

植物核型分析软件功能简介*

薛春迎 刘建全

(中国科学院西北高原生物研究所, 西宁, 810001)

王庆忠**

(中国科学院青海盐湖研究所, 西宁, 810008)

摘 要

对植物核型分析软件的设计、结构、功能和用途进行了简要的介绍。该软件为 WINDOWS 95 下的应用程序。将测量得到的植物染色体绝对长度数值输入软件数据区后, 就可以获得染色体相对长度和臂比等参数, 通过自动配对, 最终给出植物核型分析结果。与常规方法相比, 具有效率高、错误少和较客观等优点。

关键词: 植物核型分析; 软件

植物核型特征是植物系统学的重要组成部分, 是用于阐明各个分类等级的分类群间亲缘关系和演化路线的有效手段。传统的核型分析都是将所获得的显微摄影照片, 进行人工的测量、计算和配对, 此项工作不仅繁琐、费时, 计算量大, 而且难免产生人为的主观误差。鉴于此, 我们尝试编写了植物核型分析软件, 该软件使染色体参数的获得和染色体配对自动完成, 与原来的手工计算和配对等相比, 具有效率高、错误少和较客观等优点。

软件的结构设计和功能

1. 软件运行的软、硬件环境

此软件须在 WINDOWS 95 中文平台下运行。硬件要求为 486DX66 以上的计算机、4M 以上内存, 最好为 Pentium 133 以上计算机, 8M 以上内存。整个软件为 1 张 1.44M 的安装软盘, 需安装至硬盘使用, 硬盘应有足够的空间安装 WINDOWS95(98) 以及本软件, 此外应有一定的空间储存数据。

* 中国科学院院长择优基金。

** 通讯联系人。

2. 软件的设计原理、主要功能及操作

此软件是用基于窗口和面向对象的一个 32 位的 windows 应用程序。整个软件采用模块化的设计结构;软件主要包括输入数据及分析结果的保存、输入数据合理性检验、数据处理、计算分析结果的打印等功能(图 1)。

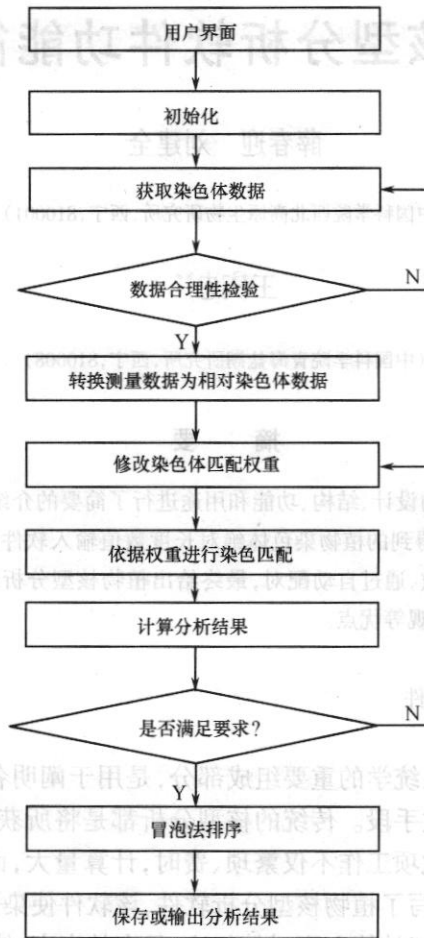


图 1 植物核型分析设计结构示意图

Fig. 1 The flowchart of the software for plant karyotypic analysis

此软件有菜单、工具栏、状态栏等,鼠标操作。软件在正确安装后,单击 WINDOWS 95 的“开始”按钮,从“程序”栏内选择“植物核型分析”,再选择本程序项启动该软件。操作方法简单介绍如下:

- (1)在窗口的左侧区域内,按照要求格式输入测量所得的每个细胞的染色体长臂和短臂值。
- (2)输入的数据可以用以 cel 为后缀的文件保存起来,以便下次修改或再计算。
- (3)输入完成之后,单击工具栏中的“开始分析计算”按钮,分析结果将显示在右侧的文本框区域内。

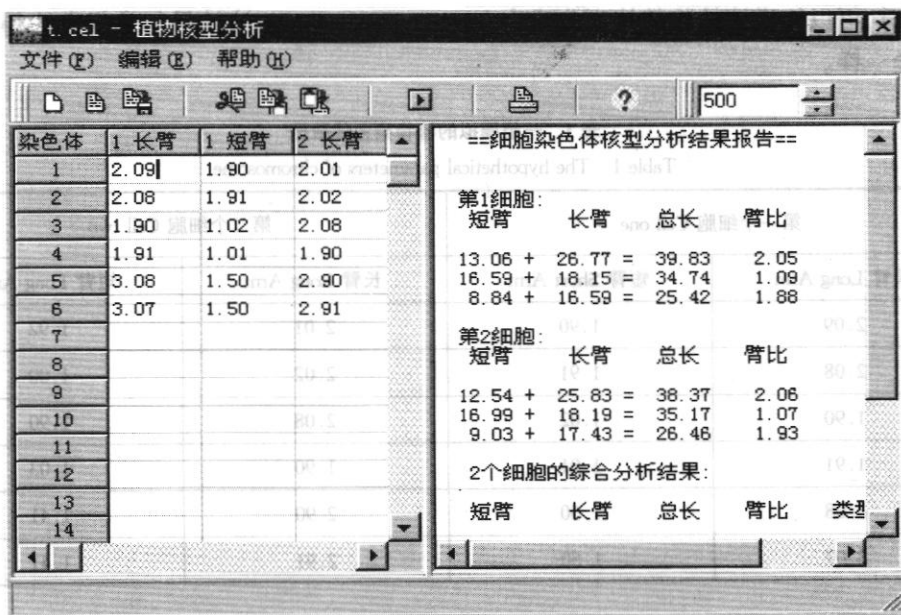


图 2 Fig. 2

- (4) 在右侧的文本框中可以进行一些简单的文字编辑、剪切、复制和粘贴等,可以通过复制和粘贴,直接将需要的部分转到 Word7.0 等字处理软件,或选择“文件”菜单中的“以文件保存结果(R)”,将分析计算结果以 *. RTF 和 *. TXT 的文件形式保存起来,此外还可以将结果直接由打印机输出。
- (5) 通过拖动窗体中间的分隔棒,可以改变左右区域的大小,以方便输入和观察、修改结果等。
- (6) 工具栏最右侧的文本框中是一个染色体配对时的染色体长度与染色体臂比间的权重值,数值范围为 1 到 800。当权重值选择 1 时,在染色体配对时,只考虑了染色体长度;选择 10 时,染色体长度和染色体臂比在染色体配对时的作用为 1:1,即约 1 个单位的染色体长度与 1 个单位的染色体臂比值在染色体配对时的作用是一样的;选择 100 时,染色体长度和染色体臂比在染色体配对时的关系为 10:1,即约 10 个单位的染色体长度值与 1 个单位的染色体臂比值在染色体配对时的作用是一样的;依此类推,缺省值为 500,即约 50 个单位的染色体长度值与 1 个单位的染色体臂比值在染色体配对时作用是一样的。

软件使用实例

1. 首先采用一组模拟数据。将染色体数为 $2n=6$ 的植物两个细胞的染色体模拟数据(表 1)输入到程序中,输入完成之后,单击工具栏中的“开始分析计算”按钮,染色体各参数,包括(染色体短臂、长臂和全长)相对长度、臂比、IRF、臂内不对称性 A_1 , 臂间不对称性 A_2 , 核型不对称系数 $As.K\%$ 等参数以及染色体类型便显示在右侧的文本框区域内(表

2),同时,可以知道该植物的核型公式为 $2n=6=2m+4sm$ 。该结果与常规方法得到的结果完全一样。

表 1 一组模拟的植物染色体数据

Table 1 The hypothetical parameters of chromosome

第一个细胞 Cell one		第二个细胞 Cell two	
长臂 Long Arm	短臂 Short Arm	长臂 Long Arm	短臂 Long Arm
2.09	1.90	2.01	1.92
2.08	1.91	2.02	1.00
1.90	1.02	2.08	1.90
1.91	1.01	1.90	1.03
3.08	1.50	2.90	1.41
3.07	1.50	2.91	1.41

表 2 一组模拟植物染色体数据的分析结果

Table 2 The Karyotype analysis of the hypothetical chromosome

第 1 细胞 Cell one:				第 2 细胞 Cell two:			
短臂	长臂	总长	臂比	短臂	长臂	总长	臂比
Short Arm	Long Arm	Total	Ration arm(L/S)	Short Arm	Long Arm	Total	Ration arm(L/S)
13.06	+ 26.77	= 39.83	2.05	12.54	+ 25.83	= 38.37	2.06
16.59	+ 18.15	= 34.74	1.09	16.99	+ 18.19	= 35.17	1.07
8.84	+ 16.59	= 25.42	1.88	9.03	+ 17.43	= 26.46	1.93
2 个细胞的综合分析结果 Syntheses result:							
短臂	长臂	总长	臂比	类型	IRL		
Short Arm	Long Arm	Total	Ration Arm	Type	IRL		
12.80	+ 26.30	= 39.10	2.06	sm	1.173		
16.79	+ 18.17	= 34.96	1.08	m	1.049		
8.93	+ 17.01	= 25.94	1.90	sm	0.778		
A ₁ , A ₂ , As. K% 结果:		A ₁ = 0.355	A ₂ = 0.202	As. K% = 61.482%			
Result of A ₁ , A ₂ , As. K%:		A ₁ = 0.355	A ₂ = 0.202	As. K% = 61.482%			

2. 实例 以菊科植物 *C. brunno-pilsum* ($2n=58$) 的 6 个细胞染色体测量数值输入到程序中,分析计算结果见表 3,核型公式为 $2n=58=48m+10sm$ 。

表3 菊科植物 *C. brunno-pilsum* (2n = 58) 的核型分析结果

Table 3 The karyotype analysis of *C. brunno-pilsum* (2n = 58)

6个细胞的综合分析结果 Syntheses result:							
短臂		长臂		总长	臂比	类型	IRL
Short Arm		Long Arm		Total	Ration Arm	Type	IRL
1.22	+	2.42	=	3.64	1.99	sm	1.105
1.45	+	2.11	=	3.56	1.46	m	1.080
1.13	+	2.38	=	3.51	2.11	sm	1.064
1.19	+	2.32	=	3.50	1.95	sm	1.063
1.69	+	1.81	=	3.50	1.08	m	1.062
1.34	+	2.14	=	3.48	1.60	m	1.056
1.49	+	1.97	=	3.47	1.32	m	1.052
1.49	+	1.94	=	3.43	1.30	m	1.039
1.70	+	1.71	=	3.41	1.01	m	1.035
1.18	+	2.22	=	3.40	1.88	sm	1.030
1.48	+	1.91	=	3.39	1.29	m	1.028
1.27	+	2.08	=	3.34	1.64	m	1.015
1.53	+	1.81	=	3.34	1.18	m	1.013
1.38	+	1.95	=	3.32	1.41	m	1.008
1.48	+	1.82	=	3.31	1.23	m	1.003
1.25	+	2.03	=	3.28	1.62	m	0.995
1.37	+	1.86	=	3.24	1.35	m	0.982
1.61	+	1.62	=	3.23	1.01	m	0.980
1.53	+	1.65	=	3.18	1.08	m	0.965
1.02	+	2.15	=	3.17	2.10	sm	0.963
1.34	+	1.81	=	3.15	1.35	m	0.956
1.23	+	1.91	=	3.14	1.55	m	0.953
1.26	+	1.88	=	3.14	1.50	m	0.952
1.22	+	1.91	=	3.13	1.56	m	0.949
1.51	+	1.61	=	3.13	1.07	m	0.948
1.26	+	1.85	=	3.11	1.47	m	0.943
1.49	+	1.61	=	3.10	1.08	m	0.941
1.32	+	1.76	=	3.07	1.33	m	0.933
1.41	+	1.51	=	2.92	1.07	m	0.887
A ₁ , A ₂ , As. K% 结果:				A ₁ = 0.269	A ₂ = 0.053	As. K% = 58.327%	
Result of A ₁ , A ₂ , As. K% :				A ₁ = 0.269	A ₂ = 0.053	As. K% = 58.327%	

结 束 语

作为一个面向对象的应用软件,具有友好的用户界面,操作简单、直观、方便,用户不必专门学习,即可容易地掌握操作方法。容错性好,对输入的数据能够进行合理性检查,

