



基于分子与形态证据的桃色无心菜(石竹科)分类地位探讨

姚纲, 薛彬娥

引用本文:

姚纲, 薛彬娥. 基于分子与形态证据的桃色无心菜(石竹科)分类地位探讨[J]. 热带亚热带植物学报, 2021, 29(2): 132–138.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4265>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

石竹科齿瓣无心菜属2新组合名称

Two New Combinations in *Odontostemma* (Caryophyllaceae)

热带亚热带植物学报. 2017, 25(1): 11–12 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3635>

富宁附地菜果实形态特征及其分类学意义

Fruit Morphology of *Trigonotis funingensis* and Its Taxonomic Implications

热带亚热带植物学报. 2021, 29(1): 82–86 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4245>

中国粟米草科分类修订

Taxonomic Revision of Chinese Molluginaceae

热带亚热带植物学报. 2019, 27(6): 713–720 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4085>

巴西竹类生物多样性

Diversity of Bamboo in Brazil

热带亚热带植物学报. 2015, 23(1): 1–16 <https://doi.org/10.11926/j.issn.1005-3395.2015.01.001>

燕麦属颖果微形态特征及其分类学意义

Caryopsis Micromorphological Charateristics of *Avena* (Poaceae) and Its Taxonomic Significances

热带亚热带植物学报. 2016, 24(1): 1–13 <https://doi.org/10.11926/j.issn.1005-3395.2016.01.001>

基于分子与形态证据的桃色无心菜(石竹科)分类地位探讨

姚纲¹, 薛彬娥^{2*}

(1. 华南农业大学林学与风景园林学院, 广州 510642; 2. 仲恺农业工程学院园艺园林学院, 广州 510225)

摘要: 广义无心菜属(*Arenaria* L. s.l.)是石竹科(Caryophyllaceae)中分类较为困难的大属之一, 基于分子系统学研究结果该属目前已被拆分为多属。基于形态学证据, 桃色无心菜(*Arenaria melandryoides* Edgew.)被置于无心菜属齿瓣亚属[subg. *Odontostemma* (G. Don) Williams]、齿瓣无心菜属(*Odontostemma* Benth. ex G. Don)或独缀草属[*Shivparvatis* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh]之中, 但都缺少分子系统学证据的支持。基于 ITS 序列重建了繁缕族(Alsineae)系统发育关系, 结果表明: 目前所界定的齿瓣无心菜属并非单系, 桃色无心菜应纳入独缀草属的范畴。此外, 还支持将传统无心菜属齿瓣亚属中漆姑无心菜(*A. saginoides* Maxim.)、匙叶无心菜(*A. spathulifolia* C. Y. Wu ex L. H. Zhou)及云南无心菜(*A. yunnanensis* Franch.)归入齿瓣无心菜属的处理, 以及将单花亚属中红花无心菜(*A. rhodantha* Pax & K. Hoffmann)归入独缀草属的处理。形态特征上, 花朵单生于枝端这一特征可作为独缀草属区别于齿瓣无心菜属的重要识别特征。

关键词: 石竹科; 无心菜属; 齿瓣无心菜属; 独缀草属; 系统发育; 分类学

doi: 10.11926/jtsb.4265

Taxonomic Investigation of *Arenaria melandryoides* (Caryophyllaceae): Insights from Molecular and Morphological Data

YAO Gang¹, XUE Bin-e^{2*}

(1. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2. College of Horticulture and Landscape Architecture, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China)

Abstract: *Arenaria* L. s.l. is one of the taxonomically difficult large genera in Caryophyllaceae, it was recircumscribed recently and some other genera were segregated from it based on molecular phylogenetic results. Based on morphological evidence, the species *Arenaria melandryoides* Edgew. was placed previously within *A.* subgenus *Odontostemma* (G. Don) Williams or recently within the genera *Odontostemma* Benth. ex G. Don and *Shivparvatis* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh, however the species has never been included in molecular phylogenetic study. The phylogeny of Alsineae using the nuclear ribosomal internal transcribed spacer (nrITS) sequence was reconstructed. The result showed that the monophyly of the genus *Odontostemma* circumscribed recently was rejected and *A. melandryoides* was nested deeply within *Shivparvatis*, thus the specific name *S. melandryoides* (Edgew.) Satish Chandra and D. S. Rawat should be accepted. Additionally, the transfer of *A. saginoides* Maxim., *A. spathulifolia* C. Y. Wu ex L. H. Zhou and *A. yunnanensis* Franch. to the genus *Odontostemma* and *A. rhodantha* Pax & K. Hoffmann to *Shivparvatis* were all supported here for the first time in

收稿日期: 2020-06-15 接受日期: 2020-08-28

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目(31500180); 广东省自然科学基金面上项目(2019A1515011695)资助

This work was supported by the National Nature Science Foundation of China (Grant No. 31500180), and the Project for Natural Science in Guangdong (Grant No. 2019A1515011695).

作者简介: 姚纲(1984~), 男, 博士, 研究方向为被子植物经典分类与系统演化。E-mail: yaogang1029@163.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: xuebine@zhku.edu.cn

molecular phylogenetic analyses. Morphologically, the solitary flower at the top of stem might be a good diagnostic character to distinguish the genus *Shivparvatis* from *Odontostemma*.

Key words: Caryophyllaceae; *Arenaria*; *Odontostemma*; *Shivparvatis*; Phylogeny; Taxonomy

无心菜属(*Arenaria* L.)隶属于石竹科(Caryophyllaceae), 传统界定的无心菜属超过300种, 均为草本, 主要分布于北温带至寒带地区^[1]。在传统分类中, 该属基于花萼、花瓣、花柱及果实等一系列形态特征被分为10个亚属^[2]。然而近期分子系统学研究结果揭示无心菜属并非单系, 因此对其进行新的范围划定, 传统处理中的众多亚属也被提升至属的地位^[3-5]。

Sadeghian等^[5]在2015年开展了无心菜属的系统发育关系研究, 认为该属齿瓣亚属[subg. *Odontostemma* (G. Don) Williams]与单花亚属(subg. *Solitaria* McNeill)各自所形成的分支均与无心菜属模式种占据着不同的系统位置, 因此恢复了齿瓣亚属的属级分类等级, 即齿瓣无心菜属(*Odontostemma* Benth ex G. Don), 并将单花亚属提升为新属, 即独缀草属[*Solitaria* (McNeill) Sadeghian & Zarre]。然而, Pusalkar等^[6]于2015年比Sadeghian等^[5]早3个月将单花亚属在属级地位的属名 *Shivparvatis* Pusalkar & D. K. Singh 正式发表。遵循植物命名法规中的优先级原则, 独缀草属的学名应为 *Shivparvatis*^[7-8]。在以形态证据为主的传统分类处理中, 桃色无心菜(*Arenaria melandryoides* Edgew.)被置于无心菜属齿瓣亚属。考虑到传统的齿瓣亚属已被提升至属级地位, Rabeler等^[9]于2016年将传统齿瓣亚属中未进行名称处理的其他63个分类群全部组合至齿瓣无心菜属中, 其中包括了桃色无心菜[*O. melandryoides* (Edgew.) Rabeler & W. L. Wagner]。随后, Chandra等于2017年在研究中国-喜马拉雅(Sino-Himalayan)地区的独缀草属时, 基于对馆藏标本的研究, 又将桃色无心菜纳入独缀草属的范畴, 并做出了新组合: *Shivparvatis melandryoides* (Edgew.) Satish Chandra and D. S. Rawat^[7]。然而这两次对桃色无心菜在属级水平分类地位归属的处理都是基于形态学证据, 缺乏分子系统学证据的支持。因此, 对于近年来属级地位归属多次发生变动的桃色无心菜, 其合理属级地位的归属以及其准确物种学名的确定, 还有待进行深入研究加以澄清, 尤其需要结合分子系统学证据深入论证。

桃色无心菜在中国分布于西藏东部、南部以及

云南西北部地区, 本研究对其开展分子系统学研究, 结合形态特征分析结果, 对其属级地位归属及物种学名等问题进行了探讨。

1 材料和方法

1.1 类群取样及分子序列数据

对曾被置于无心菜属齿瓣亚属的桃色无心菜(凭证标本: LiuJQ-09XZ-ML031, KUN)、漆姑无心菜[*Arenaria saginoides* Maxim. = *Odontostemma saginoides* (Maxim.) Rabeler & W. L. Wagner] (YangYPQ-2181, KUN)、匙叶无心菜(*A. spathulifolia* C. Y. Wu ex L. H. Zhou = *O. spathulifolium* (C. Y. Wu ex L. H. Zhou) Rabeler & W. L. Wagner] (Yangqe 2366, KUN)、云南无心菜[*A. yunnanensis* Franch. = *O. yunnanense* (Franch.) Rabeler & W. L. Wagner] (MY-187, KUN)、玉龙山无心菜[*A. fridericæ* Hand.-Mazz. = *O. fridericæ* (Hand.-Mazz.) Sadeghian & Zarre] (LiuJQ 11XZ068, KUN), 以及无心菜属单花亚属的红花无心菜[*A. rhodantha* Pax et Hoffm. = *Shivparvatis rhodantha* (Pax & K. Hoffmann) Rabeler] (LiuJQ11XZ235, KUN)的硅胶干燥材料取样, 基于改良后的CTAB法^[10]提取总DNA; 参考White等^[11]提供的ITS序列通用引物对取样类群参考Yao等^[12]的方法进行聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)扩增; 采用Geneious v. 7.1.4软件^[13]对序列进行检查与拼接。考虑到目前所界定的齿瓣无心菜属与独缀草属均隶属于石竹科繁缕族(Alsinaceae), 因此对该族类群进行扩大取样, 以无心菜属的模式种无心菜(*A. serpyllifolia* L.)为外类群, 所有类群的选择参考Greenberg等^[3]提供的石竹科系统发育框架。本研究共取样11属56种(含外类群), 其中繁缕族10属55种, 外类群1属1种, 新获得ITS序列6条(表1)。

1.2 系统发育树构建

在Geneious v. 7.1.4软件^[13]中采用默认参数对所有取样个体的ITS序列进行比对, 构建ITS序列矩阵; 在jModelTest v. 2.1.7软件^[14]中按照赤池信息量准则(akaike information criterion, AIC)筛选出序

表 1 取样物种和 ITS 序列 GenBank 编号

Table 1 List of taxa sampled and GenBank accession No. (GAN) of ITS sequences

类群 Taxa	序列号 GAN	类群 Taxa	序列号 GAN
<i>Arenaria serpyllifolia</i> L.	KX158320	<i>Pseudostellaria japonica</i> (Korsh.) Pax	KX158307
<i>Cerastium arvense</i> L.	MH219805	<i>P. maximowicziana</i> (Franch. & Sav.) Pax	KX158309
<i>C. dichotomum</i> L.	KX158322	<i>P. palibiniana</i> (Takeda) Ohwi	KY078450
<i>C. dinaricum</i> Beck & Szyszyl.	KJ716515	<i>P. tianmushanensis</i> G.H. Xia & G.Y. Li	KX158318
<i>C. fontanum</i> Baumg.	GU444015	<i>P. tibetica</i> Ohwi	KX158317
<i>C. furcatum</i> Cham. & Schleld.	MH117479	<i>Rabelera holostea</i> (L.) M. T. Sharples & E. Tripp	KX183997
<i>C. glomeratum</i> Thuill.	AY857977	<i>Shivparvatia ciliolata</i> (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh	KP148859
<i>C. pusillum</i> Ser.	JN589112	<i>S. glanduligera</i> (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh	KP148867
<i>C. subriflorum</i> Dalla Torre & Sarnth.	MH537035	<i>S. melandryoides</i> (Edgew.) Satish Chandra and D. S. Rawat	MT791126
<i>C. tomentosum</i> L.	JN589031	<i>S. rhodantha</i> (Pax & K. Hoffmann) Rabeler	MT791127
<i>Dichodon cerastoides</i> (L.) Rchb.	MH219812	<i>S. stracheyi</i> (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh	KP148898
<i>D. dubium</i> (Bastard) Ikonn.	MH219815	<i>Stellaria alsine</i> Grimm	AY438312
<i>Hartmaniella oxyphylla</i> (B. L. Rob.) M. L. Zhang	KX158311	<i>S. borealis</i> Bigelow	JN589064
<i>H. sierrae</i> (Rabeler & R. L. Hartm.) M. L. Zhang	KX158314	<i>S. chinensis</i> Regel	JN589133
<i>Holosteum marginatum</i> C. A. Mey.	JN589093	<i>S. corei</i> Shinners	JN589046
<i>H. umbellatum</i> L.	JN589051	<i>S. crassifolia</i> Ehrh.	JN589071
<i>Lepyrodiclis stellaroides</i> Fisch. & C. A. Mey.	KP148941	<i>S. cuspidata</i> Willd. ex D. F. K. Schleld.	JN589099
<i>Odontostemma barbatum</i> (Franch.) Sadeghian & Zarre	KP148852	<i>S. graminea</i> L.	AY594304
<i>O. fridericæ</i> (Hand.-Mazz.) Sadeghian & Zarre	MT791128	<i>S. longifolia</i> Muhl. ex Willd.	JN589146
<i>O. glandulosum</i> Benth. ex G. Don	KP148863	<i>S. longipes</i> Goldie	JN589086
<i>O. ionandrūm</i> (Diels) Sadeghian & Zarre	KP148877	<i>S. media</i> (L.) Vill.	MK044722
<i>O. roseiflorum</i> (Sprague) Sadeghian & Zarre	AY936244	<i>S. nemorum</i> L.	AY936246
<i>O. saginoides</i> (Maxim.) Rabeler & W. L. Wagner	MT791129	<i>S. palustris</i> Ehrh. ex Retz.	JN589080
<i>O. spathulifolium</i> (C. Y. Wu ex L. H. Zhou) Rabeler & W. L. Wagner	MT791131	<i>S. pubera</i> Michx.	JN589127
<i>Odontostemma trichophorum</i> (Franch.) Sadeghian & Zarre	AY936243	<i>S. soongorica</i> Roshev.	KX158328
<i>O. yunnanense</i> (Franch.) Rabeler & W. L. Wagner	MT791130	<i>S. umbellata</i> Turcz.	JN589109
<i>Pseudostellaria davidi</i> (Franch.) Pax	KY063106	<i>S. vestita</i> Kurz	MH117776
<i>P. heterophylla</i> (Miq.) Pax	KX158334		

序列矩阵最佳碱基替代模型为 SYM+I+Γ; 再采用贝叶斯法(bayesian inference, BI)及最大似然法(maximum likelihood, ML)分别对 ITS 序列矩阵进行系统发育树构建, 两种建树方法及详细步骤参照作者近期对苋科(Amaranthaceae)的系统发育关系研究^[15]。

2 结果和分析

ITS 序列矩阵全长 641 bp。贝叶斯法与最大似然法所构建的系统树拓扑结构基本一致, 以下对结果的描述及讨论将主要基于最大似然法所构建系统树的拓扑结构展开(图 1)。结果表明, 繁缕族类群形成 2 个主要分支, 其中繁缕属(*Stellaria* L.)、卷耳属(*Cerastium* L.)、三柱卷耳属(*Dichodon* (Bartl. ex Rchb.) Rchb.)、硬骨草属(*Rabelera* M. T. Sharples &

E. A. Tripp)、假孩儿参属(*Hartmaniella* M. L. Zhang & Rabeler)和硬骨繁缕属(*Rabelera* M. T. Sharples & E. A. Tripp)共同形成 1 个分支[最大似然法分析自展支持率(bootstrap, BS)=70%, 贝叶斯分析后验概率值(posterior probability, PP)=0.98], 而独缀草属、齿瓣无心菜属、孩儿参属(*Pseudostellaria* Pax)与薄蒴草属(*Lepyrodiclis* Fenzl)则形成另 1 个分支, 但该分支支持率很低(ML BS=68%, BI PP=0.88) (图 1)。在后一个分支中, 薄蒴草属最先分出, 独缀草属与由孩儿参属和齿瓣无心菜属形成的分支成姐妹群关系, 但这些属间关系支持率均很低。

本研究所取齿瓣无心菜属物种除了桃色无心菜以外, 其他 9 种形成 1 个支持率很低的单系(ML BS=34%, BI PP=0.79), 其中除了基部最先分出的柔软无心菜(*Odontostemma glandulosum* Benth. ex G. Don)之外, 其他 8 种形成一个较好的单系分支(ML

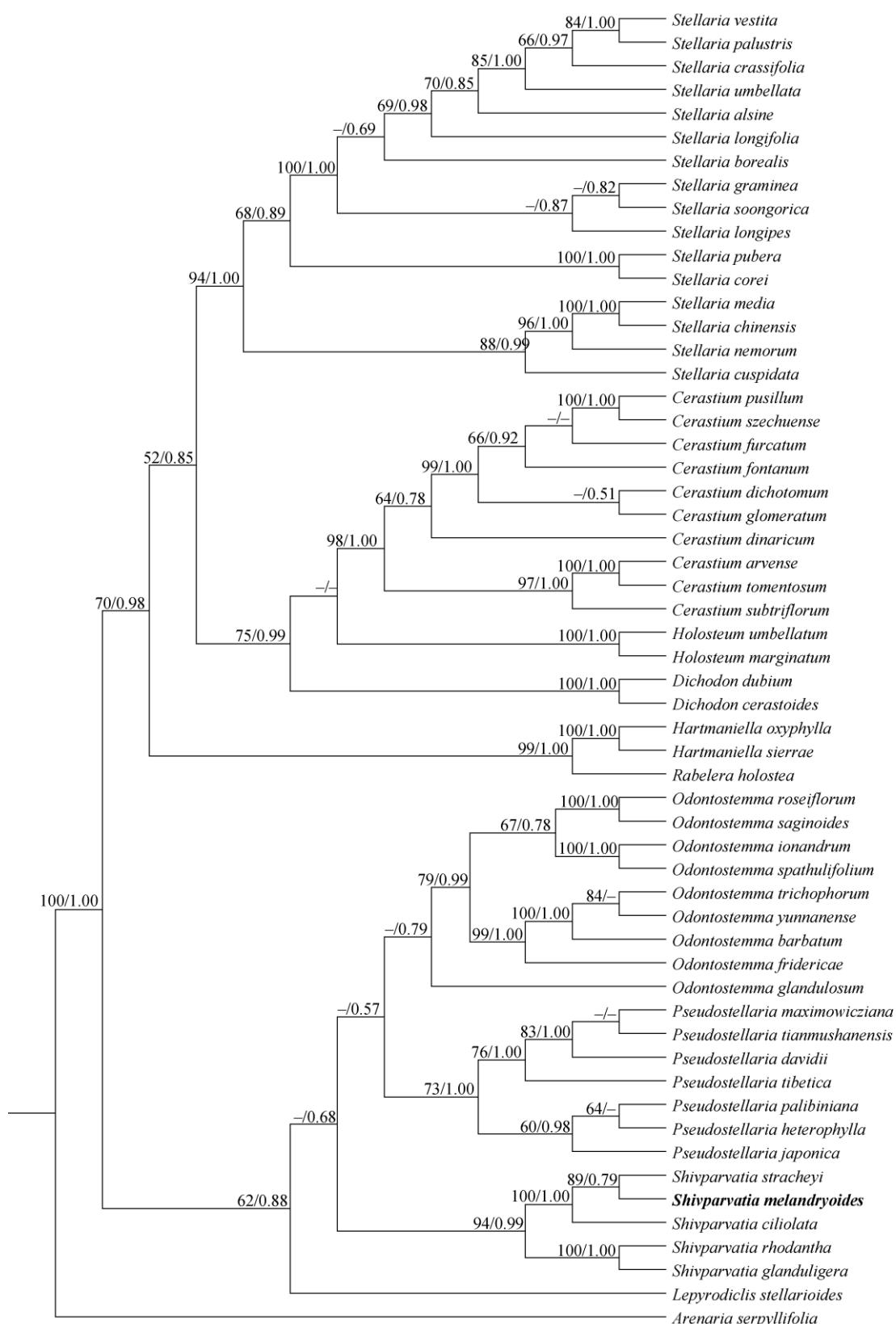


图1 基于核基因ITS序列的繁缕族系统发育关系。分支节点数据代表最大似然树自展支持率 / 贝叶斯树后验概率; -: 最大似然树自展支持率不足 50% 或贝叶斯树后验概率不足 0.50 或该节点未能获得支持。

Fig. 1 Phylogenetic relationship of Alsineae inferred from the nrITS sequence. Data upon each node indicate bootstrap support value/posterior probability. -: Phylogenetic node associated was not supported or the BS value is <50% in ML analyses or PP<0.50 in BI.

BS=79%, BI PP=0.99); 本研究完成测序的漆姑无心菜、匙叶无心菜、云南无心菜及玉龙山无心菜在该属之中的系统位置均得到解决(图 1)。其中漆姑无心菜与粉花无心菜[*O. roseiflorum* (Sprague) Sadeghian & Zarre]、匙叶无心菜与[*O. ionandrum* (Diels) Sadeghian & Zarre]成支持率很高的姐妹群关系(ML BS=100%, BI PP=1.00), 而云南无心菜则与具毛无心菜[*O. trichophorum* (Franch.) Sadeghian & Zarre]、鬚毛无心菜[*O. barbatum* (Franch.) Sadeghian & Zarre]共同形成一个获得很高支持的分支(ML BS=100%, BI PP=1.00), 该分支再与玉龙山无心菜成支持率很高的姐妹群关系(ML BS=99%, BI PP=1.00)。

桃色无心菜与 4 种独缀草属物种形成 1 个获得高度支持的单系分支(ML BS=94%, BI PP=0.99), 并与藏西无心菜[*Shivparvatis stracheyi* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh]成姐妹群关系(ML BS=89%, BI PP=0.79); 本研究完成测序的红花无心菜则与小腺无心菜[*S. glanduligera* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh]形成支持率很高的姐妹群关系(ML BS=100%, BI PP=1.00)。

3 讨论

3.1 齿瓣无心菜属的分类学问题

齿瓣无心菜属基于模式种柔软无心菜(*Odonostemma glandulosum* Benth. ex G. Don; 图 2: B)而建立。在 Sadeghian 等^[5]的研究中, 分别基于核基因 ITS 序列和叶绿体基因 *rps16* 序列分析的系统发育结果均表明传统无心菜属齿瓣亚属并非单系: 齿瓣亚属中除柔软无心菜(在其系统树中以异名 *Arenaria debilis* Hook. f. 出现)以外的其他物种与传统无心菜属单花亚属、孩儿参属共同形成 1 个分支, 该分支再与柔软无心菜成姐妹群关系, 但相关系统发育节点所得支持率均很低。尽管齿瓣亚属其他物种未能与柔软无心菜形成单系分支, 但 Sadeghian 等^[5]依然将齿瓣亚属所有物种纳入齿瓣无心菜属的范畴, 不过考虑到研究取样的情况, 仅对 6 种齿瓣亚属物种给予了新的组合名称。然而, Rabeler 等^[9]在未对相关物种进行任何形态特征分析或分子系统学研究的情况下, 直接将传统齿瓣无心菜亚属其他数十物种全部移入齿瓣无心菜属并进行了新组合。本研究基于 ITS 序列的系统发育关系揭示出柔软无心菜与齿瓣亚属中除桃色无心菜以外的其他 8

种形成 1 个单系, 但支持率依然很低。这说明齿瓣无心菜属模式种柔软无心菜的系统位置目前还很不稳定, 因此有必要增加序列片段对该种及其近缘分支类群开展深入的分子系统学研究, 相关研究结果将决定传统齿瓣亚属中除柔软无心菜以外所有其他物种的属级地位归属, 若柔软无心菜与传统齿瓣亚属其他物种确实占据着不同的系统位置, 齿瓣亚属其他物种则不能归入齿瓣亚属的范畴, 有必要对其进行新的分类处理。

3.2 桃色无心菜等物种的属级分类地位归属

Sadeghian 等^[5]基于分子系统学研究结果, 将传统无心菜属齿瓣亚属和单花亚属分别提升为齿瓣无心菜属和独缀草属, 同时也提供了二者的形态特征描述, 但基本来自于原亚属水平的特征描述。花序类型、萼片顶端形态、花柱数目等特征可用于齿瓣无心菜属与独缀草属的鉴别性状, 其中前者花序类型多样(花单生, 或 1~3 朵, 或形成聚伞花序等不同类型)、花萼顶端平截、花瓣顶端齿裂、花柱常 2 枚(稀 3 枚), 而后者花单生于枝端(图 2: A)、花萼顶端钝至渐尖、花柱 3 枚。但实际上, 齿瓣无心菜属部分物种花萼顶端明显具尖而并非平截, 这与独缀草属物种相似; 而独缀草属部分物种花柱虽常为 3 枚, 但同时也存在具 2 枚花柱的个体, 其中缘毛无心菜[*Shivparvatis ciliolata* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh]便是如此^[7]。因此, 从花序形态、花萼顶端形态和花柱数目等特征来看, 目前所界定的齿瓣无心菜属部分物种与独缀草属存在明显的形态特征重叠, 其中花单生于枝端、花萼顶具尖以及花柱 2 枚(稀 3 枚)的桃色无心菜(图 3)便是典型代表, 这也正是 Rawat^[7]将该种移入独缀草属的重要原因。本研究的系统发育研究结果进一步支持了 Rawat^[7]对该种的处理, 即 *S. melandryoides* (Edgew.) Satish Chandra and D. S. Rawat 为桃色无心菜的正确学名。

Rabeler 等^[9]曾将无心菜属齿瓣亚属中数十物种组合至齿瓣无心菜属, 漆姑无心菜、匙叶无心菜和云南无心菜这 3 物种归并至齿瓣无心菜属的分类处理在本研究中首次从分子系统学角度获得了支持, 其系统位置也得到了很好解决。形态特征上, 这 3 物种花序均为聚伞花序, 与齿瓣无心菜属模式种一致(图 2: B), 不过匙叶无心菜与云南无心菜花萼顶端具尖, 又与独缀草属相似, 这说明 Sadeghian 等^[5]将花萼顶端是否平截作为齿瓣无心菜属与独缀

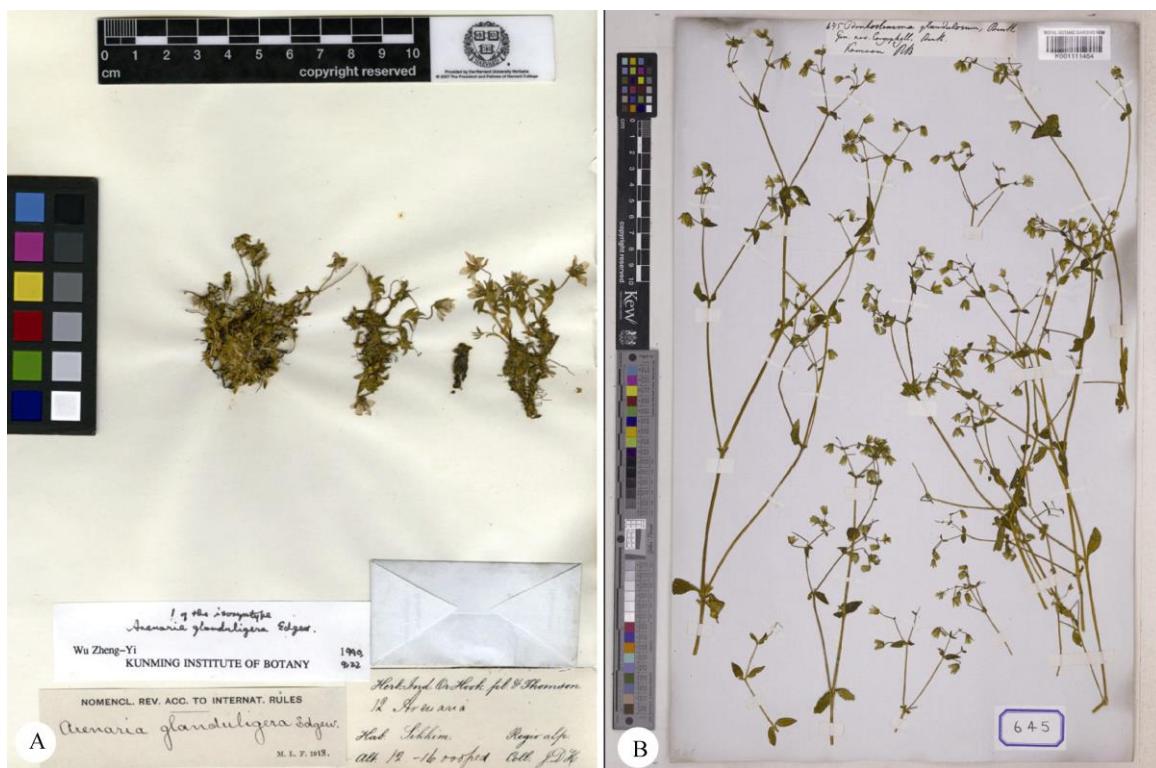


图2 独缀草属模式种小腺无心菜(J. D. Hooker, s.n., GH00353890) (A)和齿瓣无心菜属模式种柔软无心菜(R. Blinkworth s.n., Wallich Cat. 645, K001111464) (B)的模式标本

Fig. 2 Type specimen of *Shivparvattia glanduligera* (Edgew.) Pusalkar & D. K. Singh (J. D. Hooker, s.n., GH00353890) (A) and *Odontostemma glandulosum* Benth. ex G. Don (R. Blinkworth s.n., Wallich Cat. 645, K001111464) (B)

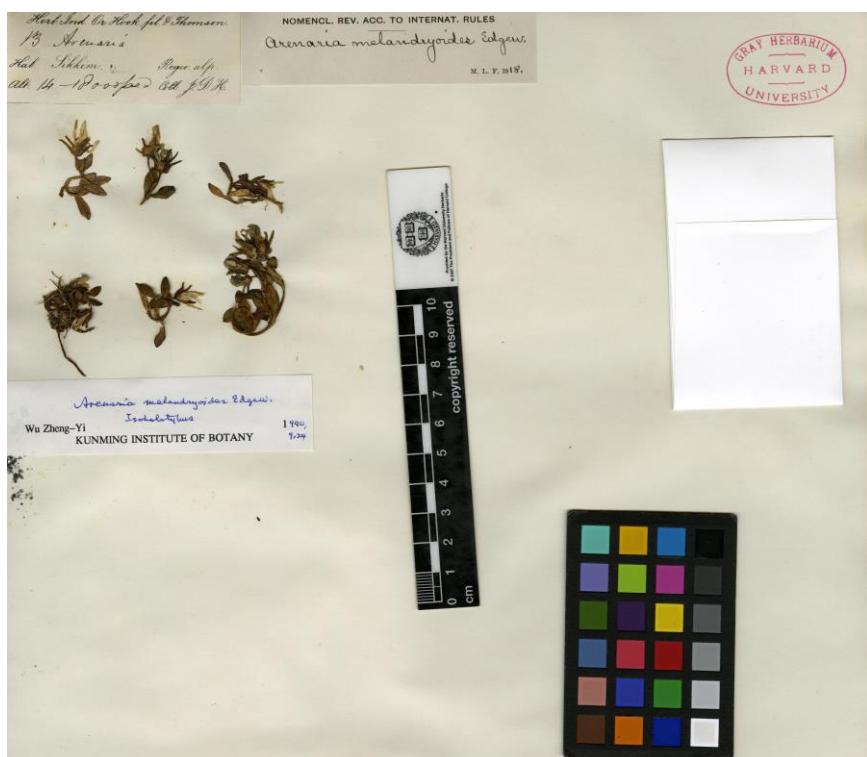


图3 桃色无心菜模式标本(J. D. Hooker s.n., GH00037640)

Fig. 3 Type specimen of *Shivparvattia melandryoides* (Edgew.) Satish Chandra and D. S. Rawat (J. D. Hooker s.n., GH00037640)

草属的鉴别特征还有待商榷。另外，曾被置于无心菜属单花亚属的红花无心菜基于形态特征被归入独缀草属之中^[8]，该分类处理也在此首次从分子系统学角度获得了进一步支持。

另一方面，除了桃色无心菜以外，传统无心菜属齿瓣亚属之中目前已被 Rabeler 等^[9]归入齿瓣无心菜属的紫红无心菜 [*Odontostemma rockii* (Diels) Rabeler & W. L. Wagner]、波密无心菜 [*O. bomiense* (L. H. Zhou) Rabeler & W. L. Wagner] 等物种，其花同样单生于枝端、花萼顶端非平截，这些综合特征与独缀草属相似，而与齿瓣无心菜属其他众多物种区别明显，将这些物种置于齿瓣无心菜属是否合理还有待深入研究，尤其需要分子系统学证据的支持。因此，后期有必要对目前所界定的齿瓣无心菜属和独缀草属进行深入的形态特征分析并结合分子系统学研究结果对其进行全面的分类学修订，划定其界定范围，明确其形态特征变异式样，澄清其物种组成。

致谢 承蒙中国西南野生生物种质资源库提供实验材料，以及哈佛大学植物标本馆(GH)与英国皇家植物园邱园植物标本馆(K)提供标本图片及数据，特此致谢。

参考文献

- [1] WU Z Y, ZHOU L H , WAGNER W L. *Arenaria* [M]// WU Z Y, RAVEN P H. Flora of China, Vol. 6. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2001: 40–66.
- [2] MCNEILL J. Taxonomic studies in the Alsinoideae. I. Generic and infra-generic groups [J]. Notes R Bot Gard Edinb, 1962, 24(2): 79–155.
- [3] GREENBERG A K, DONOGHUE M J. Molecular systematics and character evolution in Caryophyllaceae [J]. Taxon, 2011, 60(6): 1637–1652. doi: 10.1002/tax.606009.
- [4] HARBAUGH D T, NEPOKROEFF M, RABELER R K, et al. A new lineage-based tribal classification of the family Caryophyllaceae [J]. Int J Plant Sci, 2010, 171(2): 185–198. doi: 10.1086/648993.
- [5] SADEGHIAN S, ZARRE S, RABELER R K, et al. Molecular phylogenetic analysis of *Arenaria* (Caryophyllaceae: Tribe Arenarieae) and its allies inferred from nuclear DNA internal transcribed spacer and plastid DNA *rps16* sequences [J]. Bot J Linn Soc, 2015, 178: 648–668. doi: 10.1111/bj.12293.
- [6] PUSALKAR P K, SINGH D K. Taxonomic rearrangement of *Arenaria* (Caryophyllaceae) in Indian Western Himalaya [J]. J Jpn Bot, 2015, 90: 77–91.
- [7] CHANDRA S, RAWAT D S. New combinations in Sino-Himalayan genus *Shivparvatis* (Caryophyllaceae) [J]. Webbia, 2017, 72(2): 177–179. doi: 10.1080/00837792.2017.1332801.
- [8] RABELER R K. New combinations and typification in *Shivparvatis* (Alsineae, Caryophyllaceae) [J]. Phytotaxa, 2017, 303(3): 293–296. doi: 10.11646/phytotaxa.303.3.11.
- [9] RABELER R K, WAGNER W L. New combinations in *Odontostemma* (Caryophyllaceae) [J]. PhytoKeys, 2016, 63: 77–97. doi: 10.3897/phytokeys.63.8181.
- [10] DOYLE J J, DOYLE J. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. Phytochem Bull, 1987, 19: 11–15.
- [11] WHITE T J, BRUNS T, LEE S, et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics [M]// INNIS M A, GELFAND D H, SNINSKY J J, et al. PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. New York: Academic Press, 1990: 315–322.
- [12] YAO G, DREW B T, YI T S, et al. Phylogenetic relationships, character evolution and biogeographic diversification of *Pogostemon* s.l. (Lamiaceae) [J]. Mol Phylogenet Evol, 2016, 98: 184–200. doi: 10.1016/j.ympev.2016.01.020.
- [13] KEARSE M, MOIR R, WILSON A, et al. Geneious basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data [J]. Bioinformatics, 2012, 28: 1647–1649. doi:10.1093/bioinformatics/bts199.
- [14] POSADA D. jModelTest: phylogenetic model averaging [J]. Mol Biol Evol, 2008, 25: 1253–1256. doi:10.1093/molbev/msn083.
- [15] HUANG J X, CHEN W N, LI Y L, et al. Phylogenetic relationship of Amaranthaceae s.l. based on multiple plastid DNA fragments [J]. Chin Bull Bot, 2020, 55(4): 457–467. doi: 10.11983/CBB19228.