

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201702034

王龙远, 唐明. 两种羽叶菊属植物(菊科: 千里光族)的细胞学研究及其系统学意义 [J]. 广西植物, 2017, 37(10):1330-1334

WANG LY, TANG M. Cytological study and systematic significance of two species in *Nemosenecio* (Compositae: Senecioneae) [J]. *Guihaia*, 2017, 37(10):1330-1334

## 两种羽叶菊属植物(菊科: 千里光族)的 细胞学研究及其系统学意义

王龙远<sup>3</sup>, 唐明<sup>1, 2\*</sup>

( 1. 江西农业大学 林学院, 南昌 330045; 2. 江西省竹子种质资源与利用重点实验室, 南昌 330045;  
3. 中山大学 生命科学学院, 生物防治和广东植物资源重点实验室, 广州 510275 )

**摘要:** 该研究首次报道了滇羽叶菊和台湾刘寄奴的染色体数据。结果表明: 两者的染色体数量都为 48, 核型公式均为  $2n=2x=36m+10sm+2st$ , 与前人报道的刻裂羽叶菊的核型稍有不同。两者的染色体形态均由大到小逐渐变化, 核型二型性不明显, 但前者染色体明显比后者大。这说明羽叶菊属染色体基数确实应为  $x=24$ , 且染色体大小在种间有较大差异。细胞学证据表明, 该属与蒲儿根属中染色体基数为  $x=24$  的类群以及狗舌草属确实近缘。

**关键词:** 染色体基数, 菊科, 细胞学, 核型, 羽叶菊属

中图分类号: Q944 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2017)10-1330-05

## Cytological study and systematic significance of two species in *Nemosenecio* (Compositae: Senecioneae)

WANG Long-Yuan<sup>3</sup>, TANG Ming<sup>1, 2\*</sup>

( 1. College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China; 2. Key Laboratory for Bamboo Germplasm Resources and Utilization, Nanchang 330045, China; 3. State Key Laboratory of Biocontrol and Guangdong Key Laboratory of Plant Resources, School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China )

**Abstract:** *Nemosenecio yunnanensis* and *N. formosanus*, chromosomal dates of two species in *Nemosenecio*, are reported for the first time herein. The results showed that both of these two species have 48 chromosomes, with their karyotypes being  $2n=2x=36m+10sm+2st$ , which are somewhat different from that of *N. incisifolius* previously reported. The chromosomes of the both two species showed a steady gradation from the longest to the shortest in length, with no evidence of bimodality, while the chromosomes size of the former are obviously much bigger than those of the latter. The results confirm that  $x=24$  should be the basic chromosome number in *Nemosenecio*, and also reveal that the genus *Nemosenecio* is indeed closely relative to those species with  $x=24$  as the basic chromosome number in *Sinosenecio* and *Tephrosieris* at general level.

**Key words:** basic chromosome number, Compositae, cytology, karyotype, *Nemosenecio*

收稿日期: 2017-04-20 修回日期: 2017-06-06

基金项目: 国家自然科学基金(31500166) [Supported by the National Natural Science Foundation of China (31500166)].

作者简介: 王龙远(1985-), 男, 山东临沂人, 硕士, 从事植物分类学研究, (E-mail) wangly27@mail2.sysu.edu.cn。

\* 通信作者: 唐明, 博士, 讲师, 从事植物分类学研究, (E-mail) TM148865@126.com。

羽叶菊属 [*Nemosencio* (Kitamura) B. Nord.] 是菊科千里光族狗舌草亚族 (Compositae- Senecioneae- Tephrosieridinae) 的一个小属, 原为千里光属中的一个组, Nordenstam (1978) 因其叶形态、总苞片形态和花部微形态特征与千里光属不同而将其提升为属。该属共 6 个种, 仅分布于中国和日本。中国包括 5 个种, 其中 4 种集中分布于中国西南和中部地区, 即刻裂羽叶菊 [*N. incisifolius* (J. F. Jeffrey) B. Nord.], 滇羽叶菊 (*N. yunnanensis* B. Nord.), 茄状羽叶菊 [*N. solenoids* (Dunn) B. Nord.] 和裸果羽叶菊 [*N. concinus* (Franch.) C. Jeffrey & Y. L. Chen], 台湾地区一个种, 即台湾刘寄奴 [*N. formosanus* (Kitam.) B. Nord.]. 日本仅有一个种, 即日本羽叶菊 [*N. nikoensis* (Miq.) B. Nord.] (Jeffrey & Chen, 1984; Chen, 1999; Nordenstam, 2007; Chen et al, 2011)。

细胞学资料在分类学和系统学研究中具有极为重要的价值, 在菊科千里光族中尤为重要 (Nordenstam et al, 2009; Liu, 1999; Ren & Yuan, 2010; Liu & Yang, 2011; Tang et al, 2013a, b; Tang et al, 2014; Tong et al, 2017; Tang, 2014)。羽叶菊属迄今已有两个种的细胞学报道, 即 *Nemosencio nikoensis* (Ishikawa, 1916; Arano, 1962, 1970; Taniguchi et al, 1975) 和 *N. incisifolius* (Liu & Yang, 2011)。*N. nikoensis* 的染色体基数有  $n=5$ 、 $n=10$ 、 $n=20$  和  $n=24$  等 (Nordenstam, 2007), 但 Koyama (1965) 和 Coudry et al (1980) 指出关于该种的染色体数目  $n=10$  和  $2n=40$  应该为错误报道, 因为他们通过实验发现该种的染色体数目稳定, 都为  $2n=48$ 。Taniguchi et al (1975) 关于该种染色体基数为  $2n=10$  应该也属于错误计数 (Liu, 2010)。Liu & Yang (2011) 报道了 *N. incisifolius* 的染色体数目, 也为  $2n=48$ , 因此他们推测该属的染色体基数为  $x=24$  是比较可靠的。此外, 他们还报道了该种的核型为  $2n=32m+16sm$ , 为该属植物核型的首次报道。

需要注意的是, 染色体数目在属内也可能具有变化, 这一特征在菊科千里光族植物中也很常见 (Nordenstam et al, 2009; Liu, 2010; Liu et al, 2011; Ren, 2012)。本研究首次报道了 *Nemosencio yunnanensis* 和 *N. formosanus* 的染色体资料, 以期进一步验证羽叶菊属的染色体数目是否稳定, 并探求其在羽叶菊属属内以及羽叶菊属和近缘的狗舌草

属和蒲儿根属间的分类学和系统学价值。

## 1 材料与方法

在贵州纳雍采集到滇羽叶菊的一个居群, 并将其活体材料移栽于中国科学院华南植物园。收集了台湾刘寄奴的种子, 并在中国科学院华南植物园进行培育使其生根发芽。染色体标本制备主要按照 Tang et al (2003a, b) 的方法。分别取两个种各约 1 cm 长的新鲜根尖, 清水洗净, 首先置于 0.1% 秋水仙素溶液中 2.5 h, 之后取出根尖并置于卡诺氏固定液 (无水乙醇: 冰醋酸=3:1) 中进行固定 2.5 h, 然后置于清水中漂洗 3 次, 再将其置于 10% HCl 溶液和 45% 冰醋酸混合溶液 (1:1) 中, 37 °C 水浴解离 45 min 后, 清水漂洗 3 次, 改良苯酚品红染色 4 h, 再采取根尖压片法压片并镜检。

每个种的核型分析结果均基于 5 个中期细胞染色体显微拍照后的测量数据。染色体分类标准参考 Levan et al (1964): 中部染色体 (m) = 染色体长臂与短臂比值为 1.0~1.7; 近中部染色体 (sm) = 染色体长臂与短臂比值为 1.7~3.0; 近端部染色体 (st) = 染色体长臂与短臂比值为 3.0~7.0。核型分类标准参考 Stebbins (1971), 染色体不对称指数测量方法参考 Romero (1986)。凭证标本存于中国科学院华南植物园 (IBSC)。

## 2 结果与分析

如图版 I 和表 1 所示, 研究的滇羽叶菊 (*Nemosencio yunnanensis*) 和台湾刘寄奴 (*N. formosanus*) 的染色体数量一致且稳定, 均为  $2n=48$ 。两个种都只有大量中部染色体和近中部染色体, 少量近端部染色体, 未观察到随体和 B 染色体。染色体都由大到小均匀变化, 二型性不明显, 核型均为  $2n=2x=36m+10sm+2st$ 。*N. yunnanensis* 的染色体长度为 1.79~4.42  $\mu\text{m}$ , 总长度为 129.52  $\mu\text{m}$ , 染色体间不对称指数 ( $A_1$ ) = 0.25, 染色体内不对称指数 ( $A_2$ ) = 0.33; *N. formosanus* 的染色体明显更小, 长度为 1.05~2.00  $\mu\text{m}$ , 总长度为 71.72  $\mu\text{m}$ , 染色体间不对称指数 ( $A_1$ ) = 0.22, 染色体内不对称指数 ( $A_2$ ) = 0.24。按 Stebbins (1971) 的核型分类标准, 这两个种的核型均为 2B 型。

表 1 研究的材料来源及其染色体数目和核型

Table 1 Source of material studied, chromosome numbers and karyotype formulae

种 Taxon	采集地点和凭证标本 Locality and voucher	染色体数 Chromosome number (2n)	核型公式 Karyotype formula	染色体长度 Chromosome length range ( $\mu\text{m}$ )	总长度 Total length ( $\mu\text{m}$ )	染色体 间 不对称 指数 $A_1$	染色体 体内 不对称 指数 $A_2$	Stebbins 核型类型 Stebbins' s type	观察的 细胞数 No. of metaphase cells observed
滇羽叶菊 <i>Nemosenecio yunnanensis</i>	贵州,纳雍,王龙和任 琛 52 (IBSC) Guizhou, Nayong, L. Wang & C. Ren 52 (IBSC)	48	36m+10sm+2st	1.79~4.42	129.52	0.25	0.33	2B	5
台湾刘寄奴 <i>N. formosanus</i>	台湾,无具体采集地 址,任琛 193 (IBSC) Taiwan, without precise locality, C. Ren193 (IBSC)	48	36m+10sm+2st	1.05~2.00	71.72	0.22	0.24	2B	6

### 3 讨论与结论

#### 3.1 染色体数目和染色体基数

前人已经初步论证了该属的 *Nemosenecio nikoensis* 和 *N. incisifolius* 2 个种染色体数目为  $2n=48$ , 并指出有关前种的报道染色体数目  $n=5$ 、 $n=10$ 、 $n=20$  是错误的 (Koyama, 1965; Coudry et al, 1980; Liu, 2010; Liu & Yang, 2011), 但研究的种类还是偏少。本研究首次对 *N. yunnanensis* 和 *N. formosanus* 的细胞学研究结果表明这两个种的染色体数量也为  $2n=48$ 。到目前为止, 羽叶菊属细胞学研究取材料涵盖本属植物整个分布区和多数种类(日本的 *N. nikoensis*, 中国台湾的 *N. formosanus* 及大陆的 *N. incisifolius* 和 *N. yunnanensis*)。因此, 该属染色体基数为  $x=24$  应该没有问题。由于目前尚未发现该属有多倍化现象, 说明染色体多倍化在该属的起源和进化上可能并未起到作用, 同时也说明该属的染色体数量很可能也仅有  $2n=48$  这一种。

#### 3.2 核型

Liu & Yang (2011) 报道了 *Nemosenecio incisifolius* 的核型为  $2n=2x=32m+16sm$ , 无 st 染色体, 而根据本研究, *N. yunnanensis* 和 *N. formosanus* 的核型均为  $2n=2x=48=36m+10sm+2st$ , 具有 2 条 st 染色体, 与 Liu & Yang (2011) 的报道稍有不同。

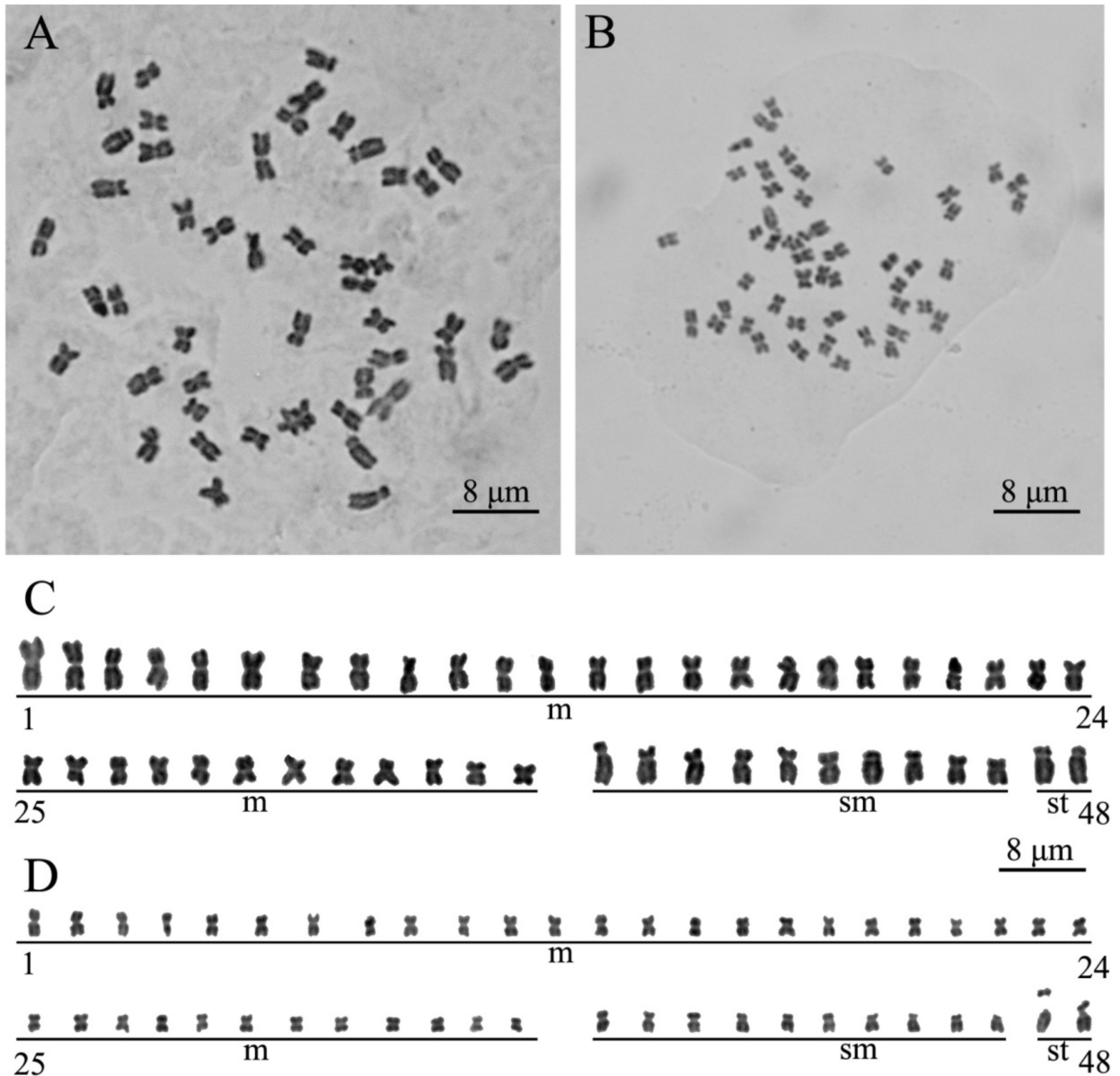
羽叶菊属和蒲儿根属 (*Sinosenecio*) 均属于狗舌草亚族, 前者以叶片常深羽状裂而与后者容易区

别。Liu & Yang (2011) 指出从植物地理学、染色体数目和核型来看, 蒲儿根属中某些染色体基数为  $x=24$  的类群与羽叶菊属亲缘关系很近, 他们还发现 *Nemosenecio incisifolius* 的幼株叶片与蒲儿根属耳柄蒲儿根 (*Sinosenecio euosmus*) 的叶片极为相似, 因此建议将这群染色体基数为  $x=24$  的蒲儿根属植物移至羽叶菊属。鉴于 Liu & Yang (2011) 所研究的 17 种和 1 变种的蒲儿根属植物中染色体基数为  $x=24$  的类群中 16 种均具有 st 染色体 (2~8 条), 本研究两个种的羽叶菊也有两条 st 染色体, 而核型在属内一般较稳定, 因此认为羽叶菊属应具有 st 染色体。

值得注意的是, 运用任何染色体分类系统都必须明确着丝粒变动是连续的量的变异, 任何划分都是相对的 (Hong, 1990)。Levan (1964) 设置的染色体分类系统因具有数值标准而广泛应用, 但由于 m 和 sm 染色体之间以及 sm 和 st 染色体之间均有临界值, 即使是同一条处于临界值附近的染色体, 由于材料处理时间尤其是测量方法 (不论是软件测量或者手工测量) 的原因, 均会产生一定误差, 从而产生两组不同数据进而将其归于不同的染色体类型。为了减少误差, 依据 Levan (1964) 的标准进行核型分析能够做到的就是多次测量且取平均值。Liu & Yang (2011) 得到的核型分析结果中无 st 染色体, 很可能是对临界点的染色体臂长测量出现了偏差, 从而导致将原本的 st 染色体计算后归类为 sm 染色体。

#### 3.3 染色体大小

迄今只有 *Nemosenecio incisifolius*、*N. yunnanensis*



图版 I 滇羽叶菊(A和C)和台湾刘寄奴(B和D)的中期染色体细胞图和核型 A, C. 滇羽叶菊(贵州, 纳雍, 王龙和任琛 52 (IBSC),  $2n=2x=48=36m+10sm+2st$ ); B, D. 台湾刘寄奴(台湾, 无具体地址, 任琛 193,  $2n=2x=48=36m+10sm+2st$ )。

Plate I Metaphase chromosomes and karyotypes of *Nemosenecio yunnanensis* (A and C) and *N. formosanus* (B and D)

A, C. *Nemosenecio yunnanensis* (Guizhou, Nayong, L. Wang & C. Ren 52 (IBSC),  $2n=2x=48=36m+10sm+2st$ );

B, D. *N. formosanus* (Taiwan, without precise locality, C. Ren 193,  $2n=2x=48=36m+10sm+2st$ ).

和 *N. formosanus* 三个种进行过核型分析, 染色体大小与三者的形态特征与地理分布具有明显的相关性。如前所述(表 1), 本研究的 *Nemosenecio yunnanensis* 的染色体明显比 *N. formosanus* 的大, 前者染色体大小与 *N. incisifolius* 非常相近 (Liu & Yang, 2011)。 *N. yunnanensis* 主要分布于云南东部、贵州西部, *N. incisifolius* 主产云南, 两者的地理分布有重叠。 *N. yun-*

*nanensis* 和 *N. incisifolius* 的形态也极为相似, 前者仅以羽状叶小裂片更多(6~10 vs 4~6)、小裂片具少量齿而与后者相区别(1~3 vs 3~5) (Jeffrey & Chen, 1984; Chen, 1999)。 *N. formosanus* 仅产台湾, 其叶裂片明显更少(3 或 4), 头状花序也更小(总苞宽 2~3 mm)。从染色体大小来看, 也很容易将 *N. formosanus* 与前两种区分开。

### 3.4 系统学意义

羽叶菊属原为千里光属下的一个组。本研究对 *Nemosenecio yunnanensis* 和 *N. formosanus* 的细胞学研究结果印证了羽叶菊属染色体基数为  $x=24$ , 且具有一对 st 染色体, 而千里光属的染色体基数为  $x=5$  或 10 (Nordenstam et al, 2009); 核型完全不同, 仅含极少的 sm 染色体, 无 st 染色体 (Tang, 2014)。因此, 细胞学证据表明将羽叶菊属从千里光属中分出并独立为属是合适的。从细胞学证据来看, 羽叶菊属与蒲儿根属中染色体基数为  $x=24$  的类群及狗舌草属应该近缘 (Liu, 2010; Liu & Yang, 2011)。Liu (2010) 指出蒲儿根属植物的染色体资料与一些花部微形态性状如花药内壁细胞壁增厚方式、柱头区构型及花药大小有明显的相关性。其中, 染色体基数为  $x=24$  (稀  $x=13$ ) 的类群具有极化和周缘型的增厚方式、分离的柱头区和较小的花药。羽叶菊属花药内壁细胞壁增厚方式与这群蒲儿根属植物一致 (Jeffrey & Chen, 1984; Chen, 1999), 但柱头区构型及花药大小等特征是否与这些类群一致尚待研究。

**致谢** 感谢刘莹博士提供了部分实验材料和数据, 任琛博士在野外采样中提供了帮助, 感谢中国科学院华南植物园杨亲二研究员领导的种子植物分类学研究组提供了实验上的便利。

### 参考文献:

CHEN YL, 1999. Subtrib. Tephroseridinae [M]// Flora Reipublicae Popularis Sinicae. Beijing: Science Press: 77 (1): 101-166. [陈艺林, 1999. 狗舌草亚族 [M]// 中国植物志. 北京: 科学出版社: 77 (1): 101-166.]

CHEN YL, NORDENSTAM B, JEFFREY C, et al, 2011. Subtrib. Tephroseridinae [M]// Flora of China. Beijing: Science Press, St. Louis: Missouri Botanical Garden Press: 20-21; 464-489.

CHOUdry SA, TANAKA R, TANIGUCHI K, et al, 1980. Karyomorphology of *Senecio nikoensis* [J]. Chromosome Inform Serv, 29: 8-10.

HONG DY, 1990. Cytological taxonomy of plants [M]. Beijing: Science Press: 12-31. [洪德元, 1990. 植物细胞分类学. 北京: 科学出版社: 12-31.]

ISHIKAWA M, 1916. A list of the number of chromosomes [J]. Bot Mag, 30: 404-448. (in Japanese)

JEFFREY C, CHEN YL, 1984. Taxonomic studies on the tribe Senecioneae (Compositae) of Eastern Asia [J]. Kew Bull, 39: 205-446.

KOYAMA H, 1965. On the chromosome number of *Senecio nikoensis* [J]. Acta Phytotax Geobot, 21: 132.

LEVAB A, FREDGA K, SANDBERG AA, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. Hereditas, 52: 201-220.

LIU JQ, 1999. Systematics of the tribe Senecioneae subtribe Tussilaginatae (Asteraceae) of the Eastern Asia [D]. Beijing: Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences: 1-205. [刘健全, 1999. 东亚千里光族款冬亚族 (菊科) 的系统学 [D]. 北京: 中国科学院植物研究所: 1-205.]

LIU Y, 2010. A systematic study of the genus *Sinosenecio* B. Nord. (Compositae) [D]. Beijing: Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences: 1-277. [刘莹, 2010. 菊科蒲儿根属的系统学研究 [D]. 北京: 中国科学院植物研究所: 1-277.]

LIU Y, YANG QE, 2011. Cytology and its systematic implications in *Sinosenecio* (Senecioneae-Asteraceae) and two closely related genera [J]. Plant Systemat Evol, 291: 7-24.

NORDENSTAM B, 1978. Taxonomic studies on the tribe Senecioneae (Compositae) [J]. Opera Bot, 44: 1-84.

NORDENSTAM B, PELSER PB, KADEREIT JW, et al, 2009. Senecioneae [M]// Systematics, Evolution, and Biogeography of Compositae. Vienna: International Association for Plant Taxonomy: 503-525.

ROMERO ZC, 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry [J]. Taxon, 35: 526-530.

REN C, 2012. Cytotaxonomy, molecular systematics, and biogeography of the *Ligularia-Cremanthodium-Parasenecio* complex (Asteraceae-Senecioneae) [D]. Guangzhou: South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences: 1-140. [任琛, 2012. 橐吾属—垂头菊属—蟹甲草属 (菊科——千里光族) 复合体的细胞分类学、分子系统学和生物地理学 [D]. 北京: 中国科学院华南植物园: 1-140.]

REN C, YUAN Q, 2010. Cytotaxonomy of *Senecio tricuspis* (Asteraceae) [J]. Nord J Bot, 28: 702-704.

STEBBINS GL, 1971. Chromosomal evolution in higher plants [M]. London: Edward Arnold: 1-216.

TANIGUCHI K, TANAKA R, YONEZAWA Y, et al, 1975. Types of banding patterns of plant chromosomes by modified BSG method [J]. Kromosomo, 100: 3123-3135.

TANG M, 2014. A systematic study of the genus *Synotis* (Compositae-Senecioneae) [D]. Guangzhou: South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences: 1-222. [唐明, 2014. 合耳菊属 (菊科——千里光族) 的系统学研究 [D]. 广州: 中国科学院华南植物园: 1-222.]

TANG M, HONG Y, YANG QE, 2013b. *Synotis baoshanensis* (Asteraceae), a new species from Yunan, China [J]. Bot Stud, 54 (1): 17.

TANG M, REN C, YANG QE, 2014. *Parasenecio chenopodifolius* (Compositae-Senecioneae) is a *Synotis* and conspecific with *S. otophylla* based on evidence from morphology, cytology, and molecular systematics [J]. Nord J Bot, 32 (6): 824-835.

TANG M, WANG LY, YANG QE, 2013a. *Synotis Xinningensis* (Asteraceae), a new species from Hunan, China [J]. Bot Stud, 54 (1): 16.

TONG TJ, TANG M, YANG QE, et al, 2017. *Senecio kumanoensis* (Asteraceae, Senecioneae) is a *Synotis* based on evidence from karyology and nuclear ITS/ETS sequence data [J]. Phytotaxa, 292 (1): 35-46.