

## 通过图像分析方法作出的薏苡定量染色体图

韩永华<sup>1, 2</sup>, 亓翠英<sup>1</sup>, 刘立华<sup>1</sup>, 宋运淳<sup>1</sup>, ①

1.武汉大学植物发育生物学教育部重点实验室;武汉 430072; 2.广西师范大学生命科学学院;桂林 541004

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 薏苡染色体数目为 $2n=20$ , 由于中期染色体的长度差异不大, 相邻染色体难以区分, 而薏苡前中期的染色体相对较长, 经DAPI染料染色后染色体上显示明显不同的深染区和浅染区, 深染区和浅染区分别相当于染色体上染色质纤维较浓缩和较伸展的区域。前中期染色体上染色深浅不一的染色区可以作为识别薏苡特定染色体的重要标志, 也可用于辨别同源染色体。用MetaMorph软件定量分析了薏苡每条前中期染色体上(从短臂到长臂) DAPI信号强度的变化, 结合染色体的长度和臂比作为辅助参数, 构建了薏苡前中期染色体的定量染色体图。该定量染色体图不仅描述了每条染色体不同区域浓缩程度的不同, 而且也反应出不同浓缩区域所占染色体长度的比例。因此该定量染色体图是实际的前中期染色体的一种直观模式, 可作为识别薏苡基因组中每条染色体的有力依据。

**关键词** [薏苡](#) [前中期染色体](#) [图像分析](#) [定量染色体图](#)

分类号

1.The Key Laboratory of MOE for Plant Developmental Biology;Wuhan University;Wuhan 430072;China; 2.College of Life Sciences;Guangxi Normal University;Guilin 541004;China

### Abstract

**Key words** [Key words](#) [Coix lacryma-jobi L.](#) [prometaphase chromosomes](#) [image analysis](#) [quantitative chromosome map](#)

DOI:

通讯作者

### 扩展功能

#### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(293KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

#### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

#### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“薏苡”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [韩永华](#)
- 
- [亓翠英](#)
- [刘立华](#)
- [宋运淳](#)
-