

利用系谱图和 SSR 标记分析云南自育 优良甘蔗品种的遗传关系

刘新龙^{1,2}, 马丽^{1,2}, 陈学宽^{1,2}, 应雄美^{1,2}, 刘家勇^{1,2}, 吴才文^{1,2*}

(1. 云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 云南 开远 661600; 2. 云南省农业科学院 甘蔗研究所, 云南 开远 661600)

摘要: 利用系谱图和 SSR 标记, 研究 27 个云南自育优良甘蔗品种的遗传关系。品种血缘组成分析表明, 27 个品种的血缘共包含 24 个种质, 细胞质源主要来自热带种斑扎马新黑潭; 早期自育品种由于反复使用少数骨干亲本, 如 Co419、CP49-50, 使得血缘组成整体相似; 近期品种加大了对新优良亲本的使用, 所含种质数逐渐增多。SSR 标记分析表明, 27 对 SSR 引物共获得 408 个标记, 多态条带比例平均为 93.24%, 位点的多态信息量平均为 0.941 1, 表明云南自育优良品种在 27 个位点上多样性十分丰富。品种的分子聚类与血缘聚类大体上相似, 但 YZ99-601、YZ65-55 与同一组合的其他品种差异较大, 需作进一步鉴定, 而经钴 60 辐射诱变品种 YF82-682、YF84-FB5 与其他品种亲缘关系较远, 说明辐射导致品种基因组发生较大变异。

关键词: 甘蔗; 血缘组成; 种质; 相似性系数; 云南

中图分类号: S566.102 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2010)06-0613-07

Pedigree and molecular diversity of the elite sugarcane cultivars in Yunnan, China

LIU Xin-long^{1,2}, MA Li^{1,2}, CHEN Xue-kuan^{1,2}, YING Xiong-mei^{1,2}, LIU Jia-yong^{1,2}, WU Cai-wen^{1,2*}

(1. Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan, Yunnan 661600, China; 2. Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kaiyuan, Yunnan 661600, China)

Abstract: The parentage composition and molecular genetic diversity of 27 elite cultivars from Yunnan breeding unit were analyzed through pedigree and SSR molecular marker. The pedigree analysis of cultivars showed the parentage composition of these cultivars was made up of 24 germ plasm and their cytoplasm were mainly from Bandjarmasim Hitam (*S. officinarum*). Besides, old cultivars were similar to each other because they came from repeated crossing of a few key parents. For the newly developed cultivars, the number of their germ plasm has been increased by utilizing new elite parents. The molecular genetic diversity research indicated all cultivars possessed rich genetic diversity in 27 SSR locus and the UPGMA cluster of parentage composition was mainly similar to the molecular UPGMA cluster. In addition, between YZ99-601 and YZ65-55 exist a big difference in the molecular UPGMA cluster from these cultivars of the same crossing combination, so further identification is needed. YF82-682 and YF84-FB5 were also different from other cultivars because radiation of Co60 induced high genetic variance. It suggested those crosses between sugarcane cultivar within the same groups from cluster analysis and parentage composition should be avoided. The cultivars including more or new germ plasm should be utilized and the cultivars quite dissimilar to other cultivars should also be given a higher priority in breeding programs.

Key words: sugarcane; parentage composition; cluster; similarity coefficients; Yunnan

甘蔗自育品种不仅是优良的生产品种, 也是重要的杂交亲本^[1-2]。准确了解自育品种的血缘组成、

收稿日期: 2010-04-25

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2007BAD30B02); 现代农业产业技术体系建设专项(nycytx-024-01-03); 国家科技基础条件平台工作项目子专题(2007DKA21002-11); 农业部农林动植物育种工程(2006BAD01A06-4-1)

作者简介: 刘新龙(1977—), 男, 重庆人, 硕士, 助理研究员, 主要从事甘蔗分子遗传学研究, lxlgood868@163.com; *通讯作者, gksky_wcw@163.com

分子遗传进化关系,对甘蔗遗传育种具有重要指导意义.林日坚^[3],刘家勇等^[4]、杨焜正等^[5]、吴水金等^[6]根据甘蔗品种系谱图分析了至20世纪末中国自育品种的血缘组成,结果表明,中国自育品种的遗传组成是多源的,共包含25个原始种质,即12个热带种(*Saccharum officinarum*)、4个割手密(*S. spontaneum*)、3个印度种(*S. barber*)、2个中国种(*S. sinense*)、1个蔗茅(*Erianthus rufipilus*)、1个甜高粱(*Sorghum bicolor*)、1个斑茅(*E. arundinaceus*)、1个大茎野生种(*S. robustum*)。细胞质源主要来自6个热带种,即班扎马新黑潭、黑车里本、克林斯它林那、灰毛里求斯、卡路打布廷、拔地拉,其中以含班扎马新黑潭细胞质的品种占绝大多数.在分子遗传多样性方面,庄南生等^[7]、王英等^[8]、劳方业等^[9]、刘睿等^[10]使用 AFLP、ISSR、SSR 标记分析了部分崖城系列、粤糖系列、闽糖系列品种的遗传多样性及与甘蔗原种、野生种的遗传关系,为海南、广东、福建等地自育品种的利用提供了重要参考依据.云南甘蔗品种选育始于20世纪50年代,早期主要选用印度的Co系列和美国的CP系列骨干亲本及世界蔗王POJ2878进行品种选育;到70~80年代,开始利用含有新割手密血缘的崖城系列亲本选育品种,拓宽了育成品种的血缘基础;90年代以后,鉴于从台湾引进的新台糖系列品种在中国蔗区表现优异,开始大量选用新台糖品种作为亲本进行品种选育^[2,4],到目前为止,已选育出一批品性优良、生产上有较大面积、可作为种质创新和遗传育种重要亲本的品种,但是由于缺乏对云南自育优良品种遗传背景的充分了解,阻碍了对云南自育甘蔗品种的有效利用.笔者拟使用SSR标记结合系谱图,对云南自育优良甘蔗品种开展血缘组成分析和遗传多样性研究,以期对甘蔗杂交亲本的选择、杂交组合的配制提供理论指导.

1 材料与方法

1.1 材料

材料为云南自育的27个优良甘蔗品种(表1),其中26个为云南省农业科学院甘蔗研究所选育,1个为云南德宏州甘蔗研究所选育.Y1~Y10、Y15、Y16、Y18、Y20等14个品种已通过省级审定,

Y11~Y14、Y17等5个品种已通过国家审定,Y19、Y21~Y27等8个品种已进入国家或云南省品种区域试验.叶片组织由国家甘蔗种质资源圃和云南省农业科学院甘蔗研究所提供.使用1个热带种和1个割手密作外群体.

1.2 叶片基因组DNA提取与SSR分析

甘蔗品种叶片基因组DNA提取参照文献^[11]方法,每个品种采集10个无性系单株新叶混合,并迅速剪碎,在-20℃冰箱中冷冻,与次日加入预冷的CTAB抽提液在RECH Mix Mills301 DNA研磨机上研磨成浆,其他步骤同常规CTAB法.SSR反应体系、PCR扩增条件参照文献^[12]方法进行.扩增产物经95℃变性后,在5%的变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳分离.凝胶染色采用文献^[13]建立的快速银染法.

1.3 数据统计分析

分子数据采用人工读带的方式,每对SSR引物检测1个位点,在相同迁移位置上,有带记为1,无带记为0,每条条带相当1个等位基因,建立0-1矩阵.引物的鉴别使用标记位点的多态性条带比率(PPB)、Jaccard遗传相似性(GS)、多态信息量(PIC)^[14],血缘组成聚类分析按照有某种质计为“1”,无某种质计为“0”,形成0-1矩阵;遗传相似性与UPGMA聚类分析通过NTSYSpc2.1软件实现.

2 结果与分析

2.1 云南自育甘蔗品种的血缘组成

根据云南自育甘蔗优良品种系谱图^[2-4],获得27个品种的血缘组成(表1),由于带*的7个品种的血缘组成无法查全,因此不参与血缘组成分析.从血缘组成来看,Y1、Y2、Y6、Y11的血缘组成相同;Y4、Y5、Y9、Y10、Y14的血缘组成相同.云南自育优良甘蔗品种共含24个种质血缘,其中热带种、割手密、印度种为27个品种的主要血缘基础,热带种种质数最多,为7~10个,其次为割手密2~4个,印度种1~2个,中国种、大茎野生种、蔗茅、斑茅、高粱仅在部分品种中含有.从含有的总种质数来看,新选育的品种包含的种质数较老品

表 1 云南自育优良甘蔗品种亲本及血缘组成

Table 1 Name, parent and consanguineous component of the elite sugarcane cultivars in Yunnan

编号	品种名称	母本	父本	血缘组成
Y1	YZ64-24	Co419	POJ2878	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y2	YZ65-55	Co419	POJ2878	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y3	YZ65-225	Co419	F108	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y4	YZ68-154	Co419	CP49-50	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, GL, IN, CN, SO
Y5	YZ71-95	YC58-63	CP49-50	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, GL, IN, CN, SO
Y6	YZ71-545	YZ65-225	YZ65-225	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y7	YZ71-388	YZ65-225	YC59-818	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, BA, WT, GL, IN, CN
Y8	YZ71-998	Co290	F134, YT59-264	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, CR, GL, IN, CN, SO
Y9	YZ81-173	Co419	CP49-50	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, GL, IN, CN, SO
Y10	YF82-682	Co419	CP49-50	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, GL, IN, CN, SO
Y11	YF84-FB5	Co419	HN56-12	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y12	YZ89-7	Co1001	YC84-125	BC, BH, LA, FJ, KB, SM, LO, BA, WT, CR, GL, YG, IN, CN, UB
Y13	YZ89-151	GZ64-137	NJ57-416	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, SM, VE, WT, GL, IN, CN, KA, ER
Y14	YZ89-351	YC82-96	GT73-167	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, GL, IN, CN, SO
Y15	YZ92-19	GZ64-137	CP67-412	BC, BH, LA, FJ, AM, SM, LO, VE, GL, IN, CN, KA
Y16	DZ93-88	YC71-374	CP72-1210	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, BA, WT, GL, YG, IN, CN, KA, UB, TE
Y17	YZ94-375	CP72-1210	YC73-512	BC, BH, LA, KB, AM, LO, CR, GL, IN, CN, UB, TE, EA
Y18	YZ98-46	Co419	YC84-153	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, BA, WT, CR, GL, YG, IN, LG, CN
Y19	YZ99-91	ROC10	YC84-125	BC, BH, LA, FJ, KB, SM, LO, BA, VE, WT, GL, YG, IN, CN, SR
Y20*	YZ99-155*	ROC10	YR95-113	BC, BH, LA, FJ, KB, SM, LO, VE, WT, CR, GL, IN, CN, UB, SR
Y21*	YZ99-596*	Co419	YC85-881	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN
Y22*	YZ99-601*	ROC10	YR95-113	BC, BH, LA, FJ, KB, SM, LO, VE, WT, CR, GL, IN, CN, UB, SR
Y23*	YZ02-2332*	CP70-321	ROC10	BC, BH, LA, FJ, KB, SM, LO, VE, CR, GL, IN, CN, KA, SR
Y24*	YZ03-194*	ROC25	YT97-20	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, WT, CR, GL, IN, CN, UB, TE
Y25	YZ03-103	CP72-1210	ZJ74-141	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, LO, BA, WT, CR, GL, YG, IN, CN, UB, TE
Y26*	YZ03-332*	ROC1	GT73-167	BC, BH, LA, FJ, KB, AM, SM, LO, VE, WT, GL, IN, CN, SR
Y27*	YZ03-258*	ROC25	YT85-177	BC, BH, LA, FJ, KB, LO, WT, GL, IN, CN

BC 黑车里本; BH 班扎马新黑潭; LA 拉海那; FJ 斐济; KB 卡路打布廷; AM 灰毛里求斯; SM 条纹毛里求斯; LO 路打士; BA 拔地拉; VE 维来伊; WT 白透明; CR 克林斯它林那; GL 爪哇割手密; YG 崖城割手密; IN 印度割手密; LG 凌水割手密; CN 春尼; KA 甘莎; UB 友巴; TE 特科哈; SO 甜高粱; ER 蔗茅; EA 斑茅; SR 大茎野生种; *指血缘组成不全。

种多, 反映出近年来加大了对含新种质血缘亲本的利用, 其中 Y16、Y25 包含的种质数最多, 为 16 个, 缘于二者的亲本 CP72-1210 包含种质血缘十分丰富; 其次为 Y19(含 15 个种质), 为近年来台湾优异创新亲本 ROC10 与海南崖城系列创新亲本杂交的后代, 溶入了大茎野生种血缘; 第 3 为 Y12、Y13、Y18, 含 14 个种质。从品种的细胞质来源看, 含班扎马新黑潭细胞质的品种占绝大多数(22 个品种), 其次为黑车里本(3 个品种), 有 2 个品种(Y14 和 Y23)无法查到细胞质来源。整体来看, 云南自育优良甘蔗品种细胞质来源不丰富。

为了更好地反映品种之间的血缘相似情况, 依

据血缘组成对 20 个品种进行了 UPGMA 聚类, 见图 1。在相似性系数 0.676 处划分, 可将 20 个品种分成 4 个组, 第 1 组由 Y13 和 Y15 组成, 在 0.567 处与其他组分开, 表明与其他品种血缘组成差异较大; Y17 独自形成第 2 组, 与其他品种血缘组成差异次之; Y18、Y12、Y16、Y25 等 4 个品种组成第 3 组, 品种之间相似性系数为 0.690~0.880, 血缘组成比较相似; 第 4 大组由 Y1 到 Y8 等 12 个老品种组成, 品种之间相似性系数为 0.800~1.000, 品种之间的血缘组成最为相似, 反映出云南早期自育甘蔗品种亲本使用较少、重复率高, 导致品种血缘组成相似度高。

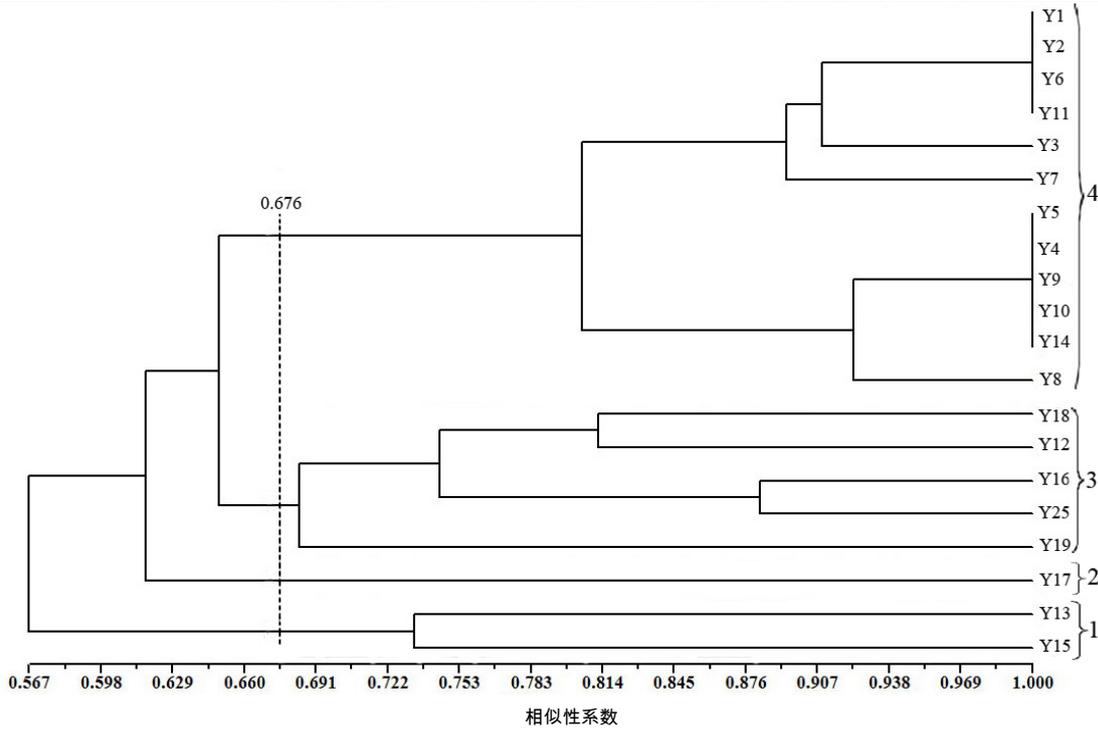


图1 20个云南自育优良甘蔗品种血缘组成聚类

Fig.1 UPGMA map for 20 elite sugarcane cultivars in Yunnan according to parentage composition

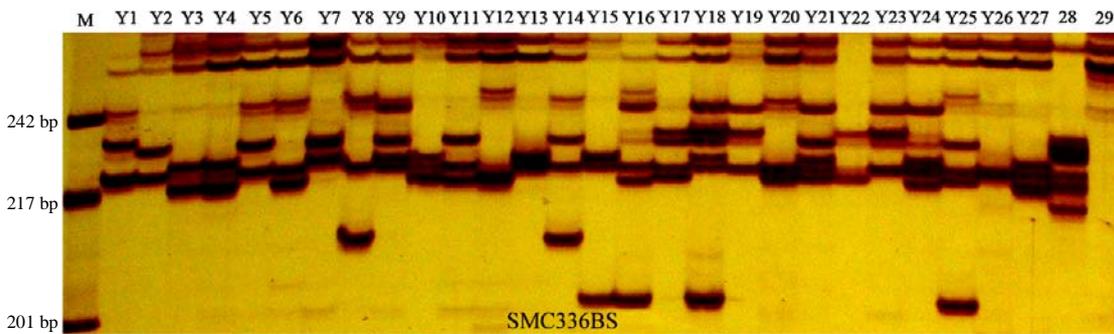
2.2 品种亲本利用效率

从各品种亲本来看,共涉及33个亲本,其中母本13个,父本20个.从母本育成品种数来看,Co419作母本育成9个品种,其次为ROC10,ROC25、GZ64-137、Y3、CP72-1210等5个亲本,各育成2个品种,其他7个亲本各育成1个品种.从父本来看,CP49-50育成4个品种,YR95-113、POJ2878、GT73-167、YC784-125各育成2个品种,其他15个亲本各育成1个品种.

2.3 品种SSR标记多态性

选用多态性较高的27对SSR引物对27份云南

自育优良甘蔗品种进行PCR扩增(图2为引物SMC336BS的扩增结果),所有引物共统计到408个扩增片段(见表2),大小为60~350bp,其中多态性条带数目为385个,多态性条带比率为50.00%~100.00%,平均为93.24%;多态信息量为0.8993~0.9630,平均为0.9411,每个位点获得的等位基因数平均为15;获得品种的特异片段12个.其中多态条带比例达到100%的引物有15对,多态条带比例在90%以下的引物有6对,表明所筛选出的27对SSR引物多态性丰富,适宜开展甘蔗品种分子遗传多样研究.



样品编号同表1;28为割手密;29为热带种.

图2 云南自育优良甘蔗品种的SSR扩增产物电泳结果(引物SMC336BS)

Fig.2 Amplification of SSR primer(SMC336BS) for the elite sugarcane cultivars in Yunnan

2.4 品种相似性系数

利用 Jaccard 相似性系数分析品种间的亲缘关系, 结果表明, 27 份品种间的相似性系数为 0.300~0.703, 平均为 0.439, 表明云南自育优良甘蔗品种之间相似性处于中等水平。其中 Y3 与 Y4 最为相似, 相似性系数为 0.703, 亲缘关系最近;

其次为 Y3 与 Y6, 为 0.644; Y10 与 Y5 亲缘关系最远, 相似性系数为 0.300; 所有品种与割手密比较, 相似性系数为 0.203~0.320, 与热带种比较, 相似性系数为 0.247~0.453, 说明品种与热带种亲缘关系更近, 含更多的热带种血缘。

表 2 云南自育优良甘蔗品种 SSR 标记多态性分析

Table 2 Genetic diversity for amplified bands of the elite sugarcane cultivars in Yunnan by SSR primers

引物名称	片段大小/bp	总带数/条	多态性条带数/条	多态性条带比例/ %	特异条带数/条	多态信息量
MSSCIR32	150~300	25	25	100	0	0.963 0
MSSCIR43	160~350	12	12	100	0	0.961 5
SMC31CUQ	160~300	17	17	100	0	0.960 2
SMC278CS	160~300	19	19	100	0	0.960 2
SMC1814LA	120~190	25	25	100	0	0.956 5
SMC851MS	90~160	15	15	100	0	0.953 6
MSSCIR64	217~300	15	15	100	0	0.949 0
SMC336BS	200~300	13	13	100	0	0.946 5
SMC292MS	180~240	15	15	100	0	0.945 0
MSSCIR34	60~120	9	9	100	1	0.941 4
SMC286CS	100~200	19	19	100	2	0.933 9
MSSCIR39	100~200	10	10	100	1	0.923 8
MSSCIR66	100~160	14	14	100	0	0.921 8
SMC1237FL	90~160	12	12	100	0	0.909 7
SMC21SA	100~160	14	14	100	1	0.905 4
SMC1047HA	100~160	20	19	95.00	2	0.963 0
MSSCIR21	100~200	20	19	95.00	0	0.963 0
MSSCIR36	100~180	18	17	94.44	2	0.960 2
SMC597CS	180~240	17	16	94.12	0	0.943 8
MSSCIR26	100~160	13	12	92.31	2	0.935 5
SMC22DUQ	120~190	11	10	90.91	0	0.932 0
MSSCIR16	160~240	17	15	88.24	0	0.960 2
SMC1825LA	60~120	14	12	85.71	0	0.899 3
MSSCIR17	200~300	12	10	83.33	1	0.916 3
MSSCIR35	100~200	13	10	76.92	0	0.960 2
SMC1493CL	90~160	7	5	71.43	0	0.902 4
SMC703BS	200~300	12	6	50.00	0	0.942 1
平均		15	14	93.24		0.941 1
合计		408	385		12	

2.5 品种分子聚类关系

采用 UPGMA 聚类分析, 构建品种的 SSR 分子系统树, 结果见图 3, 可以看出, 外群体割手密最先与云南自育优良甘蔗品种十分明显地分开, 其次为热带种, 而品种聚为一大组, 表明 SSR 标记聚类结果比较可靠。在相似性系数 0.377 处做切割线

时, 可将 27 个品种分为 2 组, Y22 独自聚为 A 组, 较早与其他 26 个品种组成的 B 组分离, 说明其血缘较为特殊, 与其他品种亲缘关系最远, 该品种是近年来利用云南蛮耗地区割手密材料育成的优良品种, 在云南德宏地区产量和糖分表现特别优异, 其亲本组合与 Y20 相同, 但在分子聚类图上未聚为

一组，两者的相似性系数仅为 0.507，因此建议对该品种开展进一步分子鉴定，确定其是否为真正的 ROC10×YR95-113 杂交后代。在相似性系数 0.419 处做切割时，可将 B 组分为 3 个亚组，Y2、Y10 等 3 个品种聚为 B1 亚组，与其他亚组较早分离，Y11、Y10 等是经过钴 60 辐射育出的品种，与其他品种聚类关系较远，缘于辐射后基因组发生了较大的遗传变异；Y2 在分子聚类关系上与同一组合的 Y1 差异很大，而 Y1 与其他以 Co 系列亲本作母本的品种聚为一组，说明 Y2 可能不是来源于 Co419×POJ2878 组合，需作进一步鉴定。Y15 独自聚为 B2 亚组；Y1、Y23 等 22 个品种聚为 B3 大亚

组。在相似性系数 0.462 处做切割时，可将 B3 大亚组划分为 4 个亚亚组，Y13、Y23 等 8 个品种聚为 B3-1 亚亚组；Y16、Y18 等 4 个品种聚为 B3-2 亚亚组；Y3、Y12 等 5 个品种聚为 B3-3 亚亚组；Y1、Y9 等 5 个品种聚为 B3-4 亚亚组。将分子聚类结果与品种的亲本组合(表 1)及品种血缘组成聚类图(图 1)比较来看，B3-4 和 B3-3 亚亚组主要由血缘组成比较相似的老品种组成，B3-3 亚亚组除 Y18 其他都是 CP72-1210 作母本或父本的后代。B3-1 亚亚组除 Y13，Y21，其他都是新台糖系列作母本或父本的后代。

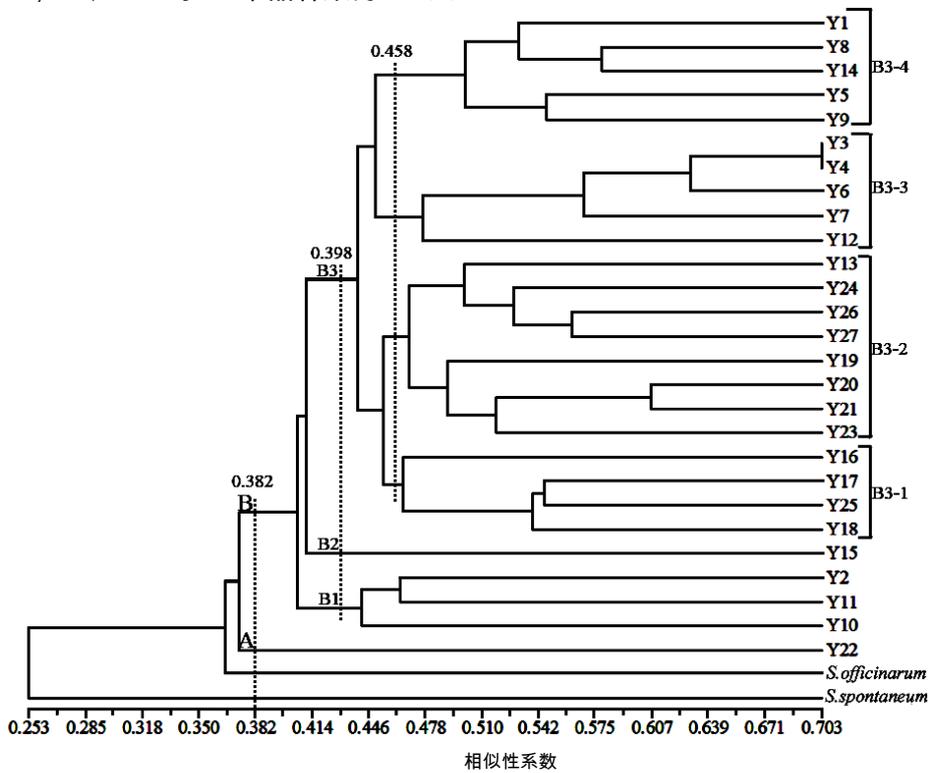


图 3 云南自育优良甘蔗品种分子聚类关系
Fig.3 UPGMA dendrogram of SSR marker for the elite sugarcane cultivars in Yunnan

3 讨论

使用 27 对 SSR 引物对 27 个云南自育优良甘蔗品种开展遗传多样性分析，SSR 引物平均多态性条带比率为 93.24%，平均多态信息量为 0.941 1，显现出高的多态性，揭示了云南自育优良甘蔗品种在 27 个位点上多样性十分丰富。通过对 SSR 分子数据进行相似性、聚类分析及与品种血缘组成比较分

析表明，SSR 标记能够有效准确地反映品种与热带种、割手密及品种之间的遗传亲缘关系，同时也能检测出血缘组成可能有问题的品种，而且能充分显现相同血缘组成品种的遗传差异。

目前国家甘蔗种质资源圃内保存了大量由中国和国外育种机构选育的品种资源^[14]，其中一些品种资源对世界甘蔗产业的发展具有重要推动作用，也是甘蔗遗传育种重要的杂交亲本^[2]。如何更好地、

有效地利用这些优良品种资源,充分发掘优良品种资源的潜在价值,成为甘蔗种质资源研究的重要课题.近年来,国内外学者分别从表型^[14-16]、系谱^[3-6]、DNA层次^[7-10,17-19]、抗性^[20-26]等方面探讨了甘蔗品种的遗传多样性、亲缘关系及品种特性,为优良品种的利用提供了重要的参考依据.为了更好地利用云南育种机构选育出的优良甘蔗品种,笔者使用SSR标记结合品种系谱图、血缘组成对云南自育优良甘蔗品种开展了遗传关系分析,确定了27个自育优良品种的遗传亲缘关系及血缘组成状况,认为在实际的育种中,应尽量避免血缘组成相似、聚类相似的品种之间杂交,对于含有较多血缘或新种质血缘的品种应重点利用,同时对于那些与其他品种亲缘关系较远的品种也应给予考虑.

参考文献:

- [1] 邓海华,张琼.我国大陆近年育成甘蔗品种的亲本分析[J].广东农业科学,2006(12):7-10.
- [2] 陈如凯,林彦铨,张木清,等.现代甘蔗育种的理论与实践[M].北京:中国农业出版社,2003:2-7.
- [3] 林日坚.我国自育甘蔗品种系谱的遗传分析[J].甘蔗糖业,1987(7):10-18.
- [4] 刘家勇,陈学宽.19个云南自育甘蔗品种(系)基础种质分析[J].甘蔗,2004,11(3):30-33.
- [5] 杨焜正,林一心,李瑞美,等.福建自育甘蔗品系的基础种质亲缘关系分析[J].甘蔗糖业,1998(4):6-14.
- [6] 吴水金,蔡文燕,潘世明,等.我所自育甘蔗新品种介绍与系谱分析[J].甘蔗糖业,2006(4):4-9.
- [7] 庄南生,郑成木,黄东益,等.甘蔗种质遗传基础的 AFLP分析[J].作物学报,2005,31(4):444-450.
- [8] 王英,庄南生,高和琼,等.甘蔗种质遗传基础的ISSR分析[J].湖南农业大学学报:自然科学版,2007,33(增刊):176-187.
- [9] 劳方业,刘睿,何慧怡,等.崖城系列甘蔗亲本遗传多样性的 AFLP 标记分析[J].分子植物育种,2008,6(3):517-522.
- [10] 刘睿,劳方业,何慧怡,等.粤糖系列甘蔗品种遗传多样性的 SSR 分析[J].甘蔗糖业,2008(3):1-5.
- [11] 刘新龙,蔡青,毕艳,等.中国滇蔗茅种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J].作物学报,2009,35(2):262-269.
- [12] Aitken K S, Jackon P A, McIntyre C L. A combination of AFLP and SSR markers provides extensive map coverage and identification of homo(eo)logous linkage groups in a sugarcane cultivar[J]. Theor Appl Genet, 2005, 110: 789-801.
- [13] 刘新龙,蔡青,毕燕,等.甘蔗 AFLP 标记和 SSR 标记的 PAGE 胶快速银染检测方法[J].江苏农业学报,2009,25(2):433-435.
- [14] 刘新龙,蔡青,吴才文,等.甘蔗品种资源的表型遗传多样性研究[J].生物多样性,2010,18(1):37-43.
- [15] 王维赞,朱秋珍,邓展云.甘蔗品种资源的聚类分析[J].中国糖料,2004(2):19-21.
- [16] 罗俊,张华,徐良年,等.甘蔗不同品种光合特性比较及其聚类分析[J].中国农业科学,2005(8):1562-1569.
- [17] Pan Y B. Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing[J]. Sugar Tech, 2006(8):246-256.
- [18] Pan Y B, Scheffler B, Richard E P. High-throughput genotyping of commercial sugarcane clones with microsatellite(SSR) DNA markers[J]. Sugar Tech, 2007(9):176-181.
- [19] Aitken K S, Li J C, Jackson P, et al. AFLP analysis of genetic diversity within *Saccharum officinarum* and comparison with sugarcane cultivars[J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2006, 57(11):1167-1184.
- [20] 许莉萍,林彦铨,傅华英.甘蔗抗黑穗病性评价及品种的抗性鉴定[J].福建农业大学学报,2000,29(3):292-295.
- [21] 黄家雍,何红,闭少玲,等.抗黑穗病甘蔗优良品系的筛选[J].广西蔗糖,2001(1):6-8.
- [22] 李文凤,黄应昆,罗志明,等.甘蔗优良品种材料对花叶病的抗性鉴定与评价[J].西南农业学报,2009,22(1):92-94.
- [23] Zambrano A Y, Demey J R, Fuchs M. Selection of sugarcane plants resistant to SCMV[J]. Plant Science, 2003, 165: 221-225.
- [24] 潘世明,陈义强,吴水金,等.甘蔗抗旱种质资源的筛选与评价[J].江西农业大学学报,2006,28(6):838-844.
- [25] 陈义强,邓祖湖,郭春芳,等.甘蔗常用亲本及其衍生品种的抗旱性评价[J].中国农业科学,2007,40(6):1108-1117.
- [26] 夏红明,陈学宽,蔡青,等.甘蔗优异材料的抗旱性研究[J].亚热带农业研究,2005(1):17-21.

责任编辑:罗慧敏

英文编辑:胡东平