作物学报 ACTA AGRONOMICA SINICA 2026, 52(4): 1057−1072 http://zwxb.chinacrops.org/
ISSN 0496-3490; CN 11-1809/S; CODEN TSHPA9 E-mail: zwxb301@caas.cn

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2026.54119

基于荧光 SSR 的甘蔗创新种质遗传多样性分析及育种潜力评估

田春艳[1,2] 陆 鑫[1,2] 吴才文[1,2] 徐超华[1,2] 刘家勇[1,2] 边 芯[1,2] 桃联安[1,2,*]

[1] 热带作物生物育种全国重点实验室, 云南昆明 650205; [2] 云南省农业科学院甘蔗研究所 / 云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 云南开远 661699

摘 要: 为明确云瑞甘蔗创新种质与目前常用亲本资源间的遗传差异并筛选优异新种质提供育种利用。本研究以 61 份由国内外品种(系)组成的甘蔗常用亲本和 54 份云瑞创新种质 2 种类型的资源为材料, 利用荧光 SSR 标记进行遗传多样性、亲缘关系和群体结构分析, 同时对云瑞创新种质进行新植和宿根农艺性状调查, 并利用 DTOPSIS 法进行综合评价。结果表明, 66 对 SSR 标记在甘蔗常用亲本资源和云瑞创新种质中分别检测到 368 个和 355 个位点, 基因多样性指数分别为 0.6746 和 0.6773, 多态性信息含量(PIC)均值分别为 0.6179 和 0.6201, 表明甘蔗常用亲本和云瑞创新种质均具有丰富的遗传多样性。基于 UPGMA 聚类的亲缘关系分析将 115 份参试材料划分为 5 个类群, 其中, 云瑞创新种质与常用亲本资源被划分在不同类群, 与群体结构和主坐标分析结果基本一致, 表明云瑞创新种质与目前常用亲本资源在遗传组成上具有异质性。DTOPSIS 分析鉴定出 23 份综合性状优良的云瑞创新种质, 其在产量和糖分相关性状上表现良好, 可作为高产、高糖亲本利用。本研究利用 SSR 标记揭示了云瑞创新种质与目前常用亲本资源的遗传差异, 同时用 DTOPSIS 法评估了其育种利用潜力和价值, 为甘蔗育种提供了新亲本, 丰富了甘蔗遗传基础。

关键词: 甘蔗; 荧光 SSR; 遗传多样性; 亲缘关系; DTOPSIS 法; 育种潜力

Genetic diversity analysis and breeding potential evaluation of innovative sugarcane germplasm based on fluorescent SSR

Tian Chun-Yan[1,2], Lu Xin[1,2], Wu Cai-Wen[1,2], Xu Chao-Hua[1,2], Liu Jia-Yong[1,2], Bian Xin[1,2], and Tao Lian-An[1,2,*]

[1] State Key Laboratory for Tropical Crop Breeding, Kunming 650205, Yunnan, China; [2] Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences / Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan 661699, Yunnan, China

Abstract: To clarify the genetic differences between the Yunrui series innovative germplasm and commonly used sugarcane parental resources, and to identify elite new germplasm for sugarcane breeding, two types of materials were analyzed: 61 commonly used sugarcane parents, including both domestic and international varieties (lines), and 54 accessions of Yunrui innovative germplasm. Genetic diversity, genetic relationships, and population structure were evaluated using fluorescent SSR markers. Additionally, agronomic traits of the Yunrui germplasms were assessed in both plant cane and ratoon cane, and comprehensively evaluated using the DTOPSIS method. The results showed that 66 pairs of SSR primers detected 368 and 355 loci in the commonly used parents and Yunrui germplasm, respectively. The gene diversity indices were 0.6746 and 0.6773, and the average polymorphism information content (PIC) values were 0.6179 and 0.6201, indicating high genetic diversity in both groups. UPGMA clustering classified the 115 accessions into five groups, clearly distinguishing the Yunrui germplasm from the commonly used parents.

本研究由国家重点研发计划项目(2022YFD2301100), 云南种子种业联合实验室项目(202205AR070001-13), 中央引导地方科技发展资金项目(202407AB110007)和云南省野外观测研究站项目(202205AM070001)资助。

This study was supported by the National Key Research and Development Program of China (2022YFD2301100), the Yunnan Seed Laboratory (202205AR070001-13), the Central Government to Guide Local Science and Technology Development Funds (202407AB110007), and the Observation and Research Station of Yunnan Province (202205AM070001).

* 通信作者(Corresponding author): 桃联安, E-mail: taolianan@163.com

第一作者联系方式: E-mail: tianchy89@126.com

Received (收稿日期): 2025-09-30; Accepted (接受日期): 2026-01-22; Published online (网络出版日期): 2026-02-05.

URL: https://link.cnki.net/urlid/11.1809.S.20260205.1633.010

This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

These findings were supported by population structure and principal coordinate analyses, confirming genetic differentiation between the Yunrui germplasm and current parental lines. The DTOPSIS analysis identified 23 Yunrui accessions with superior comprehensive traits. These accessions exhibited promising yield and sugar-related characteristics, suggesting their potential as parents for breeding high-yielding, high-sugar content varieties. This study not only revealed the genetic differentiation between Yunrui innovative germplasm and commonly used parents based on SSR markers, but also demonstrated their breeding potential through comprehensive trait evaluation using the DTOPSIS method. The findings provide valuable parental resources for sugarcane breeding and contribute to broadening the crop's genetic base.

Keywords: sugarcane; fluorescent SSR; genetic diversity; genetic relationship; DTOPSIS method; breeding potential

甘蔗是我国主要糖料作物, 甘蔗糖占食糖总产的 90%以上[1]。目前, 我国甘蔗种质资源保有量位居世界第一, 育成了桂糖 42、柳城 05136、云蔗 08-1609、云蔗 05-51 等“第五代”甘蔗品种[2]。甘蔗自育品种已覆盖全国主要蔗区, 为我国糖业的高质量发展奠定了重要基础。然而, 虽然我国甘蔗种质资源保育量大, 但仍存在鉴定评价滞后、杂交利用不足等问题。此外, 目前我国甘蔗主栽品种主要由少量优良骨干亲本杂交选育而来, 具有同质化高、遗传基础狭窄等不足, 在品种抗逆性和抗病性方面具有潜在威胁[3-4]。因此, 加强种质创新、提高保育资源的开发利用效率是拓宽我国甘蔗遗传基础的重要方法, 同时也是培育新一代突破性品种的有效途径之一。

在甘蔗种质创新中, 种质资源的高效利用离不开对亲本资源遗传多样性和亲缘关系的分析, 这也是育种家在亲本选配中经常考虑的一个重要因素。分子标记是研究作物种质资源遗传多样性的常用技术。其中, 简单重复序列(simple sequence repeat, SSR)标记具有多态性高、共显性遗传、重复性好等特征, 且具有在基因组中分布广泛、数量丰富等优点, 已被广泛应用于各类作物的遗传多样性分析、群体结构分析、指纹图谱及分子身份证构建等多项研究中[5-8]。与传统的聚丙烯酰胺凝胶电泳相比, 荧光毛细管电泳检测具有准确性高、重复性好、检测通量大等优势, 已在玉米[9]、糜子[7,10]、蚕豆[6]、水稻[11]、马铃薯[12]、甜瓜[13]等多种作物中被广泛应用[9]。张慧等[14]利用 21 对 SSR 毛细管电泳引物, 对 229 份甘蔗种质材料进行遗传多样性分析, 并构建指纹图谱, 为甘蔗新品种选育、品种信息查询及种质资源开发利用提供了理论依据。Pan [15]利用荧光 SSR 完成了 1025 份甘蔗种质的基因型分型, 并构建了由 21 对 SSR 标记、144 个特异性位点组成的甘蔗分子身份证。田春艳等[16]利用荧光 SSR 开展了甘蔗野生种割手密杂交 F_1 代真实性鉴定, 并筛选出 6 对在双亲中具有多态性且扩增条带清晰的 SSR 标记, 为割手密杂交后代鉴定提供了可靠的 SSR 标记。Tian 等[17]利用荧光 SSR 构建了 104 份云瑞创新种质亲本的分子身份证, 并进行群体结构和遗传多样性分析, 为云瑞创新种质的杂交利用和植物品种权保护提供了参考依据。

然而, 除遗传多样性和亲缘关系外, 农艺性状综合表现也是育种杂交组合选配中需考虑的重要因素。逼近理想解排序法(dynamic technique for order preference by similarity to ideal solution, DTOPSIS)借助多目标决策的理想解和负理想解排序, 是作物品种综合评价常用的方法, 已在玉米[18-19]、水稻[20]、小麦[21]、棉花[22-23]、草莓[24]等多种作物综合评价上取得了较好的应用效果。在甘蔗中, 苏小茴等[25]利用 DTOPSIS 法对广西 8 个甘蔗新品系进行评价, 筛选出 3 个综合性状表现良好的品系。桃联安等[26-27]应用 DTOPSIS 法对云瑞系列创新种质进行分析评价, 筛选出超过双对照的优良创新材料, 为其进一步的杂交利用和优良品系筛选提供了指导依据, 并表明 DTOPSIS 法评价结果与材料的田间实际表现基本一致。任生林等[28]用 DTOPSIS 法对 13 个甘蔗新品种进行综合评价, 筛选出柳城 1539、中糖 1211 和云蔗 15505 等优良品种, 为新品种的推广应用提供了科学依据。

云瑞甘蔗创新种质基于开发利用本土割手密及新原种的杂交育种理念, 其一是收集云南本土割手密并用于与品种杂交培育改良型种质; 其二是利用云南割手密和野生资源与甘蔗育种史上利用少、新发掘的栽培原种(包括热带种、中国种、印度种和地方种)进行杂交来创制新型的独立亲本系统[3,29]。目前已培育了大批富含多种种质血缘的新型材料, 为拓宽甘蔗遗传基础储备了丰富的种质资源。然而, 前期研究主要集中于云瑞创新种质表型及基本农艺性状方面的鉴定评价[30-33], 缺乏分子遗传多样性及其与现有品种资源亲缘关系方面的研究。因此, 本研究以 61 份目前甘蔗育种常用杂交亲本和 54 份云瑞创新种质 2 种类型资源为研究对象, 利用 66 对荧光 SSR 进行材料的遗传多样性、亲缘关系和群体结

构分析, 并利用DTOPSIS法进一步对云瑞创新种质进行育种潜力的综合评估。旨在全面了解云瑞创新种质与目前常用杂交亲本(国内外栽培种、品系)间的亲缘关系和遗传基础差异, 并筛选综合性状良好的创新种质以供育种利用, 拓宽我国甘蔗亲本的遗传基础。

1　材料与方法

1.1　试验材料及来源

本研究参试材料共 115 份, 可分为甘蔗创新种质和目前常用杂交亲本 2 种类型。其中, 创新种质为本课题组自育的云瑞创新种质, 共 54 份; 常用杂交亲本由国内外品种(系)组成, 共 61 份, 包含国外引进种质 13 份、国内品种(系)48 份(包括云蔗、桂糖、粤糖、新台糖、柳城等系列甘蔗种质)。常用杂交亲本资源由国家甘蔗种质资源圃提供, 云瑞创新种质来源于云南省农业科学院甘蔗研究所瑞丽育种站。各系列材料编号及相关信息见表 1。

表 1　参试材料系列编号及育成单位信息
Table 1　Series number and breeding unit information of materials used in this study

系列名称 Serial name	系列编号 Serial number	育种单位 Breeding institution	数量 Number
CP	CP	美国佛罗里达州运河点甘蔗育种站 Sugarcane Field Station at Canal Point, Florida, USA	6
Co	Co	印度哥印拜陀甘蔗育种研究所 Sugarcane Breeding Institute, Coimbatore, India	4
Q	Q	澳大利亚昆士兰甘蔗试验站 Bureau of Sugarcane Experiment Station, Queensland, Australia	3
粤糖 Yuetang	YT	广东省科学院南繁种业研究所 Institute of Nanfan and Seed Industry, Guangdong Academy of Science, Guangdong, China	8
桂糖 Guitang	GT	广西农业科学院甘蔗研究所 Sugarcane Research Institute of Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Guangxi, China	6
新台糖, 台糖 XTT, F	XTT, F	中国台湾糖业研究所 Taiwan Sugar Research Institute, Taiwan, China	10
川糖 Chuantang	CT	四川省制糖糖料工业研究所 Sichuan Provincial Sugarcane Research Institute, Sichuan, China	2
福农 Funong	FN	福建农林大学国家甘蔗工程技术研究中心 National Engineering Research Center for Sugarcane, Fujian Agriculture and Forestry University, Fujian, China	2
赣蔗/赣南 Ganzhe/Gannan	GZ/GN	江西省甘蔗研究所 Sugarcane Research Institute of Jiangxi province, Jiangxi, China	2
华南 Huanan	HN	华南农业科学研究所 South China Institute of Agricultural Sciences, Guangdong, China	2
内江 Neijiang	NJ	四川省内江市农业科学院 Neijiang Academy of Agricultural Sciences, Sichuan, China	2
崖城 Yacheng	YC	广东省科学院南繁种业研究所海南甘蔗育种场 Hainan Sugarcane Breeding Station, Institute of Nanfan and Seed Industry, Guangdong Academy of Science, Hainan, China	3
柳城 Liucheng	LC	广西柳城县甘蔗研究中心 Liucheng Sugarcane Research Center, Guangxi, China	3
云蔗 Yunzhe	YZ	云南省农业科学院甘蔗研究所 Sugarcane Research Institute of Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Yunnan, China	8
云瑞 Yunrui	YR	云南省农业科学院甘蔗研究所瑞丽育种站 Ruili Breeding Station, Sugarcane Research Institute of Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Yunnan, China	54

1.2 试验方法

1.2.1 基因组DNA提取和毛细管电泳SSR分型

根据文献报道[11,34-36]及前期试验, 筛选出 66 对扩增条带清晰的引物进行本试验研究, 并于引物 5′端标记荧光基团后用于PCR扩增。供试材料基因组DNA提取、PCR反应体系、扩增程序及条带统计方法同前期研究报道一致[17,37]。

1.2.2 遗传多样性及亲缘关系分析 利用PowerMarker V3.0 计算每个SSR标记所检测到的观测等位基因数(observed number of alleles, Na)、基因多样性(gene diversity, H)、观测杂合度(observed heterozy-gosity, Ho)和多态性信息含量(polymorphic information content, PIC)等遗传多样性参数。根据SSR条带统计数据, 利用NTSYSpc version 2.1 计算材料间的遗传距离, 然后利用MEGA X [38]进行UPGMA聚类, 分析材料间的亲缘关系。

1.2.3 群体结构及主坐标分析 利用Structure 2.3.1 [39]进行群体遗传结构分析, 所设定的参数同前期报道一致[17,37]。然后利用CLUMPP2.0 [40]将Structure运行得到的对应K值的多次重复结果进行合并, 得到Q值矩阵, 再应用GraphPad 8.0.2 绘制Q-plot图。利用GenALEx 6.5 软件进行主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)。

1.2.4 云瑞创新种质农艺性状调查及DTOPSIS法综合评价 将参试的54份云瑞创新种质及2个对照品种新台糖 22 号(具有高产高糖、适应性广等特点, 曾连续 15 年作为我国主栽品种, 种植面积占比超85%, 90%以上第四代、第五代甘蔗品种由其杂交培育)和粤糖 93-159 (具有早熟、高糖、工艺性状好等特点, 是我国主栽品种, 在云南省种植面积排行第3)材料种植于云南省农业科学院甘蔗研究所瑞丽育种站试验基地, 每份材料种植 2 行, 行长为 1.5 m, 行距为 1.0 m, 每行 20 芽。于甘蔗成熟期收集新植和第 1 年宿根共 2 年的株高、茎径、有效茎数和锤度等主要数据。调查时每行选择 5 棵具有代表性的植株进行测定, 锤度为当年 11 月份和次年 1 月份各调查 1 次。然后按下列经验公式分别计算单茎重和理论蔗糖分[27,41-42]: 单茎重(kg) = (株高−30) × 0.7854×茎径^2/1000 [27,41], 蔗糖分(%) =锤度(%) × 1.0825−7.703 [41-42]。利用软件DPS19.05对各农艺性状指标进行统计分析, 利用配对t检验进行新植和宿根的差异显著性分析。

参照 DTOPSIS 法[25,27]进行育种潜力的综合评价。以各材料的株高、茎径、有效茎数、11 月份锤度、1 月份锤度、单茎重、理论蔗糖分共 7 个性状为综合评价指标, 各指标测定值为新植和宿根的平均值。具体如下: 首先, 将 7 个性状指标分为正向指标(茎径、有效茎数、11 月份锤度、1 月份锤度、单茎重、蔗糖分)和中性指标(株高, 株高太高容易倒伏, 目标值取中性值) 2 类, 按照公式[27,43]对原始数据进行无量纲化处理, 其中, 蔗糖分为 11 月份和 1 月份的平均蔗糖分。其次, 基于甘蔗亲本创制目标及多年育种实践经验, 对参试材料的 7 个性状指标赋予相应的权重, 依次为株高(0.100)、茎径(0.100)、有效茎数(0.200)、11 月份锤度(0.150)、1 月份锤度(0.150)、单茎重(0.100)、蔗糖分(0.200)。再根据决策矩阵计算公式[27]得到决策矩阵。再次, 根据决策矩阵和正、负理想解计算公式分别得到各性状指标的正、负理想解, 并计算各材料与正理想解的距离 S^+和与负理想解的距离 S^-, 然后根据公式计算得到各材料与理想解的相对接近度 C_i 值。以上涉及的相关计算公式皆参照桃联安等[27]、字秋艳等[43]进行。最后, 根据 DTOPSIS 法评价和排序结果进行分组, 并利用 DPS19.05 单因素方差分析依次进行组间各性状的差异检验并进行 LSD 多重比较, 最后在 GraphPad 8.0.2 中绘制组间的各性状箱线图及差异检验结果, 分析各组材料在各性状上的综合表现, 提出育种利用对策。

2 结果与分析

2.1 引物扩增多态性分析

利用 66 对SSR引物对 115 份参试材料进行PCR扩增(表 2), 共检测到 394 个等位基因, 平均每对引物检测到 5.9697 个等位基因, 基因多样性为 0.6819, 观测杂合度均值为 0.8595, 表明本研究群体材料遗传多样性丰富。66 对引物的多态性信息含量(PIC)均值为 0.6267。根据Botstein等[44]的划分依据: PIC > 0.50 为高度多态性信息引物, PIC < 0.25 为低度多态性信息引物。本研究所选用的SSR引物中无低度多态性信息引物, PIC > 0.50 的引物有 56 对, 占总量的84.85%, SSR标记的多态性较高。

此外, 在 61 份甘蔗亲本资源中检测到的平均等位基因数为 5.5758, 观测杂合度为 0.8629, 高于 54 份云瑞创新种质的 5.3788 和 0.8558, 而基因多样性指数和多态性信息含量均为云瑞创新种质高于杂交亲本资源, 但差异均不大, 表明这 2 类种质资源的遗传多样性水平基本一致。

表 2　66 对引物的扩增多态性
Table 2　Polymorphism indices of the 66 primer pairs

引物 Primer	常用亲本 Commonly used parents				云瑞创新种质 Yunrui innovation germplasm				所有参试种质 All tested germplasm			
	Na	H	Ho	PIC	Na	H	Ho	PIC	Na	H	Ho	PIC
SMC119CG	4	0.6457	0.8689	0.5815	6	0.7452	0.7963	0.7033	6	0.6995	0.8348	0.6485
SMC1604SA	6	0.5652	0.9672	0.4733	5	0.5926	0.9444	0.5195	6	0.5797	0.9565	0.4971
SMC18SA	6	0.7108	0.9836	0.6605	5	0.6943	0.9815	0.6416	6	0.7043	0.9826	0.6526
SMC24DUQ	3	0.5967	1.0000	0.5154	3	0.6248	1.0000	0.5545	3	0.6181	1.0000	0.5452
SMC278CS	9	0.7857	0.8361	0.7614	9	0.8160	0.7963	0.7911	9	0.8080	0.8174	0.7836
SMC31CUQ	10	0.8101	0.9344	0.7896	11	0.8512	0.8333	0.8334	12	0.8417	0.8870	0.8238
SMC334BS	7	0.7408	0.8689	0.7067	6	0.7332	0.9630	0.6882	7	0.7420	0.9130	0.7037
SMC336BS	10	0.8222	0.8689	0.8033	12	0.8568	0.8519	0.8404	12	0.8469	0.8609	0.8297
SMC36BUQ	4	0.6805	0.3443	0.6234	4	0.7359	0.2593	0.6881	4	0.7147	0.3043	0.6643
SMC486CG	4	0.6072	0.7049	0.5580	4	0.5137	0.2963	0.4756	5	0.5799	0.5130	0.5453
SMC569CS	5	0.6982	0.7377	0.6437	4	0.6968	0.4815	0.6386	5	0.7409	0.6174	0.7003
SMC7CUQ	5	0.6251	0.9672	0.5543	4	0.5544	0.9630	0.4582	5	0.5945	0.9652	0.5140
SMC597CS	10	0.7931	0.9508	0.7673	10	0.8078	1.0000	0.7820	11	0.8053	0.9739	0.7811
SMC703BS	7	0.7231	0.9836	0.6737	6	0.6881	1.0000	0.6349	7	0.7148	0.9913	0.6665
SMC851MS	4	0.6809	1.0000	0.6213	4	0.6665	0.9815	0.6003	4	0.6745	0.9913	0.6120
mSSCIR66	5	0.7327	0.7377	0.6871	5	0.7269	0.7037	0.6806	5	0.7366	0.7217	0.6908
mSSCIR3	8	0.7687	0.9672	0.7345	6	0.7828	0.9444	0.7510	8	0.7890	0.9565	0.7609
SMC1751CL	4	0.5844	1.0000	0.4969	5	0.6332	1.0000	0.5618	5	0.6086	1.0000	0.5292
SMC22DUQ	4	0.5314	1.0000	0.4215	6	0.6253	1.0000	0.5584	6	0.5808	1.0000	0.4937
mSSCIR43	6	0.6873	0.9836	0.6338	5	0.7136	0.9259	0.6625	6	0.7047	0.9565	0.6543
mSSCIR74	3	0.5648	1.0000	0.4685	4	0.5842	1.0000	0.4990	4	0.5766	1.0000	0.4847
mSSCIR19	5	0.6651	0.9836	0.6094	5	0.6538	0.9630	0.5898	5	0.6627	0.9739	0.6033
mSSCIR21	9	0.8104	0.9344	0.7909	9	0.8313	0.9815	0.8110	11	0.8248	0.9565	0.8057
mSSCIR26	3	0.5543	0.9672	0.4573	3	0.6248	1.0000	0.5545	3	0.6014	0.9826	0.5239
mSSCIR36	8	0.8048	0.9836	0.7775	6	0.7954	1.0000	0.7640	8	0.8033	0.9913	0.7749
mSSCIR52	7	0.7662	0.9180	0.7296	5	0.7783	0.9815	0.7419	7	0.7814	0.9478	0.7461
mSSCIR56	8	0.8044	0.7377	0.7765	8	0.7838	0.8148	0.7537	8	0.8127	0.7739	0.7863
mSSCIR58	6	0.6307	0.9508	0.5580	5	0.6269	1.0000	0.5548	6	0.6293	0.9739	0.5569
mSSCIR64	11	0.7854	0.9836	0.7680	12	0.7989	1.0000	0.7839	13	0.7944	0.9913	0.7792
SMC219	8	0.7949	0.9508	0.7701	8	0.8158	0.9630	0.7923	8	0.8088	0.9565	0.7856
SMC286CS	8	0.7902	0.8852	0.7606	7	0.8061	0.9074	0.7781	8	0.7989	0.8957	0.7702
SMC640	4	0.6473	0.8525	0.5777	3	0.6188	0.8333	0.5410	4	0.6382	0.8435	0.5640
SMC720	7	0.7944	0.9836	0.7629	6	0.7781	1.0000	0.7414	7	0.7882	0.9913	0.7546
SMC1047	6	0.6692	0.9508	0.6095	7	0.7419	0.9259	0.6993	7	0.7096	0.9391	0.6596
SMC1237	4	0.7223	0.9344	0.6707	4	0.6874	0.9815	0.6229	4	0.7115	0.9565	0.6558
SMC1752	2	0.4988	0.9508	0.3744	3	0.5081	0.9630	0.3881	3	0.5032	0.9565	0.3809
SMC1814LA	7	0.8089	0.9836	0.7816	7	0.8064	1.0000	0.7799	7	0.8153	0.9913	0.7893
SMC1825	6	0.6235	0.8689	0.5761	5	0.6516	0.9444	0.6098	6	0.6397	0.9043	0.5969
SMC2017	5	0.6414	0.6393	0.5776	6	0.7474	0.5556	0.7045	6	0.7049	0.6000	0.6532
ESTA26	6	0.6462	0.9180	0.5826	5	0.5528	0.9630	0.4523	7	0.6058	0.9391	0.5272
ESTA48	6	0.6612	0.9508	0.6069	6	0.6902	1.0000	0.6355	7	0.6764	0.9739	0.6220
ESTA61	7	0.6279	0.9344	0.5611	6	0.7214	0.9630	0.6763	7	0.6782	0.9478	0.6239
ESTB14	5	0.7099	0.9672	0.6567	6	0.7008	0.9815	0.6460	6	0.7060	0.9739	0.6522

(续表 2)

引物 Primer	常用亲本 Commonly used parents				云瑞创新种质 Yunrui innovation germplasm				所有参试种质 All tested germplasm			
	Na	H	Ho	PIC	Na	H	Ho	PIC	Na	H	Ho	PIC
ESTB53	5	0.5911	0.9836	0.5069	5	0.6161	0.9815	0.5415	5	0.6036	0.9826	0.5242
ESTB67	5	0.6698	0.9836	0.6164	5	0.6583	0.9630	0.5953	6	0.6678	0.9739	0.6103
ESTB73	4	0.7010	0.7049	0.6518	4	0.6372	0.8519	0.5675	4	0.6841	0.7739	0.6298
IISR_17b	6	0.7012	0.9672	0.6498	5	0.6694	1.0000	0.6061	7	0.6881	0.9826	0.6321
IISR_76	3	0.4863	0.6066	0.4067	3	0.5123	0.6667	0.4264	3	0.4991	0.6348	0.4163
IISR_111	4	0.6252	0.9672	0.5519	4	0.5873	0.9815	0.5009	4	0.6098	0.9739	0.5314
IISR_139	4	0.7247	0.3115	0.6746	4	0.6578	0.1296	0.5915	4	0.7014	0.2261	0.6470
IISR_141	3	0.5160	0.9836	0.3987	3	0.5173	0.9444	0.4013	3	0.5168	0.9652	0.4000
IISR_146	4	0.6815	0.8852	0.6294	4	0.6397	0.9444	0.5738	4	0.6673	0.9130	0.6108
IISR_176c	4	0.6817	0.7541	0.6188	4	0.6528	0.8519	0.5825	5	0.6708	0.8000	0.6049
IISR_256	7	0.7192	0.9180	0.6804	6	0.7342	0.9815	0.6911	7	0.7294	0.9478	0.6886
IISR_261	4	0.5461	0.9508	0.4430	3	0.5334	0.9815	0.4254	4	0.5406	0.9652	0.4355
IISR_288	3	0.4661	0.5738	0.3839	2	0.4614	0.7222	0.3550	3	0.4652	0.6435	0.3720
IISR_306	5	0.7128	0.9344	0.6625	4	0.7272	0.8333	0.6770	5	0.7244	0.8870	0.6750
IISR_335	4	0.6814	0.6557	0.6159	4	0.6523	0.7593	0.5899	4	0.6853	0.7043	0.6258
FZW1	8	0.6240	0.9180	0.5522	7	0.6819	0.8519	0.6417	8	0.6634	0.8870	0.6095
FZW97	5	0.7142	0.8525	0.6742	5	0.6468	0.9074	0.5947	5	0.6924	0.8783	0.6508
FZW107	6	0.8057	0.7705	0.7766	6	0.8136	0.6296	0.7864	6	0.8134	0.7043	0.7858
FZW122	6	0.7339	0.8197	0.6909	6	0.6998	0.9444	0.6516	7	0.7197	0.8783	0.6748
FZW127	5	0.6756	0.9836	0.6178	5	0.7296	0.8889	0.6826	5	0.7057	0.9391	0.6545
FZW128	3	0.3999	0.1967	0.3637	3	0.4259	0.1111	0.3709	3	0.4142	0.1565	0.3707
FZW202	4	0.5680	0.9344	0.4734	3	0.5091	1.0000	0.3886	4	0.5415	0.9652	0.4360
FZW222	4	0.6880	0.3607	0.6292	4	0.5741	0.1111	0.5003	4	0.6477	0.2435	0.5860
平均 Mean	5.5758	0.6746	0.8629	0.6179	5.3788	0.6773	0.8558	0.6201	5.9697	0.6819	0.8595	0.6267

Na: 观测等位基因; H: 基因多样性; Ho: 观测杂合度; PIC: 多态性信息含量。

Na: observed numbers of alleles; H: gene diversity; Ho: observed heterozygosity; PIC: polymorphic information content.

2.2 亲缘关系分析

基于遗传距离, 利用 UPGMA 法对 115 份参试材料构建聚类图(图 1), 可将 115 份材料划分为 5 个类群(I、II、III、IV 和 V), 每个类群包含的材料数量不同, 但其来源或类型高度一致。其中, 类群 I 数目最少, 仅有 4 份; 类群 II 和类群 III 共包含 54 份, 皆为云瑞系列种质; 类群 IV 有 15 份, 主要是国外种质; 类群 V 有 42 份, 全部是国内种质。该结果表明, 国内种质与国外种质间遗传基础差异较大, 亲缘关系较远, 在聚类图上表现为分别聚在不同类群。54 份云瑞创新种质单独聚为 2 个类群, 表明云瑞创新种质与国外种质、国内栽培品种(系)间亲缘关系相对较远, 在遗传基础上具有一定异质性, 这与云瑞创新种质在创制过程中利用的新原种资源多、野生种血缘丰富有关, 表明甘蔗杂交过程中新资源的引入和应用可拓宽现有的遗传基础, 增强种质间的异质性。

2.3 群体结构分析和二维主坐标分析

利用Structure和Structure Harvester确定群体结构最佳K值。在$K = 2$ 和$K = 4$ 时, ΔK出现显著峰(图 2-A)。因此, 可将 115 份参试材料分为 2 个群体(命名为POP1 和POP2)或 4 个亚群(分别命名为 SP1、SP2、SP3、SP4)。当$K = 2$ 时, POP1 包含 53 份材料(图 2-B, C), 其中, 国内种质 39 份, 国外种质 9 份, 云瑞创新种质 5 份; POP2 包含 62 份材料, 包括国内种质 9 份, 国外种质 4 份, 其余 49 份为云瑞创新种质。当$K = 4$ 时, SP1 包含 25 份材料, 主要为国内种质, 国外种质有 6 份; SP2 包含 16 份材料, 其中, 15 份为云瑞创新种质; SP3 包含 51 份材料, 其中, 35 份为云瑞创新种质; SP4 包含 23 份材料, 皆是国内种质资源。



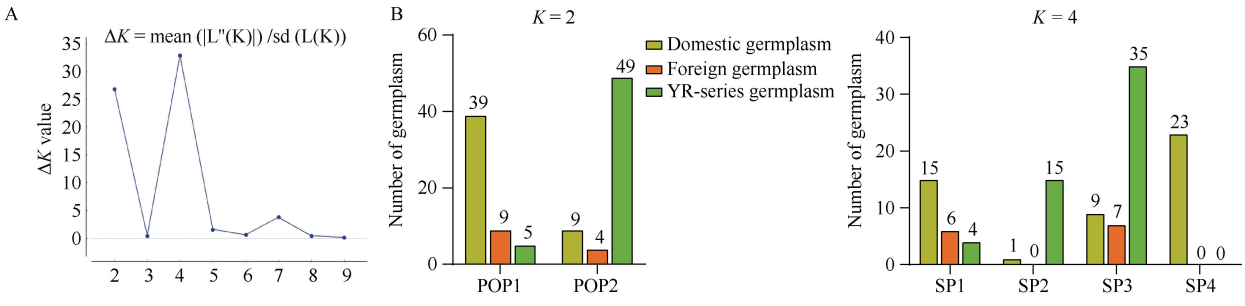
图 1　基于遗传距离的 115 份甘蔗种质的 UPGMA 聚类图

Fig. 1　UPGMA cluster analysis of 115 sugarcane accessions based on genetic distance

YR: 云瑞; YZ: 云蔗; GT: 桂糖; YT: 粤糖; LC: 柳城; YC: 崖城; FN: 福农; CT: 川糖; GZ: 赣蔗; GN: 赣南; HN: 华南; NJ: 内江。XTT 和 F 系列来源于中国台湾。CP、Co、Q 分别为从美国、印度和澳大利亚引进的系列种质。

YR: Yunrui; YZ: Yunzhe; GT: Guitang; YT: Yuetang; LC: Liucheng; YC: Yacheng; FN: Funong; CT: Chuantang; GZ: Ganzhe; GN: Gannan; HN: Huanan; NJ: Neijiang. The XTT and F series are derived from Taiwan, China. The CP, Co, and Q series are introduced germplasms from USA, India, and Australia, respectively.

为进一步掌握亚群间的遗传差异, 进行了二维主坐标分析(图 3), 结果与群体结构分析结果基本一致。图中样本间的距离可反映种质间的亲缘关系, 从图中可以看出, 划分为POP1 和POP2 2 个亚群(K = 2)时, 大部分云瑞创新种质(POP2)可与国内、外种质(POP1)区分开, 仅有少数重叠; 当划分为 4 个亚群(K = 4)时, 亚群间也仅有少部分种质重叠, 进一步反映了本研究选用的SSR标记遗传多态性丰富, 对试验材料分辨率高。同时也可看出部分种质遗传组成复杂, 落在亚群的重叠区域, 这些种质可能是由多个种质经多次杂交而来。



(图 2)

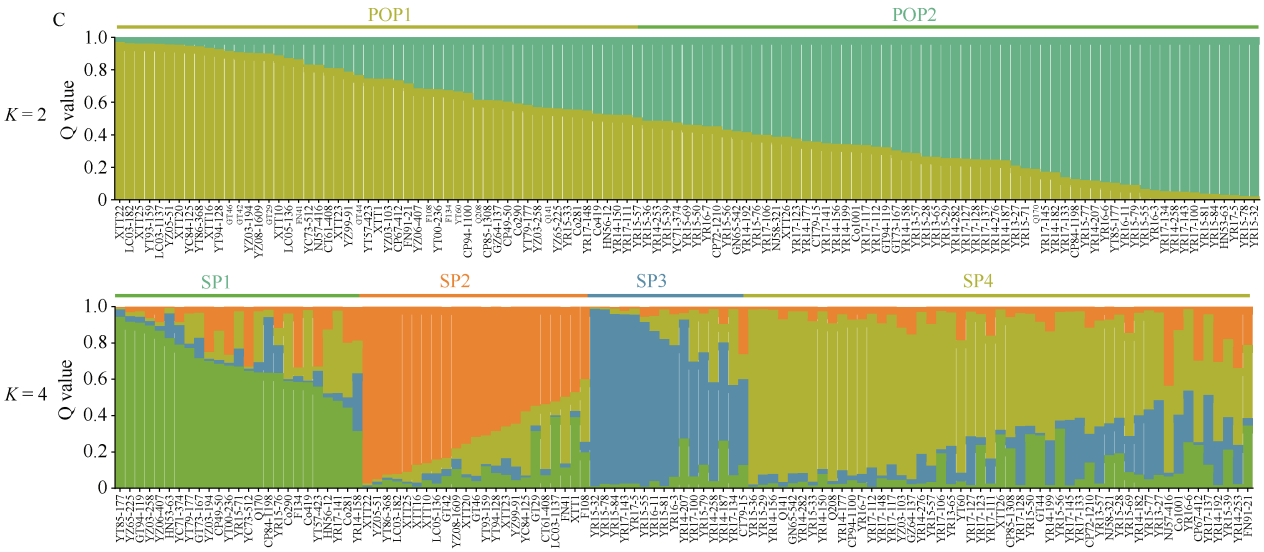


图 2 115 份甘蔗种质资源的群体结构

Fig. 2 Population structure of 115 sugarcane germplasm materials

A: Δ*K* 值随 *K* 值变化的折线图; B: 各个群体中不同类型种质的数量; C: 115 份甘蔗种质材料的群体结构。缩写同图 1。POP1: 群体 1; POP2: 群体 2; SP1: 亚群 1; SP2: 亚群 2; SP3: 亚群 3; SP4: 亚群 4。

A: chart of Δ*K* changing with *K* value; B: number of different types of germplasm in each population; C: population structure of the 115 sugarcane genotypes. Abbreviations are the same as those given in Fig. 1. POP1: population 1; POP2: population 2; SP1: sub-population 1; SP2: sub-population 2; SP3: sub-population 3; SP4: sub-population 4.

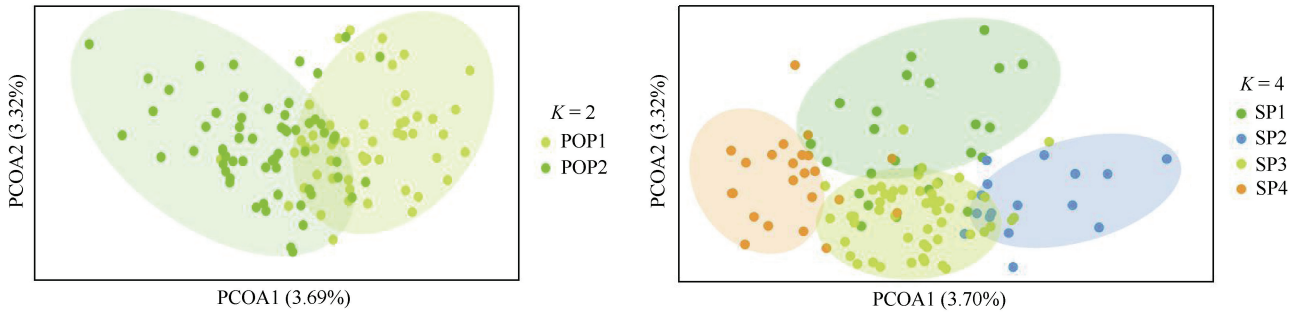


图 3 115 份甘蔗种质资源的主坐标分析

Fig. 3 Principal coordinates analysis of 115 sugarcane germplasm materials

缩写同图 2。Abbreviations are the same as those given in Fig. 2.

2.4 云瑞创新种质新植和宿根的表型变异

遗传多样性和群体结构分析结果表明, 云瑞创新种质与目前甘蔗常用杂交亲本资源间具有一定的遗传差异。然而, 除遗传多样性外, 产量、蔗糖分、宿根性等性状也是甘蔗杂交组合亲本选配要考虑的因素。本研究中 54 份云瑞创新种质新植和第一年宿根的产量和糖分等相关农艺性状分析结果(表 3)表明, 新植蔗 7 个性状的变异系数范围为 11.60%~36.46%, 其中, 变异系数最小的是株高, 最大的是有效茎数。第一年宿根蔗的变异系数范围为 11.51%~62.66%, 其中, 变异系数最小的是 1 月份锤度, 最大的是有效茎数。株高、单茎重、茎径和 1 月份锤度 4 个性状在新植和第一年宿根间差异显著, 且株高、茎径、有效茎、单茎重等与产量相关的性状表现为新植蔗高于第一年宿根蔗, 而蔗糖分相关性状则表现为第一年宿根蔗高于新植蔗。

2.5 云瑞创新种质 DTOPSIS 综合评价

根据 54 份云瑞创新种质新植和第 1 年宿根的各性状测定值和DTOPSIS法相关公式, 计算得到决策矩阵(表 4), 进一步根据决策矩阵和正、负理想解计算公式分别得到各性状指标的正、负理想解, 并计算各材料与正理想解的距离S^+和与负理想解的距离S^-, 最后根据公式计算得到各材料与理想解的相对接近度C_i值(表 5)。结果C_i值大于对照XTT22 的有 12 份材料(表 5 和图 4), 包括YR16-3、YR15-29、

表 3　54 份云瑞创新种质 7 个农艺性状调查数据及新植和宿根变异分析

Table 3　Variation analysis of seven agronomic traits between plant cane and ratoon cane in 54 Yunrui innovation germplasms

性状 Trait	作物类型 Crop type	平均值±标准差 Mean±SD	最大值 Maximum	最小值 Minimum	变异系数 CV (%)	*t* 值 *t* value	*P* 值 *P* value
株高 PH	新植 Plant	299.67±34.76	355.40	192.00	11.60	3.203	0.002**
	第一年宿根 Ratoon 1st	283.44±45.43	377.20	135.00	16.03		
茎径 SD	新植 Plant	2.41±0.44	3.70	1.54	18.17	2.215	0.031*
	第一年宿根 Ratoon 1st	2.31±0.35	3.47	1.58	15.00		
有效茎数 MS	新植 Plant	20.82±7.59	39.00	8.00	36.46	1.319	0.193
	第一年宿根 Ratoon 1st	19.29±12.08	58.00	2.00	62.66		
11 月份锤度 Brix_Nov.	新植 Plant	15.68±2.57	21.50	10.90	16.39	–0.725	0.471
	第一年宿根 Ratoon 1st	15.94±2.81	21.87	11.03	17.61		
1 月份锤度 Brix_Jan.	新植 Plant	18.93±2.46	24.37	12.80	13.00	–2.496	0.016*
	第一年宿根 Ratoon 1st	19.77±2.28	24.63	14.00	11.51		
单茎重 SSW	新植 Plant	1.24±0.41	2.74	0.47	32.73	3.295	0.002**
	第一年宿根 Ratoon 1st	1.07±0.33	2.18	0.56	30.99		
理论蔗糖分 TSC	新植 Plant	11.03±2.46	16.06	6.08	22.30	–1.926	0.059
	第一年宿根 Ratoon 1st	11.62±2.49	16.98	5.85	21.42		

*和**分别表示在 0.05 和 0.01 概率水平相关性显著。

PH: plant height; SD: stem diameter; MS: millable stalks; Brix_Nov.: brix in November; Brix_Jan.: brix in next January; SSW: single stalk weight; TSC: theoretic sucrose content. * and ** indicate significant correlation at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

表 4　DTOPSIS 法决策矩阵

Table 4　Decision matrix of the DTOPSIS method

材料名称 Material name	株高 PH	茎径 SD	有效茎数 MS	11 月份锤度 Brix_Nov.	1 月份锤度 Brix_Jan.	单茎重 SSW	理论蔗糖分 TSC
YR13-27	0.096	0.077	0.043	0.130	0.125	0.056	0.158
YR13-57	0.095	0.083	0.083	0.107	0.123	0.064	0.135
YR13-65	0.099	0.099	0.055	0.113	0.110	0.096	0.127
YR14-150	0.090	0.083	0.099	0.128	0.131	0.060	0.163
YR14-156	0.088	0.082	0.088	0.113	0.137	0.076	0.155
YR14-158	0.099	0.083	0.055	0.118	0.130	0.067	0.152
YR14-177	0.085	0.065	0.059	0.136	0.131	0.049	0.170
YR14-182	0.091	0.054	0.103	0.110	0.118	0.032	0.133
YR14-187	0.083	0.079	0.032	0.116	0.122	0.047	0.142
YR14-192	0.083	0.081	0.093	0.110	0.138	0.078	0.153
YR14-199	0.092	0.066	0.086	0.124	0.141	0.047	0.170
YR14-207	0.084	0.068	0.080	0.150	0.147	0.056	0.200
YR14-253	0.084	0.053	0.105	0.137	0.150	0.033	0.191
YR14-258	0.079	0.058	0.101	0.108	0.127	0.043	0.140
YR14-276	0.092	0.062	0.103	0.108	0.116	0.041	0.129
YR14-282	0.100	0.069	0.048	0.111	0.116	0.047	0.131
YR15-28	0.083	0.058	0.145	0.119	0.136	0.040	0.159
YR15-29	0.074	0.066	0.164	0.088	0.106	0.060	0.099
YR15-32	0.099	0.069	0.143	0.110	0.115	0.047	0.129
YR15-33	0.086	0.065	0.051	0.100	0.126	0.049	0.131
YR15-36	0.087	0.065	0.122	0.125	0.127	0.049	0.156
YR15-39	0.086	0.069	0.101	0.116	0.126	0.056	0.147
YR15-50	0.088	0.065	0.093	0.086	0.118	0.048	0.110

(续表 4)

材料名称 Material name	株高 PH	茎径 SD	有效茎数 MS	11 月份锤度 Brix_Nov.	1 月份锤度 Brix_Jan.	单茎重 SSW	理论蔗糖分 TSC
YR15-55	0.080	0.076	0.095	0.091	0.119	0.072	0.116
YR15-56	0.087	0.080	0.099	0.122	0.127	0.074	0.153
YR15-57	0.100	0.070	0.040	0.085	0.138	0.049	0.130
YR15-69	0.092	0.054	0.152	0.089	0.114	0.031	0.109
YR15-71	0.083	0.072	0.069	0.116	0.135	0.064	0.156
YR15-76	0.097	0.062	0.065	0.078	0.090	0.038	0.074
YR15-77	0.094	0.065	0.078	0.101	0.111	0.044	0.116
YR15-78	0.081	0.063	0.141	0.115	0.131	0.049	0.151
YR15-79	0.081	0.062	0.120	0.110	0.126	0.048	0.141
YR15-81	0.081	0.068	0.086	0.097	0.105	0.058	0.107
YR15-84	0.082	0.068	0.095	0.120	0.127	0.057	0.152
YR16-3	0.082	0.062	0.200	0.101	0.131	0.048	0.138
YR16-6	0.084	0.053	0.192	0.093	0.123	0.033	0.122
YR16-7	0.088	0.080	0.061	0.119	0.130	0.053	0.154
YR16-11	0.078	0.075	0.103	0.114	0.126	0.072	0.145
YR17-5	0.079	0.088	0.027	0.085	0.103	0.054	0.093
YR17-100	0.088	0.070	0.067	0.085	0.100	0.055	0.090
YR17-106	0.095	0.087	0.051	0.105	0.121	0.079	0.131
YR17-111	0.090	0.064	0.086	0.130	0.122	0.045	0.155
YR17-112	0.099	0.083	0.029	0.099	0.126	0.068	0.131
YR17-117	0.095	0.069	0.067	0.091	0.115	0.049	0.111
YR17-123	0.091	0.075	0.076	0.124	0.137	0.061	0.165
YR17-127	0.088	0.069	0.044	0.097	0.111	0.040	0.114
YR17-128	0.098	0.064	0.036	0.104	0.112	0.042	0.121
YR17-133	0.097	0.070	0.080	0.086	0.118	0.050	0.109
YR17-134	0.091	0.065	0.046	0.119	0.126	0.037	0.149
YR17-137	0.093	0.087	0.044	0.109	0.132	0.068	0.146
YR17-141	0.096	0.081	0.061	0.099	0.118	0.061	0.123
YR17-143	0.097	0.099	0.080	0.101	0.109	0.100	0.115
YR17-145	0.098	0.075	0.072	0.087	0.095	0.057	0.087
YR17-148	0.092	0.064	0.082	0.108	0.110	0.044	0.123
XTT22	0.090	0.082	0.070	0.138	0.140	0.074	0.182
YT93-159	0.088	0.083	0.061	0.139	0.146	0.058	0.189

缩写同表 3。Abbreviations are the same as those given in Table 3.

表 5 DTOPSIS 法评价结果

Table 5 Evaluation results by the DTOPSIS method

材料 Material	S^-	S^+	C_i	理论蔗糖分 TSC (%)	材料 Material	S^-	S^+	C_i	理论蔗糖分 TSC (%)
YR13-27	0.173	0.113	0.078	15.81	YR15-71	0.151	0.115	0.331	15.55
YR13-57	0.149	0.105	0.433	13.50	YR15-76	0.219	0.046	0.018	7.42
YR13-65	0.171	0.111	0.428	12.75	YR15-77	0.174	0.077	0.095	11.62
YR14-150	0.120	0.139	0.695	16.32	YR15-78	0.109	0.149	0.803	15.05
YR14-156	0.131	0.129	0.779	15.52	YR15-79	0.129	0.125	0.552	14.08
YR14-158	0.162	0.113	0.206	15.21	YR15-81	0.172	0.078	0.245	10.67

(续表 5)

材料 Material	S^-	S^+	C_i	理论蔗糖分 TSC (%)	材料 Material	S^-	S^+	C_i	理论蔗糖分 TSC (%)
YR14-177	0.159	0.126	0.127	17.04	YR15-84	0.134	0.121	0.513	15.19
YR14-182	0.152	0.106	0.122	13.34	YR16-3	0.105	0.191	0.946	13.77
YR14-187	0.193	0.090	0.023	14.20	YR16-6	0.130	0.175	0.600	12.20
YR14-192	0.129	0.129	0.838	15.26	YR16-7	0.160	0.110	0.139	15.39
YR14-199	0.136	0.135	0.319	17.02	YR16-11	0.127	0.124	0.837	14.46
YR14-207	0.133	0.167	0.511	20.00	YR17-5	0.224	0.049	0.017	9.32
YR14-253	0.127	0.163	0.274	19.06	YR17-100	0.198	0.056	0.079	9.04
YR14-258	0.145	0.111	0.258	14.05	YR17-106	0.175	0.097	0.212	13.11
YR14-276	0.149	0.104	0.219	12.90	YR17-111	0.143	0.120	0.239	15.53
YR14-282	0.185	0.081	0.039	13.13	YR17-112	0.196	0.089	0.047	13.06
YR15-28	0.107	0.158	0.663	15.95	YR17-117	0.184	0.069	0.077	11.12
YR15-29	0.144	0.144	0.880	9.87	YR17-123	0.140	0.129	0.420	16.51
YR15-32	0.122	0.138	0.682	12.89	YR17-127	0.201	0.057	0.012	11.39
YR15-33	0.185	0.079	0.040	13.14	YR17-128	0.204	0.065	0.013	12.06
YR15-36	0.115	0.141	0.664	15.60	YR17-133	0.177	0.078	0.133	10.94
YR15-39	0.132	0.120	0.549	14.69	YR17-134	0.181	0.097	0.026	14.92
YR15-50	0.169	0.084	0.190	11.02	YR17-137	0.175	0.105	0.115	14.60
YR15-55	0.156	0.097	0.603	11.58	YR17-141	0.175	0.083	0.141	12.25
YR15-56	0.122	0.132	0.856	15.35	YR17-143	0.161	0.113	0.789	11.46
YR15-57	0.196	0.083	0.031	13.00	YR17-145	0.197	0.063	0.107	8.68
YR15-69	0.150	0.133	0.260	10.86	YR17-148	0.166	0.086	0.126	12.31
XTT22	0.136	0.150	0.617	18.23	YT93-159	0.148	0.152	0.275	18.92

S^-: 各材料与负理想解的距离; S^+: 各材料与正理想解的距离; C_i: 各材料理想解的相对接近度。

S^-: distance from the negative ideal solution; S^+: distances from the positive ideal solution; C_i: relative closeness to the ideal solution; TSC: theoretic sucrose content.

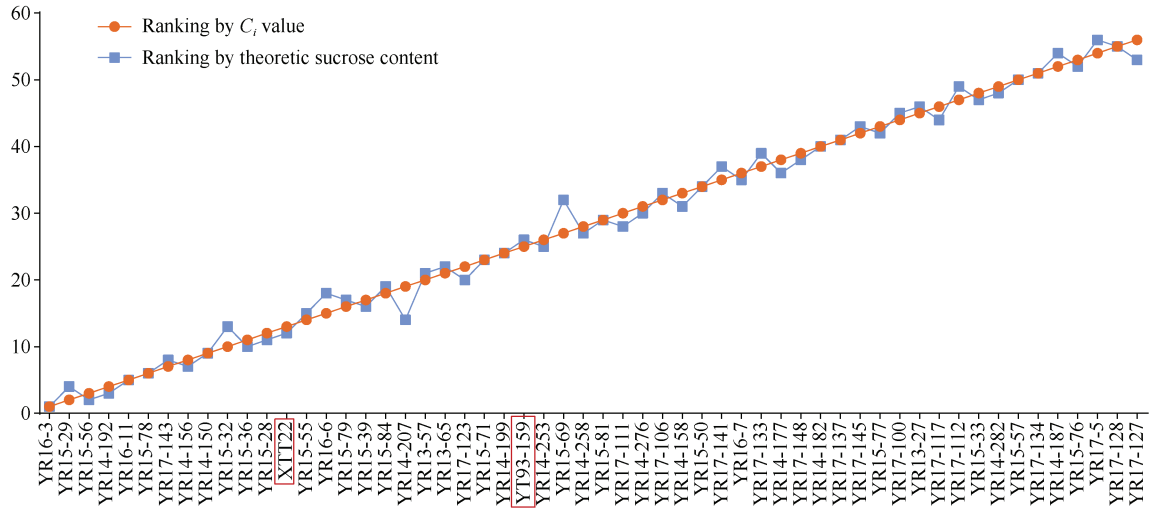


图 4　云瑞创新种质综合评价结果排序

Fig. 4　Ranking of comprehensive performance based on C_i value of DTOPSIS method and theoretical sucrose content

红色方框内为对照品种。The red box indicates the control variety.

YR15-56、YR14-192、YR16-11、YR15-78、YR17-143、YR14-156、YR14-150、YR15-32、YR15-36 和 YR15-28。C_i 值介于对照品种 XTT22 和 YT93-159 间的有 YR15-55、YR16-6、YR15-79、YR15-39、

YR15-84、YR14-207、YR13-57、YR13-65、YR17-123、YR15-71 和 YR14-199 共 11 份材料。C_i 值小于 YT93-159 的有 31 份材料，这些材料可直接淘汰或进一步杂交升级聚合更多优异基因。

2.6 3 个组的农艺性状差异分析

为比较不同 C_i 值范围内种质群体的农艺性状差异，进一步根据 C_i 值排序将 54 份云瑞创新种质及 2 份对照材料共分为 3 组(分别命名为 group1、group2 和 group3)，其中，group1 包含 C_i 值高于对照 XTT22 的材料 12 份及 XTT22，共 13 份；group2 包含 C_i 值介于 XTT22 和 YT93-159 的材料 11 份及 YT93-159，共 12 份；group3 为 C_i 值低于对照 YT93-159 的材料，共 31 份。从 3 个组的农艺性状箱线图(图 5)结果可以看出，group1 和 group2 2 个组的材料在株高、有效茎数、单茎重、锤度和理论蔗糖分性状方面均与 group3 材料具有显著差异，这些种质可在甘蔗育种中作为高产、高糖亲本选择性利用。其中，group1 材料还在有效茎数方面表现优于 group2。而 group3 的材料综合表现较差，可直接淘汰或进一步杂交改良后进行育种利用。

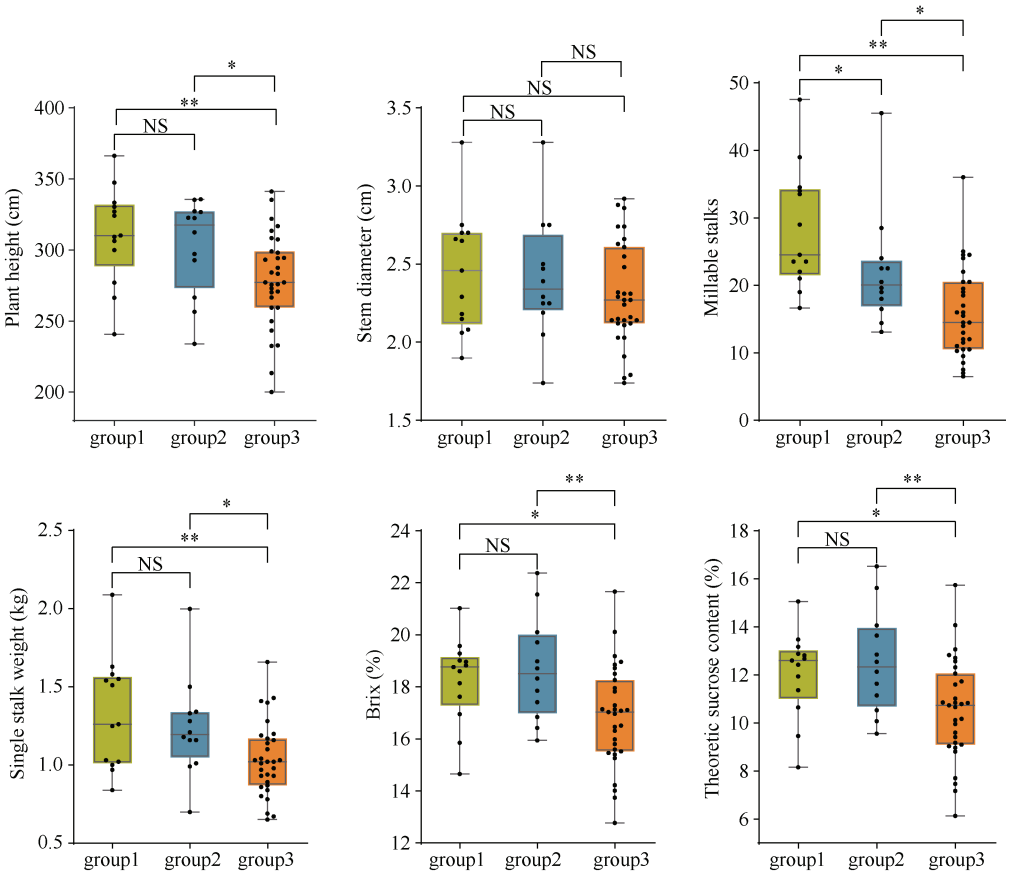


图 5 云瑞创新种质 3 个组材料的农艺性状箱线图及组间差异分析

Fig. 5 Box plots and inter-group difference analysis of agronomic traits in three Yunrui germplasm groups

株高、茎径、有效茎数、单茎重和理论蔗糖分测定值为各材料新植和宿根的测定平均值。锤度测定值为新植和宿根 11 月份锤度和 1 月份锤度的测定平均值。LSD 检验显著性; NS: 无显著差异; *和**分别表示在 LSD 检验下 0.05 和 0.01 概率水平的显著性。

Plant height, stem diameter, millable stalks, single stalk weight, and theoretic sucrose content are shown as averages of both plant and ratoon cane. Brix values are the average of measurements taken in November and the following January for both plant and ratoon cane. Significance is based on LSD; NS: no significant difference; * and ** indicate significance at the 0.05 and 0.01 levels, respectively.

3 讨论

亲本是作物杂交育种的物质基础，其遗传多样性是优异基因挖掘、种质创新和育种改良的重要保障[7]。现代甘蔗栽培品种主要由热带种和割手密通过种间杂交而来。在甘蔗育种历程中，由于少数优良亲本的反复杂交利用，导致目前品种遗传背景单一、血缘网络化严重、在生物胁迫方面抗性不足[3]。本研究所选用的云瑞创新种质主要以发掘利用甘蔗属(热带种、印度种、中国种、割手密、大茎野生种)资源，通过 2 个种间杂交获得F_1，再通过$F_1\times F_1$ 获得 F_2、$F_2\times F_2$ 获得F_3，以此杂交方式快速获得含有多个

种血缘的新型种质, 拓展甘蔗杂交亲本遗传背景。因此, 全面分析这些创新种质与目前常用亲本资源间的亲缘关系和遗传组成差异, 并评价其育种利用潜力至关重要。

本研究利用 66 对SSR标记开展了 54 份云瑞创新种质和 61 份目前常用甘蔗亲本种质共 115 份材料的遗传多样性、亲缘关系和群体结构分析。结果发现, 66 对SSR标记共检测到等位位点 394 个, 平均PIC值为 0.6267, 仅有 10 个标记的PIC值小于 0.50, 说明所选用的标记多态性较高, 可有效评估参试材料的遗传多样性[6]。根据常用甘蔗亲本群体(61 份)和云瑞创新种质群体(54 份)的PIC、基因多样性指数和观测杂合度等遗传参数可以看出, 2 类种质群体均具有丰富的遗传多样性, 且 2 类种质群体间的遗传多样性水平基本一致。

为进一步掌握云瑞创新种质与目前常用亲本资源间的亲缘关系和遗传背景差异, 本研究通过聚类分析、群体结构分析和主坐标分析对参试材料进行了全面解析。聚类分析将 115 份参试材料分为 5 个类群(图 1), 其中, 类群 II 和类群 III 全部为云瑞创新种质, 能与其他类群区分开, 初步表明, 云瑞创新种质与目前甘蔗常用杂交亲本间存在较大遗传差异, 说明利用甘蔗属的新种质进行种间杂交, 并通过 $F_1\times F_1$、$F_2\times F_2$ 的杂交方式快速聚合多种质血缘以扩宽现有甘蔗种质资源的遗传基础是可行的。同时发现了相同来源的材料基本聚在同一分枝, 仅有少部分来源不同的种质聚在相同分枝的情况, 说明各育种单位在杂交组合选配上具有一定的偏好性, 创制的材料间亲缘关系更近。但优异亲本资源有限, 各育种单位的杂交组合选配主要依赖于少数骨干亲本, 这导致了育成的甘蔗种质在遗传背景上交叉重叠[10,36]。群体结构分析将 115 份参试材料划分为 2 个亚群(K = 2, POP1 和 POP2)或 4 个亚群(K = 4, SP1、SP2、SP3 和 SP4), 同时进行了主坐标分析, 2 种分析方法均发现绝大多数云瑞创新种质能明显与国内外甘蔗种质区分开, 说明遗传差异较大; 有少数种质混杂分布在其他亚群中, 这些种质可能与其他亚群含有部分共同的遗传基础。以上 3 种不同的分析方法获得的结果基本一致, 说明本研究所选用的 SSR 标记及数量比较合理, 研究结果可靠。

然而, 作为亲本资源, 除具备丰富的遗传多样性外, 还要具有良好的育种综合性状。甘蔗品种包含多个性状, 多个性状间没有统一度量, 且有的性状间呈负相关[45]。因此, 在实际育种中难以找到各个性状均达到理想目标的品种, 需要根据具体育种目标进行综合评价。DTOPSIS 法可以综合多性状对参试材料进行评价, 所包含的性状指标多、信息丰富, 结果更加客观[46]。本研究通过 DTOPSIS 法综合评价, 从 54 份云瑞创新种质中筛选出 C_i 值大于对照 XTT22 的 YR16-3、YR15-29、YR15-56、YR14-192、YR16-11 等优异种质 12 份(group1), 这些材料在有效茎数性状上表现优异(图 5), 可在育种中作为甘蔗高产亲本利用。此外, 筛选出 C_i 值介于对照品种 XTT22 和 YT93-159 间的种质 11 份(group2), 如 YR15-55、YR16-6、YR15-79、YR15-39、YR15-84 等, 这些材料与 group1 的材料间除有效茎数外, 其余性状无显著差异, 也可作为育种中的优良亲本资源。而对于 C_i 值小于 YT93-159 的材料(group3), 可直接淘汰或杂交升级后利用。另外, 本研究对云瑞创新种质和对照品种(XTT22、YT93-159)的产量和蔗糖分相关的主要农艺性状进行了综合分析, 云瑞创新种质表现出了较好的优势。但由于本研究参试材料来源于甘蔗属原种的杂交后代且杂交世代不高, 所以选择的对照品种非目前应用最多的“第五代”品种, 这可能导致筛选出的优良种质与“第五代”品种相比在产量、糖分等方面还有一定的差距, 因此, 在后续利用这些种质进行杂交获得的后代评价过程中, 应选择更高产、更高糖的新品种作为对照。同时, 作为创新亲本, 云瑞创新种质野生血缘含量和纤维分含量较高, 一些不良性状还有待进一步改良。在杂交利用过程中还应考虑其开花习性、花期、脱叶性、抗病性、宿根性等与甘蔗生产经济效益密切相关的性状, 以培育具有突出综合性状表现的优良品种。

4　结论

基于 66 对 SSR 引物的遗传多样性分析表明, 本研究选用的 SSR 标记多态性高, 参试的云瑞创新种质和目前常用亲本资源皆具有丰富的遗传多样性。亲缘关系分析、群体结构分析和主坐标分析明确了云瑞创新种质与目前常用亲本亲缘关系较远, 具有遗传组成差异。同时, 通过 DTOPSIS 法初步筛选出 23 份优异的云瑞创新种质, 其在产量和蔗糖分性状上表现良好, 可在甘蔗育种中作为高产、高糖亲本利用。研究结果为云瑞创新种质的育种利用提供了参考依据, 对拓展我国甘蔗种质遗传基础具有重要意义。

References

[1] 胡朝晖, 潘永保, WERAPON Ponragdee. 蔗糖主产国甘蔗单产及产糖率改良进展. 中国糖料, 2021, 43(4): 75–80.
Hu Z H, Pan Y B, Ponragdee W. Improvement of cane yield and cane sugar recovery in main cane sugar producing countries. Sugar Crops China, 2021, 43(4): 75–80 (in Chinese with English abstract).

[2] Li A M, Wu Q B, Yang S L, et al. Dissection of genetic architecture for desirable traits in sugarcane by integrated transcriptomics and metabolomics. Int J Biol Macromol, 2024, 280: 136009.

[3] 吴才文. 云南对等杂交培育甘蔗新型独立亲本系统进展. 中国糖料, 2021, 43(3): 28–33.
Wu C W. Advances in breeding new independent parents of sugarcane by the peer to peer hybridization in Yunnan. Sugar Crops China, 2021, 43(3): 28–33 (in Chinese with English abstract).

[4] Zan F G, Zhang Y B, Wu Z D, et al. Genetic analysis of agronomic traits in elite sugarcane (*Saccharum* spp.) germplasm. PLoS One, 2020, 15: e0233752.

[5] 赵凌平, 刘佳皓, 杨智博, 等. 基于SSR标记的67个苜蓿品种遗传多样性及群体结构分析. 中国草地学报, 2025, 47(3): 74–81.
Zhao L P, Liu J H, Yang Z B, et al. Genetic diversity and population structure analysis of 67 alfalfa cultivars based on SSR markers. Chin J Grassland, 2025, 47(3): 74–81 (in Chinese with English abstract).

[6] 郑栋, 周仙莉, 滕长才, 等. 基于 SSR 标记的青海蚕豆品种亲缘关系分析与指纹图谱构建. 作物学报, 2025, 51: 79–90.
Zheng D, Zhou X L, Teng C C, et al. Genetic relationship analysis and fingerprints construction of faba bean varieties in Qinghai province based on SSR markers. Acta Agron Sin, 2025, 51: 79–90 (in Chinese with English abstract).

[7] 薛亚鹏, 丁艺冰, 王宇卓, 等. 基于荧光 SSR 构建中国糜子核心种质 DNA 分子身份证. 中国农业科学, 2023, 56: 2249–2261.
Xue Y P, Ding Y B, Wang Y Z, et al. Construction of DNA molecular identity card of core germplasm of broomcorn millet in China based on fluorescence SSR. Sci Agric Sin, 2023, 56: 2249–2261 (in Chinese with English abstract).

[8] 段永红, 杨欣, 于冠群, 等. 125份马铃薯种质资源遗传多样性及主成分分析. 生物技术通报, 2025, 41(6): 130–143.
Duan Y H, Yang X, Yu G Q, et al. Genetic diversity and principal component analysis of 125 potato germplasm resources. Biotechnol Bull, 2025, 41(6): 130–143 (in Chinese with English abstract).

[9] 刘晓鑫, 谢传晓, 赵琦, 等. 基于 SSR 荧光标记技术的玉米群体混合样本基因频率分析方法. 中国农业科学, 2008, 41: 3991–3998.
Liu X X, Xie C X, Zhao Q, et al. Establishment of fluorescent SSR technique on detecting allelic frequency in maize (*Zea mays* L.) populations with bulk sampling strategy. Sci Agric Sin, 2008, 41: 3991–3998 (in Chinese with English abstract).

[10] 曹越, 张立媛, 辛旭霞, 等. 基于荧光 SSR 的宁夏糜子 DNA 分子身份证的构建. 作物学报, 2024, 50: 2699–2711.
Cao Y, Zhang L Y, Xin X X, et al. Construction of DNA molecular identity card of proso millet in Ningxia based on fluorescent SSR. Acta Agron Sin, 2024, 50: 2699–2711 (in Chinese with English abstract).

[11] 许学, 张绘蕊, 潘伟芹, 等. 水稻两系不育系遗传多样性分析及分子身份证构建. 杂交水稻, 2025, 40(3): 11–19.
Xu X, Zhang H R, Pan W Q, et al. Genetic diversity analysis and molecular identity construction of two-line male sterile lines in rice. Hybrid Rice, 2025, 40(3): 11–19 (in Chinese with English abstract).

[12] 毛向红, 卢瑶, 范向斌, 等. 基于 SSR 荧光标记毛细管电泳的马铃薯品种遗传多样性分析及分子身份证构建. 生物技术通报, 2024, 40(9): 131–140.
Mao X H, Lu Y, Fan X B, et al. Genetic diversity analysis of potato varieties based on SSR fluorescent marker capillary electrophoresis and construction of molecular identity card. Biotechnol Bull, 2024, 40(9): 131–140 (in Chinese with English abstract).

[13] 李超, 杨英, 郑贺云, 等. 基于 SSR 荧光标记分析新疆甜瓜种质资源遗传多样性与群体结构. 新疆农业科学, 2024, 61: 2614–2625.
Li C, Yang Y, Zheng H Y, et al. Genetic diversity and population structure analysis of melon germplasm resources in Xinjiang based on SSR fluorescence markers. Xinjiang Agric Sci, 2024, 61: 2614–2625 (in Chinese with English abstract).

[14] 张慧, 刘严明, 林萍萍, 等. 基于 SSR 标记的甘蔗指纹图谱构建及遗传多样性分析. 分子植物育种, 2026, 24: 1137–1145.
Zhang H, Liu Y M, Lin P P, et al. Construction of SSR fingerprinting database and genetic diversity analysis of sugarcane germplasm. Mol Plant Breed, 2026, 24: 1137–1145 (in Chinese with English abstract).

[15] Pan Y B. Databasing molecular identities of sugarcane (*Saccharum* spp.) clones constructed with microsatellite (SSR) DNA markers. Am J Plant Sci, 2010, 1: 87–94.

[16] 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: 2021–2029.
Tian C Y, Bian X, Dong L H, et al. Identification and genetic analysis of F_1 hybrids from wild *Saccharum spontaneum* L. of sugarcane using SSR markers. Chin J Trop Crops, 2022, 43: 2021–2029 (in Chinese with English abstract).

[17] Tian C Y, Zhu J R, Pan Y B, et al. SSR-based molecular identification and population structure analysis for the Yunrui-series sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) genotypes. Sugar Tech, 2022, 24: 1391–1403.

[18] 齐建双, 夏来坤, 黄保, 等. 基于熵权的DTOPSIS法和灰色局势决策法在玉米品种区域试验中的应用探讨. 作物杂志, 2021(1): 60–67.
Qi J S, Xia L K, Huang B, et al. Discussion on the application in the regional experiment of maize varieties by entropy DTOPSIS mode and grey situation decision methods. Crops, 2021(1): 60–67 (in Chinese with English abstract).

[19] 张春艳, 吴荣华, 庄克章, 等. 基于熵值赋权的DTOPSIS法对不同玉米品种在鲁南地区的综合评价研究. 中国农学通报, 2021, 37(23): 8–14.
Zhang C Y, Wu R H, Zhuang K Z, et al. Comprehensive evaluation of maize varieties in southern Shandong province by DTOPSIS method based on entropy weight. Chin Agric Sci Bull, 2021, 37(23): 8–14 (in Chinese with English abstract).

[20] 叶全洲, 梁振伟, 刘大存. 基于灰色关联度分析和 DTOPSIS 法对皖北水稻品种的综合评价. 安徽农业科学, 2024, 52(12):

34–41.
Ye Q Z, Liang Z W, Liu D C. Comprehensive evaluation of rice varieties in northern Anhui based on grey correlation analysis and DTOPSIS method. J Anhui Agric Sci, 2024, 52(12): 34–41 (in Chinese with English abstract).

[21] 金轻, 赵红, 林丽萍, 等. 基于灰色关联度分析和DTOPSIS法综合评价小麦新品系在云南省的适应性. 南方农业学报, 2020, 51: 2440–2446.
Jin Q, Zhao H, Lin L P, et al. Comprehensive evaluation of adaptability of new wheat lines in Yunnan based on grey relevance analysis and DTOPSIS method. J South Agric, 2020, 51: 2440–2446 (in Chinese with English abstract).

[22] 刘婷, 程慧煌, 夏绍南, 等. 综合评价近两年通过江西省审定的棉花品种. 棉花科学, 2020, 42(6): 22–27.
Liu T, Cheng H H, Xia S N, et al. Comprehensive evaluation of cotton varieties approved by Jiangxi province in recent two years. Cotton Sci, 2020, 42(6): 22–27 (in Chinese with English abstract).

[23] 冯胜利, 陈魏涛, 唐震超, 等. 基于DTOPSIS法对新疆棉花早中熟区试品种综合评价研究. 天津农业科学, 2024, 30(1): 45–51.
Feng S L, Chen W T, Tang Z C, et al. Research on comprehensive evaluation of Xinjiang cotton early and middle maturity regional trial varieties based on DTOPSIS method. Tianjin Agric Sci, 2024, 30(1): 45–51 (in Chinese with English abstract).

[24] 李文砚, 韦优, 孔方南, 等. DTOPSIS 法在草莓品种综合评价中的应用研究. 植物生理学报, 2018, 54: 925–930.
Li W Y, Wei Y, Kong F N, et al. Study on comprehensive evaluation of strawberry varieties by DTOPSIS method. Plant Physiol J, 2018, 54: 925–930 (in Chinese with English abstract).

[25] 苏小茴, 杨业彬, 邓思, 等. 广西甘蔗新品系的DTOPSIS法综合评价. 中国糖料, 2024, 46(4): 1–10.
Su X H, Yang Y B, Deng S, et al. Comprehensive evaluation of new sugarcane lines in Guangxi by DTOPSIS method. Sugar Crops China, 2024, 46(4): 1–10 (in Chinese with English abstract).

[26] 桃联安, 经艳芬, 周清明, 等. 云瑞17系列鉴定圃甘蔗新品系的DTOPSIS评价. 热带农业科学, 2022, 42(5): 34–41.
Tao L A, Jing Y F, Zhou Q M, et al. Evaluation of the YR17 series new lines in sugarcane identification by DTOPSIS. Chin J Trop Agric, 2022, 42(5): 34–41 (in Chinese with English abstract).

[27] 桃联安, 董立华, 经艳芬, 等. 云瑞 17 系列甘蔗创新品系DTOPSIS 分析评价. 中国糖料, 2023, 45(2): 1–7.
Tao L A, Dong L H, Jing Y F, et al. Evaluating of the YR17 sugarcane innovative clones by DTOPSIS. Sugar Crops China, 2023, 45(2): 1–7 (in Chinese with English abstract).

[28] 任生林, 张静, 赵丽萍, 等. 基于DTOPSIS法的甘蔗新品种综合评价. 热带作物学报, 2025, 46: 1826–1834.
Ren S L, Zhang J, Zhao L P, et al. Comprehensive evaluation of new *Saccharum officinarum* varieties based on DTOPSIS method. Chin J Trop Crops, 2025, 46: 1826–1834 (in Chinese with English abstract).

[29] 经艳芬, 边芯, 张跃彬, 等. 甘蔗优良亲本云瑞 05-292 的培育与应用. 种子, 2021, 40(9): 118–124.
Jing Y F, Bian X, Zhang Y B, et al. Cultivation and application of sugarcane (*Saccharum* L.) superior parent Yunrui 05-292. Seed, 2021, 40(9): 118–124 (in Chinese with English abstract).

[30] 俞华先, 田春艳, 经艳芬, 等. 云南割手密创新种质 F_2 的主成分聚类分析及其评价. 植物遗传资源学报, 2019, 20: 624–633.
Yu H X, Tian C Y, Jing Y F, et al. Principal component clustering analysis and evaluation of F_2 generation from Yunnan *Saccharum spontaneum* L. innovation germplasm. J Plant Genet Resour, 2019, 20: 624–633 (in Chinese with English abstract).

[31] 俞华先, 安汝东, 郎荣斌, 等. 云瑞系列甘蔗创新亲本的遗传力和配合力分析. 西南农业学报, 2022, 35: 1750–1757.
Yu H X, An R D, Lang R B, et al. Heritability and combining ability analysis of innovated parents of sugarcane Yunrui series. Southwest China J Agric Sci, 2022, 35: 1750–1757 (in Chinese with English abstract).

[32] 田春艳, 边芯, 俞华先, 等. 云瑞甘蔗创新亲本抗旱性综合评价. 植物遗传资源学报, 2019, 20: 610–623.
Tian C Y, Bian X, Yu H X, et al. Comprehensive evaluation of innovative Yunrui sugarcane parents for drought resistance. J Plant Genet Resour, 2019, 20: 610–623 (in Chinese with English abstract).

[33] 桃联安, 边芯, 俞华先, 等. 云瑞 10 系列低代甘蔗创新亲本两种方法评价结果. 中国糖料, 2015, 37(2): 13–16.
Tao L A, Bian X, Yu H X, et al. Comparison of two evaluation methods for sugarcane innovation parent of Yunrui 10 series pre-progeny. Sugar Crops China, 2015, 37(2): 13–16 (in Chinese with English abstract).

[34] Oliveira K M, Pinto L R, Marconi T G, et al. Characterization of new polymorphic functional markers for sugarcane. Genome, 2009, 52: 191–209.

[35] Singh R K, Jena S N, Khan S, et al. Development, cross-species/genera transferability of novel EST-SSR markers and their utility in revealing population structure and genetic diversity in sugarcane. Gene, 2013, 524: 309–329.

[36] 朱专为. 甘蔗栽培品种的主要农艺性状与 AFLP 和 SSR 分子标记的关联分析. 福建农林大学硕士学位论文, 福建福州, 2018.
Zhu Z W. Association Analysis of Main Agronomic Traits of Sugarcane Cultivated Varieties Using AFLP and SSR Markers. MS Thesis of Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian, China, 2018 (in Chinese with English abstract).

[37] 田春艳, 边芯, 郎荣斌, 等. 甘蔗 3 个育种性状与 SSR 标记的关联分析及优异等位变异发掘. 作物学报, 2024, 50: 310–324.
Tian C Y, Bian X, Lang R B, et al. Association analysis of three breeding traits with SSR markers and exploration of elite alleles in sugarcane. Acta Agron Sin, 2024, 50: 310–324 (in Chinese with English abstract).

[38] Kumar S, Stecher G, Li M, et al. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. Mol Biol Evol, 2018, 35: 1547–1549.

[39] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 2000, 155: 945–959.

[40] Kopelman N M, Mayzel J, Jakobsson M, et al. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across *K*. Mol Ecol Resour, 2015, 15: 1179–1191.

[41] 张爱加, 周明明, 林文雄. 不同种植模式对甘蔗根际土壤生物学特性的影响. 植物营养与肥料学报, 2013, 19: 1525–1532.
Zhang A J, Zhou M M, Lin W X. Effects of different cultivation

patterns on microorganism of soil rhizosphere in sugarcane fields. J Plant Nutr Fert, 2013, 19: 1525–1532 (in Chinese with English abstract).

[42] 卢国培, 覃晓远, 曹小琼, 等. 蔗地土壤改良对甘蔗生长的研究初探. 甘蔗糖业, 2021, 50(3): 16–20.
Lu G P, Qin X Y, Cao X Q, et al. The effect of soil remediation on sugarcane yield and sugar content. Sugarcane Canesugar, 2021, 50(3): 16–20 (in Chinese with English abstract).

[43] 字秋艳, 陆鑫, 徐超华, 等. 基于DTOPSIS法的甘蔗创新种质综合评价. 中国糖料, 2016, 38(5): 38–40.
Zi Q Y, Lu X, Xu C H, et al. Integrated evaluation of sugarcane innovation germplasm by DTOPSIS. Sugar Crops China, 2016, 38(5): 38–40 (in Chinese with English abstract).

[44] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet, 1980, 32: 314–331.

[45] 赵培方, 吴才文, 刘家勇, 等. 7个果蔗品种DTOPSIS法综合评价. 甘蔗糖业, 2007, 36(1): 10–12.
Zhao P F, Wu C W, Liu J Y, et al. DTOPSIS method for 7 chewing cane varieties. Sugarcane Canesugar, 2007, 36(1): 10–12 (in Chinese with English abstract).

[46] 杨丽华, 赵兴东, 白亚东, 等. 甘蔗品种DTOPSIS法综合评价. 中国糖料, 2014, 36(1): 40–41.
Yang L H, Zhao X D, Bai Y D, et al. Integrated evaluation of sugarcane variety by DTOPSIS. Sugar Crops China, 2014, 36(1): 40–41 (in Chinese with English abstract).