



中文标题

检索

跨刊检索

## 一种钩藤属植物的分子鉴定

投稿时间: 2010-09-13 责任编辑: 吕冬梅 [点击下载全文](#)

引用本文: 朱爽,周林,庞惠敏,黄宏薇,高晓霞,曾常青.一种钩藤属植物的分子鉴定[J].中国中药杂志,2011,36(5):535.

DOI: 10.4268/cjcm20110503

摘要点击次数: 758

全文下载次数: 258

广告合作



作者中文名	作者英文名	单位中文名	单位英文名	E-Mail
朱爽	ZHU Shuang	广东药学院 生命科学与生物制药学院, 广东 广州 510006	School of Life Science and Biopharmacology, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	
周林	ZHOU Lin	广东药学院 生命科学与生物制药学院, 广东 广州 510006	School of Life Science and Biopharmacology, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	
庞惠敏	PANG Huimin	广东药学院 生命科学与生物制药学院, 广东 广州 510006	School of Life Science and Biopharmacology, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	
黄宏薇	HUANG Hongwei	广东药学院 生命科学与生物制药学院, 广东 广州 510006	School of Life Science and Biopharmacology, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	
高晓霞	GAO Xiaoxia	广东药学院 药科学院, 广东 广州 510006	School of Pharmacy, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	
曾常青	ZENG Changqing	广东药学院 中药学院, 广东 广州 510006	School of Traditional Chinese Medicine, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China	gdzcy@163.com

基金项目: 国家自然科学基金项目(30800227)

中文摘要:目的:以核糖体转录间隔区(rDNA ITS)序列为分子标记,对1种钩藤属植物归类到种提供分子证据。方法:改良CTAB法提取钩藤植物材料总DNA,通过引物对rDNA ITS区序列进行PCR扩增,经过克隆、测序后,与GenBank中已有的钩藤属植物rDNA ITS区序列进行比对,并应用Clustal X、BioEdit等软件计算分析,用PAUP软件构建系统发育树。结果:测序得到该钩藤植物的rDNA ITS区序列长度为719 bp,序列分析结果显示该钩藤植物与GenBank中已有的华钩藤*Uncaria sinensis* rDNA ITS区序列之间相似性达99.7%,并且在系统发育树中并排聚类成一支。结论:基于rDNA ITS区序列的测序分析和系统发育树构建的分子生物学方法,能够对钩藤属植物进行准确的分子鉴定,为钩藤属中药材的种类鉴定和种间的分类地位提供分子生物学理论依据。

中文关键词:分子鉴定 钩藤 ITS序列

Molecular identification of one *Uncaria* plant

**Abstract:**Objective: In order to identify a species of *Uncaria*, molecular phylogenetic analysis was carried out by using the rDNA ITS sequence as molecular marker. Method: Total DNA was extracted from the plant with modified CTAB method and thereby rDNA ITS regions were amplified with universally conserved primer. The rDNA ITS amplicon was characterized by cloning, sequencing, blasting in GenBank and phylogenetic analyses using PAUP by maximum parsimony (MP) criteria. Result: The rDNA ITS entire sequence of this species of *Uncaria* was 719 bp. The sequence is related to the *U. sinensis* available in GenBank and the similarity reaches 99.7%. Conclusion: Based on molecular biology methods of rDNA ITS region analysis, molecular identification is available in accurate classification on this species of *Uncaria*.

**keywords:** molecular identification *Uncaria* ITS sequence

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)

版权所有 © 2008 《中国中药杂志》编辑部 京ICP备11006657号-4

您是本站第7606539位访问者 今日一共访问9395次 当前在线人数:38

北京市东直门内南小街16号 邮编:100700

技术支持: 北京勤云科技发展有限公司 [linetong.com](#)