

王奇志,何兴金,马祥光,等. 柴胡属(*Bupleurum* L.)植物的系统分类研究进展[J]. 江苏农业科学,2014,42(4):3-6.

柴胡属(*Bupleurum* L.)植物的系统分类研究进展

王奇志¹,何兴金²,马祥光²,王长宝³,周颂东²

(1. 华侨大学生物工程与技术系,福建厦门 361021; 2. 四川大学生命科学学院,四川成都 610064;

3. 佳木斯大学生命科学学院,黑龙江佳木斯 154007)

摘要:目前学术界关于柴胡属植物在伞形科的系统分类位置还存在争议,没有公认的统一分类系统。柴胡属植物的化石可能出现在第三纪,不同研究者根据形态解剖及分子研究结果,推测柴胡属植物起源于非洲木本种类,地中海地区可能是柴胡属植物的起源中心,我国西南地区可能是柴胡属植物的次生分布中心。本研究对柴胡属植物的系统分类研究进展进行概述,并提出建议。

关键词:柴胡属;分类;起源

中图分类号: Q949.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)04-0003-03

柴胡属(*Bupleurum* L.)是伞形科 1 个重要的类群,模式种为圆叶柴胡(*B. rotundifolium*),本属约有 180 多种,主要分布于北半球,尤其是地中海地区、欧亚大陆、非洲北部地区,北美的落基山脉及南非地区各有 1 种,分别是 *B. americanum*、*B. mundii*,非洲北部地区分布有唯一的木本柴胡属植物 *B. fruticosum*^[1-4]。多数柴胡属植物具药用价值,根及全草入药,在欧亚及北非地区被广泛作为传统药材使用^[5]。分类学家对柴胡属植物的分类及起源研究极其重视。目前柴胡属植物的系统分类研究主要采用形态分类法^[1]、细胞学分析方法^[5-8]、数量分类法^[9]、花粉形态^[10-14]、植物器官解剖比较方法^[15-21]、化学成分比较方法^[22-26]、分子标记及 DNA 芯片方法^[27-39]、形态与统计分析结合法、细胞聚类分析结合法^[40]、化学成分与植物解剖法^[41]以及分子与形态相结合的研究方法^[42]。本研究对柴胡属植物的系统分类研究进展进行归纳,旨在为开发利用柴胡属植物提供依据。

1 柴胡属的系统位置探讨

在系统发育方面,学者们一致认为柴胡属是单起源的类群,并且是伞形科芹亚科中相对原始的类群。柴胡属植物叶片多数具平行脉,不具伞形科大多数植物的网状脉,易与伞形科其他类群区分开来。柴胡属植物花粉以菱形、圆形、椭圆形为主,较少具有伞形科中其他植物的矩形花粉类型,属内花粉形态一致性较高。过去学者们将柴胡属植物归入伞形科阿米芹族中^[43]。近年来,多位学者从分子水平上利用 nrDNA ITS、叶绿体 *rpl16*、*rpoC1*、*trnL-F*、*rps16* 等内含子序列研究,发现柴胡属常处于系统树芹亚科中,与芹亚科其他属成为姐妹支,认为可以将柴胡属提升为单型族^[44-46]。有学者使用柴胡属植物及伞形科其他类群的 nrDNA ITS 序列、*rps16* 内含子及

trnL-F 序列的单基因以及多基因分析,采用不同分支分类方法构建系统发育树,结合叶表皮微形态、细胞学、花粉形态学特征,也支持柴胡属可以提升为单型族的观点。研究人员综合形态学、nrDNA ITS 序列证据、植物化学成分研究结果,建议将柴胡属从芹亚科中独立出来,成立柴胡亚科(*Bupleuroideae*),并置于变豆菜亚科(*Saniculoideae*)与芹亚科之间。

2 柴胡属属下分类

对于柴胡属的分类,学者们做了大量工作,但是属下种间分类较为混乱,至今没有一个能被大家共同接受的分类系统。

2.1 国外柴胡属属下分类

Drude 把柴胡属分成 5 个组:*Perfoliata* 组、*Reticulata* 组、*Rigida* 组、*Coriacea* 组、*Eubupleura* 组。关于我国柴胡属种类研究较少,由于采取不同分类标准,目前还没有统一的属下分类系统,学者们只对柴胡属 *Perfoliata* 组、*Coriacea* 组的界定看法一致。Neves 等采用 nrDNA ITS 序列,对产自地中海地区的柴胡属植物 32 种及 3 个亚种基于 ITS 讨论了物种之间的亲缘关系,并将柴胡属划分成 *Peninervia*、*Bupleurum* 两亚属。

2.2 我国柴胡属属下分类

《神农本草经》将柴胡列为上品。《植物名实图考》记载有大柴胡、小柴胡、广信柴胡,观其图和描述,均不是伞形科柴胡属植物。目前除海南省外,其他省份都有柴胡分布报道。我国柴胡属植物具有除 $X=11$ 外的柴胡属植物所有的染色体基数类群($X=4,6,7,8,10,13$)。根据 Drude 的分组,我国的柴胡属植物,除金黄柴胡 *B. aureum* 属 *Reticulata* 组外,其余种类都属于 *Eubupleura* 组。研究人员通过数值分类研究,提出我国柴胡属分为 2 亚属(subgen. *Longifolia*、subgen. *Eubupleura*)和 2 组(sect. *Ranunculoidea*、sect. *Falcata*)的属下分类系统。Wang 等根据 nrDNA ITS 序列及叶绿体序列及形态证据,得出我国柴胡属植物属于柴胡亚属(subgen. *Bupleurum*)的结论^[47]。在种的分类上,研究人员对细茎有柄柴胡(*B. petiolulatum* var. *tenerum*)、抱茎柴胡(*B. longicaule* var. *amplexicaule*)、空心柴胡(*B. longicaule* var. *franchetii*)、秦岭柴胡(*B. longicaule* var. *giraldii*)的分类位置进行了重新修订,分别将这 4 个变种提升为种;把黄花鸭跖柴胡(*B.*

收稿日期:2013-11-15

基金项目:福建省自然科学基金(编号:2010J05076);国家标本平台教学标本子平台项目(编号:2005DKA21403-JK);华侨大学 2012 年实验教学改革与建设课题(编号:66661220Y)。

作者简介:王奇志(1976—),女,博士,讲师,从事植物系统发育与植物资源开发研究。E-mail:wqz@hqu.edu.cn。

commelynoideum var. *flaviflorum*) 组合为黑柴胡 (*B. smithii*) 的变种甘川柴胡 (*B. smithii* var. *flaviflorum*), 提出了三苞川滇柴胡新组合 (*B. candollei* var. *paucefulcrans* comb. Nov)。此外, 潘胜利等也相继报道了 6 个柴胡新种, 即非叶柴胡 (*B. kunmingense*)、多枝柴胡 (*B. polyclonum*)、泸西柴胡 (*B. luxiense*)、四川柴胡 (*B. sichuanense*)、甘肃柴胡 (*B. gansuense*)、会泽柴胡 (*B. huizei*)^[48]。余孟兰等偏向大种观点, 废弃了以往的变型称谓, 把变型的等级升格为变种。有学者发现窄竹叶柴胡 (*B. marginatum* var. *stenophyllum*) 与其四倍体原变种竹叶柴胡 (*B. marginatum*) (基数为 6) 有区别, 认为两者具有不同的染色体基数及不同的倍性, 且窄竹叶柴胡分布区小, 更集中于我国西南地区, 生长在海拔 2 700 ~ 4 000 m 的高山上, 由于地理、生境隔离, 导致居群间产生分化, 不能进行基因交流, 因此认为窄竹叶柴胡可以提升为种。研究人员根据形态学、细胞学、花粉形态学、叶表皮、分子证据, 也支持窄竹叶柴胡独立成种的观点。欧洲的 *B. falcutum* 与中国、日本、韩国的 *B. falcutum* 在细胞核型以及核糖体 rDNA ITS 上都有明显区别, 它们之间的关系须要进一步论证。

3 柴胡属植物起源研究进展

柴胡属植物的花粉化石可能出现在第三纪, 与现代红柴胡 (*B. scorzoneraefolium*) 的花粉形态相似的植物出现在我国东海陆架盆地。舒璞等根据我国 39 个柴胡属的花粉形态, 初步推测我国西南地区 (主体是横断山区) 是柴胡属的起源中心^[12]。国外学者认为, 地中海地区可能是柴胡属植物的起源中心^[49]。王奇志等根据分子序列分析, 推测柴胡属植物的祖先种可能是非洲北部地区的木本柴胡属植物 *B. fruticosum*, 或者是地中海西部地区的柴胡属植物。我国柴胡属植物由于受到气候及地理环境的影响, 西南地区可能是柴胡属植物的起源中心, 分别向外扩散, 形成目前的分布格局。

4 柴胡属的种下水平研究

研究人员采用 AFLP 分子标记, 对阿尔卑斯山分布的多年生 *B. stellatum* 的地理隔离及其扩散进行了研究。单人骅等从形态学、胞粉学、叶表皮解剖结构及细胞学角度研究了 *B. lanceolatum* 在喜马拉雅山脉西部分布情况并探讨其分布原因^[50]。Wang 等对青藏高原及附近区域的黑柴胡叶绿体 DNA 进行了研究, 结果表明, 高原气候影响了其分布、种下分化^[51]。黑柴胡种下分化为 2 个单倍型支, 在第四纪盛冰期至少存在 2 个独立的冰期避难所, 分别位于青藏高原的东北缘、东缘。2 个单倍型支居群发生了 2 次接触以及有效的基因交流。此外, 基于单倍型的地理分布模式, 高原上的居群是由存活在高原东北缘及东缘避难所的个体扩张而来。

5 结论与讨论

柴胡属植物是芹亚科中较原始且重要的类群, 属下分类较为混乱。柴胡属植物属下系统发育关系以及该属各植物种类的起源、进化、迁移等问题尚不明确。根据柴胡属植物的研究现状, 建议今后加强以下几方面的研究。

5.1 增加研究的种类

很多柴胡属植物是重要的药用植物, 并且属于间断分布

类型, 增加研究种类是解决柴胡属植物分类及进化研究的根本。

5.2 统一形态分类标准

柴胡属植物种类较多, 受生长环境影响较大, 例如喜马拉雅克什米尔地区的柴胡属植物, 很多种类都分布在查漠和克什米尔高山地区^[52]。常作为分种依据的伞幅数目、伞形花序中花的数量、苞片颜色及大小等, 都随环境的变化而变化, 造成某些种的界限、种下分类单位存在争议。因此, 采用统一的形态分类标准, 对于柴胡属植物的分类与系统发育研究尤其重要。

5.3 加强细胞分类学研究

细胞生物学在柴胡属植物的分类、系统进化中具有重要意义。研究发现, *B. ranunculoides* 不同居群中, 出现过二倍体 ($2n=14$)、三倍体 ($2n=21$)、四倍体 ($2n=28$)、六倍体 ($2n=42$)。在柴胡属植物的非洲种类及欧亚种类中, 还出现了非整倍性^[53]。

5.4 积极拓展生物地理学研究

采用分子生物学方法, 加快柴胡属植物生物地理学研究, 可以更准确地揭示柴胡属植物的进化、扩散及迁移情况。应综合利用多个遗传分子标记进行柴胡属植物生物地理学研究。

5.5 多学科有机结合

数量分类法主要是针对不同的柴胡属植物种类, 采用不同的性状特征值进行主成分分析。形态解剖方法是采用显微镜或电镜观察根、茎、叶、花、果实等的细胞、组织、器官的形态特点, 但是很多柴胡属植物中很多器官的形态变化较小。柴胡属植物某些皂苷类成分在研究柴胡属药用植物种间、种下单位的分类关系上意义不大。某些成分可以作为分类的依据, 却常受到环境的影响。柴胡属植物次生代谢物非常丰富, 目前已分离鉴定出约 250 种化合物^[54-58], 而用于柴胡属植物分子研究的遗传标记主要有 RAPD、AFLP、ISSR 分子标记, 主要用于柴胡属植物的分子鉴定, 涉及的种类不全, 种间关系还不清楚, 同时不同标记手段的研究结果也不一样。

参考文献:

- [1] Sheh M L, Watson M F. Flora of China[M]. Beijing: Science Press, 2005: 60-74.
- [2] Neves S S, Watson M F. Phylogenetic relationships in *Bupleurum* (Apiaceae) based on nuclear ribosomal DNA its sequence data[J]. Annals of Botany, 2004, 93(4): 379-398.
- [3] Özcan T. Analysis of the fruit surfaces in *Bupleurum* L. (Umbelliferae) with SEM[J]. Plant Systematics and Evolution, 2004, 247(1/2): 61-74.
- [4] Liu K, Lota M L, Casanova J, et al. The essential oil of *Bupleurum fruticosum* L. from Corsica: a comprehensive study[J]. Chemistry & Biodiversity, 2009, 6(12): 2244-2254.
- [5] Pan S L. *Bupleurum* speices: scientific evaluation and clinical applications[M]. Boca Raton: CRC Press, 2006: 13-16.
- [6] 姜传明, 徐娜, 王好友, 等. 东北柴胡属细胞分类学研究 I. 6 种柴胡的核型分析[J]. 植物研究, 1994, 14(3): 267-272.
- [7] 聂泽龙, 孙航, 顾志建. 横断山区被子植物染色体研究概况[J]. 云南植物研究, 2004, 26(1): 35-57.

- [8]梁乾隆,王长宝,马祥光,等. 中国柴胡属染色体数目和核型研究[J]. 植物科学学报,2013,31(1):11-22.
- [9]舒璞,袁昌齐,余孟兰,等. 中国柴胡属药用植物的数量分类研究(I)[J]. 西北植物学报,1998,18(2):126-132.
- [10]莫日根,吴庆如. 内蒙古柴胡属植物花粉形态及其分类[J]. 内蒙古大学学报:自然科学版,1994,25(5):554-560.
- [11]王萍莉,溥发鼎. 中国-喜马拉雅柴胡属的花粉形态及其系统学意义[J]. 应用与环境生物学报,1995,1(1):34-43.
- [12]舒璞,余孟兰. 中国伞形科植物花粉图志[M]. 上海:上海科学技术出版社,2001:68-75.
- [13]王长宝,何兴金,马永红,等. 四川柴胡属植物的花粉形态及系统学意义[J]. 绵阳师范学院学报,2004,23(5):74-76,81.
- [14]de Leonardis W, de Santis C, Ferrauto G, et al. Pollen morphology of six species of *Bupleurum* L. (Apiaceae) present in Sicily and taxonomic implications [J]. Plant Biosystems, 2009, 143 (2): 293-300.
- [15]李广民,钱丽霞. 西北产6种药用柴胡营养器官的比较解剖学研究[J]. 武汉植物学研究,1990,8(4):396-398,410.
- [16]Özcan T. SEM observations on petals and fruits of some Turkish endemic *Bupleurum* L. (Umbelliferae) species [J]. Botanical Journal of the Linnean Society, 2002, 138(4):441-449.
- [17]徐丽霞,郝建平,秦雪梅,等. 野生柴胡和栽培柴胡的根、叶显微结构比较[J]. 山西大学学报:自然科学版,2006,29(2):198-200.
- [18]谭玲玲,廖海民,蔡霞,等. 北柴胡茎、叶的发育解剖学研究[J]. 西北大学学报:自然科学版,2008,38(2):261-264.
- [19]逢云莉,唐自慧,王奇志,等. 中国柴胡属植物叶表皮特征及系统学意义[J]. 武汉植物学研究,2009,27(2):133-144.
- [20]马祥光,王长宝,何兴金. 中国伞形科柴胡属果实表面微形态特征及其分类学意义[J]. 西北植物学报,2010,30(7):1388-1396.
- [21]王长宝,马祥光,何兴金. 伞形科柴胡属部分物种的果实特征及系统学意义[J]. 植物科学学报,2011,29(4):399-408.
- [22]刘和平,谢培山,田润涛. 柴胡属药材皂苷高效薄层色谱指纹图谱的研究[J]. 中药新药与临床药理,2008,19(1):38-42.
- [23]Tian R T, Xie P S, Liu H P. Evaluation of traditional Chinese herbal medicine: Chaihu (*Bupleuri Radix*) by both high-performance liquid chromatographic and high-performance thin-layer chromatographic fingerprint and chemometric analysis [J]. Journal of Chromatography A, 2009, 1216(11):2150-2155.
- [24]Zhang T T, Zhou J S, Wang Q. HPLC analysis of flavonoids from the aerial parts of *Bupleurum* species [J]. Chinese Journal of Natural Medicines, 2010, 8(2):107-113.
- [25]Huang H Q, Su J, Zhang X, et al. Qualitative and quantitative determination of polyacetylenes in different *Bupleurum* species by high performance liquid chromatography with diode array detector and mass spectrometry [J]. Journal of Chromatography A, 2011, 1218(8):1131-1138.
- [26]Qin X M, Dai Y T, Liu N Q, et al. Metabolic fingerprinting by ¹HNMR for discrimination of the two species used as *Radix Bupleuri* [J]. Planta Medica, 2012, 78(9):926-933.
- [27]梁之桃,秦民坚,王峥涛,等. 柴胡属植物皂苷成分研究进展[J]. 天然产物研究与开发,2001,13(6):67-72.
- [28]梁之桃,秦民坚,王峥涛,等. 柴胡属5种植物 RAPD 分析与分类鉴定[J]. 中草药,2002,33(12):1117-1119.
- [29]武莹,刘春生,刘玉法,等. 5种习用柴胡的 ITS 序列鉴别[J]. 中国中药杂志,2005,30(10):732-734.
- [30]谢晖,晁志,霍克克,等. 9种柴胡属植物的核糖体 ITS 序列及其在药材鉴定中的应用[J]. 南方医科大学学报,2006,26(10):1460-1463.
- [31]Yang Z Y, Chao Z, Huo K K, et al. ITS sequence analysis used for molecular identification of the *Bupleurum* species from northwestern China [J]. Phytomedicine, 2007, 14(6):416-423.
- [32]谢晖. 基于 ITS 序列的柴胡属植物系统学探讨及三种柴胡属植物种间差异比较蛋白质组表达谱的初步研究[D]. 上海:复旦大学,2006.
- [33]白杨. 不同产地柴胡的 ISSR 分子标记及品质研究[D]. 武汉:湖北中医学院,2008.
- [34]Lin W Y, Chen L R, Lin T Y. Rapid authentication of *Bupleurum* species using an array of immobilized sequence-specific oligonucleotide probes [J]. Planta Medica, 2008, 74(4):464-469.
- [35]Xie H, Huo K K, Chao Z, et al. Identification of crude drugs from Chinese medicinal plants of the genus *Bupleurum* using ribosomal DNA ITS sequences [J]. Planta Medica, 2009, 75(1):89-93.
- [36]邵天玉,朴锦,吕龙石. 用 RAPD 分子标记技术分析长白山区柴胡的亲缘关系[J]. 延边大学农学学报,2009,31(2):89-92,96.
- [37]赵贵贵,南晓洁,郝媛媛,等. 柴胡栽培种的 RAPD 和 AFLP 遗传关系研究[J]. 中草药,2010,41(1):113-117.
- [38]郝媛媛,南晓洁,赵春贵,等. 柴胡栽培种 ZQ-T 于根药材的 AFLP 鉴别[J]. 山西大学学报:自然科学版,2010,33(2):291-295.
- [39]刘力. 基于 ITS 区多态性的柴胡类生药鉴定用 DNA 芯片的研究[D]. 广州:南方医科大学,2011.
- [40]宋芸,乔永刚,吴玉香. 6种柴胡属植物核型似近系数聚类分析[J]. 中国中药杂志,2012,37(8):1157-1160.
- [41]周亚福. 柴胡属6种药用植物结构与化学成分积累的比较和分泌道形态发生的研究[D]. 西安:西北大学,2008.
- [42]Wang C B, Ma X G, He X J. A taxonomic re-assessment in the Chinese *Bupleurum* (Apiaceae): insights from morphology, nuclear ribosomal internal transcribed spacer, and chloroplast (*trnH* - *psbA*, *matK*) sequences [J]. Journal of Systematics and Evolution, 2011, 49(6):558-589.
- [43]Downie S R, Watson M F, Spalik K, et al. Molecular systematics of Old World Apiaceae (Apiaceae): relationships among some members of tribe Peucedaneae sensu lato, the placement of several island-endemic species, and resolution within the apioid superclade [J]. Canadian Journal of Botany, 2000, 78(4):506-528.
- [44]Downie S R, Katz D, Downie D S, Watson M F. A phylogeny of the flowering plant family Apiaceae based on chloroplast DNA *rpl16* and *rpoC1* intron sequences: towards a suprageneric classification of subfamily Apioideae [J]. American Journal of Botany, 2000, 87(2):273-292.
- [45]Zhou J, Gong X, Downie S R, et al. Towards a more robust molecular phylogeny of Chinese Apiaceae subfamily Apioideae: additional evidence from nrDNA ITS and cpDNA intron (*rpl16* and *rps16*) sequences [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2009, 53(1):56-68.
- [46]Calviño C I, Tilney P M, van Wyk B E, et al. A molecular phylogenetic study of southern African apiaceae [J]. American Journal Botany, 2006, 93(12):1828-1847.

胡新颖,杨迎东,颜津宁,等. 百合种球脱毒技术研究进展[J]. 江苏农业科学,2014,42(4):6-8.

百合种球脱毒技术研究进展

胡新颖¹, 杨迎东¹, 颜津宁², 颜范悦¹

(1. 辽宁省农业科学院园艺分院, 辽宁沈阳 110161; 2. 辽宁省凌源市蔬菜花卉局, 辽宁凌源 122500)

摘要:对近年来我国百合种球脱毒技术的研究进展情况进行了综述,介绍了百合常见病毒种类及特点,系统阐述了我我国目前常用的百合种球脱毒技术:愈伤组织培养、茎尖培养、热处理、抗病毒药剂应用以及多种方式综合应用等。

关键词:百合;种球;脱毒;研究进展

中图分类号: S682.2⁺65.04 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)04-0006-03

百合(*Lilium* spp.)为百合科百合属多年生球根类草本植物,因其花大、花色丰富、花形优美而深受人们喜爱,是主要的切花观赏花卉之一。商业上用的百合种球主要以扦插繁殖和分球繁殖等无性繁殖为主。长期的无性繁殖使病毒在百合体内积累,引发病毒病,严重影响切花产量和品质。另外,栽培管理不当,导致温度过高,引发蚜虫危害,使病毒在百合植株间传播,种球带毒率日益增加。采取有效措施控制和消除病毒病,生产优质无毒百合种球,是百合种球商品化生产面临的一个重要问题。目前百合脱毒主要集中在茎尖培养、热处理、应用抗病毒药剂及综合脱毒等方法,本文就百合的病毒病种类及脱毒技术做一系统的综述。

收稿日期:2013-08-12

基金项目:辽宁省农村科技特派团项目(编号:2012215008)。

作者简介:胡新颖(1980—),女,河北丰润人,硕士,助理研究员,从事花卉栽培、育种与种球繁育技术研究, E-mail: huxinying2013@163.com。

通信作者:颜范悦,研究员,从事花卉栽培、育种与种球繁育技术研究。 E-mail: wl401983@163.com。

[47] Wang Q Z, He X J, Zhou S D, et al. Phylogenetic inference of the genus *Bupleurum* (Apiaceae) in Hengduan Mountains based on chromosome counts and nuclear ribosomal DNA ITS sequences [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, 2008, 46(2): 142-154.

[48] 潘胜利, 顺庆生, 柏巧明, 等. 中国药用柴胡原色图志 [M]. 上海: 上海科学技术文献出版社, 2002: 1-3.

[49] 周荣汉. 药用植物化学分类学 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1988: 295.

[50] 单人骅, 李颖. 中国柴胡属的种类及其分布 [J]. *植物分类学报*, 1974, 12(3): 261-294.

[51] Wang C B, Ma X G, He X J. *Bupleurum candollei* var. *pauciflorans* comb. nov. (Apiaceae) from Guizhou, China; comparison of allied species based on morphology, anatomy and molecular data [J]. *Nordic Journal of Botany*, 2011, 29(4): 424-430.

[52] 宋诚擎. 柴胡的药用植物历史演变 [J]. *中医药信息*, 2007, 24(5): 29-30.

[53] Oskolski A A. Phylogenetic relationships within Apiales: evidence from wood anatomy [J]. *Edinburgh Journal of Botany*, 2001, 58(2): 201-206.

[54] Rani S, Kumar S, Jeelani S M, et al. Impaired male meiosis, mor-

1 百合常见病毒病的种类及特点

自 Stewart (1896) 描述百合的坏死条纹以来, 相继报道了百合的病毒病原 14 种。其中发生普遍, 危害严重的病毒有 5 种, 即百合潜隐病毒 (lily symptomless virus, LSV)、黄瓜花叶病毒 (cucumber mosaic virus, CMV)、郁金香碎花病毒 (tulip breaking virus, TBV)、异名百合斑驳病毒 (lily mottle virus, LMoV) 和百合丛簇病毒 (lily rosette virus, LRV)。其他 9 种病毒均在栽培地区少量发生, 对百合构不成普遍危害^[1]。

近年来, 随着百合引种数量的增加、种植面积的扩大, 以及不规范的种球自繁, 病毒病已开始在我国各百合种植区发生流行, 一般发病率为 40%~50%, 二代种球的带毒率在 90% 以上, 严重制约了我国百合鲜切花的产量和质量。这些病毒在危害百合时有几个突出特点: 多种病毒复合侵染, 病症复杂、危害重, 传播速度快, 病毒在植株内分布不均, 初侵染与二次侵染特点不同等^[2]。病毒病对百合的危害主要有: 植株严重矮化, 脉明, 花叶, 畸形, 坏死斑, 鳞茎变小, 产量下降, 种质明显退化, 开花少且小, 有的甚至盲花, 严重时整株枯死, 影

phology and distribution pattern of different cytotypes of *Bupleurum lanceolatum* Wall. (Apiaceae) from the Western Himalayas [J]. *Plant Systematics and Evolution*, 2013, 299(9): 1801-1807.

[55] Zhao C, Ma X G, Liang Q L, et al. Phylogeography of an alpine plant (*Bupleurum smithii*, Apiaceae) endemic to the Qinghai-Tibetan Plateau and adjacent regions inferred from chloroplast DNA sequence variation [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, 2013, 51(4): 382-395.

[56] Zhao C, Wang C B, Ma X G, et al. Phylogeographic analysis of a temperate-deciduous forest restricted plant (*Bupleurum longiradiatum* Turcz.) reveals two refuge areas in China with subsequent refugial isolation promoting speciation [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2013, 68(3): 628-643.

[57] Bhellum B L. Taxonomic status of *Bupleurum* (Apiaceae) in outer hills of Kashmir Himalayas, India [J]. *Journal of Biology and Earth Sciences*, 2012, 2(2): B63-B69.

[58] Ashour M L, Wink M. Genus *bupleurum*: a review of its phytochemistry, pharmacology and modes of action [J]. *Journal of Pharmacy and Pharmacology*, 2011, 63(3): 305-321.