

云南泸定百合 8 个野生居群的染色体核型分析

段 青, 崔光芬, 贾文杰, 马璐琳, 王继华, 杜文文, 王祥宁*

(云南省农业科学院花卉研究所, 云南省花卉育种重点实验室, 云南省花卉工程技术研究中心, 国家观赏园艺工程技术研究中心, 昆明 650205)

摘 要: 用常规压片法, 对云南省境内泸定百合 (*Lilium sargentiae* Wilson) 8 个野生居群的染色体进行了核型分析, 结果显示: (1) 野生泸定百合 8 个居群均为二倍体 ($2n=2x=24$), 染色体基数为 12, 共 24 条染色体, 无 B 染色体; (2) 核型类型均为 3A, 第 1、2 对染色体均为具中部(m)或近中部(sm)着丝点的大形染色体, 且第 1 对染色体上均具有随体; (3) 染色体长度比为 1.64~2.26, 平均臂比为 6.43~8.22, 核型不对称系数为 79.82%~81.77%。研究表明, 泸定百合染色体数相对稳定, 染色体变异主要表现在结构变异, 各个居群的染色体组成、随体数、随体位置、臂比、染色体长度比及核型不对称系数均有差异, 泸定百合各居群间存在明显的核型多态性。

关键词: 泸定百合; 居群; 染色体; 核型

中图分类号: Q343.2⁺2

文献标志码: A

Karyotypes Analysis of Eight Wild Populations of *Lilium sargentiae* from Yunnan Provice

DUAN Qing, CUI Guangfen, JIA Wenjie, MA Lulin,
WANG Jihua, DU Wenwen, WANG Xiangning*

(Flower Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Yunnan Flower Breeding Key Lab., Flower Engineering Technology Research Center of Yunnan, National Engineering Research Center for Ornamental Horticulture, Kunming 650205, China)

Abstract: Karyological study of 8 wild populations of *Lilium sargentiae* Wilson from Yunnan Province was carried out by traditional squashing and pressing method. The results were the following: (1) the base number of chromosome in *L. sargentiae* was 12 ($x=12$). All of the 8 wild populations were diploid ($2n=2x=24$) and without B chromosome; (2) karyotypes of 8 wild populations of *L. sargentiae* were '3A', Their first and second pairs of chromosomes were either large median chromosomes (m) or large submedian chromosomes (sm). All the first pairs of chromosomes of the 8 populations had satellite chromosomes; (3) chromosome length ratio were from 1.64 to 2.26, the mean arm ratio ranged from 6.43 to 8.22, and the karyotype asymmetry coefficient (As. K. %) of the 8 populations were from 79.82% to 81.77%. The above results indicated that the chromosome number of *L. sargentiae* was stable, and the chromosome variation among populations was generally coming from structure variation. The 8 populations had obvious differences in the composition of chromosomes, the number and distribution of satellite, chromosomes arm ratio, chromosome length ratio and As. K. %. There were obvious karyological variations among populations of *L. sargentiae*.

Key words: *Lilium sargentiae* Wilson; population; chromosome; karyotype

泸定百合 (*Lilium sargentiae* Wilson) 属百合科 川和云南, 生长在海拔 500~2 500 m 的山坡、灌丛
百合属植物, 是中国特有的野生花卉, 主要分布于四 或石缝中^[1]。在云南省境内分布范围广泛, 资源丰

收稿日期: 2015-11-09; 修改稿收到日期: 2016-02-01

基金项目: 国家“863”计划(2011AA100208); 云南省应用基础研究计划青年项目(2012FD072); 云南省科技计划项目(2012BB011)

作者简介: 段 青(1984—), 女, 硕士, 助理研究员, 主要从事百合细胞和分子生物学研究。E-mail: duanqing123@126.com

* 通信作者: 王祥宁, 研究员, 主要从事百合栽培与育种研究。E-mail: 494746259@qq.com

富,从东部至西北部均有分布^[2]。泸定百合具有植株高大、花头数多、花型优美、具香味等优良观赏特性,而且适应性强,具耐热耐贫瘠等特点。它是喇叭百合杂种系(Trumpet Lilies)的亲本之一,在现代观赏百合育种中占有重要地位^[3]。

为了更好地利用中国丰富的野生百合资源,近年来,许多学者展开了野生百合核型研究,包括卷丹(*L. lancifolium*)、细叶百合(*L. pumilum*)、毛百合(*L. dauricum*)、垂花百合(*L. cernuum*)、东北百合(*L. distichum*)、朝鲜百合(*L. amabile*)、有斑百合(*L. concolor* var. *pulchellum*)^[4-5]、滇百合(*L. bakerianum*)、宜昌百合(*L. leucanthum*)、尖被百合(*L. lophophorum*)、大理百合(*L. taliense*)、宝兴百合(*L. duchartrei*)^[6]、紫斑百合(*L. nepalense*)^[7]、泸定百合、岷江百合(*L. regale*)、淡黄花百合(*L. sulphureum*)、湖北百合(*L. henryi*)、野百合(*L. brownii*)、川百合(*L. davidii*)、兰州百合(*L. davidii* var. *unicolor*)、青岛百合(*L. tsingtauense*)和南川百合(*L. rosthornii*)^[8-9]。泸定百合也有学者^[10]对其染色体形态做过研究报道,本课题组曾于 2010 年至 2013 年系统地调查了云南省境内的野生泸定百合资源,并进行了遗传多样性研究。结果表明,不同居群的野生泸定百合在表型^[11]、ISSR 分子水平^[11]、核型^[12]等方面具有丰富的遗传多样性,居群间的遗传分化较大。在云南泸定百合从南到北、从低海拔到高海拔分布较广,生态适应性较强。不同分布区和不同生态环境的泸定百合居群,不仅开花的物候不一样,花的色泽和香型也不一样,居群间多型性明显。因此,为进一步摸清泸定百合野生居群的核型

特征,揭示不同居群间的变异规律,本研究在前期工作的基础上对云南省境内不同地区的 8 个泸定百合野生居群染色体核型进行分析,以期为其种质资源多样性的研究提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材 料

试验材料分别于 2010 年至 2013 年 6~8 月间采自云南文山、昭通、保山、红河、大理、香格里拉等地区,共 8 个居群,并将各居群引种栽培于云南农业科学院花卉研究所球根花卉基地内。各居群的采集地和海拔见表 1。两两居群之间的地理距离大于 30 km,两两株距在 30 m 以上,每个居群至少取样 20 株。

1.2 方 法

采用植物染色体常规压片法。于 2010 年至 2013 年将从野外收回的材料栽培于试验基地内,待长出幼嫩根尖,从植株根部切取新长出的长度为 1~2 cm 根尖,用 0.05%秋水仙碱溶液在 4℃下预处理 24 h,蒸馏水洗净,滤纸吸干多余水分,然后在卡诺氏固定液(无水乙醇:冰醋酸=3:1,现配制)中固定过夜,然后转入 70%乙醇中置于 4℃冰箱内保存备用。制片时根尖用蒸馏水洗净,去除多余水分,用 1 mol·L⁻¹ HCl 于 60℃恒温水浴锅中解离 12 min,蒸馏水漂洗 9~10 次。将根尖放在载玻片上,用刀片将白色不透明部分轻轻切下,滴加卡宝品红染液及 1 滴 45%醋酸,染色 30 min,压片,镜检。临时片在 Olympus CH300 显微镜 40×下镜检,在 Nikon E800 显微镜 100×下用 DXM1200 型显微图像捕捉系统拍照。

表 1 泸定百合 8 个居群的野外采集信息
Table 1 Information of eight populations in *L. sargentiae*

居群 Population	采集地 Locality	经度/纬度 Longitude and latitude	海拔 Altitude/m	生境 Habitat
麻栗坡居群 Malipo population	文山州麻栗坡县 Malipo County, Wenshan	E104°40'16.7"/N23°10'22.9"	900~1 200	向阳山坡,低矮植被丛中 Sunny mountain slopes, the low vegetation
宜良居群 Yiliang population	昆明市宜良县 Yiliang County, Kunming	E103°10'32.2"/N24°43'56.2"	1 200~1 300	耕地旁石缝 The rock cracks nearby the arable land
鲁甸居群 Ludian population	昭通市鲁甸县 Ludian County, Zhsotong	E103°18'23"/N27°32'45"	1 930~2 050	耕地旁石缝 The rock cracks nearby the arable land
中甸居群 Zhongdian population	迪庆州中甸县 Zhongdian County, Diqing	E099°39'15.1"/N27°20'27.2"	1 850~2 000	岩石缝隙,禾本科植物 Rock cracks, the graminaceous plants
蒲缥居群 Pupiao population	保山市蒲缥镇 Pupiao County, Baoshan	E098°56'21.1"/N25°00'56.2"	1 280~1 385	向阳山坡,低矮植被丛中 Sunny mountain slopes, the low vegetation
南涧居群 Nanjian population	大理市南涧县 Nanjian County, Dali	E100°20'27.3"/N24°48'21.6"	1 310~1 560	岩石山坡,林下或灌木丛 Rocky mountain slopes, understory or shrubs
弥勒居群 Mile population	红河州弥勒县 Mile County, Honghe	E103°24'34.7"/N24°32'8.5"	1 700~1 795	砂石地,灌木丛中 Sandy land, shrubs
建水居群 Jianshui population	红河州建水县 Jianshui County, Honghe	E102°51'09.1"/N23°51'4.1"	1 500~1 600	向阳草坡,林下或灌木丛 Sunny grassy slopes, understory or shrubs

表 2 8 个泸定百合居群的核型
Table 2 Karyotypes of 8 populations of *L. sargentiae*

居群 Population	核型公式 Karyotype fomula	随体 SAT		最长/最短 L/S	平均 臂比 Arm ratio	核型 Karyotype	核型 不对称 系数 As. K/ %
		数量 Number	染色体序号 No. of chromosomes				
麻栗坡 Malipo	$2n=2x=24=4m(4SAT)+6st(2SAT)+14t$	4	1,2,6	1.76	7.81	3A	80.42
宜良 Yiliang	$2n=2x=24=2m(SAT)+2sm(2SAT)+10st+10t(2SAT)$	4	1,2,5,7	2.11	6.91	3A	81.74
鲁甸 Ludian	$2n=2x=24=2m(SAT)+2sm(SAT)+12st(SAT)+8t(SAT)$	5	1,2,5,7	2.21	6.43	3A	80.71
中甸 Zhongdian	$2n=2x=24=2m(2SAT)+2sm+14st(2SAT)+6t(SAT)$	5	1,3,5,10	2.11	6.91	3A	79.82
蒲缥 Pupiao	$2n=2x=24=4m(SAT)+10st(SAT)+10t(SAT)$	3	1,4,9	2.26	7.41	3A	80.08
南涧 Nanjian	$2n=2x=24=2m(SAT)+2sm+8st(2SAT)+12t(SAT)$	4	1,3,8	2.18	6.63	3A	80.45
弥勒 Mile	$2n=2x=24=2m(2SAT)+2sm(2SAT)+10st(SAT)+10t$	5	1,2,4	1.74	7.09	3A	80.98
建水 Jianshui	$2n=2x=24=2m(2SAT)+2sm(2SAT)+8st+12t(SAT)$	5	1,2,4	1.64	8.22	3A	81.77

每种材料观察的细胞数在 30 个以上,分别选取 5 个分散良好的中期分裂相细胞进行测定分析。核型分析按李懋学和陈瑞阳^[13]的标准,核型类型根据 Stebbins^[14]的分类标准划分,核型不对称系数(As. K. % = 长臂总长/全组染色体总长)按 Arano^[15]的方法,染色体统计按常规统计学方法。

2 结果与分析

2.1 核型分析

对 8 个泸定百合野生居群进行了染色体计数及核型分析。染色体形态照片及模式图见图 1,核型公式及核型参数见表 2 和表 3。

结果(表 2、3)表明,供试的 8 个泸定百合野生居群均为二倍体,染色体基数为 12,共有 24 条染色体,无 B 染色体。表 3 显示,麻栗坡居群、宜良居群、鲁甸居群、中甸居群、蒲缥居群、南涧居群、弥勒居群和建水居群的染色体相对长度范围分别为 6.9%~12.03%、5.52%~11.67%、5.91%~13.08%、7.07%~12.10%、5.44%~12.28%、5.68%~12.35、6.9%~12.02% 以及 7.35%~12.06%,可见在相对长度范围上 8 个泸定百合居群的差异比较明显。按染色体相对长度系数来看,8 个泸定百合居群均含有长染色体(L)、中短染色体(M₁),而且长染色体(L)数量均为 4 条,而中长染色体(M₂)、中短染色体(M₁)和短染色体(S)的数量在各居群中则不完全相同,但都以中短染色体(M₁)居多。根据相对长度系数可分为四类,一为麻栗坡居群和中甸居群,二者均含有 2 对 L 型染色体、1 对 M 型染色体和 9 对 M₁ 型染色体,没有 S 型染色体;二为宜良居群和蒲缥居群,二者均含有 2 对 L 型染色体、3 对 M₂ 型染色体、6 对 M₁ 染色体和 1 对 S 型染

色体,染色体的相对长度类型较丰富;三为鲁甸居群和南涧居群,二者均含有 2 对 L 型染色体、2 对 M₂ 染色体、7 对 M₁ 染色体和 1 对 S 型染色体,染色体的相对长度类型较丰富;四为弥勒居群和建水居群,二者仅含有 2 对 L 型染色体和 10 对 M₁ 染色体,没有 M₂ 型染色体和 S 型染色体,染色体的相对长度类型较为单一。

从表 2 可以看出,泸定百合各居群的染色体组成可以分成两大类:一类是由 3 种染色体(m、st、t)组成,包括麻栗坡居群和蒲缥居群,二者均含有 8 条 m 染色体,但是 st 染色体和 t 染色体的数目不尽相同;另一类是由 4 种染色体(m、sm、st、t)组成,包括宜良居群、鲁甸居群、中甸居群、南涧居群、弥勒居群、建水居群,它们都含有 4 条 m 染色体和 4 条 sm 染色体,st 染色体和 t 染色体也是各不相同。8 个居群存在着如此多的核型,说明泸定百合居群间存在核型多型性。同时,各居群具有 3~5 个数目不等、位置不同的随体,主要分布在第 1、2、4 对染色体的短臂上。其中,麻栗坡居群的随体染色体有 4 个,分布在第 1、2、6 号染色体上;宜良居群和鲁甸居群的随体均分布在第 1、2、5、7 号染色体上,但是数目不同,宜良居群有 4 个,而鲁甸具有 5 个;中甸居群的 5 个随体分别分布在第 1、3、5、10 号染色体上;蒲缥居群的 3 个随体分布在第 1、4、9 号染色体上;南涧居群的 4 个随体分布在第 1、3 号染色体上;弥勒居群和建水的随体均为 5 个,且都分布在第 1、2、4 号染色体上。尽管如此,它们具有一个共同特征:第 1 号染色体均具有随体。

核型特征方面,核型类型均为 3A。第 1、2 对染色体均为具中部(m)或具近中部(sm)着丝点的大型染色体,且第 1 对染色体上均具有随体。从核型公

式来看,8 个泸定百合居群均由 2 对具有中部(m)或具近中部(sm)着丝点的大型染色体以及 10 对具近端部(st)和端部(t)着丝点染色体组成。染色体长度比为 1.64~2.26;平均臂比 6.43~8.22;核型不对称系数范围为 79.82%~81.77%,从高到低可以将 8 个居群排列为:建水居群>宜良居群>中甸居

表 3 泸定百合居群的染色体参数

Table 3 Parameters of chromosomes in populations of *L. sargentiae*

居群 Population	染色体序号 Chromosome number	相对长度 Relative length/%	相对长度系数 Index of relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type	居群 Population	染色体序号 Chromosome number	相对长度 Relative length/%	相对长度系数 Index of relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type
麻栗坡 Malipo	1	7.17+4.86=12.03	1.44(L)	1.49	m	蒲缥 Pupiao	1	7.15+5.14=12.28	1.47(L)	1.39	m
	2	7.39+4.56=11.95	1.43(L)	1.65	m		2	6.96+4.39=11.35	1.36(L)	1.59	m
	3	7.87+0.7=8.57	1.03(M ₂)	11.61	t		3	7.04+2.20=9.24	1.11(M ₂)	3.20	st
	4	7.39+0.95=8.34	1.00(M ₁)	8.17	t		4	7.89+0.93= 8.82	1.06(M ₂)	8.48	t
	5	7.02+0.97=7.99	0.96(M ₁)	7.92	t		5	7.79+0.63=8.42	1.01(M ₂)	12.36	t
	6	6.36+1.57=7.93	0.95(M ₁)	4.14	st		6	6.89+1.21=8.10	0.97(M ₁)	5.70	st
	7	6.00+1.68=7.68	0.92(M ₁)	3.65	st		7	6.69+1.10=7.79	0.94(M ₁)	6.09	st
	8	5.44+1.76=7.20	0.86(M ₁)	3.15	st		8	7.06+0.61=7.67	0.92(M ₁)	11.60	t
	9	6.42+0.77=7.19	0.86(M ₁)	14.04	t		9	6.00+1.35=7.35	0.88(M ₁)	4.45	st
	10	6.39+0.78=7.17	0.86(M ₁)	8.89	t		10	5.46+1.61=7.07	0.85(M ₁)	3.40	st
	11	6.66+0.40=7.06	0.85(M ₁)	17.62	t		11	6.15+0.32=6.46	0.78(M ₁)	19.51	t
	12	6.32+0.58=6.90	0.83(M ₁)	11.36	t		12	4.99+0.45=5.44	0.65(S)	11.16	t
宜良 Yiliang	1	7.24+4.43=11.67	1.40(L)	1.63	m	南涧 Nanjian	1	7.01+5.34=12.35	1.48(L)	1.31	m
	2	6.97+4.04=11.00	1.32(L)	1.73	sm		2	6.79+3.91=10.70	1.28(L)	1.74	sm
	3	8.14+1.20=9.34	1.12(M ₂)	6.77	st		3	8.05+0.85=8.90	1.07(M ₂)	9.47	t
	4	8.21+0.74=8.94	1.07(M ₂)	11.14	t		4	7.72+0.84=8.56	1.03(M ₂)	9.18	t
	5	7.79+0.83=8.62	1.03(M ₂)	9.33	t		5	7.08+1.19=8.27	0.99(M ₁)	5.96	st
	6	7.03+1.15=8.18	0.98(M ₁)	6.12	st		6	7.32+0.81=8.13	0.98(M ₁)	9.02	t
	7	7.24+0.74=7.98	0.96(M ₁)	9.73	t		7	7.39+0.55=7.94	0.95(M ₁)	13.42	t
	8	6.34+1.20=7.53	0.90(M ₁)	5.30	st		8	6.44+1.38=7.82	0.94(M ₁)	4.66	st
	9	5.84+1.56=7.40	0.89(M ₁)	3.75	st		9	6.01+1.68=7.69	0.92(M ₁)	3.57	st
	10	5.82+1.38=7.20	0.86(M ₁)	4.21	st		10	5.56+1.77=7.33	0.88(M ₁)	3.15	st
	11	6.17+0.43= 6.60	0.79(M ₁)	14.40	t		11	6.04+0.60=6.64	0.80(M ₁)	10.08	t
	12	4.96+0.56= 5.52	0.66(S)	8.80	t		12	5.05+0.63=5.68	0.68(S)	8.05	t
鲁甸 Ludian	1	7.60+5.48=13.08	1.57(L)	1.39	m	弥勒 Mile	1	7.20+4.82=12.02	1.44(L)	1.49	m
	2	7.42+3.95=11.38	1.37(L)	1.88	sm		2	7.05+3.73=10.78	1.29(L)	2.01	sm
	3	8.74+0.78=9.52	1.14(M ₂)	11.22	t		3	6.82+1.46=8.28	0.99(M ₁)	4.85	st
	4	7.56+1.10=8.65	1.04(M ₂)	6.90	st		4	6.73+1.53=8.26	0.99(M ₁)	4.50	st
	5	7.02+1.22=8.23	0.99(M ₁)	5.77	st		5	7.24+0.94=8.17	0.98(M ₁)	8.13	t
	6	6.78+1.15=7.93	0.95(M ₁)	5.91	st		6	7.31+0.73=8.03	0.96(M ₁)	10.16	t
	7	7.01+0.74=7.75	0.93(M ₁)	9.52	t		7	6.57+1.36=7.93	0.95(M ₁)	6.07	st
	8	6.56+0.62=7.17	0.86(M ₁)	10.64	t		8	6.97+0.89=7.86	0.94(M ₁)	7.97	t
	9	5.73+1.21=6.93	0.83(M ₁)	4.74	st		9	6.19+1.22=7.41	0.89(M ₁)	5.81	st
	10	5.29+1.56=6.85	0.82(M ₁)	3.40	st		10	6.74+0.55=7.29	0.87(M ₁)	12.93	t
	11	5.63+0.97=6.60	0.79(M ₁)	5.82	st		11	6.63+0.42=7.05	0.85(M ₁)	16.89	t
	12	5.38+0.54=5.91	0.71(S)	9.97	t		12	5.52+1.38=6.90	0.83(M ₁)	4.30	st
中甸 Zhongdian	1	6.86+5.24=12.10	1.45(L)	1.31	m	建水 Jianshui	1	7.05+5.01=12.06	1.45(L)	1.41	m
	2	7.00+3.86=10.86	1.30(L)	1.81	sm		2	6.88+3.59=10.47	1.26(L)	1.92	sm
	3	7.75+0.89=8.64	1.04(M ₂)	8.75	t		3	6.94+1.39=8.33	1.00(M ₁)	4.99	st
	4	6.85+1.36=8.21	0.99(M ₁)	5.05	st		4	7.39+0.75=8.14	0.98(M ₁)	9.85	t
	5	6.72+1.32=8.04	0.96(M ₁)	5.09	st		5	7.34+0.68=8.02	0.96(M ₁)	10.79	t
	6	6.49+1.28=7.76	0.93(M ₁)	5.08	st		6	6.37+1.58=7.95	0.95(M ₁)	4.03	st
	7	6.58+1.06=7.64	0.92(M ₁)	6.18	st		7	6.57+1.06=7.63	0.92(M ₁)	6.20	st
	8	6.81+0.74=7.54	0.91(M ₁)	9.25	t		8	5.69+1.87=7.56	0.91(M ₁)	3.04	st
	9	6.26+1.21=7.46	0.90(M ₁)	5.19	st		9	6.79+0.74=7.53	0.90(M ₁)	9.18	t
	10	6.03+1.37=7.40	0.89(M ₁)	4.39	st		10	6.71+0.81=7.52	0.90(M ₁)	8.28	t
	11	6.86+0.42=7.28	0.87(M ₁)	16.47	t		11	7.00+0.46=7.46	0.90(M ₁)	15.22	t
	12	5.63+1.44=7.07	0.85(M ₁)	3.90	st		12	7.05+0.30=7.35	0.88(M ₁)	23.50	t

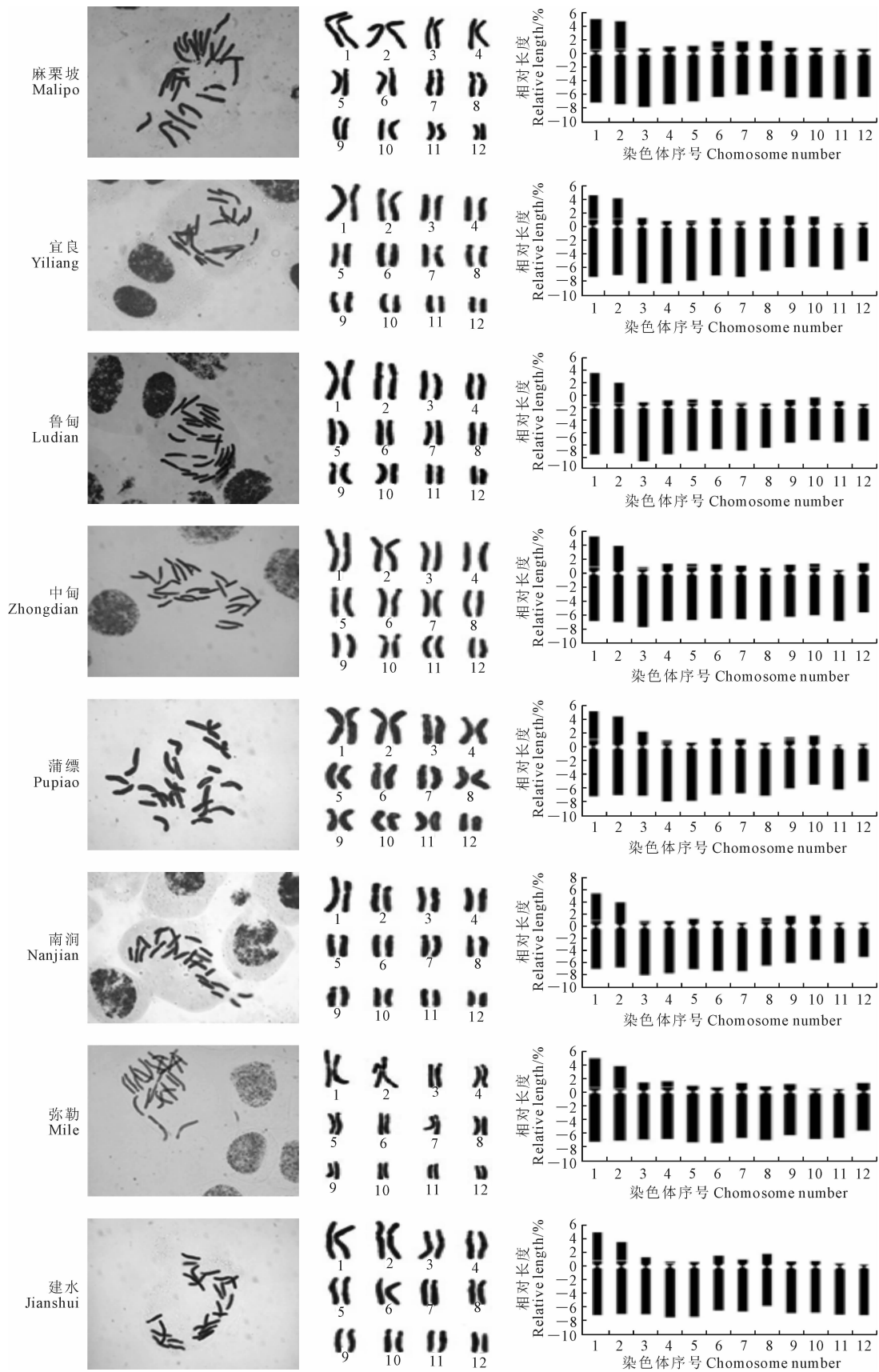


图1 8个泸定百合野生居群的中期染色体形态及核型模式图

Fig. 1 Somatic metaphase photomicrographs and idiogram of 8 populations of *L. sargentiae*

群>弥勒居群>鲁甸居群>南涧居群>麻栗坡居群>蒲缥居群,都属于不对称性较强的类型。

2.2 核型进化趋势分析

本研究中的 8 个泸定百合野生居群的核型不对称系数较高,在 79.82% ~ 81.77%之间,说明泸定百合的进化程度较高。根据核型不对称系数,中甸居群(核型不对称系数为 79.82%)是 8 个居群中最原始的;建水居群(核型不对称系数为 81.77%)是最进化的。以核型不对称系数为纵坐标,以平均臂比为横坐标绘制泸定百合核型坐标图(图 2)。其中,越靠近右上角具有越高的染色体核型进化程度,建水居群最为进化;宜良居群次之;中甸居群在图中位于左下角,最为原始;其他居群位于中间。

2.3 系统聚类分析

利用 SAS 软件对染色体长度比、平均臂比和核型不对称系数三因子进行聚类分析。聚类结果(图 3)表明,当阈值约为 0.91 时,可以将 8 个居群分为两类:第 I 类包括麻栗坡、弥勒和建水居群;第 II 类包括宜良、鲁甸、南涧、中甸和蒲缥居群。

3 讨 论

百合属植物的染色体多为大型染色体,染色体基数 $x=12$,以二倍体($2n=2x=24$)最为常见,野生种中仅在卷丹^[4]、川百合^[16]少数种中发现三倍体。李懋学认为百合属具有共同的核型特征,即均由 2

对具中部(m)或具近中部(sm)着丝点的大型染色体以及 10 对具有近端部(st)和端部(t)着丝点染色体所组成,且在第 1、2 对染色体的短臂上常可见到居间随体^[13]。本研究结果表明,8 个泸定百合野生居群均含 24 条染色体,为二倍体,未发现染色体数变异,与袁泓^[10]、李璇^[12]、毛钧^[17]等的结果一致,说明泸定百合是一个相对比较稳定的类群。杨雪珍等^[18]研究表明,恶劣环境中,具有 B 染色体的植株适应性和竞争能力更强。例如,含 B 染色体的细叶韭(*Allium tenuissimum*),能增加种子萌发时的抗干旱能力^[19];在玉米(*Zea mays*)中,含 B 染色体的花粉会优先与卵细胞授精^[20]。本研究 8 个泸定百合居群均未发现 B 染色体,可见泸定百合对恶劣环境的适应能力有限,除人为破坏和牲畜啃食外,这可能是野生泸定百合近年来分布急剧减少的原因之一。

一般认为百合属植物的染色体核型为稳定的 3B 型^[21]。已报道的毛百合、兰州百合、朝鲜百合、卷丹^[4]、大理百合、岷江百合、滇百合^[6]等均为 3B 型,符合百合属植物核型的一般规律。本研究的 8 个泸定百合野生居群染色体核型类型均为 3A,不符合百合属植物核型的一般规律,但与有斑百合^[4]、川百合、南川百合、尖被百合、宜昌百合^[6]相同,均为 3A 型。根据 Stebbins^[14]“对称—原始,不对称—进化”的观点,泸定百合可能是百合属内较为原始的类群。但是泸定百合的核型不对称系数均较高,达 79.82% ~ 81.77%,核型对称性低,进化程度较高。根据核型不对称系数,从高到低可以将 8 个居群排列为:建水居群>宜良居群>中甸居群>弥勒居群>鲁甸居群>南涧居群>麻栗坡居群>蒲缥居群。

从染色体组成类型、随体数及位置上看,各居群均具有 3 ~ 6 个数目不等、位置不同的随体,核型组成存在明显差别,核型多态性相当明显,表明不同泸定百合居群间在核型上发生了变异。但它们具有一个共同的特征,即均由 2 对具有中部(m)或具近中部(sm)着丝点的大型染色体以及 10 对具近端部(st)和端部(t)着丝点染色体组成,且第 1 对染色体均具有随体。由此可见,来自不同产地或居群的泸定百合核型具有多态性,又在具有共性的基础上存在分化。李璇等^[12]对泸定百合大关、旧城、扎西等居群进行了核型研究,结果也表明泸定百合各居群间存在明显的核型多态性。本试验补充了建水、宜良、鲁甸、弥勒、南涧、麻栗坡、中甸、蒲缥的核型分

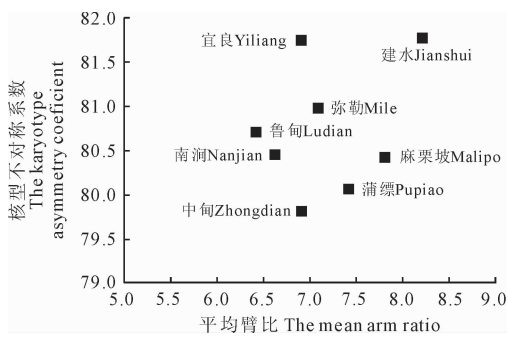


图 2 泸定百合核型坐标图
Fig. 2 Karyotype coordinate image of *L. sargentiae*

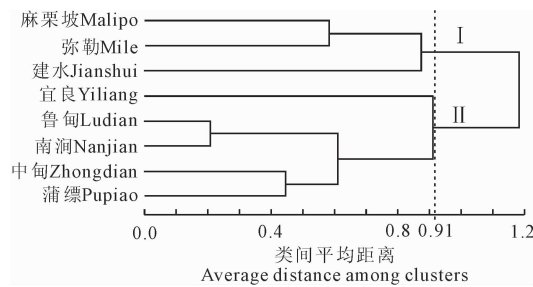


图 3 泸定百合 8 个居群 UPGMA 聚类图
Fig. 3 UPGMA cluster of 8 populations in *L. sargentiae*

析,为首次报道,进一步丰富了泸定百合不同地域或居群的核型数据。

Tzanoudakis^[22]认为染色体结构变异的原因与广布和生境多样性有关。本课题组前期的研究工作也表明野生泸定百合居群间在表型和分子水平上具有丰富的遗传多样性,而且受环境因子的影响更大。8个居群的供试材料分别采自云南各地区,这些地区的生境存在明显差异。为了适应不同的生境需

要,导致了泸定百合居群染色体结构变异的发生。此外,Stebbins^[14]认为,当某一类群部分或全部放弃有性生殖后,整个类群的多态现象将大大增加。他还指出,这种多态现象的成因之一是无融合生殖内部发生了染色体与基因的变化,其中包括染色体结构的变异。泸定百合兼性无融合生殖,可以通过珠芽和鳞茎进行无性生殖,这种无性繁育有利于不同居群保存其染色体所发生的结构变异。

参考文献:

- [1] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志(第14卷)[M]. 北京:科学出版社,1980:127.
- [2] 吴征镒,陈书坤,陈介. 云南植物志(第7卷)[M]. 北京:科学出版社,1997:794.
- [3] MICHAEL, JEFFERSON-BROWN, HARRIS HOWLAND. The Gardener's guide to growing lilies[M]. Portland, Oregon: Timber Press, 2002:124-128, 144-146.
- [4] 图力古尔,刘立波. 吉林省产5种百合的核型研究[J]. 武汉植物学研究, 1996, **14**(1):6-12.
TOLGOR, LIU L B. Studies of karyotypes of 5 species in *Lilium* from Jilin[J]. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1996, **14**(1): 6-12.
- [5] 荣立苹,雷家军,郑洋,等. 东北地区野生百合的核型研究[J]. 吉林农业大学学报, 2009, **31**(12):711-716.
RONG L P, LEI J J, ZHENG Y, et al. Study on karyotypes of *Lilium* species native to Northeast China[J]. *Journal of Jilin Agricultural University*, 2009, **31**(12):711-716.
- [6] 卿秋静. 九种百合属植物核型及遗传变异研究[D]. 成都:四川农业大学, 2011.
- [7] 李标,虞泓,唐坤. 紫斑百合居群核型变异式样[J]. 重庆邮电学院学报, 2004, **16**(1):98-102.
LI B, YU H, TANG K. Study on karyotypical variation in population of *Lilium nepalense*[J]. *Journal of Chongqing University of Posts and Telecommunications*, 2004, **16**(1):98-102.
- [8] 戴小红,张延龙,牛立新. 百合属4种植物的核型研究[J]. 西北植物学报, 2006, **26**(1):50-56.
DAI X H, ZHANG Y L, NIU L X. Karyotypes of four *Lilium* species[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2006, **26**(1):50-56.
- [9] 刘华敏,智丽,赵丽华,等. 四种野生百合核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, **11**(4):469-473.
LIU H M, ZHI L, ZHAO L H, et al. Karyotype analysis of four wild *Lilium* species[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2010, **11**(4):469-473.
- [10] 虞泓,王红霞,游丹. 泸定百合居群染色体形态研究[J]. 云南大学学报, 2000, **22**(1):62-69.
YU H, WANG H X, YOU D. Study on chromosomal morphology in populations of *Lilium sargentiae* Wilson[J]. *Journal of Yunnan University*, 2000, **22**(1):62-69.
- [11] 段青,崔光芬,等. 云南泸定百合遗传多样性的表型与ISSR分析[J]. 西北植物学报, 2013, **33**(6):1106-1113.
- [12] 李璇,段青,王祥宇,等. 云南泸定百合12个野生居群的核型研究[J]. 园艺学报, 2014, **41**(5):935-945.
LI X, DUAN Q, WANG X N, et al. Karyotypes of 12 wild populations *Lilium sargentiae* from Yunnan Province[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2014, **41**(5):935-945.
- [13] 李懋学,陈瑞阳. 关于核型分析的标准化问题[J]. 武汉植物学研究, 1985, **3**(4):297-302.
LI M X, CHEN R Y. The standardization about the karyotype analysis[J]. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1985, **3**(4):297-302.
- [14] STEBBINS G L. Chromosomal evolution in higher plants[M]. London:Edward Arnold Press, 1971:12-150.
- [15] ARANO H. Cytological studies in subfamily Cardioideae(Compositae) of Japan[J]. *Botanical Magazine of Tokyo*, 1963, **76**:32-39.
- [16] 谢晓阳,武全安. 三倍体川百合的核型与酯酶同工酶鉴定[J]. 云南植物研究, 1993, **15**(1):57-60.
XIE X Y, WU Q A. The determination of karyotype and thioesterase on triploid *Lilium davidii* [J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 1993, **15**(1):57-60.
- [17] 毛钧,张明宇,虞泓. 泸定百合普洱居群遗传与变异研究[J]. 云南大学学报, 2003, **25**(S1):91-96.
MAO J, ZHANG M Y, YU H. A study on genetic variation of Puer population in *Lilium sargentiae* Wilson[J]. *Journal of Yunnan University*, 2003, **25**(S1):91-96.
- [18] 杨雪珍,贾月慧,张克中,等. 部分中国野生百合的核型分析[J]. 西北植物学报, 2013, **33**(5):922-930.
YANG X Z, JIA Y H, ZHANG K Z, et al. Karyotype analysis of several wild *Lilies* native to China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2013, **33**(5):922-930.
- [19] PLOWMA A B, BOUOURD S M. Selectively advantageous effects of B chromosome in germination behavior in *Allium schoenoprasum* [J]. *Heredity*, 1994, **72**:587-593.
- [20] GONZALEZ-SANCHEZ M, GONZALEZ-GONZALEZ E, MOLINA, et al. One gene determines maize B chromosome accumulation by preferential fertilization, another gene(s) determines their meiotic loss[J]. *Heredity*, 2003, **90**:122-129.
- [21] 洪德元. 植物细胞分类学[M]. 北京:科学出版社, 1990:91-96.
- [22] TZANOUDAKIS. Karyotypes of the taxa of *Allium* section scorodon from Greece[J]. *Caryologia*, 1983, **36**(3):259-284.

(编辑:宋亚珍)