

适用于大豆品种及 F₁ 真实性快速鉴定的 SSR 标记

关荣霞 张家铭 洪慧龙 常汝镇 邱丽娟

(农作物基因资源与遗传改良国家重大科学工程 / 农业农村部北京大豆生物学重点实验室 / 作物基因资源与育种全国重点实验室 / 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:大豆品种鉴别及杂交 F₁ 真杂种快速鉴定技术,是保障品种权保护、规范种业市场及提升杂交育种效率的关键支撑。本研究基于大豆真实性鉴定标准推荐的 38 个 SSR 标记,对 40 个不同生态区来源的大豆审定品种进行遗传多样性分析,筛选获得了 10 个多态性高的标记。以现行国家大豆品种审定标准中“成对品种差异位点 ≥ 4 个”为鉴别指标,该标记组合可实现 40 个供试大豆品种的两两精准区分。利用这 10 个标记检测 2 个小粒大豆株系与 7 个审定品种的遗传差异,发现小粒株系与品种间的多态性标记有 7~10 个;进一步对二者正反交构建的 137 个 F₁ 单株进行真实性鉴定,共检测到 128 株真杂种。研究表明,筛选获得的 10 个 SSR 标记组合兼具品种鉴别与杂交种真实性鉴定的双重功能,结合荧光毛细管电泳技术可显著提升检测效率、降低检测成本,为大豆品种管理及杂交育种实践提供了高效、规范的技术支撑。

关键词:大豆;品种检测;SSR 标记;遗传多样性;真实性鉴定

SSR Markers for Rapid Authenticity Identification of Soybean Varieties and F₁ Hybrids

GUAN Rongxia, ZHANG Jiaming, HONG Huilong, CHANG Ruzhen, QIU Lijuan

(National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Beijing Key Laboratory of Soybean Biology, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/National Key Laboratory of Crop Gene Resources and Breeding/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

我国是栽培大豆起源国,拥有世界上最丰富的大豆种质资源,利用这些资源已育成多种类型、适应不同生态区域的多个大豆品种。据统计,2015–2020 年经国家及 26 个省(区、市)作物品种审定委员会审定的大豆品种达 911 个^[1]。然而,随着骨干亲本在大豆品种育种过程中的高频利用,以及审定品种数量的持续增加,大豆育成品种的多样性呈下降趋势,不仅制约新品种选育的突破,也给品种真实性鉴

定带来挑战。

SSR 标记因其多态性高、稳定性好、操作简便等优势,已在水稻^[2-3]、玉米^[4-5]、小麦^[6-7]、棉花^[8]等多种作物品种多样性分析和指纹鉴定中广泛应用。为规范大豆品种管理,我国在 2025 年发布了农业行业标准 NY/T 2595—2025《大豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法》,明确将微卫星(SSR, Simple sequence repeats)标记列为大豆 DNA 指纹鉴定的推荐标记。在大豆研究中,SSR 标记也已用于育成品种的多样性分析,结果显示具有相同亲本的材料通常趋向于聚为一类,部分类群存在遗传基础狭窄、特有变异匮乏等问题^[9-10]。

张家铭为共同第一作者

基金项目:农业生物育种重大项目(2022ZD040190301);中国农业科学院基本科研业务费(CAAS-CSNCB-02301)

通信作者:邱丽娟

根据国家大豆品种审定标准,参加国家区域试验的大豆品系需要进行 SSR 标记鉴定,明确要求不同来源同名品种的差异位点 ≤ 2 个,与已知品种的指纹差异位点数 ≥ 4 个;差异位点为 3 个时,可通过田间种植确认是否存在重要农艺性状差异;差异位点数 < 3 个则视为相同品种。此前,陈亮等^[11]利用吉林省审定的 98 个品种,从 320 个 SSR 标记中筛选出 7 个核心引物组合构建指纹图谱,但该研究采用的品种区分标准为成对材料差异位点 ≥ 1 个,与现行国家审定标准不匹配,难以直接应用于全国性品种鉴定工作。

因此,筛选契合国家审定标准、电泳检测成本低且鉴别效率高的 SSR 引物,对提升大豆品种真实性鉴定效率、支撑新种质创制与新品种选育具有重要现实意义。本研究基于 NY/T 2595—2025《大豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法》推荐的 SSR 引物,对来自国家种质库的 40 个审定品种进行检测,筛选获得 10 个多态性高的标记,结合多重荧光毛细管电泳技术,建立满足“品种间差异位点 ≥ 4 个”要求的高效鉴别体系,并进一步验证其在 F_1 真实性鉴定中的适用性。

1 材料与方法

1.1 供试材料

用于多样性分析的大豆品种有 40 个,包括 13 份国家农作物品种审定委员会审定的品种和 27 份各省(区、市)农作物品种审定委员会审定的品种,涉及我国北方春大豆、西北春大豆、黄淮夏大豆和南方夏大豆等主要类型,同时也包括鲜食大豆和牧草绿肥大豆等特用大豆(表 1)。137 个 F_1 单株来自于小粒株系 25NHH281、25NHH283 与登科 5 号、合丰 55、郑 1307、奎鲜 5 号、川鲜豆 7 号、奎鲜 12 号、齐黄 34 等 7 个大豆品种的杂交组合。

1.2 DNA 提取及 SSR 标记检测

从每个品种的代表性样品中随机选取 30 粒种子,用研磨器研磨成均匀粉末。DNA 提取采用磁珠法:取 15mg 豆粉于深孔板中,每个孔加入 500 μ L 裂解液,65 $^{\circ}$ C 水浴 30min,4000r/min 离心 10min,将上清液转移至新深孔板,每孔中加入 400 μ L 结合液,使用混样架混匀,每孔加入含超顺磁珠的溶液 10 μ L,混匀后室温静置 30min(静置期间利用混样架混匀 2 次);利用超

顺磁珠操作仪将磁珠吸附到操作架,倒掉废液,利用清洗液清洗 2 次,倒掉清洗液,干燥 1min,加入 100 μ L 洗脱液,获得浓度为 50~100ng/ μ L 的 DNA 溶液。

SSR 标记 PCR 扩增反应体系为 10 μ L,包括 2 \times Taq Master Mix 5 μ L, DNA 溶液 2 μ L, 2 μ mol/L 上下游引物各 1 μ L, ddH₂O 1 μ L。PCR 反应程序和荧光毛细管电泳检测流程均参照 NY/T 2595—2025《大豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法》执行。对 40 个大豆品种利用 38 个 SSR 标记进行检测,筛选高鉴别力的 SSR 标记,利用其对 2 个小粒豆株系与 7 个审定大豆品种的杂种 F_1 进行多态性验证。

1.3 数据分析

SSR 分子标记检测获得原始数据后进行整理,利用 PowerMarker V3.25 软件进行等位变异数、主要等位变异频率、遗传多样性分析。用 MEGA 11 软件构建 Neighbor-Joining (NJ) 聚类树,用于分析供试品种的遗传亲缘关系。

2 结果与分析

2.1 大豆品种遗传多样性分析

如表 2 所示,对 40 个大豆审定品种的 38 个 SSR 位点进行检测,共获得 235 个等位变异,每个 SSR 位点的等位变异数为 2~12 个,平均 6 个;主要等位变异频率范围为 0.23~0.90,平均为 0.46;遗传多样性指数介于 0.16~0.86 之间,平均为 0.63,表明供试品种在 38 个位点具有较丰富的遗传多样性。其中,Gm043 等位变异数最少(2 个),遗传多样性最低(0.16),且主要等位变异频率最高(0.90);Gm037 等位变异数最多(12 个),遗传多样性最高(0.86),主要等位变异频率最低(0.23),是 38 个位点中多态性最优的标记。

如图 1A,利用 SSR 标记检测基因型数据对 40 个大豆品种进行 NJ 聚类分析,结果显示在遗传距离为 0.34 处供试品种主要聚为 4 个大类群,第 1 类群包含 14 个北方春大豆品种;第 2 类群由 5 个黄淮夏大豆品种和 2 个北方春大豆品种组成;第 3 类群为 3 个鲜食大豆品种;第 4 类群包括 9 个黄淮夏大豆品种、3 个南方春大豆品种和 1 个北方春大豆品种。此外,晋豆 19、浙春 3 号和丹豆 11 未归入上述任何类群,独立于其他品种。总体而言,38 个 SSR 标记检测结果较好地反映了大豆品种的遗传关系。

表 1 用于 SSR 标记检测的 40 个大豆审定品种名称及来源

编号	品种名称	类型	审定单位	特有等位变异数
1	辽选 2 号	北方春大豆	辽宁省农作物品种审定委员会	0
2	辽豆 15 号	北方春大豆	国家农作物品种审定委员会	0
3	辽豆 28	北方春大豆	辽宁省农作物品种审定委员会	0
4	丹豆 11	北方春大豆	辽宁省农作物品种审定委员会	1
5	铁丰 31 号	北方春大豆	辽宁省农作物品种审定委员会	0
6	铁丰 33 号	北方春大豆	国家农作物品种审定委员会	1
7	冀豆 12	黄淮夏大豆	国家农作物品种审定委员会	4
8	冀豆 17	黄淮夏大豆	国家农作物品种审定委员会	0
9	邯豆七号	黄淮夏大豆	河北省农作物品种审定委员会	0
10	蒙豆 21 号	北方春大豆	内蒙古自治区农作物品种审定委员会	0
11	圣豆九号	黄淮夏大豆	山东省农作物品种审定委员会	0
12	晋豆 19	黄淮春大豆	国家农作物品种审定委员会	2
13	周豆 19 号	黄淮夏大豆	国家农作物品种审定委员会	0
14	中黄 46	黄淮夏大豆	北京市农作物品种审定委员会	0
15	南农 32	南方夏大豆	国家农作物品种审定委员会	1
16	涡豆 5 号	黄淮夏大豆	安徽省农作物品种审定委员会	2
17	金大豆 626	南方夏大豆	湖北省农作物品种审定委员会	2
18	毛豆 2808	鲜食大豆	福建省主要农作物品种审定委员会	0
19	东农 54	北方春大豆	黑龙江省农作物品种审定委员会	1
20	东生 3 号	北方春大豆	国家农作物品种审定委员会	0
21	合丰 50	北方春大豆	国家农作物品种审定委员会	0
22	合丰 55	北方春大豆	黑龙江省农作物品种审定委员会	0
23	黑河 35	北方春大豆	黑龙江省农作物品种审定委员会	0
24	黑河 43	北方春大豆	黑龙江省农作物品种审定委员会	0
25	绥小粒豆 2 号	北方春大豆	黑龙江省农作物品种审定委员会	4
26	华夏 3 号	南方夏大豆	国家农作物品种审定委员会	3
27	新大豆 10 号	北方春大豆	新疆维吾尔自治区主要农作物品种审定委员会	0
28	浙春 3 号	南方春大豆	浙江省主要农作物品种审定委员会	1
29	浙鲜豆 3 号	鲜食大豆	浙江省主要农作物品种审定委员会	1
30	中黄 59	黄淮夏大豆	北京市农作物品种审定委员会	2
31	中黄 66	黄淮夏大豆	北京市农作物品种审定委员会	0
32	登科 5 号	北方春大豆	内蒙古自治区农作物品种审定委员会	1
33	奎鲜 5 号	鲜食大豆	湖北省农作物品种审定委员会	4
34	吉黑 6 号	北方春大豆	吉林省农作物品种审定委员会	5
35	郑 1307	黄淮夏大豆	河南省主要农作物品种审定委员会	1
36	中黄 56	西北春大豆	国家农作物品种审定委员会	0
37	佳豆 36	北方春大豆	国家农作物品种审定委员会	1
38	汾豆牧绿 9 号	牧草绿肥大豆	山西省农作物品种审定委员会	5
39	中黄 205	黄淮夏大豆	国家农作物品种审定委员会	0
40	苏豆 12	黄淮夏大豆	江苏省农作物品种审定委员会	2

表 2 40 个大豆品种中 38 个 SSR 标记的等位基因及多样性

编号	SSR 标记	主要等位 变异频率	等位 变异数	遗传多样性 指数
PG01	Gm016	0.35	6	0.72
PG02	Gm008	0.35	6	0.71
PG03	Gm034	0.35	8	0.77
PG04	Gm023	0.33	11	0.80
PG05	Gm039	0.33	8	0.75
PG06	Gm037	0.23	12	0.86
PG07	Gm030	0.33	7	0.75
PG08	Gm006	0.45	8	0.68
PG09	Gm031	0.63	3	0.47
PG10	Gm025	0.78	3	0.31
PG11	Gm015	0.40	9	0.71
PG12	Gm010	0.53	4	0.53
PG13	Gm001	0.46	4	0.57
PG14	Gm029	0.48	6	0.64
PG15	Gm012	0.46	3	0.55
PG16	Gm007	0.50	3	0.54
PG17	Gm033	0.50	3	0.41
PG18	Gm032	0.48	4	0.57
PG19	Gm027	0.35	6	0.72
PG20	Gm022	0.65	3	0.44
PG21	Gm070	0.70	4	0.40
PG22	Gm065	0.60	6	0.55
PG23	Gm043	0.90	2	0.16
PG24	Gm045	0.33	11	0.79
PG25	Gm054	0.38	8	0.76
PG26	Gm004	0.43	7	0.68
PG27	Gm051	0.38	9	0.72
PG28	Gm053	0.43	7	0.71
PG29	Gm046	0.50	5	0.59
PG30	Gm052	0.43	7	0.69
PG31	Gm059	0.54	4	0.57
PG32	Gm049	0.45	7	0.70
PG33	Gm013	0.40	8	0.71
PG34	Gm005	0.40	7	0.73
PG35	Gm056	0.45	5	0.63
PG36	Gm019	0.56	6	0.59
PG37	Gm014	0.23	8	0.82
PG38	Gm048	0.33	7	0.72
平均		0.46	6	0.63

2.2 高鉴别力 SSR 标记组合筛选

特有等位变异分析显示,38 个 SSR 位点中共有 56 个等位变异(仅存在于单个品种中),分布于 27 个 SSR 位点。供试品种的特有等位变异数为 0~5 个,平均 1.1 个;其中 20 个品种未检测到特有等位变异,吉黑 6 号和汾豆牧绿 9 号(均为黑色种皮)的特有等位变异最多(各有 5 个),冀豆 12、绥小粒豆 2 号和奎鲜 5 号次之(各有 4 个)(表 1)。

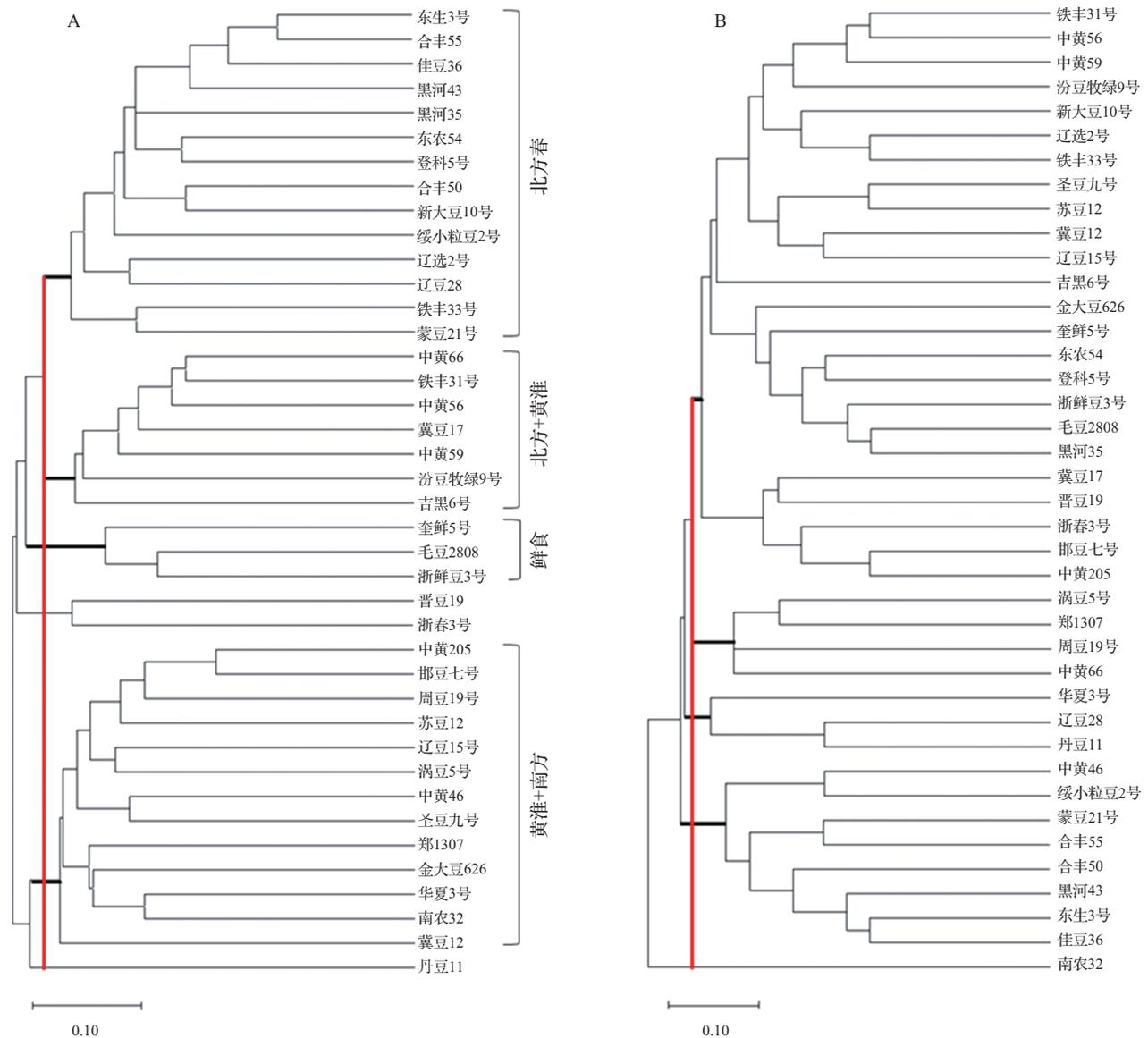
对 40 个大豆品种进行两两比对,结果表明,品种间差异位点数存在显著差别。南农 32 与绥小粒豆 2 号这两个品种之间的差异位点最多,达 35 个;辽选 2 号与合丰 50 次之,为 29 个;东生 3 号和合丰 55 这两个品种间差异位点最少,仅 10 个;南农 32 与华夏 3 号、辽选 2 号与新大豆 10 号这两对品种的差异位点数量相同,均为 19 个。

根据国家农作物审定标准中“不同品种(系)间差异位点 ≥ 4 个”的要求,从 38 个 SSR 标记中选择等位变异丰富、多态性高且可在单个毛细管中同步检测的 10 个 SSR 标记:Gm034、Gm008、Gm016、Gm037、Gm039、Gm023、Gm030、Gm029、Gm015、Gm031。这 10 个 SSR 标记在 40 个大豆品种中共检测到 76 个等位变异,且成对品种差异位点 ≥ 4 个,可实现 40 个品种的精准鉴别。这 10 个位点成对品种间差异位点数量为 4~10 个,其中南农 32 与其他品种的平均差异位点最多(8.7 个),辽豆 2 号与其他品种平均差异位点最少(6.9 个),40 个品种间平均差异位点为 7.5 个。如图 1B,聚类分析结果显示,在遗传距离为 0.34 处,10 个 SSR 标记可将除南农 32 外的 39 个大豆品种聚为 4 个类群。

2.3 杂交 F_1 单株鉴定

如表 3 所示,利用筛选出的 10 个 SSR 位点,对小粒豆株系(25NHH281、25NHH283)与 7 个大品种(登科 5 号、合丰 55、郑 1307、奎鲜 5 号、川鲜豆 7 号、奎鲜 12 号、齐黄 34)进行多态性验证,亲本间多态性标记数量 7~10 个,其中 25NHH283 与合丰 55、奎鲜 12 号在 10 个 SSR 位点都表现出多态性,为 F_1 单株的真实性鉴定提供了充足的标记。

F_1 单株鉴定结果表明,以小粒豆为母本的 8 个杂交组合共 78 个 F_1 单株,其中 74 个为真杂种。具体来看,25NHH281 \times 奎鲜 5 号组合的 F_1 单株最多(28 株),且全部为真杂种;25NHH281 \times 川鲜豆



A: 利用 38 个 SSR 标记的聚类图; B: 利用 10 个 SSR 标记的聚类图

图 1 40 个大豆品种聚类图

表 3 亲本、多态性 SSR 标记数量及 F₁ 真杂种数量

母本	父本	多态性标记数量	F ₁ (株)	真杂种(株)
25NHH281	川鲜豆 7 号	7	2	2
25NHH281	登科 5 号	7	18	17
25NHH281	奎鲜 12 号	8	7	7
25NHH281	奎鲜 5 号	7	28	28
25NHH283	川鲜豆 7 号	9	3	3
25NHH283	合丰 55	10	6	6
25NHH283	奎鲜 12 号	10	11	8
25NHH283	郑 1307	7	3	3
川鲜豆 7 号	25NHH281	7	3	3
合丰 55	25NHH281	9	23	20
合丰 55	25NHH283	10	10	8
奎鲜 12 号	25NHH281	8	3	3
齐黄 34	25NHH283	9	12	12
郑 1307	25NHH283	7	8	8

7 号的杂交 F₁ 单株数量最少(2 株),均为真杂种。以小粒豆为父本的 6 个组合共 59 个 F₁ 单株,检测出真杂种 54 个。其中,合丰 55 × 25NHH281 组合的 F₁ 单株最多(23 株),真杂种 20 株;川鲜豆 7 号 × 25NHH281、奎鲜 12 号 × 25NHH281 组合 F₁ 单株最少,各有 3 个且均为真杂种。

3 讨论

随着全球人口增长及居民生活质量提升,粮食需求持续攀升,作物新品种的高效培育与精准管理成为保障粮食安全的关键举措。大豆作为我国重要的油料、饲料及粮食作物,其品种改良与创新对缓解供需矛盾、提升产业竞争力具有重要意义。然而,在

育种实践中,受高产、优质等目标性状的定向选择影响,不同大豆育种项目选出的优异品种常出现基因组水平等位变异组成趋同的现象,导致品种间遗传差异逐步缩小^[12]。与此同时,育种技术的迭代升级,叠加绿色通道、联合体试验等多元化大豆品种审定渠道的拓宽,显著提升了品种审定的效率,大量新品种的快速涌现使得传统表型性状鉴定手段难以精准区分品种差异,给品种真实性核查、知识产权保护及种业市场监管带来严峻挑战。值得关注的是,不同育种家利用祖先亲本背景存在差异的材料育成的优异品种仍会携带代表其多样性特征的特异等位变异^[10,12],这为大豆品种的分子鉴定提供了重要信息。分子标记技术凭借其精准、高效、稳定的优势,已成为大豆品种鉴别与辅助育种的重要手段。

本研究以 NY/T 2595—2025《大豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法》推荐的 38 个 SSR 标记为基础,对 40 个不同来源的大豆审定品种进行遗传多样性分析,结合现行国家大豆品种审定标准中“品种间差异位点 ≥ 4 个”的核心要求,筛选出 10 个高多态性核心标记组合。该组合可实现 40 个供试品种的精准鉴别,成对品种间平均差异位点达 7.5 个,满足成对品种区分的阈值。特有等位变异分析发现,多数供试品种具有特异等位变异,其中吉黑 6 号、汾豆牧绿 9 号等特色品种拥有较多特有等位变异,这些特有位点不仅可为品种特异性鉴定提供靶向标记,也为特色种质资源的挖掘与利用提供了重要线索。相较于陈亮等^[11]筛选的核心标记(以差异位点 ≥ 1 个为区分标准),本研究筛选的标记组合更契合国家审定标准,适用性更广,可直接应用于大豆品种真实性鉴定工作,且可在单个毛细管中同步检测,大幅降低了电泳检测成本,显著提升了鉴别效率,更适配规模化品种鉴定的实际需求。

在杂交 F_1 单株真实性鉴定中,10 个核心 SSR 标记在亲本间可检测到 7~10 个多态性位点,并成功鉴定出 128 个真杂种,证明该标记组合可有效区分杂种植株与自交植株,为大豆杂交育种中真杂种的早期快速筛选提供了高效技术方案。田蕾等^[13]曾利用 8 个大豆杂交组合的亲本筛选多态性 SSR 标记,发现不同组合亲本间多态性标记差异较大,从 40 个 SSR 标记中筛选出 3 个可覆盖所有组合多态性的标记,实现了 F_1 真杂种鉴定。但该方法利用的

是琼脂糖凝胶电泳方法,存在分辨率、电泳效率低,难以规模化应用等局限。与此相比,本研究筛选的标记组合具有稳定的多态性,结合荧光毛细管电泳技术可实现真杂种的精准、高通量鉴别,为后续杂交育种中亲本选配、杂种鉴定及育种效率提升提供了重要参考,加速大豆育种进程。

综上,本研究筛选的 10 个 SSR 标记组合兼具高鉴别力与低成本优势,既满足品种真实性鉴定的国家标准要求,又可服务于杂交 F_1 的快速鉴定,适用于种业管理和育种创新需求。尤为重要,该标记组合属于国家农业行业标准推荐的标记,具有良好的规范性与权威性,易在行业内推广应用。在实际品种真实性鉴定工作中,若通过这 10 个标记即可实现成对品种的有效区分,理论上无需再进行其余 28 个标记的检测,这将大幅提升鉴别效率、降低检测成本,为大豆种业高质量发展提供强有力的技术保障。

参考文献

- [1] 中国农业科学院作物科学研究所. 中国大豆品种志 2015—2020. 北京: 中国农业出版社, 2025
- [2] 齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 王美兴, 孙俊立, 廖登群, 魏兴华, 袁宗恩, 汤圣祥, 曹永生, 王象坤, 李自超. 中国水稻选育品种遗传多样性及其近 50 年变化趋势. 科学通报, 2006, 51 (6): 693-699
- [3] 康亮珠, 李飞, 陈薇兰, 王玉平, 李仕贵, 袁华. 水稻品种 DNA 指纹图谱构建及品种纯度的快速鉴定. 杂交水稻, 2024, 39 (2): 29-37
- [4] 王风格, 杨扬, 易红梅, 赵久然, 任浩, 王璐, 葛建榕, 江彬, 张宪晨, 田红丽, 侯振华. 中国玉米审定品种标准 SSR 指纹库的构建. 中国农业科学, 2017, 50 (1): 1-14
- [5] 闫雪纯, 马昕, 兰进好. 利用 SSR 分子标记分析玉米种质资源的遗传多样性. 青岛农业大学学报: 自然科学版, 2025, 42 (1): 7-13
- [6] 王二伟, 马爱锄, 王健胜, 杨好好, 王军峰, 黄雅敏, 耿若飞, 蒋钦群. 平顶山地区小麦种质资源 DNA 指纹图谱构建及遗传多样性分析. 麦类作物学报, 2025, 45 (10): 1342-1350
- [7] 陈丹, 祝迪, 周国雁, 武晓阳, 伍少云, 蔡青. 滇西地区小麦地方品种 SSR 分子标记遗传多样性及亲缘关系分析. 植物遗传资源学报, 2023, 24 (2): 445-457
- [8] 王丽媛, 王晖, 王穆穆, 王东建, 李汝玉, 郑永胜, 张晗. 陆地棉 DUS 测试已知品种 DNA 指纹数据库构建及应用. 中国农业科学, 2025, 58 (22): 4570-4588
- [9] 李志江, 牛江帅, 李忍, 姜鹏, 鹿保鑫, 张东杰, 阮长青. 黑龙江省种植大豆品种遗传多样性分析及与性状关联 SSR 标记筛选. 中国粮油学报, 2021, 36 (4): 37-44
- [10] 熊冬金, 王吴彬, 赵团结, 盖钧铨. 中国大豆育成品种 10 个重要家族的遗传相似性和特异性. 作物学报, 2014, 40 (6): 951-964

广西桂中地区玉米品系比较试验研究

蒙月群 莫爱素 莫武平 林 森 杨 格 蒋华科 章辉辉 咸宇甜

(广西农业科学院柳州分院 / 柳州市农业科学研究中心, 柳州 545003)

摘要:为筛选适宜桂中地区种植的高产、优质、抗逆性强的玉米品种,以桂单 162 为对照,于 2024 年春、秋两季对 8 个普通玉米品系进行试验,考察其生育期、农艺性状、抗逆性及产量差异。结果显示:桂单 0859、柳玉 0581 综合表现突出,春季每 667m² 产量分别为 446.3kg、415.6kg,较对照增产 12.8%、5.0%;秋季产量分别为 655.0kg、645.6kg,较对照极显著增产 11.0%、9.4%。这 2 个品系农艺性状优良,株型平展,抗倒伏折能力强,对大斑病、小斑病等主要病害具有较强抗性,适配桂中地区气候与栽培条件,可进一步进行利用。研究结果可为桂中地区玉米品种(系)筛选与试种提供科学依据。

关键词:桂中地区;玉米;品系比较;农艺性状;产量;抗逆性

Comparative Trial of Maize Varieties in Central Guangxi Region

MENG Yuequn, MO Aisu, MO Wuping, LIN Sen, YANG Ge,
JIANG Huake, ZHANG Huihui, XIAN Yutian

(Liuzhou Branch of Guangxi Academy of Agricultural Sciences/Liuzhou Agricultural Science Research Center, Liuzhou 545003, Guangxi)

玉米不仅是我国主要粮食作物之一,还是重要的饲料作物,其品种适应性与配套栽培技术直接影响生产效益^[1]。近年来,尽管玉米单价有所波动,但全国玉米种植面积仍保持增长态势^[2]。柳州市地处广西壮族自治区中部,属亚热带季风气候,年均气温较高,全年无霜期长,雨量充沛,但季节性干旱、风雨灾害频发,对玉米品种抗逆性要求较高。桂中地区作为广西玉米主产区之一,常年种植面积稳定,但主导品种单一、更新缓慢,制约了区域玉米产业的可持

续发展。近年来,随着气候变迁与种植结构调整,筛选适应性强、稳产高产的玉米新品种已成为当地农业科研与推广的迫切任务。本研究通过 8 个玉米品系的春、秋季试验旨在评估各玉米品种的适应性、抗逆性及产量潜力,为桂中地区玉米生产提供品种支撑。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试品系有 8 个,分别为柳玉 0581 (柳州市农业科学研究中心、广西农业科学院柳州分院选育)、桂单 6602 (广西农业科学院选育)、桂单

基金项目:广西农业科学院先锋队专项行动资助项目(桂农科盟 202602-2)

[11] 陈亮,郑宇宏,范旭红,孟凡凡,孙星邈,张云峰,王明亮,王曙明. 吉林省新育成大豆品种 SSR 指纹图谱身份证的构建. 大豆科学, 2016, 35 (6): 896-901

[12] Viana J P G, Fang Y J, Avalos A, Song Q J, Nelson R, Hudson M E. Impact of multiple selective breeding programs on genetic

diversity in soybean germplasm. Theoretical and Applied Genetics, 2022, 135 (5): 1591-1602

[13] 田蕾,关荣霞,刘章雄,常汝镇,邱丽娟. 用 SSR 标记鉴定大豆杂交组合 F₁ 的方法研究. 植物遗传资源学报, 2008, 9 (4): 443-447

(收稿日期: 2025-12-29)