



两份海南地方木豆资源的核型分析

程志号 孙长君 郭素霞 曾学蔚 严琳玲 吴琼

Karyotype analysis of two local varieties of *Cajanus cajan* in Hainan, China

CHENG Zhihao, SUN Changjun, GUO Suxia, ZENG Xuewei, YAN Linling, WU Qiong

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2023-0238>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

41份木豆萌发期耐盐性综合评价

Evaluation of salt tolerance in 41 pigeon pea varieties during germination

草业科学. 2022, 39(8): 1607 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0040>

草地资源调查与智能分析系统简介

Introducing a grassland resource survey and intelligent analysis system

草业科学. 2023, 40(8): 2171 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2021-0525>

青海省社会经济与资源环境承载力协调度分析

Analysis of the coordination of socioeconomic development and environmental resource capacity in Qinghai Province

草业科学. 2022, 39(12): 2695 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0352>

三江源7个糙毛以礼草植物学形态及遗传多样性分析

Botanical morphology and genetic diversity analysis of seven *Kengyilia hirsuta* germplasms in the areas of Sanjiangyuan

草业科学. 2023, 40(1): 249 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0229>

基于灰色关联分析的肥饲兼用型箭豌豆种质资源评价

Evaluation of germplasm resources used for fertilizing and feeding in *Vicia sativa* based on grey correlation analysis

草业科学. 2024, 41(1): 106 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0861>

高寒区41份春蚕豆种质资源农艺性状的遗传多样性分析

Genetic diversity analysis of agronomic traits of 41 spring *Vicia faba* resources to identify optimum materials for cultivation in alpine regions

草业科学. 2023, 40(7): 1844 <https://doi.org/10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0965>



关注微信公众号，获得更多资讯信息

DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2023-0238

程志号, 孙长君, 郭素霞, 曾学蔚, 严琳玲, 吴琼. 两份海南地方木豆资源的核型分析. 草业科学, 2024, 41(7): 1645-1649.
CHENG Z H, SUN C J, GUO S X, ZENG X W, YAN L L, WU Q. Karyotype analysis of two local varieties of *Cajanus cajan* in Hainan, China. Pratacultural Science, 2024, 41(7): 1645-1649.

两份海南地方木豆资源的核型分析

程志号¹, 孙长君¹, 郭素霞¹, 曾学蔚¹, 严琳玲², 吴琼¹

(1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所/海南省香蕉遗传改良重点实验室, 海南海口 571101;
2. 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所, 海南海口 571101)

摘要: 木豆 (*Cajanus cajan*) 是我国热带亚热带地区重要的豆类作物, 是一种集粮、饲料、药物为一体的多用途植物, 同时, 作为先锋植物, 在水土保持、土壤改良等方面有重要功能。海南木豆种植时间长、资源多样性高, 但细胞遗传学方面的报道目前较少。本研究以海南两个重要木豆产区‘保亭’和‘白沙’木豆地方资源为材料, 通过核型分析发现, ‘保亭’木豆核型公式为 $2n=2x=22=16m+6sm$, 其中10号染色体有一对随体, 相对长度组成为 $2n=1L+5M_2+3M_1+2s$, 为1A型; ‘白沙’木豆核型公式为 $2n=2x=22=20m+2sm$, 未发现随体, 相对长度组成为 $2n=1L+4M_2+5M_1+1s$, 为2A型。本研究结果为木豆资源鉴定提供了新技术, 也为种质创新和新品种选育提供参考。

关键词: 木豆; 资源; 核型分析; 随体; 对称性

文献标识码: A 文章编号: 1001-0629(2024)07-1645-05

Karyotype analysis of two local varieties of *Cajanus cajan* in Hainan, China

CHENG Zhihao¹, SUN Changjun¹, GUO Suxia¹, ZENG Xuwei¹, YAN Linling², WU Qiong¹

(1. Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences /
Key Laboratory of Genetic Improvement of Bananas, Hainan Province, Haikou 571101, Hainan, China;

2. Tropical Crop Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agriculture Sciences, Haikou 571101, Hainan, China)

Abstract: *Cajanus cajan* is an important legume crop in the tropical and subtropical regions of China, acting as a multi-purpose plant that integrates grain, feed, and medicine. Additionally, as a pioneer plant, *C. cajan* contributes to soil and water conservation and soil improvement. Despite the long history of cultivation and the high resource diversity of *C. cajan* in Hainan, there has been limited research on its cytogenetics. In this study, *C. cajan* from two important *C. cajan* producing areas in Hainan, ‘Baoting’ and ‘Baisha’, were evaluated. Based on karyotype analysis, the following results were obtained: 1) for *C. cajan* obtained from ‘Baoting’, the karyotype formula was $2n=2x=22=16m+6sm$, the ninth group chromosome was observed to have a satellite, and the relative length composition was $2n=1L+5M_2+3M_1+2s$, typed 1A; 2) for *C. cajan* obtained from Baisha, the karyotype formula was $2n=2x=22=20m+2sm$, neither satellite nor B chromosome were observed, and the relative length composition was $2n=1L+4M_2+5M_1+1s$, typed 2A. The chromosomal characteristics of the two *C. cajan* plants from Hainan provide insights into new techniques for *C. cajan* resource identification, as well as a reference for germplasm innovation and new variety breeding.

Keywords: *Cajanus cajan*; germplasm resource; karyotype analysis; satellite; symmetry

Corresponding author: WU Qiong E-mail: wuqiong2046@126.com

收稿日期: 2023-04-30 接受日期: 2023-07-30

基金项目: 海南省重点研发项目 (ZDYF2023XDNY042)

第一作者: 程志号 (1982-), 男, 武汉新洲人, 副研究员, 博士, 主要从事热带果树遗传育种及种质资源创新研究。E-mail: zhihaocheng1@163.com

通信作者: 吴琼 (1974-), 男, 辽宁铁岭人, 研究员, 博士, 主要从事热带作物遗传改良研究。E-mail: wuqiong2046@126.com

木豆 (*Cajanus cajan*) 是豆科木豆属的木本植物,也是该属唯一的栽培种,我国也称树豆、鸽子豆、黄豆树等^[1-2]。木豆发源于印度次大陆,有 6 000 多年的栽培历史,也称热带大豆,是热带和亚热带地区常见的食用豆类作物,在全球 20 多种食用豆类作物中排第 6^[3-5]。木豆籽富含淀粉、蛋白质、人体必需的 8 种氨基酸,营养价值高;木豆叶蛋白质含量高,适口性好,是牛、羊等动物的优良饲料;木豆的根和皮还具有一定的药用价值;木豆耐旱、耐贫瘠、生长迅速、繁殖快,可作为先锋树种用于防治水土流失、恢复植被和土壤改良^[3,6]。木豆在我国云南、广西、海南等地大面积种植^[5-7]。由于木豆是常异花授粉植物^[8],自然居群条件下遗传多态性较高^[3,9-12],目前关于木豆种质资源方面的研究较少,特别是细胞遗传学方面的研究很少^[13-22]。核型分析是在染色体水平上检测遗传多样性的常用方法,是遗传学的重要手段之一,可为物种亲缘关系提供重要依据^[23-25]。为此,本研究以海南重要的两个木豆产区,保亭和白沙地方资源为材料,通过染色体计数、核型分析,研究其染色体特征,为木豆细胞遗传学研究、种质资源鉴定及新品种培育等提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

两种木豆种子分别采于海南省保亭黎族苗族自治县毛感乡 (109°30'52.69" N, 18°36'45.38" E) 和白沙县大岭农场 (109°46'40.01" N, 19°26'15.05" E)。

1.2 方法

根尖前处理:木豆种子清水浸泡 24 h 后转入 26 °C 植物培养箱,16 h 光照、8 h 黑暗条件下催芽。待根

尖长 5~8 mm 时取样,室温下饱和 8-羟基喹啉前处理 4 h 后,转入卡诺固定液(冰醋酸:乙醇=1:3, V:V) 室温固定过夜后,转入 70% 乙醇,4 °C 冰箱长期保存。

染色体制片方法:取出根尖后,通过自来水冲洗 2~3 次,每次 1 min,转入 1 mol·L⁻¹ HCl 溶液中,60 °C 下酸解 16 min,自来水冲洗 2~3 次,每次 1 min。切取根尖分生区,通过涂片法制片,改良卡宝-品红染色,盖片后镜检,拍照。取不少于 30 个染色体分散良好、着丝粒清晰的有丝分裂中期细胞进行染色体计数,若 85% 以上的细胞染色体数目恒定一致,则木豆的染色体数目为该数目。挑选染色体数目完整、无重叠、形态较好的 5 个细胞进行拍照及测量。

参考李懋学和陈瑞阳^[23]的核型分析方法,染色体相对长度、臂比及着丝粒位置按 Levan 命名系统^[24],染色体相对长度系数按 Kuo 等^[25]的方法划分,核型分类用 Stebbins 标准^[26]。

2 结果与分析

2.1 海南‘保亭’木豆体细胞核型分析

海南‘保亭’木豆细胞学制片中,共观察 37 个根尖有丝分裂中期体细胞的染色体,确定其体细胞染色体数目为 $2n = 22$,未发现非整倍性变异,一对染色体有随体,未发现 B 染色体(图 1)。共测量了 5 个分散良好、着丝点清晰的中期细胞染色体,分析体细胞同源染色体配对(图 1A),获得相应的数据,取平均值进行核型分析(表 1)及核型模式分析(图 1B)。海南‘保亭’木豆最长染色体和最短染色体的比值为 1.85,没有臂比大于 2:1 的染色体,核型公式为 $K(2n) = 2x = 22 = 16m + 6sm$,其中 10 号染色体有一对随体,未发现 B 染色体,相对长度组成为 $2n = 1L + 5M_2 + 3M_1 + 2s$,不对称系数为 60.42%,为“1A”型核型。

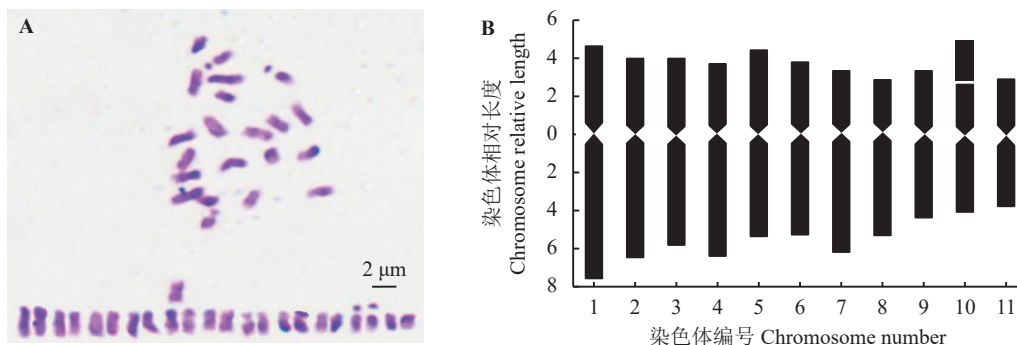


图 1 ‘保亭’木豆根尖体细胞核型图 (A) 及核型模式图 (B)

Figure 1 Karyogram (A) and idiogram (B) of *Cajanus cajan* root tip cells from ‘Baoting’

表 1 ‘保亭’木豆根尖染色体相对长度、臂比和类型
Table 1 Relative length, relative arm length, and type of *Cajanus cajan* root tip cells from ‘Baoting’

染色体编号 Chromosome number	短臂 + 长臂 = 全长 Short arm + long arm = full length/ μm	臂比 Arm ratio	分类 Type	随体 Satellite
1	4.64 + 7.55 = 12.19	1.63	m	
2	3.98 + 6.46 = 10.44	1.62	m	
3	3.98 + 5.80 = 9.78	1.46	m	
4	3.70 + 6.38 = 10.08	1.73	sm	
5	4.43 + 5.34 = 9.77	1.21	m	
6	3.79 + 5.25 = 9.04	1.39	m	
7	3.34 + 6.17 = 9.51	1.85	sm	
8	2.86 + 5.29 = 8.15	1.85	sm	
9	3.34 + 4.36 = 7.70	1.31	m	
10	2.62 + 4.06 = 6.68*	1.55	m	3.13
11	2.90 + 3.76 = 6.66	1.30	m	

*: 随体未计入染色体全长; m和sm: 中部和近中部着丝粒染色体。表2同。

The satellite length is not included in the chromosome length; m: median region; sm: submedian region. This is applicable for the Table 2 as well.

2.2 海南‘白沙’木豆体细胞核型分析

海南‘白沙’木豆细胞学制片中共观察 53 个根尖有丝分裂中期体细胞的染色体, 确定其体细胞染色体数目为 $2n = 22$, 未发现非整倍性变异, 未发现随体和 B 染色体 (图 2)。共测量了 5 个分散良好、着丝点清晰的中期细胞染色体, 分析体细胞同源染色体配对 (图 2A), 获得相应的数据, 取平均值进行核型分析 (表 2) 及核型模式图分析 (图 2B)。海南‘白沙’木豆最长染色体和最短染色体的比值为 2.36, 臂比大于 2 : 1 的染色体为 6 号染色体, 核型公式为 $K(2n) = 2x = 22 = 20m + 2sm$, 未观察到随体和 B 染色体, 相对长度组成为 $2n = 1L + 4M_2 + 5M_1 + 1s$, 不对称系数为 59.65%, 为“2A”型核型。

表 2 ‘白沙’木豆染色体相对长度、臂比和类型
Table 2 Relative length, relative arm length, and type of *Cajanus cajan* from ‘Baisha’

编号 Chromosome number	短臂 + 长臂 = 全长 Short arm + long arm = full length/ μm	臂比 Arm ratio	分类 Type
1	4.73 + 7.01 = 11.74	1.48	m
2	4.35 + 6.45 = 10.80	1.48	m
3	4.07 + 6.51 = 10.58	1.60	m
4	3.94 + 5.58 = 9.52	1.42	m
5	4.35 + 4.84 = 9.19	1.11	m
6	2.68 + 6.34 = 9.02	2.36	sm
7	3.44 + 5.57 = 9.01	1.61	m
8	3.42 + 5.23 = 8.65	1.53	m
9	3.59 + 4.21 = 7.80	1.17	m
10	2.78 + 4.16 = 6.94	1.49	m
11	2.98 + 3.72 = 6.70	1.25	m

3 讨论与结论

木豆是世界第六大食用豆类作物, 作为迄今世界唯一一种多年生粮、饲、药兼用的豆科木本作物, 在我国不仅有悠久的种植历史, 在热带亚热带地区依然有广泛的种植^[5, 27]。综合分析已发表的文献, 木豆的田间性状、同工酶谱分析、分子标记、组学等研究均显示其从表型、器官、分子不同层面均有较高的多样性^[20, 28], 但细胞学相关的研究比较少。早期的资源考察表明海南木豆资源丰富^[21-22], 近期分子标记研究显示海南木豆聚类与地理来源并不一致, 也表明海南木豆资源的遗传多样性非常丰富。细胞遗传学研究表明, 染色体作为主要遗传物质的载体, 其数量、结构的变化通常会导致相应的遗传效应。核型分析是在染色体水平上检测遗传多样性的常用方法, 根据核型的对称性、随体、B 染色体等特征对遗传多样性加以评判, 为物种的亲缘关系提

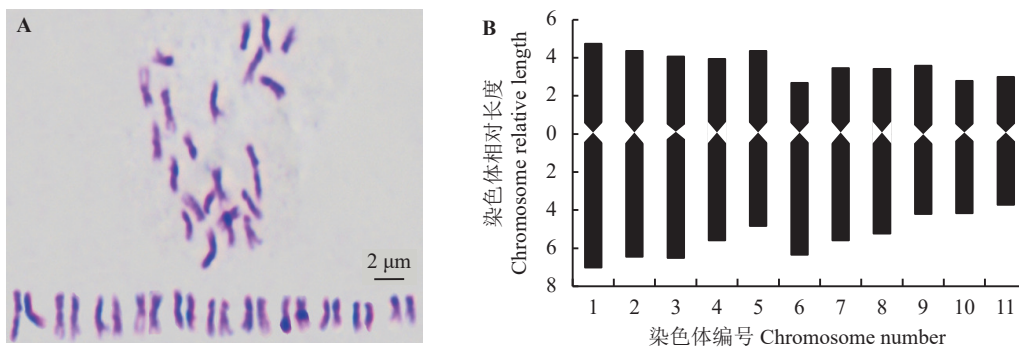


图 2 ‘白沙’木豆根尖体细胞核型图 (A) 及核型模式图 (B)
Figure 2 Karyogram (A) and idiogram (B) of *Cajanus cajan* root tip cells from ‘Baisha’

供重要依据,在很多植物中得到了应用,但在木豆属植物中的应用很少。

前人研究发现,木豆核型公式为 $2n = 2x = 18m + 4sm$,有 18 条中部着丝粒染色体和 4 条近中着丝粒染色体,无随体^[29]。本研究中两种木豆资源与前人研究有较大差异,海南‘保亭’木豆核型公式为 $K(2n) = 2X = 22 = 16m + 6sm$,近中着丝粒染色体有 6 条,其中 10 号染色体有一对随体,未发现 B 染色体,相对长度组成为 $2n = 1L + 5M_2 + 3M_1 + 2s$,为 1A 型;‘白

沙’木豆核型公式为 $K(2n) = 2X = 22 = 20m + 2sm$,近中着丝粒染色体有 6 条,未发现随体,相对长度组成为 $2n = 1L + 4M_2 + 5M_1 + 1s$,为 2A 型。虽然木豆核型分析的研究较少,但是,本研究发现海南‘保亭’和‘白沙’木豆资源在核型、对称性、随体等方面有较大差异,且与前人研究有较大差异,暗示着两个资源间遗传进化上也有较大差异,因此,有必要深入开展木豆的核型分析研究,推动木豆遗传差异的利用、分析和木豆遗传育种工作的深入。

参考文献 References:

- [1] 郑杰杰. 中国食用豆类学. 北京: 中国农业出版社, 1997.
ZHENG Z J. Chinese Edible Beans. Beijing: China Agricultural Press, 1997.
- [2] 蒋慧萍, 李杨瑞. 不同木豆品种的生物学和品质特性比较研究. 北方园艺, 2009(2): 1-4.
ZHAN H P, LI Y R. Comparative studies on the growth and quality characters in different pigeonpea varieties. Northern Horticulture, 2009(2): 1-4.
- [3] 郭蓓, 金文林, 赵波, 濮绍京, 陈学珍. 木豆种质资源遗传多样性的分析. 中国农学通报, 2010, 26(19): 378-382.
GUO B, JIN W L, ZHAO B, PU S J, CHEN X H. Analysis of genetic diversity in pigeonpea accessions. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(19): 378-382.
- [4] 罗瑞鸿, 魏源文, 李杨瑞. 木豆遗传资源及分子利用策略. 分子植物育种, 2003, 1(5): 747-750.
LUO R H, WEI Y W, LI Y R. Genetic sources and molecular utilization strategy of pigeonpea. Molecular Plant Breeding, 2003, 1(5): 747-750.
- [5] 朱文斌, 吕若岚, 彭宇婧, 李育军, 刘圆圆, 植石灿, 彭淼曦. 木豆的栽培起源、生物学特征及生产应用. 长江蔬菜, 2021(14): 34-37.
ZHU W B, LYU R L, PENG Y J, LI Y J, LIU Y Y, ZHI S C, PENG M X. The cultivation origin, biological characteristics, and production application of pigeon bean [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh]. Journal of Changjiang Vegetables, 2021(14): 34-37.
- [6] 李正红, 周朝鸿, 谷勇, 张建云. 中国木豆研究利用现状及开发前景. 林业科学研究, 2001, 14(6): 674-681.
LI Z H, ZHOU C Y, GU Y, ZHANG J Y. The present status of study and utilization of pigeonpea in China and its prospects. Forest Research, 2001, 14(6): 674-681.
- [7] 陈玉德, 侯开卫, 吕福基, 袁杰, 张志钧. 云南三种木本豆类蛋白饲料资源的潜力及开发利用前景. 林业科学研究, 1993, 3(6): 346-350.
CHEN Y D, HOU K W, LYU F J, YUAN J, ZHANG Z J. Potential and prospect of developing protein-feed resources of woody plants in Yunnan Province. Forest Research, 1993, 3(6): 346-350.
- [8] SAXENA K B, SINGH L, GUPTA M D. Variation for natural out-crossing in pigeonpea. *Euphytica*, 1990, 46: 143-148.
- [9] 蒋慧萍, 李杨瑞. 木豆随机扩增多态性 DNA 的反应体系研究. 安徽农业科学, 2008, 36(20): 8489-8491.
JIANG H P, LI Y R. Study on the reaction system of randomly amplified polymorphic DNA in pigeonpea. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2008, 36(20): 8489-8491.
- [10] 闫龙, 关建平, 宗绪晓. 木豆种质资源 AFLP 标记遗传多样性分析. 作物学报, 2007, 33(5): 790-798.
YAN L, GUAN J P, ZONG X X. Genetic diversity analysis of pigeonpea germplasm resources by AFLP. Acta Agronomica Sinica, 2007, 33(5): 790-798.
- [11] 闫龙. 木豆种质资源遗传多样性分析. 北京: 中国农业科学院硕士学位论文, 2005.
YAN L. Assessment of genetic diversity of pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh] germplasm resources. Master Thesis. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2005.
- [12] 陈志祥, 罗小燕, 李拴林, 吴如月, 王文强, 丁西朋. 基于 SSR 标记的木豆种质资源遗传多样性与群体结构分析. 草地学报, 2021, 29(5): 904-911.
CHEN Z X, LUO X Y, LI S L, WU R Y, WANG W Q, DING X P. Genetic Diversity and population structure analysis of the

- pigeonpea (*Cajanus cajan* L.) germplasm resources based on SSR markers. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(5): 904-911.
- [13] VARSHNEY R K, CHEN W B, LI Y P, BHARTI A K, SAXENA R K, SCHLUETER J A, DONOGHUE M T A, SARWAR A, FAN G Y, WHALEY A M, FARMER A D, SHERIDAN J, IWATA A, REETU T, PENMETSIA R V, WU W, UPADHYAYA H D, YANG S P, TRUSHAR S, SAXENA K B, MICHAEL T, MCCOMBIE W R, YANG BC, ZHANG G Y, YANG H M, WANG J, SPILLANE C, COOK D R, MAY G D, XU X, JACKSON S A. Draft genome sequence of pigeonpea (*Cajanus cajan*), an orphan legume crop of resource-poor farmers. *Nature Biotechnology*, 2012, 30(1): 83-89.
- [14] 马宏, 李正红, 刘秀贤, 万友名, 谷勇. 木豆良种‘ICP7035’. *林业科学*, 2013, 49(2): 146.
MA H, LI Z H, LIU X X, WAN Y M, GU Y. An elite *Cajanus cajan* variety ‘ICP7035’. *Scientia Silvae Sinicae*, 2013, 49(2): 146.
- [15] 万友名, 李正红, 马宏, 刘秀贤, 谷勇, 李立, 梁宁. 木豆新品种‘CAF10’. *林业科学*, 2012, 48(7): 192.
WAN Y M, LI Z H, MA H, LIU X X, GU Y, LI L, LIANG N. A new *Cajanus cajan* cultivar ‘CAF10’. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(7): 192.
- [16] 马宏, 李正红, 刘秀贤, 万友名, 谷勇, 李立, 梁宁. 木豆新品种‘CAF11’. *林业科学*, 2012, 48(8): 166.
MA H, LI Z H, LIU X X, WAN Y M, GU Y, LI L, LIANG N. A new *Cajanus cajan* cultivar ‘CAF11’. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(8): 166.
- [17] 刘秀贤, 李正红, 马宏, 万友名, 谷勇, 李立, 梁宁. 木豆新品种‘CAF9’. *林业科学*, 2012, 48(6): 178.
LIU X X, LI Z H, MA H, WAN Y M, GU Y, LI L, LIANG N. A new *Cajanus cajan* cultivar ‘CAF9’. *Scientia Silvae Sinicae*, 2012, 48(6): 178.
- [18] 张瑜, 郇恒福, 王文强, 杨虎彪, 李欣勇, 刘国道. 海南乡土草蔓草虫豆种子的耐干特性. *热带作物学报*, 2022, 43(1): 87-93.
ZHANG Y, HUAN H F, WANG W Q, YANG H B, LI X Y, LIU G D. Ultra-drying tolerance of the seeds of *Cajanus cajan*, a Hainan native grass. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2022, 43(1): 87-93.
- [19] 唐军, 丁西朋, 陈志坚, 马向丽, 毕玉芬, 郭凤根. 木豆响应低温胁迫差异表达基因分析. *草地学报*, 2022, 30(7): 1701-1711.
TANG J, DING X P, CHEN Z J, MA X L, BI Y F, GUO F G. Analysis of differentially expressed genes in pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.] responses to cold stress. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, 30(7): 1701-1711.
- [20] 唐军, 王文强, 丁西朋, 马向丽, 毕玉芬, 郭凤根. 木豆遗传多样性及抗逆机制研究进展. *热带作物学报*, 2021, 42(10): 2798-2805.
TANG J, WANG W Q, DING X P, MA X L, BI Y F, GUO F G. Review of research in genetic diversity and mechanism of stress resistance of pigeonpea. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2021, 42(10): 2798-2805.
- [21] 汪飞杰, 王天云, 王弗能. 海南岛食用豆资源. *作物品种资源*, 1991(1): 7-10.
WANG F J, WANG T Y, WANG F N. Edible bean resources in Hainan Island. *Crop Germplasm Resources*, 1991(1): 7-10.
- [22] 陈定如, 陈学宪. 海南岛野生牧草资源调查. *华南师院学报(自然科学版)*, 1981(2): 23-39.
CHEN D R, CHEN X X. Investigation of wild grass resources in Hainan Island. *Journal of South China Normal University (Natural Science Edition)*, 1981(2): 23-39.
- [23] 李懋学, 陈瑞阳. 关于植物核型分析的标准化问题. *武汉植物学研究*, 1985, 3(4): 297-302.
LI M X, CHEN R Y. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1985, 3(4): 297-302.
- [24] LEVANA, FREDGA K, SANDBERG A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 1964, 52(2): 201-220.
- [25] KUO S R, WANG T T, HUANG T C. Karyotype analysis of some formosan gymnosperms. *Taiwania*, 1972, 1(17): 66-80.
- [26] STEBBINS G L. *Chromosomal Evolution in High Plants*. London: Edward Arnold Ltd. 1971: 87-90.
- [27] 蔡佳仲, 戴湾, 张嫩玲. 木豆化学成分和药理活性研究进展. *天然产物研究与开发*, 2020, 32(3): 515-524, 506.
CAI J Z, DAI W, ZHANG N L. Advance on chemical constituents and pharmacological activities of *Cajanus cajan* (L.) Millsp. *Natural Product Research and Development*, 2020, 32(3): 515-524, 506.
- [28] 廖丽, 罗英, 潘佳慧, 罗小燕, 杨虎彪, 丁西朋, 王志勇. 木豆种质资源质量评价. *草业科学*, 2020, 37(11): 2293-2308.
LIAO L, LUO Y, PAN J H, LUO X Y, YANG H B, DING X P, WANG Z Y. Study on the quality evaluation of pigeon pea accessions. *Pratacultural Science*, 2020, 37(11): 2293-2308.
- [29] YUNIASTUTI E, PRIMANIT S E, SUKAYA, DELFIANTI M N. Karyotypic analysis of pigeon pea (*Cajanus cajan* L.). *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 2021: 637.

(责任编辑 王芳)