

14 个不同产地藜麦种质染色体核型分析

刘建霞^{1,2} 王文庆¹ 薛乃雯^{1,2} 郭绪虎^{1,2} 马赛雅¹ 朱国芳¹ 温日宇³

(¹山西大同大学, 037009, 山西大同; ²山西大同大学设施农业技术研发中心, 037009, 山西大同; ³山西农业大学玉米研究所, 034000, 山西忻州)

摘要 为明确不同产地藜麦的染色体数目、核型特征及亲缘与进化关系, 采用常规压片法制片比较分析了 14 个藜麦种质染色体核型特征, 对其进行近似数聚类。结果表明, 忻藜 6 的染色体数为 $2n=54$, 其余 13 个种质的染色体数为 $2n=36$; 染色体核型共有 1A、1B、1C 和 2B 4 种, 总体较为对称; 核不对称系数范围为 52.06%~59.76%。核型聚类分析结果显示, 14 个藜麦种质总体聚为两大类, 藜麦 1605 单独为一类, 其余 13 个藜麦种质为一类。来自同一地区的藜麦品种在亲缘关系和进化程度上较为相似, 不同产地的藜麦品种因起源或在进化过程中受到外界环境干预程度不同, 导致亲缘关系较远。该研究获得 14 个不同藜麦种质的核型信息, 填充了有关藜麦染色体核型的数据库以及在细胞遗传学方面的研究。

关键词 藜麦; 染色体; 核型分析

藜麦 (*Chenopodium quinoa* Willd.) 是苋科藜属植物^[1], 原产于南美洲安第斯山脉的中高海拔山区^[2], 距今已有 7000 多年栽培历史^[3]。因生长于土地贫瘠、盐碱化比较严重的干旱地区, 赋予了藜属植物一定的耐寒、耐旱和耐盐性^[4]。藜麦的蛋白质^[5]、维生素、脂肪酸和矿物质含量较常见谷物丰富且全面^[6], 其中不饱和脂肪酸占 83%。藜麦也是一种低葡萄糖的食品, 在糖脂代谢过程中发挥有利功效, 被认为是唯一一种能给人类提供所需基本营养物质的单体作物, 因此被称为“黄金谷物”^[7], 联合国粮农组织也将其推荐为全营养食品^[8-9]。

藜麦因具有极高的营养价值越来越受到人们的青睐, 我国引进藜麦时间较欧洲晚。目前关于藜麦的研究主要集中在生理代谢^[10]、引种试种^[11]、栽培条件^[12]和分子机制^[13]等方面, 在细胞生物学尤其是对藜麦染色体核型分析方面研究甚少^[14]。植物染色体形态和数目是最稳定的细胞学特征之一, 研究不同藜麦种质染色体的核型特征对于分析不同产地藜麦之间的亲缘关系有重要意义。染色体核型分析是以分裂中期染色体为研究对象, 根据染色体长度、长短臂比例、随体的有无和着丝点位置等特征, 借助显带技术对染色体进行分

类、排序、比较和编号, 最终根据染色体结构和数目的变异情况进行诊断的一种分析方法^[15]。植物的核型分析可以为植物细胞物种起源进化、物种间亲缘关系以及染色体数目和结构变异的研究提供重要依据。

关于藜属植物的染色体数已有大量研究, 但至今仍然缺乏对其染色体核型的详细分析。早期 Kawatani 等^[16-17]研究报道表明藜属植物细胞的基本染色体数为 $x=8$, 基因组大小为 $x=9$ 。后期细胞学研究^[18-20]确定了藜麦 *C.quinoa* 和 *C.berlandieri* 的染色体数为 $2n=4x=36$ 。Bhargava 等^[19]研究表明, 藜麦材料的核型存在微小差异。何燕等^[21]对西藏目前主推的藜麦品种 W4 进行了核型分析研究。权有娟等^[4]研究了青海省主推藜麦品种的染色体数目和核型特征, 3 个品种均具有 2 对随体, 但位置存在差异, 可能与藜麦异源起源和自花授粉等因素有关。单一地区或品种的核型分析不足以显示不同藜麦品种间的差异和亲缘关系。为此, 本试验进一步优化预处理方法、盐酸解离时间、染色体制片压片时间、镜检及核型分析的方法, 对 14 个不同种质藜麦进行染色体数目分析及核型分析, 进一步填充藜麦染色体核型的数据库, 为藜麦育种、种质鉴定和基因组学分析提供参考。

作者简介: 刘建霞, 主要从事作物种质资源开发与利用研究, E-mail: liujianxiashanda@163.com

温日宇为通信作者, 主要从事杂粮育种与栽培研究, E-mail: riyuwen@163.com

基金项目: 山西省基础研究计划 (20210302124068); 山西省出国留学人员科研资助项目 (2021-145); 山西农业大学生物育种工程项目 (YZGC070)

收稿日期: 2023-11-01; 修回日期: 2024-02-19; 网络出版日期: 2024-03-26

1 材料与方

1.1 试验材料

本试验所用藜麦种子均由山西农业大学玉米研究所提供，具体来源见表 1。其中黄藜 016、藜麦 2405 和蒙藜 1 的种子呈淡黄色，颗粒较大较饱满；黄藜 22、并藜 1 和蒙藜 2 种子颜色较深，颗粒较小；红藜和静藜 1 号种子颗粒饱满。

表 1 试验材料及来源		
Table 1 Experimental materials and sources		
编号 Number	种质 Germplasm	来源 Source
1	忻藜 6	中国山西
2	藜麦 2405	中国山西
3	晋藜 3	中国山西
4	黄藜 76	玻利维亚
5	静藜 1 号	玻利维亚
6	黄藜 016	玻利维亚
7	黄藜 80	玻利维亚
8	红藜	玻利维亚
9	并藜 1	中国内蒙古
10	蒙藜 1	中国内蒙古
11	蒙藜 2	中国内蒙古
12	黄藜 21	中国内蒙古
13	藜麦 1605	厄瓜多尔
14	黄藜 22	厄瓜多尔

1.2 试验方法

1.2.1 染色体制片方法 参照权有娟等^[4]方法并进行适当改良。挑选饱满无杂质的种子洗净后置于 25℃恒温培养箱中，保持种子湿润；当胚根长至 1.5~2.0 cm 时，剪取根尖部分 1 cm 作为材料；置于 4℃冰箱进行预处理 24 h；用卡诺固定液固定 24 h；然后加入 1 mol/L HCl 浸没根尖，于 45℃恒温水浴锅中解离至根尖呈乳白色；将解离后的根尖取出冲洗干净后切取 1 mm 置于干净的载玻片上，用卡宝品红染液染色 8 min；用镊子尾部轻轻敲击根尖部分，待根尖完全分离呈云雾状时，换铅笔擦锤击根尖，得到藜麦根尖临时装片；将临时装片置于 40 倍显微镜下观察并拍照。用 Adobe Photoshop 2021、画图工具、Microsoft Excel 和 SPSS 等软件进行后期的图像处理、臂比、染色体相对长度等的计算，以及核型模式图的制作^[22]。

1.2.2 核型数据分析 参考李懋学等^[23]染色体核型分析标准，每份藜麦材料在显微镜下挑选出 40 个分散均匀、轮廓清晰、染色体数目确定的中期

细胞，每份藜麦材料挑选出 40 个可以进行统计且能看清染色体形态数目细胞，对观察到的染色体进行染色体相对长度、臂比、核型类型等测量与分析。用 Photoshop 软件对染色体进行挑选和排列。具体标准（表 2）和计算公式如下：

染色体相对长度（LC/SC）=最长染色体长度/最短染色体长度；

臂比（arm ratio，AR）=染色体长臂/染色体短臂；

核型不对称系数（karyotype asymmetry coefficient，As. K，%）=染色体长臂总长/全组染色体总长×100；

着丝点指数（%）=短臂/染色体全长×100。

表 2 植物核型分类				
Table 2 Classification of plant karyotypes				
染色体相对长度 Relative length of chromosome	臂比大于 2:1 的染色体比例 Chromosome ratios with AR greater than 2:1			
	0	1~50	51~99	100
< 2:1	1A	2A	3A	4A
2:1~4:1	1B	2B	3B	4B
> 4:1	1C	2C	3C	4C

1.2.3 核型近似系数聚类分析 参照乔永刚等^[24]聚类分析方法，依据染色体相对长度、臂比值、着丝点指数、长度比和核型不对称系数这 5 个核型参数利用 SPSS 软件进行系统性聚类分析。

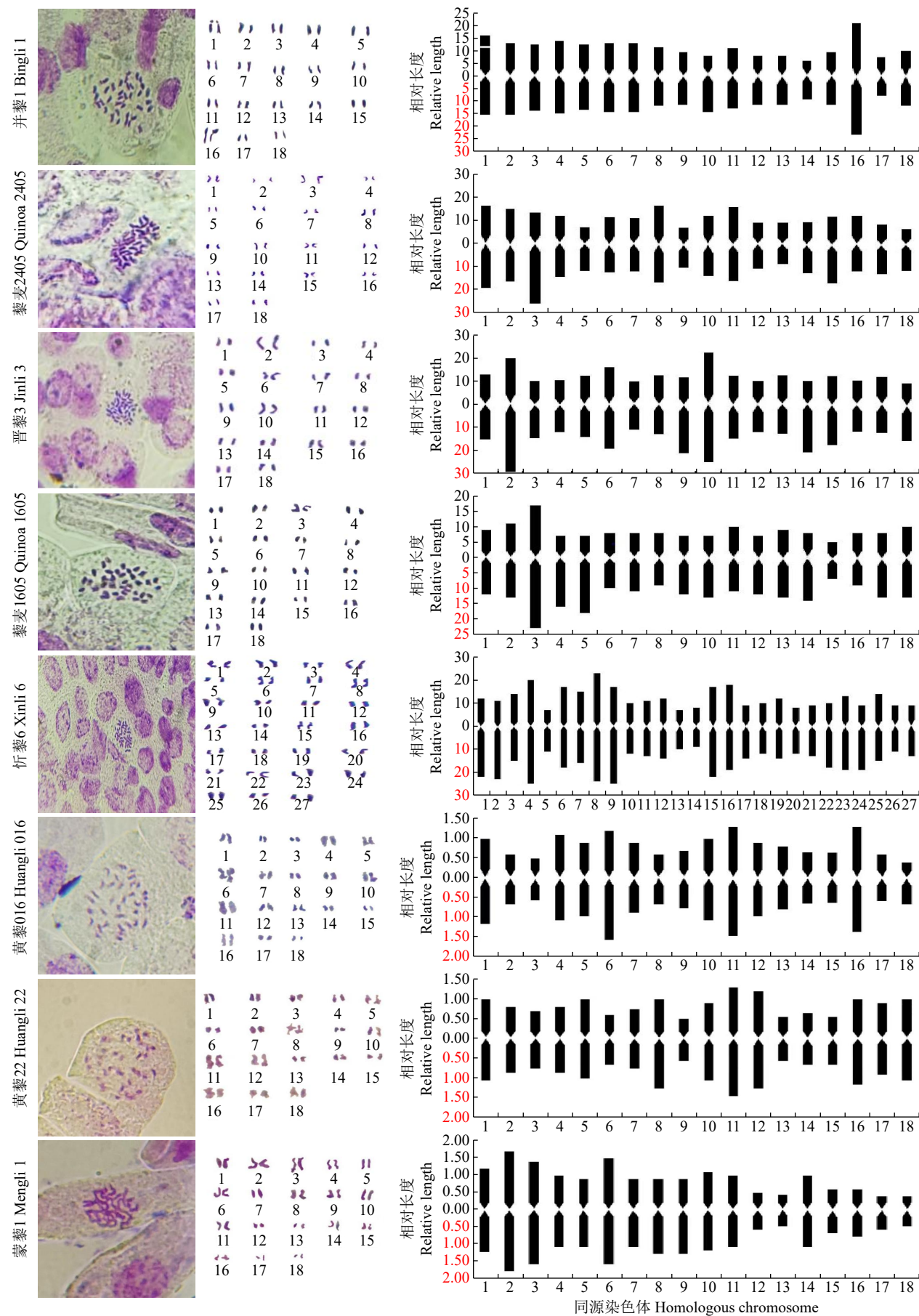
2 结果与分析

2.1 不同种质藜麦的染色体形态及核型模式图

据图 1 可知，14 个藜麦种质体细胞的染色体数目较稳定，除忻藜 6 体细胞的染色体数目为 2n=54 外，其余 13 个体细胞数目均为 2n=4x=36，为四倍体；同源染色体均能配对，且数目为 18；并藜 1 的 1 号染色体上有 2 个随体，没有观察到非整倍体和多倍体的现象。

2.2 不同种质藜麦的核型分析

由图 1 分析可知，蒙藜 2 的染色体相对长度较其他藜麦长，为 2.03%~10.56%；黄藜 76 和忻藜 6 的染色体相对长度较其他藜麦的相对长度短，分别为 3.39%~8.11%和 2.18%~6.02%；并藜 1 和藜麦 1605 的染色体相对长度相似，分别为 3.53%~10.15 和 3.49%~10.39%，说明这 2 个藜麦的进化程度类似。其余藜麦染色体相对长度差异不明显，



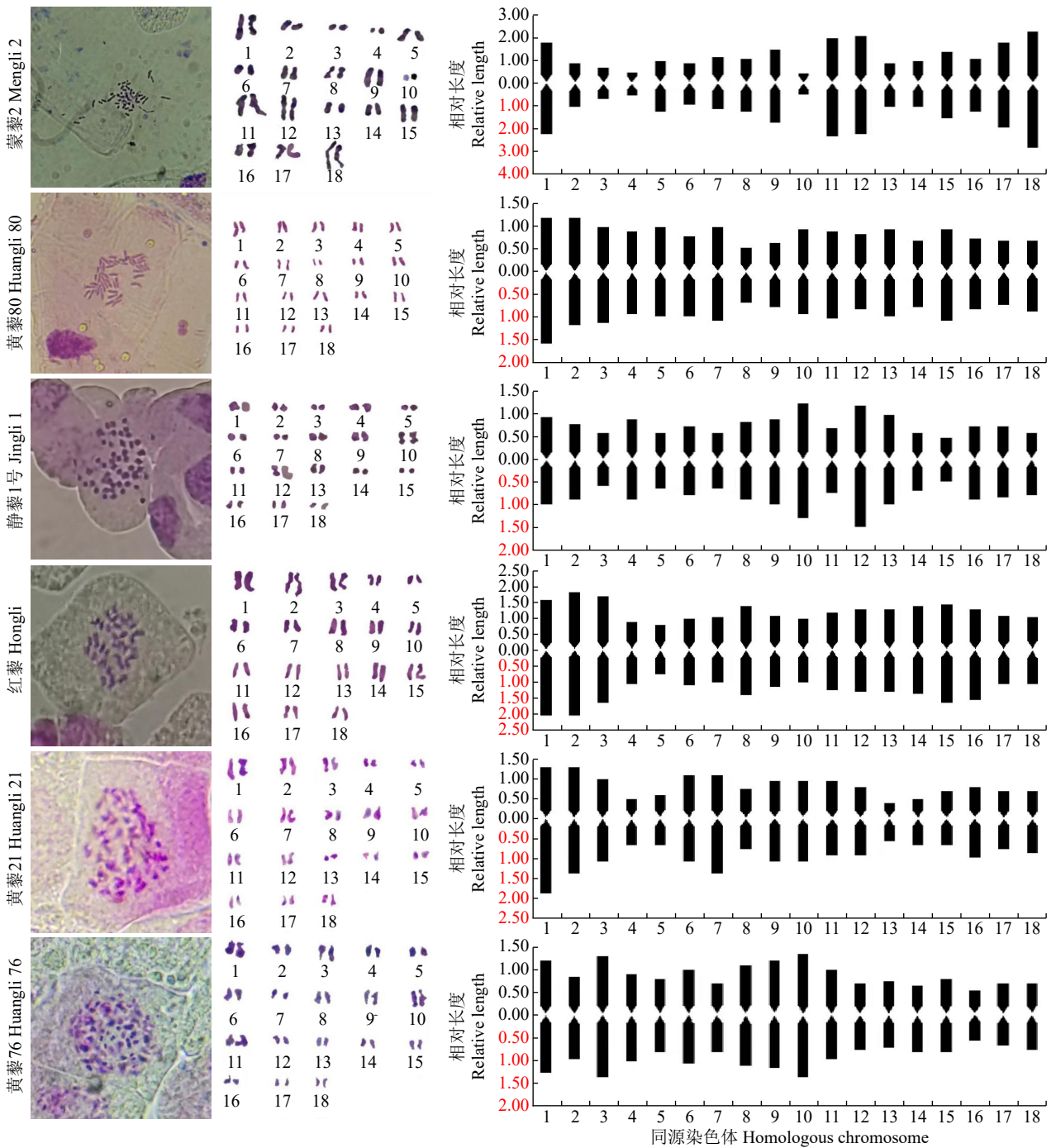


图 1 藜麦中期染色体形态及核型模式图
Fig.1 Metaphase chromosome morphology and karyotype pattern of quinoa

在 2.52%~9.80%之间。从染色体特点来看，在并藜 1 中观察到有随体，黄藜 22、蒙藜 1、蒙藜 2 染色体类型均为中部着丝粒染色体（m），黄藜 80、静藜 1 号、红藜、黄藜 21、黄藜 76 染色体由中部着丝粒染色体（m）和正中部着丝粒染色体（M）组成，其余藜麦含有近中着丝粒染色体（sm）。
14 种不同产地藜麦种质的核型公式、核型不对称系数、核型分类都有明显的差异（表 3）。核

型不对称系数范围是 52.06%~59.76%，黄藜 76 的最小，为 52.06%，藜麦 1605 的最大，为 59.76%。根据染色体相对长度和臂比值大于 2:1 的染色体比例可将 14 种不同产地藜麦种质分为 4 种类型，其中并藜 1 和藜麦 2405 为 1A 型；黄藜 016、黄藜 22、黄藜 80、蒙藜 1、静藜 1 号、红藜、黄藜 21、黄藜 76 为 1B 型；蒙藜 2 为 1C 型；晋藜 3、藜麦 1605 和忻藜 6 为 2B 型。综合分析，这 14 种不同

表 3 不同藜麦核型参数
Table 3 Different quinoa karyotype parameters

种质 Germplasm	核型公式 Formula of karyotype	相对长度 Relative length	核型不对称系数 As. K (%)	臂比范围 Range of AR	核型分类 Classification of karyotype
黄藜 016 Huangli 016	2n=36=26m+8M+2sm	3.45~8.78	53.45	1.00~1.75	1B
黄藜 22 Huangli 22	2n=36=36m	3.38~8.62	56.31	1.05~1.30	1B
蒙藜 1 Mengli 1	2n=36=36m	2.52~9.80	52.52	1.04~1.50	1B
蒙藜 2 Mengli 2	2n=36=36m	2.03~8.94	54.03	1.02~1.30	1C
黄藜 80 Huangli 80	2n=36=28m+8M	3.73~8.36	52.99	1.00~1.33	1B
静藜 1 号 Jingli 1	2n=36=28m+8M	3.33~9.00	52.32	1.00~1.33	1B
红藜 Hongli	2n=36=26m+10M	3.39~8.37	52.12	1.00~1.31	1B
黄藜 21 Huangli 21	2n=36=30m+6M	3.03~9.70	54.24	1.00~1.50	1B
黄藜 76 Huangli 76	2n=36=28m+8M	3.39~8.11	52.06	1.00~1.31	1B
并藜 1 Bingli 1	2n=36=34m (2SAT) +2sm	3.53~10.15	54.74	1.08~1.48	1A
藜麦 2405 Quinoa 2405	2n=36=26m+4M+6sm	3.75~8.54	56.11	1.00~1.96	1A
晋藜 3 Jinli 3	2n=36=30m+6sm	4.04~9.47	56.20	1.01~2.04	2B
藜麦 1605 Quinoa 1605	2n=36=24m+12sm	3.49~10.39	59.76	1.10~2.35	2B
忻藜 6 Xinli 6	2n=54=46m+8sm	2.18~6.02	56.88	1.04~2.13	2B

种质藜麦在进化过程中均有紧密的联系。

2.3 不同藜麦种质的表型分析

由表 4 可知，14 个种质表型性状，穗长变异系数最大，说明该性状变异丰富，千粒重变异系数最小，说明该性状遗传特性较稳定。忻藜 6 株高、茎粗、穗长皆最大，但千粒重较小，蒙藜 2 千粒重最大。变异系数从大到小依次是穗长、株高、茎粗、千粒重，这些性状在样本间差异较大。

表 4 不同藜麦表型参数
Table 4 Different quinoa phenotypic parameters

种质 Germplasm	株高 Plant height (cm)		茎粗 Stem thickness (mm)		穗长 Spike length (cm)		千粒重 1000-grain weight (g)	
	平均值± 标准差 Mean±SD	变异系数 CV (%)	平均值± 标准差 Mean±SD	变异系数 CV (%)	平均值± 标准差 Mean±SD	变异系数 CV (%)	平均值± 标准差 Mean±SD	变异系数 CV (%)
黄藜 016 Huangli 016	176.82±5.45	3.08	21.25±0.67	3.18	28.00±1.03	3.70	2.37±0.06	2.84
黄藜 22 Huangli 22	166.03±5.68	3.42	20.96±0.44	2.10	27.10±0.71	2.64	2.57±0.06	2.62
蒙藜 1 Mengli 1	181.42±4.27	2.35	22.51±0.28	1.24	27.35±0.98	3.61	2.73±0.08	3.01
蒙藜 2 Mengli 2	194.06±5.50	2.83	22.96±0.45	1.98	25.94±1.01	3.92	2.86±0.06	2.44
黄藜 80 Huangli 80	194.31±5.02	2.58	21.79±0.44	2.02	25.70±1.49	5.82	2.77±0.04	1.74
静藜 1 号 Jingli 1	173.77±6.83	3.93	21.39±0.29	1.36	24.15±1.34	5.54	2.58±0.04	1.63
红藜 Hongli	183.78±4.96	2.70	20.73±0.34	1.65	20.31±1.09	5.37	2.45±0.07	2.88
黄藜 21 Huangli 21	164.77±5.08	3.08	19.36±0.27	1.42	24.52±1.09	4.47	2.63±0.06	2.56
黄藜 76 Huangli 76	186.42±10.72	5.75	21.27±0.26	1.25	30.60±1.62	5.31	2.78±0.04	1.51
并藜 1 Bingli 1	171.70±5.44	3.17	20.92±0.30	1.45	26.32±0.50	1.93	2.75±0.05	1.91
藜麦 2405 Quinoa 2405	131.10±4.07	3.10	20.33±0.65	3.22	24.40±0.89	3.67	2.46±0.05	2.09
晋藜 3 Jinli 3	148.70±8.57	5.76	19.54±0.21	1.08	23.58±0.48	2.04	2.64±0.05	1.95
藜麦 1605 Quinoa 1605	142.27±6.59	4.63	20.56±0.17	0.83	21.27±1.04	4.91	2.54±0.05	2.03
忻藜 6 Xinli 6	207.26±12.46	6.01	28.32±1.01	3.58	40.06±1.80	4.51	1.82±0.04	2.31
变异系数 CV (%)	12.27		10.10		17.99		10.04	

2.4 不同藜麦种质核型聚类分析

对 14 种藜麦进行系统性聚类，结果（图 2）显示，在核型近似系数 8.0 处，14 个不同藜麦种质资源根据亲缘关系可划分为三大类群，黄藜 80、蒙藜 2、黄藜 76、黄藜 16、黄藜 21、蒙藜 1、静藜 1 号、红藜、并藜 1 为类群I，藜麦 2405、晋藜 3、忻藜 6、黄藜 22 为类群II，藜麦 1605 则单独为类群III。

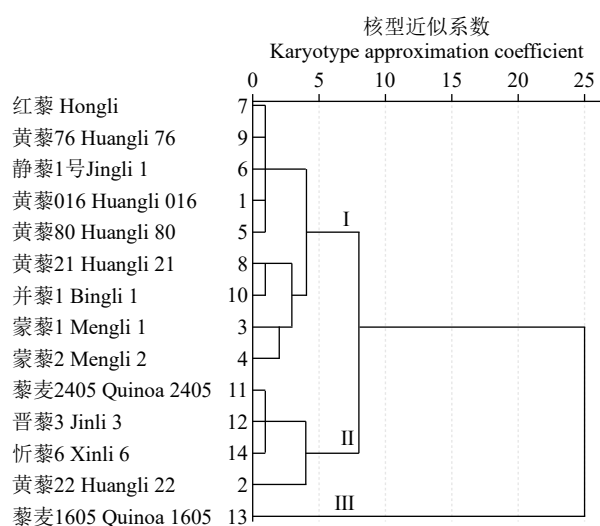


图 2 14 种藜麦的核型近似系数聚类分析
Fig.2 Cluster analysis of karyotype approximation coefficient of 14 kinds of quinoa

3 讨论

植物染色体的特征（数目、结构、类型等）可作为鉴定依据对同一植物或不同种植物进行进化上和亲缘关系上的分类^[25]。染色体数和基因组大小的研究在作物育种方面具有非常重要的地位，通过对藜麦核型的精准研究能够正确描述藜麦相关栽培与野生种之间的关系^[26]。不同藜麦由于产地不同，导致染色体的数目、类型、结构也存在差异^[27]。何燕等^[21]对西藏目前主推的藜麦品种 W4 进行了核型分析，发现藜麦 W4 的染色体数目为 $2n=36$ ，核型不对称系数为 57.87%，核型分类为 2B 型，核型公式为 $2n=36=32m(SAT)+4sm$ ；W4 的染色体数目与本试验中大部分藜麦染色体的数目相同，均为 $2n=36$ 。其中，并藜 1 染色体的核型公式与 W4 藜麦品种相似，染色体类型相同，均为 2B 型，且都具有随体。随体作为重要的染色体特征，其在染色体上的分布位置、类型都是核型分类的重要指标^[28]。本试验中黄藜 22、蒙藜 1 和蒙藜 2 染色体核型相似，为 $2n=36=36m$ ，黄藜 76、黄藜 80 和静藜 1 号核型较为相似，均为 $2n=36=28m+8M$ ；其余藜麦染色体类型、数目、结构存在较大差异。14 种藜麦的产地、种质不同说明藜麦在进化过程中其染色体的特征变化可能受生态环境、海拔、土壤盐碱度和干湿程度等影响。

核型分析已广泛应用于植物的分类研究中，主要利用研究染色体数及染色体的形态特征来反

映不同品种之间存在的染色体差异，不仅能反映种间的遗传变异、系统演化以及亲缘关系，还能作为杂交种的选育乃至杂种后代的鉴定提供科学的理论依据^[29]。尽管一些研究人员对藜属某些种的特定核型的特征进行了研究，但依然缺乏对藜麦及其近缘种的完整细胞发育情形和详细染色体核型分析。Bhargava 等^[19]首次对 7 个藜麦材料进行了全面的细胞遗传学研究，发现所有 *C.quinoa* 的材料核型特征均具有高度相似性，基于臂长比值，对称指数为 43.9%~47.4%。本试验采用染色体常规压片法，结果显示，14 种不同藜麦种质的核型不对称系数范围在 52.06%~59.76%，进一步分析发现黄藜 76 的核型不对称系数最小，为 52.06%，表明黄藜 76 进化程度低，其在进化的过程中，受人工干预可能较少；藜麦 1605 的核型不对称系数最大，为 59.76%，表明藜麦 1605 进化程度高，且趋于不对称发展^[30]。材料间的差异可能与藜麦在进化过程中的异源起源^[31]和外界生态环境有关。

染色体的长度和数目特征通常与基因组中的 DNA 含量、基因数量和基因密度相关联。染色体倍性水平与许多特性有关，例如大小、对胁迫的适应以及种内和种间杂交能力^[32]。Kamemoto 等^[33]认为，多倍体会表现出更大的植株类型、叶片和花瓣大小。Yan 等^[34]发现，55 份斑茅种质的倍性与纤维素含量呈负相关，与株高、茎径、叶宽、单株干重、单株鲜重和半纤维素含量呈正相关。这些结果与忻藜 6 染色体水平和表型性状一致，忻藜 6 的核型公式为 $2n=54$ ，其株高、茎粗、穗长皆最大，但种子千粒重较为普通。其余种质染色体倍性相同，在表型性状则表现不一，表明除了潜在的遗传控制外，植物性状还可能受到环境因素和植物生长习性的影响，增加了多基因性状的复杂性，值得进一步研究。对染色体的多个参数进行系统聚类分析，可根据植物种间的差异将属性相似的归为一类，同时也能反映不同种属植物的亲缘关系，参与聚类的染色体指标越多越能反映出植物的综合性状^[35]。本研究通过对 14 个不同产地藜麦的染色体进行系统性聚类分析发现，根据亲缘关系可分为两大类，红藜、黄藜 76、静藜 1 号、黄藜 016、黄藜 80 首先聚类，这 5 种不同品种藜麦均来自玻利维亚；来自中国内蒙古的黄

藜 21、并藜 1、蒙藜 1 和蒙藜 2 在核型近似系数为 2 时聚为一类。其中，黄藜 21 和并藜 1 首先聚类，蒙藜 1 和蒙藜 2 聚为一类，说明虽来自同一地区，但经过种子杂交和人工干预等操作，在进化过程中产生了差异；藜麦 2405、晋藜 3 和忻藜 6 首先聚类，亲缘关系最近；藜麦 1605 在遗传距离大于 25 时，单独聚为一类。以上结果表明，来自同一地区的藜麦品种在亲缘关系和进化程度上较为相似，各产地亲缘关系远近不同^[20]。该研究获得了 14 个不同藜麦种质的核型信息，丰富了藜麦染色体核型的数据库，为藜麦的亲缘关系和育种进化起源研究提供了重要的细胞学资料。

4 结论

不同藜麦种质的染色体类型、数目、结构存在较大差异，忻藜 6 倍性的增加导致其株高、茎粗、穗长皆最大。14 个藜麦种质的核型总体聚为两大类，藜麦 1605 单独为一类，其余 13 个藜麦种质为一类。同一地区的品种在亲缘关系上较为相似。

参考文献

- [1] 任贵兴, 叶全宝. 藜麦生产与应用. 北京: 科学出版社, 2013: 49-50.
- [2] 陆红法, 张永正, 方美娟, 等. 浙江庆元高山藜麦营养成分分析. 浙江师范大学学报(自然科学版), 2017, 40(4): 441-445.
- [3] Hong S Y, Cheon K S, Yoo K O, et al. Complete chloroplast genome sequences and comparative analysis of *Chenopodium quinoa* and *C.album*. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1696.
- [4] 权有娟, 李想, 袁飞敏, 等. 基于荧光原位杂交的藜属植物核型分析. 广西植物, 2021, 41(12): 1988-1995.
- [5] 蒙昌智, 朱剑宏, 汪义勇. 食物新资源—南美藜. 四川省营养学会 2000 年学术会议专题报告及论文摘要汇编, 2000.
- [6] 王黎明, 马宁, 李颂, 等. 藜麦的营养价值及其应用前景. 食品工业科技, 2014, 35(1): 381-384, 389.
- [7] 胡一晨, 赵钢, 秦培友, 等. 藜麦活性成分研究进展. 作物学报, 2018, 44(11): 1579-1591.
- [8] Brittany L G, Patricio R S, Leonel E R. Innovations in health value and functional food development of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 2015, 14: 431-445.
- [9] 王艳青, 卢文洁, 李春花, 等. 10 个藜麦新品系主要农艺性状分析与综合评价. 南方农业学报, 2019, 50(3): 540-545.
- [10] 刘文瑜, 何斌, 杨发荣, 等. 不同品种藜麦幼苗对干旱胁迫和复水的生理响应. 草业科学, 2019, 36(10): 2656-2666.
- [11] 杨发荣, 刘文瑜, 黄杰, 等. 河西地区 2 个藜麦品种引种试验研究. 草地学报, 2018, 26(5): 1273-1276.
- [12] 魏玉明, 杨发荣, 刘文瑜, 等. 陇东旱塬区复种不同藜麦品种(系)的适应性初步评价. 西北农业学报, 2020, 29(5): 675-686.
- [13] 陆敏佳, 蒋玉蓉, 陆国权, 等. 利用 SSR 标记分析藜麦品种的遗传多样性. 核农学报, 2015, 29(2): 260-269.
- [14] 权有娟, 刘博, 袁飞敏, 等. 不同籽粒颜色藜麦品种的核型分析. 华北农学报, 2020, 35(增 1): 72-77.
- [15] 雷海英, 侯沁文, 白凤麟, 等. 八种不同产地苦参的染色体数目及核型分析. 植物生理学报, 2019, 55(7): 967-974.
- [16] Kawatani T, Ohno T. Chromosome numbers of genus *Chenopodium* I. *Japanese Journal of Genetics*, 1950, 25: 177-180.
- [17] Kawatani T, Ohno T. Chromosome numbers of genus *Chenopodium* II. *Japanese Journal of Genetics*, 1956, 31: 15-17.
- [18] Palomino G, Hernandez L T, Torres E D. Nuclear genome size and chromosome analysis in *Chenopodium quinoa* and *C. berlandieri* subsp. *nuttalliae*. *Euphytica*, 2008, 164: 221-230.
- [19] Bhargava A, Shukla S, Ohri D. Karyotypic studies on some cultivated and wild species of *Chenopodium* (Chenopodiaceae). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2006, 53: 1309-1320.
- [20] Kolano B, Tomczak H, Molewska R, et al. Distribution of 5S and 35S rRNA gene sites in 34 *Chenopodium* species (Amaranthaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 2012, 170: 220-231.
- [21] 何燕, 邓永辉, 李梦寒, 等. 藜麦品系的染色体数目及核型分析. 西南大学学报(自然科学版), 2019, 41(1): 27-31.
- [22] 乔永刚, 宋芸. 利用 EXCEL 制作核型模式图. 农业网络信息, 2006(10): 97-98.
- [23] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题. 武汉植物学研究, 1985(4): 297-302.
- [24] 乔永刚, 王勇飞, 曹亚萍, 等. 13 种蒲公英属植物核型近似系数聚类分析. 草地学报, 2020, 28(1): 285-290.
- [25] 杨光穗, 冷青云, 王呈丹, 等. 16 个红掌品种的核型分析. 热带作物学报, 2016, 37(12): 2283-2287.
- [26] Ricroch A, Yockteng R, Brown S C, et al. Evolution of genome size across some cultivated *Allium* species. *Genome*, 2005, 48(3): 511-520.
- [27] Bhargava A, Rana T S, Shukla S, et al. Seed protein electrophoresis of some cultivated and wild species of *Chenopodium*. *Biologia Plantarum*, 2005, 49(4), 505-511.
- [28] 夏雪, 田玉肖, 王祉琪, 等. 基于核型分析对芥蓝分类地位的探究. 分子植物育种, 2019, 17(7): 2291-2296.
- [29] 闫素丽, 安玉麟, 孙瑞芬. 内葵杂 3 号染色体核型分析. 植物遗传资源学报, 2012, 11(6): 784-788.
- [30] 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. 植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 650-654.
- [31] Wilson H, Manhart J. Crop/weed gene flow *Chenopodium quinoa* Willd. and *C.berlandieri* Moq. *Theoretical and Applied Genetics*, 1993, 86(5): 642-648.
- [32] Barker R E, Kilgore J A, Cook R L, et al. Use of flow cytometry to determine ploidy level of ryegrass. *Seed Science and Technology*, 2001, 29: 493-502.
- [33] Kamemoto H, Shindo K, Kosoki K, et al. Chromosome homology in the *Ceratobium*, *Phalaenanthus*, and *Latourea* sections of the genus *dendrobium*. *Pacific Science*, 1964, 18: 104-115.
- [34] Yan J, Zhang J, Sun K, et al. Ploidy level and DNA content of *erianthus arundinaceus* as determined by flow cytometry and the association with biological characteristics. *PLoS ONE*, 2016, 11(3): e0151948.
- [35] 任丽娟, 赵连生, 陈雅坤, 等. 基于主成分分析和聚类分析方法综合评价东北地区不同品种全株玉米青贮饲料的青贮品质. 动物营养学报, 2020, 32(8): 3856-3868.

Chromosome Karyotype Analysis of 14 Quinoa Germplasms from Different Habitats

Liu Jianxia^{1,2}, Wang Wenqing¹, Xue Naiwen^{1,2}, Guo Xuhu^{1,2}, Ma Saiya¹, Zhu Guofang¹, Wen Riyu³

(¹Shanxi Datong University, Datong 037009, Shanxi, China; ²Research and Development Center of Agricultural Facility Technology of Shanxi Datong University, Datong 037009, Shanxi, China;

³Maize Research Institute, Shanxi Agricultural University, Xinzhou 034000, Shanxi, China)

Abstract This study used a conventional compression method to compare the karyotype characteristics of 14 quinoa species and clustered their karyotype approximation numbers in order to clarify the chromosome number and karyotype characteristics of quinoa from different origins, as well as their kinship and evolutionary relationships. The results showed that the Xinli 6 possesses a chromosome number of $2n=54$, whereas the remaining 13 quinoa species exhibit a chromosome number of $2n=36$. The chromosome karyotypes, predominantly categorized as 1A, 1B, 1C, and 2B, demonstrated a general symmetry. The nuclear asymmetry coefficient ranges from 52.06% to 59.76%. The 14 quinoa species were divided into two primary groups by karyotypic clustering analysis; Quinoa 1605 formed a separate class by itself, while the other 13 species were clustered together. The varieties from the same region displaying similar affinities and evolutionary. Conversely, quinoa varieties from different origins exhibit greater genetic divergence due to geographical separation or varying levels of environmental influence during the evolutionary process. This study obtained karyotypic information on 14 different quinoa germplasms, enriching the database on quinoa chromosome karyotypes and cytogenetic studies.

Key words Quinoa; Chromosome; Karyotype analysis