

徐运林, 房 浩, 周柏宇, 等. 甜玉米种质资源种子性状全基因组关联分析[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(2): 289-295.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2021.02.003

甜玉米种质资源种子性状全基因组关联分析

徐运林, 房 浩, 周柏宇, 易月明, 王长进, 程昕昕, 余海兵
(安徽科技学院农学院, 安徽 凤阳 233100)

摘要: 粒长、粒宽、粒厚、百粒质量是影响玉米籽粒产量的重要性状, 本研究主要统计分析 100 份甜玉米种质资源的粒长、粒宽、粒厚和百粒质量等 4 个种子性状, 并利用 37 297 个单核苷酸多态性(SNP) 标记位点关联分析了控制甜玉米种子性状的重要位点。结果表明, 100 份甜玉米种质资源种子性状具有丰富的遗传多样性, 性状变异幅度比较大, 其中粒长为 4.65~10.43 mm, 粒宽为 5.13~9.42 mm, 粒厚为 2.04~7.50 mm, 百粒质量为 4.51~20.09 g; 表型变异分析发现, 百粒质量的变异系数最大, 为 32.60%, 粒宽的变异系数最小, 为 10.61%, 且 4 个籽粒性状的频率分布曲线基本符合正态分布。相关性分析结果表明, 粒长、粒宽、粒厚与百粒质量呈极显著正相关, 粒长与粒厚呈极显著负相关。全基因组关联分析共检测到控制 4 个种子性状的 75 个 SNP 标记位点, 其中有 17 个 SNP 标记位点与粒长性状有关, 24 个 SNP 标记位点与粒宽性状有关, 11 个 SNP 标记位点与粒厚性状有关, 23 个 SNP 标记位点与百粒质量性状有关。

关键词: 甜玉米; 籽粒性状; 单核苷酸多态性(SNP); 全基因组关联分析(GWAS)

中图分类号: S330; S513 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2021)02-0289-07

Genome-wide association study of grain traits of sweet maize germplasm resources

XU Yun-lin, FANG Hao, ZHOU Bo-yu, YI Yue-ming, WANG Chang-jin, CHENG Xin-xin, YU Hai-bing
(College of Agriculture, Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China)

Abstract: The grain length, grain width, grain thickness and hundred-grain weight are important traits affecting the yield of maize. Four characters of seeds such as grain length, grain width, grain thickness and hundred-grain weight of 100 germplasm resources of sweet maize were summarized and analyzed in this study, and 37 297 single nucleotide polymorphism (SNP) loci were used to make correlation analysis on the important loci controlling the grain traits of sweet maize. The results showed that the grain traits of 100 germplasm resources of sweet maize had abundant genetic diversity with a relatively large variation range. The grain length was 4.65–10.43 mm, the grain width was 5.13–9.42 mm, the grain thickness was 2.04–7.50 mm and the hundred-grain weight was 4.51–20.09 g. Analysis on the phenotypic variation revealed that, the variable coefficient of the hundred-grain weight was the highest, with a value of 32.60%, and the variable coefficient of the grain width was the lowest, with a value of 10.61%. The distribution curves of frequencies of four grain traits were basically conformed to normal distribution. Results of correlation analysis showed that, the grain length, grain width and grain thickness were positively correlated with the hundred-grain weight very significantly, the grain length was negatively correlated with the grain thickness very significantly. A total of 75 SNP loci controlling the traits of four seeds were detected through genome-wide association study. Among the 75 SNP loci, 17

SNP loci were related with the grain length, 24 SNP loci were related with the grain width, 11 SNP loci were related with the grain thickness and 23 SNP loci were related with the hundred-grain weight.

Key words: sweet maize; grain traits; single nucleotide polymorphism (SNP); genome-wide association study (GWAS)

收稿日期: 2020-07-28

基金项目: 国家自然科学基金委员会应急管理项目(31440066); 安徽省高校自然科学基金研究重大项目(KJ2019ZD57); 安徽科技学院稳定人才项目

作者简介: 徐运林(1996-), 女, 安徽岳西人, 硕士研究生, 主要从事玉米遗传育种方面的研究。(E-mail) xuyunlin0825@163.com

通讯作者: 程昕昕, (E-mail) chengxin0901@163.com

甜玉米 (Sweet corn) 是一种重要的果蔬作物, 又称甜质型玉米 (*Zea mays*), 其籽粒中含有较高含量的水溶性多糖、粗脂肪、淀粉、多种游离氨基酸和维生素^[1], 主要是由胚乳中 *su*₁、*su*₂、*sh*₁、*sh*₂、*sh*₄ 等控制糖分的基因发生突变获得的材料^[2]。

种质资源是研究生物遗传的重要材料, 利用种质资源多样性, 可使群体内有更多的重组交换, 创造新的种质类型, 进而在分子水平上精确定位, 也可检测多个目标性状和等位基因, 为后续的育种工作提供研究基础^[3-5]。关联分析以连锁不平衡为基础, 将变异基因整合到一起, 可分为全基因组关联研究 (GWAS) 和候选基因关联分析^[6]。全基因组关联研究指用一定数目的单核苷酸多态性 (SNP) 分子标记对目标群体中的各个试验材料进行全基因组范围内的检测分析, 再用相关软件对分子标记多态性和表型性状的数据进行关联分析, 从而得到与表型性状变异相关联的分子标记^[7]。近年来, GWAS 分析已在水稻^[8]、亚麻^[9]、小麦^[10]、大麦^[11] 等作物上得到广泛应用。

SNP (Single nucleotide polymorphism) 即单核苷酸多态性, 主要是指基因组上单个核苷酸发生的突变^[5]。SNP 以较高的遗传稳定性、数量大、代表性强、易于实现自动化分析以及性价比高的特点迅速替代 SSR 成为新一代分子标记。史亚兴等^[12] 利用 1 031 个 SNP 标记将 39 份甜玉米自交系划分为 5 个类群; Beló 等^[13] 利用 8 590 个 SNP 标记定位到控制玉米籽粒脂肪含量的候选基因 *fad2*; 2013 年, Yang 等^[14] 利用 527 份玉米自交系关联定位到控制玉米籽粒油分的 74 个显著位点; Rashid 等^[15] 利用 368 个玉米自交系关联定位到高粱霜霉病的 26 个 SNP 位点。而有关甜玉米种子粒型性状关联分析的研究鲜见报道, 因此, 本研究利用安徽科技学院玉米工程技术研究中心 100 份甜玉米种质资源统计分析粒长、粒宽、粒厚和百粒质量 4 个性状, 并利用 37 297 个 SNP 分子标记进行 GWAS 分析, 为解析控制甜玉米种子性状的位点提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究主要采用 2018 年、2019 年安徽科技学院凤阳校区雷达山实验基地所种植的 100 份甜玉米自交系育种资源进行试验。100 份甜玉米材料为 M610 (红)、F91GT8-4-1、14T4、F910GT8-4-1/Q267、1029 黑-1-2-3、泰

鲜泰-1、MS10-1、Q8 (父)、3102 (母)、YNT48、YNT6-2、9357、Q7 (母)、15NKY238、圣甜 169-2、宫玉甜 7 号-3、15 美玉甜 007、FPT161、3174、YNT7-1 (白)、斯达甜 221-1、云甜王 9 号-10、YNT11、上海 T、YNT50-2、YNT19-2、E134 (白)、金甜 2 号 (母)、秦甜 98-4、MS9-1、F910GT8-4-1、E52 (白)、E66-2、16 粤甜 16 号、15HT0213X 夏王、A38-11、16H 沪甜 2 号、晶甜 1-1、E46-1、12HT022、TBF3109、E36、云南玉 9 号-4、16 筑甜 213、筑甜 213-亲、BF2101 (白)、E27-2、夏王 (母)、广 (甜糯) 07、Q11 (母)、Q10 (父)、15 白甜 1-1、T18 (母)、E23-1、HT060、FT11、SH-X、T20 嘉 (母)、16 黄 T、M610 (黄)、14 花甜、YW1602、尖叶团粒、FT4、XSJD10、广甜 (♂)-2-2、黑 CSB (母)、16HT01 (父)、金甜 2 号 (父)、黄甜-21-8、Q267、HT2、T16 (母)、奥弗兰 (SO)、引外甜、3176、BF3109、14WTX10、仲鲜甜-2、628 (父)、夏王 (父)、GS1-1、1048、19FT135、夏王 (母)、TB010-3、广甜 2 号、T358 (母)、14ATQT、T4、12HT00-1-黑、华珍 (母)、2497 黄、F910GT8-4-1/Q267、12HT073-4-1 (黄)、12HT073-2、Q267/夏王、14T2-1、广甜 (父)、粉红甜-1-2。

1.2 试验方法

1.2.1 测定方法 在甜玉米自交系果穗吐丝前进行套袋, 抽雄散粉后人工辅助授粉, 待成熟后, 收获, 晒干, 脱粒, 取 3 个果穗中部种子混合备用, 分别称量其种子的百粒质量, 设置 3 次重复, 再从中各取 20 粒大小、形状相似, 健康饱满的种子, 测量粒长、粒宽、粒厚 (使用游标卡尺), 最后以每次重复的平均值作为所调查籽粒性状的值。

1.2.2 表型变异分析和相关性分析 利用 SPSS Statistics 22 统计分析和 Excel 2016 统计分析 100 份甜玉米自交系的粒长、粒宽、粒厚和百粒质量 4 个种子性状, 计算最大值、最小值、平均数、标准差、变异系数, 绘制正态分布图, 并对 4 个性状进行相关性分析。

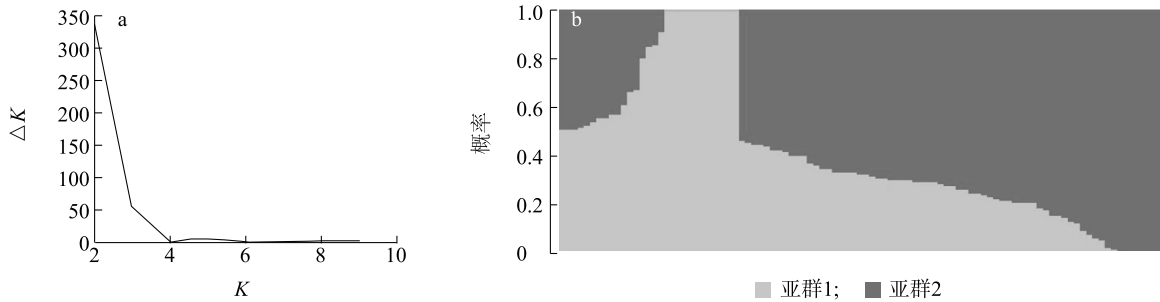
1.2.3 全基因组关联分析 采用 TASSEL 2.1 软件中的一般线性模型 (Q, GLM), 分别对 4 个种子性状进行全基因组关联分析, 推断出 SNP 标记与各个性状之间存在的关联性。

2 结果与分析

2.1 100 份甜玉米材料的群体结构分析

选取过滤后的 SNP 标记进行群体结构分析 (图 1) 发现: 当 *K* 为 2 时, 对应的 ΔK 最大, 然后 ΔK 迅速下降并趋于平缓, 因此可以将这 100 份甜玉米材

料划分为 2 个亚群,其中亚群 1 包括 92 份种质,亚群 2 包括 8 份种质。



a:随着 K 值的增加, ΔK 的变化情况;b:每 1 份材料属于 2 个亚群的概率。

图 1 甜玉米自交系的群体结构分析

Fig.1 Population structure analysis on sweet maize inbred lines

2.2 表型变异分析

从表 1 可知,100 份甜玉米种子的粒长、粒宽、粒厚和百粒质量等 4 个性状的差异比较大,其中粒长的变幅为 4.65~10.43 mm,均值为 7.87 mm,标准差为 1.22 mm;粒宽的变幅为 5.13~9.42 mm,标准差为 0.79 mm;粒厚的变幅为 2.04~7.50 mm,标准差为 0.93 mm;百粒质量的变幅为 4.51~20.09 g,标准差为 3.12 g;百粒质量的变异系数最大 (32.60%),粒宽的变异系数最小 (10.61%)。从图 2 来看,4 个性状的频率分布曲线基本符合正态分布,表现出数量性状特征,说明粒长、粒宽、粒厚和百粒质量的遗传受多基因控制,进一步表明 100 份甜

玉米自交系具有较丰富的遗传多样性,可为甜玉米育种提供丰富的亲本材料。

表 1 100 份甜玉米自交系 4 个种子性状的变异分析

Table 1 Variation analysis on four grain traits of 100 sweet maize inbred lines

性状	粒长 (mm)	粒宽 (mm)	粒厚 (mm)	百粒质量 (g)
最大值	10.43	9.42	7.50	20.09
最小值	4.65	5.13	2.04	4.51
平均数	7.87	7.44	3.77	9.57
标准差	1.22	0.79	0.93	3.12

粒长、粒宽、粒厚、百粒质量的变异系数分别为 15.50%、10.61%、24.68%、32.60%。

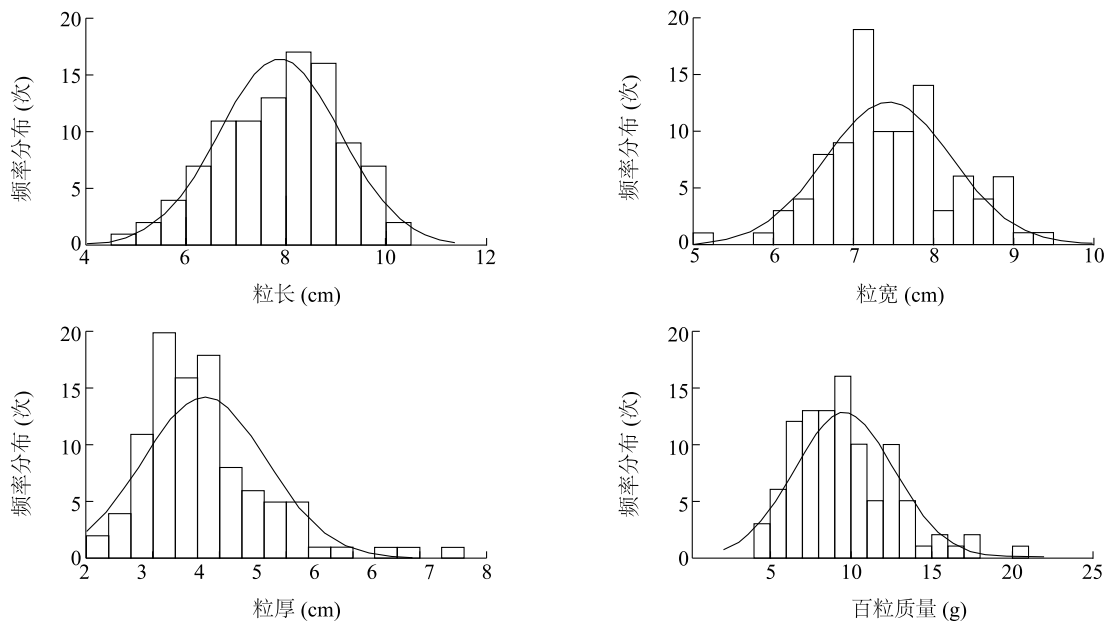


图 2 100 份甜玉米自交系种子 4 个性状的频率分布

Fig.2 Frequency distribution of four grain traits of 100 sweet maize inbred lines

2.3 相关性分析

100 份甜玉米自交系种子的粒长、粒宽、粒厚和百粒质量等性状的皮尔逊相关性分析结果表明,百粒质量与粒长、粒宽、粒厚均表现为极显著正相关,粒长与粒厚表现为极显著负相关,粒长、粒厚与粒宽的相关性均不显著(表 2)。

表 2 100 份甜玉米自交系种子 4 个性状表型数据的相关性分析

Table 2 Correlation analysis on phenotypic data of four grain traits in 100 parts of sweet maize inbred lines

性状	相关系数			
	粒长	粒宽	粒厚	百粒质量
粒长	1.000			
粒宽	-0.019	1.000		
粒厚	-0.282 **	0.180	1.000	
百粒质量	0.398 **	0.260 **	0.276 **	1.000

** 表示在 0.01 水平显著相关。

2.4 关联分析

通过对甜玉米 56 000 个 SNP 标记中连锁不平衡强度较高 ($R^2 > 0.3$) 的标记进行过滤,得到了 37 297

个 SNP 位点,共检测到 75 个与粒长、粒宽、粒厚和百粒质量有关的显著位点,其中控制粒长的有 17 个显著关联位点,控制粒宽的有 24 个显著关联位点,控制粒厚的有 11 个显著关联位点,控制百粒质量的有 23 个显著关联位点。

2.4.1 粒长 如表 3 所示,在 $-\lg P > 3$ 水平下,利用 GLM-Q 方法分析得出位于甜玉米 1、3、4、8、10 号染色体上的 17 个 SNP 位点与粒长性状显著关联,其中在 $-\lg P > 5$ 水平下,位于 1 号染色体上第 19 611 619 个碱基上的 *Affx-11533* 是与粒长性状极显著关联的 SNP 位点,贡献率最大,为 25.49%。

2.4.2 粒宽 如表 4 所示,利用 GLM-Q 方法在 $-\lg P > 3$ 水平的 GWAS 分析结果表明,24 个 SNP 位点与粒宽性状相关联,分别位于第 1、2、3、4、5、8、9、10 号染色体上。其中在 $-\lg P > 4$ 水平下,位于 1 号染色体上第 244 631 581、289 538 157 个碱基上的 *Affx-91280*、*Affx-11533* 的 2 个 SNP 位点与粒宽性状极显著关联,贡献率分别为 18.46%、17.39%。

表 3 GLM-Q 方法下与甜玉米种子粒长性状显著关联的 SNP 位点

Table 3 Single nucleotide polymorphism (SNP) loci significantly correlated with the grain length trait of sweet maize using the general linear model (GLM)-Q method

序号	QTL 序号	SNP	染色体	位置	$-\lg P$	贡献率 (%)
1	qGL-1-1	<i>Affx-11533</i>	1	19 611 619	5.174	25.49
2	qGL-10-1	<i>Affx-90226</i>	10	32 150 546	4.460	19.08
3	qGL-4-1	<i>Affx-90284</i>	4	161 380 264	4.418	18.92
4	qGL-4-2	<i>Affx-90227</i>	4	165 921 960	4.379	19.49
5	qGL-10-2	<i>Affx-11533</i>	10	47 649 332	4.368	19.08
6	qGL-4-3	<i>Affx-91133</i>	4	161 132 406	4.318	19.44
7	qGL-4-4	<i>Affx-91322</i>	4	160 814 857	4.145	18.21
8	qGL-1-2	<i>Affx-90126</i>	1	41 664 324	4.010	17.33
9	qGL-10-3	<i>Affx-90785</i>	10	129 158 518	4.009	18.00
10	qGL-4-5	<i>Affx-90481</i>	4	161 785 530	3.852	18.24
11	qGL-4-6	<i>Affx-91105</i>	4	174 462 717	3.885	16.84
12	qGL-8-1	<i>Affx-90283</i>	8	139 373 462	3.840	16.82
13	qGL-10-4	<i>Affx-90823</i>	10	47 161 413	3.818	16.90
14	qGL-4-7	<i>Affx-90196</i>	4	161 039 864	3.810	16.55
15	qGL-4-8	<i>Affx-90687</i>	4	146 139 325	3.800	16.70
16	qGL-1-3	<i>Affx-90085</i>	1	264 064 291	3.722	16.35
17	qGL-3-1	<i>Affx-90119</i>	3	199 501 315	3.705	16.13

QTL: 数量性状座位; SNP: 单核苷酸多态性。

2.4.3 粒厚 如表 5 所示,在 $-\lg P > 5$ 水平的 GWAS 分析结果表明,11 个 SNP 位点与粒厚性状相关联,分别位于第 2、3、4、10 号染色体上,其中在 $-\lg P > 6$ 水平下,检测到 5 个 SNP 位点与粒厚性状极显著相关,分别位于 3 号染色体上第 140 868 078、

88 384 601、140 285 367、57 762 013 个碱基上的 *Affx-90839*、*Affx-90505*、*Affx-90178*、*Affx-90075* 处和第 4 号染色体第 200 963 685 碱基上的 *Affx-90110*,贡献率分别为 27.97%、27.53%、25.79%、25.36% 和 25.37%。

表 4 GLM-Q 方法下与甜玉米种子粒宽性状显著关联的 SNP 位点

Table 4 Single nucleotide polymorphism (SNP) loci significantly correlated with the grain width trait of sweet maize using the general linear model (GLM)-Q method

序号	QTL 序号	SNP	染色体	位置	$-\lg P$	贡献率 (%)
1	qGW-1-1	<i>Affx-91280</i>	1	244 631 581	4.299	18.46
2	qGW-1-2	<i>Affx-11533</i>	1	289 538 157	4.023	17.39
3	qGW-1-3	<i>Affx-90582</i>	1	248 410 524	3.592	15.68
4	qGW-1-4	<i>Affx-91169</i>	1	243 080 532	3.533	15.44
5	qGW-5-1	<i>Affx-90527</i>	5	1 902 130	3.530	15.43
6	qGW-3-1	<i>Affx-90543</i>	3	173 937 314	3.509	15.34
7	qGW-8-1	<i>Affx-90890</i>	8	134 138 921	3.398	14.90
8	qGW-10-1	<i>Affx-90285</i>	10	147 581 951	3.399	15.01
9	qGW-10-2	<i>Affx-11533</i>	10	123 053 758	3.324	17.03
10	qGW-3-2	<i>Affx-90098</i>	3	185 706 957	3.288	14.45
11	qGW-2-1	<i>Affx-90815</i>	2	11 850 510	3.276	14.41
12	qGW-1-5	<i>Affx-90703</i>	1	244 311 782	3.275	14.40
13	qGW-4-1	<i>Affx-90956</i>	4	243 841 084	3.247	14.27
14	qGW-9-1	<i>Affx-90232</i>	9	94 432 509	3.165	13.95
15	qGW-10-3	<i>Affx-11532</i>	10	22 178 877	3.147	13.88
16	qGW-5-2	<i>Affx-90197</i>	5	50 666 597	3.128	13.80
17	qGW-3-3	<i>Affx-90371</i>	3	107 931 716	3.122	14.18
18	qGW-2-2	<i>Affx-11533</i>	2	234 452 639	3.117	13.76
19	qGW-3-4	<i>Affx-90242</i>	3	185 669 701	3.116	13.75
20	qGW-3-5	<i>Affx-11533</i>	3	1 762 678	3.100	11.34
21	qGW-10-4	<i>Affx-11533</i>	10	84 133 491	3.068	13.82
22	qGW-8-2	<i>Affx-90229</i>	8	170 277 942	3.036	13.68
23	qGW-1-6	<i>Affx-90516</i>	1	243 047 080	3.027	13.51
24	qGW-9-2	<i>Affx-11533</i>	9	100 693 581	3.011	13.45

QTL:数量性状座位;SNP:单核苷酸多态性。

2.4.4 百粒质量 如表 6 所示,在 $-\lg P > 4$ 水平下,利用 GLM-Q 方法分析得出 23 个 SNP 位点与百粒质量性状相关联,分别位于甜玉米的第 2、3、4、6、7、8、9 号染色体上,其中位于 7 号染色体上第

129 236 674、123 110 014、149 940 420 个碱基上的 *Affx-90265*、*Affx-91170*、*Affx-90113* 3 个 SNP 位点与百粒质量性状极显著相关,贡献率分别为 25.27%、24.77%、22.13%。

表 5 GLM-Q 方法下与甜玉米种子粒厚性状显著关联的 SNP 位点

Table 5 Single nucleotide polymorphism (SNP) loci significantly correlated with the grain thickness trait of sweet maize using the general linear model (GLM)-Q method

序号	QTL 序号	SNP	染色体	位置	$-\lg P$	贡献率 (%)
1	qGH-3-1	<i>Affx-90839</i>	3	140 868 078	6.769	27.97
2	qGH-3-2	<i>Affx-90505</i>	3	88 384 601	6.712	27.53
3	qGH-3-3	<i>Affx-90178</i>	3	140 285 367	6.219	25.79
4	qGH-4-1	<i>Affx-90110</i>	4	200 963 685	6.100	25.37
5	qGH-3-4	<i>Affx-90075</i>	3	57 762 013	6.098	25.36
6	qGH-10-1	<i>Affx-11532</i>	10	63 570 420	5.627	24.32
7	qGH-3-5	<i>Affx-11533</i>	3	105 725 788	5.196	22.06
8	qGH-2-1	<i>Affx-11532</i>	2	28 856 109	5.164	22.35
9	qGH-4-2	<i>Affx-90781</i>	4	205 441 895	5.100	21.70
10	qGH-3-6	<i>Affx-90379</i>	3	88 961 021	5.049	21.92
11	qGH-3-7	<i>Affx-91402</i>	3	87 765 424	5.029	21.44

QTL: 数量性状座位; SNP: 单核苷酸多态性。

表 6 与百粒质量性状显著关联的 SNP 标记

Table 6 Single nucleotide polymorphism (SNP) loci significantly correlated with the hundred-grain weight trait of sweet maize using the general linear model (GLM)-Q method

序号	QTL 序号	SNP	染色体	位置	$-\lg P$	贡献率 (%)
1	q100KW-7-1	<i>Affx-90265</i>	7	129 236 674	6.001	25.27
2	q100KW-7-2	<i>Affx-91170</i>	7	123 110 014	5.810	24.77
3	q100KW-7-3	<i>Affx-90113</i>	7	149 940 420	5.662	22.13
4	q100KW-7-4	<i>Affx-91094</i>	7	130 807 631	5.784	20.75
5	q100KW-7-5	<i>Affx-11533</i>	7	1 600 994 493	4.691	20.33
6	q100KW-6-1	<i>Affx-90380</i>	6	793 903	4.455	19.55
7	q100KW-7-6	<i>Affx-911553</i>	7	130 373 268	4.441	19.38
8	q100KW-9-1	<i>Affx-90804</i>	9	18 793 847	4.439	19.36
9	q100KW-7-7	<i>Affx-91158</i>	7	131 526 970	4.436	19.35
10	q100KW-8-1	<i>Affx-91346</i>	8	26 088 064	4.431	19.33
11	q100KW-2-1	<i>Affx-91366</i>	2	14 808 944	4.404	19.41
12	q100KW-7-8	<i>Affx-11533</i>	7	128 268 659	4.395	19.37
13	q100KW-7-9	<i>Affx-90902</i>	7	11 220 373	4.384	19.15
14	q100KW-6-2	<i>Affx-90331</i>	6	663 079	4.363	19.06
15	q100KW-7-10	<i>Affx-91277</i>	7	128 345 671	4.361	19.06
16	q100KW-4-1	<i>Affx-91177</i>	4	220 155 246	4.311	18.86
17	q100KW-3-1	<i>Affx-90635</i>	3	147 808 776	4.305	18.84
18	q100KW-2-2	<i>Affx-90539</i>	2	12 926 587	4.300	19.00
19	q100KW-7-11	<i>Affx-91264</i>	7	11 220 025	4.289	18.68
20	q100KW-7-12	<i>Affx-90591</i>	7	22 665 715	4.230	19.25
21	q100KW-7-13	<i>Affx-90878</i>	7	131 650 139	4.192	18.39
22	q100KW-7-14	<i>Affx-91148</i>	7	5 441 289	4.186	18.54
23	q100KW-4-2	<i>Affx-90283</i>	4	220 143 561	4.168	18.29

QTL: 数量性状座位; SNP: 单核苷酸多态性。

3 讨论

3.1 100 份甜玉米种质资源 4 个籽粒性状的表型变异分析和相关性分析

李用财^[16]的研究结果表明,玉米产量与百粒质量呈极显著正相关,即通过提高百粒质量可以有效提高玉米产量;李春雨^[1]研究得出 133 份甜玉米自交系百粒质量的均值为 26.31 g,变幅为 13.28~45.12 g。本研究结果表明,100 份甜玉米种质资源种子 4 个性状分布曲线基本符合正态分布,表现出数量性状特征,说明粒长、粒宽、粒厚和百粒质量 4 个籽粒性状的遗传受多基因控制。相关性分析结果表明,甜玉米粒长、粒宽、粒厚与百粒质量呈极显著正相关;粒长与粒厚呈极显著负相关,与粒宽无显著相关性;粒宽与粒厚无显著相关性。因此,100 份甜玉米自交系 4 个籽粒性状间差异较大,具有较丰富的遗传多样性,可为甜玉米育种提供丰富的亲本材料。

3.2 100 份甜玉米种质资源 4 个种子性状的全基因组关联分析

前期一些学者们利用 SNP 位点得出控制小麦、水稻、玉米等主要作物粒型的主要位点^[17-20],其中,赵檀^[17]检测到 9 个与小麦百粒质量相关联的位点,Fang 等^[19]检测到 8 个与水稻粒型相关联的位点,Hu 等^[20]对 282 份玉米自交系用 2 271 584 个 SNP 标记检测到 17 个耐冷性遗传位点,李春雨^[1]用一般线性模型(GLM)和混合线性模型(MLM)检测到位于第 1、5 和 7 号染色体上的 9 个与百粒质量相关联的 SNP 标记位点。杨宁^[5]检测到 9 个与玉米粒宽性状相关联的 SNP 标记位点。本研究经 GWAS 分析共获得 75 个控制甜玉米种子性状的 SNP 标记位点,其中控制粒长的 SNP 标记位点有 17 个,控制粒宽的 SNP 标记位点有 24 个,控制粒厚的 SNP 标记位点有 11 个,控制百粒质量的 SNP 标记位点有 23 个,在候选区间内共有 231 个基因,找到 96 个候选基因参与玉米种子生长发育,这些基因主要与玉米赤霉素(GAs)、生长素(IAA)、油菜素内酯(BRs)的生物合成和信号转导途径有关。

参考文献:

- [1] 李春雨.利用染色体片段代换系及关联群体鉴定甜玉米产量性状遗传位点[D].广州:华南农业大学,2018.
- [2] CHENG X X, XIONG F, WANG C J, et al. Seed reserve utilization and hydrolytic enzyme activities in germinating seeds of sweet corn [J]. *Pakistan Journal of Botany*, 2018, 50(1): 111-116.
- [3] 张秀荣.花生关联分析群体构建及抗旱相关分子标记研究[D].泰安:山东农业大学,2017.
- [4] 唐富福.水稻农艺和品质若干性状的全基因组初步关联分析[D].杭州:浙江大学,2013.
- [5] 杨宁.玉米 17 个农艺性状的全基因组关联分析及 Mo17 和大刍草基因组组装[D].武汉:华中农业大学,2016.
- [6] 向星洁.基于候选基因标记的香菇重要农艺性状关联分析[D].武汉:华中农业大学,2015.
- [7] 李桂冬.小麦 3 个重要农艺性状的 SSR 标记全基因组关联分析[D].杨凌:西北农林科技大学,2015.
- [8] 侯青青,司丽珍,黄学辉,等.水稻复杂性状研究的新途径:水稻重要农艺性状全基因组关联分析[J].*生命科学*, 2016, 28(10): 1250-1257.
- [9] BRAULIO J, SOTO C, FEMANDO W, et al. Assessing the agronomic potential of linseed genotypes by multivariate analyses and association mapping of agronomic traits[J].*Euphytica*, 2014(5): 35-49.
- [10] WANG G, JEFFREY M, LEONARD J Z, et al. Marker-trait association analysis of kernel hardness and related agronomic traits in a core collection of wheat lines[J].*Molecular Breeding*, 2014, 177-184.
- [11] 张 锦.西藏野生大麦干旱耐性基因等位多态性分析及相关基因的功能鉴定[D].杭州:浙江大学,2017.
- [12] 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.
- [13] BELÓ A, ZHENG P, LUCK S, et al. Whole genome scan detects an allelic variant of fad2 associated with increased oleic acid levels in maize[J].*Mol Geneet Genomics*, 2008, 279: 1-10.
- [14] YANG Q, LI Z, LI W Q, et al. CACTA-like transposable element in ZmCCT attenuated photoperiod sensitivity and accelerated the postdomestication spread of maize[J].*Proc Natl Acad Sci USA*, 2013, 110: 16969-16974.
- [15] RASHID Z, SINGH P K, VEMURI H, et al. Genome-wide association study in Asia-adapted tropical maize reveals novel and explored genomic regions for sorghum downy mildew resistance[J].*Scientific Reports*, 2018(8): 366.
- [16] 李用财.东北中熟玉米杂交组合主要农艺性状鉴定[D].哈尔滨:黑龙江大学,2018.
- [17] 赵 檀.河北省小麦品种遗传多样性及主要农艺性状的关联分析[D].保定:河北农业大学,2014.
- [18] 么大轩,张 彬,刘松涛,等.基于 SNP 和 SSR 对甜玉米种质遗传多样性的评价[J].*江苏农业科学*, 2019, 47(7): 45-50.
- [19] FANG C, XING Y, MAO H, et al. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein[J].*Theoretical & Applied Genetics*, 2006, 112(6): 1164-1171.
- [20] HU G, ZHAO L, LU Y, et al. Genome wide association study identified multiple genetic loci on chilling resistance during germination in maize[J].*Scientific Reports*, 2017, 7(1): 10840.

(责任编辑:陈海霞)