

17种绣线菊核型特征及核型参数分析

刘慧民^{1,2}, 陈雅君¹, 吕贵娥¹, 李丽¹, 吴凤芝^{1,*}

(¹东北农业大学园艺学院, 哈尔滨 150030; ²东北林业大学林学院博士后流动站, 哈尔滨 150040)

摘要:以 17 种 (品种) 绣线菊为材料, 利用改良去壁低渗法分析染色体特征并作相关性和聚类分析, 探讨核型特征与种间进化关系。研究表明: 供试绣线菊染色体数稳定, 为 $2n = 18$ 和 $2n = 36$, 染色体基数为 9, 主要由中部着丝点染色体 (m) 和近中部着丝点染色体 (sm) 组成。绒毛绣线菊、石蚕叶绣线菊、楔叶绣线菊染色体中有随体结构; 核型类型为 1A、1B、2B, 染色体平均臂比范围为 1.26 ~ 1.64, 最长与最短染色体比值范围为 1.67 ~ 3.51, 着丝点指数范围为 38.96% ~ 44.26%, 核型不对称系数范围为 56.14% ~ 60.69%; 按核型不对称系数从高到低排序其进化程度, 石棒绣线菊、绒毛绣线菊和楔叶绣线菊等进化程度高, 珍珠绣线菊、石蚕叶绣线菊和三亚绣线菊等进化程度低; 核型参数的重要性排序为核型不对称系数 > 平均臂比 > 臂比大于 2 的比率 > 染色体最长 / 最短值 > 核型类型 > 着丝点指数均值; 17 种绣线菊核型参数在种间存在差异, 可作为绣线菊属植物分类依据; 核型特征聚类分析将 17 种绣线菊分为 4 组。

关键词: 绣线菊; 核型; 聚类分析; 亲缘关系

中图分类号: S 685

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2010) 09-1456-07

Karyotype Features of 17 Species of *Spiraea* and Karyotype Parameters Analysis

LIU Hui-min^{1,2}, CHEN Ya-Jun¹, LÜ Gui-e¹, LI Li¹, and WU Feng-zhi^{1,*}

(¹College of Horticulture, North-East Agricultural University, Harbin 150030, China; ²Postdoctoral Research Station, College of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China)

Abstract: 17 species of *Spiraea* were selected as materials, using wall degradation hypotonic method to analyse the features of chromosome, to do associativity analysis and cluster analysis, to discuss the karyotype features and macroevolution. The results suggested that the 17 species of *Spiraea* had stable chromosome number, $2n = 18$ and $2n = 36$, basic number of chromosome was 9, their chromosomes were mainly composed by median region chromosome (m) and submedian region chromosome (sm), in which there were satellites in *Spiraea dasyantha*, *Spiraea chamaedryfolia* and *Spiraea canescens*. Their karyotype types were 1A, 1B, 2B, their average arm ratio changes from 1.26 to 1.64, Lt/St changes from 1.67 to 3.51, centromeric index changes from 38.96% to 44.26%, A.s.k% changes from 56.14% to 60.69%. We sorted the evolution degree of 17 species of *Spiraea* from high to low according to the karyotype dissymmetry coefficient, in which *S. media*, *S. dasyantha* and *S. canescens* were high, *S. thunbergii*, *S. chamaedryfolia* and *S. trilobata* were low. The importance of karyotype parameters was A.s.k% > A.A.R > P.C.A% > Lt/St > karyotype type > centromeric index. There were differences of karyotype parameters in

收稿日期: 2010-05-25; 修回日期: 2010-08-06

基金项目: 黑龙江省自然科学基金项目 (C2007-11)

* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: fzwu2006@yahoo.com.cn)

17 species of *Spiraea*, karyotype datas could provide a base for the classification of *Spiraea*. Seventeen species of *Spiraea* could be divided into 4 groups by karyotype features cluster.

Key words: *Spiraea* L.; karyotype; cluster analysis; genetic relationship

绣线菊属 (*Spiraea* L.) 植物为蔷薇科 (Rosaceae) 的重要类群, 是绣线菊亚科中较为原始的属, 全球约有 100 余种资源, 中国有 50 余种, 各省均有分布。黑龙江省绣线菊属植物共 18 种 4 变种, 其中 7 种为栽培种, 其大部分种具有观赏价值, 是良好的观花观叶灌木, 并有一定的药用价值 (陆玲娣, 1996)。绣线菊属资源丰富, 种间亲缘关系尚不明确, 传统的绣线菊分类学研究多是对其形态特征的研究, 目前尚未对该属植物进行较系统的分类学研究。细胞学分类研究可以探索种群的发育和演化进程 (Stebbins, 1950; Romero, 1986), 明确植物类群的变异和起源关系 (He et al., 2004)。细胞学的核型分析资料多被用作分类学的重要证据 (Bhattacharjee, 1979; Al-Kelidar & Richards, 1981)。国内仅陈瑞阳等 (2003) 对柳叶绣线菊 (*S. salicifolia*) 进行了核型分析。国外仅对华北、粉花、金丝桃叶、绣球绣线菊等的染色体有研究报道 (Sun et al., 1997)。本试验旨在通过分析黑龙江省常见的 17 种 (品种) 绣线菊核型特征数据, 为绣线菊的遗传改良提供更全面系统的细胞学资料, 从细胞学水平初步探讨它们之间的演化与进化关系, 并与经典形态学分类比较, 为绣线菊属植物亲缘关系和分类学研究提供理论依据。供试材料中 8 种绣线菊的核型研究在国内外均为首次报道。

1 材料与方法

试验材料来自于黑龙江省森林植物园标本园中的绣线菊标本圃和东北农业大学园艺设施栽培中心 (表 1)。采集春季刚萌发的柔嫩幼叶用于染色体分析。

染色体制片参考陈瑞阳 (1979) 的去壁低渗法: 解离处理时进行前固定, 倒去低渗液, 加入新鲜的固定液 (甲醇: 冰乙酸 = 3:1) 固定 4 h 以上或过夜, 之后进行染色体解离、低渗、后固定、滴片染色等步骤, 最后在 Nikon Eclipse 50i 显微镜上镜检观察、拍照, 取约 30 个细胞进行核型分析。

核型分析参照李懋学和陈瑞阳 (1985) 的方法, 得到核型公式、核型类型, 计算平均臂比、核型不对称系数、臂比 > 2 的比率、最长/最短染色体、着丝点指数均值, 进行染色体测量, 同源染色体配对, 核型分析。按照 Levan 分类系统划分染色体类型, 根据 Stebbins (1971) 核型分类标准划分核型类型。以体细胞分裂中期的染色体为基本形态, 统计 30 个以上细胞, 其中 85% 以上的细胞要具有恒定一致的染色体数。

用 DPS 数据统计软件对 17 种绣线菊染色体特征, 即平均臂比、染色体最长/最短值、着丝点指数均值、臂比 > 2 的比率、核型不对称系数、核型类型 (1B 量化为 0, 2B 量化为 1, 1A 量化为 2)、有无随体 (有随体量化为 1, 无随体量化为 0) 等, 按最长距离法进行系统聚类, 关系系数采用绝对值距离, 核型聚类分析结果以树状图表示。

2 结果与分析

2.1 染色体数鉴定及核型特征分析

以体细胞分裂中期的染色体为基本形态, 统计 30 个以上细胞, 其中多于 85% 的细胞具有恒定一致的染色体数, 说明绣线菊染色体数基本稳定 (表 1)。17 种绣线菊的染色体数有两种类型, 金焰、金山、粉花、绒毛、珍珠、楔叶、石棒绣线菊的染色体数为 $2n = 18$, 其它绣线菊染色体数为 $2n = 36$ 。

染色体由中部着丝点染色体 (m)、近中部着丝点染色体 (sm)、正中部染色体 (M) 组成, 在绒毛、石蚕叶、楔叶绣线菊中具有随体染色体 (图 1)。核型类型为较原始的 1B、2B、1A, 以 2B 类型为主, 说明绣线菊进化程度较低。其中珍珠绣线菊的进化程度最低, 为 1A 类型。相似的核型特征表明这些种有着相近的起源和较近的亲缘关系, 种间的进化差异不明显, 说明绣线菊染色体进化速度很慢, 在蔷薇科系统演化中处于相对原始的地位。

表 1 17 种绣线菊核型特征
Table 1 Karyotype features of 17 species of *Spiraea*

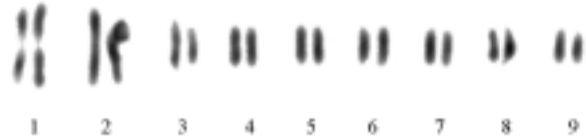
编号 Code	材料 Materials	核型公式 Karyotype formula	平均 臂比 A.A.R	A.s.k/ %	P.C.A/ %	Lt/St	着丝点指数 均值 Centromeric index	核型 类型 Type
1	华北绣线菊 <i>S. fritschiana</i> Schneid	30m + 6sm	1.43	57.64	0	2.93	42.27	1B
2	金山绣线菊 <i>S. bumalda</i> ' Goldmound '	16m + 2sm	1.37	56.59	0	2.50	43.09	1B
3	金焰绣线菊 <i>S. abumalda</i> ' Gold Flame '	16m + 2sm	1.36	56.66	0	2.34	43.09	1B
4	金丝桃叶绣线菊 <i>S. hypericifolia</i> Linn.	30m + 6sm	1.42	57.44	2.78	2.93	41.71	2B
5	粉花绣线菊 <i>S. japonica</i> Linn.	16m + 2sm	1.31	56.43	0	2.66	43.72	1B
6	绢毛绣线菊 <i>S. sericea</i> Turcz.	30m + 6sm	1.41	57.19	5.56	2.60	42.52	2B
7	曲萼绣线菊 <i>S. flexuosa</i> Fisch. ex Cambess.	26m + 10sm	1.43	57.47	2.78	2.46	42.62	2B
8	柳叶绣线菊 <i>S. salicifolia</i> Linn.	30m + 6sm	1.36	56.59	2.78	2.19	43.21	2B
9	毛果绣线菊 <i>S. trichocarpa</i> Nakai	26m + 10sm	1.46	58.43	8.34	3.51	41.96	2B
10	美丽绣线菊 <i>S. elegans</i> Pojark.	30m + 6sm	1.48	59.06	5.56	2.18	40.98	2B
11	绒毛绣线菊 <i>S. dasyantha</i> Bunge	14m + 4sm (2SAT)	1.64	60.69	11.11	2.00	38.96	2B
12	三亚绣线菊 <i>S. trilobata</i> Linn.	4M + 32m	1.26	55.58	0	2.53	44.26	1B
13	石棒绣线菊 <i>S. media</i> Schmidt.	14m (2SAT) + 4sm	1.60	60.98	16.67	2.06	40.00	2B
14	石蚕叶绣线菊 <i>S. chamaedryfolia</i> Linn.	32m (2SAT) + 4sm	1.34	56.14	2.78	2.33	43.43	2B
15	土庄绣线菊 <i>S. pubescens</i> Turcz.	28m + 8sm	1.39	57.35	5.56	2.96	43.11	2B
16	楔叶绣线菊 <i>S. canescens</i> D. Dons	14m (2SAT) + 4sm	1.47	59.09	11.11	1.68	41.15	2B
17	珍珠绣线菊 <i>S. thunbergii</i> Sieb. et Bl.	2M + 2sm + 14m	1.34	56.28	0	1.67	43.83	1A



金焰绣线菊 *S. abumalda* 'Gold Flame'



粉花绣线菊 *S. japonica* Linn.



美丽绣线菊 *S. elegans* Pojark.



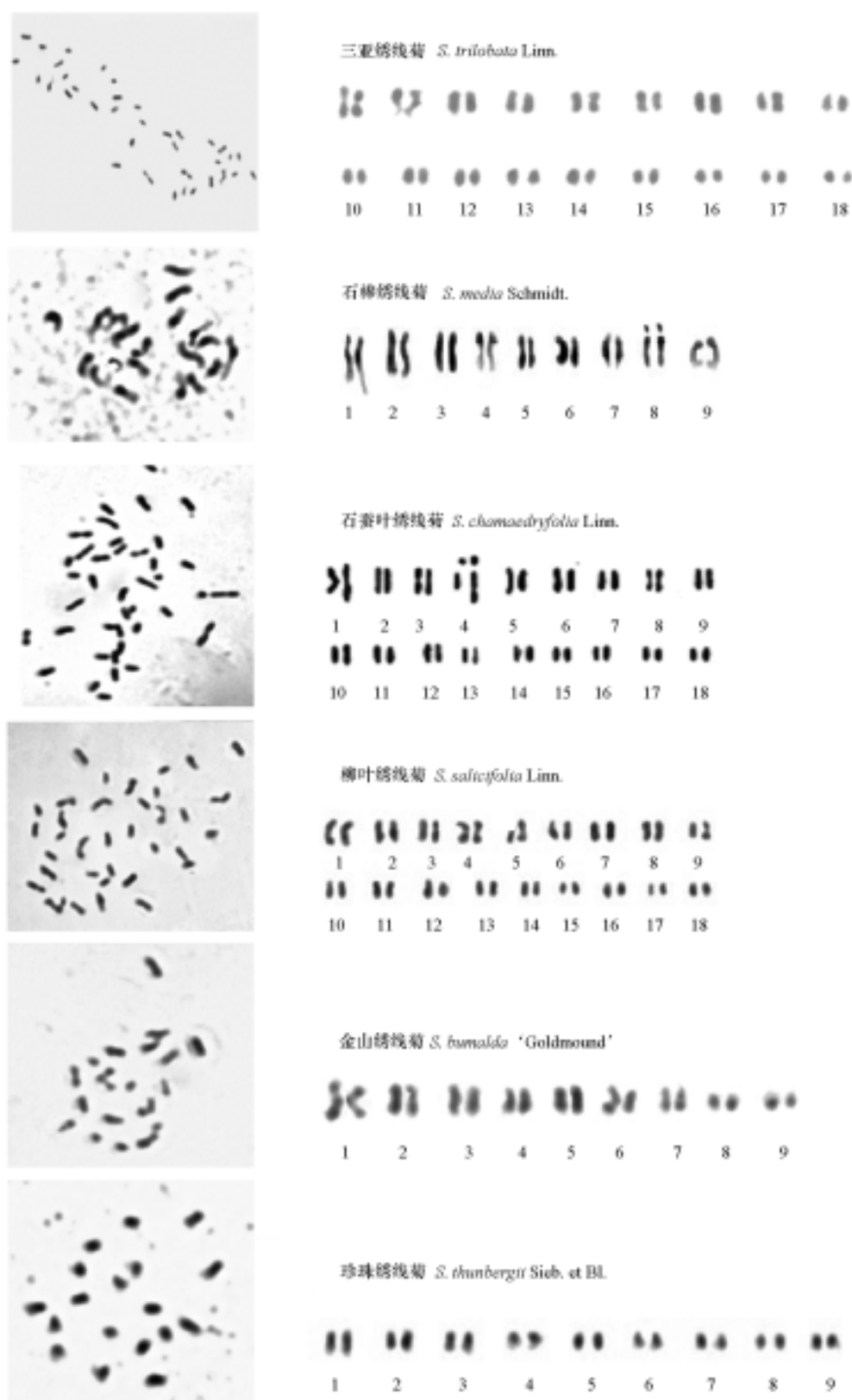


图 1 17 种绣线菊中部分代表性种类核型

Fig. 1 Karyotype of part representative species in 17 species of *Spiraea*

2.2 核型不对称参数与进化关系分析

核型不对称性同植物体器官形态上的特化或进化有一定的联系,可反映核型或植物的进化程度 (Stebbins, 1971)。本研究中以最能反映核型不对称性的平均臂比、核型不对称系数等核型数据比较 17 种绣线菊核型及其进化程度。由平均臂比数据分析得出,绒毛 (1.64) > 石棒 (1.60) > 美丽 (1.48) > 楔叶 (1.47) > 毛果 (1.46) > 华北 (1.43) = 曲萼 (1.43) > 金丝桃叶 (1.42) > 绢毛 (1.41) > 土庄 (1.39) > 金山 (1.37) > 金焰 (1.36) = 柳叶 (1.36) > 石蚕叶 (1.34) = 珍珠 (1.34) > 粉花 (1.31) > 三亚绣线菊 (1.26)。绒毛和石棒绣线菊进化程度较高;其次是美丽、楔叶和毛果绣线菊;然后是华北、曲萼、金丝桃叶、绢毛、土庄绣线菊;再后是金山、金焰、柳叶、石蚕叶、珍珠、粉花绣线菊;三亚绣线菊进化程度最低。

多数绣线菊进化程度与按核型不对称系数排列的次序吻合。按照 Stebbins 核型对称性原则,将 17 种绣线菊按核型不对称系数从高到低排列为石棒 (60.98) > 绒毛 (60.69) > 楔叶 (59.09) > 美丽 (59.06) > 毛果 (58.43) > 华北 (57.64) > 曲萼 (57.47) > 金丝桃叶 (57.44) > 土庄 (57.35) > 绢毛 (57.19) > 金焰 (56.66) > 金山 (56.59) = 柳叶 (56.59) > 粉花 (56.43) > 珍珠 (56.28) > 石蚕叶 (56.14) > 三亚绣线菊 (55.58)。石棒、绒毛绣线菊进化程度最高,三亚绣线菊进化程度最低,与根据核型类型中珍珠绣线菊进化程度最低虽有出入,但核型不对称系数、染色体平均臂比分析表明两种均为较原始的种。

2.3 染色体形态参数聚类分析

对 17 种绣线菊的染色体特征参数进行聚类分析 (图 2), 17 种绣线菊被分为 4 组: 第 1 组绣线菊均具有相同的臂比 > 2 的比率 (0.00), 相似的核型类型 (1B, 1A)、平均臂比 (1.26 ~ 1.43)、染色体最长/最短值 (1.67 ~ 2.93)、着丝点指数均值 (42.27 ~ 44.26)、核型不对称系数 (55.58 ~ 57.64), 包括华北、金焰、金山、粉花、三亚、珍珠绣线菊, 在绣线菊经典形态学分类中, 华北、金焰、金山、粉花绣线菊同属复伞房花序组的粉花系。第 2 组绣线菊均具有相同的核型类型 (2B)、染色体数 (36 条)、臂比 > 2 的比率 (2.78), 相似的着丝点指数均值 (41.71 ~ 43.43)、核型不对称系数 (56.14 ~ 57.47), 包括曲萼、柳叶、金丝桃叶和石蚕叶绣线菊, 在绣线菊经典形态学分类中, 曲萼、石蚕叶、金丝桃叶绣线菊同属长伞花序组, 前 2 种又同属长伞花序组的石蚕叶系。第 3 组绣线菊均具有相同的核型公式 ($m + sm$) 和染色体数 (36 条)、核型类型 (2B), 相似的平均臂比 (1.39 ~ 1.48)、核型不对称系数 (57.19 ~ 59.06)、着丝点指数均值 (40.98 ~ 43.11), 包括绢毛、毛果、美丽、土庄绣线菊, 在经典形态学分类中, 美丽、土庄绣线菊同属长伞花序组的三裂系。第 4 组绣线菊均具有相同

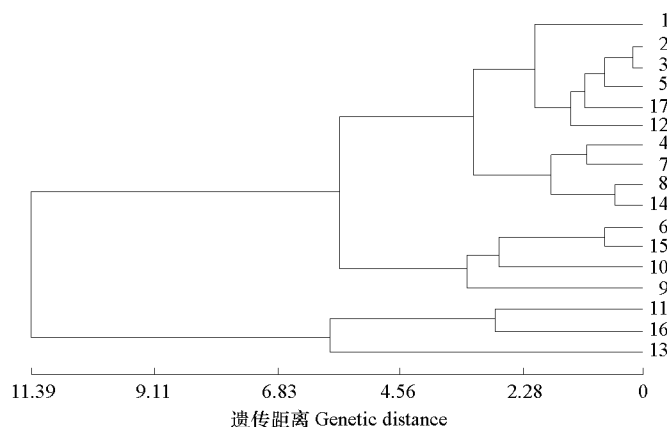


图 2 17 种绣线菊染色体形态参数聚类分析图

Fig. 2 Cluster analysis of morphological parameters of chromosome of 17 species of *Spiraea*

的核型公式(染色体具随体) $[m + sm(2SAT)]$ 和染色体数(18 条) 核型类型(2B), 相似的臂比 > 2 的比率(11.11 ~ 16.67) 核型不对称系数(59.09 ~ 60.98), 包括绒毛、石棒、楔叶绣线菊, 在经典形态学分类中, 绒毛、楔叶绣线菊同属复伞房花序组。

结果表明 17 种绣线菊核型特征的聚类与经典形态学分类基本吻合, 其中金山与金焰绣线菊之间的遗传距离最近, 表明它们的亲缘关系最近, 粉花、金山与金焰绣线菊也有着较近的亲缘关系, 植株外部形态也极相似, 这与绣线菊经典形态学分类结果(中科院植物志编委会, 1979) 高度一致。

2.4 核型参数主成份分析

利用 DPS 软件对绣线菊核型参数进行主成份分析, 结果表明: 核型不对称系数、平均臂比的贡献率达到 85.14%, 说明这两个主成份所包含的信息量能全面反映 6 个核型参数的大部分信息。第一主成份的贡献率达到 65.79%, 代表染色体的大部分信息, 其在核型不对称系数、平均臂比、臂比 > 2 的比率上的载荷较大(分别为 0.4914、0.4874、0.4633), 说明这 3 个核型参数对绣线菊染色体分类起关键作用。第二主成份在染色体最长/最短值上的载荷最大(为 0.7195), 说明其对绣线菊染色体分类也有较大作用。6 个核型参数的重要性排序为核型不对称系数 $>$ 平均臂比 $>$ 臂比大于 2 的比率 $>$ 染色体最长/最短值 $>$ 核型类型 $>$ 着丝点指数均值, 说明核型不对称系数和臂比是染色体分类中的关键指标。在第一主成份上, 石棒、绒毛、楔叶、美丽绣线菊的得分较高(分别为 4.2906、4.2475、2.1895、1.5776), 说明其代表的核型不对称系数、平均臂比、臂比 > 2 的比率这 3 个核型参数对石棒、绒毛、楔叶和美丽绣线菊的分类起关键作用。在第二主成份上, 华北、毛果绣线菊的得分较高(分别为 1.6434、1.6256), 说明其代表的核型参数染色体最长/最短值对华北和毛果绣线菊的分类起很大作用。

3 讨论

关于绣线菊属染色体数的研究, 国内外学者有不同的报道。Potter 等(2007)和 Mehra 等(1973)认为, 华北绣线菊(*S. fritschiana* Schneid) 的染色体数为 $2n = 27, 36$ 。柳叶(*S. salicifolia* Linn.) 土庄(*S. pubescens* Turcz.) 和楔叶绣线菊(*S. canescens* D. Dons) 的染色体数为 $2n = 36$, 都是 4 倍体。Sun 等(1997)报道绣线菊具有 $2x, 3x, 4x$ 多个不同的倍性, 这可能与不同作者采用的染色体鉴定方法有关。本研究中对 17 种绣线菊进行了染色体计数, 有 7 种为染色体 $2n = 18$, 10 种为 $2n = 36$, 参考前人的研究报道, 初步认为绣线菊染色体可能有 2 倍体和 4 倍体两种倍性。Zhang 等(2002)的研究表明, 绣线菊还有 st 类型的染色体, 粉花绣线菊变种(*S. japonica* var. *japonica*) 的核型公式为 $2n = 18 = 14m + 2sm + 2st$; 急尖粉花绣线菊(*S. japonica* var. *acuta*) 为 $2n = 18 = 11m + 4sm + 3st$; 裂叶粉花绣线菊(*S. japonica* var. *incisa*) 为 $2n = 18 = 12m + 4sm + 2st$, 据报道这些绣线菊具有中部着丝点染色体(m) 近中部着丝点染色体(sm) 和近端部着丝点染色体(st)。本文中多数绣线菊具有中部着丝点染色体(m) 近中部着丝点染色体(sm), 仅个别绣线菊具有正中部着丝点染色体(M) 和随体(SAT), 认为绣线菊的染色体类型以中部着丝点染色体(m) 近中部着丝点染色体(sm) 为主。染色体特征参数在研究木本类群系统演化方面是很稳定的指标(Rees et al., 1977; Moore, 1978), 核型分析能识别染色体的形态特征(Karasawa et al., 1980), 是细胞分类学一个重要指标(Dyer et al., 1979; Karasawa, 1988; Francesco et al., 1990; Husaini & Iwo, 1990), 在植物种属间和种内, 染色体常有不同程度的分化, 为探讨种属间的进化关系及种内的变异格局提供重要的依据(Bentzer et al., 1971)。其分类学意义也是相对的, 不同的类型有时保持相似的核型特征, 在分类上相近的类型却有不同的核型特征(Darlin, 1973)。染色体资料在分类上有时会与经典分类存在差

异 (Volkova & Boyko , 1985), 试验中绣线菊核型特征分类与经典形态分类存在微小差异, 以染色体特征进行聚类分析对于阐明绣线菊属各类群间的亲缘关系还存在局限性(Okada & Tamara ,1979), 因此结合孢粉学、分子生物学资料建立一个全面反映绣线菊属植物种间关系的分类系统(李丽 ,2009; 刘一佳 ,2009), 无论对绣线菊属植物分类学研究, 还是对其物种起源进化关系探讨都具有重要意义。

References

- Al-Kelidar R K , Richards A J. 1981. Chromosomal indications of evolutionary trends in the genus *Delphinium* L. *Cytologia* , 46 : 623 – 633.
- Bentzer B , Bothmer R , Engstrand L , Gustafsson M , Snogerup S. 1971. Some sources of error in the determination of arm ratios of chromosomes. *Bot Not* , 124 : 65 – 74.
- Bhattacharjee A. 1979. Chromosomal studies of two species of acouitum. *Curr Sci* , 48 : 25 – 27.
- Chen Rui-yang. 2003. The genome chromosome map of major economic plant in China. Beijing : Science Press. (in Chinese)
- 陈瑞阳. 2003. 中国主要经济植物基因组染色体图谱. 北京 : 科学出版社.
- Chen Rui-yang. 1979. The new method for preparation of chromosome samples. *Journal of Integrative Plant Biology* , 21 : 297 – 298. (in Chinese)
- 陈瑞阳. 1979. 植物染色体标本制备的新方法. *植物学报* , 21 : 297 – 298.
- Darlington C D. 1973. Chromosome botany and the origins of cultivated plants. London : George Allen and Unwin Ltd.
- Dyer A F. 1979. Investigating chromosomes. Lindon Arnald.
- Flora editorial board of cas. 1979. Flora of China , 75th volume. Beijing : Science Press : 3 – 9. (in Chinese)
- 中国科学院植物志编委会. 1979. 中国植物志, 第七十五卷. 北京 : 科学出版社 : 3 – 9.
- Francesco , Fontanaand , Michele , Rubini. 1990. Chromosomal Evolution Incervidae. *Biosystems* , 24 (2) : 157 – 174.
- He Zi-can , Li Jian-qiang , Cai Qing , Li Xiao-dong , Huang Hong-wen. 2004. Cytogenetic studies on *Metasequoia glyptostroboides* , a living fossil species. *Genetica* , 122 (3) : 269 – 276.
- Husaini S W H , Iwo G A. 1990. Cytology of some weedy species of the family composite (*Asteraceae*) from Jos Plateau. Nigeria Feddes *Repertorium* , 101 : 49 – 62 .
- Karasawa , Tanaka R. 1980. C-banding study on centric fission in the chromosomes of *Paphiopedilum*. *Cytologia* , 45 : 97 – 102.
- Karasawa K. 1988. Karyomorphological studies on the two species of *Paphiopedilum*. *Bull Hiroshima Bot Gard* , 10 : 1 – 6.
- Li Li. 2009. Studies on palynology and cytological classification of some species of genus *Spiraea* L. in Northern China [M. D. Dissertation]. Harbin : Northeast Agricultural University. (in Chinese)
- 李 丽. 2009. 北方部分绣线菊属植物孢粉学与细胞学分类的研究[硕士论文]. 哈尔滨 : 东北农业大学.
- Liu Yi-jia. 2009. Study on the RAPD-SCAR marker and classification of eighteen species of *Spiraea* L. in Northern China [M. D. Dissertation]. Harbin : Northeast Agricultural University. (in Chinese)
- 刘一佳. 2009. 北方 18 种绣线菊 RAPD-SCAR 标记及分类的研究[硕士论文]. 哈尔滨 : 东北农业大学.
- Lu Ling-ti. 1996. The evolution and distribution of subfam. Spiraeoideae (*Rosaceae*) of China ,with special reference to distribution of the subfamily in the world. *Acta Phytotaxonomica Sinica* , 34 (4) : 361 – 375. (in Chinese)
- 陆玲娣. 1996. 中国蔷薇科绣线菊亚科的演化、分布, 兼论世界绣线菊亚科植物的分布. *植物分类学报* , 34 (4) : 361 – 375.
- Moore D M. 1978. The chromosomes and plant taxonomy // Street H. *Essays in plant*. London : Academic Press : 39 – 56.
- Okada H , Tamara M. 1979. Karyomorphology and relationship in the ranunculaceae. *Jpn Bot* , 54 : 65 – 77.
- Rees H , Jones R N. 1977. Chromosome genetics. Edward Arnold Limited : 141 – 151.
- Romero Z C. 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon* , 35 : 526 – 530.
- Stebbins G L. 1950. Variation and evaluation in plant. New York : Columbia University Press.
- Stebbins G L. 1971. Chromosomal evolution in higher plants . London : Edward.
- Sun Byung-Yun , Tae-Jin Kim , Chul Hwan Kim. 1997. A biosystematic study on polyploid populations of the genus *Spiraea* (*Rosaceae*) in Korea. *Journal of Plant Biology* , 40 (4) : 291 – 297.
- Volkova S A , Boyko E V. 1985. Chromosome numbers in some species of the family *Asteraceae* from the southern part of the Soviet Far East. *Bot Zern SSSr* , 70 (7) : 1000 – 1001.
- Zhang Zhao-Yang , Sun Hang , Gu Zhi-Jian. 2002. Karyomorphological study of the *Spiraea japonica* complex (*Rosaceae*) . *Brittonia* , 54 (3) : 168 – 174.