

松墨天牛和光肩星天牛染色体核型^{*}

刘 平^{1**} 嵇保中^{1***} 刘曙雯² 张 凯¹ 于秀坤¹ 林 晓¹

(1. 南京林业大学 南京 210037; 2. 南京市中山陵园管理局 南京 210014)

Karyotypes of *Monochamus alternatus* and *Anoplophora glabripennis*. LIU Ping^{1**}, JI Bao-Zhong^{1***}, LIU Shu-Wen², ZHANG Kai¹, YU Xiu-Kun¹, LIN Xiao¹ (1. *Nanjing Forestry University*, Nanjing 210037, China; 2. *Management Office of Sun Yat-sen's Mausoleum*, Nanjing 210014, China)

Abstract The karyotypes of *Monochamus alternatus* Hope and *Anoplophora glabripennis* Motschulsky were studied. According to the optimum conditions and the best material for each species of long-horn beetle, we made and examined the slide specimens of chromosomes. The best material for *M. alternatus* was testis or ovary of 7 d pupae. The chromosomal number was $2n = 20$. The sex-determining mechanism was Xy_p . The chromosome was composed of 5 pairs of large autosomes, 4 pairs of middle autosomes and 1 pair of sex-chromosomes. The sex-chromosomes were middle-sized and situated in the last among all chromosomes. The genome-style was $5L + 4M + Xy_p$. The best material for *A. glabripennis* was testis or ovary in the newly emerged adults, and its chromosomal number was $2n = 20$. The sex-determining mechanism was Xy_p . The chromosome was composed of 6 pairs of large autosomes, 3 pairs of middle autosomes and 1 pair of sex-chromosomes. The sex-chromosomes were middle-sized and situated in the last among all chromosomes. The genome-style was $6L + 3M + Xy_p$.

Key words *Monochamus alternatus*, *Anoplophora glabripennis*, chromosome, karyotype

摘 要 以松墨天牛 *Monochamus alternatus* Hope 和光肩星天牛 *Anoplophora glabripennis* Motschulsky 为研究对象,以各种天牛的最适条件和最佳材料进行染色体的制备和观察。试验结果如下:松墨天牛的最佳试验材料为 7 日龄蛹的精巢或卵巢,染色体数目 $2n = 20$,性别决定机制为 Xy_p ,有大型染色体 5 对,中型染色体 4 对,性染色体在其大小排列中位于最末位,为中型染色体,染色体组式为 $5L + 4M + Xy_p$;光肩星天牛的最佳试验材料为初羽化成虫的精巢或卵巢,染色体数目 $2n = 20$,性别决定机制为 Xy_p ,有大型染色体 6 对,中型染色体 3 对,性染色体在其大小排列中位于最末位,但也为中型染色体,染色体组式: $6L + 3M + Xy_p$ 。

关键词 松墨天牛,光肩星天牛,染色体,核型

松墨天牛 *Monochamus alternatus* Hope 和光肩星天牛 *Anoplophora glabripennis* Motschulsky 隶属于鞘翅目 Coleoptera、天牛科 Cerambycidae、沟胫天牛亚科 Lamiinae。松墨天牛是重要的针叶树害虫,主要危害马尾松、油松、黑松等,也是松材线虫病的主要传播媒介。1982 年在南京中山陵发现松材线虫病以来,蔓延迅速,相继在江苏、安徽、广东、山东、浙江等 12 个省份的 113 个县(区)发生,导致大量松树枯死^[1]。松材线虫病是我国松树的特大毁灭性病害,虽然开展了许多研究工作,但防治松墨

天牛仍然是目前控制松材线虫病扩散蔓延的主要措施。光肩星天牛主要危害杨树、柳树等阔叶树种,2003 年被列入我国首次发布的林业危险性有害生物名单,是以杨树为主的“三北”防护林体系一期工程的主要害虫,在国内广泛分布^[2]。天牛主要以幼虫隐蔽危害,研究和防治

^{*} 资助项目:国家林业局科技成果推广项目(2006-82)、江苏省林业局、南京市建委项目(2004-09)。

^{**}E-mail: liuping0101@yahoo.cn

^{***}通讯作者, E-mail: jbz9885@njfu.edu.cn

收稿日期:2009-07-25,修回日期:2009-09-11

颇为不易,加强基础研究,探索新的防治途径一直是森林资源保护面临的重要课题^[3-5]。

鞘翅目染色体研究源于 Smith^[6]的工作,20 世纪八九十年代研究进入高峰,几乎涉及鞘翅目的所有科目,包括象鼻虫、叩头虫、金龟子、叶甲、天牛等。Smetna^[7,8]对北美、奥地利的隐翅虫科昆虫核型进行了研究;Vidal^[9]研究了阿根廷的 90 种甲虫,指出其中 3 种天牛的染色体数 $2n = 20$ 、26 及 30,性别决定机制 Xy_p 。Rozek 等^[10]报道了 32 种甲虫的 C 带带型,包括 3 种天牛,其染色体数均为 $2n = 20$, $n \delta = 9 + Xy_p$ 。国内仅有少数几种甲虫的核型被报道:杨致远等^[11]报道米象 *Sitophilus oryzae* (L.) 和玉米象 *Sitophilus zeamais* Motschulsky 染色体数目均为 $2n = 22$,第 2 条非同源染色体具有显著差异,二者杂交后代染色体数目也是 $2n = 22$ 。邵红光等^[12]所述 6 种芫菁,其二倍体数 $2n = 18 \sim 21$,性别决定机制为 XY 或 XO 型。陈斌等^[13]观察了码绢金龟 *Maladera* sp. 50 个精巢分裂中期细胞,其中单倍体数 $n = 9$ 者占 85%,染色体呈短杆状。董原等^[14]对蓼蓝齿胫叶甲染色体核型进行了研究,单倍染色体组成为 $n = 13 + Xy_p$,性染色体呈“降落伞状二价体”结构,全部为中着丝粒染色体。天牛染色体的研究在国内尚未见报道。本文以林业生产中危害最为严重的 2 种天牛为对象,研究其染色体核型,为进一步研究奠定基础,同时为探索天牛虫灾的治理途径提供理论支持。

1 材料和方法

1.1 试虫采集及饲养

松墨天牛采自中山陵园管理局伐木场。选择带虫较多的马尾松木段,用油锯锯为小段后劈木获得供试幼虫,带回实验室置于铺满湿润滤纸保湿的培养皿内,在人工气候培养箱 (25°C , RH95%, 南京恒裕电子仪器, RP-300) 内短期保存备用;劈木获得的高龄幼虫在上述条件下持续培养,直至获得不同日龄蛹体;供试成虫则通过带虫原木笼内饲养获得:将带虫的马尾松伐倒木锯成 1 m 左右的木段置于养虫笼

($3\text{ m} \times 2\text{ m} \times 3\text{ m}$) 内,次年 4 月开始观察其羽化,采集成虫带回实验室 (25°C , RH75%) 用 2 年生马尾松枝条水培饲养,采集的枝条用湿布保湿,自来水清洗枝条表面后使用,每天换以新鲜枝条;产卵盛期,雌成虫在室内取食的松树枝条树皮下产卵,采用人工剖卵的方式获得卵粒,置于铺满潮湿滤纸的培养皿内,室温下自然发育,通过解剖获得不同日龄胚胎。

光肩星天牛成虫采自南京林业大学校园、情侣园、紫金山、玄武湖及秦淮河一带柳树上。采集的成虫在实验室内 (25°C , RH75%) 用 2 年生柳树 (*Salix babylonica* L.) 枝条水培饲养,枝条用湿布保湿,自来水清洗枝条表面后使用,每天换以新鲜枝条。幼虫采集方法有 2 种:(1) 通过采集柳树虫害枝干劈木获得,采集的幼虫置于人工气候培养箱 (25°C , RH95%) 内保存备用。(2) 采集带虫木段置于培养箱内培养或沙培培养(木段一端置于潮湿洗净沙土内,另一端用封口膜封住以保湿),试验时劈木取虫。

1.2 试验方法

设计了 3 组试验方案:(1) 秋水仙素用量选择:设计不同的剂量梯度,各梯度间处理时间相同。具体为:秋水仙素剂量:2、4、6、8 $\mu\text{L/g}$ (虫体)。(2) 秋水仙素处理时间选择:设计不同的时间梯度,采用相同剂量秋水仙素处理。具体为:秋水仙素处理时间:3、3.5、4、4.5、5、6 h。(3) 低渗溶液处理时间选择:设计不同的时间梯度,采用相同的低渗溶液处理。具体为:0.075% KCl 溶液(蒸馏水)处理时间:8、12、15、18、20 min。

操作步骤如下:

1.2.1 前处理 幼虫、蛹及成虫:将试虫活体注射 0.05% 的秋水仙素溶液 (2 ~ 8 $\mu\text{L}/\text{头}$,视虫体大小而定),处理 3 ~ 6 h。

胚胎:松墨天牛卵呈长纺锤形,前端具卵孔,后端略弯曲,较为扁平或稍凹的一面为背面,凸出面为腹面。据观察,天牛卵期约为 9 d。取相应日龄卵,在卵腹面中下方注射 0.05% 秋水仙素溶液 (0.2 ~ 0.4 $\mu\text{L}/\text{粒}$) 处理 5 ~ 20 min。

1.2.2 虫体解剖 幼虫、蛹及成虫:参照嵇保中等^[15]的方法,将待解剖的蛹或成虫活体剪除翅、足和触角后,固定于蜡盘内,用眼科剪沿虫体腹部两侧气门线,由腹末一直剪至上颚,再沿上颚基部、复眼后缘剪开,小心剥除头壳。解剖后的虫体成平面固定于蜡盘内,加生理盐水(NaCl 6.8 g/L、 CaCl_2 0.2 g/L、 KCl 0.2 g/L、 $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ 0.2 g/L、 NaHCO_3 0.15 g/L、Glucose 7.7 g/L、蒸馏水 1 000 mL)至完全浸没虫体,体视显微镜下摘除肌肉、消化道、气管等非目标器官,获取试验所需的组织和器官。幼虫解剖方法类似。

胚胎分离:卵经秋水仙素处理后,用解剖针和眼科镊子将卵壳轻轻剥离,留下卵黄和胚胎混合体。滴管吹打蒸馏水,荡洗胚胎和卵黄,使卵黄与胚胎分离,获取胚胎。

1.2.3 标本制备 空气干燥法制备染色体玻片标本,参照李国珍^[16],略有改动。

①低渗处理:将解剖出来的组织和器官置于 0.075% KCl 溶液(蒸馏水)中低渗处理 8 ~ 20 min。

②固定:低渗完毕,加入新配 Carnoy 固定液,固定 20 ~ 40 min,其间更换 2 ~ 3 次固定液。

③制备细胞悬液:弃固定液,加少许新鲜 Carnoy 固定液于匀浆器内,转动匀浆器柄使组织分离破碎成细胞悬液。倾出细胞悬液于离心管中,加少量新鲜 Carnoy 固定液清洗匀浆器 3 次,合并溶液并分装于 2 个离心管,冷冻离心(4 000 r/min, 4℃, 15 min),弃上清。重复 2 次。

1.2.4 制片 用一张封口膜封住直径约为 2 mm 的指形管,另一端固定于桌面上待用。将制备好的细胞悬液用吸管滴于指形管上的封口膜处,利用水的张力使细胞分散开。将洁净预冷(4℃)载玻片表面轻挨水滴表面,使水面表层的细胞均匀粘于载玻片上。超低温冰箱(-35℃, 12 min)冰冻,揭片,干燥。同时进行直接压片法制片。

1.2.5 染色 玻片标本充分干燥后,用 pH6.8 的磷酸盐缓冲液稀释的 Giemsa 染液(1:10/20)

染色 30 min,自来水冲洗。冲洗时为使染色过程中形成的氧化膜不影响实验效果,最好使水溢出染色缸带走染色过程中形成的氧化膜。空气干燥。

1.2.6 染色体计数 在 40× 镜下寻找背景干净,染色体分散良好且数目完整的分裂相细胞,在 1 000× 镜下通过电荷耦合器件(Charge Coupled Device, CCD)将数据传输给计算机,获取图像,进行染色体计数及核型分析。

1.3 染色体核型分析项目

按照上述方法制得染色体玻片标本,选 5 ~ 10 个形态清晰、分散适度、染色体数目完整的分裂相细胞,放大、冲印,分别剪下每一条染色体,根据国际标准化体制,短臂向上,同源染色体配对。随后对染色体进行排队、分组、编号。在取得核型数据的基础上进行染色体相对长度、染色体绝对长度、臂比指数、着丝粒指数等列出核型指数式。

1.3.1 染色体计数 选取 100 个染色体分散良好的细胞进行计数。

1.3.2 染色体实际长度 通常选用最小单位为 10 μm 的镜台测微尺将染色体同样倍数进行拍照和放大,根据测微尺放大照片来测量放大后的染色体照片,测微尺每小格 10 μm ,能够测得染色体的实际长度。测量计算公式:(单位: μm)

染色体实际长度 =

$$\frac{\text{照片中染色体实际测量值}}{\text{测微尺每小格测量值}} \times 10。$$

1.3.3 染色体相对长度 绝对长度随染色体的不同收缩程度而有变化,对同一种生物的染色体绝对长度,各人所测结果往往差异较大,故多用相对长度。具体公式为:

某一染色体相对长度 =

$$\frac{\text{该染色体实际长度}}{\text{染色体组总实际长度}} \times 100\%,$$

染色体相对长度 ≤ 5 , 为小型染色体(S);

染色体相对长度在 5 ~ 10 之间,为中型染色体(M);

染色体相对长度 ≥ 10 , 为大型染色体(L)。

1.3.4 染色体臂比值

臂比值 = $\frac{\text{长臂的长度}}{\text{短臂的长度}} \times 100\%$ 。

1.3.5 着丝点指数

着丝点指数 = $\frac{\text{每条染色体短臂的长度}}{\text{每条染色体的长度}} \times 100\%$ ，

着丝点指数在 50 ~ 37.5 之间 ,为中部着丝粒染色体；

着丝点指数在 37.5 ~ 25 之间 ,为亚中部着丝粒染色体；

着丝点指数在 25 ~ 12.5 之间 ,为亚端部着丝粒染色体；

着丝点指数在 12.5 ~ 0.0 之间 ,为端部着丝粒染色体。

2 结果

2.1 处理条件的优选

试验结果如表 1 所示：低渗时间为 8 min 时 ,秋水仙素溶液对试验材料的处理时间的变动基本没有引起细胞分裂相显著变化。当低渗处理时间延长至 12 min ,秋水仙素溶液处理达 4 h 以上 ,细胞的各分裂相才相继出现。秋水仙素溶液处理 4.5 h ,低渗处理 15 min 时 ,出现大量的分裂相细胞 ,且多数细胞处于中期 ,此时细胞内的染色体分散较好 ,各个染色体之间少有重叠和扭曲成团的现象 ,能清晰看到染色体的形态及数目 ,是计数观察的最佳时期。在秋水仙素溶液处理时间一定时 ,随着低渗处理时间的延长 ,细胞处于分裂期的现象仍有出现 ,但当低渗处理时间超过 20 min 时 ,仅少部分细胞处于分裂期。从制备染色体的玻片标本来看 ,有细胞破裂、染色体游离在外的现象。而试验发现 ,在秋水仙素处理时间相同时 ,不同剂量 ($\mu\text{L/g}$ 虫体) 的秋水仙素对处理效果几乎没有影响。整个试验中采用了直接压片和空气干燥 2 种方法。显微镜下对染色体玻片进行观察 ,直接压片法制备的染色体标本较厚 ,难以观察到清晰的细胞及其分裂相 ,整个视野模糊 ,杂质较多。而采用空气干燥法制备的染色体标本则

能清晰的观察到细胞及细胞分裂相 ,且视野干净少杂质污染。

表 1 不同处理对结果的影响

秋水仙素 处理时间 (h)	KCl 低 渗时间 (min)	处 理 结 果
3	8	无分裂相细胞
3.5	8	无分裂相细胞
4	8	极少分裂相细胞
4.5	8	极少分裂相细胞
5	8	少量分裂相细胞
6	8	少量分裂相细胞
3	12	极少分裂相细胞
3.5	12	极少分裂相细胞
4	12	少量分裂相细胞
4.5	12	少量分裂相细胞 ,前期
5	12	少量分裂相细胞 ,前期
6	12	少量分裂相细胞
3	15	较多分裂相细胞 ,前期
3.5	15	大量分裂相细胞 ,多前期 ,少中期
4	15	大量分裂相细胞 ,多中期 ,少前、期
4.5	15	大量分裂相细胞 ,且多为中期 ,少前、后期
5	15	较多分裂相细胞 ,大部分后期
6	15	少量分裂相细胞
3	18	较多分裂相细胞 ,多前期
3.5	18	大量分裂相细胞 ,前、中、后期均有
4	18	较多分裂相细胞 ,多后期
4.5	18	较多分裂相细胞 ,多后期
5	18	少量分裂相细胞
6	18	少量分裂相细胞
3	20	较多分裂相细胞 ,前、中、后期均有
3.5	20	少量分裂相细胞 ,前、后期
4	20	少量分裂相细胞
4.5	20	少量分裂相细胞
5	20	少量分裂相细胞
6	20	少量分裂相细胞

2.2 松墨天牛的核型

2.2.1 最佳材料的选取 在松墨天牛染色体的研究中 ,以不同虫态的组织 and 器官为试验材料 (表 2) ,在相同的处理条件下 ,以老龄幼虫神经节、成虫的神经节以及精巢 (卵巢) 为材料进行的染色体制片 ,只能观察到少量分裂相细胞或者少量中期分裂相细胞 ,且有染色体重叠等现象 ,难以观察计数 ,结果不理想。蛹期 ,以化蛹 5 ~ 15 d 蛹的精巢 (卵巢) 为试验材料 ,均能看到较多的分裂相细胞。尤其以 7 日龄蛹的精巢 (卵巢) 为材料制片时 ,在显微镜的整个视野

中能看到大量的处于前、中期的分裂相细胞,且染色体分散适度,少有重叠,是观察计数的最佳时期。化蛹 15 d 后,蛹从复眼开始颜色逐渐加深直至变黑羽化。以此时的蛹体为试验材料只能观察到少量的分裂相细胞,不适合甚至是难以观察计数。以松墨天牛卵内胚胎进行染色体制片观察发现,只有 3、4 日龄的胚胎有较多的分裂相细胞,且只有少数能观察到其中期并能进行染色体的观察和计数。其它日龄则很少或

极少有分裂相细胞。

2.2.2 染色体核型 选取 100 个具分裂相细胞进行观察统计。结果如下:染色体数为 20 的占细胞总数的 81%,染色体数为 18 的占 14%,其它数值所占比例极小。由此得出,松墨天牛的染色体数 $2n = 20$ 。松墨天牛减数分裂终变期性染色体 X 相对大于呈点状的性染色体 Y,并构成典型的“降落伞状二价体”结构 Xy_p 。双倍染色体组成为 $2n = 20(18A + Xy_p)$ (图 1)。

表 2 不同材料对结果的影响

虫态(日龄:d)		试验结果
老龄幼虫	神经节	少量分裂相细胞,分裂效果不佳,难以观察计数
	1	较少分裂相细胞,难以观察计数
	3	较少分裂相细胞,不适合观察计数
	5	较多分裂相细胞,不适合观察计数
	7	大量分裂相细胞,前、中期均较多,尤其中期,且染色体分散,少重叠,观察计数的好时期
	9	大量分裂相细胞,前、中、中后期均较多,染色体清晰少重叠,可进行观察计数
	11	较多分裂相细胞,前、中、后期均有,染色体多开始移向细胞两极,少量可进行观察计数
	13	较多分裂相细胞,前、中、后、末期均有,主后期,极少细胞见中期,不适合观察计数
	15	多为后期和末期,不适合观察计数
	17	较少分裂相细胞,难以观察计数
蛹	19	较少分裂相细胞,难以观察计数
	神经节	
	精巢(卵巢)	少量分裂中期细胞,分裂相不很明显,重叠现象较多,不太适合观察计数
	2	较多分裂相细胞,前、中、后期均有,有重叠,可进行观察计数
	3	较多分裂相细胞,前、中期均有,染色体分散较好,有重叠,适合观察计数
	4	较多分裂相细胞,前、中、后期均有,染色体多重叠,少量可进行观察计数
	5	较多分裂相细胞,前、中、后期均有,染色体多开始移向细胞两极,少量可进行观察计数
	6	较少分裂相细胞,极少细胞见中期,不适合观察计数
	7	较少分裂相细胞,不适合观察计数
	8	极少分裂相细胞,难以观察计数
胚胎	9	极少分裂相细胞,难以观察计数

松墨天牛染色体核型分析数据如表 3,分析得出:染色体组式: $5L + 4M + Xy_p$,大型染色体 5 对,相对长度 RL 值为 16.87 ~ 10.02;中型染色体 4 对,RL 值为 9.02 ~ 6.48;性染色体为中型染色体,RL 值为 5.42,按染色体长度排列位于最后位。染色体实际长度最长者为 5.59 μm ,最短者为 1.80 μm ,最长的染色体是最短者的 3.11 倍。根据着丝点指数,1 号染色体的着丝点指数为 34.66,在 37.5 ~ 25 之间,为亚中部着丝粒染色体;其余染色体的着丝粒指数为 37.53 ~ 45.14,在 50.0 ~ 37.5 之间,均

属于中部着丝粒染色体。

2.3 光肩星天牛的核型

2.3.1 最佳材料的选取 在光肩星天牛染色体的研究中,主要以幼虫、成虫的组织 and 器官为试验材料。在相同的处理条件下,以幼虫神经节、成虫神经节和成虫唾腺为试验材料进行的染色体制片,只能观察到极少的分裂相细胞,且分裂效果不佳,难以观察计数。而以初羽化成虫的精巢(卵巢)为材料进行的染色体制片,则能观察到较多的具有分裂相细胞,且多处于分裂中期,但染色体处于赤道板上有重叠现象,不

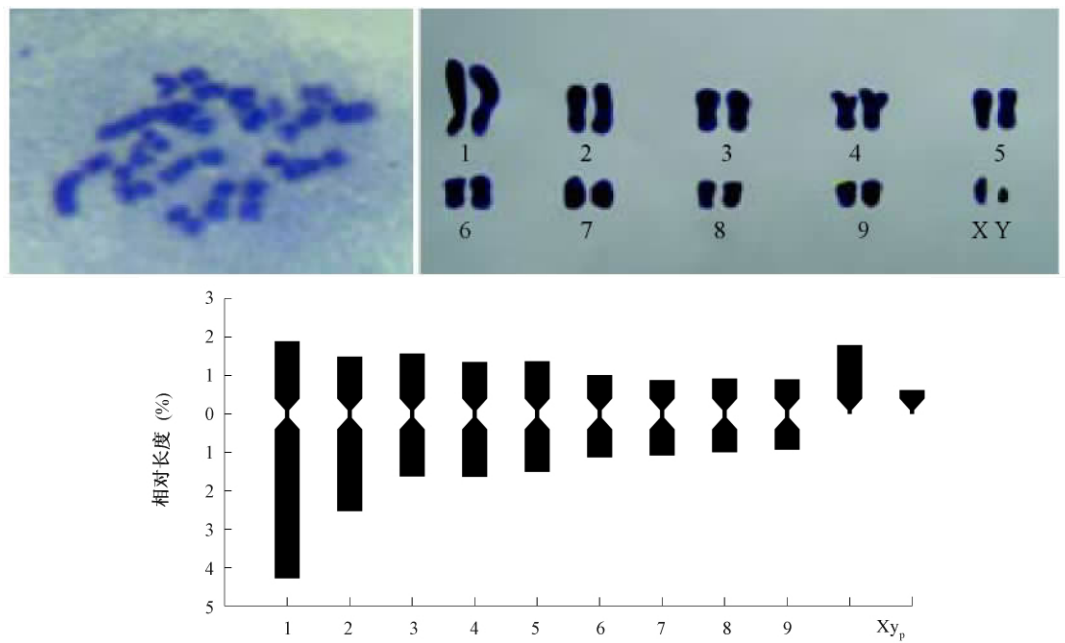


图 1 松墨天牛染色体中期的核型模式图

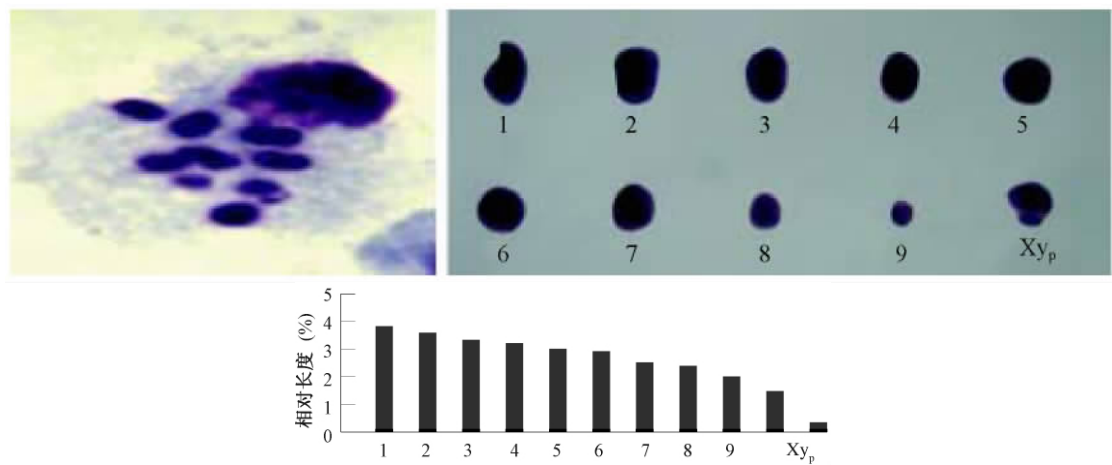


图 2 光肩星天牛染色体中期的核型模式图

表 3 松墨天牛核型指数

染色体编号	实际长度 (μm)	相对长度 (μm)	臂比值	着丝点指数	类型
1	5.59 ± 2.36	6.87	1.91 ± 0.07	34.66	sm
2	4.45 ± 1.01	13.45	1.56 ± 0.15	39.34	m
3	3.81 ± 0.55	11.51	1.29 ± 0.03	43.73	m
4	3.65 ± 0.57	11.02	1.72 ± 0.48	38.90	m
5	3.32 ± 0.65	10.02	1.25 ± 0.03	44.79	m
6	2.99 ± 0.88	9.02	1.27 ± 0.06	45.14	m
7	2.80 ± 0.65	8.44	1.38 ± 0.08	42.56	m
8	2.57 ± 0.29	7.76	1.25 ± 0.03	44.86	m
9	2.14 ± 0.24	6.48	1.39 ± 0.29	44.22	m
10	1.80 ± 0.20	5.42	1.99 ± 1.29	37.53	m

太适合观察计数,其结果也不是很理想(表4)。

表4 不同材料对结果的影响		
材料		试验结果
幼虫	神经节	极少分裂相细胞,难以观察计数
	神经节	极少分裂相细胞,分裂效果不佳,难以观察计数
初羽化成虫	精巢(卵巢)	较多分裂相细胞,多处于分裂中期,染色体重叠现象严重,不太适合观察计数
	唾腺	较少分裂相细胞,分裂效果不佳,难以观察计数

2.3.2 染色体核型 选取100个具分裂相细胞进行计数统计,染色体数为8~12条不等,主要分布频率为10条、11条。尽管染色体数为11条占整个统计细胞总数的22%,但71%的细胞染色体数目为10条,故可认定光肩星天牛的单倍体数为 $n=10$ 。光肩星天牛的第一次减数分裂中期共有10个染色体,性染色体X、Y构成典型的“降落伞”状结构 Xy_p 。单倍染色体组成为 $n=10(9A+Xy_p)$ (图2)。

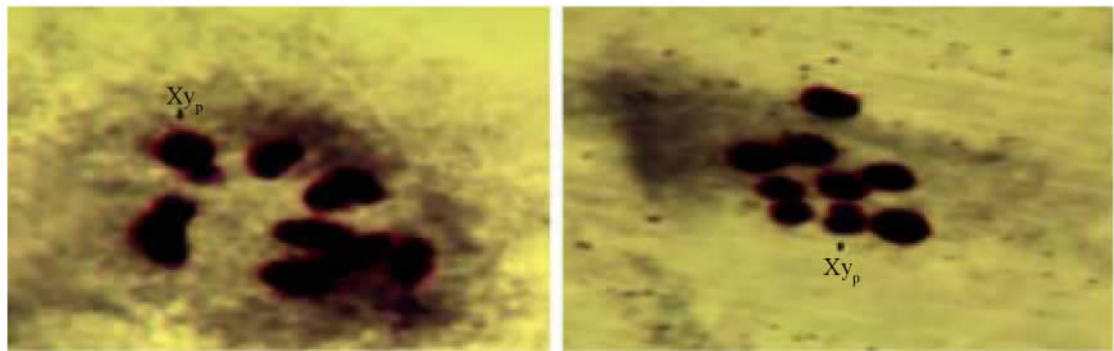


图3 松墨天牛性染色体

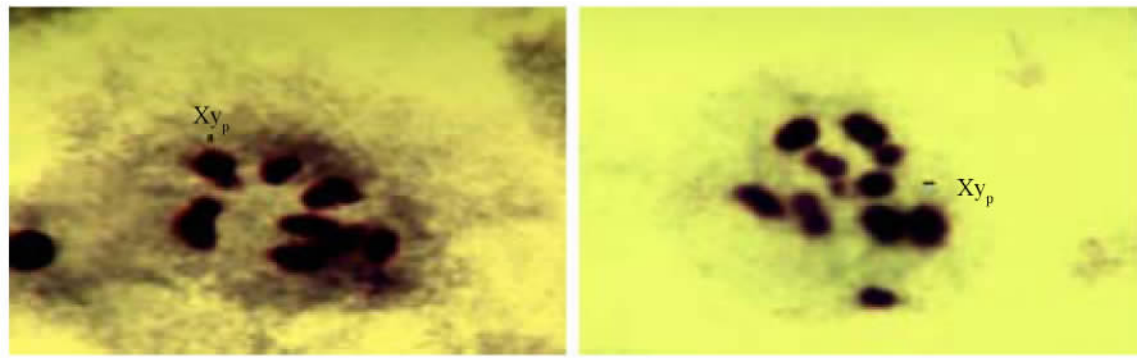


图4 光肩星天牛性染色体

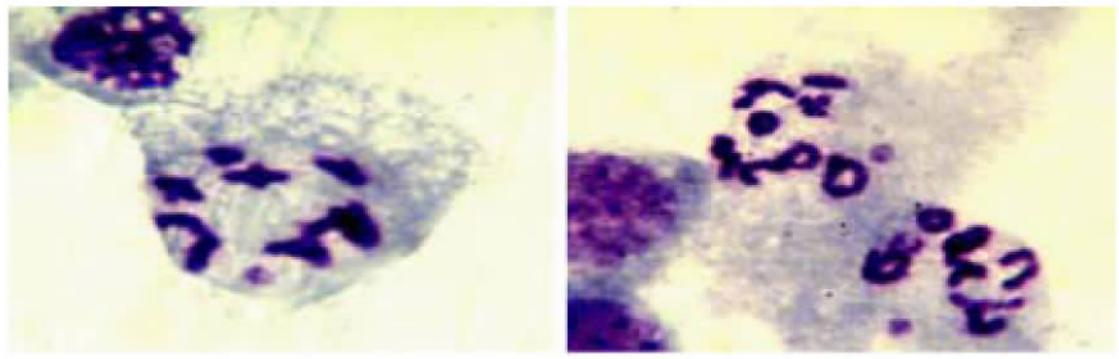


图5 松墨天牛染色体终变期

光肩星天牛染色体核型分析如表 5,分析得出:染色体组式:6L+3M+X_{Yp},大型染色体 6 对,相对长度 RL 值为 13.51~10.32;中型染色体 3 对,相对长度 RL 值 8.9~7.11;性染色体很小仅为点状,按染色体长度排列顺序位于最后一位。染色体实际长度最长者为 3.83 μm,最短者为 1.49 μm,最长的染色体是最短者的 2.57 倍。

表 5 光肩星天牛核型指数

染色体编号	实际长度(μm)	相对长度(μm)	类型
1	3.83 ± 0.01	13.51	L
2	3.60 ± 0.02	12.69	L
3	3.34 ± 0.02	11.79	L
4	3.22 ± 0.02	11.34	L
5	3.02 ± 0.06	10.63	L
6	2.93 ± 0.02	10.32	L
7	2.52 ± 0.01	8.90	M
8	2.40 ± 0.07	8.47	M
9	2.02 ± 0.04	7.11	M
10	1.49 ± 0.07	5.24	M

3 讨论

鞘翅目昆虫中,染色体数目 $2n=20$ 被称为“典型数目”^[17]。本文所述的松墨天牛和光肩星天牛,其二倍体数目为 20,与鞘翅目的“典型数目”一致。

Teppner^[18,19]报道,天牛科的染色体数多保持着鞘翅目昆虫的典型数目,但也存在一定的变化;不同亚科、不同属之间染色体数目存在较大差异, $2n$ 为 18~32 不等;同一属内染色体数目基本保持不变,显示了其属的恒定性。松墨天牛和光肩星天牛分别属于沟胫天牛亚科 Lamiinae 的墨天牛属 *Monochamus* 和星天牛属 *Anoplophora*。松墨天牛染色体中有大型染色体 5 对,中型染色体 4 对;从着丝点指数来看,1 号染色体属于近中部着丝粒染色体(sm),其余染色体均属于中部着丝粒染色体(m)。而光肩星天牛中有大型染色体 6 对,中型染色体 3 对;大部分染色体为短棒状,其上无缢痕,难以分清染色体长、短臂,未能计算其臂比值、着丝点指数。所以推测光肩星天牛的染色体为弥散型着丝粒

染色体。上述试验结果表明相同亚科、不同属之间即使染色体数目相同,其染色体组成、着丝粒位置和染色体形态也存在一定差异。Lanier 等^[20]对天牛的性染色体进行观察,发现在天牛的性染色体中存在多态现象。本文研究的松墨天牛和光肩星天牛细胞减数分裂终变期,性染色体 X、Y 均形成“降落伞状二价体”,性别决定机制为 X_{Yp},说明这 2 种天牛在核型组成方面的保守性特点(图 3、4)。在松墨天牛中还观察到由常染色体形成的环状、杆状、叉状等构造,这与 Rozek 等^[10]在苜蓿多节天牛 *Agapanthia villososviridescens* 中观察到的结果一致(图 5)。

本文通过染色体的相对长度、着丝点、臂比值等核型指数对 2 种天牛的常规核型进行研究,反映了 2 种天牛的核型特征,为进一步研究提供了一定的基础。由于染色体的大小相近、形态相似等因素,使常规染色体核型研究存在一定的局限性,在今后的研究中应结合显带技术、分子生物学技术等的应用,以获得更多的天牛染色体资料和遗传信息,探索该类昆虫资源利用和种群治理方面的途径和方法。

参 考 文 献

- 1 马士能,平新亮,王燕斌. 松材线虫病防治技术概述. 江西植保, 2008, 31(4): 179~182.
- 2 骆有庆,黄竞芳,李建光. 我国杨树天牛研究的主要成就、问题及展望. 昆虫知识, 2000, 37(2): 116~122.
- 3 高瑞桐,李国宏. 我国光肩星天牛研究回顾及发展趋势. 昆虫知识, 2001, 38(4): 252~258.
- 4 姚万军,杨忠岐. 利用管氏肿腿蜂防治光肩星天牛技术研究. 环境昆虫学报, 2008, 30(2): 127~134.
- 5 李孟楼,李有忠,雷琼,等. 释放花绒寄甲卵对光肩星天牛幼虫的防治效果. 林业科学, 2009, 45(4): 78~82.
- 6 Smith S. G. Chromosome numbers of Coleoptera. *Heredity*, 1953, 7: 31~48.
- 7 Smetna A. Vision of the tribe Quediini of America north of Mexico (Coleoptera: Staphylinidae). *Memoirs of the Entomological Society of Canada*, 1971, 79: 7~303.
- 8 Smetna A. Revision of the tribes Quediini and Atanyngathini. Part II. The Himalayan region (Coleoptera: Staphylinidae). *Quaest. Entomol.*, 1988, 24(2): 163~464.
- 9 Vidal O. R. Chromosome numbers of Coleoptera from Argentina. *Genetica*, 1984, 65: 235~239.

10

Rozek M. ,Lachowska D. ,Petitpierre E. ,*et al.* C-bands on chromosomes of 32 beetle species (Coleoptera: Elateridae , Cantharidae , Oedemeridae , Cerambycidae , Anthicidae , Chrysomelidae , Attelabidae and Curculionidae). *Hereditas* , 2004 ,**140**(3) :161 ~ 170.

11

杨致远 ,黄培 ,吴国雄. 米象、玉米象及其杂交后代染色体的观察研究. 昆虫学报 ,1989 ,**32**(4) : 406 ~ 409.

12

邵红光 ,黄人鑫. 新疆 6 种芫菁染色体核型的研究. 新疆大学学报(自然科学版) ,1994 , (3) : 81 ~ 86.

13

陈斌 ,杨本立 ,李正跃. 码绢金龟精巢染色体的制作观察技术. 云南农业科技 ,2005 , (3) : 15.

14

董原 ,商晗武 ,崔旭红 ,等. 蓼蓝齿胫叶甲生物学特性和染色体核型研究. 浙江农业科学 ,2008 , (4) : 424 ~ 428.

15

嵇保中 ,严熬金 ,钱俊俊 ,等. 桑天牛成虫内分泌器官形态及其与卵发育的关系. 南京林业大学学报 ,1998 ,**22**(1) : 79 ~ 82.

16

李国珍. 染色体及其研究方法. 北京: 科学出版社 , 1995. 108 ~ 145.

17

Yadav J. S. , Pujai R. K. Evolution of karyotypes and phylogenetic relationships in Scarabaeidae (Coleoptera). *Zool. Anz. Jena.* ,1979 ,**202**:105 ~ 118.

18

Teppner H. Chromosomenzahlen einiger mitteleuropäischer Cerambycidae (Coleoptera). *Chromosoma* (Berl.) , 1966 , **19**:113 ~ 125.

19

Teppner H. Chromosomenzahlen einiger mitteleuropäischer Cerambycidae (Coleoptera) II. *Chromosoma* (Berl.) , 1968 ,**25**:141 ~ 151.

20

Lanier G. N. , Raske A. G. Multiple sex chromosomes and configuration polymorphism in the *Monochamus Scutellatus-oregonensis* complex (Coleoptera: Cerambycidae). *Can. J. Genet. Cytol* ,1970 ,**12**: 947 ~ 951.

封面介绍

黄连木尺蛾

黄连木尺蛾 *Culcula panterinaria* (Bremer et Grey) ,鳞翅目 ,尺蛾科 ,又叫木橿尺蠖 ,幼虫危害黄连木、刺槐、核桃等。幼虫 6 龄 ,幼虫期约 40 d ,老熟幼虫体长 65 ~ 75 mm ,体色变化大 ,多与寄主植物的颜色相似 ,黄褐或黄绿色 ,散生灰白色斑点 ;头顶两侧呈角状突起 ,中央凹陷 ,前胸背板有 1 对角状突起。

(张润志 中国科学院动物研究所)