沙田柚染色体组型及Giemsa带型分析

薛妙男 黄广 麦适秋
（广西师范大学生物系） （广西柑桔研究所）

摘要 本文以沙田柚为材料，对其染色体组型及带型进行了观察分析。组型分析：染色体数目2n=18，根据染色体的相对长度分成大小染色体两种类型，前者包括1、2、3、4和5对，后者为6、7、8和9对，根据臂比，9对染色体能够被分成中部着丝点和近中着丝点染色体两种类型，即第5、7、9对为亚中部着丝点，其余为中部着丝点，第6对染色体上有随体；Giemsa带型：除第二对染色体只显中间带外，其余都显着丝点带，并在3、4、8对染色体短臂上和2、3、1对染色体长臂上均显端带，第2、3、6对同源染色体之间的C带显示杂合性。

关键词 沙田柚；带型分析

沙田柚（Citrus grandis（L.）Osbeck var. Shatinyu Hort.）原产广西容县沙田村，为广西传统佳果，在国内外市场享有很高声誉。近年来在广西大力推广种植，由于沙田柚自交不孕，各地授粉树种不一，导致沙田柚在质量及产量上发生很大差异，本文想通过对沙田柚染色体组带型分析，为更好地选择授粉树种，增加产量和改良品种提供细胞学依据，同时也为研究芸香科植物起源演化及沙田柚的分类地位积累资料。

材料和方法

一．材料：沙田柚由广西柑桔研究所供给。

二．染色体制片：

根尖细胞固定 截取长约1—1.5厘米长的根尖，浸入0.002M的8-羟基喹啉溶液中处理3—4小时，用卡诺氏固定6—24小时，转至7%酒精中贮存备用。

解离 前低渗30分钟后，用2.5%的纤维酶和果胶酶解离1.5—2小时，后低渗20分钟，再固定备用。

制片染色 火焰干燥法制片，用pH7磷酸缓冲液配制的10：1 Giemsa染色液染色6小时，在40℃温箱烘干。

带型处理 用5%$Ba(OH)_2$饱和液在25—28℃处理20分钟，移入2×scc盐溶液中，60℃温浴1小时，Giemsa液染色90分钟，中性树胶封片。

结果和讨论

选取染色体分散良好的五个细胞，按照常规染色体组带型分析方法进行测量、配对，并按染色体的长短顺序编号排列（随体不计算在内），通过分析观察，所得结果见表1、2和图Ⅰ、Ⅱ。

从表1看出，沙田柚2n=18，长度变化范围在1.06—5.19微米之间，相对长度在6.86—

?1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

16.5%之间。根据臂比可分为中部着丝点染色体如1、2、3、4、6和8对，亚中部着丝染色体如5、7和9对。根据染色体相对长度的大小，可分大、小型染色体两种类型，大型染色体包括1、2、3、4、5（相对长度大于10），小型染色体有6、7、8和9（相对长度小于10），第6对染色体短臂上有随体。

表1 沙田柚染色体绝对长度、相对长度、臂比和类型*

染色体编号	短臂+长臂=染色体长度（微米）	相对长度（%）	臂比（长臂/短臂）	着丝点位置
1	2.039+2.4 =4.44	15.56	1.2	m
2	1.622+2.022=3.64	13.58	1.25	m
3	1.678+1.728=3.41	12.72	1.03	m
4	1.376+1.677=3.03	11.30	1.22	m
5	0.861+2.006=2.87	10.70	2.33	sm
6	1.167+1.50 =2.67	9.96	1.29	m
7	0.733+1.844=2.58	9.62	2.52	sm
8	0.972+1.361=2.33	8.69	1.40	m
9	0.533+1.306=1.86	0.89	2.50	sm

*染色体组总长26.81微米（随体长度不计算在内）；m为中部着丝点；Sm为亚中部着丝点。

表2 沙田柚染色体Giemsa带型*

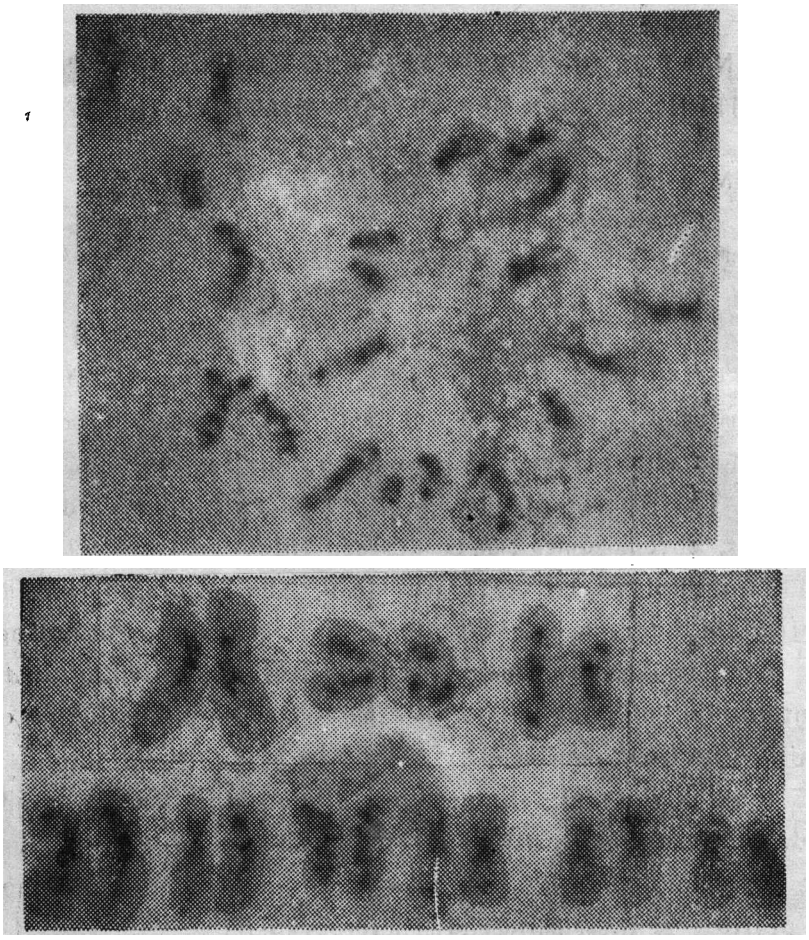
染色体编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9
短臂	C	I	TC	TC	C	SC	C	TC	C
长臂	C	IT	CT	C	C	CT	CT	C	C

*C表示着丝点带；I表示中间带；T表示端带；S表示随体和次缢痕带。

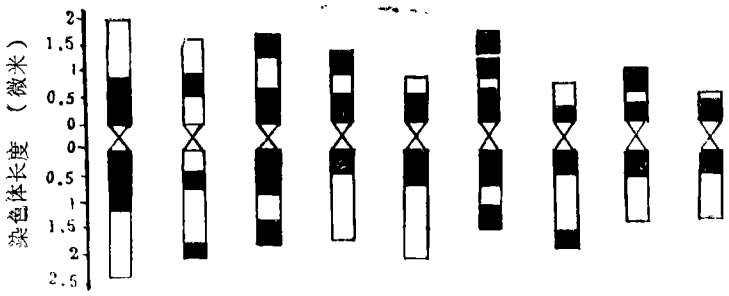
带型分析表明，除第二对染色体显中间带外，其余各对都显着丝点带，在3、4、8染色体短臂上和在2、3、8染色体长臂上均显端带，其中2、3、6对同源色体之间的C带显示杂合性（见图1），主要表现在同一显带区域显带大小不同，如第3对，带数多少不同如第2对，以及着深浅不同如第6对。综合上述，沙田柚染色体核型为$2n=2X=18=6m+3sm+m^t{}_6$，带型公式为$2n=18=3C+1IT_{+}+1CT^{\pm}+2CT^{+}+1CT_{+}S+1CT_{+}$（见表2）。

沙田柚的第2、3、6对同源染色体之间C带带型的差异是由于沙田柚自交不孕，在长期进化过程中，演变成遗传上高度杂合性的物种，通过长期无性繁殖，将这种杂合性保存下来。可见，柚类之间性状上差异可能与某些染色体结构变异有关。所以防止沙田柚种性退化，今后应重视授粉树种的筛选。沙田柚染色体在有丝分裂前期和前中期，无论用去壁低渗法或常规压片法都能直接显带，不用变性复性处理，但在中期，由于DNA高度螺旋化，沙田柚染色体又小，染色体变短，不易显带。

?1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net



图Ⅰ　沙田柚染色体组型及Giemsa C—带带型



图Ⅱ　沙田柚染色体组型及Giemsa—C带带型模式图

参 考 文 献

〔1〕　陈瑞阳等，1982：植物染色体标本制备的去壁低渗法及其在细胞遗传学中的意义，遗传学报，9(2)：151—159。

〔2〕　熊兴耀等，1982：柑桔染色体组型及Giemsa带型的研究初报，湖南农学院学报，（2）：61—67。

〔3〕　李懋学，1981：植物的染色体组和组型分析，生物学通报，（4）：18—21。

?1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

AN ANALYSIS ON KARYOTYPE AND GIEMSA BANDING PATTERNS IN CHROMOSOMES OF SHATINYU HORT.

Xue Miu-nan and Huang Guang
(Department of Biology
Guangxi Teacher University)

Mai Shi-qou
(Guangxi Instiute
of Citrus)

Abstract Using Citurs grandis (L.) Osbeck var. Shafinyu Hort. as experimental material, we observed and analysed their karyotype and Giemsa banding pattern of chromosomes. Following is our results.

Karyotype: The number of chromosomes are 2n = 18. According to their relative lengths, chromosomes can be divided into two types, large (relative length>10) and small (relative length<10). The former includes Nos. 1, 2, 3, 4, 5 pairs, the later includes Nos. 6, 7, 8, 9 pairs. According to arm ratios, 9 pairs of chromosomes can be divided into designations, the submetacentric (includes Nos. 5, 7, 9) and the metacentric (the others); the 6th pair is SAT chromosome.

Giemsa banding patterns: the 2th pair shows the median banding, the others show the centromeric banding. The short arms of Nos. 3, 4, 8 and the long arms of Nos. 2, 3, 7 all show the end-handing. The homologous C-banding of Nos. 2, 3, 6 pairs show heterozygosity.

Key words Citurs grandis (L.) Osbeck var. Shatinyu Hort.;
Giemsa banding pattern of chromosomes.

?1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net