

文章编号: 0529-6579 (1999) 01-0107-110

金缕梅亚科 ITS 序列分析及其系统发育初探^{*}

章 群, 施苏华^{**}, 黄椰林, 谈凤笑, 张宏达

(中山大学生命科学学院, 广州 510275)

摘 要: 对金缕梅亚科部分植物的细胞核核糖体 DNA ITS 区 (含 5.8S) 序列进行分析, 并构建分子系统树. 结果表明: 金缕梅亚科是单系类群, 金缕梅族为多系类群, 木属是本研究中金缕梅亚科内分化最早的一支, 而金缕梅属与弗特吉族关系密切; 蚊母树族、狭义的弗特吉族均不形成单系分支, 支持蚊母树族与弗特吉族合并; 秀柱花属是牛鼻栓属的姐妹群, 支持将牛鼻栓属并入秀柱花族.

关键词: 金缕梅亚科, nr DNA ITS, 5.8S nr DNA, 系统发育

分类号: Q 949.751.4 Q 751 **文献标识码:** A

金缕梅科 (Hamamelidaceae) 是金缕梅亚纲 (Hamamelidae) 的演化中心, 是被子植物系统发育中的一个关键科. 现代金缕梅科植物 31 属 140 余种, 其中具有单个胚珠的金缕梅亚科 (Hamamelidoideae) 是金缕梅科 6 个亚科中种系最盛、最复杂的亚科, 共有 23 个属, 100 余种. 尽管学者们对金缕梅亚科进行了深入系统的研究, 但因原始性状与进化性状并存较多, 仅根据表型特征来研究其系统发育存在不少困难, 因而长期以来关于亚科中的演化问题意见分歧较大. 分子数据, 特别是 DNA 序列, 对研究和揭示植物的系统进化过程具有重要意义. 施苏华等利用 nrDNA ITS 区序列分析探讨了金缕梅科部分植物的系统发育问题, 取得一定成果^[1,2]. 本研究测定和分析了蚊母树 (*Distylium buxifolium*)、秀柱花 (*Eustigma oblongifolium*)、西亚金缕梅 (*Parrotia persica*)、南亚金缕梅 (*Parrotiopsis jacquemontiana*)、银缕梅 (*Shaniodendron subaequale*)、水丝梨 (*Sycopsis sinensis*) nrDNA ITS 序列 (含 5.8S rDNA), 并与金缕梅亚科其它植物 nr DNA ITS 区比较, 构建分子进化树, 进而探讨金缕梅亚科内系统发育关系.

1 材料与方法

选用植物的新鲜叶片提取 DNA. 材料来源见表 1.

总 DNA 的提取采用 CTAB 法, 经纯化后采用文 [3] 方法扩增 nrDNA ITS 区, PCR 产物经 QIAGEN 公司的 PCR 纯化试剂盒纯化后直接用于测序. 测序引物为: C5.8S, ITS4,

^{*} 基金项目: 国家自然科学基金 (39570052, 39970057); 广东省自然科学基金 (970190)

^{**} 通讯联系人

收稿日期: 1998-09-13 第一作者简介: 章群, 男, 30 岁, 博士研究生, 现在暨南大学工作

N5. 8S, N18L18. 用 T₇ DNA Sequenase Version 2.0 Kit (Amersham), 并用 α-³⁵S-dATP 标记测序反应产物用 w 为 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离, 然后将胶转移到 3 mm Whatman 滤纸上, 50 ℃ 烘箱干燥 3 h, 放射自显影 3 d^[3].

表 1 材料及其来源
Tab 1 The taxa and origin

学 名	采集人与标本号	采集地
<i>E. oblongifolium</i>	邢福武/ 6746	香港大雾山
<i>D. buxifolium</i>	郝日明/ 974004	江苏植物所
<i>P. persica</i>	Fritsch P 和 Bartholomew B/ Wen97001	美国加州植物园
<i>Pp. jacquemontiana</i>	Jack Alexander/ 765-65D	Stybing Arboretum, USA
<i>S. subaequata</i>	郝日明/ 951004	南京中山植物园
<i>Sycopsis sinensis</i>	李湘萍/ 97001	南京中山植物园

按照最大同源性原则排列所测序列及前人所测双花木 *Distanthus ceradifolius*、木 *Loropetalum chinensis*、牛鼻栓 *Fortunearia sinensis*、弗特吉 *Fothergilla major*、金缕梅 *Hamamelis mollis* 等序列^[1]. 利用 Phylip 3.5 软件包中 Seqboot 程序生成 100 个自展数据集; 以双花木为外群, 采用 Dnapenny 程序, 选用 G 项构建最简约的系统树; 经 Consensus 程序计算多数一致树, 使用枝长, 用 Drawgram 绘出系统树图.

2 结果与讨论

使用 100 个自展数据集, 利用 Dnapenny 程序经计算获得 424 棵最简约系统树, 50% 大数一致树 (图 1).

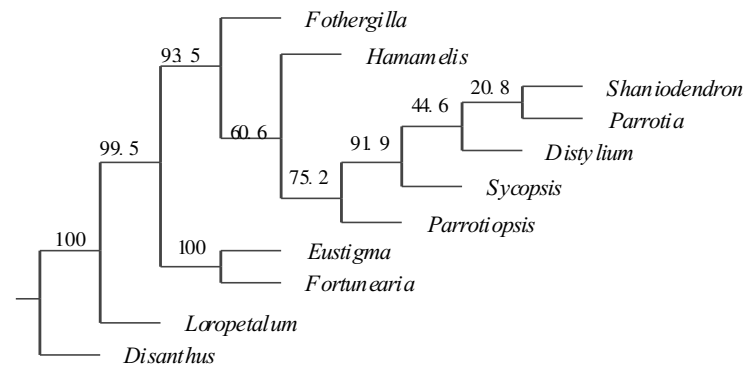


图 1 金缕梅亚科部分植物 50% 多数一致树
Fig 1 Majority-rule consensus tree of Hamamelidae
数字表示自展数据的支持率/ %, 横座标表示枝长

最近研究及我们的工作 (待发表) 表明, 双花木亚科 (Disanthoideae) 为金缕梅亚科的姐妹群, 故选用双花木作为外类群. 结果表明: 金缕梅亚科是单元起源的; 金缕梅族 (Hamamelideae A. DC.), 蚊母树族 (Distylieae Hamms), 狭义的弗特吉族 (Fothergilleae A. D.) 均不形成单系分支; 金缕梅族表现为多系演化的特征, 木属是本研究中金缕梅亚科内分化最早的一支, 而金缕梅属与弗特吉族关系密切; 秀柱花属是牛鼻栓属的姐妹群; 金缕梅属、狭义的弗特吉族、蚊母树族组成了一个自展数据支持率高的分支 (93.5%), 其中弗特吉属位于该分支的基部, 接着分出的是金缕梅属, 然后是南亚金缕梅

属, 最后银缕梅属、西亚金缕梅属、蚊母树属和水丝梨属组成了金缕梅亚科最上部的分支。

本研究与文 [1] 和文 [2] 的研究具有很大的一致性, 不同之处仅表现在文 [1] 中金缕梅属、弗特吉属、银缕梅属—蚊母树属呈 3 歧分支, 但它们共同构成一个单系分支, 与本研究一致; 文 [2] 中, 水丝梨属、蚊母树属的相对系统位置与本研究不一致, 但由于内部分支自展数据支持率不高, 因而与文 [2] 并不矛盾。

关于金缕梅亚科的演化问题, 意见分歧较大, Harms^[4], Bogle 等^[5], 张宏达^[6,7] 和 Endress^[8] 等各自提出了一个分类系统, 对族和亚族作了不同的划分。

秀柱花属和牛鼻栓属在解剖学方面都保持着相当原始的结构, 木薄壁组织不发达, 导管的梯形穿孔数目较多, 花瓣退化; 从 ITS 分子系统树看, 两者组成一个关系十分密切的姐妹群, 自展数据支持率为 100%, 支持 Endress^[8] 将牛鼻栓属并入秀柱花族。

从木材解剖看, 南亚金缕梅属、水丝梨属、蚊母树属、西亚金缕梅属、银缕梅属都具有较进化的结构, 而弗特吉族比此 5 属原始; 南亚金缕梅属与弗特吉属、西亚金缕梅属形态相似。银缕梅属是新成立的单种属, 曾根据果枝标本定名为 *Hamamelis subaequalis*^[9], 但后来发现缺少花瓣, 进一步研究认为该属与西亚金缕梅属关系密切^[8]。狭义的弗特吉族中的西亚金缕梅和蚊母树族中水丝梨属不仅形态相似, 而且能够属间杂交, 为蚊母树族并入弗特吉族提供了直接的证据; 银缕梅属花部形态特征淡化了两族之间的界线, 为 2 族合并提供了更直接的证据。事实上, 张宏达^[10] 将蚊母树族并入和塞纪木族 (即弗特吉族), 但他当时的处理包括山白树属 (*Sinowilsonia*), Endress 将山白树属移入秀柱花属^[8]。ITS 系统演化树从分子水平上支持了蚊母树族与弗特吉族的合并, 表明了南亚金缕梅属与弗特吉属和西亚金缕梅属的关系; 银缕梅属、西亚金缕梅属、蚊母树属和水丝梨属组成了一个自展数据支持率高的单系分支, 说明 4 属系统关系很近, 但内部分枝极短, 自展数据的支持率低, 考虑到金缕梅亚科内形态分化强烈, 此 4 属相互关系有待进一步研究。

值得注意的是, 在 ITS 系统演化树上, 金缕梅族明显表现为多系, 金缕梅属与 木属相距甚远。金缕梅属与弗特吉族表现为同一姐妹群, 这与形态解剖学证据相符: 西亚金缕梅属的叶与银缕梅属的果枝, 弗特吉族木材解剖结构与金缕梅属极其相似。至于金缕梅属与 木属的关系, 人们早就注意到前者在金缕梅族中处于比较孤立的地位, 后来的研究发现, 两者花器官的个体发育差异很大, 其系统关系比较远就不难理解。

综上所述, ITS 序列分析支持 Endress 对秀柱花族的处理^[8], 支持将狭义的弗特吉族与蚊母树族合并成广义的弗特吉族。金缕梅属与弗特吉族关系十分密切, 而与 木属相距甚远, 很值得进一步研究与探讨。

致谢: 本研究承中国科学院华南植物研究所邢福武、刘念研究员, 江苏植物研究所郝日明先生, 南京林业大学李湘萍老师, 美国加洲自然博物馆 Frietsch P. 和 Bartholomew B 博士, 美国哈佛大学 Arnold 树林园 Alexander J. 博士提供部分实验材料, 谨此致谢。

参考文献:

- [1] SHI S H, CHANG H T, CHEN Y Q, et al. Phylogeny of the Hamamelidaceae based on the ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. *Biochem Systemat and Ecol*, 1997, 26: 55 ~ 69
- [2] 李建华, BOGLE A L, KLEIN A S, 等. 金缕梅科银缕梅属与帕罗堤属的亲缘关系——核糖体 DNA ITS 序列证据. *植物分类学报*, 1997, 35 (6): 481 ~ 493
- [3] WEN J, ZIMMER E A. Phylogeny and biogeography of *Panax* L. (the ginseng genus, Araliaceae): Inferences from ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. *Mol Phylogenet Evol*, 1996, 6: 166 ~ 177
- [4] HARMS H. Hamamelidaceae. In: ENGLER A, et al eds *Die naturlichen*. Aufl 2, 18a. Leipzig, 1930
- [5] BOGLE A L, PHILBRICK T C. A generic atlas of Hamamelidaceous pollens. *Contributions from the gray herbarium*, 1980, 210: 29 ~ 103
- [6] 张宏达. 金缕梅科. *中国植物志*, 第 35 卷第 2 分册. 北京: 科学出版社, 1979
- [7] 张宏达. 银缕梅. *中山大学学报 (自然科学版)*, 1960 (1): 35
- [8] ENDRESS P K. A suprageneric taxonomic classification of the Hamamelidaceae. *Taxon*, 1989, 38 (3): 371 ~ 376
- [9] 邓懋彬, 魏宏图, 王希冀. 银缕梅属——中国金缕梅科一新属. *植物分类学报*, 1992, 30 (1): 57 ~ 61
- [10] 张宏达. 广东植物区系的特点. *中山大学学报 (自然科学版)*, 1962 (1): 1 ~ 34

Phylogeny of Hamamelidoideae Based on the ITS Sequences

ZHANG Qun^{*}, SHI Suhua, HUANG Yelin, TAN Fengxiao, ZHANG Hongda (CHANG Hungta)

Abstract: The phylogeny of some genera of Hamamelidoideae was constructed based on sequences of the internal transcribed spacers (ITS) and the 5.8S coding region of nuclear ribosomal DNA. The monophyly of the subfamily Hamamelidoideae was strongly supported; the *Eustigma* and *Fortunearia* of the Tribe Eustigmateae (sensu Endress) was monophyletic; however the polyphylies of the Tribe Hamamelideae, the Tribe Fothergilleae (sensu stricto) and the Tribe Distyliaceae were suggested. In the tribe Hamamelideae, *Loropetalum* was cladistically basal in the study, *Hamamelis* was placed between *Fothergilla* and *Parrotiopsis* of the Tribe Fothergilleae. The Tribe Fothergilleae (*Fothergilla*, *parrotiopsis*, *Parrotia*) and the Tribe Distyliaceae (*Shaniodendron*, *Distylium* and *Sycopsis*) formed a well supported clade, generally recognizing the Fothergilleae (sensu lato).

Keywords: Hamamelidoideae, nrDNA ITS, 5.8S nrDNA, phylogeny

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