

玉米种质资源苞叶相关性状鉴定及综合评价

麻一博, 贾晓艳, 刘亚捷, 杨中哲, 赵永锋, 郭晋杰, 祝丽英
(河北农业大学农学院/国家玉米改良中心河北分中心/河北省作物种质资源实验室, 保定 071001)

摘要: 以220份玉米自交系为材料, 通过两年两点田间试验对6个苞叶相关性状进行鉴定, 利用遗传多样性分析、主成分分析、聚类分析和逐步回归分析进行苞叶性状的综合评价与评价指标筛选。结果表明: 供试自交系苞叶相关性状的变异系数为13.41%~51.79%, 遗传多样性指数为1.71~2.08, 遗传变异丰富。主成分分析将6个性状转化为3个主成分, 其累积贡献率为86.674%, 第1主成分主要和苞叶干重、苞叶长度有关; 第2主成分和第3主成分主要与苞叶包裹度和苞叶层数有关。220份自交系综合评价D值范围为0.161~0.728, 其中101314的D值最高, 7026B的D值最低。聚类分析将220份自交系划分为3类, 其中第1类有62份自交系, 其苞叶层数少、苞叶短且窄、干重和包裹度低。逐步回归分析表明苞叶长度、宽度和包裹度3个性状可作为玉米种质苞叶性状综合评价的关键指标。以上结果为适宜籽粒机收玉米种质资源的精准鉴定提供了理论参考。

关键词: 玉米; 种质资源; 苞叶性状; 聚类分析; 综合评价

Identification and Comprehensive Evaluation of Bract Related Traits of Maize Germplasm Resources

MA Yibo, JIA Xiaoyan, LIU Yajie, YANG Zhongzhe, ZHAO Yongfeng, GUO Jinjie, ZHU Liying
(College of Agronomy, Hebei Agricultural University/Hebei Sub-center of National Maize Improvement Center/ Key Laboratory for Crop Germplasm Resources of Hebei, Baoding 071001)

Abstract: Based on 220 maize inbred lines, 6 bract related traits were evaluated in field experiments at two locations in two years. The genetic diversity analysis, principal component analysis, clustering analysis and stepwise regression analysis were applied for statistical analysis and identifying the evaluation indicators. The results showed that the genetic variations at bract related traits were abundant, with the coefficient of variation ranged from 13.41% to 51.79% as well as the genetic diversity index ranged from 1.71 to 2.08. Principal component analysis simplified the six traits into three principal components, showing the cumulative contribution rate of 86.674%. The first principal component was mainly related to the bract mass and the bract length. The second principal component and the third principal component were mainly related to the bract wrapping degree and the bract number, respectively. The comprehensive evaluation D value ranged from 0.161 to 0.728, of which 101314 and 7026B showed the highest and lowest D value, respectively. 220 inbred lines were divided into three groups by cluster analysis, among which 62 inbred lines were in group I, with few bract numbers, shorter and narrower bracts, lower bract mass and wrapping degree. Stepwise regression analysis showed that bract length, bract width and wrapping degree could be used as the important indicators for the comprehensive evaluation of bract traits in maize. Collectively, these results provided a theoretical reference for the accurate identification of bract traits in maize germplasm resources suitable for mechanical harvest.

Key words: maize; germplasm resources; bract traits; cluster analysis; comprehensive evaluation

收稿日期: 2023-05-08 修回日期: 2023-06-09 网络出版日期: 2023-07-03

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230508005>

第一作者研究方向为玉米遗传育种, E-mail: mayibo97@163.com

通信作者: 祝丽英, 研究方向为玉米遗传育种, E-mail: zhuliyiing73@163.com

基金项目: 河北省重点研发计划项目(21326325D)

Foundation project: The Key Research and Development Project of Hebei Province (21326325D)

玉米(*Zea mays* L.)是我国种植面积最大的粮食作物,也是重要的饲料和工业原料。玉米生产全程机械化是我国农业现代化发展的必然趋势,实现机械化粒收是促进玉米生产模式转变的关键环节。目前,我国玉米机械化粒收主要集中在内蒙古、新疆、黑龙江等一年一熟区,仅占全国玉米种植面积的5%~6%^[1]。制约机械化粒收技术应用的主要瓶颈是当前我国玉米生产上应用的品种,籽粒后期脱水慢、收获时含水量高、达不到机械化粒收和安全储藏的要求。因此,选育籽粒脱水快、成熟时含水量低的适机收品种成为玉米育种亟待解决的问题。苞叶是玉米果穗穗柄部叶鞘发育成的变态叶,可为籽粒灌浆提供适宜的环境,且与籽粒脱水密切相关^[2]。合适的苞叶性状是果穗正常发育及籽粒快速脱水的基础^[3]。诸多研究表明,短、窄、薄的苞叶有利于降低成熟期玉米籽粒的含水量^[4-6]。因此,培育适机械化粒收玉米品种,对苞叶性状的鉴评和选择至关重要。

种质资源是在各种不同的生态环境下经过长时期自然演变形成的,蕴藏着丰富的潜在有益基因,是培育新品种的基础材料^[7-8]。开展玉米种质资源收集、鉴定与评价,筛选目标性状突出的优异种质,可有效解决我国玉米育种中优异种质贫乏、资源利用效率低等问题。马智艳等^[9]以黄淮海地区的161个玉米杂交种为材料,对3个苞叶性状进行方差和聚类分析,发现不同杂交种的苞叶性状差异达极显著水平,将所有杂交种分成3类,其中第一类苞叶层数适中,苞叶长度最短,为苞叶性状较优类群。贺文姝等^[10]以不同杂种优势类群的50份玉米自交系为材料,在两种不同的环境下对苞叶长度、苞叶层数、苞叶宽度和苞叶总厚度进行分析,发现不同类群玉米种质之间除苞叶总厚度外其他苞叶性状均存在显著差异。Zhang等^[11]利用Mol 17和大乌草杂交所获得的191个BC₂F₈家系组成的RIL群体,定位到与苞叶长度、苞叶宽度和苞叶层数相关的QTL分别为1个、1个和2个。Zhou等^[12]利用253份玉米自交系在3种环境下对苞叶层数和苞叶干重进行全基因组关联分析,检测到8个与苞叶层数和9个与苞叶干重显著关联的稳定SNP。且Zhang等^[11]和Zhou等^[12]两者均发现苞叶性状的遗传力较高,说明苞叶表型的变异主要受遗传因素的影响。目前对玉米苞叶性状的研究主要集中在遗传解析、不同杂优类群差异分析和杂交种评价和筛选等方面,而对不同自交系苞叶性状鉴评的研究鲜见报道。本研究对220份玉米自交系的苞叶相关性状进行鉴定,

通过遗传多样性、相关性、主成分、聚类及逐步回归分析,确定玉米种质资源苞叶性状综合评价指标,筛选苞叶性状优异的种质资源,为后续培育适机械化粒收的玉米新品种提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验选用220份来源广泛的玉米自交系,涵盖了我国玉米育种中主要杂种优势类群,其中瑞德群66份,兰卡斯特群46份,P群41份,旅大红骨群25份,塘四平头群25份,混合群17份。材料由河北农业大学/国家玉米改良中心河北分中心提供,编号、名称及所属类群见表1。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设计 于2021年和2022年分别在河北农业大学保定试验基地和石家庄辛集试验基地进行田间试验,采用完全随机区组试验设计,2次重复。单行区,行长3 m,行距0.6 m,密度60000株/hm²,水、肥管理同当地大田管理。

1.2.2 数据采集 在成熟后,每个小区收获3个整齐一致的果穗,待果穗风干后依次进行苞叶相关性状的测定。苞叶长度:选果穗上从外向内第3片苞叶,用直尺测量长度。苞叶宽度:选果穗上从外向内第3片苞叶,用直尺测量苞叶1/2长度处的宽度。苞叶层数:果穗上由外到内的叶片总数。苞叶干重:从果穗上剥取完整苞叶,放至电子天平上称重。穗长:用直尺测量穗基部到穗顶端的长度。苞叶包裹度:苞叶长度/穗长。

1.2.3 数据分析 利用Excel 2018计算各性状的均值、标准差、变异系数和Shannon-Weaver遗传多样性指数(I),根据各性状的平均值(\bar{x})和标准差(s)将种质资源划分为10级,从第1级 $x_i < (\bar{x} - 2s)$ 到第10级 $x_i \geq (\bar{x} + 2s)$,每0.5s为1级, $I = -\sum P_i \ln P_i$,式中 P_i 为某一性状第i个级别出现的频率,ln为自然对数^[13-15]。利用R语言lme4包的混合线性模型计算两年两点各个性状的最优线性无偏估计值(BLUE,best linear unbiased evaluation),Performance Analytics包进行相关分析,Stats包对综合评价D值以欧式距离、离差平方和法进行聚类分析,ggtree包绘制聚类图。采用胡标林等^[16]的方法进行苞叶性状评价,利用SPSS 22.0对BLUE值进行主成分分析,对不同类群的苞叶性状进行方差分析,以D值为因变量进行逐步回归分析。利用GraphPad Prism 8.0软件绘制柱形图。

表1 220份玉米自交系的详细信息

Table 1 Detailed information of 220 maize inbred lines

编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group	编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group
1	207	0.258	206	兰卡斯特	38	40554	0.506	84	塘四平头
2	757	0.473	109	瑞德	39	433-7	0.251	208	兰卡斯特
3	802	0.562	40	P群	40	4676A	0.467	114	瑞德
4	926	0.474	108	塘四平头	41	468-3	0.19	217	瑞德
5	928	0.497	89	塘四平头	42	698-3	0.594	29	旅大红骨
6	1145	0.378	167	兰卡斯特	43	6M502	0.55	43	混合群
7	1313	0.513	75	P群	44	7026B	0.161	220	塘四平头
8	1614	0.455	122	瑞德	45	7903E	0.496	91	瑞德
9	2369	0.295	198	瑞德	46	806A	0.411	155	兰卡斯特
10	3189	0.44	134	瑞德	47	811A	0.544	52	P群
11	3335	0.385	163	瑞德	48	98F1	0.419	150	瑞德
12	4003	0.444	128	旅大红骨	49	A619	0.376	169	旅大红骨
13	4722	0.422	147	旅大红骨	50	A801	0.646	13	塘四平头
14	6103	0.579	37	混合群	51	B100	0.18	219	旅大红骨
15	7236	0.373	171	P群	52	B4	0.683	7	瑞德
16	7922	0.434	138	瑞德	53	B68	0.432	139	瑞德
17	9058	0.426	144	瑞德	54	B76	0.223	213	瑞德
18	9706	0.526	66	兰卡斯特	55	B8	0.233	212	旅大红骨
19	9711	0.702	4	瑞德	56	Beck	0.242	210	瑞德
20	17564	0.532	59	兰卡斯特	57	BM	0.322	191	兰卡斯特
21	68122	0.549	44	P群	58	BS110	0.676	8	混合群
22	68202	0.527	64	瑞德	59	C521	0.593	30	混合群
23	101314	0.728	1	混合群	60	C8605-2	0.443	129	瑞德
24	农系532	0.508	80	混合群	61	CN104	0.463	118	兰卡斯特
25	P53改良系	0.412	153	P群	62	Co109	0.326	190	兰卡斯特
26	178改良系	0.488	97	瑞德	63	CR1HT	0.457	120	兰卡斯特
27	212改良系	0.672	9	塘四平头	64	D1049	0.549	46	瑞德
28	5237改良系	0.462	119	塘四平头	65	D1139	0.425	145	P群
29	永35-1改良系	0.549	45	混合群	66	d140	0.411	156	P群
30	郑58改良系	0.514	74	瑞德	67	D33A	0.522	69	塘四平头
31	08-64	0.517	70	P群	68	D864	0.688	5	P群
32	1205A	0.321	192	瑞德	69	D869	0.29	199	P群
33	18-599	0.473	110	P群	70	D881	0.512	78	瑞德
34	2105	0.282	201	旅大红骨	71	D883	0.542	54	混合群
35	2FACC	0.486	99	塘四平头	72	D886	0.483	101	P群
36	3489a	0.486	100	瑞德	73	D892	0.526	67	P群
37	3H2	0.278	203	塘四平头	74	DF20	0.365	176	瑞德

表1(续)

编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group	编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group
75	DF24	0.554	42	瑞德	114	Ms71	0.384	164	兰卡斯特
76	DF27	0.282	202	兰卡斯特	115	N138	0.509	79	P群
77	DF32	0.195	216	兰卡斯特	116	N42	0.548	48	兰卡斯特
78	DH138	0.607	24	P群	117	N68a	0.482	103	混合群
79	DH149	0.595	28	混合群	118	NQ508	0.355	181	兰卡斯特
80	DH65232	0.373	172	瑞德	119	NS501	0.469	113	兰卡斯特
81	DM101B	0.364	177	兰卡斯特	120	P007	0.342	184	旅大红骨
82	E200	0.339	186	旅大红骨	121	P138	0.413	152	P群
83	e220	0.611	22	P群	122	P25	0.414	151	兰卡斯特
84	E600	0.587	35	P群	123	P39	0.302	196	旅大红骨
85	E601	0.606	25	旅大红骨	124	PH6WC	0.342	185	瑞德
86	e群3	0.687	6	P群	125	PHG86	0.344	183	瑞德
87	e群4	0.438	135	混合群	126	PHJ33	0.298	197	兰卡斯特
88	F7584	0.532	60	瑞德	127	PHM10	0.196	215	兰卡斯特
89	FAP1360A	0.327	189	兰卡斯特	128	PHR62	0.254	207	P群
90	GY3	0.543	53	兰卡斯特	129	PHT22	0.319	193	瑞德
91	H21	0.378	168	塘四平头	130	PHW20	0.384	165	瑞德
92	H004-2	0.547	50	混合群	131	Q1261	0.529	63	塘四平头
93	IB014	0.313	194	兰卡斯特	132	R017	0.549	47	混合群
94	K10	0.248	209	旅大红骨	133	R136	0.477	106	P群
95	K12	0.466	116	塘四平头	134	R1656	0.609	23	旅大红骨
96	KP3130	0.472	111	兰卡斯特	135	R31	0.523	68	旅大红骨
97	L061F	0.455	123	瑞德	136	R548	0.441	131	塘四平头
98	L127	0.235	211	兰卡斯特	137	R98	0.592	32	旅大红骨
99	L135	0.223	214	兰卡斯特	138	S0082	0.618	18	瑞德
100	L473	0.574	39	旅大红骨	139	S22	0.371	174	塘四平头
101	La2-4	0.536	57	兰卡斯特	140	S8324	0.392	161	瑞德
102	LD61	0.349	182	旅大红骨	141	SC11-1	0.37	175	P群
103	LH150	0.643	14	混合群	142	SC24-1	0.507	82	瑞德
104	LH162	0.269	204	兰卡斯特	143	SC30-1	0.65	11	P群
105	LH194	0.431	141	瑞德	144	SC9	0.556	41	P群
106	Mo17	0.516	72	兰卡斯特	145	Sg1533	0.65	12	旅大红骨
107	M1016	0.357	180	旅大红骨	146	SS99	0.482	104	瑞德
108	M131-5	0.452	126	P群	147	T24	0.329	188	瑞德
109	M14	0.578	38	兰卡斯特	148	T7922	0.501	88	瑞德
110	M22	0.467	115	瑞德	149	T-Hz4-1-1-1	0.441	132	塘四平头
111	M3	0.464	117	瑞德	150	Va26	0.411	157	兰卡斯特
112	M7	0.483	102	混合群	151	W172	0.516	73	瑞德
113	MDF-13D	0.361	179	兰卡斯特	152	W222	0.47	112	瑞德

表1(续)

编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group	编号 No.	名称 Name	D值 D-value	排名 Ranking	杂种优势群 Heterosis group
153	W499	0.408	158	瑞德	187	鉴 1495a	0.455	124	混合群
154	W64a	0.374	170	兰卡斯特	188	浚 926	0.432	140	塘四平头
155	W966	0.421	148	塘四平头	189	浚 928	0.479	105	塘四平头
156	W968	0.508	81	P群	190	旅 28	0.283	200	旅大红骨
157	W9706	0.45	127	兰卡斯特	191	美 68113	0.639	15	瑞德
158	WIL500	0.394	160	兰卡斯特	192	南 21-3	0.527	65	兰卡斯特
159	WIL900	0.493	93	兰卡斯特	193	36	0.263	205	兰卡斯特
160	WIL901	0.504	86	兰卡斯特	194	农系 531	0.602	27	P群
161	WN11H	0.183	218	瑞德	195	农系 5678	0.54	55	瑞德
162	XF134	0.412	154	P群	196	齐 205	0.547	51	兰卡斯特
163	XF197	0.715	2	P群	197	齐 319	0.548	49	P群
164	XF27	0.536	58	P群	198	陕 89	0.513	76	P群
165	XF77	0.502	87	P群	199	沈 137	0.617	20	P群
166	XOP2	0.497	90	瑞德	200	沈 5005	0.605	26	瑞德
167	Y223	0.532	61	兰卡斯特	201	宋 1145	0.489	96	P群
168	y9961	0.58	36	P群	202	苏湾 1611	0.495	92	混合群
169	Yd6	0.389	162	瑞德	203	塘四平头	0.457	121	塘四平头
170	ys06	0.532	62	瑞德	204	文黄 31413	0.513	77	塘四平头
171	Z31B	0.62	17	兰卡斯特	205	武 109	0.429	142	瑞德
172	成自 2142	0.307	195	P群	206	邢 230	0.443	130	瑞德
173	冲 72	0.706	3	瑞德	207	掖 478	0.589	34	瑞德
174	丹 598	0.33	187	旅大红骨	208	掖 488	0.593	31	瑞德
175	丹 599	0.617	19	P群	209	掖 515	0.637	16	瑞德
176	丹 9046	0.489	95	瑞德	210	掖 52106	0.591	33	旅大红骨
177	丹黄 02	0.364	178	旅大红骨	211	掖 8112	0.477	107	瑞德
178	方引	0.453	125	塘四平头	212	掖 832	0.441	133	瑞德
179	海 9-21	0.505	85	旅大红骨	213	廊系-1	0.488	98	瑞德
180	鲁原 92	0.517	71	瑞德	214	豫 87-1	0.667	10	P群
181	黄昌 b	0.507	83	P群	215	长 3	0.492	94	兰卡斯特
182	黄野 四 3	0.438	136	塘四平头	216	长 72	0.421	149	旅大红骨
183	黄早 四	0.436	137	塘四平头	217	郑 32	0.399	159	瑞德
184	吉 4112	0.424	146	瑞德	218	郑 58	0.384	166	瑞德
185	吉 444	0.373	173	塘四平头	219	自 330	0.537	56	兰卡斯特
186	吉 846	0.428	143	兰卡斯特	220	综 3	0.615	21	兰卡斯特

2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析

由表 2 可见, 220 份玉米自交系两年两点各性状的变异系数范围为 13.41%~51.79%, 其中变

异系数最大的是苞叶干重, 4 个环境下平均变异系数为 47.80%, 最小的是苞叶长度, 为 15.64%。各性状变异系数平均值大小表现为: 苞叶干重 > 苞叶宽度 > 苞叶层数 > 穗长 > 苞叶包裹度 > 苞叶长度。6 个性状的遗传多样性指数在 1.71~2.08 之

间,4个环境下平均遗传多样性指数最大的是苞叶宽度(2.00),其次是苞叶长度、穗长、苞叶层数、苞叶干重,最小的为苞叶包裹度(1.83)。结

果表明,220份玉米自交系的苞叶性状存在较丰富的遗传多样性,自交系间苞叶性状的差异较大。

表2 不同环境下苞叶相关性状遗传多样性分析

Table 2 Analysis of genetic diversity of bract-related traits in different environment

性状 Traits	地点 Site	变异幅度 Variation rang	均值±标准差 Mean±SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	变异系数(%) CV	遗传多样性指数 I
苞叶长度(cm) BL	BD1	12.87~33.50	22.09±3.26	0.22	0.17	14.76	1.96
	BD2	12.00~30.67	22.22±2.98	0.12	0.06	13.41	1.97
	XJ1	11.10~33.50	20.80±3.37	0.41	0.40	16.20	1.96
	XJ2	10.50~28.27	18.52±3.37	0.14	-0.40	18.20	2.07
	平均	11.62~31.49	20.91±3.24	0.22	0.12	15.64	1.99
苞叶宽度(cm) BW	BD1	4.20~15.23	9.49±2.09	0.05	-0.35	22.02	1.98
	BD2	4.50~16.43	9.81±2.18	0.49	0.19	22.22	1.96
	XJ1	3.50~16.83	9.18±2.30	0.25	0.03	25.05	1.97
	XJ2	3.43~15.37	8.65±2.41	0.44	-0.15	27.86	2.07
	平均	3.91~15.97	9.28±2.25	0.31	-0.07	24.29	2.00
苞叶层数 BN	BD1	4.50~13.00	8.02±1.59	0.47	-0.06	19.83	1.92
	BD2	3.33~14.33	7.52±1.94	0.61	0.28	25.78	1.93
	XJ1	3.00~13.00	7.35±1.66	0.48	0.21	22.59	1.93
	XJ2	3.00~13.67	6.85±1.64	0.54	0.61	23.94	2.08
	平均	3.46~13.50	7.44±1.71	0.53	0.26	23.04	1.97
苞叶干重(g) BM	BD1	2.15~27.72	10.57±4.56	0.89	0.93	43.14	1.89
	BD2	2.54~33.10	10.23±4.85	1.18	2.82	47.41	1.86
	XJ1	1.20~20.99	7.04±3.44	0.89	0.96	48.86	1.85
	XJ2	1.07~17.73	5.58±2.89	1.37	2.30	51.79	1.83
	平均	1.74~24.89	8.36±3.94	1.08	1.75	47.80	1.86
穗长(cm) EL	BD1	6.85~23.47	15.06±2.84	0.10	0.13	18.86	1.96
	BD2	8.45~23.37	15.14±2.52	0.39	0.13	16.64	2.00
	XJ1	5.10~25.50	12.91±3.01	0.43	0.42	23.32	1.96
	XJ2	5.43~23.20	12.42±3.06	0.48	0.30	24.64	2.04
	平均	6.46~23.89	13.89±2.86	0.35	0.25	20.87	1.99
苞叶包裹度 BWD	BD1	0.97~3.06	1.50±0.28	1.61	4.93	18.67	1.71
	BD2	0.96~2.48	1.49±0.24	0.66	0.65	16.11	1.92
	XJ1	0.99~3.73	1.66±0.32	1.54	5.69	19.28	1.76
	XJ2	0.93~3.08	1.54±0.31	1.00	1.70	20.13	1.93
	平均	0.96~3.09	1.55±0.29	1.20	3.24	18.55	1.83

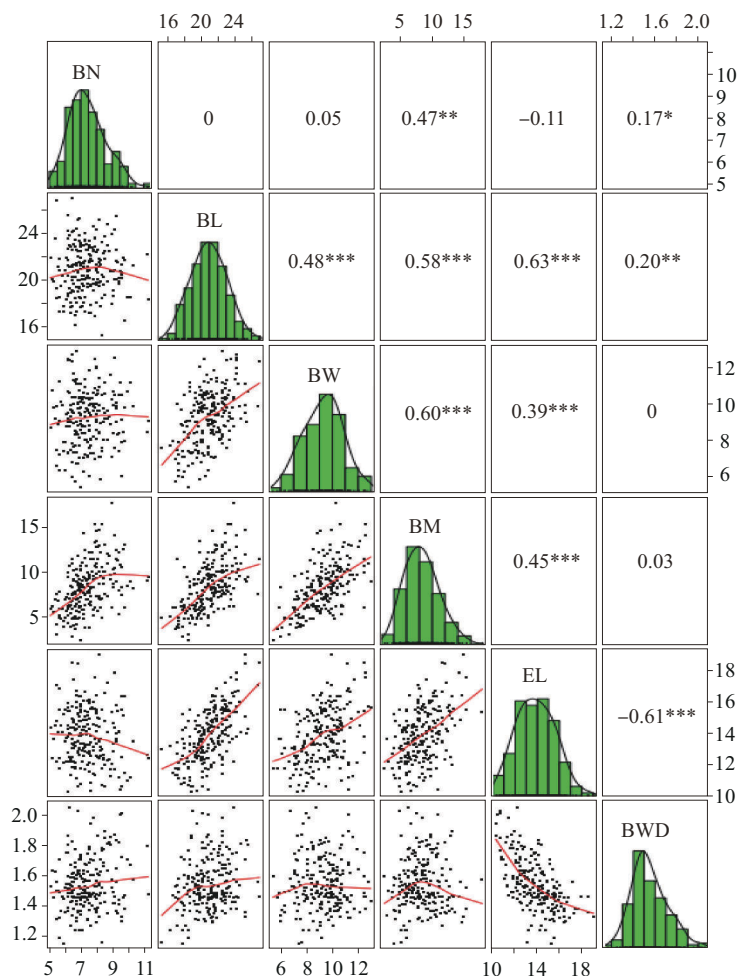
BD1:保定2021年;BD2:保定2022年;XJ1:辛集2021年;XJ2:辛集2022年

BD1: Baoding 2021; BD2: Baoding 2022; XJ1: Xinji 2021; XJ2: Xinji 2022; BL: Bract length; BW: Bract width; BN: Bract numbers; BM: Bract mass; EL: Ear length; BWD: Bract wrapping degree; The same as below

2.2 相关性分析

对6个苞叶性状进行相关性分析(图1),可以看出各性状间表现出高度复杂的相关性。苞叶层数与苞叶干重和苞叶包裹度呈极显著和显著正相关,相关系数分别为0.47和0.17。苞叶长度除与苞叶层数不相关外,与其余4个性状均存在显著的正相关,说明苞叶长度对苞叶宽度、苞叶干重、苞叶包裹度和穗长有正向的影响,其中苞叶长度与穗长的相关性最大,其次是与苞叶干重、苞叶宽度和苞叶包裹

度,相关系数分别为0.63、0.58、0.48、0.20。苞叶宽度、苞叶干重和穗长两两之间呈极显著正相关。苞叶包裹度与穗长呈极显著负相关,相关系数为-0.61。结果表明不同性状之间相关性不同,且各性状所提供的信息有重叠,用单个性状对玉米种质资源苞叶相关性状评价具有局限性,因此有必要进行主成分分析,获得苞叶相关性状的综合评价指标,对各自交系进行评价。



对角线处直方图代表测定性状的表型分布,对角线上方的值是性状之间的 Pearson 相关系数;对角线下方图为性状散点图;横、纵坐标为对角线处性状 BLUE 值的范围;*, **和*** 分别表示在 $P < 0.05$, 0.01 和 0.001 水平上差异显著

The histogram on the diagonal represents the phenotypic distribution of measured traits, and the values above the diagonal are the Pearson correlation coefficients between traits; Below the diagonal plot is a trait scatter plot; The horizontal and vertical coordinates are the range of the BLUE value of the trait at the diagonal line; *, ** and *** indicate significant differences at the levels of $P < 0.05$, 0.01 and 0.001, respectively

图1 苞叶性状 BLUE 值的相关性分析

Fig. 1 Correlation analysis of BLUE value of bract-related traits

2.3 主成分分析

对6个苞叶相关性状进行主成分分析,前3个主成分的特征值分别为2.614、1.572和1.014(表3),均大于1,累计贡献率达86.674%,能够概括所有考察性状的大部分信息。其中第1主成分的贡献率最大,为43.574%,主要与苞叶干重和苞叶长度密切相关。第2主成分的贡献率为26.204%,主要与苞叶包裹度密切相关。第3主成分的贡献率为16.896%,主要与苞叶层数密切相关。综上,通过主成分分析可将原来6个具有相关性的苞叶性状转换为3个新的互相独立的综合指标,用于下一步的综合评价分析。

表3 前3个主成分的特征值及特征向量描述

Table 3 Eigen values and eigenvectors of first three principal components

性状 Traits	主成分 Principal component		
	1	2	3
苞叶层数 BN	0.121	0.509	-0.699
苞叶长度 BL	0.502	0.082	0.422
苞叶宽度 BW	0.466	0.088	0.160
苞叶干重 BM	0.523	0.267	-0.228
穗长 EL	0.483	-0.452	-0.071
苞叶包裹度 BWD	-0.096	0.672	0.501
特征值 Eigenvalue	2.614	1.572	1.014
贡献率(%)	43.574	26.204	16.896
Contribution percentage			
累计贡献率(%)	43.574	69.778	86.674
Cumulative contribution percentage			

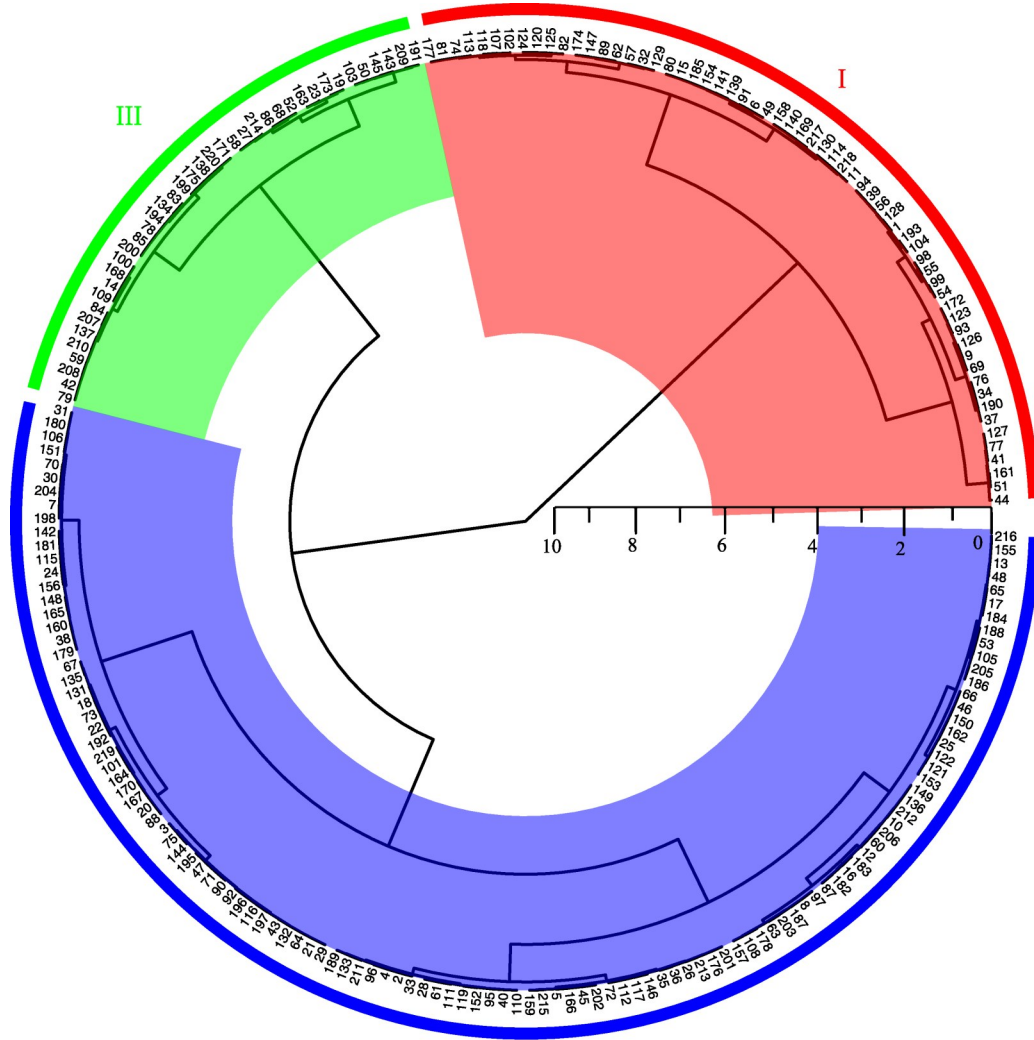
2.4 综合评价

将标准化的6个苞叶性状的表型值,代入表3的3个主成分中,计算各自交系的主成分得分,再利用隶属函数对各主成分得分进行归一化处理。根据3个主成分的贡献率计算其权重,分别为0.503、0.302和0.195,最后构建苞叶相关性状综合评价得分D值的计算公式,即 $D=0.503F_1+0.302F_2+0.195F_3$,式中 F_1 、 F_2 和 F_3 分别表示第1主成分、第2主成分和第3主成分得分。220份玉米自交系的D值范围为0.161~0.728(表1),其中D值最高的为自交系

101314,D值最低的为7026B。

2.5 聚类分析及各类群特征

基于D值进行系统聚类,在欧式距离为10时,可将220份玉米自交系分为3类(图2)。第I类包括以PH6WC、丹598、郑58为代表的62份自交系,占有自交系的21.18%,D值范围为0.161~0.399;第II类包括以鲁原92、黄早四、齐319为代表的119份自交系,占总数的54.09%,D值范围为0.408~0.562;第III类包括以沈137、掖478、豫87-1为代表的39份自交系,占有自交系的17.73%,D值范围为0.574~0.728。



II
编号同表1

The numbers are the same as in table 1

图2 聚类分析图

Fig.2 Cluster analysis plots

进一步对3个类群的苞叶相关性状进行比较(图3),结果表明,第I类自交系所有苞叶性状均显著低于其他类群,其苞叶层数6.977层、苞叶长度18.734 cm、苞叶宽度7.670 cm、苞叶干重5.662 g、穗

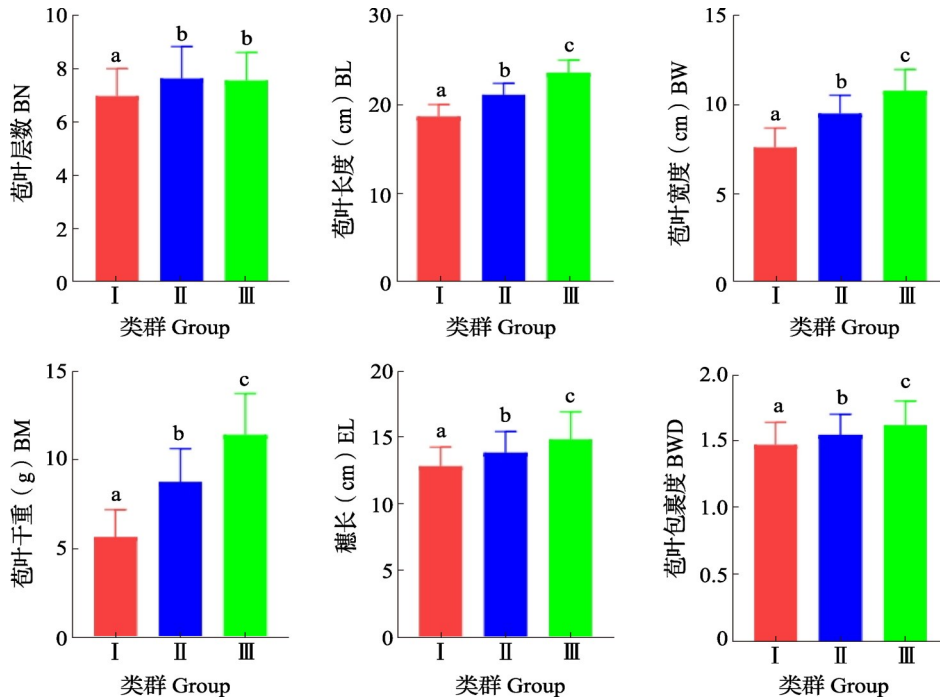
长12.966 cm和苞叶包裹度1.485。该类自交系苞叶层数少、苞叶短且窄、苞叶干重和苞叶包裹度低,可作为培育机械化粒收玉米品种的资源材料。

第II类自交系除苞叶层数与III类无显著差异

外,其余性状均显著均高于第I类,显著低于第III类,其苞叶层数7.636层、苞叶长度21.156 cm、苞叶宽度9.570 cm、苞叶干重8.744 g、穗长13.974 cm、苞叶包裹度1.560。该类自交系苞叶层数最多,而苞叶长度、苞叶干重和苞叶包裹度处于中等水平。

第III类自交系,除苞叶层数外,其余5个性状均

显著高于I类和II类,其苞叶层数7.565层、苞叶长度23.626 cm、苞叶宽度10.845 cm、苞叶干重11.378 g、穗长14.965 cm、苞叶包裹度为1.631。该类自交系苞叶层数处于中等水平,而苞叶长度、苞叶干重和苞叶包裹度处于最高水平。



不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上存在显著差异

Different letters indicate significant differences at the levels of $P<0.05$

图3 3个类群种质苞叶相关性状的比较

Fig. 3 Comparison of bract related characters in three groups

2.6 逐步回归分析

为筛选自交系苞叶性状的评价鉴定指标,将6个苞叶相关性状值作为自变量,综合评价D值作为因变量,通过逐步回归分析,构建最优回归方程为: $D = -0.831 + 0.032X_2 + 0.037X_3 + 0.177X_6$,式中 X_2 、 X_3 和 X_6 分别表示苞叶长度、苞叶宽度和苞叶包裹度。该方程的决定系数 $R^2=0.937$, $P<0.0001$,表明构建的回归方程存在极显著的线性关系。因此,苞叶长度、苞叶宽度和苞叶包裹度这3个性状可作为适机械化粒收玉米种质苞叶性状的鉴定指标。

3 讨论

3.1 苞叶相关性状的多样性

遗传多样性指数能直观显示种质资源间性状的多样性,诸多学者认为多样性指数大于1即为多样性程度高^[17-19]。变异系数能客观反映表型性状的离散程度,是变异程度丰富的体现。它与变异潜力

呈正相关关系,变异系数越高其变异潜力越大^[20]。一般认为变异系数大于10%时可代表样本间差异较大^[21]。本研究中6个苞叶相关性状变异系数的平均值为15.64%~47.80%,均值为25.03%;遗传多样性指数的平均值为1.83~2.00,均值为1.94,表明220份供试自交系苞叶相关性状类型多样,变异丰富,可为玉米苞叶相关性状的遗传改良、创新和育种提供丰富的资源。同时本研究也发现性状的变异系数和遗传多样性指数不存在相关性,如苞叶长度和穗长的平均遗传多样性指数较高,都为1.99,变异系数仅为15.64%和20.87%;苞叶干重的遗传多样性指数为1.86,变异系数却高达47.80%;而苞叶包裹度的平均遗传多样性指数和变异系数均较低。这与康泽然等^[22]在绿豆、万述伟等^[23]在豌豆种质资源农艺性状的研究中所得结论一致。因此在群体遗传多样性评价时,要采用遗传多样性指数与变异系数相结合的方法。

3.2 苞叶相关性状综合评价

在种质资源的鉴评和筛选中,常因性状多而增加工作难度和分析问题的复杂程度,有时仅使用研究者个人标准进行鉴定和筛选,导致结果主观偏差大。主成分分析是指在不损失或损失原有信息很少的前提下,将多个变量转化为少数几个且彼此相对独立的变量,是一种简化数据、降低数据维数的方法,其数值直观,容易分析^[24]。聚类分析是指将不同的个体,按照相似程度进行归类,形成组内相似、组间有差别的类群的分析过程,目前已成为作物育种的必要方法之一^[25]。近几年来,将主成分分析和聚类分析相结合进行表型性状的综合评价已被广泛运用于花生^[26]、大豆^[27]、高粱^[28]、水稻^[29]等多种作物中。在玉米上,李帅等^[30]对30个玉米杂交组合的7个农艺性状进行主成分分析,提取了4个主成分因子,其累积贡献率为86.96%,利用D值进行系统聚类,将30份材料划分为3类,其第Ⅲ类的12个杂交组合为农艺性状综合评价指数优秀的组合。王平等^[31]以65份黄淮海区的主推夏玉米品种为材料,通过主成分分析,将19个性状转化为累计贡献率为90.13%的前9个主成分因子,聚类分析将品种划分为3类,其中第Ⅲ类的28个品种为高光温资源利用品种。Aktar等^[32]对49份玉米杂交种10个耐旱相关性状进行主成分分析和聚类分析,提取了前4个主成分,累计贡献率为82.00%,将杂交种划分为6个类群,其第Ⅴ类群的4份杂交种耐旱性最高。滕元旭等^[33]对21份玉米骨干自交系10个性状的耐热系数进行主成分分析,提取了3个主成分,其累计贡献率为83.16%,利用综合耐热评价D值进行系统聚类,将材料划分为4类,其中第Ⅰ类的2份为高耐热性自交系。本研究对220份玉米自交系6个苞叶性状进行主成分分析,提取了3个主成分,其累计贡献率达86.674%,利用D值进行系统聚类,将供试自交系划分为3大类,其中第Ⅰ类包含62份自交系,该类群苞叶相关性状与其他两类群存在显著差异,苞叶层数少、苞叶短且窄、苞叶干重和苞叶包裹度低,可作为培育适机械化粒收玉米品种的资源材料。结合杨硕等^[34]、刘洋^[35]和刘志斋等^[36]的群体结构分析结果,第Ⅰ类中的62份自交系,有18份来自瑞德群,21份来自兰卡斯斯特类群,13份来自旅大红骨类群,5份来自塘四平头类群,5份来自P群。因此,在选择适宜机械化粒收的品种过程中应注重瑞德群和兰卡斯斯特群的自交系,这些材料可为育种实践中苞叶性状遗传改良和组配适机械化粒收品种提供

资源。

本研究在综合评价D值的基础上进一步通过逐步回归分析筛选出苞叶宽度、苞叶包裹度和苞叶长度,可作为玉米自交系苞叶性状的鉴定、评价指标,将这一结果运用到苞叶性状的实际调查中,可大大减轻工作量,提高工作效率,加速适机械化粒收品种的育种进程。

参考文献

- [1] 王学军. 河南省玉米籽粒直收机械化的问题探讨. 现代农业科技, 2020(24):33-34
Wang X J. Discussion on the mechanization of direct harvest of maize grains in Henan province. Modern Agricultural Science and Technology, 2020(24):33-34
- [2] 李璐璐, 明博, 谢瑞芝, 王克如, 侯鹏, 李少昆. 玉米品种穗部性状差异及其对籽粒脱水的影响. 中国农业科学, 2018, 51(10):1855-1867
Li L L, Ming B, Xie R Z, Wang K R, Hou P, Li S K. Differences in ear traits of maize varieties and their effects on grain dehydration. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(10):1855-1867
- [3] 夏浩然, 徐涛, 贺伟, 李建, 张敖, 阮燕晔, 张立军, 贺岩, 崔震海, 宋波. 玉米自交系苞叶表型可塑性差异分析. 华中农业大学学报, 2021, 40(5):23-30
Xia H R, Xu T, He W, Li J, Zhang A, Ruan Y Y, Zhang L J, He Y, Cui Z H, Song B. Differential analysis of phenotypic plasticity of bracts of maize inbred lines. Journal of Huazhong Agricultural University, 2021, 40(5):23-30
- [4] Cross H, Kabir K. Evaluation of field dry-down rates in early maize. Crop Science, 1989, 29(1):54-58
- [5] Cross H, Kabir K. Divergent selection for ear moisture in early maize. Crop Science, 1987, 27(5):914-918
- [6] 刘思奇, 钟雪梅, 史振声. 玉米果穗各部性状对籽粒含水量和脱水速率的影响. 江苏农业科学, 2016, 44(8):130-132
Liu S Q, Zhong X M, Shi Z S. Effects of ear traits on grain water content and dehydration rate of maize. Jiangsu Agricultural Sciences, 2016, 44(8):130-132
- [7] Pidigam S, Thuraga V, Munnam S B, Amarapalli G, Kuraba G, Pandravada S R, Nimmarajula S, Sudini H K. Genetic diversity, population structure and validation of SSR markers linked to Sw-5 and I-2 genes in tomato germplasm. Physiology and Molecular Biology of Plants, 2021, 27(8):1695-1710
- [8] 焦仁海, 仲义, 刘俊, 蔡鑫茹, 吴凤新, 刘兴二, 夏远峰. 玉米种质资源研究发展现状及创新途径. 农业与技术, 2022, 42(11):87-90
Jiao R H, Zhong Y, Liu J, Cai X R, Wu F X, Liu X E, Xia Y F. Research status and innovation approaches of maize germplasm resources. Agriculture and Technology, 2022, 42(11):87-90
- [9] 马智艳, 董永彬, 乔大河, 胡春辉, 邓飞, 李玉玲. 不同种质玉

- 米杂交种苞叶性状特征分析. 河南农业科学, 2015, 44(2): 15-18
- Ma Z Y, Dong Y B, Qiao D H, Hu C H, Deng F, Li Y L. Analysis of bract characters of maize hybrids with different germplasm. Henan Agricultural Sciences, 2015, 44(2):15-18
- [10] 贺文姝, 张海波, 孙宏蕾, 阮燕晔, 崔震海, 张立军. 不同类群玉米自交系苞叶性状的差异分析. 华中农业大学学报, 2018, 37(4): 30-35
- He W S, Zhang H B, Sun H L, Ruan Y Y, Cui Z H, Zhang L J. Difference analysis of bract characters in maize inbred lines of different groups. Journal of Huazhong Agricultural University, 2018, 37(4):30-35
- [11] Zhang X L, Lu M, Xia A A, Xu T, Cui Z H, Zhang R Y, Liu W G, He Y. Genetic analysis of three maize husk traits by QTL mapping in a maize-teosinte population. BMC Genomics, 2021, 22(1):386-394
- [12] Zhou G F, Hao D R, Chen G Q, Lu H H, Shi M L, Mao Y X, Zhang Z L, Huang X L, Xue L. Genome-wide association study of the husk number and weight in maize. Euphytica, 2016, 210:195-205
- [13] 王自力, 张北举, 李魁印, 陈松树, 徐如宏, 李鲁华, 吴传喜, 任明见. 高粱种质资源表型性状多样性分析及综合评价. 江苏农业科学, 2022, 50(18):115-121
- Wang Z L, Zhang B J, Li K Y, Chen S S, Xu R H, Li L H, Wu C X, Ren M J. Diversity analysis and comprehensive evaluation of phenotypic traits of sorghum germplasm resources. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50(18): 115-121
- [14] Shannon C E. A mathematical theory of communication. ACM SIGMOBILE Mobile Computing and Communications Review, 2001, 5(1):3-55
- [15] 徐泽俊, 齐玉军, 邢兴华, 童飞, 王幸. 黄淮海大豆种质农艺与品质性状分析及综合评价. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2):468-480
- Xu Z J, Qi Y J, Xing X H, Tong F, Wang X. Analysis and comprehensive evaluation of agronomy and quality traits in soybean germplasm of Huang-Huai-Hai. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(2):468-480
- [16] 胡标林, 万勇, 李霞, 雷建国, 罗向东, 严文贵, 谢建坤. 水稻核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价. 作物学报, 2012, 38(5):829-839
- Hu B L, Wan Y, Li X, Lei J G, Luo X D, Yan W G, Xie J K. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of phenotypic traits in rice (*Oryza sativa*) core germplasm. Acta Agronomica Sinica, 2012, 38(5):829-839
- [17] 苏群, 杨亚涵, 田敏, 张进忠, 毛立彦, 唐毓玮, 卜朝阳, 卢家仕. 49份睡莲资源表型多样性分析及综合评价. 西南农业学报, 2019, 32(11):2670-2681
- Su Q, Yang Y H, Tian M, Zhang J Z, Mao L Y, Tang Y W, Bu C Y, Lu J S. Phenotypic diversity analysis and comprehensive evaluation of 49 water lily resources. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2019, 32(11): 2670-2681
- [18] 吴根松, 孙丽丹, 郝瑞杰, 石文芳, 张杰, 陈晶鑫. 梅花种质资源表型多样性研究. 安徽农业科学, 2011, 39(20):12008-12009
- Wu G S, Sun L D, Hao R J, Shi W F, Zhang J, Chen J X. Phenotypic diversity of germplasm resources of plum blossom. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2011, 39(20):12008-12009
- [19] 万映伶, 朱梦婷, 刘爱青, 金亦佳, 刘燕. 中国观赏芍药表型多样性解析与资源评价. 中国农业科学, 2022, 55(18):3629-3639
- Wan Y L, Zhu M T, Liu A Q, Jin Y J, Liu Y. Phenotypic diversity analysis and resource evaluation of ornamental peony in China. Scientia Agricultura Sinica, 2022, 55(18):3629-3639
- [20] 黎松松, 许文静, 张威, 张红梅, 刘晓庆, 崔晓艳, 朱月林, 陈新, 陈华涛. 大豆种质资源主要农艺性状的评价与分析. 江苏农业科学, 2021, 49(19):35-38
- Li S S, Xu W J, Zhang W, Zhang H M, Liu X Q, Cui X Y, Zhu Y L, Chen X, Chen H T. Evaluation and analysis of main agronomic traits of soybean germplasm resources. Jiangsu Agricultural Sciences, 2021, 49(19):35-38
- [21] 董胜君, 孙永强, 陈建华, 卢彩云, 刘权钢, 刘立新. 野杏无性系表型性状多样性分析及综合评价. 植物遗传资源学报, 2020, 21(5):1156-1166
- Dong S J, Sun Y Q, Chen J H, Lu C Y, Liu Q G, Liu L X. Analysis and comprehensive evaluation of phenotypic character diversity of clonal wild apricot. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(5):1156-1166
- [22] 康泽然, 王晓磊, 魏云山, 刘迎春, 周学超, 胡海波, 李峰, 崔智慧. 绿豆种质资源主要农艺性状、经济性状遗传多样性分析及综合评价. 江苏农业科学, 2022, 50(21):36-41
- Kang Z R, Wang X L, Wei Y S, Liu Y C, Zhou X C, Hu H B, Li F, Cui Z H. Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of main agronomic and economic traits of germplasm resources of mung bean. Jiangsu Agricultural Sciences, 2022, 50(21):36-41
- [23] 万述伟, 宋风景, 郝俊杰, 张晓艳, 李红卫, 邵阳, 赵爱鸿. 271份豌豆种质资源农艺性状遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(1):10-18
- Wan S W, Song F J, Hao J J, Zhang X Y, Li H W, Shao Y, Zhao A H. Genetic diversity analysis of agronomic traits of 271 pea germplasm resources. Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(1):10-18
- [24] Mishra S P, Sarkar U, Taraphder S, Datta S, Swain D P, Saikhom R, Panda S, Laishram M. Multivariate statistical data analysis-principal component analysis. International Journal of Livestock Research, 2017, 7(5): 60-78
- [25] 李艳红, 聂俊, 郑锦荣, 谭德龙, 张长远, 史亮亮, 谢玉明. 华南地区樱桃番茄表型性状遗传多样性分析及综合评价. 园艺学报, 2021, 48(9):1717-1730
- Li Y H, Nie J, Zheng J R, Tan D L, Zhang C Y, Shi L L, Xie Y M. Genetic diversity analysis and comprehensive

- evaluation of cherry tomato phenotypic traits in South China. *Journal of Horticultural Science*, 2021, 48(9):1717-1730
- [26] 孙东雷, 卞能飞, 陈志德, 邢兴华, 徐泽俊, 齐玉军, 王幸, 王晓军, 王伟. 花生种质资源表型性状的综合评价及指标筛选. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(5):865-874
Sun D L, Bian N F, Chen Z D, Xing X H, Xu Z J, Qi Y J, Wang X, Wang X J, Wang W. Comprehensive evaluation and index screening of phenotypic traits in peanut germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(5): 865-874
- [27] 黎松松, 赖建军, 张红梅, 崔晓艳, 刘晓庆, 陈新, 朱月林, 陈华涛. 江苏鲜食春大豆种质资源表型鉴定及综合评价. *大豆科学*, 2022, 41(4):385-396
Li S S, Lai J J, Zhang H M, Cui X Y, Liu X Q, Chen X, Zhu Y L, Chen H T. Phenotypic identification and comprehensive evaluation of fresh spring soybean germplasm resources in Jiangsu. *Soybean Science*, 2022, 41(4):385-396
- [28] 赵欣蕊, 任根增, 韩永亮, 杨溥原, 徐晓, 白玉哲, 赵栋婷, 任玉双, 张玲玉, 王志博, 吴盟, 陈东明, 常金华, 崔江慧. 高粱株型表型性状精准鉴定及综合评价. *植物遗传资源学报*, 2022, 23(6):1644-1659
Zhao X R, Ren G Z, Han Y L, Yang P Y, Xu X, Bai Y Z, Zhao D T, Ren Y S, Zhang L Y, Wang Z B, Wu M, Chen D M, Chang J H, Cui J H. Accurate identification and comprehensive evaluation of plant phenotypic traits in sorghum. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2022, 23(6): 1644-1659
- [29] 游书梅, 曹应江, 郑家奎, 蒋开锋, 张涛, 杨莉, 杨乾华, 万先齐, 罗婧, 李昭祥, 高磊. 73份亚洲水稻恢复系农艺性状的主成分与聚类分析. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(2):250-256
You S M, Cao Y J, Zheng J K, Jiang K F, Zhang T, Yang L, Yang Q H, Wan X Q, Luo J, Li Z X, Gao L. Principal components and cluster analysis of agronomic traits of 73 Asian rice (*Oryza sativa*) restorer lines. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(2):250-256
- [30] 李帅, 刘长华, 曹士亮, 褚力嘉, 仲昭暄, 刘宝民, 于滔. 30个玉米杂交组合主要农艺性状鉴定与综合评价研究. *黑龙江大学自然科学学报*, 2019, 36(6):703-712
Li S, Liu C H, Cao S L, Chu L J, Zhong Z X, Liu B M, Yu T. Identification and comprehensive evaluation of main agronomic characters in 30 maize hybrid combinations. *Journal of Natural Science of Heilongjiang University*, 2019, 36(6): 703-712
- [31] 王平, 徐加利, 闫保罗, 李平海, 宗燕, 李芳, 刘翔攀. 基于主成分-聚类-逐步回归分析的夏玉米品种光温利用能力综合评价. *山东农业科学*, 2020, 52(10):71-77
Wang P, Xu J L, Yan B L, Li P H, Zong Y, Li F, Liu X P. Comprehensive evaluation of light and temperature utilization capacity of summer maize varieties based on principal components-clustering-stepwise regression analysis. *Shandong Agricultural Sciences*, 2019, 52(10):71-77
- [32] Aktar S, Hossain N, Azam M G, Billah M, Biswas P L, Latif M A, Rohman M, Bagum S A, Uddin M S. Phenotyping of hybrid maize at seedling stage under drought condition. *American Journal of Plant Sciences*, 2018(11):2154-2169
- [33] 滕元旭, 支梦婷, 李铭东, 摆晶, 张丽, 张智林, 杨新军, 韩登旭, 梁晓玲, 李召锋. 玉米自交系苗期耐热性综合评价. *玉米科学*, 2020, 28(1):65-71
Teng Y X, Zhi M T, Li M D, Bai J, Zhang L, Zhang Z L, Yang X J, Han D X, Liang X L, Li Z F. Comprehensive evaluation of heat resistance of maize inbred lines at seedling stage. *Maize Science*, 2020, 28(1):65-71
- [34] 杨硕, 郑云霄, 黄亚群, 祝丽英, 赵永锋, 贾晓艳, 陈景堂, 郭晋杰. 不同玉米自交系茎秆上部维管束数目的差异分析. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(2):466-475
Yang S, Zheng Y X, Huang Y Q, Zhu L Y, Zhao Y F, Jia X Y, Chen J T, Guo J J. Analysis on the number of vascular bundle in upper stem of different maize inbred lines. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(2):466-475
- [35] 刘洋. 玉米自交系抗倒伏性状的关联分析. 保定:河北农业大学, 2014
Liu Y. Association analysis of lodging resistance traits of maize inbred lines. Baoding: Hebei Agricultural University, 2014
- [36] 刘志斋, 吴迅, 刘海利, 李永祥, 李清超, 王风格, 石云素, 宋燕春, 宋伟彬, 赵久然, 赖锦盛, 黎裕, 王天宇. 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. *中国农业科学*, 2012, 45(11):2107-2138
Liu Z Z, Wu X, Liu H L, Li Y X, Li Q C, Wang F G, Shi Y S, Song Y C, Song W B, Zhao J R, Lai J S, Li Y, Wang T Y. Genetic diversity and population structure of important Chinese maize inbred lines revealed by 40 core simple sequence repeats (SSRs). *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(11):2107-2138