

表3 益母草氮、磷、钾肥数学模型及其分析

Table 3 Mathematic models and their analyses of N, P, and K on *L. japonicus*

项 目	β_0	$\beta_1 N$	$\beta_2 P$	$\beta_3 K$	$\beta_4 N^2$	$\beta_5 P^2$	$\beta_6 K^2$	$\beta_7 NP$	$\beta_8 NK$	$\beta_9 PK$	适宜施肥量/(g·m ⁻²)		
											N	P	K
株高	5.6	7.1	15.4	0.4	-10.3	-24.8	-1.8	15.9	-7.6	14.2	37.5	45.8	96.9
叶片数	1.4	2.3	1.9	-1.4	-0.7	-2.6	3.5	1.5	-3.8	0.5	3.0	37.4	33.6
分蘖数	1.2	-0.7	1.8	0.8	1.8	-2.4	-1.3	0.3	-2.3	3.2	38.5	54.3	31.6
地上鲜重	1.1	18.6	14.2	-3.2	-11.9	-18.8	10.9	16.8	-12.0	0.3	49.0	41.8	34.4
水苏碱	0.5	3.3	0.6	-2.2	-2.4	-1.1	3.2	1.7	-0.8	-0.9	39.5	35.2	31.0
总生物碱	0.5	2.7	-0.2	-1.8	-1.5	0.2	3.0	0.8	-0.8	-1.4	44.0	82.7	33.4
平均											40.0	44.8	33.3

部分,所以氮素对益母草总生物碱和水苏碱的生物合成产生了极大的促进作用,其作用机制还需进行深入研究。

磷以磷酸根形式存在于糖、磷酸、核酸、核苷酸、辅酶、磷脂质等中。磷在ATP反应中起关键作用^[4],施磷能促进各种代谢正常进行,植株生长良好,所以磷对发挥氮和钾的肥效起到重要的支撑作用,磷对益母草总生物碱的促进作用就很明显。

钾能促进糖分转化和运输,使光合产物迅速转移到其他部位,钾供应充分时,糖类合成加强,纤维束和木质素的量提高,茎秆坚韧,抗倒伏^[4]。本试验也显出钾对益母草株高和生物量的促进作用。

总之,在本实验条件下,得出合理的需氮量为37.5~44.0 g/m²,磷量为37.4~54.3 g/m²,钾量为31.6~34.4 g/m²,平均为氮40 g/m²,磷44.8 g/m²,钾33.3 g/m²。氮、磷、钾最佳配比为4:4.5:

3.3. 由于氮、磷、钾是植物生长的基本3要素,但不同的植物对其需要量及其比例是不同的,不同肥力水平的土壤,施用肥料的最佳用量差别很大,尤其是药用植物,对其精准施肥的研究不仅要追求产量,还要注重次生代谢产物的量^[5],所以就需要针对其生物学特性和有效成分种类等方面进行系统研究。

References:

- [1] Ch P (中国药典) [S]. Vol I. 2005.
- [2] Xu J Z, Wang Z A, Yu X P, et al. Organism fertilizer and inorganic fertilizer matching experiment on *Leonurus japonicus* Houtt. [J]. China J Chin Mater Med (中国中药杂志), 2006, 31(4): 340-342.
- [3] Ch P (中国药典) [S]. Vol I. 2000.
- [4] Pan R Z. Plant Physiology (植物生理学) [M]. Beijing: Higher Education Publishing House, 2004.
- [5] Zhang Y, Liu Y, Wang J Y, et al. Present situation and prospects for Chinese traditional medicine's special fertilizer [J]. China J Chin Mater Med (中国中药杂志), 2004, 29(8): 719-722.

半夏栽培品种遗传差异的AFLP分析

张杰^{1,2},徐涛¹,张建光¹,陈集双^{1*}

(1. 浙江理工大学生物工程研究所,浙江杭州 310018; 2. 杭州职业技术学院,浙江杭州 310018)

摘要:目的 构建不同地区来源半夏栽培品种的DNA指纹图谱,探讨利用AFLP分子标记在半夏遗传多样性、亲缘关系及种质鉴别上的可行性。方法 运用扩增片段长度多态性技术(AFLP),对我国17个地区的51份半夏栽培品种和4份掌叶半夏样品(外群)进行基因组DNA多态性分析。结果 从64对引物组合中筛选出8对多态性丰富、鉴别效率高的AFLP引物组合,构建了51份半夏栽培品种的AFLP指纹图谱。聚类分析结果表明:所有半夏栽培品种完全被区分开,来源地相同的种质表现出相对密切的亲缘关系,浙江等华东地区的栽培半夏同其他地区半夏有着明显遗传差异,聚类分析结果获得了Bootstrap校验的支持。结论 AFLP分子标记可用于半夏遗传多样性、亲缘关系及种质鉴别分析,浙江、江苏等华东地区栽培半夏的遗传特性相对独立。

关键词:半夏; AFLP; DNA指纹图谱; 种质鉴定

中图分类号:R282.23

文献标识码:A

文章编号:0253-2670(2007)12-1884-06

收稿日期:2007-03-10

基金项目:国家“863”课题(2002AA241121);科技部国际合作重点项目(2004DFA05000)资助

作者简介:张杰(1982—),男,湖南省永州市人,浙江理工大学硕士研究生,从事DNA分子标记研究。

Tel: (0571) 86843195 Fax: (0571) 86843196 E-mail: jzhang821209@163.com

*通讯作者 陈集双 Tel: (0571) 86843195 Fax: (0571) 86843196 E-mail: chenjs@zstu.edu.cn

Application of AFLP markers for analyzing genetic difference among cultivated *Pinellia ternata*

ZHANG Jie^{1,2}, XU Tao¹, ZHANG Jian-guang¹, CHEN Ji-shuang¹

(1. Institute of Bioengineering, Zhejiang Sci-Tech University, Hangzhou 310018, China;

2. Hangzhou Vocational and Technical College, Hangzhou 310018, China)

Abstract: Objective The DNA fingerprints of cultivated *Pinellia ternata* collected from different geographic regions were generated by using AFLP markers to find the feasibility in analyzing their genetic diversity, relationship, and germplasm identification. Methods The DNA polymorphism of 51 cultivated germplasm of *P. ternata* collected from 17 different habitats and four cultivars of *P. pedatisecta* (outgroup) were detected by AFLP molecular markers. Results The DNA fingerprints of 51 individuals of *P. ternata* were obviously distinguished by eight pairs of high polymorphic and efficient primer combinations screened from 64 primer combinations. The phylogenetic clustering results revealed that all the tested cultivars were fully differentiated, and individuals from the same regions were mainly clustered together. Moreover, cultivars from East-China, including Zhejiang and Jiangsu Provinces, displayed clear genetic distinction from other regions. The clustering results were strongly supported by Bootstrap test. Conclusion AFLP Markers can be potentially used in analyzing of genetic diversity, relationship, and germplasm identification of this medicinal plant, and the germplasm from regions of East-China, including Zhejiang and Jiangsu Provinces, displays the relative separate genetic characters from other regions.

Key words: *Pinellia ternata* (Thunb.) Breit; amplified fragment length polymorphism (AFLP); DNA fingerprint; germplasm identification

半夏 *Pinellia ternata* (Thunb.) Breit. 为天南星科半夏属植物,以块茎入药,临床应用非常广泛。半夏不同栽培之间表型差异较大,目前有关种质鉴别、遗传背景及亲缘关系的研究资料较少^[1]。半夏野生变家种主要为当地野生资源就地采集人工种植,各地之间相互引种频繁,资源混杂,不利于当地品种保护。

在半夏种质鉴别上,前人已有显微鉴别^[2]、同工酶分析^[3]、PCR-RFLP^[4]及 AFLP 标记^[5]等方法的报道。AFLP (amplified fragment length polymorphism) 是一种检测 DNA 多态性高、重复性好的分子标记技术,近年来被广泛应用于种质鉴定及遗传差异分析上^[6,7]。本研究运用荧光标记引物的 AFLP 技术构建半夏不同栽培品的 DNA 指纹图谱,探索应用该技术在半夏种质资源鉴定和亲缘关系研究中的可行性。

1 材料与方法

1.1 试材:为了对尽可能宽的遗传变异和地理范围内的半夏栽培品进行遗传分析,本研究从 2004 年 5 月到 2005 年 10 月实地收集了我国半夏主要种植地的 11 省 17 个地区的 51 份个体,每个地区的个体数目为 3~7 个不等,见表 1。为避免取到同一母株的后代克隆,本研究中同一地区中不同个体之间的平均距离至少在 5 m 以上,植株块茎及珠芽保存备用。

1.2 DNA 提取:在 CTAB 法的基础上略作改

进^[8]。针对半夏多糖类物质质量高的特点,取嫩叶放于 4 ℃ 冰箱黑暗中放置 1 d,以消耗淀粉和多糖;提取液中添加 2% PVP 和 0.1% β-巯基乙醇去除多酚类物质。0.8% 琼脂糖电泳检测 DNA 纯度与完整性(图 1)。

表 1 供试材料及来源

Table 1 Sources of materials tested

采样地点	个体数目	编号	种质来源	表型特征
山西新绛	7	C1-C7	本地栽培种	中间叶长:宽=7:1~8:1(桃叶形)
山东菏泽	7	C8-C14	本地栽培种	中间叶长:宽=7:1~8:1(桃叶形)
甘肃天水	4	C15-C18	本地栽培种	中间叶长:宽=7:1~8:1(桃叶形)
河南淮滨	3	C19-C21	本地栽培种	中间叶长:宽=10:1~15:1(柳叶形)
江苏丰县	4	C22-C25	本地栽培种	中间叶长:宽=1:1~3:1(类椭圆形)
浙江宁波	4	C26-C29	本地栽培种	中间叶长:宽=1:1~3:1(类椭圆形)
四川眉山	4	C30-C33	本地栽培种	中间叶长:宽=10:1~15:1(柳叶形)
贵州长顺	5	C34-C38	本地栽培种	中间叶长:宽=10:1~15:1(柳叶形)
湖南常德	5	C39-C43	本地栽培种	中间叶长:宽=1:1~5:1(桃叶形)
湖北武汉	4	C44-C47	本地栽培种	中间叶长:宽=10:1~15:1(柳叶形)
北京	4	C48-C51	本地栽培种	中间叶长:宽=7:1~8:1(桃叶形)



图 1 半夏基因组 DNA 电泳检测结果

Fig. 1 Electrophoresis of genomic DNA in *P. ternata*

1.3 酶切与连接:20 μL 反应体系为 1.5 μL 10×T4 DNA Ligase buffer, 1.1 μL 0.5 mol/L NaCl, 0.55 μL 1 mg/L BSA, 1 μL Mse I adaptor, 1 μL EcoR I adaptor, 1 U Mse I, 3 U EcoR I, 3 U T4 DNA Ligase, 200 ng DNA, 5 μL dd H₂O, 混匀后

16 ℃ 过夜。*EcoR I* 接头序列: 5'-CTCG-TAGACTGCGTACC-3', 3'-CATCTGACGCAT-GTTAA-5'; *Mse I* 接头序列: 5'-GACGATG-AGTCCTGAG-3', 3'-TACTCAGGACTCAT-5'。

1.4 AFLP 预扩增反应: 反应体系及步骤参考 Applied Biosystems AFLPTM plant mapping kit (PE, UK) 说明书, 预扩增采用含 1 个碱基(+1)的扩增引物。*EcoR I* 和 *Mse I* 的预扩增引物分别为: 5'-GACTGCGTACCAATTCA-3' 和 5'-GATGA-GTCCTGAGTAAC-3'。

1.5 AFLP 选择性扩增反应: 采用 E+3/M+3 引物组合进行选择性扩增。为了筛选出适合半夏的高多态性扩增引物组合, 以 64 引物组合进行初步筛选, 其中 12 对多态性位点丰富的引物组合用于随后的分析。预扩增产物用 TE_{0.1} (pH 8.0) 稀释 25 倍后作为选择性扩增反应的模板, 采用梯度 PCR 法进行如下循环, 参数作了相应优化: 94 ℃ 预变性 2 min; 第 1 轮: 94 ℃、30 s, 66 ℃、30 s, 72 ℃、120 s; 第 2~11 轮: 每循环一轮退火温度递减 1 ℃, 扩增 10 轮; 第 12~32 轮: 94 ℃、30 s, 56 ℃、30 s, 72 ℃、120 s; 60 ℃ 延伸 30 min; 4 ℃ 保存。

1.6 毛细管电泳分析: 进样体系: 1 μL PCR 产物, 0.5 μL GeneScan 500 [Rox] (ABI, UK), 8.5 μL Hi-Di Formamide (ABI, UK), 充分混合后于 95 ℃ 变性 5 min, 迅速置于冰上, 立即进样 ABI PRISM 3100 遗传分析仪。电泳参数作了相应优化: Run Temperature: 50 ℃, Pre Run Voltage: 12 200 V, Injection Voltage: 2 000 V, Injection Time: 10 s, Run Voltage: 12 200 V, Data Delay Time: 1 200 s。

1.7 数据收集与分析: 采用 GeneMapper Version 3.7 收集电泳谱带, 电泳图谱上 50~600 bp 间清晰可见、荧光信号大于 100 cfu 且可重复出现的条带记为有效带。样品中同一位置上出现的条带记为“1”, 没有出现则记为“0”, 以 Peakmatcher 软件加以统计生成“0, 1”组成的原始数据矩阵。以 TFPGA 软件计算不同地区半夏品种群体内的多态性位点百分率、平均期望杂合度 (*He*) 和 Shannon 指数 (*Ho*)。运用 PAUP* 4.08b 软件基于 Nei & Li (1973) 遗传相似性系数进行 Neighbor-Joining 聚类分析。Nei & Li 遗传相似性系数, $GS_{ij} = 2a/(2a+b+c)$, GS_{ij} 表示 *i* 和 *j* 的相似性, *a* 表示 *i* 和 *j* 所共有的条带数, *b* 表示 *i* 中出现但 *j* 中缺失的条带数, *c* 表示 *j* 中出现但 *i* 中缺失的条带数。鉴别效率指可

以鉴别的材料占供试材料总数的百分率。

2 结果与分析

2.1 半夏种质 AFLP 选择性扩增引物筛选: 选取来源地不同、形态差异较大的 C2、C16、C28、C35 号半夏栽培品为代表, 采用 E+3/M+3 引物组合方式, 对 64 对引物组合进行初步筛选, 结果引物组合 E-ACC/M-CTG、E-ACA/M-CTA、E-ACG/M-CAA、E-ACT/M-CTA、E-AGC/M-CAT、E-AGG/M-CAA、E-AGG/M-CAT、E-AGG/M-CTA 扩增的电泳图谱不仅谱带清晰且多态性丰富, 用于下一步分析。

2.2 半夏不同栽培品的 AFLP 扩增产物多态性: 用筛选出的上述 8 对引物组合进一步对 55 份样品 (含 4 份掌叶半夏) 进行 AFLP 分析, 结果显示扩增出的 DNA 条带主要分布于 50~600 bp, 平均每个地区样品扩增出 205.3 条多态性条带, 每对引物扩增出 51.2 条总带和 25.7 条多态性条带, 地区内的平均多态性位点百分率为 50.2%。同时, 不同引物组合扩增出的总条带数和多态性条带数差异较大。E-ACG/M-CAA 共扩增出 86 条带, 其中多态性条带 37 条, 多态性位点百分率高达 43%, 是所有引物对中最高的。E-AGG/M-CAT 扩增了 62 条带, 多态性条带仅有 14 条, 多态性位点百分率只有 22.6%, 是所有引物对中最低的 (表 2)。

表 2 不同地区的半夏栽培品之间的遗传多样性水平

Table 2 Genetic diversity level of cultivars of *P. ternata* from different regions

地区	多态性	多态性位点	平均期望	遗传	Shannon
	条带数	百分率/%	杂合度	相似性	指数
山西	207	50.6	0.107	0.821	0.028
山东	212	51.8	0.106	0.824	0.031
甘肃	198	48.4	0.108	0.831	0.023
河南	209	51.1	0.122	0.767	0.047
江苏	187	45.7	0.131	0.788	0.044
浙江	191	46.7	0.141	0.750	0.056
四川	218	53.3	0.156	0.761	0.050
贵州	213	52.1	0.147	0.759	0.057
湖南	211	51.6	0.133	0.766	0.055
湖北	210	51.3	0.116	0.846	0.021
河北	202	49.4	0.107	0.837	0.030
平均	205.3	50.2	0.124	0.796	0.042

不同地区的半夏栽培品之间的遗传多样性差异不大, 四川阆中地区栽培半夏遗传多样性水平最高, 多态性位点百分率为 53.3%; 江苏丰县地区最低, 为 45.7%。对不同地区的半夏栽培品扩增 AFLP 条带统计分析显示 (表 2): 各栽培品种群体之间的平均期望杂合度 (*He*) 为 0.124, 遗传相似性 (*GS*)

0.796, Shannon 指数 (H_o) 为 0.042, 显示半夏的遗传多样性主要存在于不同地区栽培品之间。

2.3 51份半夏栽培品的系统聚类分析: 根据 Nei & Li (1973) 遗传相似性系数构建 Neighbor-joining 系统聚类图(图 2)。从聚类图上可以看出掌

叶半夏与半夏的 DNA 差异明显, 掌叶半夏和半夏分别聚为一个独立的分支。以遗传相似性 0.65 为界, 51 份半夏并分成 I、II 两个细分支, 分支 Bootstrap 支持率 (BV) 为 100%, 表明该分支下各个体的聚类关系比较稳定。

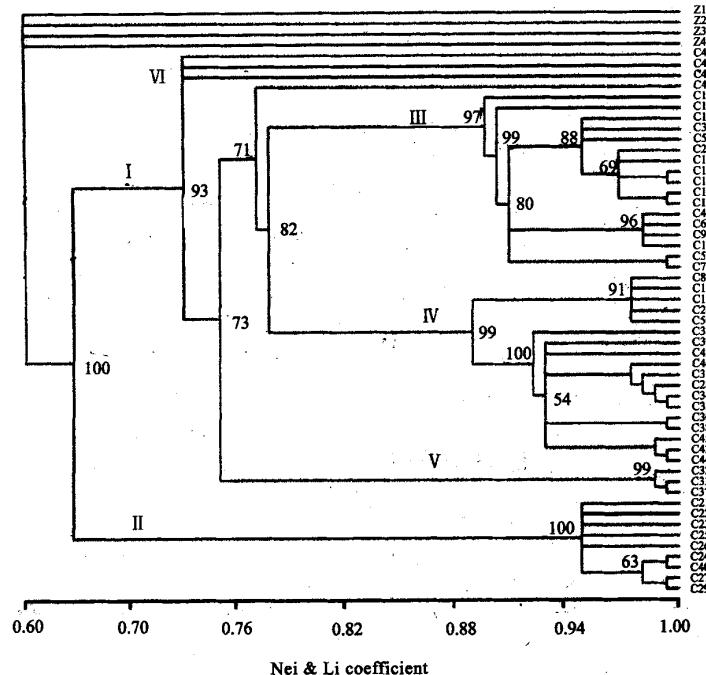


图 2 对 51 份半夏和 4 份掌叶半夏样品(外群)基于 Nei & Li (1973) 遗传系数构建的 Neighbor-Joining 树图。
分支节点上数值表示 Bootstrap 值 (>50% 显示), 重复 1 000 次抽样分析

Fig. 2 Neighbor-Joining dendrogram of 51 cultivars of *P. ternata* and 4 cultivars of *P. pedatisecta* (outgroup) based on the Nei & Li (1973) genetic coefficient. Bootstrap confidence values are showed in clusters with 1 000 replicates (only over 50% are showed)

第 I 分支, 共包括 42 份样品, 是最大的分支, 主要由除浙江宁波、江苏丰县外的其他地区半夏栽培品组成。在遗传相似性为 0.88 处, 该分支又可进一步细分为 III、IV、V 和 VI 4 个小分支(主分支 BV=73%)。其中, 第 III 分支主要由山西新绛、山东菏泽、甘肃天水等地区的 16 份半夏栽培品构成。从聚类图上可以看出来自于同一地区的半夏栽培品之间的遗传相似性较高, 聚为一类, 该分支支持率较高 (BV=97%), 表明该分支下所有种质之间的聚类关系比较稳定。第 IV 分支含 18 份个体, 主要由中部及中西部地区的河南淮滨、湖南常德、贵州长顺及湖北武汉等地区的半夏栽培品组成, 以及山东菏泽的 C8、甘肃天水的 C18 和浙江宁波的 C28, 该分支支持率较高 (BV=99%)。第 V 小分支由四川阆中地区的 2 份栽培品及贵州长顺的 1 份栽培品构成。第 VI 分支则由来自北京地区的 3 份种质构成, 从聚类图上可以看

出, 这 3 份栽培品相互之间未能区分开, 但与主分支 I 下其他地区的栽培品之间的遗传相似性仅为 0.72, 表明其遗传变异较大。

第 II 分支主要是浙江、江苏的 8 份半夏栽培品构成 (BV=100%), 以及来自河南淮滨的 C21 样品和湖南常德的 C40。图 2 所示, 来自浙江宁波的 C22、C23、C25 样品两两之间未能完全区分, 电泳图谱也十分接近, 表明宁波地区的半夏栽培品之间的遗传背景十分相似。其次, 来自浙江和江苏半夏的遗传相似性高达 0.94, 表明江浙地区半夏亲缘关系较近。而在遗传相似性为 0.75 处, 分支 II 与分支 I 区分开, 这表明江浙地区的半夏栽培品遗传基础与其他地区存在明显差异。

从聚类分析结果来看, 同一地区的半夏栽培品之间表现出相对密切的亲缘关系, 不同地区的栽培品之间遗传差异明显, 表明了我国各地区的半夏裁

培品之间的亲缘关系呈现一定的地区相关性。浙江、江苏等华东地区的半夏栽培品与其他地区差异明显,遗传特性相对独立。

2.4 AFLP 指纹图谱的鉴别效率:供试的 51 份半夏样品中,引物组合 E-ACG/M-CAA 和 E-AGC/M-CAT 均可以完全区分所有样品, E-AGG/M-CAA 可以区分 51 份材料中的 49 份, E-AGG/M-CAT 和 E-ACT/M-CTA 可以区分其中的 48 份, E-

AGG/M-CTA 和 E-ACC/M-CTG 可以区分其中的 46 份, E-AGG/M-CTG 可以区分其中的 42 份。表明这 8 对引物组合用于半夏的栽培品的鉴别效率非常高。图 3 为引物组合 E-ACG/M-CAA 对山西新绛、山东菏泽、甘肃天水、浙江宁波及四川阆中地区半夏栽培品的扩增图谱,可见 AFLP 分子标记用于半夏种质鉴别非常有效,能获得丰富的遗传多态性位点。

3 讨论

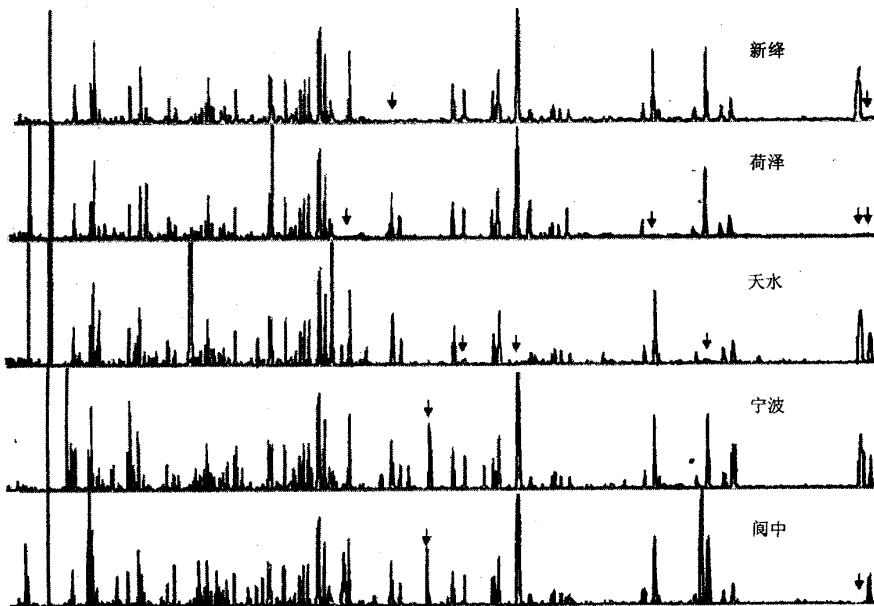


图 3 引物组合 E-ACG/M-CAA 对山西新绛、山东菏泽、甘肃天水、浙江宁波及四川阆中地区半夏栽培品的毛细管电泳图谱(箭头所示为差异性谱带位置)

Fig. 3 Electrophoretic patterns of regional cultivars of *P. ternata* from Xinjiang, Shanxi, Heze, Shandong, Tianshui, Gansu, Ningbo, Zhejiang, and Langzhong, Sichuan by primer combination of E-ACG / M-CAA (specific bands were denoted by arrows)

传统的 AFLP 分析流程复杂、重复性不高。本研究采用荧光标记引物 AFLP 方法,分析流程快速、重复性好和结果分析自动化,不同栽培品种特异性谱带检出率高。

半夏染色体中存在严重的复合、多倍现象且伴有整倍性和非整倍性的变化,不同生境下半夏表型差异较大。因此,推断半夏的基因型应较为丰富,而本研究结果显示半夏种内遗传多态性为 50.2%,相比前人研究而言偏低。杜娟等对我国不同地区的 10 份野生半夏进行 AFLP 分析,得出多态性位点百分率为 82.1%,且发现不同地区的半夏种质遗传关系的远近与其总生物碱的量差异趋势一致^[5]。考虑到本研究中半夏全为栽培品,且栽培历史至少在 10 年以上,同时由于二者所选引物组合不同、种质来源地

及数据分析方法的差异,二者缺乏可比性。许多研究表明,栽培品相比野生品具有更为相似的遗传基础,这已在大豆^[9]、萝卜^[10]等许多物种上得到了证实。

为了检验系统树的可靠性,本研究对构建的系统树进行了 Bootstrap 分析(重复 1 000 次抽样),得出最优系统树,因此,所得聚类分析结果相对严谨、准确。由系统聚类分析图可知,我国的半夏栽培品之间的亲缘关系呈现一定的地域相关性,相同地区的栽培品大多表现出相近的亲缘关系,聚为同一分支。而 C8、C18、C21、C40 等 4 份半夏栽培品在聚类图上的位置关系并未与其采集地区一一对应而聚为同一个分支下,推测可能是这几个样品出现了混杂所致,具体原因有待进一步考证。

而江浙地区的半夏栽培品与其他地区的栽培品

存在明显的遗传独立特性,可能与种质表型相关。本研究中浙江和江苏地区的半夏大多植株较矮,叶形宽,类椭圆形,中间叶片的长宽比在1:1~3:1,与其他地区栽培品种差异明显(表1)。本课题组已有关于不同叶形的半夏在栽培习性、有效成分的量及光合效率上存在差异的报道^[1],而不同表型的半夏与其DNA指纹、药效的相关性有待进一步研究。

References:

- [1] Hu Q, Tao S S. The latest progress of study and development on *Pinellia ternata* [J]. *J Southwest Univ Sci Technol* (西南科技大学学报), 2005, 20(1): 63-68.
- [2] Li L. Micromorphological characteristics and enzyme analysis of some Chinese *Pinellia* and their taxonomic significance [J]. *Acta Bot Yunnan* (云南植物研究), 1999, 21(4): 442-448.
- [3] Guo Q S, Shen W B, Liu L, et al. Analysis on characteristic zymogram phenotypes of esterase and superoxide dismutase from the laminae in populations of *Pinellia ternata* (Thunb.) Breit [J]. *J Plant Res Environ* (植物资源与环境学报), 2001, 10(2): 42-46.
- [4] Liu Y P, Cao H, Wang X T. Application of gene technology in quality control of Chinese drugs (1)—Identification of *Pinellia ternata* species from Yuncheng, Shandong using DNA sequencing [J]. *Chin J Pharm Anal* (药物分析杂志), 2001, 21(6): 423-426.
- [5] Du J, Ma X J, Li X D, et al. AFLP Fingerprinting of *Pinellia ternata* and its application [J]. *China J Chin Mater Med* (中国中药杂志), 2006, 31(1): 30-33.
- [6] Vos P, Hogers R, Zabeau M, et al. AFLP: a new technique for DNA-fingerprinting [J]. *Nucl Acids Res*, 1995, 21: 4407-4414.
- [7] Hongtrakul V, Huestis G, Knapp S J, et al. Amplified fragment length polymorphisms as a tool for DNA fingerprinting sunflower germplasm: genetic diversity among oilseed inbred lines [J]. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 400-407.
- [8] Doyle J J, Doyle J L. Isolation of plant DNA from fresh tissue [J]. *Focus*, 1990, 12: 13-15.
- [9] Tian Q Z, Gai Y J, Yu D Y, et al. AFLP Fingerprint analysis of *G. soja* and *G. max* in China [J]. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2001, 34(5): 465-468.
- [10] Kong Q S, Li X X, Xiang C P, et al. Phylogenetic analysis of cultivated Radish (*Raphanus sativus* L.) germplasm with AFLP [J]. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(5): 1017-1023.
- [11] Chen J S. *Molecular Diagnose on Plant Virus of Araceae and Pinellia ternata Related Research* (天南星科植物病毒的分子诊断和半夏研究) [M]. Hangzhou: Zhejiang University Press, 2006.

玉郎伞与水罗伞的生药学比较研究

戴斌¹,丘翠娟¹,戴向东²,杨东爱¹

(1. 广西民族医药研究所,广西南宁 530001; 2. 广西食品药品检验所,广西南宁 530021)

摘要:目的 比较广西壮、瑶医常用药材玉郎伞 *Millettia pulchra* var. *laxior* 与易混品种水罗伞(干花豆) *Fordia cauliflora* 的生药鉴别特征。方法 宏观(植物形态、药性性状)、微观(显微组织)及光谱、色谱技术分析方法。结果 玉郎伞与水罗伞除紫外吸收光谱较相似外,其植物形态、药材性状、显微组织及薄层色谱均有各自的鉴别特征。结论 研究结果为该类药材的鉴定、质量标准的制定和进一步开发利用提供了科学依据。

关键词:玉郎伞;疏叶崖豆;水罗伞;生药鉴定

中图分类号:R282.7 **文献标识码:**A **文章编号:**0253-2670(2007)12-1889-04

Comparative study on pharmacognostics between root of *Millettia pulchra* var. *laxior* and *Fordia cauliflora*

DAI Bin¹, QUI Cui-chang¹, DAI Xiang-dong², YANG Dong-ai¹

(1. Guangxi Institute of National Medical Research, Nanning 530001, China; 2. Guangxi Institute of Food and Drug Control, Nanning 530021, China)

Key words: the root of *Millettia pulchra* Kurz var. *laxior* (Dunn) Z. Wei; *Millettia pulchra* Kurz var. *laxior* (Dunn) Z. Wei; *Fordia cauliflora* Hemsl.; identification of crude drugs

玉郎伞为豆科植物疏叶崖豆 *Millettia pulchra* (Dunn) Kurz var. *laxior* (Dunn) Z. Wei 的干燥根^[1],始见于《广西中药志》^[2],为广西壮、瑶医常用

药材,亦称小牛力、土甘草、大罗伞、土茯神及荔枝参等。用于治疗小儿疳积、产后及病后虚弱、跌打肿痛、骨折、风湿关节肿痛、中风偏瘫、小儿智力低下及老

收稿日期:2007-02-02

基金项目:国家自然科学基金资助;广西自然科学基金匹配项目(39860082)后续成果

作者简介:戴斌(1938—),男,广西恭城人,1964年毕业于北京医学院药学系,主任药师,主要从事中药、民族药生药学及质量标准研究工作。E-mail: gchys@163.com

半夏栽培品遗传差异的AFLP分析

作者: 张杰, 徐涛, 张建光, 陈集双, ZHANG Jie, XU Tao, ZHANG Jian-guang, CHEN Ji-shuang
作者单位: 张杰, ZHANG Jie(浙江理工大学生物工程研究所,浙江,杭州,310018;杭州职业技术学院,浙江,杭州,310018), 徐涛, 张建光, 陈集双, XU Tao, ZHANG Jian-guang, CHEN Ji-shuang(浙江理工大学生物工程研究所,浙江,杭州,310018)
刊名: 中草药 [ISTIC PKU]
英文刊名: CHINESE TRADITIONAL AND HERBAL DRUGS
年,卷(期): 2007, 38(12)
被引用次数: 9次

参考文献(11条)

1. Hu Q;Tao S S The latest progress of study and development on Pinellia ternata[期刊论文]-西南科技大学学报 2005(01)
2. Li L Micromorphological characteristics and enzyme analysis of some Chinese Pinellia and their taxonomic significance[期刊论文]-云南植物研究 1999(04)
3. Guo Q S;Shen W B;Liu L Analysis on characteristic zymogram phenotypes of esterase and superoxide dismutase from the laminae in populations of Pinellia ternata (Thunb.) Breit[期刊论文]-植物资源与环境学报 2001(02)
4. Liu Y P;Cao H;Wang X T Application of gene technology in quality control of Chinese drugs (I)-Identification of Pinellia ternata species from Yuncheng, Shandong using DNA sequencing 2001(06)
5. Du J;Ma X J;Li X D AFLP Fingerprinting of Pinellia ternata and its application[期刊论文]-中国中药杂志 2006(01)
6. Vos P;Hogers R;Zabeau M AFLP:a new technique for DNA-fingerprinting[外文期刊] 1995
7. Hongtrakul V;Huestis G;Knapp S J Amplified fragment length polymorphisms as a tool for DNA fingerprinting sunflower germplasm:genetic diversity among oilseed inbred lines[外文期刊] 1997
8. Doyle J J;Doyle J L Isolation of plant DNA from fresh tissue 1990(12)
9. Tian Q Z;Gai Y J;Yu D Y AFLP Fingerprint analysis of G. soja and G. max in China 2001(05)
10. Kong Q S;Li X X;Xiang C P Phylogenetic analysis of cultivated Radish (*Raphanus sativus L.*) germplasm with AFLP[期刊论文]-中国农业科学 2005(05)
11. Chen J S 天南星科植物病毒的分子诊断和半夏研究 2006

本文读者也读过(10条)

1. 张瑾, 谈献和, 王康才, 刘春生, 张瑜 江苏不同产地半夏遗传多样性的ISSR分析[期刊论文]-南京中医药大学学报 2010, 26(2)
2. 张杰, 徐涛, 张冬梅, 杨永建, 陈集双, ZHANG Jie, XU Tao, ZHANG Dong-mei, YANG Yong-jian, CHEN Ji-shuang 甘肃省半夏种质资源遗传多样性分析[期刊论文]-兰州大学学报(医学版) 2007, 33(2)
3. 贾学思, 王玉庆 半夏自交与杂交研究[期刊论文]-中国农学通报 2010, 26(7)
4. 杨俊宝, 朱秀志, 罗成科, 李俊, 魏会廷, 彭正松 半夏种质资源的随机扩增多态性DNA技术分析[期刊论文]-中国中医药信息杂志 2007, 14(1)
5. 付芸 湖北地区半夏遗传多样性及亲缘关系的RAPD研究[学位论文] 2006
6. 严奉坤, 许兴, 杨亚亚, 殷敏, YAN Feng-kun, XU Xing, YANG Ya-ya, YIN Min 同一品种不同产地宁夏枸杞DNA指纹图谱特征研究[期刊论文]-时珍国医国药 2007, 18(10)

7. 刘波, 王荔, 陈疏影, 杨艳琼, 和世平, 占燕. LIU Bo, WANG Li, CHEN Shu-yin, YANG Yan-qiong, HE Shi-ping, ZHAN Yan 用RAPD标记分析不同居群半夏的遗传多样性[期刊论文]-云南农业大学学报2008, 23 (6)
8. 张君毅, 郭巧生, 吴丽伟, 桦悦宇, ZHANG Jun-yi, GUO Qiao-sheng, WU Li-wei, HANG Yue-yu 我国不同地区半夏rDNA序列分析[期刊论文]-中国中药杂志2006, 31 (21)
9. 高尚峰, GAO Shang-feng 正交试验法优选半夏的最佳栽培技术[期刊论文]-现代中药研究与实践2005, 19 (6)
10. 竹利波, 顾万春, 李斌, ZHU Li-bo, GU Wan-chun, LI Bin 花灌木种质资源及其遗传多样性研究[期刊论文]-植物遗传资源学报2007, 8 (2)

引文献(9条)

1. 申浩, 吴卫, 侯凯, 潘红梅, 李敏 川半夏种茎大小对产量和质量的影响[期刊论文]-中草药 2011 (4)
2. 徐芳, 王丽萍, 陈波, 姚守拙 改良SDS法快速提取赤芍干叶片DNA的研究[期刊论文]-中草药 2009 (4)
3. 黄庆阳, 樊锐锋, 常缨 香鳞毛蕨种质资源遗传多样性的AFLP分析[期刊论文]-中草药 2010 (6)
4. 郭静, 林荣华, 胡薇, 陈由强, 陈如凯 甘蔗双低频酶cDNA-AFLP体系的优化[期刊论文]-生物技术 2010 (4)
5. 罗成, 刘锦, 顾蔚, 张琛, 王喆之 华中五味子AFLP反应体系的建立[期刊论文]-生物技术 2009 (2)
6. 丁伟, 张立红, 潘晟昊, 陈集双 水半夏组培快繁体系的建立[期刊论文]-中草药 2011 (3)
7. 徐彦军, 刘洋 苦瓜外观性状AFLP反应体系的建立及优化[期刊论文]-中国农学通报 2012 (4)
8. 欧立军, 黄园, 王俞人, 谭智文 天门冬AFLP反应体系的建立及优化[期刊论文]-中国农学通报 2011 (8)
9. 霍锋, 张泷, 张娅 DNA分子标记技术在药用植物鉴别中的应用[期刊论文]-安徽农业科学 2010 (8)

本文链接: http://d.wanfangdata.com.cn/Periodical_zcy200712042.aspx