

浙江红山茶色染色体核型的分析

黄少甫 赵治芬

(中国林业科学院亚热带林业研究所)

吴若蕙 李建平 徐炳声

(福建林学院林学系)

(复旦大学生物系)

引言

山茶属植物将近二百种,分布于东南亚热带和亚热带地区,其中近90%以上的种集中在我国的南部。浙江红山茶(*Camellia chekiangoleoso* Hu)又名浙江红花油茶,属于山茶属(*Camellia*)山茶亚属(*Subgen. Camellia*)的山茶组(*Sect. Camellia*)^[1],是我国特有的树种,分布于浙江、安徽、湖南、江西和福建北部海拔600—1400米的山地。这种植物具有硕大而美丽的红花,为庭园观赏佳品;其种子含油量较高,可供食用。目前已有不少省(区)、市引种栽培。

关于山茶属的细胞学研究,过去学者曾报道过46个种的染色体数目和少数核型分析的资料。本文浙江红山茶染色体数目和核型分析的资料尚属首次报道,目的在于提供山茶属的育种工作和属内系统发生关系的探讨所必需的细胞学证据。

材料和 方法

实验材料系采自浙江富阳中国林业科学院亚热带林业科学研究所的油茶种植园栽培的,从浙江长兴县泗安林场引种的植株。凭证标本为黄少甫82—04,存亚热带林业科学研究所。

本实验采用茎尖剥成裸露的生长锥,用0.002M 8-羟基喹啉或饱和对二氯苯溶液进行6小时预处理;卡诺氏固定液(3:1)于冰箱中固定24小时;1N HCl在60℃下水解20—25分钟;石碳酸品红染色20—60分钟;改良石碳酸品红染液压片。

核型分析共观察300多张茎尖压片,对其中30张压片中50个染色体分散较好的分裂中期细胞进行显微摄影,最后选出10个分裂中期细胞的染色体测量其绝对长度、相对长度、臂比和着丝点位置等。

结果 和 讨论

染色体的观察结果表明浙江红山茶的体细胞染色体数目为 $2n=30$ (图1),这与作者之一——黄少甫^[2]对根尖细胞染色体的观察结果是一致的。染色体核型分析结果见表1。染色体核型和核型模式图分别见图2和图3。

根据Levan等^[3]的命名系统,浙江红山茶染色体组的第1、2、4、5、7、8、9、10、12、13、14、15对为中部着丝点染色体;第3、6、11对为近中着丝点染色体,其中第

3、11对各有1条染色体带有随体；而第3、6对染色体具有副缢痕。因此，浙江红山茶的染色体组成为：

$$K(2n) = 30 = 24m + 4sm + 1sm_1^t + 1sm_2^t。$$

若按照Kato等^[4]的分类法（短臂/绝对长度其比值大于0.4者为V型染色体；比值小于0.4者为J型染色体），则浙江红山茶的染色体组成应为：

$$K(2n) = 30 = 24V + 4J + J_1^t + J_2^t。$$

Tuyama^[7]和张宏达^[7]都认为本种接近红山茶(*Camellia japonica* Linn.)。张宏达把这两个种放在山茶组(Sect. *Camellia*)内的同一亚组——光果红山茶亚组(Subject. *Lucidissima* Chang)中。对照Fukushima等^[8]的染色体核型资料，可以看出浙江红山茶与红山茶组的红山茶、短柄红山茶[*C. japonica* var. *rusticana* (Honda) Kitam.]和怒江红山茶一变种(*C. saluenensis* Var. *seiobo*)的染色体组成虽不尽相同，但具有副缢痕的染色体数目(均为4条)却相同；与后生茶亚属(*Metacamellia* Chang)中毛蕊茶组(Sect. *Camelliopsis* Sealy)的柳叶毛蕊茶(*C. salicifolia* Chang)和茶亚属(*Thea* (L.) Chang)中茶组(Sect. *Thea* (L.) Dyer)的茶[*C. sinensis* (L.) O. Ktze]^[4, 5]不仅染色体组成不同，而且具副缢痕的染色体数目也不同。由此看来，把浙江红山茶与红山茶放在同一内也许是合适的。

表1 浙江红山茶(*Camellia chekiangoleosa* Hu)染色体核型分析的结果 染色体组总长度46.68(μ)

染色体 编号	染色体长度(μ)			相对长度 %	臂 比		染 色 体 类 型	备 注
	长 臂	短 臂	绝对长度		长臂/短臂	短臂/绝对长度		
1	2.33	1.70	4.03	8.63	1.37	0.42	m V	
2	2.21	1.65	3.86	8.26	1.33	0.42	m V	
3	1.10+1.38	1.20	3.68	7.88	2.06	0.32	smt J ^t	长臂上有次缢痕只一条有随体
4	2.01	1.51	3.52	7.54	1.33	0.42	m V	
5	1.95	1.47	3.40	7.28	1.31	0.43	m V	
6	1.02+1.25	1.02	3.29	7.04	2.22	0.31	sm J ^t	长臂上有次缢痕
7	1.71	1.52	3.23	6.91	1.12	0.47	m V	
8	1.84	1.27	3.11	6.66	1.44	0.44	m V	
9	1.74	1.28	3.02	6.46	1.35	0.42	m V	
10	1.86	1.22	2.88	6.16	1.36	0.42	m V	
11	1.91	0.86	2.77	5.93	2.22	0.31	smt J ^t	只有一条随体
12	1.51	1.17	2.68	5.74	1.29	0.43	m V	
13	1.44	1.11	2.55	5.46	1.29	0.43	m V	
14	1.34	1.04	2.38	5.09	1.28	0.43	m V	
15	1.24	1.04	2.28	4.88	1.19	0.45	m V	

本文承中国林业科学院 **郑万钧** 院长审阅，特此致谢。

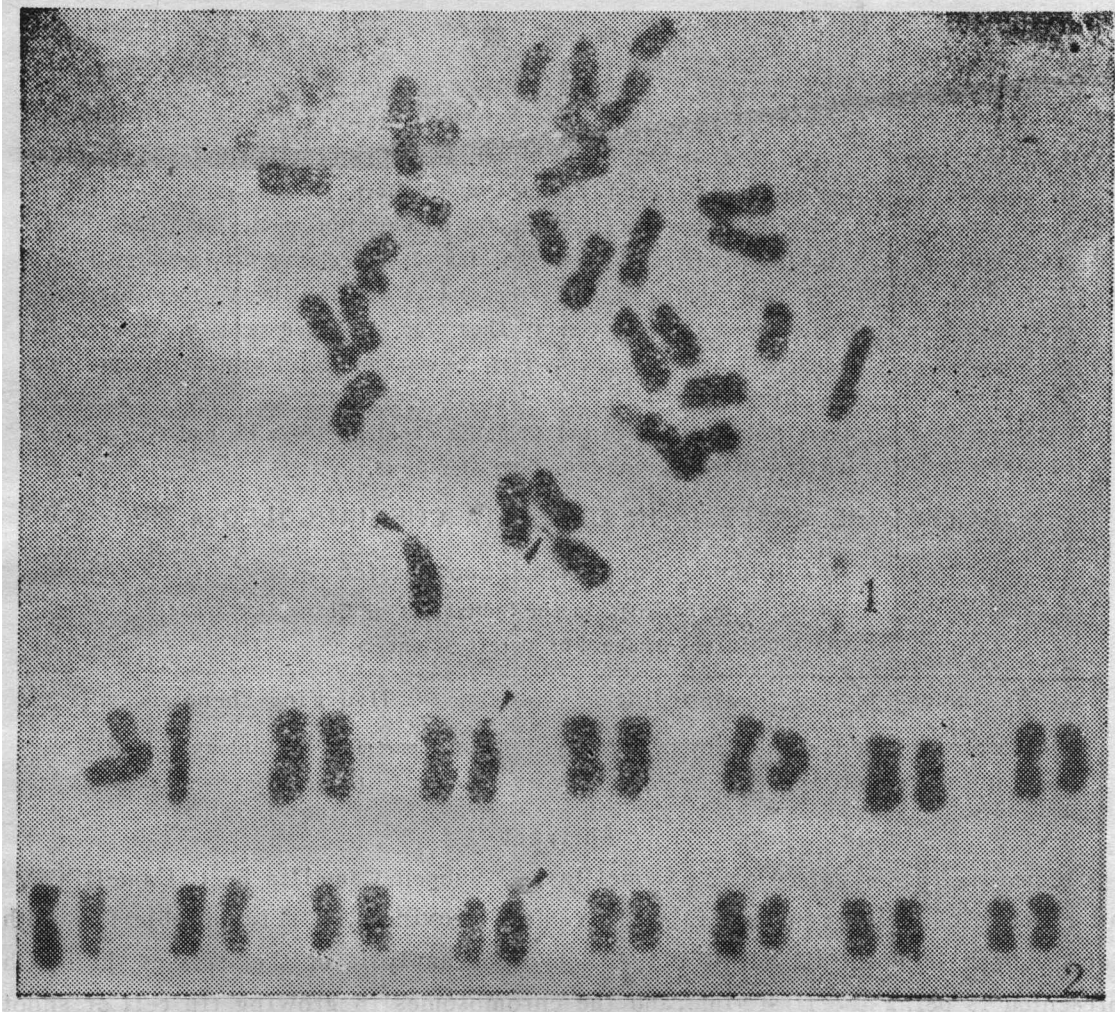


图1. 浙江红山茶茎尖细胞分裂中期染色体 示 $2n=30$ ($\times 3660$) (箭头所指者为随体。)

图2. 成行排列的浙江红山茶茎尖细胞分裂中期染色体。

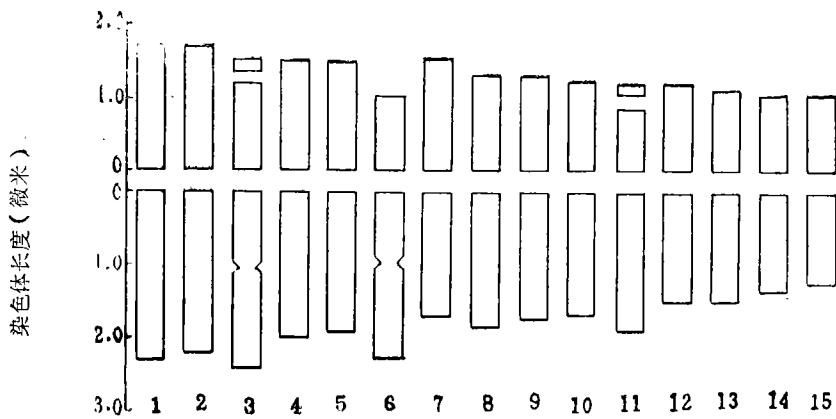


图3. 浙江红山茶染色体核型模式图度

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、赵治芬, 1981: 中国主要油茶物种染色体的观察. 亚林科技 4: 18—24
- (3) Fukushima, E, S. Iwasa, N. Endo and T. Yoshinari, 1966: Cytogenetic studies in *Camellia*: I. Chromosome survey in some *Camellia* species. Jap. J. Hort. 35: 413—421.
- (4) Kato, M. and T. Simura, 1971: Cytogenetical studies on *Camellia* species. II. The karyotype analysis in *C. sinensis* and *C. wabiske*. Jap. J. Breed. 21(5): 265—268.
- (5) Kondo, K. 1979: Cytological studies in cultivated species of *Camellia*. V. Intraspecific variation of karyotypes in two species of Sect. *Thea*. Jap. J. Breed 29(3): 205—210.
- (6) Levan, A.; K. Fredga, and A. A. Sandberg; 1964: Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52: 201—220.
- (7) Tuyama, T. 1966: Systematic relationship of *Camellia chekiangoleosa* Hu and *C. japonica* L. including *C. rusticana* Honda. *Jour. Jap. Bot.* 41: 42—48.

KARYOTYPE ANALYSIS IN *CAMELLIA CHEKIANGOLEOSA* HU

Huang Shao-fu and Zhao Zhi-fen

(Institute of Forestry in the Subtropics of China,
Chinese Academy of Forest Science)

Wu Ruo-jing and Li Jian-ping

(Department of Forestry, Fujian Forestry
College)

Hsu Ping-sheng

(Department of Biology, Fudan
University)

Abstract

Camellia chekiangoleosa Hu (*Camellia* L., Subgen. *Camellia* Sect. *Camellia*), an endemic of China confined to south-eastern provinces, is a favourable tree both for ornament and for its edible oil. A karyotype analysis of the species herewith presented is being the first time, and the chromosomes in growing tip cell of shoot was found to be $2n=30$ (fig. 1). The somatic complement showed a slight variation in size, i.e., the 1, 2, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 12, 13, 14 and 15 the pairs had median centromeres, while the 3, 6 and 11 the pairs had submedian constrictions. Among the chromosomes with submedian constrictions, one of the 3rd and the 6th pairs were SAT-chromosomes; and the 3rd and 11th pairs had secondary constrictions. According to Levan et al. [6], the karyotype formula of the species is therefore $K(2n) = 30 = 24m + 4sm + 1sm_1^t + 1sm_2^t$. Based on the classification given by Kato and al. [4], the karyotype formula should then be $K(2n) = 30 = 24V + 4J + J_1^t + J_2^t$.

Tuyama [7] and H.T. Chang [3] have pointed out that *Camellia chekiangoleosa* is closely allied to *C. japonica* L. Although the karyotypes of these two species (*C. japonica*: $K(2n) = 30 = 16V + 12J + 2J^t$ [4]) are not quite the same, both of them have two pairs of chromosomes with secondary constrictions. This gives support to the above suggestion.