

基于 DUS 测试性状的玉米自交系 多样性分析和评价

郭莉 李新彦 马现斌 胡飞

(湖北省襄阳市农业科学院, 襄阳 441057)

摘要:运用基于玉米 DUS 测试性状对襄阳市农业科学院玉米团队 14 份玉米骨干自交系进行多样性分析和评价, 以为玉米自交系高效利用提供依据与参考。基于 DUS 测试表型性状多样性分析结果表明: 14 个自交系共 37 个性状的多样性一般, 各性状多样性指数都未超过 2.00, 需进一步加强种质资源改良与创新, 以丰富种质资源多样性。从这些自交系各性状的表现来看, 株型选择上偏中秆紧凑型; 但生育期方面偏中晚熟, 早熟自交系基本没有, 在进行夏播选育或早熟品种的选育方面使用这些自交系需慎重。基于 DUS 测试表型性状的自交系多样性分析结果表明: 在遗传相似系数阈值为 0.844 时, 14 个自交系可以分为四大类, 聚类结果与系谱来源一致, 其中 III 类中自 12 (XY90418) 和 IV 类中自 15 (XY06/XY7298) 选系单独聚为一类, 与其他类群距离较远, 可能与其他自交系存在杂种优势。另外, 根据聚类结果, 需要注意 2 个自交系杂交改良选育自交系时, 后代分离方向不确定性。根据聚类结果, 也说明轮回亲本不同, 分别聚在不同类, 所以在回交时轮回亲本和后代的选择上还是要紧跟选育目标——类优良轮回亲本, 并进行目标性状的选择, 以达到回交选育的目的。

关键词:玉米; 自交系; DUS 测试性状; 多样性; 分析; 评价

Diversity Analysis and Evaluation of Maize Inbred Lines based on DUS Test Traits

GUO Li, LI Xinyan, MA Xianbin, HU Fei

(Xiangyang Academy of Agricultural Sciences, Xiangyang 441057, Hubei)

玉米是典型的异花授粉作物, 表现出极端的自交衰退和杂种优势。玉米骨干自交系是育种家对穗行、产量、抗性性状严格考察筛选出的优秀亲本。分析玉米自交系遗传多样性和差异性, 可以揭示其遗传构成及其变化, 也是玉米自交系改良以及利用的可靠依据, 具有十分重要的指导意义。迄今为止, 已有大量关于玉米自交系及杂交种遗传多样性分析的报道^[1-6]。基于玉米 DUS 的测试技术, DUS 测试性状由 1 个基因或基因组合决定, 在某一特定环境下表现足够的一致性和重复性^[7], 且通过参照品种的矫正, 可显著降低环境对性状表达的影响, 目前 DUS 测试性状也被广泛应

用于遗传多样性分析^[8-12]和品种鉴定^[13]领域。本试验运用基于玉米 DUS 测试技术对襄阳市农业科学院玉米团队 14 份玉米骨干自交系进行多样性分析和评价, 以为玉米自交系高效利用提供依据与参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料 以襄阳市农业科学院玉米团队育种材料中常用的 14 份玉米骨干自交系为分析和研究对象(表 1)。

1.2 试验设计 试验在襄阳市农业科学院团山基地进行, 海拔 70m。2020-2022 年春进行田间种植试验, 每份自交系 2 次重复, 完全随机区组排列, 穴播, 4 行区, 行长 3.6m, 行距 66.7cm, 株距 30cm, 行间走道 1m。

表1 材料名称

编号	自交系	来源
1	自1	改昌7
2	自2	改昌7
3	自6	(XY3/登海618二环系)/XY3回交选系
4	自7	(郑58/登海618二环系)选系
5	自8	XY182
6	自12	XY90418
7	自14	(XY3/登海618二环系)/XY3回交选系
8	自15	XY06/XY7298选系
9	自16	外引自交系来源河南农业大学
10	自20	外引自交系来源河南农业大学
11	自23	外引自交系来源河南农业大学
12	自27	XY48
13	自28	(XY3/登海618二环系)/(登海618二环系)回交选系
14	自30	(XY3/登海618二环系)/(登海618二环系)回交选系

1.3 性状观测 基于玉米 DUS 测试表型数据的获得依据 GB/T 19557.24—2018《植物品种特异性、一

致性和稳定性测试指南 玉米》进行,从中选取具有代表性的表型性状(表2)37个进行观测。各性状观测时期、部位、方法严格按照指南观测要求进行。

1.4 数据分析

1.4.1 测量性状分级和性状代码赋值 按照玉米 DUS 测试指南的性状分级。群体目测性状:对一批植株或植株的某器官或部位进行目测,获得一个一个群体记录。直接给予 DUS 代码记录。测量性状:对各性状进行大田测量采集,然后依据划分的档级进行代码赋值,先计算各测量性状的中位数和品种间的最小显著差数 $LSD_{0.05}$,然后以各性状中位数(Md)为中点,以 $LSD_{0.05}$ 为一个级别确定各等级的阈值,如第5级的下限和上线分别为 $Md-LSD_{0.05}$ 和 $Md+LSD_{0.05}$,以此类推划分档级,然后进行各测量性状代码赋值。

1.4.2 多样性分析 将性状的代码视为等位变异,对于每个品种,单个性状中表达的状态所对应的级别标记为1,其他未表达的级别标记为0,由此构建成形态性状的原始数据矩阵。对于品种群体,在某一性状中出现的级别的总数,标记为该性状的等位变异数(N_a)。

表2 观测性状

性状编号	性状	性状编号	性状
C1	幼苗:第1叶顶端形状	C20	雄穗:侧枝长度
C2	幼苗:第1叶鞘花青甙显色强度	C21	茎秆:茎“之”字形程度
C3	叶片:绿色程度	C22	茎秆:支持根花青甙显色强度
C4	散粉期	C23	叶片:长度(最长处)
C5	抽丝期	C24	叶片:宽度(最宽处)
C6	植株:上部叶片与茎秆夹角	C25	叶:叶鞘花青甙显色强度
C7	叶片:弯曲程度	C26	植株:穗位高度(自交系)
C8	叶片:边缘花青甙显色	C27	植株:高度(自交系)
C9	雌穗:花丝花青甙显色强度	C30.1	果穗:长度(自交系)
C10	雄穗:花药花青甙显色强度	C31.1	果穗:直径(自交系)
C11	雄穗:小穗密度	C32.1	果穗:穗行数(自交系)
C12	雄穗:颖片基部花青甙显色强度	C33	果穗:形状
C13	雄穗:颖尖花青甙显色强度	C34	果穗:籽粒颜色数量
C14	雄穗:颖中部花青甙显色强度	C39	籽粒:类型
C15	雄穗:侧枝与主轴夹角	C40	仅适用于单色玉米:籽粒:顶端主要颜色
C16	雄穗:侧枝弯曲程度	C41	仅适用于单色玉米:籽粒:背面主要颜色
C17	雄穗:最低位侧枝以上的主轴长度	C42	籽粒:形状
C18	雄穗:最高位侧枝以上的主轴长度	C43	果穗:穗轴颖片花青甙显色强度
C19	雄穗:一级侧枝数目		

根据分级后的数据计算 Shannon-Weaver 多样性指数(H')。

$$H' = - \sum_i P_i \ln(P_i)$$

式中, P_i 表示某性状第*i*等级的品种个数占总品种数的百分比。

1.4.3 聚类分析 采用 NTSYSpc2.1 软件进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 性状多样性分析 14个自交系共37个性状的多样性分析结果见表3。性状多样性分析结果说明如下。

表3 性状多样性分析结果

性状编号	性状	性状 DUS 代码范围	等位变异数 N_a	多样性指数 H'
C1	幼苗:第1叶顶端形状	1(1),2(2),3(3),4(6),5(2)	5	1.44
C2	幼苗:第1叶鞘花青甙显色强度	1(1),4(3),5(9),7(1)	4	0.99
C3	3叶片:绿色程度	2(6),3(8)	2	0.68
C4	散粉期	5(8),6(3),7(3)	3	0.98
C5	抽丝期	4(1),5(7),6(2),7(4)	4	1.17
C6	植株:上部叶片与茎秆夹角	2(1),3(6),4(6),5(1)	4	1.10
C7	叶片:弯曲程度	1(12),2(1),3(1)	3	0.51
C8	叶片:边缘花青甙显色	1(11),2(2)	2	0.47
C9	雌穗:花丝花青甙显色强度	1(4),3(4),4(1),5(5)	4	1.27
C10	雄穗:花药花青甙显色强度	1(6),2(2),3(1),4(2),5(2)	5	1.39
C11	雄穗:小穗密度	3(3),4(6),5(2),6(1),7(2)	5	1.44
C12	雄穗:颖片基部花青甙显色强度	1(13),3(1)	2	0.26
C13	雄穗:颖尖花青甙显色强度	1(8),3(3),5(2),7(1)	4	1.12
C14	雄穗:颖中部花青甙显色强度	1(13),3(1)	2	0.26
C15	雄穗:侧枝与主轴夹角	1(6),3(2),4(2),5(3),6(1)	5	1.44
C16	雄穗:侧枝弯曲程度	1(14)	1	0
C17	雄穗:最低位侧枝以上的主轴长度	1(3),2(5),3(5),4(1)	4	1.25
C18	雄穗:最高位侧枝以上的主轴长度	2(4),3(8),4(2)	3	0.96
C19	雄穗:一级侧枝数目	2(6),3(6),4(1),5(1)	4	1.10
C20	雄穗:侧枝长度	1(1),2(5),3(7),4(1)	4	1.09
C21	茎秆:茎“之”字形程度	1(11),2(1)	2	0.38
C22	茎秆:支持根花青甙显色强度	1(2),2(4),3(2),4(4),5(2)	5	1.55
C23	叶片:长度(最长处)	2(1),3(6),4(5),5(2)	4	1.20
C24	叶片:宽度(最宽处)	1(3),2(3),3(7),4(1)	4	1.20
C25	叶:叶鞘花青甙显色强度	1(12)	1	0.13
C26	植株:穗位高度(自交系)	2(2),3(5),4(5),5(2)	4	1.29
C27	植株:高度(自交系)	2(3),3(3),4(5),5(2),6(1)	5	1.49
C30.1	果穗:长度(自交系)	1(1),2(1),3(3),4(8),5(1)	5	1.22
C31.1	果穗:直径(自交系)	1(7),2(5),3(2)	3	0.99
C32.1	果穗:穗行数(自交系)	2(1),3(5),4(4),5(3),6(1)	5	1.43
C33	果穗:形状	1(2),2(6),3(3)	3	0.97
C34	果穗:籽粒颜色数量	1(14)	1	0
C39	籽粒:类型	1(5),2(4),4(5)	3	1.09
C40	仅适用于单色玉米:籽粒:顶端主要颜色	3(6),4(6),5(2)	3	1
C41	仅适用于单色玉米:籽粒:背面主要颜色	4(7),5(7)	2	0.69
C42	籽粒:形状	2(6),3(8)	2	0.68
C43	果穗:穗轴颖片花青甙显色强度	1(10),4(2),5(2)	3	0.80

代码范围1(1),1表示代码1,(1)表示代码1的个数为1,其他类同

(1)整体来看,这14个自交系共37个性状的多样性一般,各性状的最大Shannon-Weaver多样性指数(H')为1.55,即C22茎秆:支持根花青甙显色强度,各性状多样性指数都未超过2.00。需进一步加强种质资源改良与创新,以丰富种质资源多样性。

(2)从自交系各性状的表现来看,株型方面各自自交系株型偏紧凑,体现为C6植株:上部叶片与茎秆夹角性状表达代码范围2(1),3(6),4(6),5(1),夹角大小在5以内;C23叶片:长度(最长处)性状表达代码范围2(1),3(6),4(5),5(2),叶偏短;C24叶片:宽度(最宽处)性状表达代码范围为1(3),2(3),3(7),4(1),叶窄。该结果与本团队近年来玉米自交系选育走向趋势基本吻合,目前团队育种侧重黄淮海夏玉米区,在株型的选择上偏中秆紧凑型。

(3)从这些自交系各性状的表现来看,生育期偏中晚熟,早熟基本没有,体现为C4散粉期性状表达代码范围5(8),6(3),7(3);C5抽丝期性状表达代码范围4(1),5(7),6(2),7(4),说明在进行夏播选育或早熟品种的选育方面使用这些自交系就要慎重了。

2.2 聚类分析 14个自交系聚类结果如下:在遗传系数阈值为0.844时,14个自交系大致分为四类(图1):Ⅰ类:自1、自2、自27、自8、自6、自14;Ⅱ类:自7、自30、自16、自23、自20、自28;Ⅲ类:自12;Ⅳ类:自15。

具体说明:(1)Ⅰ类中自1和自2在遗传相似

系数阈值为0.92时直接聚为一类,从表1中可知自1和自2这2个自交系均是改良昌7黄改类的;自6和自14在遗传相似系数阈值为0.88时直接聚为一类,均为(XY3/登海618二环系)/XY3回交选系回交改良姊妹系,这些聚类结果均与系谱来源一致。

(2)Ⅱ类中自7和自30聚为一类,自7为(郑58/登海618二环系)杂交后选系,自30为(XY3/登海618二环系)/(登海618二环系)回交了一代后自交选系;自16、自23、自20三者聚为一类,这三者均来自河南农业大学育种者汤继华老师改良自交系,这些聚类结果与系谱来源一致。需要注意的是:自7和自30这两者直接聚为一类,自7为(郑58/登海618二环系)杂交后选系,可能在选系时偏向于登海618二环系方向;自30为(XY3/登海618二环系)/(登海618二环系)回交了一代然后自交选系,回交了一代登海618二环系的权重增加了,自7和自30聚为一类也可以解释得通。那么需要关注的是如自7直接2个自交系郑58和登海二环系杂交后进行选系,杂交后进行分离选育作用效果有多大,虽然改良的初衷为改良郑58,但实际聚类结果偏登海618二环系,说明2个自交系杂交可能不太容易交换或整合累积到两者或单个自交系如郑58的优良基因,即2个自交系杂交改良选育自交系,后代分离方向不确定。

(3)Ⅲ类中自12(XY90418)选系单独聚为一类,与其他类群距离较远,可能与其他自交系存在杂种优势,就多年来自12组配测产实践表明,自12与

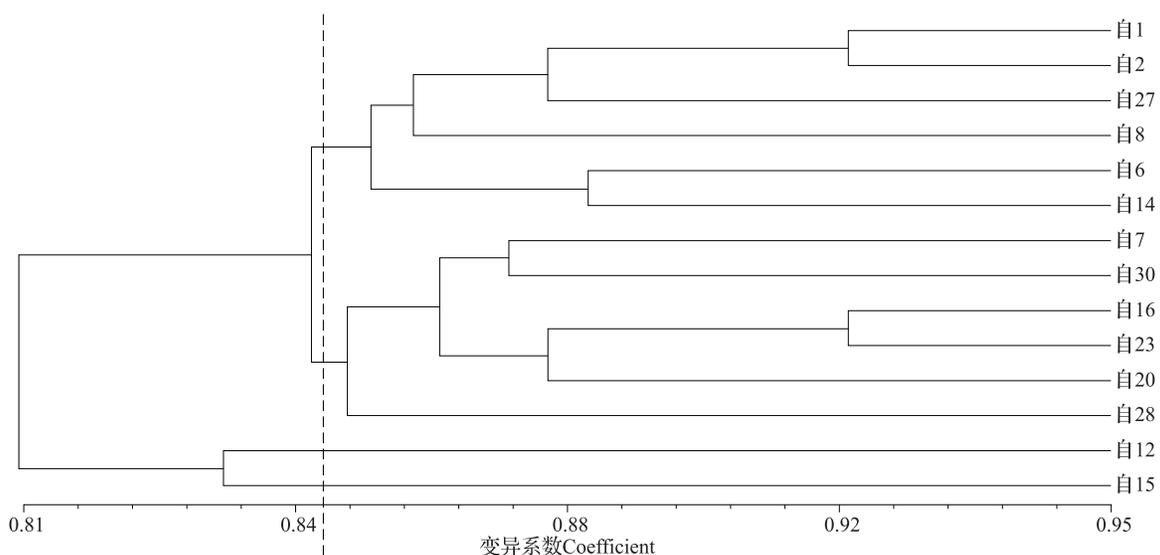


图1 14个自交系聚类结果

其他自交系组配,果穗和产量优势确实明显,但因其生育期较长,一直作为本团队春播的骨干自交系,目前该自交系作为亲本已成功审定了2个湖北丘陵春播品种襄玉655和襄玉853。

(4)Ⅳ类中自15(XY06/XY7298)选系单独聚为一类,需要注意的是自15(XY06/XY7298)选系,自改良稳定后,一直作为XY7298类黄改良系来使用,但明显未与Ⅰ类中黄改系聚为一类,有可能在进行杂交后二环选系时已偏离XY7298黄改系方向,并不能凭主观意愿把该自交系作为黄改类使用。下一步,准备仔细观察该自交系,调整使用方向。同时,自15类似自7,为2个自交系杂交选系,再次说明了2个自交系杂交改良选育自交系,后代分离方向的不确定性。

育种中还需要关注的是:XY3/登海618二环系杂交后进行回交,选择的轮回亲本不同,后代自交系走向也不同,XY3/登海618二环系回交XY3的自6和自14聚在Ⅰ类中,XY3/登海618二环系回交登海618二环系的自7和自30聚在Ⅱ类中,轮回亲本不同,分别聚在不同类,所以在回交时轮回亲本和后代的选择上还是要紧跟选育目标——类优良轮回亲本,并进行目标性状的选择,以达到回交选育的目的。

3 结论与讨论

3.1 基于DUS测试性状了解自交系特征特性和遗传多样性 对玉米种质资源进行改良、创新和利用,是目前玉米育种的重要课题,了解种质资源的特征特性和遗传多样性是改良和利用的前提和必需。在了解种质资源的特征特性方面,DUS是品种的基本属性^[14],DUS测试性状除关注一些育种者只关注的经济性状外,还关注非经济性状,可以较为系统和全面地了解种质的特征特性;在遗传多样性研究方面,DUS测试性状已被证实非常灵敏和准确^[10]。本研究基于DUS测试性状的玉米自交系多样性分析和评价,对本团队14个骨干自交系系统整体地给予了评价,这14个自交系共37个性状的多样性一般,需进一步加强种质资源改良与创新,以丰富种质资源多样性。从这些自交系性状的表现来看,株型选择上偏中秆紧凑型;但生育期方面整体偏中晚熟,在进行夏播选育或早熟品种的选育方面使用这些自交系需慎重。

3.2 基于DUS测试性状自交系聚类分析和评价

聚类结果表明,聚类结果与系谱来源一致,其中Ⅲ类中自12XY90418和Ⅳ类中自15XY06/XY7298选系分别单独聚为一类,且与其他类群距离较远,可能与其他自交系存在杂种优势,本团队可以将这2个自交系进行重点测配使用。根据聚类结果,自7和自15为2个自交系杂交选系,说明2个自交系在杂交改良二环选育自交系时,后代分离方向具不确定性,一是需要仔细观察和研究,只有后代选系目标越集中,才有可能达到改良的目的,二是同一些学者观点,2个自交系杂交二环选系时,基础材料标准要高,在分离过程中,由于广泛的基因交换和重组,除有针对性的性状得到改良外,还可能有显性有利基因进一步得到积累^[15]。同时聚类结果也表明,自6和自14聚在Ⅰ类,自7和自30聚在Ⅱ类,因轮回亲本不同,分别聚在不同类群,这点与一些研究回交改良效果的学者观点相同,回交法能快速地向轮回亲本导入其优良性状的基因,但不同供体和回交次数所创制的玉米自交系遗传差异较大^[16-17]。所以在回交时轮回亲本和后代的选择上还是要紧跟选育目标——类优良轮回亲本,并进行目标性状的选择,以达到回交选育的目的。

参考文献

- [1] 宋新莉,史庆玲,董永彬,李玉玲. 36份玉米自交系亲缘关系分析. 种子,2022,41(1): 133-137
- [2] 陈艳,吕秉儒,王路勇,姜愈,李振江,王议萍,龙羿辛,方辉,汪保华. 基于SSR标记的玉米自交系遗传多样性分析. 作物研究,2021,35(5): 538-543
- [3] 郭江岸,冯勇,赵瑞霞,韩宇婷,苏二虎,梁红伟,赵逸雯,张来厚. 玉米骨干自交系遗传多样性分析及茎腐病抗性鉴定. 北方农业学报,2021,49(4): 30-34
- [4] 张鹏,管俊娇,黄清梅,杨晓洪,张建华,康祝科. 基于SNP芯片的云南玉米自交系遗传多样性和群体遗传结构分析. 南方农业学报,2020,51(9): 2082-2089
- [5] 杜青,郑加兴,吕巨智,文仁来,曾艳华,杨耀炯,王治红,张述宽,唐照磊,李石初,程伟东. 利用SSR标记划分广西骨干玉米自交系的杂种优势群. 玉米科学,2017,25(6): 21-27
- [6] 林峰,梁帅强,周玲,赵涵. 玉米自交系的遗传多样性分析及杂种优势群划分. 江苏农业科学,2015,43(11): 107-109
- [7] 黄志城,张新明,唐浩,盛华芳,杨华,顾春军,孙东明,李寿国,陈海荣. 基于DUS测试的上海粳稻地方品种遗传多样性分析. 植物遗传资源学报,2015,16(3): 451-459

表型性状是植物的外部性状,能够直观有效地反映种质资源的特征,因此,农艺性状的描述和分析是研究作物种质资源的基本方法和途径^[21]。然而,表型性状易受环境因素影响,单一基于表型性状对种质资源进行分析和遗传研究,对结果有一定的影响。因此,今后需结合分子标记技术深入研究蚕豆种质资源遗传多样性,才能准确评价种质资源遗传多样性的本质。

参考文献

- [1] 叶茵. 中国蚕豆学. 北京: 中国农业出版社, 2000
- [2] Cubero J I. On the evolution of *Vicia faba* L. Theoretical and Applied Genetics, 1974, 45: 47-51
- [3] Lynn A K, Fouad M, Abdulqader J. Genomic regions associated with herbicide tolerance in a worldwide faba bean (*Vicia faba* L.) collection. Scientific Reports, 2022, 12: 158
- [4] FAOSTAT. 粮农组织统计数据数据库. <https://www.fao.org/faostat/zh/#data/QCL>
- [5] 卜远鹏, 刘娜, 张古文, 冯志娟, 王斌, 龚亚明, 许林英. 菜用大豆种质资源的农艺性状多样性评价及核心种质与食味品质评价体系的构建. 浙江农业学报, 2023, 35 (6): 1307-1314
- [6] 万述伟, 宋凤景, 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
- [7] 刘玉皎, 宗绪晓. 青海蚕豆种质资源形态多样性分析. 植物遗传资源学报, 2008, 9 (1): 79-83
- [8] 李莉, 刘昌燕, 陈宏伟, 方正煌, 刘良军, 伍广洪, 黎大革. 湖北蚕豆地方种质资源鉴定和主要农艺性状评价. 农业科学与技术: 英文版, 2017, 18 (12): 2219-2222, 2228
- [9] 杨生华, 邵扬, 李文俊, 郭延平. 国内春蚕豆种质资源种子表型性状多样性分析. 贵州农业科学, 2022, 50 (10): 1-6
- [10] 辛佳佳, 张南峰, 程华萍, 戴兴临, 张洋, 涂玉琴, 涂伟凤, 谷德平, 关峰, 汤洁. 江西省地方蚕豆种质资源遗传多样性分析及优异资源挖掘. 江苏农业学报, 2022, 38 (1): 20-29
- [11] 宗绪晓, 包世英, 关建平. 蚕豆种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006
- [12] 张斌斌, 蔡志翔, 沈志军, 严娟, 马瑞娟, 俞明亮. 观赏桃种质资源表型性状多样性评价. 中国农业科学, 2021, 54 (11): 2406-2420
- [13] Alizadeh K, Fatholahi S, Silvaj A T D. Variation in the fruit characteristics of local pear (*Pyrus* spp.) in the Northwest of Iran. Genetic Resources and Crop Evolution, 2015, 62 (5): 635-641
- [14] 吕春雨. 基于产量性状和 SSR 分析 41 份非洲和湖北蚕豆种质资源的遗传多样性. 荆州: 长江大学, 2019
- [15] 张炯, 严斌, 高莹, 薛晨晨, 陈新, 袁星星. 蚕豆种质资源主要农艺性状遗传多样性分析. 浙江农业科学, 2020, 61 (6): 1109-1114, 1118
- [16] 吕伟, 韩俊梅, 文飞, 任果香, 王若鹏, 刘文萍. 不同来源芝麻种质资源的表型多样性分析. 植物遗传资源学报, 2020, 21 (1): 234-242, 251
- [17] 李赢, 刘海翠, 石晓旭, 石吕, 韩笑, 刘建, 魏亚凤. 398 份裸大麦种质资源表型性状遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2023, 24 (5): 1-13
- [18] 欧阳裕元, 余东梅, 杨梅. 蚕豆主要农艺性状与单株产量的相关及通径分析. 江苏农业学报, 2016, 32 (4): 763-768
- [19] 杨生华, 刘荣, 杨涛, 张红岩, 杜萌莹, 宗绪晓. 蚕豆种质资源种子表型性状精准评价. 中国蔬菜, 2016 (10): 32-40
- [20] 李艳花, 陈红, 王萍, 杜成章, 张继君. 蚕豆高代材料单株产量与农艺性状的相关和通径分析. 江苏农业科学, 2018, 46 (20): 79-81
- [21] 张佳欣, 李静妍, 朱少文, 盛云燕, 纪鹏. 引进豌豆种质资源遗传多样性分析. 北方园艺, 2021 (2): 1-9
- (收稿日期: 2023-07-20)
-
- (上接第 74 页)
- [8] 卢柏山, 王荣焕, 王风格, 张华生, 李瑞媛, 赵久然. 基于 DUS 测试性状的玉米自交系形态多样性分析. 植物遗传资源学报, 2010, 11 (1): 103-107
- [9] 陈海荣, 杨华, 王加红, 顾晓君, 李寿国, 黄志城, 邓姗, 顾可飞, 褚云霞. 基于 DUS 测试性状的玉米标准品种形态多样性分析. 玉米科学, 2015, 23 (2): 46-51
- [10] 赖运平, 周会, 袁金娥, 李春龙, 岳进, 吴祥西. 基于 DUS 测试的四川联合试验区玉米品种多样性分析. 玉米科学, 2022, 30 (3): 40-46
- [11] 赵洪, 张靖立, 褚云霞, 叶小燕, 章毅颖, 邓姗, 李寿国, 陈海荣, 任丽. 基于 DUS 测试性状的上海鲜食玉米遗传多样性分析. 玉米科学, 2022, 30 (3): 24-31
- [12] 豆丹丹, 孙建军, 郭玉玺, 王德新, 郭新海, 丁超明. 基于 DUS 测试性状的黄淮海地区玉米自交系的遗传多样性及群体结构分析. 河南农业科学, 2023, 52 (5): 24-32
- [13] 赖运平, 张浙峰, 王丽容, 何巧林, 张新明, 堵苑苑, 余毅. 同名甘蓝型油菜品种比较分析. 中国油料作物学报, 2013, 35 (4): 364-371, 383
- [14] 温雯, 韩瑞玺, 唐浩. 品种 DUS 测试对农作物种业发展的重要性分析. 中国种业, 2021 (5): 1-5
- [15] 王有芳, 李东源. 玉米自交系选系方法的改进. 山东农业科学, 1994 (4): 20-22
- [16] 乔善宝, 王玉花, 杨克诚, 荣廷昭, 潘光堂, 高世斌. 不同供体及不同回交次数对玉米自交系 R08 的改良效应. 作物学报, 2009, 35 (12): 2187-2196
- [17] 赵长云, 石海春, 罗婷, 许秀兰, 余学杰, 柯永培. 不同供体及回交次数对玉米自交系性状的改良效应. 种子, 2022, 41 (11): 10-16, 24
- (收稿日期: 2023-07-23)