

# 利用 SNP 标记划分玉米地方种质杂种优势类群

张培风 任 帅 孙 佩 王 蕊 张瑞平 王文洁 马朝阳 李合顺 王学军 周联东  
(河南省新乡市农业科学院, 新乡 453000)

**摘要:**利用 1021 个 SNP 标记对 20 份参照物和 100 份地方种质资源的基因型进行分析, 结果表明, 1021 个 SNP 标记在供试材料中的平均多态性信息含量(PIC)为 0.295, 杂合率在 0~29.3% 之间, 平均杂合率为 2.5%; 缺失率在 0~19.4% 之间, 平均缺失率为 1.7%。120 份地方种质间遗传距离变化范围为 0.453~0.653。根据遗传距离信息, 通过 NJ 聚类分析, 将供试的 120 份地方种质划分为 7 个杂种优势群, 划群结果和系谱来源具有较好的一致性, 100 份河南地方种质全部聚为一类, 被划分为黄源群, 表明来自河南的地方种质遗传背景相同, 亲缘关系较近, 纯合度较高。其中遗传距离最小的 2 个地方种质资源是短腿玉米和黄马牙, 纯合度较高, 遗传关系最近, 遗传距离为 0.010。研究结果可作为杂优模式的选择依据。

**关键词:**玉米; SNP 标记; 类群划分; 杂种优势群

## Heterotic Grouping of 100 Local Maize Germplasm by SNP Markers

ZHANG Pei-feng, REN Shuai, SUN Pei, WANG Rui, ZHANG Rui-ping, WANG Wen-jie,  
MA Chao-yang, LI He-shun, WANG Xue-jun, ZHOU Lian-dong  
(Xinxiang Academy of Agricultural Sciences of Henan Province, Xinxiang 453000)

杂种优势是选育玉米新品种的重要理论基础<sup>[1]</sup>。了解掌握玉米地方种质群体遗传结构、遗传多样性和类群间遗传关系, 划分杂优类群, 能够使育种者思路更加清晰, 降低杂交组合组配的盲目性, 育种目标更易实现<sup>[2]</sup>。分子标记是主要以个体之间遗传物质内核苷酸序列变异为基础的遗传标记, SNP 作为继 RFLP 和 SSR 之后最有前途的第三代分子标记, 具有分布密度高、遗传稳定性好、易于实现自动化分析等优势, 因此目前被广泛应用于遗传图谱构建、全基因组关联分析和分子标记辅助育种研究中, 研究者也开始利用 SNP 等分子标记开展玉米种质资源的遗传多样性和类群划分的研究。吴金凤等<sup>[3]</sup>利用 1041 个 SNP 位点对 51 份玉米地方种质进行遗传多样性分析, 最终将其划分为 7 个杂种优势群。高嵩等<sup>[4]</sup>利用 6973 个高质量 SNP 标记对 205 份材料进行群体遗传结构、遗传多样性和类群间遗传关系分析, 最终划分为 7 个杂种优势群, 与系谱来源具有较好的一致性。史亚兴等<sup>[4]</sup>利用 SNPs 对 39 份

不同基因型的糯玉米地方种质进行基因型分析, 划分为五大类群, 明确了亲缘关系, 为糯玉米种质资源利用及品种选育提供参考依据。曾艳华等<sup>[5]</sup>利用 56K SNP 芯片对广西 45 个爆裂玉米农家品种进行基因组扫描, 分为三大类群, 其中, 来源相同的农家品种大多聚在一起, 表明广西农家品种遗传相似性较高。肖颖妮等<sup>[6]</sup>利用 5067 个高质量的 SNP 对全国范围内 385 个鲜食玉米进行群体结构划分和遗传距离的估算, 最终划分为三大类群, 结果与聚类分析结果大部分一致, 较全面地解析了我国当前鲜食玉米的遗传多样性, 可为鲜食玉米育种提供理论指导。Van Inghelandt 等<sup>[7]</sup>研究表明, 利用 SNP 标记的方法计算的自交系遗传距离和基因多样性更加精确。

玉米地方种质对地方环境适应性强、遗传基础丰富, 已成为不可或缺的育种材料, 而且受基因型和环境互作影响, 育种家选择理想的基因型和杂交组合较难实现<sup>[8]</sup>。同时, 随着大量优质玉米品种被不断开发及应用, 有必要对现有的地方材料进行系统分析, 为未来育种提供理论依据<sup>[9]</sup>。本研究选用 100 份河南省玉米地方种质, 基于 SNP 芯片技术对

基金项目: 河南省科技攻关项目(212102110283)

通信作者: 周联东

其遗传多样性进行分析和杂优类群划分,为玉米地方种质资源杂优模式开发与利用提供理论参考。

## 1 材料与方法

**1.1 试验材料** 供试材料中 100 份材料为河南省内广泛搜集、整理的玉米地方种质,编号及名称详见表 1。20 份参照品系分别为: SHEN5003、YE52106、81162、HUOBAL、HUANGZAOSI、YE478、Z58、C7-2、Woyu4B、B73、DK517A、XY335B、LH185、517B、PHTD5、SHEN137、Q319、P138、DMY2B、228B。

**1.2 DNA 提取** 苗期对每个品种 5 株植株的幼嫩叶片进行混合取样,采用磁珠法提取 306 个样本,打孔至 96 孔板,分别装置 5mm 钢珠,盖上硅胶盖,常温保存备用。提取的 DNA 分别通过琼脂糖电泳和紫外分光光度计检测 DNA 的纯度、浓度等质量状况。琼脂糖电泳检测 DNA 条带单一、明亮、完整无降解、无

拖尾现象,将 DNA 样品风干,加 100 $\mu$ L 1 $\times$ TE 缓冲液,37 $^{\circ}$ C 保温箱温育 2h,于 -20 $^{\circ}$ C 保存备用。

**1.3 SNP 芯片分型及统计分析** 基于金苑(北京)农业技术有限公司 Affymetrix 测试平台,采用高密度玉米微阵列芯片技术对 SNP 标记进行检测。对 100 个玉米地方种质进行全基因组扫描,对样本的原始 SNP 分型,再对 SNP 标记进行过滤,首先要删除在群体中没有多态性的标记,其次删除最小等位基因频率较小的、缺失率较大的标记,获得质量较高的 SNP 标记,用来进行下一步的分析。

**1.4 数据分析** 利用 Tassel 软件对 2 个品种之间的遗传距离进行分析,对类群进行主成分分析,明确各类群材料的分群特征,根据品种之间的遗传距离,利用 MEGA7.0 软件以邻结法(NJ, Neighbor-joining)计算品种间的 Nei's 遗传距离,构建聚类图。采用组间平均联接法对玉米地方种质资源的综合性状进

表 1 100 份河南省玉米地方种质编号及名称

编号	名称	编号	名称	编号	名称	编号	名称
DF-2	金棒锤	DF-69	六十天还仓	DF-158	安黄 1	DF-267	大京籽
DF-3	七叶糙	DF-70	柿黄玉米	DF-159	焦 05	DF-273	扁嘴玉米
DF-4	陷顶黄	DF-77	二黄糙	DF-164	干白顶	DF-280	白顶门
DF-5	晚五天	DF-81	黄马牙	DF-170	三黄糙	DF-282	短腿玉米
DF-6	白琉璃蛋	DF-83	蛤蟆头	DF-171	麦涝玉米	DF-286	黄皮糙
DF-8	老人牙	DF-84	白金籽	DF-176	老白晚	DF-292	老娃絮
DF-11	大籽红	DF-88	金棒锤	DF-179	鹅林白	DF-302	小白糙
DF-23	白玉米	DF-93	小金籽	DF-186	老降红	DF-354	花里虎
DF-26	小粒红	DF-98	鹅林白	DF-190	红玉籽(红)	DF-362	白玉谷
DF-29	洋白玉米	DF-101	白石榴籽	DF-200	白猪牙(白)	DF-366	白琉璃头
DF-30	九十糙	DF-104	白洋玉米	DF-215	二猪牙	DF-368	狗不吃
DF-33	干白顶	DF-107	小籽黄	DF-216	鸡根玉米	DF-375	花老包脸
DF-34	大籽红	DF-108	黑马嘴	DF-220	风可 322(黄)	DF-376	二南 24
DF-35	短秆糙	DF-118	扁头玉米	DF-221	三尖柱	DF-380	七月林
DF-36	竹尖玉米	DF-122	黄琉璃蛋	DF-224	九月寒	DF-382	红穰玉米
DF-44	鸭子嘴	DF-125	朝鲜白马牙	DF-225	白盖玉米	DF-387	大柿黄
DF-45	玉石琳	DF-126	小金子	DF-226	大白玉谷	DF-392	九月寒
DF-46	洋玉米	DF-129	二糙黄	DF-227	海马头	DF-395	无唐 448
DF-51	大陷顶黄	DF-130	大红袍	DF-228	新黄 4	DF-406	郑独青
DF-52	二马牙	DF-131	粘鱼头	DF-232	京 7	DF-419	获 112
DF-59	姜黄玉米	DF-137	白皮糙	DF-236	灯笼红	DF-422	新蔡白玉米
DF-60	红火炭	DF-141	棉鱼头玉籽	DF-251	六月棒	DF-425	老鼠眼
DF-62	高秆青	DF-142	白马牙	DF-254	高脚红	DF-426	高桥黄
DF-65	老笨玉米	DF-150	白优 8	DF-258	踏坑白	DF-428	螃蟹盖
DF-66	四叶糙	DF-152	焦 04	DF-261	洛阳 85(黄)	DF-431	红棒籽

行聚类分析。

## 2 结果与分析

**2.1 SNP 位点总体评价** 利用 1021 个 SNP 标记对 120 份种质资源的基因型进行检测,通过 PowerMarker V3.25 分析其基因分型数据,杂合率在 0~29.3% 之间,平均值为 2.5%;缺失率在 0~19.4% 之间,平均值为 1.7%;多态性信息含量(PIC)的变化范围为 0~0.395,平均值为 0.295。PIC 值是衡量 DNA 座位变异程度高低的重要指标,当 PIC 值 >0.50 时,表明其为高度多态性;当  $0.25 < \text{PIC 值} < 0.50$  时,表明其为中度多态性;当 PIC 值 <0.25 时,表明其为低度多态性。本研究中,1021 个 SNP 位点在 120 份玉米地方种质中的平均 PIC 值为 0.295,说明玉米地方种质为中度多态性,遗传多样性较好。

**2.2 聚类分析** 通过 PowerMarkerV3.25 软件应用 Nei's 算法计算 120 份玉米种质两两之间的遗传距离,自交系遗传距离变化范围为在 0.010~0.703,平均值为 0.234,其中,遗传距离最小的 2 个自交系是短腿玉米和黄马牙,遗传距离最大的 2 个自交系是鹅林白和 PHTD5。

对 120 份玉米地方种质进行遗传距离聚类,构建 NJ 聚类图,进行聚类分析(图 1)。类群划分结果表明,以 20 个我国常用玉米骨干自交系作为杂种优势群划分的参照,所有材料可被分为 7 个杂种优势类群。第 1 类群为国内瑞德群,包括 SHEN5003、YE478、Z58、81162;第 2 类群为黄源群,包括 DF-81~YE52106 共 105 份,其中大部分自交系为地方种质资源;第 3 类群为 BSSS 群,包括 DK517A、B73;第 4 类群为 NSSS 群,包括 XY335B、LH185;第 5 类群为 Iodent 群,包括 PHTD5、517B;第 6 类群为 78599 群,包括 P138、SHEN137、Q319;第 7 类群为欧硬群,包括 DMY2B、228B。地方种质资源聚类结果与其地理来源无确定性关系,不同来源地的品种互相穿插聚在一起,单亲缘关系较近的资源基本上聚到同一亚群中,如遗传背景相似 Woyu4B 和 C7-2, B73 和 DK517A, XY335B、LH185、517B 和 PHTD5, SHEN137、Q319 和 P138 分别聚在一起。

**2.3 群体间遗传距离** 根据类群划分结果,计算出 7 个杂种优势群的群体间遗传距离(表 2)。7 个杂种优势群之间的遗传距离变化范围在 0.453~

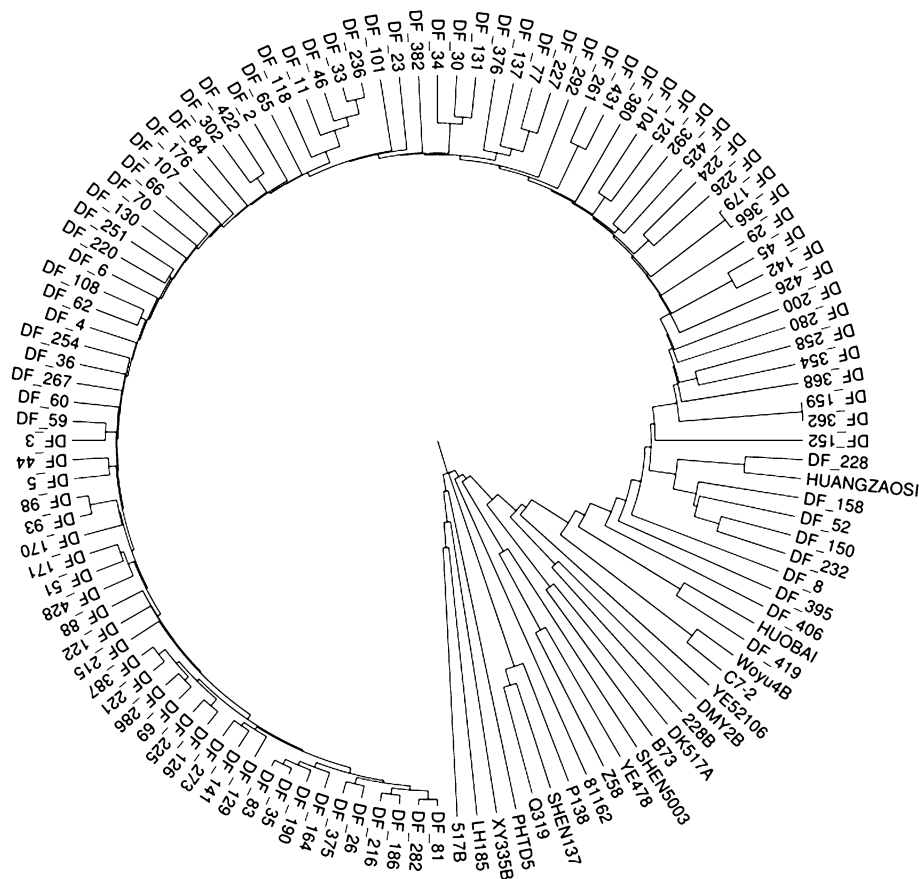


图 1 基于 SNP 标记的供试自交系的聚类图

表2 杂种优势群群体的遗传距离

类群	国内瑞德群	黄源群	BSSS 群	NSSS 群	Iodent 群	78599 群	欧硬群
国内瑞德群	1.000	0.485	0.496	0.531	0.628	0.555	0.513
黄源群			0.487	0.499	0.456	0.471	0.458
BSSS 群				0.558	0.500	0.550	0.530
NSSS 群					0.453	0.583	0.535
Iodent 群						0.644	0.514
78599 群							0.653
欧硬群							1.000

0.653 之间,其中,Iodent 群和 NSSS 群之间的遗传距离最近,欧硬群和 78599 群之间的遗传距离最远。

在遗传距离为 0.25 时,根据同一类群的玉米品种间距离接近且综合性状值差异较小的原则,将 100 份玉米地方种质划分为三大类群<sup>[10]</sup>(图 2)。第 I 类群包括 51 份种质,对应的编号分别为 DF-118、DF-227、DF-60、DF-164、DF-4、DF-59、DF-11、DF-129、DF-428、DF-176、DF-45、DF-419、DF-88、DF-171、DF-84、DF-170、DF-98、DF-142、DF-44、DF-179、DF-130、DF-302、DF-108、DF-267、DF-280、DF-422、DF-5、DF-6、DF-150、DF-125、DF-354、DF-3、DF-431、DF-126、DF-66、DF-131、DF-392、DF-224、DF-362、DF-226、DF-236、DF-375、DF-387、DF-215、DF-216、DF-232、DF-52、DF-29、DF-30、DF-406、DF-368,这类种质主要特征为早熟,株高、穗位高较高,穗粗较粗,千粒重较重;第 II 类群包括 46 份种质,分别为 DF-23、DF-107、DF-26、DF-426、DF-366、DF-51、DF-282、DF-83、DF-101、DF-36、DF-228、DF-292、DF-425、DF-251、DF-254、DF-195、DF-69、DF-220、DF-221、DF-2、DF-200、DF-225、DF-62、DF-70、DF-190、DF-286、DF-34、DF-141、DF-186、DF-93、DF-273、DF-395、DF-122、DF-152、DF-33、DF-158、DF-65、DF-104、DF-382、DF-380、DF-8、DF-376、DF-258、DF-261、DF-81、DF-35,这类种质主要特征为晚熟,株高、穗位高较低,穗粗较细,千粒重较轻;第 III 类群包括 3 份种质,分别为 DF-77、DF-137、DF-46。

### 3 结论与讨论

分子标记的发展使得在分子水平上研究玉米遗传多样性得以实现。目前国内外诸多学者利用 SSR

标记研究不同来源的甜玉米种质的遗传多样性,并划分了类群。近年来,SNP 标记逐渐取代了传统标记,并且在普通玉米种质遗传组成分析上被广泛应用<sup>[11]</sup>。玉米杂种优势群及其模式也已成为指导玉米育种实践的重要依据,利用 SNP 标记分析玉米地方种质之间的遗传距离及遗传构成,是聚类分析和杂种优势划分类群的基础<sup>[12]</sup>。SNP 标记也因具有遗传稳定性好、位点丰富且分布广泛、代表性强、易于实现自动化分析检测等优点,在高密度遗传图谱构建、基因精确定位、群体遗传结构分析及系统发育等方面广泛应用<sup>[13-17]</sup>。Lu 等<sup>[18]</sup>利用 SNP 标记对 770 份国内外玉米地方种质进行遗传多样性分析,结果表明,1034 个 SNP 位点的多态性信息含量在 0.003~0.375 之间,平均值为 0.259。师亚琴等<sup>[19]</sup>利用 4550 个 SNP 位点对 80 份玉米地方种质进行遗传分析,将 79 份玉米地方种质划分为两大类、7 个亚群,结果与系谱来源有较好的一致性。本研究利用 1021 个 SNP 标记对 120 份地方种质资源的基因型进行分析,结果表明,1021 个 SNP 标记在供试材料中的多态性信息含量的平均值为 0.295,杂合率平均值为 2.5%,缺失率平均值为 1.7%。将供试的 20 份参照物和 100 份地方种质划分为 7 个杂种优势群,划群结果和系谱来源具有较好的一致性,利用 SNP 标记对种质资源进行杂种优势群划分可获得比较理想的结果,特别是对于系谱不清晰的新系,可很好地通过类群划分对杂交种进行组配,这样能够尽可能地避免大量且盲目的测配工作,从而提高育种组配效率。

本研究中类群划分结果表明,以 20 个我国常用玉米骨干自交系作为杂种优势群划分的参照,120 份材料可被分为 7 个杂种优势类群,划分结果与系谱来源有较好一致性,如 100 份地方种质全部被聚为黄源类群,表明来自河南地方种质资源遗传背景



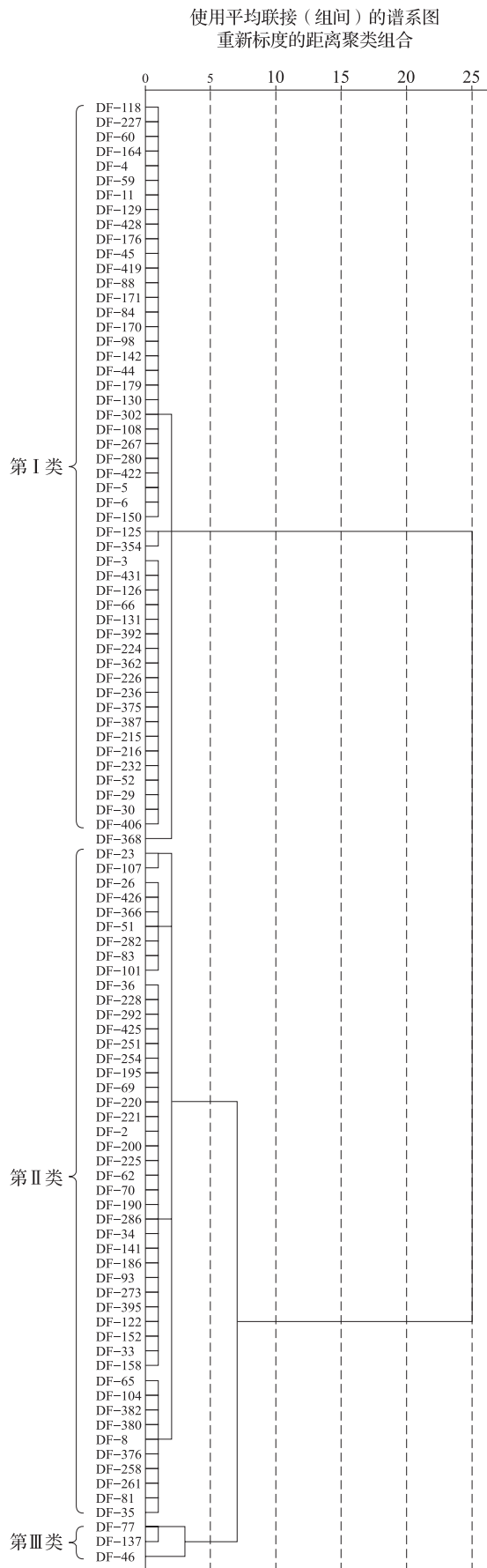


图 2 基于遗传距离构建的聚类图

相同,亲缘关系较近,纯合度较高。其中,大柿黄和黄皮糙的矩阵输出图遗传距离为 0.023;黄皮糙和高秆青的矩阵输出图遗传距离为 0.051;白琉璃头和小白糙的矩阵输出图遗传距离为 0.147,遗传距离较近,可以看出地方种质资源间遗传相似度较高,有相似血缘关系。说明利用 SNP 标记对玉米地方种质资源进行杂种优势群划分能够获得比较理想的结果。由群体间遗传距离结果显示,Iodent 群和 NSSS 群之间的遗传距离最近,这与其系谱关系也是相吻合的;欧硬群和 78599 群之间的遗传距离最远,这也与 78599 该杂交种血缘与国内的七大类群关系较远相吻合。其中遗传距离最小的 2 个地方种质资源是短腿玉米和黄马牙,纯合度较高,遗传关系最近,遗传距离为 0.010。本研究结果可作为杂优模式的选择依据。

#### 参考文献

- [1] 高嵩,刘宏伟,何欢,吕庆雪,周德龙,邢跃先,赵兴彦,张志军,张建新,仲义,夏远峰,宋广树. 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. 玉米科学,2021,29(1): 39-45
- [2] 王文斌,徐淑兔,高杰,张兴华,郭东伟,李向阳,薛吉全. 基于 SNP 标记的玉米自交系遗传多样性分析. 玉米科学,2015,23(2): 41-45
- [3] 吴金凤,宋伟,王蕊,田红丽,李雪,王风格,赵久然,蔚荣海. 利用 SNP 标记对 51 份玉米自交系进行类群划分. 玉米科学,2014,22(5): 29-34
- [4] 史亚兴,卢柏山,宋伟,徐丽,赵久然. 基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析. 华北农学报,2015,30(3): 77-82
- [5] 曾艳华,谢和霞,江禹奉,周锦国,谢小东,周海宇,谭贤杰,覃兰秋,程伟东. 基于 SNP 标记的爆裂玉米农家品种遗传多样性. 作物杂志,2020(5): 65-70
- [6] 肖颖妮,于永涛,谢利华,祁喜涛,李春艳,文天祥,李高科,胡建广. 基于 SNP 标记揭示中国鲜食玉米品种的遗传多样性. 作物学报,2022,48(6): 1301-1311
- [7] Van Inghelandt D, Melchinger A E, Lebreton C, Stich B. Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 120(7): 1289-1299
- [8] 宋伟,赵久然,王风格,田红丽,葛建镛,王元东,赵衍鑫. SSR 和 SNP 标记在玉米分子标记辅助背景选择中的应用比较. 玉米科学,2016,24(3): 57-61
- [9] 王巍,王远路. 20 份玉米农家种质优势类群的划分和优势模式分析. 玉米科学,2013,21(4): 11-14
- [10] 石云素. 玉米种质资源描述规范和数据标准. 北京:中国农业出版社,2006
- [11] 卢柏山,史亚兴,宋伟,徐丽,赵久然. 利用 SNP 标记划分甜玉米自

# 基于 SNP 标记分析玉米品种新科 910 的遗传基础和杂种优势模式

孙佩 任帅 张培风 张玉红 王蕊 王文洁 张瑞平  
李祥 马朝阳 李合顺 王学军 周联东  
(河南省新乡市农业科学院, 新乡 453000)

**摘要:** 为了分析玉米品种新科 910 的遗传基础和杂种优势模式, 利用中玉芯 1 号芯片对新科 910 的双亲自交系(母本 K381、父本 H865) 进行全基因组扫描, 获得多态性标记 4167 个, 结果显示, 遗传相似度分析、群体聚类分析、主成分分析和群体结构分析结果基本一致。母本 K381 为改良瑞德类群, 父本 H865 为塘四平头类群, 新科 910 的杂种优势模式为改良瑞德 × 塘四平头, 这为新科 910 双亲的后续改良与创新奠定了基础, 为杂交组配等育种工作提供了依据。

**关键词:** 玉米; 新科 910; SNP 标记; 类群划分; 杂种优势模式

## Genetic Basis and Heterosis Model Analysis of Maize Variety Xinke 910 Based on SNP Markers

SUN Pei, REN Shuai, ZHANG Pei-feng, ZHANG Yu-hong, WANG Rui, WANG Wen-jie, ZHANG Rui-ping, LI Xiang, MA Chao-yang, LI He-shun, WANG Xue-jun, ZHOU Lian-dong  
(Xinxiang Academy of Agricultural Sciences of Henan Province, Xinxiang 453000)

杂种优势是选育玉米新品种的重要理论基础, 合理的玉米杂种优势类群划分以及杂种优势模式研

究均对于提高玉米育种效率有重要意义<sup>[1-2]</sup>。20 世纪 80 年代吴景锋<sup>[3]</sup>对我国主要玉米杂交种种质基础进行评述, 指出国内种质遗传基础较为狭窄, 应当尽早重视。黄益勤等<sup>[4]</sup>利用 RFLP 标记进行杂种优势类群划分, 通过聚类分析将 45 份玉米自交系类

**基金项目:** 河南省科技攻关项目(212102110283); 新乡市科技攻关计划项目(GG2020026)

**通信作者:** 周联东

- 交系的杂种优势类群. 玉米科学, 2015, 23 (1): 58-62, 68
- [12] 姜思奇, 郭瑞, 张敖, 赵艳贺, 时免免, 邓丽霞, 崔震海, 阮燕晔. 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. 玉米科学, 2018, 26 (4): 17-23
- [13] 邹喻苹, 葛颂. 新一代分子标记——SNPs 及其应用. 生物多样性, 2003, 11 (5): 370-382
- [14] 宋伟, 王凤格, 田红丽, 易红梅, 王璐, 赵久然. 利用核心 SNP 位点鉴别玉米自交系的研究. 玉米科学, 2013, 21 (4): 28-32
- [15] 郑德波, 杨小红, 李建成, 严建兵, 张士龙, 贺正华, 黄益勤. 基于 SNP 标记的玉米株高及穗位高 QTL 定位. 作物学报, 2013, 39 (3): 549-566
- [16] Yan J, Yang X, Shan T, H Sánchez-Villeda, Xu Y. High-throughput SNP genotyping with the golden gate assay in maize. Molecular

- Breeding, 2009, 25 (3): 441-451
- [17] Yang X, Gao S, Xu S, Zhang Z, Prasanna B M, Lin L, Li J, Yan J. Characterization of a global germplasm collection and its potential utilization for analysis of complex quantitative traits in maize. Molecular Breeding, 2011, 28 (4): 511-526
- [18] Lu Y, Yan J, Guimaraes C T, Taba S, Hap Z, Gao S, Chen S, Li J, Zhang S, Viverk B S. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 120 (1): 93-115
- [19] 师亚琴, 孟庆立, 杨少伟, 张宇文, 雷格丽. 利用 SNP 标记划分玉米自交系杂种优势类群. 中国种业, 2022 (8): 79-82

(收稿日期: 2022-11-25)