

PsbA-trnH, an Ideal DNA Barcode for Species Discrimination in Folk Medicine *Rodgersiae* Rhizoma (Saxifragaceae)

Yingxiang WU ^{1,2}, Yilin WANG ^{1,2}, Jiayue ZHOU ^{1,2} & Yan WANG ^{1,2} *

¹ College of Pharmacy, Dali University, Dali 671000, China

² Yunnan Key Laboratory of Screening and Research on Anti-pathogenic Plant Resources from Western Yunnan (Cultivation), Dali 671000, China

SUMMARY. DNA barcoding is a beneficial molecular tool used widely in species identification and discrimination based on species-specific differences by means of standardized DNA markers. The plastid (psbA-trnH, matK and rbcL), and nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS and ITS2) regions were employed for the differentiation of three kinds of *Rodgersiae* rhizoma, namely *Rodgersia pinnata* Franch, *Rodgersia aesculifolia* Batalin and *Rodgersia sambucifolia* Hemsl, respectively. DNAs extracted from the three studied species were amplified by polymerase chain reaction (PCR) using universal primers, and all the amplified samples were then sequenced. Phylogenetic analyses were constructed for three kinds of *Rodgersiae* rhizoma, and the monophyly of *Rodgersiae* rhizoma was well supported by psbA-trnH marker. These three varieties of *Rodgersiae* rhizoma could be clustered into three groups with the help of neighbor joining tree, which was in accordance with their germplasm origins. Therefore, psbA-trnH sequence was an ideal DNA barcode in *Rodgersiae* rhizoma species. DNA barcoding can be regarded as a powerful complementary approach for traditional authentication, especially for those varieties that are difficult to be differentiated by conventional method.

RESUMEN. El código de barras de ADN es una herramienta molecular beneficiosa que se usa ampliamente en la identificación y discriminación de especies en función de las diferencias específicas de especies por medio de marcadores de ADN estandarizados. Las regiones del plástido (psbA-trnH, matK y rbcL) y del espaciador transcrito interno ribosómico nuclear (ITS e ITS2) se emplearon para diferenciar tres tipos de rizoma de *Rodgersia*, a saber, *Rodgersia pinnata* Franch, *Rodgersia aesculifolia* Batalin y *Rodgersia sambucifolia* Hemsl, respectivamente. Los ADN extraídos de las tres especies estudiadas se amplificaron mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando cebadores universales, y luego se secuenciaron todas las muestras amplificadas. Se construyeron análisis filogenéticos para tres tipos de rizoma de *Rodgersiae*, y la monofilia del rizoma de *Rodgersiae* fue bien respaldada por el marcador psbA-trnH. Estas tres variedades del rizoma de *Rodgersiae* se pudieron agrupar en tres grupos con la ayuda del árbol de unión vecino, lo cual estaba de acuerdo con sus orígenes de germoplasma. Por lo tanto, la secuencia psbA-trnH era un código de barras de ADN ideal en las especies de rizoma de *Rodgersiae*. El código de barras de ADN se puede considerar como un poderoso enfoque complementario para la autenticación tradicional, especialmente para aquellas variedades que son difíciles de diferenciar por el método convencional.

KEY WORDS: DNA barcoding, molecular identification, psbA-trnH region, *Rodgersiae* rhizoma, species discrimination.

* Author to whom correspondence should be addressed. E-mail: jessica9428@sina.com(Yan Wang).