

149-155  
4

## 鹅观草属 5 种植物的核型研究

周永红, 孙根楼, 杨俊良

(四川农业大学小麦研究所, 都江堰市 611830)

Q949.714.2

**摘要** 本文首次对我国 5 种鹅观草属 *Roegneria* 植物的核型进行了分析。5 个种的染色体数目均为  $2n=4x=28$ 。它们的核型是: 高株鹅观草 *R. altissima*,  $2n=4x=28=26m+2sm$  (SAT); 假花鳞草 *R. anthosachnoides*,  $2n=4x=28=22m+4sm+2sm$  (SAT); 长芒鹅观草 *R. dolichathera*,  $2n=4x=28=20m+6sm+2sm$  (SAT); 林地鹅观草 *R. sylvatica*,  $2n=4x=28=22m+4sm+2sm$  (SAT); 多变鹅观草 *R. varia*,  $2n=4x=28=20m+6sm+2sm$  (SAT)。它们的核型均属 2A 型。每种植物均有一对随体染色体。

**关键词** 鹅观草属; 核型

染色体组型; 禾本科

## STUDY ON KARYOTYPES OF 5 SPECIES OF ROEGNERIA

Zhou Yonghong, Sun Genlou and Yang Junliang

(Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Dujiangyan)

**Abstract** The present paper deals with the karyotype analysis of 5 species of *Roegneria* in China for the first time. The number of their somatic chromosomes in root-tip cells are all tetraploid, with  $2n=4x=28$ . Their karyotype formulae are as follows: *R. altissima*,  $2n=4x=28=26m+2sm$ (SAT); *R. anthosachnoides*,  $2n=4x=28=22m+4sm+2sm$ (SAT); *R. dolichathera*,  $2n=4x=28=20m+6sm+2sm$ (SAT); *R. sylvatica*,  $2n=4x=28=22m+4sm+2sm$ (SAT); *R. varia*,  $2n=4x=28=20m+6sm+2sm$  (SAT). The karyotypes belong to 2A type. They all have a pair of satellite chromosomes.

**Key words** *Roegneria*; karyotype

鹅观草属 *Roegneria* C. Koch 隶属于禾本科小麦族 Triticeae Dumortier, 全世界约有 120 种之多, 我国约有 80 种<sup>[5,6]</sup>, 广泛分布于温带地区, 是小麦等作物现代育种的重要基因资源。在传统分类上, 按照穗轴节上的小穗数来划分鹅观草属与披碱草属, 即每穗轴节上鹅观草属具一个小穗, 而披碱草属具两个以上的小穗。近年来应用细胞遗传学的研究, 发现鹅观草属中的一些物种具有与披碱草属 *Elymus* 相同的 SH 染色体组, 即鹅观草属具 SY 染色体组, 而披碱草属具 SH 染色体组, 因而有的学者认为该两属应予合并而将其并入 *Elymus* 中<sup>[7,8,9,11]</sup>。为此对鹅观草属植物进行系统地研究, 在理论和实践上都具有重要的意义。目前我们正在进行鹅观草属植物的物种生物学研究, 核型特征及其变异特点是研究中的一个部分。对鹅观草属植物的核型研究来说, 目前仅见极少数几个种有报道<sup>[2,3,4]</sup>。本文所分析的 5 个种, 其核型为首次报道。

国家自然科学基金资助课题

材料和方法

研究的材料、采集地点和标本号见表1。

将表1中所列材料的种子在25℃恒温条件下萌发取根，根尖在0—4℃中冷冻处理28—30小时。卡诺氏I（冰醋酸：酒精为1：3）固定液固定24小时，然后在常温下用IN盐酸离解20—30分钟，在醋

表1 核型分析的材料及来源  
Table 1 The name and source of the materials for karyotype analysis

种名 Species	采集地点 Locality	标本号 Vouchers
<i>R. altissima</i>	四川巴塘—理塘松多山	Yang et al Y2208
<i>R. anthosachnoides</i>	甘肃夏河清水	Yang et al Y2402
<i>R. dolichathera</i>	四川汶川卧龙	Yang et al Y2263
<i>R. sylvatica</i>	新疆清河和尔尼托合海	Yang et al Y1693
<i>R. varia</i>	甘肃临夏	Yang et al Y2441

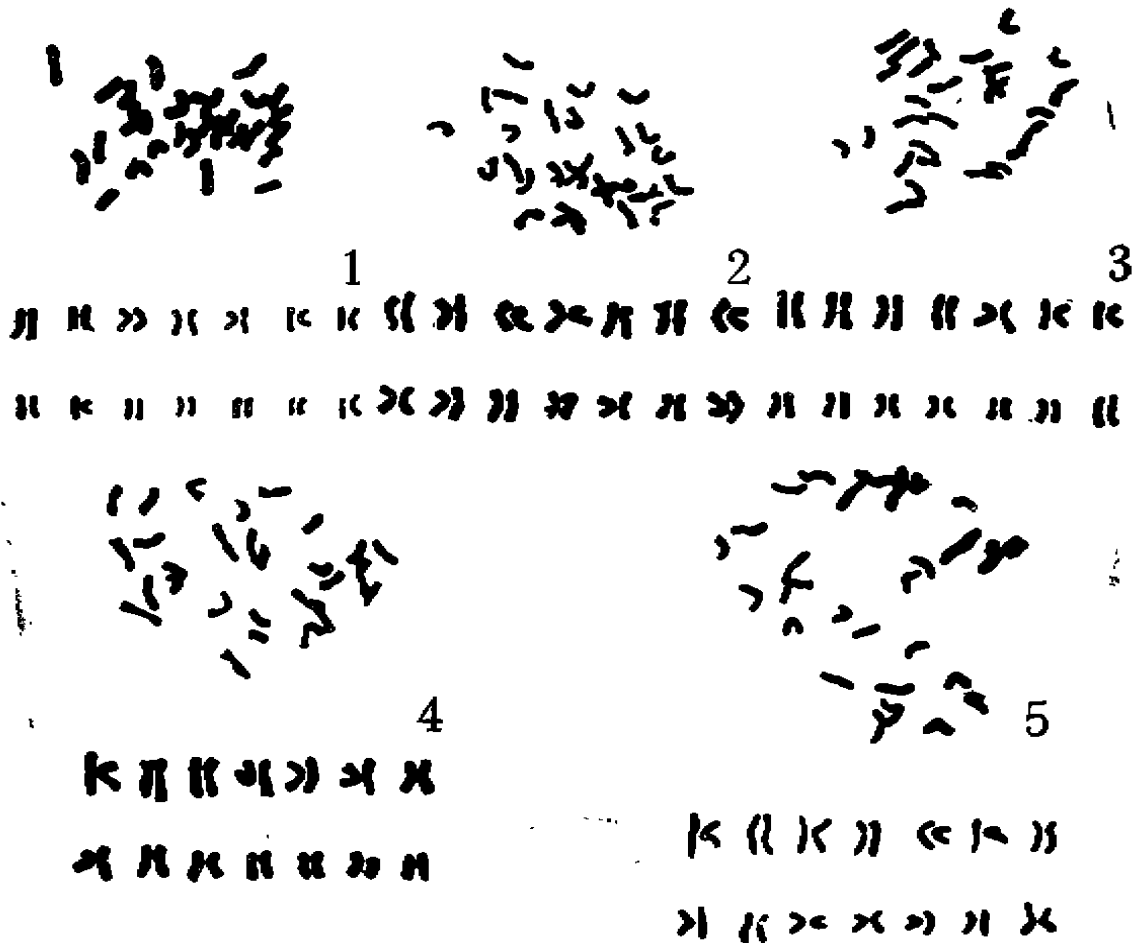


图1 鹅观草属5种植物的染色体及核型

Fig.1 The chromosome numbers and karyotypes of 5 species of *Roegneria*

- 1. *Roegneria dolichathera* Keng
- 2. *Roegneria sylvatica* Keng et S. L. Chen
- 3. *Roegneria altissima* Keng
- 4. *Roegneria anthosachnoides* Keng
- 5. *Roegneria varia* Keng

表 2 鹅观草属 5 个种的染色体参数  
Table 2 The parameters of chromosomes of 5 species of *Roegneria*

种名	染色体序号	相对长度 (%)	臂比 (长/短)	类型	种名	染色体序号	相对长度 (%)	臂比 (长/短)	类型
Species name	Chromosome No.	Relative length (%)	Arm ratio (L/S)	Type	Species name	Chromosome No.	Relative length (%)	Arm ratio (L/S)	Type
<i>Roegneria altissima</i>	1	3.92+5.20=9.12	1.33	m	<i>R. dolichathera</i>	8	3.04+3.91=6.95	1.29	m
	2	3.83+5.13=8.96	1.34	m		9	3.19+3.56=6.75	1.11	m
	3	3.36+5.38=8.74	1.60	m		10	2.17+4.19=6.36	1.93	sm
	4	4.09+4.29=8.38	1.05	m		11	2.95+3.28=6.23	1.11	m
	5	3.24+5.04=8.28	1.56	m		12	2.67+3.35=6.02	1.25	m
	6	3.68+3.99=7.57	1.11	m		13	2.17+3.37=5.54	1.66	m
	7	3.21+3.68=6.79	1.12	m		*14	1.73+3.52=5.25	2.04	sm (SAT)
	8	2.60+3.97=6.57	1.53	m		1	4.28+4.43=8.71	1.04	m
	9	2.49+3.92=6.41	1.57	m		2	3.78+4.39=8.17	1.16	m
	10	2.92+3.37=6.29	1.15	m		3	2.60+5.38=7.98	2.07	sm
	11	2.94+3.13=6.07	1.06	m		4	3.25+4.66=7.91	1.43	m
	12	2.36+3.63=6.88	1.50	m		5	2.37+5.23=7.60	2.21	sm
	13	2.60+3.17=5.77	1.22	m		6	3.28+4.28=7.56	1.30	m
	*14	1.67+3.51=5.18	2.10	sm (SAT)		7	3.52+3.97=7.49	1.13	m
<i>R. anthosachnoides</i>	1	3.96+5.44=9.40	1.37	m	<i>R. sylvatica</i>	8	3.51+3.70=7.21	1.05	m
	2	2.86+5.88=8.74	2.06	sm		9	2.75+4.39=7.14	1.60	m
	3	3.69+4.81=8.50	1.30	m		10	2.71+4.31=7.02	1.59	m
	4	3.38+4.96=8.33	1.46	m		11	2.90+3.61=6.41	1.21	m
	5	3.85+4.18=8.03	1.09	m		12	2.94+3.25=6.19	1.11	m
	6	3.65+4.12=7.77	1.13	m		13	2.44+2.94=5.38	1.20	m
	7	3.30+4.04=7.34	1.22	m		*14	1.60+3.63=5.23	2.27	sm (SAT)
	8	2.91+3.93=6.84	1.35	m		1	4.25+5.63=9.88	1.32	m
	9	3.16+3.44=6.60	1.09	m		2	4.42+4.53=8.95	1.02	m
	10	2.17+4.04=6.21	1.86	sm		3	3.92+4.25=8.17	1.08	m
	11	2.86+3.19=6.05	1.16	m		4	2.76+4.97=7.73	1.80	sm
	12	2.66+3.16=5.82	1.19	m		5	3.31+4.31=7.62	1.30	m
	13	2.61+2.86=5.47	1.10	m		6	2.87+4.53=7.40	1.68	m
	*14	1.59+3.27=4.86	2.06	sm (SAT)		7	2.43+4.69=7.12	1.93	sm
<i>R. varia</i>	1	3.30+5.70=9.00	1.73	sm	<i>R. varia</i>	8	3.31+3.70=7.01	1.12	m
	2	4.29+4.60=8.89	1.07	m		9	2.32+4.69=7.01	2.02	sm
	3	4.13+4.30=8.43	1.04	m		10	3.20+3.37=6.57	1.05	m
	4	3.64+4.37=8.01	1.20	m		11	2.71+3.37=6.08	1.24	m
	5	2.85+6.01=7.86	1.76	sm		12	2.60+3.31=5.91	1.27	m
	6	3.51+4.05=7.56	1.15	m		13	2.21+3.09=5.30	1.40	m
	7	3.46+3.71=7.17	1.07	m		*14	1.88+3.37=5.25	1.79	sm (SAT)

\*随体长度未算在内

The length of satellite is not included in the chromosome length

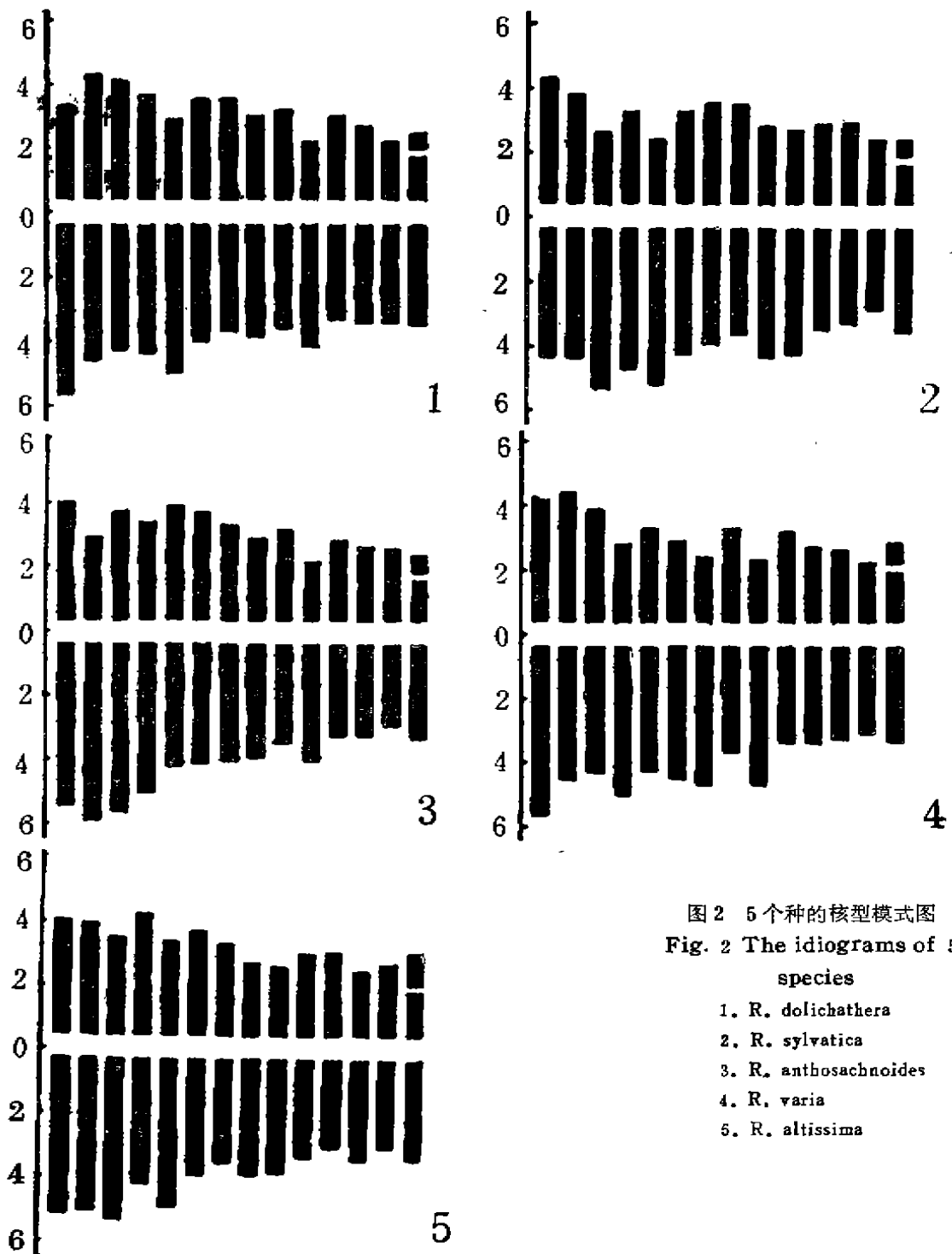


图2 5个种的核型模式图  
 Fig. 2 The idiograms of 5 species

- 1. *R. dolichathera*
- 2. *R. sylvatica*
- 3. *R. anthosachnoides*
- 4. *R. varia*
- 5. *R. altissima*

酸洋红中冷冻处理2—3天，用醋酸洋红压片。每种以5个有丝分裂分散较好的细胞取核型平均值，计算按李懋学等<sup>[1]</sup>的方法，核型分类按Stebbins<sup>[10]</sup>的方法。

凭证标本存于四川农业大学小麦研究所标本室。

### 观察结果

本文 5 种植物的染色体形态如图 1 所示, 核型模式图见图 2, 染色体各参数见表 2。

1. 高株鹅观草 (*R. altissima* Keng), 根尖细胞染色体数目为 28。核型公式为:  $2n = 4x = 28 = 26m + 2sm (SAT)$ , 其中第 14 对为近中部着丝点染色体并具随体, 其余 13 对全是中部着丝点染色体 (图 1: 3, 图 2: 5)。染色体长度比是 1.76, 核型为 2A 型。

2. 假花鳞草 (*R. anthosachnoides* Keng), 根尖细胞染色体数目为 28。核型公式为:  $2n = 4x = 28 = 22m + 4sm + 2sm (SAT)$ , 其中第 2 对、第 10 对和第 14 对是近中部着丝点染色体, 并且第 14 对为具随体染色体, 其余全为中部着丝点染色体 (图 1: 4, 图 2: 3)。染色体长度比是 1.93, 核型属 2A 型。

3. 长芒鹅观草 (*R. dolichathera* Keng), 根尖细胞染色体数目为 28。核型公式为:  $2n = 4x = 28 = 20m + 6sm + 2sm (SAT)$ , 其中第 1 对、第 5 对、第 10 对和第 14 对为近中部着丝点染色体, 并且第 14 对为具随体染色体, 其余全为中部着丝点染色体 (图 1: 1, 图 2: 1)。染色体长度比是 1.71, 核型属 2A 型。

4. 林地鹅观草 (*R. sylvatica* Keng et S. L. Chen), 根尖细胞染色体数目为 28。核型公式为:  $2n = 4x = 28 = 22m + 4sm + 2sm (SAT)$ , 其中第 3 对、第 5 对和第 14 对为近中部着丝点染色体, 并且第 14 对为具随体染色体, 其余全为中部着丝点染色体 (图 1: 2, 图 2: 2)。染色体长度比是 1.67, 核型属 2A 型。

5. 多变鹅观草 (*R. varia* Keng), 根尖细胞染色体数目为 28。核型公式为:  $2n = 4x = 28 = 20m + 6sm + 2sm (SAT)$ , 其中第 4 对、第 7 对、第 9 对和第 14 对为近中部着丝点染色体, 并且第 14 对为具随体染色体, 其余全为中部着丝点染色体 (图 1: 5, 图 2: 4)。染色体长度比是 1.88, 核型为 2A 型。

### 讨 论

为了便于对所分析的 5 种鹅观草核型进行比较, 现将它们核型的主要特征列于表 3 中。

本文所分析的 5 个种都是四倍体, 每个种的第 14 对染色体都是具随体染色体。它们的核型除 *R. altissima* 有 1 对近中部着丝点染色体外, 其余各个种均具有 3 或 4 对近中部着丝点染色体, 其中 *R. anthosachnoides* 和 *R. sylvatica* 具 3 对, 而 *R. dolichathera* 和 *R. varia* 具 4 对。它们的核型类型都是 2A 型。

Stebbins<sup>[10]</sup> 认为, 核型的进化趋势是由对称向不对称发展, 具中部着丝点位置多的核型较原始, 而具中部着丝点位置较少的核型通常是进化的种。因此可以来推测在这 5 个种中, *R. altissima* 较为原始, 其次是 *R. anthosachnoides* 和 *R. sylvatica*, 而 *R. dolichathera* 和 *R. varia* 是较进化的种。

在 *Roegneria* 中, 已知模式种 *R. caucasica* C. Koch 的核型<sup>[2]</sup> 以及 *R. ciliaris* (Trim.) Nevski 的核型<sup>[4]</sup> 具两对随体染色体, 分别位于第 12 和第 14 对染色体上, 2A 类型。*R. fedtschenkoi* (Tzvel) J. L. Yang et B. R. Lu 和 *R. komarovii* (Nevski) Nevski 的核型仅具一对随体染色体, 位于第 12 对染色体上, 2A 型<sup>[2]</sup>。本文分析的

表3 鹧观草属5个种的核型比较  
Table 3 Comparison of karyotypes among 5 species *Roegneria*

种名	核型公式	染色体长度比	臂比大于2的染色体的%	类型
Species	Karyotype formula	Ratio of chromosome length	% of chromosome of arm ratio > 2	Type
<i>Roegneria altissima</i>	$2n = 4x = 28$ $= 26m + 2sm (SAT)$	1.76	0.07	2A
<i>R. anthosachnoides</i>	$2n = 4x = 28 = 22m$ $+ 4sm + 2sm (SAT)$	1.93	0.14	2A
<i>R. dolichathera</i>	$2n = 4x = 28 = 20m$ $+ 5sm + 2sm (SAT)$	1.71	0.07	2A
<i>R. sylvatica</i>	$2n = 4x = 28 = 22m$ $+ 4sm + 2sm (SAT)$	1.57	0.21	2A
<i>R. varia</i>	$2n = 4x = 28 = 20m$ $+ 5sm + 2sm (SAT)$	1.88	0.07	2A

5个种的核型只具一对随体染色体，但位于第14对染色体上，核型类型同为2A型。由目前已研究的该属四倍体种植物的核型来看，随体染色体的位置有3种类型：1) 两对随体染色体，位于第12和第14对染色体上；2) 一对随体染色体，位于第12对染色体上；3) 一对随体染色体，位于第14对染色体上。但都只涉及到第12和第14对染色体。

本文中的5个种的染色体大小和染色体长度比差异不太悬殊，表现出一定的相似性，可能表明它们之间有共同的起源和不同程度的同质性，它们核型间的差异，可能只是在于进化水平上的不同。

#### 参 考 文 献

- [1] 李懋学、陈瑞阳, 1985: 关于植物核型分析的标准化问题, 武汉植物学研究, 3(4): 267—302.
- [2] 孙根楼、颜 济、杨俊良, 1992: 鹧观草属几个种核型的研究, 云南植物研究, 14(2).
- [3] 时 英、郭本兆、李健华, 1989: 披碱草属6种植物的核型研究, 植物分类学报, 27(8): 215—221.
- [4] 卢宝荣、颜 济、杨俊良, 1988: 鹧观草属三个种的形态变异与核型的研究, 云南植物研究, 10(2): 139—146.
- [5] 耿以礼等, 1959: 中国高等植物图说——禾本科, 科学出版社.
- [6] 耿以礼、陈守良, 1963: 国产鹧观草属 *Roegneria* C. Koch 之订正, 南京大学学报, 3(1): 1—92.
- [7] 陈守良、徐克学, 1989: 应用数量分类学探讨鹧观草属的归属问题, 植物分类学报, 27(8): 190—196.
- [8] Love, A., 1984: *Conspectus of Triticeae*, Feddes Repert., 95(7—8): 425—521.
- [9] Melderis, A., 1978: Taxonomic notes on the tribe Triticeae with special reference to the genera *Elymus* L. sensu lato. and *Agropyron* Daertn. sensu lato., Bot. J. Linn. Soc., 76: 369—384.
- [10] Stebbins, G. L., 1971: Chromosomal evolution in higher plants, Edward Arnold, London.
- [11] Dewey, D. R., 1984: Gene manipulation in plant improvement, New York Plenum Publishing Corp., 209—279.