

180 份玉米自交系亲缘关系的分子评价

乔治军, 刘龙龙, 南晓洁, 赵秀娟, 王海岗

(山西省农业科学院农作物品种资源研究所, 太原 030031)

摘要:利用覆盖玉米全基因组的 22 对 SSR 引物, 对 180 份玉米自交系的亲缘关系进行分子评价。结果显示: 22 对 SSR 引物共检测到 129 个等位基因, 每一位点平均等位基因数 5.9, 变幅 2~13; 平均基因多样性指数和平均多态性信息含量分别为 0.583 和 0.528。基于模型的群体结构分析将所有材料分为 5 个类群, 与国内自交系划分的杂种优势群体相一致。AMOVA 分析表明, 5 个类群的遗传变异主要存在于群体内, 群体间的遗传变异仅占总变异的 3.38%, 且达到极显著水平。不同群体间的遗传分化在 0.021~0.079 之间。

关键词:玉米自交系; SSR 标记; 遗传多样性; 遗传结构

Molecular Evaluation of 180 Maize Inbred Lines by SSR Markers

QIAO Zhi-jun, LIU Long-long, NAN Xiao-jie, ZHAO Xiu-juan, WANG Hai-gang

(Institute of Crop Germplasm Resources, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031)

Abstract: 22 SSRs covered the entire maize genome were selected to fingerprint a set of 180 maize inbred lines preserved. Totally, 129 alleles were detected by these 22 SSRs, averaged 5.9 per locus, ranging from 2 to 13. The average gene diversity was 0.583, and the overall PIC across all these SSRs was 0.528. Model-based clustering analysis indicated that all these 180 inbreds could be separated into 5 distinct groups, agreed well with the heterotic groups of Chinese maize inbreds. Results from the F-statistics and the analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the genetic differentiation coefficient among model-based groups varied from 0.021 to 0.079, and the total genetic variation among these groups only accounted for 3.38%, the rest (96.62%) was observed existing within these groups.

Key words: Maize inbred lines; SSR marker; Genetic diversity; Genetic structure

玉米自交系作为玉米人工进化的重要产物, 在遗传学研究和育种工作中有重要的价值。当前, 为了实现育种目标, 育种家从各种不同类型的种质资源中进行了自交系的选育。这些新选育的自交系, 仅少数具有系统的系谱记载, 而大部分没有明确的类群属性信息, 因而在利用这些自交系时带有很大的盲目性, 降低了利用效率。因此, 对玉米自交系的亲缘关系的掌握及优势类群的划分, 历来都是研究的热点^[1-7]。

早期的研究由于受技术的限制, 大多通过表型(如一般配合力与特殊配合力等)或同工酶标记等

对自交系进行优势类群划分, 尽管在一定程度上揭示自交系之间的遗传关系, 但分析的样本都不大。基于 DNA 序列的分子标记, 特别是 SSR 标记技术的发展与广泛应用^[7], 有力地推动了此类研究的发展。

袁力行等^[8]和肖木辑等^[9]采用 SSR 标记技术对部分玉米自交多样性进行了分析。段运平等^[10]对部分热带和温带玉米自交进行遗传多样性分析和杂种优势群体和模型的研究。刘宗华等^[11]对河南主要玉米自交系进行了研究。但这些研究主要集中在杂种优势群的划分上, 所选材料多为典型自交系

收稿日期: 2010-09-04 修回日期: 2010-10-31

基金项目: 作物种质资源保护项目(NB08-2130135-(25-31)-11)

作者简介: 乔治军, 研究员, 主要从事种质资源研究工作。E-mail: nkypzs@yahoo.com.cn

通讯作者: 王海岗, 实习研究员, 主要从事种质资源研究工作。E-mail: whgl2008@yahoo.com.cn

品种。本试验采用 SSR 标记技术对 180 份玉米自交系的遗传多样性和遗传结构进行了系统分析,从分子水平上揭示自交系的亲缘关系,为玉米育种工作提供一定的理论参考。

1 材料与方法

1.1 材料

180 份玉米自交系主要来自国内育种上应用较广的材料和近年山西省农科院农作物品种资源研究所搜集引进的自交系。包括我国玉米杂种优势群的标准测验种:黄早四(塘四平头群)、Mo17(兰卡斯特群)、丹 340(旅大红骨群)、齐 319(PN 群)、掖 478(PN 群)和 B73(瑞德群)。所有材料均由山西省农科院农作物品种资源研究所提供。

1.2 方法

2008 年在山西省太原市小店区农场将 180 份玉米自交系种植成 2 行小区,在抽雄前选择株型一致的自交系 10 株,取新叶 2~3cm 置于离心管,保

存于液氮罐中。

1.2.1 DNA 提取 采用 CTAB 法提取玉米基因组 DNA,用 Beckman DU-800 型分光光度计检测 DNA 质量和浓度。

1.2.2 PCR 扩增及检测 22 个 SSR 标记分布于玉米的 10 条染色体,其中除第 7 染色体有 4 个标记外,其余每条染色体均有 2 个标记(表 1)。这些 SSR 标记的引物序列均来自玉米基因组数据库(Maize Genome Database)网站(<http://www.maizeGDB.org>),由上海生工生物工程有限公司合成。PCR 反应在 Biometra-T1 PCR 仪上进行,10 μ l 反应体系中含有 10 \times PCR Buffer (20mmol/L Mg²⁺) 1 μ L, 1mmol/L 正、反 SSR 引物各 1 μ l, dNTPs(25 mmol/L) 0.2 μ l, Taq DNA 聚合酶 0.4 μ l, ddH₂O 5.54 μ l。PCR 反应程序为:95 $^{\circ}$ C 预变性 5min;95 $^{\circ}$ C 1 min, 55~65 $^{\circ}$ C 1 min,70 $^{\circ}$ C 1.5 min,30 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。扩增产物在 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶上恒压电泳,银染后用 NaOH 溶液显色,记录。

表 1 SSR 位点等位基因数、基因多样性指数、多态性信息含量和遗传分化系数

Table 1 Summary information of the 22 SSR loci in the chromosome bin, allele numbers, gene diversity, PIC and Fst among 180 inbred lines

编号 No.	位点 Locus	染色体区间 Bin	等位基因个数 No. of alleles	基因多样性指数 He	多态性信息含量 PIC	遗传分化系数 Fst
1	bnlg439	1.03	5	0.7113	0.6576	0.00337
2	phi1122	1.06~1.07	4	0.5852	0.5282	0.02988
3	phi083	2.04	4	0.6191	0.5495	0.05069
4	phi127	2.08	7	0.4872	0.4513	0.08714
5	phi374118	3.02	4	0.4487	0.4145	0.01802
6	phi053	3.05	7	0.6751	0.6173	0.00919
7	phi079	4.05	7	0.4172	0.3894	0.02085
8	phi076	4.11	7	0.6511	0.5905	0.01871
9	phi113	5.03~5.04	6	0.7404	0.6932	0.07662
10	umc1153	5.09	5	0.4365	0.4085	0.01595
11	phi126	6.00	13	0.8215	0.7996	0.03634
12	phi123	6.07	4	0.5471	0.4456	0.00358
13	phi057	7.01	3	0.5342	0.4776	0.15150
14	phi112	7.01	9	0.5477	0.4806	0.08128
15	phi328175	7.04	10	0.7881	0.7545	0.07977
16	phi116	7.06	9	0.6635	0.5973	0.00467
17	phi115	8.03	5	0.5613	0.4983	0.01023
18	phi080	8.09	8	0.6844	0.6450	0.01790
19	umc1279	9.00	2	0.4672	0.3581	0.10914
20	umc1277	9.08	3	0.4926	0.3762	0.24419
21	umc1152	10.01	3	0.2427	0.2192	0.04083
22	umc1196	10.07	5	0.7129	0.6652	0.01119
	平均 Average		5.9	0.5834	0.5280	0.0510

1.2.3 数据处理 以 50bpDNA ladder 为分子量标准,每个样品泳道参照标准 DNA 分子大小,选择扩增清晰的条带统计数据。每 1 对 SSR 引物检测 1 个位点,每 1 条多态性条带视为 1 个等位基因。应用 PowerMarker Version3.25 计算平均等位基因(A)、基因多样性指数(He)和多态性信息含量指数(PIC)^[12];群体遗传结构的分析使用 Structure Version2.3 软件^[13];用 PowerMarker 软件计算所有自交系的 Roger's 遗传距离,基于 Roger's 遗传距离,采用 Neighbor-Joining 方法对 180 份自交系进行聚类,用 MEGA4.0 软件构建聚类图^[14]。类群间遗传分化系数 F_{st} 采用 Arlequin Version3.11 中的 AMOVA (analysis of molecular variance) 程序计算^[15]。

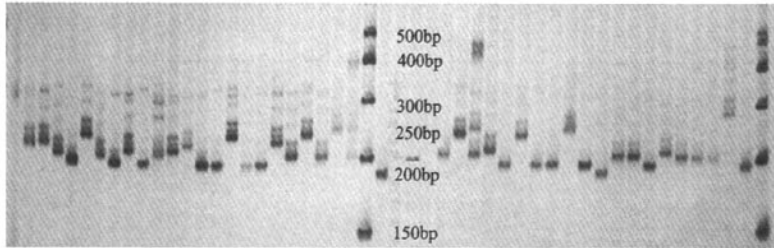


图 1 引物 phi126 扩增结果

Fig. 1 Amplified fragments of phi126 among inbred lines

在利用 SSR 标记对 180 份自交系的遗传多样性检测中发现,等位基因数相同的不同 SSR 位点,基因多样性指数和多态性信息含量并不相同。phi112 与 phi116 在 180 份自交系中检测到的等位基因均为 9 个,但 phi112 的基因多样性指数与多态性信息含量分别为 0.5477 与 0.4806,明显低于 phi116(表 1)。对两个位点在全自交系中发现的等位基因进行统计,发现这两个标记所检测到等位基因频率分布很不均匀,其中 phi112 - 145bp 基因频率很高(图 2),这可能与某些重要性状紧密连锁,因而在自交系选育过程中被保留下来。

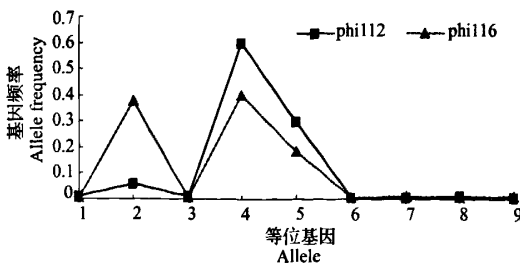


图 2 phi112 与 phi116 所检测等位基因的频率

Fig. 2 Frequency of alleles detected by phi112 and phi116

2 结果与分析

2.1 SSR 多样性

22 对 SSR 标记在 180 份自交系中共检测到 129 个等位基因,平均每个位点 5.9 个,变化范围在 2 ~ 13。其中,umc1279 检测到的等位基因最少,仅 2 个,而 phi126 位点检测到的位基因最多,为 13 个(表 1,图 1)。稀有类型等位基因(基因频率低于 5%)54 个,占全部等位基因数的 41.9%。平均基因多样性指数为 0.5834,变幅在 0.2427 ~ 0.8215;平均多态性信息含量为 0.528,变幅在 0.2192 ~ 0.7996(表 1)。

2.2 自交系的群体结构

基于遗传距离的聚类结果将 180 份玉米自交系分为三大类群。类群 1 为国内种质群,类群 2 为美国种质群,类群 3 为 PN 种质群。6 个标准测验种都被划分到这 3 个相应的类群,其中,丹 340(I108)和黄早四(I154)被划分到类群 1 的两个不同的分支/亚群中(图 3);B73(I158)和 Mol7(I136)被划分到类群 2 的两个不同分支/亚群中;而齐 319(I109)和掖 478(I117)则被划分到类群 3 的两个不同分支/亚群中(图 3)。从各测验种所属亚群的亲缘关系来看,其遗传距离均较远。

STRUCTURE 分析群体数(K)为 2 ~ 10,每个参数运行 5 次。Burn-in time 和 MCMC 的重复次数都设置为 80000。当 $K = 5$ 时, $\text{LnP}(D)$ 值达到最大(图 4),表明 180 个自交系可以划分为 5 个不同的类群(Pop I、Pop II、Pop III、Pop IV 与 Pop V)。B73、Mol7、丹 340 和黄早四被划分到 Pop III、Pop II、Pop V、Pop IV 中,齐 319 和掖 478 划分到 Pop I 中,这与目前我国玉米杂种优势群划分相吻合。



图3 180份自交系基于 Roger's 遗传距离的聚类图

Fig. 3 Dendrogram of 180 inbred lines based on Roger's genetic distances

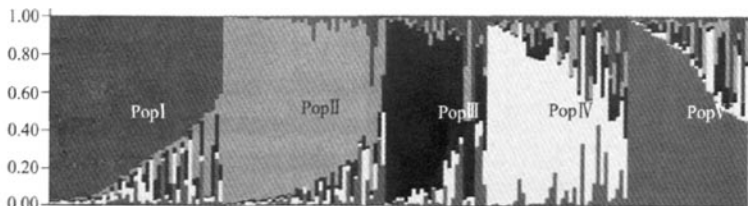
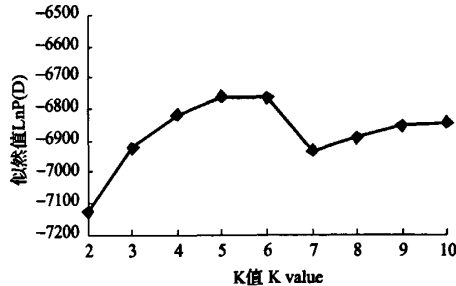


图4 180份自交系基于模型的群体结构分析

Fig. 4 Population structure of 180 inbred lines revealed by a model-based analysis with 22 SSRs

比较两种聚类结果,基于模型的聚类更能直观、快速地反映具体某一自交系所属的类群及其血缘组成。而基于遗传距离的聚类分析能够将两个自交系之间的亲缘关系表示出来,这对于玉米

杂种优势育种有一定的指导意义。通过对每一自交系血缘组成的掌握和不同自交系间遗传距离的判断,再结合田间农艺性状可以迅速做出杂交配组的方案。

2.3 遗传分化

AMOVA 分析表明,SSR 遗传变异绝大部分存在于群体内,尽管群体间的遗传变异仅占总变异的 3.38%,但仍然存在极显著差异($P < 0.001$) (表 2)。分析每一位点的遗传分化(表 1),在 22 个多态性位点中,15 个位点(占 68.2%)遗传分化不显著,仅 7 个位点遗传分化达到 1% 的显著水平,其中,umc1277 遗传分化最为明显,高达 24.4%。

表 2 5 个玉米自交系类群的 AMOVA 分析

Table 2 AMOVA of the five model-based groups

变异来源 Source of variation	自由度 df	方差分量 Variance component	变异百分率(%) Percentage of variation	P
群体间 Among populations	4	0.11	3.38	<0.000
群体内 Within populations	355	3.04	96.62	<0.000
总计 Total	359	3.15	100	

比较 5 个群体间的遗传分化(表 3),发现 PopII/III 的遗传分化最大($F_{st} = 0.079, P < 0.001$)。各群体间遗传分化 F_{st} 值变化范围在 0.021 ~ 0.079 之间。除 PopV/III (旅大红骨类群/瑞德类群)和 PopV/IV (旅大红骨类群/塘四平头类群)之间分化未达显著水平外,其他群体间的分化都达到显著水平。

表 3 各群体间遗传分化系数及显著性水平

Table 3 F_{st} values between populations and significance level above the diagonal

	Pop I	Pop II	Pop III	Pop IV	Pop V
Pop I		***	***	***	*
Pop II	0.048		***	***	*
Pop III	0.078	0.079		***	NS
Pop IV	0.056	0.049	0.047		NS
Pop V	0.029	0.031	0.026	0.021	

***: $P < 0.00001$; *: $P < 0.05$; NS: not significant

3 讨论

3.1 玉米自交系遗传多样性分析

目前,国内学者对玉米自交系遗传多样性有不少的研究,但是,试验材料都比较有限。本研究所选自交系大都来自于生产中应用较广的自交系,且选择的引物比较均匀。本试验 22 个 SSR 标记所检测到的平均等位基因为 5.9 个,平均多态性信息量(PIC)为 0.528,高于 Xie 等^[16]所报道的 70 个 SSR 标记在 187 自交系中检测到的平均等位基因数(4.14)和平均 PIC(0.615),这可能与试验材料和所选引物有关。肖

木辑等^[9]采用 70 对 SSR 引物在 37 份辽宁省主要玉米自交系中检测到 260 个等位基因,平均 3.7 个,低于本试验;平均 PIC 为 0.564,与本试验结果相近。

phi112 和 phi116 两个位点所检测到的等位基因均为 9 个,但 phi116 位点各等位基因在频率分布上比 phi112 位点要均匀。PIC 和 H_e 均与等位基因的频率有关,在等位基因数相同的情况下,如果各等位基因的频率相当,则 PIC 与 H_e 会较高;而这些等位基因中某一个或两个的频率显著高于其他等位基因,则会直接导致 PIC 与 H_e 降低。此外,phi112 是玉米高赖氨酸基因 opaque2 内部的一个标记,与赖氨酸含量直接相关^[17]。而这个标记发现的 phi112-145bp 等位基因(图 2 中的第 4 个等位基因)频率最高,说明控制赖氨酸含量的基因可能与某一农艺性状基因紧密连锁,在育种家选育自交系过程中被保留下来,因而直接导致控制该性状的基因频率升高。

3.2 群体结构的划分

传统玉米自交系类群的划分主要依赖于系谱和杂交组合 F_1 的产量来划分杂种优势群体。本试验采用 SSR 标记技术,主要从分子水平来评价玉米自交系间的亲缘关系。由于玉米自交系有一个复杂的历史,自交系间一直进行多重开放授粉和杂交。因此,把自交系划分到真实的群体中是非常困难的。基于模型的群体结构分析结果显示,180 个自交系可以划分为 5 个类群,并且每个类群都包含有 6 个测验种中相应的标准自交系,其群体结构与我国玉米杂种优势群体基本一致。并且,本文对基于模型所划分的 5 个遗传结构群体进行了 AMOVA 分析,结果显示群体内的遗传变异在总变异中占主导地位(96.62%)。尽管群体间遗传变异仅占 3.38%,但已达到了极显著水平。

基于 22 个 SSR 标记的群体结构分析,180 个自交系被划分为 5 个不同的类群,分别对应我国广泛应用的塘四平头、兰卡斯特、瑞德、PN 与旅大红骨等 5 个杂种优势群。该结果不仅揭示了 180 个自交系的血缘构成,同时也为这些自交系之间的杂交组配提供了理论参考。

参考文献

- [1] Liu K, Goodman M, Muse S, et al. Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites [J]. Genetics, 2003, 165(12): 2117-2128
- [2] Clerc V L, Bazante F, Baril C, et al. Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers [J]. Theor Appl Genet, 2005, 110: 294-302

(下转第 222 页)

3.3 单个分离世代与不分离世代联合分析方法的 应用

基于表型差异,人们通常将植物性状分为质量性状和数量性状。数量性状通常表现为数量化、连续性的特征。研究证实,大量数量性状的遗传属于主基因和多基因的混合遗传模式,即由一对或若干对主基因控制,同时受微效多基因修饰。从分子水平看,不同性状量的差异应理解为不同基因在结构和功能上表现的量的差异。

利用单个分离世代与不分离世代共同分析具有以下两个优点:能检测数量性状的多基因体系是否存在以提高一阶参数的估计精度。联合方法有两种处理方法,一是仅用亲本和 F_1 等不分离世代估计环境变异,从而分解出多基因变异;二是将单个分离世代及亲本和 F_1 纳入统一的似然函数,从而综合地估计遗传参数^[8]。本文采用了第二种分析方法,结果表明,在2个组合的8个检测指标分析中,除RH6组合目测肉色分级外,其他指标均为主基因+多基因混合遗传模型,即影响黄瓜果肉色的遗传作用中存在着明显的多基因修饰作用。

参考文献

- [1] 戚春章,袁珍珍,李玉湘. 黄瓜新类型:西双版纳黄瓜[J]. 园艺学报,1983,10(4):259-264
- [2] 沈镛,方智远,戚春章,等. 西双版纳黄瓜群体遗传多样性的SSR分析[J]. 园艺学报,2009,36(10):1457-1464
- [3] Reif J C, Hamrit S, Heckenberger M, et al. Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 838-845
- [4] 贾继增,黎裕. 植物基因组学与种质资源新基因发掘[J]. 中国农业科学,2004,37(11):1585-1592
- [5] 李建生. 玉米分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报,2007,9(2):10-13
- [6] 卢柏山,王荣煊,王凤格,等. 基于DUS测试性状的玉米自交系形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(1):103-107
- [7] 陈静,胡晓辉. 苗华荣,等. SSR标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):360
- [8] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等. 利用RFLP、SSR、AFLP、和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. 遗传学报,2000,27(8):725-733
- [9] 肖木辑,李明顺,孙有位,等. 辽宁省主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析[J]. 玉米科学,2006,14(1):33-36
- [10] 段运平,陈卫国,李明顺,等. 利用SSR标记分析27个玉米群

- [3] 沈镛,李锡香,方智远,等. 西双版纳黄瓜种质资源形态鉴定和亲缘关系的初步研究[J]. 中国蔬菜,2010(2):21-27
- [4] 沈镛,李锡香,方智远,等. 不同类型西双版纳黄瓜果实成熟期营养成分分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(4):594-598
- [5] van Vliet T, van Schaik F, Schreurs W H, et al. *In vitro* measurement of β -carotene cleavage activity; methodological considerations and the effect of other carotenoids on β -carotene cleavage [J]. *Int J Vitam Nutr Res*, 1996, 66 (1):77-85
- [6] von Lintig J, Wyss A. Molecular analysis of vitamin A formation: cloning and characterization of β -carotene 15, 15'-dioxygenase [J]. *Arch Biochem Biophys*, 2001, 385 (1):47-52
- [7] 盖钧镛. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传,2005,27(1):130-136
- [8] 盖钧镛,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003
- [9] 张洁夫,戚存扣,浦惠明,等. 甘蓝型油菜花瓣缺失性状基因的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国油料作物学报,2007,29(3):227-232
- [10] 庞文龙,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果色性状的遗传研究[J]. 园艺学报,2008,35(7):979-986
- [11] 李广军,程利国,张国政,等. 大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传[J]. 大豆科学,2008,27(1):33-37
- [12] 马雪霞,丁业掌,蒋峰,等. 亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2008,9(2):212-217
- [13] 禹山林,杨庆利,潘丽娟,等. 花生种子含油量的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):453-456
- [14] 李红双,李锡香,沈镛,等. 萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(2):152-156
- [15] 章元明,盖钧镛,张孟臣. 利用 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 或 $F_{2,3}$ 世代联合的数量性状分离分析[J]. 西南农业大学学报,2000,22(1):6-9
- [16] Kooistra E. Inheritance of fruit flesh and skin colours in powdery mildew resistant cucumbers (*Cucumis sativus* L.) [J]. *Euphytica*, 1971, 20:521-523

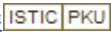
(上接第215页)

- [3] Reif J C, Hamrit S, Heckenberger M, et al. Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 838-845
- [4] 贾继增,黎裕. 植物基因组学与种质资源新基因发掘[J]. 中国农业科学,2004,37(11):1585-1592
- [5] 李建生. 玉米分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报,2007,9(2):10-13
- [6] 卢柏山,王荣煊,王凤格,等. 基于DUS测试性状的玉米自交系形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(1):103-107
- [7] 陈静,胡晓辉. 苗华荣,等. SSR标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):360
- [8] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等. 利用RFLP、SSR、AFLP、和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. 遗传学报,2000,27(8):725-733
- [9] 肖木辑,李明顺,孙有位,等. 辽宁省主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析[J]. 玉米科学,2006,14(1):33-36
- [10] 段运平,陈卫国,李明顺,等. 利用SSR标记分析27个玉米群

体的遗传关系[J]. 中国农业科学,2006,39(6):1102-1113

- [11] 刘宗华,汤继华,王庆东,等. 河南省主要玉米品种杂种优势利用模式分析[J]. 中国农业科学,2006,39(8):1689-1696
- [12] Liu K, Muse S V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data [J]. *Bioinformatics*, 2005, 21(9):2128-2129
- [13] Hubisz M J, Falush D, Stephens M, et al. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information [J]. *Molec Eco Resour*, 2009, 9:1322-1332
- [14] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. *Molec Bio Evolu*, 2007, 24:1596-1599
- [15] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis [J]. *Evol Bioinform Online*, 2005, 1:47-50
- [16] Xie C, Zhang S, Li M, et al. Inferring Genome Ancestry And Estimating Molecular Relatedness Among 187 Chinese Maize Inbred Lines [J]. *Genet Genom*, 2007, 34(8):738-748
- [17] 姜伟,李新海,李明顺,等. opaque2 基因微卫星标记与玉米籽粒赖氨酸含量的关系[J]. 作物学报,2004,30(8):739-744

180份玉米自交系亲缘关系的分子评价

作者: 乔治军, 刘龙龙, 南晓洁, 赵秀娟, 王海岗, QIAO Zhi-jun, LIU Long-long, NAN Xiao-jie, ZHAO Xiu-juan, WANG Hai-gang
作者单位: 山西省农业科学院农作物品种资源研究所, 太原, 030031
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES
年, 卷(期): 2011, 12(2)

参考文献(17条)

1. Excoffier L; Laval G; Schneider S [Arlequin \(version 3.0\): An integrated software package for population genetics data analysis](#) 2005
2. Tamura K; Dudley J; Nei M [MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis \(MEGA\) software version 4.0](#) [外文期刊] 2007(8)
3. Hubisz M J; Falush D; Stephens M [Inferring weak population structure with the assistance of sample group information](#) 2009
4. Liu K; Muse S V [PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data](#) [外文期刊] 2005(09)
5. 刘宗华; 汤继华; 王庆东 [河南省主要玉米品种杂种优势利用模式分析](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2006(08)
6. 段运平; 陈卫国; 李明顺 [利用SSR标记分析27个玉米群体的遗传关系](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2006(06)
7. 肖木辑; 李明顺; 孙有位 [辽宁省主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析](#) [期刊论文]-[玉米科学](#) 2006(01)
8. 袁力行; 傅骏骅; Warburton M [利用RFLP、SSR、AFLP、和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究](#) [期刊论文]-[遗传学报](#) 2000(08)
9. 陈静; 胡晓辉 苗华荣, 等: [SSR标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性](#) 2009(03)
10. 卢柏山; 王荣焕; 王风格 [基于DUS测试性状的玉米自交系形态多样性分析](#) [期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2010(01)
11. 姜伟; 李新海; 李明顺 [opaque2基因微卫星标记与玉米籽粒赖氨酸含量的关系](#) 2004(08)
12. Xie C; Zhang S; Li M [Inferring Genome Ancestry And Estimating Molecular Relatedness Among 187 Chinese Maize Inbred Lines](#) [期刊论文]-[Genet Genom](#) 2007(08)
13. 李建生 [玉米分子育种研究进展](#) [期刊论文]-[中国农业科技导报](#) 2007(02)
14. 贾继增; 黎裕 [植物基因组学与种质资源新基因发掘](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2004(11)
15. Reif J C; Hamrit S; Heckenberger M [Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years](#) 2005
16. Clerc V L; Bazante F; Baril C [Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers](#) [外文期刊] 2005(2)
17. Liu K; Goodman M; Muse S [Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites](#) 2003(12)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201102007.aspx