

# 外引青贮玉米自交系的遗传关系分析

许 洛, 李中建, 王绍新, 王宝宝, 徐立平, 冯健英, 陈 莉

(石家庄市农林科学研究院, 石家庄 050041)

**摘 要:** 为提高对引进青贮玉米种质资源的利用效率, 使用 48K 的液相基因芯片技术, 对 38 份青贮玉米种质进行全基因组鉴定并开展群体遗传结构分析。结果表明, 自交系间的遗传相似度在 0.431 4 ~ 0.982 8, 在遗传结构上可以分为 4 个亚群, 各亚群间遗传关系较远, 具有较好的育种潜力。综合分群结果表明, 其中有 10 个自交系属于欧洲硬粒血缘, 属于 PB 群的有 8 个自交系, 属于 Reid 群的有 5 个自交系, 属于旅大红骨群的有 2 个自交系, 属于 SS 群的有 1 个自交系, 属于 SPT 群的有 1 个自交系。11 份材料血缘关系较为复杂, 未检测出主导血缘。

**关键词:** 玉米; SNP 基因芯片; 品种选育; 遗传多样性; 种质资源分析

**中图分类号:** S513.032

**文献标识码:** A

## Genetic Relationship Analysis of Inbred Lines of Silage Maize Introduced Abroad

XU Luo, LI Zhong-jian, WANG Shao-xin, WANG Bao-bao, XU Li-ping, FENG Jian-ying, CHEN Li  
(Shijiazhuang Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050041, China)

**Abstract:** To enhance the utilization efficiency of silage maize germplasm resources introduced from abroad, 38 silage maize germplasm were identified and the population genetic structure was analyzed using 48K liquid phase gene chip technology. The genetic similarity between the inbred lines ranged from 0.431 4 to 0.982 8, and the genetic structure of the inbred lines could be divided into four subgroups, each of which had a distant genetic relationship and had good breeding potential. Comprehensive clustering showed that there were 10 inbred lines belonged to the European hard grain of consanguinity, 8 inbred lines belonged to PB group, 5 inbred lines belonged to the Reid group, 2 inbred lines belonged to Lvda Red Cob group, 1 inbred line belonged to SS group, 1 inbred line belongs to SPT group, 11 material blood relationship were relatively complex, and no dominant lineage was detected.

**Key words:** Maize; SNP gene chip; Variety breeding; Genetic diversity; Analysis of germplasm resource

青贮玉米是我国饲料工业和畜牧行业生产的主要原材料之一,也是玉米深加工的重要原料,其对保障我国粮饲安全有着重要作用<sup>[1]</sup>。选育优质青贮玉米新品种,对推进我国农业种植业结构调整和大幅度提高农民收入、实现农业由数量增长型转变成优质高效型具有重要意义<sup>[2]</sup>。解析玉米种质材料基因构成,拓宽种质资源遗传改良基础,掌握遗传多样性和亲缘关系是选育优质玉米自交系的前提。前人大部分采用 AFLP、RFLP、SSR 等分子标记对各类玉米种质的遗传结构及其多样性进行研究<sup>[3,4]</sup>。

近年来,以 SNPs 为主导的基因芯片技术成为鉴定玉米种质的主要标记<sup>[5-10]</sup>。基因芯片又称 DNA 芯片,是依据碱基互补配对原则,将 DNA 片段集成到硅芯片或玻璃芯片表面的微型生物化学分析系统。与传统检测方法相比,基因芯片的优势在于高通量、自动化、准确率高,可实现计算机自动化 SNP 分析<sup>[11]</sup>。青贮玉米在种质遗传多样性和群体结构研究较少。李亮<sup>[12]</sup>使用 56K 基因芯片对 34 份玉米种质资源进行基因组水平上的分子鉴定,将 34 份玉米材料分为子粒玉米种质和青贮玉米种质两种类型。目前国内玉米种质随着种质改良和演化,逐渐形成了以 A 群(BSSS 种质和 PA 种质)、B 群(Lancaster 种质和 PB 种质)和 D 群(塘四平头和旅大红骨种质)等类群为主的种质基础<sup>[13]</sup>。狭窄的遗传基础导致近年来玉米育种遗传增益逐渐下降<sup>[14]</sup>,灰斑病、南方锈病、大斑病、穗腐病、茎腐病、粗缩病等病害大面积流行<sup>[15]</sup>。因

录用日期: 2022-06-20

基金项目: 河北省重点研发计划项目(20326307D)

作者简介: 许 洛(1968-),河北饶阳人,硕士,研究员,从事玉米育种和栽培技术研究。E-mail: sjzxuluo@163.com  
陈 莉为本文通信作者。E-mail: sjzcl@163.com

此,鉴定和利用外来优良种质改良我国本土化种质,有效增加种质类群内遗传变异,保证玉米种质资源多样性,创新杂优模式是解决遗传基础狭窄的关键。热带、亚热带地区的玉米种质具有的独特抗性、遗传多样性及地理远缘性<sup>[16]</sup>,关于热带、亚热带玉米的一系列研究,主要集中于中美洲地区和亚热带东南亚及我国西南地区<sup>[17]</sup>,对南非等热带地区的玉米种质尤其是青贮玉米的遗传多样性、群体结构、杂优模式、育种潜力等方面鲜有文献报道。本研究采用

48K 液相 SNP 基因芯片对引进的 38 份玉米青贮玉米种质进行遗传结构及亲缘关系解析,为玉米优良品种选育、杂优模式开发与利用提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

38 份供试玉米种质材料来源于南非、津巴布韦、泰国及美国等地区外引青贮玉米种质。玉米种质材料信息见表 1。

表 1 38 份玉米种质材料信息  
Table 1 The information of 38 maize germplasm

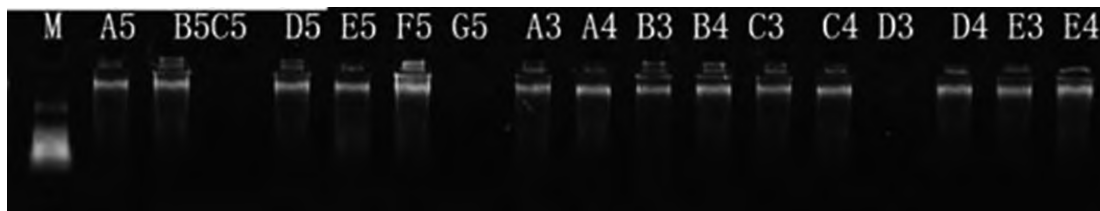
材料编号 Material number	材料名称 Material name	种质类型 Germplasm type	材料来源 Material source
20N215	M36	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
19N67	M39	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
20zhaoxian	于青 2001	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
18n399	石 26	青贮玉米	先锋×迪卡
19N406	石 88	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
20N57	石 261	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
20N201	韩 18392	青贮玉米	郑 58×南非种质选系
20N204	石 3547	青贮玉米	先锋×津巴布韦种质
20N210	石青 18901	青贮玉米	黄改×津巴布韦种质
19 小 3	石 1447	青贮玉米	外引选系(美国杂交种选系)
2020K3	于青 1928	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K8	于青 1905	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K12	于青 1924	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K19	于青 1914	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K22	于青 1933	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K24	于青 1907	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K27	早 482011	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K34	石青 19388	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020K35	石青 19390	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020N302	贾 20302	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020N303	贾 20303	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N304	贾 20304	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N306	贾 20306	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N307	贾 20307	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N308	贾 20308	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N309	贾 20309	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N331	石青 20331	青贮玉米	泰国玉米种质选系
2020N349	石青 20349	青贮玉米	津巴布韦当地种质二环选系
2020N351	石青 20351	青贮玉米	津巴布韦当地种质二环选系
2020N352	石青 20352	青贮玉米	津巴布韦当地种质二环选系
2020N353	石青 20353	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N354	石青 20354	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N355	石青 20355	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N356	石青 20356	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N367	石青 20367	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N376	石青 20376	青贮玉米	南非当地种质二环选系
2020N381	石青 20381	青贮玉米	外引选系(血缘不详)
2020N396	石青 20396	青贮玉米	外引选系(血缘不详)

## 1.2 实验方法

### 1.2.1 DNA提取

将供试材料种子在温室(25℃)培养发芽,幼苗长至5片叶时,取鲜嫩玉米叶片,参照 Rogers<sup>[18]</sup>的方法提取叶片 DNA。使用紫外分光光度计和电泳的方

法检测 DNA 样品。1% 琼脂糖凝胶 150 V 电泳 45 min,电泳结果使用德国耶拿 BDAdigital 凝胶成像系统观察(图 1),将符合要求的 DNA 样品保存在-80℃冰箱中备用。



注: M 为 Maker2000; A5 为石青 20353 编号; B5 为石青 20355; D5 为石青 20367; E5 为石青 20376; F5 为石青 20381; A3 为于青 1907; A4 为贾 20307; B3 为早 482011; B4 为贾 20308; C3 为石青 19388; C4 为贾 20309; D4 为石青 20331; E3 为贾 20302; E4 为石青 20349。

Note: M, Maker 2000; A5, 2020N354; B5, 2020N355; D5, 2020N367; E5, 2020N376; F5, 2020N381; A3, 2020K24; A4, 2020N307; B3, 2020K27; B4, 2020N308; C3, 2020K34; C4, 2020N309; D4, 2020N331; E3, 2020N302; E4, 2020N349。

图 1 DNA 电泳图

Fig.1 DNA electrophoresis

### 1.2.2 基因芯片杂交

对 38 份玉米材料进行 Affymetrix 基因芯片杂交(北京中玉金标记有限公司),芯片检测的 SNP 标记探针个数为 48 000 个(48K)。对合格的样品进行线性扩增,用于液相探针捕获建库。

### 1.3 数据统计分析

通过使用 Treebest 软件临近法 Neighbor-joining (NJ)对测序结果进行聚类分析,并构建系统发育树形图。采用 GCTA 对样品进行 PCA 的分析<sup>[19]</sup>。使用群体结构分析软件 STRUCTURE2.3.4 的贝叶斯聚类法对测序结果进行群体遗传结构分析,参数 Length of Bunrin Period 设为 25 000, Numbers of MCMC Reps after Bunrin 设为 1 000 000, 将 K 设置为 1~10。利用 EVANNO 等<sup>[20]</sup>ΔK 方法计算 LnP(K)值、ΔK 值和 K 的最大可能值。

## 2 结果与分析

### 2.1 遗传多样性分析

本研究最终筛选到 14 715 个可用标记。分析发现,SNP 的平均最小等位基因频率 0.218,变幅为 0.032~0.410;平均杂合率 0.127,变幅为 0~0.614;平均基因多样性为 0.213,变幅为 0.019~0.386;平均多态信息含量为 0.267,变幅为 0.078~0.349。对两两自交系之间进行多态性位点的分析比较,其变化范围为 0.01%~56.86%,平均值为 41.25%,其中,早 482011 与石青 20396 多态性位点比例最低(0.01%),贾 20304 和石青 20354 多态性位点比例最高(56.86%)。根据样品杂合率,样品于青 1905

(13.58%)和于青 1924(17.46%)杂合率过高,未达到后代自交系要求,应继续自交,待稳定后才能进行组配;其他材料杂合率较低(1.1%~9.6%),能直接用于育种组配。

### 2.2 群体结构分析

系统进化树(phylogenetic tree)就是描述群体间进化顺序的分支图或树型图,用来表示群体间的进化关系并推断出群体的亲缘关系远近。新品系的鉴定和筛选是作物育种中的重要环节,利用聚类分析将不同种质资源进行分类,可为品系(种)间的遗传差异比较、杂交育种亲本组配提供参考依据。将 35 个我国常用玉米骨干自交系作为杂种优势群划分的参照,所构建的树形图见图 2,其中,根据其分支距离远近可以分为 4 个类群。A 类群自 330 和旅大红骨血缘,只有贾 20306;B 类群是以昌 7-2 和黄早四为代表的黄改系包含于青 1914;C 类群是以郑 58 为代表的 SS 血缘,包含有 13 份试验材料;D 类群是以德美亚为代表的欧洲硬粒血缘,试验材料具有较好的育种潜力。

基于个体基因型 SNP,使用主成分分析法将不同自交系聚类成不同亚群,PCA 分析结果表明,主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2)分别解释 10.66% 和 9.94% 的遗传变异(图 3),可以视为主要因素。主成分分析结果表明,群体可以分为 4 类,其中,贾 20302、贾 20306、贾 20307、贾 20308、石青 20396、1 石 26、韩 18392、石青 18901、M36、于青 1928、于青 1905、于青 1924、于青 1914、早 482011、于青 2001 和 M39 分为第 1 类群,构成 POP1;石 3547、石 261、石青 20381、

青 20355 和石青 20356 分为第 3 类群, 是 POP3; 于青 1933、贾 20303、贾 20304、贾 20309、石青 20331 和石青 20367 分为第 4 类群, 为 POP4。

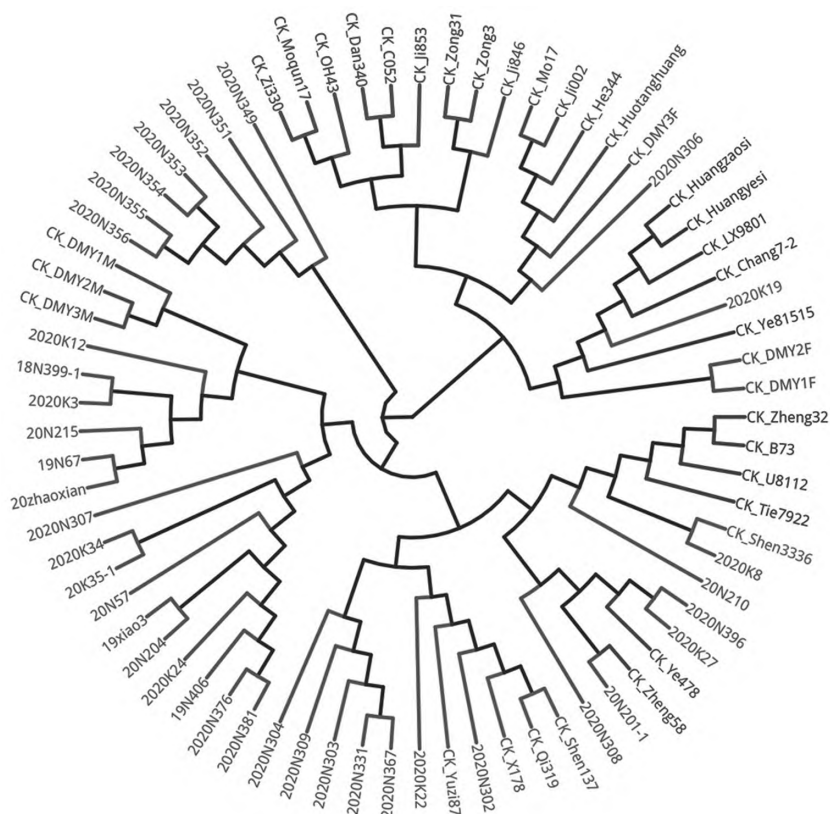


Fig.2 Population genetic tree

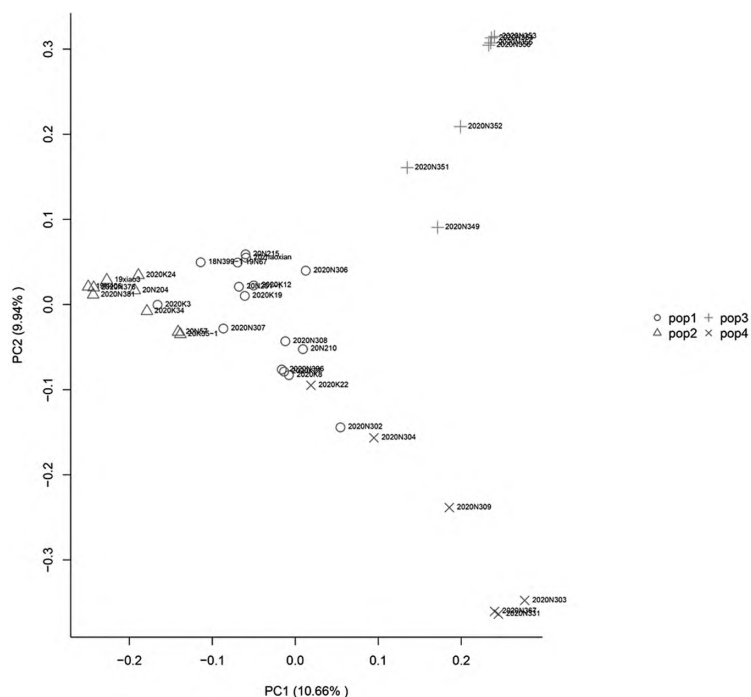


Fig.3 PCA analysis of population



群体结构分析结果见图4所示,  $\ln P(K)$ 值随着  $K$  值增大而增大, 表明玉米种质资源群体间存在遗传分化, 当  $K$  值为 4 时,  $\Delta K$  取最大值, 表明其分为 4 个类群最合适。类群分类结果见图 5, 类群 1 包括贾 20302、贾 20306、贾 20307、贾 20308、石青 20396、石 26、韩 18392、石青 18901、M36、于青 1928、于青 1905、于青 1924、于青 1914、早 482011、于青 2001 和 M39 分为第 1 类群; 类群 2 包括石 3547、石 261、

石青 20381、石青 20376、石青 19388、石青 19388、石青 19390、石 1447 和石 88 分为第 2 类群; 类群 3 包括石青 20349、石青 20351、石青 20352、石青 20353、石青 20354、石青 20355 和石青 20356; 于青 1933、贾 20303、贾 20304、贾 20309、石青 20331 和石青 20367 分为第 4 类群。该结果与 PCA 分类结果基本一致, 进一步证实了分群结果的准确性。

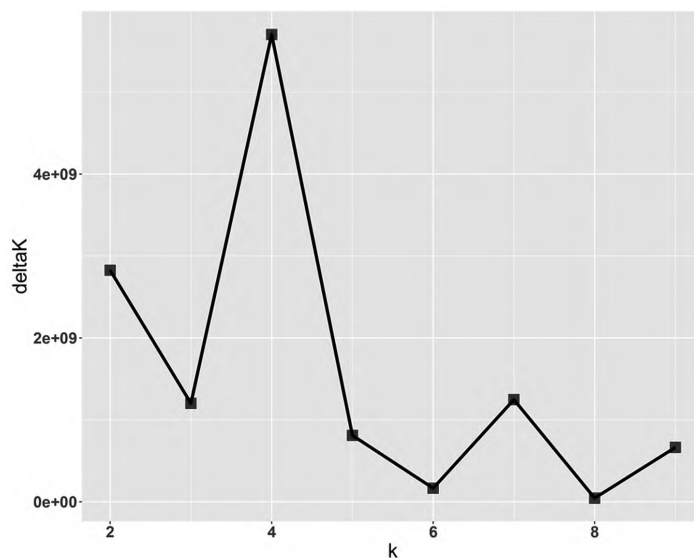


图4 K值与  $\Delta K$  值关系图

Fig.4 Relation between K value and  $\Delta K$  value

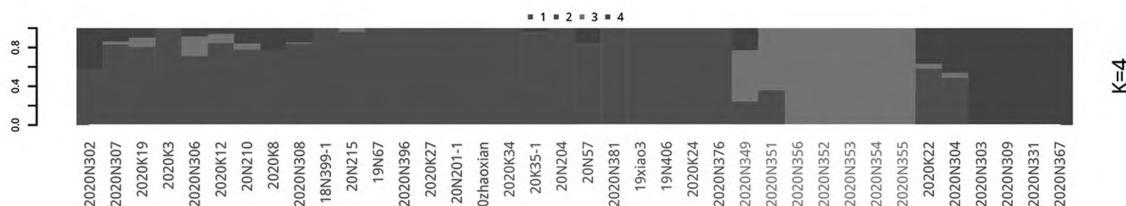


图5 K=4时, 玉米自交系群体遗传结构分析图

Fig.5 Genetic structure analysis of maize inbred line population at K=4

## 2.3 亲缘关系分析

### 2.3.1 遗传相似度分析

识别自交系之间的遗传相似性以促进高产杂交种的选育尤为重要, 这些优异杂交种通常是包含相反杂种优势群的自交系的杂交产物。杂种优势群体也由具有共同祖先的自交系发展而来。一组新的自交系是从杂种优势群体中衍生出来的, 自交系有很大可能与从其他相对杂种优势群体中衍生出来的自交系很好地结合。同一血缘材料的遗传相似度一般在 60% 或 70% 以上, 50% 左右或者 50% 以下的遗传相似度一般代表材料间没有明显的血缘联系。本研究材料的遗传相似度在 0.431 4 ~ 0.982 8, 其中, 贾

20304 与其他材料遗传相似度在 0.431 4 ~ 0.525 9, 表明该材料与其他自交系亲缘关系较远, 没有明显的血缘关系。结合遗传结构分类图, 贾 20304 与另外 3 个类群的自交系组配杂种优势将会明显。早 482011 与石青 20396 的遗传相似度为 0.982 8, 在树形图中二者也最接近, 基本不能分开, 推测两个自交系很可能是姊妹系, 在测配与组配时要尽量将两个自交系分开。其他自交系大多数遗传相似度在 50% ~ 70%。多数研究认为, 遗传相似度接近 1 的材料遗传背景接近可以看为完全相同, 不能作为不同玉米材料使用; 遗传相似度大于 0.9 的材料为类似品种, 在育种上需谨慎使用; 材料之间的遗传相似度

小于 0.9,可以作为不同自交系育种应用<sup>[21]</sup>。本研究中,除早 482011 与石青 20396 的遗传相似度大于 0.9 外,其他自交系遗传相似度均小于 0.87,表明材料之间均可作为不同自交系育种应用。

2.3.2 遗传血缘分析

IBD(identity-by-descent)分析能够将材料的血缘构成细分出来,该方法按照国内的几大主要血缘

(瑞德、兰卡斯特等)去拆分材料的血缘构成。IBD 方法会取遗传比例最高的血缘作为 IBD 分群结果,同时也会把每个血缘所占的比重(IBD 遗传背景比例)展现出来。本研究的 IBD 分群结果见表 2,分群结果大部分与遗传结构分析结果一致。27 份材料分别属于为欧洲硬粒、PB、REID、SPT、旅大红骨、SS 来源;有 11 份材料血缘关系较为复杂,未检测出主导血缘。

表 2 38 个自交系 IBD 分群结果  
Table 2 IBD classification results of 38 inbred lines

编 号 Number	群 组 Group	未知血缘 1 Unknown	未知血缘 2 Unknown	欧洲硬粒 European hard grain	LAN	PB	REID	SPT	SS	旅大红骨	
		consanguini- ty 1	consanguini- ty 2							Lvda Red Cob	UNDECIDED
18N399	Admixture	0.026	0.032	0.231	0.080	0.124	0.025	0.072	0.214	0.097	0.098
19xiao3	Admixture	0.036	0.034	0.201	0.106	0.150	0.041	0.062	0.156	0.114	0.099
2020K3	Admixture	0.034	0.030	0.159	0.130	0.150	0.071	0.069	0.161	0.096	0.101
2020K34	Admixture	0.043	0.019	0.138	0.154	0.132	0.078	0.108	0.144	0.094	0.089
2020N304	Admixture	0.040	0.018	0.124	0.122	0.216	0.075	0.045	0.069	0.203	0.089
2020N307	Admixture	0.047	0.028	0.141	0.104	0.176	0.080	0.135	0.055	0.125	0.110
2020N308	Admixture	0.040	0.009	0.050	0.042	0.163	0.135	0.120	0.170	0.174	0.097
2020N349	Admixture	0.041	0.012	0.093	0.091	0.209	0.033	0.128	0.043	0.255	0.095
2020N376	Admixture	0.028	0.006	0.236	0.131	0.162	0.017	0.232	0.023	0.084	0.080
2020N381	Admixture	0.029	0.007	0.231	0.120	0.161	0.019	0.251	0.020	0.090	0.073
20N215	Admixture	0.020	0.021	0.327	0.050	0.077	0.021	0.051	0.277	0.071	0.084
19N406	欧洲硬粒	0.048	0.012	0.294	0.113	0.163	0.032	0.068	0.055	0.102	0.114
2020K12	欧洲硬粒	0.040	0.044	0.264	0.059	0.121	0.014	0.079	0.163	0.121	0.095
2020K24	欧洲硬粒	0.021	0.038	0.261	0.102	0.117	0.035	0.055	0.111	0.132	0.128
2020N351	欧洲硬粒	0.039	0.016	0.237	0.105	0.098	0.115	0.116	0.039	0.134	0.101
2020N352	欧洲硬粒	0.052	0.017	0.295	0.080	0.132	0.032	0.095	0.051	0.131	0.113
2020N353	欧洲硬粒	0.054	0.016	0.288	0.084	0.111	0.030	0.104	0.051	0.157	0.106
2020N354	欧洲硬粒	0.053	0.015	0.305	0.086	0.113	0.021	0.097	0.051	0.159	0.100
2020N355	欧洲硬粒	0.056	0.015	0.253	0.097	0.093	0.041	0.117	0.043	0.183	0.102
2020N356	欧洲硬粒	0.057	0.016	0.253	0.095	0.096	0.043	0.111	0.043	0.180	0.106
20zhaoxian	欧洲硬粒	0.024	0.043	0.288	0.073	0.131	0.021	0.058	0.172	0.118	0.073
2020K22	PB	0.025	0.015	0.049	0.078	0.458	0.036	0.069	0.036	0.133	0.100
2020K8	PB	0.040	0.022	0.065	0.048	0.402	0.021	0.032	0.232	0.036	0.103
2020N302	PB	0.007	0.005	0.025	0.030	0.539	0.193	0.034	0.069	0.067	0.031
2020N303	PB	0.062	0.016	0.071	0.092	0.262	0.024	0.159	0.039	0.133	0.141
2020N309	PB	0.047	0.014	0.078	0.094	0.305	0.032	0.165	0.037	0.106	0.122
2020N331	PB	0.034	0.010	0.038	0.069	0.539	0.037	0.078	0.035	0.074	0.086
2020N367	PB	0.034	0.010	0.044	0.058	0.584	0.021	0.082	0.021	0.075	0.071
20N57	PB	0.030	0.005	0.162	0.067	0.266	0.101	0.172	0.019	0.113	0.067
2020K27	REID	0.010	0.003	0.027	0.034	0.166	0.393	0.008	0.143	0.158	0.060
2020N396	REID	0.016	0.002	0.025	0.030	0.161	0.391	0.008	0.141	0.151	0.075
20K35	REID	0.022	0.011	0.161	0.088	0.155	0.249	0.041	0.141	0.071	0.060
20N201	REID	0.017	0.017	0.063	0.067	0.049	0.264	0.066	0.154	0.199	0.104
20N210	REID	0.020	0.006	0.013	0.030	0.190	0.259	0.132	0.140	0.131	0.079
2020K19	SPT	0.020	0.001	0.128	0.073	0.074	0.021	0.396	0.047	0.158	0.082
19N67	SS	0.032	0.023	0.218	0.078	0.089	0.013	0.067	0.272	0.104	0.104
2020N306	旅大红骨	0.060	0.018	0.166	0.170	0.074	0.057	0.093	0.023	0.244	0.095
20N204	旅大红骨	0.032	0.028	0.154	0.071	0.098	0.111	0.049	0.105	0.229	0.123

### 3 结论与讨论

#### 3.1 液相芯片分析有助于理清未知青贮玉米资源的遗传背景

我国青贮玉米育种工作起步较晚,截至2017年,仅有28个青贮玉米通过国家审定,包括26个单交种和2个三交种。虽然在青贮玉米持绿性、木质素基因测序等方面取得一些研究成果,但在利用现代生物技术平台开展青贮玉米自交系类群划分、杂种优势预测、有益基因克隆等方面仍有待研究。建立现代青贮玉米规模化遗传改良技术平台,拓宽种质资源遗传改良基础,推动传统的“经验育种”向高效的“精准育种”转变是青贮玉米遗传改良的重要方向<sup>[22]</sup>。这就需要选择有效的仪器测试杂交组合中的亲本自交系,鉴定不同的亲本组合,用于进一步杂优群体选择<sup>[23]</sup>。

#### 3.2 遗传关系的分析有助于指导青贮玉米的育种

玉米自交系杂种优势群的划分是构建杂优模式的重要依据和提高育种效率的基础。研究发现,南非当地种质资源与美国和泰国种质血缘较远,杂种优势较强。对其进行田间初步组配发现,石青18901自交系与核心骨干系H1710组配出的品种石玉203在2021年参加河北省区域试验,2022年参加河北省夏播青贮玉米区生同试,且其他外引自交系材料子粒品质突出,持绿性较好,生育期较长,一般配合力高,可利用价值较高。通过基因芯片技术探究其血缘关系,进一步从血缘组成上进行确认,加速了对田间组配的指导,将大大提升育种效率,H1710(选自小群体昌7-2×9801×5237)含有热带种质T12,用H1710为父本已选育出6个省审或国审玉米新品种。

刘杭等<sup>[24]</sup>对我国2004–2017年28个国审青贮玉米品种的杂种优势群和杂优模式进行分析,将其分为温热I群、瑞德黄、旅大红骨、塘四平头、热带种质和高油6个杂种优势群和8种杂优模式,其中,温热I群×瑞德黄、旅大红骨×温热I群、瑞德黄×热带种质、温热I群×高油4种杂优模式最具代表性。Wegary等<sup>[25]</sup>通过测序(GBS)数据分析了298个非洲高原适应玉米自交系的高密度基因分型,鉴定了944个SNP标记,将自交系分为3个亚群体,有32%的自交系对的相对亲缘系数 $<0.050$ ,3个不同的群体与系谱信息和育种史基本一致。Tian等<sup>[26]</sup>使用Maize6H-60K对329个自交系、221个杂种、34个亲子代和6个育种样本进行了基因分型。UPGMA聚类分析将329个自交系分为9组,与已知系谱一致,其背景分析表明,60K标记适合于评价杂种优势群之间或内部材

料构建的育种群体。Wu等<sup>[27]</sup>使用SNP标记将367份普通玉米自交系分为2个大群和5个亚群,树形图分离结果与其系谱来源一致。王慧等<sup>[28]</sup>利用65对SSR引物将165份糯玉米材料划分为3大类,划分结果基本符合系谱来源。张鹏<sup>[29]</sup>使用SNP芯片(56K)测序结果,结合主成分分析与群体遗传结构分析,将107个云南当地玉米自交系和45个参照骨干自交系分为6大类群,分别为塘四平头血缘类群、PB血缘类群、335母本血缘类群、自330和旅大红骨血缘类群及2个未知类群。

本研究通过使用48K液相SNP基因芯片对青贮玉米材料进行遗传结构分析和PCA分析将38份自交系分为4个亚群。本研究中80%自交系的遗传相似度处于0.431 4~0.750 0,表明其血缘来源较远,具有丰富的遗传多样性,说明在品系选育过程中保留了大多数材料的原始背景。LAI等<sup>[30]</sup>对6个玉米骨干自交系沈5003、掖478、郑58、昌7-2、178和Mo17进行了全基因组测序,通过同源传递片段(IBD)分析证实自交系8112、沈5003、掖478和郑58之间的关系,重现了郑58形成过程中的重组事件。Zhang等<sup>[31]</sup>利用高密度芯片重现了黄早四和14份黄改系的重组事件,确定了每个黄改系的重组事件次数,并通过IBD分析对郑58未知亲本进行推测,结果发现,未知亲本含有自交系丹340的同源染色体片段,使郑58培育过程的基因重组进一步细化。LI等<sup>[32]</sup>利用黄早四亲代及后代衍生系全基因组测序数据重现了黄早四及黄改系的形成历史,发现862个IBD保守区域,并且超过60%的IBD保守区域中存在选择信号,在这些选择区域中富集了大量的产量性状相关QTL。赵久然等<sup>[33]</sup>通过同源传递片段(IBD)研究解析了自交系京2416形成的遗传机制,为黄改系的进一步遗传改良提供参考。

#### 3.3 外引青贮玉米的育种建议

本研究将IBD分析、遗传相似度分析的结果进行归纳和合并,综合分群结果表明,这些自交系在血缘上分别属于为欧洲硬粒、PB、REID、SPT、旅大红骨和SS群来源。其中,属于欧洲硬粒10个自交系,属于PB群的有8个自交系,属于Reid群的有5个自交系,属于旅大红骨群的有2个自交系,属于SS群的有1个自交系,属于SPT群的有1个自交系,另外有11个自交系的血缘不清。根据分析结果,不同类群间搭配杂优组合,需要田间试验进行验证筛选优良组合。

#### 参考文献:

- [1] 丁光省. 我国青贮玉米发展现状及发展方向[J]. 中国乳业, 2018

- (4):2-8.
- DING G S. Present situation and development direction of silage maize in China[J]. China Dairy, 2018(4): 2-8. (in Chinese)
- [2] 王茜茜,葛兆鹏,裴玉贺,等. 38个青贮玉米品种的农艺性状及品质比较[J]. 西南农业学报, 2020, 33(3):7.
- WANG X X, GE Z P, PEI Y H, et al. Comparison of agronomic traits and quality of 38 silage maize varieties[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2020, 33(3): 7. (in Chinese)
- [3] 胡丹东,赵久然. DNA分子标记技术及其在玉米育种中的应用[J]. 甘肃农业大学学报, 2007, 12(6):92-98.
- HU D D, ZHAO J R. A review of DNA molecular markers and its application in maize breeding[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2007, 12(6): 92-98. (in Chinese)
- [4] 吴敏生,王守才,戴景瑞. AFLP分子标记在玉米优良自交系优势群划分中的应用[J]. 作物学报, 2001, 26(1):9-13.
- WU M S, WANG S C, DAI J R. Application of AFLP markers to heterotic grouping of elite maize inbred lines[J]. Acta Agronomica Sinica, 2001, 26(1): 9-13. (in Chinese)
- [5] 肖颖妮,于永涛,谢利华,等. 基于SNP标记揭示中国鲜食玉米品种的遗传多样性[J]. 作物学报, 2022, 48(6):1301-1311.
- XIAO Y N, YU Y T, XIE L H, et al. Genetic diversity analysis of Chinese fresh corn hybrids using SNP Chips[J]. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(6): 1301-1311. (in Chinese)
- [6] 王富强,樊秀彩,张颖,等. SNP分子标记在作物品种鉴定中的应用和展望[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(5):262-274.
- WANG F Q, FAN X C, ZHANG Y, et al. Application and prospect of SNP molecular markers in crop variety identification[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(5): 262-274. (in Chinese)
- [7] SUN C W, DONG Z D, ZHAO L, et al. The Wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat[J]. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18(6): 1354-1360.
- [8] XU C, REN Y H, JIAN Y Q, et al. Development of a maize 55K SNP array with improved genome coverage for molecular breeding[J]. Molecular Breeding, 2017, 37(3): 1-12.
- [9] SNOWDON R J, LUY F L I. Potential to improve oilseed rape and canola breeding in the genomics era[J]. Plant Breeding, 2012, 131(3): 351-360.
- [10] 史亚兴,卢柏山,宋伟,等. 基于SNP标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析[J]. 华北农学报, 2015, 30(3):77-82.
- SHI Y X, LU B S, SONG W, et al. Genetic diversity analysis of waxy corn inbred lines by single nucleotide polymorphism(SNP) markers[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2015, 30(3): 77-82. (in Chinese)
- [11] RASHEED A, HAO Y F, XIA X C, et al. Crop breeding chips and genotyping platforms: progress, challenges, and perspectives[J]. Molecular Plant, 2017, 10(8): 1047-1064.
- [12] 李亮,刘书东,田聪,等. 34份玉米种质材料的亲缘关系分析[J]. 草原与草坪, 2018, 38(4):5.
- LI L, LIU S D, TIAN C, et al. Kinship analysis of 34 maize germplasms[J]. Grassland and Turf, 2018, 38(4): 5. (in Chinese)
- [13] WANG B B, LIN Z C, LI X, et al. Genome-wide selection and genetic improvement during modern maize breeding[J]. Nature Genetics, 2020, 52(6): 565-571.
- [14] 孙琦. 我国不同年代主推玉米品种耐旱抗病性的变化趋势[D]. 中国农业科学院, 2012.
- [15] 段灿星,董怀玉,李 晓,等. 玉米种质资源大规模多年多点多病害的自然发病抗性鉴定[J]. 作物学报, 2020, 46(8): 1135-1145.
- DUAN C X, DONG H Y, LI X, et al. Large-scale screening of maize germplasm for resistance to multiple diseases in multi-plot demonstration for several years under natural condition[J]. Acta Agronomica Sinica, 2020, 46(8): 1135-1145. (in Chinese)
- [16] 张吉海,黄 宁,苟才明,等. 4个非洲玉米地方育种潜力初步研究[J]. 中国农学通报, 2014, 30(18):193-197.
- ZHANG J H, HUANG N, GOU C M, et al. Preliminary study on breeding potentiality of four maize landraces from Africa[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2014, 30(18): 193-197. (in Chinese)
- [17] 陈彦惠,王利明,戴景瑞. 热带、亚热带自交系与中国温带玉米种质杂交种的研究[J]. 中国农业大学学报, 2000, 5(1):50-55.
- CHEN Y H, WANG L M, DAI J R. Potential of germplasm improvement using tropical, subtropical inbred lines for Chinese temperate germplasms of maize[J]. Journal of China Agricultural University, 2000, 5(1): 50-55. (in Chinese)
- [18] ROGERS S O, BENDICH A J. Extraction of DNA from milli gram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues[J]. Plant Molecular Biology, 1985(5): 69-76.
- [19] YANG J, LEE S H, GODDARD M E, et al. GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis[J]. American Journal of Human Genetics, 2011, 88(1): 76-82.
- [20] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study[J]. Molecular Ecology, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [21] 姜思奇,郭 瑞,张 敖,等. 利用核心SNP标记划分辽宁省常用玉米自交系杂种优势群的研究[J]. 玉米科学, 2018, 26(4): 17-23.
- JIANG S Q, GUO R, ZHANG A, et al. Heterotic grouping by core SNP markers for maize inbred lines widely used in Liaoning province[J]. Journal of Maize Sciences, 2018, 26(4): 17-23. (in Chinese)
- [22] 王文斌,徐淑兔,高 杰,等. 基于SNP标记的玉米自交系遗传多样性分析[J]. 玉米科学, 2015, 23(2):41-45.
- WANG W B, XU S T, GAO J, et al. Analysis of genetic diversity of maize inbred lines based on SNP markers[J]. Journal of Maize Sciences, 2015, 23(2): 41-45. (in Chinese)
- [23] TIAN F, BRADBURY P J, BROWN P J, et al. Genome-wide association study of leaf architecture in the maize nested association mapping population[J]. Nature Genetics, 2011, 43(2): 159-62.
- [24] 刘 杭,侯乐新,王方明,等. 我国青贮玉米育种现状和遗传改良策略[J]. 玉米科学, 2021, 29(1):1-7.
- LIU H, HOU L X, WANG F M, et al. Genetic improvement status and strategies of silage maize in China[J]. Journal of Maize Sciences, 2021, 29(1): 1-7. (in Chinese)
- [25] WEGARY D, TEKLEWOLD A, PRASANNA B M, et al. Molecular diversity and selective sweeps in maize inbred lines adapted to African highlands[J]. Scientific Reports, 2019, 9: 13490.



- [26] TIAN H, YANG Y, YI H, et al. New resources for genetic studies in maize(*Zea mays* L.): a genome-wide Maize6H-60K single nucleotide polymorphism array and its application[J]. *Plant Journal*, 2021, 105(4): 1113-1122.
- [27] WU X, LI Y, SHI Y, et al. Fine genetic characterization of elite maize germplasm using high-throughput SNP genotyping[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2014, 127(3): 621-631.
- [28] 王 慧, 卢有林, 孙大鹏, 等. 糯玉米种质品质性状鉴定和 SSR 标记遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(5): 800-808.
- WANG H, LU Y L, SUN D P, et al. Identification of germplasm quality traits and genetic diversity analysis of SSR markers in waxy maize[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14(5): 800-808. (in Chinese)
- [29] 张 鹏, 管俊娇, 黄清梅, 等. 基于 SNP 芯片的云南玉米自交系遗传多样性和群体遗传结构分析[J]. *南方农业学报*, 2020, 51(9): 8.
- ZHANG P, GUAN J J, HUANG Q M, et al. Genetic diversity and genetic structure of maize inbred lines from Yunnan revealed by SNP chips[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2020, 51(9): 8. (in Chinese)
- [30] LAI J S, LI R Q, XU X, et al. Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines[J]. *Nature Genetics*, 2010, 42: 1027-1030.
- [31] ZHANG R Y, XU G, LI J S, et al. Patterns of genomic variation in Chinese maize inbred lines and implications for genetic improvement[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131: 1207-1221.
- [32] LI C H, SONG W, LUO Y F, et al. The Huangzaosi maize genome provides insights into genomic variation and improvement history of maize[J]. *Molecular Plant*, 2019, 12(3): 402-409.
- [33] 赵久然, 李春辉, 宋 伟, 等. 玉米骨干自交系京 2416 杂种优势及遗传重组解析[J]. *中国农业科学*, 2020, 53(22): 4527-4536.
- ZHAO J R, LI C H, SONG W, et al. Heterosis and genetic recombination dissection of maize key inbred line Jing2416[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(22): 4527-4536. (in Chinese)

(责任编辑:朴红梅)