



基于核型和表型性状的甘蔗与蔗茅杂交 BC_1F_2 材料遗传差异分析

毛伟杰, 靳 铎, 张 婷, 娄红波, 何丽莲, 李富生, 杨清辉, 王先宏*

(云南农业大学农学与生物技术学院, 云南昆明 650201)

摘要:【目的】分析甘蔗与蔗茅杂交 BC_1F_2 材料的核型和表型性状遗传差异,以期解析表型性状与染色体数目之间存在的关联,为甘蔗种质创新及利用提供理论依据。【方法】对甘蔗滇蔗01-58 ($2n=100$)与蔗茅 ($2n=20$)回交得到的 BC_1F_1 材料16-12 ($2n=104$)进行自交,获得21份 BC_1F_2 材料,对其进行染色体数目统计、核型分析、表型性状测定,并进行相关分析、主成分分析和聚类分析,系统解析染色体数目与表型性状之间存在的关联。【结果】21份 BC_1F_2 材料的染色体数目呈现 $2n=98, 100, 102, 104, 106, 108$ 共6种类型。21份 BC_1F_2 材料中,除20-129的核型为3B外,其余20份 BC_1F_2 材料核型均为2B,核型较对称;大部分染色体属于着丝点位于中部(m),少部分染色体属于着丝点位于近中部(sm),其中中部着丝点染色体占比为57.00%~87.25%。 BC_1F_2 材料及其亲本16-12和蔗茅表型性状的变异系数为9.32%~42.59%,平均变异系数为20.71%。7个表型性状与染色体数目间呈不同程度的相关性,其中株高与单茎重,茎径与叶宽、单茎重、染色体数目,叶宽与单茎重、染色体数目,单茎重与染色体数目呈极显著正相关($P<0.01$,下同);锤度与株高、单茎重,株高与叶长,节间长与染色体数目呈极显著负相关;株高与节间长呈显著正相关($P<0.05$,下同);锤度与节间长,茎径与节间长,叶长与单茎重呈显著负相关。主成分分析结果显示,前3个主成分的累计贡献率为77.92%,其中,第一主成分(PC1)的特征值为3.11,贡献率为38.91%,染色体数目、单茎重、叶宽和茎径为主要决定因子。聚类分析结果显示, BC_1F_2 材料及其亲本16-12和蔗茅分为五大类群,第I类共8份材料,主要特征是叶片较长;第II类共6份材料,主要特征是叶片较宽;第III类仅有1份材料,主要特征是锤度较高;第IV类共7份材料,主要特征是植株较高和单茎较重;第V类仅有1份材料为蔗茅,主要特征是节间较长、茎径较小和锤度较低。【结论】 BC_1F_2 材料的表型性状与染色体数目存在不同程度相关性,表明 BC_1F_2 材料间因染色体数目不同而存在明显的表型性状遗传差异,这些含蔗茅血缘的杂种后代材料可用于后续甘蔗育种。

关键词:甘蔗; 蔗茅; 核型分析; 表型性状

中图分类号:S566.103.3

文献标志码:A

文章编号:2095-1191(2026)06-1753-11

Genetic difference analysis of BC_1F_2 materials of sugarcane and *Erianthus fulvus* hybrids based on karyotypes and phenotypic traits

MAO Wei-jie, JIN Duo, ZHANG Ting, LOU Hong-bo, HE Li-lian,
LI Fu-sheng, YANG Qing-hui, WANG Xian-hong*

(College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan 650201, China)

Abstract:【Objective】This study aimed to analyze the genetic differences in karyotypes and phenotypic traits of BC_1F_2 materials of sugarcane and *Erianthus fulvus* hybrids and elucidate the association between phenotypic traits and chromosome numbers, providing theoretical basis for innovation and utilization of sugarcane germplasms. 【Method】The BC_1F_1 materials 16-12 ($2n=104$) produced by backcrossing of sugarcane Dianzhe 01-58 ($2n=100$) and *Erianthus fulvus* ($2n=20$)

收稿日期:2025-08-24

基金项目:国家自然科学基金项目(32260465)

通信作者:王先宏(1977-), <https://orcid.org/0000-0003-0765-8502>, 博士, 副教授, 主要从事甘蔗遗传育种研究工作, E-mail: x.h_wang@163.com

第一作者:毛伟杰(1997-), <https://orcid.org/0009-0001-5952-703X>, 研究方向为甘蔗抗逆育种及品种改良, E-mail: 2540128031@qq.com

were used for selfing to obtain 21 BC_1F_2 materials. The chromosome number counting, karyotype analysis, and phenotypic trait determination were performed to conduct correlation analysis, principal component analysis, and cluster analysis for elucidating the association between chromosome number and phenotypic traits. 【Result】The chromosome numbers of the 21 BC_1F_2 materials fell into six types, namely $2n=98, 100, 102, 104, 106$, and 108 . Among the 21 BC_1F_2 materials, except for 20-129 whose karyotype was $3B$, the karyotypes of the other 20 BC_1F_2 materials were $2B$, showing a relatively symmetrical karyotype. The majority of chromosomes had metacentric centromeres (m), while a minority possessed submetacentric centromeres (sm), with the proportion of metacentric chromosomes ranging from 57.00% to 87.25% . The coefficients of variation of phenotypic traits of BC_1F_2 materials and the parent 16-12, as well as *Erianthus fulvus* ranged from 9.32% to 42.59% , with an average coefficient of variation of 20.71% . Different degrees of correlations were found between seven phenotypic traits and chromosome number, and extremely significant positive correlations were found between plant height and single-stalk weight, between stalk diameter and leaf width, single-stalk weight, chromosome number, between leaf width and single-stalk weight, chromosome number, and between single-stalk weight and chromosome number ($P<0.01$, the same below). Extremely significant negative correlations were observed between brix and plant height, single-stalk weight, between plant height and leaf length, and between internode length and chromosome number. Significant positive correlation was found between plant height and internode length. Significant negative correlations were observed between brix and internode length, between stem diameter and internode length, and between leaf length and single-stalk weight. Principal component analysis results showed that the first three principal components exhibited cumulative contribution rate of 77.92% , with the first principal component (PC_1) showing an eigenvalue of 3.11 and a contribution rate of 38.91% , and chromosome number, single-stalk weight, leaf width, and stalk diameter were principal determination factors. Cluster analysis showed that the BC_1F_2 materials and the parents (16-12 and *Erianthus fulvus*) were divided into five groups. Group I consisted of eight materials, characterized mainly by long leaves; Group II consisted of six materials, characterized mainly by wide leaves; Group III contained only one material, characterized mainly by high brix; Group IV contained seven materials, characterized mainly by greater plant height and high single-stalk weight; Group V contained only one material, *Erianthus fulvus*, characterized mainly by long internodes, lower stalk diameter, and low brix. 【Conclusion】Correlations of varying degrees are found between phenotypic traits and chromosome number of BC_1F_2 materials, demonstrating that obvious genetic differences in phenotypic traits are due to different chromosome numbers of BC_1F_2 materials. These hybrid progeny materials with *Erianthus fulvus* genetic background can be used for subsequent sugarcane breeding.

Key words: sugarcane; *Erianthus fulvus*; karyotype analysis; phenotypic traits

Foundation items: National Natural Science Foundation of China (32260465)

0 引言

【研究意义】甘蔗(*Saccharum* spp.)属于禾本科甘蔗属(*Saccharum*)的 C_4 植物,是热带和亚热带地区重要的农业经济作物,不仅是主要糖料作物,还是生物能源的重要原料(Hoang et al., 2015; 谢蒙潇等, 2024; 王燕等, 2025)。作为全球重要的糖料作物之一,甘蔗产量占全球食糖总产量的 80% 左右(张跃彬和吴才文, 2017)。现代甘蔗品种的血缘主要来自热带种(*Saccharum officinarum*)和割手密(*Saccharum spontaneum*),其遗传基础狭隘,导致甘蔗育种群体严重缺乏遗传变异并限制甘蔗品种改良(Piperidis et al., 2010)。种质资源的收集、利用和创新是甘蔗育种的基础,甘蔗品种改良和突破性育种的重要成就主要依赖于这些资源的发掘和利用(王丽萍等, 2003; 黄玉新等, 2025)。在深入挖掘甘蔗复合体种质资源和基因的基础上,通过自然突变和人工突变相结合,不断丰富和拓宽甘蔗品种的遗传基础(Lu et al., 2024)。近缘属中的野生种可拓宽甘蔗遗传基础,具有重要的种质资源价值(黄玉新等, 2023)。现代甘蔗育种目标是高产、高糖、抗逆性“强”和适应机械化。蔗茅(*Erianthus fulvus*)是甘蔗亚族蔗茅属的

野生种,具有抗旱、抗寒、耐贫瘠和高锤度等优良性状,在甘蔗抗性及高糖育种中具有利用价值(Kui et al., 2023)。通过对甘蔗与蔗茅进行远缘杂交,引入蔗茅血缘,拓宽甘蔗的遗传基础。将蔗茅中优良性状导入甘蔗中,从而选育出抗逆性强、锤度高、产量高的品种(Qi et al., 2021)。因此,研究甘蔗与蔗茅杂交后代对拓宽甘蔗遗传基础及甘蔗育种具有重要的遗传学意义。【前人研究进展】植物染色体作为遗传信息载体,调控植物的整个生长发育过程。核型分析主要研究染色体数目及形态差异,通过细胞学上的差异来鉴别不同物种,可用于甘蔗杂交后代的鉴定(文明富等, 2020)。甘蔗是高度复杂的异源多倍体或非整倍体植物(Wang et al., 2022),且染色体组成及传递方式复杂,不符合细胞学规律,在其远缘杂交后代染色体的遗传方式有 $2n+n, n+n, n+2n$ 等(Chai et al., 2023)。Huang等(2015)利用原位杂交技术对甘蔗属间杂交的染色体传递类型进行研究,结果显示,由 BC_2 和 BC_3 组成的17个后代是由 $n+n$ 染色体遗传产生。Yu等(2022)对甘蔗复合体中的5个物种进行核型分析,包括单个染色体的臂比和相对长度,结果发现热带种和新几内亚野生蔗

(*Saccharum robustum*)有高度相似的核型。在传递过程中,因双亲的配子数有增有减,造成染色体在后代材料中的传递方式存在不平衡现象(Deng et al., 2010)。目前有关甘蔗表型研究较多,如Tena等(2016)对400个甘蔗品种的农艺性状进行相关分析,结果发现测定的农艺性状均存在极显著差异;谭秦亮等(2022)对10个甘蔗品种(系)的主要农艺性状及产量进行评价,结果显示各性状间存在不同程度的相关性,在新植蔗中,蔗茎产量与出苗率、有效茎数、产糖量呈极显著正相关,产糖量与出苗率、有效茎数呈显著正相关;在宿根蔗中,蔗茎产量与产糖量呈极显著正相关,与茎径呈显著负相关。唐仕云等(2016)、谢静等(2022)基于甘蔗表型性状对国内外甘蔗种质资源进行多样性分析。周珊等(2023)对160份国内甘蔗品种遗传多样性进行分析,结果表明国内甘蔗种质资源变异丰富。杨翠芳等(2024)研究发现164份桂糖系列甘蔗种质资源的质量性状和数量性状变异较大,遗传多样性丰富。上述研究表明甘蔗表型性状的评价与鉴定是研究甘蔗种质资源遗传多样性途径之一。然而,有关染色体数目与甘蔗表型性状之间关系的研究较少,如Pachakkil等(2019)研究表明,甘蔗与班茅杂交后代的班茅染色体数目与干物质产量、有效茎重、单茎重及茎径呈显著正相关。【本研究切入点】在甘蔗杂交育种中,多以热带种质及少部分印度种质和中国种质作为糖分基因的来源,而抗病基因的来源以割手密为主(邓海华,2012)。对于其他野生近缘属则利用较少。因此,为了拓宽甘蔗遗传基础,将甘蔗栽培原种崖城89-9与昆明蔗茅进行杂交,从中选育出适合在高海拔地区种植的高原甘蔗新品种滇蔗01-58(李媛甜等,2018)。为进一步加强杂交后代的蔗茅血缘,通过滇蔗01-58与昆明蔗茅回交得到的BC₁F₁材料16-12进行自交,获得一批含蔗茅血缘的BC₁F₂材料(靳铎等,2025),但目前未对其进行遗传差异分析。【拟解决的关键问题】对甘蔗滇蔗01-58与昆明蔗茅回交得到的BC₁F₁材料16-12进行自交,获得21份BC₁F₂材料,通过核型分析、表型性状分析、相关分析、主成分分析及聚类分析,系统解析染色体数目与表型性状的关系,以为这些材料在甘蔗杂交育种中的利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

对滇蔗01-58(2n=100)与蔗茅(2n=20)回交得到的BC₁F₁材料16-12(2n=104)进行自交获得21份BC₁F₂材料,以21份BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗

茅为试验材料(表1),集中种植于云南农业大学甘蔗所甘蔗资源圃。

1.2 试验方法

1.2.1 根尖制备与观察 将供试材料进行盆栽培养,置于温室大棚中,待其长到合适时期,采取幼嫩、粗壮根尖。染色体玻片制备方法参考陈瑞阳(1979)、D'Hont(1996)的去壁低渗法并加以改良。将根尖用0.04%的8-羟基喹啉进行预处理2~3 h,接着用卡诺固定液(无水乙醇:冰乙酸=3:1)清洗3次后置于4℃冰箱内固定3 d,然后用70%酒精清洗并保存在4℃冰箱中备用。制备染色体玻片时,首先将根尖用纯水清洗一次后用纯水浸泡10 min,吸水纸吸干根尖表面水分后用0.25 mol/L HCl进行酸解10 min,纯水清洗3次后浸泡10 min,再用柠檬酸缓冲液(将1.47 g 柠檬酸、1.05 g 柠檬酸钠和2.8 g 氯化钾溶于500 mL纯水中,调节pH至4.5)浸泡10 min,切取根尖置于离心管中于37℃酶解(5%纤维素酶和1%果胶酶混合液)1.5~3 h,酶解结束后纯水清洗3次并低渗60 min,最后使用改良苯酚品红染色压片。用Imager A2显微镜(德国蔡氏公司)观察选取每个材料20个染色体分散好的完整分裂相进行拍照,取众数进行染色体计数。

1.2.2 表型性状测定 于成熟期对参试材料进行表型性状测定,每份材料选取3株进行株高、叶长、叶宽、节间长、单茎重、茎径和锤度测定。测定标准

表1 供试材料信息及来源
Table 1 Information and sources of tested materials

序号 Number	材料名称 Material	来源 Source	备注 Note
1	20-98	16-12 自交	BC ₁ F ₂
2	20-100	16-12 自交	BC ₁ F ₂
3	20-101	16-12 自交	BC ₁ F ₂
4	20-102	16-12 自交	BC ₁ F ₂
5	20-105	16-12 自交	BC ₁ F ₂
6	20-106	16-12 自交	BC ₁ F ₂
7	20-107	16-12 自交	BC ₁ F ₂
8	20-108	16-12 自交	BC ₁ F ₂
9	20-111	16-12 自交	BC ₁ F ₂
10	20-113	16-12 自交	BC ₁ F ₂
11	20-114	16-12 自交	BC ₁ F ₂
12	20-116	16-12 自交	BC ₁ F ₂
13	20-118	16-12 自交	BC ₁ F ₂
14	20-119	16-12 自交	BC ₁ F ₂
15	20-122	16-12 自交	BC ₁ F ₂
16	20-123	16-12 自交	BC ₁ F ₂
17	20-124	16-12 自交	BC ₁ F ₂
18	20-126	16-12 自交	BC ₁ F ₂
19	20-128	16-12 自交	BC ₁ F ₂
20	20-129	16-12 自交	BC ₁ F ₂
21	20-130	16-12 自交	BC ₁ F ₂
22	16-12	滇蔗01-58×蔗茅	BC ₁ F ₁
23	蔗茅	-	-

参考《甘蔗种质资源描述规范和数据标准》(蔡青和范源洪,2006)。

1.3 统计分析

核型分析方法参考李懋学和陈瑞阳(1985)的报道,利用Ikaros、Excel 2016等软件进行染色体配对、核型模式图绘制。表型数据利用Excel 2016、SPSS 26.0等软件进行相关分析、主成分分析及聚类分析。

2 结果与分析

2.1 BC₁F₂材料的染色体数目分析结果

甘蔗体细胞染色体数目多,在同一个体的不同组织或不同时期的细胞中染色体数目也均不恒定(张华和林彦铨,2001)。由表2可知,21份BC₁F₂材料(20-98、20-100、20-101、20-102、20-105、20-106、20-107、20-108、20-111、20-113、20-114、20-116、20-118、20-119、20-122、20-123、20-124、20-126、20-128、20-129、20-130)的染色体数目呈现2n=98、100、102、104、106、108共6种类型,其中20-128的染色体数目变化范围最大,为73~106条,20-98的染色体数目变化范围最小,为108~110条。

2.2 BC₁F₂材料核型差异分析结果

对BC₁F₂材料的核型分析结果(表3)显示,除20-129的核型为3B外,其余20份BC₁F₂材料核型均为2B,核型较对称;21份材料的大部分染色体属于着丝点位于中部(m),少部分属于着丝点位于近中部(sm),其中着丝点位于中部的染色体占比在

57.00%~87.25%。部分材料核型分析结果如图1和图2所示。根据核不对称系数分析结果(表3)显示,BC₁F₂材料的核不对称系数为55.58%~62.33%,染色体均为较原始的类型,但核型参数存在一定差异。

2.3 BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅表型性状多样性分析结果

表型性状多样性分析结果(表4)显示,BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅的变异系数为9.32%~42.59%,平均变异系数为20.72%,其中变异系数最大的是单茎重,变异系数最小的是叶长,表明在自交后代中单茎重的遗传多样性较高,叶长的遗传多样性较低。

2.4 BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅相关分析结果

对BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅的锤度、株高、叶长、叶宽、节间长、茎径、单茎重和染色体数目进行相关分析,结果如表5所示。呈极显著相关的性状有11对($P<0.01$),其中呈正相关的性状有7对,分别为株高与单茎重,茎径与叶宽、单茎重、染色体数目,叶宽与单茎重、染色体数目,单茎重与染色体数目;呈负相关的性状有4对,分别为锤度与株高、单茎重,株高与叶长,节间长与染色体数目。呈显著相关的性状有4对($P<0.05$),其中呈正相关的性状仅有1对,为株高与节间长;呈负相关的性状有3对,分别为锤度与节间长,茎径与节间长,叶长与单茎重。甘蔗锤度作为衡量蔗茎成熟度的重要指标,其与染色体数目之间有一定相关性但不显著($P>0.05$)。

2.5 BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅主成分分析结果

对BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅的锤度、株高、叶长、叶宽、节间长、茎径、单茎重和染色体数目进行主成分分析,结果如表6所示。以特征值大于1.00为标准提取主成分,前3个主成分的累计贡献率为77.92%。其中,第一主成分(PC1)的特征值为3.11,贡献率为38.91%,染色体数目、单茎重、叶宽和茎径为主要决定因子;第二主成分(PC2)的特征值为2.02,贡献率为25.24%,株高和节间长为主要决定因子;第三主成分(PC3)的特征值为1.10,贡献率为13.77%,叶长为主要决定因子。

2.6 BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅的聚类分析结果

基于株高、茎径、节间长、叶长、叶宽、锤度和单茎重7个表型性状和染色体数目,对BC₁F₂材料及其亲本16-12和蔗茅进行聚类分析,结果(图3)显示,可将23份材料分为五大类群,第I类有8份材料,分别为20-130、20-105、16-12、20-126、20-106、20-124、

表2 染色体计数结果

Table 2 Chromosome counting results

材料名称 Material	染色体数目(2n) Chromosome number (2n)	染色体数目变化范围 Variation range of chromosome number
20-98	108	108~110
20-100	104	92~106
20-101	104	88~104
20-102	106	90~106
20-105	106	88~107
20-106	106	100~108
20-107	106	84~108
20-108	104	82~108
20-111	104	88~104
20-113	98	88~108
20-114	104	90~108
20-116	108	94~108
20-118	102	92~104
20-119	102	92~104
20-122	106	102~106
20-123	104	92~104
20-124	108	97~108
20-126	106	92~106
20-128	100	73~106
20-129	100	96~110
20-130	106	102~108

20-116、20-107, 主要特征是叶片较长;第Ⅱ类有 6 份材料, 分别为 20-114、20-113、20-98、20-102、20-101、20-123, 主要特征是叶片较宽;第Ⅲ类仅有 1 份材料为 20-111, 主要特征是锤度较高;第Ⅳ类有 7 份材料, 分别为 20-119、20-118、20-108、20-122、20-100、20-129、20-128, 主要特征是植株较高和单茎较重;第Ⅴ类仅有 1 份材料为蔗茅, 主要特征是节间较长、茎径较小和锤度较低。综上可知, 16-12 自交后代的表型性状因染色体数目不同而产生差异, 其中染色体数目较多的株系表型性状与 16-12 相近, 染色体数目较少的株系则更趋向于蔗茅。

3 讨论

3.1 BC₁F₂ 材料的表型性状及核型差异分析

表型性状的变异系数反映了植物对环境的适应能力(van Kleunen and Fischer, 2005)。不同表型性状的变异系数差异较大, 说明这些性状对不同生境的适应性存在显著差异(王常顺和汪诗平, 2015; 冯

秋红等, 2017)。本研究发现, 单茎重的变异系数最大, 表明该性状具有较强的环境适应性, 易受环境因素的影响, 叶长则为较稳定的性状。茎径、有效茎和锤度对甘蔗产量和糖分含量有显著影响(丘立杭等, 2019; 谭秦亮等, 2022), 而叶长则通过光合作用影响甘蔗的产量和品质(罗俊等, 2015)。研究发现, 甘蔗性状之间存在复杂的相互作用, 特别是产量与糖分之间存在相互制约关系(罗俊等, 2006; Nair et al., 2017)。还有研究发现, 锤度与茎径、单茎重呈极显著负相关, 也间接证明糖分与产量之间存在相互制约关系(陆鑫等, 2011; 秦昌鲜等, 2021; 李贵龙等, 2024)。由此可见, 甘蔗育种应考虑不同性状间的综合平衡, 以优化品种的表型组合。

本研究对 BC₁F₂ 材料进行核型分析, 结果发现其染色体组成呈较原始的 2B 型, 主要由中部着丝点染色体、少数近中部着丝点染色体和极少端部着丝点染色体组成。这一发现与洪德元等(1990)的结论相符, 即着丝点位于中部的染色体属于最对称、最原始

表 3 BC₁F₂ 代材料核型分析结果
Table 3 Karyotype analysis results of BC₁F₂ generation materials

材料名称 Material	臂比>2 的百分比 Percentage of arm ratio >2	核型公式 Karyotype formula	染色体长度组成 Chromosome length composition	核型不对称 系数(%) Karyotype asymmetry coefficient	核型类型 Karyotype type	中部着丝点 染色体 百分比(%) Percentage of metacen- tric centro- mere chromosome	染色体 长度比 Chromo- some length ratio	染色体 相对长度 范围 Chromo- some rela- tive length range	中部着丝染色体 百分比/核型不对 称系数 Percentage of metacentric centromere chro- mosome/karyo- type asymmetry coefficient
20-98	9.26	2n=108=87m+19sm+2t	10L+51M1+40M2+7S	60.05	2B	80.56	2.17	0.60~1.31	1.34
20-100	5.77	2n=104=86m+13sm+5t	12L+48M1+34M2+10S	57.62	2B	82.69	2.20	0.65~1.43	1.44
20-101	2.88	2n=104=84m+19sm+1st	11L+47M1+40M2+6S	59.37	2B	80.77	2.24	0.62~1.38	1.36
20-102	4.27	2n=106=84m+18sm+4t	11L+52M1+37M2+6S	58.89	2B	79.25	2.22	0.62~1.38	1.35
20-105	7.56	2n=106=90m+15sm+1t	10L+50M1+40M2+6S	57.54	2B	84.91	2.31	0.61~1.40	1.48
20-106	11.32	2n=106=85m+19sm+2t	16L+42M1+35M2+13S	58.91	2B	80.19	2.77	0.57~1.57	1.36
20-107	4.71	2n=106=84m+14sm+8t	13L+47M1+35M2+11S	56.73	2B	79.26	3.04	0.50~1.52	1.40
20-108	10.58	2n=104=81m+17sm+ 1st+5t	9L+55M1+37M2+3S	58.41	2B	77.88	2.12	0.67~1.42	1.33
20-111	2.88	2n=104=84m+13sm+7t	15L+50M1+31M2+8S	57.50	2B	80.77	2.41	0.62~1.49	1.40
20-113	6.12	2n=98=74m+21sm+3t	11L+44M1+36M2+7S	59.36	2B	75.51	2.34	0.66~1.54	1.27
20-114	7.69	2n=104=80m+16sm+8t	12L+41M1+39M2+12S	57.85	2B	76.92	2.35	0.61~1.43	1.33
20-116	9.26	2n=108=90m+17sm+1t	14L+51M1+29M2+14S	58.23	2B	83.33	2.40	0.62~1.49	1.43
20-118	5.88	2n=102=89m+12sm+1t	11L+46M1+32M2+13S	58.10	2B	87.25	2.41	0.63~1.51	1.50
20-119	7.84	2n=102=76m+22sm++ 1st+3t	8L+46M1+41M2+7S	59.43	2B	74.51	2.15	0.62~1.34	1.25
20-122	9.43	2n=106=86m+16sm+4t	17L+49M1+31M2+9S	57.69	2B	81.13	2.58	0.58~1.50	1.41
20-123	4.81	2n=104=86m+17sm+1t	13L+56M1+27M2+8S	58.52	2B	82.69	2.15	0.66~1.41	1.41
20-124	4.63	2n=108=87m+13sm+8t	9L+50M1+40M2+9S	57.44	2B	80.56	2.39	0.57~1.36	1.40
20-126	1.89	2n=106=91m+8sm+7t	11L+45M1+40M2+10S	57.07	2B	85.85	2.14	0.65~1.38	1.50
20-128	3.00	2n=100=80m+8sm+12t	8L+47M1+37M2+8S	55.58	2B	80.00	2.46	0.62~1.53	1.44
20-129	23.00	2n=100=57m+41sm+2t	11L+37M1+40M2+12S	62.33	3B	57.00	2.58	0.64~1.58	0.91
20-130	8.49	2n=106=79m+24sm+3t	10L+58M1+33M2+5S	59.69	2B	74.52	2.10	0.68~1.43	1.25

核型公式中的 m、sm、st 和 t 分别表示中部着丝点、近中部着丝点区、近端部着丝点区和端部着丝点区;染色体长度组成中的 S、M1、M2 和 L 分别表示短染色体、中短染色体、中长染色体和长染色体

In the karyotype formula, m, sm, st, and t represented metacentric centromere, submetacentric centromeric region, subtelocentric centromeric region, and telocentric centromeric region respectively; in the chromosome length composition, S, M1, M2, and L represented short chromosome, medium-short chromosome, medium-long chromosome, and long chromosomes respectively

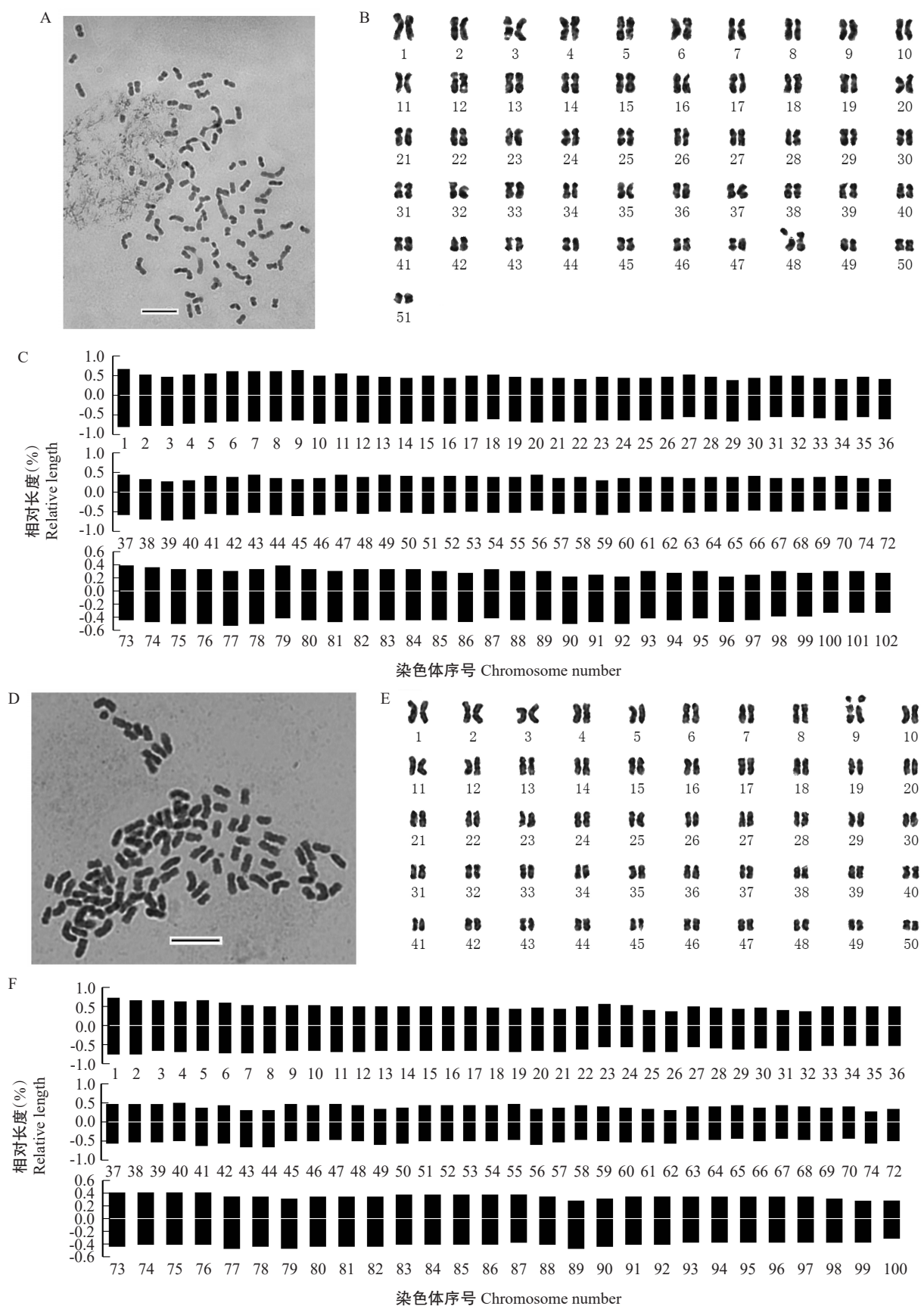
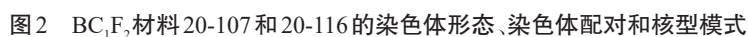


图1 BC₁F₂材料20-118和20-128的染色体形态、染色体配对和核型模式

Fig. 1 Chromosome morphology, chromosome pairing, and karyotypic patterns of BC₁F₂ materials 20-118 and 20-128
A~C分别为20-118染色体形态、染色体配对和核型模式;D~F分别为20-128染色体形态、染色体配对和核型模式。比例尺=10 μm

A-C were chromosome morphology, chromosome pairing, and karyotype pattern of 20-118; D-F were chromosome morphology, chromosome pairing, and karyotype pattern of 20-128. Scale bar=10 μm



A-C were chromosome morphology, chromosome pairing, and karyotype pattern of 20-107; D-F were chromosome morphology, chromosome pairing, and karyotype pattern of 20-116. Scale bar=10 μ m

表4 表型性状多样性分析

Table 4 Phenotypic trait diversity analysis

表型性状 Phenotypic trait	平均值 Average	最大值 Maximum	最小值 Minimum	标准偏差 Standard deviation	极差 Range	变异系数(%) Coefficient of variation
锤度(%) Brix	18.60	10.80	14.24	7.80	1.68	11.78
株高(cm) Plant height	270.80	70.80	189.51	200.00	41.33	21.81
茎径(cm) Stalk diameter	3.21	0.83	2.33	2.38	0.46	19.91
节间长(cm) Internode length	21.30	5.20	13.33	16.10	2.73	20.46
叶长(cm) Leaf length	180.40	123.00	148.56	57.40	13.85	9.32
叶宽(cm) Leaf width	6.80	2.30	4.45	4.50	0.85	19.15
单茎重(kg) Single-stalk weight	1.76	0.04	0.81	1.72	0.34	42.59

表5 表型性状与染色体数目相关分析

Table 5 Correlation analysis of phenotypic traits and chromosome number

指标 Indicator	锤度 Brix	株高 Plant height	茎径 Stalk diameter	节间长 Internode length	叶长 Leaf length	叶宽 Leaf width	单茎重 Single-stalk weight	染色体数目 Chromosome number
锤度 Brix	1.00							
株高 Plant height	-0.49**	1.00						
茎径 Stalk diameter	-0.08	0.22	1.00					
节间长 Internode length	-0.24*	0.24*	-0.30*	1.00				
叶长 Leaf length	0.01	-0.32**	-0.12	0.12	1.00			
叶宽 Leaf width	-0.16	0.08	0.66**	-0.14	-0.02	1.00		
单茎重 Single-stalk weight	-0.38**	0.67**	0.75**	-0.07	-0.26*	0.51**	1.00	
染色体数目 Chromosome number	0.21	0.00	0.69**	-0.56**	-0.01	0.52**	0.45**	1.00

*表示显著相关($P<0.05$), **表示极显著相关($P<0.01$)

* indicated significant correlation ($P<0.05$), ** indicated extremely significant correlation ($P<0.01$)

的类型,并且植物的染色体逐步向不对称进化。靳铎等(2025)的研究结果显示,16-12的核型不对称系数为62.82%。本研究中16-12自交后代的染色体不对称性明显增加(55.58%~62.33%),表明自交过程有助于提升染色体的进化程度,促进染色体不对称性的发展,这一结论对植物的进化研究具有重要意义。此外,本研究对比了不同BC₁F₂材料间的染色体不对称性差异,验证了染色体的演化趋势,并提出了自交后代的染色体进化特性。

3.2 BC₁F₂材料的染色体数目与表型性状的相关性

染色体数目与表型性状的关系一直是植物遗传学研究的重点,但目前有关甘蔗与蔗茅杂交后代染色体数目与表型性状关系的研究报道较少。Pachakkil等(2019)研究表明,甘蔗与班茅杂交后代的染色体数目与表型性状呈显著相关。靳铎等(2025)进一步揭示了甘蔗与蔗茅BC₁F₁材料的染色体数目与多个表型性状之间的关系,包括锤度、茎径和叶宽等。本研究中,染色体数目与茎径、叶宽和单茎重呈极显著正相关,但与节间长呈极显著负相关。由此推测染色体数目变化通过基因拷贝数的改变影响细胞代谢,从而对甘蔗表型性状产生显著影响(Tsukaya, 2008; 李淑洁等, 2023)。例如,染色体数目较少的材料通常表现为植株细高且叶片窄,而染色体数目较多的材料则表现出叶片较宽和单茎较

表6 表型性状和染色体数目主成分分析

Table 6 Principal component analysis of phenotypic traits and chromosome number

指标 Indicator	因子载荷 Factor loading		
	PC1	PC2	PC3
锤度 Brix	-0.11	-0.80	0.01
株高 Plant height	0.20	0.71	-0.52
茎径 Stalk diameter	0.91	0.04	-0.12
节间长 Internode length	-0.41	0.67	0.23
叶长 Leaf length	0.01	0.03	0.92
叶宽 Leaf width	0.81	0.12	0.15
单茎重 Single-stalk weight	0.74	0.46	-0.36
染色体数目 Chromosome number	0.83	-0.38	-0.06
特征值 Eigenvalue	3.11	2.02	1.10
贡献率(%) Contribution rate	38.91	25.24	13.77
累计贡献率(%) Cumulative contribution rate	38.91	64.15	77.92

重。后续研究可进一步探究染色体数目与其他性状之间的具体分子机制,以期为甘蔗的遗传改良提供理论支持。

3.3 BC₁F₂材料在甘蔗育种中的应用前景

甘蔗抗寒性育种是当前重要的研究方向,尤其是在春冬季低温寒潮频繁的地区。蔗茅在高海拔、寒冷、贫瘠土壤等极端环境下展现出较强的生长能力,使其成为甘蔗育种中的优良亲本(Li et al., 2015)。通过甘蔗与蔗茅杂交,使后代能遗传蔗茅的抗寒、抗旱和耐贫瘠等性状,因此甘蔗与蔗茅杂交后代具有

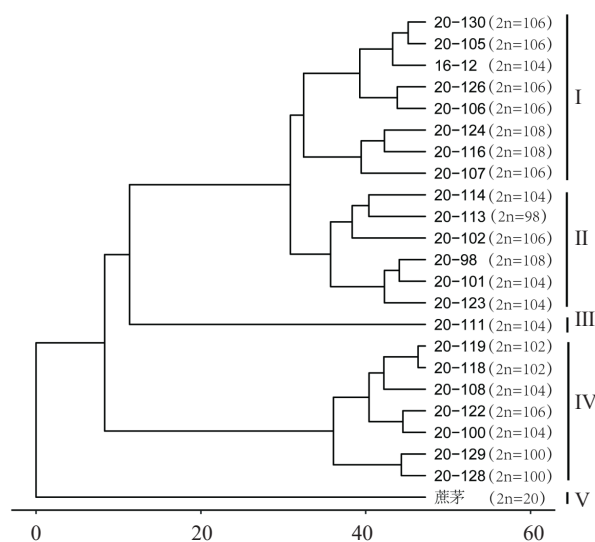


图3 基于7个表型性状和染色体数目的聚类分析结果
Fig. 3 Cluster analysis results based on seven phenotypic traits and chromosome number

极大的育种潜力(萧凤回等,1996)。本研究BC₁F₂材料表现出较大的遗传变异,使其在甘蔗品种改良过程中具备较强的适应能力。具体而言,染色体数目较多的材料通常表现为植株矮小、叶片宽大,且单茎重遗传多样性较丰富,这些特性对于抗寒、抗逆及高海拔适应性新品种的选育具有重要意义。后续应继续深入研究甘蔗与蔗茅杂交后代的表型性状与遗传机制,进一步挖掘具有潜力的优良种质和基因,为甘蔗品种多样化和抗逆性改良提供新的方案。

4 结论

BC₁F₂材料的表型性状与染色体数目存在不同程度相关性,表明BC₁F₂材料间因染色体数目不同而存在明显的表型性状遗传差异,这些含蔗茅血缘的杂种后代材料可用于后续甘蔗育种。

参考文献(References):

- 蔡青,范源洪. 2006. 甘蔗种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社. [Cai Q, Fan Y H. 2006. Descriptors and data standard for sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) [M]. Beijing: China Agriculture Press.]
- 陈瑞阳,宋文芹,李秀兰. 1979. 植物有丝分裂染色体标本制作的新方法[J]. 植物学报, 21(3): 297-298. [Chen R Y, Song W Q, Li X L. 1979. A new method for preparing mitotic chromosomes from plant [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 21(3): 297-298.]
- 邓海华. 2012. 我国本土割手密育成品种的亲缘关系分析[J]. 广东农业科学, 39(8): 167-170. [Deng H H. 2012. Pedigree analysis of the native spontaneum-derived varieties of sugarcane in mainland China [J]. Guangdong Agricultural Science, 39(8): 167-170.] doi:10.16768/j.issn.1004-874x.2012.08.042.
- 冯秋红,史作民,徐峥静茹,缪宁,唐敬超,刘兴良,张雷.

2017. 岷江柏天然种群种实表型变异特征[J]. 应用生态学报, 28(3): 748-756. [Feng Q H, Shi Z M, Xu Z J R, Miao N, Tang J C, Liu X L, Zhang L. 2017. Phenotypic variations in cones and seeds of natural *Cupressus chengiana* populations in China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 28(3): 748-756.] doi:10.13287/j.1001-9332.2017.03.001.
- 洪德元. 1990. 植物细胞分类学[M]. 北京: 科学出版社. [Hong D Y. 1990. Plant cell taxonomy [M]. Beijing: Science Press.]
- 黄玉新,张保青,周珊,高轶静,杨翠芳,张革民,陆衫羽,段维兴. 2023. 甘蔗种质资源研究进展[J]. 科技导报, 41(4): 43-49. [Huang Y X, Zhang B Q, Zhou S, Gao Y J, Yang C F, Zhang G M, Lu S Y, Duan W X. 2023. Advances of sugarcane germplasm resources [J]. Science and Technology Review, 41(4): 43-49.] doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2023.04.005.
- 黄玉新,周珊,黄冬梅,段维兴,杨翠芳,王泽平,曾璇,张革民,张保青. 2025. 甘蔗创新种质后代对3种常见真菌性病害的抗性鉴定评价[J]. 江苏农业科学, 53(11): 111-117. [Huang Y X, Zhou S, Huang D M, Duan W X, Yang C F, Wang Z P, Zeng X, Zhang G M, Zhang B Q. 2025. Identification and evaluation of resistance of sugarcane innovative germplasm offspring to three common fungal diseases [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 53(11): 111-117.] doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.11.016.
- 靳铎,张婷,娄红波,何丽莲,李富生,杨清辉,王先宏. 2025. 基于表型和细胞学的甘蔗与蔗茅杂交BC₁F₁子代的遗传差异[J]. 分子植物育种, 23(22): 7467-7479. [Jin D, Zhang T, Lou H B, He L L, Li F S, Yang Q H, Wang X H. 2025. Genetic variation of BC₁F₁ progenies of sugarcane and *Erianthus fulvus* based on phenotypic and cytologic characteristics [J]. Molecular Plant Breeding, 23(22): 7467-7479.] doi:10.13271/j.mpb.023.007467.
- 李媛甜,李富生,李翠英,肖培先,张永港,康宁. 2018. 含有蔗茅血缘的甘蔗新品系在德宏蔗区的适应性评价[J]. 中国糖料, 40(5): 1-5. [Li A T, Li F S, Li C Y, Xiao P X, Zhang Y, Kang N. 2018. Evaluation on adaptability of new sugarcane lines containing the blood of *Erianthus fulvus* in Dehong [J]. Sugar Crops of China, 40(5): 1-5.] doi:10.13570/j.cnki.scc.2018.05.001.
- 李贵龙,何浩宁,匡博文,罗灵,蒋正杰,玉明茂,杨细平. 2024. 385份甘蔗种质资源的表型评价[J]. 西南农业学报, 37(3): 524-531. [Li G L, He H N, Kuang B W, Luo L, Jiang Z J, Yu M M, Yang X P. 2024. Phenotypic evaluation of 385 sugarcane germplasms [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 37(3): 524-531] doi:10.16213/j.cnki.scjas.2024.3.007.
- 李懋学,陈瑞阳. 1985. 关于植物核型分析的标准化问题[J]. 武汉植物学研究, (4): 297-302. [Li M X, Chen R Y. 1985. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants [J]. Journal of Wuhan Botanical Research, (4): 297-302.]
- 李淑洁,裴怀弟,刘新星,陈军,江晶,张朝巍. 2023. 植物染色体加倍的表型和遗传学效应研究进展[J]. 寒旱农业科学, 2(12): 1079-1084. [Li S J, Pei H D, Liu X X, Chen J, Jiang J, Zhang C W. 2023. Progress on phenotypic and genetic effects of chromosome-doubling in polyploid plants [J]. Journal of Cold-Arid Agricultural Sciences, 2(12):

- 1079-1084.] doi:10.3969/j.issn.2097-2172.2023.12.001.
- 陆鑫,毛钧,应雄美,刘新龙,苏火生,马丽,蔡青. 2011. 甘蔗创新种质的因子分析与聚类分析[J]. 西南农业学报, 24(6): 2072-2076. [Lu X, Mao J, Ying X M, Liu X L, Su F S, Ma L, Cai Q. 2011. Factor and cluster analysis of sugarcane innovation germplasm[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 24(6): 2072-2076.] doi:10.16213/j.cnki.scjas.2011.06.046.
- 罗俊,张华,陈由强,徐景升,林彦铨,陈如凯. 2006. 能源甘蔗不同叶位叶片形态、光合气体交换及其与产量关系[J]. 应用与环境生物学报, 12(6): 754-760. [Luo J, Zhang H, Chen Y Q, Xu J S, Lin Y Q, Chen R K. 2006. Relationship of energy sugarcane leaf forms and gas exchange with its yield[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 12(6): 754-760.] doi:10.3321/j.issn:1006-687X.2006.06.003.
- 罗俊,张华,邓祖湖,徐良年,高三基,陈如凯,陈由强. 2005. 甘蔗不同叶位叶片形态与冠层特征的关系[J]. 应用与环境生物学报, (1): 28-31. [Luo J, Zhang H, Deng Z H, Xu L N, Gao S J, Chen R K, Chen Y Q. 2005. Relationship between canopy characters and leaf morphology at different positions of sugarcane[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, (1): 28-31.] doi:10.3321/j.issn:1006-687X.2005.01.006.
- 秦昌鲜,闭德金,彭崇,郭强,马文清,施泽升,唐利球. 2021. 基于因子分析与聚类分析的甘蔗新品种(系)农艺性状评价[J]. 南方农业学报, 52(2): 317-324. [Qin C X, Bi D J, Peng C, Guo Q, Ma W Q, Shi Z S, Tang L Q. 2021. Evaluation of agronomic characters of new sugarcane varieties (lines) based on factor analysis and cluster analysis[J]. Journal of Southern Agriculture, 52(2): 317-324.] doi:10.3969/j.issn.2095-1191.2021.02.006.
- 丘立杭,范业赓,周慧文,陈荣发,黄杏,罗含敏,杨荣仲,段维兴,刘俊仙,吴建明. 2019. 合理密植下强分蘖甘蔗品种性状及产量分析[J]. 热带作物学报, 40(6): 1075-1082. [Qiu L H, Fan Y G, Zhou H W, Chen R F, Huang X, Luo H M, Yang R Z, Duan W X, Liu J X, Wu J M. 2019. Analysis of rational close planting with agronomic traits and yield in intense tillering ability sugarcane variety[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 40(6): 1075-1082.] doi:10.3969/j.issn.1000-2561.2019.06.006.
- 谭秦亮,朱鹏锦,李穆,程琴,周全光,庞新华. 2022. 基于主成分与聚类分析的甘蔗新品种(系)主要农艺及产量性状的评价[J]. 热带农业科学, 42(3): 32-38. [Tan Q L, Zhu P J, Li M, Cheng Q, Zhou Q G, Pang X H. 2022. Evaluation of main agronomic and yield traits of new sugarcane varieties (lines) based on principal component and cluster analysis[J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture, 42(3): 32-38.] doi:10.12008/j.issn.1009-2196.2022.03.007.
- 唐仕云,王伦旺,杨荣仲,李翔,黄海荣,经艳,邓宇驰,谭芳,黄家雍,杨丽涛. 2016. 糖能兼用甘蔗新品系的性状遗传分析及综合选择[J]. 中国农业大学学报, 21(2): 9-19. [Tang S Y, Wang L W, Yang R Z, Li X, Huang H R, Jing Y, Deng Y C, Tan F, Huang J Y, Yang L T. 2016. Genetic analysis and comprehensive selection of new sugar and energy cane lines[J]. Journal of China Agricultural University, 21(2): 9-19.] doi:10.11841/j.issn.1007-4333.2016.02.02.
- 王常顺,汪诗平. 2015. 植物叶片性状对气候变化的响应研究进展[J]. 植物生态学报, 39(2): 206-216. [Wang C S, Wang S P. 2015. A review of research on responses of leaf traits to climate change[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 39(2): 206-216.] doi:10.17521/cjpe.2015.0020.
- 王丽萍,范源洪,蔡青,马丽,夏红明,陈辉. 2003. 甘蔗种质资源杂交利用研究进展[J]. 甘蔗, (3): 17-23. [Wang L P, Fan Y H, Cai Q, Ma L, Xia H M, Chen H. 2003. Advances in crossing utilization of sugarcane germplasm[J]. Subtropical Agriculture Research, (3): 17-23.] doi:10.3969/j.issn.1673-0925.2003.03.005.
- 王燕,张荣荣,赵永康,钱文英,王翠云,赵兴笔,李媛甜,王先,杨光琴,陈寿宏,兰凤,黄滔. 2025. 云南省分区育种第4轮交换甘蔗品种(系)区域试验陇川点综合评价[J]. 广西糖业, 45(5): 373-381. [Wang Y, Zhang R R, Zhao Y K, Qian W Y, Wang C Y, Zhao X B, Li A T, Wang X, Yang G Q, Chen S H, Lan F, Huang T. 2025. Comprehensive evaluation of sugarcane varieties (lines) in the fourth round of regional trials for breeding zones at Longchuan of Yunnan[J]. Guangxi Sugar Industry, 45(5): 373-381.] doi:10.3969/j.issn.2095-820X.2025.05.002.
- 文明富,潘方胤,齐永文,吴嘉文,敖俊华,杨俊贤,官锦燕,彭立冲,梁启如,罗青文. 2020. 甘蔗新品种粤糖06-233的选育及其核型分析[J]. 热带作物学报, 41(1): 35-42. [Wen M F, Pan F Y, Qi Y W, Wu J Y, Ao J H, Yang J X, Guan J Y, Peng L C, Liang Q R, Luo Q W. 2020. Breeding of new sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar, Yuetang 06-233[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 41(1): 35-42.] doi:10.3969/j.issn.1000-2561.2020.01.005.
- 萧凤回,李富生,何丽莲,段承俐,杨清辉. 1996. 甘蔗近缘野生种蔗茅(*Erianthus rufipilus*)的研究[J]. 甘蔗, 3(2): 1-6. [Xiao F H, Li F S, He L L, Duan C L, Yang Q H. 1996. The study on a sugarcane relative species *Erianthus rufipilus*[J]. Sugarcane, 3(2): 1-6.]
- 谢静,邱永生,刘少谋,符成,吴建涛,王勤南. 2020. 甘蔗品种‘粤糖09-13’(海蔗22号)杂交育种潜力分析[J]. 分子植物育种, 18(14): 4725-4733. [Xie J, Qiu Y S, Liu S M, Fu C, Wu J T, Wang Q N. 2020. Analysis of breeding potential of sugarcane variety (*Saccharum* spp. hybrid) ‘Yuetang 09-13’ (Haizhe 22) [J]. Molecular Plant Breeding, 18(14): 4725-4733.] doi:10.13271/j.mpb.018.004725.
- 谢蒙潇,丘舒琪,张怡,谭丽花,刘月廉,胡汉桥,王冠,任磊,王燕燕. 2024. 甘蔗环斑病致病菌的鉴定及生物学特性分析[J]. 热带生物学报, 15(5): 608-614. [Xie M X, Qiu S Q, Zhang Y, Tan L H, Liu Y L, Hu H Q, Wang G, Ren L, Wang Y Y. 2024. Pathogen identification and biological characterization of sugarcane ring spot disease[J]. Journal of Tropical Biology, 15(5): 608-614.] doi:10.15886/j.cnki.rdsxb.20230121.]
- 杨翠芳,段维兴,黄玉新,周珊,高轶静,周忠凤,张革民,张保青. 2024. 桂糖系列甘蔗种质表型性状的遗传多样性[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 39(3): 25-32. [Yang C F, Duan W X, Huang Y X, Zhou S, Gao Y J, Zhou Z F, Zhang G M, Zhang B Q. 2024. Genetic diversity of phenotypic traits in the germplasm resources of Guitang series sugarcane[J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 39(3): 25-32.] doi:10.12101/j.issn.1004-390X(n).202305041.
- 张华,林彦铨. 2001. 甘蔗细胞与分子遗传学研究进展[J]. 甘

- 蔗, 8(3): 1-6. [Zhang H, Lin Y Q. 2001. Advances in sugarcane cytogenetics and molecular genetics [J]. Sugarcane, 8(3): 1-6.] doi: 10.3969/j.issn.1673-0925.2001.03.001.
- 张跃彬, 吴才文. 2017. 国内外甘蔗产业技术进展及发展分析 [J]. 中国糖料, 39(3): 47-50. [Zhang Y B, Wu C W. 2017. Progress and development analysis of sugarcane industry in the world [J]. Sugar Crops of China, 39(3): 47-50.] doi: 10.13570/j.cnki.scc.2017.03.019.
- 周珊, 黄玉新, 段维兴, 高铁静, 杨翠芳, 周忠凤, 陆衫羽, 张革民, 张保青. 2023. 国内甘蔗种质资源表型性状的遗传多样性分析 [J]. 热带作物学报, 44(6): 1123-1134. [Zhou S, Huang Y X, Duan W X, Gao Y J, Yang C F, Zhou Z F, Lu S Y, Zhang G M, Zhang B Q. 2023. Genetic diversity assessment of sugarcane native of domestic with phenotypic traits [J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 44(6): 1123-1134.] doi: 10.3969/j.issn.1000-2561.2023.06.006.
- Chai J, Xue L, Lei J W, Yao W, Zhang M Q, Deng Z H, Yu F. 2023. All nonhomologous chromosomes and rearrangements in *Saccharum officinarum* × *Saccharum spontaneum* allopolyploids identified by oligo-based painting [J]. Frontiers in Plant Science, 14: 1176914. doi: 10.3389/fpls.2023.1176914.
- Deng Z H, Zhang M Q, Lin W L, Cheng F, Zhang C M, Li Y C, Lai L P, Lin Y Q, Chen R K. 2010. Analysis of disequilibrium hybridization in hybrid and backcross progenies of *Saccharum officinarum* × *Erianthus arundinaceus* [J]. Agricultural Sciences in China, 9(9): 1271-1277. doi: 10.1016/S1671-2927(09)60216-9.
- D'Hont A, Grivet L, Feldmann P, Rao S, Berding N, Glaszmann J C. 1996. Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics [J]. Molecular & General Genetics, 250(4): 405-413. doi: 10.1007/BF02174028.
- Hoang N V, Furtado A, Botha F C, Simmons B A, Henry R J. 2015. Potential for genetic improvement of sugarcane as a source of biomass for biofuels [J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 3: 182. doi: 10.3389/fbioe.2015.00182.
- Huang Y J, Wu J Y, Wang P, Lin Y Q, Fu C, Deng Z H, Wang Q N, Li Q W, Chen R K, Zhang M Q. 2015. Characterization of chromosome inheritance of the intergeneric BC₂ and BC₃ progeny between *Saccharum* spp. and *Erianthus arundinaceus* [J]. PLoS One, 10(7): e0133722. doi: 10.1371/journal.pone.0133722.
- Kui L, Majeed A, Wang X H, Yang Z J, Chen J, He L L, Di Y N, Li X Z, Qian Z F, Jiao Y M, Wang G Y, Liu L F, Xu R, Gu S J, Yang Q H, Chen S Y, Lou H B, Meng Y, Xie L Y, Xu F, Shen Q Q, Singh A, Gruber K, Pan Y B, Hao T T, Dong Y, Li F S. 2023. A chromosome-level genome assembly for *Erianthus fulvus* provides insights into its biofuel potential and facilitates breeding for improvement of sugarcane [J]. Plant Communications, 4(4): 100562. doi: 10.1016/j.xplc.2023.100562.
- Li Y R, Wu J M, Li X, Zhang R H, Liu X H, Yang L T. 2015. Damage in sugarcane production caused by long duration of chilling and frost in Guangxi, China [J]. International Journal of Agriculture Innovations and Research, 3(4): 1139-1144. doi: 10.3390/su15054191.
- Lu G L, Liu P R, Wu Q B, Zhang S Z, Zhao P F, Zhang Y B, Que Y X. 2024. Sugarcane breeding: A fantastic past and promising future driven by technology and methods [J]. Frontiers in Plant Science, 15: 1375934. doi: 10.3389/fpls.2024.1375934.
- Nair N V, Mohanraj K, Sunadaravelpandian K. 2017. Characterization of an intergeneric hybrid of *Erianthus procerus* × *Saccharum officinarum* and its backcross progenies [J]. Euphytica, 213: 267. doi: 10.1007/s10681-017-2053-7.
- Pachakkil B, Terajima Y, Ohmido N, Ebina M, Irei S, Hayashi H, Takagi H. 2019. Cytogenetic and agronomic characterization of intergeneric hybrids between *Saccharum* spp. hybrid and *Erianthus arundinaceus* [J]. Scientific Reports, 9(1): 1748. doi: 10.1038/s41598-018-38316-6.
- Piperidis G, Piperidis N, D'Hont A. 2010. Molecular cytogenetic investigation of chromosome composition and transmission in sugarcane [J]. Molecular Genetics and Genomics, 284(1): 65-73. doi: 10.1007/s00438-010-0546-3.
- Qi Y W, Gao X N, Zeng Q Y, Zheng Z, Wu C W, Yang R Z, Feng X M, Wu Z L, Fan L N, Huang Z H. 2021. Sugarcane breeding: Germplasm development and related molecular research in China [J]. Sugar Tech, 24(1): 73-85. doi: 10.1007/s12355-021-01055-6.
- Tena E, Mekbib F, Ayana A. 2016. Correlation and path coefficient analyses in sugarcane genotypes of Ethiopia [J]. American Journal of Plant Sciences, 7(10): 1490-1497. doi: 10.4236/ajps.2016.710141.
- Tsukaya H. 2008. Controlling size in multicellular organs: Focus on the leaf [J]. PLoS Biology, 6(7): e174. doi: 10.1371/journal.pbio.0060174.
- van Kleunen M, Fischer M. 2005. Constraints on the evolution of adaptive phenotypic plasticity in plants [J]. New Phytologist, 166(1): 49-60. doi: 10.1111/j.1469-8137.2004.01296.x.
- Wang K, Cheng H, Han J L, Esh A, Liu J Y, Zhang Y B, Wang B H. 2022. A comprehensive molecular cytogenetic analysis of the genome architecture in modern sugarcane cultivars [J]. Chromosome Research: An International Journal on the Molecular, Supramolecular and Evolutionary Aspects of Chromosome Biology, 30(1): 29-41. doi: 10.1007/s10577-021-09680-3.
- Yu F, Zhao X W, Chai J, Ding X E, Li X T, Huang Y J, Wang X H, Wu J Y, Zhang M Q, Yang Q H, Deng Z H, Jiang J M. 2022. Chromosome-specific painting unveils chromosomal fusions and distinct allopolyploid species in the *Saccharum* complex [J]. New Phytologist, 233(4): 1953-1965. doi: 10.1111/nph.17905.

(责任编辑: 陈 燕)