

斑茅割手密复合体与甘蔗杂交后代 F₁ 改良效率分析

黄玉新 张革民 周 珊 段维兴 杨翠芳 高轶静 张保青

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

摘 要 甘蔗近缘属/种植物斑茅和割手密含有丰富的抗逆性、强宿根性和广适应性等育种需求的优异基因。通过远缘杂交将斑茅和割手密血缘渗入甘蔗品种, 为拓宽甘蔗遗传基础、提高其抵御重要病虫害能力和产量奠定基础。利用 2 对 EST-SSR 引物对甘蔗与斑茅割手密复合体杂交 F₁ 群体进行真实性鉴定, 并对 F₁ 的农艺性状进行变异分析和聚类分析。结果表明, 杂种 F₁ 表型和农艺性状均发生分离; F₁ 群体株高、茎径、单茎重、有效茎数和锤度 5 个农艺性状变异范围在 13.76%~33.51%; F₁ 群体有效茎数平均值超越双亲, 株高和茎径平均值分别大于或等于亲本平均值, 单茎重和锤度平均值低于亲本平均值。聚类分析将 68 份真实的杂种 F₁ 分为 4 个类群, 其中类群 III 的 221-79、221-103 等 11 份材料在锤度、有效茎数等农艺性状上的综合表现优于其他类群。

关键词 甘蔗; 斑茅; 割手密; 杂种鉴定; 聚类分析

现代甘蔗品种主要来源于种间杂交, 其原始亲本主要包括甘蔗属内少数几个热带种、印度种、中国种、细茎野生种和大茎野生种等, 狭窄的遗传基础造成后代群体变异不足, 甘蔗品种遗传改良进展缓慢。远缘杂交是种质创新的主要途径之一, 在甘蔗品种改良中扮演着重要角色。

割手密 (*Saccharum spontaneum* L., 2n=40~128) 亦称细茎野生种, 具有分蘖多、宿根性好、抗逆性强及适应性广等优良特性^[1-2], 是甘蔗属中种类和基因型最为丰富、育种成效最显著的野生种。前人^[3-8]成功将爪哇割手密 (2n=112)、印度割手密 (2n=64)、中国海南割手密 (2n=80)、中国云南蛮耗割手密 (2n=64) 和中国台湾割手密等血缘导入甘蔗栽培种, 培育出了 ‘POJ’ 系列、‘Co’ 系列、‘崖城’ 系列、‘YN’ 系列和台糖品种 (亲本)。这些品种 (亲本) 的选育, 为世界甘蔗产业的发展做出了重大贡献。

斑茅 (*Tripsacum daniellii* (L.) Hook.) 隶属于禾本科 (Gramineae) 蔗茅属, 具有改良现有甘蔗品种抗逆性、宿根性、适应性和生长势等农艺性状的潜力。近几十年, 世界各国育种家开展了较多斑茅创新利用研究^[9-12], 已创制了从 F₁ 至 BC₅ 等不同世代斑茅蔗, 并获得了含斑茅血缘的崖城

07-71 和崖城 06-160 等优异亲本, 且有材料进入国家区域试验^[13-14]。前人^[15-16]研究表明, 斑茅 F₁、BC₁ 和 BC₂ 具有生长势强、分蘖多等优良性状。斑茅 BC₁ 对花叶病害具有普遍的抗性, 对黑穗病抗性分离^[17]; 部分 BC₃ 具有较强的抗逆性^[18]。因此, 充分挖掘利用斑茅优异基因有利于提高甘蔗育种效率。

广西自然资源条件优越, 生物资源数量多、分布广、特异性突出^[19]。广西甘蔗种质资源圃目前保育有 1300 多份广西割手密和 450 多份广西斑茅, 这些数量丰富的种质资源利用潜力有待开发。本研究以高糖高产甘蔗品种粤糖 93-159 与兼含广西割手密和广西斑茅血缘的斑茅割手密复合体 (斑割复合体) GXAS07-6-1^[20-21] 进行杂交, 利用 EST-SSR 引物对杂交 F₁ 后代真实性进行分子鉴定, 并评价 F₁ 群体农艺性状, 旨在初步评价斑割复合体改良效率, 筛选出优异的复合体后代种质重点利用, 提高甘蔗种质资源复合杂交创新利用效率。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为甘蔗品种粤糖 93-159, 斑茅割手密

作者简介: 黄玉新, 主要从事甘蔗遗传育种及种质资源创新利用研究, E-mail: huangyuxin13@163.com

张保青为通信作者, 主要从事甘蔗种质资源评价和创新利用研究, E-mail: zbkqxau@126.com

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2022YFD2301100); 广西自然科学基金项目 (2023GXNSFAA026088, 2023GXNSFAA026354); 广西农业科学院基本科研业务专项项目 (桂农科 2021YT004)

收稿日期: 2024-09-03; 修回日期: 2024-12-02; 网络出版日期: 2025-02-06

复合体 GXAS07-6-1 及其 120 份杂种 F₁ 后代。其中粤糖 93-159 是中国轻工总会甘蔗糖业研究所从粤农 73-204×CP72-1210 杂交组合后代选育成功的甘蔗品种，品种特性为特早熟、高糖、丰产，高抗黑穗病。GXAS07-6-1 是以广西斑茅 GXA87-36（♀）与广西割手密 GXS79-9（♂）杂交获得经分子和染色体鉴定为含双亲血缘的属间杂种^[20-21]。将 F₁ 后代群体进行实生苗种植，待实生苗长至 5 叶期，进行杂种真伪性鉴定。选择经鉴定为真实杂种的 68 份 F₁ 材料（表 1）进行保育、扩繁，并进行农艺性状分析和聚类分析。

表 1 68 份真实的杂种 F₁ 名称
Table 1 The names of 68 true hybrid F₁

编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name
1	221-2	18	221-30	35	221-68	52	221-94
2	221-5	19	221-31	36	221-71	53	221-95
3	221-9	20	221-35	37	221-74	54	221-96
4	221-10	21	221-36	38	221-76	55	221-98
5	221-12	22	221-38	39	221-77	56	221-99
6	221-13	23	221-42	40	221-79	57	221-100
7	221-15	24	221-45	41	221-80	58	221-103
8	221-16	25	221-46	42	221-81	59	221-104
9	221-18	26	221-48	43	221-82	60	221-106
10	221-19	27	221-49	44	221-83	61	221-107
11	221-22	28	221-50	45	221-85	62	221-108
12	221-23	29	221-51	46	221-86	63	221-110
13	221-25	30	221-52	47	221-87	64	221-113
14	221-26	31	221-62	48	221-88	65	221-114
15	221-27	32	221-63	49	221-89	66	221-115
16	221-28	33	221-66	50	221-90	67	221-119
17	221-29	34	221-67	51	221-93	68	221-120

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取及 PCR 扩增 采用 CTAB 法提取杂交后代新鲜嫩叶基因组 DNA，用 QUAWELL Q5000 微量紫外分光光度计对提取的 DNA 质量和纯度进行测定。将样品 DNA 浓度稀释到 40 ng/L，置于-20℃冰箱保存备用。使用课题组通过甘蔗转录组数据库设计筛选出的 2 对 EST-SSR 正反引物 ESTC50-F：5'-TCTGGGGCCATGGAAGTTGA-3'，ESTC50-R：5'-CAAGATGGTGACCCCGCAACTA-3'；ESTC95-F：5'-TGTGCTCAAACAATGGGTAATCA-3'，ESTC95-R：5'-GCTTTGCCGCTTCCAGTTTCAC-3'进行 PCR 扩增。PCR 反应体系 20 μL，包括 10×Buffer（含 2 mmol/L MgCl₂）2.0 μL，dNTP（10 mmol/L）0.4 μL，上、下游引物（10 μmol/L）

各 1.0 μL，DNA 样品 40 ng，Tag DNA 聚合酶 1 U，ddH₂O 补足至 20 μL。扩增程序：95℃预变性 5 min；94℃ 30 s，56℃ 30 s，72℃ 1 min，进行 35 个循环；72℃延伸 5 min，扩增产物在 7% 聚丙烯酰胺凝胶上电泳分离，用硝酸银染色观察。
1.2.2 杂交后代真实性鉴定 以亲本 DNA 为模板，用筛选出的父母本间具有父本特征性条带的引物对杂交后代进行真实性鉴定，当杂交后代扩增产物具有父本特征条带时，则判定为真杂种，如仅含有母本条带而无父本特征条带的后代，则无法确定其真实性，还需采用其他引物进行鉴定^[22-23]。

1.3 试验设计

在广西壮族自治区农业科学院甘蔗研究所隆安丁当基地进行 F₁ 群体农艺性状分析。试验材料于 2022 年 4 月 5 日种植，采用随机区组设计，小区行长 3 m，行距 1.2 m，下种量 10 芽/m，设 3 次重复，田间管理与大田生产一致。

1.4 数据处理

于 2022 年 11 月 8-11 日，调查株高、茎径、有效茎数（大于 1 m 的蔗茎）和锤度等农艺性状，单茎重（kg）=0.7854×茎径²×株高/1000，每个材料调查 20 株。采用 Excel 2010 对各农艺性状指标的原始数据进行整理分析，采用 SPSS 17.0 软件计算各农艺性状的平均值、标准差和变异系数，采用 DPS 18.05 软件中欧氏距离、离差平方和法进行聚类分析。

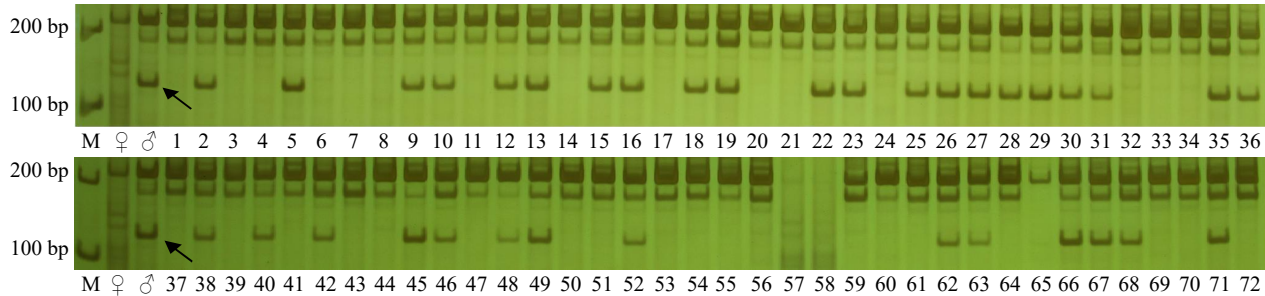
2 结果与分析

2.1 杂种后代真实性鉴定分析

对 120 份 F₁ 后代进行杂种真实性鉴定，引物 ESTC50（图 1）约在 120 bp 处扩增出 1 条形态清晰的父本特征条带，引物 ESTC95（图 2）约在 160 bp 和 190 bp 处扩增出 2 条形态清晰的父本特征条带（箭头所示），综合 2 对引物的鉴定结果，共有 68 份材料遗传到父本特异带，因此判断这些材料为真实杂种，杂种真实率为 56.67%。

2.2 亲本及 F₁ 形态学差异比较

经观察比较（图 3），母本 YT93-159 叶片宽大，蔗茎青绿色，无气根，花粉育性偏低。父本 GXAS07-6-1 叶片比较细长，形似割手密，蔗茎曝光前为黄绿色，曝光后为黄色，有气根，花粉育性较好。杂交 F₁ 后代叶片变宽，变化幅度大，但



M: 600 bp DNA marker; ♀: YT93-159; ♂: GXAS07-6-1, 1~72 为 F₁ 后代。下同。
M: 600 bp DNA marker; ♀: YT93-159; ♂: GXAS07-6-1, 1-72 are F₁ progeny. The same below.

图 1 部分 F₁ 后代引物 ESTC50 鉴定结果
Fig.1 Identification of primer ESTC50 in part of F₁ progeny

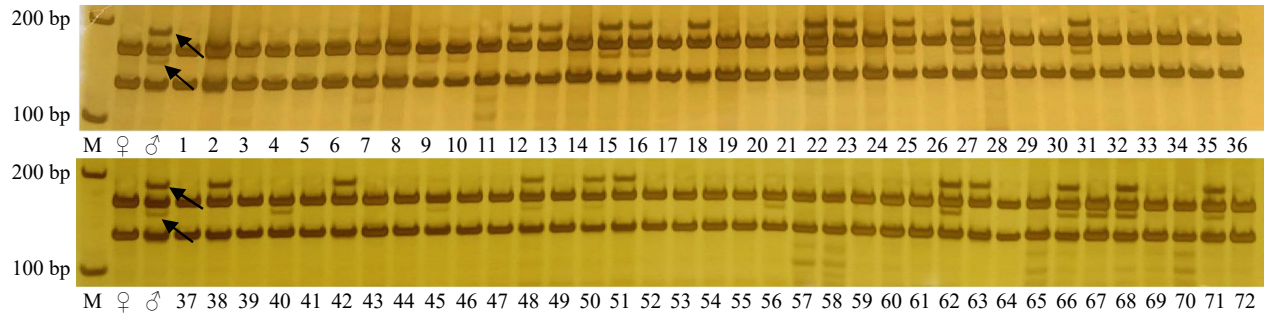
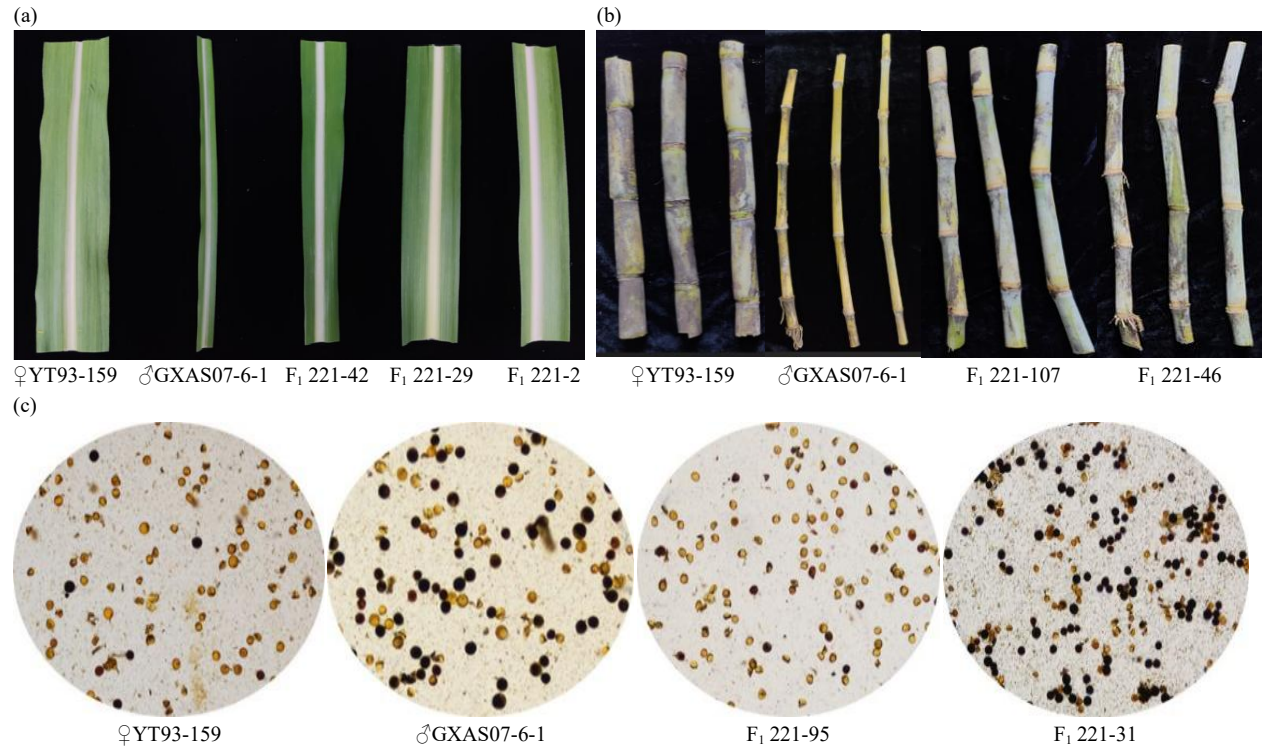


图 2 部分 F₁ 后代引物 ESTC95 鉴定结果
Fig.2 Identification of primer ESTC95 in part of F₁ progeny



(a) 叶片, (b) 蔗茎, (c) 花粉染色率。
(a) Leaf, (b) Cane, (c) Pollen staining rate.

图 3 亲本及 F₁ 后代形态学差异比较
Fig.3 Comparison of morphological differences between parents and F₁ progeny

均略小于母本，茎色与母本一致，部分后代有气根，花粉育性发生分离，但总体较低。F₁ 群体遗传了野生种易开花的习性，大部分材料在广西南宁地区 11 月底或 12 月初孕穗，12 月中、下旬抽穗开

花，不同材料花期略有差异。

2.3 亲本及 F₁ 群体农艺性状的变异分析

变异分析（表 2）表明，F₁ 群体株高、茎径、单茎重、有效茎数和锤度 5 个农艺性状均存在不同程度的变异，变异范围在 13.76%~33.51%，其中单茎重变异系数最大，其次是有效茎数，茎径的变异系数最小，表明斑割 F₁ 群体在产量相关性状离散程度较大，可以在群体内进行优良个体选择。

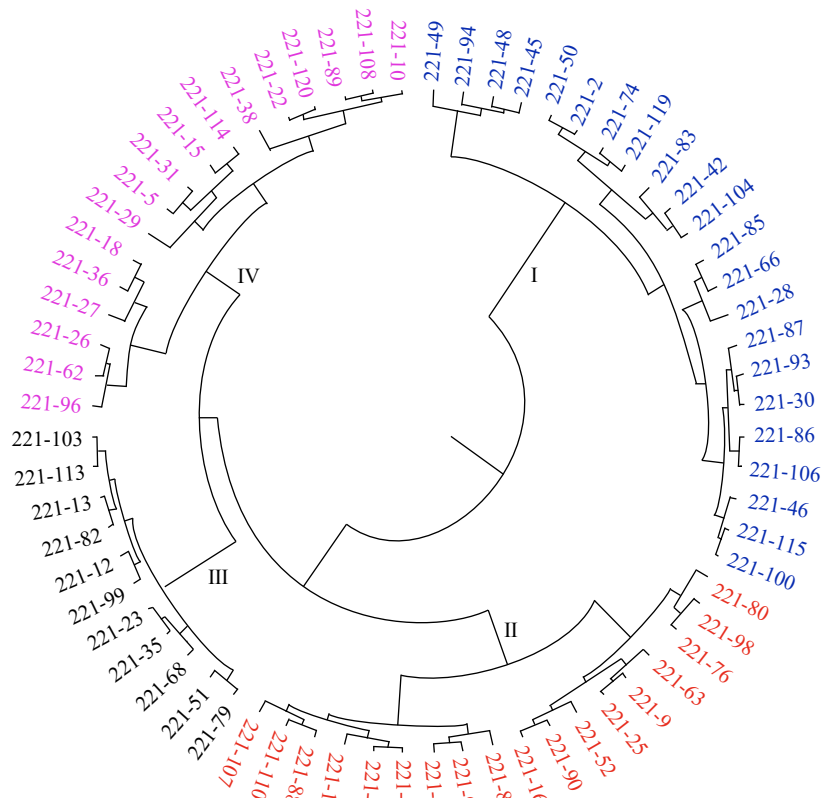
表 2 亲本与 F₁ 后代农艺性状比较
Table 2 Comparison of agronomic traits between parents and F₁ progeny

性状 Trait	亲本 Parent			F ₁ 群体 F ₁ population		
	YT93-159	GXAS07-6-1	平均值 Mean	范围 Range	平均值±标准差 Mean±SD	变异系数 CV(%)
株高 Plant height (cm)	275.4	172.0	223.7	162.0~282.0	230.0±33.0	14.36
茎径 Stalk diameter (cm)	2.87	0.82	1.85	1.41~2.38	1.84±0.26	13.76
单茎重 Single stalk weight (kg)	1.43	0.09	0.76	0.30~1.10	0.63±0.21	33.51
有效茎数 Millable stalk number	28.0	35.0	31.5	16.3~59.7	35.6±11.2	33.10
锤度 Brix (%)	20.4	10.7	15.6	8.6~16.6	11.6±2.3	19.85

对亲本与 F₁ 群体农艺性状数据进行比较，亲本 YT93-159 和 GXAS07-6-1 各性状差异比较明显，特别是茎径、单茎重和锤度。F₁ 群体株高、茎径和单茎重较父本 GXAS07-6-1 有较大改良，群体株高和有效茎数超过了母本 YT93-159，但茎径、单茎重和锤度与母本 YT93-159 的差距仍较大。

2.4 F₁ 群体聚类分析

采用欧氏距离、离差平方和法对 68 份杂种 F₁ 进行聚类分析（图 4，表 3）。在遗传距离=12.0 处，将参试材料分为 4 个类群。类群 I 有 221-49、221-100 等 22 份材料，主要表现为植株矮，茎径小，锤度低，可考虑淘汰。类群 II 有 221-80、221-107 等 18 份材料，其特点是植株高，蔗茎粗，但锤度较低，可用高糖的甘蔗亲本进行改良。类群 III 有 221-79、221-103 等 11 份材料，在群体中综合表现最好，其特点是植株较高，锤度高，有效茎多，后续可重点



观察利用。类群IV有 221-10、221-96 等 17 份材料，主要表现为植株矮，蔗茎粗，有效茎少，可选择性利用。

表 3 4 个类群主要农艺性状表现
Table 3 The main agronomic traits of four groups

性状 Trait	类群 Group			
	I	II	III	V
株高 Plant height (cm)	215.0	249.0	245.0	218.0
茎径 Stalk diameter (cm)	1.66	2.05	1.75	1.91
单茎重 Single stalk weight (kg)	0.47	0.83	0.59	0.63
有效茎数 Millable stalk number	39.5	33.6	44.9	26.7
锤度 Brix (%)	10.5	11.4	13.1	12.4

3 讨论

3.1 甘蔗杂种真实性鉴定

杂交子代早期鉴定能够缩短育种年限，加快育种进程。因此，杂种的真伪性鉴定是甘蔗远缘杂交利用过程中非常重要的工作。现代甘蔗品种主要含有热带种、印度种、割手密等 3~5 个原种血缘，即使是自交后代，也会分离出野生特性，从表型上难以判断是否为真实的杂种后代。因此，根据甘蔗植株的株高、株型、节间形状、节间颜色、节间长度、叶片大小、叶姿、叶色、芽形、芽位、芽沟、花序性状、花絮颜色以及脱叶性、气根有无、叶背鞘毛群多少等形态特征^[24]鉴定的结果并不准确。分子标记可以从 DNA 分子水平上获得最直接的证据，是杂种鉴定比较高效的手段。田春艳等^[25]运用 SSR 标记对 3 个割手密 F₁ 群体进行鉴定，3 个组合的真杂种率分别为 67.77%、75.51%和 75.66%。陆鑫等^[22]选用 4 对引物对 62 份滇蔗茅杂交 F₁ 代进行 SSR 分子标记鉴定，结果表明，62 份杂交后代全部为真杂种。本研究所选用的 2 对 EST-SSR 引物在双亲之间均具有多态性，扩增条带清晰，鉴定效率为 56.67%。本研究鉴定效率略低于前人^[25]，原因可能是引物多态性不够丰富或斑割复合体远缘杂交结实率不够高，侧面反映出斑割复合体的创新利用还需要提高效率，同时也需要开发适用于鉴定斑割复合体后代的特异引物。

3.2 甘蔗创新种质后代农艺性状的遗传变异分析

研究性状遗传变异规律对筛选优良杂交后代具有重要意义。农艺性状的变异系数越大，从该群体选出优良个体的概率就越大^[26]。杨翠芳等^[27]研究表明，割手密 F₁ 群体锤度的变异系数最小

(5.52%)。靳铎等^[28]研究发现，19 份甘蔗与蔗茅 BC₁、F₁ 材料单茎重变异系数最大 (49.91%)，叶长变异系数最小 (13.69%)。滇蔗茅 F₁ 的 8 个数量性状的变异幅度在 11.9%~43.2%，平均变异系数为 22.3%，其中有效茎数、单茎重、茎径、株高和糖分的变异系数分别是 43.2%、29.0%、12.5%、11.9%和 29.8%^[29]。俞华先等^[30]研究表明，不同亲本组合的云南割手密 F₂ 创新种质的变异系数存在较大差异。本研究中，单茎重的变异系数最大，为 33.51%，有效茎数的变异系数次之，为 33.10%，茎径变异系数最低，为 13.76%，与前人^[28-30]研究结果略有不同，表明野生蔗后代农艺性状变异类型丰富，不同类型甘蔗创新种质后代的遗传特性不一样。斑割复合体 F₁ 群体 5 个农艺性状的变异系数均大于 10%，表明群体间差异大，这有利于优良个体的筛选。

前人^[15,31-32]在斑茅的利用中发现 F₁ 一般表现为小茎，易开花，花期较早，无或少花粉，蒲心，斑茅杂交后代真实率低，糖分和单茎重普遍偏低，糖分恢复效率低于割手密。也有研究^[33]表明，斑茅 F₁ 有效茎数较多，锤度略低于亲本的平均值，茎径平均值远小于双亲茎径的平均值。本研究发现，斑茅割手密复合体 F₁ 杂种真实率较高，花粉育性发生分离，可获得少数花粉好的材料。F₁ 群体在株高和有效茎数上出现超越亲本的杂交后代，茎径大小介于双亲之间，单茎重和锤度平均值低于亲本的平均值。本研究结果与前人^[32-33]研究结果略有不同，表明利用斑茅割手密复合体与甘蔗杂交，可获得兼具斑茅和割手密优点的材料，这有利于加快斑茅的利用效率。

3.3 F₁ 群体聚类分析

聚类分析结果可为育种决策提供有价值的参考依据^[34]。选用性状优良、长势强、单茎重、茎径大、有效茎数多和产量高的野生资源，有利于培育出性状更为优良的后代种质材料^[35]。本研究通过欧氏距离聚类分析，将 68 份真实的杂种 F₁ 分为不同特征类型的 4 个类群，在后续的研究中，可以根据该聚类结果结合育种目标，对产量、糖分等综合性状优良的材料开展抗性评价，筛选出农艺性状兼抗性优良的材料加以利用，从而提高育种或研究效率。

3.4 染色体数量与农艺性状相关性分析

前人^[10]研究发现，斑茅的染色体和产量相关

性状如干物质产量、有效茎数、单茎重和茎径之间存在明显的正相关, 斑茅染色体数目与糖分和纤维含量无明显关系; 相较于斑茅染色体数量较少的属间杂种, 斑茅染色体数量接近预期值 ($n=30$) 的属间杂种生长势更强。甘蔗与蔗茅的 BC_1 、 F_1 材料的染色体数目与锤度、茎径、叶宽呈极显著正相关, 与单茎重呈显著正相关^[28]。课题组前期研究^[21,23]发现, 斑茅割手密复合体 F_1 染色体数在 78~98 条, 部分染色体存在加倍或丢失现象。本研究只分析了 F_1 农艺性状的遗传情况, 染色体数目或斑茅染色体数是否与农艺性状相关, 待进一步研究。

4 结论

120 份甘蔗与斑茅割手密复合体杂交 F_1 真实杂种有 68 份, 占 56.67%。杂种 F_1 表型和农艺性状均发生分离, 产量相关性状改良较快, 糖分改良较慢。 F_1 群体单茎重及有效茎数较株高、茎径和锤度有较大的变异。类群 III 的 221-79、221-103 等 11 份材料在锤度、有效茎数等农艺性状上的综合表现优于其他类群, 后续可重点关注和利用。

参考文献

- [1] Grivet L, Daniels C, Glaszmann J C, et al. A review of recent molecular genetics evidence for sugarcane evolution and domestication. *Ethnobotany Research and Applications*, 2004, 2(1): 9-17.
- [2] 赵小坤, 毛钧, 字秋艳, 等. 割手密野生资源抗逆性研究进展. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(2): 287-295.
- [3] 陈如凯. 现代甘蔗育种的理论与实践. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [4] 刘少谋, 王勤南, 黄忠兴, 等. 崖城系列亲本在我国甘蔗育种中的利用效果. *甘蔗糖业*, 2011(4): 5-10.
- [5] 朱建荣, 桃联安, 董立华, 等. 中国本土割手密血缘创新亲本材料的利用潜力分析. *云南农业大学学报(自然科学)*, 2011, 26(1): 12-19, 25.
- [6] 邓海华. 我国本土割手密育成品种的亲缘关系分析. *广东农业科学*, 2012, 39(8): 167-170.
- [7] 陈玉水. 台湾的野生蔗及其在甘蔗杂交育种上的应用. *中国糖料*, 2006(4): 48-50, 54.
- [8] 毛钧, 应雄美, 陆鑫, 等. 台湾甘蔗种质资源收集保存与育种策略. *中国糖料*, 2011(2): 55-58, 74.
- [9] Kumar R, Appunu C, Durai A A, et al. Genetic confirmation and field performance comparison for yield and quality among advanced generations of *Erianthus arundinaceus*, *E.bengalense* and *Saccharum spontaneum* cyto-nuclear genome introgressed sugarcane intergeneric hybrids. *Sugar Tech*, 2015, 17(4): 379-385.
- [10] Pachakkil B, Terajima Y, Ohmido N, et al. Cytogenetic and agronomic characterization of intergeneric hybrids between *Saccharum* spp. hybrid and *Erianthus arundinaceus*. *Scientific Reports*, 2019, 9: 1748.
- [11] Meena M R, Kumar R, Ramaiyan K, et al. Biomass potential of novel interspecific and intergeneric hybrids of *Saccharum* grown in sub-tropical climates. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 21560.
- [12] Zhang B Q, Huang Y X, Zhang L J, et al. Genome-wide association study unravels quantitative trait loci and genes associated with yield-related traits in sugarcane. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2023, 71(44): 16815-16826.
- [13] Huang Y J, Wu J Y, Wang P, et al. Characterization of chromosome inheritance of the intergeneric BC_2 and BC_3 progeny between *Saccharum* spp. and *Erianthus arundinaceus*. *PLoS ONE*, 2015, 10(7): e0133722.
- [14] 李雪婷. 甘蔗与斑茅 F_1 减数分裂染色体行为研究. 福州: 福建农林大学, 2018.
- [15] 刘少谋, 符成, 陈勇生. 近十年海南甘蔗育种场斑茅后代回交利用研究. *甘蔗糖业*, 2007(2): 1-6, 17.
- [16] 王丽萍, 蔡青, 范源洪, 等. 甘蔗(*Saccharum*)与斑茅(*Erianthus arundinaceus*)远缘杂交利用研究. *西南农业学报*, 2007, 20(4): 721-726.
- [17] 吴小斌, 王勤南, 凌秋平, 等. 甘蔗与斑茅 BC_1 分子鉴定、抗黑穗病和花叶病初步评价. *热带亚热带植物学报*, 2019, 27(1): 45-52.
- [18] 梁华川, 蔡伟俊, 赵晓凤, 等. 十四个甘蔗与斑茅属间远缘杂交 BC_3F_1 品系生理特性研究. *热带农业科学*, 2023, 43(11): 18-27.
- [19] 邓国富. 中国优异作物种质资源开发与利用图鉴: 广西卷. 北京: 科学出版社, 2024.
- [20] 刘昔辉, 方锋学, 高铁静, 等. 斑茅割手密杂种后代真实性鉴定及遗传分析. *作物学报*, 2012, 38(5): 914-920.
- [21] 黄玉新, 罗霆, 林秀琴, 等. 斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)及其与甘蔗 F_1 的 GISH 分析. *植物遗传资源学报*, 2017, 18(3): 461-466.
- [22] 陆鑫, 毛钧, 刘洪博, 等. 甘蔗野生种滇蔗茅种质创新利用研究I.甘蔗与滇蔗茅远缘杂交 F_1 群体构建与 SSR 分子标记鉴定. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(2): 321-324.
- [23] 黄玉新, 罗霆, 刘昔辉, 等. 甘蔗与斑茅割手密复合体(GXAS07-6-1)杂交后代的染色体遗传分析. *热带作物学报*, 2016, 37(2): 220-225.
- [24] 毛钧, 蔡青, 陆鑫, 等. 甘蔗杂交后代真实性鉴定技术发展与应用. *中国糖料*, 2008(4): 62-65.
- [25] 田春艳, 边芯, 董立华, 等. 甘蔗野生种割手密杂交 F_1 代 SSR 鉴定和遗传分析. *热带作物学报*, 2022, 43(10): 2021-2029.
- [26] 刘建乐, 白昌军, 严琳玲, 等. 43 份割手密资源农艺性状遗传多样性评价. *热带作物学报*, 2015, 36(2): 229-236.
- [27] 杨翠芳, 张革民, 段维兴, 等. 广西割手密创新种质 F_1 群体的表型多样性分析. *江苏农业科学*, 2024, 52(15): 85-91.
- [28] 靳铎, 张婷, 娄红波, 等. 基于表型和细胞学的甘蔗与蔗茅杂交 BC_1F_1 子代的遗传差异. *分子植物育种*, (2024-04-02) [2024-09-03]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20240401.1510.009.html>.
- [29] 陆鑫, 刘新龙, 毛钧, 等. 甘蔗野生种滇蔗茅利用研究III.滇蔗茅杂种 F_1 群体的表型变异与遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(4): 749-753.
- [30] 俞华先, 安汝东, 董立华, 等. 云南八倍体割手密 84-268 血缘 F_2 群体表型多样性分析. *热带作物学报*, 2023, 44(1): 49-63.
- [31] 符成, 邓海华, 陈西文. 海南甘蔗育种场斑茅研究利用. *甘蔗糖业*, 2003(6): 1-5, 14.
- [32] 毛钧, 陆鑫, 刘新龙, 等. 近 10 年云南野生甘蔗种质资源创新杂交利用初报. *甘蔗糖业*, 2012(2): 1-5.
- [33] 符成, 邓海华, 杨业后, 等. 斑茅及其杂种后代主要经济性状

- 研究. 甘蔗糖业, 2004(4): 1-5.
- [34] 闫世江, 张继宁, 刘洁. 聚类分析在黄瓜育种中的应用. 当代生态农业, 2012 (增 1): 9-12.
- [35] 吴才文, Phillip J, 范源洪, 等. 甘蔗割手密远缘杂交后代产量性状的遗传及分离. 植物遗传资源学报, 2009, 10(2): 262-266.

Analysis of the Improvement Efficiency of F₁ Hybrids between Intergeneric Hybrid (*Tripidium arundinaceum* × *Saccharum spontaneum*) and Sugarcane

Huang Yuxin, Zhang Gemin, Zhou Shan, Duan Weixing, Yang Cuifang, Gao Yijing, Zhang Baoqing

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

Abstract The exploration of stress-resistant, strong ratooning ability, and wide adaptability in related sugarcane species such as *Tripidium arundinaceum* and *Saccharum spontaneum* renders these species valuable genetic resources for sugarcane breeding. The incorporation of genes from *T.arundinaceum* and *S.spontaneum* into sugarcane cultivars via outcrossing promises to expand the genetic diversity of sugarcane, enhance resistance to key pests and diseases, and improve yield. This investigation employed two pairs of EST-SSR primers to confirm the authenticity of the F₁ progeny resulting from the cross between sugarcane and the intergeneric hybrid (*T.arundinaceum* × *S.spontaneum*), and further analyzed the agronomic characteristics of their F₁ generation. The F₁ hybrids demonstrated segregation in both phenotypic and agronomic traits. The analysis revealed variability in five agronomic traits - plant height, stalk diameter, single stalk weight, millable stalk number, and brix ranged from 13.76% to 33.51% in the F₁ population. The average millable stalk number in the F₁ population exceeded that of both parents, while mean plant height was greater than and stalk diameter equal to the parental averages. The mean single stem weight and brix value were lower than that of the parental average. A total of 68 genuine hybrid F₁ were divided into four groups through cluster analysis. Among them, 11 materials such as 221-79 and 221-103 in Group III showed better comprehensive performance in agronomic traits such as brix and millable stalk number compared with other groups.

Key words Sugarcane; *Tripidium arundinaceum*; *Saccharum spontaneum*; Hybrid identification; Cluster analysis