

# SNP 分子标记在玉米遗传育种中的应用研究

张瑞平 常怀成 王文洁 王蕊 王文英 董彦琪 樊晓聪 田芳慧  
任帅 李习军 马朝阳 刘贺娟 刘庆伟 赵酒林

(新乡市农业科学院,河南新乡 453000)

**摘要:**单核苷酸多态性(SNP)分子标记具有高密度、高通量、高精度和低成本的特点,在玉米遗传育种中应用广泛。针对SNP技术在全基因组关联分析(GWAS)、基因定位、遗传多样性分析及知识产权保护等多方面的应用进行综述,并对其前景进行展望,以期为分子标记检测和玉米遗传育种研究提供信息参考。

**关键词:**玉米;SNP标记;全基因组关联分析;基因定位;遗传多样性;分子育种

## Application of SNP Molecular Markers in Genetic Breeding of Maize

ZHANG Ruiping, CHANG Huaicheng, WANG Wenjie, WANG Rui,  
WANG Wenying, DONG Yanqi, FAN Xiaocong, TIAN Fanghui, REN Shuai,  
LI Xijun, MA Chaoyang, LIU Hejuan, LIU Qingwei, ZHAO Jiulin  
(Xinxiang Academy of Agricultural Sciences, Xinxiang 453000, Henan)

玉米是世界第一大粮食作物,也是重要的饲料和工业原料,对维护粮食安全、促进畜牧业发展、提高人们生活水平和国民经济收入等具有举足轻重的作用<sup>[1]</sup>。据统计,我国玉米种植面积约3500万hm<sup>2</sup>,已经超过了水稻和小麦,成为我国第一大粮食作物<sup>[2]</sup>。2024年我国玉米总产量约为2.95亿t,比2023年增长约4.1%<sup>[3]</sup>。随着全球气候变化及消费需求的多元化,玉米育种目标已由过去单一追求高产,转变为高产、优质、抗逆等多性状协同改良,这一转变对育种技术提出了更高要求。

分子标记技术是遗传育种研究的重要工具。单核苷酸多态性(SNP, Single nucleotide polymorphism)是指由单个核苷酸变异而引起的DNA序列多态性,是迄今分布最为密集的遗传标记。随着高通量技术的发展,基于芯片技术的SNP分型平台(如 Illumina Maize SNP50、Maize6H-60K及中玉芯系列等)可实现从数万至数百万标记的检测,具有效率高、成本低、自动化程度好等优点<sup>[4-7]</sup>。目前SNP技

术已广泛应用于玉米功能基因挖掘、高密度遗传图谱构建、全基因组关联分析(GWAS, Genome-wide association study)、遗传多样性评估及分子标记辅助选择等方面。本文旨在梳理SNP分子标记技术在玉米遗传育种中的应用现状,展望未来发展,以期为玉米遗传育种领域提供参考。

### 1 SNP 标记在全基因组关联分析及功能基因预测中的应用

玉米的产量和品质受籽粒特性、种子发芽率、花期、株高、穗位高等多个性状影响。GWAS是通过利用表型性状与基因或基因附近的分子标记之间的关联来实现基因精细定位<sup>[8]</sup>。高通量SNP芯片为玉米复杂数量性状的遗传解析提供了强大工具。

**1.1 玉米株型相关性状** 玉米株型性状与株高、穗位高、叶片等密切相关,受多基因控制。利用SNP标记,于芮苏等<sup>[9]</sup>在153份玉米材料中,检测到与茎秆强度、株高、穗位高和穗位系数显著相关的SNP位点56个,并在关联区域挖掘到3个候选基因。白明兴等<sup>[10]</sup>在204份玉米材料中,检测到与株高、穗位高、单穗重显著关联的SNP标记13个,并在关联

区域筛选到 39 个候选基因。马雅杰等<sup>[11]</sup>在 854 份玉米材料中,检测到与株高、穗位高、穗位系数显著关联的 SNP 标记 16 个。秦文萱等<sup>[12]</sup>在 854 份玉米自交系中,检测到与叶夹角显著关联的 SNP 标记 81 个,其中 17 个被重复检测到,并鉴定出 131 个候选基因,其中 1 号染色体 PZE-101039301 标记下游 70 kb 存在调控叶夹角的已知基因 *DRL1*。

综合以上研究,SNP 技术将与株型性状相关的位点定位到不同的染色体上,且第 1、3、5、6 号染色体上相对密集,为株型性状功能基因定位、选育理想株型提供了参考(表 1)。

**1.2 玉米籽粒性状** 玉米籽粒性状直接决定玉米的产量和品质,是典型的数量性状,由众多基因和环境因素共同调控。渠建洲等<sup>[13]</sup>、李婷等<sup>[14]</sup>、高嵩等<sup>[15]</sup>、徐运林等<sup>[16]</sup>的研究,共检测到与玉米籽粒粒长、粒宽及粒厚显著关联的 SNP 位点 45 个、77 个、48 个,其中粒长与粒宽关联位点分布在玉米 10 条染色体上,而粒厚位点分布在除 6、7 号染色体外的其他染色体上。对于粒长性状贡献率在 20% 以上的位点在 1 号和 5 号染色体上,对粒宽性状贡献率在 15% 以上的位点在 1 号和 4 号染色体上,对粒厚的贡献率在 20% 以上的位点在 1、2、3 及 4 号染色体上。高嵩等<sup>[15]</sup>筛选到 2 个与粒宽相关的候选基因 *GRMZM2G092475* 和 *GRMZM2G124502*。玉米籽粒性状关联位点相对较多(170 个),但分

布并不均匀,主要集中在 1、2、3、4 号染色体上(表 2)。

**1.3 玉米抗逆性** 非生物胁迫和生物胁迫是限制作物生产的主要因素。近年来,极端气候事件频发,持续干旱以及病虫害复合发生,严重威胁着玉米的安全生产。利用分子育种技术,挖掘具有抗逆潜力的优异等位基因,对于精准选育耐逆、高产稳产的玉米新品种至关重要。

刘杰等<sup>[17]</sup>在 95 份骨干玉米自交系中检测到 26 个与耐冷性状显著相关的 SNP 位点,单个 SNP 解释的表型变异在 2.16%~32.63% 之间。单婷玉等<sup>[18]</sup>在 150 份玉米材料中,鉴定到 8 个 SNP 位点与盐胁迫性状显著关联,筛选到 11 个候选基因。王孜慧等<sup>[19]</sup>以 283 份玉米为材料,检测到玉米氯酸盐抗性显著关联的 SNP 位点 29 个,筛选到 13 个氯酸盐抗性候选基因。谭静等<sup>[20]</sup>在 241 份玉米材料中,检测到 44 个与玉米灰斑病抗性显著关联的 SNP 位点,8 个与抗病相关的候选基因。宋炜等<sup>[21]</sup>对 98 份玉米材料进行分析,将玉米抗蚜性状关联的区域定位在第 3 号和第 5 号染色体上,并在关联区域内筛选到 5 个与抗性相关的基因。

综合以上研究,SNP 技术为玉米抗逆分子育种提供了大量候选标记(表 3),利用基因编辑、转录组学、蛋白组学等技术对候选位点进行功能验证将是下一步努力方向。

表 1 玉米株型相关性状显著关联 SNP 标记及相应候选基因数量统计

性状	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Chr8	Chr9	Chr10	合计
株高	6/4	4/1	0	6/2	11/7	8/7	1/0	3/0	0	0	39/21
穗位高	4/2	2/0	11/10	2/0	1/1	13/12	5/3	5/1	2/0	0	45/29
茎秆强度	1/0	0	1/0	0	1/1	0	2/0	0	0	0	5/1
穗位系数	1/0	0	3/2	1/0	9/0	0	0	6/2	3/0	0	23/4
单穗重	0	0	0	0	0	2/2	0	0	0	0	2/2
叶夹角	3/0	3/0	1/0	3/0	0	0	1/0	2/0	2/0	1/0	16/0
合计	15/6	9/1	16/12	12/2	22/9	23/21	9/3	16/3	7/0	1/0	130/57

表 2 玉米籽粒相关性状显著关联 SNP 标记及相应候选基因数量

性状	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Chr8	Chr9	Chr10	合计
粒长	5/0	11/3	4/0	10/0	6/1	1/0	1/0	1/0	2/0	4/0	45/4
粒宽	19/3	8/0	10/1	6/0	3/0	9/1	4/1	2/0	6/0	10/1	77/7
粒厚	13/1	6/1	10/0	6/0	3/0	0	0	2/0	5/2	3/0	48/4
合计	37/4	25/4	24/1	22/0	12/1	10/1	5/1	5/0	13/2	17/1	170/15

表3 玉米抗逆性相关性状显著关联 SNP 标记及候选基因数量

条件	指标	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Chr8	Chr9	Chr10	合计
低温胁迫	发芽率	1/0	1/0	1/0	1/0	1/0	2/0	0	0	0	0	7/0
	发芽指数	0	0	0	1/0	2/0	0	0	0	0	0	3/0
	平均发芽时间	0	0	0	0	0	1/0	0	1/0	0	0	2/0
	相对发芽率	1/0	0	1/0	3/0	1/0	2/0	0	1/0	0	0	9/0
	相对发芽指数	0	0	0	0	0	1/0	0	2/0	0	0	3/0
	相对发芽时间	0	0	1/0	0	1/0	0	0	0	0	0	2/0
盐胁迫	枯萎度	0	0	0	2/2	0	0	0	0	1/1	0	3/3
	株高变化率	2/3	1/2	1/2	0	0	1/1	0	0	0	0	5/8
抗氯酸盐	叶长	0	1/0	1/0	0	1/1	1/0	2/1	2/2	2/0	0	10/4
	叶宽	0	0	0	1/0	1/2	1/0	1/0	2/2	9/0	1/0	16/4
	株高	0	0	0	1/1	1/2	0	0	0	0	0	2/3
	地上干重	3/1	0	0	1/0	1/0	0	1/0	0	0	10/1	16/2
	新叶叶绿素	0	0	0	0	1/0	0	0	0	0	0	1/0
抗灰斑病		3/3	6/6	4/4	2/2	4/4	7/7	4/4	2/2	3/3	0	35/35
抗蚜虫		0	0	0/4	0	0/1	0	0	0	0	0	0/5
合计		10/7	9/8	9/10	12/5	14/10	16/8	8/5	10/6	15/4	11/1	114/64

## 2 SNP 分子标记在基因定位方面的应用研究

玉米全基因组 SNP 标记的开发与利用,提高了基因定位的精度,加快了优良等位基因的聚合与遗传改良进程。现将近年来利用 SNP 标记进行玉米基因定位的研究进展综述如下。

**2.1 玉米生育期相关性状 QTL** 侯清桂等<sup>[22]</sup>在由豫 86×豫 M1-7 构建的 RIL 群体中,鉴定到 48 个开花期相关的 QTL,分布在第 1、2、3、5、6、7、9、10 号染色体上。郭爽等<sup>[23]</sup>在以 QR273 和 T32 为亲本构建的群体中,检测到抽雄期、散粉期、吐丝期相关 QTL 分别是 37 个、27 个和 30 个,并筛选出 6 个与抽雄期相关的基因。孙家臣等<sup>[24]</sup>在由 R146 与其早花期自然突变体 ER146 构建的 F<sub>2</sub> 群体中,定位到控制吐丝期的基因主要位于 3 号染色体 143027001~143295000bp 区间内,长度 0.268Mb,包含 1 个主效区间和 19 个微效位点,该区间有 6 个与玉米花期相关的候选基因。

上述研究中,侯清桂等<sup>[22]</sup>与孙家臣等<sup>[24]</sup>的研究都将控制吐丝期的主效 QTL 定位到 3 号染色体上,但所在区间位置不同,由此判断,3 号染色体上有多个控制吐丝期的主效基因。

**2.2 玉米株型相关性状 QTL** 李芳等<sup>[25]</sup>在由 W22 与大刍草杂交衍生的群体中,检测到控制玉米茎长和茎粗的 QTL 分别是 2 个和 5 个,并筛选

出 13 个茎粗性状的候选基因。燕树锋等<sup>[26]</sup>以 KDF-1 和 DF-1 构建的群体为材料,检测到 5 个控制茎秆穿刺强度 QTL、4 个茎粗相关 QTL 和 9 个穗位高相关 QTL;并在 4 号染色体 2.2~11.7Mb 区段上检测到同时控制这 3 个性状的 QTL;而在第 8 染色体 C8M179 标记附近检测到同时控制地上第 3 节茎粗和穗位高的 QTL。孙强等<sup>[27]</sup>在郑 58 和 B73 为亲本构建的群体中,检测到 20 个控制株高的 QTL、18 个控制穗位高的 QTL,并在 4 号染色体上发现了 1 个同时控制株高和穗位高的主效 QTL。周文期等<sup>[28]</sup>利用分子标记对矮秆低穗突变体 *Zmdle1* 与 LY8405 构建的群体进行分析,将矮秆低穗突变基因定位在 1 号染色体 InDel-25 与 InDel-26 之间约 600kb (255292~255801kb) 区间内,并确定 *Zm00001d033231* 和 *Zm00001d033234* 是调控玉米株高和穗位高的关键候选基因。唐兰等<sup>[29]</sup>以玉米矮秆亲本 dwarf-12 和其子代自交系 d8227 为材料,构建 F<sub>2</sub> 及回交群体,将矮秆基因定位在 1 号染色体 190~215Mb 范围内。王琴娣等<sup>[30]</sup>以玉米矮秆突变体 K718d、野生型 K718 及其 F<sub>2</sub> 分离群体为材料,将矮秆基因定位到 1 号染色体 3 个候选区 (208.48~208.56Mb、209.64~213.78Mb、214.45~231.26Mb),并筛选出 *Zm00001d032035* 和 *Zm00001d032422* 这 2 个候选基因。

综合以上研究,周文期等<sup>[28]</sup>、唐兰等<sup>[29]</sup>、王琴娣等<sup>[30]</sup>的研究都明确玉米矮秆基因是隐性单基因,并都将其定位到1号染色体上,唐兰等<sup>[29]</sup>和王琴娣等<sup>[30]</sup>的定位区间有重叠,为玉米矮秆基因进一步精细定位提供了可靠依据。

**2.3 玉米籽粒性状相关 QTL** 李晓伟等<sup>[31]</sup>以 B73 和 By804 构建的群体为材料,检测到控制玉米胚大小、籽粒大小、油分、百粒重、粒宽、粒长、粒厚的 QTL 分别有 38 个、23 个、21 个、6 个、3 个、3 个、6 个。王安贵等<sup>[32]</sup>以 T32 与齐 319 为材料构建群体,检测到控制百粒重、粒长和粒宽的 QTL 分别有 2 个、2 个、7 个。李萌园等<sup>[33]</sup>将籽粒突变体 *crk4* 的突变基因定位在 5 号染色体标记 5-41 和 873-1 之间的 614kb 的物理区间内,并发现该区间内 *Zm00001d017427* 基因第 2 个外显子存在一个 C 碱基缺失造成的突变,是已报道的籽粒突变体 *sh4* 和 *ysl2* 的等位基因。蒋成功等<sup>[34]</sup>对由籽粒突变体 *smk7* 杂合株构建的不同背景群体进行分析,证明 *smk7* 突变性状受单隐性核基因控制,位于 2 号染色体短臂 RM1433917 和 RM1535316 两个标记之间约 120kb 范围内。任文闯等<sup>[35]</sup>将 B73 籽粒皱缩突变个体命名为 *shank2021* (*sh2021*),并将该突变基因定位在 3 号染色体末端标记 ID5 与 ID9 之间 529.60 kb 范围内,同时筛选到 5 个关键候选

基因。

**2.4 玉米穗部性状相关 QTL** 玉米穗部性状发育是决定玉米产量的关键。李宗泽等<sup>[36]</sup>对由 B73 和郑 58 构建的群体分析,检测到 8 个控制穗轴长的 QTL、3 个控制轴粗的 QTL。赵强等<sup>[37]</sup>在 T32 和齐 319 构建的群体中,检测到控制穗长、穗粗、穗行数、行粒数和秃尖长的 QTL 分别为 3 个、2 个、4 个、2 个和 5 个,筛选出 4 个控制穗部相关性状的候选基因。涂亮等<sup>[38]</sup>以黄早四作轮回亲本构建分离群体,将穗长主效 QTL (*q21EL-GZ*) 定位到 *Chr1\_211043951~Chr1\_211231528* 之间 187.58 kb 范围内,并筛选出 3 个候选基因。

**2.5 玉米抗逆性相关 QTL** SNP 标记不仅能够发掘抗病、抗逆性状的遗传位点,还有助于阐明其遗传机制。田志强等<sup>[39]</sup>在由抗玉米大斑病自交系 CIMBL2 和感病自交系 GEMS41 构建的群体中,鉴定出 9 个大斑病抗病 QTL,分别位于第 1、2、4、5、7、9 号染色体上,其中第 1 号和第 5 号染色体上的位点(*qNLB1-1* 和 *qNLB5*)是稳定的抗病位点。曹士亮等<sup>[40]</sup>在由 B73 与 Mo17 构建的群体中,将玉米萌发期耐冷性 QTL 定位在 9 号染色体 *1923152~92980413* 区域内。

综合近年来玉米农艺性状及抗逆性 QTL 相关研究(表 4),可以看出玉米重要农艺性状的遗传调

表 4 玉米农艺性状及抗逆性已定位 QTL 及候选基因数量

性状	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Chr8	Chr9	Chr10	合计
吐丝期	6/0	3/2	8/0	3/0	7/0	1/0	5/1	8/0	4/0	1/0	46/3
抽雄期	3/0	6/1	7/0	12/2	2/0	4/0	7/0	0	9/1	4/2	54/6
散粉期	4/0	2/0	8/3	2/0	4/0	2/0	6/0	1/0	8/0	4/0	41/3
茎长	1/0	0	0	1/0	0	0	0	0	0	0	2/0
茎粗	2/0	2/0	0	1/0	1/13	1/0	1/0	1/0	0	0	9/13
茎秆穿刺强度	1/0	0	1/0	1/0	0	1/0	1/0	0	0	0	5/0
株高	5/0	5/0	1/0	6/0	3/0	0	2/0	0	0	0	22/0
穗位高	4/0	5/0	2/0	9/0	2/0	1/0	3/0	1/0	2/0	0	29/0
叶片数	1/0	1/0	0	0	0	0	0	0	0	0	2/0
节间数	1/0	1/0	0	0	0	0	0	0	0	0	2/0
平均节间长	1/0	1/0	0	0	0	0	0	0	0	0	2/0
籽粒相关性状	21/0	18/0	6/5	13/0	12/11	8/0	0	5/0	6/0	4/0	93/16
穗部性状	7/5	4/2	2/0	4/0	2/0	0	1/0	3/0	3/0	1/0	27/7
抗大斑病	2/0	1/0	0	1/0	1/0	0	2/0	0	2/0	0	9/0
耐冷	0	0	0	0	0	0	0	0	1/0	0	1/0
合计	59/5	49/5	35/8	53/2	35/24	18/0	28/1	19/0	35/1	14/2	344/48

控呈现高度的多基因特性,其中第1、2、4号染色体调控位点相对集中,但候选基因还相对较少,且玉米抗逆性研究明显不足。根据现有数据持续深化玉米性状分子机制解析、挖掘候选基因的同时,填补抗逆性研究将是未来的方向。

### 3 种质资源与遗传多样性

种质资源是玉米遗传育种的基础,在我国由于地域、气候等条件差异,玉米在种植过程中形成了丰富多样的地方品种,为种质改良和创新提供了基础<sup>[41]</sup>。划分玉米自交系杂种优势类群、建立杂优模式,对提高组配优势组合的概率具有重要指导意义<sup>[42]</sup>。利用SNP标记方法鉴定种质来源、划分优势类群,为遗传育种在分子层面提供了参考。

王江浩等<sup>[43]</sup>将由抗粗缩病K36与感病自交系S221构建的F<sub>2</sub>家系的24份玉米自交系划分为5个类群,分别是NSS群、P群、瑞德群、改良瑞德群和黄改群,据此筛选出抗病优势组合,产量超过了郑单958。刘杰等<sup>[17]</sup>为筛选耐冷种质资源,将95份玉米自交系划分为6个类群,分别是瑞德、旅大红骨、兰卡斯特、四平头、PB和混合群,其中四平头与旅大红骨的整体耐冷性高于其他类群。张鹏等<sup>[44]</sup>将云南107个自交系及45个骨干自交系划分为六大类群,分别是塘四平头、PB、335母本类群、自330和旅大红骨、2个未知类群,证明云南地区玉米种质资源遗传多样性较丰富。郭子锋等<sup>[45]</sup>将226份玉米种质划分为6个类群,分别是瑞德、兰卡斯特、PB、旅大红骨、四平头和热带类群。李晶晶等<sup>[46]</sup>将我国71份玉米骨干自交系分为5个类群,分别是坚秆综合种类(BSSS)、欧洲种质(Reid、P群)、国内种质(综3和综31等)、热带种质群、以登海505父本等为代表的群体,PIC值为0.10~0.50,说明我国玉米种质相对丰富。

SNP标记技术已成为玉米种质资源遗传结构分析、指导杂优组配的关键技术,为种质资源高效利用、定向育种创新等提供了科学依据。

### 4 品种鉴定与知识产权保护

品种特异性、一致性和稳定性检测,以及实质性派生品种评价是植物品种保护的两个重要概念。知识产权影响植物育种的每一个环节,包括遗传变异的产生、鉴定、转移、选择方法、遗传物质等<sup>[47]</sup>。GB/T 3543.11—2025《农作物种子检验规程 第11

部分:品种质量 品种真实性鉴定》和GB/T 3543.5—2025《农作物种子检验规程 第5部分:品种质量 品种纯度鉴定》规定:品种真实性验证或身份鉴定,允许采用简单重复序列(SSR)和SNP分子标记方法。分子标记在保护品种知识产权和监管中起到了补充作用。赵久然等开发了多款玉米SNP芯片,并构建近2万份玉米品种的SNP指纹库(<http://beijing.qianlong.com/2021/1018/6411998.shtml>)。

田红丽等<sup>[48]</sup>利用Maize 6H-60K芯片在遗传背景相似的893个DH系中分析,结果显示,893个DH系两两之间均有明确差异的SNP位点。这表明SNP标记可用于鉴别派生、近似自交系及DH系的遗传背景。徐磊等<sup>[49]</sup>利用25个SNP标记构建了市场上39个糯玉米品种DNA指纹图谱,并证明,所构建的指纹图谱可以将这39个品种区分开来,可用于鉴定其真实性。王蕊等<sup>[50]</sup>利用20个SNP标记检测京科968纯度,在检测的110个个体中,共检出1个自交苗和2个异型株,纯度为97.3%。

综上所述,SNP标记在基因层面对鉴定和保护玉米品种发挥着重要作用,目前少量SNP标记构建的指纹图谱已可以用来鉴定玉米品种的真实性。SNP技术的成熟将在商品种子的纯度检测、真实性鉴定等多方面发挥作用,为种业知识产权保护提供技术支撑。

### 5 结论与展望

SNP分子标记技术已深度融入玉米遗传育种的各个环节,通过GWAS和QTL定位,大量重要农艺性状的遗传位点及功能基因被发掘。然而,当前研究仍面临一些挑战:(1)多数GWAS研究仍停留在关联位点报道,功能验证工作相对滞后;(2)大部分SNP标记、QTL信息还处于实验室阶段,如何高效率转化为易于使用的分子标记并应用于育种实践,有待进一步深入研究;(3)当前研究多针对单一性状,未来需加强多性状协同改良的基因组选择(GS)研究。

随着测序成本的降低和生物信息学算法的创新,SNP技术将朝着更低成本、更高通量的方向发展。结合基因组选择(GS)、基因编辑(如CRISPR)、高通量表型组学和人工智能(AI)分析,SNP技术将助力玉米育种进入更精准、高效的智能设计育种新时代。

## 参考文献

- [1] Nuss E T, Tanumihardjo S A. Quality protein maize for Africa: closing the protein inadequacy gap in vulnerable populations. *Advances in Nutrition*, 2011, 2:217-224
- [2] 郭庆海. 中国玉米主产区的演变与发展. *玉米科学*, 2010, 18 ( 1 ): 139-145
- [3] 国家统计局. 中华人民共和国 2024 年国民经济和社会发展统计公报. 人民日报, 2025-03-01 ( 005 )
- [4] Guo Z, Wang H, Tao J, Ren Y, Xu C, Wu K, Zou C, Zhang J, Xu Y. Development of multiple SNP marker panels affordable to breeders through genotyping by target sequencing ( GBTS ) in maize. *Molecular Breeding*, 2019, 39:37
- [5] Guo Z, Yang Q, Huang F, Zheng H, Sang Z, Xu Y, Zhang C, Wu K, Tao J, Prasanna B M, Olsen M S, Wang Y, Zhang J, Xu Y. Development of high-resolution multiple-SNP arrays for genetic analyses and molecular breeding through genotyping by target sequencing and liquid chip. *Plant Communications*, 2021, 2:100230
- [6] Pereira L, Zheng X, Bybjerg-Grauholm J, Børglum A D. The Axiom<sup>TM</sup> genotyping solution for biobanking/Biobanking of Human Biospecimens. Springer Cham, 2021
- [7] Collard B C Y, Mackill D J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 2008, 363:557-572
- [8] Ingvarsson P K, Nathaniel R S. Association genetics of complex traits in plants. *New Phytologist*, 2011, 189:909-922
- [9] 于芮苏, 田小康, 刘斌斌, 段迎新, 李婷, 张秀英, 张兴华, 郝引川, 李勤, 薛吉全, 徐淑兔. 玉米抗倒伏相关性状 QTL 的关联和连锁分析. *作物学报*, 2022, 48 ( 1 ):138-150
- [10] 白明兴, 陈奋奇, 陆晏天, 丁永福, 姬祥卓, 彭云玲. 玉米主要株型性状与产量的全基因组关联分析. *核农学报*, 2020, 34 ( 12 ):2673-2680
- [11] 马雅杰, 鲍建喜, 高悦欣, 李雅楠, 秦文萱, 王彦博, 龙艳, 李金萍, 董振营, 万向元. 玉米株高和穗位高性状全基因组关联分析. *作物学报*, 2023, 49 ( 3 ):647-661
- [12] 秦文萱, 鲍建喜, 王彦博, 马雅杰, 龙艳, 李金萍, 董振营, 万向元. 玉米叶夹角性状的全基因组关联分析与关键位点优异等位变异挖掘. *作物学报*, 2022, 48 ( 11 ):2691-2709
- [13] 渠建洲, 冯文豪, 张兴华, 徐淑兔, 薛吉全. 基于全基因组关联分析解析玉米籽粒大小的遗传结构. *作物学报*, 2022, 48 ( 2 ):304-319
- [14] 李婷, 王亚鹏, 董远, 郭瑞士, 李冬梅, 唐雅伶, 张兴华, 薛吉全, 徐淑兔. 基于杂交群体解析玉米籽粒大小相关性状及其配合力的分子遗传机制. *作物学报*, 2022, 48 ( 10 ):2451-2462
- [15] 高嵩, 刘宏伟, 周旭东, 周德龙, 吕庆雪, 赵兴彦, 仲义, 夏远峰, 宋广树. 玉米粒宽的全基因组关联分析及候选基因结构预测. *分子植物育种*, 2021, 19 ( 12 ):3861-3867
- [16] 徐运林, 房浩, 周柏宇, 易月明, 王长进, 程昕, 余海兵. 甜玉米种质资源种子性状全基因组关联分析. *江苏农业学报*, 2021, 37 ( 2 ):289-295
- [17] 刘杰, 张春宵, 李淑芳, 郑大浩, 梁烜赫, 王宇, 刘文平, 刘学岩, 曹铁华, 李晓辉. 95 份玉米自交系萌发期耐冷性鉴评与遗传基础分析. *分子植物育种*, 2021, 19 ( 7 ):2391-2401
- [18] 单婷玉, 施雯, 王翌婷, 曹孜怡, 汪保华, 方辉. 玉米盐胁迫相关性状全基因组关联分析及候选基因预测. *遗传*, 2021, 43 ( 12 ):1159-1176
- [19] 王孜慧, 吉伟东, 魏杰, 王芸芸, 王后苗, 杨泽峰, 徐辰武, 李鹏程. 玉米氯酸盐抗性全基因组关联分析. *农业生物技术学报*, 2023, 31 ( 12 ):2443-2453
- [20] 谭静, 罗吉, 王文瑞, 王琨, 高佳琪. 玉米尾孢菌灰斑病抗性种质鉴定及其抗性基因分析. *江苏农业学报*, 2020, 36 ( 6 ):1373-1381
- [21] 宋炜, 李兴华, 王江浩, 张动敏, 张全国, 王立伟, 魏剑锋, 李荣改. 玉米抗玉米蚜种质的鉴定与抗性位点的定位分析. *核农学报*, 2020, 34 ( 11 ):2386-2396
- [22] 侯清桂, 张君, 田磊, 徐梦真, 邹欢, 毛棣, 陈彦惠, 吴连成. 基于 SNP 标记连锁图谱的玉米花期性状 QTL 定位. *玉米科学*, 2021, 29 ( 6 ):41-49
- [23] 郭爽, 王栋, 聂蕾, 何玥, 涂亮, 刘鹏飞, 郭向阳, 王安贵, 祝云芳, 吴迅, 陈泽辉. 玉米开花期相关性状的 QTL 定位与候选基因分析. *种子*, 2023, 42 ( 6 ):1-8
- [24] 孙家臣, 蒋辅燕, 尹兴福, 毕亚琪, 郭瑞佳, 胡灿, 王宇玲, 番兴明. 基于 BSA 的玉米花期相关性状基因定位. *玉米科学*, 2023, 31 ( 3 ):48-57
- [25] 李芳, 柳志华, 胡锦祥, 肖仁杰, 朱雪晴, 徐莹, 邓敏, 李瑞莲, 罗红兵, 黄成. 利用玉米 - 大刍草渗入系群体解析玉米茎长和茎粗的遗传基础. *农业生物技术学报*, 2021, 29 ( 2 ):216-223
- [26] 燕树锋, 范艳萍, 刘海芳. 基于 SNP 芯片玉米抗倒性状的 QTL 定位. *玉米科学*, 2022, 30 ( 2 ):29-34
- [27] 孙强, 任姣姣, 徐晓明, 李宗泽, 黄博文, 陈占辉, 吴鹏昊. 玉米株高和穗位高 QTL 定位和全基因组选择探究. *玉米科学*, 2022, 30 ( 4 ):40-47
- [28] 周文期, 张贺通, 何海军, 龚佃明, 杨彦忠, 刘忠祥, 李永生, 王娟, 连晓荣, 周玉乾, 邱法展. 调控玉米株高和穗位高候选基因 *Zndle1* 的定位. *中国农业科学*, 2023, 56 ( 5 ):821-837
- [29] 唐兰, 张艳茹, 邱贵兰, 李若楠, 赵丽, 吴元奇. 一份矮秆玉米表型鉴定和基因初步定位. *华北农学报*, 2023, 38 ( 2 ):1-13
- [30] 王琴娣, 石海春, 余学杰, 赵长云, 曲比伍合, 夏伟, 柯永培. 玉米 K718d 矮秆基因的定位及候选基因分析. *植物遗传资源学报*, 2023, 24 ( 2 ):559-568
- [31] 李晓伟, 马海林, 张人予, 王敏, 杨小红, 李建生. 玉米胚大小及其相关性状的 QTL 分析. *分子植物育种*, 2023, 21 ( 3 ):866-875
- [32] 王安贵, 赵强, 吴迅, 郭向阳, 刘鹏飞, 祝云芳, 陈泽辉. 基于高密度 SNP 标记对玉米籽粒相关性状的 QTL 定位. *分子植物育种*, 2021, 19 ( 10 ):3323-3328
- [33] 李萌园, 张文成, 高勇, 秦永田, 薄仕榕, 宋琨洋, 汤继华, 付志远. 玉米籽粒突变体 *crk4* 的基因克隆与等位性分析. *作物学报*, 2023, 49 ( 10 ):2613-2620
- [34] 蒋成功, 石慧敏, 王红武, 李坤, 黄长玲, 刘志芳, 吴宇锦, 李树强, 胡小娇, 马庆. 玉米籽粒突变体 *smk7* 的表型分析和基因定位. *作物学报*, 2021, 47 ( 2 ):285-293
- [35] 任文闯, 王欣, 张亚辉, 汤蕴琦, 黄君. 玉米籽粒皱缩突变体 *sh2021*

- 的表型分析和基因定位. 华南农业大学学报, 2023, 44 ( 5 ): 750–759

[36] 李宗泽, 徐晓明, 孙强, 杨彩霞, 许加波, 吴鹏昊. 玉米穗轴长与穗轴粗的 QTL 定位及全基因组预测. 中国农业大学学报, 2022, 27 ( 4 ): 44–52

[37] 赵强, 陈柔屹, 王安贵, 郭向阳, 刘鹏飞, 祝云芳, 吴迅, 陈泽辉. 基于高密度 SNP 标记对玉米穗部相关性状的 QTL 定位及候选基因分析. 玉米科学, 2021, 29 ( 3 ): 36–41

[38] 涂亮, 高媛, 刘鹏飞, 郭向阳, 王安贵, 何兵, 刘颖, 祝云芳, 吴迅, 陈泽辉. 玉米穗长主效 QTL *q21EL-GZ* 的精细定位. 植物遗传资源学报, 2021, 22 ( 5 ): 1394–1401

[39] 田志强, 李志敏, 贾琳, 李雪迎, 赵萧笛, 杜文杰, 李政, 白磊. 玉米大斑病抗病 QTL 的鉴定与效应分析. 江苏农业科学, 2021, 49 ( 20 ): 70–73

[40] 曹士亮, 于滔, 董玲, 刘宝民, 王成波, 李文跃, 杨耿斌, 武尔娜. 基于 SLAF-Super BSA 技术的玉米萌发期耐冷性定位的初步研究. 黑龙江农业科学, 2021 ( 2 ): 1–5

[41] 谢和霞, 范競升, 谢小东, 周海宇, 程伟东, 覃兰秋, 马全姿, 程芳丽, 石志斯, 江禹奉. 基于 SNP 标记分析广西玉米地方品种遗传多样性. 植物遗传资源学报, 2023, 24 ( 6 ): 1580–1590

[42] 王薪淇, 卢实, 李穆, 董亚琳, 孟令聪, 王敏, 路明. 36 份糯玉米骨干系类群划分及杂优模式预估. 东北农业科学, 2020, 45 ( 6 ): 1–4

[43] 王江浩, 王立伟, 张动敏, 郭瑞, 张全国, 李兴华, 魏剑锋, 宋炜, 王宝强, 李荣改. 基于分子标记技术玉米抗粗缩病种质资源的筛选与应用. 中国农业科学, 2023, 56 ( 10 ): 1838–1847

[44] 张鹏, 管俊娇, 黄清梅, 杨晓洪, 张建华, 康祝科. 基于 SNP 芯片的云南玉米自交系遗传多样性和群体遗传结构分析. 南方农业学报, 2020, 51 ( 9 ): 2082–2089

[45] 郭子锋, 王山荭, 刘蓓, 李文学, 王红武. 玉米低密度育种芯片开发及在种质资源评价中的应用. 植物遗传资源学报, 2022, 23 ( 1 ): 290–300

[46] 李晶晶, 张文洋, 王利锋, 王浩, 李会勇. 我国主推玉米品种亲本的遗传结构解析. 河南农业科学, 2021, 50 ( 1 ): 27–34

[47] 徐云碧, 王冰冰, 张健, 张嘉楠, 李建生. 应用分子标记技术改进作物品种保护和监管. 作物学报, 2022, 48 ( 8 ): 1853–1870

[48] 田红丽, 张如养, 范亚明, 杨扬, 张云龙, 易红梅, 邢锦丰, 王风格, 赵久然. Maize 6H-60K 芯片在玉米实质性派生品种鉴定中的应用分析. 作物学报, 2023, 49 ( 11 ): 2876–2885

[49] 徐磊, 徐志军, 安东升, 胡小文, 高玉尧, 刘洋. 基于 SNP 标记的糯玉米指纹图谱构建和遗传多样性分析. 分子植物育种, 2022, 20 ( 19 ): 6405–6414

[50] 王蕊, 施龙建, 田红丽, 易红梅, 杨扬, 葛建榕, 范亚明, 任洁, 王璐, 陆大雷, 赵久然, 王风格. 玉米杂交种纯度鉴定 SNP 核心引物的确定及高通量检测方案的建立. 作物学报, 2021, 47 ( 4 ): 770–779

( 收稿日期:2025-09-12 )

2025 年中国科协科技期刊双语传播工程——结构化论文入选文献

(中国种业)

## 优质水稻骨干品种五山丝苗的选育及应用

作者:黄道强,周少川,王重荣,李宏,王志东,周德贵,陈宜波,赵雷,龚蓉,潘阳阳

**创新点:**五山丝苗是广东省农业科学院水稻研究所育成的优质水稻品种,通过了4省品种审定和5省(区)引种备案,至2022年全国累计推广面积62万hm<sup>2</sup>。五山丝苗(R534)还是一个优异的恢复系,至2022年全国多个单位利用五山丝苗共配组杂交稻58个组合,108个(次)通过省级以上品种审定,其中国家审定57个(次),累计推广面积366.67万hm<sup>2</sup>。

中国种业,2023(6): 84-89,92

DOI: 10.19462/j.cnki.1671-895x.2023.06.034

主要农作物种子质量标准体系现状与展望

作者:李丹,王晓玉,杨玉,朱明东,段永红,谢红军,邓晶,余应弘

**创新点:**以稻、玉米、小麦、大豆、棉花5类农作物的种子质量标准体系为研究对象,分析比较国际上发达国家、重要组织与中国的现行标准体系的差异。

中国种业,2023(2):1-9

DOI: 10.19462/j.cnki.1671-895x.2023.02.038

## 76 份冬小麦品种(系)苗期耐旱性鉴定筛选研究

作者:杨丹丹,韩雪,孔欣欣,赵鹏飞,金建猛,赵国轩,苏亚中,赵国建

**创新点:**通过测定小麦苗期胚芽鞘长度,并利用变异系数分析法、聚类分析法等对小麦苗期抗旱性进行综合分析和评价,缩短抗旱小麦种筛选周期,提前对小麦进行抗旱性评价。

中国种业,2024 (2): 77-81

DOI: 10.19462/j.cnki.zgzy.20231110001