

利用 SNP 标记对 100 份玉米种质资源的遗传多样性分析

孙艳杰 魏国才 吴雨恒 石运强 邵勇 刘英蕊 南元涛 张维耀

(黑龙江省农业科学院绥化分院, 151100, 黑龙江绥化)

摘要 杂种优势是玉米育种的重要理论基础, 杂种优势类群和杂种优势模式的深入研究为玉米品种选育和杂交种的组配方式提供了理论指导。为了提高育种效率, 使用 60K SNP 芯片对 100 份玉米种质资源进行基因型分析。通过对遗传距离进行聚类分析, 将 100 份玉米自交系划分为 3 个类群, 分别为 Reid、Non-Reid 和 Dom 群。遗传相似度的主成分分析结果与遗传距离的聚类分析结果一致。

关键词 杂种优势; 玉米; SNP; 聚类分析; 遗传相似度; 主成分分析

玉米 (*Zea mays* L.) 是我国最重要的粮食作物之一, 玉米杂交种的选育与推广使我国玉米产量不断提升。在玉米杂交种的选育过程中, 杂种优势是其重要理论基础^[1]。杂种优势是指杂交组合 F_1 在产量、生物量和耐逆性等性状上优于亲本的现象^[2]。大规模利用杂种优势可使作物产量提高 15%~50%^[3]。杂种优势类群和杂种优势模式的深入研究为玉米品种选育和杂交种的组配方式提供了理论指导, 大幅度提升了育种效率^[2]。

玉米杂种优势类群的划分方法有系谱分析、表型聚类分析、配合力分析、同工酶法以及分子标记法。现在主要用分子标记法进行种质资源类群的划分, 分子标记法包括 SSR 标记、SNP 标记及芯片技术^[4]。作为第三代分子标记的 SNP 标记, 其优点为遗传稳定性好、分布密度高和可自动化分析等, 因此 SNP 标记常被应用于玉米杂种优势类群划分与遗传多样性分析^[5]。卢媛等^[6]用 34 257 个 SNP 标记把 44 份糯玉米自交系分为 5 个类群, 分别为 P 群、塘四平头群、旅大红骨群、Reid 群和 Lancaster 群。高嵩等^[7]利用 6973 个 SNP 位点将 205 份玉米自交系划分为 7 个类群, 分别为 Lancaster 群、塘四平头群、旅大红骨群、Reid、PA、PB 群和热带类群。姜思奇等^[8]利用 46 899 个高质量的 SNP 标记将 36 份玉米自交系分为 4 个杂种优势群, 分别为 Lancaster 群、Reid 群、塘四平头与旅大红骨混合群和类 PH4CV 群。师亚琴等^[9]利用 4550 个 SNP

位点将 80 份玉米自交系划分为 7 个类群, 包括 Reid、黄改群、P 群、Lancaster、Iodent、迪卡选系和先锋改良群。Li 等^[10]和 Wang 等^[11]对不同玉米杂种优势类群的基因组和表型分化的遗传基础进行了研究, 从分子层面对玉米优势类群的机理进行解析, 这对利用分子标记划分类群提供了理论支撑。

杂种优势类群划分结果的种类数量差异是由类群划分的标准不同造成的, 类群划分结果均可在育种工作中作为参考。杂种优势类群划分的种类过多会导致杂种模式过于复杂, 对育种工作会有所干扰而降低育种效率。目前在我国北方的生产应用中, 育种家主要利用 Reid、Non-Reid (以 Lancaster 为主) 和 Dom 群 (塘四平头群和旅大红骨类群) 这三大优势类群的材料, 对具有国外血缘的自交系可划分为 Reid 和 Non-Reid 两大杂种优势群, Dom 群为国内种质, 包括塘四平头群和旅大红骨类群^[12]。本试验利用玉米 60K SNP 芯片鉴定 100 份玉米种质资源并进行遗传多样性分析, 为品种选育和提高育种效率提供一定的借鉴。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为黑龙江省农业科学院绥化分院提供的 100 份玉米资源, 编号、名称及来源详见表 1。其中以 6 个已知来源的骨干自交系作为测验种,

作者简介: 孙艳杰, 主要从事玉米遗传育种研究, E-mail: sunyanjie1980@163.com

魏国才为通信作者, 主要从事玉米遗传育种研究, E-mail: guocai1972@163.com

基金项目: 黑龙江省农业科技创新跨越工程重大需求科技创新攻关项目 (CX23ZD05); 黑龙江省省属科研院所科研业务费项目 (CZKYF2023-1-C018); 黑龙江省农业科学院绥化分院科技创新优秀青年项目 (SHFY2022-14); 黑龙江省农业科学院绥化分院科技创新项目 (SHFY2022-05); 国家玉米产业技术体系绥化综合试验站 (CARS-02-44)

收稿日期: 2024-01-16; 修回日期: 2024-03-22; 网络出版日期: 2024-12-05

表 1 100 份玉米种质资源		
Table 1 The 100 maize germplasm resources		
编号 Number	名称 Name	来源 Source
SH001	KWS10/KWS73/欧早	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH002	SX618/欧早	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH003	S1029	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH004	SI15412	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH005	S1035	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH006	S1037	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH007	S1040	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH008	SI15111	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH009	SI15215	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH010	LK702	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH011	LK708	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH012	LK725	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH013	LK727	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH014	LK729	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH015	LK738	黑龙江省龙科种业集团有限公司
SH016	SD3♀/欧早	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH017	N3527	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH018	N3528	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH019	N3529-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH020	N3532-1	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH021	N3533-4	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH022	N3535-1	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH023	N3538-3	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH024	N3540-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH025	N3542-3	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH026	N3543-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH027	N3545-4	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH028	N3546-3	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH029	N3547-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH030	N3547-4	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH031	N3528-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH032	N3540-3	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH033	N3542-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH034	N3543-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH035	SYN12	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH036	K3/郑 58	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH037	B73/郑 58	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH038	30715-3	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH039	30716-4	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH040	K3/341	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH041	8941/340	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH042	344/9229	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH043	SDM7	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH044	加群	中国农业科学院作物科学研究所
SH045	98-4/郑 58	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH046	4207-5/C8605	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH047	9176/郑 58	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH048	扎 461/（330/M67）	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH049	30716	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH050	15D86	吉林省宏宇种业有限公司
SH051	15D90	吉林省宏宇种业有限公司

续表 1 Table 1 (continued)		
编号 Number	名称 Name	来源 Source
SH052	W08	吉林省宏宇种业有限公司
SH053	93622	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH054	15D98	吉林省宏宇种业有限公司
SH055	15D109	吉林省宏宇种业有限公司
SH056	6171/SX711	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH057	98-4/扎 461	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH058	344/SX711	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH059	SX711/SX709/81162	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH060(Reid)	SX718	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH061	SX718/8941/C7-2	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH062	RA1	中国农业科学院作物科学研究所
SH063	RA3	中国农业科学院作物科学研究所
SH064	RA7	中国农业科学院作物科学研究所
SH065	RA8	中国农业科学院作物科学研究所
SH066	RA12	中国农业科学院作物科学研究所
SH067	RA10	中国农业科学院作物科学研究所
SH068	RA13	中国农业科学院作物科学研究所
SH069	S1025	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH070	S007♀	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH071	SY203♂	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH072	SD3♀	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH073	SWM76	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH074	CA193	中国农业科学院作物科学研究所
SH075(Reid)	KWS10/KWS73	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH076	L201	国内骨干
SH077	SD3♂	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH078	L237	国内骨干
SH079	SL202	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH080	S65♀	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH081	S65♂	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH082	WC007	吉林省中玉农业有限公司
SH083(Reid)	郑 58	PA 群对照
SH084(Dom)	444	唐四平头群对照
SH085(Non-Reid)	合 344	兰卡斯特对照
SH086	9176/C8605	黑龙江省农业科学院佳木斯分院
SH087	SX717	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH088	SX711	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH089	SX721	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH090	SX718/30747	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH091	4207/C8605/SX718	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH092	SX619	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH093	20837	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH094	SD302♂	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH095	SD302♀	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH096	SX706	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH097(Dom)	C7-2	唐四平头群对照
SH098	SD1♀	黑龙江省农业科学院绥化分院
SH099	531	东北农业大学
SH100	WY1M1	吉林省中玉农业有限公司

其中 SH060、SH075 和 SH083 属于 Reid 群,SH085 属于 Non-Reid 群, SH084 和 SH097 属于 Dom 群。

1.2 DNA 提取

大田中幼苗 3 叶 1 心时取嫩叶, 采用磁珠法提取 100 份样品 DNA。分别通过琼脂糖电泳和紫外分光光度计检测 DNA 纯度和浓度等质量状况。选择条带单一、明亮、完整无降解且无拖尾现象的 DNA 检测琼脂糖电泳, 紫外分光光度计检测 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 值介于 1.8~2.0, DNA 浓度介于 30~120 ng/μL。

1.3 基因型鉴定

采用北京市农林科学院玉米研究中心研制的 Maize6H-60K 芯片进行基因型分析。Maize6H-60K 芯片中有 61 214 个 SNP 位点在染色体上的分布, 染色体 1 号到 10 号上 SNP 位点数分别是 9552、7334、7264、6591、6423、5068、4991、4886、4873、4232 个。Affymetrix 芯片使用 DQC 和 QC call-rate 进行试验质控。DQC 是使用已知的、非多态性的 marker 计算 AT 通道和 GC 通道的区分度, DQC 是对芯片通道信号值的质控。QC call-rate 是选取已测试过的分型效果好的约 20K 探针评估 call rate, QC call-rate 是对样品的质控。试验要求 QC >90, DQC>0.82。使用 Axiom Analysis Suite 3.1.51 软件分别依据 PolyHighResolution、NoMinorHom、MonoHighResolution、OTVCallRateBelowThreshold、Other 分类法对 CEL 文件进行分型^[11]。

1.4 数据处理

利用 TASSEL 软件完成基因型数据描述性分析和玉米种质资源间遗传距离计算, 采用 UPGMA 方法进行聚类分析, 利用 MEGA 11 软件绘制聚类图, 利用 R 软件计算玉米种质资源间遗传相似度。用 GCTA 1.94.0 进行主成分分析。

2 结果与分析

2.1 基因型数据的描述性分析

采用 Maize6H-60K 芯片进行扫描, 获得 100 个样本的 61 224 个 SNP 位点的原始数据, 将这些数据利用 Axiom Analysis 进行基因型分析, 结果(表 2)显示, 61 224 个 SNP 位点有 6 种类型, 其中分型较好的有 PHR 类型, 为 39 381 个, MHR 为 178 个, NMH 为 127 个, 这些数据可进行各种遗传应用分析; 其中分型不好的有 OTV 类型, 为

11 216 个, CRBT 类型 1373 个, 其他类型 8939 个, 这些 SNP 位点未能获得准确可区分的基因型数据。

表 2 61 224 个 SNP 位点的 6 种类型
Table 2 Six types of 61 224 SNP locis

转换型 Conversion type	数量 Number	百分比 Percentage (%)
PHR	39 381	64.333
OTV	11 216	18.323
其他 Other	8939	14.603
CRBT	1373	2.243
MHR	178	0.291
NMH	127	0.207

PHR 类型的 39 381 个 SNP 在 100 份玉米资源的基因型最小等位变异频率变化范围为 0~0.5, 平均值为 0.3146; 缺失数据比例变化范围 0~0.1200, 平均值为 0.01095; 杂合度比例变化范围为 0~0.70213, 平均值为 0.03846。

2.2 供试材料聚类分析

聚类分析结果(图 1)表明, 以 6 份测验种为参考, 100 份玉米资源被划分为 3 大类, 其中类群 I 为 Reid 群, 占 77%, 包含 KWS10/KWS73/欧早、SX618/欧早、S1029、SI15412、S1035 等 77 份玉米资源; 类群 II 为 Non-Reid 群, 占 19%, 包含 344/9229、98-4/郑 58、6171/SX711 等 19 份玉米资源; 类群 III 为 Dom 群, 共 4 份资源, 占 4%, 包含 W08、L237、444 和 C7-2。

2.3 供试材料遗传相似度分析

遗传相似度结果(图 2)表明, 100 份玉米资源遗传相似度分布范围为 0.3380~0.9928。遗传相似度大于 0.9 的材料为类似品种, 在育种工作中使用时需要谨慎; 遗传相似度接近 1.0 的材料遗传背景基本相同, 不可以当作不同玉米材料进行使用^[13]。本研究中有 4 对玉米材料之间的遗传相似度超过了 0.90 (SH049 和 SH039、SH070 和 SH079、SH075 和 SH100、SH071 和 SH100), 其中 SH071 和 SH100 之间的遗传相似度大于 0.99。说明 SH71 和 SH100 可能为同一来源自交系, 育种工作中对于这些材料的使用需要注意。

2.4 供试材料主成分分析

根据遗传相似矩阵进行主成分分析(图 3), PC1 和 PC2 的贡献率分别为 30.43%和 20.51%, 累计贡献率 50.94%。根据 100 份自交系的集中程度, 可清晰地鉴定出 3 大类群, 这与群体遗传距

群更方便可靠^[17]。在分子标记技术中, SNP 标记技术由于具有高通量检测和高密度分布等优势, 常被应用于划分玉米杂种优势类群^[18-24]。目前在我国的北方生产应用中, 育种家主要利用 Reid、Non-Reid (以 Lancaster 为主) 和 Dom 群 (塘四平头群和旅大红骨类群) 这三大优势类群的材料, 本研究利用 Maize6H-60K SNP 芯片对 100 份玉米自交系进行基因型分析, 计算出 100 份玉米自交系之间的遗传距离, 根据材料间遗传距离进行聚类分析, 将这 100 份种质资源划分为 3 个类群 (Reid、Non-Reid 和 Dom)。其中划分为 Reid 类群的自交系最多, 占 77%, 而 Dom 类群只有 4%, 这是因为近些年黑龙江地区的玉米育种目标主要为高产、抗病、抗倒伏、脱水快和适于机械化收获。Reid 类群的特点多为植株叶片较上冲、果穗大、籽粒马齿型、抗病、抗倒伏和配合力高, 因此该类群材料在育种工作中使用较多, 血缘偏向于 Reid 类群的种质资源占比较大。Dom 类群为国内玉米种质资源, 包括塘四平头群和旅大红骨类群, 在黑龙江地区的玉米育种中的使用相对较少, 但是该类群有很大的利用潜力, 比如塘四平头群在耐密方面有优势, 旅大红骨群的果穗大、配合力强。

遗传相似度分析可以更进一步研究种质资源间的遗传关系。相同杂种优势类群的玉米自交系的遗传相似度可达到 60% 以上, 遗传相似度为 50% 左右或以下代表血缘关系不明显^[25]。当种质间遗传相似度小于 0.9 时, 这 2 个种质材料可当不同的自交系应用于育种工作。当遗传相似度大于 0.9 或接近 1.0, 代表 2 份材料遗传背景相似度过高, 育种上应尽量避免使用^[13]。本研究遗传相似度结果表明, 100 份玉米资源遗传相似度分布范围为 0.3380~0.9928。有 4 对玉米材料之间的遗传相似度超过了 0.9, 其中 SH071 和 SH100 之间的遗传相似度大于 0.99。说明 SH71 和 SH100 可能为同一来源。通过遗传相似分析, 对这 100 份玉米自交系的血缘关系的了解更加清晰, 为以后的育种工作避免了一些无效组合。为了得到更加直观的遗传相似度分析结果, 对这 100 份自交系的遗传相似度进行主成分分析, 根据 100 份自交系的集中程度, 可清晰地鉴定出 3 个优势类群, 这与群体遗传距离的聚类分析结果基本一致。通过聚类分析、遗传相似度分析和主成分分析, 对这 100

份种质资源遗传关系的认知变得更加清晰, 为利用和改良这些自交系提供参考。

4 结论

通过 SNP 芯片标记进行 100 份玉米种质资源遗传多样性分析, 根据遗传距离进行聚类分析, 划分为 3 个类群 (Reid、Non-Reid 和 Dom)。利用 R 软件计算 100 份玉米资源间遗传相似度, 分布范围为 0.3380~0.9928, 发现有 4 对玉米材料之间的遗传相似度超过了 0.9, 这些材料在育种工作中使用时需要注意。对玉米材料间遗传相似度进行主成分分析, 与遗传距离的聚类分析结果基本一致。

参考文献

- [1] 张培凤, 任帅, 孙佩, 等. 利用 SNP 标记划分玉米地方种质杂种优势类群. 中国种业, 2023(2): 70-75.
- [2] 陈泽辉, 吴迅, 祝云芳, 等. 杂种优势的数量遗传学理论及其在玉米育种中的应用. 玉米科学, 2020, 28(5): 1-7.
- [3] 钱春荣, 于洋, 郝玉波, 等. 不同供氮水平下玉米生产力的杂种优势特征. 玉米科学, 2022, 30(5): 108-115.
- [4] 金锐, 于新艳, 李丹, 等. SSR 标记在玉米杂种优势类群划分中的应用. 分子植物育种, (2023-05-17)[2023-12-04]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230517.0951.008.html>.
- [5] 宋伟, 赵久然, 王凤格, 等. SSR 和 SNP 标记在玉米分子标记辅助背景选择中的应用比较. 玉米科学, 2016, 24(3): 57-61.
- [6] 卢媛, 韩晴, 艾为大, 等. 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.
- [7] 高嵩, 刘宏伟, 何欢, 等. 利用 SNP 芯片进行玉米遗传多样性和群体遗传结构分析及新品种选育. 玉米科学, 2021, 29(1): 39-45.
- [8] 姜思奇, 郭瑞, 张放, 等. 利用核心 SNP 标记划分辽宁省常用玉米自交系杂种优势群的研究. 玉米科学, 2018, 26(4): 17-23.
- [9] 师亚琴, 孟庆立, 杨少伟, 等. 利用 SNP 标记划分玉米自交系杂种优势类群. 中国种业, 2022(8): 79-82.
- [10] Li C H, Guan H H, Jing X, et al. Genomic insights into historical improvement of heterotic groups during modern hybrid maize breeding. Nature Plants, 2022, 8(7): 750-763.
- [11] Wang B B, Hou M, Shi J P, et al. De novo genome assembly and analyses of 12 founder inbred lines provide insights into maize heterosis. Nature Genetics, 2023, 55(2): 312-323.
- [12] 田川. 玉米 Reid 群核心种质及其改良系抗倒伏性相关性状研究. 长春: 吉林农业大学, 2019.
- [13] 许洛, 李中建, 王绍新, 等. 外引青贮玉米自交系的遗传关系分析. 玉米科学, 2023, 31(4): 15-23.
- [14] 巴爱丽. 玉米杂种优势群划分高分辨率 SSR 引物体系建立. 新乡: 河南科技学院, 2019.
- [15] 姜龙, 陈殿元, 周岚, 等. 早熟类 Iodent 种质与我国主要玉米类群的杂种优势分析. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2020, 48(3): 75-81.
- [16] 吴金凤, 宋伟, 王蕊, 等. 利用 SNP 标记对 51 份玉米自交系进行类群划分. 玉米科学, 2014, 22(5): 29-34.
- [17] 姚文华, 韩学莉, 汪燕芬, 等. 我国甜玉米育种研究现状与发展对策. 中国农业科技导报, 2011, 13(2): 1-8.
- [18] 肖颖妮, 于永涛, 谢利华, 等. 基于 SNP 标记揭示中国鲜食

- 玉米品种的遗传多样性. 作物学报, 2022, 48(6): 1301-1311.
- [19] 王富强, 樊秀彩, 张颖, 等. SNP 分子标记在作物品种鉴定中的应用和展望. 植物遗传资源学报, 2020, 21(5): 1308-1320.
- [20] Sun C W, Dong Z D, Zhao L, et al. The wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(6): 1354-1360.
- [21] Xu C, Ren Y H, Jian Y Q, et al. Development of a maize 55K SNP array with improved genome coverage for molecular breeding. *Molecular Breeding*, 2017, 37(3): 1-12.
- [22] Snowdon R J, Luy F L I. Potential to improve oilseed rape and canola breeding in the genomics era. *Plant Breeding*, 2012, 131(3): 351-360.
- [23] 史亚兴, 卢柏山, 宋伟, 等. 基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析. 华北农学报, 2015, 30(3): 77-82.
- [24] Rasheed A, Hao Y F, Xia X C, et al. Crop breeding chips and genotyping platforms: progress, challenges, and perspectives. *Molecular Plant*, 2017, 10(8): 1047-1064.
- [25] 冯云敢, 蒙云飞, 韦爱娟, 等. 基于 SNP 标记的甜糯双隐、糯玉米自交系杂种优势类群划分. 分子植物育种, (2023-03-03) [2023-12-04]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230302.1914.028.html>.

Genetic Diversity Analysis of 100 Maize Germplasm Resources by SNP Markers

Sun Yanjie, Wei Guocai, Wu Yuheng, Shi Yunqiang, Shao Yong,
Liu Yingrui, Nan Yuantao, Zhang Weiyao

(Suihua Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Suihua 151100, Heilongjiang, China)

Abstract Heterosis is a key theoretical basis of maize breeding, and through research on heterosis groups and heterosis patterns provide theoretical guidance for the selection of maize varieties and combination methods of hybrids. In order to improve breeding efficiency, the 100 maize germplasm resources were genotyped using a 60K SNP chip. By cluster analysis of genetic distance, the 100 maize inbred lines were divided into three groups, including Reid, Non-Reid and Dom. The results of principal component analysis of genetic similarity were consistent with those of cluster analysis of genetic distance.

Key words Heterosis; Maize; SNP; Cluster analysis; Genetic similarity; Principal component analysis