

大蹄蝠的核型分析

谷晓明

(贵州师范大学生物科学与技术系 贵阳 550001)

摘要: 研究了大蹄蝠的核型、C-带和 Ag-NORs。大蹄蝠的染色体数目是 $2n = 32$, $NF = 60$, No. 8 染色体上有一明显的次缢痕。大蹄蝠有丰富的结构异染色质, 主要以着丝粒带的形式存在; 且有若干对染色体部分或全部异染色质化; 一对 Ag-NORs 稳定地出现于 No. 8 染色体。

关键词: 大蹄蝠; 核型; C-带; Ag-NORs

中图分类号: Q959.6 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2002)03-19-03

The Karyotype Analysis of *Hipposideros armiger*

GU Xiao-Ming

(Department of Biological Science and Biotechnology, Guizhou Normal University Guiyang 550001, China)

Abstract: The diploid number ($2n$) of *Hipposideros armiger* is 32 with a fundamental number (FN) of 60, and a pair of clear secondary constriction exist in No. 8 chromosome. The C-banded karyotype showed that the species has abundant constitutive heterochromatin, which exists mainly in centromeric region, and that some of its chromosomes are partly or completely heterochromatinized. A pair of Ag-NORs appear stably in No. 8 chromosome.

Key words: *Hipposideros armiger*; Karyotype; C-band; Ag-NORs

有关翼手目的核、带型, 国外早已进行了广泛深入的研究, 目前仍有不少这种研究的报道^[8,10]。国内这方面的工作开展较晚, 迄今为止涉及到 3 科 5 属近 20 个种, 但其中仅 2 个种分别进行了 G-带和 C-带分析^[2,3]。大蹄蝠是我国广为分布且数量较多的一个种, 张维道曾报道了该种的核型^[4], 本文报道其常规核型、C-带和 Ag-NORs。

1 材料与方 法

大蹄蝠 (*Hipposideros armiger*) 性成熟个体 2 ♀ 3 ♂, 1999 年 10 月采于贵阳市郊大转弯。

1.1 动物处理和染色体标本制备 当日捕获的动物按 $3 \sim 5 \mu\text{g/g}$ 体重的剂量腹腔注射秋水仙素, 4 ~ 6 h 后取前肢长骨, 以 0.075 mol/L KCl 将骨髓直接冲入离心管, 室温下低渗 30 ~ 35

min; 甲醇、冰乙酸混合固定液 (3:1) 固定 30 min 后, 1000 r/min 离心 10 min 去上清液, 加入新配固定液 4°C 冰箱内固定过夜, 离心, 制成细胞悬液; 滴片, 空气干燥。用于常规核型分析的制片, 以 10% Giemsa (pH 7.2) 染色 15 min。

1.2 显带方法 C-带程序: 片龄 3 周以内的标本 0.2 mol/L HCl 处理 30 min, 5% $\text{Ba}(\text{OH})_2$ 溶液 50°C 处理 5 ~ 8 min, 同温的蒸馏水彻底清洗, 干后于 60°C $2 \times \text{SSC}$ 溶液中温育 1 h; 水洗干燥, 5% Giemsa (pH 6.8) 染色 20 ~ 30 min。Ag-NORs 显示程序: 片龄一周内的制片滴加 6 滴 50% AgNO_3 和 3 滴 2% 明胶溶液 (内含 1% 甲

作者介绍 谷晓明, 男, 46 岁, 副教授; 研究方向: 动物遗传与进化; E-mail: gxmwx@263.net。

收稿日期: 2001-05-08, 修回日期: 2002-01-05

酸),覆盖一大小合适的擦镜纸,于 65℃烤箱中
度银 5~8 min,蒸馏水洗干后即可。

染色体的分类按 Levan^[7] 的标准。常规核
型分析 10 个以上细胞,C-带和 Ag-NORs 均分析
5 个以上细胞。根据染色体的长度、着丝粒位
置和带纹将染色体配对,排序并剪贴,得常规核
型、C-带和银染核型。

2 结果

2.1 常规核型 大蹄蝠的染色体数是 $2n = 32$,

除 Y 染色体外全为双臂染色体(表 1),NF = 60;
16 对同源染色体可分为大型染色体组(Nos. 1
~ 7),中小型染色体组(Nos. 8 ~ 15)和性染色
体;常染色体中仅 No. 4 为亚中部着丝粒染色体
(sm),其余均为中着丝粒染色体(m);X 染色体
是 sm 染色体,其长度在 No. 4 和 No. 5 之间;Y
染色体大小与最小一对染色体相近,是端着
丝粒染色体(t)。当细胞处于早中期或近中期,染
色体较为伸展时,No. 8 长臂近着丝粒处可见一
明显次缢痕(图 1:a)。

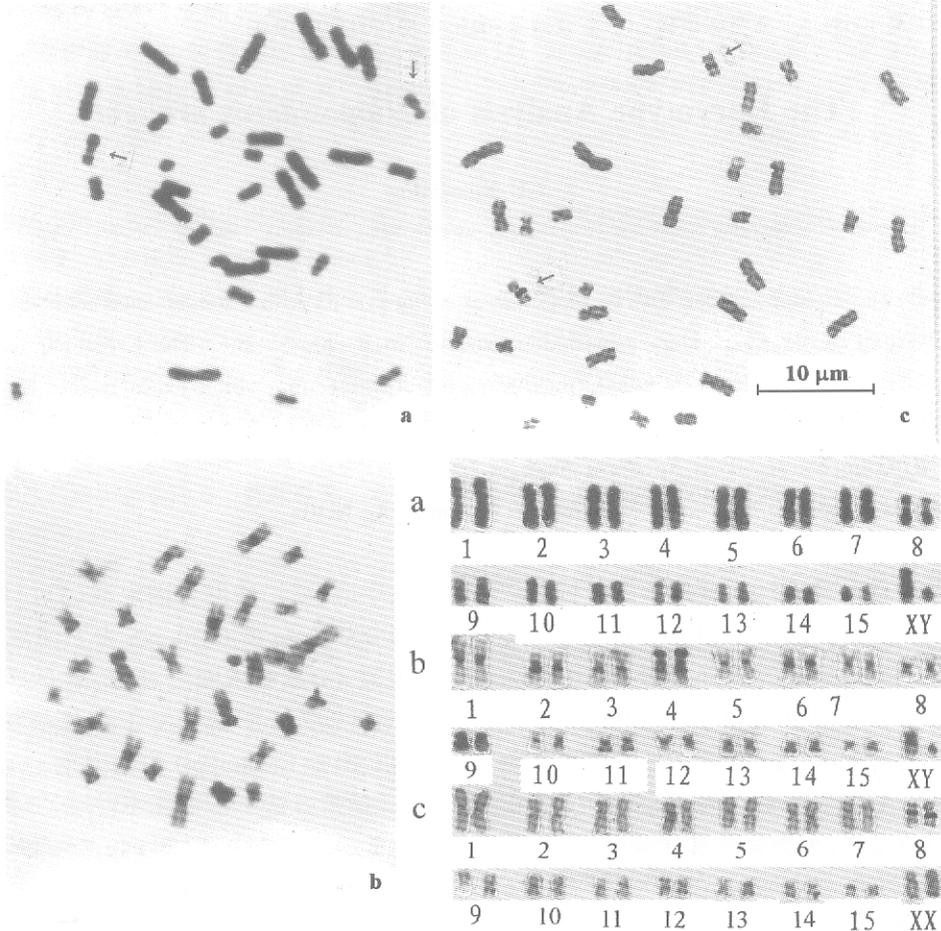


图 1 大蹄蝠的核型分析

a. 常规染色中期分裂相及核型,箭头示 No. 8 染色体的次缢痕;b. C-带中期分裂相及 C-带核型;
c. 银染中期分裂相及银染核型,箭头示 No. 8 染色体上的 Ag-NORs

2.2 C-带核型 大蹄蝠 C-带非常发达,大型
染色体中的 No. 4 整个短臂,以及近着丝粒区
1/2 以上的长臂强烈地异染色质化;Nos. 1 ~ 3、5

~ 7 显示了非常强烈的着丝粒带,其中 Nos. 1 ~
3、5 着丝粒带向短臂或长臂扩展,中小染色体
组和性染色体也有极发达 C-带,其中 No. 9 全

部, Nos. 11、14 和 14 整个长臂, No. 12 整个短臂, Y 染色体全部, 以及 X 染色体的整个短臂和近着丝粒约 1/3 的长臂均强烈地异染色质化; 其它染色体则同样显示了强烈的着丝粒带(图 1:b)。

表 1 大蹄蝠的染色体数据($\bar{X} \pm SE$)

No.	相对长度	臂 比	染色体类型
1	9.32 ± 0.18	1.22 ± 0.10	m
2	8.28 ± 0.14	1.17 ± 0.07	m
3	8.02 ± 0.12	1.16 ± 0.08	m
4	7.79 ± 0.13	2.12 ± 0.11	sm
5	7.43 ± 0.19	1.15 ± 0.06	m
6	7.12 ± 0.15	1.18 ± 0.05	m
7	6.80 ± 0.12	1.15 ± 0.05	m
8	5.78 ± 0.16	1.08 ± 0.08	m
9	5.57 ± 0.11	1.10 ± 0.06	m
10	5.38 ± 0.09	1.11 ± 0.07	m
11	5.19 ± 0.08	1.23 ± 0.08	m
12	4.90 ± 0.08	1.20 ± 0.09	m
13	4.69 ± 0.11	1.25 ± 0.10	m
14	4.42 ± 0.10	1.12 ± 0.06	m
15	4.14 ± 0.09	1.14 ± 0.11	m
X	7.89 ± 0.18	2.46 ± 0.21	sm
Y	4.09 ± 0.12		t

2.3 银染核型 对 100 多个银染中期分裂相的观察结果表明, 一对粗大 Ag-NORs, 恒定地出现在 No. 8 的次缢痕区, 未观察到多态现象(图 1:c)。

3 讨论

张维道曾报道过海南产大蹄蝠的核型^[4], 本文研究的大蹄蝠与之基本相同, 其微小差别有三: 一是前者 No. 15 为单臂染色体, 后者 No. 15 则为双臂的 m 染色体; 二是前者 Y 染色体为 sm 染色体, 而后者则为端着丝粒染色体(t); 再就是前者未观察到有次缢痕的存在, 而后者 No. 8 染色体上有明显的次缢痕。上述差异不存在于本研究所用动物个体之间和细胞之间, 但 No. 8 上的次缢痕要在染色体较伸展时才能看到。

已知核型的蹄蝠科种类均为 $2n = 32$ ^[6], 是翼手目中染色体数目较少的类群; 对蹄蝠属 12 种, 菊头蝠属 21 种的核型进行比较分析的结果提示, 蹄蝠属 $2n = 32$, $NF = 60$ 的核型很可能是

由菊头蝠属中原始的核型($2n = 62$, $NF = 60$)通过若干次罗伯逊融合演化而来^[6]。大蹄蝠 C-带核型中强烈的着丝粒带, 以及缺少插入带和端带, 或许从一个侧面证明了核型进化途径之一一是罗伯逊融合; 至于若干常染色体和性染色体的全部或部分异染色质化, 以及着丝粒带向短臂或长臂扩展, 可用着丝粒结构异染色质的复制或扩增来加以解释; 这种现象, 在其它翼手目种类中也有发现^[5]。

有些蝙蝠只有一对 Ag-NORs, 且这对 Ag-NORs 通常出现于次缢痕, 也有一些蝙蝠拥有多态性的 Ag-NORs, Ag-NORs 有若干对, 可以分布在次缢痕、主缢痕或其它部分^[9]。大蹄蝠的一对 Ag-NORs 恒定地出现于 No. 8 的次缢痕区, 无多态现象, 它可否作为一个种属标记使用, 尚需对该属更多的种类作进一步的研究。

参 考 文 献

- [1] 王宗仁. 翼手目核型研究的进展. 兽类学报, 1982, 2(2): 233 ~ 244.
- [2] 殷留勇, 谢兴夫, 史怡君等. 家蝠的染色体. 动物学报, 1985, 31(3): 296 ~ 298.
- [3] 张维道. 绒山蝠的核型和 C-带初步研究. 安徽师大学报, 1990, 4: 58 ~ 63.
- [4] 张维道. 黑胡髯尾蝠和大蹄蝠的染色体分析. 兽类学报, 1992, 12(4): 306 ~ 307.
- [5] Harada M, Yosida T H. Karyological study of four Japanese *Myotis* bats (Chiroptera, Mammalia). *Chromosoma* (Berl.), 1978, 65: 283 ~ 291.
- [6] Harada M, Yenbutra S, Yosida T H. Cytogenetical study of *Rhinolophus* bats (Chiroptera, Mammalia) from Thailand. *Proc Japan Acad*, 1985(61), Ser. B: 455 ~ 458.
- [7] Levan A, Fredga K, Sandberg A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Heredity*, 1964, 52: 197 ~ 200.
- [8] Morielle Versute E, Varella Garcia M, Taddei V A. Karyotypic patterns of seven species of molossid bats (Mammalia Chiroptera). *Cytogenet Cell Genet*, 1997, 73(1): 26 ~ 33.
- [9] Volleth M. Difference in the location of nucleolus organizer region in European vespertilionid bats. *Cytogenet Cell Genet*, 1987, 44: 186 ~ 197.
- [10] Volleth M, Bronner G, Gopfert M C *et al.* Karyotype comparison and phylogenetic relationships of *Pipistrellu*-like bats (Vespertilionidae; Chiroptera; Mammalia). *Chromosome Research*, 2000, 8(1): 25 ~ 46.