

七种雀形目鸟类染色体组型的比较研究*

王应祥 李树深** 李崇云 刘光佐 王蕊芳

(中国科学院昆明动物研究所)

鸟类的核型由于制作上的困难和核型中含有大量的微小染色体，在脊椎动物中是研究得最少的一个类群。迄今，已记载过核型的不到500种，尚不及世界鸟类总数的5%，其中大多数是观尝鸟类或家禽。在我国，除家鸡和家鸭外，均未见有报道。染色体的数目和形态一般具有种的特性。染色体核型的比较研究，对于了解物种的特性、探索物种的分类、遗传、进化和系统发育都有一定的意义。本文报道七种野生雀形目鸟类的染色体组型。

材料和方法

七种雀形目鸟类均采自云南省昆明西郊。

鹟科 (Motacillidae)

树 鸲 *Anthus h. hodgsoni* Richmond (3♂♂, 2♀♀)

粉红胸 鸲 *A. roseatus* Blyth (2♂♂)

鹟 科 (Muscicapidae)

褐 柳 莺 *Phylloscopus fuscatus* (Blyth) (1♂)

黄腹柳莺 *P. affinis* (Tickell) (2♀♀)

橙斑翅柳莺 *P. p. pulcher* Blyth (2♀)

雀 科 (Fringillidae)

黑头金翅 *Carduelis a. ambigua* (Oustalet) (5♂♂, 6♀♀)

小 鸲 *Emberiza pusilla* pallas (2♂♂)

染色体取自股骨骨髓。用常规空气干燥法制作染色体玻片标本(王应祥等, 1980)。具体步骤是：取材前3—4小时腹腔注射秋水仙素(剂量：2—3微克/每克体重)。骨髓取出后经低渗(0.4kCl)30—40分钟、甲醉—冰醋酸液固定(3:1, 反复两次,

* 本文承郑作新教授审阅，邹昭芬同志参加部分实验工作，特此致谢。

** 现在工作单位：云南大学生物系

本文1981年7月22日收到，1982年1月24日收到修改稿。

每次20分钟)、滴片、10% Giemsa 液染色30分钟。

染色体片制成功后，在油镜下计数100个细胞，并选取30—50个良好的中期分裂相拍照，放大和剪贴，以核对油镜下的计数效果，得出每种鸟类的二倍体数目($2n$)。然后再选取10套分裂相进行染色体测量。计算出相对长度和臂比指数。相对长度以单套染色体总长度(常染色体+Z染色体)中每个染色体长度所占的百分值表示。按相对长度的大小顺序分组排队。着丝点位置的确定按Levan *et al.* (1964) 的标准划分。

结 果

七种雀形目鸟类的染色体数目、染色体测量和分组结果列入表1和表2。染色体组型如图1—7所示。在这七种鸟类的核型中，都有7对形态较为清晰的大型染色体(macrochromosomes)，27—33对微小染色体(microchromosomes)，微小染色体多呈点状。二倍体数目($2n$)为74—80，染色体臂数(AN)为84—94(包括一对Z染色体)。 $2n$ 数和AN数因种而异。按染色体的大小，这七种鸟类核型中的染色体均可分为三组：

A组(NOs 1—3)为最大的3对大型染色体，相对长度大于7%。

B组(NOs 4—7)为4对较小的大型染色体(包括Z染色体)，相对长度介于4—7%之间。

C组(NOs 8—最小一对染色体)：全是微小染色体，相对长度小于4%。

性染色体为ZW型(即雄性同型、雌性异型)。

随种的不同，各个种核型中的染色体形态和数目都有差异，现分述如下：

鶲属(Anthus)的两个种(图1，2，表1，2)，其树鶲的 $2n = \pm 74$ ， $2n$ 等于74的细胞占观察细胞总数的73%，粉红胸鶲的 $2n = \pm 80$ ， $2n$ 等于80的细胞占60%。两者的臂数AN都是 ± 92 。A组中的3对染色体都是sm染色体。B组都有一对st染色体(NO.7)和3对m或sm染色体，Z染色体是NO.4。在B组中，两者不同在于树鶲的NO.5是m染色体(臂比 1.6 ± 0.3)而粉红胸鶲是sm染色体(臂比 2.0 ± 0.1)。在C组中，树鶲的NOs 8—10是sm染色体而粉红胸鶲是t染色体。

在柳莺属(Phylloscopus)中(图3—5，表1—2)，褐柳莺和黄腹柳莺的核型比较相似，两者的 $2n$ 都是76，AN分别为 ± 86 和 ± 84 。在A组中，NO.1是m染色体，NO.2和NO.3是st染色体。B组除性染色体(NO.5)是m染色体外，其余3对都是sm或st染色体。C组的NO8—10是st染色体，其余是点状的微小染色体。黄腹柳莺的W染色体其大小介于NO.8与NO.9染色体之间。两者的区别仅在于褐柳莺的NO.4是st染色体而黄腹柳莺是sm染色体。橙斑翅柳莺则是另外一种类型的核型，其 $2n = \pm 78$ ，AN = ± 90 。核型中至少有6对m或sm染色体。W染色体为st染色体而不是m染色体，其大小介于NO.7和NO.8染色体之间而与上述两种柳莺不同。三种柳莺的性染色体为NO.5染色体与其他四种雀形目鸟类(为NO.4染色体)均不同。

黑头金翅(Carduelis *a. ambigua*)和小鹀(Emberiza pusilla)的核型(图6—7，表1.2)比较相似，其 $2n$ 大约是80，AN是 ± 92 或 ± 94 。A组和B组除NO.7染色体为st染色体外其余多是m或sm染色体。C组都是t染色体或点状染色体。两者的不同在于黑头

表1 七种雀形目鸟类染色体的相对长度(上)和臂比指数(下)*

种名	A组			B组			C组			W		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	……	极小一对
树鹨 <i>Zosterops h. Hodgsoni</i>	10.1±1.1	7.6±0.7	7.3±0.9	6.7±0.5	6.4±0.7	5.1±0.4	4.6±0.2	3.3±0.1	3.0±0.3	2.7±0.2	……	0.3±0.1
棕红脚鹨 <i>Anthus roseatus</i>	9.8±0.3	7.8±0.3	7.2±0.3	7.0±0.3	6.1±0.2	5.0±0.1	4.7±0.1	2.6±0.2	2.3±0.1	2.3±0.2	……	0.4±0.
松柳鹀 <i>Phylloscopus fuscatus</i>	1.9±0.1	2.6±0.2	2.4±0.2	1.3±0.1	2.0±0.1	2.2±0.2	3.6±0.3	>7.0	>7.0	>7.0	……	>7.0
黄腹柳鹀 <i>Phylloscopus affinis</i>	10.2±0.4	8.3±0.4	7.2±0.3	6.2±0.3	5.5±0.3	5.1±0.3	4.5±0.2	3.6±0.3	3.2±0.2	2.7±0.1	……	0.5±0.1
捲斑柳鹀 <i>Phylloscopus p. pulcher</i>	1.4±0.1	3.1±0.2	3.2±0.2	2.6±0.2	1.3±0.1	2.4±0.2	3.4±0.4	4.8±0.5	5.0±0.6	3.8±0.8	……	>7.0
黑头金翅 <i>Carduelis d. ambigua</i>	9.6±0.5	7.8±0.3	7.2±0.2	6.2±0.2	5.4±0.2	4.7±0.3	4.5±0.2	3.9±0.1	3.5±0.2	3.0±0.2	……	0.6±0.1
小鹀 <i>Emberiza pusilla</i>	1.7±0.1	2.1±0.1	2.7±0.1	2.4±0.3	1.5±0.1	2.2±0.3	2.3±0.3	2.6±0.3	3.2±0.3	3.2±0.3	……	>7.0

* 三种柳鹀的Z染色体的序号是NO.5染色体, 而另外四种鸟类都是NO.4染色体

表2 七种雀形目鸟类核型的比较*

种名	二倍体		臂数		常染色体		性染色体		形态		
	数(1)	%	(AN)		A组		C组				
			m	sm	m	st	m	sm			
树莺 <i>Anthus h. hodgsoni</i>	±74	73.0	±92	-	6	-	2	2	6	±54 NO.4 m NO.7-8 sm	
粉红胸莺 <i>Anthus roseatus</i>	±80	60.0	±92	-	6	-	4	2	-	±66 NO.4 m ? ?	
褐柳莺 <i>Phylloscopus fuscatus</i>	±76	60.0	±84	2	-	4	-	2	4	-	±64 NO.5 m NO.8-9 m
黄腹柳莺 <i>Phylloscopus affinis</i>	±76	49.8	±86	2	-	4	-	4	2	-	±64 NO.5 m NO.8-9 m
棕腹柳莺 <i>Phylloscopus p. pulcher</i>	±78	50.0	±90	-	4	2	-	6	-	2	±64 NO.5 m NO.7-8 st
黑头金翅 <i>Carduelis a. ambigua</i>	±80	60.0	±92	2	2	2	4	2	-	-	±66 NO.4 m NO.7-8 st
小鹀 <i>Emberiza pusilla</i>	±80	76.2	±94	2	4	-	2	4	-	-	±66 NO.4 m 2 ?

* m = 中着丝点染色体(metacentric); sm = 亚中着丝点染色体(submetacentric); st = 亚端着丝点染色体(telocentric)。在统计中(包括Z染色体)m和sm染色体以双臂染色体计(臂数为2), st和t染色体以单臂染色体计(臂数为1)。

金翅的NO.2是m染色体，NO.1和NO.5是sm染色体，NO.3是st染色体而小鹏的NO.2，NO.3是sm染色体，NO.1和NO.5是m染色体。

讨 论

雀形目是鸟类演化程度最高，属种分化最多的一个类群。然而，记载过的核型为数不多，仅40余种(Ohno *et al.*, 1964; Hammar *et al.*, 1966, 1970, 1975; Castroyicio *et al.*, 1969; Itoh *et al.*, 1969; Ray-Chaudhuri *et al.*, 1969, 1973; Piccini and Stella, 1970; Hirschi *et al.*, 1972; Takagi, 1972) 据此，尚不能对雀形目某些类群作核型系统分析。分析已有资料和我们的工作，仍可获得某些近缘种有价值的比较。

鶲属 (*Anthus*) 鸟类主要分布在古北区。这个属仅报道过一个种—林鶲 (*Anthus trivialis*) 的核型 (Bulatovic, 1971; Hammar and Herlin, 1975)。把林鶲的核型与本文描述的两种鶲相比较(表3)，可以看出：林鶲核型中的NO.2, 3, 5染色体都与树鶲和粉红胸鶲不同。在鸟类的核型分析中，由于C组染色体太小而且形态较难辨认，一般都舍弃而仅分析最大的前面7对或10对染色体的变化。其中，A组的3对染色体相对稳定和保守(特别是NO.1染色体)。B组染色体常因种的不同而变化较大。C组的第8—10多半是st/t染色体(Takagi and Sasaki, 1974)。三种鶲中，林鶲的A组具有两对t染色体而与另外两种鶲有相当大的差异，是一种比较特殊的核型而且在前10对染色体中，st/t染色体数目多达5对。树鶲和粉红胸鶲的A组全是sm染色体，是另一类核型结构，前10对染色体中，粉红胸鶲的st/t染色体为4对，树鶲仅有一对。一般认为：核型中具有较多st/t染色体的种可能是相对原始的种。那么，三种鶲中，林鶲最为原始，次为粉红胸鶲，树鶲比较特化。从比较保守的A组分析，似乎粉红胸鶲与树鶲的亲缘关系更密切，林鶲相对较远。在形态分类学上，从脚爪形态分析，林鶲比较原始而粉红胸鶲相对特化与核型的分析结果相吻合，但树鶲的脚爪与林鶲相似而与粉红胸鶲不同，又与核型的分析结果相矛盾。

表3 鶲属三个种的核型比较

种 名	A 组			B 组				C 组				2n	AN
	1	2	3	Z (W)	5	6	7	8	9	10	...		
林鶲 <i>A. trivialis</i>	sm	t	t	m	m	st	sm	st	sm	sm	t	...	± 80 ± 92
粉红胸鶲 <i>A. roseatus</i>	sm	sm	sm	m	sm	sm	sm	st	t	t	t	...	± 80 ± 94
树鶲 <i>A. h. hodgsoni</i>	sm	sm	sm	m	—	m	sm	sm	sm	sm	t	...	± 74 ± 94

鹟科的莺亚科鸟类核型，至今未见报道。在本文描述的三种柳莺中，褐柳莺和黄腹柳莺的前10对染色体一般都有6对(黄腹柳莺)或7对(褐柳莺)t/st染色体，m/sm染色体仅有3—4对。但在橙斑翅柳莺中，m/sm染色体多达6对。现有资料表明：在鹟

科的鶲亚科和画眉亚科中，相对原始的种可能具有较多的 t/st 染色体，相对特化的种，m/sm 染色体较多 (Ray-Chauduri, 1973)。如果莺亚科中的核型演化也像鶲亚科和画眉亚科那样的话。那么橙斑翅柳莺是一个相对特化的物种，黄腹柳莺和褐柳莺则较为原始且亲缘关系似乎更密切。后两种相比较，褐柳莺似更原始一些。

Takagi (1972) 曾记载过金翅属 (*Carduelis*) 中黄雀 *C. spinus* 的核型。本文描写的黑头金翅 *C. a. ambigua* 与之相比较有较大区别。在黄雀核型中，仅有 NO.1 是 sm 染色体，NO.4 (即 Z 染色体) 是 m 染色体，其余均是 t 染色体。但在黑头金翅的核型中，NO.1 至 NO.6 均是 m/sm 染色体，NO.7 是 st 染色体，其余的是 t 染色体。

小鹀 *Emberiza pusilla* 的二倍体数目 (2n) 大约是 80。与非洲的金胸鹀 *Emberiza flaviventris* (Hirschi et al., 1972) 和北欧黄鹀 *Emberiza citrinella* (Hammar and Herlin, 1975) 相同。但核型也有差异。在小鹀核型中，有 6 对染色体 (NOs 1—6) 是 m/sm 染色体，一对 st 染色体 (NO.7)，其余才是 t 染色体，但在金胸鹀和黄鹀的核型中，仅有 3 对 (NO. 1, 4, 5) 是 m/sm 染色体。两对 st 染色体 (NO. 2, 7) 其余是 t 染色体。后两种的不同仅在于 W 染色体有别，金胸鹀是 sm 染色体，黄鹀是 m 染色体 (Hammar and Herlin, 1975)。这也说明：小鹀的核型是比较特殊的。金胸鹀和黄鹀的亲缘关系可能较近而小鹀相对较远。

从上述的分析中，我们发现一个非常有趣的现象：即在 7 种鸟类中，树鹨、粉红胸鹨、橙斑翅柳莺、黑头金翅和小鹀都比各自的近缘种具有较多的 m/sm 染色体。在鶲科的鶲亚科和画眉亚科中，具有这种核型的种在形态学上是相对特化的种 (Ray-Chaudhuri, 1973)。在其他科属中虽未见有这方面的报道。但从分布上我们发现这些物种除小鹀外，几乎都是青藏高原、横断山区和喜马拉雅山区的特有种或主要分布于这一地区的物种。而它们具有较多 t/st 染色体的近缘种主要分布在古北区且有广大的分布区。古地理的研究表明：喜马拉雅山和青藏高原隆起的时间较短，是世界上最年轻的山系之一。第四纪以来，由于喜马拉雅山剧烈地抬升，使这一地区的气候、地形和植被都发生了剧烈的变化。使原有的一些物种或绝灭、或向高原边缘退缩、或留于该地但已形成适应于高原气候的相对特化的物种。若有外来种侵入而生存下来，也发生变异而特化 (张荣祖, 1979)。横断山脉地区虽是多种动物的起源地或“避难所”，保留有不少古老的动物类群。但也有资料证明，同样有不少种类 (如白鹇) 发生了特化 (郑作新, 1976)。所以我们认为，这五种雀形目鸟类可能是一些相对特化的物种。它们在青藏高原、横断山区和喜马拉雅山区似乎是平行进化的，其核型的特化方向是由 t 或 st 染色体向 sm 或 m 染色体演化。演化的结果趋向于使染色体臂数 (AN) 增多或短臂相对地变长，sm 和 m 染色体的数目增加。当然，这一结论尚待青藏高原和横断山区的更多物种资料来进一步核实。从我们的研究中可以看出，物种核型的比较研究，不但可以丰富物种的信息存取系统，揭示物种的特征，而且对某一地区动物区系的特征、形成和演化也可能有意义。

另外，我们的材料还表明：在雀形目鸟类中，同属近缘种之间的核型差异是比较明显的。甚至在同种的不同地理亚种之间 (例如麻雀 *Passer montanus*) 我们也发现过有一定差异。染色体重组引起的核型进化在雀形目鸟类中显然起着作用，至少在我们分析过的这几种鸟类中是这样。

参 考 文 献

- 王应祥、李树深、李崇云、王蕊芳、刘光佐 1980 我国三种松鼠的染色体组型与演化。动物学研究 I(4): 501—519。
- 张荣祖 1979 中国自然地理(动物地理)。科学出版社。
- 郑作新 1976 中国鸟类分布目录(第二版)。科学出版社。
- Castroviejo, J. et al. 1969 Karyotypes of four species of birds of the family Ploceidae and Paridae. *J. Hered.* 60: 134—136.
- Hammar, B. 1966 The karyotypes of nine birds. *Hereditas*, 55: 367—385.
- Hammar, B. 1970 The karyotypes of thirty one birds. *Hereditas*, 65: 29—58.
- Hammar, B. and Herlin, M. 1975 Karyotypes of four species of the order passeriformes *Hereditas*, 80: 177—184.
- Hirschi, M. et al. 1972 Karyotypes von zwei vogelarten, *Eoudice cantans* (Estrildidae) und *Emberiza flaviventris* (Pyrrhuloxiidae). *Cytologia*, 37: 525—529.
- Itoh, M. et al. 1969 A comparative karyotype study in fourteen species of birds. *Japan Jour. Genet.* 44: 163—170.
- Jovanovic, V. and L. Atkins 1969 Karyotypes of four passerine birds belonging to the families Turdidae, Minidae and Corvidae. *Chromoroma* (Berl.) 26: 388—394.
- Levan, A. et al. 1964 Nomenclature for centromeric positions on chromosomes. *Hereditas*, 52: 201—220.
- Ohno, S. et al 1964 Chromosomal uniformity in the avian subclass carinatae. *Chromosoma* (Berl.), 15: 280—228.
- Piccini, E. and M. Stella 1970 Some avian karyograms. *Caryologia*, 23: 189—202.
- Ray-Chaudhuri, R. et al 1969 A comparative study of the chromosomes of birds. *Chromosoma* (Berl.), 26: 148—168.
- Ray-Chaudhuri, R. 1973 Cytotaxonomy and chromosome evolution in birds. In "Cytotaxonomy and vertebrate evolution" (Ed. by A. B. Chiarelli and E. Capanna). Academic press, London and New York.
- Takagi, N. 1972 A comparative study of the chromosome replication in 6 species of birds. *Japan Jour. Genet.*, 47: 115—123.

A COMPARATIVE STUDY OF THE KARYOTYPES FROM SEVEN SPECIES OF PASSERINE BIRDS

Wang Yingxiang Li Shushen Li Chongyun Liu Guangzuo Wang Ruifang

(Kunming Institute of Zoology, Academia Sinica)

This paper present the comparative studies of the karyotypes of 7 species of passerine birds. The karyotypes were made from metaphase of bone marrow by the colchicine-hypotonic-air drying technique. The results were given as follows.

Motacillidae

<i>Anthus h. hodgsoni</i> Richmond	$2n = \pm 74$, AN = ± 92
<i>Anthus roseatus</i> Blyth	$2n = \pm 80$, AN = ± 92

Muscicapidae (Sylvinae)

<i>Phylloscopus fuscatus</i> (Blyth)	$2n = \pm 76$, AN = ± 86
<i>Phylloscopus affinis</i> (Tickell)	$2n = \pm 76$, AN = ± 84
<i>Phylloscopus p. pulcher</i> Blyth	$2n = \pm 78$, AN = ± 90

Fringillidae

<i>Carduelis a. ambigua</i> (Oustalet)	$2n = \pm 80$, AN = ± 92
<i>Emberiza pusilla</i> Pallas	$2n = \pm 80$, AN = ± 94

By a comparative study, we had found that the five species of them (*A. h. hodgsoni*, *A. roseatus*, *P. p. pulcher*, *C. a. ambigua* and *E. pusilla*) had more metacentric or submetacentric chromosomes than their allies. These birds were distributed only or mainly over the Qinghai-Xizang Plateau, the region of the Tanshymalaya and the Himalaya. It was probable that these birds were relatively more specialized. The phenomenon of parallel evolution of the chromosomes was been found in the karyotypes of five passerine birds distributing these region, which was been evolved from telocentric chromosomes to metacentric ones. The result of the evolutions showed that the numbers of me-or submetacentric chromosomes were been increased.

