

# 栽培大麦染色体核型的自动分析与识别\*

胡 匡 祐

李 璠

(中国科学院生物物理研究所, 北京 100080) (中国科学院遗传研究所, 北京)

**关键词** 核型, 自动分析, 识别

由于细胞学、计算数学和数字图象分析技术的相互渗透, 使传统染色体人工分析, 发展成大量数字信息处理、识别和分类的自动分析. 在分析速度上提高了 2—3 个数量级. 快速检测出不同种、变种及突变体在遗传上微小而十分重要的差异, 对生物、医学中各类学科的研究, 有着极为重要的意义.

整个分析工作是在 TAS-PLUS 图象分析系统上进行的, 通过建立染色体核型自动分析 CHROM.HUK 软件系统, 可完成对染色体多参数数据分析、建立核型配对图和核型模式图. 分析 A261 号大麦共 26 个细胞核. 选择处在有丝分裂晚前期的分裂相制样, 此期间染色体及其变异清晰可见. 染色体的照片或显微放大后的影像, 经视频 (TV) 扫描后, 所显示的原始染色体图象被转换成数字图象. 图象中的干扰和噪声, 经中值滤波器大部分被消除. 其中突出的干扰, 通过形态特征差异, 运用图象的基本逻辑运算、腐蚀和重建等功能来除去. 获得加强的清晰图象后, 贮入灰度存储器或磁盘中. 图象画面由  $512 \times 512$  个象素组成, 每个象素具有 256 灰级, 空间尺寸  $1/10 \mu$ .

根据染色体图象的光密度扫描, 获得具有双峰的矩形分布图, 从而确定临界阈值 EK. 双峰区小于 EK 值为背景, 大于 EK 值为目标, 以此对灰度图象二值化处理, 二值图是用来分析和提取染色体形态特征的. 研究表明: 识别染色体选择形态特征参数是关键, 单参数分析是不可靠的. 应以染色体长度 L、面积 A 和体密度 EA 以及着丝点指数  $I_c$  和臂比 L/S 等多参数综合分析为基础.

分析组型为  $2n = 14$  的大麦染色体, 其着丝点指数在 0.32—0.48 之间. 1 至 6 对染色体具有中部着丝点, 第 6、7 对有随体染色体, 第 7 对虽比第 6 对长, 但体密度小于第 6 对. 根据所获得的多参数信息进行分类和配对. 对同源染色体, 需参考 N 带模型特点进行排列, 以保证正确的核型结果. 再根据核型和相对长度, 用计算机直接打印出染色体核型模式图 (图 1) 和染色体组型图 (图 2). CHROM. HUK 染色体自动分析软件系统, 自动分析程度很高, 只有很少量人工干预.

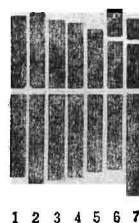


图 1 大麦染色体模式图

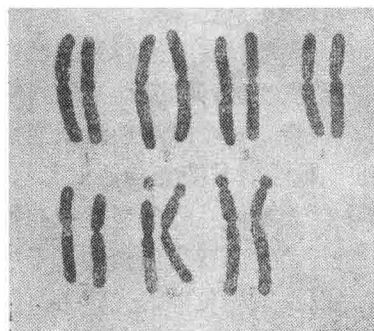


图 2 大麦染色体组型图

[本文于 1990 年 11 月 28 日收到, 12 月 24 日修回]

\* 本课题为国家自然科学基金项目.