

斜带髯鲷(*Hapalogenys nitens*)厦门养殖群体的染色体核型分析

陈晓峰, 王世锋, 王 军*, 王德祥

(厦门大学海洋学系, 福建 厦门 361005)

摘要: 采用尾静脉抽血法对斜带髯鲷厦门网箱养殖群体的染色体核型进行了研究, 结果显示其核型公式为 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, 染色体总臂数 $NF=58$, 与喻子牛等对青岛近海斜带髯鲷的研究结果存在差异. 通过对比发现厦门斜带髯鲷染色体 2 倍体数 $2n=46$ 比青岛的少 1 对, 但大型中部着丝点染色体数目又比青岛海域群体多出一对. 从而推断斜带髯鲷厦门网箱养殖群体的染色体核型 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$ 可能是从核型 $2n=48=2m+8sm+2st+36t$ 通过一对非同源的端部着丝点染色体经罗伯逊易位, 着丝点融合形成了一中部着丝点染色体而形成的, 进而造成斜带髯鲷不同地理种群间染色体的多态现象.

关键词: 斜带髯鲷; 染色体; 核型分析

中图分类号: Q 343.22

文献标识码: A

文章编号: 0438-0479(2005) Sup 0200-03

染色体是遗传物质的载体, 其多态性研究对于认识生物遗传多样性是非常重要的. 染色体核型在很大程度上具有物种的特异性, 能反映物种的分化与形成过程、亲缘关系、演化途径和进化历史. 目前, 染色体核型分析主要是为遗传育种和改良工作提供依据.

斜带髯鲷 *Hapalogenys nitens* (Richardson, 1984) 隶属于鲈形目、鲈亚目、石鲈科、髯鲷属, 俗称包公鱼等, 主要分布于我国沿海、朝鲜、日本. 因其口感鲜美, 营养丰富, 近年来已成为我国东南沿海重要的养殖对象. 本文通过对斜带髯鲷厦门养殖群体的核型分析, 为斜带髯鲷种质资源库的建立提供基础资料.

1 材料和方法

1.1 材 料

实验鱼取自厦门第 8 菜市场, 雄鱼 2 尾, 雌鱼 1 尾, 体长 22~26 cm, 体重 400~700 g, 为人工繁育后代.

1.2 实验方法

1.2.1 染色体标本制备

染色体制备采用尾静脉抽血法, 参见王德祥等宽额鲈染色体的制备方法^[1], 选取体形匀称、活力好的个

体, 按 1 mL/100 g 鱼体质量, 进行尾静脉放血; 暂养 3~4 h 后, 剪鳃放血, 取头肾于生理盐水中破碎组织制得细胞悬液, 静置 10 min; 吸取上层悬液于 5 mL 离心管中, 以 500 r/min 离心 5 min; 弃上清, 轻轻弹散沉淀, 缓慢加入低渗液, 32℃水浴 20~40 min; 500 r/min 离心 5 min 之后除去上层溶液, 打散沉淀, 缓慢加入适量新配制的卡诺氏固定液, 室温固定 30 min, 之后重复固定两次; 再次离心后取沉淀物, 加入适量新配制的卡诺氏固定液, 用吸管吸取细胞悬液, 滴在清洗干净后预冷的玻片上, 自然晾干, 10% Giemsa 液染色, 镜检, 拍照.

1.2.2 核型分析

选取染色体分散均匀的中期分裂相计数, 所得结果用于确定染色体众数; 选取分散良好, 长度适中, 着丝点清晰, 两条染色单体适度分开, 染色体总数与上述统计结果相一致的中期分裂相拍照, 照片用于测量统计.

2 结 果

分别计数了 3 尾鱼 53、66 和 60 个染色体中期分裂相, 结果表明: 厦门网箱养殖斜带髯鲷群体染色体众数为 $2n=46$. 按 Levan 命名法可分成 4 组^[2], 其中具中部着丝点(m)的染色体 2 对; 具亚中部着丝点(sm)的染色体 4 对; 亚端部着丝点(st)染色体 3 对; 端部着丝点(t)染色体 28 对, 核型公式为 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, 染色体总臂数(NF)为 58, 如表 1 所示. 染

收稿日期: 2005 03 10

基金项目: 国家自然科学基金(30070595), 福建省自然科学基金(B0010003)资助

作者简介: 陈晓峰(1981-), 男, 硕士研究生.

*通讯作者: 0592-2181589, junw@xmu.edu.cn

表 1 斜带髯鲷厦门网箱养殖群体染色体总数

Tab. 1 Chromosome numbers of cultured *H. nitens* from xiamen stock

2n 数目	≤44		45		46		≥47	
	CN	F%	CN	F%	CN	F%	CN	F%
1	7	13.21	6	11.32	35	66.04	5	9.43
2	11	16.67	4	6.06	46	69.70	5	7.58
3	6	10.00	6	10.00	44	73.33	4	6.67

注: CN 为细胞数; F% 为出现频率。



图 1 厦门网箱养殖斜带髯鲷染色体核型

Fig. 1 Karyotype of cultured *Hapalogenys nitens* from Xiamen stock

染色体中期分裂相及核型如图 1 所示。

3 讨论

我国于 20 世纪 70 年代开始进行鱼类染色体核型分析, 所用研究方法主要有压片法、外周血细胞培养后低渗滴片或肾脏细胞短期培养法、胚胎细胞制片法、尾鳍细胞短期培养后敲片、活体注射法³, 以及本文所采用的静脉抽血法等。自费志清等 1985 年开始对梭鱼的染色体核型研究⁴ 到 2004 年底为止, 国内已做过研究的海水鱼类 71 种, 仅占我国海水鱼类的 2.34%。国内研究的 71 种海水鱼类中, 鲈形目的种类达 46 种, 占所研究的海水鱼类的 64.79%。46 种海水鱼中, $2n=48$ 的有 32 种, 占 69.57%, 其中 17 种鱼类核型公式为 $2n=48st(t)$, 占 36.96%。

余先觉等(1989)认为某一分类群大多数或绝大多数种类所具有的染色体二倍数, 可作为该分类群最基本的核型特征⁵。周瞰(1984)认为, 高等类群鱼类染色体数目趋向于减少, 染色体数目多的具有较多的端部着丝染色体, 反之, 数目少的则具有较多的中部或亚中

部着丝染色体⁶。因此, 就目前的研究结果可将 $2n=48$ 视为鲈形目的基本染色体二倍数, 为鲈形目最基本的核型特征, 而 $2n=48st(t)$ 则可视为鲈形目的原始核型。斜带髯鲷厦门网箱养殖群体染色体众数 $2n=46$, 核型公式为 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, M 型染色体(m 和 sm 染色体)数为 12, A 型染色体(st 和 t 染色体)数为 34, 染色体总臂数(NF)为 58, 有别于鲤形目、鲶形目等系统演化上的低位类群核型中 M 型染色体比例大于 50%、A 型染色体比例小于 50%、NF 值高的特点, 从细胞学水平可以认为在鲈形目鱼类系统演化上斜带髯鲷属于高位类群⁷。

对斜带髯鲷染色体核型的研究结果表明, 斜带髯鲷厦门网箱养殖群体染色体众数为 $2n=46$, 核型公式为 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, 染色体总臂数(NF)为 58, 与喻子牛等(1994)报道的青岛海域斜带髯鲷染色体核型 $2n=48=2m+8sm+2st+36t$, NF=58 不尽相同⁷。厦门网箱养殖群体和青岛海域斜带髯鲷相比, 多了 1 对 m 型染色体, 少了 2 对 st(t)型染色体。根据染色体进化理论, 在特定的分类类群中, 具有较多的端部着丝点染色体的类型较为原始, 而具有较多的中部或亚中部着丝点染色体的则较为特化^{7,8}。因此, 可以认为厦门较青岛海区的斜带髯鲷特化, 斜带髯鲷不同地理种群间存在染色体多态现象。类似现象在海水鱼类核型研究中已屡见不鲜。孔晓瑜等(1994)对鲮的核型研究⁹ 结果与 Hitoshi et al(1980)的结果存在较大的差异⁹。王金星等(1994)对黄鳍刺鲃鱼染色体核型研究结果与 Arai et al(1973)报道的采自日本 Kanagawa 同种鱼的核型相似, 均为 $2n=44=44t$, 但与 Nishikawa(1974)采自日本山口沿海标本的核型 $2n=44=10m(sm, st)+34t$ 有很大差异, 王金星等提出这可能是由于地理分布不同造成的染色体多态现象⁹。这种染色体数目相同, 但核型公式存在差异的鱼类还有欧氏六线鱼、许氏平鲈、乌塘鳢、纹缟鰕虎鱼、黑鲷、星康吉鳗和大黄鱼等。上述情况均为鱼类染色体 2 倍体相同, 核型存在差异。此外, 还有一些鱼类的不同地理种群的染色体 2 倍体数也存在差异。如刘静(1995)对青岛近海的牙鲆染色体核型的研究结果 $2n=48t$, 不同于 Nogusa 对日本近海牙鲆的研究结果 $2n=46t$ ¹⁰; 覃映雪等与曹伏君等分别对花尾胡椒鲷的核型研究结果 2 倍体数分别为 $48t$ 和 $46t$ ^{11,12}。

通过对比青岛海域群体与厦门网箱养殖群体染色体核型研究结果, 厦门斜带髯鲷染色体 2 倍体数 $2n=46$ 比青岛的少 1 对, 但大型中部着丝点染色体数目又比青岛海域群体多出一对, 臂数均为 58。而如上所述鲈形目的基本染色体二倍数应为 $2n=48$ 。张兴忠等

(1988) 提出在染色体数目减少, 大型中部着丝点染色体数目增加的情况下, 可将着丝点融合作为染色体减少数目的主要机制^[13]. 因此可以推断斜带髯鲷厦门网箱养殖群体的染色体核型 $2n=46=4m+8sm+6st+28t$ 可能是从核型 $2n=48=2m+8sm+2st+36t$ 通过一对非同源的端部着丝点染色体经罗伯逊易位, 着丝点融合形成了一中部着丝点染色体而形成的, 进而造成斜带髯鲷不同地理种群间染色体的多态现象.

本文研究结果表明斜带髯鲷的染色体多态性现象可能存在于不同地理种群间, 这对于揭示斜带髯鲷的进化史提供了很有价值的资料. 斜带髯鲷分布广泛, 我国沿海均可捕获, 那么具有不同核型的斜带髯鲷群体能否在自然状态下进行交配等一系列问题还需进一步研究, 从而为细胞遗传学、生物进化以及斜带髯鲷的资源保护、遗传育种提供基础资料.

参考文献:

- [1] 王德祥, 苏永全, 王世锋, 等. 宽额鲈染色体核型研究及制作方法的比较[J]. 台湾海峡, 2003, 22(4): 465-469.
- [2] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. No menclature for centrometic position on chromosomes [J]. Hereditas, 1964, 52(2): 201-220.
- [3] 韩荣成, 岳永生, 姜中伸. 鱼类染色体核型分析方法概述[J]. 水利渔业, 2003, 23(5): 38-40.
- [4] 费志清, 李平, 苏相萍, 等. 梭鱼染色体组型研究[J]. 浙江水产学院学报, 1985, 4(1): 73-75.
- [5] 余光觉, 周瞰, 李渝成, 等. 中国淡水鱼类染色体[M]. 北京: 科学出版社, 1989. 19-24.
- [6] 周瞰. 鱼类染色体研究[J]. 动物学研究, 1984, 5(增刊): 38-51.
- [7] 喻子牛, 孔晓瑜, 徐文武, 等. 斜带髯鲷和横带髯鲷的核型[J]. 青岛海洋大学学报, 1994, 24(3): 175-180.
- [8] 李树深. 鱼类细胞分类学[J]. 生物科学动态, 1981, 2: 8-15.
- [9] 孔晓瑜, 喻子牛, 谢宗塘, 等. 鲷 *Platycephalus indicus* (Linnaeus) 的核型和 Ag NOR 带研究[J]. 青岛海洋大学学报, 1994, 24(3): 344-348.
- [10] 刘静. 牙鲆染色体组型研究[J]. 海洋科学, 1995, (2): 65-67.
- [11] 覃映雪, 苏永全, 王胜强, 等. 花尾胡椒鲷染色体组型分析[J]. 海洋学报, 2003, 25(4): 147-150.
- [12] 曹伏君, 李长玲, 刘楚吾, 等. 花尾胡椒鲷染色体组型分析[J]. 海洋通报, 2001, 20(2): 40-43.
- [13] 张兴中, 仇潜如, 陈增龙, 等. 鱼类遗传与育种[M]. 北京: 农业出版社, 1988. 1-33

Karyotypes of Cultured *Hapalogenys nitens* from Xiamen Stock

CHEN Xiao feng, WANG Shi feng, WANG Jun^{*}, WANG De xiang

(Dept. of Oceanog., Xiamen Univ., Xiamen 361005, China)

Abstract: The karyotypes of cultured *Hapalogenys nitens* from Xiamen stock were examined from the renal tissue. The number of chromosomes is $2n=46$, which include two pair of mid centromere chromosome, four pair of sub mid dle centromere chromosome, three pair of sub top centromere chromosome and twenty eight top centromere chromosome. It differs from the usual number of chromosomes of saltwater fish, which is $2n=48$. The karyotypic formulae is: $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, which was different from the result of Qingdao coastal water population: $2n=48=2m+8sm+2st+36t$. The number of diploid chromosomes of Xiamen stock cultured population was one pair less than Qingdao coastal water population, but the number of large mid centromere chromosome of Xiamen population was one pair more than the other one. One of the reasons for this different might be the polymorphism. It might be that the centromeres of one couple of dis homologous top centromere chromosome of the Qingdao coastal water population amalgamated into one midcentromere chromosome, and the karyotypic formulae which is: $2n=48=2m+8sm+2st+36t$ turned into $2n=46=4m+8sm+6st+28t$, and polymorphism came into being between the two different groups of *Hapalogenys nitens*. The number of sub top centromere chromosomes and top centromere chromosomes was more than that of the sub middle centromere chromosomes and mid centromere chromosomes, indicating that *Hapalogenys nitens* was more advanced than most another populations in Perci formes.

Key words: *Hapalogenys nitens*; chromosome; karyotype