

水稻(*Oryza sativa*)核型分析

舒理慧 邓万银 李国圃*

(武汉大学遗传研究室)

提 要

水稻(*Oryza sativa*)核型分析结果:在12对染色体中,其中部着丝点的有5对,近中部着丝点的有6对(包括随体染色体),1对近端部着丝点。本文还着重讨论了随体的数目及所在的染色体。

关键词: 水稻(*Oryza sativa*); 染色体核型; 随体

水稻染色体较小,形态上较难识别。由于常规的压片技术很难使染色体分散,而且易使染色体“损伤”,加上不能完全排除细胞质的干扰,使显带较为困难。因此,用它来进行水稻核型分析很难奏效。Kurata和Omura[7]将酶解去壁与KCl低渗技术,用于制备水稻的染色体标本上取得进展。陈瑞阳[4,5]近年来开始对去壁低渗火焰干燥制片法进行了系统的研究,并将此法应用于多种植物,取得了较为满意的结果。目前,运用去壁低渗法,研究工作者对栽培稻、野生稻进行核型分析,由于技术的不尽相同,加上条件上不同和其他原因,使得各个研究者所得到的水稻核型存在着一些差异。主要分歧在以下几方面:(1)随体的对数及所在染色体的编号;(2)染色体的编排方式及各对染色体的形态特征;(3)Giemsa使水稻染色体显带的机制。看来水稻核型研究的重点应是逐渐使之标准化。

我们的实验,主要是参照Kurata[7]的方法,在实验中,观察到两对随体。本文着重讨论随体数目及所在的染色体。

材 料 与 方 法

供试品种为秈稻(广陆矮四号),实验步骤如下:

1. 种子萌发:使用较为饱满的种子,在25—30℃的条件下浸种两天,然后让它们在黑暗的恒温箱内(25℃左右)发根,待根长到0.5—1cm时切取根尖。

2. 预处理:将根尖置于0.002M 8-羟基喹啉中,在18—25℃下处理1—3小时,然后用蒸馏水洗净。

*邓万银同志现为中国科学院遗传研究所研究生,李国圃同志现为中国农科院作物所研究生。

参加试验工作的还有张希宁、刘泽强同志。

3. 前低渗: 将根尖移入0.075M KCl溶液中, 在18—25℃下处理20分钟, 后用蒸馏水洗净。

4. 酶解去壁: 移根尖于含6%纤维素酶和6%果胶酶的混合酶液中, pH为4.0, 在35℃条件下酶解1小时, 然后用蒸馏水洗净。

5. 后低渗: 将根尖移入18—25℃蒸馏水中低渗处理5—10分钟。

6. 火焰制片: 切取1mm左右根尖分生组织置于清洁载片上, 加一滴新鲜的甲醇: 醋酸(3:1)固定液, 用镊柄将材料充分捣碎以后, 再滴少量固定液, 在酒精灯上火焰干燥, 以使细胞分散、平展、空气晾干。

7. 染色: 用Sorensen磷酸缓冲液调整pH至6.8配制10:1的Giemsa染色液, 染色时间3小时以上, 用蒸馏水或自来水洗净, 晾干。

8. 封片: 用中性树胶或达马(Damer)树胶封片。

9. 镜检: 观察细胞有丝分裂晚前期、前中期和中期分裂相, 染色体分散较好, 形态清晰的细胞用于显微照相, 进行核型分析。

结果与分析

我们选取了6个不同个体的6个染色体分散较好(图2中5—9), 形态清晰的细胞进行核型分析(图2—5, 6), 分析结果见表1。水稻($2n=24$)的12对染色体中, 具中部着丝点的有5对(No.1、5、8、9、11)。具近中部着丝点的有6对(包括随体染色体, No.2、3、6、7、10、12), 1对近端部着丝点(No.4), 亦即 $2n=2x=24=10m+12sm(2SAT)+2st$ 。另外, 我们还发现两对随体(8、10图2—7, 8)。各染色体长度变化在10.50—3.25微米之间。相对长度为4.64—15.00。No.1的相对长度是No.12的3.2倍。染色体的Giemsa染色区如图3。

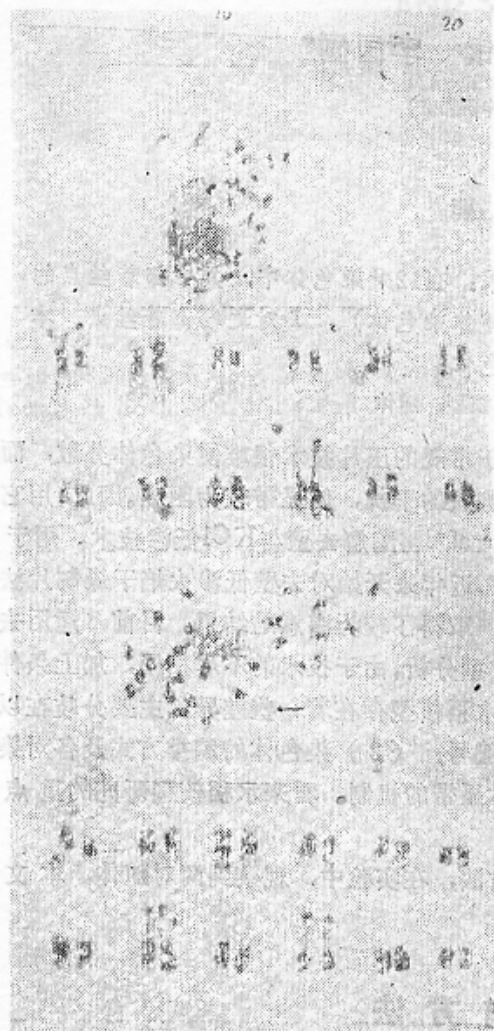


图 1

1-2 水稻(广陆矮4号)的核型。

3-4 水稻(广陆矮4号)核型(具二对随体)

Fig.1. 1-2 The karyotype of *Oryza sativa* (cv. Guangluai No.4), $2n=24$.

3-4 The karyotype of *Oryza sativa* (cv. Guangluai No.4), $2n=24$ (including 2 pairs of satellite chromosomes).

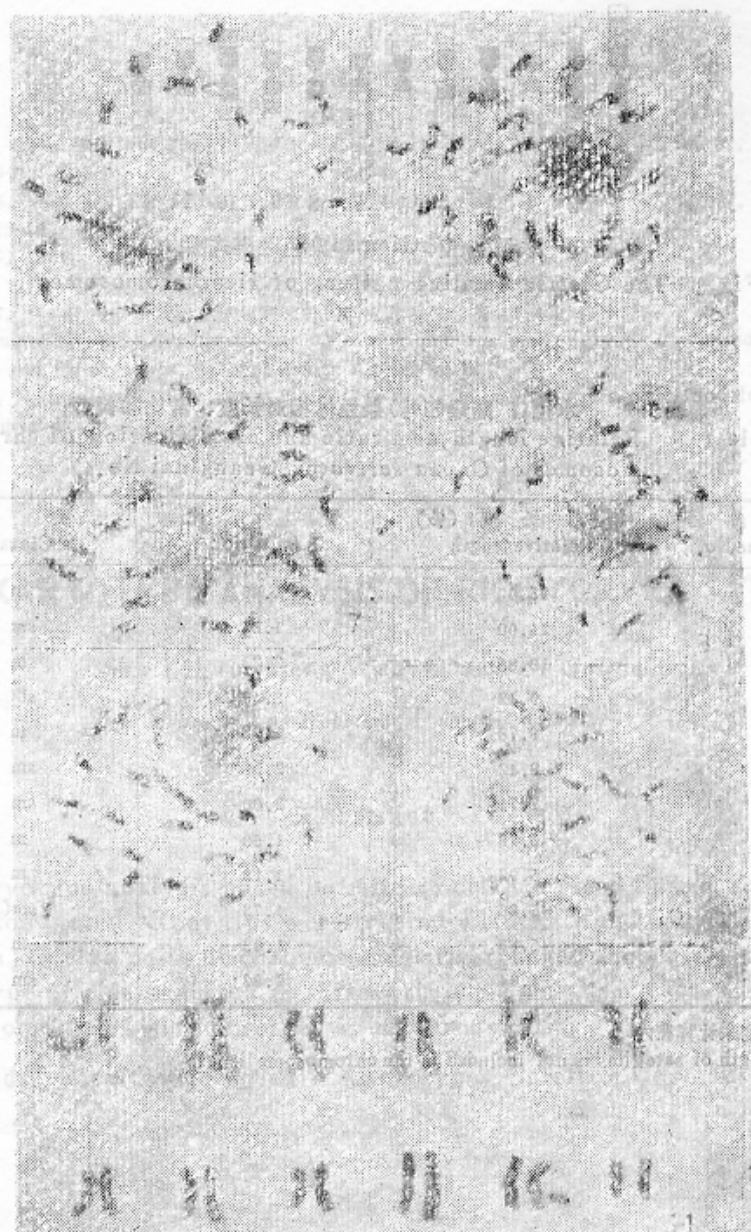


图2

5-9. 5个水稻细胞的中期染色体

10, 11. 水稻(景红2号)的核型

Fig. 2

5-9. The micrographs of mitotic prometaphase in 5 cells.

10, 11. The karyotype of *Oryza sativa* (cv. Ging Hong No. 2)

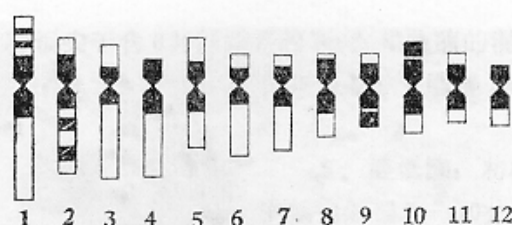


图3 水稻染色体Giemsa染色区模式图

Fig.3 The Giemsa-banding pattern of rice chromosomes

表1 水稻(广陆矮四号)染色体相对长度、臂比和类型

Table 1 Relative length, arm ratio and classification of chromosomes of *Oryza sativa* (cv. Guangluai No.4)

染色体编号 Chromosome No.	相对长度(%) Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Classification
1	15.00	1.66	m
2	11.00	1.85	sm
3	10.85	2.23	sm
4	9.42	3.40	st
5	8.78	1.28	m
6	8.42	2.11	sm
7	7.71	2.00	sm
8	6.78	1.50	m
9	5.92	1.18	m
10	5.85	1.73	sm(SAT)
11	5.63	1.03	m
12	4.64	1.93	sm

随体长度未计算在内

The length of satellites is not included in the chromosome length

讨 论

关于水稻染色体的随体,各个研究者根据自己的结果,有的认为有一对^[1,5,7]。有的认为有二对^[6],意见不一致。随体附着的染色体编号,各个研究者也不尽一致,陈瑞阳等^[5]发现第10对染色体上有随体。田自强^[1]在第2对染色体上也发现随体。前人的研究中还表明在3、4、5、7、8对中也发现过随体。

我们在广陆矮四号中发现8、10染色体上附着随体。我们发现有一部份分裂相的细胞在其核仁附近有4条染色体,随体所在染色体一般是附着在核仁上或核仁周围。

我们认为:水稻染色体随体的对数、可能因材料而异,与其遗传背景有关。

参 考 文 献

- [1] 田自强, 1979: 水稻染色体的带型研究 I—水稻染色体Giemsa分带技术和带型初步分析. 湖南农业科学, 6: 9-13.
- [2] 田自强等, 1980: 水稻染色体的带型研究 II—籼粳陆野生稻染色体 Giemsa 带型的比较. 湖南农学院学报, 2: 79-88.
- [3] 朱凤绥等, 1982: 植物染色体F-BSG分带方法与带型. 遗传, 4(3): 25-28.
- [4] 陈瑞阳, 1979: 植物有丝分裂染色体标本制作的新方法. 植物学报, 21(3): 297-298.
- [5] 陈瑞阳等, 1980: 关于水稻染色体组型分析的研究. 遗传学报, 7(4): 361-365.
- [6] Chao-Hua Hu, 1964: Further studies on the chromosome micrology of *Oryza sativa* L. Rice Genetics and Cytogenetics, 51-61(Elsevier Amsterdam).
- [7] Kurata, N. and Omura, T., 1978: Karyotype analysis in rice 1. A new method for identifying all chromosomes pairs. Japan J. Genet., 53(4): 251-255.

THE KARYOTYPE ANALYSIS OF RICE (*ORYZA SATIVA*)

Shu Lihui Deng Wanyin and Li Guopu

(Laboratory of Genetics, Wuhan University)

Abstract

The karyotype analysis based on mitotic cells in rice, *Oryza sativa* L. ($2n = 24$), was conducted. Root tips were treated with KCl and enzyme and stained with Giemsa. Twelve pairs of chromosomes are arranged according to the length. The karyotype of rice analysed in this work is $n = 5m + 6sm + 1st$ and 2 pairs of satellite chromosomes were observed in numerous cells.

Key words: Rice(*Oryza sativa*); Karyotype; Satellite Chromosome