

利用 RFLP 标记划分 45 份玉米自交系 杂种优势群的研究

黄益勤, 李建生

(华中农业大学,作物遗传改良国家重点实验室,玉米研究室,武汉 430070)

摘要:采用 54 个玉米 RFLP 探针和 3 种限制性内切酶(BamH I、EcoR I、Hind III),共计 145 个探针/酶组合,检测了在我国南方玉米区广泛利用的 41 份自交系和代表美国主要玉米杂种优势群的 4 份美国自交系的 RFLP 多态性。研究结果表明:在供试的 45 份材料间存在较丰富的 RFLP 多态性。根据 RFLP 标记遗传相似性的资料,通过聚类分析可将供试材料划分为 6 大类群:热带种质类群、Mo17 类群、FRB73 类群、地方类群 I、地方类群 II 和 330 或 Oh43 类群。供试自交系系谱关系的资料和所组配杂交组合的信息支持了该研究的分类结果,说明利用 RFLP 分子标记研究杂种优势群是可行的。该研究的结果从分子水平明确了地方玉米种质在我国玉米杂种优势利用中的重要地位,同时证明来自美国玉米带的 Mo17 类群、FRB73 类群和 Oh43 类群对于我国玉米杂种优势的利用起了重要的作用。该研究还将在我国杂种优势利用中起重要作用的优良玉米自交系—自 330 和丹 340 归为一类,而这一类群和美国玉米自交系 Oh43 可能是同类的。

关键词:玉米;种质资源;RFLP 标记;杂种优势群

中图分类号:S513 **文献标识码:**A **文章编号:**0578-1752(2001)03-0244-07

Classification of Heterotic Groups with RFLPs Among 45 Maize Inbred lines

HUANG Yi-qin, LI Jian-sheng

(National Key Lab of Crop Genetic Improvement, Maize Research Lab,
Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: The classification of heterotic groups is essential to maize breeding because knowledge of heterotic groups can direct combination of outstanding hybrids and improvement of elite inbred lines. RFLP has provided a powerful tool to assign maize inbred lines into heterotic groups. In this study, 45 inbred lines were chosen for RFLP analysis, among which 41 lines were parent lines of widely extensive hybrids in south and southwest China, and 4 lines came from American, representing different heterotic groups in U. S. corn belt. 54 RFLP core markers covering 10 chromosomes of maize were used. Total DNA was digested with EcoR I, BamH I and Hind III. The procedure of RFLP was employed as described by a manual from maize RFLP lab at University of Missouri, Colombian. A total of 860 bands were detected among 45 inbred lines based on RFLP analysis, which were involved in 212 loci. A number of allele at each locus ranged from 2 to 9 with an average of 4.06. In total, 45 inbred lines were classified into 6 heterotic groups according to RFLP data with Ward's method. 3 heterotic groups, Mo17, FRB73 and Oh43, seemed to be the same to U. S. heterotic groups. 21 inbred lines, most of which derived from Chinese local germplasm, were classified into two heterotic groups, indicating local germplasm was different

收稿日期:2000-10-10

基金项目:国家“九五”科技攻关项目(96-002-02-05)和国家自然科学基金重大项目(39893350)

作者简介:黄益勤(1972-),男,江苏镇江人,在读博士研究生,主要从事玉米遗传育种研究。李建生为联系作者,通讯地址:北京市圆明园西路 2

号中国农业大学国家玉米改良中心,邮政编码 100094。Tel: 010-62893808; Fax: 010-62893808; E-mail: lijs@163bj.com

from U.S. germplasm at the molecular level and played an important role in maize hybrid production in China. Two inbred lines from tropic germplasm were assigned in the same group. These results provided useful information to understand maize germplasm in China.

Key words: Maize; Germplasm; RFLP marker; Heterotic groups

近 20 年来,利用不同的方法划分玉米杂种优势群一直是玉米杂种优势应用基础性研究的重要领域之一。国内外许多科研工作者曾试图利用形态学的差异、地理来源的不同、系谱关系及生理生化指标等多种方法探索划分杂种优势群的可能性,取得了有益的结果,但也有明显的局限性^[2~5]。分子生物学技术的迅速发展,为在分子水平研究玉米种质的杂种优势群提供了强有力的工具,RFLP^[6~14]、RAPD^[15,16]、SSR^[17]、AFLP^[7]等分子标记已被成功地应用于杂种优势群的划分。随着高密度 RFLP 图谱的构建,特别是 RFLP 标记具有稳定性高和重复性好的优点,利用 RFLP 标记划分玉米种质杂种优势群的研究受到广泛的重视。Messmer 等利用 RFLP 数据,对 57 个欧洲玉米自交系进行了杂种优势群的该研究^[18]。Mumm 等采用 RFLP 标记,用 46 个探针和酶的组合,将 148 个美国玉米自交系分为 2 个杂种优势主群和 11 个亚群^[14]。这些研究表明,利用 RFLP 标记对玉米种质进行杂种优势群的划分是可行的,也是有效的。然而,到目前为止,较少见到利用 RFLP 标记对较多的中国玉米自交系材料进行杂种优势群划分的报道。

近年来,玉米杂种优势的利用水平有了长足进步,一大批新的自交系和杂交种相继被用于生产。但是,有关南方玉米自交系杂种优势群的研究相对滞后,在一定程度上影响了杂种优势水平的进一步提高。该研究旨在采用 RFLP 技术,以在我国南方玉米产区广泛利用的玉米自交系为主要材料,开展杂种优势群划分的研究,为进一步提高杂种优势利用水平提供有益的信息。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选用在我国南方玉米产区有一定种植面积的商用杂交种的亲本自交系 41 份,以及代表美国不同杂种优势群自交系 4 份,Mo17、FRB73、A632 和 Oh43,各材料的名称、来源见表 1。所有材料均种植在华中农业大学实验农场,植株抽雄前取各个材料的叶片混合样,置-70℃冰箱中备用。

1.2 RFLP 分析方法

参照美国密苏里大学玉米 RFLP 实验室提供的方法进行 RFLP 分析。每份样品取 5~10g 叶片用液氮磨样,采用 CTAB 法抽提 DNA。取 10μg 纯化后的 DNA 分别用限制性内切酶酶切,点样于 0.7% 琼脂糖凝胶中、恒压 30 伏电泳 12~16h 后,0.25 mol/L 盐酸脱嘌呤 10min,0.4 mol/L NaOH、0.6 mol/L NaCl 变性 40min;0.5 mol/L Tris-HCl(pH=7.5)、1.5 mol/L NaCl 中和 30min。用 50 mmol/L 磷酸钠缓冲液将 DNA 样品转移至尼龙膜上,80℃烘烤 2h 固定。

分子杂交程序为:65℃预杂交(0.05 mol/L Tris, 8.0, 0.01 mol/L EDTA, 5×SSC, 1×Denhardt's, 0.2% SDS, 0.1 mg/ml SS DNA)4~6h,再加入标记好的探针,65℃杂交(0.05 mol/L Tris, 8.0, 0.01 mol/L EDTA, 5×SSC, 1×Denhardt's, 0.2% SDS, 0.1 mg/ml SS DNA, 10%Dextran Sulfate)16h。然后用 2×SSC, 0.5% SDS 室温下漂洗 2 次,每次 5min;0.1×SSC, 0.1% SDS 65℃漂洗 3 次,每次 30min。最后在-70℃压片 5~7d。

共选用 RFLP 探针 54 个,包括 47 个基因组探针和 7 个 cDNA 探针,其中 39 个为核心探针。RFLP 探针的编号和在染色体上的位置见表 2。采用随机引物用³²P 放射性同位素标记探针。用于消化 DNA 样品的 3 种限制性内切酶分别是 EcoR I、BamH I、Hind II。

1.3 数据处理方法

将各个自交系的 RFLP 带型转换为 0、1 数据,其中有带记为 1,无带记为 0。按 Nei 的方法分别计算供试自交系间的遗传相似系数 GS (genetic similarity) 和遗传距离 GD (genetic distance)^[18]。

$$GS_{i,j} = 2N_{i,j} / (N_i + N_j) \quad GD = 1 - GS$$

其中 $GS_{i,j}$ 是自交系 i 和 j 的遗传相似系数, $N_{i,j}$ 是自交系 i 和 j 共同具有的带数, N_i 是自交系 i 的带数, N_j 是自交系 j 的带数。

聚类分析利用 SAS 软件,按 Ward's(离差平方和法)方法聚类。

2 结果与分析

2.1 自交系 RFLP 的遗传变异

表 1 供试玉米自交系及其来源

Table 1 List of maize inbred lines and their derivation

编号 No.	自交系 Inbred lines	来源 Derivation
1	HZ85	美国杂交种二环系 Second cycle line from American hybrid
2	S7913	德国杂交种二环系 Second cycle line from German hybrid
3	HZ32	HZ1 变异株 Mutant plant of HZ1
4	HZ1	自 330×凤可 1 二环系 Second cycle line from Zi330×Fengke1
5	3H-2	咸三单交×H94 选系 Selected line from Xiansandanjiao× H94
6	材 11-8 Cai 11-8	门可 B×自 330 选系 Selected line from Menke B×Zi330
7	长 72 Chang 72	地方品种长阳大籽黄选系 Selected line from local variety Changyangdazihuang
8	Mo17	CI187-2×C103 二环系 Second cycle line from CI187-2×C103
9	FRB73	BSSS C5 选系 Selected line from BSSS C5
10	黄早四 Huangzaosi	唐四平头变异株 Mutant plant of Tangsipingtou
11	唐四平头 Tangsipingtou	地方品种唐四平头选系 Selected line from local variety, Tangsipingtou
12	获白 Huobai	地方品种获嘉白马牙选系 Selected line from local variety, Huojabaimaya
13	8112	美国杂交种二环系 Second cycle line from American hybrid
14	T7913	综合种(含自 330) Selected line from synthesis (including Zi330)
15	P111	(帕拉玛地×太 183)×自 330 Selected line from (Palamadi×Tai183)×Zi330
16	77	(黄小 162×1865)×(187-2×南 55), (Huangxiao162×1865)×(187-2×Nan55)
17	五 151 Wu 151	地方品种晴隆五穗白选系 Selected line from local variety, Qinglongwusuibai
18	交 51 Jiao 51	地方品种选系 Selected line from local variety
19	牛 2 Niu 2	地方品种牛坪大籽黄选系 Selected line from local variety, Niupindazihuang
20	自 330 Zi 330	Oh43 × 可利 67 二环系 Second cycle line from Oh43 × Keli67
21	Oh43	Oh43 × W8 二环系 Second cycle line from Oh43 × W8
22	200B	自 330 二环系 Second cycle line of Zi330
23	7922	美国杂交种二环系 Second cycle line from American hybrid
24	S37	素弯 1 号群体选系 Selected line from Suwan 1 population
25	黄杂-1 Huangza-1	黄杂粒微波处理 Mutant from seeds treated with microwave
26	SL2166	150 × 旅 9 二环系 Second cycle line from 150 × Lü 9
27	S4003	MO17 × 自 330 二环系 Second cycle selection of MO17 × Zi330
28	48-2	人工合成群体选系 Selected line from synthetic population
29	7331	(矮广×内二马) × OH43 Selected line from (Aiguang × Neierma) × Oh43
30	秋 23 Qiu 23	地方品种南充秋子选系 Selected line from local variety, Nanchongqiuzi
31	苏 22 Su 22	素弯 2 号选系 Selected line from Suwan 2
32	莫 T Mo T	MO17 × TX508 二环系 Second cycle line from MO17 × TX508
33	桂 102 Gui 102	印尼地方品种帕拉玛地 Selected line from Indonesia local variety, Palamadi
34	M9	墨黄 9 号选系 Selected line from MoHuang 9
35	素弯 1611 Suwan 1611	素弯 2 号选系 Selected line from Suwan 2
36	晴 795 Qing 795	云南地方品种选系 Selected line from Yunnan local variety
37	西五 211 Xiwu 211	(西泽大黄×金黄后) × 晋杂 1 号 (Xizedahuang×Jinghuanghou) × Jinza 1hao
38	苏 80-1 Su 80-1	金黄 55 × 原武 02 二环系 Second cycle line from Jinhuang 55 × Yuanwu 02
39	咸 201 Xian 201	地方品种咸丰大籽黄选系 Selected line from local variety, Xianfengdazihuang
40	HZ111	美国杂交种二环系 Second cycle line from American hybrid
41	HZ106	素弯×牛 2-1 二环系 Second cycle line from Suwan × Niu2-1
42	泉水红 Quanshuihong	地方品种泉水红选系 Selected line from local variety, Quanshuihong
43	78599	美国杂交种二环系 Second cycle line from American hybrid
44	丹 340 Dan 340	旅 9 × 有稃玉米辐射处理 Lü 9 × Paleaceous maize treated with radiation
45	A632	(Mt42 × B14) × B14 选系 Selected line from (Mt42 × B14) × B14

由于部分限制性内切酶与探针组合的结果不甚理想,本研究仅选用了 54 个 RFLP 探针和 3 种内切酶中的 145 个探针与酶组合分析 45 个自交系的 RFLP。图 1 和图 2 仅显示了部分自交系在 Hind III / umc85 等酶切组合中的 RFLP 结果。在 45 个自交系中,共检测到 860 条带,涉及到 212 个 RFLP 位点。每个位点的平均等位基因数为 4.06 个,其变化范围在 2~9 之间。表现多态性的带达到 746 条,占总数的 86.74%,仅有 114 条带表现无多态性。在 212 个被检测到的位点中,有 145 个是多态性位点,占总数的 68.4%,其中 95 个是单拷贝位点;41 个为表现 2 条带的低拷贝位点;9 个是有 3 条以上带的多拷贝位点。这些结果表明:在分子水平上,供试的

45 份自交系有较丰富的遗传变异。

将 RFLP 分析结果转换成 0、1 数据,按 Nei's 方法计算供试自交系的遗传距离(数据未列出)。在 45 个自交系中,平均遗传距离是 0.525,变化范围在 0.199~0.663 之间。自交系 HZ1 与 HZ32 之间的遗传距离最小,仅为 0.199。表 1 系谱的资料证明, HZ32 来自 HZ1 的变异株,二者有较近的亲缘关系。秋 23 与桂 102 之间遗传距离最大,为 0.663,前者选自我国西南地区的地方品种—南充秋子;后者来自印尼地方品种—帕拉玛地。自 330 和它的二环系: T7913、200B 和 S4003 的遗传距离也较近,分别是 0.396、0.345 和 0.409。这些结果表明:RFLP 的数据能够较准确的反映自交系间的遗传差异。

表 2 探针和酶组合统计表¹⁾

Table 2 List of probes and enzyme combinations

染色体臂 Location	探针 ³⁾ Probe	内切酶 Enzyme	染色体臂 Location	探针 Probe	内切酶 Enzyme
1S	umc157 (chn)*	B,E,H	5L	umc126*	B,E,H
1S	umc76 (gne)*	E,H	6C	umc85*	B,E,H
1C	umc67*	B,E,H	6L	umc59*	B,E,H
1L	umc128*(aga)	B,E,H	6L	umc65*	B,H
1L	umc161*	B,H	6L	umc21*	B,E,H
1L	Bn16.32*	B,H	6L	csu116 (elf1) ²⁾	B,E,H
2S	umc53*	E,H	6L	umc38*	B,E,H
2S	umc6*	H	6L	umc62	B,E,H
2S	umc34*	B,E,H	6L	umc132*	B,E,H
2C	umc131*(pext)	B,E	7S	asg8 (nyb)*	B,E,H
2L	umc5*	B,E,H	7S	csu129	B,E,H
2L	umc49*	B,E,H	7S	asg34 (msd)*	B,E,H
2L	umc36	B,E,H	7L	umc56	B,E,H
3S	umc32*	B,E,H	7L	umc254*	E,H
3S	Csu32*	H	7L	bnl16.06	B,E,H
3S	umc154	B,H	7L	umc35	B,H
3S	umc102*	B,E,H	8C	npi220*	B,E,H
3L	umc17*	B,E,H	8C	bnl9.11 (lts)*	B,E,H
3L	umc63*	B,E,H	8L	bnl9.44	B,E,H
4S	umc31*	E,H	8L	csu140 (gpa)	B,E,H
4C	umc47	B,E,H	9S	umc109*	B,E,H
4L	umc66*	B,E,H	9S	umc25 (wx1)*	B,E,H
4L	umc15	B,E,H	9L	csu147*	B,E,H
4L	umc169*	B,E,H	9L	umc95*	B,H
5S	Bn18.33	B,E,H	9L	csu61*	B,E,H
5S	umc90*	B,E,H	10L	csu86	B,E,H
5S	umc43	B,H	10L	umc44*	B,H

¹⁾表中 B、E、H 分别代表 BamH I 、EcoR I 、Hind III 限制性内切酶; ²⁾表中括号内字母代表其为功能基因探针及其功能; ³⁾* 表示其为核心探针
¹⁾B,E,H in the table represent the enzyme BamH I , EcoR I , Hind III ; ²⁾ The symbol in the parentheses represents function gene probe and its function; ^{3)*} * Represents core probes

2.2 自交系 RFLP 的聚类分析

根据 RFLP 的数据,按 Ward's 聚类分析方法,在取半偏决定系数为 0.032 时,可以将供试的 45 份

玉米自交系划分为 6 个主要的杂种优势群(图 2,表 3)。第 1 类仅有两份自交系,桂 102 和 M9。这两份自交系均属于热带种质材料。第 2 类包含有 Mo17

表 3 45 份自交系杂种优势群的分类结果

Table 3 Classification of heterotic groups among 45 inbred lines

编号 No.	类群 Group	自交系 Inbred lines	自交系数目 Inbred number
1	热带类群 Tropic group	桂 102, Gui 102; M9	2
2	Mo17 类群 Mo17 Group	苏 22, Su22; Hz85; Hz111; 7331; 泉水红, Quanshuihong; A632; 78599; S7913; 莫 T, MoT; Mo17	10
3	B73 类群 B73 Group	FRB73; 7922; 8112; 苏 80-1, Su80-1	4
4	地方类群 I Local group I	唐四平头, Tangsipingtou; 黄早四, Huangzaosi; 牛 2-1, Niu 2-1; 五 151, Wu151; 材 11-8, Cai11-8; 3H-2; 黄杂-1, Huangza-1; P111; 咸 201, Xian201; 荻白, Huobai; 长 72, Chang72	11
5	地方类群 II Local group II	48-2; S37; 素弯 1611, Suwan 1611; 秋 23, Qiu 23; 西五 211, Xiwu211; Hz106; 77; 交 51, Jiao51; Hz32; Hz1	10
6	Oh43 或 330 类群 Oh43/330 group	SL2166; T7913; 晴 795, Qing 795; S4003; 200B; 自 330, Zi330; Oh43; 丹 340, Dan340	8

等 10 份自交系; 第 3 类有 FRB73 等 4 份自交系。第 4 类和第 5 类分别含有 11 份和 10 份自交系。值得注意的是,在这两个类群中,大部分自交系都带有中国地方种质的血缘,例如:第 4 类群中的唐四平头、牛 2-1、五 151、咸 201、荻白、长 72,以及第 5 类群中

的秋 23、西五 211、77、交 51 均属于中国地方品种的一环系。Oh43、自 330、丹 340 等 8 份自交系被分在第 6 类群。

供试自交系所组配的杂交组合的信息支持了本研究的分类结果。本研究供试的 45 份自交系涉及到

20个被广泛推广的杂交种,例如,中单2号亲本Mo17和自330;鄭单1号亲本77和自330;烟单14号亲本黄早四和Mo17等。这20个杂交种亲本自交系的平均遗传距离为0.46,有17个杂交种的亲本自交系被分别划分到不同的杂种优势群中,与生产上已经利用的杂种优势模式是一致的。另一方面,自交系系谱关系的分析也为本研究的分类结果提供了

佐证。S4003、200B、T7913都是自330的二环系,它们均被划分到自330类群。S37、素弯1611、HZ106均具有苏弯种质的血缘,因此,被归并为一类。同样的例子,还有莫T与Mo17,黄早四与唐四平头等。这些结果说明,利用RFLP标记划分玉米自交系的杂种优势群是可行的。

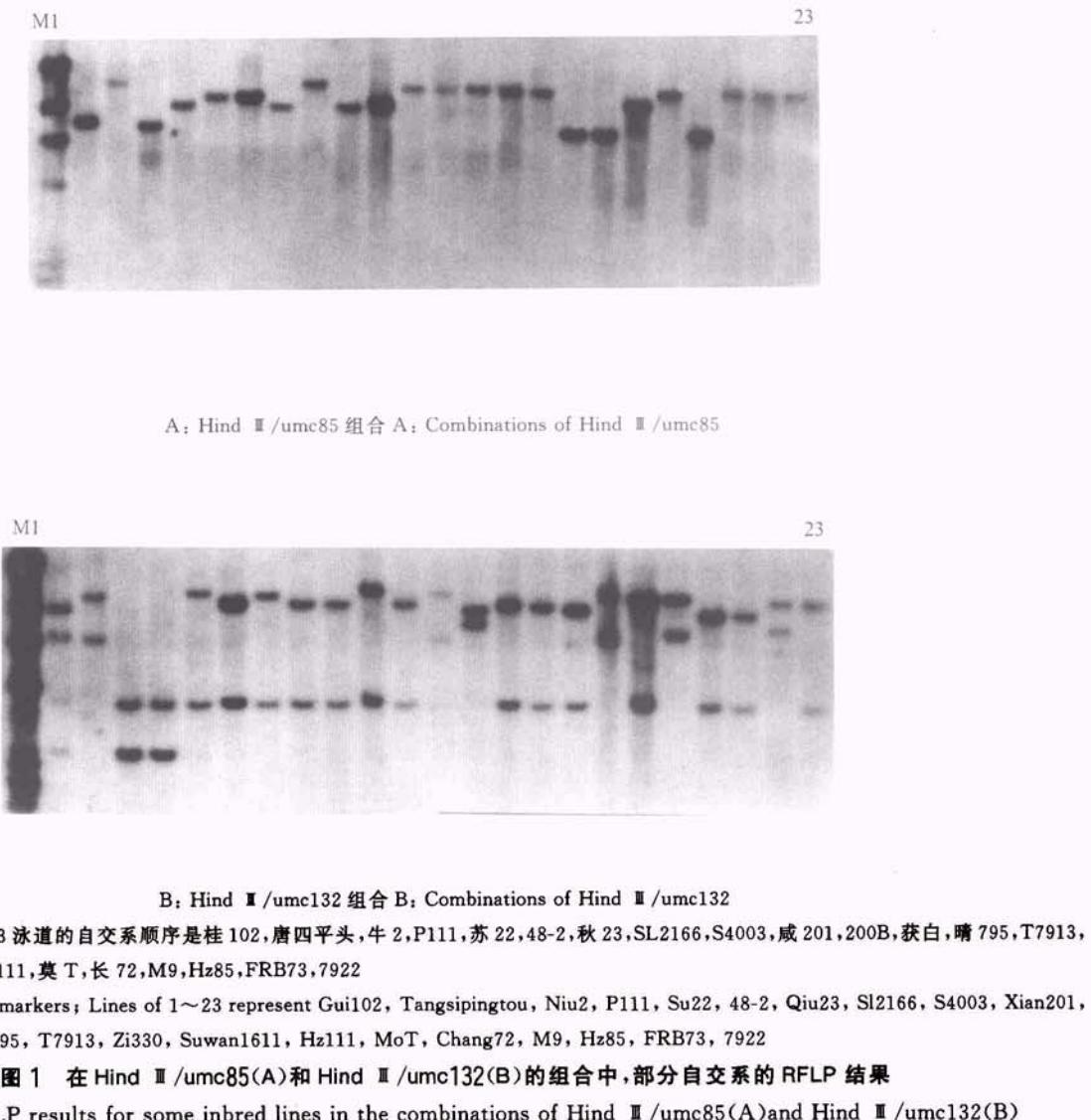


图1 在Hind III / umc85(A)和Hind III / umc132(B)的组合中,部分自交系的RFLP结果

Fig. 1 RFLP results for some inbred lines in the combinations of Hind III / umc85(A) and Hind III / umc132(B)

3 讨论

随着分子生物学技术的发展,RFLP、RAPD、SSR、AFLP都已先后应用到杂种优势群的划分上,其中RFLP是应用最广泛的一种标记。RFLP标记可以覆盖整个基因组,因而可以从分子水平较准确地确定各亲本材料的遗传相似性,进行杂种优势群

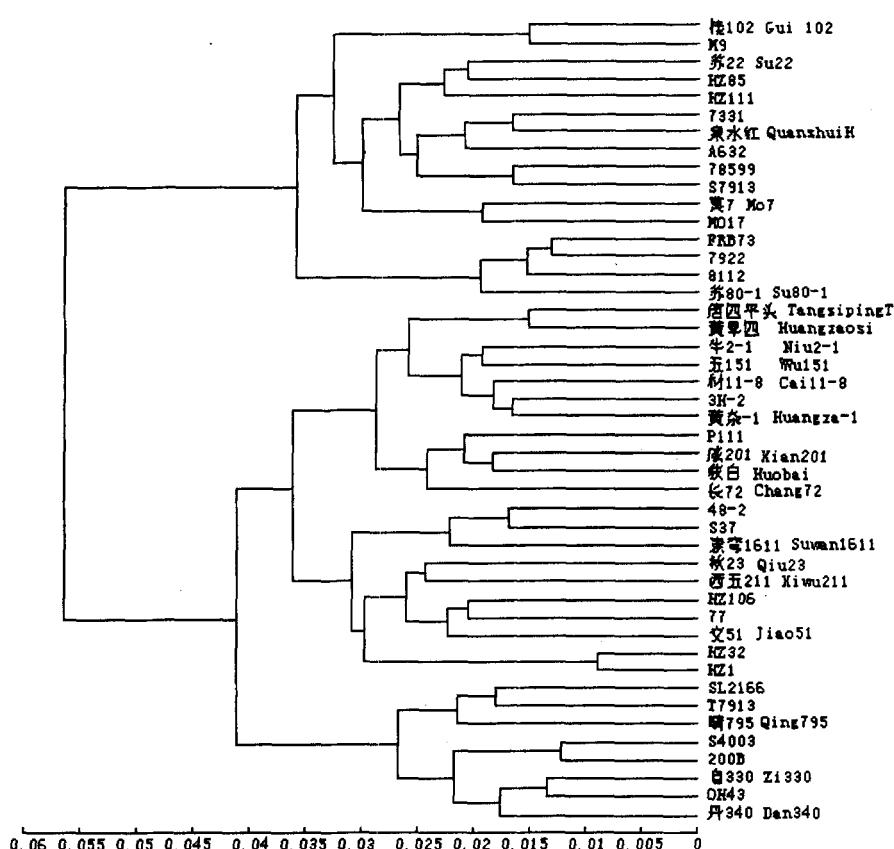
的划分。本研究选用了145个RFLP探针与酶组合,初步将45份供试的玉米自交系划分为6个主要的杂种优势群(表3)。供试自交系的亲缘关系和由供试自交系所组配的杂交种的信息都支持了本研究的分类结果。

在6个主要杂种优势群中,有3个类群与美国玉米带的杂种优势群是相同的,它们是Mo17群、

B73 群和 Oh43 群,说明美国玉米带的种质在我国玉米育种中起到重要的作用。特别值得注意的是,在 6 个主要杂种优势群中,有 2 个群是以我国地方种质材料为主,它们被分别定名为地方类群 I 和地方类群 II。这一结果说明地方种质在我国玉米杂种优势利用中占有十分重要的地位,首次从分子水平证明,我国地方种质与美国玉米带种质存在某种程度的差别。这些结果提示我们在玉米育种中不仅要重视利用美国玉米带的优良种质,而且要注重挖掘我国优良的地方种质资源。此外,维持这些种质的相对

独立,对于提高我国玉米杂种优势的利用水平具有重要意义。

从本研究可以看出,在利用这些自交系组配的商用杂交种中,较多杂交种的亲本来自 Mo17 类群和地方类群 I,前者占 47.83%,后者占 43.48%。这些组合包含了 5 个主要杂种优势配对模式,它们是 Mo17 类群 × 地方类群 I、Mo17 类群 × 地方类群 II、FRB73 类群 × 地方类群 I、330 类群 × 地方类群 I、330 类群 × 地方类群 II。



半偏决定系数 0.032 Semi-Partial R-Squared 0.032

图 2 45 份玉米自交系 RFLP 分析 Ward's 聚类图

Fig. 2 Cluster analysis of 45 inbreds lines based on RFLP markers using Ward's method

在我国广泛利用的玉米种质中,旅大红骨群是一个十分重要的类群,自交系丹 340 是其最主要的代表。自 330 曾经是我国利用面积最大的玉米自交系之一。根据传统的杂种优势群划分方法,丹 340 属于旅大红骨群,而自 330 被划分至 LSC 群。然而,本研究则在 DNA 分子水平将它们和 Oh43 划分在同一个类群中,Oh43 与自 330 和丹 340 的遗传相似性分别达到 0.676 和 0.647。与丹 340 相似的是,同样

具有旅 9 血缘的自交系 SL2166 也被归在这一类群,表明它们之间有较紧密的亲缘关系。此外,在我国大面积推广的杂交种中,几乎没有发现由自 330 系统与丹 340 系统配制的组合,这也为自 330 和丹 340 可能属于同一杂种优势群提供了一个旁证。这些结果似乎说明:在我国玉米杂种优势利用中起到重要作用的旅大红骨群可能与美国玉米带的 Oh43 类群属于同一杂种优势群。

致谢:作者感谢美国米苏里大学玉米RFLP实验室Ed. Coe博士惠赠RFLP探针;感谢四川、江苏和云南省农业科学院,广西玉米研究所等单位提供玉米材料。

Acknowledge: Authors appreciated Dr. Coe in maize RFLP lab at UMC for providing RFLP probes kindly and the Agricultural Academes of Sichuan, Jiangsu, Yunnan and Guangxi for giving maize stuffs.

References:

- [1] Wu J F. Review of germplasm basis for major maize hybrids in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1983, 2:1—8. (in Chinese)
- 吴景峰. 我国主要玉米杂交种质基础评述 [J]. 中国农业科学, 1983, 2:1—8.
- [2] Wang Y B, Wang Z H, Wang Y B, et al. Studies on the heterosis utilizing models of main maize germplasms in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1997, 30(4):16—24. (in Chinese)
- 王懿波, 王振华, 王永普, 等. 中国玉米主要种质杂种优势利用模式研究 [J]. 中国农业科学, 1997, 30(4):16—24.
- [3] Chen Y H, Zhang C Z, Xu H J. Heterotic groups and patterns of maize I genetic analysis of quantitative traits among exotic heterotic groups [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 1995, 10(1):17—21. (in Chinese)
- 陈彦惠, 张传贞, 徐洪杰. 玉米杂种优势类群和模式研究 I 玉米国外血缘的杂种优势类群数量性状的遗传分析 [J]. 华北农学报, 1995, 10(1):17—21.
- [4] Smith J S C, M M Goodman, C W Stuber. Genetic variability within U. S. maize germplasm; I. Widely-used inbred lines 1970—1979 [J]. *Crop Sci.* 1985, 25:682—685.
- Smith J S C. Diversity of United States hybrid maize germplasm; Isozymic and chromatographic evidence [J]. *Crop Sci.* 1988, 28:63—69.
- [5] Ajmone M P, P Castiglioni, F Fusari, et al. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers [J]. *Theor. Appl. Genetic*. 1998, 96:219—227.
- [6] Wu M S, Wang S C, Dai J R. Application of AFLP markers to heterotic grouping of elite maize inbred lines [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26:9—13. (in Chinese)
- 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 [J]. 作物学报, 2000, 26:9—13.
- [7] Dubreuil P, A Charcosset. Genetic diversity within and among maize populations: a comparison between isozyme and nuclear RFLP loci [J]. *Theor. Appl. Genetic*. 1998, 96: 577—587.
- [8] Dubreuil P, P Dufour, E Krejci, et al. Organization of RFLP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic groups [J]. *Crop Sci.* 1996, 36:790—799.
- [9] Dudley J W, M A Saghai-Maroof, G K Rufener. Molecular marker and grouping of parents in maize breeding programs [J]. *Crop Sci.* 1991, 31:718—722.
- [10] Dudley J W, M A Saghai-Maroof, G K Rufener. Molecular marker information and selection of parents in corn breeding programs [J]. *Crop Sci.* 1992, 32:301—304.
- [11] Melohinger A E, M Lee, K R Lamkey, et al. Genetic diversity for RFLP and heterosis for two diallel sets of maize inbred [J]. *Theor. Appl. Genetic*. 1990, 80:488—496.
- [12] Messmer M M, A E Melchinger, J Boppemaijer, et al. Relationships among early European maize inbreds: I. Genetic diversity among flint and dent lines revealed by RFLPs [J]. *Crop Sci.* 1992, 32:1301—1309.
- [13] Mumm R H, J W Dudley. A classification of 148 U. S. maize inbreds; I. Cluster analysis based on RFLPs [J]. *Crop Sci.* 1994, 34:842—851.
- [14] Liu X Z, Peng Z B, Fu J H, et al. Heterotic grouping of 15 maize inbreds with RAPD markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1997, 30(3):44—51. (in Chinese)
- 刘新芝, 彭泽斌, 傅骏骅, 等. RAPD 在玉米类群划分研究中的应用 [J]. 中国农业科学, 1997, 30(3):44—51.
- [15] Lanza L L B, C L de Souza Jr, L M M Ottoboni, et al. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single cross performance using RAPD markers [J]. *Theor. Appl. Genetic*. 1997, 94:1023—1030.
- [16] Senior M L, J P Murphy, M M Goodman, et al. Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system [J]. *Crop Sci.* 1998, 38: 1088—1098.
- [17] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in term of restriction endonuclease [J]. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1979, 76:5269—5273.