

香水百合染色体变异定量分析

王红霞, 王文锋 (新乡医学院生命科学技术系, 河南新乡 453003)

摘要 [目的]探讨香水百合染色体的变异程度,为引种驯化和杂交育种提供依据。[方法]用 SAS 软件统计,并进行巢式方差分析,对香水百合居群间、个体间、同源染色体间的变异作出定量评估。[结果]在相对长度方面,香水百合 12 对染色体变异约有 88.91% 来源于居群内,约有 11.09% 来源于居群间;在臂比方面,香水百合 12 对染色体变异约有 80.98% 来源于居群内,约有 19.02% 来源于居群间;在染色体长度比、平均臂比、核型不对称系数和染色体组实际长度方面,香水百合染色体变异约有 96.36% 来源于居群内,约有 3.64% 来源于居群间。[结论]香水百合染色体变异居群内具明显的多态性,居群间具多型性,且染色体结构变异主要来源于居群内。

关键词 香水百合;染色体;变异程度

中图分类号 S682.1*9 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2009)31-15220-02

Quantitative Analysis of Chromosomal Variation of *Lilium* spp.

WANG Hong-xia et al (Department of Life Science and Technique, Xinxiang Medical College, Xinxiang, Henan 453003)

Abstract [Objective] The purpose was to discuss the chromosomal variation level of *Lilium* spp. and provide theoretical basis for breeding new species. [Method] Characters of deffient populations were counted by SAS software, then variance was studied by using Nested analysis. [Result] About 88.91% of 12 pair chromosomal variability in relative length existed within the populations. The rest reside among the populations. and that about 80.98% of 12 double chromosomal variability in arm ratio existed within the populations. The rest reside among the populations. Nested random effects analysis of variance for variable the relative length, arm ratio of chromosome, the mean of ratio (largest/smallest), mean ratio of arm, As. K. (%) and actual length of genome of chromosome. As a result, chromosomal structure variations was 96.36% within the populations. [Conclusion] There were obvious polymorphism in every population and polytypism among populations on morphology of *Lilium* spp. And structural aberration of chromosome within the populations was more.

Key words *Lilium* spp.; Chromosome; Variation level

香水百合(*Lilium* spp.)为百合属百合组的鳞茎球根花卉,多年生草本。原产于澳洲,在我国的西南和华中等地均有分布^[1]。花大喇叭形,具芳香。有“百合女王”之称,园艺观赏价值极高,是非常好的鲜切花材料。由于其生境复杂,染色体多态性丰富,且属于大型染色体,是研究遗传与进化的好材料。笔者在常规染色体制片的基础上,试图应用巢氏方差等级分析,对香水百合的居群间、个体间、同源染色体间的变异作出定量评估,旨在为引种驯化和杂交育种提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料 香水百合(*Lilium* spp.)。

1.2 方法 染色体制片采用常规压片法,方法同文献[2]。在常规染色体水平上,如何度量居群间、个体间、同源染色体间的变异大小,目前还没有一个公认的方法。笔者试图应用巢氏方差等级分析,在常规染色体水平上对香水百合的居群间、个体间、同源染色体间的变异作出定量评估。巢式方差分析模型为:

$$Y_{ijk1} = \mu + S_i + T_{(i)j} + R_{(ij)k} + \varepsilon_{(ijk)1}$$

式中, Y_{ijk1} 为第*i*个居群第*j*个细胞第*k*次重复第1次的观测值; μ 为总体平均值; S_i 为第*i*个居群的效应(固定); $T_{(i)j}$ 为第*i*个居群第*j*个细胞的效应(随机); $R_{(ij)k}$ 为第*i*个居群第*j*个细胞第*k*次重复效应(固定); $\varepsilon_{(ijk)1} = \varepsilon_{(ijk)1}$,为试验误差。

采用巢氏方差等级分析研究染色体在各个层次上的变异,求出各个层次方差分量占总变异的比率。

2 结果与分析

2.1 12 对染色体变异在同源染色体间的方差分量分布情况 相对长度:香水百合同源染色体间方差分量较高的为第

1、2、3、6、10 和 12 对染色体(大于 20%);臂比:香水百合同源染色体间方差分量较高的为第 1、2、3、4、5、6、10 和 11 对染色体(大于 20%)。综合相对长度和臂比两方面因素可以看出,香水百合同源染色体间方差分量较高的为第 1、2、3、6 和 10 对染色体(均大于 20%),表明上述同源染色体易于发生结构变异。

2.2 12 对染色体变异在居群内个体间的方差分量分布情况 相对长度:香水百合居群内个体间方差分量最高的为第 5 对染色体(95.565 0%),最低的为第 12 对染色体(7.928 6%)。臂比:香水百合居群内个体间方差分量最高的为第 9 对染色体(82.919 1%),最低的为第 2 对染色体(0)。

2.3 12 对染色体变异在居群间变异相对量的分布情况 居群间的变异相对量定义为 $Vst = \delta^2 s / (\delta^2 s + \delta^2 t/s)$,即 Vst 表示居群间变异占遗传总变异的百分比。由表 1 可知,相对长度:香水百合居群间变异相对量最高的为第 3 对染色体(33.620 2%);最低的为第 2、4、6 和 12 对染色体(均为 0)。臂比:香水百合居群间的变异相对量最高的为第 2 对染色体(100.00%);最低的为第 7 对染色体(0)。综合 12 对染色体,香水百合在相对长度方面居群间变异相对量平均为 11.089 7%,在臂比方面居群间变异相对量平均为 19.017 3%。

2.4 染色体长度比(L/S)、核不对称系数(As. K%)、平均臂比(R)、染色体组实际长度(ALG)在居群间变异相对量的分布情况 由表 2 可知,香水百合居群间变异相对量平均约为 3.638 6%。结合 12 对染色体的相对长度和臂比在居群间变异相对量,可见香水百合染色体变异居群内具明显的多态性,居群间具多型性。染色体结构变异是其物种核型的重要特征。这与整个百合属植物的核型特征基本一致^[3-4]。

作者简介 王红霞(1973-),女,河南洛阳人,硕士,副教授,从事细胞遗传学研究。

收稿日期 2009-07-06

表 1 香水百合居群染色体相对长度 (RL) 和臂比 (AR) 的方差分量百分比及居群间变异的相对量 (Vst) %

Table 1 Nested random effects analysis of variance for variable the relative length and arm ratio of chromosome in every population of *Lilium* spp.

染色体 Chromosome	居群间方差分量		居群内方差分量		同源染色体间方差		试验误差方差		居群间变异	
	百分比 δ^2_s		百分比 δ^2_t/s		分量百分比 δ^2_r		分量百分比 δ^2_e		相对量 Vst	
	RL	AR	RL	AR	RL	AR	RL	AR	RL	AR
1	0.170 2	0.000 0	40.750 9	30.870 6	59.078 9	69.129 4	0.000 0	0.000 0	0.041 6	0.000 0
2	0.000 0	12.174 5	40.309 7	0.000 0	59.690 3	87.825 5	0.000 0	0.000 0	0.000 0	100.000 0
3	25.211 6	13.046 6	49.777 8	20.816 8	25.010 6	66.136 6	0.000 0	0.000 0	33.620 2	38.527 1
4	0.000 0	1.811 5	81.015 5	68.597 8	17.984 5	29.696 7	0.000 0	0.000 0	0.000 0	2.572 8
5	2.854 5	22.266 6	95.565 0	51.003 1	1.580 5	26.730 3	0.000 0	0.000 0	2.900 3	30.389 9
6	0.000 0	20.468 4	73.965 5	53.593 9	26.034 5	25.937 7	0.000 0	0.000 0	0.000 0	27.636 9
7	12.673 5	0.000 0	78.600 3	82.888 5	8.726 2	17.111 5	0.000 0	0.000 0	13.885 1	0.000 0
8	18.847 5	0.229 2	73.310 3	79.921 3	7.842 2	19.849 5	0.000 0	0.000 0	21.636 1	0.285 9
9	19.305 7	6.077 3	77.009 1	82.919 1	3.685 2	11.003 6	0.000 0	0.000 0	20.451 3	6.828 7
10	25.910 8	0.982 0	53.846 7	58.664 7	20.242 5	40.353 3	0.000 0	0.000 0	32.487 0	1.646 4
11	7.850 2	6.218 8	73.521 0	50.198 6	18.628 7	43.353 7	0.000 0	0.000 0	9.647 4	11.022 8
12	0.000 0	8.215 5	7.928 6	80.144 7	22.071 4	11.639 8	0.000 0	0.000 0	0.000 0	9.297 7
平均 Mean									11.089 7	19.017 3

表 2 染色体长度比、核型不对称系数、平均臂比和染色体组实际长度的方差分量百分比及居群间变异的相对量

Table 2 Nested random effects analysis of variance for variable the longest/smallest ratio, As. K% value, mean arm ratio and actual length of genome of chromosome in population of *Lilium* spp. %

特征变量 Characteristic variable	居群间方差分量 量百分比 δ^2_s	居群内方差分量 量百分比 δ^2_t/s	试验误差方差 分量百分比 δ^2_e	居群间变异 异相对量 Vst
L/S	2.459 5	97.540 5	0.000 0	2.459 5
As. K%	0.000 0	100.000 0	0.000 0	0.000 0
R	7.954 3	92.045 7	0.000 0	7.954 3
ALG	4.140 4	95.859 6	0.000 0	4.140 4
平均 Mean				3.638 6

3 讨论

香水百合属于百合属植物,从染色体系统分析,百合属

植物属于大染色体类群,且染色体基数较高。大染色体和高基数必然易于导致有丝分裂中染色体交错纠缠,使断裂、缺失、易位、倒位等结构变异几率增加。因此,染色体结构变异是该物种核型的重要特征。而且通过巢式方差分析染色体的结构变异主要来源于居群内,且第 1、2、3、6 和 10 对染色体更易发生结构变异。笔者对香水百合染色体变异的定量评估为引种驯化、杂交育种提供了理论依据,同时也为探讨物种分化与适应问题提供了一些背景资料。

参考文献

- [1] 汪发缙,唐进. 中国植物志:第十四卷[M]. 北京:科学出版社,1980:116-128.
- [2] 王红霞,张光谋. 香水百合的核型变异研究[J]. 安徽农业科学,2008,36(21):9019,9036.
- [3] 王红霞,张艳芬,杨保胜. 百合属植物核型变异式样对比分析[J]. 河南科技学院学报,2006,34(4):38-40.
- [4] 虞泓,王红霞,游丹. 泸定百合居群染色体形态研究[J]. 云南大学学报,2000,22(1):60-67.

(上接第 15128 页)

参考文献

- [1] GUO S, KEMPHUES K J. Par-1, a gene required for establishing polarity in *C. elegans* embryos, encodes a putative Ser/Thr kinase that is asymmetrically distributed[J]. Cell, 1995, 81: 611-620.
- [2] FIRE A, XU S, MELLO C C, et al. Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans* [J]. Nature, 1998, 391(6669): 806-811.
- [3] BERNSTEIN E, HAMMOND S M, HANNON G J. Role for a bidentate ribonuclease in the initiation step of RNA interference [J]. Nature, 2001, 409(6818): 363-368.
- [4] HAMMOND S M, KOBAYASHI R, HANNON G J, et al. Argonaute2, a link between genetic and biochemical analyses of RNAi [J]. Science, 2001, 293(5532): 1146-1150.
- [5] SIJEN T, SIMMER F, FIRE A, et al. On the role of RNA amplification in dsRNA-triggered gene silencing [J]. Cell, 2001, 107(4): 465-476.
- [6] BILLY E, ZHANG H D, FILIPOWICZ W. Specific interference with gene expression induced by long, double-stranded RNA in mouse embryonal teratocarcinoma cell lines [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2001, 98(25): 14428-14433.
- [7] ELBASHIR S M, LENDECKEL W, TUSCHL T, et al. Duplexes of 21-nucle-

- otide RNAs mediate RNA interference in cultured mammalian cells [J]. Nature, 2001, 411(6836): 428-429.
- [8] 吴青. RNAi 技术研究进展 [J]. 中国生物工程杂志, 2003, 23(1): 92-96.
- [9] KENNERDELL J R, CARTHEW R W. Use of dsRNA-mediated genetic interference to demonstrate that frizzled and frizzled 2 act in the wingless pathway [J]. Cell, 1998, 95: 1017-1026.
- [10] YANG S H, TUTTON S, YOON K. Specific double-stranded RNA interference in undifferentiated mouse embryonic stem cells [J]. Molecular and Cellular Biology, 2001, 21: 7807-7816.
- [11] LEE N S, BAUER G, ROSSI J. Expression of small interfering RNAs targeted against HIV-1 rev transcripts in human cells [J]. Nat Biotechnol, 2002, 20(5): 500-508.
- [12] SUMIMOTO H, KAWAKAMI Y. Lentiviral vector-mediated RNAi and its use for cancer research [J]. Future Oncol, 2007, 3(6): 655-664.
- [13] TUSCHL T, ZAMORE P D, LEHMANN R, et al. Targeted mRNA degradation by double-stranded RNA *in vitro* [J]. Genes Dev, 1999, 13(24): 3191-3197.
- [14] LUPBERGER J, BRINO L, BAUMERT T F. RNAi: a powerful tool to unravel hepatitis C virus-host interactions within the infectious life cycle [J]. J Hepatol, 2008, 48(3): 523-525.