

薏苡生药学研究进展 *

袁建娜 张小华 郭明晔 潘激扬 王灵芝[△]

(北京中医药大学 北京 100102)

摘要：薏苡(Coix lacryma-Jobi L.var.ma-yuen (Roman.) Stapf)为禾本科蜀黍族薏苡属植物,其果仁薏苡仁是我国传统中药材之一,具有利水渗湿,健脾止泻,清热排脓之功效。目前对薏苡的研究主要集中在药理活性和功能食品开发方面,缺乏对其生药学的系统研究。因此长期以来对薏苡的研究存在着起源不清、品种杂乱、种质资源利用欠佳等问题。近年来随着分子生物学的蓬勃发展,多种现代生物技术已用于薏苡种质资源鉴定和遗传多样性的研究,为薏苡资源的保护和可持续发展提供了支持。本文就薏苡的起源与进化,种属分类,细胞学和分子生物学研究进展加以综述,从分子水平揭示薏苡遗传结构及与近缘植物的亲缘关系,为明确薏苡今后种质资源的开发和优异基因的利用提供理论依据。

关键词：薏苡 进化 分类 细胞学 生药学

中图分类号：R282.6 **文献标识码：**A **文章编号：**1673-6273 (2012) 27-5385-05

The Development of Pharmacognosy Research in Coix*

YUAN Jian-na, ZHANG Xiao-hua, GUO Ming-ye, PAN Ji-yang, WANG Ling-zhi[△]

(Beijing Univeisity of Chinese Medicine, Beijing, 100102, China)

ABSTRACT: Coix lacryma-Jobi L.var.ma-yuen (Roman.) Stapf is a member of grass family in the tribe Maydeae. Coix seed is one of the traditional Chinese medicines and has various efficacies, like clearing damp and promoting diuresis, invigorating spleen and checking diarrhea, clearing heart and eliminating pus. But the research on Coix mainly focuses on the pharmacological activity and development of functional food, and the research on pharmacognosy is not so much. There exist many problems such as unclear origin, chaos of varieties, inaccurate use of germplasm resources for a long time. With the vigorous development of molecular biology in recent years, a variety of modern biotechnology has been used for pharmacognosy study of Coix and this provides strong support for the protection and sustainable development of Coix genetic resource. This article summarizes the origin and evolution, classification, cytology and pharmacognosy research progress of Coix, in order to reveal genetic structure and phylogenetic relationship with related species from the molecular level, and also to provide guidance for the development and use of the excellent genes of Coix germplasm resources.

Key words: Coix; Evolution; Classification; Cytology; Pharmacognosy

Chinese Library Classification(CLC): R282.6 **Document code:** A

Article ID: 1673-6273 (2012) 27-5385-05

前言

薏苡(Coix lacryma-Jobi L.var.ma-yuen (Roman.) Stapf)为禾本科黍亚科蜀黍族植物,早在春秋战国时期,薏苡在我国就有广泛种植,由于其生长的地理环境、气候及栽培条件的差异使薏苡种质资源非常丰富。因此对薏苡资源进行鉴定和分类,明确其亲缘进化关系尤为重要。薏苡仁是薏苡的成熟果仁,是我国传统中药材之一,具有利水渗湿,健脾止泻,清热排脓的功效^[1],并且具有很高的营养价值,其蛋白质含量高达 14.70-19.80%^[2],远远超过稻米、小麦、玉米和小米。薏苡仁还含有丰富的矿物元素,如镁、钙、铁、锌、锰等^[3]。早期药理学研究显示薏苡仁具有解热、镇痛、镇静作用,近年来又陆续报道了薏苡仁抗肿瘤^[4]、免疫调节、降血糖^[5]、降血脂^[6]、抗病毒^[7]等方面的药理活性。因此,薏苡仁具有很大的药品和功能食品开发潜力。

近年来薏苡分子生药学研究日益受到重视,同时优异薏苡种质资源的开发和利用对于提高药材质量和疗效以及新型产品研发至关重要。为此,本文从薏苡的起源与进化、种属分类、细胞学及生物学四方面对薏苡近年来生药学研究进展加以归纳总结,为薏苡优异基因的发现和种质资源的拓宽提供理论支持。

1 薏苡的起源与进化研究

1.1 传统的起源与进化学说

薏苡为禾本科黍亚科蜀黍族植物 (见图 1)。大量研究证明,禾本科植物起源于热带森林或林缘的开放生境。禾本科亲缘关系工作组 (Grass Phylogeny Working Group)^[8]通过对禾本科植物叶绿体基因组限制性位点图谱、部分染色体基因组测序及核基因的研究,绘制了禾本科家族的进化图。禾本科起源于

* 基金项目 国家自然科学基金委青年科学基金项目 (81102750) 北京中医药大学中药信息工程科研创新团队 (CXTD-11)

作者简介 袁建娜(1987-),女,硕士研究生,主要研究方向 中药化学, E-mail yjn1987@126.com

[△]通讯作者 王灵芝,010-84738621, E-mail yanyan30186@sina.com.cn

(收稿日期 2012-05-08 接受日期 2012-05-28)

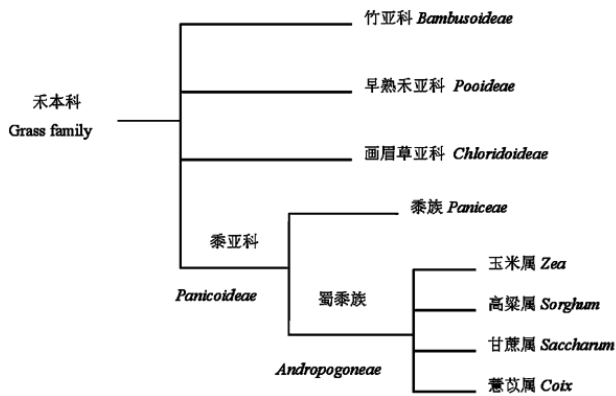


图1 禾本科主要属进化简图 (笔者依据文献自行绘制的进化简图)

Fig. 1 The evolution diagram of the major tribes in grass family(This diagram is drawn by the author based on literature)

55-70 mya (million years ago), 然后不断进化成四个主要的亚科:竹亚科(Bambusoideae),早熟禾亚科(Pooideae),画眉草亚科(Chloridoideae),黍亚科(Panicoideae),这四个亚科占禾本科植物的90%。黍亚科和画眉草亚科从同一祖先演化而来,它们沿着相似的方向进化且画眉草亚科的分化早于黍亚科^[9]。黍亚科进化为黍族和蜀黍族两个分支,蜀黍族继续分化为玉米属、薏苡属、甘蔗属和高粱属等(见图1)。随着地理环境、气候及栽培条件的差异和变化,薏苡属又发展成为丰富多样的种类。

1.2 分子进化研究进展

种子储藏蛋白按照溶解性不同可以分为四大类:清蛋白(albumins)、球蛋白(globulins)、醇溶蛋白(prolamins)和谷蛋白(glutelins),其中含量较丰富的是醇溶蛋白,约占种子储藏蛋白总量的50%左右。醇溶蛋白按照分子量和溶解性差异又可分为 α - (22 KD、19 KD 两种), β -、 γ -、 δ - 醇溶蛋白四类。 α - 醇溶蛋白占种子醇溶蛋白的70%以上,玉米和甘蔗中含有全部四种醇溶蛋白,薏苡和高粱中只有 α - 和 γ - 醇溶蛋白^[10]。综上所述可以看出22 KD α - 醇溶蛋白是谷物种子贮藏蛋白所共有的,因此能够以此来研究薏苡与其近缘植物的进化关系。

Laura 等对薏苡及近缘植物玉米、高粱和甘蔗的22 KD α - 醇溶蛋白基因序列进行对比研究得出,薏苡及玉米、高粱的22 KD α - 醇溶蛋白基因具有高度同源性,其结构基因和调节基因起源于一个共同的祖先^[9]。画眉草亚科、早熟禾亚科和黍亚科植物都有22 KD α - 醇溶蛋白,而禾本科其它亚科没有22 KD α - 醇溶蛋白,意味着22 KD α - 醇溶蛋白基因家族是在画眉草亚科、早熟禾亚科和黍亚科与其它亚科分离之后形成的,大约在50 mya^[11]。对这些醇溶蛋白的基因序列进行研究发现,玉米、高粱、甘蔗和薏苡四种植物起源于共同的祖先,22 KD α - 醇溶蛋白是 α - 醇溶蛋白的祖先。大约5-9 mya 分成两个谱系,薏苡属谱系(只包括薏苡)和高粱/甘蔗谱系(包括玉米,高粱,甘蔗),高粱/甘蔗谱系又经过进化形成独立的物种^[12]。

将现代分子生物学应用到进化研究领域,实现了微观与宏观的结合,今后该领域将会在意苡基因组结构的形成与演化、进化的动力等方面有进一步的突破。

2 薏苡属植物的分类

由于薏苡属染色体数目变化很大,种类多而且存在许多过渡态,再加上种内变异和种间边界重叠,因此薏苡属植物分类较模糊和混乱^[13]。2005 版中国植物志对薏苡种及变种进行了详细分类,为薏苡资源的鉴定、分类以及合理开发利用薏苡资源提供了极为重要的科学依据。

早在20世纪90年代就有学者根据遗传变异和核型演化将薏苡分为7种(3个种4个变种),3个种即小果薏苡种(Coix puelliarum Balansa)、长果薏苡种(Coix stenocarpa Balansa)和薏苡种(Coix lacryma jobi L.)。薏苡种内根据总苞特征分为4个变种,即薏苡变种(var. lacryma-jobi L.)、菩提子变种(var. monilifer Watt)、薏米变种(var. mayuan (Roman) Stapf)和台湾薏米变种(var. formosana Ohwi)^[14]。后来在广西西南部首次发现并收集到水生薏苡种(Coix aquatica Roxb),将薏苡属的种类增加至8种。

2005 版中国植物志记载,薏苡属植物约含10种,分布于热带亚洲。我国有5种2变种,分别为水生薏苡(C. aquatica Roxb)、小珠薏苡(C. puelliarum Balansa)、薏米(Coix chinensis Tod)、薏苡(C. lacryma-jobi Linn)、窄果薏苡(C. stenocarpa Balansa)。薏米分为2个变种,薏米(C. chinensis var. chinensis)和台湾薏苡(C. chinensis var. formosana)。薏苡也包含2个变种,原变种薏苡(C. lacryma-jobi var. lacryma-jobi,本草菩提子)和变种念珠薏苡(C. lacryma-jobi var. maxima Makino)^[15]。

3 薏苡细胞学研究进展

庄体德等对我国12个省区的18份薏苡材料进行染色体核型分析,发现染色体数量均为 $2n=20$,但核型和核型公式不同^[14]。对薏苡属的川谷(Coix lacryma-jobi L.)和薏苡(Coix lacryma-jobi L. var. frumentac Makino)的核型和C-带带型进行研究,发现二者的核型和C-带带型均十分相似,表明二者亲缘关系较近。但某些染色体位次、随体大小有差异,既表现了种的特异性,也反映了这两个种在进化过程中趋异程度较高^[16]。

1999年,马建霞^[17]用同工酶谱对薏苡属2种1变种的遗传多样性水平进行了研究,发现薏苡、念珠薏苡(薏苡的变种)和薏米在AAT(天冬氨酸转氨酶)、DIA(还原型辅酶I心肌黄酶)、GDH(谷氨酸脱氢酶)、PPO(多酚氧化酶)和SOD(超氧化物歧化酶)5种酶水平上的变异或多样性水平相对较低($P=16.7, A=1.2$)。曾艳华^[18]对薏苡、野生薏苡、水生薏苡的POD(过氧化物酶)和PPO(多酚氧化酶)同工酶研究发现,不同种薏苡之间两种酶均显示出较为明显的差异。水生薏苡两种酶带型完全相同,与薏苡和野生薏苡的带型差异显著,得出薏苡和野生薏苡亲缘关系较近,而两水生薏苡与这两种类型亲缘关系较远。

4 薏苡分子生物学研究进展

随着分子生物学的发展,薏苡在遗传图谱构建、分子标记和优异基因克隆方面取得了一定的研究进展,具体综述如下。

4.1 薏苡遗传连锁图谱的构建

秦峰^[19]以北京薏苡和武汉薏苡为亲本构建了含有131个个体的F2作图群体。利用AFLP、RFLP和SSR等分子标记进行遗传连锁分析,最后运用Mapmaker/Exp作图软件,初步构建

了薏苡的遗传连锁图,共划分为 10 个遗传连锁群。整个遗传图谱含有 80 个 AFLP 标记和 10 个 RFLP 标记 (3 个有多态性的 SSR 标记,未能建立连锁关系),全长 1339.5 cM,平均遗传间距 14.88 cM/Marker。最大的连锁群长 379.9 cM,含有 24 个标记(见图 2),共含有 90 个分子标记,3 个形态标记,覆盖了薏苡全基因组。

2003 年,李雪峰^[20]在秦峰工作基础上,将所用分子标记划分为 11 个遗传连锁群。整个图谱含有 61 个 AFLP 标记和 21

个 RFLP 标记,全长 1275.7 cM,平均遗传间距 15.6 cM/Marker。随后利用 winQTLCart 软件复合区间作图法对株高等 5 个性状进行了 QTL 检测,共定位了 31 个。

QTL 位点:其中 8 个和茎粗相关的 QTL、3 个和株高相关的 QTL、6 个雄穗长相关的 QTL、7 个叶长相关的 QTL、7 个叶宽相关的 QTL。这些连锁群的构建,为今后基因的定位和分离基因打下基础。

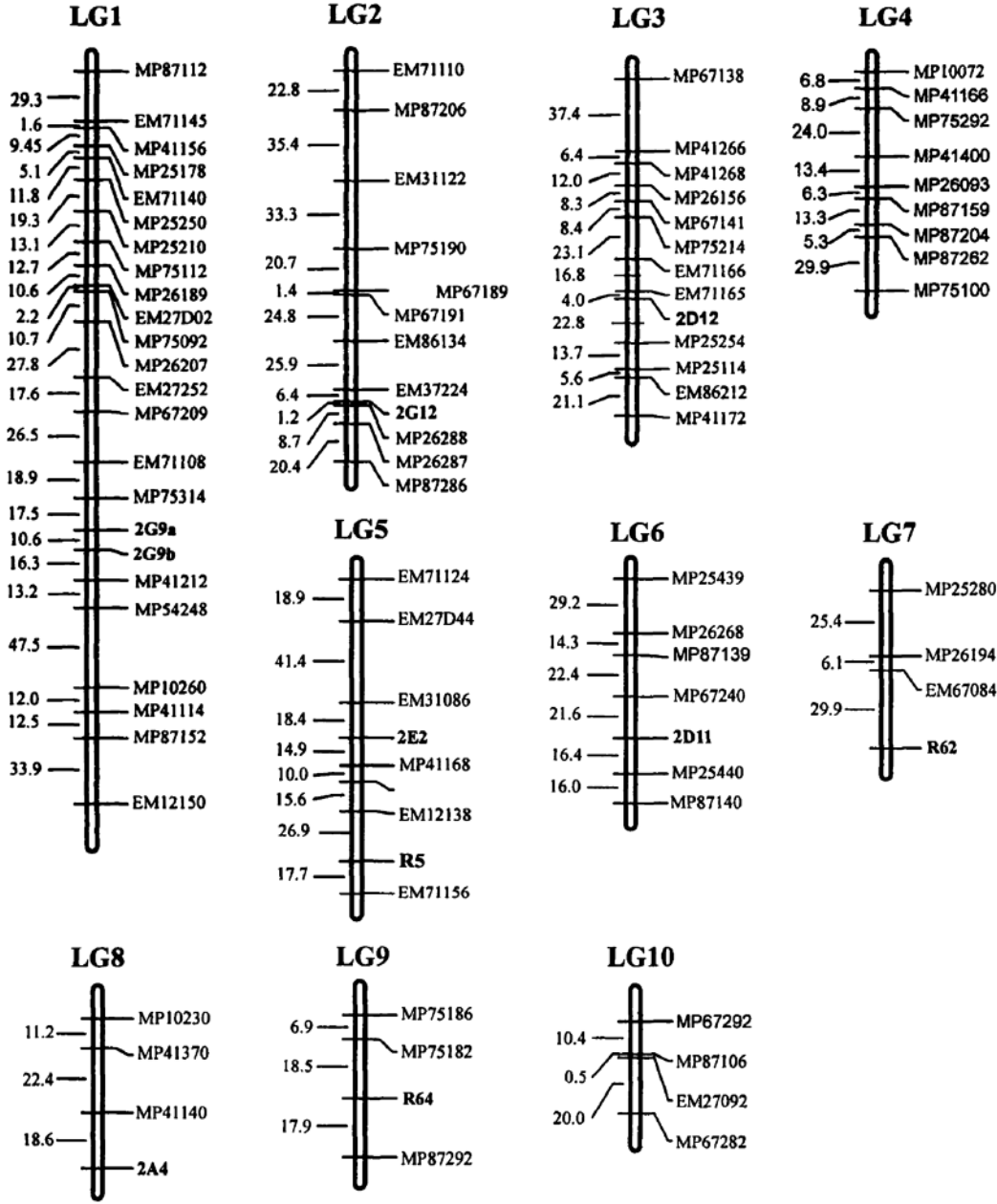


图 2 薏苡分子标记遗传连锁图谱^[18]

Fig. 2 Genetic linkage map of Molecular marker in Coix^[18]

4.2 分子标记技术

MA^[21]等采用改良的生物素-亲和捕获方法,构建了薏苡的微卫星富集文库。筛选了 17 个多态性微卫星用于 30 个薏苡材料的多样性分析,每个位点的等位基因数从 1 至 5 不等,平均 2.8 个等位基因。预期杂合率(H_e)和多态信息含量(PIC)范

围分别为 0-0.676 和 0-0.666。另外利用微卫星基因标记法^[22]对来自中国和韩国(朝鲜)的 79 份薏苡材料进行了基因多样性和进化关系的评估,共发现 57 对等位基因,平均每个基因座含有 3.4 对等位基因。根据 UPGMA 算法,大多数的中国薏苡聚为一类,而所有韩国(朝鲜)薏苡聚为另一类。统计分析表明中

国薏苡和韩国(朝鲜)薏苡有显著不同。中国薏苡具有更高的遗传多样性($P=95\%$, $H_E=0.30$, $I=0.52$), 而韩国(朝鲜)薏苡基因多样性相对较小($P=68\%$, $H_E=0.13$, $I=0.24$)。因此, 中国薏苡是薏苡遗传改良的优质种质资源。

Li 等利用 31 对 RAPD 随机引物, 对 21 种薏苡之间的遗传变异和关系进行了分析。共扩增出 205 个 DNA 片段, 平均每个引物 6.61 个。在扩增片段中, 115 个表现出多态性, 平均每个引物 3.71 个, 多态率为 56.1%, 说明这些种质在 DNA 水平有相当大的变化, 一些片段还具有种质特异性。材料间遗传相似性从 0.301 到 0.809 不等。其中 34 对薏苡组合的遗传相似性低于 0.40, 表明它们之间存在广泛的遗传差异。16 对薏苡组合的遗传相似性大于 0.70, 显示他们有密切的亲缘关系^[23]。这些分子标记技术为薏苡遗传多样性评价、亲缘关系鉴定提供了新的有力证据。

4.3 FISH

以四倍体栽培薏苡 (*Coix lacryma-jobi*, $2n=20$) 总基因组 DNA 为探针, 对栽培薏苡、野生薏苡和水生薏苡的有丝分裂中期染色体进行基因组荧光原位杂交, 结果显示野生薏苡与栽培薏苡在基因组染色体水平上的同源程度很高, 保守序列占很大比重^[24]。韩永华等利用 FISH 对薏苡染色体的 45S 和 5S rDNA 进行了定位, 结果表明 45S rDNA 序列位于薏苡第 2 号染色体短臂上的次缢痕区和随体上, 而 5S rDNA 序列则位于第 7 号染色体长臂靠近着丝粒处, 在间期核中, 分别检测到两个 45S 和 5S rDNA 杂交信号, 得出四倍体薏苡基因组中 45S 和 5S rDNA 是以单拷贝形式存在的保守序列^[25]。

4.4 基因克隆

Vettorel^[26]对编码薏苡 Opaque 2 (O2) 基因(通过识别启动子的特定序列来激活 α - 及 β - 醇溶蛋白的转录) 的 cDNA 和基因组进行克隆, 发现薏苡的 O₂ 基因的编码区被五个内含子隔断, 它编码一个含 408 个氨基酸的多肽, 且该基因氨基酸序列和玉米 O₂ 蛋白的氨基酸序列相似。它们有相同的表达模式及结合特异性, 启动子区域的基因呈现 80% 的一致性。

对薏苡中编码 DHPS (高等植物赖氨酸生物合成中天冬氨酸途径的主要酶) 的 DapA 基因进行克隆和鉴定, 发现 DapA 的开放阅读框被两个内含子隔开, 它编码含 326 个氨基酸长链的薏苡 DHPS 蛋白(与玉米 DHPS 蛋白有 95% 的相似性)。以玉米 DHPS cDNA 做探针, 对薏苡基因组 DNA 进行 Southern 杂交分析, 结果显示单一强杂交带与弱杂交带共存。Northern 分析结果表明 DHPS 在玉米和薏苡的胚鞘、胚、胚乳及根中都有表达, 但在嫩叶中几乎没有表达^[27]。

5 展望

综上所述, 对于薏苡的起源与进化关系、分类、细胞生物学、分子生物学等方面的研究均取得了一定的进展。明确薏苡与近缘植物的亲缘关系, 并与现代分子生物技术相结合用于薏苡遗传方面的研究, 不仅可以最大限度的保持薏苡遗传多样性, 同时也为拓展种质资源, 寻找替代品和开发新药源提供指导。中国植物志对我国薏苡资源的明确分类, 有利于薏苡资源的正确合理利用。细胞学和分子生物学的研究表明我国薏苡资源丰富, 存在着优异基因库, 为筛选薏苡优质基因进行遗传改

良奠定了基础。今后应结合野生薏苡资源的药用和食用价值的研究, 发掘其中的优质基因, 进一步将这些优质基因导入栽培薏苡遗传背景, 以提高其品质和产量。

参 考 文 献(References)

- [1] 黄兆胜. 中药学 [M]. 人民卫生出版社, 2002: 200-201
Huang Zhao-sheng. Chinese material medica [M]. People's Medical Publishing House, 2002: 200-201
- [2] 张明发, 沈雅琴. 薏苡仁药理研究进展 [J]. 上海医药, 2007, (08): 28-31
Zhang Ming-fa, Shen Ya-qin. The progress on pharmacological research of Coix [J]. Shanghai Medical & Pharmaceutical Journal, 2007, (08): 28-31
- [3] 胡少华, 肖小年, 易醒, 等. 薏苡仁的研究新进展 [J]. 时珍国医国药, 2009, 20(5): 1059
Hu Shao-hua, Xiao Xiao-nian, Yi Xing, et al. Study Progress of Coix Seed [J]. Li Shizhen medicine and material medica research, 2009, 20(5): 1059
- [4] 杜萌, 安伟, 陈彦. 薏苡仁化学成分及其防治肿瘤作用机制研究 [J]. 吉林中医药, 2012, 32(2): 195-198
Du Meng, An Wei, Chen Yan. Chemical composition of Coix seed and its mechanism in antitumor effect [J]. Jilin Journal of Traditional Chinese Medicine, 2012, 32(2): 195-198
- [5] 张聿梅, 杨峻山, 赵杨景, 等. 薏苡化学成分及药理活性研究进展 [J]. 中国药学杂志, 2002, 37(1): 10
Zhang Yu-mei, Yang Jun-shan, Zhao Yang-jing, et al. Coix advances on chemical constituents and pharmacological activities [J]. Chin Pharm J, 2002, 37(1): 10
- [6] Sung Ok Kim, Yun Su-Jin, Bomi Jung, et al. Hypolipidemic effects of crude extract of adlay seed (*Coix lachrymajobi* var. mayuen) in obesity rat fed highfat diet: Relations of TNF- α and leptin mRNA expressions and serum lipid levels [J]. Life Sciences, 2004, 75: 139 6-1 398
- [7] Yoh Hidaka, Tatsunari Kaneda, Nobuyuki Amino, et al. Chinese medicine, Coix seeds increase peripheral cytotoxic T and NK cells [J]. Bi-otherapy, 1992, 5: 201-203
- [8] Elizabeth A, Kellogg. Evolutionary History of the Grasses [J]. Plant Physiology, 2001, 125: 1198-1200
- [9] 韩建国, 樊奋成, 李枫. 禾本科植物的起源、进化及分布 [J]. 植物学通报, 1996, 13(1): 9-11
Han Jian-guo, Fan Fen-cheng, Li Feng. Origin, evolution and distribution of the gramineae [J]. Chinese Bulletin of Botany, 1996, 13(1): 9-11
- [10] Laura M, Adilson L, Jose A, et al. Sequence analysis of 22 kDa-like α -coixin genes and their comparison [J]. Plant Molecular Biology, 1993, 21: 765-778
- [11] Zhou Liang-liang, Huang Bin-bin, Meng Xiang-zong, et al. The amplification and evolution of orthologous 22-kD α -prolamin tandemly arrayed genes in coix, sorghum and maize genomes [J]. Plant Mol Biol, 2010, 74: 631-632
- [12] Thaís R, Guilherme C, Paulo A. Evolution of the Genes Encoding Seed Storage Proteins in Sugarcane and Maize [J]. Tropical Plant Biol, 2008, 1: 108-109
- [13] J.Christopher, L.S.Mini, N.Omanakumari, et al. Cyto-taxonomic

- study of the Genus Coix L.I. Cyto-morphological studies of *C.gigan-tea* Koenig ex Roxb [J]. The Japan Mendel Society,1996,61:41-45
- [14] 庄体德, 潘泽惠, 姚欣梅. 薏苡属的遗传变异性及核型演化 [J]. 植物资源与环境, 1994, 3(2): 16-18
Zhuang Ti-de, Pan Ze-hui, Yao Xin-mei. Genetic variation and karyo-type evolution of Coix L. in China [J]. J.Plant Resour. & Environ.,1994,3(2):16-18
- [15] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志第 10(2)卷 [M]. 科学出版社, 2005: 290-294
Chinese Academy of Sciences, China flora Editorial Committee. Flora of China tenth(2)rolls [M]. Science Press,2005:290-294
- [16] 杜俊维, 李贵全, 赵晓明. 中国薏苡属植物染色体核型的研究 [J]. 山西农业大学学报, 1999, 19(2): 97-99
Du Jun-wei, Li Gui-Quan, Zhao Xiao-ming. The karyotype study on the Coix in China[J]. J. Shanxi Agric. Univ.,1999,19(2):97-99
- [17] 马建霞, 潘泽惠, 刘心恬, 等. 薏苡属 (*Coix* L.) 2 种 1 变种的遗传多样性及亲缘关系的初步分析 [J]. 植物资源与环境, 1999, 8(4): 14
Ma Jian-xia, Pan Ze-hui, Liu Xin-tian, et al. Analysis of genetic diversity and taxonomic relations among two species and one variety of Coix L. [J]. J.Plant Resour. & Environ.,1999,8(4):14
- [18] 曾艳华, 谢莉, 韩永华. 几种薏苡的过氧化物酶和多酚氧化酶同工酶分析 [J]. 生物学杂志, 2007, 24(5): 35-36
Zeng Yan-hua, Xie Li, Han Yong-hua. The peroxidase and polyphenol oxidase isozyme analysis on some species of Coix [J]. Journal of biology,2007,24(5):35-36
- [19] 秦峰. 玉米近缘属植物 -- 薏苡遗传连锁图的构建 [D]. 华中农业大学硕士论文, 2001: 35-42
Qin Feng. The construction of molecular genetic linkage map for Coix--a close relative genus of Maize [D]. Thesis for master degree of Huazhong Agricultural University,2001:35-42
- [20] 李雪峰. 薏苡遗传图谱的构建及重要性状 QTL 定位的研究 [D]. 华中农业大学硕士论文, 2003: 26-32
Li Xue-feng. Construction of genetic linkage map and location of agronomy QTL in Coix [D]. Thesis for master degree of Huazhong Agricultural University,2003:26-32
- [21] Kyuang-HO MA, Kwang-HO KIM, Anupam DIXIT, et al. Newly developed polymorphic microsatellite markers in Job's tears (*Coix lacryma-jobi* L.) [J]. Molecular Ecology Notes,2006(6):689-691
- [22] K.-H.MA, K.-H.KIM, A.DIXIT, et al. Assessment of genetic diversity and relationships among *Coix lacryma-jobi* accessions using microsatellite markers [J]. Biologia Plantarum,2010,54(2):272-278
- [23] Li Xin-hai, Huang Yi-qin, Li Jian-sheng, et al. Characterization of genetic variation and relationships among *Coix* germplasm accessions using RAPD markers [J]. Genetic Resources and Crop Evolution,2001,48:189-194
- [24] 曾艳华. 薏苡及其近缘种的分子细胞遗传学研究 [D]. 广西师范大学硕士学位论文, 2008: 29-31
Zeng Yan-hua. Molecular cytogenetics study for Coix L. And its closest relatives [D]. Master Dissertation of Guangxi Normal University, 2008:29-31
- [25] 韩永华, 亓翠英, 余朝文, 等. 薏苡 45S 和 5S rDNA 的染色体定位研究 [J]. 实验生物学报, 2003, 36(5): 393-395
Han Yong-hua, Qi Cui-Ying, Yu Chao-wen, et al. Physical mapping of the 45S and 5S rDNA in *Coix Lacryma-Jobi* L.[J]. Journal of Experimental Biology,2003,36(5):393-395
- [26] Andre L. Vettorel, Jos'e A. Yunesl, Germano Cord Neto, et al. The molecular and functional characterization of an Opaque2 homologue gene from Coix and a new classification of plant bZIP proteins [J]. Plant Molecular Biology,1998,36:249
- [27] Ricardo Augusto Dante, Germano Cord Neto, A. Leite, et al. The DapA gene encoding the lysine biosynthetic enzyme dihydrodipicolinate synthase from *Coix lacryma-jobi*: cloning, characterization, and expression analysis [J]. Plant Molecular Biology,1999,41:551

(上接第 5349 页)

- [16] 徐鹏飞, 李孟, 郭明, 等. 三维适形放射治疗联合肝动脉化疗栓塞治疗原发性肝癌 32 例[J]. 陕西医学杂志, 2011, 40(7): 820-822
Xu Peng-fei, Li Mang, Guo Ming, et al. Three-dimensional conformal radiation therapy combined with hepatic arterial chemoembolization treatment of hepatocellular carcinoma in 32 cases[J]. Shaanxi Journal of Medicine,2011,40(7):820-822
- [17] 李丽华, 陈金平. 原发性肝癌三维适形放射治疗结合介入治疗疗效观察[J]. 江西医药, 2010, 45(9): 902-903
Li Li-hua, Chen Jin-ping. Primary liver cancer three-dimensional conformal radiation therapy combined with interventional therapy observation[J]. Jiangxi medicine,2010,45(9):902-903
- [18] 李佰君, 孟春, 车波. 86 例原发性肝癌三维适形放疗的临床观察[J]. 中国肿瘤临床与康复, 2010, 17(5): 439-441
Li Bai-jun, Meng Chun, Che Bo. 86 cases of three-dimensional conformal radiotherapy of primary liver cancer clinical observation [J]. Chinese Journal of Clinical Oncology and Rehabilitation,2010,17(5): 439-441
- [19] Cheng HY, Wang XY, Zhao GL, et al. Imaging findings and transcatheter arterial chemoembolization of hepatic malignancy with right atrial embolus in 46 patients[J]. World J Gastroenterol,2008,14(22):3563-3568
- [20] 管一国. 立体适形放疗在原发性肝癌中的应用[J]. 中国保健, 2010, 17(6): 44
Guan Yi-guo. Three-dimensional conformal radiotherapy in primary liver cancer[J]. Health,2010,17(6):44