

308 个糯玉米审定品种 SSR 标记遗传多样性分析

杨 扬¹, 仇律雯^{1,2}, 田红丽¹, 易红梅¹, 卢柏山¹, 王 璐¹, 范亚明¹, 史亚兴¹,
任 洁¹, 葛建榕¹, 徐 丽¹, 陆大雷², 赵久然¹, 王凤格¹

(¹北京市农林科学院玉米研究中心 / 玉米 DNA 指纹及分子育种北京市重点实验室, 北京 100097;

²扬州大学 / 江苏省作物遗传生理重点实验室培育点 / 粮食作物现代产业技术协同创新中心, 扬州 225009)

摘要: 随着中国糯玉米产业的蓬勃发展, 每年通过审定的糯玉米品种逐渐增多, 为了解其育成品种的遗传多样性和亲缘关系, 本研究以 308 个糯玉米审定品种为材料, 利用 SSR 标记从审定年份和适宜种植区 2 个角度分析近年来糯玉米审定品种遗传多样性特点和发展趋势。结果表明, 308 份糯玉米审定品种在 40 个 SSR 标记上共检测出 529 个等位基因、1480 种基因型, PIC 变幅为 0.226~0.890, 平均为 0.684。从审定时间看, 各年份间审定品种的遗传多样性指数波动不大, 其中 2015 年审定品种的遗传多样性最高, 为 0.720。从适宜种植区看, 西南区审定品种的 PIC 值最高, 遗传距离分析表明西南区和另外 3 个适宜种植区有着最远的遗传距离, 平均为 0.0217; 聚类分析结果显示, 西南区部分品种聚集为一组, 表现出一定的地域特色。聚类分组中以京科糯 2000 为代表的第 III 组品种数目最多 (122 个, 东南区占比 59.0%), 且在主坐标图中独立分布, 表明优良品种的出现及其杂优模式的推广能够丰富和拓宽品种的遗传多样性, 为糯玉米新品种改良提供导向作用的同时推动糯玉米产业的发展。

关键词: 糯玉米; 审定品种; SSR 标记; 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis of 308 Waxy Maize Varieties by SSR Markers

YANG Yang¹, QIU Lyu-wen^{1,2}, TIAN Hong-li¹, YI Hong-mei¹, LU Bai-shan¹, WANG Lu¹, FAN Ya-ming¹,
SHI Ya-xing¹, REN Jie¹, GE Jian-rong¹, XU Li¹, LU Da-lei², ZHAO Jiu-ran¹, WANG Feng-ge¹

(¹Maize Research Center, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences/Beijing Key Laboratory of Maize DNA

Fingerprinting and Molecular Breeding, Beijing 100097; ²Yangzhou University/ Jiangsu Key Laboratory of Crop

Genetics and Physiology/Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops, Yangzhou 225009)

Abstract: With the vigorous development of China's waxy maize industry, more and more waxy maize varieties have been approved each year. In this study, 308 approved waxy maize hybrids were used as materials to analyze by SSR markers the genetic diversity and genetic relationship of waxy maize hybrids from the aspects of year and suitable planting area. The results showed that a total of 529 alleles or 1480 genotypes were detected on 40 SSR markers in the 308 waxy maize varieties, and the PIC range was 0.226-0.890, with an average of 0.684. From the perspective of approval time, the genetic diversity index of approved varieties fluctuated little from year to year, and the highest genetic diversity of approved varieties appeared in 2015 (0.720). From the perspective of suitable planting area, the PIC index of varieties in Southwest area was the highest, and the genetic distance between the varieties in Southwest area and those in other planting areas was the farthest, with an average of 0.0217. The results of cluster analysis showed that some varieties in Southwest area were clustered into a group,

收稿日期: 2021-06-29 修回日期: 2021-08-03 网络出版日期: 2021-08-17

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210629001>

第一作者研究方向为玉米分子鉴定, E-mail: caurwx@163.com; 仇律雯和田红丽为共同第一作者

通信作者: 赵久然, 研究方向为玉米遗传育种及高产栽培, E-mail: maizezhao@126.com

王凤格, 研究方向为玉米分子鉴定, E-mail: gege0106@163.com

基金项目: 北京市农林科学院科技创新能力建设专项 (KJCX20200305) 资助

Foundation project: Science and Technology Innovation Capacity Building Project of Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences (KJCX20200305)

presenting certain regional characteristics. Among these cluster groups, Group III represented by Jing Kenuo 2000 had the largest number of varieties (122, accounting for 59.0% in Southeast area), and was distributed independently in the main coordinate map, which showed that the emergence of excellent varieties and the promotion of hetero-excellent model can enrich and broaden the genetic diversity of varieties. This would provide guidance for the improvement of new waxy maize varieties, and promote the development of waxy maize industry.

Key words: waxy maize; approved varieties; SSR markers; genetic diversity

玉米作为中国种植面积最大、总产量最高的作物,是目前粮食增产的主力军,在中国农业生产中占有十分重要的地位^[1-2]。糯玉米又称蜡质玉米,在中国有着悠久的种植历史,由于 *waxy* 基因突变使得籽粒中的淀粉几乎全部为支链淀粉,可在乳熟期收获果穗用以鲜食。糯玉米具有很高的经济价值,其籽粒中含有丰富的蛋白质、脂肪、维生素等营养物质,营养成分含量远高于普通玉米,2000年开始作为鲜食玉米纳入国家玉米品种管理,随着国民经济的发展,逐渐成为种植面积最大的非设施蔬菜作物,至2016年中国糯玉米种植面积已成世界之最且还在不断增长^[3-4]。

糯玉米审定品种是经过品种区域试验和生产试验,并通过审定,在其推荐种植区域可以推广种植的品种^[5],代表了当前糯玉米的育种水平和近年来糯玉米的育种动态。2011-2015年,随着中国经济的快速发展以及二三线市场的开拓,糯玉米市场需求量和出口量持续增加,其种植面积由500000 hm²增长到800000 hm²^[4];2016年农业部发布《关于全国种植业结构调整规划(2016-2020年)》,其中明确指出“调减籽粒玉米,扩大青贮玉米,适当发展鲜食玉米”^[6];使得鲜食玉米产业获得育种家越来越多的关注和重视,参加区试和通过审定的杂交种数量也逐渐增多。通过对糯玉米审定品种进行遗传多样性分析可以直观地了解其育种现状,对今后糯玉米品种改良和杂优模式创新有重要指导作用。SSR (Simple sequence repeats) 标记以其快速、简便、多态性丰富、高重复性等优点被广泛应用于玉米、水稻、小麦等作物的遗传多样性分析和指纹图谱构建^[7-9],是目前发展最为成熟的分子标记之一,并有相应的标准作为支持^[10],能够全面反映供试材料的遗传多样性情况。前人关于糯玉米的遗传多样性研究多与自交系和农家种有关,尤其是核心种质^[11-15]。王慧等^[13]从品质性状和SSR标记2个角度对糯玉米的遗传多样性进行了分析,发现165份糯玉米农家品种和自交系具有丰富的品质性状变异和SSR标记遗传多样性,可以为糯玉米杂交利用和遗传改

良提供基础。王玉民等^[14]利用SSR标记对35份糯玉米自交系和5份普通玉米进行了遗传多样性分析,并将其划分为4个类群,与可追踪的系谱信息基本一致。卢媛等^[15]利用SNP (Single nucleotide polymorphism) 标记分析了糯玉米种质遗传多样性,将49份自交系划分为5个类群,明确了其亲缘关系。

相较于糯玉米自交系和农家种而言,糯玉米审定品种的遗传多样性研究则鲜有发表。本研究利用40个SSR标记从审定年份和适宜种植区两个角度对近10年来糯玉米审定品种进行遗传多样性分析,以期了解中国糯玉米审定品种近10年来的遗传多样性演变、品种间亲缘关系、发展趋势和存在的问题,可为中国糯玉米审定品种的管理提供理论依据,同时也为糯玉米新品种改良和育种策略创新提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料包括2012-2019年通过国家或各省区(市)审定糯玉米品种300个,国家鲜食糯玉米组区域试验的对照品种3个(苏玉糯2号、渝糯7号、苏玉糯5号)和大规模推广的品种5个(郑黄糯2号、彩糯1号、京科糯123、京科糯120、京科糯2000),共计308个审定品种;参照2018年国家鲜食玉米品种区域试验的适宜种植区划分,根据各个品种的审定省份、适宜种植区域等信息将其划分至相应的适宜种植区,详情见表1。

1.2 试验方法

1.2.1 基因组DNA提取 供试样品采用改良CTAB法^[16]提取DNA,用NanoDrop 2000 (Thermo Scientific)紫外分光光度计测定质量和浓度,并根据测量值将DNA原液浓度稀释至200 ng/μL。

1.2.2 SSR标记选择 本研究选用的40个SSR标记均来自农业部颁布的《玉米品种鉴定技术规程SSR标记法》(NY/T 1432—2014),引物信息见文献^[17]。

表 1 审定品种信息表

Table 1 Information of approved varieties

适宜种植区 Suitable planting area	审定区域及数量 Authority of approval and number of approved varieties	总计 Total
东华北 Northeast	国家 5 个, 黑龙江 4 个, 吉林 19 个, 辽宁 11 个, 内蒙古 6 个, 新疆 2 个, 山西 4 个, 甘肃 19 个, 宁夏 6 个	76
黄淮海 Huang-Huai-Hai	国家 14 个, 北京 5 个, 河北 12 个, 山东 7 个, 陕西 4 个, 天津 6 个	48
西南 Southwest	国家 5 个, 贵州 15 个, 四川 6 个, 云南 8 个, 重庆 14 个, 湖南 3 个	51
东南 Southeast	国家 20 个, 安徽 1 个, 福建 8 个, 广东 21 个, 广西 51 个, 江苏 6 个, 江西 7 个, 上海 11 个, 浙江 8 个	133

1.2.3 PCR 扩增及荧光毛细管电泳检测 PCR 扩增反应体系为 20 μL , 其中 DNA 模板 2 μL , 2 \times Taq Plus Master Mix 10 μL , 引物 0.25 μL 。PCR 扩增反应程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 40 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 35 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。

PCR 产物在毛细管荧光电泳系统 ABI3730XL DNA 分析仪上检测。采用 10 重 PCR 产物电泳检测的方法, 将 10 对 PCR 产物进行混合后, 取 2 μL 于 96 孔电泳板中, 加入 10 μL 去离子甲酰胺、0.2 μL GS3730-500 分子量内标, 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 5 min, 离心后置于 ABI3730XL DNA 分析仪上进行荧光毛细管电泳。

1.3 数据分析

采用 ABI3730XL DNA 分析仪上自带的 Data Collection V1.0 软件收集电泳后原始数据并形成 FSA 文件。通过 SSR Analyser V1.2.4 指纹分析器^[18]对 FSA 文件进行基因分型分析^[17]。使用 PowerMarker V3.25 软件^[19]对基因型数据统计不同样品组合的等位基因数、基因型数、杂合度和多态信息含量 (PIC, polymorphism information content) 等信息, 同时计算品种间的遗传距离, 得到非加权组平均法 (UPGMA, unweighted Pair-group method with arithmetic means) 聚类结果。用 EvolView V2.0 软件^[20]对聚类结果修饰得到 UPGMA 系统发生树图。基于 Nei's 1973 遗传距离矩阵, 选用 MVSP V3.13 软件对 308 份糯玉米品种进行主成分分析 (PCA, principal components analysis) 并绘制 PCA 图。按年份分组统计时, 对通过多次审定的品种, 其时间归属按其通过国家审定的年份为准。按适宜种植区分组统计时, 其地域归属同样按其获得国家审定的分区为准。

2 结果与分析

2.1 糯玉米审定品种 40 个 SSR 标记多态性分析

308 个糯玉米审定品种的 40 个 SSR 标记数

据共检测出 529 个等位基因、1480 种基因型, 平均每个 SSR 标记包含 13.225 个等位基因、37 种基因型。不同 SSR 标记的 PIC 值差异较大, 波动区间为 0.226~0.890, 平均为 0.684, 其中 >0.5 的高多态标记有 36 个, 占全部标记的 90%, 说明本研究所选 SSR 标记具有较高的多态性, 可有效反映 308 个糯玉米审定品种的遗传多样性信息。分析 40 个 SSR 位点的等位基因和 PIC 值具体情况 (图 1), 位点 P04 检测到的等位基因数目最多, 为 30 个, 其 PIC 值为 0.796; P21 和 P38 位点检测到的等位基因数目最少, 均为 3 个, 其 PIC 值分别为 0.305 和 0.226。从整体来看, 等位基因数目与其相应的 PIC 值并不是线性关系, 部分位点如 P14 和 P26 等位基因数目较少但表现出很高的多态性。

2.2 不同年份间的遗传多样性分析

按年份将 300 个糯玉米审定品种分成 8 组, 分析各组品种的遗传多样性差异 (表 2)。总等位基因和总基因型数目的变化范围分别为 246~405 和 272~808, PIC 值变化区间为 0.646~0.690, 平均杂合度介于 0.648~0.700 之间, 基因多样性在 0.684~0.720 范围内变化, 其中 2012 年的基因多样性最低, 2015 年最高。整体而言, 不同年份间遗传多样性趋于平稳, 只存在微小波动。

2.3 不同适宜种植区的遗传多样性分析

根据 300 个审定品种的审定省份和推荐种植区域等信息将其划入到相应的适宜种植区, 分析 4 个适宜种植区的遗传多样性特点 (表 3)。对于总等位基因和总基因型, 数量最大均是东南区, 数量最小均是黄淮海区。对于 PIC 值和基因多样性, 最高均是西南区, 最低均是黄淮海区。就平均杂合度而言, 西南区和东南区都表现出了最高值。总体来说 4 个适宜种植区内审定品种的 PIC 值、平均杂合度和基因多样性差异较小。

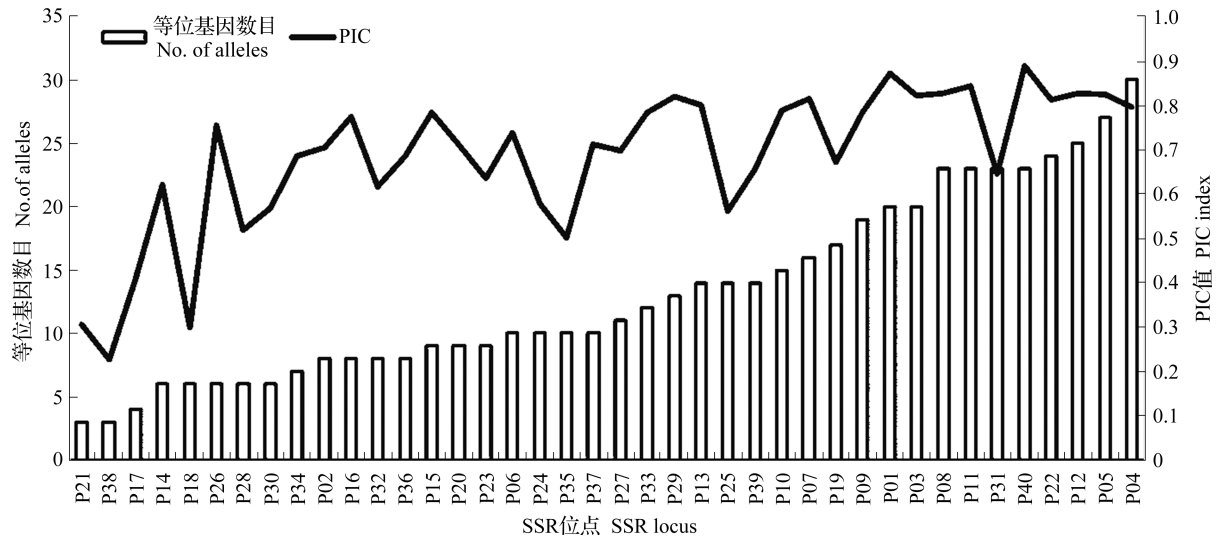


图 1 308 份糯玉米审定品种的 40 个 SSR 位点等位基因和 PIC 指数变化图

Fig. 1 Variation of alleles number and PIC index of 40 SSR loci based on 308 approved waxy maize varieties

表 2 300 个糯玉米审定品种不同年份间遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of 300 waxy maize varieties in different years

年份 Year	品种数目 Number of varieties	总等位基因数 Total allele number	总基因型数 Total genotype number	PIC 值 PIC index	平均杂合度 Average heterozygosity	基因多样性 Gene diversity
2012	54	339	611	0.648	0.666	0.684
2013	36	347	585	0.687	0.681	0.719
2014	31	342	560	0.682	0.648	0.712
2015	35	329	568	0.690	0.686	0.720
2016	33	325	496	0.653	0.680	0.691
2017	68	405	808	0.689	0.663	0.719
2018	33	292	470	0.646	0.660	0.685
2019	10	246	272	0.668	0.700	0.701

表 3 300 个糯玉米审定品种不同适宜种植区遗传多样性

Table 3 Genetic diversity of 300 waxy maize varieties in different suitable planting areas

适宜种植区 Suitable planting area	品种数目 Number of varieties	总等位基因数 Total allele number	总基因型数 Total genotype number	PIC 值 PIC index	平均杂合度 Average heterozygosity	基因多样性 Gene diversity
东华北 Northeast	75	367	762	0.670	0.668	0.704
黄淮海 Huang-Huai-Hai	43	311	546	0.653	0.663	0.691
西南 Southwest	50	372	697	0.686	0.672	0.714
东南 Southeast	132	429	994	0.676	0.672	0.709

分析 300 个审定品种在不同适宜种植区之间的遗传距离(表 4),西南区与另外 3 个适宜种植区都

有着最远的遗传距离,平均为 0.0217。黄淮海区和东华北区遗传距离最近,其次为东南区和东华北区。

表 4 300 份糯玉米审定品种不同适宜种植区间遗传距离

Table 4 Genetic distance of 300 waxy maize varieties between different suitable planting areas

适宜种植区 Suitable planting area	东华北 Northeast	黄淮海 Huang-Huai-Hai	西南 Southwest	东南 Southeast
黄淮海 Huang-Huai-Hai	0.0079	—	—	—
西南 Southwest	0.0205	0.0260	—	—
东南 Southeast	0.0123	0.0147	0.0186	—

2.4 聚类分析和主成分分析

对 308 个糯玉米审定品种进行聚类分析(图 2A), 第 I 组包含以郑黄糯 2 号和彩糯 1 号为代表的 45 个品种, 4 个区占比均匀, 东华北区的审定品种偏多占 35.6%。第 II 组以渝糯 7 号为代表, 共有 22 个品种, 以西南区为主(占 86.4%)且不含黄淮海区。以京科糯 2000 为代表的第 III 组品种数目最多, 有 122 个, 其中东南区审定品种数量最多占该组的 59.0%, 其次是黄淮海区和东华北区均占 18.0%, 最少的是西南区占 4.9%。第 IV 组和第 V 组内品种数量相近, 分别为 62 个和 57 个, 其中第 IV 组的代表品种为苏玉糯 2 号、苏玉糯 5 号和京科糯 123, 组内品种以东华北区和东南区为主; 第 V 组参照品种为粤彩糯 2 号, 其品种主要来自东南区(占 50.9%)且不含黄淮海区。

对 308 个糯玉米审定品种进行主成分分析(图 2B), 主成分 1、2 的贡献率分别为 45.86% 和 11.44%。5 个组的品种各自占据着主成分坐标图的相应位置, 第 I 组品种主要分布在散点图的第 1 象限, 第 II 组品种主要分布在第 1、4 象限, 第 III 组品种主要分布在第 2、3 象限, 第 IV 组品种主要分布在第 3、4 象限, 第 V 组品种主要分布在第 1、4 象限, 其中第 III 组覆盖区域与其他组重叠最少, 证明了第 III 组审定品种与其他组的亲缘关系较远。

3 讨论

本研究利用 40 个 SSR 标记对 308 个糯玉米审定品种进行遗传多样性分析, 涵盖了 2012-2019 年我国通过审定的糯玉米品种, 较全面地展示了近年来糯玉米审定品种的遗传多样性, 在一定程度上能够反映现阶段糯玉米的选育特点。通过对比不同年份间审定品种数目和等位基因型数目之间的关系发现, 随着审定品种数量的增加, 相应的等位基因和基因型数目也随之提高, 但就 PIC 值、平均杂合度和基因多样性这 3 个指标而言, 2012-2019 年各年

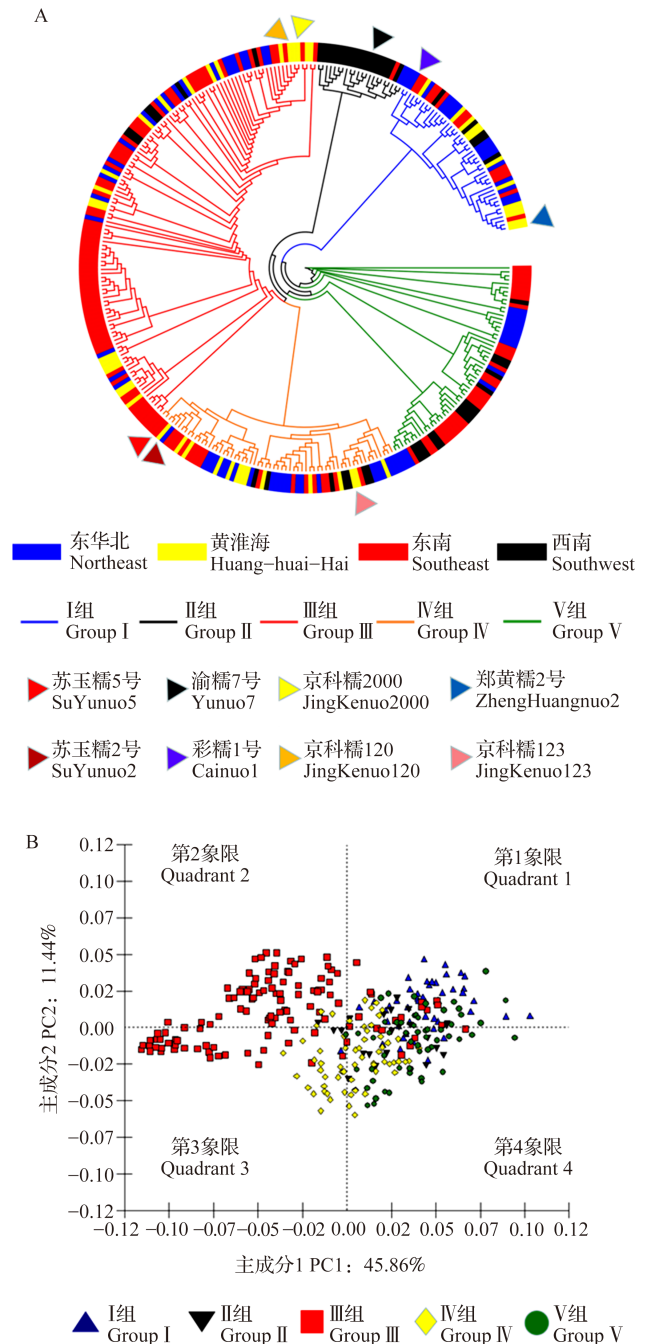


图 2 308 份糯玉米审定品种 SSR 标记系统发生树图 (A) 及聚类组群主成分图 (B)

Fig. 2 Phylogenetic tree (A) and cluster group principal component analysis (B) of 308 waxy maize varieties

份间糯玉米审定品种遗传多样性指数无较大波动,说明近年来糯玉米品种选育所利用的的遗传种质资源已趋于稳定。同王风格等^[21]2004-2009年328个玉米品种的研究结果相比,本研究所用供试材料在等位变异范围、等位基因型数目和PIC值等方面均有所提高,说明随着我国玉米育种技术和杂优模式的不断发展,我国糯玉米选育品种的遗传变异和遗传多样性也逐渐丰富。与易红梅等^[22]2014-2019年鲜食区试组的研究结果相比,本研究所选材料的PIC值和基因多样性偏低,可能是因为鲜食玉米组包含了甜玉米和糯玉米,且甜玉米和糯玉米两者间有较远的遗传距离^[12],在一定程度上丰富了鲜食玉米组区试样品的遗传多样性。

全国农业技术推广服务中心品种管理处于2008年对鲜食玉米品种区域试验进行改革完善,将中国糯玉米的种植划分为4个适宜种植区^[3]。从适宜种植区的角度分析能够更好地了解近年来糯玉米审定品种的遗传多样性地域特点。比较各适宜种植区审定品种的遗传多样性发现,西南区表现出最高的基因多样性,该区审定品种和其他适宜种植区的遗传距离最远且聚类分析结果集中,说明该区审定品种表现出显著的遗传特异性,可能是由于西南玉米种植区有近90%的土地位于丘陵山地和高原,属于典型的立体气候^[23],使得该种植区的糯玉米育种模式所利用的种质受到一定的限制从而产生遗传分化现象;地理跨度大且气候复杂导致耕作栽培方式繁杂,也间接推高了对种植品种多样性的要求^[24]。姚坚强等^[25]、鲍坚东^[26]通过对中国糯玉米种质资源 *waxy* 基因的遗传多样性研究也发现,西南地区糯玉米种质资源与其他地区糯玉米种质资源的 *waxy* 基因没有发生过交换,两者独立起源并有着相互隔离的地理分布,这表明本研究部分西南地区糯玉米审定品种的遗传分化现象可能也与西南本地种质资源的集中利用有关。

本研究在聚类分析加入代表品种的目的是定位供试材料的杂优模式,而同时使用聚类分析和主成分分析两种统计方法的目的是相互验证分析结果,二是从多个角度描述供试材料间的亲缘关系远近。以聚类分组中第Ⅲ组为例,首先,从图2观察该组代表品种京科糯2000的位置,不仅位于系统发生树第Ⅲ组的根部,而且处于PCA图的最左侧前端位置,说明京科糯2000是该聚类分组的基础或核心。京科糯2000的杂优模式是胚乳“硬质型×软质型”^[27],结合品种来源信息综合推断第Ⅲ组的大

部分品种采用了相似的杂优模式。其次,第Ⅲ组在PCA图中的分布相对独立,说明该组品种选育时所用种质材料的遗传背景与其他组较远,从而导致其杂优模式与其他组有很大的差异,进而验证“京科糯2000创新了糯玉米杂优模式”^[27]的观点。最后,第Ⅲ组包含品种数量最多,说明随着京科糯2000的育成和推广,其相应的杂优模式也受到越来越多的育种家和育种单位研究和借鉴,极大地丰富和拓宽了糯玉米种质资源和种质基础,同时推动了糯玉米产业的发展进程,为糯玉米新品种的选育提供了导向作用。

本研究利用SSR标记分析近年来糯玉米审定品种的遗传多样性,发现年度间PIC值、平均杂合度和基因多样性波动不大,但与10年前相比有所提高。比较各个适宜种植区遗传多样性特点发现西南地区糯玉米审定品种表现出一定的特异性,对西南地区糯玉米种质、地方品种的发掘和利用与中国糯玉米的进一步改良有重大意义;聚类分析和主成分分析的相互结合表明,京科糯2000等优良品种的选育对中国糯玉米育种进程有推动作用,但在充分利用现有优良品种育种模式的同时开发新的杂优模式,也是需要深入研究的课题。

参考文献

- [1] 赵久然,王荣焕. 中国玉米生产发展历程、存在问题及对策. 中国农业科技导报, 2013, 15(3): 1-6
Zhao J R, Wang R H. Development process, problem and countermeasure of maize production in China. Journal of Agricultural Science and Technology, 2013, 15(3): 1-6
- [2] 刘少荣,杨扬,田红丽,易红梅,王璐,康定明,范亚明,任洁,江彬,葛建镨,成广雷,王风格. 基于农艺及品质性状与SSR标记的青贮玉米品种遗传多样性分析. 作物学报, 2021, 47(12): 2362-2370
Liu S R, Yang Y, Tian H L, Yi H M, Wang L, Kang D M, Fan Y M, Ren J, Jiang B, Ge J R, Cheng G L, Wang F G. Genetic diversity analysis of silage corn varieties based on agronomic and quality traits and SSR markers. Acta Agronomica Sinica, 2021, 47(12): 2362-2370
- [3] 陆大雷,孙世贤,陈国清,陆卫平. 国家鲜食糯玉米区域试验品种产量和品质性状分析. 玉米科学, 2016, 24(3): 62-68
Lu D L, Sun S X, Chen G Q, Lu W P. Analysis of yield and quality for fresh waxy maize in national regional test. Journal of Maize Sciences, 2016, 24(3): 62-68
- [4] 赵久然,卢柏山,史亚兴,徐丽. 我国糯玉米育种及产业发展动态. 玉米科学, 2016, 24(4): 67-71
Zhao J R, Lu B S, Shi Y X, Xu L. Development trends of waxy corn breeding and industry in China. Journal of Maize Science, 2016, 24(4): 67-71
- [5] 杨扬,王风格,赵久然,刘亚维. 中国玉米品种审定现状分析.

- 中国农业科学, 2014, 47(22): 4360-4370
- Yang Y, Wang F G, Zhao J R, Liu Y W. Analysis of the current situation of accredited maize varieties in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(22): 4360-4370
- [6] 钟昌松, 唐照磊, 黄梅艳, 侯青光, 黄春东, 韦德斌, 劳赏业, 陈辉云, 张述宽. 广西鲜食玉米产业现状和发展前景探讨. *广西农学报*, 2019, 34(3): 63-67
- Zhong C S, Tang Z L, Huang M Y, Hou Q G, Huang C D, Wei D B, Lao S Y, Chen H Y, Zhang S K. Current situation and development prospect of fresh maize industry in Guangxi. *Journal of Guangxi Agriculture*, 2019, 34(3): 63-67
- [7] Wang F G, Tian H L, Zhao J R, Yi H M, Wang L, Song W. Development and characterization of a core set of SSR markers for fingerprinting analysis of Chinese maize varieties. *Maydica*, 2011, 56: 7-17
- [8] 李修平, 刘琪, 邵红, 孙睿, 宋宁, 王立楠, 马文东. 寒地水稻种质资源遗传多样性分析. *分子植物育种*, 2021, 19(16): 5528-5534
- Li X P, Liu Q, Shao H, Sun R, Song N, Wang L N, Ma W D. Analysis of genetic diversity of rice germplasm resources in cold region. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(16): 5528-5534
- [9] 李红琴, 刘宝龙, 张波, 张怀刚. 青海省审定小麦品种 SSR 遗传多样性分析及分子身份证的建立. *作物杂志*, 2020(3): 60-65
- Li H Q, Liu B L, Zhang B, Zhang H G. SSR genetic diversity analysis and establishment of molecular ID card of wheat varieties examined in Qinghai province. *Crops*, 2020(3): 60-65
- [10] 王风格, 易红梅, 赵久然, 刘平, 张新明, 田红丽, 堵苑苑. NY/T 1432-2014. 玉米品种鉴定技术规程 SSR 标记法. 北京: 中华人民共和国农业农村部, 2014
- Wang F G, Yi H M, Zhao J R, Liu P, Zhang X M, Tian H L, Du Y Y. NY/T 1432-2014. Protocol for the identification of maize varieties-SSR marker method. Beijing: Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China, 2014
- [11] 隆文杰, 武晓阳, 周国雁, 陈丹, 伍少云, 蔡青. 云南省不同生态区糯玉米种质资源数量性状变化与多样性. *湖北农业科学*, 2019, 58(21): 35-41
- Long W J, Wu X Y, Zhou G Y, Chen D, Wu S Y, Cai Q. Changes and diversity of quantitative traits of waxy maize landraces collected from different ecological regions of Yunnan province. *Hubei Agricultural Sciences*, 2019, 58(21): 35-41
- [12] 王美兴, 姚坚强, 张莲英, 朱金庆. 鲜食玉米遗传多样性及核心种质构建. *浙江农业科学*, 2013(10): 1261-1266
- Wang M X, Yao J Q, Zhang L Y, Zhu J Q. Genetic diversity and core germplasm construction of fresh corn. *Zhejiang Agricultural Sciences*, 2013(10): 1261-1266
- [13] 王慧, 卢有林, 孙大鹏, 杨华, 罗利军, 吴爱忠, 施标, 郑洪建. 糯玉米种质品质性状鉴定和 SSR 标记遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(5): 800-808
- Wang H, Lu Y L, Sun D P, Yang H, Luo L J, Wu A Z, Shi B, Zheng H J. Evaluation of quality traits and genetic diversity analysis for waxy maize germplasms by SSR markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14(5): 800-808
- [14] 王玉民, 尹大鹏, 张春宵, 康岭生, 金峰学, 姜昱. 利用 SSR 标记分析 35 份糯玉米种质的遗传多样性. *玉米科学*, 2014, 22(6): 27-31
- Wang Y M, Yin D P, Zhang C X, Kang L S, Jin F X, Jiang Y. Genetic diversity of 35 waxy maize germplasms based on SSR markers. *Journal of Maize Sciences*, 2014, 22(6): 27-31
- [15] 卢媛, 韩晴, 艾为大, 施标, 王义发, 潘春丹, 沈雪芳. 基于 SNP 标记的糯玉米种质资源遗传多样性分析. *玉米科学*, 2020, 28(3): 44-51
- Lu Y, Han Q, Ai W D, Shi B, Wang Y F, Pan C D, Shen X F. Genetic diversity of waxy maize germplasm revealed by SNP-Chips. *Journal of Maize Sciences*, 2020, 28(3): 44-51
- [16] CIMMYT. Laboratory protocols: CIMMYT applied molecular genetics laboratory: Third Edition. Mexico: CIMMYT, 2005
- [17] 王风格, 杨扬, 易红梅, 赵久然, 任洁, 王璐, 葛建镛, 江彬, 张宪晨, 田红丽, 侯振华. 中国玉米审定品种标准 SSR 指纹库的构建. *中国农业科学*, 2017, 50(1): 1-14
- Wang F G, Yang Y, Yi H M, Zhao J R, Ren J, Wang L, Ge J R, Jiang B, Zhang X C, Tian H L, Hou Z H. Construction of an SSR-based standard fingerprint database for corn variety authorized in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(1): 1-14
- [18] 王风格, 李欣, 杨扬, 易红梅, 江彬, 张宪晨, 霍永学, 朱丽, 葛建镛, 王蕊, 任洁, 王璐, 田红丽, 赵久然. 植物品种 SSR 指纹分析专用软件 SSR Analyser 的研发. *中国农业科学*, 2018, 51(12): 2248-2262
- Wang F G, Li X, Yang Y, Yi H M, Jiang B, Zhang X C, Huo Y X, Zhu L, Ge J R, Wang R, Ren J, Wang L, Tian H L, Zhao J R. SSR Analyser: a special software suitable for SSR fingerprinting of plant varieties. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(12): 2248-2262
- [19] Liu K, Muse S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 2005, 21: 2128-2129
- [20] He Z L, Zhang H K, Gao S H, Lercher M J, Chen W H, Hu S N. Evolview v2: an online visualization and management tool for customized and annotated phylogenetic trees. *Nucleic Acids Research*, 2016, 44(W1): W236-W241
- [21] 王风格, 田红丽, 赵久然, 王璐, 易红梅, 宋伟, 高玉倩, 杨国航. 中国 328 个玉米品种(组合)SSR 标记遗传多样性分析. *中国农业科学*, 2014, 47(5): 856-864
- Wang F G, Tian H L, Zhao J R, Wang L, Yi H M, Song W, Gao Y Q, Yang G H. Genetic diversity analysis of 328 maize varieties (hybridized combinations) using SSR markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(5): 856-864
- [22] 易红梅, 任洁, 王璐, 王蕊, 葛建镛, 王风格, 赵久然, 徐明良. 2014—2019 年国家玉米区域试验参试组合 DNA 指纹检测及遗传多样性分析. *华北农学报*, 2020, 35(3): 87-93
- Yi H M, Ren J, Wang L, Wang R, Ge J R, Wang F G, Zhao J R, Xu M L. DNA fingerprinting and genetic diversity analysis of national maize regional trials in 2014 - 2019. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2020, 35(3): 87-93
- [23] 陈泽辉. 西南玉米生态区域划分及品种需求. *山地农业生物学报*, 2016, 35(3): 1-10

- Chen Z H. Ecological regions and variety requirements of the southwest corn. *Journal of Mountain Agriculture and Biology*, 2016, 35 (3): 1-10
- [24] Lu Y L, Yan J B, Guimarães C T, Taba S, Hao Z F, Gao S B, Chen S J, Li J S, Zhang S H, Vivek B S, Magorokosho C, Mugo S, Makumbi D, Parentoni S N, Shah T, Rong T, Crouch J H, Xu Y B. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 120: 93-115
- [25] 姚坚强, 鲍坚东, 朱金庆, 桂毅杰, 沈秋芳, 胡伟民, 樊龙江. 中国糯玉米 *wx* 基因种质资源遗传多样性. *作物学报*, 2013, 39 (1): 43-49
- Yao J Q, Bao J D, Zhu J Q, Gui Y J, Shen Q F, Hu W M, Fan L J. Genetic diversity of *wx* gene in Chinese glutinous maize. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39 (1): 43-49
- [26] 鲍坚东. 中国糯玉米起源与育种分子机制. 杭州: 浙江大学, 2011
- Bao J D. The origin and selected breeding of Chinese waxy maize. Hangzhou: Zhejiang University, 2011
- [27] 卢柏山, 徐丽, 赵久然, 史亚兴, 樊艳丽, 席胜利, 张翠芬, 史亚民, 张小继. 京科糯 2000 等系列鲜食糯玉米品种选育及应用. *玉米科学*, 2019, 27 (5): 1-4
- Lu B S, Xu L, Zhao J R, Shi Y X, Fan Y L, Xi S L, Zhang C F, Shi Y M, Zhang X J. Breeding and application of Jingkenuo 2000 series of waxy corn varieties. *Journal of Maize Sciences*, 2019, 27 (5): 1-4