甘草族分类与进化研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/19443.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

豆科甘草属植物（Leguminosae，Glycyrrhiza）是重要的生物资源，且是大宗中药材之一，其药用功能自古便被亚非欧多国所知。该属植物的药用甘草种类含有多种次生代谢物，其中甘草酸与甘草苷是《中国药典》规定的指标性成分，有祛痰止咳、益气补中、调和药性等功效。该属与假甘草属Glycyrrhizopsis组成了甘草族Glycyrrhizeae（如图）。目前，该族分类存在争议，在一定程度上影响了其应用。

科研人员在基因组浅层测序数据中提取低拷贝核基因，连同叶绿体基因组和核糖体DNA建树，并结合形态学和标本图像识别技术进行分类和系统发育学研究。研究发现，中亚特有的三叶甘草属Meristotropis应被并入甘草属，由此该属包含13个种；而其姊妹群假甘草属Glycyrrhizopsis为西亚安纳托利亚高原特有，仅含2种（如图）。在甘草属内，根部含有甘草酸的种类才具有药用价值，而该性状在属内独立起源2次。欧亚大陆的药用类群具有共同祖先，其后代均来自最近一百万年内的快速分化事件，这导致该类群内形态过度现象严重、分种最为混乱。本研究将含甘草酸的粗毛甘草、甘草（乌拉尔甘草）和胀果甘草处理为洋甘草Glycyrrhiza glabra的变种，同时归并了数个存疑种。

该研究在中国科学院华南国家植物园植物中心博士段磊和研究员陈红锋的带领下，由中国、美国、俄罗斯、土耳其等四国的研究人员合作完成。研究工作得到国家自然科学基金面上项目和广东省科技计划项目等的支持。相关研究成果在线发表在*Journal of Systematics and Evolution*上。此外，前期族级分类学研究和时空进化推演研究的相关成果分别发表在*PhytoKeys*与*Frontiers in Plant Science*上。

论文链接：1、2、3

上：甘草族系统发育重建与分种：A、叶绿体基因组树，B、核基因树（核糖体DNA+低拷贝核基因）；下：甘草（左上）、洋甘草（右上）、胀果甘草（左下）、刺毛甘草（右下）

研究团队单位：华南植物园

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发