维普资讯 http://www.cqvip.com

布氏姜片吸虫染色体组型分析

寄生虫学教研室 戴晓斌* 李树华

提 要 采用气干法研究布氏姜片吸虫染色体组型，发现与前人报道的不同。其二倍体染色体数为2n＝14，染色体包括大、中、小三型。其中具中部着丝点的(m)4对，具亚中部着丝点的(sm)2对，具端部着丝点的(t)1对。各染色体对的相对长度、臂指数及着丝点指数与前人报道的数据进行了t检验分析，发现第3、4、6对染色体在臂指数及着丝点指数上有非常显著的差异（$p<0.01$）

关键词 布氏姜片吸虫 (Fasciolopsis buski)；染色体组型；有丝分裂；臂指数；着丝点指数

染色体组型是细胞遗传学研究的一个重要组成部分，开展吸虫染色体组型研究有重要理论价值和实践意义。

布氏姜片吸虫染色体组型，高隆声等（1982）已有报导。随后，刘家英(1981)、李杰华等（1987）也曾进行过一些观察。我们在开展染色体研究过程，选用该种吸虫进行预实验时发现其染色体组型与高隆声等（1982）报道的不同，因而进一步进行研究。

材料和方法

自重庆肉类联合加工厂所宰猪的小肠内采得姜片吸虫成虫，置生理盐水中带回，选鲜红、活跃的虫体置于含0.05μg/ml秋水仙素的生理盐水里，刺破雄性生殖腺、收集流出的细胞，30℃、30min～1h后，离心去上清液，换入0.075M KCl液，37℃下低渗30min，用甲醇-冰醋酸（3:1）液固定，滴片，气干后Giemsa染色，选分散好、形态清晰的分裂相拍照，放大后测量并计算出染色体的相对长度、臂指数和着丝点指数。染色体排列、分组后，依照Levan等（1964）提出的标准进行分析命名，确定染色体组型。

结 果

布氏姜片吸虫精原细胞有丝分裂中期中染色体数为2n＝14，可配成7对。染色体组型包括大型、具中部着丝点的（m）1对，中型、具中部着丝点的(m)2对，中型、具亚中部着丝点的(sm)1对，小型、具中部着丝点的(m) 1对，小型、具亚中部着丝点的(sm)1对，及小型、具端部着丝点的(t)1对（图1）。各对染色体的特征简述于后：

第1对染色体为大型，具中部着丝点。体型最大，易于识别。

第2~4对染色体为中型，且彼此大小相近，较难辨别，但可根据着丝点位置予以区分。其中第4对为亚中部着丝点染色体，而第3对着丝点接近染色体中点，属中部着丝点，第2对着丝点位置介于第3对与第4对染色体着丝点之间，也属中部着丝点染色体。

第5、6对染色体为小型，彼此大小相近，但第5对稍大于第6对，着丝点位置却明显不

* 研究生，现在四川省寄生虫病研究所工作。

维普资讯 http://www.cqvip.com

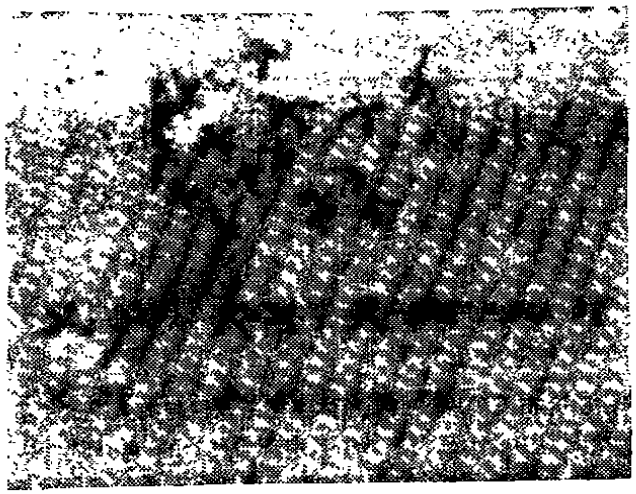


图1 布氏姜片吸虫染色体组型

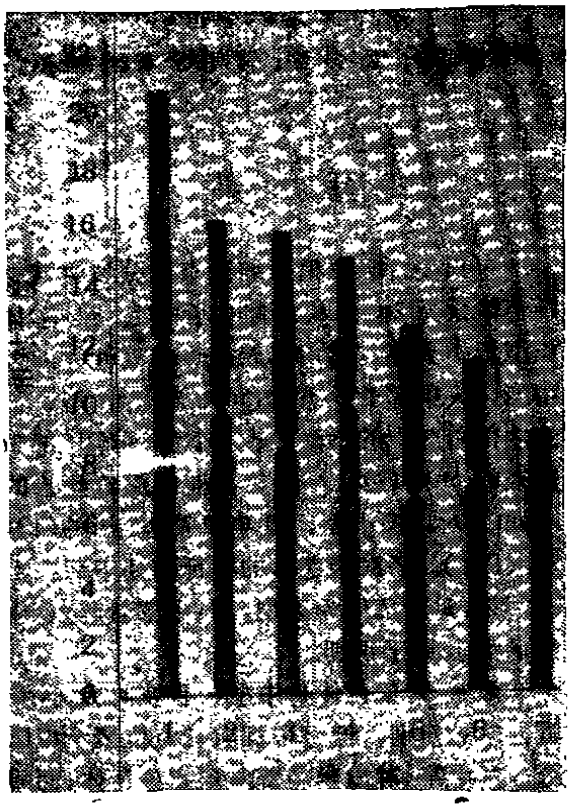


图2 布氏姜片吸虫染色体组型模式图

同。第5对具中部着丝点，第6对具亚中部着丝点，易于区别。

第7对最小，是端部着丝点染色体，易识别。

19个细胞染色体的测量统计数据见附表，并根据这些数据绘制了染色体组型模式图（图2）。

讨论与总结

布氏姜片吸虫二倍体细胞染色体数目2n=14与前人报道的结果一致。其染色体组型包括：大型、具中部着丝点的（m）1对，中型、具中部着丝点的（m）2对，中型、具亚中部着丝点的（sm）1对，小型、具中部着丝点的(m)1对，小型、具亚中部着丝点的(sm)1对，小型、具端部着丝点的(t)1对。

本文结果与高隆声等（1982）报道的布氏姜片吸虫染色体组型比较，虽然染色体数目、排列顺序，各染色体对的相对长度统计学上并无明显差异，但第3、4、6对染色体的臂指数和着丝点指数经t检验发现有非常显著的差异($p<0.01$)（见附表），而第4、6对染色体是具亚中部着丝点的。上述差异除彼此的实验条件不尽相同外，更可因染色体配对或测量误差造成。

参考文献

[1] 高隆声，等. 衡阳医学院学报1982；(2)：5

[2] 刘家英. 动物学研究1984；5(3，增刊)：71

维普资讯 http://www.cqvip.com

附表　布氏姜片吸虫染色体测量统计数据与高隆声等(1982)报导的数据比较

染色体对	相对长度		臂指数		着丝点指数	
	本文(n=19)	高隆声等(n=10)	本文(n=19)	高隆声等(n=10)	本文(n=19)	高隆声等(n=10)
1	20.56±1.29	20.94±1.46	1.45±0.15	1.38±0.18	40.96±2.61	42.32±3.24
2	16.16±0.95	16.39±0.69	1.58±0.22	1.60±0.34	39.05±3.32	38.54±4.44
3	15.79±1.23	15.53±0.84	1.18±0.13*	1.41±0.18	46.10±2.64*	41.66±3.16
4	14.81±1.00	14.21±0.98	2.08±0.43*	1.55±0.35	32.90±4.39*	40.10±4.65
5	12.53±1.16	12.36±0.87	1.17±0.15	1.28±0.20	46.25±3.13	44.14±3.73
6	11.33±0.92	11.46±0.86	1.91±0.39*	1.31±0.11	35.00±4.62*	43.15±2.04
7	8.86±0.78	9.07±0.75	∞	∞△	0	0

* 表示有非常显著差异的数据对

△ 高隆声等(1982)文中为"0"，现改正为"∞"。

[3] 李杰华，等，广东寄生虫学会年报1987：8-9:104

[4] Levan, A, et al. Hereditas 1964; 52:201

KARYOTYPE ANALYSIS OF FASCIOLOPSIS BUSKI

Dai Xiaobin, et al

(Department of Parasitology)

In this study, the karyotype of *Fasciolopsis buski* has been investigated by the air drying method. The results show that the diploid number of chromosomes is 2n =14. The means and standard deviations of the relative lengths, arm indices and centromeric indices of the chromosomes have been calculated. According to the nomenclature recommended by Levan et al (1964), the karyotype of *F. buski* obtained consists of one pair of large-sized metacentrics (m), 2 pairs of medium-sized metacentrics (m), one pair of medium-sized submetacentrics (sm), one pair of small-sized metacentrics (m), one pair of small-sized submetacentrics (sm) and one pair of small-sized telocentrics (t).

Idiogram of chromosomes has been constructed from measurements of 19 good metaphase spreads in mitoses.

The karyotype of *F. buski* of this paper is compared with that reported by Gao *et al* (1952). Statistically, there are very distinct differences ($p<0.01$) of the means of the arm indices and centromeric indices of the 3rd, 4th and 6th pairs of chromosomes between the two results. Basing on the arm indices and centromeric indices of these chromosomes calculated by us, the 4th and 6th pairs of chromosomes are submetacentrics while Gao et al (1952) considered that these 2 pairs of chromosomes are all metacentrics

KEY WORDS *Fasciolopsis Buski*; Karyotype; Mitosis; Arm index; Centromeric index