

# 着丝粒横裂和着丝粒并合 及其在高等植物染色体进化中的意义

袁永明

(兰州大学生物系, 兰州)

**摘要** 本文讨论了着丝粒横裂和并合及其在高等植物染色体进化中的意义。着丝粒横裂和着丝粒并合是两个矛盾又辩证统一的过程, 是染色体的基本变异形式之一, 它们同时影响着植物类群的染色体基数、核型对称性、连锁关系、交叉频率和位点等细胞遗传学的重要方面, 从而在高等植物染色体进化中起着重要作用。着丝粒和端粒的复制模型为着丝粒的横裂与并合提供了可能的机理, 但尚待直接的生物化学证据的证实。原始基数的确定是判别着丝粒横裂与并合的关键。

**关键词** 着丝粒横裂; 着丝粒并合; 染色体进化

着丝粒横裂(centric fission)和着丝粒并合(centric fusion)是染色体变异的主要形式之一, 它直接影响着染色体的数目、形态和结构。大量事实已经证实, 这种变化广泛存在于从昆虫到哺乳动物的各类动物中, 是动物染色体结构和数目变异的主要形式, 在动物染色体和核型进化中起着十分重要的作用。但对其在植物染色体和核型进化中的作用还存在着种种争议。随着近代植物染色体资料的迅速积累和研究技术的完善, 已基本确认虽然它在植物中的存在范围远不如在动物中那样普遍, 但它却与多倍化(polyploidy)现象一样, 是植物染色体变异和进化的一种重要形式。据不完全统计, 已发现有着丝粒横裂与并合的分类群近30属。从苔藓到被子植物中均有报道(表1), 充分说明了这种现象的普遍性。

## 一、着丝粒横裂

### 1. 着丝粒横裂现象的普遍性

着丝粒横裂即1条2臂的染色体在着丝粒处横裂而产生2条端着丝粒或等臂染色体的现象。这类变化首先在动物中注意到, 但目前植物中也已发现比较普遍地存在着, 是植物染色体数目和核型进化的重要形式之一。

*Nigella doerfleri* 一般的染色体数目为 $2n = 12$ , Strid (1968)发现有些个体为 $2n = 14$ 。在 $2n = 14$ 的类型中, 有2对端着丝粒染色体(T)取代了 $2n = 12$ 类型中的1对中部着丝粒染色体(M), 这2种类型杂交得到 $2n = 13$ 的杂种, 在减数分裂时频繁形成T-M-T三价体, 说明 $2n = 14$ 的类型是 $2n = 12$ 的类型经着丝粒横裂形成的纯合子。

*Cymbispatha commelinoides* 中存在着一系列着丝粒并合的过程(详见后), 通常为 $2n = 14M$ , 但发现有1株植物为 $2n = 13M + 2T$ , 减数分裂时2条T染色体与3条M染色体频繁形成5价体(Jones, 1978), 说明这株植物为四倍体水平上的着丝粒横裂杂合体, 其1条染色体发生了着丝粒横裂。

最近, 洪德元(1986)研究了飞燕草属(*Consolida*)的物种生物学特性, 发现

表1 有着丝粒横裂和着丝粒并合的分类群

分 类 群	类 型	作 者
葱 属 <i>Allium</i>	横 裂	Guillen and Rejon, 1984
青 蕨 科 <i>Brachytheciaceae</i>	并 合	Mcadam, 1982
大百合属 <i>Cardiocrinum</i>	并 合	Chauhan and Brandham, 1985
飞燕草属 <i>Consolida</i>	横 裂	洪德元, 1986
番红花属 <i>Crocus</i>	横 裂	Jones, 1977
苏 铁 属 <i>Cycas</i>	并 合	Marchant, 1968; Jones, 1978b
	横 裂	Ehrendofer, 1976; 杨涤清等, 1985
<i>Cymbispatha</i>	并 合	Jenes, 1977; 1978b; Jones et al. 1981
贝 母 属 <i>Fritillaria</i>	并 合	Jones, 1978b
<i>Galaxia</i>	并 合	Peter, 1979
<i>Gibasis</i>	并 合	Jones, 1974; 1978b; Jones et al. 1981; Kenton, 1981a
<i>Happloppapus</i>	并 合	Jones, 1978b
<i>Hydrocleys</i>	并 合	Kenton, 1981b
<i>Hypochoeris</i>	横 裂	Parker et al. 1982
地杨梅属 <i>Luzula</i>	并 合	Jenes, 1978b
石 蒜 属 <i>Lycoris</i>	并 合	Bose and Flery, 1963; Jones, 1978b
	横 裂	Bose and Flory, 1963
黑种草属 <i>Nigella</i>	横 裂	Strid, 1968; Jones, 1978b
假 葱 属 <i>Nothoscordum</i>	并 合	Jones, 1978b
	横 裂	Nassar et al. 1978
兜 兰 属 <i>Paphiopedilum</i>	横 裂	Karasawa and Tanaka, 1980
<i>Phaedranassa</i>	横 裂	Brantham and Durodie, 1981
罗汉松科 <i>Podocarpaceae</i>	并 合	Hair and Beuzenberg, 1958; Jones, 1978b
	横 裂	Ehrendofer, 1976
<i>Tradescantia</i>	横 裂	Jones, 1978b
豌豆属 <i>Vicia</i>	并 合	Ladizinsky and Temkin, 1978
水竹草属 <i>Zebrina</i>	并 合	Mattsson, 1971; Jones, 1978b; Lalithambika and kuriachan, 1981

*C. scleroclada* var. *rigida* ( $2n = 18$ ) 具有  $X = 9$  的新基数, 与其它类群相比, 2 对端着丝粒染色体取代了一对中部着丝粒染色体, 从而认为  $X = 9$  的新基数是通过着丝粒横裂起源的。

## 2. 着丝粒横裂的机理

一般认为着丝粒横裂的主要原因是错分裂 (misdivision) 即染色体着丝粒部分不以正常的纵向分裂而横向分裂。各种分裂常伴随着染色体在着丝粒区的断裂 (图 1)。可以看出, 错分裂主要有 3 种形式: (1) 不等平衡断裂——结果形成常被丢失的 2 个无着丝粒片段和 2

个具端着丝粒的染色体; (2) 对等平衡断裂——结果形成 4 条具端着丝粒染色体; (3) 斜向不平衡断裂——结果形成 2 条不对等的具端着丝粒染色体, 且两极不平衡。上述 3 种类型中只有第 2 种形式的着丝点错分裂, 才产生一般意义上的着丝粒横裂, 而其它两种均不引起染色体数目的改变, 只是引起了着丝粒相对位置的改变。

Holmquist 和 Dancis (1979) 认为, 着丝粒和端粒都由重复 DNA 构成, 端粒间相互比较相似, 在复制前后发生特定的重合和分裂。中部着丝粒则由双倍的构造构成, 这样中部着丝粒横裂后, 每一半都可以成为一个有功能的着丝粒。他们 (Dancis 和 Holmquist, 1979) 进一步提出了着丝粒横裂的分子模型

(图 2)。认为横裂的可能过程是: (1) 复制时, 切除 RNA 引物后, 在着丝粒区的 DNA 上留下一对缺刻 (nick); (2) 缺刻导致碱基分离解对; (3) 由于着丝粒区链内常有重复和互补结构, 所以使断口处 2 条核苷酸链各自自体复性; (4) 经连接形成两个发卡式末端, 经分离, 原来的每一条具双臂染色体从着丝粒处断裂为两条端着丝粒染色体, 从而导致着丝粒横裂 (图 2: 1—4)。这个模型从 DNA 的合成等分子机制方面来寻找着丝粒横裂的依据, 无疑有一定的参考价值, 但尚待生物化学证据的进一步证实。

### 3. 着丝粒横裂的细胞遗传学效应及进化意义

着丝粒横裂后形成端着丝粒染色体, 进一步发展有 3 种不同的结果。(1) 再经并合回复成双臂染色体或在细胞分裂中被淘汰掉; (2) 在下一次分裂时经过复制形成等臂染色体而被保留下来。这类等臂染色体两条臂完全同源, 相当于姊妹染色单体, 在有丝分裂可以正常进行, 但减数分裂时, 常内部配对形成等臂染色体环, 由于不能正常分离, 常被淘汰。因此, 虽然在天然植物中偶有发现, 但一般认为这类染色体的进化意义不大; (3) 以稳定 T 染色体的形式存在下来。尤其当形成它的染色体是中部着丝粒染色体时, 横裂形成的端着丝粒染色体较长, 减数分裂时足以形成正常的交叉, 可以平衡分离。在纯合体状态下, 横裂的同源染色体对间相互配对; 在杂合体状态下, 即一对同源染色体中仅有一条发生着丝粒横裂时, 横裂形成的两条端着丝粒染色体分别与未横裂的一条同源中部着丝粒染色体的两条臂配对, 形成三价体, 如果端部形成交叉, 在中期则呈 V 型构型, 两条端着丝粒染色体移向一极, 未横裂的中部着丝粒染色体移向另一极。这样, 配子间染色体数虽然不同, 但在遗传上却是平衡的, 从而丰富了后代的遗传变异和组合。而近端着丝粒染色体横裂形成一条较长和一条很短的端

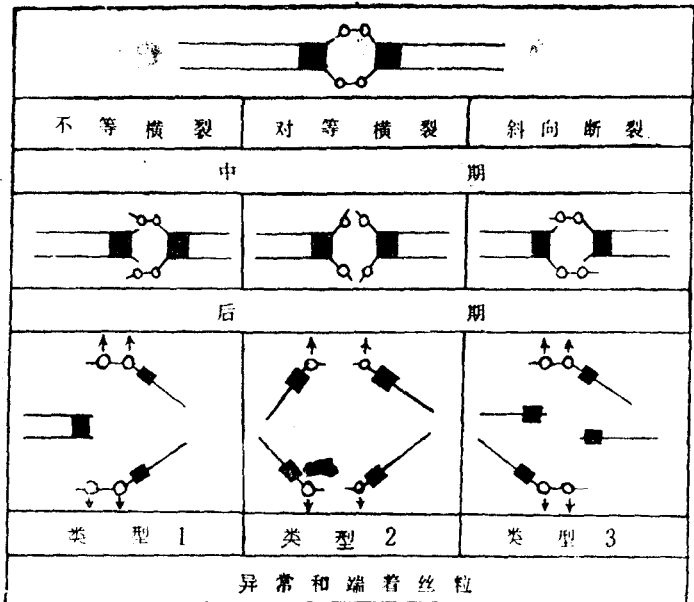


图 1 着丝粒错分裂类型示意图。说明见正文(自 Rieger 等, 1976, 稍修改)

Fig. 1. Centromere misdivision (modified after Rieger et al., 1976)

着丝粒染色体。短染色体可能太短不能形成交叉，因而不能正常分离而导致丢失或成为B染色体。

综上所述，可以看出，着丝粒横裂明显具有以下几方面的细胞遗传学效应和进化意义：(1)改变了连锁关系，增加了连锁群数，使原来紧密连锁的某些基因自由分配，增加了组合数，提高了植物对不同环境的适应能力；(2)改变了染色体基数；(3)改变了核型对称性。就这一点讲，着丝粒横裂的作用与一般认为的核型对称性的进化趋势是一致的；(4)影响交叉、交换和重组频率及不同配子间的比率。

## 二、着丝粒并合

### 1. 并合现象的普遍性

着丝粒并合亦称为Robertson并合或Robertson易位，是指两条近端或端着丝粒染色体相互不等易位，并合成一条具中部着丝粒染色体和一个通常被丢失的小片的过程，也是动植物染色体和核型进化中染色体数目、结构和核型对称性改变的主要方式之一。在苔藓、裸子植物和被子植物中都已有报道。

Jones (1974, 1978b)对中美洲地区鸭跖草科的*Gibasis*属的研究表明，*G. schiedeana* ( $2n = 16$ )和*G. karwinskyana* ( $2n = 20$ )在细胞学上表现为同源四倍体，自交可育，染色体组成分别为 $12M + 4A$ 和 $8M + 12A$ ，染色体基数分别为 $X = 4$  ( $3M + 1A$ )和 $X = 5$  ( $2M + 3A$ )，但二者杂交不育，两者间不存在直接的Robertson关系。后来发现了*G. schiedeana*的一个二倍体自交不育的细胞型 $2n = 10$  ( $4M + 6A$ )， $X = 5$  ( $2M + 3A$ )。从染色体组成可以看出*G. schiedeana*的这两个细胞型间可能存在有着丝粒并合关系。人工杂交 $F_1$ 代杂种减数分裂时，近端部着丝粒染色体(A)可以与中部着丝粒染色体(M)的一臂配对，说明这个种中多倍化和着丝粒并合作用是其主要进化方式。染色体基数由5演化为4，染色体的演化方式为 $A + A \rightarrow M + m$ 。Kenton (1981a)研究了本属*G. venustata* ( $X = 6$ )和*G. speciosa* ( $X = 5$ )，表明也存在类似的着丝粒并合关系。

Jones等(1978b, 1981)对本科*Cymbispatha*属的深入研究表明，也存在一系列的着丝粒并合及多倍化作用。本属几种植物核型及臂指数如表2所示。可以看出，染色体数虽各不相同，但臂指数N.F.值却都是7的倍数。这种状况表明了Robertson易位与多倍化的联合作用。同时，有 $2n = 14A$ 的核型，因此本属中(由 $2n = 7M$ )着丝粒横裂的可能性不大，只有着丝粒并合与染色体加倍联合作用才能形成上述状况。同样数目的染色体在本属可能代表了不同的倍性，如 $2n = 14A$ 为二倍体，而 $2n = 14M$ 则代表了“四倍体”水平，它在减数分裂时能形成较高比例的“四倍体”。在这一点上，开阔了我们对多倍化现象的认识。

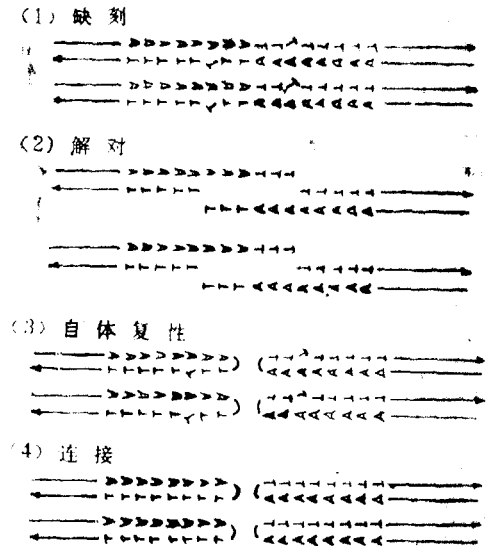


图2 着丝粒横裂的分子模型。说明见正文(自Dancis和Holmquist, 1979, 稍修改)。  
Fig. 2. Molecular model of centric fission (modified after Dancis and Holmquist, 1979)

表 2 *Cymbispatha* 属几个种的核型组成

种 名	2n	核 型	N.F.
<i>C. geniculata</i>	14	2n=14A	14
<i>C. plusiantha</i>	12	2n=2M+10A	14
<i>C. sp.</i>	36	2n=6M+30A	42
<i>C. standleyi</i>	16	2n=12M+4A	28
<i>C. commelinoides</i>	14	2n=14M	28
<i>C. commelinoides</i>	22	2n=20M+2A	42
<i>C. commelinoides</i>	28	2n=28M	56
<i>C. commelinoides</i>	30	2n=26M+4A	56

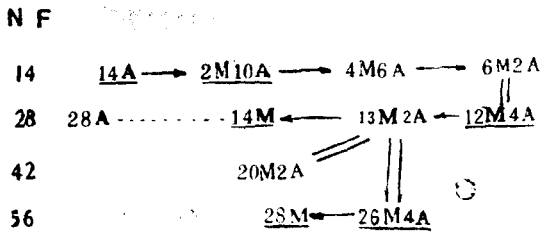


图 3 *Cymbispatha* 属核型间可能的进化关系。(划线者为已观察到的核型)。

Fig. 3 Evolutionary relationship between karyotypes of *Cymbispatha* (those underlined were already found) (after Jones, 1978b).

易位, 融合形成一个更长的中部着丝粒染色体和一个更短的染色体片段, 后者常丢失(类型 1); 两条端着丝粒染色体的近着丝粒区或短臂发生断裂, 经融合形成一个具双着丝粒染色体和一个丢失的无着丝粒片段。形成的双着丝粒染色体的两个着丝粒相距很近, 因此功能上就如一个一样(类型 2); 还有着丝粒本身发生断裂和融合(类型 4)等等。

Dancis 和 Holmquist (1979) 根据端粒复制模型提出了着丝粒并合的一种分子模型。其过程为: 形成缺刻、解对、链内复性、修复、连接, 最后经移链完成并合, 中间步骤较多, 较为复杂。Watson (1972) 提出的端粒复制要经过两个 DNA 分子末端连接形成二聚体中间状态

根据这些作用, Jones (1978b) 推测本属可能的进化关系为(图 3)。

### 2. 着丝粒并合的形式与机制

John 和 Freeman (1975) 曾讨论过着丝粒并合的几种形式, 划分出 6 种情形(图 4)。如: 一条端着丝粒染色体的短臂和另一端着丝粒染色体的长臂在很靠近着丝粒的附近发生对等断裂, 紧接着交互

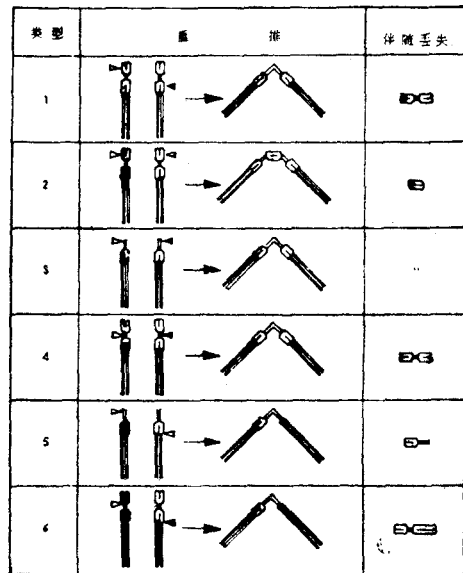


图 4 着丝粒并合的几种可能形式。箭头示断裂部位, 着丝粒两侧粗的部分为异染色质区(自 John 和 Freeman, 1975)。

Fig. 4 The possible types of centric fusion (after John and Freeman, 1975)

才能完成的模型为着丝粒的并合提供了更简捷的可能,其主要过程为:(1)由于DNA的不连续复制,在成熟过程中,随着冈崎片段的连接,就产生越来越长的DNA片段,只有5'末端上仍留有空隙,即复制过程中5'末端上第一个RNA引物分子的位置;(2)两个DNA分子的3'末端单链部分有互补序列,互相配对退火;(3)3'末端伸长,并经连接形成双倍长度的二聚体。一般情况下经过内切酶的作用等过程可形成2个完整的DNA分子,如不经内切,则两个DNA分子就并合形成了一个二倍长度的二聚体分子(图5)。这个模型虽然是针对所有线性DNA分子的,但对端部着丝粒染色体来说,这种可能性更大。因为着丝粒还往往是具有互补序列的重复DNA,所以形成上述分子间配对的可能性较大。但是,与Dancis等的模型一样,尽管都从分子水平,尤其是从端粒DNA的复制机理方面为着丝粒并合提供了可能,但都尚待进一步生物化学证据的证实。

### 3. 着丝粒并合的细胞遗传学效应及其进化意义

着丝粒并合如果形成纯合子,则并合形成的两条中部着丝粒染色体间正常配对和分离。如果并合形成杂合子即一对同源端着丝粒染色体中仅有一条与另一对中的一条并合形成一条中部着丝粒染色体时,新形成的一条大中部着丝粒染色体可以以其两臂分别与和它同源的两条端着丝粒染色体配对,形成正常的V型三价体,能正常形成交叉从而平衡分离,未并合的两条端着丝粒染色体移向一极,并合了的一条中部着丝粒染色体移向另一极,结果一半配子具有新中部着丝粒染色体。如果自交可育则可由此形成着丝粒并合纯合子,如为异花授粉则可通过同胞交配形成纯合子。并合过程中形成的小中部着丝粒染色体

或染色体片段在减数分裂时可与近端着丝粒染色体的短臂配对,但由于太短,很难正常联会和形成交叉,因此一般多以单价体的形式存在,在后期随机分离,但一般不含重要结构基因,因此很快就从染色体组中淘汰掉,有些保留下来的则常被当作B染色体。

可以看出,着丝粒的并合既增加了染色体的大小,也增加了染色体和核型的对称性。一般认为在动物中这是主要的进化趋势。但在植物中却与此相反,一般认为植物核型是由对称向不对称进化的(Stebbins, 1977),中部着丝粒染色体向端部或近端部着丝粒染色体演化。但Jones(1977, 1978a, 1978b)认为,在植物中应同样存在着与动物中类似的进化形式。他对鸭跖草科的深入研究说明Robertson易位和多倍化联合作用是其染色体和核型进化的主要形式。笔者认为Jones的观点是可取的,它是对Stebbins等染色体及核型进化理论的必要补充和完善。着丝粒并合具有明显的细胞遗传学效应:

(1) **短臂的丢失**:着丝粒的并合常伴随着短臂的丢失。由于着丝粒附近一般都为异染色质的重复序列,不含重要的结构基因,因此它的丢失对个体影响不大,但是值得注意的是B

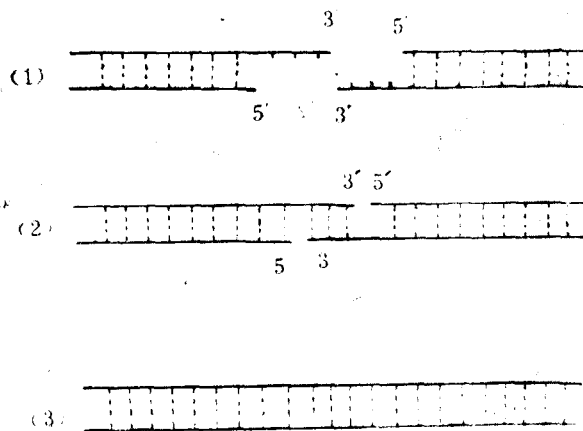


图5 线性DNA复制时二聚体的形成

Fig. 5 The dimer formation of linear DNA replication.

染色体的起源可能与此有一定关系。

(2) 连锁关系的改变: 由于减数分裂时的特殊配对作用, 无论在杂合子还是纯合子中, 着丝粒并合都使原来自由分离的两个连锁群“结合”形成一个大的连锁群, 使总的连锁群数减少, 从而导致了可能的组合数的减少, 使后代更为均一化, 对某些适应其环境的类群迅速扩大个体数有利, 但不利于对不良环境的适应和选择作用。

(3) 交叉频率及位点的变化: 两对端部着丝粒染色体要成功地进行联会至少每对需要有一个交叉, 而一对派生的中部着丝粒染色体则只要有一个就可以了。因此, 如果对选择有利, 着丝粒并合可以允许有较少的交叉。同时交叉的位置也有变化, 端部和近端部着丝粒染色体多形成近轴区交叉, 而中部着丝粒染色体的近轴区形成交叉的比例较低。这样交叉位置和频率的改变也就改变了重组方式和频率。

### 三、着丝粒横裂与并合的判断

上面讨论了很多着丝粒横裂与并合的现象、机理和进化意义。但要判断某个分类群中的染色体变异到底是横裂还是并合并不容易。最基本的准则是要确定一个分类群的原始基数是什么? 由原始基数上行, 伴随中部着丝粒染色体的减少和端部着丝粒染色体增加的变化则为横裂; 反之, 下行基数减少而端着丝粒染色体减少, 中部着丝粒染色体增加的变化则为并合。在实际工作中, 往往不易确定一个类群的原始基数。正是对原始基数的看法不一致, 而又缺乏充分的证据, 从而在很多植物类群中有着截然相反的观点。

裸子植物罗汉松科(*Podocarpaceae*)是较广泛研究过的一个例子。Hair 和 Beuzenberg (1958)研究了 7 属约 50 种植物的染色体构成, 提出本科很多属存在着着丝粒并合即 I 型染色体并合形成 V 型染色体的作用。如罗汉松属(*Podocarpus*)有  $2n = 38(2V + 36I) \rightarrow 2n = 36(4V + 32I) \rightarrow 2n = 34(6V + 28I)$ ;  $2n = 26(14V + 12I) \rightarrow 2n = 24(16V + 8I) \rightarrow 2n = 22(18V + 4I) \rightarrow 2n = 20(20V)$ ; 陆均松属(*Dacrydium*)有  $2n = 30(10V + 20I)$ ;  $2n = 24(8V + 16I) \rightarrow 2n = 22(10 + 12I) \rightarrow 2n = 18(14V + 4I) \rightarrow 2n = 20(20V)$  等进化关系。但是, Ehrendofer (1976) 等认为, 本科核型的进化趋势与此相反, 是横裂而非并合, 即由一系列的横裂使染色体基数增加, V 型染色体演化为 I 型染色体。由于双方都缺乏充分的证据, 因此难以肯定原始基数, 也就无法确认染色体进化形式是横裂还是并合。苏铁属(*Cycas*)的情况与此类似, Marchart (1968) 和 Jones (1978a) 认为着丝粒并合作用, 由  $X = 11(6M + 5T) \rightarrow X = 9(8M + 1T)$ ,  $X = 13(2M + 11T) \rightarrow X = 8(7M + 1T)$ 。但是, Ehrendofer (1976) 和杨涤清等 (1985) 认为苏铁染色体进化的主要方式是着丝粒横裂而非并合, 即向着与上面相反的方向进行。此外, 石蒜属(*Lycoris*)等类群也有类似的争议, 至今尚难定论。

要解决这个问题, 单靠核型分析是不够的, 还应结合植物类群的形态演化等其它方面的综合研究才能判断一定类群的原始基数。同时, 染色体的其它变异形式如多倍化、倒位、易位、互换等都会使着丝粒的横裂与并合不同程度的掩盖起来, 只有综合研究才能弄清染色体的变异和进化作用。

总之, 着丝粒的横裂与并合是植物染色体变异和进化的重要形式, 应该引起我们的足够重视, 使我们对不同类群的细胞分类学研究走向深入。

## 参考文献

- (1) 杨淙清等, 1985: 植物分类学报 23(5): 352—354.
- (2) 洪德元, 1986: 植物学报 28(1): 1—10.
- (3) Bose, S. and W. S. Flory, 1963: *Nucleus* 6: 141—156.
- (4) Brantham, P. E. and J. Durodie, 1981: *Kew Bull.* 36(2): 213—215.
- (5) Chauhan, K.P.S. and P. E. Brandham, 1985: *Kew Bull.* 40(3): 567—571.
- (6) Dancis, B. M. and G. P. Holmquist, 1979: *J. Theor. Biol.* 78(2): 211—224.
- (7) Ehrendofer, F. 1976: in C. B. Beck (ed.) 被子植物的起源与早期演化。(张芝玉译) pp142—156. 科学出版社.
- (8) Guillen, A. and M. R. Rejon, 1984: *Caryologia* 37(3): 259—267.
- (9) Hair, J. B. and E. J. Beuzenberg, 1958: *Nature* 181: 1584—1586.
- (10) Holmquist, G. P. and B. M. Dancis, 1979: *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 76(9): 4560—4570.
- (11) John, B. and M. Freeman, 1975: *Chromosoma (Berl.)* 52(2): 123—136.
- (12) Jones, K. 1974: *Chromosoma (Berl.)* 45(4): 353—368.
- (13) Jones, K. 1977: *Chromosomes Today* 6: 121—129.
- (14) Jones, K. 1978a: *Nucleus* 21(2): 152—157.
- (15) Jones, K. 1978b: *Adv. Bot. Res.* 6: 119—194.
- (16) Jones, K., Bhattarai, S. and D. R. Hunt, 1981: *Bot. J. Linn. Soc.* 83(2): 141—156.
- (17) Jones, K., Kenton, A. and D. R. Hunt, 1981: *Bot. J. Linn. Soc.* 83(2): 157—188.
- (18) Karasawa, K. and R. Tanaka, 1980: *Cytologia* 45(1/2): 87—102.
- (19) Kenton, A. 1981a: *Chromosoma (Berl.)* 84: 291—304.
- (20) Kenton, A. 1981b: *Kew Bull.* 36(3): 487—492.
- (21) Ladizinsky, G. and R. Temkin, 1978: *Theor. Appl. Genet.* 53(1): 33—42.
- (22) Lalithambika, B. K. and P. I. Kuriachan, 1981: *Caryologia* 34(3): 327—336.
- (23) Marchant, C. 1968: *Chromosoma (Berl.)* 24: 100—134.
- (24) Mattsson, O. 1971: *Bot. Tidsskr.* 66: 189—227.
- (25) Mcadam, S. V. 1982: *J. Bryol.* 12(2): 233—258.
- (26) Nassar, N. M. A. and M. L. R. De Aguiar, 1978: *Caryologia* 31(1): 7—14.
- (27) Parker, J. S. et al. 1982: *Chromosoma (Berl.)* 85(5): 673—686.
- (28) Peter, G. 1979: *Plant Syst. Evol.* 133(1/2): 61—70.
- (29) Rieger, R. et al. 1976: *Glossary of Genetics and Cytogenetics. Springer-Verlag, Berlin.*
- (30) Stebbins, G. L. 1977: *Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold, London.*
- (31) Strid, A. 1968: *Not. Not.* 121: 153—164.
- (32) Watson, J. D. 1972: *Nature Lond., new Biol.* 239: 197.



## CENTRIC FISSION, CENTRIC FUSION AND THEIR SIGNIFICANCE IN CHROMOSOMAL EVOLUTION OF HIGHER PLANTS

Yuan, Yong Ming

(Department of Biology, Lanzhou University)

**Abstract** In this paper, centric fission, centric fusion, their mechanism and significance in chromosomal evolution of higher plants were reviewed. Centric fission and centric fusion were two contradictive and dialectally unified processes. They were fundamental types of chromosomal variations of higher plants, both influencing on basic number, symmetry & asymmetry of karyotype, linkage relationship, frequency and locus of crossing over etc. of plant taxa. Hence they have significant roles in chromosomal evolution. The models for centromere and telomere duplication give us hints to understand the mechanism of centric fission and fusion, but it is still awaiting to be confirmed by biochemical evidences. Ancestral basic number is a key to determine whether a variation is fission or fusion.

**Key words** Centric fission; Centric fusion; Chromosomal evolution