

罗青文, 潘方胤, 敖俊华, 齐永文, 吴嘉云, 彭立冲, 梁启如, 文明富. 18 个粤糖系列甘蔗品种系谱分析及育种建议 [J]. 广东农业科学, 2020, 47(7): 26–35.

18 个粤糖系列甘蔗品种系谱分析及育种建议

罗青文, 潘方胤, 敖俊华, 齐永文, 吴嘉云, 彭立冲, 梁启如, 文明富
(广东省科学院生物工程研究所, 广东 广州 510316)

摘要:【目的】了解粤糖系列甘蔗品种的遗传基础, 为甘蔗育种中亲本选择和杂交组合配制提供参考。【方法】对近年来培育的粤糖系列 18 个甘蔗品种的亲缘关系进行分析, 各供试甘蔗品种以其亲系逐代寻根追溯分析, 绘制系谱图。【结果】18 个供试甘蔗品种选育共使用了 18 个亲本材料, 这些亲本材料中使用频率最高的分别是 CP72–1210、粤糖 93–159 和粤农 73–204, 从这 3 个亲本共育成了 18 个供试材料中的 13 个品种, 占被统计品种数的 72.22%; 所有供试甘蔗品种的细胞质源均为班扎马新黑潭, 其遗传组成源由 11 个热带种、3 个割手密种、2 个印度种、3 个中国种、1 个大茎野生种及高粱共 21 个基础种质组成; 所有品种均是在引进品种的基础上发展起来的, 都含有 POJ2878 或其姐妹系 POJ2725、F134、F108、CP49–50、Co290 等的血缘, 遗传基础比较狭窄。【结论】为扩大甘蔗品种的遗传基础, 宜选用亲缘关系较远的亲本配制杂交组合, 同时, 利用现代生物技术育种方法培育优良新品种。

关键词: 甘蔗; 系谱; 亲缘关系; 核心种质; 育种建议

中图分类号: S566.103.2

文献标志码: A

文章编号: 1004–874X (2020) 07–0026–10

Parentage Analysis of Eighteen Yuetang Series of Sugarcane Varieties and Breeding Suggestions

LUO Qingwen, PAN Fangyin, AO Junhua, QI Yongwen,
WU Jiayun, PENG Lichong, LIANG Qiru, WEN Mingfu

(Institute of Bioengineering, Guangdong Academy of Sciences, Guangzhou 510316, China)

Abstract: 【Objective】The study was conducted to understand the genetic basis of Yuetang series of sugarcane varieties and provide references for selecting parents and making cross combinations in future sugarcane breeding. 【Method】The genetic relationship of 18 Yuetang series of sugarcane varieties cultured in recent years were analyzed. The parentage of the tested sugarcane varieties were analyzed by generations and the pedigree diagram was drawn. 【Result】A total of 18 parent varieties (lines) were used for the bred of the 18 tested sugarcane varieties. The most frequently used parent varieties (lines) were CP72–1210, Yuetang 93–159 and Yuenong 73–204. Among the 18 tested sugarcane varieties, a total of 13 varieties were bred from these parent varieties, accounting for 72.22% of the total number of the tested varieties. The source of cytoplasm for all varieties was from *Bandjarmasin* hitam. The basal germplasm was from 21 species including 11 of *Saccharum officinarum*, 3 of *S. spontaneum*, 2 of *S. barberry*, 3 of *S. sinensis*, 1 of *S. robustum* and *Sorghum bicolor* (L.) Moench. All of the sugarcane varieties were developed based on the introduced varieties, and they could be traced back to POJ2878 or its sib variety POJ2725, F134, F108, CP49–50 and Co290. Therefore, the genetic basis was still a very serious

收稿日期: 2019–12–03

基金项目: 广东省科学院发展专项资金 (2020GDASYL–20200302005); 广东省现代农业产业技术体系甘蔗剑麻产业创新团队项目 (2019KJ104–15); 广东省甘蔗改良与生物炼制重点实验室开放基金 (2017B030314123); 湛江市科技计划项目 (2019A01030)

作者简介: 罗青文 (1988—), 男, 硕士, 助理研究员, 研究方向为甘蔗遗传改良, E-mail: qwluya@163.comqq.com

通信作者: 文明富 (1982—), 男, 硕士, 高级农艺师, 研究方向为甘蔗遗传改良, E-mail: wenmingfu308@163.com

problem. 【Conclusion】 In order to broaden genetic basis of current cultivars, parents with farther genetic relationship should be chosen to make cross combinations, and modern biotechnology breeding methods be used to breed new fine varieties.

Key words: sugarcane; parentage; genetic relationship; core germplasm; breeding suggestion

【研究意义】甘蔗 (*Saccharum* spp.) 属于典型高光效、高生物量、高糖分的一年或多年生草本植物, 广泛分布于热带亚热带广大地区^[1-4], 是人类赖以生存的重要糖料作物。据联合国粮食与农业组织 (FAO) 统计数据显示, 以甘蔗为原料生产的食糖量占全球食糖供应总量 85% 以上。自 1858 年发现甘蔗可以结实并在种内进行杂交选育品种^[5-6] 开始, 甘蔗育种发展史大概分为 5 个阶段^[7]: (1) 利用热带种选育时期; (2) 利用“高贵化”过程选育高贵化品种时期^[8-10]; (3) 利用高贵化品种培育杂交后代时期; (4) 利用高贵化杂交后代选育现代品种时期; (5) 拓宽品种遗传组成源选育种时期。回顾 160 多年的甘蔗育种史, 突破性甘蔗新品种的成功选育, 实则是一个不断增加扩宽甘蔗遗传组成源来选育新品种的过程^[11]。随着甘蔗现代育种技术的不断进步, 亲本或原始育种材料的遗传基础已成为有效提高育种效率的关键。因此, 分析选育甘蔗品种的遗传组成、理清世代亲系, 在甘蔗育种上对正确选择骨干亲本或原始育种材料、提高育种效率具有重要意义。【前人研究进展】我国甘蔗新品种选育始于 20 世纪 50 年代, 甘蔗亲本的更替大致可分为 3 个阶段^[12]。第 1 阶段以早期引进品种作亲本为主要标志, 如 POJ2878、POJ2725、F134、F108、CP49-50、Nco310、Co419、Co290 等, 这些亲本于 20 世纪 50 年代初引进使用。第 2 阶段形成了以自育品种为主的亲本结构利用为主要标志, 主要自育品种亲本包括粤糖 57-423、粤糖 59-65、华南 56-12、川蔗 2 号、云蔗 65-225 等, 这些亲本主要用于 20 世纪 60—70 年代。第 3 阶段主要由 20 世纪 80 年代开始选育和引进的品种 (系) 作为杂交亲本为主, 如粤糖 85-177、粤糖 91-976、粤糖 92-1287、粤糖 93-159、粤糖 00-236、崖城 71-374、粤农 73-204、桂糖 92-66、桂糖 96-211、桂糖 00-122、ROC1、ROC16、ROC22、CP72-1210、CP84-1198、CP94-1100、HoCP95-988 等。在第 3 阶段使用的亲本中, 新引进的美国 CP 系

列和台湾 ROC 系列品种的使用, 对扩大选育品种的遗传基础、提高蔗茎产量和蔗糖分等都起到了重要作用。【本研究切入点】目前我国共有 10 余家科研单位及高校从事甘蔗育种研究, 品种主要以粤糖系列、桂糖系列、云蔗系列、福农系列等系列为主, 大陆自育品种种植面积占全国总种植面积的 50% 以上, 而粤糖系列品种推广应用为我国甘蔗种植做出了重要贡献, 因此, 对粤糖系列甘蔗品种系谱研究具有重要的意义。【拟解决的关键问题】本研究通过对 2002—2017 年来育成的粤糖系列甘蔗品种及其系谱来源分析, 了解粤糖系列育成甘蔗品种的遗传基础及其亲缘关系, 为今后育种工作者在亲本制定杂交组合亲本选择时提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试甘蔗品种为广东省生物工程研究所 (广州甘蔗糖业研究所) 选育的通过全国农业技术推广服务中心鉴定或广东省农作物品种审定的 18 个粤糖系列优良品种 (表 1)。

1.2 系谱分析

供试甘蔗品种以其世代亲系逐代进行寻根追溯分析, 绘制系谱图^[13]。细胞质源分析以品种的母本追溯分析, 直至查出原始母本, 即细胞质源。遗传组成源的分析则以品种的父母本同时追溯分析, 直至查出所含的全部基础种质, 即遗传组成源, 然后进行综合确定。

2 结果与分析

2.1 甘蔗品种的亲本来源分析

18 个粤糖系列甘蔗品种均由全国甘蔗杂交制种基地海南甘蔗育种场生产的杂交花穗选育, 所有供试品种共使用了 18 个亲本 (有 10 个作为母本, 有 9 个作为父本, 表 1), 其中广东育成品种 (系) 10 个 (粤糖系列、湛蔗系列和粤农系列), 占所用亲本比例最高 (55.56%), 广西育成品种 (系) 1 个 (桂糖系列), 台湾育成品种 4

表 1 粤糖系列 18 个甘蔗品种信息
Table 1 Information of eighteen Yuetang series of sugarcane varieties

序号 No.	品种 Variety	审（鉴）定时间 Examination（Identification）year	审（鉴）定编号 Examination（Identification）code	亲本组合 Parental combination
1	粤糖 08-172	2017	粤审糖 20170001	粤糖 91-976 × ROC23
2	粤糖 06-233	2016	国品鉴甘蔗 2016001	粤糖 93-213 × 粤糖 93-159
3	粤糖 07-516	2016	国品鉴甘蔗 2016002	粤糖 00-236 × 桂糖 96-211
4	粤甘 43 号	2016	粤审糖 20170001	粤糖 93-213 × 粤糖 93-159
5	粤甘 47 号	2016	粤审糖 20170002	粤农 73-204 × ROC22
6	粤糖 05-267	2014	国品鉴甘蔗 2014007	粤糖 92-1287 × 粤糖 93-159
7	粤糖 02-305	2013	国品鉴甘蔗 2013007	粤农 73-204 × HoCP92-624
8	粤糖 04-245	2011	粤审糖 2011002	粤糖 94-128 × CP72-1210
9	粤糖 04-252	2011	粤审糖 2011001	粤糖 94-128 × CP72-1210
10	粤糖 03-373	2011	国品鉴甘蔗 2011001	粤糖 92-1287 × 粤糖 93-159
11	粤糖 03-393	2011	国品鉴甘蔗 2011002	粤糖 92-1287 × 粤糖 93-159
12	粤糖 00-236	2010	国品鉴甘蔗 2010002	粤农 73-204 × CP72-1210
13	粤糖 99-66	2009	粤审糖 2009001	粤农 73-204 × CP72-1210
14	粤糖 96-86	2007	国品鉴甘蔗 2007006	粤糖 85-177 × 湛蔗 74-141
15	粤糖 95-168	2006	粤审糖 2006004	ROC10 × CP72-1210
16	粤糖 96-835	2006	粤审糖 2006001	Co419 × ROC10
17	粤糖 94-128	2005	粤审糖 2005001	湛蔗 80-101 × 新台糖 1 号
18	粤糖 93-159	2002	粤审糖 2002001	粤农 73-204 × CP72-1210

注：粤审糖甘蔗属于广东省农作物品种审定委员会审定品种，国品鉴甘蔗属于全国农业技术推广服务中心鉴定品种。
Note: Yueshentang sugarcane belongs to the variety examined by Guangdong Provincial Crop Variety Examination and Approval Committee. The Guopinjian sugarcane belongs to the variety identified by National Agro-Tech Extension and Service Center.

个（ROC 系列），国外引进品种（系）3 个（HoCP 系列、CP 系列和 Co 系列）。按照使用次数统计，CP72-1210 使用频率最高，使用次数达 6 次（全作为父本），其次是粤糖 93-159 和粤农 73-204，直接作亲本次数各达 5 次。18 个品种中有 13 个由 CP72-1210、粤糖 93-159 和粤农 73-204 作亲本，占 72.22%。对这 18 个亲本血缘进一步分析发现，供试 18 个品种全部含 POJ2878 或其姐妹系 POJ2725 以及 F134 的血缘，由此可见，粤糖系列甘蔗品种遗传基础狭窄问题比较突出。

2.2 甘蔗品种系谱比较分析

从 18 个甘蔗品种的系谱（图 1~ 图 3）可以看出，它们共包含 21 个不同的遗传组成源，其中热带种有 11 个，占总遗传组成源的 52.38%，所占比例最高，包括黑车里本（Black Cheribon）、班扎马新黑潭（*B. Hitam*）、灰毛里求斯（*A.mauritius*）、有纹毛里求斯（*S.mauritius*）、克里斯他林那（*Crystalina*）、路打士（*Loethers*）、卡路打不挺（*K.Boothan*）、维来伊（*Vellai*）、斐济（*Fiji*）、拔地拉（*Badila*）和拉海那（*Lahaina*）；割手密种有 3 个，占总遗传组成源的 14.29%，包括印度割手密（*Co.spont*）、爪哇割手密

（*Glagah*）和崖城割手密（*Saccharum spontaneum* L. of Yacheng）；中国种 3 个，占总遗传组成源的 14.29%，包括中国种（*O.Tekcha*）、中国种（品种名未详）和夏威夷育巴（*H.uba*）；印度种有 2 个，分别是春尼（*Chunnee*）和甘沙（*Kansar*），占总遗传组成源的 9.52%；大茎野生种（*S.robustum*）和高粱〔*Sorghum bicolor*（L.）Moench〕各 1 个，各占总遗传组成源的 4.76%。不同类型遗传组成源所占比例从高至低依次为热带种、割手密种、中国种、印度种、大茎野生种和高粱。

2.3 甘蔗品种的细胞质源和遗传组成源分析

通过追溯分析，18 个品种的细胞质源均为班扎马新黑潭，其遗传组成源数量为 13~18 个不等（表 2）。其中，粤糖 05-267、粤糖 03-393 和粤糖 03-373 遗传组成源数量最多（18 个），粤糖 06-233、粤甘 43 号、粤甘 47 号、粤糖 04-245 和粤糖 04-252 等 5 个品种的遗传组成源数为 16 个，粤糖 07-516、粤糖 00-236、粤糖 99-66 和粤糖 93-159 等 4 个品种的遗传组成源数为 15 个，粤糖 95-168 和粤糖 96-835 的遗传组成源数量为 14 个，粤糖 08-172、粤糖 02-305、粤糖 96-86 和粤糖 94-128 等 4 个品种遗传组成源数

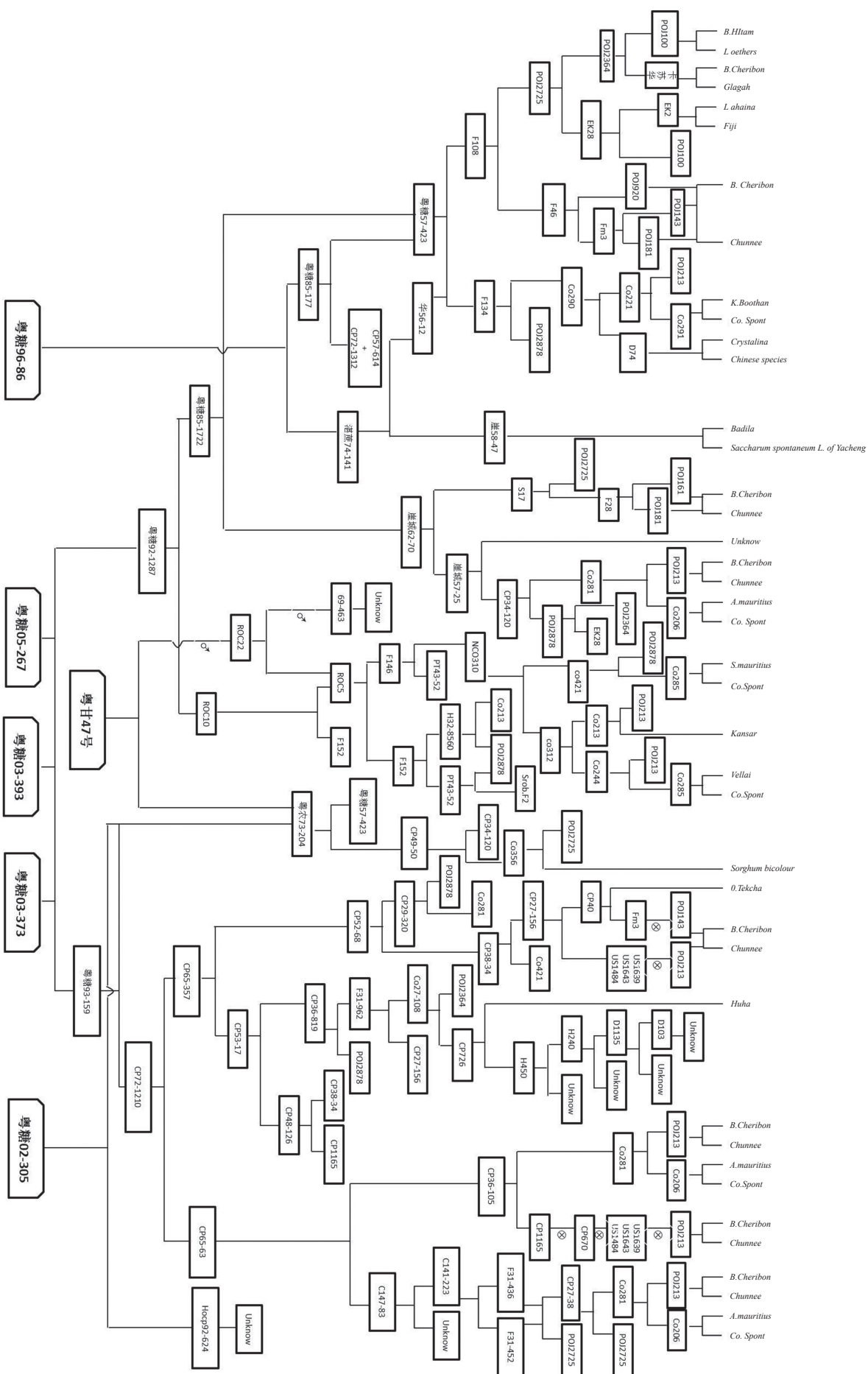


图 2 甘蔗品种粤糖 96-86、粤糖 02-305、粤糖 03-373、粤糖 03-393、粤糖 05-267 和粤甘 47 系谱图

图 3 甘蔗品种粤糖 95-168、粤糖 96-835、粤糖 07-516 和粤糖 08-172 系谱图

表 2 粤糖系列 18 个甘蔗品种的遗传组成源
Table 2 Genetic composition of 18 Yuetang series of sugarcane varieties

序号 No.	品种 Variety	遗传组成源 (基础种质) Genetic composition (basic germplasm)	
		数量 Number	类型组成 Composition type
1	粤糖 08-172	13	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XIX
2	粤糖 06-233	16	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XIV、XVII、XVIII、XIX、XX
3	粤糖 07-516	15	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XVIII、XIX、XX
4	粤甘 43 号	16	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XIV、XVII、XVIII、XIX、XX
5	粤甘 47 号	16	I、II、IV、V、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVI、XVII、XIX、XXI
6	粤糖 05-267	18	I、II、IV、V、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVI、XVII、XVIII、XIX、XX、XXI
7	粤糖 02-305	13	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XIX
8	粤糖 04-245	16	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XIV、XVII、XVIII、XIX、XX
9	粤糖 04-252	16	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XIV、XVII、XVIII、XIX、XX
10	粤糖 03-373	18	I、II、IV、V、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVI、XVII、XVIII、XIX、XX、XXI
11	粤糖 03-393	18	I、II、IV、V、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVI、XVII、XVIII、XIX、XX、XXI
12	粤糖 00-236	15	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XVIII、XIX、XX
13	粤糖 99-66	15	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XVIII、XIX、XX
14	粤糖 96-86	13	I、II、III、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIV、XIX
15	粤糖 95-168	14	I、II、IV、V、VI、VII、IX、X、XI、XIII、XVI、XVIII、XX、XXI
16	粤糖 96-835	14	I、II、IV、V、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XVI、XIX、XXI
17	粤糖 94-128	13	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XIV、XIX
18	粤糖 93-159	15	I、II、IV、VI、VII、VIII、IX、X、XI、XII、XIII、XVII、XVIII、XIX、XX

注：割手密种包括：I：爪哇割手密 (*Glagah*)、II：印度割手密 (*Co.spont*)、III：崖城割手密 (*Saccharum spontaneum* L. of Yacheng)，印度种包括：IV：春尼 (*Chunnee*)、V：甘沙 (*Kansar*)，热带种包括：VI：班扎马新黑潭 (*B. Hitam*)、VII：黑车里本 (*B. Cheribon*)、VIII：卡路打不挺 (*K. Boothan*)、IX：路打士 (*Loethers*)、X：拉海那 (*Lahaina*)、XI：斐济 (*Fiji*)、XII：克里斯他林那 (*Crystalina*)、XIII：灰毛里求斯 (*A. mauritius*)、XIV：拔地拉 (*Badila*)、XV：有纹毛里求斯 (*S. mauritius*)、XVI：维来伊 (*Vellai*)，高粱为 XVII：高粱 (*Sorghum dorra Staff*)，中国种包括：XVIII：中国种 (*O. Tekcha*)、XIX：中国种 (品种名未详)、XX：夏威夷育巴 (*H. uba*)，大茎野生种为 XXI：大茎野生种 (*S. robustum*)。

Note: *Saccharum spontaneum* include I : *Glagah*, II : *Co.spont*, III : *Saccharum spontaneum* L. of Yacheng. *Saccharum barberi* include IV : *Chunnee* and V : *Kansar*. *Saccharum officinarum* include VI : *B. Hitam*, VII : *B. Cheribon*, VIII : *K. Boothan*, IX : *Loethers*, X : *Lahaina*, XI : *Fiji*, XII : *Crystalina*, XIII : *A. mauritius*, XIV : *Badila*, XV : *S. mauritius*, XVI : *Vellai*. *Sorghum* is XVII : *Sorghum dorra Staff*, the Chinese species include XVIII : *O. Tekcha*, XIX : Chinese species (name unknown) , XX : *H. uba*. *Saccharum robustum* is XXI : *S. robustum*.

最少、为 13 个；18 个品种均含有割手密种、印度种、热带种和中国种的血缘，割手密种、印度种和热带种是所有品种最主要的遗传组成源，其中所有品种均含有爪哇割手密和印度割手密，印度种春尼，热带种班扎马新黑潭、黑车里本、路打士、拉海那和斐济。在所有供试品种中，粤甘 47、粤糖 05-267、粤糖 03-373、粤糖 03-393 和粤糖 95-168 等 5 个品种含有大茎野生种血缘，粤糖 96-86、粤糖 95-168、粤糖 96-835 和粤糖 94-128 不含高粱血缘。

2.4 甘蔗品种核心种质利用分析

通过对 18 个品种的世代系谱分析发现，所有品种都含有我国早期引进品种的血缘，包括 POJ2878、POJ2725、F134、F108、CP49-50、Co290 等，这些品种属于早期甘蔗种间杂交第二代或第三代选育出的优良品种，含有各种不同优良性状相关基因，属于早期核心种质，为甘蔗育种奠定了重要基础。另外，大部分供试品种含有粤糖 57-423、粤糖 93-159、粤农 73-204、CP72-

1210 等，这些品种属于我国自育或新引进的核心种质，其中 CP72-1210 引进于美国，曾是美国佛罗里达州推广种植面积最大的品种，具有高糖、高产、抗逆性强等特点，也是一个我国大陆甘蔗育种上亲本利用效果较好的种质资源 [14-15]；粤糖 57-423、粤糖 93-159 和粤农 73-204 属于我国大陆自育品种，这些核心种质为我国甘蔗育种作出了主要贡献，特别是粤糖 93-159，该品种高糖、高产、大茎，不仅是一个优良亲本，还是我国蔗区主导种植品种之一。据统计，利用粤糖 93-159 作为亲本培育的品种有 20 个以上 [16]，而且在蔗区年推广种植面积达 6.7 万 hm²，是我国大陆自育品种推广速度最快且长期作为主栽品种的优良甘蔗品种。

3 讨论与建议

3.1 挖掘新种质资源，拓宽遗传基础，选育新的优良核心亲本

当前，我国培育的甘蔗品种遗传背景比较狭

窄,多数商业栽培种的祖代亲本可追溯到少数热带种和细茎野生种,这些品系最初是由爪哇和印度的育种工作者利用的^[17-18]。栽培甘蔗品种的种性(蔗产量、蔗糖分、抗病性等)在育种过程中不断改良,经过数十年不断筛选,优良等位基因组合被选择并固定下来,优良基因频率提高而不良基因频率降低,甘蔗种质基因库的遗传总变异缩小。因此,杂交育种中有利性状的遗传增量变小,或者可能达到了某种形式的极限。

纵观甘蔗育种史,突破性甘蔗新品种的成功选育,实则是一个不断增加扩宽甘蔗遗传组成来源选育新品种的过程。比较成功的例子有台湾 80 年代利用芒种质提高生物产量或纤维含量,美国路州 60 年代利用热带种种质提高含糖量,以及近年来美国佛罗里达州利用割手密种质提高抗寒力等^[17]。我国拥有大量的斑茅^[19]、滇蔗茅^[20]、河八王^[21]等甘蔗近远缘野生资源,特别是斑茅具有特别强的抗旱性、抗病性和抗逆性,生长旺盛,增产潜力大。加强挖掘利用这些优良新种质资源,有望在近年内育成一批具有斑茅及野生甘蔗血缘优良基因的新品种。

同时,甘蔗育种也是众多有利基因的聚合过程,选育核心亲本过程中不仅注重增加遗传组成源,还要考虑通过目标性状种质资源的选配、组合、聚合选择培育核心亲本,保障创新的亲本种质在多个目标性状间较能兼顾。

因此,根据我国蔗区多样化生态条件和气候环境有利条件,充分挖掘利用甘蔗近远缘野生资源优异种质,拓宽现有甘蔗遗传基础,有针对性地逐步培育聚合多种优良性状的核心亲本,为今后甘蔗育种服务。

3.2 利用新种质资源,明确育种目标,选育优良的甘蔗新品种

甘蔗育种就是根据不同需要,制定育种目标,对各种种质资源进行重新整合。甘蔗育种发展历程实践表明^[11],任何具有特殊性状的甘蔗品种选育都离不开种质资源这个基础。只有通过不同种质资源相互组合杂交,将某些或某个育种目标进行转移利用,进而选育出所需要的优良新品种。

随着社会的发展与进步,甘蔗育种面临着新的目标和挑战,随着甘蔗产业发展与升级,今后甘蔗育种目标宜多元化,除了高糖、高产外,也更加注重宿根性、抗逆性、耐压性、营养高效,

适宜全程机械化等。

3.3 利用现代生物技术手段,加快分子育种技术体系的构建,缩短育种进程

分子育种技术作为常规育种有效的辅助手段,已经在多种作物中得到了充分的利用,目标性强、效率高,效果非常明显,也是今后作物育种的主要发展方向。有关甘蔗分子育种研究方面,国内外已经取得一定的进展。目前已经利用 RFLP^[22]、AFLP^[23]、TRAP^[23]、SSR^[22,24]、EST-SSR^[25]、SNP^[26]等多种分子标记针对不同遗传群体构建 20 余张甘蔗分子遗传连锁图谱,并对糖分、产量、抗病性等数量性状位点进行了定位。转基因技术主要集中在蔗糖合成与运输^[27-29]、抗旱耐盐^[30]、抗病^[31-33]等相关基因方面的研究。然而甘蔗属于异源多倍体、基因组庞大、遗传背景复杂,导致在遗传转化过程中,表现出转化效率低、转基因失活、体细胞克隆变异和回交困难等问题^[34]。

随着测序技术的不断更新发展及应用,使得测序成本不断降低,测序通量不断提高,精度更加准确,特别是甘蔗割手密种(*Saccharum spontaneum* L.)基因组的破译^[35],各类测序数据将不断获得,加大甘蔗基因组测序信息挖掘力度,利用基因组信息,结合分子技术方法不断拓宽甘蔗品种遗传背景、创制骨干育种材料、构建快速有效的育种技术方法和性状筛选体系,最终通过分子设计育种,培育综合性状具有突破性的新品种,缩短育种年限。

4 结论

18 个供试甘蔗品种选育共使用了 18 个亲本,这些亲本中使用频率最高的亲本分别是 CP72-1210、粤糖 93-159 和粤农 73-204,在 18 个供试材料中,由这 3 个亲本共育成了 13 个品种,占被统计品种数的 72.22%。18 个供试甘蔗品种的细胞质源均为班扎马新黑潭,其遗传组成源由热带种、割手密种、印度种、中国种、大茎野生种及高粱组成。所有品种是在引进品种的基础上发展起来的,都含有 POJ2878 或其姐妹系 POJ2725 以及 F134 的血缘,遗传基础比较狭窄。

参考文献 (References):

- [1] ZHU Y J, KOMOR E, MOORE P H. Sucrose accumulation in the

- sugarcane stem is regulated by the difference between the activities of soluble acid invertase and sucrose phosphate synthase [J]. *Plant Physiol*, 1997, 11 (5): 609–616. doi: 10.1104/pp.115.2.609.
- [2] BOTH A F C. Future prospects. In genetics, genomics and breeding of sugarcane, Vol 31 [M]. Science Publishers, 2010: 249–264.
 - [3] MONTEITH J L, MOSS C J. Climate and the efficiency of crop production in Britain [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 1977, 281: 277–294. doi: 10.1098/rstb.1977.0140.
 - [4] ZHU X G, LONG S P, ORT D R. What is the maximum efficiency with which photosynthesis can convert solar energy into biomass [J]. *Cur. Opin Biotechnol*, 2008, 19 (2): 153–159. doi: 10.1016/j.copbio.2008.02.004.
 - [5] KENNEDY A J, RAO P S. handbook. West Indies Central Sugar Cane Breeding [M]. Stn, Groves, St. George, Barbados, 2000: 1–10.
 - [6] STEVENSON G C. Genetics and Breeding of Sugar Cane [M]. London: Longmans, 1965.
 - [7] MING R. Sugarcane improvement through breeding and biotechnology [J]. *Plant Breeding Reviews*, 2006, 27: 15. doi: 10.1002/9780470650349.ch2.
 - [8] MATSUOKA S, FERRO J, ARRUDA P. The Brazilian experience of sugarcane ethanol industry [J]. *In Vitro Cell Dev Biol Plant*, 2009, 45 (3): 372–381. doi: 10.1007/s11627-009-9220-z.
 - [9] D' HONT A, GRIVET L, FELDMANN P, GLASZMANN J C, RAO S, BERDING N. Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics [J]. *Mol Gen Genet*, 1996, 250 (4): 405–413. doi: 10.1007/bf02174028.
 - [10] D' HONT A, ISON D, ALIX K, ROUX C, GLASZMANN J C. Determination of basic chromosome numbers in the genus *Saccharum* by physical mapping of ribosomal RNA genes [J]. *Genome*, 1998, 41 (2): 221–225. doi: 10.1139/g98-023.
 - [11] GLYN J. Sugarcane [M]. 2nd ed. UK: Blackwell Science Ltd a Blackwell Publishing Company, 2004: 20–47.
 - [12] 张琼, 齐永文, 张垂明, 陈勇生, 邓海华. 我国大陆甘蔗骨干亲本亲缘关系分析 [J]. 广东农业科学, 2009, 36 (10): 44–48. doi: 10.16768/j.issn.1004-874X.2009.10.017.
ZHANG Q, QI Y W, ZHANG C M, CHEN Y S, DENG H H. Pedigree analysis of genetic relationship among core parents of sugarcane in Mainland China [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2009, 36 (10): 44–48. doi: 10.16768/j.issn.1004-874X.2009.10.017.
 - [13] TAI P, MILLER J D. The pedigree of selected Canal Point (CP) varieties of sugarcane [M]. American Society of Sugar Cane Technologists, 1981.
 - [14] 邓海华, 李奇伟. CP72-1210在我国甘蔗育种中的利用 [J]. 广东农业科学, 2007, 34 (11): 18–21. doi: 10.16768/j.issn.1004-874X.2007.11.009.
DENG H H, LI Q W. Utilization of CP72-1210 in sugarcane breeding program in mainland China [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2007, 34 (11): 18–21. doi: 10.16768/j.issn.1004-874X.2007.11.009.
 - [15] MILLEER J D, RICE E R, DEAN J L, TAI P Y P. Registration of CP 72-1210 sugarcane (Reg. No. 55) [J]. *Crop Science*, 1981, 21 (5): 797. doi: 10.2135/cropsci1981.0011183X002100050043x
 - [16] 齐永文, 邓海华, 李奇伟. 我国大陆甘蔗种质资源利用进展 [J]. 作物研究, 2012 (5): 443–446.
QI Y W, DENG H H, LI Q W. Advance in utilization of sugarcane germplasm in China Mainland [J]. *Crop Research*, 2012, 26 (5): 443–446.
 - [17] 李奇伟, 陈子云, 梁红. 现代甘蔗改良技术 [M]. 广州: 华南理工大学出版社, 2000.
LI Q W, CHEN Z Y, LIANG H. Modern sugarcane improvement technology [M]. Guangzhou: South China University of Technology Press, 2000.
 - [18] 陈如凯, 许莉萍, 林彦铨, 邓祖潮, 张木清, 罗俊, 张华, 高三基, 徐景升, 徐良年, 阙友雄, 陈平华, 袁照年, 林国栋. 现代甘蔗遗传育种 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
CHEN R K, XU L P, LIN Y Q, DENG Z H, ZHANG M Q, LUO J, ZHANG H, GAO S J, XU J S, XU L N, QUE Y X, CHEN P H, YUAN Z N, LIN G D. Modern sugarcane genetic breeding [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2011.
 - [19] 刘少谋, 符成, 陈勇生. 近十年海南甘蔗育种场斑茅后代回交利用研究 [J]. 甘蔗糖业, 2007 (2): 1–6.
LIU S M, HU C, CHEN Y S. Utilization of *Erianthus arundinaceus* progeny through backcross over the last decade at Hainan sugarcane breeding station [J]. *Sugarcane and Canesugar*, 2007 (2): 1–6.
 - [20] 陆鑫, 毛钧, 刘洪博, 刘新龙, 马丽, 苏火生, 蔡青. 甘蔗野生种滇蔗茅种质创新利用研究 I. 甘蔗与滇蔗茅远缘杂交 F_1 群体构建与SSR分子标记鉴定 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13 (2): 321–324. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2012.02.022.
LU X, MAO J, LIU H B, LIU X L, MA L, SU H S, CAI Q. Innovation germplasm of *Erianthus rockii* I. Establishment of F_1 intergeneric distant hybridization of *Saccharum officinarum* L. and *Erianthus rockii* and the identification of F_1 by SSR molecular markers [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2012, 13 (2): 321–324. doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2012.02.022.
 - [21] 刘昔辉, 张荣华, 李海碧, 张革民, 周会, 桂意云, 韦金菊, 杨荣仲, 宋焕忠, 李杨瑞. 甘蔗与河八王杂交后代染色体传递及河八王血缘在后代中的遗传 [J]. 分子植物育种, 2019 (2): 411–418. doi: 10.13271/j.mpb.017.000411.
LIU X H, ZHANG R H, LI H B, ZHANG G M, ZHOU H, GUI Y Y, WEI J J, YANG R Z, SONG H Z, LI Y R. Genetic analysis of the hybrid progeny of *Saccharum officinarum* L. and *Narenga porphyrocoma* (Hance) Bor [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2019, 17 (2): 411–418. doi: 10.13271/j.mpb.017.000411.
 - [22] GARCIA A A, KIDO E A, MEZA A N, SOUZA H M B, PINTO L R, PASTINA M M. Development of an integrated genetic map of a sugarcane (*Saccharum* spp.) commercial cross, based on a maximum-likelihood approach for estimation of linkage and linkage phases. [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2006, 112 (2): 298–314. doi:

- 10.1007/s00122-005-0129-6.
- [23] ANDRU S, PAN Y B, THONGTHAWEE S, BURNER D M, KIMBENG C A. Genetic analysis of the sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar 'LCP 85-384'. I. Linkage mapping using AFLP, SSR, and TRAP markers [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2011, 123 (1): 77-93. doi: 10.1007/s00122-011-1568-x.
- [24] 刘新龙, 毛钧, 陆鑫, 马丽, Karen S A, Phillip A J, 蔡青, 范源洪. 甘蔗 SSR 和 AFLP 分子遗传连锁图谱构建 [J]. 作物学报, 2010, 36 (1): 177-183.
- LIU X L, MAO J, LU X, MA L, KAIEN S A, PHILLIP A J, CAI Q, FAN H Y. Construction of molecular genetic linkage map of sugarcane based on SSR and AFLP markers [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36 (1): 177-183.
- [25] PALHARES A C, RODRIGUES-MORAIS T B, SLUYS M A, DOMINGUES D S, JR W M, JR H J. A novel linkage map of sugarcane with evidence for clustering of retrotransposon-based markers [J]. *BMC Genetics*, 2012, 13 (1): 51. doi: 10.1186/1471-2156-13-51.
- [26] COSTA E A, ANONI C O, MANCINI M C, SANTOS F R C, MARCONI T G, GAZAFFI R. QTL mapping including codominant SNP markers with ploidy level information in a sugarcane progeny [J]. *Euphytica*, 2016, 211 (1): 1-16. doi: 10.1007/s10681-016-1746-7.
- [27] CHEN Z L, GUI Y Y, QIN C X. Isolation and expression analysis of sucrose synthase gene (ScSuSy4) from sugarcane [J]. *Sugar Tech*, 2016, 18 (2): 134-140. doi: 10.1007/s12355-015-0372-3.
- [28] HHANG D L, QIN C X, GUI Y Y, ZHAO L H, LAKSHMANAN P. Role of the SPS gene families in the regulation of sucrose accumulation in sugarcane [J]. *Sugar Tech*, 2016, 19 (2): 1-8. doi: 10.1007/s12355-016-0454-x.
- [29] JAIN R, SINGH S P, SINGH A, SINGH S, KISHOR R, SINGH R K. Soluble acid invertase (SAI) activity and gene expression controlling sugar composition in sugarcane [J]. *Sugar Tech*, 2017, 19 (6): 669-674. doi: 10.1007/s12355-017-0511-0.
- [30] AUGUSTINE S M, NARAYAN J A, SYAMALADEVI D P, APPUNU C, CHAKRAVARTHI M. Overexpression of EaDREB2 and pyramiding of EaDREB2 with the pea DNA helicase gene (PDH45) enhance drought and salinity tolerance in sugarcane (*Saccharum* spp. hybrid) [J]. *Plant Cell Reports*, 2015, 34 (2): 247-263. doi: 10.1007/s00299-014-1704-6.
- [31] GILBERT R A, GLYNN N C, COMSTOCK C, DAVIS M J. Agronomic performance and genetic characterization of sugarcane transformed for resistance to sugarcane yellow leaf virus [J]. *Field Crops Res*, 2009, 111: 39-46. doi: 10.1016/j.fcr.2008.10.009.
- [32] ZHU Y J, MCCAFFERTY H, OSTERMAN G, LIM S, AGBAYANI R, LEHERE A. Genetic transformation with untranslatable coat protein gene of sugarcane yellow leaf virus reduces virus titers in sugarcane [J]. *Transgenic Res*, 2011, 20 (3): 503-512. doi: 10.1007/s11248-010-9432-3.
- [33] SCINDIYA M, MALATTHI P, KAVERINATHAN K, SUNDAR A R, VISWANATHAN R. RNA-mediated silencing of PKS1 gene in *Colletotrichum falcatum* causing red rot in sugarcane [J]. *Eur J Plant Pathol*, 2019, 153: 371-384. doi: 10.1007/s10658-018-1563-z.
- [34] HOTTA C T, LEMBKE C G, DOMINGUES D S. The biotechnology roadmap for sugarcane improvement [J]. *Trop Plant Biol*, 2010, 3 (2): 75-87. doi: 10.1007/s12042-010-9050-5.
- [35] ZHANG J S, ZHANG X T, TANG H B, MING R G. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L [J]. *Nature Genetics*, 2018, 50: 1565-1573. doi: 10.1038/s41588-018-0237-2.

(责任编辑 邹移光)