西北植物学报，2023，43(4)：0582－0591
Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin.

doi：10.7606/j.issn.1000-4025.2023.04.0582 http://xbzwxb.alljournal.net

流苏树山东不同居群的染色体核型分析

牛牧歌[1]，郑　芹[2]，李际红[1*]，刘　源[1]，刘翠双[1]，孙茂桐[1]

（1 山东农业大学 林学院，山东泰山森林生态系统国家定位观测研究站，黄河下游森林培育国家林业和草原局重点实验室，山东泰安 271018；2 临沂市不动产登记交易中心，山东临沂 276000）

摘　要：该研究采用常规染色体制片技术，对分布于山东省的流苏树5个自然地理居群的染色体核型进行观察分析，以揭示不同居群的流苏树核型特征、差异及其系统亲缘关系，为进一步探明流苏树的系统进化关系奠定细胞学基础。结果表明：(1)流苏树5个居群的染色体数目稳定，均为2n＝2x＝46；染色体以小型染色体为主；核型主要有中部着丝粒(m)、亚中部着丝粒(sm)组成，其中中部着丝粒居多，有1B、2B两种类型。(2)5个居群的流苏树核型公式分别为：B居群2n＝2x＝43m＋3sm、T居群2n＝2x＝46m、S居群2n＝2x＝45m＋sm、WS居群2n＝2x＝44m＋2sm、Z居群2n＝2x＝45m＋sm，这或许与其所处环境有关。(3)5个居群的流苏树核型不对称系数在54.29%～58.00%之间，各居群进化程度相对大小依次为B＞S＞WS＞Z＞T。(4)聚类分析结果显示，当遗传距离为1时，T和WS居群、B和S居群分别优先聚为一类，表明二者相互间的亲缘关系相对最近。研究认为，B居群和S居群进化程度较高，T居群相对原始，且T居群(泰山罗汉崖的流苏树居群)保护相对最好。

关键词：流苏树；核型分析；进化关系

中图分类号：Q343.2^{+}2；S685.99　　**文献标志码**：A

Chromosome Karyotype Analysis of Five *Chionanthus retusus* Populations in Shandong Province

NIU Muge[1], ZHENG Qin[2], LI Jihong[1*], LIU Yuan[1], LIU Cuishuang[1], SUN Maotong[1]

(1 College of Forestry, Shandong Agricultural University, Shandong Mountain Tai Forest Ecosystem National Station, Key Laboratory of Forest Cultivation in the Lower Yellow River, National Forestry and Grassland Administration, Taian, Shandong 271018, China; 2 Linyi Real Estate Registration and Trading Center, Linyi, Shandong 276000, China)

Abstract: This study employed conventional chromosome preparation techniques to observe and analyze the karyotypes of five natural geographic populations of *Chionanthus retusus* in Shandong Province, in order to reveal the karyotypic features, differences, and phylogenetic relationships among different populations, and to lay the cytological foundation for further investigation of the systematics and evolutionary relationships of *C. retusus*. The results showed that: (1) the chromosome number of the five populations of *C. retusus* was stable, with 2n＝2x＝46; small chromosomes were dominant, and the karyotypes were mainly composed of median centromeres (m) and submedian centromeres (sm), with the former being more abundant, and there were two types of chromosomes, 1B and 2B. (2) The karyotype formulae of the five populations of *C. retusus* were as follows: population B had 2n＝2x＝43m＋3sm, population T had 2n＝2x＝46m, population S had 2n＝2x＝45m＋sm, population WS had 2n＝2x＝44m＋2sm, and population Z

收稿日期：2022-06-10；**修改稿收到日期**：2023-04-07

基金项目：山东省重点研发计划(重大科技创新工程)项目：林木种质资源挖掘与精准鉴定(2021LZGC023)；山东省农业科技资金(林业科技创新)：优良乡土树种高效培育与示范(2019LY001)

作者简介：牛牧歌(1996－)，男，在读研究生，主要从事林木遗传育种研究。E-mail：675353624@qq.com

＊通信作者：李际红，教授，博士生导师，主要从事林木遗传育种与生物技术研究。E-mail：jhli@sdau.edu.cn

had 2n=2x=45m+sm. This may be related to their respective environments. (3) The asymmetry coefficients of the karyotypes of the five populations were between 54.29% and 58.00%, and the relative evolutionary levels of the populations were B > S > WS > Z > T. (4) The results of cluster analysis showed that when the genetic distance was 1, the populations T and WS and the populations B and S were first clustered together, indicating that their genetic relationships were relatively close. The study suggests that the B and S populations are more advanced in their evolutionary process, while the T population is relatively primitive, indicating that the T population (located at Mount Tai's Luohan Cliff) is relatively well protected.

Key words: *Chionanthus retusus*; karyotype analysis; evolutionary relationship

流苏树(*Chionanthus retusus* Lindl et Paxt)是木犀科(Oleaceae)流苏树属(*Chionanthus*)落叶乔木，广泛分布于中国亚热带及温带地区，在韩国、朝鲜半岛、日本也有少量分布，总体分布趋势呈现间断分布，多分布于海拔 3 300 m 以下稀疏混交林或林缘灌丛、河边、砾石等山地丘陵地区[1]。因其优良的耐盐抗旱又耐涝性的特性，成为极具发展潜力的荒山造林、城市绿化的优良乡土树种[2]。近年来，流苏树的研究已取得一定的进展，主要集中在栽培技术[3]、内含物动态变化[4-5]、形态结构[6-9]等方面。流苏树野生资源丰富，应用价值广泛，种仁含油丰富，是具有巨大发展潜力的木本油料植物[1]。

植物染色体数目和形态是最稳定的细胞学特征之一，研究不同居群间的核型特征对于分析不同居群间的亲缘关系、发育与演化关系具有重要意义[10-11]。孙静贤等对 3 个怒江红山茶(*Camellia saluenensis*)居群核型进行分析，讨论了其不同居群间的核型参数差异及演化关系等[12]。王转莉和王一峰对 4 个风毛菊(*Saussurea japonica*)居群核型分析，阐明了其不同居群的进化关系[13]。对于流苏树核型前人也有相关研究。在《中国植物志》中有报道，其染色体数目为 46 条[14]。李晓等[15]、刘佳庚等[16]分别对美国流苏树(*Chionanthus virginicus*)组培苗根尖、流苏树种子根尖染色压片技术进行优化。赵丹丹等[17]比较了流苏树和美国流苏核型间的差异性。然而，从居群水平上对流苏树染色体数目、核型及亲缘关系的研究目前尚未见报道。因此，本研究采用常规染色体制片技术，对山东省主要分布地的流苏树不同居群染色体数目和核型进行综合分析，系统探讨其核型差异及系统亲缘关系，为今后进一步探明流苏树的系统进化关系提供细胞学基础。

1　材料和方法

1.1　试验材料

2016－2019 年，对山东省流苏树种质资源进行调查，淄博、潍坊、泰安等地是山东省流苏树分布的主要地区[18]，2020 年对各地进行采样。试验材料为流苏树不同居群的成熟种子，分别采自于山东省潍坊市青州白云洞(B 居群)、山东省泰安市泰山罗汉崖(T 居群)、山东省淄博市沂源县南鲁山镇水么头河北村(S 居群)、山东省潍坊市青州邵庄镇刁庄村东(WS 居群)、山东省淄博市郑家庄(Z 居群)。详细采样情况见表 1。

表 1　试验材料及来源

Table 1　Experimental materials and sources

居群编号 Population code	居群样地 Population locality	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔 Altitude/m	年降水量 Annual precipitation/mm
B	山东省潍坊市青州白云洞 Baiyun Cave, Qingzhou, Weifang City, Shandong Province	36°41′01″N	118°19′07″E	516	697.6
T	山东省泰安市泰山罗汉崖 Taishan Luohan Cliff, Tai'an City, Shandong Province	36°13′37″N	117°7′56″E	737	690.3
S	山东省淄博市沂源县南鲁山镇水么头河北村 Shuimotou Hebei Village, Nanlushan Town, Yiyuan County, Zibo City, Shandong Province	36°29′01″N	119°13′32″E	401	1 500.0
WS	山东省潍坊市青州邵庄镇刁庄村东 East of Diaozhuang Village, Shaozhuang Town, Qingzhou, Weifang City, Shandong Province	36°41′23″N	118°28′37″E	412	664.0
Z	山东省淄博市郑家庄 Zhengjiazhuang, Zibo City, Shandong Province	36°22′13″N	118°14′30″E	389	885.9

1.2 方 法

1.2.1 种子萌发 流苏树每个参试居群挑选 5 株生长健壮、干型好的古树。8－9 月果实成熟，挑选籽粒饱满健康无虫害的种子 100 粒，将采集的种子进行水选和消毒后，在山东农业大学林学站层积催芽 25～30 d，待流苏树种子根尖生长到 1～2 cm 时备用[19]。

1.2.2 染色体制备 将长到 1～2 cm 的流苏树种子的根，于上午 9:30－10:00 从基部采下，用蒸馏水冲洗干净，控水后将其置于饱和对二氯苯与 0.002 mol/L 8-羟基喹啉 1∶1 混合溶液中进行预处理，6 h 后，将预处理后的材料用蒸馏水冲洗 3～5 次后置于卡诺式固定液（冰醋酸∶无水乙醇＝1∶3，现配现用）中固定并移入 4 ℃冰箱备用。24 h 后，用蒸馏水冲洗 3～5 次，置入 1 mol/L HCl 中，60 ℃解离 15 min[16]。

1.2.3 染色体制片及核型分析 将解离好的材料用蒸馏水充分冲洗后，置于载玻片的中央，滴加 2 滴卡宝品红染液，盖上盖玻片用镊子钝端敲击，100 倍物镜（油镜）下观察拍照。

每个流苏树参试居群统计观察 30 个以上细胞数确定流苏树染色体数量，选适用于核型分析的 5 个缢痕清晰、分散良好、染色体数目完整的高质量染色体照片进行核型分析，用 Photoshop 2020 软件剪取染色体并进行同源染色体配对；采用 ImageJ 进行染色体长短臂的测量；常规方法统计染色体相对长度（RL）、臂比（AR）等参数；核型分析依据李懋学[20]方法；相对长度系数（I. R. L）依据 Kuo 等[21]方法计算；核型不对称系数（As. K%）依据 Arano[22]方法计算；核型分类依据 Stebbins[23]方法。

1.2.4 核型进化趋势、聚类分析和相关性分析 核型进化趋势分析参照邢世岩等[24]方法；聚类分析依据孙立民等[25]的方法。利用 SPSS 26.0 绘制二维进化图、Microsoft Excel 2019 进行数据整理并计算相关参数，进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 流苏树不同居群染色体数目和倍性

通过对流苏树不同居群的细胞中期染色体的观察和记数。结果显示，5 个流苏树居群的染色体均为二倍体，数目 2n＝2x＝46，未见异常染色体数目和形态（图 1），均未发现随体。

2.2 流苏树不同居群染色体形态和类型

选取不同居群分散良好、缢痕清晰的染色体分裂相，结合图 1、表 3 中染色体的形态、染色体的参数和染色体的位置，将 46 条染色体进行同源染色体配对，共 23 对染色体，配对结果见图 1。基于流苏树不同居群染色体臂比统计结果及李懋学[20]的分类标准，流苏树染色体有中部着丝粒染色体（m）和亚中部着丝粒染色体（sm）两种类型，其中 B 居群、S 居群、WS 居群、Z 居群，均包含 m 和 sm 两种类型，T 居群只包含 m 类型（表 3）。不同居群的 sm 类型染色体所占比例较少或没有，染色体类型变化较为稳定。基于流苏树不同居群染色体相对长度系数及 Kuo[21]分类标准，流苏树染色体包含 L、M_2、M_1、S 共 4 种类型，除 B 居群未包含 L 型染色体外，其他居群均包含这 4 种类型染色体（表 3）。流苏树不同居群各类型染色体所占比例相差较大。

2.3 流苏树不同居群染色体核型分析

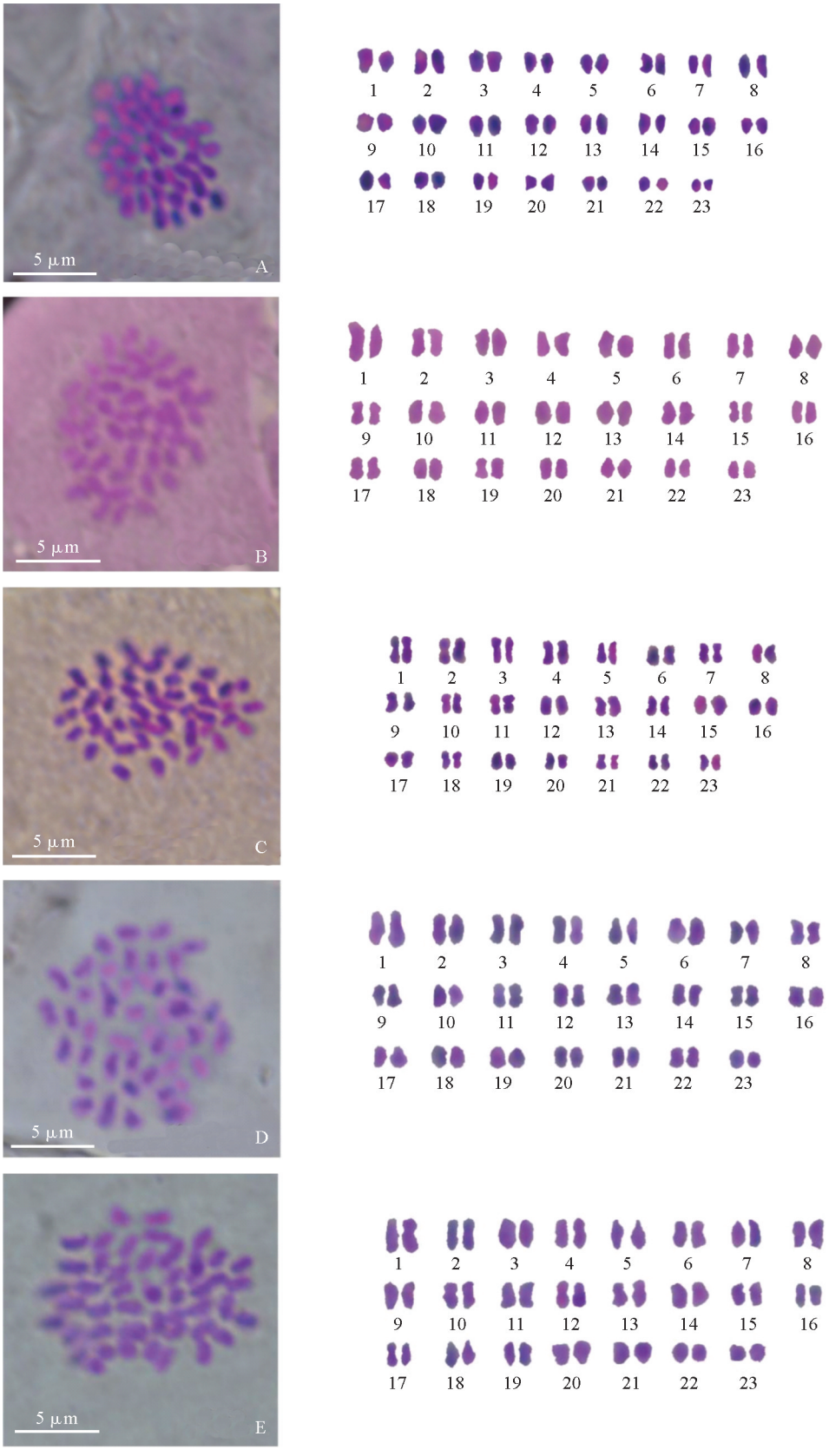
根据 46 条染色体配对结果，绘制染色体核型模式图（图 2），并结合主要核型参数（表 2）进行核型分析。结果表明，流苏树不同居群在臂比、着丝粒指数、As. K%、臂比＞2 的染色体比例等指标存在明显差异。就染色体核型类型来看，流苏树不同居群的染色体类型有 1B 和 2B 型，其中 B、T、WS 和 Z 居群的染色体核型为 1B 型，S 居群的染色体核型为 2B 型；在染色体的平均臂比上，变化幅度为 1.19～1.4，B 居群的平均臂比最大（1.4），T 居群的平均臂比最小（1.19）；就核型不对称系数来说，变化幅度在 54.29%～58.00%，B 居群的核型不对称系数最大（58.00%），表明对称性最差，而 T 居群的核型不对称系数最小（54.26%），表明对称性最佳；在染色体的长度比上，变化幅度为 2.58～3.42，B 居群的染色体长度比最大（3.42），S 居群的染色体长度比最小（2.58）。

2.4 流苏树不同居群染色体进化趋势分析

为了解流苏树不同居群染色体进化趋势，将流苏树不同居群染色体长度比和平均臂比绘制成趋势图（图 3，a），以及将流苏树不同居群染色体核型不对称系数和平均臂比绘制成进化趋势图（图 3，b）。平均臂比和长度比可以表示不同居群间的核型不对称性，二者越大，核型越不对称。而染色体的对称程度反映植物的进化程度（图 3，a）[25]。由此推测，B 居群最进化，Z 居群和 WS 居群则相对原始。在染色体平均臂比和核型不对称系数的研究中，不同居群总体沿着二维图右上角进化（图 3，b）[26]。由此认为，B 居群最进化，而 T 居群最为原始。

2.5 流苏树不同居群染色体核型聚类分析

对流苏树不同居群染色体的平均短臂长、平均长臂长、平均染色体长度、染色体总长度、臂比、着丝



图中 A～E 分别代表 B、T、S、WS 和 Z 居群。下同

图 1　流苏树不同居群有丝分裂中期染色体图

In the figure, A－E represents the population B, T, S, WS and Z, respectively. The same as below

Fig. 1　Mid-mitotic chromosomes in different populations of *Chionanthus retusus*

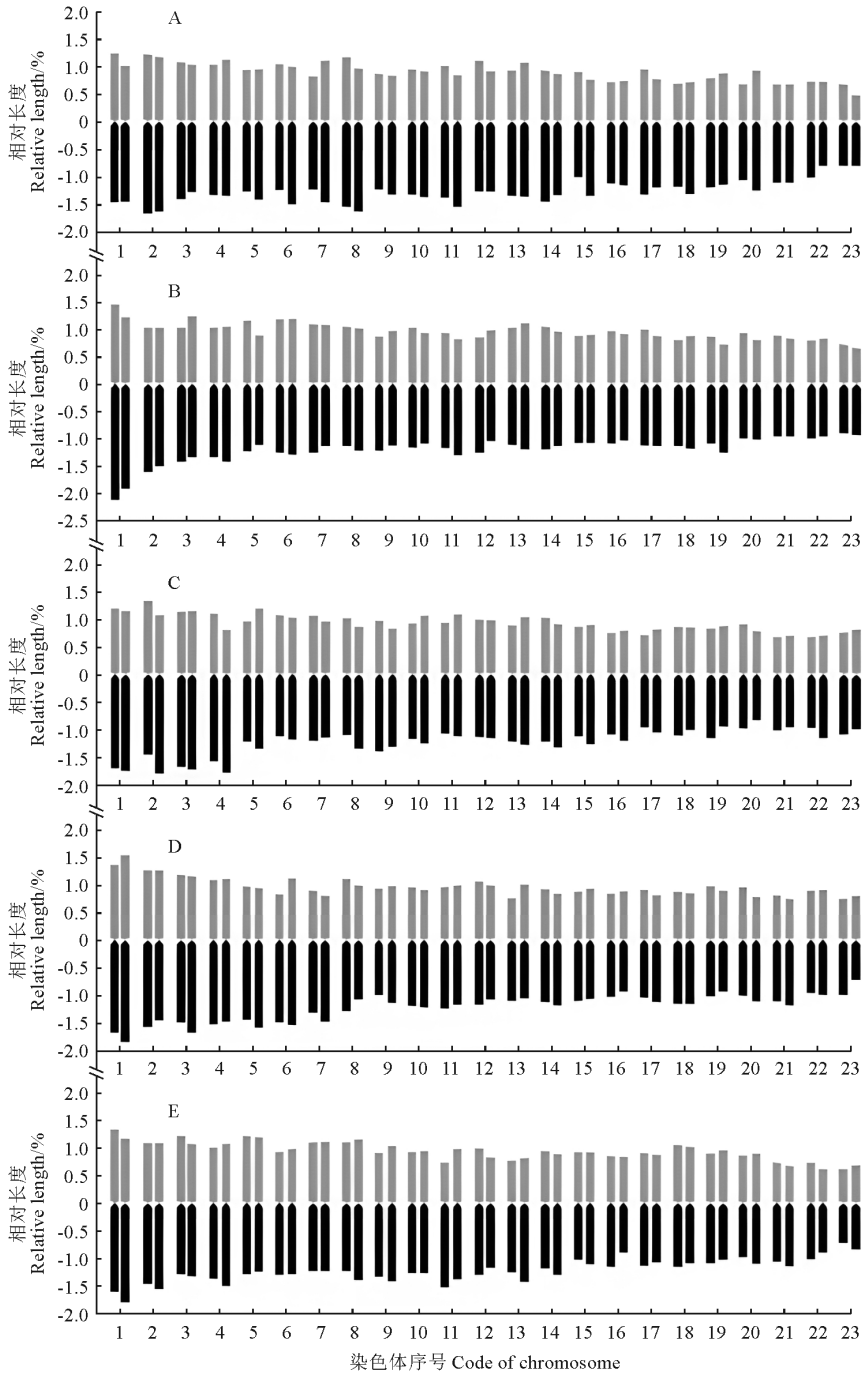


图 2 流苏树不同种群的染色体核型模式图

Fig. 2 Chromosome idiograms in different populations of *C. retusus*

表 2 流苏树不同居群核型比较

Table 2 Karyotype comparison in different populations of *C. retusus*

居群编号 Population code	核型公式 Karyotype formula	相对染色体组成 Relative chromosome composition	长度比 Length ratio	臂比>2 的染色体比例 Chromosome proportion of arm ratio excess to 2	核型类型 Type	平均臂比 Arm ratio	核型不对称系数 As. K%
B	2n=2x=43m+3sm	$2n=10m_2+28m_1+8s$	3.42	0	1B	1.40	58.00
T	2n=2x=46m	$2n=2L+17m_2+25m_1+2S$	3.15	0	1B	1.19	54.29
S	2n=2x=45m+sm	$2n=6L+15m_2+23m_1+2s$	2.58	2.17	2B	1.29	56.19
WS	2n=2x=44m+2sm	$2n=3L+14m_2+28m_1+s$	2.59	0	1B	1.25	55.40
Z	2n=2x=45m+sm	$2n=2L+24m_2+17m_1+3S$	2.71	0	1B	1.20	55.06

表 3　流苏树不同居群染色体参数

Table 3　Chromosome parameters in different populations of *C. retusus*

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度 Relative length	相对长度系数 Relative length coefficient		臂比 Arm ratio	类型 Type
		短臂＋长臂＝全长 Short＋Long＝Total length	I. R. L	Kuo		
B	1	1.24＋1.43＝2.67	1.11	M2	1.16	m
	2	1.01＋1.43＝2.44	1.01	M2	1.41	m
	3	1.23＋1.64＝2.87	1.19	M2	1.33	m
	4	1.18＋1.61＝2.78	1.15	M2	1.37	m
	5	1.08＋1.38＝2.46	1.02	M2	1.28	m
	6	1.05＋1.26＝2.30	0.96	M1	1.20	m
	7	1.04＋1.32＝2.36	0.98	M1	1.26	m
	8	1.13＋1.33＝2.46	1.02	M2	1.18	m
	9	0.94＋1.23＝2.18	0.90	M1	1.31	m
	10	0.93＋1.39＝2.33	0.97	M1	1.49	m
	11	1.04＋1.21＝2.26	0.94	M1	1.16	m
	12	1.02＋1.48＝2.50	1.04	M2	1.46	m
	13	0.83＋1.20＝2.03	0.84	M1	1.45	m
	14	1.10＋1.46＝2.56	1.06	M2	1.32	m
	15	1.18＋1.52＝2.70	1.12	M2	1.29	m
	16	0.97＋1.60＝2.57	1.07	M2	1.65	m
	17	0.88＋1.20＝2.07	0.86	M1	1.36	m
	18	0.85＋1.29＝2.14	0.89	M1	1.53	m
	19	0.97＋1.30＝2.27	0.94	M1	1.34	m
	20	0.91＋1.34＝2.25	0.93	M1	1.48	m
	21	1.02＋1.37＝2.39	0.99	M1	1.34	m
	22	0.85＋1.52＝2.37	0.99	M1	1.79	sm
	23	1.10＋1.24＝2.34	0.97	M1	1.13	m
	24	0.93＋1.24＝2.17	0.90	M1	1.34	m
	25	0.92＋1.32＝2.24	0.93	M1	1.43	m
	26	1.06＋1.34＝2.41	1.00	M1	1.27	m
	27	0.93＋1.43＝2.36	0.98	M1	1.53	m
	28	0.86＋1.31＝2.17	0.90	M1	1.52	m
	29	0.91＋0.98＝1.89	0.78	M1	1.07	m
	30	0.77＋1.33＝2.10	0.87	M1	1.73	sm
	31	0.73＋1.10＝1.83	0.76	S	1.50	m
	32	0.76＋1.14＝1.90	0.79	M1	1.49	m
	33	0.96＋1.31＝2.26	0.94	M1	1.36	m
	34	0.79＋1.17＝1.96	0.81	M1	1.49	m
	35	0.70＋1.16＝1.87	0.77	M1	1.66	m
	36	0.72＋1.29＝2.01	0.84	M1	1.79	sm
	37	0.80＋1.17＝1.97	0.82	M1	1.47	m
	38	0.90＋1.13＝2.03	0.84	M1	1.26	m
	39	0.71＋1.05＝1.76	0.73	S	1.49	m
	40	0.95＋1.24＝2.19	0.91	M1	1.31	m
	41	0.70＋1.10＝1.80	0.75	S	1.58	m
	42	0.70＋1.09＝1.79	0.74	S	1.55	m
	43	0.74＋0.99＝1.73	0.72	S	1.34	m
	44	0.74＋0.78＝1.52	0.63	S	1.07	m
	45	0.69＋0.78＝1.47	0.61	S	1.13	m
	46	0.48＋0.79＝1.27	0.53	S	1.64	m
T	1	1.48＋2.11＝3.59	1.65	L	1.42	m
	2	1.24＋1.89＝3.13	1.44	L	1.53	m
	3	1.05＋1.59＝2.65	1.22	M2	1.51	m
	4	1.05＋1.49＝2.54	1.17	M2	1.42	m
	5	1.05＋1.40＝2.45	1.13	M2	1.34	m
	6	1.27＋1.32＝2.59	1.19	M2	1.03	m
	7	1.07＋1.31＝2.38	1.10	M2	1.23	m
	8	1.07＋1.41＝2.48	1.14	M2	1.31	m
	9	1.19＋1.22＝2.40	1.10	M2	1.02	m
	10	0.92＋1.09＝2.02	0.93	M2	1.19	m
	11	1.21＋1.24＝2.44	1.12	M2	1.03	m
	12	1.22＋1.26＝2.48	1.14	M2	1.03	m
	13	1.11＋1.25＝2.35	1.08	M2	1.12	m
	14	1.10＋1.12＝2.22	1.02	M2	1.02	m
	15	1.07＋1.12＝2.18	1.00	M2	1.05	m
	16	1.06＋1.21＝2.27	1.04	M2	1.14	m
	17	0.89＋1.19＝2.08	0.96	M1	1.34	m
	18	1.00＋1.11＝2.11	0.97	M1	1.10	m
	19	1.06＋1.13＝2.20	1.01	M2	1.07	m
	20	0.97＋1.06＝2.02	0.93	M1	1.10	m
	21	0.96＋1.15＝2.12	0.97	M1	1.20	m
	22	0.85＋1.28＝2.14	0.98	M1	1.50	m
	23	0.88＋1.24＝2.12	0.97	M1	1.42	m
	24	1.00＋1.03＝2.04	0.94	M1	1.03	m
	25	1.05＋1.09＝2.14	0.99	M1	1.04	m
	26	1.13＋1.18＝2.31	1.06	M2	1.04	m
	27	1.07＋1.16＝2.24	1.03	M2	1.08	m
	28	0.99＋1.13＝2.12	0.98	M1	1.14	m
	29	0.90＋1.05＝1.95	0.90	M1	1.18	m
	30	0.93＋1.04＝1.97	0.91	M1	1.12	m
	31	1.00＋1.08＝2.08	0.95	M1	1.08	m
	32	0.93＋1.00＝1.94	0.89	M1	1.08	m
	33	1.03＋1.11＝2.13	0.98	M1	1.08	m
	34	0.89＋1.11＝2.00	0.92	M1	1.25	m
	35	0.83＋1.11＝1.93	0.89	M1	1.34	m
	36	0.90＋1.16＝2.06	0.95	M1	1.30	m
	37	0.89＋1.07＝1.96	0.90	M1	1.21	m
	38	0.75＋1.24＝1.99	0.91	M1	1.65	m
	39	0.96＋0.98＝1.94	0.89	M1	1.01	m
	40	0.83＋1.00＝1.83	0.84	M1	1.22	m
	41	0.91＋0.94＝1.85	0.85	M1	1.03	m
	42	0.86＋0.93＝1.79	0.82	M1	1.08	m
	43	0.82＋0.97＝1.79	0.83	M1	1.19	m
	44	0.84＋0.94＝1.78	0.82	M1	1.11	m
	45	0.76＋0.88＝1.64	0.75	S	1.15	m
	46	0.67＋0.91＝1.58	0.73	S	1.36	m

续表 3 Continued Table 3

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度 Relative length 短臂＋长臂＝全长 Short＋Long＝Total length	相对长度系数 Relative length coefficient I. R. L	Kuo	臂比 Arm ratio	类型 Type
S	1	1.21＋1.69＝2.90	1.33	L	1.40	m
	2	1.16＋1.74＝2.90	1.34	L	1.50	m
	3	1.35＋1.44＝2.79	1.28	L	1.06	m
	4	1.09＋1.79＝2.88	1.32	L	1.65	m
	5	1.15＋1.67＝2.82	1.30	L	1.44	m
	6	1.17＋1.71＝2.88	1.32	L	1.46	m
	7	1.12＋1.56＝2.68	1.23	M2	1.40	m
	8	0.82＋1.78＝2.60	1.19	M2	2.16	sm
	9	0.98＋1.22＝2.21	1.02	M2	1.24	m
	10	1.21＋1.33＝2.55	1.17	M2	1.10	m
	11	1.09＋1.10＝2.20	1.01	M2	1.01	m
	12	1.03＋1.17＝2.20	1.01	M2	1.14	m
	13	1.07＋1.20＝2.28	1.05	M2	1.12	m
	14	0.97＋1.15＝2.12	0.97	M1	1.19	m
	15	1.04＋1.09＝2.13	0.98	M1	1.05	m
	16	0.88＋1.34＝2.22	1.02	M2	1.52	m
	17	0.99＋1.39＝2.37	1.09	M2	1.40	m
	18	0.85＋1.30＝2.15	0.99	M1	1.54	m
	19	0.95＋1.15＝2.10	0.97	M1	1.21	m
	20	1.09＋1.24＝2.33	1.07	M2	1.14	m
	21	0.95＋1.06＝2.01	0.92	M1	1.12	m
	22	1.10＋1.11＝2.21	1.02	M2	1.01	m
	23	1.02＋1.13＝2.15	0.99	M1	1.11	m
	24	1.00＋1.15＝2.15	0.99	M1	1.16	m
	25	0.90＋1.19＝2.09	0.96	M1	1.33	m
	26	1.06＋1.27＝2.33	1.07	M2	1.20	m
	27	1.04＋1.20＝2.24	1.03	M2	1.16	m
	28	0.93＋1.32＝2.25	1.03	M2	1.42	m
	29	0.88＋1.11＝1.98	0.91	M1	1.26	m
	30	0.93＋1.27＝2.19	1.01	M2	1.37	m
	31	0.79＋1.08＝1.87	0.86	M1	1.36	m
	32	0.82＋1.20＝2.02	0.93	M1	1.45	m
	33	0.71＋0.94＝1.65	0.76	M1	1.31	m
	34	0.84＋1.04＝1.88	0.86	M1	1.24	m
	35	0.89＋1.10＝2.00	0.92	M1	1.24	m
	36	0.86＋0.99＝1.85	0.85	M1	1.15	m
	37	0.85＋1.15＝2.00	0.92	M1	1.36	m
	38	0.91＋0.94＝1.85	0.85	M1	1.04	m
	39	0.92＋0.97＝1.89	0.87	M1	1.05	m
	40	0.79＋0.81＝1.60	0.74	S	1.02	m
	41	0.69＋0.99＝1.69	0.78	M1	1.43	m
	42	0.70＋0.94＝1.64	0.76	S	1.34	m
	43	0.70＋0.95＝1.65	0.76	M1	1.37	m
	44	0.71＋1.15＝1.86	0.86	M1	1.61	m
	45	0.77＋1.08＝1.84	0.85	M1	1.40	m
	46	0.84＋0.99＝1.82	0.84	M1	1.18	m
WS	1	1.36＋1.66＝3.02	1.39	L	1.22	m
	2	1.54＋1.82＝3.35	1.54	L	1.18	m
	3	1.27＋1.56＝2.83	1.30	L	1.22	m
	4	1.27＋1.43＝2.70	1.24	M2	1.13	m
	5	1.19＋1.47＝2.66	1.22	M2	1.24	m
	6	1.16＋1.65＝2.82	1.30	M2	1.42	m
	7	1.09＋1.50＝2.59	1.19	M2	1.38	m
	8	1.12＋1.46＝2.58	1.18	M2	1.30	m
	9	0.97＋1.42＝2.38	1.10	M2	1.46	m
	10	0.94＋1.56＝2.51	1.15	M2	1.66	m
	11	0.83＋1.47＝2.30	1.06	M2	1.76	sm
	12	1.13＋1.51＝2.65	1.22	M2	1.34	m
	13	0.90＋1.30＝2.20	1.01	M2	1.44	m
	14	0.80＋1.46＝2.26	1.04	M2	1.82	sm
	15	1.11＋1.27＝2.38	1.10	M2	1.14	m
	16	1.00＋1.05＝2.05	0.94	M1	1.06	m
	17	0.94＋0.97＝1.91	0.88	M1	1.03	m
	18	0.99＋1.12＝2.11	0.97	M1	1.13	m
	19	0.96＋1.17＝2.13	0.98	M1	1.22	m
	20	0.92＋1.20＝2.11	0.97	M1	1.31	m
	21	0.97＋1.22＝2.19	1.01	M2	1.27	m
	22	1.00＋1.15＝2.15	0.99	M1	1.15	m
	23	1.07＋1.15＝2.22	1.02	M2	1.08	m
	24	1.00＋1.05＝2.05	0.94	M1	1.05	m
	25	0.77＋1.08＝1.85	0.85	M1	1.41	m
	26	1.01＋1.03＝2.04	0.94	M1	1.02	m
	27	0.92＋1.10＝2.03	0.93	M1	1.19	m
	28	0.84＋1.17＝2.01	0.92	M1	1.39	m
	29	0.88＋1.09＝1.96	0.90	M1	1.24	m
	30	0.94＋1.04＝1.98	0.91	M1	1.11	m
	31	0.84＋1.01＝1.85	0.85	M1	1.20	m
	32	0.89＋0.92＝1.81	0.83	M1	1.03	m
	33	0.92＋1.02＝1.94	0.89	M1	1.11	m
	34	0.83＋1.11＝1.93	0.89	M1	1.34	m
	35	0.87＋1.14＝2.02	0.93	M1	1.31	m
	36	0.86＋1.13＝1.99	0.92	M1	1.32	m
	37	0.98＋1.00＝1.98	0.91	M1	1.02	m
	38	0.91＋0.92＝1.83	0.84	M1	1.01	m
	39	0.97＋0.98＝1.95	0.90	M1	1.02	m
	40	0.78＋1.09＝1.87	0.86	M1	1.39	m
	41	0.82＋1.09＝1.91	0.88	M1	1.32	m
	42	0.75＋1.16＝1.92	0.88	M1	1.55	m
	43	0.91＋0.94＝1.84	0.85	M1	1.03	m
	44	0.91＋0.97＝1.88	0.87	M1	1.06	m
	45	0.75＋0.98＝1.73	0.79	M1	1.30	m
	46	0.81＋0.70＝1.51	0.70	S	1.15	m

续表 3　Continued Table 3

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度 Relative length 短臂＋长臂＝全长 Short＋Long＝Total length	相对长度系数 Relative length coefficient I. R. L	Kuo	臂比 Arm ratio	类型 Type	居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度 Relative length 短臂＋长臂＝全长 Short＋Long＝Total length	相对长度系数 Relative length coefficient I. R. L	Kuo	臂比 Arm ratio	类型 Type
	1	1.35＋1.57＝2.92	1.34	L	1.16	m		24	0.87＋1.14＝2.01	0.93	M1	1.32	m
	2	1.19＋1.77＝2.96	1.36	L	1.48	m		25	0.80＋1.23＝2.03	0.93	M1	1.53	m
	3	1.12＋1.44＝2.56	1.18	M2	1.28	m		26	0.86＋1.43＝2.28	1.05	M2	1.67	m
	4	1.11＋1.53＝2.65	1.22	M2	1.38	m		27	0.98＋1.15＝2.13	0.98	M1	1.17	m
	5	1.24＋1.25＝2.49	1.15	M2	1.01	m		28	0.92＋1.27＝2.19	1.01	M2	1.38	m
	6	1.10＋1.29＝2.39	1.10	M2	1.18	m		29	0.93＋0.99＝1.93	0.89	M1	1.06	m
	7	1.04＋1.33＝2.37	1.09	M2	1.28	m		30	0.94＋1.09＝2.03	0.93	M1	1.15	m
	8	1.11＋1.46＝2.57	1.18	M2	1.32	m		31	0.87＋1.12＝2.00	0.92	M1	1.28	m
	9	1.24＋1.25＝2.49	1.14	M2	1.00	m		32	0.86＋0.87＝1.73	0.79	M1	1.01	m
	10	1.22＋1.22＝2.44	1.12	M2	1.00	m		33	0.94＋1.10＝2.03	0.94	M1	1.17	m
	11	0.94＋1.28＝2.22	1.02	M2	1.36	m		34	0.90＋1.04＝1.94	0.89	M1	1.16	m
Z	12	1.01＋1.26＝2.27	1.04	M2	1.24	m	Z	35	1.08＋1.12＝2.21	1.02	M2	1.04	m
	13	1.12＋1.19＝2.31	1.06	M2	1.06	m		36	1.05＋1.06＝2.11	0.97	M1	1.01	m
	14	1.14＋1.19＝2.33	1.07	M2	1.05	m		37	0.93＋1.07＝2.00	0.92	M1	1.15	m
	15	1.11＋1.20＝2.31	1.06	M2	1.07	m		38	0.99＋1.01＝2.00	0.92	M1	1.02	m
	16	1.17＋1.36＝2.54	1.17	M2	1.16	m		39	0.89＋0.96＝1.85	0.85	M1	1.07	m
	17	0.93＋1.30＝2.23	1.02	M2	1.39	m		40	0.91＋1.08＝1.99	0.92	M1	1.19	m
	18	1.08＋1.38＝2.46	1.13	M2	1.29	m		41	0.76＋1.04＝1.80	0.83	M1	1.36	m
	19	0.95＋1.24＝2.19	1.01	M2	1.31	m		42	0.70＋1.11＝1.81	0.83	M1	1.59	m
	20	0.98＋1.24＝2.22	1.02	M2	1.27	m		43	0.78＋0.98＝1.76	0.81	M1	1.26	m
	21	0.76＋1.50＝2.25	1.04	M2	1.98	sm		44	0.65＋0.87＝1.52	0.70	S	1.33	m
	22	1.01＋1.35＝2.36	1.09	M2	1.34	m		45	0.65＋0.69＝1.34	0.62	S	1.05	m
	23	1.02＋1.27＝2.29	1.05	M2	1.25	m		46	0.71＋0.79＝1.50	0.69	S	1.12	m

注：S. 短染色体；M1. 中长染色体；M2. 中短染色体；L. 长染色体；m. 中部着丝点染色体；sm. 近中部着丝点染色体；相对长度单位为 μm

Note: S. Short chromosome; M1. Middle long chromosome; M2. Medium short chromosome; L. Long chromosome; m. Central kinetochore chromosome; sm. Subcentral kinetochore chromosome; the unit of relative length is μm

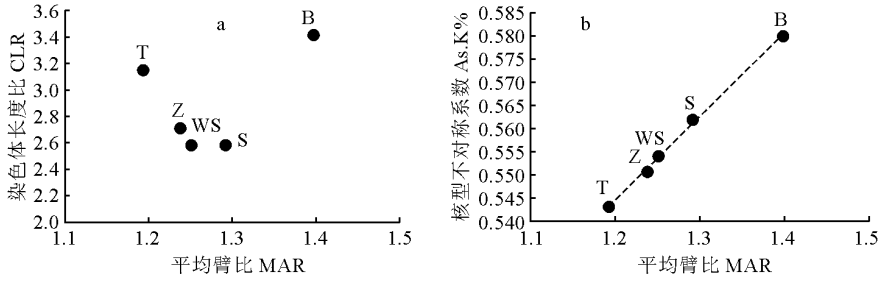


图 3　流苏树不同居群染色体核型进化趋势

Fig. 3　Evolution trend of chromosome karyotypes in different populations of *C. retusus*

粒指数、As. K%共 7 个指标进行聚类分析(图 4)，结果表明，当遗传距离为 1 时，T 和 WS 居群、B 和 S 居群分别优先聚为一类，相互间亲缘关系相对最近。当遗传距离为 3.0 时，流苏树 5 个居群聚为 3 类，其中 T 居群和 WS 居群聚为一类，Z 居群单独为一类，B 居群和 S 居群聚为一类。当遗传距离选取 5 时，可将流苏树不同居群分为 2 类，T、WS、Z 聚为一类，B、S 聚为一类。这两个分类分化较早，在较长的演变过程中一直属于这两类。

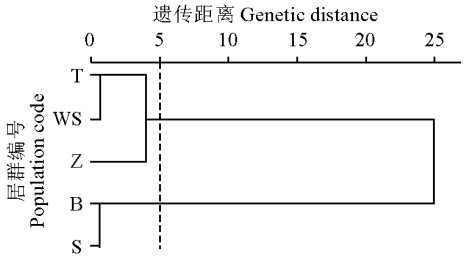


图 4　流苏树不同居群染色体核型聚类分析

Fig. 4　The clustering analysis of chromosome karyotypes in different populations of *C. retusus*

3 讨 论

染色体作为遗传物质的主要载体，对生物的形态、行为乃至生命都起着极其重要的作用[27]。因而，在相同物种中，染色体的数目、形态、结构、核型都相对稳定，可作为研究物种进化和分类的重要细胞学依据[12]。在本研究中，5 个居群的流苏树均为二倍体，染色体数目 2n=2x=46，未发现多倍体和随体。而赵丹丹等在对河南种源流苏树的核型研究表明，该居群的核型公式为 $2n=2x=46=45m+1m^{sat}$，染色体数目与染色体大小与本研究相近[17]。此外，关于其居群中仅 1 条染色体拥有随体，推测是由于染色体解离、拍照中阴影等因素导致了这种差异。随体在有丝分裂前中期是以染色体柄的形式连接在染色体臂上，压片时容易断裂；同时氧化喹啉容易使染色体柄缩短，从而难以观测到随体的存在[28]。因此可以认为流苏树染色体拥有较强的遗传稳定性。

5 个流苏树居群的染色体长度范围为 0.74～2.52 μm，隶属于小型染色体。核型组成有中部着粒染色体(m)、近中部着丝粒染色体(sm)。按照 Stebbins[23] 核型对称标准，有 1B、2B 两种类型。除 S 居群为 2B 型以外其他均为 1B 型。核型不对称系数最大为 58.00%，最小 54.29%。另外相对染色体核型公式也表明，流苏树不同居群间也存在一定的差异。5 个居群的生境海拔范围在 389～737 m，年降水量范围 664～1 500 mm，不同居群间的这种差异可能是有海拔、年降水量等生态因子综合作用的结果。已有研究表明，地区、纬度、海拔、温度等气候因素与基因组和染色体的大小存在相关性[29-30]。

Stebbins[23] 的研究表明，植物染色体的进化趋势是由对称向不对称的方向进化，因此，染色体越对称的植物，其在系统进化上则越原始；染色体越不对称的植物，其在系统进化上则越进化。本研究中，依据染色体长度比和平均臂比绘制的进化趋势图，B 居群最为进化，Z 居群和 WS 居群相对原始(图 3，A)；而依据染色体核型不对称系数和平均臂比绘制的进化趋势图，B 居群仍最为进化，T 居群则相对原始(图 3，B)。两者结论不一致，这与王亚男等在关于沙鞭不同居群的研究[26] 有出入。平均臂比占比更高，决定着其种群染色体在进化趋势中的位置(图 3，B)。相较图 3，A，T 居群的染色体对称性可能大于 WS 和 Z 居群。因此，可以认为 T 居群最为原始。5 个居群进化关系大小依次为 B＞S＞WS＞Z＞T 居群。另外，聚类结果显示，当遗传距离选取 5 时，可将流苏树不同居群分为 2 类，T、WS、Z 聚为一类，B、S 聚为一类；当遗传距离为 1 时，T 和 WS 居群、B 和 S 居群分别优先聚为一类，相互间亲缘关系相对最近。结合进化性分析，B 居群和 S 居群进化程度较高。T 居群为泰山罗汉崖群落，这表明泰山罗汉崖保护相对最好。本研究首次报道了流苏树不同居群的染色体核型特征及其进化趋势，为今后进一步探明流苏树的系统进化关系提供了细胞学基础。

参考文献：

[1] 李际红. 中国流苏树品种鉴赏[M]. 北京：中国林业出版社，2022.

[2] 赵天然. 水分和盐分胁迫对流苏树的生长及光合生理特性的影响[D]. 泰安：山东农业大学，2021.

[3] 杨玉梅，胡江. 流苏树的繁殖栽培与园林应用[J]. 山东林业科技，2005，(1)：56.
YANG Y M，HU J. Propagation and cultivation of *Chionanthus* and garden applications[J]. *Journal of Shandong Forestry Science and Technology*，2005，(1)：56

[4] 张鸽香，胡 靖. 流苏树种子变温层积过程中贮藏物质及酶活性变化[J]. 林业科技开发，2015，**29**(6)：24-27.
ZHANG G X，HU Q. Changes of the storage substances and enzyme activity of *Chionanthus retusus* seeds during alternative stratification[J]. *Journal of Forestry Engineering*，2015，**29**(6)：24-27.

[5] 魏 巍，张鸽香. 流苏树嫩枝扦插及生根营养物质的动态变化[J]. 河南农业科学，2015，**44**(10)：127-131.
WEI W，ZHANG G X. Study on softwood cutting of *Chionanthus retusus* and change of nutrient content during rooting period[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*，2015，**44**(10)：127-131.

[6] 宋新芳，邢世岩，王 芳，等. 木绣球和流苏花的形态及种实解剖特性研究[J]. 种子，2006，(8)：46-49.
SONG X F，XING S Y，WANG F，*et al*. Morphology and seed anatomical characteristics of *Viburnum macrocephalum* and *Chionanthus retusus* flowers[J]. *Seed*，2006，(8)：46-49.

[7] 何艳霞，孔令茜，陈鹏臻，等. 雄全异株流苏树的花部特征及繁育系统研究[J]. 生态学报，2017，**37**(24)：8 467-8 476.
HE Y X，KONG L Q，CHEN P Z，*et al*. Floral syndrome and reproductive strategy of an androdioecious species，*Chionanthus retusus* (Oleaceae)[J]. *Acta Ecologica Sinica*，2017，**37**(24)：8 467-8 476.

[8] 陈 弯，樊莉丽，许笑蒙，等. 14 个类型流苏树叶片和叶柄解剖学特征的比较研究[J]. 中国农业大学学报，2018，**23**(5)：38-51.
CHEN W，FAN L L，XU X M，*et al*. Study on anatomical characteristics of leaves and petioles of 14 *Chionanthus retusus* biotypes[J]. *Journal of China Agricultural University*，2018，**23**(5)：38-51.

[9] 郭海丽，李际红，李　琴，等. 流苏树花形态及花香成分的时空动态变化[J]. 林业科学，2021，**57**(10)：81-92.
GUO H L，LI J H，LI Q，*et al*. Flower morphology and spatiotemporal dynamics of aroma components in *Chionanthus retusus*[J]. *Scientia Silvae Sinicae*，2021，**57**(10)：81-92.

[10] 杨　鸣，郑天润，周　敏，等. 野生型金龙胆草核型和亲缘地理结构分析[J]. 植物遗传资源学报，2022，**23**(5)：1 414-1 424.
YANG M，ZHENG T R，ZHOU M，*et al*. Analysis on karyotype and phylogeographic structure of wild-type *Conyza blinii* H. Lév[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*，2022，**23**(5)：1 414-1 424.

[11] 段　青，崔光芬，贾文杰，等. 云南泸定百合 8 个野生居群的染色体核型分析[J]. 西北植物学报，2016，**36**(3)：472-478.
DUAN Q，CUI G F，JIA W J，*et al*. Karyotypes analysis of eight wild populations of *Lilium sargentiae* from Yunnan provice[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*，2016，**36**(3)：472-478.

[12] 孙静贤，杨时宇，杨雪娟，等. 怒江红山茶(*Camellia saluenensis*)3 个居群核型分析[J]. 云南大学学报(自然科学版)，2019，**41**(6)：1 246-1 253.
SUN J X，YANG S Y，YANG X J，*et al*. Karyotype analysis of 3 populations of *Camellia saluenensis*[J]. *Journal of Yunnan University* (Natural Sciences Edition)，2019，**41**(6)：1 246-1 253.

[13] 王转莉，王一峰. 青藏高原东缘 4 个风毛菊居群的核型研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版)，2013，**41**(3)：199-204.
WANG Z L，WANG Y F. Karyotypes of 4 *Saussurea japonica* population in the eastern area of Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Journal of Northwest A & F University* (Natural Science Edition)，2013，**41**(3)：199-204.

[14] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志：第一卷(总论)[M]. 北京：科学出版社，2004.

[15] 李　晓，张鸽香，胡凤荣，等. 美国流苏根尖预处理及核型分析[J]. 分子植物育种，2019，(19)：6 447-6 454.
LI X，ZHANG G X，HU F R，*et al*. Pretreament for *Chionanthus virginicus* root tip and karyotype analysis[J]. *Molecular Plant Breeding*，2019，(19)：6 447-6 454.

[16] 刘佳庚，李际红，郭海丽，等. 流苏树根尖染色体制片技术优化及核型分析[J]. 分子植物育种，2020，**18**(24)：8 223-8 232.
LIU J G，LI J H，GUO H L，*et al*. Optimization of chromosome tableting technology and karyotype analysis of *Chionanthus retusus* root tips[J]. *Molecular Plant Breeding*，2020，**18**(24)：8 223-8 232.

[17] 赵丹丹，李　晓，张鸽香. 流苏树和美国流苏染色体核型分析[J/OL]. 分子植物育种，2022：1-12. (2022-06-08). http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210511.1937.006.html.
ZHAO D D，LI X，ZHANG G X. Analysis of chromosome karyotypes between *Chionanthus retusus* and *Chionanthus virginicus*. *Molecular Plant Breeding*，2022：1-12. (2022-06-08). http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210511.1937.006.html.

[18] 曲　凯. 流苏种质资源的收集评价及遗传多样性的分析[D]. 泰安：山东农业大学，2019.

[19] 周文玲，李际红，曲　凯，等. 珍稀树种流苏树繁殖技术的研究进展[J]. 农学学报，2020，**10**(4)：36-41.
ZHOU W L，LI J H，QU K，*et al*. Reproduction techniques of rare tree species of *Chionanthus retusus* in China：Research progress[J]. *Journal of Agriculture*，2020，**10**(4)：36-41.

[20] 李懋学. 植物的染色体组和组型分析[J]. 生物学通报，1981，**16**(4)：18-21.
LI M X. Karyotype and chromosome analysis of plants[J]. *Bulletin of Biology*，1981，**16**(4)：18-21.

[21] KUO S，WANG T，HUANG T C. Karyotype analysis of some Formosan gymnosperms[J]. *Taiwania*，1972，**17**(1)：66-80.

[22] ARANO H. Cytological studies in subfamily carduoideae (Compositae) of Japan IX. The karyotype analysis and phylogenic considerations on *Pertya* and *Ainsliaea* (2)[J]. *Shokubutsugaku Zasshi*，1963，**76**(895)：32-39.

[23] STEBBINS G. Chromosomal evolution in higher plants[J]. *Edward Arnold*，1971，**48**：85.

[24] 邢世岩，高进红，姜岳忠，等. 银杏特异种质核型进化趋势[J]. 林业科学，2007，**43**(1)：21-27.
XING S Y，GAO J H，JIANG Y Z，*et al*. Karyotype evolution trend in *Ginkgo biloba* special germplasms[J]. *Scientia Silvae Sinicae*，2007，**43**(1)：21-27.

[25] 孙立民，王文英，邢世岩，等. 古银杏半同胞家系染色体核型分析及进化趋势研究[J]. 西南林业大学学报(自然科学)，2017，**37**(5)：15-21.
SUN L M，WANG W Y，XING S Y，*et al*. Chromosome karyotype analysis and evolutional trend of ancient *Ginkgo biloba* half-sib families[J]. *Journal of Southwest Forestry University* (Natural Sciences)，2017，**37**(5)：15-21.

[26] 王亚男，刘玉萍，刘雪利，等. 沙鞭不同居群染色体数目及核型分析[J]. 西北植物学报，2021，**41**(9)：1 489-1 499.
WANG Y N，LIU Y P，LIU X L，*et al*. Chromosome number and karyotype analysis of different populations of *Penicillium chinense*[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*，2021，**41**(9)：1 489-1 499.

[27] DALLA-FAVERA R，BREGNI M，ERIKSON J，*et al*. Human c-myc onc gene is located on the region of chromosome 8 that is translocated in Burkitt lymphoma cells[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*，1982，**79**(24)：7 824-7 827.

[28] 李　棚. 染色体遗传导论[M]. 长沙：湖南科学技术出版社，1991.

[29] DU Y P，BI Y，ZHANG M F，*et al*. Genome size diversity in *Lilium* (Liliaceae) is correlated with karyotype and environmental traits[J]. *Frontiers in Plant Science*，2017，**8**：1 303.

[30] SAVAŞ TUNA G，BAŞER i，TUNA M. Genome size variation among natural populations of *Brachypodium distachyon* and *B. hybridum* collected from different regions of Turkey[J]. *Turkish Journal of Botany*，2019，**43**(2)：196-207.

(编辑：潘新社)