

DOI: 10.11913/PSJ.2095-0837.22097

张婕妤, 张子琦, 周薇, 孙文光, 李志敏. 横断山高山冰缘带 5 种黄耆属植物的核型分析 [J]. 植物科学学报, 2023, 41(1): 63~69

Zhang JY, Zhang ZQ, Zhou W, Sun WG, Li ZM. Karyotype of five *Astragalus* species from the alpine subnival belt in the Hengduan Mountains [J]. *Plant Science Journal*, 2023, 41(1): 63~69

横断山高山冰缘带 5 种黄耆属植物的核型分析

张婕妤^{1,2}, 张子琦¹, 周薇¹, 孙文光^{1,2*}, 李志敏^{1,2*}

(1. 云南师范大学生命科学学院, 昆明 650500; 2. 云南师范大学生物能源持续开发利用教育部工程研究中心, 昆明 650500)

摘要: 通过常规植物染色压片法对采自横断山高山冰缘带地区豆科黄耆属 (*Astragalus*) 5 种植物进行了染色体数目及核型分析。结果显示: 川西黄耆 (*A. craibianus* Simps.)、无茎黄耆 (*A. acaulis* Baker)、梭果黄耆 (*A. ernestii* Comb.)、东俄洛黄耆 (*A. tongolensis* Ulbr.) 为二倍体, 窄翼黄耆 (*A. degensis* Ulbr.) 为四倍体, 所有物种的染色体基数均为 $x = 8$; 川西黄耆的染色体核型公式为 $2n = 2x = 16 = 6sm + 10m$, 为 2A 型, 无茎黄耆的染色体核型公式为 $2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$, 为 2A 型, 梭果黄耆的染色体核型公式为 $2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$, 为 2A 型, 窄翼黄耆的染色体核型公式为 $2n = 4x = 32 = 4sm + 28m$, 为 1A 型, 东俄洛黄耆的染色体核型公式为 $2n = 2x = 16 = 2st + 2sm + 12m$, 为 2A 型。已报道横断山的黄耆属物种均为二倍体, 而本研究首次发现了四倍体种, 研究结果补充了横断山高山地区黄耆属植物染色体的基础资料, 同时为该区域的植物系统分类及属内植物进化研究提供了细胞分类学上的参考。

关键词: 横断山; 黄耆属; 染色体数目; 核型分析

中图分类号: Q949.751.9

文献标识码: A

文章编号: 2095-0837(2023)01-0063-07

Karyotype of five *Astragalus* species from the alpine subnival belt in the Hengduan Mountains

Zhang Jie-Yu^{1,2}, Zhang Zi-Qi¹, Zhou Wei¹, Sun Wen-Guang^{1,2*}, Li Zhi-Min^{1,2*}

(1. School of Life Science, Yunnan Normal University, Kunming 650500; 2. Engineering Research Center of Sustainable Development and Utilization of Biomass Energy, Ministry of Education, Yunnan Normal University, Kunming 650500, China)

Abstract: The chromosome numbers and karyotypes of five species of *Astragalus* (Fabaceae) collected from the alpine subnival belt in the Hengduan Mountains were determined. All species were analyzed by conventional staining and pressing methods. The karyotype formulae of the five species are reported for the first time. Results showed that: *A. craibianus* Simps., *A. acaulis* Baker, *A. ernestii* Comb., *A. tongolensis* Ulbr. were diploid, while *A. degensis* Ulbr. was tetraploid. The chromosome base number for all studied species was $x = 8$. The karyotype formula of *A. craibianus* was $2n = 2x = 16 = 6sm + 10m$, 2A. The karyotype formula of *A. acaulis* was $2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$, 2A. The karyotype formula of *A. ernestii* was $2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$, 2A. The karyotype formula of *A. degensis* was $2n = 4x = 32 = 4sm + 28m$, 1A. The karyotype formula of *A. tongolensis* was $2n = 2x = 16 = 2st + 2sm + 12m$, 2A. All species of *Astragalus* in the Hengduan Mountains were previously reported to be diploid, but this study discovered a tetraploid species for the first time. These

收稿日期: 2022-07-25, 修回日期: 2022-09-12。

基金项目: 国家自然科学基金 (31960046); 国家基金-云南省联合基金重点项目 (U1802232); 第二次青藏高原综合科学考察研究 (2019QZKK0502); 云南省基本研究专项-青年项目 (202201AU070057)。

This work was supported by grants from the National Natural Science Foundation of China (31960046), Key Projects of the Joint Fund of the National Natural Science Foundation of China (U1802232), Second Tibetan Plateau Scientific Expedition and Research (STEP) Program (2019QZKK0502), and Youth Project of Basic Research in Yunnan Province (202201AU070057).

作者简介: 张婕妤 (1997-), 女, 硕士研究生, 研究方向为高山植物进化 (E-mail: zhangjieyu139@163.com)。

* 通讯作者 (Authors for correspondence. E-mail: sunwenguang@vip.163.com; lizhimin_vip@163.com)。

results not only expand basic information on the chromosomes of legumes in the alpine subnival belt of the Hengduan Mountains, but also provide a cytological reference for the study of plant phylogeny and evolution of plants within *Astragalus* in this region.

Key words: Hengduan Mountains; *Astragalus*; Chromosome number; Karyotype analysis

豆科是有花植物的第三大科，中国有 167 属 1673 种（含 690 特有种，131~134 引种）^[1]。豆科植物具有重要的经济价值，如大豆（*Glycine max* (L.) Merr.）、花生（*Arachis hypogaea* L.）等可从中提取淀粉、蛋白质、油等营养物质；合欢（*Albizia julibrissin* Durazz.）、皂荚（*Gleditsia sinensis* Lam.）等可作为材用植物。同时，部分豆科植物还是优异的固氮植物^[2]，可以利用根部的根瘤菌来吸收空气中游离的氮元素作为自身的营养物质，增加土壤肥力。

黄耆属（*Astragalus*）为豆科山羊豆族植物，该属在世界范围内约 2000 多种，被认为是被子植物物种数目最多的属，中国分布有 400 余种^[3]。本属植物广布于我国各省区，其分布中心在喜马拉雅-横断山地区^[4]。黄耆属植物多为草本，稀为小灌木或者半灌木，在高原地区是常见的植被构成物种之一。据记载，横断山区域就有 98 种黄耆属植物^[5]。横断山位于青藏高原东南缘，该区域既是植物的博物馆，也是物种分化的摇篮^[6]，是植物多样性重点保护的区域。该地区山高谷深，气候类型丰富，为植物生存发展提供了各种适宜的环境，

是全球重要的生物多样性热点地区之一^[7]。

染色体在细胞进行有丝分裂或减数分裂时由染色质凝缩形成，其上存在物种的全套遗传物质。通常同属物种的染色体数量是相对恒定的，具有保守性，但在排列方式和染色体形态大小上存在差异。通过分析染色体的形态、大小和数目等可以了解物种之间的亲缘关系，对进一步研究物种的分类、进化起重要作用^[8]。

已有研究表明黄耆属植物的染色体基数通常为 $x = 8, 11, 12, 13^{[9-12]}$ 。横断山区域的黄耆属植物仅有 6 个物种有过染色体数目报道^[13, 14]，3 个物种有核型报道^[10, 15, 16]（表 1）。相较于横断山分布的黄耆属植物数量而言，相关研究十分薄弱。高山冰缘带位于高山草甸之上，永久雪线之下，太阳辐射强烈，昼夜温差巨大，土壤基质贫乏，通常海拔大于 4000 m。经统计，横断山冰缘带的黄耆属植物共计 10 种（分别为无茎黄耆 *Astragalus acaulis* Baker、川西黄耆 *A. craibianus* Simps.、厚叶黄耆 *A. crassifolius* Ulbr.、窄翼黄耆 *A. degensis* Ulbr.、地科黄耆 *A. dickorei* Podlech & L. R. Xu、梭果黄耆 *A. ernestii* Comb.、新单蕊黄

表 1 染色体已有核型研究
Table 1 Previous studies on chromosome karyotype

物种 Species	x	2n	核型公式 Karyotype formula
无茎黄耆 <i>Astragalus acaulis</i> Baker	8	16	$2n = 16^{[13]}$
梭果黄耆 <i>Astragalus ernestii</i> Comb.	8	16	$2n = 16^{[13]}$
东俄洛黄耆 <i>Astragalus tongolensis</i> Ulbr.	8	16	$2n = 16^{[13]}$
黑紫花黄耆 <i>Astragalus przewalskii</i> Bunge	8	16	$2n = 16^{[13]}$
白序黄耆 <i>Astragalus leucocephalus</i> R. Grah. ex Benth.	8	16	$2n = 16^{[14]}$
多花黄耆 <i>Astragalus floridulus</i> Podlech	8	16	$2n = 16^{[13]}$
四川黄耆 <i>Astragalus sutchuenensis</i> Franch.	8	32	$2n = 32^{[13]}$
四川黄耆 <i>Astragalus sutchuenensis</i> Franch.	8	16	$2n = 2x = 16 = 8sm + 8m^{[10]}$
多枝黄耆 <i>Astragalus polycladus</i> Bur. et Franch.	8	16	$2n = 2x = 16 = 4sm + 12m(4SAT)^{[15]}$
密花黄耆 <i>Astragalus densiflorus</i> Kar. et Kir.	8	16	$2n = 2x = 16 = 6m(2SAT) + 10sm^{[16]}$

耆 *A. neomonodelphus* H. T. Tsai & T. T. Yu、无毛叶黄耆 *A. smithianus* Pet.-Stib.、东俄洛黄耆 *A. tongolensis* Ulbr.、云南黄耆 *A. yunnanensis* Franch.)^[17]。其中仅有部分物种有染色体计数报道(无茎黄耆 *A. acaulis*、梭果黄耆 *A. ernestii*、东俄洛黄耆 *A. tongolensis*)，但没有核型研究结果^[13]。本研究在实地野外考察基础上，采集样本，选取川西黄耆、无茎黄耆、梭果黄耆、窄翼黄耆、东俄洛黄耆进行染色体核型分析，研究结果旨在

为横断山冰缘带黄耆属植物研究提供细胞分类学资料。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究所用材料均来源于横断山高山地区(表2)，凭证标本保存于中国科学院昆明植物研究所(KUN)。显微镜镜检的装片被制作成永久装片，存放于云南师范大学科院植物研究室内。

表2 实验所用材料采集地点信息
Table 2 Locations and vouchers of materials investigated

编号 No.	物种 Species	学名 Taxon	采集地点 Location	生境 Habitat	海拔 Altitude / m	经纬度 Longitude and latitude	标本凭证号 Voucher specimens
1	川西黄耆	<i>Astragalus craibianus</i> Simps.	云南省德钦县	流石滩	4292	28.42°N 99.00°E	YNNU-19-296
2	无茎黄耆	<i>Astragalus acaulis</i> Baker	云南省德钦县	流石滩	4664	28.28°N 99.11°E	SunWG-0291
3	梭果黄耆	<i>Astragalus ernestii</i> Comb.	四川省乡城县	流石滩	4309	29.14°N 100.28°E	YNNU-19-177
4	窄翼黄耆	<i>Astragalus degensis</i> Ulbr.	云南省德钦县	流石滩	4065	28.42°N 99.00°E	YNNU-19-367
5	东俄洛黄耆	<i>Astragalus tongolensis</i> Ulbr.	四川省稻城县	流石滩	3990	28.75°N 100.28°E	YNNU-19-196

1.2 实验方法

萌发与取材：5种黄耆属植物的种子均使用滤纸萌发，种子萌发后观察根尖长势，待根长到0.5~2 cm时取材；预处理：0.002 mol/L的8-羟基喹啉试剂，对根尖进行2 h左右的暗处理，无茎黄耆预处理时间较长，需24 h；固定：卡诺氏试剂(无水乙醇：冰乙酸=3:1(V:V))，现配现用，固定时长为24 h，期间4°C低温保存；解离：用1 mol/L的HCl试剂于60°C水浴解离，除无茎黄耆解离15 min外，其余4种均解离2 min；染色：10%的卡宝品红染液染色6~24 h^[18-21]。将处理过的根尖进行常规压片，在显微镜视野下选择数目清晰、着丝点易识别且不相重叠的中期染色体细胞进行捕获，拍照。

染色体数目的确定根据李懋学和陈瑞阳^[22]提出的标准，进行计数统计的细胞数目大于30，且有85%以上的细胞具有恒定一致的染色体数目。染色体形态分析选取8张着丝点清晰可见的中期细胞图片，用Photoshop软件进行裁剪并添加5 μm的标尺。再用Karyotype软件^[23]测量染色体长臂和短臂得出每个细胞相关的核型参数。根据

8个细胞的相关数据进行综合配对得出该物种的核型公式。着丝点命名按Levan等^[24]的标准进行(表3)；核型分类按Stebbins^[25]提出的标准划分；分裂间期核和前期核的类型按Tanaka^[26]所提出的标准进行划分。

表3 着丝点分类系统
Table 3 Centromere name system

命名 Name	着丝点位置 Centromere site	臂比值 Ratio
M	正中部着丝点	1.0
m	中部着丝点区	1.0~1.7
sm	亚中部着丝点区	1.7~3.0
st	亚端部着丝点区	3.0~7.0
t	端部着丝点区	7.0~∞
T	端部着丝点	∞

2 结果与分析

对形态较好且数目清晰可鉴的细胞进行染色体统计。使用Karyotype软件对形态清晰可分辨的染色体进行测量，核型分析结果见表4，各细胞核型参数见表5，细胞有丝分裂的间期图、前期图、

表 4 染色体核型参数
Table 4 Karyotype and chromosomal index

物种 Species	x	$2n$	平均着丝粒 指数 CI	染色体平均 长度 CL	不对称指数 AI	核型不对称性 指数 $As.K / \%$	核型类型 KA	核型公式 Karyotype formula
川西黄耆	8	16	0.40	4.97	0.66	60.40	2A	$2n = 2x = 16 = 6sm + 10m$
无茎黄耆	8	16	0.41	4.32	1.58	58.80	2A	$2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$
梭果黄耆	8	16	0.41	6.17	0.76	58.70	2A	$2n = 2x = 16 = 2sm + 14m$
窄翼黄耆	8	32	0.41	4.14	0.89	58.99	1A	$2n = 4x = 32 = 4sm + 28m$
东俄洛黄耆	8	16	0.41	4.84	1.96	58.75	2A	$2n = 2x = 16 = 2st + 2sm + 12m$

表 5 黄耆属 5 种植物染色体参数
Table 5 Chromosome parameters of five species of *Astragalus*

物种 Species	编号 No.	绝对长度 Absolute length	臂比 CI	染色体类型 Type
		长臂 L	短臂 S	总长 $L + S$
川西黄耆	1	2.43	2.28	4.71
	2	2.84	2.41	5.25
	3	2.84	2.14	4.98
	4	2.80	1.94	4.74
	5	3.20	2.02	5.22
	6	3.13	1.83	4.96
	7	3.33	1.74	5.07
	8	3.50	1.38	4.88
无茎黄耆	1	2.53	2.29	4.83
	2	2.38	2.03	4.41
	3	2.25	2.25	4.51
	4	2.81	1.99	4.79
	5	2.55	1.80	4.35
	6	2.85	1.80	4.65
	7	2.40	1.40	3.80
	8	2.56	1.02	3.58
梭果黄耆	1	3.37	3.06	6.43
	2	3.52	2.93	6.44
	3	2.30	2.37	5.37
	4	3.34	2.51	5.85
	5	3.78	2.64	6.43
	6	3.67	2.40	6.07
	7	3.96	2.33	6.29
	8	4.33	2.15	6.47
窄翼黄耆	1	2.08	1.86	3.94
	2	2.31	1.91	4.22
	3	2.35	1.69	4.03
	4	2.74	1.86	4.59
	5	1.98	1.33	3.32
	6	2.51	1.6	4.11
	7	2.82	1.79	4.61
	8	2.74	1.53	4.27
东俄洛黄耆	1	2.75	2.63	5.38
	2	2.72	2.48	5.20
	3	2.64	2.32	4.96
	4	2.70	2.21	4.91
	5	2.96	2.18	5.13
	6	2.79	1.82	4.61
	7	2.99	1.29	4.28
	8	3.20	1.04	4.24

中期图、核型图以及核型模式图如图 1 所示。

分析结果显示，川西黄耆、无茎黄耆、梭果黄耆、东俄洛黄耆均为二倍体，染色体基数为 $x = 8$ ，且染色体数目均为 $2n = 16$ ；窄翼黄耆为同源四倍体，染色体数目为 $2n = 32$ 。川西黄耆的核型公式为 $2n = 6sm + 10m$ ，间期核类型为简单染色体中心型，前期核类型为中间型，核型不对称类型为 2A；无茎黄耆的核型公式为 $2n = 2sm + 14m$ ，间期核类型为复杂染色体中心型，前期核类型为中间型，核型不对称类型为 2A；梭果黄耆的核型公式为 $2n = 2sm + 14m$ ，间期核类型为渐变型，前期核类型为连续型，核型不对称类型为 2A；窄翼黄耆的核型公式为 $2n = 4sm + 28m$ ，间期核类型为渐变型，前期核类型为中间型，核型不对称类型为 1A；东俄洛黄耆的核型公式为 $2n = 2st + 2sm + 12m$ ，间期核类型为棒状前染色体型，前期核类型为连续型，核型不对称类型为 2A。

3 讨论

已有的研究认为分布于欧亚大陆的黄耆属植物染色体基数为 $8^{[27]}$ ，本研究发现窄翼黄耆的染色体数目为 $2n = 32$ ，出现了同源多倍化现象，故 $2n = 4x = 32$ 。川西黄耆、无茎黄耆、梭果黄耆、东俄洛黄耆的染色体数目为 $2n = 16$ ，均为稳定的二倍体。5 种黄耆属植物核型结果显示染色体基数均为 8，表明黄耆属染色体基数较为稳定。多倍化现象在被子植物中普遍存在，可为植物遗传多样性的发展提供基础，并增强物种的生态适应性^[28]。窄翼黄耆的采集地点为海拔 4065 m 的高山极端环境地区，该地区日照辐射强烈，海拔高，植物生存环境恶劣。有观点认为，极端环境易致使植物染色体发生多倍化^[29, 30]。本研究发现采集自横断山高山冰缘环境下的 5 种黄耆属植物中仅有 1 种具

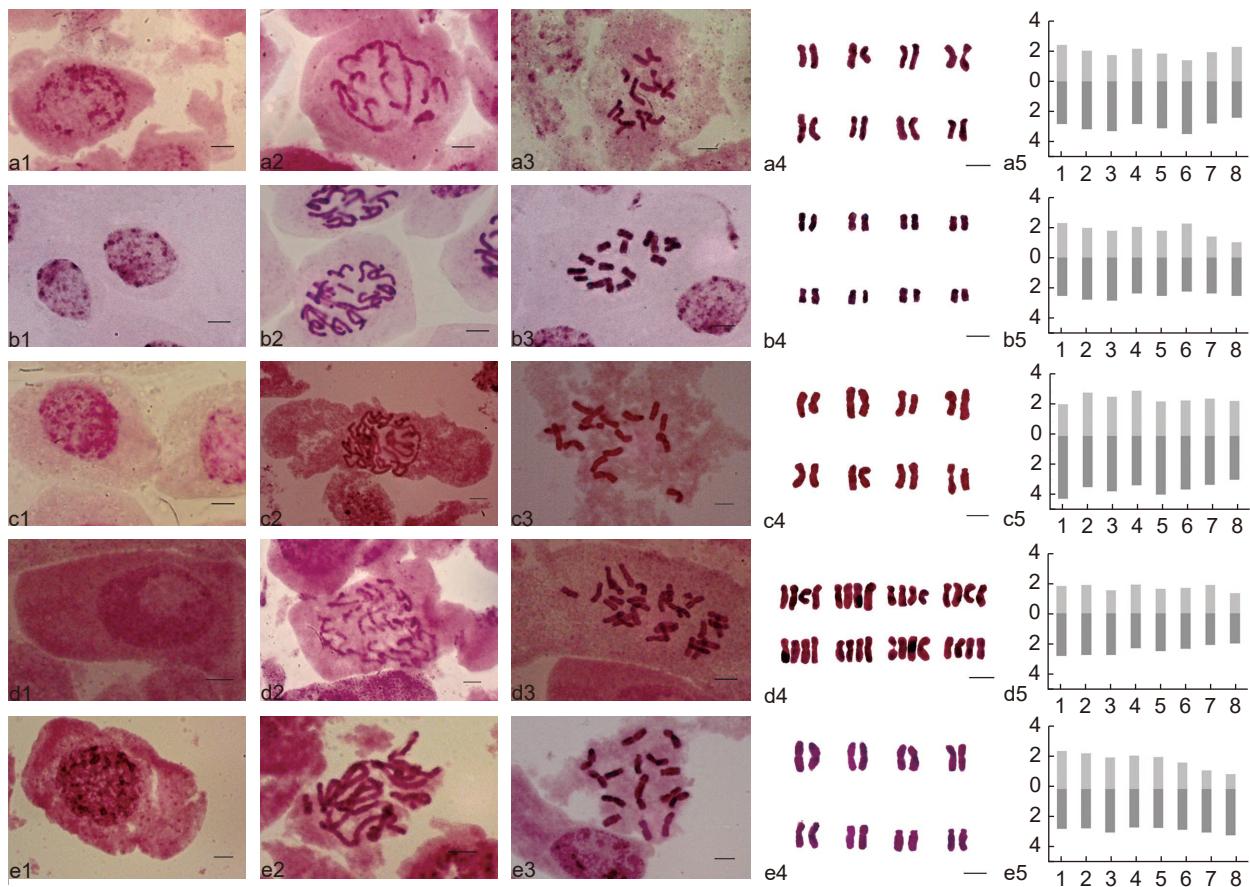


图1 体细胞有丝分裂间期、前期、中期图、染色体配对图和核型模式图

Fig. 1 Somatic mitotic interphase, prophase, metaphase chromosome, karyogram, and karyotype ideogram

a1~e1: 体细胞有丝分裂间期核; a2~e2: 体细胞有丝分裂前期图; a3~e3: 体细胞有丝分裂中期染色体图; a4~e4: 染色体抠图; a5~e5: 核型模式图; a1~a5: 川西黄耆; b1~b5: 无茎黄耆; c1~c5: 梭果黄耆; d1~d5: 窄翼黄耆; e1~e5: 东俄洛黄耆。(标尺 = 5 μm; a5~e5: x轴为染色体的序号, y轴为染色体的绝对长度; 浅灰色为短臂, 深灰色为长臂)。

a1-e1: Interphase; a2-e2: Prophase; a3-e3: Metaphase chromosomes; a4-e4: Karyogram; a5-e5: Karyotype ideogram; a1-a5: *Astragalus craibianus*; b1-b5: *A. acaulis*; c1-c5: *A. ernestii*; d1-d5: *A. degensis*; e1-e5: *A. tongolensis*. (Scale = 5 μm; a5-e5: x axis: Chromosome number, y-axis: Chromosome length; light gray: Short arm, dark gray: Long arm).

有同源加倍现象, 其余均为二倍体。根据横断山脉黄耆属已有的报道, 四川黄耆、多枝黄耆、密花黄耆均为二倍体物种^[10, 15, 16], 没有出现染色体加倍情况。推断黄耆属植物对高海拔恶劣环境或极端天气等的适应可能不是通过多倍化途径实现的, 其适应机制还需进一步研究。王家坚等^[9]对青藏高原与横断山被子植物区系进行染色体分析发现, 新多倍体只占23%左右, 而低基数二倍体可以达到43.3%, 高基数多倍体(古多倍体)达33.7%, 说明二倍体水平的染色体结构是该地区重要的遗传方式。

《植物染色体研究技术》^[7]一书中描述, 间期核、前期核形态便于观察, 虽难以形成定量分析, 但在科、属以上等级水平具有研究的参考价值。

间期核期间, 染色体解螺旋形成染色质, 核中的部分结构异染色质依然保持较为浓缩的状态, 导致染色质的染色程度、分布范围不同, 形成不同模式的染色中心。梭果黄耆与窄翼黄耆的间期核类型均为渐变型, 在形态上差异较小。前期核染色体的固缩特征在一些被子植物中也可表现出种或属的特异性。综合分析5种黄耆属植物细胞的染色体形态发现, 前期核类型为连续型或中间型, 在属水平上结构比较单一。本研究对间期核、前期核的分析结果, 可为黄耆属的系统分类提供细胞分类学参考。

核型分析结果显示, 川西黄耆、无茎黄耆、梭果黄耆、窄翼黄耆染色体的变异是从m到sm发生转化(即中部着丝粒到亚中部着丝粒转化),

东俄洛黄耆的染色体变异是从 m 到 sm 再到 st 发生转化（即中部着丝粒到亚中部着丝粒转化，再向亚端部着丝粒转化），从进化程度分析，东俄洛黄耆较其他 4 种黄耆属物种在系统发育中处于更加进化的分支。染色体结构的多样性在一定程度上亦可以增加遗传的多样性。根据 Stebbins^[25] 的观点，核型的进化规律为物种从对称向不对称发展，越进化的物种核型不对称系数越高。本研究中 5 种高山豆科植物的核型不对称型为 2A 或 1A，由此推测其核型进化程度较原始。

刘玉红^[31]发现几种黄耆属植物均存在随体，除采集自横断山区域的多枝黄耆（二倍体）有 2 对随体外，其余二倍体种均有 1 对随体，而四倍体种有 2 对随体，推测多枝黄耆出现 2 对随体与横断山独特的地理环境及气候类型有关。我们研究的 5 种横断山黄耆属植物中未发现随体，与其研究结果不一致。黎斌等^[10]在横断山区几种黄耆属植物中也未发现随体，因此随体的有无和数量与植物生存环境之间的关系还有待进一步研究。

黄耆属植物是典型的辐射分化物种，本研究结果显示不同物种的核型不对称性较为统一，但核型变异是否为黄耆属物种快速形成的途径，目前的研究数据还不足以证明，需要进一步探究。

致谢：感谢中国科学院昆明植物研究所马祥光、钱栎岫在材料采集与鉴定中提供的帮助。

参考文献：

- [1] Wu ZY, Raven PH, Hong DY. Flora of China [DB/OL]. [2022-03-16]. www.iplant.cn/foc.
- [2] 黎春花, 刘国道. 豆科植物应用价值综述[J]. 热带农业科学, 2008, 28(4): 75–80.
- [3] Li CH, Liu GD. Multipurpose use of legumes[J]. *Chinese Journal of Tropical Agriculture*, 2008, 28 (4): 75–80.
- [4] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志: 第42卷: 第1分册[M]. 北京: 科学出版社, 1993: 78.
- [5] Sanderson MJ, Wojciechowski MF. Diversification rates in atemperate legume clade: are there “so many species” of *Astragalus* (Fabaceae) [J]. *Am J Bot*, 1996, 83 (11): 1488–1502.
- [6] 中国科学院青藏高原综合科学考察队. 横断山区维管植物[M]. 北京: 科学出版社, 1993: 942–967.
- [7] Chen YS, Deng T, Zhou Z, Sun H. Is the East Asian flora ancient or not? [J]. *Natl Sci Rev*, 2018, 5 (6): 920–932.
- [8] Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Da Fonseca GAB, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priority[J]. *Nature*, 2000, 403 (6772): 853–858.
- [9] 李懋学, 张敦方. 植物染色体研究技术[M]. 哈尔滨: 东北林业大学出版社, 1991: 1-20.
- [10] 王家坚, 彭智邦, 孙航, 聂泽龙, 孟盈. 青藏高原与横断山被子植物区系演化的细胞地理学特征[J]. 生物多样性, 2017, 25(2): 218–225.
- [11] Wang JJ, Peng ZB, Sun H, Nie ZL, Meng Y. Cytogeographic patterns of angiosperms flora of the Qinghai-Tibet plateau and Hengduan mountains[J]. *Biodiversity Science*, 2017, 25 (2): 218–225.
- [12] 黎斌, 常朝阳, 吴振海, 徐朗然. 国产 6 种黄耆属植物的核型研究[J]. 西北植物学报, 2004, 24(4): 711–715.
- [13] Li B, Chang ZY, Wu ZH, Xu LR. A karyotype study of six *Astragalus* species from China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalis Sinica*, 2004, 24 (4): 711–715.
- [14] 王丽, 顾志建, 孙航. 青藏高原几种黄芪和棘豆植物核型的初步研究[J]. 云南植物研究, 1994, 16(1): 53–59.
- [15] Wang L, Gu ZJ, Sun H. Preliminary karyomorphological study on the plants in genera *Oxytropis* and *Astragalus* from Qinghai-Xizang Plateau[J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 1994, 16 (1): 53–59.
- [16] 聂泽龙, 孙航, 顾志建. 横断山区被子植物染色体研究概况[J]. 云南植物研究, 2004, 26(1): 35–57.
- [17] Nie ZL, Sun H, Gu ZJ. A survey of chromosome numbers from Angiosperms of the Hengduan Mountains, S. W. China[J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 2004, 26 (1): 35–57.
- [18] Löve Á. Chromosome number reports LXXXIX[J]. *Taxon*, 1985, 34 (4): 727–730.
- [19] Ashraf M, Gohil RN. Studies on the cytology of Legumes of Kashmir Himalaya III. Interpopulation differences in the karyotypes of 3 species of *Astragalus* L.[J]. *Cytologia*, 1988, 53 (3): 543–549.
- [20] 刘玉红, 王善敏. 多枝黄芪的核型研究[J]. 草地学报, 1994, 2(1): 56–58.
- [21] Liu YH, Wang SM. Studies on the karyotype of *Astragalus polycladus*[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 1994, 2 (1): 56–58.
- [22] 黎斌, 常朝阳, 李思锋, 徐朗然, 陈彦生, 郭晓思. 中国西北地区 11 种黄耆属植物的细胞学研究[J]. 西北植物学报, 2002, 22(3): 467–475.
- [23] Li B, Chang ZY, Li SF, Xu LR, Chen YS, Guo XS. Studies on cytology of 11 *Astragalus* species from Northwestern China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalis Sinica*, 2002, 22 (3): 467–475.
- [24] 徐波, 李志敏, 孙航. 横断山高山冰缘带种子植物[M]. 北京: 科学出版社, 2014: 153–155.
- [25] 刘亚辉, 孟盈, 杨永红, 杨永平. 青藏高原六种棘豆属植物的染色体数目及核型报道[J]. 植物分类与资源学报, 2011, 33(4): 423–431.
- [26] Liu YH, Meng Y, Yang YH, Yang YP. Chromosome num-

- bers and karyotypes of six *Oxytropis* species (Fabaceae) from the Qinghai-Tibetan Plateau, China[J]. *Plant Diversity and Resources*, 2011, 33 (4) : 423–431.
- [19] 黎斌, 李思锋, 吴振海, 常朝阳. 豆科山羊豆族2属5种植物的核型分析[J]. 西北植物学报, 2007, 27 (9) : 1888–1891.
Li B, Li SF, Wu ZH, Chang ZY. Karyotype of 5 leguminosae species in trib. Galegeae from northwest China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2007, 27 (9) : 1888–1891.
- [20] 黄荣福, 沈颂东, 卢学峰. 青藏高原东北部植物染色体数目和多倍性研究[J]. 西北植物学报, 1996, 16 (3) : 310–318.
Huang RF, Shen SD, Lu XF. Studies of the chromosome numbers and polyploidy for some plant in the North-East Qinghai-Xizang Plateau[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 1996, 16 (3) : 310–318.
- [21] 丁鸿, 邱东萍, 陈少雄. 植物染色体标本的制备和染色体核型分析研究进展[J]. 南方农业学报, 2012, 43 (12) : 1958–1962.
Ding H, Qiu DP, Chen SX. Research progress in plant chromosome samples preparation and karyotype analysis[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2012, 43 (12) : 1958–1962.
- [22] 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.
Li MX, Chen RY. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants[J]. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1985, 3 (4) : 297–302.
- [23] Altinordu F, Peruzzi L, Yu Y, He XJ. A tool for the analysis of chromosomes: KaryoType[J]. *Taxon*, 2016, 65 (3) : 586–592.
- [24] Levan A, Fredga K, Sandberg AA. Nomenclature for centromeric position on chromosomes[J]. *Hereditas*, 1964, 52 (2) : 201–220.
- [25] Stebbins GL. Chromosomal Evolution in Higher Plants[M]. London: Edward Arnold, 1971: 72–123.
- [26] Tanaka R. Types of resting nuclei in Orchidaceae[J]. *Shokubutsugaku Zasshi*, 1971, 84 (993) : 118–122.
- [27] Ledingham GF. Chromosome numbers in *Astragalus* and *Oxytropis*[J]. *Can J Genet Cytol*, 1960, 2 (2) : 119–128.
- [28] 肖勇, 杨耀东, 夏薇, 雷新涛, 马子龙. 多倍体在植物进化中的意义[J]. 广东农业科学, 2013, 40 (16) : 127–130.
Xiao Y, Yang YD, Xia W, Lei XT, Ma ZL. Significance of polyploidy evolutionary in flowering plants[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2013, 40 (16) : 127–130.
- [29] De Storke N, Geelen D. The impact of environmental stress on male reproductive development in plants: biological processes and molecular mechanisms[J]. *Plant Cell Environ*, 2014, 37: 1–18.
- [30] Van de Peer Y, Ashman TL, Soltis PS, Soltis DE. Polyploidy: an evolutionary and ecological force in stressful times[J]. *Plant Cell*, 2021, 33: 11–26.
- [31] 刘玉红. 五种黄芪属植物的核型分析[J]. 植物分类学报, 1984, 22 (2) : 125–127.
Liu YH. Karyotype analysis of 5 species of genus *Astragalus*[J]. *Journal of Systematics and Evolution*, 1984, 22 (2) : 125–127.

(责任编辑: 李惠英)