

## 综述

## 基因片段的序列分析在中药质量研究中的应用

李汉兵,姜凤超\*

(华中科技大学同济医学院药学院,湖北 武汉 430030)

**摘要:** 综述常用于中药质量研究的基因片段,介绍基因片段的序列分析在中药品种鉴定、资源评价、亲缘关系及中药材道地性研究中的进展,为中药在基因水平的更深入、更系统的研究及药用动植物的开发和可持续利用提供资料。常用于中药研究的 DNA 基因片段,主要包括叶绿体 DNA、核 DNA、线粒体 DNA 三大类。基因片段的序列分析在中药质量研究中初步显示了优越性,也向我们提出了许多新的课题。

**关键词:** 基因片段;叶绿体 DNA;核 DNA;线粒体 DNA

**中图分类号:** R282.5 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-2670(2003)03-0274-04

### Application of gene fragment sequences analysis to quality control of Chinese materia medica

LI Han-bing, JIANG Feng-chao

(School of Pharmacy, Tongji Medical College of Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430030, China)

**Key words** gene fragment; cpDNA; nDNA; mtDNA

随着现代生物技术的发展,中药研究的手段从性状、显微、理化、色谱、光谱到血清清特征、蛋白酶酶、同工酶谱<sup>[1]</sup>,新的方法层出不穷,特别是分子生物学和 PCR 等生物技术的出现给中药研究注入了新的血液。DNA 分子标记被用于中药品种鉴定、资源评价、物种亲缘关系及中药材道地性的研究,在中药的质量研究中发挥了重要的作用。

目前应用于中药质量研究的 DNA 分析技术主要有分子杂交和 PCR 两方面。前者有以低拷贝序列基因为对象的 RFLP 以中度重复序列为对象的卫星 DNA 和以高度重复序列为对象的微卫星 DNA 指纹图谱,后者有 RAPD、AFLP 和测序等。由于中药的加工、炮制和出厂过程不利于中药的保存,采用 RAPD 等方法分析较困难,同时由于任意引物识别的位置是随机的,扩增片段的长度也有限,使 RAPD 等技术的准确性降低。近几年具有准确性高、重复性好等优点的 DNA 测序在生药分析中脱颖而出,特别是对叶绿体基因组(cpDNA)、核基因组(nDNA)、线粒体基因组(mtDNA)中的一些基因片段的序列分析,在中药质量研究中取得很大进展。由于不同来源的 DNA 片段具有不同的遗传方式和进化速率(表 1),因此在研究动植物生药及其来源物种时的适用范围也不尽相同。

#### 1 针对植物来源中药的基因片段

1.1 叶绿体 DNA(cpDNA): 由于叶绿体在植物中的重要性以及其较少而保守的基因组特征,人们首先将目光投向了 cpDNA。目前常用于生药分析的叶绿体基因组中的基因片

表 1 不同基因组的进化速率与遗传方式

Table 1 Evolution rate and genetic model of different genomes

生物类型	基因组类型	大小 / kb	遗传方式	相对进化速率	
				点突变	重排
动物	mtDNA	14~26	母系	高	很罕见
植物	mtDNA	200~2500	母系	很低	很频繁
植物	cpDNA	71~217(多为 150)	各种类型	低	依类群而异
动物	nDNA	(1~1000)×10 <sup>6</sup>	双亲	可变	频繁
植物	nDNA	(0.1~10)×10 <sup>5</sup>	双亲	可变	频繁

段有核酮糖 -1,5-二磷酸羧化酶基因(rbcL),编码成熟酶(matK),编码 RNA 聚合酶 β 亚基(rpoC),编码 tRNA-Lysine(trnK),编码核糖体大亚基蛋白 16(rp116),编码核糖体小亚基蛋白 4(rps4)等。Fushimi 等<sup>[2]</sup>通过变异等位基因特异扩增(MASA)对 matK 基因测序发现,人参、西洋参、竹节参间的基因片段上第 102 号核苷酸序列不同,以此鉴别了人参和西洋参。Mizukami 等<sup>[3]</sup>利用 PCR 技术扩增了茅苍术、关苍术及白术的 rbcL 和 trnK 区域,分别得到 1.4 kb 和 2.5 kb 的片断,并从基因碱基序列水平上表明茅苍术与关苍术为更近缘植物。天南星科植物半夏和天南星的块茎形态十分相似,市场上极易混淆。Kondo 等<sup>[4]</sup>分析半夏和天南星的 rbcL 部分序列,发现通过遗传信息可更明确、方便地区分天南星和半夏,根据实验能更准确地识别 7 种序列类型,为鉴定半夏和相关天然药物的原植物品种提供基因水平的依据。Komatsumatsu 等利用 PCR 技术扩增了来自中国和日本不同地区的

\* 收稿日期: 2002-09-28

作者简介: 李汉兵(1978-),男,浙江台州人,华中科技大学同济医学院硕士生,从事中药鉴定、计算机辅助药物设计等工作。

E-mail: hanling\_li@163.com

\* 通讯作者 Tel: (027) 83692749

10余种姜黄属植物中的叶绿体 *trnK* 基因区和核的 18S rDNA 基因区,发现在 18S rDNA 基因范围显示高度同源,而 *trnK* 基因片段中存在碱基取代和小的缺失或插入,从而为姜黄属植物分类提供新的资料。Hayashi<sup>[5]</sup>分析了甘草及源植物的 *rbcL* 基因片段的序列,从遗传学的角度研究了相关植物的亲缘关系。此外,还进行了黄芩属植物的 *rpl16* 黄芩属植物 *rpoC* 基因片段的研究<sup>[6]</sup>。

1.2 核基因组 (nDNA): rDNA 是在 nDNA, cpDNA 及 mtDNA 中都存在的多基因家族,常用于中药质量研究的是存在于核基因组中的 nrDNA (Nuclear rRNA genes) 是编码核糖体 RNA 的基因,在植物中以重复连续排列方式存在,包含进化速率不等的编码区、非编码转录区和转录区,用于中药分析的片段主要有 5S rDNA, 18S rDNA, 26S rDNA 和 ITS。5S, 18S 和 26S 属于编码区,高度保守,而 ITS 是中度保守区,这些特点可以为系统发育研究提供广谱的信息。同时核基因是双亲遗传,不同于叶绿体基因的单亲遗传,能反映真正的进化历程,使 nrDNA 在中药品质及系统研究中具有重要意义。

1.2.1 5S rDNA: Mizukami 自当归干燥药材及当归、三岛柴胡、珊瑚菜等新鲜药材中提取 DNA,采用 5S rDNA 基因片段的通用引物 5SP1 和 5SP2,通过 PCR 扩增得到约 300 bp 的产物;用 PGEM-T 载体克隆并测序,发现 2 个栽培品系间的 5S rDNA 基因片段上第 202, 207, 254 号核苷酸不同,而商品当归的扩增产物 (299 bp 的基因片段) 与大和当归品系的完全一致,而且只有当归的 5S rDNA 基因片段间隔区存在 Hind III 识别位点 (第 232~237 号核苷酸),采用 Hind III 酶解 PCR 产物可以鉴别当归与柴胡、北沙参等伞形科药材。根据上述检测结果,设计了用于大和当归与东川芎、滨防风、三岛柴胡鉴别的特异内切酶类探针<sup>[7]</sup>。蔡朝晖等采用 EcoRI 消化川贝母和浙贝母的 5S-ISR 扩增产物,川贝母的识别位点在第 220~225 号核苷酸,而浙贝母在第 466~471 号核苷酸,因此利用 EcoRI 能特异地检测两种贝母的 5S rDNA 基因片段的区别<sup>[8]</sup>。

道地性一直是中药质量的一个重要方面。李萍等<sup>[9]</sup>用 SDS 法提取金银花不同居群、外类群细毡毛忍冬和山银花的总 DNA,进行 5S rDNA 基因间隔区的 PCR 扩增测序,并用 Mega 软件分析,发现种间 5S rDNA 基因间隔区的序列差异大于种内;道地药材之间的遗传距离较小,道地与非道地药材之间的遗传距离大于道地药材之间的距离。另外,日本学者还将 DNA 构型分析应用于含不同挥发油的石菖蒲和水菖蒲的种属关系研究中<sup>[10]</sup>。

1.2.2 18S rDNA: Fushimi 等用 18S rDNA 基因片段进行测序分析,鉴别了中国川芎和日本川芎。他们<sup>[3,11]</sup>还从人参属 3 种植物人参、西洋参和竹节参药材以及对应新鲜材料中提取 DNA,采用 18S rDNA 基因片段通用引物 18SF 和 18SR, PCR 扩增得到 1.8 kb 片段的产物,测序发现第 497, 499, 501 和 712 号核苷酸不同,表明 18S rDNA 基因片段上 500 bp 左右位置具有特异性碱基序列,可用于鉴定人参及相

关药材。18S rDNA 基因片段还应用于黄连、姜黄、山药<sup>[12]</sup>、三七<sup>[13]</sup>等中药的分子鉴定研究。

1.2.3 26S rDNA: 陈月琴等<sup>[14]</sup>从采自陕西秦岭和广东自然保护区的杜仲中提取总 DNA, PCR 扩增产物与质粒载体 PTZ19 连接, Sanger 终止法测定 26S rDNA 片段,采用计算机分析软件 Pegen 6.0 比较了金缕梅、栓皮栎、水青树、领春木及前人测定的 8 种植物的同源序列,找出其特征性核苷酸序列,为进一步开展杜仲的专一性核酸分子探针研究奠定基础,为中药的正本清源、真伪品鉴别提供一种新的手段。

1.2.4 ITS (internal transcribed spacers): ITS 在核糖体 DNA 中位于 18S 和 26S 基因之间,由 5.8S 基因分为两段 ITS1 和 ITS2,由于在被子植物中 ITS 存在于高度重复的核糖体 DNA 中,进化速率快且片段长度仅 700 bp,加上协同进化 (concerted evolution) 使该片段在基因组不同 ITS 拷贝之间趋于相近或完全一致,所以一般用于种下一级分类群亲缘关系研究,也为 PCR 扩增产物的直接测序奠定了基础,因此日益受到研究者们的青睐。ITS 首先被应用于参类的研究。Wen 等对 12 种人参属植物的 ITS 和基因区 5.8S rDNA 进行了序列分析,结果表明美洲东北部 2 个种西洋参与三叶人参、西洋参与东亚种人参、竹节参、三七具有更近的亲缘关系,而且 ITS 序列证明人参、西洋参和三七不是一个单系群 (monophyly)。马小军等<sup>[15]</sup>用银染测序法测定了 4 个山参的 ITS1 和 2 个山参的 ITS2,发现人参属 ITS1 有 220~221 个碱基,ITS2 有 222~224 个碱基,其中 ITS1 在人参种内非常稳定。并且发现野生人参和栽培参在 ITS1 转录间隔区的序列无任何碱基变异,但 ITS2 有部分变异,吉林省抚松县野山参在第 446, 449, 450 位的碱基分别为 G, C, T, 与 Genbank 中黑龙江和朝鲜的栽培参相同,而与湖北引种的栽培参不同,湖北栽培参在这 3 个位置分别为 C, T, C, 从而为人参种质资源分析提供了遗传信息。

刘建全等<sup>[16]</sup>从市售藏茵陈药材中提取 DNA, PCR 扩增 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 整个片段,扩增产物直接测序得到约 700 bp 片段,采用排序和系统发育分析软件分析“藏茵陈”原植物的亲缘关系,据此设计的特异性分子快速鉴定试剂盒可对市场上的藏茵陈进行检测。而且龙胆科 ITS 在种内不同的分布生境中较为稳定,说明 ITS 片段是鉴定众多龙胆科中藏药 (如龙胆、秦艽等) 的理想片段之一。

用 ITS 序列分析技术分析了苍术、白术、当归、白芷等<sup>[17]</sup>,结果与运用 *trnK* 和 5S-ISR 基因分析基本一致。利用 ITS 序列分析技术可以区别出中药及其混淆品、中药的来源产地等,如根据 ITS 序列碱基差异<sup>[18]</sup>分析确定党参、藏药雪莲原植物水母雪莲及其混淆品<sup>[19]</sup>,不同产地蛇床子<sup>[20]</sup>、阳春砂<sup>[21]</sup>及常见伪品,为分子序列鉴定提供了参照系,据此设计的分子鉴定试剂盒可以为商品流通中的相关药材的鉴别提供快速、简易的手段。

1.3 线粒体基因组 (mtDNA): 由于植物 mtDNA 与动物 mtDNA 有很大差别,动物 mtDNA 进化比相应的 nDNA 快 5 倍,而植物 mtDNA 的进化比叶绿体和核的都慢,其进化速

率是 nDNA 的 1/5 此外,植物线粒体的 DNA 经常发生序列重排,基因组也比动物的大,且变化范围大,因此,植物 mtDNA 序列分析受到很大限制。有人对线粒体的个别基因如 *cox3*, *nads-rps2* 进行研究,但资料少,到目前还没有用于中药分析的报道。

## 2 针对动物来源中药的基因片段

nDNA 较少用于动物生药的研究,而 mtDNA 中的片段 *Cyt b* 和 12S rDNA 有应用的报道。鸡内金和鸭内金外观十分相似,较难区分。王建云等从鸡内金类药材中提取 DNA,采用线粒体 DNA 细胞色素 *b* 基因片段通用引物对 L14841 和 H15149,通过 PCR 扩增并测序得到约 143 个碱基的片段,其中 36 个碱基的差异可以明确区分鸡内金和鸭内金。而后他们又用同样的方法研究了鹿鞭类、紫河车等生药,从而使动物中药的鉴别也达到了基因水平。同时,王义权等<sup>[2]</sup>从中药材乌梢蛇及原植物标本中提取 DNA,分别用引物 L14841 和 H15149 扩增得到约 308 bp 的 *Cyt b* 基因片段, Sanger 终止法测序后经对位排列得到 246 bp DNA 序列,用分子系统发育分析软件 MEGA 统计各样品 DNA 序列间的差异百分率和转换/颠换数。结果种内个体间 DNA 差异百分数仅 (0~ 4.06)%,总平均 1.14%;种间 DNA 序列差异 (11.84~ 23.98)%,平均 16.85%。表明 *Cyt b* 基因片段序列是鉴别蛇类药材源动物种类的一种良好分子标记。他们还通过分析 *Cyt b* 和 12S rDNA 基因片段,研究了金钱白花蛇、龟甲、鳖甲、海马等中药。近几年,王义权等在测序的基础上,运用位点特异性 PCR 技术 (diagnostic PCR) 研究了蛇类、龟甲、鳖甲等药材<sup>[23,24]</sup>,设计的位点特异性引物配制成分子鉴定试剂盒,可以特异性地鉴别相关药材。

## 3 讨论与展望

相比于传统的中药分析手段,基因片段的序列分析准确性高,直接反映了中药个体表现型差异的遗传本质,但还存在一些问题,首先是分析应用中难度大、成本高、实际应用有困难,同时测序引物必须是在已知靶基因序列的基础上才能设计、合成,因此限制了它的应用。目前出现的 PCR-RFLP, MASA, DNA 芯片等技术在一定程度上可以弥补这个缺陷,其中基因芯片技术在中药质量研究中的应用尚属起步阶段,但己为中药鉴定展示了广阔的前景。

其次是 DNA 基因片段的選擇,目前多用 cpDNA 和 nrDNA,但 cpDNA 与 nrDNA 得到的结果不完全一致,这主要由两者来源不同引起。即使同属叶绿体基因组的不同基因片段,由于在生物进化过程中所受的选择压力不同,遗传变异程度也有区别,因此选择能反映中药材或来源动植物个体基因型 (genotype) 特点的基因片段就显得相当重要。再者,虽然基因测序在单味中药质量研究中初步显示了优越性,但在中药复方研究中应用甚少 (日本学者运用 *Cyt b* 和 12S rDNA 基因片段分析从鹿茸保健成方检出鹿茸,台湾学者通过设计 ITS 序列特异引物探针从四物汤和中将汤中检测出当归)。中药复方体现了中医药辨证施治、理法方药、君臣佐使等理论的精髓,具有多成分、多作用、多层次、多途径、多靶

点等优势,但正因为它的复杂性给复方研究带来了困难,性状、理化等经典方法在复方分析中暴露了许多不足,因此从基因水平对复方进行定性、定量分析或许能起到“柳暗花明又一村”的效果。

随着微量 DNA 提取技术、分子标记技术、测序技术的发展和不断完善,更多的基因片段将应用于中药的研究。根据基因片段的序列分析研制专一性的中药材分子鉴定试剂盒,结合性状、理化鉴别,可以进一步完善中药质量标准。另外,需要开展中药基因型与表现型 (如性状、化学成分) 的内在联系的研究,为药用动植物基因工程的发展打下基础。然而为了促进中药的研究、开发和可持续利用,迅速建立包括中药基原、性状、化学成分、药效、基因信息等内容的中药信息库是非常重要的。总之,中药分子水平的研究作为中药现代化的一个重要组成部分,将越来越受到人们的重视。

## References

- [1] Cao H, Liu Y P. Application of molecular marker in variety authentication of traditional Chinese medicine [J]. *Chin Pharm J* (中国药学杂志), 1998, 33(5): 269-273.
- [2] Fushimi H, Komatsu K, Isobe M, et al. Application of PCR-RFLP and MASA analysis on 18S ribosomal RNA gene sequences for the identification of three *Ginseng* drugs [J]. *Biol Pharm Bull*, 1997, 20: 765-769.
- [3] Mizukami H, Shimizu R, Kohjyouma M, et al. Phylogenetic analysis of *Atractylodes* plants based on chloroplast *trnK* sequence [J]. *Biol Pharm Bull*, 1998, 21: 474-479.
- [4] Kondo K, Terabayashi S, Okada N, et al. Discrimination between “Banxia” and “Tiannanxing” based on *rbcL* sequences [J]. *Natural Med*, 1998, 52(3): 253-258.
- [5] Hayashi H, Hosono N, Kondo M, et al. Phylogenetic relationship of *Glycyrrhiza* plants based on *rbcL* sequences [J]. *Biol Pharm Bull*, 1998, 21: 782-785.
- [6] Liston A. Variation in the chloroplast genes *rpoC1* and *rpoC2* of the genus *Astragalus* (Fabaceae): evidence from restriction site mapping of a PCR-amplified fragment [J]. *Am J Bot*, 1992, 79: 365-370.
- [7] Mizukami H, Hao B S, Tanaka T. Nucleotide sequence of 5S rDNA intergenic spacer region in *Angelica acutiloba* [J]. *Natural Med*, 1997, 51: 376-380.
- [8] Cai Z H, Li P, Dong T X, et al. Molarity of 5S rDNA spacer domain in *Fritillaria* species revealed by PCR analysis [J]. *Planta Med*, 1999, 65: 360-364.
- [9] Li P, Cai Z H, Xing J B. Preliminary attempt to identify geoherbalism of *Flos loniærae* by sequence divergence of 5S rRNA gene spacer region [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2001, 32(9): 834-836.
- [10] Sugimoto N, Kiuchi F, Mikage M, et al. DNA profiling of *Acorus calamus* chemotypes differing in essential oil composition [J]. *Biol Pharm Bull*, 1999, 22(5): 481-485.
- [11] Fushimi H, Komatsu K, Isobe M, et al. 18S ribosomal RNA gene sequences of three *Panax* species and the corresponding ginseng drugs [J]. *Biol Pharm Bull*, 1996, 19(11): 1530-1532.
- [12] Liu Y P, He B Z, Cao H. Application of gene technology in quality control of Chinese materia medica (II) — identification of Chinese *Rhizoma Dioscoreae* by DNA sequencing [J]. *Chin*

- Tradit Herb Drugs* (中草药), 2001, 32(11): 1026-1029.
- [13] Wu Y S, Steve S. Sequencing of ribosomal 18S rRNA gene from *Panax pseudo-ginseng* var. *notoginseng* [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2001, 32(11): 1116-1118.
- [14] Chen Y Q, Qu L G, Zhou H, et al. Sequence analysis of 25S rRNA from Chinese medicine plant *Du Zhong Eucommia ulmoides* Oliv [J]. *Chin J Chin Mater Med* (中国中药杂志), 1998, 23(12): 707-711.
- [15] Ma X J, Wang X Q, Xiao P G, et al. Comparison of ITS sequence between wild ginseng DNA and garden ginseng DNA [J]. *China J Chin Mater Med* (中国中药杂志), 2000, 25(4): 206-209.
- [16] Liu J Q, Chen Z D, Liao Z X, et al. Comparison of the ITS sequences of the tibetan medicine "Zhang Yin Chen" — *Swertia mussotti* and its adulterant species [J]. *Acta Pharm Sin* (药理学学报), 2001, 36(1): 67-70.
- [17] Cheng H F, Lai B, Chan S C, et al. Molecular differentiation of *Atractylodes* drugs by PCR-restriction fragment length polymorphism and PCR-selective restriction analysis on the 18S-5.8S rDNA intratranscribed spacer 1 gene [J]. *J Food Drug Anal* (Taiwan), 1997, 5: 319-322.
- [18] Fu R Z, Wang J, Zhang Y B, et al. Differentiation of medicinal *Codonopsis* species from adulterants by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism [J]. *Planta Med*, 1999, 65: 648-651.
- [19] Liu J Q, Chen Z D, Lu A M. Comparison on ITS sequence of Tibetan medicine *Saussura medusa* and its easily confusable species [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2001, 32(5): 443-445.
- [20] Cai J N, Zhou K Y, Xu L S, et al. Ribosomal and ITS sequence analysis of *Cnidium monnieri* from different geographical origin in China [J]. *Acta Pharm Sin* (药理学学报), 2000, 35(1): 56-59.
- [21] Zhou L, Wang P X, Huang F, et al. ITS sequence analysis of *Anomum villosum* [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2002, 33(1): 72-74.
- [22] Wang Y Q, Zhou K Y, Xu L S, et al. Authentication of the Chinese crude drug "Wushaoshē" (*Zaocys dhunades*) and its substitute by sequence analysis [J]. *Acta Pharm Sin* (药理学学报), 1999, 34(1): 67-71.
- [23] Wang Y Q, Zhou K Y, Xu L S, et al. Authentication of an animal crude drug, *Zaocys*, by diagnostic PCR [J]. *Biol Pharm Bull*, 2000, 23(5): 585-588.
- [24] Liu Z Q, Wang Y Q, Zhou K Y, et al. Authentication of TCM *Carapax trionycis* by allele-specific diagnostic polymerase chain reaction [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2001, 32(8): 736-738.

## 哥纳香属植物化学成分和生理活性的研究进展

王奇志<sup>1</sup>, 何明芳<sup>2</sup>, 梁敬钰<sup>1</sup>

(1. 中国药科大学 天然药物化学教研室, 江苏 南京 210009; 2. 南京工业大学 制药工程系, 江苏 南京 210009)

**摘要:** 介绍从哥纳香属 *Goniothalamus* (Bl.) Hook. f. et Thoms. 植物中分离得到的新化合物及其生理活性研究概况, 为进一步开展该属植物成分和药效研究提供参考。以国内外发表的文献为依据, 对近 10 年来哥纳香属化学成分和生理活性加以综述。从哥纳香属中分得的新化合物苯乙烯内酯类 34 个, 番荔枝乙酰精宁类 39 个, 生物碱类 14 个, 三萜类化合物 1 个。其中部分单体显示强的抗癌活性。

**关键词:** 哥纳香属; 番荔枝科; 苯乙烯内酯; 番荔枝乙酰精宁类

中图分类号: R282.71 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2003)03-0277-04

### Advances in studies on chemical constituents and physiological activity of *Goniothalamus* (Bl.) Hook. f. et Thoms.

WANG Qi-zhi<sup>1</sup>, HE Ming-fang<sup>2</sup>, LIANG Jing-yu<sup>1</sup>

(1. Department of Phytochemistry, China Pharmaceutical University, Nanjing 210009, China; 2. Department of Pharmaceutical Engineering, Nanjing Industrial University, Nanjing 210009, China)

**Key words:** *Goniothalamus* (Bl.) Hook. f. et Thoms.; Annonaceae; styryl lactones; annonaceous acetogenins

哥纳香属 *Goniothalamus* (Bl.) Hook. f. et Thoms. 为番荔枝科 (Annonaceae) 中的一属, 全世界约 50 种, 分布于热带及亚热带地区。我国产 10 种, 分布于西南、华南、台湾等省

区。民间常用作镇痛药和杀虫药。

哥纳香属 50 种植物中已研究的有 23 种, 中国产的 10 种有 9 种开展了不同程度的研究。本文主要综述该属近 10

\* 收稿日期: 2002-08-09

作者简介: 王奇志 (1970-) 女, 现在中国药科大学中药学院攻读 (天然) 药物化学专业硕士学位, 学习期间主要进行了梓实化学成分、梓白皮化学成分及吴茱萸化学成分的研究等工作。Tel (025) 5322738