

大白菜相对于结球甘蓝连锁群特异 SSR 标记的筛选

李雪姣^{1,2}, 王彦华¹, 轩淑欣¹, 赵建军¹, 顾爱侠¹

(¹ 河北农业大学园艺学院, 保定 071001; ² 河北省邢台市农业局, 邢台 054001)

摘要:以 9 个大白菜品种和 10 个结球甘蓝品种为试材, 对位于芸薹属 A 基因组 10 个连锁群的 207 对 SSR 引物进行 PCR 筛选, 共筛选出 33 个大白菜相对于结球甘蓝的特异 SSR 标记, 涉及了大白菜的 10 个连锁群, 其中位于 A1 连锁群 3 对, A2 连锁群 4 对, A3 连锁群 5 对, A4 连锁群 2 对, A5 连锁群 3 对, A6 连锁群 4 对, A7 连锁群 2 对, A8 连锁群 1 对, A9 连锁群 2 对, A10 连锁群 7 对。为进一步利用 SSR 标记鉴定结球甘蓝—大白菜异附加系奠定了基础。

关键词: 结球甘蓝; 大白菜; 连锁群; SSR 标记

Screening of Specific SSR Markers on Different Linkage Groups of Chinese Cabbage Compared with Cabbage

LI Xue-jiao^{1,2}, WANG Yan-hua¹, XUAN Shu-xin¹, ZHAO Jian-jun¹, GU Ai-xia¹

(¹ College of Horticulture, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001;

² Agriculture Bureau of Xingtai City Hebei Province, Xingtai 054001)

Abstract: A total of 207 pairs of SSR primers from 10 linkage groups of *Brassica* (A genome) were amplified on 9 Chinese cabbage varieties and 10 cabbage varieties. The result showed that 33 SSR markers were specific on Chinese cabbage compared with cabbage. These markers assigned on 10 different linkage groups of Chinese cabbage, in which 3 SSR markers on group A1, 4 SSR markers on group A2, 5 SSR markers on group A3, 2 SSR markers on group A4, 3 SSR markers on group A5, 4 SSR markers on group A6, 2 SSR markers on group A7, 1 SSR marker on group A8, 2 SSR markers on group A9, and 7 SSR markers on group A10. It laid a foundation to further identify cabbage-Chinese cabbage alien addition lines.

Key words: Cabbage; Chinese cabbage; linkage group; SSR marker

结球甘蓝 (*Brassica oleracea* var. *capitata* L., CC) 和大白菜 (*Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis*, AA) 均为芸薹属中的重要蔬菜, 在我国蔬菜生产中占有重要地位。异附加系是研究基因组结构和转移基因的有效工具, 可用于建立以受体物种基因组为载体的外源物种基因组文库, 也是进行基因定位、特异遗传图谱构建、同源染色体的渗入机制和配对状态研究的重要基础材料。创建结球甘蓝—大白菜异附加系, 不仅可以将大白菜中的优良基因转移到结球甘蓝中, 进行结球甘蓝品种遗传改良, 亦可进行大白菜优良基因的准确定位, 确定其遗传模式和特征, 为进一步研究 A、C 基因组之间的亲缘关系奠定基

础。异附加系的鉴定多采用核型分析和染色体配对等传统细胞学方法, 但由于结球甘蓝和大白菜的染色体均较小, 相邻染色体形态又非常相似^[1], 仅通过传统细胞学方法很难准确识别每条染色体。随着分子细胞遗传学的发展, 以 rDNA 为探针的荧光原位杂交 (FISH, fluorescence *in situ* hybridization) 和基因组原位杂交 (GISH, genomic *in situ* hybridization) 成为染色体准确识别和异附加系中外源染色体精确鉴定的有效工具^[2-5]。但由于 rDNA 在大白菜和结球甘蓝基因组中的位点数有限, 仅能识别部分染色体; 且 A、C 基因组间的亲缘关系较近, 利用 GISH 技术亦不能区分每条染色体^[6-7]。以至于在结球甘蓝

收稿日期: 2012-10-12 修回日期: 2012-12-26 网络出版日期: 2013-06-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130607.1740.019.html>

基金项目: 国家自然科学基金 (31171964); 河北省自然科学基金 (C2010000677)

第一作者研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: lilinhan2002she@163.com

通信作者: 王彦华, 博士, 副教授。研究方向为蔬菜生物技术与遗传育种。E-mail: yywyh@hebau.edu.cn

背景下准确识别大白菜的不同染色体变得十分困难,成为制约结球甘蓝—大白菜异附加系鉴定的瓶颈。

简单重复序列 (SSR, simple sequence repeat) 是一种以 PCR 为基础的分子标记技术,因其变异频率高,在整个基因组中均匀分布,稳定性和重复性好等特点,广泛用于遗传作图、遗传多样性分析及亲缘关系研究等方面。利用连锁群上均匀分布的 SSR 标记,多个物种的连锁群与染色体建立了对应关系^[8-9],并成功进行了染色体片段导入系(代换系)、异附加系等外源染色体及染色体片段的鉴定^[10-11]。目前,芸薹属中 A 基因组基于 SSR 标记遗传图谱中的连锁群已与染色体建立了对应关系^[12],这为 A 基因组不同染色体的识别奠定了基础。本研究拟利用分布在芸薹属 A 基因组不同连锁群上的 SSR 引物,对不同大白菜和结球甘蓝基因组 DNA 进行扩增,筛选并建立一套大白菜每个连锁群相对于结球甘蓝的特异 SSR 标记,为今后鉴定结球甘蓝—大白菜异附

加系中的外源染色体提供便利。

1 材料与方法

供试材料为大白菜极早熟品种京春娃娃菜,早熟品种小杂 56 号和京夏王,中早熟品种北京改良 67 号,中熟品种北京大牛心,中晚熟品种北京 80 号,晚熟品种北京新一号和北京新三号,以及 1 个多代自交系 78-13;结球甘蓝春季早熟品种日本铁头一号、极早甘蓝、8312 甘蓝和中甘 11,春季中熟品种京丰一号,春秋兼用早熟品种中甘 17 和中甘 18,秋季中熟品种中甘 19,秋季晚熟品种晚丰甘蓝及 1 个多代自交系中甘。以上材料于 2008 年 10 月播于穴盘,2~3 片真叶时剪取新鲜叶片,采用 CTAB 法提取基因组 DNA^[13]。

引物来源于 <http://www.brassica.info>,共选取了分布于芸薹属 A 基因组 10 个连锁群上的 207 对 SSR 引物,由上海生物工程技术有限公司合成(表 1)。

表 1 白菜连锁群 SSR 引物

Table 1 Primer pairs from different linkage groups of *Brassica campestris*

连锁群 Linkage group	SSR 引物 SSR primers
A1	KBRH139B23, GOL1, ENA15, ENA28, BRMS-024, Ra3E05, Ra2G09, Na14D07, Ol12F11b, Na10b04, Ol12B05, Na12C06, BC7, BRMS-031, BC46, B084N21-1, B055A02-3, 122A22-29, B035A14-2, H009D02-3, 03F06-16, Ol10D03, Na14G06, Na10C03, Ra3H09, Na14F11, BRMS-056, BRMS-096
A2	ENA10, ENA23, ENA9, Na12A07, Ol10A05, Na14H11, chsssr13, B084F02-2, B056F01-3, 80C09-11, H014E13-3, Na12E03, Ol09A03, Ol13E08, Ni2C12, Ol10B08
A3	KBRH138G23, ENA7, BRMS-042, BRMS-042-2, Na12A01, Na14G02, Ol11B05, Na10D03, Na10F06, Ra3C04, Ni4H04, Ol13D02A, Ra3D02B, Ni3H07, Na12C07, BC38, FIT0063, BC63, 122D17-14, B007J07-3, B055G10-2, B001H24-1, B068E07-2, Ra3D04, Na10A09, BRMS-043, Na12A01, BRMS-050, Na12E02, BRMS-008, Na10G10
A4	ENA3, BRMS-001, Na10D09, Ol11H02, BC65, H006P22-1, 131C09-95, Ol10E06, Na10C01, Ol12D02, Na14E11, Ni4A07, Ol10B06, Na12D09, Na12A01, BRMS-054
A5	ENA17, ENA10, GOL2, ENA4, Ra3H10, Ra2E01, Na10E02, Ra2A04, Na14H12, BC105, BRMS-034, BRMS-007, Na10A08
A6	EJU5, ENA19, ENA20, BRMS-014, Ra3C04, Na10E02, Ra2D04, Ra1F06, Na12A08, Ra2A10a, Ni2D08a, Na12H07, BC89, BRMS-027, B086M23-1, H134H15-1, H006P24-5, B044D19f-1, 05P03-1-41, Ra2F04, Ol10D01, Ra12D08, Na12D04
A7	KBRN143H15, ENA14, ENA25, ENA26, ENA6, ENA8, Ra2A01b, Ol12E03, Na12A02b, Ra2A05b, FIT0035, H102A07-3, B070L01R-1, B026G01-1, B057E05R-1, B073K15-c4-4, Ra2G08, Ol10F09, BRMS-040, BRMS-018
A8	KBRH143D22, GOL3, EJU3, EJU4, Na10E02, Ol13C12a, Ol12G04b, Ol12D05, Ra2E12, BRMS033
A9	KBRH143F19, EJU1, EJU2, KERH143K20, ENA16, ENA21, ENA22, ENA27, BRMS-029, NI4D09, Ol10D08, Ra2A10a, Na14C12, Na10G06c, Ra2A11, Na12E06A, Ni4E08, BC107, Ol10C01, Na10B11, Na10A08, Ol12F02, BRMS-051, BN9A, BRMS-017
A10	EJU6, ENA13, ENA18, ENA2, NI2F02, NI4A03, Na10D07, Na10E08, Ol11B03b, Ra2E03a, Ni3G04b, Ra2E07, KS50420, B034N10-3, B080E24-2, H009B23-1, B087B10-4, B015N02-1, B006F18-1, B067F22-3, H012D09-2, B043M07-1, B036L21-2, 53G06-39, Ol10A02, Na10G08, Na12E09, Ol10B11, Na12H04, BRMS-019

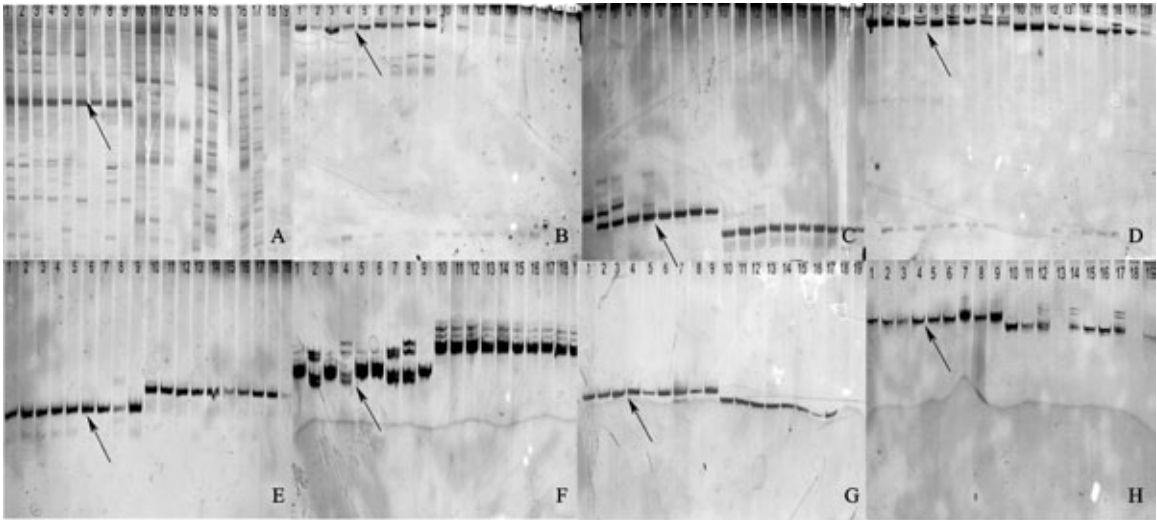
PCR 反应体系为 20 μ L, 含模板 DNA 30 ng, 正反引物各 0.2 μ mol/L, 1 \times PCR Buffer (含 1.5 mmol/L Mg^{2+}), 200 μ mol/L dNTP, 1U *Taq* 酶。PCR 扩增程序为 94 $^{\circ}C$ 预变性 3 min; 94 $^{\circ}C$ 变性 1 min, 55 ~ 60 $^{\circ}C$ 复性 30 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 45 s, 35 个循环; 72 $^{\circ}C$ 延伸 5 min, 4 $^{\circ}C$ 保存。扩增产物在 10% 非变性聚丙烯酰胺凝胶中电泳分离, 采用银染法检测, 并拍照。

2 结果与分析

2.1 结球甘蓝和大白菜的 SSR 扩增分析

在选用的 207 对 SSR 引物中, 能扩增出明显条带的引物数为 178 对, 其中 33 对引物在大白菜和结球甘蓝中的扩增结果表现出多态性, 占引物总数的

15.9%。33 对 SSR 引物中, 7 对引物在大白菜上有特异条带, 而结球甘蓝上没有条带 (图 1A ~ B), 26 对引物在大白菜和结球甘蓝上均有条带, 但扩增产物大小存在明显差异 (图 1C ~ G)。对于结球甘蓝, 每个 SSR 引物位点检测到的等位变异为 0 ~ 4 个, 检测到 1 个等位变异的频率最高, 为 44.4%; 检测到 3 个和 4 个等位变异频率均为 8.3%; 2 个等位变异频率为 25.0%。在大白菜中, 每个 SSR 引物位点检测到的等位变异为 1 ~ 5 个, 检测到 1 个等位变异的频率最高为 33.3%; 检测到 2 个等位变异的频率为 22.2%; 3 个等位变异的频率为 25.0%; 4 个等位变异的频率为 11.1%; 5 个等位变异的频率为 8.3%。



A: ENA19; B: B080E24-2; C: Ra12D08; D: B034N10-3; E: Ra2E07; F: Ol11B05; G: Ra2A05b; H: Na12A02b

1: 78-13; 2: 北京大牛心; 3: 小杂 56 号; 4: 北京新一号; 5: 北京 80 号; 6: 北京新三号; 7: 京春娃娃菜; 8: 京夏王; 9: 北京改良 67 号; 10: 中甘; 11: 日本铁头一号; 12: 极早甘蓝; 13: 8132 甘蓝; 14: 晚丰甘蓝; 15: 中甘 17 号; 16: 中甘 18 号; 17: 中甘 19 号; 18: 中甘 11 号; 19: 京丰一号; 1: 78-13; 2: Beijing da niu xin, 3: Xiao za 56, 4: Beijing xin yi hao, 5: Beijing 80, 6: Beijing xin san hao, 7: Jing spring wa wa cai, 8: Jing xia wang, 9: Beijing gai liang 67, 10: Zhong gan, 11: Japan tie tou yi hao, 12: Ji zao cabbage, 13: 8132 cabbage, 14: Wan feng cabbage, 15: Zhong gan 17, 16: Zhong gan 18, 17: Zhong gan 19, 18: Zhong gan 11, 19: Jing feng yi hao

图 1 部分连锁群特异引物在大白菜和结球甘蓝品种中的扩增结果

Fig. 1 Amplification results of section linkage group-specific primers on varieties of Chinese cabbage and cabbage

2.2 特异性引物在连锁群上的分布

对于大白菜相对于结球甘蓝的特异性差异引物, 其筛选标准如下: 大白菜上有扩增片段, 而结球甘蓝上没有扩增片段; 或二者均有扩增片段, 但扩增片段大小存在差异。在选用的 207 对引物中, 33 对引物能在大白菜和结球甘蓝上扩增出明显的特异性差异片段, 为大白菜相对于结球甘蓝的特异 SSR 标记。筛选出的 33 个特异 SSR 标记涉及了 A 基因组的 10 个连锁群, 其中位于 A1 连锁群 3 对, A2 连锁群 4 对, A3 连锁群 5 对, A4 连锁群 2 对, A5 连锁群

3 对, A6 连锁群 4 对, A7 连锁群 2 对, A8 连锁群 1 对, A9 连锁群 2 对, A10 连锁群 7 对 (表 2)。

3 讨论

已有研究表明, 芸薹属 A 和 C 基因组间具有较高的同源性^[14], R. J. Snowdon 等^[15]研究发现用黑芥总 DNA 作探针可以将 B 基因组染色体和 A、C 基因组染色体分开, 却很难将 A 和 C 基因组染色体区分开来; 孔芳等^[16]利用 A 基因组的重复序列作探针, 分别同二倍体白菜型油菜 (AA)、甘蓝 (CC) 和异

表 2 大白菜连锁群特异 SSR 标记

Table 2 Linkage group-specific SSR markers of Chinese cabbage

连锁群 Linkage group	特异 SSR 标记 Specific SSR marker	正向引物序列(5'-3') Forward primer sequence	反向引物序列(5'-3') Reverse primer sequence	特异标记重复类型 Repeat type of specific marker
A1	ENA28	GGAGTCCGAGCGTTATGAAT	CTTCATCGACCCACCTTGTTTTT	—
	122A22-29	TATCAAGTGGGACGAATGG	AAGGAAGAAGGCTGGAATCG	—
	H009D02-3	CTATCTCAGACCAGCGGAAA	TTCATAATCGTGGAACGTA	—
A2	ENA1	ACTTCCACAAACAGAGCAAC	TATGAAGACACCAAAGAGCC	—
	ENA23	GCTGTGCCAGTTCCTCTTTC	TCATTCCAAATGGCCTTACC	—
	Ol13E08	TTCGCAACTCCTCCTAGAATC	AAGGTCTCACCCACGGAGTC	(CT) ₁₁
	Ni2C12	ACATTCTTGATCTTGATTCCG	AAAGGTCAAGTCCTTCCTTCG	(GA) ₄₃
A3	BRMS-042	GGATCAGTTATCTGCACCACAA	TCGGAATTGGATAAGAATTCAA	(AAT) ₄ , (CT) ₄ (T) ₂ (CT) ₄
	Ol11B05	TGCGGACGTTGTTTTGTTC	ACCATCTTCCTCGACCTG	(AG) ₁₄
	Na10F06	CTCTTCGGTTCGATCCTCG	TTTTTAACAGGAACGGTGCC	(CCG) ₆
	B068E07-2	GGTCAGGTGCTACTCAGACTCC	TTGAAGAGGATCCACCAAAG	—
	Na12E02	TTGAAGTAGTTGGAGTAATTGGAGG	CAGCAGCCACAACCTTACG	(TTG) ₁₃
A4	ENA3	ATCCCTTCTCACAGGTTTACT	GTCAAGTTTCTCTCCACACC	—
	Na10D09	AAGAACGTCAAGATCCTCTGC	ACCACCACGGTAGTAGAGCG	(GT) ₁₉
A5	ENA17	CAGTTATTTTCGCTCGTCT	TATTTGTGTCTGTTATTGGA	—
	BRMS-034	GATCAAATAACGAACGGAGAGA	GAGCCAAGAAAGGACCTAAGAT	(GA) ₁₈
	Ra3H10	TAATCGCGATCTGGATTAC	ATCAGAACAGCGACGAGGTC	(GA) ₂₃
A6	EJU5	GGCACGTACATGGAGGATTC	TGTTGGTCGAGCTGTTTCAG	—
	ENA19	AAGTTACCAAGGAGAGGACAG	AAAGGGACGCTACAAGTCA	—
	Ol10D01	TCTCTGCCAAAAGCAAATAGC	CTTGCTCTCTCTCACCACC	(T) ₂₃
	Ra12D08	ACGACGATTCAACTCATCTTC	TTAACCAACTTCGCTTTTTCG	(CT) ₂₉
A7	Na12A02b	AGCCTTGTGTCTTTTCAACG	AGTGAATCGATGATCTCGCC	(CT) ₁₆
	Ra2A05b	GCTAGTTTACGCGGCGG	AAACGACATCGGCAAAGAAG	(GGC) ₆
A8	BRMS-033	GCGGAAACGAACACTCTCCCATGT	CCTCCTTGTGCTTTCCCTGGAGACG	(CA) ₁₁
A9	BN9A	GAGCCATCCCTAGCAAACAAG	CGTGGAAGCAAGTGAGATGAT	(GA) ₂₇
	Na10A08	CATGGTTAAACAATGGCCC	CAAGAAACACCATCATTTCTCA	(CT) ₂₁
A10	ENA18	TTAAAATGAAACCCACCCGA	TGTTGGGCAACATCCATTTA	—
	Na10D07	CTACTTTGATGGACACTTGCC	TCTGAACTTGATTAGTCGGTCC	(CA-TA) ₁₁₋₅
	Ra2E07	ATTGCTGAGATTGGCTCAGG	CCTACACTTGGCATCTTCACC	(GA) ₁₉
	B034N10-3	GGGTATTTCCGGTTTAGGAA	CCCTCTTCCTCTCAACACCT	—
	B080E24-2	CACGTCGGGTAAATTCCTTG	TGTTTAGGGCTCCTCATTT	—
	B036L21-2	GGACAGCCGACATAGCTG	CTGTTTATCGGACCATTGTTG	—
	Ni3G04b	ATACTCGGGATAGGTGTGCG	CATGTGGCAATCCTACATTTAC	(AG) ₁₈

“—”表示尚不清楚 “—”represents unknown

源四倍体芥菜型油菜 (AABB) 的中期染色体杂交, 结果显示, 在 B 基因组染色体上的杂交信号弱或无, 而 A、C 基因组所有染色体上均有杂交信号, 难以区分。E. C. Howell 等^[17] 利用白菜 rDNA 基因序列及高倍数的基因组 DNA 为封阻 DNA, 选取甘蓝基因组 DNA 为探针与甘蓝型油菜 (AACC) 染色体

杂交,发现杂交信号只在 19 条染色体中的 9 条染色体上,从而区分开了亲缘关系较近的 A 和 C 基因组,但是该技术流程较为复杂,难以在一般实验室应用。SSR 标记操作简便,不同实验室可以交流,B. Saal 等^[18]指出基因组特异的 SSR 位点可用于鉴定芸薹属 A 和 C 基因组的附加系、易位系及代换系。顾爱侠等^[19]从选用的 91 对 SSR 引物中筛选出了 25 个结球甘蓝相对于大白菜的特异性标记,并成功进行了大白菜与结球甘蓝杂交种和部分大白菜—结球甘蓝异附加系中外源染色体的鉴定^[20-22]。本研究对位于芸薹属 A 基因组 10 个连锁群上的 207 对 SSR 引物进行了特异性筛选,建立了大白菜相对于结球甘蓝连锁群的特异性 SSR 标记,为结球甘蓝—大白菜异附加系的准确鉴定奠定了基础。

参考文献

- [1] Fukui K, Nakayama S, Ohmido N, et al. Quantitative karyotyping of three diploid *Brassica* species by imaging methods and localization of 45S rDNA loci on the identified chromosomes [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 325-330
- [2] Hasterok R, Wolny E, Kulak S, et al. Molecular cytogenetic analysis of *Brassica rapa*-*Brassica oleracea* var. *alboglabra* monosomic addition lines [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 196-205
- [3] 轩淑欣, 申书兴, 赵建军, 等. 25S rDNA 和 5S rDNA 在大白菜中期染色体上的 FISH 定位 [J]. *中国农业科学*, 2007, 40(4): 782-787
- [4] Wang Y, Karin S, Eicke R, et al. GISH analysis of disomic *Brassica napus*-*Crambe abyssinica* chromosome addition lines produced by microspore culture from monosomic addition lines [J]. *Plant Cell Rep*, 2006, 25: 35-40
- [5] 魏文辉, 张苏锋, 李均, 等. 白芥 × 甘蓝 F₁ 代及 BC₁ 代单体异附加系的 GISH 分析 [J]. *科学通报*, 2006, 51(21): 2490-2494
- [6] 李宗芸, 伍晓明, 王秀琴, 等. 结球甘蓝与芸薹属 5 个近缘物种的基因组原位杂交分析 [J]. *中国油料作物学报*, 2003, 25(4): 16-19
- [7] Snowden R J, Friedrich T, Friedt W. Identifying the chromosomes of the A2 and C2 genome diploid *Brassica* species *B. rapa* (syn. *campestris*) and *B. oleracea* in their amphidiploid *B. napus* [J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 533-538
- [8] Sourdille P, Singh S, Cadalen T, et al. Microsatellite-based deletion bin system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Funct Integr Genomic*, 2004, 4: 12-25
- [9] Varshney R K, Marcel T C, Ramsay L, et al. A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1091-1103
- [10] 郭光艳, 李瑞芬, 张敬原, 等. 利用 SSR 鉴定了普通小麦—多枝赖草二体异附加系 Line24 中外源染色体同源群的归属 [J]. *华北农学报*, 2004, 19(4): 14-17
- [11] 顾爱侠, 王娟, 陈雪平, 等. 大白菜—结球甘蓝双单体异附加系的 SSR 鉴定及其特性 [J]. *中国农业科学*, 2009, 42(5): 1698-1704
- [12] Choi S R, Teakle G R, Plaha P, et al. The reference genetic linkage map for the multinational *Brassica rapa* genome sequencing project [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 777-792
- [13] 王彦华, 侯喜林, 申书兴, 等. 不结球白菜抗病基因同源序列的克隆及分析 [J]. *中国农业科学*, 2006, 39(12): 2621-2626
- [14] Song K M, Osborn T C. Polyphyletic origins of *Brassica napus*: new evidence based on organelle and nuclear RFLP analysis [J]. *Genome*, 1992, 35: 992-1001
- [15] Snowden R J, Kohler W, Kohler A. Genomic in situ hybridization in *Brassica* amphidiploids and interspecific hybrids [J]. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 1320-1324
- [16] 孔芳, 蒋金金, 吴磊, 等. 利用原位杂交及 CAPS 标记分析芸薹属 A、B 和 C 基因组间的关系 [J]. *作物学报*, 2008, 34(7): 1188-1192
- [17] Howell E C, Kearsey M J, Jones G H, et al. A and C genome distinction and chromosome identification in *Brassica napus* by sequential FISH and GISH [J]. *Genetics*, 2008, 180: 1849-1857
- [18] Saal B, Plieske J, Hu J, et al. Microsatellite markers for genome analysis in *Brassica* II. Assignment of rapeseed microsatellites to the A and C genomes and genetic mapping in *Brassica oleracea* L. [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 102: 695-699
- [19] 顾爱侠, 王彦华, 轩淑欣, 等. 结球甘蓝相对于大白菜连锁群特异 SSR 标记建立 [J]. *园艺学报*, 2009, 36(8): 1221-1226
- [20] 顾爱侠, 赵玉靖, 鄢丽娟, 等. 二倍体大白菜与四倍体结球甘蓝杂种的获得及其 SSR 鉴定与 GISH 分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2008, 9(2): 144-150
- [21] 孟雅宁, 王彦华, 顾爱侠, 等. 大白菜—结球甘蓝 5 号二体异附加系的选育及鉴定 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43(14): 2937-2943
- [22] 吕文欣, 王彦华, 赵建军, 等. 大白菜—结球甘蓝 1 号染色体二体异附加系的获得与鉴定 [J]. *园艺学报*, 2011, 38(7): 1275-1282