

黑线姬鼠华北亚种染色体研究*

王金星 赵小凡 王相民

(山东大学生物系, 济南, 250100)

田家祥[△]

(枣庄市薛城区植保站)

2959.837

摘 要

本文采用骨髓染色体制片法, 对分布于山东的黑线姬鼠华北亚种的染色体组型、C-带、G-带和银染核型进行了分析研究。其核型为 $2n = 48 = 38T + 8M + XY$ 。X为较小的端着丝粒染色体, Y为组型中最大的染色体。几乎每个常染色体的着丝粒区都具异染色质。性染色体的异染色质丰富。No.10和No.18染色体具NOR。每条染色体都显示出较清晰的G-带。同时对黑线姬鼠精母细胞的减数分裂进行了观察, 并将山东标本与欧洲标本的核型进行了比较, 其性染色体有显著差异。

关键词 黑线姬鼠~~华北亚种~~; 染色体~~组型~~; C-带; G-带; 银染; 减数分裂

黑线姬鼠(*Apodemus agvarius*)是我国分布广泛的主要农田害鼠之一, 同时又是流行性出血热病毒的主要携带者和传播者。为阐明中国大陆黑线姬鼠的种下分类, 一些学者对黑线姬鼠的形态特征、生理生化和地理分布进行了研究(Allen, 1940; Corbet, 1978; 夏武平, 1984; 赵小凡等, 1986; 刘春生等, 1991), 但在染色体方面的研究, 国内至今未见报道。我们对分布于山东的黑线姬鼠进行了染色体研究, 试图从细胞学方面为黑线姬鼠的种下分类提供资料。

材料与方 法

1. 实验动物

黑线姬鼠于1992年4—10月采自山东省枣庄市薛城区农田, (6♂, 3♀), 均为成体, 背线清晰, 在实验室饲养3天后进行实验。

2. 方法

(1) 骨髓染色体标本制作法同王金星等(1988)。

(2) 染色体显带 C-显带参照 Sumner (1972) 方法, G-显带参照 Seabright[†] (1971) 方法, 银染色参照 Howell等(1980)方法。

(3) 减数分裂染色体制备 取雄性成熟个体, 体内注射秋水仙素(2微克/克体重), 4小时后取睾丸放入0.075摩尔每升KCl中剪碎, 室温下低渗30分钟后离心, 常规甲

[△] 山东大学青年科学基金资助项目。

本文于1992年9月14日收到, 1992年11月12日收到修改稿。

3125

醇、冰醋酸(3:1)固定, 空气干燥法制片, Giemsa染色。

结 果

1. 染色体组型

共观察分析了103个中期分裂相, 表明二倍体染色体数目为 $2n=48$ 。对15个分裂相进行拍照测量分析, 结果如表1。

表1 黑线姬鼠染色体组型分析数据
Table 1 The data of the karyotypic analysis in *A. a. pallidior*

组别 Group	染色体编号 No. of Chromosomes	相对长度 Relative length	臂 比 Arm ratio	染色体形态 Morphology
A	1	7.93 ± 0.37		T
	2	6.70 ± 0.43		
	3	6.57 ± 0.39		
	4	6.11 ± 0.17		
	5	5.88 ± 0.08		
	6	5.35 ± 0.09		
	7	4.95 ± 0.20		
	8	4.77 ± 0.23		
	9	4.59 ± 0.21		
	10	3.84 ± 0.30		
	11	3.64 ± 0.48		
	12	3.42 ± 0.22		
	13	3.37 ± 0.31		
	14	3.20 ± 0.45		
	15	2.72 ± 0.40		
	16	2.53 ± 0.40		
	17	2.13 ± 0.13		
	18	1.81 ± 0.40		
	19	1.58 ± 0.43		
B	20	3.04 ± 0.17	1.28 ± 0.28	M
	21	2.88 ± 0.18	1.05 ± 0.07	
	22	2.44 ± 0.10	1.14 ± 0.11	
	23	2.34 ± 0.20	1.36 ± 0.12	
	X	1.89 ± 0.21		T
	Y	8.24 ± 0.06		

体的 NORs 位于长臂末端, 18号染色体的NORs与着丝粒相连, 这恰好与在常规组型中所见到的随体相对应(图版 I-4)。

4. G-带

共分析了10个分裂相, 每条染色体均可显示出较清晰的 G-带(图版 II-10)。该图版所用的为早中期分裂相, 带纹数目较多, 全部染色体($2n$)共显示出200条以上的带纹, 正中期染色体带纹明显减少, 只有约80条带纹。

5. 减数分裂

细线期是减数分裂的开始, 染色体处于解螺旋状态, 呈细线状, 缠绕在一起(图—284—

根据测量分析结果, 在23对常染色体中, 有19对端着丝粒染色体, 4对较小的中着丝粒染色体。可以分为2组。

A 组(1—19号): 均为端着丝粒染色体。其中1—7号染色体较大, 8—19号较小。1号染色体是除Y染色体外最大的一对, 有一很短的短臂。18号染色体上可见一小的随体。

B 组(20—23号): 均为中着丝粒染色体。其中20和21号相对较大, 22和23号较小。

性染色体中, X为小的端着丝粒染色体。Y为整个分裂相中最大的端着丝粒染色体(图版 I-1, 2)。

2. C-带

共分析15个分裂相。在23对常染色体中, 几乎每个染色体的着丝粒区都显示大小不等的异染色质。性染色体含异染色质丰富, 其中X染色体全为深染, Y染色体除具大的着丝粒带外, 还有一个明显的末端带(图版 I-3)。

3. 银染核型

通过30个分裂相的观察统计, 83%的分裂相有两对染色体呈银染阳性, 分别为10号染色体和18号染色体。其中10号染色

版Ⅱ-1)。偶线期同源染色体开始配对,该过程称为联会。由于配对染色体的末端总是向着一定的方向缠绕,所以形成花束状(图版Ⅱ-2)。粗线期两条同源染色体完成配对,形成二价体。由于二价体进一步螺旋化,因而可见染色体明显变短变粗(图版Ⅱ-3)。双线期染色体再次解螺旋,同源染色体相排斥,仅以交叉保持它们之间的联系,图版Ⅱ-4中可见染色单体之间有分离和交叉。终变期,染色体更加变粗变短,交叉先从染色体中部逐渐消失,最后只在染色体端部保留交叉——交叉端化(图版Ⅱ-5,6)。中期Ⅰ由于着丝粒位置和交叉数目的不同,双价体呈各种不同的形态,有的为棒状,有的为环状,有的呈菱形(图版Ⅱ-7)。前期Ⅱ染色体数目减半(图版Ⅱ-8)。中期Ⅱ每条染色体的两条染色单体开始分离,只在着丝粒处保持联系(图版Ⅱ-9)。

讨 论

国外仅对黑线姬鼠(*Apodemus agrarius*)的染色体组型有所报道(Kral,1970;Hsu,1972),标本采自欧洲捷克斯洛伐克。与分布于山东的黑线姬鼠比较,染色体的二倍体数目都是 $2n=48$ 。核型中常染色体基本相同,即19对端着丝粒染色体,4对中着丝粒染色体,但性染色体差异显著。山东标本的Y染色体是整个组型中相对长度最大的染色体,X染色体则较小,其相对长度在18和19号染色体之间。欧洲标本与此相反,虽然X和Y亦均为端着丝粒染色体,但X染色体最大,Y染色体很小。造成这种差异的原因可能是在X和Y染色体之间发生了易位。

对姬鼠属的大林姬鼠(*A. speciosus*,日本北海道)和林姬鼠(*A. sylvaticus*,英国伦敦)的染色体组型亦有报道(Hsu,1970,1971),其2倍体数目均为 $2n=48$ 。大林姬鼠的组型与欧洲的黑线姬鼠基本相似,即 $2n=38T+8M,SM+XY$ 。林姬鼠的组型有所不同, $2n=46T+XY$,但它们的共同点是具有很大的X染色体,特别是林姬鼠的X染色体是组型中最大的染色体,而Y染色体均很小。据此可以推测,大的X染色体和小的Y染色体为姬鼠属的祖先型,山东标本的核型可能是在祖先核型的基础上,由X染色体的一个断片易位到Y染色体上的结果。C-带核型似乎支持这一推论:X染色体整个为深染C-带,Y染色体除具大的着丝粒带外,还有一个较大的末端带。

在我们的实验中观察到正中期分裂相染色体的G-带带纹不到早中期的1/2,这是随着前期向中期转换、染色体压缩导致带纹压缩,许多细小的亚带集成较大带纹的结果。Okada等(1979)提出有丝分裂染色体的G-带(或R-带)与减数分裂粗线期染色体二价体的染色粒(图版Ⅱ-3)很相似,Sumner(1972)认为染色粒可能代表了染色质沿着染色体压缩的位点,即染色体开始压缩的地方,有丝分裂染色体也具有这种压缩的特性,这样G-带(R-带)则与有丝分裂染色体压缩的起点相对应。但为什么染色粒只在减数分裂染色体中出现而在有丝分裂染色体中不出现呢?Burkholder(1988)认为这可能与染色体的压缩程度有关,减数分裂染色体在粗线期是很伸展的,且同源染色体配对增强了染色粒的显示。而有丝分裂染色体压缩程度很大,染色粒通常被封闭,因而需要带型处理来揭示它们。

根据我们的观察,黑线姬鼠精母细胞减数分裂的染色体行为与其它哺乳动物相似。

关于中国大陆黑线姬鼠的种下分类,目前存有多种观点,争论的焦点在于亚种划分及地理分界。Corbet(1978)认为中国大陆的黑线姬鼠为长江亚种*A. a. ningpoensis*。夏武平(1984)提出中国大陆的黑线姬鼠包括东北亚种*A. a. manchuricus*(Thomas)分布于

东北三省及内蒙；华北亚种 *A. a. pallidior* Thomas, 分布于华北、西北东部及四川大部；长江亚种 *A. a. ninpoensis* (Swinhoe), 分布于长江中下游广大地区。对于华北亚种及长江亚种的形态特征、生化指标及地理分界等已有研究报道(赵小凡等, 1986), 两亚种间存在着明显差异, 其地理分界在秦岭淮河一线。刘春生等(1991)在对中国大陆东部地区黑线姬鼠进行了形态学研究的基础上, 提出秦岭淮河以北的原华北亚种应归属于东北亚种。目前对于东北亚种的生化特征及细胞学方面的研究尚未见报道。我们的黑线姬鼠标本采自山东省, 按照夏武平(1984)的观点, 应为华北亚种, 该亚种的染色体组型及带型与东北亚种和长江亚种有何异同? 这个问题的进一步研究必将为形态分类学提供有力的佐证。

参 考 文 献

- 王金星, 张锡然, 赵小凡. 1988. 中国刺猬染色体研究. 兽类学报, 8(3):184—192.
 刘春生, 吴万能, 郭世坤, 孟冀辉. 1991. 中国大陆东部地区黑线姬鼠亚种分化研究. 兽类学报, 11(4):294—299.
 赵小凡, 卢治泉. 1986. 黑线姬鼠华北亚种与长江亚种几项生化指标的比较观察. 兽类学报, 6(1):57—62.
 夏武平. 1984. 中国姬鼠属的研究及与日本种类关系的讨论. 兽类学报, 4(2):93—97.
 Allen G M. 1940. The mammals of China and Mongolia, Vol. 2, Amer Mus Nat Hist, New York.
 Burkholder G D. 1988. The analysis of chromosome organization by experimental manipulation. In, Gustafson J P, Appela R editors, Chromosome structure and function, impact of new concepts, 1—52.
 Corbet G B. 1978. The mammal of the palaearctic region. A taxonomic review, London.
 Howell W M, Black D A. 1980. Controlled silver-staining of nucleolus organizer region with a protective colloidal developer, a 1-step method. Experimentia, 36:1014—1016.
 Hsu T C, Benirschke K. 1970. An atlas of mammalian chromosomes, Vol. 4, Springer, New York.
 Hsu T C, Benirschke K. 1971. An atlas of mammalian chromosomes, Vol. 6, Springer, New York.
 Kral B. 1970. Chromosome studies in two subgenera of the genus *Apodemus*. Zool Listy, 19:119.
 Okada T A, Comings D E. 1979. Higher order structure of Chromosomes. Chromodoma, 72:1—14.
 Seabright M. 1971. A rapid banding technique for human chromosomes. Lancet, 2:971—972.
 Sumner A T. 1982. The nature and mechanisms of chromosome banding. Cancer Genet Cytogenet, 8:59—87.
 Sumner A T. 1972. A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. Exp Cell Res, 75:304.

STUDIES OF CHROMOSOME OF STRIPED FIELD MOUSE *APODEMUS AGRARIUS PALLIDIOR* (RODENTIA)

WANG Jinxing ZHAO Xiaofan WANG Xiangmin

(Department of Biology, Shandong University, Jinan, 250100)

TIAN Jiexiang

(Xuecheng Plant Protection station, Zaozhuang)

Abstract

The karyotypes of *Apodemus agrarius pallidior* in zaozhuang, Shandong province were studied by the chromosome preparations of bone marrow cells. The diploid chro-

mosome number was 48, and the karyotype was $2n = 8M + 38T + XY$. X was a small sized telocentric, and Y was the largest telocentric.

The C-banded, G-banded and silver-stained karyotypes were observed. The results showed that C-bands were located at the centromeres of almost every chromosome pairs, and sex chromosomes were rich of heterochromatin. The chromosomes showed clear bands in G-banded karyotype. Ag-NORs were predominantly located at the 2 pairs of telocentrics (No. 10 and No. 18). We compared the karyotype of Shandong specimens with that of European specimens, and also studied the chromosome behavior of meiosis.

Key words *Apodemus agrarius pallidior*; Karyotype; C-banding; G-banding; Ag-NORs; Meiosis

(上接第 307 页)

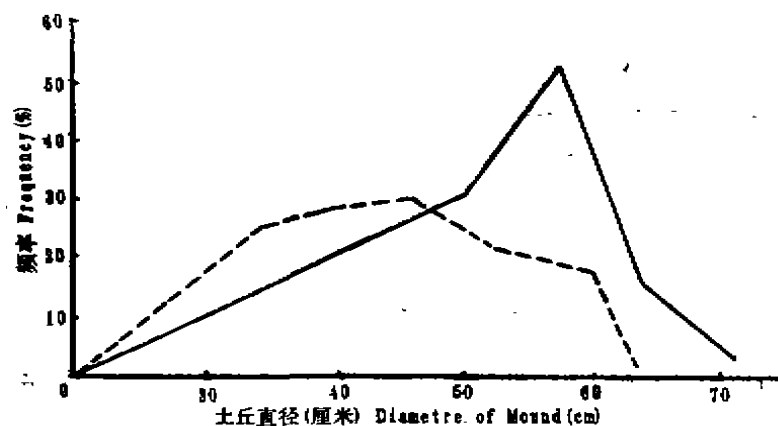


图 2 高原鼯鼠土丘直径的频率分布
Fig. 2 Frequency distribution of the diameter of mound for plateau zokor
..... 雌(female); — 雄(male)

别高原鼯鼠性别的重要指标。

雄鼠和雌鼠的体长相近,但体重差异较大,雄鼠个体明显大于雌鼠,这是雄鼠洞道直径大于雌鼠的原因。对34只鼠的体重与相应洞道直径作相关性分析,呈明显的正相关($r = 0.901$)。

根据雌雄鼯鼠洞道直径和土丘大小的差异,结合在土丘分布上的不同特点,作者进行了性别预测实验,准确率达94.6%,雄性为90.9%,雌性为100%。有三个洞道最初预测为雄鼠,捕杀后检查却是雌鼠,我们在这3个洞道口再次安放弓箭,均捕杀到雄鼠。前后两次捕杀的时间间隔很短,并不像是高原鼯鼠的相互侵占巢穴行为。我们认为高原鼯鼠的交配地点似在雄鼠洞道内,对此尚待进一步研究。

大面积捕鼠统计的性别比表明,雌鼠数量明显多于雄鼠。雄鼠和雌鼠巢区在空间分布上的镶嵌格局是否与它们的交配行为,尤其是雄、雌鼠之间的信息传递有某种联系,也有待研究。

关键词 高原鼯鼠; 洞道; 土丘; 性别判定

Key words Plateau zokor; Burrow; Mound; Sex prediction

刘世贵 肖龙 陈庄 徐恒 (四川大学生物工程系, 成都, 610064)

如 甲 (四川省阿坝州, 若尔盖县草原站)