



孟起同, 李明, 周富亮, 梁思维, 刘家奇, 宁丹, 赵欣悦, 刘鹏飞, 蒋锋. 甜玉米苗期耐铝性状 QTL 定位[J]. 中国农业大学学报, 2024, 29(04): 103-112.
MENG Qitong, LI Ming, ZHOU Fuliang, LIANG Siwei, LIU Jiaqi, NING Dan, ZHAO Xinyue, LIU Pengfei, JIANG Feng. QTL mapping of aluminum tolerance traits in sweet maize seedling stage[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2024, 29(04): 103-112.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2024.04.09

甜玉米苗期耐铝性状 QTL 定位

孟起同¹ 李明¹ 周富亮² 梁思维² 刘家奇¹ 宁丹¹ 赵欣悦¹
刘鹏飞¹ 蒋锋^{1*}

(1. 仲恺农业工程学院 农业与生物学院, 广州 510225;
2. 广东省阳江市农业科学研究所, 广东 阳江, 529500)

摘要 为挖掘甜玉米耐铝基因资源,以耐铝性状差异显著的甜玉米自交系‘T49’(♀)和‘T56’(♂)为亲本配制杂交组合‘T49×T56’,以208个F₂单株作为遗传作图群体,构建玉米遗传连锁图谱,选取苗高系数、苗重系数、根长系数、根重系数和整株鲜重系数作为玉米耐铝性的评价指标。用复合区间作图法检测耐铝性状相关QTL。结果表明:在甜玉米10对染色体上获得10个SSR标记连锁群,全长1199.10 cM,平均间距7.83 cM。共检测到3个苗高系数QTL、4个苗重系数QTL、4个根长系数QTL、3个根重系数QTL、3个整株鲜重系数QTL,单个QTL可解释6.46%~25.37%的表型变异。在第9染色体上phi065—umc1271(bin 9.03—9.04),苗高系数、苗重系数、根长系数、根重系数、整株鲜重系数均检测到1个主效QTL,贡献率为13.1%~25.3%。结合GO、KEGG数据库,在phi065—umc1271内存在2个稳定的甜玉米非生物逆境胁迫耐受性相关的基因 *Zm00001d045472* 和 *Zm00001d046391*。

关键词 甜玉米; 耐铝; 复合区间作图; QTL

中图分类号 S513 文章编号 1007-4333(2024)04-0103-10 文献标志码 A

QTL mapping of aluminum tolerance traits in sweet maize seedling stage

MENG Qitong¹, LI Ming¹, ZHOU Fuliang², LIANG Siwei², LIU Jiaqi¹, NING Dan¹,
ZHAO Xinyue¹, LIU Pengfei¹, JIANG Feng^{1*}

(1. College of Agriculture and Biology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China;
2. Yangjiang Institute of Agricultural Sciences, Yangjiang 529500, China)

Abstract In order to explore the aluminum tolerance gene resources in sweet maize, a hybrid combination ‘T49 × T56’ was generated by taking two inbred lines ‘T49’ (♀) and ‘T56’ (♂), which have significant differences in aluminum tolerance characters, as the parents. A total of 208 F₂ individual plants were used as genetic mapping population to construct the genetic linkage map of maize. Seedling height coefficient, seedling weight coefficient, root length coefficient, root weight coefficient and whole plant fresh weight coefficient were selected as the evaluation indexes. The aluminum tolerance of maize QTL related to aluminum resistance traits was detected by composite interval mapping. The results showed that: Ten SSR marker linkage groups were obtained on ten pairs of sweet maize chromosomes. The total length was

收稿日期: 2023-10-16

基金项目: 广东省农业农村厅农业科研类及技术推广示范类项目(粤财农[2023]189号); 2023年广东省普通高校自然科学类重点领域专项(2023ZDZX4017); 广州市财政农业农村项目(22304496); 广东省阳江市2023年省科技创新专项资金(SDZX2023024)

第一作者: 孟起同(ORCID:0009-0004-5710-8589), 硕士研究生, E-mail: mengqimaize@163.com

通讯作者: 蒋锋(ORCID:0000-0002-3429-6482), 副教授, 主要从事玉米遗传育种专业研究, E-mail: breakthrough@139.com

1 199.10 cM, and the average distance was 7.83 cM. A total of 3 QTLs for seedling height, 4 QTLs for seedling weight, 4 QTLs for root length, 3 QTLs for root weight, and 3 QTLs for whole plant fresh weight were detected. One single QTL could explain 6.46% to 25.37% of phenotypic variation. In the labeled intervals phi065—umc1271(bin 9.03–9.04) on chromosome 9, a major QTL was detected in the coefficient of seedling height, seedling weight, root length, root weight and whole plant fresh weight, and the contribution rate was 13.1%–25.3%. Combined with GO and KEGG databases, two stable genes *Zm00001d045472* and *Zm00001d046391* related to abiotic stress tolerance of sweet corn were found in phi065—umc1271.

Keywords sweet corn; aluminum resistance; composite interval mapping; QTL

甜玉米又叫蔬菜玉米,其口感清脆,富含多种人体所需的营养成分。近年来,甜玉米的种植规模逐年增加^[1-3]。我国酸性土壤面积约占耕地面积的21%,且主要分布在南方的大部分省份^[1-3]。因此,南方地区甜玉米的生长和发育会受到酸性土壤较大的抑制^[4-5]。在酸性土壤环境中,铝毒害是阻碍甜玉米生长和产量增长的主要障碍之一。在正常土壤条件下,铝元素通常以硅酸盐态或氧化态的形式存在,对甜玉米并没有毒性影响^[6]。然而,铝在酸性环境中会以离子形态存在,这对甜玉米的根系具有毒害作用,抑制根的生长,进一步妨碍了植株的正常生长和发育^[7-8]。在严重的情况下,甜玉米的产量将会下降约40%^[9-10]。利用甜玉米的耐铝种质资源,探究其耐铝性状的遗传规律,并挖掘与甜玉米耐铝相关的基因,从而选育出耐铝甜玉米的新品种是解决甜玉米铝毒害问题的有效方法。但在目前的自然环境中,几乎没有天然的耐铝玉米种质存在,需通过人工筛选获得耐铝突变体。因此,精准定位玉米耐铝基因,为分子标记辅助选育耐铝品种提供科学依据,对玉米产业发展具有重要意义^[6]。

Borrero等^[11]研究发现,玉米耐铝相关性状是典型的数量性状,受多个基因共同控制,且基因之间存在着复杂的相互调控关系。利用分子遗传图谱进行QTL定位,并通过紧密连锁的分子标记进行选择,可提高耐铝品种选育效率^[12]。近年来,玉米耐铝基因的研究多集中在苹果酸和柠檬酸的转运蛋白基因^[13]。解光宁^[14]研究揭示 *ZmSTAR1* 和 *ZmSTAR2* 基因是通过编码ABC转运蛋白间接参与玉米对铝毒胁迫的响应调控,是玉米的耐铝相关转录因子。Krill等^[12]经过深入分析,成功筛选出4个与玉米的耐铝相关的基因,并开发了相应的分子标记,这些标记可以用作耐铝玉米材料的分子标记辅助选择工具。Guimarães等^[15]研究发现与 *OsNr1* 基因

同源的基因 *ZmNr1*, *ZmNr1* 位于玉米5号染色体 *ZmMATE2* 基因附近,编码1种与水稻响应铝离子胁迫相关的铝转运蛋白。

作物耐受铝离子胁迫的机理一直是作物抗逆研究的重点方向^[16],目前对作物耐铝离子胁迫的遗传相关研究鲜见报道。本试验以耐铝性状显著差异的甜玉米自交系‘T49’和‘T56’为亲本,对其F₂群体进行遗传连锁图谱分析和QTL定位研究,旨在挖掘甜玉米新的基因资源,以期为甜玉米耐铝品种选育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试亲本材料是由仲恺农业工程学院作物研究所多年严格自交选育的甜玉米铝敏感自交系‘T49’和甜玉米耐铝自交系‘T56’。‘T49’和‘T56’分别是由甜玉米品种‘仲鲜甜102’和‘仲甜2号’经二环系选育而成。经基因型鉴定,均为sh2突变型的甜玉米自交系。

1.2 试验设计

供试材料种植在广州市番禺区仲恺农业工程学院钟村教学科研基地(113°18′41″E, 23°00′28″N),以甜玉米自交系‘T49’为母本,‘T56’为父本进行杂交收获F₁代种子;种植F₁代并严格自交收获F₂代单株种子;同时种植‘T49’‘T56’和F₂,于小喇叭口期取‘T49’‘T56’和F₂单株新鲜嫩叶提取基因组总DNA,以F₂为遗传作图群体构建分子标记连锁遗传图谱。F₂单株自交获得F_{2:3}家系种子,调查F_{2:3}家系苗期耐铝性状系数(苗高、苗重、根长、根重、整株鲜重),结合连锁遗传图谱定位耐铝相关性状QTL。

1.3 DNA的提取及SSR标记检测

采用Paterson等^[17]改良的CTAB法提取基因组总DNA。从玉米基因组数据库(www.

maizgdb.org) 中, 随机选择 826 对 SSR 引物, 并由北京鼎国昌盛生物技术有限公司合成。获取各 F₂ 单株的标记基因型, 用 Joinmap 3.0 软件构建遗传连锁图谱^[18]。

1.4 性状调查

将各 F_{2:3} 家系种子 30 粒放入装有石英砂的发芽盒中进行发芽, 待其生长到两叶一心时, 每家系随机选取 10 株幼苗, 测量其苗高、苗重、根长、根重和整株鲜重。再将玉米幼苗分为试验组和对照组, 并移栽到水培箱中。试验组溶液的 Al³⁺ 浓度为 0.20 mmol/L, 对照组溶液为 H₂O, 培养 24 h 后, 将幼苗移出再测量 1 次表型数据。依据汤华等^[3]的方法计算所有性状的平均值, 然后以对照组数据为参照, 计算出各耐铝性状系数。

$$\text{性状系数} = \frac{\text{试验组性状变化平均值}}{\text{对照组性状变化平均值}} \times 100\%$$

1.5 QTL 检测

连锁遗传图谱数据结合各 F_{2:3} 家系的性状系数

数据, 用 WinQTLCart 2.5 软件进行 QTL 定位^[19]。QTL 命名参照 McCouch^[20] 的命名方法, 按照“q+性状+染色体号+数字”对 QTL 进行命名, 性状以英文缩写表示如: 根长系数 QTL 表示为“qRLC”, 根重系数 QTL 表示为“qRWC”。同一染色体上多个不同位点的 QTLs 以数字表示。

2 结果与分析

2.1 甜玉米耐铝性状的正态分布检验

由表 1 可知, ‘T49’ 苗高系数平均值为 86.36, ‘T56’ 苗高系数平均值为 64.30; ‘T49’ 苗重系数平均值为 88.72, ‘T56’ 苗重系数平均值为 69.10; ‘T49’ 根长系数平均值为 79.44, ‘T56’ 根长系数平均值为 66.80; ‘T49’ 根重系数平均值为 80.23, ‘T56’ 根重系数平均值为 64.70; ‘T49’ 整株鲜重系数平均值为 79.68, ‘T56’ 整株鲜重系数平均值为 66.80。两亲本在 5 个耐铝性状上均存在显著差异。

表 1 亲本苗期表型性状统计

Table 1 Phenotypic characters statistics of parents at seedling stage

性状 Traits	T49		T56	
	平均值	标准差	平均值	标准差
	Mean value	SD	Mean value	SD
苗高系数 Coefficient of seedling height	86.36	4.26	64.30	4.03
苗重系数 Coefficient of seedling weight	88.72	3.76	69.10	3.39
根长系数 Root length coefficient	79.44	2.48	66.80	2.21
根重系数 Coefficient of root weight	80.23	3.08	64.70	2.77
整株鲜重系数 Whole plant fresh weight coefficient	79.68	2.42	66.80	2.19

由表 2 可知, F_{2:3} 家系的 5 个苗期耐铝性状峰度、偏度的绝对值绝大部分 < 1, 基本上符合正态分布。F_{2:3} 家系的 5 个苗期性状系数数据均有较大的变幅, 变异系数较大, 且均有显著的峰值(图 1), 推测存在耐铝性状的主效基因, 可用于后续的 QTL 分析。

2.2 遗传连锁图谱的构建

χ² 测验结果显示, 共 187 对多态性良好的 SSR 引物满足 1:2:1 和 3:1 的分离比例, 利用这 187 对 SSR 引物进行连锁图谱的构建, 其中有 153 对 SSR

引物连锁到连锁群上(图 2)。F₂ 群体遗传连锁图谱总长度为 1 199.10 cM, 平均间距为 7.83 cM, 连锁群的间距范围在 6.05~11.61 cM, 见表 3。

2.3 甜玉米耐铝性状的 QTL 定位

由表 4 可知, 共检测到的 17 个耐铝相关性状 QTL, 分别是 3 个苗高系数(PHC)相关的 QTL、4 个苗重系数(SWC)相关的 QTL、4 个根长系数(RLC)相关的 QTL、3 个根重系数(RWC)相关的 QTL 以及 3 个整株鲜重系数(FWC)相关的 QTL。

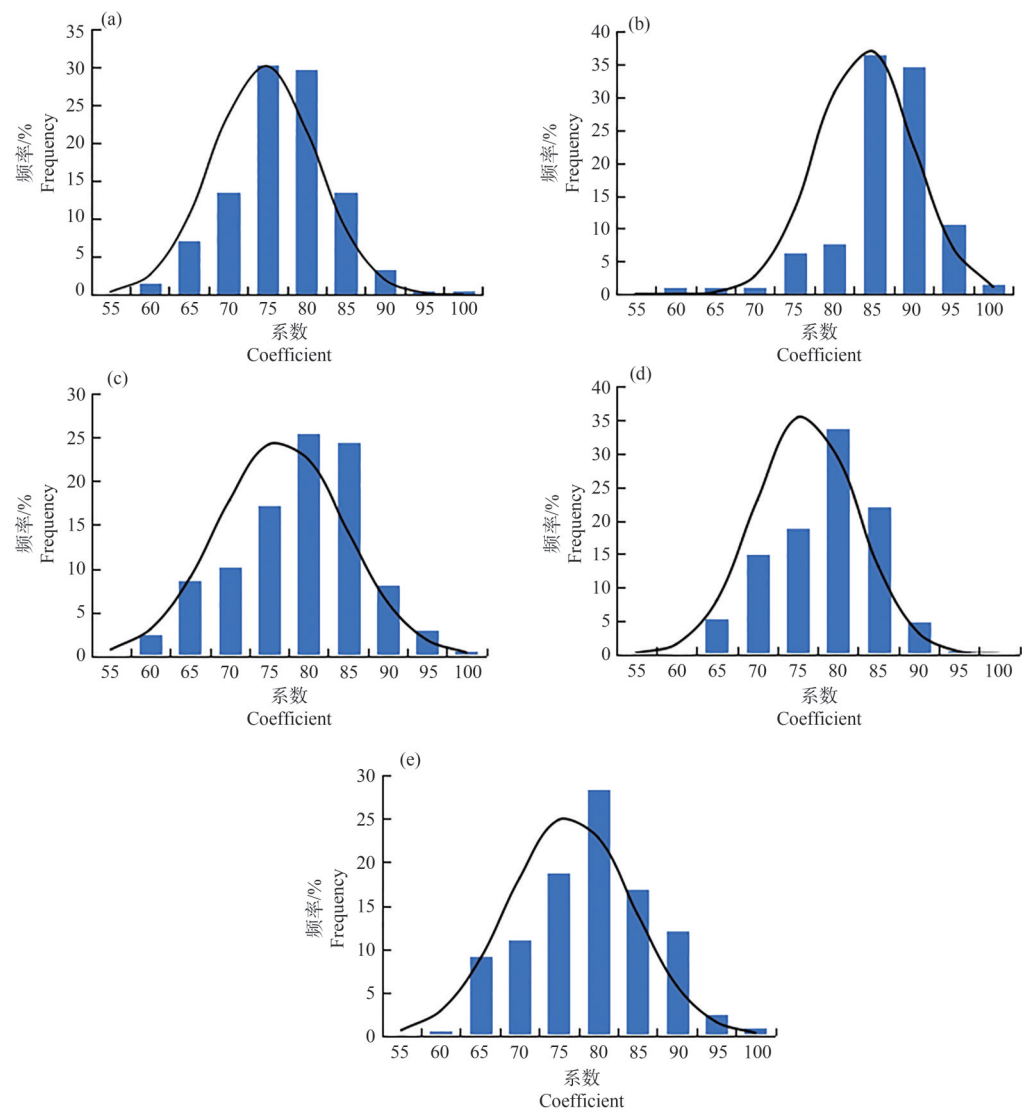


图1 甜玉米F_{2,3}苗高(a)、苗重(b)、根长(c)、根重(d)和整株鲜重(e)苗期耐铝性性状系数频率分布

Fig. 1 Frequency distribution of aluminum tolerance coefficient of sweet maize F_{2,3} seedling height (a), seedling weight (b), root length (c), root weight (d) and whole plant fresh weight (e)

由图3可知,检测到的3个苗高系数(PHC)QTL中,*qPHC-chr2-1*位于第2染色体上,位置在nc003—umc1080(bin 2.07),该QTL的LOD为4.9(图3),可解释9.8%的表型变异。*qPHC-chr3-1*位于第3染色体上,位置在bnlg2241—bnlg197(bin 3.06),LOD为3.9,可解释1.2%的表型变异。*qPHC-chr9-1*位于第9染色体上,该QTL位于phi065—umc1271(bin在9.03~9.04),LOD为8.7,贡献率为18.9%(图3)。

在检测的苗重系数(SWC)QTL中,*qSWC-chr1-1*位于第1染色体上的umc2112—umc1335(bin在1.04~1.06),LOD为4.4(图3),贡献率为

8.9%。*qSWC-chr1-2*位于第1染色体上的umc1122—umc1147(bin在1.06~1.07),LOD为4.7(图3),可解释7.9%的表型变异。*qSWC-chr9-1*位于第9染色体上的phi065—umc1271(bin在9.03~9.04),LOD为11.3(图3),贡献率为25.3%。*qSWC-chr9-2*位于第9染色体上的umc1691—phi032(bin在9.04~9.05),LOD为6.3(图3),可解释13.7%的表型变异。

在对根长系数(RLC)QTL进行检测时,发现在第3染色体和第9染色体上各有1个QTL,分别是*qRLC-chr3-1*和*qRLC-chr9-1*。这2个QTL分别位于dupssr23—bnlg2241(bin 3.06)和phi065—

表 2 $F_{2,3}$ 家系苗期表型性状统计Table 2 Statistics of phenotypic traits at the seedling stage of $F_{2,3}$ families

性状 Trait	极小值 Min	极大值 Max	平均值 Mean value	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness	变异系数/% CV
苗高系数 Coefficient of seedling height	58.70	96.80	74.63	0.31	0.05	8.84
苗重系数 Coefficient of seedling weight	59.60	96.10	83.86	2.64	-1.22	7.23
根长系数 Root length coefficient	55.10	97.80	76.52	-0.10	-0.39	10.56
根重系数 Coefficient of root weight	61.70	92.10	75.99	-0.36	-0.22	8.37
整株鲜重系数 Whole plant fresh weight coefficient	59.80	95.50	76.43	-0.47	-0.06	10.31

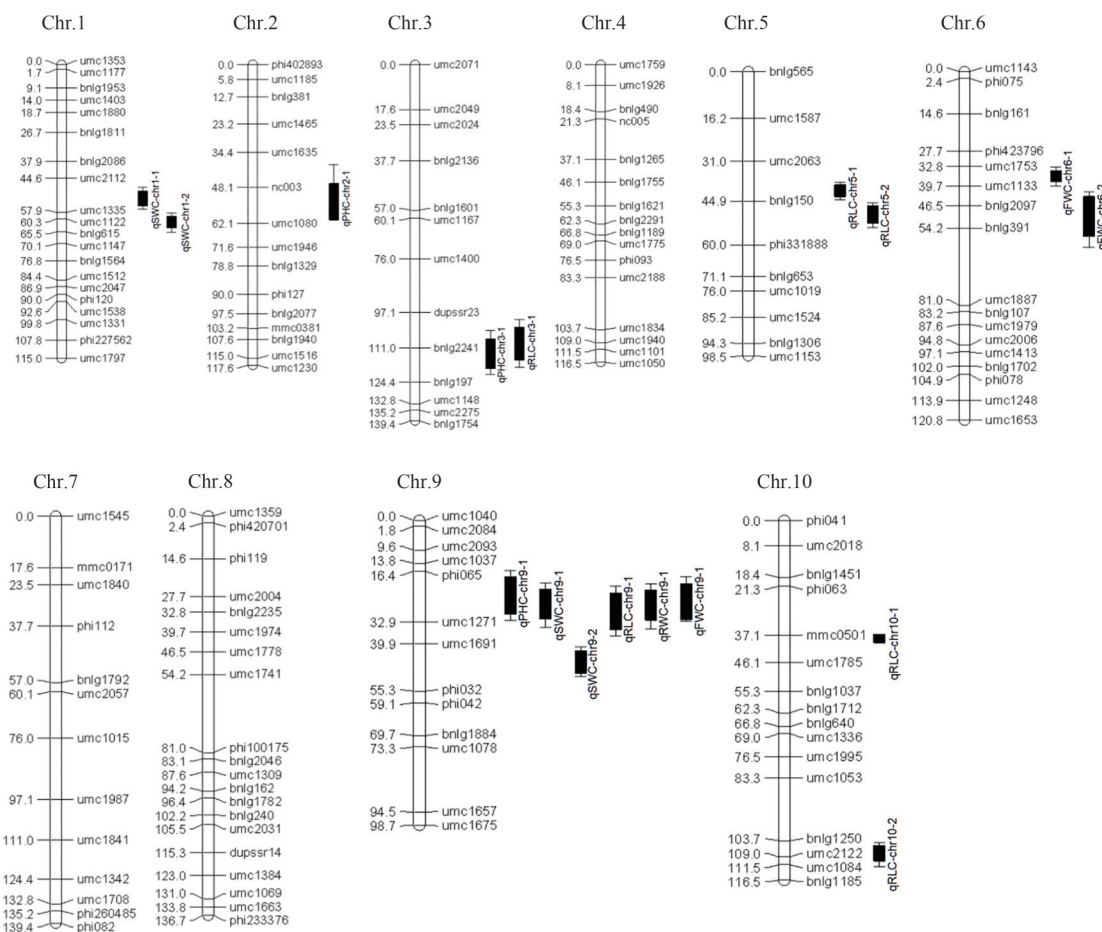


图 2 SSR 遗传连锁图谱

Fig. 2 SSR genetic linkage map

umc1271(bin 在 9.03~9.04)。LOD 分别为 7.6 和 11.8(图 3), 分别可解释 13.6% 和 23.5% 的表型变异。在第 10 染色体上有 2 个 QTL, $qRLC\text{-}chr10\text{-}1$

位于 mmc0501—umc1785(bin 10.03), LOD 为 2.6 (图 3), 贡献率为 5.6%。 $qRLC\text{-}chr10\text{-}2$ 的位置在 bnlg1250—umc2122(bin 在 10.05~10.07), LOD 为

表3 F₂群体遗传图谱中连锁群、标记分布和遗传距离

Table 3 Linkage groups, Marker Distribution and genetic distance in genetic Map of F₂ population

连锁群 Linkage group	对应染色体 Corresponding chromosome	最大(最小)间距/ cM Max (Min) spacing	平均间距/cM Average spacing	长度/cM Length	标记数 Label number
Lg 1	1	13.30(1.70)	6.05	115.00	20
Lg 2	2	14.00(2.60)	8.40	117.60	15
Lg 3	3	21.10(2.40)	11.61	139.40	13
Lg 4	4	20.40(2.50)	7.76	116.50	16
Lg 5	5	15.10(4.20)	10.94	98.50	10
Lg 6	6	26.80(2.20)	7.55	120.80	17
Lg 7	7	21.10(2.40)	11.61	139.40	13
Lg 8	8	26.80(2.10)	7.19	136.70	20
Lg 9	9	21.20(1.80)	8.22	98.70	13
Lg 10	10	20.40(2.20)	7.76	116.50	16
总计 Total			7.83	1 199.10	153

3.6(图3),可解释6.1%的表型变异。

在检测的根重系数(RWC)QTL中,*qRWC-
chr5-1*和*qRWC-
chr5-2*均位于第5染色体,分别位于 umc2063—bnlg150 和 bnlg150—phi331888 (bin 5.05)。这2个QTL的LOD分别是6.9和7.4 (图3),分别可解释13.1%和14.1%的表型变异。第9染色体上检测到的*qRWC-
chr9-1*位于 phi065—umc1271,bin为9.03~9.04,LOD为11.5(图3),贡献率达到23.7%。

在对整株鲜重系数(FWC)QTL进行检测时,在第6染色体上检测出2个QTL,*qFWC-
chr6-1*位于 umc1753—umc1133 (bin 6.01~6.03),LOD为3.1(图3),可解释6.4%的表型变异。*qFWC-
chr6-2*位于 bnlg2097—bnlg391 (bin 6.03),LOD为4.5 (图3),贡献率为8.3%。在第9染色体上有1个QTL,位于 phi065—umc1271 (bin在9.03~9.04),LOD为8.3(图3),贡献率为18.7%。

*qPHC-
chr9-1*、*qSWC-
chr9-1*、*qRLC-
chr9-1*、*qRWC-
chr9-1*、*qFWC-
chr9-1*都位于第9染色体上,且均位于 phi065—umc1271 (bin在9.03~9.04),贡献率分别为18.9%、25.3%、23.5%、23.7%、18.7%(图2和图3)。在这个标记范围内,可能存在相同的主效基因或基因簇。对照玉米基因组数据库的数据可知,phi065—umc1271共有186个基因存在(www.maizegdb.org)。将这186个基

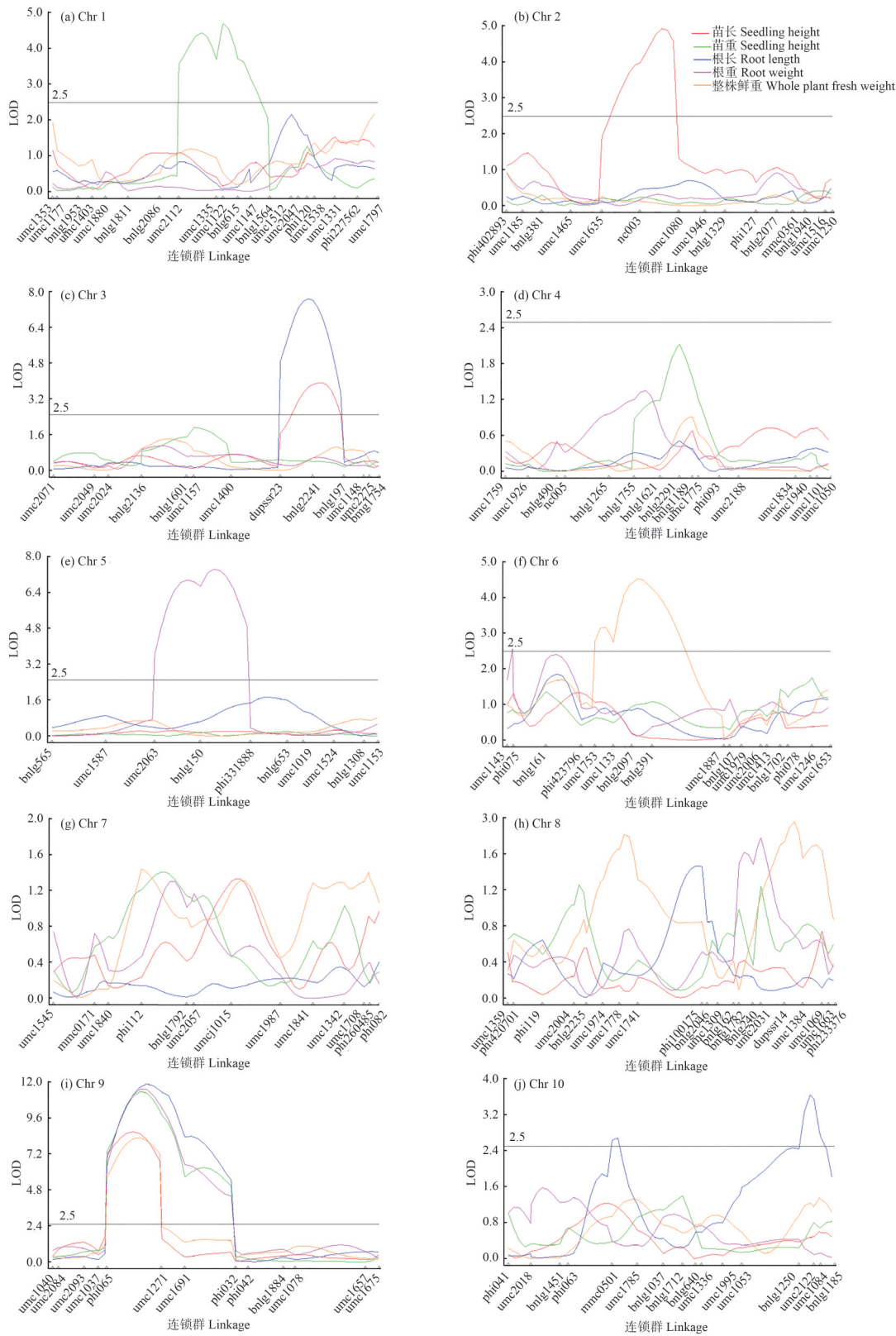
因进行GO和KEGG注释,初步预测出2个与非生物逆境胁迫的耐受性相关的候选基因,分别是 *Zm00001d045472*和*Zm00001d046391*。

3 讨 论

通常情况下,要在已有的遗传连锁图谱基础上进行QTL定位,标记平均间距要求在10 cM以内^[3]。方宣钧等^[21]研究认为减小图谱标记距离间隔的有效途径是将分子标记之间存在的互补性特征应用于遗传图谱构建。郑加兴等^[22]利用自交系‘B73×S313’的F₂群体,构建了包含174个SSR标记的遗传连锁图谱,总长度1 180.88 cM,标记平均间距6.78 cM。王成等^[23]以‘辽2386’×‘辽6082’为材料,由158个共显性SSR标记构建分子标记连锁图,总长度765.4 cM,平均间距6.90 cM。本试验所用的7.83 cM标记平均间距适用于QTL定位研究。

本研究对甜玉米苗期的苗高系数、苗重系数、根长系数、根重系数和整株鲜重系数进行了测量和计算,并对这5个性状进行QTL定位,共检测到17个QTL。其中1号染色体上检测到2个QTL,分别是*qSWC-
chr1-1*、*qSWC-
chr1-2*,3号染色体上检测到2个QTL,分别是*qPHC-
chr3-1*、*qRLC-
chr3-1*,5号染色体上检测到2个QTL,分别是*qRWC-
chr5-1*、*qRWC-
chr5-2*,这些研究结果与王阳等^[24]的

表 4 复合区间作图检测到的 F ₂ 群体耐铝相关性状 QTL								
Table 4 QTL for aluminum tolerance related traits detected by composite interval mapping in F ₂ population								
性状 Trait	QTL	位置 (Mb) Location	标记区间 Marker interval	加性效 应 Additive effect	显性效应 Dominant effect	LOD	贡献率/% Contribution rate	Bin
苗高系数 Coefficient of seedling height	<i>qPHC-chr2-1</i>	56.08	nc003— umc1080	−2.15	2.02	4.9	9.8	2.07
	<i>qPHC-chr3-1</i>	115.00	bnlg2241— bnlg197	−2.26	1.45	3.9	1.2	3.06
	<i>qPHC-chr9-1</i>	24.40	phi065— umc1271	−3.93	0.31	8.7	18.9	9.03~9.04
苗重系数 Coefficient of seedling weight	<i>qSWC-chr1-1</i>	52.62	umc2112— umc1335	−2.97	0.75	4.4	8.9	1.04~1.06
	<i>qSWC-chr1-2</i>	60.35	umc1122— umc1147	−2.41	−0.01	4.7	7.9	1.06~1.07
	<i>qSWC-chr9-1</i>	26.40	phi065— umc1271	−4.16	2.04	11.3	25.3	9.03~9.04
	<i>qSWC-chr9-2</i>	45.93	umc1691— phi032	−3.21	0.16	6.3	13.7	9.04~9.05
根长系数 Root length coefficient	<i>qRLC-chr3-1</i>	109.00	dupssr23— bnlg2241	−4.20	0.19	7.6	13.6	3.06
	<i>qRLC-chr9-1</i>	28.40	phi065— umc1271	−5.57	−0.31	11.8	23.5	9.03~9.04
	<i>qRLC-chr10-1</i>	39.10	mmc0501— umc1785	3.59	5.34	2.6	5.6	10.03
	<i>qRLC-chr10-2</i>	107.70	bnlg1250— umc2122	−0.28	4.80	3.6	6.1	10.05~10.07
根重系数 Coefficient of root weight	<i>qRWC-chr5-1</i>	41.03	umc2063— bnlg150	−3.20	−1.14	6.9	13.1	5.05
	<i>qRWC-chr5-2</i>	48.91	bnlg150— phi331888	−3.32	−1.15	7.4	14.1	5.05
	<i>qRWC-chr9-1</i>	26.40	phi065— umc1271	−4.49	−0.50	11.5	23.7	9.03~9.04
整株鲜重系数 Whole plant fresh weight coefficient	<i>qFWC-chr6-1</i>	36.85	umc1753— umc1133	−2.83	−0.97	3.1	6.4	6.01~6.03
	<i>qFWC-chr6-2</i>	48.54	bnlg2097— bnlg391	−3.27	−0.82	4.5	8.3	6.03
	<i>qFWC-chr9-1</i>	26.40	phi065— umc1271	−5.02	−0.60	8.3	18.7	9.03~9.04



LOD的阈值设为2.5,即 $LOD \geq 2.5$ 则认定该性状区间对应的最高点峰值为1个QTL。

The threshold of LOD is set to 2.5, that is $LOD \geq 2.5$, the highest peak corresponding to the trait interval is determined to be a QTL.

图3 耐铝相关性状QTL定位

Fig. 3 QTL mapping of aluminum-resistant related traits

研究存在差异,未能表现出一致性,可能是因为选用的群体不同所致^[2]。

王阳等^[24]利用‘Lo1067×Yi72’的F_{2:3}家系进行产量性状的QTL分析发现,在干旱胁迫和正常条件下,均有1个穗粒重QTL位于2号染色体上,位于umc1080—umc1658,与本研究在第2号染色体上检测到的 $qPHC\text{-}chr2\text{-}1$ (nc003—umc1080)具有相似性。田国伟^[25]利用‘农大108’及其F_{2:3}和F_{2:4}家系研究在施氮和缺氮条件下玉米籽粒品质和秸秆品质的不同,并对相关性状进行了QTL分析,结果显示,在缺氮条件下,郑州和新郑2个试点的酸性洗涤纤维(ADF)性状在6号染色体上均检测到1个QTL,且标记区间在umc2309—umc1887,与本研究在第6号染色体上检测到的QTL相似。在郑州试点的施氮条件下,ADF在9号染色体上检测到1个QTL,贡献率为8.8%,且位于phi065—umc1271,与本试验在9号染色体上检测到的QTL相似。殷鹏程等^[26]利用重组自交系W₁和W₂进行玉米株高的QTL定位研究,在9号染色体上定位到2个QTL,分别是 $qPH9\text{-}1$ 和 $qPH9\text{-}2$ 位于phi065—umc1271,LOD分别为3.98和4.57,贡献率分别为6.53%和5.18%,与本试验检测到的QTL相似。刘宗华等^[27]利用杂交种‘农大108’的F_{2:3}家系分析不同施氮水平下玉米穗部性状的QTL,结果显示在施氮条件下检测到1个行粒数QTL,贡献率为9.3%,标记区间为phi065—umc1271,与本研究在9号染色体上检测到的QTL有较高的相似性,具有一定的参考价值。由于甜玉米苗期的耐铝性遗传机制受到群体来源、大小、标记类型和环境因素等影响,不同研究材料的定位结果差异较大。因此,后续应进一步利用不同材料开展苗期耐铝性状研究并验证候选基因功能。

4 结 论

以甜玉米自交系‘T49×T56’的F₂为作图群体,结合F_{2:3}家系性状数据,利用复合区间作图法检测到5个耐铝相关性状均在9号染色体上有1个QTL,这5个QTL均在phi065—umc1271。初步预测该区间范围内存在2个与非生物逆境胁迫的耐受性相关的候选基因Zm00001d045472和Zm00001d046391。

参考文献 References

[1] 闫艳,刘鹏飞,陈青春,张姿丽,孙伟,万小荣,蒋锋.甜玉米可溶性糖含量

的分子标记初步定位[J].分子植物育种,2023,21(15):5032-5036

Yan Y, Liu P F, Chen Q C, Zhang Z L, Sun W, Wan X R, Jiang F. Preliminary location of molecular markers for soluble sugar content in sweet corn by molecular markers[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2023, 21(15):5032-5036 (in Chinese)

[2] 陈趣.甜玉米小斑病抗性主要农艺性状QTL定位[D].广州:仲恺农业工程学院,2015

Chen Q. QTLs mapping for southern leaf blight resistance and main agronomic traits in sweet corn[D]. Guangzhou: Zhongkai University of Agriculture and Engineering, 2015 (in Chinese)

[3] 张姿丽,蒋锋,刘鹏飞,陈青春,张媛,王晓明.鲜食甜玉米籽粒蛋白质含量的QTL定位[J].西北农林科技大学学报:自然科学版,2013,41(3):99-104

Zhang Z L, Jiang F, Liu P F, Chen Q C, Zhang Y, Wang X M. QTL mapping for grain protein content in fresh sweet corn kernels[J]. *Journal of Northwest University: Natural Science Edition*, 2013, 41(3): 99-104 (in Chinese)

[4] 赵天龙,解光宁,张晓霞,邱林权,王娜,张素芝.酸性土壤上植物应对铝胁迫的过程与机制[J].应用生态学报,2013,24(10):3003-3011

Zhao T L, Xie G N, Zhang X X, Qiu L Q, Wang N, Zhang S Z. Process and mechanism of plants in overcoming acid soil aluminum stress [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(10): 3003-3011 (in Chinese)

[5] 秦松,范成五,孙锐锋.贵州土壤资源的特点、问题及利用对策[J].贵州农业科学,2009,37(5):94-98

Qin S, Fan C W, Sun R F. Characteristic, problems and utilization countermeasures of soil resource in Guizhou [J]. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2009, 37(5): 94-98 (in Chinese)

[6] 汤华.玉米产量和农艺性状的数量遗传研究及玉米铝离子胁迫的基因差异表达研究[D].武汉:华中农业大学,2005

Tang H. Maize quantitative genetic studies of yield and agronomic traits and gene differential expression induced by aluminum stress [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2005 (in Chinese)

[7] Kochian L V. Cellular mechanisms of aluminum toxicity and resistance in plants [J]. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 1995, 46:237-260

[8] Ma J F, Ryan P R, Delhaize E. Aluminum tolerance in plants and the complexing role of organic acids [J]. *Trends in Plant Sci*, 2001, 6(6): 273-278

[9] Delhaize E, Ryan P R. Uptake on environmental stress: Aluminum toxicity and tolerance in plants [J]. *Plant Physiology*, 1995, 107:315-321

[10] 肖厚军,王正银.酸性土壤铝毒与植物营养研究进展[J].西南农业学报,2006,19(6):1180-1188

Xiao H J, Wang Z Y. Advance on study of aluminum toxicity and plant nutrition in acid soil [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2006, 19(6): 1180-1188 (in Chinese)

[11] Borrero J C, Pandey S, Ceballos H, Magnavaca R, Filho A F B. Genetic variances for tolerance to soil acidity in a tropical maize population [J]. *Maydica*, 1995, 40(3):283-288

[12] Krill A M, Kirst M, Kochian L V, Buckler E S, Hoekenga O A. Association and linkage analysis of aluminum tolerance genes in maize [J/O]. *PLoS One*, [2023-10-01]. DOI: doi.org/10.1371/journal.pone.0009958

[13] 宋鑫,徐杉,何映辉.植物耐铝毒机制研究进展[J].安徽农业科学,2021,49(5):31-34

Song X, Xu S, He Y H. Research progress on mechanisms of plant aluminum tolerance [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2021, 49(5): 31-34 (in Chinese)

- [14] 解光宁. 玉米抗铝毒基因 ZmSTAR1 和 ZmSTAR2 的生物学功能研究 [D]. 雅安: 四川农业大学, 2012.
- Xie G N. Functional analysis of aluminum resistance genes ZmSTAR1 and ZmSTAR2 in maize (*Zea mays* L.) [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2012 (in Chinese)
- [15] Guimaraes C T, Simoes C C, Pastina M M, Maron L G, Magalhaes J V, Vasconcellos R C C, Guimaraes L J M, Lana U G P, Tinoco C F S, Noda R W, Jardim-Belicias S N, Kochian L V, Alves V M C, Parentoni S N. Genetic dissection of Al tolerance QTLs in the maize genome by high density SNP scan[J]. *BMC Genomics*, 2014, 15(1):153
- [16] 李颖, 万一兵, 范又维, 姜新强, 袁素霞, 刘春. 铝离子对植物生长发育的影响及耐铝机制研究进展[J/OL]. 分子植物育种, [2023-9-30]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230302.1041.010.html>.
- Li Y, Wan Y B, Fan Y W, Jiang X Q, Yuan S X, Liu C. Research progress on the effect of Al^{3+} on plant growth and development and the mechanism of aluminum tolerance [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, [2023-9-30]. DOI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230302.1041.010.html> (in Chinese)
- [17] Paterson A H, DeVerna J W, Lanini B, Tanksley S D. Fine mapping of quantitative trait loci using selected overlapping recombinant chromosomes, in an interspecies cross of tomato[J]. *Genetics*, 1990, 124(3): 735-742
- [18] Stam P. Construction of integrated genetic linkage maps by means of a new computer package: Join map[J]. *The Plant Journal*, 1993, 3(5): 739-744
- [19] Basten C J, Weir B S, Zeng Z B. QTLs Cartographer, Version 1.15 [D]. Raleigh: North Carolina State University, 2001
- [20] McCouch S R, Chen X, Panaud O, Temnykh S, Xu Y, Cho Y G, Huang N, Ishii T, Blair M. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding [J]. *Plant Molecular Biology*, 1997, 35(1-2): 89-99
- [21] 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京: 科学出版社, 2001
- Fang X J, Wu W R, Tang J L. *Crop DNA Marker-Assisted Breeding* [M]. Beijing: Science Press, 2001 (in Chinese)
- [22] 郑加兴, 覃嘉明, 王兵伟, 韦绍丽, 何静丹, 周步进, 时成俏. 玉米芽期耐冷性 QTL 鉴定与分子定位[J/OL]. 分子植物育种, [2023-9-28]. DOI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220207.1321.010.html>
- Zheng J X, Qin J M, Wang B W, Wei S L, He J D, Zhou B J, Shi C Q. QTL identification and molecular mapping of quantitative trait loci for cold tolerance at the budding stage in maize [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, [2023-9-28]. DOI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220207.1321.010.html> (in Chinese)
- [23] 王成, 李月明, 孙楠, 郝楠. 玉米萌发期耐冷 QTL 分析[J/OL]. 分子植物育种, [2023-9-28]. DOI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230414.1955.012.html>
- Wang C, Li Y M, Sun N, Hao N. QTL analysis of cold tolerance in germination stage of maize [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, [2023-9-28]. DOI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230414.1955.012.html> (in Chinese)
- [24] 王阳, 刘成, 王天宇, 石云素, 宋燕春, 黎裕. 干旱胁迫和正常灌溉条件下玉米产量性状的 QTL 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2007(2): 179-183
- Wang Y, Liu C, Wang T Y, Shi Y S, Song Y C, Li Y. QTL analysis of maize yield components in maize under different water regimes [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2007(2): 179-183 (in Chinese)
- [25] 田国伟. 氮胁迫条件下玉米籽粒和秸秆品质性状的 QTL 分析[D]. 郑州: 河南农业大学, 2006
- Tian G W. QTL analysis of nutrient components in maize under nitrogen stress conditions [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2006 (in Chinese)
- [26] 殷鹏程. 玉米株高和穗位高的 QTL 定位[D]. 武汉: 华中农业大学, 2015
- Yin P C. QTL mapping of maize plant height and ear height in maize [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2015 (in Chinese)
- [27] 刘宗华, 汤继华, 卫晓轶, 王春丽, 田国伟, 胡彦民, 陈伟程. 氮胁迫和正常条件下玉米穗部性状的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2007, 40(11): 2409-2417
- Liu Z H, Tang J H, Wei X Y, Wang C L, Tian G W, Hu Y M, Chen W C. QTL mapping of ear traits under low and high nitrogen conditions in maize [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(11): 2409-2417 (in Chinese)

责任编辑: 吕晓梅



第一作者简介: 孟起同, 硕士研究生, 就读于仲恺农业工程学院农业与生物学院作物学专业。参与广东省玉米产业技术体系队遗传育种岗位专家项目(2022KJ135)、广州市鲜食玉米生物育种创新及新品种选育项目(22304496)等多项课题。2021—2022年获仲恺农业工程学院校级三等学业奖学金。



通讯作者简介: 蒋锋, 副教授, 博士, 就职于仲恺农业工程学院, 主要从事鲜食玉米遗传育种研究, 广东省鲜食玉米遗传育种工程技术研究中心主任, 广东省玉米区试评审专家, 广东省第十届农作物品种审定委员会委员。从事甜、糯玉米选育、示范推广等科研工作主持教育厅科研项目2项, 曾参与省部级及市厅级项目10余项。在 *BMC Plant Biology*、*Science in China*、《中国农业大学学报》《西北农林科技大学学报》等期刊发表论文30余篇。国内专利3件, 玉米审定品种5个, 获广东省农业技术推广奖二、三等奖各1项。