

中国十倍体割手密资源的表型相关性及其遗传多样性

刘新龙^{1,2,3}, 苏火生^{2,3}, 应雄美^{2,3}, 马丽^{2,3}, 陆鑫^{2,3}, 刘洪博^{2,3}, 邓祖湖^{1*}

(1.福建农林大学 作物科学学院, 福建 福州 350002; 2.云南省农业科学院 甘蔗研究所, 云南 开远 661600;
3.云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 云南 开远 661600)

摘 要:为有效评价和利用十倍体割手密资源,挖掘其优异性状,选取中国 6 个省 9 个地区的 171 份十倍体割手密资源,针对 8 个质量性状指标和 8 个数量性状指标,对其多样性指数、变异系数、数量性状间的相关性、数量性状与纬度和海拔的相关性进行研究。表型相关性分析结果表明:十倍体割手密资源质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数整体偏低,采自滇中地区的多样性指数(0.636 6)最高,而采自滇西北地区的多样性指数(0.335 8)最低;数量性状的遗传变异较丰富,变异系数最大的为滇西南地区的资源(33.06%),最小的为贵州的资源(22.12%);产量性状与海拔和纬度呈负相关,糖分性状与海拔呈负相关,与纬度呈正相关,纤维分仅与海拔呈正相关;产量性状之间和糖分性状之间均呈正相关。遗传结构分析结果表明:表型性状的遗传变异主要来自于采集地区内部,采集地区之间有明显的基因交流(基因流值 $Nm>3$),遗传分化不明显。聚类分析结果表明:表型性状与采集地的地势有一定关系,高地势的滇东北地区 and 滇西北地区聚为一个小类群,低地势的滇东南、滇西南、川东南、广东地区聚为一个大类群。

关 键 词:割手密;十倍体;表型性状;遗传多样性

中图分类号:S566.1 文献标志码:A 文章编号:1007-1032(2012)06-0574-06

Phenotypic correlation and genetic diversity of decaploids of *Saccharum spontaneum*

LIU Xin-long^{1,2,3}, SU Huo-sheng^{2,3}, YING Xiong-mei^{2,3}, MA Li^{2,3}, LU Xin^{2,3}, LIU Hong-bo^{2,3}, DENG Zu-hu^{1*}

(1.College of Crop Science, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2. Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kaiyuan, Yunnan 661600, China; 3.Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan, Yunnan 661600, China)

Abstract: In order to utilize and estimate efficiently the decaploid accessions of *Saccharum spontaneum* L. and to develop the elite traits, genetic diversity index, correlation coefficient of variance, correlation among quantitative traits, and correlation between quantitative traits and altitude or latitude were evaluated based on eight qualitative traits and eight quantitative traits of 171 decaploid accessions of *S. spontaneum* collected from 9 regions of 6 provinces in China. The results showed that the Shannon-Wiener genetic diversity index of qualitative traits was generally low. The accessions from middle part of Yunnan exhibited the highest genetic diversity index(0.636 6), while those from the northwest showed the lowest(0.335 8). There were high genetic variances in quantitative traits, accessions from southwest of Yunnan showed the highest variance value (33.06%) and those from Guizhou showed the lowest(22.12%). Yield related traits exhibited negative correlations with elevation or latitude, sugar related traits showed negative correlations with elevation and positive correlations with latitude. Fiber was only positively related to elevation and there were positive correlations among yield related traits and among sugar related traits. Analysis of genetic structure indicated that the genetic variances of phenotypic traits derived mainly from inner sampling regions. The big gene flow($Nm>3$) among populations from different sampling regions suggested no significant genetic divergence among these populations. According to genetic distance and UPGMA, phenotypic traits of decaploid accessions of *S. spontaneum* were related to

收稿日期:2012-09-04

基金项目:云南省自然科学基金项目(2011FB120)

作者简介:刘新龙(1977—),男,重庆长寿人,博士,副研究员,主要从事甘蔗分子遗传学研究,1xlgood868@163.com; *通信作者, dengzuhu@163.com

the terrain of the sampling region to some degree. The accessions from northeast and northwest of Yunnan with high terrain were clustered into a small group, and the accessions from regions with low terrain as southeast and southwest of Yunnan, southeast regions of Sichuan and Guangdong were clustered into a big group.

Key words: *Saccharum spontaneum* L.; decaploid; phenotypic trait; genetic diversity

割手密(*Saccharum spontaneum* L.)为现代甘蔗品种重要的野生亲本,其血缘占现代甘蔗品种血缘的 10%~20%^[1-2],是品种抗逆和适应性基因的主要供体亲本,广泛分布于中国华中、华南、西南地区,在印度和日本也有分布^[3]。割手密为复杂的多倍体植物,体细胞染色体数为 40~128^[4],染色体基数 $x=8$,体细胞染色体数以 64、80、96、112 和 128 等 5 种类型为主^[5-6]。在甘蔗杂交育种史上,割手密作为重要的野生亲本,对世界甘蔗产业的发展起着重要的推动作用,如利用爪哇割手密 Glagah($2n=112$,十四倍体)和印度割手密($2n=64$,八倍体)育成的 POJ2878、Co281、Co290 和 Co213 等骨干亲本,不仅提高了甘蔗的单产和出糖率,而且还提高了甘蔗品种的抗性水平^[7]。20 世纪中叶,中国海南育种场利用崖城割手密($2n=64$,八倍体)创制崖城系列亲本材料,并利用这些亲本育成品种 32 个,为中国甘蔗产业的发展做出了重要贡献^[8]。鉴于割手密资源的重要性,国内外学者对各自收集的割手密资源的农艺性状进行了评价^[9-12],从 DNA 层次开展了割手密资源的遗传多样性研究^[12-17],构建了割手密核心种质^[11,18]和遗传连锁图谱^[19-21]。2002 年,蔡青等^[22]对国家甘蔗种质资源圃保育的地理信息数据较全的 248 份割手密资源进行了染色体分析,共获得 11 种体细胞染色体类型,分别为 $2n=60$ 、64、70、72、76、78、80、92、96、104、108,其中以染色体类型 $2n=80$ (十倍体)的材料最多,为 171 份,占总数的 71.25%,其次为 $2n=64$ (八倍体)的材料,占总数的 12.55%。从采集地区和生境类型来看,中国十倍体割手密分布最为广泛,生态类型最丰富,因此,其潜在的利用价值可能较大,但目前还未开展针对这类资源的遗传背景评价。笔者对文献[22]中的 171 份十倍体割手密资源开展表型相关性和遗传多样性分析,探寻该类资源的遗传背景,为资源采集、杂交利用、优异基因发掘等提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

以文献[22]中 171 份体细胞染色体数 $2n=80$ 的割手密材料为评价对象,其中,从福建地区收集 5 份,广东地区 12 份,贵州地区 6 份,四川东南地区 39 份,云南地区 108 份,海南地区 1 份(因份数太少不参与分析)。鉴于云南地区材料较多,为便于分析,根据云南地理、地貌,将采自云南的资源分为 5 个类群,其中滇中地区 17 份,滇西北地区 11 份,滇西南地区 34 份,滇东南地区 38 份,滇东北地区 8 份。

1.2 测定指标及方法

所有十倍体割手密资源被保育在直径 0.8 m、深 0.8 m 的水泥框里。框与框之间的距离为 1 m。2008 年 12 月初,每份材料选择 5 棵正常生长植株,测量其叶片的长和宽(+3 叶)及株高、茎径,同时取 20 棵正常植株带回实验室测定糖分、纤维分、改正锤度和单茎重,检测方法参照文献[23];依据文献[24]中方法确定气生根、茎形、节间形状、节间长度等级、蜡粉带、木栓、生长裂缝、生长带形、根点排列、芽形、芽沟、叶姿、叶色、57 号毛群、内叶耳、外叶耳等质量性状,从中遴选出有多样性表现的 8 个质量性状(节间形状、节间长度等级、蜡粉带、生长带形、芽形、芽沟、叶姿、57 号毛群)进行表型遗传多样性分析。为便于同质量性状一起进行聚类分析,采用一个标准差为间隔,将数量性状质量化,共分为 6 组。

1.3 数据分析

用变异系数反应群体数量性状的均度,用 Shannon-Wiener 多样性指数分析群体质量性状的遗传多样性,具体方法参见文献[25]。使用 Excel, Ntsys-PC2.1 软件分析质量性状的表型频率,计算不同采集地之间的 Nei's(1972)遗传距离。总遗传多

样性、各采集地遗传多样性、遗传分化系数和基因流值的计算公式参见文献[26],同时依据 Nei's(1972)遗传距离,采用非加权配对算术平均法绘制不同采集地的聚类关系图。

2 结果与分析

2.1 质量性状的遗传多样性

由表 1 可见,9 个采集地区多样性指数平均值为 0.335 8~0.636 6,与甘蔗品种群体在质量性状上

的多样性表现^[25]相比,其多样性整体偏低。不同采集地中,滇中地区的多样性指数最高,为 0.636 6,其次为滇东南地区(0.564 7)、川东南地区(0.564 4);滇西北地区的多样性指数(0.335 8)最低。从具体性状来看,8 个性状中,57 号毛群的多样性指数最高,为 0.860 3,其次为节间长度等级(0.550 1),蜡粉带的多样性指数最低,仅为 0.195 6。

表 1 不同采集地十倍体割手密资源质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数

采集地	Shannon-Wiener 多样性指数								
	节间形状	节间长度等级	蜡粉带	生长带形状	芽形	芽沟	叶姿	57 号毛群	平均
川东南地区	0.470 6	0.697 6	0.000 0	0.617 2	0.756 4	0.000 0	0.677 0	1.296 4	0.564 4
福建地区	0.673 0	0.500 4	0.000 0	0.673 0	0.500 4	0.000 0	0.500 4	0.673 0	0.440 0
广东地区	0.636 5	0.000 0	0.286 8	0.000 0	0.721 5	0.450 6	0.679 2	0.887 7	0.457 8
贵州地区	0.636 5	1.098 6	0.000 0	0.450 6	0.450 6	0.000 0	0.000 0	1.098 6	0.466 9
滇东北地区	0.000 0	0.562 3	0.376 8	0.693 1	0.376 8	0.376 8	0.376 8	0.900 3	0.457 9
滇东南地区	0.779 1	0.389 4	0.206 2	0.477 7	0.276 2	0.899 7	0.576 3	0.912 8	0.564 7
滇西北地区	0.000 0	0.474 1	0.304 6	0.689 0	0.304 6	0.304 6	0.304 6	0.304 6	0.335 8
滇西南地区	0.298 4	0.354 6	0.362 2	0.605 8	0.264 5	0.443 8	0.417 6	0.753 0	0.437 5
滇中地区	0.691 4	0.873 9	0.223 7	0.466 0	1.006 2	0.223 7	0.691 4	0.916 1	0.636 6
平均值	0.465 1	0.550 1	0.195 6	0.519 2	0.517 5	0.299 9	0.469 3	0.860 3	

2.2 数量性状的变异系数

由表 2 可见,十倍体割手密在数量性状方面存在较大的变异,变异系数为 11.54%~52.89%,其中单茎重的变异系数最高(52.89%),其次为叶宽(46.33%)和甘蔗糖分(36.81%),最小的为纤维分(11.54%),因此,应将数量性状作为此类资源评价

的重要指标。不同采集地的平均变异系数为 22.12%~33.06%,变异系数最大的为滇西南地区(33.06%),其次为福建地区(32.40%)和滇西北地区(31.58%),最小的为贵州地区(22.12%),表明低海拔地区十倍体割手密资源数量性状变异更为丰富。

表 2 不同采集地十倍体割手密资源数量性状的变异系数

采集地	变异系数								
	株高	茎径	改正锤度	纤维分	甘蔗糖分	单茎重	叶长	叶宽	平均值
川东南地区	32.98	21.19	12.13	12.44	25.01	58.48	17.28	44.91	26.77
福建地区	18.36	19.52	20.89	6.50	72.42	58.68	28.49	19.92	32.40
广东地区	18.96	28.86	10.31	15.49	32.96	33.50	18.00	59.61	27.34
贵州地区	15.96	15.09	11.66	11.87	26.34	44.26	22.70	27.65	22.12
滇东北地区	80.67	18.39	13.97	12.19	29.75	31.43	30.24	40.25	30.70
滇东南地区	23.42	17.64	10.75	9.95	32.97	51.98	22.31	75.71	30.37
滇西北地区	40.40	22.12	17.43	14.33	32.88	67.79	23.11	41.12	31.58
滇西南地区	33.00	18.25	14.00	9.27	42.81	81.05	18.03	47.96	33.06
滇中地区	30.35	26.08	9.99	11.86	36.13	48.79	21.60	59.88	30.32
平均值	32.68	20.79	13.46	11.54	36.81	52.89	22.42	46.33	

2.3 数量性状与纬度、海拔的相关性

由表 3 可见,株高、茎径、改正锤度、甘蔗糖分、纤维分、单茎重均与海拔呈显著或极显著相关,其中除纤维分与海拔呈正相关外,其他性状都与海拔呈负相关,表明随海拔的升高,株高、茎径、单茎重等产量性状和改正锤度、甘蔗糖分等糖分性状都呈下降趋势,而纤维分成上升趋势。纬度与改正锤度、甘蔗糖分呈显著或极显著正相关,与株高、茎径、单茎重、叶宽、叶长呈极显著负相关,表明随着纬度的升高,产量性状呈下降趋势,而糖分性

状呈上升趋势。综合来看,在低纬度、低海拔地区容易采集到植株个体较大、糖分中等、低纤维分的割手密;在高纬度、高海拔地区容易采集到植株个体较小、糖分中等、高纤维分的割手密;在高纬度、低海拔地区,容易采集到植株个体中等、高糖分、低纤维分的割手密;在低纬度、高海拔地区,容易采集到植株个体中等、低糖分、高纤维分的割手密。以上研究结果可为割手密资源的采集和利用提供参考。

表 3 数量性状与纬度、海拔的相关系数

Table 3 Correlation coefficients between quantitative traits and altitude or latitude for decaploids of <i>S.spontaneum</i>								
地理指标	株高	茎径	改正锤度	纤维分	甘蔗糖分	单茎重	叶长	叶宽
海拔	-0.190 8*	-0.347 6**	-0.277 5**	0.180 2*	-0.232 0**	-0.180 9*	-0.071 2	-0.051 1
纬度	-0.295 5**	-0.235 9**	0.295 9**	0.047 4	0.195 9*	-0.569 0**	-0.229 8**	-0.263 1**

“*”示显著相关;“**”示极显著相关。下同。

2.4 数量性状间的相关性

由表 4 可知,株高与茎径、单茎重、叶长、叶宽呈极显著正相关;茎径与纤维分呈极显著负相关,与单茎重、叶长、叶宽呈极显著正相关;改正锤度与甘蔗糖分呈极显著正相关;单茎重与叶长、

叶宽呈及显著正相关,叶长与叶宽也呈极显著正相关,表明十倍体割手密资源无论是产量性状之间还是糖分性状之间都呈极显著正相关,而产量和糖分性状之间无相关性。

表 4 十倍体割手密资源数量性状之间的相关性系数

Table 4 Correlation coefficients among quantitative traits for decaploids of <i>S.spontaneum</i> accessions							
性状	株高	茎径	改正锤度	纤维分	甘蔗糖分	单茎重	叶长
茎径	0.582 5**						
改正锤度	-0.008 9	-0.032 1					
纤维分	-0.095 3	-0.262 8**	0.143 0				
甘蔗糖分	0.007 8	-0.026 5	0.655 0**	-0.087 4			
单茎重	0.410 2**	0.507 5**	-0.090 6	-0.128 6	0.037 9		
叶长	0.374 4**	0.484 9**	-0.024 0	-0.132 0	-0.071 8	0.199 7**	
叶宽	0.305 2**	0.358 0**	0.055 2	0.040 2	0.046 3	0.245 6**	0.335 3**

2.5 不同采集地十倍体割手密资源的遗传结构

从表 5 可以看出,数量性状的采集地遗传多样性和总遗传多样性都高出质量性状很多,说明十倍体割手密资源数量性状的遗传变异较质量性状丰富。质量性状的遗传分化系数为 12.65%,说明资源总的遗传变异只有 12.65%的变异来自于不同采集地之间,而 87.35%的变异来自于采集地内部。数量性状遗传分化系数略高于质量性状,有 13.98%的遗传变异来自于采集地之间。从反映群体基因交流程

度的基因流值来看,质量性状和数量性状的基因流值(分别为 3.452 6 和 3.076 5)都大于 1,表明不同采集地群体之间存在较大的基因交流,群体间遗传分化不明显。

表 5 不同采集地十倍体割手密资源的遗传结构

Table 5 Genetic structure of decaploids of <i>S. spontaneum</i> accessions from different sampling regions				
性状	采集地遗传多样	总遗传多样性	遗传分化系数/%	基因流值
质量	0.296 5	0.339 4	12.65	3.452 6
数量	0.592 0	0.688 2	13.98	3.076 5

2.6 聚类分析

各采集地之间的遗传距离整体偏小,遗传距离为 0.055 6~0.252 9,平均为 0.149 7,其中,滇东北地区与滇西北地区的遗传距离(0.055 6)最近,其次为滇西南与滇东南地区的遗传距离(0.065 7);贵州和滇东北地区的遗传距离最大(0.252 9),其次是福建与滇东北地区,为 0.238 3。

由图 1 可见,福建地区与其他地区的遗传差异

最大,最早与大类群分开;地势较高的滇东北和滇西北地区较早形成一个类群与大类群分开,然后依次与大类群分开的是贵州地区、滇中地区、广东地区;地势较低的滇东南地区与滇西南地区聚为一小类,表明二者具有相似的遗传基础,同时它们与来自川东南地区、广东地区的割手密资源也较为相似,聚为一大类。可见,十倍体割手密资源的表型与采集地的地势有一定的关系。

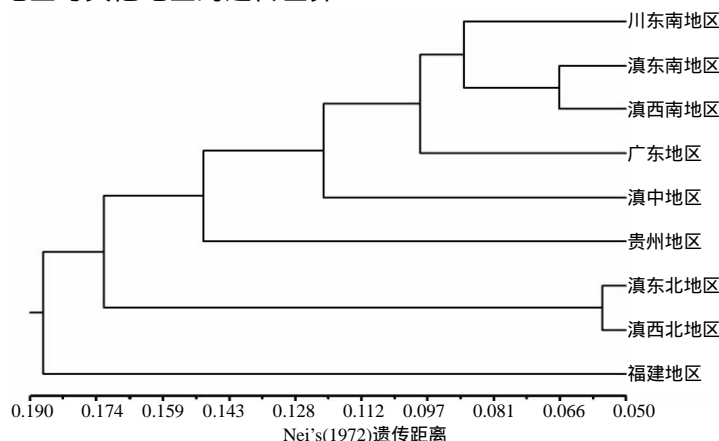


图 1 十倍体割手密资源不同采集地的 UPGMA 聚类图

Fig.1 UPGMA dendrogram based on Nei's (1972) genetic distance for decaploids of *S. spontaneum* from different sampling regions

3 结论与讨论

本研究结果表明,数量性状与采集地的海拔、纬度具有相关性,其中产量性状与纬度和海拔呈负相关;糖分性状与海拔呈负相关,与纬度呈正相关;纤维分与海拔呈正相关。根据这些研究结果,可以初步推测出不同纬度、不同海拔地理区域生长十倍体割手密资源的数量性状表现特点。UPGMA 聚类分析结果也表明,割手密资源的表型性状与采集地地势有较为密切的关系,受地理环境的影响较大。以上结果可为不同表型特点资源的采集和利用提供借鉴。

a. 割手密资源的倍性问题。割手密属于甘蔗属内染色体类型十分复杂的野生种^[4]。中国割手密资源存在 11 种染色体类型,既有整倍性,又有非整倍性,整倍性里有八倍体、九倍体、十倍体、十二倍体、十三倍体^[22]。从割手密种质创新的历史来看^[7,27],对整倍性割手密的利用已取得了较大的成功。整倍性割手密资源是否比非整倍性资源对甘蔗遗传育种更有利用价值,现阶段保育的整倍性割手密资源中哪类资源对甘蔗遗传育种更有利用价值,或能更有

效地被杂交利用,将是未来甘蔗野生资源评价的一个重要方向。从中国保育的现有割手密资源来看,十倍体割手密占绝大多数,其采集地分布范围广泛,因此,这类资源可能对提高改良品种的抗逆性和适应性更有潜力。

b. 割手密资源的表型评价。割手密是现代甘蔗品种最重要的野生亲本,尽管爪哇割手密和印度割手密的成功利用,为优异资源的筛选提供了指导^[9-12,27],但至今尚缺乏对其细胞层面的研究,已有的评价对割手密染色体类型和倍性关注较少。有研究^[10,12,19]表明,割手密资源的数量性状变异十分丰富,且数量性状的变异大于质量性状,本研究针对中国十倍体割手密资源表型性状遗传变异的研究结果与其基本一致。广东 64 份割手密的相关性分析结果^[11]表明,株高与茎径、叶长、叶宽呈显著正相关,本研究结果与其一致,但文献^[11]中株高与甘蔗糖分呈正相关,而本研究中株高与甘蔗糖分无相关性,这可能是由于本研究针对的是特定类型的割手密群体,所反映的是这种类型割手密资源数量性状的相关性。

c. 割手密资源数量性状与地理环境的关系。关

于割手密数量性状与海拔、纬度的相关性分析问题,国内外学者很少涉及,仅见国内杨生超等^[28]关于海拔与割手密光合特性的相关性分析,这可能是因为早期缺乏割手密资源的采集设备,对海拔、纬度等地理信息数据的收集较为困难,因此,无法开展相关研究。目前,国家甘蔗种质资源圃内保育的割手密资源约有 700 余份,但仅有约 1/3 的资源具有较详细的地理信息数据,可用于其表型性状与地理信息数据分析的数据仍然很少。

参考文献:

- [1] D'Hont A . Unravelling the genome structure of polyploids using FISH and GISH : Examples of sugarcane and banana[J] . Cytogenet Genome Res , 2005 , 109 : 27–33 .
- [2] Cuadrado A , Acevedo R , de Moreno Dias la Espina S , et al . Genome remodelling in three modern *S . officinarum* × *S . spontaneum* sugarcane cultivars[J] . J Exp Bot , 2004 , 55 : 847–854 .
- [3] 中国植物志编辑部委员会 . 中国植物志 : 第九卷[M] . 北京 : 科学出版社 , 2002 : 40–41 .
- [4] Sreenivasan T V , Ahloowalia B S , Heinz D J . Cytogenetics[M]//Heinz D J . Sugarcane Improvement Through Breeding . Amsterdam : Elsevier Press , 1987 : 211–253 .
- [5] Panje R R , Babu C N . Studies in *Saccharum spontaneum* distribution and geographical association of chromosome numbers[J] . Cytologia , 1960 , 25 : 152–172 .
- [6] Da Silva J A G , Sorrells M E , Burnquist W L , et al . RFLP linkage map and genome analysis of *Saccharum spontaneum*[J] . Genome , 1993 , 36 : 782–791 .
- [7] 陈如凯 . 现代甘蔗遗传育种[M] . 北京 : 中国农业出版社 , 2011 : 1–19 .
- [8] 刘少谋 , 王勤南 , 黄忠兴 , 等 . 崖城系列亲本在中国甘蔗育种中的利用效果[J] . 甘蔗糖业 , 2011(4) : 5–10 .
- [9] 张革民 , 杨荣仲 , 刘海斌 , 等 . 割手密主要数量性状的主成分及聚类分析[J] . 西南农业学报 , 2006 , 19(6) : 1127–1131 .
- [10] 齐永文 , 樊丽娜 , 何慧怡 , 等 . 广东割手密资源农艺性状遗传多样性评价[J] . 甘蔗糖业 , 2009(3) : 7–11 .
- [11] Alphonse A V , Balakrishnan R , William J A , et al . Constituting a core collection of *Saccharum spontaneum* L . and comparison of three stratified random sampling procedures[J] . Genet Resour Crop Evol , 2006 , 53 : 1563–1572 .
- [12] 张革民 , 廖江雄 , 黄宏套 , 等 . 广西高糖割手密遗传多样性的表型分析和 RAPD 分析[J] . 西南大学学报 , 2007 , 29(8) : 72–76 .
- [13] 陈辉 , 范源洪 , 史宪伟 , 等 . 甘蔗细茎野生种(*Saccharum spontaneum* L.)的遗传多样性和系统演化研究[J] . 作物学报 , 2001 , 27(5) : 645–652 .
- [14] 范源洪 , 陈辉 , 史宪伟 , 等 . 甘蔗细茎野生种云南不同生态类型的 RAPD 分析[J] . 云南植物研究 , 2001 , 23(3) : 298–308 .
- [15] Srivastava S , Gupta P S , Singh P K , et al . Genetic diversity analysis of *Saccharum spontaneum* germplasm using SSR–SSCP and RAPD markers[J] . Indian Journal of Agricultural Sciences , 2011 , 81(10) : 914–920 .
- [16] Pan Y B , Burner D M , Legendre B L , et al . An assessment of the genetic diversity within a collection of *Saccharum spontaneum* with RAPD–PCR[J] . Genetic Resources and Crop Evolution , 2004 , 51 : 895–903 .
- [17] Mary S J , Nair N V , Chaturvedi P K , et al . Analysis of genetic diversity among *Saccharum spontaneum* L . from four geographical regions of India , using molecular markers[J] . Genetic Resources and Crop Evolution , 2006 , 53(6) : 1221–1231 .
- [18] 苏火生 , 刘新龙 , 应雄美 , 等 . 割手密初级核心种质取样策略研究[J] . 湖南农业大学学报 : 自然科学版 , 2011 , 37(3) : 253–259 .
- [19] Da Silva J , Mark E S , William L B , et al . RFLP linkage map and genome analysis of *Saccharum spontaneum*[J] . Genome , 1993 , 36(4) : 782–791 .
- [20] Da Silva J , Rhonda J H , William B , et al . *Saccharum spontaneum* L . ‘SES 208’ genetic linkage map combining RFLP- and PCR- based markers[J] . Molecular Breeding , 1995(1) : 165–179 .
- [21] Salah M A J , Rhonda J H , Michael M , et al . A genetic linkage map of *Saccharum spontaneum* L . ‘SES 208’[J] . Genetics , 1993 , 134 : 1249–1260 .
- [22] 蔡青 , 文建成 , 范源洪 , 等 . 甘蔗属及其近缘植物的染色体分析[J] . 西南农业学报 , 2002 , 15(2) : 16–19 .
- [23] NY/T 1488—2007 农作物种质资源鉴定技术规程——甘蔗[S] .
- [24] S566.102.4 甘蔗种质资源描述规范和数据标准[S] .
- [25] 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 .
- [26] 王建林 , 旦巴 , 成海宏 , 等 . 西藏野生油菜和栽培油菜遗传多样性的 AFLP 分析[J] . 中国油料作物学报 , 2008 , 30(1) : 10–16 .
- [27] Robert J H . Chittaranjan Kole . Genetics , genomics and breeding of sugarcane[M] . Enfield , NH : Science Publishers , 2010 : 44–68 .
- [28] 杨生超 , 李云洪 , 杨清辉 , 等 . 割手密光合特性及其与原生地海拔的关系[J] . 中国糖料 , 2008(1) : 4–10 .

责任编辑: 王赛群

英文编辑: 罗 维