

的生物合成途径而产生新的代谢旁路、形成新的化合物,尚有待进一步研究。对重组菌株 N7059 产生的红色组分的结构解析研究,将为甘草与酵母菌之间的基因交流提供进一步的化学证据和分子证据。

离子注入介导外源 DNA 转化的最大特点是不需要事先知道或克隆出目的 DNA 片段,因此在目前没有 GA 生物合成相关的基因信息的情况下,仍可采用离子注入介导甘草基因组 DNA 转化方法,以 GA 为目标产物,筛选获得易于人工培养的产生 GA 的酵母工程菌株。通过对遗传稳定的生物合成 GA 的重组酵母菌的基因组学、蛋白质组学和代谢组学的深入研究,将获得与 GA 生物合成相关的多个基因及其调控信息。

致谢:武宝山副教授和凌海秋副教授参与离子注入工作,乔坤云高级实验师和周俊副研究员进行 GA 和 GAs 的 RP-HPLC 分析测试工作。

参考文献:

- [1] Cinatl J, Morgenstern B, Bauer G, *et al* Glycyrrhizin, an active component of liquorice roots, and replication of SARS-associated coronavirus [J]. *Lancet*, 2003, 361(9374): 2045-2046

- [2] Takei M, Kobayashi M, Li X D, *et al* Glycyrrhizin inhibits R5 HIV replication in peripheral blood monocytes treated with 1-methyladenosine [J]. *Pathobiology*, 2005, 72: 117-123
- [3] Harads S The broad antiviral agent glycyrrhizin directly modulates the fluidity of plasma membrane and HIV-1 envelope [J]. *Biochem J*, 2005, 15(392): 191-199
- [4] Yu Z L. *Introduction to Ion Beam Biotechnology* [M]. New York: Springer Publishing House, 2006
- [5] 吕杰,金湘,毛培宏,等. 氮离子注入介导麻黄基因组 DNA 转化酵母菌[J]. 中草药, 2008, 39(8): 1227-1230
- [6] 邵鹏柱,曹晖. 中药分子鉴定[M]. 上海: 复旦大学出版社, 2004
- [7] 李伟,邹巧根,宋喆,等. RP-HPLC 法测定强力宁注射液及甘草提取物中三种甘草皂苷的含量[J]. 中国药科大学学报, 2002, 33(1): 32-34
- [8] 杨文远,郝凤霞. 用 RP-HPLC 法同时测定甘草中的甘草酸和甘草次酸[J]. 宁夏大学学报: 自然科学版, 2005, 26(1): 56-58
- [9] Feng H Y, Yu Z L, Chu P K Ion implantation of organisms [J]. *Mat Sci Eng R*, 2006, 54: 49-120
- [10] 朱辉,马亮,詹良静. 采用重组微生物技术靶位筛选非抗菌活性的先导化合物[J]. 国外医药·抗生素分册, 2001, 22(2): 69-76
- [11] 张致平. 微生物药理学[M]. 北京: 化学工业出版社, 2003
- [12] 曹福祥. 次生代谢[M]. 长沙: 国防科技大学出版社, 2003
- [13] Ro D K, Paradise E M, Ouellet M, *et al* Production of the antimalarial drug precursor artemisinic acid in engineered yeast [J]. *Nature*, 2006, 440: 940-943

## 马蹄香表达序列标签资源的 SSR 信息分析

李珊<sup>1</sup>, 周天华<sup>2</sup>, 赵桂仿<sup>2</sup>, 朱云国<sup>1</sup>, 杨晓伶<sup>1</sup>, 程舟<sup>1\*</sup>

(1 同济大学生命科学与技术学院, 上海 200092; 2 西北大学生命科学学院, 陕西 西安 710069)

**摘要:**目的 分析马蹄香 EST 资源的 SSR 信息, 为开发 EST-SSR 标记奠定基础。方法 从 GenBank 中获得马蹄香 EST 序列, 用 Sequencher 4.8 软件进行序列拼接得到 Uni-EST 序列, 用 SciRoKo 3.4 软件对 Uni-EST 序列进行 SSR 扫描, 分析 EST-SSR 的分布频率和重复基元的类型特征。结果 共获得 10 274 条马蹄香 EST 序列, 通过预处理共得到全长为  $5.11 \times 10^6$  bp 的无冗余 Uni-EST 6 643 条。在这些序列中共搜索出 1 408 个 SSR 位点, 分布在 1 232 条 Uni-EST 序列中, 发生频率为 18.55%, EST-SSR 的平均长度为 22.30 bp, 平均每 3.63 kb 含 1 个 SSR 位点。单核苷酸重复在马蹄香 EST-SSR 中占主导地位, 发生频率为 12.24%, 其次为二核苷酸重复, 发生频率为 5.01%。在所有重复基元中, A/T 基元出现频率最高, 其次为 AG/CT。结论 马蹄香 EST 中 SSR 出现的频率较高, 并且类型较为丰富。

**关键词:** 马蹄香; 表达序列标签; EST-SSR

中图分类号: R282.2 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2010)03-0464-05

### Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from *Saruma henryi*

LI Shan<sup>1</sup>, ZHOU Tian-hua<sup>2</sup>, ZHAO Gui-fang<sup>2</sup>, ZHU Yun-guo<sup>1</sup>, YANG Xiao-ling<sup>1</sup>, CHENG Zhou<sup>1</sup>

(1. School of Life Sciences and Technology, Tongji University, Shanghai 200092, China;

2. College of Life Sciences, Northwest University, Xi'an 710069, China)

**Abstract: Objective** To analyze the simple sequence repeat (SSR) information in expressed sequence

①收稿日期: 2009-06-10

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30800087)

作者简介: 李珊(1976—), 女, 陕西西安人, 讲师, 博士, 主要从事资源植物学研究。

Tel: 13916300269 E-mail: lishanbio@yahoo.com.cn

\*通讯作者 程舟 Tel: (021)65985185 Fax: (021)65985185 E-mail: chengzhou@mail.tongji.edu.cn

tag (EST) resource of *Saruma henryi* and lay a solid foundation for the development of EST-SSR markers in this species. **Methods** ESTs of *S. henryi* were downloaded from GenBank and used to perform the contig assembly using Sequencher 4.8. Uni-ESTs were obtained and screened for SSR-containing unigenes using SciRoKo 3.4. The distributing frequency of the EST-SSRs and the basic characteristics of motifs were analyzed. **Results** A total of 10 274 ESTs of *S. henryi* were retrieved and were assembled into 6 643 non-redundant Uni-ESTs with a total length of  $5.11 \times 10^6$  bp. In all, the data mining yielded 1 408 SSR loci, which corresponded to 1 232 Uni-ESTs (18.55%). On average, EST-SSRs spanned 22.30 bp, and occurred every 3.63 kb in length. In *S. henryi*, mononucleotide repeats predominated with an occurrence frequency of 12.24%. Dinucleotide repeats followed with a frequency of 5.01%. The most frequent one was A/T among all the repeat motifs, then followed by AG/CT. **Conclusion** SSRs in ESTs of *S. henryi* display a relatively high level of occurrence frequency and show abundance of types.

**Key words:** *Saruma henryi* Oliv.; expressed sequence tag (EST); EST-SSR

马蹄香 *Saruma henryi* Oliv. 是马兜铃科 (Aristolochiaceae) 马蹄香属的多年生草本药用植物, 目前仅在湖北、陕西、贵州、四川及甘肃等省区呈斑块状分布<sup>[1]</sup>。马蹄香属是中国特有而古老的单型属, 属下仅马蹄香一种。该种在马兜铃科的系统演化上占据着重要位置, 对研究中国种子植物区系组成、性质和发育等问题具有重要意义<sup>[2]</sup>。作为我国传统的民间草药, 马蹄香的根、根状茎及叶片入药, 根及根状茎主治胃寒痛、关节痛, 叶片外敷主治化脓疮疡。现代研究表明其体内主要药用成分为马兜铃酸、挥发油、甾体皂苷等, 具有抗菌、抗肿瘤、镇痛、降低胆固醇等功效<sup>[3]</sup>。此外, 该种是中国特有蝴蝶 *Luehdorfia longicaudata* Lee 幼虫唯一的食物来源<sup>[4]</sup>。由于马蹄香繁殖力低、对生境要求严格、自然更新困难、人为采挖现象严重, 导致野生居群规模逐渐减小并呈现出退化趋势。该种已被列入中国高等植物濒危及受威胁物种名录及秦巴山区重点植物名录, 属于国家级保护植物, 急需进行保护和恢复<sup>[5]</sup>。迄今国内外学者对该种的研究集中在形态学、分类学、生殖生物学等方面<sup>[6]</sup>, 尚未见到利用分子标记对其遗传学背景进行研究, 并提出有效的保护策略, 对其进行合理保护。

SSR (simple sequence repeat) 指以少数几个核苷酸 (一般为 1~6 个) 为重复单位的多次串联重复 DNA 序列, 与其他分子标记技术相比, SSR 标记具有数量丰富、多态性高、共显性遗传、DNA 用量少、重复性好等优点, 被证明是最有利用价值的功能性分子标记之一。根据开发 SSR 标记的来源序列性质不同, 可以分为基因组 SSR (Genomic SSR, gSSR) 和表达序列标签 SSR (Expressed sequence tag-SSR, EST-SSR)。开发 gSSR 需要构建基因组

文库、探针杂交、克隆测序等繁杂的操作过程, 不仅费用高, 难度大, 而且 gSSR 具有种属特异性, 极大地限制了其发展和应用。EST-SSR 则可以直接基于公共数据库中的 EST 序列开发, 除具备传统基因组来源的 SSR 标记众多优势外, 具有信息量大、通用性好、开发简单、可能与基因功能表达有直接或间接关系等优点, 在多种植物中已建立该标记, 并应用于遗传多样性、遗传作图等研究中。但目前马蹄香 EST 序列的情况尚未明晰, 更无利用马蹄香 EST 序列开发 EST-SSR 的报道。本实验对现有马蹄香 EST 序列中的 SSR 信息进行了较为全面的分析, 为了解马蹄香 EST 资源的特性, 进一步开发、利用马蹄香 EST-SSR 标记奠定了基础。

## 1 材料与方法

1.1 马蹄香 EST 来源: 从 NCBI (The National Center for Biotechnology Information) 网站的 GenBank 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 下载马蹄香 EST 序列, 数据截止至 2009 年 2 月。

1.2 EST 序列拼接: 用 Sequencher 4.8 软件 (Gene Codes Corporation, 美国) 进行序列拼接 (Contig assembly)。拼接参数为: 序列重叠不少于 50 个核苷酸, 相似度不低于 95%, 得到 Uni-ESTs 序列。

1.3 SSR 筛选: 用 SciRoKo 3.4 软件<sup>[7]</sup> 对 Uni-ESTs 序列进行 SSR 扫描。筛选标准为: 单核苷酸最少重复 14 次, 二核苷酸最少重复 7 次, 三核苷酸最少重复 5 次, 四核苷酸、五核苷酸、六核苷酸最少重复 4 次。

## 2 结果与分析

2.1 EST 序列拼接: 从 GenBank 数据库上, 共下载到 10 274 条符合条件的马蹄香 EST 序列。为了减少冗余序列, 获得比单个 EST 序列更长且来自同一

基因的共有序列, 利用 Sequencher 4. 8 软件对马蹄香的 EST 序列进行拼接。共得到 Uni-EST 序列 6 643 条, 其中重叠序列(Contig)1 660 条, 独立序列(Singleton) 4 983 条。

2 2 马蹄香 EST-SSR 的分布和频率: 结果显示, 6 643 条 Uni-EST 序列的总长度为  $5. 11 \times 10^6$  bp, 平均长度为 769. 23 bp。从中搜索到 SSR 位点数为

1 408 个, 分布在 1 232 条 EST 序列中, 发生频率为 18. 55%, 平均每 3. 63 kb 含 1 个 SSR 位点。各类 SSR 片段的平均长度为 22. 30 bp, 每 Mbp 长度核苷酸序列上平均的 SSR 位点数为 275. 81 (表 1)。在 6 643 条 Uni-EST 序列中, 共查到 510 条含有非单核苷酸重复的 Uni-EST 序列, 占 Uni-EST 总数的 7. 68%, 其中 SSR 位点数为 595 个。

表 1 SSR 在马蹄香无冗余 EST 中的发生频率

Table 1 Occurrence frequency of SSR in non-redundant EST of *S. henryi*

| 重复类型   | SSR 数 | 占总 SSR 比例/% | 发生频率 / % | SSR 平均长度/bp | SSR 总长度/bp | 每 Mbp 核苷酸含 SSR 位点数 |
|--------|-------|-------------|----------|-------------|------------|--------------------|
| 单核苷酸重复 | 813   | 57. 74      | 12. 24   | 21. 69      | 17 634     | 159. 26            |
| 二核苷酸重复 | 333   | 23. 65      | 5. 01    | 24. 52      | 8 165      | 65. 23             |
| 三核苷酸重复 | 198   | 14. 06      | 2. 98    | 20. 70      | 4 099      | 38. 79             |
| 四核苷酸重复 | 26    | 1. 85       | 0. 39    | 18. 15      | 472        | 5. 09              |
| 五核苷酸重复 | 11    | 0. 78       | 0. 17    | 23. 55      | 259        | 2. 15              |
| 六核苷酸重复 | 27    | 1. 92       | 0. 41    | 28. 74      | 776        | 5. 29              |
| 总计     | 1 408 | 100         | 21. 20   | 137. 34     | 31 405     | 275. 81            |

发生频率(%)= 含 SSR 位点序列数/ 序列总数

Occurrence frequency (%) = number of SSR containing sequences/ total number of sequences

马蹄香中 EST-SSR 的重复类型比较丰富, 单核苷酸重复至六核苷酸重复类型都能检测到(表 1)。从 SSR 位点数量上来看, 在所有 1 408 个 SSR 中, 出现最多的是单核苷酸重复, 共 813 个, 占总 SSR 的 57. 74%, 发生频率为 12. 24%; 其次为二核苷酸重复, 共 333 个, 占总 SSR 的 23. 65%, 发生频率为 5. 01%; 三核苷酸重复为 198 个, 占总 SSR 的 14. 06%, 发生频率为 2. 98%; 四、五、六核苷酸重复较少, 分别有 26、11、27 个; 共占总 SSR 的 4. 55%, 发生频率共计 0. 97%。各类 SSR 的总长度最大值为 17 634 bp, 最小值为 259 bp, 总长度从大到小的排列顺序与 SSR 位点数量多少的顺序相同。各类 SSR 的平均长度差异较大, 六核苷酸重复最长, 为 28. 74 bp, 四核苷酸最短, 为 18. 15 bp。每 Mbp 核苷酸序列上包含的 SSR 位点总数为 275. 81, 其中每 Mbp 核苷酸序列包含的单核苷酸 SSR 位点数最多, 五核苷酸 SSR 位点数最少。每 8. 17 个 Uni-EST 中存在一个单核苷酸 SSR 位点, 发生频率最高, 其次为二核苷酸、三核苷酸; 每 603. 91 个 Uni-EST 中存在一个五核苷酸 SSR 位点, 发生频率最低。

2 3 EST-SSR 重复基元的类型特征: 马蹄香基因组中主要重复基元的数目、种类见表 2。单核苷酸 SSR 中的重复基元为 A/T 和 C/G, 其中 A/T 基元 807 条占到该类基元的 99. 26%。二核苷酸 SSR 中重复基元有 3 种, 其中 AG/CT 基元数目最多, 有 286 条(85. 89%), AC/GT 最少, 为 6 条(2. 70%), 见图 1。

表 2 马蹄香基因组中 EST-SSR 的主要基元

Table 2 Main repeat motifs in EST-SSR of *S. henryi*

| 基元      | 数量 | 基元        | 数量 | 基元          | 数量 |
|---------|----|-----------|----|-------------|----|
| A/T 807 |    | AG/CT 286 |    | AAG/CTT 102 |    |
| C/G 6   |    | AT/AT 38  |    | AGC/GCT 27  |    |
|         |    | AC/GT 9   |    | AGG/CCT 17  |    |
|         |    |           |    | ATC/GAT 16  |    |
|         |    |           |    | ACC/GGT 11  |    |
|         |    |           |    | AAC/GTT 9   |    |
|         |    |           |    | CCG/CGG 6   |    |
|         |    |           |    | ACG/CGT 5   |    |
|         |    |           |    | AAT/ATT 3   |    |
|         |    |           |    | ACT/AGT 2   |    |
| 共计 813  |    | 333       |    | 198         |    |
|         |    |           |    |             | 26 |

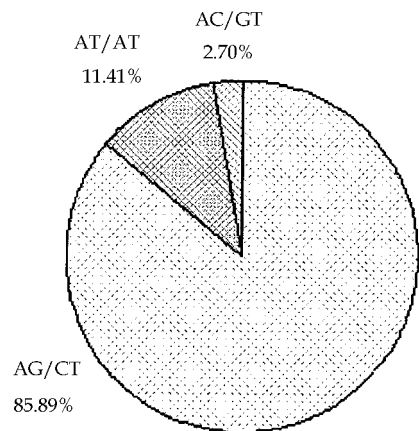


图 1 马蹄香基因组中二核苷酸重复基元组成百分比  
Fig 1 Percentage of different motifs in dinucleotide repeats of *S. henryi*

三核苷酸 SSR 中重复基元的种类最丰富, 有 10 种, 共计 198 条, 其中 AAG/CTT 基元的数量最多, 出现了 102 次 (51.52%), 见图 2。四核苷酸 SSR 中的重复基元有 10 种, 数量较少, 仅 26 条。

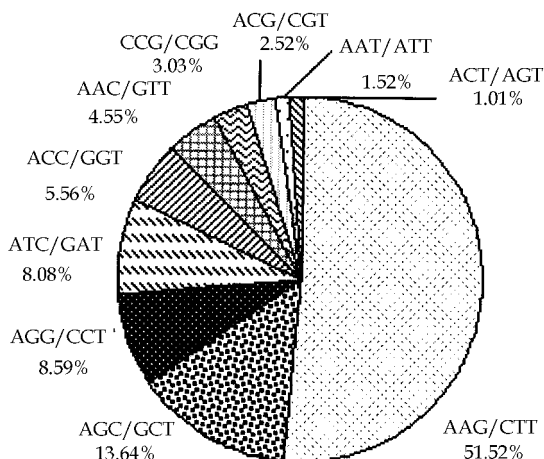


图 2 马蹄香基因组中三核苷酸重复基元组成百分比

Fig 2 Percentage of different motifs in trinucleotide repeats of *S. henryi*

### 3 讨论

表达序列标签在国际公共数据库中迅猛增长, 为遗传分析提供了丰富资源。现有文献报道表明在不同物种中 SSR 出现的频率各不相同, 本研究从 6 643 条 Uni-EST 序列中检索到 1 408 个 SSR 位点, 1 232 条含 SSR, 占 Uni-EST 总数的 18.55%, 高于油菜 (13.58%)<sup>[8]</sup>、人参 (9.37%)<sup>[9]</sup>、水稻 (4.7%)、玉米 (1.4%)<sup>[10]</sup> 等物种, 表明马蹄香 EST 中可能含有较为丰富的 SSR。EST-SSR 的频率一般是通过搜索数据库中 EST 序列估算出来的, 当采用不同搜索 SSR 长度、重复类型等标准以及分析数据多少不同时, 均可能造成 EST-SSR 的分布频率、特点等发生较大变化, 导致统计结果不一致, 这种差异也可能是物种间 SSR 信息差异的真实体现。

从目前的报道来看, 大多数植物的 EST-SSR 主要属于二、三核苷酸重复类型, 但不同物种间主导重复基元的类型有所差异。例如在拟南芥、大豆<sup>[11]</sup>、柑橘<sup>[12]</sup> 等中以三核苷酸重复为主, 在茶树<sup>[13]</sup>、人参<sup>[9]</sup>、猕猴桃<sup>[14]</sup> 等中二核苷酸重复占了主导地位, 而在油菜<sup>[8]</sup>、黄瓜<sup>[15]</sup>、谷子<sup>[16]</sup> 中二、三核苷酸重复所占比例较为接近。与其他物种相比, 马蹄香的 EST-SSR 既与它们有相似性又具有自身特点。马蹄香的 EST-SSR 以单核苷酸为主, 其中 A/T 基元最多。其次为二核苷酸重复类型, 并且与报道的多数植物相同, AG/CT 在马蹄香的二核苷酸重复类型中占绝对优势。三核苷酸重复种类最为丰

富, 其中 AAG/CTT 重复最多, 与 Gao 等<sup>[17]</sup> 对大豆、Cardle 等<sup>[18]</sup> 对拟南芥、金基强等<sup>[13]</sup> 对茶树的研究结果类似, 进一步验证了 Gao 等<sup>[17]</sup> 关于在双子叶植物中 AAG/CTT 重复丰度很高的推测。

在 cDNA 文库中, 高表达基因转录过于丰富, 测序后会产生冗余 EST, 随机或鸟枪法测序也会产生冗余 EST, 此外数据库中的 EST 是由不同研究者登记的, 也会导致同一表达基因的 EST 重复出现。冗余数据可能由于存在大量的错误而难以处理, 对分析 SSR 信息也会产生重要影响, 因此本研究采用 Sequencher 4.8 软件进行辅助处理, 得到 6 643 条无冗余 EST, 为进一步明确马蹄香的 EST-SSR 信息奠定了基础。

由于真核生物基因存在 Poly(A) 和 Poly(T) 结构, 而这一结构上的单核苷酸重复不能算作 SSR 重复序列<sup>[19]</sup>, 因此在微卫星引物开发过程中这些单核苷酸重复序列被认为是无用的, 予以删除。马蹄香 Uni-EST 序列中共有 722 条含有单核苷酸重复的 Uni-EST 序列, 510 条不含有单核苷酸重复的 Uni-EST 序列, 这 510 条序列将用于后续的引物开发。

本研究明确了马蹄香 EST-SSR 的基本特性, 为进一步开发 EST-SSR 标记奠定了基础, 对加速马蹄香 EST 资源的开发利用、遗传多样性评价、特定性状的辅助选择、比较基因组学研究等都具有重要意义。

#### 参考文献:

- [1] 中国植物志编辑委员会. 中国植物志 [M]. 北京: 科学出版社, 1988
- [2] Gregory M P. A phyletic rearrangement in the Aristolochiaceae [J]. *Amer J Bot*, 1956, 43: 110-122
- [3] 徐文友, 袁伍会, 王桂莲, 等. 马蹄香的生药学研究 [J]. *西安医科大学学报*, 1996, 17(1): 74-76
- [4] Igarashi S, Fukuda H. *The Life Histories of Asian Butterflies* [M]. Tokyo: Tokai University Press, 1997
- [5] 陈灵芝. 中国的生物多样性——现状及保护对策 [M]. 北京: 科学出版社, 1993
- [6] 彭强, 赵桦, 张国柱. 马蹄香的生药学鉴定及其与华细辛的鉴别 [J]. *中草药*, 2005, 36(2): 277-280
- [7] Kofler R, Schöberer C, Lelley T. SciRoKo: a new tool for whole genome microsatellite search and investigation [J]. *Bioinformatics*, 2007, 23: 1683-1685
- [8] 李小白, 张明龙, 崔海瑞. 油菜 EST 资源的 SSR 信息分析 [J]. *中国油料作物学报*, 2007, 29(1): 20-25
- [9] 杨成君, 王军. 人参 EST 资源的 SSR 信息分析 [J]. *植物生理学通讯*, 2008, 44(1): 69-73
- [10] Kantety R V, Rota M L, Matthews D E. Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat [J]. *Plant Mol Biol*, 2002, 48: 501-510
- [11] Cardle L, Ramsay L, Milbourne D, et al. Computational and experimental characterization of physically clustered simple

- sequence repeats in plants [J]. *Genetics*, 2000, 156: 847-854
- [12] Chen C X, Zhou P, Choi Y A, *et al* Mining and characterizing microsatellites from citrus ESTs [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1248-1257
- [13] 金基强, 李素芳, 龚晓春, 等. 茶树 EST 资源中 SSR 的信息分析 [J]. 科技通报, 2006, 22(4): 471-476
- [14] Fraser L G, Harvey C F, Crowhurst R N, *et al* EST-derived microsatellites from *Actinidia* species and their potential for mapping [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 1010-1016
- [15] Kong Q, Xiang C, Zhang C, *et al* Mining characterizing microsatellites in *Cucumis melo* expressed sequence tags from sequence database [J]. *Mol Ecol Notes*, 2007, 7: 281-283
- [16] Jia X P, Shi Y S, Song Y C, *et al* Development of EST-SSR in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2006, 54: 233-236
- [17] Gao L F, Tang J F, Li H W, *et al* Analysis of microsatellites in major crops assessed by computational and experimental approaches [J]. *Mol Breed*, 2003, 12: 245-261
- [18] Cardle L, Ramsay D, Milbourne D, *et al* Computational and experimental characterization of physically clustered in simple sequence repeats in plants [J]. *Genetics* 2000, 156: 847-854
- [19] 孙佳莹, 辛大伟, 单彩云, 等. SS 标记开发软件 SSR MINING 1.0 的编制 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(10): 3336-3342

## 喜树枝叶采收型品系海喜 1 号喜树碱的组织分布特征研究

于景华, 常 影, 张学科, 祖元刚\*, 唐中华, 贾雪莹

(东北林业大学 森林植物生态学教育部重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150040)

**摘要:**目的 研究喜树枝叶采收型品系海喜 1 号喜树碱的组织分布特征, 为合理利用提取依据。方法 以四川种源的普通喜树为对照, 采用高效液相色谱法, 检测了喜树品系——海喜 1 号各器官不同组织部位喜树碱的量。结果 各器官不同组织部位, 海喜 1 号喜树碱量普遍高于普通喜树, 特别是半木质化枝条韧皮部显著高于普通喜树( $P < 0.01$ ), 幼叶喜树碱量显著高于普通喜树( $P < 0.05$ ); 不同品系的喜树均表现出幼嫩枝叶喜树碱量高于成熟组织的特点, 但喜树碱在不同器官的组织分布模式并不相同, 幼嫩器官和主根为离心式分布, 而成熟器官(木质化枝条、主干)是向心式分布。结论 海喜 1 号具有枝叶一年多次、连年采收利用模式的种质类型, 喜树碱在海喜 1 号中的这种分布模式反映了喜树碱化学防御功能作用的转变。

**关键词:** 喜树; 品系; 喜树碱; 组织分布

中图分类号: R282.2

文献标识码: A

文章编号: 0253-2670(2010)03-0468-05

### Distribution characteristics of camptothecin in branches and leaves of harvest pattern

#### *Camptotheca acuminata* Hisun-I'

YU Jing-hua, CHANG Ying, ZHANG Xue-ke, ZU Yuan-gang, TANG Zhong-hua, JIA Xue-ying

(Key Laboratory of Forest Plant Ecology, Ministry of Education, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China)

**Abstract:** **Objective** To study the tissue distribution characteristics of harvest pattern camptothecin (CPT) in branches and leaves of *Camptotheca acuminata* Hisun-I' (HI). **Methods** Taking the variety of *C. acuminata* originally from Sichuan Province (SC) as control, the contents of CPT in different tissues of the organs in *C. acuminata* HI were detected by HPLC. **Results** In the different tissues, the CPT level in *C. acuminata* of HI was higher than that in *C. acuminata* of SC, especially in the semi-lignified branch of phloem ( $P < 0.01$ ) and young leaves ( $P < 0.05$ ). All the different strains of *C. acuminata* showed that the contents of CPT in young leaves and branches are higher than those in mature tissue, but the distribution pattern of CPT in the different tissues of organs was distinct. In the tender organs and main roots, the distribution was in an efferent way and in the lignified branch and main stem organs, the distribution was in an afferent model. **Conclusion** The line of HI is the germ plasm type suitable for multiple times in one year and consecutive years for harvest. The distribution pattern of CPT in HI might be correlated with the

①收稿日期: 2009-06-10

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30840019); 黑龙江省自然科学基金资助项目(C200511, C0233)

作者简介: 于景华(1972—), 黑龙江省庆安县人, 副教授, 博士, 长期从事植物种质资源及新种质选育、生理生态特性等领域的教学和研究工作, 在该领域已发表 20 余篇研究论文, 出版学术专著 3 部, 获国家级科技奖励 1 项。

Tel: (0451)82190259 E-mail: jinghuay@gmail.com

\*通讯作者 祖元刚 Tel: (0451)82191517 Fax: (0451)82102082 E-mail: zygorl@vip.hl.cn