

中国山茶属 4 种 2 变种核型研究

李光涛 梁 涛

(云南省农科院茶叶研究所, 西双版纳)

摘要 本文采用去壁低渗法研究了我国山茶属植物 4 种 2 变种的核型。根据 Levan 等的命名系统, 各个种的核型可简式为大理茶 $2n=20m+2m(\text{SAT})+8sm$; 勐腊茶 $2n=20m+2m(\text{SAT})+6sm+2sm(\text{SAT})$; 德宏茶 $2n=20m+8sm+2sm(\text{SAT})$; 苦茶 $2n=20m+9sm+1sm(\text{SAT})$; 茶 $2n=18m+2m(\text{SAT})+12sm$; 白毛茶 $2n=18m+2m(\text{SAT})+9sm+1sm(\text{SAT})$ 。这些种都是二倍体种 ($2n=2x=30$), 未发现多倍体。在勐腊茶核型中发现 2 个超数染色体 (E-chromosome)。核型的不对称性表明, 这些种均属于 Stebbins 核型分类的 2A 型核型。这些种在“随体数目和位置, 最长染色体与最短染色体之比, 臂比大于 2:1 的染色体比例, 着丝点端化值, 染色体绝对长度”方面的变异是清楚易见的。核型的变异表明, 这些种的染色体进化顺序为大理茶→勐腊茶→德宏茶→普洱茶→白毛茶→苦茶→茶。这一结果与张宏达提出的山茶属植物的分类系统基本吻合。本文还讨论了山茶属植物核型的杂合性和多态性。本文中勐腊茶、德宏茶、苦茶的染色体数目和核型及大理茶的核型为首次报道。

关键词 山茶属; 核型

山茶属植物大部份起源于我国, 是华夏植物系的典型代表。目前全世界山茶属已发现并报道 260 种, 1 亚种和 24 变种, 其中做过染色体计数者仅 73 种 (包括变种), 作过核型研究者仅 23 种 (包括变种)。为了系统地研究山茶属植物的核型, 作者自 1983 年开始对山茶属植物的染色体作了少量的研究, 本文提供 4 种 2 变种的核型, 其中 2 种 1 变种的染色体数目和核型及 1 变种的核型为首次报道。

材 料 和 方 法

实验材料见表 1, 全部实验材料取自云南茶叶研究所品种园。

采用去壁低渗法^[1]制备染色体标本。染色体数统计 30 个细胞, 核型分析取 5 个细胞的平均值。染色体分类按 Levan 等^[2] (1964) 的命名系统, 核型不对称性类型的划分按 Stebbins^[3] (1971) 的方法, 核型不对称系数 (Index of the karyotype asymmetry) 也称着丝点顶端化值 (Centromeric terminalization value, 简称 T. C 值) 按 Arano^[4] (1963) 的方法 (即长臂总长/核型总长)。

观 察 结 果

1. **大理茶** *C. taliensis* (图 2: 1, 图 3: 1), 染色体数目 $2n=30$, 与 Kondo, K.^[5] (1977) 的报道一致。有 11 对 m 型染色体, 其中 1 对带随体, 4 对 sm 型染色体。核型公式为 $2n=20m+2m(\text{SAT})+8sm$ 。最长染色体与最短染色体之比为 1.87:1, 臂比大于 2:1, 染色体比例为 0.27, 属于 Stebbins 核型分类的 2A 型。T. C 值 59.16, 平均臂比 1.50。个别细胞中发现有 3 对带随体染色体。染色体绝对长度范围为 2.61—4.88 微米, 相对

表1 4种2变种山茶属植物核型分析结果
Table 1. The results of karyotype analysis of the 4 species and 2 varieties in *Camellia*

染色体编号 Chr. No	大理茶 <i>C. taliensis</i>		勐腊茶 <i>C. manglaensis</i>		德宏茶 <i>C. dehungensis</i>		白毛茶 <i>C. sinensis</i> var. <i>pubiflora</i>		苦茶 <i>C. assamica</i> var. <i>kucha</i>		茶 <i>C. sinensis</i>	
	RL	AR	RL	AR	RL	AR	RL	AR	RL	AR	RL	AR
1	9.14	1.47	8.80	1.38	8.02	1.47	8.82	1.90	9.20	1.68	8.46	1.49
2	7.93	2.08	7.94	1.26	7.77	1.34	8.56	1.45	8.07	1.35	8.28	2.08
3	7.79	1.18	7.81	1.86	7.69	1.64	8.34	2.37	7.83	1.59	7.89	1.54
4	7.33	1.11	7.20	1.19	7.63	1.13	8.21	1.21	7.42	1.20	7.62	2.13
5	7.21	1.28	7.11	1.26	7.56	1.92	7.14	1.16	7.14	2.47	7.28	1.21
6	6.97	2.15	6.98	2.10	7.02	2.12	7.04	1.18	6.80	1.48	7.20	1.17
7	6.90	1.44	6.91	1.96	6.88	1.21	6.78	2.31	6.73	1.51	6.84	1.57
8	6.61	2.21	6.41	1.33	6.74	1.83	6.66	1.63	6.46	2.13	6.63	1.78
9	5.91	1.28	6.32	1.54	6.64	1.17	6.15	2.73	6.18	1.73	6.41	1.77
10	5.86	2.30	6.25	1.30	6.40	1.43	6.03	1.21	6.08	1.36	6.38	1.75
11	5.83	1.65	6.14	1.23	6.17	2.58	5.96	2.76	5.98	1.42	6.20	1.19
12	5.77	1.13	5.71	1.27	6.02	1.09	5.90	1.58	5.84	2.09	5.70	1.32
13	5.70	1.19	5.58	1.72	5.58	1.83	5.29	1.37	5.73	1.78	5.03	1.71
14	5.54	1.14	5.52	1.18	5.42	1.05	5.17	1.05	5.49	1.67	4.96	1.23
15	5.04	1.43	4.91	1.14	4.49	1.13	4.50	1.15	5.22	1.27	4.78	1.08

RL: Relative length (相对长度); AR: Arm ratio (臂比); Cla.: Classification (类型); SAT: Satellite (随体); 随体长度未计算在内 The length of satellite is not included in the chr. length

长度范围在5.04—9.44%，核型总长51.43微米。此核型为首次报道。

关于大理茶的核型，作者^[1] (1988)曾作过简单报道为 $2n = 10m + 18sm + 2sm(SAT)$ ，属2A型。该文未正式报道染色体形态的测定数据，此系作者1983年的实验和分析结果，当时因取材有限，未得到高质量的模式细胞，所得结果可能有误，仅供参考。该结果与本文分析结果差异较大，作者认为大理茶的核型应以本文提供的数据为正确。

2. 勐腊茶 *C. manglaensis*

(图2:4, 图3:2)，染色体数目 $2n = 30$ ，有11对m型染色体，其中1对具随体；4对sm型染色体，未观察到st和t型染色体；在sm型染色体中，有1—2条具随体，随体出现于第13和15对。在个别核型中，我们发现2个超数染色体(B-chromosome)，其绝对长度分别为1.58和2.11微米，平均臂比为1.12，属m型染色体，相对长度为2.18%，长度显著地小于正常染色体，从大小和形态上容易识别。核型为 $2n = 20m + 2m(SAT) + 6sm + 2sm(SAT) + 2bs$ 。染色体绝对长度为4.05—7.26微米，相对长度范围在4.91—8.80%，核型总长82.35微米。最长染色体与最短染色体之比为1.79，属2A型。T.C值59.34，平均臂比1.52。此种的染色体数目和核型为首次报道。

3. 德宏茶 *C. dehungensis*

(图2:6, 图3:3)，染色体数目 $2n = 30$ ，有10对m型染色体，5对sm型染色体，其中1对具随体，为第13对染色体，未观察到st和t型染色体。核型公式为 $2n = 20m + 8sm + 2sm(SAT)$ 。最长染色体与最短染色

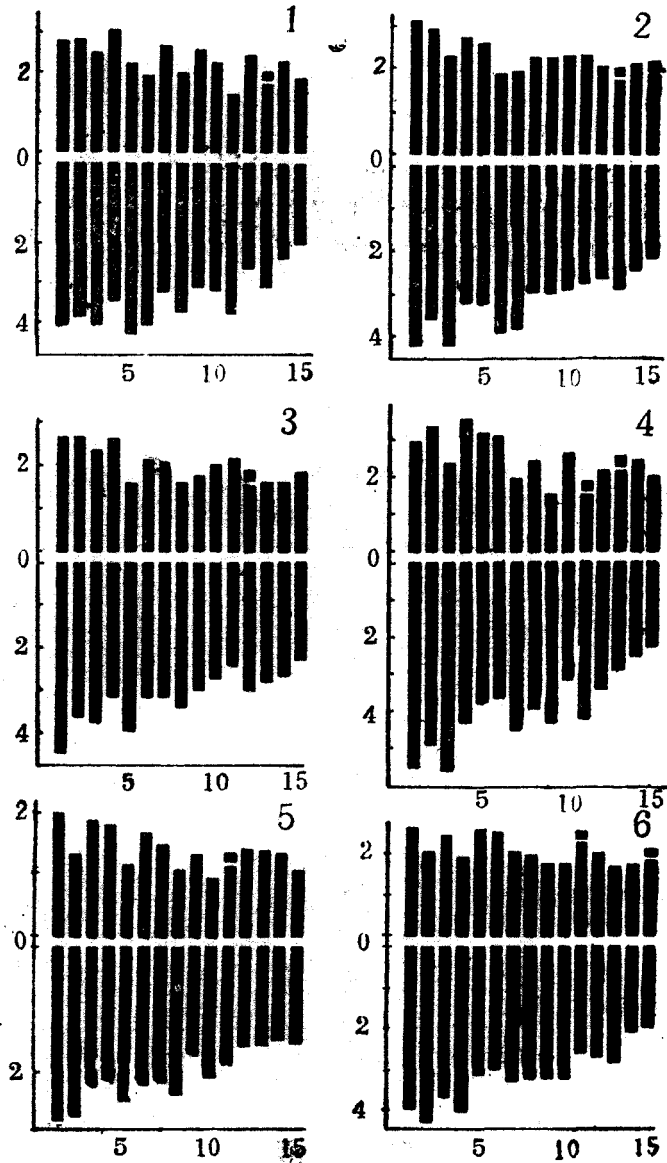


图1 4种2变种山茶属植物核型模式图

纵坐标：染色体绝对长度(微米)；横坐标：染色体序号

1. 德宏茶；2. 勐腊茶；3. 苦茶；4. 白毛茶；5. 大理茶；6. 茶

Fig. 1. The idiograms of 4 species and 2 varieties of *Camellia*

Ordinate: Length of chr. (μm); Abscissa: Chr. No.

1. *C. dehungensis*; 2. *C. manglaensis*; 3. *C. assamica* var. *kucha*; 4. *C. sinensis* var. *pubilimba*; 5. *C. taliensis*; 6. *C. sinensis*



图2 4种2变种山茶属植物体细胞染色体和核型

1. 大理茶 $2n=30$; 2. 茶 $2n=30$; 3. 茶和核型 $2n=15m+10sm+4sm(SAT)+1st$; 4. 勐腊茶 $2n=30$, 箭头示超数染色体; 5. 苦茶 $2n=30$; 6. 德宏茶 $2n=30$; 7. 茶 $2n=30$; 8. 白毛茶 $2n=30$,

Fig. 2. The somatic chromosomes and karyotype of 4 species and 2 varieties in *Camellia*

1. *C. taliensis* $2n=30$; 2. *C. siensis* $2n=30$; 3. The karyotype of *C. sinensis* $2n=15m+10sm+4sm(SAT)+1st$; 4. *C. manglaensis* $2n=30$; the arrow indicating B-chromosome; 5. *C. assamica* var. *kucha* $2n=30$; 6. *C. delungensis* $2n=30$; 7. *C. sinensis* $2n=30$; 8. *C. sinensis* var. *pubilimba* $2n=30$.

体之比为1.78, 为2A型。T. C值59.47, 平均臂比1.52(与勐腊茶相同)。染色体长度范围3.78—6.72微米, 相对长度范围为4.49—8.02%, 核型总长84.07微米。此种染色体数目和核型为首次报道。

4. 白毛茶 *C. sinensis* var. *pubilimba* (图2: 8, 图4: 1), 染色体数目 $2n=30$, 与李斌等^[7]报道一致。分析表明有10对m型染色体, 其中1对具随体, 5对sm型染色体, 其中1条具随体。核型 $2n=18m+2m(SAT)+9sm+1sm(SAT)$, 与李斌等^[7]报道的广西凌云白毛茶的核型 $2n=18m+6sm+4sm(SAT)+2st(SAT)$ 不尽相同。最长染色体与最短染色体之比为1.96, 属2A型。T. C值60.97, 平均臂比1.60。染色体长度范围为3.78—7.39微米, 相对长度范围为4.50—8.82%, 核型总长83.86微米。

5. 苦茶 *C. assamica* var. *kucha* (图2: 5, 图4: 2), 染色体数目 $2n=30$, 有10对m型染色体, 5对sm型染色体, 其中1条具随体, 个别细胞中观察到st型染色体。核型公式 $2n=20m+9sm+1sm(SAT)$ 。最长染色体与最短染色体之比为1.76, 亦属2A型。T. C值61.13, 平均臂比1.63, 与江华苦茶^[6]的平均臂比1.62相近。染色体长度范围4.06—7.17微米, 相对长度范围在5.22—9.20%, 核型总长77.86微米。此种染色体数目和核型为首次报道。

6. 茶 *C. sinensis* (图2: 7, 图4: 3), 染色体数目 $2n=30$, 与作者等^[8,9](1983), Kondo, K.^[5](1977), 李斌等^[7](1986)等的报道一致。分析表明有9对m型染色体, 其中1对具随体, 有6对sm型染色体, 未观察到st和t型染色体。核型为 $2n=16m+2m(SAT)+12sm$, 该结果与作者^[8]的报道 $15m+10sm+4sm(SAT)+1st$ 不一致, 与李斌等^[7]的报道 $18m+6sm+4sm(SAT)+2st(SAT)$ 也不一致, 而与Kondo K.^[10]的报道 $18m+8sm+4sm(SAT)$ 和Kato, M.等^[11](1971)的报道 $18V+8J+4J(SAT)$ 相似。最长染色体与最短染色体之比为1.77, 亦属2A型。T. C值61.55, 平均臂比1.65。染色体长度范围3.65—6.43微米, 相对长度范围4.78—8.46%, 核型总长75.40微米。随体出现的位置(第11和15对)与作者过去的结果^[8]一致(图2: 2, 3)。

讨 论

(一) 核型的变异

上述分析表明, 山茶属植物的核型, 同种不同作者的研究结果不尽一致, 有一定的差异。另一方面, 不同种之间具有相同的基本核型或完全不同的核型。本文研究的6种(包括变种, 下同)中, 勐腊茶和大理茶具有相同的基本核型 $22m+8sm$, 德宏茶、苦茶和白毛茶亦具有相同的基本核型 $20m+10sm$, 并与普洱茶^[1]相同; 茶的基本核型与上述二类不同, 为 $18m+12sm$ 。按Stebbins的核型分类原则, 这6种植物都属于2A型的核型。在 $22m+8sm$ 一类中, T. C值大理茶为59.16, 勐腊茶为59.34, 平均臂比大理茶为1.50, 勐腊茶为1.52。大理茶比勐腊茶为小, 表明大理茶的核型较勐腊茶为对称。在勐腊茶的细胞中, 作者发现有2个小的超数染色体, 长度分别为1.58和2.11微米, 平均臂比为1.12, 属m型染色体。在已报道的21种山茶属植物核型中还未见到超数染色体的报道, 这是首次在山茶属植物中发现超数染色体。

在 $20m+10sm$ 一类核型的3种中, T. C值德宏茶为59.47(比大理茶和勐腊茶大), 白毛茶60.97, 苦茶61.13; 平均臂比德宏茶为1.52, 白毛茶1.60, 苦茶1.63。德宏茶的T. C值和平均

均臂比又比勐腊茶为大。茶的 T. C 值为 61.55。大于苦茶；平均臂比 1.65，也大于苦茶。按 T. C 值（平均臂比）的大小排列可得 59.16(1.50) → 59.34(1.52) → 59.47(1.52) → 59.76(1.54) ^{19,8} → 60.97(1.60) → 61.13(1.63) → 61.55(1.65)。从核型上看，本文 6 种茶的核型差别不太大，6 种茶的核型在同一个不对称级(2A) 内的变化顺序及核型的一些差别表明，这 6 种植物由低级向高级发展的顺序是：*C. taliensis* → *C. manglaensis* → *C. dehungensis* → *C. assamica* ^{19,8} → *C. sinensis* var. *pubilimba* → *C. assamica* var. *kucha* → *C. sinensis*。

这种演化顺序与山茶属植物的分类系统^[12]的排列基本一致。然而，核型反映出来的植物种间的进化关系并不是直线型的，即在原始类群中可能有进化的特征，而进化的类群中又可能保留有原始的特征。这在植物界中许多作过核型的科属中存在，在山茶属植物中亦是如此。例如普洱茶¹出现 2B 型核型，滇缅茶也是 2B 型^{10]}的核型。另外最长染色体与最短染色体之比是衡量核型不对称性的一个重要指标之一，6 种茶的比值都是 2 以下，从各个具体的数据来说则体现不出上述这些种的发展顺序。

在茶组植物的某些种中，在形态上既有区别又有交替，在地理分布上既有替代又有重叠。它们的核型也表现出类似现象。如大理茶属于五柱茶系，勐腊茶属于秃房茶系，而二者基本核型相同；又如秃房茶系的德宏茶的基本核型又与茶系的普洱茶、白毛茶和苦茶相同。这种现象，究其原因可能是这些种与其近缘种之间尚未形成严格的地理隔离和生殖隔离之故，加之茶组植物都是异花授粉植物，以致在某些重叠分布地区，可以产生出各种中间类型的个体。这给茶组植物的形态分类和细胞分类带来一定的困难，这与前人的研究结果是一致的⁹。

(二) 染色体结构的变异

山茶属植物核型中表现出的染色体结构变异主要有杂合性 (Heterozygosity) 和多态性

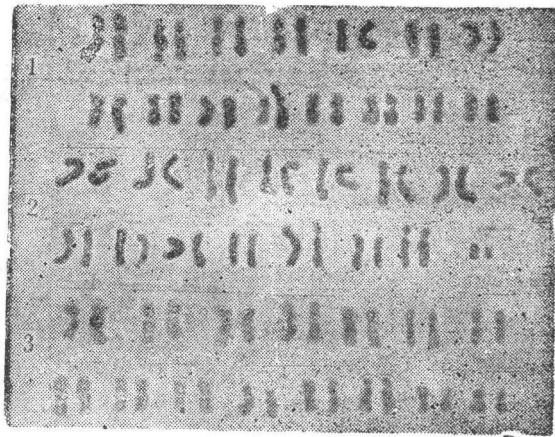


图3 核型
1. 大理茶; 2. 勐腊茶; 3. 德宏茶
Fig. 3 The karyotypes
1. *C. taliensis*; 2. *C. manglaensis*; 3. *C. dehungensis*

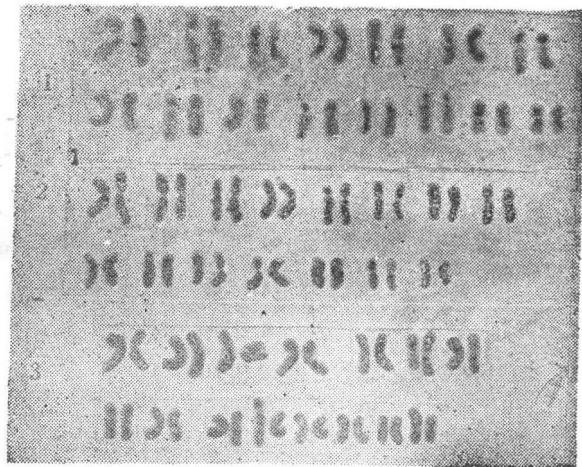


图4 核型
1. 白毛茶; 2. 苦茶; 3. 茶
Fig. 4 The karyotypes
1. *C. sinensis* var. *pubilimba*; 2. *C. assamica* var. *kucha*; 3. *C. sinensis*;

(Polymorphism) 两种。

1. 杂合性——是指同源染色体的倒位(臂间)、易位、不等易位和重复的结构变异所造成两条同源染色体之间的长臂和短臂的相对长度和绝对长度及臂比不等。核型杂合性在许多植物如延龄草属(*Trillium*), 绶草属(*Spiranthes*), 葱莲属(*Zephyranthes*)和重楼属(*Paris*)等植物中广泛存在。在茶^[8]核型的第9对染色体的两条同源染色体其相对长度分别为6.82和6.20, 相对长度差值为0.62, 臂比值分别为1.30(m型)和3.75(st型), 臂比差值2.45。普洱茶和本文6种茶的核型中, 同源染色体间不同程度地存在杂合性。凹脉金花茶和显脉金花茶的核型中也有4对同源染色体表现出杂合现象。据报道杂合现象在热带亚热带植物种类的核型中出现频率较高。

2. 多态性——是指不同居群间的核型变异以及同一居群不同个体所具有不同的细胞型或核型。这一现象主要是由于同种植物在不同的生境条件下长期演化导致染色体发生结构变异而形成。如茶的核型, 作者两次分析结果不一样, 得到15m+10sm+4sm(SAT)+1st核型^[8], 材料取自我所引种的安徽屯溪种, 得到16m+2m(SAT)+12sm核型, 材料取自原产云南西南部的茶种。白毛茶的核型, 李斌等^[7]的结果为18m+6sm+4sm(SAT)+2st(SAT)(材料来源广西龙州), 与本文分析结果有一定的差异。同一产地同一居群的不同个体间核型也出现一定的差异, 如大理茶、苦茶和勐腊茶等, 一个种的核型出现2种以上不同型的核型; 普洱茶的核型尽出现8种不同的细胞型或核型^[7]; 再如勐腊茶的细胞中观察到B-染色体。类似这种现象在茶组植物中普遍存在。一般认为, 核型的多态性与植物表型的变异往往有一定的相关性。目前栽培的普洱茶(大叶、乔木)与茶(小叶、灌木)之间存在若干表型, 这些表型是否与它们的细胞型或核型之间有一定的相关性, 有待进一步研究。

另外, 在山茶属植物核型中随体染色体的数目在同种不同的居群或个体的核型中变异较大。Kondo, K.^[10](1979)详细地研究了茶的核型, 发现随体染色体在不同的细胞中有一定的变化, 并指出随体染色体数目对茶树来说没有分类学意义。本文6种植物中发现同种不同的细胞中随体染色体数目在0—6条之间, 变异较大。如大理茶有2条和6条的细胞, 勐腊茶有3条和4条的细胞, 茶有2条和4条^[8]的细胞, 普洱茶有4条^[8]和2条^[1]的细胞等。随体染色体数目的变异可能与茶组植物的异花授粉、长期的自然杂交繁殖有关。

(三) 白毛茶的学名及它的分类地位

白毛茶 *C. sinensis* var. *pubilimba* Chang, 根据张宏达《山茶属植物的系统研究》^[12]一书记载为灌木型; 据陈炳环^[13](1987)报道, 白毛茶变种原产于广西凌云、乐业、田林和隆林一带为野生, 在云南广南、麻栗坡和文山等地有分布, 并为小乔木和似乔木的树型。白毛茶在形态上与普洱茶和茶相似, 不同在于叶膜质椭圆形, 枝叶及花均被毛。核型分析表明, 白毛茶具有与普洱茶^[1, 8]相似的核型, 二者基本核型“20m+10sm”相同, 只是随体的数目和位置不同。染色体相对长度相近, 普洱茶为4.82—8.32%, 白毛茶为4.65—9.12%; 平均臂比也接近, 分别为1.54和1.60; T. C值分别为59.76和60.97; 臂比大于2:1的染色体比例分别为0.165和0.195, 都很相似或接近。二者同属于Stebbins核型分类的2A型。而白毛茶与茶的核型16m+2m(SAT)+12sm相比有一定的差距, 核型的其它特征二者相比也差异甚大。以上分析表明白毛茶变种的核型特征更趋向于普洱茶, 与普洱茶接近, 而与茶的差异较大。

根据以上形态学和核型特征的比较及白毛茶的地理分布情况,我们认为白毛茶的学名,即变种名应划归在普洱茶种之下,即*C. assamica* var. *pubilimba* (H. T. Chang) Li较为客观和合理。根据核型的综合特征,普洱茶、白毛茶和茶的核型由低级向高级发展顺序应为普洱茶→白毛茶→茶,从核型发展的顺序也充分体现出白毛茶变种划归于普洱茶种之下的客观性和合理性。

陈炳环^[3]提出白毛茶与普洱茶和茶的差异已超出变种的限度,该变种应加以订正为种。从核型的角度,我们认为白毛茶在核型上虽与普洱茶有一些微小的差异,但这种属于不同居群间的核型变异,没有达到种间差异。因此我们认为白毛茶仍为一变种较为客观。

从本文白毛茶与凌云白毛茶^[7]核型的重要特征来看,二者同属2A型,白毛茶的核型由9—10对m型染色体和5—6对sm型染色体构成,平均臂比1.60, T. C值60.97;凌云白毛茶的核型由9对m染色体,4—5对sm型染色体和1—2对st型染色体构成,平均臂比1.84,上述这些核型的特征表明本文白毛茶(原产云南文山和广南等地)的核型比凌云(广西)白毛茶为对称,两种白毛茶核型的发展顺序应为云南白毛茶→凌云白毛茶,这与茶组植物的起源中心学说^[14]相吻合。

张梅莉同志参加实验及测算工作,特此致谢

参 考 文 献

- [1] 李光涛, 1988: 云南大叶茶细胞学研究。广西植物, 8 (3): 249—255
- [2] Levan et al., 1964: Nomenclature for centromeric position on chromosomes, Hereditas, 52 (2): 201—220
- [3] Stebbins, G., L. 1971: Chromosomal evolution in higher plants, Edward Arnold, London, 85—104
- [4] Arano, H., 1963: Cytological studies in Subfamily *Carduoideae* of Japan IX., Bot. Mag. Tokyo, 76: 32—39
- [5] Kondo, K., 1977: Chromosome numbers in the Genus *Camellia*, Biotropica, 9 (2): 86—94
- [6] 饶应森等, 1988: 江华苦茶和湘波绿茶的染色体组型分析。茶叶通讯, (3): 27—29
- [7] 李 斌等, 1986: 茶树染色体组型分析。茶叶科学, 6 (2): 7—14
- [8] 李光涛, 1983: 茶树的核型及种的分类研究。茶叶, (4): 11—16
- [9] 陈瑞阳等, 1983: 山茶属细胞学研究(I)。中国植物学会五十周年年会学术报告及论文摘要汇编 P. 531
- [10] Kondo, K. 1979: Cytological studies in cultivated species of *Camellia* V., Japan. J. Breed., 29 (3): 205—210
- [11] Kato, M., T. Simura, 1971: Cytogenetical studies on *Camellia* species I. Japan. J. Breed., 21 (5): 265—268
- [12] 张宏达, 1981: 山茶属植物系统研究。中山大学学报(自然科学)论丛(1)
- [13] 陈炳环, 1987: 云南茶树资源考察概况及新种的发现。中国茶叶, (5): 34—36
- [14] 虞富莲, 1986: 论茶树原产地和起源中心。茶叶科学, 6 (1): 1—8

KARYOTYPE STUDIES ON SIX TAXA OF CAMELLIA IN CHINA

Li Guangtao and Liang Tao

(Institute of Tea, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Xishuangbanna)

Abstract The present paper deals with the karyotypes of 4 species and 2 varieties of *Camellia* in China by wall degradation hypotonic treatment and flame-drying method. According to the classification systems given by Levan et al.^[2], the karyotype formula of *C. taliensis* with $2n=20m+2m(\text{SAT})+8sm$; *C. manglaensis* with $2n=20m+2m(\text{SAT})+6sm+2sm(\text{SAT})$; *C. dehungensis* with $2n=20m+8sm+2sm(\text{SAT})$; *C. assamica* var. *kucha* with $2n=20m+9sm+1sm(\text{SAT})$; *C. sinensis* with $2n=16m+2m(\text{SAT})+12sm$; *C. sinensis* var. *pubilimba* with $2n=18m+2m(\text{SAT})+9sm+1sm(\text{SAT})$. All of these species were diploid ($2n=2X=30$), no polyploid was found. Two B-chromosomes were found in the karyotype of *C. manglaensis*. The karyotype asymmetry demonstrates that all of these species belong to 2A type of Stebbins karyotype symmetry^[3]. The variation in number and position of SAT-chromosome; the longest chromosome/the shortest chromosome; proportion of chromosome with arm ratio $> 2:1$ (%); centromeric terminalization value; the chromosome length among these species are obvious. The variation in karyotype demonstrates that the chromosomal evolution in these species are *C. taliensis*→*C. manglaensis*→*C. dehungensis*→*C. assamica*→*C. sinensis* var. *pubilimba*→*C. assamica* var. *kucha*→*C. sinensis*. The results basically tallied with viewpoint in "A Taxonomy of the Genus *Camellia*" of Chang Hunta^[12]. The heterozygosity and polymorphism of karyotype on *Camellia* plants are also discussed in this paper. The chromosome number and karyotype of *C. manglaensis*, *C. dehungensis*, *C. assamica*, var. *kucha* and *C. taliensis* are reported here for the first time.

Key words *Camellia*; Karyotype