· 综述 ·

药用植物分子遗传图谱研究进展

李凤岚, 马小军*

(中国医学科学院 中国协和医科大学药用植物研究所, 北京 100094)

摘要: 遗传连锁图谱的构建是基因组研究中的重要环节, 是基因定位与克隆乃至基因组结构与功能研究的基础, 对遗传图谱的构建方法进行简要描述, 通过列举一些实例概括了国内外药用植物遗传图谱的研究现状, 提出了当前构建和应用遗传图谱所面临的主要问题。

关键词: 药用植物; 分子遗传图谱; 构建及应用

中图分类号: R282.5

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2008)01-0129-05

Advances in studies on molecular linkage map in medicinal plants

L I Feng-lan, MA Xiao-jun

(Institute of Medicinal Plant, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing 100094, China)

Key words: medicinal plant; molecular linkage map; construction and application

遗传连锁图是指以遗传标记(已知性状的基因或特定DNA序列)间重组频率为基础的染色体或基因位点的相对位置线性排列图^[1]。遗传连锁图谱的构建是基因组研究中的重要环节, 是基因定位与克隆乃至基因组结构与功能研究的基础。构建一张高密度的遗传图谱有助于利用与重要基因紧密连锁的分子标记进行标记辅助选择育种, 有助于对数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)的研究, 有效快速地定位目的基因, 建立细胞遗传图, 用于比较基因组学研究等。此外, 构建高密度的遗传连锁图谱对于种质资源的保存也有重要意义, 可为基因资源的收集与量比提供科学依据。由此可见, 分子遗传图谱研究在遗传育种学和基因工程学研究中具有越来越重要的地位, 也成为药用植物育种学的一个热门研究方向。

1 遗传连锁图谱的构建

遗传连锁图谱构建的主要步骤包括: 遗传标记的选择; 根据遗传材料之间的多态性确定亲本组合, 建立作图群体; 群体中不同植株或品系的标记基因型的分析; 标记间连锁群与标记位点的确定。

1.1 构建植物遗传连锁图谱的分子标记: 生物分子标记或称遗传标记, 是指在生物系统与进化研究中, 每个能反映遗传变异的、能提供系统学信息的多态位点成为一个分子标记; 在遗传育种研究中, 每个与感兴趣的性状或目的基因连锁的多态位点也成为一个分子标记^[2]。

遗传标记主要有4种, 即形态标记、细胞学标记、生物化

学标记和DNA分子标记。按技术的发展, 分子标记分为: 第1代以杂交技术为核心的分子标记, 如限制性片段长度多态性(restriction fragment length polymorphism, RFLP); 第2代以PCR技术为核心的分子标记, 如随机扩增多态性DNA(random amplified polymorphic DNA, RAPD)、扩增片段长度多态性(amplification fragment length polymorphism, AFLP)、微卫星标记(simple sequence repeat, SSR)、特征序列扩增区域(sequence characteristics amplified regions, SCAR)、特定序列位点(sequence-tagged-sites, STS)、内部简单序列重复(inter-simple sequence repeat, ISSR)、酶切扩增多态性序列(cleaved amplified polymorphic sequence, CAPS); 第3代的单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)。目前用于构建连锁遗传图谱的标记主要有RFLP、RAPD、AFLP、SCAR、SSR等。具体选用何种标记, 要依据标记的特点、实验条件、作图植物的生长发育特性、对该植物的研究情况及实验目的等而定。

1.2 构建遗传图谱的作图群体: 利用分子标记构建遗传图谱可以使用不同分离群体, 可以是暂时性的分离群体(如F₂代和回交一代), 也可以是永久性分离群体(如F₁代花药培养获得的双单倍体及F₂代一粒传获得的重组自交系)^[3]。

目前构建植物遗传连锁图谱的群体有: F₂代群体、回交群体BC、回交自交系群体BL、重组自交系群体RLs、单粒传系群体SSD、加倍单倍体群体DHs、近等基因系群体NL。主要应用的为F₂代群体、RLs和DH群体。F₂代群体能提供大量的

* 收稿日期: 2007-07-20

基金项目: 国家科技支撑计划(2006BAJ09B01)

作者简介: 李凤岚(1973—), 女, 现为协和医科大学药用植物研究所生药学博士生, 研究方向为药用植物栽培学。

* 通讯作者 马小军 Tel: (010)62819410 E-mail: xjma@public.bta.net.cn

信息,但实验不能重复,而构建永久性分离群体是作图成功和高效率的关键,RLs和DH群体为永久性群体,稳定性较好。

1.3 作图软件:构建遗传连锁图谱的软件主要有MAP-MAKER/EXP 3.0,JoinMap 2.0,CRIMAP,MAPQTL 3.0等。

2 药用植物遗传图谱的构建

分子标记的迅速发展是构建高密度遗传图谱的基础,在2000年前已完成了几乎所有重要作物的RFLP遗传连锁图谱^[4]。但大多数药用植物生长周期长,栽培历史短,遗传背景复杂,基因高度杂合,为建立药用植物的遗传图谱带来了较大的困难,所以目前建立的较为完善的图谱很少。

2.1 国外的研究状况:分子标记技术在西方应用最早,发展也最为迅速,部分具有较高药用价值的植物遗传图谱已构建成功。

2.1.1 构建遗传图谱使用的分子标记:主要应用的分子标记为SSR、AFLP、RFLP、RAPD与EST-SSR等,其中AFLP标记应用最为广泛,已构建成功的药用植物的遗传图谱见表1。

其中Isobe等^[5]以cDNA探针构建了第1张红三叶草的RFLP连锁图,是以第1代分子标记为主要标记的,总共42个SSR和216个RFLP位点构建了总图距为444.2cM,平均标记间的间隔为1.7cM的连锁图谱。而大多数遗传图谱的构建多采用了第2代以PCR技术为核心的分子标记。如:Bratteler等^[6]以AFLP标记建立狗筋麦瓶草的遗传连锁图谱,采用两个狗筋麦瓶草的不同生态型的品种进行种内杂交,由两种限制性内切酶对F₂作图群体进行双酶切,产生300个AFLP标记,父本完全结合的分别有114个和186个标记进入12和13个连锁群,最终构建的遗传图距父本、母本分别为547和446cM。Cynara等^[7]以AFLP、S-SAP、M-AFLP等标记构建了第1张洋蓐的连锁图谱^[7]。

2.1.2 作图群体和作图策略:如前所述,主要应用的作图群体包括F₂代群体、回交群体BC、回交自交系群体BL、重组自交系群体RLs、单粒传系群体SSD、加倍单倍体群体DHs、近等基因系群体NL等。但由于药用植物多为野生经短期引种

的群体,高度杂合,要建立上述群体周期漫长,十分困难。因此很多已经构建的药用植物的遗传图谱多采用拟测交,又称假测交策略,利用两个杂交种的F₁代个体作为构图群体。拟测交的原理是将1/1分离类型视为双测交分离群体,从而可以根据杂合位点的来源构建双亲的遗传图谱^[20]。Grattapaglia等^[21]首次提出利用F₁代群体和分子标记技术相结合的拟测交作图策略构建桉树遗传连锁图谱的设想,并利用RAPD技术,以巨桉尾叶桉的F₁代61个单株为材料,分别构建了巨桉和尾叶桉的遗传连锁图谱。该策略已广泛应用于一些高度杂合的果树、林木和药用植物的遗传构图,实例见表2。

表1 国外已构建遗传图谱的药用植物

Table 1 Medicinal plants with constructed linkage map abroad

序号	材料	主要分子标记	参考文献
1	红三叶草 <i>T. trifolium pratense</i> L.	SSR, RFLP	5
2	狗筋麦瓶草 <i>Silene vulgaris</i> (Moench) Garcke	AFLP	6
3	洋蓐 <i>Cynara cardunculus</i> var. <i>scolymus</i> L.	AFLP, S-SAP, M-AFLP	7
4	选用光叶百脉根 <i>L. filicaulis</i> L. 和 <i>L. filicaulis</i> L. 两种植物进行杂交	AFLP, RAPD	8
5	雌性日本红松 <i>P. inus densiflora</i> Sieb. et Zucc. 的大配子体培育而成的单倍体植物	AFLP	9
6	蒜 <i>Allium sativum</i> L.	AFLP	10
7	覆盆子 <i>Rubus idaeus</i> subsp. <i>idaeus</i>	AFLP, SSR, EST-SSR	11
8	白三叶草 <i>T. trifolium repens</i> L.	SSR	12
9	尾叶桉 <i>Eucalyptus urophylla</i> S. T. Blake, 细叶桉 <i>E. tereticornis</i> Smith	RAPD	13
10	金鱼草 <i>A. nitrinham majus</i> (Regel) K. Larsen, 比利牛斯金鱼草 <i>A. molle</i> Durieu	AFLP, RFLP, ISTR, ISSR	14
11	玫瑰 <i>Rosa rugosa</i> Thunb.	RAPD, AFLP	15
12	啤酒花 <i>H. humulus lupulus</i> L.	AFLP, SSR	16
13	油橄榄 <i>Olea europaea</i> L.	RAPD, SCAR	17
14	欧洲云杉 <i>Picea abies</i> (L.) Karst.	AFLP, SSR, ESTP	18
15	大果西蕃莲 <i>Passiflora edulis</i> Sim. f. <i>flavica</i> Deg.	RAPD	19

表2 应用拟测交策略构建的遗传图谱实例

Table 2 Examples of constructing genetic linkage map by using pseudotestcross mapping strategy

材料	作图群体	图谱密度	参考文献
啤酒花	α酸量高的Magnum品种及野生种Slovene的杂交产生的111个F ₁ 代个体	母本图谱96个分子标记,进入了14个连锁群,占据了总图谱的661.90cM;父本图谱包含了70个分子标记,进入了12个连锁群,占据了总图谱的445.90cM	16
油橄榄	Frantoio和Kalamata两个亲本杂交产生的104个F ₁ 代个体	Kalamata连锁图中包含了23个连锁群89个位点,总图距为759cM,每个位点之间的平均间隔为11.5cM;Frantoio连锁图中包含了27个连锁群92个位点,总图距为798cM,每个位点之间的平均间隔为12.3cM。在整合图谱中,15个连锁群共覆盖了基因组879cM,包含101个位点,平均位点之间的间隔为10.2cM	17
欧洲云杉	F ₁ 代的73个个体	父本遗传图谱的遗传图距为1,792cM,母本图谱总的遗传图距为1,920cM;在合成图谱中,755个标记,共覆盖2,035cM,相邻两个标记间的平均间隔为2.6cM	18
大果西蕃莲	'A PAR 123'(母本)和'A PAR 06'(父本)杂交产生的90个F ₁ 代个体	'A PAR 123'的图谱中包含135个标记,9个连锁群,共覆盖图距为727.7cM,位点间的平均间隔为11.20cM;'A PAR 06'的图谱中包含96个标记,总图距为783.5cM,位点间的平均间隔为12.2cM,连锁群的长度在20.6~144.2cM	19
玫瑰	二倍体玫瑰'B lush N oisette'(D10)和Rosa wichurana(E15)进行杂交后获得F ₁ 代96个个体	总共有133个标记进入14个连锁群,D10和E15的遗传图谱总长分别为388和260cM	22

2.2 国内的研究进展:国内分子技术应用较晚,只对一些重要的药用植物进行了品种间亲缘关系的比较和品种的鉴定^[23,24],而只对极少数药用植物的遗传图谱进行了构建。谭晓风等^[25]用RAPD分子标记构建了第1张银杏*Ginkgo biloba* L.分子遗传图谱。该图谱共有62个RAPD标记,19个连锁群,总长度为829.1 cM,覆盖了银杏基因组的1/3。桂仁意^[26]以95个大配子体为作图群体构建了银杏的遗传图谱,共筛选出138对引物,其中RAPD 131对,ISSR引物7对;共扩增出的分离位点有196个,其中181个符合1:1的分离比,164个位点被分配到12个连锁群上;整个连锁图谱的图距为1742.2 cM,连锁图标记间平均图距为10.82 cM。首次估计了银杏的基因组的遗传图距,其大小为2200.73 cM。李雪峰^[27]初步构建了蕙苡*Coix lacryma-jobi* L.的遗传连锁图谱,共划分了11

个连锁群,整个图谱含有61个AFLP标记和21个RFLP标记,全长1275.7 cM,平均标记间的遗传间距15.6 cM;并对株高等5个数量性状进行了QTL扫描,共定位了31个QTL位点。

3 药用植物遗传图谱的应用

3.1 利用遗传连锁图谱可进行QTL定位的研究:植物的许多重要性状属于由多基因控制且易受环境影响的数量性状,传统的数量遗传学研究方法不能说明控制数量性状的基因数目、数量性状基因位点在染色体上的位置、各位点的贡献率大小以及基因间的相互关系。利用分子标记进行植物数量性状的QTL作图,可以确定控制数量性状的基因数目、在染色体上的位置、各位点贡献率的大小和基因间相互关系,为标记辅助选择育种奠定理论基础^[28]。应用实例见表3。

表3 利用遗传连锁图谱进行QTL定位的研究实例

Table 3 Examples of mapping QTL by using genetic linkage map

材料	构建的遗传图谱	QTL分析结果	参考文献
红三叶草	42个SSR标记与216个AFLP标记用于构建分子遗传图谱,总图距为444.2 cM	38个QTL与8个种子产量因素相关	29
玫瑰	选择AFLP、RGA和其他分子标记对二倍体97/7种类构建遗传图谱,产生了233个遗传标记;对单倍体构建了7个连锁群对应玫瑰的7条染色体,平均长度为60 cM	检测到28个与9号粉状霉菌有关的QTL,其中3个QTL解释了抗性变异的84%	30
遏蓝菜 <i>Thlaspi caerulescens</i>	AFLP分子标记及EST构建了该物种的遗传图谱,总图距为496 cM	对Zn、Cd、Ni几种重金属离子在该植物各部位积累的QTL做出了分析	31
啤酒花	选用α酸量高的Magnum品种及野生种Sbvene的杂交,采用AFLP和SSR分子标记构建该植物的遗传图谱,母本图谱长661.90 cM,父本图谱长445.90 cM	有4个QTL位于母本的图谱,解释了表型变异的11.9%~24.8%	18
山豆 <i>Lathyrus sativus</i>	选用抗蔓枯病的ATC80878和易感病的ATC80407种类杂交产生的92个回交个体构建了山豆的基因组遗传图谱,总共64个标记进入图谱,其中包括47个RAPD,7个序列标签卫星位点以及13个STS/CAAPS标记;图谱包含9个连锁群,总图距为803.1 cM	一个重要的QTL被发现并定位于连锁群1,它解释了回交群体中抗病性变异的12%;另一个定位在连锁群2上的QTL解释了表型变异的9%	32

3.2 分子标记辅助育种研究:遗传连锁图谱可为植物生长、抗性、产量、品质等主要性状的早期测定提供依据,提高早期测定的精确度和可靠性。育种学家已对幼、成期相关及某些表型和生理、生化指标进行了大量研究,取得了一定成果,但是早期测定的难关并未攻破。利用分子标记构建的遗传连锁图谱使选择直接基于DNA分子水平,大大提高了选择的可靠性,加速了育种进程,提高了选择效果。如覆盆子是一种高度杂合的物种,该植物的育种过程是极其耗时的,而应用遗传连锁图谱寻找对应多效基因性状的特征性标记和识别控制复杂表现型的基因,则可缩短育种的时间和增加准确度^[11]。

3.3 利用连锁图谱进行目的基因的定位:通过遗传连锁图谱可以克隆目的基因,即首先要对该基因进行定位,通过构建高密度的遗传连锁图谱,可有效地快速定位目的基因。利用作图群体中性状分离与标记分离的相关性,确定性状与标记间的连锁,从而可确定与目的基因连锁的分子标记。

Cerenak等^[18]在已经构建的啤酒花的遗传图谱上将3个参与啤酒花苦酸合成途径的查耳酮酶样基因定位在母本图谱的04连锁群上。pek等^[10]将蒜氨酸酶、壳多糖酶蔗糖1-果糖基转移酶、查耳酮合酶的基因特异标记定位在大蒜遗传图谱上。la Rosa等^[33]将硬脂酰-ACP去饱和酶基因定位于油橄榄的4号连锁群上。

3.4 建立细胞遗传图(cytogenetic map):细胞遗传图综合了来自遗传图(genetic map)和细胞学图(cytological map)两方面的信息,它既能反映基因或DNA标记之间在染色体上的真

实距离,又能显示与染色体的细胞学结构间确切的位置关系。构建植物细胞遗传图的宗旨是将遗传图上的诸多标记与其在染色体的具体位置联系起来,目前主要有两种方法用于细胞遗传图的构建,较广泛使用的一种方法是借助染色体断点来确定遗传标记在染色体上的位置,另一种方法是利用荧光原位杂交(FISH)直接把DNA序列定位到染色体上。此外,利用RN-dM图也可以把遗传标记定位于粗线期染色体。从细胞遗传图可以看出,染色体两臂的远端有较高的基因密度和重组频率。细胞遗传图在比较近缘植物基因组的同线性、揭示植物的进化关系、研究基因定位克隆等方面都有重要意义。

Hayashi等^[34]利用种内杂交产生的F2代群体构建百脉根的连锁遗传图谱。由AFLP、SSRP、dCAAPS成功构建了该植物的连锁遗传图谱。通过荧光原位杂交(FISH)技术和对应连锁图谱打到了1和2号染色体的易位点。

3.5 用于比较基因组学研究:比较遗传图谱可用于快速构建其他近缘种的连锁图,并用其预测一些关键基因的染色体位置。

Ruiz等^[35]对酸橙*Citrus aurantium* (A)、枸橘*Poncirus trifoliata* var. *flying Dragon* (Pa)及*C. volkameriana* (V)*P. trifoliata* var. *rubidoux* (Pv)和自花授粉的*P. trifoliata* var. *flying Dragon* (Pp)的双亲构建了5张遗传连锁图谱,以此比较各自基因组的共线性。

4 存在的问题与展望

虽然已经构建了一些药用植物的遗传图谱,但是也暴露

了构建和应用中存在的很多问题:

(1) 目前用于构建植物遗传连锁图谱的分子标记多为第一代分子标记RFLP和第二代分子标记AFLP、SSR、RAPD、ISSR等,且大多要求技术难度高、费用昂贵,应采用和开发一些操作简便、费用低廉的新型分子标记,使其为育种实践服务。

(2) 用于构建植物遗传连锁图谱的很多群体为F₂、F₁或F₃家系,尽管能提供大量信息,但后代单株提供的材料(种子或叶片)有限,很难用于进行连续性研究,无法满足不同研究者对同一材料的合作研究,实验重复性较差。今后要发展永久性群体如DH和RILs群体,以保证实验的准确性。

(3) 作图群体大多偏小,应尽可能增大作图群体数量以构建高饱和的药用植物遗传图谱。

(4) 已构建的遗传图谱大多密度偏低,且均匀性不好,给基因定位、克隆和分子辅助选择育种带来很多困难,以后的研究要继续完善已有的连锁图谱,使其更加饱和。

(5) 目标QTL基因的获得是分子遗传图谱的主要目标之一。但目前只分离出很少的QTL基因,此问题的解决有待于发展新的作图群体,构建高饱和的分子遗传图谱和发展更灵敏的统计方法将数量性状分解成多个QTL,以便为分析产量、品质等重要经济性状的遗传规律及其与环境相互关系的研究提供理论依据。

(6) 基于分子遗传图谱的MAS育种途径的建立有赖于分子遗传图谱构建和育种实践的结合,并且MAS育种与常规育种密不可分。因此,将来应走分子遗传图谱构建、MAS育种和常规育种相结合的道路,以提高效率,缩短育种时间。

另外,药用植物的分子遗传图谱的研究水平显著落后于农作物,且研究基础较差,几乎没有理想的作图群体。然而,随着国家对科研投入的增加,科研条件的改善以及新理论和新技术的应用,分子遗传图谱研究已出现快速增长趋势,一些新的分子标记如SRAP被用于构建遗传图谱^[36,37];一些新理论的探索被提出,如房经贵等^[20]充分利用双杂合位点分离所提供的遗传信息构建芒果*Mangifera indica* L.的遗传图谱,都将有力推动药用植物分子遗传图谱的研究向着高饱和化、实用化和通用化的方向发展。

参考文献:

- [1] 阮成江,何祯祥,钦佩. 中国植物遗传连锁图谱构建研究进展[J]. 西北植物学报, 2002, 22(6): 1526-1536.
- [2] 邹玉萍,葛颂,王晓东. 系统与进化植物学中的分子标记[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [3] 刘林,毛凯. 分子标记技术在植物遗传育种中的应用[J]. 四川草原, 2003(4): 10-13.
- [4] 黄璐琦. 分子生药学[M]. 北京: 北京医科大学出版社, 2000.
- [5] Isobe S, Klimenko I, Ivashuta S, et al. First RFLP linkage map of red clover (*Trifolium pratense* L.) based on cDNA probes and its transferability to other red clover genoplasm [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 108(1): 105-112.
- [6] Bratteler M, Lexer C, Widmer A. A genetic linkage map of *Silene vulgaris* based on markers [J]. *Genome*, 2006, 49(4): 320-327.
- [7] Lanteri S, Acquadro A, Comino C, et al. A first linkage map of globe artichoke (*Cynara cardunculus* var. *scolymus* L.) based on AFLP, S-SAP, M-AFLP and microsatellite markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(8): 1532-1542.
- [8] Sandal N, Krusell L, Radutiu S, et al. Genetics of symbiosis in *Lotus japonicus*: recombinant inbred lines, comparative genetic maps, and map position of 35 symbiotic loci [J]. *Mol Plant Microbe Interact*, 2006, 19(1): 80-91.
- [9] Kim Y Y, Choi H S, Kang B Y. An AFLP-based linkage map of Japanese red pine (*Pinus densiflora*) using haploid DNA samples of megagametophytes from a single maternal tree [J]. *Mol Cells*, 2005, 20(2): 201-209.
- [10] Ipek M, Ipek A, Inquist S G, et al. Demonstration of linkage and development of the first low-density genetic map of garlic, based on AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(2): 228-236.
- [11] Graham J, Smith K, MacKenzie K, et al. The construction of a genetic linkage map of red raspberry (*Rubus idaeus* subsp. *idaeus*) based on AFLPs, genomic-SSR and EST-SSR markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(4): 740-749.
- [12] Zhang Y, Sledge M K, Bouton J H. Genome mapping of white clover (*Trifolium repens* L.) and comparative analysis within the *Trifolieae* using cross-species SSR markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114(8): 1367-1378.
- [13] Gan S, Shi J, Li M, et al. Moderate-density molecular maps of *Eucalyptus urophylla* S. T. Blake and *E. tereticornis* Smith genomes based on RAPD markers [J]. *Genetica*, 2003, 118(1): 59-67.
- [14] Schwarz-Sommer Z, de Andrade S E, Berndtgen R, et al. A linkage map of an F₂ hybrid population of *Antirrhinum majus* and *A. molle* [J]. *Genetics*, 2003, 163(2): 699-710.
- [15] Debener T, Mattiesch L. Construction of a genetic linkage map for roses using RAPD and AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 99: 891-899.
- [16] Cerenak A, Satovic Z, Javornik B. Genetic mapping of hop (*Humulus lupulus* L.) applied to the detection of QTLs for alpha-acid content [J]. *Genome*, 2006, 49(5): 485-494.
- [17] Wu S B, Collins G, Sedgley M. A molecular linkage map of olive (*Olea europaea* L.) based on RAPD, microsatellite, and SCAR markers [J]. *Genome*, 2004, 47(1): 26-35.
- [18] Acher év, Faivre-Rampant P, Jeandroz S, et al. A full saturated linkage map of *Picea abies* including AFLP, SSR, ESTP, 5S rDNA and morphological markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108(8): 1602-1613.
- [19] Carneiro M S, Camargo L E, Coelho A S, et al. RAPD-based genetic linkage maps of yellow passion fruit (*Passiflora edulis* Sims. f. *flavicarpa* Deg.) [J]. *Genome*, 2002, 45(4): 670-678.
- [20] 房经贵, 刘大钧, 马正强. 利用双杂合位点标记资料构建芒果遗传图谱[J]. 分子植物育种, 2003, 1(3): 313-319.
- [21] Grattapaglia D, Sederoff R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a Pseudo-Testcross: Mapping strategy and RAPD markers [J]. *Genetics*, 1994, 137: 1127-1137.
- [22] Dugo M L, Satovic Z, Millan T, et al. Genetic mapping of QTLs controlling horticultural traits in diploid roses [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111(3): 511-520.
- [23] 胡挺松, 陆一鸣, 马兰青, 等. 红景天属4种植物的RAPD分析与分类鉴定[J]. 中草药, 2004, 35(11): 1286-1289.
- [24] 崔光红, 陈敏, 黄璐琦, 等. 药用肉苁蓉遗传多样性RAPD分析[J]. 中国中药杂志, 2004, 29(8): 727-730.
- [25] 谭晓风. 银杏RAPD分子遗传图谱构建及主要栽培品种和雌雄株的分子鉴定[D]. 武汉: 中南林学院, 1997.
- [26] 桂仁意. 银杏主要栽培品种指纹图谱构建及遗传图谱构建研究[D]. 南京: 南京林业大学, 2004.
- [27] 李雪峰. 蕙苡遗传图谱的构建及重要性状QTL定位的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2003.
- [28] 杨晓明, 安黎哲, 党占海. 豌豆遗传图谱的构建及QTL定位研究进展[J]. 西北植物学报, 2006, 26(10): 2159-2165.
- [29] Hermann D, Boller B, Studer B, et al. QTL analysis of seed yield components in red clover (*Trifolium pratense* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2006 Feb; 112(3): 536-545.
- [30] Linde M, Hattendorf A, Kaufmann H, et al. Powdery mildew resistance in roses: QTL mapping in different environments using selective genotyping [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 1081-1092.
- [31] Deniau A X, Pieper B, Ten B W M, et al. QTL analysis of cadmium and zinc accumulation in the heavy metal hyperaccumulator *Thlaspi caerulescens* [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113(5): 907-920.
- [32] Skiba B, Ford R, Pang E C. Construction of a linkage map based on a *Lathyrus sativus* backcross population and preliminary

- nary investigation of QTLs associated with resistance to ascochyta blight [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(8): 1726-1735.
- [33] la Rosa R, Angiòlillo A, Guerrero C, *et al.* A first linkage map of olive (*Olea europaea* L.) cultivars using RAPD, AFLP, RFLP and SSR markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(7): 1273-1282.
- [34] Hayashi M, Miyahara A, Sato S, *et al.* Construction of a genetic linkage map of the model legume *Lotus japonicus* using an intraspecific F2 population [J]. *DNA Res*, 2001, 31, 8 (6): 301-310.
- [35] Ruiz C, Ains M J. Comparison between *Poncirus* and *Citrus* genetic linkage maps [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(5): 826-836.
- [36] 任羽, 王得元, 张银东. 相关序列扩增多态性(SRAP)一种新的分子标记技术[J]. 中国农学通报, 2004, 20(6): 11-13.
- [37] Sun ZD, Wang ZN, Tu JX, *et al.* An ultradense genetic recombination map for *Brassica napus*, consisting of 13551 SRAP markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1305-1317.

紫珠属植物的化学成分及生物活性研究进展

王艳晶, 杨义芳*, 高岱*

(上海医药工业研究院 中药室, 上海 200040)

摘要: 紫珠属植物成分复杂, 主要含有萜类、黄酮类和挥发油等成分。药理作用广泛, 主要表现在抗菌、抗病毒、镇痛以及神经系统等方面的作用。目前我国对紫珠属植物的研究较少。综述国内外对于紫珠属植物化学成分和药理学研究成果, 并主要对其所含有的萜类和黄酮类成分进行总结, 另对该属植物研究开发的前景进行了讨论, 以期有助于该属植物的进一步研究、开发和利用。

关键词: 紫珠属; 生物活性; 萜类; 黄酮类

中图分类号: R282.71

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2008)01-0133-06

Advances in studies on chemical constituents in plants of *Callicarpa* Linn. and their bioactivities

WANG Yan-jing, YANG Yi-fang, GAO Dai

(Department of Chinese Materia Medica, Shanghai Institute of Pharmaceutical Industry, Shanghai 200040, China)

Key words: *Callicarpa* Linn.; biological activity; terpenoids; flavonoids

紫珠属(*Callicarpa* Linn.)植物来源于马鞭草科, 有190余个品种, 主要分布于亚洲和大洋洲的热带和亚热带, 少数分布于美洲, 极少数可延伸到亚洲和北美洲的温带地区。我国有46种, 主产于长江以南, 少数可延伸到华北至东北和西北的边缘。本属有些种类可供药用, 有些则可栽培供观赏^[1]。我国分布的紫珠属植物中可作药用的有30种^[2], 紫珠作为药用具有较好的止血作用, 普遍具有抗菌、消炎、清热的功效, 另外还常见于烧伤、烫伤等疾病的治疗。本文综述了紫珠属植物的化学成分及生物学活性研究进展, 以期对紫珠属植物的研究开发提供借鉴。

1 化学成分研究

目前, 对紫珠属植物成分的研究较少, 主要集中在萜类、挥发油以及黄酮类成分的研究上, 并且发现了一些新的成分, 现结合中外文献对紫珠属植物中的化学成分进行总结, 见表1, 部分成分的结构见图1。

2 生物活性研究

目前, 紫珠属植物临床应用较为广泛, 属内的植物除了

多为广谱抗菌药外, 其止血、抗炎作用在临床上也发挥了良好的效用。

2.1 镇痛作用: 任风芝等^[34]采用醋酸扭体法对紫珠粗提取物及6个单体化合物进行了镇痛活性的评价。95%醇提取物能明显抑制冰醋酸诱发的小鼠扭体次数, 在剂量1000 mg/kg时与300 mg/kg的阿司匹林镇痛作用相当。另外, 黄酮类化合物3, 5, 7-三羟基黄酮-4-O-β-D-葡萄糖苷、5, 7-二羟基-3-甲氧基黄酮-4-O-β-D-葡萄糖苷, 三萜类化合物2α, 3α, 24-三羟基-齐墩果-12-烯-28-酸都显示了很好的镇痛作用。

2.2 抗菌、抗病毒作用: 日本紫珠*C. japonica* Thunb. 中的挥发油成分对于6种食物传播的微生物都有抑制作用。其提取物的挥发性成分中, 1-辛烯-3-醇和2-己烯醛为其主要的抗菌成分; 2-己烯醛、2, 4-己二烯醛、1-辛烯-3-醇、2, 4-庚二烯醛和epiglobulin具有较强的抑制微生物生长作用, 特别是2-己烯醛(107.52 mg/L)和1-辛烯-3-醇(678.64 mg/L)可以抑制大多数微生物的生长^[35]。广东紫珠的95%乙醇提取物体外对金黄色葡萄球菌、伤寒沙门氏菌有较强的抑菌作用^[36]。

* 收稿日期: 2007-04-13

作者简介: 王艳晶(1977—), 女, 辽宁辽阳人, 硕士, 研究方向为中药创新药物研究。

* 通讯作者 杨义芳 Tel: (021)62473018 E-mail: yangyf4912@163.com