

## 甘蔗 *CesA7* 基因的生物信息学分析及功能预测

匡博文<sup>1,2</sup>, 赵极瀚<sup>1,2</sup>, 李思程<sup>1,2</sup>, 韦 姝<sup>1,2</sup>, 冯梦凡<sup>1,2</sup>, 杨细平<sup>1,2\*</sup>

1. 广西大学亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室/广西甘蔗生物学重点实验室, 广西南宁 530004; 2. 广西大学农学院植物科学国家级实验教学示范中心, 广西南宁 530004

**摘要:** 纤维素是植物根系的主要成分之一, 在植物抗倒伏中起到关键作用。*CesA7* 是控制纤维素合成的重要基因, 在甘蔗中的功能未知。以水稻 *OsCesA7* 基因为参考序列, 在甘蔗割手密 (*Saccharum spontaneum*)、甘蔗杂交栽培品种 (*Saccharum spp. hybrid*)、甘蔗热带种 (*S. officinarum*) 3 个基因组中进行同源分析及功能预测。基于该基因及其同源基因的进化分析显示杂交栽培品种的 *CesA7* 基因和热带种的 *CesA7* 基因更为接近, 禾本科植物有明显的聚类, 但不能区分草本植物和木本植物。甘蔗 *CesA7* 基因的启动子区域含有大量的光反应和茉莉酸甲酯元件, 说明该基因可能参与植株的光形态建成和甘蔗抗逆反应。启动子和蛋白互作预测表明 *CesA7* 基因与 MYB 转录因子存在互作, 说明其在作物生长发育和胁迫响应中起到一定作用。此外, 水稻和高粱中 *CesA* 蛋白的功能预测显示, 其参与调控了纤维素合成和木质素降解过程。通过对 7 个甘蔗及其近缘属代表种质的苗期根和叶的转录组数据分析, 发现 *CesA7* 基因在根中表达量远高于叶, 推测该基因参与调控甘蔗根系的发育。在甘蔗及近缘属不同种质中对该基因进行 SNP 变异检测, 发现在割手密中核苷酸多态性最高。外显子区域的核苷酸多态性明显高于内含子区域, 在基因第 4 个外显子 (2000 bp 左右) 区域的多态性最高, 推测在该位点可能经受平衡选择造成不同等位基因的功能分化。借助多序列比对结合重测序数据分析, 本研究挖掘了 2 个可区分割手密和热带种的潜在分子标记。该研究结果对进一步研究和利用 *CesA7* 基因改良甘蔗品种提供理论指导。

**关键词:** 甘蔗; 纤维素; *CesA7* 基因; 进化分析

中图分类号: S566.1 文献标识码: A

## Bioinformatics Analysis and Function Prediction of *CesA7* Gene in Sugarcane

KUANG Bowen<sup>1,2</sup>, ZHAO Jihan<sup>1,2</sup>, LI Sicheng<sup>1,2</sup>, WEI Ni<sup>1,2</sup>, FENG Mengfan<sup>1,2</sup>, YANG Xiping<sup>1,2\*</sup>

1. State Key Laboratory of Conservation and Utilization of Subtropical Agro-bioresources / Guangxi Key Laboratory of Sugarcane Biology, Guangxi University, Nanning, Guangxi 530004, China; 2. National Demonstration Center for Experimental Plant Science Education, College of Agriculture, Guangxi University, Nanning, Guangxi 530004, China

**Abstract:** Cellulose is one of the main components of plant roots, and plays a key role in lodging resistance. *CesA7* is for cellulose synthesis, but its function is unknown in sugarcane. Rice *OsCesA7* gene was used as the reference sequence to conduct homology analysis and functional prediction in the genomes of *Saccharum spontaneum*, *S. hybrid* and *S. officinarum*. Phylogenetic analysis showed that *CesA7* in *S. hybrid* was closer to that in *S. officinarum*, and grasses were clustered together, but herbs and woody plants could not be separated clearly. The promoter region of the sugarcane *CesA7* genes had abundant light-responsive elements and methyl jasmonate element, indicating that the gene may be involved in the photomorphogenesis and the stress resistance response in sugarcane. Interaction prediction of the protein and analysis of the promoter indicated that *CesA7* had interaction with MYB transcription factor, suggesting that *CesA7* played a role in crop growth and development and stress response. In addition, functional predictions of *CesA* proteins

收稿日期 2022-09-09; 修回日期 2022-10-08

基金项目 广西自然科学基金项目 (桂科 AD20297064); 广西高校引进海外高层次人才“百人计划”项目。

作者简介 匡博文 (1997—), 男, 硕士研究生, 研究方向: 甘蔗分子标记开发。\*通信作者 (Corresponding author): 杨细平 (YANG Xiping), E-mail: xipingyang@gxu.edu.cn。

in rice and sorghum showed involvement in regulating cellulose synthesis and lignin degradation processes. Transcriptomic analysis of roots and leaves of seven representative species of sugarcane at seedling stage revealed that *CesA7* expression level in roots was much higher than that in leaves, suggesting that *CesA7* might regulate sugarcane root development. The SNP variation of the gene was detected in the germplasm of sugarcane, and the nucleotide diversity was the highest in *S. spontaneum*. The nucleotide diversity in the exon region was significantly higher than that in the intron region, and the highest diversity was found in the region of exon 4 (about 2000 bp) of the gene. It is speculated that the functional differentiation of different alleles are caused by the balancing selection of this locus. After multiple sequence alignment combined with resequencing data analysis, two potential molecular markers were identified, which could distinguish *S. spontaneum* and *S. officinarum* samples. The study would provide theoretical guidance for subsequent research and use of *CesA7* gene to improve sugarcane variety.

**Keywords:** sugarcane; cellulose; *CesA7* genes; evolutionary analysis

**DOI:** 10.3969/j.issn.1000-2561.2023.07.004

甘蔗是广西重要的经济作物,其占全国每年食糖产量的 60% 以上<sup>[1]</sup>。由于广西地处华南地区,受台风、季风影响较大,容易造成蔗区大面积倒伏。甘蔗倒伏是造成甘蔗减产的重要原因之一。倒伏的蔗茎含糖量降低,机械收获过程损失大<sup>[2]</sup>。李翔<sup>[3]</sup>在对甘蔗抗倒伏性评价的过程中发现,倒伏和抗倒伏品种中甘蔗的纤维素含量在茎秆和根部存在较大的差异。倒伏品种茎中纤维素的含量远高于其他品种;抗倒伏品种 GT42 根中纤维素含量远高于其他品种。根系中纤维素和木质素含量越高,植物抗拉强度和固土效能越好<sup>[4]</sup>。植物根中纤维素含量占根系主要成分的 50% 左右,有时甚至高达 90%<sup>[5]</sup>。苹果和水稻中的相关研究表明,纤维素相关合成基因调控植物根系的发育<sup>[6-8]</sup>。

纤维素合成酶基因家族 *CesA* 对植物纤维素的合成起到至关重要的作用。在拟南芥中, *AtCesA7*、*AtCesA7* 和 *AtCesA7* 三个基因被认为与植物次生细胞壁中纤维素的合成有关<sup>[9-11]</sup>。ZHONG 等<sup>[12]</sup>在 *AtCesA7* 基因突变型中发现,相对于野生型其细胞壁厚度和纤维素含量明显减少。通过在野生型中过表达该突变体的 cDNA,不仅会导致次生细胞壁变薄和纤维素含量降低,还会阻碍细胞伸长和原生细胞壁增厚。同样, WANG 等<sup>[13]</sup>发现在水稻中 *OsCesA7* 基因的突变会导致植株机械强度降低,节间伸长减少,在苗期造成轻度的矮化。由此可见, *CesA* 基因家族起着调控植物生长发育的作用。随着对该基因家族深入研究,发现其在植物生长发育过程中,还存在着组织特异性表达。巨龙竹是世界上已知最高大的竹类植物,其参与细胞壁合成的基因数量远大于处于同一亚科的竹类植物<sup>[14]</sup>。通过测定不同

组织间的转录组表达量发现,参与初生壁合成的 2 个基因从笋尖到幼嫩节组织的表达量呈上升趋势<sup>[15]</sup>。毛竹中 *CesA* 基因表达也存在着组织差异,其在笋和根中的表达量较高,说明这些基因参与了次生壁的木质化过程。*CesA* 基因与 MYB 转录因子存在强烈的共表达,王新悦等<sup>[16]</sup>通过 qRT-PCR、酵母单杂等实验证实了这一事实,MYB 转录因子能够与 *CesA* 基因启动子的元件结合,进一步对基因进行调控。

纤维素相关基因对于植物生长发育,尤其是根的发育存在重要的影响。目前,在甘蔗中有关纤维素基因的研究相对较少。对纤维素质状改良有利于提高甘蔗的抗逆能力,实现产量提高。本研究以水稻中已完成功能验证的 *OsCesA7* 基因在甘蔗基因组中进行同源分析,通过进化关系、蛋白结构域、启动子、表达量及蛋白互作等分析,对甘蔗 *CesA7* 基因进行功能预测,探究该基因与植株生长发育和逆境胁迫的关系,以期为后续甘蔗研究和利用 *CesA7* 基因提供基础数据和理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 *CesA7* 同源基因的筛选及进化树构建

在水稻 RGAP 数据库 (<http://rice.uga.edu/>) 下载 *OsCesA7* 基因 (LOC\_Os10g32980.1) 的蛋白序列,通过 NCBI 的 Blastp 功能在 NR 数据库中进行同源比对分析,比对参数中 Max target sequences 设置为 1000,其余参数均为默认值。使用 BLAST (v.2.12.0) 本地化程序,将 *OsCesA7* 蛋白与甘蔗割手密 (AP85-441, 四倍体基因组)<sup>[17]</sup>、热带种 (LApurple, 八倍体基因组,数据未发表)、栽培种 (R570, 二倍体基因组)<sup>[18]</sup> 基因组数据库进行比对,分析甘蔗中的同源情况。比对结果中

的物种分类主要参考中国科学院植物研究所植物物种信息系统-植物智 (<http://www.iplant.cn/>)。

为了更好地构建进化关系,结合文献查阅<sup>[19-20]</sup>,保留在植物进化关系中较为关键的物种。对 Blast 结果进行筛选。筛选后的序列在 MEGA-X 软件中使用 ClustalW 比对程序进行比对,比对结果使用邻接法 (neighbor-joining method, NJ) 进行进化树构建。Bootstrap Replications 参数设置为 1000。建树结果在在线网页 iTOL (<https://itol.embl.de/>) 中进行美化。

## 1.2 甘蔗 *CesA7* 基因的保守结构域和启动子顺式作用元件分析

甘蔗 *CesA7* 基因的蛋白保守结构域使用 NCBI 中的 CDD (conserved domain database) 功能进行分析。选取基因位置前 2 kb 作为基因的启动子。使用 PlantCare (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) 在线软件对启动子顺势作用元件进行分析。以上结果使用 TBtools (v1.098721) 软件中的 Gene Structure View (Advanced) 功能进行作图。

## 1.3 甘蔗 *CesA7* 基因的 SNP 变异检测

以 *OsCesA7* 在栽培种 R570 的甘蔗同源基因 *Sh01\_p017850* 为参考序列,在实验室已有全基因组重测序数据中,挑选割手密、大茎野生种、热带种、栽培种各 5 个样品进行 SNP 变异检测。使用 GATK (v.4.2.5.0) 分析流程软件在 Linux 系统中进行分析。设置窗口大小为 200 bp,通过 vcftools (v.0.1.16) 软件计算核苷酸多态性 (Pi) 值,对物种间的 SNP 进行评估。使用 R (version 4.1.2) 软件中的 ggplot 包对得到的 Pi 值进行绘图。

## 1.4 甘蔗 *CesA7* 基因的可变剪切和表达水平分析

利用实验室现有的甘蔗参考转录本和转录组数据进行信息提取。将参考转录本使用 BLAST (v.2.12.0) 软件构建本地化数据库,以甘蔗 *CesA7* 基因作为 query 序列进行比对,提取最优的比对结果并查看可变剪切事件。转录组数据分别来自于斑茅 BM (*Saccharum arundinaceum*)、印度种 KAT (*S. barberi*)、大茎野生种 N57 (*S. robustum*)、热带种 NJ (*S. officinarum*)、割手密 Y83 (*S. spontaneum*)、中国种 YBA (*S. sinense*)、杂交栽培品种 ZZ1 (*Saccharum spp. hybrid*) 7 个甘蔗近缘属代表物种的苗期根和叶的转录组数据。不

同转录组的表达量选用 TPM (Transcripts Per Kilobase Million) 方法进行标准化后比较,TPM 代表每百万 mapped reads 中每 kb 转录本上的 reads 数。

## 1.5 甘蔗 *CesA7* 基因的蛋白质相互作用预测

通过 STRING (<https://cn.string-db.org/>) 在线蛋白质互作数据库对同源蛋白的互作情况进行分析。水稻 *OsCesA7* 基因选择对应的水稻数据库。由于甘蔗在该库中不存在对应的数据库,因而选择和它亲缘关系较近的高粱 *CesA7* 基因进行分析。

## 1.6 甘蔗 *CesA7* 基因的比较及分子标记预测

结合多序列比对结果和重测序数据变异检测对 *CesA7* 等位基因进行分析,同时预测区分不同种群的分子标记。使用 Jalview (v. 2.11.2.2) 软件展示多序列比对结果,比较等位基因间序列结构差异;使用 IGV (v. 2.11.6) 软件可视化变异检测结果,查看不同群体间序列变异情况。

## 2 结果与分析

### 2.1 植物 *CesA7* 基因筛选及进化分析

以水稻 *OsCesA7* 基因的编码蛋白序列为 Query,在 NCBI 数据库中通过 Blastp 比对,筛选到 95 个水稻 *OsCesA7* 的同源基因 (Score>1000, E 值均为 0),其中 49 个基因来自木本植物,46 个来自草本植物 (表 1)。在甘蔗中,同样以水稻 *OsCesA7* 基因的编码蛋白序列为 Query,利用割手密、热带种、杂交栽培品种 3 个物种的蛋白数据库进行本地化 Blast 比对,筛选到该基因在甘蔗种内的同源基因 (Score>1000, E 值均为 0)。由于割手密和热带种是多倍体基因组,目标基因在割手密中有 2 个等位基因 (*Sspon.01G0026480-1A* 和 *Sspon.01G0026480-2B*),在热带种中有 5 个等位基因 (*Soff.01G0006640-1A*、*Soff.01G0006640-2B*、*Soff.01G0006640-3C*、*Soff.01G0006640-4F* 和 *Soff.01G0006640-5G*),在杂交栽培品种 R570 中有 1 个等位基因 (*Sh01\_p017850*)。

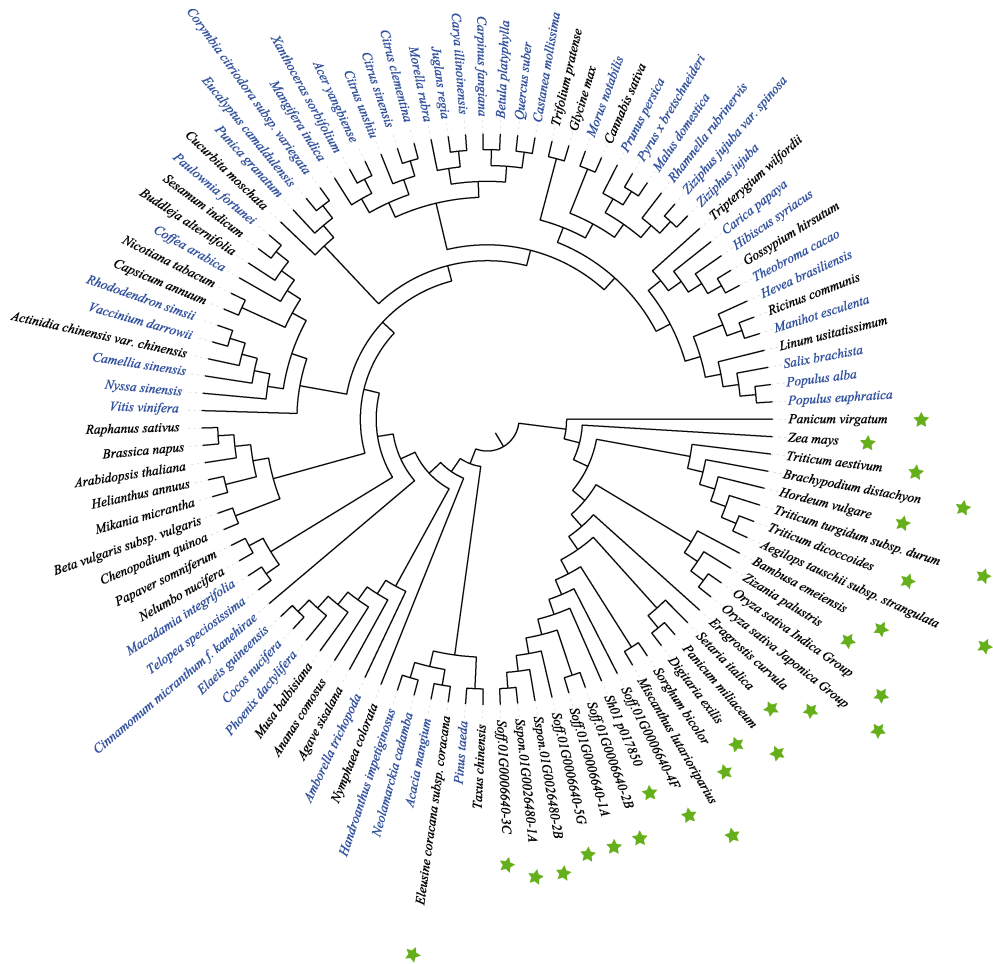
以 *OsCesA7* 及其同源基因序列构建进化树 (图 1),结果显示禾本科被聚为一类 (穆子除外)。甘蔗 *CesA7* 基因聚为一类,与多个黍亚科的物种同处一个分支,与高粱和芒的亲缘关系更为接近,与拟南芥的距离较远。纤维素和木质素含量在木本竹和草本竹中存在较大差异<sup>[21]</sup>,纤维素合成基因 *CesA7* 与植物细胞次生壁的合成密切

表 1 植物 *CesA7* 基因的基本信息  
Tab. 1 Basic information of *CesA7* genes in plants

| 序号<br>No. | 基因序列号<br>GenBank ID | 学名<br>Scientific name                                 | 中文名称<br>Chinese name | 序号<br>No. | 基因序列号<br>GenBank ID | 学名<br>Scientific name                  | 中文名称<br>Chinese name |
|-----------|---------------------|---|----------------------|-----------|---------------------|--|----------------------|
| 1         | AAT66941.1          | <i>Acacia mangium</i>                                 | 马占相思                 | 39        | XP_022010704.1      | <i>Helianthus annuus</i>               | 向日葵                  |
| 2         | TXG63880.1          | <i>Acer yangbiense</i>                                | 漾濞槭                  | 40        | XP_021670545.1      | <i>Hevea brasiliensis</i>              | 橡胶树                  |
| 3         | PSR94883.1          | <i>Actinidia chinensis</i> var.<br><i>chinensis</i>   | 中华猕猴桃                | 41        | KAE8660779.1        | <i>Hibiscus syriacus</i>               | 木槿                   |
| 4         | XP_020198383.1      | <i>Aegilops tauschii</i> subsp.<br><i>strangulata</i> | 节节麦                  | 42        | AAR29966.1          | <i>Hordeum vulgare</i>                 | 大麦                   |
| 5         | QBI56889.1          | <i>Agave sisalana</i>                                 | 剑麻                   | 43        | XP_018847186.1      | <i>Juglans regia</i>                   | 胡桃                   |
| 6         | ERN18947.1          | <i>Amborella trichopoda</i>                           | 无油樟                  | 44        | ATQ35922.1          | <i>Linum usitatissimum</i>             | 亚麻                   |
| 7         | XP_020093308.1      | <i>Ananas comosus</i>                                 | 凤梨                   | 45        | XP_042515946.1      | <i>Macadamia integrifolia</i>          | 澳洲坚果                 |
| 8         | BAB09063.1          | <i>Arabidopsis thaliana</i>                           | 拟南芥                  | 46        | XP_008348984.1      | <i>Malus domestica</i>                 | 苹果                   |
| 9         | AVG22558.1          | <i>Bambusa emeiensis</i>                              | 慈竹                   | 47        | XP_044493658.1      | <i>Mangifera indica</i>                | 芒果                   |
| 10        | XP_010696484.1      | <i>Beta vulgaris</i> subsp.<br><i>vulgaris</i>        | 甜菜                   | 48        | XP_021633193.1      | <i>Manihot esculenta</i>               | 木薯                   |
| 11        | AGG91493.1          | <i>Betula platyphylla</i>                             | 白桦                   | 49        | KAD4584409.1        | <i>Mikania micrantha</i>               | 微甘菊                  |
| 12        | XP_003574029.1      | <i>Brachypodium distachyon</i>                        | 二穗短柄草                | 50        | CAD6212835.1        | <i>Miscanthus<br/>lutarioriparius</i>  | 南荻                   |
| 13        | KAH0869014.1        | <i>Brassica napus</i>                                 | 油菜                   | 51        | KAB1212069.1        | <i>Morella rubra</i>                   | 杨梅                   |
| 14        | KAG8389169.1        | <i>Buddleja alternifolia</i>                          | 互叶醉鱼草                | 52        | XP_024018384.1      | <i>Morus notabilis</i>                 | 川桑                   |
| 15        | XP_028065958.1      | <i>Camellia sinensis</i>                              | 茶                    | 53        | THU66536.1          | <i>Musa balbisiana</i>                 | 野芭蕉                  |
| 16        | XP_030498730.1      | <i>Cannabis sativa</i>                                | 大麻                   | 54        | XP_010262430.1      | <i>Nelumbo nucifera</i>                | 莲                    |
| 17        | PHT86319.1          | <i>Capsicum annuum</i>                                | 辣椒                   | 55        | AFP93559.1          | <i>Neolamarckiacadamba</i>             | 团花                   |
| 18        | XP_021888576.1      | <i>Carica papaya</i>                                  | 番木瓜                  | 56        | XP_016502290.1      | <i>Nicotiana tabacum</i>               | 烟草                   |
| 19        | KAE7997881.1        | <i>Carpinus fangiana</i>                              | 川黔千金榆                | 57        | XP_031501551.1      | <i>Nymphaea colorata</i>               | 蓝星睡莲                 |
| 20        | KAG2713693.1        | <i>Carya illinoensis</i>                              | 山核桃                  | 58        | KAA8543409.1        | <i>Nyssa sinensis</i>                  | 蓝果树                  |
| 21        | KAF3967422.1        | <i>Castanea mollissima</i>                            | 板栗                   | 59        | EEC67136.1          | <i>Oryza sativa Indica<br/>Group</i>   | 籼稻                   |
| 22        | XP_021722190.1      | <i>Chenopodium quinoa</i>                             | 藜麦                   | 60        | XP_015614140.1      | <i>Oryza sativa Japonica<br/>Group</i> | 粳稻                   |
| 23        | RWR81190.1          | <i>Cinnamomum<br/>micranthum</i> f. <i>kanehirae</i>  | 沉水樟                  | 61        | RLN38676.1          | <i>Panicum miliaceum</i>               | 黍                    |
| 24        | XP_006443764.1      | <i>Citrus clementina</i>                              | 金钱橘                  | 62        | KAG2537634.1        | <i>Panicum virgatum</i>                | 柳枝稷                  |
| 25        | KDO60380.1          | <i>Citrus sinensis</i>                                | 橙子                   | 63        | XP_026433597.1      | <i>Papaver somniferum</i>              | 罂粟                   |
| 26        | GAY40248.1          | <i>Citrus unshiu</i>                                  | 温州蜜柑                 | 64        | QHI06030.1          | <i>Paulownia fortunei</i>              | 白花泡桐                 |
| 27        | KAG1361867.1        | <i>Cocos nucifera</i>                                 | 椰子                   | 65        | XP_008785168.1      | <i>Phoenix dactylifera</i>             | 海枣                   |
| 28        | XP_027094445.1      | <i>Coffea arabica</i>                                 | 咖啡树                  | 66        | AAX18648.1          | <i>Pinus taeda</i>                     | 火炬松                  |
| 29        | KAF8041644.1        | <i>Corymbia citriodora</i><br>subsp. <i>variegata</i> | 柠檬桉                  | 67        | XP_034916189.1      | <i>Populus alba</i>                    | 银白杨                  |
| 30        | XP_022953627.1      | <i>Cucurbita moschata</i>                             | 南瓜                   | 68        | XP_011024456.1      | <i>Populus euphratica</i>              | 胡杨                   |
| 31        | KAF8672736.1        | <i>Digitaria exilis</i>                               | 福尼奥小米                | 69        | XP_007199679.1      | <i>Prunus persica</i>                  | 桃                    |
| 32        | XP_010934249.1      | <i>Elaeis guineensis</i>                              | 棕榈                   | 70        | XP_031402696.1      | <i>Punica granatum</i>                 | 石榴                   |
| 33        | GJN12184.1          | <i>Eleusine coracana</i> subsp.<br><i>coracana</i>    | 穆子                   | 71        | XP_009370338.1      | <i>Pyrus bretschneideri</i>            | 白梨                   |
| 34        | TVU30416.1          | <i>Eragrostis curvula</i>                             | 弯叶画眉草                | 72        | XP_023912355.1      | <i>Quercus suber</i>                   | 欧洲栓皮栎                |
| 35        | AEK31216.1          | <i>Eucalyptus camaldulensis</i>                       | 赤桉                   | 73        | XP_018483662.1      | <i>Raphanus sativus</i>                | 萝卜                   |
| 36        | XP_003533679.1      | <i>Glycine max</i>                                    | 大豆                   | 74        | KAF3436102.1        | <i>Rhamnella rubrinervis</i>           | 苞叶木                  |
| 37        | XP_016712109.2      | <i>Gossypium hirsutum</i>                             | 陆地棉                  | 75        | KAF7152940.1        | <i>Rhododendron simsii</i>             | 杜鹃                   |
| 38        | PIN08235.1          | <i>Handroanthus impetiginosus</i>                     | 粉红钟花                 | 76        | XP_015579271.1      | <i>Ricinus communis</i>                | 蓖麻                   |

续表 1 植物 *CesA7* 基因的基本信息  
Tab. 1 Basic information of *CesA7* genes in plants (continued)

| 序号<br>No. | 基因序列号<br>GenBank ID | 学名<br>Scientific name         | 中文名称<br>Chinese name | 序号<br>No. | 基因序列号<br>GenBank ID | 学名<br>Scientific name                        | 中文名称<br>Chinese name |
|-----------|---------------------|-------------------------------|----------------------|-----------|---------------------|--|----------------------|
| 77        | KAB5569859.1        | <i>Salix brachista</i>        | 小垫柳                  | 87        | XP_037406072.1      | <i>Triticum dicoccoides</i>                  | 野生二粒小麦               |
| 78        | XP_011080097.1      | <i>Sesamum indicum</i>        | 芝麻                   | 88        | VAH16178.1          | <i>Triticum turgidum</i> subsp. <i>durum</i> | 硬粒小麦                 |
| 79        | XP_014660022.1      | <i>Setaria italica</i>        | 粱                    | 89        | KAH7862974.1        | <i>Vaccinium darrowii</i>                    | 常绿越橘                 |
| 80        | XP_002467109.1      | <i>Sorghum bicolor</i>        | 高粱                   | 90        | XP_002273521.1      | <i>Vitis vinifera</i>                        | 葡萄                   |
| 81        | KAH9287688.1        | <i>Taxus chinensis</i>        | 红豆杉                  | 91        | KAH7577714.1        | <i>Xanthoceras sorbifolium</i>               | 文冠果                  |
| 82        | XP_043719473.1      | <i>Telopea speciosissima</i>  | 蒂罗花                  | 92        | ONM06038.1          | <i>Zea mays</i>                              | 玉米                   |
| 83        | EOX94349.1          | <i>Theobroma cacao</i>        | 可可                   | 93        | KAG8091895.1        | <i>Zizania palustris</i>                     | 沼生荻                  |
| 84        | XP_045789610.1      | <i>Trifolium pratense</i>     | 红车轴草                 | 94        | XP_015901173.1      | <i>Ziziphus jujuba</i>                       | 枣                    |
| 85        | XP_038718203.1      | <i>Tripterygium wilfordii</i> | 雷公藤                  | 95        | KAH7517434.1        | <i>Ziziphus jujuba</i> var. <i>spinosa</i>   | 酸枣                   |
| 86        | QRN74465.1          | <i>Triticum aestivum</i>      | 普通小麦                 |           |                     |  |                      |



Black: Herbaceous plants; Blue: Woody plants; ★: Poaceae

图 1 水稻 *OsCesA7* 及同源基因进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of rice *OsCesA7* and its homologous genes

相关<sup>[13]</sup>。以该纤维素基因构建的进化关系显示，除禾本科的物种单独聚类外，草本植物和木本植

物融合在一起，推测可能需要多个纤维素和木质素合成相关基因才能更好地区分草本和木本植物。

### 2.2 甘蔗 *CesA7* 基因的保守结构域及启动子顺式作用元件分析

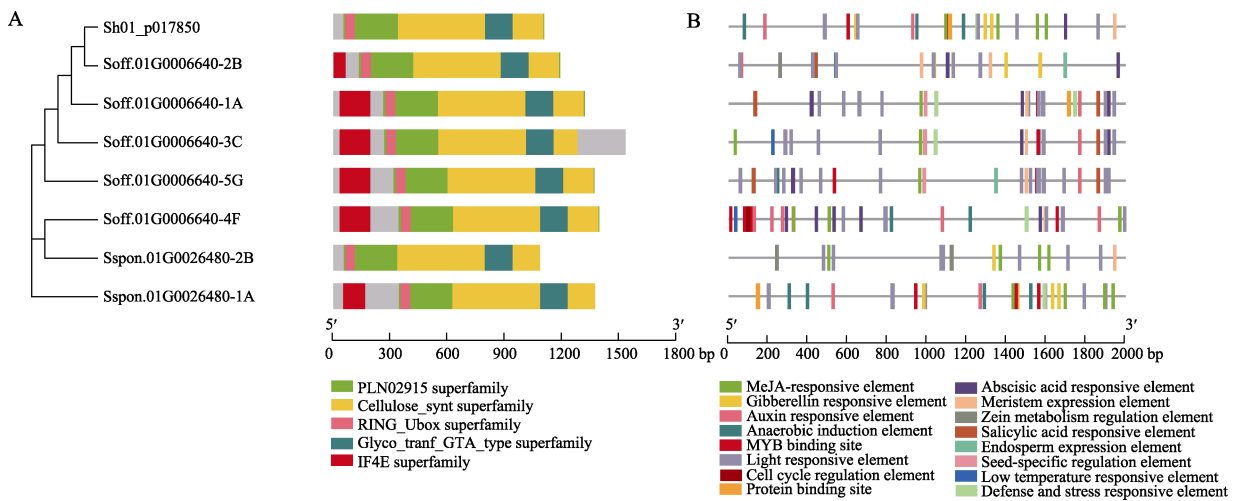
甘蔗 *CesA7* 基因含有 5 个类型的结构域，其中 2 个与纤维素的合成有关（PLN02915 superfamily、Cellulose\_synt superfamily），3 个与基因表达的调控有关（IF4E superfamily、RING\_Ubox superfamily、Glyco\_tranf\_GTA\_type superfamily）（图 2A）。R570（*Sh01\_p017850*）和割手密的一个单倍型（*S.spon.01G0026480-2B*）均缺少了真核生物启动因子的结构域（IF4E superfamily），可能导致二者与其他等位基因的功能分化。

甘蔗 *CesA7* 基因的启动子含有 16 种类型的启动子顺式作用元件，其中光反应（light responsive element）和茉莉酸甲酯调控（MeJA-responsive element）的元件最多（图 2B）。热带种中 *Soff.01G0006640-4F* 和生长素（auxin responsive element）、

脱落酸（abscisic acid responsive element）、光反应调控的相关反应元件最多，热带种中光反应调控元件是割手密 2 倍左右。割手密和栽培种每个等位基因茉莉酸甲酯的调控元件均含有 4 个，而热带种平均仅存在 1 个左右。茉莉酸甲酯能激发植物防御基因的表达，诱导植物的化学防御<sup>[22]</sup>，与植物的环境适应能力有关。

### 2.3 甘蔗 *CesA7* 基因的核苷酸多样性分析

甘蔗 *CesA7* 基因（以栽培种 R570 的等位基因 *Sh01\_p017850* 为参考序列）的 SNP 数量从高到低为割手密（206）、热带种（155）、大茎野生种（144）和杂交栽培品种（122）。该基因的核苷酸多态（Pi）性在甘蔗种间的变化趋势相近，总体表现为割手密最高，杂交栽培品种最低（图 3）。核苷酸多态性在基因不同区段存在差异，在第 4 个外显子（2000 bp 左右）的核苷酸多态



A: 甘蔗 *CesA7* 等位基因蛋白进化树及结构域预测；B: 启动子顺式作用元件预测。  
A: Phylogenetic tree and conserved domain prediction of sugarcane *CesA7* genes; B: Prediction of promoter cis-acting elements.

图 2 甘蔗 *CesA7* 基因的保守结构域及启动子顺式元件分析

Fig. 2 Analyses of conserved domains and promoter elements of sugarcane *CesA7* genes

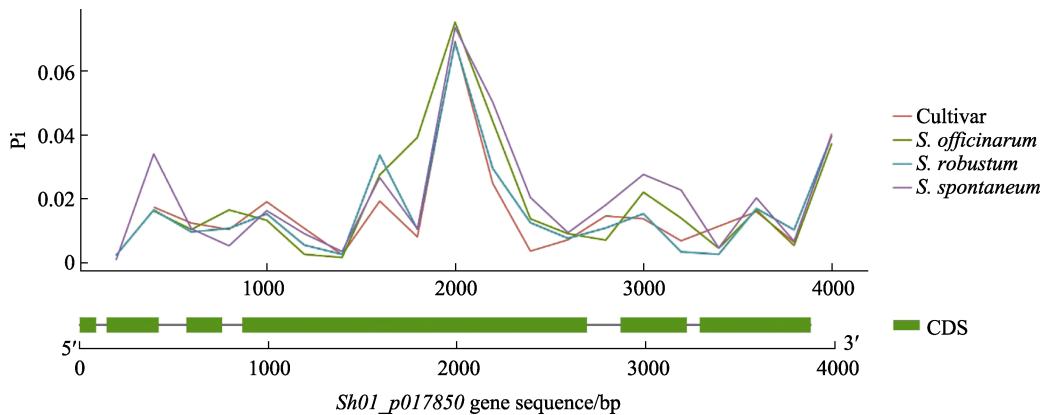


图 3 甘蔗 *CesA7* 基因的核苷酸多样性

Fig. 3 Nucleotide diversity of sugarcane *CesA7* gene

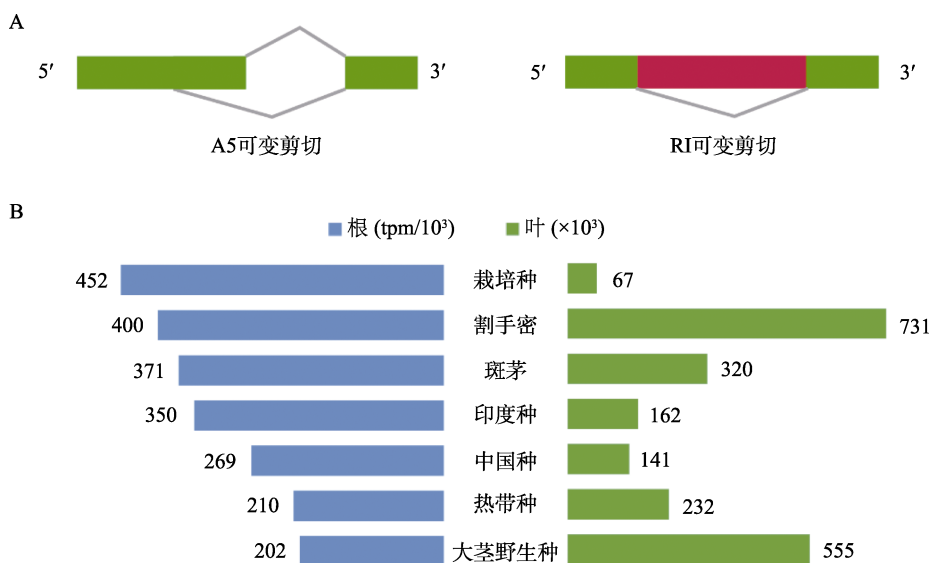
性最高, 推测该基因在此位点经受平衡选择, 导致不同等位基因的功能分化。杂交栽培品种的核苷酸多态性较低, 低于其 2 个祖先种割手密和热带种, 说明杂交栽培品种 *CesA7* 基因在高贵化育种过程中经受长期的人工选择, 遗传基础相对狭窄。

#### 2.4 甘蔗 *CesA7* 基因的可变剪切和表达量分析

将甘蔗 *CesA7* 基因与本实验室构建的甘蔗可变剪切数据库比对, 仅有热带种的 2 个单倍型存在可变剪切事件。*Soff.01G0006640-1A* 仅存在 A5 剪切事件; *Soff.01G0006640-2B* 同时存在 A5 和 RI 两个剪切事件 (A5: 一个外显子的 3' 端存在剪

切; RI: 内含子保留事件, 2 个外显子保留了中间的内含子组成一个新的外显子) (图 4A)。

通过与本实验室构建的 7 个甘蔗及近缘属材料苗期根和叶转录组数据库进行比较, 发现该基因在不同物种间表达存在较大差异, 且根中表达量要远高于叶 (图 4B)。根中表达量从高到低依次为杂交栽培品种、热带种和割手密等, 叶中表达量最高为大茎野生种。割手密具有强大的根系, 该基因在根系表达低于杂交栽培品种、热带种, 推测其表达在不同时期会有差异, 且割手密中的单倍型对根系发育起到更强的作用。



A: 可变剪切类型; B: 同源基因表达量对比。

A: Types of alternative splicing events; B: Comparison of homologous gene expression.

图 4 甘蔗 *CesA7* 基因的可变剪切和表达

Fig. 4 Alternative splicing events and gene expression in sugarcane *CesA7* gene

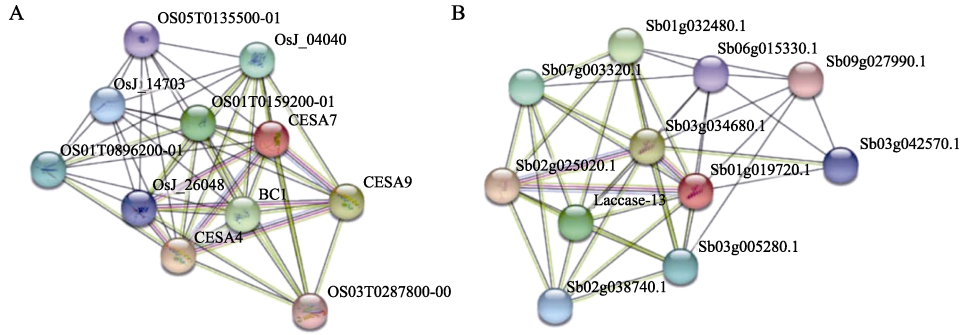
#### 2.5 甘蔗 *CesA7* 蛋白相互作用预测

由于甘蔗缺少相应的蛋白数据库, 本研究利用在线数据库分析了 *CesA7* 基因在水稻和高粱中蛋白的互作关系。结果显示, 水稻 *OsCesA7* 基因在水稻中与 OS05T0135500-01 蛋白 (逆境胁迫响应有关, 控制过氧化物分解、木质素的生物合成和降解), OsJ\_04040 蛋白 (与木质素降解有关), OsJ\_26048 (MYB 家族转录因子, 调控纤维素基因表达), BC1 蛋白 (与次生细胞壁中半纤维素的合成有关), OS03T0287800-00 蛋白 (与纤维素在细胞表面累积有关), 2 个 *CesA* 蛋白 (参与次生细胞壁的合成) 存在互作关系 (图 5A)。同时, 分析高粱 *CesA7* 基因 (*Sb01g019720.1*) 的蛋白互作关系, 发现其与 Sb09g027990.1 蛋白 (细

胞色素 b561 结构域蛋白), Sb07g003320.1 蛋白 (MYB 家族转录因子), Laccase-13 蛋白 (与木质素降解有关), Sb02g025020.1 和 Sb03g034680.1 蛋白 (与纤维素合成有关) 存在互作关系。水稻 *OsCesA7* 基因及高粱 *CesA7* 基因的蛋白互作预测均与纤维素合成、木质素降解有关, 同时也受到 MYB 家族转录因子的调控, 这和启动子顺势元件分析中存在 MYB 调控区域的结果相符合。

#### 2.6 甘蔗 *CesA7* 的等位基因比较及分子标记预测

通过比较甘蔗 *CesA7* 等位基因的序列差异, 以设计分子标记进行区分。比较甘蔗 *CesA7* 的 8 个等位基因, 共筛选到 4 个位点进一步分析 (图 6)。位点 1 和位点 2 为短的插入缺失, 分别位于



A: OsCesa7 互作预测; B: Sb01g019720.1 互作预测。  
A: Protein interaction network of OsCesa7; B: Protein interaction network of Sb01g019720.1.

图 5 Cesa7 蛋白互作预测

Fig. 5 Prediction of protein interaction network of Cesa7

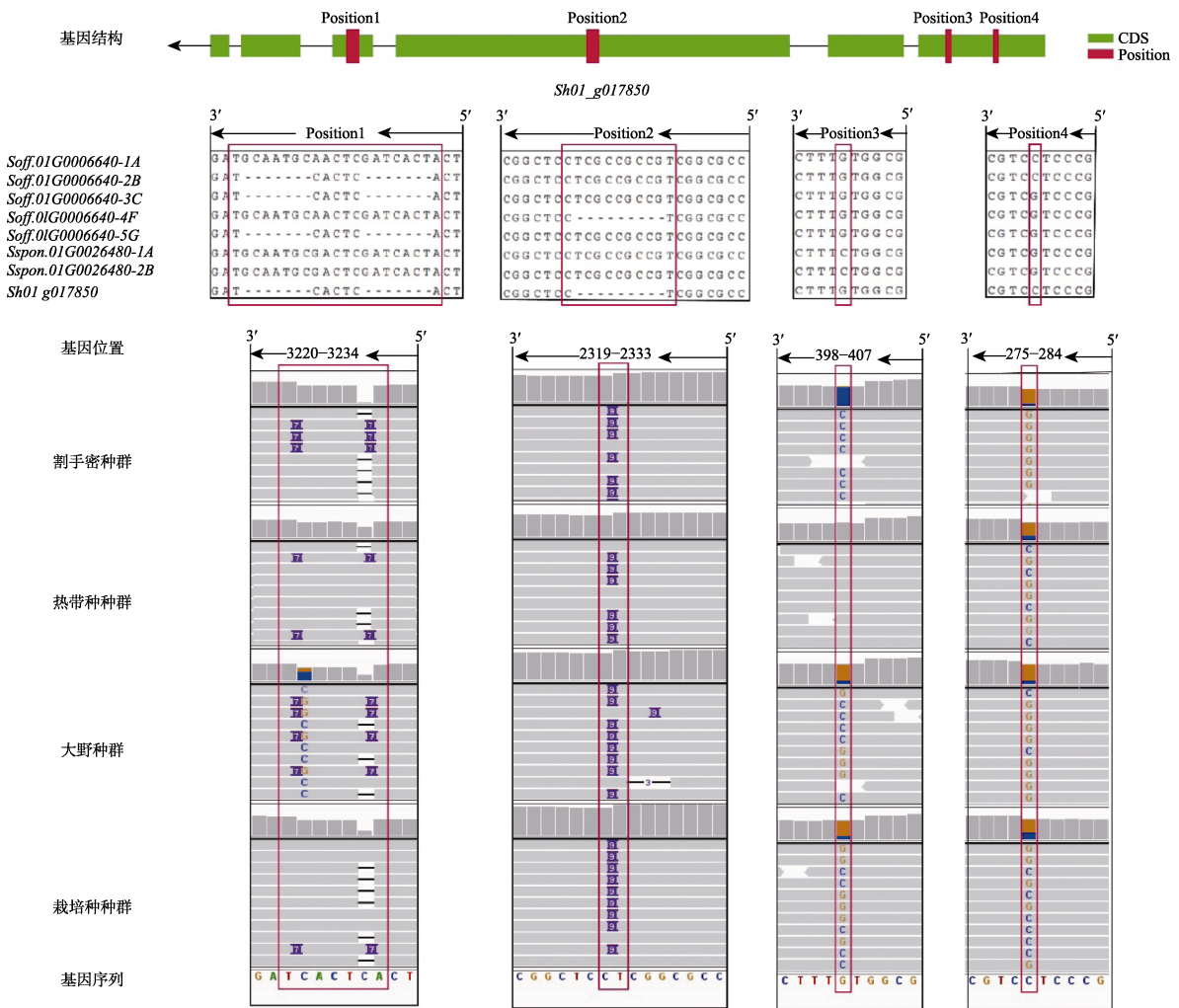


图 6 甘蔗 Cesa7 等位基因比较及潜在分子标记

Fig. 6 Comparison of alleles of sugarcane Cesa7 gene, and identification of potential molecular markers

该基因的第 3 和第 4 号外显子上, 在等位基因间分别存在 14 bp 和 9 bp 的差异。位点 3 和位点 4 位于第 6 号外显子上, 为 G/C 的单核苷酸多态性位点。将甘蔗割手密、热带种和杂交栽培品种的

全基因组重测序数据比对到该基因上, 以进一步验证这 4 个潜在分子标记的真实性。比对结果均表明分子标记真实存在, 特别是位点 3 和位点 4 为热带种和割手密的特异性标记, 可用于鉴定甘

蔗种质是否为热带种、割手密或含有二者血缘。甘蔗 *CesA7* 的等位基因的分析显示位点 1 和位点 2 在热带种和割手密具有差异, 但全基因组重测序数据显示该差异在 2 个甘蔗种间均存在。因为全基因组重测序数据选取的样品更多, 因而判定位点 1 和位点 2 不具备热带种和割手密种间差异。

### 3 讨论

甘蔗为多倍体植物, 生物量大, 其地上部庞大的生物量需要地下部强大的根系支持。植物根系的发育受到纤维素基因的调控, 纤维素参与植物根系的壮大和营养吸收。纤维素含量越高, 植物根系抗拉固土能力越强<sup>[23]</sup>。因而, 增加甘蔗地下部纤维素的含量, 有助于壮大甘蔗的根系, 提高甘蔗抗倒伏、抗旱、养分吸收能力。

本研究以水稻中纤维素合成基因 *OsCesA7* 为参考序列, 在甘蔗和其他物种中进行比对及筛选到 *OsCesA7* 的同源基因。本研究利用甘蔗 7 种种质苗期不同部位的转录组数据, 发现根中纤维素同源基因的表达量远远高于叶, 说明该纤维素基因参与了甘蔗的根系发育。以单个纤维素基因构建进化树来看, 仅有个别分支全为草本和木本植物。可见, 单个基因对于区分草本和木本植物仍旧是有限的。多个纤维素和木质素基因的效应累加可能才是导致草本和木本植物存在差异的原因<sup>[21]</sup>。

现代甘蔗商业品种, 是由热带种和割手密杂交产生的, 其基因组起源于割手密的部分仅占 20% 左右<sup>[24]</sup>, 说明甘蔗杂交栽培品种包含有更多的热带种血缘。从进化关系来看, 甘蔗栽培品种 R570 也和热带种 LA Purple 更为接近。通过对甘蔗 *CesA7* 等位基因的蛋白序列进行结构预测, 发现每个等位基因均含有纤维素合成相关的结构域。启动子分析中发现等位基因含有 MYB 转录因子的结合位点, 这和蛋白互作预测中与 MYB 转录因子互作的结果相符合。MYB 转录因子在植物生长发育、物质代谢、胁迫响应过程中发挥重要作用, 该基因可能参与调控这些过程<sup>[25]</sup>。同时, 该纤维素基因还与其他纤维素基因存在互作, 协同控制纤维素合成。在毛竹中也有类似发现的报道<sup>[16]</sup>, 推测禾本科中该类基因存在类似的调控模式。此外, 在启动子分析中发现每个甘蔗 *CesA7* 等位基因都含有激素调控和逆境胁迫相关的元件, 说明该基因可能与甘蔗抗逆有关。热带种中

激素调控和光反应调控的元件最多, 这可能是导致其和割手密纤维素含量存在较大差异的原因之一<sup>[26]</sup>。割手密 *CesA7* 等位基因存在较多茉莉酸甲酯调控元件, 对于逆境胁迫的响应更为灵敏。研究表明, 割手密种质具有纤维素产量高等优良品质, 是甘蔗近缘属中遗传变异潜力最大的物种<sup>[27]</sup>。热带种鲜重高于割手密, 但其干重仅为割手密一半左右, 这种差异可能是由二者纤维素含量不同导致<sup>[26]</sup>。为了评估现有种质对甘蔗纤维素改良的效果, 本研究对甘蔗割手密、大野、热带种及杂交栽培品种 4 个物种进行了 SNP 变异检测。结果显示, 割手密中该基因的核苷酸多态性较高, 说明针对纤维素性状改良来说, 割手密种质有更大的潜在利用价值。

### 4 结论

本研究利用纤维素 *CesA7* 基因的蛋白序列构建进化树, 发现单个基因未能区分草本和木本植物。甘蔗 *CesA7* 基因中存在纤维素合成相关结构域, 其启动子区域的光反应调控和茉莉酸甲酯调控元件最多, 同时还存在 MYB 转录因子结合位点。蛋白互作预测显示 *CesA* 蛋白与其他纤维素相关蛋白存在互作关系。转录组分析显示该基因在苗期根中表达量远高于叶。甘蔗近缘属种质中割手密 *CesA7* 基因具有最高的核苷酸多态性。本研究通过多序列比对结果结合重测序比对, 发现了 2 个可区分割手密和热带种的潜在分子标记。

### 参考文献

- [1] 李杨瑞. 关于广西的甘蔗育种[J]. 广西糖业, 2019(3): 3-9. LI Y R. On sugarcane breeding in Guangxi[J]. Guangxi Sugar Industry, 2019(3): 3-9. (in Chinese)
- [2] 闫鹏, 董学瑞, 卢霖, 房孟颖, 李毅杰, 王维赞, 董志强. NAA/KT 浸种对新植蔗产量、根系发育及抗倒伏能力的影响[J]. 作物杂志, 2022(4): 99-106. YAN P, DONG X R, LU L, FANG M Y, LI Y J, WANG W Z, DONG Z Q. Effect of NAA/KT presoaking on sugarcane stem-root development and lodging resistance[J]. Crops, 2022(4): 99-106. (in Chinese)
- [3] 李翔. 甘蔗抗倒伏性评价及抗性机制研究[D]. 南宁: 广西大学, 2019. LI X. Evaluation on lodging resistance and mechanism of lodging resistance in sugarcane[D]. Nanning: Guangxi University, 2019. (in Chinese)
- [4] 朱锦奇, 王云琦, 王玉杰, 张会兰, 白雪琪, 李云鹏, 刘勇.

- 根系主要成分含量对根系固土效能的影响[J]. 水土保持通报, 2014, 34(3): 166-170.
- ZHU J Q, WANG Y Q, WANG Y J, ZHANG H L, BAI X Q, LI Y P, LIU Y. Effect of root main component content on its soil-binding capacity[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2014, 34(3): 166-170. (in Chinese)
- [5] BISCHETTI G B, CHIARADIA E A, SIMONATO T, SPEZIALI B, VITALI B, VULLO P, ZOCCO A. Root strength and root area ratio of forest species in Lombardy (Northern Italy)[J]. Plant and Soil, 2007, 278(1): 31-41.
- [6] GENG D, CHEN P, SHEN X, ZHANG Y, LI X W, JIANG L J, XIE Y P, NIU C D, ZHANG J, HUANG X H, MA F W, GUAN Q M. *MdMYB88* and *MdMYB124* enhance drought tolerance by modulating root vessels and cell walls in apple[J]. Plant Physiology, 2018, 178(3): 1296-1309.
- [7] 翟荣荣, 叶胜海, 朱国富, 陆艳婷, 叶靖, 张小明. 纤维素合成相关基因调控水稻根系发育机制的研究进展[J]. 分子植物育种, 2019, 17(20): 6691-6695.
- ZHAI R R, YE S H, ZHU G F, LU Y T, YE J, ZHANG X M. Research progress on the regulation of rice root development by genes related to cellulose synthesis[J]. Molecular Plant Breeding, 2019, 17(20): 6691-6695. (in Chinese)
- [8] 李木英, 陈关, 潘晓华, 石庆华, 谭雪明, 陈志攀. 直播稻不同品种茎秆和根系性状与抗倒伏性关系[J]. 中国稻米, 2012, 18(2): 17-21.
- LI M Y, CHEN G, PAN X H, SHI Q H, TAN X M, CHEN Z P. Relationship between lodging resistance and stem and root traits in different direct-seeded rice varieties[J]. China Rice, 2012, 18(2): 17-21. (in Chinese)
- [9] 王振怡, 王金朋, 潘玉欣, 张家琦, 王希胤. 拟南芥和水稻 *CesA* 基因家族的生物信息学分析[J]. 河南农业科学, 2015, 44(6): 13-17.
- WANG Z Y, WANG J P, PAN Y X, ZHANG J Q, WANG X Y. Bioinformatic analysis of *CesA* gene family in *Arabidopsis* and rice[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2015, 44(6): 13-17. (in Chinese)
- [10] TAYLOR N G, SCHEIBLE W R, CUTLER S, SOMERVILLE C R, TURNER S R. The irregular xylem3 locus of *Arabidopsis* encodes a cellulose synthase required for secondary cell wall synthesis[J]. Plant Cell, 1999, 11(5): 769-780.
- [11] TAYLOR N G, LAURIE S, TURNER S R. Multiple cellulose synthase catalytic subunits are required for cellulose synthesis in *Arabidopsis*[J]. Plant Cell, 2000, 12(12): 2529-2540.
- [12] ZHONG R, MORRISON W H, FRESHOUR G D, HAHN M G, YE Z H. Expression of a mutant form of cellulose synthase *AtCesA7* causes dominant negative effect on cellulose biosynthesis[J]. Plant Physiology, 2003, 132(2): 786-795.
- [13] WANG D, QIN Y, FANG J, YUAN S, PENG L, ZHAO J, LI X. A missense mutation in the zinc finger domain of *OsCESA7* deleteriously affects cellulose biosynthesis and plant growth in rice[J]. PLoS One, 2016, 11(4): e153993.
- [14] PIOUSCEAU J, BOIS G, PANFILI F, ANASTASE M, DUFOSSÉ L, ARFI V. Effects of high nutrient supply on the growth of seven bamboo species[J]. International Journal of Phytoremediation, 2014, 16(10): 1042-1057.
- [15] 王文治, 王娟, 王昌命, 潘悦, 宋静, 栗宏林. 基于转录组的巨龙竹 *CesA* 基因家族的生物信息学分析[J]. 分子植物育种, 2021, 19(9): 2912-2921.
- WANG W Z, WANG J, WANG C M, PAN Y, SONG J, LI H L. Bioinformatics analysis of *CesA* gene family based on the transcriptome of *Dendrocalamus sinicus*[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(9): 2912-2921. (in Chinese)
- [16] 王新悦, 朱成磊, 杨克彬, 李广柱, 李真, 袁婷婷, 高志民. 毛竹 *CesA* 基因鉴定及其表达调控研究[J]. 核农学报, 2022, 36(4): 706-715.
- WANG X Y, ZHU C L, YANG K B, LI G Z, LI Z, YUAN T T, GAO Z M. Identification and expression regulation of *CesA* genes in moso bamboo[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2022, 36(4): 706-715. (in Chinese)
- [17] ZHANG J, ZHANG X, TANG H, ZHANG Q, HUA X, MA X, ZHU F, JONES T, ZHU X, BOWERS J, WAI C M, ZHENG C, SHI Y, CHEN S, XU X, YUE J, NELSON D R, HUANG L, LI Z, XU H, ZHOU D, WANG Y, HU W, LIN J, DENG Y, PANDEY N, MANCINI M, ZERPA D, NGUYEN J K, WANG L, YU L, XIN Y, GE L, ARRO J, HAN J O, CHAKRABARTY S, PUSHKO M, ZHANG W, MA Y, MA P, LV M, CHEN F, ZHENG G, XU J, YANG Z, DENG F, CHEN X, LIAO Z, ZHANG X, LIN Z, LIN H, YAN H, KUANG Z, ZHONG W, LIANG P, WANG G, YUAN Y, SHI J, HOU J, LIN J, JIN J, CAO P, SHEN Q, JIANG Q, ZHOU P, MA Y, ZHANG X, XU R, LIU J, ZHOU Y, JIA H, MA Q, QI R, ZHANG Z, FANG J, FANG H, SONG J, WANG M, DONG G, WANG G, CHEN Z, MA T, LIU H, DHUNGANA S R, HUSS S E, YANG X, SHARMA A, TRUJILLO J H, MARTINEZ M C, HUDSON M, RIASCOS J J, SCHULER M, CHEN L, BRAUN D M, LI L, YU Q, WANG J, WANG K, SCHATZ M C, HECKERMAN D, VAN SLUYS M, SOUZA G M, MOORE P H, SANKOFF D, VANBUREN R, PATERSON A H, NAGAI C, MING R. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L.[J]. Nature Genetics, 2018, 50(11): 1565-1573.
- [18] GARSMEUR O, DROC G, ANTONISE R, GRIMWOOD J, POTIER B, AITKEN K, JENKINS J, MARTIN G, CHA

- RRON C, HERVOUET C, COSTET L, YAHIAOUI N, HEALEY A, SIMS D, CHERUKURI Y, SREEDASYAM A, KILIAN A, CHAN A, VAN SLUYS M, SWAMINATHAN K, TOWN C, BERGÈS H, SIMMONS B, GLASZMANN J C, VAN DER VOSSEN E, HENRY R, SCHMUTZ J, D'HONT A. A mosaic monoploid reference sequence for the highly complex genome of sugarcane[J]. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 1-10.
- [19] CHASE M W, CHRISTENHUSZ M J M, FAY M F, BYNG J W, JUDD W S, SOLTIS D E, MABBERLEY D J, SENNIKOV A N, SOLTIS P S, STEVENS P F, THE A P G. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV[J]. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 2016, 181(1): 1-20.
- [20] 曾丽萍, 张宁, 马红. 被子植物系统发育深层关系研究: 进展与挑战[J]. *生物多样性*, 2014, 22(1): 21-39.
- ZENG L P, ZHANG N, MA H. Advances and challenges in resolving the angiosperm phylogeny[J]. *Biodiversity Science*, 2014, 22(1): 21-39. (in Chinese)
- [21] GUO Z H, MA P F, YANG G Q, HU J Y, LIU Y L, XIA E H, ZHONG M C, ZHAO L, SUN G L, XU Y X, ZHAO Y J, ZHANG Y C, ZHANG Y X, ZHANG X M, ZHOU M Y, GUO Y, GUO C, LIU J X, YE X Y, CHEN Y M, YANG Y, HAN B, LIN C S, LU Y, LI D Z. Genome sequences provide insights into the reticulate origin and unique traits of woody bamboos[J]. *Molecular Plant*, 2019, 12(10): 1353-1365.
- [22] 陈芳, 杨双龙, 张莉, 佟祎鑫, 张志华, 虞凡枫, 贾凌云. 外源茉莉酸甲酯对盐胁迫下玉米幼苗 AsA-GSH 循环的影响[J]. *生物学通报*, 2021, 56(11): 44-48.
- CHEN F, YANG S L, ZHANG L, TONG Y X, ZHANG Z H, YU F F, JIA L Y. Effects of exogenous methyl jasmonate on ascorbate-glutathione cycle in *Zea mays* seedlings under salt stress[J]. *Bulletin of Biology*, 2021, 56(11): 44-48. (in Chinese)
- [23] 格日乐, 乌仁图雅, 左志严. 4种植物枝条与根系生物力学特性及其影响因素研究[J]. *内蒙古农业大学学报(自然科学版)*, 2015, 36(1): 46-54.
- GERILE, WURENTUYA, ZUO Z Y. Study on biomechanics characteristics and influencing factors of 4 kinds of plant branches and roots[J]. *Journal of Inner Mongolia Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2015, 36(1): 46-54. (in Chinese)
- [24] GLASSOP D, PERROUX J, RAE A. Differences in sugarcane stool branching within *Saccharum spontaneum* genotypes and compared to *Saccharum officinarum* and commercial varieties[J]. *Euphytica*, 2021, 217(3): 1-12.
- [25] 林泳许, 于庆, 冯美嫦, 林嘉颖, 赵明明, 欧秋月, 郭晋隆, 黄国强. 甘蔗 MYB 转录因子基因 *ScMYB52-1* 的克隆及表达特性分析[J]. *热带作物学报*, 2022, 43(7): 1328-1337.
- LIN Y X, YU Q, FENG M C, LIN J Y, ZHAO M M, OU Q Y, GUO J L, HUANG G Q. Cloning and expression analysis of an MYB transcription factor gene *ScMYB52-1* from sugarcane[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2022, 43(7): 1328-1337. (in Chinese)
- [26] TODD J, SANDHU H, HALE A, GLAZ B, WANG J. Phenotypic evaluation of a diversity panel selected from the world collection of sugarcane (*Saccharum* spp) and related grasses[J]. *Maydica*, 2018, 62(2): 10.
- [27] SILVA J A G D, COSTA P M D A, MARCONI T G, BARRETO E J D S, SOLÍS-GRACIA N, PARK J W, GLYNN N C. Agronomic and molecular characterization of wild germplasm *Saccharum spontaneum* for sugarcane and energy cane breeding purposes[J]. *Scientia Agricola*, 2018, 75(4): 329-338.