

34 种秋海棠基因组大小比较与分析

杜文文¹, 王祥宁¹, 段青¹, 贾文杰¹, 马璐琳¹, 崔光芬¹, 王继华¹

(云南省农业科学院花卉研究所/国家观赏园艺工程技术研究中心, 昆明 650205)

摘要:以 34 种野生秋海棠(包括 4 个变种)为试材, 水稻(*Oryza sativa* L. subsp. *japonica* Kato) 为外标, 采用流式细胞法测定其基因组大小, 比较不同种、组之间基因组大小的差异, 并分析与染色体数的相关性。结果表明: 34 种秋海棠基因组大小在 0.292 ~ 2.554 pg 之间, 最大值约为最小值的 9 倍, 平均基因组大小为 0.863 pg, 最小的为盾叶秋海棠(*Begonia peltatifolia* H. L. Li), 最大的为水鸭脚秋海棠(*B. formosana* (Hayata) Masam.)。中国原产的 30 种秋海棠平均基因组大小(1C = 0.925 pg) 较南美洲原产的 4 种的(1C = 0.398 pg) 大, 中国台湾原产的 3 种秋海棠基因组均比大陆原产的 27 种的大。中国原产秋海棠不同组间基因组的大小存在差异, 同一组内基因组大小亦不相同, 本研究所测材料以四室组的基因组最大, 为 1.285 pg, 组内变化近 3.2 倍; 秋海棠组和二室组次之, 分别为 0.895 pg 和 0.888 pg, 组内变化近 6.4、6.8 倍; 侧膜胎座组基因组最小, 为 0.721 pg, 组内变化约 1.2 倍。相关性分析表明秋海棠基因组大小与染色体数无显著相关性。本结果可为秋海棠遗传多样性分析及基因组学研究提供一定的基础数据。

关键词:秋海棠; 基因组大小; 染色体数

Genome Size Comparison in 34 *Begonia* L. Species

DU Wen-wen¹, WANG Xiang-ning¹, DUAN Qing¹, JIA Wen-jie¹, MA Lu-lin¹, CUI Guang-fen¹, WANG Ji-hua¹

(¹Flower Research Institute of Yunnan Academy of Agricultural Sciences/

National Ornamental Horticulture Engineering Technology Research Center, Kunming 650205)

Abstract: Genome sizes of a *Begonia* L. collection comprising 34 species (including four varieties) were detected by flow cytometry. By using *Oryza sativa* L. subsp. *japonica* Kato as an external reference, the differences in genome size between different species and sections were compared, while correlation between genome size and chromosome number was analysed. The results showed that genome sizes varied between 0.292 pg and 2.554 pg, a 9-fold difference was found among genotypes with genome size, the mean genome size of 34 *Begonia* L. species was 0.863 pg, the genome of *Begonia peltatifolia* H. L. Li was smallest, the genome of *B. formosana* (Hayata) Masam. originated from Taiwan was largest. The mean genome size of 30 *Begonia* L. species in China origin (1C = 0.925 pg) was larger than 4 *Begonia* L. species' in South American origin (1C = 0.398 pg), genome sizes of 3 *Begonia* L. species in Taiwan origin were all larger than Chinese origin *Begonia* L. species'. There were significant differences in the genome size between different sections of Chinese *Begonia*s, and in the same section, the genome sizes of *Begonia* L. were not same. The mean genome size of Section *Sphenanthera* A. DC. was largest, 1.285 pg, varied about 3.2 times; while Section *Begonia*, Section *Platycentrum* (Klotzsch) A. DC., a bit larger, which were 0.895 pg and 0.888 pg respectively, varied almost 6.4, 6.8 times; the mean genome size of Section *Coelocentrum* Irmsch. was smallest, 0.721 pg, varied about 1.2 times. Genome sizes were not positively correlated with chromosome number. The results from this study provide basic data for the studying genetic diversity and genomics of *Begonia* L.

Key words: *Begonia* L.; genome size; chromosome number

收稿日期: 2017-07-31 修回日期: 2017-09-04 网络出版日期: 2018-02-09

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180209.0904.025.html>

基金项目: 云南省科技计划项目(科技惠民专项)(2014RA153); 科技领军人才培养(2016HA005); 云南省应用基础研究计划青年项目(2015FD060); 云南省花卉育种重点实验室开放基金项目(FKL-201504)

第一作者研究方向为观赏植物遗传育种, E-mail: wenwendu2014@hotmail.com。王祥宁为共同第一作者

通信作者: 崔光芬, 研究方向为观赏植物遗传育种。E-mail: cuiuguangfen@126.com

王继华, 研究方向为观赏植物遗传育种。E-mail: wangjh0505@gmail.com

秋海棠属 (*Begonia* L.) 属于秋海棠科 (Begoniaceae), 是显花植物第 6 大属^[1]。该属植物喜温暖潮湿环境, 不耐寒, 惧阳光直射, 主要分布在非洲、中南美洲和亚洲的热带和亚热带地区, 据文献记载, 全世界约有 1900 多个种^[2]。秋海棠种类极其丰富, 不同种类在生态、生境、形态特征等方面表现出多样性, 即使同一个种的不同居群, 在某些性状上的变异也较显著。居群遗传学研究表明秋海棠属植物居群间几乎没有基因交流, 种群间可能长时间存在较强的隔离, 因此产生较大的遗传分化和较高的物种可能性^[3-5]。基因组反映了生物物种全部和特定的遗传信息, 基因组大小是植物最基本也是最重要的生物多样性特征参数, 测定秋海棠基因组大小, 能为基因组测序、基因组文库建立以及基因组学等研究工作提供基础数据, 并进一步丰富对秋海棠属植物多样性的认识。

目前, 基因组大小的测定方法主要有 Feulgen 分光光度法和流式细胞法。流式细胞法由于简便、快捷、灵敏度高, 已成为测量基因组大小的主要手段^[6], 约 84.5% 的物种都是采用该方法^[7]。迄今为止, 已有 8510 种植物的基因组大小被测定^[8], 不同物种甚至同一物种不同类群之间基因组大小存在巨大差异。在被子植物中, 基因组最小的螺旋狸藻 (*Genlisea margaretae* Hutch.) 0.065 pg^[9] 和最大的重楼百合 (*Paris japonica* (Franch & Sav.) Franch.) 152.23 pg^[10] 相差近 2400 倍, 而统计的 6288 种被子植物平均基因组大小只有 5.8 pg, 被子植物基因组大小分布不均匀, 倾向于小基因组, 只有少数物种具有极大基因组^[8,11]。A. Dewitte 等^[12]测定了秋海棠 37 种野生种和 23 种商业品种基因组大小, 1C 值范围为 0.25 ~ 1.46 pg, 变化近 6 倍, 平均基因组大小为 0.650 pg, 其中 10 种亚洲秋海棠平均基因组大小为 0.886 pg, 45 种中南美洲秋海棠平均基因组大小为 0.604 pg, 5 种非洲秋海棠基因组大小为 0.595 pg; A. C. Brennan 等^[13]测定了 1 种亚洲秋海棠 (*B. venusta* King) 和 2 种中美洲秋海棠 (*B. plebeja* Liebm.、*B. conchifolia* A. Dietr.) 基因组大小, 分别为 1.11 pg、0.63 pg、0.60 pg。物种基因组大小可通过测量细胞核内的 DNA 含量来估算, 细胞核存在一定大小的细胞中, 越来越多的研究证明 DNA 含量与细胞水平上许多重要表型的关系紧密^[14-15]。染色体的数目、大小变化是物种在细胞水平上的一种表型变化形式, 李桂双等^[16]对禾本科 282 种植物的 C 值和染色体数进行统计分析, 相关性分析表明, 禾本科植物 C 值与染色体数呈极显著正相关; 但也有研究表明物种基因组大小与染色体数无显著相关性^[17]。

秋海棠具有高度动态的基因组, 染色体数目范围可在 $2n = 16$ 至 $2n = 156$ 间^[18], 各种类之间的染色体平均大小变异极大, 染色体结构也不同^[12]。A. Dewitte 等^[12]研究发现 60 种秋海棠基因组大小与染色体数无显著相关性, 但某些种类秋海棠基因组大小相似, 染色体总体积大小也相似。

我国秋海棠野生资源丰富, 已报道的种类包括亚种和变种有 203 种, 主要分布在西南、华南各省区及华东南部, 包括台湾^[19]。从植物学分类上有: 侧膜胎座组 (Section *Coelocentrum* Irmsch.)、秋海棠组 (Section *Begonia*)、单座组 (Section *Reichenheimia* (Klotzsch) A. DC.)、二室组 (Section *Platycentrum* (Klotzsch) A. DC.)、四室组 (Section *Sphenanthera* A. DC.)、多室组 (Section *Pleiothece* Ku) 共 6 组^[20]。目前, 国内秋海棠多样性的研究主要集中在形态解剖学^[21-23]、细胞学^[24-25]、分子系统学^[26]、资源调查^[27-28]等方面, 针对基因组大小的分析鲜见报道。本研究采用流式细胞法测定了 30 种中国原产和 4 种南美洲原产的秋海棠基因组大小, 比较不同种、组之间基因组大小的差异, 分析基因组大小与染色体数的相关性, 可为基因组文库建立及基因组学的研究等提供基础数据, 同时为秋海棠属植物的育种和开发利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

以收集到的 34 种野生秋海棠 (包括 4 个变种) 为材料 (表 1), 其中中国原产的秋海棠 30 个种 (包括 2 个变种), 南美洲原产的秋海棠 4 个种 (包括 2 个变种), 植株生长健壮。各种秋海棠均种植于云南省农业科学院花卉研究所秋海棠育种基地。

1.2 方法

1.2.1 基因组大小值测定 测定方法参照田新民等^[7]的报道, 以水稻 (*Oryza sativa* L. subsp. *japonica* Kato) 为外标, 取无性繁殖材料的干净、幼嫩、新鲜叶片于培养皿中, 加入 1 mL Otto I 解离液, 用锋利的刀片一次性快速切碎, 材料整个过程浸没在解离液里; 完全切碎后再加入 1 mL Otto II 解离液; 用 400 目滤膜过滤到 1.5 mL 离心管中, 获得细胞核悬浮液, 加入 150 μ L 的 PI 燃料, 避光静置 30 min。德国 Partec 流式细胞仪 (CyFlow-Space-3000) 进行检测, 每组样品收集 5000 ~ 1 万个颗粒, 每个样本重复测 3 次, 以 Flow - Max 2.82 软件进行数据分析。CV 值小于 5% 认为是可靠数据。荧光信号的强度代表了其核

表1 34种秋海棠资源信息

Table 1 Basic information of 34 *Begonia* L. species

序号 Number	种名 Species	原产地 Origin	序号 Number	种名 Species	原产地 Origin
1	盾叶秋海棠 <i>B. peltatifolia</i> H. L. Li	中国海南	18	撕裂秋海棠 <i>B. lacerata</i> Irmsch.	中国云南
2	昌感秋海棠 <i>B. cavaleriei</i> H. Lév.	中国云南, 广西, 贵州	19	瓜叶秋海棠 <i>B. cucurbitifolia</i> C. Y. Wu	中国云南
3	少瓣秋海棠 <i>B. wangii</i> T. T. Yu	中国云南, 广西	20	厚叶秋海棠 <i>B. dryadis</i> Irmsch.	中国云南
4	古林箐秋海棠 <i>B. gulinqingensis</i> S. H. Huang & Y. M. Shui	中国云南	21	毛叶秋海棠 <i>B. rex</i> Putz.	中国云南, 广西, 贵州
5	假厚叶秋海棠 <i>B. pseudodryadis</i> C. Y. Wu	中国云南	22	长翅秋海棠 <i>B. longialata</i> K. Y. Guan & D. K. Tian	中国云南
6	彩纹秋海棠 <i>B. masoniana</i> var. <i>maculata</i> S. K. Chen, R. X. Zheng & D. Y. Xia	中国广西	23	四裂秋海棠 <i>B. tetralobata</i> Y. M. Shui	中国云南
7	方氏秋海棠 <i>B. fangii</i> Y. M. Shui & C. I Peng	中国云南	24	坪林秋海棠 <i>B. pinglinensis</i> C. I Peng	中国台湾
8	圆翅秋海棠 <i>B. laminariae</i> Irmsch.	中国云南, 贵州	25	银点秋海棠 <i>B. deliciosa</i> Linden ex Fotsch	中国台湾
9	歪叶秋海棠 <i>B. augustinei</i> Hemsl.	中国云南	26	水鸭脚秋海棠 <i>B. fomasana</i> (Havata) Masam.	中国台湾
10	花叶秋海棠 <i>B. cathayana</i> Hemsl.	中国云南	27	角果秋海棠 <i>B. tetragona</i> Irmsch.	中国云南
11	掌裂叶秋海棠 <i>B. pedatifida</i> H. Lév.	中国湖北, 湖南, 贵州等	28	铺地秋海棠 <i>B. prostrata</i> Irmsch.	中国云南
12	金平秋海棠 <i>B. baviensis</i> Gagnep.	中国云南	29	四角果秋海棠 <i>B. ceratocarpa</i> S. H. Huang & Y. M. Shui	中国云南
13	橙花秋海棠 <i>B. crocea</i> C. I Peng	中国云南	30	大香秋海棠 <i>B. handelii</i> Irmsch.	中国云南, 广西
14	掌叶秋海棠 <i>B. hemsleyana</i> Hook. f.	中国云南, 广西	31	僧帽秋海棠 <i>B. hispida</i> var. <i>cucullifera</i> Irmsch.	南美洲
15	滇緬孩儿秋海棠 <i>B. palmata</i> var. <i>henryi</i>	中国云南	32	柳叶秋海棠 <i>B. fuchsoides</i> Hook.	南美洲
16	裂叶秋海棠 <i>B. palmata</i> D. Don	中国云南, 广西, 贵州等	33	白柔毛秋海棠 <i>B. subvillosa</i> var. <i>leptotricha</i> (C. DC.) L. B. Sm. & Wasch	南美洲
17	光滑秋海棠 <i>B. psilophylla</i> Irmsch.	中国云南	34	气根秋海棠 <i>B. radicans</i> Vell.	南美洲

内物质的浓度, 荧光强度与细胞核的 DNA 含量成正比。样品的基因组大小按照以下公式计算^[29], 其中水稻的基因组大小为 420 Mb^[30]: $X = F_i / F_H \times H$, 其中 F_i 为待测样品 DNA 荧光强度, F_H 为水稻样品 DNA 荧光强度, H 为水稻的基因组大小(图 1、图 2)。

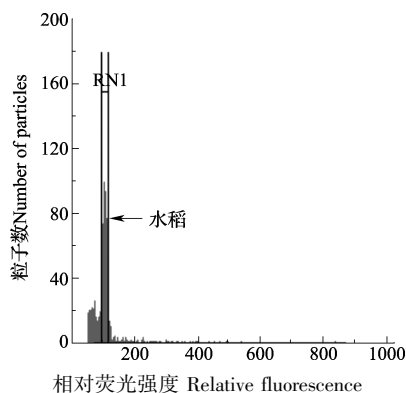


图1 水稻流式细胞仪测定图像

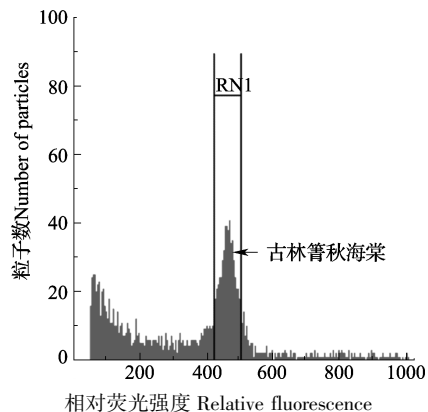
Fig. 1 Flow cytometric fluorescent detection image of *Oryza sativa* L. subsp. *japonica* Kato

图2 古林箐秋海棠流式细胞仪测定图像

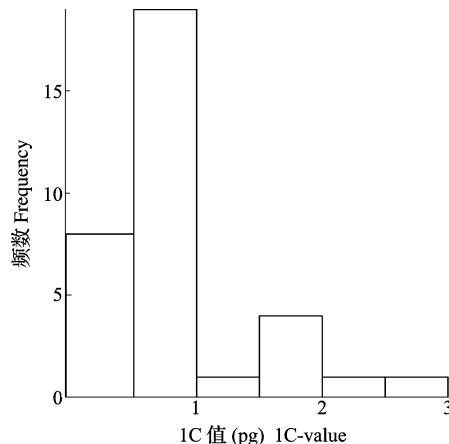
Fig. 2 Flow cytometric fluorescent detection image of *Begonia gulinqingensis* S. H. Huang & Y. M. Shui

图3 34种秋海棠基因组大小直方分布图

Fig. 3 Histogram distribution of genome sizes of 34 *Begonia* L. species

2 结果与分析

2.1 基因组大小分析

34种秋海棠的基因组大小差异较大, 1C 值在 0.292 ~ 2.554 pg 之间, 其中 1C 值在 0 ~ 0.50 pg 之间的秋海棠有 8 种, 0.51 ~ 1.00 pg 之间的有 19 种, 1.01 ~ 1.50 pg 之间的有 1 种, 1.51 ~ 2.00 pg 之间的有 4 种, 2.01 ~ 2.50 pg 之间的有 1 种, 2.51 ~ 3.00 pg 之间的有 1 种(图 3), 秋海棠基因组大小主要集中在 0.51 ~

1.00 pg 之间,其次是在 0~0.50 pg 之间,大于 2.01 pg 的则较少,平均基因组大小为 0.863 pg,基因组最小的为盾叶秋海棠(*B. peltatifolia* H. L. Li),最大的为水鸭脚秋海棠(*B. formosana* (Hayata) Masam.),两者的基因组大小相差近 9 倍。中国原产的秋海棠中以坪林(*B. pinglinensis* C. I Peng)、银点(*B. deliciosa* Linden ex Fotsch)、水鸭脚(*B. formosana* (Hayata) Masam.) 3 个种的基因组较大,1C 值分别为 1.976 pg、

2.180 pg、2.554 pg。南美洲原产的气根(*B. radicans* Vell.)、白柔毛(*B. subvillosa* var. *leptotricha* (C. DC.) L. B. Sm. & Wasch)、柳叶(*B. fuchsoides* Hook.)、僧帽秋海棠(*B. hispida* var. *cucullifera* Irmsch.) 基因组均不大,1C 值分别为 0.538 pg、0.397 pg、0.359 pg 和 0.298 pg。30 种中国原产秋海棠平均基因组大小(1C=0.925 pg)比 4 种南美洲原产秋海棠平均基因组大小(1C=0.398 pg)大(表 2,图 4)

表 2 34 种秋海棠基因组大小及染色体数

Table 2 The genome size and chromosome number of 34 *Begonia* L. species

分类 Section	种名 Species	基因组大小 (pg) 1C genome size	染色体数 Chromosome number	分类 Section	种名 Species	基因组大小 (pg) 1C genome size	染色体数 Chromosome number
秋海棠组 <i>S. Begonia</i>	盾叶秋海棠 <i>B. peltatifolia</i> H. L. Li	0.292 ± 0.01	—	撕裂秋海棠 <i>B. lacerata</i> Irmsch.		0.650 ± 0.01	—
	昌感秋海棠 <i>B. cavaleriei</i> H. Lév.	0.613 ± 0.01	2n = 30 ^[25]		瓜叶秋海棠 <i>B. cucurbitifolia</i> C. Y. Wu	0.720 ± 0.01	2n = 44 ^[34]
	少瓣秋海棠 <i>B. wangii</i> T. T. Yu	0.809 ± 0.01	2n = 30 ^[31]		厚叶秋海棠 <i>B. dryadis</i> Irmsch.	0.789 ± 0.05	2n = 22 ^[34]
	古林箐秋海棠 <i>B. gulinqingensis</i> S. H. Huang & Y. M. Shui	1.867 ± 0.01	—		毛叶秋海棠 <i>B. rex</i> Putz.	0.844 ± 0.02	2n = 22 ^[25]
侧膜胎座组 <i>S. Coelocentrum</i> Irmsh.	假厚叶秋海棠 <i>B. pseudodryadis</i> C. Y. Wu	0.676 ± 0.01	—	长翅秋海棠 <i>B. longialata</i> K. Y. Guan & D. K. Tian	0.956 ± 0.01	—	
	彩纹秋海棠 <i>B. masoniana</i> var. <i>maculata</i> S. K. Chen, R. X. Zheng & D. Y. Xia	0.705 ± 0.01	2n = 30 ^[32]	四裂秋海棠 <i>B. tetralobata</i> Y. M. Shui	1.072 ± 0.02	—	
	方氏秋海棠 <i>B. fangii</i> Y. M. Shui & C. I Peng	0.783 ± 0.01	2n = 30 ^[33]	坪林秋海棠 <i>B. pinglinensis</i> C. I Peng	1.976 ± 0.07	2n = 38 ^[24]	
	圆翅秋海棠 <i>B. laminariae</i> Irmsh.	0.376 ± 0.01	2n = 22 ^[34]	银点秋海棠 <i>B. deliciosa</i> Linden ex Fotsch	2.180 ± 0.02	—	
二室组 <i>S. Platycentrum</i> (Klotzsch) A. DC.	歪叶秋海棠 <i>B. augustinei</i> Hemsl.	0.384 ± 0.01	—	水鸭脚秋海棠 <i>B. formosana</i> (Hayata) Masam	2.554 ± 0.03	2n = 60 ^[24]	
	花叶秋海棠 <i>B. cathayana</i> Hemsl.	0.409 ± 0.02	2n = 20 ^[34]	角果秋海棠 <i>B. tetragona</i> Irmsch.	0.580 ± 0.01	2n = 22 ^[34]	
	掌裂叶秋海棠 <i>B. pedatifida</i> H. Lév.	0.498 ± 0.01	—	铺地秋海棠 <i>B. prostrata</i> Irmsch.	0.980 ± 0.05	—	
	金平秋海棠 <i>B. baviensis</i> Gagnep.	0.531 ± 0.01	—	四角果秋海棠 <i>B. ceratocarpa</i> S. H. Huang & Y. M. Shui	1.753 ± 0.02	2n = 20 ^[25]	
	橙花秋海棠 <i>B. crocea</i> C. I Peng	0.552 ± 0.01	—	大香秋海棠 <i>B. handelii</i> Irmsch.	1.828 ± 0.01	2n = 66 ^[34]	
	掌叶秋海棠 <i>B. hemsleyana</i> Hook. f.	0.568 ± 0.01	2n = 22 ^[25]	僧帽秋海棠 <i>B. hispida</i> var. <i>cucullifera</i> Irmsch.	0.298 ± 0.05	2n = 56 ^[12]	
	滇缅红孩儿秋海棠 <i>B. palmata</i> var. <i>henryi</i>	0.573 ± 0.01	2n = 22 ^[25]	柳叶秋海棠 <i>B. fuchsoides</i> Hook.	0.359 ± 0.01	—	
	裂叶秋海棠 <i>B. palmata</i> D. Don.	0.596 ± 0.01	2n = 22 ^[24]	白柔毛秋海棠 <i>B. subvillosa</i> var. <i>leptotricha</i> (C. DC.) L. B. Sm. & Wasch	0.397 ± 0.01	2n = 34 ^[12]	
	光滑秋海棠 <i>B. psilophylla</i> Irmsh.	0.637 ± 0.01	2n = 23 ^[34]	气根秋海棠 <i>B. radicans</i> Vell.	0.538 ± 0.01	2n = 56 ^[12]	

为区分中国原产 *S. Begonia* 和南美洲原产 *S. Begonia*, 特将南美洲 *S. Begonia* 标注星号*

In order to distinguish between *S. Begonia* in China origin and *S. Begonia* in South American origin, especially label model* on *S. Begonia* in South American origin

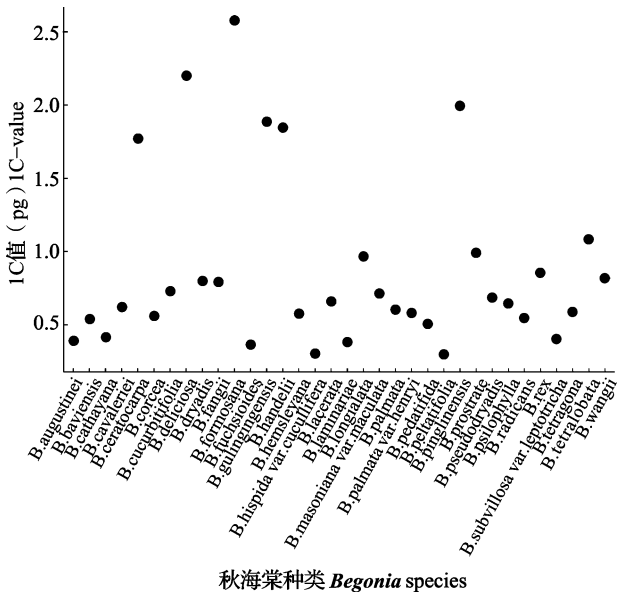


图4 34种秋海棠基因组大小

Fig. 4 The genome size of 34 Begonia L. species

本研究所涉及的34种秋海棠分属侧膜胎座组、二室组、秋海棠组、四室组、*S. Begonia* *、*S. Pritzelia* (Klotzsch) A. DC.、*S. Lepsia* (Klotzsch) A. DC.、*S. Solanathera* A. DC.，各组秋海棠的平均基因组大小值见图5。侧膜胎座组的基因组大小均在0.51~1.00 pg之间,平均基因组大小为0.721 pg;二室组的基因组分布范围最广,0~0.50 pg之间的有4种,0.51~1.00 pg之间的有11种,1.01~1.50 pg之间的有1种,1.51~2.00 pg之间的有1种,2.01~2.50 pg之间的有1种,2.51~3.00 pg之间的有1种,平均基因组大小为0.888 pg;秋海棠组的基因组大小在0~0.50 pg之间的有1种,0.51~1.00 pg之间的有2种,1.51~2.00 pg之间的有1种,平均基因组大小为0.895 pg;四室组的基因组大小在0.51~1.00 pg之间的有2种,1.51~2.00 pg之间的有2种,平均基因组大小为1.285 pg(表2,图6)。

不同组内秋海棠平均基因组大小不同,6组内秋海棠基因组大小也存在差异。秋海棠组和二室组内的种质基因组大小差异较大,秋海棠组内基因组大小(0.292~1.867 pg)变化近6.4倍,二室组内基因组(0.376~2.554 pg)大小差异最大,变化近6.8倍,二室组中的毛叶秋海棠(*B. rex* Putz.)、长翅秋海棠(*B. longialata* K. Y. Guan & D. K. Tian)、四裂秋海棠(*B. tetralobata* Y. M. Shui)基因组(0.844 pg、0.956 pg、1.072 pg)远大于圆翅秋海棠(*B. laminariae* Immsch.)、歪叶秋海棠(*B. augustinei* Hemsl.)和花叶秋海棠(*B. cathayana* Hemsl.)基因组(0.376 pg、0.384 pg、

0.409 pg),但小于台湾原产的坪林秋海棠(*B. pinglinensis* C. I Peng)、银点秋海棠(*B. deliciosa* Linden ex Fotsch)和水鸭脚秋海棠(*B. fromosana* (Hayata) Masam.)基因组(1.976 pg、2.180 pg、2.554 pg)。四室组内(0.580~1.828 pg)变化近3.2倍,侧膜胎座组内基因组大小差异最小(0.676~0.783 pg),1C值较为接近。

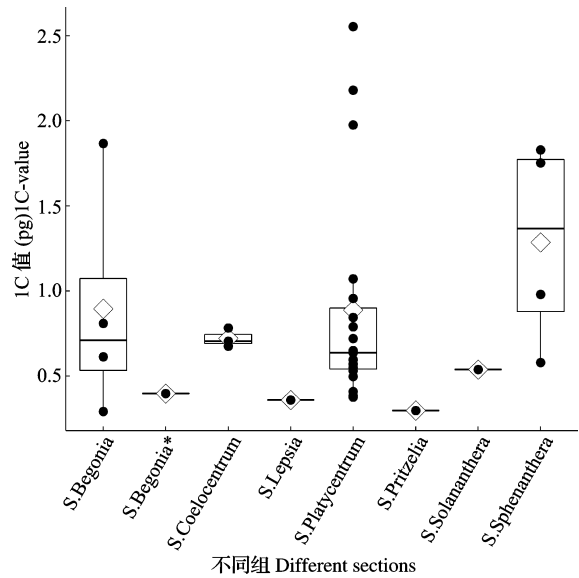


图5 8个不同组秋海棠基因组大小

Fig. 5 The genome size of 8 sections of Begonia L.

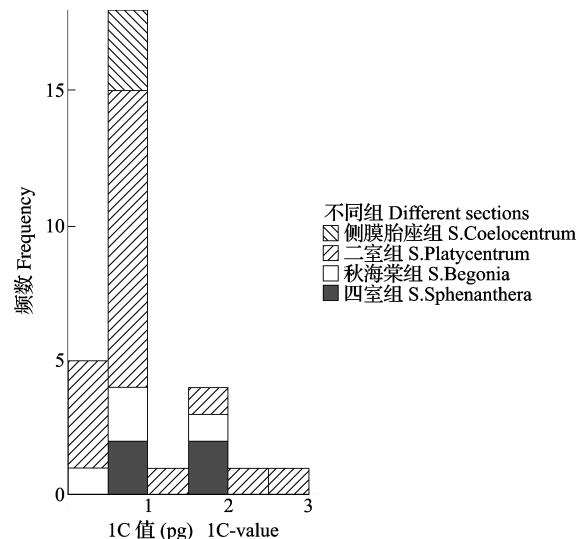


图6 中国4个不同组秋海棠基因组大小直方分布图

Fig. 6 Histogram distribution of 4 sections of Begonia L. in China

2.2 基因组大小与染色体数的相关性

秋海棠属植物染色体基数多样性丰富^[12,24-25,31-34](图7,表2)。中国原产的秋海棠种类染色体以2n=20、22、30居多,南美洲原产的秋海棠种类染色体2n=34、56,中国台湾原产的秋海棠染色体数较大,如坪林(*B. pinglinensis* C. I Peng)2n=38,水鸭脚

(*B. formosana* (Hayata) Masam.) $2n = 60$, 这两种秋海棠染色体数较大, 其基因组也较大。昌感秋海棠 (*B. cavaleriei* H. Lév.) 基因组较小, 但染色体数均比毛叶秋海棠 (*B. rex* Putz.)、厚叶秋海棠 (*B. dryadis* Irmsch.)、四角果秋海棠 (*B. ceratocarpa* S. H. Huang & Y. M. Shui) 大。南美洲原产的 3 种秋海棠染色体数较大, 但基因组均不大, 通过 R 软件分析, 秋海棠基因组大小与染色体数无显著相关性 (图 8)。

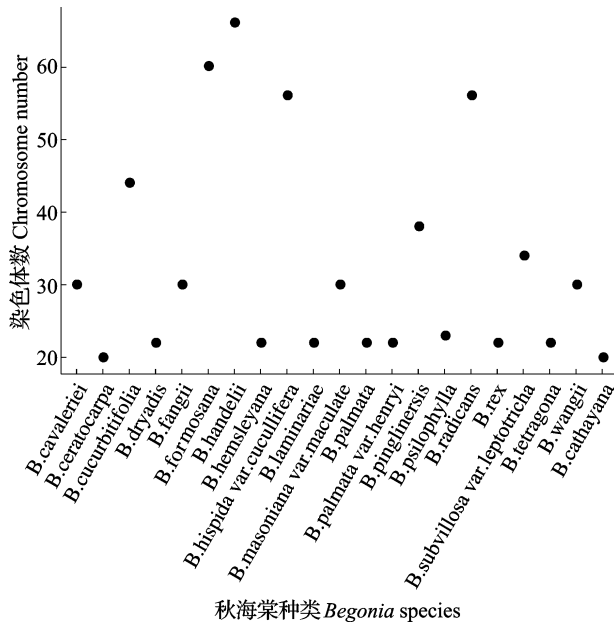


图 7 21 种秋海棠染色体数

Fig. 7 The chromosome number of 21 *Begonia* L. species

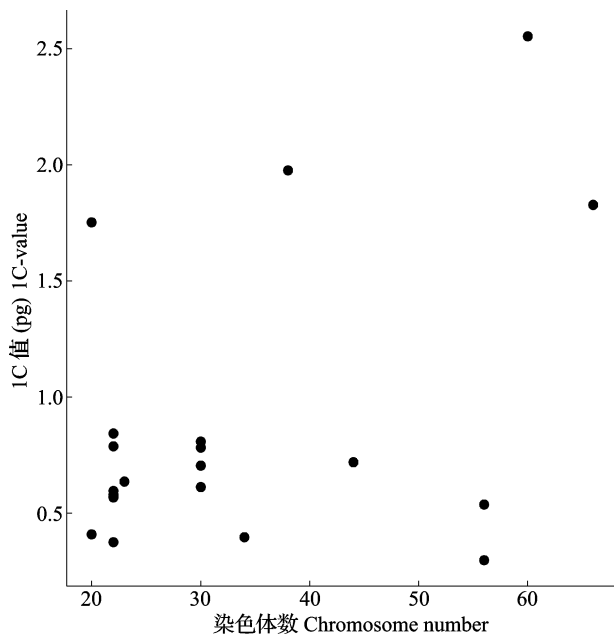


图 8 秋海棠基因组大小与染色体数无显著相关性

Fig. 8 No positive correlation between genome size and chromosome number of *Begonia* L. species

3 讨论

本研究中基因组大小的分析结果表明: 34 种秋海棠基因组最大的种为水鸭脚秋海棠 (*B. formosana* (Hayata) Masam.), 最小的种为盾叶秋海棠 (*B. peltatifolia* H. L. Li), 基因组大小主要集中在 0.51 ~ 1.00 pg 之间, 平均大小为 0.863 pg。A. Dewitte 等^[12], A. C. Brennan 等^[13] 测定了非洲、亚洲、美洲的 40 种野生秋海棠和 23 种商业品种基因组大小, 1C 值范围为 0.25 ~ 1.46 pg, 基因组大小主要集中在 0.51 ~ 1.00 pg 之间, 平均基因组大小为 0.656 pg, 此结果与本研究相近, 根据植物基因组 1C 值 ≤ 1.40 pg 为极小基因组, $1.41 \text{ pg} \leq 1C \text{ 值} \leq 3.50 \text{ pg}$ 为小基因组的分类标准^[35], 秋海棠基因组可归为极小或小基因组。本研究测定的气根秋海棠 (*B. radicans* Vell.)、僧帽秋海棠 (*B. hispidula* var. *cucullifera* Irmsch.) 基因组大小比 A. Dewitte 等^[12] 采用大豆做内标测量值偏小, 而白柔毛秋海棠 (*B. subvillosa* var. *leptotricha* (C. DC.) L. B. Sm. & Wasch.) 基因组测量值偏大, 这可能与标准选择、测定方法等不同有关。

C. A. Jr. Thomas^[36] 研究发现基因组大小与生物体复杂程度没有关联。本研究测定的秋海棠虽然有些种类基因组大小相近, 但植物形态却表现出较大差别。盾叶秋海棠 (*B. peltatifolia* H. L. Li) 基因组大小为 0.292 pg, 僧帽秋海棠 (*B. hispidula* var. *cucullifera* Irmsch.) 基因组大小 (0.298 pg) 与盾叶秋海棠的相近, 但两种类株高, 茎的类型, 叶片形状、大小、厚度、质地、颜色等均有显著差别; 古林箐秋海棠 (*B. gulingqingensis* S. H. Huang & Y. M. Shui) 和大香秋海棠 (*B. handelii* Irmsch.) 基因组均较大, 分别为 1.867 pg、1.828 pg, 但两者形态差异极其明显, 说明秋海棠基因组大小与植物形态没有相关性。

中国秋海棠侧膜胎座组是较原始类群, 从其演化出秋海棠组, 秋海棠组有明显多系现象, 分化极其多样, 退化产生二室组, 进化发展成四室组, 二室组是当今较繁茂的类群, 四室组可能是一个比较自然的分类群, 组内各个种间亲缘关系较近^[21, 26]。陆生植物基因组大小进化基本趋势是增大, 越古老的植物谱系基因组越小^[37]。本研究测定的 30 种中国原产秋海棠, 侧膜胎座组平均基因组大小最小, 0.721 pg, 组内基因组大小变化较小, 最大值仅为最小值的 1.2 倍; 秋海棠组和二室组平均基因组大小略大于侧膜组, 组内基因组大小变化较大, 分别为

6.4倍、6.8倍;而四室组平均基因组大小最大,1.285 pg,组内基因组大小变化近3.2倍,该结果基本与前人的研究观点^[21,26,37]一致。

秋海棠属植物染色体数多样性丰富,染色体为不规则多倍体,本研究结果表明秋海棠基因组大小与染色体数无显著相关性,这一结论与 A. Dewitte等^[12]的研究结果一致。3种台湾原产的秋海棠基因组大小均比大陆原产的大,染色体数和形态与大陆产种类明显不同^[31],这可能是台湾原产种类为适应岛屿特殊生境和大陆产种类分别演化所致。

参考文献

- [1] De Wilde J J F E. Begoniaceae//Kubitzki K. The families and genera of vascular plants, Vol X [M]. German: Springer Press, 2011:56-71
- [2] Twyford A D, Kidner C A, Ennos R A. Maintenance of species boundaries in a neotropical radiation of *Begonia* [J]. Mol Ecol, 2015, 24(19):4982-4993
- [3] Hughes M, Hollingsworth P M, Miller A G. Population genetic structure in the endemic *Begonia* of the Socotra archipelago [J]. Biol Conserv, 2003, 113(2):277-284
- [4] Hughes N M, Vogelmann T C, Smith W K. Optical effects of abaxial anthocyanin on absorption of red wavelengths by understory species; revisiting the back-scatter hypothesis [J]. J Exp Bot, 2008, 59(12):3435-3442
- [5] Matolweni L O, Balkwill K, McLellan T. Genetic diversity and gene flow in the morphologically variable, rare endemics *Begonia dregei* and *Begonia homonyma* (Begoniaceae) [J]. Am J Bot, 2000, 87(3):431-439
- [6] 邓果特, 刘清波, 蒋建雄, 等. 五节芒基因组大小测定 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(2):339-341
- [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 [J]. 中国农学通报, 2011, 27(9):21-27
- [8] Bennett M D, Leitch I J. Plant DNA C-value database (release 6.0. December 2012) [EB/OL]. [2017-07-01]. <http://data.kew.org/cvalues/>
- [9] Greilhuber J, Borscht T, Muller K, et al. Smallest angiosperm genomes found in Lentibulariaceae, with chromosomes of bacterial size [J]. Plant Biol, 2006, 8(6):770-777
- [10] Pellicer J, Fay M F, Leitch I J. The largest eukaryotic genome of them all [J]. Bot J Linn Soc, 2010, 164(1):10-15
- [11] Lee S I, Kim N S. Transposable elements and genome size variations in plants [J]. Genomics Inform, 2014, 12(3):87-97
- [12] Dewitte A, Leus L, Eeckhaut T, et al. Genome size variation in *Begonia* [J]. Genome, 2009, 52(10):829-838
- [13] Brennan A C, Bridgett S, Shaikat A M, et al. Genomic resources for evolutionary studies in the large, diverse, tropical genus, *Begonia* [J]. Trop Plant Biol, 2012, 5(4):261-276
- [14] Knight C A, Beaulieu J M. Genome size scaling through phenotype space [J]. Ann Bot, 2008, 101(6):759-766
- [15] Roth G, Walkowiak W. The influence of genome and cell size on brain morphology in Amphibians [J/OL]. Cold Spring Harb Perspect Biol, 2015, 7:e019075, DOI:10.1101/cshperspect.a019075
- [16] 李桂双, 曹博, 白成科. 禾本科植物基因组大小与种子特性的相关性分析 [J]. 植物研究, 2012, 32(6):701-706
- [17] EI-Shehawi A M, Elseehy M M. Genome size and chromosome number relationship contradicts the principle of Darwinian evolution from common ancestor [J]. J Phylogenet Evol Biol, 2017, 5: DOI:10.4172/2329-9002.1000179
- [18] Doorenbos J, Sosef M S M, Wilde J J F E D. The section of *Begonia* including descriptions, keys and species lists (studies in Begoniaceae VI) [M]. Leiden: Backhuys Publishers, 1998:66-137
- [19] 崔卫华, 管开云. 中国秋海棠属植物叶片斑纹多样性研究 [J]. 植物分类与资源学报, 2013, 35(2):119-127
- [20] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志 [M]. 北京: 科学出版社, 1999:126
- [21] 税玉民, 李启任, 黄素华. 云南秋海棠属叶表皮及毛被的扫描电镜观察 [J]. 植物分类与资源学报, 1999, 21(3):309-316
- [22] 李景秀, 管开云, 大官徽, 等. 云南秋海棠属植物叶片横切面比较解剖研究 [J]. 广西植物, 2007, 27(4):543-550
- [23] 张嵘梅, 陈文红, 税玉民, 等. 中国秋海棠属植物的叶表皮特征及其分类学意义 [J]. 云南植物研究, 2008, 30(6):665-678
- [24] Oginuma K, Peng C I. Karyomorphology of Taiwanese *Begonia* (Begoniaceae): taxonomic implications [J]. J Plant Res, 2002, 115(3):225-235
- [25] 田代科, 管开云, 周其兴, 等. 云南八种秋海棠属植物的染色体数目 [J]. 植物分类与资源学报, 2002, 24(2):245-249
- [26] 向建英, 管开云, 杨俊波. 应用 ITS 区序列对秋海棠属无翅组分类学问题的探讨 [J]. 云南植物研究, 2002, 24(4):455
- [27] 代正福, 周正邦. 贵州亚热带地区野生秋海棠种质资源及其生境类型 [J]. 园艺学报, 2001, 28(1):52-56
- [28] 管开云, 李景秀, 李宏哲. 云南秋海棠属植物资源调查研究 [J]. 园艺学报, 2005, 32(1):74-80
- [29] 高静, 黄晓红, 曾华嵩, 等. 中国 6 种经济鱼类的基因组大小测定 [J]. 中国水产科学, 2010, 17(4):689-694
- [30] Goff S A, Ricke D, Lan T H, et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*) [J]. Science, 2002, 296(5565):92-100
- [31] 马宏. 中国秋海棠属秋海棠组系统学与保护生物学研究 [D]. 北京: 中国科学院研究生院, 2008:80
- [32] Legro R A H, Doorenbos J. Chromosome numbers in *Begonia* [J]. Neth J Agr Sci, 1969, 17:189-202
- [33] Peng C I, Shui Y M, Liu Y, et al. *Begonia fangii* (sect. *Coelocentrum*, Begoniaceae), a new species from limestone areas in Guangxi, China [J]. Bot Bull Acad Sin, 2005, 46(1):83-89
- [34] Nakata M, Guan K Y, Godo T, et al. Cytological studies on Chinese *Begonia* (Begoniaceae) I. chromosome numbers of 17 taxa of *Begonia* collected in 2001 field studies in Yunnan [J]. Bull Bot Gard Toyama, 2003, 8:1-16
- [35] Soltis D E, Soltis P S, Bennett M D, et al. Evolution of genome size in the angiosperms [J]. Am J Bot, 2003, 90(11):1596-1603.
- [36] Thomas C A Jr. The genetic organization of chromosomes [J]. Ann Rev Genet, 1971, 5(5):237-256
- [37] Leitch I J, Soltis D E, Soltis P S, et al. Evolution of DNA amounts across land plants (Embryophyta) [J]. Ann Bot, 2005, 95(1):207-217