

胡俏强,周玲,潘玖琴,等. 基于玉米 50 K 芯片分析鲜食玉米温-热带杂种优势模式及其育种利用[J]. 江苏农业科学,2021,49(5):62-66.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.05.011

# 基于玉米 50 K 芯片分析鲜食玉米温-热带杂种优势模式及其育种利用

胡俏强<sup>1</sup>, 周玲<sup>2</sup>, 潘玖琴<sup>1</sup>, 吉善良<sup>3</sup>, 黄少华<sup>1</sup>, 周安来<sup>4</sup>, 孙雪花<sup>1</sup>, 郭华<sup>4</sup>, 赵涵<sup>2</sup>, 戴惠学<sup>1</sup>

(1. 南京市蔬菜科学研究所, 江苏南京 210042;

2. 江苏省农业科学院种质资源与生物技术研究所/江苏省农业生物学重点实验室, 江苏南京 210014;

3. 江苏润扬种业股份有限公司, 江苏仪征 211400; 4. 南京绿领种业有限公司, 江苏南京 210033)

**摘要:**利用基于 Illumina 平台的玉米 MaizeSNP50 (50 K) 芯片对 90 份鲜食玉米自交系材料进行 SNP 基因分型, 获得 11 100 个高质量 SNP 变异位点。通过这些位点可以将具有不同遗传背景的 90 份鲜食玉米资源划分为四大类群, 分别为热带糯玉米群(31 份)、热带甜玉米群(15 份)、温带糯玉米群(11 份)、温带甜玉米群(33 份), 并对其群体遗传结构进行 PCA 分析, 二者结果与自交系谱系来源保持一致。以上述温、热优势群划分结果为依据, 现已知 15 个自主选育鲜食玉米品种的组配模式为温、热带优势群间杂交, 且各品种在农艺性状、品质、抗性等方面均表现出较强的杂种优势, 该温-热杂优模式为今后鲜食玉米品种选育提供了新方向。

**关键词:**温热带鲜食玉米; SNP 基因分型; 类群划分; 杂优模式; 玉米育种

**中图分类号:**S513.03

**文献标志码:**A

**文章编号:**1002-1302(2021)05-0062-05

鲜食玉米是指在乳熟期采摘果穗用于食用, 具有特殊风味和品质的玉米品种。和普通玉米相比它具有甜、糯、嫩、香等特点。从品质上可分为甜玉米、糯玉米、甜加糯玉米三大类。因其风味独特、营养丰富、效益显著, 既可即时供应, 也可冷藏加工, 而深受广大种植者、消费者和加工企业的欢迎, 市场需求越来越大。玉米是异花授粉作物, 杂种优势应用的典型代表。杂种优势大小主要取决于亲本的遗传组成和遗传差异, 遗传差异越大则杂种优势越明显。在不同杂种优势群之间组配杂交组合获得强优势组合的概率较大, 进而可形成杂种优势模式<sup>[1]</sup>。因此, 依据亲缘关系和遗传组成将玉米自交系划分为不同的杂种优势类群是玉米育种的重要研究课题<sup>[2-3]</sup>。从 20 世纪 90 年代起, 我国玉米杂种优势群划分经历了从 5 群(改良 Reid、Lancaster、塘四平头、旅大红骨和其他群)<sup>[4-5]</sup>到 3 群(Reid、

Lancaster 和国内群)<sup>[6-7]</sup>再到 2 群(Reid 群和 Non-Reid 群)<sup>[8]</sup>, 最终归并为 2 个杂种优势列(alignment)<sup>[9-10]</sup>, A 列即母本阵列或 SS(Stiff Stalk)列, B 列即父本阵列或 NSS(non-Stiff Stalk)列的复杂历程。近些年越来越多的育种家们提出了“温-热带种质”综合育种的新思路。一般而言, 温带种质具有株型优良、出籽率高、产量潜力大、配合力高等优良特性, 热带种质则具有叶片持绿期长、生物产量高、抗病抗逆性强等突出特点。为充分利用温、热带玉米种质的优良特性, 根据育种实际, 提出了“温带种质×热带种质”的杂优组配模式, 并取得了一系列成果<sup>[11-13]</sup>。然而, 目前关于鲜食玉米(尤其是甜玉米)的遗传基础和类群划分等相关研究仍然较少, 本研究以不同遗传背景的 90 份鲜食玉米自选系为材料, 利用基于 Illumina 平台的玉米 MaizeSNP50 (50 K) 芯片对其进行基因分型、杂种优势群划分及群体结构 PCA 分析, 并以前期育成品种组配模式为参考, 探究鲜食玉米温-热杂优新模式, 为后续种质改良和杂交组配指引了新方向。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料及全基因组芯片数据

供试材料为具有温带或热带血缘的 90 份鲜食玉米自交系(表 1), 2019 年种植于南京市蔬菜科学

收稿日期:2021-01-20

基金项目:江苏省农业科技自主创新资金[编号:CX(20)1002];江苏省农业重大新品种创制项目(编号:PZCZ201712)。

作者简介:胡俏强(1984—), 男, 河北秦皇岛人, 硕士, 高级农艺师, 从事鲜食玉米遗传育种研究。E-mail:huqiaoqiang@126.com。

通信作者:赵涵, 博士, 研究员, 从事玉米遗传育种学研究, E-mail:zhaohan@jaas.ac.cn;戴惠学, 硕士, 研究员, 从事鲜食玉米遗传育种研究, E-mail:5409781@163.com。

研究所试验田,每株系种植 1 行,行长 4 m,行距 60 cm,每行播种 20 粒。之后利用基于 Illumina 平台的玉米 MaizeSNP50 (50 K) 芯片进行 SNP 基因分型,过滤掉次要等位基因频率(MAF) < 5% 和缺失率 > 20% 的 SNP 的冗余数据,最后获得 11 100 个高质量的 SNP 位点。

1.2 遗传组成差异分析

利用 TASSEL V5.0 (www.maizegenetics.net/tassel) 使用邻接算法(N-J)<sup>[14]</sup> 计算 90 份自交系之间的遗传距离并构建聚类图,进行类群划分;依据 Patterson 等所描述的操作流程<sup>[15]</sup> 进行主成分分析(PCA)分析。

2 结果与分析

2.1 系统发育树构建及聚类分析

运用 TASSEL V5.0 软件基于 11 100 个高质量的 SNP 位点,采用 N-J 法构建了系统发育树,结果(图 1)显示,90 份鲜食玉米自交系被划分为 4 个不同的类群:第 I 类群为包含了 ZN-01、SN-10、ln-02、N15-01、N15-01A、N15-03、N622、J58-28N、J27-6N、J75-1、J75-2、J75-3、J75-6、J68、J69、J70、J71、J72、J73、J74、J76、J77、J78、J79、J80、J81、J82、J83、J84、J85、J86 等 31 份自交系的热带糯玉米群;第 II 类群为包含了 403-11、403-11A、403-11B、403-11C、ST-08、H152-7D、H162-7B、403325-4、H403-12、Lvh43-01、Lvh43-04、F06-1、TN-12、LTN03-2、T-10 等 15 份自交系的热带甜玉米群;第 III 类群为包含了 QN-51、ln-01、N612、HN-01、N623、N1301-612、N1301-512、J87、J88、J89、J90 等 11 份自交系的温带糯玉米群等;第 IV 类群为包含了 ST-01、ST-02、ST-03、ST-05、ST-06、ST-09、ST-10、甜-01、甜-01B、甜-02、T-06、T-07、T-08、T-09、T-12、T-13、H147-7A、H17-11、WT-001、WT-006、WT-020、T1205-11-14、326B452-2、187-8、T458-06、Lv 甜-001、HT-07、1041-11、TN-06、J59HT-6、J59HT-14、765-4、JN52-28T 等 33 份自交系的温带甜玉米群。其划分结果与材料来源高度一致。

2.2 群体结构分析

本研究对上述材料进行了 PCA 分析(图 2),将 4 个群按 PC1 (principal component 1) 与 PC2 (principal component 2) 的坐标轴方向进行显示,从

表 1 90 份鲜食玉米自交系材料的名称和来源

编号	自交系名称	来源	编号	自交系名称	来源
T1	403-11	热带	T46	765-4	温带
T2	403-11A	热带	T47	LTN03-2	热带
T3	403-11B	热带	T48	JN52-28T	不详
T4	403-11C	热带	N1	QN-51	温带
T5	ST-01	温带	N2	ZN-01	热带
T6	ST-02	温带	N3	SN-10	热带
T7	ST-03	温带	N4	ln-01	温带
T8	ST-05	温带	N5	ln-02	热带
T9	ST-06	温带	N6	N612	温带
T10	ST-08	热带	N7	HN-01	温带
T11	ST-09	不详	N8	N15-01	热带
T12	ST-10	不详	N9	N15-01A	热带
T13	甜-01	温带	N10	N15-03	热带
T14	甜-01B	温带	N11	N623	温带
T15	甜-02	不详	N12	N622	热带
T16	T-06	不详	N13	N1301-612	温带
T17	T-07	不详	N14	N1301-512	温带
T18	T-08	不详	N15	J58-28N	热带
T19	T-09	不详	N16	J27-6N	热带
T20	T-10	不详	N17	J75-1	不详
T21	T-12	不详	N18	J75-2	不详
T22	T-13	不详	N19	J75-3	不详
T23	H152-7D	热带	N20	J75-6	不详
T24	H147-7A	温带	N21	J68	不详
T25	H162-7B	热带	N22	J69	不详
T26	H17-11	温带	N23	J70	不详
T27	WT-001	温带	N24	J71	不详
T28	WT-006	温带	N25	J72	不详
T29	WT-020	温带	N26	J73	不详
T30	T1205-11-14	温带	N27	J74	不详
T31	326B452-2	温带	N28	J76	不详
T32	403325-4	热带	N29	J77	不详
T33	187-8	温带	N30	J78	不详
T34	H403-12	热带	N31	J79	不详
T35	T458-06	温带	N32	J80	不详
T36	Lvh43-01	热带	N33	J81	不详
T37	Lvh43-04	热带	N34	J82	不详
T38	Lv 甜-001	温带	N35	J83	不详
T39	HT-07	温带	N36	J84	不详
T40	1041-11	温带	N37	J85	不详
T41	TN-06	不详	N38	J86	不详
T42	J59HT-6	不详	N39	J87	不详
T43	J59HT-14	不详	N40	J88	不详
T44	F06-1	热带	N41	J89	不详
T45	TN-12	热带	N42	J90	不详

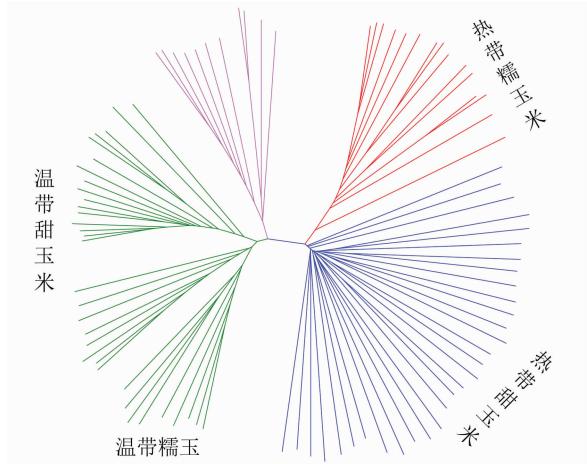


图1 90 份鲜食玉米自交系基于 50K SNP 标记构建的 NJ 聚类

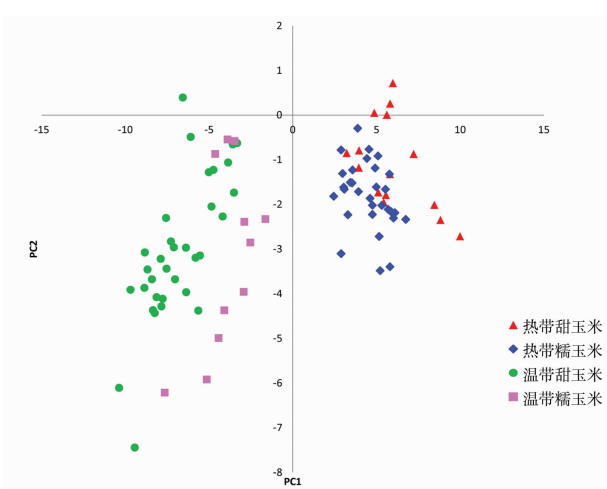


图2 90 份鲜食玉米自交系群体结构 PCA 分析

显示的结果来看,4 个群基本被划分开,热带材料和温带种质被明显推向两极,其中温带群内遗传差异较大,热带群内遗传差异较小。热带糯玉米群和热带甜玉米群之间的关系较近且重叠分布区域较多,说明热带鲜食玉米群体中的一些自交系有可能由相同或近似血缘玉米选育而来。

2.3 温热带种质杂优模式利用

根据前期品种选育经验及组配模式,结合树状聚类图分析可知:温带优势群与热带优势群之间两两组合均可形成高杂种优势的杂交组合(品种)。如温带Ⅲ群(糯)与热带Ⅰ群(糯)组配出糯玉米品

种:晶彩糯、萃糯 1 号;温带Ⅲ群(糯)与热带Ⅱ群(甜)组配出甜加糯品种:晶白甜糯、晶彩甜糯、萃甜糯 608;温带Ⅳ群(甜)与热带Ⅰ群(糯)组配出甜加糯品种:晶彩花糯 5 号;温带Ⅳ群(甜)与热带Ⅱ群(甜)组配出甜玉米品种:晶甜 3 号、晶甜 5 号、晶甜 6 号、晶甜 7 号、晶甜 9 号、晶甜 10 号、晶甜 12 号、萃甜 618、萃甜 628。这些品种的育成也从侧面反映出温、热带群体间较强的杂种优势和基于 50K 芯片 SNP 标记划分类群的准确性(表 2)。

从各品种区试数据分析可知,15 个鲜食玉米品种的果穗长度为 18.1 ~ 20.5 cm、穗粗为 4.6 ~

表 2 基于温-热杂交模式选育 15 个鲜食玉米品种

品种(名称)	品种来源	审定编号	植物新品种权保护情况
晶甜 3 号	403-11×187-8	国审玉 2003076	
晶甜 5 号	403325-4×326B452-2	苏审玉 201007	
晶甜 6 号	H403-12×T458-06	苏审玉 201306	
晶甜 7 号	403-11×1041-11	苏审玉 20170007	
晶甜 9 号	ST-08×ST-06	皖玉 2016042 国审玉 20200497	已授权(CNA20173368.7)
晶甜 10 号	甜-01×403-11C	苏审玉 20190017	已授权(CNA20191001352)
晶甜 12 号	T1205-11-14×403-11A	苏审玉 20200014	已受理(202021002506)
萃甜 618	Lv 甜-001×Lv43-01	国审玉 20180359	已授权(CNA20191002070)
萃甜 628	Lv 甜-001×Lv43-04	沪审玉 2019008	已授权(CNA20191002108)
晶彩糯	QN-51×ZN-01	苏审玉 20180006	已授权(CNA20182013.7)
晶彩甜糯	QN-51×F06-1	苏审玉 20190012	已授权(CNA20191001591)
晶白甜糯	QN-51×TN-12	苏审玉 20190013 国审玉 20200528	已授权(CNA20191001318)
晶彩花糯 5 号	765-4×SN-10	闽审玉 2015002	
萃糯 1 号	ln-01×ln-02	桂审玉 2008014 湘审玉 2010005	
萃甜糯 608	N612×LTN03-2	沪审玉 2018002	

5.1 cm,穗行数为 12 – 16 行,是鲜食玉米品种较为理想的果型(表 3)。15 个品种的产量均高于对照(CK),其中萃甜 628 产量最高为 1 045.4 kg/667 m<sup>2</sup>;萃糯 1 号增产幅度最大,较 CK 增产 24.0%(表 3)。15 个品种中除晶彩花糯 5 号、晶甜 9 号品质综合评分与对照相当外,其他品种均高于对照,其中晶彩甜糯品质最好,综合评分达到 88.1 分(表 4、表 5)。田间自然发病调查结果显示,除晶甜 12 号、萃甜 618、晶彩甜糯、晶白甜糯 4 个品种外,其余品种对小斑病的抗性均达到抗病以上;15 个品种对大斑病、

茎腐病、纹枯病的抗性均达到抗病以上(表 4、表 5)。经接种鉴定,15 个品种茎腐病均达抗病以上;除晶彩糯外,其余品种对大斑病抗性均达抗病以上;7 个品种感小斑病,5 个品种感纹枯病,其他品种对小斑病和纹枯病的抗性均达到抗病以上(表 4、表 5)。由此可见,温、热带群间杂交选育出的鲜食玉米品种具有植株、穗位高适中,抗性好,品质优等特点,表现出较强杂种优势,可作为今后鲜食玉米品种选育中的新杂优模式。

表 3 基于温 – 热杂交模式育成 15 个鲜食玉米品种的农艺及产量性状

品种名称	株高 (cm)	穗位 (cm)	穗长 (cm)	穗粗 (cm)	穗行数 (行)	千粒鲜质量 (g)	平均产量 (kg/667 m <sup>2</sup> )	较 CK 增产 (%)
晶甜 3 号	208	76	18.6	4.6	13.5	339.4	745.1	11.8
晶甜 5 号	194	75	20.3	5.1	12 ~ 16	312.0	745.6	10.6
晶甜 6 号	200	82	19.0	4.8	12 ~ 14	322.3	725.1	11.1
晶甜 7 号	244	104	19.5	4.8	14.3	316.0	817.8	8.9
晶甜 9 号	235	93	19.6	4.8	15.9	332.0	897.4	3.2
晶甜 10 号	236	98	19.4	5.0	13.6	351.0	839.4	5.1
晶甜 12 号	225	100	17.0	4.6	12.6	337.0	713.9	8.5
萃甜 618	215	75	19.1	5.0	12 ~ 14	414.0	770.3	3.1
萃甜 628	245	97	20.5	5.0	15.2	338.0	1 045.4	16.1
晶彩糯	229	110	18.5	4.6	14	321.0	814.7	6.6
晶彩甜糯	227	112	18.1	4.7	14.3	313.0	843.8	6.7
晶白甜糯	227	104	20.2	4.6	13.6	345.0	876.8	15.1
晶彩花糯 5 号	225	86	20.4	4.8	16.1	297.0	978.0	11.4
萃糯 1 号	215	84	18.5	5.0	12.7	352.0	948.5	24.0
萃甜糯 608	206	91	18.4	4.8	15.7	317.0	835.8	16.5

表 4 基于温 – 热杂交模式育成 6 个糯(甜糯)玉米新品种的品质及抗性鉴定

品种名称	检测项目		品质综合 评分	田间自然发病				接种鉴定			
	支/总淀粉 (%)	皮渣率 (%)		大斑病	小斑病	茎腐病	纹枯病	大斑病	小斑病	茎腐病	纹枯病
晶彩糯	97.4	10.8	86.3	R	MR	—	R	S	S	MR	MR
晶彩甜糯	98.1	11.7	88.1	R	S	—	R	MR	S	R	S
晶白甜糯	98.4	11.5	86.5	R	S	—	R	MR	S	MR	S
晶彩花糯 5 号	98.4	10.6	84.9	R	HR	HR	R	R	MR	HR	MR
萃糯 1 号	98.9	—	85.3	R	R	HR	MR	R	S	HR	MR
萃甜糯 608	—	—	86.5	HR	R	HR	R	R	MR	MR	S

3 结论与讨论

为提高育种效率,了解材料遗传背景,准确划分玉米自交系杂种优势群,从而有针对性地组配杂交组合,是玉米育种的基本程序。随着分子生物学

的发展,分子标记已成为作物遗传育种研究的重要手段,在玉米种质的遗传多样性分析中被广泛应用<sup>[16–18]</sup>,其中 SNP 因具有数量多、分布广泛、适于快速规模化筛查、等位基因频率容易估计、易于基因分型等优点,发挥着它的巨大作用。本研究以 90

表 5 基于温 - 热杂交模式育成 9 个甜玉米新品种的品质及抗性鉴定

品种名称	检测项目			品质综合评分	田间自然发病				接种鉴定			
	还原糖含量(%)	水溶性糖含量(%)	皮渣率(%)		大斑病	小斑病	茎腐病	纹枯病	大斑病	小斑病	茎腐病	纹枯病
晶甜 3 号	8.3	16.9	—	86.0	—	—	—	—	R	R	MR	—
晶甜 5 号	6.3	14.5	13.7	86.6	HR	HR	—	R	—	S	—	R
晶甜 6 号	5.0	14.9	12.5	85.6	HR	R	—	MR	—	MR	—	MR
晶甜 7 号	9.8	21.8	9.5	85.8	HR	R	—	R	MR	R	MR	S
晶甜 9 号	9.6	26.0	7.6	84.6	HR	R	HR	R	—	S	—	MR
晶甜 10 号	9.0	15.5	15.4	86.3	R	MR	—	R	MR	S	MR	HS
晶甜 12 号	8.3	15.7	13.0	85.7	R	S	R	R	MR	R	MR	MR
萃甜 618	8.4	18.0	12.0	85.9	MR	S	MR	MR	—	MR	HR	R
萃甜 628	—	—	—	86.3	HR	HR	HR	R	—	R	—	S

份鲜食玉米自交系为材料,开发出 11 100 个高质量的 SNP 分子标记,基于这些标记将 90 份自交系划分为 4 个杂种优势群,分别为热带糯玉米群、热带甜玉米群、温带糯玉米群、温带甜玉米群,并对其群体遗传结构进行了 PCA 分析,4 个群基本被划分开,其中温带群内遗传差异较大,热带群内遗传差异较小。热带群之间的关系较近且重叠分布区域较多,说明一些自交系有可能由相同或近似血缘材料选育而来。如 J75 - 1、J75 - 2、J75 - 3、J75 - 6 是姊妹自交系;F06 - 1 是由 ZN - 01 改良转育而来;ln - 02 与 TN - 12 均具京科糯 2000 的血缘。温带优势群中自交系 N15 - 01A 是由 N15 - 01 改良而来,JN52 - 28T、TN - 06 与 N15 - 01 均具有彩甜糯 6 号的血缘,故四者相邻重叠。聚类与 PCA 分析结果均与材料来源高度吻合,相比传统的系谱分析法、配合力分析法,该方法不仅准确率更高,还可以有效减少自交系之间的组配工作量,大幅提高育种效率。此外,以育成品种的农艺性状数据及组配模式为参考,本研究明确了鲜食玉米温 - 热杂优新模式,现已育成晶甜 9 号、萃甜 618、晶白甜糯、晶彩糯等优质广适鲜食玉米新品种 15 个,为后续鲜食玉米育种工作提供了明确的双亲选择及杂交组配方向。

参考文献:

[1]王磊,谢淑芹,焦宏业,等. 玉米主要杂种优势类群特点及杂种优势模式利用[J]. 河北农业科学,2011,15(11):54 - 56.

[2]夏远峰,许明学,于明彦,等. 玉米基础种质杂种优势模式分析[J]. 玉米科学,2008,16(5):29 - 32,36.

[3]孟一江,高进军. 中国玉米优势群划分和利用研究[J]. 玉米科学,2006,14(1):16 - 17.

[4]王懿波,王振华,王永普,等. 中国玉米主要种质杂种优势利用模

式研究[J]. 中国农业科学,1997,30(4):16 - 24.

[5]王懿波,王振华,王永普,等. 中国玉米主要种质的改良与杂优模式的利用[J]. 玉米科学,1999,24(6):1 - 8.

[6]张世煌,彭泽斌,李新海. 玉米杂种优势与玉米种质扩增、改良与创新[J]. 中国农业科学,2000,33(增刊1):34 - 39.

[7]李新海,袁立行,李晓辉,等. 利用 SSR 标记划分 70 份我国玉米自交系的杂种优势群[J]. 中国农业科学,2000,36(6):622 - 627.

[8]石雷. 美国商业种质对我国玉米育种的影响[J]. 北京农业,2007(26):10 - 13.

[9]Hallauer A R. Introgression of elite subtropical and tropical germplasm with U. S. corn belt germplasm 2003 NCR - 167 North Central Regional Corn Breeding Meetings Program[EB/OL]. [2021 - 01 - 02]. [www.agron.iastate.edu/corn/NCR167/Abstrscte/2003/Hallauer\\_2003\\_Abstract.pdf](http://www.agron.iastate.edu/corn/NCR167/Abstrscte/2003/Hallauer_2003_Abstract.pdf).

[10]潘光堂,杨克诚,李晚忱,等. 我国西南玉米杂种优势群及其杂优模式研究与应用的回顾[J]. 玉米科学,2020,28(1):1 - 8.

[11]陈彦惠,王利明,戴景瑞. 中国温带玉米种质与热带、亚热带种质杂优组合模式研究[J]. 作物学报,2000(5):557 - 564.

[12]郭向阳,胡兴,陈泽辉,等. 热带玉米 Suwan1 群体导入不同类型温带种质的遗传分析[J]. 玉米科学,2019,27(4):9 - 13,21.

[13]姚文华,黄云霄,蒋辅燕,等. 温热带玉米种质改良系配合力分析及杂种优势群划分[J]. 西南农业学报,2019,32(4):706 - 712.

[14]Saitou N, Nei M. The Neighbor - joining Method: a new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. Molecular Biology and Evolution,1987,4(4):406 - 425.

[15]Patterson N, Price A L, Reich D. Population structure and Eigen analysis[J]. PLoS Genet,2006,2:2074 - 2093.

[16]高嵩,刘宏伟,何欢,等. 利用 SNP 芯片进行玉米遗传多样性和群体遗传结构分析及新品种选育[J]. 玉米科学,2021,29(1):39 - 45.

[17]林峰,梁帅强,周玲,等. 玉米自交系的遗传多样性分析及杂种优势群划分[J]. 江苏农业科学,2015,43(11):107 - 109.

[18]杨亚桐,董安忆,刘松涛,等. 基于 SSR 分子标记的糯玉米遗传多样性研究[J]. 江苏农业科学,2020,48(2):83 - 86.