

# 买麻藤植物系统位置初探 ——分子生物学的证据\*

施苏华 张宏达

屈良鹤 余小强

(中山大学生物学系)

(中山大学生物工程研究中心)

**摘要** 小叶买麻藤(*Gnetum parvifolium* C. Y. Cheng)的大分子rRNA 5'端188个核苷酸序列已被准确测定。与4种裸子植物、5种被子植物及1种绿藻的同源序列比较分析所构建的种子植物系统树图表明:买麻藤类的系统位置比较特殊,其与裸子植物关系较密切,但是它们也有可能和被子植物形成三支并列的关系。

**关键词** 买麻藤, 序列分析, 大分子rRNA

买麻藤是一小群形态结构特殊、系统位置孤立的种子植物。买麻藤植物孢子体的与众不同的器官学和解剖学,以及生殖周期的许多特征,一个多世纪以来吸引了许多植物学家们的注意,并已做了大量的工作<sup>[1~3]</sup>。由于还没有确切的化石记录,人们只能根据其形态解剖等表形特征来研究这一群孤立的植物,而买麻藤的形态解剖结构又是整个种子植物中最为特殊的类型。Muhammad<sup>[2]</sup>指出:“与大多数分类群相比,买麻藤属似乎是原始性状和进步性状的一个组合舞台。”因此关于买麻藤的系统位置长期以来存在着争议。本文报道了小叶买麻藤5S-rRNA 5'端两个保守区188个核苷酸序列,并与部分裸子植物和被子植物的同源序列进行比较分析,对买麻藤植物的系统位置从分子水平上进行了初步的探讨。

## 1 材料与方 法

小叶买麻藤、*Gnetum parvifolium* C. Y. Cheng 树叶采自中山大学校园。(γ-<sup>32</sup>P)ATP购自北京福瑞公司, T4噬菌体多核苷酸激酶和逆转录酶购自华美公司。

### 1.1 大分子rRNA的制备<sup>[4]</sup>

新鲜买麻藤树叶用研钵研磨成粉末,以适当体积〔30ml/2g树叶〕抽提缓冲液(100mmol/L Tris-HCl, pH8.0; 50mmol/L EDTA, pH8.0; 500mmol/L NaCl; 10mmol/L巯基乙醇)和SDS(终浓1%)以及醋酸钾浓液〔终浓1mol/L〕抽提,12000rpm高速离心20min取水相,以0.6倍(V/V)异丙醇沉淀核酸。再以氯化锂(终浓2mol/L)沉淀大分子RNA,以2.5倍(V/V)无水乙醇沉淀RNA, -20℃冰箱保存待用。

本文1992年9月7日收到

• 国家自然科学基金资助项目



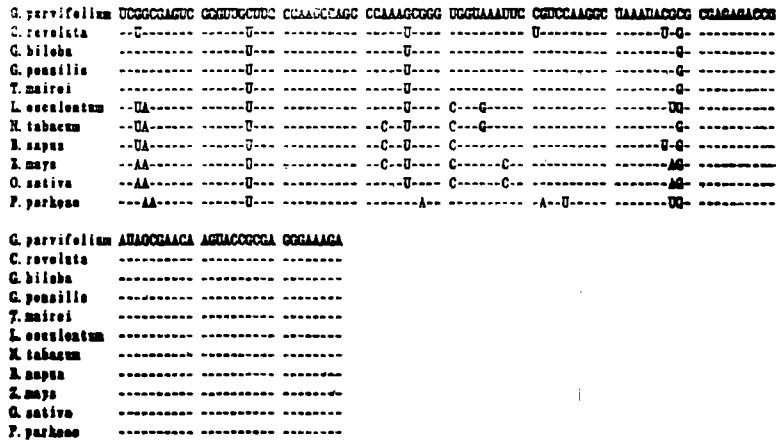


图2 种子植物25s rRNA 5'端部分序列(D1c)区排列  
Fig.2 Sequences alignments for the nucleotides of 25s rRNA 5' terminal D1c region. (Correction: "T. mairei" should be "C. hainanensis")

表1 种子植物25s-rRNA 5'端保守区(D1a + D1c)序列比较

(表右上方为不同植物之间的核苷酸差异数, 表左下方是经过校正的Knuc值)

Tab.1 Pairwise comparison of 25s rRNA 5' terminal conserved regions (D1a + D1c) sequences from seed plants. (The numbers of nucleotide differences between all the species are species are given in the upper right half of the table, and corresponding Knuc values in the lower left half of the table)

	G,m	C,r	G,b	G,p	c,h	L,e	H,t	B,n	Z,m	O,s	P,p
G,parvifolium		13	11	13	12	16	16	18	18	17	19
C,revoluta	0.073		4	10	9	11	11	9	16	15	21
G,biloba	0.061	0.021		6	5	10	10	10	14	13	18
G,pensilis	0.073	0.055	0.032		2	11	11	13	14	13	18
C,hainanensis	0.067	0.049	0.027	0.011		10	10	12	12	11	18
L,esculentum	0.091	0.061	0.055	0.061	0.055		3	6	9	8	19
N,tabacum	0.091	0.061	0.055	0.061	0.055	0.017		5	7	8	20
B,napus	0.103	0.049	0.055	0.072	0.066	0.033	0.027		10	11	21
Z,mays	0.103	0.091	0.079	0.079	0.067	0.049	0.039	0.056		1	20
O,sativa	0.104	0.085	0.073	0.073	0.061	0.044	0.044	0.061	0.005		19
F,parkeae	0.110	0.122	0.103	0.103	0.103	0.111	0.114	0.122	0.110	0.110	

藤类隶属于裸子植物门下的一个目或亚纲, 认为尽管买麻藤有许多特征与被子植物相似, 但仍然可以认为是表面现象和平行演化的结果<sup>[13]</sup>。③还有不少学者则主张买麻藤类应独立出来<sup>[14]</sup>。

从我们获得的分子生物学证据来看, 买麻藤是一类较为特殊的种子植物, 它们与其它裸子植物的分歧远远早于苏铁、银杏与松杉类之间的分歧, 即发生在裸子植物与被子植物分歧之后很短的时期。最近, 我们对大分子 rRNA 基因的分析表明, 买麻藤植物与其它裸子植物有相似的分子特征, 而与大多数被子植物有明显的差别。

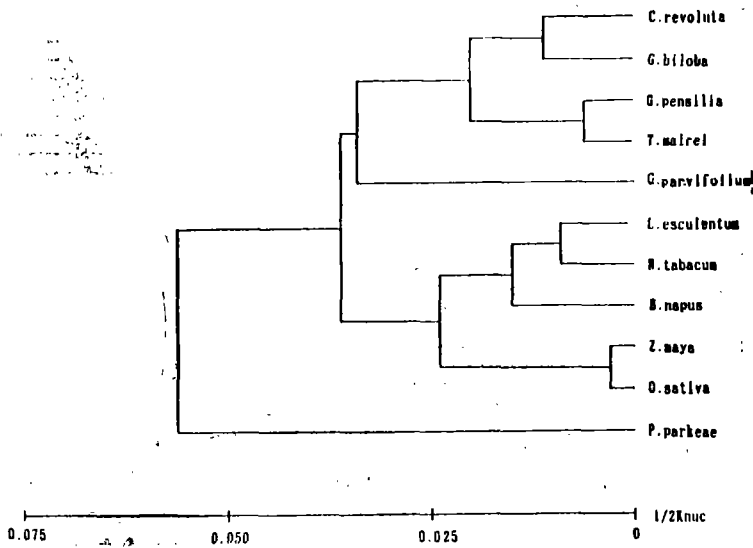


图3 种子植物25s rRNA系统树(D<sub>1a</sub>+D<sub>1c</sub>区),用表1中的Knuc值和简单成聚法构建,2个物种间的距离仅仅与它们在X轴(1/2 Knuc)上的总长度成正比,Y轴上的距离是任意的

Fig.3 Phylogenetic tree of rRNA from seed plants (D<sub>1a</sub>+D<sub>1c</sub>). The tree was constructed by using UPGMA method with Knuc values of Tab.1 In this representation, the distance between two species is proportional to the sum of the projections on the X axis (1/2 Knuc) of the branch lengths, on while the Y axis are arbitrary. (Correction: "T. mairei" should be "C. hainanensis")

### 参 考 文 献

- 1 Foster A S, Gifford E M. Comparative Morphology of Vascular plants, W H Freeman and Company, 1974
- 2 Muhammad A F, Sattler R. Amer J Bot, 1982, 69(6): 1004~1021
- 3 Troitsky A V et al. J Mol Evol, 1991, 32: 253~261
- 4 施苏华, 张宏达, 余小强, 屈良鹤. 中山大学学报(自然科学版), 1992, 31(4): 63~67
- 5 Takaiwa F et al. Gene, 1985, 37: 255~259
- 6 屈良鹤, 余小强, 施苏华, 张宏达. 中山大学学报(自然科学版), 1991, 30(1): 71~76
- 7 Kiss T et al. Nucleic Acids Res, 1989, 17: 796
- 8 Qu L H et al. J Mol Evol, 1988, 28: 113~124
- 9 Perasso R et al. Nature, 1989, 339: 142~144
- 10 Kimura M. J Mol Evol, 1980, 16: 111~120
- 11 Sneath F H A, Sokal R R. Numerical Taxonomy. W H Freeman and Company, San Francisco, 1973: 227~240
- 12 Thompson W P. Bot Gaz, 1918, 65: 83~90
- 13 Berridge E M. New phytol, 1911, 10: 140~144
- 14 Martens P. Les Gnetophytes (Handbuch a. pflanzen anatomie, band 12, Teil 2.) Gebruder Berntraeger, Berlin, 1971

## Molecular Evidence for the Relationship among Gnetum, Gymnosperm and Angiosperm

*Shi Suhua\* Qu Lianghu Yu Xiaoqiang Zhang Hongda*

**Abstract** 188 nucleotide sequence of 25s rRNA 5' terminal region from *Gnetum parvifolium* C.Y Cheng was determined, Comparing and analysing the sequeaces of 4 species of Gymnosperms, 5 species of Angiosperms and a green algae, a phylogenetic tree of rRNA was constructed, It may be concluded that Gnetum is a special group of seed plant and relates comparatively more closely to gymnosperm, But it is possible that there are the parallel relationships among gymnosperm,angiosperm and Gnetum.

**Keywords** *Gnetum parvifolium*,analysis of sequence,phylogenetic tree

---

\* Department of Biology,Zhongshan University