

12 份连翘种质资源的核型参数分析

申建双, 叶远俊, 潘会堂, 张启翔

(花卉种质资源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/北京林业大学园林学院, 北京 100083)

摘要:采用常规压片法对 4 个连翘属原种以及 6 个金钟连翘品种和 2 个朝鲜连翘品种的核型进行了分析。研究发现,除金钟连翘品种 Goldrausch 为四倍体 ($2n=4x=56$) 外,其余 11 份种质均为二倍体 ($2n=2x=28$),染色体基数为 14。连翘、卵叶连翘、东北连翘、朝鲜连翘的核型分别为 2A、3B、2B、3B 型,6 个金钟连翘品种的核型包括 2A、2B、3B 3 种,2 个朝鲜连翘品种的核型包括 2B、3B。12 份连翘种质的着丝粒指数差异性不大,介于 9.65% ~ 50.00%,染色体类型以中部(m)、近中部(sm)以及近端部(st)染色体为主,未发现端部染色体和随体。结果表明,连翘和东北连翘的亲缘关系最近,与卵叶连翘的亲缘关系最远,金钟连翘品种与东北连翘、朝鲜连翘之间亲缘关系较近。研究结果为连翘属种间、品种间杂交育种和亲缘关系研究提供了细胞学基础。

关键词:连翘属;染色体;核型参数;亲缘关系

Karyotype Analysis of Twelve *Forsythia* Species and Cultivars

SHEN Jian-shuang, YE Yuan-jun, PAN Hui-tang, ZHANG Qi-xiang

(Beijing Key Laboratory of Ornamental Plants Germplasm Innovation and Molecular Breeding/

National Engineering Research Center for Floriculture/College of Landscape Architecture, Beijing Forestry University, Beijing 100083)

Abstract: Karyotypes of twelve *Forsythia* species and cultivars were studied using squashing method. The results showed that eleven *Forsythia* species and cultivars were diploid ($2n=2x=28$), except *F. intermedia* ‘Goldrausch’, which was tetraloid ($2n=4x=56$). The karyotypes of *F. suspensa*, *F. ovata*, *F. mandshurica* and *F. koreana* were 2A, 3B, 2B, and 3B, respectively. The karyotypes of six *F. intermedia* cultivars included 2A, 2B and 3B. The karyotypes of two *F. koreana* cultivars included 2B and 3B. Generally, the centromere index of twelve *Forsythia* species and cultivars were not distinctively different, which ranged from 9.65% to 50.00%. The karyotypes of all the tested *Forsythia* taxa were mainly made of median region, submedian region and subterminal region, without telocentric chromosome or satellite. The results from clustering analysis on karyotype parameters of the four *Forsythia* species showed that *F. suspense* and *F. mandshurica* had close genetic relationship, while the genetic relationship between *F. suspense* and *F. ovata* was distant. Meanwhile, *F. intermedia* cultivars had closer genetic relationship with *F. mandshurica* and *F. koreana*, than with *F. suspense* and *F. ovata*. The results provided cytological information for genetic relationship analysis and parent selection in interspecific hybridization in *Forsythia* genus.

Key words: *Forythia*; chromosome; karyotype analysis; genetic relationship

木犀科连翘属大约有 10 ~ 15 种,除了 *Forsythia europaea* 分布于巴尔干地区外,其他种类均分布于东北

亚地区,其中中国原产 6 种 2 变型^[1-3],大多数可作为药用植物和园林观赏植物。1945 年,人们采用流式细

收稿日期:2014-03-24 修回日期:2014-04-23 网络出版日期:2014-12-11

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141211.2159.005.html>

基金项目:北京市园林绿化局计划项目(YLHH201200112)

第一作者研究方向为园林植物资源与育种。Email: shenjianshuang18@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@bjfu.edu.cn

胞技术分析发现连翘属野生种都是二倍体($2n = 28$),染色体基数为 14^[4]。19 世纪连翘属植物被引到西方国家并开始进行育种工作。1885 年在德国 Göttingen 植物园发现了连翘属的自然杂交种——金钟连翘 (*F. intermedia*),之后,连翘新品种开始大量出现,金钟连翘也成为许多现代连翘品种的重要亲本,广泛开展常规杂交和自然突变选择等育种工作^[5-6],育种目标主要集中在提高抗寒性、改良生长习性和开花性状等方面。由于连翘属植物具有抗性强和早春花朵繁密等优点,在温带地区得到广泛种植应用^[7]。通过育种手段,人们也成功获得一些多倍体品种和株系^[4-8]。

远缘杂交可以产生丰富的遗传变异,促进物种新类型的形成,是培育新品种和丰富物种与遗传多样性的有效途径之一^[9]。通过远缘杂交可把 2 个或多个物种经过长期进化积累起来的有益特性进行组合,获得近缘杂交所不能获得的优良特性^[10]。连翘属植物花期集中,花色只有黄色系,种间和属间远缘杂交可能是延长连翘花期、丰富花色的主要途径。在杂交和远缘杂交中,杂交亲本的染色体数目和核型对杂交结实率有很大影响^[11]。核型在染色体水

平上反映了物种的整体特征,有助于揭示物种间的亲缘关系及其遗传进化过程,并可为植物系统分类、杂交育种提供可靠的细胞学依据,因此需要对育种材料的细胞学背景进行系统的分析^[12]。鉴于目前国内国外尚无关于连翘属种质资源详细的核型参数信息,本实验采用常规压片法分析了 12 份连翘属种质(4 个原种和 8 个品种)的核型,并利用 4 种连翘属原种的核型参数进行了聚类分析,除连翘以外,其他 11 份种质的核型均为首次报道,研究结果为研究该属植物的遗传变异、种间亲缘关系、品种特性及杂交选育等提供了依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试的 12 份连翘属种质(表 1)保存于北京林业大学国家花卉工程技术研究中心小汤山花卉种质资源圃,植株生长健壮,均为 2~3 年生苗。12 份连翘属种质包括 4 个连翘属原种以及 6 个金钟连翘品种和 2 个朝鲜连翘品种,其中 *Forsythia koreana* 与 *Forsythia viridissima* var. *koreana* 为同物异名,均指朝鲜连翘种。

表 1 12 份连翘属种质的基本信息

Table 1 Information of 12 *Forsythia* species and cultivars

编号 Code	拉丁学名 Scientific name	类型 Type	主要性状 Traits	来源 Genetic resources
I	<i>F. intermedia</i> Spectabilis	金钟连翘品种	花大	1906 年德国培育
II	<i>F. intermedia</i> Goldrausch	金钟连翘品种	花冠蜡质,裂片宽大,花期较晚	
III	<i>F. intermedia</i> Lynwood	金钟连翘品种	落叶期晚	<i>F. intermedia</i> Spectabilis 的自然突变体,1935 年在伊朗一私人花园发现
IV	<i>F. intermedia</i> Courtalyn	金钟连翘品种	分枝密、紧凑	γ 射线照射 <i>F. × intermedia</i> Lynwood Gold 芽获得的突变品种,法国培育
V	<i>F. Courtasol</i>	金钟连翘品种	株型矮小紧凑,匍匐型	从 <i>F. × intermedia</i> Primulina 的可育突变体 <i>F. × intermedia</i> Spring Glory 的开放授粉后代群体中选育。1986 年法国培育
VI	<i>F. Courtaneur</i>	金钟连翘品种	植株峭立,秋季叶片呈深紫红色	从 <i>F. × intermedia</i> Spring Glory 的开放授粉后代群体中选育。1987 年法国培育
VII	<i>F. koreana</i> Sawon Gold	朝鲜连翘品种	叶片常年为黄色	<i>F. koreana</i> Seoul Gold 的体细胞无性系变异。1994 年韩国培育
VIII	<i>F. viridissima</i> var. <i>koreana</i> Kumson	朝鲜连翘品种	叶脉黄色	原产韩国
IX	<i>F. koreana</i>	朝鲜连翘原种	花瓣外卷,花冠筒具浅橙色条纹	
X	<i>F. mandshurica</i>	东北连翘原种	花冠黄色,花萼裂片下面呈紫色,当年生枝绿色	原产中国辽宁鸡冠山,东北三省均有栽培
XI	<i>F. suspensa</i>	连翘原种	花冠黄色,花萼绿色	原产中国,除华南地区外,我国各地均有栽植
XII	<i>F. ovata</i>	卵叶连翘原种	花冠琥珀黄色,花萼绿色或紫色,叶片革质,枝条开展	原产朝鲜,我国东北各地有栽植

1.2 方法

2013 年 7-9 月,选择生长健壮的枝条水培,于正午阳光直射时取幼嫩根尖或刚萌发的侧芽置于卡诺固定液固定 5~24 h,蒸馏水漂洗 1~2 遍,放入 0.2 mol/L 盐酸中于 55~60 ℃ 水浴解离 15~20 min,蒸馏水洗 2~3 次,用卡宝品红溶液染色 15 min 后压片,于 ZEISS Scope A1 显微镜及 ProgRes C5 CCD 下进行镜检、拍照^[13]。

1.3 数据处理

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,即可认为是该种质的染色体数目。选取 5 个染色体形态

清楚并且无重叠的细胞,参照李懋学等^[14]、陈瑞阳^[15-16]的标准进行核型分析。依据 G. L. Stebbins^[17]的分类标准进行核型分类,采用 H. Arano^[18]的方法计算核不对称系数,参照 X. R. Guo^[19]的方法计算染色体相对长度。根据谭远德等^[20]、吴昌谋^[21]的方法,利用染色体相对长度、着丝粒指数以及臂比值 3 个参数,计算 4 个连翘属原种的核型近似系数及遗传距离,并采用李峰等^[22]设计的核型近似系数聚类分析软件进行聚类。

2 结果与分析

12 份连翘种质的染色体参数见表 2,染色体核型及模式图见图 1。

表 2 12 份连翘种质的染色体参数

Table 2 Chromosomes parameters of 12 *Forsythia* species and cultivars

编号 Code	染色体 数目	相对 长度(%) Relative length	臂比值 Arm ratio	最长染色体/ 最短染色体 Ll/St	核不对称 系数(%) Asymmetry index	着丝粒 指数(%) Centromere	核型分类 Karyo type	核型公式 Formula of karyotypes
I	28	2.53~5.79	1.11~4.01	2.29	67.29	19.98~47.50	2B	2n=2x=28=9m+10sm+9st
II	56	1.06~3.45	1.05~4.50	3.26	65.34	18.18~48.89	3B	4n=4x=56=23m+19sm+14st
III	28	2.69~5.03	1.11~3.71	1.87	63.95	21.23~48.15	2A	2n=2x=28=14m+7sm+7st
IV	28	0.67~1.63	1.04~4.57	2.42	72.24	16.67~49.12	3B	2n=2x=28=6m+7sm+15st
V	28	2.17~5.70	1.06~2.67	2.63	61.37	27.27~48.57	2B	2n=2x=28=19m+9sm
VI	28	0.68~1.51	1.06~4.78	2.23	67.14	14.29~48.28	3B	2n=2x=28=11m+10sm+7st
VII	28	2.56~5.49	1.01~4.00	2.14	71.79	20.00~49.66	3B	2n=2x=28=4m+13sm+11st
VIII	28	2.56~6.22	1.05~3.87	2.43	63.61	20.51~48.89	2B	2n=2x=28=16m+6sm+6st
IX	28	0.63~1.37	1.06~4.63	2.17	67.13	17.78~48.65	3B	2n=2x=28=12m+7sm+9st
X	28	1.83~5.56	1.05~5.15	3.04	62.97	16.25~50.00	2B	2n=2x=28=2M+18m+2sm+6st
XI	28	2.62~4.84	1.00~3.71	1.85	31.20	21.21~48.63	2A	2n=2x=28=1M+13m+11sm+3st
XII	28	1.92~5.25	1.11~11.20	2.73	64.02	9.65~47.46	3B	2n=2x=28=12m+4sm+5st+7T

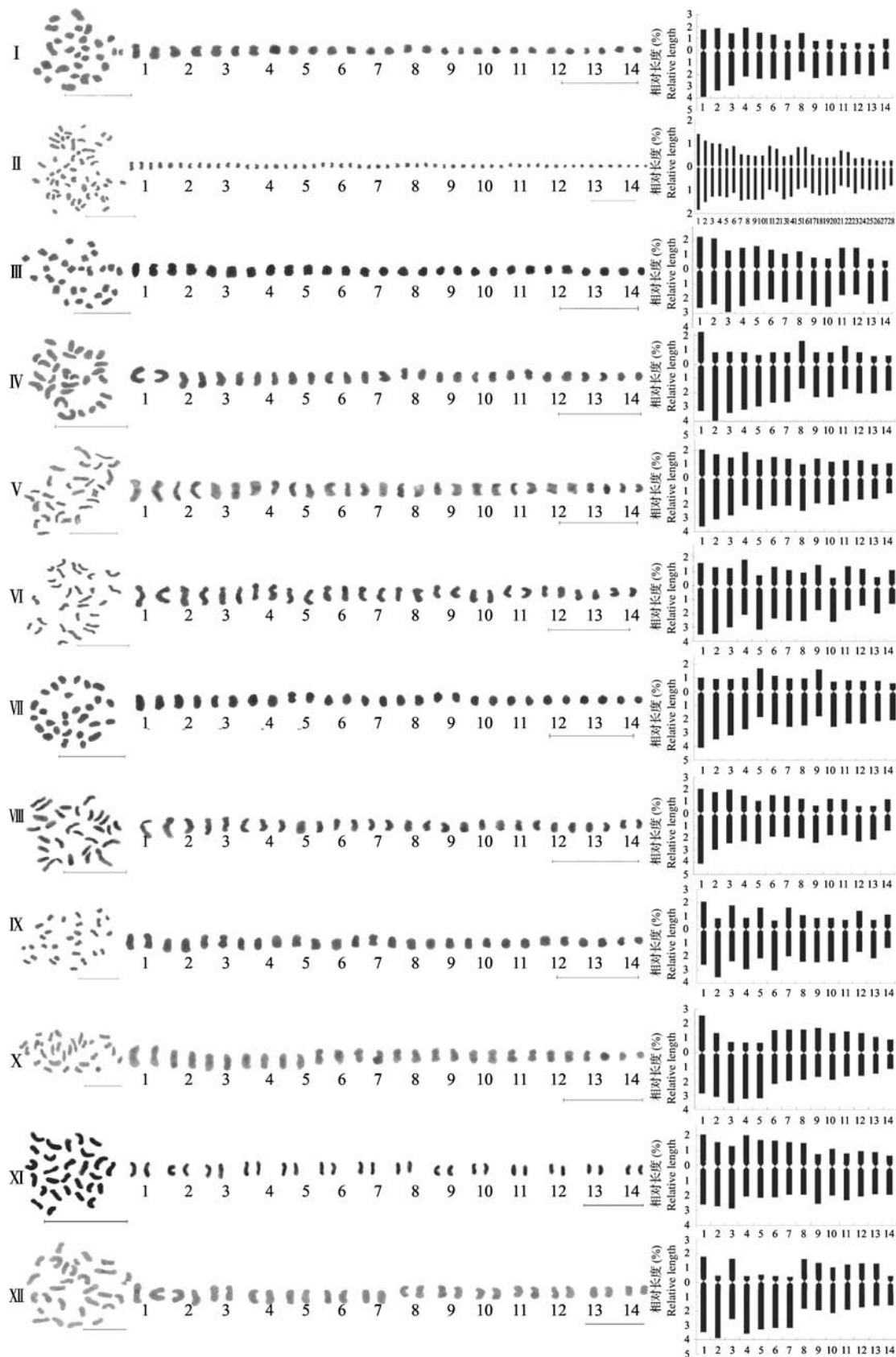
2.1 连翘属原种的核型

(1) 朝鲜连翘 (*F. koreana*): 体细胞染色体数 $2n=2x=28$, 为二倍体, 核型公式为 $2n=2x=28=12m+7sm+9st$, 未观察到随体染色体。染色体相对长度为 0.63%~1.37%, 相对长度组成 $2n=2L+12M2+13M1+1S$ 。臂比值为 1.06~4.63, 最长染色体与最短染色体长度比为 2.17, 核不对称系数为 67.13%, 着丝粒指数 17.78%~48.65%, 其核型属于 3B 型。

(2) 东北连翘 (*F. mandshurica*): 体细胞染色体数 $2n=2x=28$, 为二倍体, 核型公式为 $2n=2x=28=2M+18m+2sm+6st$, 未观察到随体染色体。染色体相对长度为 1.83%~5.56%, 相对长度组成

$2n=2L+10M2+13M1+3S$ 。臂比值为 1.05~5.15, 最长染色体与最短染色体长度比为 3.04, 核不对称系数为 62.97%, 着丝粒指数 16.25%~50.00%, 其核型属于 2B 型。

(3) 连翘 (*F. suspensa*): 体细胞染色体数 $2n=2x=28$, 为二倍体, 核型公式为 $2n=2x=28=1M+13m+11sm+3st$, 未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.62%~4.84%, 相对长度组成 $2n=2L+10M2+14M1+2S$ 。臂比值为 1.00~3.71, 最长染色体与最短染色体长度比为 1.85, 核不对称系数为 31.20%, 着丝粒指数 21.21%~48.63%, 其核型属于 2A 型。



图中编号对应表 1 中的编号,下同。标尺 = 10 μm

The numbers correspond to the numbers in table 1, the same as below. Hereinafter scale = 10μm

图 1 12 份连翘种质的染色体核型及模式图

Fig. 1 Chromosome karyotypes and idlograms of 12 *Forsythia* species and cultivars

(4)卵叶连翘(*F. ovata*):体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 12 m + 4 sm + 5 st + 7T$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 1.92% ~ 5.25%,相对长度组成 $2n = 2L + 11M2 + 13M1 + 2S$ 。臂比值为 1.11 ~ 11.20,最长染色体与最短染色体长度比为 2.73,核不对称系数为 64.02%,着丝粒指数 9.65% ~ 47.46%,其核型属于 3B 型。

4 个连翘属原种的体细胞染色体数一致、倍性一致,其臂比值及着丝粒指数差异不明显。连翘和东北连翘的染色体组成最相似,均由 M、m、sm、st 4 种组成,卵叶连翘和朝鲜连翘的核型类型均为 3B,连翘的核不对称系数明显低于其他 3 种。利用核型似近系数聚类的结果表明,连翘与东北连翘首先聚在一起;在似近系数为 0.9 时连翘、东北连翘与朝鲜连翘聚在一起,最后在似近系数为 0.8627 时与卵叶连翘聚为一类(图 2)。说明连翘和东北连翘的亲缘关系最近,与卵叶连翘之间的亲缘关系最远。

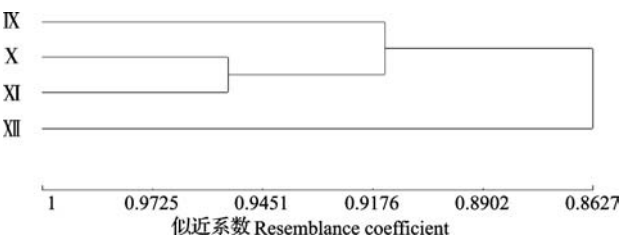


图 2 核型似近系数聚类分析

Fig. 2 The clustering drawing of 4 *Forsythia* species by karyotype resemblance-coefficient

2.2 朝鲜连翘品种的核型

(1) *F. koreana* Sawon Gold:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 4m + 13sm + 11st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.56% ~ 5.49%,相对长度组成 $2n = 3L + 5M2 + 9M1 + 1S$ 。臂比值为 1.01 ~ 4.00,最长染色体与最短染色体长度比为 2.14,核不对称系数为 71.79%,着丝粒指数 20.00% ~ 49.66%,其核型属于 3B 型。

(2) *F. viridissima* var. *koreana* Kumson:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 16m + 6sm + 6st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.56% ~ 6.22%,相对长度组成 $2n = 4L + 5M2 + 16M1 + 3S$ 。臂比值为 1.05 ~ 3.87,最长染色体与最短染色体长度比为 2.43,核不对称系数为 63.61%,着丝粒指数 20.51% ~ 48.89%,

其核型属于 2B 型。

2 个朝鲜连翘品种的核型参数指标均无明显差异,但是臂比值大于 2:1 的染色体百分比不一致,Sawon Gold 品种的百分比为 0.86,其核型类型为 3B;Kumson 品种的百分比为 0.32,其核型类型为 2B。Sawon Gold 与朝鲜连翘的核型类型以及各个核型参数指标较一致。

2.3 金钟连翘品种的核型

(1) *F. intermedia* Spectabilis:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 9m + 10sm + 9st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.53% ~ 5.79%,相对长度组成 $2n = 4L + 7M2 + 11M1 + 6S$ 。臂比值为 1.11 ~ 4.01,最长染色体与最短染色体长度比为 2.29,核不对称系数为 67.29%,着丝粒指数为 19.98% ~ 47.50%,其核型属于 2B 型。

(2) *F. intermedia* Goldrausch:体细胞染色体数 $2n = 4x = 56$,为四倍体,核型公式为 $2n = 4x = 56 = 23m + 19sm + 14st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 1.06% ~ 3.45%,相对长度组成 $2n = 6L + 20M2 + 20M1 + 10S$ 。臂比值为 1.05 ~ 4.50,最长染色体与最短染色体长度比为 3.26,核不对称系数为 65.34%,着丝粒指数 18.18% ~ 48.89%,其核型属于 3B 型。

(3) *F. intermedia* Lynwood:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 14m + 7sm + 7st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.69% ~ 5.03%,相对长度组成 $2n = 3L + 6M2 + 18M1 + 1S$ 。臂比值为 1.11 ~ 3.71,最长染色体与最短染色体长度比为 1.87,核不对称系数为 63.95%,着丝粒指数为 21.23% ~ 48.15%,其核型属于 2A 型。

(4) *F. intermedia* Courtalyn:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 6m + 7sm + 15st$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 0.67% ~ 1.63%,相对长度组成 $2n = 4L + 4M2 + 16M1 + 4S$ 。臂比值为 1.04 ~ 4.57,最长染色体与最短染色体长度比为 2.42,核不对称系数为 72.24%,着丝粒指数为 16.67% ~ 49.12%,其核型属于 3B 型。

(5) *F. Courtasol*:体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$,为二倍体,核型公式为 $2n = 2x = 28 = 19m + 9sm$,未观察到随体染色体。染色体相对长度为 2.17% ~ 5.70%,相对长度组成 $2n = 4L + 7M2 + 13M1 + 4S$ 。

臂比值为 1.06% ~ 2.67%, 最长染色体与最短染色体长度比为 2.63, 核不对称系数为 61.37%, 着丝粒指数 27.27% ~ 48.57%, 其核型属于 2B 型。

(6) *F. Courtaneur*: 体细胞染色体数 $2n = 2x = 28$, 为二倍体, 核型公式为 $2n = 2x = 28 = 11m + 10sm + 7st$, 未观察到随体染色体。染色体相对长度为 0.68% ~ 1.51%, 相对长度组成 $2n = 4L + 10M2 + 8M1 + 6S$ 。臂比值为 1.06 ~ 4.78, 最长染色体与最短染色体长度比为 2.23, 核不对称系数为 67.14%, 着丝粒指数 14.29% ~ 48.28%, 其核型属于 2B 型。

6 个金钟连翘品种的核不对称系数、臂比值以及着丝粒指数相差不大。其中 *Goldrausch* 为四倍体, 其最长与最短染色体的比值明显高于其他 5 个金钟连翘品种, 核型类型为 3B。其他 5 个金钟连翘品种均为二倍体, 核型类型包括 2A、2B、3B 3 种, 其中 *Courtasol* 的染色体组成为 *m* 和 *sm*, 并且臂比值比其余 4 个品种小, 其他 4 个品种染色体组成则为 *m*、*sm*、*st*, 臂比值均介于 1.04 ~ 4.78 之间。*Courtalyn* 和 *Courtaneur* 2 个品种的染色体相对长度明显小于其他 3 个品种。

3 讨论

本研究报道了 12 份连翘种质的染色体数目与核型, 除连翘外, 其他 11 份种质的核型参数均为首次报道。12 份连翘种质的染色体基数均为 14, 与前人报道一致^[4], 均为整倍体, 未发现非整倍体及随体。金钟连翘品种 *Goldrausch* 为四倍体, 最长与最短染色体比值明显大于其他种质。连翘和金钟连翘品种 *Lynwood* 核型为 2A, 金钟连翘品种 *Spectabilis*、*Courtasol*, 朝鲜连翘品种 *Kumson* 和东北连翘核型类型为 2B, 其余种质核型类型为 3B。

试验中观察到朝鲜连翘第 13 对染色体、*Suwon Gold* 第 12 对染色体、*Courtaneur* 第 8 对染色体、*Courtalyn* 第 14 对染色体、*Spectabilis* 第 7、9、10 对染色体、连翘第 14 对染色体均由 1 条 *sm* 和 1 条 *st* 染色体组成。*Spectabilis* 的第 2、5、6 对染色体、*Courtasol* 第 1、2、5、10、13 对染色体和朝鲜连翘的第 2 对染色体、连翘第 2、13 对染色体、卵叶连翘第 1、9 对染色体由 1 条 *m* 和 1 条 *sm* 染色体组成。连翘第 4 对染色体由 1 条 *M* 和 1 条 *m* 染色体组成, 卵叶连翘第 5、6、7 对染色体由 1 条 *T* 和 1 条 *st* 染色体组成。结果说明, 12 份连翘种质的染色体组成存在差异, 这种差异在不同种质中的不一致性在一定程度上表

现出进化趋势。植物界核型进化的趋势是从对称向不对称发展的, 系统演化上处于比较古老的核型常见于衍生的或进化较高级的植物中^[17,23-25]。核型不对称的增加, 或者表现为染色体两臂的增加, 或者表现为染色体两臂长度^[17]。核型不对称系数愈大, 染色体愈不对称, 其进化程度愈高^[18,26]。因此, 推测 12 份连翘种质中金钟连翘品种 *Courtasol* 较为进化, 而连翘较为古老; 金钟连翘品种 *Spectabilis*、*Courtasol*, 朝鲜连翘品种 *Kumson* 及东北连翘之间亲缘关系较近; 金钟连翘品种 *Lynwood* 与朝鲜连翘之间亲缘关系较近; 其余的 6 个品种亲缘关系较近。

K. J. Kim^[27]通过分析叶绿体 DNA 多态性探讨了连翘属植物亲缘关系, 将 9 种连翘属植物划分成 4 个不同的分支群体, 即 (1) *F. suspensa*, (2) *F. europaea* - *F. giraldiana*, (3) *F. ovata*-*F. japonica*-*F. viridissima*, (4) *F. koreana*-*F. mandshurica*-*F. saxatilis*; 连翘和金钟花的杂交种——金钟连翘 (*F. × intermedia*) 被分到第 4 群体, 该研究表明金钟连翘不是连翘与金钟花的杂交种, 与 A. S. Zabel^[28] 的结论相矛盾。本研究从染色体组成、核不对称系数、平均臂比值以及核型参数聚类结果等方面得出金钟连翘品种与东北连翘、朝鲜连翘之间亲缘关系最近, 与 K. J. Kim^[27] 的研究结果一致。关于金钟连翘的来源有待于进一步探讨研究。

亲缘关系较远会产生严重的杂交障碍^[29], 选用亲缘关系较近的种质进行杂交, 可能亲和性较强, 会顺利地完 成受精作用。若选用四倍体的金钟连翘品种 *Goldrausch* 与二倍体的连翘种质为亲本进行杂交, 双亲的染色体倍性差异可能导致杂交不亲和, 但也可能成功, 获得染色体倍性丰富和遗传多样的后代^[13]。在杂交试验中发现, 四倍体的 *Goldrausch* 表现为花大, 生长势旺盛, 但花期较短, 和其他品种正、反交均可以结实, 但结实率低, 种子不饱满, 种子萌发率极低, 此现象可能与亲本的倍性不一致有关。今后研究中可以考虑采用 *Goldrausch* 与亲缘关系较近的二倍体品种进行杂交, 有望获得性状改良的大花型连翘品种。

染色体核型上的差异表明种质资源在形态学或细胞水平上的遗传多样性^[30]。连翘属植物的染色体属于小染色体类型, 染色体形态差异不大, 可以结合染色体分带、原位杂交和分子标记等技术探讨连翘种内亲缘关系、系统演化以及遗传变异多样性, 为今后的育种工作提供更丰富的信息。

参考文献

- [1] 吴征镒. *Flora of China*; 第 15 卷[M]. 北京: 科学出版社, 1986
- [2] 中科院中国植物志编委会. 中国植物志; 第六十一卷[M]. 北京: 科学出版社, 1992; 42-43
- [3] 闫双喜, 位凤宇, 秦小艳. 河南连翘属一新变型蔓生连翘[J]. 河南科学, 2008, 26(12): 1483
- [4] Taylor H. Cyto-taxonomy and phylogeny of the Oleaceae [J]. *Brittonia*, 1945, 5: 337-367
- [5] Wyman D. *Forsythias* [J]. *Am Hortic Mag*, 1961, 40: 191-198
- [6] 张闯令, 王凤英. 金缘连翘的选育技术研究[J]. 辽宁林业科技, 2008(1): 35-36
- [7] Rosati C, Cadic A, Duron M, et al. *Forsythia* [J]. *Biotechnol Agric For*, 2007, 61: 299-318
- [8] 周玉丽. 秋水仙素诱导连翘多倍体的研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2011
- [9] Chen J, Staub J, Qian C H, et al. Reproduction and cytogenetic characterization of interspecific hybrids derived from *Cucumis hystrix* Chakr $\times$ *Cucumis sativus* L. [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(4): 688-695
- [10] 沈德绪. 果树育种学[M]. 北京: 农业出版社, 2000; 98-105
- [11] 马燕, 陈俊愉. 培育刺玫月季新品种的初步研究: I. 月季远缘杂交不亲和性与不育性的探讨[J]. 北京林业大学学报, 1990, 12(3): 18-24
- [12] 杨汉波, 饶龙兵, 郭洪英, 等. 5 种桤木属植物的核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(6): 1203-1207
- [13] 刘佳, 丁晓六, 于超, 等. 7 个月季和 5 个玫瑰品种的核型分析[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2013(5): 165-172
- [14] 李懋学, 陈瑞阳. 关于核型分析的标准化问题[J]. 武汉植物学研究, 1985, 3(4): 297-302
- [15] 陈瑞阳. 中国主要经济植物基因组染色体图谱: 第 3 册[M]. 北京: 科学出版社, 2003
- [16] 陈瑞阳. 中国主要经济植物基因组染色体图谱: 第 5 册[M]. 北京: 科学出版社, 2009; 760-765
- [17] Stebbins G L. Chromosomal evolution in higher plants [M]. London: Edward Aronld, 1971; 87-93
- [18] Arano H. Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan X III [J]. *Bot Mag*, 1963, 76: 419-427
- [19] Guo X R. Karyotype analysis of some Formosan gymnosperms [J]. *Taiwania*, 1972, 17(1): 66-80
- [20] 谭远德, 吴昌谋. 核型似近系数的聚类分析方法[J]. 遗传学报, 1993, 20(4): 305-311
- [21] 吴昌谋. 核型似近系数和进化距离的估计[J]. 动物分类学报, 1996, 21(3): 338-344
- [22] 李峰, 潘沈元. 核型似近系数的聚类分析软件设计[J]. 徐州师范大学学报: 自然科学版, 2005, 23(4): 64-67
- [23] 朱激. 植物染色体及染色体技术[M]. 北京: 科学出版社, 1982; 142-170
- [24] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes [J]. *Hereditas*, 1964, 52(2): 201-220
- [25] 陈龙, 彭建营. 3 个枣品种的核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 321-324
- [26] 郭媛媛. 欧榛-平榛种质核型分析与进化趋势[D]. 泰安: 山东农业大学, 2009
- [27] Kim K J. Molecular phylogeny of *Forsythia* (Oleaceae) based on chloroplast DNA variation [J]. *Plant Syst Evol*, 1999, 218: 113-123
- [28] Clive A S. *New Flora of the British Isles* [M]. London: Cambridge University Press, 1997; 581
- [29] 卫尊征, 殷选红, 熊敏, 等. 3 个彩色马蹄莲引进品种的核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 650-654
- [30] 蹇洪英, 张颢, 张婷, 等. 香水月季(*Rosa odorata* Sweet)不同变种的染色体及核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4): 457-461