

若干铁杉属植物核型的比较研究

李 林 初

(复旦大学生物系, 上海)

摘要 本文首次报道了我国特产的重点保护植物南方铁杉的核型, 全由中部和近中部着丝点染色体构成, 核型公式为 $K(2n)=2x=24=20m+4sm$, 属“2A”类型。染色体的相对长度组成为 $2n=24=12M_2+10M_1+2S$ 。通过比较, 发现东亚的南方铁杉的核型与台湾铁杉甚为相似而略具进化的趋势, 但北美东部的卡罗来纳铁杉的核型比它们进化得多。本文支持 Florin 认为铁杉属至少在早第三纪存在一条从欧亚大陆经过白令海峡到达北美洲的迁移路线的意见。

关键词 南方铁杉; 台湾铁杉; 卡罗来纳铁杉; 核型

松科 (Pinaceae) 的铁杉属 (*Tsuga* Carr.) 植物间断分布于东亚和北美洲, 均系珍贵的用材树种^[1, 4, 5]。该属的细胞学研究已见一些报道^[2, 6, 8, 9, 12]。本文首次报告我国特产的重点保护植物南方铁杉 *T. chinensis* (Franch.) Pritz. var. *tchekiangensis* (Flous) Cheng et L.K.Fu 的染色体数目和核型, 并与台湾铁杉 *T. formosana* Hayata^[6] 和北美洲的卡罗来纳铁杉 *T. caroliniana* Engelman^[9] 进行比较, 旨在为育种实践和系统演化研究提供细胞学依据。

材 料 和 方 法

南方铁杉种子由安徽省黄山管理局梁师文同志提供, 凭证标本存复旦大学生物系植物标本室。

将南方铁杉种子用60℃温水浸泡后40℃保温4—5小时, 拌于砾石中25℃保湿恒温培养。种子根用0.002 mol/L δ-羟基喹啉液预处理4—5小时, 按常规程序制片, 改良的苯酚品红染色。染色体数据取5个细胞的平均值。

染色体相对长度系数 (I.R.L.) 的计算用郭幸荣等^[6]的方法, 核型不对称系数的计算用 Arano^[3]的方法, 核型类型的划分用 Stebbins^[10, 11]的方法。

观 查 结 果

1. 从南方铁杉的大量制片中观察了50个染色体分散良好的根尖细胞进行染色体计数, 确定 $2n=24$, 与前人^[2, 6, 8, 9, 12]报告的铁杉属植物染色体数目相同。未发现非整倍性变异和多倍现象, 也未见B染色体。染色体长度、相对长度系数、臂比的平均数据及染色体类型见表1; I, 分裂相的模式照片和核型图、核型模式图分别见图: 1、2。按 Levan 等^[7]的染色体分类标准, 南方铁杉的核型公式为 $K(2n)=2x=24=20m+4sm$ 。按 I.R.L. 值, 染色体的相对长度组成为 $2n=24=12M_2+10M_1+2S$ 。

承安徽黄山管理局梁师文同志提供试验用南方铁杉种子, 中国科学院上海生化研究所章菁同志参加部分工作, 我系摄影室傅文瑜同志协助显微摄影, 特此一并致谢。

由表 1 可见南方铁杉的染色体的臂比变异范围 1.05—2.54 (平均值 1.46)。10、12 号的臂比大于 1.70, 为近中部着丝点染色体, 其余均为中部着丝点染色体。12 号染色体的臂比大于 2, 占染色体总数的 0.083。染色体长度比 (最长/最短) 为 1.80, 小于 2。根据 Stebbins 的核型不对称性分类标准, 南方铁杉的核型属 “2A”, 这是较为对称和原始的核型, 与 57.76% 的核型不对称系数和仅有中等 (M_1 , M_2)、短 (S) 染色体的相对长度组成相吻合。

2. 郭幸荣等^[6]分析了台湾铁杉的核型, 笔者将其染色体长度资料经有关运算后列入表 1: I。可见它的核型公式为 $K(2n) = 24 = 20m + 4sm$, 染色体相对长度组成为 $2n = 12M_2 + 10M_1 + 2S$, 与南方铁杉的相同。染色体臂比的变异范围 1.07—2.42 (平均值 1.36)。10、12 号为近中部着丝点染色体, 其余为中部着丝点染色体。12 号染色体的臂比大于 2, 占总数的 0.083, 染色体长度比小于 2。该核型也属 “2A” 类型。

3. Sax 和 Sax^[9]观察了卡罗来纳铁杉的染色体并作出了核型模式图。笔者进行了实际测量和有关运算, 列入表 1: II。可见核型公式为 $K(2n) = 2x = 24 = 14m + 10sm$, 染色体相对长度组成为 $2n = 24 = 14M_2 + 6M_1 + 4S$ 。染色体臂比的变异范围 1.06—2.15 (平均值 1.61)。4、8、10、11、12 号为近中部着丝点染色体, 其余为中部着丝点染色体。10、12 号染色体的臂比大于 2, 占染色体总数的 0.167, 染色体长度比小于 2, 因此也属 “2A” 核型类型。

4. Mehra 等^[8]和日诘等^[2]分别报道铁杉属的染色体组组成分别为 “ $n = 9m + 3sm$ ” 和 “ $n = 7m + 5sm$ ”, 但根据本文的观察结果, 至少还存在 “ $n = 10m + 2sm$ ” 的组成式样。

讨 论

笔者将分布东亚的南方铁杉和台湾铁杉与北美东部的卡罗来纳铁杉核型的有关内容列入表 2 以资比较。由表可见两个东亚种的核型公式和染色体相对长度组成完全一致。由于具有相同的臂比大于 2 的染色体比例和十分接近的小于 2 的染色体长度比, 均属 “2A” 类型, 表明它们核型的进化水平甚为相近。但南方铁杉的平均臂比和核型不对称系数稍高, 似有比台湾铁杉进化的趋势。尽管卡罗来纳铁杉的核型也属 “2A” 类型, 其染色体长度比与东亚种也很接近, 但它的臂比大于 2 的染色体比例和平均臂比值明显较高, 具有较大的不对称性。从核型公式可见具多达 5 对近中部着丝点染色体, 相对长度组成中有较多的中长染色体和短染色体, 核型不对称系数也比较高, 这些都反映了卡罗来纳铁杉的不对称性, 表明比南

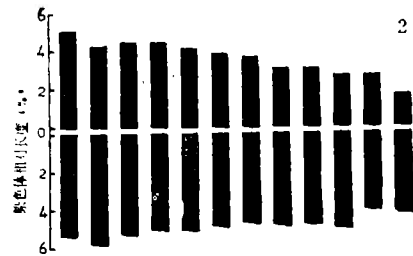


图: 1. 南方铁杉的体细胞染色体形态和核型;
2. 南方铁杉的核型模式图

表1 南方铁杉、台湾铁杉、卡罗来纳铁杉的染色体长度、臂比和类型

分类群	序号	相对长度(%)			相对长度系数	臂比	类型
		短臂	长臂	全长			
I. 南方铁杉	1	5.01	5.28	10.29	1.23(M ₂)	1.05	m
	2	4.14	5.72	9.86	1.18(M ₂)	1.33	m
	3	4.40	5.15	9.55	1.15(M ₂)	1.17	m
	4	4.44	4.92	9.36	1.12(M ₂)	1.11	m
	5	4.09	4.92	9.01	1.08(M ₂)	1.20	m
	6	3.74	4.74	8.48	1.02(M ₂)	1.27	m
	7	3.62	4.56	8.18	0.98(M ₁)	1.26	m
	8	3.07	4.70	7.77	0.93(M ₁)	1.53	m
	9	2.93	4.74	7.67	0.92(M ₁)	1.62	m
	10	2.55	4.90	7.45	0.89(M ₁)	1.92	Sm
	11	2.64	4.02	6.66	0.80(M ₁)	1.52	m
	12	1.61	4.10	5.71	0.69(S)	2.54	Sm
II. 台湾铁杉	1	4.70	5.31	10.01	1.20(M ₂)	1.13	m
	2	4.50	5.04	9.54	1.16(M ₂)	1.12	m
	3	4.50	4.84	9.34	1.12(M ₂)	1.07	m
	4	4.30	5.04	9.34	1.12(M ₂)	1.17	m
	5	4.57	4.57	9.14	1.10(M ₂)	1.00	m
	6	4.03	5.04	9.07	1.09(M ₂)	1.25	m
	7	3.76	4.39	8.15	0.98(M ₁)	1.16	m
	8	3.36	4.70	8.06	0.97(M ₁)	1.40	m
	9	3.23	4.57	7.80	0.94(M ₁)	1.42	m
	10	2.69	4.64	7.33	0.88(M ₁)	1.73	Sm
	11	2.69	3.90	6.59	0.79(M ₁)	1.45	m
	12	1.61	3.90	5.51	0.66(S)	2.42	Sm
III. 卡罗来纳铁杉	1	4.41	5.38	9.79	1.18(M)	1.22	m
	2	4.41	5.25	9.66	1.16(M)	1.19	m
	3	4.41	4.67	9.08	1.09(M)	1.06	m
	4	3.43	5.96	9.39	1.13(M)	1.74	Sm
	5	3.50	5.44	8.94	1.07(M)	1.55	m
	6	3.43	5.44	8.87	1.06(M)	1.59	m
	7	3.50	4.67	8.17	0.98(M)	1.33	m
	8	3.05	5.44	8.49	1.02(M)	1.78	Sm
	9	2.98	4.67	7.65	0.92(M)	1.57	m
	10	2.46	5.77	8.23	0.99(M)	2.35	Sm
	11	2.20	4.02	6.22	0.75(S)	1.83	Sm
	12	1.75	3.76	5.51	0.66(S)	2.15	Sm

南方铁杉的染色体组总长度=229.73μm

台湾铁杉的染色体组总长度=148.8μm

方铁杉和台湾铁杉远为进化。Sax 和 Sax^[9] 还指出北美洲东部的加拿大铁杉 (*Tsuga canadensis* (L.) Carr.) 的染色体与同地分布的卡罗来纳铁杉非常相似, 因此它的核型可能也较两个东亚种进化。

表2 南方铁杉、台湾铁杉、卡罗来纳铁杉核型的比较

分类群	南方铁杉	台湾铁杉	卡罗来纳铁杉
核型公式	$2n=24=20m+4sm$	$2n=24=20m+4sm$	$2n=24=14m+10sm$
染色体相对长度组成	$24=12M_2+10M_1+2S$	$24=12M_2+10M_1+2S$	$24=14M_2+6M_1+4S$
平均臂比	1.46	1.36	1.61
染色体长度比(最长/最短)	1.80	1.82	1.78
臂比>2的染色体比例	0.083	0.083	0.167
核型类型	2A	2A	2A
核型不对称系数(%)	57.76	56.01	60.47

2. 根据化石资料的研究, Florin^[5] 提出铁杉属至少早在第三纪就存在一条从欧亚大陆经过白令海峡到达北美洲的迁移路线。如果确是这样的话, 东亚现代分布区的铁杉属植物的核型应该比较原始, 北美洲的较为进化。上述几种铁杉属植物的染色体资料及对核型进化水平的比较分析至少给 Florin 的假设以一定程度的细胞学支持。从另一面看, 他的研究结论也为本文的分析结果提供了合理的地理学解释。

参 考 文 献

- [1] 郑万钧、傅立国, 1978: 中国植物志(第七卷), 科学出版社。
- [2] 日诘雅博·田中隆藏, 1979: 裸子植物染色体. 遗传33(6): 31—37.
- [3] Arano, H., 1963: Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan, IX. The karyotype analysis and phylogenetic considerations on *Pertya* and *Ainsliaea* (2). Bot. Mag. Tokyo 76: 32—39.
- [4] Dallimore, W. and A.B. Jackson, rev. Harrison, S.G., 1966: Handb. Conif. and Ginkgo ed. 4. Edward Arnold, London, 575—582.
- [5] Florin, R., 1962: The distribution of conifer and taxad genera in time and space. Acta Horti Berg. 20: 121—312.
- [6] Kuo, S.R. et al., 1972: Karyotype analysis of some Formosan gymnosperms. Taiwaniana 17(1): 66—80.
- [7] Levan, A. et al., 1964: Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas 52: 201—220.
- [8] Mehra, P.N. and T.N. Khoshoo, 1956: Cytology of Conifers. I. J. Genet 54: 165—180.
- [9] Sax, K. and H. J. Sax, 1933: Chromosome number and morphology in the conifers. J. Arb. Arb. 14: 356—375.
- [10] Stebbins, G.L., 1958: Longevity, habitat, and release of genetic variability in

- the higher plants. *Cold Spring harb. Symp. Quant. Biol.* 23: 365—378.
- [11] Stebbins, G.L., 1971: Chromosomal evolution in higher plants. Edward Arnold, London, 85—104.
- [12] Taylor, R.L. and R.P. Brockman, 1966: Chromosome numbers of some western canadian plants. *Can. J. Bot.* 44: 1093—1103.

THE COMPARATIVE KARYOTYPIC STUDIES IN SOME SPECIES OF *TSUGA* (PINACEAE)

Li Lin-chu

(Department of Biology, Fudan University, Shanghai)

Abstract The present paper deals with the karyotype analysis of *Tsuga chinensis* (Franch.) Pritz. var. *tchekiangensis* (Flors) Cheng et L.K.Fu, which is the priority for conservation plant in our country and endemic to China for the first time. The somatic chromosomes in root-tip cells of the plant are found to be $2n=24$, all with median and submedian constrictions. According to the terminology defined by Lev- an et al.[7], the karyotypic formula is $K(2n)=2x=20m+4sm$, which belongs to "2A" of Stebbins[10, 11], karyotypic symmetry and is $2n=24=12M_2+10M_1+2S$ according to the standard defined by Kuo et al.[8] based on relative length.

By the comparative studies, the author found that the karyotype of the plant was very similar to that of *Tsuga formosana* Hayata distributed in Eastern Asia and had an advanced trend, but they were much primordial than that of *Tsuga caroliniana* Engelmann which distributed in Eastern North America. The result supported Florin's[9] opinion that the oldest remains of Eocene age in the Maritime province of Siberia hinted at the existence of at least one migration route for *Tsuga* between Eurasia and North America in the early Tertiary, viz, across Beringia.

Key words *Tsuga chinensis* var. *tchekiangensis*; *Tsuga formosana*; *Tsuga caroliniana*; Karyotype