

研究报告

Research Report

广东割手密 SSR 遗传多样性分析

樊丽娜[✉], 李昱[✉], 罗青文[✉], 劳方业[✉], 王勤南[✉], 何慧怡[✉], 陈月桂[✉], 邓海华[✉], 李奇伟[✉], 齐永文[✉]
广州甘蔗糖业研究所, 广东省甘蔗改良与生物炼制重点实验室, 广州, 510316

✉ 通讯作者: yongwen2001@163.com ✉ 作者

分子植物育种, 2012 年, 第 10 卷, 第 46 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0046

收稿日期: 2012 年 05 月 28 日

接受日期: 2012 年 06 月 01 日

发表日期: 2012 年 09 月 27 日

本文首次发表在《分子植物育种》(2012 年第 10 卷第 5 期 613-619 页)上。现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License 协议对其进行授权, 再次发表与传播。只要对原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式(中文):

樊丽娜等, 2012, 广东割手密 SSR 遗传多样性分析, 分子植物育种(online) Vol.10 No.46 pp.1338-1345 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0046)

引用格式(英文):

Fan et al., 2012, Gentic Diversity of *Saccharum spontaneum* L. from Guangdong Province Analyzed Based on SSR Markers, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding) Vol.10 No.46 pp.1338-1345 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0046)

摘要 割手密是甘蔗近缘野生种之一, 在甘蔗育种中具有重要地位和作用。本研究采用 Genomic-SSR 和 EST-SSR 两种类型分子标记对来自广东各个地区的 67 个割手密种质进行分析。在 20 对 SSR 引物上共检测到 341 个多态性条带, 每个引物上的平均多态性为 17.05, 其中 11 个 Genomic-SSR 的平均多态性为 20.82, 9 个 EST-SSR 的平均多态性为 12.44。广东割手密在 Genomic-SSR 上的多态性显著高于 EST-SSR 上的多态性。Mantel Test 分析表明: 通过 Genomic-SSR、EST-SSR 以及 Genomic-SSR+EST-SSR 三种方法所计算的试验材料的遗传距离矩阵之间都呈极显著相关($p < 0.01$), 说明应用两种类型 SSR 获得的各个材料间的遗传关系具有较高的一致性。广东割手密在 20 对 SSR 引物上的遗传多样性指数介于 0.106 4~0.291 6 之间, 平均多样性指数为 0.194 3; 各个材料间的遗传距离为 0.006 3~0.308 2 之间, 平均为 0.193 5。UPGMA 聚类分析表明: 广东割手密之间的遗传关系和地理来源存在一定的相关, 由南向北存在较为显著的地理分化。

关键词 广东; 割手密; SSR; 遗传多样性

Gentic Diversity of *Saccharum spontaneum* L. from Guangdong Province Analyzed Based on SSR Markers

Fan Lina[✉], Li Yu[✉], Luo Qingwen[✉], Lao Fangye[✉], Wang Qinnan[✉], He Huiyi[✉], Chen Yuegui[✉], Deng Haihua[✉], Li Qiwei[✉], Qi Yongwen[✉]

Guangdong Key Lab of Sugarcane Improvement and Biorefine, Guangzhou Sugarcane Industry Research Institute, Guangzhou, 510316

✉ Corresponding author, yongwen2001@163.com; ✉ Authors

Abstract *Saccharum spontaneum* L. is a wild relative of sugarcane, which has played a major role in the improvement of sugarcane varieties. In this study, 67 *spontaneum* accessions from the different territories of Guangdong province were genotyped with 20 pairs of simple sequence repeat (SSR) that were designated to Genomic-SSR and EST-SSR. Total 341 polymorphic bands were detected by the 20 pairs of SSR with an average of 17.05 polymorphic bands for each pair of SSR. The average polymorphic bands for Genomic-SSR and EST-SSR were 20.82 and 12.44, respectively, indicating that there were much more variations occurred at Genomic-SSR loci than that occurred at EST-SSR loci in Guangdong *spontaneum*. Mantel Test showed that there was significant correlation ($p < 0.01$) among the genetic distance matrixes of the tested materials calculated by Genomic-SSR, EST-SSR, and both of the two types of SSR. The results presented that there was high similarity in genetic relationship among the tested Guangdong *spontaneum* accessions applied to the two types of SSRs. Genetic diversity index of Guangdong *spontaneum* ranged from 0.106 4 to 0.291 6 with an average of 0.194 3, while genetic distance among Guangdong *spontaneum* ranged from 0.006 3 to 0.308 2 with an average of 0.193 5. Cluster analysis using the UPGMA method showed that there was a certain correlation between genetic relationship and geographical origin in Guangdong *spontaneum*, and significant geographic differentiation occurred from south to north.

Keywords Guangdong, *Saccharum spontaneum* L., SSR, Genetic diversity

研究背景

甘蔗是中国及世界上最为重要的糖料作物。蔗糖占到中国食糖总量的 90% 以上。甘蔗品种改良对于保障中国食糖供应具有重要的地位和作用。割手密

(*Saccharum spontaneum* L.), 又称甘蔗细茎野生种, 是甘蔗近缘野生种之一, 也是甘蔗栽培种(*Saccharum* spp.) 的重要亲本之一, 具有耐旱、耐贫瘠、抗逆性强等特点, 在甘蔗改良中具有重要的作用(Bremer,

1961)。19 世纪初, Jesweit、Barber 等通过热带种与割手密的杂交利用, 育成了 POJ、CO 等系列高产、高糖种质, 为此后的世界甘蔗育种奠定了良好的基础(D'Hont et al., 1996; Grivet et al., 1996)。当前, 世界范围内种植的甘蔗栽培品种几乎都含有割手密的遗传成分, 甘蔗栽培种中约 10% 的染色体来自于割手密(Sreerivasan et al., 1987)。由于割手密在甘蔗改良中具有重要作用, 世界各甘蔗主产国都非常重视割手密种质资源收集、评价与利用研究(Mary et al., 2006; Pan et al., 2004; Zhang et al., 2010)。早在 2001 年, Tai 和 Miller (2001)就构建了美国保育的来自世界各地的割手密的核心种质。印度是割手密的起源地之一, Mary 等(2006)应用 ISSR 等分子标记分析了不同地理来源的割手密的遗传多样性; Amalraj 等(2006)利用 10 个质量性状和 21 个数量性状构建了印度割手密种质资源的核心种质。

中国是割手密的原产地之一, 主要分布在北纬 18°~33°、东经 97°~122°的地区(Chen and Phillips, 2006)。从上世纪 50 年代以来, 就已开展割手密与热带种、栽培种之间的杂交利用研究。经过几十年的杂交与回交, 由广州甘蔗糖业研究所选育的具有中国本土割手密血缘的崖城系列亲本已经成为主要甘蔗亲本系统之一(邓海华等, 2004; 劳方业等, 2008), 育出了一系列优良品种(张琼等, 2009)。为了促进割手密种质资源的保护和利用, 科研人员对广西(Zhang et al., 2010)、四川(Chang et al., 2012)、云南(杨清辉和何顺长, 1993)等地区的割手密种质资源进行了相关研究和报道。

广东是中国重要的甘蔗种植区域之一, 具有丰富的割手密资源(齐永文等, 2009)。近年来, 随着广东工农经济的快速发展, 一些原有的割手密生存地不断得到开发, 许多地区的割手密正在迅速的减少或消失, 迫切需要加强资源的收集与保护。但是, 目前有关广东地区割手密种质资源的研究还较少, 在资源收集时和利用时存在一定的盲目性。因此, 本研究采用 SSR 标记对来自广东不同地区的割手密的遗传多样性进行分析, 研究广东割手密种质资源的遗传多样性及其地理分布, 为割手密种质资源收集、保护与创新利用提供参考。

1 结果与分析

1.1 广东割手密在 SSR 位点上的遗传多样性

67 份广东割手密在 20 对 SSR 引物上共检测到 417 个条带(表 1), 其中 341 个为多态性条带, 多态

性比例为 81.8%。每个位点上的多态性条带数为 4~34 个, 平均为 17.05 个。其中, 11 对 Genomic-SSR 引物共检测到 229 个多态性条带, 平均多态性为 20.82; 9 对 EST-SSR 引物共检测到 112 个多态性条带, 平均多态性为 12.44。与 Genomic-SSR 相比, EST-SSR 的多态性较低, 在所分析的 20 对引物中, 多态性条带数低于 10 的 5 对引物中 4 对引物为 EST-SSR, 1 对引物是 Genomic-SSR, EST-SSR 的平均多态性条带数只有 Genomic-SSR 的 59.8%。

67 份广东割手密在 20 对引物上的遗传多样性指数介于 0.106 4~0.291 7 之间, 平均遗传多样性指数为 0.193 4。其中在 11 对 Genomic-SSR 引物上的平均遗传多样性指数为 0.190 8, 在 9 对 EST-SSR 引物上的平均遗传多样性指数为 0.196 4, EST-SSR 引物上的平均遗传多样性指数略高于 Genomic-SSR 的平均遗传多样性指数。11 个 Genomic-SSR 位点的平均 PIC 值为 0.158 1, 9 个 EST-SSR 位点上的平均 PIC 值为 0.162 4, EST-SSR 的多态性信息含量也略高于 Genomic-SSR。

1.2 Genomic-SSR 和 EST-SSR 遗传矩阵比较

我们分别统计了 Genomic-SSR 和 EST-SSR 两种类型 SSR 引物计算的各个实验材料间的遗传距离。其中 67 份广东割手密在 11 对 Genomic-SSR 引物上的遗传距离介于 0.006 8~0.284 7 之间, 平均遗传距离为 0.196 1。在 9 对 EST-SSR 引物的遗传距离介于 0.006 3~0.348 2 之间, 平均遗传距离为 0.191 0。Mantel Test 分析表明采用 Genomic-SSR 获得各个实验材料的遗传矩阵和采用 EST-SSR 获得遗传矩阵之间呈极显著相关($r=0.537 9$, $p<0.01$)。此外, 采用 Mantel Test 统计了单独采用一种类型 SSR 和同时采用两种类型 SSR 获得实验材料遗传距离矩阵之间的相关性, 结果表明通过 Genomic-SSR 和 EST-SSR 获得遗传矩阵与通过 Genomic-SSR+EST-SSR 获得的遗传距离矩阵之间的相关系数分别为 0.935 0 和 0.801 9, 也都达到极显著相关水平($p<0.01$)。由此可见, 通过两种不同类型 SSR 获得的材料间的遗传关系具有较高的一致性。

1.3 广东割手密种质资源聚类分析

本实验中, 67 广东割手密之间的遗传距离介于 0.006 3~0.348 2 之间, 平均为 0.193 5。为了分析种质间资源遗传距离是否与地理之间存在关系, 我们从广东甘蔗种质资源圃随机挑选了 1 份来自福建惠

表 1 广东割手密在 SSR 引物上的扩增条带数、多态性条带数、多态性比例和基因多样性指数和多态性信息含量

Table 1 The number of total bands, polymorphic bands, percent of polymorphic bands, genetic diversity index and polymorphic information content (PIC) among the Guangdong Geshoumi (*S. spontaneum*) based on SSR

SSR 引物 SSR Primer	SSR 类型 SSR Type	扩增条带数 Total bands	多态性条带数 Polymorphic bands	多态性比例 Percent of polymorphic bands	遗传多样性指数 Genetic diversity index	多态性信息含量 PIC
SMC21SA	Genomic-SSR	18	11	0.61	0.148 2	0.119 1
SMC597CS	Genomic-SSR	29	26	0.90	0.291 7	0.236 8
SMC668CS	Genomic-SSR	23	18	0.78	0.191 0	0.156 1
SMC720BS	Genomic-SSR	24	21	0.88	0.205 5	0.169 6
SMC851MS	Genomic-SSR	40	30	0.75	0.156 8	0.133 2
SMC1825LA	Genomic-SSR	17	14	0.82	0.192 7	0.164 0
mSSCIR58	Genomic-SSR	31	30	0.97	0.206 4	0.174 8
SSCIR15	Genomic-SSR	30	25	0.83	0.140 3	0.120 1
SSCIR16	Genomic-SSR	12	8	0.67	0.106 4	0.090 5
SSCIR36	Genomic-SSR	36	34	0.94	0.213 2	0.177 6
SSCIR43	Genomic-SSR	13	12	0.92	0.247 2	0.198 3
SCA03	EST-SSR	21	16	0.76	0.134 4	0.109 1
SCA04	EST-SSR	14	14	1.00	0.232 0	0.196 9
SCA07	EST-SSR	24	19	0.79	0.190 9	0.157 5
SCB01	EST-SSR	15	14	0.93	0.232 6	0.195 3
SCB02	EST-SSR	4	4	1.00	0.193 0	0.163 4
SCC02	EST-SSR	14	8	0.57	0.157 0	0.128 5
SCC05	EST-SSR	30	21	0.70	0.227 9	0.183 5
SCC07	EST-SSR	10	7	0.70	0.247 6	0.197 6
SCC10	EST-SSR	12	9	0.75	0.152 6	0.128 4

安的割手密作为对照, 结果表明福建惠安的割手密和广东地区 67 割手密的平均遗传距离为 0.222 5, 比广东省内地割手密之间的平均遗传距离高 15%, 由此可见, 地理差异对割手密的遗传关系具有一定的影响。

UPGMA 聚类分析表明在遗传距离约为 0.012 时, 可将 68 份材料划分为 9 大类。来自福建的 1 份材料单独聚为 1 类, 来自广东的材料聚为 8 类(图 1)。其中类 I、类 II 中都只有 1 份材料, 分别为来自广东揭阳的广东 2 号和来自福建的惠安割手密。类 III 中共有 5 份材料, 分别来自广东的三水、五华、博罗、海丰等地。类 IV 中共有两份材料, 分别来自于韶关和揭阳。类 V 中也只有两份材料, 来自于三水和肇庆。类 VI 中共有 14 份材料, 来源地比较广泛、从南到北都有。类 VII 中也只有 1 份材料, 为来自湛江的广东 81 号。类 VIII 是最大类群, 共有 35 份材料, 来源地也是比较分散。类 IX 中共有 8 份材料, 分别来自于三水、高要、开平、阳江、肇庆等地。

从聚类结果看, 地理来源在割手密类群的划分中起到了一定的决定性作用。本实验中唯一的 1 份

省外来源的福建割手密单独聚为 1 类。在广东省内材料的 8 个类群中, 类 I、IV、V、VII 中因为只有 1~2 份材料, 材料数较少, 和地理之间的遗传关系难以判断。在材料较多的类 III、VI、VIII、IX 中, 类 IX 中 8 份材料处 1 份来自于广东南部的阳江地区, 其他 7 份都来自于中部地区。类 III、VI、VIII 中虽然每一类群中都包含有来自不同地区的材料, 但每个大类下地理相同或相近的材料又形成不同的亚类。例如在类 VI 中, 共有 14 份材料, 从聚类图可以看出, 这 14 份材料又可以分为三个亚类。VI-i 亚类中, 除了广东 55 号来自于广东中部地区的德庆外, 其他 6 份材料广东 68 号、广东 3 号、广东 11 号、广东 6 号、广东 4 号和广东 7 号都是来源于粤北的英德、从化、花都等地区, 该亚类可定义为粤北类型。VI-ii 中包括广东 61 号、广东 14 号、广东 17 号、广东 13 和广东 16 号 5 份材料, 这 5 份材料中 1 份来源于清远, 其他四份都来源于广东中部地区的三水、博罗地区, 因此这个亚类可定义为粤中类型。而 VI-iii 亚类中的两份材料广东 78 号和广东 82 号分别来源于广东南部的遂溪、海康地区, 因此该

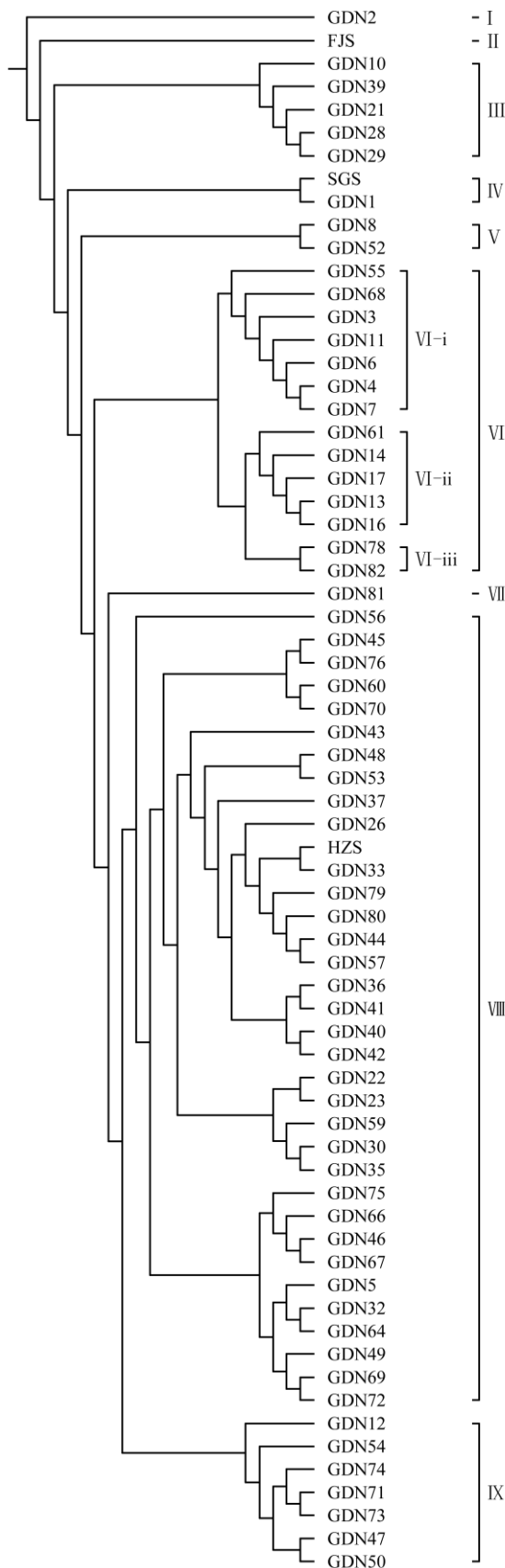


图 1 基于 Nei's 遗传距离的割手密 UPGMA 聚类图
Figure 1 UPGMA dendrogram for Guangdong *S. spontaneum*
based on Nei's genetic distance

亚类可定义为粤南类型。由此可见, 类VI中的材料可清楚的划分为粤北、粤中和粤南三个亚类。此外, 类III、VIII中在其他类群中也有相似的现象, 如类群VIII中, 广东 36、广东 40、广东 41 和广东 42 分别来源于梅州、龙川和河源三地, 这三个地方在地理上都属于粤北地区。这 4 份材料在类群三中可单独划分为 1 个小的亚类。类III中广东 28 号和广东 29 号都是来自于海丰, 这两份材料间的遗传关系也最近。由此可见, 地理因素在广东割手密种质资源遗传结构的形成上起到了一定的决定作用, 广东割手密由南到北存在明显的地理分化。

2 讨论

广东是中国割手密的重要分布地区之一, 受工农业经济的发展, 割手密的生存范围和种质资源的数量正在迅速的减少, 因此迫切需要加强收集和保护。本研究通过两种不同类型的 SSR 分子标记对来自广东不同地区的割手密材料进行分析, 从研究结果看, 广东地区的割手密存在着丰富的遗传变异, 平均每个 SSR 引物上的多态性 17.05, 但是平均遗传多样性指数只有 0.193 4, 说明各个地区来源的割手密之间遗传差异较小。杨生超等(2004; 2005)研究表明在甘蔗的近缘物种中, 割手密光和特性对光强、温度的变化最为敏感。本实验也发现地理来源是形成广东割手密遗传结构的重要因素, 地理来源相同或相近的材料更易聚为一类, 而且部分类群中的材料可清楚的分为南、中、北 3 中类型。广东从南向北差异最为显著的就是温度、光照等生态因素。由此可见, 受光照、气温等因素的影响, 割手密在不同的地理环境条件下通过长期进化形成了不同的生态型。这与 Chang 等(2012)在四川割手密遗传多样性上的研究的结果也非常相似。因此, 在今后割手密种质资源收集和利用时要重点考虑材料生存地的环境条件等因素。

与农艺性状相比, 分子标记具有稳定、简便等特点, 已经成为植物种质资源保护和开发利用的重要技术手段(Qi et al., 2009; Andru et al., 2011)。目前, 在甘蔗中已经开发出了许多 Genomic-SSR 和 EST-SSR (Marconi et al., 2011; Pinto et al., 2004), 但是关于这两种类型的 SSR 在割手密种质资源评价的应用效果比较还没有报道。从本研究结果看, Genomic-SSR 比 EST-SSR 具有更高的多态性条带, 但是 EST-SSR 具有更高的遗传多样性指数和多态性信息含量。这可能是 EST-SSR 处于基因内部, 保

守性强, 主要等位基因在各个地区分布更为均匀。因此, 表现出了较高的遗传多样性。但是, 尽管两种类型 SSR 有所差异, 通过两种不同类型 SSR 获得的材料间遗传距离矩阵之间存在极显著相关, 说明在进行种质资源遗传关系评价时两种类型 SSR 应用效果相似, 可根据两种类型引物的特点针对不同的实验目的选择相应的引物。

3 材料与方法

3.1 实验材料

实验材料共 68 份, 其中 67 份为采集于广东不同地区的割手密, 1 份为采集地为福建惠安的福建割手密(表 1)。

3.2 DNA 提取

采用 CTAB 法, 参照 Besse 等方法(Besse et al., 1996), 利用幼嫩叶片提取 DNA。通过 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳测定 DNA 质量, 用紫外分光光度计测量 DNA 浓度。

3.3 SSR 分析

本实验共采用 20 对 SSR 引物进行分析。根据国际甘蔗生物技术学会(International Consortium of Sugarcane Biotechnology)公布的 SSR 的引物信息选择了 10 对基因组 SSR (Cordeiro et al., 2000; Pan, 2006)。根据 Pinto 等(2004)研究选择了 20 对 EST-SSR, 经过 PCR 与聚丙烯酰胺凝胶电泳分析, 筛选出 10 对条带清晰、分子量适中的引物(表 2)。

PCR 扩增程序为反应体系为每 20 μ L 反应体积中含有 DNA 模板 50 ng、10 \times Buffer 2.0 μ L、MgCl₂ 2.0 mmol/L、上游引物和下游引物各 0.25 mmol/L、dNTP 0.2 mmol/L、Taq 酶 1.5 U。反应程序为: 95 $^{\circ}$ C 下预变性 5 min 后, 然后进行 30 个循环, 每个循环包括: 95 $^{\circ}$ C 1 min、55 $^{\circ}$ C 30 s、72 $^{\circ}$ C 1 min, 最后在 72 $^{\circ}$ C 下延伸 10 min。扩增产物进行银染显色(Bassam et al., 1991)。

3.4 统计分析

统计每对引物扩增的带条数, 有带记作 1, 无带记作 0。应用 PowerMarker V3.0 软件(Liu and Muse, 2005)统计每个引物上的多态性条带数、遗传多样性指数(Weir, 1996)和平均多态性信息含量(Botstein et al., 1980), 计算各个材料间的 Nei's 遗传距离(Nei, 1973), 然后再根据各个材料间的遗传距离进行 UPGMA 聚类分析。

作者贡献

樊丽娜是本研究的实验设计和实验研究的主要执行人; 李昱, 罗青文, 劳方业, 王勤南, 何慧怡及陈月桂参与实验研究与数据分析; 邓海华、李奇伟参与实验设计, 试验结果分析; 齐永文是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由国家自然科学基金(30800700)、国家现代农业产业技术体系(CARS-20-1-4)、广东省科技计划(2011B06-0400019)共同资助。

参考文献

- Amalraj V.A., Balakrishnan R., Jebadhas A.W., and Balasundaram N., 2006, Constituting a core collection of *Saccharum spontaneum* L. and comparison of three stratified random sampling procedures, *Genet. Resour. Crop Ev.*, 53(8): 1563-1572 <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-005-8510-5>
- Andru S., Pan Y.B., Thongthawee S., Burner D.M., and Kimbeng C.A., 2011, Genetic analysis of the sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar 'LCP 85-384'. I. linkage mapping using AFLP, SSR, and TRAP markers, *Theor. Appl. Genet.*, 123(1): 77-93 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-011-1568-x> PMID:21472411
- Bassam B.J., Caetano-Anolles G., and Gresshoff P.M., 1991, Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels, *Anal. Biochem.*, 80: 80-83 [http://dx.doi.org/10.1016/0003-2697\(91\)90120-I](http://dx.doi.org/10.1016/0003-2697(91)90120-I)
- Besse P., McIntyre C.L., and Berding N., 1996, Ribosomal DNA variations in *Erianthus*, a wild sugarcane relative *andropogoneae-Saccharinae*, *Theor. Appl. Genet.*, 92(6): 733-743 <http://dx.doi.org/10.1007/BF00226096>
- Botstein D., White R.L., Skolnick M., and Davis R.W., 1980, Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am. J. Hum. Genet.*, 32: 314-331 PMID:6247908 PMID:1686077
- Bremer G., 1961, Problems in breeding and cytology of sugar cane, *Euphytica*, 10(1): 59-78 <http://dx.doi.org/10.1007/BF00037206>
- Chang D., Yang F.Y., Yan J.J., Wu Y.Q., Bai S.Q., Liang X.Z., Zhang Y.W., and Gan Y.M., 2012, SRAP analysis of genetic diversity of nine native populations of wild sugarcane, *saccharum spontaneum* from Sichuan, China., *Genet. Mol. Res.*, 11(2): 1245-1253 <http://dx.doi.org/10.4238/2012.May.9.3> PMID:22614352
- Chen S.L., and Phillips S.M., 2006, 187. *saccharum linnaeus*, Sp.P1.1:54.1573., In: Wu Z.Y., Raven P.H., and Hong D.Y., (eds.), *Flora of China* Vol.22 (Poaceae), Science Press,

表 2 实验材料名称及来源地

Table 2 Name and origin of the materials used in this study

名称*	原产地**	名称	原产地	名称	原产地
Name *	Origin **	Name	Origin	Name	Origin
广东 1 号	揭阳	广东 33 号	梅州	广东 60 号	清远
GDN1	Jieyang	GDN33	Meizhou	GDN60	Qingyuan
广东 2 号	揭阳	广东 35 号	梅县	广东 61 号	清远
GDN2	Jieyang	GDN35	Meixian	GDN61	Qingyuan
广东 3 号	从化	广东 36 号	梅州	广东 66 号	英德
GDN3	Conghua	GDN36	Meizhou	GDN66	Yingde
广东 4 号	从化	广东 37 号	梅州	广东 67 号	英德
GDN4	Conghua	GDN37	Meizhou	GDN67	Yingde
广东 5 号	花都	广东 39 号	五华	广东 68 号	英德
GDN5	Huadu	GDN39	Wuhua	GDN68	Yingde
广东 6 号	花都	广东 40 号	龙川	广东 69 号	不详
GDN6	Huadu	GDN40	Longchuan	GDN69	Unknown
广东 7 号	花都	广东 41 号	河源	广东 70 号	江门
GDN7	Huadu	GDN41	Heyuan	GDN70	Jiangmen
广东 8 号	三水	广东 42 号	河源	广东 71 号	开平
GDN8	Sanshui	GDN42	Heyuan	GDN71	Kaiping
广东 10 号	三水	广东 43 号	河源	广东 72 号	恩平
GDN10	Sanshui	GDN43	Heyuan	GDN72	Enping
广东 11 号	三水	广东 44 号	河源	广东 73 号	阳江
GDN11	Sanshui	GDN44	Heyuan	GDN73	Yangjiang
广东 12 号	三水	广东 45 号	博罗	广东 74 号	不详
GDN12	Sanshui	GDN45	Boluo	GDN74	Unknown
广东 13 号	三水	广东 46 号	高要	广东 75 号	吴川
GDN13	Sanshui	GDN46	Gaoyao	GDN75	Wuchuan
广东 14 号	三水	广东 47 号	高要	广东 76 号	湛江
GDN14	Sanshui	GDN47	Gaoyao	GDN76	Zhanjiang
广东 16 号	三水	广东 48 号	高要	广东 78 号	遂溪
GDN16	Sanshui	GDN48	Gaoyao	GDN78	Suixi
广东 17 号	博罗	广东 49 号	肇庆	广东 79 号	连江
GDN17	Boluo	GDN49	Zhaoqing	GDN79	Lianjiang
广东 21 号	博罗	广东 50 号	肇庆	广东 80 号	不详
GDN21	Boluo	GDN50	Zhaoqing	GDN80	Unknown
广东 22 号	惠州	广东 52 号	肇庆	广东 81 号	湛江
GDN22	Huizhou	GDN52	Zhaoqing	GDN81	Zhanjiang
广东 23 号	惠州	广东 53 号	高要	广东 82 号	海康
GDN23	Huizhou	GDN53	Gaoyao	GDN82	Haikang
广东 26 号	惠阳	广东 54 号	高要	广东 64 号	不详
GDN26	Huiyang	GDN54	Gaoyao	GDN64	Unknown
广东 28 号	海丰	广东 55 号	德庆	韶关割手密	韶关
GDN28	Haifeng	GDN55	Deqing	SGS	Shaoguan
广东 29 号	海丰	广东 56 号	德庆	化州割手密	化州
GDN29	Haifeng	GDN56	Deqing	HZS	Huazhou
广东 30 号	陆丰	广东 57 号	德庆	福建割手密	惠安
GDN30	Lufeng	GDN57	Deqing	FJS	Huian
广东 32 号	惠来	广东 59 号	丰开	名称	原产地
GDN32	Huilai	GDN59	Fengkai	Name	Origin

注: *: 为该材料在广东省甘蔗种质资源库的保育名称; **: 原产地除惠安属于福建省, 其他都属于广东省

Note: *: Indicating these accessions named in Guangdong Sugarcane Germplasm Resource Bank; **: Indicating all accessions originated from Guangdong Province except FJS from Hui'an where belongs to Fujian province

- Beijing, and Missouri Botanical Garden Press, St. Louis., pp.576-581
- Cordeiro G.M., Taylor G.O., and Henry R.J., 2000, Characterisation of microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.), a highly polymorphic species, *Plant Sci.*, 155(2): 161-168 [http://dx.doi.org/10.1016/S0168-9452\(00\)00208-9](http://dx.doi.org/10.1016/S0168-9452(00)00208-9)
- Deng H.H., Li Q.W., and Chen Z.Y., 2004, Breeding and utilization of new sugarcane parents, *Ganzhe (Sugarcane)*, 11(3): 7-12 (邓海华, 李奇伟, 陈子云, 2004, 甘蔗亲本的创新与利用, *甘蔗*, 11(3): 7-12)
- D' Hont A., Grivet L., Feldmann P., Rao S., Berding N., and Glazmann J.C., 1996, Characterization of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics, *Mol. Gen. Genet.*, 250(4): 405-413 <http://dx.doi.org/10.1007/BF02174028>
- Grivet L., D'Hont A., Roques D., Feldmann P., Lanaud C., and Glazmann J.C., 1996, RFLP mapping in cultivated sugarcane (*Saccharum* spp.): genome organization in a highly polyploid and aneuploid interspecific hybrid, *Genetics*, 142(3): 987-1000 PMID:8849904 PMCID: 1207035
- Lao F.Y., Liu R., He H.Y., Deng H.H., Chen Z.H., Chen J.W., Fu C., Zhang C.M., and Yang Y.H., 2008, AFLP analysis of genetic diversity in series sugarcane parents developed at HSBS, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 6(3): 517-522 (劳方业, 刘睿, 何慧怡, 邓海华, 陈仲华, 陈健文, 符成, 张垂明, 杨业后, 2008, 崖城系列甘蔗亲本遗传多样性的 AFLP 标记分析, *分子植物育种*, 6(3): 517-522)
- Liu K., and Muse S.V., 2005, PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker data, *Bioinformatics*, 21(9): 2128-2129 <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282> PMID:15705655
- Marconi T.G., Costa E.A., Miranda H.R., Mancini M.C., Cardoso-Silva C.B., Oliveira K.M., Pinto L.R., Mollinari M., Garcia A.A.F., and Souza A.P., 2011, Functional markers for gene mapping and genetic diversity studies in sugarcane, *BMC Research*, 4: 264 <http://dx.doi.org/10.1186/1756-0500-4-264> PMID:21798036 PMCID:3158763
- Mary S., Nair N.V., Chaturvedi P.K., and Selvi A., 2006, Analysis of genetic diversity among *Saccharum spontaneum* L. from four geographic regions in India, using molecular markers, *Genet. Resour. Crop Ev.*, 53: 1221-1231 <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-005-2433-z>
- Nei M., 1973, Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 70(12): 3321-3323 <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>
- Pan Y.B., 2006, Highly polymorphic microsatellite DNA markers for sugarcane germplasm evaluation and variety identity testing, *Sugar Tech*, 8(4): 246-256 <http://dx.doi.org/10.1007/BF02943564>
- Pan Y.B., Burner D.M., Legendre B.L., Grisham M.P., and White W. H., 2004, An assessment of the genetic diversity within a collection of *Saccharum spontaneum* L. with RAPD-PCR, *Genet. Resour. Crop Ev.*, 51(8): 895-903 <http://dx.doi.org/10.1007/s10722-005-1933-1>
- Pinto L.R., Oliveira K.M., Ulian E.C., Garcia A.A., and de Souza A.P., 2004, Survey in the sugarcane expressed sequence tag database (SUCEST) for simple sequence repeats, *Genome*, 47(5): 795-804 <http://dx.doi.org/10.1139/g04-055> PMID:15499394
- Qi Y.W., Fan L.N., He H.Y., Chen Y.S., Ao J.H., and Deng H.H., 2009, Genetic diversity assessment of *Saccharum spontaneum* L. native to guangdong area with agronomic traits, *Ganzhe Tangye (Sugarcane and Canesugar)*, (3): 7-11 (齐永文, 樊丽娜, 何慧怡, 陈勇生, 敖俊华, 邓海华, 2009, 广东割手密资源农艺性状遗传多样性评价, *甘蔗糖业*, (3): 7-11)
- Qi Y.W., Zhang H.L., Zhang D.L., Wang M.X., Sun J.L., Ding L., Wang F.H., and Li Z.C., 2009, Assessing *indica-japonica* differentiation of improved rice varieties using microsatellite markers, *J. Genet. Genomics*, 36(5): 305-312 [http://dx.doi.org/10.1016/S1673-8527\(08\)60119-8](http://dx.doi.org/10.1016/S1673-8527(08)60119-8)
- Sreeinivasan T.V., Ahloowalia B.S., and Heinz D.J., 1987, Cytogenetics, In: Heinz D.J. (ed.), *Sugarcane improvement through breeding*, Elsevier, Amsterdam, pp.211-253
- Tai P.Y.P., and Miller J.D.A., 2001, A core collection for *Saccharum spontaneum* L. from the world collection of sugarcane, *Crop Sci.*, 41: 879-895 <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2001.413879x>
- Weir B.S., ed., 1996, *Genetic data analysis II*, Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts, pp.150-156
- Yang Q.H., and He S.C., 1993, Studies on *Saccharum spontaneum* chromosome numbers and geographical distribution in Yunnan, China, *Ganzhe (Sugarcane)*, 3(1): 10-13 (杨清辉, 何顺长, 1993, 云南割手密(*Saccharum spontaneum*)染色体数目及其地理分布研究, *甘蔗*, 3(1): 10-13)
- Yang S.C., Yang Q.H., Li F.S., and Xiao G.L., 2005, Relations between photosynthesis characteristics of the wild germplasmic plants in sugarcane complex and annual mean temperature where they were collected, *Zhongzi (Seed)*, 7: 9-14 (杨生超, 杨清辉, 李富生, 肖关丽, 2005, 甘蔗野生种质植物光合特性与原生长地年平均气温关系, *种子*, 7: 9-14)
- Yang S.C., Yang Q.H., Li F.S., and Xiao G.L., 2004, The relations between photosynthesis characteristics of the

- wild germplasmic plants in sugarcane complex with its annual mean light intensity where they were collected, *Zhongzi (Seed)*, 23(8): 5-8 (杨生超, 杨清辉, 李富生, 肖关丽, 2004, 甘蔗野生种质植物光合特性与原生长地年平均光强的关系, *种子*, 23(8): 5-8)
- Zhang G.M., Li Y.R., He W.Z., He H., Liu X.H., Song H. Z., Liu H.B., Zhu R.C., and Fang W.K., 2010, Analysis of the genetic diversity in *Saccharum spontaneum* L. accessions from Guangxi province of China with RAPD-PCR, *Sugar Tech*, 12(1): 31-35 <http://dx.doi.org/10.1007/s12355-010-0007-7>
- Zhang Q., Qi Y.W., Zhang C.M., Chen Y.S., and Deng H.H., 2009, Pedigree analysis of genetic relationship among core parents of sugarcane in Mainland China, *Guangdong Nongye Kexue (Guangdong Agricultural Science)*, 10: 44-48 (张琼, 齐永文, 张垂明, 陈勇生, 邓海华, 2009, 我国大陆甘蔗骨干亲本亲缘关系分析, *广东农业科学*, 10: 44-48)