

水杉的核型研究*

李林初

(复旦大学生物系)

提 要

本文观察了水杉的染色体,确定 $2n=22$,核型公式为 $K(2n)=22m(2SAT)$,全具中着丝点,有一对随体。第8、10、11号染色体具“长着丝点区域”。属“1A”型,与北美红杉-AA的核型非常相近,可能是它的一个亲本种的直接后裔。

关键词: 水杉; 北美红杉; 染色体; 核型

水杉 (*Metasequoia glyptostroboides* Hu et Cheng) 隶于杉科 (Taxodiaceae) 为水杉属 (*Metasequoia*) 的单型种, 特产我国的珍贵树种^[1], 被列为国家一级重点保护。笔者以原产地湖北省利川县的水杉为材料进行了核型分析, 对水杉的进化程度和系统地位作了初步探讨, 旨在进一步研究杉科的系统演化提供必要的细胞学资料, 对培育水杉良种也有一定参考价值。

材料和方法

将水杉种子用60℃温水浸泡, 40℃保温4-6小时后25℃恒温培养, 待长出1厘米左右胚根时经0.002M 8-羟基喹啉液预处理6小时, 卡诺氏液固定, 常规制片, 染色用改良的苯酚品红液。同源染色体配对后列成图1, 测量数据取平均值制成表1, 并绘成核型模式图2。

观察结果

1. 从120个中期细胞分裂相进行染色体计数, 确定 $2n=22$, 与前人^[1, 7, 17]的研究结果相同, 未发现非整倍性变异和多倍现象, 也未见B染色体。根据10个染色体分散良好的分裂图象进行核型分析, 按Levan等^[13]的染色体分类标准, 确定水杉的核型公式为 $K(2n)=22=22m(2SAT)$, 全部染色体都具中部着丝点, 7号染色体的短臂具一随体

本文于1985年1月31日收到。

*承刘祖洞教授审阅全文, 我系傅文瑜同志协助显微摄影, 特此一并致谢。

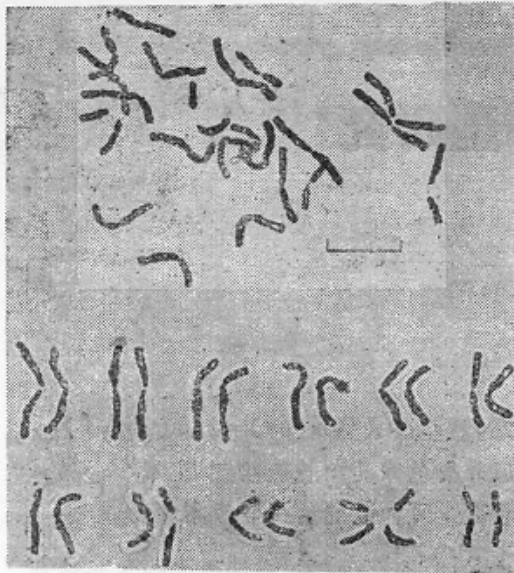


图1 水杉染色体核型
Fig.1 Karyotype of *Metasequoia glyptostroboides*

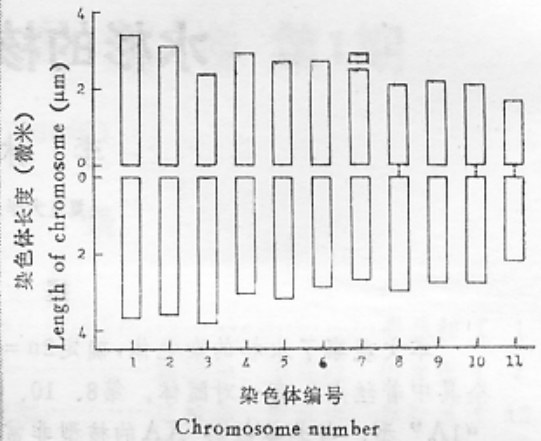


图2 水杉染色体核型模式图
Fig.2 Idiogram of *Metasequoia glyptostroboides*

(图1箭头指示),臂比范围1.07-1.56,平均值为1.23。染色体实际长度范围7.70-14.24微米,相对长度6.26-11.57,最长与最短染色体长度比为1.85,全组染色体总长度为123.09微米。

2. 由图1可见,水杉染色体上出现凹缢和染色明暗相间的条纹,在同源染色体的识别上有相当指示意义。这种情况是否与早有报道^[9, 10, 12, 13]的低温处理诱发染色体出现与异染色质有关的明暗条纹,即所谓分节、异染周期性区域(alloccyclic region)或H-segment等现象类似,有待于进一步研究。

3. 水杉的8、10、11号染色体长、短臂间距离较长(见图1,图2中以虚线标示),Schlarbaum^[14]称之为“长着丝点区域”(long kinetochore),这是水杉核型的特征,在多数细胞分裂相中都能看到。但未见Toda^[20]在日本柳杉(*Cryptomeria japonica*)中称作的Köpfchen(小体)。柳杉(*C. fortunei*)的11号染色体也具“长着丝点区域”,其短臂即为小体。笔者认为,“长着丝点区域”染色体的小体(短臂)-长随体结构,只在细胞分裂的早中期才较易见到,因这时染色体尚未缩得很短。同样是日本柳杉, Schlarbaum^[14]没有见到小体,本试验中也未见,可能都是由于染色体缩得较短的缘故。巨杉^[14](*Sequoiadendron gigantea*)的11号染色体便是一例。

表 1 水杉的染色体长度、臂比和类型

Table 1 The Lengths, Arm Ratios and Types of Chromosomes in *Metasequoia glyptostroboides*

编号 No.	绝对长度 (微米) Absolute length(μm)			相对长度 (%) Relative length (%)	臂 比 Ratio of arms (Long/Short)	类 型 Type
	全 长 Total	短 臂 Short arm	长 臂 Long arm			
1	14.24	6.84	7.40	11.57	1.08	m
2	13.42	6.26	7.16	10.90	1.14	m
3	12.43	4.85	7.58	10.10	1.56	m
4	12.09	5.75	6.34	9.82	1.10	m
5	11.74	5.35	6.39	9.54	1.19	m
6	11.26	5.37	5.90	9.15	1.10	m
7	10.36	5.01	5.35	8.42	1.07	m*
8	10.14	4.22	5.92	8.24	1.40	m
9	10.01	4.44	5.57	8.13	1.25	m
10	9.70	4.13	5.57	7.88	1.35	m
11	7.70	3.37	4.33	6.26	1.28	m

*随体染色体, 随体长度不计算在内

*Sat-chromosome. The length of satellite is not included in the chromosome length

染色体组总长度=123.09微米

Total length of the genome of the species=123.09μm

表 2 水杉和北美红杉的核型比较

Table 2 The Karyotypic Comparison between *Metasequoia glyptostroboides* and *Sequoia sempervirens*

种 名 Species	水 杉 (<i>Metasequoia glyptostroboides</i>)	北 美 红 杉-AA* (<i>Sequoia sempervirens</i> -AA)
染色体类型	22m	22m
相对长度差值 (%)	5.31(11.57-6.26)	5.87(11.94-6.07)
臂比差值	0.49(1.56-1.07)	0.49(1.54-1.05)
平均臂比	1.23	1.22
核型不对称系数(A _s ·K%)	54.85	54.34
臂比>2的染色体比例	0	0
最长染色体/最短染色体	1.85	1.97
核型类型	1A	1A

*表中数据系笔者根据原作者染色体资料经相应处理后填入

讨 论

1. 水杉核型的染色体具中着丝点, 它们的长度也较为接近, 为对称核型。水杉的最长与最短染色体之比小于2, 没有臂比大于2的染色体, 因此属Stebbins^[1]的“1A”, 这是最对称的核型类别, 表明水杉在进化上处于相当原始的地位。按Arano^[8]的核型不对称系数(长臂总长/染色体组总长), $As \cdot K\% = 54.85$, 同样表示水杉核型较为对称。

杉科中仅有水杉的叶、球果鳞片对生, 一般认为这是比较进化的性状, 以致胡先骕和郑万钧^[11]提出将水杉另立成杉科和柏科(Cupressaceae)之间的一个新科—水杉科(Metasequoiaceae)。但从水杉的核型来看, 尽管它有本身的特点, 但与国产的水松(*Glyptostrobus pensilis*)^[4]和柳杉(*Cryptomeria fortunei*)^[5]的核型十分接近而同属杉科中较为原始的“1A”类型。我们完全赞成王伏雄等^[2]依据胚胎学资料所作的结论, 即不支持胡先骕和郑万钧将水杉另立一科的意见, *Metasequoia* 仍应保持一个单种属的位置。水杉染色体核型的原始性与其较为进步的形态特征间似无相关性, 这说明了进化过程的复杂性, 各种形态性状往往沿着不同的路线演变。所以在确定植物的系统位置时, 应用多方面的资料加以论证, 才能得到较为符合自然系统的结论。

2. Stebbins^[11]认为水杉与北美红杉(*Sequoia sempervirens*)最为近缘, 并推测后者($2n = 6x = 66$)可能为杂交起源的同源异源多倍体(autoallopolyploid, 基因型AAAABB)或部分异源多倍体(segmental allopolyploid, 基因型 $A_1A_1A_1A_1A_2A_2$ 或 $A_1A_1A_2A_2A_3A_3$), 杂种的亲本之一为水杉属的一个早第三纪或中生代的古代种, 水杉是它的直接后裔。Saylor等^[14]分析了北美红杉的核型, 认为它是同源异源多倍体(AAAABB)。笔者把它的AA核型与水杉进行了比较(表2), 二者同属“1A”型而且非常相近。染色体资料支持了Stebbins的上述假设, 即水杉可能为北美红杉的一个亲本种的直接后裔。二者同具杉科中较为特殊的扁盾形的种鳞^[3]也支持它们具有十分相近的亲缘关系。

参 考 文 献

- [1] 方永鑫, 1981; 上海师范学院“生物学通讯”, 4期: 7-10.
- [2] 王伏雄, 钱南芬, 1964; 植物学报, 12(3): 241-252.
- [3] 刘永传等, 1978; 水杉. 湖北人民出版社, 5.
- [4] 李林初, 1984; 林业科技, 5期: 5-6.
- [5] 李林初, 徐炳声, 1984; 林业科学, 20(3): 323-326.
- [6] 郑万钧, 傅立国, 1978; 中国植物志(第七卷), 科学出版社, 310.
- [7] 日诘雅博·田中隆莊, 1979; 遗传(日), 33(6): 31-37.
- [8] Arano, H., 1963; Bot. Mag. Tokyo, 76: 32-39.
- [9] De Robertis, E. D. P. et al., 1954; General Cytology. W. B. Saunders Company, London, 237-241.

- [10] Haga, T. and M. Kutabayashi, 1953; *Cytologia*, 18: 13-28.
- [11] Hu, H.H. and Cheng, W.C. (胡先骕、郑万钧), 1948; *Bull. Fan. Mem. Inst. Biol. N.S.*, 1(2): 153-161.
- [12] La Cour, L.P. et al., 1956; *Nature*, 177: 272-273.
- [13] Levan, A. et al., 1964; *Hereditas*, 62: 201-220.
- [14] Saylor, L.C. and H.A. Simons, 1970; *Cytologia*, 35: 294-303.
- [15] Schlarbaum, S.E. and T. Tsuchiya, 1975; *Silvae Genet.*, 24: 23-26.
- [16] Schlarbaum, S.E. et al., 1981; *J. Heredity*, 72: 62-63.
- [17] Stebbins, G.L., 1948; *Science*, 108: 95-98.
- [18] Stebbins, G. L., 1971; *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. Edward Arnold, London, 85-104.
- [19] Takehisa, A. et al., 1976; *Chromosoma (Berl.)*, 54: 165-173.
- [20] Toda, Y., 1981; *Kromosomo*, II-24: 707-712.

KARYOTYPE STUDY OF *METASEQUOIA GLYPTOSTROBOIDES*

Li Linchu

(Department of Biology, Fudan University)

Abstract

Metasequoia glyptostroboides Hu et Cheng (Taxodiaceae) is a timber tree endemic to China. The somatic chromosomes in root-tip cell are found to be $2n=22$, all with median constrictions. According to the terminology defined by Levan et al., the karyotype formula is $K(2n)=22m(2SAT)$ which is generally regarded as a rather primitive one. It belongs to "1A" type of Stebbins' karyotypic symmetry. Chromosome 7 has a satellite in its short arm. The photomicrographs of the chromosome complement and idiogram of the karyotype are given in Fig. 1 and Fig. 2 respectively. Measurements in micron of the chromosomes are given in Table 1. Chromosome 8, 10, 11 have long kinetochores (See Fig. 1 and Fig. 2) which are the character of the species.

Saylor analysed the karyotype of *Sequoia sempervirens* and the result tend to support most strongly its autoallopolyploid (AAAABB) origination suggested by Stebbins. With the karyotypes of *M. glyptostroboides* and *S. sempervirens* (AA) being much similar and both belonging to "1A" type (Table 2), the present author support Stebbins' suggestion that the former may actually be a direct descendant of an ancient ancestor of the latter.

Key words: *Metasequoia glyptostroboides*; *Sequoia sempervirens*; Chromosome; Karyotype