

辽宁雏蝗不同地理种群染色体研究

许姝娟, 史红全, 韩亚鹏, 陈德来, 柳鹏飞

(陇东学院生命科学与技术学院, 甘肃省高校陇东生物资源保护与利用省级重点实验室, 甘肃庆阳 745000)

摘要 [目的]比较辽宁雏蝗(*Chorthippus liaoningensis* Zheng)3个不同地理种群(长白山种群、敦化种群、漠河种群)的染色体核型及C带带型。[方法]染色体常规压片法制片,使用BSG法处理染色体C带显带。[结果]辽宁雏蝗3个不同地理种群具有相同性别决定机制XO型,相同染色体数目 $2n(\delta) = 17, NF = 23$ 。3个地理种群染色体组式相似,染色体核型相同都为“1C”核型。在C带带型方面,3个地理种群的C带带型都比较单一,都仅具有着丝粒带。在异染色质总含量方面三者存在着差异。[结论]基于3个地理种群染色体核型及C带带型的特点,说明3个不同地理种群的辽宁雏蝗为同一种,但因为地理位置不同,同种内不同地理种群染色体C带带型存在一定差异。

关键词 辽宁雏蝗;染色体;核型;C带;地域种群

中图分类号 Q969 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2017)13-0013-03

Chromosome Analysis in different Populations of *Chorthippus liaoningensis* Zheng in China

XU Shu-juan, SHI Hong-quan, HAN Ya-peng et al (College of Life Sciences and Technology, Longdong University, University Provincial Key Laboratory for Protection and Utilization of Longdong Bio-resources in Gansu Province, Qingyang, Gansu 745000)

Abstract [Objective] The aim was to compare chromosomal karyotypes and C-banding karyotypes of *Chorthippus liaoningensis* Zheng in three geographic populations. [Method] BSG method was used to carry out the banding treatment. [Result] The three geographic populations had the same chromosomal karyotypes of “1C” type and the same sex-determining mechanism of XO and the same chromosome number $2n(\delta) = 17$ with $NF = 23$. In C-banding, the three geographic populations all had centromeric band with different heterochromatin content. [Conclusion] In view of the chromosome karyotypes and the characteristics of C-banding, the three geographic populations are the same specie. Because the distinct geographical environments, slight differences in C-banding karyotypes are apparent among the three populations.

Key words *Chorthippus liaoningensis* Zheng; Chromosome; Karyotype; C-banding; Geographic population

染色体是遗传物质基因的载体,其各种特性包括染色体数目、形态及分裂过程的状态都有物种的特异性,可以用染色体确定物种的分类地位及物种与物种之间的亲缘关系。目前,染色体核型及C带带型研究在确定物种分类地位及亲缘关系方面得到了广泛的应用^[1-3]。染色体C带带型可用作属级分类阶元的比较分析^[4],也可用作种间关系的对比^[5],还可用作种内水平种群亲缘关系和杂交带的种群细胞遗传的研究。Bugrov等^[6]研究了日本北海道*Podisma sappoensis*的2个染色体种群的C带核型。Shaw等^[7]分析比较了*Caledia captiva*的4个染色体种群的C带核型,并对其种群细胞遗传进行了研究。马恩波等^[8]比较分析了不同地域种群山稻蝗染色体C带核型。李敏等^[9]对东北地区亚洲飞蝗染色体核型进行了分析,并对亚洲飞蝗的2个不同地理种群进行了比较。研究表明,蝗总科昆虫染色体数目具有较大的保守性,对其染色体核型及C带带型进行分析具有更加重要的意义。雏蝗隶属于直翅目(Orthoptera)蝗总科(Acridoidea)网翅蝗科(Arcypteridae)雏蝗属(*Chorthippus* Fieber),目前已知种类200多种,广泛分布于欧亚非洲及美洲等地区^[10]。辽宁雏蝗(*Chorthippus liaoningensis* Zheng)属于雏蝗属,主要分布于我国东北地区^[11]。笔者对东北地区3个不同地理种群(长白山、敦化、漠河)的辽宁雏蝗进行了染色体核型及C带带型研究,以期为其细胞遗传学研究提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 材料 辽宁雏蝗雄性个体(精巢),标本都采自野外,标

本信息见表1。

表1 辽宁雏蝗标本信息

Table 1 The information of *C. liaoningensis* Zheng

种群 Populations	采集地点 Collection site	采集时间 Collection time	研究个体数 Individual number
长白山种群 Changbaishan population	吉林长白山	2007-08	10(♂)
敦化种群 Dunhua population	吉林敦化	2007-08	10(♂)
漠河种群 Mohe population	黑龙江漠河	2007-09	6(♂)

1.2 方法 在野外采集辽宁雏蝗雄性个体,对活体腹部注射0.05%秋水仙素溶液,每个个体注射5 μL,6~8 h后进行解剖并取出精巢,将精巢放入低渗液(蒸馏水)中低渗10 min,转入卡诺固定液(甲醇:冰醋酸 = 3:1)中固定8~12 h,最后移至75%乙醇中保存备用。采用常规压片法、冰冻揭片法对染色体制片,之后采用BSG法对C带进行显带处理^[12-13]。在普通光学显微镜下观察,每个地理种群选择30个染色好、分散好、染色体形态典型的分裂相,显微拍照,最后进行数据处理。

2 结果与分析

从染色体核型来看,3个地理种群的染色体数目都为 $2n(\delta) = 17$,染色体臂数 $NF = 23$ 。性别决定机制都为XO型。从C带带型上来看,3个地理种群的C带带型单一,每条染色体仅具有着丝粒C带带纹,无其他类型的C带带纹。下面分别叙述3个地理种群染色体特征。

2.1 长白山种群染色体特征 染色体组式为 $3L + 4M + 1S + X$,其中包括3对大型染色体(L),RL值为23.03~17.14;4对中型染色体(M),RL值为8.34~5.03;1对小型染色体(S),RL值为3.91;X染色体为中型染色体,RL值为

基金项目 国家自然科学基金项目(31560139)。

作者简介 许姝娟(1983—),女,河南开封人,讲师,硕士,从事昆虫分类及系统发育研究。

收稿日期 2017-03-27

8.56。在整个染色体组中,第1、3对染色体为亚中着丝粒染色体,第2对染色体为中着丝粒染色体,其他的染色体都为端着丝粒染色体(图1)。按照染色体中最长与最短染色体之比 $L_1:S_8=5.89:1$ 及染色体臂比值,可以确定辽宁雏蝗长白山种群的染色体核型属“1C”核型。从异染色质含量来看,

该种群异染色质总含量为11.61%(在整个染色体组中),其中第8对染色体的异染色质含量最高为23.57%,第7对染色体次之,异染色质含量为22.26%,第2对染色体的异染色质含量最低为7.15%,性染色体X的异染色质含量为14.73%(表2)。

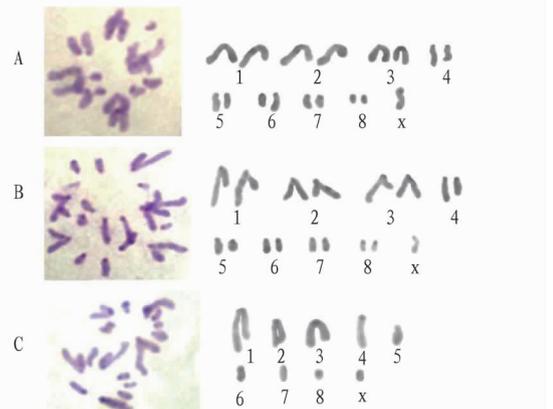
表2 辽宁雏蝗3个地理种群的染色体数据

Table 2 Statistic of chromosomal data of *C. liaoningensis* Zheng from three different populations

种群 Population	染色体编号 Chromosomal No.	分组 Group	染色体相对长度 The relative length of chromosome//%			着丝粒带相对长度 The relative length of centromere belt//%	异染色质含量 Heterochromatin content//%	臂比值 Arm ratio	染色体类型 Chromosomal type
			长臂 Long arm	短臂 Short arm	总长 Total length				
长白山种群 Changbaishan population	1	L1	14.70	8.33	23.03	1.76	7.63	1.76	sm
	2	L2	12.80	7.72	20.52	1.47	7.15	1.66	m
	3	L3	11.09	6.05	17.14	1.32	7.71	1.83	sm
	4	M4		8.34		1.48	17.79		t
	5	M5		7.21		1.31	18.23		t
	6	M6		6.26		0.97	15.45		t
	7	S7		5.03		1.12	22.26		t
	8	S8		3.91		0.92	23.57		t
	X	X		8.56		1.26	14.73		t
敦化种群 Dunhua population	1	L1	15.23	8.32	23.85	1.56	6.54	1.87	sm
	2	L2	12.53	7.43	19.95	1.66	8.32	1.67	m
	3	L3	10.65	7.19	17.84	1.62	9.07	1.48	m
	4	M4		9.36		1.32	14.12		t
	5	M5		6.98		1.34	19.15		t
	6	M6		5.89		1.24	21.03		t
	7	S7		4.70		1.10	23.34		t
	8	S8		4.08		1.09	26.73		t
	X	X		7.36		1.24	18.36		t
漠河种群 Mohe population	1	L1	16.15	9.93	26.08	1.92	7.35	1.63	m
	2	L2	12.85	7.29	20.14	1.76	8.73	1.76	sm
	3	L3	10.13	6.57	16.70	1.84	10.99	1.54	m
	4	M4		9.64		1.25	12.94		t
	5	M5		7.48		1.22	16.29		t
	6	M6		6.42		1.23	19.07		t
	7	S7		4.69		1.23	26.23		t
	8	S8		3.77		1.01	26.90		t
	X	X		5.10		1.23	24.14		t

2.2 敦化种群染色体特征 染色体组式为 $3L+3M+2S+X$,其中包括大型染色体(L)3对,RL值为23.85~17.84;中型染色体(M)3对,RL值为9.36~5.89;小型染色体(S)2对,RL值为4.70~4.08;X染色体为中型染色体,RL值为7.36。在整个染色体组中,第1对染色体为亚中着丝粒染色体,第2、3对染色体为中着丝粒染色体,其他的都为端着丝粒染色体(图1)。这与长白山种群的染色体类型很相似。按照染色体中最长与最短染色体之比 $L_1:S_8=5.85:1$ 及染色体臂比值,可以确定辽宁雏蝗敦化种群的染色体核型亦属“1C”核型。从表2可以看出,该种群异染色质总含量是12.16%(在整个染色体组中),其中第8对染色体的异染色质含量最高为26.73%,第7对染色体次之,异染色质含量为23.34%,异染色质含量最低的为第1对染色体(6.54%),X性染色体的异染色质含量为18.36%。

2.3 漠河种群染色体特征 染色体组式为 $3L+3M+2S+X$,其中包括大型染色体(L)3对,RL值为26.08~16.70;中型染色体(M)3对,RL值为9.64~6.42;小型染色体(S)2



注:A.长白山种群;B.敦化种群;C.漠河种群

Note: A. Changbaishan population; B. Dunhua population; C. Mohe population

图1 辽宁雏蝗3个地理种群染色体C带核型

Fig. 1 The C-banding karyotype of *C. liaoningensis* Zheng from three populations

对,RL 值为 4.69 ~ 3.77;X 染色体为中型染色体,RL 值为 5.10。在整个染色体组中,第 1、3 对染色体属于中着丝粒染色体,第 2 对属于亚中着丝粒染色体,其他的都为端着丝粒染色体(图 1)。按照染色体中最长与最短染色体之比 $L_1:S_8 = 6.92:1$ 及染色体臂比值,可以确定辽宁雏蝗漠河种群的染色体核型也属“1C”核型。从异染色质含量来看,该种群异染色质总含量是 12.67% (在整个染色体组中),第 8 对染色体的异染色质含量最高,为 26.90%,第 7 对次之,异染色质含量为 26.23%,异染色质含量最低的为第 1 对染色体(7.35%),X 性染色体的异染色质含量为 24.14% (表 2)。

3 结论与讨论

该研究表明,3 个地理种群的辽宁雏蝗具有相同的染色体数目 $2n(\delta) = 17$ 和相同的性别决定机制 XO 型,并且具

有相同的染色体核型属“1C”核型。它们的染色体组式也相似,除了长白山雏蝗的染色体组式为 $3L + 4M + 1S + X$,其他 2 个种群的染色体组式相同为 $3L + 3M + 2S + X$ (表 3)。有研究表明,染色体核型在科间、同科不同属之间存在显著差异,能够作为科属间的分类根据^[14]。该研究发现 3 个不同地域种群的辽宁雏蝗染色体核型相同或相似,说明这 3 个地域的辽宁雏蝗是同一种,由于地理原因,其染色体核型存在一些细微差别。对这 3 个地理种群辽宁雏蝗染色体相对长度进行方差分析(图 2),结果表明,长白山种群、敦化种群及漠河种群辽宁雏蝗 1~9 号染色体相对长度无显著差异,三者染色体相对长度整体在基本相同的数值范围内进行变动,说明三者是属于同一种,只是三者在不同的地理环境作用下,染色体核型存在细微差别。

表 3 辽宁雏蝗 3 个种群染色体性状比较

Table 3 Comparison on chromosome characters of *C. liaoningensis* Zheng from three different populations

种群 Populations	染色体数目 Chromosome number	染色体组 式 Genome formula	异染色质总含量 Total heterochromatin content // %	性染色体位次 The location of sex chromosome
长白山种群 Changbaishan population	17	$3L + 4M + 1S + X$	11.61	4
敦化种群 Dunhua population	17	$3L + 3M + 2S + X$	12.16	5
漠河种群 Mohe population	17	$3L + 3M + 2S + X$	12.67	7

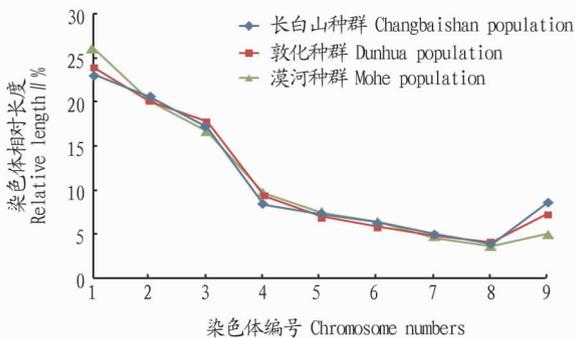


图 2 3 个不同地理种群的辽宁雏蝗染色体相对长度比较

Fig. 2 Chromosome relative length comparison of three different geographic populations of *C. liaoningensis* Zheng

在蝗总科昆虫 C 带带型研究中,C 带代表染色体的异染色质和高度重复的 DNA 区域,DNA 序列活性低,在种内水平上有一定的稳定性。从 C 带带型上来看,辽宁雏蝗 3 个种群的 C 带带型都比较单一,都仅具有着丝粒带,无其他 C 带带纹。从异染色质含量方面来说,在这 3 个地理种群中具有共同的特点,第 8 对染色体的异染色质含量最高,其次是第 7 对染色体的异染色质含量,第 1 对或第 2 对染色体的异染色质含量最低。但这 3 个种群在性染色体的位次和异染色质总含量上存在差异(表 3),并且它们的 3 条大型染色体的类型也不同。因此,3 个不同地理种群染色体 C 带带型相似,在异染色质含量方面存在差异。从世界昆虫地理区系分布来看,三者都属于古北区,从中国昆虫地理区系来看,三者都

属于东北区。鉴于以上分析,说明 3 个不同地理种群的辽宁雏蝗是同一种,但因为地理位置自然环境不同,导致同种内不同地理种群的染色体 C 带带型存在一定的差异。

参考文献

- [1] 魏文娟,任炳忠. 我国直翅目昆虫细胞分类学研究现状[J]. 昆虫知识, 2004,41(2):123-126.
- [2] 李新江,张道川,王文强. 蝗虫染色体 C-带核型研究进展(昆虫纲:直翅目)[J]. 河北大学学报(自然科学版),2004,24(3):332-336.
- [3] 马恩波,欧晓红,乔格侠,等. 蝗总科染色体研究及科级综合比较(直翅目)[J]. 昆虫分类学报,2000,22(1):6-10.
- [4] 马恩波,郭亚平. 伪稻蝗及其近缘属的细胞学分类[J]. 昆虫学报,1995,38(1):54-60.
- [5] 马恩波,郭亚平. 四种斑腿蝗科昆虫染色体带型的比较[J]. 昆虫学报,2001,44(3):268-275.
- [6] BUGROV A G, WARCHALOWSKA-ŚLIWA E, TATSUTA H, et al. Chromosome polymorphism and C-banding variation of the brachypterous grasshopper *Podisma sapporensis* Shir. (Orthoptera, Acrididae) in Hokkaido, Northern Japan[J]. Folia biologica, 2001, 49(3/4):137-152.
- [7] SHAW D D, WEBB G C, WILKINSON P. Population cytogenetics of the genus *Caledia* (Orthoptera:Acridinae). II. Variation in the pattern of C-banding[J]. Chromosoma, 1976,56(2):169-190.
- [8] 马恩波,郭亚平,任竹梅,等. 山蝗蝗不同地域种群染色体 C 带核型研究[J]. 动物分类学报,2002,27(2):252-259.
- [9] 李敏,王寅亮,宋慧华,等. 东北地区亚洲飞蝗染色体核型分析[J]. 应用昆虫学报,2011,48(4):831-834.
- [10] 郑哲民,孟江红,陈振宁. 中国雏蝗属的分类研究及二新种记述(直翅目:网翅蝗科)[J]. 商丘师范学院学报,2009,25(9):8-20.
- [11] 郑哲民. 蝗虫分类学[M]. 西安:陕西师范大学出版社,1993:305-313.
- [12] 李国珍. 染色体及其研究技术方法[M]. 北京:科学出版社,1985:34-229.
- [13] 马恩波,姚爱玉. 蝗虫染色体分带技术的研究[J]. 遗传,1999,21(3):28-30.
- [14] 郝锡联,闻鸣,张雪,等. 4 种鸣虫染色体核型研究(直翅目:蝗总科)[J]. 吉林农业大学学报,2016,38(1):26-31.