云 南 植 物 研 究 2006, **28** (3): 268~270
Acta Botanica Yunnanica

濒危植物长蕊木兰的核型*

张雪梅[1,2], 刀志灵[1**], 龙春林[1], 李 恒[1]
(1 中国科学院昆明植物研究所, 云南 昆明 650204; 2 中国科学院研究生院, 北京 100039)

摘要: 报道了长蕊木兰 (*Alcimandra cathcartii*) 的染色体核型, 核型公式为 2n= 2x= 38= 22m+ 15sm (3sat) + 1st。核型类型属于 Stebbins 的2A 型。第 18 条染色体为 st 染色体, 第5、6、7 条 sm 染色体的短臂上各具有 1 个随体。间期核为简单染色中心型 (simple chromocenter type), 有丝分裂前期染色体为中间型 (interstitial type)。对前人关于木兰属和含笑属植物的核型研究结果进行了比较分析, 长蕊木兰与含笑属亲缘关系较近, 但稍有区别, 而与木兰属的亲缘关系较远。

关键词: 木兰科; 长蕊木兰; 核型; 亲缘关系
中图分类号: Q 942 文献标识码: A 文章编号: 0253-2700(2006)03-268-03

Karyotypical Studies on an Endangered Species *Alcimandra cathcartii* (Magnoliaceae)*

ZHANG Xue-Mei[1,2], DAO Zhi-Ling[1**], LONG Chun-Lin[1], LI Heng[1]
(1 *Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650204, China;
2 *Graduate University of Chinese Academy of Sciences*, Beijing 100039, China)

Abstract: The karyotype of *Alcimandra cathcartii* Dandy is reported for the first time. Its karyotype can be formulated as 2n= 2x= 38= 22m+ 15sm (3sat)+ 1st, belonging to Stebbins's 2A type. Only the eighteenth chromosome is st chromosome, and one satellite has been found on the fifth, sixth, and seventh chromosomes respectively. The interphase nucleus is characteristic of simple chromocenter type, and during mitotic prophase, the condensation behavior of chromosomes conforms to the interstitial type. Comparing with previous karyotype research results of *Magnolia* and *Michelia*, *Alcimandra cathcartii* is phylogenetically closed to *Michelia* but far from *Magnolia*.

Key words: Magnoliaceae; *Alcimandra cathcartii*; Karyotype; Phylogenetic relationships

长蕊木兰 (*Alcimandra cathcartii* (Hook. f. et Thoms.) Dandy) 是木兰科稀有的单种属植物 (Dandy, 1927), 也是亚洲特有的单型属植物, 分布于中国的云南西南部至东南部及西藏南部和东南部、印度东北部 (阿萨姆)、不丹、缅甸北部和越南北部 (刘玉壶等, 1996a)。近年来, 其分布范围逐渐缩小, 已处于濒危状态, 被列为国家 I 级保护植物 (傅立国, 1999)。

长蕊木兰曾被作为含笑属的一个种 (*Michelia cathcartii* Hook. f. et Thoms.), Dandy (1927) 因其具有顶生花而将其分出而独立成为长蕊木兰属 (*Alcimandra* Dandy), 刘玉壶 (1984, 1996b, 2004) 从之。Nooteboom (1985), Filgar and Nooteboom (2004) 认为, 长蕊木兰与木兰属间细微的区别特征不足以独立成为属, 将其归在木兰亚属内作为 1 个组。

陈瑞阳等 (1989) 报道了长蕊木兰的染色体数目为 2n= 38, 本文则对长蕊木兰的核型进行了研究。

1 材料与方法

材料采自云南省屏边大围山国家级自然保护区, 凭证标本 (刀志灵, 张雪梅 PB16) 存于中国科学院昆明植物研究所标本馆 (KUN)。

* 基金项目: 全球环境基金 (GEF) / 联合国环境署 (UNEP) / 联合国大学 (UNU) PLEC 项目计划、美国国家科学基金 (National Science Foundation of USA, DEB-0103795) 和国家科技部 (Ministry of Science and Technology of China, 2001 DEA 10009) 资助项目
** 通讯作者: Author for correspondence. E-mail: daozhl@mail.kib.ac.cn
收稿日期: 2005-09-21, 2005-10-28 接受发表
作者简介: 张雪梅 (1981-) 女, 硕士研究生, 主要从事民族植物学和保护生物学研究。
© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

分别取 5 个不同植株的茎尖于 0.1% 的秋水仙素和 0.002% 的 8- 羟基喹啉混合液（1∶1）中预处理 2.5 h，卡诺氏液固定 2 h，经 50% 的乙醇及蒸馏水漂洗后，用 1 mol/L 的 HCL（60℃）解离 9 min，蒸馏水充分洗净后，卡宝品红染色，压片。

间期核形态和有丝分裂前期异染色质收缩方式的分类参照 Tanaka（1971）的标准，体细胞分裂中期核型分析按李懋学和陈瑞阳（1985）的标准，核型分类按 Stebbins（1971）的标准，核型不对称系数按 Arano（1963）的方法。

2　结果与讨论

长蕊木兰的间期核染色较浅，染色中心染色较深，但数目较少，属于简单染色中心型。有丝分裂前期染色体异染色质间断分布于染色体的基部、中部和端部，属于中间型（图 1：A，B）。体细胞中期核型为 2n= 2x= 38 = 22m+ 15sm（3sat）+ 1st，染色体形态及核型如图 1：C，D，染色体参数见表 1。其中，有 22 条中部着丝点染色体，15 条亚中部着丝点染色体中的第 5、6、7 条染色体的短臂上各具有 1 个随体，第 18 条染色体为亚端部着丝点染色体。染色体相对长度变化范围为 1.92～3.72，最长与最短染色体之比为 1.94，臂比值大于 2 的染色体百分比为 0.26，核型类型属于 Stebbins 的 2A 型。核型不对称系数为 62.43%。第 7、8 这两条同源染色体以及第 17、18，31、32，37、38 条同源染色体的类型或长度有比较明显的差异，说明长蕊木兰的染色体存在变异。

表 1　长蕊木兰的染色体参数

Table 1　Chromosome Parameters of *Alcimandra cathcartii*

No.	RL	AR	Type	No.	RL	AR	Type
1	3.72	1.55	m	20	2.48	1.19	m
2	3.72	1.55	m	21	2.48	1.46	m
3	3.61	1.28	m	22	2.48	1.46	m
4	3.38	1.32	m	23	2.48	1.46	m
5	2.93	2.71	sm*	24	2.48	1.19	m
6	3.05	2.72	sm*	25	2.37	1.63	m
7	2.82	2.57	sm*	26	2.37	1.32	m
8	3.27	1.89	sm	27	2.48	1.19	m
9	2.59	2.28	sm	28	2.37	1.32	m
10	2.48	1.76	sm	29	2.37	2.49	sm
11	3.16	1.32	m	30	2.37	2.00	sm
12	2.93	1.17	m	31	2.37	1.63	m
13	2.82	1.50	m	32	2.25	1.85	sm
14	2.71	1.68	m	33	2.25	1.50	m
15	2.59	1.88	sm	34	2.14	1.12	m
16	2.48	1.76	sm	35	2.25	2.31	sm
17	2.59	2.81	sm	36	2.14	2.15	sm
18	2.48	3.43	st	37	2.14	1.71	sm
19	2.48	1.19	m	38	1.92	1.43	m

* 为具随体的染色体

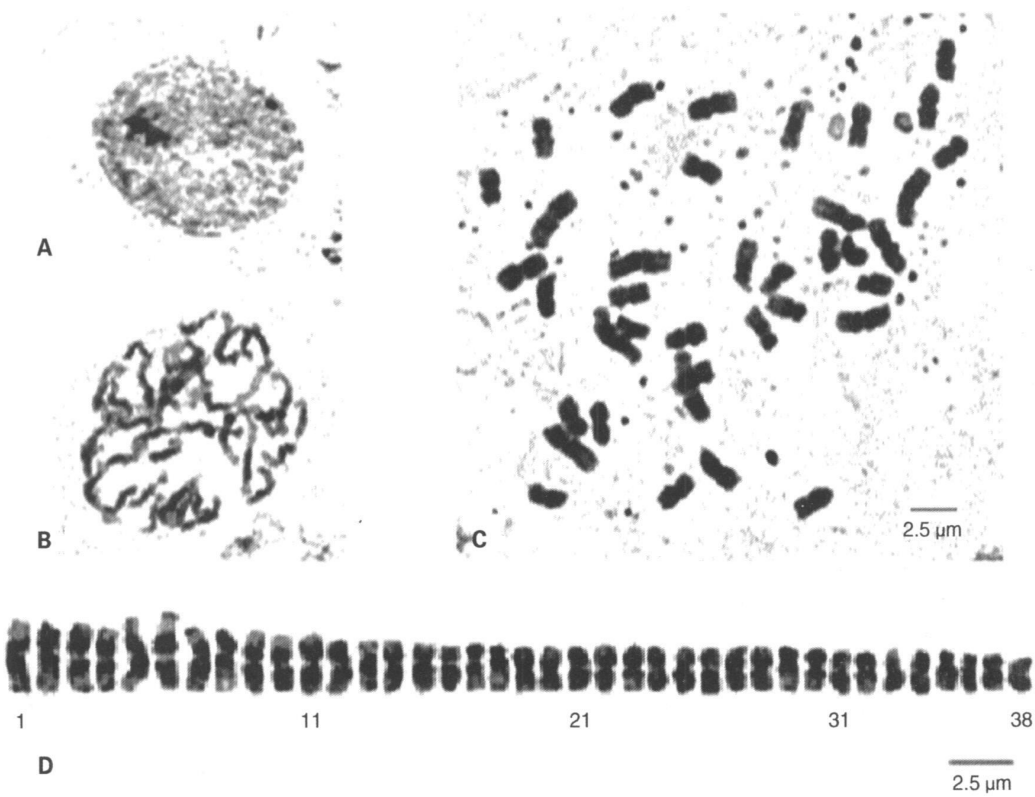

图 1　长蕊木兰的间期核、前期和中期染色体及核型图　A. 间期核；B. 前期染色体；C. 中期染色体；D. 核型图

Fig. 1　The resting nuclei, prophase and metaphase chromosomes, and karyogram of *Alcimandra cathcartii* Dandy

A. Resting nuclei; B. Prophase chromosomes; C. Metaphase chromosomes; D. Karyogram

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

关于长蕊木兰与木兰属及含笑属的亲缘关系，已发表的木兰属植物的核型均为2B型（李秀兰等，1998a，1998c），同时具有m、sm和st染色体，随体几乎都在st染色体上；含笑属中除多花含笑（*M. floribunda*）为1A型，乐昌含笑（*M. chapensis*）为2B型且具有4个st染色体（王恒昌等，2004）外，其余种均为2A型，只具有m和sm染色体，随体都在sm染色体上（李秀兰等，1998b）；长蕊木兰的核型为2A型，只有1个st染色体，其余都为m和sm染色体，且随体也仅在sm染色体上发现，因而与含笑属的染色体特征相近。

金虹等（1999）的分析结果显示：长蕊木兰与含笑族各属的*mat*K基因序列的绝对核苷酸差异只有3~5，与木兰属的差异却为14；Kim等（2001）的*ndh*F序列分析、Azuma等（2001）的*psb*A-*trn*H、*atp*B-*rbc*L序列分析结果也显示，长蕊木兰与含笑属关系较近。由此可见，核型研究结果显示的长蕊木兰与木兰属、含笑属的亲缘关系和分子研究的结论相一致。

但是，含笑属的m染色体在30条以上，sm染色体4~8条，核型不对称系数为53.7%~58.86%（李秀兰等，1998b；王恒昌等，2004），而长蕊木兰仅有22条m染色体，sm染色体却有15条，核型不对称系数为62.43%。因此，长蕊木兰与含笑属关系较近，但又稍有区别，而与木兰属的关系较远。

致谢 野外采样过程中，得到了云南省红河州大围山国家级自然保护局屏边分局谢超等人的帮助；程治英、罗吉凤、韩春艳等同志在实验过程中提供了帮助。

〔参 考 文 献〕

刘玉壶，罗献瑞，吴容芬，1996a. 中国植物志第30卷第1分册［M］. 北京：科学出版社，149—151

刘玉壶，2004. 中国木兰［M］. 北京：科学技术出版社

傅立国主编，1999. 国家重点保护野生植物名录（第一批）［J］. 植物杂志，**5**：4—11

Arano H，1963. Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan IX［J］. *Botanic Magazine* (Tokyo)，**76**：32—39

Azuma H，Garcia-Franco JG，Rico-Gray V，*et al*，2001. Molecular phylogeny of the Magnoliaceae：the biogeography of tropical and temperate disjunctions［J］. *Amer J Bot*，**88**（12）：2275—2285

Chen RY（陈瑞阳），Zhang W（张玮），Wu QA（武全安），1989. Chromosome numbers of some species in the family Magnoliaceae in Yunnan of China［J］. *Acta Bot Yunnan*（云南植物研究），**11**（2）：234—238

Dandy JE，1927. The genera of Magnoliaceae［J］. *Kew Bulletin*，**7**：257—264

Figlar RB，Nooteboom HP，2004. Notes on Magnoliaceae IV［J］. *Blumea*，**49**：87—100

Jin H（金虹），Shi SH（施苏华），Pan HC（潘恒昶），*et al*，1999. Phylogenetic relationships between *Michelia*（Magnoliaceae）and its related genera based on the *mat*K gene sequence［J］. *Acta Scientiarum Naturalium Universitis Sunyatseni*（中山大学学报·自然科学版），**38**（1）：93—97

Kim S，Park CW，Kim YD，*et al*，2001. Phylogenetic Relationships in Family Magnoliaceae inferred from *ndh*F Sequences［J］. *Amer J Bot*，**88**（4）：717—728

Li MX（李懋学），Chen RY（陈瑞阳），1985. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants［J］. *J Wuhan Bot Res*（武汉植物学研究），**3**（4）：297—302

Li XL（李秀兰），Song WQ（宋文芹），An ZP（安祝平），*et al*，1998a. Karyotype analysis of some species of *Magnolia* in China［J］. *Acta Bot Yunnan*（云南植物研究），**20**（2）：204—206

Li XL（李秀兰），Song WQ（宋文芹），An ZP（安祝平），*et al*，1998b. The karyotype analysis of *Michelia*（Magnoliaceae）in China［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**36**（2）：145—149

Li XL（李秀兰），Song WQ（宋文芹），An ZP（安祝平），*et al*，1998c. Karyotype comparison between genera in Magnoliaceae［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**36**（3）：232—237

Liu YH（刘玉壶），1984. A preliminary study on the taxonomy of the family Magnoliaceae［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**22**（2）：89—109

Liu YH（刘玉壶），1996b. Materials for chinese Magnoliaceae［J］. *Acta Phytotax Sin*（植物分类学报），**34**（1）：87—91

Nooteboom HP，1985. Notes on Magnoliaceae［J］. *Blumea*，**31**：65—121

Stebbins GL，1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants［M］. London：Edward Arnold LTD，85—104

Tanaka R，1971. Types of resting nuclei in Orchidaceae［J］. *Bot Mag Tokyo*，**84**：118—122

Wang HC（王恒昌），He ZC（何子灿），Li JQ（李建强），*et al*，2004. Karyotypical studies on *Michelia chapensis* Dandy（Magnoliaceae）［J］. *J Wuhan Bot Res*（武汉植物学研究），**22**（5）：469—472

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net