtc ctcaagtcg tcagacttgg ttgctggga
121 tttaaacgtc tcggtgtgac aacgcagtct attacttaa cacaccctaa atgtatgtct
181 acgaatgtca ttaatgggc cttgtgccta taaaccataa tacaactttc aacaacggat
241 ctcttggctc tcgcatcgat gaagaacgca gcgaaatgcg ataagtaatg tgaattgcag
301 aattcagtga atcatcgaat ctttgaacgc accttgcgcc ccttggattt ccgaggggca
361 tgctgtttg agtgtcatta aattctcaa ctcacattta tttgtgatgt ttggattgtt
421 gggggttgct ggctgtaaca agtcggctcc tcttaaatgc atta
```

**SEMEJANZAS CON CDBB**

***Pleurotus ostreatus* 108 (ver arriba)**

***Pleurotus ostreatus* 048 (ver arriba)**

***Pleurotus eryngii* 127 (ver arriba)**

## SEMEJANZAS CON P15

### ***Pleurotus ostreatus* 310**

LOCUS EU424310 649 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus ostreatus* strain CBS 375.51 18S ribosomal RNA gene,  
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424310

VERSION EU424310.1 GI:186702692

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus ostreatus* (oyster mushroom)

ORGANISM *Pleurotus ostreatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 649)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 649)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..649

/organism="*Pleurotus ostreatus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CBS 375.51"

/db\_xref="taxon:5322"

misc\_RNA <1..>649

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 tgaattccta tggagtgtt gctggcctct aggggcatgt gcacgctca ctagtcttc
61 aaccacctgt gaactttga tagatctgtg aagtcgtctt tcaagtcgct agacttggt
121 tgctgggatt taaacgtctc ggtgtgacaa cacagtctat ttacttaaca caccccaat
181 gtagtctac gaatgtcatt taatggcct tgtgcctata aaccataata caactttcaa
241 caacggatct ctggctctc gcatcgatga agaacgcagc gaaatgcat aagtaatgtg
301 aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct ttgaacgcac ctgacgcccc ttggtattcc
361 gaggggcatg cctgtttgag tgcattaaa ttctcaaact cactttggt ttttccaat
421 tgtgatgtt ggattgttg gggctgctgg ccttgacagg tggctcctc ttaaattgat
481 tagcaggact tctactgcc tctgcgatg atgtgataat tactactcat caatagcagc
541 catgaataga gtccagctct ccaatcgtcc gcaaggacaa ttgacaatt tgacctcaa
601 tcaggttaga ctaccgctg aacttaagca taccataagc gggaggaaa
```

***Pleurotus columbinus* 286**

LOCUS EU424286 657 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus columbinus* strain ACCC50715 18S ribosomal RNA gene,  
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424286

VERSION EU424286.1 GI:186702668

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus columbinus*

ORGANISM *Pleurotus columbinus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 657)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 657)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..657

/organism="*Pleurotus columbinus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="ACCC50715"

/db\_xref="taxon:98343"

misc\_RNA <1..>657

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 ggcttttggg ttactatgg agttgttgc ggctctagg ggcattgca cgctcacta
61 gctttcaac caccttgaa ctttgatag atctgtgaag tcgtcttca agtcgcaga
121 cttggttgc tgggattaa agtctcggg tgacaacac agtctatta ctaaacacac
181 ccaaagtga tgctacgaa tgcatttaa tggccttgc gctataaac cataataca
241 cttcaacaa cggatctct ggctctgca tcgatgaaga acgcagcga atcgataag
301 taatgtgat tgcagaatc agtgaatc cgaatcttg aacgcacct gcgcccctg
361 gtattccgag gggcatgct gttgagtgt cattaatc tcaaactcac tttggtttt
421 ttcaattgt gatgtttgga ttgtggggg ctgctggcct tgacaggtcg gctcctcta
481 aatgcattag caggactct cattgcctct gcgcatgat tgataattat cactcatca
541 tagcacgcat gaatagatc cagctctcca atcgtccgca aggacaattt gacaatttga
601 cctcaaatca ggtaggacta cccgctgaac ttaagcatat ctaagtgggg aaggaaa
```

***Pleurotus ostreatus* 642**

LOCUS EF458642 763 bp DNA linear PLN 24-MAR-2007  
DEFINITION *Pleurotus ostreatus* strain MUCL 28511 internal transcribed spacer  
1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence;  
and internal transcribed spacer 2, partial sequence.

ACCESSION EF458642

VERSION EF458642.1 GI:133754545

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus ostreatus* (oyster mushroom)

ORGANISM *Pleurotus ostreatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 763)

AUTHORS Kashangura,C., Sithole-Niang,I. and Tekere,M.

TITLE Genetic variability of *Pleurotus sajor-caju* based on sequencing of  
the internal transcribed spacer region of ribosomal DNA

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 763)

AUTHORS Kashangura,C., Sithole-Niang,I. and Tekere,M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (27-FEB-2007) Biological Sciences Department, University  
of Zimbabwe, P.O. Box MP 167, Mt. Pleasant, Harare, Mashonaland ZW,  
Zimbabwe

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..763

/organism="*Pleurotus ostreatus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="MUCL 28511"

/db\_xref="taxon:5322"

/country="Belgium"

/note="PCR\_primers=fwd\_name: ITS 1, rev\_name: ITS 4"

misc\_RNA <1..>763

/note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S  
ribosomal RNA, and internal transcribed spacer 2"

ORIGIN

```
1  cagtacgagg gcggcagcgg cgggcccggacc accaagttcc cggtggaag actgttaaac
61  ggcacatccc ctaaggccac cacaccccct agggattcgt taaggccctt tccggggggg
121  gactcgaag gatcattaat gaattcacta tggagttgtt gctggcctct aggggcatgt
181  gcacgctca ctagtcttc aaccacctgt gaactttga tagatctgtg aagtcgtctt
241  tcaagtcgtc agacttggtt tgctgggatt taaacgtctc ggttgacaa cacagtctat
301  ttacttaaca caccacaaat gtatgtctac gaatgtcatt taatggcct tgtgcctata
361  aaccataata caacttcaa caacggatct cttggctctc gcatcgaat agaacgcagc
421  gaaatgcgat aagtaatgtg aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct ttgaacgcac
481  cttgcgcccc ttggtattcc gaggggcatg cctgtttgag tgcattaaa ttctcaaact
541  cactttggtt ttttccaat tgtgatgtt ggattgttg gggctgctgg ccttgacagg
601  tcggctctc taaatgcat tagcaggact tctcattgcc tctgcgatg atgtgataat
661  tatcactcat caatagcag catgaataga gtccagctct ccaatcgtcc gcaaggacaa
721  ttgacaatt tgactcaaat caggtatgga ctagcgcgct gcc
```

## SEMEJANZAS CON ECS-130

*Pleurotus djamor-289* (ver arriba)

*Pleurotus djamor-288* (ver arriba)

## SEMEJANZAS CON ECS-127

*Pleurotus djamor-288* (ver arriba)

### *Pleurotus flabellatus* 660

LOCUS AY368660 663 bp DNA linear PLN 17-SEP-2003  
DEFINITION *Pleurotus flabellatus* strain ATCC 38140 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION AY368660

VERSION AY368660.1 GI:34582618

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus flabellatus*

ORGANISM *Pleurotus flabellatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)

AUTHORS Choi,S.-G., Jang,K.-Y., Kim,G.-H., Yoo,Y.-B., Kong,W.-S.,  
Park,J.-S., Jo,J.-S. and Kim,H.-Y.

TITLE Sequences of ITS region derived from *Pleurotus* spp.

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)

AUTHORS Choi,S.-G., Jang,K.-Y., Kim,G.-H., Yoo,Y.-B., Kong,W.-S.,  
Park,J.-S., Jo,J.-S. and Kim,H.-Y.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (15-AUG-2003) Division of Applied Microbiology, National  
Institute of Agricultural Science and Technology, Rural Development  
Administration, Seodun-dong, Kweonseon-ku, Suwon-city, Kyonggi-do  
441-707, Republic of Korea

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..663

/organism="*Pleurotus flabellatus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="ATCC 38140"

/db\_xref="ATCC:38140"

/db\_xref="taxon:98345"

misc\_RNA <1..>663

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2 and large subunit ribosomal RNA"

ORIGIN

```
1 aaggatcatt aatgaattta caaaagcttt tgaagttggt ttgctggtct ctaggacat
61 tgtgcacgct ctattagttt ccactcata cccctgtgca ccttgatag attcggttt
121 gggtatcct ttggtttttt tcttaattgg aaaggccttt ggtttcctta acacgacttc
181 tatactatac cacacaccaa atgtatggtt tattaatgaa tggtttataa taacaaggcc
241 atgagcctta taaacttaac acaacttca acaacggatc tcttggtctc cgcacgatg
301 aagaacgcag cgaaatgcga taagtaattg gaattgcaga attcagtgaa tcatgaatc
```

361 ttgaacgca ccttgcgcc tttgtattc cgaagggcat gcctgttga gtgtcattaa  
 421 attctcaaac ttctatgact ttattgtgt agctgtttg attgctggg gttgctggca  
 481 tcttcttga agtcggctcc tcttaaatgc attagcggga cttgttgcc tctgcgcata  
 541 gtgtgataat tatctacgt agacgcatgc aattctata ttgtccagct tttaatcgt  
 601 ctcaaggac aattacttg acaattgac ctcaaatcag gtaggactac ccgctgaact  
 661 taa

## SEMEJANZAS CON IE-136

### *Pleurotus ostreatus* 310 (ver arriba)

#### *Pleurotus ostreatus* 309

LOCUS EU424309 636 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008

DEFINITION *Pleurotus ostreatus* strain CBS 291.47 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424309

VERSION EU424309.1 GI:186702691

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus ostreatus* (oyster mushroom)

ORGANISM *Pleurotus ostreatus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
 Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
 Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 636)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 636)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12 Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..636

/organism="*Pleurotus ostreatus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CBS 291.47"

/db\_xref="taxon:5322"

misc\_RNA <1..>636

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 gattcctatg gagttgtgc tggcctctag gggcatgtgc acgcttcaact agtcttcaa  
 61 ccacctgtga actttgata gatctgtgaa gtcgtcttc aagtcgtcag acttggttg  
 121 ctgggattta aacgtctcg tgtgacaaca cagtctatt acttaacaca ccccaaatg  
 181 atgtctacga atgtcattta atggccttg tgcctataaa ccaataaca actttcaaca  
 241 acggatctct tggctctgc atcgatgaag aacgcagcga aatgcgataa gtaatgtgaa  
 301 ttgcagaatt cagtgaatca tcgaatctt gaacgcacct tgcgcccctt ggtattccga  
 361 ggggcatgcc tgtttgagtg tcattaaatt ctcaactca cttgtgttt ttccaattg

421 tgatgttgg atgttgggg gctgctggcc ttgacaggtc ggctcctctt aatgcatta  
481 gcaggacttc tcaactgctc tgcgatgat gtgataatta tcaactcatca atagcagca  
541 tgaatagagt ccagctctcc aatcgtccgc aaggacaatt tgacaatttg acctcaaatc  
601 aggtaggact acccgctgaa ctaagcata tcataa

***Pleurotus floridanus* 300**

LOCUS EU424300 683 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus floridanus* strain CBS 593.82 18S ribosomal RNA gene,  
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424300

VERSION EU424300.1 GI:186702682

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus floridanus*

ORGANISM *Pleurotus floridanus*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
*Pleurotus*.

REFERENCE 1 (bases 1 to 683)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 683)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..683

/organism="*Pleurotus floridanus*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CBS 593.82"

/db\_xref="taxon:98346"

misc\_RNA <1..>683

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 tccggaaag gggacctgcg gaaggatcat taatgaattc actatggagt tgttgcctggc  
61 ctctaggggc atgtgcacgc ttcaactgct tttcaaccac ctgtgaactt ttgatagatc  
121 tgtgaagtgc tcttcaagt cgtcagactt ggttgcctgg gatttaaacg tctcgggtgtg  
181 acaacacagt ctatttactt aacacacccc aatgtatgt ctacgaatgt catttaatgg  
241 gccttgtgcc tataaacat aatacaactt tcaacaacgg atctcttggc tctcgcacg  
301 atgaagaacg cagcgaatg cgataagtaa tgtgaattgc agaattcagt gaatcatcga  
361 atctttgaac gcacctgcg cccctggta tccgagggg catgcctgtt tgagtgtcat  
421 taaatttca aactcacttt ggttttttc caattgtgat gttggattg ttgggggctg  
481 ctggccttga caggtcggct cctctaaat gcattagcag gacttctcat tgctctgctg  
541 catgatgtga taattatcac tcatcaatag cacgatgaa tagagtccag ctctccaatc  
601 gtccgcaagg acaattgac aattgacct caaatcaggt aggactaccc gctgaactta  
661 agcatatcaa aagcccggag gaa

## SEMEJANZAS CON IE-202

*Pleurotus djamor-288* (ver arriba)

*Pleurotus flabellatus 660* (ver arriba)

## SEMEJANZAS CON IE-200

*Pleurotus djamor-288* (ver arriba)

*Pleurotus flabellatus 660* (ver arriba)

### *Pleurotus salmoneostramineus 843*

LOCUS AY265843 666 bp DNA linear PLN 19-AUG-2003  
DEFINITION *Pleurotus salmoneostramineus* strain IFO 31859 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA, partial sequence.  
ACCESSION AY265843  
VERSION AY265843.1 GI:30039387  
KEYWORDS .  
SOURCE *Pleurotus salmoneostramineus*  
ORGANISM *Pleurotus salmoneostramineus*  
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina; Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae; *Pleurotus*.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 666)  
AUTHORS Choi,S.-G., Jang,K.-Y., Kim,G.-H., Yoo,Y.-B., Kong,W.-S., Park,J.-S. and Kim,H.-Y.  
TITLE Sequences of ITS region derived from *Pleurotus* sp.  
JOURNAL Unpublished  
REFERENCE 2 (bases 1 to 666)  
AUTHORS Choi,S.-G., Jang,K.-Y., Kim,G.-H., Yoo,Y.-B., Kong,W.-S., Park,J.-S. and Kim,H.-Y.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (15-MAR-2003) Division of Applied Microbiology, National Institute of Agricultural Science and Technology, Rural Development Administration, Seodun-dong, Kweonseon-ku, Suwon-city, Kyonggi-do 441-707, Republic of Korea  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..666  
/organism="Pleurotus salmoneostramineus"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="IFO 31859"  
/db\_xref="taxon:64638"  
misc\_RNA <1..>666  
/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"  
ORIGIN  
1 aaggatcatt aatgaattac aaaagctttt gaagttgttt tgctggtctc tagggacatt  
61 gtgcacgctt cattagtttc cacttcatac cctgtgcac ctttgataga tttcggtttc

121 ggttatcctt tggttttt tcttcattga gaaaggcctt tggttcctt aaacgacttc  
 181 tatactatac cacacaccaa atgtatgttt tattaatgaa tgggtttata ataaacaagg  
 241 ccatgagcct tataaactta atacaacttt caacaacgga tctcttggtc ctgcatcga  
 301 tgaagaacgc agcgaaatgc gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa  
 361 tctttgaacg caccttgcgc ccttggtat tccgaagggc atgcctgttt gagtgcatt  
 421 aaattctcaa actctatgac ttattgttg tagctgttg gattgctggg ggttgcggc  
 481 gtctctttt gaagtcggct cctctaaat gcattagcgg gactttgtg cctctcgcga  
 541 tagtgtgata attatctacg cttagacgca tgcaattctt atattgtcca gctttctaat  
 601 cgtctcaagg gacaattact ttgacaattt gacctcaaat caggtaggac taccgctga  
 661 acttaa

## SEMEJANZAS CON POROS

### *Pleurotus pulmonarius* 314

LOCUS EU424314 633 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
 DEFINITION *Pleurotus pulmonarius* strain ACCC50892 18S ribosomal RNA gene,  
 partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
 gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
 ribosomal RNA gene, partial sequence.  
 ACCESSION EU424314  
 VERSION EU424314.1 GI:186702696  
 KEYWORDS .  
 SOURCE *Pleurotus pulmonarius*  
 ORGANISM *Pleurotus pulmonarius*  
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
 Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
 Pleurotus.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 633)  
 AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.  
 TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
 transcribed spacer sequence  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 633)  
 AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
 Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
 Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..633  
 /organism="*Pleurotus pulmonarius*"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /strain="ACCC50892"  
 /db\_xref="taxon:28995"  
 misc\_RNA <1..>633  
 /note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
 spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
 2, and 28S ribosomal RNA"  
 ORIGIN  
 1 ggctaatgat tctatggag ttgtgctgg cctctagggg catgtgcacg cttcactagt  
 61 cttcaacca cctgtgaact ttgatagat ctgtgaagtc gtcctcaag tcgtcagact  
 121 tggtttctg ggatttaaac gtctcgggtg gacaacgcag tctatttact taacacacc  
 181 caaatgtatg tctacgaatg tcatttaatg gcccttgtc ctataaacca taatacaat  
 241 ttcaacaacg gatctctgg ctctcgcac gatgaagaac gcagcgaat gcgataagta  
 301 atgtgaattg cagaattcag tgaatcatc aatctttgaa cgcacctgc gcccttgg

361 attccgaggg gcatgcctgt ttgagtgtca ttaaattctc aaactcacat ttattgtga  
421 tgtttggatt gttgggggtt gctggctgta acaagtcggc tcttctaaa tgcattagca  
481 ggacttctca ttgctctgc gcatgatgtg ataattatca ctcatcaata gcacgcatga  
541 atagagtcca gctctctaat cgctccgaag gacaattga caattgacc tcaaatcagg  
601 taggactacc cgctgaactt aagcatatca aaa

***Pleurotus pulmonarius* 311**

LOCUS EU424311 635 bp DNA linear PLN 01-JUN-2008  
DEFINITION *Pleurotus pulmonarius* strain CBS 100130 18S ribosomal RNA gene,  
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA  
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S  
ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU424311

VERSION EU424311.1 GI:186702693

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus pulmonarius*

ORGANISM *Pleurotus pulmonarius*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 635)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Phylogenetic relationships of *Pleurotus* species based on internal  
transcribed spacer sequence

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 635)

AUTHORS Gao,S., Zhang,J.X. and Bian,Y.B.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (24-JAN-2008) Chinese Academy of Agricultural Sciences,  
Intstitute of Agricultural Resources and Regional Planning, No.12  
Zhongguancun South Street, Haidian District, Beijing 100081, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..635

/organism="*Pleurotus pulmonarius*"

/mol\_type="genomic DNA"

/strain="CBS 100130"

/db\_xref="taxon:28995"

misc\_RNA <1..>635

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed  
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer  
2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 ggggcttctg attcctatgg agttgttgc ggcctctagg ggcattgtgca cgcttcacta  
61 gtcttcaac cacctgtgaa cttttgatag atctgtgaag tcgtccttca agtcgtcaga  
121 cttggtttc tgggatttaa acgtctcggg gtgacaacgc agtctattta ctaaacacac  
181 cccaaatgta tctctacgaa tgcatttaa tgggccttgc gctataaac cataatacaa  
241 ctttcaaca cggatctctt ggctctcgca tcgatgaaga acgcagcgaa atgcgataag  
301 taatgtgaat tgcagaattc agtgaatcat cgaatctttg aacgcacctt gcgcccctg  
361 gtattccgag gggcatgcct gtttgagtgt cattaaattc tcaaaactcac atttattgt  
421 gatgtttgga ttgtggggg ttgctggctg taacaagtcg gtcctctta aatgcattag  
481 caggacttct cattgcctct cgcgatgatg tgataattat cactcatcaa tagcacgcat  
541 gaatagagtc cagctctcta atcgccgca aggacaattt gacaatttga cctcaaatca  
601 ggtaggacta cccgctgaac ttaagcatat ctaa

***Pleurotus sajor-caju* 142**

LOCUS AM110142 632 bp DNA linear PLN 01-OCT-2007  
DEFINITION *Pleurotus sajor-caju* 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene, 25S rRNA gene (partial), ITS1 and ITS2, strain R90.  
ACCESSION AM110142  
VERSION AM110142.1 GI:157886700  
KEYWORDS 18S ribosomal RNA; 18S rRNA gene; 25S ribosomal RNA; 25S rRNA gene; 5.8S ribosomal RNA; 5.8S rRNA gene; internal transcribed spacer 1; internal transcribed spacer 2; ITS1; ITS2.  
SOURCE *Lentinus sajor-caju* (*Pleurotus sajor-caju*)  
ORGANISM *Lentinus sajor-caju*  
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina; Agaricomycetes; Polyporales; Lentinaceae; Lentinus.  
REFERENCE 1  
AUTHORS Smith,J.E., Challen,M.P., White,P.F., Edmondson,R.N. and Chandler,D.  
TITLE Differential effect of *Agaricus* host species on population development of *Megaselia halterata* (Diptera; Phoridae)  
JOURNAL Unpublished  
REFERENCE 2 (bases 1 to 632)  
AUTHORS Challen,M.P.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (28-SEP-2005) Challen M.P., Warwick HRI, University of Warwick, Wellesbourne, Warwickshire, CV35 9EF, UNITED KINGDOM  
FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..632  
/organism="*Lentinus sajor-caju*"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/strain="R90"  
/db\_xref="taxon:50053"  
gene <1..13  
/gene="18S rRNA"  
rRNA <1..13  
/gene="18S rRNA"  
/product="18S ribosomal RNA"  
misc\_feature 14..246  
/note="internal transcribed spacer 1, ITS1"  
gene 247..400  
/gene="5.8S rRNA"  
rRNA 247..400  
/gene="5.8S rRNA"  
/product="5.8S ribosomal RNA"  
misc\_feature 401..595  
/note="internal transcribed spacer 2, ITS2"  
gene 596..>632  
/gene="25S rRNA"  
rRNA 596..>632  
/gene="25S rRNA"  
/product="25S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 ggaaggatca ttaatgaatt cactatggag ttgttgctgg cctctagggg catgtgcacg  
61 cttcactagt cttcaacca cctgtgaact tttgatagat ctgtgaagtc gtcctcaag  
121 tcgtcagact tggtttgctg ggatttaaac gtctcgggtg gacaacgcag tctatttact  
181 taacacaccc caaatgtatg tctacgaatg tcatttaatg ggccttgtgc ctataacca  
241 taatacaact ttcaacaacg gatctcttgg ctctcgcacg gatgaagaac gcagcgaat  
301 gcgataagta atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcaccttgc

361 gcccttggg attccgagg gcatgcctgt ttgagtgtca ttaaattctc aaactcacat  
421 ttatttga tgtttgatt gttgggggt gctggctgta acaagtcggc tcctctaaa  
481 tgattagca ggacttctca tgcctctgc gcatgatgtg ataattatca ctcatcaata  
541 gcaagcatga atagagtcca gctctctaat cgccgcaag gacaattga caattgacc  
601 tcaaatcagg taggactacc cgctgaact aa

#### SEMEJANZAS CON RP

***Pleurotus djamor-288* (ver arriba)**

***Pleurotus flabellatus* 660 (ver arriba)**

#### SEMEJANZAS CON UAP-7

***Pleurotus ostreatus* 108 (ver arriba)**

***Pleurotus ostreatus* 048 (ver arriba)**

***Pleurotus eryngii* 181**

LOCUS EU520181 660 bp DNA linear PLN 02-JUN-2008

DEFINITION *Pleurotus eryngii* isolate NW423 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION EU520181

VERSION EU520181.1 GI:189162172

KEYWORDS .

SOURCE *Pleurotus eryngii*

ORGANISM *Pleurotus eryngii*

Eukaryota; Fungi; Dikarya; Basidiomycota; Agaricomycotina;  
Agaricomycetes; Agaricomycetidae; Agaricales; Pleurotaceae;  
Pleurotus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 660)

AUTHORS Yu,Z., Zhang,Z. and Tang,M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (25-JAN-2008) College of Forestry, Northwest University of Agriculture and Forestry, Taicheng Road 3, Yangling, Shaanxi 712100, China

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..660

/organism="Pleurotus eryngii"

/mol\_type="genomic DNA"

/isolate="NW423"

/db\_xref="taxon:5323"

/country="China"

/collection\_date="28-Aug-2007"

/collected\_by="Z. Zhang"

/note="authority: *Pleurotus eryngii* (DC. Fr.) Quel."

misc\_RNA <1..>660

/note="contains 18S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 ggctgcgga aggatcatr mtgaattcac tatggagtg ttgctggcct ctaggggcat  
61 gtgcacgctt cactagtctt tcaaccacct gtgaacttt gatagatctg tgaagtcgtc  
121 tctcaagtcg tcagacttgg ttgctgggat taaacgtct cgggtgact acgcagtcta  
181 ttacttaca caccccaaat gtatgtctac gaatgcatt taatggcct tgtccctta  
241 aaccataata caacttcaa caacggatct cttggctctc gcatcgatga agaacgcagc  
301 gaaatcggat aagtaatgtg aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct tgaacgcac  
361 cttgcgcccc ttgtattcc gaggggcatg cctgttgag tgcattaaa ttctaaact  
421 cactttggtt tcttccaat tgtgatggtt ggattgttg gggctgctgg ccttgacagg  
481 tcggctctc taaatgcat tagcaggact tctattgcc tctgcatg atgtgataat  
541 tatcactcat caatagcag catgaataga gtccagctct ctaatctcc gcaaggacaa  
601 ttgacaatt tgacctcaa tcaggttaga ctacctcsca tgaacttaag catatcataa

#### **SEMEJANZAS CON UAP-9**

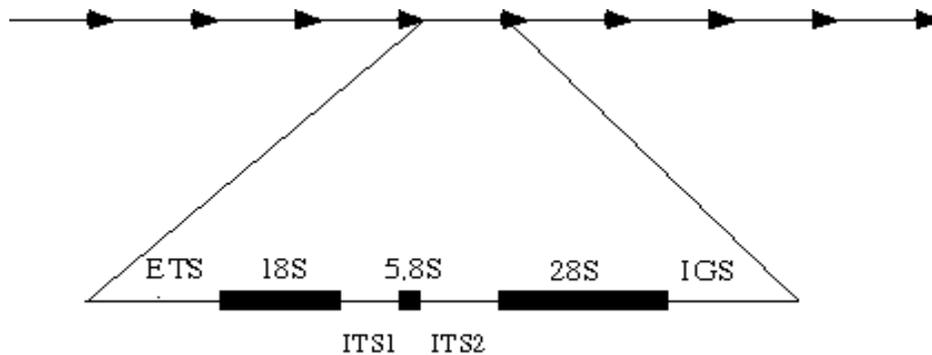
***Pleurotus eryngii 181 (ver arriba)***

***Pleurotus ostreatus 108 (ver arriba)***

***Pleurotus ostreatus 048 (ver arriba)***

## 8.2 Esquema de la región ITS1-5.8S-ITS2.

En eucariotes el genoma tiene varias copias del gen ribosomal (rDNA) y está arreglado en paquetes repetidos. Cada paquete contiene tres genes que codifican para la unidad pequeña del rRNA (SSU, 18S), para la subunidad 5.8S y la subunidad grande (LSU, 25-28S). Dos espaciadores internos (internal transcribed spacers, ITS). Y el espaciador intergénico (intergenic spacer, IGS) (Alberts *et al.*, 2002).



### 8.3

Tabla 5. Matriz de distancias, obtenida de la segunda vía de análisis (ver texto) de las secuencias editadas y alineadas, incluyendo las secuencias de las cepas obtenidas del GENBANK posterior al Blast (ver anexo 1).

	pulmo313	pulmo311	ery127	ostre108	ostre048	ery181	IAP	CDBB	UAP9	UAP7	ostre642
pulmo313	0	0	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.008
pulmo311		0	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.008
ery127			0	0	0	0	0	0	0	0	0.016
ostre108				0	0	0	0	0	0	0	0.016
ostre048					0	0	0	0	0	0	0.016
ery181						0	0	0	0	0	0.016
IAP							0	0	0	0	0.016
CDBB								0	0	0	0.016
UAP9									0	0	0.016
UAP7										0	0.016
ostre642											0
P15											
IE-136											
ostr310											
ostre309											
flori300											
colum286											
IB67											
pulmo305											
POROS											
pulmo314											
sajor1											
sajor631											
sajor142											
IE-202											
RP											
IE201											
ECS130											
IE-200											
ECS127											
dj289											
salmo843											
flabe660											
dj288											Continúa...

Continúa tabla 5.

	<b>P15</b>	<b>IE-136</b>	ostr310	ostre309	flori300	colum286	<b>IB67</b>	pulmo305	<b>POROS</b>
pulmo313	0.008	0.078	0.008	0.008	0.008	0.008	0	0	0
pulmo311	0.008	0.078	0.008	0.008	0.008	0.008	0	0	0
ery127	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
ostre108	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
ostre048	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
ery181	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
<b>IAP</b>	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
<b>CDBB</b>	0.016	0.091	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
<b>UAP9</b>	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
<b>UAP7</b>	0.016	0.087	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016	0.016
ostre642	0	0.075	0	0	0	0	0.008	0.008	0.008
<b>P15</b>	0	0.075	0	0	0	0	0.008	0.008	0.008
<b>IE-136</b>		0	0.075	0.075	0.075	0.075	0.078	0.078	0.079
ostr310			0	0	0	0	0.008	0.008	0.008
ostre309				0	0	0	0.008	0.008	0.008
flori300					0	0	0.008	0.008	0.008
colum286						0	0.008	0.008	0.008
<b>IB67</b>							0	0	0
pulmo305								0	0
<b>POROS</b>									0
pulmo314									
sajor1									
sajor631									
sajor142									
<b>IE-202</b>									
<b>RP</b>									
<b>IE201</b>									
<b>ECS130</b>									
<b>IE-200</b>									
<b>ECS127</b>									
dj289									
salmo843									
flabe660									
dj288									
									Continúa...

Continúa tabla 5.

	pulmo314	sajor1	sajor631	sajor142	IE-202	RP	IE201	ECS130
pulmo313	0	0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
pulmo311	0	0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
ery127	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
ostre108	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
ostre048	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
ery181	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
<b>IAP</b>	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
<b>CDBB</b>	0.016	0.016	0.016	0.016	0.333	0.327	0.363	0.378
<b>UAP9</b>	0.016	0.016	0.016	0.016	0.331	0.324	0.36	0.375
<b>UAP7</b>	0.016	0.016	0.016	0.016	0.332	0.325	0.362	0.377
ostre642	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
<b>P15</b>	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
<b>IE-136</b>	0.078	0.078	0.078	0.078	0.38	0.374	0.409	0.412
ostr310	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
ostre309	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
flori300	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
colum286	0.008	0.008	0.008	0.008	0.337	0.331	0.367	0.378
<b>IB67</b>	0	0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
pulmo305	0	0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
<b>POROS</b>	0	0	0	0	0.335	0.328	0.364	0.375
pulmo314	0	0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
sajor1		0	0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
sajor631			0	0	0.333	0.327	0.363	0.373
sajor142				0	0.333	0.327	0.363	0.373
<b>IE-202</b>					0	0.008	0.049	0.121
<b>RP</b>						0	0.057	0.132
<b>IE201</b>							0	0.133
<b>ECS130</b>								0
<b>IE-200</b>								
<b>ECS127</b>								
dj289								
salmo843								
flabe660								
dj288								
								Continúa...

Continúa tabla 5.

	<b>IE-200</b>	<b>ECS127</b>	dj289	salmo843	flabe660	dj288
pulmo313	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
pulmo311	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
ery127	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
ostre108	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
ostre048	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
ery181	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
<b>IAP</b>	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
<b>CDBB</b>	0.405	0.348	0.327	0.34	0.327	0.327
<b>UAP9</b>	0.402	0.346	0.324	0.337	0.324	0.324
<b>UAP7</b>	0.404	0.347	0.325	0.339	0.325	0.325
ostre642	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
<b>P15</b>	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
<b>IE-136</b>	0.431	0.39	0.374	0.387	0.374	0.374
ostr310	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
ostre309	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
flori300	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
colum286	0.405	0.347	0.331	0.344	0.331	0.331
<b>IB67</b>	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
pulmo305	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
<b>POROS</b>	0.402	0.344	0.328	0.341	0.328	0.328
pulmo314	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
sajor1	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
sajor631	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
sajor142	0.401	0.343	0.327	0.34	0.327	0.327
<b>IE-202</b>	0.137	0.065	0.015	0.034	0.008	0.008
<b>RP</b>	0.148	0.076	0.007	0.026	0	0
<b>IE201</b>	0.153	0.095	0.064	0.072	0.057	0.057
<b>ECS130</b>	0.157	0.114	0.135	0.139	0.132	0.132
<b>IE-200</b>	0	0.122	0.155	0.162	0.148	0.148
<b>ECS127</b>		0	0.083	0.087	0.076	0.076
dj289			0	0.034	0.007	0.007
salmo843				0	0.026	0.026
flabe660					0	0
dj288						0

## IX

## REFERENCIAS

- Alberts, B., Bray, D., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., Watson, J.D. 2002. *Biología molecular de la célula*. 3ª Ed. Omega. España.
- Alexopoulos, C.J., Mims, C.W., Blakwell, M. 1996. *Introductory Mycology*. Wiley and Sons. USA.
- Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W., Lipman, D.J. 1990. Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215: 403-410.
- Bao, D., Ishihara, H., Mori, N., Kitamoto, Y. 2004. Phylogenetic analysis of oyster mushrooms (*Pleurotus* spp.) based on restriction fragment length polymorphisms of the 5' portion of 26S rDNA. *J Wood Sci.* 50: 169-176.
- Bao, D., Aimi, T., Kitamoto, Y. 2005. Cladistic relationships among the *Pleurotus ostreatus* complex, the *Pleurotus pulmonarius* complex, and *Pleurotus eryngii* based on the mitochondrial small subunit ribosomal DNA sequence analysis. *J Wood Sci.* 51: 77-82.
- Bruns, D.T., White, J.T., Taylor, W.J. 1991. Fungal molecular systematics. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 22: 525-564.
- Bruns, D.T., Vigalys, R., Barns, M.S., González, D., Hibbett, S.D., Lane, J.D., Simon, L., Stickel, S., Szaro, M.T., Wisburg, G.W., Sogin, L.M. 1992. Evolutionary Relationships within the Fungi: Analyses of Nuclear small subunit rRNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution.* 1 (3): 231-241.
- Bunyard, B.A., Chaichuchote, S., Nicholson, M.S., Royse, D.J. 1996. Ribosomal DNA analysis for resolution of genotypic classes of *Pleurotus*. *Mycol. Res.* 100: 143-150.
- Chang, S.T., Hayes, W.A. 1978. *The Biology and cultivation of edible mushrooms*. Academic Press Inc. New York. USA.
- Delgado, F.A., Villegas, R.M., Cifuentes, B.J. 2005. *Glosario ilustrado de los caracteres macroscópicos en Basidiomycetes con himenio laminar*. Facultad de Ciencias, UNAM.
- Guzmán, G., Montoya, L., Salmones, D., Bandala, V.M. 1993. Studies of the genus *Pleurotus* (Basidiomycotina) II. *P. djamour* in Mexico and in other Latin-American countries, taxonomic confusions, distribution and semi-industrial culture. *Cryptogamic Botany* 3: 213-220.
- Guzmán, G., Montoya, L., Mata, G., Salmones, D. 1994. Studies in the genus *Pleurotus*, III. The varieties of *P. ostreatus*-complex based in interbreeding strains and in the study of basidiomata obtained in culture. *Mycotaxon.* 50: 365-378.

- Guzmán, G., Montoya, L., Bandala, V.M., Mata, G., Salmenes, D. 1995. Studies of the genus *Pleurotus*, IV. Observations on the pink forms growing in México based on the interbreeding of two different strains. *Mycotaxon*. 53: 247-259.
- Hawksworth, D.L., Kirk, P.M., Sutton, B.C., Pegler, D.N. 1995. *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*. CAB International, Wallingford.
- Huerta, P.G. 2007. Compatibilidad genética entre poblaciones silvestres de *Pleurotus* procedentes de diferentes regiones de México. Tesis doctoral. Facultad de Ciencias. UNAM. México.
- Hwang, U.W., Kim, W. 1999. General properties and phylogenetic utilities of nuclear ribosomal DNA and mitochondrial DNA commonly used in molecular systematics. *The Korean Journal of Parasitology*. 37: 215-228.
- Index Fungorum. Acceso 6 de octubre del 2008. <http://www.indexfungorum.org>
- Iracabal, B., Zervakis, G., Labarere, J. 1995. Molecular sytematics of genus *Pleurotus*: anaiysis of restriction polymorphisms in ribosomal DNA. *Microbiology*. 141: 1479-1490.
- Kirk, P.M., Cannon, P.F., David, J.C., Stalpers, J.A. 2001. *Ainsworth & Bisby's Dictionary of the Fungi*. CAB International, Wallingford.
- Küppers, H. 2002. *Atlas de los colores*. BLUME, España.
- Labarere, J., Bois, F. 2002. La conservación y el uso de los recursos genéticos de *Pleurotus* spp. En: Sánchez, V.J.E., Royse, D.J. (eds.), *La biología y el cultivo de Pleurotus spp.* ECOSUR y UTEHA, Noriega Editores.
- Largent, D., Johnson, D., Walting, R. 1977. How to identify mushrooms to genus, III: Microscopic Features. Mad River Press, Eureka.
- Largent, D. 1986. How to identify mushrooms to genus, I. Macroscopic features. Mad River Press, Eureka.
- Leal-Lara, H. 1998. Research priorities for production of edible fungi in México. *Inoculum* 49 (2): 31.
- Martin, K.J., Rygiewicz, P. 2005. Fungal-specific CR primers developed for analysis of the ITS region of enviromental DNA extracts. *BMC Microbiology*. 5: 1-11.
- Martínez-Carrera, D., Sobal, M., Quirarte, M. 1986. Obtención y caracterización de híbridos de cepas mexicanas de *Pleurotus ostreatus*. *Rev. Mex. Micol.* 2: 227-238.
- Martínez-Carrera, D. 1988. Hibridación entre cepas de *Pleurotus ostreatus* de México y Guatemala. *Rev. Mex. Micol.* 4:281-286.

- Martínez-Carrera, D., Larqué-Savedra, A., Morales, P., Sobal, M. 1992. ¿Reconversión en la industria de los hongos? *Tecnoindustria* 7: 52-59.
- Martínez-Carrera, D. 2002. Current development of mushroom biotechnology in Latin América. *Micol. Apl. Int.* 14: 61-74.
- Mora, V.M., Martínez-Carrera, D. 2007. Investigaciones básicas, aplicadas y socioeconómicas sobre el cultivo de setas *Pleurotus* spp en México. En: Sánchez, V.J.E., Martínez-Carrera, D., Mata, G., Leal-Lara, H. (eds.), *El cultivo de setas Pleurotus spp en México*. ECOSUR. México.
- Müller, J., Müller, K., 2004. TreeGraph: automated drawing of complex tree figures using an extensible tree description format. *Mol. Ecol. Notes* 4, 786–788.
- Müller, K., 2004. PRAP - computation of Bremer support for large data sets. *Mol. Phylogenet. Evol.* 31, 780–782.
- Munsell Color Company. 1994. Munsell Soil Color Chart. Macbeth Division of Kollmorgen Instruments Corporation. N.Y. USA.
- Murakami, S., Takemaru, T. 1990. Genetic studies of *Pleurotus salmoneostramineus* forming albino basidiocarps. *Rept. Tottori Mycol. Inst.* 28: 199-204.
- Paredes, P., Leal-Lara, H., Ramírez-Carrillo, R., Arias-García, A. 1996. Criterios de selección de cepas de *Pleurotus* spp para mejorar la competitividad de la producción comercial. *Micol. Neotrop Apl.* 9: 67-79.
- Pérez, M. R., Mata, G. 2005. Cultivo y selección de cepas de *Pleurotus ostreatus* y *P. pulmonarius* en viruta de pino: obtención de nuevas cepas y evaluación de su producción. *Rev. Mex. Micol.* 20:53-59.
- Petersen, H.R. 1995. Contributions of mating studies to mushroom systematics. *Can. J. Bot.* 73: 831-842.
- Petersen, H.R., Hughes, W.K. 1997. A new species of *Pleurotus*. *Mycologia*. 89 (1): 173-180.
- Ramírez, P. 2006. Cepas comerciales como una estrategia para el desarrollo de la producción rural de hongos comestibles (*Pleurotus*): mejoramiento genético empleando marcadores y segregación meiótica. Tesis de Maestría en Ciencias, Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, Puebla.
- Ramírez-Carrillo, R., Hernández, V.O., Galván, P.F., Leal-Lara, H. 2007. Productividad de cepas híbridas de *Pleurotus x Lentinula*. En: Sánchez, V.J.E., Martínez-Carrera, D., Mata, G., Leal-Lara, H. (eds.), *El cultivo de setas Pleurotus spp en México*. ECOSUR. México.

- Rodríguez, P. S., Bermúdez, S. R., Serrat, D. M., Kouroma, A. 2006. Selección de cepas de *Pleurotus ostreatus* para la decoloración de efluentes industriales. *Revista Mexicana de Micología*. 23: 9-15.
- Royse, D.J., May, B. 1982. Genetic relatedness and its application in selective breeding of *Agaricus brunnescens*. *Mycologia*. 74: 569-575.
- Royse, D.J., Sánchez, V.J.E. 2002. La importancia del cultivo de *Pleurotus* spp. Estadísticas mundiales de producción, con énfasis en Hispanoamérica. En: Sánchez, V.J.E., Royse, D.J. (eds.), *La biología y el cultivo de Pleurotus spp.* ECOSUR y UTEHA, Noriega Editores.
- Sagawa, I., Tanaka, M., Nagata, Y. 1992. Discrimination of Mushrooms in genus *Pleurotus* by DNA restriction fragment length polymorphism. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 38: 597-603.
- Salmones, D., Mestizo, V.L., Gaytán-Hernández, R. 2004. Entrecruzamiento y evaluación de la producción de las variedades de *Pleurotus djamor* (Fr.) Boedjin. *Rev. Mex. Micol.* 18: 21-26.
- Salmones, D., Mata, G., Gaytán, H.R. 2007. Aportaciones del sector académico en la producción de inóculo de *Pleurotus* spp. En: Sánchez, V.J.E., Martínez-Carrera, D., Mata, G., Leal-Lara, H. (eds.), *El cultivo de setas Pleurotus spp en México.* ECOSUR. México.
- Sobal, M., Martínez-Carrera, D., Morales, P., Roussos, S. 2007 (a). Classical characterization of mushroom genetic resources from temperate and tropical regions of México. *Micol. Apl. Int.* 19: 15-23.
- Sobal, M., Morales, P., Bonilla, M. Huerta, G., Martínez-Carrera, D. 2007 (b). El Centro de Recursos Genéticos de Hongos Comestibles (CREGENHC) del Colegio de Postgraduados. En: Sánchez, V.J.E., Martínez-Carrera, D., Mata, G., Leal-Lara, H. (eds.), *El cultivo de setas Pleurotus spp en México.* ECOSUR. México.
- Stajic, M., Sikorski, J., Wasser, P.S., Nevo, E. 2005. Genetic similarity and taxonomic relationships within the genus *Pleurotus* (higher Basidiomycetes) determined by RAPD analysis. *Mycotaxon*. 93: 247-255.
- Swofford, D.L., 2002. PAUP. Phylogenetic Analysis Using Parsimony Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Valencia-Del-Toro, G., Leal-Lara, H. 1999. Estudios de compatibilidad entre cepas de *Pleurotus* spp con cuerpos fructíferos de diversos colores. *Rev. Mex. Micol.* 15: 65-71.
- Valencia, T.G. 2002. Estudios sobre la expresión del color de los esporóforos en *Pleurotus* spp. Por apareamientos de nehaplontes compatibles y progenies monospóricas. Tesis de doctorado. Facultad de Ciencias. UNAM.

- Valencia, T.G., Garín, A.M.E., Jiménez, H.J., Leal-Lara, H. 2003. Producción de cepas coloridas de *Pleurotus* spp en sustrato estéril y pasteurizado. Rev. Mex. Micol.17: 1-5.
- Valencia, T.G., Tepehco, M.A., Ramírez, R., Leal-Lara, H. 2007. Productividad de cepas híbridas coloridas del género *Pleurotus*. En: Sánchez, V.J.E., Martínez-Carrera, D., Mata, G., Leal-Lara, H. (eds.), El cultivo de setas *Pleurotus* spp en México. ECOSUR. México.
- Vigalys, R., Sun, L.B. 1994. Ancient and recent patterns of geographic speciation in the oyster mushroom *Pleurotus* revealed by phylogenetic analysis of ribosomal DNA sequences. Proc. Natl. Acad. Sci USA. 91: 4599-4603.
- Zervakis, G., Labarere, J. 1992. Taxonomic relationships within the fungal genus *Pleurotus* as determined by isoelectric focusing analysis patterns. J. Gen. Microbiol. 138: 635-645.
- Zervakis, G., Sourdís, J., Balis, C. 1994. Genetic variability and systematics of eleven *Pleurotus* species based on isozyme analysis. Mycol. Res. 98 (3): 329-341.
- Zervakis, G., Moncalvo, J.M., Vigalys, R. 2004. Molecular phylogeny, biogeography and speciation of the mushroom species *Pleurotus cystidiosus* and allied taxa. Microbiology. 150: 715-726.

The economic importance that has acquired the culture of *Pleurotus* spp. it has motivated the increase of investigations focused in the knowledge of germoplasm, nevertheless they are even insufficient because emphasis in the production becomes. Other lines of investigation are the expression of the color of the pileus and the genetic relations of the different strains, what it allows the producers to explore new markets from novel phenotypes.

In the present work different stocks were characterized and related genetically to base in the sequences from the region ITS1-5.8-ITS2 of ribosomal DNA, region that had been used previously by the support that offers in the recognition of species. Fourteen wild and commercial stocks of *Pleurotus* spp. of México were studied, which was fructified to register the color of the pileus. The mycelium was collected for the extraction of the DNA and the consequent sequencing of the region ITS1-5.8-ITS2 rDNA. The analysis of the sequences was realized by two ways, giving in both cases very similar groups in which four sets was clear, two of which they were closely together of the *P. pulmonarius* and *P. colombinus* species; these two as well were closely together of the set related to *P. ostreatus*, and the remaining set was closely together of *P. djamor*. On the other hand, five groups of color were obtained themselves: sand-ivory, gray, orange-off grey, pink and white. It was not detected a color that outside distinguishing of some of the sets. Three stocks even presented/displayed color of the pileus different from reported one in previous works. The possibility that there was pink stocks that did not belong to *P. djamor* was discussed.