

## 江南油杉和台湾油杉核型的比较研究

李林初 徐炳声

(复旦大学生物系)

江南油杉(*Keteleeria cyclolepis* Flous)和台湾油杉(*Keteleeria formosana* Hayata)均为松科(Pinaceae)油杉属的常绿乔木,我国的特产树种,前者分布于云南、贵州、广西、广东、湖南、江西等省区,后者分布于台湾<sup>[2]</sup>。油杉属(*keteleeria*)的细胞学资料已有Sugihara<sup>[10]</sup>和王伏雄<sup>[11]</sup>分别报道过铁坚油杉(*K. davidiana* Beissn.)和云南油杉(*K. cvelyniana* Mast.)的染色体数目( $2n=24$ ),Darlington等<sup>[4]</sup>确定了属的染色体基数( $x=12$ ),日詰等<sup>[1]</sup>记载了该属的染色体组成,郭幸荣等<sup>[5]</sup>报道了台湾油杉的核型,但迄今未见任何江南油杉的染色体资料。本文首次报道该种的染色体数目和核型分析,并与台湾油杉进行比较研究,对两者的进化程度以及油杉属的起源和分布作了初步探讨。

油杉属植物大都材质优良,可选为造林树种,供建筑、桥梁、家具、农具之用,笔者期望本项工作对油杉的育种实践提供有益的参考。

### 材料与amp;方法

1. 材料 试验用江南油杉种子由浙江省松阳县林业科学研究所提供,凭证标本汤兆成8032存复旦大学生物系植物标本室。

2. 制片技术 试验种子经60℃温水浸泡后40℃保温4小时,拌入蛭石中保温25℃恒温培养,约8天后长出2厘米左右的胚根。在0.002M8-羟基喹啉溶液中预处理7小时,水洗后用卡诺氏液(3:195%乙醇-冰醋酸)固定24小时,洗净后用1N盐酸60℃解离3分钟,用改良的苯酚品红液染色、压片,选取染色体分散良好的制片冰冻揭盖片,待自然干燥后用中性树胶封固,制成永久片。

3. 核型分析 选取染色体分散良好、着丝点清晰的中期分裂相显微摄影。对放大的染色体照片进行测量,根据染色体的长度、形态和着丝点位置进行同源染色体配对,按顺序排列组成图1,根据测量的平均值制成表1,并据此绘成图2。

### 结果和讨论

根据50个染色体分散良好的根尖细胞的观察、计数结果表明,江南油杉的染色体数目为 $2n=24$ ,和属内其他种<sup>[9,10,11]</sup>的染色体数目相同,与属的染色体基数<sup>[4]</sup>相符。未发现非整倍性变异和多倍现象,也未见B染色体。染色体形态结构和核型如图1、图2所示,核型分析见表1-I。按Levan等<sup>[6]</sup>的分类标准,确定江南油杉的染色体核型公式为 $K(2n)=24=18m(M)+6sm$ 。在江南油杉的核型中,第8、9、12对染色体具近中着丝点,其余九对均具中部着丝点。第1、2、4、5对染色体的短臂具缢痕。全组12对染色体(9.70—16.57微米)在长度上均匀递减,最长染色体为最短染色体的1.67倍,染色体组总长度为162.5微米。染色体臂比变异范围为1.03—2.08,没有臂比大于2的染色体。按Arano<sup>[3]</sup>的核型

表1 江南油杉和台湾油杉的染色体核型

分类群	染色体 编 号	染色体绝对长度(微米)			相对长度 (%)	臂 比 (长/短)	着 丝 点 位 置
		短 臂	长 臂	全 长			
I 江南油杉 <i>Keteleeria cyclolepis</i>	1	(3.59)+4.54	8.44	16.57	10.20	1.04	M*
	2	(2.27)+5.61	8.57	16.45	10.13	1.09	m*
	3	7.88	8.32	16.20	9.97	1.06	m
	4	(2.33)+4.85	8.13	15.31	9.42	1.13	m*
	5	(2.33)+4.28	8.51	15.12	9.31	1.29	m*
	6	6.92	7.12	14.05	8.65	1.03	M
	7	6.62	6.80	13.42	8.26	1.03	M
	8	4.67	8.18	12.85	7.91	1.75	sm
	9	3.72	7.50	11.22	6.91	2.02	sm
	10	4.35	6.68	11.03	6.79	1.51	m
	11	4.54	5.99	10.54	6.48	1.32	m
	12	3.15	6.55	9.70	5.97	0.08	sm
I 台湾油杉 <i>Keteleeria formosana</i>	1	10.9	12.2	23.0	11.69	1.12	m
	2	(3.08)+6.0	11.2	21.0	10.63	1.14	m*
	3	8.6	10.7	19.3	9.77	1.24	m
	4	(3.2)+(2.5)+2.5	10.7	18.9	9.56	1.30	m*
	5	8.3	9.2	17.5	8.86	1.11	m
	6	8.2	7.0+(2.0)	17.2	8.70	1.10	m*
	7	8.5	6.5+(2.0)	17.0	8.60	1.00	M*
	8	4.3	9.3	13.6	6.88	2.16	sm
	9	4.2	9.2	13.4	6.78	2.19	sm
	10	4.0	9.0	13.0	6.58	2.25	sm
	11	4.1	8.3	12.4	6.28	2.02	sm
	12	3.0	8.2	11.2	5.67	2.73	sm

\* 为具次缢痕染色体

江南油杉染色体组总长度=162.45微米; 台湾油杉染色体组总长度=197.6微米

不对称系数(长臂总长/染色体组总长)公式计算,  $As.K\%$ 为55.89。江南油杉的各对染色体长度相近,而且都具中部和近中着丝点,因此属Stebbins<sup>[7]</sup>的“对称核型”。根据Stebbins<sup>[8,9]</sup>的染色体核型的不对称性类型(表2),江南油杉属于“2A”,表明这是较整齐的对称性核型,它在进化上处于比较原始的地位。

日詰等<sup>[1]</sup>记载了油杉属的单倍染色体数 $n=12$ ,具中部着丝点(m)的染色体有7对,近中着丝点(sm)的5对。但他们并未说明这个基本核型模式是以油杉属中哪一种或哪几种材料为代表。江南油杉的染色体数目固然与之相符,但它具9对中部着丝点(m)和3对近中着丝点(sm)的染色体。因此,在油杉属的核型里,除了日詰等记载的“7m+5sm”外,还存在江南油杉的“9m+3sm”的型式。

为了将江南油杉的核型与郭幸荣等<sup>[5]</sup>的台湾油杉作一比较,我们取后者的染色体长度资料进行相应的运算处理后列入表1—II。两者的主要差别如表3所示。可以清楚地看到,台湾油杉在所列的八项内容上都显得不如江南油杉来得整齐,按Stebbins的核型不对称性划分标准,它属“2B”型,比之江南油杉的“2A”型较为不对称,从而表明了台湾油杉的

表2 染色体核型的对称性类型 (Stebbins [8, 9])

核型类 型 /最长染色体 /最短染色体	臂比>2的 染色体比例			
	0	0.01-0.50	0.51-0.99	1.0
<2	1 A	2 A	3 A	4 A
2-4	1 B	2 B	3 B	4 B
>4	1 C	2 C	3 C	4 C

"1 A" 为最对称的染色体核型, "4 C" 最不对称

表3 江南油杉与台湾油杉核型的比较

比较项目	分类群	
	江南油杉 <i>K. cyclolepis</i>	台湾油杉 <i>K. formosana</i>
染色体公式	$K(2n) = 24 = 18m(M) + 6sm$	$K(2n) = 24 = 14m(M) + 10sm$
染色体相对长度变异幅	5.97-10.20	5.67-11.89
染色体相对长度差值	4.23	6.02
臂比变异幅	1.03-2.08	1.00-2.73
臂比差值	1.05	1.73
臂比>2的染色体比例	0.17	0.42
最长染色体/最短染色体	1.67	2.06
$As \cdot K\% [3]$	55.89	58.45

$$* \text{核型不对称系数} (As \cdot K\%) = \frac{\text{长臂总长}}{\text{染色体组总长}} \times 100$$

核型比江南油杉进化。

油杉属共11种, 除2种分布于越南外, 其他9种大多产于我国西南部和中部<sup>[2]</sup>, 在分布上呈现由西向东种数渐次递减的趋势。假设中国西南部为油杉属的起源中心, 台湾则为这种波浪式分布的尾声, 加上台湾岛与大陆分离已久, 地理隔离加快了物种趋异的步伐, 使台湾油杉不仅在外形上, 而且在核型上也发生较明显的变化。

承浙江省松阳县林业科学研究所汤兆成同志提供试验用种子和凭证标本, 我系摄影室傅文瑜同志协助显微镜摄影和洗放照片, 特此致谢。

### 参 考 文 献

- (1) 日站 雅博·田中 隆庄, 1979: 裸子植物染色体遗传(日) 33(6): 31-37
- (2) 郑万钧、傅立国, 1978: 中国植物志(第七卷), 科学出版社
- (3) Arano, H., 1963: Cytological studies in Subfamily Carduoidae (Compositae) of Japan IX. The karyotype analysis and phylogenetic consideration on *Pertya* and *Ainsliaea* (2). Bot. Mag. Tokyo 76: 32-39
- (4) Darlington, C. D. and A. P. Wylie, 1955: Chromosome Atlas of Flowering Plants, George

Allen & Unwin Ltd, London

- (5) Kuo, S. R. et al., 1972: Karyotype analysis of some Formosan gymnosperms, *Taiwania* 17(1): 66-80
- (6) Levan, A. et al., 1964: Nomenclature for centromeric position on chromosomes, *Hereditas* 62: 201-220
- (7) Stebbins, G. L., 1957: *Variation and Evolution in Plants*, Columbia University Press
- (8) \_\_\_\_\_, 1958: Longevity, Habitat, and Release of Genetic Variability in the Higher Plants, *Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.* 23: 365-378
- (9) \_\_\_\_\_, 1971: *Chromosomal Evolution in Higher Plants*, Edward Arnold, London
- (10) Sugihara, Y., 1943: *Sci. Rep. Tohoku Univ.* 17: 125
- (11) Wang, F.H. (王代雄) 1948: Life history of *Keteleeria*, I. *Strobili*, Development of the gametophytes and fertilization in *Keteleeria evelyniana*, *Amer. J. Bot.* 35: 21-27

## A COMPARATIVE KARYOTYPE ANALYSIS OF *KETELEERIA CYCLOLEPIS* FLOUS AND *KETELEERIA FORMOSONA* HAYATA

Li Lin-chu and Hsu Ping-sheng

(Department of Biology, Fudan University)

### Abstract

*Keteleeria cyclolepis* Flous (Pinaceae) is a timber tree endemic to China. The chromosome count and karyotype of the species is reported here for the first time. The photomicrographs of the chromosome complements and idiogram of the karyotype are given in Fig. 1 and 2 respectively. Measurements in microns of the chromosomes are given in Table 1—I. The somatic chromosomes in root-tip cell have been found to be 24 with median and submedian constrictions. According to the terminology defined by Levan et al. [6], the karyotype formula is  $K(2n) = 24 = 18(M) + 6sm$ , which is generally regarded as a rather primitive one, and belongs to "2A" type of Stebbins' karyotypic symmetry [8,9].

Upon a comparison of the karyotype of *Keteleeria cyclolepis* with that of *K. formosana* Hayata (Table 1—II), which was investigated by Kuo et al. [5], it has been found that the latter belongs to "2B" type of karyotypic symmetry and therefore a more advanced one than the former.

