

长毛红山茶和长尾红山茶的核型分析

王雅琴 黄少甫 徐炳声 梁盛业
(中国林科院亚热带林业研究所) (复旦大学生物系) (广西林科所)

关键词 山茶属; 长毛红山茶; 长尾红山茶; 核型

长毛红山茶 (*Camellia villosa* Chang et S.Y.Liang) 和长尾红山茶 (*C. longicauda* Chang et S.Y.Liang) 均为张宏达教授定的新种, 分别隶属于山茶属 (*Camellia*) 红山茶组 (Sect. *Camellia*) 的滇山茶亚组 (Subsect. *Reticulata*) 和光果红山茶亚组 (Subsect. *Lucidissima*)^[1], 前者分布在我国湖南、广西和贵州; 后者分布在广东和广西。

红山茶组共有33个种、1个亚种, 7个变种。根据文献资料统计, 该组作过染色体计数的有10个种, 1个亚种和6个变种, 作过核型分析的有4个种、1个亚种和2个变种^[1, 2]。本文对该组的长毛红山茶和长尾红山茶的核型作首次报道, 并与该组的10个种, 1个亚种和6个变种的染色体数目或核型作了比较。

材料与方 法

试验所用的长毛红山茶和长尾红山茶种子采自广西林科所山茶属植物收集园栽培的植株 (1965年分别从广西贺县、昭平县引入)。凭证标本梁盛业860953和860954, 存广西林科所标本室。

染色体观察采用根尖压片法。

核型分析按 Levan 等命名系统^[10], 核型进化比较根据 Stebbins 的方法^[11]。

结 果

染色体的观察结果表明长毛红山茶和长尾红山茶的体细胞染色体数目都是 $2n = 30$ (图 1 A. 1B), 染色体核型分析结果见表 1、图 2 A、2 B。染色体绝对长度分别为 1.52—3.73 微米和 1.71—3.30 微米; 相对长度为 3.76—9.23% 和 4.48—8.64%。根据 Levan 等的命名系统, 长毛红山茶染色体组中第 1、3、4、7、8、9、11、13、15 对为中部着丝点染色

亚热带林业研究所赵治芬同志参加实验部分工作。

体,第2、5、6、10、14对为近中部着丝点染色体,第12对为近端部着丝点染色体,除了在第2、6对染色体的长臂上具有次缢痕外,第2对染色体中的一条还带有随体。长尾红山茶中1、2、4、6、7、9、11、12、15对为中部着丝点染色体,第3、5、8、10、14对为近中部着丝点染色体,第13对为近端部着丝点染色体,除了在第3、10对染色体的长臂上具有次缢痕外,第3对染色体还带有随体(核型模式见图3A、3B)。长毛红山茶与长尾红山茶的染色体组成分别为:

$$K(2n) = 30 = 18m + 6sm + 2st + 3sm(SC) + 1sm(SC; SAT)$$

$$K(2n) = 30 = 18m + 6sm + 2st + 2sm(SC) + 2sm(SC; SAT)$$

讨 论

1. 染色体数目 山茶属的染色体基数 $x = 15$, 故长毛红山茶和长尾红山茶均为二倍体 ($2n = 30$)。在红山茶组作过染色体计数的17个分类群中,多数为二倍体,但也存在组内的倍性分化和种内不同倍数的细胞型及非整倍体现象,如匹它山茶(*C. pitardii* Coh. Stuart) ($2n = 60$)为四倍体,野山茶(*C. pitardii* var. *yunnanica*)、云南茶花(*C. reticulata*) ($2n = 90$)为六倍体,而红山茶(*C. japonica*) ($2n = 29, 30, 32, 34, 35$)则有种内倍性分化及非整倍体^[29, 8]。

2. 随体染色体数目 长毛红山茶只有一条带随体的染色体,而长尾红山茶有2条带随体的染色体。红山茶组中除多齿红山茶^[6]有6条带随体的染色体外,象浙江红山茶(*C. chekiangoleosa*)^[4]、南山茶(*C. semiserrata*)^[5]、白花南山茶(*C. semiserrata* var. *albiflora*)、红山茶、短柄红山茶(*C. japonica* subsp. *rusticana*)、怒江红山茶(*C. saluenensis* var. *seiobo*)等^[2]绝大多数的种都只有二条随体染色体。

3. 具次缢痕染色体数目 长毛红山茶和长尾红山茶均有4条具次缢痕的染色体,与本组已知核型的浙江红山茶、南山茶、红山茶、短柄红山茶、怒江红山茶相同,多齿红山茶(*C. polyodonta*)没有具次缢痕染色体,而白花南山茶则有8条具次缢痕染色体。所以,将带随体或次缢痕染色体的数目作为山茶属内

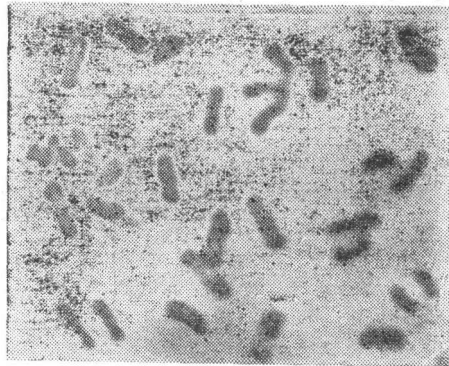


图1A 长毛红山茶体细胞染色体 $2n=30$ 2330×

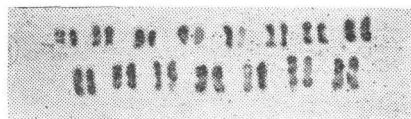


图2A 长毛红山茶染色体核型

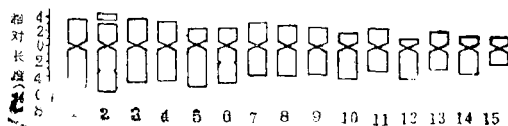


图3A 长毛红山茶染色体核型模式

分组的性状, 看来困难较大。

4. 同源染色体异质结构 同源染色体异质结构在红山茶组内相当普遍, 表现在同源染色体中一条带随体, 另一条不带随体。长毛红山茶中所出现的这一现象, 我们以前在浙江红山茶、南山茶、白花南山茶中均有发现。国外报道的怒江红山茶和短柄红山茶也是如此。

5. 核型进化趋势 按 Stebbins 的核型不对称性分级标准, 就该组可比的六个分类群而言, 其核型进化趋势可认为从浙江红山茶→多齿红山茶→长尾红山茶→南山茶→白花南山茶→长毛红山茶(见表 2)。

张宏达教授认为长毛红山茶在形态上与多齿红山茶非常相似, 故将两者放在同一滇山茶亚组 (Subsect. Reticulata Chang) 的毛蕊系 (Ser. Villolae Chang) 中^[1], 但是, 多齿红山茶核型公式为: $K(2n) = 30 = 18m + 4sm + 2st + 6m(SAT)$, 无论在随体染色体 (SAT)、具次缢痕染色体 (SC) 的数目, 还是在染色体的对称性上, 与长毛红山茶均不相同, 在核型分级上, 长毛红山茶属“2B型”, 而多齿红山茶属“2A型”, 彼此相差 4 个等级。

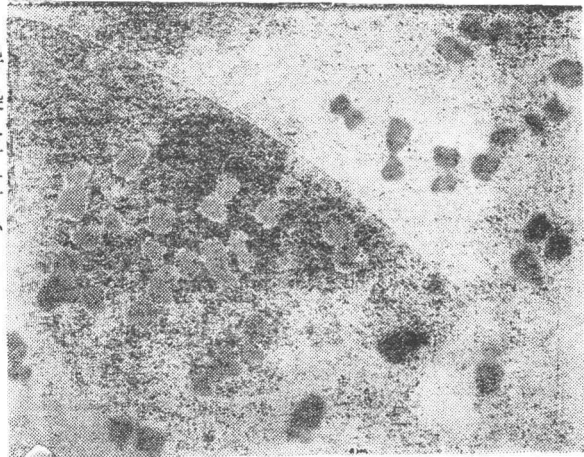


图 1 B 长尾红山茶体细胞染色体数 $2n=30$ 2330×

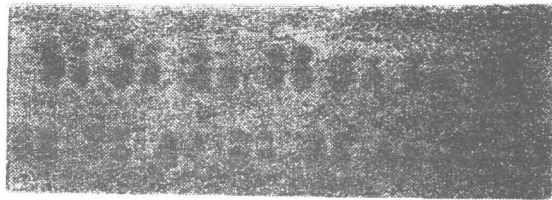


图 2 B 长尾红山茶染色体核型

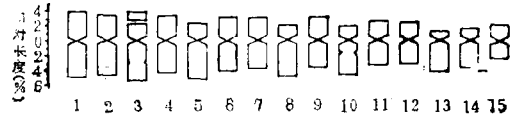


图 3 B 长尾红山茶染色体核型模式

表1

种 名	臂比大于 2 的染色体 在核型中占的比例	最长染色体		染色体类型
		最短染色体		
浙江红山茶 <i>C. chekiangoleosa</i>	0.20	1.77		2A
多齿红山茶 <i>C. polyodonta</i>	0.13	1.82		2A
长尾红山茶 <i>C. longicaudata</i>	0.40	1.93		2A
南山茶 <i>C. semiserrata</i>	0.13	2.01		2B
白花南山茶 <i>C. semiserrata</i> var. <i>albiflora</i>	0.27	2.30		2B
长毛红山茶 <i>C. villosa</i>	0.33	2.47		2B

表2 长毛红山茶、长尾红山茶核型分析结果

种名	染色体 编号	相对长度(%)			臂比 长/短	染色体 类型	种名	染色体 编号	相对长度(%)			臂比 长/短	染色体 类型
		长臂	短臂	全长					长臂	短臂	全长		
长 毛 红 山 茶	1	5.54	3.69	9.23	1.50	m	长 尾 红 山 茶	1	4.81	3.83	8.64	1.26	m
	2	6.06	2.89	8.95	2.10	sm**		2	4.57	3.41	7.89	1.34	m
	3	4.40	3.59	7.99	1.23	m		3	5.37	2.39	7.76	2.25	sm**
	4	4.53	3.34	7.87	1.36	m		4	4.35	3.34	7.69	1.30	m
	5	5.42	2.38	7.80	2.28	sm		5	5.14	2.27	7.41	2.26	sm
	6	4.85	2.47	7.32	1.96	sm*		6	4.04	3.14	7.18	1.29	m
	7	3.98	3.14	7.12	1.27	m		7	3.86	2.95	6.81	1.31	m
	8	3.81	2.80	6.61	1.36	m		8	4.79	1.95	6.74	2.46	sm
	9	3.66	2.52	6.18	1.45	m		9	3.58	3.05	6.63	1.17	m
	10	4.30	1.88	6.18	2.29	sm		10	3.58	1.89	6.47	2.42	sm*
	11	3.14	2.55	5.69	1.23	m		11	3.37	2.64	6.01	1.28	m
	13	4.16	1.06	5.22	3.92	st		12	3.02	2.50	5.52	1.21	m
	13	2.77	2.35	5.12	1.18	m		13	4.16	1.20	5.36	3.47	st
	14	3.41	1.53	4.94	2.23	sm		14	3.69	1.62	5.31	2.28	sm
	15	2.18	1.58	3.76	1.38	m		15	2.42	2.06	4.48	1.17	m

*: 示该对染色体有 SC **: 示该对染色体有 SC; SAT

参 考 文 献

- (1) 张宏达, 1981: 山茶属植物的系统研究. 中山大学学报(自然科学)论丛, (1).
- (2) 黄少甫等, 1985: 茶属植物染色体资料. 广西林业科技, (1): 15—20.
- (3) 黄少甫等, 1987: 白花南山茶染色体核型分析. 福建林学院学报, 7(1): 66—99.
- (4) 黄少甫等, 1984: 浙江红山茶染色体核型的分析. 广西植物, 4(4): 285—288.
- (5) 黄少甫等, 1984: 南山茶染色体核型的分析. 广西植物, 4(1): 9—12.
- (6) 黄少甫等, 1986: 多齿红山茶核型的分析. 广西植物, 6(1—2): 107—110.
- (7) Goldblatt, P., 1981: Index to Plant Chromosome Numbers 1975—1978. Missouri Botanical Garden.
- (8) Goldblatt, P., 1984: Index to Plant Chromosome Numbers 1979—1981. Missouri Botanical Garden.
- (9) Goldblatt, P., 1985: Index to Plant Chromosome Numbers 1982—1983. Missouri Botanical Garden.
- (10) Levan, A. & al., 1965: Nomenclature for Centromeric Position on Chromosomes: Hereditas, 52(2): 201—220
- (11) Stebbins, G.L., 1971: Chromosomal Evolution in Higher Plants, Edward Arnold, London.

KARYOTYPE ANALYSES IN *CAMELLIA VILLOSA* AND *C. LONGICAUDATA*

Wang, Ya Qin and Huang, Shao Fu

(Subtropical Forestry Research Institute, Chinese Academy of Forestry)

Hsu, Ping Sheng

(Department of Biology, Fudan University)

Liang, Sheng Ye

(Guangxi Institute of Forestry)

Abstract *Camellia villosa* Chang et S. Y. Liang and *C. longicaudata* Chang et S. Y. Liang both are belonging to Sect. *Cameliia* of the genus *Camellia* L.. Their chromosome numbers in root tip cells were found to be 30. According to the terminology defined by Levan and al., the respective karyotype formulas of *C. villosa* and *C. longicaudata* are:

$$K(2n)=30=18m+6sm+2st+3sm(SC)+1sm(SC;SAT)$$

$$K(2n)=30+18m+6sm+2st+3sm(SC)+2sm(SC;SAT)$$

Heterogeneous structures occurred in the homologous chromosomes were observed only in *C. villosa*. Neither polyploid series nor aneuploid was found in both species. Their chromosome numbers and karyotypes are reported here for the first time.

Professor H. T. Chang have pointed out that *C. villosa* is morphologically very similar to *C. polyodonta*. But results obtained through chromosome examination have shown that the karyotype of the former is quite different from that of the latter ($K(2n)=30=18m+4sm+2st+6m(SAT)$).

Key words *Camellia villosa*; *Camellia longicaudata*; Karyotype