

## 研究报告

### A Letter

## 2005-2009 年贵州省玉米区试组合遗传多样性的 SSR 分析

谭君<sup>1</sup>, 张彪<sup>1</sup>, 余虎<sup>2</sup>, 唐海涛<sup>1</sup>, 陈洁<sup>1</sup>, 何文铸<sup>1</sup>, 杨俊品<sup>1</sup>

1 四川省农业科学院作物研究所, 成都, 610066

2 贵州省种子管理总站, 贵阳, 550001

✉ 通讯作者: y.junpin@263.net ✉ 作者

分子植物育种, 2011 年, 第 9 卷, 第 58 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0058

收稿日期: 2011 年 03 月 22 日

接受日期: 2011 年 04 月 28 日

发表日期: 2011 年 05 月 16 日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式:

谭君等, 2011, 2005-2009 年贵州省玉米区试组合遗传多样性的 SSR 分析, 分子植物育种 Vol.9 No.58 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0058)

**摘要** 本研究利用 SSR 分子标记对贵州省 2005-2009 年 178 个玉米区试组合的遗传多样性进行分析。结果表明 20 对玉米 SSR 核心引物共检测到 107 个等位基因位点, 等位基因数变异范围为 3~7 个, 平均为 5.35 个, 供试组合间遗传相似系数在 0.430~0.916 之间, 平均值 0.630。SSR 标记能将全部组合一一区分开来, SSR 技术是一种适合进行玉米遗传多样性研究的方法。178 个玉米组合分为 10 类, 74.2% 的组合集中在第 1 类, 表明大部分供试组合遗传相似性较大, 有必要进一步拓宽贵州省玉米种质遗传基础。

**关键词** 玉米; 区域试验; SSR 标记; 遗传多样性

## Genetic Diversity of Maize Hybrids in Guizhou Field Tests of 2005-2009 Revealed by SSR Analysis

Tan Jun<sup>1</sup>, Zhang Biao<sup>1</sup>, Yu Hu<sup>2</sup>, Tang Haitao<sup>1</sup>, Chen Jie<sup>1</sup>, He Wenzhu<sup>1</sup>, Yang Junpin<sup>1</sup>

1 Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu, 610066, P.R. China

2 Guizhou seed Administration Station, Guiyang, 550001, P.R. China

✉ Corresponding author, y.junpin@263.net; ✉ Authors

**Abstract** In this paper, we analyzed the genetic diversity among 178 maize hybrids which had been taken part in Guizhou province field tests in 2005-2009 by employing SSR markers. The results showed that a total of 107 allelic locus were detected by 20 pairs of SSR core-primers. The number of alleles per locus varied from 3 to 7, averaging 5.35. Genetic similarities among the 178 hybrids ranged from 0.430 to 0.916 with an average of 0.630. The cluster analysis showed that the 178 hybrids could be classified into ten clusters, with 74.2 % of the hybrids included in Cluster 1. The results indicated that SSR marker was an effective method of revealing genetic diversity of maize. It was indicated that the similarity was high and the genetic diversity was narrow among most of the hybrids. It is necessary to broaden the genetic basis of maize in Guizhou.

**Keywords** *Zea mays* L.; Field Tests; SSR marker; Genetic diversity

### 研究背景

玉米是贵州省主要粮食作物之一, 其播种面积和总产量仅次于水稻, 居第二位。常年播种面积  $7.0 \times 10^5 \text{ hm}^2$  以上, 约占全年粮食作物播种面积的 1/5, 占全省夏粮总播面积的 1/3。2000-2008 年, 贵州省审定的普通玉米品种达 124 个(孙世贤, 廖琴, 编著, 2008, 全国玉米审定品种名录(2000-2008) (中国农业科学技术出版社, 中国, 北京, pp.208-219)。玉米区试续试组合是进入第二年区试的组合, 如果各项指标达标, 即将在下一个年度完成审定, 进行推广

种植, 因此续试组合在一定程度上反映了近年来贵州省玉米育种的水平和特点, 对其进行遗传多样性分析, 可为今后的育种工作提供参考性意见。

SSR (Simple Sequence Repeats) 标记由于其多样性高, 呈共显性遗传, 成本低、易于操作, 稳定、重复性好, 近年来已被广泛用于作物分子图谱构建和基因定位、品种遗传多样性分析、品种指纹分析及纯度鉴定等研究, 在玉米遗传多样性研究中的应用亦较为广泛(李新海等, 2000; 刘世建等, 2004; 吴渝生等, 2004; 刘希慧等, 2005; 陈发波等, 2007; 李

丽华等, 2009), 但对贵州省区试组合的遗传多样性分析却少有报道。本研究采用SSR分子标记方法, 从《中华人民共和国农业行业标准(NY/T 1432-2007)》中筛选出20对玉米SSR核心引物, 对贵州省2005-2009年区域试验中的178个玉米组合进行遗传多样性分析, 旨在了解贵州省玉米新品种的遗传多样性特点及其近5年来的变化趋势, 以期今后拓宽贵州省玉米种质的遗传基础和新品种的选育、鉴定以及保护提供参考。

## 1 结果与分析

### 1.1 SSR引物多态性分析

利用20对玉米SSR核心引物对178个玉米参试组合进行了DNA分析, 结果表明共检测到107个等位基因位点, 每对SSR引物等位基因数变异范围为

3~7个, 绝大部分为5~6个, 平均5.35个(表1)。其中phi116的等位基因数最多, 有7个; bnlgl191的等位基因数最少, 只有3个。

### 1.2 供试组合的遗传相似性分析

根据20对SSR核心引物在178份供试组合中获得的107个等位基因, 按Nei的方法用NYSYSpc2.1统计软件计算供试组合间的遗传相似系数。所有供试组合间的遗传相似系数变化范围在0.430~0.916之间, 平均值为0.630。其中黔玉818与荷玉2062的遗传相似系数最大, 高达0.916; PGX-5与兴单13的遗传相似系数最小, 为0.430。根据计算获得的遗传相似系数, 以0.02为组距进行次数分布分析, 结果见图1。由图可知, 供试组合的遗传相似系数次数呈正态分布。遗传相似系数在0.570~0.710之间的

表 1 SSR 引物、染色体位置、等位基因数目及多态性信息量

Table 1 Microsatellites, chromosome, and number of alleles for SSR markers

引物 Primer	染色体 Chromosome	等位基因数 Number of alleles	引物 Primer	染色体 Chromosome	等位基因数 Number of alleles
bnlg439	1.03	6	bnlg161	6.00	6
bnlg2331	1.11	5	phi299852	6.07	6
bnlg125	2.02	5	bnlg1792	7.02	5
mmc0191	2.07	6	phi116	7.06	7
umc2105	3.00	5	umc1741	8.03	5
bnlg1496	3.09	4	phi080	8.08	5
phi072	4.00	5	phi065	9.03	7
bnlg2291	4.06	6	bnlg1191	9.07	3
umc1705	5.03	6	umc2163	10.04	5
umc1225	5.08	5	bnlg1450	10.07	5

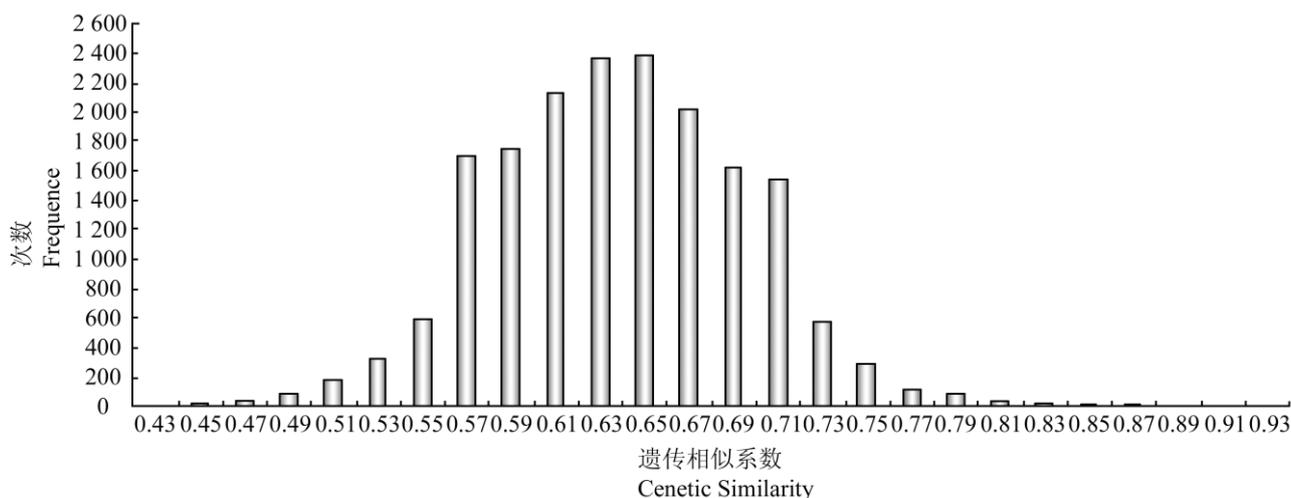


图 1 遗传相似系数的次数分布

Figure 1 The distribution of genetic similarity

数量占总数的79.0%; 0.570以下的占12.5%; 0.710以上的占8.5%。由此看来, 目前贵州省大部分玉米区试组合遗传相似性较高, 遗传差异较大的组合数量相对偏少。

### 1.3 供试组合的聚类分析

由SSR分子标记聚类树状图(图2)可见, 在遗传相似系数0.630处可将178个供试组合分为10大类。第1类有132个组合, 占组合总数的74.2%; 第4类有12个组合, 占组合总数的6.7%; 第5类有10个组合, 占组合总数的5.6%; 第3类有6个组合, 包括黔兴2303、黔兴2302、遵玉305、遵试3138、中农2号 and 友玉12号; 第10类有5个组合, 分别为黔412、铜玉222、海223、HM01和PGX-5; 中5试39、黔兴281、LC79404和Y8610聚为第6类; 川单29、兴试2502、春喜4号聚为第2类; 海禾2号、071、确良玉128聚为第8类; 3F-208和长城3115聚为第7类; 绿单2号单独聚为第9类。在遗传相似系数0.650处又可将第1类的132个组合分为7个亚类, 第2亚类包括33个组合(25.0%), 第3亚类有74个组合(56.1%), 其余5亚类共计25个组合。从以上分析可以看出, 参试组合所聚类型较少, 且有132个组合集中聚集在第1类, 继续将第1类的132个组合分为7个亚类时, 仍有81.1%的组合分布在第2和第3亚类中, 说明大部分参试组合相似程度相对较高, 遗传差异相对较小。

### 1.4 不同年份间遗传多样性比较

将所有供试组合按其参试的年份分别计算遗传相似系数, 比较2005-2009年5年间的变化情况(图3)。由图3可知, 近五年间供试组合的遗传相似系数围绕0.640上下波动, 2006年最高, 平均为0.660, 最低的是2008年, 平均0.632。供试组合遗传相似系数变幅最大的是2009年, 变幅范围为0.477~0.916; 2005年最小, 为0.477~0.841; 2006-2008年依次为0.505~0.879, 0.495~0.897, 0.477~0.860。由此可见, 供试组合间遗传相似性年际间变化不大, 近五年来均在0.477~0.916间浮动。

## 2 讨论

遗传多样性是玉米品种改良的基础, 对其进行遗传聚类分析, 可以很好地了解品种间的遗传差异, 从而为指导扩大种质来源和利用、玉米新品种选育、提高玉米产量和品质奠定基础。近年来有关

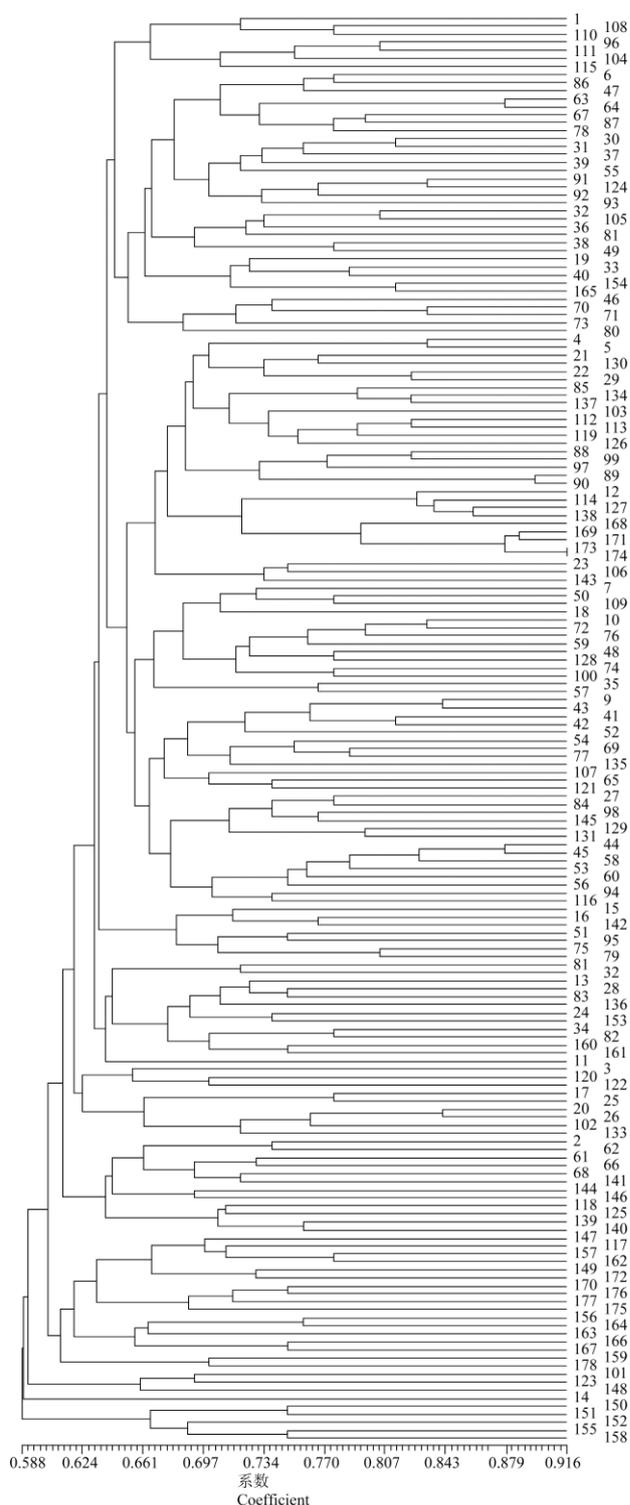


图2 178个组合遗传相似性聚类图  
 注: 右侧为组合编号, 按从左到右, 从上到下顺序排列; 下方为遗传相似系数  
 Figure 2 UPGMA clustering of 178 hybrids based on genetic similarity coefficients  
 Note: The order of the number on the right is from left to right, then from up to down; The inferior represent coefficients

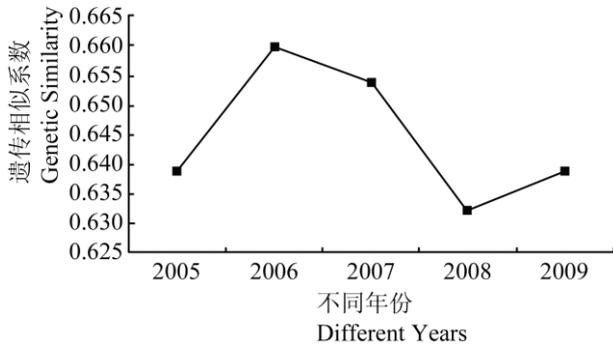


图3 不同年份间供试组合的遗传相似系数变化情况  
Figure 3 The variation of GS among tested maize hybrids in different years

西南地区玉米品种遗传多样性的报道较多,发现西南玉米种质遗传基础狭窄现象较为普遍。聂永心等(2005)利用72对SSR引物在33个四川常用玉米自交系中共检测到289个等位基因变异,33个自交系间的遗传相似系数变化范围为0.587~0.925,平均为0.706;李丽华等(2007)研究了135个西南地区玉米自交系的遗传多样性,聚类分析结果表明,大部分自交系(83%)划分到几大类群中,所有供试自交系中遗传相似系数变化范围为0.56~0.96之间,表明西南地区种质基础相对狭窄还是主要的问题;李丽华等(2009)对59份四川新选优良自交系的聚类结果表明,大部分自交系(78.8%)聚到四大常见类群;陈发波等(2007)对186个西南及四川区试玉米组合进行了遗传多样性分析,发现186个组合的遗传相似系数变幅在0.606 7~0.916 2之间,平均值为0.772 2,相似系数在0.700 0以上的占96.9%,表明供试组合相似程度较高,遗传差异较小,遗传基础相对单一。究其原因,一方面可能是育种过程中亲本来源狭窄,另一方面玉米育种的强大选择压力使得品种的大部分稀有变异类型在改良过程中丢失。

本研究利用SSR分子标记对贵州省近五年来的玉米区试组合进行了遗传多样性分析,通过20对玉米SSR核心引物获得了107个等位基因位点,将178个组合聚成10大类,供试组合间遗传相似系数变幅为0.430~0.916,平均0.630。从本文聚类分析的结果可以看出,与前面几位的研究结果相比,近年来贵州省育成的玉米品种遗传相似系数相对较小,可能与当前贵州主推玉米杂交种种质近90%直接或间接含有地方种血缘(聂琼等,2008)有关。但本研究中有

74.2%的供试组合集中在第1类中,继续将第1类的132个组合分为7个亚类时,仍有81.1%的组合分布在第2和第3亚类中,并且供试组合间遗传相似性在2005-2009五年中年际间变化不大,这反映出贵州省玉米育种在拓展玉米种质遗传基础方面虽然取得了一定进展,但依然存在育种用亲本遗传背景相对狭窄的问题。

目前,不仅是在贵州省、西南地区,甚至是在全国范围都存在玉米种质遗传基础狭窄的现象。肖木辑等(2008)利用70对SSR引物研究了我国黄淮海地区63份玉米自交系的遗传多样性,共检测出277个等位基因变异,63份自交系之间的遗传相似系数变化范围在0.62~0.91;王明泉等(2009)对黑龙江省近年来审定玉米品种亲本自交系的遗传多样性进行了分析,结果表明黑龙江省玉米生产上推广品种的亲本自交系集中在兰卡斯特群和瑞德群两大杂种优势群;李俊芳等(2007)对2005年国家玉米主产区预试参试品种的聚类结果表明,参试品种被分成6类,88.6%的品种分布在相邻的第三和第四类中,反映出最新育成的和生产上正在广泛种植的玉米品种存在严重的种质趋同现象;黄改系种质成为当前国内应用最多、在新品种遗传组成中占比重最大的种质。因此,在今后的育种工作中有必要充分利用地方品种,引进外来品种,解决目前所利用玉米自交系遗传背景单一和狭窄的问题,拓宽遗传基础,丰富遗传多样性水平,从而进一步提高玉米产量、品质和抗性。

### 3材料与方法

#### 3.1材料

2005-2009年度参加贵州省区域试验的178个玉米续试组合(表2)。所有供试组合均由贵州省种子管理总站提供。20对玉米SSR核心引物序列来自《中华人民共和国农业行业标准(NY/T 1432-2007)》,由上海生工生物工程有限公司合成。PCR扩增所用试剂由天根生化提供,其它试剂均为分析纯。

#### 3.2 DNA提取及PCR分析

DNA提取、PCR扩增、电泳检测等均参照谭君等(2009)的方法进行。

#### 3.3数据统计分析

对于多态性扩增谱带,在相同迁移位置上,有

表 2 178 个供试组合名称

Table 2 178 maize hybrids used in the study

编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name
1	屯玉 49 Tunyu 49	24	安单 3 号 Andan 3	47	毕试 2051 Bishi 2051	70	正大 818 Zhengda 818	93	1564
2	筑黄糯 1 号 Zhuhuangnuo1	25	黔兴 2303 Qianxing 2303	48	珏玉 686 Jueyu 686	71	迪卡 007 Dika 007	94	贵单 7151 Guidan7151
3	川单 29 Chuandan 29	26	黔兴 2302 Qianxing 2302	49	森玉 8 号 Shenyu 8	72	富友 2 号 Fuyou 2	95	503 渝单 15
4	正兴 1 号 Zhengxing 1	27	三北 6 号 Sanbei 6	50	新辽丹 933 Xinliaodan933	73	路单 10 号 Ludan 10	96	蠡试 2501 Lishi 2501
5	东 225 Dong 225	28	西山 112 Xishan 112	51	RD1175	74	正大 999 Zhengda 999	97	安 2051 An 2051
6	毕 2041 Bi 2041	29	JQ03-4	52	201469-4	75	隆安玉 8 号 Longanyu 8	98	云瑞 1 号 Yunrui 1
7	南校 18 号 Nanxiao 18	30	安 2032 An 2032	53	鄂丰玉 6 号 Efengyu 6	76	三千一号 Sanqian 1	99	织金 3 号 Zhijin 3
8	贵农 318 Guinong 318	31	2099	54	义农 218 Yinong 218	77	渝单 15 Yudan 15	100	毕单 14 号 Bidan 14
9	遵玉 3 号 Zunyu 3	32	黔 306 Qian 306	55	WF216	78	正红 311 Zhenghong311	101	海禾 2 号 Haihe 2
10	农大 95 Nongda 95	33	贵农 5918 Guinong5918	56	北玉 2 号 Beiyu 2	79	金农 718 Jinnong 718	102	中农 2 号 Zhongnong 2
11	正成 1 号 Zhengcheng 1	34	黔 302 Qian 302	57	JF618	80	森海 3 号 Shenhai 3	103	渝单 16 Yudan 16
12	潞玉 13 号 Luyu 13	35	农大 108 Nongda 108	58	蠡试 2566 Lishi 2566	81	遵试 418 Zunshi 418	104	华选 7 号 Huaxuan 7
13	盛农 205 Shengnong205	36	黔 404 Qian 404	59	黔单 16 Qiandan 16	82	黔兴 402 Qianxing 402	105	辽单 121 Liaodan 121
14	绿单 2 号 Lvdan 2	37	黔 406 Qian 406	60	宣黄单 4 号 Xuanhuangdan4	83	HK5618	106	渝单 13 号 Yudan 13
15	鄂玉 18 Eyu 18	38	华选 4 号 Huaxuan 4	61	森海 2 号 Shenhai 2	84	HK5620	107	科源玉 6 号 Keyuanyu 6
16	C203-2	39	正大 2398 Zhengda2398	62	盛农 206 Shengnong 206	85	SF621	108	成单 202 Chengdan202
17	遵试 3138 Zunshi 3138	40	PGX-1	63	盘玉 5 号 Panyu 5	86	YA7482	109	西山 121 Xishan 121
18	XF-402	41	XF-412	64	昭阳 4 号 Zhaoyang 4	87	遵玉 301 Zunyu 301	110	兴试 2041 Xingshi 2041
19	筑黄 1972 Zhuhuang1972	42	遵玉 207 Zunyu 207	65	奥玉 3202 Aoyu 3202	88	森玉 1 号 Shenyu 1	111	贵单 501 Guidan 501
20	遵玉 205 Zunyu 205	43	遵试 305 Zunshi 305	66	宣黄单 2 号 Xuanhuangdan2	89	西山预 3 号 Xishanyu 3	112	重玉 100 Chongyu 100
21	兴黄单 2006 Xinghuangdan2006	44	兴单 13 Xingdan 13	67	鲁玉 3 号 Luyu 3	90	地望 518 Diwang 518	113	春喜 11 Chunxi 11
22	华选 168 Huaxuan 168	45	北试 17 Beishi 17	68	镇单 3 号 Zhendan 3	91	海 97-4 Hi 97-4	114	寒玉 2 号 Hanyu 2
23	织 04-1 Zhi 04-1	46	YA0482	69	成单 25 Chengdan 25	92	东 6015 Dong 6015	115	隆庆 1 号 Longqing 1

续表 2

Continuing table 2

编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name	编号 Code	组合名称 Name
116	新大黄 2 号 Xindahuang 2	129	ZM3211	142	华试 3 号 Huashi 3	155	HM01	168	播丰 6 号 Bofeng 6
117	金赛 6850 Jinsai 6850	130	黔 605 Qian 605	143	露新 23 Luxin 23	156	中 5 试 39 Zhong5shi39	169	联合 9 号 Lianhe 9
118	高登 818 Gaodeng 818	131	JH711	144	众望玉 18 Zhongwangyu 18	157	安 2072 An 2072	170	K 玉 6 号 Kyu 6
119	5688	132	5F721	145	豫玉 32 Yuyu 32	158	PGX-5	171	黔 818 Qian 818
120	兴试 2502 Xingshi 2502	133	友玉 12 号 Youyu 12	146	南校 9665 Nanxiao 9665	159	长城 3115 Changcheng3115	172	蠡试 9848 Lishi 9848
121	丰玉-1 Fengyu-1	134	遵玉 309 Zunyu 309	147	云试 5 号 Yunshi 5	160	HZ2003	173	黔玉 818 Qianyu 818
122	春喜 4 号 Chunxi 4	135	春喜 2 号 Chunxi 2	148	确良玉 128 Queliangyu 128	161	遵试 601 Zunshi 601	174	荷玉 2062 Heyu 2062
123	071	136	HA-22	149	云大 1 号 Yunda 1	162	裕玉 308 Yuyu 308	175	惠农 4-2 Huinnong 4-2
124	ND8603	137	毕试 2062 Bishi 2062	150	黔 412 Qian 412	163	黔 706 Qian 706	176	兴白一号 Xingbai 1
125	SLY375	138	筑白 1 号 Zhubai 1	151	铜玉 622 Tongyu 622	164	LC79404	177	毕试 2065 Bishi 2065
126	宝单 2166 Baodan 2166	139	乐玉一号 Leyu 1	152	海 223 Hai 223	165	兴科-1 Xingke-1	178	3F-208
127	黔 603 Qian 603	140	天池 2 号 Tianchi 2	153	黔 704 Qian 704	166	黔兴 281 Qianxing 281		
128	YH50	141	舟玉 6 号 Zhouyu 6	154	承 556 Cheng 556	167	Y8610		

带计为1, 无带计为0, 缺失记为9, 建立数据库。统计等位基因数, 根据Nei和Li (1979)提出的公式计算遗传相似系数(genetic similarity, GS),  $GS=2N_{ij}/(N_i+N_j)$ ,  $N_{ij}$ 是材料i和j之间共同的等位基因,  $(N_i+N_j)$ 是两个材料所有的等位基因数。利用NTSYS-pc Version 2.1软件, 按不加权成对群算术平均法(UPGMA)进行聚类分析, 并建立树状聚类图。

### 作者贡献

谭君是本研究的实验设计和实验研究的执行人; 谭君、唐海涛、陈洁及何文铸完成数据分析, 论文初稿的写作; 张彪、余虎参与实验设计, 试验结果分析; 杨俊品是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

### 致谢

本项目由国家863计划(2009AA101103)、四川省农作物育种攻关项目、四川省财政育种工程青年基金项目共同资助。

### 参考文献

- Cheng F.B., Yang K.C., Rong T.Z., and Pang G.T., 2007, Analysis of genetic diversity of maize hybrids in the regional tests of sichuan and southwest china, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 33(6): 991-998 (陈发波, 杨克诚, 荣廷昭, 潘光堂, 2007, 西南及四川区试玉米组合遗传多样性分析, *作物学报*, 33(6): 991-998)
- Li J.F., Sun S.X., and Wang S.C., 2007, Analysis of maize variety in national main production area using SSR technique II genetic diversity of maize variety, *Yumi Kexue (Journal of Maize Sciences)*, 15(1): 16-20 (李俊芳, 孙世贤, 王守才, 2007, 国家玉米主产区预试品种的SSR分析 II 预试品种的遗传多样性, *玉米科学*, 15(1): 16-20)
- Li L.H., Wei X., and Pang G.T., 2007, Genetic diversity among maize inbred lines revealed by SSR in southwest region, *sichuan nongye Daxue Xuebao (Journal of Sichuan Agricultural University)*, 25(1): 44-50 (李丽华, 魏昕, 潘光堂, 2007, 西南玉米自交系SSR遗传多样性研究, *四*

川农业大学学报, 25(1): 44-50)

- Li L.H., Wei X., Pang G.T., Tang B.J., Ding Y., and Zhao F.X., 2009, Genetic diversity analysis among new maize inbred lines revealed by SSR, *Yumi Kexue (Journal of Maize Sciences)*, 17(4): 24-28 (李丽华, 魏昕, 潘光堂, 唐保军, 丁勇, 赵发欣, 2009, 新选优良玉米自交系SSR遗传多样性分析, 17(4): 24-28)
- Li X.H., Fu J.H., Zhang S.H., Yuan L.X., and Li M.S., 2000, Genetic variation of inbred lines of maize detected by SSR markers, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 33(2): 1-9 (李新海, 傅骏骅, 张世煌, 袁力行, 李明顺, 2000, 利用SSR标记研究玉米自交系的遗传变异, 中国农业科学, 33(2): 1-9)
- Liu S.J., Rong T.Z., Yang J.P., and Pan G.T., 2004, Cluster analysis of local maize (*Zea mays* L.) germplasm in Sichuan based on SSRs, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 30(3): 221-226 (刘世建, 荣廷昭, 杨俊品, 潘光堂, 2004, 四川地方玉米种质的SSR聚类分析, 作物学报, 30(3): 221-226)
- Liu X.H., Liu W.X., Zhang Y.R., Liu Z.X., Zhang S.K., and Dai J.R., 2005, Genetic relationship among several maize inbreds revealed by SSR markers, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Mol. Plant Breed.)*, 3(2): 179-187 (刘希慧, 刘文欣, 张义荣, 刘占先, 张书奎, 戴景瑞, 2005, 利用SSR分子标记鉴定若干玉米自交系的亲缘关系, 分子植物育种, 3(2): 179-187)
- Nei M., and Li M.H., 1979, Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, 76(10): 5269-5273
- Nie Q., Xu R.H., and Bai G.X., 2008, Studies of genetic diversity in Maize inbred lines of Guizhou Based on SSRs markers, *Yumi Kexue (Journal of Maize Sciences)*, 16(5): 11-15 (聂琼, 徐如宏, 柏光晓, 2008, 贵州常用玉米自交系的SSR遗传分析, 玉米科学, 16(5): 11-15)
- Nie Y.X., Zhang L., Pang G.T., and Rong T.Z., 2005, Genetic diversity of dominant maize inbred lines revealed by SSR in sichuan province, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Mol. Plant Breed.)*, 3(1): 43-51 (聂永心, 张丽, 潘光堂, 荣廷昭, 2005, 四川省常用玉米自交系SSR遗传多样性分析, 分子植物育种, 3(1): 43-51)
- Tan J., and Yang J.P., 2009, A rapid method of DNA extraction from maize seeds and purity identification of maize hybrids, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Mol. Plant Breed.)*, 7(4): 811-816 (谭君, 杨俊品, 2009, 玉米种子DNA快速提取及杂交种纯度的快速鉴定, 分子植物育种, 7(4):

811-816)

- Wu Y.S., Zheng Y.L., Sun R., Wu S.Y., Gu H.B., and Bi Y.H., 2004, Genetic diversity of waxy corn and popcorn landraces in Yunnan by SSR markers, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 30(1): 36-42 (吴渝生, 郑用琏, 孙荣, 伍少云, 顾红波, 毕有华, 2004, 基于SSR标记的云南糯玉米、爆裂玉米地方种质遗传多样性研究, 作物学报, 30(1): 36-42)
- Xiao M.J., Li M.S., Li X.H., and Zhang S.H., 2008, Genetic diversity revealed by SSR markers among inbred lines used in summer maize breeding program in huanghuaihai area of china, *Yumi Kexue (Journal of Maize Sciences)*, 16(2): 1-7 (肖木辑, 李明顺, 李新海, 张世煌, 2008, 黄淮海地区主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析, 玉米科学, 16(2): 1-7)

 5<sup>th</sup>Publisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5<sup>th</sup>Publisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量的评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>