

研究简报

中华沙棘的核型分析\*

刘 琰 徐炳声

(复旦大学生物系, 上海)

KARYOTYPE ANALYSIS OF CHINESE SEABUCKTHORN

Liu Yan, Xu Bingsheng (Hsu Ping Sheng)  
(Department of Biology, Fudan University, Shanghai)

关键词 中华沙棘; 核型

Key words *Hippophaë rhamnoides* subsp. *sinensis*; Karyotype

中华沙棘 (*Hippophaë rhamnoides* Linn. subsp. *sinensis* Rousi) 属胡颓子科, 产我国西北部和西南部, 是一种优良的固砂植物。沙棘的果实含多种维生素, 是颇具开发价值的保健饮料资源。沙棘属 (*Hippophaë*) 全世界共 4 种, 细胞学资料仅限于沙棘原亚种 (*H. rhamnoides* ssp. *rhamnoides*)<sup>[2,4-6,8-9]</sup>。本文首次报道了中华沙棘的染色体数目, 并进行了核型分析, 旨在为开发利用我国沙棘资源, 探讨沙棘属的起源与进化, 提供必要的细胞学资料。

材料与 方法

实验所用中华沙棘种子采自青海省大通县东峡林区海拔约 2600 米的河谷山麓地带, 凭证标本存青海省农林科学研究院。

将种子发根到 0.5—1 cm 时, 用 0.002 mol 8-羧基喹啉预处理 5h, 卡诺液固定 20h, 1N HCl 60°C 解离 5', 改良石碳酸品红染色并压片。制片用冰冻揭盖法, 中性树胶封成永久片。

本文于 1986 年 10 月 6 日收到。

\*承青海省农林科学研究院许重九同志提供中华沙棘种子, 特致谢意。

## 结果与讨论

经过50个染色体分散良好的根尖细胞观察计数, 确定中华沙棘的染色体数目为  $2n = 24$ , 与Rousi<sup>[8-8]</sup>, Magulaev<sup>[4]</sup>, Shchapov<sup>[9]</sup> 和 Pogan等<sup>[5]</sup> 关于沙棘的染色体数目相同, 但与Singh等<sup>[10]</sup> 的报道  $n = 9$  不一致。核型分析按Levan等<sup>[3]</sup> 的标准为  $K(2n) = 24 = 20m(2SAT) + 4sm$ , 第5对染色体具随体。(见图1, 2, 表1)。

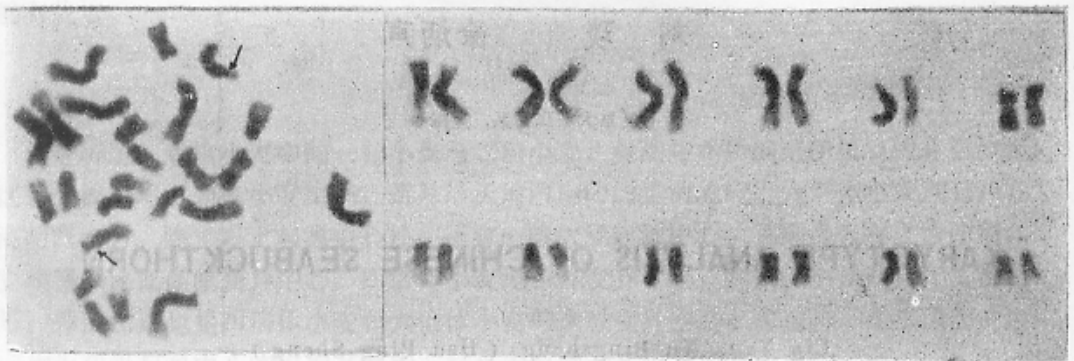


图1 中华沙棘的体细胞染色体形态和核型  
→ 示随体所在位置

Fig. 1 The morphology of somatic chromosomes and karyotype in *Hippophaë rhamnoides* ssp. *sinensis*  
→ denotes the site of satellite

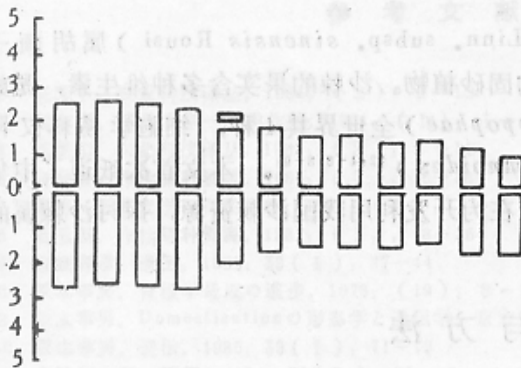


图2 中华沙棘的核型模式图

Fig. 2 The idiogram of *Hippophaë rhamnoides* ssp. *sinensis*

中华沙棘的12对染色体均具中部或近中部着丝点, 根据Stebbins<sup>[11]</sup> 的核型不对称性标准, 属于“2B”型。据Rousi<sup>[8]</sup> 报道, 沙棘的染色体组是由7对中部或近中部着丝点染色体和5对近端部着丝点染色体所组成。由此可见, 就核型的不对称性而言, 中华沙棘比沙棘原始。

沙棘的倍性水平是个有争议的问题。Darmer<sup>[2]</sup> 发现沙棘有  $2n = 12$  与  $2n = 24$  两种情形, 因此推测该种中存在着两个形态极为相似的细胞型 (cytotype), 即  $2n = 12$  的二倍体型和  $2n = 24$  的四倍体型。但Rousi<sup>[8]</sup> 通过对沙棘Giemsa C带的分析, 认为它不可能是一个同源四倍体, 而是一个二倍体。他认为 Darmer<sup>[2]</sup>  $2n = 12$  的计数可能是从一个异常的单倍体材料观察到。本实验对中华沙棘的染色体观察也未发现  $2n = 24$  以外的任何变异。从胡颓子科的染色体基数变异范围多在 11 与 14 之间<sup>[1]</sup> 的情况看, 中华沙棘属二倍体的可能性较大。

表 1 中华沙棘的染色体长度、臂比和类型

Table 1 The lengths, arm ratios and classifications of chromosomes in *Hippophaë rhamnoides* ssp. *sinensis*

序号 No.	绝对长度 length( $\mu\text{m}$ )	短 臂 Short arm ( $\mu\text{m}$ )	长 臂 Long arm ( $\mu\text{m}$ )	相对长度% Relative length	臂比(长/短) Ratio of arms (L/S)	类 型 Classifi- cation
1	5.20	2.40	2.80	11.61	1.17	m
2	5.20	2.48	2.72	11.61	1.10	m
3	5.12	2.40	2.72	11.43	1.13	m
4	5.00	2.20	2.80	11.16	1.27	m
5	3.60	1.60	2.00	8.04	1.25	m*
6	3.40	1.68	1.72	7.59	1.02	m
7	3.20	1.40	1.80	7.14	1.29	m
8	3.00	1.40	1.60	7.00	1.14	m
9	2.88	1.20	1.68	6.43	1.40	m
10	2.80	1.28	1.52	6.25	1.19	m
11	2.80	1.00	1.80	6.25	1.80	sm
12	2.60	0.80	1.80	5.80	2.25	sm

全组染色体总长度44.80微米; \*为随体染色体

Total length of the genome=44.80 $\mu\text{m}$ ; \*SAT-chromosome

## 参 考 文 献

- 1 Arohonka T, Rousi A. *Ann Bot Fenn*, 1980; 17: 258-263
- 2 Darmer G. *Biol Zentralbl*, 1947; 66: 166-170
- 3 Levan A, Fredga K, Sandberg A A. *Hereditas*, 1965; 52(2): 201-220
- 4 Magulaev A J. *The Flora of the Northern Caucasus*, 1976; 2: 51-62
- 5 Pogan E, Weislo H, Jzmailow R et al. *Acta Biol Cracov, Ser Bot*, 1982; 24: 159-189
- 6 Rousi A. *Ann Bot Fenn*, 1965; 2: 1-18
- 7 Rousi A. *Ann Bot Fenn*, 1971; 8: 177-227
- 8 Rousi A, Arohonka T. *Hereditas*, 1980; 92: 329-330
- 9 Shchapov N S. *Genetika*, 1979; 13(1): 45-47
- 10 Singh G, Bir S S, Gill B S. *Taxon*, 1982; 31: 776
- 11 Stebbins G L. *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. London: Edward Arnold Ltd, 1971