研究揭示甘蔗与滇蔗茅远缘杂交染色体遗传规律

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/40713.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究揭示甘蔗与滇蔗茅远缘杂交染色体遗传规律。近日，广东省科学院南繁种业研究所甘蔗育种研究室联合福建农林大学教授邓祖湖团队，综合运用分子标记与基因组原位杂交（GISH）技术，系统揭示了甘蔗与近缘野生种滇蔗茅杂交后代的染色体传递规律。相关成果在线发表于国际期刊Plants。

研究团队依托国家糖料产业技术体系等项目支持，首先基于nrDNA-ITS区域的SNP位点，开发了四引物ARMS-PCR分子标记，能够快速、准确鉴定杂交后代真实性；随后利用GISH技术对后代染色体构成进行可视化分析。

GISH结果显示，甘蔗与滇蔗茅（2n=30）的F?代杂交种含有15条滇蔗茅染色体和40条热带种染色体，表明其染色体传递模式为n+n。值得注意的是，由于F1代花粉完全不育，研究以F1代为母本进行回交，发现整套滇蔗茅染色体（15条）完整传递至BC1后代，呈现出非常规的2n+n传递模式。

该研究为理解甘蔗属远缘杂交中的染色体遗传机制提供了新视角，同时为滇蔗茅种质在甘蔗育种中的高效利用奠定了理论和实践基础，对加速近缘野生种质资源创新利用、拓宽甘蔗遗传背景具有重要指导意义。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：https://doi.org/10.3390/plants15121792

作者：邓祖湖等 来源：《植物》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发