

基于三个 DNA 片段讨论菖蒲科的分子系统学*

陈永燕, 李德铎, 王 红**

(中国科学院昆明植物研究所生物多样性与生物地理学开放研究实验室, 云南 昆明 650204)

摘要: 菖蒲属长期以来被置于天南星科, 但近年来分子系统学的研究表明菖蒲属与天南星科的关系较远, 应成立一个单型科, 即菖蒲科 (Acoraceae)。本文选择菖蒲科 3 个种及 1 个变种即金钱蒲 (*Acorus gramineus*)、石菖蒲 (*A. tatarinowii*)、金边菖蒲 (*A. tatarinowii* var. *flavomarginatus*) 和菖蒲 (*A. calamus*) 不同染色体倍性的 4 个居群进行了核糖体 RNA 内源转录间隔段 (ITS) 进行测序, 并据此讨论了菖蒲属的属下系统关系。结果表明, 菖蒲科为一个自然的单系类群, 不同倍性的菖蒲构成一个自展数据支持率为 100% 的分支, 无中肋的金钱蒲、石菖蒲和金边石菖蒲构成另一个自展数据支持率为 100% 的分支。通过比较分析菖蒲科与其相关类群之间 18S 和 *rbcL* 两段 DNA 序列, 对菖蒲科的系统位置进行了讨论。在基于 18S 和 *rbcL* 的系统树中, 菖蒲均处于单子叶植物中较为孤立的位置。

关键词: 菖蒲科; ITS; 系统发育

中图分类号: Q 75, Q 949 文献标识码: A 文章编号: 0253 - 2700(2002)06 - 0699 - 08

Infrageneric Phylogeny and Systematic Position of the Acoraceae
Inferred from ITS , 18S and *rbcL* Sequences

CHEN Yong-Yan , LI De-Zhu , WANG Hong**

(Laboratory of Plant Biodiversity and Biogeography , Kunming Institute of Botany , Chinese Academy of Sciences ,
Kunming 650204 , Yunnan , China)

Abstract : Inferred from the recent molecular data , *Acorus* was upgraded as a monotypic family , Acoraceae , although it was placed in the Araceae for a long time . The internal transcribed spacer (ITS) regions of *A. gramineus* , *A. tatarinowii* , *A. calamus* (with four populations sampled , representing tetraploids and hexaploids , respectively) and *A. tatarinowii* var. *flavomarginatus* were sequenced to examine the infrageneric relationship of the genus . The Acoraceae is supported as a monophyletic group . The tetraploid and hexaploid populations of *A. calamus* from different areas of Yunnan constituted a firm clade with high bootstrap support (100%) , while *A. gramineus* , *A. tatarinowii* and *A. tatarinowii* var. *flavomarginatus* constituted another monophyletic clade with a bootstrap value of 100% . The systematic position of Acoraceae is analyzed by using the sequence data of nuclear 18S and chloroplast *rbcL* genes .

* 基金项目: 中国科学院知识创新工程重要方向项目 (KSCXZ - SW - 101A) 和云南省自然科学基金项目 (1999C0074M)

** 通讯联系人 To whom correspondence should be addressed

收稿日期: 2002 - 02 - 26 , 2002 - 09 - 10 接受发表

作者简介: 陈永燕 (1974 -) 女, 在职博士生, 主要从事分子系统与分子发育的研究。

Inferred from both phylogenetic trees of the 18S and *rbcL* genes, Acoraceae is in an insular position in the monocotyledons.

Key words: Acoraceae; ITS; Phylogeny

自 1753 年由 Linnaeus 建立菖蒲属 (*Acorus*) 以来, 该属一直被置于天南星科 (Araceae) 中并被认为是该科较为原始的类群 (李恒, 1979; Cronquist, 1981; Dahlgren 等, 1985)。Grayum (1987, 1990) 根据形态学、解剖学和胚胎学特征认为菖蒲属同天南星科关系较远, 将其从天南星科中独立出来, 成立菖蒲科 (Acoraceae), 该科仅有菖蒲属 1 属。随着分子系统学的兴起和发展, 基于分子生物学证据, 菖蒲属被不同学者置于不同的系统位置。基于叶绿体基因组 *rbcL* 序列所构建的系统树认为菖蒲属是现存单子叶植物中最为古老的类群 (Duvall 等, 1993a, b; Chase 等, 1993) (即所谓“菖蒲假说”, the Acoranan hypothesis), 这一假说与 Grayum (1987) 根据花序形态特征所做出的推论颇为接近。然而根据 18S rRNA 序列分析的结果, 不同学者得出的结论却有明显的差异, 如 Nickrent 等 (1995) 的分析结果认为除菖蒲属外的单子叶植物为其余所有被子植物的姐妹群, 菖蒲属与其余单子叶植物不构成单系; Soltis 等 (1997) 则主要根据核 DNA 18S 序列的分析提出菖蒲属可能是除了一些基部被子植物之外的所有被子植物的姐妹群, 但该文中对菖蒲的 18S 序列提出了怀疑, 认为应该重新对其进行测序。APG (1998) 将菖蒲目置于单子叶植物的第一个分支。Mathews 等 (1999) 从 PHYA 和 PHYC 两个基因片段的分子系统树认为菖蒲属与天南星科的浮萍属 (*Lemna*) 以及泽泻科的慈菇属 (*Sagittaria*) 构成了单系类群。Qiu 等 (1999) 依据线粒体、叶绿体和核 3 个基因组的 *atpA*, *matR*, *atpB*, *rbcL*, 18S 等 5 个基因片段构建了多基因系统树, 认为菖蒲属与泽泻亚纲的 2 种植物构成了一单系类群, 但在单子叶植物中处于较为孤立的地位。Stevenson 等 (2000) 根据对 50 种单子叶植物的形态学、叶绿体 *rbcL* 基因和线粒体 *atpA* 基因的限制性位点和序列的分析, 提出菖蒲科和泽泻目的 4 种植物构成一个分支, 该分支是整个单子叶植物的姐妹群。天南星科最新的属志也认为菖蒲属与天南星科分开比较合适 (Mayo 等, 1997)。Takhtajan (1997) 的最新系统中也将菖蒲属独立成科。最近, 提出“菖蒲假说”的 Duvall (2001) 通过对菖蒲属花药发育的解剖研究, 得到的结论是, “菖蒲假说”还需要有更多的证据, 但相反的假说也往往没有定论, 现在可以确认的是菖蒲属不是天南星科的成员。由此可见, 菖蒲科已经得到广泛的承认, 但其系统位置还没有统一的认识。

与其系统位置成对比的是, 菖蒲属属内的系统发育则鲜有研究。关于菖蒲属内的种间亲缘关系, Ohwi (1956) 认为菖蒲属有 2 个种, 即叶片具有中肋的菖蒲 (*A. calamus* L.) 和不具中肋的金钱蒲 (*A. gramineus* Soland.)。李恒 (1979) 根据叶是否具中肋、叶片宽度, 以及叶状佛焰苞与肉穗花序的长度比等形态特征将该属分为 4 种, 即菖蒲 (*A. calamus*)、石菖蒲 (*A. tatarinowii*)、长苞菖蒲 (*A. rumphianus*) 和金钱蒲 (*A. gramineus*)。在菖蒲 (*A. calamus*) 的细胞学研究中, 除了原来报道的四倍体外, 我们发现了其六倍体类型 (王红等, 2001)。由于 ITS 片段是核基因组中进化速率较快的 DNA 片段, 适用于较低分类阶元的系统发育研究, 本文选择该片段进行序列分析, 重点探讨菖蒲属内种间和种下 (如变种和不同倍性的居群) 的系统发育关系。

如上所述, 有关菖蒲科系统位置的研究一直是近年来单子叶植物研究和被子植物大系

统研究中的一个热点。基于 *rbcL* 和 18S 两个主要用于科级和较高级分类群系统发育分析的基因（田欣等，2002）得到的结论有较大差别，并且 Nickrent 等（1995）和 Soltis 等（1997）基于 18S 序列对菖蒲属的分析结论也不尽相同（其中 Soltis 等，1997 中的 18S 序列存疑），此外，Qiu 等（1999）对 105 种基部被子植物和裸子植物 5 个 DNA 序列综合分析中又缺乏 1 个单独的基于 18S 序列对菖蒲科系统位置的分析。因此有必要考虑更多的单子叶植物及其可能的近缘类群，根据 GenBank 数据库中下载的 *rbcL* 和 18S 两个基因片段进行了序列分析，进一步探讨了菖蒲科的系统位置。

1 材料与方法

1.1 材料

所有材料均从原产地采集并栽培于中国科学院昆明植物园内，凭证标本存放于中国科学院昆明植物研究所标本馆（KUN）内。各类群 ITS 序列已送 GenBank（表 1）。主要根据 18S 和 *rbcL* 序列对菖蒲科的系统位置进行了探讨，所有的 18S 和 *rbcL* 序列均来自 GenBank，其中菖蒲（*A. calamus*）的 18S 序列是 Qiu 等（1999）重新测定的（表 2）。

表 1 菖蒲科及其外类群材料来源和 ITS GenBank 序列号

Species	Chromosome	Origin of materials and Vouchers	GenBank
	Number		Accession No. (ITS)
<i>A. calamus</i> (DL)	2n = 6x = 66	Dali, Yunnan, 07999423	AF209786
<i>A. calamus</i> (XB)	2n = 4x = 44	Xishuangbanna, Yunnan, 07999422	
<i>A. calamus</i> (ZD)	2n = 6x = 66	Zhongdian, Yunnan, 07999115	
<i>A. calamus</i> (WS)	2n = 4x = 44	Wenshan, Yunnan, 07999615	
<i>A. tatarinowii</i>	2n = 2x = 24	Malipo, Yunnan, Chen 132	AF209785
<i>A. gramineus</i>	2n = 2x = 24	Jinping, Yunnan, Chen 045	AF468820
<i>A. tatarinowii</i> var. <i>flavo-marginatus</i>	—	Kunming, Yunnan, Chen 98115	AF468818
<i>Alisma plantago-aquatica</i>	—	—	AJ012291

表 2 菖蒲科和相关类群的 18S 和 *rbcL* GenBank 序列号

Table 2 18S and <i>rbcL</i> sequences of the Acoraceae and selected related taxa and their GenBank accession numbers.		
Taxon	GenBank accession No. of 18S	GenBank accession No. of <i>rbcL</i>
<i>Acorus gramineus</i>	AF197584	D28866
<i>Acorus calamus</i>		D28865
<i>Triglochin maritimum</i>	AF197586	U80714
<i>Sparganium eurycarpum</i>	L24419	
<i>Alisma plantago-aquatica</i>	AF197585	L08759
<i>Sagittaria trifolia</i>	D29781	L08767
<i>Aristolochia gigantea</i>	M82682	
<i>Aristolochia macrophylla</i>		L12630
<i>Asarum canadense</i>	L24043	
<i>Saruma henryi</i>	L24417	L12664
<i>Houttuynia cordata</i>	L24147	L08762
<i>Saururus chinensis</i>	D29782	
<i>Saururus cernuus</i>		L08768
<i>Peperomia serpens</i>	L24411	
<i>Peperomia</i> sp.		L12661
<i>Nymphaea tuberosa</i>	L24404	
<i>Ceratophyllum demersum</i>	D85300	M77030
<i>Potamogeton robbinsii</i>		U80725
<i>Lemna</i> sp.		M91630
<i>Spathiphyllum clevelandii</i>		AJ005626
<i>Orontium aquaticum</i>		AJ005632
<i>Sparganium</i> sp.		M91633
<i>Nymphaea odorata</i>		M77034

1.2 方法

1.2.1 植物总 DNA 提取 所有材料为野外采集用硅胶干燥的嫩叶或植物园盆栽的新鲜嫩叶, 采用稍加修改的 CTAB 法提取样品的总 DNA (Doyle 等, 1987), 并用琼脂糖电泳和紫外分光光度计检测总 DNA 的质量和浓度。

1.2.2 ITS 区片段的 PCR 扩增与纯化 用于 PCR 扩增的引物为 ITS4 和 ITS5 (White 等, 1990), 扩增反应程序为 97℃, 2 min; 94℃, 1 min, 50℃, 1 min, 72℃, 1 min, 30 个循环; 72℃延伸 7 min。扩增产物用柱式 PCR 产物纯化试剂盒 (华舜公司) 纯化。

1.2.3 序列测定 所有 ITS 序列均在 ABI-310 型自动测序仪上完成。采用测序试剂为 ABI 公司的 BigDye 测序试剂盒, 并根据说明书推荐的标准程序进行测序反应, 测序反应的引物同扩增引物。18S 和 *rbcL* 序列均从 GenBank 下载 (表 2)。

1.2.4 数据处理 采用 DNASTAR 软件包对所测序列和从 GenBank 下载的序列进行排序和校对后, 再用 PAUP 4.0b8 软件 (Swofford 等, 2001) 进行分支分析, 采用最大简约法 (maximum parsimony method) 获得最大简约系统树; 应用自展法 (bootstrap) 检验系统树, 自展次数为 1 000 次。

2 结果

2.1 基于 *rbcL* 和 18S 两个基因片段对菖蒲科系统位置的再分析

本文利用 Qiu 等 (1999) 重新测序的菖蒲属的 18S 基因片段, 以菖蒲属为核心, 并加入更多的单子叶植物和可能的近缘类群, 用 *rbcL* 和 18S 两个基因片段进行了序列分析, 得到的 18S 分子系统树和 *rbcL* 分子系统树见图 1 和图 2。两个基因的系统树都表明菖蒲属与单子叶植物中的水麦冬属 (*Triglochin*)、黑三棱属 (*Sparganium*)、泽泻属 (*Alisma*) 和慈菇属 (*Sagittaria*) 的关系较近。在 *rbcL* 系统树中, 菖蒲属是所有其它所选的 8 个单子叶植物属的姐妹群, 但自展数据支持率不高 (61%)。在 18S 系统树中, 整个系统树的支持率均较低, 菖蒲属与水麦冬属 (*Triglochin*) 构成一个支持率不高的单系 (61%), 其枝长为 31。

2.2 菖蒲属的 ITS 序列的分析

不同染色体倍性的菖蒲 (*A. calamus*) 的 ITS 序列完全一样。所测的菖蒲科 3 种 1 个变种 8 个样本的 ITS 序列 (含 ITS1 和 ITS2) 长度都在 560~584 bp 之间。在外类群的选择上, 我们逐一以石柑属、泽泻属、三白草属 (*Saururus*) 和金鱼藻属 (*Ceratophyllum*) 为外类群运用 PAUP4.0b 进行了分析。结果表明, 选取上述植物中的任意一种做外类群都不会影响菖蒲科内部的系统学关系, 因此我们选择了其中与菖蒲属遗传距离最近的泽泻属作为外类群对菖蒲科进行系统发育分析。结果 (图 3) 表明, 菖蒲科是一个自然的单系类群; 叶片具有中肋的菖蒲 (*A. calamus*) 的 4 个不同倍性的居群构成一个多歧分支 (100%, 为数据自展支持率, 下同), 该分支是所有没有中肋的类群的姐妹群。在叶片无中肋的 3 个分类群中构成 1 个得到强烈支持的分支 (100%), 其中金边菖蒲 (石菖蒲的变种) 与金钱蒲的亲缘关系更近 (100%), 两者共同构成石菖蒲的姐妹群。

3 讨论

3.1 菖蒲科的系统位置

Duvall 等 (1993a, b) 主要根据 *rbcL* 序列分析提出了菖蒲科可能是整个单子叶植物最为古老的类群的观点。在稍后的基于 *rbcL* 和 18S 的比较分析中, Nickrent 等 (1995) 对菖蒲属的系统位置认识不尽相同。在 *rbcL* 分子系统树中菖蒲属和其它单子叶植物没有构成一个单

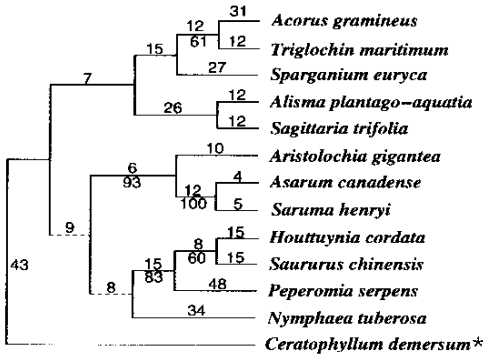


图 1 可能与菖蒲科近缘的 13 个类群的 18S 最简约系统树。虚线表示在严格一致树中得不到支持的分支。分支以上的数字为各分支的枝长；分支以下的数字为各分支的自展数据支持率。* 表示外类群。

Fig. 1 One of the three most parsimonious trees of 13 basal taxa based on the 18S sequences, with gaps treated as missing data. (Tree length = 454, CI = 0.6520, RI = 0.4212). Dotted lines indicating that the branches may collapse in the strict consensus tree. Tree length = 454, CI = 0.6520, RI = 0.4212. Values above branches are branch length. Those below branches are bootstrap supports. Asterisk (*) indicates outgroup.

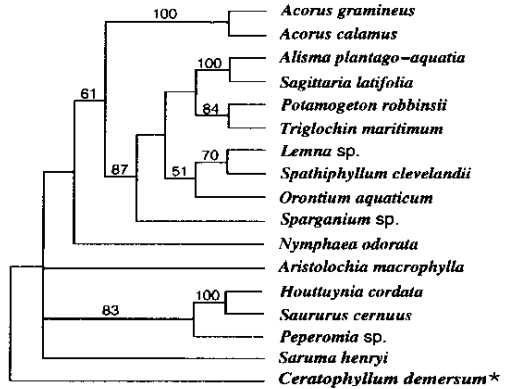


图 2 可能与菖蒲科近缘的 17 个类群的 *rbcL* 基因序列最简约系统树。数字为各分支的自展数据支持率。* 表示外类群。

Fig. 2 The strict consensus tree of the three most parsimonious trees of 17 basal taxa based on the *rbcL* gene sequences with gaps treated as missing data. (Tree length = 796, CI = 0.5465, RI = 0.4412). Values above branches are bootstrap supports for the clades. Asterisk (*) indicates outgroup.

系类群，而和蕺菜属 (*Houttuynia*)、草胡椒属 (*Peperomia*)、细辛属 (*Asarum*)、马蹄香属 (*Saruma*)、马兜铃属 (*Aristolochia*) 等古草本类以及木兰亚纲的 *Drimys* 构成了单系；在 18S 基因的系统树中，菖蒲属未与其它单子叶植物构成单系类群，反而成了除单子叶植物外的其余被子植物的姐妹群，但数据自展支持率低于 50%。Soltis 等 (1997) 根据核 DNA 18S 序列的分析提出菖蒲属可能是除了一些基部被子植物包括八角科、五味子科、Austrobaileyaceae、Amborellaceae、睡莲科和胡椒目等之外的所有被子植物的姐妹群。APG (1998) 将菖蒲科独立成目，该目置于单子叶植物类的第一个目，但置于该目之前的尚有 Corsiaceae、Japonoliriaceae、纳茜菜科 Nartheciaceae、樱井草科 Petrosaviaceae 和霉草科 Triuridaceae 等 5 个孤立的科。Mathews 等 (1999) 从 PHYA 和 PHYC 两个基因片段的分子系统树认为菖蒲属与天南星科的浮萍属 (*Lemna*) 以及泽泻科的慈姑属 (*Sagittaria*) 构成了单系类群。Qiu 等 (1999) 对基部被子植物和裸子植物的 63 科 103 属 105 种的线粒体基因 (*atp1* 和 *matR*)，质体基因 (*atpB* 和 *rbcL*) 和核基因 (18S) 共 5 个 DNA 序列综合进行了系统学分析，结果表明，菖蒲属仍与其它单子叶植物，即薯蓣属 (*Dioscorea*)、天门冬属 (*Asparagus*)、眼子菜属 (*Potamogeton*)、水麦冬属 (*Triglochin*)、泽泻属 (*Alisma*)、*Orontium*、*Spathiphyllum*、*Pilea* 和岩菖蒲属 (*Tofieldia*) 构成 1 个单系类群。Mathews 等 (1999) 根据两个光敏色素基因 PHYA 和 PHYC 对也进行了分析，结果表明菖蒲属与慈姑属和浮萍属一起构成了单系类群。

本文通过质体基因 (*rbcL*) 和核基因 (18S) 序列的分析，再次印证了“菖蒲假说”的提出者 Duvall (2001) 的观点，即菖蒲科是否为单子叶植物中最古老的类群还需要有更多的

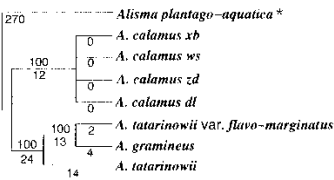


图3 菖蒲科植物 ITS 序列所构建的最简约系统树。各分支上方数字为的自展数据支持率，下方数字为枝长。
* 表示外类群。

Fig. 3 The strict consensus tree of the most parsimonious trees of Acoraceae based on the ITS sequences with gaps treated as missing data. Tree length = 339, CI = 0.9823, RI = 0.9302. Values above branches are bootstrap supports for the clades, below are branch length. Asterisk (*) indicates outgroup.

证据，但可以确认的是菖蒲属不是天南星科的成员。

从所测的菖蒲科 3 种 1 个变种 8 个样本的 ITS 序列与可能的近缘类群的比较来看，本科的 ITS 序列较一般被子植物的 ITS 区序列要长（屈良鹄等，1999），也比本次研究最初选定的外类群天南星科石柑属（*Pothos balansae*）的 ITS 序列（336 bp）长很多，说明该片段在菖蒲科与天南星科之间长度差异很大，这进一步说明了两科在系统发育上分歧较早。

3.2 菖蒲属内种间关系

基于 ITS 序列构建的系统树（图 3）可以看出，菖蒲科是一个自然的单系类群，并且叶片具有中肋的菖蒲（*A. calamus*）是所有没有中肋类群的姐妹群。其中金边菖蒲（石菖蒲的变种）与金钱蒲的亲缘关系更近，且与石菖蒲构成一个单系类群。ITS 是 nrDNA（核糖体 DNA）片段，而 nrDNA 能为网状进化提供直接证据。在对测序结果进行分析的同时，我们发现具有中肋的菖蒲

（*A. calamus*）不同染色体倍性（四倍体和六倍体）植株的 ITS 序列没有发生碱基变异，这说明当该种的不同居群在染色体加倍时，它们的核 DNA 序列可能没有发生变化。因而，导致这两个倍性的居群之间 ITS 序列的完全一致。这个结果可能也表明菖蒲科是一个古老的、系统位置较孤立的类群。在基于 ITS 建立的系统树中，金边菖蒲（石菖蒲的变种）与金钱蒲的较为近缘的关系，以及该变种与石菖蒲相对较为疏远的关系，与传统分类的处理有所不同。我们试图从菖蒲属 ITS 序列的种（含变种）间差异值进行了一个比较。该属现被一般承认的种和变种间差异值最小为 1.07%，最大为 8.86%（表 3），这一范围大体在屈良鹄等（1999）提出的“被子植物大多数科属其 ITS 序列的种间差异值为 1.2% ~ 10.2%”的指标之内，比竹亚科的筱竹属复合群大很多（Guo 等，2001），这似乎表明菖蒲属种（含变种）间差异相对较大，种间甚至在现在认可的变种间有较大的遗传距离，该属分成 2 个种可能不大合适，有待于更为广泛的取样和其它学科资料的佐证。

表 3 菖蒲科及外类群植物 ITS 区序列距离矩阵，对角线下为绝对距离，对角线上为校正后的 K_{mc} 值。

Table 3 Pairwise genetic distances between members of the *Acorus* and *Alisma* based on the ITS sequences. Above diagonal : Mean character differences (adjusted for missing data); Below diagonal : Total character differences

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 <i>Alisma</i>	- 0.50185	0.50185	0.50185	0.51916	0.51977	0.50185	0.52490	
2 <i>A. calamus</i> XB	272	- 0.00000	0.00000	0.08137	0.08229	0.00000	0.08861	
3 <i>A. calamus</i> DL	272	0	- 0.00000	0.08137	0.08229	0.00000	0.08861	
4 <i>A. calamus</i> ZD	272	0	0	- 0.08137	0.08229	0.00000	0.08861	
5 <i>A. tatarinowii</i> var. <i>flavo-marginatus</i>	271	45	45	45	- 0.05254	0.08137	0.01071	
6 <i>A. tatarinowii</i>	276	46	46	46	29	- 0.08229	0.05616	
7 <i>A. calamus</i> WS	272	0	0	0	45	46	- 0.08861	
8 <i>A. gramineus</i>	274	49	49	49	6	31	49	-

〔参 考 文 献〕

- APG (The Angiosperm phylogeny Group), 1998. An Ordinal classification for the Families of Flowering plants [J]. *Ann Missouri Bot Gard*, **85**: 531—553
- Chase MW, Soltis DE, Olmstead RG, *et al*, 1993. Phylogenetics of seed plants: an analysis of nucleotide sequences from the plastid gene *rbcL* [J]. *Ann Missouri Bot Gard*, **80**: 528—580
- Cronquist A, 1981. An Integrated System of Classification of Flowering Plants [M]. New York: Columbia University Press
- Dahlgren RMT, Clifford HT, Yeo PF, 1985. The Families of the Monocotyledons: Structure, Evolution and Taxonomy [M]. Berlin: Springer-Verlag
- Doyle JJ, Doyle JZ, 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. *Phytochem Bull*, **19**: 11—15
- Duvall MR, Learn GH Jr, 1993a. Phylogenetic analysis of *rbcL* sequences identifies *Acorus calamus* as the primal extant monocotyledon [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, **90**: 4641—4644
- Duvall MR, Chase MW, Soltis DE, *et al*, 1993b. A phylogeny of seed plants resulting from analysis of DNA sequence variation among the *rbcL* loci of 499 species with particular emphasis on alliances among monocotyledons. In: Hoch P ed. Experimental and Molecular Approaches to Plant Biosystematics [M]. St. Louis: Missouri Botanic Garden. 27—40
- Duvall MR, 2001. An anatomical study of anther development in *Acorus* L.: phylogenetic implications [J]. *Pl Syst Evol*, **228**: 143—152
- Guo Zhen-Hua, Chen Yong-Yan, Li De-Zhu, *et al*, 2001. A study on genetic variation and evolution of alpine bamboos (Poaceae, Bambusoideae) using DNA sequencing [J]. *J Plant Res*, **114**: 315—322
- Grayum MH, 1987. A summary of evidence and arguments supporting the removal of *Acorus* from the Araceae [J]. *Taxon*, **36**: 723—729
- Grayum MH, 1990. Evolution and phylogeny of the Araceae [J]. *Ann Missouri Bot Gard*, **77**: 628—679
- Kubitzki K (ed), 1998. The families and genera of vascular plants, IV: Flowering Plants. Monocotyledons Alismatanae and Commelinanae (except Gramineae) [M]. Berlin: Springer-Verlag
- Li H (李恒), 1979. Araceae, Flora Reipublicae Populalis Sinicae (中国植物志) [M]. Beijing: Science Press, **13** (2): 4—9
- Mathews S, Donoghue MJ, 1999. The root of angiosperm phylogeny inferred from duplicate phytochrome genes [J]. *Science*, **286**: 947—950
- Mayo SJ, Bogner J, Boyce PC, 1997. The Genera of Araceae [M]. Belgium: the European Union by Continental Printing
- Nickrent DL, Soltis DE, 1995. A comparison of angiosperm phylogenies from nuclear 18S rDNA and *rbcL* sequences [J]. *Ann Missouri Bot Gard*, **82**: 208—234
- Ohwi J, 1956. Flora of Japan [M]. Tokyo: Shibundo, 1956
- Qiu YL, Lee J, Quadroni FB, 1999. The earliest angiosperms: evidence from mitochondrial, plastid and nuclear genomes [J]. *Nature*, **402**: 404—407
- Qu LH (屈良鹄), Chen YQ (陈月琴), 1999. Key to molecular taxonomy—principles and methods [J]. *Acta Sci Nat Univ Sunyatseni* (中山大学学报), **38** (1): 1—6
- Soltis DE, Soltis PS, Nickrent DL, *et al*, 1997. Angiosperm phylogeny inferred from 18S ribosomal DNA sequences [J]. *Ann Missouri Bot Gard*, **84**: 1—49
- Stevenson DW, Davis JI, Freudenstein JV, *et al*, 2000. A phylogenetic analysis of the monocotyledons based on morphological and molecular character sets with comments on the placement of *Acorus* and Hydatellaceae. In: Wilson K L, Morrison D A (eds.). Monocotyledons: Systematics and Evolution [M]. CSIRO, Melbourne, 17—24
- Swofford DL, 2001. PAUP: Phylogenetic analysis using parsimony, ver. 4.0b8 [R]. Sinauer, Associates, Massachusetts, USA
- Takhtajan A, 1997. Diversity and Classification of Flowering Plants [M]. New York: Columbia Univ Press
- Tian X (田欣), Li DZ (李德铎), 2002. Application of DNA sequences in plant phylogenetic study [J]. *Acta Bot Yunnan* (云南植物研究), **24** (2): 170—184
- Wang H (王红), Li WL (李文丽), Gu ZJ (顾志建), *et al*, 2001. Cytological study on *Acorus* L. in southwestern China, with

some cytogeographical notes on *A. calamus* [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), 43 (4): 354—358

White TJ , Bruns T , Lee S , *et al* , 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. Innis M , Gelfand D , Sninsky J , White T. PCR Protocols : A Guide to Methods and Application [M]. San Diego : Academic Press , 315—322

* * * * *

第十一届亚洲药用植物、香料及其它天然产物学术大会 征文通知

由中国科学院昆明植物研究所、中国科学院上海药物研究所和联合国教科文组织东南亚天然产物化学地区性网络组织共同举办的第十一届亚洲药用植物、香料及其它天然产物学术大会将于 2003 年 10 月 27 - 31 日在云南省昆明市召开。本次大会是该会在中国第一次举办，其组委会和国内顾问委员会已有十一位相关领域的两院院士加盟，组委会主席是中国科学院昆明植物研究所周俊院士，国内顾问委员会主席是中国科学院陈竺副院长（院士）。届时将邀请国内外权威学者做大会报告，在此组委会诚邀所有感兴趣的国内外相关学者和各界人士积极投稿、参加。

大会背景和主题

亚洲药用植物、香料及其它天然产物学术大会（ASOMPS）开始举办时规模较小，它于 1960 年在瑞典的 Finn Sandberg 教授和国际科学基金会（IFS）的大力倡导下在巴基斯坦的白沙瓦（Peshawar）举行了第一届，现在它已经成为以天然产物研究为重点的一个重要的国际系列性大会。到目前为止，ASOMPS 会议已经成功地举办了十届，它们分别是：第二届于 1964 年在斯里兰卡的康提（Kandy），第三届于 1977 年在斯里兰卡的科伦坡（Colombo），第四届于 1980 年在泰国的曼谷（Bangkok），第五届于 1984 年在韩国的汉城（Seoul），第六届于 1989 年在印度尼西亚的 Bundung，第七届于 1992 年在菲律宾的马尼拉（Manila），第八届于 1994 年在马来西亚的 Melaka，第九届于 1998 年在越南的河内（Hanoi），第十届于 2000 年 11 月 19 - 23 日在孟加拉国的达卡（Dhaka）。现在参加该会议的不仅有亚洲科学家，还有许多的欧美学者，ASOMPS 会议讨论的主题也延伸到了生物医学科学的相关领域。本届大会的主题为植物资源、化学、药品与健康。

征文范围

- 1、植物资源：药用植物、有毒植物、经济植物、民族植物及其可持续利用。
- 2、植物化学：化学成分提取分离与结构鉴定，活性成分结构修饰与合成，生物合成与生物技术，植物化学新观点、新方法与新技术，化学分类学和化学生态学。
- 3、药 物：生物活性，生物活性检测技术，药理学与新药发现。

征文要求

来稿请作者注明其论文要求参与交流的方式（包括口头或墙报），同时还须注明其论文所涉及的征文范围（包括植物资源、植物化学、药物）。论文摘要限白色清晰的 A4 版面 1 - 2 页，其上、下、左、右间距分别为 4.0、2.5、2.5、2.0 cm，请在报告人名字下加下划线。请将打印件和磁盘一并交到组委会秘书处。同时非常欢迎以电子邮件递交论文摘要。

截稿日期：2003 年 6 月 30 日。

会议语言和交流方式

第十一届亚洲药用植物、香料及其它天然产物学术大会使用语言为英语。报告分大会邀请报告、分组邀请报告、分组报告和墙报。