

黄牛品种银染核仁组织区 (Ag-NOR_s)多态性的研究

陈 宏 邱 怀 詹铁生

(西北农业大学动物科学系, 陕西杨陵·712100)

摘 要 用银染技术对中国4个地方黄牛品种(蒙古牛、秦川牛、岭南牛和西镇牛)40头的Ag-NOR_s作了比较研究。结果表明,蒙古牛、秦川牛和岭南牛每细胞Ag-NOR_s数变化范围为3~10个,西镇牛为2~10个,平均分别为 5.818 ± 0.513 , 5.473 ± 0.316 , 5.377 ± 0.279 和 5.178 ± 0.354 。Ag-NOR_s表现了细胞、个体和品种间的多态性。

关键词 银染核仁组织区, 多态性, 黄牛

中图分类号 S823.81, Q953.3

银染核仁组织区(Ag-NOR_s)是研究18S±28S rRNA基因位点和功能的一种细胞遗传标记,现已广泛应用于人类遗传学的许多分支学科。近年来,已应用于家畜的细胞遗传学研究,并发现它与家畜的种和品种的起源有关^[1,2]。在我国关于牛的Ag-NOR_s已有不少报道,但多以单个品种为对象。我国牛数量多,品种繁,分布广,是世界牛种一个非常宝贵的基因库。因此,对中国牛遗传特征的了解,对其开发和利用有重要意义。Ag-NOR_s作为一个新的遗传标记,已被人们所重视。本文通过4个地方黄牛品种Ag-NOR_s的比较研究,以探索中国黄牛Ag-NOR_s的遗传特征,为中国牛品种鉴定和分类提供新的依据和线索。

1 材料与方法

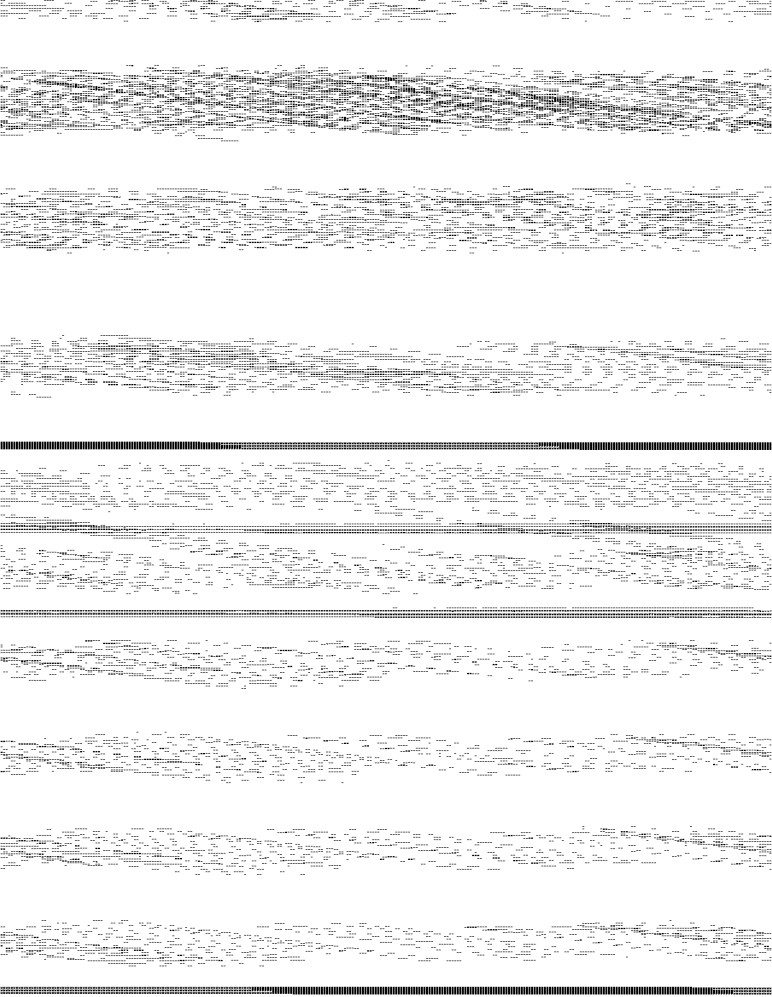
实验用4个地方黄牛品种共计40头牛。其中蒙古牛7头(6♂1♀),选自陕西省延安地区;秦川牛11头(9♂2♀),选自陕西省家畜改良站和杨陵区;岭南牛11头(6♂5♀),选自岭南牛保种区陕西省山阳县;西镇牛11头(5♂6♀),选自西镇牛良种场和西乡县。采用外周血淋巴细胞培养和常规法制备染色体标本,用Ag-I法^[3]银染。对每个个体的银染标本观察50个以上着色合适、完整、分散良好的中期分裂细胞,观察Ag-NOR_s的表现特征,统计Ag-NOR_s数目,并对具有代表性的细胞显微摄影,作核型分析,染色体对按大小排列,观察Ag-NOR_s存在的染色体及部位。

2 结果与分析

2.1 Ag-NOR_s的分布

对4个黄牛品种40个银染着色合适、清晰的中期分裂细胞剪贴、配对,按大小递减排列结果发现,除秦川牛8号染色体外,在4个黄牛品种中,第2,3,4,5,8,11,23,26和28

修改稿收到日期:1994-03-11.





镇牛在3,5,7,8,10个上有差异;秦川牛与岭南牛在9个上有差异,与西镇牛在8个上有差异;岭南牛与西镇牛在各分布频率上均无显著差异。这表明不同品种不仅在Ag-NOR. 均数上有差异,而且在不同Ag-NOR. 数目细胞频率上也有差异,并且各品种在地理位置上相距愈远,差异有增大的趋势。

3 讨论

核仁组织区(NOR.)是核糖体RNA基因存在的部位,银染核组织区反映了细胞中有转录活性的rRNA基因的数量和位点。Henderson^[2]把普通牛的NOR. 定位于第2,3,4,5和28号常染色体臂的末端;Berardino D D^[4]通过对欧洲普通牛的研究,认为普通牛的Ag-NOR. 位点分别在第2,3,4,11和28号染色体臂的末端;Mayr^[5]也把瘤牛的Ag-NOR. 定位于这几对染色体上;陈文元^[6]通过对奶牛、牦牛及其杂种Ag-NOR. 的研究表明,奶牛Ag-NOR. 在第2,3,4,5,26和28号常染色体上,杂种牛出现在第2,3,4,5,11,26和28号染色体上。在本研究中,这4个品种除在以上染色体上出现NOR. 外,还发现蒙古牛、岭南牛和西镇牛在第8和23号染色体上存在NOR., 秦川牛在23号染色体上存在NOR., 于汝梁、陈琳等^[7~9]近几年通过对中国其他黄牛品种,如延边牛、鲁西牛、晋南牛等Ag-NOR. 的研究,也发现一小染色体存在NOR., 并认为大约为第21或22对。因此,关于中国黄牛Ag-NOR. 的定位还有待于进一步研究。尽管如此,哺乳动物Ag-NOR. 的数目和位点的多态性变化是存在的^[4],中国黄牛品种银染核仁组织区的分布可能有其独特之处,这也许与中国地方黄牛品种独特的来源与形成有关。

银染是对NOR. 的特异性染色,染的物质是靠近NOR. 的蛋白质。不同银染颗粒的大小可反映该位点rRNA基因的活性。在本研究中,不同染色体及同源染色体上有时表现了银染颗粒大小上的多态性,这表明在黄牛品种中,不同染色体及同源染色体上rRNA基因的活性可能有差异。

在家猪上已有报道^[1,10],Ag-NOR. 不但有品种和个体差异,而且与猪的起源进化有关。对牛Ag-NOR. 的研究表明,Ag-NOR. 同样具有品种特征。延边牛每细胞平均Ag-NOR. 为6.47个^[7],黑白花牛为6.45^[11],云南丽江黄牛为5.13^[12],而雷琼黄牛和四川黄牛仅为4.75和4.30^[13]。在本研究中,4个品种不仅表现了Ag-NOR. 的品种特征,而且品种间不同NOR. 数的细胞频率也有差异。这在其他品种还尚未见报道。由于Ag-NOR. 是随染色体而遗传的,因此Ag-NOR. 可作为品种特征的遗传标记之一,用于研究品种间的差异,以探讨品种的起源进化,为黄牛品种鉴定和分类提供依据。

参 考 文 献

- 1 詹铁生,柳万生,袁志发. 银染核仁组织区(Ag-NOR.)与家猪品种的起源进化. 畜牧兽医学报,1989,20(1):1~6
- 2 Henderson L M, Bruere A N. Conservation of nucleolus organizer regions during evolution in sheep, goat, cattle and aoud. Can J Genetics and Cytology, 1979, 21: 1~8
- 3 王子淑编著. 人体及动物细胞遗传学实验技术. 成都: 四川大学出版社, 1987
- 4 Berardino D D. Ag-NOR. variation and banding homologies in two species of bovidae Bubalus and Bos taurus. Can J Genetics and Cytology, 1981, 23: 89~99

- 5 Mayr B, Gruber K. Nucleolus organizer regions and heterochromatin in the zebu (*Bos indicus* L.). Theoretical and Applied Genetics, 1987, 73: 832~835
- 6 陈文元, 王喜忠, 熊国福. 牦牛、黑白花牛及其杂交后代的染色体研究. 中国牦牛, 1990, 1: 23~27
- 7 于汝梁, 辛彩云, 陈琳. 蒙古牛和延边牛的染色体研究. 黄牛杂志, 1992, 18(2): 18~22
- 8 陈琳, 于汝梁, 陈幼春. 晋南牛的染色体分析. 黄牛杂志, 1991(1): 24~28
- 9 于汝梁, 辛彩云. 鲁西牛的染色体研究. 黄牛杂志, 1991(2): 11~14
- 10 柳万生, 路兴中, 刘孝悫等. 西北地区几个猪种银染核仁组织区(Ag-NOR_s)多态性的研究. 畜牧兽医学报, 1989, 20(3): 209~214
- 11 郭爱朴, 郭丹玲, 张守仁. 中国北方黑白花奶牛银染核仁组织区(Ag-NOR_s)的研究. 畜牧兽医学报, 1982, 13(3): 152~160
- 12 郭爱朴. 牦牛、黄牛及其杂交后代犏牛的染色体比较研究. 遗传学报, 1985, 10(2): 137~143
- 13 张成忠, 龚荣慈, 袁秀庞等. 四川黄牛的研究. 黄牛杂志, 1992, 18(2): 11~17

Ag-NOR_s Polymorphism of Cattle (*Bos taurus*) Breeds in China

Chen Hong Qiu Huai Zhan Tiesheng

(Department of Animal Science, Northwestern Agricultural University, Yangling, Shaanxi, 712100)

Abstract Ag-NOR_s of four native cattle breeds (Mongolian, Qinchuan, Lingnan and Xizhen cattle) in China with total number of 40 cattle were studied comparatively by silver staining technique. The results showed that the Ag-NOR_s number of each cell of Mongolian, Qinchuan and Lingnan breeds varied from 3~10, and Xizhen breed from 2~10. The average Ag-NOR_s number of Mongolian, Qinchuan, Lingnan and Xizhen breeds were 5.818 ± 0.513 , 5.473 ± 0.316 , 5.377 ± 0.279 and 5.178 ± 0.354 respectively. There was Ag-NOR_s polymorphism among cells, individuals and breeds.

Key words nucleolus organizer region (NOR_s), polymorphism, cattle