

3 个彩色马蹄莲引进品种的核型分析

卫尊征¹ 殷选红² 熊敏¹ 王贤¹ 周涤¹

(¹北京市农林科学院蔬菜研究中心, 北京 100097; ²贵阳医学院基础医学院, 贵州 550004)

摘要: 利用普通压片法对 3 个引进彩色马蹄莲 (*Zantedeschia hybrid*) 品种的染色体数与核型进行了分析。结果表明: 所试验品种染色体数均为 $2n = 2x = 32$ 。染色体形态比较一致, 多是由中部 (m) 以及近中部 (sm) 着丝粒染色体组成。其中, 'Allure' 为 $2n = 2x = 32 = 14m(2SAT) + 2sm$, 'Cupdio' 的核型公式为 $2n = 2x = 32 = 14m + 2sm$, 'Odessa' 的核型公式为 $2x = 32 = 1M + 15m(1SAT)$ 。3 个品种核型不对称系数分别为 56.72%、56.25% 和 56.38%。核型分类显示其均为 1A 型。

关键词: 彩色马蹄莲; 染色体; 核型

Karyotypic Analysis of Three *Zantedeschia Hybrid* Cultivars

WEI Zun-zheng, YIN Xuan-hong, XIONG Min, WANG Xian, ZHOU Di

(¹Beijing Vegetable Research Center, Beijing Academy of Agricultural and Forest Sciences, Beijing 100097;

²School of Basic Medical College, Guiyang Medical College, Guiyang 550004)

Abstract: The chromosome numbers and karyotypes of three *Zantedeschia hybrid* cultivars were studied using squashing method. The results showed that the chromosome numbers of all tested cultivars was 32. The karyotypes among them were not distinct and most chromosomes were metacentric or submetacentric. The karyotype formula of three *Zantedeschia hybrid* cultivars were as follows: $2n = 2x = 32 = 14m(2SAT) + 2sm$ for Allure; $2n = 2x = 32 = 14m + 2sm$ for Cupdio; and $2n = 2x = 32 = 1M + 15m(1SAT)$ for Odessa. All cultivars belong to 1A type and their asymmetry index were 56.72%, 56.25% and 56.38%, respectively.

Key words: *Zantedeschia hybrid*; Chromosome; Karyotypic analysis

彩色马蹄莲 (*Zantedeschia hybrid*) 为天南星科 (Araceae) 马蹄莲属 (*Zantedeschia* Spreng.) 多年生球根花卉。因具有马蹄形的佛焰苞片, 且包括白、粉、黄、紫、红、橙和绿等多种色彩而得名。其原产于非洲南部, 包括 8 个原生种, 当今世界上栽培的大都是园艺杂交种^[1-2]。由于色彩艳丽, 形态高雅, 彩色马蹄莲已成为世界流行的名花品种之一, 目前在国际花卉市场上占有越来越重要的地位, 并且被公认为 21 世纪的“花卉之星”。

我国于 20 世纪末就开始从新西兰、荷兰等欧洲国家少量地引种。至今为止, 已经在栽培、

贮藏、组培扩繁等技术环节都取得相当的成绩和进展, 但是在遗传育种特别是推出具有自主知识产权的新品种方面却由于进口种球昂贵及育种材料匮乏等原因在很长一段时期内停滞在起步和摸索阶段^[3]。为了解决上述的问题, 我国的研究学者近些年来主要将研究重点集中在倍性育种上。如邵果园等^[4]、张锡庆等^[5]和吴红芝等^[6]利用秋水仙碱或者除草剂 Oryzalin 诱导对愈伤组织或不定芽的体细胞加倍研究, 李洁筠等^[7]利用秋水仙碱对雄蕊的性细胞加倍研究, 以及 Zhang 等^[8]利用花药培养进行单倍体育种研究。

收稿日期: 2011-11-03 修回日期: 2012-03-08

基金项目: 北京市优秀人才资助项目 (2009B002005000010); 国家科技支撑计划项目 (2009BADB8B04); 北京市农林科学院科技创新能力建设专项 (KJXC201101010-27)

作者简介: 卫尊征, 博士, 助理研究员。研究方向: 花卉遗传育种。E-mail: weizunzheng@nerev.com

通讯作者: 周涤, 副研究员。研究方向: 花卉遗传育种。E-mail: zhouidi@nerev.com

对彩色马蹄莲的细胞学研究可以丰富和完善当前的倍性育种方法,有利于加速育种的进程。核型分析主要通过研究其染色体数及染色体形态特征来反映不同品种或种之间存在染色体细胞学差异,其不但能研究种间的遗传变异,系统演化以及亲缘关系,而且还可以为杂交育种选育以及杂种后代鉴定等提供理论依据^[9-10]。鉴于国内外几乎没有彩色马蹄莲栽培种核型研究的相关报道,因此利用染色体压片技术对引进的 Allure、Cupdio 和 Odessa 3 个品种进行染色体数目及核型观察和分析,期望能为今后倍性育种研究中相关的细胞遗传学规律的阐述以及倍性鉴定等内容提供一定的细胞学基础和依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试的 3 个彩色马蹄莲品种 ‘Allure’、‘Cupdio’ 和 ‘Odessa’ 于 2010 年通过北京碧溪公司从荷兰引进。核型分析试验于 2011 年春季在北京市农林科学院蔬菜研究中心花卉研究室进行。

1.2 方法

染色体制片采用种球萌发后的幼根。当幼根长至 1.0~1.5cm 时首先用 0.1% 秋水仙碱溶液和 0.002mol/L 8-羟基喹啉混合液体在室温下处理 4h; 而后在卡诺氏固定液(无水乙醇:冰醋

酸=3:1) 固定 12 h 以上,1 mol/L 盐酸 60℃ 下解离 10~12 min,蒸馏水漂洗后用改良的苯酚品红染色压片镜检并统计染色体数目。最后选取染色体形态好又分散的细胞用 Olympus BH-2 显微镜拍照作核型分析。染色体计数和核型分析依据李懋学等^[11]的分析标准进行,统计 30 个以上细胞,以其中 85% 以上细胞具有的恒定一致的染色体数作为该种的染色体数,分别选用 5 个分散良好的中期分裂相进行分析测量,得到核型数据。染色体类型分析按照 Levan 等^[12]的分类系统,核型类型分析参照 Stebbins^[9]的分类标准。核型不对称系数按 Arano^[13]的方法计算,比值越大越不对称。

2 结果与分析

2.1 ‘Allure’ 核型分析

品种 ‘Allure’ 植株较矮,小于 25cm,而花茎则高于 25cm; 佛焰苞为深红色,单种球(16/18cm) 可成花 6~9 支,观花期小于 90d; 是比较典型的微型盆花品种。体细胞染色体数 $2n=32$,为二倍体。核型公式为 $2n=2x=32=14m(2SAT)+2sm$ 。其中第 1 对染色体为近中部着丝点染色体,其余均为中部着丝点染色体。另外,在本试验条件下还观察到第 3 和 9 对染色体的长臂有随体染色体。相对长度范围为 8.22%~12.90%,平均臂比 1.32,最长与最短染色体的比值为 1.57,核不对称系数为 56.72%,核型分类为 1A 型(图 1、表 1)。

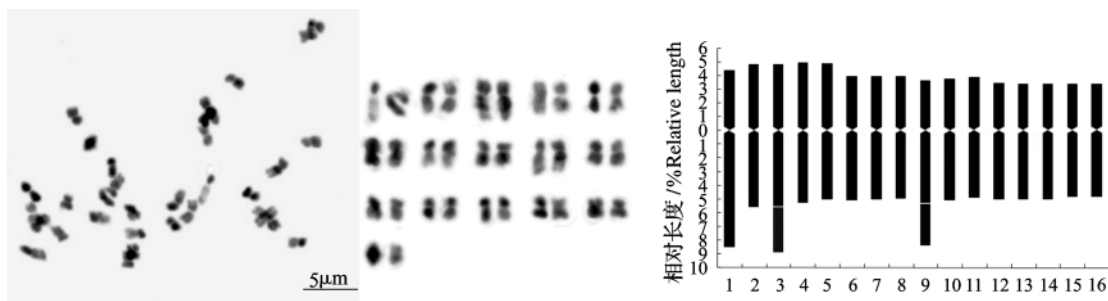


图 1 彩色马蹄莲 Allure 的核型图及核型模式图

Fig. 1 Karyotype and idiogram of *Zantedeschia hybrid cv. 'Allure'*

2.2 ‘Cupdio’ 核型分析

品种 ‘Cupdio’ 植株中等,株高和花茎高均在 40cm; 佛焰苞为浅黄色,单种球(16/18cm) 可成花 12~17 支; 观花期较长,在 110d 以上; 是非常优良的盆花品种。体细胞染色体数 $2n=32$,为二倍体。核

型公式为 $2n=2x=32=14m+2sm$ 。其中第 1 和 3 对染色体为近中部着丝点染色体,其余均为中部着丝点染色体。相对长度范围为 6.69%~11.63%,平均臂比 1.29,最长与最短染色体的比值为 1.74,核不对称系数为 56.25%,核型分类为 1A 型(图 2、表 2)。

表1 彩色马蹄莲 ‘Allure’ 的染色体参数

Table 1 Chromosome parameters of *Zantedeschia hybrid* cv. ‘Allure’

染色体序号 Code of chromosome	相对长度(%) Relative length	臂比(长臂/短臂) Arm ratio(long arm/short arm)	类型 Type
1	4.42 + 8.48 = 12.90	1.92	sm
2	4.83 + 5.55 = 10.38	1.15	m
3	4.83 + 5.48 = 10.31	1.13	m(SAT)
4	4.97 + 5.21 = 10.18	1.05	m
5	4.90 + 4.96 = 9.86	1.01	m
6	3.96 + 5.07 = 9.03	1.28	m
7	3.96 + 4.99 = 8.94	1.26	m
8	3.99 + 4.94 = 8.93	1.24	m
9	3.67 + 5.24 = 8.91	1.43	m(SAT)
10	3.79 + 5.05 = 8.84	1.33	m
11	3.91 + 4.86 = 8.77	1.24	m
12	3.45 + 5.00 = 8.45	1.45	m
13	3.42 + 5.00 = 8.43	1.46	m
14	3.44 + 4.98 = 8.42	1.45	m
15	3.43 + 4.81 = 8.24	1.40	m
16	3.43 + 4.79 = 8.22	1.39	m

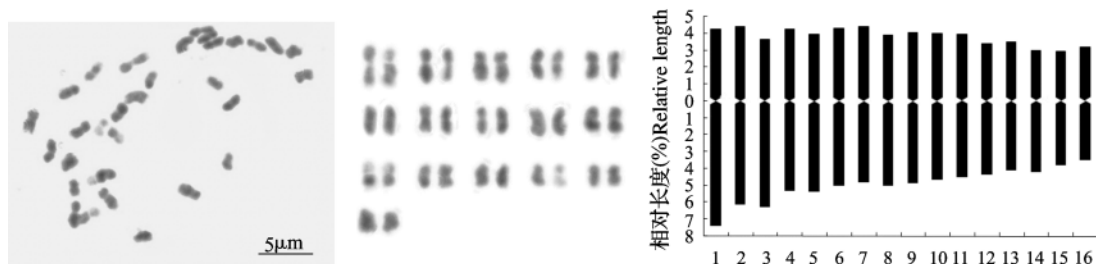


图2 彩色马蹄莲 ‘Cupdio’ 的核型图及核型模式图

Fig.2 Karyotype and idiogram of *Zantedeschia hybrid* cv. ‘Cupdio’

表2 彩色马蹄莲 ‘Cupdio’ 的染色体参数

Table 2 Chromosome parameters of *Zantedeschia hybrid* cv. ‘Cupdio’

染色体序号 Code of chromosome	相对长度(%) Relative length	臂比(长臂/短臂) Arm ratio(long arm/short arm)	类型 Type
1	4.29 + 7.35 = 11.63	1.72	sm
2	4.40 + 6.10 = 10.50	1.39	m
3	3.67 + 6.24 = 9.91	1.71	sm
4	4.28 + 5.29 = 9.57	1.23	m
5	3.97 + 5.37 = 9.34	1.35	m
6	4.30 + 5.00 = 9.30	1.16	m
7	4.40 + 4.77 = 9.17	1.08	m
8	3.91 + 4.99 = 8.89	1.28	m
9	4.06 + 4.83 = 8.89	1.19	m
10	4.03 + 4.62 = 8.64	1.15	m
11	3.97 + 4.47 = 8.44	1.13	m
12	3.40 + 4.34 = 7.74	1.27	m
13	3.50 + 4.07 = 7.57	1.16	m
14	3.00 + 4.20 = 7.20	1.40	m
15	2.93 + 3.77 = 6.70	1.28	m
16	3.23 + 3.46 = 6.69	1.07	m

2.3 ‘Odessa’核型分析

品种‘Odessa’和‘Cupdio’在株高、花茎高以及成花数等主要观赏性状上具有比较相似特征,不同的是佛焰苞为深紫色,开花期更长,可达到125d以上,同样也是非常优良的盆花品种。体细胞染色体数 $2n = 32$,为二倍体。核型公式为 $2n = 2x = 32 = 1M$

+15m(1SAT)。其中第8对染色体为正中部着丝点染色体,其余均为中部着丝点染色体。另外,在本试验条件下还观察到第5对染色体的长臂有随体染色体。相对长度范围为6.90%~10.44%,平均臂比1.29,最长与最短染色体的比值为1.51,核不对称系数为56.38%,核型分类为1A型(图3、表1)。

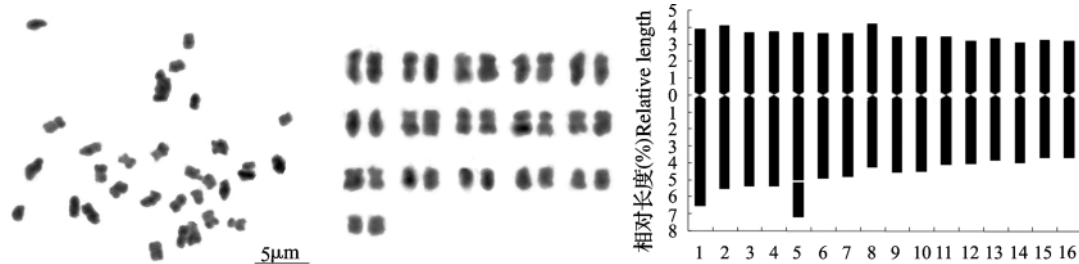


图3 彩色马蹄莲 Odessa 的核型图及核型模式图

Fig. 3 Karyotype and idiogram of *Zantedeschia hybrid cv. 'Odessa'*

表3 彩色马蹄莲‘Odessa’的染色体参数

Table 3 Chromosome parameters of *Zantedeschia hybrid cv. 'Odessa'*

染色体序号 Code of chromosome	相对长度(%) Relative length	臂比(长臂/短臂) Arm ratio (long arm /short arm)	类型 Type
1	3.94 + 6.50 = 10.44	1.65	m
2	4.13 + 5.50 = 9.63	1.33	m
3	3.70 + 5.37 = 9.07	1.45	m
4	3.77 + 5.37 = 9.14	1.42	m
5	3.73 + 4.97 = 8.70	1.33	m(SAT)
6	3.64 + 4.90 = 8.54	1.35	m
7	3.63 + 4.80 = 8.44	1.32	m
8	4.21 + 4.22 = 8.43	1.00	M
9	3.43 + 4.53 = 7.97	1.32	m
10	3.43 + 4.47 = 7.91	1.30	m
11	3.47 + 4.10 = 7.57	1.18	m
12	3.20 + 4.03 = 7.24	1.26	m
13	3.33 + 3.81 = 7.15	1.14	m
14	3.10 + 3.97 = 7.07	1.28	m
15	3.27 + 3.67 = 6.94	1.12	m
16	3.20 + 3.70 = 6.90	1.16	m

3 结论与讨论

根据彩色马蹄莲属(*Zantedeschia*)的分类学研究,可分为两组且各组间存在显著的生物学特性差异。其中,第1组为*Zantedeschia*,包括*Z. aethiopica*和*Z. odorata*两个种,它们共同点是具有白色佛焰苞且张开,根状地下茎以及极强的抗病虫害能力,不同的是前者四季常绿,而后者则夏季休眠;第2组为*Aestivae*,包括*Z. rehmannii*、*Z. jucunda*、*Z. elliottiana*、*Z. pentlandii*、*Z. albomaculata*和*Z. valida*等6个种,除了具有颜色各异、肥厚的块状茎(种球)等特点外,与第1组最大的区别是其通常会冬季休眠,并且抗病能

力较差,特别是对细菌性软腐病(*Erwinia carotovora* subs p. *carotovora*)尤为敏感^[1-2]。同样,在细胞学如染色体形态方面也差别明显。通过两组共8份彩色马蹄莲材料(包括5个原生种和3个栽培品种)的染色体核型分析, Yao等^[14]总结道:(1)所有材料染色体数均为 $2n = 2x = 32$;(2)*Z. aethiopica*(第1组)与第2组各种(栽培种)核型区分明显,且多为近端着丝粒染色体;(3)第2组各种(栽培种)之间染色体形态区别不明显,仅有中部或近中部着丝点染色体;(4)*Z. aethiopica*(第1组)在*Z. aethiopica*和第2组两者中间,但其更接近于前者。本文对3个引进品种‘Allure’、‘Cupdio’和‘Odessa’的染色体数目及核型进行观察和分析,与上述研

究结果相比,这3个彩色马蹄莲品种的染色体数目与 Yao 等^[14]完全一致,即都是二倍体且染色体数均为32条。染色体形态与上述的第2组也比较相似,3个品种的核型公式 $2n=2x=32=14m(2SAT)+2sm$, $2n=2x=32=14m+2sm$ 和 $2n=2x=32=1M+15m(1SAT)$, 表明除随体数目有差别外,其染色体同样仅具有中部或者近中部着丝点。其实,对当今世界上所栽培的大部分商业品种而言,它们多来自于彩色马蹄莲第2组内6个种间而不是组间杂交所选育出的园艺栽培种。结合试验用材料的生物学特性及核型分析,证实这3个新引进的品种同样属于组内杂交种。彩色马蹄莲组间杂种缺少的主要原因是因为两组间亲缘关系较远,存在严重的杂交障碍,如胚乳的衰退,胚败育和核质不兼容等^[15-16]。也正是因为如此,培育出能结合两组优点、具有花色丰富且抗病性强的新品种一直是目前彩色马蹄莲育种团体或个人的主要目标。鉴于荷兰是彩色马蹄莲育种强国以及当前所引进的3个品种均为2010年最新选育,彩色马蹄莲未来的主要育种目标仍将围绕两组间杂交种的选育及优良品种的推出作为重点的研究目标和方向。另外,依据本研究所检测的3个品种均为二倍体而不是多倍体这个情况,似乎反映出常规杂交仍然是目前彩色马蹄莲种的主要育种手段。20世纪末新西兰农业与食品研究院的 Cohen 等^[17]、Yao 等^[18]就率先开展彩色马蹄莲的倍性育种研究,虽然他们已经形成了较为成熟和完善的技术体系并且还获得多个三倍体以及四倍体杂交种,但是显然这种育种方式并没有被其他国家如荷兰所普遍应用和接受。当然,这还需要对更多的引进品种进行细胞核型检测来加以印证。但无论如何,这至少给我国起步较晚并且缺少育种材料的彩色马蹄莲育种研究工作提供了一个积极的信号,那就是多倍体育种前景广阔。所以,我国不少花卉研究单位将倍性育种特别是多倍体育种作为现在研究重点内容。一般,系统演化上处于比较古老或原始的植物,大多具有较对称的核型,而不对称的核型则常见于衍生的或进化较高级的植物中^[9,12]。因此核型进化的基本趋势是由对称向不对称方向发展。本研究对这3个品种的核型分析结果显

示其不对称系数较小并且还基本相似,分别为56.72%、56.25%和56.38%,而核型分类也全部相同,均为1A型,这些都表明这些彩色马蹄莲品种极为原始。根据人工选育能促进核型进化的观点,本研究认为尽管彩色马蹄莲已经历了一个多世纪的杂交育种,其仍有很大育种潜力有待激发与发掘。

参考文献

- [1] Letty C. The genus *Zantedeschia* [J]. *Bothalia*, 1973, 11(1-2): 5-26
- [2] Singh Y. Contributions to the systematic of the genus *Zantedeschia* Spreng. (Araceae) [M]. Pretoria: University of Pretoria, 1996: 169
- [3] 周涤, 吴丽芳. 马蹄莲研究进展 [J]. 中国农学通报, 2006, 22(9): 284-290
- [4] 邵果园, 梁国鲁. 黄色马蹄莲多倍体诱导研究 [J]. 浙江林业学院学报, 2008(25): 630-634
- [5] 张锡庆, 吴红芝, 周涤, 等. 新型除草剂 Oryzalin 的浓度和处理时间对诱导彩色马蹄莲多倍体的影响 [J]. 云南农业大学学报, 2008(23): 806-810
- [6] 李洁筠, 吴红芝, 陈溪, 等. 彩色马蹄莲 $2n$ 配子育种技术初探 [J]. 中国农学通报, 2011, 27(6): 108-113
- [7] 吴红芝, 张锡庆, 郑思乡, 等. 彩色马蹄莲多倍体的诱导 [J]. 园艺学报, 2008, 35(3): 443-446
- [8] Zhang X Y, Wu Q Q, Li X L, et al. Haploid plant production in *Zantedeschia aethiopica* 'Hong Gan' using anther culture [J]. *Sci Hort*, 2011, 129: 335-342
- [9] Stebbins G L. Chromosome Evolution in Higher Plants [M]. London: Edward Arnold, 1971
- [10] 闫素丽, 安玉麟, 孙瑞芬. 内囊菜3号染色体核型分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(6): 784-788
- [11] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题 [J]. 武汉植物学研究, 1985, 3(4): 297-302
- [12] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. *Hereditas*, 1964, 52(2): 201-220
- [13] Arano H. Cytological studies in subfamily *Carduoideae* of Japan IX [J]. *Bot Mag*, 1963, 76(5): 32-39
- [14] Yao J L, Rowland R E, Cohen D. Karyotype studies in the genus *Zantedeschia* (Araceae) [J]. *South African J Bot*, 1994, 60(1): 4-7
- [15] Yao J L, Cohen D, Rowland R E. Plastid DNA inheritance and plastome-genome incompatibility in interspecific hybrids of *Zantedeschia* (Araceae) [J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 88(2): 255-260
- [16] Yao J L, Cohen D, Rowland R E. Interspecific albino and variegated hybrids in the genus *Zantedeschia* [J]. *Plant Sci*, 1995, 109(2): 199-206
- [17] Cohen D, Yao J L. *In vitro* chromosome doubling of nine *Zantedeschia* cultivars [J]. *Plant Cell Tissue Organ Cul*, 1996, 47(1): 43-49
- [18] Yao J L, Cohen D. Production of triploid *Zantedeschia* hybrids using embryo rescue [J]. *New Zealand J Crop Hort Sci*, 1996, 24(1): 297-301
- [19] 杨庆文, 戴陆园, 时津霞, 等. 云南元江普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 遗传多样性分析及保护策略研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(1): 1-5
- [19] Hirano H Y, Eiguchi M, Sano Y et al. A single base change altered the regulation of the *waxy* gene at the post-transcriptional level during evolution of rice [J]. *Mol Biol Evol*, 1998, 15: 978-987
- [20] Olsen K M, Purugganan M D. Molecular evidence on the origin and evolution of glutinous rice [J]. *Genetics*, 2002, 162: 941-950
- [21] 李春. 东南亚普通野生稻与亚洲栽培稻的遗传多样性及其相互关系 [D]. 南昌: 南昌大学, 2008
- [22] 陈有桃. 中国稻种资源 *Waxy* 基因多样性研究 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2010
- [23] 黄燕红, 才宏伟, 王象坤. 亚洲栽培稻分散起源的研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(3): 185-190

(上接第649页)