

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01853

基于 rDNA-ITS 序列探讨甘蔗近缘属种的系统进化关系

刘新龙¹ 苏火生¹ 马丽¹ 陆鑫¹ 应雄美¹ 蔡青^{1,2} 范源洪^{1,*}

¹ 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 661600; ² 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 云南昆明 650223

摘要: 以狼尾草属(*Pennisetum* Rich.)的象草(*P. purpureum*) 为外群体, 依据 rDNA-ITS 序列探讨了甘蔗亚族(Saccharinae)内与甘蔗植物分类关系较近的 8 属 37 种 120 份材料的系统进化关系, 结果表明, ITS1 序列长度为 200~208 bp, 变异位点 91 个, 简约信息位点 70 个, GC 含量为 60.4%~69.1%; ITS2 序列长度为 215~220 bp, 变异位点 93 个, 简约信息位点 68 个, GC 含量为 66.1%~73.4%; 5.8sDNA 序列长度为 164 bp, 变异位点 18 个, 简约信息位点 9 个, GC 含量为 54.1%~58.0%; 根据变异位点, 简约信息位点占总位点的比例可以看出, ITS 序列比 5.8sDNA 序列变异程度高, 其中 ITS1 序列又较 ITS2 序列变异丰富。属种间遗传距离表明芒属(*Miscanthus*)和荻属(*Triarrhena*)与甘蔗属(*Saccharum*)的亲缘关系最近, 其次为蔗茅属(*Erianthus*)和河八王属(*Narenga*); 而莠竹属(*Microstegium*)、大油芒属(*Spodiopogon*)、白茅属(*Imperata*)与甘蔗属亲缘关系较远。根据甘蔗近缘属种的 NJ 和 MP 系统发育关系, 支持将斑茅(*E. arundinaceus*)归入蔗茅属, 荻属归入芒属的观点; 河八王属的河八王(*N. porphyrocoma*)与滇蔗茅(*E. rockii*)亲缘关系较近, 而与同属的金猫尾(*N. fallax*)亲缘关系较远; 蔗茅属和芒属属种系统进化关系较其他属种复杂; 有 4 份材料被发现鉴定有误, 不应用于后续研究。

关键词: 甘蔗; ITS; 系统进化; 甘蔗亚族

Phylogenetic Relationships of Sugarcane Related Genera and Species Based on ITS Sequences of Nuclear Ribosomal DNA

LIU Xin-Long¹, SU Huo-Sheng¹, MA Li¹, LU Xin¹, YING Xiong-Mei¹, CAI Qing^{1,2}, and FAN Yuan-Hong^{1,*}

¹ Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement / Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kaiyuan 661600, China; ² Biotechnology & Genetic Germplasm Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China

Abstract: Sugarcane related genera and species are important germplasm resources for sugarcane breeding and germplasm innovation. To effectively collect these wild resources and utilize them, ITS (Internal Transcribed Spacer) sequence of 120 accessions which belong to eight genera and thirty seven species were used to analyze their genetic relationships and construct phylogenetic relationships with *P. purpureum* as an outgroup. The results showed the sequence lengths of ITS1, ITS2 and 5.8sDNA of all accessions were 200–208 bp, 215–220 bp, and 164 bp respectively, and their variable sites were 91, 93, and 18, the informative sites were 70, 68, and 9, the GC content was 60.4%–69.1%, 66.1%–73.4%, and 54.1%–58.0%. According to the ratio of the variable sites and informative sites to all sites, ITS sequence was richer in variances than 5.8sDNA sequence, and the variances of ITS1 sequence were richer than those of ITS2's. The genetic distance analysis between sugarcane related genera and species indicated that *Miscanthus* and *Triarrhena* were the closest to *Saccharum*, and the closer ones were *Erianthus* and *Narenga*, so the species from these genera should be more considered on collecting sugarcane wild resources in the future; *Microstegium*, *Spodiopogon* and *Imperata* represented farther relationships with *Saccharum*. The sugarcane related genera and species were separated into ten groups according to the phylogenetic tree of neighbor-joining and maximum parsimony. According to their phylogenetic relationships, *E. arundinaceus* should be separated from *Saccharum* and classified as *Erianthus* species; *Triarrhena* should be included in *Miscanthus*; the two species of *Narenga* did not remain in the same group, but *N. porphyrocoma* and *E. rockii* were clustered into

本研究由云南省应用基础研究计划重点项目(2006C0013Z)和国家科技基础条件平台工作项目子专题(2007DKA21002-11)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 范源洪, E-mail: fyhsri@vip.sohu.com

第一作者联系方式: E-mail: lxlgood868@163.com

Received(收稿日期): 2010-03-16; Accepted(接受日期): 2010-06-27.

the same group, and *N. fallax* did not belong to any groups, so further researches are needed in identifying the two species. These species from *Erianthus* and *Miscanthus* were put in different groups, indicating the very complex genetic relationships within *Erianthus* and *Miscanthus*, their species possess big genetic differences. Four samples were found error in classifying species, so the application of their ITS sequences should be avoided.

Keywords: Sugarcane; ITS; Phylogeny; *Saccharinae*

甘蔗亚族(*Saccharinae*) 在系统发育上属于黍亚科(*Panicoideae*) 蜀黍族(*Andropogoneae*) 中较原始的一个类群, 广泛分布于全世界的热带和亚热带地区, 共包含 24 属 240 种^[1], 其中有很多属种与人类生产活动密切相关, 如甘蔗属(*Saccharum* L.)、芒属(*Miscanthus* Anderss.)、蔗茅属(*Erianthus* Michaux.) 等。其中甘蔗属是目前该族中与人类生产和生活最为密切, 利用最为广泛的一个属, 该属中的热带种(*S. officinarum*)、印度种(*S. barberi*)、中国种(*S. sinense*)、大茎野生种(*S. robustum*)、割手密(*S. spontaneum*) 都是重要的甘蔗亲本资源^[2]。1957 年, 印度学者 Mukherjee^[3]对采集的印度野生甘蔗及其近缘种研究后, 证明甘蔗属、蔗茅属、硬蔗草属 [*Sclerostachya* (Hack.) A. Camus] 和河八王属 (*Narenga* Bor) 是与甘蔗起源密切相关的近缘内交群, 因此首次使用“甘蔗属复合体”(*Saccharum* complex) 这个词来统称这些植物种。1975 年, Daniels 等^[4]建议将芒属也归入甘蔗属复合体。1998 年, 文颖^[5]认为甘蔗亚族的油芒属(*Ecchoilopus* Stend.)、芒莠竹属(*Polliniopsis* Hayata)、金茅属(*Eulalia* Kunth)、金棉木属(*Eriochrysis* P. Beauv.)、大油芒属(*Spodiopogon* Trin) 等从生态地理分布来看与甘蔗属同域, 而且又可与甘蔗属内种杂交, 因此提出也应将这些属纳入甘蔗种质资源库中。目前国内外针对甘蔗属内 5 个种的系统发育关系研究较多, 普遍认为大茎野生种是热带种的原始祖先, 中国种和印度种是热带种和割手密的天然杂交后代, 同时在形成过程中可能融入了其他属种的血缘^[6-10]。对于甘蔗属复合体, 国内外研究者通过分子标记技术、rDNA-ITS 序列、叶绿体 *rbcl* 序列进行过初步探讨, 但由于属种材料较难获得, 因此所涉及的属种数较少, 对于甘蔗属复合体内属种间的进化关系解释不够明了, 尚存在很多争议^[7-8, 11-16], 而对于甘蔗亚族内其他甘蔗近缘属种与甘蔗属的亲缘关系研究还处于空白。由于以上原因, 目前甘蔗种质资源的收集和利用还主要以甘蔗属内资源为主, 对甘蔗近缘属种涉及较少。本研究利用近几十年来国内外研究工作者对甘蔗亚族内甘蔗近缘属种 rDNA-ITS 序列测序的结果, 探讨甘蔗

近缘属种间的系统发育关系, 以期对甘蔗种质资源的收集和创新利用提供有价值的理论指导。

1 材料与方法

1.1 材料来源

以与甘蔗植物分类关系较近的甘蔗亚族为研究对象, 在 GenBank 数据库中对其包含的 24 个属进行检索, 共检索到 8 个属 39 种共计 166 份材料的 rDNA-ITS 序列。对 rDNA-ITS 序列进行初步比对分析后, 将序列缺失较多的白茅属(*Imperata* Cyr.) 45 份材料[包含巴西茅草(*Imperata brasiliensis*) 1 份、短叶白茅(*Imperata brevifolia*) 1 份、白茅(*Imperata cylindrica*) 43 份]剔除, 剩余 37 种 120 份材料的 rDNA-ITS 序列用于本研究, 其中芒属有 10 种, 莠竹属(*Microstegium* Nees) 有 8 种, 甘蔗属有 5 种和 6 个甘蔗品种, 蔗茅属有 7 种, 荻属(*Triarrhena* Nakai) 有 3 种或变种, 河八王属 2 种, 白茅属 1 种, 大油芒属 1 种, 选用狼尾草属(*Pennisetum* Rich) 象草(*P. purpureum*) 作为外群体, 狼尾草属属于黍亚科(*Panicoideae*) 黍族(*Paniceae*), 象草为多年生高大草本, 植株形态与甘蔗相似, 是我国重要的牧草资源(表 1)。

1.2 序列分析和分子进化树构建

使用 MEGA 4.0^[17] 软件中的“Align by clustalW”对参试材料序列进行多重序列比对分析, 空位(gap) 作为缺失处理。然后计算 ITS1 序列、5.8sDNA 序列、ITS2 序列的变异位点(variable site)、简约信息位点(informative site) 数。使用 Kimura 2-Parameter 参数计算甘蔗近缘属间遗传距离及甘蔗近缘属各种与甘蔗属的遗传距离, 使用邻接法(neighbor-joining, NJ) 和最大简约法(maximum parsimony, MP) 对所有材料的 ITS 序列进行系统进化分析, 同时进行 1 000 次 Bootstrap 自展法检验各分支的支持度, 形成自展支持率大于 50% 的系统发育树。

2 结果与分析

2.1 ITS 序列组成和变异

从表 2 可以看出, 参试材料的 ITS1 序列长度为

表 1 甘蔗近缘属种材料的种名和来源
Table 1 Name and origin of sugarcane related genera and species

样品编号 Sample No.	种名 Species name	属名 Genus name	GenBank 登录编号 GenBank accession number
1	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345202
2	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345203
3	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345204
4	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345205
5	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345206
6	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345207
7	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345208
8	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345209
9	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345210
10	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345211
11	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345212
12	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AY116295
13	斑茅 <i>Erianthus arundinaceus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	EF211956
14	蔗茅 <i>Erianthus fulvus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345218
15	蔗茅 <i>Erianthus fulvus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345219
16	蔗茅 <i>Erianthus fulvus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345220
17	沙生蔗茅 <i>Erianthus ravennae</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AY116296
18	沙生蔗茅 <i>Erianthus ravennae</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF019824
19	滇蔗茅 <i>Erianthus rockii</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345216
20	滇蔗茅 <i>Erianthus rockii</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AF345217
21	大蔗茅 <i>Erianthus giganteus</i>	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	DQ005048
22	<i>Erianthus strictus</i> ^a	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	DQ005049
23	<i>Erianthus contortus</i> ^a	蔗茅属 <i>Erianthus</i>	AY116287
24	突节荻 <i>Triarrhena lutarioriparia</i> var. <i>elevationodis</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	EF211953
25	突节荻 <i>Triarrhena lutarioriparia</i> var. <i>elevationodis</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	EF211952
26	南荻 <i>Triarrhena lutarioriparia</i> var. <i>lutarioriparia</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	EF211954
27	南荻 <i>Triarrhena lutarioriparia</i> var. <i>lutarioriparia</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	EF211955
28	荻 <i>Triarrhena sacchariflorus</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	AJ426564
29	荻 <i>Triarrhena sacchariflorus</i>	荻属 <i>Triarrhena</i>	AY116282
30	白茅 <i>Imperata cylindrica</i>	白茅属 <i>Imperata</i>	AF092512
31	白茅 <i>Imperata cylindrica</i>	白茅属 <i>Imperata</i>	AF345653
32	白茅 <i>Imperata cylindrica</i>	白茅属 <i>Imperata</i>	AY116297
33	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489088
34	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170271
35	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170272
36	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170273
37	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170274
38	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170275
39	刚莠竹 <i>Microstegium ciliatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	FJ170276
40	法利莠竹 <i>Microstegium fauriei</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489079
41	膝曲莠竹 <i>Microstegium geniculatum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489071
42	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489077
43	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489066
44	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489068

(续表 1)

样品编号 Sample No.	种名 Species name	属名 Genus name	GenBank 登录编号 GenBank accession number
45	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489069
46	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489070
47	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489086
48	<i>Microstegium glabratum</i> ^a	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489087
49	日本莠竹 <i>Microstegium japonicum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489076
50	日本莠竹 <i>Microstegium japonicum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489081
51	日本莠竹 <i>Microstegium japonicum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489082
52	竹叶茅 <i>Microstegium nudum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489067
53	多芒莠竹 <i>Microstegium somae</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489072
54	多芒莠竹 <i>Microstegium somae</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489074
55	多芒莠竹 <i>Microstegium somae</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489075
56	多芒莠竹 <i>Microstegium somae</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489084
57	多芒莠竹 <i>Microstegium somae</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489085
58	柔枝莠竹 <i>Microstegium vimineum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489080
59	柔枝莠竹 <i>Microstegium vimineum</i>	莠竹属 <i>Microstegium</i>	EU489083
60	<i>Miscanthus ecklonii</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116290
61	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF345214
62	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF345215
63	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116278
64	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116280
65	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116281
66	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	EF211948
67	五节芒 <i>Miscanthus floridulus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	EF211949
68	<i>Miscanthus fuscus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116286
69	巨芒草 <i>Miscanthus giganteus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AJ426562
70	巨芒草 <i>Miscanthus giganteus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AJ426563
71	<i>Miscanthus junceus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF190765
72	<i>Miscanthus junceus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116288
73	<i>Miscanthus junceus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116289
74	尼泊尔芒 <i>Miscanthus nepalensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116292
75	<i>Miscanthus oligostachyus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116277
76	<i>Miscanthus oligostachyus</i> ^a	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116279
77	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF019822
78	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF345227
79	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AF345228
80	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AJ426565
81	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AJ426566
82	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116272
83	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116273
84	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116274
85	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116275
86	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116276
87	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	DQ005060
88	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	EF211950
89	芒 <i>Miscanthus sinensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	EF211951

(续表 1)

样品编号 Sample No.	种名 Species name	属名 Genus name	GenBank 登录编号 GenBank accession number
90	八丈芒 <i>Miscanthus sinensis</i> subsp. <i>condensatus</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116270
91	合欢高山芒 <i>Miscanthus transmorrisonensis</i>	芒属 <i>Miscanthus</i>	AY116271
92	金猫尾 <i>Narenga falla</i>	河八王属 <i>Narenga</i>	AF345213
93	河八王 <i>Narenga porphyrocoma</i>	河八王属 <i>Narenga</i>	AF345233
94	河八王 <i>Narenga porphyrocoma</i>	河八王属 <i>Narenga</i>	AF345234
95	河八王 <i>Narenga porphyrocoma</i>	河八王属 <i>Narenga</i>	AF345235
96	河八王 <i>Narenga porphyrocoma</i>	河八王属 <i>Narenga</i>	AF345236
97	印度种 <i>Saccharum barberi</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345199
98	印度种 <i>Saccharum barberi</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345200
99	印度种 <i>Saccharum barberi</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF331657
100	热带种 <i>Saccharum officinarum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345229
101	热带种 <i>Saccharum officinarum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345230
102	热带种 <i>Saccharum officinarum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345231
103	热带种 <i>Saccharum officinarum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AY116284
104	热带种 <i>Saccharum officinarum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	DQ005064
105	大茎野生种 <i>Saccharum robustum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345238
106	大茎野生种 <i>Saccharum robustum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345239
107	中国种 <i>Saccharum sinense</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345240
108	中国种 <i>Saccharum sinense</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345241
109	中国种 <i>Saccharum sinense</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345242
110	中国种 <i>Saccharum sinense</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345243
111	割手密 <i>Saccharum spontaneum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345244
112	割手密 <i>Saccharum spontaneum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345245
113	割手密 <i>Saccharum spontaneum</i>	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AY116285
114	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345221
115	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345222
116	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345223
117	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345224
118	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345225
119	甘蔗品种 <i>Saccharum</i> spp.	甘蔗属 <i>Saccharum</i>	AF345226
120	大油芒 <i>Spodiopogon sibiricus</i>	大油芒属 <i>Podiopogon</i>	AY116300
121	象草 <i>Pennisetum purpureum</i>	狼尾草属 <i>Pennisetum</i>	AF345232

^a: 无中文学名。 ^a: no name of Chinese taxa.

表 2 甘蔗近缘属 ITS 序列长度和 GC 含量
Table 2 Sequence length and GC content of ITS sequence for sugarcane related genera

属名 Genus	ITS1		5.8sDNA		ITS2	
	GC 含量 GC content (%)	序列长度 Sequence length (bp)	GC 含量 GC content (%)	序列长度 Sequence length (bp)	GC 含量 GC content (%)	序列长度 Sequence length (bp)
蔗茅属 <i>Erianthus</i>	65.97	206,207,208	56.78	164	70.82	216,218
白茅属 <i>Imperata</i>	66.63	204,206	56.70	164	72.80	216
芒属 <i>Miscanthus</i>	63.04	206,207,208	56.62	164	68.46	217,218,220,221
莠竹属 <i>Microstegium</i>	65.52	200,206,207,208	56.07	164	71.42	215,217,219
河八王属 <i>Narenga</i>	65.52	207	57.18	164	70.44	219,220
甘蔗属 <i>Saccharum</i>	64.13	206,207	57.55	164	70.16	217,218,219,221
荻属 <i>Triarrhena</i>	62.77	206,207	56.48	164	69.60	220
大油芒属 <i>Spodiopogon</i>	66.30	207	56.00	164	69.20	216

200~208 bp, 其中莠竹属有 4 种不同长度的序列, 芒属和蔗茅属有 3 种, 白茅属、甘蔗属和荻属各有 2 种, 其他属有 1 种; ITS2 序列长度为 215~220 bp, 其中芒属和甘蔗属有 4 种序列长度, 莠竹属有 3 种, 蔗茅属和河八王属有 2 种; 5.8sDNA 序列长度都为 164 bp (表 2)。ITS1 序列、5.8sDNA 序列和 ITS2 序列经 ClustalW 对排后, 长度分别为 215、164 和 226 bp, 其中 ITS1 序列的变异位点为 91 个, 占总位点数的 42.33%, 简约信息位点数目为 70 个, 占总位点数的 32.56%, GC 含量 60.4%~69.1%, 从各属 GC 含量的平均值来看, 荻属和芒属偏小, 白茅属和大油芒属偏大; ITS2 序列的变异位点 93 个, 占总位点数的 41.15%, 简约信息位点为 68 个, 占总位点数的 30.09%, GC 含量在 66.1%~73.4%, 平均值以芒属和大油芒属偏小, 白茅属和莠竹属偏大; 5.8sDNA 序列变异位点 18 个, 占总位点数的 10.98%, 简约信息位点为 9 个, 占总位点数的 5.49%, GC 含量为 54.1%~58.0%, 各属 GC 含量平均值差别不大。从变异位点和简约信息位点占总位点的比例(表 3)来看 ITS1 和

ITS2 序列变异程度较高, ITS1 序列又较 ITS2 序列变异丰富, 因此在属种系统发育研究上能够提供更多的遗传信息, 而 5.8sDNA 序列比较保守, 变异较少, 因此所能提供的遗传信息有限。

2.2 甘蔗近缘属间及与甘蔗属的亲缘关系

根据 Kimura 2-Parameter 计算属种间的遗传距离来反映各属间及各属与甘蔗属的亲缘关系(表 4), 属间以芒属和荻属遗传距离最近, 为 0.023, 表明二者的亲缘关系最近, 其次为河八王属与蔗茅属(0.053), 第三为蔗茅属和白茅属(0.056)。遗传距离最大的为芒属和莠竹属, 为 0.107, 亲缘关系最远; 其次为荻属和莠竹属、大油芒属和芒属(0.103), 第三为甘蔗属和莠竹属(0.098); 整体来看莠竹属和大油芒属与其他属亲缘关系较远。从与甘蔗属的遗传距离来看, 荻属与甘蔗属的亲缘关系最近, 遗传距离为 0.058, 其次为蔗茅属(0.059)、芒属(0.065)、河八王属(0.065); 莠竹属、大油芒属、白茅属与甘蔗属亲缘关系较远。因此在甘蔗的野生资源利用上应重点考虑荻属、蔗茅属、芒属、河八王属。

表 3 甘蔗近缘属种 ITS 序列变异情况
Table 3 Variable analysis of ITS sequence from sugarcane related genera and species

	ITS1		5.8sDNA		ITS2	
	数量 No.	占总位点数比例 Ratio of the site to all sites (%)	数量 No.	占总位点数比例 Ratio of the site to all sites (%)	数量 No.	占总位点数比例 Ratio of the site to all sites (%)
变异位点 Variable site	91	42.33	18	10.98	93	41.15
简约信息点 Informative site	70	32.56	9	5.49	68	30.09

表 4 甘蔗近缘属间遗传距离
Table 4 Genetic distance between sugarcane related genera

属名 Genus	1	2	3	4	5	6	7
1 蔗茅属 <i>Erianthus</i>	—						
2 荻属 <i>Triarrhena</i>	0.061						
3 白茅属 <i>Imperata</i>	0.056	0.071					
4 莠竹属 <i>Microstegium</i>	0.081	0.103	0.092				
5 芒属 <i>Miscanthus</i>	0.063	0.023	0.081	0.107			
6 河八王属 <i>Narenga</i>	0.053	0.065	0.074	0.091	0.067		
7 大油芒属 <i>Spodiopogon</i>	0.077	0.098	0.085	0.090	0.103	0.085	
8 甘蔗属 <i>Saccharum</i>	0.059	0.058	0.083	0.098	0.065	0.065	0.097

2.3 甘蔗近缘属各种与甘蔗属的亲缘关系

从甘蔗近缘属各种与甘蔗属的遗传距离来看, 各种与甘蔗属的遗传距离在 0.045~0.115 之间, 采用组距式分组法, 以组距 0.014 将遗传距离值分为 5 组(表 5)。第 I 组, 遗传距离 0.045~0.059, 包含蔗茅属 3 个种, 荻属 3 个种或变种, 芒属 2 个种, 河八王属

1 种, 共计 9 个种, 与甘蔗属亲缘关系较近; 第 II 组, 遗传距离在 0.060~0.074 之间, 共包含蔗茅属 4 种, 芒属 7 种, 河八王属 1 种; 第 III 组, 遗传距离在 0.075~0.089 之间, 共包含蔗茅属 1 种, 芒属 1 种、白茅属 1 种, 莠竹属 3 种; 第 IV 组, 遗传距离在 0.090~0.104 之间, 共包含莠竹属 1 种, 大油芒 1 种;

表 5 甘蔗近缘属种与甘蔗属的遗传距离分组
Table 5 Group for genetic distance between sugarcane related species and *Saccharum*

组数 Group number	遗传距离范围 Range of genetic distance	种类 Species
I	0.045–0.059	<i>E. strictus</i> ; 蔗茅 <i>E. fulvus</i> ; <i>M. ecklonii</i> ; 大蔗茅 <i>E. giganteus</i> ; 突节荻 <i>T. lutarioriparia</i> var. <i>elevationodis</i> ; 荻 <i>T. sacchariflorus</i> ; 南荻 <i>T. lutarioriparia</i> var. <i>lutarioriparia</i> ; 金猫尾 <i>N. fallax</i> ; <i>M. fuscus</i>
II	0.060–0.074	巨芒草 <i>M. giganteus</i> ; 斑茅 <i>E. arundinaceus</i> ; <i>E. contortus</i> ; 合欢高山芒 <i>M. transmorrisonensis</i> ; 五节芒 <i>M. floridulus</i> ; 芒 <i>M. sinensis</i> ; 滇蔗茅 <i>E. rockii</i> ; 八丈芒 <i>M. sinensis</i> subsp. <i>Condensatus</i> ; <i>M. oligostachyus</i> ; 河八王 <i>N. porphyrocoma</i> ; 尼泊尔芒 <i>M. nepalensis</i> ; 沙生蔗茅 <i>E. ravennae</i>
III	0.075–0.089	<i>M. junceus</i> ; <i>M. glabratum</i> ; 法利莠竹 <i>M. fauriei</i> ; 膝曲莠竹 <i>M. geniculatum</i> ; 白茅 <i>I. cylindrica</i>
IV	0.090–0.104	大油芒 <i>S. sibiricus</i> ; 刚莠竹 <i>M. ciliatum</i>
V	0.105–0.119	柔枝莠竹 <i>M. vimineum</i> ; 日本莠竹 <i>M. japonicum</i> ; 多芒莠竹 <i>M. somae</i> ; 竹叶茅 <i>M. nudum</i>

第 V 组, 遗传距离在 0.105~0.119 之间, 共包含莠竹属 4 种。整体来看蔗茅属、芒属、荻属等属种与甘蔗属亲缘关系最近, 其次为河八王属, 而莠竹属、白茅属、大油芒属与甘蔗属亲缘关系较远, 因此在甘蔗野生种质资源收集时, 蔗茅属、芒属、荻属各种应列为重要的采集对象, 同时在利用甘蔗近缘属进行种质创新时也应给予重点考虑。

2.4 分子系统树的比较和分析

使用邻接法和最大简约数法构建的 50% 多数原则系统发育树比较相似, 其中获得的最大简约树的一致性指数(CI)为 0.6419, 保持指数(RI)为 0.9213, 重复尺度一致性指数(RCI)为 0.5915。根据 NJ 和 MP 系统发育树可以看出, 外群体象草首先与甘蔗近缘属种分开, 表现出较远的血缘关系, 而其他 120 份甘蔗近缘属种材料形成一个大的分支, 在大的分支下, NJ 系统发育树(图 1)形成 10 个主要分支(A~J), 自展支持率在 56%~100%, 对于河八王属的金猫尾(*N. fallax*)、蔗茅属的 3 个种[大蔗茅(*E. giganteus*)、*E. strictus*、*E. contortus*]、芒属的 *M. ecklonii* 和 *M. junceus* 的 71 号材料因没有得到自展支持率的有效支持(小于 50%), 所以未归入上述任何一个分支。MP 系统发育树(图略)形成 11 个主要分支, 自展支持率在 53%~99%, 其中 10 个分支与 NJ 系统发育树一致, 第 11 个分支由蔗茅属的 3 个种[大蔗茅(*E. giganteus*)、*E. strictus*、*E. contortus*]形成, 自展支持率为 53%, 另外 NJ 系统发育树中归入 H 组的大油芒(*S. sibiricus*)未归入任何分支。整体来看, NJ 和 MP 系统发育树的 10 个分支之间自展支持率偏小(小于 50%), 因此无法准确了解分支之间的亲缘关系。

从 2 种系统发育树形成的 10 个分支来看, A 分支主要由芒属 6 个种和荻属 3 个种或变种共计 31 份材料组成, 自展支持率达到了 99% 和 98%, 表明荻

属与芒属的关系十分接近, 与陈少风等^[16]的研究结果一致, 在分支内, 芒属 6 个种的材料未按种形成 6 个明显分支, 表明芒属的 6 个种差异并不明显; 芒(*M. sinensis*)的 88 号材料不与其他芒材料聚为一组, 而与荻属 3 个种或变种材料聚为一个小的分支, 自展支持率为 65% 和 61%, 表明对芒 88 号材料的鉴定可能有误。B 分支主要由甘蔗属 5 个种和 6 个甘蔗品种共计 23 个材料组成, 自展支持率达到了 97% 和 94%, 分支内除 4 份中国种材料聚为一个小支外(自展支持率为 77% 和 82%), 其他 4 个种未形成各自独立的分支, 说明中国种与其他 4 个种在遗传组成上有一定差异, 而其他 4 个种之间没有表现出明显的种上分化; 6 个甘蔗品种材料并未均与热带种聚在一起, 说明一些品种与其他种的血缘有关。C 分支主要由蔗茅属的蔗茅(*E. fulvus*)组成。D 分支由芒属的尼泊尔芒(*M. nepalensis*)和芒的 87 号材料组成, 自展支持率达到 100% 和 99%, 87 号材料不与其他芒材料聚为同一分支, 说明 87 号材料被鉴定为芒有误, 归为尼泊尔芒比较合适。E 分支由芒属的 *M. junceus* 的 72 号和 73 号材料组成, 自展支持率为 56% 和 67%, 而其 71 号材料不归入任何一分支, 说明该材料可能不属于 *M. junceus*。F 分支主要由河八王属的河八王(*N. porphyrocoma*)、蔗茅属的滇蔗茅(*E. rockii*)、芒属的 *M. fuscus* 组成, 自展支持率为 84% 和 83%, 说明 3 个种的亲缘关系较近。G 分支主要由莠竹属 5 个种组成, 其中刚莠竹(*M. ciliatum*)、柔枝莠竹(*M. vimineum*)、*M. glabratum* 等 3 个种的材料各自聚为小的分支, 且都有比较高的自展支持率, 法利莠竹(*M. fauriei*)、刚莠竹的 33 号材料、膝曲莠竹(*M. geniculatum*)聚为一小支, 自展支持率达到 100% 和 99%, 表明法利莠竹和膝曲莠竹亲缘关系很近, 刚莠竹的 33 号材料未与其他刚莠竹材料聚为同一分

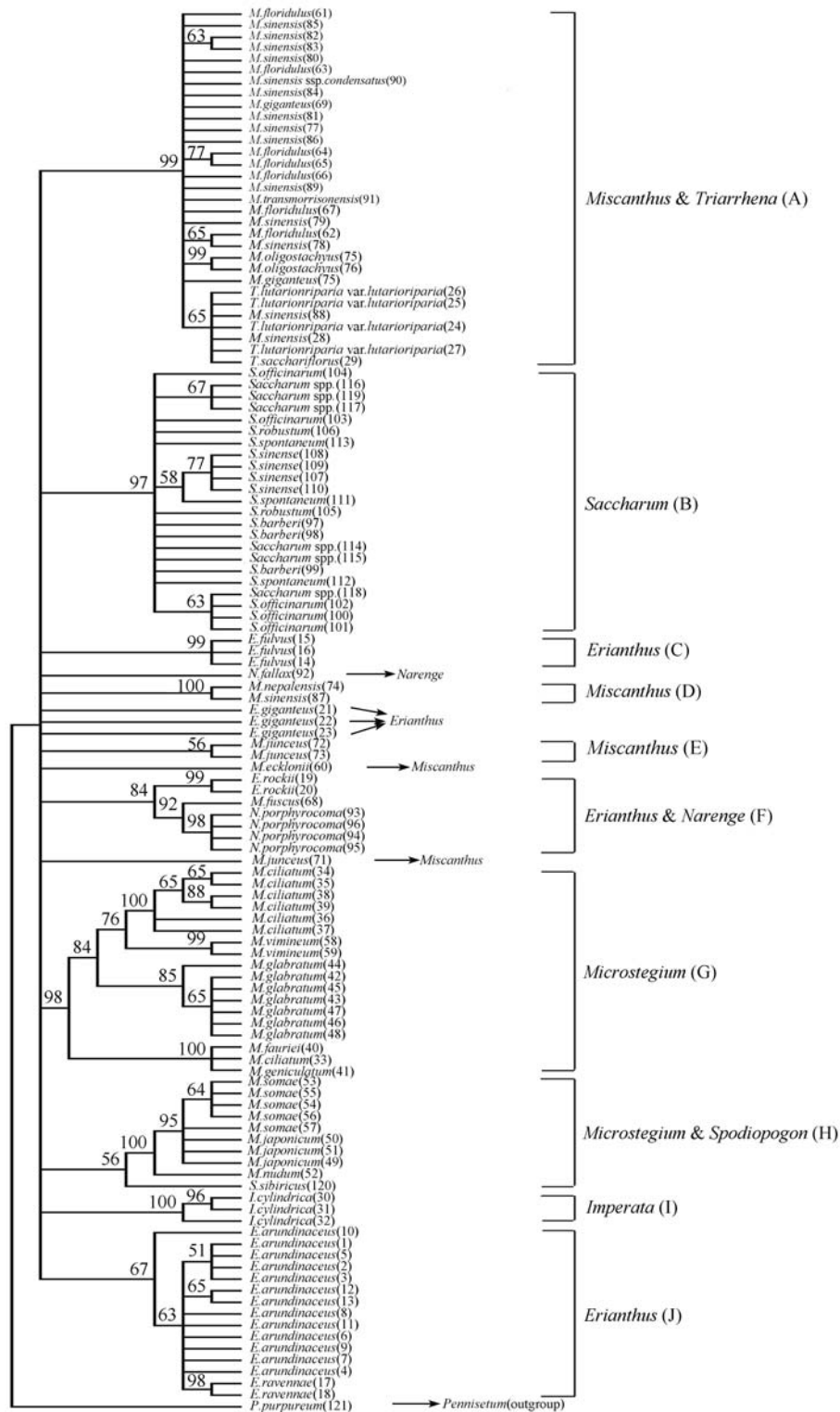


图 1 基于 ITS 序列构建甘蔗近缘属 120 个材料的 NJ 系统发育树

Fig. 1 Neighbor-joining tree based on ITS sequences of 120 accessions from sugarcane related genera with *P. purpureum* as out-group

狼尾草属的象草(*Pennisetum purpureum*)作为外群, 分支上显示 1000 次重复 Bootstrap 抽样检验自展支持率大于 50% 的值, 种名括号内数字代表材料编号。

Numbers above the branches denote more than 50% bootstrap values (%) of 1000 replications; the number in parenthesis is accessions No.

最近, 其次为 *M. glabratum*, 第 3 为法利莠竹和膝曲莠竹。H 分支由莠竹属的另外 3 个种组成, 自展支持率达到 100% 和 99%, 表明 3 个种的亲缘关系很近, 其中日本莠竹(*M. japonicum*)与多芒莠竹(*M. somae*)亲缘关系最近, 其次为竹叶茅(*M. nudum*)。I 分支由白茅属白茅的 3 份材料组成。J 组蔗茅属的斑茅(*E. arundinaceus*)和沙生蔗茅(*M. ravennae*)组成, 自展支持率为 67% 和 57%, 表明 2 个种的亲缘关系较近。

3 讨论

3.1 甘蔗近缘属种间分类关系

甘蔗近缘属种间在植物分类关系上较为复杂和混乱, 到目前为止对有些属种系统发育关系依然存在争议^[7]。对于争议较大的斑茅, 《中国植物志》将其归入甘蔗属^[18], 国外甘蔗界普遍认为斑茅是蔗茅属的一个种, 因其与蔗茅属部分种相似, 如 *E. bengalense*、*E. procerus* 等^[11,19], 国内蔡青等^[8]使用 3 对 AFLP 引物对甘蔗属复合体的系统进化关系研究表明斑茅虽与蔗茅属的滇蔗茅和蔗茅遗传关系较远, 但与蔗茅属其他 5 个种(*E. procerus*、*E. begalense*、*E. sarpet*、*E. elephantium*、*E. ravennae*)聚为一类, 因此支持将斑茅归入蔗茅属的观点。陈辉等^[7]和张云武等^[15]分别使用 rDNA-ITS 序列, 叶绿体 *rbcl* 基因序列比较斑茅和蔗茅属滇蔗茅和蔗茅的关系, 结果表明斑茅与滇蔗茅、蔗茅、甘蔗属 4 个种亲缘关系较远, 提出斑茅应独立成为一属。本研究结果表明斑茅不与甘蔗属 5 个种聚为同一分支, 因此支持将斑茅从甘蔗属分离出来的观点, 从斑茅与蔗茅属的关系来看, 斑茅虽与蔗茅属 5 个种聚在不同分支中, 但其与蔗茅属的沙生蔗茅聚为一个分支, 结合前人研究^[8,11,19], 支持将斑茅归入蔗茅属的观点。对于荻属的分类地位, 学术界也存在争议, 《中国植物志》认为荻属以小穗无芒、具发达根状茎区别于芒属, 又以大型圆锥花序、雄蕊 3 枚不同于白茅属, 提出应独立作为一属^[18], 陈少风等^[16]探讨了芒属 2 个种与荻属的关系, 支持将荻属归并到芒属的观点, 本研究选用了更多的芒属种类, 进一步证实将荻属归并到芒属是合理的。从河八王属 2 个种的分布来看, 河八王与滇蔗茅的亲缘关系较近, 与陈辉等^[7]和蔡青等^[8]的研究结果一致, 金猫尾与蔗茅聚为一个分支, 但自展支持率仅为 46% 和 42%, 不是十分可信, 因此对于河八王属两个种的分类地位有待进一步研究。从甘蔗近缘属种在 NJ 和 MP 系统发育树中的分

布来看, 蔗茅属和芒属各种各分入 3 个分支, 莠竹属种分入 2 个分支, 甘蔗属、荻属、白茅属、河八王属各分入 1 个分支, 由此可以反映出蔗茅属和芒属内各种之间的遗传关系复杂, 遗传差异大, 其次为莠竹属; 同时在聚类分析时, 发现对芒的 88 号和 87 号材料、*M. junceus* 的 71 号材料、刚莠竹的 33 号材料鉴定有误, 应尽量避免使用这些材料的 ITS 序列进行科学研究。

3.2 甘蔗种质资源的收集

甘蔗种质资源是甘蔗创新和遗传育种重要的基础和优异性状的基因库, 因此一直备受各国重视。自 20 世纪 60 年代, 国际甘蔗技师协会(ISSCT)先后 3 次组织人员到新几内亚、中国、缅甸、泰国边境考察搜集大批甘蔗属内种质资源, 并保育在美国佛罗里达和印度 Coimbatore 国际甘蔗种质资源保育中心, 资源数分别达到了 5 020 份和 3 970 份^[20]。20 世纪 80 年代, 我国曾组织专家在甘蔗适生区, 如云南、广西、广东、福建等, 进行割手密、斑茅种质资源的搜集, 为中国甘蔗种质资源保育和研究奠定了良好的基础。从以往甘蔗种质资源收集范围来看, 都主要集中在甘蔗属内 5 个种的收集, 对于甘蔗近缘属种的收集力度很小, 缘于甘蔗种质资源工作者对甘蔗近缘属种间真实的亲缘关系不清, 当面对众多的甘蔗近缘属种时, 无法确定收集的对象和范围。加之前人的研究涉及的属种数少, 对甘蔗近缘属种之间的关系存在较多争议, 因此对甘蔗种质资源收集工作指导作用有限。本研究结果表明, 芒属和荻属与甘蔗属的遗传距离最近, 说明它们与甘蔗属的亲缘关系比较紧密, 因此应成为甘蔗野生种质资源收集的重要对象, 另外芒属也是重要的生物能源作物^[21-22], 因此利用芒属与甘蔗杂交选育能源品种或将芒属优异基因导入甘蔗品种都具有很大的前景; 其次应考虑蔗茅属种和河八王属种的收集。斑茅植株高大、耐旱、耐瘠, 近年来一直深受国内外育种单位的关注^[23-24], 且对斑茅资源的收集力度要高于其他甘蔗近缘属种, 但由于与甘蔗属种杂交成功率很低, 且后代花粉不育, 后续杂交难度大, 至今还未见利用斑茅基因血缘选育出好的甘蔗品种的报道。笔者认为对斑茅的利用应着重考虑利用染色体加倍技术解决远缘杂交染色体无法正常配对问题, 进而解决杂交后代不育问题或利用现代生物技术从斑茅上发掘优异抗性基因导入甘蔗品种, 为斑茅的利用开辟新的途径。

4 结论

荻属、芒属、蔗茅属、河八王属的植物种与甘蔗属种的亲缘关系较近, 应为今后甘蔗野生资源收集的重要对象; 斑茅与甘蔗属亲缘关系较远, 支持斑茅从甘蔗属分离出来, 归入蔗茅属的观点; 证实将荻属归并到芒属是合理的; 河八王属的河八王和同属金猫尾不聚为同一分支, 而与滇蔗茅的亲缘关系较近, 因此对于河八王属两个种的分类地位有待进一步研究。

References

- [1] Yu H(于慧), Zhao N-X(赵南先). Geographical distribution of Saccharinae (Gramineae). *J Trop Subtrop Bot* (热带亚热带植物学报), 2004, 12(1): 29–35 (in Chinese with English abstract)
- [2] Brown J S, Schnell R J, Power E J, Douglas S L, Kuhn D N. Analysis of clonal germplasm from five *Saccharum* species: *S. barberi*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense* and *S. spontaneum*. A study of inter- and intra-species relationships using microsatellite markers. *Genet Resour Crop Evol*, 2007, 54: 627–648
- [3] Mukherjee S K. Origin and distribution of *Saccharum*. *Bot Gaz*, 1957, 119: 55–61
- [4] Daniels J, Daniels C A. Geographical, historical and cultural aspects of the origin of the Indian and Chinese sugarcane *S. barberi* and *S. sinense*. *Sugarcane Breed Newslett*, 1975, 36: 4–23
- [5] Wen Y(文颖). Intergenetic crossing between *Saccharum* and related plants and their chromosome behavior. *Sugarcane Cane-sugar* (甘蔗糖业), 1998, 3: 1–7 (in Chinese with English abstract)
- [6] Coto O, Cornide M T, Calvo D, Canales E, D'Hont A, de Prada F. Genetic diversity among wild sugarcane germplasm from Laos revealed with markers. *Euphytica*, 2002, 123: 121–130
- [7] Chen H(陈辉), Fan Y-H(范源洪), Xiang-Yu J-G(向余颈攻), Cai Q(蔡青), Zhang Y-P(张亚平). Phylogenetic relationships of *Saccharum* and related species inferred from sequence analysis of the nrDNA ITS region. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2003, 29(3): 379–385 (in Chinese with English abstract)
- [8] Cai Q(蔡青), Fan Y-H(范源洪), Aitken K, Piperidis G, McIntyre C L, Jackson P. Assessment of the phylogenetic relationships within the “*Saccharum* complex” using AFLP markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(5): 551–559 (in Chinese with English abstract)
- [9] Selvi A, Nair N V, Noyer J L, Singh N K, Balasundaram N, Bansal K C, Koundal K R, Mohapatra T. AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity in the sugarcane complex *Saccharum erianthus*. *Genet Resour Crop Evol*, 2006, 53: 831–842
- [10] Nakayama S. Intra-species diversity of interspersed sequences in polyploid cultivated *Saccharum* species. *Genes & Genet Syst*, 2006, 81: 418–418
- [11] Besse P, McIntyre C L, Berding N. Ribosomal DNA variations in *Erianthus*, a wild sugarcane relative (*Andropogoneae-Saccharinae*). *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 733–743
- [12] Besse P, McIntyre C L, Berding N. Characterisation of *Erianthus* sect. *Ripidium* and *Saccharum* germplasm (*Andropogoneae-Saccharinae*) using RFLP markers. *Euphytica*, 1997, 93: 283–292
- [13] Nair N V, Nair S, Sreenivasan T V, Mohan M. Analysis of genetic diversity and phylogeny in *Saccharum* and related genera using RAPD markers. *Genet Res Crop Evol*, 1999, 46: 73–79
- [14] Pan Y B, Burner D M, Legendre B L. An assessment of the phylogenetic relationship among sugarcane and related taxa based on the nucleotide sequence of 5S rRNA intergenic spacers. *Genetica*, 2000, 108: 285–295
- [15] Zhang Y-W(张云武), Long H-S(龙火生), Fan Y-H(范源洪), Yao Y-G(姚永刚), Cai Q(蔡青), Zhang Y-P(张亚平). Sequence variation of *rbcl* gene and evolution of *Saccharum* and related species. *Acta Bot Yunnan* (云南植物研究), 2002, 24(1): 29–36 (in Chinese with English abstract)
- [16] Chen S-F(陈少凤), Dong S-S(董穗穗), Wu W(吴伟), Shi S-H(施苏华), Zhou P-H(周朴华). Phylogenetics of *Triarrhena* and related genera based on ITS sequence data. *J Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), 2007, 25(3): 239–244 (in Chinese with English abstract)
- [17] Kumar S, Nei M, Dudley J, Tamura K. MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Brief Bioinform*, 2008, 9: 299–306
- [18] Editorial Board of the Flora of China (中国植物志编辑部委员会). *Flora of China*, Vol. 10, No. 2 (中国植物志第十卷第二分册). Beijing: Science Press, 1997. pp 4–46 (in Chinese)
- [19] Heinz K J. Report of the Standing Committee on Germplasm and Breeding. In: Proc. of the XVII Congress of the ISSCT. Philippines, 1980. LIV–LVI
- [20] Liu X-L(刘新龙), Cai Q(蔡青), Wang L-P(王丽萍), Ma L(马丽), Lu X(陆鑫), Ying X-M(应雄美), Mao J(毛钧). The advance of sugarcane germplasm resource in genetic diversity and crossing utilization. *Sugar Crops China* (中国糖料), 2007, (1): 46–49 (in Chinese with English abstract)
- [21] Emily A H, Stephen P L, Thomas B V, Michael B J, John C B. *Miscanthus* for renewable energy generation: european union

- experience and projections for Illinois. *Mitigation Adapt Strategies Global Change*, 2004, 9: 433–451
- [22] Wilfred Vermerris. *Genetic Improvement of Bioenergy Crops*. New York: Springer Press, 2008. pp 295–308
- [23] Lao Z-Z(廖兆周), Lao F-Y(劳芳业), Zhou Y-H(周耀辉), Li Q-W(李奇伟), Deng H-H(邓海华), Huang H-N(黄鸿能), Fu C(符城), Hu H-X(胡后祥), Yang Y-H(杨业后), Chen X-W(陈西文). Breeding of drought-tolerant sugarcane lines with *E. arundinaceus* germplasm. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2002, 28(6): 841–846 (in Chinese with English abstract)
- [24] Wang L-P(王丽萍), Cai Q(蔡青), Fan Y-H(范源洪), Lu X(陆鑫), Aiken K, Ma L(马丽), Liu X-L(刘新龙), Xia H-M(夏红明). Study on the distant hybrid utilization between *Saccharum* and *Erianthus arundinaceus*. *Southwest China J Agric Sci* (西南农业学报), 2007, 20(4): 721–726 (in Chinese with English abstract)

科学出版社生物分社新书推介

《生物入侵：预警篇》

国家科学技术学术著作出版基金资助出版

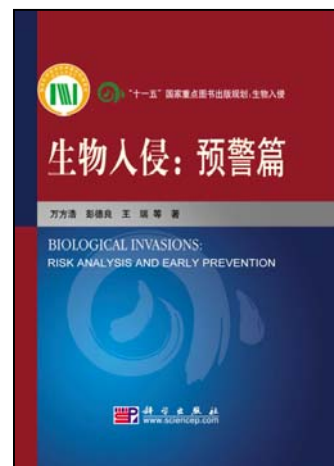
“十一五”国家重点图书出版规划

万方浩 彭德良 王瑞 等著

978-7-03-028734-2 ¥198.00 2010年9月出版

本书是国家重点基础研究发展计划(“973”计划)项目“重要外来物种入侵的生态影响机制与监控基础”(2009CB119200)、“十一五”国家科技支撑计划课题“入侵物种风险评估与早期预警技术”(2006BAD08A15)与科技部基础性工作专项“中国外来入侵物种及其安全性考察”(2006FY111000)的研究成果专著。本书系统地综合了国内外外来入侵物种风险评估与早期预警的理论与应用研究成果,分为上、下篇。上篇为理论篇,围绕风险评估与早期预警的科学问题,主要论述早期预警体系的构建、入侵物种的数据库与信息共享、入侵物种的适生性风险评估技术与方法、外来入侵物种控制预案编写的基本框架。下

篇为应用篇,主要论述了64种我国重要农林入侵物种的适生性风险分析,并提出了相应的控制预案,这些研究成果可为控制与管理我国重要农林外来物种入侵提供决策依据。本书既可供从事生物安全领域的专业研究人员、大专院校师生,从事动植物检疫和农业、林业的科研人员、行政官员及管理人员参考,也可为广大公众了解入侵生物知识,为政府部门制定入侵生物预防与控制行动提供决策依据。



欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书

联系人: 科学出版社科学销售中心 周文宇 电话: 010-64031535 E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: <http://www.dangdang.com> <http://www.amazon.cn>

联系科学出版中心生物分社: 010-64012501 <http://www.lifescience.com.cn> E-mail: lifescience@mail.sciencep.com

更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目