

基于 SSR 标记的玉米自交系聚类及同源性分析

战超¹, 陈国双¹, 邵庆春¹, 罗娜娜¹, 王敏玲¹, 王丕武²

(1. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 长春 130102; 2. 吉林农业大学, 长春 130118)

摘要: 利用 30 对多态性好且稳定的 SSR 标记对 259 份玉米自交系进行基因分型并进行同源性划分。结果表明, 在 259 份自交系间共检测出 228 个等位基因变异, 变幅 4 ~ 13 个, 平均每对引物检测出 7.57 个; 多态性信息含量变幅为 0.37 ~ 0.86, 平均为 0.69; 平均基因多样性指数为 0.73。根据 Nei's 遗传距离, 利用 UPGMA 聚类法将 259 份玉米自交系划分为 Reid、旅大红骨、塘四平头、Lancaster、自 330 亚群共 5 个类群, 其中, 主要以 Reid、旅大红骨、塘四平头和 Lancaster 这 4 个类群为主。种群划分与系谱基本吻合, 同时对系谱来源复杂的玉米自交系进行同源性分析, 明确了自交系的归属。

关键词: 玉米; 同源性分析; SSR 标记; 毛细管电泳

中图分类号: S513.035.3

文献标识码: A

Clustering and Homology Analysis of Maize Inbred Lines Using SSR Marks

ZHAN Chao¹, CHEN Guo-shuang¹, SHAO Qing-chun¹, LUO Na-na¹, WANG Min-ling¹, WANG Pi-wu²

(1. Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Changchun 130102;

2. Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract: Thirtypairs of SSR markers with good polymorphism were used to genotype and classify 259 maize inbred lines. A total of 228 alleles variants that vary from 4 to 13 were detected in 259 inbred lines, with an average of 7.57 detected per primer pair. The polymorphism information content ranged from 0.37 to 0.86, with an average of 0.69, and the average of genetic diversity index was 0.73. By UPGMA cluster analysis method, 259 maize inbred lines were divided into 5 major groups, which were named Reid, Luda Red Cob, Sipingtou, Lancaster, Zi 330 subgroup. The results were mainly based on the four groups of Reid, Luda Red Cob, Sipingtou and Lancaster. The division of the population was basically consistent with the genealogy. At the same time, maize inbred lines with complicated genealogy sources were divided to clarify the belonging of the inbred lines.

Key words: Maize; Homology analysis; SSR marker; Capillary electrophoresis

玉米是世界上重要的粮饲作物之一, 在我国工业加工和农业生产方面均占有重要地位^[1]。长期以来, 由于种质的相互引进与渗入, 国内玉米自交系原始材料的地理来源不明, 导致了血缘关系混杂, 依据地理来源和系谱分析方法对玉米自交系进行杂优群划分有明显的局限性, 育种工作的发展被限制。自交系同源性分析的目的是区分不同自交系之间遗传差异大小, 差异大小是选择杂交亲本的主要依据, 差

异大则优势强, 差异小则优势弱。由于国内自交系来源复杂, 并不十分清晰, 给杂交种亲本选择带来困难。因此对玉米自交系种群的划分及血缘关系鉴定成为一种有效的辅助育种方式。

分子标记技术的发展为玉米自交系的遗传关系研究提供了新的技术手段, 且被专家学者们所证实, 利用分子标记技术能有效地对玉米自交系群体进行种群划分和遗传变异分析^[2]。RFLP、RAPD、AFLP 和 SSR 标记手段均已被应用于玉米同源性分析中, 尤其是 SSR 作为一种共显性标记, 具有多态性好、重复性高、安全高效及覆盖整个基因组等特点更适合作为分析手段^[3]。Smith^[4]、滕文涛等^[5]分别利用 SSR 标记技术对玉米进行了遗传类群的划分, 且划分结果与系谱来源基本吻合。传统 SSR 标记的实现是通过 PAGE 胶配合完成的, 银染过程操作繁琐、危险系数

录用日期: 2020-03-11

基金项目: 美丽中国生态文明建设科技工程专项(XDA23070503)

作者简介: 战超(1993-), 女, 硕士, 从事玉米分子育种研究。

Tel: 18743046520 Email: 1031907921@qq.com

王丕武为本文通讯作者。E-mail: peiwuw@163.com

高,且经常存在银染效果差、条带不清楚等状况^[6,7]。毛细管电泳技术作为一种后来居上的分离分析技术,具有快速、稳定、高通量等优点,实现了与SSR标记技术高效、自动化的结合,且被科研工作者广泛应用在试验研究中^[8~11]。

本研究基于毛细管电泳与SSR标记技术双向结合,对259份不同血缘的玉米自交系进行基因分型,剖析供试材料玉米自交系间的血缘关系,分析培育

优良的玉米自交系,为杂交组配和新品种的选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验材料以本团队选育的1 000份自交系为样本,挑选出近3年内高配合力自交系249份以及国内自交系标准测验种10份。其自交系名称、编号见表1。

表1 供试自交系
Table 1 Tested inbred lines

序 号	编 号	自交系	序 号	编 号	自交系	序 号	编 号	自交系
Order	Number	Inbred line	Order	Number	Inbred line	Order	Number	Inbred line
number		name	number		name	number		name
1	17W1234	D03019	39	17W1274	15JSH36	77	17W1313	FBHJ
2	17W1235	D03023	40	17W1275	15JSH37	78	17W1314	PB80
3	17W1236	DH420-28B	41	17W1276	15JSH39	79	17W1315	MBPM
4	17W1237	D4029	42	17W1277	15JSH40	80	17W1316	IBB15
5	17W1238	D05045	43	17W1278	15JSH41	81	17W1317	IBC2
6	17W1239	D5048	44	17W1279	15JSH42	82	17W1318	PHK29
7	17W1240	D3061	45	17W1280	15JSH43	83	17W1319	PHK05
8	17W1241	D3062	46	17W1281	15JSH45	84	17W1320	PHR25
9	17W1242	D3069	47	17W1282	15JSH46	85	17W1321	PHV78
10	17W1243	81-025	48	17W1283	15JSH47	86	17W1324	790
11	17W1244	81-012	49	17W1284	15JSH48	87	17W1325	793
12	17W1245	19998	50	17W1285	15JSH49	88	17W1326	W8304
13	17W1246	156-51	51	17W1286	15JSH57	89	17W1327	PHK42
14	17W1247	PG3089	52	17W1287	15JSH58	90	17W1328	PHK76
15	17W1248	PG3056	53	17W1288	15JSH59	91	17W1329	PHN11
16	17W1249	14-164	54	17W1289	15JSH60	92	17W1330	PHT77
17	17W1250	31-009	55	17W1290	15JSH61	93	17W1331	PHV63
18	17W1251	38-050	56	17W1291	15JSH62	94	17W1332	PHW65
19	17W1252	43-324	57	17W1292	15JSH63	95	17W1333	PHT55
20	17W1253	PG5002	58	17W1293	15JSH64	96	17W1334	LH65
21	17W1254	PG4005J	59	17W1294	15JSH65	97	17W1335	LH149
22	17W1255	PG4085	60	17W1295	15JSH66	98	17W1336	NS501
23	17W1256	15JSH16	61	17W1296	15JSH67	99	17W1337	OQ603
24	17W1257	15JSH17	62	17W1297	15JSH68	100	17W1338	H8431
25	17W1258	15JSH18	63	17W1298	15JSH69	101	17W1339	S8324
26	17W1259	15JSH19	64	17W1299	15JSH70	102	17W1340	S8326
27	17W1260	15JSH20	65	17W1300	JSH01	103	17W1341	11430
28	17W1263	15JSH25	66	17W1301	JSH38	104	17W1342	2369
29	17W1264	15JSH26	67	17W1302	JSH44	105	17W1343	87916W
30	17W1265	15JSH27	68	17W1303	JSH50	106	17W1344	HB8229
31	17W1266	15JSH28	69	17W1304	JSH51	107	17W1345	6M502
32	17W1267	15JSH29	70	17W1305	JSH52	108	17W1346	IBB14
33	17W1268	15JSH30	71	17W1306	JSH53	109	17W1347	2MA22
34	17W1269	15JSH31	72	17W1307	JSH54	110	17W1349	78551S
35	17W1270	15JSH32	73	17W1308	JSH55	111	17W1350	PHM49
36	17W1271	15JSH33	74	17W1310	PHW17	112	17W1353	PHT10
37	17W1272	15JSH34	75	17W1311	NS701	113	17W1354	PHW52
38	17W1273	15JSH35	76	17W1312	78371A	114	17W1355	PHH93

续表1 Continued 1

序 号 Order number	编 号 Number	自交系 Inbred line name	序 号 Order number	编 号 Number	自交系 Inbred line name	序 号 Order number	编 号 Number	自交系 Inbred line name
115	17W1357	PHR32	164	17W1414	LH208	213	17W1580	17ZM-7
116	17W1358	PHT60	165	17W1415	LH212Ht	214	17W1581	17ZM-8
117	17W1359	PHW79	166	17W1416	LH213	215	17W1582	17ZM-9
118	17W1360	1538	167	17W1417	LP215D	216	17W1583	17ZM-10
119	17W1361	WIL900	168	17W1418	PHJ89	217	17W1584	17ZM-11
120	17W1363	WIL903	169	17W1419	PHJ90	218	17W1585	17ZM-12
121	17W1364	CR14	170	17W1420	PHK93	219	17W1586	17ZM-13
122	17W1365	L127	171	17W1421	PHM81	220	17W1587	17ZM-14
123	17W1366	L135	172	17W1422	PHN66	221	17W1588	17ZM-15
124	17W1367	L139	173	17W1423	PHR55	222	17W1589	17ZM-16
125	17W1368	J8606	174	17W1424	PHR58	223	17W1590	17ZM-17
126	17W1369	W8555	175	17W1425	PHW30	224	17W1591	17ZM-18
127	17W1371	4N506	176	17W1426	29MIBZ2	225	17W1592	17ZM-19
128	17W1372	PHJ31	177	17W1427	MBUB	226	17W1593	17ZM-20
129	17W1374	PHN37	178	17W1428	LH215	227	17W1594	17ZM-21
130	17W1375	PHN73	179	17W1429	3IBZ2	228	17W1595	17ZM-22
131	17W1376	PHN82	180	17W1430	F118	229	17W1596	17ZM-23
132	17W1377	PHP55	181	17W1431	LIBC4	230	17W1597	17ZM-24
133	17W1380	PHT22	182	17W1432	83IBI3	231	17W1598	17ZM-25
134	17W1381	PHV37	183	17W1433	LH214	232	17W1599	17ZM-26
135	17W1382	PHW03	184	17W1434	911	233	17W1600	17ZM-27
136	17W1383	PHW20	185	17W1435	912	234	17W1601	17ZM-28
137	17W1384	PHW43	186	17W1436	LH222	235	17W1602	17ZM-29
138	17W1385	2FACC	187	17W1437	ICI193	236	17W1603	17ZM-30
139	17W1386	LH195	188	17W1438	ICI441	237	17W1604	17ZM-31
140	17W1387	LH205	189	17W1439	ICI740	238	17W1605	17ZM-32
141	17W1388	LH217	190	17W1440	ICI893	239	17W1607	17ZM-34
142	17W1389	LH163	191	17W1441	CS405	240	17W001	E50219
143	17W1390	LH196	192	17W1442	MQ305	241	17W002	E50364
144	17W1391	LH206	193	17W1443	NQ508	242	17W003	MJ-1
145	17W1392	LH220Ht	194	17W1444	OQ101	243	17W004	E50132
146	17W1393	LH160	195	17W1445	OQ403	244	17W008	H299
147	17W1394	LH162	196	17W1446	OS602	245	17W009	W107
148	17W1395	LH190	197	17W1447	PHBA6	246	17W010	W108
149	17W1396	LH194	198	17W1448	PHGG7	247	17W012	E1410-1
150	17W1397	LH202	199	17W1449	PHP85	248	17W015	E1685-1
151	17W1398	RS710	200	17W1450	PHPR5	249	17W016	AM274
152	17W1400	LH192	201	17W1451	PHR30	250	W1	Tie7922
153	17W1401	LH193	202	17W1453	PHVA9	251	W10	Dan340
154	17W1403	PHN34	203	17W1454	PHWG5	252	W13	Huangzao4
155	17W1404	PHP76	204	17W1455	CS608	253	W15	MO17
156	17W1405	PHV07	205	17W1456	904	254	W16	Zi330
157	17W1406	PHW51	206	17W1457	ML606	255	W49	PH6WC
158	17W1407	BCC03	207	17W1574	17ZM-1	256	W50	PH4CV
159	17W1408	FBLA	208	17W1575	17ZM-2	257	W51	Zheng58
160	17W1409	6F629	209	17W1576	17ZM-3	258	W52	Chang7-2
161	17W1410	6M502A	210	17W1577	17ZM-4	259	W53	B73
162	17W1412	LH128	211	17W1578	17ZM-5			
163	17W1413	LH181	212	17W1579	17ZM-6			

1.2 SSR引物

共选取30对SSR引物,第一部分参考使用《玉米品种鉴定技术规程SSR标记法》中的20对核心引物;第二部分从100对引物中筛选出多态性好、条带清晰且均匀分布在玉米10条染色体上的10对SSR引物。在基因组数据库(<http://www.maizegdb.org/ssr.php>)中查找并下载,并由北京三博远志公司合成。

1.3 试验方法

1.3.1 DNA提取

采用康为世纪生物技术有限公司新型植物基因组DNA kit提取试剂盒提取玉米3~5叶期的幼嫩叶片DNA。利用紫外分光光度仪测定目的材料DNA的质量和浓度,满足PCR条件。

1.3.2 PCR扩增

PCR反应体系为, Premix溶液10 μL、10 μmol/L上下游引物各0.5 μL、模板DNA(60 ng/μL)1 μL、添加重蒸H₂O补至体积为20 μL。PCR反应程序为,94℃预变性5 min;94℃变性40 s,55℃(退火温度可通过引物T_m值适当调整)退火30 s,72℃延伸40 s,共进行40个循环;72℃后延伸5 min。PCR扩增产物存放4℃保存。

1.3.3 毛细管电泳检测

将PCR扩增产物放置QIAxcel Advanced全自动核酸蛋白分析仪内,与QIAxcel DNA High Resolution Kit卡夹配合,自动完成电泳检测,收集259份玉米自交系的基因分型。

1.4 数据分析方法

1.4.1 遗传参数分析

通过毛细管电泳仪获得PCR扩增数据,在相同迁移率位置上,按照有带记为1、无带记为0、缺失记为9的统计方法录入数据。利用PowerMarker V3.25^[12]软件对基因型数据进行遗传参数分析,计算等位基因数、多态性信息含量(PIC)和基因多样性指数(D)。公式如下:

$$\widehat{PIC}_i = 1 - \sum_{u=1}^k \tilde{p}_{lu}^2 - \sum_{u=1}^{k-1} \sum_{v=u+1}^k 2\tilde{p}_{lu}^2 \tilde{p}_{lv}^2$$

$$\widehat{D}_i = (1 - \sum_{u=1}^k \tilde{p}_{lu}^2) \quad (1)$$

式中,v为基因型;k为等位变异;为 p_{lu} 为第1个位点第u个等位变异的频率; p_{lv} 为第1个位点第v个基因型的频率。

1.4.2 遗传距离聚类

利用PowerMarker V3.25软件^[12]计算Nei's(1972)遗传距离。公式如下:

$$D_s = -\ln(J_{XY} / \sqrt{J_X J_Y})$$

$$J_X = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{a_j} p_{ij}^2 / m, J_Y = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{a_j} q_{ij}^2 / m, J_{XY} = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^{a_j} p_{ij} q_{ij} / m \quad (2)$$

式中, p_{ij} 、 q_{ij} 分别为群体中第m个位点上第a个等位基因的频率。

按UPGMA法进行聚类分析,依据Nei's所得遗传距离,用MEGA3.1软件^[13]绘制种质间的聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR标记的特征分析

本实验利用多态性良好,且均匀分布在玉米10条染色体上的30对SSR引物,探索259份玉米自交系的同源性关系。在供试材料中检测出228个等位基因变异,每个标记检测出的等位基因个数为4~13个,平均每对引物检测出7.57个。等位基因个数最多的引物是umc1196,检测出13个等位基因;等位基因个数最少的引物是bnlg439、umc1545、bnlg240,均检测出4个等位基因。PIC值是衡量引物多态性程度的重要指标,在本实验中PIC的变化在0.37~0.86,平均多态性信息含量0.69,多态性信息含量最大的是引物umc1705和引物phi96100,均为0.86;多态性信息含量最小的引物是bnlg240,为0.37。在30对引物中,有27对引物的PIC>0.5,仅有3对引物PIC<0.5,分别是引物phi072、bnlg240、umc1506。基因多样性的幅度在0.4~0.87,平均为0.73。本研究结果表明,实验所用的30对SSR标记多态性较高,能够较好地鉴定供试自交系的遗传多样性(表2)。

2.2 259份玉米自交系的聚类分析

本实验根据遗传距离,利用UPGMA法对249份不同血缘的玉米自交系进行聚类分析,根据聚类结果将259份自交系(包含10份国内标准测验自交系)划分成5个类群(图1),依据此类群中是否包含10份种质类群代表自交系来划分并命名。第Ⅰ类群为Reid群,共计110份自交系,占总数的42.5%,此类群中含有标准测验种B73等;第Ⅱ类群为旅大红骨群,包含1份标准测验种丹340,共计39份自交系,占总数的15.1%;第Ⅲ类群为塘四平头群,包含昌7-2和黄早四两份标准测验种在内,共计47份自交系,占总数的18.1%;第Ⅳ类群为Lancaster群,包含1份标准测验种Mo17,共计56份自交系,占总数的21.6%;第Ⅴ类群为自330亚群,仅由7份自交系组成,占总数的2.70%,包含两份标准测验自交系自330和PH4CV。

表2 30个标记在259份玉米自交系之间扩增的遗传多样性统计结果

Table 2 Summary of genetic diversity of 30 SSRs markers detected in 259 maize inbred lines

标 记	染色体	等位基因数	基因多样性指数	多态性信息含量
Marker	Bin.	Allele No.	Gene diversity	PIC
bnlg439	1.03	4	0.67	0.62
umc1335	1.06	6	0.57	0.55
umc2007	2.04	5	0.72	0.67
bnlg1940	2.08	8	0.80	0.78
umc2105	3.00	7	0.80	0.77
phi053	3.05	6	0.73	0.68
phi072	4.00	8	0.40	0.38
bnlg2291	4.06	7	0.82	0.79
umc1705	5.03	10	0.87	0.86
bnlg2305	5.07	11	0.81	0.78
bnlg161	6.00	8	0.77	0.73
bnlg1702	6.05	8	0.70	0.65
umc1545	7.00	4	0.63	0.56
umc1125	7.04	8	0.78	0.75
bnlg240	8.06	4	0.45	0.37
phi080	8.08	8	0.78	0.75
phi065	9.03	8	0.77	0.74
umc1492	9.04	6	0.77	0.73
umc1432	10.02	5	0.57	0.51
umc1506	10.06	5	0.52	0.45
bnlg1014	1.01	7	0.70	0.66
phi96100	2.01	11	0.87	0.86
umc1136	3.10	8	0.70	0.65
nc005	4.05	9	0.79	0.76
umc1225	5.08	9	0.76	0.72
umc1859	6.06	7	0.80	0.76
phi328175	7.04	9	0.87	0.85
phi015	8.08	8	0.78	0.75
umc1231	9.05	10	0.82	0.78
umc1196	10.07	13	0.77	0.74
mean		7.57	0.73	0.69



图1 供试自交系的UPGMA聚类图

Fig.1 The UPGMA tree for tested inbred lines

2.3 基于遗传距离的同源性分析

根据30对SSR标记得到的228个等位基因变异结果计算259份玉米自交系间的遗传距离,结果显示,遗传距离在0.27~3.37,平均遗传距离为1.37,0.39%集中在0~0.50,16.65%集中在0.50~1.00,51.9%集中在1.00~1.50,25.08%集中在1.50~2.00,4.41%集中在2.00~2.50,1.19%集中在2.50~3.00,0.38%集中在3.00~3.50(图2)。自交系17W1339和17W1343之间的遗传距离最小,为0.27,说明自交系17W1339和17W1343之间的亲缘关系最近,有相似的遗传背景。共14对玉米自交系之间的遗传距离达到最大值3.37,Reid群与塘四平头群组合包含7

对,分别为17W1442和17W1265、17W1425和17W1335、17W1574和17W1264、17W1599和17W1264、17W1603和17W1274、17W1445和17W1277、17W1422和17W1270;塘四平头群与Lancaster群组合包含2对,分别为17W1260和17W1381、17W1274和17W1381;Reid群与Lancaster群组合包含5对,分别为17W1574和17W1302、17W1450和17W1301、17W1442和17W1302、17W1354和17W1301、17W1384和17W1320,表明这些自交系每组之间亲缘关系较远,遗传背景差异较大。

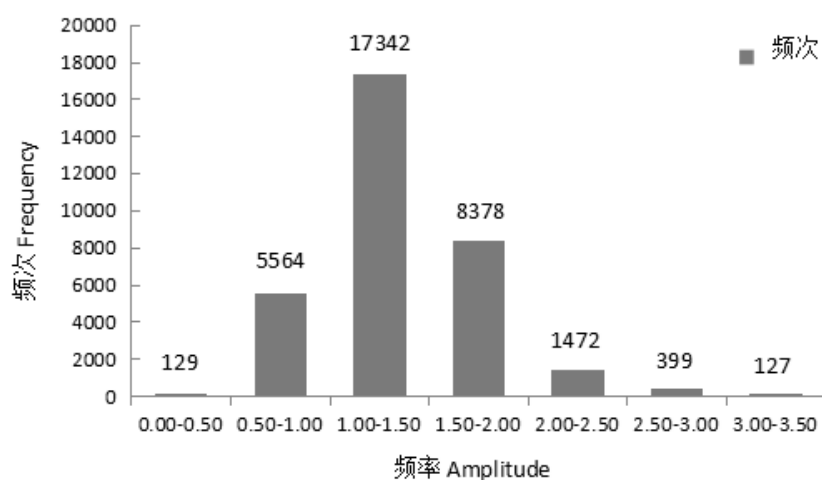


图2 259份自交系的Nei's遗传距离的频次分布

Fig.2 Distribution of pairwise Nei's genetic distance calculated for 259 maize inbred lines genotyped with 30 SSR markers

3 结论与讨论

3.1 SSR标记的多态性分析

毛细管电泳技术比变性聚丙烯酰胺凝胶电泳技术的分辨率更高,可获取的等位基因更多^[14]。本实验选用的30对标记扩增效果稳定,条带清晰,与前人研究结论相比^[15-17],虽然本研究使用SSR标记相对较少,但共检测出228个等位基因变异,平均每对引物检测出7.57个等位基因,平均多态性信息含量为0.69,均高于上述研究结论,说明所用SSR标记多态性好,毛细管电泳分辨率高,较好地揭示了供试玉米自交系群体丰富的遗传变异。

供试群体自交系及所用标记的数量、类型对于揭示同源性具有重要作用。本实验除了直接选用20对核心引物外,其余10对SSR标记是通过毛细管电泳大量筛选获取。通过两组引物对比发现20对核心引物的平均等位基因数、基因多样性指数及多态性信息含量低于筛选的10对引物,且PIC<0.5的3

对引物均来自核心引物。其原因可能是供试群体不同导致的,核心引物是对国家审定玉米品种(杂交种)进行了全面试验后,遴选的40对高分辨率引物^[18],因此对本实验所用玉米自交系群体检测结果偏低。由此可知,针对不同来源的测试群体,引物的筛选在一定程度上更加真实反映供试玉米自交系间的同源性。

3.2 同源性分析

专家学者^[19,20]认为,利用SSR标记对系谱不明的自交系材料进行遗传关系的梳理及类群的划分是可行的,并将试验结果应用到大田育种中。本研究利用SSR标记技术,参照国内10份标准测验自交系,将亲缘关系复杂的249份玉米自交系划分为Reid群、旅大红骨群、塘四平头群、Lancaster群、自330亚群5个类群,划分结果与系谱来源基本吻合。

从UPGMA聚类分析结果看,本研究供试群体遗传基础较宽,大部分自交系与国内现有几大杂种优势群分别呈现出一定的同源性。今后,在玉米育

种过程中可以通过同源性分析制定更加完善的育种计划,为自交系种质的改良和创新提供参考。

参考文献:

- [1] 孙 琦,张世煌,李新海,等.中国不同年代主推玉米品种品质性状的变化趋势[J].中国农业科学,2014,47(14):2723-2730.
Sun Q, Zhang S H, Li X H, et al. The trend of quality traits of maize varieties released extensively in different eras in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2014, 47(14): 2723-2730. (in Chinese)
- [2] 刘文国,张志军,赵万庆,等.基于SSR荧光标记的吉单系列玉米品种遗传分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2016,44(10):25-36,44.
Liu W G, Zhang Z J, Zhao W Q, et al. Genetic analysis of Jidan maize varieties using fluorescent SSR markers[J]. Journal of Northwest A&F University(Social Science Edition), 2016, 44(10): 25-36, 44. (in Chinese)
- [3] 杜 青,郑加兴,吕巨智,等.利用SSR标记划分广西骨干玉米自交系的杂种优势群[J].玉米科学,2017,25(6):21-27.
Du Q, Zheng J X, Lü J Z, et al. Analysis heterotic groups of elite maize inbred lines in Guangxi by SSR makers[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(6): 21-27. (in Chinese)
- [4] Smith J S C, Chin E C L, Shu H. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize(*Zea mays* L.) comparison with data from RFLP and pedigree[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95: 163-173.
- [5] 滕文涛,曹靖生,陈彦惠,等.十年来中国玉米杂种优势群及其模式变化的分析[J].中国农业科学,2004(12):1804-1811.
Teng W T, Cao J S, Chen Y H, et al. Analysis of maize heterotic groups and patterns during past decade in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2004(12): 1804-1811. (in Chinese)
- [6] 王风格,田红丽,赵久然,等.中国328个玉米品种(组合)SSR标记遗传多样性分析[J].中国农业科学,2014,47(5):856-864.
Wang F G, Tian H L, Zhao J R, et al. Genetic diversity analysis of 328 maize varieties(Hybridized Combinations) using SSR markers [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2014, 47(5): 856-864. (in Chinese)
- [7] 夏春兰,方清建,付存念,等.玉米简易多重SSR-PCR和荧光标记检测技术[J].分子植物育种,2015,13(9):2095-2099.
Xia C L, Fang Q J, Fu C N, et al. Easy Technology of multiplex fluorescent SSR-PCR in maize[J]. Molecular Plant Breeding, 2015, 13(9): 2095-2099. (in Chinese)
- [8] 易红梅,王风格,赵久然,等.玉米品种SSR标记毛细管电泳荧光检测法与变性PAGE银染检测法的比较研究[J].华北农学报,2006(5):64-67.
Yi H M, Wang F G, Zhao J R, et al. Comparison of two maize SSR detection methods: Capillary electrophoresis with fluorescence detection method and denaturing PAGE Silver-staining detection method [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2006(5): 64-67. (in Chinese)
- [9] 李新海,袁立行,李晓辉,等.利用SSR标记划分70份我国玉米自交系的杂种优势群[J].中国农业科学,2003,36(6):622-627.
Li X H, Yuan L X, Li X H, et al. Heterotic grouping of 70 maize inbred line by SSR markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2000, 36(6): 622-627. (in Chinese)
- [10] 孙友位.利用SSR标记分析玉米自交系的遗传多样性[D].中国农业科学院,2007.
- [11] 刘志斋,吴 迅,刘海利,等.基于40个核心SSR标记揭示的820份中国玉米重要自交系的遗传多样性与群体结构[J].中国农业科学,2012,45(11):2107-2138.
Liu Z Z, Wu X, Liu H L, et al. Genetic diversity and population structure of important Chinese maize inbred lines revealed by 40 core simple sequence repeats(SSRs)[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2012, 45(11): 2107-2138. (in Chinese)
- [12] Liu X J, Muse S V. Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128-2129.
- [13] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: An integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. Brief Bioinform, 2004(5): 150-163.
- [14] 刘文彬,许理文,王风格,等.基于两种荧光毛细管电泳平台筛选评估玉米新型SSR引物[J].玉米科学,2017,25(2):24-30.
Liu W B, Xu L W, Wang F G, et al. Evaluating and screening new maize SSR primer based on two kinds of fluorescent capillary electrophoresis platform[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(2): 24-30. (in Chinese)
- [15] 李新海,傅骏骅,张世煌,等.利用SSR标记研究玉米自交系的遗传变异[J].中国农业科学,2000(2):1-9.
Li X H, Fu J H, Zhang S H, et al. Genetic variation of inbred lines of maize detected by SSR markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2000(2): 1-9. (in Chinese)
- [16] 潘兴明,张世煌,谭 静,等.根据SSR标记划分优质蛋白玉米自交系的杂种优势群[J].作物学报,2003,29(1):105-110.
Pan X M, Zhang S H, Tan J, et al. Heterotic grouping of quality protein maize inbreds divided by SSR markers[J]. Acta Agronomica Sinica, 2003, 29(1): 105-110. (in Chinese)
- [17] 吴承来,张倩倩,董炳雪,等.我国部分玉米自交系遗传关系和遗传结构解析[J].作物学报,2010,36(11):1820-1831.
Wu C L, Zhang Q Q, Dong B X, et al. Analysis of genetic structure and genetic relationships of partial maize inbred lines in China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2010, 36(11): 1820-1831. (in Chinese)
- [18] 王风格,杨 扬,易红梅,等.中国玉米审定品种标准SSR指纹库的构建[J].中国农业科学,2017,50(1):1-14.
Wang F G, Yang Y, Yi H M, et al. Construction of an SSR-Based standard fingerprint database for corn variety authorized in China [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2017, 50(1): 1-14. (in Chinese)
- [19] 宋 伟,赵久然,王风格,等.利用SSR标记对浚单20进行杂优模式分析[J].玉米科学,2011,19(1):43-47.
Song W, Zhao J R, Wang F G, et al. Analysis on heterosis pattern of Xundan20 by SSR markers[J]. Journal of Maize Sciences, 2011, 19(1): 43-47. (in Chinese)
- [20] 赵久然,李春辉,宋 伟,等.利用SSR标记解析京科968等系列玉米品种的杂优模式[J].玉米科学,2017,25(5):1-8.
Zhao J R, Li C H, Song W, et al. Elaboration of heterotic pattern in a series of maize varieties by SSR markers[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(5): 1-8. (in Chinese)

(责任编辑:朴红梅)