

# 甘蔗近缘野生种蔗茅的研究进展和利用潜力

钱祺锋<sup>1</sup>, 赵昌祖<sup>1</sup>, 万慧兰<sup>1</sup>, 何丽莲<sup>1,2</sup>, 王先宏<sup>1,2</sup>, 李富生<sup>1,2,3</sup>

(<sup>1</sup>云南农业大学农学与生物技术学院, 昆明 650201; <sup>2</sup>云南农业大学甘蔗研究所, 昆明 650201; <sup>3</sup>云南省作物生产与智慧农业重点实验室, 昆明 650201)

**摘要:** 现代甘蔗栽培品种主要是甘蔗属里 2-5 个甘蔗原种的少数无性系的杂交后代, 遗传背景狭窄, 血缘相近, 致使近 30 年来甘蔗品种的产量、糖分和抗性等方面一直难有较大突破。充分利用甘蔗近缘野生种, 是拓宽甘蔗遗传背景和加速甘蔗高贵化育种的重要基础。蔗茅属于甘蔗的近缘野生种, 是甘蔗育种的重要野生种质, 也是甘蔗属复合体基因组演化和功能基因解析的重要资源。自 20 世纪 80 年代以来, 蔗茅种质资源的采集和研究, 以及甘蔗与蔗茅的属间远缘杂交和抗旱耐冷甘蔗新品种培育取得重要进展。另外, 蔗茅的许多优异性状, 包括高糖、耐冷和抗旱等的生理及分子响应机制也逐渐被解析。为更好探索蔗茅优异性状的分子基础及其在甘蔗育种中的应用价值, 本文系统综述蔗茅的研究进展和利用现状, 分析蔗茅的遗传多样性和基因组演化特性, 解析蔗茅中蔗糖合成和转运的主要通路及其关键基因的转录模式, 并进一步提出蔗茅作为模式植物和生物燃料植物的应用潜力; 同时, 分析了蔗茅对低温和干旱胁迫的分子响应特征, 讨论了蔗茅在甘蔗育种研究和利用中存在的问题, 展望了未来发展方向。

**关键词:** 甘蔗; 蔗茅; 种质创新; 遗传多样性; 高糖育种; 抗逆性

## Research Progress and Utilization Potential of Wild Sugarcane Species

### *Erianthus fulvus* Ness

QIAN Zhenfeng<sup>1</sup>, ZHAO Changzu<sup>1</sup>, WAN Huilan<sup>1</sup>, HE Lilian<sup>1,2</sup>, WANG Xianhong<sup>1,2</sup>, LI Fusheng<sup>1,2,3</sup>

(<sup>1</sup>College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201; <sup>2</sup>Sugarcane Research Institute, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201; <sup>3</sup>The Key Laboratory for Crop Production and Smart Agriculture of Yunnan Province, Kunming 650201)

**Abstract:** The modern sugarcane cultivars are mainly the hybrid offspring of a few clones of 2-5 sugarcane species in the genus sugarcane. Owing to the narrow genetic background and close blood relationship, it is difficult for breeders to obtain sugarcane varieties with high yield, high sugar and high stress resistance in the past 30 years. Making full use of the wild relatives of sugarcane is very important for broadening the genetic background and accelerating the nobilization of sugarcane. *Erianthus fulvus* Ness, a near-source wild species of sugarcane, is not only an important wild germplasm for sugarcane breeding, but also an important resource for genome evolution and functional gene analysis of sugarcane complex. Since the 1980s, great progress has been made in the collection and research of *Erianthus fulvus* germplasm resources and the cultivation of new sugarcane varieties with drought resistance and cold tolerance by intergeneric hybridization between sugarcane and *Erianthus fulvus*. In addition, the physiological and molecular response mechanisms of many excellent traits, including high sugar, cold tolerance and drought resistance, have been gradually analyzed in *Erianthus fulvus*. In order to better explore the molecular basis of the excellent traits of *Erianthus fulvus* and its application value in sugarcane breeding, This review systematically summarizes the research progress and utilization status of *Erianthus fulvus*, analyzes the genetic diversity, genome evolution characteristics and sucrose biosynthesis and transport pathways of *Erianthus fulvus*, and further proposes the application potential of *Erianthus fulvus* as a model plant and biofuel plant. Additionally, we analyze the

收稿日期: 2024-10-09 网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为甘蔗种质资源研究与利用, E-mail: qzf19960621@sina.com

通信作者: 李富生, 研究方向为甘蔗种质资源研究与利用, E-mail: lfs810@sina.com

基金项目: 云南省重大科技专项 (No.202202AE090021); 国家自然科学基金项目 (No.31960451)

**Foundation projects:** Major Science and Technology Project of Yunnan Province (No.202202AE090021); National Natural Science Foundation Project of China (No.31960451)

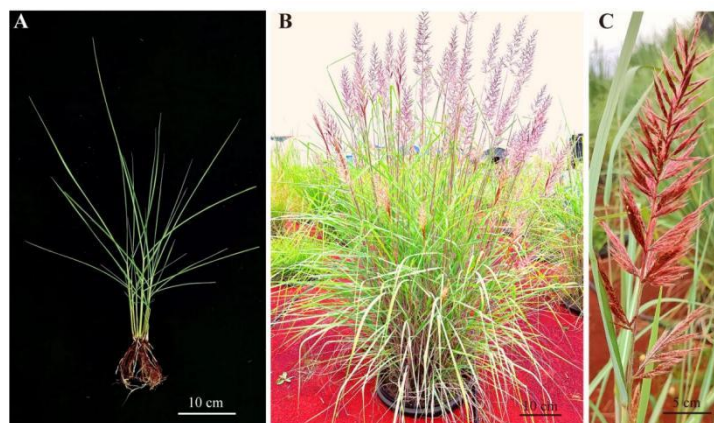
molecular response characteristics of *Erianthus fulvus* to low temperature and drought stress, discuss the problems existing in the research and utilization of *Erianthus fulvus*, and prospect the future development direction.

**Keywords:** sugarcane; *Erianthus fulvus*; germplasm innovation; genetic diversity; high sugar breeding; resistance

甘蔗贡献了全世界蔗糖产量的 80%和燃料乙醇的 40%，是一种重要的糖能兼用型经济作物。现代甘蔗栽培种是由甘蔗属内的原始种通过“种间杂交”和“高贵化育种”选育而来，故其为遗传背景复杂的异源多倍体植物<sup>[1]</sup>。在甘蔗育种中，热带种（又名高贵种，*Saccharum officinarum* L.）主要贡献了高产和高糖等优异性状，野生种主要包括割手密（*Saccharum spontaneum* L.）、大茎野生种（*Saccharum robustum* Brand et. Jeswiet）和斑茅（*Tripsidium arundinaceum* Retz.），主要贡献了抗性血缘<sup>[2]</sup>。目前，生产中使用的甘蔗品种主要是甘蔗属里 2-5 个甘蔗原种的少数无性系的杂交后代，遗传背景狭窄，血缘相近，致使近 30 年来甘蔗品种在产量、糖分和抗性等方面一直难有较大突破。因此，需要挖掘、研究和利用具有优异性状的甘蔗种质资源，突破甘蔗品种“种质贫乏、遗传基础狭窄”的瓶颈，以期扩大血缘，丰富甘蔗遗传多样性，创造突破性的亲本材料和优良品种。

甘蔗高贵化育种以来，割手密贡献了约 20%的血缘，提高了甘蔗的抗性和适应性，使甘蔗的种植区域扩大，产量和品质都获得大幅提高，促进了甘蔗的育种进程<sup>[1]</sup>。然而，高贵化育种过程中，亲本单一，遗传背景狭隘，导致了杂交后代抗性、宿根性和产量近几十年来进展缓慢。近年来，甘蔗育种家们致力于甘蔗的远缘杂交——栽培种与近缘种属杂交，将近缘种属的优异基因导入栽培种，以期拓宽甘蔗品种的血缘背景，并获得综合性状优异的甘蔗新品种<sup>[3]</sup>。与甘蔗属紧密相关的野生种属，包括蔗茅属、芒属、河八王属和硬穗属，它们与甘蔗属近缘被统称为“甘蔗复合体”，是研究甘蔗起源、进化和分子遗传及丰富甘蔗育种血缘多样性的宝贵种质资源<sup>[4]</sup>。随着分子标记、测序和组学技术的不断发展，甘蔗复合体的进化和遗传多样性问题得到进一步的解析，且一些优异性状相关的基因也被挖掘和分析，为进一步利用甘蔗复合体改良栽培品种遗传特性提供了见解。

目前，已经被报道成功用于甘蔗远缘杂交育种的甘蔗近缘野生种仅有蔗茅、斑茅和河八王<sup>[5-7]</sup>。其中，蔗茅与甘蔗的杂交利用最早报道，典型的例子是来自云南农业大学的“高原甘蔗”育种成功——甘蔗与蔗茅杂交，改变了甘蔗喜热怕冷的特性，并使产量大大提高<sup>[8]</sup>。蔗茅植株矮小（1-2.5 m）（<http://www.zhiwutong.com>），分蘖旺盛，花期早（8月中下旬开花），开花持续时间长（花期7月底-9月底），且早熟（生育期 10 个月）（图 1）。它具有其它甘蔗近缘野生种所不能及的优异性状，包括抗旱、耐冷、耐瘠、高糖和早熟等，在甘蔗育种中极具利用价值<sup>[9]</sup>。因此，近年来蔗茅种质创新和研究利用受到全世界育种家们的关注。



A: 3-5 分蘖期的蔗茅；B: 花期（9 月份）的蔗茅；C: 蔗茅的花；图片拍摄于云南农业大学甘蔗种质资源圃

A: 3-5 leaf stage of *Erianthus fulvus*; B: flowering period (September) *Erianthus fulvus*; C: *Erianthus fulvus* flower; the picture was taken in the Sugarcane Germplasm Resource Garden of Yunnan Agricultural University

图 1 蔗茅的表型

Fig. 1 Phenotype of *Erianthus fulvus*

以往的研究主要关注于蔗茅种质资源的采集、杂交利用、多样性、分子标记选择、抗逆性鉴定、组学分析、进化和逆境响应基因的克隆和分析,为进一步认识蔗茅的生物学特性、优异的性状、起源进化和种质创新与利用提供了见解。然而,目前缺乏综合性的综述文章去帮助育种家们更好的理解蔗茅在甘蔗育种中的巨大潜力和优异性状的分子基础。本文全面回顾了1985年以来,蔗茅种质资源的挖掘、研究和利用现状,分析了蔗茅种质创新和育种的潜力、多样性与基因组演化的特性、蔗糖生物合成的通路、作为生物燃料植物的运用潜力、低温和干旱胁迫的生理和分子基础,为在甘蔗种质创新和生物育种的背景下,如何更好研究和利用蔗茅资源提出展望。

## 1 蔗茅的种质创新及在甘蔗育种中的重要价值

优异种质资源的挖掘和利用是培育突破性品种的关键。迄今为止,在甘蔗杂交育种中利用最成功的野生种质为割手密。早在1921年, Jeswiet通过高贵化路线,实现了热带种和细茎野生种的种间杂交,获得了POJ系列品种和亲本材料,包括“糖王”之称的抗病、高产、高糖品种POJ2878。割手密种质的利用造就了甘蔗杂交育种史上的第一次“飞跃”。经过高贵化过程,目前生产使用的甘蔗品种含有割手密约20%的血缘。然而,现代甘蔗栽培种或骨干亲本的遗传背景狭窄,血缘相近,导致近年来突破性新品种的选育极为困难,这是育种家们高度重视的问题。因此,开展属间远缘杂交,来拓宽甘蔗的血缘和遗传背景,被逐渐运用到甘蔗种质创新和新品种培育中。2017年报道了,广东省生物工程研究所(广州甘蔗糖业研究所)开展斑茅和甘蔗之间的远缘杂交,创建了崖城07-71、崖城06-140和崖城04-55等13个综合性状理想的遗传亲本材料<sup>[10]</sup>。目前,用于甘蔗尝试过的远缘杂交育种的组合有:甘蔗×斑茅、甘蔗×蔗茅、甘蔗×五节芒、甘蔗×河八王、高粱×甘蔗、甘蔗×白茅、甘蔗×竹<sup>[9]</sup>。

蔗茅属被认为是甘蔗复合体中的一个原始属,广泛分布于美洲,穿过地中海地区到印度、中国、东南亚和新几内亚。蔗茅是蔗茅属内的代表种,1985-1993年,以云南农业大学何顺长教授为代表的科研团队在全国开展甘蔗野生资源的考察和采集,并建立了甘蔗野生资源圃<sup>[11]</sup>,指出我国蔗茅主要分布于滇、黔、川、藏、桂、陕、甘、鄂8省(区)海拔480-2800 m的区域<sup>[12]</sup>。1991年Burner发现染色体 $2n=20$ 的蔗茅,指出这可能与甘蔗的二倍体祖先有关<sup>[13]</sup>。1996年萧凤回等发现不同区域的蔗茅无性系,染色体均为 $2n=20$ ;而且它们的茎干锤度普遍较高,且最高可达22%,这在甘蔗育种中极具利用价值<sup>[12]</sup>。此外,蔗茅具有优异的耐冷和抗旱性状<sup>[14-15]</sup>,这对耐冷和抗旱甘蔗品种的选育具有重要的利用价值。然而,与栽培甘蔗截然不同(栽培甘蔗性喜湿热的环境,故我国蔗区主要分布于低纬度或者低海拔的湿热地区),蔗茅对湿热环境敏感。那么,蔗茅血缘的导入,杂交后代品种/系在我国现有蔗区的适应性值得进一步探究,这也是育种家们需要考虑的问题。

早在1998年,云南农业大学甘蔗研究团队首次开展“甘蔗与蔗茅属间远缘杂交”(此杂交技术于2020年获得国际专利),并于2001年获得成功,随后陆续从杂交F1代和回交后代中成功选育出以滇蔗01-58为代表的一系列甘蔗新品种/系(图2,滇蔗01-58于2012年获得省级品种审定;此外,滇蔗01104、滇蔗01106、滇蔗0938获得植物新品种保护权,还有一些新品系已进入区域化试验中)。通常,甘蔗于当年11月至翌年2月份开花,而蔗茅于7月底至9月底开花,它们的花期高度不遇。虽然蔗茅的花粉较多,且发育良好,但自然环境中它的生活力仅能保持1 h左右,如何配置二者的杂交组合,这是当时面临的巨大挑战。经过不断的努力,李富生教授开发了蔗茅花粉低温贮藏的方法:采集新鲜花粉,经过低温(10°C)硅胶干燥2 h后,贮藏于-80°C条件下,其生活力可达360 d<sup>[16]</sup>。花粉低温贮藏技术,解决了甘蔗和蔗茅杂交代期不遇的难题。通过审定的、含有蔗茅血缘的甘蔗新品种滇蔗01-58不仅生物产量高,而且抗旱和耐寒,适宜在较高海拔1300~1900 m的旱坡地区种植,可作为糖能兼用型甘蔗新品种加以利用。值得特别关注的是,滇蔗01-58属于甘蔗和蔗茅杂交的F1代新品种,这表明了蔗茅的优异性状能稳定遗传到子代中,且与不利性状的连锁程度低,杂交组合的F1代便可直接选择成为新品种。迄今为止,越来越多的证据表明,蔗茅对生物和非生物胁迫的耐受性,能赋予杂交F1代甘蔗优异的耐冷、抗旱、抗锈病和花叶病特性<sup>[14-15, 17-18]</sup>。尽管,蔗茅植株矮小,但分蘖旺盛,且远缘杂交F1代经过和性状优良的甘蔗栽培种杂交后,不利的野

生性状极易被改良，BC1 表现出高产和高抗潜力<sup>[19]</sup>。这些研究表明了，蔗茅在甘蔗育种中具有重要的运用潜力。充分利用蔗茅资源，将有助于育种家未来的渐渗计划，加速甘蔗高贵化育种进程。

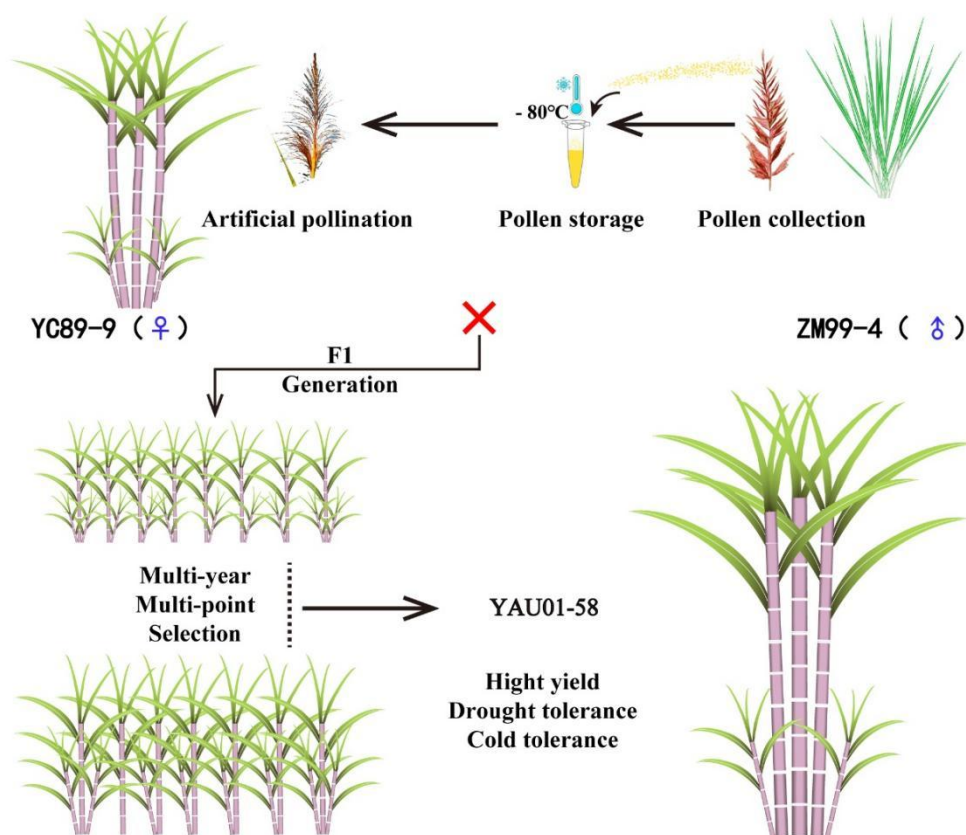


图 2 甘蔗和蔗茅远缘杂交创制新种质示意图

Fig.2 Schematic diagram of creating new germplasm by distant hybridization of sugarcane and *Erianthus fulvus*

甘蔗是高度复杂的异源多倍体，其染色体构成复杂，杂交过程中亲本染色体往往不同于二倍体 ( $n+n$ ) 的传递规律。由于亲本染色体的数量和倍性的差异，导致甘蔗有性杂交过程中子代之间染色体传递呈现多样化。这使得开展杂交育种后代的真实性鉴定成为了困难。以往的研究中，研究者们基于 SSR<sup>[20]</sup>、SCAR<sup>[5]</sup> 和 RAPD<sup>[21]</sup> 标记，在甘蔗与蔗茅的杂交后代中成功鉴定到双亲的特征谱带，证明了杂交后代的真实性。除此之外，目前基因组原位杂交 (Genomic in situ hybridization, GISH) 技术已经被成功用于甘蔗种/属间有性杂交后代的真实性和亲本染色体传递方式鉴定中，极大地提高了育种的准确性。研究表明：甘蔗与割手密杂交，F1 代染色体传递方式主要以  $2n+n$  和  $n+n$  为主<sup>[22]</sup>；甘蔗与斑茅杂交，F1 代染色体传递方式主要以  $n+n$  为主<sup>[23]</sup>；甘蔗与蔗茅杂交，F1 代染色体传递方式主要以  $n+n$  和  $2n+n$  为主，且蔗茅的染色体可以与甘蔗的染色体进行同源配对<sup>[24-27]</sup>。GISH 技术的运用，促进了育种家们对甘蔗杂交后代染色体传递规律和遗传物质组成的理解，更重要的是提高了杂交后代的选择效率和育种的准确性。

## 2 蔗茅的多样性

遗传多样性研究是开展种质资源分类、保护、研究和利用的基础。据《中国植物志》中记载：蔗茅属内种间遗传类型丰富，全世界约 50 种，分布于美洲、非洲、亚洲的热带地区以及地中海、欧洲南部和喜马拉雅海拔较高的温暖地区。我国有 8 种，即蔗茅 *Erianthus rufipilus/fulvus*、滇蔗茅 *Erianthus rockii* Keng、

沙生蔗茅 *Erianthus ravennae* L.、台蔗茅 *Erianthus formosanus* Stapf、西南蔗茅 *Erianthus hookeri* Hack、长齿蔗茅 *Erianthus longisetosus* Anderss、窄叶蔗茅 *Erianthus stenophyllus* L.和毛叶蔗茅 *Erianthus trichophyllus* Hand (<http://www.iplant.cn>)。目前,蔗茅属的研究和利用主要聚焦于蔗茅、滇蔗茅和沙生蔗茅<sup>[20,24,28-29]</sup>。前人的研究,通过形态学标记和分子标记,确立了蔗茅具有丰富的遗传多样性,为蔗茅种质资源的收集保存、杂交利用及育种研究提供了科学依据。

形态学标记包括表型特征、产量性状、品质性状和抗性等主要性状,具有简单直观、容易识别、应用普遍等特点<sup>[30]</sup>。目前,形态学标记在甘蔗品种资源鉴定和分类中运用广泛,主要针对质量性状(茎相关性状:气生根、茎形、节间形状、颜色、蜡粉带、木栓、生长裂缝、生长带形状;芽相关性状:芽形和芽沟;叶相关性状:叶姿、叶色、脱叶性、内叶耳、外叶耳等)和数量性状(叶片长度、叶片宽度、株高、茎径、田间锤度等)的鉴定,评估群体的遗传变异、遗传结构和遗传距离,为甘蔗品种资源的利用效率、杂交亲本的选择、杂交组合的配制和核心种质构建提供了理论指导<sup>[31-32]</sup>。近几十年来,育种家们通过收集蔗茅种质资源,并分析表型多样性,为甘蔗育种杂交亲本选配提供了重要的理论指导。田春艳等对 48 份蔗茅无性系进行株高、叶宽、节间长度、茎径和锤度的分析,表明 48 份无性系之间表型变异系数介于 9.37%~33.52%之间,具有丰富的多样性<sup>[33]</sup>。徐超华等对 51 份滇蔗茅进行 6 个数量性状和 23 个质量性状的表型变异、多样性和聚类关系分析,表明了数量性状变异系数在 12.72%~22.38%之间,最大的是田间锤度(22.38%),其次是茎径(22.27%),最小的是叶长(12.72%),这为进一步挖掘性状的优异等位变异及甘蔗高产和高糖育种提供了基础材料<sup>[34]</sup>。除此之外,表型遗传多样性也是评价蔗茅杂交后代多样性的有效手段<sup>[20,35]</sup>。陆鑫等对 62 份滇蔗茅杂交后代进行表型多样性分析,发现数量性状遗传变异主要来自于有效茎、单茎重和节间长度,而株高、茎径、锤度变异较小,表明了滇蔗茅杂交 F1 群体在主要性状上呈现出不同程度的遗传分化,遗传多样性丰富,遗传变异较大<sup>[20]</sup>。

除此形态学标记外,AFLP、SSR 和 SRAP 等分子标记技术也被广泛用于甘蔗种质资源的遗传多样性分析。基于 AFLP 和 SSR 分子标记,许多与分蘖、锤度、单茎重等重要农艺性状关联的标记已经得到鉴定<sup>[36-37]</sup>,促进了甘蔗种质资源的遗传多样性评价、杂交亲本的选配和分子指纹图谱的构建。尽管,蔗茅的染色体  $2n=20$  是稳定的,但蔗茅的地理位置分布广泛<sup>[12]</sup>,这导致了不同生境的蔗茅之间遗传多样性是丰富的。基于 SSR 和 AFLP 标记,研究者们证明了蔗茅的遗传多样性与地理分布和海拔密切相关<sup>[26,30]</sup>。

### 3 蔗茅的基因组演化及作为模式植物的潜力

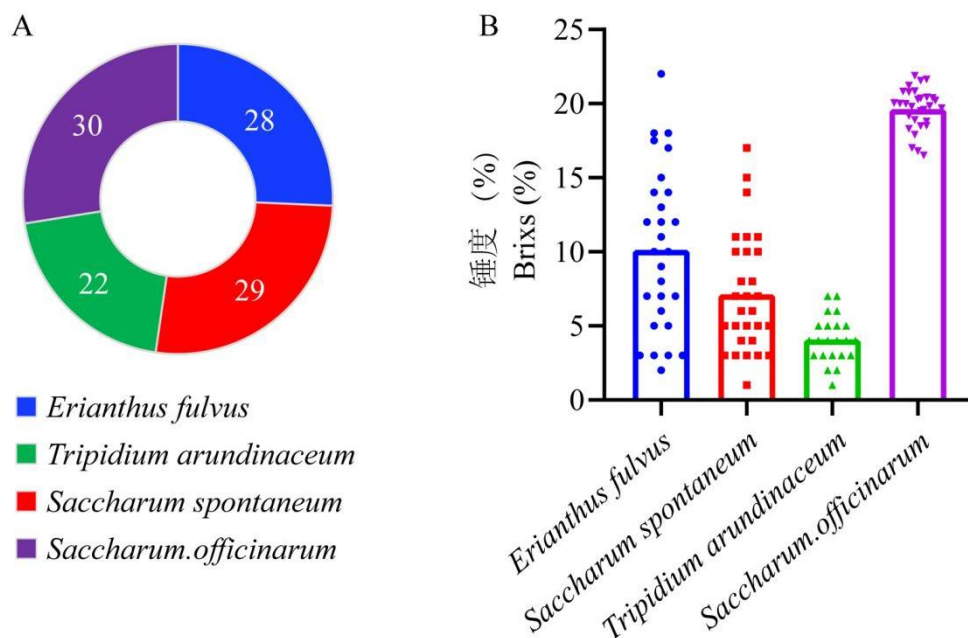
蔗茅属于甘蔗复合体成员,这是甘蔗界广泛认可的。然而,对于蔗茅的归属问题,至今仍存在争论。蔡青等 2005 年利用 2 对 AFLP 引物检测了蔗茅和其他甘蔗复合体成员的多态性,表明了蔗茅与甘蔗属的亲缘关系最近,提出了蔗茅应该归属于甘蔗属<sup>[38]</sup>。随着测序和组学技术的快速发展,2023 年云南农业大学的李富生教授团队和广西大学的张积森教授团队,分别破译了蔗茅的基因组,并分别提出了蔗茅的归属问题:李富生教授团队组装蔗茅染色体水平的基因组,并进一步通过群体重测序分析,指出蔗茅属与甘蔗属的亲缘关系最近,提出他们来自一个共同的祖先<sup>[28]</sup>;张积森教授团队组装蔗茅 T2T 完整基因组,并通过叶绿体基因组进化分析,支持蔗茅归属于甘蔗属,提出甘蔗属可能起源于泛喜马拉雅地区,由于 Gelasian epoch 时期的气候巨变导致了蔗茅与甘蔗细茎野生种和热带种的分化,此后蔗茅保持二倍体的模式,而甘蔗细茎野生种和热带种则分别经历了多倍化<sup>[39]</sup>。这些分子标记和基因组测序的研究共同指明了蔗茅的归属问题,即蔗茅应该归属于甘蔗属。

现代栽培甘蔗具有所有大宗作物中最为复杂的基因组,基因组大小超过 10 个 Gb,这使得它成为最后一种没有完整和高度准确基因组的主要作物。尽管,同源多倍体的割手密种(AP85-441,染色体  $1n=4x=32$ <sup>[40]</sup>; Np-X,染色体  $2n=4x=40$ <sup>[41]</sup>)和异源多倍体,非整倍体的现代甘蔗栽培品种(R570,染色体约  $2n=12x=114$ <sup>[42]</sup>; ZZ1,染色体  $2n=12x=114$ <sup>[43]</sup>; 新台糖 22 号,染色体  $2n=111$ <sup>[44]</sup>)的基因组已经被破译,但它们的染色体倍性复杂,其多倍化、异质性和非整倍体性质导致了基因组中包含 4-13 个同源等位基因,这使得其功能基因定位和基因组遗传操作技术非常困难。迄今为止,国内遗传转化最成功的甘蔗品种为新台糖 22 号。中国热带农业科学院热带生物技术研究所长期致力于甘蔗遗传转化研究,其中以新台糖 22 号

为转化受体，转化 3-5 g 胚性愈伤组织，能筛选获得约 11 个转基因株系，阳性率高达 100%<sup>[45]</sup>。尽管如此，在甘蔗中开展基因编辑，包括新台糖 22 号在内的许多甘蔗品种，其技术体系均尚不成熟，尚需倾注更多的研究力量去攻克。因此，这些问题导致了甘蔗主要性状相关基因和调控机制的解析及分子育种技术严重滞后。值得关注的是，蔗茅染色体  $2n=20$ ，基因组简单，大小约 756-902 Mbp<sup>[28, 39]</sup>，是甘蔗复合体内唯一的二倍体物种，这为充分挖掘和解析蔗茅的优异性状调控机制提供了可能，甚至有望成为甘蔗复合体研究最佳的模式植物。当然，这需要研究者们致力于构建蔗茅高效的转基因和基因编辑体系。目前，蔗茅的遗传转化体系已经被成功构建，转化效率高达 14.21%<sup>[46]</sup>，这为进一步实现蔗茅基因组的遗传操作奠定了重要的基础。尽管如此，蔗茅的基因编辑体系仍然需要进一步的研究和构建。

## 4 蔗茅的高糖育种潜力

甘蔗是最主要的糖料作物，其蔗糖含量是品种选育的重要指标。近 20 年来，我国甘蔗育种家们创立了“亲本组合、家系评价、早代选择、理想株型、多维评价”为一体的高糖选种技术，成功选育了云蔗 08-1609、桂糖 42 号、桂柳 05-136、桂糖 44 号、云蔗 05-51 等一批突破性的第五代甘蔗高糖新品种，这些品种的推广面积占植蔗总面积的 83.4% 以上<sup>[47]</sup>。其中，云蔗 08-1609 是典型的特高糖品种，蔗糖分高达 20.3%，被誉为“糖王”。众所周知，现代甘蔗栽培种的高产和高糖血缘主要来源于热带种，而以割手密为代表的野生种主要贡献了抗逆血缘。在甘蔗与割手密杂交中，由于割手密抗逆血缘的导入，使得 F1 代的产量和糖分下降。因此，需要使用热带种或者其它栽培种进行多代的回交，以稀释割手密的血缘。这个过程中，不仅延长了育种年限，也导致子代中一些来源于割手密的优异血缘丢失。综上所述，挖掘和利用具有优异抗逆性和高糖性状的野生种质资源，对甘蔗的高糖和抗逆育种非常重要。值得关注的是，相比较于其它甘蔗近缘野生种，蔗茅不仅具有优异的抗逆性，而且其锤度也普遍较高<sup>[48]</sup>，这为甘蔗的高糖育种提供了巨大的潜力。我们统计了前人开展甘蔗种质资源考察、采集和研究中，所采集的甘蔗种质资源（包括蔗茅<sup>[12, 49]</sup>、斑茅<sup>[49]</sup>、热带种<sup>[50]</sup>和割手密<sup>[49, 51]</sup>）的锤度，表明了它们的平均锤度大小为热带种>蔗茅>割手密>斑茅（图 3）。这进一步说明了蔗茅在甘蔗高糖育种中具有较好的运用潜力。



A: 每个种无性系材料的数量。B: 每个种无性系材料的锤度，每个点表示无性系材料的锤度，柱子的高度表示每个种锤度的平均值。数据来源于萧凤回等<sup>[12]</sup>、胡存脉等<sup>[49]</sup>、刘洪博等<sup>[50]</sup>和杨清辉等<sup>[51]</sup>

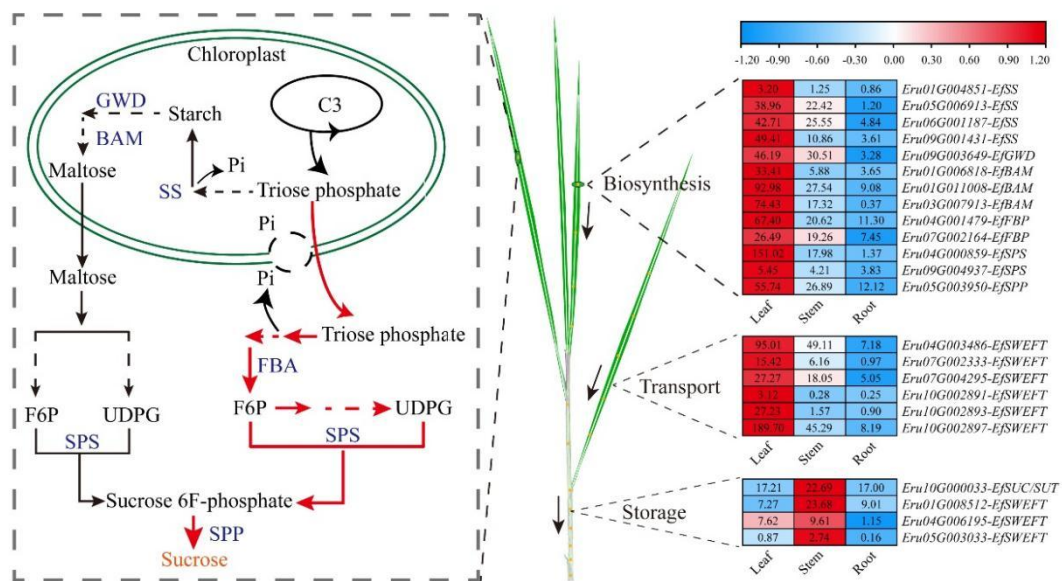
A: The number of clonal materials for each species. B: The brix of each clonal material, each point represents the brix of the clonal material, and the height of the column represents the average value of the brix of each species. The origin data was extracted from

Xiao et al<sup>[12]</sup>, Hu et al<sup>[49]</sup>, Liu et al<sup>[50]</sup> and Yang et al<sup>[51]</sup>

图3 蔗茅、斑茅、热带种和割手密无性系材料的锤度比较

Fig.3 Comparison of brix of *Erianthus fulvus*, *Erianthus arundinaceum*, *Saccharum officinarum* and *Saccharum spontaneum* clonal materials

蔗糖分含量高是甘蔗品种选育的重要指标之一。强源（源——叶片，合成能力强）和强库（库——茎干，转运和储存功能强）是建立高糖分的基础。然而，甘蔗中蔗糖分的形成不仅受到关键酶的调控，自然环境的变化也影响这一过程，这使得杂交育种选育高糖分品种十分困难。因此，理解甘蔗中蔗糖分形成的分子网络，通过转基因和基因编辑手段，有针对性的去增强这一网络中蔗糖分的合成、转运和储藏途径，是生物育种时代高糖分甘蔗品种选育的重要手段。先前，5个蔗糖合成酶家族基因 *SuSy*<sup>[52]</sup>，22个糖转运蛋白家族基因 *SWEET*<sup>[53]</sup>、6个蔗糖转运蛋白家族基因 *SUT*<sup>[54]</sup>已经在割手密中被鉴定；在甘蔗栽培种中，5个 *SUT* 基因已经被克隆<sup>[55]</sup>。然而，针对甘蔗糖分的转基因改良，这些基因尚未得到系统的功能研究和有效的利用，这是值得研究者们进一步考虑的问题。此外，基于蔗茅基因组的解析，研究者们分析了蔗茅中蔗糖的生物合成和转运途径，表明了蔗茅中蔗糖的生物合成主要来源于2条途径<sup>[28]</sup>：卡尔文循环产生的磷酸丙糖被转运到细胞质中转化为 F6P，F6P 经过磷酸葡萄糖异构酶、磷酸葡萄糖变位酶和 UDPG 焦磷酸化酶 (UGP) 的催化合成 UDPG，最终 F6P 和 UDPG 经过 SPS 和 SPP 催化合成蔗糖（蔗糖生物合成途径 I）。此外，光合作用产生的磷酸丙糖以合成淀粉的形式被暂时储存于叶绿体中，以减少磷酸丙糖的积累、避免对光合作用的抑制和维持叶绿体内的渗透压；进一步淀粉水解产生麦芽糖，并被转运至细胞质中合成蔗糖（蔗糖生物合成途径 II）（图4）。有趣的是，我们分析了这两条途径中关键酶基因的转录水平，发现蔗糖合成途径中关键酶基因 *FBP*、*SPS* 和 *SPP* 在叶片中的表达水平高于茎干和根组织；4个淀粉合酶基因 *SS* 在蔗茅叶片中具有较高的转录水平；同时，淀粉水解为麦芽糖途径的关键酶基因 *GWD* 和 *BAM* 也在叶片中具有较高的转录丰度，这表明了这些基因在蔗糖合成中可能发挥重要的功能。通常，高等植物中的光合产物最终以蔗糖和淀粉的形式储藏。作为糖料植物，蔗茅中同时存在蔗糖和淀粉的生物合成，但淀粉最终被水解和转化为蔗糖。蔗糖在蔗茅的源叶器官合成，需要经过韧皮部长距离运输后，最终在茎干（库器官）储藏。进一步，研究者们分析了蔗糖转运蛋白（*SUC/SUT*、*SWEET*s）的转录活性，发现它们主要在蔗茅的叶片和茎干中表达<sup>[28]</sup>，表明了这些转运蛋白在蔗糖长距离运输中的潜力。我们分析了这些转运蛋白在蔗茅根、茎和叶片中的转录水平，发现6个 *SWEET*s 蛋白基因在叶片中转录丰度最高，表明它们可能贡献了蔗糖分在源和库之间的转运；1个 *SUT* 和3个 *SWEET*s 在茎干中转录水平最高，表明它们可能贡献了蔗糖分在库中的运输和储存（图4）。



左图：蔗茅中蔗糖的生物合成和转运途径；右图：蔗糖生物合成和转运途径关键基因的表达量热图；数据来源于 Kui 等<sup>[28]</sup>

Left figure: sucrose biosynthesis and transport pathway in *Erianthus fulvus*; Right figure: the expression heat map of key genes in sucrose biosynthesis and transport pathway; The origin data was extracted from Kui et al<sup>[28]</sup>

图 4 蔗茅中蔗糖的合成、转运和储存模型

Fig. 4 The model of sucrose synthesis, transport and storage in *Erianthus fulvus*

## 5 蔗茅的生物质能源潜力

随着全世界石油资源的逐渐短缺, 开发能源作物, 生产燃料乙醇, 是解决石油资源短缺的有效途径。甘蔗属于高光效、高糖分的 C4 作物, 且生物产量在所有大田作物中最高, 是发展生物燃料乙醇的理想作物<sup>[56]</sup>。源于优越的自然环境和先进的生产技术, 巴西是全世界最大的甘蔗种植国, 也是利用甘蔗生产燃料酒精产业最大和技术最成熟的国家<sup>[57]</sup>。由于水热条件要求高(蔗区主要分布于低海拔和低纬地区)、生产成本昂贵(需肥要求高、机械化程度低和劳动力投入大)和食糖产量供不应求, 我国推广栽培甘蔗作为生产燃料乙醇的原料面临巨大的压力。因此, 培育适应逆境和耐粗放的燃料甘蔗品种, 向高海拔、甚至非蔗区合理的推广种植, 可以缓解甘蔗作为主要糖料作物和燃料乙醇原料之间的竞争压力。

蔗茅不仅锤度高, 而且生物量大, 且对逆境环境(低温、干旱、贫瘠和退化的土壤等)的适应性强, 具有较好的生物燃料育种潜力。据报道, 日本南部生长有众多的蔗茅属植物, 已经被该国列入了生产生物燃料的首选原料(<https://www.china5e.com/news/news-89893-1.html>)。利用蔗茅作为生物燃料植物, 不仅有利于为栽培甘蔗预留农业用地, 更有利于合理利用废弃退化的土壤, 符合农业的可持续发展。基于蔗茅的基因组, 研究者们分析了 10 个性状, 包括锤度、葡萄糖含量、蔗糖含量、糖含量、出汁率、纤维素含量、半纤维素含量、木质素含量、鲜重和干重的 QTL, 分别在蔗茅中鉴定到 4920、1269、4119、1304、539、2696、141、1567、2940 和 2757 个基因<sup>[28]</sup>, 这些 QTL 为利用蔗茅的生物燃料潜力奠定了基础。值得关注的是, 与甘蔗杂交后, 蔗茅对逆境环境的适应性能稳定遗传到子代中, 这对开发含有蔗茅血缘的燃料甘蔗具有重要的应用价值。典型的例子是滇蔗 01-58 不仅生物产量高, 而且抗旱和耐寒, 适宜在较高海拔 1300~1900 m 的旱坡地区种植(图 2), 这对现阶段我国高海拔和非蔗区推广燃料甘蔗具有重要的应用价值。因此, 蔗茅在作为燃料植物和培育燃料甘蔗中具有较好的应用前景。

## 6 蔗茅的耐冷和抗旱性状及分子响应

甘蔗喜温, 主要种植于热带和亚热带地区。甘蔗生长的最适温度约为 37°C, 温度低于 20°C 显著限制了甘蔗的生长和蔗糖分积累。尽管甘蔗种植在热带和亚热带地区, 通常这些地区冷胁迫不是很常见, 但当它发生时, 会导致甘蔗产量和品质下降。因此, 挖掘耐冷的甘蔗种质资源, 解析其对冷胁迫的响应机制, 对甘蔗的耐冷遗传改良非常重要。先前的研究聚焦甘蔗低温胁迫, 从生理、光合、基因转录和 miRNA 表达水平分析了甘蔗对低温胁迫的响应机制<sup>[58-60]</sup>。进一步, 多项研究对甘蔗冷响应基因进行了挖掘和分析, 这些基因包括钙信号受体 *CBL* (钙调神经磷酸酶 B 样蛋白)<sup>[61]</sup>、乙醇脱氢酶基因 *ScADH3*<sup>[62]</sup>、缬氨酸-谷氨酰胺蛋白 (Valine-glutamine, *VQ*)<sup>[63]</sup>、G 蛋白偶联受体基因 *ShGPCR1*<sup>[64]</sup>、微管蛋白基因 *SoTUA*<sup>[65]</sup>、异戊烯基转移酶基因 *ipt*<sup>[66]</sup>、膜内在水孔蛋白 *SspNIP2*<sup>[67]</sup> 等。这些基因中, *ScADH3*、*ShGPCR1*、*SoTUA* 和 *ipt* 已经被功能验证, 它们过表达增强了转基因植物的耐冷性。尽管如此, 这些基因的表达调控机制仍然尚不清楚。这是因为, 甘蔗基因组复杂和基因组遗传操作困难, 限制了性状相关基因的功能和机制解析。值得注意的是, 蔗茅不仅基因组简单, 而且高海拔(最高 2800 m)生境的特点赋予了其对冷胁迫的适应性, 这是其他甘蔗野生种所不及的。因此, 解析蔗茅的耐冷机制, 挖掘蔗茅的耐冷基因, 对甘蔗耐冷遗传改良意义重大。以往的研究从生理<sup>[14]</sup>和基因转录水平<sup>[68]</sup>揭示了蔗茅的冷胁迫响应特性, 一些与蔗茅耐冷相关的基因(例如, *ErDREB1A*、*EfWRKY62* 和 *EfMYB1*) 已经被克隆(表 1)。然而, 这些基因的耐冷功能和表达调控机制需要进一步去验证和解析。目前, 蔗茅全基因组的破解, 为进一步研究和利用蔗茅资源提供了参考基因组。基于蔗茅的基因组, 研究者们分析了蔗茅冷响应基因的调控网络: Ca<sup>2+</sup>与钙调蛋白(CaM/CML, CBLs)结合, 激活 MAPK-ICE1-CBF-COR 信号级联, 促进蔗茅的耐冷性<sup>[28]</sup>。除此之外, 2 个耐冷相关的基因家族(*AP2/ERF*<sup>[69]</sup>和 *MYB*<sup>[70]</sup>) 在蔗茅中被解析, 这为进一步探究耐冷基因的功能和表达调控机制奠定



了基础。

表 1 蔗茅耐冷和抗旱相关基因

Table 1 Genes related to cold and drought tolerance in *Erianthus fulvus*

基因 Genes	表达特性 Expression characteristics	GenBank ID	参考文献 References
<i>EjWRKY15</i>	冷诱导	MW807358.1	/
<i>EjWRKY51</i>	冷诱导	UVJ69259.1	/
<i>EjNAC</i>	干旱诱导	QWW30868.1	[71]
<i>EjGRAS</i>	干旱诱导	QQO98631.1	[72]
<i>EjWRKY62</i>	冷诱导	QBQ57665.1	[73]
<i>EjNAC44</i>	冷诱导	QBQ57664.1	[74]
<i>EjDREB1A</i>	冷诱导	QFP40042.1	[75]
<i>EjCML30</i>	冷诱导	AZA07963.1	/
<i>EjPHD13</i>	冷诱导	OK356615	[76]
<i>EjMYB</i>	冷诱导	ON586646	[77]

我国旱地甘蔗种植面积约 75%，严重制约了甘蔗的生长和产量形成。一直以来，抗旱性是甘蔗育种的主要目标。20 世纪 90 年代以来，以割手密为代表的野生种质抗逆血缘的导入，促进了甘蔗的抗旱性<sup>[78-79]</sup>。然而，高贵化过程中，既要满足高贵种的高糖和高产性状，也要获得野生种的抗逆基因和性状，这需要不断地和高贵种进行回交，使得成本昂贵和周期长达 10 年之久。随着组学和生物技术的不断发展，转基因育种无疑是解决这些问题的重要策略。目前，一些来自于甘蔗 (*SoACLA-1*)<sup>[80]</sup>、割手密 (*SsWRKY1*)<sup>[81]</sup>、斑茅 (*EaEXPA1*)<sup>[82]</sup>和其他物种 (*TaDREB2B*)<sup>[83]</sup>、*TERF1*<sup>[84]</sup>的抗旱基因已经被挖掘和验证，这些基因的过表达促进了甘蔗品种的抗旱性。然而，这些基因提高甘蔗抗旱性的机制尚不清楚。尽管，这些基因的抗旱性已经被初步验证，但目前甘蔗抗旱转基因育种仍然缺乏关键的、有效的候选基因。蔗茅主要生长于贫瘠的旱坡地上，具有优异的抗旱性。蔗茅和甘蔗杂交，后代表现出优于母本甘蔗的抗旱性<sup>[15]</sup>，这说明了蔗茅在甘蔗抗旱育种中的潜力巨大。基于蔗茅干旱胁迫的转录本分析，一些抗旱相关基因 (*EjNAC* 和 *EjGRAS*) 已经被克隆和分析 (表 1)，这为甘蔗抗旱转基因遗传改良提供了候选基因参考。尽管蔗茅的抗旱性状对甘蔗抗旱遗传改良具有应用价值，但蔗茅抗旱基因的表达调控网络尚不清楚，这在一定程度上限制了对蔗茅抗旱基因的挖掘和利用。因此，加强蔗茅抗旱基因的挖掘和机制研究，对甘蔗的抗旱遗传改良意义重大。

## 7 蔗茅研究和利用存在的问题与展望

加强甘蔗种质资源 (特别是近缘种属的种质资源) 材料的搜集、研究和利用，是丰富甘蔗品种血缘背景，创造有突破性的甘蔗骨干亲本和优良品种的重要基础。蔗茅在甘蔗高糖、抗逆和生物燃料育种中具有重要的运用潜力，有望成为继割手密之后贡献甘蔗品种改良的理想材料。然而，目前蔗茅基础研究薄弱，且有效利用不足。基于此，本文提出了以下问题和展望：(1) 尽管目前的研究对蔗茅的遗传多样性进行了分析，并成功开发了与甘蔗的杂交育种方法，但其有效利用严重不足。例如，特别是含有蔗茅血缘的甘蔗新品种选育力度不够，这在一定程度上阻碍了蔗茅优异血缘向甘蔗渗透。因此，育种家们应该加强甘蔗与蔗茅远缘杂交的组合配置，促进蔗茅优异性状向甘蔗渗透，丰富甘蔗的血缘背景，以期创造含有蔗茅血缘的骨干亲本和优良品种。(2) 尽管，蔗茅在甘蔗育种中具有较好的运用潜力，但甘蔗喜性湿热，而蔗茅对湿热的环境敏感。那么，含有蔗茅血缘的甘蔗杂交后代，对我国现有蔗区的湿热环境的适应性是需要考虑的。因此，需要育种家们开展多年多点的品种/系区域化试验，从而有利于后续有针对性的区域推广和利用。除此之外，以滇蔗 01-58 为代表的含有蔗茅血缘的甘蔗品种/系，适宜高海拔 (1300~1900 m) 的旱坡地环境，可以考虑将其合理的布局于高海拔的蔗区或者非蔗区加以利用。(3) 尽管蔗茅具有优异的耐冷、抗旱、耐贫瘠、早熟和高锤度等性状，是甘蔗育种中主要的目标性状。然而，调控这些目标性状的关键基因和调控机制尚不清楚，从而限制了蔗茅优异性状的机制解析和甘蔗的转基因育种。因此，需要进一步开展蔗茅优异性状的关键基因定位，助力甘蔗分子育种。(4) 由于甘蔗基因组复杂，且遗传操作困难 (特别是开展基因编辑研究)，使得长期以来性状相关的功能基因定位和机制解析严重滞后，严重制约着

甘蔗的分子育种进程。蔗茅是甘蔗复合体内唯一的二倍体物种，其基因组最小，遗传转化简单<sup>[46]</sup>，具备模式植物的特征，是甘蔗复合体内开展功能基因研究的最佳模式植物。因此，需要进一步开发蔗茅高效的遗传转化和基因编辑体系，促进蔗茅的基因组遗传操作，不仅有利于蔗茅优异性状关键基因的功能和机制解析，也能给甘蔗复合体功能基因研究带来理想的模式物种，并为甘蔗分子育种提供理论和技术的支持。

(5) 尽管蔗茅具备甘蔗复合体功能基因研究模式植物的特征，但蔗茅对低海拔地区的湿热环境敏感，这一性状与甘蔗或者其他近缘野生种截然不同。如何克服这一问题，使得转化的蔗茅植株在湿热环境中成活和结果可用很重要，这是将蔗茅开发成为模式植物必须考虑的。基于此，我们设想两个措施：其一，挖掘关键基因，创制耐湿热环境的蔗茅转化受体株系；其二，依赖于控制湿热环境的设备，创造适合蔗茅正常生长的温室环境。(6) 甘蔗固有的高糖、高纤维和高生物量性状是生产生物燃料乙醇最佳的原料。然而，我国甘蔗生产具有地域局限性（目前的甘蔗品种对温度、水分和土壤肥力要求高），且食糖产业面临供不应求的现状，这使得甘蔗作为蔗糖生产和生物燃料乙醇生产的原料之间存在巨大的竞争关系。选育耐逆境和耐粗放的燃料甘蔗品种可以解决这一问题。蔗茅优异的逆境适应性（耐冷、抗旱和耐贫瘠等），对开发燃料甘蔗品种具有较好的应用潜力。因此，选育含有蔗茅抗逆血缘，适应逆境和耐粗放的燃料甘蔗品种，向较高海拔蔗区或非蔗区合理的推广种植，能缓解甘蔗作为主要糖料作物和燃料乙醇原料之间的竞争压力。

## 参考文献

- [1] 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 Y, 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
- [2] 赵小坤, 毛钧, 字秋艳, 徐超华, 李旭娟, 刘洪博, 陆鑫, 刘新龙. 割手密野生资源抗逆性研究进展. 植物遗传资源学报, 2020,21(02):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 Germplasm *Saccharum spontaneum* L. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020,21(02):287-295
- [3] 黄家雍, 廖江雄, 诸葛莹. 甘蔗与河八王、五节芒、滇蔗茅属间交配性及杂种 F<sub>1</sub> 无性系的形态学和同工酶分析. 西南农业学报, 1997(03):93-99  
Huang J Y, Liao J X, Zhu G Y. Intergeneric copulativity of *Saccharum* L with *Narenga porphyrocoma*, *Miscanthus floridulus* and *Erianthus kockii*, the morphology and isozyme analysis of their hybrid F<sub>1</sub> clones. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 1997(03):93-99
- [4] 方静平, 阙友雄, 陈如凯. 甘蔗属起源及其与近缘属进化关系研究进展. 热带作物学报, 2014,35(04):816-822  
Fang J P, Que Y X, Chen R K. A Review of *Saccharum* Origin and its Evolutionary Relationship with Related Genera. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2014,35(04):816-822
- [5] Wang X, Yang Q, Li F, He L, He S. Molecular Identification of *Saccharum* spp. × *Erianthus fulvus* Hybrids Using Sequence-Characterized Amplified Region Markers. *Crop Science*, 2009,49(3):864-870
- [6] Li X, Huang F, Chai J, Wang Q, Yu F, Huang Y, Wu J, Wang Q, Xu L, Zhang M, Deng Z. Chromosome behavior during meiosis in pollen mother cells from *Saccharum officinarum* × *Erianthus arundinaceus* F<sub>1</sub> hybrids. *BMC Plant Biology*, 2021,21(1):139
- [7] 刘昔辉, 桂意云, 张荣华, 李海碧, 韦金菊, 周会, 杨荣仲, 张小秋, 李杨瑞. 河八王杂交种 F<sub>1</sub>、BC<sub>1</sub> 及其亲本 DNA 甲基化水平和模式变化. 中国农业大学学报, 2019,24(09):37-46  
Liu X H, Gua Y Y, Zhang R H, Li H B, Wei J J, Zhou H, Yang R Z, Zhang X Q, Li Y R. DNA methylation levels and genetic patterns in *Narenga porphyrocoma* (Hance) hybrids F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> and their parental inbreds. *Journal of China Agricultural University*, 2019,24(09):37-46
- [8] 张镇. “高原甘蔗”育种成功. 农业知识, 2006(13):9  
Zhang Z. The plateau sugarcane 'breeding was successful. *Agriculture Knowledge*, 2006(13):9
- [9] 李富生, 林位夫, 何顺长. 开发利用蔗茅野生种质资源的思考. 资源开发与市场, 2004(04):266-270  
Li F S, Lin W F, He S C. Suggestions on Developing and Utilization of *Erianthus Fulvus* Wild Species. *Resource Development & Market*, 2004(04):266-270
- [10] 高产、抗逆含斑茅血缘甘蔗亲本的创制与利用研究. 广东省生物工程研究所, 2017-12-16  
Study on the creation and utilization of high-yield and stress-resistant sugarcane parents containing *Saccharum arundinaceum* blood. *Guangdong Provincial Bioengineering Institute (Guangzhou Sugarcane Industry Research Institute)*, 2017-12-16
- [11] 何顺长, 杨清辉, 肖风迥, 张发春, 何丽莲. 全国甘蔗野生种质资源的采集和考察. 甘蔗, 1994(01):11-17

- He S C, Yang Q H, Xiao F J, Zhang F C, He L L. Investigations and Collections of Wild Germplasm Plants Related to Sugarcane in China. *Sugarcane (Subtropical Agriculture Research)*, 1994(01):11-17
- [12] 萧凤回, 李富生, 何丽莲, 段承俐, 杨清辉. 甘蔗近缘野生种蔗茅 (*Erianthus rufipilus*) 的研究. *甘蔗*, 1996(02):1-6
- Xiao F H, Li F S, He L L, Duan C L, Yang Q H. The Study on a Sugarcane Relative Species *Erianthus rufipilus*. *Sugarcane (Subtropical Agriculture Research)*, 1996(02):1-6
- [13] Burner D M. Cytogenetic analyses of sugarcane relatives (Andropogoneae: Saccharinae). *Euphytica*, 1991,54(1):125-133
- [14] 曹哲群, 肖芙蓉, 陈疏影, 何丽莲, 李富生. 7个蔗茅野生种及其后代材料苗期耐寒性鉴定. *作物杂志*, 2017(05):43-48
- Cao Z Q, Xiao F R, Chen S Y, He L L, Li F S. Identification of Cold Tolerance in Seven Wild Sugarcane and Three Offsprings at Seedling Stage. *Crops*, 2017(05):43-48
- [15] 沈先岳, 徐荣, 吴清莲, 谢林艳, 孟玉, 狄义宁, 王先宏, 何丽莲, 李富生. 甘蔗与蔗茅杂交亲本及后代材料的抗旱性鉴定. *中国农学通报*, 2020,36(20):7-13
- Shen X Y, Xu R, Wu Q L, Xie L Y, Meng Y, Di Y N, Wang X H, He L L, Li F S. *Saccharum* spp. × *Erianthus fulvus* and Their Hybrid Offspring: Identification of Drought Resistance. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020,36(20):7-13
- [16] 李富生, 林位夫, 何顺长. 不同无性系蔗茅抽穗开花特性的观察和花粉贮藏条件的研究. *植物生理学通讯*, 2005(02):171-174
- Li F S, Lin W F, He S C. Observation of Heading and Flowering Characteristics of Various Clones of *Erianthus fulvus* and Studies on Pollen Storage Conditions. *Plant Physiology Journal*, 2005(02):171-174
- [17] 王秋松. 甘蔗与滇蔗茅后代染色体遗传及利用价值研究. 福建: 福建农林大学, 2022
- Wang Q S. Research on Chromosome Inheritance and Application value of the progenies of *Saccharum officinarum* and *Erianthus rockii*. Fujian: Fujian Agriculture and Forestry University, 2022
- [18] 李文凤, 单红丽, 王晓燕, 陆鑫, 张荣跃, 仓晓燕, 尹炯, 罗志明, 黄应昆. 滇蔗茅杂交 F<sub>1</sub> 双抗 SCSMV 和 SrMV 鉴定与评价. *植物遗传资源学报*, 2017,18(05):886-890
- Li W F, Shan H L, Wang X Y, Lu X, Zhang R Y, Cang X Y, Yin J, Luo Z M, Huang Y K. Identification and Evaluation of *Erianthus rockii* F<sub>1</sub> Hybrids Resistant to SCSMV and SrMV. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017,18(05):886-890
- [19] 王丽萍, 蔡青, 陆鑫, 马丽, 刘新龙, 李文凤, 夏红明. 甘蔗近缘属野生种滇蔗茅 (*Erianthus rockii*) 的种质创新利用. *中国糖料*, 2008(02):8-11
- Wang L P, Cai Q, Lu X, Ma L, Liu X L, Li W F, Xia H M. Study of Wild Species *Erianthus rockii* Germplasm Innovation and Use. *Sugar Crops of China*, 2008(02):8-11
- [20] 陆鑫, 刘新龙, 毛钧, 刘洪博, 苏火生, 马丽, 蔡青. 甘蔗野生种滇蔗茅利用研究III. 滇蔗茅杂种 F<sub>1</sub> 群体的表型变异与遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2013,14(04):749-753
- Lu X, Liu X L, Mao J, Liu H B, Su H S, Ma L, Cai Q. Utilization of *Erianthus rockii* III. Genetic Diversity Analysis of Phenotypic Traits in F<sub>1</sub> Population of *Saccharum officinarum* L. × *E. rockii*. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013,14(04):749-753
- [21] 李富生, 林位夫, 何顺长. 甘蔗与蔗茅属间杂交 F<sub>1</sub> 代真实性的鉴定. *热带作物学报*, 2004(04):102-105
- Li F S, Lin W F, He S C. Identification of Intergeneric F<sub>1</sub> Hybrids between *S. officinarum* and *E. fulvus*. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2004(04):102-105
- [22] Yu F, Wang P, Li X, Huang Y, Wang Q, Luo L, Jing Y, Liu X, Deng Z, Wu J, Yang Y, Chen R, Zhang M, Xu L. Characterization of chromosome composition of sugarcane in nobilization by using genomic in situ hybridization. *Molecular Cytogenetics*, 2018,11(1):1-8
- [23] 黄永吉, 吴嘉云, 刘少谋, 邓祖湖, 符成, 林彦铨, 李奇伟, 黄忠兴, 陈如凯. 基于 GISH 的甘蔗与斑茅 F<sub>1</sub> 染色体遗传与核型分析. *植物遗传资源学报*, 2014,15(02):394-398
- Huang Y J, Wu J Y, Liu S M, Deng Z H, Fu C, Lin Y Q, Li Q W, Huang Z X, Chen R K. Chromosome Genetic and Karyotype Analysis of F<sub>1</sub> Hybrids between *Saccharum officinarum* and *Erianthus arundinaceus* Based on GISH. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014,15(02):394-398
- [24] Wang X, Yang Q, Li F, He L, He S. Characterization of the Chromosomal Transmission of Intergeneric Hybrids of *Saccharum* spp. and *Erianthus fulvus* by Genomic in situ Hybridization. *Crop Science*, 2010,50(5):1642-1648
- [25] 王先宏, 杨清辉, 李富生, 何丽莲, 何顺长. 基于 GISH 的甘蔗与蔗茅属间杂交 F<sub>1</sub> 后代染色体组成及核型分析. *中国农业科学*, 2011,44(06):1085-1091
- Wang X H, Yang Q H, Li F S, He L L, He S C. Chromosomal Constitution and Karyotype of Intergeneric F<sub>1</sub> Hybrids Between *Saccharum* spp. and *Erianthus fulvus* Based on GISH. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011,44(06):1085-1091

- [26] 蔡青. 甘蔗近缘属斑茅、滇蔗茅遗传多样性与种质创新研究. 云南: 云南大学, 2013  
Cai Q, Study on Genetic diversity and Germplasm Improvement of *Erianthus arundinaceus* and *Erianthus rochii*. Yunnan: Yunnan University, 2013
- [27] 林秀琴, 陆鑫, 毛钧, 刘新龙, 苏火生, 蔡青. 甘蔗属热带种与滇蔗茅远缘杂交 F<sub>1</sub> 代 GISH 分析. 西南农业学报, 2013,26(04):1327-1331  
Lin X Q, Lu X, Mao J, Liu X L, Su H S, Cai Q. GISH Analysis of Intergeneric F<sub>1</sub> Hybrids between *Saccharum officinarum* and *Erianthus rockii*. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2013,26(04):1327-1331
- [28] Kui L, Majeed A, Wang X, Yang Z, Chen J, He L, Di Y, Li X, Qian Z, Jiao Y, Wang G, Liu L, Xu R, Gu S, Yang Q, Chen S, Lou H, Meng Y, Xie L, Xu F, Shen Q, Singh A, Gruber K, Pan Y, Hao T, Dong Y, Li F. A chromosome-level genome assembly for *Erianthus fulvus* provides insights into its biofuel potential and facilitates breeding for improvement of sugarcane. *Plant Communications*, 2023,4(4):100562
- [29] Shimomae K, Chin D P, Khan R S, Mii M. Efficient plant regeneration system from seed-derived callus of ravenna grass [*Erianthus ravennae* (L.) Beauv.]. *Plant Biotechnology*, 2013,30(5):473-478
- [30] 应雄美. 蔗茅种质资源遗传多样性分析. 北京: 中国农业科学院, 2013  
Ying X M, Analysis of Genetic Diversity for Germplasm Resources of *Erianthus fulvus*. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013
- [31] 王维赞, 朱秋珍, 邓展云. 甘蔗品种资源的聚类分析. 中国糖料, 2004(02):19-24  
Wang W Z, Zhu Q Z, Deng Z Y. Cluster Analysis of Sugarcane Germplasm Resources. *Sugar Crops of China*, 2004(02):19-24
- [32] 刘新龙, 蔡青, 吴才文, 马丽, 应雄美, 陆鑫, 范源洪. 甘蔗品种资源的表型遗传多样性. 生物多样性, 2010,18(01):37-43  
Liu X L, Cai Q, Wu C W, Ma L, Ying X M, Lu X, Fan Y H. Phenotypic diversity of sugarcane variety germplasm. *Biodiversity Science*, 2010,18(01):37-43
- [33] 田春艳, 王先宏, 李富生, 娄红波, 何丽莲, 朱永平, 杨清辉, 唐荣平. 甘蔗野生种蔗茅的形态多样性分析. 中国农学通报, 2015,31(15):97-102  
Tian C Y, Wang X H, Li F S, Lou H B, He L L, Zhu Y P, Yang Q H, Tang R P. Morphological Diversity of Wild Sugarcane Species *Erianthus fulvus*. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2015,31(15):97-102
- [34] 徐超华, 陆鑫, 刘洪博, 林秀琴, 刘新龙, 苏火生, 马丽, 毛钧, 李旭娟, 蔡青. 甘蔗近缘种滇蔗茅(*Erianthus rockii*)表型性状遗传多样性研究. 植物遗传资源学报, 2014,15(06):1369-1373  
Xu C H, Lu X, Liu H B, Lin X Q, Liu X L, Su H S, Ma L, Mao J, Li X J, Cai Q. Genetic diversity analysis of phenotypic traits in *Erianthus rockii* wild species. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, 15(06):1369-1373
- [35] 陆鑫. 滇蔗茅杂种 F<sub>1</sub> 群体遗传多样性分析. 北京: 中国农业科学院, 2012  
Lu X. Analysis in Genetic Diversity for F<sub>1</sub> Population of *Erianthus rockii*. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012
- [36] 朱专为. 甘蔗栽培品种的主要农艺性状与 AFLP 和 SSR 分子标记的关联分析. 福建: 福建农林大学, 2018  
Zhu Z W. Association analysis of main agronomic traits of sugarcane cultivated varieties using AFLP and SSR markers. Fujian: Fujian Agriculture and Forestry University, 2018
- [37] 汪洲涛, 游倩, 高世武, 王春风, 李竹, 马晶晶, 阙友雄, 许莉萍, 罗俊. 甘蔗品种的 AFLP 和 SSR 标记鉴定及其应用. 作物学报, 2018,44(05):723-736  
Wang Z T, You Q, Gao S W, Wang C F, Li Z, Ma J J, Que Y X, Xu L P, Luo J. Identification of sugarcane varieties by AFLP and SSR markers and its application. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(5):723-736
- [38] 蔡青, 范源洪, Aitken K, Piperidis G, McIntyre C L, Jackson P. 利用 AFLP 进行“甘蔗属复合体”系统演化和亲缘关系研究. 作物学报, 2005(05):551-559  
Cai Q, Fan Y H, Aitken K, Piperidis G, McIntyre C L, Jackson P. Assessment of the phylogenetic relationships within the "Saccharum complex" using AFLP markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2005(05):551-559
- [39] Wang T, Wang B, Hua X, Tang H, Zhang Z, Gao R, Qi Y, Zhang Q, Wang G, Yu Z, Huang Y, Zhang Z, Mei J, Wang Y, Zhang Y, Li Y, Meng X, Wang Y, Pan H, Chen S, Li Z, Shi H, Liu X, Deng Z, Chen B, Zhang M, Gu L, Wang J, Ming R, Yao W, Zhang J. A complete gap-free diploid genome in *Saccharum* complex and the genomic footprints of evolution in the highly polyploid *Saccharum* genus. *Nature Plants*, 2023,9(4):554-571
- [40] Zhang J, Zhang X, Tang H, Zhang Q, Hua X, Ma X, Zhu F, Jones T, Zhu X, Bowers J, Wai C M, Zheng C, Shi Y, Chen S, Xu X, Yue J, Nelson D R, Huang L, Li Z, Xu H, Zhou D, Wang Y, Hu W, Lin J, Deng Y, Pandey N, Mancini M, Zerpa D, Nguyen J K, Wang L, Yu L, Xin Y, Ge L, Arro J, Han J O, Chakrabarty S, Pushko M, Zhang W, Ma Y, Ma P, Lv M, Chen F, Zheng G, Xu J, Yang Z, Deng F, Chen X, Liao Z, Zhang X, Lin Z, Lin H, Yan H, Kuang Z, Zhong W, Liang P, Wang G, Yuan Y, Shi J, Hou J, Lin J, Jin J, Cao P, Shen Q, Jiang Q, Zhou P, Ma Y, Zhang X, Xu R, Liu J, Zhou Y, Jia H, Ma Q, Qi R, Zhang Z, Fang J, Fang H, Song J, Wang M, Dong G, Wang G, Chen Z, Ma T, Liu H, Dhungana S R, Huss S E, Yang X, Sharma A, Trujillo J H, Martinez M C, Hudson M, Riascos J J, Schuler M, Chen L Q, Braun D M, Li L, Yu Q, Wang J, Wang K, Schatz M C, Heckerman D, Van Sluys M A, Souza G M, Moore P H, Sankoff D, VanBuren R, Paterson A H, Nagai C, Ming R. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L. *Nature Genetics*,

2018,50(11):1565-1573

- [41] Zhang Q, Qi Y, Pan H, Tang H, Wang G, Hua X, Wang Y, Lin L, Li Z, Li Y, Yu F, Yu Z, Huang Y, Wang T, Ma P, Dou M, Sun Z, Wang Y, Wang H, Zhang X, Yao W, Wang Y, Liu X, Wang M, Wang J, Deng Z, Xu J, Yang Q, Liu Z, Chen B, Zhang M, Ming R, Zhang J. Genomic insights into the recent chromosome reduction of autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum*. *Nature Genetics*, 2022,54(6):885-896
- [42] Healey A L, Garsmeur O, Lovell J T, Shengquiang S, Sreedasyam A, Jenkins J, Plott C B, Piperidis N, Pompidor N, Llaca V, Metcalfe C J, Dolezel J, Capal P, Carlson J W, Hoarau J Y, Hervouet C, Zini C, Dievart A, Lipzen A, Williams M, Boston L B, Webber J, Keymanesh K, Tejomurthula S, Rajasekar S, Suchecki R, Furtado A, May G, Parakkal P, Simmons B A, Barry K, Henry R J, Grimwood J, Aitken K S, Schmutz J, D'Hont A. The complex polyploid genome architecture of sugarcane. *Nature*, 2024,628(8009):804-810
- [43] Bao Y, Zhang Q, Huang J, Zhang S, Yao W, Yu Z, Deng Z, Yu J, Kong W, Yu X, Lu S, Wang Y, Li R, Song Y, Zou C, Xu Y, Liu Z, Yu F, Song J, Huang Y, Zhang J, Wang H, Chen B, Zhang X, Zhang M. A chromosomal-scale genome assembly of modern cultivated hybrid sugarcane provides insights into origination and evolution. *Nature Communications*, 2024,15(1):3041
- [44] Chen S Y, Feng X X, Zhang Z, Hua X T, Zhang Q, Chen C J, Li J W, Liu X J, Weng C Y, Chen B S, Zhang M Q, Yao W, Tang H B, Ming R, Zhang J S. SeDB: A comprehensive database dedicated to *Saccharum*, facilitating functional genomics and molecular biology studies in sugarcane.[J]. *Plant biotechnology journal*, 2024, 22(12):3386-3388.
- [45] Wang W, Wang J, Feng C, Zhao T, Shen L, Feng X, Zhang S. Establishment of an efficient transgenic selection system and its utilization in *Saccharum officinarum*. *Tropical Plants*, 2023,2:11
- [46] 李富生, 钱祺锋, 饶席兵, 吴华英, 何丽莲, 谷书杰, 张蓉琼, 陈疏影, 王先宏, 刘鲁峰. 一种农杆菌介导的甘蔗复合体蔗茅的遗传转化方法. 云南省:CN202410324599.8, 2024-06-07  
Li F S, Qian Z F, Rao X B, Wu H Y, He L L, Gu S J, Zhang R Q, Chen S Y, Wang X H, Liu L F. An *Agrobacterium*-mediated genetic transformation method of sugarcane complex *Erianthus fulvus*. Yunnan Province:CN202410324599.8, 2024-06-07
- [47] Wu Q, Li A, Zhao P, Xia H, Zhang Y, Que Y. Theory to practice: a success in breeding sugarcane variety YZ08-1609 known as the King of Sugar. *Frontiers in Plant Science*, 2024,15:1413108
- [48] 徐超华, 刘洪博, 覃伟, 毛钧, 林秀琴, 陆鑫. 贵州省黔西南州甘蔗野生种质资源考察收集与表型性状初步研究. *热带作物学报*, 2023,44(06):1135-1145  
Xu C H, Liu H B, Qian W, Mao J, Lin X Q, Lu X. Investigation and Phenotypic Traits Analysis of Wild Sugarcane Germplasm Resource in Southwest Guizhou Autonomous Prefecture of China. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2023,44(06):1135-1145
- [49] 胡存脉, 王先宏, 余兴华, 杨清辉. 藏南甘蔗野生种质资源的考察与植物学性状分析. *云南农业大学学报(自然科学)*, 2015, 30(03):351-356  
Hu C M, Wang X H, Yu X H, Yang Q H. Investigation and Botanical Character Analysis of Wild Sugarcane Germplasm Resources of Southern Tibet. *Journal of Yunnan Agricultural University(Natural Science)*, 2015, 30(03):351-356
- [50] 刘洪博, 应雄美, 刘新龙, 马丽, 陆鑫, 苏火生, 蔡青. 甘蔗栽培原种宿根蔗综合性状分析. *植物分类与资源学报*, 2013, 35(05):621-629  
Liu H B, Ying X M, Liu X L, Ma L, Lu X, Su H S, Cai Q. Evaluation of Ratoon Characteristics in Sugarcane Cultivation Protospecies. *Plant Diversity and Resouces*, 2013, 35(05):621-629
- [51] 杨清辉, 萧凤迥, 张发春, 何顺长. 西藏甘蔗亚族植物种质资源考察采集报告. *云南农业大学学报*, 1991, (03):183-186  
Yang Q H, Xiao, F H, Zhang F C, He S C. Investigation and Collection of the Germplasmic Resources of *Saccharinae* Kuntze in Tibet. *Journal of Yunnan Agricultural University*, 1991, (03):183-186
- [52] Zhang J, Arro J, Chen Y, Ming R. Haplotype analysis of sucrose synthase gene family in three *Saccharum* species. *BMC Genomics*, 2013,14:314
- [53] Hu W, Hua X, Zhang Q, Wang J, Shen Q, Zhang X, Wang K, Yu Q, Lin Y R, Ming R, Zhang J. New insights into the evolution and functional divergence of the SWEET family in *Saccharum* based on comparative genomics. *BMC Plant Biology*, 2018,18(1):270
- [54] Zhang Q, Hu W, Zhu F, Wang L, Yu Q, Ming R, Zhang J. Structure, phylogeny, allelic haplotypes and expression of sucrose transporter gene families in *Saccharum*. *BMC Genomics*, 2016,17:88
- [55] Niu J, Huang J, Phan T, Pan Y, Yang L, Li Y. Molecular Cloning and Expressional Analysis of Five Sucrose Transporter (SUT) Genes in Sugarcane. *Sugar Tech*, 2019,21(1):47-54
- [56] 李杨瑞, 谭裕模, 李松, 杨荣仲. 甘蔗作为生物能源作物的潜力分析. *西南农业学报*, 2006(04):742-746  
Li Y R, Tan Y M, Li S, Yang R Z. Analyses on the potential of sugarcane as a bio-energy crop in China. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2006, (04): 742-746

- [57] 路明. 巴西甘蔗作物的燃料酒精转化和对我国发展燃料酒精的启示. 作物杂志, 2004(05):1-4  
Lu M. Fuel alcohol conversion of sugarcane crops in Brazil and its enlightenment to the development of fuel alcohol in China. *Crops*, 2004(05):1-4
- [58] Zhang B, Yang L, Li Y. Physiological and Biochemical Characteristics Related to Cold Resistance in Sugarcane. *Sugar Tech*, 2015,17(1):49-58
- [59] Xu F, He L, Gao S, Su Y, Li F, Xu L. Comparative Analysis of two Sugarcane Ancestors *Saccharum officinarum* and *S. spontaneum* based on Complete Chloroplast Genome Sequences and Photosynthetic Ability in Cold Stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019,20(15):3828
- [60] Yang Y, Zhang X, Su Y, Zou J, Wang Z, Xu L, Que Y. miRNA alteration is an important mechanism in sugarcane response to low-temperature environment. *BMC Genomics*, 2017,18(1):833
- [61] Zhang B Q, Song X P, Zhang X Q, Huang Y X, Liang Y J, Zhou S, Yang C F, Yang L T, Huang X, Li Y R. Differential Gene Expression Analysis of SoCBL Family Calcineurin B-like Proteins: Potential Involvement in Sugarcane Cold Stress. *Genes (Basel)*, 2022,13(2):246
- [62] Su W, Ren Y, Wang D, Su Y, Feng J, Zhang C, Tang H, Xu L, Muhammad K, Que Y. The alcohol dehydrogenase gene family in sugarcane and its involvement in cold stress regulation. *BMC Genomics*, 2020,21(1):521
- [63] Liu Y, Liu X, Yang D, Yin Z, Jiang Y, Ling H, Huang N, Zhang D, Wu J, Liu L, Xu L, Yan M, Que Y, Zhou D. A Comprehensive Identification and Expression Analysis of VQ Motif-Containing Proteins in Sugarcane (*Saccharum spontaneum* L.) under Phytohormone Treatment and Cold Stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022,23(11):6334
- [64] Ramasamy M, Damaj M B, Vargas-Bautista C, Mora V, Liu J, Padilla C S, Irigoyen S, Saini T, Sahoo N, DaSilva J A, Mandadi K K. A Sugarcane G-Protein-Coupled Receptor, ShGPCR1, Confers Tolerance to Multiple Abiotic Stresses. *Frontiers in Plant Science*, 2021,12:745891
- [65] Jiao Yun C, Qaisar K, Bo S, Li Hua T, Li Tao Y, Bao Qing Z, Xing Yong X, Deng Feng D, Yang Rui L. Overexpression of sugarcane SoTUA gene enhances cold tolerance in transgenic sugarcane. *Agronomy Journal*, 2021,113(6):4993-5005
- [66] Belintani N G, Guerzoni J T S, Moreira R M P, Vieira L G E. Improving low-temperature tolerance in sugarcane by expressing the ipt gene under a cold inducible promoter. *Biologia Plantarum*, 2012,56(1):71-77
- [67] Park J W, Benatti T R, Marconi T, Yu Q, Solis-Gracia N, Mora V, Da S J. Cold Responsive Gene Expression Profiling of Sugarcane and *Saccharum spontaneum* with Functional Analysis of a Cold Inducible *Saccharum* Homolog of NOD26-Like Intrinsic Protein to Salt and Water Stress. *Plos One*, 2015,10(5):e0125810
- [68] 孟玉, 陈疏影, 徐荣, 曹哲群, 刘鲁峰, 王先宏, 何丽莲, 李富生. 蔗茅野生种响应低温胁迫的数字基因表达谱. 分子植物育种, 2018,16(12):3877-3886  
Meng Y, Chen S Y, Xu R, Cao Z Q, Liu L F, Wang X H, He L L, Li F S. Digital gene expression profiles of wild species of *Erianthus fulvus* response to low temperature stress. *Molecular Plant Breeding*, 2018, (12):3877-3886
- [69] Qian Z, Rao X, Zhang R, Gu S, Shen Q, Wu H, Lv S, Xie L, Li X, Wang X, Chen S, Liu L, He L, Li F. Genome-Wide Identification, Evolution, and Expression Analyses of AP2/ERF Family Transcription Factors in *Erianthus fulvus*. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023,24(8):7102
- [70] Rao X, Qian Z, Xie L, Wu H, Luo Q, Zhang Q, He L, Li F. Genome-Wide Identification and Expression Pattern of MYB Family Transcription Factors in *Erianthus fulvus*. *Genes (Basel)*, 2023,14(12):2128
- [71] 谷书杰, 沈先岳, 钱祺锋, 曾丹, 马豪, 狄义宁, 何丽莲, 李富生. 蔗茅 EfnAC 基因的克隆和生物信息学分析. 分子植物育种, 2021,19(17):5669-5677  
Gu S J, Shen X Y, Qian Z F, Zeng D, Ma H, Di Y N, He L L, Li F S. Cloning and Bioinformatics Analysis of The EfnAC Gene in *Erianthus fulvus*. *Molecular Plant Breeding*, 2021,19(17):5669-5677
- [72] 沈先岳, 谷书杰, 谢林艳, 钱祺锋, 曾丹, 何丽莲, 李富生. 甘蔗近缘野生种蔗茅 EfnGRAS 基因克隆及表达分析. 热带作物学报, 2020,41(10):2113-2119  
Sheng X Y, Gu S J, Xie L Y, Qian Z F, Zeng D, He L L, Li F S. Cloning and expression analysis of EfnGRAS gene in sugarcane related wild species, *Saccharomyces cerevisiae*. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2020,41(10):2113-2119
- [73] 曾丹, 曹哲群, 孟玉, 肖芙蓉, 徐荣, 吴清莲, 沈先岳, 马豪, 何丽莲, 李富生. 蔗茅耐寒相关基因 EfnWRKY62 的克隆与分析. 分子植物育种, 2020,18(19):6314-6321  
Zeng D, Cao Z Q, Meng Y, Xiao F R, Xu R, Wu Q L, Shen X Y, Ma H, He L L, Li F S. Cloning and Analysis of the Cold Tolerance Gene EfnWRKY62 in *Erianthus fulvus*. *Molecular Plant Breeding*, 2020,18(19):6314-6321
- [74] 马豪, 曹哲群, 徐荣, 孟玉, 肖芙蓉, 吴清莲, 沈先岳, 曾丹, 钱祺锋, 何丽莲, 李富生. 蔗茅 EfnAC44 基因克隆与表达分析. 分子植物育种, 2021,19(08):2550-2556  
Ma H, Cao Z Q, Xu R, Meng Y, Xiao F R, Wu Q L, Shen X Y, Zeng D, Qian Z F, He L L, Li F S. Cloning and Expression Analysis of EfnAC44 Gene in *Erianthus fulvus*. *Molecular Plant Breeding*, 2021,19(08):2550-2556

- [75] 钱祺锋, 孟玉, 徐荣, 沈先岳, 陈疏影, 王先宏, 何丽莲, 李富生. 蔗茅野生种 ErDREB1A 基因的克隆与表达分析. 基因组学与应用生物学, 2021,40(02):827-834  
Qian Z F, Meng Y, Xu R, Shen X Y, Chen S Y, Wang X H, He L L, Li F S. Cloning and Expression Analysis of ErDREB1A Gene in the Wild Species of *Erianthus fulvus*. *Genomics and Applied Biology*, 2021,40(02):827-834
- [76] 张蓉琼, 钱祺锋, 谷书杰, 饶席兵, 沈庆庆, 吕绍芝, 赵雪婷, 陈疏影, 王先宏, 何丽莲, 李富生. 基于转录组的蔗茅 EfPHD-finger 家族基因鉴定及冷胁迫表达分析. 农业生物技术学报, 2022,30(11):2128-2140  
Zhang R Q, Qian Z F, Gu S J, Rao X B, Shen Q Q, Lv S Z, Zhao X T, Chen S Y, Wang X H, He L L, Li F S. Transcriptome-wide Identification and Cold Stress Expression Analysis of Ef PHD-finger Family Genes in *Erianthus fulvus*. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2022,30(11):2128-2140
- [77] 饶席兵, 钱祺锋, 张蓉琼, 何丽莲, 李富生. 蔗茅 EfMYB1 基因的克隆与表达分析. 西北植物学报, 2022,42(09):1487-1494  
Rao X B, Qian Z F, Zhang R Q, He L L, Li F S. Molecular Cloning and Expression Analysis of EfMYB1 in *Erianthus fulvus*. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2022,42(09):1487-1494
- [78] 桃联安, 经艳芬, 董立华, 安汝东, 杨李和, 周清明, 段慧芬, 朱建荣. 云南甘蔗细茎野生种 82-114 测交后代主要性状遗传分析. 植物遗传资源学报, 2011,12(03):419-424  
TAO L A, JING Y F, DONG L H, AN R D, YANG L H, ZHOU Q M, DUAN H F, ZHU J R. Genetic Analysis of Main Traits in Descendants of Crossing with *Saccharum spontaneum* 82-114 in Yunnan. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(3): 419-424
- [79] 陈义强, 邓祖湖, 郭春芳, 陈如凯, 张木清. 甘蔗常用亲本及其衍生品种的抗旱性评价. 中国农业科学, 2007(06):1108-1117  
Cheng Y Q, Deng Z H, Guo C F, Cheng R K, Zhang M Q. Drought resistant evaluations of commonly used parents and their derived varieties. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007(06):1108-1117
- [80] Zhu K, Huang C, Phan T, Yang L, Zhang B, Xing Y, Li Y. Overexpression of SoACLA-1 Gene Confers Drought Tolerance Improvement in Sugarcane. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2021,39(3):1-12
- [81] 沈庆庆, 王天菊, 王俊刚, 张树珍, 赵雪婷, 何丽莲, 李富生. 割手密转录因子 SsWRKY1 提高甘蔗品种抗旱能力的功能鉴定. 作物学报, 2023,49(10):2654-2664  
Shen Q Q, Wang T J, Wang J G, Zhang S Z, Zhao X T, He, L L, Li, F S. Functional identification of *Saccharum spontaneum* transcription factor SsWRKY1 to improve drought tolerance in sugarcane. *Acta Agronomica Sinica*, 2023,49(10):2654-2664
- [82] Raw A O C I. Overexpression of expansin EaEXPA1, a cell wall loosening protein enhances drought tolerance in sugarcane. *Industrial Crops & Products*, 2021,159
- [83] Xiao S, Wu Y, Xu S, Jiang H, Hu Q, Yao W, Zhang M. Field evaluation of TaDREB2B-ectopic expression sugarcane (*Saccharum* spp. hybrid) for drought tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 2022,13:963377
- [84] Anisur R M, Wei W, Yanchun Y, A. B S. Overexpression of TERF1 in sugarcane improves tolerance to drought stress. *Crop and Pasture Science*, 2021,72(4):268-279