维普资讯 http://www.cqvip.com

⑫ 54-59

第 28 卷 第 2 期 西北农业大学学报 Vol. 28 No. 2
2000 年 4 月 Acta Univ. Agric. Boreali-occidentalis Apr. 2000

[文章编号]1000-2782(2000)02-0054-06

3 个黄牛品种染色体的 G 带模式图研究

陈 宏，雷初朝，邱 怀

（西北农林科技大学动物科学与动物医学学院，陕西杨陵 712100）

S823.81
S813.1

[摘 要] 对秦川牛、岭南牛、西镇牛的染色体进行了 G 带研究，结果表明，这 3 个黄牛品种除 Y 染色体以外的所有染色体对，其 G 带带型基本一致。每对染色体都有其独有的带纹特征，可用于识别牛的每条染色体。Y 染色体有中部（或亚中部）和近端着丝粒染色体。根据 3 个黄牛品种 G 带带型的共同特点，对其染色体带型进行了描述、分区和命名，并绘制了牛 86 个区 354 条带的 G 带模式图。

[关键词] 黄牛；染色体；G 带模式图 品种 遗传育种

[中图分类号] S823.8；S823.12 [文献标识码] A

关于牛的 G 带研究，起始于 Schnedl[1]，用胰酶法对牛 G 带进行了简要分析，但没有对每一条带的特征作出描述。以后国外关于牛的 G 带研究相继有许多报道[2~4]，但迄今国内有关牛的 G 带模式图的报道甚少[5]。本研究选用陕西境内 3 个黄牛品种进行 G 带带型的研究，其结果可用于突变分析、探索牛种之间的亲缘关系、品种鉴定及起源进化，以期为动物遗传育种研究提供细胞遗传学依据。

1 材料与方法

材 料 秦川牛 16 头（12♂4♀），选自陕西省家畜改良站；岭南牛 11 头（6♂5♀），选自岭南牛保种区陕西山阳县；西镇牛 21 头（9♂12♀），选自陕西西乡县西镇牛良种场。

染色体标本的制作 用高压灭菌注射器吸取 2 g/L 的肝素 0.2 mL 湿润针管，颈静脉采血 5～10 mL，无菌注入培养瓶。每 5 mL 培养基接种全血 0.5～0.8 mL。培养基含 10.4 g/L RPMI 1640（日本）培养液 80 mL，小牛血清（解放军 323 医院）20 mL，自提取 PHA 2 mL，青霉素、链霉素适量，L-谷氨酰胺 23.92 μg，2 g/L 肝素 3 mL，用 50 g/L $NaHCO_3$ 将 pH 调至 7.5，在 38.5℃下培养 72 h，收获前 3～5 h，加入秋水仙素（终质量浓度为 0.075～0.22 mg/L），空气干燥法常规制片。

G 带方法 参照 Lin 等[3]的方法并加以改进。适当缩短秋水仙素的处理时间和质量浓度，以增加早前期细胞的分裂相。

染色体核型分析 选择分散且形态良好的中期细胞进行显微照相、配对、排列和分析，用油标卡尺测量染色体相对长度作为染色体编号及配对的依据。

染色体区带划分及命名 参照人类染色体带型命名法和 Lin 等[3]对牛 G 带区段的划

[收稿日期] 1999-05-17
[作者简介] 陈 宏（1955－），男，教授，博士，博士生导师

维普资讯 http://www.cqvip.com

分和命名方法、进行区带的划分及命名,并绘制 G 带带型模式图。

2　结果与分析

2.1　核　型

经分析,3 个黄牛品种二倍体细胞 $2n=60$,母牛核型式为 60,XX;公牛为 60,XY。除性染色体外,58 条常染色体均为近端着丝粒染色体,X 染色体为 1 个大的亚中着丝粒染色体,Y 染色体表现多态性,为 1 个小的中部(或亚中部)或近端着丝粒染色体[6]。

2.2　G 带带型分析及其区带的划分、编号及命名

各品种牛观察的 G 带细胞达 50 个以上,用于分析的细胞数为:秦川牛 5 头,15 个细胞;西镇牛 4 头、15 个细胞;岭南牛 4 头、10 个细胞。根据 3 个黄牛品种染色体的共同特征和平均相对长度[7],绘制了牛 G 带模式图(图 1)。各对染色体 G 带带型特征为:

染色体	特　征
1 号	21 条带,中间有 1 条浅带将染色体分为 3 个区,1 区有 4 条深带,前 2 条带相对深染。3 区也有 4 条深带,末部为 1 条浅带。
2 号	18 条带,中间 1 条浅带将染色体分为 3 个区,1 区第 1 条暗带比其他暗带相对较深,第 2,3 条带有时融为 1 条带。3 区有 3 条暗带,末端为负染区。
3 号	18 条带,3 号染色体的主要特征标志是 1 区的 13 带和 2 区的 21 带之间夹着 1 条很浅的带。2 区 4 条深带。3 区有 2 条浅带。
4 号	分 3 区 16 条带,在整个染色体上有 3 条相对平均分配的深染带,其中带 21 较浅。
5 号	共 16 条带。该染色体有明显的 3 个深染区,中部深染区由紧靠在一起的 3 条暗带组成,两边的深染区各由 2 条暗带组成。这种特殊的带型是识别这 1 对染色体的标志。
6 号	14 条带,此条染色体从着丝点向臂端有相对平均分配的 4 条深带,远端有 2 条浅带。
7 号	共 13 条带,靠着丝点近端的第 2 条暗带特别深。这条深带是识别这一染色体的重要标志。带 41 和 43 有时融合成 1 条较深的带。
8 号	14 条带,靠近着丝点 2/3 长度内,有 3 条深染带。其中,第 1 条深染带可细分为 2 条紧挨的暗带。远端区有 2 条暗带。
9 号	有 12 条带,此条染色体从着丝点到远端有 2 条染色相对逐渐减弱的深染带。
10 号	13 条带,该条染色体有 4 个特殊的深染区、以此可容易识别。1 区和 4 区各有 1 条暗带,2 个中间深染区各由 2 条暗带组成。
11 号	有 11 条带,这条染色体的主要特征是有 4 条相似的暗带,沿染色体相对平均分配。
12 号	有 11 条带,与 11 号染色体相比,12 号染色体在第 1 个暗带之后,有 1 个特有的浅带,接着有 2 条暗带,末端有 1 条浅带。
13 号	有 12 条带,这条染色体的主要特征是近端靠近着丝点区有 2 条暗带,远端区有 3 条浅带。
14 号	有 11 条带,近端有 2 条浅带,远端有 1 条浅带,中部有 2 条较深的暗带,这是识别这一染色体的主要标志。
15 号	有 15 条带,靠近着丝点有 1 条很深的暗带,这条暗带在较长的染色体上,可细分为两条带,接着是 1 个较宽的负染区,之后有 2 条深带。在较长的染色体上,这两条深带各自可分为 1 条浅带和 1 条深带。末端为 1 条浅带。
16 号	有 9 条带,靠近着丝点有 2 条相对靠近的暗带,远端 1/3 处有 1 条较大的负染区。之后,末端区有 1 条暗带和 1 条浅带。这些特征容易区分 15 号和 16 号染色体。
17 号	10 条带,近端区和远端区各 1 条浅带,中部有 2 条紧靠的深染带。
18 号	9 条带,近端 1 条暗带,中部有 2 条靠紧的深染带。它有时融合为 1 条宽的深染带。末端有 1 条浅带,很明显。该染色体分为三部分,容易识别。

维普资讯 http://www.cqvip.com

19号	11条带，该染色体仅有近端1条暗带，之后，其余带都是浅带，使得该染色体容易识别。
20号	9条带，近端区有1条深染带、末端区有1条更深的暗带。两者之间有1条浅带。
21号	8条带，整个染色体上有2条比20号染色体靠得还近的深染带。
22号	8条带，近端有1条深染带，2区有2条靠紧的深染带，在较短的染色体上，可融为1条宽的深染带。
23号	8条带，有3条分布均匀的暗带。
24号	7条带，近端有2条靠近的暗带，末端可见1条浅带。
25号	7条带，近端有2条暗带，其中13带比15带较深。末端为1条浅带。
26号	6条带，近端有2条暗带，与25号染色体相比，没有末端带。
27号	8条带，短臂上有1条明显的浅带，长臂近端还有3条靠得很近的暗带，远端已有1条浅带，末端区为负染。
28号	7条带，近端和末端各为1条浅带，中部为1条暗带。
29号	6条带，近端有1条深的暗带，紧接着有1条浅带。他是染色体组中最小的1对。
X染色体	短臂：有8条带。有2条较深的带，近端的深带和着丝点之间有1条浅带，末端区为负染。着丝点区为深染。 长臂：有12条带，分两区，长臂上有4条暗带，近端的2条(q13,q15)有时可融为1条宽的暗带。在近端两条暗带与远端2条暗带之间为1个明显的负染区。远端区有1条浅带。末端区为负染。
中着丝点Y染色体	6条带，着丝点区域为深染区，在长臂和短臂末端各为1条浅带。
近端着丝点Y染色体	微小短臂为浅带，着丝点区域为半深染。长臂近端是1条较深的暗带，末端为1条浅带。

3 讨 论

Gustavsson[2]用胰酶法对瑞典红白花牛制作了G带、提出牛的染色体共有238条带，绘制了第1个牛G带带型模式图。Lin等[3]用同样的方法，第1次对西门塔尔牛的G带带型进行了区段划分和命名，并将其30对染色体划分为84个区，311条带。Potter等[4]进行了瘤牛的G带研究，他发现瘤牛(Bos indicus)和普通牛(Bos tourus)G带带型相似。本研究通过对秦川牛[6]、岭南牛[8]和西镇牛[9]G带的研究，结果表明除了Y染色体形态不同，G带略有差异外，常染色体和X染色体G带带型基本一致。与上述作者相比，牛的G带基本相似(本研究是按标准核型排列)。但本研究对牛的G带更加精细，已将牛的G带划分为86个区354条带。带纹的精细程度与染色体分裂时期有着密切的关系，为了得到精细的带纹，在制备染色体过程中，在胰酶处理的时间和浓度上笔者做了大量的探索，发现随着染色体加长，带纹更加精细。例如第5号染色体的着丝点近端区，他们认为是1条深染带。而在本研究中，可清楚地看出这1个深染区由2条暗带组成(图2)。并且发现秦川牛及西镇牛的一些个体中，27号染色体有较明显的短臂浅带(图3)，这种现象还未见报道。

3个黄牛群体中，晚前期或前中期常染色体着丝点的顶端可见到1条小的浅带。其大小和着色的程度在不同染色体上稍有差异，并与标本处理的时间有关，但在中期染色体上或胰酶处理稍过的染色体上，往往很少看到，这在以往黄牛的有关资料中尚未见报道。在牦牛上，陈文元等[10]报道有些常染色体上有着丝点顶端浅带。在绵羊上，赵亚力[11]也报道了藏系绵羊所有的近端着丝点染色体有着丝点顶端带的存在，在家猪上端着丝点的额外

维普资讯 http://www.cqvip.com

带也有报道[12]。由此看来,近端着丝点染色体着丝点顶端带的存在是肯定的。但这个顶端浅带属着丝点的结构还是近端着丝点染色体微小短臂的反映有待研究。

本研究中,牛的中部或亚中部着丝点Y染色体的G带特征,与Lin等[3]的研究结果一致,与Gustavsson等[2]、陈文元等[10]报道的牛中期Y染色体G带整个长臂为深染也一致,只是晚前期,Y染色体长臂近端为深染,远端为浅染,中部有1个小的淡染区。这种现象的产生可能有两个原因:①与不同阶段G带的显带水平有关;②有可能不同品种、不同个体Y染色体就存在多态性。此外,笔者还首次绘制了牛近端着丝点Y染色体G带模式图,这与Potter等[4]报道的瘤牛Y染色体G带带型一致,从而为中国牛含有瘤牛的血统提供了细胞遗传学证据。

[参考文献]

[1] Schnedl W. Giemsa banding, Quinacrine fluorescence and DNA-replication in chromosomes of cattle (Bos taurus)[J]. Chromosoma (Berl),1972,38:319～328.

[2] Gustavsson I, Hagelhorn M, Zech L. Recognition of the cattle chromosomes by the Q-and G-banding techniques [J]. Heredita,1976,82:157～166.

[3] Lin C C, Newton D R, Church R B. Identification and nomenclature for G-banded bovine chromosomes[J] Can J Genet Cytol,1977,19:271～282.

[4] Potter W L, Upton P C, Cooper J, et al. C and G banding patterns and Chromosomal morphology of some breeds of Australian Cattle[J]. Australian Veterinary Journal,1979,55:560～567.

[5] 裴荣慈,张成忠,冯蜀举,等. 四川黄牛的分类地位与染色体G带核型研究[J]. 黄牛杂志,1992,(1):19～24.

[6] 陈　宏,邱　怀,詹铁生. 秦川牛的染色体研究[J]. 畜牧兽医学报,1993,24(1):17～22.

[7] 陈　宏. 中国4个地方黄牛群体的染色体研究[D]. 陕西杨陵:西北农业大学畜牧系,1990.

[8] 陈　宏,邱　怀,何福海. 岭南牛的染色体研究[J]. 西北农业大学学报,1995,23(2),40～44.

[9] 陈　宏,邱　怀,刘成玉,等. 西镇牛的染色体研究[J]. 黄牛杂志,1996,(2):16～19.

[10] 陈文元,王喜忠,张成忠,等. 牦牛(Bos grunniens)染色体的研究[J]. 细胞生物学杂志,1981,(2),9～12.

[11] 赵亚力. 藏系绵羊染色体的显带研究[J]. 畜牧兽医学报,1989,20(4):315～317.

[12] 柳万生. 西北地区几个猪种的染色体研究[D]. 陕西杨陵:西北农业大学畜牧系,1987.

Chromosome G banding pattern of cattle (Bos Taurus) of China

CHEN Hong, LEI Chu-zhao, QIU Huai

(College of Animal Science and Veterinary Medicine, Northwest Science and Technology University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: The G banded chromosomes of three local cattle breeds of China (Qinchuan, Lingnan and Xizhen) were studied. The result shows that the patterns of G banding of each pair of autosomes and X chromosomes, except for Y chromosome, are basically similar among them. Each pair of chromosomes have their special characteristic G bandings which can be used to differentiate one chromosome from another within cattle breed. Y chromosome has two types of polymorphism: metacentric (or submetacentric) and acrocentric chromosomes. According to common characterism of, G banding pattern of three cattle chromosomes, G banded pattern of cattle chromosome is described and all the regions of each banding chromosomes are designated and nominated. An idiogram of G banded karyotype of cattle up to 86 regions and 354 bands is suggested in this paper.

Key words: cattle; chromosome; G banding idiogram

维普资讯 http://www.cqvip.com

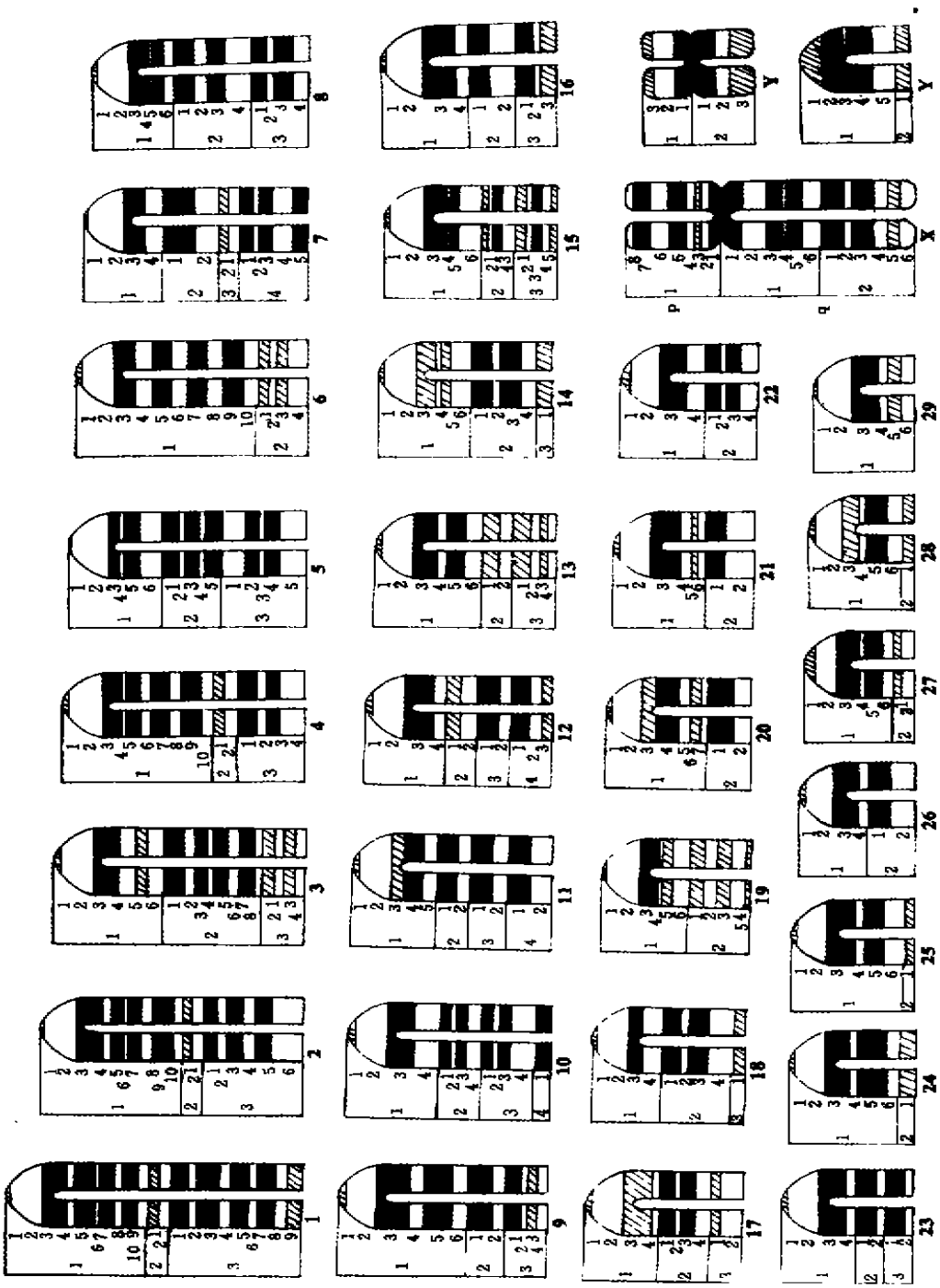

图 1 中国黄牛 G 带模式图

维普资讯 http://www.cqvip.com

图 2　5 号染色体不同分裂时期 G 带变化特征

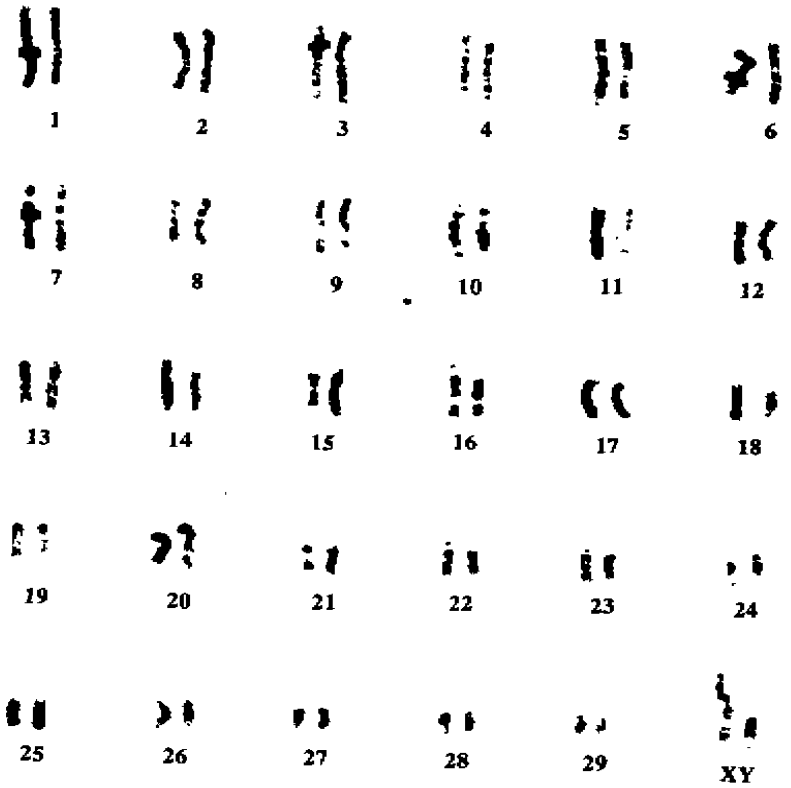

图 3　西镇牛 27 号染色体上的短臂浅带