



青花菜细胞质雄性不育相关 LncRNAs 的鉴定与表达分析

裴徐梨¹, 荆赞革^{1,2*}, 焦 鹏¹, 唐 征²

(1 昆明学院 农学与生命科学学院, 昆明 650214; 2 温州科技职业学院 农业与生物技术学院, 浙江温州 325006)

摘 要: 细胞质雄性不育系的应用可有效提高杂交种质量。该研究利用 illumina 测序技术鉴定青花菜细胞质雄性不育相关 LncRNAs, 对其靶基因和表达特征进行分析, 并随机选取 16 个 LncRNAs 用 qRT-PCR 技术检测其表达特征, 为进一步阐明 LncRNA 参与青花菜雄性不育发生机制提供新的路径。结果表明: (1) 鉴定获得青花菜雄性不育相关 LncRNAs 共 4 326 个, 其中 37 个 LncRNA 在不育系及其保持系中差异表达。(2) 差异 LncRNAs 可预测得到 370 个 *cis* 靶基因, 这些靶基因部分为雄性不育相关的转录因子和生物蛋白。(3) *XLOC_006651*, *XLOC_016660*, *XLOC_003494* 和 *XLOC_013121* 在不育系和保持系花蕾发育早期表达量较高, 之后随着花蕾的发育, 表达量逐渐下降; *XLOC_021769* 和 *XLOC_038964* 呈先降后升的表达模式, 且 *XLOC_038964* 和 *XLOC_012613* 在花蕾不同发育阶段不育系的表达量均高于保持系。(4) 16 个 LncRNA 均可在花梗、花萼、花瓣、雄蕊及雌蕊中表达, 且 *XLOC_038964*, *XLOC_011575*, *XLOC_013157*, *XLOC_039677*, *XLOC_037356*, *XLOC_034182* 和 *XLOC_017574* 呈现出相似的表达模式, 在雄蕊和花梗中表达量较低, 花萼和花瓣中较高, 雌蕊中表达量最高。

关键词: 青花菜; 细胞质雄性不育; LncRNA; 表达分析

中图分类号: Q785; Q786; S635 **文献标志码:** A

Identification and Expression Analysis of Cytoplasmic Male Sterile Related LncRNAs in Broccoli

PEI Xuli¹, JING Zan'ge^{1,2*}, JIAO Peng¹, TANG Zheng²

(1 College of Agriculture and Bioscience, Kunming University, Kunming 650214, China; 2 College of Agriculture and Biotechnology, Wenzhou Vocational College of Science and Technology, Wenzhou, Zhejiang 325006, China)

Abstract: The application of cytoplasmic male sterile (CMS) line can effectively improve hybrids quality. In this study, the LncRNAs related to cytoplasmic male sterility in broccoli were identified by Illumina sequencing, and their target genes and expression characteristics were also analyzed. Meanwhile, the expression patterns of 16 randomly selected LncRNAs were detected by qRT-PCR technology, which could provide new insights for further clarifying the mechanism of occurrence of male sterility involved by LncRNAs in broccoli. The results show that: (1) 4 326 LncRNAs related to male sterility were identified in broccoli. Among them, 37 LncRNA were differentially expressed between male sterility line and its maintainer. (2) 370 *cis*-target genes of these differentially expressed LncRNA were predicted, many of these target

收稿日期: 2021-11-15; 修改稿收到日期: 2022-04-01

基金项目: 云南省科技厅基础研究专项青年项目 (2019-1-C-25318000002236); 浙江省自然科学基金 (LY18C150006); 云南省应用基础研究计划项目 (2018FH001-044); 浙江省农业(蔬菜)新品种选育重大科技专项 (2021C02065-4-2); 温州市科技项目 (2019ZX007-2); 浙江省教育厅项目 (Y202045786)

作者简介: 裴徐梨 (1990—), 女, 博士, 讲师, 研究方向为蔬菜分子生物学研究。E-mail: xuliP1990@163.com

* 通信作者: 荆赞革, 博士, 副研究员, 研究方向为蔬菜分子生物学研究。E-mail: jingzange@aliyun.com

genes were transcription factors and bioproteins related to CMS. (3) *XLOC_006651*, *XLOC_016660*, *XLOC_003494* and *XLOC_013121* were highly expressed in early development stage of bud in male sterile line and its maintainer line, and then decreased gradually with development of bud; *XLOC_021769* and *XLOC_038964* showed a falling-rising expression pattern. And their expression were higher in male sterile line than that in maintainer line at different development stages of bud. (4) All sixteen LncRNA could be detected in pedicel, calyx, petal, stamen and pistil. *XLOC_038964*, *XLOC_011575*, *XLOC_013157*, *XLOC_039677*, *XLOC_037356*, *XLOC_034182* and *XLOC_017574* showed similar expression patterns, with low expression in stamen and pedicel, higher expression in calyx and petal, and the highest expression in pistil.

Key words: broccoli; cytoplasmic male sterility; LncRNA; expression analysis

青花菜(*Brassica oleracea* L. var. *italica*)为十字花科芸苔属甘蓝种的一个变种,在世界各地广泛栽培。细胞质雄性不育(cytoplasmic male sterility, CMS)的应用可以有效提高青花菜杂交种质量^[1]。目前青花菜细胞质雄性不育发生机制仍未彻底明确。因此,进一步研究青花菜长链非编码 RNA(long non-coding RNAs, LncRNAs)在雄性不育发生过程中的作用显得尤为重要。

研究表明 LncRNAs 可在转录、转录后和表观遗传水平上调控多种生物学过程^[2-3]。自 LncRNA 在人类中报道以来^[4],动植物中鉴定得到越来越多 LncRNA。然而,对植物 LncRNA 的深入研究仅限于少数模式植物。如水稻 *XLOC_057324* 可以影响穗轴发育和植株育性^[5]。玉米的 *zm401* 可调控小孢子的发育^[6]。拟南芥的 *IPS1* 可通过抑制 *miR399* 的剪切来促进磷的吸收^[7]。

目前,一些与细胞质雄性不育相关的基因被克隆出来并进行深入研究。然而,关于 LncRNA 在雄性不育过程的作用却知之甚少。本研究利用 illumina 测序技术鉴定了青花菜细胞质雄性不育相关 LncRNAs,并对其靶基因和表达特征进行了研究。并利用 qRT-PCR 技术对部分差异 LncRNAs 的表达特征进行了检测。为进一步阐明 LncRNAs 参与青花菜雄性不育发生机制提供新的路径。

1 材料和方法

1.1 材料

以饱和回交的青花菜 Ogu 细胞质雄性不育系及其保持系为试验材料,采集不同发育时期的花蕾以及花蕾的不同部位^[8]。

1.2 方法

1.2.1 青花菜 RNA 文库构建和 RNA-seq 数据分析 总 RNA 提取合格后,进行文库构建,最后使用 illumina HiSeq2500 进行测序。利用 TopHat 软件将过滤得到的干净读序比对到参考基因组。使用

Cufflinks 和 Scripture 软件拼接转录本。

1.2.2 青花菜 LncRNA 鉴定 对拼接好的转录本进行 LncRNA 鉴定。首先去除长度 < 200 nt、reads 覆盖度小于 3 及与已知 mRNA 重叠的 3 种转录本。然后分别利用 CPC 和 CNCI 软件预测转录本的蛋白编码潜能,去除 CPC 评分大于 0 且 CNCI 评分小于 0 的转录本。剩余含有已知蛋白结构域的转录本在 Pfam 数据库中进一步筛选。最后使用 Cuffcompare 将组装好的转录本与数据库中的 rRNAs、tRNAs、snRNAs、snoRNAs、pre-miRNAs 和 pseudogenes(假基因)进行比对,剩余的转录本则被定义为候选 LncRNAs。

1.2.3 青花菜差异表达 LncRNA 的筛选 利用 FPKM 法计算 LncRNA 转录本的表达量。以 |fold change| ≥ 2 且 FDR < 0.05 为标准来鉴定差异表达 LncRNAs。

1.2.4 青花菜 LncRNA cis 靶基因预测与功能注释 LncRNAs 可通过顺式(*cis*)作用方式调控邻近基因,其上下游各 100 kb 内的编码基因可作为 *cis* 靶基因,并对其进行功能注释。 $P \leq 0.05$ 的 GO 和 KEGG 条目则定义为显著富集。

1.2.5 雄性不育相关 LncRNAs 的 qRT-PCR 分析 qRT-PCR 采用 SYBR Premix Ex Taq 试剂盒(大连 TaKaRa 公司)进行。反应条件参照裴徐梨前期研究,以青花菜 *actin* 基因作为内参基因^[9]。随机选择 16 个雄性不育相关的 LncRNAs 进行 qRT-PCR 检测,引物序列见表 1。基因相对表达量通过 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法进行计算。

2 结果与分析

2.1 RNA 测序结果分析

不育系和保持系分别获得约 10.8 G 和 9.8 G 的干净读序,GC 含量分别为 45.64% 和 45.19%。将干净读序比对到参考基因组,不育系及其保持系分别有 54.95% 和 55.74% 的序列可比对上(表 2)。

表 1 qRT-PCR 引物序列
Table 1 The primer sequences for qRT-PCR

LncRNA	正向引物 Forward primer (5'→3')	反向引物 Reverse primer (5'→3')
<i>XLOC_040653</i>	GCTCCATCTTTGTTTCTCAT	TCTTGCATTTCATCACTTG
<i>XLOC_012613</i>	GAAGGTGGGAAGGTAATCA	GAGTTCTAATGCCTCTTGTG
<i>XLOC_021769</i>	GCATGAACGGAGTGAGTA	CTGGTTGGAGATTGTGATTC
<i>XLOC_038964</i>	TAGAAGAAGCGTCAAGGAA	AGTGAAATCAAAGAGCCAAA
<i>XLOC_011575</i>	CTGCCGTGTGAGTGAATA	TCCACCATTTGAATTGATTGAA
<i>XLOC_039677</i>	GGCTGATGGTTACCTTCA	CAACTTGCTTGATCTGTTCA
<i>XLOC_037356</i>	CCACCATACATATTAAGACGAAT	GTAATGAGTGTGAGCAGAAG
<i>XLOC_013157</i>	GTTTGAAGTTGCTTTAGTGAAA	TGTTAGGTTGATGGTATGGTA
<i>XLOC_034182</i>	AACTCTTCATCTTCTTCTGTCT	CGAAGGATGGCTGATTGA
<i>XLOC_037468</i>	GGAGATAATAGTGCGTTGTC	TGAGGCTTAATGGAAGTGA
<i>XLOC_017574</i>	TTCTGGACGCTCTTGATTA	TGATGACGACGATTCTGT
<i>XLOC_014153</i>	GGTTCATCTTCGTAATCTGTAA	GCATCTTCAAAGCAATCCT
<i>XLOC_006651</i>	GGTAATGATGATGAAGGGAAG	GAACTCTACTAGGAATGTATTGAA
<i>XLOC_013121</i>	CCATCATCACAAGTTGTAGAT	GTTTACCTCCTCCTCAA
<i>XLOC_016660</i>	ATGGTGGCGAGATTATGT	GCAGATGTAGTTCGGAGA
<i>XLOC_003494</i>	AACAGCCATCCTAATATACATTC	AAACATCGTGACCCATCT

表 2 青花菜不育系和保持系的测序结果
Table 2 Sequencing results of sterile line and its maintainer in broccoli

类型 Type	不育系 Sterile line	保持系 Maintainer line
Reads 总数 Total number of reads	72 040 386	65 361 300
碱基总数 Total number of bases	10 806 057 900	9 804 195 000
GC 含量 GC content/%	45.64	45.19
Q20/%	95.35	96.46
Q30/%	89.11	91.27
比对序列 Alignment sequence	39 588 658 (54.95%)	36 433 763 (55.74%)
多重比对序列 Multiple alignment sequence	5 568 947 (7.73%)	5 466 035 (8.36%)
单一比对序列 Single alignment sequence	34 019 711 (47.22%)	30 967 728 (47.38%)

2.2 青花菜 LncRNAs 鉴定

转录本拼接共得到 174 813 条转录本。根据鉴定流程,排除掉长度< 200 bp、外显子数<2 和最小读序覆盖<3 的 4 479 条转录本、31 714 条已知蛋白编码转录本和 126 759 条不在 i、u 和 x 组的转录本。最终 4 326 条转录本被鉴定为高置信度的 LncRNA。其中,基因间隔区 LncRNA 为 4 033 条,内含子间 LncRNA 为 181 条,反义 LncRNA 为 112 条。

2.3 青花菜不育系及其保持系差异表达 LncRNAs 的鉴定

对差异表达 LncRNA (differentially expressed LncRNA, DE-LncRNA) 进行鉴定,在不育系和保持系中共得到 37 个 LncRNA 存在差异。其中 34 个 DE-LncRNA 同时存在于 2 个样本中,3 个 DE-LncRNA (*XLOC_005260*、*XLOC_007656* 和 *XLOC_034364*) 为保持系特有的。

对 LncRNA 的差异表达程度进行分析,发现在上调 LncRNA 中 *XLOC_005260* 的 log₂FC 值 (4.75) 最高, *XLOC_041886* (log₂FC = -4.50) 是下调 LncRNA 中表达差异最显著的。聚类结果表明这些差异 LncRNA 在不育系和保持系中展现出不同的表达模式(图 1)。

2.4 青花菜不育系及其保持系差异 LncRNAs 的靶基因预测

对差异 LncRNA 的 *cis* 靶基因进行预测,共得到 370 个靶基因。每个差异 LncRNA 靶向的靶基因数目差异较大。其中 *XLOC_006651* 的靶基因数最多,为 25 个,其次是 *XLOC_038298* (24 个) 和 *XLOC_017574* (19 个)。同时,2 个差异 LncRNA 只有 1 个靶基因。

GO 分析表明,这些靶基因可注释到 19 个生物学过程条目、16 个细胞成分条目和 17 个分子功能

条目。GO 条目富集分析发现预测靶基因参与了多种生物过程,包括细胞内、蛋白结合和细胞蛋白代谢

过程。KEGG 分析得到 34 条与差异 LncRNAs 相关的代谢通路,其中靶基因参与最多的通路为氨基酸生物合成、碳代谢和核糖体相关。

2.5 青花菜差异 LncRNAs 的表达特征分析

为了验证差异 LncRNA 的表达模式,随机选取 16 个差异 LncRNA 进行 qRT-PCR 分析(图 2)。结果发现:*XLOC_011575*、*XLOC_039677*、*XLOC_037356*、*XLOC_013157*、*XLOC_006651*、*XLOC_013121*、*XLOC_016660*、*XLOC_003494* 在不育系花蕾发育早期表达量较高,之后随着花蕾的发育,表达量逐渐下降;而 *XLOC_040653*、*XLOC_021769*、*XLOC_038964*、*XLOC_037468*、*XLOC_017574* 和 *XLOC_014153* 随着不育系花蕾发育呈现出先下降后上升的模式。在保持系花蕾发育不同阶段,*XLOC_013157*、*XLOC_034182*、*XLOC_037468*、*XLOC_017574*、*XLOC_014153*、*XLOC_006651*、*XLOC_013121*、*XLOC_016660*、*XLOC_003494* 表达量逐渐下降;*XLOC_040653*、*XLOC_011575*、*XLOC_039677* 和 *XLOC_037356* 呈现出先升后降的表达模式,而 *XLOC_012613*、*XLOC_021769*、*XLOC_038964*

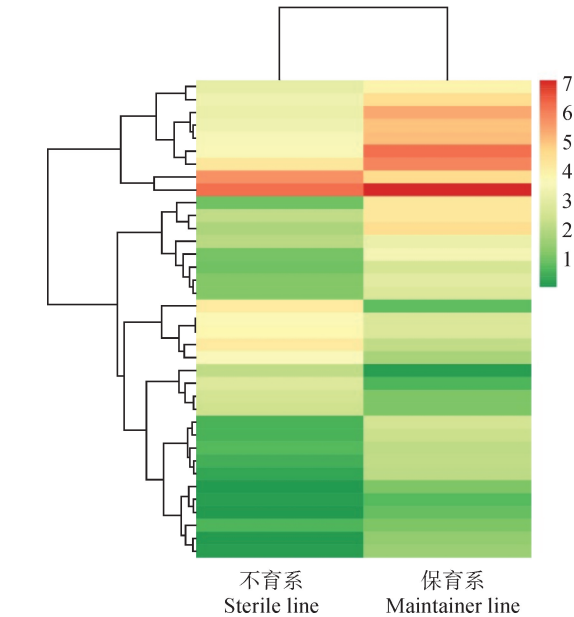
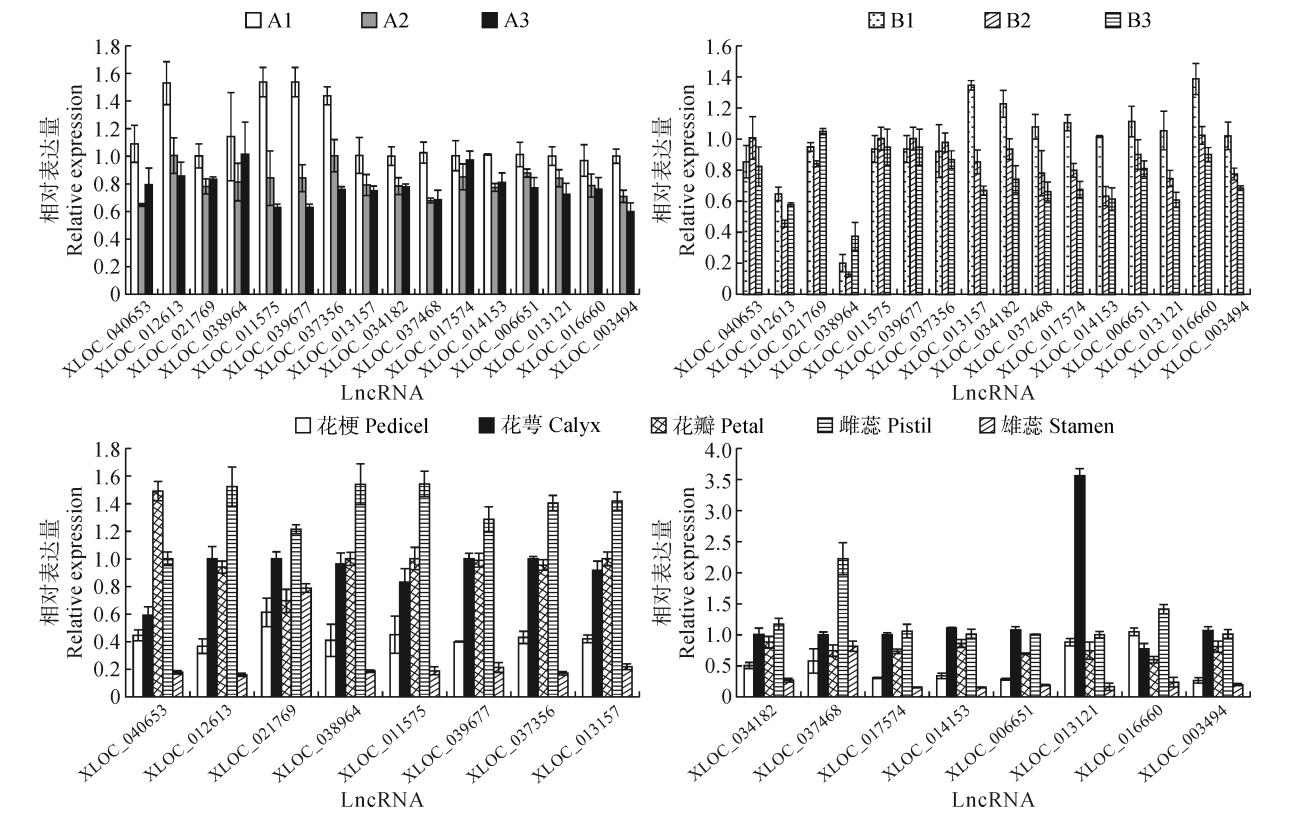


图 1 青花菜差异表达 LncRNA 的层次聚类分析
Fig. 1 Hierarchical clustering of differentially expressed LncRNAs in broccoli



A1、A2、A3 和 B1、B2、B3 分别代表<2 mm、2~4 mm 和>4 mm 的不育系和保持系花蕾
图 2 青花菜差异 LncRNA 的表达模式
A1, A2, A3 and B1, B2, B3 were buds with length of <2 mm, 2–4 mm, and >4 mm of male sterile line and its maintainer, respectively
Fig. 2 The expression patterns of differentially expressed LncRNAs in broccoli

则是先降后升。*XLOC_038964* 和 *XLOC_012613* 在花蕾不同发育阶段不育系的表达量均高于保持系。

青花菜花蕾不同部位表达特性分析结果表明 16 个差异 LncRNA 在花梗、花萼、花瓣、雄蕊及雌蕊中均可表达。其中,*XLOC_038964*、*XLOC_011575*、*XLOC_013157* 在花蕾雄蕊中表达量最低,花梗、花萼和花瓣中逐渐升高,雌蕊表达量最高。*XLOC_039677*、*XLOC_037356*、*XLOC_034182* 和 *XLOC_017574* 呈现出相似的表达模式,只是其在花瓣的表达量有所下降。所有检测的 LncRNA 中 *XLOC_037468* 在雌蕊中表达量最高。

3 讨 论

大量研究表明,植物 LncRNA 可参与多种复杂的生物学过程,如开花调控、果实发育以及逆境胁迫响应^[10]。然而,青花菜 LncRNAs 的生物学功能尚不清楚。本研究系统鉴定和分析了青花菜雄性不育相关 LncRNAs,共获得 4 326 个 LncRNA,其中 37 个差异表达,研究结果将有助于深入探讨青花菜 LncRNAs 参与的 CMS 发生机制。

LncRNAs 靶基因预测可有效探究 LncRNA 潜在功能^[11]。糖代谢对青花菜雄性不育有重要意义。在小麦胼胝质合成和降解过程中,与糖苷酶代谢相关基因的活性在可育系和不育系之间存在差异^[12]。在本研究中,6 个差异 LncRNA 为与糖苷酶代谢相

关的靶基因。表达分析结果表明,它们大部分在雄性不育发生过程中表达上调。这些结果表明 LncRNAs 可能通过糖代谢来调控青花菜的育性。此外,还发现 6 个差异 LncRNAs 参与了谷胱甘肽代谢。谷胱甘肽 S-转移酶(GST)是谷胱甘肽解毒系统必不可少的调节因子。过量的活性氧可触发植物细胞程序性死亡,最终导致绒毡层细胞退化和雄性不育^[13]。花粉败育过程中产生的过量活性氧可改变 GST 基因的表达。本研究结果发现大部分靶向 GST 基因的 LncRNA 在 FS 花蕾中上调表达,进一步表明这几个 LncRNA 可能是通过谷胱甘肽代谢来参与青花菜 CMS 的过程。

LncRNAs 是基因转录的调节因子^[9]。本研究结果中多个差异 LncRNA 的靶基因为转录因子。NAC 转录因子是 *XLOG_011575* 的靶基因,可在水稻中显著调控可育花粉比例和雄性不育^[14]。本研究测序数据得出 *XLOG_011575* 在不育花蕾中表达上调,表明 NAC 可能在青花菜 CMS 发生过程中起重要作用。MYB 是另外一个重要的转录因子。已有研究表明,*MYB26* 在花药内壁二次增厚过程中对花药开裂和育性起关键作用^[15]。而 *MYB33* 和 *MYB65* 是拟南芥花药正常发育的重要组成部分^[16]。本试验鉴定到的靶基因中发现了 3 个 MYB 家族转录因子,推测 LncRNA 通过调控 MYB 表达量的变化可能会导致青花菜的 CMS 发生。

参考文献:

[1] SHU J S, LIU Y M, LI Z S, *et al.* Detection of the diversity of cytoplasmic male sterility sources in broccoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) using mitochondrial markers[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7: 927.

[2] MERCER T R, DINGER M E, MATTICK J S. Long non-coding RNAs: insights into functions [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2009, 10: 155-159.

[3] 李 睿,罗云波. lncRNA 及其生物学功能[J]. 农业生物技术学报, 2016, **24**(4): 600-612.

LI R, LUO Y B. lncRNA and its biological function[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2016, **24**(4): 600-612.

[4] LUKIW W J, HANDLEY P, WONG L, *et al.* BC200 RNA in normal human neocortex, non-Alzheimer dementia (NAD), and senile dementia of the Alzheimer type (AD)[J]. *Neurochemical Research*, 1992, **17**(6): 591-597.

[5] ZHANG Y C, LIAO J Y, LI Z Y, *et al.* Genome-wide screening and functional analysis identify a large number of long noncoding RNAs involved in the sexual reproduction of rice[J]. *Genome Biology*, 2014, **15**(12): 512.

[6] MA J X, YAN B X, QU Y Y, *et al.* Zm401, a short-open reading-frame mRNA or noncoding RNA, is essential for tapetum and microspore development and can regulate the floret formation in maize[J]. *Journal of Cellular Biochemistry*, 2008, **105**(1): 136-146.

[7] 徐 锋,王金祥. microRNA 调节豆科作物营养胁迫响应的研究进展[J]. 植物营养与肥料学报, 2016, **22**(1): 236-244.

XU F, WANG J X. Advances on the study of microRNA-mediated responses to nutrient stress in legume crops[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2016, **22**(1): 236-244.

[8] 裴徐梨,荆赞革,唐 征,等. 青花菜细胞质雄性不育相关 miRNA 的鉴定与表达特征分析[J]. 西北植物学报, 2021, **41**(12): 2 030-2 037.

PEI X L, JING Z G, TANG Z, *et al.* Identification and expression characteristic analysis of miRNAs related to cytoplasmic male sterility in broccoli[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2021, **41**(12): 2 030-2 037.

[9] 裴徐梨. 青花菜育性和逆境相关基因的鉴定与功能分析[D].

南京:南京农业大学,2017.

[10] CHEKANOVA J A. Long non-coding RNAs and their functions in plants[J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 2015, **27**: 207-216.

[11] LI J Q, WU B, XU J, *et al.* Genome-wide identification and characterization of long intergenic non-coding RNAs in *Ganoderma lucidum*[J]. *PLoS One*, 2014, **9**(6): e99442.

[12] VOIGT C A, SCHÄFER W, SALOMON S. A comprehensive view on organ-specific callose synthesis in wheat (*Triticum aestivum* L.): Glucan synthase-like gene expression, callose synthase activity, callose quantification and deposition[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2006, **44**(4): 242-247.

[13] DIXON D P, CUMMINS L, COLE D J, *et al.* Glutathione-mediated detoxification systems in plants[J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 1998, **1**(3): 258-266.

[14] DISTELFELD A, PEARCE S P, AVNI R, *et al.* Divergent functions of orthologous NAC transcription factors in wheat and rice[J]. *Plant Molecular Biology*, 2012, **78**(4-5): 515-524.

[15] YANG C Y, SONG J, FERGUSON A C, *et al.* Transcription factor MYB26 is key to spatial specificity in anther secondary thickening formation[J]. *Plant Physiology*, 2017, **175**(1): 333-350.

[16] MILLAR A A, GUBLER F. The *Arabidopsis* GAMYB-like genes, MYB33 and MYB65, are microRNA-regulated genes that redundantly facilitate anther development[J]. *The Plant Cell*, 2005, **17**(3): 705-721.

(编辑:宋亚珍)

Introduction of the Plant Front Cover: *Gymnocarpus przewalskii*

Gymnocarpus przewalskii Bunge ex Maxim. belongs to *Gymnocarpus* of *Caryophyllaceae*, a rare and endangered ancient Mediterranean relict plant, alias ‘achene caryophyllum’, Perennial deciduous subshrub, 50—100 cm tall. Leaves linear, 5—20 long and 1—1.5 mm wide, sessile, acute apex, contracted base, fleshy, waxy layer on surface, glabrous, no obvious veins. Stipules membranous, scaly. Opposite or alternate leaves. Stems exist in two forms, erect or tortuous, with inflated nodes and multi-branch. The bark of old branches is gray-brown and cracked, young branches red-brown. Hermaphrodite flowers with red and yellow-green colors, petals absent, outer transparent white bracts covered. 5 sepals with lanceolate, apex awned, wide transparent membranous margin, covered pubescent. 10 stamens, 5 for each of the inner and outer rounds, in which only the inner stamens have anthers, and the outer anthers are aborted, anther ellipsoid, longitudinally dehiscent. Superior ovary, subglobose, 1 ovule; Cymes axillary, composed of 5—15 single flowers, approximate 4 days flowering period for single flower and 30—36 days for population. Achenes persistent. Small, brown and oblong seeds, ca. 0.5 mm in diameter, low seed setting rate. Obvious taproot, ca. 4 m long, well-developed lateral root with less root hair. Flowering from May to June and fruiting from July to August.

Gymnocarpus przewalskii is endemic species in China, mainly distributed in Xinjiang, Gansu, Hexi Corridor, central and western Inner Mongolia, Ningxia, Qinghai and other places, which was identified as National first-class key protected plants in 1997. This species has the characteristics of drought, wind erosion and sand burial resistance, salt-alkali and barren tolerance. It is one of the important constructive species in rocky desert areas, and has positive effects on preventing soil desertification and maintaining ecosystem balance in desert areas. Meanwhile, as a rare relict species of the ancient Mediterranean xerophytic flora in the desert region of central Asia, it has very important scientific value for researching the formation, development, climate change of deserts and floristic origin of xerophytes in northwest China.

(GAO Runhong, YANG Haifeng)