

我国梨属植物染色体核型研究(一)*

蒲富慎 林盛华 宋文芹 陈瑞阳 李秀兰

(中国农科院果树研究所)

(南开大学生物系)

提 要

本文对5种梨属植物即褐梨、杜梨、新疆梨、河北梨、麻梨的核型进行了研究。结果表明：褐梨的核型 $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm(2SAT)$ 与杜梨 $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm$ 相似，自成一个种群。而新疆梨、河北梨的核型均为 $2n = 2x = 34 = 16m + 18sm(2SAT)$ ，麻梨为 $2n = 2x = 34 = 16m + 18sm$ ，三者的核型相近，属于另一个种群。前一种群相对原始一些，而后一群则属天然杂交的次生种。

关键词：梨属；染色体数目；核型

前 言

世界梨属植物可分为东方梨和西方梨两大系，东方梨主要原产我国，包括野生和栽培种共13种，构成我国梨树品种资源的主体。以往在研究上大多偏重于生产应用和形态分类，细胞学研究方面则染色体数目和倍数性的研究较多^[6]。除大田作物曾经进行过核型分析研究外，果树几乎没有作过。对梨来说，迄今更没有见到任何报道。作者试图用植物染色体研究的去壁低渗、Giemsa染色法，对我国梨属植物染色体核型进行比较研究，以期在一定程度上阐明它们的进化关系，供梨的分类和遗传研究者参考。本文是其中5个种的研究结果。

材 料 和 方 法

供试材料褐梨(*Pyrus phaeocarpa*)、杜梨(*P. betulaeifolia*)、新疆梨(*P. sinkiangensis*)、河北梨(*P. hopeiensis*)、麻梨(*P. serrulata*) 采自中国农科院果树研究所资源圃。凭证标本保存在果树研究所标本室。

• 中国科学院科学基金资助的课题

Projects Supported by the Science Fund of the Chinese Academy of Science

应用植物有丝分裂染色体新技术制备标本^[1], 每个种观察50个细胞确定染色体数目。每种核型取5个细胞的平均值, 按Levan (1964)^[7]的核型标准和“植物染色体标准化”的规定进行染色体分析。

结果与讨论

经观察, 5种梨属植物的体细胞染色体均为 $2n = 34$ 。其中褐梨、杜梨与Adati⁽⁶⁾的研究结果一致; 河北梨、新疆梨与前文报道结果相同。麻梨则是本文初次观察的结果。

5个种的染色体形态如图1所示, 核型分析结果见表1和核型模式图(图2)。

表1 梨染色体的相对长度、臂比和类型

Table 1 Relative length, arm ratio and classification of the chromosomes *Pyrus*

染色体编号 Chromosome number	褐梨 <i>P. phaeocarpa</i>			杜梨 <i>P. betulaefolia</i>			新疆梨 <i>P. sinkiangensis</i>				
	相对长度 % Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Classification	相对长度 % Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Classification	相对长度 % Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Classification		
	长臂+短臂=总长 Long arm+Short arm=Total length			长臂+短臂=总长 Long arm+Short arm=Total length			长臂+短臂=总长 Long arm+Short arm=Total length				
1	6.28+2.66=8.94	2.36	sm	1	5.53+2.31=7.84	2.40	sm	1	5.78+2.68=8.46	2.16	sm
2	4.66+2.47=7.13	1.89	sm	2	4.69+2.71=7.40	1.73	sm	2	4.74+2.29=7.03	2.07	sm
3	4.51+2.47=6.98	1.83	sm	3	4.30+2.43=6.73	1.77	sm	3	4.59+2.29=6.88	2.00	sm
4	4.78+2.16=6.94	2.21	sm	4	4.30+2.31=6.61	1.86	sm	4	4.75+1.87=6.62	2.54	sm
5	3.39+2.62=6.01	1.29	m	5	3.74+2.23=5.97	1.68	m	5	4.13+2.29=6.42	1.80	sm
6	3.74+2.20=5.94	1.70	m	6	3.50+2.43=5.93	1.44	m	6	3.65+2.45=6.11	1.49	m
7	3.12+2.62=5.74	1.19	m	7	3.70+2.23=5.93	1.66	m	7	3.26+2.68=5.94	1.22	m
8	3.12+2.35=5.47	1.33	m	8	3.50+2.31=5.81	1.52	m	8	3.72+2.03=5.75	1.83	sm
9	3.31+2.16=5.47	1.53	m	9	3.50+2.27=5.77	1.54	m	9	3.32+2.23=5.55	1.49	m
10	3.01+2.43=5.44	1.24	m	10	3.38+2.23=5.61	1.52	m	10	2.87+2.68=5.55	1.07	m
11	3.28+2.16=5.44	1.52	m	11	3.22+2.23=5.45	1.45	m	11	3.58+1.84=5.42	1.95	sm
12	3.32+2.04=5.36	1.62	m	12	3.22+2.23=5.45	1.45	m	12	3.42+1.87=5.29	1.83	sm
13	3.47+1.81=5.28	1.91	sm	13	3.14+2.23=5.37	1.41	m	13	3.03+2.23=5.26	1.36	m
14	2.93+2.24=5.17	1.31	m	14	3.54+1.83=5.37	1.93	sm	14	3.23+1.97=5.20	1.64	m
15	2.93+2.16=5.09	1.36	m	15	3.10+2.23=5.33	1.39	m	15	3.45+1.71=5.16	2.02	sm
16	2.78+2.16=4.94	1.29	m	16	2.74+2.23=4.97	1.23	m	16	2.74+2.07=4.81	1.33	m
17	2.62+2.04=4.66	1.28	m	17	2.51+1.95=4.46	1.29	m	17	2.74+1.81=4.55	1.52	m

*随体长度未计算在内

The length of satellites is not included in the length of chromosomes.

续表 1

河 北 梨 <i>P. hopeiensis</i>				麻 梨 <i>P. serrulata</i>			
染色体编号 Chromosome number	相对长度% Relative length	比 臂 Arm ratio	型 类 Classification	染色体编号 Chromosome number	相对长度% Relative length	比 臂 Arm ratio	型 类 Classification
	长臂+短臂=总长 Long arm+Short arm= Total length				长臂+短臂=总长 Long arm+Short arm= Total length		
1	5.84+2.64=8.48	2.22	sm	1	5.60+2.84=8.44	1.97	sm
2	4.86+2.91=7.77	1.67	m	2	5.42+2.72=8.14	1.99	sm
3	4.46+2.74=7.20	1.62	m	3	4.74+2.13=6.87	2.22	sm
4	4.16+2.23=6.39	1.87	sm	4	4.77+1.78=6.55	2.68	sm
5	4.07+2.23=6.30	1.83	sm	5	4.44+1.98=6.43	2.24	sm
6	4.46+1.74=6.20	2.56	sm	6	3.61+2.40=6.01	1.51	m
7	4.16+2.04=6.20	2.04	sm	7	4.32+1.66=5.98	2.61	sm
8	4.05+1.74=5.79	2.33	sm	8	3.91+1.98=5.89	1.97	sm
9	3.78+1.85=5.63	2.04	sm	9	3.70+2.13=5.83	1.74	sm
10	3.37+2.26=5.63	1.49	m	10	3.29+2.45=5.74	1.34	m
11	3.50+2.07=5.57	1.69	m	11	3.46+1.90=5.36	1.83	sm
12	3.23+2.04=5.27	1.59	m	12	2.84+2.34=5.18	1.22	m
13	3.02+2.06=5.08	1.47	m	13	2.93+1.90=4.83	1.55	m
14	2.99+1.96=4.95	1.53	m	14	2.93+1.81=4.74	1.62	m
15	3.13+1.52=4.65	2.05	sm	15	2.72+1.99=4.71	1.37	m
16	3.02+1.63=4.65	1.85	sm	16	2.46+2.22=4.68	1.11	m
17	2.31+1.96=4.27	1.18	m	17	2.75+1.87=4.62	1.48	m

* 随体长度未计算在内

The length of satellites is not included in the length of chromosomes.

褐梨: 核型公式为 $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm(2SAT)$, 第1—4对和第13对为具亚中部着丝点染色体, 其余各对为具中部着丝点染色体; 第4对染色体上带有随体; 染色体的长度变化在2.32—1.21微米, 最长染色体为最短染色体的1.92倍, 相对长度范围在8.94—4.66%之间。

杜梨: 核型公式为 $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm$ 与褐梨相似。它的第13对和第14对染色体的总长一致, 只是长、短臂之间的比例有差异, 第14对为亚中部着丝点染色体。染色体长度比褐梨稍小, 为1.97—1.12微米, 最长染色体为最短染色体的1.76倍, 相对长度变异范围在7.84—4.46%之间, 各相邻染色体之间的差异比较小。

新疆梨和河北梨: 核型公式均为 $2n = 2x = 34 = 16m + 18sm(2SAT)$, 前者第1—5对和第8、11、12对为具亚中部着丝点染色体, 其余为具中部着丝点染色体, 染色体的长度为2.62—1.41微米, 最长染色体为最短染色体的1.86倍, 相对长度变异为8.46—4.55%之间, 第12对染色体上带有随体。后者第1、4、5、6、7、8、9、15、16对为具亚中部

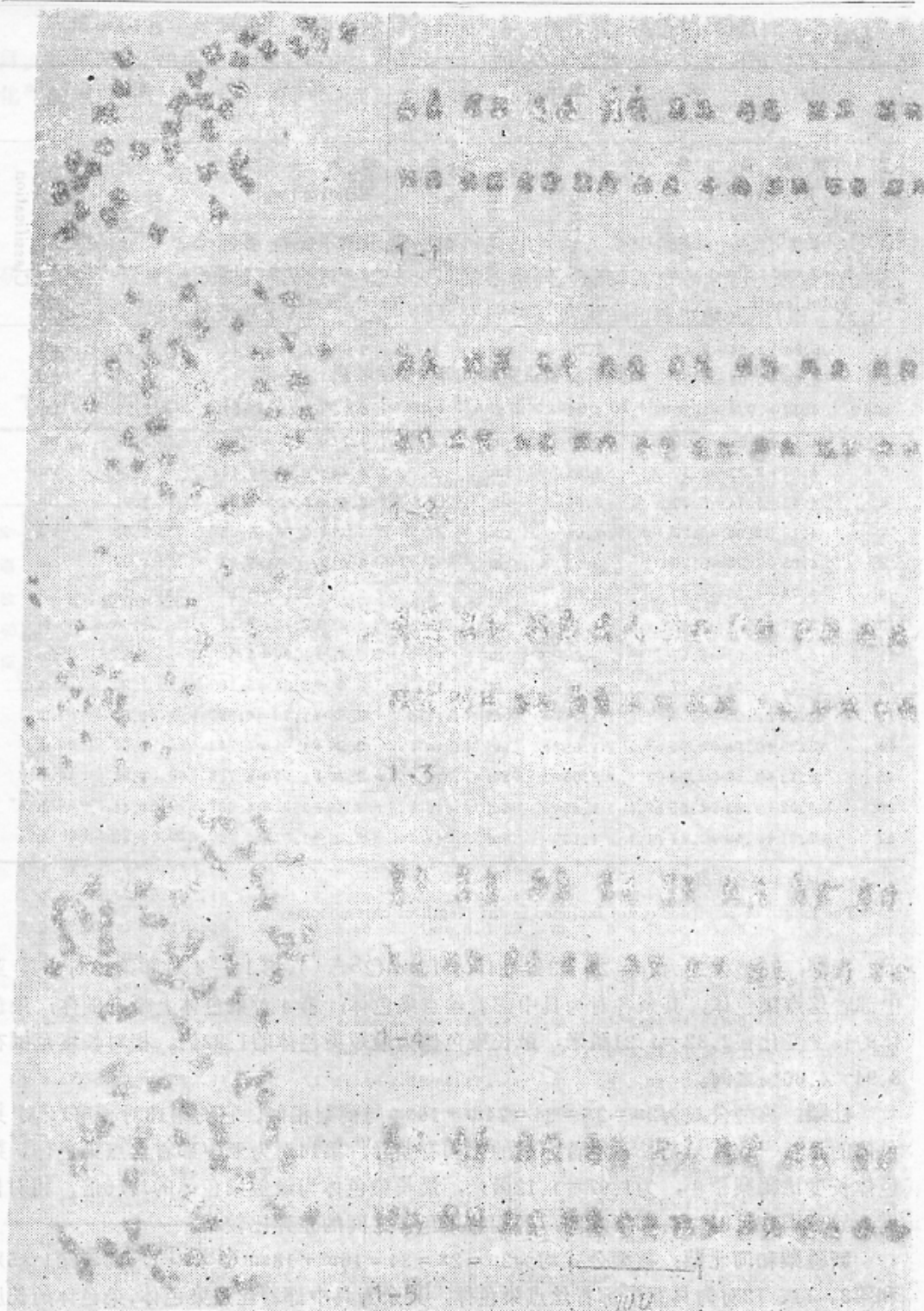


图1. 梨核型(1-1.褐梨 1-2.杜梨 1-3.新疆梨 1-4.河北梨 1-5.麻梨)

Fig1. The karyotypes of *Pyrus* (1-1. *P. phaeocarpa* 1-2. *P. betulae folia* 1-3. *P. sinhiangensis*
1-4. *P. hopeiensis* 1-5. *P. serrulata*)

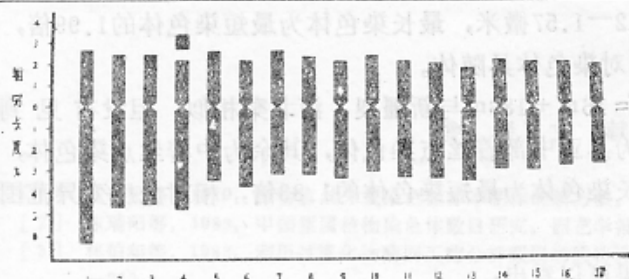


图 2-1. 褐梨染色体组型模式图
Fig. 2-1. Idiogram of *Pyrus phaeocarpa*

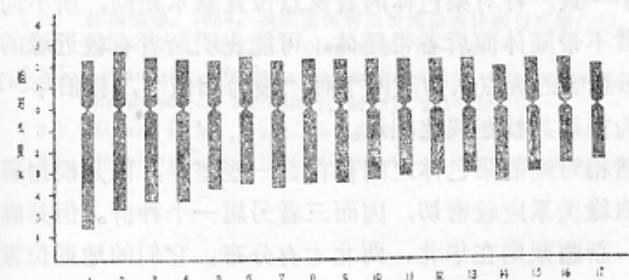


图 2-2. 杜梨染色体组型模式图
Fig. 2-2. Idiogram of *P. betulaefolia*

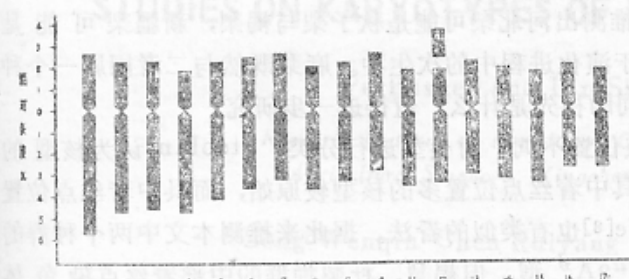


图 2-3. 新疆梨染色体组型模式图
Fig. 2-3. Idiogram of *P. sinkiangensis*

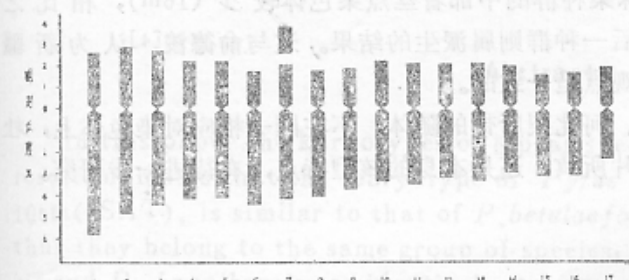


图 2-4. 河北梨染色体组型模式图
Fig. 2-4. Idiogram of *P. hopeiensis*

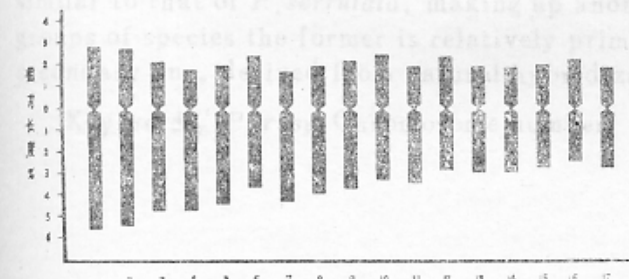


图 2-5. 麻梨染色体组型模式图
Fig. 2-5. Idiogram of *P. serrulata*

着丝点染色体, 染色体的长度为3.12—1.57微米, 最长染色体为最短染色体的1.99倍, 相对长度变异为8.48—4.27%, 第7对染色体具随体。

麻梨: 核型公式为 $2n = 2x = 34 = 16m + 18sm$ 与新疆梨、河北梨相似, 但没有见到随体。第1—5对, 第7—9和第11对为具亚中部着丝点染色体, 其余为中着丝点染色体, 染色体长度为2.85—1.56微米, 最长染色体为最短染色体的1.83倍, 相对长度变异范围是8.44—4.62%。

根据这5个梨种的核型观察结果可以看出:

1. 褐梨与杜梨的核型组成几乎一致。各对染色体的着丝点位置基本相同, 所不同的仅是杜梨比褐梨染色体稍短, 前者不带随体而后者带随体, 可能表明两者有较近缘的关系, 自成一个种群。俞德浚^[4]从形态学的观点认为这两个种“最为相似”, 林伯年^[3]通过过氧化物酶同工酶测定, 也认为褐梨与杜梨彼此相近。

2. 新疆梨、河北梨和麻梨虽然相对应的染色体之间存在着一些差异, 但是根据着丝点位置, 其基本核型彼此相近, 血缘关系应较密切, 因而三者另属一个种群。但是麻梨分布于我国长江流域, 而河北梨、新疆梨则在华北、西北才有分布。它们的地理位置相距甚远, 它们之间如何形成了较近的血缘关系, 目前还得不到解释。

俞德浚^[4]从形态分类学出发, 推测出河北梨可能是秋子梨与褐梨, 新疆梨可能是白梨与西洋梨的天然杂交产物, 属于演化进程中的次生种。麻梨既然与二者同属一个种群, 是否也属梨的次生种? 三者共同的祖先是什么? 值得进一步研究。

Stebbins (1971)^[9]依据着丝点位置不同, 对核型进行分类。Stebbins认为核型的进化趋势是由对称向不对称发展。具中着丝点位置多的核型较原始, 而具中着丝点位置较少的核型通常是进化的种。Moore^[8]也有类似的看法。据此来推测本文中两个种群的进化位置, 它们的核型虽然都属于“2A”型, 但褐梨、杜梨种群的中部着丝点染色体较多(24m), 而新疆梨、河北梨、麻梨种群的中部着丝点染色体较少(16m), 相比之下, 则前一种群相对原始一些, 而后一种群则属派生的结果。这与俞德浚^[4]认为新疆梨、河北梨均属天然杂交的次生种观点是一致的。

在5个野生种中褐梨、新疆梨、河北梨所带的随体, 不在同一相应对染色体上, 杜梨、麻梨未发现随体, 这是由于制片所致, 还是本身的核型特点, 有待进一步研究。

参 考 文 献

- [1] 陈瑞阳等, 1979: 植物有丝分裂染色体标本制作的新方法. 植物学报, 21: 297—298.
- [2] 陈瑞阳等, 1983: 中国梨属植物染色体数目研究. 园艺学报, 10(1): 13—15.
- [3] 林伯年等, 1983: 利用过氧化物酶同工酶分析梨属种质特性及亲缘关系. 浙江农业大学学报, 9(3): 235—242.
- [4] 俞德浚, 1979: 中国果树分类学. p.122—147. 农业出版社.
- [5] 蒲富慎等, 1984: 我国梨树种质资源染色体数目观察(一). 油印本.
- [6] Adati, A., 1933: Cytologia, 4, 182—188.
- [7] Levan, A., Fredge, K. and Sandberg, A. A., 1964: Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52(2): 201—220.
- [8] Moore, D.M., 1988: 分类学中的核型. Modern Methods in Plant Taxonomy. 61—63.
- [9] Stebbins, G.L., 1971: Chromosomal Evolution in Higher Plants. London.

STUDIES ON KARYOTYPES OF PYRUS IN CHINA (1)

Pu Fushen and Lin Shenghua

(Research Institute of Pomology, Chinese Academy of
Agricultural Sciences, Xingcheng, Liaoning)

Song Wenqin Chen Ruiyang and Li Xiulan

(Department of Biology, Nankai University, Tianjin)

Abstract

In this paper the karyotypes of 5 pear species in China were analysed. The result indicates that the karyotype of *Pyrus phaeocarpa*, $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm(2SAT)$, is similar to that of *P. betulaefolia*, $2n = 2x = 34 = 24m + 10sm$, and thus they belong to the same group of species; the karyotypes of *P. sinkiangensis* and *P. hopeihensis* are identical, $2n = 2x = 34 = 16m + 18sm(2SAT)$, and are similar to that of *P. serrulata*, making up another group of species. In the two groups of species the former is relatively primitive and the latter seems to be a secondary one, derived from natural hybridization.

Key words: *Pyrus*; Chromosome number; Karyotype