

荞麦野生种的核型及进化特征分析

史建强^{1,2}, 李艳琴², 张宗文^{1,3}, 吴斌¹, 王安虎⁴

(¹中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ²山西大学生物技术研究所, 太原 030006;

³国际生物多样性中心东亚办事处, 北京 100081; ⁴西昌学院, 四川 西昌 615013)

摘要: 荞麦起源于我国西南地区, 该地区分布着丰富的荞麦野生种, 剖析野生荞麦的核型特征对荞麦进化和育种研究具有重要的意义。本研究以甜荞近缘种、硬枝万年荞、疏穗小野荞、细柄野荞、齿翅野荞为试验材料, 采用常规压片法进行核型鉴定。结果表明: 甜荞近缘种、硬枝万年荞和疏穗小野荞都为二倍体, 核型公式分别为 $2n = 2x = 16 = 12M + 4m(2SAT)$ 、 $2n = 2x = 16 = 16M$ 、 $2n = 2x = 16 = 14M + 2m(2SAT)$, 而细柄野荞和齿翅野荞为四倍体, 核型公式分别为 $2n = 4x = 32 = 32M$ 、 $2n = 4x = 32 = 30M + 2m(2SAT)$ 。甜荞近缘种和硬枝万年荞核型属 1A 型, 疏穗小野荞、细柄野荞和齿翅野荞核型属 1B 型, 并且甜荞近缘种、疏穗小野荞和齿翅野荞都有 1 对随体染色体。研究证明, 荞麦野生种染色体的基数为 8, 有二倍体和四倍体野生荞麦。通过比较分析, 硬枝万年荞在进化地位上比较原始, 齿翅野荞是比细柄野荞较进化的四倍体荞麦野生种。

关键词: 荞麦; 核型分析; 亲缘关系

Analysis of Karyotypes and Evolutionary Features of Wild Species of Buckwheat

SHI Jian-qiang^{1,2}, LI Yan-qin², ZHANG Zong-wen^{1,3}, WU Bin¹, WANG An-hu⁴

(¹Institute of Crop Science of Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081;

²Institute of Biotechnology of Shanxi University, Taiyuan 030006; ³The Office for East Asia, Bioversity International, Beijing 100081;

⁴Xichang College, Xichang Sichuan 615013)

Abstract: Buckwheat was originated in southwest of China, where exists a large number of wild relatives. Wild buckwheat karyotype feature analysis has important implications for buckwheat breeding practices. In this study, *F. esculentum* spp. *ancestralis*, *F. urophyllum*, *F. leptopodum* var. *grossii*, *F. gracilipes*, *F. gracilipes* var. *odontopterum* were selected as experimental materials and karyotypes of these species were identified by squash method. The results showed that *F. esculentum* spp. *ancestralis*, *F. urophyllum* and *F. leptopodum* var. *grossii* were all diploid, the karyotype formula were $2n = 2x = 16 = 12M + 4m(2SAT)$, $2n = 2x = 16 = 16M$, $2n = 2x = 16 = 14M + 2m(2SAT)$, while that of *F. gracilipes* and *F. gracilipes* var. *odontopterum* were tetraploid, and the karyotype formula were $2n = 4x = 32 = 32M$ and $2n = 4x = 32 = 30M + 2m(2SAT)$. Karyotype genus type *F. esculentum* spp. *ancestralis* and *F. urophyllum* was 1A, and the rests were 1B. *F. esculentum* spp. *ancestralis*, *F. leptopodum* var. *grossii*, *F. gracilipes* var. *odontopterum* had one pair of satellite chromosomes. It proved that basic chromosome number of wild species of buckwheat was 8. There were diploid and tetraploid levels in wild buckwheat. The analysis indicated that *F. urophyllum* had a primitive evolutionarily status, while *F. gracilipes* var. *odontopterum* was a more advanced tetraploid buckwheat wild species in evolutionary status.

Key words: wild buckwheat; karyotypes; evolution

收稿日期: 2015-06-24 修回日期: 2015-07-27 网络出版日期: 2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160406.1119.014.html>

基金项目: 中国农业科学院科技创新工程; 国家科技支撑计划项目 (2013BAD01B05-2); 国家燕麦荞麦产业技术体系 (CARS-08-A-3); 国际生物多样性中心气候变化合作项目 (APO14/019)

第一作者主要开展荞麦种质资源遗传多样性研究。E-mail: sjqshanxi@163.com

通信作者: 张宗文, 主要从事荞麦和燕麦种质资源保护和利用研究。E-mail: zhangzongwen@caas.cn

荞麦 (*Fagopyrum* spp.) 属于蓼科 (Polygonaceae) 荞麦属 (*Fagopyrum* Mill), 起源于我国西南地区^[1-3], 种质资源十分丰富, 到目前为止统计约有 26 个种和亚种, 其中栽培种有 2 个, 分别是甜荞和苦荞^[4]。我国的荞麦资源虽然丰富, 但是栽培品种很少, 产量也低。为了获得一个好的荞麦品种, 不仅要搜集和利用具有优良特性的荞麦地方品种, 而且也应收集和研究亲缘关系较近的野生荞麦种, 从中发掘一些重要的特性, 用于改良栽培荞麦品种。在对野生荞麦的研究中, 分析和明确不同物种的倍性和核型, 是选择适合野生种作亲本材料进行杂交转育研究的必要途径。到现在为止, 对荞麦的核型分析仅限于几个荞麦种, 陈庆富^[5] 对中国的甜荞、苦荞、大野荞、毛野荞、佐贡野荞种进行核型分析, 发现这 5 个荞麦种都有 2 对随体, 且核型为对称型。王建胜等^[6] 对中国荞麦的栽培种甜荞和苦荞进行了核型分析, 研究发现甜荞和苦荞都为二倍体, 甜荞有 2 对随体, 苦荞有 1 对随体。杜幸等^[7] 对中国荞麦高荞 3 号和溪荞 5 号这 2 个品种进行核型分析, 结果表明, 高荞 3 号和溪荞 5 号都为二倍体, 核型都为 2A。朱凤绥等^[8] 对甜荞、米荞、翅荞等荞麦通过核型分析认为这些荞麦都为二倍体, 甜荞有 1 对随体, 但米荞和翅荞有 2 对随体。X. Y. Yang 等^[9] 报道了细柄野荞为四倍体, 有 1 对近中部着丝点染色体, 而刘建林等^[10] 认为细柄野荞为四倍体, 所有染色体都为正中部着丝点染色体。从上述研究可以发现对荞麦的核型分析主要在栽培种, 而对野生荞麦的核型分析则很少。本研究拟通过四川搜集的 5 个荞麦野生种进行核型鉴定, 发现荞麦野生种的核型特征以及它们的进化地位, 这对荞麦属分类学研究、荞麦的进化和育种研究具有一定的指导意义。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选取 5 个荞麦野生种或亚种, 包含甜荞近缘种 (*F. esculentum* ssp. *ancestralis*)、硬枝万年荞 (*F. urophyllum*)、疏穗小野荞麦 (*F. leptopodum* var. *grossii*)、细柄野荞 (*F. gracilipes*)、齿翅野荞 (*F. gracilipes* var. *odontopterum*)。这些野生荞麦均由中国农业科学院作物科学与西昌学院的研究人员共同在四川采集, 经过形态对比和分子鉴定, 被确认为是上述野生种或亚种。

1.2 试验方法

1.2.1 制片与观察方法 选择饱满完整的各种野生荞麦种子放在灭菌后的培养皿中, 加入适量的水, 刚好

盖过种子, 放入 25 °C 恒温培养箱中培养, 待根尖长至 0.5 ~ 1.5 cm 时, 通常在 9:00 ~ 11:00 时剪根最佳。剪好的根用冰水混合物在 4 °C 处理 24 h。将处理好的荞麦根尖用固定液 ($V_{\text{冰醋酸}}:V_{45\% \text{ 酒精}} = 1:3$) 在 4 °C 固定 24 h, 并用蒸馏水低渗 1 h。将固定好的荞麦根尖用蒸馏水冲洗 3 次, 放入 1 mol/L 盐酸在 65 °C 下解离 15 min, 然后再用蒸馏水冲洗干净。取解离好的根尖放在载玻片中央, 滴加蒸馏水, 再滴加少许改良的苯酚品红染液, 染色 10 min, 盖上盖玻片并进行常规压片, 用吸水纸吸掉多余的蒸馏水和染液^[11]。制好荞麦根尖装片用 Leica DM2000 光学显微镜观察并拍照^[12]。

1.2.2 核型分析方法 按照李懋学等^[13] 所用的标准核型分析法, 选取 50 个以上染色体分散较好的有丝分裂中期细胞进行染色体统计, 利用植物染色体核型分析软件 7.0 版进行核型分析, 计算时取其中 5 个细胞的平均值。采用 A. Levan 等^[14-15] 的方法分析染色体参数的相对长度 (染色体长度/染色体组总长 $\times 100\%$)、臂比 (长臂/短臂) 及类型。按 G. L. Stebbins^[16-17] 的方法进行核型分类, 此外, 用如下方法来区分染色体核型的对称和不对称程度: 核型中染色体的长度比 (最长染色体长度/最短染色体长度) 和臂比是否大于 2, 核型不对称系数 (As. K) 按照公式 $As. K = \text{长臂总长} / \text{染色体组总长} \times 100\%$ 来进行计算^[18]。

2 结果与分析

显微镜下观察结果显示, 甜荞近缘种、硬枝万年荞、疏穗小野荞麦的体细胞染色体数目为 $2n = 2x = 16$, 细柄野荞和齿翅野荞的体细胞染色体数目为 $2n = 4x = 32$ 。染色体图片、核型图及核型模式图见图 1, 主要的核型参数和核型见表 1 和表 2。

甜荞近缘种体细胞染色体数目为 $2n = 16$, 核型公式为 $2n = 2x = 16 = 12M + 4m(2SAT)$, 第 4、8 号为中部着丝点染色体, 其余的是正中部着丝点染色体, 第 8 对染色体带有随体 (图 1), 核不对称系数为 50.83%, 染色体相对长度变化范围为 8.55% ~ 16.18% (表 1), 最长染色体与最短染色体的比值为 1.89, 臂比 > 2 的染色体数目的百分比为 0, 核型属 1A 型 (表 2)。

硬枝万年荞体细胞染色体数目为 $2n = 16$, 核型公式为 $2n = 2x = 16 = 16M$, 所有的染色体都为正中部着丝点染色体 (图 1), 核不对称系数为 50%, 染色体相对长度变化范围为 10.02% ~ 16.56% (表 1), 最长染色体与最短染色体的比值为 1.65, 臂比 > 2 的染色体数目的百分比为 0, 核型属 1A 型 (表 2)。

表 1 荞麦种染色体类型参数

Table 1 Buckwheat chromosome types and parameters

种名 Species	染色体序号 Chromosome No.	相对长度(%) Relative length S + L = T			臂比 AR Arm ratio (L/S)	类型 Type
		S	L	T		
甜荞近缘种 <i>F. esculentum</i> ssp. <i>ancestralis</i>	1	8.09	8.09	16.18	1.00	M
	2	7.41	7.41	14.82	1.00	M
	3	7.02	7.02	14.04	1.00	M
	4	6.63	6.82	13.45	1.03	m
	5	6.34	6.34	12.68	1.00	M
	6	5.56	5.56	11.12	1.00	M
	7	4.58	4.58	9.16	1.00	M
	* 8	3.54	5.01	8.55	1.42	m
硬枝万年荞 <i>F. urophyllum</i>	1	8.28	8.28	16.56	1.00	M
	2	7.30	7.30	14.60	1.00	M
	3	6.43	6.43	12.86	1.00	M
	4	6.21	6.21	12.42	1.00	M
	5	5.88	5.88	11.76	1.00	M
	6	5.66	5.66	11.32	1.00	M
	7	5.23	5.23	10.46	1.00	M
	8	5.01	5.01	10.02	1.00	M
疏穗小野荞 <i>F. leptopodum</i> var. <i>grossii</i>	1	8.37	8.37	16.74	1.00	M
	2	7.64	7.64	15.28	1.00	M
	3	6.91	6.91	13.82	1.00	M
	4	6.18	6.18	12.36	1.00	M
	5	6.10	6.10	12.20	1.00	M
	6	5.85	5.85	11.70	1.00	M
	7	5.20	5.20	10.40	1.00	M
	* 8	3.36	4.14	7.50	1.23	m
细柄野荞 <i>F. gracilipes</i>	1	4.49	4.49	8.98	1.00	M
	2	4.13	4.13	8.26	1.00	M
	3	3.62	3.62	7.24	1.00	M
	4	3.37	3.37	6.74	1.00	M
	5	3.32	3.32	6.64	1.00	M
	6	3.16	3.16	6.32	1.00	M
	7	3.06	3.06	6.12	1.00	M
	8	3.01	3.01	6.02	1.00	M
	9	2.96	2.96	5.92	1.00	M
	10	2.96	2.96	5.92	1.00	M
	11	2.86	2.86	5.72	1.00	M
	12	2.81	2.81	5.62	1.00	M
	13	2.76	2.76	5.52	1.00	M
	14	2.70	2.70	5.40	1.00	M
	15	2.55	2.55	5.10	1.00	M
	16	2.24	2.24	4.48	1.00	M

表 1(续)

种名 Species	染色体序号 Chromosome No.	相对长度(%) Relative length S + L = T			臂比 AR Arm ratio (L/S)	类型 Type
		S	L	T		
齿翅野芥 <i>F. gracilipes</i> var. <i>odontopterum</i>	1	4. 92	4. 92	9. 84	1. 00	M
	2	4. 57	4. 57	9. 14	1. 00	M
	3	3. 87	3. 87	7. 74	1. 00	M
	4	3. 72	3. 72	7. 44	1. 00	M
	5	3. 37	3. 37	6. 74	1. 00	M
	6	3. 27	3. 27	6. 54	1. 00	M
	7	3. 12	3. 12	6. 24	1. 00	M
	8	3. 07	3. 07	6. 14	1. 00	M
	9	2. 91	2. 91	5. 82	1. 00	M
	10	2. 86	2. 86	5. 72	1. 00	M
	11	2. 76	2. 76	5. 52	1. 00	M
	12	2. 71	2. 71	5. 42	1. 00	M
	13	2. 66	2. 66	5. 32	1. 00	M
	14	2. 41	2. 41	4. 82	1. 00	M
	15	2. 11	2. 11	4. 22	1. 00	M
	* 16	1. 44	1. 90	3. 34	1. 32	m

M:正中部着色点染色体;m:中部着丝点染色体;* :染色体有随体
M: median point, m: median region, * : satellite chromosomes

表 2 荞麦野生种的核型
Table 2 Karyotypes of wild buckwheat species

种名 Species	核型公式 Karyotype formula	核不对 称系数(%) As. K	染色体 长度比 Ll/St	臂比>2 的染色 体数目的百分比 Percentage of AR >2	核型类型 Karyotype type
甜荞近缘种 <i>F. esculentum</i> ssp. <i>ancestralis</i>	$2n = 2x = 16 = 12M + 4m(2SAT)$	50.83	1.89	0	1A
硬枝万年荞 <i>F. urophyllum</i>	$2n = 2x = 16 = 16M$	50.00	1.65	0	1A
疏穗小野荞 <i>F. leptopodum</i> var. <i>grossii</i>	$2n = 2x = 16 = 14M + 2m(2SAT)$	50.39	2.23	0	1B
细柄野荞 <i>F. gracilipes</i>	$2n = 4x = 32 = 32M$	50.00	2.00	0	1B
齿翅野荞 <i>F. gracilipes</i> var. <i>odontopterum</i>	$2n = 4x = 32 = 30M + 2m(2SAT)$	50.23	2.95	0	1B

SAT:染色体有随体 SAT:satellite chromosomes

疏穗小野荞麦体细胞染色体数目为 $2n = 16$,核型公式为 $2n = 2x = 16 = 14M + 2m(2SAT)$,第8号为中部着丝点染色体,其余的是正中部着丝点染色体,第8对染色体带有随体(图1),核不对称系数为 50.39%,染色体相对长度变化范围为 7.50% ~ 16.74%(表1),最长染色体与最短染色体的比值为 2.23,臂比 > 2 的染色体数目的百分比为 0,核型属 1B 型(表2)。

细柄野荞体细胞染色体数目为 $2n = 32$,核型公式为 $2n = 4x = 32 = 32M$,所有的染色体都是正中部着丝点染色体(图1),核不对称系数为 50%,染色体相对长度变化范围为 4.48% ~ 8.98%(表1),最长染色体与最短染色体的比值为 2.00,臂比 > 2 的染色体数目的百分比为 0,核型属 1B 型(表2)。

齿翅野荞体细胞染色体数目为 $2n = 32$,核型公式

为 $2n = 4x = 32 = 30M + 2m(2SAT)$, 第 16 号为中部着丝点染色体, 其余的是正中部着丝点染色体, 第 16 对染色体带有随体(图 1), 核不对称系数为 50.23%, 染

色体相对长度变化范围为 3.34% ~ 9.84% (表 1), 最长染色体与最短染色体的比值为 2.95, 臂比 > 2 的染色体数目的百分比为 0, 核型属 1B 型(表 2)。

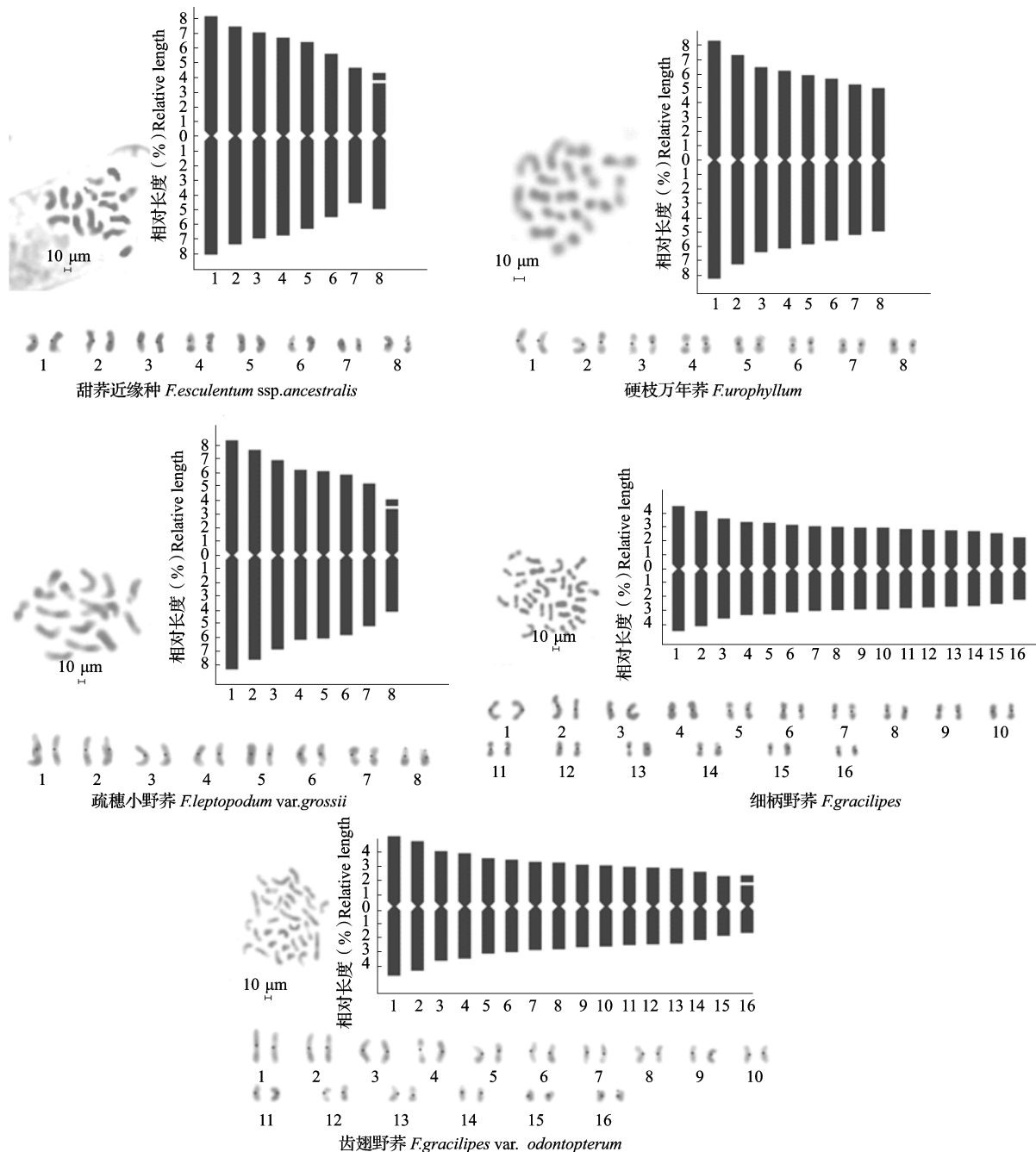


图 1 荞麦染色体照片(左)、核型模式图(右)和核型图(下)

Fig. 1 Buckwheat chromosome photograph (left), karyotype pattern (right) and karyotype (bottom)

3 讨论

3.1 荞麦野生种的核型特征

通过核型研究表明,这 5 个荞麦野生种的染色体基数都为 8, 染色体组为对称型染色体, 这与 Y. Doida^[19]报道的结果一致。其中甜荞近缘种、硬枝万年荞、疏穗小野荞都为二倍体, 细柄野荞和齿翅

野荞为四倍体。本研究发现甜荞近缘种为二倍体, 有 1 对随体染色体, 这与甜荞的核型相近^[20-21]。X. Y. Yang 等^[9]认为细柄野荞的核型公式为 $2n = 4x = 32 = 30M + 2m$, 核型属于 2B 型, 但刘建林等^[10]通过对细柄野荞麦进行核型分析研究认为细柄野荞麦的核型公式为 $2n = 4x = 32 = 32M$, 本研究认为细柄野荞的核型公式为 $2n = 4x = 32 = 32M$, 核型属于 1B

型,这与后者的结果相一致。通过形态学研究发现齿翅野荞和细柄野荞亲缘关系较近,形态特征相近,只是齿翅野荞比细柄野荞多了粉红色的果翅^[22],通过对细柄野荞和齿翅野荞的核型分析比较发现,虽然细柄野荞和齿翅野荞的核型参数相近且核型均属于1B型,但是齿翅野荞比细柄野荞多了1对随体,有1对中部着丝点染色体。本研究发现硬枝万年荞和疏穗小野荞都为二倍体,且它们的核型参数与其他荞麦野生种不同,在观察硬枝万年荞的染色体数目时发现,硬枝万年荞的根尖细胞同时存在二倍体和四倍体细胞,且二倍体细胞较多,从核型公式发现,硬枝万年荞染色体组最对称,罗定泽等^[23]通过对硬枝万年荞研究发现,硬枝万年荞具有丰富的遗传变异。故硬枝万年荞是比较独特的荞麦野生种。

3.2 荞麦野生种的进化地位

G. L. Stebbins^[24]认为高等植物核型进化的基本趋势是由对称向不对称发展,在系统演化上处于比较古老或原始的植物,往往具有较对称的核型;不对称的核型通常出现在较进化或特化的植物中。本研究发现二倍体野生荞麦中,硬枝万年荞的核型是最对称的,染色体都为正中中部着丝点染色体,核型为1A型,甜荞近缘种有2对中部着丝点染色体,其余的是正中中部着丝点染色体,且有1对随体染色体,核型也为1A型,疏穗小野荞有1对中部着丝点染色体,其余的是正中中部着丝点染色体,且有1对随体染色体,核型为1B型。同时,核型不对称系数是反映染色体对称与否、进化与否的另一个参数指标^[25],在二倍体荞麦中,甜荞近缘种的核型不对称系数最大为50.83%,硬枝万年荞的核型不对称系数最小为50%,从这些参数看则硬枝万年荞在进化上处于较为原始的物种,甜荞近缘种为较进化的物种。四倍体野生荞麦中细柄野荞和齿翅野荞的核型都为1B型,并且细柄野荞的核型比齿翅野荞较对称,齿翅野荞的核型不对称系数要比细柄野荞的高,从这些参数发现齿翅野荞是比细柄野荞相对要进化的四倍体物种。

我国现有的荞麦种质资源丰富,但是对其染色体核型分析较少,且都集中在栽培种甜荞和苦荞的研究,本研究分析了5个荞麦野生种的核型,发现荞麦野生种的染色体基数为8,有二倍体和四倍体野生荞麦。通过比较分析,硬枝万年荞在进化地位上比较原始,齿翅野荞为比细柄野荞较进化的四倍体荞麦野生种。通过一定的核型参数分析,初步推断出它们的进化关系,为荞麦的起源和进化提供了一定的科学依据。

参考文献

- [1] Iwata H, Imon K, Tsumura Y, et al. Genetic diversity among Japanese indigenous common buckwheat (*Fagopyrum esculentum*) cultivars as determined from amplified fragment length polymorphism and simple sequence repeat markers and quantitative agronomic traits[J]. Genome, 2005, 48(3): 367-377
- [2] Murai M, Ohnishi O. Population genetics of cultivated common buckwheat, *Fagopyrum esculentum* Moench. X. Diffusion routes revealed by RAPD markers[J]. Genes Genet Syst, 1996, 71(4): 211-218
- [3] Tsuji K, Ohnishi O. Origin of cultivated Tatar buckwheat (*Fagopyrum tataricum* Gaertn.) revealed by RAPD analyses[J]. Genet Resour Crop Evol, 2000, 47(4): 431-438
- [4] 张宗文, 吴斌, 张宗文, 等. 荞麦种质资源保护与利用研究[C]//燕麦和荞麦研究与发展. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2010: 41-50
- [5] 陈庆富. 五个中国荞麦 (*Fagopyrum*) 种的核型分析[J]. 广西植物, 2001, 21(2): 107-110
- [6] 王健胜, 柴岩, 赵喜特, 等. 中国荞麦栽培品种的核型比较分析[J]. 西北植物学报, 2005, 25(6): 1114-1117
- [7] 杜幸, 陈敏燕, 刘鹏, 等. 两个荞麦品种的核型分析[J]. 亚热带植物科学, 2005, 34(2): 36-38
- [8] 朱凤绥, 林汝法, 李永青, 等. 荞麦不同类型的染色体研究初报[J]. 细胞生物学杂志, 1984, 6(3): 130-131
- [9] Yang X Y, Wu Z F, Chen H, et al. Karyotype and genetic relationship based on RAPD markers of six wild buckwheat species (*Fagopyrum* spp.) from southwest of China[J]. Genet Resour Crop Evol, 2010, 57(5): 649-655
- [10] 刘建林, 唐宇, 邵继荣, 等. 荞麦属 2 个野生荞麦种的染色体核型研究[J]. 西北植物学报, 2009(9): 1798-1803
- [11] 刘永安, 冯海生, 陈志国, 等. 植物染色体核型分析常用方法概述[J]. 贵州农业科学, 2006, 34(1): 98-102
- [12] 刘伟, 张宗文, 吴斌. 加拿大引进的二倍体燕麦种质的核型鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1): 141-145
- [13] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题[J]. 植物科学学报, 1985, 3(4): 297-302
- [14] Levan A, Nichols W W. Human chromosome lengths for use in distribution studies[J]. Hereditas, 1964, 51(2-3): 378-380
- [15] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes[J]. Hereditas, 1964, 52(2): 201-220
- [16] Stebbins G L. Chromosomal variation and evolution[J]. Science, 1966, 152(3728): 1463-1469
- [17] Stebbins G L. Plant phylogeny and evolution[J]. Evolution, 1953, 7(3): 281-284
- [18] Arano H. Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan[J]. IX Bot Mag, 1963, 76: 32
- [19] Doida Y. Cytological studies in Polygonum and related genera[J]. Bot Mag(Tokyo), 1960, 37: 337-340
- [20] 朱必才, 高立荣. 同源四倍体荞麦的研究[J]. 遗传, 1988, 10(6): 6-8
- [21] 朱必才, 田先华, 高立荣. 同源四倍体荞麦的细胞遗传学研究[J]. 遗传, 1992, 14(1): 1-4
- [22] 王安虎, 夏明忠, 蔡光泽, 等. 四川野生荞麦资源的特征特性与地理分布多样性研究[J]. 西南农业学报, 2008, 21(3): 575-580
- [23] 罗定泽, 侯鑫, 赵佐成. 西南地区硬枝万年荞麦 (*Fagopyrum urophyllum*) 居群的遗传多样性研究[J]. 武汉植物学研究, 2001, 19(2): 107-112
- [24] Stebbins G L. Chromosomal evolution in higher plants[M]. London: Edward Arnold Ltd, 1971: 85-104
- [25] 李懋学, 张赞平. 作物染色体及其研究技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996