

## 新一代植物志: iFlora<sup>\*</sup>

李德铎<sup>1,2\*\*</sup>, 王雨华<sup>3,4</sup>, 伊廷双<sup>2\*\*</sup>, 王 红<sup>1,2</sup>, 高连明<sup>1,2</sup>, 杨俊波<sup>2</sup>

(1 中国科学院昆明植物研究所生物多样性与生物地理学重点实验室, 云南 昆明 650201; 2 中国科学院昆明植物研究所中国西南野生生物种质资源库, 云南 昆明 650201; 3 中国科学院昆明植物研究所科技信息中心, 云南 昆明 650201; 4 中国科学院昆明植物研究所资源植物与生物技术重点实验室, 云南 昆明 650201)

**摘要:** 进入 21 世纪, 随着分子生物学及计算机信息等技术的快速发展, 人们认知自然的手段和方式发生了根本性的变化。在现有电子植物志 (eFlora) 的基础上, 融入新一代测序技术、DNA 条形码数据、地理信息数据和计算机信息技术等新元素的新一代植物志 (iFlora) 应运而生。iFlora 是通过系列关键技术的集成和攻关, 构建便捷、准确识别植物和掌握相关数字化信息的新一代植物志 (或智能装备), 它将极大地促进植物分类学和系统发育、演化生物学、生态学、生物地理学和保护生物学等相关学科的发展, 有效地服务于生物多样性保护和生物资源可持续利用、国家生态安全和社会公共教育等, 并进一步提升公众对生物多样性的认识。iFlora 的实施, 将为培育和拓展物种识别圈 (taxasphere) 和生物文化圈 (bioliterate world) 做出应有的贡献, 并可能成为引领国际植物学发展新的生长点。

**关键词:** 新一代植物志; DNA 条形码; 计算机信息技术; 生物多样性信息数据库

**中图分类号:** Q 948.2

**文献标识码:** A

**文章编号:** 2095-0845(2012)06-525-07

## The Next-Generation Flora: iFlora

LI De-Zhu<sup>1,2\*\*</sup>, WANG Yu-Hua<sup>3,4</sup>, YI Ting-Shuang<sup>2\*\*</sup>, WANG Hong<sup>1,2</sup>,  
GAO Lian-Ming<sup>1,2</sup>, YANG Jun-Bo<sup>2</sup>

(1 Key Laboratory of Biodiversity and Biogeography, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China; 2 Germplasm Bank of Wild Species, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China; 3 Science and Technology Information Center, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China; 4 Key Laboratory of Economic Plants and Biotechnology, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China)

**Abstract:** The 21<sup>st</sup> century has witnessed a rapid development in technologies of molecular biology and computer informatics. Fundamental changes have taken place in means and methods in which humans take cognition of the world. Based on the currently available eFlora and combining this with elements of next-generation sequencing techniques, DNA sequence data, geographical information system data and computer information technology, the next-generation Flora (iFlora) is bursting. Through a series of key technological innovations and integrations, the main objective of iFlora is to construct the next-generation Flora, which will fulfill the function of accurately and rapidly identifying species and acquiring species-related digital information. iFlora will greatly advance the development of plant taxonomy, phylogenetics, evolutionary biology, ecology, biogeography, conservation biology and other related disciplines. Furthermore, iFlora will be a valuable tool for biodiversity conservation and sustainable utilization of bi-

\* 基金项目: 国家科技部科技基础工作专项项目; 国家高科技研究发展计划 (863 计划) (2012AA021801); 中国科学院大科学装置开放研究项目 (2009-LSFGBOWS-01)

\*\* 通讯作者: Authors for correspondence; E-mails: dzl@mail.kib.ac.cn; tingshuangyi@mail.kib.ac.cn

收稿日期: 2012-11-05, 2012-11-09 接受发表

作者简介: 李德铎 (1963-) 男, 博士, 研究员, 研究方向为植物分类学、植物系统发育和生物地理学。

E-mail: dzl@mail.kib.ac.cn

ological resources, ecological security, public education and services, and will profoundly promote public understanding of biodiversity. The application of iFlora will tremendously nurture and boost the taxosphere and bioliterate world, and will be a new focal point that may reshape modern botany at the global and regional levels.

**Key words:** iFlora; DNA barcoding; Computer information technology; Biodiversity information database

植物志 (Flora) 是记载某个国家或地区已知植物种类的分类学专著 (Frodin, 2001), 它是研究植物分类、系统发育、演化、生态、生物地理和植物多样性保护等最基础的植物典籍 (Funk, 2006)。传统植物志以纸质版的形式出现, 体积大而不便于携带与查阅, 只适用于专业人员使用。Kress (2004) 在评价 “Flowering Plants of the Neotropics” 一书时分析了传统植物志存在的问题, 提出了 “基于网络、计算机、图像, 以及 DNA 的” 未来植物志产品的框架意见。2011 年 8 月在澳大利亚墨尔本举行的 “第十八届国际植物学大会” 专题讨论了现有植物志的局限性和新一代植物志的发展趋势 (李德铎和陆露, 2011)。

上世纪 90 年代中期, 随着分子系统学的迅速发展, 被子植物系统发育研究组 (Angiosperm Phylogeny Group, APG) 提出了全新的被子植物分类系统 (APG, 1998, 2003, 2009)。在 APG II (APG, 2003) 中, 作者们明确指出, 先前被广为接受的分类系统, 如 Cronquist (1981)、Thorne (1992) 和 Takhtajan (1997) 的系统主要是 “基于人为选择的形态相似性和差异性, 而不是基于对包括 DNA 序列或其它系统数据的大量数据集的分支分析”, 因此, 这些分类系统对准确反映有花植物的系统发育关系存在一定的局限性 (骆洋等, 2012)。当代分类学家不仅要回答分类学的一些传统问题, 如物种的数目、分布和相互关系, 还需要回答诸如全球生物多样性的分布格局, 不同区域生物多样性的差异, 物种组成在时间和空间中的变化, 以及某个物种在区系中的丰富度和重要性等新问题 (Funk, 2006)。因此, 获取物种准确的数字化分布信息, 实现物种准确快速鉴定十分必要。利用构建的生物多样性数据库, 借助全球定位系统、掌上或笔记本电脑、卫星通讯和微测序仪等新技术装备将极大地提高工作效率 (Wilson, 2000; Kress 和 Krupnick, 2005, 2006)。通过查阅电子化的凭证标本、检索表、物种描述信息, 可以比较和鉴定新采集的植物。对难以鉴

定的样品和标本, 通过即时分子测序获得的条形码与 DNA 条形码数据库 (reference library) 比对, 可以迅速准确地进行物种鉴定, 并通过相关数据库获得其生物多样性信息, 确定需要进一步采集和完善的信息; 对新物种可以通过 DNA 序列构建的系统发育树获得较准确系统发育位置。

## 1 植物志的发展现状与 “iFlora” 理念的提出

对植物志的编研始于西方一些发达国家, 如欧洲一些国家已出版本国植物志。在 1964 – 1993 年间, “Flora Europaea” 全部 5 卷完成出版, 并于 2010 – 2011 年完成了第 2 版。与欧洲相比, 美国和澳大利亚这两个植物种类丰富 (均超过 1 万种) 的国家, 其植物志目前尚未全部出版。“Flora of North America” 于 1993 年启动, 计划出版 30 卷, 已出版 14 卷, 预计到 2013 年全部出齐。“Flora of Australia” 于 1981 年开始编研, 计划出版 60 余卷, 迄今出版了 30 卷。

发展中国家植物志的编研相对较晚。《中国植物志》历经四代植物分类学家 25 年 (1935 – 1959) 准备和 45 年 (1959 – 2004) 编研, 由 312 位作者和 164 位绘图人员通力协作完成, 并于 2004 年全部出版 (Yang 等, 2005)。此外, 与其相关的中文名和拉丁学名的索引已于 2006 年出版。自 1988 年开始, 中国科学院与美国密苏里植物园组织世界植物分类学家合作编研 “Flora of China” (计划出版 25 卷, 现已出版 23 卷), 这是《中国植物志》走向国际化的里程碑, 目前 “Flora of China” 编研工作已接近尾声, 并将在 2013 年全面完成 (Raven, 2011)。一些发展中国家的植物志的编研多由欧美植物学家承担, 如 1948 年由英国邱园组织实施的 “Flora of Tropical East Africa”, 现已接近完成; 1960 年由法国组织编研的 “Flore du Cambodge, du Laos et du Viêt Nam” 于 2007 年已出版 30 卷册; 1972 年由荷兰学者主持的 “Flora Malesiana” 至今完成 26 卷。其它一些国家的植物志编撰刚刚开始或尚未

启动, 如作为世界植物多样性最高国家之一的巴西至今尚未启动国家植物志编研计划。

近年来, 随着计算机、数据库和网络技术的发展, 电子植物志 (eFloras) 已成为植物志编研的潮流。目前 “Flora of China”、“Flora Europaea”、“Flora of North America” 和 “Flora of Australia” 等已有网络电子版本, 其中 “Flora Europaea” 的电子化信息由英国爱丁堡皇家植物园完成, 可网上查阅植物名索引 (<http://rbg-web2.rbge.org.uk/FE/fe.html>)。电子植物志 ([http://www.efloras.org/search\\_page.aspx?Flora\\_id%2F4](http://www.efloras.org/search_page.aspx?Flora_id%2F4)), 可通过搜索分类单元名称、分布信息和主题对这些电子植物志进行检索 (Brach 和 Song, 2005)。与传统纸质版植物志相比较, 电子植物志具有使用和查询方便, 可以即时更新, 对感兴趣的某区域的植物区系进行数据提取等优点 (Brach 和 Boufford, 2011)。但是, 目前电子植物志主要是对纸质版植物志信息的电子化和网络化。随着 DNA 条形码技术、新一代测序技术和云计算技术发展, 人们对电子植物志编研提出了新的更高要求, 需要进一步加强和完善对物种快速准确鉴定等必需的新功能。

通过上述分析可以看出, 融入新一代测序技术、DNA 条形码数据、地理信息数据和计算机信息技术等新元素而产生的新一代植物志 (iFlora) 是植物志发展的必然趋势。iFlora 是将现代植物学、DNA 测序技术与信息技术相结合, 通过系列关键技术的集成和攻关, 构建便捷、准确识别植物和掌握相关数字化信息的智能植物志 (或智能装备)。显然, iFlora 不仅是超链接的电子植物志, 而是整合现代植物学、DNA 测序技术与信息技术的集成装备和信息平台。iFlora 不但包含传统植物志的检索表、物种描述等信息, 还将包括物种详细分布信息 (包含 GPS 信息)、图像或图片、DNA 条形码数据库和系统发育等信息, 同时建立高效的电子化比对和搜索工具, 实现真正意义上的快速物种鉴定和相关信息获取。

## 2 iFlora 是学科发展的必然趋势

### 2.1 分子系统发育研究的发展

达尔文在《物种起源》一书中提出 “生命之树 (tree of life)” 的概念 (Darwin, 1859),

它能揭示现存生物的演化关系, 并以生命系统发育树的形式表现出来 (李德铎等译, 2012)。面对已知的 180 多万物种, 以及几百万未知物种和已灭绝物种, 该生命之树之大使人难以想象和把握, 系统学面临着前所未有的挑战 (Cracraft 和 Donoghue 2004; Bininda-Emonds 等, 2007)。随着 PCR 技术的出现, 以及 DNA 测序技术的快速发展, 利用 DNA 数据探讨植物系统发育关系已被研究者广泛接受和采纳。随着新计算方法、新数据和新计算能力的发展, 使得生命之树的构建取得了空前进展 (Cracraft 和 Donoghue, 2004; Bininda-Emonds 等, 2007; Moore 等, 2007; Jansen 等, 2007; Dunn 等, 2008; Smith 和 Donoghue, 2008; Hackett 等, 2008)。通过各国植物学家近 20 年的通力合作, 被子植物在科级水平上的生命之树已基本建成 (Chase 等, 1993; Qiu 等, 2006; APG, 2009; Moore 等, 2010)。生命之树已广泛应用于植物科学的多个领域, 如物种进化 (Smith 和 Donoghue, 2008)、基因组多样化与物种多样化相关性 (Vandepoele 和 van de Peer, 2005; Soltis 和 Burleigh, 2009; Tang 等, 2010)、植物区系物种多样性 (Antonelli 等, 2009; Hoorn 等, 2010)、植物的功能发生和演化 (Sage, 2003; Chanderbali 等, 2010; Edwards 和 Smith, 2010; Edwards 等, 2010)、物种分化和生态群落的形成和系统发育关系以及动植物互作 (Donoghue, 2008, Peres-Neto 等, 2012; Pocock 等, 2012)、预测未来气候变化对物种性状演化和群落形成的影响 (Willis 等, 2009), 以及物种保护和生态恢复、农业和外来物种入侵等多个方面 (Proches 等, 2008)。

生命之树的构建对植物志的编研产生了深刻的影响。被子植物系统发育研究组基于分子证据提出了被子植物分类系统 (APG, 1998), 随后发表了修订版的 APG II (APG, 2003) 和 APG III (APG, 2009)。APG 系统是通过比较被子植物大分子序列差异构建的系统树, 并综合世界上被子植物分子系统演化的最新成果而提出的。传统意义上的部分科属已经不存在或不为单系, 某些科属的分类范畴有较大变动, 系统发育位置和归属尚不确定。因此, 已有学者建议应该参照最新的 APG 系统构建新的植物志 (Kress, 2004)。

## 2.2 DNA 条形码技术的发展

生物物种的准确鉴定是生物学的基石 (Bell, 1986)。由于物种繁多, 不同分类群具有不同的鉴别特征, 即使训练有素的分类学家也很难在缺少相关专业书籍帮助下对某些类群进行快速而准确的鉴定 (Li 等, 2011a)。由于各种原因, 目前国家对经典分类学这一基础学科的投入相对减少, 从事植物分类学研究的专家学者愈来愈少, 因此, 对物种的认识和准确鉴定成为日益突出的问题 (Li 等, 2011b)。DNA 条形码技术利用标准化的 DNA 序列对物种进行快速准确的鉴定, 可以在很大程度上解决这一难题 (Arnot 等, 1993; Floyd 等, 2002; Hebert 等, 2003)。由于 DNA 条形码采用数字化形式, 使样本鉴定过程能够实现自动化和标准化, 突破了对经验的过度依赖, 并可利用生物残片进行快速有效的鉴定, 能够在较短时间内建立易于利用的应用系统 (Herbert 等, 2004)。目前, DNA 条形码已经被用于对生物物种的鉴定和分类, 在国家卫生检疫、重要生物物种资源鉴定、新物种的发现等方面发挥出重要的作用 (Hebert 等, 2003, 2004; Li 等, 2011b)。

加拿大学者 Hebert 等倡导发起了 “International Barcode of Life (iBOL)” 计划, 拟建立所有生物物种的标准 DNA 条形码库, 创建生命数字鉴定系统 (Che 等, 2010)。世界上多个国家, 如加拿大、美国、墨西哥、德国、挪威和印度都非常重视对生物 DNA 条形码的研究。最近几年, 我国加大了对 DNA 条形码相关研究的资助力度, 通过与国际组织的合作, 中国已成为 iBOL 四个中心节点之一, 是世界上 DNA 条形码研究的一支重要力量。在植物 DNA 条形码研究方面, 由中国科学院昆明植物研究所主持的 “依托种质资源库的植物 DNA 条形码研究” 项目, 开展了中国重要植物类群的采集、DNA 条形码的测定与分析、植物 DNA 条形码的筛选与评价等工作。此外, 通过对主要产自中国的种子植物 4 个 DNA 候选条形码片段的综合分析评价, 建议将 ITS 作为种子植物的核心 DNA 条形码 (Li 等, 2011a), 使植物 DNA 条形码的筛选与确定迈出了重要一步 (Hollingsworth, 2011)。

DNA 条形码技术和 DNA 条形码标准数据库的建立使得物种快速鉴定成为可能, 归并非单系

种, 发现隐型种, 满足了植物志编研中对物种准确鉴定的要求。通过 DNA 条形码序列, 结合已有分子系统发育分析, 可以确定物种的系统发育位置, 科属的分类范畴和系统发育位置, 将科属种归入自然的分类单元, 按照系统发育关系排列科、属、种和种下分类单元。作为连接物种和相关信息强有力的链条, DNA 条形码是构建 iFlora 的重要元素之一。

## 2.3 云服务和生物多样性信息学的发展

近年来, 云服务 (iCloud) 已被广泛应用于多个领域, 如亚马逊、谷歌、IBM 和 Salesforce.com 等国际著名公司提供的各类服务都是基于云服务模式, 特别是苹果公司于 2011 WWDC 年会上正式发布了云服务, 使云服务模式更加深入人们的生活并能满足个性化需求。在这样的背景下, 植物海量遗传信息的生产, 植物各类信息的数字化、共享和搜索都已成为可能, 为植物快速鉴定和相关遗传信息快速获取的新型装备研制提供了数据和计算基础。

此外, 信息科学和相关学科的飞速发展将有力地推动 iFlora 的研发, 主要表现在以下几个方面: (1) 生物信息学和信息学技术。生物信息学和计算机硬件的进步使得数据的存储、合并和搜索成为可能, 同时增强了信息传播机制; (2) 数字成像和分析技术。数字成像、储存、计算机硬件和数据分析的进展增加了形态学数据利用和分析的机会; (3) 分子遗传学和基因组学。设备自动化的提高和测序费用的降低, 伴随着新一代测序技术的发展, 使得规模化生物多样性测序成为现实; (4) GIS 和遥感技术的飞速发展。个体的空间地理定位, 并与 GIS 和遥感研究所产生的信息一并分析将生物多样性置于环境背景中, 促进了生物多样性保护评估和环境变化影响的研究。

自 1992 年 “环境与发展大会” 召开以来, 各国政府和从事生物多样性保护的国际组织普遍提高了对生物多样性信息收集和管理的重视程度, 开发并建立了大量的联网数据库和网站。比较著名的有英国皇家植物园邱园和美国密苏里植物园联合建立的 “The Plant List”, “Species 2000” 及其重要的合作伙伴 “Integrated Taxonomic Information System (ITIS)” 和 “Global Biodiversity

Information Facility (GBIF)”, “Encyclopedia of Life (EoL)” 也旨在创建一份包括所有世界物种 (包括植物、动物、真菌和微生物) 的有效清单。其中, 生命大百科全书 (EoL) 以丰富的多媒体形式将现今地球上已知的所有生物物种的文字描述、照片、分布地图、音频、视频以及业余爱好者的观测资料等呈现在网络上, 同时建立与基因库、相关专业文献的链接, 实现对物种综合信息的“一站式”查询。2010 年 10 月日本名古屋联合国《生物多样性公约》第 10 次缔约方大会通过的新版《全球植物保护战略》(Global Strategy of Plant Species: GSPC) 明确提出, 到 2020 年完成世界在线植物志 (World Flora Online) 的战略目标。中国也积极开展和推进了生物多样性信息系统的建设, 如中国生物多样性信息系统 (CBIS)、中国数字植物标本馆 (CVH) 和中国植物物种信息数据库 (DCP) 等, 已建成的大量植物物种相关数据和信息为 iFlora 的编研和构建提供了充分的条件。

### 3 iFlora 的应用前景

iFlora 将在学科发展, 生物多样性保护和资源可持续利用, 国家生态安全, 相关行业发展, 社会公共教育和服务等方面发挥重要作用, 彰显其重要的价值和广泛的应用前景。

#### 3.1 “后植物志时代”生物多样性研究

当前, 世界植物志和植物物种信息数据库和网站的建设已经取得了令人瞩目的成就。生物多样性信息学、新一代互联网技术的发展与应用, 以及后基因组时代测序技术的发展, 对全球变化背景下植物资源和植物多样性的保护和研究提出了新的机遇和挑战, 科学家们不得不认真思考“后植物志时代”生物多样性研究的发展如何跟上现代科学和技术革命的步伐? 我们必须深刻认识和有效利用植物资源从而为社会经济发展和生态保护服务。iFlora 将在已有植物志研究基础上, 整合植物学、分子系统发育等最新研究成果, 通过与生态学、生物地理学、保护生物学、生物信息学和计算机科学等多学科的交叉和融合, 实现植物物种多样性研究的标准化、信息化和动态化, 极大地提升相关学科研究结果的准确性和可靠性。

#### 3.2 植物多样性保护和资源可持续利用

植物多样性和资源的可持续利用, 在很大程度上依赖于对物种的快速准确鉴定和相关遗传信息快速获取。生物多样性保护的首要任务是保护单元的确定, 对物种在分子水平上进行准确界定, 发现隐型种, 为生物多样性保护提供科学依据。在不过度依赖分类学专家的情况下, 通过简便的分子手段快速鉴定目标植物; 利用物种之间的系统发育关系, 快速寻找特定资源植物和替代资源, 实现资源的可持续利用, 是 iFlora 研发的主要目标之一。

#### 3.3 国家生态安全需求

随着全球气候变化, 生态环境干扰加剧, 人类正面临着生物物种加速灭绝、外来有害物种入侵、有害生物物种爆发频率增高等一系列严重生态问题。植物是生态系统的初级生产者和最基本的组成部分, 直接决定整个生态系统安全的程度。iFlora 可以提供相关物种准确和快速鉴定技术及生物多样性信息, 实现植物现状评估、动态监测与预警, 为国家生态安全相应对策的制定提供可靠依据。

#### 3.4 国家相关产业部门和行业发展

随着贸易国际化和全球化, 植物和植物制品在世界范围内流通加大。快速准确鉴定并确定出口植物材料是否为国家珍稀濒危植物、确认进口植物是否是外来入侵物种等, 已是进出口管理部门亟需解决和日益增长的问题。食品、药材、司法等涉及的需要鉴定的植物材料往往已经过某种程度的加工或处理, 失去了原有形态, 若仅使用传统的分类手段来进行鉴定一般难以奏效, iFlora 的研发可以为相关植物制品的准确快速鉴定提供有效平台。

#### 3.5 社会公共教育和服务

随着社会不断进步和发展, 人们对自然界认识需求不断提高。准确快速的植物鉴定及相关生物多样性信息的集成, 对受教育者获得正确的植物科学知识具有重要意义。相关的技术规范、网络平台和智能装备为植物学教育提供必须的技术手段和学习平台。iFlora 对宣传和普及植物科学知识、提高公众对生物多样性的认识和教育等方面将发挥出重要作用。

## 4 结语

将现代植物学知识和成果与分子生物学和计算机信息科学相结合,以 iFlora 的新理念,通过获取 DNA 条形码的批量标准数据,构建植物物种 DNA 条形码的标准数据库,实现珍稀、濒危和具重要经济价值的植物、常见维管植物的分子鉴定;通过集成和创新,建设基于云服务技术的信息共享和应用平台,开发超级计算遗传信息管理和分析工具,应用于国家相关行业,为产业部门和公众便捷、准确了解与获取植物多样性和遗传信息提供全新的认知手段和平台。iFlora 的提出和实施,将进一步培育和拓展生物物种识别圈 (taxasphere) 和生物文化圈 (bioliterate world),并可能成为引领国际植物科学发展新的增长点。

**致谢** 在成文过程中,得到昆明植物所内外许多同仁的帮助、理解和支持,特别是英国爱丁堡皇家植物园 Stephen Blackmore 教授和 Pete Hollingsworth 教授、美国史密森研究院 John Kress 教授和文军教授、美国宾州大学 Dan Janzen 教授,以及密苏里植物园 Peter Raven 教授等富有启发性的讨论和意见,谨此感谢。

## (参考文献)

- 李德铎, 陆露, 2011. 第 18 届国际植物学大会要事记 [J]. 植物分类与资源学报, 33 (5): 518—520
- 李德铎等译, 2012. (Judd WS, Campbell CS, Kellogg EA *et al.*, 1999) 植物系统学 (Plant Systematics, A Phylogenetic Approach) 第 3 版 [M]. 北京: 高等教育出版社
- APG, 1998. An ordinal classification for the families of flowering plants [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 85 (4): 531—553
- APG, 2003. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG II [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 141 (4): 399—436
- APG, 2009. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG III [J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161 (2): 105—121
- Arnot DE, Roper C, Bayoumi RAL, 1993. Digital codes from hyper-variable tandemly repeated DNA sequences in the *Plasmodium falciparum* circumsporozoite gene can genetically barcode isolates [J]. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 61 (1): 15—24
- Antonelli A, Nylander JAA, Persson C *et al.*, 2009. Tracing the impact of the Andean uplift on Neotropical plant evolution [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 106 (24): 9749—9754
- Bell EA, 1986. Preface [A]. In: Clayton WD, Renvoize SA (eds.), *Genera Graminum, Grasses of the World* [M]. London: Her Majesty's Stationary Office
- Bininda-Emonds ORP, Cardillo M, Jones KE *et al.*, 2007. The delayed rise of present-day mammals [J]. *Nature*, 446 (7135): 507—512
- Brach AR, Boufford DE, 2011. Why are we still producing paper florae? [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 98 (3): 297—300
- Brach AR, Song H, 2005. ActKey: A web-based interactive identification key program [J]. *Taxon*, 54 (4): 1041—1046
- Chanderbali AS, Albert VA, Leebens-Mack J *et al.*, 2010. Transcriptional signatures of ancient floral developmental genetics in avocado (*Persea americana*; Lauraceae) [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 106 (22): 8929—8934
- Chase MW, Soltis DE, Olmstead RG *et al.*, 1993. Phylogenetics of seed plants: An analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcL* [J]. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 80 (3): 528—580
- Che J, Huang DW, Li DZ *et al.*, 2010. DNA Barcoding and the International Barcode of Life Project in China [J]. *Bulletin of the Chinese Academy of Sciences*, 24 (4): 257—260
- Cracraft J, Donoghue MJ, 2004. *Assembling the Tree of Life* [M]. New York: Oxford University Press
- Cronquist A, 1981. *An Integrated System of Classification of Flowering Plants* [M]. New York: Columbia University Press
- Darwin C, 1859. *On the Origin of Species* [M]. London: John Murray
- Donoghue MJ, 2008. A phylogenetic perspective on the distribution of plant diversity [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 105 (suppl 1): 11549—11555
- Dunn CW, Hejnal A, Matus DQ *et al.*, 2008. Broad phylogenomic sampling improves resolution of the animal tree of life [J]. *Nature*, 452 (7188): 745—749
- Edwards EJ, Osborne CP, Strömberg CAE *et al.*, C<sub>4</sub> Grasses Consortium. 2010. The origins of C<sub>4</sub> grasslands: Integrating evolutionary and ecosystem science [J]. *Science*, 328 (5978): 587—591
- Edwards EJ, Smith SA, 2010. Phylogenetic analyses reveal the shady history of C<sub>4</sub> grasses [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 107 (6): 2532—2537
- Floyd R, Abebe E, Papert A *et al.*, 2002. Molecular barcodes for soil nematode identification [J]. *Molecular Ecology*, 11 (4): 839—850
- Frodin DG, 2001. *Guide to Standard Floras of the World*, ed. 2 [M]. UK, Cambridge: Cambridge University Press
- Funk VA, 2006. Floras: A model for biodiversity studies or a thing of the past? [J]. *Taxon*, 55 (3): 581—588

- Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S *et al.*, 2008. A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history [J]. *Science*, **320** ( 5884 ): 1763—1768
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL *et al.*, 2003. Biological identifications through DNA barcodes [J]. *Proceedings of the Royal Society B, Biological Sciences*, **270** ( 1512 ): 313—321
- Hebert PDN, Penton EH, Burns JM *et al.*, 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator* [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, **101** ( 41 ): 14812—14817
- Hebert PDN, Stoeckle MY, Zemlak TS *et al.*, 2004. Identification of birds through DNA barcodes [J]. *PLoS Biology*, **2** ( 10 ): e312
- Hollingsworth PM, 2011. Refining the DNA barcode for land plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, **108** ( 41 ): 19451—19452
- Hoorn C, Wesselingh FP, ter Steege H *et al.*, 2010. Amazonia through time: Andean uplift, climate change, landscape evolution, and biodiversity [J]. *Science*, **330** ( 6006 ): 927—931
- Jansen RK, Cai Z, Raubeson LA *et al.*, 2007. Analysis of 81 genes from 64 plastid genomes resolves relationships in angiosperms and identifies genome-scale evolutionary patterns [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **104** ( 49 ): 19369—19374
- Kress WJ, 2004. Paper floras: How long will they last? A review of flowering plants of the Neotropics [J]. *American Journal of Botany*, **91** ( 12 ): 2124—2127
- Kress WJ, Krupnick GA, 2005. Documenting and conserving plant diversity: the future [A]. In: Krupnick GA, Kress WJ ( eds. ), *Plant Conservation: a Natural History Approach* [M]. USA, Chicago: University of Chicago Press
- Kress WJ, Krupnick GA, 2006. The future of Floras: New frameworks, new technologies, new uses [J]. *Taxon*, **55** ( 3 ): 579—580
- Li DZ, Gao LM, Li HT *et al.*, 2011a. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer ( ITS ) should be incorporated into the core barcode for seed plants [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **108** ( 49 ): 19641—19646
- Li DZ, Liu JQ, Chen ZD *et al.*, 2011b. Plant DNA barcoding in China [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, **49** ( 3 ): 165—168
- Luo Y ( 骆洋 ), He YB ( 何延彪 ), Li DZ ( 李德铎 ) *et al.*, 2012. A comparison of classification of families of Chinese vascular plants among *Flora Republicae Popularis Sinicae*, *Flora of China* and the new classification [J]. *Plant Diversity and Resources ( 植物分类与资源学报 )*, **34** ( 3 ): 231—238
- Moore MJ, Bell CD, Soltis PS *et al.*, 2007. Using plastid genome scale-data to resolve enigmatic relationships among basal angiosperms [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **104** ( 49 ): 19363—19368
- Moore MM, Soltis PS, Bell CD *et al.*, 2010. Phylogenetic analysis of 83 plastid genomes further resolves the early diversification of eudicots [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **107** ( 10 ): 4623—4628
- Peres-Neto PR, Leibold MA, Dray S, 2012. Assessing the effects of spatial contingency and environmental filtering on metacommunity phylogenetics [J]. *Ecology*, suppl. **93** ( 8 ): S14—S30
- Pocock MJO, Evans DM, Memmott J, 2012. The robustness and restoration of a network of ecological networks [J]. *Science*, **335**: 973—977
- Proches S, Wilson JRU, Richardson DM *et al.*, 2008. Searching for phylogenetic pattern in biological invasions [J]. *Global Ecology and Biogeography*, **17** ( 1 ): 5—10
- Qiu YL, Li L, Wang B *et al.*, 2006. The deepest divergences in land plants inferred from phylogenomic evidence [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **103** ( 42 ): 15511—15516
- Raven PH, 2011. Plant conservation in the future: new challenges, new opportunities [J]. *Plant Diversity & Resources*, **33** ( 1 ): 1—9
- Sage RF, 2003. The evolution of C<sub>4</sub> photosynthesis [J]. *New Phytologist*, **161** ( 2 ): 341—370
- Smith SA, Donoghue MJ, 2008. Rates of molecular evolution are linked to life history in flowering plants [J]. *Science*, **322** ( 5898 ): 86—89
- Soltis DE, Burleigh JG, 2009. Surviving the K-T mass extinction: new perspectives of polyploidization in angiosperms [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **106** ( 14 ): 5455—5456
- Takhtajan AL, 1997. *Diversity and Classification of Flowering Plants* [M]. New York: Columbia University Press
- Thorne RF, 1992. Classification and geography of the flowering plants [J]. *Botanical Review*, **58** ( 3 ): 225—348
- Tang H, Bowers JE, Wang X *et al.*, 2010. Angiosperm genome comparisons reveal early polyploidy in the monocot lineage [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **107** ( 1 ): 472—477
- Vandepoel K, Van de Peer Y, 2005. Exploring the plant transcriptome through phylogenetic profiling [J]. *Plant Physiology*, **137** ( 1 ): 31—42
- Willis CG, Ruhfel B, Primack BA *et al.*, 2009. Phylogenetic patterns of species loss in Thoreau's woods are driven by climate change [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, **105** ( 44 ): 17029—17033
- Wilson EO, 2000. A global biodiversity map [J]. *Science*, **289** ( 5488 ): 2279
- Yang QE, Zhu GH, Hong DY *et al.*, 2005. World's largest flora completed [J]. *Science*, **309** ( 5477 ): 2163