

# 四种中药柴胡植物的核型分析

潘泽惠 庄体德 周雪林 姚欣梅

(江苏省植物研究所, 南京 210014)  
中国科学院

林 湘

(黑龙江双鸭山师范学校, 双鸭山 155125)

**摘要** 报道了4种中药柴胡植物的染色体核型, 其核型如下: 北柴胡(*Bupleurum chinense* DC.)  $2n=12=6m+4sm+2st$ , 核型类型为2A型; 红柴胡(*B. scorzonerifolium* Willd.)  $2n=12=10m+2sm$ , 2A型; 线叶柴胡(*B. angustissimum* (Fr.) Kitagawa)  $2n=12=4m+2m^{sat}+6sm$ , 2A型; 双鸭山居群(*B. sp.*)  $2n=26$ , 为二型性核型。北柴胡(二倍体)和线叶柴胡的核型为首次报道。结合有关文献对4种柴胡的核型变异进行了简略的讨论, 发现黑龙江双鸭山1个居群的核型与姜传明等报道的肇东五里木居群一样, 具有与日本三岛柴胡(*B. falcatum* L.)相类似的核型, 由于分类命名的复杂性, 暂称为双鸭山居群。

**关键词** 柴胡; 核型分析

**Karyotype analysis of four taxa of *Bupleurum* used in Chinese drugs** Pan Ze-Hui, Zhuang Ti-De, Zhou Xue-Lin and Yao Xin-Mei (Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014), Lin Xiang (Shuangyashan Normal School, Heilongjiang, Shuangyashan 155125), *J. Plant Resour. & Environ.* 1995, 4(4): 41~45

The present paper deals with the karyotype analysis of 4 taxa of *Bupleurum* used in Chinese drugs. The karyotype formulae are as follows; *B. chinense* DC.  $2n=12=6m+4sm+2st$  with karyotypic type 2A; *B. scorzonerifolium* Willd.  $2n=12=10m+2sm$  with type 2A; *B. angustissimum* (Fr.) Kitagawa  $2n=12=4m+2m^{sat}+6sm$  with type 2A; *B. sp.* (Heilongjiang Shuangyashan population)  $2n=26$  with bimodal karyotype. The karyotypes of *B. chinense* and *B. angustissimum* are reported for the first time. Compared with the previous literatures the karyotype variations in different populations of the 4 taxa are discussed and it is found that the karyotype of Shuangyashan population is similar to that of Wulimu population from Heilongjiang reported by Jiang Chuan-Ming *et al.* and *B. falcatum* L. from Japan reported by S. Ohta, so there might be a taxon shared by N E China and Japan. Owing to the remarkable differences of external morphology and karyotypes between European and Asian populations of *B. falcatum*, it may be suggested that the shared taxon ought to have a new and reasonable Latin name.

**Key words** *Bupleurum*; karyotype analysis

中药柴胡有和解退热、疏肝解郁、升阳及提高免疫系统功能的效用, 越来越受到国内外医药界的普遍关注。其原植物经本草考证为伞形科柴胡属植物。通过各地商品药材的收集、整

理和鉴定, 中药柴胡植物的正品在1985年和1990年版的《中国药典》上均只收录了北柴胡(*Bupleurum chinense* DC.) 和红柴胡(*B. scorzonifolium* Willd.) 两种。柴胡属植物由于体态禾草状, 形态变异大, 而花、果结构相对来说变异较小, 故其种类划分是伞形科中较为困难的属之一。因此商品柴胡的植物来源, 除北柴胡和红柴胡外, 在不同地区还有相当数量的地方种类混同使用, 线叶柴胡(*B. angustissimum* (Fr.) Kitagawa) 和黑龙江双鸭山居群(*B. sp.*) 就是其中的习用种类。

一般来说, 染色体变异较为直接反映物种在环境条件作用下的遗传变异性, 因而染色体资料是从本质上探讨分类和进化的有效资料之一。据以往的报道, 柴胡属是一个染色体多基数的属, 分别有  $n=4, 6, 7, 8$  的情况。S. Ohta<sup>(6)</sup> 在广泛研究了亚洲和欧洲产 *B. falcatum* 的染色体数和核型之后, 揭示了不同地区居群所产生的形态变异是与它们的染色体数和核型变异相联系的。姜传明等<sup>(1)</sup> 研究了东北6种柴胡的核型, 也证实了 S. Ohta 的某些看法。显然, 柴胡属的物种演化是与染色体变异密切相关的, 本文旨在为中药柴胡植物的主流种类北柴胡和红柴胡以及两个地方品种的划分和资源利用积累细胞学资料。

## 1. 材料和方法

**1.1 材料来源** 北柴胡: 江苏铜山; 红柴胡: 江苏句容; 线叶柴胡: 内蒙满洲里; 黑龙江双鸭山居群: 黑龙江双鸭山。

**1.2 方法** 实验材料用种子发芽的根尖。预处理和染色按常规方法进行。核型分析的各参数选用5个中期分裂相计算得出, 相对长度系数用 Kuo<sup>(4)</sup> 的方法计算, 染色体形态及核型类型的划分分别按 Levan<sup>(5)</sup> 和 Stebbins<sup>(7)</sup> 的标准进行。

## 2. 观察结果

4种柴胡核型分析的各参数见表1, 核型组成及间期核类型见图1。

**2.1 北柴胡**(图1:1): 核型公式  $2n=12=6m+4sm+2st$ , 染色体组总长度为  $31.26 \mu\text{m}$ , 绝对长度范围为  $4.30\sim 6.96 \mu\text{m}$ , 按相对长度系数, 第1对为长染色体, 第2对为中长染色体, 第3~6对为中短染色体。染色体长度比为1.62, 臂比大于2的染色体两对, 核型为2A型。

**2.2 红柴胡**(图1:2): 核型为  $2n=12=10m+2sm$ , 染色体组总长度为  $23.61 \mu\text{m}$ , 绝对长度范围为  $3.51\sim 4.79 \mu\text{m}$ , 第1~2对为中长染色体, 第3~6对为中短染色体。染色体长度比为1.36, 臂比大于2的染色体1对, 核型为2A型。

**2.3 线叶柴胡**(图1:5): 核型为  $2n=12=4m+2m^{st}+6sm$ , 第3对中部着丝点染色体具随体。染色体组总长度为  $17.75 \mu\text{m}$ , 绝对长度范围为  $2.05\sim 3.78 \mu\text{m}$ , 第1对为长染色体, 第2~3对为中长染色体, 第4~5对为中短染色体, 第6对为短染色体。染色体长度比为1.84, 臂比大于2的染色体1对, 核型为2A型。

**2.4 黑龙江双鸭山居群**(图1:6): 染色体数  $2n=26$ , 染色体组总长度为  $23.61 \mu\text{m}$ , 绝对长度范围为  $1.63\sim 6.50 \mu\text{m}$ , 第1~3对为长染色体, 第4~5对为中长染色体, 第6~9对为中短染色体, 第10~13对为短染色体。最长染色体与最短染色体差异大, 比值为3.99, 按 Stebbins 的标

准, 在染色体长度比上是明显的二型性(bimodal)核型。

**2.5 间期核类型** 根据 R. Tanaka<sup>[8]</sup>的方法, 红柴胡(图1:3)和双鸭山居群(图1:4)的间期核型均为复合染色中心型(complex chromocenter type), 即间期核中有多个大的染色中心形成。双鸭山居群是多倍体, 间期核显著增大。

表1 4种中药柴胡植物的染色体参数

Tab 1 The parameters of chromosomes in 4 species of *Bupleurum*

种名 Species	序号 No.	相对长度(%) Relative length	相对长度系数 I. R. L.	臂比 Arm ratio	类型 Type
北柴胡 <i>B. chinense</i>	1	14.17+8.09=22.26	1.34	1.75	sm
	2	14.62+3.97=18.59	1.12	3.68	st
	3	10.04+6.59=16.63	1.00	1.52	m
	4	9.21+5.76=14.97	0.90	1.60	m
	5	10.14+3.65=13.79	0.83	2.78	sm
	6	7.58+6.17=13.75	0.82	1.23	m
红柴胡 <i>B. scorzoneifolium</i>	1	12.41+7.88=20.29	1.22	1.57	m
	2	12.92+4.83=17.75	1.06	2.67	sm
	3	8.30+7.58=15.88	0.95	1.09	m
	4	9.19+6.48=15.67	0.94	1.42	m
	5	9.02+6.52=15.54	0.93	1.38	m
	6	8.34+6.53=14.87	0.89	1.28	m
线叶柴胡 <i>B. angustissimum</i>	1	13.58+7.72=21.30	1.28	1.76	sm
	2	11.61+6.98=18.59	1.12	1.66	m
	3	9.63+7.55=17.18	1.03	1.28	m*
	4	10.37+5.69=16.06	0.96	1.82	sm
	5	9.07+6.25=15.32	0.92	1.45	m
	6	7.77+3.78=11.55	0.69	2.06	sm
双鸭山居群 <i>B. sp.</i>	1	14.72	1.91	—	—
	2	14.07	1.83	—	—
	3	10.94	1.42	—	—
	4	8.54	1.11	—	—
	5	8.00	1.04	—	—
	6	7.38	0.96	—	—
	7	6.59	0.86	—	—
	8	6.41	0.83	—	—
	9	6.32	0.82	—	—
	10	5.14	0.67	—	—
	11	4.26	0.55	—	—
	12	3.94	0.51	—	—
	13	3.69	0.48	—	—

\* 随体染色体 Satellite chromosome.

### 3. 讨 论

(1) 作者<sup>[2]</sup>曾报道北柴胡采自浙江天目山的居群染色体基数为  $n=6$ , 其变型烟台柴胡采自江苏云台山的居群也为  $n=6$ , 均和本次报道的基数相吻合。姜传明等报道采自辽宁千山的居群是一个4倍体, 从核型组成看和本次报道的铜山居群既相类似, 也有一定差异。其相似点

是铜山居群的第1对染色体具近中部着丝点, 千山居群与之相对应的第1~2对染色体也具近中部着丝点, 其差异是铜山居群的第2对染色体具近端着丝点而千山居群相对应的第3~4对仍具近中着丝点。此外, 铜山居群的第5对为近中部着丝点染色体, 与之对应的千山居群第9对为近中着丝点, 而第10对却为中部着丝点。由此看来, 千山居群可能是一个异源4倍体, 其亲本之一或许就是二倍体北柴胡, 另一亲本尚需更多细胞学工作来确认。在外部形态上, 这个多倍体与二倍体亲本无稳定的明显差异, 《东北草本植物志》和《辽宁植物志》均处理为北柴胡, 但其化学成分和药用疗效是否有显著差异, 需进一步观察实验。

(2) P. G. Gorov 等<sup>[3]</sup>曾报道采自西伯利亚东南沿海地区红柴胡的核型, 其染色体类型的划分采用中量指数法(短臂长度: 染色体长度), 为方便比较, 统一用 Levan 的标准进行换算, 则核型公式为  $2n=12=8m+2m^{sm}+2sm$ 。姜传明等采自内蒙海拉尔的居群核型也为  $2n=12=8m+2m^{sm}+2sm$ , 二者核型公式虽完全相同, 但随体染色体和近中部着丝点染色体的位置完全不同, 西伯利亚居群的随体染色体在第3对, 近中部着丝点染色体在第5对, 而海拉尔居群的随体染色体在第6对, 近中部着丝点染色体在第2对。本次报道的句容居群未见随体, 但近中部着丝点染色体的位置与海拉尔居群完全相同, 这可以初步看出我国南北产的红柴胡有大致相同的核型, 而与西伯利亚居群的核型差异是否由于生长在山坡草丛(海拉尔和句容居群)和沿海地区(西伯利亚居群)的生境差异所造成尚需更多的细胞学资料来印证。

(3) 线叶柴胡的染色体数和核型均为首次报道。在外部形态上, 该种与红柴胡相近, 因而不同分类学家有不同的分类处理, 在《东北草本植物志》和《内蒙古植物志》中, 沿袭原作者的观点作为红柴胡的变种处理, 而在《中国植物志》和《辽宁植物志》中, 则作为一个独立的种处理。从两个种的核型看, 线叶柴胡具3对近中部着丝点染色体而红柴胡仅具1对, 且位置不同, 因而染色体资料支持线叶柴胡从红柴胡中分离出来另立1种的分类处理。

(4) S. Ohta 曾系统而深入地研究了三岛柴胡(*B. falcatum*)在日本各地的染色体数和核型, 发现染色体数呈非整倍性变化,  $n=10, 13, 14, 15, 16, 17$ , 核型组成也有较大变化, 但在  $n=13\sim 17$  的核型序列中, 二型性显著增强, 即最长染色体和最短染色体差异非常明显, 且长染色体仅有2~3对, 其中  $n=13$  的核型与本次报道的黑龙江双鸭山居群及姜传明等报道的黑龙江肇东县五里木居群的核型在染色体数、核型二型性及具3对长染色体等主要特征方面基本相似。目前, 我们还没有更多的细胞学资料与 S. Ohta 的研究结果进行对比, 作出更充分的讨论, 但有一点可以肯定, 我国东北地区与日本之间存在着一个共有的柴胡类群。至于这个共有类群的学名 S. Ohta 是沿袭《日本植物志》用了分布于欧洲的 *B. falcatum* 这个名字, 为了更深入地研究这个种群的染色体变异, 他还扩大范围研究了引自朝鲜、中国、前苏联及欧洲的材料, 结果表明欧洲产的 *B. falcatum* 染色体数较为稳定,  $n=8$ , 核型也不相同, 因而在讨论中他明确指出细胞学资料支持东亚的这一类群应从 *B. falcatum* 中分离出来。实际上《中国植物志》根据外部形态及地理分布早已从这个复合种中恢复了14个种和变种的分类地位, 其中包括前述的北柴胡、红柴胡和线叶柴胡。我们检查了双鸭山居群的凭证标本, 从外部形态看较为特殊, 姜传明等的五里木居群标本未见, 鉴于所掌握的标本材料尚少, 而柴胡种类多, 变异大, 细胞学资料也不完全, 特别是还涉及到日本种类的清理和命名问题, 因而对这一共有类群暂不归入某种或作新种处理, 也作为一个尚不十分清楚的居群看待。

综上所述, 柴胡种类的复杂和分类处理的困难充分反映在染色体数目和核型组成的变异



上,若能密切结合植化分析和药理试验,则种类鉴定更为可靠且有利于药源的开发利用。

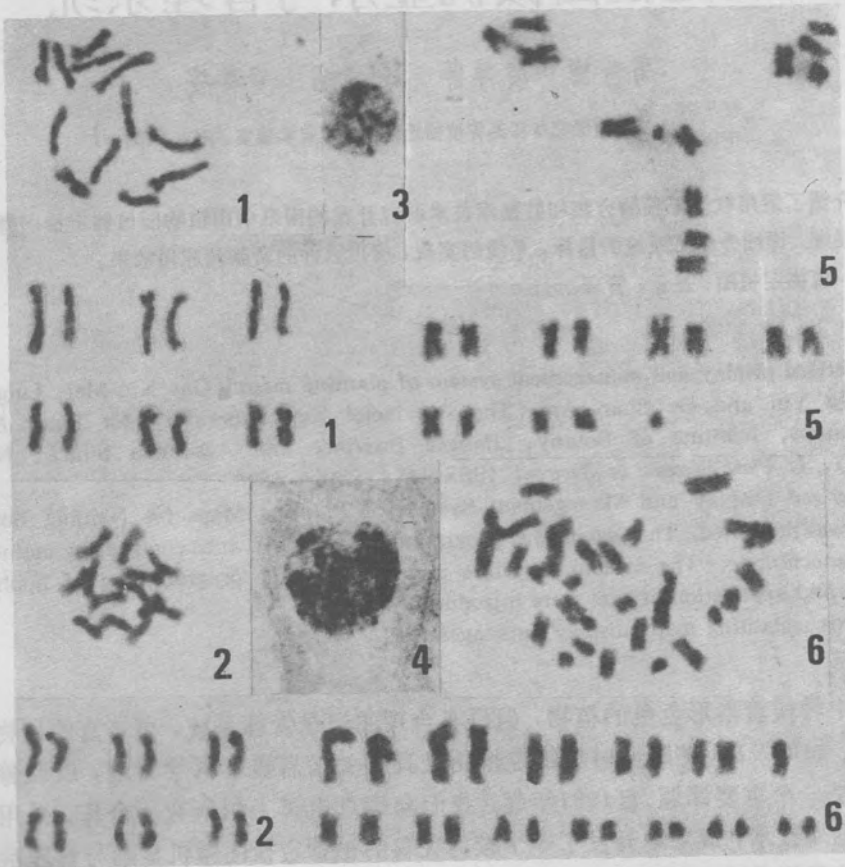


图1 4种中药柴胡植物的核型

Fig 1 Karyotypes of four taxa of *Bupleurum* used in Chinese druge

1. *B. chinense*; 2. *B. scorzonerifolium*; 3. Type of resting chromosomes of *B. scorzonerifolium*; 4. Type of resting chromosomes of *B. sp.* Shuangyashan population; 5. *B. angustissimum*; 6. *B. sp.* Shuangyashan population

### 参 考 文 献

- 姜传明, 徐娜, 王好友等. 1994: 植物研究 14(3): 267~272.
- 潘泽惠, 秦慧贞. 1981: 植物分类学报 19(4): 447~450.
- Gorov P G, L M Ketriz, V G Grif. 1979: *Bot. Zhurn.* 64(1): 42~46.
- Kuo S R *et al.* 1972: *Taiwania* 17(1): 66~80.
- Levan A *et al.* 1964: *Hereditas* 52: 201~220.
- Ohta S. 1991: *J. Sci. Hiroshima Univ., Ser. B. Div. 2*, 23: 273~348.
- Stebbins G L. 1971: *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. Arnold London, 88.
- Tanaka R. 1989: *The Karyotype Theory and Wide Crossing as an Example in Orchidaceae*, in: D Y Hong (ed.) *Proc. Sino-Jpn. Symposium Pl. Chromos*, Nishiki Print, Co. Ltd. Hiroshima 1~10.

(责任编辑: 盛国英)