

# 米象、玉米象及其杂交后代染色体的观察研究\*

杨志远 黄培 吴国雄

(江西省粮油科学技术研究所,南昌)

**摘要** 本研究观察表明,米象 *Sitophilus oryzae* 与玉米象 *Sitophilus zeamais* 的染色体数目都是 22 条 ( $2n = 22$ )。它们的第 1—10 对同源染色体及第⑪条非同源染色体的相对长度和着丝点类型基本相同。第⑫条非同源染色体,米象为中部着丝点类型,玉米象为端部着丝点类型。米象与玉米象杂交可育型后代的染色体出现杂交 I 杂种及杂交 II 杂种两类染色体。杂交 I 杂种染色体倾向于米象,杂交 II 杂种染色体的第 10 对同源染色体为端部着丝点类型,与米象及玉米象的都不同。

**关键词** 米象 玉米象 杂交后代 染色体组型

米象 *Sitophilus oryzae* Linnaeus 与玉米象 *Sitophilus zeamais* Motschulsky 是外形极为相似的蛀食性仓库害虫。对这两种虫的定名,国际上有过较长时期的争论。我们对米象与玉米象经过四年重复杂交试验,大部分配对不能产生杂种后代或产生的杂种后代不能自交繁殖,但是每批试验都有 3% 左右的杂交配对能产生可育型杂种后代,这些后代具有正常繁殖能力,表明米象与玉米象之间尚未形成完全的生殖隔离(杨志远,1986)。为了进一步探讨这两种虫的亲缘关系,我们对它们的染色体进行了初步观察研究,现将研究结果报道如下。

## 材料与方法

**供试虫:** 米象采自江西省九江市及从广东省和四川省引进的虫种;玉米象采自江西省丰城县及从广东省引进的虫种;杂交后代为江西省丰城县的玉米象(♀)与江西省九江市的米象(♂)及江西省丰城县的玉米象(♀)与四川省的米象(♂)杂交所产生的可育型杂交后代。

**染色体玻片标本的制备方法:** 参照中国科学院上海昆虫研究所昆虫染色体制片染色方法(朱竑侃,1981),并参考 S. G. Smith, C. D. 达林顿等学者的资料(S. G. Smith, 1943; 汪德耀,1981; 李道藩,1981; 郑国锠,1980),结合仓库昆虫的具体情况来进行,大致程序如下:

成虫羽化后,取虫龄在 10 日内的供试雄虫放在载片上,滴一滴 1% 柠檬酸钠液,取出精巢,用卡诺氏液固定 5—10 分钟,然后用 2% 醋酸洋红液染色,继而用 45% 醋酸清洗过多的染色液,再滴一滴 45% 醋酸后盖上盖片,立即压片。然后用指甲油沿盖片四周封固。

本文于 1987 年 7 月收到。

\* 本文得到中国科学院上海昆虫研究所杨平润研究员、潘家复、黄品衡、陈雅中先生,江西大学易豪雄副教授,商业部四川粮食贮藏研究所李雁声副研究员,江西省粮科所张祯祥副研究员等帮助和指教,谨此致谢。

压好的玻片标本，用相差显微镜（Olympus）观察，发现有分散较好的染色体分裂相即拍照( $15 \times 100$ )。将拍摄的照片放大后对每个细胞染色体进行计数，并选择有代表性的细胞数十个，分别进行染色体测量，用统计学方法计算各染色体臂比、相对长度、着丝点指数。由此分别计算米象、玉米象及其杂交后代细胞染色体平均相对长度、着丝点指数及臂比等数值，从而分别绘制出它们的染色体组型和标准模式图(李炳华，1984)。

$$\text{每个染色体的相对长度} = \frac{\text{单个染色体的长度}}{\text{该细胞染色体单倍体的总长度}} \times 100$$

$$\text{每个染色体的臂比} = \frac{\text{长臂长度}}{\text{短臂长度}}$$

$$\text{每个染色体着丝点指数} = \frac{\text{短臂长度}}{\text{该染色体长度}} \times 100$$

## 结 果

生物染色体的长度一般为  $1-100\mu\text{m}$ 。米象和玉米象的染色体长度仅有  $0.6-4\mu\text{m}$ 。我们观察了米象、玉米象及其杂交可育型后代精原细胞染色体分裂相，并通过染色体计数认定，米象和玉米象的二倍体染色体数目都是 22 条，即  $2n=22$ ，这与 S. G. Smith 所报道的结果一致 (S. G. Smith 等，1952、1974)。但史密斯没有报道二者杂交后代染色体数目。据我们观察，米象与玉米象杂交产生的可育型后代的染色体数亦为 22 条。由于二者杂交产生的不育型虫数太少，未能对不育型染色体进行观察。

通过对数十个细胞染色体的统计分析，分别得出米象、玉米象及其杂交 I 杂种、杂交 II 杂种染色体平均相对长度、着丝点指数及臂比指数，并由此制出米象、玉米象及杂种后代染色体组型(图版 I)和标准模式图(图 1)。

从图版 I 及图 1 可见，米象的 22 条染色体中有 10 对具中部着丝点的同源染色体，其相对长度在 12.09 至 5.44 之间。另两条染色体①及②，亦为中部着丝点类型，相对长度分别为 17.51 和 16.13，两者相差较大，不宜划归为一组同源染色体，可能是与性别有关的非同源染色体。

玉米象的 22 条染色体中亦有 10 对具中部着丝点的同源染色体，与米象基本相似，其相对长度在 13.70 至 5.53 之间，比米象的略长。另两条染色体的相对长度相差更大，①的相对长度为 16.33，中部着丝点类型，与米象的①相似。而其②的相对长度为 4.83，为端部着丝点类型，与米象的②显然不同。这是玉米象与米象染色体主要区别。

米象与玉米象杂交的可育型杂种后代的染色体出现两种情况，为了叙述方便，我们分别以杂交 I 杂种及杂交 II 杂种表示。杂交 I 杂种的染色体亦有 10 对具中部着丝点的同源染色体，其相对长度在 12.49 至 5.35 之间，另两条非同源染色体①及②亦为中部着丝点类型，相对长度分别为 16.94 和 16.61，与米象染色体基本一致。杂交 II 杂种的染色体也有 10 对同源染色体，相对长度在 12.49 至 5.04 之间，但其中第 1—9 对为中部着丝点类型，而第 10 对则为端部着丝点类型，这是杂交 II 杂种与米象、玉米象染色体的主要不同。另两条非同源染色体①及②为中部着丝点类型，相对长度分别为 17.26 和 15.21。与米象的①及②相似。

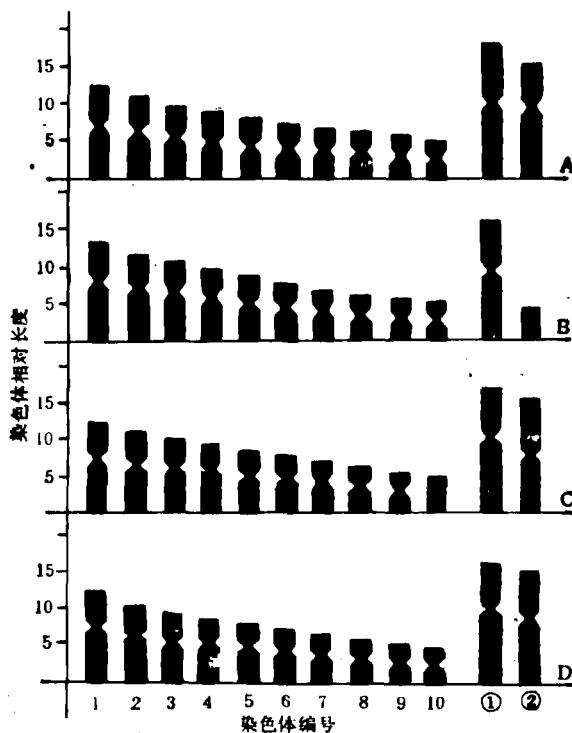


图 1 染色体标准模式图  
A. 米象 B. 玉米象 C. 杂交 II 杂种 D. 杂交 I 杂种

从米象、玉米象及其杂种后代染色体的臂比指数相比较,米象及玉米象染色体的臂比指数最大的为 1.48(端部着丝点除外),没有超过 1.50,而杂交 I 及 II 杂种的染色体臂比指数都有超过 1.50 的,最大的达 1.63,接近于亚中部着丝点类型。这也是杂种染色体与其亲本染色体的差异。

## 讨 论

米象与玉米象染色体数目相等,同源染色体都为 10 对,相对长度各对分别相近,且均为中部着丝点类型,它们的非同源染色体①的相对长度亦相近,同为中部着丝点类型,只有②有差异,可见这两种虫具有亲缘关系。它们之间进行杂交能产生可育型后代,与它们染色体的组型相似有一定关系。但正由于它们的非同源染色体②具有明显的差异,使两者各自区别(雄虫阳茎等有明显的区别),并在生殖上造成基本隔离。这是杂交成功率不高,以及产生不育型后代主要原因之一。但这个生殖隔离并不十分严密,对杂交产生的可育型后代来说,它们的染色体尚可基本联会,因而出现如杂交 I 杂种及杂交 II 杂种这样一些可育型染色体组型。这亦可帮助我们解释杂交后代出现倾向米象或倾向玉米象,以及出现介于二者之间的雄虫外生殖器等形态特征的现象。

由此可见,从细胞生物学,遗传学方面对昆虫进行研究很有必要(陈瑞铭等,1982),尤其是对诸如米象和玉米象这样外形极为相似的虫种,利用染色体组型分析,有助于探讨它

们的亲缘关系，并为昆虫的分类提供重要的参考依据。

### 参 考 文 献

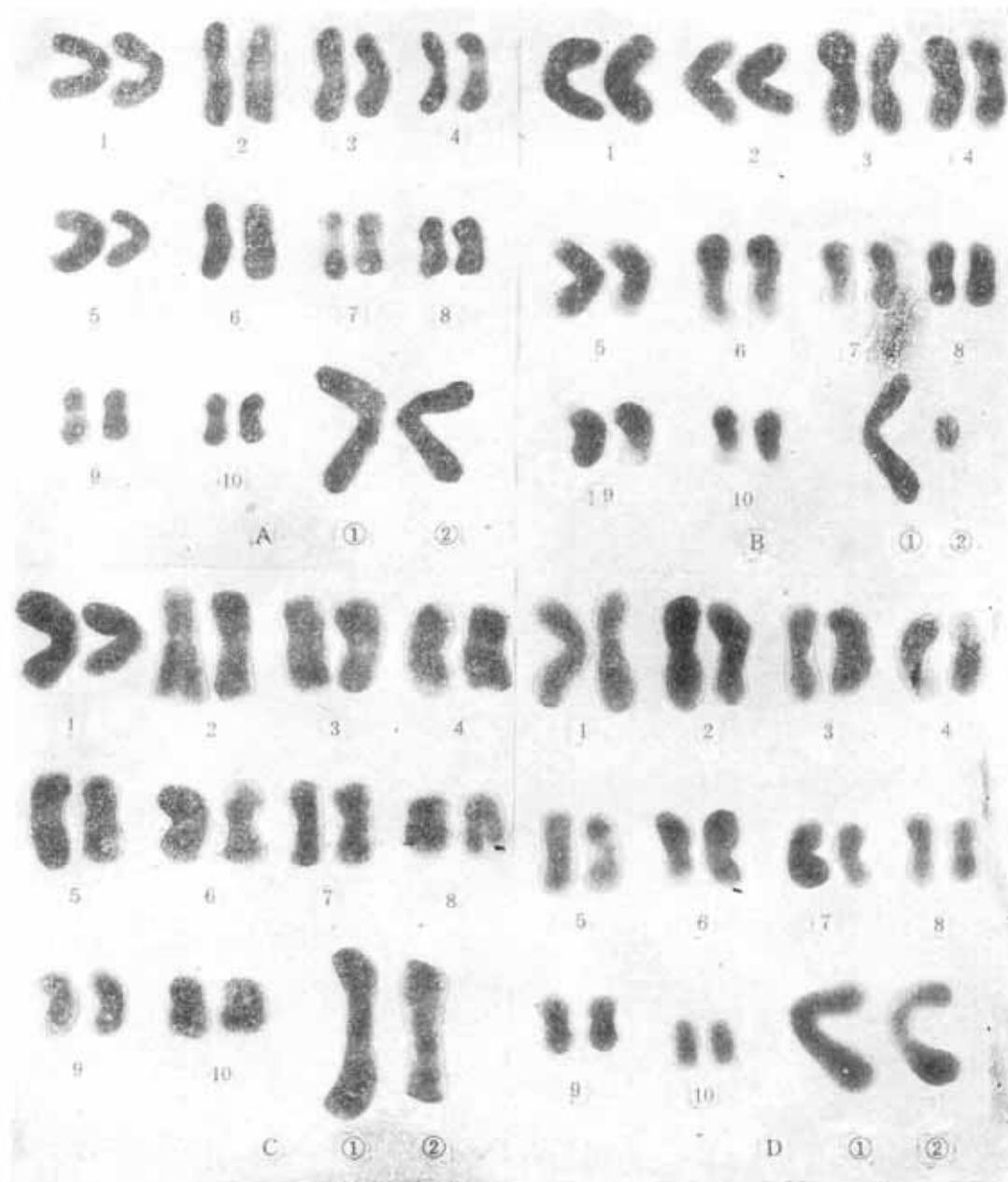
- 朱弘侃等 1981 中国六种蚊虫的核型分析。昆虫学研究集刊 第二集 第 81—88 页。上海科学技术出版社。
- 李炳华等 1984 花臭蛙染色体的组型分析。遗传 6(6): 23—6。
- 李道藩 1981 遗传学基础。p. 12—14。科学出版社。
- 陈瑞铭等译 1982 (N. R. 林格兹等著) 杂种细胞。p. 177—196。科学出版社。
- 汪德耀 1981 细胞生物学实验指导。p. 345—362。人民教育出版社。
- 郑国锠 1980 细胞生物学。p. 293—306。人民教育出版社。
- 杨志远 1986 米象和玉米象种间杂交初步研究。粮食贮藏 66: 13—8。
- 姚壁君等译 1982 (C. D. 达林顿著) 染色体处理。科学出版社。
- Stanley G. Smith. 1943 Techniques for the study of insect chromosomes. Cana. Ento. 2: 21—34.
- Stanley G. Smith. 1952 The cytology of *Sitophilus (Calandra) oryzae* L., *S. granarius* L. and some other Rhynchophora (Coleoptera). Cytologia 17: 50—70.
- Smith S. G. & John H. Brower. 1974 Chromosome numbers of stored-product Coleoptera. Jour. Kansas Ento. Soc. 47(3): 317—23.

## OBSERVATION ON THE KARYOTYPES OF *SITOPHILUS ORYZAE* AND *SITOPHILUS ZEAMAIIS* AND THEIR HYBRID OFFSPRINGS

YANG ZHI-YUA    HUANG PEI    WU GUO-XIONG  
(Jiangxi Cereals and Oils Research Institute, Nanchang)

*Sitophilus oryzae* and *S. zeamais* are the two snout beetles showing close resemblance and their identification has caused controversy in the past. We carried out cross experiments for four years and found that the cross-breeding was difficult and the progenies were mostly sterile but about 3% of them were fertile and could produce fertile offsprings. A microscopical examination of the karyotypes revealed that both species contained 22 chromosomes ( $2n=22$ ) and the relative length and centromere pattern of the homologous chromosomes from the first to the tenth pairs and the first pair of nonhomologous chromosome are similar. However, the second nonhomologous of *S. oryzae* is metacentric while that of *S. zeamais* telocentric. There are two karyotypes in the fertile crossbreeds: one is similar to that of *S. oryzae* and the other is different from the both species in having the tenth pair of homologous chromosomes being telocentric.

**Key words** *Sitophilus oryzae*—*Sitophilus zeamais*—crossbreed—karyotype



A. 米象染色体组型 B. 玉米象染色体组型 C. 杂交 I 杂种染色体组型  
D. 杂交 II 杂种染色体组型