植物学通报 *Chinese Bulletin of Botany* 2007, **24** (2): 226-231, www.chinbullbotany.com

·专题介绍·

老芒麦遗传多样性及育种研究进展

鄢家俊[1], 白史且[1,2*], 马啸[1], 干友民[1], 张建波[1]

[1] 四川农业大学, 动物科技学院草业科学系, 雅安 625014; [2] 四川省草原科学研究院, 成都 611731

摘要 老芒麦(*Elymus sibiricus*)的研究对我国北方草原及青藏高原高寒草甸的退化草地改良、发展草地畜牧业具有重要意义。本文综述了老芒麦在形态学、细胞学、蛋白质和DNA分子水平上的遗传多样性研究概况, 并总结了国内老芒麦的育种研究进展。目前国内外专门针对不同老芒麦种质材料(accession)或居群(populations)遗传多样性的研究鲜见报道, 相关研究主要集中在与披碱草属(*Elymus*)及其近缘小麦族物种的系统进化研究方面; 其次, 我国仅有6个老芒麦国家审定品种, 且育种手段较单一、落后, 育成品种优势集中在产量和适应性上, 缺乏对抗逆性种质的筛选培育。

关键词 育种, 老芒麦, 遗传多样性, 种质资源

鄢家俊, 白史且, 马啸, 干友民, 张建波 (2007). **老芒麦遗传多样性及育种研究进展**. **植物学通报 24**, 226-231.

老芒麦(*Elymus sibiricus*)别名西伯利亚披碱草(siberian wildrye), 是禾本科(Poaceae)小麦族(Triticeae)披碱草属(*Elymus*) 多年生疏丛型中旱生植物, 具有适应性强、抗寒、粗蛋白含量高、适口性好和易栽培等优良特性, 可用于建植人工草地和放牧草地, 对退化草地改良和种草养畜具有重要意义(陈默君和贾慎修, 2002; 陈功和贺兰芳, 2004; 贺晓等, 2004)。近年来随着退牧还草工程的开展, 对老芒麦的需求日益扩大, 与此同时对老芒麦的科学研究与推广应用也日益受到重视(李才旺和柏正强, 1998)。迄今为止, 国内许多学者在老芒麦的资源评价、生物学特性、栽培生产(董昭林等, 2003)和生理生化(何文兴等, 2005)等方面做了较多的研究工作, 但遗传多样性及育种研究还相当缺乏。为此将国内外对老芒麦在遗传多样性和育种领域研究取得的成果及进展作一综述, 以期推动我国老芒麦种质资源的开发利用, 也为我国开展相应的研究工作提供背景资料。

1 老芒麦野生资源的分布

老芒麦在北半球温带地区分布较广, 是欧亚大陆的广布种, 主要集中在东欧、西伯利亚、远东、中亚、西亚、中国、蒙古、朝鲜、日本及印度; 在北美洲也有少量分布, 主要集中在亚北极地区, 即阿拉斯加和加拿大北部; 模式标本采集自西伯利亚(Clayton et al., 2002)。我国野生老芒麦资源非常丰富, 主要分布于东北、内蒙古、河北、山西、陕西、甘肃、宁夏、青海、新疆、四川和西藏等省区(郭本兆, 1987), 生境以森林草原的河谷草甸、山地草甸化草原、疏林、灌丛和林间空地为主, 丰富的野生资源分布为老芒麦种质的收集、评价和育种提供了极为便利的条件。

2 遗传多样性研究

2.1 形态学水平

从形态学或表型性状来检测遗传变异是最直接也是最简便的办法。虽然形态学性状易受环境和人为因素的影响, 但在同一生境下, 对不同种质材料(accession)或居群(population)进行形态学性状的评价, 在一定程度上可以快速地分析其遗传变异。杨瑞武等 (2000a)研究发现来自四川、甘肃和新疆三省区

收稿日期: 2006-04-20; **接受日期**: 2006-09-13
基金项目: 四川省科技厅基础研究项目(No. 05jy029-060)
* **通讯作者**。E-mail: baiturf@yahoo.com.cn

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132

不同居群的老芒麦在株高、叶片和穗部性状上存在较明显的差异。袁庆华等 (2003)以叶色、株高和叶长等 13 个田间农业生物学性状为考察指标, 分析了 21 个野生老芒麦居群间的生物多样性, 结果表明: 老芒麦野生居群间表型差异明显; 采自同一地区的老芒麦因生境不同, 其农业生物学性状具有较大的差异, 而采自不同地区相似生境的居群之间在表型上也存在差异, 说明老芒麦的野生居群农业生物学性状不仅受生境条件的影响, 而且也受空间距离的影响。严学兵等 (2005)研究发现来自于寒冷、高海拔地区的野生老芒麦种质的生育期短于来自于温性、低海拔地区; 在老芒麦的发芽、出苗期间, 芽或细弱幼苗茎秆的颜色表现出白色、绿色和红褐色等多种表型; 而叶片、叶鞘绒毛有无和叶鞘的颜色也有很大差异; 对叶片、穗和茎秆等 28 个形态学性状的聚类和主成分分析同样显示出老芒麦在形态上具有丰富的多样性[①]。国外对不同种质材料老芒麦的形态学评价鲜有报道, 个别文献报道某些形态学性状的遗传控制模式。Agafonova (1997)用具有短芒变异性状的老芒麦品种与具有正常长芒性状的品种杂交, F_1 杂种的芒长介于双亲之间, F_2 代短芒性状的分离比为 15:1, 这表明老芒麦的短芒性状受两个非连锁的加性基因控制。我国老芒麦资源非常丰富, 大力开展不同种质材料的形态学和农艺性状评价, 筛选综合性状优异的种质, 可以为老芒麦育种提供基础材料。

2.2 细胞学水平

目前国内外尚未见不同老芒麦种质材料或居群的染色体核型和带型的变异分析。更多的集中在生物系统学研究, 即利用老芒麦与近缘小麦族物种杂交进行染色体组分析(genome analysis method)(卢宝荣和刘继红, 1992), 来确定未知染色体组物种的染色体组组成或亲本间的亲缘关系。

老芒麦是自花授粉的异源四倍体植物(2n = 4x=28)。Dewey (1974)利用老芒麦与已知染色体组的 *Agropyron tauri* (2n=14)、*Elymus canadensis* (2n=28)和 *Elymus caninus* (2n=28)进行杂交, 分析其 F_1 杂种减数分裂染色体配对行为, 首次确立了老芒麦的染色体组为 StStHH。Sakamoto (1982) 将老芒麦、*E. dahuricus* (2n=42, StStHHYY)分别与分布于日本的 *Agropyron tsukushiense* (2n=42)进行人工杂交, 基于杂种的减数分裂分析, 确立了 *A. tsukushiense* 的染色体组为 StStHHYY。Lu 和 von Bothmer(1993)利用已知染色体组组成的老芒麦等披碱草属物种与 4 个中国特有的披碱草属物种 *E. brevipes*、*E. yangii*、*E. anthosachnoides* 和 *E. altissimus* 杂交, 染色体组分析的结果表明, 4 种披碱草属物种均是严格的异源四倍体, 它们之间的亲缘关系非常接近, 染色体组均为 StStYY。云锦凤等 (1997)研究了加拿大披碱草(*E. canadensis*)和老芒麦及其种间杂交 F_1 代的染色体构型, 指出尽管 *E. sibiricus*、*E. canadensis* 拥有相同的基本染色体组 StStHH, 但这两个种的两个染色体组之间, 或至少在一个染色体组之间已发生了某种结构变异, 这反应在其杂种高度不育即两物种间的生殖隔离十分明显上。杨瑞武等 (2003)分析了 *E. sibiricus*(披碱草属模式种)、*Roegneria caucasica*(鹅观草属模式种)和 *Hystrix patula*(猬草属模式种)3 个小麦族物种的染色体在 Giemsa C 带带型上的差异, 结果表明这 3 个属模式种染色体的 Gems C 带带型存在明显的差异, 说明 C 带能够揭示这 3 个属模式种的种间特异性, 从而支持这 3 个属可以相互独立。此外, 刘育萍 (1994)通过对晚熟老芒麦与披碱草种间天然远缘杂种的细胞学遗传研究发现, 这两个种的远缘杂交种是一个真杂种, 且雄性不育, 为人工合成这两种牧草的远缘杂种提供了实践可能, 并有望将天然远缘杂种经染色体加倍培育出可育的高产品种。关于老芒麦的核型研究虽然有过报道, 但结论有争议。刘玉红 (1985)与孙义凯和赵毓棠(1992)先后报道过老芒麦的核型, 但他们的研究结果存在明显的差异, 分别观察到老芒麦具有 1 对或 2 对随体染色体。因此除对物种系统进化研究外, 今

[①]严学兵 (2005). 披碱草属植物遗传多样性研究. 博士论文. 北京:中国农业大学. pp. 13-13.

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132

后更应该大力开展不同老芒麦种质材料或居群的染色体核型和带型的变异分析, 为其形态学变异寻找细胞学证据的支持, 补充老芒麦在细胞学水平上的研究空白。

此外, 老芒麦等野生披碱草属物种具有适应性强、抗寒、抗旱和耐盐(Meguire and Dvorak, 1981)等优良特性, 同时也含有抗普通栽培小麦(*Triticum aestivum*)和大麦(*Hordeum vulgare*)的一些病虫害的基因, 如抗大麦黄矮病(BYDV)、小麦花叶病(WSMV)病毒(Sharma et al., 1984)和抗大麦锈病(von Bothmer et al., 1995)等。Motsny 和 Simonenko (1996)与 Simonenko 等 (1997)的研究表明, 老芒麦染色体上存在抑制小麦部分同源群染色体配对控制系统的基因, 这有利于老芒麦染色体向小麦中的转移, 从而选育出含有老芒麦遗传物质的稳定的小麦新品系, 包括二体代换系、二体附加系和易位系等。因此通过现代遗传和生物技术的方法将野生老芒麦中的优良基因转移到栽培小麦和大麦的遗传背景中来, 以丰富小麦和大麦遗传多样性的基因资源库, 为今后麦类作物的育种提供新的研究方向和更广阔的研究空间。

2.3 蛋白质水平

蛋白质标记(即生化标记)主要有同工酶(isozyme, 含等位酶(allozyme))和种子贮藏蛋白, 它们是基因表达的直接产物, 经淀粉凝胶或聚丙烯酰胺凝胶电泳后的蛋白质谱带能从一定程度上反映植物的遗传变异。目前有关不同老芒麦种质材料或居群生化标记的研究较少, 现有的报道主要集中在披碱草属及其与之在分类学上有争议的几个物种的比较研究。杨瑞武等 (2000b)应用酸性聚丙烯酰胺凝胶电泳(acid polyacrylamide gel electrophoresis—A-PAGE) 对包括老芒麦在内的披碱草属的 12 个物种进行了醇溶蛋白电泳分析, 结果表明: 披碱草属植物具有明显的醇溶蛋白多态性, 并指出 *Elymus excelsus*、*E. submuticus* 和 *E. virginicus* 含有丰富的醇溶蛋白亚基, 可以作为麦类作物品质改良的理想种质资源。杨瑞武等(2000a)对 *E. sibiricus*、*R. caucasica* 和 *H. patula* 的酯酶同工酶研究发现: 这 3 个种在酶带数目、酶带迁移率和酶带着色强度等方面都有明显的变异, 而在 *E. sibiricus* 的不同居群之间没有表现出差异。严学兵等(2005)采用等位酶分析法研究了老芒麦等 9 个披碱草属物种 40 个居群的遗传多样性, 结果发现每个物种居群内的遗传多样性远低于居群间, 属水平上的遗传多样性主要存在于种间和种内居群间, 而且各居群的遗传距离与海拔和经纬度相关性显著[①]。

2.4 DNA分子水平

近几年国内开始有基于分子标记研究不同老芒麦种质遗传多样性的报道, 但严格按照居群生物学的要求采集不同居群的单株, 以分子生态学的视角分析野生

表1 我国的老芒麦国审品种

Table 1 *Elymus sibiricus* cultivars approved by the National Forage Cultivar Approval Committee

序号	品种名称	品种来源	选育单位	登记时间	适应范围
1	*E. sibiricus* ‘Jilin’	地方品种	中国农业科学院草原所	1988	东北地区
2	*E.sibiricus* ‘Chuancao No.1’	育成品种	四川省草原科学研究院	1990	川西北、青海等
3	*E.sibiricus* ‘Chuancao No.2’	育成品种	四川省草原科学研究院	1991	川西北、青海等
4	*E. sibiricus* ‘Nongmu’	育成品种	内蒙古农业大学	1993	内蒙、东北、新疆等
5	*E. sibiricus* ‘Qingmu No.1’	育成品种	青海省牧草良种繁殖场	2004	青海及邻近省份
6	*E. sibiricus* ‘Tongde’	野生栽培品种	青海省牧草良种繁殖场	2004	青海、甘肃、西藏、四川、宁夏等

引自全国牧草品种审定名录

Cited from the register supplied by the National Forage Cultivar Approval Committee

[①]严学兵 (2005). 披碱草属植物遗传多样性研究. 博士论文. 北京:中国农业大学. pp. 80-81.

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132

老芒麦的群体遗传结构和基因流的报道很少。严学兵等 (2005)用 14 对来自 *E. caninus*、*E. alaskanus* 和 8 对来自小麦的 SSR 引物, 研究了老芒麦等 9 个披碱草属物种 40 个居群的遗传多样性, 结果表明, 绝大部分的遗传多样性存在于种内, 使用披碱草属特异 SSR 引物在反应遗传变异上比小麦引物具有更好的效果。李永祥等(2005)对采集自内蒙、新疆和青海的 6 个老芒麦居群进行了基于 SSR 标记的遗传多样性分析, 结果发现, 在居群内和居群间均存在较为丰富的 SSR 位点变异, 遗传变异主要存在于居群间, 符合老芒麦自花授粉的繁育方式。但需要指出的是, 这 6 个居群采集点差距过大, 无法分析基因流等问题。

国外目前未见有利用分子标记研究不同老芒麦种质材料或居群遗传变异的报道。更多的是采用分子标记来研究披碱草属和其它小麦族物种的系统进化关系。McMillan 和 Sun(2004)利用叶绿体基因的 PCR-RFLP 分析研究了老芒麦等 13 个四倍体披碱草属物种、2 个拟鹅观草属(*Pseudoroegneria*)物种(*Pseudoroegneria tauri* 和 *P. spicata*)和 1 个大麦属(*Hordeum*)物种(*Hordeum bogdanii*)的 38 份材料的亲缘关系, 构建的 UPGMA 系统进化树显示 38 份材料分成了明显的两大类群: 披碱草属和拟鹅观草属为一大类群, 大麦属作为另一类群。此结论与以前的研究结果一致, 且强烈支持北美拟鹅观草属的二倍体物种是异源四倍体披碱草的母本供体。

3 老芒麦育种概况

我国野生老芒麦种质资源丰富, 目前已通过系统选育、野生驯化等方法培育并登记了 6 个老芒麦品种(表 1), 但育种手段单一, 品种的栽培适应范围也较窄, 限制了其大范围的推广利用。老芒麦为自花授粉的异源四倍体植物, 可借鉴麦类作物的育种方法, 采用多样化育种手段, 将杂交育种、细胞工程和基因工程等育种新技术应用到老芒麦育种中, 培育出生产实践中需求的满足特殊生境的品种(如抗旱、耐热、抗病和耐瘠薄等), 以扩大老芒麦的适应范围, 解决我国草畜矛盾突出、饲草供应季节不平衡问题, 为西部退牧还草等生态工程建设提供牧草良 种 。

4 研究展望

老芒麦饲用价值高、分布广, 其遗传多样性和育种学研究对我国发展草地畜牧业, 改善草地生态环境具有重要意义, 但其遗传资源研究与生产利用之间存在巨大的差距。国内外针对不同老芒麦种质材料或居群的遗传多样性研究报道较少; 我国仅有 6 个老芒麦登记品种, 育种手段较落后, 育成品种优势集中在产量和适应性上, 缺乏对抗逆性创新种质的筛选培育。针对目前国内外老芒麦的研究现状, 对今后的研究工作提出以下几点建议。

4.1 加强野生老芒麦种质资源的收集和保护工作

由于生态环境的日益恶化, 野生老芒麦等优良牧草种质资源优势已面临丧失的危险。必须加大野生老芒麦种质的收集力度,包括居群间和居群内的种质资源收集。在野生老芒麦资源分布丰富的地方建立原位保护基地, 在野生状态下最大程度地保护老芒麦种质资源, 对不适宜原位保护的可采取异地保存。

4.2 深化老芒麦的遗传多样性研究

目前我国对野生老芒麦种质材料或居群的遗传多样性研究还很少见报道, 应当开展利用分子标记、等位酶等技术评价其遗传多样性的研究。对已经采集到的种质材料利用分子标记技术进行核心种质(core collection)筛选, 以期利用较少的材料保存其最大的遗传多样性。另外, 在野生老芒麦资源连续分布的地区(如川西北)大范围严格按照居群生物学要求采集单株, 研究老芒麦不同居群间和居群内的遗传多样性, 探讨其遗传变异与海拔和经纬度等地理环境的相关性, 研究遗传变异与基因流及繁育方式的关系, 为

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132

老芒麦的原位保护提供遗传学和分子生态学的理论支撑。

4.3 筛选抗逆性种质，加快培育新品种

老芒麦的抗寒性优于大多数禾草，加强耐寒性状的选育，不仅能进一步发挥老芒麦的自身优势，还能为其它牧草耐寒性的改良提供基因资源(抗寒基因的克隆)。老芒麦具有营养价值高、适口性好等特点，但抗旱和耐热性较差，其适应性不及垂穗披碱草(*Elymus nutans*)等禾草，因此加强抗逆性(如抗旱性和耐热性)新品种的选育是今后老芒麦育种的一个重要方向。

参考文献

陈默君, 贾慎修 (2002). **中国饲用植物**. **北京**: **中国农业出版社**. pp. 121–122.

陈功, 贺兰芳 (2004). **高寒地区两种老芒麦生态适应性和生产性能评价**. **草业科学 21**, 39–42.

董昭林, 卞志高, 邓红华 (2003). **川草一号老芒麦高产栽培技术**. **四川草原 1**, 29–29.

郭本兆 (1987). **中国植物志(第九卷第三分册)**. **北京**: **科学出版社**. pp. 7–104.

贺晓, 李青丰, 陆海平 (2004). **老芒麦、诺丹冰草结实特性的研究**. **草业科学 21**, 37–39.

何文兴, 徐莺, 陈放 (2005). **川草 2 号老芒麦**(*Elymus sibiricus* L.) *atpA* **基因的克隆及其调控表达**. **生物化学与生物物理进展 32**, 67–74.

李才旺, 柏正强 (1998). **适合川西北牧区推广种植的优良牧草新品种川草一号二号老芒麦**. **四川草原 4**, 24–51.

李永祥, 李斯深, 李立会, 杨欣明, 李秀全 (2005). **披碱草属 12 个物种遗传多样性的 ISSR 和 SSR 比较分析**. **中国农业科学 38**, 1522–1527.

刘育萍 (1994). **晚熟老芒麦与披碱草种间天然远缘杂种的细胞遗传学研究**. **内蒙古草业 12**, 60–62.

刘玉红 (1985). **我国 11 种披碱草的核型分析**. **武汉植物学研究 3**, 24–28.

卢宝荣, 刘继红 (1992). **染色体组分析及小麦族的系统学**. **植物学通报 9**, 26–31.

孙义凯, 赵毓棠 (1992). **东北地区小麦族 11 种植物的核型报道**. **植物分类学报 30**, 342–345.

严学兵, 周禾, 王堃, 郭玉霞 (2005). **披碱草属植物形态多样性及其主成分分析**. **草地学报 13**, 111–116.

杨瑞武, 周永红, 郑有良 (2000a). **披碱草属、鹅观草属和猬草属模式种的形态学变异和酯酶同工酶分析**. **四川农业大学学报 18**, 291–295.

杨瑞武, 周永红, 郑有良 (2000b). **披碱草属的醇溶蛋白研究**. **四川农业大学学报 18**, 11–14.

杨瑞武, 周永红, 郑有良 (2003). **小麦族披碱草属、鹅观草属和猬草属模式种的 C 带研究**. **云南植物研究 25**, 71–77.

袁庆华, 张吉宇, 张文淑, 苏加楷 (2003). **披碱草和老芒麦野生居群生物多样性研究**. **草业学报 12**, 44–49.

云锦凤, 王照兰, 杜建才 (1997). **加拿大披碱草与老芒麦种间杂交及 F_1 代细胞学分析**. **中国草地 1**, 32–35, 48.

Agafonova OV (1997). Genetic analysis of short-awned siberian wildrye. *Dokl Biol Sci* **353**, 175–176.

Clayton WD, Harman KT, Williamson H (2002). World Grass Species: descriptions, Identification, and Information Retrieval. http: //www. kew. org/data/grasses-b. html. [accessed 01 August 2005; 15:30 GMT].

Dewey DR (1974). Cytogenetics of *Elymus sibiricus* and its hybrids with *Agropyron tauri, Elymus canadensis*, and *Agropyron caninum*. *Bot Gaz* **135**, 80–87.

Lu BR, von Bothmer R (1993). Genomic constitutions of four Chinese endemic *Elymus* species: *E. brevipes, E. yangii, E. anthosachnoides,* and *E. altissimus* (Triticeae, Poaceae). *Genome* **36**, 863–876.

Meguire PE, Dvorak J (1981). High salt tolerance potential in wheatgrasses. *Crop Sci* **21**, 102–105.

Motsny II, Simonenko VK (1996). The influence of *Elymus sibiricus* L. genome on the diploidization system of wheat. *Euphytica* **91**, 189–193.

McMillan E, Sun GL (2004). Genetic relationships of tetraploid *Elymus* species and their genomic donor species inferred from polymerase chain reaction-restriction length polymorphism analysis of chloroplast gene regions. *Theor Appl Genet* **108**, 535–542.

Sakamoto S (1982). Cytogenetical studies on artificial hybrids among *Elymus sibiricus*, *E. dahuricus* and *Agropyron tsukushiense* in the tribe Triticeae, Gramineae. *Bot Mag* **1040**, 375–383.

Sharma HC, Gill BS, Uyemoto JK (1984). High level of resistance in *Agropyron* species to barley yellow dwarf and wheat streak mosaic viruses. *Theor Appl Genet* **77**, 369–374.

Simonenko VK, Motsnyi II, Sechnyak AL, Kulbida MP (1997). The use of wheat-alien and aegilops-rye amphiploids for introgression of genetic material to wheat. In: Braun J, Altay F, Kronstad WE, eds. Wheat: Prospects for Global Improvement.

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132

Boston: Kluwer Academic Publishers. pp. 391–399.

von Bothmer R, Jacobsen N, Baden C (1995). An Ecogeographical Study of the Genus *Hordeum*, 2nd edn. Rome: International Plant Genetic Resources Institute Press. pp. 127–127.

Genetic Diversity of *Elymus sibiricus* and Its Breeding in China

Jiajun Yan[1], Shiqie Bai[1,2*], Xiao Ma[1], Youmin Gan[1], Jianbo Zhang[1]

[1]*Department of Grassland Science*, *College of Animal Science and Technology*, *Sichuan Agricultural University*, *Ya'an 625014*, *China*

[2]*Sichuan Grassland Science Academy*, *Chengdu 611731*, *China*

Abstract The study of *Elymus sibiricus* is important to not only grassland improvement in the northern steppe and Alpine meadow of the Tibetan Plateau but also the development of grassland livestock husbandry. Recent advances in study of the genetic diversity of *E. sibiricus*, including morphology, cytogenetics, protein markers and DNA molecular markers as well as breeding in China, are reviewed. So far, genetic diversity studies of *E. sibiricus* have mainly focused on the genetic relation of *Elymus* species and their relatives from *Triticeae*. However, the genetic differentiation among *E. sibiricus* accessions or populations is poorly documented and understood. To date, only 6 cultivars have been approved by the National Forage Cultivar Approval Committee in China; moreover, the breeding methods are simple and outdated. The predominant agronomic traits of these released cultivars are only in yield and adaptability, and germplasm resources with abiotic tolerance are lacking. On the basis of current problems, the further research are suggested.

Key words breeding, *Elymus sibiricus*, genetic diversity, germplasm resources

Yan JJ, Bai SQ, Ma X, Gan YM, Zhang JB (2007). Genetic diversity of *Elymus sibiricus* and its breeding in China. *Chin Bull Bot* **24**, 226-231.

* Author for correspondence. E-mail: baiturf@yahoo.com.cn

(责任编辑: 孙冬花)

新书介绍——《细胞遗传学》

《细胞遗传学》是由李集临和徐香玲教授编著, 科学出版社出版(定价: 38.00 元)的新书。

本书以染色体遗传为重点, 在经典细胞遗传学基础上应用现代分子遗传学的研究成果, 探讨细胞遗传的机制。全书共分10章。第一章: 细胞遗传学的进展; 第二章: 染色体成分; 第三章: 染色体的结构; 第四章: 染色体组(基因组); 第五章: 细胞增殖、细胞周期与细胞分化; 第六章: 染色体功能; 第七章: 染色体水平的调控; 第八章: 染色体变异; 第九章: 细胞质遗传(重点介绍细胞质遗传研究的最新进展和细胞质雄性不育的机制); 第十章: 植物染色体工程(以小麦的染色体工程为重点, 理论联系实际, 经典的染色体工程与现代的染色体操作相结合)。

细胞遗传学是遗传学与细胞学的交叉学科, 它侧重于染色体(包括细胞质的基因组)的结构、功能、调控机制、染色体组、染色体操作等方面的研究, 通过染色体、染色体组、细胞质、细胞质基因组来研究遗传与变异的机制。细胞遗传学与普通遗传学、细胞生物学有着密切的关系。由于植物远缘杂交、染色体工程、单倍体、多倍体及雄性不育和杂种优势等研究成果广泛应用于农业生产, 因此细胞遗传学具有重要的理论意义和应用价值。

本书文字简练, 引用大量图表, 深入浅出, 可读性强。适于高等院校遗传学专业的本科生、研究生、教师以及从事育种的科研工作者参考。

https://www.sciengine.com/doi/10.3724/CBB-t26-132