乳源白毛茶和台山白云茶的细胞学研究

李 斌

(华南农业大学农学系,广州,510642)

摘要 广东乳源白毛茶和台山白云茶是 2 个具有地方特色的茶树品种.染色体组型分析结果表明,这 2 个茶树品种均为二倍体(2n=2x=30),但存在染色体数目变异.特别是在乳源白毛茶品种中发现了 1 个单倍体细胞(x=15). 2 个茶树品种的核型均为 $2n=2x=30=16m+6sm+4sm^{set}+4st$.根据核型分析结果,认为这 2 个茶树品种为起源时间相对较晚、较进化的品种.

关键词 茶树; 染色体组型 中图分类号 S 435.711; O 343.2

乳源白毛茶和台山白云茶是广东省茶树品种资源中2个具有特色的品种.乳源白毛茶主要分布于广东省乳源、仁化、乐昌等县,茶树种质资源的调查研究发现,该品种与仁化白毛茶、乐昌白毛茶均分布在粤北南岭山脉的相近区域,具有相似的植物学特征、生物学特性和品质类型,该品种具有芽叶肥大、茸毛特多且长,成熟叶片也密被茸毛,经久不脱等特点,是制作名优特茶的优良品种(邱陶瑞等,1981).台山白云茶主要分布于广东省台山、新会等县,由其加工而成的"白云茶"素有"仙茶"之美誉,是两县历史悠久的特产之一,备受海外华侨的喜爱(英德茶科所,1986).关于这2个品种资源的分布状况、植物学特征和生物学特性等已进行了较系统的研究(邱陶瑞等,1981;广东省茶科所,1986;谭小波等,1991;周顺祥,1993),本文在此研究工作的基础上,进一步对这2个茶树品种的细胞学特征进行研究,为其深入研究和推广应用提供细胞学依据.

1 材料与方法

1.1 试验材料

乳源白毛茶、台山白云茶供试材料取自华南农业大学茶树品种园.用茶籽经人工催芽后,取约30个根尖,采用植物染色体去壁低渗火焰干燥法制成染色体标本(陈瑞阳等,1982).

1.2 染色体组型分析方法

2个茶树品种染色体观察采用日产Olympus PM — 10M 型系统显微镜进行,选取 50 个能数清染色体条数的细胞进行染色体数目的观察统计,每个品种再从中选取 5 个染色体数目为 30 条,染色体分散性良好且较平直的中期分裂相细胞进行染色体的组型分析,在 100 倍的油镜下进行同源染色体的配对,着丝点染色体类型按 Levan(1964)的标准命名.

2 结果分析

2.1 两茶树品种染色体数目

乳源白毛茶和台山白云茶各50个细胞的染色体观察计数结果见表1.

从表中的统计结果显示,这2个茶树品种绝大多数细胞的染色体数为30条(乳源白毛茶为72%,台山白云茶为84%),说明这2个茶树品种是二倍体:2n=2x=30.但其中也出现染色体数为25~29条不等的细胞,其比例仅占16%~28%引人注意的是在乳源白毛茶品种中观察到1个细胞,仅含1个染色体组(x=15)(见图1).经显微观察分析,初步认为这15条染色体就是1个完整的染色体组.



图 1 乳源白毛茶仅含一个染色体组的细胞

《 I 附加作 30 I 件细胞米C件数日义并及共日力等	表 1	两品种 50 个体组	H胞染色体数目变异及其百分率
------------------------------	-----	------------	----------------

			染色体条数			
品 种	30	29	28	27	25	细胞总数
名 称	细胞 百分率 个数 /%	/个				
乳源白毛茶	36 72	8 16	4 8	1 2	1 2	50
台山白云茶	42 84	5 10	3 6			50
总 计	78 78	13 13	7 7	1 1	1 1	100

2.2 两茶树品种染色体组型

2个茶树品种的染色体组型分析结果见表 2、3.

表 2 两品种染色体组型分析1)

%

4户口	台山白云茶			乳源白毛茶						
编号-	短臂	长臂	全长	臂比	着丝点	短臂	长臂	全长	臂比	着丝点
1	2.71	4. 29	8.12	1.58	m	2. 64	4.91	8. 31	1.86	sm
2	2.29	4.59	7.88	2.00	sm	2. 68	4.41	7. 99	1.65	m
3	1.61	4.88	7.55	3.03	st	2. 12	5. 13	7. 87	2.42	sm
4	2.63	3.76	7.04	1.43	m	2. 40	4.80	7. 75	2.00	sm ^{sat}
5	1.84	4.60	6.91	2.50	sm ^{sat}	2. 98	3.92	7. 26	1.32	m
6	2.62	3.35	6.81	1.28	m	2. 85	3.55	7. 10	1.25	m
7	2.82	3. 26	6.69	1.16	m	1. 17	5. 16	7. 02	4.41	st
8	1.82	4.18	6.67	2.30	sm	2. 16	4.08	6. 81	1.89	sm ^{sat}
9	1.45	4.09	6.44	2.82	sm ^{sat}	2. 56	3.57	6. 52	1.39	m
10	2.12	3.75	6.42	1.77	sm	2. 75	3.06	6. 21	1.11	m
11	2.37	3. 23	6.38	1.36	m	0. 99	4.37	6. 05	4.41	st
12	1.07	4.00	6.36	3.74	st	1. 46	4. 13	5. 88	2.83	sm
13	2.61	2.63	6.13	1.01	m	2. 17	2.89	5. 42	1.33	m
14	2.27	2.81	5.54	1.24	m	1. 76	2.91	4. 97	1.65	m
15	2.07	2.29	4.99	1.11	m	2. 08	2.37	4. 87	1.14	m

¹⁾ 臂长为相对平均长度 ?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.

品种	模型公式	最长染色体/ 最短染色体	核型类别
台山白云茶	$2 n = 2 x = 30 = 16 \text{ m} + 6 \text{sm} + 4 \text{ sm}^{\text{sof}} + 4 \text{st}$	1.63	2A
乳源白毛茶	$2 n = 2 r = 30 = 16 m + 6 cm + 4 cm^{set} + 4 ct$	1.71	2A

表 3 两品种核型主要特征

组型分析结果表明,这2个茶树品种都只具有16条中部着丝点染色体,10条近中部着丝点染色体,4条近端部着丝点染色体,最长染色体与最短染色体之比值小于2,属于2A型核型.所观察的2品种各5个细胞中均发现有带随体染色体,随体的数目为2~4个不等,均由sm染色体的短臂携带,随体常分布在核仁附近.乳源白毛茶和台山白云茶核型模式图见图2、3;两品种染色体组型图见图4、5.

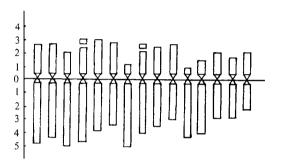


图 2 乳源白毛茶核型模式图

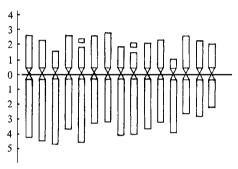


图 3 台山白云茶核型模式图



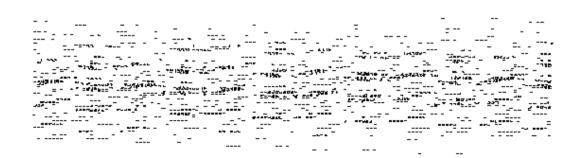


图 4 乳源白毛茶染色体组型图

图 5 台山白云茶染色体组型图

3 讨论

3.1 染色体的数目与变异

从本世纪 20 年代前后开始的茶树染色体研究业已证明,茶树以 x=15 为基数,栽培的茶树品种一般为二倍体: 2n=2x=30,但也存在少数三倍体和四倍体的植株(志村乔,1935;1954;赞井元,1956).本次研究的 2个广东茶树品种,染色体数目也以 x=15 为基数,为正常的二倍体品种.这表明,起源于我国云南省西南区域的茶树,不论地理位置演化到何处,其染色体基数仍保持遗传的稳定性,不易随引种地气候、环境条件的变化而变化,从而保证了茶树这一物种性状表达的稳定性.根据 Stebbins (1963)的理论和近年来染色体研究在植物分类学上应用得出的结论已证明:染色体基数在 1个属或更高的分类群中常常是稳定的.因此茶树染色体稳定的基数,可作为茶树分类的细胞学依据之一.

本研究在乳源白毛茶的体细胞中发现了 1 个单倍体细胞(x=15),这是一个特殊的细胞学现象. 迄今为止,茶树染色体的研究有关单倍体的报导尚不多见. 探讨分析二倍体细胞中单倍体细胞产生的机理,无论是对茶树细胞遗传学理论的研究,还是对茶树倍数体育种实践的开展,都具有特殊的意义和价值. 因此关于乳源白毛茶的体细胞中为何出现单倍体的细胞这一点仍需深入研究探讨.

茶树二倍体细胞中出现染色体数少于 30 条的细胞这一现象,许多研究都有报导,导致这一结果的原因,很可能是在细胞减数分裂过程中,由于异常环境条件的作用,导致配子形成过程中丢失了个别染色体,当这些配子结合时便产生了非整倍体。但也不排除在染色体制片过程中,由于人为作用,而使个别细胞丢失了个别染色体。

3.2 染色体组型与起源和进化的关系

近年来,众多的研究结果已证明,茶树起源于我国云南省的西南地区,栽培茶树从起源地分别向西南、东北和东南方向演化扩展而产生不同品种(郭元超,1991). 由于同源异出和分区演化,使茶树品种与原产地的茶树品种在染色体组型水平上就发生了一定的变异,从而导致性状表现上出现了一定的差异. 乳源白毛茶和台山白云茶在遗传组成和性状表现上与其它品种的差异就充分证明了这一点.

作者曾对邦崴大茶树(李斌等,1996)、凌云白毛茶(李斌等,1986)和南昆山毛叶茶(李斌,1995)等茶树品种的染色体组型(见表 4)进行过研究. 结果证明到目前为止,邦崴大茶树染色体组型的对称性是最高的,其次为云南大叶种和广东的凤凰水仙等品种. 而在毛叶茶中,凌云白毛茶和南昆山毛叶茶这 2 个茶树品种染色体组型的对称性较高,乳源白毛茶核型的对称性

70 1 30 10 M 11 D/ = 10 M						
品 种	核型公式	最长染色体/ 最短染色体	核型类别			
邦崴大茶树	2n = 2x = 30 = 22m + 6sm + 2st	1. 97	2A			
云南大叶种	2n = 2x = 30 = 20m + 6sm + 4st	1. 95	2A			
凤凰水仙种	2n = 2x = 30 = 20m + 6sm + 4st	1. 85	2A			
凌云白毛茶	2n = 2x = 30 = 18m + 10sm + 2st	1. 78	2A			
南昆山毛叶茶	2n = 2x = 30 = 18m + 8sm + 4st	2. 05	2B			

表4 几个茶树品种核型特征表

最低,其仅具 16 对中部着丝点染色体,而近中部和近端部着丝点染色体数多达 14 条.台山白云茶的核型对称性与乳源白毛茶相同. Stebbins (1963)在研究了大量植物染色体的核型与进化的关系后指出,植物染色体的进化是从对称性核型向不对称性核型进化,具对称性核型的物种较具不对称性核型的物种原始.以此论点分析乳源白毛茶和台山白云茶的进化程度,显然,由于这2个茶树品种染色体组型对称性较低,因而是起源时间相对较晚,进化程度较高的茶树品种.

致谢 吴基照、黄叔球同学参加部分实验工作、特此致谢!

参考文献

李 斌, 陈兴琰, 陈国本, 等, 1986. 茶树染色体组型分析, 茶叶科学, 6(2): 7~14

李 斌. 1995. 广东南昆山毛叶茶染色体组型分析. 中国茶叶, (6): 30~31

李 斌, 陈国本, 郑永球. 1996. 邦崴大茶树等 5 个大叶茶的染色体组型分析. 茶叶科学, 16(2): 119~124

英德茶科所. 1986. 台山、新会县茶树品种资源调查报告. 广东茶叶科技,(2):7~18

邱陶瑞, 余宗泽, 方金福, 等. 1981. 乐昌、仁化、乳源县野生茶树品种资源调查报告. 广东茶叶, (6):1~9

周顺祥, 1993, 广东省台山白云茶等五个品种形态特征差异分析, 茶叶通讯, (2), 8~14

陈瑞阳,宋文芹,李秀兰. 1982. 植物染色体标本制备的去壁、低渗法及其在细胞遗传学中的意义. 遗传学报,9(2):151~159

郭元超. 1991. 我国栽培茶树的起源与演化. 福建茶叶, (3): 10~18

谭小波,杨木宋. 1991. 广东省仁化白毛茶等五个品种的形态特征分析. 广东茶叶,(33): 13~18

Stebbins G. L. 1963. 植物的变异和进化、上海:上海科技出版社, 362

志村乔. 1935. 茶树の细胞学的研究(豫报). 日本作物学会纪事, 7(2): 121~128

志村乔. 1954. 育种学各论. 日本东京: 养贤堂, 976

赞井元. 1956. 茶树の自然三倍体についこ. 茶,(9):8~11

Levan A, Fredga K, Sandberg A A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas Band, 52(2):201~220

CYTOLOGICAL STUDIES ON TWO GUANGDONG TEA VARIETIES

Li Bin

(Dept. of Agronomy, South China Agric. Univ., Guangzhou, 510642)

Abstract

Karyotype analyses of two Guangdong tea varieties i.e. Ruyuan Baimao and Taishan Baiyun, which have local feature of Guangdong, were conducted. The results showed that the two varieties were of diploids (2n = 2x = 30) though cells with fewer than 30 chromosomes were observed. Particularly a haploid cell in Ruyuan Baimao variety was observed. The karyotype symmetry analysis showed that the two varieties originated and evolved comparatively later than many other tea varieties.

Key words tea varieties; karyotype analysis