

# 利用 SSR 标记划分 70 份我国玉米 自交系的杂种优势群

李新海<sup>1</sup>, 袁力行<sup>1</sup>, 李晓辉<sup>2</sup>, 张世煌<sup>1</sup>, 李明顺<sup>1</sup>, 李文华<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 中国农业科学院作物育种栽培研究所/农业部作物遗传育种重点开放实验室, 北京 100081; <sup>2</sup> 东北农业大学农学院, 哈尔滨 150030)

**摘要:** 利用 SSR 标记研究了 70 份我国主要玉米 (*Zea mays* L.) 自交系的遗传变异。用 64 对扩增带型稳定的引物, 从供试材料中检测出 248 个等位基因变异, 每对引物检测等位基因 2~9 个, 平均 3.88 个, 平均多态性信息量 0.523。用 UPGMA 方法将 70 份自交系划分为四平头、旅大红骨、PA、PB、BSSS、Lancaster 等 6 个类群, 划群结果与其系谱分析和育种家经验基本相符。

**关键词:** 玉米; SSR 标记; 杂种优势群; 杂种优势模式

## Heterotic Grouping of 70 Maize Inbred Lines by SSR Markers

LI Xin-hai<sup>1</sup>, YUAN Li-xing<sup>1</sup>, LI Xiao-hui<sup>2</sup>, ZHANG Shi-huang<sup>1</sup>,  
LI Ming-shun<sup>1</sup>, LI Wen-hua<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agricultural Sciences/ Key Laboratory of Crop Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture, Beijing 100081; <sup>2</sup> College of Agronomy, Northeast Agricultural University, Harbin 150030)

**Abstract:** Simple sequence repeats (SSRs) markers were adopted in heterotic grouping of 70 elite maize inbred lines. Sixty-four SSR primers giving stable amplified profiles detected 248 alleles among the lines tested. The average number of alleles per SSR locus was 3.88 with a range from 2 to 9. The value of polymorphism information content (PIC) for each SSR Locus varied from 0.13 to 0.88 with an average of 0.523. The UPGMA analysis classified 70 inbred lines into 6 clusters, which corresponded to the heterotic groups determined by their pedigree information and breeder's experiences (i.e. Sipingtou, Luda Red Cob, PA, PB, BSSS and Lancaster).

**Key words:** *Zea mays* L.; Simple sequence repeats marker; Heterotic group; Heterotic pattern

杂种优势利用是玉米育种的首要技术。因此, 育种工作者非常重视对玉米种质基础及杂种优势群的研究。20 世纪 80 年代以来, 育种家通过估算不同时期杂交种中主要亲本所占比例, 对我国玉米种质基础进行了探索, 通过种质系谱或地理来源分析, 对生产上利用的自交系, 初步进行了类群划分<sup>[1~3]</sup>。分子标记技术的发展为评价玉米种质基础提供了新手段。刘新芝<sup>[4]</sup>、李新海<sup>[5]</sup>、吴敏生<sup>[6]</sup>等分别用 RAPD、RFLP 和 AFLP 标记, 对我国常用玉米自交系进行了类群划分, 划群结果

与系谱资料基本符合。SSR 标记是建立在 PCR 反应基础之上的一种遗传标记, 研究表明, SSR 标记可有效地应用于玉米种质的遗传变异研究及类群划分<sup>[7,8]</sup>。李新海等<sup>[9]</sup>将 SSR 标记应用于我国玉米自交系的遗传变异研究, 袁力行等<sup>[10]</sup>用 66 对 SSR 引物将 29 份自交系划分为 5 个类群。笔者在前期研究基础上, 用 64 对 SSR 引物进一步研究了 70 份我国主要玉米自交系的杂种优势群, 以期对种质扩增改良与创新研究提供技术支持。

收稿日期 2002-09-26

基金项目 亚洲玉米生物技术协作网 (AMBIONET) 和科技部重点资助项目 (K2000-20-43)

作者简介 李新海 (1969-) 男, 黑龙江尚志人, 副研究员, 从事玉米种质改良与生物技术研究。Tel: 010-68918596; Fax: 010-68975212; E-mail: xin hail@btamail.net.cn

# 1 材料与方法

70 份玉米自交系及其来源见表 1, 其中多数为生产上推广杂交种的亲本。

## 1.1 材料

表 1 70 份玉米自交系及其系谱来源

Table 1 Seventy maize inbred lines used in the study

序号 Code	自交系 Line	系谱来源 Source	序号 Code	自交系 Line	系谱来源 Source
1	803	U8112 × 沈 5003	36	中黄 64	选自美国杂交种 64
2	D 黄 212	U8112 × Shen5003		Zhonghuang64	Recycled line from U. S. hybrid 64
	DHuang212	D729 × 黄早四	37	多黄 29	选自美国杂交种 78599
3	H21	D729 × Huangzao4		Duohuang29	Recycled line from hybrid 78599
		黄早四 × H84	38	掖 107	选自美国杂交种 X L80
4	502	Huangzao4 × H84		Ye107	Recycled line from hybrid XL80
		丹 340 × 黄早四	39	铁 7922	选自美国杂交种 3382
5	444	Dan340 × Huangzao4		Tie7922	Recycled line from hybrid 3382
		A619 × 黄早四	40	自 330	可利 67 × Oh43
6	8-93	A619 × Huangzao4		Zi330	Keli 67 × Oh43
		丹 340 的改良系	41	丹 340	白骨旅 9 × 有稈玉米
7	吉 853	Derived from Dan340		Dan340	Baiguli9 × Pod corn
	Ji853	黄早四 × 自 330	42	沈 118	朝 23 × 超甜
8	黄野四	Huangzao4 × Zi330		Shen118	Zhao23 × Super sweet
	Huangye4	(野鸡红 × 黄早四) × 嫩子黄	43	冀 53	冀群 2 C <sub>0</sub> -2
9	鲁原 133	(Yejihong × Huangzao4) × Dunzihuang		Ji53	Derived from Ji synthetic 2 C <sub>0</sub> -2
	Luyuan133	原齐 701 × 黄早四 <sup>60</sup> Co 辐射	44	海 9-21	4 个美国杂交种混粉后选系
10	K12	Yuanqi 701 × Huangzao4		Hai9-21	Derived from 4 U. S. hybrids mix-pollinated
		黄早四改良系	45	综 31	自 330 系统综合
11	32	Derived from Huangzao4		Zong31	Derived from Zi330 Synthetic
		选自美国杂交种 3382	46	4F1	Mo17 改良系
12	豫 12	Recycled line from U. S. hybrid 3382			Derived from Mo17
	Yu12	Mo17 改良系	47	374	综合种
13	5213	Derived from Mo17			Derived from synthetic
		Mo17 改良系	48	3H-2	(咸大 202 × 自 330) × H84
14	中黄 204	Derived from Mo17			(Xianda202 × Zi330) × H84
	Zhonghuang204	Mo17 改良系	49	200B	不详
15	8107	Derived from Mo17			Unavailable
		不详	50	S37	Suwan1 选系
16	吉 846	Unavailable			Derived from population Suwan1
	Ji846	吉 63 × Mo17	51	Suwan1611	Suwan1 选系
17	C8605	Ji63 × Mo17			Derived from population Suwan1
		铁 7922 × 沈 5003	52	鲁原 92	原齐 122 × 1137
18	B73	Tie7922 × Shen5003		Luyuan92	Yuanqi122 × 1137
		BSSS C5	53	中黄 68	选自美国杂交种 78599
19	沈 5003			Zhonghuang68	Recycled line from hybrid 78599
	Shen5003	选自美国杂交种 3147	54	川 205	不详
20	U8112	Recycled line from U. S. hybrid 3147		Chuan205	Unavailable
		美国杂交种 3382 × 美国杂交种 3147	55	HZ32	凤可 1 × 自 330
21	掖 478	U. S. hybrid 3382 × U. S. hybrid 3147			Fengke1 × Zi330
	Ye478	U8112 × 沈 5003	56	CA091	(505/02 × 7091) × 7091
22	黄早四	U8112 × Shen5003			
	Huangzao4	塘四平头杂株 Derived from open	57	CA156	Pool 33 选系
23	Mo17	pollinated plant of inbred line Sipingtou			Derived from Pool 33
		C103 × 187-2	58	CA335	Pool 33 选系
24	沈 137				Derived from Pool 33
	Shen137	选自美国杂交种 6JK111	59	CA339	Pool 33 选系
25	丹 9046	Recycled line from U. S. hybrid 6JK111			Derived from Pool33
	Dan9046	沈 5003 × 铁 7922	60	齐 205	(V 矮 141 × 中系 017) × 群体 70
26	52106	Shen5003 × Tie7922		Qi205	(Vai 141 × Zhongxi017) × Population 70
		矮金 525 × 掖 107/106	61	中 128	尼日利亚 2118 × 中 7490
27	N87-1	Aijin525 × Ye107/106		Zhong128	Nigeria 2118 × Zhong7490
		选自美国杂交种 78599	62	S187	不详
28	金黄 96B	Recycled line from hybrid 78599			Unavailable
	Jinhuang96B	中综 2 号群体选系	63	旱 21	不详
29	中 451	Derived from Cpop No. 2		Han21	Unavailable
	Zhong451	选自美国杂交种 R4513 的田间杂株	64	旱 23	不详
30	中自 01	Open pollinated plant of hybrid R4513		Han23	Unavailable
	Zhongzi01	选自美国杂交种 78641	65	中 106	也门矮玉米 × 综合种
31	CN165	Recycled line from U. S. hybrid 78641		Zhong106	Yemen short corn × Synthetic
		选自美国杂交种 3268	66	CA181	Pool 33 选系
32	X178	Recycled line from U. S. hybrid 3268			Derived from Pool 33
		选自美国杂交种 78599	67	CN1483	不详
33	P138	Recycled line from hybrid 78599			Unavailable
		选自美国杂交种 78599	68	CN962	黄早四的改良系
34	齐 318	Recycled line from hybrid 78599			Derived from Huangzao4
	Qi318	选自美国杂交种 78599	69	502-1	丹 340 × 黄早四
35	齐 319	Recycled line from hybrid 78599			Dan340 × Huangzao4
	Qi319	选自美国杂交种 78599	70	CN4379	群体 P <sub>6</sub> C <sub>0</sub> 选系
		Recycled line from hybrid 78599			Derived from population P <sub>6</sub> C <sub>0</sub>

## 1.2 SSR 标记分析

采用 CTAB 法提取 DNA<sup>[11]</sup>。采用 10  $\mu$ l PCR 反应体系,包括 10 mmol·L<sup>-1</sup> Tris-HCl, 50 mmol·L<sup>-1</sup> KCl, 0.001% Gelatin, 2.5 mmol·L<sup>-1</sup> MgCl<sub>2</sub>, 0.15 mmol·L<sup>-1</sup> dNTP, 10% 甘油, 0.25  $\mu$ mol·L<sup>-1</sup> SSR 引物, 0.5 单位 Taq DNA 聚合酶, 20 ng DNA 模板。反应液上加盖 15  $\mu$ l 矿物油(Sigma)。扩增程序为 94℃ 预变性 5 min, 1 个循环; 94℃ 变性 1 min, 60℃ 退火 2 min, 70℃ 延伸 2 min, 共 35 个循环, 最后在 70℃ 延伸 5 min。扩增反应在 PTC-200 PCR 仪(MJ Research, Waterson, MA)上进行。

采用 Bio-Rad 测序胶板装置(38 cm × 30 cm × 0.4 mm)进行变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(4.5%)。在加入 TEMED 和 APS 后,立即灌胶,约 30 min 后,胶凝固。安装电泳槽,倒入大约 1 800 ml 1 × TBE 缓冲液。在 85 W 功率下,预电泳 40 min。PCR 产物变性后,上样 5  $\mu$ l。在 70 W 功率下,电泳大约 1 h。然后凝胶依次在 10% 冰乙酸中浸泡 30 min, 水洗 2 次(每次 3 min), 0.1% AgNO<sub>3</sub> 中浸泡 30 min, 快速用水冲洗 1 次,然后在 3% Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub>(加入 200  $\mu$ l 1% Na<sub>2</sub>S<sub>2</sub>O<sub>3</sub>)中显影至带型可以区分为止。用 10% 冰乙酸终止显影。在白炽灯下观察电泳结果,进行数据统计和扫描照相。

## 1.3 统计分析

SSR 扩增产物以 0、1、9 统计建立数据库。在相同迁移率位置上,有带者记为 1,无带记为 0,缺失数据记为 9。以简单配对参数(simple matching coefficient)估计基因频率,依据 Genetic Similarity(GS) =  $m/(m+n)$  计算遗传相似系数,其中  $m$  为基因型

间共有带数目,  $n$  为差异带数目。按 UPGMA 方法(Unweight Pair Group Method Using Arithmetic Averages)采用 NTSYS-pc version-2.0 软件进行聚类。SSR 位点的多态性信息量按  $PIC = 1 - \sum f_i^2$  计算,其中  $f_i$  为  $i$  位点的基因频率<sup>[8]</sup>。

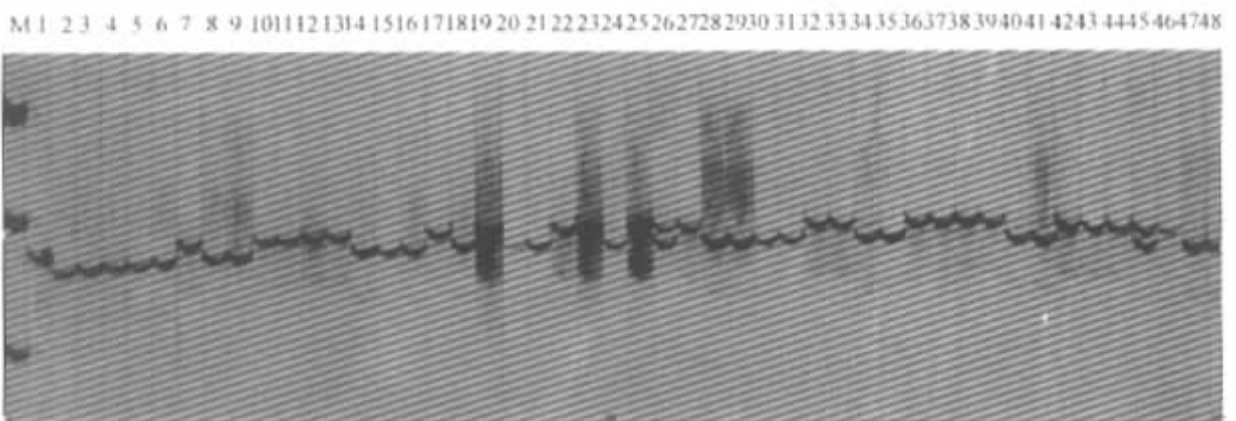
## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 标记结果分析

从 220 对 SSR 引物中筛选出扩增带型清晰稳定的 64 对引物(表 2),对 70 份自交系进行扩增。多数引物在供试自交系中扩增出 1 条片段,但部分引物在某些自交系中扩增出 2 条片段,如 umc1186(图 1)在 52106(泳道 26)中扩增出 2 条带,这可能与基因组内存在 2 个与引物结合的靶位点等因素有关。64 对引物分布于玉米 10 条染色体上(表 2),在供试材料中共检测出 248 个等位基因变异,每对引物检测出 2~9 个等位基因,平均 3.88 个,片段大小介于 63~502 bp 之间。64 对引物位点的平均多态性信息量为 0.523,其中 phi402893 位点的 PIC 最大 0.88,而 phi086 位点最小 0.13。

### 2.2 70 份自交系的类群划分

利用 248 个多态性 SSR 标记计算 70 份自交系之间的遗传相似系数(GS),其范围在 0.541~0.975 之间(GS 值未列出)。按 UPGMA 方法对供试自交系进行聚类,划分为 6 组(A→F)(图 2)。A 组包括掖 478、沈 5003、丹 9046、C8605 等自交系,属于 PA 群种质。B 组包括两大类种质,一类为自 330、200B、



M 为分子量标准(ΦX174/λDNA[1]), 1~48 为供试自交系序号(编号与表 1 相同)  
M: molecular standard(ΦX174/λDNA[1]), 1~48: material code same as in Table 1

图 1 引物 umc1186 对部分自交系扩增的 SSR 图谱

Fig. 1 SSR profile of 48 selected lines amplified by umc1186

表 2 64 对引物在 70 份自交系之间的扩增片段数目、大小及多态性信息量

Table 2 SSR primers and the number of alleles, size range and PIC value amplified in 70 inbred lines

SSR 引物 SSR primer	染色体位置 Bin No.	片段数 Alleles	片段大小 Size range (bp)	信息量 PIC	SSR 引物 SSR primer	染色体位置 Bin No.	片段数 Alleles	片段大小 Size range (bp)	信息量 PIC
phi056	1.01	4	84 ~ 93	0.61	phi128	5.07	4	100 ~ 120	0.52
phi097	1.01	2	97 ~ 100	0.19	phi423796	6.01	4	136 ~ 142	0.42
bnlg176	1.03	5	128 ~ 200	0.34	bnlg107	6.01	8	280 ~ 429	0.79
umc1395	1.05	4	100 ~ 118	0.59	phi077	6.01	9	124 ~ 152	0.74
phi037	1.08	3	130 ~ 158	0.58	umc1186	6.02	2	230 ~ 240	0.42
phi011	1.09	2	110 ~ 122	0.49	phi078	6.05	4	122 ~ 174	0.51
phi055	1.09	4	103 ~ 115	0.65	phi081	6.05	3	160 ~ 169	0.43
phi120	1.11	7	64 ~ 107	0.63	phi070	6.07	4	73 ~ 88	0.51
phi402893	2.00	6	247 ~ 311	0.88	phi123	6.07	2	143 ~ 147	0.42
umc1422	2.02	6	102 ~ 142	0.49	umc1066	7.01	4	118 ~ 134	0.51
bnlg125	2.02	5	450 ~ 502	0.68	phi057	7.01	3	145 ~ 151	0.53
phi083	2.04	4	126 ~ 138	0.59	phi034	7.02	5	120 ~ 141	0.62
umc1065	2.06	8	196 ~ 210	0.81	phi114	7.02	5	135 ~ 167	0.58
phi090	2.08	2	141 ~ 151	0.32	phi116	7.06	4	151 ~ 173	0.59
phi127	2.08	3	112 ~ 128	0.52	phi119	8.02	3	162 ~ 170	0.52
phi374118	3.02	4	405 ~ 425	0.65	phi115	8.03	3	93 ~ 113	0.49
phi029	3.04	4	146 ~ 164	0.61	phi014	8.04	2	157 ~ 163	0.46
phi053	3.05	5	170 ~ 194	0.65	phi121	8.04	2	99 ~ 102	0.20
phi073	3.05	3	90 ~ 99	0.59	bnlg162	8.06	5	249 ~ 305	0.66
umc1528	3.07	5	136 ~ 311	0.37	phi015	8.08 ~ 8.09	4	82 ~ 102	0.55
phi047	3.09	3	140 ~ 152	0.51	phi080	8.09	6	140 ~ 165	0.63
phi070	4.00	4	142 ~ 162	0.58	phi028	9.01	4	63 ~ 78	0.41
phi074	4.04	3	89 ~ 95	0.50	phi044	9.01	2	82 ~ 83	0.21
phi096	4.04	2	102 ~ 112	0.29	phi017	9.02	3	101 ~ 107	0.62
phi086	4.08	2	70 ~ 73	0.13	phi022	9.02	3	124 ~ 148	0.65
phi092	4.08	2	120 ~ 128	0.47	phi027	9.03	6	98 ~ 160	0.46
phi076	4.11	6	98 ~ 200	0.64	phi061	9.03	4	80 ~ 92	0.48
phi019	4.11	5	93 ~ 105	0.67	phi065	9.03	4	132 ~ 152	0.61
phi113	5.03 ~ 5.04	4	120 ~ 336	0.61	phi016	9.04	3	149 ~ 153	0.49
phi048	5.07	3	157 ~ 169	0.55	phi059	10.02	2	147 ~ 156	0.40
phi058	5.07	2	148 ~ 151	0.39	phi050	10.03	3	80 ~ 88	0.48
phi085	5.07	4	70 ~ 95	0.58	phi062	10.04	2	161 ~ 164	0.43

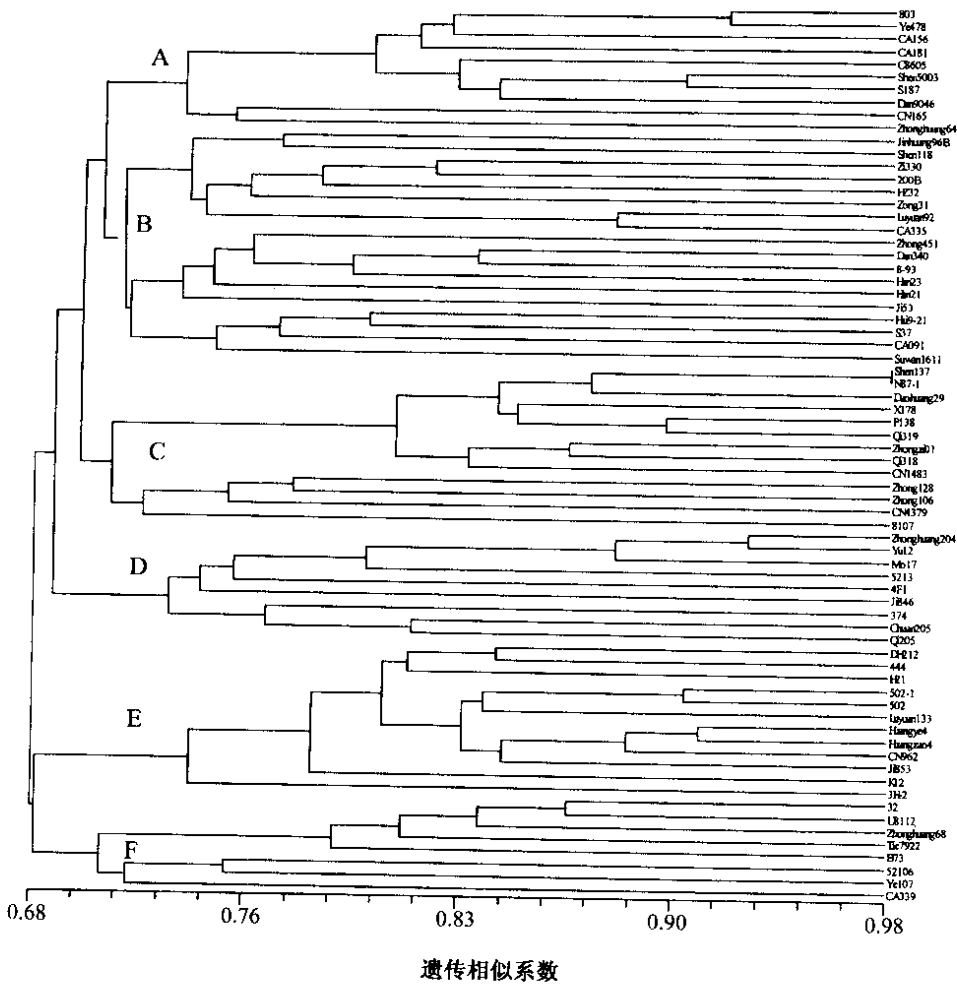
综 31、HZ32 等自交系,另一类为丹 340、8-93、中自 451 等自交系,已有学者将自 330 与丹 340 划入同一类群<sup>[10]</sup>,这里亦将两类种质划为旅大红骨群。C 组包括 P138、X178、齐 319、齐 318、中自 01、沈 137 等自交系,这些系均来自 PN 种质,但在杂种优势反应中的表现不同于 PA,这里定名为 PB 群;PB 群同时包含中 128 和中 106 等自交系。D 组包括 Mo17、豫 12、5213 等自交系,属于 Lancaster 群。E 组为四平头群,包括黄早四及其改良系。F 组也包括两类种质,一类为 B73、U8112、铁 7922 等自交系,另一类为掖 107、52106 等,笔者将二者划为 BSSS 群。

结合分析供试自交系的系谱资料(表 1),利用 SSR 标记划分的组别与其种质类群具有较好的一致性。分子标记数据进一步验证了自交系之间,特别是杂交种的二环选系与其亲本系的遗传关系,同时

将系谱来源不明或血缘不清的自交系划分到了相应类群中。但是分子标记聚类与供试自交系系谱关系也有一定出入。如 CA156、CA335、CA339 均选自基因库 Pool33,按来源推测,这 3 个系应划入一群,但分子标记聚类将其分别归入 PA、旅大红骨和 BSSS 群。海 9-21 被划入旅大红骨群,这与其系谱来源不符。导致这种现象的原因可能与选系基础材料变异丰富、选系方向、基因漂变或突变等因素有关<sup>[9]</sup>,同时与所用聚类方法在遗传距离相近情况下自交系之间的随机结合方式亦有一定关系。

### 3 讨论

研究现有种质资源的遗传多样性,对正确认识我国玉米种质基础,提高其利用效率具有重要意义。本课题组通过 15 个骨干自交系之间的双列杂交组



Genetic similarity coefficient  
图 2 70 份自交系的 SSR 标记聚类图

Fig.2 Dendrogram of 70 maize inbred lines clustered by 248 SSRs

合试验,将其分为 5 个类群,即四平头、旅大红骨、BSSS、Lancaster 和 PA;并用分子标记进行了分子验证<sup>[4]</sup>。在此基础上,将供试自交系扩展到 29 个,用 SSR 和 RFLP 标记亦将其划分为 5 个类群<sup>[10]</sup>,同时与采用特殊配合力的划群结果一致。由此证明,分子标记可以用于自交系的类群划分。笔者进一步利用 64 对 SSR 引物将 70 份自交系划分为 6 个类群,其中除四平头、旅大红骨、BSSS、Lancaster、PA 等 5 个类群外,还鉴定出 PB 群。将来源于 PN 材料的自交系划分为 PA 和 PB 群,这与育种家在进行二环选系时向两个亲本方向偏离有关。PB 群的提出进一步完善了我国玉米杂种优势群的基本框架,对今后种质改良与创新研究具有指导意义。我国玉米育种家曾先后提出将黄早四、丹 340、B73、Mo17 和掖 478 作为标准测验种使用,笔者建议以齐 319 作为 PB 群的代表加入标准测验种。从分子标记资料统计数据可见(图 2),鉴定出的 6 个类群间的遗传距

离相近(GS 在 0.70 以下),且明显大于群内的遗传距离(GS 在 0.75 以上)。杂种优势的遗传基础是基因型的杂合性,这意味着参与杂交的亲本之间需要具有较大的遗传变异。

结合育种实践分析,目前我国玉米生产存在 2 个最常用的杂种优势模式。在北方春玉米区,主要模式为四平头或旅大红骨 × Lancaster;在黄淮海夏玉米区,主要模式为四平头或旅大红骨 × PA。进一步总结两大玉米主产区的杂种优势模式,均是一方为国内种质,另一方为国外种质,属于国内与国外杂交类型,其中美国玉米带种质对我国玉米育种和生产起到了不可替代的作用。杂种优势群的鉴定与杂种优势模式原理对选育新型自交系或杂交组合具有重要指导意义。在北方春玉米区,可以在四平头或旅大红骨群内选择性状优良且互补的自交系相互杂交,选育二环系,然后与 Lancaster 群内的优良自交系杂交,容易育成高产杂交组合。在黄淮海夏玉米

区,可以在四平头或旅大红骨群内选育自交系与来自 PA 或 PB 群的自交系杂交选育高产组合。依据杂种优势群的观点合成基础群体,有利于提高轮回选择的改良效率。笔者所在的课题组根据杂种优势群划分结果,分别选择 16 个四平头和 PB 群内的优良自交系,通过复合杂交和双列杂交方式,合成了中综 5 号和中综 6 号群体,并着手进行相互轮回选择改良。

## References

- [ 1 ] 吴景锋. 我国主要玉米杂交种种质基础评述. 中国农业科学, 1983, (2): 1-8.  
Wu J F. A review on the germplasm bases of the main corn hybrids in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 1983, (2): 1-8. (in Chinese)
- [ 2 ] 曾三省. 中国玉米杂交种的种质基础. 中国农业科学, 1990, 23(4): 1-9.  
Zeng S X. The maize germplasm base of hybrids in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 1990, 23(4): 1-9. (in Chinese)
- [ 3 ] 王义波, 王振华, 王永谱, 张新, 陆利行. 中国主要玉米种质杂种优势利用模式研究. 中国农业科学, 1997, 30(4): 16-24.  
Wang Y B, Wang Z H, Wang Y P, Zhang X, Lu L X. Studies on the heterosis utilizing models of main maize germplasm in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 1997, 30(4): 16-24. (in Chinese)
- [ 4 ] 刘新芝, 彭泽斌, 傅骏骅, 李连城, 黄长玲. RAPD 在玉米类群划分中的应用. 中国农业科学, 1997, 30(3): 44-51.  
Liu X Z, Peng Z B, Fu J H, Li L C, Huang C L. Heterotic grouping of 15 maize inbred lines with RAPD markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 1997, 30(3): 44-51. (in Chinese)
- [ 5 ] 李新海, 傅骏骅, 张世煌, 袁力行, 李明顺. 玉米自交系遗传变异的 RFLP 分析. 植物学报, 2000, 42(11): 1156-1161.  
Li X H, Fu J H, Zhang S H, Yuan L X, Li M S. RFLP detection of genetic variation of maize inbred lines. *Acta Botanica Sinica*, 2000, 42(11): 1156-1161.
- [ 6 ] 吴敏生, 王守才, 戴景瑞. AFLP 分子标记在玉米优良自交系优势群划分中的应用. 作物学报, 2000, 26(1): 9-13.  
Wu M S, Wang S C, Dai J R. Application of AFLP markers to heterotic grouping of elite maize inbred lines. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(1): 9-13. (in Chinese)
- [ 7 ] Senior M L, Murphy J P, Goodman M M, Stuber C W. Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system. *Crop Science*, 1998, 38: 1088-1098.
- [ 8 ] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, Smith O S, Wall S J, Senior M L, Mitchell S E, Kresovitch S, Ziegler J. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): Comparisons with data from RFLPs and pedigree. *Theoretical Applied Genetics*, 1997, 95: 163-173.
- [ 9 ] 李新海, 傅骏骅, 张世煌, 袁力行. 利用 SSR 标记研究玉米自交系的遗传变异. 中国农业科学, 2000, 33(2): 1-9.  
Li X H, Fu J H, Zhang S H, Yuan L X. Genetic variation of inbred lines of maize detected by SSR markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000, 33(2): 1-9. (in Chinese)
- [ 10 ] 袁力行, 傅骏骅, 张世煌, 刘新芝, 彭泽斌, 李新海. 利用 RFLP 和 SSR 划分玉米自交系杂种优势群的研究. 作物学报, 2001, 27(2): 149-156.  
Yuan L X, Fu J H, Zhang S H, Liu X Z, Peng Z B, Li X H. Heterotic grouping of maize inbred lines using RFLP and SSR markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2001, 27(2): 149-156. (in Chinese)
- [ 11 ] Saghai-Marouf M A, Soliman K M, Jorgensen R A, Allard R W. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proceeding of the National Academy of Science USA*, 1984, 81: 8014-8018.

(责任编辑 孙雷心)