

斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)及其与甘蔗 F₁ 的 GISH 分析

黄玉新^{1,2}, 罗霆¹, 林秀琴³, 张保青¹, 周珊¹, 杨翠芳¹,
雷敬超¹, 高轶静¹, 段维兴¹, 张革民¹, 李杨瑞^{1,2}

(¹广西农业科学院甘蔗研究所/中国农业科学院甘蔗研究中心/广西甘蔗遗传改良重点实验室/
农业部广西甘蔗生物技术与遗传改良重点实验室, 南宁 530007; ²广西大学农学院, 南宁 530004;
³云南省农业科学院甘蔗研究所/云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 开远 661699)

摘要:斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)是广西蔗茅属斑茅和广西甘蔗属割手密的属间杂种, 聚集了双亲的优点。本研究利用基于 Alu-like 的 PCR 鉴定方法对 GXAS07-6-1 及甘蔗与 GXAS07-6-1 的 3 份 F₁ 材料进行真实性鉴定, 基于基因组原位杂交技术(GISH)对父本 GXAS07-6-1 及其 3 份 F₁ 染色体组成及核型进行分析。研究表明: 3 份 F₁ 材料为 GXAS07-6-1 的真杂种; 父本 GXAS07-6-1 的染色体众数为 62 条, 其中 30 条来自蔗茅属斑茅, 32 条来自甘蔗属割手密, 核型分类属于 1B, 其染色体按“n+n”方式传递; GXASF₁08-2-17、GXASF₁08-2-22、GXASF₁08-2-32 的染色体数目为 78~80 条, 其中 69~71 条来自甘蔗属, 9~11 条来自蔗茅属斑茅, 3 份 F₁ 的核型分类分别属于 2B、1B、1B, 染色体传递方式均为“n+n”。父本 GXAS07-6-1 及 3 份 F₁ 材料中均未发现有染色体的交换或易位现象。甘蔗与斑茅复合体杂交, 蔗茅属斑茅染色体在亲子间传递过程存在丢失现象。

关键词:斑茅; 割手密; 染色体; 基因组原位杂交(GISH); 核型

GISH Analysis of Intergeneric Complex between *Erianthus arundinaceus* and *Saccharum spontaneum* (GXAS07-6-1) and Its F₁ Hybrids from Crosses with Sugarcane (*Saccharum* spp.)

HUANG Yu-xin^{1,2}, LUO Ting¹, LIN Xiu-qin³, ZHANG Bao-qing¹, ZHOU Shan¹, YANG Cui-fang¹,
LEI Jing-chao¹, GAO Yi-jing¹, DUAN Wei-xing¹, ZHANG Ge-min¹, LI Yang-rui^{1,2}

(¹Sugarcane Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences/Sugarcane Research Center, Chinese Academy of Agricultural Sciences/Guangxi Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement/Key Laboratory of Sugarcane Biotechnology and Genetic Improvement(Guangxi), Ministry of Agriculture, P. R. China, Nanning 530007; ²Guangxi University Agriculture College, Nanning 530004; ³Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Provincial Key Laboratory of Genetic Improvement for Sugarcane, Kaiyuan 661699)

Abstract: GXAS07-6-1, an intergeneric hybrid of *Erianthus arundinaceus* (Retz.) Jeswiet and *Saccharum spontaneum* L. has the advantages of its parents. In this study, the truth and fals of three F₁ hybrids progenies GXAS08-2-17, GXAS08-2-22 and GXAS08-2-32 were identified by the PCR method of Alu-like. The chromosomes composition

收稿日期: 2016-09-19 修回日期: 2016-10-26 网络出版日期: 2017-03-21

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170321.1411.002.html>

基金项目: 广西重点研发项目(桂科 AB16380126); 广西自然科学基金项目(2014GXNSFBA118119); 广西农科院科技发展基金(桂农科 2016YM04); 广西农业科学院基本科研业务专项(2015YT04); 广西“八桂学者”专项

第一作者研究方向为作物性状遗传与分子生物学。E-mail: huangyuxin13@163.com

通信作者: 张革民, 研究方向为甘蔗育种及种质创新研究。E-mail: zhanggm68@gxaas.net

李杨瑞, 研究方向为甘蔗生理生化与分子生物学。E-mail: liyr@gxaas.net

tion and karyotype of the GXAS07-6-1 and the F_1 generation were analyzed using the genomic in situ hybridization (GISH) technique. The results showed that the three F_1 materials were true progenies. There were 62 chromosomes in GXAS07-6-1, of which 30 were from *E. arundinaceus* (Retz.) Jeswiet and 32 were from *S. spontaneum* L. and the somatic chromosome karyotypic was 1B, following $n + n$ transmission. Furthermore, the chromosomes numbers of GXASF₁08-2-17, GXASF₁08-2-22 and GXASF₁08-2-32 ranged from 78 to 80, of which 69 – 71 were from *Saccharum* spp. and 9 to 11 were from *E. arundinaceus* (Retz.) Jeswiet. The somatic chromosome karyotypes of three F_1 progeny were 2B, 1B, 1B, respectively, and all of the three progenies following $n + n$ transmission. Chromosome translocation and exchange were not observed in the intergeneric hybrid GXAS07-6-1 and its F_1 hybrids as well. Chromosome missing also was confirmed from *E. arundinaceus* (Retz.) Jeswiet in the F_1 progeny.

Key words: *Erianthus arundinaceus* (Retz.) Jeswiet; *Saccharum spontaneum* (Retz.) Jeswiet; chromosome; genomic in situ hybridization; karyotype

甘蔗是禾本科高光效 C_4 植物,也是一种最高效的糖能兼用可再生能源作物。目前,我国甘蔗生产存在诸多问题,如种植品种单一、品种间异质性低、适应性差、抗逆抗病虫能力下降等。育种家们认为,通过远缘杂交,将甘蔗近缘种属的优异基因导入甘蔗中,丰富品种血缘,是解决甘蔗品种遗传背景相近、抗性下降问题的有效途径。

蔗茅属、芒属、河八王属和硬穗茅属是甘蔗的近缘属,也是甘蔗突破性创新育种的重要种质资源。蔗茅属斑茅因其生物量高、分蘖力强、宿根性好和抗旱、耐涝、耐瘠、抗病虫能力强等优势成为研究利用重点^[1-2]。然而,蔗茅属斑茅与甘蔗属热带种杂交 F_1 花粉不育,育种工作者只能以蔗茅属斑茅与甘蔗属热带种杂交 F_1 作为母本,才能进一步杂交利用,而在回交 BC_1 和 BC_2 中发现小茎、高纤维和蒲心等不良性状难以改良^[3-5]。因此,尽管甘蔗属与蔗茅属斑茅杂交利用至今已有百余年,但尚未有含蔗茅属斑茅血缘的品种育成。本课题组 2006 年开始利用广西蔗茅属斑茅与广西甘蔗属割手密杂交,成功获得斑茅割手密复合体(简称“斑割复合体”)GXAS07-6-1,并证实 GXAS07-6-1 在生势、茎径、蒲心程度、57 号毛群等方面聚合了双亲的优势,进一步杂交利用有利于提高后代的综合性状水平^[6-7];同时对 GXAS07-6-1 与 3 个甘蔗亲本杂交 F_1 进行染色体观察,明确了各组合后代的染色体数量及变化范围,但对各染色体的不同来源未能明确^[8],限制了其进一步杂交利用研究的进展。本研究利用基因组原位杂交技术(GISH, genomic in situ hybridization)对 GXAS07-6-1 及其与甘蔗品系 GT01-53 杂交的 3 个 F_1 后代进行染色体来源分析,为蔗茅属斑茅和甘蔗属割手密在甘蔗遗传改良及其杂交后代染色体的分子细胞遗传学研究提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

材料包括斑割复合体 GXAS07-6-1,及甘蔗品系桂糖 01-53(母本, $2n = 104$, 不含蔗茅属斑茅血缘)与斑割复合体 GXAS07-6-1(父本)杂交的 3 份 F_1 后代 GXASF₁08-2-17、GXAS F_1 08-2-22、GXAS F_1 08-2-32。上述材料由广西壮族自治区农业科学院甘蔗研究所种质资源圃提供。材料的系谱来源如图 1。

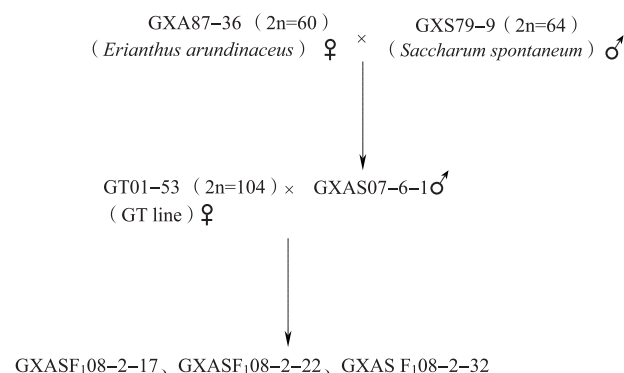


图 1 供试材料系谱图

Fig. 1 The family tree of materials in the study

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取及杂交 F_1 后代真实性鉴定 参考高铁静等^[7]的 SDS 法对供试材料的叶片总基因组 DNA 进行提取。杂种 F_1 真实性鉴定应用基于 Alu-like 的 PCR 鉴定方法^[9]。PCR 引物序列 AGRP80: 5'-GGG-TTG-TCY-TTGCCA-TCA-TA-3'; AGRP81: 5'-GAG-YAG-CRC-AGA-GGT-TACGA-3', 委托上海生工生物有限公司合成。PCR 扩增反应总体积为 20 μ L, 其中 10 \times Buffer(含 2 mmol/L $MgCl_2$) 2 μ L, dNTP (10 mmol/L) 0.4 μ L, 上、下游引物

(10 μmol/L)各 1 μL,模板 DNA 30 ng, *Taq* 酶(5U/μL) 0.2 μL,用蒸馏水补充体积至 20 μL。反应程序为:94 °C 预变性 4 min;94 °C 变性 30 s,60 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 45 s,共 35 个循环;72 °C 延伸 4 min。PCR 反应结束,取出产物在 1.5% 的琼脂糖凝胶上电泳,多功能凝胶成像系统 GAS8000 上观察。

1.2.2 染色体标本制备及探针标记 染色体标本制备参考黄玉新等^[8]的酶解去壁低渗法。标记探针采用切刻平移法,甘蔗属割手密 GXAS79-9 及甘蔗品系 GT01-53 的叶片总基因组 DNA 用 DIG-Nick Translation Mix (Roach, Cat. No. 11745816910) 标记,蔗茅属斑茅 GXAS87-36 的叶片总基因组 DNA 用 Biotin-Nick Translation Mix (Roach, Cat. No. 11745824910) 标记。

1.2.3 基因组原位杂交 基因组原位杂交参考林秀琴等^[10]的方法,略做修改。地高辛标记的探针用 FITC 检测,显示绿色荧光;生物素标记的探针用 Texas red 检测,显示红色荧光。杂交后经洗脱、复染、封片等处理后于尼康(Nikon) Ni 正置显微镜下观察,用尼康 D 型图像软件采集图片。染色体长度测量用 Image-Pro Plus 5.2 (Media Cybernetics, Inc.) 软件,核型分析作图用 Microsoft Excel 2010,核型分析按李懋学等^[11]的标准进行。

2 结果与分析

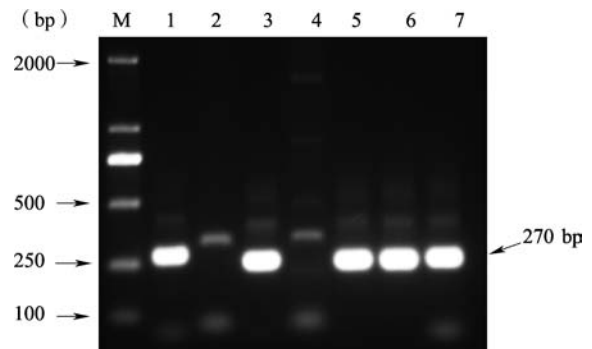
2.1 甘蔗与 GXAS07-6-1 杂交 F₁ 后代真实性鉴定

杂交后代真实性鉴定是野生种质创新利用的基础。利用蔗茅属特异引物 AGPR80/81 对 GXASF₁ 08-2-17、GXASF₁ 08-2-22、GXASF₁ 08-2-32 进行 PCR 鉴定,结果表明(图 2),父本斑割复合体 GXAS07-6-1 及其与甘蔗品系 GT01-53 杂交的 3 份 F₁ 后代都能扩增到 270 bp 左右蔗茅属斑茅 GXAS87-36 的特异条带,而甘蔗属割手密 GXAS79-9 和甘蔗品系 GT01-53 没有扩增出蔗茅属斑茅特异条带,说明 GXASF₁ 08-2-17、GXASF₁ 08-2-22、GXASF₁ 08-2-32 都含有蔗茅属斑茅血缘,为真实的蔗茅属斑茅杂种后代。

2.2 斑割复合体 GXAS07-6-1 及其与甘蔗品系 GT01-53 杂交 F₁ 染色体组成

GISH 结果表明(图 3A,表 1),GXAS07-6-1 的染色体为 62 条,其中,来自母本蔗茅属斑茅 GXAS87-36 的染色体(红色荧光),数目介于 27~30 条,众数 30 条;来自父本甘蔗属割手密 GXAS79-9 的染色体(绿色荧光),数目介于 30~34 条,众数 32 条;蔗茅

属斑茅 GXAS87-36 与甘蔗属割手密 GXAS79-9 杂交获得 GXAS07-6-1 的亲子间染色体按“n+n”的方式进行传递。



M:DL2000,1:GXAS87-36,2:GXAS79-9,3:GXAS07-6-1,4:GT01-53,5:GXASF₁08-2-17,6:GXASF₁08-2-22,7:GXASF₁08-2-32

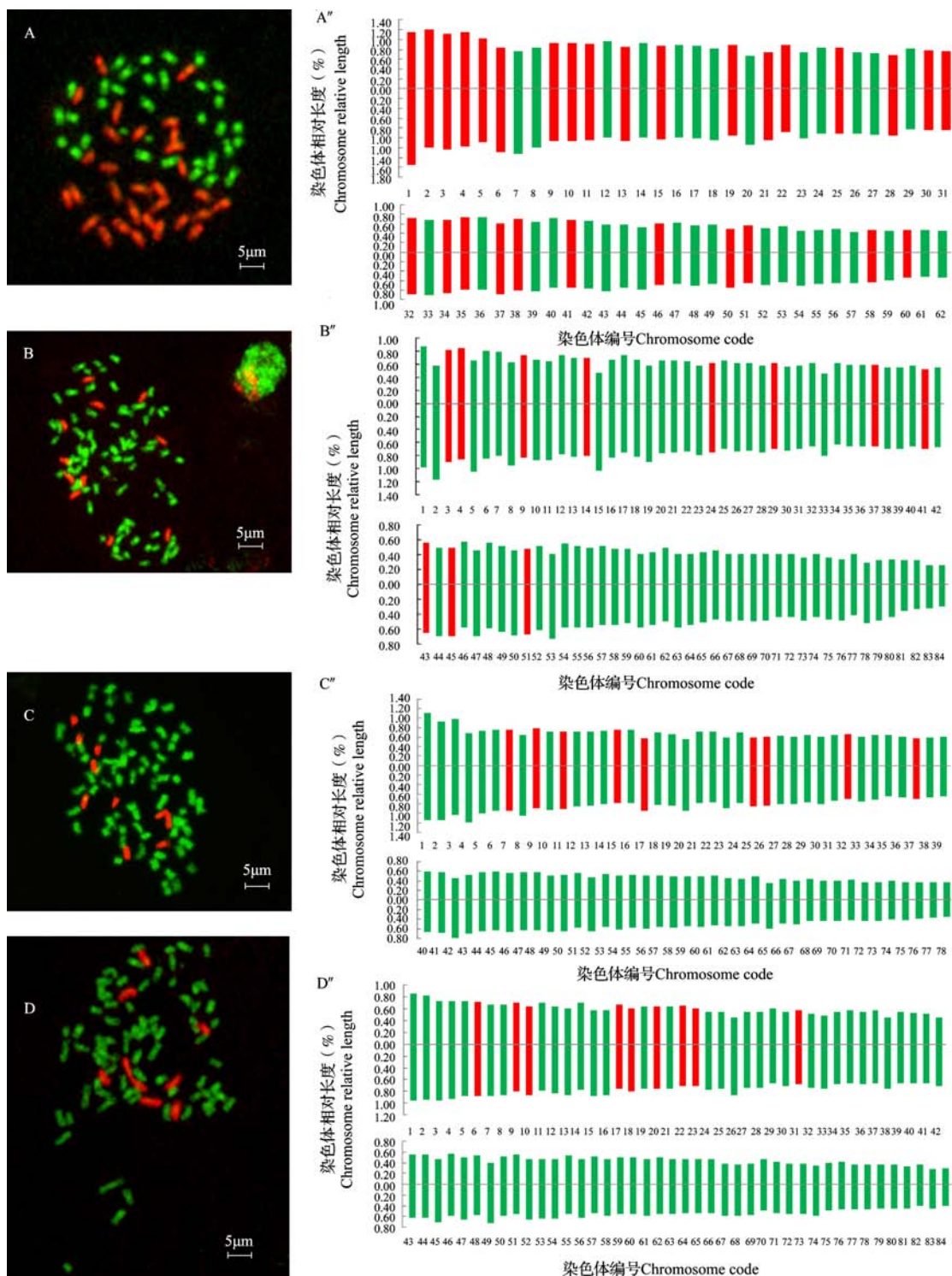
图 2 桂糖 01-53 与 GXAS07-6-1 杂交后代 PCR 鉴定

Fig. 2 Identification of hybrid progeny of GT01-53 × GXAS07-6-1

观察的 3 个 F₁ 后代中(图 3B、3C、3D,表 1),显示红色荧光信号的染色体来自蔗茅属斑茅 GXAS87-36,显示绿色荧光信号的染色体来自甘蔗品系 GT01-53 及甘蔗属割手密 GXAS79-9。3 个 F₁ 的染色体为 78~80 条,其中 69~71 条来自甘蔗品系 GT01-53 及甘蔗属割手密 GXAS79-9,9~11 条来自蔗茅属斑茅。由于 F₁ 后代的母本甘蔗品系 GT01-53 的染色体数目为 104 条,父本 GXAS07-6-1 的染色体数目为 62 条,理论上它们的配子体数目之和为 83 条,因此可知,甘蔗与斑割复合体的染色体基本按“n+n”的方式进行传递。GXAS07-6-1 中蔗茅属斑茅染色体为 30 条,其配子体数目为 15 条,3 个 F₁ 后代遗传到的蔗茅属斑茅染色体数目为 9~11 条,由此可知,蔗茅属斑茅染色体发生了丢失。

2.3 GXAS07-6-1 及杂种 F₁ 染色体核型分析

由表 2 可知,GXAS07-6-1 及 3 个 F₁ 后代大多数染色体(93.75%~96.77%)属于中部着丝点染色体(m),少部分染色体(3.23%~6.25%)属于近中部着丝点染色体(sm)。GXAS07-6-1 核型分类为 1B 型,GXASF₁ 08-1-17、GXASF₁ 08-2-22、GXASF₁ 08-2-32 的核型分类依次为 2B、1B、1B。从核型模式图(图 3A"、3B"、3C"、3D")可看出,GXAS07-6-1 中蔗茅属斑茅和甘蔗属割手密染色体相对长度总体较对称,有可能两者都为野生种质,进化趋势较一致,程度都较低;而 3 个 F₁ 中,蔗茅属斑茅染色体的相对长度排序较甘蔗及割手密的都靠前,进化程度明显较甘蔗的低。



红色荧光为 Biotin 标记的探针杂交信号,绿色荧光为 DIG 标记的探针杂交信号。A:GXAS07-6-1 原位杂交结果;A":GXAS07-6-1 的核型分析;B:GXASF₁08-2-17 原位杂交结果;B":GXAS F₁ 08-2-17 的核型分析;C:GXAS F₁08-2-22 原位杂交结果;C":GXASF₁08-2-22 的核型分析;D:GXASF₁08-2-32 原位杂交结果;D":GXAS F₁ 08-2-32 的核型分析

Red represent the signal of Biotin-labeled total *E. arundinaceus* DNA probe,green represent the signal of DIG-labeled total *S. spontaneum* or *Saccharum* spp. DNA probe. A:The GISH result of GXAS07-6-1,A":The karytype ideogram of GXAS07-6-1,B:The GISH result of GXASF₁ 08-2-17,B":The karytype ideogram of GXASF₁08-2-17,C:The GISH result of GXASF₁08-2-22,C":The karytype ideogram of GXASF₁08-2-22,D:The GISH result of GXASF₁08-2-32,D":The karytype ideogram of GXASF₁08-2-32

图3 GXAS07-6-1 及 F₁ 染色体 GISH 分析

Fig.3 GISH analysis of GXAS07-6-1 and F₁ progeny

表 1 GXAS07-6-1 及杂种 F₁ 染色体组成Table 1 Chromosome composition of GXAS07-6-1 and F₁ progeny

无性系 Clone	体细胞 染色体数目 Chromosome number(2n cell)		甘蔗及割手密 染色体数目 Chromosome number in <i>Saccharum</i> spp. and <i>S. spontaneum</i> (2n cell)		斑茅 染色体数目 Chromosome number in <i>E. arundinaceus</i> (2n cell)		观察的细胞数 No. of metaphases analyzed
	变幅 Range	众数 Modal number	变幅 Range	众数 Modal number	变幅 Range	众数 Modal number	
	GXAS07-6-1	58 ~ 62	62	30 ~ 34	32	27 ~ 30	
GXASF ₁ 08-2-17	80 ~ 84	80	69 ~ 73	69	8 ~ 11	11	13
GXASF ₁ 08-2-22	75 ~ 78	78	65 ~ 71	69	7 ~ 10	9	20
GXASF ₁ 08-2-32	80 ~ 84	80	70 ~ 75	71	7 ~ 10	9	13

表 2 GXAS07-6-1 及杂种 F₁ 染色体核型参数Table 2 Significant characteristics of chromosome of GXAS07-6-1 and F₁ progeny

无性系 Clone	核型公式 The karyotype formula	相对长度 The relative length	臂比 Arm ratio	平均臂比 Average arm ratio	最长染色体/最短染色体 The longest to the shortest	类型 Type
GXAS07-6-1	2n = 62 = 60 m + 2 sm	0.97 ~ 2.37	1.03 ~ 1.98	1.28	2.45	1B
GXASF ₁ 08-2-17	2n = 80 = 75 m + 5 sm	0.62 ~ 2.05	1.02 ~ 2.45	1.29	3.30	2B
GXASF ₁ 08-2-22	2n = 78 = 75 m + 3 sm	0.72 ~ 2.26	1.01 ~ 1.80	1.22	3.13	1B
GXASF ₁ 08-2-32	2n = 80 = 78 m + 2 sm	0.71 ~ 1.92	1.01 ~ 1.86	1.27	2.74	1B

3 讨论

甘蔗为遗传背景十分复杂的异源多倍体或非整倍体植物。在甘蔗远缘杂交过程中,由于配子染色体的不平衡分配,染色体的遗传方式呈现多种形式。笔者对 GXAS07-6-1 的花粉母细胞减数分裂的染色体行为进行观察,发现终变期存在单价体、二价体及三价体,以二价体为主^[12]。同时本课题组前期对甘蔗品系 GT01-53 与 GXAS07-6-1 杂交 F₁ 后代进行染色体数目观察和核型分析,研究结果表明,观察的 5 个 F₁ 后代染色体基本按“n+n”方式传递,同时可能部分染色体发生了加倍^[8],本研究中该同一组合的 3 个 F₁ 中发生染色体丢失,由此可见,甘蔗与斑割复合体杂交,部分后代存在着染色体加倍,部分后代存在着染色体丢失。

本研究中 GXASF₁08-2-17、GXASF₁08-2-22、GXASF₁08-2-32 经蔗茅属特异引物鉴定,都能扩增到蔗茅属斑茅的特异条带,说明其为甘蔗与斑割复合体的真实杂交后代。由 GISH 分析可知,GXAS07-

6-1 的染色体众数为 62 条,其中 30 条来自母本蔗茅属斑茅和 32 条来自父本甘蔗属割手密,双亲的染色体分别为 60 和 64,由此可知斑割复合体的染色体遗传方式为“n+n”。3 个 GXASF₁ 材料的染色体为 78~80,双亲的配子体之和为 83,杂种 F₁ 的染色体为非整倍体,存在染色体不平衡现象,基本符合“n+n”方式。F₁ 中,蔗茅属斑茅染色体数目不等,介于 9~11 条之间,父本 GXAS07-6-1 中蔗茅属斑茅的染色体数为 30 条,若减数分裂正常,染色体按正常的 n+n 方式传递,则 F₁ 中遗传到的染色体应该为 15 条,由此可推断,传递过程中蔗茅属斑茅染色体发生了丢失。本研究观察的 3 个 F₁ 未发现染色体交换或易位现象,染色体以整条的形式传递给后代,难以打破性状的连锁,与 N. Piperidis 等^[2]、陈健文等^[13]、黄永吉等^[14]、林秀琴等^[10] 的研究结果基本一致。

G. L. Stebbins^[15] 和洪德元^[16] 认为,染色体的核型对称程度能够反映植物的进化程度,较原始的植物具有更多对称的染色体。刘文荣等^[17]、邓祖湖

等^[18]、吴嘉云^[19]、黄永吉等^[14,20]的研究结果均发现蔗茅属斑茅杂种 F_1 和 BC_1 无性系的核型主要为 1B 或 2B。本研究中 GXAS07-6-1 为蔗茅属斑茅和甘蔗属割手密两个野生种的属间杂种,进化程度低,具有原始的 1B 型。GXASF₁08-2-17 核型为 2B, GXASF₁08-2-22 和 GXASF₁08-2-32 核型都为 1B,也都为较原始的类型,这与前人的研究结果基本一致。由核型模式图可以看出,3 个 F_1 中蔗茅属斑茅染色体的相对长度排序比较靠前,与吴嘉云^[19]的研究结果基本一致。

GXASF₁08-2-17、GXASF₁08-2-22、GXASF₁08-2-32 同时含有广西蔗茅属斑茅、甘蔗属热带种和广西甘蔗属割手密等 3 个不同种(属)的血缘。本研究以甘蔗品系 GT01-53 和蔗茅属斑茅 GXA87-36 为探针,进行了双色 GISH,子代中来自父本广西甘蔗属割手密的染色体也杂交上了绿色荧光信号,无法与甘蔗品系 GT01-53 的染色体区分开,原因有可能是甘蔗属割手密与甘蔗品系 GT01-53 同属于甘蔗属,两者的亲缘关系近,同源性高,在封阻不足的情况下,GISH 技术无法将两者区分开。下一步我们可以尝试以甘蔗属热带种和蔗茅属斑茅为探针,甘蔗属割手密做封阻,进行多色荧光原位杂交,探明 F_1 中蔗茅属斑茅、甘蔗属热带种和甘蔗属割手密染色体的组成情况。

参考文献

- [1] D'Hont A, Grivet L, Feldmann P, et al. Identification and characterization of sugarcane intergeneric hybrids, *Saccharum officinarum* × *Erianthus arundinaceus*, with molecular markers and DNA in situ hybridization[J]. *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 320-326
- [2] Piperidis N, Chen J W, Deng H H, et al. GISH characterization of *Erianthus arundinaceus* chromosomes in three generations of sugar cane intergeneric hybrids[J]. *Genome*, 2010, 53: 331-336
- [3] 刘少谋, 符成, 陈勇生. 近十年海南甘蔗育种场斑茅后代回交利用研究[J]. *甘蔗糖业*, 2007(4): 1-6
- [4] 符成, 邓海华, 杨业后, 等. 斑茅及其杂种后代主要经济性状研究[J]. *甘蔗糖业*, 2004(4): 1-5
- [5] 王丽萍, 蔡青, 范源洪, 等. 甘蔗(*Saccharum*)与斑茅(*Erianthus arundinaceus*)远缘杂交利用研究[J]. *西南农业学报*, 2007, 20(4): 721-726
- [6] 刘昔辉, 方锋学, 高铁静, 等. 斑茅割手密杂种后代真实性鉴定及遗传分析[J]. *作物学报*, 2012, 38(5): 914-920
- [7] 高铁静, 方锋学, 刘昔辉, 等. 甘蔗与斑茅割手密复合体杂交后代的分子标记鉴定[J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(5): 912-916
- [8] 黄玉新, 罗霆, 刘昔辉, 等. 甘蔗与斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)杂交后代的染色体遗传分析[J]. *热带作物学报*, 2016, 37(2): 220-225
- [9] Alix K, Paulet F, Glaszmann J C, et al. Interspecies-specific sequences in the *Saccharum* complex[J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 99: 962-968
- [10] 林秀琴, 陆鑫, 毛钧. 甘蔗属热带种与滇蔗茅远缘杂交 F_1 代 GISH 分析[J]. *西南农业学报*, 2013, 26(4): 1327-1331
- [11] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题[J]. *武汉植物学研究*, 1985, 3(4): 297-302
- [12] 黄玉新. 斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)及其与甘蔗杂交后代的分子细胞遗传学研究[D]. 南宁: 广西大学, 2016
- [13] 陈健文, Piperidis N, 李奇伟, 等. 用基因组原位杂交方法分析甘蔗-斑茅杂种及回交后代的染色体组成[J]. *分子植物育种*, 2012, 8(2): 293-296
- [14] 黄永吉, 吴嘉云, 刘少谋, 等. 基于 GISH 的甘蔗与斑茅 F_1 染色体遗传与核型分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(2): 394-398
- [15] Stebbins G L. Chromosomal evolution in higher plants [M]. London: Edward Arnold, 1971: 87-89
- [16] 洪德元. 植物细胞分类学[M]. 北京: 科学出版社, 1990
- [17] 刘文荣, 邓祖湖, 张木清, 等. 甘蔗斑茅的杂交利用及其杂种后代鉴定系列研究Ⅲ. 甘蔗斑茅远缘杂交后代细胞遗传分析[J]. *作物学报*, 2004, 30(11): 1093-1096
- [18] 邓祖湖, 李玉蝉, 刘文荣, 等. 甘蔗和斑茅远缘杂交后代的染色体遗传分析[J]. *热带作物学报*, 2007, 28(3): 62-67
- [19] 吴嘉云. 甘蔗与斑茅杂交后代染色体遗传分析及抗性初步评价[D]. 福州: 福建农林大学, 2013
- [20] 黄永吉, 符成, 林炜乐, 等. 3 个甘蔗与斑茅远缘杂交后代 BC_1 的染色体遗传分析[J]. *热带作物学报*, 2015, 36(1): 53-58