

紫薇属及近缘属 13 种植物基因组大小测定

刘婷婷¹, 梁晓涵¹, 张 烨¹, 程堂仁¹, 王 佳¹, Mengmeng Gu², 张启翔¹, 潘会堂¹

(¹花卉种质创新与分子育种北京市重点实验室/国家花卉工程技术研究中心/城乡生态环境北京实验室/北京林业大学园林学院, 北京 100083; ²Department of Horticultural Sciences, Texas A&M AgriLife Extension, College Station, TX 77843-0100, USA)

摘要: 为探究千屈菜科紫薇属 (*Lagerstroemia* L.)、黄薇属 (*Heimia* Link) 及千屈菜属 (*Lythrum* L.) 之间的亲缘关系, 本研究利用流式细胞术以二倍体白菜 (*Brassica rapa* Rupr.) 和黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 为内标对紫薇属 8 种 2 品种、黄薇属 2 种和千屈菜属 1 种进行了基因组大小测定, 利用染色体压片技术获得 2 种黄薇属植物和千屈菜的染色体核型参数。结果表明, 10 份紫薇属植物的基因组大小在 $341.00 \pm 2.00 \sim 370.00 \pm 8.89$ Mbp 之间; 黄薇 (*Heimia myrtifolia* Cham. et Schlechtend.) 和柳叶黄薇 (*H. salicifolia* Link) 基因组分别为 414.67 ± 5.77 Mbp 和 420.00 ± 7.00 Mbp, 染色体数目均为 16, 核型公式分别为 $2n=16=6sm+8m+2st$ 和 $2n=16=2sm+14m$; 千屈菜 (*Lythrum salicaria* L.) 的基因组为 1294.00 ± 30.32 Mbp, 染色体数目为 54, 核型公式为 $2n=54=31sm+15m+8st$ 。本研究首次报道了千屈菜科 13 种植物的基因组大小, 以及 2 种黄薇属植物和千屈菜的核型, 研究结果为千屈菜科植物基因组学和遗传进化研究奠定了基础。

关键词: 紫薇属; 黄薇属; 千屈菜属; 基因组大小; 染色体; 流式细胞术

Genome Size Determination of 13 Taxa of *Lagerstroemia* L. and Two Closely Related Genera

LIU Ting-ting¹, LIANG Xiao-han¹, ZHANG Ye¹, CHENG Tang-ren¹, WANG Jia¹,
Mengmeng Gu², ZHANG Qi-xiang¹, PAN Hui-tang¹

(¹Beijing Key Laboratory of Ornamental Plants Germplasm Innovation & Molecular Breeding/National Engineering Research Center for Floriculture/Beijing Laboratory of Urban and Rural Ecological Environment/College of Landscape Architecture, Beijing Forestry University, Beijing 100083; ²Department of Horticultural Sciences, Texas A & M AgriLife Extension, College Station, TX 77843-0100, USA)

Abstract: In order to explore the genetic relationship among *Lagerstroemia* L., *Heimia* L. and *Lythrum* L. of the family Lythraceae, the genome sizes of eight species and two cultivars of *Lagerstroemia* L., of two species of *Heimia* L. and of *Lythrum salicaria* L. were estimated by flow cytometry method with *Brassica rapa* Rupr. and *Cucumis sativus* L. as inner calibration. The chromosome number and karyotype parameters of the two *Heimia* L. species and of *Lythrum salicaria* L. were obtained using traditional chromosome tableting. The results showed that the average genome size of *Lagerstroemia* L. species and cultivars ranged from 341.00 ± 2.00 to 370.00 ± 8.89 Mbp. The average genome size of *Heimia myrtifolia* Cham. et Schlechtend. and *H. salicifolia* Link were 414.67 ± 5.77 Mbp and 420.00 ± 7.00 Mbp respectively, and the karyotype formulas of the two species were $2n=16=6sm+8m+2st$ and $2n=16=2sm+14m$. The average genome size of *Lythrum salicaria* L. was 1294.00 ± 30.32 Mbp, and the karyotype formula was $2n=54=31sm+15m+8st$. In this study, the genome size of

收稿日期: 2019-10-24 修回日期: 2019-12-12 网络出版日期: 2020-01-08

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20191024004>

第一作者研究方向为观赏植物种质资源与育种, Email: 13154715373@163.com

通信作者: 潘会堂, 研究方向为园林植物与观赏园艺, Email: htpan@163.com

基金项目: “十三五”国家重点研发计划课题 (2019YFD1001004); 北京市科技计划课题 (Z181100002418006)

Foundation projects: National Key R & D Program of China (2019YFD1001004), Beijing Municipal Science and Technology Project (Z181100002418006)

13 taxa in the Lythraceae, and the karyotypes of two *Heimia* L. species and of *L. salicaria* L. were reported for the first time. The results of our research laid a foundation for research on genomics and genetics of the Lythraceae.

Key words: *Lagerstroemia* L.; *Heimia* L.; *Lythrum* L.; genome size; chromosome; flow cytometry

紫薇 (*Lagerstroemia indica* L.) 为千屈菜科紫薇属植物,自古以来就备受人们青睐,至今已有 1600 多年的栽培历史,不仅具有花期长、花色艳丽的特点,还具有耐高温、抗污染、易栽培的特点,是我国夏季主要的观赏花木^[1]。紫薇属约有 55 种,主要分布在亚洲东部、南部、东南部的热带、亚热带地区^[2]。我国有紫薇属植物约 18 种,主要分布于我国南部、西南部地区^[3]。紫薇在园林绿地中应用广泛,但现有的紫薇品种抗寒性较差,在我国北方地区易发生冻害,较难露地越冬^[4],同时缺少黄色花品种,影响了紫薇的应用范围。培育抗寒性强或黄色花的紫薇品种对紫薇园林应用具有重要意义。

黄薇属 (*Heimia* Link) 植物分布于美国德克萨斯州西部、墨西哥至阿根廷,开黄色花,本属 3 种。千屈菜属 (*Lythrum* L.) 是千屈菜科的模式属,约 35 种,我国分布有 4 种,其中千屈菜 (*Lythrum salicaria* L.) 分布范围广泛,耐寒性强,在我国南北地区均可露地越冬^[5]。杂交育种是改良植物性状的传统技术手段,利用黄薇属和千屈菜属植物与紫薇进行远缘杂交,有望培育出开黄色花或抗寒性强的紫薇新品种。胡玲等^[6]曾尝试用千屈菜与紫薇进行了远缘杂交,但未对其得到的杂交后代的真实性进行鉴定。

杂交育种的前提是双亲的亲缘关系足够近。基因组反映了生物物种全部和特定的遗传信息,通常把单倍体细胞核或配子中 DNA 含量 (即基因组大小) 用 C 值来表示^[7]。C 值可以为植物分类、种群进化及生态学研究提供理论依据^[8],代表了最基本、最重要的生物多样性特征参数。对紫薇属、黄薇属和千屈菜属植物基因组大小进行测定,有利于为紫薇基因组学研究以及通过远缘杂交选育紫薇新品种提供依据。

目前,测定植物基因组大小常用的方法有孚尔根微显影法^[9]、流式细胞术^[10]和基因组测序法^[11]。其中,流式细胞术因具有便捷、简单、结果准确可靠等优点,是目前测定基因组大小的主要方法^[12],已在五节芒^[13]、连翘^[14]、马鞍藤^[15]等植物上得到广泛应用。本试验以二倍体白菜 (*Brassica rapa* Rupr.) 和黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 为内标,利用流式细胞术对千屈菜科 3 个属 13 份材料进行基因组大小的测定,并结合染色体数目和核型分析,探

索了 3 个属植物的进化方向,研究结果将为紫薇属植物利用远缘杂交进行性状改良提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以 10 个紫薇属种和品种尾叶紫薇 (*Lagerstroemia caudata* Chun et How ex S. Lee et L. Lau)、屋久岛紫薇 (*L. fauriei* Koehne)、南洋紫薇 (*L. siamica* Gagnep.)、网脉紫薇 (*L. suprareticulata* S. Lee et L. Lau)、川黔紫薇 (*L. excelsa* Chun ex S. Lee et L. Lau)、桂林紫薇 (*L. guilinensis* S. Lee et L. Lau)、紫薇 (*L. indica* L.)、大花紫薇 (*L. speciosa* Pers.)、紫薇粉精灵 (*L. indica* ‘Fen Jingling’)、紫薇 ‘Pocomoke’ (*L. indica* ‘Pocomoke’), 2 种黄薇属植物黄薇 (*Heimia myrtifolia* Cham. et Schlechtend.)、柳叶黄薇 (*H. salicifolia* Link) 及千屈菜属的千屈菜 (*Lythrum salicaria* L.) 为试验材料,上述材料均保存于北京林业大学小汤山国家花卉工程技术研究中心紫薇种质资源圃,植株生长健壮。

1.2 染色体制片

取茎尖,经 0.002 mol/L 的 8-羟基喹啉预处理 50~60 min,无菌水冲洗 3 次,然后转入卡诺固定液 (冰醋酸:无水乙醇=1:3) 固定 12 h,之后无菌水冲洗 3 次,置于 0.2 mol/L 的 HCL 溶液中,65 °C 水浴解离 10~15 min,无菌水冲洗 5 次。放置于载玻片上用改良碱性品红溶液染色 10~15 min,压片,置于显微镜 (ZEISS ProgRes C5, 德国) 下观察。采用 Karyo 3.1、Imag-Pro Plus 6.0、Photoshop CS2 软件进行数据采集和图片处理。选择 30 个染色体分散良好且处于有丝分裂中期的细胞进行统计,85% 以上的细胞具有恒定一致的染色体数,即认为是该种质的染色体数目。选取 5 个染色体形态清晰且无重叠的细胞,参照李懋学等^[16]的标准进行核型分析。

1.3 流式细胞术测定基因组大小

1.3.1 裂解液及染液的准备 改良的 LB01 裂解液为 0.015 mol/L Tris、0.002 mol/L Na₂EDTA、0.0005 mol/L spermine·4HCl、0.08 mol/L KCl、0.02 mol/L NaCl、0.1% Triton X-100,用 β -mercaptoethanol 定容至 0.015 mol/L,用 1 mol/L NaOH 调 pH 值到 7.5; 染液为 0.12 g/L 碘化丙啶 (PI, propidium iodide) 染液; RNase 酶液的浓度为 0.12 g/L。

1.3.2 细胞悬浮液的配制及上机检测 称取 0.04 g 二倍体白菜或 0.02 g 黄瓜的嫩叶(作为内标)与 0.05 g 待测样品的嫩叶置于一起混样;加入 1 mL 改良的 LB01 解离液,在冰上用吉利刀片快速将样本切碎,以释放出细胞核;用移液器收集细胞液,经 200 目筛网过滤至 1.5 mL 离心管中;加入 0.04 mL PI 染液和 0.04 mL RNase 酶液,混匀,置于 4 ℃ 下静置 10 min;取出混合后上机检测;上机检测至少 10000 个细胞,设 3 次重复。

1.3.3 数据分析 待测样本 2C- 值(Mbp 或 Pg)= 参照样本 2C- 值(Mbp 或 pg) × 参照样本 G0 或 G1 峰荧光均值 / 待测样本 G0 或 G1 峰荧光均值 (1 pg=978 Mbp)^[17-19],取 3 次重复的平均值,所得结果为样本的核 DNA 含量。利用 IBM SPSS Statistics 22 软件对试验结果进行单向方差分析。若差异显著,则进行 LSD 多重比较(α=0.05)。

2 结果与分析

2.1 黄薇属植物和千屈菜的核型结果

黄薇的染色体数目为 16 条,相对长度变幅 5.459%~8.050%,75% 的染色体臂比值小于 2,最长染色体与最短染色体比为 1.474,核型不对称系数为 63.01%,核型类型为 2A(图 1、图 2、表 1)。近中部着丝点染色体(sm)6 条,中部着丝点染色体(m)8 条,近端部着丝点染色体(st)2 条。染色体相对长度组成为 10M1+5M2+1L,核型公式为

$2n=16=6sm+8m+2st。$



图 1 黄薇的染色体(左)及核型(右)
Fig.1 Chromosomes (left) and karyotype (right) of Heimia myrtifolia Cham. et Schlechtend.

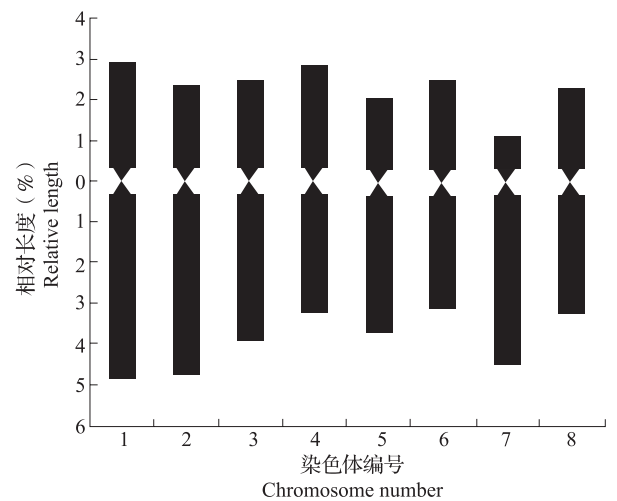


图 2 黄薇染色体核型模式图
Fig.2 Idiogram of Heimia myrtifolia Cham. et Schlechtend.

表 1 黄薇染色体分析
Table 1 The karyotype data of chromosomes in Heimia myrtifolia Cham. et Schlechtend.

序号 No.	相对长度(%) Relative length			臂比(长/短) Arm ratio (L/S)	染色体类型 Chromosomes symmetry	染色体相对长度类型 Type of relative length
	短臂 Short arm	长臂 Long arm	全长 Length			
1	3.146 ± 0.003	4.904 ± 0.004	8.050 ± 0.004	1.56	m	L
2	2.729 ± 0.005	4.904 ± 0.004	7.587 ± 0.006	1.78	sm	M2
3	2.406 ± 0.012	4.858 ± 0.012	7.217 ± 0.014	2.00	sm	M2
4	2.267 ± 0.006	4.811 ± 0.008	7.032 ± 0.007	2.10	sm	M2
5	2.332 ± 0.004	4.765 ± 0.007	6.403 ± 0.005	1.75	sm	M2
6	2.591 ± 0.008	4.071 ± 0.006	6.384 ± 0.009	1.46	m	M2
7	2.822 ± 0.010	3.794 ± 0.011	6.107 ± 0.012	1.16	m	M1
8	2.838 ± 0.009	3.146 ± 0.005	5.985 ± 0.012	1.11	m	M1
9	2.082 ± 0.003	3.763 ± 0.005	5.846 ± 0.006	1.81	sm	M1
10	1.989 ± 0.007	3.721 ± 0.008	5.710 ± 0.009	1.87	sm	M1
11	2.470 ± 0.011	3.238 ± 0.009	5.709 ± 0.013	1.31	m	M1
12	2.570 ± 0.008	3.118 ± 0.008	5.688 ± 0.008	1.21	m	M1

表 1(续)

序号 No.	相对长度 (%) Relative length			臂比 (长 / 短) Arm ratio (L/S)	染色体类型 Chromosomes symmetry	染色体相对长度类型 Type of relative length
	短臂 Short arm	长臂 Long arm	全长 Length			
13	1.114 ± 0.002	4.516 ± 0.007	5.630 ± 0.009	4.05	st	M1
14	1.114 ± 0, 005	4.509 ± 0.006	5.623 ± 0.010	4.05	st	M1
15	2.313 ± 0.011	3.294 ± 0.013	5.608 ± 0.020	1.42	m	M1
16	2.221 ± 0.013	3.239 ± 0.016	5.459 ± 0.024	1.46	m	M1

柳叶黄薇的染色体数目为 16 条, 相对长度变幅 4.983%~7.430%, 染色体臂比值均小于 2, 最长染色体与最短染色体比为 1.491, 核型不对称系数为 59.12%, 核型类型为 1A (图 3、图 4、表 2)。近中部着丝点染色体 (sm) 2 条, 中部着丝点染色体 (m) 14 条。染色体相对长度组成为 9M1+7M2, 核型公式为 $2n=16=2sm+14m$ 。

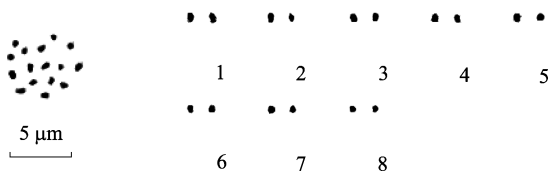


图 3 柳叶黄薇的染色体 (左) 及核型 (右)
Fig.3 Chromosomes (left) and karyotype (right) of
Heimia salicifolia Link

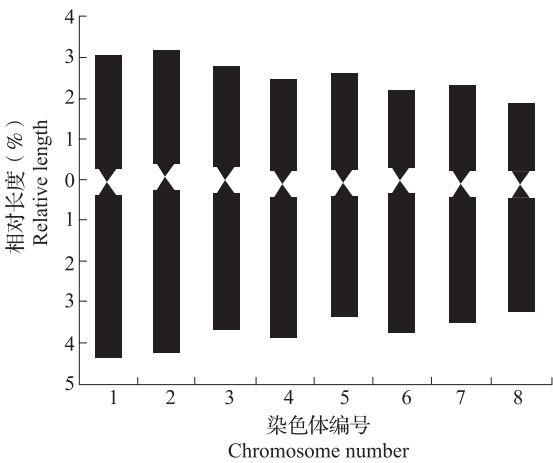


图 4 柳叶黄薇染色体核型模式图
Fig.4 Idiogram of *Heimia salicifolia* Link

表 2 柳叶黄薇染色体分析
Table 2 The karyotype data of chromosomes in *Heimia salicifolia* Link

序号 No.	相对长度 (%) Relative length			臂比 (长 / 短) Arm ratio (L/S)	染色体类型 Chromosomes symmetry	染色体相对长度类型 Type of relative length
	短臂 Short arm	长臂 Long arm	全长 Length			
1	3.033 ± 0.012	4.396 ± 0.011	7.430 ± 0.020	1.449	m	M2
2	3.015 ± 0.009	4.342 ± 0.010	7.358 ± 0.018	1.440	m	M2
3	3.205 ± 0.006	4.198 ± 0.008	7.403 ± 0.014	1.310	m	M2
4	3.151 ± 0.015	4.144 ± 0.013	7.294 ± 0.014	1.315	m	M2
5	2.781 ± 0.016	3.611 ± 0.013	6.392 ± 0.017	1.299	m	M2
6	2.844 ± 0.020	3.602 ± 0.019	6.446 ± 0.034	1.267	m	M2
7	2.528 ± 0.009	3.873 ± 0.009	6.401 ± 0.017	1.532	m	M2
8	2.410 ± 0.006	3.719 ± 0.008	6.130 ± 0.013	1.543	m	M1
9	2.654 ± 0.013	3.304 ± 0.015	5.958 ± 0.026	1.245	m	M1
10	2.609 ± 0.012	3.313 ± 0.018	5.922 ± 0.019	1.270	m	M1
11	2.185 ± 0.019	3.710 ± 0.017	5.895 ± 0.025	1.698	m	M1
12	2.158 ± 0.015	3.629 ± 0.019	5.787 ± 0.018	1.682	m	M1
13	2.302 ± 0.009	3.431 ± 0.009	5.733 ± 0.016	1.490	m	M1
14	2.275 ± 0.012	3.412 ± 0.017	5.687 ± 0.027	1.500	m	M1
15	1.896 ± 0.016	3.286 ± 0.018	5.182 ± 0.013	1.733	sm	M1
16	1.833 ± 0.013	3.151 ± 0.019	4.983 ± 0.021	1.719	sm	M1

千屈菜的染色体数目为 54 条,相对长度变幅 0.888%~3.010%,其中 44.4% 的染色体臂比值大于 2,最长染色体与最短染色体比为 3.400,核型不对称系数为 66.3%,核型类型为 3B(图 5、图 6、表 3)。近中部着丝点染色体(sm)31 条,中部着丝点染色体(m)15 条,近端部着丝点染色体(st)8 条。染色体相对长度组成为 7L+16M1+25M2+6S,核型公式为 $2n=54=31sm+15m+8st$ 。

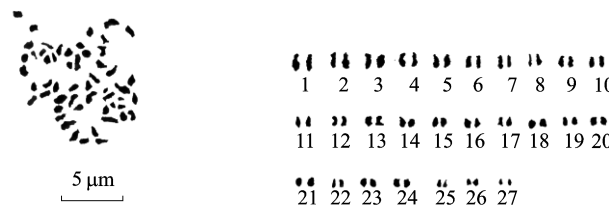


图 5 千屈菜的染色体(左)及核型(右)
Fig.5 Chromosome(Left) and karyotype(Right)
of *Lythrum salicaria* L.

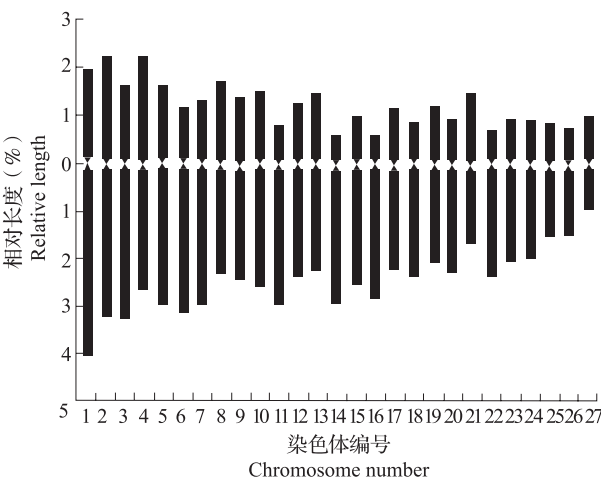


图 6 千屈菜染色体核型模式图
Fig.6 Idiogram of *Lythrum salicaria* L.

表 3 千屈菜染色体分析
Table 3 The karyotype data of chromosomes in *Lythrum salicaria* L.

序号 No.	相对长度(%) Relative length			臂比(长/短) Arm ratio(L/S)	染色体类型 Chromosomes symmetry	染色体相对长度类型 Type of relative length
	短臂 Short arm	长臂 Long arm	全长 Length			
1	0.973 ± 0.011	2.406 ± 0.019	3.010 ± 0.024	2.102	sm	L
2	0.993 ± 0.014	2.026 ± 0.016	3.010 ± 0.025	2.040	sm	L
3	1.112 ± 0.007	1.633 ± 0.007	2.745 ± 0.009	1.468	m	L
4	1.140 ± 0.010	1.601 ± 0.015	2.741 ± 0.014	1.404	m	L
5	0.914 ± 0.021	1.748 ± 0.016	2.662 ± 0.028	1.913	sm	L
6	0.755 ± 0.016	1.470 ± 0.013	2.225 ± 0.016	1.948	sm	M1
7	1.152 ± 0.026	1.311 ± 0.019	2.463 ± 0.035	1.138	m	L
8	1.112 ± 0.012	1.331 ± 0.018	2.443 ± 0.023	1.197	m	L
9	0.847 ± 0.022	1.483 ± 0.027	2.330 ± 0.028	1.750	sm	M1
10	0.814 ± 0.015	1.474 ± 0.014	2.288 ± 0.019	1.810	sm	M1
11	0.556 ± 0.013	1.549 ± 0.019	2.105 ± 0.022	2.786	sm	M1
12	0.616 ± 0.019	1.549 ± 0.023	2.165 ± 0.036	2.516	sm	M1
13	0.671 ± 0.028	1.537 ± 0.030	2.209 ± 0.033	2.290	sm	M1
14	0.664 ± 0.019	1.402 ± 0.027	2.066 ± 0.031	2.113	sm	M1
15	0.861 ± 0.024	1.192 ± 0.028	2.053 ± 0.037	1.385	m	M1
16	0.901 ± 0.018	1.112 ± 0.022	2.013 ± 0.033	1.235	m	M1
17	0.755 ± 0.009	1.212 ± 0.010	1.966 ± 0.017	1.605	m	M1
18	0.664 ± 0.011	1.245 ± 0.029	1.909 ± 0.030	1.874	sm	M1
19	0.728 ± 0.022	1.311 ± 0.021	2.039 ± 0.034	1.800	sm	M1

表 3(续)

序号 No.	相对长度(%) Relative length			臂比(长/短) Arm ratio(L/S)	染色体类型 Chromosomes symmetry	染色体相对长度类型 Type of relative length
	短臂 Short arm	长臂 Long arm	全长 Length			
20	0.768 ± 0.016	1.245 ± 0.019	2.013 ± 0.023	1.620	m	M1
21	0.424 ± 0.029	1.536 ± 0.025	1.960 ± 0.035	3.626	st	M1
22	0.411 ± 0.012	1.417 ± 0.015	1.827 ± 0.019	3.452	st	M2
23	0.636 ± 0.017	1.192 ± 0.017	1.827 ± 0.017	1.875	sm	M2
24	0.627 ± 0.034	1.176 ± 0.028	1.803 ± 0.031	1.877	sm	M2
25	0.715 ± 0.026	1.152 ± 0.028	1.867 ± 0.034	1.611	m	M1
26	0.755 ± 0.015	1.102 ± 0.030	1.857 ± 0.029	1.460	m	M1
27	0.305 ± 0.023	1.496 ± 0.028	1.801 ± 0.031	4.908	st	M2
28	0.291 ± 0.022	1.427 ± 0.029	1.719 ± 0.042	4.900	st	M2
29	0.477 ± 0.033	1.271 ± 0.027	1.749 ± 0.054	2.663	sm	M2
30	0.514 ± 0.028	1.234 ± 0.036	1.748 ± 0.047	2.402	sm	M2
31	0.311 ± 0.018	1.423 ± 0.016	1.735 ± 0.023	4.573	st	M2
32	0.299 ± 0.015	1.417 ± 0.019	1.716 ± 0.026	4.734	st	M2
33	0.583 ± 0.029	1.113 ± 0.025	1.695 ± 0.043	1.910	sm	M2
34	0.583 ± 0.016	1.112 ± 0.026	1.695 ± 0.041	1.909	sm	M2
35	0.453 ± 0.017	1.193 ± 0.019	1.646 ± 0.023	2.631	sm	M2
36	0.453 ± 0.018	1.191 ± 0.019	1.643 ± 0.027	2.631	sm	M2
37	0.610 ± 0.007	1.033 ± 0.003	1.642 ± 0.005	1.694	m	M2
38	0.598 ± 0.009	1.022 ± 0.002	1.621 ± 0.008	1.708	sm	M2
39	0.481 ± 0.015	1.139 ± 0.018	1.620 ± 0.030	2.367	sm	M2
40	0.477 ± 0.023	1.139 ± 0.026	1.616 ± 0.033	2.385	sm	M2
41	0.762 ± 0.032	0.840 ± 0.038	1.602 ± 0.044	1.102	m	M2
42	0.742 ± 0.010	0.821 ± 0.020	1.563 ± 0.022	1.106	m	M2
43	0.371 ± 0.030	1.168 ± 0.019	1.539 ± 0.043	3.150	st	M2
44	0.358 ± 0.027	1.165 ± 0.015	1.523 ± 0.039	3.259	st	M2
45	0.503 ± 0.011	1.006 ± 0.027	1.509 ± 0.036	2.000	sm	M2
46	0.450 ± 0.025	1.052 ± 0.031	1.502 ± 0.043	2.335	sm	M2
47	0.469 ± 0.041	1.014 ± 0.027	1.483 ± 0.039	2.163	sm	M2
48	0.450 ± 0.029	0.980 ± 0.035	1.430 ± 0.037	2.176	sm	M2
49	0.425 ± 0.016	0.768 ± 0.016	1.193 ± 0.018	1.809	sm	S
50	0.421 ± 0.022	0.771 ± 0.023	1.192 ± 0.036	1.830	sm	S
51	0.371 ± 0.036	0.768 ± 0.035	1.139 ± 0.047	2.071	sm	S
52	0.371 ± 0.025	0.734 ± 0.024	1.104 ± 0.038	1.978	sm	S
53	0.530 ± 0.033	0.543 ± 0.028	1.073 ± 0.045	1.024	m	S
54	0.437 ± 0.026	0.451 ± 0.036	0.888 ± 0.042	1.032	m	S

2.2 13 种千屈菜科植物的基因组大小

由表 4 可得, 13 种千屈菜科植物样品平均峰值的变异系数均在 5% 以下, 结果可信。经同质性检验, 发现变异数同质性测试显著性为 $0.053 > 0.05$, 且变异数分析显著性为 0, 表示在 95% 置信区间下, 方差分析存在显著性差异, 可

以进行多重比较。结果表明, 千屈菜的基因组最大 (1294.00 ± 30.32 Mbp), 黄薇属植物的基因组 ($414.67 \pm 5.77 \sim 420.00 \pm 7.00$ Mbp) 显著小于千屈菜, 10 个紫薇属种和品种的基因组 ($341.00 \pm 2.00 \sim 370.00 \pm 8.89$ Mbp) 均显著小于黄薇属。各种或品种对应的流式细胞分析图如图 7 所示。

表 4 紫薇及近缘属 13 种 (品种) 植物的基因组大小

Table 4 The genome size of 13 taxa of *Lagerstroemia* L. and closely related genera

种 (品种) Species (Cultivar)	基因组大小 (Mbp) Genome size	变异系数 (%) CV
紫薇 (<i>Lagerstroemia indica</i> L.)	$366.00 \pm 4.24c$	4.74
尾叶紫薇 (<i>L. caudata</i> Chun et How ex S. Lee et L. Lau)	$341.00 \pm 2.00d$	4.47
南洋紫薇 (<i>L. siamica</i> Gagnep.)	$341.33 \pm 3.06d$	3.53
网脉紫薇 (<i>L. suprareticulata</i> S. Lee et L. Lau)	$364.33 \pm 3.51c$	4.54
川黔紫薇 (<i>L. excelsa</i> Chun ex S. Lee et L. Lau)	$354.00 \pm 2.65cd$	3.40
桂林紫薇 (<i>L. guilinensis</i> S. Lee et L. Lau)	$370.00 \pm 8.89c$	3.12
屋久岛紫薇 (<i>L. fauriei</i> Koehne)	$356.50 \pm 10.61c$	4.56
大花紫薇 (<i>L. speciosa</i> Pers.)	$361.50 \pm 2.12c$	3.51
紫薇 ‘Pocomoke’ (<i>L. indica</i> ‘Pocomoke’)	$362.50 \pm 4.95c$	3.05
紫薇粉精灵 (<i>L. indica</i> ‘Fen Jingling’)	$353.33 \pm 12.50cd$	3.86
黄薇 (<i>Heimia myrtifolia</i> Cham. et Schlechtend.)	$414.67 \pm 5.77b$	3.40
柳叶黄薇 (<i>Heimia salicifolia</i> Link)	$420.00 \pm 7.00b$	3.57
千屈菜 (<i>Lythrum salicaria</i> L.)	$1294.00 \pm 30.32a$	2.66

小写字母表示多重比较达 5% 显著的差异水平

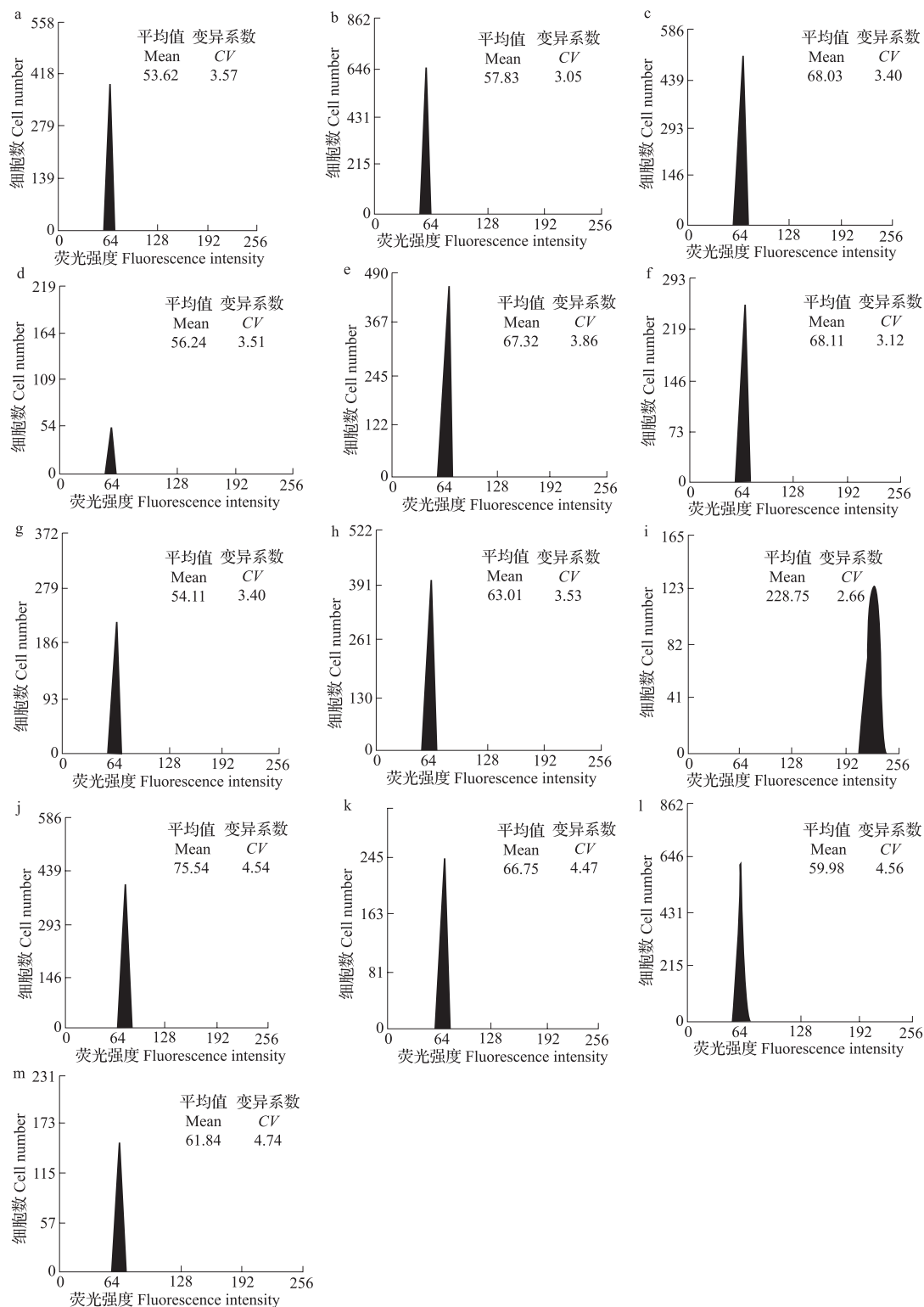
Small letters indicate significant differences at 0.05 level

3 讨论

基因组大小作为生物体特性参数, 是研究基因组学的基础^[20]。研究表明其与细胞的大小、生物体的寿命、物种濒危程度等方面存在一定的关联性, 且可以为全基因组测序提供基础数据, 因此对生物体来说基因组大小的研究具有十分重要的意义。生物体由遗传信息构成, 生命活动的形式越复杂, 控制这些性状的遗传信息就越多, 因此物种的进化会使遗传信息增加, 基因组也会随之增大^[21]。Leitch 等^[22]也认为越古老的植物基因组越小, 并逐渐分化出基因组较大的物种。但是自然界中存在 C 值悖论, 即基因组越大, 由于自然选择等原因面临被淘汰的风险往往越大^[23]。大多数人认为, 基因组大小通常呈

现一种先增大后缩减的趋势。虽然存在缩减, 但这种增大是不可逆的^[24-27]。本研究首次报道了紫薇属、黄薇属、千屈菜属 13 份材料的基因组大小, 结合获得的基因组大小数据推测, 3 个属的进化程度是紫薇属低于黄薇属, 低于千屈菜属。但要研究三属之间的亲缘关系尚需进行分子标记、基因组序列差异等方面的分析^[28-29]。

染色体的数目、结构及变异等特性可以促进对基因组结构、进化和功能的理解^[30]。王晶等^[31]对尾叶紫薇、屋久岛紫薇、紫薇等紫薇属植物进行了核型分析, 发现紫薇属染色体数目为 48 条, 其核型公式分别为 $2n=48=2M+24m+22sm$ 、 $2n=48=30m+18sm$ 和 $2n=48=2M+20m+26sm$, 均为 2A 型。本研究首次报道了 2 种黄薇属植物和千屈菜的核型, 从染色



a: 柳叶黄薇; b: 紫薇 'Pocomoke'; c: 川黔紫薇; d: 大花紫薇; e: 紫薇粉精灵; f: 桂林紫薇; g: 黄薇;

h: 南洋紫薇; i: 千屈菜; j: 网脉紫薇; k: 尾叶紫薇; l: 屋久岛紫薇; m: 紫薇

a: *Heimia salicifolia* Link, b: *Lagerstroemia indica* 'Pocomoke', c: *L. excelsa* Chun ex S. Lee et L. Lau, d: *L. speciosa* Pers., e: *L. indica* 'Fen Jingling', f: *L. guilinensis* S. Lee et L. Lau, g: *Heimia myrtifolia* Cham. et Schlechtend.,

h: *Lagerstroemia siamica* Gagnep, i: *Lythrum salicaria* L., j: *Lagerstroemia supracreticulata* S. Lee et L. Lau,

k: *L. caudata* Chun et How ex S. Lee et L. Lau, l: *L. fauriei* Koehne, m: *L. indica* L.

图 7 13 种 (品种) 千屈菜科植物样品的流式细胞分析图

Fig.7 Flow cytometry histograms of 13 taxa in Lythraceae

体数目上来看,黄薇属<紫薇属<千屈菜属,三属植物均为二倍体。自然界中,伴随植物的进化,其染色体核型对称性也会发生相应改变,总体趋势是由对称向不对称方向发展,也即进化程度越高的植物,其染色体核型不对称性程度将增加。通常情况下,染色体长度比、臂比、核型不对称系数等是衡量核型是否对称的主要参数,这些数值越大,植物的进化程度越高^[32]。黄薇的核型不对称系数为 63.01%,柳叶黄薇的核型不对称系数为 59.12%,千屈菜的核型不对称系数为 66.3%,因此推测黄薇属的进化程度低于千屈菜属。自 20 世纪 80 年代流式细胞术被应用到植物领域研究中来,因其具有便捷、简单、准确性高的优点,已经被广泛应用于植物倍性鉴定、基因组大小测定及核 DNA 含量测定上。目前植物 DNA C- 值数据库中已收录了超过 9500 种植物的基因组大小信息^[33]。除此之外,它还广泛应用于医学、环境监测等领域。流式可以高速、高通量、多参数逐个检测细胞并对大量单细胞进行多参数检测分析,有利于发展新型细胞检测技术及单细胞转录组测序。大数据分析和人工智能技术同迅速发展的新型细胞技术相结合,使得流式细胞术在未来具有广阔的发展前景^[34]。本研究对于补充紫薇属、黄薇属及千屈菜属基因组基础信息有一定的实际意义。

参考文献

- [1] Zhang Q X. Studies on cultivars of crape-myrtle (*Lagerstroemia indica*) and their uses in urban greening. Journal of Beijing Forestry University, 1991, 13(4): 57-66
- [2] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志. 北京: 科学出版社, 1983: 92
Delectis Florae Reipublicae Popularis Sinicae Agendae Academiae Sinicae Edita. Flora reipublicae popularis sinicae. Beijing: Science Press, 1983: 92
- [3] 王献. 我国紫薇种质资源及其亲缘关系的研究. 北京: 北京林业大学, 2004
Wang X. Studies on the germplasm resources of *Lagerstroemia* in China and their relationships. Beijing: Beijing Forestry University, 2004
- [4] 谢宪, 张林, 王峰, 孙忠奎, 聂硕, 朱翠翠, 杜超, 孙健, 王长宪. 紫薇抗寒性研究进展. 天津农业科学, 2016, 22(5): 11-14, 20
Xie X, Zhang L, Wang F, Sun Z K, Nie S, Zhu C C, Du C, Sun J, Wang C X. Research progress on cold resistance of *Lagerstroemia indica*. Tianjin Agricultural Sciences, 2016, 22(5): 11-14, 20
- [5] 向玉红. 千屈菜在库尔勒地区的引种栽培及园林应用分析. 现代农业科技, 2019(3): 138-139
Xiang Y H. Analysis on introduction, cultivation and garden application of *Lythrum salicaria* in Korla region. Modern Agricultural Science and Technology, 2019(3): 138-139
- [6] 胡玲, 蔡明. 紫薇与千屈菜属间杂交亲和性研究 // 张启翔. 中国观赏园艺研究进展 (2015). 北京: 中国林业出版社, 2015: 1-6
Hu L, Cai M. Compatibility of intergeneric cross between *Lagerstroemia indica* and *Lythrum salicaria*. // Zhang Q X. Advances in ornamental horticulture of China (2015). Beijing: China Forestry Publishing House, 2015: 1-6
- [7] 田新民, 周香艳, 弓娜. 流式细胞术在植物学研究中的应用——检测植物核 DNA 含量和倍性水平. 中国农学通报, 2011, 27(9): 21-27
Tian X M, Zhou X Y, Gong N. Applications of flow cytometry in plant research—analysis of nuclear DNA content and ploidy level in plant cells. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(9): 21-27
- [8] Loureiro J, Tráníček P, Rauchová J, Urfus T, Vít P, Štech M, Castro S, Suda J. The use of flow cytometry in the biosystematics, ecology and population biology of homoploid plants. Preslia, 2010, 82: 3-21
- [9] Levine R F, Bunn P A, Hazzard K C, Schlam M L. Flow cytometric analysis of megakaryocyte ploidy: comparison with Feulgen micro-densitometry and discovery that 8N is the predominant ploidy class in guinea pig and monkey marrow. Blood, 1980, 56(2): 210-217
- [10] Baumgarth N, Roederer M. A practical approach to multicolor flow cytometry for immunophenotyping. Journal of Immunological Methods, 2000, 243(1-2): 77-97
- [11] Ferrarini M, Moretto M, Ward J A, Šurbanovski N, Stevanovic V, Giongo L, Viola R, Cavalieri D, Velasco R, Cestaro A, Sargent D J. An evaluation of the PacBio RS platform for sequencing and *de novo* assembly of a chloroplast genome. BMC Genomics, 2013, 14: 670
- [12] Doleel J, Greilhuber J, Suda J. Estimation of nuclear DNA content in plants using flow cytometry. Nature Protocol, 2007, 2(9): 2233-2244
- [13] 邓果特, 易自力. 五节芒基因组大小测定. 植物遗传资源学报, 2013, 14(2): 339-341
Deng G T, Yi Z L. Estimation of genome size of *Miscanthus floridulus*. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14(2): 339-341
- [14] 樊慧杰, 柴智, 殷福栋, 黄浩楹, 陈乐乐. 连翘基因组大小的流式细胞仪测定. 时珍国医国药, 2019, 30(3): 758-760
Fan H J, Chai Z, Yin F D, Huang H Y, Chen L L. Estimation of genome size of *Forsythia suspensa* (Thunb.) Vahl by flow cytometry. Lishizhen Medicine and Materia Medica Research, 2019, 30(3): 758-760
- [15] 霍恺森, 赵冬兰, 陈艳丽, 周志林, 王珏, 唐君, 朱国鹏, 曹清河. 甘薯属耐盐植物马鞍藤基因组大小及特征分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(3): 728-735
Huo K S, Zhao D L, Chen Y L, Zhou Z L, Wang Y, Tang J, Zhu G P, Cao Q H. Analysis of genome size and characteristics of salt-tolerant plant *Ipomoea pes-caprae* (L.) R. Br.. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(3): 728-735
- [16] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题. 武汉植物学研究, 1985, 3(4): 297-302
Li M X, Chen R Y. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants. Journal of Wuhan Botanical Research, 1985, 3(4): 297-302

- [17] Cavalier S T. The evolution of genome size. The Quarterly Review of Biology, 1986, 61 (4): 539-540
- [18] Bennett M D, Bhandol P, Leitch I J. Nuclear DNA amounts in angiosperms and their modern uses: 807 new estimates. Annals of Botany, 2000, 86: 859-909
- [19] Zonneveld B J M, Leitch I J, Bennett M D. First nuclear DNA amounts in more than 300 angiosperms. Annals of Botany, 2005, 96: 229-244
- [20] 伍艳芳,肖复明,徐海宁,章挺,江香梅.樟树全基因组调查.植物遗传资源学报,2014,15(1):150-153
Wu Y F, Xiao F M, Xu H N, Zhang T, Jiang X M. Genome survey in *Cinnamomum camphora* L. Presl. Journal of Plant Genetic Resources, 2014, 15 (1): 150-153
- [21] 石米娟,程莹寅,张婉婷,夏晓勤.浅析基因组大小的进化机制.科学通报,2016,61:3188-3195
Shi M J, Cheng Y Y, Zhang W T, Xia X Q. The evolutionary mechanism of genome size. Chinese Science Bulletin, 2016, 61: 3188-3195
- [22] Leitch I J, Soltis D E, Soltis P S, Bennett M D. Evolution of DNA amounts across land plants (Embryophyta). Annals of Botany, 2005, 95 (1): 207-217
- [23] Thomas C A J. The genetic organization of chromosomes. Annual Review of Genetics, 1971, 5: 237-256
- [24] Corrinne E G, Kim H R, Wing R A, Paterson A H, Wendel J F. Incongruent patterns of local and global genome size evolution in cotton. Genome Research, 2004, 14 (8): 1474-1482
- [25] Corrinne E G, Yu Y, Wing R A, Paterson A H, Wendel J F. A phylogenetic analysis of indel dynamics in the cotton genus. Molecular Biology and Evolution, 2008, 25 (7): 1415-1428
- [26] Ma J, Bennetzen J L. Rapid recent growth and divergence of rice nuclear genomes. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2004, 101 (34): 12404-12410
- [27] Hawkins J S, Corrinne E G, Wendel J F. Repeated big bangs and the expanding universe: Directionality in plant genome size evolution. Plant Science, 2008, 174 (6): 557-562
- [28] 徐景升,许莉萍,张木清,陈如凯.应用 RAPD 技术研究甘蔗属及其近缘属种间亲缘关系.江西农业大学学报,2003,25(6):924-928
Xu J S, Xu L P, Zhang M Q, Chen R K. Phylogenetic relationships of *Saccharum* to its relative genus based on RAPD analysis. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2003, 25 (6): 924-928
- [29] 余兴华,王先宏,杨清辉.基于叶绿体基因间隔区 *ycf6-trnC* 序列的“甘蔗复合体”各属间亲缘关系初探.分子植物育种,2019,17(20):6872-6880
Yu X H, Wang X H, Yang Q H. A preliminary study on the genetic relationship of *Saccharum* complex based on chloroplast *ycf6-trnC* sequence. Molecular Plant Breeding, 2019, 17 (20): 6872-6880
- [30] 孙文光,孙航,李志敏.染色体数据的发掘及其在植物多样性进化研究中的利用.植物科学学报,2019,37(2):260-269
Sun W G, Sun H, Li Z M. Chromosome data determining and its application in plant diversity research. Plant Science Journal, 2019, 37 (2): 260-269
- [31] 王晶,杨冰洁,潘隆应,蔡明,丁晓六,潘会堂,张启翔.基于荧光原位杂交技术的紫薇属植物核型分析.西北植物学报,2016,36(1):30-36
Wang J, Yang B J, Pan L Y, Cai M, Ding X L, Pan H T, Zhang Q X. Karyotype analysis of *Lagerstroemia* species with 45S rDNA-FISH. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2016, 36 (1): 30-36
- [32] Stebbins G L. Chromosomal evolution in higher plants. London: Edward Arnold, 1971: 87-89
- [33] Gracia S, Leitch I J, Anadon R A, Canela M A, Francisco G, Garnatje T, Gras A, Hidalgo O, Johnston E, Gemma M X, Pellicer J, Sonja S Y, Joan V, Vitales D, Bennett M D. Plant DNA C-values database. (2013-11-27) [2019-10-24]. <http://data.kew.org/cvalues/search-guide.html>
- [34] 杭海英,刘春春,任丹丹.流式细胞术的发展、应用及前景.中国生物工程杂志,2019,39(9):68-83
Hang H Y, Liu C C, Ren D D. Development, application and prospect of flow cytometry. China Biotechnology, 2019, 39 (9): 68-83