西北植物学报,2021,41(9):1489－1499
Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin.

doi:10.7606/j.issn.1000-4025.2021.09.1489 http://xbzwxb.alljournal.net

沙鞭不同居群染色体数目及核型分析

王亚男[1,2],刘玉萍[1,2],刘雪利[1],苏　旭[1,2,3*],刘瑞娟[4]

(1 青海师范大学 生命科学学院,西宁 810008;2 青海师范大学 青海省青藏高原药用动植物资源重点实验室,西宁 810008;3 高原科学与可持续发展研究院,西宁 810016;4 中国科学院西北高原生物研究所,青海省作物分子育种重点实验室,西宁 810008)

摘　要:该研究采用常规压片法对分布于内蒙古高原的6个沙鞭居群的染色体核型进行研究,探讨沙鞭不同居群的核型特征及其进化关系。结果表明:(1)沙鞭6个居群的染色体数目恒定,均为2n = 2x = 46。(2)染色体有正中部着丝粒(M)、中部着丝粒(m)、亚中部着丝粒(sm)和亚端部着丝粒(st)4种类型,且中部着丝粒类型数量最多。(3)沙鞭不同居群核型公式存在差异。(4)核型类型有1A、2A、1B和2B型4种,染色体平均臂比介于1.29～1.62,长度比为1.73～2.68。(5)核型不对称系数处于55.96%～59.95%,核型对称性较高,进化程度较为原始,其中37居群的核型不对称系数最大,进化程度较高,34居群的核型不对称系数最小,进化程度较低。(6)沙鞭6个居群聚为两类,37居群单独聚为一类,其他所有居群聚为一类,表明37居群与其他居群具有相对较远的亲缘关系。该研究首次报道了沙鞭不同居群的染色体核型特征及其进化关系,为以后沙鞭的系统进化和优良种质资源筛选奠定了细胞学证据。

关键词:沙鞭;染色体;核型分析;聚类分析;进化趋势

中图分类号:Q343.2^{+}2　　**文献标志码**:A

Chromosome Number and Karyotype Analysis from Different Populations of *Psammochloa villosa* (Poaceae)

WANG Yanan[1,2], LIU Yuping[1,2], LIU Xueli[1], SU Xu[1,2,3*], LIU Ruijuan[4]

(1 School of Life Science, Qinghai Normal University, Xining 810008, China; 2 Key Laboratory of Medicinal Animal and Plant Resources of the Qinghai-Tibet Plateau in Qinghai Province, Qinghai Normal University, Xining 810008, China; 3 Academy of Plateau Science and Sustainability, Xining 810016, China; 4 Key Laboratory of Crop Molecular Breeding of Qinghai Province, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China)

Abstract: To investigate the karyotype characteristics and evolutionary relationships of different populations of *Psammochloa villosa*, we studied the karyotype of six populations of *P. villosa* in the Inner Mongolia Plateau using the traditional squashing method. The result showed that: (1) the chromosome number of six populations of *P. villosa* was constant, all of which were 2n = 2x = 46. (2) There was a total of four chromosome types including the center centromere type (M), centromeric subtype (m), subcentral centromere type (sm) and proximal centromeric type (st), and the amount of centromeric subtype is the largest in all populations. (3) The karyotype formulas were different among six populations of *P. villosa*. (4) There were four karyotype types of *P. villosa*, including 1A, 2A, 1B and 2B. The average arm ratio of chromosomes was 1.29－1.62, the length ratio was 1.73－2.68. (5) The karyotype asymmetry coefficient was 55.96%—59.95%, which implied the karyotype of *P. villosa* was symmetrical and primitive. More impor-

收稿日期:2021-05-06;**修改稿收到日期**:2021-07-15

基金项目:国家自然科学基金(41761009);青海省科技计划应用基础研究(2019-ZJ-7011);中国科学院"西部之光"人才培养计划(2019-1-4);青海省青藏高原药用动植物资源重点实验室项目(2020-ZJ-Y40)

作者简介:王亚男(1996－),女,硕士研究生,主要从事高山植物系统与进化研究。E-mail:1157991403@qq.com

*通信作者:苏　旭,教授,主要从事高山植物系统与进化研究。E-mail:xusu8527972@126.com

tantly, the karyotype asymmetry coefficient of 37 population of *P. villosa* was the largest among all the populations, and the evolution degree of it was much higher than that of others, whereas that of 34 population of *P. villosa* was the smallest, and the evolution degree was much lower than that of others. (6) The six populations of *P. villosa* were clustered into two categories. Among them, the 37 population of *P. villosa* was singly clustered into one group, while other populations were clustered into one group, and they had the relatively distant relationship. In the present study, we reported the karyotype characteristics and evolutionary relationship of different populations of *P. villosa* for the first time, which could provide the cytological evidence for systematic evolution and selection of fine germplasm resources of *P. villosa* in the future.

Key words: *Psammochloa villosa*; chromosome; karyotype analysis; clustering analysis; evolution trend

染色体作为细胞遗传信息的载体,其数目、结构和形态受外界环境影响较小[1],在植物生长发育和繁殖过程中具有较高的稳定性。染色体核型分析主要是对分裂中期染色体的数目、形态和结构等重要性状进行观察,计算和判别染色体的长度、着丝点位置、长短臂比例及随体有无等特征[2],进而推断不同物种或同一物种不同居群间的亲缘关系[3]。现今,染色体核型分析已成为物种分类修订、系统进化关系研究的重要手段[3]。先前诸多学者[4-7]对大量禾本科植物的染色体核型进行了报道。阎贵兴等[4]通过对 33 种禾本科饲用植物染色体核型的研究,发现染色体基数均为 7,染色体类型有中部着丝粒和近中部着丝粒染色体,多数禾本科植物的核型对称性较高;张同林等[5]基于小麦族 5 个近缘属植物染色体核型的分析,推断了它们的系统发育关系,认为赖草属植物的进化程度最低,鹅观草属植物的进化程度最高,披碱草属植物的演化水平居于两者之间;郭玉堂等[6]通过对芨芨草(*Achnatherum splendens*)染色体核型的探讨,结果发现其染色体数目为 2n = 48,核型类别为 2B;李伟伟等[7]利用染色体压片技术对沙鞭(*Psammochloa villosa*)的染色体数目进行了观察,表明该物种的染色体数目为 2n = 40。

沙鞭是禾本科(Poaceae)沙鞭属(*Psammochloa*)一种多年生根茎类草本植物,主要分布于中国内蒙古、陕西、宁夏、甘肃及青海等沙地和荒漠化生境中[8]。沙鞭生长于海拔 900 ~ 2 900 m 的流动沙丘和固定沙丘上[8],根状茎发达,具有较强的耐旱、耐寒、耐碱及抗风沙功能[9],是内蒙古及其毗邻沙化地区的重要优势植物;同时,该物种营养价值较高,是畜牧业的重要牧草,具有重要的经济价值和生态价值。迄今,已有学者对沙鞭的外部形态特征[10]、叶表皮微形态特征[11]、种子生物学特性[12]、等位酶变异和克隆多样性[13]、地理分布和种质资源[14]、群体遗传多样性[15]等方面进行了研究。然而,从居群水平上对沙鞭染色体数目、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,通过对沙鞭不同居群染色体数目和核型的综合分析,系统探讨它们的核型差异及系统亲缘关系,旨在为今后沙鞭群体遗传学、基因组学和进化生物学研究提供细胞学方面的参考依据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

实验材料为沙鞭不同居群的成熟种子,采自于内蒙古阿拉善盟、鄂尔多斯和锡林郭勒盟,凭证标本保存于中国科学院西北高原生物研究所青藏高原生物标本馆(HNWP),详细采样信息见表 1。

1.2 方 法

1.2.1 种子萌发 沙鞭每个参试居群挑选 10 个个体的成熟饱满种子,-20 ℃冰箱内处理 24 h;然后

表 1 实验材料及来源

Table 1 Experimental materials and sources

居群编号 Population code	采集地 Locality	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔 Altitude/m	采集号 Voucher
P10	内蒙古阿拉善盟 Alxa League, Inner Mongolia	39°21′00″N	102°10′12″E	1 542	SX-2019-010
P32	内蒙古锡林郭勒盟 Xilin Gol League, Inner Mongolia	43°08′24″N	112°55′12″E	1 054	SX-2019-032
P33	内蒙古锡林郭勒盟 Xilin Gol League, Inner Mongolia	43°48′36″N	113°41′24″E	1 089	SX-2019-033
P34	内蒙古锡林郭勒盟 Xilin Gol League, Inner Mongolia	43°13′48″N	114°25′12″E	1 003	SX-2019-034
P37	内蒙古锡林郭勒盟 Xilin Gol League, Inner Mongolia	42°33′36″N	114°48′36″E	1 194	SX-2019-037
P55	内蒙古阿拉善盟 Alxa League, Inner Mongolia	40°03′35″N	103°54′36″E	1 474	SX-2016-055

将种子均匀放置于铺有蒸馏水润湿的双层滤纸培养皿中[16]，22 ℃恒温培养箱中培养，待根长出 0.5～1 cm 时取样进行预处理。

1.2.2　预处理　将根尖放于预先用蒸馏水喷湿的 2.0 mL 离心管中，并使离心管内外保持湿润，然后置于密封罐中 N_2O 处理 130 min，压强设置为 0.75 MPa。

1.2.3　固定与解离　从密封罐中取出离心管，迅速加入卡诺氏固定液（冰乙酸∶无水乙醇＝1∶3，现配现用），随后轻轻翻滚离心管，使固定液充分覆盖于根尖表面，4 ℃冰箱中固定 10 min 以上，45%乙酸解离 5 min。

1.2.4　染色、压片与观察　将适当长度的根尖分生组织置于载玻片中央，滴 2 滴 45%乙酸，盖上盖玻片用镊子钝端敲击，并在酒精灯上微烤，大拇指轻按盖玻片后置于相差显微镜（Olympus BX43）下观察；挑选分散良好的制片标记，然后放入－80 ℃冰箱中处理 2 h 以上，取出后荧光染液染色，用荧光显微镜（Olympus BX53）对染色体形态和数目进行观察，并挑选分散良好、形态清晰的视野拍照[17]。

1.2.5　核型数据分析　每个沙鞭参试居群统计 30 个完整的染色体中期分裂图像，参照邓爱辉等[18]方法确定染色体数目；利用 Adobe Photoshop 2021 软件测量染色体长臂和短臂的长度[19]；常规方法统计染色体相对长度（RL）、长度比（CLR）、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；核型不对称系数（As. K%）依据 Arano[22]方法；核型分类依据 Stebbins[23]方法。

1.2.6　核型进化趋势和聚类分析　核型进化趋势分析参照邢世岩等[24]方法，利用 Microsoft Excel 2010 软件绘制沙鞭核型不对称性程度散点图，即核型二维进化图；聚类分析依据李晓莉等[25]方法，利用 SPSS 26 软件统计沙鞭染色体臂比平均值（MAR）和方差、相对长度方差、染色体长度比（CLR）和正中部着丝粒（M）、中部着丝粒（m）、近中部着丝粒（sm）或近端部着丝粒（st）染色体比例等参数，并对其进行聚类分析。

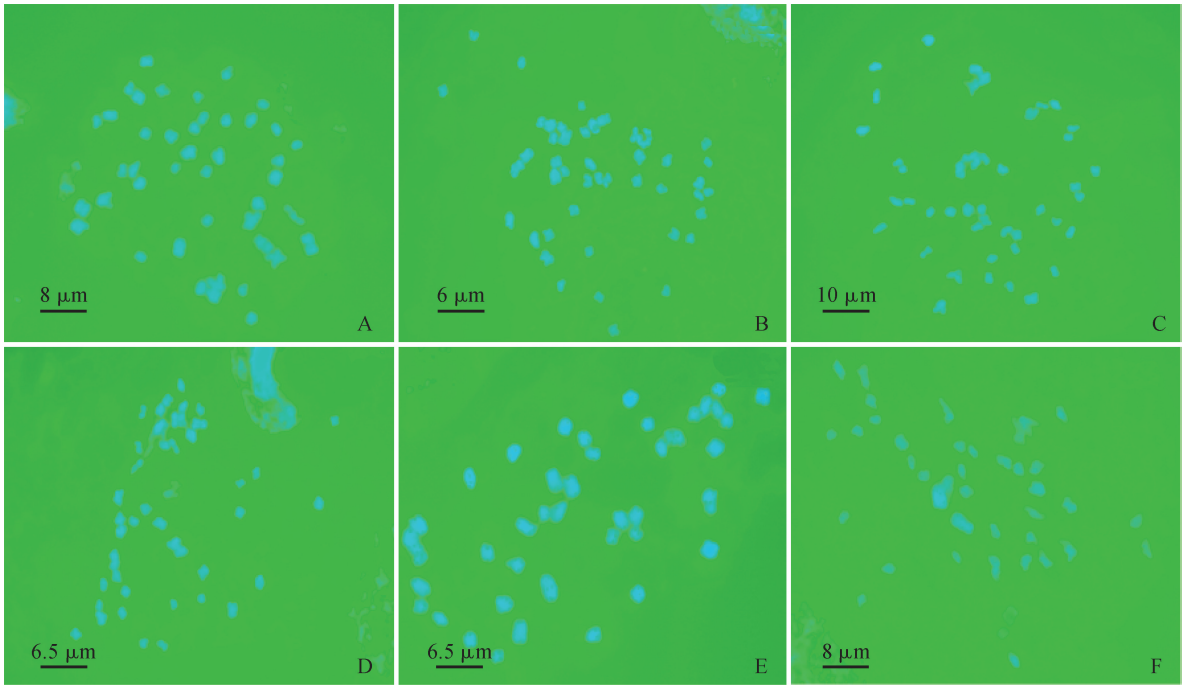
2　结果与分析

2.1　沙鞭不同居群染色体数目和倍性

通过对沙鞭不同居群细胞中期分裂相的观察和计数，发现沙鞭居群的染色体均为二倍体，数目为 2n ＝ 2x ＝ 46，同时未见异常的染色体数目和形态（图 1），表明沙鞭染色体的数目较为稳定。

2.2　沙鞭不同居群染色体形态特征和类型

选取沙鞭分散良好的染色体有丝分裂中期图，结合表 2 中染色体参数和位置，将 46 条染色体进行同源染色体配对，共 23 对染色体。臂比统计结果显示，沙鞭染色体有 M、m、sm 和 st 4 种类型，其中 34



A. P10；B. P32；C. P33；D. P34；E. P37；F. P55

图 1　沙鞭有丝分裂中期染色体图

Fig. 1　Mitotic chromosomes in metaphase of *P. villosa*

居群有 M、m 和 sm 3 种类型，37 居群有 m、sm 和 st 3 种类型，其余居群只有 m 和 sm 2 种类型(表 2)；并且，本研究还发现沙鞭不同居群中各类型染色体所占比例相差较大(表 2)。基于沙鞭染色体相对长度系数及 Kuo[21] 分类标准，本研究中沙鞭不同居群染色体可划分为长染色体 L 型(≥1.26)、中长染色体 M_2 型(1.01 ～ 1.25)、中短染色体 M_1 型(0.76 ～ 1.00)和短染色体 S 型(< 0.76)4 种类型；除沙鞭 34 居群无 S 型染色体外，其他所有居群均具以上 4 种类型染色体(表 2)。

2.3 沙鞭不同居群染色体核型分析

沙鞭不同居群染色体核型模式图和主要核型参数见图 2 和表 3。本研究结果表明，沙鞭不同居群在染色体核型公式、核型类型、染色体长度比、平均臂比及核型不对称系数等指标均存在明显差异。就核型类型来看，沙鞭居群染色体核型类型有 1A、2A、1B 和 2B 型，其中 37 和 55 居群的染色体核型类型为 2A 型，32 和 33 居群的染色体核型类型属于 2B 型，而 34 和 10 居群的染色体核型类型分别隶属于 1A 型和 1B 型(表 3)；就沙鞭染色体长度比而言，10 居群的长度比最大(2.68)，而 34 和 55 居群的长度比最小(1.73)(表 3)；同样，在染色体平均臂比上，37 居群的平均臂比最大(1.62)，10 和 34 居群的平均臂比最小(1.29)(表 3)；就核型不对称系数来说，沙鞭 34 居群的核型不对称系数最小(55.96%)，表明核型对称性最佳，而 37 居群的核型不对称系数最大(59.95%)，说明核型对称性最差(表 3)。

2.4 沙鞭不同居群染色体核型进化趋势分析

通过对沙鞭居群染色体长度比和平均臂比统计分析，本研究发现沙鞭染色体核型呈现“双向进化趋势”，即有些居群沿染色体平均臂比方向进化较快，如 37 居群；而另一些居群则沿染色体长度比方向进化较快，如 10 居群(图 3，A)。就沙鞭居群总体进化趋势而言，二维图右上方的居群通常具有较高的进化程度，相反左下方的居群往往进化程度较低，因而我们认为 34 居群进化程度较低，37 居群进化程度相

表 2 沙鞭不同居群染色体参数

Table 2 Chromosome parameters in different populations of *P. villosa*

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度(长臂＋短臂＝全长) Relative length (short＋long＝total length)/%	相对长度系数 Index of relative length		臂比 Arm ratio	类型 Type
			I. R. L	Kuo		
	1	2.15 ＋ 2.06 ＝ 4.21	1.45	L	1.04	m
	2	2.27 ＋ 1.94 ＝ 4.21	1.45	L	1.17	m
	3	2.63 ＋ 1.37 ＝ 4.00	1.38	L	1.92	sm
	4	2.14 ＋ 1.70 ＝ 3.84	1.33	L	1.26	m
	5	2.35 ＋ 1.34 ＝ 3.69	1.27	L	1.75	sm
	6	1.97 ＋ 1.49 ＝ 3.46	1.19	M_2	1.32	m
	7	1.86 ＋ 1.59 ＝ 3.45	1.19	M_2	1.17	m
	8	1.96 ＋ 1.31 ＝ 3.27	1.13	M_2	1.50	m
	9	1.56 ＋ 1.49 ＝ 3.05	1.05	M_2	1.05	m
	10	1.61 ＋ 1.33 ＝ 2.94	1.01	M_2	1.21	m
	11	1.73 ＋ 1.20 ＝ 2.93	1.01	M_2	1.44	m
P10	12	1.36 ＋ 1.32 ＝ 2.68	0.92	M_1	1.03	m
	13	1.40 ＋ 1.26 ＝ 2.66	0.92	M_1	1.11	m
	14	1.42 ＋ 1.19 ＝ 2.61	0.90	M_1	1.19	m
	15	1.47 ＋ 1.11 ＝ 2.58	0.89	M_1	1.32	m
	16	1.28 ＋ 1.17 ＝ 2.45	0.85	M_1	1.09	m
	17	1.24 ＋ 1.15 ＝ 2.39	0.82	M_1	1.08	m
	18	1.43 ＋ 0.89 ＝ 2.32	0.80	M_1	1.61	m
	19	1.32 ＋ 0.97 ＝ 2.29	0.79	M_1	1.36	m
	20	1.21 ＋ 0.91 ＝ 2.12	0.73	S	1.33	m
	21	1.14 ＋ 0.96 ＝ 2.10	0.72	S	1.19	m
	22	1.08 ＋ 0.74 ＝ 1.82	0.63	S	1.46	m
	23	0.82 ＋ 0.75 ＝ 1.57	0.54	S	1.09	m

续表 2　Continued Table 2

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度(长臂＋短臂＝全长) Relative length (short＋long＝total length)/%	相对长度系数 Index of relative length		臂比 Arm ratio	类型 Type
			I. R. L	Kuo		
	1	1.41 ＋ 1.17 ＝ 2.58	1.50	L	1.21	m
	2	1.17 ＋ 0.97 ＝ 2.14	1.24	M_2	1.21	m
	3	1.22 ＋ 0.85 ＝ 2.07	1.20	M_2	1.44	m
	4	1.11 ＋ 0.94 ＝ 2.05	1.19	M_2	1.18	m
	5	1.03 ＋ 0.94 ＝ 1.97	1.14	M_2	1.10	m
	6	1.03 ＋ 0.83 ＝ 1.86	1.08	M_2	1.24	m
	7	1.28 ＋ 0.54 ＝ 1.82	1.06	M_2	2.37	sm
	8	0.99 ＋ 0.82 ＝ 1.81	1.05	M_2	1.21	m
	9	1.17 ＋ 0.60 ＝ 1.77	1.03	M_2	1.95	sm
	10	0.90 ＋ 0.85 ＝ 1.75	1.02	M_2	1.06	m
	11	1.04 ＋ 0.70 ＝ 1.74	1.01	M_2	1.49	m
P32	12	1.25 ＋ 0.42 ＝ 1.67	0.97	M_1	2.98	sm
	13	0.89 ＋ 0.76 ＝ 1.65	0.96	M_1	1.17	m
	14	0.83 ＋ 0.78 ＝ 1.61	0.94	M_1	1.06	m
	15	0.98 ＋ 0.62 ＝ 1.60	0.93	M_1	1.58	m
	16	1.01 ＋ 0.55 ＝ 1.56	0.91	M_1	1.84	sm
	17	0.78 ＋ 0.77 ＝ 1.55	0.90	M_1	1.01	m
	18	0.89 ＋ 0.62 ＝ 1.51	0.88	M_1	1.44	m
	19	0.77 ＋ 0.73 ＝ 1.50	0.87	M_1	1.05	m
	20	0.77 ＋ 0.66 ＝ 1.43	0.83	M_1	1.17	m
	21	0.89 ＋ 0.46 ＝ 1.35	0.78	M_1	1.93	sm
	22	0.78 ＋ 0.55 ＝ 1.33	0.77	M_1	1.42	m
	23	0.79 ＋ 0.50 ＝ 1.29	0.75	S	1.58	m
	1	2.14 ＋ 1.51＝3.65	1.45	L	1.42	m
	2	2.27 ＋ 1.21 ＝ 3.48	1.38	L	1.88	sm
	3	1.74 ＋ 1.49 ＝ 3.23	1.28	L	1.17	m
	4	1.71 ＋ 1.39 ＝ 3.10	1.23	M_2	1.23	m
	5	1.78 ＋ 1.31 ＝ 3.09	1.22	M_2	1.36	m
	6	1.47 ＋ 1.40 ＝ 2.87	1.14	M_2	1.05	m
	7	1.82 ＋ 0.96 ＝ 2.78	1.10	M_2	1.90	sm
	8	1.41 ＋ 1.26 ＝ 2.67	1.06	M_2	1.12	m
	9	1.37 ＋ 1.28 ＝ 2.65	1.05	M_2	1.07	m
	10	1.39 ＋ 1.15 ＝ 2.54	1.01	M_2	1.21	m
	11	1.58 ＋ 0.87 ＝ 2.45	0.97	M_1	1.82	sm
P33	12	1.33 ＋ 1.10 ＝ 2.43	0.96	M_1	1.21	m
	13	1.20 ＋ 1.19 ＝ 2.39	0.95	M_1	1.01	m
	14	1.29 ＋ 1.06 ＝ 2.35	0.93	M_1	1.22	m
	15	1.31 ＋ 0.93 ＝ 2.24	0.89	M_1	1.41	m
	16	1.20 ＋ 1.02 ＝ 2.22	0.88	M_1	1.18	m
	17	1.15 ＋ 0.96 ＝ 2.11	0.84	M_1	1.20	m
	18	1.48 ＋ 0.63 ＝ 2.11	0.84	M_1	2.35	sm
	19	1.18 ＋ 0.91 ＝ 2.09	0.83	M_1	1.30	m
	20	1.04 ＋ 1.01 ＝ 2.05	0.81	M_1	1.03	m
	21	1.13 ＋ 0.79 ＝ 1.92	0.76	M_1	1.43	m
	22	0.92 ＋ 0.89 ＝ 1.81	0.72	S	1.03	m
	23	0.98 ＋ 0.79 ＝ 1.77	0.70	S	1.24	m

续表 2 Continued Table 2

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度(长臂+短臂=全长) Relative length (short+long=total length)/%	相对长度系数 Index of relative length		臂比 Arm ratio	类型 Type
			I. R. L	Kuo		
	1	1.34 + 0.88 = 2.22	1.35	L	1.52	m
	2	1.14 + 0.84 = 1.98	1.21	M_2	1.36	m
	3	1.05 + 0.92 = 1.97	1.20	M_2	1.14	m
	4	1.22 + 0.70 = 1.92	1.17	M_2	1.74	sm
	5	0.99 + 0.92 = 1.91	1.16	M_2	1.08	m
	6	1.00 + 0.89 = 1.89	1.15	M_2	1.12	m
	7	1.03 + 0.73 = 1.76	1.07	M_2	1.41	m
	8	0.97 + 0.78 = 1.75	1.07	M_2	1.24	m
	9	0.94 + 0.81 = 1.75	1.07	M_2	1.16	m
	10	1.01 + 0.64 = 1.65	1.01	M_2	1.58	m
	11	0.89 + 0.76 = 1.65	1.01	M_2	1.17	m
P34	12	0.81 + 0.77 = 1.58	0.96	M_1	1.05	m
	13	0.78 + 0.78 = 1.56	0.95	M_1	1.00	M
	14	0.85 + 0.70 = 1.55	0.94	M_1	1.21	m
	15	0.81 + 0.73 = 1.54	0.94	M_1	1.11	m
	16	0.82 + 0.70 = 1.52	0.93	M_1	1.17	m
	17	0.86 + 0.59 = 1.45	0.88	M_1	1.46	m
	18	0.96 + 0.49 = 1.45	0.88	M_1	1.96	sm
	19	0.71 + 0.69 = 1.40	0.85	M_1	1.03	m
	20	0.77 + 0.58 = 1.35	0.82	M_1	1.33	m
	21	0.70 + 0.62 = 1.32	0.80	M_1	1.13	m
	22	0.77 + 0.52 = 1.29	0.79	M_1	1.48	m
	23	0.70 + 0.58 = 1.28	0.78	M_1	1.21	m
	1	1.66 + 1,53 = 3.19	1.43	L	1.08	m
	2	1.94 + 1.07 = 3.01	1.35	L	1.81	sm
	3	1.61 + 1.28 = 2.89	1.29	L	1.26	m
	4	1.93 + 0.95 = 2.88	1.29	L	2.03	sm
	5	1.28 + 1.21 = 2.49	1.11	M_2	1.06	m
	6	1.54 + 0.93 = 2.47	1.10	M_2	1.66	m
	7	1.61 + 0.80 = 2.41	1.08	M_2	2.01	sm
	8	1.25 + 1.08 = 2.33	1.04	M_2	1.16	m
	9	1.20 + 1.05 = 2.25	1.01	M_2	1.14	m
	10	1.27 + 0.92 = 2.19	0.98	M_1	1.38	m
	11	1.73 + 0.46 = 2.19	0.98	M_1	3.76	st
P37	12	1.26 + 0.89 = 2.15	0.96	M_1	1.42	m
	13	1.32 + 0.82 = 2,14	0.96	M_1	1.61	m
	14	1.08 + 1.03 = 2.11	0.94	M_1	1.05	m
	15	1.15 + 0.94 = 2.09	0.93	M_1	1.22	m
	16	1.25 + 0.80 = 2.05	0.92	M_1	1.56	m
	17	1.08 + 0.90 = 1.98	0.88	M_1	1.20	m
	18	1.36 + 0.57 = 1.93	0.86	M_1	2.39	sm
	19	0.99 + 0.89 = 1.88	0.84	M_1	1.11	m
	20	1.10 + 0.69 = 1.79	0.80	M_1	1.59	m
	21	1.08 + 0.63 = 1.71	0.76	M_1	1.71	sm
	22	1.21 + 0.45 = 1.66	0.74	S	2.69	sm
	23	0.94 + 0.71 = 1.65	0.74	S	1.32	m

续表 2　Continued Table 2

居群编号 Population code	染色体序号 No. of chromosome	相对长度（长臂＋短臂＝全长） Relative length (short＋long＝total length)/%	相对长度系数 Index of relative length		臂比 Arm ratio	类型 Type
			I. R. L	Kuo		
	1	2.35 ＋ 1.48 ＝ 3.83	1.30	L	1.59	m
	2	2.01 ＋ 1.77 ＝ 3.78	1.28	L	1.14	m
	3	1.99 ＋ 1.56 ＝ 3.55	1.20	M_2	1.28	m
	4	1.74 ＋ 1.73 ＝ 3.47	1.18	M_2	1.01	m
	5	1.91 ＋ 1.50 ＝ 3.41	1.16	M_2	1.27	m
	6	2.29 ＋ 1.12 ＝ 3.41	1.16	M_2	2.04	sm
	7	1.75 ＋ 1.55 ＝ 3.30	1.12	M_2	1.13	m
	8	1.94 ＋ 1.22 ＝ 3.16	1.07	M_2	1.59	m
	9	1.58 ＋ 1.52 ＝ 3.10	1.05	M_2	1.04	m
	10	1.70 ＋ 1.40 ＝ 3.10	1.05	M_2	1.21	m
	11	1.57 ＋ 1.40 ＝ 2.97	1.01	M_2	1.12	m
P55	12	1.74 ＋ 1.17 ＝ 2.91	0.99	M_1	1.49	m
	13	1.67 ＋ 1.11 ＝ 2.78	0.94	M_1	1.50	m
	14	1.81 ＋ 0.95 ＝ 2.76	0.94	M_1	1.91	sm
	15	1.40 ＋ 1.34 ＝ 2.74	0.93	M_1	1.04	m
	16	1.46 ＋ 1.20 ＝ 2.66	0.90	M_1	1.22	m
	17	1.37 ＋ 1.22 ＝ 2.59	0.88	M_1	1.12	m
	18	1.56 ＋ 0.97 ＝ 2.53	0.86	M_1	1.61	m
	19	1.32 ＋ 1.17 ＝ 2.49	0.84	M_1	1.13	m
	20	1.25 ＋ 1.10 ＝ 2.35	0.80	M_1	1.14	m
	21	1.32 ＋ 1.03 ＝ 2.35	0.80	M_1	1.28	m
	22	1.57 ＋ 0.77 ＝ 2.34	0.79	M_1	2.04	sm
	23	1.27 ＋ 0.95 ＝ 2.22	0.75	S	1.34	m

注：L. 长染色体；M_1. 中短染色体；M_2. 中长染色体；S. 短染色体

Note: L. Long chromosome; M_1. Medium-short chromosome; M_2. Medium-long chromosome; S. Short chromosome

表 3　沙鞭不同居群的核型比较

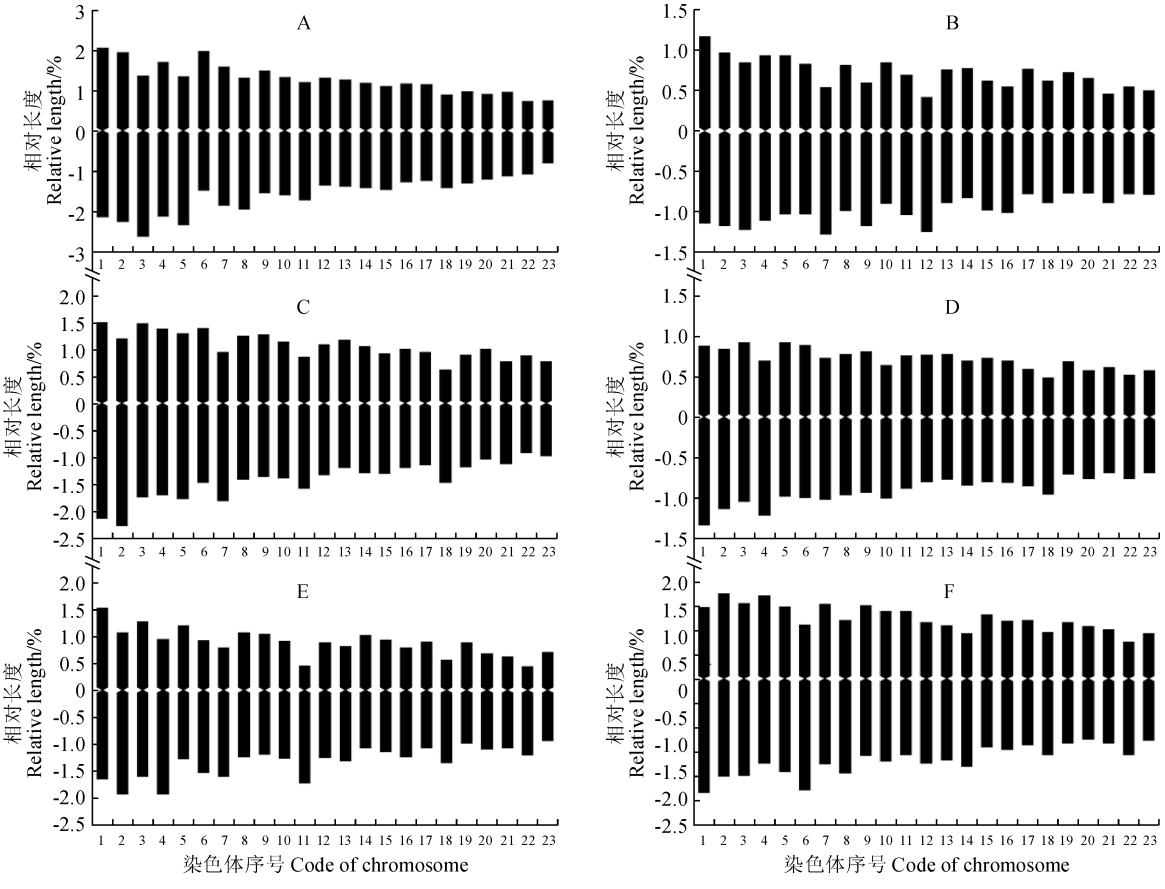
Table 3　Karyotype comparison in different populations of *P. villosa*

居群编号 Population code	核型公式 Karyotype formula	长度比 Length ratio	平均臂比 Average arm ratio	臂比 ＞ 2 的染色体比例 Chromosome proportion of arm ratio ＞2	核型不对称系数 Karyotype asymmetry coefficient/%	核型类型 Karyotype type
P10	2n＝2x＝46＝42m＋4sm	2.68	1.29	0	56.12	1B
P32	2n＝2x＝46＝36m＋10sm	2.00	1.46	8.70	58.02	2B
P33	2n＝2x＝46＝38m＋8sm	2.06	1.34	4.35	56.71	2B
P34	2n＝2x＝46＝2M＋40m＋4sm	1.73	1.29	0	55.96	1A
P37	2n＝2x＝46＝36m＋8sm＋2st	1.93	1.62	21.74	59.95	2A
P55	2n＝2x＝46＝40m＋6sm	1.73	1.36	8.70	56.89	2A

对较高（图 3，A）。同样，基于沙鞭居群染色体平均臂比和核型不对称系数的研究，我们发现沙鞭居群总体沿着二维图右上角方向进化，其中 37 居群的染色体平均臂比和核型不对称系数最大，表明进化程度较高；然而 34 居群的染色体平均臂比和核型不对称系数最小，说明进化程度较低（图 3，B），这与上述研究结果一致。因此，本研究认为沙鞭 34 居群起源较早，进化程度较低，而 37 居群起源较晚，进化程度较高（图 3）。

2.5　沙鞭不同居群的染色体核型聚类分析

对沙鞭不同居群进行聚类分析，结果（图 4）表明当遗传距离为 1.0 时，沙鞭 6 个居群聚为 3 类，其中 32 和 33 居群聚为一类，10、34 和 55 居群聚为一类，而 37 居群单独聚为一类；当遗传距离为 9.0 时，沙鞭 6 个居群聚为 2 类，37 居群仍单独聚为一类，



A. P10；B. P32；C. P33；D. P34；E. P37；F. P55

图 2 沙鞭不同居群的染色体核型模式图

Fig. 2 Chromosome idiograms in different populations of *P. villosa*

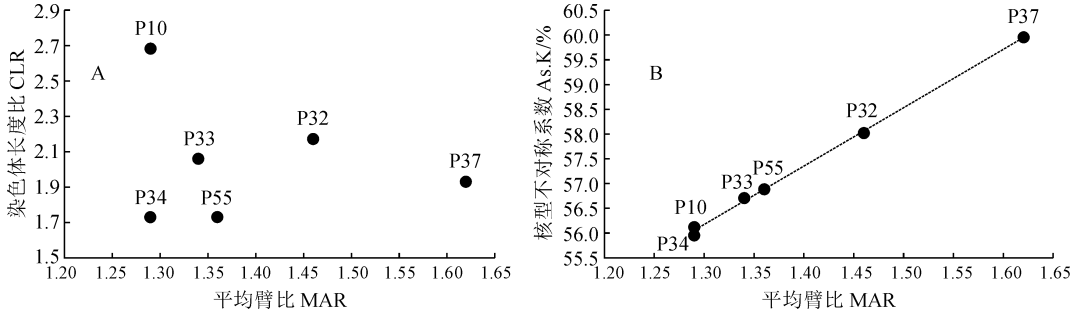


图 3 沙鞭不同居群染色体核型进化趋势

Fig. 3 Evolution trend of chromosome karyotypes in different populations of *P. villosa*

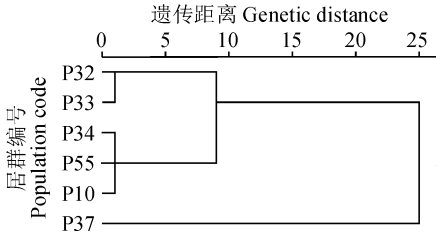


图 4 沙鞭不同居群染色体核型系统聚类图

Fig. 4 The clustering analysis of chromosome karyotypes in different populations of *P. villosa*

而剩余所有居群聚为一类。研究表明在亲缘关系上，37 居群与其他居群的相似度较小。

3 讨 论

染色体作为生物细胞核中的重要组成成分，其数目、形态、结构和核型通常较为稳定，可作为物种分类和系统进化关系研究的重要细胞学依据[26-27]。本研究表明，沙鞭不同居群的染色体均为二倍体，染色体长度介于 1 ～ 4.21 μm，隶属于小型染色体，这与李

伟伟等[7]的研究结果一致；沙鞭所有参试居群的染色体数目均为 46 条，这与李伟伟等[7]先前报道的沙鞭染色体数目为 40 条显然不同，我们认为这可能是由于压片过程中染色体重叠所导致。同时，通过对沙鞭不同居群染色体参数的统计分析，我们还发现沙鞭不同居群之间的染色体形态存在差异，染色体长度比和平均臂比等不同。张建波等[28]对川西北高原 12 个垂穗披碱草(*Elymus nutans*)居群的染色体核型研究，认为同种植物染色体形态随着生境不同而发生变化，即存在染色体形态多样性。染色体形态是研究属下或种下物种或居群亲缘关系和演化趋势的主要核型特征[29]，本研究参试沙鞭居群具有相同的染色体数目，但形态不同，可以推测它们属于同一物种的不同生态居群。同种植物在长期的自然选择和人工选择的作用下，为适应当地的自然生态环境有可能逐步演化成不同的生态居群[30]。因此，我们认为沙鞭不同居群染色体形态的差异也是由生长环境不同导致的，这进一步验证了先前诸多研究的合理性[18,28]。

研究表明，植物染色体核型的进化趋势由对称向不对称方向进化，因此系统进化上比较古老或原始的植物往往具有较对称的染色体核型，而不对称的染色体核型通常存在于较进化的植物类群中，即核型的对称性越高，其进化程度越原始[29,31]。通过对沙鞭 6 个居群染色体核型不对称系数和核型类型的研究，我们发现沙鞭居群核型不对称系数介于 50% ～ 60%，核型类型为 1A、2A、1B 或 2B 型，属于对称性较好和较原始的核型类型，大小依次为 37 ＞ 32 ＞ 55 ＞ 33 ＞ 10 ＞ 34 居群，表明它们在系统进化中的地位不同，同时这与先前报道的许多沙鞭近缘种如芨芨草、大针茅(*Stipa grandis*)等[32]的核型类型较为一致。此外，基于沙鞭居群核型进化趋势研究结果，我们同样发现沙鞭居群 37 的进化程度相对较高，34 居群的进化程度相对较低，表明 37 居群在沙鞭所有参试居群中具有最强的抗旱性[32]，因此沙鞭 37 居群在今后沙鞭遗传育种、优良种质资源筛选以及品种推广应用等方面具有重要利用价值。

遗传物质的相似性不仅可以决定物种间的亲缘关系，而且可以推测物种在进化过程中彼此分化的历程。遗传物质在细胞水平上的表征就是核型。将核型数据进行数理统计并聚类分析，以此估算遗传距离，能够多向的、立体的、多维的考察物种间的相似性，从而判断物种间的亲缘关系[30]。此外，植物染色体核型聚类分析还能够直观反映不同居群间的遗传分化和亲缘关系[33]。本研究结果显示，当遗传距离为 9 时，沙鞭不同产地的 6 个居群聚为两大类，其中一大类有 10、32、33、34 和 37 居群构成，表明这 5 个居群间具有相对较近的亲缘关系，彼此间相似度和进化程度较为类似；另一大类仅有 37 居群组成，其与其他供试居群间亲缘关系较远。总之，本研究从居群水平上首次对沙鞭染色体核型进行了较为系统的报道，旨在为今后沙鞭的系统进化、优良种质资源筛选和新品种选育等研究提供细胞学依据。

致谢：感谢中国科学院西北高原生物研究所刘博师兄、青海师范大学梁瑞芳和吕婷师姐在沙鞭染色体压片，以及青海师范大学刘峰师兄在染色体核型模式图制作上给予的指导和帮助。

参考文献：

[1] 骆　亮. 福建省不同居群朱砂根遗传多样性研究[D]. 福州：福建农林大学，2019.

[2] 华利源，王　轩，钱关泽. 苹果属植物的核型分析[J]. 聊城大学学报(自然科学版)，2019，**32**(6)：97-110.
HUA L Y，WANG X，QIAN G Z. Karyotype analysis of *Malus* mill[J]. *Journal of Liaocheng University* (Natural Science Edition)，2019，**32**(6)：97-110.

[3] 左青青，钱　露，高　瑜，等. 全缘千里光的染色体核型分析及其系统植物学特征[J]. 遵义医科大学学报，2020，**43**(3)：300-304.
ZUO Q Q，QIAN L，GAO Y，*et al*. Karyotype analysis and systematic botany features in *Senecio scandens* Buch. -Ham. ex D. Don [J]. *Journal of Zunyi Medical University*，2020，**43**(3)：300-304.

[4] 阎贵兴，张素贞，云锦凤，等. 33 种禾本科饲用植物的染色体核型研究[J]. 中国草地，1991，**13**(5)：1-13.
YAN G X，ZHANG S Z，YUN J F，*et al*. The karyotype studies on 33 forage species of Gramineae native[J]. *Grassland of China*，1991，**13**(5)：1-13.

[5] 张同林，熊国勇，章　逸. 禾本科小麦族五个类群的核型分析[J]. 湖北农业科学，2015，**54**(15)：3 600-3 603.
ZHANG T L，XIONG G Y，ZHANG Y. Analysis on karyotypes of five taxa in triticeae of Poaceae[J]. *Hubei Agricultural Sciences*，2015，**54**(15)：3 600-3 603.

[6] 郭玉堂，魏凌基，阎　平. 芨芨草染色体的核型分析[J]. 石河子大学学报(自然科学版)，2003，**21**(3)：223-225.
GUO Y T，WEI L J，YAN P. Analysis on karyotye of *Achnatherum splendens*[J]. *Journal of Shihezi University* (Natural Science)，2003，**21**(3)：223-225.

[7] 李伟伟，包　颖，陈文俐. 六种针茅族(禾本科)植物的染色体数目报道[C]//后植物志时代的系统与进化植物学——2011 年全国系统与

进化植物学暨第十届青年学术研讨会论文集,昆明,2011:79-80.

[8] 郭本兆. 中国植物志[M]. 北京:科学出版社,1987:309.

[9] 刘 峰,马子兰,刘 涛,等. 不同生态环境条件沙生植物沙鞭的结实研究[J]. 广西植物,2020.
LIU F, MA Z L, LIU T. Fruiting of *Psammochloa villosa*, an endemic desert plant, under different ecological and environmental conditions[J/OL]. *Guihaia*: 1-9[2021-03-13]. http://kns.cnki.net/kcms/detail/45.1134.Q.20200708.1143.020.html.

[10] 吕 婷,刘 涛,梁瑞芳,等. 沙生植物沙鞭不同居群形态变异研究[J]. 植物研究,2021,**41**(1):60-66.
LÜ T, LIU T, LIANG R F, *et al*. Morphological variations of different populations from *Psammochloa villosa*, a peculiar sandy plant[J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2021,**41**(1):60-66.

[11] 吕 婷,刘玉萍,周勇辉,等. 沙生植物沙鞭叶表皮微形态特征及其生态适应性研究[J]. 植物研究,2018,**38**(3):330-337.
LÜ T, LIU Y P, ZHOU Y H, *et al*. Micromorphological characteristics of leaf epidermis and ecological adaptation of *Psammochloa villosa*, a desert plant from the Inner Mongolian plateau[J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2018,**38**(3):330-337.

[12] 黄振英. 鄂尔多斯高原固沙禾草沙鞭种子休眠和萌发与环境的关系[J]. 西北植物学报,2003,**23**(7):72-77.
HUANG Z Y. Adaptation strategies of seed dormancy and germination of *Psammochloa villosa*, a sand dune grass inhabiting Ordos Plateau, China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2003,**23**(7):72-77.

[13] 王可青,葛 颂,董 鸣. 根茎禾草沙鞭的等位酶变异及克隆多样性[J]. 植物学报,1999,**41**(5):88-91.
WANG K Q, GE S, DONG M. Allozyme variance and clonal diversity in the rhizomatous grass *Psammochloa villosa* (Gramineae)[J]. *Acta Botanica Sinica*, 1999,**41**(5):88-91.

[14] 吕 婷,刘玉萍,周勇辉,等. 荒漠植物沙鞭(Psammochloa villosa)种质资源收集及谱系遗传分化初探[J]. 草地学报,2018,**26**(3):733-740.
LÜ T, LIU Y P, ZHOU Y H, *et al*. Germplasm collection and preliminary studies on genealogical differentiation of A desert species—*Psammochloa villosa*[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2018,**26**(3):733-740.

[15] 吕 婷. 沙生牧草沙鞭的遗传多样性研究[D]. 西宁:青海师范大学,2019.

[16] 徐 波,孙文光,李志敏. 青藏高原5种石竹科垫状植物的核型研究[J]. 西北植物学报,2020,**40**(7):1 157-1 163.
XU B, SUN W G, LI Z M. Karyological study of five cushion plants of Caryophyllaceae in Qinghai-Tibet plateau[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2020,**40**(7):1 157-1 163.

[17] 费昭雪,雷 珊,崔苗苗,等. 秦岭野生春兰和蕙兰染色体核型分析[J]. 林业科技通讯,2020,(5):24-27.
FEI Z X, LEI S, CUI M M, *et al*. Karyotype analysis of wild *Cymbidium goeringii* and *Cymbidium faberi* from Qinling[J]. *Forest Science and Technology*, 2020,(5):24-27.

[18] 邓爱辉,李 柯,程 银,等. 不同居群老鸦瓣核型分析[J]. 中药材,2016,**39**(3):493-498.
DENG A H, LI K, CHENG Y, *et al*. Karyotype analysis of different populations of *Tulipa edulis*[J]. *Journal of Chinese Medicinal Materials*, 2016,**39**(3):493-498.

[19] 李国泰. 百合科4种植物染色体的核型比较[J]. 中国林副特产,2017,(6):21-25.
LI G T. The Liliaceae four plant chromosome karyotype analysis[J]. *Forest by-Product and Speciality in China*, 2017,(6):21-25.

[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. Genome and karyotype analyse of plant[J]. *Bulletin of Biology*, 1981,**16**(4):18-21.

[21] KOU S R, WANG T 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 L. Chromosomal evolution in higher plants[EB/OL]. 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] 李晓莉,贺新桠,肖鑫辉,等. 5个木薯品种染色体核型与聚类分析[J]. 热带作物学报,2019,**40**(1):79-86.
LI X L, HE X Y, XIAO X H, *et al*. Karyotype and cluster analysis of five cassava(*Manihot esculenta* crantz) varieties[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2019,**40**(1):79-86.

[26] 雷海英,侯沁文,白凤麟,等. 八种不同产地苦参的染色体数目及核型分析[J]. 植物生理学报,2019,**55**(7):967-974.
LEI H Y, HOU Q W, BAI F L, *et al*. Chromosome number and karyotype analysis of *Sophora flavescens* Ait. from eight different habitats[J]. *Plant Physiology Journal*, 2019,**55**(7):967-974.

[27] 杨光穗,冷青云,王呈丹,等. 16个红掌品种的核型分析[J]. 热带作物学报,2016,**37**(12):2 283-2 287.
YANG G S, LENG Q Y, WANG C D, *et al*. A karyological study of 16 *Anthurium* cultivars[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2016,**37**(12):2 283-2 287.

[28] 张建波,白史且,张新全,等. 川西北高原12个垂穗披碱草居群的核型研究[J]. 西北植物学报,2008,**28**(5):946-955.
ZHANG J B, BAI S Q, ZHANG X Q, *et al*. Karyotypes of 12 *Elymus nutans* l. in the northwestern plateau of Sichuan Province[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2008,**28**(5):946-955.

[29] 孙 勃,辜金花,童袁桃,等. 不同产地木耳菜的染色体核型分析[J]. 西北植物学报,2017,**37**(8):1 525-1 532.
SUN B, GU J H, TONG Y T, *et al*. Chromosome karyotype analysis of Malabar spinach (*Basella alba*) from different origins[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2017,**37**(8):1 525-1 532.

[30] 段永红,渠云芳,王玉庆,等. 不同产地苦参核型及似近系数聚类分析[J]. 中国药学杂志,2014,**49**(14):1 194-1 199.

DUAN Y H, QU Y F, WANG Y Q, *et al*. Analysis of karyotypes and resemblance-near coefficients of *Sophora flavescens* from different producing origins[J]. *Chinese Pharmaceutical Journal*, 2014, **49**(14): 1 194-1 199.

[31] 苏丹美，李　娟，郭先林，等. 匍茎百合的细胞地理学分析[J]. 西北植物学报，2021，**41**(2)：323-330.
SU D M, LI J, GUO X L, *et al*. Cytogeographical analysis of *Lilium lankongense*[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2021, **41**(2): 323-330.

[32] 吴建波，陈成彬，包晓影，等. 内蒙古中东部草原贝加尔针茅、大针茅和克氏针茅的染色体核型分析[J]. 植物研究，2009，**29**(5)：534-538.
WU J B, CHEN C B, BAO X Y, *et al*. Chromosome numbers and karyotypes of *Stipa baicalensis*, *Stipa grandis* and *Stipa krylovii* in Inner-Mongolia Steppe[J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2009, **29**(5): 534-538.

[33] 李晓玲，王雪松，程岁寒，等. 苍术属植物 6 个居群的染色体核型分析[J]. 植物遗传资源学报，2015，**16**(1)：185-191.
LI X L, WANG X S, CHENG S H, *et al*. Chromosome karyotype analysis of six populations in *Atractylodes* DC[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, **16**(1): 185-191.

（编辑：宋亚珍）

《西北植物学报》投稿须知

1. **内容范围**　《西北植物学报》立足西北，面向全国，主要刊载有关植物遗传育种学、分子生物学、植物基因工程、植物解剖学、植物分类学、植物生理生化、药用植物成分分析，以及植物群落生态学、生物多样性、植被演替、植物区系等基础理论研究方面具有创新性的原始论文和具有较高学术水平的综述论文。

2. **投稿**　初投稿请作者登录《西北植物学报》编辑部网站（http://xbzwxb.alljournal.net）注册投稿。作者可以推荐 1～2 名非作者单位的审稿人。投稿时作者务必填写《西北植物学报》论文著作权专有许可使用代理与授权书（本刊网站下载）并寄编辑部，2018 年起本刊投稿时不收取审稿费。

3. **投稿作者诚信要求**　投稿论文内容真实、客观，并为原创研究论文，不涉及保密，无知识产权问题和学术不端问题，并且无一稿两投。

4. **来稿信息要求**　作者姓名、工作单位、地址、联系电话、E-mail，并在篇首页页脚注明论文的基金项目来源名称及编号；作者简介：包括姓名（出生年－）、性别、学历、学位（或在读研究生）、职称（博士生导师、院士）及所从事的专业研究方向。

5. **排版要求**　来稿请用 5 号字 1.5 倍行距排版，图表插入文中适当位置。标点符号力求正确。外文字母大、小写必须分清，数字或符号的斜体、上下标必须标注准确。凡文中首次出现的植物属、种名须附拉丁文学名（斜体）并核对无误。

6. **论文文字要求**　本刊刊载论文主体语种为汉语，以下提到的论文要素要求中英文对照：论文题名、作者姓名、作者单位、摘要、关键词；表格题名、插图题名。另外，表格内所有文字包括表格下方注解要求中英文对照；插图图例以及横纵坐标量名称要求中英文对照。

7. **参考文献**　论文中引用的参考文献，原则上按照源文献语种著录，比如中文图书以及博硕士论文用中文著录，中文科技期刊文献在文后参考文献表中全部要求采用中文和英文双语著录，详细说明参见网站参考文献格式要求。

8. **说明**　为扩大学术交流渠道，本刊已加入中国知网《中国学术期刊（网络版）》、中国核心期刊（遴选）数据库（万方数据·数字化期刊群）、中文科技期刊数据库（科技部西南信息中心重庆维普资讯公司）、中国台湾华艺中文电子期刊服务——思博网（CEPS）和超星期刊数据库，作者著作权使用费与本刊稿酬一次给付结清。稿件一经刊出，将赠送样刊 2 本。