

## 一、项目名称

我国西南高山地区被子植物细胞地理学研究

## 二、推荐单位意见

我国西南高山地区包括横断山区和青藏高原,为全球25个重要的生物多样性热点地区之一,是一个非常理想的研究物种进化的天然实验室,对探讨高山植物区系物种起源和演化等重大理论问题提供了绝佳的场所。本项目长期致力于这一地区的细胞地理学研究,在国家自然科学基金传统专项的大力资助下,开展了我国西南地区横断山区和青藏高原的被子植物区系的染色体倍性进化及一些代表类群的细胞学研究。结果发现横断山区被子植物多倍体所占比例远比预期的要低很多,只占约22%的比例,进而首次提出我国西南横断山区高山植物区系的进化动力主要不在多倍化方面的创新性观点,强调二倍体水平上的染色体结构和核型变化也有可能是重要的进化方式。同时对绿绒蒿属、高山豆属和菊科的大量类群也开展了具体的细胞学研究,丰富了本区域细胞地理学的基础资料,并进一步支持了这一地区多样化的染色体进化模式。该项目研究发表论文20余篇,其中8篇代表性论文都发表在国际SCI期刊上,并且有几篇的期刊影响因子接近4,这在植物传统宏观基础研究领域实属不易,并且研究成果受到了国内外同行的广泛关注和积极评价。根据相关要求,推荐单位认真审阅了申报材料,并进行公示,确认该项目的各种材料真实、有效。鉴于该项目在植物细胞地理与染色体区系进化方面提出了创新性的观点具有深远的影响和意义,并有可能推动我国高山植物区系物种进化新理论和观点的形成,同意并强烈推荐申报湖南省自然科学奖。

## 三、项目简介

### (一)主要研究内容

围绕我国西南山区被子植物的细胞学研究以及染色体倍性进化情况,主要开展了以下三个方面的研究工作:

1. 首先建立我国西南横断山区被子植物的染色体数据库:染色体数目是物种比较保守的性状,是研究一个地区植物区系非常重要的基本资料。通过对国内外文献的广泛收集与整理,建立了一个收集有我国西南横断山区所有已报道的683条染色体记录的数据库,共包括被子植物44科152属552种。

2. 西南横断山区被子植物区系染色体进化分析:多倍体是被子植物物种形成和分化的主要来源和动力。为揭示我国西南山区丰富的物种的染色体进化特点,开展对西南横断山区被子植物染色体倍性进行统计分析,包括二倍体和多倍体的比率,以及这种不同倍性分布特点背后深层次的原因,为探讨东亚以及北半球高山植物区系物种起源和演化等重要理论问题提供细胞学证据。

3. 横断山区与青藏高原重要类群的细胞学研究:对这一地区开展一些重要类群的染色体数目与核型进化研究工作,主要包括香青属、火绒草属、紫菀属、毛鳞菊属、细莴苣属,绿绒蒿属、高山豆属等,一方面丰富本区域细胞地理学的基

础资料，一方面从具体类群着手来研究这一地区的被子植物染色体进化规律。

## (二) 科学发现点与价值

我国西南山区集特殊的地理位置和复杂的地形地势以及高度丰富的植物区系成分于一体，成为世界上研究生物多样性起源与演化的热点地区之一。通过对这一热点地区被子植物的染色体数据进行全面的统计分析，首次发现多倍体在该地区占有的比例非常低，只约占 22%，远低于世界其它高山地区，这可能是由于这一地区特殊的地质历史或者复杂的地形和生境等因素所导致的。低基数的二倍体占近一半的比例，说明了二倍体水平上的染色体结构和核型进化也是本地区物种分化的另一重要机制。现有数据表明横断山区多倍体比例不占优势，二倍体同时占有较大的比重，从而提出这一地区被子植物多倍体不占优势，上演了各种可能的染色体演化途径的新观点，包括二倍体水平的染色体进化、非整倍性变化及新老多倍化等方面。另外我们从菊科等大量其它类群的具体研究得到的结果也佐证了这一观点。本项目的研究为探讨东亚以及北半球其它植物区系物种进化、高山植物区系起源和演化等许多重要问题具有重要的启示意义和帮助。

## (三) 同行引用及评价

本项目成果的 8 篇代表性论文均为 SCI 论文，发表在国际植物细胞学领域重要的 SCI 期刊 *Caryologia* 以及植物学传统期刊密苏里植物园年报、*Journal of Plant Research* 等期刊上，总影响因子达 14.9，平均 1.87/篇，达到植物细胞与植物地理学学科国际先进和国内领先水平。研究工作受到了国内外同行的广泛引用和积极评价，代表论文总他引 136 次，其中 SCI 他引 70 次，单篇最大 SCI 它引 36 次。

## 四、客观评价

尽管本项目研究内容属于植物学传统基础领域，研究结果难以发 SCI 期刊，更别说影响因子高的期刊，但我们仍然把大多数论文发表在国际植物学领域或者细胞学领域的经典 SCI 期刊上，包括细胞学重要的期刊 *Caryologia*，植物学传统期刊密苏里植物园年报 *Annals of the Missouri Botanical Garden*，*Journal of Plant Research* 以及 *Journal of Systematics and Evolution* 等期刊上，研究成果受到了国内外同行的广泛响应和积极评价，具体的引用与评价情况列举如下：

1. 我国西南横断山区被子植物多倍体比率偏低，二倍体水平上的染色体结构变异和核型变化是重要的染色体进化方式，得到了国内外同行的广泛关注与支持。

Yuan and Yang 2008 (代表引文 1) 在林奈植物学报 *Botanical Journal of the Linnean Society* 指出毛茛科翠雀属的染色体进化主要体现在二倍体水平上的核型变化，因此他们的结果支持横断山区的植物演化可能多倍体方式比较少 (引用原文: Our results seem to provide an example to corroborate the viewpoint proposed by Nie *et al.* (2005) that polyploidy may have played only a minor role in the evolutionary diversification in the Hengduan Mountains region)。Loureiro et al 2013

(代表引文 2)在对西班牙高山植物区系的细胞地理学研究中同样发现多倍体比例很低，多次引证本项目所研究的横断山的例子并指出多倍体不是主要的进化方式，而地理与生态的异质性可能是造成物种快速多样化分化的主要动力。(引用原文：Indeed, as referred above, in the Hengduan Mountains polyploidy may have played a minor role, only, with geographical and ecological heterogeneity being considered to have played a more important role in the diversification of the plants of this region)。Xaxars et al 2016 (代表引文 3)在研究高山环境下蒿属的多倍体中发现，多倍体并不占主要优势，其结果支持我们的观点，认为多倍化不是高山环境下物种适应进化的主要方式。(引用原文：Nie et al. (2005) only detected 22 % of polyploid taxa across the flora of the Hengduan Mountains (Qing-Hai Tibet Plateau). More recently, Loureiro et al. (2013) found 23 % of polyploids across two Spanish high mountain ranges, showing that polyploidisation is probably not essential in determining species adaptation to such environments)。Wang et al 2017 (代表引文 4)在研究青藏高原种子植物的多倍体分布情况中也发现多倍体的比例非常低，同样支持多倍化不是主要的进化动力的观点。(引用原文：approximately 22% of angiosperms in the Hengduan Mountains have been shown to be polyploids (Nie et al. 2005). Our data suggested that the flora of the Qinghai–Tibetan Plateau was characterized by relatively few polyploids (5.39%.)。)

2. 对具体类群的细胞学研究也揭示我国西南山区多样化的演化方式，分别具有二倍体或者多倍体为主等不同的演化模式。

本项目在 *Journal of Plant Research* 发表豆科高山豆属的细胞学研究，提出它主要是在二倍体水平上的演化方式，得到了四川大学刘建全教授在 *Botanical Journal of the Linnean Society* (代表引文 5) 的高度支持，认为他们所研究的橐吾属的核型研究表明在物种与属的分化水平上具有相似的演化模式和物种多样化机制 (引用原文：Karyomorphological studies of the plateau endemic *Tibetia* (Fabaceae) has revealed that all three investigated species also have the same chromosome number ( $2n = 16$ ) and similar karyotypes (Nie, Gu & Sun, 2002), which infers a major allopatric speciation mechanism at the diploid level in this genus. The present karyological research in *Ligularia*, in combination with previous karyological investigations on the *Tussilagininae*, indicate a similar possible speciation diversity mechanism for this species- and genera- diversified group in the Qinghai–Tibet Plateau and adjacent areas.)。)

对于罂粟科绿绒蒿属我们报道了本属 4 个种的研究，并结合前人的研究结果，发现本属可能的基数为 7 或者 14，并且多倍体现象比较常见。因此这从另一方面也说明多倍化途径也是横断山区和青藏高原物种形成与分化的另一条可能的途径。Kumar et al 2012 (代表引文 6)对西喜马拉雅地区罂粟亚科的细胞学研究中专门引用了我们的发现 (引文：A perusal of literature shows that, out of 24

cytologically worked out species, 23 show complex ploidy levels, suggesting that polyploidy has played an important role in the genus as reported earlier by Ying et al. (2006.).)。另一个研究例子是菊科香青属，它在我国青藏高原和喜马拉雅地区得到了充分的发展具有极高的物种多样性，我们报道了来自我国西南山区的横断山区和青藏高原的材料。多倍体首次在本属中发现，并且占一半以上的比例，因此可能暗示多倍化是本属的一个重要的进化模式。Zhou et al (代表引文 7, 2017, 第 599 页) 在珊瑚苣苔的研究中指出多倍化也是一种重要的方式，支持我们所开展的香青属的研究，也表明多倍化是其主要的进化动力。

另外，奥地利维也纳大学 Russell 博士等人在 *Botanical Journal of the Linnean Society* 上发文对本项目的代表论文 1, 2, 3 分别进行了引用(代表引文 8, 2013, 第 628 页)。他们在文章中指出横断山被子植物区系的多倍体比率预期应该是比较高的，同时例举了大量的例子表明一些类群主要表现在二倍体水平上的演化，包括本项目所研究的豆科高山豆属，以及菊科香青属体现在多倍体水平上(引用原文: In areas with highly diversified floras such as the Hengduan mountain region, a high rate of polyploidy can also be expected (Nie et al., 2005). Polyploidy was recently confirmed as a mechanism of rapid speciation and an important factor in chromosome evolution in *Anaphalis* DC. (sister genus of *Leontopodium*) and *Aconitum* L. subgenus *Lycocotnum* (DC.) Peterm. from the QTP (Yuan & Yang, 2006; Meng et al., 2010). In contrast, chromosome studies on other plant genera in this highly diversified region [e.g. *Tibetia* (Ali) H.P. Tsui: Nie, Gu & Sun, 2002; *Delphinium* L.: Yuan & Yang, 2008] identified low frequencies of polyploidy, indicating that it could have only played a minor role in speciation in these genera.)。

## 五、代表性论文专著目录

1. Nie Z-L, Wen J, Gu Z-J, Boufford DE, Sun H\*. 2005. Polyploidy in the flora of the Hengduan Mountains hotspot, southwestern China. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 92:275-306.
2. Nie Z-L, Gu Z-J, Sun H\*. 2002. Cytological study of *Tibetia* (Fabaceae) in the Hengduan Mountains region, China. *Journal of Plant Research* 115:17-22.
3. Deng T, Meng Y, Sun H, Nie Z-L\*. 2011. Chromosome counts and karyotypes in *Chaetoseris* and *Stenososeris* (Asteraceae-Cichorieae) from the Hengduan Mountains of SW China. *Journal of Systematics and Evolution* 49:339-346.
4. Meng Y, Xie H-Y, Nie Z-L, Gu Z-J, Yang Y-P\*. 2006. A karyomorphological study on four species of *Meconopsis* Vig. (Papaveraceae) from the Hengduan Mountains, SW China. *Caryologia* 59:1-6.

5. Meng Y, Sun H, Yang Y-P, Nie Z-L\*. 2010. Polyploidy and new chromosome counts in *Anaphalis* (Asteraceae: Gnaphalieae) from the Qinghai-Tibet Plateau of China. *Journal of Systematics and Evolution* 48:58-64.
6. Meng Y, Yang Y-P, Sun H, Deng T, Nie Z-L\*. 2014. Chromosome numbers, karyotypes, and polyploidy evolution of *Anaphalis* species (Asteraceae: Gnaphalieae) from the Hengduan Mountains, SW China. *Caryologia* 67: 238-249.
7. Meng Y, Nie Z-L, Sun H, Yang Y-P\*. 2012. Chromosome numbers and polyploidy in *Leontopodium* (Asteraceae: Gnaphalieae) from the Qinghai-Tibet Plateau of S.W. China. *Caryologia* 65:87-93.
8. Meng Y, Yang Y-P, Deng T, Nie Z-L\*. 2016. New chromosome counts, polyploidy, and karyotype evolution in *Aster* L.(Asteraceae: Astereae) from the Qinghai-Tibet Plateau. *Caryologia* 69: 370-378.

## 六、主要完成人情况

**聂泽龙**、排名第一、湖南省高校重点实验室副主任、教授

工作单位：吉首大学

完成单位：吉首大学

对本项目技术创造性贡献：负责项目的整体构思、课题申报、研究计划制定与工作开展，主持相关的国家自然科学基金项目 30300023 和 30770167 二项(已结题)。开展了我国西南地区包括横断山区和青藏高原的被子植物区系的染色体倍性统计及一些代表类群的细胞学研究工作，首次提出我国西南横断山区高山植物区系的进化动力不在多倍化方面，而主要表现在二倍体水平上的创新性观点，是重要科学发现第一大点的主要贡献者，同时参与了所有其它的重要科学发现的工作。本项目占了本人每年工作量的 80%，是代表性论文 1, 2 的第一作者，代表论文 3, 5, 6, 8 的通讯作者，参与了所有其它论文的相关工作。

**孙航**、排名第二、所长、研究员

工作单位：中国科学院昆明植物研究所

完成单位：中国科学院昆明植物研究所

对本项目技术创造性贡献：负责项目的指导工作，是代表论文 1、2 的通讯作者；对重要科学发现点 1 和 2 都有重要贡献，是我国西南横断山多倍体不占优势的观点的主要倡导者之一，参与指导对豆科高山豆属、菊科毛鳞菊属和细莴苣属、香青属和火绒草属的细胞学研究工作。代表论文包括 1、2、3、5、6、7。

**杨永平**、排名第三、党委书记、研究员

工作单位：中国科学院昆明植物研究所

完成单位：中国科学院昆明植物研究所

对本项目技术创造性贡献：负责项目的指导工作，是代表论文 4、7 的通讯作者，代表性论文 5、6、8 的参与者，对重要科学发现点 2 有重要贡献，开展对绿绒蒿属和火绒草属的细胞学研究工作，一起提出多倍化途径也是横断山区和青藏高原物种形成与分化的另一条可能的途径。代表论文包括 4、5、6、7、8。

**孟盈**、排名第四、副教授

工作单位：吉首大学

完成单位：吉首大学

对本项目技术创造性贡献：项目主要参与人员，负责实验工作，主持相关国家自然科学基金项目 31070192、31270273（已结题）；是重要科学发现第二大点的主要贡献者，完成了罂粟科绿绒蒿属、菊科香青属、火绒草属以及紫菀属的细胞学研究工作；本项目占了本人每年工作量的 90%；为 8 篇主要代表论文中第 4、5、6、7、8 的第一作者。

**邓涛**、排名第五、副研究员

工作单位：中国科学院昆明植物研究所

完成单位：中国科学院昆明植物研究所

对本项目技术创造性贡献：项目重要参与人员，是代表论文 3 的第一作者，代表论文 6 的第四作者，代表论文 8 的第三作者；对第二个重要科学发现点有主要贡献，完成了菊科毛鳞菊属和细莴苣属的细胞学研究工作，发现其主要染色体演化方式主要体现在二倍体水平上的核型结构方面。

## 七、完成人合作关系说明

本项目主要由聂泽龙、孙航、杨永平、孟盈和邓涛共同完成。第一完成人自 2000 年以来先后在中国科学院昆明植物研究所和吉首大学生物资源与环境科学学院工作，一直从事我国西南地区被子植物的细胞地理学以及系统进化研究工作。项目第四完成人孟盈也是先后在中国科学院昆明植物研究所和吉首大学生物资源与环境科学学院工作，从攻读硕博学位期间开始长期致力于被子植物细胞学研究工作，为本项目的科学研究、学科平台和团队建设做出了积极贡献。项目组其他三人孙航、杨永平和邓涛均为中国科学院昆明植物研究所工作人员。项目第一完成人在中国科学院昆明植物研究所学习和工作期间在孙航研究员的指导下开展了扎实的细胞地理学研究工作，合作代表论文为 1、2、3、5、6；项目第二完成人在中国科学院昆明植物研究所学习和工作期间在杨永平研究员的指导下也开展了扎实的细胞学研究工作，合作代表论文为 4、5、6、7、8。另外项目第一和第四完成人也与中国科学院昆明植物研究所邓涛博士合作完成了对菊科毛鳞菊属和细莴苣属的细胞学研究工作，佐证材料为代表论文 3。