

甘蔗种质资源研究进展

黄玉新,张保青,周珊,高轶静,杨翠芳,张革民,陆衫羽,段维兴*

广西壮族自治区农业科学院甘蔗研究所,广西甘蔗遗传改良重点实验室,农业农村部广西甘蔗
生物技术与遗传改良重点实验室,南宁 530007

摘要 甘蔗是重要的糖料作物,具有重要的经济价值。甘蔗遗传背景的复杂性,起源与演化的不清晰以及基因组学研究滞后等造成育种上无法最优化选择亲本材料,严重制约了甘蔗产业的发展。为进一步加强甘蔗种质资源的保育、遗传多样性评价和产业化应用开发,综述了甘蔗种质资源的起源、系统分类和进化、国内外保育现状,以及甘蔗基因组学在解析甘蔗种属间的亲缘关系和演化历程等方面的研究进展。

关键词 甘蔗;起源;进化;分类;基因组

食糖是关系国计民生的重要农产品,而甘蔗是食糖最重要的原料作物,蔗糖占中国食糖总产量的90%以上。2018年中央一号文件将糖列为与粮棉油同等重要的国家战略物资。现代甘蔗栽培种100多年前由高贵种与细茎野生种人工杂交后产生^[1],此后的甘蔗育种主要围绕3~5个甘蔗原种血缘的不断重组开展,导致甘蔗品种近亲繁殖严重,选育的新品种在产量、糖分和抗性等方面一直难有较大突破。因此,甘蔗育种界十分注重甘蔗种质资源的搜集、研究和利用,以期挖掘出优异新种质扩大血缘基础,丰富遗传多样性,创造出突破性的亲本材料和优良品种。本文简要回顾甘蔗种质资源的起源、系统分类及进化、国内外甘蔗种质资源保

存现状等方面的研究成果,以及甘蔗基因组的研究进展,旨在为甘蔗种质资源的保育、遗传多样性评价和产业化应用开发提供重要的参考依据。

1 甘蔗的起源

关于甘蔗的起源中心,一直没有统一论,比较有说服力的是起源于新几内亚、印度或中国3种说法。Porter^[2]认为甘蔗起源于中国,周可涌^[3]在《中国蔗糖简史——兼论甘蔗起源》中也支持这个观点。此外,很多古籍考究表明,公元前4世纪至公元前1世纪,中国的甘蔗制糖业已有一定规模^[4]。支持甘蔗起源于印度的原因是印度东北部可以找到

收稿日期:2022-06-23;修回日期:2022-09-13

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1200204);国家自然科学基金项目(31901510);广西自然科学基金项目(2020GXNSF-BA297027);广西农业科学院基本科研业务专项(桂农科 2021YT004,桂农科 2021JM34,31901510,桂农科 2021JM35,桂农科 2022JM10)

作者简介:黄玉新,助理研究员,研究方向为甘蔗种质资源创新利用,电子信箱:huangyuxin13@163.com;段维兴(通信作者),副研究员,研究方向为甘蔗种质资源创新利用,电子信箱:duanweixing84@126.com

引用格式:黄玉新,张保青,周珊,等.甘蔗种质资源研究进展[J].科技导报,2023,41(4):43-49;doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2023.04.005

染色体数目最少的割手密($2n=40$, n 为生物体内正常体细胞的染色体数)。骆君骥^[5]在《甘蔗学》中介绍,甘蔗制糖技术发源于印度,印度是甘蔗的原产地,印度由孟加拉经阿萨姆至锡金一带,遍地皆是野生甘蔗,中国的甘蔗也由印度引进。甘蔗起源于巴布亚新几内亚之说,是20世纪20年代末美国权威甘蔗研究专家 Brandes 等到巴布亚新几内亚探险采集到多种类型的热带种、大茎野生种和食穗种后的推论^[6]。

2 甘蔗属及其近缘属系统分类和进化

2.1 甘蔗亚族分类

在植物分类学上,甘蔗属于真核域(Eukarya)被子植物门(Angiospermae)单子叶植物纲(Monocotyledons)禾本目(Poales Small)禾本科(Gramineae)蜀黍族(Andropogoneae)甘蔗亚族(Saccharinae)甘蔗属(*Saccharum* L.),如图1所示。

在甘蔗亚族属种的系统分类问题上,前人已开展较多研究,但不同资料上的分类结果说法不一。在《中国主要植物图说:禾本科》中将中国的甘蔗亚族植物分为10属125种^[7];在《中国植物志》中记载甘蔗亚族在中国有17属89种^[8];在《云南植物志》中记载甘蔗亚族在云南约有11属71种^[9];2006年,国内外学者合作,在《Flora of China》中对中国甘蔗亚

族的属种分类进行了较大的修订,将该亚族重新划分为10属66种^[10];于慧等^[11]研究 IBSC、K、NAS、PE 等标本馆藏标本,并搜集和整理国内外有关文献,对甘蔗亚族进行整理,将中国甘蔗亚族划分为16属89种。

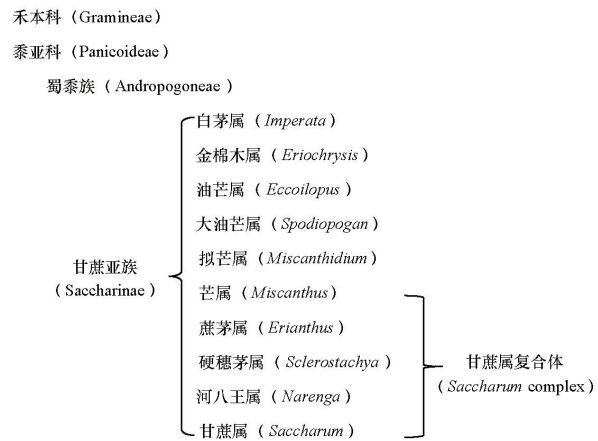


图1 甘蔗属及其近缘属的分类关系

2.2 甘蔗属复合体及其形态特征

在甘蔗亚族中,有4个属与甘蔗属亲缘关系较近,对甘蔗育种有重要价值的近缘属,即蔗茅属(*Erianthus* Michx. sect. *Ripidium* Henrard, $2n=20\sim 90$)、芒属(*Miscanthus* Anderss., $2n=38$)、河八王属(*Narenga* Bor., $2n=30$)、硬穗茅属 [*Sclerostachya* (Hack) A. Camus, $2n=30, 34$], 它们与甘蔗属组成了“甘蔗属复合体”(Saccharum complex)(表1)。

表1 甘蔗属复合体代表类群及其地理分布

甘蔗属复合体	代表类群	主要地理分布
甘蔗属	热带种	原产于南太平洋、大洋洲诸岛屿,向东传至南北美洲,向西至印度尼西亚、菲律宾、印度、中南半岛及中国;非洲至埃及、南非和欧洲西班牙南部等地
	割手密	中国主要在华南、西南及喜马拉雅山麓一带;国外在印度、泰国、缅甸、中南半岛、印度尼西亚、马来西亚等地
	印度种	印度恒河流域地区
	中国种	中国华南、西南,印度北部及马来西亚等地
	大茎野生种 食穗种	原生南太平洋新几内亚一带,分布仅限于婆罗洲,新大不列颠及西里伯斯岛 新几内亚至斐济一带
蔗茅属	斑茅	中国华南、西南等地区,东南亚各国,包括印度、缅甸、柬埔寨、马来西亚也有分布
	蔗茅	中国云南、贵州、四川、湖南及喜马拉雅山一带
	滇蔗茅	中国西南部及中南半岛

表1 甘蔗属复合体代表类群及其地理分布(续)

甘蔗属复合体	代表类群	主要地理分布
芒属	芒	几乎遍及中国,日本、印度、缅甸、菲律宾、马来西亚及越南等国
	五节芒	中国东南部、海南、台湾,日本及琉球群岛,亚洲东南部太平洋诸岛屿至波利尼西亚
	荻	中国东北、华北、华中等地,日本(本州和九州),朝鲜半岛及俄罗斯
	南荻	中国特有,分布于长江中下游及其以南的湖南、湖北、江西、安徽和江苏等省
河八王属	河八王	中国广东、广西、台湾、海南、福建、云南、四川、贵州、湖北、浙江、江苏等;印度、缅甸、泰国、中南半岛和马来西亚等国
	金猫尾	中国广东、广西及云南,印度
硬穗茅属	<i>Sclerostachya fusca</i> (Roxb) A. Camus	印度、中南半岛
	<i>Sclerostachya milroyi</i> Bor	马来半岛
	<i>Sclerostachya ridleyi</i> (Hack) A. Camus	未见有报道

“甘蔗属复合体”均为多年生高大草本,但形态特征略有不同。其中:甘蔗属秆直立、粗壮,丛生,茎充满白色透明软质髓,通常不分支,叶片扁平,坚硬,边缘粗糙,有宽而厚的白色中脉;蔗茅属秆被髓填满,无根茎,叶长而扁平,圆锥花序顶生,大型,密生丝状柔毛;芒属粗壮、直立,有根状茎,茎秆充满白色软髓,叶片线状披针形,边缘粗糙,中脉白色,基部厚;河八王属直立,具根茎,叶片线状披针形,顶生叶片常退化,叶舌膜质,钝圆,圆锥花序,紫色、淡黄色或金黄色;硬穗茅属是“甘蔗复合群”的中间类型,与其他近缘属的区别是其茎秆中空,没有根眼,芽发育不全,与河八王属亲缘最近。

周耀辉^[12]根据在美国学习甘蔗种质资源的所见所闻,以总状花序的花紧密程度、内颖芒有无,小穗柄有无及小穗形状为特征,对甘蔗属及其近缘属进行区分。如甘蔗属——总状花序花轴分散,小穗无芒,茎坚实,花序大,小穗相似;蔗茅属——总状花序花轴分散,小穗有芒,上内颖不分裂,下外颖两龙骨状,边缘向内卷入;芒属——花轴紧密或很少分开,内颖有芒,所有小穗有柄;河八王属——花轴紧密或很少分开,内颖有芒,小穗一无柄一有柄;硬穗茅属——小穗卵形,花轴坚韧。

2.3 甘蔗属成员的系统进化及育种价值

甘蔗属是目前与人类生产和生活最为密切、利用最为广泛的一个属,被普遍接受的分类中,主要

有6个种,分别是热带种(*Saccharum officinarum* L.)、割手密种(*Saccharum spontaneum* L.)、大茎野生种(*Saccharum robustum* Brand et. Jeswiet)、中国种(*Saccharum sinense* Roxb)、印度种(*Saccharum barberi* Jeswiet)及肉质花穗种(*Saccharum edule* Hassk)。前人经形态学、细胞学及分子标记等鉴定研究,认为割手密种和大茎野生种是野生种,其余4个种是栽培种,热带种由大茎野生种经人工驯化而来^[13-14],中国种和印度种均是割手密种和热带种种间杂种^[15],食穗种则被认为是大茎野生种或热带种与甘蔗的一个近缘属(如芒属)杂交而来的,也有可能由大茎野生种直接进化而来^[16-18]。

热带种又名高贵蔗,其蔗茎粗大、汁多、高糖分、低纤维,节间多呈腰鼓形或圆筒形,但分蘖弱,抗寒能力差,是早期的栽培品种,也是现代甘蔗栽培种高糖基因的主要来源。割手密又称细茎野生种,别名甜根子草,其变异类型丰富,分蘖多,宿根性强,适应性广,抗多种病害,是甘蔗抗逆和分蘖基因的主要来源,具有非常高的育种价值。印度种植株矮小,茎细,早熟、糖分较高、分蘖多,但易感花叶病和黑穗病,难开花和花粉发育不良。大茎野生种也称伊里安野生种,植株高大,其抗风、抗虫能力特别强。中国种分蘖力强,宿根好,适应性广,可抗根腐病,花叶病,但易感染赤腐病和赤纹病,大多感黑穗病,侧芽易萌发。肉质花穗种,也称食穗种,其花

穗酷似一团紧密的鱼卵,可食用,是马来西亚、印度尼西亚至斐济等国家和地区乡村中广为栽培的传统蔬菜,整体形态比较接近大茎野生种,糖分含量极低,不能正常开花,尚未见用于杂交方面的报道。

3 甘蔗种质资源保存现状

美国农业部甘蔗研究所和印度甘蔗育种研究所是世界甘蔗种质资源的两大保育中心^[19-20],其中位于佛罗里达州迈阿密亚热带园艺作物研究工作站(Subtropical Horticulture Research Station's, SHRS)的美国国家甘蔗种质资源圃是世界上规模最大、最早对甘蔗种质资源进行收集和保育的机构,2012年保育有来自61个国家或地区的21个甘蔗属或其近缘属的2863份资源^[21],而目前的保存数量大概是1100份。印度甘蔗育种研究所的甘蔗资源保存圃位于坎纳诺尔(Cannanore)和哥印拜陀(Coimbatore),目前保存的数量大概有3800多份。巴西作为一个甘蔗种植产糖大国,在巴西甘蔗技术中心(Centro de Tecnologia Canavieira, CTC)也搜集和保育有大量的甘蔗种质资源。

中国是世界第三大产糖国,也保育有丰富的甘蔗种质资源。这些资源主要保育在云南省农业科学院甘蔗研究所、云南农业大学、广西壮族自治区农业科学院甘蔗研究所、广西南亚热带作物研究所、广西大学、广东省科学院南繁种业研究所、中国热带农业科学院热带生物技术研究所、福建农林大学等单位,其中云南省农业科学院甘蔗研究所的国家甘蔗种质资源圃是中国规模最大、保存数量最多,种属最丰富的国家级甘蔗种质资源保存研究基地,目前全圃保存有中国22个省区及其他34个国家的6个属16个种的甘蔗资源5200余份。

尽管国内外甘蔗种质资源保育机构保存有大量的甘蔗资源,但不同属、种的资源保存数量差异很大,特别是热带种、大茎野生种、中国种和印度种等甘蔗原种以及对甘蔗抗黑穗病育种有重要价值的河八王,国内各科研单位保存的数量都非常少。如广西壮族自治区农业科学院甘蔗研究所目前保育有3800余份甘蔗资源,但甘蔗原种数量只有20多份,河八王资源50多份;广东省科学院南繁种业

研究所海南甘蔗育种场2017年保育有2407份甘蔗资源,但甘蔗原种数量78份,河八王只有2份。造成国内甘蔗原种保存数量较少的原因,主要是国内缺乏热带种、大茎野生种、中国种和印度种等原种资源,其中除热带种外,其他几个原种的杂交利用效率低,不受育种单位重视;而热带种的抗寒性、抗病性和宿根性等普遍较差,增加了其保育难度;河八王资源国内保存数量较少的原因,一方面是河八王杂交利用难度大,开发利用的时期较晚,杂交利用的单位不多,早期开展的野外采集活动对其重视度不高,再加上受到当时的交通条件、采集设备的限制,采集到的数量非常少;另一方面,相较于斑茅、割手密和芒等野生资源,河八王的分布范围较窄,且为零星分布,野外采集过程中并不容易被发现。此外,由于城市化进程的加快及土地经营模式的改变或环境适应性衰退等原因,甘蔗野生种质资源的流失非常严重。在笔者单位参加的2015年农业部“第三次全国农作物种质资源普查与收集行动”和2017年广西科技重大专项“广西农作物种质资源收集鉴定与保存”最近2次大规模资源采集行动中,采集人员发现在广西大部分县(区)都难以寻找到河八王的踪迹。因此要加强对甘蔗野生种质资源的采集和安全保育,为甘蔗育种提供优良的基因源至关重要。

4 甘蔗基因组学研究进展

4.1 甘蔗叶绿体基因组研究进展

大多数高等植物的叶绿体(Chloroplast, cp)基因组结构是稳定的,基因数量、排列顺序及组成都高度保守^[22],通过分析甘蔗cp基因组的多样性,将有利于进一步深入了解甘蔗种属间的遗传进化关系。2004年,日本和巴西相继完成了商业栽培品种NC0310和SP80-3280的cp基因组测序工作,这2个栽培种的cp基因组大小均为141182 bp^[23-24]。其他甘蔗栽培种Q155^[25]和RB867515^[26]也分别于2015年和2016年完成了cp基因组测序。2015年,湖南农业大学芒属植物研究团队采用全基因组鸟枪法利用Illumina HiSeq2000测序系统对芒C0430和荻A0117进行cp全基因组测序分析,2个材料的

cp 基因组大小分别为 141369、141133 bp, 并通过开发的芒属叶绿体 InDel 标记对采自全国各地的 43 个芒属材料和 2 个甘蔗进行扩增, 聚类分析结果表明, 荻和南荻遗传距离近, 芒和五节芒亲缘关系较近^[27]。Shin-Ichi 等^[28]测定了斑茅 JW630 和芒 Niigata410 cp 基因组, 大小分别为 141210 bp 和 141416 bp。使用 76 个叶绿体蛋白编码基因的数据集对包括斑茅和芒在内的 40 个分类群进行系统发育, 发现热带种与芒的关系比与斑茅的关系更密切, 推测斑茅在高粱及热带种和芒的共同祖先分化之前先从高粱亚族分化。福建农林大学对热带种 Badila 和割手密云南 83-184 的 cp 基因组进行了测序研究, 结果表明, Badila 的 cp 基因组为 141187 bp, 比云南 83-184 多 7 个碱基; 光合能力和抗寒性比较分析, 发现割手密的光合能力和耐寒性比热带种强得多^[29]。南通大学对 5 个芒的 cp 基因组进行比较分析, 通过将 *M. lutarioriparius* 的完整 cp 基因组与 5 个已发表的草本植物 cp 基因组进行比较, 发现了几个具有高多态性的热点区域; 并根据差异位点分析, 发现芒与高粱和甘蔗杂交种的相似性高于大麦和水稻^[30]。广西大学应用全基因组测序技术对“甘蔗属复合体”8 个种共 19 个渐渗系进行了 cp 基因组测序和组装, 质体系统发育信号表明, 热带种和大茎野生种具有共同的祖先, 并且中国种和印度种的细胞质起源比热带种/大茎野生种的更古老^[31]。

4.2 甘蔗线粒体基因组研究进展

由于 cp 基因的高度保守, 其提供的系统发育信息难以区分亲缘关系密切相关的甘蔗品种。相比之下, 植物的线粒体基因组更大, 更具可塑性, 并且可能包含更多的系统发育信号。近年来, SP80-3280、Khon Kaen 3、LCP85-384、R570、RB72343、SP70-1143、FN15 和 15a-53 等甘蔗商业栽培种或杂交品系的线粒体基因组陆续报道^[32-35], 这些研究结果表明, 甘蔗线粒体由 2 个独立的环状染色体组成, 部分测定材料的染色体发生了重组; 利用线粒体基因组进行系统基因组学分析, 可以区分亲缘关系密切相关的甘蔗品种。相关研究还证实来自新几内亚的热带种是现在甘蔗商业杂交种的母本来源^[32]。Evans 等^[33]在线粒体中发现 1 个细胞质雄性不育 (cytoplasmic male sterility, CMS) 基因, 并在核

基因组中发现 3 个主要育性恢复基因的代表, 首次证明甘蔗拥有细胞质雄性不育需要的必要组件。

4.3 甘蔗核基因组研究进展

甘蔗核基因组的庞大、多倍体、整倍体或非整倍体等高度复杂性, 给全基因组测序和分析工作带来极大挑战。研究人员曾利用细菌人工染色体 (BAC) 测序, 构建甘蔗品种 R570、割手密 SES208 和热带种 LA-purple 基因组, 但成本高, 进展十分缓慢^[36]。2012 年, Zhang 等^[37]通过流式细胞仪对 83 个不同甘蔗种的核 DNA 含量进行测定, 估计热带种基因组大小为 7.50~8.55 Gb, 平均 7.88 Gb; 大茎野生种基因组为 7.56~11.78 Gb, 割手密的基因组为 3.36~12.64 Gb。

2018 年, 福建农林大学基因组中心明瑞光团队^[38]首次破译甘蔗属割手密 AP85-441 基因组, 同时还解析甘蔗属割手密种的基因组进化、抗逆性、高糖以及自然群体演化的遗传学基础, 研究发现, 割手密染色体由高粱演变进化过程中经历了染色体断裂于融合后, 发生了 2 次全基因组复制事件 (WGD)。2022 年, 福建农林大学张积森团队^[39]在割手密起源和基因组演化上又取得新进展, 通过系统比较割手密与近缘物种 (热带种、高粱、芒草) 基因组共线性, 明确了染色体基数为 $n=10$ 的割手密是割手密种的祖先形态, 割手密染色体基数由 $n=10$ 到 $n=8$ 的演化是由于祖先的 5 号和 8 号染色体在着丝粒区域发生了断裂, 断裂的着丝粒在重组后的染色体上逐渐退化。对甘蔗属内的演化规律进行解析, 发现割手密 Np-X ($n=10$) 与种内的割手密 AP85-441 ($n=8$) 分化的时间约为 80 万 a, 与甘蔗属内的热带种的分化时间约为 160 万 a, 而甘蔗属与芒草属的分化时间约为 400 万 a, 与高粱属的分化时间约为 640 万 a。来自世界各地不同倍性和染色体基数的 102 份割手密系统进化树和群体结构分析表明, 印度的北部可能是甘蔗割手密种的起源中心^[39]。

近年来在甘蔗核基因组研究中取得第 2 个重大成果的是山东农业大学农学院陈翠霞课题组, 其团队于 2021 年破译了五节芒基因组, 并解析芒属植物基因组进化历史。研究结果表明, 五节芒 8 号染色体是高粱祖先种 4 号和 7 号染色体融合而来,

芒草祖先种、甘蔗祖先种与高粱祖先种在距今约 550 万 a 至 610 万 a 前发生分化;在距今约 430 万 a 至 460 万 a 前,芒草与甘蔗属祖先基因又发生分化,通过基因组加倍、染色体重排等分别演变成现在的芒属植物和甘蔗野生种^[40]。

5 结论

种子是农业的芯片,甘蔗种业是糖料蔗生产的根基,也是中国食糖安全和糖业可持续性发展的重要保障。全世界甘蔗基因类型种类繁多,具有丰富的遗传多样性。尽管中国甘蔗资源的保育数量已处于世界领先水平,但甘蔗资源的收集、保育和引进工作仍需要重视,特别是一些具有重要育种价值的甘蔗野生资源,要加强迁移或原生境保护工作;同时加大与国外甘蔗育种单位构建良好的合作关系,实现甘蔗资源共享,充实中国资源数量。

近年来,甘蔗基因组破译工作取得突破性进展,甘蔗的遗传和进化机制逐渐明晰,甘蔗重要生物学性状相关的基因家族的演化与功能的解析也将不断深入。随着甘蔗遗传进化理论的深入和不断完善,研究技术的更新和发展,在全基因组水平上对甘蔗及其近缘种属遗传背景、亲缘关系和系统演化进行研究,将为未来甘蔗新种质的挖掘、分子育种提供支撑,从而进一步推动甘蔗遗传改良进程,促进甘蔗生产的快速发展。

参考文献(References)

- [1] D'Hont A. Unraveling the genome structure of polyploids using FISH and GISH; examples of sugarcane and banana [J]. *Cytogenetic and Genome Research*, 2005, 109(1-3): 27-33.
- [2] Porter G R. The nature and properties of the sugar-cane, with practical directions for the improvement of its culture, and the manufacture of its products[M]. London: Smith, Elder and Co., 1830: 240.
- [3] 周可涌. 中国蔗糖简史: 兼论甘蔗起源[J]. *福建农学院学报*, 1984, 13(1): 69-83.
- [4] Daniels J, Smith P, Paton N. The origin of sugarcane and centres of genetic diversity in *Saccharum*[C]//Symposium on South East Asian Plant Genetic Resources Proceeding. Bogor, 1975: 20-22.
- [5] 骆君骥. 甘蔗学[M]. 广州: 广东甘蔗学会, 1984.
- [6] Brandes E W, Sattoris G B. Sugarcane: Its origin and improvement[M]//United States Department of Agriculture, Yearbook. New York: United States Department of Agriculture, 1936: 561-623.
- [7] 耿以礼. 中国主要植物图说-禾本科[M]. 北京: 科学出版社, 1959.
- [8] 陈守良. 中国植物志[M]. 北京: 科学出版社, 1997.
- [9] 孙必兴, 李德铢, 薛纪如. 禾本科[M]//吴征镒. 云南植物志(第9卷)[M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- [10] Chen S L, Sun B X, Phillips S M, et al. Tribe andropogoneae [M]//Wu Z Y, Raven P H. *Flora of China*. Beijing: Science Press, Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2006.
- [11] 于慧, 越南先. 甘蔗亚族的地理分布[J]. *热带亚热带植物学报*, 2004, 12(1): 29-35.
- [12] 周耀辉. 甘蔗种质资源的分类、研究和利用: 赴美学习汇报[J]. *甘蔗糖业*, 1987(6): 3-4.
- [13] Brown J S, Schnell R J, Power E J, et al. Analysis of clonal germplasm from five *Saccharum* species: *S. barberi*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense* and *S. spontaneum*. A study of inter- and intra species relationships using microsatellite markers[J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2007, 54(3): 627-648.
- [14] D'hont A, Ison D, Alix K, et al. Determination of basic chromosome numbers in the genus *Saccharum* by physical mapping of ribosomal RNA genes[J]. *Genome*, 1998, 41(2): 221-225.
- [15] D'hont A, Paulet F, Glaszmann J C. Oligoclonal interspecific origin of 'north Indian' and 'Chinese' sugarcane [J]. *Chromosome Research*, 2002, 10(3): 253-262.
- [16] Daniels J, Roach B T. Taxonomy and evolution in Sugarcane improvement through breeding[M]. Amsterdam: Elsevier Press, 1987.
- [17] Guimaraes C T, Sobral B W S. The *Saccharum* complex: Relation to other Andropogoneae[M]//Janick J. *Plant breed reviews*. New York: John Wiley & Sons Inc, 1998, 16: 269-288.
- [18] Irvine J E. *Saccharum* species as horticultural classes[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 98(2): 186-194.
- [19] 黄永棠. 印度和美国两个世界性收集圃登记所保育的甘蔗属综合材料的无性系[J]. *甘蔗糖业*, 1991(3): 24.
- [20] 李奇伟. 印度甘蔗种质资源的收集、保存与利用[J]. *甘蔗糖业*, 1992 (2): 1-4.
- [21] 陆鑫, 朱建荣, 周会, 等. 美国农业部甘蔗研究所科研动向与甘蔗种质资源保存概况[J]. *中国糖料*, 2013(1): 78-80.
- [22] Palmer J D. Comparative organization of chloroplast genomes[J]. *Annual Review of Genetics*, 1985, 19: 325-354.
- [23] Asano T, Tsudzuki T, Takahashi S, et al. Complete nucleotide sequence of the sugarcane(*Saccharum officinarum*) chloroplast genome: A comparative analysis of four monocot chloroplast genomes[J]. *DNA Research*, 2004,

- 11: 93–99.
- [24] Júnior T C, Carraro D M, Benatti M R, et al. Structural features and transcript-editing analysis of sugarcane(*Saccharum officinarum* L.) chloroplast genome[J]. *Current Genetics*, 2004, 46: 366–373.
- [25] Hoang N V, Furtado A, McQualter R B, et al. Next generation sequencing of total DNA from sugarcane provides no evidence for chloroplast heteroplasmy[J]. *New Negatives in Plant Science*, 2015, 1: 33–45.
- [26] Vidigal P M P, Coelho A S G, Novaes E, et al. Complete chloroplast genome sequence and annotation of the *Saccharum* hybrid cultivar RB867515[J]. *Genome Announcements*, 2016, 4(5): e01157–16
- [27] 薛宏. 芒和荻叶绿体DNA全基因组测序分析及InDel标记的开发[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2015.
- [28] Shin-Ichi T, Masumi E, Makoto K, et al. Complete chloroplast genomes of *erianthus arundinaceus* and *miscanthus sinensis*: Comparative genomics and evolution of the *saccharum* complex[J]. *PLoS One*, 2017, 12(1): e0169992.
- [29] Xu F, He L, Gao S, et al. Comparative analysis of two sugarcane ancestors *Saccharum officinarum* and *S. spontaneum* based on complete chloroplast genome sequences and photosynthetic ability in cold stress[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(15): 3828.
- [30] Sheng J, Yan M, Wang J, et al. The complete chloroplast genome sequences of five *Miscanthus* species, and comparative analyses with other grass plastomes[J]. *Industrial Crops and Products*, 2021, 162: 113248.
- [31] Li S C, Duan W X, Zhao J H, et al. Comparative analysis of chloroplast genome in *Saccharum* spp. and related members of '*saccharum* complex'[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23: 7661.
- [32] Shearman J R, Sonthirod C, Naktang C, et al. The two chromosomes of the mitochondrial genome of a sugarcane cultivar: Assembly and recombination analysis using long PacBio reads[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 31533.
- [33] Evans D L, Hlongwane T T, Joshi S V, et al. The sugarcane mitochondrial genome: Assembly, phylogenetics and transcriptomics[J]. *PeerJ*, 2019, 7(8): e7558.
- [34] Liu X, Yin Z, Liu Y, et al. The complete mitochondrial genome of sugarcane(*Saccharum* spp.) variety FN15[J]. *Mitochondrial DNA Part B*, 2020, 5(3): 2163–2165.
- [35] Liu X, Xu L, Que Y, et al. The complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of sugarcane(*Saccharum* spp. hybrids) line 15a–53[J]. *Mitochondrial DNA Part B*, 2020, 5(3): 3407–3409.
- [36] 董广蕊, 石佳仙, 侯藹玲, 等. 甘蔗基因组研究进展[J]. *生物技术*, 2018, 28(3): 296–301.
- [37] Zhang J, Nagai C, Yu Q, et al. Genome size variation in three *Saccharum* species[J]. *Euphytica*, 2012, 185(3): 511–519.
- [38] Zhang J S, Zhang X T, Tang H B, et al. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *saccharum spontaneum* L[J]. *Nature Genetics*, 2018, 50(11): 1565–1573.
- [39] Zhang Q, Qi Y Y, Pan H R, et al. Genomic insights into the recent chromosome reduction of autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum*[J]. *Nature Genetics*, 2022, 54(6): 885–896.
- [40] Zhang G B, Ge C X, Xu P P, et al. The reference genome of *Miscanthus floridulus* illuminates the evolution of *Saccharinae*[J]. *Nature Plants*, 2021, 7(5): 608–618.

Advances of sugarcane germplasm resources

HUANG Yuxin, ZHANG Baoqing, ZHOU Shan, GAO Yijing, YANG Cuifang, ZHANG Gemin, LU Shanyu, DUAN Weixing*

Sugarcane Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences; Guangxi Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement; Key Laboratory of Sugarcane Biotechnology and Genetic Improvement (Guangxi), Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Nanning 530007, China

Abstract Sugarcane is an important sugar crop with important economic value. The complexity of genetic background, the unclear origin and evolution and the lag of genomics research make it impossible to optimize the selection of parental materials in sugarcane breeding, seriously restricting the development of sugarcane industry. In this paper, we reviews the research progress of the origin, systematic classification and evolution of sugarcane germplasm resources, the current situation of conservation at home and abroad, as well as genomics in analyzing the genetic relationship and evolutionary history of sugarcane species and genera. The results will provide important references for the conservation, genetic diversity evaluation and industrial application & development of sugarcane germplasm resources.

Keywords sugarcane; origin; evolution; classification; genomics ●



(责任编辑 刘志远)