

从细胞学资料看金松属的系统位置

李林初

(复旦大学生物系, 上海)

摘要 本文比较了金松(属)和杉科其他各属植物的核型, 它的染色体数目($2n=20$)和基数($x=10$)较低, 其核型最为对称。细胞学资料支持金松属从杉科分出另立金松科 *Sciadopityaceae* Hayata, 它的系统位置则很可能比杉科来得原始。这也得到古植物学的支持。

关键词 细胞学; 金松属; 系统位置

前 言

金松属(*Sciadopitys* Sieb. et Zucc.)的单型种 *S. verticillata* (Thunb.) Sieb. et Zucc. 最早由 Thunberg (1784) [44] 发现, 命名为 *Taxus verticillata* Thunb., 置于红豆杉科 (Taxaceae) 的红豆杉属 *Taxus* Linn., 后又被更名为 *Pinus verticillata* Sieb. 而改隶于松科 (Pinaceae) 松属 *Pinus* Linn., 直到1842—70才作为模式种建立金松属 (*Sciadopitys*) [39]。在随后的一个多世纪里, 植物学工作者进行了形态学 [11, 14, 22—24, 31, 46], 解剖学 [20, 42]、孢粉学 [26]、胚胎学 [12, 13, 17, 28, 29, 41, 43]、胞核学 [25, 35, 36] 生化学 [32]、古植物学 [18, 19, 38] 等方面的比较研究, 发现金松与杉科其他植物有很大差别。因此一些分类学家和古植物学家 [18, 22, 38, 46] 主张将金松属从杉科分出另立新科。特别是 Hayata (1931) [22] 根据形态特征把该属独立成金松科 *Sciadopityaceae*, 并得到 Tahara (1937) [43]、Hirayoshi (1942) [28]、Schlarbaum 和 Tsuchiya (1976, 1985) [35, 36] 的支持。Pilger (1926) [31]、Buchholz (1948) [14]、Hida (1962) [24] 则把金松列入亚科 *Sciadopityoideae* 以示与杉科其他各属的区别。但 Dallimore 等 (1966) [16]、郑万钧和傅立国 (1978) [8] 及一些分类学家仍将金松属列为杉科的一个属。由此可见, 金松(属)的系统位置虽然经历了二个多世纪约“动荡”, 但到目前为止仍未得出比较统一的结论。

美国著名植物遗传、进化学家 Stebbins (1957) [40] 指出, “染色体研究常为进化学家和系统发生学家提供有价值的指路明灯, 能说明该类群中所发生的进化过程的性质和进化的趋势”。本文拟从日臻完良的细胞学资料对金松属的系统位置提出一些看法。

一、从细胞学资料看金松科的确立

Schlarbaum 和 Tsuchiya [35] 观察了金松的染色体, 但没有进行规范化的核型分析。



图 金松的核型模式图

Fig. Ddiagram of *Sciadopitys verticillata*

本文为国家自然科学基金资助项目

笔者根据他们的数据分析了金松的核型,这对于从细胞学资料探讨金松科的确立及其系统位置是必要的。金松的染色体长度、臂比和类型如表 1 所示,核型模式图见图。原作者未计 19、20 染色体“短臂”上随体的长度,按惯例这样不妥,笔者计其长度并与原“短臂”一起构成长臂,按序列为第 7 对染色体。金松的核型公式为 $K(2n) = 20 = 20m(2SAT)$,染色体基数 $x = 10$,平均臂比和染色体长度比分别为 1.22 和 1.31,与杉科其他各属植物的染色体资料一并列入表 2 (资料来源均在表中注明,打 * 号者的各栏数据系由笔者填入)。

由表 2 可见,唯有金松(属) $2n = 20, x = 10$ 而有别于杉科所有其他各属植物的 $2n = 22, x = 11$ 。Kurita (1958) 曾以芍药属 *Paeonia* 的独特基数 ($x = 5$) 支持将它从毛茛科 (Ranunculaceae) 分出另立 Paeoniaceae, 吴泽民(1983)^[7] 鉴于珙桐属 (*Davies*) 的染色体数目 $2n = 40$ 不同于喜树属 (*Camptotheca*) 和蓝果树属 (*Nyssa*) 的 $2n = 44$ 而支持将它从蓝果树科 (Nyssaceae) 独立成新科, 张芝玉(1983)^[9] 把 $x = 9$ 的独叶草属 (*Kingdonia*) 从 $x = 7, 8, 12$ 的毛茛亚科移到唐松草亚科并提升为新族 (Kingtonieae Wang et Chang), 这都表明了染色体资料在植物分类中的重要价值。笔者认为,染色体是基因的载体,它比较保守,能反映分类群的本质特征。因此,如果根据金松(属)的不同染色体数目和基数以及核型(见后文)上的区别将它从杉科分立为新科也完全是无可非议的。更何况多学科的研究资料^[11-14, 17-20, 22-26, 28-32, 35, 36, 38, 41-43, 46] 已揭示了金松属与杉科其他属植物在许多性状上的较大差异,而 Hayata (1931)^[22] 将金松属另立成金松科也得到 Tahara^[43]、Hirayoshi^[25]、Schlarbaum 和 Tsuchiya^[35, 36] 等的支持。看来,金松科 Sciadopityaceae 的分立是比较自然的,似应得到植物分类学家的承认。

表 1 金松的染色体长度、臂比和类型¹⁾

Table 1 The length, arm ratio and type of chromosomes in *Sciadopitys verticillata*

序 号 No.	相 对 长 度 (%) Relative length (%)			臂 比 Arm ratio (L/S)	类 型 Type
	短 臂 Short arm	长 臂 Long arm	全 长 Total		
1(1,2) ²⁾	4.76	6.97	11.73	1.46	m
2(3,4)	5.37	6.07	11.44	1.13	m
3(5,6)	4.23	6.45	10.68	1.52	m
4(6,8)	5.15	5.68	10.83	1.10	m
5(9,10)	4.53	5.53	10.06	1.22	m
6(11,12)	4.69	5.22	9.91	1.11	m
7(19,20)	4.15	1.23+3.84	9.22	1.22	m*
8(13,14)	4.38	4.45	8.83	1.02	m
9(15,16)	3.81	4.99	8.83	1.30	m
10)17,18)	3.99	4.45	8.44	1.12	m

1) 此表系作者根据(35)的资料制成 2) 括号内的数字是(35)的染色体序号 * 为随体染色体

1) The table is done by the author according to the data of (35)

2) The No. in brackets are the chromosome No. of (35)

* Sat-chromosome

表2 Table 2

分类群 Taxon	染色体数目和核型公式 Chromosome number and Karyotypic formula (2n)	染色体基数 Basic chromosome number (x)	平均臂比 Arm ratio in mean	染色体长度比 Ratio of the longest chromosome to the shortest	作者 Author
金松 <i>Sciadopitys verticillata</i>	20m(2SAT)	10	1.22	1.39	Schlarbaum and Tsuchiya, 1976[³⁵]*
柳杉 <i>Cryptomeria fortunei</i>	22m(2SAT)	11	1.14	1.41	李林初, 徐炳声, 1984[⁶]*
日本柳杉 <i>C. japonica</i>	22m(2SAT)	11	1.15	1.50	Toda, 1981[⁴⁵]*
水松 <i>Glyptostrobus pensilis</i>	22m	11	1.23	1.50	李林初, 1987[³]
落羽杉 <i>Taxodium distichum</i>	20m+2sm	11	1.21	1.52	Schlarbaum et al., 1983[³⁷]*
池杉 <i>T. ascendens</i>	20m+2sm	11	1.29	1.65	李林初, 1988[⁶]
墨西哥落羽杉 <i>T. mucronatum</i>	20m+2sm	11	1.28	1.91	Mehra, 1968[³⁰]*
水杉 <i>Metasequoia glyptostroboides</i>	22m(2SAT)	11	1.23	1.85	李林初, 1986[¹]
红杉-AA <i>Sequoia sempervirens-AA</i>	22m(2SAT)	11	1.22	1.97	Saylor and Simons, 1970[³³]*
红杉-B <i>S. sempervirens-B</i>	22m(2SAT)	11	1.29	2.25	Saylor and Simons, 1970[³³]*
巨杉 <i>Sequoiadendron giganteum</i>	20m(4SAT)+2sm	11	1.24	2.03	Schlarbaum and Tsuchiya, 1975[³⁴]*
德昌杉木 <i>Cunninghamia unicanaciculata</i>	20m(2SAT)+2sm	11	1.31	2.42	徐炳声, 方永鑫, 1986[¹⁰]*
米德杉木 <i>C. unicana-liculata var. pyramidalis</i>	18m(2SAT)+4sm	11	1.32	2.52	徐炳声, 方永鑫, 1986[¹⁰]*
杉木 <i>C. lanceolata</i>	20m(2SAT)+2sm	11	1.35	2.52	李林初, 1987[⁴]
台湾杉木 <i>C. konishii</i>	20m(2SAT)+2sm	11	1.35	2.60	Kuo et al., 1972[²⁷]*

续表

秃杉 <i>Taiwania flousiana</i>	16m+6sm	11	1.48	2.21	李林初, 1986 ^[2]
台湾杉 <i>T. cryptomerioides</i>	18m+4sm	11	1.44	2.69	Kuo et al., 1972 ^[27] *
密叶杉属 <i>Athrotaxis cupressoides</i>	22	11			Gulline, 1952 ^[21]
<i>A. selaginoide</i>	22	11			Gulline, 1952 ^[21]
<i>A. laxifolia</i>	22	11			Gulline, 1952 ^[21]

* 数据由本作者填入 * The data were filled by the author

二、从核型的比较分析看金松科的系统位置

金松科具有怎样的系统位置? 笔者拟从核型的比较分析进行探讨。Stebbins^[40]指出, “凡染色体都差不多大小, 而且都是中央或亚中央着丝点的, 可以称为“对称核型”。 “不对称核型” 则或是许多染色体有亚端部着丝点, 或是最大与最小染色体之间长度相差很大, 或两种不对称兼有。 “而一般来说, 核型对称者在系统发育上较为原始, 不对称或较进化。根据 Stebbins 的论述, 笔者认为反映染色体大小的染色体长度比(最长/最短染色体)和反映着丝点位置的染色体平均臂比可以作为衡量核型对称性及其原始、进化程度的两个重要标志。由表 2 可见, 除密叶杉属的核型不详外, 柳杉属植物的核型全由中部着丝点染色体组成, 平均臂比和染色体长度比最低, 为该科(暂不包括密叶杉属)的最对称者, 表明它可能最原始。金松(科)的染色体也都具中部着丝点, 平均臂比与柳杉属相当, 但它的染色体长度比较之柳杉属及杉科其他各属低, 呈现得特别对称。因此, 核型的比较分析表明金松(科)的系统位置可能比杉科原始。Schlrabaum 和 Tsuchiya^[36]认为金松科起源于前杉科祖先(Protaxodiaceous ancestor), 与本研究结果基本一致。

顺便说一下, 根据笔者的研究还发现金松(科)的平均臂比与松科的最原始者松属接近, 它的染色体长度比则较松科各属明显为低, 因此金松(科)的系统位置不仅比杉科, 而且可能也比松科来得原始。

三、古植物学资料的佐证

Florin^[18]详尽地研究了 *Sciadopitys* 的现存植物和化石以及近缘的灭绝属 *Sciadopitytes* 的化石, 指出金松属的地质历史并不与杉科各属相同而可能与银杏类植物(gingkophyles)相似。他认为“金松亚目”(Sciadopitineae)的种数在下白垩纪(lower Cretaceous)可能已达到顶点并随后开始下降, 而其时杉科现代属植物才刚刚问世。Christophel (1973)^[15]指出残存的金松属和 *Sciadopitytes* 的形成比杉科各属植物早得多, 已知最古老的化石种 *Sciadopitytes scania* Florin 在上三迭纪(upper Triassic)就已存在。笔者核查了 Florin^[18]提供的资料, 可见 *Sciadopitys* 的化石可能早在中侏罗纪(middle Jurassic)就已存

在, *Sciadopitytes* 出现在晚侏罗纪 (late Jurassic) 而杉科的最早化石仅见密叶杉属、柳杉属、水杉属、红杉属、杉木属的存在于早白垩纪 (early Cretaceous) 或晚白垩纪 (late Cretaceous), 其他各属的更迟才出现。松科的最早化石则仅见松属、金钱松属 (*Pseudolarix* Gord)、云杉属 (*Picea* Dietr.) 的存在于早、晚白垩纪, 其他各属的出现得更晚。因此, 化石资料表明 *Sciadopitys*, 包括 *Sciadopitytes* 的起源可能比杉科、松科早得多因而比它们原始。可见古植物学资料为上述金松科系统位置的讨论提供了有力的佐证。

四、结 论

金松属(科)从杉科的分立不仅可从前人的多学科研究中获得论证, 而且得到细胞学资料的比较分析及古植物学的支持, 植物分类学家似能考虑认可。从核型的比较来看, 金松科的系统位置可能至少比杉科(和松科)原始并也得到化石资料的支持。Florin^[18] 提出 *Sciadopitys* 的地质历史可能与银杏类植物 (ginkgophytes) 相似的意见则值得引起注意。

参 考 文 献

- (1) 李林初, 1986: 水杉的核型研究。武汉植物学研究 4 (1): 1—5。
- (2) 李林初, 1986: 秃杉的细胞学研究。植物分类学报 24 (5): 376—381。
- (3) 李林初, 1987: 水杉的细胞学研究。广西植物 7 (2): 101—106。
- (4) 李林初, 1987: 从杉木看一个新的高等植物核型类型。广西植物 7 (3):
- (5) 李林初, 1988: 落羽杉属植物的核型及细胞地理学研究。植物分类学报 26
- (6) 李林初, 徐炳声, 1984: 柳杉染色体核型的研究。林业科学 20 (3): 323—326。
- (7) 吴泽民, 1983: 两种木本植物染色体数目的研究。广西植物 3 (3): 211—214。
- (8) 郑万钧, 傅立国, 1978: 中国植物志 (第七卷), 科学出版社 (北京)。
- (9) 张芝玉, 1983: 星果草属、独叶草属、鸡爪草属的染色体观察和系统位置的探讨。植物分类学报 20 (4): 402—409。
- (10) 徐炳声, 方永鑫, 1986: 德昌杉木和米德杉木的胞核学研究。植物学报 28 (2): 150—155。
- (11) Boulter, M. C., 1970: Lignified guard cell thickenings in the leaves of some modern and fossil species of Taxodiaceae (Gymnospermae). *Biol. J. Linn. Soc.* 2: 41—46。
- (12) Brennan, M., S. J. Doyle and J. Doyle, 1956: The gametophytes and embryogeny of *Athrotaxis*. *Sci. Proc. R. Dub'in Soc.* 27: 193—252。
- (13) Buchholz, J. T., 1931: The suspensor of *Sciadopitys*. *Bot. Gaz.* 92: 243—262。
- (14) _____, 1948: Generic and subgeneric distribution of the Coniferales. *Bot. Gaz.* 110: 80—91。
- (15) Christophel, D. C., 1973: *Sciadopitophyllum canadense* gen. et sp. nov.: a new conifer from western Alberta. *Am. J. Bot.* 60: 61—66。
- (16) Dallimore, W. and A. B. Jackson, rev. Harrison, S. G., 1966: *Handb. Conif. and Ginkgo*, ed. 4. Edward Arnold, London, 575—582。
- (17) Doyle, J. and M. Brennan, 1971: Cleavage polyembryony in conifers and taxads _____ a survey. I. Podocarps, taxads, taxodiaoids. *Sci. Proc. R. Dublin Soc.*,

- Ser. A, 4: 57—88.
- (18) Florin, R., 1922: On the geological history of the Sciadopitineae. *Sven. Bot. Tidskr.* 16: 260—270.
- (19) _____, 1963: The distribution of conifer and taxad genera in time and space. *Acta Horti Berg.* 20: 121—312.
- (20) Greguss, P., 1955: identification of living gymnosperms on the basis of xylotomy. *Academiai Kiado, Budapest.*
- (21) Gulline, H. F., 1952: The cytology of *Athrotaxis*. *pap. & Proc. Roy. Soc. Tasmania* 86: 131—136.
- (22) Hayata, B., 1931: The Sciadopityaceae represented by *Sciadopitys verticillata* Sieb. & Zucc., an endemic species of Japan. *Bot. Mag.* 45: 567—569.
- (23) Hida, M., 1957: The comparative study of Taxodiaceae from the standpoint of the development of the cone scale. *Bot. Mag.* 70: 45—51.
- (24) _____, 1962: the systematic position of *Metasequoia*. *Bot. Mag.* 75: 316—326.
- (25) Hirayoshi, I., 1942: Report of forest tree genetics and breeding. I. *Seiken Zilo* 1: 88—90.
- (26) Ho, R. H. and O. Sziklai, 1973: Fine structure of the pollen surface of some Taxodiaceae and Cupressaceae species. *Rev. Palaeobot. Palyno!* 15: 17—26.
- (27) Kuo, S.R. et al., 1972: Karyotype analysis of some Formosan gymnosperms. *Taiwania* 17(1): 66—80.
- (28) Lawson, A. A., 1910: The gametophytes and embryo of *Sciadopitys verticillata*. *Ann. Bot.* 24: 403—421.
- (29) Maheshwari, P. and H. Singh, 1967: The female gametophyte of gymnosperms. *Biol. Rev. Camb. Phillos. Soc.* 42: 88—130.
- (30) Mehra, P. N., 1968: Cytogenetical evolution of conifers. *Indian J. Genet. Plant Breed.* 28: 97—111.
- (31) Pilger, R., 1926: Klasse Coniferae. Pages 121—403 in A. Engler, ed. Die natürlichen Pflanzenfamilien. Vol. 13. Engelmann, Leipzig.
- (32) Price, H. J., A. H. Sparrow and A. F. Nauman, 1973: Evolutionary and developmental considerations of the variability of nuclear parameters in higher plants. I. Genome volume, interphase chromosome volume, and estimated DNA content of 236 gymnosperms. *Brookhaven Symp. Biol.* 25: 390—421.
- (33) Saylor, L. C. and H. A. Simnos, 1970: Karyology of *Sequoia sempervirens*: karyotype and accessory chromosomes. *Cytologia* 35: 294—303.
- (34) Schlarbaum, S. E. and T. Tsuchiya, 1975: the chromosome study of giant [sequoia, *Sequoiadendron giganteum*. *Silvae Genet.* 24: 23—26.
- (35) _____, 1976: Chromosome study of Japanese umbrella pine. *J. Hered.* 67: 65—67.
- (36) _____, 1985: Karyological derivation of *Sciadopitys verticillata* Sieb. et Zucc. from a pro-Taxodiaceous ancestor. *Bot. Gaz.* 146(2): 264—267.
- (37) Schlarbaum, S. E., L. C. Johnson and T. Tsuchiya, 1983: Chromosome studies of *Metasequoia glyptostroboides* and *Taxodium distichum*. *Bot. Gaz.* 144: 559—565.
- (38) Seward, A. C., 1919: Fossil plants Vol. 4. Cambridge University Press, New

York.

- (39) Siebold, P. F. von and J. G. Zuccarini, 1842—70: Fl. Jap. 2: 1.
- (40) Stebbins, G. L., 1957: Variation and Evolution in Plants. Columbia University Press, 442—475.
- (41) Sterling, C., 1963: Structure of the male gametophyte in gymnosperms. *Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.* 38: 167—203.
- (42) Suzuki, M., 1979: The course of resin canals in the shoots of conifers. I. Araucariaceae, Cupressaceae, and Taxodiaceae. *Bot. Mag.* 92: 253—274.
- (43) Tahara, M., 1937: Contributions to the morphology of *Sciadopitys verticillata*. *Cytologia*, Fujii Jub. vol, pp. 14—19.
- (44) Thunberg, C. P., 1784: Fl. Jap. 276.
- (45) Toda, Y., 1981: On the karyotype of *Cryptomeria japonica* D. Don. X II. *Cryptomeria japonica* D. Don in Kyushu 4. *Kromosomo* 1-23: 707—712.
- (46) Velenovsky, J., 1905: Vergleichende Morphologie der Pflanzen. Prague. (viz., Florin 1922).

THE SYSEMATIC POSITION OF SCIADOPITYS SIEB. ET ZUCD. BASED ON CYTOLOGICAL DATA

Li Lin-chu

(Department of Biology, Fudan University)

Abstract The present paper deals with the karyotypic comparison of *Sciadopitys* and the other genus of Taxodiaceae. The chromosome number ($2n=20$) and basic chromosome number ($x=10$) of *Sciadopitys verticillata* Sieb. et Zucc. are different from that ($2n=22$, $x=11$) of the other genus and the karyotype is the most symmetrical in all the species (see Table 2). The cytological data support the separation of *S. verticillata* into a monotypic family Sciadopityaceae Hayata^[**]. According to the data, the family, may be more primitive than Taxodiaceae. The result is also supported by palaeobotany.

Key Words Cytology; *Sciadopitys*; Systematic position