DOI: 10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20260326002
引用格式: 刘嘉豪, 薛天笑, 李安, 等. 京张地区 4 种典型鲜食玉米品质分析研究[J]. 食品安全质量检测学报, 2026, 17(14): 229–236.
Liu Jiahao, Xue Tianxiao, Li An, et al. Study on the quality analysis of 4 kinds of typical fresh *Zea mays* L. in Beijing-Zhangjiakou Region [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2026, 17(14): 229–236. (in Chinese with English abstract).

京张地区 4 种典型鲜食玉米品质分析研究

刘嘉豪[1,2], 薛天笑[1,3], 李　安[1], 王　蒙[1], 孙丰梅[4], 赵　杰[1*]

(1. 北京市农林科学院质量标准与检测技术研究所, 北京　100097; 2. 北师香港浸会大学理工科技学院, 珠海　519087; 3. 中国农业科学院质量标准与检测技术研究所, 北京　100081; 4. 河北北方学院研究生院, 张家口　075000)

摘　要: 目的　研究京张地区 4 种典型鲜食玉米品质。**方法**　本研究以我国京张地区种植的 4 种典型鲜食玉米为研究对象, 包括两个甜加糯品种(336#、368#)、一个甜玉米品种(美珍 209)和一个糯玉米品种(万糯 2000)。通过系统测定穗长、穗重、水分含量、蛋白质、粗纤维、可溶性固形物、总糖、蔗糖、还原糖和叶酸等指标, 并结合超高效液相色谱-四极杆飞行时间串联质谱仪非靶向代谢组学分析, 全面评价了各品种的品质特性。**结果**　万糯 2000 单穗重最高, 水分含量最低; 美珍 209 可溶性固形物、总糖和蔗糖含量均显著高于其他品种, 甜度表现突出; 336#在叶酸含量上具有显著优势, 达 141 μg/100 g, 且其还原糖含量较高。代谢组学分析进一步表明, 不同品种在代谢物组成上存在明显差异, 甜加糯品种代谢谱相近, 而甜玉米与糯玉米则各具独特的代谢特征。**结论**　本研究从多维度明确了 4 种鲜食玉米的品质差异, 为消费者选择、品种选育及营养导向型产品开发提供了科学依据。

关键词: 鲜食玉米; 品质分析; 叶酸; 代谢组学; 品种差异
中图分类号: TS255.2　　**文献识别码:** A　　**文章编号:** 2095–0381(2026)14–0229–08

Study on the quality analysis of 4 kinds of typical fresh *Zea mays* L. in Beijing-Zhangjiakou Region

LIU Jia-Hao[1,2], XUE Tian-Xiao[1,3], LI An[1], WANG Meng[1], SUN Feng-Mei[4], ZHAO Jie[1*]

(1. *Institute of Quality Standard and Testing Technology of Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences*, *Beijing* 100097, *China*; 2. *Faculty of Science and Technology*, *Beijing Normal-Hongkong Baptist University*, *Zhuhai* 519087, *China*; 3. *Institute of Quality Standards & Testing Technology for Agro-products*, *Chinese Academy of Agricultural Sciences*, *Beijing* 100081, *China*; 4. *Department of Postgraduate of Hebei North University*, *Zhangjiakou* 075000, *China*)

ABSTRACT: Objective　To study the quality characteristics of 4 kinds of typical fresh *Zea mays* L. varieties in Beijing-Zhangjiakou Region. **Methods**　This study systematically compared the differences among 4 typical fresh *Zea mays* L. varieties grown in Beijing-Zhangjiakou Region, including 2 sweet-waxy varieties (336# and 368#), one sweet *Zea mays* L. variety (Meizhen 209) and one waxy *Zea mays* L. variety (Wannuo 2000). Through measurements

收稿日期: 2026-03-26
基金项目: 北京市农林科学院科技创新能力建设专项“农产品质量与农田环境基础数据平台建设”(KJCX2026); 北京市农林科学院农业科技示范推广项目(JJP2024-015)
第一作者: 刘嘉豪(2003—), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为农产品质量安全。E-mail: v530206022@mail.uic.edu.cn
***通信作者:** 赵杰(1986—), 女, 副研究员, 主要研究方向为农产品质量安全。E-mail: zhaojbaafs@126.com

of ear length, ear weight, moisture content, protein, crude fiber, soluble solids, total sugar, sucrose, reducing sugar and folic acid, combined with non-targeted metabolomic analysis using ultra performance liquid chromatography-quadrupole time-of-flight tandem mass spectrometry, the quality attributes of each variety were comprehensively evaluated. **Results** The results showed that Wannuo 2000 had the highest single-ear weight and the lowest moisture content, while Meizhen 209 exhibited significantly higher soluble solids, total sugar and sucrose content than the other varieties, indicated prominent sweetness. The 336# demonstrated a significant advantage in folic acid content, reached 141 μg/100 g, along with higher reducing sugar levels. Metabolomic analysed further revealed significant difference in metabolite composition among the varieties, with sweet-waxy varieties showed similar metabolic profiles, whereas sweet *Zea mays* L. and waxy *Zea mays* L. each possessed distinct metabolic characteristics. **Conclusion** This study clarifies the quality differences among the 4 kinds of fresh *Zea mays* L. varieties under the current experimental conditions, providing a scientific basis for consumer choice, variety breeding and nutrition-oriented product development.

KEY WORDS: fresh *Zea mays* L.; quality analysis; folic acid; metabolomics; varietal differences

0 引 言

玉米(*Zea mays* L.), 是禾本科玉蜀黍属一年生高大草本植物, 是我国三大主粮作物之一。国家统计局数据显示, 2024 年全国玉米产量 29491.69 万吨, 较去年上涨 2.1%。我国的玉米种植区域分布广泛, 可分为六大产区, 包括北方春播玉米区、黄淮河夏播玉米区、西南山地玉米区、南方丘陵玉米区、西北灌溉玉米区、青藏高原玉米区[1]。随着社会经济的发展和国民膳食结构的变化, 鲜食玉米不仅是农民增收的“黄金产业”, 也是消费者青睐的“健康美食”, 更是推动农业供给侧结构性改革、践行“大食物观”、实现乡村产业振兴的重要抓手。我国北方地区凭借其优越的光热与生态条件, 是优质鲜食玉米的主要供应产区之一。目前, 鲜食玉米主要包括甜玉米、糯玉米及甜加糯玉米等不同类型[2], 三者在糖分组成、淀粉结构与风味物质上具有显著差异, 共同构成了市场供给的主体, 满足了消费者对风味与营养的多样化需求。

品质是决定鲜食玉米市场竞争力的核心。王春芳等[3]对产自上海的 5 种主要鲜食甜玉米的营养品质进行了评价, 并确定鲜食甜玉米的营养品质评价关键因子为花色苷、还原型抗坏血酸、总糖、游离氨基酸、还原糖和水分。魏有莲等[4]对太白县冷凉山彝族自治州鲜食甜玉米进行了品质分析, 结果发现不同甜玉米的外观及蒸煮品质存在显著差异, 为品种的引进和筛选提供了参考。近年来, 高叶酸营养强化型玉米也成为营养强化研究的焦点[5], 一些叶酸强化型玉米也被育种专家培育出来。在天然食物中, 叶酸主要以多谷氨酰形态存在, 需经酶解为单谷氨酰形态才能被人体吸收。玉米籽粒中富含 5-甲基四氢叶酸(5-Methyltetrahydrofolate, 5-MTHF)和 5-甲酰四氢叶酸(5-Formyltetrahydrofolate, 5-FTHF)等生物活性形式[6], 其中 5-MTHF 是血液循环中的主要形式, 生物利用率较高[7]。研究表明, 鲜食甜玉米表现出较高的叶酸积累能力[8], 北京地区 4 种甜玉米(BMB 380、昊白甜 452、京白甜 456、京双甜 461)干物质中叶酸含量可达 385.1 μg/100 g[9], 显著高于普通玉米及其他主粮作物; 鲜食糯玉米品种间叶酸含量差异同样显著, 京科糯 928 鲜子粒叶酸含量最高达 305.43 μg/100 g, 农科玉 368、兆玉 18 等品种则在 200~300 μg/100 g 之间(冻干样品)[10]。此外, 研究表明加工与贮藏过程对玉米叶酸稳定性具有显著影响, 蒸煮处理会导致叶酸含量不同程度下降, 而蒸制与微波加工相比煮制更能保留叶酸活性。

当前研究尚未对甜玉米、糯玉米及甜加糯玉米进行品种间的综合比较分析[11], 因此, 本研究以我国北方地区 4 个不同甜、糯及甜加糯玉米品种为材料, 通过系统比较品种间的物理性状(如穗长、穗重), 基础营养组分(含水量、蛋白质、粗纤维含量), 糖类相关的营养物质(可溶性固形物、总糖、蔗糖及还原糖含量)、功能成分(叶酸)以及基于代谢组学的全局代谢物分析角度, 为鲜食玉米的市场消费与加工利用提供基础数据, 从而推动产业向品质导向的高价值方向发展。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂

本研究选取 3 种农艺类型的玉米, 分别是甜糯复合型即甜加糯玉米品种(336#和 368#), 甜质型即甜玉米(美珍 209)、糯质型即糯玉米(万糯 2000), 共计 36 份, 每份玉米由 9 穗玉米混合而成, 每个品种设置独立的 6 个生物学重复, 其中甜加糯玉米、甜玉米采自北京房山区指定基地, 糯玉米采自河北张家口市万全区。样品运达实验室后, 先测定其穗长、穗重, 然后选取每穗玉米的中部籽粒利用破

壁机打成匀浆, 置于–80 ℃冰箱中保存备用。

L-5-甲基四氢叶酸、5-甲酰四氢叶酸(纯度 99.9%)、MP20010-100 mL 大鼠血清(上海源叶生物科技有限公司); 磷酸氢二钠、磷酸二氢钠、抗坏血酸钠盐、巯基乙醇(分析纯)、甲醇、乙腈(质谱纯)(上海麦克林生化科技股份有限公司); 甲酸(质谱纯, 美国 Fisher 公司); 3,5-二硝基水杨酸(3,5-dinitrosalicylic acid, DNS)试剂、植物蔗糖含量检测试剂盒(BC2465)、总糖含量检测试剂盒(BC2710)、还原糖含量检测试剂盒(BC0235)(北京索莱宝科技有限公司); 实验室超纯水(18.3 MΩ cm)通过 Milli-Q 纯化系统(德国 Merck Millipore 公司)获得。

1.2　仪器与设备

13 mm × 0.22 μm 聚醚砜(polyethersulfone, PES)滤膜(天津市津腾实验设备有限公司); BSA223S 型电子分析天平(精度 0.001 g, 德国赛多利斯科学仪器公司); Vortex-genie2 涡旋振荡器(美国 SI 公司); PAL-1 型手持数显糖度计(日本 Atago 公司); HM-101X 卤素快速水分测定仪(上海禾工科学仪器有限公司); ProElut PLS 500 mg/3 mL 固相萃取小柱(北京迪马科技有限公司); Waters Xevo G2-S Qtof 型超高效液相色谱四极杆飞行时间串联质谱仪、Waters Xevo TQ-S 型三重四极杆质谱仪、ACQUITY UPLC BEH Amide 型色谱柱(100 mm×2.1 mm, 1.7 μm)、ACQUITY HSS T3 型色谱柱(100 mm×2.1 mm, 1.8 μm)(美国 Waters 公司)。

1.3　实验方法

1.3.1　玉米穗长和穗重的测定

将玉米水平置于桌面, 用尺子从玉米尾部开始测量长度(cm), 在完成后置于天平上进行称重(g), 对每个样品进行记录。

1.3.2　水分含量的测定

将玉米匀浆称取 2 g 至水分测定仪中, 均匀分布在托盘中。仪器运行结束后会给出样品的水分含量, 进行记录。

1.3.3　蛋白和粗纤维含量的测定

蛋白和粗纤维含量的测定分别采用 GB 5009.5—2016《食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定》和 GB/T 5009.10—2003《植物类食品中粗纤维的测定》。

1.3.4　可溶性固形物测定

取不同品种的玉米匀浆, 收集用 2 层洁净纱布过滤后的汁液, 将汁液加入 PLA-1 型手持数显糖度测定仪分别进行测定[12]。

1.3.5　蔗糖含量测定

根据处于酸性条件下蔗糖会发生水解变为葡萄糖和果糖, 而果糖会进一步与间苯二酚反应, 生成有色物质的原理, 采用植物蔗糖含量检测试剂盒, 用酶标仪对显色的反应液测定吸光值, 根据吸光值来计算玉米的蔗糖含量。

1.3.6　总糖含量测定

根据总糖酸水解为还原糖, 在碱性条件下, 还原糖与 DNS 试剂共热后被还原成氨基化合物, 在碱性溶液中呈现红棕色的原理, 采用总糖含量检测试剂盒, 用酶标仪对显色的反应液测定吸光值, 根据吸光值来计算玉米的总糖的含量。

1.3.7　还原糖含量测定

根据加热可以促进碱性溶液中 DNS 试剂与还原糖生成棕红色氨基化合物的原理, 采用还原糖含量检测试剂盒, 用酶标仪对显色的反应液测定吸光值, 根据吸光值来计算玉米的还原糖的含量。

1.3.8　叶酸含量测定

参照江均平等[9]、董会等[10]方法进行叶酸含量测定。具体如下: 获得提取上清液后, 取待净化液通过活化完成的固相萃取柱, 用 6 mL 0.01 mol/L HCl 溶液进行淋洗, 弃去淋洗液。用 6 mL 0.5%盐酸甲醇溶液洗脱, 收集洗脱液, 用 0.5%氨水定容至 1 mL, 涡旋混匀, 经滤膜过滤后待进样。为验证叶酸测定方法的准确度和精密度, 研究开展了加标回收试验和重复性试验。向玉米匀浆样品中分别添加低、中、高 3 个浓度(50、100、150 μg/100 g)的叶酸标准品, 每个浓度水平平行测定 3 次, 计算加标回收率。精密度试验: 取同一玉米匀浆样品, 连续测定 6 次, 计算相对标准偏差(relative standard deviation, RSD)。

色谱柱: ACQUITY UPLC BEH Amide (2.1 mm×100 mm, 1.7 μm); 流动相: A:B=(水/0.1%甲酸):(甲醇/0.1%甲酸); 梯度洗脱: 0~1 min, 95% A; 1~2 min, 90% A; 2~4 min, 5% A; 4~6 min, 95% A, 6~9 min, 95% A。流速: 0.25 mL/min, 进样量: 2 μL, 柱温 25 ℃。质谱采用电喷雾离子源, 正离子模式检测, 多反应监测扫描, 具体质谱参数参照江均平等[9]方法设置。

1.3.9　代谢组学测定

经过液氮研磨后的样品称取 400 mg, 加入 70%的甲醇提取液 1.5 mL, 涡旋 3 min, 随后冰水浴超声 10 min, 超声结束后涡旋 1 min, 将样品置于冰箱–20 ℃静置 12 h, 取出后混匀, 4 ℃条件下, 12000 r/min 离心 10 min, 取上清液后在相同条件再次离心, 取上清, 过 0.22 μm 滤膜后备用[13]。

色谱条件: ACQUITY HSS T3 色谱柱(2.1 mm×100 mm, 1.8 μm); 流动相: A:B=(甲醇):(水/0.1%甲酸); 流速: 0.3 mL/min。梯度洗脱: 0~11 min, 2% A; 11~13 min, 98% A; 13~15 min, 2% A; 15~18 min, 2% A; 进样量: 2 μL 柱温 40 ℃。质谱条件: 采用电喷雾离子源, 正离子模式检测。质谱参数: 毛细管电压 2.00 kV, 采样锥孔电压 40 V, 离子源温度 120 ℃, 脱溶剂气温度 550 ℃, 锥孔气流量 50 L/h, 脱溶剂气流量 1000 L/h。

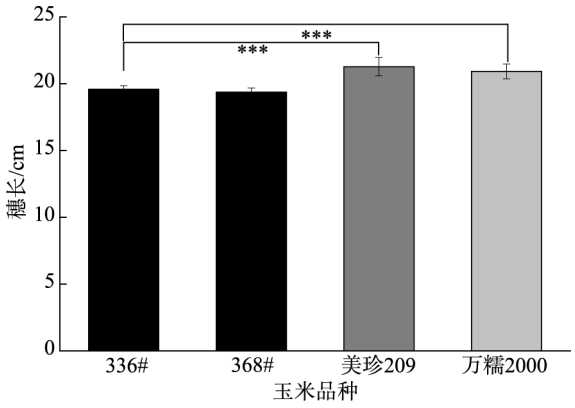
1.4　数据处理

使用 Microsoft Excel 2019 对试验数据进行整理, Orign 2025 作图处理, 采用 Progenesis QI 进行代谢组学研究。EZinfo 3.0 进行主成分分析; 偏最小二乘判别分析(partial least squares discriminant analysis, PLS-DA)。

2 结果与分析

2.1 不同玉米品种的穗长和穗重分析

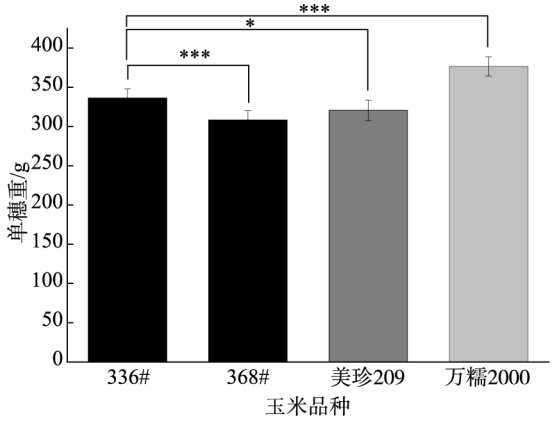
本研究首先分别测定了各组玉米样本的穗长和穗重，结果如图 1 和图 2 所示。图 1 显示不同品种类型的玉米在穗长上存在显著差异(P<0.001)，其中，甜玉米(美珍 209)和糯玉米(万糯 2000)的穗长显著长于甜加糯玉米(336#和 368#)。图 2 显示 4 个品种间的玉米单穗重存在显著差异，其中万糯 2000 的单穗重显著高于 336#、368#和美珍 209 (P<0.001)，336#的单穗重高于 368# (P<0.001)，美珍 209 的单穗重也高于 368# (P<0.05)。结合品种类型推断，糯玉米(万糯 2000)因高效的淀粉积累，可能表现出更大的穗重，而甜玉米(美珍 209)可能因同化产物优先向糖分转化，其穗长与穗重相对较低；而两种甜加糯玉米(368#与 336#)的性状较居中。总体而言，穗长与穗重作为关键产量构成要素，其显著差异直接反映了不同品种在能量分配及产量形成能力上的根本不同，糯玉米在生物产量上可能更具潜力，而甜玉米则侧重于品质性状。



注: ***表示差异强极显著(P<0.001)。图 2~4 同。

图 1 不同玉米品种的穗长

Fig.1 Spike length of different *Zea mays* L. varieties



注: *表示差异显著(P<0.05)。

图 2 不同玉米品种的单穗重

Fig.2 Grain weight per ear of different *Zea mays* L. varieties

2.2 不同玉米品种的水分含量分析

采用水分分析仪系统分析了 4 个品种玉米样本的水分含量，结果见图 3 所示，4 个玉米品种的水分含量存在极显著差异(P<0.001)，且这种差异主要由品种类型决定。糯玉米(万糯 2000)的水分含量最低，为 65.5%，这与其胚乳高淀粉、结构致密的特性相符；甜玉米(美珍 209)的水分含量最高，为 74.02%，源于其高糖分带来的强保水能力；两种甜加糯玉米(368#和 336#)的水分则介于美珍 209 和万糯 2000 间。该结果直接反映了不同玉米类型在物质积累模式上的根本区别，并为理解其食用口感(多汁性或糯性)与贮藏加工特性提供了关键表型依据。

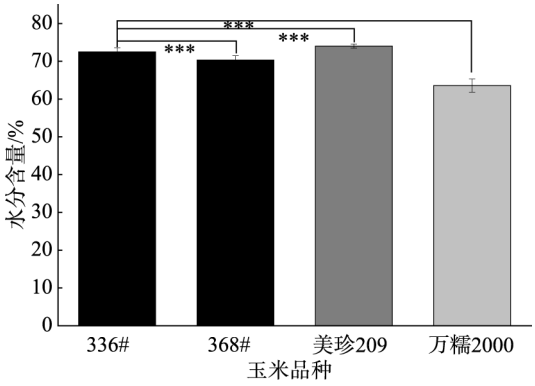


图 3 不同玉米品种的水分含量

Fig.3 Water content of different *Zea mays* L. varieties

2.3 不同玉米品种常规营养物质分析

本研究系统分析了 4 种玉米的甜度、蛋白质、粗纤维的含量。为整体考查各品种玉米的甜度，分别对可溶性固形物、总糖、蔗糖、还原糖含量进行了测定，结果见表 1。甜玉米(美珍 209)表现出典型的“高甜”特征，其可溶性固形物、总糖及蔗糖含量均显著最高，这直接决定了其突出的感官甜度与多汁口感。糯玉米(万糯 2000)则呈现出相反的“低甜高糯”模式，其可溶性固形物、蔗糖及总糖含量均为最低，表明其光合产物高效地转化为淀粉(尤其是支链淀粉)储存，而非积累可溶性糖，这与其软糯质地相符。两个甜加糯玉米(336#与 368#)的各项指标大多介于前两者之间，体现了其“甜糯结合”的杂交特性；值得注意的是，336#的蔗糖含量显著高于 368#，提示同类型内不同基因型在“甜”与“糯”的平衡上存在分化，336#更偏向甜玉米的风味。总体而言，4 个玉米品种的营养物质含量清晰地揭示了它们在糖分积累策略上的类型分化，而蛋白质与粗纤维含量则在各品种间保持稳定，无显著差异，表明这些作为结构物质与基础营养的组分在不同类型玉米中相对保守。综上所述，不同类型玉米在风味(甜度)和质地(糯性)上的显著差异，主要源于其碳同化物分配路径的差异：甜玉米优先积累可溶性糖(尤其是蔗糖)，而糯玉米则将其高效转化为淀粉，

甜加糯玉米则倾向平衡这两种生物过程。

2.4　不同玉米品种叶酸含量分析

本研究通过高效液相色谱-质谱法检测 4 种鲜食玉米中叶酸含量(以 5-MTHF 与 5-FTHF 总量计), 方法学验证结果图 4 所示, 叶酸的加标回收率为 96.4%~104.9%, RSD 为如 2.3% (n=6), 线性相关系数 R^2=0.9996, 检出限为 0.15 μg/100 g, 定量限为 0.50 μg/100 g。本方法准确、可靠, 适用于鲜食玉米中叶酸含量的测定。通过比较发现不同玉米品种间叶酸含量存在显著差异, 336#玉米叶酸含量最高, 达 141 μg/100 g, 显著高于美珍 209 (125 μg/100 g)、万糯 2000 (122 μg/100 g)和 368# (105 μg/100 g), 表明 336#在叶酸积累方面具有明显优势。从营养贡献角度来看, 成年人每日叶酸推荐摄入量为 400 μg 膳食叶酸当量(dietary folate equivalent, DFE)。以 336#为例, 每 100 g 鲜籽粒可提供约 35%的每日叶酸需求, 若每日食用 300~400 g 鲜食玉米, 则可基本满足人体对叶酸的需要, 尤其对于叶酸需求较高的孕妇、乳母及生长发育期人群而言, 高叶酸玉米是一种优质、便捷的膳食补充来源。此外, 叶酸在鲜食玉米中与膳食纤维、维生素 C 等共存, 有助于提升其生物可及性与稳定性。综上, 鲜食玉米不仅是传统碳水化合物来源, 更是优良的叶酸天然载体。品种间的叶酸含量差异为营养导向型品种选育与消费选择提供了科学依据, 也为进一步开展叶酸生物强化、贮藏加工过程中活性保留等研究奠定了基础。

表 1　不同玉米品种营养物质含量

Table 1　Nutrient content of different *Zea mays* L. varieties

营养功能成分	336#	368#	美珍 209	万糯 2000
可溶性固形物/%	15.13±0.77^{b}	13.78±0.59^{c}	20.24±0.49^{a}	8.78±0.71^{d}
总糖/(mg/g)	249.67±11.89^{b}	239.35±15.44^{b}	323.05±17.31^{a}	193.61±14.16^{c}
蔗糖/(mg/g)	108.98±12.10^{b}	86.62±9.26^{c}	168.64±6.00^{a}	33.09±7.44^{d}
还原糖/(mg/g)	5.45±0.32^{a}	5.42±0.41^{a}	5.31±0.23^{a}	4.12±0.52^{b}
粗纤维/%	0.84±0.05^{a}	0.92±0.04^{a}	0.83±0.03^{a}	0.87±0.02^{a}
蛋白质/%	3.80±0.07^{a}	4.02±0.08^{a}	3.92±0.20^{a}	4.06±0.15^{a}

注: 同行中标注不同小写字母表示差异达到极显著水平(P≤0.001); 标注相同小写字母的数值间差异不显著。

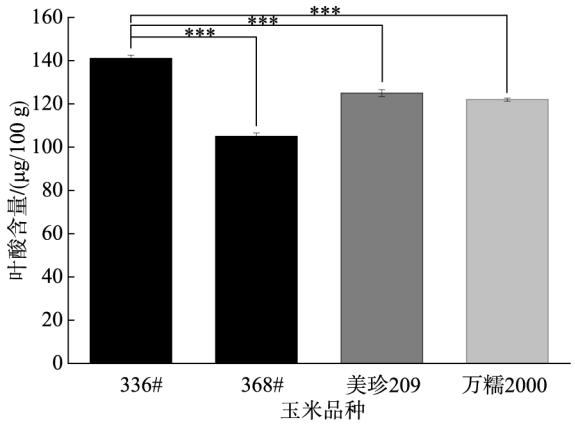


图 4　不同玉米品种的叶酸含量

Fig.4　Folic acid content of different *Zea mays* L. varieties

2.5　不同玉米品种代谢组学结果分析

为从整体代谢水平揭示各品种的生化特征, 本研究采用超高效液相色谱-四极杆飞行时间串联质谱仪结合 PLS-DA, 对 4 个鲜食玉米品种(336#、368#、美珍 209、万糯 2000)的代谢物进行了非靶向代谢组学分析。共检测到 509 个代谢物, 其中已鉴定的代谢物有 363 个, 涉及代谢物的类别包括氨基酸、有机酸、脂质等。PLS-DA 模型得分图(图 5)显示, 不同口感的玉米样本呈现出明显的区域化分离趋势, 且模型具有良好的解释率和预测能力(R^2X=0.372, R^2Y=0.97, Q^2=0.761)。随后的 200 次置换检验结果显示, 回归直线中 Q^2 的截距为负值(−0.743), 且所有随机排列的 R^2 和 Q^2 均低于原始模型值(图 6), 证实了模型未出现过拟合现象, 评价结果可靠。

进一步通过 VIP>1、差异倍数大于 2 且 P<0.05 的标准锁定了核心差异代谢标志物。针对 336#的高叶酸特性, 代谢谱中检测到高含量的 *N*-甲酰-*L*-谷氨酸及其独特的芍药苷内酯(差异倍数分别为 15.8、12.3)等成分, 提示该品种具有活跃的氮代谢与一碳代谢路径, 为其叶酸(5-MTHF 及 5-FTHF)的高效合成提供了充足的前体库[14–16]。在糖类积累途径中, 美珍 209 表现出显著差异的阿卡波糖(差异倍数 30.1)及多种半乳糖衍生物, 这可能与其复杂的 α-葡萄糖苷酶调节机制及高碳同化效率有关[17–19]; 此外, 美珍 209 中极高水平的 12-硝基-9Z,12Z-十八碳二烯酸(差异倍数 79)等硝基脂肪酸标志物, 反映了其特有的脂质氧化信号传导模式[20–21]。糯玉米万糯 2000 则以 *N*-乙酰天冬氨酸(差异倍数 6.6)和银杏内酯 A(差异倍数 37.9)为主要代谢特征, 揭示了其在氨基酸转化与淀粉合成路径上的独特性[22–23]。综上, 品种间在叶酸合成前体(如谷氨酸衍生物)与碳分配路径(如蔗糖-淀粉转化比例)上的遗传分化[24–25], 可能是造成鲜

食玉米品质差异的核心原因，本研究所确定的代谢标志物为未来的营养导向型育种提供了重要分子判据。

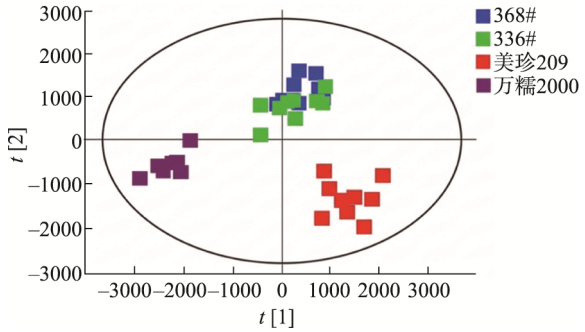


图 5 不同玉米品种的代谢物差异情况

Fig.5 Metabolomic differences among different *Zea mays* L. varieties

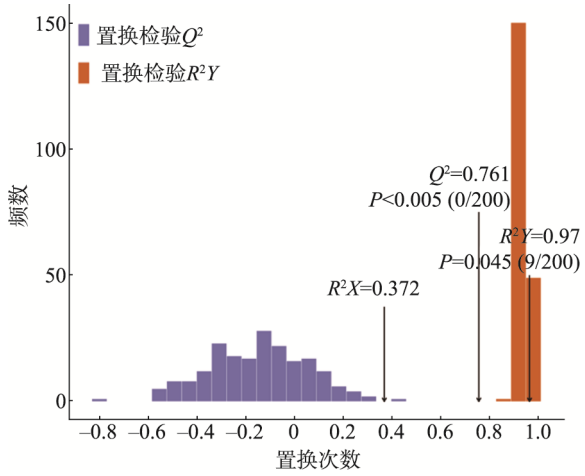


图 6 PLS-DA 模型的置换检验结果

Fig.6 Permutation test of the PLS-DA model

3 讨 论

3.1 鲜食玉米品质性状的基因型分化与碳分配策略

本研究结果表明，基因型可能是决定鲜食玉米物理性状与品质分化的核心驱动力，显著影响了籽粒中的碳分配策略。甜玉米品种美珍 209 表现出极高的可溶性固形物(20.24%)与总糖积累(323.05 mg/g)，这种高渗透压环境有效维持了其最高的水分含量(74%)，从而赋予了其突出的感官甜度与多汁口感[26–27]。相比之下，糯玉米万糯 2000 呈现典型的“低甜高糯”表型，其光合产物被高效转化为淀粉积累，表现为显著最高的单穗重与最低的水分含量(64%)[28–29]，这反映了不同类型玉米在能量分配路径上的根本差异。甜加糯品种(336#与 368#)的各项指标多介于二者之间，体现了育种中对风味稳定性与质地品质的协同平衡。

3.2 高叶酸鲜食玉米的营养强化潜力与代谢基础

在营养强化潜力方面，甜加糯品种 336#在保持优异口感的同时，展现出极显著的叶酸积累优势，其含量高达 141 μg/100 g，显著领先于其他参试品种。从代谢层面分析，这与其代谢谱中 *N*-甲酰-*L*-谷氨酸等关键前体的显著富集密切相关，表明该品种具有更为活跃的氮代谢与一碳代谢路径，为 5-MTHF 及 5-FTHF 等叶酸组分的生物合成提供了充足的底物库[30–31]。这一发现不仅阐明了 336#作为高叶酸营养强化型玉米的生化基础，也证实了其作为优质天然膳食叶酸来源的开发价值，每 100 g 鲜籽粒即可满足成人每日约 35%的叶酸需求。

3.3 基于代谢组学的品质特征标志物识别

非靶向代谢组学结合高拟合度的 PLS-DA 模型成功识别了不同基因型玉米的特征代谢标志物，从代谢物整体水平上解析了品种间的生化差异。本研究共鉴定出 363 个代谢组分，其中美珍 209 中极高水平的阿卡波糖(差异倍数 30.1)及多种半乳糖衍生物，可能与其特殊的 *α*-葡萄糖苷酶调节机制及高碳同化效率有关[32]。糯玉米万糯 2000 则以银杏内酯 A(差异倍数 37.9)和 *N*-乙酰天冬氨酸为主要代谢特征，揭示了其在氨基酸转化与淀粉合成路径上的独特性[33]。此外，广泛分布的花生四烯酸代谢产物、脂质氧化标志物和环氧衍生物等脂质氧化产物[34]，同时，产地环境对玉米的品质也会产生一定的影响，文中并未对此进行深入的分析。总之，本研究为评价各品种的品质稳定性及营养导向型育种提供了一定的分子依据。

3.4 研究局限性

本研究供试的甜加糯玉米(336#、368#)和甜玉米(美珍 209)采集自北京房山区，糯玉米(万糯 2000)采集自河北张家口市万全区，两地气候、土壤等生态条件存在差异。因此，研究观察到的品种间品质差异是基因型与产地环境共同作用的结果，尚不能完全归因于品种本身。

尽管如此，品种基因型仍是品质分化的主导因素：一方面，各品种糖分、淀粉等核心品质指标的差异模式，与其甜质型、糯质型、甜加糯型的遗传类型高度吻合；另一方面，代谢组学显示，同类型品种代谢谱接近，不同类型则明显分离，聚类模式与遗传背景分类一致。因此，本研究结果仍能有效反映不同品种类型的品质特征差异。

未来可在同一生态区内开展多品种比较试验，或采用同一品种多点种植方案，以进一步解析基因型、环境及其互作效应对鲜食玉米品质的影响机制。

4 结 论

在本研究的供试条件下，我国京张地区 4 种鲜食玉米在物理特性、营养组成及代谢基础上存在显著差异。具体而言，糯玉米(万糯 2000)单穗重最高、水分含量最低，甜玉米(美珍 209)可溶性固形物、总糖与蔗糖含量显著高于其他品种，

呈现出突出的“高甜”特性；甜加糯玉米在糖分组成上介于两者之间，其中 336#在叶酸积累方面表现最优(141 μg/100 g)。代谢组学分析进一步从整体代谢物层面印证了品种间的生化差异，甜加糯品种代谢谱较为接近，而甜玉米与糯玉米则各具独特代谢特征。这些差异不仅反映了不同品种玉米在碳分配与代谢调控上的遗传分化，也为面向多样化消费需求与营养强化的品种选育及产品开发提供了初步依据。未来需在同一生态区开展多品种比较研究，以进一步验证品种间品质差异的稳定性，并解析基因型与环境互作对品质形成的影响机制。

参考文献

[1] 张奥妮, 曾庆平, 田丰, 等. 1997—2020 年中国玉米种植面积与产量变化分析[J]. 作物研究, 2024, 38(4): 329–333.
Zhang Aoni, Zeng Qingping, Tian Feng, et al. Analysis on the changes of maize sown area and yield in China from 1997 to 2020 [J]. Crop Research, 2024, 38(4): 329–333.

[2] 朱敏, 郭涛, 张曼册, 等. 甜加糯玉米新品种沈糯 20 号的选育及栽培技术[J]. 辽宁农业科学, 2025, (04): 88–90.
Zhu Min, Guo Tao, Zhang Mance, et al. Breeding and cultivation techniques of a new sweet-and-starchy corn variety, shenluo 20 [J]. Liaoning Agricultural Science, 2025(4): 88–90.

[3] 王春芳, 柳洪入, 刘晨霞, 等. 基于主成分和聚类分析的不同品种鲜食甜玉米营养品质评价[J]. 农产品加工, 2025(10): 54–59.
Wang Chunfang, Liu Hongru, Liu Chenxia, et al. Comprehensive quality evaluation of different fresh sweet corn cultivars by principal component analysis and cluster analysis [J]. Farm Products Processing, 2025(10): 54–59.

[4] 魏有莲, 刘晓乐, 明慧琳, 等. 太白冷凉山区鲜食甜玉米品种筛选及品质分析[J]. 西北园艺, 2025(5): 49–55.
Wei Youlian, Liu Xiaole, Ming Huilin, et al. Screening and quality analysis of fresh sweet corn varieties in Tai Bai cold and cool mountain areas [J]. Northwest Horticulture, 2025(5): 49–55.

[5] 马俊凯, 宋国威, 李光泗. 新发展格局下中国粮食安全形势、重大挑战及应对策略[J]. 中国农业资源与区划, 2026, 47(4): 11–22.
Ma Junkai, Song Guowei, Li Guangsi. The situation, major challenges and response strategies of China’s food security under the new development pattern [J]. China Agricultural Resources and Regional Planning, 2026, 47(4): 11–22.

[6] Paul K V, Zunjare R U, Hossain F, et al. Analysis of folate (vitamin B9) composition and accumulation pattern in developing kernels of specialty and biofortified maize genotypes [J]. Journal of Food Composition and Analysis, 2025, 141: 107259.

[7] 刘丰源. 高叶酸甜玉米种质资源筛选及其产品开发[D]. 广州: 华南理工大学, 2018, 12: 117.
Liu Fengyuan. Screening of high-folate sweet corn germplasm resources and product development [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2018, 12: 117.

[8] 薛宝玲, 宋晓彬. 即食玉米棒在加工过程中叶酸稳定性研究[J]. 农产品加工(上半月), 2022(6): 6–10.
Xue Baoling, Song Xiaobin. Study on stability of folic acid in processing of ready-to-eat corn cobs [J]. Academic Periodical of Farm Products Processing, 2022(6): 6–10.

[9] 江均平, 孙艳丽, 裴志超, 等. 北京鲜食甜玉米营养成分分析与评价[J]. 中国食物与营养, 2020, 26(8): 55–59.
Jiang Junping, Sun Yanli, Pei Zhichao, et al. Analysis and evaluation on nutritional components of fresh sweet corn in Beijing City [J]. Food and Nutrition in China, 2020, 26(8): 55–59.

[10] 董会, 徐丽, 史亚兴, 等. 糯玉米鲜子粒和熟子粒叶酸含量分析及评价[J]. 玉米科学, 2019, 27(2): 16–20, 35.
Dong Hui, Xu Li, Shi Yaxing, et al. Analysis of folic acid content in fresh and cooked grains of waxy corn [J]. Journal of Maize Sciences, 2019, 27(2): 16–20, 35.

[11] 李懿霖, 王思思, 靳安文, 等. 鲜食玉米的感官描述词建立及感官品质特性分析[J]. 食品安全质量检测学报, 2023, 14(14): 273–281.
Li Yilin, Wang Sisi, Jin Anwen, et al. Establishment of sensory descriptors and analysis of sensory quality characteristics of fresh corn [J]. Journal of Food Safety & Quality, 2023, 14(14): 273–281.

[12] 李云峰, 范競升, 陈冰琳, 等. 3 个甜玉米品种在不同储藏条件下可溶性固形物含量及挥发性风味成分变化[J]. 华南农业大学学报, 2021, 42(3): 33–44.
Li Yunfeng, Fan Jingsheng, Chen Binglin, et al. Changes of soluble solid contents and volatile flavor components of three sweet corn cultivars under different storage conditions [J]. Journal of South China Agricultural University, 2021, 42(3): 33–44.

[13] 钟汝力, 卢向阳, 刘璐, 等. 基于非靶向代谢组学的 G80 烟叶成熟进程的代谢特征[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2024, 50(4): 21–27.
Zhong Ruli, Lu Xiangyang, Liu Lu, et al. Metabolic characterisation in maturation process of flue-cured tobacco variety G80 based on untargeted metabolomics [J]. Journal of Hunan Agricultural University (Natural Sciences), 2024, 50(4): 21–27.

[14] Huang P Q, Chen G, Zheng X. A new synthesis of alkaloid (*S*)-3-hydroxypiperidin-2-one and its O-TBS protected derivative [J]. Journal of Heterocyclic Chemistry, 2007, 44(2): 499–501.

[15] 郭文鼎, 胡志敏, 卜俊玲, 等. 基于芍药转录组挖掘芍药苷生物合成相关基因[J]. 中国中药杂志, 2022, 47(16): 4347–4357.
Guo Wending, Hu Zhimin, Bu Junling, et al. Identification of genes involved in biosynthesis of paeoniflorin in *Paeonia lactiflora* based on transcriptome analysis [J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2022, 47(16): 4347–4357.

[16] Lu C C, Liu Y F, Li J H, et al. Engineering of biosynthesis pathway and NADPH supply for improved *L*-5-methyltetrahydrofolate production by *Lactococcus lactis* [J]. Journal of Microbiology and Biotechnology, 2019, 31(1): 154–162.

[17] Tsunoda T, Samadi A, Burade S, et al. Complete biosynthetic pathway to the antidiabetic drug acarbose [J]. Nature Communications, 2022, 13: 3455.

[18] 王雨晴, 张贤, 李闯, 等. 阿卡波糖代谢途径、酶系及发酵菌种改造的研究进展[J]. 微生物学报, 2024, 64(12): 4760–4773.
Wang Yuqing, Zhang Xian, Li Chuang, et al. Advances in biosynthetic pathways, enzymes, and fermentation strain modification of acarbose [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(12): 4760–4773.

[19] Brown H A, Morris A L, Pudlo N A, et al. Acarbose impairs gut *Bacteroides* growth by targeting intracellular glucosidases [J]. mBio, 2024,

15(12): e0150624.

[20] Trostchansky A, Bonilla L, González-Perilli L, et al. Nitro-fatty acids: formation, redox signaling, and therapeutic potential [J]. Antioxidants & Redox Signaling, 2013, 19(11): 1257–1265.

[21] Zatloukalova M, Fabre G, Jedinak L, et al. Lipid membrane behavior of nitro-fatty acids and their loading into liposomes to activate Nrf2 pathway in $RAW_{264.7}$ cells with impact on intracellular NO production [J]. Chemistry and Physics of Lipids, 2025, 270: 105497.

[22] Luo Jingyun, He Chunmei, Yan Shijuan, et al. A metabolic roadmap of waxy corn flavor [J]. Molecular Plant, 2024, 17(12): 1883–1898.

[23] Sarkar C, Quispe C, Jamaddar S, et al. Therapeutic promises of ginkgolide A: a literature-based review [J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2020, 132: 110908.

[24] Wittek F, Kanawati B, Wenig M, et al. Folic acid induces salicylic acid-dependent immunity in A rabidopsis and enhances susceptibility to *Alternaria brassicicola* [J]. Molecular Plant Pathology, 2015, 16(6): 616–622.

[25] Nunes A C S, Kalkmann D C, Aragão F J L. Folate biofortification of lettuce by expression of a codon optimized chicken GTP cyclohydrolase I gene [J]. Transgenic Research, 2009, 18(5): 661–667.

[26] 李坤, 李高科, 肖颖妮, 等. 甜玉米品质遗传改良研究进展[J]. 广东农业科学, 2020, 47(11): 70–77.
Li Kun, Li Gaoke, Xiao Yingni, et al. Research progresses in genetic improvement of sweet corn quality [J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2020, 47(11): 70–77.

[27] 牛丽影, 刘春菊, 李大婧, 等. 高温灭菌过程中三种鲜食玉米汁游离糖与氨基酸含量变化的比较[J]. 现代食品科技, 2019, 35(2): 47–53, 208.
Niu Liying, Liu Chunju, Li Dajing, et al. Change of free sugars and amino acids in fresh corn juice during autoclaving [J]. Modern Food Science & Technology, 2019, 35(2): 47–53, 208.

[28] Hu Y F, Wang J, Chi M, et al. Morphological, structural, and physicochemical properties of starch in hybrids and inbred lines from sweet–waxy maize [J]. Starch-Stärke, 2021, 73(9–10): 2100073.

[29] Sa K J, Park J Y, Choi S H, et al. Genetic diversity, population structure, and association mapping of agronomic traits in waxy and normal maize inbred lines [J]. Genetics and Molecular Research, 2015, 14(3): 7502–7518.

[30] 焦炎炎, 董会, 史亚兴, 等. 鲜食糯玉米杂交当代 F0 叶酸含量的遗传研究[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(2): 474–482.
Jiao Yanyan, Dong Hui, Shi Yaxing, et al. Genetic effect of the folate content in F0-generation fresh waxy maize [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2023, 24(2): 474–482.

[31] Wan X, Han L D, Yang M, et al. Simultaneous extraction and determination of mono-/polyglutamyl folates using high-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry and its applications in starchy crops [J]. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2019, 411(13): 2891–2904.

[32] Muslin E H, Karpelenia C B, Henson C A. The impact of thermostable α-glucosidase on the production of fermentable sugars during mashing [J]. Journal of the American Society of Brewing Chemists, 2003, 61(3): 142–145.

[33] Liu Q, Jin Z Q, Xu Z L, et al. Antioxidant effects of ginkgolides and bilobalide against cerebral ischemia injury by activating the Akt/Nrf2 pathway *in vitro* and *in vivo* [J]. Cell Stress and Chaperones, 2019, 24(2): 441–452.

[34] Li W T, Wang N, Lv X, et al. Mass spectrometry unveils heat-induced changes in yolk oxylipins and key lipid molecules during home cooking [J]. Journal of Advanced Research, 2025, 74: 73–86.

(责任编辑: 蔡世佳 韩晓红)