

热带 Suwan 种质向温带玉米渗入的性状改良路径

郭建强¹ 陈微林² 王晓乐¹ 王池池² 陈晓慧² 冯智浩² 高翔^{1,2*}

1 海南九圣禾农业科学研究院有限公司

2 九圣禾种业股份有限公司

DOI:10.32629/as.v9i5.4007

[摘要] 我国温带玉米种质遗传基础狭窄,产量提升进入瓶颈,综合抗逆性不足。热带Suwan种质遗传多样性丰富,抗逆性强,是拓宽温带玉米种质基础的核心资源。本文系统分析Suwan种质的核心遗传特征,阐明热带与温带玉米的遗传分化规律及种质渗入的重组机制,评估其对温带玉米产量构成因子和综合抗逆性的改良效应,提出以分子标记筛选为基础、定向回交改良为核心、多基因聚合为方向的精准改良路径。本研究为Suwan种质的高效利用和温带玉米突破性新品种培育提供理论依据和技术支撑。

[关键词] Suwan种质; 温带玉米; 种质渗入; 性状改良; 分子标记辅助选择

中图分类号: S435.132 文献标识码: A

Trait Improvement Pathways of Tropical Suwan Germplasm Introgression into Temperate Maize

Jianqiang Guo¹ Weilin Chen² Xiaole Wang¹ Chichi Wang² Xiaohui Chen² Zhihao Feng² Xiang Gao^{1,2*}

1 Hainan Jiushenghe Agricultural Science Research Institute Co., Ltd.

2 Jiushenghe Seed Industry Co., Ltd.

[Abstract] The genetic foundation of temperate maize germplasm in China is narrow, with yield improvement reaching a bottleneck and insufficient comprehensive stress resistance. The tropical Suwan germplasm possesses rich genetic diversity and strong stress resistance, serving as a core resource for broadening the genetic base of temperate maize. This study systematically analyzes the key genetic characteristics of Suwan germplasm, elucidates the genetic differentiation patterns between tropical and temperate maize and the recombination mechanisms of germplasm introgression, evaluates its effects on improving yield components and comprehensive stress resistance in temperate maize, and proposes a precision improvement pathway based on molecular marker screening, targeted backcross modification, and polygenic pyramiding. This research provides a theoretical basis and technical support for the efficient utilization of Suwan germplasm and the development of breakthrough new varieties of temperate maize.

[Key words] Suwan germplasm; temperate maize; germplasm introgression; trait improvement; marker-assisted selection

1 引言

我国温带玉米种植区域广阔,是粮食生产的核心产区。长期定向驯化与连续选育,使温带玉米适配本地气候与耕作模式,但种质遗传基础日趋狭窄,同质化问题突出,导致产量提升进入瓶颈,且普遍面临病虫害、高温、干旱等多重胁迫压力。热带Suwan种质具备遗传多样性丰富、抗逆性强、生物量高等优良特有基因资源,是拓宽温带玉米种质基础的重要外来种质。九圣禾种业股份有限公司作为中国种业前十强公司,近年来与国际玉米小麦改良中心(Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo, 简称CIMMYT)合作,引入热带玉米优良种质进行种质资源

的改良创制,打破温带玉米遗传单一化局限,挖掘优良等位基因,对破解育种资源匮乏、提升综合抗逆能力、实现玉米持续增产具有重要意义。

2 Suwan种质渗入温带玉米的遗传基础

2.1 Suwan种质的核心遗传特征

Suwan种质起源于泰国 Kasetsart 大学1969年构建的 Suwan-1 复合群体,整合Tuxpeno、Antigua、Mexican等12个热带硬粒型优良种质,经12轮以上轮回选择纯化。群体遗传结构稳定,一般配合力突出,是热带玉米育种中应用最广泛的核心种质之一。

遗传多样性分析显示, Suwan群体的SSR多态性位点比例达92%以上, 等位基因丰富度是温带骨干自交系的2.3倍。保留了大量热带玉米特有的稀有等位基因, 为温带玉米育种提供了宝贵的基因资源^[1]。

Suwan等热带玉米种质具有遗传多样性丰富、抗逆性强、配合力高等优点, 能够有效拓宽我国玉米遗传基础, 对抗逆育种和强优势杂交组合选育具有重要意义。然而, 该类种质在温带地区表现出感光性强、生育期延迟和营养生长过旺等特性, 严重限制了其直接应用。热带玉米种质具有遗传多样性丰富、抗逆性强、配合力好等优势, 能够有效拓宽我国玉米种质的遗传基础, 助力抗逆育种和强优势杂交组合的选育。

2.2 热带与温带玉米的遗传分化

热带与温带玉米经历了不同的地域驯化历程。温带玉米经过8000年以上的高纬度定向驯化, 形成了适应低温、短日照的遗传特征。热带玉米保留了更多原始玉米的遗传多样性, 适应高温高湿的生长环境。

全基因组SNP分型结果表明, 热带与温带玉米的遗传距离为0.35-0.45, 分属两个独立的遗传亚群。基因组水平存在大量差异位点, 其中约15%的基因受到正向选择。光周期调控基因的分化最为显著^[2]。ZmCCT、ZmCOL3、ZCN8等关键基因在热带与温带玉米中存在明显的等位基因差异。温带玉米普遍携带早花等位基因, 能够在长日照条件下正常开花结实。热带玉米携带的晚花等位基因, 导致其在温带地区表现出严重的光周期反应。

气候适应性相关基因也存在显著分化。涉及温度响应、水分利用、抗病性的多个基因家族, 在热带与温带玉米中呈现出不同的进化方向。这种遗传分化是两者性状差异的根本原因。

2.3 种质渗入的遗传重组规律

热带与温带玉米杂交后, 全基因组发生广泛的基因交换。F1代重组率较高, 能够产生丰富的遗传变异。回交过程中, 热带基因组片段逐渐被温带背景替换, 优良性状相关片段得以保留。

重组交换呈现非均匀分布特征。重组热点主要集中在染色体末端区域, 着丝粒及近着丝粒区域重组率极低。这导致大片段连锁导入现象普遍存在, 优良基因常与不利基因连锁, 形成连锁累赘。

血缘渐渗遵循定向选择规律。连续回交结合表型选择, 能够实现优良基因的定向渐渗。BC3代背景回复率可达90%以上, BC4代基本恢复受体亲本的遗传背景。导入片段长度多为10-50Mb, 每个渗入系平均携带5-12个热带导入片段。导入片段的分布与染色体长度呈正相关, 不同染色体的导入频率存在差异^[3]。

种质渗入能够产生新的等位基因组合。热带与温带基因的互作, 可产生超越双亲的超亲性状, 为选育优良新品种提供了遗传基础。

3 Suwan种质渗入的性状改良效应

3.1 产量相关性状的改良表现

Suwan种质渗入可显著优化温带玉米的产量构成因子。不同回交世代的产量性状呈现梯度改良特征。穗部性状改善最为直

观, 穗长、穗粗、行粒数均有不同程度提升。千粒重增幅稳定, 是单穗粒重增加的主要贡献因子。

表1 不同回交世代产量相关性状对比

性状	郑58	BC ₂ F ₃	BC ₃ F ₂	BC ₄ F ₁
穗长(cm)	16.2	18.7	17.9	17.1
穗粗(cm)	4.5	4.9	4.8	4.6
行粒数(粒)	32.6	38.2	36.5	34.3
千粒重(g)	312.5	338.7	331.2	324.6
单穗粒重(g)	156.8	189.3	178.5	167.2
公顷产量(kg/ha)	9245	10872	10536	9981

Suwan种质生物量优势明显。渗入系地上部生物量较对照提高12%-21%, 根系生物量提高18%-27%。根系发达增强了养分吸收能力, 为高产奠定物质基础。初期渗入系收获指数较对照降低5%-8%, 经3-4代回交选择后, 收获指数可恢复至对照水平95%以上。

稳产性提升显著。多环境试验表明, Suwan渗入系的产量变异系数较对照降低11%-16%。在逆境年份, 产量优势更为突出。2023年黄淮海高温干旱年份, 优良渗入系较对照增产15%-22%。

3.2 抗逆性状的改良表现

抗病性改良效果最为突出。Suwan种质携带的广谱抗病基因, 可有效提升温带玉米对多种病害的抗性。大斑病病情指数由对照的45.2降至12.8-18.6, 小斑病病情指数由38.7降至9.5-14.2。茎腐病发病率由32.5%降至5.8%-8.3%, 穗腐病发病率由27.3%降至4.2%-6.7%。

耐高温能力显著增强。开花期35℃以上持续高温胁迫下, 对照结实率仅为42.6%, 优良渗入系结实率可达68.5%-75.2%。花粉活力维持时间延长2-3天, 花丝寿命延长1-2天。

耐贫瘠能力提升明显。低氮条件下, 对照产量损失率达45.8%, 渗入系产量损失率控制在22%-28%。磷高效利用特性突出, 低磷土壤中生物量较对照提高23%-31%。

抗倒伏性改善。Suwan渗入系茎秆壁厚增加0.12-0.18mm, 茎秆穿刺强度提高15%-22%。田间倒伏率由对照的18.6%降至3.2%-5.7%。根系发达增强了抗根倒能力, 根倒率几乎为零。

耐阴雨湿热能力提升。江淮地区梅雨季节, 对照穗腐病发病率达35.2%, 籽粒霉变率达12.8%。优良渗入系穗腐病发病率低于8%, 籽粒霉变率低于3%。生育期缩短, 可有效避开后期低温寡照危害^[3]。

4 Suwan种质渗入的精准改良路径

4.1 目标性状的分子标记筛选与应用

传统表型选择依赖田间性状观测, 易受环境条件、生育期和人为误差干扰。抗病性鉴定需人工接种病原菌, 结果受温湿度影响显著。光周期敏感性鉴定需异地种植, 耗时费力。复杂数量性状的选择准确率不足50%, 育种周期长达8-10年。分子标记辅助选择可实现基因型的直接鉴定, 大幅提升育种精准度和效率。

全基因组关联分析与连锁分析结合, 已定位大量Suwan来源的目标性状关联位点。利用Suwan-1×郑58的F2:3群体和包含200份Suwan衍生系的自然群体, 已定位大斑病抗性基因Ht3、茎腐病抗性基因QTL-qRfg2、耐高温QTL-qHTT3.04、穗长QTL-qEL1.06、千粒重QTL-qKW5.07等30余个核心位点。其中12个位点的表型贡

献率超过10%,为分子标记开发奠定了坚实基础。开发出紧密连锁的SNP标记和KASP标记,标记与性状的遗传距离小于1cM,重组率低于1%。

优异基因挖掘持续推进。利用图位克隆技术,已克隆Suwan-1来源的ZmCCT10等位基因,该基因编码一个CONSTANS-like转录因子,可显著降低玉米的光周期敏感性。克隆的ZmNAC11基因,可同时调控玉米的耐旱性和耐盐性,过表达该基因可使玉米在干旱条件下的存活率提高40%以上。这些基因的功能标记直接检测基因内部的功能变异,不受遗传重组影响,选择准确率接近100%,已大规模应用于育种实践^[4]。

高通量分子检测技术普及应用。GBS简化基因组测序成本低、通量高,可一次性检测5-10万个SNP位点,主要用于全基因组背景扫描。KASP技术检测速度快、操作简便,单样本检测成本不足0.5元,适合大规模群体的前景选择。两者结合可实现前景和背景的同时筛选,将育种周期缩短3-4年,选择准确率提高至90%以上。

4.2 骨干自交系的定向回交改良

定向回交改良是Suwan种质利用的核心技术,可快速将Suwan优良性状导入温带骨干自交系,同时完整保留受体亲本的核心农艺性状与配合力。受体亲本优先选用郑58、昌7-2、PH6WC等生产上大面积应用的温带骨干自交系,这类材料配合力高、适应性广,仅存在单一或少数性状缺陷。供体亲本选择Suwan-1-6、Suwan-2-3等目标性状突出、遗传背景清晰的Suwan衍生自交系。

每一世代同步开展分子标记辅助前景选择与全基因组背景选择,精准筛选携带目标基因且背景回复率高的单株进行回交。BC3代背景回复率可达90%以上,BC4代可超过95%。该技术可有效解决传统回交中普遍存在的连锁累赘问题,大幅减少不利热带基因片段的导入,避免植株高大、穗位偏高、生育期延长等负面效应。

该方法可定向导入单一优良性状片段,针对性改良骨干自交系的特定缺陷。针对光周期敏感性这一核心障碍,可优先导入ZmCCT10早花等位基因;针对抗病需求,可导入单个或多个抗病基因片段培育近等基因系。例如将Suwan-1的Ht3基因导入郑58,改良系大斑病病情指数由45.2降至13.5,其他农艺性状与原亲本基本一致。

改良系经多代自交纯化和综合鉴定,可获得目标性状突出、配合力稳定的新自交系。目前已利用该技术成功改良郑58大斑病抗性、昌7-2茎腐病抗性和PH6WC耐高温性,多个优良改良系已应用于杂交种配制。

4.3 多基因聚合的综合育种策略

单一性状改良难以应对复杂多变的生产环境。随着气候变化加剧,玉米同时面临高温、干旱、病虫害等多重胁迫。仅改良单一抗逆性状,无法保证品种的稳产性和适应性。多基因聚合可将多个优良性状整合到同一遗传背景中,培育高产、多抗、广适的综合性状优良的玉米新品种。

构建多亲本分离群体。以多个携带不同优良基因的Suwan渗入系为亲本,进行复合杂交,构建遗传基础丰富的分离群体。MAGIC

群体由8-16个亲本杂交构建,遗传多样性丰富,重组率高,适合多基因聚合和复杂性状解析。利用分子标记同时筛选多个目标基因,实现高产、多抗、耐逆基因的累加^[5]。例如,同时聚合大斑病抗性基因Ht3、茎腐病抗性基因qRfg2和耐高温基因qHTT3.04,培育出的改良系可同时抵抗多种胁迫。

开展复合种质创新。将多个Suwan种质与温带骨干种质混合,构建改良复合群体。采用半同胞轮回选择和全同胞轮回选择相结合的方法,每一轮选择后进行群体内随机交配,打破基因连锁,重组优良基因。经过4-6轮轮回选择,群体的综合性状可得到显著提升。群体内遗传多样性丰富,可从中选育出多个不同类型的优良自交系。

构建综合育种技术体系。整合分子标记辅助选择、全基因组选择、表型组学等技术。全基因组选择利用全基因组分子标记预测个体的育种值,无需精细定位目标基因。该方法特别适合产量、稳产性等多基因控制的复杂性状,可在苗期进行选择,大幅缩短育种周期。利用无人机表型平台、高通量表型舱等技术,实现株高、穗位、叶面积、生物量等性状的自动化、高精度鉴定。表型组学与基因组学结合,可显著提升选择的准确性和效率。多技术融合的综合育种体系,可将育种周期从传统的8-10年缩短至4-5年,优良品种选育效率提升3倍以上。

5 结论

Suwan种质是拓宽温带玉米遗传基础、破解育种瓶颈的核心外来资源。本研究系统阐明了Suwan种质的核心遗传特征,揭示了热带与温带玉米的遗传分化规律及种质渗入的重组机制。明确了Suwan种质渗入对温带玉米产量构成因子和综合抗逆性的改良效应,验证了分子标记辅助定向回交和多基因聚合的精准改良路径。未来需持续挖掘Suwan种质中的优异等位基因,完善基因组学与表型组学融合的育种技术体系,加速优良种质创新与新品种培育,为我国玉米产业高质量发展提供坚实的种质支撑。

项目资金支持:海南省“南海新星”科技创新人才平台项目(NHXXRCXM202373)。

[参考文献]

- [1]郭向阳,涂亮,王栋,等.热带Suwan种质在我国玉米种质改良中的创新与利用[J].作物学报,2026,52(03):655-664.
- [2]郭向阳,吴迅,王安贵.玉米Suwan和Iodent改良系育种应用探索与分析[J].植物遗传资源学报,2021,22(06):1676-1683.
- [3]祝云芳,陈泽辉.基于温热玉米Suwan-Lancaster群体改良自交系QB446的选育与应用[J].贵州农业科学,2020,48(7):1-5.
- [4]郭向阳,胡兴,祝云芳,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(04):9-13+21.
- [5]郭向阳,陈泽辉,胡兴,等.热带玉米Suwan群体的遗传特性及育种潜力[J].玉米科学,2016,24(04):41-45.

作者简介:

郭建强(1988--),男,汉族,甘肃通渭人,硕士研究生,海南九圣禾农业科学研究院有限公司,职称:高级农艺师、研究方向:玉米遗传育种与种质改良。