

药材与资源 ·

长江中下游地区菱属植物的 DNA 分子鉴别

保曙琳, 丁小余*, 常俊, 沈洁, 唐凤*

(南京师范大学生命科学学院, 江苏 南京 210097)

摘要:目的 对野生菱和栽培菱种 rDNA ITS 片段进行分析, 探讨该片段在两大群体中的系统学及鉴别研究意义。方法 对菱的 rDNA ITS 区进行了 PCR 扩增、测序, 运用 Clustal、Mega2.0 等软件对 ITS 区进行序列分析鉴别。结果 获得 rDNA ITS1、ITS2 和 5.8S rDNA 完整序列, 10 个居群菱的 ITS1 与 ITS2 序列的长度分别为 234~236 bp 和 220~221 bp, 5.8S 区均为 164 bp, 不同居群的碱基差异为 0.22%~2.94%。变异位点数为 16 个, 信息位点数 6 个。用 NJ 法根据 ITS 序列数据构建系统发生树。结论 尽管菱属各居群间 rDNA ITS 的差异百分率较小, 其亲缘关系较近, 但根据 ITS 序列的特征可以很好地鉴别野生菱、栽培菱, 菱属植物有可能都起源于同一种野生类居群。

关键词:菱属; rDNA ITS 序列; 种质鉴别; 物种起源

中图分类号:R282.710.3

文献标识码:A

文章编号:0253-2670(2004)08-0926-05

Identification of *Trapa* L. plants along middle-low reaches of Changjiang River by analyzing their DNA sequences

BAO Shu-lin, DING Xiao-yu, CHANG Jun, SHEN Jie, TANG Feng

(College of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing 210097, China)

Abstract: **Object** To analyze the rDNA ITS sequences between wild plants and cultivars of *Trapa* L. and study the utility in phylogenesis and identification of these two groups. **Methods** The ITS gene fragments were PCR amplified and sequenced. The rDNA ITS regions were analyzed by means of the software of Clustal and Mega 2.0. **Results** The rDNA sequences of 234 - 236 bp ITS1, 220 - 221 bp ITS2 gene fragment, and 5.8 S rDNA for 164 bp evenly were obtained from ten populations of *Trapa* L. The intraspecific substitution varies from 0.22 % to 2.94 %. The variable sites are 16 while informative sites are six. The phylogenetic tree based on ITS data was set up by NJ method. **Conclusion** ITS sequence is a pretty good molecular marker which can identify wild plants of *Trapa* L. from their cultivars. Diversity of ITS in different populations is less at intraspecific level. It is inferred that the plants of *Trapa* L. may be derived from the same population of one species.

Key words: *Trapa* L.; rDNA ITS sequences; species identification; origin of species

菱科(Trapaceae)植物为一类单属科植物^[1], 主要分布于欧亚及非洲热带、亚热带和温带地区, 北美和澳大利亚有引种栽培, 但以中国品种最多, 分布也最广泛。菱的果实性凉、味甘, 除可食用外, 其果肉、果壳等还具有药效功能^[1,2]。为此, 国内外不少学者曾对菱的活性成分进行过系列药理学研究。日本学者 Kosuge 曾研究了二角菱 *Trapa bispinosa* Roxb. 菱实活性成分, 并分析了有效成分对 Hela 细胞的毒性及其抗肿瘤作用^[3]; 赵泽贞等用抗突变和致突变同步快速实验法对 22 种可食性中药进行筛

选, 发现菱实的化学成分对丝裂霉素 C 有间接抗突变性作用^[4]; 牛凤兰等的实验表明二角菱菱壳的水提物对胃癌细胞具有抑制作用^[5]。随着我国中药研究的日益深入, 菱实的抗癌成分及作用已引起了人们的密切关注。然而, 目前学者研究较多的是二角菱, 尚未涉及到其他菱科植物, 菱科植物在未具菱实时尚存鉴别上的困难。

关于菱的鉴别, 不少学者已应用传统的形态学、解剖学、孢粉学等方法对菱的分类进行了大量工作, 但对其种类的鉴别和划分仍各执一词^[6~11], 尤其菱

* 收稿日期: 2003-10-27

基金项目: 江苏省教育厅自然科学基金资助项目(01KJB180005)

作者简介: 保曙琳(1977-), 女, 江苏南通人, 硕士研究生, 主要研究方向为药用植物的 DNA 分子鉴定。

* 通讯作者 E-mail: dingxynj @263.net

的营养体形态基本相同,因此依靠经典的形态学方法在鉴别上有时会暴露出较大的局限性。鉴于菱在农业、医药等领域发挥着重要作用,但存在着种质混乱的现状,建立一套可靠的鉴别方法势在必行。目前,由于 rDNA ITS 区在真核生物中具有高度保守性,其非编码区(ITS1、ITS2)常被用于种间及种下单元的研究,该序列已被用于中药材的鉴定研究并被证明是一种优良的分子标记。本实验拟利用

rDNA ITS序列作为菱种鉴别的分子标记,探讨菱各居群或品种之间的 DNA 分子差异,建立菱种鉴别的分子标记。

1 材料

实验所用的材料采购于湖北、安徽、江苏、浙江、上海等地,采集的材料为菱属 9 个居群植物 13 个居群的果实及幼叶(表 1)。实验材料由柯卫东研究员、丁小余教授鉴定。

表 1 样本来源

Table 1 Origin of samples

类别	品 名	拉 丁 名	编号	样本数	居 群	GenBank 登陆号
栽培类	南湖菱	<i>Trapa acornis</i> Nakai	NHTA	3	浙江嘉兴	A Y315461
	四角菱	<i>T. quadrispinosa</i> Roxb.	SZTQ	3	江苏苏州	A Y315464
			TZTQ	2	江苏泰州	
	二角菱	<i>T. bispinosa</i> Roxb.	NTTB	3	江苏南通	A Y315465
			AHTB	2	安徽芜湖	
	乌菱	<i>T. bicornis</i> Osbeck	NTTO	2	江苏南通	A Y315463
			AHTO	2	安徽芜湖	
野生类	野菱	<i>T. incisa</i> Sieb. et Zucc.	NJTI	4	江苏南京	A Y315462
			LCTI	3	湖北联城	提交中
	耳菱	<i>T. potaninii</i> V. Vassil.	DTPT	3	湖北垫水岗	提交中
	冠菱	<i>T. litwinowii</i> V. Vissi.	LZTL	3	湖北梁子湖	提交中
	格菱	<i>T. pseudoincisa</i> Nakai.	LTPD	3	湖北梁子湖	提交中
	细果野菱	<i>T. maximowiczii</i> Korsh.	LTMX	3	湖北梁子湖	A Y035757

2 方法

2.1 总 DNA 提取:洗净果实,用解剖刀快速切取出菱胚,用 CTAB 法^[12]提取总 DNA。用硅胶干燥的幼叶可直接提取总 DNA。

2.2 PCR 扩增:采用通用引物 P₁、P₂,序列如下:P₁为 5'-CGTAACAAAGTTTCC GTAGGTGAAC-3',位于 18 S 上;P₂为 5'-TTATTGATATGCT-TAAACTCAGCGGG-3',位于 26 S 上。PCR 扩增反应在 30 μL 体系中完成,反应液含 10 mmol/L Tris-HCl, pH 8.3, 50 mmol/L KCl, 1.5 mmol/L MgCl₂, 0.1% Triton X100, Taq 酶 1 U, 4 种 dNTP 各 150 mmol/L, 两个引物各 10 mmol/L, DNA 模板约 100 ng, 循环参数为:97 °C(第 1 次预变性 2 min, 95 °C(第 2 次预变性 4 min, 然后经 94 °C变性 1 min, 56 °C退火 45 s, 72 °C(复性 2 min, 共 30 个循环后, 72 °C延伸 2 min 补齐。反应在 PTC-100 型 PCR 仪上进行。

2.3 PCR 产物纯化:PCR 产物用 Vitagene 试剂盒纯化,按试剂盒操作指南进行。

2.4 DNA 序列测定:用 BigDyer™测序试剂盒进行测序反应,测序反应的参数为:Mix 1 μL, 纯化后的 DNA 片段 15~45 ng, Primer 1.6 pmol, buffer 1.2 μL, ddH₂O 适量。测序反应条件为:95 °C预变性 5 min, 95 °C30 s, 50 °C20 s, 60 °C4 min, 共 35 个循环。扩增产物纯化后用 TSR 10 μL 溶解,热循环仪

上变性 2 min,移入全自动测序专用管,用 ABI310 全自动测序仪进行序列测定。

2.5 DNA 序列数据分析:ITS1、ITS2 的起止范围参照 Genbank 中细果野菱 ITS 区的范围。所得的 DNA 序列输入计算机后,用 Clustal X 软件对位排列,并辅以人工校对。用 Mega 2.0(molecular evolutionary genetics analysis)分子进化遗传软件分析各样品 DNA 序列间的差异百分率和转换、颠换数,以 Kimura-2 参数遗传距离,采用邻接法构建 NJ 系统树,系统树各分支的置信度用自举检验法(bootstrap test)检验,2 000 次循环来评价各分支的系统学意义。

3 结果

rDNA ITS 区的全序列包括 ITS1、5.8 S、ITS2 3 部分,其中 ITS1 和 ITS2 为非编码区,5.8 S 为编码区。本实验参考了 GenBank 中唯一一个细果野菱 *T. maximowiczii* Korsh. 的序列资料(GenBank A Y035757),确定了菱属其他植物的 rDNA ITS 区序列两端的界限,所测样品的 ITS 序列大部分已登陆 GenBank(登陆号见表 1),由于所测的二角菱、乌菱、四角菱的各居群序列相同,故不列出相同序列。

所测菱属植物 rDNA ITS 区总长度在 618~620 bp,仅相差 2 个 bp,变异很小,各居群 ITS1 和 ITS2 序列也各只有 1~2 个 bp 长度的差异(表 2),

ITS1 区的序列比 ITS2 区长 13~16 个 bp,而 GC 含量为 ITS2 (60.5 %~62.3 %) 要大于 ITS1 (59.2 %~60.9 %)。5.8 S 区在菱属内相当保守,大小均为 164 bp,同一种内各居群内完全一致。ITS1 有 7 个变异位点,4 个信息位点,各占 ITS1 序列长度(按排序长度 238 bp)的 2.94 %和 1.68 %;ITS2 有 9 个变异位点,2 个信息位点,分别占 ITS2 序列长度(按排序长度 221 bp)的 4.07 %和 0.91 %,ITS1 的长度变异以及信息含量均较 ITS2 大。

表 2 ITS1 及 ITS2 的序列长度和 GC 含量
Table 2 Sequence length and GC content of ITS1 and ITS2 of *Trapa L.* plants

编号	ITS1		ITS2		ITS(包括 5.8 S)	
	长度/ bp	含量/ %	长度/ bp	含量/ %	长度/ bp	含量/ %
NHTA	235	59.2	220	61.0	619	58.4
L TMX	235	60.9	220	62.3	619	59.6
NTTO	234	60.3	220	61.9	618	59.3
LCTI	235	60.0	220	61.9	619	59.1
NTTB	235	59.6	220	61.4	619	58.8
SZTQ	236	60.2	221	61.5	620	59.2
L TPD	236	60.2	220	61.8	620	59.2
NJ TI	236	59.8	221	61.6	620	59.0
LZTL	236	60.2	221	61.6	620	59.2
DTPT	236	60.2	220	60.5	619	58.8

ITS 区的平均转换数为 3,平均颠换数为 2,转换颠换平均为 1.1,变异位点基本上是转换多于颠换,其中 T、C 间的转换较多,有人认为这可能与 T、C 碱基的结构易发生错配有关^[13]。

菱属植物各种类之间的同源性很高(98.4 %~99.84 %),Burns(1992)等认为插入/缺失的发生应当看作机会,尤其对于含信息较少的序列。菱的 ITS 序列信息位点较少,把插入/缺失作为一性状进行分析。图 1 显示,插入/缺失主要体现在 T 和 C 上,T、C 碱基的插入和缺失主要存在于部分野生居群(NJ TI、L TPD、LZTL、DTPT)和其他菱(包括栽培菱、细果野菱和联城野菱)之间,它们在 71、107、130 和 207 号碱基对上,且集中在 ITS1 区上,除了 NTTO 在 ITS1 区有 2 bp 的缺失,所有的插入和缺失都为 1 bp。如果忽略缺失,那么乌菱与野菱(联城居群)的同源性就为 100 %。显然不能解释形态差异。由此可以看出,ITS 区在菱属植物中的保守性很高,插入和缺失在菱属居群鉴别中应作为性状鉴别。本实验所研究菱属植物的 ITS 区序列差异性见表 3。各菱种 ITS 区的碱基差异百分率在 0.22 %~2.94 %。根据 ITS 序列特征构建的系统发育树见图 1。

4 讨论

由于 rDNA 比 cpDNA 具有更快的进化速率,而且不存在 cpDNA 的母系单向遗传,所以 rDNA

表 3 不同居群菱属植物之间 ITS 序列的碱基替换率

Table 3 Genetic distances of ITS (lower-left) sequences of different populations of *Trapa L.* plants

	二角菱	南湖菱	联城野菱	四角菱	乌菱	细果野菱	格菱	冠菱	南京野菱	耳菱
二角菱										
南湖菱	0.001 6									
联城野菱	0.004 4	0.001 6								
四角菱	0.006 6	0.003 3	0.002 2							
乌菱	0.004 4	0.001 6	0.011 1	0.002 2						
细果野菱	0.013 3	0.008 2	0.008 8	0.011 1	0.008 9					
格菱	0.015 6	0.009 8	0.011 1	0.013 3	0.011 1	0.002 2				
冠菱	0.013 4	0.008 2	0.008 9	0.011 1	0.008 9	0.004 4	0.002 2			
南京野菱	0.015 6	0.009 8	0.011 1	0.013 3	0.012 2	0.006 7	0.004 4	0.002 2		
耳菱	0.022 5	0.016 4	0.020 2	0.022 4	0.020 2	0.015 7	0.013 3	0.011	0.013	

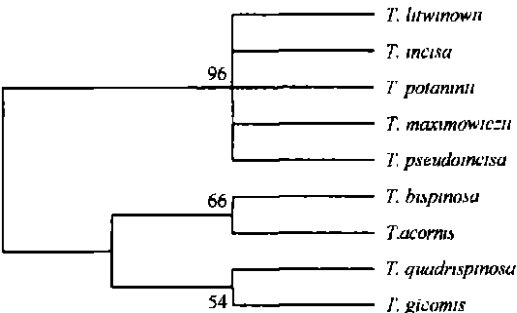


图 1 基于菱属 9 个居群 ITS 序列构建的 NJ 系统树
Fig. 1 NJ dendrogram based on ITS sequences from nine populations of *Trapa L.* plants

ITS 序列是近年来用于探讨植物种内变异和种间、近缘属间分子系统关系的重要分子标记之一,在不同的植物类群中其应用价值不同。丁小余等用 rDNA ITS 区序列探讨了药用植物石斛属在系统学研究中的价值,并采用位点特异性 PCR 法来鉴别易被混淆的石斛品种^[14,15];马小军等通过对野山参和栽培参 rDNA ITS 序列的比较,论证了栽培参的起源问题^[16];葛颂用 rDNA ITS 序列进行 RFLP 来鉴别稻属品种^[17]。可见,rDNA ITS 序列已和 PCR 技术密切结合在物种鉴别中,发挥着越来越重要的作用。

被子植物的 ITS 区长度则比较稳定,包括 5.8 S rDNA 在内,总长度为 600~700 bp。菱属植物 rDNA ITS 区长度稍短,为 618~620 bp,整个 ITS 区的 GC 含量较高,为 58.4%~59.6%,给 PCR 工作带来了较大困难。笔者通过增加一次预变性温度,并将每一次循环的预变性温度大胆尝试提高至 97℃,才取得比较理想的扩增效果。

屈良鹄等通过对不同生物类群的 ITS 序列(自生物学数据库)的比较得出:被子植物大多数科属其 ITS 序列的种间差异值为 1.2%~10.2%,这对系统发育研究都是较合适的范围^[18],在本次所测样品中,栽培类品种之间在 ITS 区的碱基差异均小于 1.2%。因此,栽培类的乌菱、二角菱、四角菱以及南湖菱之间的差异应为种内差异,其中南湖菱由于其果体形态的特殊,不具有肩角和果角,因此在栽培菱中有着特殊的系统地位,它与二角菱的鉴别位点在 508 号碱基位点上,南湖菱为 G,二角菱为 A。野生居群之间的差异则没有稳定的规律,野菱的联城居群与栽培品种的碱基差异不大(0.43%~0.92%);耳菱在 ITS 区与其他野生菱之间的碱基差异性较大,在 1.1%~2.02% 之间。总体而言,各菱属植物之间的碱基差异不大(0.22%~2.94%),这种较小的差异性也正反映了它种内遗传的稳定性。从信息位点和序列对位排列图中,野生居群(LCTI,DTPT,LZTL,LTPD)与栽培类菱有 3 个具有鉴别意义的碱基位点,它们位于 17、201 和 606 号碱基位上,3 个位点有两个为颠换,一个为转换,长江中下游地区具有特异性鉴别位点的菱种及其特异性位点见表 4。

表 4 各居群的特异性鉴别点

Table 4 Identifying sites in nine populations of *Trapa L.* plants

碱基位点	细果野菱	野菱(南京)	耳菱	格菱	冠菱	南湖菱	二角菱	四角菱	乌菱
17	C	C	C	C	C	A	A	A	A
201	G	G	G	G	G	T	T	T	T
606	G	G	G	G	G	A	A	A	A
482	C	T	T	T	T	C	C	C	C
63	C	T	C	C	C	C	C	C	C
404	C	C	A	C	C	C	C	C	C
460	G	G	A	G	G	G	G	G	G
492	C	C	G	C	C	C	C	C	C
608	C	C	T	C	C	C	C	C	C
508	G	G	C	G	G	G	A	G	G
36	A	A	A	A	A	A	A	G	A

从系统发育树可以看出,所测菱属植物野生居群可以形成一高度稳定的分支,置信度为 96%,野

生居群首先聚为一类,然后是栽培类,因此,把栽培类作为野生居群的变种比较合理。同时,聚类的结果也可看出不同果体特征和不同居群的菱可以聚为一类。国外学者 Tutin 就把欧洲 13 种菱归并一种,由于菱属植物依据的形态特征多有重叠,无稳定的鉴别特征,因此至今学者们仍纷说不一,鉴于分子标记 ITS 序列在菱各居群中的变异特点及规律,笔者支持 Tutin 的观点,菱属植物有可能源于一种,而且具有种内较高的遗传稳定性。

致谢:武汉市蔬菜研究所国家菱属种质圃柯卫东所长提供部分菱居群材料。

References:

[1] Yan S Z. *Chinses Advanced Aquatic Plant Illustration* (中国水生高等植物图说) [M]. Beijing: Science Press, 1983.

[2] Jiangsu New Medical College. *Dictionary of Chinese Materia Medica* (中药大辞典) [M]. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers, 1993.

[3] Kosuge T, Yokota M, Suglyam K, *et al.* Studies on Chinese medicine used for cancer. Cytotoxic constituents against Hela cells in the fruit of *Trapa bispinosa* Roxb. [J]. *Yakugaku Zasshi*, 1986, 106(2): 183-185.

[4] Zhao Z Z, Wei L Z. The report on the mutagenicity and antimutagenicity synchronous test of a lot of edible Chinese herb [J]. *Carcinog Teratog Mutag* (癌变·畸变·突变), 2000, 12(2): 87-89.

[5] Niu F L, Li C X. Studies on inhibition effect of aqueous extracts from water Caltrap shell on gastric cancer cell [J]. *Norman Bethune Univ Med Sci* (白求恩医科大学学报), 2001, 27(5): 495-497.

[6] Chen J K, Zhou J. Phytocoenological studies on floating-leaved anchored aquatic plants in Futouhu Lake, Hubei I. The structure of comm *Trapa* spp [J]. *Acta Hydrobiologic Sin* (水生生物学报), 1995, 19(1): 40-48.

[7] Jin M L, Ding B. Variation pattern of *Trapa* L. from Tangsun Lake of Hubei Province and it's taxonomic signification [J]. *Shaoxing Teachers' Coll* (绍兴师专学报), 1995, 15(5): 90-97.

[8] Ding B Y, Huang T. The seedling morphology of *Trapa* and its systematic significance [J]. *J Zhejiang Univ - Sci Ed* (浙江大学学报·理学版), 1999, 26(3): 92-98.

[9] Yu D. Study on *Trapa* L. from northeast China [J]. *Bull Bot Res* (植物研究), 1994, 14(1): 40-47.

[10] Xiong Z T, Wang R Q, Sun X Z, *et al.* Numerical classification study on *Trapa* in Hubei (II) [J]. *Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), 1985, 3(2): 157-163.

[11] Hu R Y, Ding B Y. A numerical taxonomic study of *Trapa* from China [J]. *J Zhejiang Univ - Agric Life Sci* (浙江大学学报·农业与生命科学版), 2001, 27(4): 419-423.

[12] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. *Phytochem Bull*, 1987, 19: 11-15.

[13] Zhang L, Cai Y M. Sequence of the ITS region of nuclear ribosomal NDA (nrDNA) in Xinjiang wild *Dianths* and its phylogenetic relationship [J]. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2002, 29(6): 549-554.

[14] Ding X Y, Wang Z T, Xu H, *et al.* Database establishment of the whole rDNA ITS region of *Dendrobium* species of "Fengdou" and authentication by analysis of their sequences [J]. *Acta*

- Pharm Sin* (药学报), 2002, 37(7): 567-573.
- [15] Ding X Y, Xu L S, Wang Z T, *et al.* Allele-specific diagnostic PCR authentication of *D. devonianum* from other *Dendrobium* species [J]. *Acta Pharm Sin* (药学报), 2002, 37(11): 897-901.
- [16] Ma X J, Wang X Q, Xiao P G, *et al.* Comparison of ITS sequences between wild ginseng DNA and garden ginseng DNA [J]. *Chnia J Chin Mater Med* (中国中药杂志), 2000, 25(4): 206-209.
- [17] Bao Y, Ge S. Identification of *Oryza* species with the CD genome based on RFLP analysis of nuclear ribosomal ITS sequences [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), 2003, 45(7): 762-765.
- [18] Qu L H, Chen Y Q. Key to molecular taxonomy principles and methods [J]. *Acad J Sun Yat-Sen Univ - Nat Sci* (中山大学学报·自然科学版), 1999, 38(1): 1-6.

当归 HPLC 指纹图谱研究(I)

马华侨, 邱多隆, 邵士俊, 刘 霞, 蒋生祥*

(中国科学院兰州化学物理研究所 西北天然药物研究发展中心, 甘肃 兰州 730000)

摘 要:目的 建立甘肃当归药材 HPLC 指纹图谱。方法 以联苯为参照物, 采用 C_{18} (250 mm $\times$ 4.6 mm, 5 μ m) 色谱柱, 以甲醇-水 (水中含体积比为 0.5 % 醋酸) 为流动相, 梯度洗脱, 体积流量 0.6 mL/min, 检测波长为 275 nm, 参比波长为 400 nm。结果 精密度、重现性、稳定性试验中共有峰相对峰面积、相对保留时间的 RSD 均小于 5.0 %; 不同产地当归相似度大于 98.5 %。结论 该方法简便、实用、可靠, 可以作为评价当归药材的质量标准。

关键词: 当归; 高效液相色谱; 指纹图谱; 联苯; 质量控制

中图分类号: R282.710.3

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2004)08-0930-03

HPLC fingerprint of *Angelica sinensis* (I)

MA Hua-qiao, DI Duo-long, SHAO Shi-jun, LIU Xia, JIANG Sheng-xiang

(Research and Development Center of Northwest Natural Products, Lanzhou Institute of Chemical Physics, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, China)

Abstract: **Object** Reversed-phase high performance liquid chromatography (RP-HPLC) fingerprint of *Angelica sinensis* (Oliv.) Diels. grown in Gansu Province was established. **Methods** Chromatographic conditions were available as follows: Biphenyl as reference material, C_{18} column (250 mm $\times$ 4.6 mm, 5 μ m), methanol and water including 0.5 % acetic acid as mobile phase, flow rate 0.6 mL/min, gradient elution, the detection wavelength was set to 275 nm and 400 nm as reference wavelength. **Results** The RSD of relative peak areas and retention time of common peak in precision, repeatability, and stability has not reached 5.0 %, respectively. Similarity was over 98.5 % in *A. sinensis* collected from different habitats. **Conclusion** All results above exhibited that this method is simple, practicable, and reliable as a standard method in controlling the quality of *A. sinensis*.

Key words: *Angelica sinensis* (Oliv.) Diels; HPLC; fingerprint; biphenyl; quality control

当归为伞形科植物当归 *Angelica sinensis* (Oliv.) Diels 的干燥根, 作为临床中常用药材, 已有两千多年的药用历史。当归有活血化瘀, 润肠止痛之功效^[1,2], 是传统的名贵药材。产于甘肃岷县的当归 (又称岷归) 是《中华人民共和国药典》收载的正品当归, 其资源极为丰富, 有资料显示, 仅甘肃定西地区, 岷归种植面积和产量均占全国的 70 % 左右。

当归化学成分复杂^[3,4], 单一成分的确认难以代表其质量, 为了控制当归药材质量, 按照国家药典委员会关于“中药注射剂指纹图谱研究的技术要求 (暂行) 的通知”的要求, 并参照相关文献^[5,6], 采用 HPLC 方法对甘肃岷县等地种植的当归药材进行了指纹图谱研究。实验证明, 该方法简便、可靠、重现性好, 可作为当归药材及其制剂指纹图谱研究的基

* 收稿日期: 2004-02-07

基金项目: 中国科学院 2001 年度“西部之光”资助项目; 中国科学院兰州化学物理研究所 2000 年度知识创新领域前沿项目

作者简介: 马华侨 (1979 -), 男, 安徽宿州人, 硕士研究生, 主要研究方向为中药色谱指纹图谱。

* 通讯作者 Tel: (0931) 8275941 Fax: (0931) 8277652 E-mail: sxjiang@ns.lzb.ac.cn