

团头鲂 × 长春鳊两性全育原因的探讨*

林义浩**

(山西大学生物系)

提 要

本文以 PHA 体内注射法制备染色体标本,分析比较了长春鳊 (*Parabramis pekinensis*)、团头鲂 (*Megalobrama amblycephala*) 及其杂种 F_1 的染色体组型与各对对应染色体的相对长度和臂比,探讨了团头鲂 × 长春鳊两性全育的染色体基础。结果表明,团头鲂 × 长春鳊是二倍体杂种;上述鱼类二倍体染色体数目均为 $2n = 48$,均分为 A、B 二组,分别由 13 对中部着丝点染色体和 11 对亚中部着丝点染色体组成,雌雄个体间均未发现与性别决定有关的异形同源染色体对。团头鲂 × 长春鳊两性全育的主要原因,很可能在于亲本双方染色体组型完全相同,且各对对应染色体形态很为相近。

杂交是鱼类育种的基本手段,并在生产中广泛应用。根据小岛吉雄的统计,自 1958 年 Gesner 用鲤鱼与金鱼杂交得到世界上第一个有记录的杂种以来,已在 56 科 1980 种鱼类间通过杂交获得杂种^[1]。杂种是否可育?杂种的能育性是否可测?这是鱼类杂交育种实践中早已提出的问题。进一步从染色体基础上而不是仅仅停留在分类学的亲缘关系上去寻求答案,探索鱼类染色体的研究在杂交育种中的应用,对渔业生产的发展具有重要意义。根据现有资料,国内进行过的鱼类杂交中,属间杂种两性全育的仅见于几个杂交组合,团头鲂 × 长春鳊便是其中之一⁽²⁾, (长春鳊 × 三角鲂也是两性全育^[6]),因而就成了研究杂种能育性的好材料。本文的目的在于,通过亲本双方及其杂种 F_1 染色体组型以及各对对应染色体相对长度和臂比的分析比较,从染色体基础出发,探讨团头鲂 × 长春鳊两性全育的原因。

材 料 与 方 法

染色体标本在广东省中山县东风鱼苗场制成,制备方法同参考文献[3]。实验鱼在该场亲鱼塘捕获。共用长春鳊 (*Parabramis pekinensis*) 4 尾,团头鲂 (*Megalobrama amblycephala*) 4 尾,团头鲂 × 长春鳊 10 尾,体重 0.5—1.0 公斤,雌雄约各占一半,均达性成熟。实验鱼均经过形态学鉴定。实验时间为 1981 年 4 月至 5 月。

* 本文的染色体标本在广东省中山县东风鱼苗场制备,显微照片在山西农业大学牧医系拍摄,承以上单位大力支持与协助,谨致谢忱。

** 现在广东省韶关市水产研究培训中心工作。

(1) 广东省水产研究所淡水渔业研究室育种组,1976。草鱼和鳊鲂 F_1 人工杂交试验。广东水产科技, (1): 4—6。

在显微镜下观察中期分裂相,每种鱼计数 100 个以上的分裂相以确定染色体数目。选择染色体形态清晰、分散良好的中期分裂相进行显微摄影。选取 25 个中期分裂相测算每对同源染色体的相对长度和臂比,并进行统计学处理。依照 Levan 等^[9]提出的标准对染色体命名、分类、归组;臂比(长臂/短臂) 1.0—1.7 为中部着丝点染色体(M),归入 A 组;1.7—3.0 为亚中部着丝点染色体(SM),归入 B 组;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)。最后,各选取一个中期分裂相制成染色体组型图。上述鱼类染色体组型以及各对应染色体形态的比较,主要根据染色体的分组组成和相对长度、臂比等染色体参数的测算结果进行。

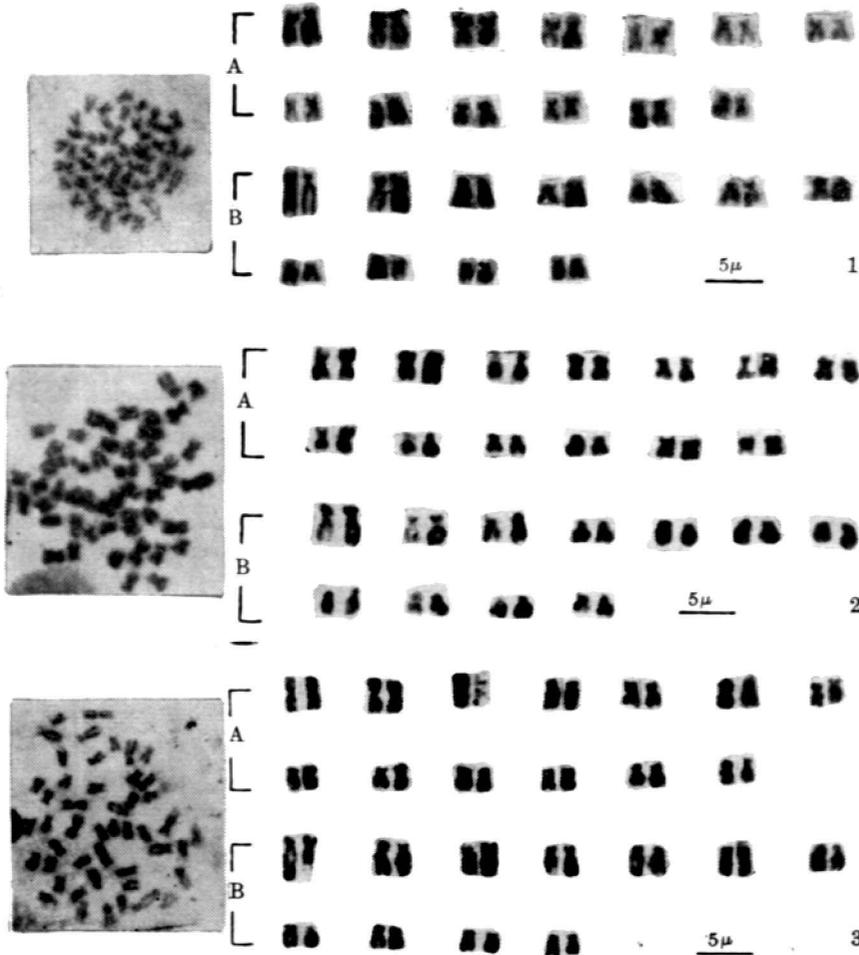


图1 长春鳊、团头鲂、团头鲂×长春鳊的染色体组型

1. 长春鳊; 2. 团头鲂; 3. 团头鲂×长春鳊

结 果

1. 长春鳊的染色体组型(图 1-1)

长春鳊的染色体数目和染色体形态,武汉大学生物系细胞生物学实验室已作首次

报导, $2n = 48$, 分为 M (中部着丝点染色体) 和 S (亚中部及亚端部着丝点染色体) 二组^[8]。

我们以本文方法制备的肾细胞中期分裂相的分析查明, 长春鳊二倍体细胞的染色体数目 $2n = 48$, 配成 24 对。全部染色体分为 A、B 二组。

A 组: 13 对(中部着丝点染色体);

B 组: 11 对(亚中部着丝点染色体)。

NF: 96。

在观察过的所有分裂相中, 未发现带特殊标志(如随体、次缢痕)的染色体。雌雄个体间未发现与性别有关的异形染色体对。

由于武汉大学生物系细胞生物学实验室染色体归组依照 Wolf 等(1969), 亚中部与亚端部着丝点染色体被一并归入 S 组, 而原文献中长春鳊各组的染色体对数以及 S 组中是否具有亚端部着丝点染色体均未见说明, 因此未能与本文结果进行详细的比较。不同作者对长春鳊染色体组型的分析结果列于表 1。

表 1 不同作者对长春鳊染色体组型分析结果的比较

作者	染色体数目 ($2n$)	染色体分类归组标准	A 组中部着丝点染色体对数	B 组亚中部着丝点染色体对数	总臂数	材料与方法	备注
武汉大学生物系细胞生物学实验室 ^[2]	48	Wolf 等 (1969)	染色体形态			肾组织 P11A 培养法或血培养法	未见组型图
			M	S			
			+	+			
本文结果	48	Levan 等 (1964)	13	11	96	肾细胞、本文方法	有组型图

2. 团头鲂的染色体组型(图 1-2)

长江水产研究所等^[4]用胚胎压片最早研究了团头鲂的染色体, 得出 $2n = 52$; 鲁瑞光等^[4]以中至晚原肠期胚胎细胞气干法制片确定 $2n = 48$ 。我们观察了 100 个以上用本文方法制备的肾细胞中期分裂相, 结果表明, $2n = 48$; 全部染色体分为二组。

A 组: 13 对(中部着丝点染色体);

B 组: 11 对(亚中部着丝点染色体)。

NF: 96。

在所有观察过的中期分裂相中, 均未发现带有特殊标志的染色体, 雌雄个体间未发现存在与性别有关的异形染色体对。

我们的分析结果与鲁瑞光等^[4]在染色体数目上相同, 但在染色体分组以及是否具有特殊标志染色体方面则有所出入。不同作者对团头鲂染色体组型分析结果的比较详见表 2。

(1) 长江水产研究所育种室、武汉大学生物系动物教研室, 1975。几种经济鱼类及其杂种染色体的初步研究。淡水渔业科技杂志, (2): 11--18。

表2 不同作者对团头鲂染色体组型分析结果的比较

作者	染色体数目(2n)	染色体分类归组标准	A组染色体对数	B组染色体对数	C组染色体对数	总臂数	特殊标志	材料与方法	备注
长江水产研究所等 ⁽¹⁾	52							胚胎压片	未见组型图
替瑞光等 ⁽²⁾	48	与 Levan 等(1964) 基本一致	10	12	2	92	A组有1对染色体短臂具次缢痕, C组有1对长臂具次缢痕	胚胎细胞空气干燥法	有组型图
本文结果	48	Levan 等(1964)	13	11		96		肾细胞, 本文方法	有组型图

3. 团头鲂×长春鳊的染色体组型(图 1-3)

团头鲂×长春鳊的染色体组型未见报导。我们的研究查明, 团头鲂×长春鳊是二倍体杂种, 染色体数目和染色体分组与其两个亲本相同; $2n = 48$, 全部染色体分为 A、B 二组;

A 组: 13 对(中部着丝点染色体);

B 组: 11 对(亚中部着丝点染色体)。

NF:96。

在所有观察过的分裂相中, 同样未发现带有特殊标志的染色体, 雌雄个体间也同样未发现与性别有关的异形染色体对。

4. 团头鲂、长春鳊以及团头鲂×长春鳊染色体组型的比较和各对对应染色体形态的比较

不同研究者对同一种鱼的染色体组型分析, 往往在染色体数目上结果相同, 但在染色体形态类别的确定以及分组上却不尽一致。出现这种情况的原因可能是: (1) 正中中期分裂相的判定标准在不同研究者间存在差异; (2) 制片的材料与方法不同; (3) 测量上的人为误差; (4) 染色体存在多态现象或变异。考虑到本研究的染色体标本均用同一方法和材料制备, 分裂细胞的取相均依照同一标准, 因此, 我们对上述鱼类染色体组型的比较以及各对对应染色体形态的比较均依据本文结果进行。根据表 3 可见, 团头鲂、长春鳊及其杂种 F_1 染色体数目相同, 染色体分组、各组染色体对数也相同, 均未发现标志性染色体和与性

表3 长春鳊、团头鲂及其杂种染色体组型的比较*

	染色体数目(2n)	A组染色体对数	B组染色体对数	总臂数
长春鳊	48	13	11	96
团头鲂	48	13	11	96
团头鲂♀×长春鳊♂	48	13	11	96

* 根据本文结果

(1) 见 65 页脚注。

表 4 长春鳊、团头鲂及其杂种各对对应染色体相对长度和臂比的比较

染色体对	染色体组	长 春 鳊		团 头 鲂		团头鲂(♀) × 长春鳊(♂)	
		相对长度(%)	臂 比 (长臂/短臂)	相对长度(%)	臂 比 (长臂/短臂)	相对长度(%)	臂 比 (长臂/短臂)
1	A 组 (M)	5.63 ± 0.88	1.41 ± 0.05	5.22 ± 0.49	1.08 ± 0.04	5.92 ± 0.52	1.07 ± 0.06
2		5.11 ± 0.24	1.58 ± 0.08	4.90 ± 0.26	1.35 ± 0.06	5.08 ± 0.32	1.32 ± 0.03
3		4.93 ± 0.26	1.28 ± 0.12	4.68 ± 0.27	1.55 ± 0.10	4.85 ± 0.26	1.53 ± 0.02
4		4.70 ± 0.14	1.14 ± 0.04	4.34 ± 0.25	1.18 ± 0.03	4.28 ± 0.24	1.62 ± 0.14
5		4.61 ± 0.18	1.40 ± 0.04	4.14 ± 0.25	1.36 ± 0.04	4.12 ± 0.18	1.27 ± 0.20
6		4.46 ± 0.22	1.62 ± 0.08	4.09 ± 0.26	1.25 ± 0.02	4.06 ± 0.19	1.24 ± 0.18
7		4.08 ± 0.20	1.49 ± 0.07	3.98 ± 0.16	1.37 ± 0.05	3.95 ± 0.28	1.23 ± 0.09
8		3.95 ± 0.18	1.32 ± 0.07	3.85 ± 0.17	1.41 ± 0.05	3.75 ± 0.16	1.66 ± 0.04
9		3.88 ± 0.20	1.48 ± 0.06	3.80 ± 0.15	1.25 ± 0.06	3.55 ± 0.16	1.61 ± 0.08
10		3.72 ± 0.22	1.17 ± 0.09	3.77 ± 0.15	1.32 ± 0.07	3.50 ± 0.13	1.24 ± 0.09
11		3.68 ± 0.16	1.20 ± 0.10	3.72 ± 0.16	1.45 ± 0.08	3.48 ± 0.22	1.22 ± 0.11
12		3.53 ± 0.28	1.63 ± 0.08	3.60 ± 0.10	1.24 ± 0.10	3.44 ± 0.15	1.30 ± 0.11
13		3.00 ± 0.19	1.55 ± 0.07	3.46 ± 0.23	1.25 ± 0.09	3.38 ± 0.17	1.46 ± 0.07
14	B 组 (SM)	7.28 ± 0.41	2.32 ± 0.26	6.41 ± 0.36	2.32 ± 0.23	6.47 ± 0.32	2.42 ± 0.29
15		5.70 ± 0.18	2.27 ± 0.14	5.45 ± 0.15	1.89 ± 0.24	5.67 ± 0.23	2.06 ± 0.18
16		4.28 ± 0.22	2.48 ± 0.08	4.70 ± 0.23	1.78 ± 0.27	4.88 ± 0.20	2.04 ± 0.14
17		4.00 ± 0.26	1.98 ± 0.22	4.45 ± 0.18	1.73 ± 0.18	4.39 ± 0.24	2.65 ± 0.22
18		3.74 ± 0.16	1.90 ± 0.14	4.15 ± 0.14	2.30 ± 0.20	4.32 ± 0.12	2.18 ± 0.12
19		3.60 ± 0.12	2.00 ± 0.10	3.96 ± 0.14	1.95 ± 0.18	4.13 ± 0.16	2.02 ± 0.09
20		3.41 ± 0.12	1.85 ± 0.09	3.80 ± 0.17	1.87 ± 0.07	3.72 ± 0.14	1.90 ± 0.16
21		3.34 ± 0.13	2.23 ± 0.09	3.65 ± 0.15	1.96 ± 0.16	3.70 ± 0.20	1.97 ± 0.16
22		3.23 ± 0.15	2.03 ± 0.08	3.56 ± 0.10	1.99 ± 0.18	3.64 ± 0.15	1.78 ± 0.17
23		3.21 ± 0.19	1.86 ± 0.12	3.44 ± 0.23	2.09 ± 0.08	3.48 ± 0.17	2.41 ± 0.13
24		3.05 ± 0.27	1.87 ± 0.20	3.10 ± 0.30	1.93 ± 0.14	3.22 ± 0.22	2.04 ± 0.18

别有关的异形染色体对。由上述鱼类各对对应染色体有关参数的比较(表 4)可见, 团头鲂与长春鳊各对对应染色体的相对长度相近, 臂比接近; 按染色体相对长度顺序排列, 其长度变化具有相似的特征; 结合组型图来看, B 组都有一对明显最大的可资区别的染色体。染色体的形态由相对长度和臂比所规定。因此, 上述比较的结果表明, 团头鲂、长春鳊的染色体组型完全相同, 并且各对对应染色体的形态很为相近; 团头鲂 × 长春鳊的染色体组型与其两个亲本完全相同, 各对对应染色体的形态也与其两个亲本很为接近, 相对而言, 还更接近于母本, 杂种 F_1 的染色体组型和各对对应染色体的形态明显表现出亲本双方染色体的特征。

讨 论

鱼类杂种的能育性可以在染色体基础来探讨^[6]。我们不仅赞同这种观点, 而且进一步认为, 鱼类杂种的能育性必须以染色体为基础来探讨。因为杂种的能育性并不总是与亲本双方分类关系的远近相一致, 单纯从亲缘关系出发, 未必能得出令人信服的解释。而细胞遗传学和细胞生物学的有关研究和育种实践证明, 杂种能育与否, 关键在于性细胞能

否顺利通过减数分裂；只有在形态结构及性质上相同或相近的染色体才能实现正常的联会，完成正常的减数分裂，产生正常的配子，其杂种才能生育，否则便不育。因此，杂种能育与否，取决于亲本双方染色体形态结构及性质的相似程度。换言之杂种的能育性可以视为亲本双方染色体形态结构及性质相似程度的一种表现。从染色体基础出发，才有可能揭示杂种能育性的本质。

鱼类染色体的研究近年来进展较快。现存 25,000 种鱼类中，已进行过染色体研究的有 1,000 种以上，涉及 136 科、485 属^{[1]、[8]、[10]、[12]}。前人的工作表明，鱼类染色体形态结构的变化有着明显的演化信息，染色体组型的异同可以作为染色体性质异同的一种形态学标志。但鱼类染色体组型的演化中存在着保守性与趋同性，情况相当复杂。不同的种、属、科甚至不同的目的鱼类具有相同的染色体组型，令人困惑的染色体组型与分类学位置相矛盾的现象并不少见。因而，染色体组型的相同还不等于染色体性质的相同。而染色体参数反映了各个染色体的形态结构，从而也就反映了各个染色体的性质。因此，我们在进行上述鱼类染色体组型比较的同时，又将各对对应染色体的相对长度和臂比进行比较。结果表明，团头鲂和长春鳊染色体组型完全相同，并且各对对应染色体形态很为相近，按染色体相对长度顺序排列，其长度变化具有相似的特征，在 B 组都有一对明显最大的染色体，反映了这两种染色体组型的同源性。团头鲂 × 长春鳊的能育性确实有其亲本双方染色体基础上的依据。

应该指出的是，鱼类远缘杂交也可能产生多倍体杂种。Schultz 就报导了 *Poecilia monacha* × *P. lucida* 与其亲本回交产生的子代是三倍体^[11]。我们不仅研究了亲本双方的染色体，同时也研究了杂种 F₁ 的染色体并证实是二倍体，这就排除了团头鲂 × 长春鳊两性全育是由于形成多倍体杂种的可能。

根据以上对亲本双方染色体组型和各对对应染色体有关参数的比较，我们可以这样认为，团头鲂 × 长春鳊两性全育的主要原因，很可能就在于亲本双方染色体组型完全相同，并且各对对应染色体形态很为相近。值得注意的是，在同一属中有两个种（团头鲂与三角鲂）分别与长春鳊杂交均获得两性全育的子一代。这不应视为偶然的巧合。根据以上的讨论，我们还这样认为，三角鲂的染色体组型应与长春鳊完全相同，并且各对对应染色体的形态也应与长春鳊很为相近。这很可能也是长春鳊 × 三角鲂两性全育的主要原因。进一步的研究还有待于各种染色体显带技术的应用。

参 考 文 献

- [1] 李树保, 1981. 鱼类细胞分类学. 生物科学动态, (2): 8—15.
- [2] 武汉大学生物系细胞生物学实验室, 1981. 七科、二十三种鱼的染色体组型研究初报. 武汉大学学报(自然科学版), (8): 14.
- [3] 林义浩, 1982. 快速获得大量鱼类肾细胞中期分裂相的 PHA 体内注射法. 水产学报, 6(3): 201—208.
- [4] 管瑞光、宋净, 1979. 草鱼、团头鲂染色体组型的分析比较. 遗传学报, 6(2): 205—210.
- [5] —, 1980. 鲤、鲫、鲢、鳙染色体组型的分析比较. 遗传学报, 7(1): 72—77.
- [6] 殷源洪、韩荀、韩如斋, 1974. 鳊鲂人工杂交的初步研究. 遗传学通讯, (3): 36—38 转 41.
- [7] 小島吉雄, 1979. 魚類の細胞遺伝学. 水産生物の遺伝と育種(日本水産学会編), 恒生社厚生閣, 46—68.
- [8] Gold, J. R., 1979. Cytogenetics. In: Hoar, W. S et al. (ED.) *Fish Physiology*, Acad., Pr. Vol. VIII, 353—405.