

湘华鲮(♂)×鲮鱼(♀)杂交一代与其 双亲染色体组型的比较研究

张锦霞 刘肖芳 王祖熊

(中国科学院水生生物研究所)

靳光琴

(广西水产研究所)

提 要

三种鱼的二倍体数目完全相同,均为 $2n = 50$ 。三种鱼的核型差异较大,尤其是双亲间的组型在形态上有明显的差异。然而杂交一代的 m 、 sm 二组染色体的组型却十分接近母体,这二组的染色体数占了全部染色体总数的 88%。杂交一代染色体组型中的 st 和 t 二组染色体虽与双亲有所不同,但与双亲中这二组染色体组型的差异来比要小一些。三种鱼的中期分裂相中,未曾发现带有随体的染色体,也未发现与性别有关的异型染色体的存在。

我们在开展鲮鱼的杂交育种试验时,发现湘华鲮 (*Sinilabeo decorus tungting*) ♂×鲮鱼 (*Cirrhinus molitorella*) ♀ 的杂交一代 (F_1) 的形态性状基本上像母体。而有关湘华鲮、鲮鱼染色体的研究迄今国内尚未见有报道。为了找到上述现象的根本原因,本试验对杂交一代 (F_1) 及其双亲染色体组型进行了分析比较。这对于鲮鱼的杂交育种工作是很有意义的。

材 料 和 方 法

本研究所用试验材料,鲮鱼是取自广西水产所和广东兴宁鱼苗场。鱼体重量 2—5 两。湘华鲮是在湖南沅陵的沅江中所捕获的鱼种和成鱼。鱼体重量 1—2 两或 1—3 斤左右。杂交种 (F_1) 取自广西水产所(池塘内),体重 2—3 两或 1 斤半左右的鱼种和成鱼。

染色体的制备是采用外周血的白细胞培养方法^[1,2,3]。培养液的成份是: 8 毫升 TC-199, 2 毫升小牛血清和加入 0.4 毫升 PHA-M(上海生化所产), PHA 最终浓度是 0.08 毫克/毫升。以及加入适量的青(100 国际单位/毫升)、链(100 微克/毫升)、卡那霉素(50 国际单位/毫升),最后调至 pH7.2—7.4。在 28—29℃ 条件下培养 3 天。终止培养前用 0.4 微克/毫升秋水仙素处理 3 小时,随即按常规收集细胞。此后,用 0.075M 的 KCl 进行低渗处理 30 分钟,再用甲醇-冰醋酸 (3:1) 固定。火焰干燥法制片,吉姆萨染色后即可

作显微观察。

选择染色体分散适中的中期分裂相,计算染色体数。并对形态清晰、分散好的染色体拍摄显微照片并放大,选择6—8个正中期分裂相进行测量。计算其臂比(长臂/短臂)和相对长度(每一染色体的长度占单倍体总长度的百分数)。根据 Levan 等^[1]提出的标准进行染色体的命名和分类:臂比1.0—1.7为中部着丝点染色体(m);1.7—3.0为亚中部着丝点染色体(sm);3.0—7.0为亚端部着丝点染色体(st);7.0— ∞ 为端部着丝点染色体(t)。m和sm组为双臂染色体, st和t组为单臂染色体。按相对长度从大到小的顺序绘制出3种鱼的核型模式图。并从中选取一个较有代表性的分裂相照片排成染色体组型。

结果与讨论

(一) 湘华鲮的染色体组型

我们对5尾湘华鲮的100个中期分裂相观察结果是:湘华鲮的二倍体数目为 $2n=50$,全部染色体可配成25对同源染色体。可分为m、sm、st和t四组。其染色体分组组成是 $12m + 16sm + 10st$ 和 $12t$ 。m组包含6对中部着丝点染色体(即染色体3, 8, 11, 14, 18, 22),相对长度分别为4.75, 4.17, 3.91, 3.73, 3.63, 3.52;臂比分别为1.12, 1.28, 1.14, 1.22, 1.37, 1.32;sm组包含8对亚中部着丝点染色体(即染色体4, 6, 10, 12, 15, 16, 19, 21);其相对长度分别为4.75, 4.33, 4.12, 3.86, 3.71, 3.71, 3.60, 3.53;臂比分别是2.26, 2.48, 2.28, 2.20, 2.17, 1.87, 2.11, 2.09;st组包含5对亚端部着丝点染色体(即染色体1, 2, 5, 7, 20);其相对长度差异较大,在5.76—3.60之间;其中染色体1, 2是该组型中最大的两对染色体,除染色体20外,基本上位于组型模式图的前排位置上;臂比分别为3.54, 3.86, 3.45, 3.68, 3.59;t组包含6对端部着丝点染色体(即染色体9, 13, 17, 23—25, 相对长度分别为4.14, 3.77, 3.70, 3.42, 3.27, 3.10);除染色体9, 13外,基本上位于模式图的后排位置上。总臂数(NF)为78。未见有明显的次缢痕和随体,也没有发现性染色体(表1;图版I: 1)。

(二) 鲮鱼的染色体组型

根据对6尾鲮鱼的200个中期分裂相的观察,鲮鱼的二倍体数目为 $2n=50$,全部染色体可配成25对同源染色体。可分为m, sm, st, t四组。其染色体分组组成是 $20m + 26sm + 2st + 2t$ 。m组包含10对中部着丝点染色体(即染色体4, 6, 8, 10, 11, 14—16, 22, 24),该组染色体相对长度差异较大,在4.72—2.87之间,因而分散于组型模式图的前、中、后的位置上,臂比在1.10—1.52之间;sm组包含13对亚中部着丝点染色体(即染色体1—3, 5, 7, 9, 13, 17—20, 23, 25);其相对长度差异也较大,在6.34—2.79之间,该组染色体1—3和25,是组型中最大的3对和最小的1对染色体,它们位于组型模式图的前、后排位置上,其它9对染色体位于模式图的中、后排位置上。臂比在2.01—2.72之间;st组只有1对亚端部着丝点染色体(即染色体12),相对长度为3.96,位于模式图的中排位

置上；t 组也只有 1 对端部着丝点染色体（即染色体 21），相对长度为 3.49。染色体总臂数为 96。没有发现具有随体的染色体和性染色体。该种鱼的核型具有较多的中部和亚中部着丝点染色体，故总臂数也较高（表 2；图版 I：2）。

表 1 湘华鲮核型指数

Tab. 1 Indices of karyotype of *S. decorus tungting*

项目 序号	长 臂 长 μ	短 臂 长 μ	臂 比	全 μ 长	相对长度 %	类 型
1	3.61	1.02	3.54	4.63	5.76	st
2	3.13	0.81	3.86	3.94	4.90	st
3	2.02	1.80	1.12	3.82	4.75	m
4	2.65	1.17	2.26	3.82	4.75	sm
5	2.93	0.85	3.45	3.78	4.70	st
6	2.48	1.00	2.48	3.48	4.33	sm
7	2.72	0.74	3.68	3.46	4.31	st
8	1.88	1.47	1.28	3.35	4.17	m
9	3.33	—	∞	3.33	4.14	t
10	2.30	1.01	2.28	3.31	4.12	sm
11	1.67	1.47	1.14	3.14	3.91	m
12	2.13	0.97	2.20	3.10	3.86	sm
13	3.03	—	∞	3.03	3.77	t
14	1.65	1.35	1.22	3.00	3.73	m
15	2.04	0.94	2.17	2.98	3.71	sm
16	1.94	1.04	1.87	2.98	3.71	sm
17	2.97	—	∞	2.97	3.70	t
18	1.69	1.23	1.37	2.92	3.63	m
19	1.96	0.93	2.11	2.89	3.60	sm
20	2.26	0.63	3.59	2.89	3.60	st
21	1.92	0.92	2.09	2.84	3.53	sm
22	1.61	1.22	1.32	2.83	3.52	m
23	2.75	—	∞	2.75	3.42	t
24	2.63	—	∞	2.63	3.27	t
25	2.49	—	∞	2.49	3.10	t
				80.36		

(三) 杂交一代 (F₁) 的染色体组型

根据对 5 尾杂种一代的 100 个分裂相染色体数目的分析，确定杂交一代两倍体染色体数目 $2n = 50$ 。全部染色体可配成 25 对。其染色体分组组成是 $18m + 26sm + 6st$ 。m 组包含 9 对中部着丝点染色体（即染色体 4, 7, 10, 12—15, 18, 19），其相对长度为 4.72—3.54 之间，分散于组型模式图的前、中排位置上，臂比在 1.08—1.32 之间，sm 组包含 13 对亚中部着丝点染色体（即染色体 1—3, 5, 6, 8, 11, 17, 20—22, 24, 25），该组染色体相对长度差异较大，在 6.41—3.09 之间，其中染色体 1—3, 和 24, 25 同是组型中最大

表 2 鲮鱼核型指数
Tab. 2 Indices of karyotype of *C. molitorella*

项目 序号	长 臂 长 μ	短 臂 长 μ	臂 比	全 长 μ	相对长度 %	类 型
1	3.51	1.29	2.72	4.80	6.34	sm
2	2.83	1.29	2.19	4.12	5.44	sm
3	2.68	1.16	2.31	3.84	5.07	sm
4	1.88	1.70	1.10	3.58	4.72	m
5	2.30	1.12	2.05	3.42	4.52	sm
6	1.82	1.51	1.20	3.33	4.40	m
7	2.10	1.04	2.01	3.14	4.15	sm
8	1.64	1.48	1.11	3.12	4.12	m
9	2.09	0.98	2.13	3.07	4.06	sm
10	1.79	1.26	1.42	3.05	4.03	ru
11	1.83	1.20	1.52	3.03	4.00	m
12	2.49	0.51	4.88	3.00	3.96	st
13	2.06	0.89	2.31	2.95	3.90	sm
14	1.74	1.16	1.50	2.90	3.83	m
15	1.59	1.26	1.26	2.85	3.76	ru
16	1.49	1.33	1.12	2.82	3.73	m
17	1.96	0.86	2.28	2.82	3.73	sm
18	1.97	0.82	2.40	2.79	3.69	sm
19	1.87	0.88	2.12	2.75	3.63	sm
20	1.80	0.85	2.11	2.65	3.50	sm
21	2.64	—	∞	2.64	3.49	t
22	1.44	1.03	1.39	2.47	3.26	m
23	1.54	0.64	2.40	2.18	2.88	sm
24	1.30	0.87	1.49	2.17	2.87	m
25	1.44	0.67	2.15	2.11	2.79	sm
				75.60		

和最小的 5 对染色体,分别位于模式图的最前和最末的位置上,其它 8 对染色体位于模式图的中排位置上。臂比在 1.94—2.55 之间。st 组包含 3 对染色体(即染色体 9, 16, 23), 相对长度分别为 4.11, 3.69 和 3.37。臂比分别为 3.17, 3.66 和 3.19。同样,具有较多的中部和亚中部着丝点染色体,故其总臂数比较高,为 94 (表 3; 图版 I, 3)。

(四) 湘华鲮(♂)×鲮鱼(♀)杂交一代
与其双亲染色体组型的比较

1. 三种鱼的二倍体数目完全相同,即 $2n = 50$ 。并且都未见有明显的次缢痕和随体,也没有发现性染色体。

2. 尽管三种鱼染色体数目相同,但核型差异较大,尤其是双亲中的组型在形态上有明显差异: 1)在湘华鲮组型中最大的 2 对染色体(即染色体 1, 2),是亚端部着丝点染色体;而鲮鱼最大的 2 对染色体(即染色体 1, 2),是亚中部着丝点染色体,同时,鲮鱼染色体 1,

表 3 湘华鲮♂×鲮鱼♀杂交一代(F₁)核型指数

Tab. 3 Indices of karyotype of *S. decorus tungting*×*C. molitorella*

项目 序号	长 臂 长 μ	短 臂 长 μ	臂 比	全 μ 长	相对长度 %	类 型
1	3.55	1.39	2.55	4.94	6.41	sm
2	2.80	1.18	2.37	3.98	5.17	sm
3	2.58	1.08	2.39	3.66	4.75	sm
4	2.07	1.57	1.32	3.64	4.72	m
5	2.25	1.11	2.03	3.36	4.36	sm
6	2.25	0.97	2.32	3.22	4.18	sm
7	1.72	1.47	1.17	3.19	4.14	m
8	2.14	1.04	2.06	3.18	4.13	sm
9	2.41	0.76	3.17	3.17	4.11	st
10	1.71	1.40	1.22	3.11	4.04	m
11	2.10	0.94	2.23	3.04	3.95	sm
12	1.62	1.40	1.15	3.02	3.91	m
13	1.64	1.35	1.22	2.99	3.88	m
14	1.68	1.27	1.32	2.95	3.83	m
15	1.60	1.29	1.24	2.89	3.75	m
16	2.23	0.61	3.66	2.84	3.69	st
17	1.98	0.84	2.36	2.82	3.66	sm
18	1.53	1.24	1.23	2.77	3.59	m
19	1.42	1.31	1.08	2.73	3.54	m
20	1.80	0.93	1.94	2.73	3.54	sm
21	1.85	0.84	2.20	2.69	3.49	sm
22	1.76	0.88	2.00	2.64	3.43	sm
23	1.98	0.62	3.19	2.60	3.37	st
24	1.71	0.80	2.14	2.51	3.26	sm
25	1.61	0.77	2.09	2.38	3.09	sm
				77.04		

2 明显大于湘华鲮染色体 1, 2, 相对长度相差分别为 0.58 和 0.54; 2) 湘华鲮组型中最小的 1 对染色体 (即染色体 25) 是端部着丝点染色体, 而鲮鱼最小的 1 对染色体 (即染色体 25), 是亚中部着丝点染色体, 而且明显小于湘华鲮, 相对长度相差 0.31; 3) 鲮鱼的中部着丝点染色体比湘华鲮多 8 条, 亚中部着丝点染色体也比湘华鲮多 10 条, 因而总臂数比湘华鲮高, 相差 18 (图 1, 2)。由于核型上出现的这些差异, 能存活下来的就只有少数接近母本的杂合体。从这一点来看, 它是杂种一代出苗率低的重要原因之一^[2, 6]。

3. 杂种一代的染色体组型中, m、sm 二组染色体的组型都十分接近母本: 1) 都具有 2 对明显较大的亚中部着丝点染色体 (染色体 1, 2) 和最小的 1 对亚中部着丝点染色体 (染色体 25), 其相对长度和臂比也相近; 2) 杂种一代的组型中, 有几对染色体的相对长度和臂比与母本是极相近的, 即染色体 1, 4, 5, 10, 14, 15, 17, 20; 3) 都具有较多的中部和亚中部着丝点染色体 (图 2, 3)。这两组的染色体数占了全部染色体总数的 88%。很显然, 杂种一代的染色体组中保留了与母本同源的大部分染色体组。因此, 通过杂合得来的杂交一代, 其性状与母本相似, 也是不难理解的。至于 st、t 2 组染色体组数, 在杂交一

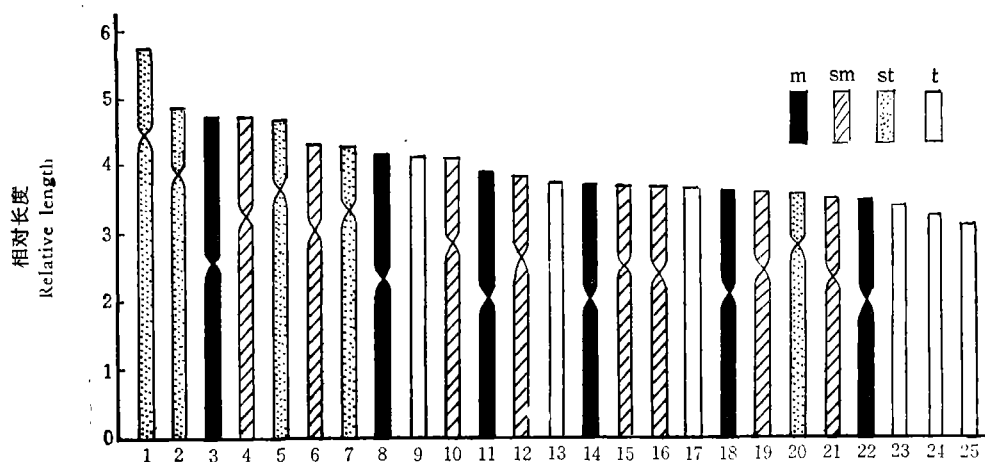


图1 湘华鲮核型模式图

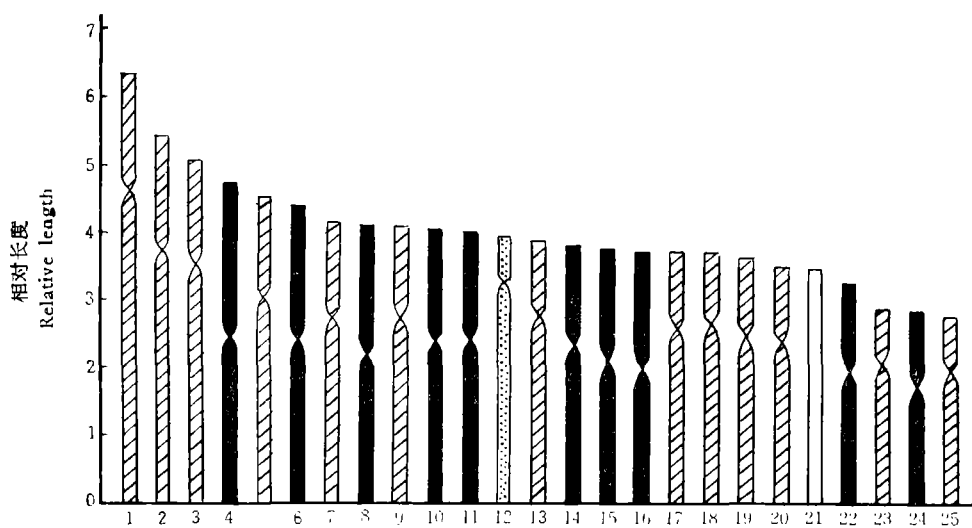
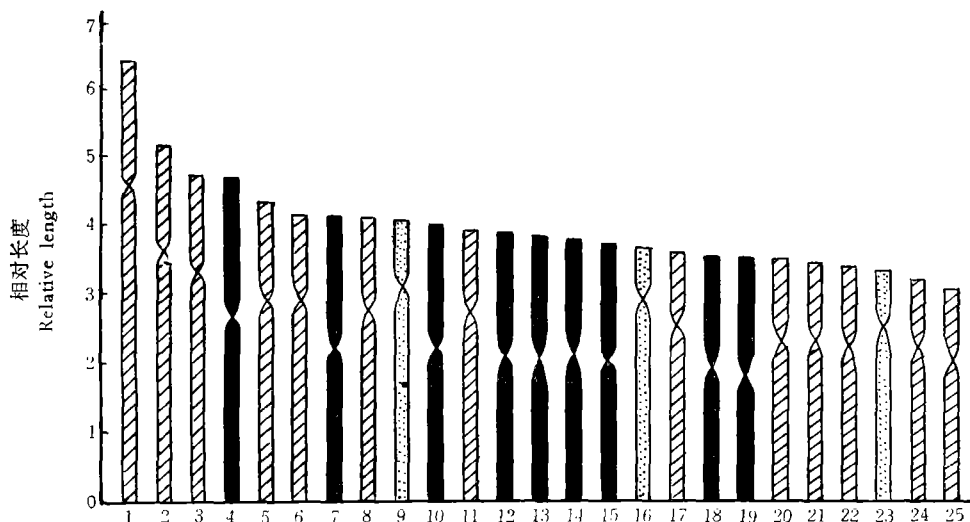
Fig. 1 Idiogram of *S. decorus tungting*

图2 鲮鱼核型模式图

Fig. 2 Idiogram of *C. molitorella*

代中与双亲不同的原因,尚待进一步的研究。

图 3 湘华鲮 σ^7 \times 鲮鱼 ♀ 杂种一代核型模式图Fig. 3 Idiogram of *S. decorus tungting* σ^7 \times *C. molitorella* ♀

参 考 文 献

- [1] 吴政安、杨慧一, 1980. 鱼类细胞遗传学的研究, II. 鱼类淋巴细胞的培养及其染色体组型分析. 遗传学报, 7(4): 370—375.
- [2] Cook, P. C., 1978. Karyotype analysis of the gobiid fish genus *Quiatula* Jordan and Evermann. J. Fish Biol., 12(2): 173—180.
- [3] Gold, J. R., 1974. A fast and easy method for chromosome karyotyping in adult teleosts. Progressive Fish Culturist. 36(3): 169—171.
- [4] Ojima, Y., M. Hayashi and K. Ueno, 1972. Cytogenetic studies in lower vertebrates. X. Karyotype and DNA studies in 15 species of Japanese Cyprinidae. Japan J. Genetics, 47(6): 431—440.
- [5] Levan, A. K. Fredag and A. A. Sandberg, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52: 201—220.
- [6] Müntzing, A., 1961. Genetic Research, pp. 208—211. LTS FORLAG STOCKHOLM SWEDEN.

**A COMPARATIVE STUDY ON THE KARYOTYPES AMONG
THE HYBRID FISH (*SINILABEO DECORUS TUNG-*
TING♂ × *CIRRHINUS MOLITORELLA*♀)
AND ITS PARENTAL FISHES**

Zhang Jinxia, Liu Xiaofang and Wang Zuxiong
(*Institute of Hydrobiology, Academia Sinica*)

Jin Guangqin
(*Institute of Fishery Science, Kwangsi*)

ABSTRACT

Karyotypes of two cyprinid fishes (*Sinilabeo decorus tungting* and *Cirrhinus molitorella*) and their hybrid (F_1) were examined. The results of the karyotypic analysis are presented below:

The diploid chromosome numbers of these three fishes are all 50. The karyotype of paternal fish (*S. decorus tungting*) is composed of 6 metacentric chromosome pairs, 8 submetacentric chromosome pairs, 5 subtelocentric chromosome pairs and 6 telocentric pairs; while the karyotype of maternal fish (*C. molitorella*) consists of 10 metacentric chromosome pairs, 13 submetacentric chromosome pairs, 1 subtelocentric chromosome pair and 1 telocentric pair. It is obvious that the karyotypic chromosome sets of the two parental fishes are different from each other.

The karyotype of the hybrid (F_1) is composed of 9 metacentric chromosome pairs, 13 submetacentric chromosome pairs and 3 subtelocentric pairs. It is different from either parental karyotypes. The karyotypic indices and the number of metacentric and submetacentric chromosome in F_1 are nearly equal to those of its maternal fish, chromosome numbers of these two parts amounting to 88% of the total. Thus, F_1 retains most of the chromosome homologous to its maternal fish.

Some morphological descriptions on chromosome pairs above mentioned as well as the idiograms established on the basis of their karyotypes are given in this paper likewise.

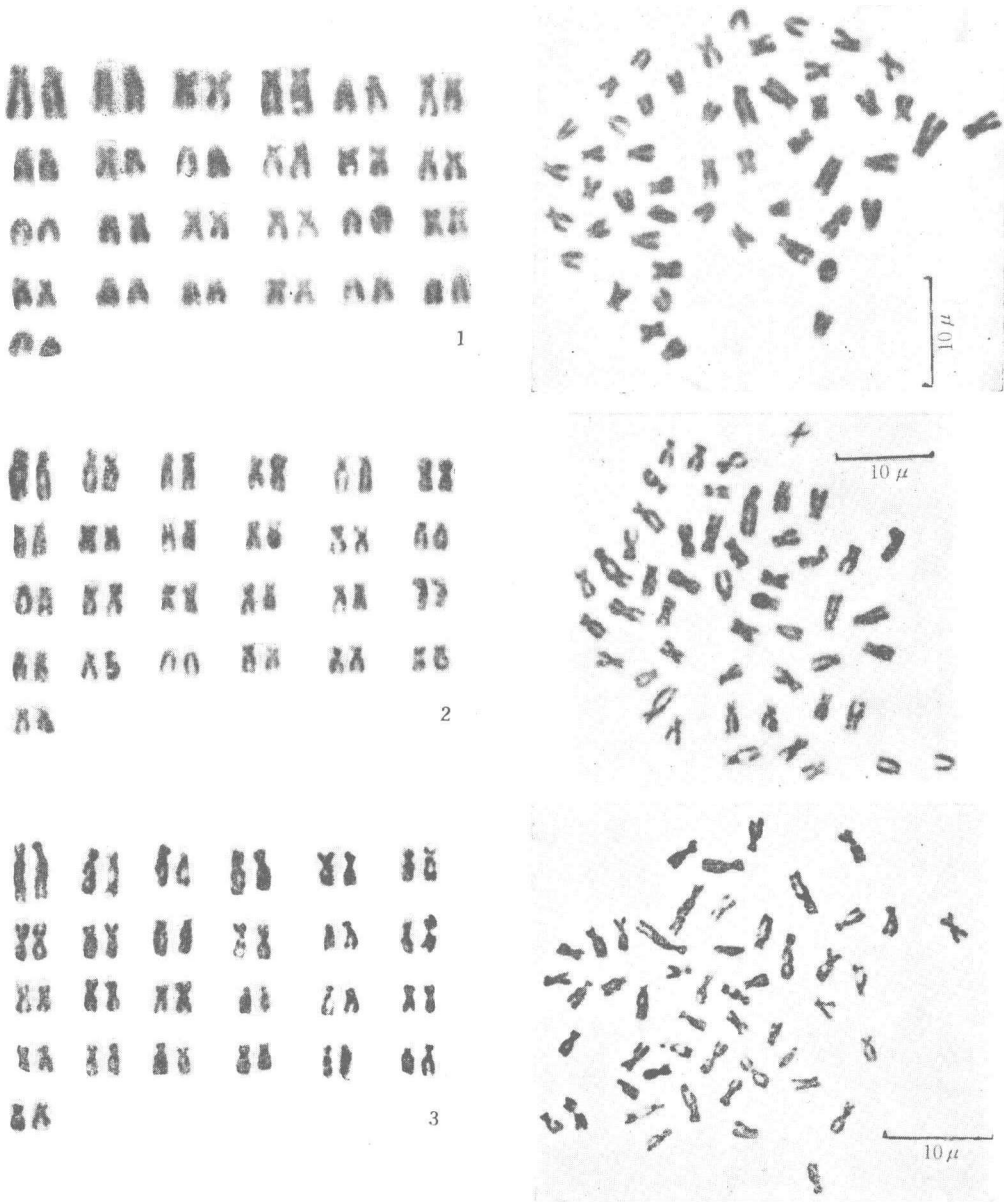


图 1 湘华鲮的中期染色体与组型。
图 2 鲮鱼的中期染色体与组型。
图 3 湘华鲮(♂)×鲮鱼(♀)的中期染色体与组型。
Fig. 1 Metaphase chromosomes and Karyotype of *S. decorus tungting*.
Fig. 2 Metaphase chromosomes and Karyotype of *C. molitorella*.
Fig. 3 Metaphase chromosomes and Karyotype of *S. decorus tungting*(♂)×*C. molitorella*(♀).