

思茅松不同居群的染色体核型研究

吴丽圆 赵文书

(云南省林业科学院 昆明 650204)

顾志建

(中科院昆明植物研究所, 昆明 650204)

S 791.259

S 722.5

摘要 对思茅松 [*Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen] 4个不同居群的染色体核型进行了研究。结果表明: 4个不同居群的染色体核型相似, 核型公式均为 $K(2n) = 24 = 24m$, 核型不对称性都属于 1A 型, 染色体次缢痕的数目和位置一致 (No. 3 长臂上); 4个不同居群仅在染色体长度比、着丝点端化值等指标上存在差异。与其他非裸子植物相比, 思茅松在染色体上较为保守。

关键词 思茅松, 居群, 染色体, 核型

思茅松 [*Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen] 是卡西亚松 (*Pinus kesiya* Royle ex Gord) 的地理变种^[1], 在我国分布于云南的南亚热带及准热带的湿润及半湿润地区, 而集中分布于思茅、景东、镇源、景谷、普洱、墨江等县^[2], 是我国主要用材和采脂树种之一。

思茅松的遗传改良工作始于 80 年代初期。云南省林业科学院通过思茅松的地理种源试验, 分别评选出适于用材和适于采脂的优良种源^[3], 在此基础上, 开展了思茅松优良林分 and 优树选择的研究^[4,5]。

思茅松染色体核型的研究, 国外未见报道。国内仅中科院昆明植物所在探讨云南松 (*Pinus yunnanensis* Franch) 与思茅松亲缘关系时, 报道了思茅松思茅种源的染色体核型^[6], 但对思茅松不同居群的染色体核型未做进一步研究。本项研究结合云南省林业科学院的思茅松遗传改良工作, 对普洱 (用材)、思茅 (用材)、景东 (采脂) 及镇源 4

个居群的思茅松染色体核型进行了研究, 以期对思茅松优质高效工业原料林培育技术的研究提供细胞学依据。

1 材料与方 法

思茅松 4 个不同居群的种子分别采自普洱卫国局、思茅曼歇坝、景东者后、镇源恩乐, 由思茅松种源实验组提供。

种子用水浸泡 24h 后, 置培养皿中于 25℃ 恒温箱内培养发芽, 待胚根长至 1~2cm 时, 取根尖用 0.05% 的秋水仙素溶液于 25℃ 恒温处理 6~8h, 用 95% 乙醇和冰乙酸 (比例 3:1) 于冰水中固定 30min, 经 45% 冰乙酸和 1N 盐酸 (比例 1:1) 在 60℃ 下解离 60~70s 后, 又用 1% 的醋酸地衣红染色和压片, 并显微摄影和制作永久装片。体细胞分裂中期核型分析根据李懋学和陈瑞阳 (1985) 的标准^[7], 核型不对称性按 Stebbins (1971) 的分类标准^[10], 核型不对称程度的

• 1998-11-17 收稿

本文是思茅松工业原料林优质高效培育技术研究课题相关的细胞学研究部分内容。

计算采用荒野久男等 (1975)^[11] 的方法, 即着丝点端化值 (T·C·%) = (染色体长臂总长度/染色体总长度) × 100。

2 试验结果

2.1 染色体数目

从思茅松 4 个不同居群的染色体制片中, 各观察 60 个细胞。并以其进行染色体计数, 结果表明思茅松 4 个不同居群的根尖

细胞染色体数目极恒定, 均为 $2n = 24$, 未发现非整倍性变异, 这与国外有关松属 (*Pinus*) 植物的染色体数报道一致。

2.2 染色体组型

染色体组型是各用 10 个细胞的染色体测量计算取其平均值。次缢痕是用显微镜观察制片与照片配合确定。

思茅松 4 个不同居群的根尖细胞染色体形态结构和核型如图版 I、II; A—H 所示, 核型分析见表 1、表 2, 核型模式图见图 1。

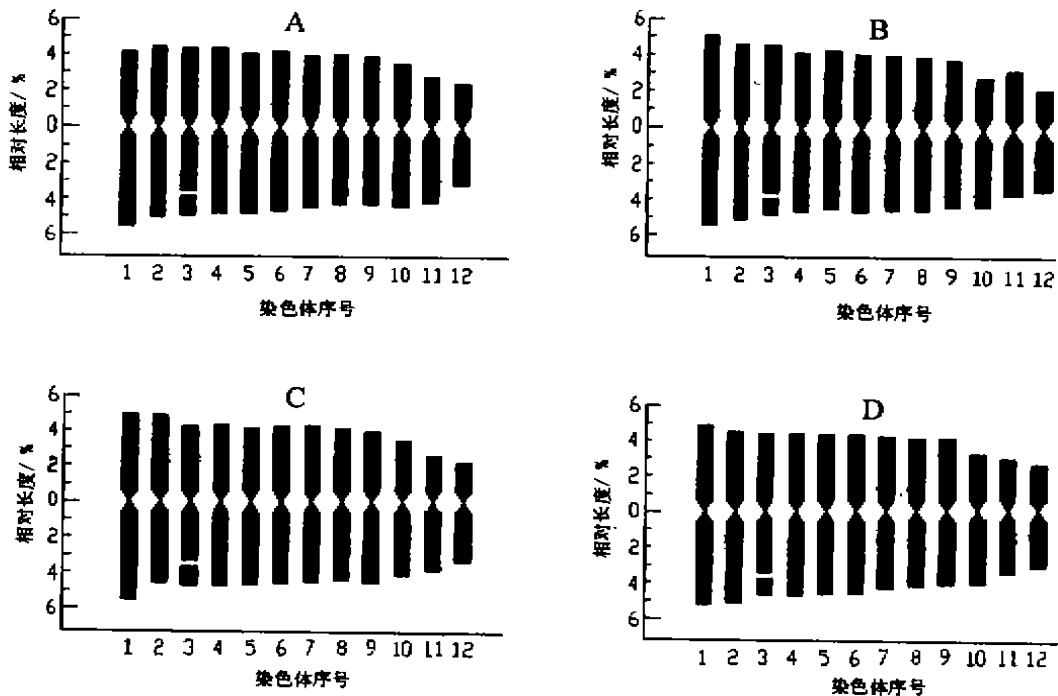


图 1 思茅松不同居群的染色体核型模式图
A: 普洱卫国局居群; B: 思茅曼歇坝居群; C: 景东者后居群; D: 镇源恩乐居群;

表 1 思茅松不同居群的染色体核型参数

染色体	普洱卫国局居群			思茅曼歇坝居群			景东者后居群			镇源恩乐居群		
	$K(2n) = 24 = 24m$			$K(2n) = 24 = 24m$			$K(2n) = 24 = 24m$			$K(2n) = 24 = 24m$		
No	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC	RL	AR	PC
1	9.71	1.35	m	10.53	1.08	m	10.34	1.10	m	9.99	1.08	m
2	9.42	1.13	m	9.72	1.11	m	8.94	1.04	m	9.54	1.16	m
3	9.23	1.13	m	9.35	1.05	m	8.93	1.13	m	9.08	1.09	m
4	9.14	1.11	m	8.72	1.10	m	8.91	1.12	m	9.04	1.08	m
5	8.85	1.19	m	8.68	1.04	m	8.82	1.14	m	8.90	1.09	m
6	8.75	1.12	m	8.62	1.13	m	8.75	1.08	m	8.89	1.09	m
7	8.39	1.13	m	8.50	1.11	m	8.68	1.07	m	8.49	1.05	m
8	8.27	1.05	m	8.42	1.13	m	8.49	1.06	m	8.29	1.05	m
9	8.17	1.07	m	8.01	1.14	m	8.49	1.16	m	8.25	1.03	m
10	7.83	1.26	m	7.10	1.50	m	7.61	1.23	m	7.29	1.30	m
11	6.89	1.50	m	6.80	1.09	m	6.42	1.53	m	6.44	1.23	m
12	5.58	1.32	m	5.56	1.51	m	5.60	1.56	m	5.79	1.27	m

注: RL 为相对长度 (%); AR 为臂比率; PC 为着丝点位置。

表2 思茅松不同居群的染色体核型比较

	普洱卫国局居群	思茅曼歇坝居群	景东者后居群	镇源恩乐居群
染色体长度比	1.74	1.89	1.85	1.73
核型不对称性	1A	1A	1A	1A
T. C %	54.3%	53.27%	53.58%	52.73%
染色体组臂比幅度	1.05-1.50	1.04-1.51	1.04-1.56	1.03-1.30
染色体组相对长度变异幅度	5.58-9.71	5.56-10.53	5.60-10.34	5.79-9.99
染色体组相对长度差值	4.13	4.97	4.74	4.2

3 讨论

思茅松4个不同居群的染色体核型,均具有11对(No. 1_x-11)长染色体,另有1对(No. 12)与前者有明显差别的较短的染色体;所有12对染色体均具中部着丝点(m)染色体;4个不同居群的核型不对称性都属于1A型,即均属于比较典型的对称型核型;4个不同居群的染色体次缢痕的数目与位置相同,均只有第3对染色体具次缢痕,且是在长臂上。

4个不同居群染色体核型也存在一些差异。染色体长度比、染色体组相对长度变异幅度与相对长度差值分析结果表明:普洱卫国局居群与镇源恩乐居群较为接近,而思茅曼歇坝居群与景东者后居群较为接近。着丝点端化值分析结果表明:4个居群间存在差异。染色体组臂比幅度分析结果:普洱卫国局居群、思茅曼歇坝居群和景东者后居群都较一致,镇源恩乐居群与前3个居群比较有明显差异。

从上述的分析结果,可以确认思茅松4个不同居群的染色体核型相似,核型公式均为 $K(2n) = 24 = 24m$,属于比较典型的对称性核型,染色体次缢痕的数目与位置一致,4个不同居群仅在染色体长度比、染色体组相对长度变异幅度、相对长度差值、着丝点端化值与染色体组臂比幅度上存在一些差异。说明思茅松在染色体上是较为保守的,尽管各个不同居群所处的生态环境不

同,在长期自然力的作用下,各个不同居群虽在某些表型特征上存在差异,但在染色体核型上的差异却很小,这与其他非裸子植物有很大差别^{[8][9]}。

参考文献

- 1 中科院中国植物志编辑委员会. 中国植物志(第七卷). 北京: 科学出版社, 1978. 259-260
- 2 中国农林科学院《中国树木志》编委会. 中国主要树种造林技术. 北京: 农业出版社, 1976. 137-140
- 3 郭宇渭等. 思茅松优良种源选择. 云南林业科技, 1993(4): 25-29
- 4 赵文书等. 思茅松天然优良林分选择的研究. 云南林业科技, 1993(4): 2-10
- 5 赵文书等. 思茅松优树选择. 云南林业科技, 1995(3): 1-5
- 6 顾志建等. 云南松与思茅松的染色体组型研究. 云南植物研究, 1982, 4(2): 185-190
- 7 李懋学等. 关于植物核型分析的标准化问题. 武汉植物学研究, 1985, 3(4): 297-302
- 8 顾志建. 七叶一枝花三个不同居群的染色体组型的初步观察. 云南植物研究, 1982, 4(4): 425-428
- 9 顾志建. 凌云重楼中B染色体起源的探讨. 云南植物研究, 1988, 10(1): 27-32
- 10 Stebbins G. L. Chromosomal evolution in higher plants. London: Edward Arnold, 1971. 87-90
- 11 荒野久男, 齐藤一男. Cytological studies in Family Campanulaceae II. La Kromosomo, 1975, 99: 3072-3081

图版说明

图版 I、II A-D, 思茅松4个不同居群细胞中期染色体

E-H, 思茅松4个不同居群体细胞染色体核型图

A和E: 普洱卫国局居群; B和F: 思茅曼歇坝居群

C和G: 景东者后居群; D和H: 镇源恩乐居群

Study on Chromosome's Karyotypes of Different Populations of *Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen

Wu Liyuan Zhao Wenshu

(Yunnan Academy of Forest Sciences, Kunming 650204)

Gu Zhijian

(Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650204)

Abstract In present paper, chromosome's karyotypes were investigated with the materials of four different populations of *Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen. Chromosome's karyotypes of these populations mentioned above were very similar. The karyotypes of metaphase chromosomes of all these populations were formulated to be $K(2n) = 24 = 24m$. The karyotypes asymmetry of all these populations were of 1A type. Numbers of secondary constriction in chromosomes of all these populations were identical. The secondary constriction in chromosomes of all these populations were located in longarms of the third autochromosome. Differences in these populations were merely displayed in some index, such as the length ratio of chromosomes and the centromeric terminalization value, etc. It was indicated by investigation results that *Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen was very conservative in respect of chromosomes, compared with other nongymnosperms.

Key words *Pinus kesiya* var. *langbianensis* (A. Chev.) Gaussen, population, chromosome, karyotype