

文章编号: 0529-6579 (2000) 05-0129-02

红豆杉科及其相关类群的 RAPD 分析^{*}

王 艇¹, 苏应娟¹, 朱建明¹, 范国宽¹, 黄 超²

(1. 中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275; 2. 湖北中医学院药理学系)

关键词: 红豆杉科; 三尖杉科; 罗汉松科; RAPD

中图分类号: Q949.66 文献标识码: A

红豆杉科 Taxaceae、三尖杉科 Cephalotaxaceae 和罗汉松科 Podocarpaceae 系统学研究一直都存在许多困难和分歧. 目前对 3 科的研究主要集中在形态学、细胞学方面^[1,2], 但有关 3 科植物的分子系统学和进化遗传学方面的研究却开展得非常有限. 本文应用 RAPD 技术对 3 科植物的分类与系统发育进行了综合研究.

1 材料与方法

1.1 材料 选择罗汉松 (*Podocarpus macrophyllus*)、红豆杉 (*Taxus chinensis*)、南方红豆杉 (*Taxus chinensis* var. *mairei*)、白豆杉 (*Pseudotaxus chienii*)、穗花杉 (*Amentotaxus argotaenia*)、云南穗花杉 (*Amentotaxus yunnanensis*)、云南榧树 (*Torreya yunnanensis*)、三尖杉 (*Cephalotaxus fortunei*)、粗榧 (*Cephalotaxus sinensis*)、海南粗榧 (*Cephalotaxus hainensis*)、篦子三尖杉 (*Cephalotaxus oliveri*) 为植物材料.

1.2 植物 DNA 提取与 PCR 扩增 操作步骤见文献 [3]. 筛选 Operon 公司 (A、C、D、E 组) 随机引物, 其中 15 个引物扩增出的产物可得清晰带型, 相对分子质量范围 280~3 700 bp. 14 个引物的 RAPD 带型均呈多态性 (图 1).



图 1 OPE-12 扩增结果

Fig.1 11 species amplified by OPE-12 primer

- 1 *Podocarpus macrophyllus*; 2 *Taxus chinensis*;
3 *Taxus chinensis* var. *mairei*; 4 *Pseudotaxus chienii*;
5 *Amentotaxus argotaenia*; 6 *Amentotaxus yunnanensis*;
7 *Torreya yunnanensis*; 8 *Cephalotaxus fortunei*;
9 *Cephalotaxus sinensis*; 10 *Cephalotaxus hainensis*;
11 *Cephalotaxus oliveri*; M λ DNA/EcoR I + Hind III

1.3 数据处理 任意 2 个样本间的遗传距离 (D) 根据以下公式计算

$$D = 1 - F, F = 2N_{XY} / (N_X + N_Y)$$

其中 N_X 、 N_Y 分别是样本 X 、样本 Y 扩增出的 DNA 片段总数, N_{XY} 是样本 X 和样本 Y 共有的 DNA 片段数. 根据遗传距离采用 UPGMA 法进行聚类分析, 构建树系图 (图 2).

2 讨论

鉴于曾有学者把三尖杉科和罗汉松科包括在红豆杉科内作为该科的属来处理, 而且三尖杉科和罗汉松科的归属与分类地位至今也还存有争议, 本文将红豆杉科、三尖杉科和罗汉松科作为一个整体加以研究, 应用 RAPD 技术分析三科间的亲缘关系及系统位置. 结果显示, RAPD 技术适用于三科系统发育研

* 基金项目: 国家自然科学基金 (39500013; 39700117) 资助项目; 广东省自然科学基金 (950099; 970176) 资助项目; 广州市重点科技攻关资助项目

收稿日期: 2000-03-09; 作者简介: 王艇 (1969~), 男, 副教授, 博士.

究。红豆杉科共产生 125 条不同相对分子质量的谱带, 其中 105 条带表现多态性 (占 77.8%); 三尖杉科和罗汉松科共产生 94 条不同相对分子质量的谱带, 其中 60 条带表现多态性 (占 77.5%)。各引物的扩增产物中几乎均有 1~2 条较明显的主扩增带。可将红豆杉科、三尖杉科和罗汉松科分为 3 个类群: 红豆杉科与三尖杉科、三尖杉科与罗汉松科、红豆杉科与罗汉松科之间的遗传距离分别为 0.480、0.472 和 0.561, 提示红豆杉科、三尖杉科与罗汉松科之间有较密切的联系。红豆杉科中, 云南穗花杉、穗花杉与南方红豆杉和红豆杉间的平均遗传距离为 0.315, 小于红豆杉科 6 种实验材料间的平均遗传距离 0.349, 所以穗花杉属应置于红豆杉科内, 不应独立成科。白豆杉与红豆杉属植物关系密切, 遗传距离为 0.309, 支持将白豆杉处理为红豆杉科内的一个属。榧树属和穗花杉属遗传距离 0.449, 榧树属独自聚为一类。支持把红豆杉科分为红豆杉族 (包括红豆杉属和白豆杉属)、穗花杉族、榧树族的处理方式。一般认为三尖杉科仅包括三尖杉属一属, 叶片比较观察^[2]、胚胎学研究均建议三尖杉属分为三尖杉组 (Sect. *Cephalotaxus*) 和篦子三尖杉组 (Sect. *Pectinatae*)。RAPD 结果支持篦子三尖杉独立成组的观点。竹柏类是罗汉松科中的一个颇为引人注目的类群。RAPD 分析结果显示竹柏类植物应保留在罗汉松属内, 不应独立成科^[3]。

参考文献:

- [1] 桂耀林, 胡玉熏. 红豆杉属叶子的表皮特征与分类的关系[J]. 植物分类学报, 1974, 12(3): 329~333.
- [2] 胡玉熏. 三尖杉属植物叶片结构的比较观察[J]. 植物分类学报, 1984, 22(4): 289~296.
- [3] SU Y J, WANG T, YANG W D, et al. DNA Extraction and RAPD Analysis of Pod Podocarpus[J]. 中山大学学报(自然科学版), 1998, 37(4): 13~18.

RAPD Analyses of Taxaceae and Its Related Taxa

WANG Ting^{*}, SU Ying-juan, ZHU Jian-ming, FAN Guo-kuan, HUANG Chao

Abstract: Eleven species of Taxaceae and its related taxa were analyzed by RAPD. 15 primers screened from 80 random primers were found to produce clear patterns and 14 of them showed polymorphic. The results generated by utilizing UPGMA method to cluster the genetic distances calculated from RAPD data implied: ① both of the two genera, *Amentotaxus* and *Pseudotaxus* should be included in Taxaceae; it is not necessary to treat *Amentotaxus* as a separated family; ② Taxaceae could be divided into three tribes, Taxaceae (including *Taxus* and *Pseudotaxus*), Amentotaxaceae and Torreyaaceae; ③ it was supported to construct sect. *Pectinatae* to show the special taxonomic position of *Cephalotaxus oliveri* in the genus of *Cephalotaxus*; ④ the 11 species were clustered into three groups corresponding to the Taxaceae, Cephalotaxaceae and Podocarpaceae; Podocarpaceae was more close to Cephalotaxaceae than it to Taxaceae.

Keywords: Taxaceae; Cephalotaxaceae; Podocarpaceae; RAPD

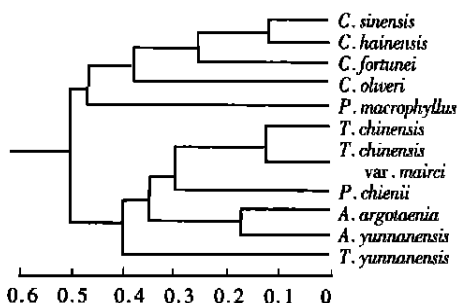


图 2 根据 RAPD 数据用 UPGMA 法构建的树系图

Fig. 2 Dendrogram generated using UPGMA algorithm to cluster RAPD data

^{*} School of Life Sciences, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China