

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201703023

引文格式: 蒋露, 张艳武, 郭强, 等. 我国原生植物假泽兰(菊科)的细胞学研究 [J]. 广西植物, 2018, 38(3):324-331  
 JIANG L, ZHANG YW, GUO Q, et al. Cytological study on *Mikania cordata* (Asteraceae), a native plant in China [J]. *Guihaia*, 2018, 38(3):324-331

## 我国原生植物假泽兰(菊科)的细胞学研究

蒋露<sup>1</sup>, 张艳武<sup>1</sup>, 郭强<sup>1</sup>, 刘莹<sup>2</sup>, 李春妹<sup>2\*</sup>

(1. 深圳市野生动植物保护管理处, 广东 深圳 518048; 2. 中山大学 生命科学学院, 广州 510275)

**摘要:** 该文研究了我国原生植物假泽兰(*Mikania cordata*)台湾花莲居群、苗栗居群、宜兰居群以及台北居群的染色体数目和染色体形态。结果表明:所有居群的染色体数目为  $2n=36$ , 第一对染色体为近中部着丝粒染色体, 其长臂中部具有次缢痕, 显著大于其余染色体。各居群的核型公式皆为  $2n=18m+18sm$ , 核型均为 2B 型, 染色体内不对称性指数( $A_1$ )的变化范围为 0.38~0.39, 染色体之间不对称性指数( $A_2$ )的变化范围为 0.30~0.32。此为我国假泽兰居群染色体数目的唯一报道, 也是对该种核型的首次报道。结合前人对假泽兰染色体数目的研究结果, 认为假泽兰存在种内非整倍性现象, 但在中国台湾的居群中目前仅发现基于  $x=18$  的二倍体 ( $2n=36$ )。假泽兰的第一对染色体的长臂中部具次缢痕, 与假泽兰属已报道的核型相似, 这一次缢痕可作为假泽兰属的细胞学标记。核型资料、野外观察以及 ISSR 数据显示薇甘菊 (*M. micrantha*) 在我国的成功入侵与入侵种和本土种之间的杂交渐渗无关。根据标本记录和野外考察结果, 我国假泽兰现在的分布区与过去相比有了很大的缩减, 推测生境的破坏和薇甘菊的侵入可能是导致假泽兰在中国台湾地区逐渐消失的主要原因。

**关键词:** 菊科, 染色体数目, 核型, 假泽兰

中图分类号: Q942 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2018)03-0324-08

## Cytological study on *Mikania cordata* (Asteraceae), a native plant in China

JIANG Lu<sup>1</sup>, ZHANG Yanwu<sup>1</sup>, GUO Qiang<sup>1</sup>, LIU Ying<sup>2</sup>, LI Chunmei<sup>2\*</sup>

(1. Shenzhen Wildlife Protection Administration, Shenzhen 518048, Guangdong, China; 2. School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China)

**Abstract:** This study aimed to confirm the chromosome number of *Mikania cordata* (Asteraceae), a native plant in China, and to test the possible hybridization scenario between *M. cordata* and its invasive congener *M. micrantha* from a cytological perspective. Chromosome number and chromosome morphology of four populations in *M. cordata* were investigated. These included Hualian, Miaoli, Yilan and Taipei populations from Taiwan, China. The chromosome number  $2n=$

收稿日期: 2017-07-18

基金项目: 深圳市野生动植物保护管理处项目(33000-71010040)[Supported by the Program of Shenzhen Wildlife Protection Administration (33000-71010040)].

作者简介: 蒋露(1981-), 男, 湖南长沙人, 硕士研究生, 高级工程师, 主要从事野外动植物保护管理工作, (E-mail) 122181789@qq.com。

\* 通信作者: 李春妹, 硕士研究生, 助理实验师, 主要从事植物学实验教学和实验室管理工作, (E-mail) lichm3@mail.sysu.edu.cn。

36 was determined for all four populations. Their karyotypes, all formulated as  $2n = 18m + 18sm$ , were characterized by having a remarkably larger, submedian centromeric chromosome pair with a secondary constriction in the middle of the long arms. All the karyotypes were Stebbins's 2B type. The intrachromosomal asymmetry index ( $A_1$ ) varied from 0.38 to 0.39, and the interchromosomal asymmetry index ( $A_2$ ) varied from 0.30 to 0.32. This is the only report of the chromosome number for *M. cordata* from China, and also the first karyotype report for this species. Our results, together with previous reports, indicate that there is aneuploid variation within this species, but  $2n = 36$  (diploid based on  $x = 18$ ) is the only number currently known from the populations in Taiwan, China. The karyotypes of *M. cordata* resemble those reported for other *Mikania* species in the secondary constriction of the first chromosome pair, which could be considered a cytological marker for this genus. *Mikania cordata* and *M. micrantha* have the same chromosome number and ploidy but different karyotypic characteristics. However, intermediate karyotype was not found within populations where the two came into close contact. No intermediates between the two species were observed during field work, and ISSR analyses also failed to detect hybrid individuals. Therefore, the above evidence suggests that the successful invasion of *M. micrantha* in China is not associated with hybridization and introgression between this invasive species *M. cordata* and its only indigenous congener in China. After comparing past herbarium records with results of recent field surveys, we found that the distribution range of *M. cordata* in China has undergone a great reduction. We infer that habitat destruction and invasion of *M. micrantha* may be the main causes for the gradual disappearance of *M. cordata* in Taiwan, China.

**Key words:** Asteraceae, chromosome number, karyotype, *Mikania cordata*

假泽兰 (*Mikania cordata*) 为菊科假泽兰属 (*Mikania* Willd.) 多年生草质藤本, 分布于东南亚多国 (Chen et al, 2011), 在我国云南东南部、海南及台湾有标本记录, 有研究认为热带非洲也产 (Parker, 1972; Csurhes & Edwards, 1998)。该种是危害严重的入侵杂草薇甘菊 (*M. micrantha*) 在东南亚唯一的同属本土种, 因其具攀援习性, 叶三角状卵形至卵形, 基部心形, 头状花序排成伞房或复伞房花序而与薇甘菊极为相似, 曾长期与薇甘菊混淆不清 (Parker, 1972; 杜凡等, 2006; Ellison et al, 2008), 而被误认为具有极强的入侵性。

Turner & Lewis (1965) 首次对假泽兰进行了细胞学研究。他们检查了东非肯尼亚的居群, 在减数分裂细胞中观察到 18 个二价体 ( $n = 18$ ), 并发现其中一个染色体结构特别大, 将其判断为二价体或四价体会得到不同的染色体计数结果。Powell & King (1969) 的研究指出同属另一些物种也有类似情况, 认为要确定该属种类的染色体数目较困难。Olorode (1974) 报道了来自西非尼日利亚一个居群的减数分裂二价体数目 ( $n = 18$ ), 并首次报道了另一个居群的有丝分裂中期染色体数目 ( $2n = 36$ )。Mathew & Mathew (1983, 1988) 以

及 George et al (1989) 对分布于印度南部的一些菊科植物进行了染色体计数, 报道假泽兰的染色体数目为  $n = 18$  和  $2n = 36$ 。最近的报道来自非洲喀麦隆居群, 数目为  $2n = 38$  (Morton, 1993)。至此, 假泽兰已报道的染色体数目有  $n = 18$  和  $2n = 36$ 、38。上述报道有半数集中在印度南部。然而假泽兰在印度并没有分布记录 (Holmes, 1982; Chen et al, 2011)。印度南部是薇甘菊最早侵入该国的区域之一, 早在 20 世纪七八十年代就已造成一定的农业危害, 到 90 年代相关部门已开始对其开展年增长量监测 (Murphy et al, 2009)。由于假泽兰属种类在形态上彼此相似, 东南亚的标本鉴定一直很混乱, 尤其是在薇甘菊的入侵区域马来西亚和印度等地, 该种居群曾长期被错误鉴定为假泽兰 (Parker, 1972)。因此, 来自印度南部的假泽兰的染色体研究材料极可能属于错误鉴定, 实际上应为薇甘菊。若剔除来自印度的报道, 假泽兰已有的染色体计数 ( $n = 18$  和  $2n = 36$ 、38) 则仅限于非洲地区, 对东南亚居群体研究尚为空白。在染色体形态方面, 假泽兰属的研究仅见于巴西分布的一些种类 (Ruas & Ruas, 1987; Ruas & Aguiar-Perecin, 1997; Maffei et al, 1999; Ruas et

al, 2000), 假泽兰的核型分析目前尚未见报道。

外来物种和本土物种之间发生的杂交和基因渐渗可能导致入侵种对本土物种的“遗传吸收”和本土物种适合度的降低, 或导致新物种或生态型的起源, 从而获得成功入侵 (Ellstrand & Schierenbeck, 2000)。入侵种薇甘菊和本土的假泽兰在我国台湾皆有分布, 野外调查显示两者在其中 8 个采集点的最近距离在 1 km 以内, 甚至相互交缠在一起, 两者的花期有部分重叠, 具备发生杂交的时间和空间条件。侵入我国的薇甘菊均为  $2n=36$  的二倍体, 其核型具有明显特征, 即第一对染色体长臂的中部具有次缢痕 (蒋露等, 2016)。对假泽兰居群 (特别是与薇甘菊同地分布的居群) 的染色体数目、倍性和核型进行研究并与薇甘菊的细胞学资料进行比较, 可为两者是否存在杂交提供细胞学证据。

为确定我国假泽兰居群的染色体数目、倍性和核型, 我们选取中国台湾 4 居群进行了染色体计数和核型分析, 并结合前人的研究结果, 探讨了该种的染色体数目和倍性变异、与外来种薇甘菊在细胞学特征上的差异以及该种的分布现状。

## 1 材料与方法

材料来源见表 1。将假泽兰新鲜枝条修剪成

含 3 个节的小段, 下节插入纯净水中, 室温通气培养 1 周以上, 待不定根长至 1 cm 以上时, 取根用于染色体观察。

挑选生长良好的根尖, 置于  $0.002 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$  的 8-羟基喹啉溶液中,  $4 \text{ }^{\circ}\text{C}$  预处理 3.25 h, 常温卡诺固定液 (冰醋酸: 纯酒精 = 1: 3) 固定 1 h 以上, 在  $60 \text{ }^{\circ}\text{C}$  恒温水浴中用水解液 ( $1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$  盐酸: 45% 醋酸溶液 = 1: 1) 解离 3.5 min, 卡宝品红或改良品红染色, 常规压片显微观察。

挑选染色体分散良好的细胞进行染色体计数和核型分析。基于对 5 个细胞染色体的测量进行核型分析。染色体描述依据 Levan et al (1964) 的方法。核型分类参照 Stebbins。用 Romero Zarco 的  $A_1$  (染色体内不对称性指数 intrachromosomal asymmetry index) 和  $A_2$  (染色体间不对称性指数 interchromosomal asymmetry index) 描述核型不对称性。凭证标本保存于中山大学植物标本馆 (SYS)。

## 2 结果与分析

表 1 显示, 假泽兰 4 居群的染色体数目和核型公式。图 1 和图 2 显示了假泽兰 4 居群的染色体数目、大小及形态。每居群的核型分析如下。

花莲居群: 染色体数目为  $2n=36$  (图 1: A)。按染色体的大小及形态排列成 18 对 (图 2: A) 大

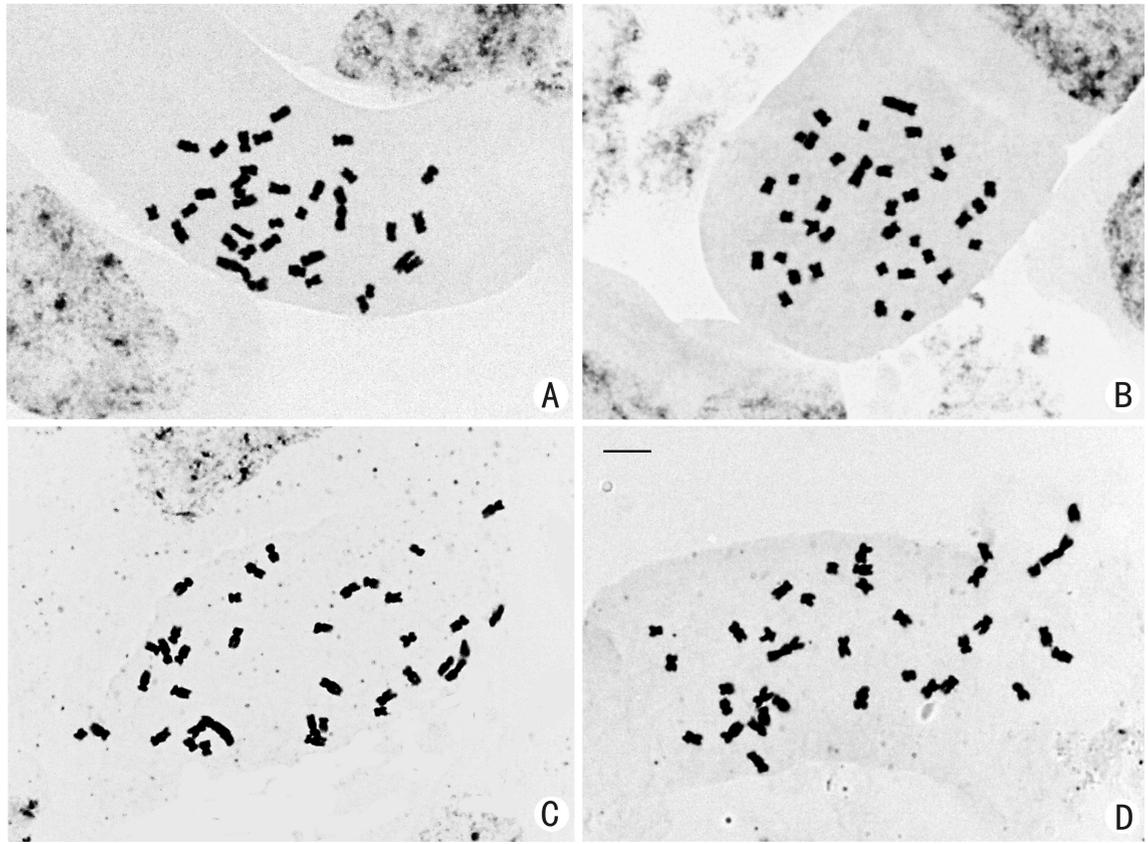
表 1 材料来源、染色体计数及核型公式

Table 1 Source of materials, chromosome counts and karyotype formulas

产地 Locality	凭证标本 Voucher	$2n$	核型公式 Karyotype formula	图 Figure
中国台湾花莲瓦拉米步道 Walami Trail, Hualian County, Taiwan, China	刘莹等 (Y. Liu et al) LY 209 (SYS)	36	$2n = 18m + 18sm$	1: A, 2: A
中国台湾苗栗神仙谷 Shenxian Valley, Miaoli County, Taiwan, China	刘莹等 (Y. Liu et al) LY 246 (SYS)	36	$2n = 18m + 18sm$	1: B, 2: B
中国台湾宜兰英仕村 Yingshi Village, Yilan County, Taiwan, China	刘莹等 (Y. Liu et al) LY 254 (SYS)	36	$2n = 18m + 18sm$	1: C, 2: C
中国台湾台北乌来信贤步道 Xinxian Trail, Wu Lai, Taipei, Taiwan, China	刘莹等 (Y. Liu et al) LY 258 (SYS)	36	$2n = 18m + 18sm$	1: D, 2: D

小变化范围为  $1.23 \sim 4.20 \mu\text{m}$ 。第一对染色体显著大于其余染色体, 具近中部着丝粒, 长臂中部具有

次缢痕 (图 1: A), 其余染色体在大小上逐渐过渡。核型为 2B 型, 核型公式为  $2n = 18m + 18sm$ 。核型



注: A. 花莲居群,  $2n=36$ ; B. 苗栗居群,  $2n=36$ ; C. 宜兰居群,  $2n=36$ ; D. 台北居群,  $2n=36$ 。标尺=5  $\mu\text{m}$ 。下同。

Note: A. Hualian population,  $2n=36$ ; B. Miaoli population,  $2n=36$ ; C. Yilan population,  $2n=36$ ;

D. Taipei population,  $2n=36$ . Scale bars=5  $\mu\text{m}$ . The same below.

图 1 假泽兰 4 居群的有丝分裂中期染色体,

Fig. 1 Mitotic metaphase chromosomes in four populations of *Mikania cordata*

不对称性指数为  $A_1 = 0.38, A_2 = 0.30$ 。

苗栗居群: 染色体数目为  $2n = 36$  (图 1: B)。按染色体大小及形态排列成 18 对 (图 2: B), 大小变化范围为  $1.22 \sim 4.70 \mu\text{m}$ 。第一对染色体显著大于其余染色体, 具近中部着丝粒, 长臂中部具次缢痕, 其余染色体在大小上逐渐过渡。核型为 2B 型, 核型公式为  $2n = 18m + 18sm$ 。核型不对称性指数为  $A_1 = 0.38, A_2 = 0.32$ 。

宜兰居群: 染色体数目为  $2n = 36$  (图 1: C)。按染色体大小及形态排列成 18 对 (图 2: C), 大小变化范围为  $1.18 \sim 4.32 \mu\text{m}$ 。第一对染色体显著大于其余染色体, 具近中部着丝粒, 长臂中部具次缢痕, 其余染色体在大小上逐渐过渡。核型为 2B 型, 核型公式为  $2n = 18m + 18sm$ 。核型不对称性指

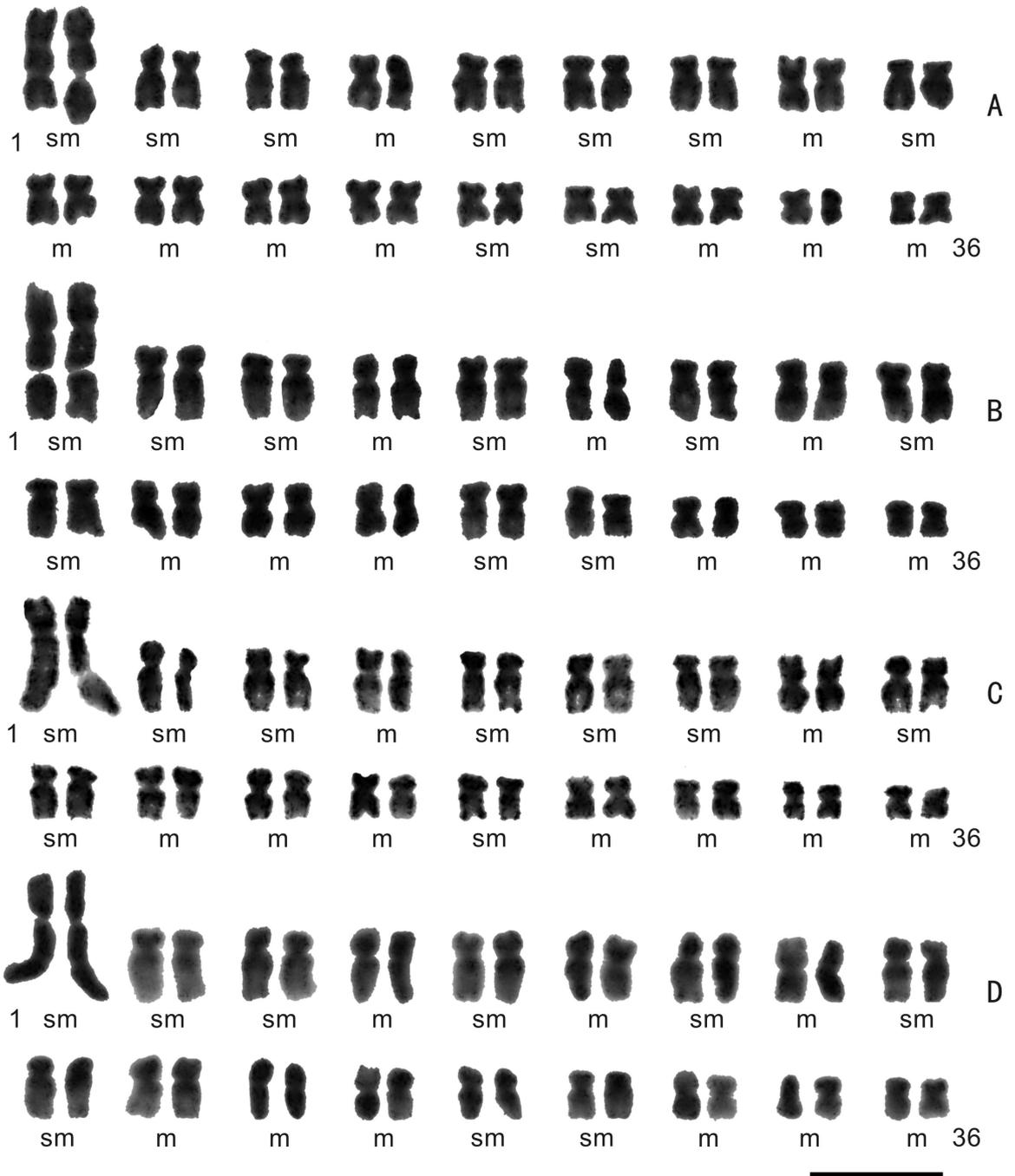
数为  $A_1 = 0.39, A_2 = 0.32$ 。

台北居群: 染色体数目为  $2n = 36$  (图 1: D)。按染色体大小及形态排列成 18 对 (图 2: D), 大小变化范围为  $1.22 \sim 4.27 \mu\text{m}$ 。第一对染色体显著大于其余染色体, 具近中部着丝粒, 长臂中部具次缢痕, 其余染色体在大小上逐渐过渡。核型为 2B 型, 核型公式为  $2n = 18m + 18sm$ 。核型不对称性指数为  $A_1 = 0.39, A_2 = 0.30$ 。

### 3 讨论

#### 3.1 我国假泽兰居群的染色体数目、核型和倍性

本研究结果表明, 中国台湾假泽兰居群的有丝分裂中期染色体数目为  $2n = 36$ , 与 *Olorode*



注: A. 花莲居群,  $2n=36$ ; B. 苗栗居群,  $2n=36$ ; C. 宜兰居群,  $2n=36$ ; D. 台北居群,  $2n=36$ 。

Note: A. Hualian population,  $2n=36$ ; B. Miaoli population,  $2n=36$ ; C. Yilan population,  $2n=36$ ; D. Taipei population,  $2n=36$ .

图 2 假泽兰 4 居群的核型

Fig. 2 Karyotypes in four populations of *Mikania cordata*

(1974)所报道的尼日利亚居群数目一致。Ruas & Ruas (1987)以及 Ruas & Aguiar-Perecin (1997)对

假泽兰属的细胞学研究显示非整倍性和多倍性在该属中十分常见。Ruas et al (2000)认为种内非

整倍性现象在该属也很普遍。该属一些种类如薇甘菊 (Powell & King, 1969; Maffei et al, 1999; Ruas et al, 2000) 和 *M. cordifolia* (Powell & King, 1969; Ruas & Ruas, 1987; Maffei et al, 1999) 确有多数染色体数目的报道。从假泽兰现有研究结果来看,该种的染色体数目在种内有一定变化 ( $n = 18, 2n = 36, 38$ ), 的确存在种内非整倍性现象。由于  $n = 18$  ( $2n = 36$ ) 见于非洲肯尼亚、尼日利亚以及中国台湾居群中, 而  $n = 19$  ( $2n = 38$ ) 这一数目仅出现在非洲喀麦隆居群, 我们推断  $n = 18$  ( $2n = 36$ ) 为假泽兰最常见的染色体数目。Ruas & Aguiar-Perecin (1997) 指出假泽兰属的原始染色体基数为  $x = 18$ 。本研究报道的台湾 4 居群全为基于  $x = 18$  的二倍体, 与前人报道的倍性一致。

假泽兰的核型在中国台湾 4 个居群间变化很小, 所有居群中均具 9 对近中部着丝粒染色体 (sm) 以及 9 对中部着丝粒染色体 (m), 其中第一对染色体为近中部着丝粒染色体 (sm), 其长臂中部具次缢痕, 且明显大于其余染色体, 核型均为 2B 型; 染色体内不对称性指数 ( $A_1$ ) 的变化范围为 0.38~0.39, 染色体间不对称性指数 ( $A_2$ ) 的变化范围为 0.30~0.32。Ruas et al (2000) 在总结假泽兰属植物的核型资料时, 指出该属已发表的所有核型在第一对染色体长臂的中部都有次缢痕, 并认为这一次缢痕可作为假泽兰属的细胞学标记。本研究报道的假泽兰核型也具有这一细胞学特征。

### 3.2 薇甘菊在我国的成功入侵与入侵种和本土种之间的杂交渐渗无关

本研究中所研究的假泽兰居群, 既包括了采集点附近未见薇甘菊分布的宜兰居群, 也包括薇甘菊与假泽兰最近距离在 1 km 左右的苗栗和台北居群以及两者距离仅为 150 m 的花莲居群。同样, 蒋露等 (2016) 研究的薇甘菊居群中, 既包括了同地未见假泽兰的 5 居群, 也包括了薇甘菊与假泽兰最近距离仅为 1 m 的屏东居群。本研究报道的假泽兰染色体数目和倍性与蒋露等 (2016) 报道的薇甘菊一致, 全为基于  $x = 18$  的二倍体。假泽兰的核型在中国台湾 4 居群间很稳定, 所有居群均具 9 对近中部着丝粒染色体 (sm) 以及 9 对中部着丝粒染色体 (m), 没有近端部着丝粒染色体

(st)。薇甘菊核型在广东沿海 4 居群和台湾 2 居群之间变化也不大, 均具一对近端部着丝粒染色体 (st) 和 6~8 对近中部着丝粒染色体 (sm), 其余为中部着丝粒染色体 (m) (蒋露等, 2016)。从这些资料来看, 尽管假泽兰和薇甘菊居群具有相同的染色体数目和倍性, 但无论两者同地分布与否及两者之间的物理距离远近如何, 其核型都具有各自稳定的特征, 并未检测到由两者杂交产生的中间核型。我们在野外调查中同样没有观察到形态上处于两者之间的个体。曾国洋 (2003) 和我们近期的 ISSR 数据分析也没有检测到薇甘菊和假泽兰的杂交个体。综合现有证据, 我们认为至少在我国, 薇甘菊的成功入侵与入侵种和本土种之间的杂交渐渗无关。

### 3.3 我国假泽兰的分布现状

假泽兰在我国云南东南部、海南及台湾有分布记录 (Chen et al, 2011), 我们于 2013—2014 年对这些地区进行了野外调查。假泽兰在云南唯一的标本记录地是云南屏边瑶山区独甸乡白全冲。此地点经考证为现云南省河口县瑶山乡独甸村白鹇冲。白鹇冲一带现以香蕉种植为支柱产业, 我们在野外考察中发现该地原生植被破坏严重, 未发现假泽兰的植株。该种在海南的标本记录主要集中在 30 年代至 50 年代, 包括保亭县的吊罗山走官乡、濠村白马岭山坑、路田山坑, 琼中县的营根区公所附近山地, 以及澄迈县古东村白石岭; 最近的采集年份为 2005 年, 采集地为万宁市兴隆华侨农场。这些记录点的原生植被由于建筑工程、种植橡胶槟榔、采伐等人类活动被严重破坏, 我们在野外调查中没有发现假泽兰, 薇甘菊则随处可见。综合考察结果以及多年来未曾出现新的标本记录这一事实, 我们推测云南东南部及海南的假泽兰居群可能已灭绝。

中国台湾的标本记录相对较多。我们根据采集记录以及台湾同行提供的信息, 选择了约 30 个采集点进行调查。最终在 12 个记录点发现了假泽兰, 其余地点仅见薇甘菊。根据 20 世纪 90 年代以前的标本记录, 假泽兰曾广泛分布于台湾岛的低海拔地带。本研究重访了许多记录点, 只在台湾北部发现了较多居群, 在中部和南部的绝大部

分记录点并没有发现该种的踪影,反而常见大量薇甘菊。标本记录和考察结果显示在过去的二十多年里,至少在台湾中部和南部,假泽兰的分布区有了很大的缩减。根据我们的观察,薇甘菊偏好重度干扰的阳生生境,在郁闭度偏高的环境下长势较弱,这与黄忠良等(2000)的研究结果一致,而假泽兰则偏好轻度到中度干扰的半阴环境(林缘),很少生于重度干扰的生境中。邓雄(2010)的研究也显示薇甘菊比假泽兰更能适应强光环境。台湾中部和南部大部分曾经的假泽兰记录点开发程度较高,生境郁闭度偏低,与假泽兰相比,显然更适合薇甘菊生长。台湾的薇甘菊记录最早于1986年出现在台湾最南部的屏东,经过近三十年的扩张,在台湾中部和南部已随处可见,而在北回归线以北地区(如苗栗、新竹、桃园、宜兰、台北)仅有零星分布,与在广东的分布模式相似。从时间上来看,薇甘菊分布区的扩张也与假泽兰的缩减相吻合。综合上述资料,我们推测生境的破坏和薇甘菊的侵入可能是导致假泽兰在中国台湾地区逐渐消失的主要原因。

## 参考文献:

CHEN YL, KAWAHARA T, NICHOLAS HIND DJ, 2011. *Mikania Willdenow* [M]// WU ZY, RAVEN PH. Flora of China. Beijing: Science Press; St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 20-21: 880-881.

CSURHES S, EDWARDS R, 1998. National weeds program, potential environmental weeds in Australia, Candidate species for preventative control [M]. National Parks and Wildlife Biodiversity Group, Environment Australia. Canberra: 1-208.

DENG X, 2010. Leaf construction traits of invasive species *Mikania micrantha* and its indigenous congener *M. cordata* (Asteraceae) in South China [J]. Acta Sci Nat Univ Sunyatseni, 49(1): 80-82. [邓雄, 2010. 入侵植物薇甘菊与其本地同属种蔓泽兰的叶构建因子比较研究 [J]. 中山大学学报自然科学版, 49(1): 80-82.]

DU F, YANG Y, LI J, et al, 2006. A review of *Mikania* and the impact of *M. micrantha* (Asteraceae) in Yunnan [J]. Acta Bot Yunnan, 28(5): 505-508. [杜凡, 杨宇明, 李俊清, 等, 2006. 云南假泽兰属植物及薇甘菊的危害 [J]. 云南植物研究, 28(5): 505-508.]

ELLISON CA, EVANS HC, DJEDDOUR DH, et al, 2008. Biology and host range of the rust fungus *Puccinia spegazzinii*:

A new classical biological control agent for the invasive, alien weed *Mikania micrantha* in Asia [J]. Biol Contr, 45(1): 133-145.

ELLSTRAND NC, SCHIERENBECK KA, 2000. Hybridization as a stimulus for the evolution of invasiveness in plants? [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 97: 7043-7050.

GEORGE S, MATHEW V, MATHEW PM, 1989. Cytology of a few south Indian *Eupatorieae* (Compositae) [J]. Glimps Cytogenet, 2: 293-298.

HOLMES WC, 1982. Revision of the old world *Mikania* (Compositae) [J]. Bot Jahrb, 103(2): 211-246.

HUANG ZL, CAO HL, LIANG XD, et al, 2000. The growth and damaging effect of *Mikania micrantha* in different habitats [J]. J Trop Subtrop Bot, 8(2): 131-138. [黄忠良, 曹洪麟, 梁晓东, 等, 2000. 不同生境和森林内薇甘菊的生态与危害状况 [J]. 热带亚热带植物学报, 8(2): 131-138.]

JIANG L, ZHANG YW, GUO Q, et al, 2016. Cytology of *Mikania micrantha* (Asteraceae), an invasive plant in China [J]. J Trop Subtrop Bot, 24(5): 508-514. [蒋露, 张艳武, 郭强, 等, 2016. 我国入侵植物薇甘菊(菊科)的细胞学研究 [J]. 热带亚热带植物学报, 24(5): 508-514.]

LEVAN A, FREDGA K, SANDBERG AA, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. Hereditas, 52(2): 201-220.

MAFFEI EMD, MARIN-MORALES MA, RUAS PM, et al, 1999. Chromosomal polymorphism in 12 populations of *Mikania micrantha* (Compositae) [J]. Genet Mol Biol, 22(3): 433-444.

MAFFEI EMD, MARIN-MORALES MA, RUAS PM, et al, 1999. Numerical chromosome polymorphism in *Mikania cordifolia* Willd. (Asteraceae) [J]. Genet Mol Biol, 22(4): 609-612.

MATHEW A, MATHEW PM, 1988. Cytological studies on the south Indian Compositae [J]. Glimpses Plant Res, 8: 1-177.

MATHEW PM, MATHEW A, 1983. Studies on the South Indian Compositae [J]. Cytologia, 48(3): 679-690.

MORTON JK, 1993. Chromosome numbers and polyploidy in the flora of Cameroons Mountain [J]. Opera Bot, 121: 159-172.

MURPHY ST, ELLISON CA, SANKARAN SV, 2009. Rnrns Project Final Technical Report: The development of a bio-control strategy for the management of the alien perennial weed, *Mikania micrantha* H. B. K (Asteraceae) in tree crop based farming systems in India [R]

OLORODE O, 1974. Chromosome numbers in Nigerian Compositae [J]. Bot J Linn Soc, 68(4): 239-335.

PARKER C, 1972. The *Mikania* problem [J]. Pans Pest Art News Summ, 18(3): 312-315.

POWELL AM, KING RM, 1969. Chromosome numbers in the Compositae: Colombian species [J]. Am J Bot, 56(1):

- 116-121.
- RomeroZARCO C, 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry [J]. *Taxon*, 35(3): 526-530.
- RUAS C, AGUIAR-PERECIN M, 1997. Chromosome evolution in the genus *Mikania* (Compositae) [J]. *Am J Bot*, 84(8): 1156-1156.
- RUAS PM, RUAS CF, 1987. Karyotypes and chromosome morphology in the genus *Mikania* (Compositae) [J]. *Cytologia*, 52 (3): 551-558.
- RUAS PM, RUAS CF, MAFFEI E, et al, 2000. Chromosome studies in the genus *Mikania* (Asteraceae) [J]. *Genet Mol Biol*, 23(4): 979-984.
- STEBBINS GL, 1971. Chromosomal evolution in higher plants [M]. London: Edward Arnold Ltd.: 1-208.
- TURNER BL, LEWIS WH, 1965. Chromosome numbers in the Compositae. IX. African species [J]. *J S Afr Bot*, 31: 207-217.
- ZENG GY, 2003. Population genetic variation of *Mikania* species in Taiwan [D]. Kaohsiung: National Sun Yat-sen University: 1-70. [曾国洋, 2003. 台湾蔓泽兰属植物之族群遗传变异 [D]. 高雄: 中山大学: 1-70.]

## 关于《广西植物》加入中国科学院科技论文 预发布平台 (ChinaXiv) 的声明

《广西植物》与中国科学院科技论文预发布平台(ChinaXiv.org)已建立合作伙伴关系,双方将携手共同推进中国预印本发展。为此,《广西植物》推出如下预印本政策:(1)接受已在ChinaXiv上预发布的文章向本刊投稿。(2)投至本刊的稿件一经录用,《广西植物》将帮助作者统一将预印本稿件发布到ChinaXiv平台。作者投稿时如果没有明确的申明,本刊即视作您已同意授权ChinaXiv在网上发布。

中国科学院科技论文预发布平台(ChinaXiv.org)是由中国科学院文献情报中心创建的国内首个按国际通行模式规范运营的预发布平台,权威、有效的支持了科技工作者的科研首发权。以上方案已于2017年11月20日起实施,如需了解更多详情可联系我们。

广西植物编辑部