



周洋, 陈小央, 李燕, 张天宇, 韩庆辉, 王晓敏, 骆遥, 何军光, 赵光武. 基于GWAS对348份玉米种质资源的籽粒容重性状的分析[J]. 中国农业大学学报, 2025, 30(01): 14-26.

ZHOU Yang, CHEN Xiaoyang, LI Yan, ZHANG Tianyu, HAN Qinghui, WANG Xiaomin, LUO Yao, He Junguang, ZHAO Guangwu. A GWAS-based research on ketest weight in 348 maize germplasm resources[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(01): 14-26.

DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.01.02

基于GWAS对348份玉米种质资源的籽粒容重性状的分析

周洋^{1,3} 陈小央² 李燕² 张天宇¹ 韩庆辉^{1,3} 王晓敏^{1,3} 骆遥³
何军光⁴ 赵光武^{1,3*}

(1. 浙江农林大学 现代农学院, 杭州 311300;

2. 浙江省种子管理总站, 杭州 310000;

3. 义乌玉米科技小院, 浙江 义乌 322000;

4. 浙江新安化工集团股份有限公司, 浙江 建德 311600)

摘要 为深入挖掘玉米籽粒容重的相关优势基因,以348份包含普通玉米、甜玉米、糯玉米、爆裂玉米等遗传多样性丰富的玉米自交系为关联群体进行全基因组关联分析(Genome-Wide Association Study, GWAS),分别对2022年浙江东阳、2022和2023年海南乐东收获的自交系种子进行容重测定和全基因组关联分析,分析不同品种玉米籽粒容重性状差异,挖掘容重相关位点和控制容重的候选基因。结果表明:浙江东阳和海南乐东的玉米籽粒容重性状指标的频率分布呈单峰型曲线,符合正态分布。利用SNP标记全基因组关联分析,以阈值 $P>8.7$ 筛选出与玉米籽粒容重性状显著相关的SNP位点,2022年浙江东阳地区筛选出SNP位点146个,2022年海南乐东地区筛选出261个,2023年海南乐东地区筛选出705个,重叠SNP位点共67个,最终在相关SNP位点附近筛选出候选基因14个。其中,同时在浙江东阳(2022年)、海南乐东(2022和2023年)不同环境下均检测到的SNP *S3_219692500*位于*Zm00001d044129(Shrunken2)*基因区域,该基因为玉米甜度控制基因,即该基因突变后产生超甜玉米,籽粒皱缩,玉米容重下降。

关键词 玉米; 籽粒容重(KTW); 全基因组关联分析(GWAS); 候选基因

中图分类号 S330

文章编号 1007-4333(2025)01-0014-13

文献标志码 A

A GWAS-based research on ketest weight in 348 maize germplasm resources

ZHOU Yang^{1,3}, CHEN Xiaoyang², LI Yan², ZHANG Tianyu¹, HAN Qinghui^{1,3},
WANG Xiaomin^{1,3}, LUO Yao³, HE Junguang⁴, ZHAO Guangwu^{1,3*}

(1. College of Advanced Agricultural Sciences, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Hangzhou 311300, China;

2. Zhejiang Provincial Department of Agriculture seed management station, Hangzhou 310000, China;

3. Yiwu Science and Technology Backyard of Maize, Yiwu 322000, China;

4. Zhejiang Xin'an Chemical Industrial Group Co., Ltd., Jiande 311600, China)

Abstract To explore the advantageous genes related to maize test weight, a total of 348 maize inbred lines containing common maize, sweet maize, waxy maize, and popcorn as linkage populations were taken for

收稿日期: 2024-04-07

基金项目: 浙江省玉米种质资源精准鉴定评价项目(2022-2024); 杭州市科技发展计划(202203A02); 浙江省农业(旱粮新品种选育)新品种选育重大科技专项(2021C02064-4-3); 国家自然科学基金(32301833); 浙江省自然科学基金(LTGN24C130001)

第一作者: 周洋(ORCID: 0009-0005-8410-9162), 硕士研究生, E-mail: 2021601021006@stu.zafu.edu.cn

通讯作者: 赵光武(ORCID: 0000-0001-5646-9922), 教授, 主要从事种子科学与玉米遗传育种研究, E-mail: gwuzhao@126.com

genome-wide association analyses (GWAS). Test weight measurements and whole genome association analyses were conducted on self-crossing line breeding seeds of Dongyang, Zhejiang in 2022 and Ledong, Hainan in 2022 and 2023 to explore the differences in test weight among different varieties of maize, and to identify test weight-related loci and candidate genes that control test weight. The results showed that: The identification of harvested seed test weight in different regions revealed that the frequency distribution plots of seed test weight trait indicators in the two regions showed a single peaked curve, which was consistent with a normal distribution. Using genome-wide association analysis of SNP markers, the SNP loci significantly associated with maize test weight tolerance traits were screened in the range of threshold $P > 8.7$. 146 SNP loci were screened in the Dongyang region in 2022, 261 loci were screened in the Ledong region in 2022, 705 loci were screened in the Ledong region in 2023, and a total of 67 overlapping SNP loci were screened in the Ledong region. Finally, a total of 14 candidate genes were identified. Meanwhile, the SNP *S3_219692500* detected in Dongyang and Ledong was located in the *Zm00001d044129* (*Shrunken 2*) gene region, which is a corn sweetness control gene. The mutation of the gene produces super sweet corn, grain shrinkage and maize test weight decrease.

Keywords maize; kernel test weight; genome-wide association analysis; candidate gene

玉米(*Zea mays* L.)作为中国第一大作物,是我国重要的粮食、饲料以及工业原料^[1]。玉米容重(Test weight, TW)指玉米籽粒在单位容积内的质量,属于复杂的数量性状。玉米籽粒容重能够真实地反映玉米的籽粒均匀程度、饱满程度、成熟度以及使用价值^[2],因此容重可以作为玉米的重要品质指标。玉米容重是一种品质性状,与其他物理性状有密切的关系。容重的大小由籽粒的形状、含水量^[3]、内部结构^[4]等多方面因素决定。由容重的定义可知,等体积情况下,籽粒数目越多、质量越大,籽粒容重越高^[5]。胚乳细胞的增殖与发育也决定了籽粒的重量与质量^[6]。籽粒水分含量也与容重密切相关,已有研究表明玉米的籽粒容重与玉米粒重呈正相关关系^[7-8]。容重作为国际贸易中的重要质量定级因素,已经引起了国内外农业工作者的重视^[9]。解析容重的调控机制对培育高容重玉米新品种具有非常重要的意义。

随着测序技术、分子标记等技术的快速发展,为探究数量性状的分子机制提供基础^[10],许文理等^[11]利用 240 个双单倍体构建了群体的连锁图谱,最终找到了 5 个控制玉米容重性状的位点;韩新桐^[12]以 RIL 群体为材料,共检测到 2 个容重相关 QTL,分别位于第 3、7 号染色体上,各解释 5.61% 和 3.32% 的表型变异。Ding 等^[13]通过 $F_{2:3}$ 群体,共检测到 5 个控制容重的 QTL 位点,分别位于 chr 1、chr 2、chr 3、chr 4 和 chr 5 上,共解释了 25.2% 的表型变异。

浙江省有丰富的玉米种质资源^[14],但受到国内

外优良品种的冲击,再加上本地品种自身表型及基因型鉴定的深度和广度有所不足,导致大部分浙江玉米品种开发利用程度不高。容重偏低是限制我国玉米商品品质提升的主要原因之一^[15],目前关于玉米容重相关性状基因挖掘的研究鲜见报道,本研究以 348 份玉米种质为材料,对容重性状进行全基因组关联分析,利用 SNP 标记全基因组关联分析,探究不同品种玉米籽粒容重性状差异,挖掘玉米品种容重相关位点和控制容重的候选基因,以期选育高容重玉米品种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以 348 份玉米种质资源为材料,其中包括 296 份普通玉米、13 份甜玉米、37 份糯玉米和 2 份爆裂玉米。对玉米种质进行自交授粉 4 代提纯。2022 和 2023 年,分别种植于浙江省东阳市(120.33° E, 29.28° N, 海拔 161 m)、海南省乐东黎族自治县(108.93° E, 18.52° N, 海拔 212 m)。

1.2 试验方法

1.2.1 田间试验和取样

共 348 份玉米种质分别于 2022 和 2023 年在浙江东阳、海南乐东进行繁种和容重测定。在 2022 年浙江东阳繁种过程中,待玉米长至五叶一心期,收集 348 个自交系的玉米种质叶片分别采样,−80 °C 保存。每个试验点种植 3 个随机区组重复。每个材料种植 2 行,行距 65 cm,每行种植 20 株,株距 30 cm,按玉米种植标准进行田间种植和管理。在自交

系果穗吐丝前进行套袋,抽雄散粉后辅助人工授粉,待玉米成熟后收获果穗并经过风干、脱粒,取3个果穗中部均匀的种子混合编号备用。

1.2.2 玉米籽粒容重测定

在籽粒水分含率 $\leq 14\%$ 后脱粒,用浙江托普云农科技股份有限公司的GHCS-1000AP KTW测定仪按照GB 1353—2009《玉米》^[16]中容重测定方法检测容重指标。玉米种质收获后在籽粒水分含率 $\leq$

14%后,脱粒编号保存,同时测定每一批玉米籽粒的容重性状,试验数据测量重复3次,取平均值。

1.2.3 数据分析

利用Excel 2016软件和SPSS Statistics对不同环境下测得的籽粒容重性状数据进行分析,剔除异常值并计算最大值、最小值、平均数、标准差、变异系数,绘制正态分布图、群体频率分布图、群体描述图,对玉米籽粒容重表型指标进行方差分析等(表1)。

表1 方差分析模式
Table 1 Analysis of variance model

变异来源 Source of variation	df	方差 Variance	F
地点内区组 District group within the location	$r-1$	$SS_r/(r-1)$	MS_r/MS_e
环境(E) Environment	$E-1$	$SS_E/(E-1)$	MS_E/MS_e
品种(V) Variety	$V-1$	$SS_V/(V-1)$	MS_V/MS_e
环境 $\times$ 品种 $E \times V$	$(E-1) \times (V-1)$	$SS_{EV}/(E-1) \times (V-1)$	MS_{EV}/MS_e

注: E, 环境数; V, 品种数。
Notes: E, number of environments; V, number of varieties.

1.3 玉米基因型数据的获得

在2022年春季繁种过程中,待玉米长至五叶一心期,收集348个自交系的玉米种质叶片分别采样,其中包括纯合度较高的248个玉米种质自交系和100个国内外骨干自交系,送往北京百迈客生物科技有限公司进行基因组重测序构建基因型图谱。筛选最小基因型频率(MAF) $\geq 5\%$ 和SNP检出率 $\geq 5\%$,同时杂合率 $\leq 5\%$ 的高质量SNP标记用作后续分析,基因型数据参见基因组变异数据库GVM(<https://ngdc.cncb.ac.cn/gvm/getProjectDetail?Project=GVM000819>)。

1.4 最佳K估算及群体结构分析

群体结构图使用Structure软件2.3.4进行分析,其中最佳K预估使用Structure Harvester软件进行可视化处理。

1.5 全基因组关联分析

利用前期筛选出的高质量SNPs进行全基因组关联分析。进行关联分析时采用Tassel 5.0软件的一般线性模型(MLM)中的主成分分析(PCA)以及亲缘关系矩阵(K)作为混合模型对玉米籽粒容重性

状进行标记点位的关联分析。亲缘关系评估(Kinship K)通过Tassel 5.0构建。自交系间的PCA利用R软件里的SNP Related packet构建。以 $P < 0.05$ 为标准,根据0.05/SNP数量计算得到阈值,并根据此标准筛选显著关联的SNP点位于下一步分析。2个模型的关联分析结果得出后利用Excel 2016、R软件(R version)及ggplot 2等作图,绘制Quantile-quantile散点图做比较分析,选择最优的关联模型,做出关联的曼哈顿图(Manhattan Plots)、QQ散点图,通过阈值筛选出2个地区显著关联的SNPs位点,在经过2个地区SNP位点的匹配筛选出重叠的候选基因,在2个环境中的重叠位点表明该位点较稳定,受环境因素影响更小,更适合进行进一步的候选基因选择解析。

2 结果与分析

2.1 表型数据分析

对348份玉米种质资源进行整理,将所有玉米分为普通玉米、甜玉米、糯玉米、爆裂玉米4类,分别在浙江东阳、海南乐东两地进行种植,在收获后测

定玉米籽粒容重。2022 年浙江东阳共检测样品 193 份,其中普通玉米 151 份、甜玉米 12 份、糯玉米 28 份、爆裂玉米 2 份;2022 年海南乐东共检测样品 215 份,其中普通玉米 170 份、甜玉米 13 份、糯玉米 30 份、爆裂玉米 2 份;2023 年海南乐东共检测样品 233 份,其中普通玉米 197 份、甜玉米 10 份、糯玉米 24 份、爆裂玉米 2 份(表 2)。

由表 3 可知,籽粒容重均值最大的为种植于 2022 年海南乐东试验点的爆裂玉米,容重均值为 675.00 g/L。容重均值最小的为种植于 2022 年浙江东阳试验点的甜玉米,容重均值为 355.30 g/L。极差最大的为种植于 2023 年海南乐东试验点的普通玉米,为 512.90 g/L,2022 年浙江东阳试验点的爆裂型玉米籽粒极差最小,为 42.11 g/L。

表 2 不同地区容重测定品种分类

Table 2 Classification of varieties based on test weight measurements in different environments

年份 Year	地点 Site	普通玉米 Normal corn	甜玉米 Sweet corn	糯玉米 Waxy corn	爆裂玉米 Popcorn
2022	东阳 Dongyang	151	12	28	2
	乐东 Ledong	170	13	30	2
2023	乐东 Ledong	197	10	24	2

表 3 不同地区不同玉米类型容重性状群体描述

Table 3 Description of test weight for different maize types in various environments

环境 Environment	类型 Type	最大值/(g/L) Max	最小值/(g/L) Min	极差/(g/L) Range	平均值/(g/L) Average value	标准差 SD	变异系数 CV
2022 年东阳 Dongyang in 2022	普通玉米 Normal corn	904.00	488.24	415.76	633.56	61.65	0.097 3
	糯玉米 Waxy corn	780.00	496.00	284.00	603.21	62.56	0.103 7
	甜玉米 Sweet corn	458.33	310.53	147.81	355.30	43.31	0.121 9
	爆裂玉米 Popcorn	652.63	610.53	42.11	631.58	29.77	0.047 1
2022 年乐东 Ledong in 2022	普通玉米 Normal corn	819.44	547.06	272.39	703.07	46.28	0.065 8
	糯玉米 Waxy corn	784.85	500.00	284.85	686.42	63.15	0.092 0
	甜玉米 Sweet corn	534.78	366.67	168.12	440.89	50.88	0.115 4
	爆裂玉米 Popcorn	800.00	730.00	70.00	675.00	49.50	0.064 7
2023 年乐东 Ledong in 2023	普通玉米 Normal corn	817.50	304.60	512.90	667.95	100.05	0.149 6
	糯玉米 Waxy corn	806.95	461.50	344.50	720.25	96.67	0.146 6
	甜玉米 Sweet corn	806.00	679.00	127.00	728.57	134.51	0.272 8
	爆裂玉米 Pop corn	771.75	709.20	62.55	740.48	44.23	0.059 7

由表4可知,玉米容重性状平均值按类型由高到低分别为:爆裂玉米(713.01 g/L)>普通玉米(670.54 g/L)>糯玉米(648.57 g/L)>甜玉米(401.31 g/L);不同地点的联合分析容重值最大为爆裂玉米;联合分析的玉米籽粒容重极差为593.47,总体跨度较大,种类多样丰富,变异较大,平均变异系数(CV)达13.86%,各种类的总体CV处于11.65%~19.9%,其中在不同种类中CV最大的为甜玉米,CV为19.9%,且甜玉米的容重均值在所有种类中最低。

表 4 不同地区玉米种质容重性状联合分析

Table 4 Combined analysis of test weight traits of maize germplasm in different environments

玉米类型 Type of maize	最大值/(g/L) Max	最小值/(g/L) Min	极差/(g/L) Range	平均值/(g/L) Average	标准差 SD	变异系数/% CV
普通玉米 Normal corn	904.00	378.38	525.62	670.54	78.11	0.116 5
糯玉米 Waxy corn	806.95	461.50	344.50	648.57	82.45	0.127 1
甜玉米 Sweet corn	647.24	310.53	336.72	401.31	79.87	0.199 0
爆裂玉米 Popcorn	800.00	610.53	189.47	713.01	79.80	0.111 9

由图1可知,2022年浙江东阳、2022和2023年海南乐东的容重频率分布图都属于正态分布状态,符合关联分析的原则。2022年浙江东阳,籽粒容种主要集中在600~630 g/L,570~600 g/L频率次之;2022年海南乐东籽粒容种的最高频率出现在690~720 g/L,其次是在660~690 g/L;2023年海南乐东,玉米籽粒容重范围主要集中在690~720 g/L,720~750 g/L频率次之。

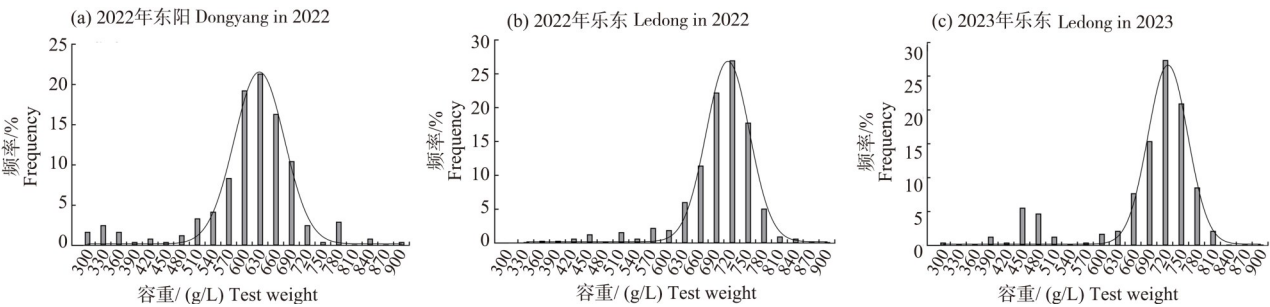


图 1 玉米品种容重性状在不同地区的群体分布

Fig. 1 Population distribution of test weight traits in different regions

2.2 不同地区容重联合方差分析

由表5可知,以种质品种容重值为因变量,不同地区、玉米品种为自变量分组进行分析,设置 $\alpha=0.05$ 。 F 检验结果说明,容重受品种、环境以及品种与环境交互作用的显著影响,差异水平达到极显著水平($P<0.001$)。

2.3 348份玉米种质资源分级

根据GB1353—2009《稻谷及玉米标准实施指南》^[16]中等级定级标准分类,将不同地区玉米种质容重分档(表6)。从表中可看出,一级容重标准占

比最高的为2023年海南乐东地区,前三等次容重合计占比最高的为2023年海南乐东地区,相比之下,2022年浙江东阳地区一级、二级容重种子占比最少,由此看来,3个地区相比,2023年海南乐东试验群体的种子具有更高的容重。从不同地区容重性状联合分析占比数据看,一级容重籽粒占比30.07%,二级容重种质占比22.48%,前2个等级的容重种质占比超过1/2,群体容重性状整体较为优质。未来培育高容重玉米新品种时,可以选取其中优质种质进行选育。

表 5 不同地区玉米种质容重性状联合分析

Table 5 Combined analysis of kernel test weight traits of maize germplasm in different region

变异来源 Source of variation	III 类平方和 Class III sum of squares	df	均方差 Mean square deviation	<i>F</i>	显著性 Significance
环境 (E) Environment	564 290. 651	2	282 145. 325	47. 825	<0. 001**
品种 (V) Variety	660 485. 499	3	220 161. 833	37. 318	<0. 001**
环境 × 品种 E × V	832 536. 272	6	138 756. 045	23. 52	<0. 001**
误差 Error	5 799 258. 293	983	5 899. 551		
总变异 Total variation	4. 59 × 10 ⁸	995			

表 6 不同容重等级玉米品种占比

Table 6 Proportion of maize varieties with different grade of test weight %

等级 Grade	容重 ^① /(g/L) Test weight	2022 年东阳 Dongyang in 2022	2022 年乐东 Ledong in 2022	2023 年乐东 Ledong in 2023	平均 Average
1	≥720	4. 20	37. 67	50. 39	30. 07
2	≥685	7. 56	30. 23	30. 07	22. 48
3	≥650	11. 34	16. 74	10. 93	13. 95
4	≥620	20. 17	5. 58	2. 34	10. 07
5	≥590	16. 81	3. 26	2. 73	8. 21
6	<590	21. 01	6. 51	3. 51	15. 19

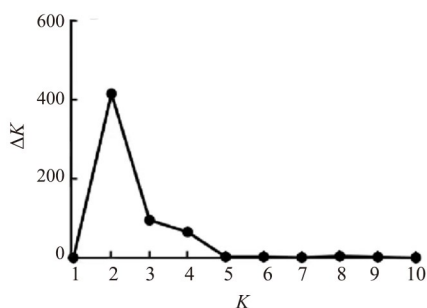
注：①来源于 GB1353—2009《稻谷及玉米标准实施指南》^[16]容重等级标准。

Notes: ① Derived from GB1353-2009 Guidelines for the implementation of standards for rice and corn^[16] test weight grade standard.

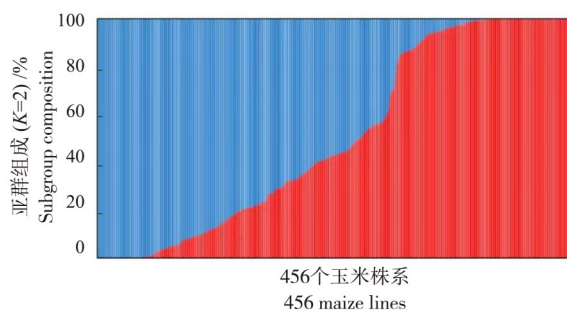
2.4 全基因组关联分析及候选基因挖掘

利用基因型测序 (GBS) 对 348 份种质进行基因测序,其中包括 248 份纯合度较高的种质和 100 份骨干自交系。使用贝叶斯模型对群体分群状况进行分析发现,当 $K=2$ 时 ΔK 最大,即该群体分为 2 个亚群较为合适(图 2(a)),进一步按照 $K=2$ 绘制了该群体结构分布图(图 2(b))。筛选出最小等位基因频率 (MAF) ≥ 5%, SNP 检出率 ≥ 5% 同时杂合率 ≤ 5% 的高质量 SNP 用于后续分析。从 Maizeggo 网站获

得高密度 SNP 类型的数据。利用 348 个玉米品系的籽粒容重测量值和前期从 maizeggo 网站获得的高密度 SNP 数据,通过混合线性模型 (MLM) 以及一般线性模型 (GLM) 的 PCA + K 模型对浙江东阳、海南乐东的玉米籽粒容重性状进行全基因组关联分析。通过全基因组关联分析挖掘到与玉米籽粒容重性状显著相关的 SNP 点位在 2022 年浙江东阳、2022 年海南乐东以及 2023 年海南乐东分别有 146、261、705 个,分布在 10 条染色体上。



(a) 基于贝叶斯模型预估最佳 K
(a) Best K value estimated based on Bayesian Mode



(b) $K=2$ 的群体结构图
(b) Population structure diagram with $K=2$

图 2 群体结构分析图

Fig. 2 Population structure analysis diagram

由图3可知,本研究群体共包含22 642 752个标记,107 312个/Mb。1号染色体共包含3 243 773个SNP标记,10 566个/Mb;2号染色体共包含2 518 888个SNP标记,10 323个/Mb;3号染色体共包含2 543 280个SNP标记,10 822个/Mb;4号染色体共包含3 028 482个SNP标记,12 261个/Mb;5号染色体共包含2 402 212个

SNP标记,10 724个/Mb;6号染色体共包含1 692 094个SNP标记,9 725个/Mb;7号染色体共包含1 974 320个SNP标记,10 848个/Mb;8号染色体共包含1 949 885个SNP标记,10 773个/Mb;9号染色体共包含1 646 592个SNP标记,10 291个/Mb;10号染色体共包含1 643 225个SNP标记,10 882个/Mb。

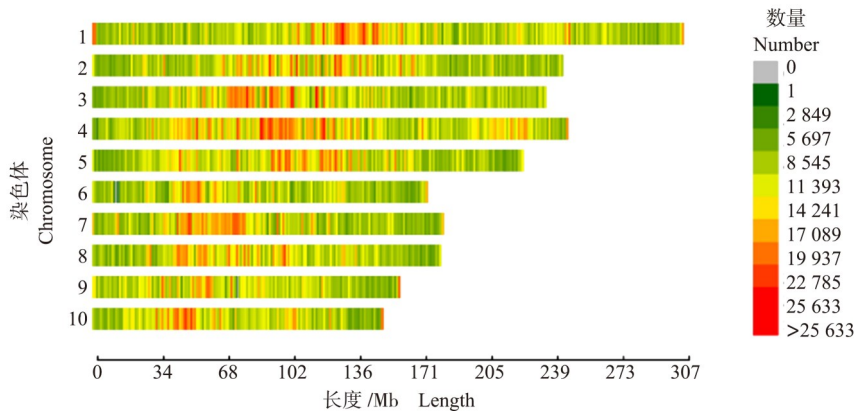
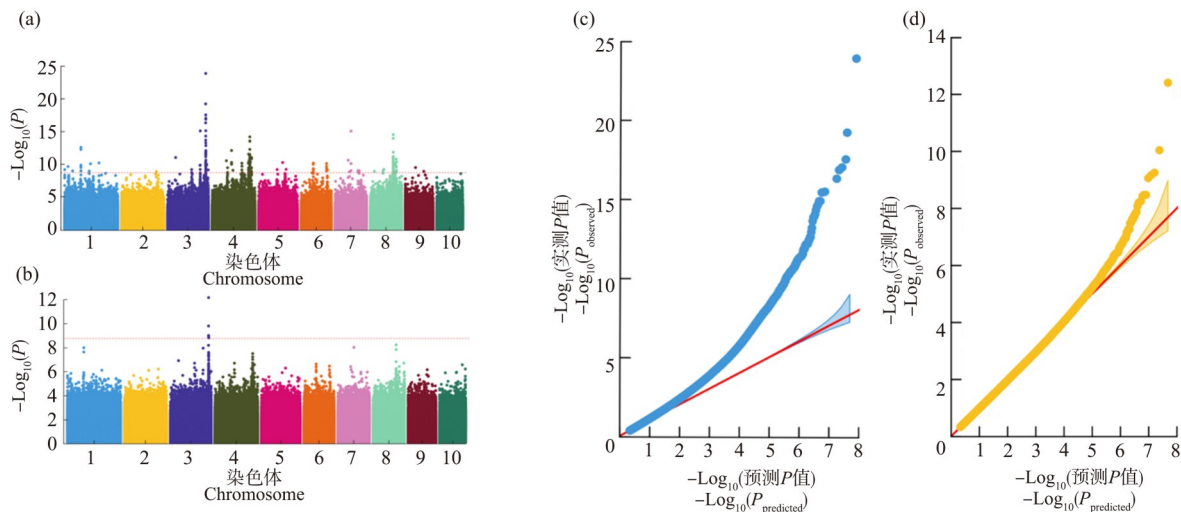


图3 全基因组SNP标记密度
Fig. 3 SNP marker density on the whole genome

通过一般线性模型(GLM)和混合线性模型(MLM)对不同地区容重性状关联位点进行分析。在2022年浙江东阳检测到261个显著位点,主要分布于第3、4、8号染色体上,分别包含63、105和57个显著性SNP位点,平均解释了表型变异约1.68%(图4)。在2022年海南乐东检测到146个与容重显

著相关SNP位点,主要分布于第3、4、5和8号染色体上,分别包含25、32、29和37个显著性SNP位点(图5),平均解释了表型变异约2.56%。在2023年海南乐东检测到705个显著位点,主要分布于第3、4、5和8号染色体上,分别包含10、92、521和33个显著性位点,平均解释了表型变异约3.29%(图6)。



(a)、(b)分别为GLM、MLM模型下的曼哈顿图;(c)、(d)分别为GLM、MLM模型下的Q-Q图
(a) and (b) are Manhattan plot under GLM and MLM model, respectively; (c) and (d) are Q-Q plot under GLM and MLM model, respectively

图4 2022年浙江东阳容重性状点位分析

Fig. 4 Point analysis of test weight in Dongyang, Zhejiang in 2022

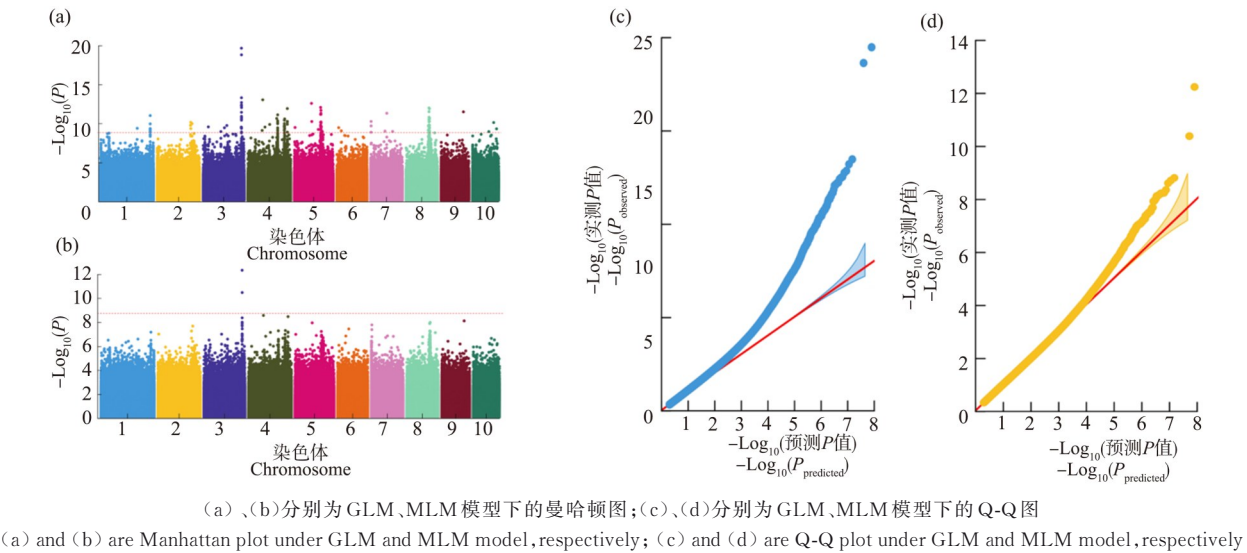


图 5 2022 年海南乐东容重性状点位分析

Fig. 5 Point analysis of test weight in Ledong, Hainan in 2022

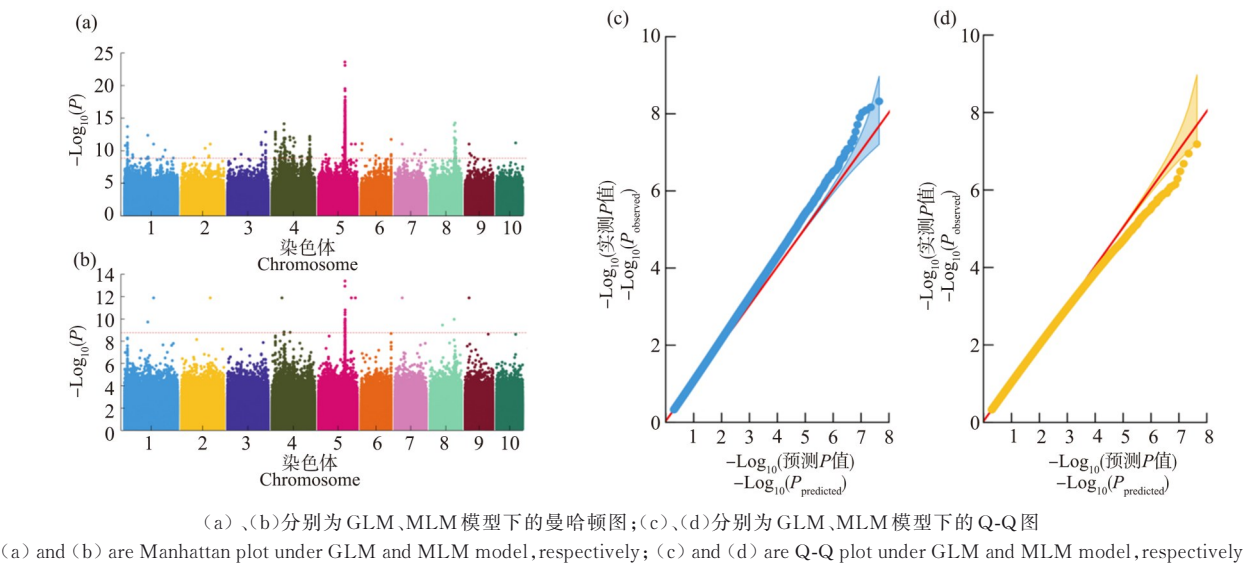


图 6 2023 年海南乐东容重性状点位分析

Fig. 6 Point analysis of test weight in Ledong, Hainan in 2023

对不同容重性状关联的显著位点进行分析,共发现 4 个重叠位点(图 7)。从显著 SNPs 的位置分布来看,容重相关的显著 SNP 位点主要分布在 1、3、4、8 号染色体(表 7),解释表型变异的范围在 0.99%~4.35%,其中位于第 3 和第 4 染色体上的 S4_82474714、S4_227536020 和 S7_92563528 解释了相对较高的表型变异率,分别为 4.35%、4.17% 和 4.12%。

在所有重叠的 67 个显著 SNP 位点附近共发现 14 个候选基因,分布在 1、3、4、8 号染色体上,通过基因功能注释发现 14 个候选基因功能涉及淀粉合成、蛋白翻译、

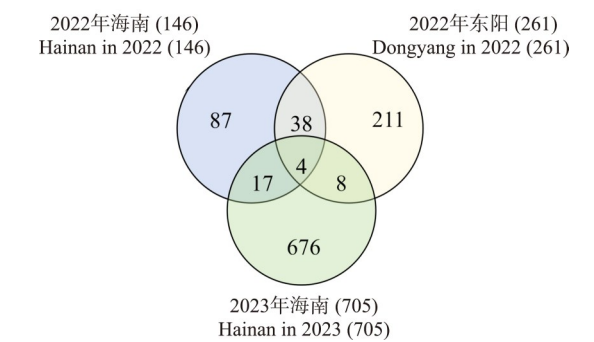


图 7 重叠的籽粒容重性状显著关联 SNP 点位数

Fig. 7 Test weight traits overlap in three plots significantly correlated with the number of SNP sites

信号传导等(表7),其中在重叠位点 S3_219692500、S3_219696442、S3_219986753SNP 附近发现的候选基因 *Zm00001d044116*、*Zm00001d044129*、*Zm00001d044130*。 *Zm00001d044116* (*Rae1*) 编码 RNA export factor 1,该基因通过促使 ABA 受体降解负调控 ABA 信号途径,在胚、穗的原始细胞、叶、根部分裂细胞、营养

器官的分生组织等中均有表达(图 8(a));*Zm00001d044129*(*Shrunken2*)编码 RNA export factor 1,与玉米籽粒的甜度以及籽粒的淀粉生物合成相关;*Zm00001d044130*编码 50S ribosomal protein L31(核糖体蛋白 L31); *Zm00001d044135*编码丙氨酸转氨酶是一种吡哆醛酶,与糖酵解过程中丙酮酸的利用有关。

表 7 候选基因预测
Table 7 Prediction of candidate gene

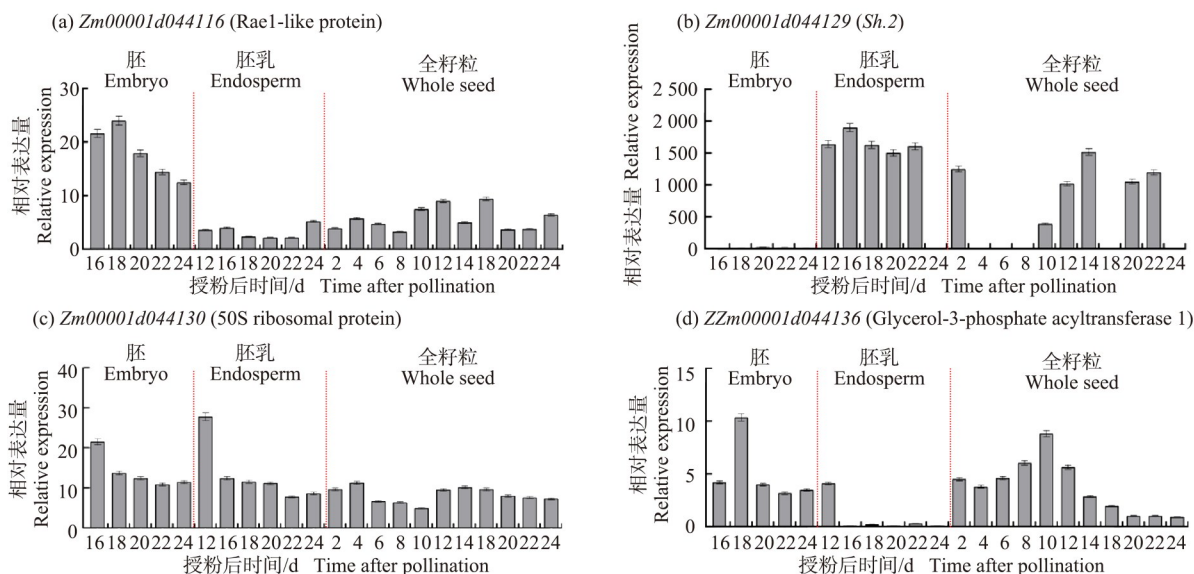
候选基因 Gene ID	染色体 Chromosome	起始位置(bp) Start	结束位置(bp) End	功能注释 Gene annotation
<i>Zm00001d028795</i>	1	46 571 275	46 573 368	磷脂酰转移酶 3 Phosphatidate cytidyltransferase 3
<i>Zm00001d044116</i>	3	219 691 690	219 699 173	Rae-1 相似蛋白 Rae1-like protein
<i>Zm00001d044129</i>	3	219 979 958	219 989 574	葡萄糖-1-磷酸腺苷酸转移酶大亚基叶绿体/淀粉样变体 Shrunken 2, Glucose-1-phosphate adenylyl transferase large subunit chloroplastic/amyloplastic
<i>Zm00001d044130</i>	3	220 029 482	220 030 389	50S 核糖体蛋白 L31 50S ribosomal protein L31
<i>Zm00001d044135</i>	3	220 066 585	220 067 204	丙氨酸转氨酶 2 线粒体 Alanine aminotransferase 2 mitochondrial
<i>Zm00001d044136</i>	3	220 098 352	220 104 557	甘油-3-磷酸酰基转移酶 1 Glycerol-3-phosphate acyltransferase 1
<i>Zm00001d044144</i>	3	220 423 612	220 429 992	CTD-磷酸酶样蛋白 CTD-phosphatase-like protein
<i>Zm00001d051841</i>	4	171 944 564	171 945 084	
<i>Zm00001d051849</i>	4	172 182 519	172 202 452	转录因子 JumonjiC(jmjC) 结构域的蛋白 Transcription factor jumonjiC (jmjC) domain-containing protein
<i>Zm00001d053047</i>	4	210 525 314	210 525 955	
<i>Zm00001d053048</i>	4	210 544 821	210 547 768	富含亮氨酸的重复受体样蛋白激酶 Probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase
<i>Zm00001d053168</i>	4	217 742 350	217 753 101	ATP 结合蛋白(推测含 ACT 结构域的蛋白激酶家族蛋白) ATP binding protein Putative ACT-domain containing protein kinase family protein
<i>Zm00001d053170</i>	4	217 792 677	217 793 392	信号识别粒子相关/SRP 相关 Signal recognition particle-related / SRP-related
<i>Zm00001d008092</i>	8	132 642 848	132 646 268	

通过公共数据库 (https://qteller.maizegdb.org/generate_figures_B73v4.php) 对候选基因的组织表达谱进行查询。*Zm00001d044116* 在授粉后 16、

18、20、22 d 胚中的表达量较高,在胚乳中表达量较低,在整个籽粒中其表达量基本保持稳定(图 8(a)); *Zm00001d044129* 在授粉后 12、16、18、20、22 d 胚乳

中的表达量均较高,在胚中基本不表达,在全籽粒中呈现出在种子发育后期表达的趋势;*Zm00001d044130*在授粉后不同d的胚和胚乳中皆有表达,其中授粉后16 d的胚、12 d的胚乳中表达量较高,在整个籽粒

中其表达量基本稳定(图8(c));*Zm00001d044136*在授粉后的胚中表达,尤其在授粉后18 d的胚中表达量最高,在胚乳中基本不表达,在整个籽粒中呈现先升高再降低最后又升高的趋势,见图8(d)。



数据来源于 Stelpflug 等^[32]和 maizeGDB 数据库(https://qteller.maizegdb.org/index_B73v4.php)。

Date are adapted from Stelpflug et al^[32] and maizeGDB(https://qteller.maizegdb.org/index_B73v4.php)。

图8 *Zm00001d044116*、*Zm00001d044129*、*Zm00001d044130*与*Zm00001d044136*的表达情况

Fig. 8 Expression profile of *Zm00001d044116*, *Zm00001d044129*, *Zm00001d044130* and *Zm00001d044136*

3 讨论

3.1 玉米籽粒容重性状的影响因素

玉米籽粒容重是复杂的数量性状^[17-18]。本研究选择2022年浙江东阳、2022和2023年海南乐东作为试验点对348份玉米种质资源进行容重性状的差异性分析发现,不同品种间的容重存在差异,浙江东阳地区不同品种的自交系容重差异较大,群体极差达593.47 g/L;从基因型看,不同基因型的玉米籽粒容重差异显著。宋秀娟等^[9]研究发现,容重与籽粒水分含量之间的相关系数达到显著水平,甜质型玉米籽粒因内部含有较高的水溶性多糖、粗脂肪、淀粉以及多种游离的氨基酸和维生素,而其中淀粉的占比较其他种类玉米更少,因此,甜质型玉米的籽粒容重相对低^[19],这与甜质型玉米的容重在浙江东阳与海南乐东的数值均处于较低水平的结果相符。袁凡等^[5]研究表明,播期对玉米籽粒容重的影响达显著水平。本研究于2022年春、2022年秋以及2023年秋季,分别在浙江东阳、海南乐东两地的玉米种质进行播种,不同气候条件籽粒容重性状

也随之变化,2022年春季浙江东阳一级容重种子占比4.2%、2022年秋季海南乐东一级容重种子占比37.67%、2023年秋季海南乐东一级容重种子占比达到50.39%;从播种地区来看,不同试点的同一玉米种质籽粒容重由高到低为:2023年海南乐东>2022年海南乐东>2022年浙江东阳,且差异显著,各地区的玉米容重变异范围在4.7%~27.2%;方差分析结果也显示,环境、品种、环境×品种对容重性状都呈现极显著影响。其原因可能是因为不同地区的空气湿度、降水量以及光照等环境因素造成了所有种质品种在不同地区的变异和差别,影响玉米数量性状的重要因素之一就是基因与环境互作^[20]。本研究中,海南乐东的籽粒容重2023年较2022年整体表现较好的原因可能是2023年降水量充足,病虫害较少。

3.2 分析玉米基因型及筛选显著SNP点位

玉米籽粒容重性状的遗传机制较为复杂^[21-22]。本研究通过对高容重性状群体筛选出SNP位点并进行比较。常规的阈值为0.01/N,其中N为基因型的标记数量(SNP的数量),以此计算出阈值为8.7,

因此以阈值 8.7 为标准筛选出显著相关的 SNP 位点。在 2022 年浙江东阳、2022 和 2023 年海南乐东分别定位到 104、219 和 705 个容重性状显著相关的 SNP 位点。使用 plink 2 对 LD 衰减平均速度计算得到其为 2.05 kb, 对关联 SNP 这个范围内的候选基因进行筛选通过比对海南乐东与浙江东阳地区的显著 SNP 位点, 共发现 67 个共同定位点, 这些位点分布在 1、3、4、8 号染色体, 解释表型变异的范围为 0.99%~4.35%。这些位点可能与玉米籽粒的胚乳、胚基因控制效应相关, 遗传机制较复杂同时受到环境因素的影响较大。乔峰^[23]通过 CUBIC 群体定位到的解释表型变异>5% 的位点分别位于 1、7、10 号染色体, 加性效应值范围在 1.19~13.56 g/L。

3.3 候选基因的挖掘

种质资源创新是高品质玉米育种和玉米自交系改良的基础^[24]。结合相关 SNP 关联位点筛选, 对玉米籽粒容重性状进行候选基因匹配搜索, 检测到籽粒甜度、淀粉积累相关基因、调控脱落酸 ABA 相关基因、信号转导相关基因等多种功能基因^[25], 说明容重性状遗传基础复杂, 进行分子标记辅助育种对于探索玉米容重遗传机制十分重要。在所有重叠的显著 SNP 位点附近共发现包括 67 个候选基因, 且多个基因已有相关报道^[26-29]。

S3_219692500 位点附近的 *Shrunken2* (*sh2*, gene id: Zm00001d044129) 为已报道的基因^[26]。Ruanjaichon 等^[24]在对甜玉米进行全基因组关联分析时筛选到 1 个 SNP 位点 AX_91848634 距离 *sh2* 仅 65 kb, *sh2* 能显著提高胚乳糖水平。此外, *sh2* 还与玉米籽粒的淀粉生物合成相关, 它能编码异四聚体酶的大亚基、二磷酸腺苷葡萄糖焦磷酸化酶 (AGP) 和 1 个限速酶^[26]。*sh2* 功能缺失突变体导致 AGP 活性显著降低, 从而导致蔗糖无法转化为 ADP 影响淀粉前体的生物合成, 最终导致籽粒内淀粉含量低下^[26]。表达谱的数据也发现该基因在胚乳、籽粒发育过程中的表达量很高, 进一步说明该基因与玉米籽粒容重形成有关。

在 SNP 位点 S3_219692500 和 S3_219696442 附近的 *Zm00001d044116* (*RAE1*) 具有很高的 *P*, 编码 RNA export factor 1, 该基因在胚、胚乳中的表达量较高 (图 8), Li 等^[27]在对拟南芥的研究中发现, 在拟南芥中过表达 *AtRAE1* 会导致植物对 ABA 的敏

感性降低, 而抑制 *AtRAE1* 则会导致植物对 ABA 的敏感性增加。该基因可能通过调节 ABA 受体的降解参与 ABA 信号转导。但是其调控玉米容重的分子机制仍不清楚。

S3_219986753 位点附近的 *Zm00001d044130* 也有过相关报道, Ueta 等^[28]报道 *Zm00001d044130* 编码的核糖体蛋白 L31 在大肠杆菌中影响翻译活性, 缺乏 L31 的核糖体翻译活性比具有完整 L31 核糖体低 40%, 表明在大肠杆菌中 L31 参与了翻译。通过分析 *Zm00001d044130* 的组织表达谱发现, 除了在胚乳与籽粒中有表达, *Zm00001d044130* 在受到胁迫时表达量也出现上升的情况, 在叶片的表达量也很高, 推测 *Zm00001d044130* 能够通过增强植株的整体抗逆性来提高叶片的光合能力, 保证生物量的积累。

S3_220077926 位点附近的 *Zm00001d044136* 编码甘油-3-磷酸酰基转移酶 1 (GPAT1)。在三酰甘油的合成过程中, 甘油三磷酸酰基转移酶 (GPAT) 是合成途径中第一步反应的关键酶^[29], 生物合成的限速酶, 最终将脂肪酸催化形成三酰甘油, 改变 GPAT 活性影响油脂的组成和积累。GPAT 还在植物中参与调节生长发育、脂质的合成^[30]和逆境应答等过程。鲁中爽等^[31]对大豆油脂的合成途径及关键酶 GPAT 基因的研究发现, GPAT 基因的表达影响脂肪酸的合成, 对油脂含量起到调控作用。

4 结 论

本研究利用 348 份玉米自交系群体对 2022 年浙江东阳、2022 和 2023 年海南乐东收获种子的容重性状进行全关联分析, 分别定位到 146、261 和 705 个显著 SNP 位点, 不同环境下重叠 SNP 位点 67 个, 分布在 14 个基因附近, 其中 SNP S3_219692500 位点附近的 *Zm00001d044129* (*Shrunken 2*) 基因在发育的玉米胚乳中表达, 可能通过影响淀粉合成影响容重; *Zm00001d044116* (*RAE 1*)、*Zm00001d044130* (核糖体蛋白编码基因)、*Zm00001d044136* (甘油-3-磷酸酰基转移酶 1 编码基因) 在玉米胚、胚乳、籽粒中表达, 分别与 ABA 信号通路、蛋白质合成、油脂合成相关。

参考文献 Reference

- [1] 张红宇, 王洪铎. 玉米高产种植技术分析[J]. 种子科技, 2023, 41(12):

- 88-90
- Zhang H Y, Wang H D. Analysis on high-yield planting techniques of maize[J]. *Seed Science & Technology*, 2023, 41(12):88-90(in Chinese)
- [2] 高春霞. 对玉米容重检验方法的初步探讨[J]. 黑龙江农业科学, 2001(5): 44-45
- Gao C X. Preliminary discussion on the testing method of corn bulk density [J]. *Heilongjiang Agricultural Science*, 2001 (5) : 44-45 (in Chinese)
- [3] 刘海天, 马晶, 刘武仁. 关于影响玉米籽粒容重的栽培技术研究[J]. 农业与技术, 2016, 36(5):89-91
- Liu H T, Ma J, Liu W R. Study on cultivation techniques affecting the bulk density of maize seeds [J]. *Agriculture and Technology*, 2016, 36 (5):89-91(in Chinese)
- [4] 车海先, 李海玉. 玉米容重影响因素浅析[J]. 粮食与食品工业, 2011, 18 (1):56-58,61
- Che H X, Li H Y. Analysis of f influencing factors on maize test weight [J]. *Cereal & Food Industry*, 2011, 18(1):56-58,61(in Chinese)
- [5] 袁凡, 郑云霄, 刘强, 黄亚群, 刘涵, 赵永锋, 贾晓艳, 祝丽英, 陈景堂, 郭晋杰. 不同种植密度下玉米籽粒容重全基因组关联分析[J]. 农业生物技术学报, 2021, 29(8):1473-1484
- Yuan F, Zheng Y X, Liu Q, Huang Y Q, Liu H, Zhao Y F, Jia X Y, Zhu L Y, Chen J T, Guo J J. Genome-wide association study of maize (*Zea mays*) kernel test weight under different planting densities [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2021, 29 (8) : 1473-1484 (in Chinese)
- [6] 张丽. 玉米容重差异的形成机理及措施调控[D]. 泰安: 山东农业大学, 2008
- Zhang L. Formation mechanism and regulation measures of maize bulk density difference and its control measures [D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2008(in Chinese)
- [7] Paulsen M R, Hill L D. Corn quality factors affecting dry milling performance[J]. *Journal of Agricultural Engineering Research*, 1985, 31 (3): 255-263
- [8] Dorsey-Redding C, Hurburgh C R, Johnson L A, Fox S. R. Adjustment of maize quality data for moisture content [J]. *Cereal Chem*, 1990, 67 (3): 292-295
- [9] 宋秀娟. 对玉米烘干降水后容重下降的分析与解决方法[J]. 黑龙江粮油科技, 2002(4):43
- Song X J. Analysis and solutions to the decrease in bulk density of corn after drying and precipitation [J]. *Heilongjiang Grain*, 2002(4) : 43 (in Chinese)
- [10] 张君, 张子然, 李婷, 李冉冉, 杨浩翔, 徐淑兔. 玉米秃尖长相关性状的QTL初定位[J/OL]. 分子植物育种, [2024-04-12]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230613.1004.004.html>
- Zhang J, Zhang Z R, Li T, Li R R, Yang H X, Xu S T. Preliminary QTL mapping of traits related to maize bald tip growth [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, [2024-04-12]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230613.1004.004.html>(in Chinese)
- [11] 许理文, 段民孝, 田红丽, 宋伟, 王凤格, 赵久然, 刘保林, 王守才. 基于SNP标记的玉米容重QTL分析[J]. 玉米科学, 2015, 23(5):21-25.
- Xu L W, Duan M X, Tian H L, Song W, Wang F G, Zhao J R, Liu B L, Wang S C. QTL identification for test weight based on SNP mapping in maize[J]. *Journal of Maize Sciences*. 2015, 23(5):21-25(in Chinese)
- [12] 韩新桐. 玉米籽粒容重相关性状及一般配合力QTL定位[D]. 保定: 河北农业大学, 2018
- Han X T. QTL mapping for kernel test weight related traits and general combining ability of maize [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2018 (in Chinese)
- [13] Ding J Q, Ma J L, Zhang C R, Dong H F, Xi Z Y, Xia Z L, Wu J Y. QTL mapping for test weight by using F(2: 3) population in maize[J]. *Journal of Genetics*, 2011, 90(1):75-80(in Chinese)
- [14] 王美兴, 任梦云, 黄益峰, 杜龙岗. 浙江省玉米种质资源调查收集与鉴定评价[J]. 浙江农业科学, 2022, 63(12):2785-2790
- Wang M X, Reng M Y, Huang Y F, Du L G. Collection and indentification of maize germplasm resources in Zhejiang Province [J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2022, 63 (12) : 2785-2790 (in Chinese)
- [15] 张静, 王彩红, 赵永锋, 祝丽英, 黄亚群, 郭晋杰, 陈景堂. 玉米种质资源籽粒容重和品质性状差异性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(05): 832-839
- Zhang J, Wang C H, Zhao Y F, Zhu L Y, Huang Y Q, Guo J J, Chen J T. Difference analysis of kernel test weight and nutritional quality traits in maize (*Zea mays* L.) germplasm resources[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(5):832-839(in Chinese)
- [16] GB 1353—2009. 稻谷及玉米标准实施指南[S]. 北京: 中国标准出版社, 2005
- GB 1353—2009. Guidelines for the implementation of standards for rice and corn[S]. Beijing: Standarde Press of China, 2005(in Chinese)
- [17] 许蒙蒙, 秦永田, 陈永强, 张战辉, 汤继华, 付志远. 玉米籽粒容重动态变化的QTL分析[J]. 中国农业科学, 2016, 49(23):4480-4487
- Xu M M, Qin Y T, Chen Y Q, Zhang Z H, Tang J H, Fu Z Y. QTL analysis of test weight dynamic change in maize[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2016, 49(23):4480-4487(in Chinese)
- [18] 刘松柏, 谭会泽, 魏师, 赵江涛, 彭运智, 尹玉港, 陈永均. 玉米容重差异形成机制及其营养价值探析[J]. 饲料工业, 2014, 35(19):62-64
- Liu S B, Tan H Z, Wei S, Zhao J T, Peng Y Z, Yin Y G, Chen Y J. Discussion on the formation mechanism of corn test weight and its nutritional value[J]. *Feed Industry*, 2014, 35(19):62-64(in Chinese)
- [19] 侯俊峰, 韩海亮, 陈斌, 包斐, 谭永平, 赵福成. 甜玉米和糯玉米品质特征和育种相关研究概述[J]. 农业科技通讯, 2021(12):9-13
- Hou J F, Han H L, Chen B, Bao F, Tan H P, Zhao F C. Overview of quality characteristics and breeding related research on sweet corn and glutinous corn [J]. *Bulletin of Agricultural Science and Technology Communication*, 2021(12):9-13(in Chinese)
- [20] 高歌, 杨媛, 郑军张红伟. 玉米株高QTL的定位及主效QTL的确认[J]. 核农学报, 2022, 36(8): 1530-1536
- Gao G, Yang Y, Zheng J, Zhang H W. Mapping of plant height QTL and confirmation of a major QTL in maize [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2022, 36(8): 1530-1536(in Chinese)
- [21] 郭淑春, 吴月红, 钱丽燕, 李学军. 用容重评定玉米质量方法的研究[J]. 粮食储藏, 1996, 25(5):33-44
- Guo S C, Wu Y H, Qian L Y, Li X J. Research on the method of evaluating corn quality using bulk density [J]. *Grain Storage*, 1996, 25 (5):33-44(in Chinese)
- [22] 赖国荣, 张静, 刘函, 董小妹, 赖锦盛, 黄亚群, 陈景堂, 郭晋杰. 基于GBS构建玉米高密度遗传图谱及营养品质性状QTL定位[J]. 农业生物技术学报, 2017, 25(9):1400-1410
- Lai G R, Zhang J, Liu H, Dong X M, Lai J S, Huang Y Q, Chen J T, Guo J J. Construction of high density genetic map *via* GBS technology and QTL mapping for nutritional quality traits in maize (*Zea mays*) [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2017, 25 (9) : 1400-1410 (in Chinese)

- [23] 乔锋. 玉米多亲本群体籽粒性状的遗传解析与育种应用[D]. 武汉:华中农业大学, 2021
- Qiao F. Genetic analysis and breeding application of grain traits in maize multi parent populations[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2021(in Chinese)
- [24] 赵海军, 史佳晴, 王彬, 郭益洋, 胡小丽, 韩赞平. 150份玉米自交系籽粒及其品质性状的综合评价[J]. 河南农业科学, 2023, 52(5): 33-39
- Zhao H J, Shi J Q, Wang B, Guo Y Y, Hu X L, Han Z P. Comprehensive evaluation of grain and its quality traits of 150 maize inbred lines[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2023, 52(5): 33-39(in Chinese)
- [25] Ruanjaichon V, Khammona K, Thunnom B, Suriarn K, Kedsri C, Aesomnuk W, Yongsuwan A, Chaomueang N, Thammaphichai P, Arikrit S, Wanchana S, Toojinda T. Identification of gene associated with sweetness in corn (*Zea mays* L.) by genome-wide association study (GWAS) and development of a functional SNP marker for predicting sweet corn [J/OL]. *Plants*, (2021-06-18). DOI: 10.3390/plants10061239
- [26] Hannah L C, Nelson O E Jr. Characterization of ADP-glucose pyrophosphorylase from shrunken-2 and brittle-2 mutants of maize [J]. *Biochemical Genetics*, 1976, 14(7-8): 547-560
- [27] Li D K, Zhang L, Li X Y, Kong X G, Wang X Y, Li Y, Liu Z B, Wang J M, Li X F, Yang Y. AtRAE1 is involved in degradation of ABA receptor RCAR1 and negatively regulates ABA signalling in *Arabidopsis* [J]. *Plant, Cell & Environment*, 2018, 41(1): 231-244
- [28] Ueta M, Wada C, Bessho Y, Maeda M, Wada A. Ribosomal protein L31 in *Escherichia coli* contributes to ribosome subunit association and translation, whereas short L31 cleaved by protease 7 reduces both activities[J]. *Genes Cells*, 2017, 22(5): 452-471
- [29] 陈丹丹, 刘宏波. 筛选 *GPAT* 基因的酵母遗传互补体系的优化[J]. 江苏农业科学, 2019, 47(13): 64-66
- Chen D D, Liu H B. Optimization of yeast genetic complementation system for screening *GPAT* gene [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2019, 47(13): 64-66(in Chinese)
- [30] 耿思宇, 陈杰, 张姗姗, 杜春芳, 王景雪. 甘蓝型油菜 *GPAT6* 基因功能初步探究[J]. 分子植物育种, 2019, 17(21): 6953-6958
- Geng S Y, Chen J, Zhang S S, Du C F, Wang J X. Preliminary study on the function of *GPAT6* gene in *Brassica napus* [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2019, 17(21): 6953-6958(in Chinese)
- [31] 鲁中爽, 刘思言, 李广隆, 王蕊, 刘明明, 么梦凡, 关淑艳, 姚丹. 大豆油脂的合成途径及关键酶 *GPAT* 基因的研究进展[J]. 广东农业科学, 2018, 45(11): 7-13
- Lu Z S, Liu S Y, Li G L, Wang R, Liu M M, Yao M F, Guan S Y, Yao D. The synthetic pathway of soybean oil and the research progress of its key enzyme *GPAT* gene [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2018, 45(11): 7-13(in Chinese)
- [32] Stelpflug S C, Sekhon R S, Vaillancourt B, Hirsch C N, Buell C R, Leon N D, Kaeppler S M. An expanded maize gene expression atlas based on RNA sequencing and its Use to explore root development[J]. *Plant Genome*, 2016, 9(1): 1-16

责任编辑: 吕晓梅



通讯作者简介: 周洋, 浙江农林大学现代农学院农艺与种业专业硕士研究生。曾参与“浙江省农业厅种质资源精准鉴定与评价”“浙江省农业(旱粮新品种选育)新品种选育重大科技专项”等项目; 荣获浙江农林大学 2022—2023 和 2023—2024 学年校级三等奖学金。



通讯作者简介: 赵光武, 博士, 浙江农林大学现代农学院教授, 博士生导师, 主要从事种子科学与玉米遗传育种研究工作, 近 5 年承担国家自然科学基金、国家重点研究计划、国家公益性行业(农业)科研专项等课题 10 余项。在 *Theoretical and Applied Genetics*、*Plant Breeding* 等期刊发表论文 30 余篇(其中 SCI 收录 22 篇)。育成玉米新品种 5 个, 获省级科技进步奖 2 项。授权国家发明专利 5 项、软件著作权 1 项。主编教材 2 部, 出版专著 3 部。