

甘蔗属野生种割手密的育种利用进展与探讨

刘家勇^{1,2}, 邓祖湖², 吴才文¹, 桃联安¹, 陆鑫¹, 赵培方¹, 张跃彬¹

(¹ 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;

² 福建农林大学国家甘蔗工程技术研究中心, 福州 350002)

摘要: 优异种质资源的开发利用是作物育种取得突破的关键。甘蔗 (*Saccharum spp.*) 是世界上主要糖料作物, 但长期以来遗传改良进展缓慢, 制约了甘蔗品种选育取得进一步的突破。甘蔗野生种割手密 (*Saccharum spontaneum* L.) 是甘蔗属中利用最成功的野生种, 如何进一步开发利用其育种潜力无疑是破解这一现状的积极选择。本文简要概述了割手密在遗传多样性及创新利用方式等方面的研究现状, 重点分析了割手密创新利用中存在的不足, 并探讨了进一步开发利用割手密育种潜力的新思路。

关键词: 甘蔗种质资源; 创新利用; 割手密; 遗传改良

Progress and Discussion of Sugarcane Breeding using *Saccharum spontaneum* L.

LIU Jia-yong^{1,2}, DENG Zu-hu², WU Cai-wen¹, TAO Lian-an¹, LU Xin¹, ZHAO Pei-fang¹, ZHANG Yue-bin¹

(¹ Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Key Laboratory of Sugarcane

Genetic Improvement, Kaiyuan 661699; ² National Engineering Research Center for Sugarcane,

Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002)

Abstract: The significant advance on crop breeding largely relies on exploration and utilization of excellent germplasm resources. Sugarcane (*Saccharum spp.*) is the major sugar crop in the world, but for a long time limited progress in sugarcane breeding has been made. *Saccharum spontaneum* L. is a wild species in *Saccharum* L., and this species as the most successful example has been used in sugarcane breeding. Optimal use of this wild species *Saccharum spontaneum* L. in sugarcane breeding is of interest to overcome this limitation. In this review, we summarized the progress on the genetic diversity analysis and innovative utilization of *Saccharum spontaneum* L., analyzed the limitations restricting its innovative utilization, and ultimately raised prospective for future innovation and utilization in sugarcane breeding.

Key words: sugarcane germplasm resources; innovative utilization; *Saccharum spontaneum* L.; genetic improvement

种质资源是作物育种的物质基础, 优异种质的开发利用是作物育种取得突破的关键。作物种质资源中一些优异基因的开发和利用, 可以使作物的产量取得突破性进展, 如第一次“绿色革命”就是

由于小麦、水稻资源中少数几个矮秆基因的开发利用引发的^[1]。再如, 我国的杂交水稻取得了巨大成功, 其中水稻资源“野败”的发现与应用起着关键作用^[1]。

收稿日期: 2021-04-28 修回日期: 2021-05-24 网络出版日期: 2021-06-09

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210428002>

第一作者主要从事甘蔗遗传育种与种质资源研究, E-mail: lljyy1976@163.com

通信作者: 张跃彬, 主要从事甘蔗育种与产业技术研究, E-mail: ynzby@sohu.com

基金项目: 国家自然科学基金 (31960448); 国家糖料产业技术体系 (CARS-170101); 海外高层次人才引进计划 (YNQR-GDWG-2018-015); 云南省农业基础研究联合专项 (2018FG001-067)

Foundation projects: The National Natural Science Foundation of China (31960448), Earmarked Fund for China Agriculture Research System (CARS-170101), Oversea Top Talents Projects (YNQR-GDWG-2018-015), Yunnan Joint Foundation for Agricultural Basic Research (2018FG001-067)

甘蔗是主要糖料作物,在甘蔗杂交育种历程中,种质资源的开发利用同样发挥了开创性作用,而甘蔗野生种割手密(*Saccharum spontaneum* L.)无疑是这一事件的主角。割手密(又称细茎野生种)为禾本科(Gramineae)蜀黍族(Andropogoneae)甘蔗属(*Saccharum* L.)多年生草本植物^[2],地理分布非常广泛^[3],具有生势强、分蘖多、宿根性强、早生快发、抗旱、耐寒、耐贫瘠、抗逆性好等优点^[4]。20世纪前期,爪哇和印度的甘蔗育种家分别育成热带种与割手密种间杂交的后代,是甘蔗杂交育种史上的一次“飞跃”式的进展^[5]。Jeswiet 通过高贵化路线,以高贵种(热带种)和割手密(爪哇割手密)作为亲本进行高贵化育种,从而选育出了 POJ 系列品种和亲本材料,其中,抗病、高产、高糖品种 POJ2878 成为了风靡全球的蔗王和应用最广泛的杂交亲本,现今绝大多数甘蔗商业品种均含有它的血缘^[6]。但继此之后,百余年的割手密利用研究中,世界各国虽各有建树,但突破性的甘蔗品种并未出现^[7]。我国大陆对本土割手密的利用始于 1954 年,广州甘蔗糖业研究所海南甘蔗育种场以 POJ2878 为高贵化亲本,与崖城割手密(父本)杂交育成了崖城 55-7^[5]。至 2011 年我国大陆利用本土割手密育种育成甘蔗品种 36 个^[5]。本土割手密的利用一定程度上扩大了我国栽培品种的遗传基础,对改善亲本和品种遗传单一化趋势发挥了积极的作用。据 2014 年 FAO(联合国粮食及农业组织)数据显示,自 1960 年以来,与水稻、小麦、玉米、大豆、油菜、甜菜等作物相比,甘蔗产量的遗传改良进展明显滞后且增速缓慢^[8],而甘蔗糖分遗传改良同样也面临增速缓慢的问题^[9]。甘蔗遗传改良似乎遭遇了瓶颈,如何提升甘蔗重要目标性状的遗传改良进展,种质资源的进一步开发利用应是破解这一现状的积极选择,而割手密作为甘蔗属及其近缘属种中最有育种价值和研究价值的野生种之一^[10]无疑是甘蔗育种工作者需要考虑的。

1 割手密多样性研究

1.1 割手密染色体数目鉴定研究

对于割手密染色体数目的研究,Kuwada 首次报道了染色体数目 $2n=68$ 的割手密无性系^[11],之后相关研究报道不断增多。Panje 等^[12]对印度 Coimbatore 甘蔗育种场的 450 份割手密无性系的染色体数目进行了研究,发现染色体 $2n$ 在 40~128 之间,共有 29 种类型。表 1 列出了中国割手密染色体

数目研究的部分结果,均反映出割手密染色体数目类型十分丰富。

表 1 割手密染色体数目研究部分结果

Table 1 Some results on chromosome number of *Saccharum spontaneum* L.

割手密份数 No. of <i>Saccharum</i> <i>spontaneum</i> L.	染色体数 ($2n$) Chromosome number	参考文献 References
21	72、80、84、88、92、96、102	[13]
78	72、80、84、88、92、96、102	[14]
106	60、64、70、72、78、80、90、92、 96、104、108	[15]
247	60、64、70、72、78、80、90、92、 96、104、108	[16]
87	60、64、70、80	[17]
5	48、56、64、80、95	[18]
25	60、64、70、76、78、80、82	[19]

1.2 割手密遗传多样性研究

Govindaraj 等^[20]对采自印度西北部干旱与半干旱地区的 32 份割手密的 10 个数量性状和 26 个质量性状的数据进行收集和分析,结果显示,所有性状均存在较高的遗传多样性。黄忠兴等^[21]对 456 份割手密资源 13 个性状进行评价,结果表明株高、锤度等多个性状都表现出了丰富的遗传变异。刘建乐等^[22]对 43 份割手密的株高、茎径等 15 个重要农艺性状进行评价和分析,15 个性状都表现出较大的遗传变异。刘新龙等^[23]以 171 份十倍体割手密资源为材料,针对 8 个质量性状指标和 8 个数量性状指标进行研究,结果显示数量性状的遗传变异丰富。张革民等^[24]对 94 份割手密的 7 个数量性状进行研究,7 个性状的变异系数在 14.83%~62.41% 之间,变异丰富。

Fan 等^[25]采用 SSR 分子标记,研究了 152 份采集自中国 8 个不同地理区域的割手密的遗传多样性,发现来自西南地区的割手密具有最高的遗传多样性。Pan^[26]和 Mary 等^[27]分别采用 RAPD-PCR 和 ISSR 标记,研究了 33 份和 40 份割手密的分子遗传多样性,均表明多样性丰富。许多分子方面的研究^[28-31]同样表明割手密存在丰富的遗传多样性。

2 割手密创新利用方式现状

通过高贵化育种^[32],割手密的抗逆性、适应性等优良性状得以开发利用。至此开始,将割手密作为父本,与热带种或栽培品种杂交,再逐代回交,一

直是割手密创新利用的主要方式或传统方式。在此方式下,许多优良亲本和品种不断育成,并基于甘蔗育种“世代前进”原则^[33],推动了甘蔗品种遗传改良工作不断向前发展。

在此背景下,许多学者开展了斑茅(*Erianthus arundinaceus* (Retz.) Jeswiet)与割手密杂交,创制斑茅与割手密的复合体^[34-37],以及利用割手密作为母本与热带种或栽培品种杂交和回交^[38]等利用方式的创新性研究,为割手密种质资源的开发利用提供了新思路,但未见育成品种进行大规模应用的报道。不管是传统的利用方式,还是后来开展的创新性研究,用于杂交利用的割手密都存在共同的特点,

即其性状水平均属自然选择的结果。

3 割手密创新利用存在的不足

3.1 割手密利用数量有限

割手密在自然界广泛分布,类型十分丰富,但其利用数量极其有限。依据系谱对我国大陆甘蔗杂交育种 20 个骨干亲本^[39]中割手密利用情况进行统计(表 2),不同来源地的割手密利用数量仅 1~4 个,包括印度割手密、印度尼西亚爪哇割手密以及中国崖城割手密(海南)和中国台湾省的割手密,其中 CP84-1198 和 ROC23 所含的割手密个数最多(4 个)。

表 2 我国大陆 20 个甘蔗骨干亲本割手密利用数量
Table 2 Quantity of *Saccharum spontaneum* L. in 20 major sugarcane parents in mainland China

编号 No.	骨干亲本名称 Key parent	亲本 Parent		来源 Origin of <i>Saccharum spontaneum</i> L.				
		母本 Female	父本 Male	A	B	C	D	合计 Amount
1	F134	POJ2878	Co290	1	1	—	—	2
2	CP49-50	CP34-120	Co356	1	1	—	—	2
3	Co419	POJ2878	Co290	1	1	—	—	2
4	CP72-1210	CP52-68	CP56-63	2	1	—	—	3
5	内江 57-416	Co281	F134	2	1	—	—	3
6	NCo310	Co421	Co312	2	1	—	—	3
7	F108	POJ2725	F46	—	1	—	—	1
8	CP28-11	Co281	US1694	1	—	—	—	1
9	华南 53-63	POJ2878	Co290	1	1	—	—	2
10	崖城 71-374	粤糖 54-143	崖城 58-47	1	1	1	—	3
11	CP84-1198	CP70-1133	CP72-2086	3	1	—	—	4
12	ROC1	F146	CP58-48	1	1	—	—	2
13	粤农 73-204	粤糖 57-423	CP49-50	2	1	—	—	3
14	ROC10	ROC5	F152	1	1	—	—	2
15	ROC22	ROC5	PT69-463	2	1	—	—	3
16	ROC25	PT69-463	PT79-6048	1	1	—	—	2
17	科 5	POJ2878	B3412	—	1	—	—	1
18	粤糖 91-976	粤农 73-204	CP67-412	1	1	—	—	2
19	ROC23	F166	PT74-575	2	1	—	1	4
20	粤糖 85-177*	粤糖 57-423	CP57-614 + CP72-1312	1	1	—	—	2

*: 为多父本杂交,因此只统计了母本。A: 印度割手密; B: 印度尼西亚爪哇割手密; C: 中国海南崖城割手密; D: 中国台湾省割手密
* means polycross, so only statistics for female. A means the *Saccharum spontaneum* L. from India, B means the *Saccharum spontaneum* L. from Indonesia, C means the *Saccharum spontaneum* L. from Yacheng, Hainan province, China, D means the *Saccharum spontaneum* L. from Taiwan province, China

赵小坤等^[40]报道,凉蔗 2 号利用了 4 个割手密(印度尼西亚爪哇、印度、中国海南陵水和崖城割手密)血缘。安汝东等^[41]利用中国云南蛮耗割手密育成了云蔗 99-155,这是利用中国云南割手密育成的第一个甘蔗品种。目前,粤糖 93-159(亲

本: 粤农 73-204 × CP72-1210)、云蔗 05-51(亲本: 崖城 90-56 × ROC23)、柳城 05-136(亲本: CP81-1254 × ROC22)和桂糖 42 号(亲本: ROC22 × 桂糖 92-66,该品种是我国目前推广面积最大的品种)等品种在我国蔗区生产上大面积推广应用,其中,

粤糖 93-159 含 3 个割手密血缘 (2 个印度割手密、1 个印度尼西亚爪哇割手密), 云蔗 05-51 含 4 个割手密血缘 (2 个印度割手密、1 个印度尼西亚爪哇割手密和 1 个中国台湾省割手密), 桂糖 42 号含 4 个割手密血缘 (2 个印度割手密、1 个印度尼西亚爪哇割手密和 1 个中国崖城割手密), 柳城 05-136 因其母本 CP81-1254 亲系不详, 难以统计, 但另一亲本 ROC22 含 3 个割手密血缘。

上述统计资料中涉及的亲本和品种利用了 3 个印度割手密、1 个印度尼西亚爪哇割手密、1 个中国海南崖城割手密、1 个中国海南陵水割手密、1 个中国台湾省的割手密和 1 个中国云南蛮耗割手密, 共计 8 个。陆鑫等^[42]报道, 美国农业部 2012 年 4 月 8 日公布的美国国家甘蔗种质资源圃共保育种质资源为 2863 份, 其中割手密 709 份。我国国家甘蔗种质资源圃截至 2020 年 12 月保存的割手密资源为 961 份。虽然统计亲本和品种不够全面, 但相较于割手密的丰富数量, 其利用数量十分有限是显而易见的, 尚有巨大的利用空间亟待开发。

3.2 传统利用方式下的割手密其性状没有得到改良

传统的利用方式是将割手密直接应用于杂交和创新利用, 而直接应用于杂交的割手密是自然选择的结果, 其性状水平始终没有得到改良和提升。而现代甘蔗品种通过杂交和人工选择, 性状逐步聚合和提升。百余年来, 对于割手密的利用始终坚持了这一思路, 这或许成为了制约割手密巨大育种潜力进一步发挥的重要原因。基于传统利用方式, 割手密促成了甘蔗杂交育种史上的第一次“飞跃”。如果通过遗传改良和性状聚合, 提升割手密的性状水平, 能否促进甘蔗杂交育种取得再一次的飞跃 (图 1)。

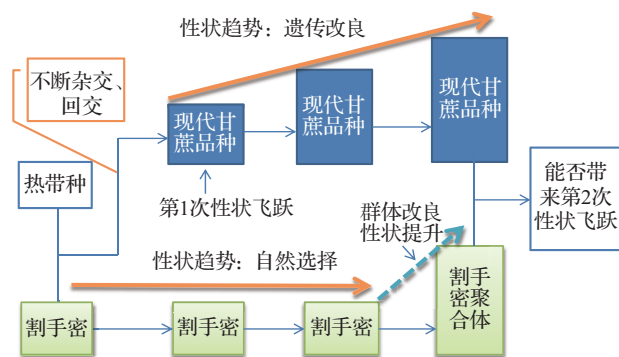
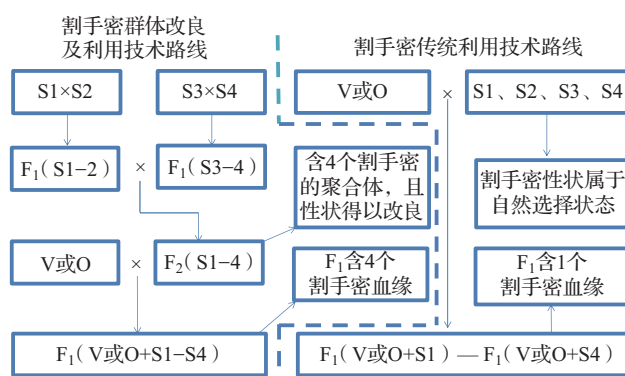


图 1 割手密为甘蔗杂交育种实现再一次性状飞跃的设想
Fig.1 Assumption of “traits leap” once again in sugarcane hybrid breeding realized by utilizing *Saccharum spontaneum* L.

4 割手密创新利用思路探讨

从现有的利用方式看, 不管是哪种方式, 用于种质创新的割手密均为直接利用, 而直接利用的割手密是自然选择的结果。割手密的染色体数目和遗传多样性等研究表明, 割手密群体蕴含丰富的遗传变异, 这为割手密群体改良奠定了遗传基础。

因此, 对割手密创新利用思路提出以下建议: 以逆向的思路, 在割手密应用于种质创新前, 即在与热带种或栽培品种杂交前, 通过割手密无性系间的杂交和人工选择, 对割手密进行长期和系统的遗传改良, 创制目标性状更为优良且含多个割手密血缘的聚合体, 并适时将聚合体应用于种质创新, 充分发掘割手密的育种潜力。图 2 为割手密遗传改良与利用技术路线的简要示意图, 并与传统利用方式进行了比较。



S1~S4 代表 4 个不同的割手密亲本。F₁ (S1-2)、F₁ (S3-4) 和 F₂ (S1-4) 分别表示 F₁ 含 S1 和 S2 割手密、F₁ 含 S3 和 S4 割手密、F₂ 含 S1、S2、S3 和 S4 割手密; V 代表商业品种; O 代表热带种; 示意图中以 4 个割手密且改良到

F₂ 进行利用为例, 实践中不限于 F₂ 和 4 个割手密

S1-S4 represent 4 different *Saccharum spontaneum* L. parents. F₁ (S1-2), F₁ (S3-4) and F₂ (S1-4) indicate that F₁ generation derives from S1 and S2, F₁ generation derives from S3 and S4, and F₂ generation derives from S1, S2, S3 and S4, respectively. V means commercial variety, and O means *Saccharum officinarum* L. In the assumption, F₂ would be derived from 4 *Saccharum spontaneum* L. parents for the innovative utilization. This is just an example, and more *Saccharum spontaneum* L. parents and generations could be applied in practice

图 2 割手密群体改良及与传统利用技术路线比较示意图
Fig.2 The comparison diagram of technology pathways between population improvement and traditional method for *Saccharum spontaneum* L. utilization

系统分类认为甘蔗属包含热带种 (*Saccharum officinarum* L.)、割手密 (*Saccharum spontaneum* L.)、大茎野生种 (*Saccharum robustum* E. W. Brandes

& Jeswiet ex Grassl)、中国种(*Saccharum sinense* Roxb.)、印度种(*Saccharum barberi* Jeswiet)和肉质花穗种(*Saccharum edule* Hassk.)等6个种^[43],但基因组原位杂交研究认为,中国种和印度种都是热带种与割手密的杂交后代^[44]。原先认为大茎野生种经过人工栽培驯化得到热带种^[45],但最近的分子生物学证据表明它们是2个独立的甘蔗种^[46]。因此,割手密、热带种和大茎野生种被认为是甘蔗属的3个原始种^[46]。由于肉质花穗种应用相对较少^[6],目前绝大多数现代甘蔗栽培品种由上述3个原始种的血缘构成,即属于3个原始种的“中间型”。所以,对于甘蔗杂交育种而言,不仅可以对割手密进行长期和系统的遗传改良,对于热带种和大茎野生种同样可以采用相同的思路进行育种潜力的进一步开发利用。解决好3个原始种的遗传改良或许可以为目前甘蔗品种遗传改良所面临的瓶颈找到切入点。

对于热带种,百年之前就开展了类似的工作且发挥了重要作用。EK28(亲本:EK2×POJ100)是4个热带种(Lahaina、Fiji、Loethers、B.hitan)的杂交后代,育种家利用EK28育成了享誉全球的POJ2878(亲本:POJ2364×EK28)。当时为什么没能坚持将热带种进行长期和系统的遗传改良不得而知,如果这项工作一直坚持到现在,或许目前的甘蔗育种状况将是另一番景象也犹未可知。

参考文献

- [1] 贾继增,张启发. 为第二次“绿色革命”发掘基因资源. 中国基础科学, 2001(7): 6-10
Jia J Z, Zhang Q F. Exploring gene resources for “the Second Green Revolution”. China Basic Science, 2001, (7): 6-10
- [2] 俞华先,田春艳,经艳芬,安汝东,郎荣斌,边芯,董立华,周清明,杨李和,孙有芳,桃联安. 云南割手密创新种质F₂的主成分聚类分析及其评价. 植物遗传资源学报, 2019, 20(3): 624-633
Yu H X, Tian C Y, Jing Y F, An R D, Lang R B, Bian X, Dong L H, Zhou Q M, Yang L H, Sun Y F, Tao L A. Principal component clustering analysis and evaluation of F₂ generation from Yunnan *Saccharum spontaneum* L. innovation germplasm. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(3): 624-633
- [3] 杨翠凤,杨丽涛,李杨瑞. 甘蔗的起源和进化. 南方农业学报, 2014, 45(10): 1744-1750
Yang C F, Yang L T, Li Y R. Origins and evolution of sugarcane. Journal of Southern Agriculture, 2014, 45(10): 1744-1750
- [4] 王勤南,陈俊吕,张伟,常海龙,吉家乐,邱永生,刘少谋. 甘蔗细茎野生种质资源叶绿素荧光特性比较及聚类分析. 广东农业科学, 2017, 44(5): 19-25
Wang Q N, Chen J L, Zhang W, Chang H L, Ji J L, Qiu Y S, Liu S M. Comparison and cluster analysis of chlorophyll fluorescence characteristics in *Saccharum spontaneum* L. resources. Guangdong Agricultural Sciences, 2017, 44(5): 19-25
- [5] 邓海华. 我国本土割手密育成品种的亲缘关系分析. 广东农业科学, 2012, 39(8): 167-170
Deng H H. Pedigree analysis of the native *S. spontaneum*-derived varieties of sugarcane in mainland China. Guangdong Agricultural Sciences, 2012, 39(8): 167-170
- [6] 柴进,余凡,谢树伟,黄飞,邓祖湖,杨永庆. 甘蔗割手密高贵化育种中分子细胞遗传学研究进展. 华北农学报, 2019, 34(S1): 386-393
Chai J, Yu F, Xie S W, Huang F, Deng Z H, Yang Y Q. Advances in molecular cytogenetics on the nobilization of sugarcane *Saccharum spontaneum*. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2019, 34(S1): 386-393
- [7] 经艳芬,朱建荣,桃联安,董立华,安汝东,杨李和,周清明,段惠芬. 中国利用甘蔗细茎野生种培育创新亲本的主要进展. 分子植物育种, 2011, 9(1): 1274-1283
Jing Y F, Zhu J R, Tao L A, Dong L H, An R D, Yang L H, Zhou Q M, Duan H F. Main advancement on breeding creation parents in using *S. spontaneum* derived from China in sugarcane. Molecular Plant Breeding, 2011, 9(1): 1274-1283
- [8] Fischer R A, Byerlee D, Edmeades G O. Crop yields and global food security: will yield increase continue to feed the world?. Food Security, 2014, 6(6): 903-904
- [9] Jackson P A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. Field Crops Research, 2005, 92(2-3): 277-290
- [10] 李杨瑞. 现代甘蔗学. 北京: 中国农业出版社, 2010: 105
Li Y R. Modern sugarcane science. Beijing: China Agriculture Press, 2010: 105
- [11] 常丹,鄢家俊,白史且,梁绪振,干友民,李达旭,游明鸿,杨富裕,张蕴薇. 割手密种质资源研究进展. 草业科学, 2011, 28(4): 636-641
Chang D, Yan J J, Bai S Q, Liang X Z, Gan Y M, Li D X, You M H, Yang F Y, Zhang Y W. Advances in germplasm of *Saccharum spontaneum*. Pratacultural Science, 2011, 28(4): 636-641
- [12] Panje R R, Babu C N. Studies in *Saccharum spontaneum* distribution and geographical association of chromosome numbers. Cytologia, 2009, 25(2): 152-172
- [13] 王永琦,王子琳,郭陈福,潘世明,曾东火. 福建割手密的染色体研究. 甘蔗糖业, 1996(5): 9-13
Wang S Q, Wang Z L, Guo C F, Pan S M, Zeng D H. Studies on the chromosome of *Saccharum spontaneum* from Fujian. Sugarcane and Canesugar, 1996(5): 9-13
- [14] 潘世明,郭陈福,王子琳,王永琦,曾东火. 福建割手密的搜集、研究和利用. 甘蔗, 1998, 5(2): 6-9
Pan S M, Guo C F, Wang Z L, Wang S Q, Zeng D H. Collection, research and utilization of *S. spontaneum* L. in Fujian province. Sugarcane, 1998, 5(2): 6-9
- [15] 文建成,蔡青,范源洪,张明,陈辉. 甘蔗属割手密(*Saccharum Spontaneum*),近缘属斑茅(*Sclerostachya*)及河八王(*Narenga*)的染色体数目研究. 甘蔗糖业, 2001(3): 12-15
Wen J C, Cai Q, Fan Y H, Zhang M, Chen H. Studies on the chromosome numbers of *Saccharum Spontaneum* and related plants-*Sclerostachya*, *Narenga* in China. Sugarcane and

- Canesugar, 2001 (3): 12-15
- [16] 蔡青, 文建成, 范源洪, 王丽萍, 马丽. 甘蔗属及其近缘植物的染色体分析. 西南农业学报, 2002 (2): 16-19
Cai Q, Wen J C, Fan Y H, Wang L P, Ma L. Chromosome analysis of *Saccharum* L. and related plants. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2002 (2): 16-19
- [17] 杨清辉, 何顺长. 云南割手密 (*Saccharum spontaneum*) 染色体数目及其地理分布研究. 甘蔗, 1996, 3 (1): 10-13
Yang Q H, He S C. Studies on *Saccharum spontaneum* chromosome numbers and geographical distribution in Yunnan, China. Sugarcane, 1996, 3 (1): 10-13
- [18] 李苏洁, 王先宏, 杨清辉. 基于 5S rDNA-FISH 定位的缅甸割手密倍性鉴定. 分子植物育种, 2018, 16 (4): 1229-1235
Li S J, Wang X H, Yang Q H. The ploidy identification of *Saccharum spontaneum* collected from Myanmar based on 5S rDNA-FISH. Molecular Plant Breeding, 2018, 16 (4): 1229-1235
- [19] 李德明. 云南割手密 (*Saccharum Spontaneum* L.) 的研究 - 染色体数目的初报 (摘要). 云南农业大学学报, 1988 (1): 44
Li D M. The study on *Saccharum spontaneum* in Yunnan, China—preliminary study on chromosome numbers (abstract). Journal of Yunnan Agriculture University, 1988 (1): 44
- [20] Govindaraj P, Amalraj V A, Mohanraj K, Nair N V. Collection, characterization and phenotypic diversity of *Saccharum spontaneum* L. from arid and semi arid zones of northwestern India. Sugar Tech, 2014, 16 (1): 36-43
- [21] 黄忠兴, 周峰, 王勤南, 金玉峰, 符成, 胡后祥, 张垂明, 常海龙, 吉家乐, 吴其卫, 齐永文, 刘少谋. 国内外割手密资源农艺性状表型遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2012, 13 (5): 825-829
Huang Z X, Zhou F, Wang Q N, Jin Y F, Fu C, Hu H X, Zhang C M, Chang H L, Ji J L, Wu Q W, Qi Y W, Liu S M. Genetic diversity assessment of *Saccharum spontaneum* L. native of domestic and overseas with phenotype agronomic traits. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13 (5): 825-829
- [22] 刘建乐, 白昌军, 严琳玲, 贾庆麟, 罗灿, 张瑜. 43 份割手密资源农艺性状遗传多样性评价. 热带作物学报, 2015, 36 (2): 229-236
Liu J L, Bai C J, Yan L L, Jia Q L, Luo C, Zhang Y. Genetic diversity assessment of 43 *Saccharum spontaneum* L. varieties with agronomic traits. Chinese Journal of Tropical Crops, 2015, 36 (2): 229-236
- [23] 刘新龙, 苏火生, 应雄美, 马丽, 陆鑫, 刘洪博, 邓祖湖. 中国十倍体割手密资源的表型相关性及其遗传多样性. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2012, 38 (6): 574-579
Liu X L, Su H S, Ying X M, Ma L, Lu X, Liu H B, Deng Z H. Phenotypic correlation and genetic diversity of decaploids of *Saccharum spontaneum*. Journal of Hunan Agricultural University: Natural Sciences, 2012, 38 (6): 574-579
- [24] 张革民, 杨荣仲, 刘海斌, 方位宽. 割手密主要数量性状的主成分及聚类分析. 西南农业学报, 2006 (6): 1127-1131
Zhang G M, Yang R Z, Liu H B, Fang W K. Principal component analysis for 7 quantitative traits and cluster analysis based on 7 quantitative traits of *Saccharum spontaneum* L. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2006 (6): 1127-1131
- [25] Fan L N, Deng H H, Luo Q W, He H Y, Li Y, Wang Q N, Huang Z X, Wu J T, Li Q W, Liu S M, Qi Y W. Genetic diversity of *Saccharum spontaneum* from geographical regions of China assessed by simple sequence repeats. Genetics and Molecular Research, 2013, 12 (4): 5916-5925
- [26] Pan Y B. Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing. Sugar Tech, 2006, 8 (4): 246-256
- [27] Mary S, Nair N V, Chaturvedi P K, Selvi A. Analysis of genetic diversity among *Saccharum spontaneum* L. from four geographical regions of India, using molecular markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53 (6): 1221-1231
- [28] Singh R K, Singh R B, Singh S P, Mishra N, Rastogi J, Sharma M L, Kumar A. Genetic diversity among *Saccharum spontaneum* clones and commercial hybrids through SSR markers. Sugar Tech, 2013, 15 (2): 109-115
- [29] 刘建乐, 白昌军, 严琳玲, 杨虎彪, 张龙, 黄春琼. 割手密种质资源遗传多样性的 ISSR 分析. 热带作物学报, 2014, 35 (1): 68-73
Liu J L, Bai C J, Yan L L, Yang H B, Zhang L, Huang C Q. Genetic diversity in *Saccharum spontaneum* L. based on ISSR. Chinese Journal of Tropical Crops, 2014, 35 (1): 68-73
- [30] 徐荣, 何丽莲, 王先宏, 陈疏影, 杨清辉, 张汉尧, 李富生. 基于 ISSR 标记的割手密种质资源遗传多样性分析. 分子植物育种, 2017, 15 (5): 1971-1978
Xu R, He L L, Wang X H, Chen S Y, Yang Q H, Zhang H R, Li F S. Genetic diversity analysis of *Saccharum spontaneum* L. by ISSR. Molecular Plant Breeding, 2017, 15 (5): 1971-1978
- [31] Ahmad A, Pan Y B, Wang J, Gao S J. Genetic diversity and population structure analysis of *Saccharum* and *Erianthus* genera using microsatellite (SSR) markers. Scientific Reports, 2019, 9 (395): 1-10
- [32] 彭绍光. 甘蔗高贵化育种法是品种改良的有效方法. 广西农业科学, 1987 (1): 10-13
Peng S G. Nobilization breeding of sugarcane is an effective method for variety improvement. Guangxi Agricultural Sciences, 1987 (1): 10-13
- [33] 李海明, 杨焜正, 吴水金. 浅谈甘蔗 CP 系列亲本的育种效果. 甘蔗糖业, 2005 (3): 1-4
Li H M, Yang K Z, Wu S J. Discussion on the breeding effect of the CP parents series. Sugarcane and Canesugar, 2005 (3): 1-4
- [34] Maya L, Adhini S P, Sobhakumari V P, Mylottazhikam N P. Nuclear and cytoplasmic contributions from *Erianthus arundinaceus* (Retz.) Jeswiet in a sugarcane hybrid clone confirmed through genomic in situ hybridization and cytoplasmic DNA polymorphism. Genetic Resources and Crop Evolution, 2017, 64 (7): 1553-1560
- [35] 黄玉新, 张保青, 周珊, 杨翠芳, 高秋静, 段维兴, 李杨瑞, 张革民. 斑割复合体 BC₁ 材料性状的遗传变异与相关分析. 中国农业大学学报, 2018, 23 (7): 19-25
Huang Y X, Zhang B Q, Zhou S, Yang C F, Gao Y J, Duan W X, Li Y R, Zhang G M. Genetic variation and correlation analysis of characters in BC₁ progeny of intergeneric hybrid (*Erianthus arundinaceus* × *Saccharum spontaneum*). Journal of China Agricultural University, 2018, 23 (7): 19-25
- [36] 黄玉新, 罗霆, 林秀琴, 张保青, 周珊, 杨翠芳, 雷敬超, 高秋

- 静,段维兴,张革民,李杨瑞. 斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)及其与甘蔗F₁的 GISH 分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(3): 461-466
- Huang Y X, Luo T, Lin X Q, Zhang B Q, Zhou S, Yang C F, Lei J C, Gao Y J, Duan W X, Zhang G M, Li Y R. GISH analysis of intergeneric complex between *Erianthus arundinaceus* and *Saccharum spontaneum* (GXAS07-6-1) and its F₁ hybrids from crosses with sugarcane (*Saccharum* spp.). Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(3): 461-466
- [37] 周珊,高铁静,张保青,黄玉新,段维兴,杨翠芳,王泽平,张革民. 斑茅割手密复合体杂交利用过程野生特异基因遗传分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(3): 718-727
- Zhou S, Gao Y J, Zhang B Q, Huang Y X, Duan W X, Yang C F, Wang Z P, Zhang G M. Genetic analysis of wild specific genetic loci in the hybridization process for intergeneric hybrid complex (*Erianthus arundinaceus* × *Saccharum spontaneum*). Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(3): 718-727
- [38] Pan Y B, Tew T L, Schnell R J, Viator R P, Richard E P, Grisham M P, White W H. Microsatellite DNA marker-assisted selection of *Saccharum spontaneum* cytoplasm-derived germplasm. Sugar Tech, 2006, 8(1): 23-29
- [39] 吴才文,赵培方,夏红明. 现代甘蔗杂交育种及选择技术. 北京: 科学出版社, 2014: 119-130
- Wu C W, Zhao P F, Xia H M. Modern cross breeding and selection techniques in sugarcane. Beijing: Science Press, 2014: 119-130
- [40] 赵小坤,毛钧,字秋艳,徐超华,李旭娟,刘洪博,陆鑫,刘新龙. 割手密野生资源抗性研究进展. 植物遗传资源学报, 2020, 21(2): 287-295
- Zhao X K, Mao J, Zi Q Y, Xu C H, Li X J, Liu H B, Lu X, Liu X L. Research progress on stress resistance of wild germplasms *Saccharum spontaneum* L.. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(2): 287-295
- [41] 安汝东,楚连璧,孙有方,经艳芬,桃联安,杨李和,姚育刚,董立华. 甘蔗新品种云蔗 99-155 的选育. 甘蔗糖业, 2007(3): 7-10
- An R D, Chu L B, Sun Y F, Jin Y F, Tao L A, Yang L H, Yao Y G, Dong L H. The development of new sugarcane variety, Yunzhe99-155. Sugarcane and Canesugar, 2007(3): 7-10
- [42] 陆鑫,朱建荣,周会,蔡青. 美国农业部甘蔗研究所科研动向与甘蔗种质资源保存概况. 中国糖料, 2013(1): 78-80
- Lu X, Zhu J R, Zhou H, Cai Q. Research trends of USDA sugarcane research institute and conservation situation of sugarcane germplasm resources. Sugar Crops of China, 2013(1): 78-80
- [43] 林国栋,陈如凯. 甘蔗的分类 - II. *Saccharum* L. 属. 甘蔗, 1995, 2(2): 13-20
- Lin G D, Chen R K. The Taxonomy of sugarcane II. *Saccharum* L. genus. Sugarcane, 1995, 2(2): 13-20
- [44] Angélique D, Florence P, Jean C G. Oligoclonal interspecific origin of 'North Indian' and 'Chinese' sugarcane. Chromosome Research, 2002, 10(3): 253-262
- [45] Schenck S, Crepeau M W, Wu K K, Moore P H, Yu Q, Ming R. Genetic diversity and relationships in native Hawaiian *Saccharum officinarum* sugarcane. The Journal of heredity, 2004, 95(4): 327-331
- [46] Zhang J, Zhang Q, Li L, Tang H, Zhang Q, Chen Y, Arro J, Zhang X, Wang A, Miao C, Ming R. Recent polyploidization events in three *Saccharum* founding species. Plant Biotechnology Journal, 2019, 17(1): 264-274