

甘蓝型特高含油量油菜种质及其主栽品种的指纹图谱构建

赵卫国, 王 灏, 李殿荣, 田建华, 赵亚军, 李保军, 王晓东, 王爱娜

(陕西省杂交油菜研究中心/国家油料作物改良中心陕西油菜分中心, 大荔 715105)

摘要:选择特高含油量资源 7 份, 与中国各油菜主产区具有代表性的主栽品种 16 份, 利用 SSR 多引物组合法开展指纹图谱构建研究。选择多态丰富、图谱清晰稳定且来自不同连锁群的引物 28 对, 对所有材料进行指纹图谱分析, 共获 SSR 指纹条带 302 条, 其中多态性条带为 279 条, 每引物所获条带 6~16 条, 平均 10.79 条, 平均多态率 92.38%, 通过指纹图谱将所有材料有效地区别开来。用非加权类平均法(UPGAM)聚类分析显示, 高油材料之间以及高油材料与主栽品种之间遗传距离均有较大差异, 在遗传距离 0.171 处可将 23 份材料分成 9 个类群, 其中 7 份高油材料分处 4 个类群, 遗传距离差异显著; 而其他 8 份主栽品种被分别聚类在另外 5 个类群中, 主栽区域特别明显; 所有材料间皆具有丰富的遗传多样性, 其中高油材料与主栽品种间遗传差异更大。

关键词:甘蓝型油菜; 特高含油量; SSR; 指纹图谱构建

Fingerprinting Construction of *Brassica napus* Germplasm with Super-high Oil Content and Main Rapeseed Cultivars

ZHAO Wei-guo, WANG Hao, LI Dian-rong, TIAN Jian-hua, ZHAO Ya-jun, LI Bao-jun,
WANG Xiao-dong, WANG Ai-na

(Shaanxi Hybrid Rapeseed Research Centre/ Shaanxi Rapeseed Branch of National oil Crops Genetic Improvement Center, Dali 715105)

Abstract: In this paper, we selected 7 rapeseed germplasms with super-high oil content and 16 main rapeseed cultivars from different planted regions to construct their fingerprinting by SSR molecular markers. Using 28 SSR primer pairs from different linkage groups, we totally got 302 SSR bands from all materials, 279 of which are polymorphism bands, each primer amplified 6-16 bands with 10.79 bands on average, the average of polymorphism rate reach to 92.38%. By this way, we could distinguish all the materials effectively. UPGAM analyzing revealed that there were large differences among the high oil content germplasms also between the high oil content germplasms and the main cultivars. At genetic distance of 0.171, the 23 *B. napus* could be divided into nine groups, in which the super-high oil content germplasms were divided into four groups, and 8 main cultivars were divided into five groups. All the materials had the most abundant genetic diversity, especially there were large genetic differences between the super-high oil germplasms and the main rapeseed cultivars.

Key words: *Brassica napus*; High oil content; SSR molecular markers; Fingerprinting

优良的种质资源是作物品种得到不断改良提高的基础。中国是世界第一油菜生产和消费大国, 但是多年来油菜品种生产的含油量却长期徘徊在 40% 左右^[1], 比国际上含油量较高的国家如加拿大

油菜子低 2~5 个百分点。虽然我国春油菜产区油菜子含油量相对较高, 达 45.78% (干基), 但仅占我国油菜子总产量的 10%~15%^[2]。据中国农业部油料及制品质量监督检验测试中心对 2000~2005

收稿日期: 2011-02-23 修回日期: 2011-07-25

基金项目: 国家“863”项目(2011AA10A104); 陕西省自然科学基金项目

作者简介: 赵卫国, 研究实习员, 主要从事油菜生物技术的研究。E-mail: zhaoweiguo0517@126.com

通讯作者: 王灏, 副研究员, 主要从事油菜生物技术研究。E-mail: wangzy846@sohu.com

年全国冬油菜测试的 327 个新品种含油量的检测结果,平均含油量为 40.64%。按目前中国油菜种植面积和平均油菜单产水平及价格,油菜子含油量每提高一个百分点,相当于每 hm^2 增产 37.5kg 菜子,按中国油菜的种植面积 700 万 hm^2 计算,每年将增加 26.25 万吨油菜子,可多榨出 10 万吨优质菜油,可增创经济效益近 9 亿元人民币。因此提高油菜的油份含量已成为油菜育种的重目标^[3],也是提高油菜生产效益的关键^[4,5],并具有巨大发展潜力。20 世纪 80 年代以来,油菜育种重点目标多致力于油菜脂肪酸组成和脱脂后饼粕中硫苷总量和组成成分的遗传改良^[6],对油菜高含油量育种及其研究较少,一方面可能与种质资源的含油量不高有关,另一方面也与高油品种不高价的市场导向和不够重视有关。目前在中国要通过品种审定,单位面积的产量和产油量已作为同等重要的量化考察指标,引入审定标准,并在品种推广应用过程中得到越来越多的重视;因此,油菜高含油量方面的相关研究和品种选育近年已发生很大改变,通过审定的品种含油量正在显著提高,高含油量种质资源相继涌现,油菜种质资源的含油量水平不断被刷新,从原来含油量 50% 左右,到 2007 年的 54.72%^[1],再到陕西省杂交油菜研究中心经过 15 年不懈的努力,最终创造的特高含油量资源含油量达到 60% 左右,此项含油量突破性的成果由全国十多个大学和科研单位专家组成的以中国工程院院士傅廷栋和官春云为主任委员的鉴定委员会通过鉴定。这些信息不仅展现了油菜含油量水平提高的巨大潜力,而且也提出了如何有效保护和充分利用这些资源,为高含油量育种服务等重要问题。

要利用资源,首先要了解资源,从分子水平理清种质资源材料间的遗传关系、指纹差异等,并在此基础上再进行深入研究和育种应用以及其后的知识产权保护等无疑具有重要意义。目前进行指纹分析的方法虽然较多,但技术成熟,方法可靠,结果清晰,可以准确鉴定生物个体之间的差异^[7],在成本效率和操控难易程度上 SSR 技术更显优势^[8]。SSR 标记具有可操作性、精确性、可靠性、鉴别能力强、不受环境影响和高度自动化等优点,使其成为判别植物新品种的较理想技术,对于保护我国名、优、特种质及育成品种的知识产权和育种家们的权益等均有重要应用价值。SSR 分子标记技术已经广泛应用于玉米^[9]、大豆^[10-11]、水稻^[12-13]、谷子^[14] 等农作物指纹图谱构建和遗传多样性的研究。SSR 标记在油菜的

研究中起步较晚,但发展较快,已应用于种质资源多样性分析、指纹图谱构建和纯度分析^[15-20]。因此,本研究利用 SSR 分子标记技术,对部分甘蓝型特高含油量油菜种质资源和中国主要油菜生产区主栽品种的指纹图谱构建进行方法探讨,也为有效保护和充分利用这批珍贵的特异油菜种质资源,保护知识产权,维护育种家的切身利益提供保障和科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为陕西省杂交油菜研究中心通过不同生态穿梭育种、多基因聚合及小孢子培养等多种育种技术所获的 7 份甘蓝型油菜特高含油量种质和 16 份正在推广应用的甘蓝型油菜品种(表 1)。

表 1 供试材料名称及来源

Table 1 Name and their sources of the tested materials

编号 No.	名称 Name	来源 Source	含油量(%) Oil content	品种类别 Category of varieties
1	M1	陕西	60.70	育种材料
2	M2	陕西	59.10	育种材料
3	M3	陕西	58.90	育种材料
4	M4	陕西	61.40	育种材料
5	M5	陕西	58.79	育种材料
6	M6	陕西	59.10	育种材料
7	M7	陕西	61.30	育种材料
8	中油 821	湖北	40.00	常规品种
9	蓉油 4 号	四川	40.00	杂交种
10	德油 4 号	四川	37.85	杂交种
11	德油 5 号	四川	39.49	杂交种
12	油研 10 号	贵州	46.00	杂交种
13	秦优 10 号	陕西	42.76	杂交种
14	宁杂 11 号	江苏	43.34	杂交种
15	丰油 701	湖北	41.67	杂交种
16	中双 11 号	湖北	49.00	杂交种
17	荣华油 2 号	陕西	40.29 ~ 45.42	杂交种
18	华油杂 10 号	湖北	39.7 ~ 41.12	杂交种
19	浙双 8 号	浙江	45.86	常规品种
20	滁油 1 号	安徽	40.28	常规品种
21	新油杂 6 号	新疆	45.00	杂交种
22	浙双 6 号	浙江	39.78	常规品种
23	浙双 3 号	浙江	42.90	常规品种

1.2 方法

1.2.1 SSR 分析体系 300 对 SSR 引物来自 The Plant Biotechnology Centre, 由上海 Sangon 公司合成。SSR 反应体系为 20 μ l: 10 \times Buffer with (NH₄)₂SO₄ 2.0 μ l, 25mmol/L MgCl₂ 1.5 μ l, 10mmol/L dNTP0.4 μ l, 5UTaqDNA Polymerase0.2 μ l, 2.5 μ mol/L 引物 1 μ l, 20~80ng 模板 DNA1.0 μ l, ddH₂O 12.9 μ l。

SSR 反应程序为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 4min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30s; 65 $^{\circ}$ C 退火 30s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45s, 此后每个循环退火温度降低 1 $^{\circ}$ C, 共 10 个循环; 再 94 $^{\circ}$ C 变性 30s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45s, 25 个循环; 最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min, 4 $^{\circ}$ C 保存。PCR 扩增产物加入 1/2V 上样变性缓冲液, 并经变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 (6%) 分离, 120V 预电泳 30min, 加样 6 μ L 电泳 2.5h, 银染参照陆光远等^[21]的方法。

1.2.2 指纹图谱的建立 选取扩增产物带型稳定、条带清晰、多态性丰富的引物为目标标记引物, 通过引物组合法构建指纹图谱。条带记录: 有带的记为“1”, 无带的记为“0”。

1.2.3 数据统计与分析 根据数理统计学理论^[22]和分子遗传学理论^[23-24]得出的指纹图谱出现相同的概率公式 $1/2^n$, 统计 23 份甘蓝型油菜图谱

的置信概率, n 为等位基因的数目, 2^n 则为检测 n 个等位基因时涉及的所有可能的试材个数。23 份甘蓝型油菜的聚类分析通过采用非加权类平均法 (UPGMA), 利用 CLUST 统计软件构建 7 个特高含油量种质资源和 16 个主栽品种的聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性引物的筛选

根据陆光远等^[25]分析油菜中 SSR 位点的检测体系的分析方法, 从 300 多对 SSR 引物中进行了初次筛选, 获得了多态性强的引物 50 多对; 再经进一步的比较筛选, 最终选择多态性丰富、图谱清晰稳定且来自不同连锁群的引物 28 对用于指纹图谱构建, 扩增结果如图 1~图 3。28 对 SSR 引物共扩增出 SSR 指纹条带 302 条, 其中多态性条带为 279 条, 每引物所获条带 6~16 条, 平均每条引物扩增 10.79 条, 平均多态性条带 9.96 条, 平均多态率为 92.38%。扩增条带最多的引物为 S598, 扩增出 16 个条带, 扩增条带最少的引物为 S648 和 S705, 仅扩增出 6 个条带。

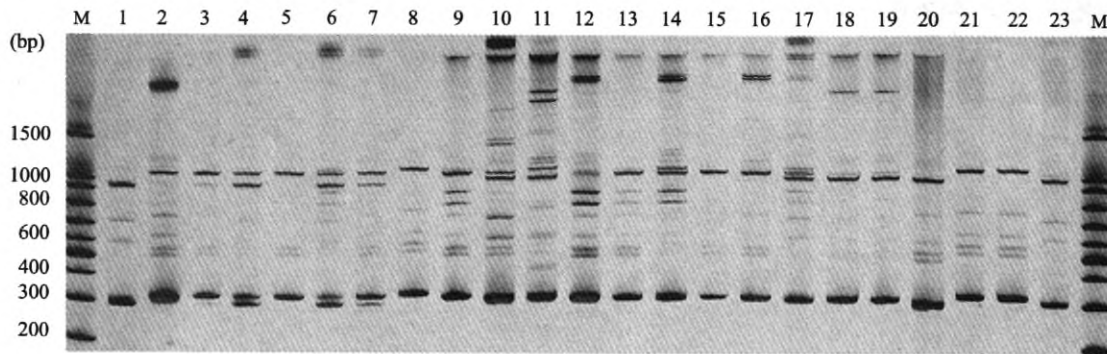


图 1 引物 S598 的扩增结果

Fig.1 The amplified result by primer S598

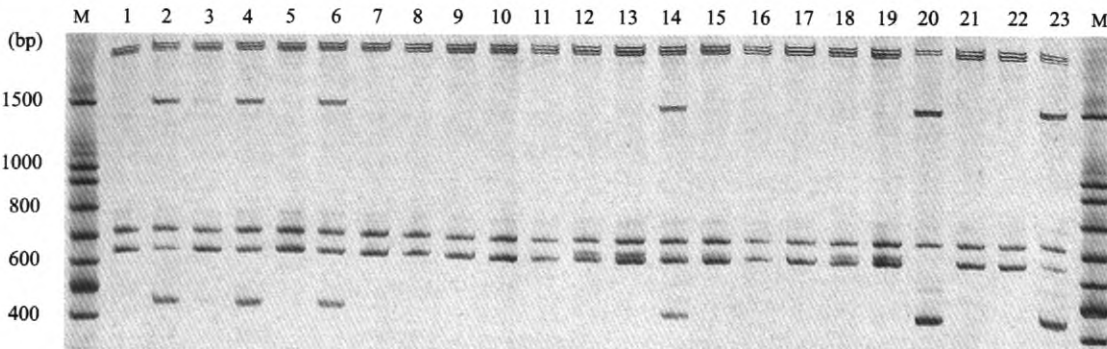


图 2 引物 S646 的扩增结果

Fig.2 The amplified result by primer S646

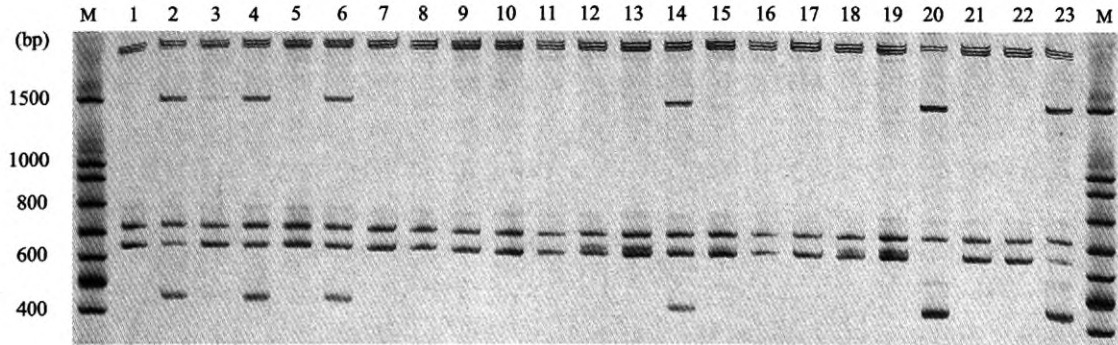


图3 引物 S648 的扩增结果

Fig.3 The amplified result by primer S648

2.2 指纹图谱的构建及置信概率分析

利用28对SSR引物,通过对7份特高含油量材料和16个全国主栽品种的DNA进行扩增分析,品种的指纹图谱用“0”和“1”表示,即为该品种的数码图谱,再将每对引物的每个品种数码图谱组合到一起,即构成每一品种的数码组合图谱。如用SSR引物S648和S705对材料M1的扩增结果,分别获得数码图谱为001010和010001,二者引物扩增的图谱组合到一起得到数码组合图谱为001010010001。28对SSR引物扩增结果组合到一起,可以得到302个由“0”和“1”组成的数码

图谱,这些数码组合图谱即构成23份材料或品种的组合数码图谱数据库。

利用SSR引物S648和S705引物组合,所构建的甘蓝型油菜材料M1和M2数码图谱为001010010001和011111010001,分别对应两材料相应的DNA-SSR指纹图谱,从中不难看出两材料间具有差异性的地方有3处,因此两材料完全相同的概率则为 $(1/2)^3$,即0.125。本研究中SSR引物组合分别平均能产生9.96个多态性点,两对引物组合平均即可产生近20个多态性点,因此两材料扩增图谱相同的平均概率约为 $(1/2)^{20}$,即约 9×10^{-6} ,虽因引物不同表现有

表2 10对SSR引物扩增23份材料或品种的指纹图谱

Table 2 Data of the fingerprint bands with 10 pairs of SSR primers amplified among 23 materials

引物 Primer	条带 序号 Band No.	材料和品种 Germplasms and variety code																						
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
S598	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	3	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
	5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	7	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	8	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1
	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
	10	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	11	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	12	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	15	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
	16	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
S648	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	
	2	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	4	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	
	5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	6	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	
S705	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	
	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	3	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	1	
	4	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	1	
	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	

异,但相互间相同的几率极低。23份材料用28对引物组合进行鉴别,共获得279条多态性条带,其指纹图谱相同的概率为 $(1/2)^{279}$,材料间通过图谱甄别区分的几率极大,故使参与构建的7份高油资源和16份主栽品种的指纹图谱特异性得到了有效保证。

2.3 UPGMA 聚类分析

通过 CLUST 统计软件,采用非加权类平均法 (UPGMA),构建7份特高含油量种质材料和16份品种的聚类图(图4)。从图4上看出,高油材料之间以及高油材料与主栽品种之间遗传差异显著。在

遗传距离为0.171处,可将23份材料分成9个类群,其中7份高油材料分处4个类群,M1、M5 2个高油材料与7个品种材料为一类群,M3、M4和M6为一类群,M7和中油821相近聚在一个类群,而M2独自成一类群;而另外8个品种被分别聚类在另外5个类群中,主要划分为浙江、湖北和新疆的主栽地区,主栽区域特别明显;所有材料间皆具有较为丰富的遗传多样性,其中高油材料与主栽品种间的遗传差异更大。聚类结果在一定程度上体现了23份参试材料DNA水平的遗传关系,为材料间的系谱关系分析和组合选配提供了背景参考。

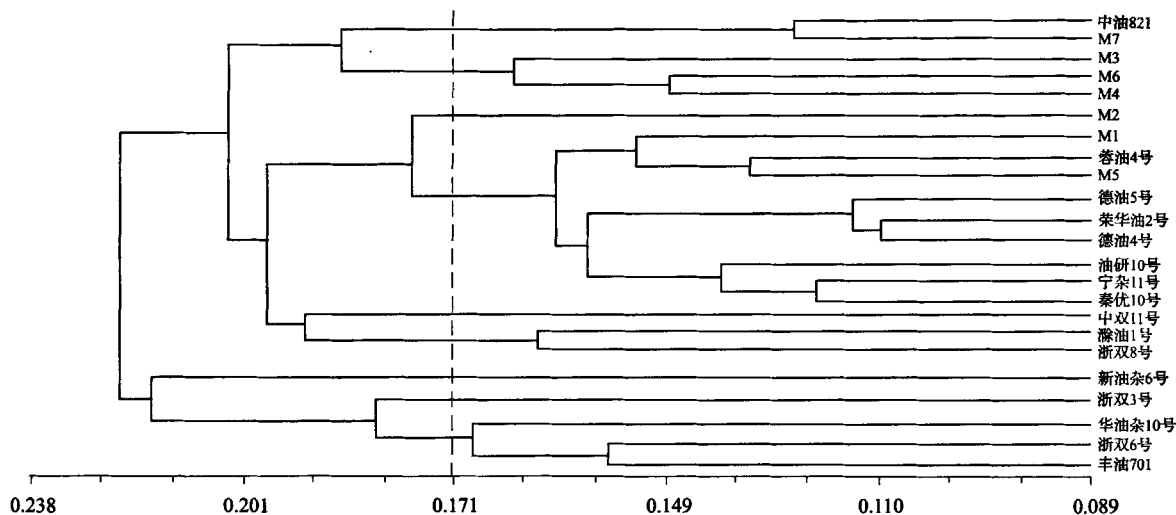


图4 7份甘蓝型高含油量油菜种质资源和16份主栽品种的SSR标记聚类图

Fig. 4 Dendrogram of genetic relationship of 7 rapeseed germplasms with super-high oil content and 16 main rapeseed cultivars detected by SSR in *B. napus*

3 讨论

传统的作物品种资源甄别认知需要大量的表型信息进行综合确定。随着油菜遗传育种材料遗传背景的日益狭窄,以及选育品种数目的增多,种质材料间以及品种间的差异越来越小,区分困难,单纯依靠传统的生物学性状已经难以将它们准确区分鉴别。有时因环境条件的影响变化使作物的某些性状特征也会随之变化,结果出现偏差难以避免,特别面对大量的样品鉴别时则更显麻烦,周期也会较长。以DNA多态性为基础的DNA分子标记技术反映的是DNA水平的差异表现,多态丰富,结果常以显性或共显性DNA条带形式体现,结果直观稳定可靠,克服了数量性状考察过程的种种弊端,并可与计算机技术结合通过建立数据库进行大量品种资源的甄别分析,周期短效率高,不受环境影响,结果准确可靠,

已成为指纹分析过程的首选技术^[26]。Sabhyata等^[27]运用SSR标记对印度芥菜型油菜进行了指纹图谱分析,得到了芥菜型油菜的特异指纹图谱。林道哲等^[28]利用RAPD技术对26份甘蓝型油菜自交系构建了指纹图谱。段院生等^[29]认为筛选多态性主带重复性好的引物是RAPD技术结果可靠的保证,但是RAPD技术的稳定性和可靠性相对较差。文雁成等^[19]用SRAP和SSR两种分子标记技术构建了甘蓝型油菜品种指纹图谱,认为SSR标记具有稳定性好、重复性高、易操作以及谱带清晰,易于辨别统计等优点,适合用引物组合构建品种的指纹图谱。

甘蓝型特高含油量种质资源的创新和获得,肯定了现有油菜品种的基础上还可以大大提高油菜含油量。拥有这批珍贵资源,为早日培育出甘蓝型特高含油量品种打下坚实的基础。随着国际社会对知识产权的更加重视和不断加强,育种家迫切希望

保护自己的发明权和知识产权。因此,本研究选用 SSR 技术,通过 28 对 SSR 引物组合构建了 7 份甘蓝型油菜特高含油量材料和中国油菜主产区的 16 个主栽品种的 DNA 指纹图谱。从本研究所获的结果可以看出,SSR 技术所构建的指纹图谱,条带清晰,数量适中,带型稳定,指纹差异丰富,多态率高,是构建油菜指纹图谱的理想方法。所获得的 302 条 DNA-SSR 条带在 23 份甘蓝型油菜材料上的不同电泳谱带表现构成了各材料的 DNA 指纹图谱,也可将其转换成数码信息,形成不同油菜品种或资源一一对应各自不同的指纹图谱或数码指纹信息,其中条带表现以稳定的主带有无确定,客观直接,没有中间表现类型,结果唯一,不仅可有效进行品种或资源间的材料甄别,而且可进行遗传关系分析。所获得的遗传距离关系是来自于 DNA 水平的直接信息。

由于现有的中国甘蓝型油菜资源均来自国外,或来自欧洲、或来自亚洲的日本等^[30]。并随着近年资源的交流频繁和育种过程的杂交互导,以及围绕各种育种目标进行的定向或多向选择,使材料表现复杂,已很难通过材料的外部性状特征判断相互间的遗传距离,尤其是育种过程的高世代资源和推广品种,其遗传背景多聚合了很多优异性状的相同遗传背景,使材料间的遗传关系趋近而复杂^[30],性状与遗传关系的对应度也随之越来越低。依形态特征和常规手段来评定亲缘远近,已很难实现。如该研究中同样为特高含油量资源,但其相互关系有远有近,与主栽品种间的亲缘距离也各不相同。因此,充分发挥甘蓝型特高含油量种质资源和 DNA 指纹图谱技术的作用,不仅对充分利用这批高含油量种质资源培育出特高含油量品种,而且对许多宝贵种质材料和品种资源进行鉴定和保护,都具有重要意义,以及对材料间的遗传关系分析和育种过程的组合选配以至杂交优势利用等也同样具有不可替代的价值。

参考文献

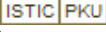
- [1] 刘梓谕,王新发,王汉中,等.三个高含油量甘蓝型油菜新品系 SSR 指纹图谱的构建[J].中国油料作物学报,2008,30(4):389-396
- [2] 李培武,杨涓,张文,等.我国油菜产品质量安全现状及对策[J].中国油料作物学报,2004,26(1):84-88
- [3] 王汉中.中国油菜品种改良的中长期发展战略[J].中国油料作物学报,2004,26(2):98-101
- [4] 李云昌,胡琼,梅德圣,等.选育高含油量双低油菜品种的

- 理论与实践[J].中国油料作物学报,2006,28(1):92-96
- [5] 索文龙,戚存扣.甘蓝型油菜油酸含量的主基因+多基因遗传分析[J].江苏农业学报,2007,23(5):396-400
- [6] 刘后利,王纫秋,高永同.甘蓝型黄籽油菜高含油量育种初报[J].华中农学院学报,1981(1):12-20
- [7] 付瑜华,李杰,王海燕,等.木薯商业品种的指纹图谱构建[J].植物遗传资源学报,2007,8(1):51-55
- [8] 贾继增.分子标记种质资源鉴定和分子标记育种.中国农业科学,1996,29(4):1-10
- [9] 马延飞,卢新雄,陈晓玲,等.基于 SSR 标记的 30 份玉米种质遗传完整性分析[J].植物遗传资源学报,2007,8(4):387-391
- [10] 张彩英,李喜焕,常文锁,等.应用 SSR 标记分析大豆种质资源的遗传多样性[J].植物遗传资源学报,2008,9(3):308-314
- [11] 杨桔,关荣霞,王跃强,等.大豆遗传图谱的构建和若干农艺性状的 QTL 定位分析[J].植物遗传资源学报,2004,5(4):309-314
- [12] 李书柯,江川,王金英,用 SSR 标记分析福建漳浦野生稻的遗传多样性[J].植物遗传资源学报,2011,12(1):75-79,85
- [13] 赵庆勇,张亚东,朱镇,等.30 个稻粳品种 SSR 标记遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2010,11(2):218-223
- [14] 朱学海,张艳红,宋燕春,等.基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究[J].植物遗传资源学报,2010,11(6):608-702
- [15] 周红伟,姚艳梅,杜德志,等.春性双低甘蓝型油菜杂交种和亲本指纹图谱构建及杂交种纯度鉴定[J].西北农业学报,2010,19(3):81-86
- [16] 王通强,马晓峰,吴有享.油菜杂种及亲本指纹图谱构建和杂种纯度鉴定[J].食品与生物技术学报,2009,28(3):377-384
- [17] 许颀,张冬晓,伍晓明,等.国家冬油菜区试新品种 SSR 指纹图谱构建与遗传关系分析[J].中国油料作物学报,2008,30(1):29-34
- [18] 陈碧云,伍晓明,张冬晓,等.国家冬油菜区试新品种的 SSR 指纹图谱分析[J].分子植物育种,2008,6(4):709-716
- [19] 文雁成,王汉中,沈金雄,等.SRAP 和 SSR 标记构建的甘蓝型油菜品种指纹图谱比较[J].中国油料作物学报,2006,28(3):233-239
- [20] 刘平武,周国岭,杨光圣,等.双低甘蓝型油菜杂交种亲本指纹图谱构建和杂交种纯度鉴定[J].作物学报,2005,31(5):640-646
- [21] 陆光远,杨光圣,傅廷栋.应用于油菜研究的简便银染 AFLP 标记技术的构建[J].华中农业大学学报,2001,20(5):413-415
- [22] 南京农业大学.田间试验和统计方法(第二版)[M].北京;中国农业出版社,1998:51-54
- [23] 浙江农业大学.遗传学(第二版)[M].北京;中国农业出版社,1998:39-42
- [24] 徐云碧,朱立煌.分子数量遗传学[M].北京;中国农业出版社,1994:55-91
- [25] 陆光远,杨光圣,傅廷栋.一个简便的适合于分析油菜中 SSR 位点的检测体系[J].中国油料作物学报,2003,25(3):79-81
- [26] 方宣钧,刘思衡,江树业.品种纯度和真伪的 DNA 分子标记鉴定和应用[J].农业生物技术学报,2000,8(2):106-110
- [27] Sabhyata B, Sandip D, Ajay J Malathil, et al. DNA fingerprinting of Brassica juncea euhivars using microsatellite probes [J]. Electrophoresis, 1995, 6(9): 1750-1754
- [28] 林道哲,董顺文,刘朝辉,等.26 份甘蓝型油菜自交系指纹图谱分析[J].安徽农业科学,2008,36(20):8493-8496
- [29] 段院生,刘平武,杨光圣.甘蓝型油菜杂交种亲本指纹图谱分析[J].中国油料作物学报,2002,24(2):5-9
- [30] 王灏,李殿荣,田建华,等.甘蓝型油菜种质资源遗传多样性的 RAPD 分析[J].华中农业大学学报,2009,28(5):525-531

甘蓝型特高含油量油菜种质及其主栽品种的指纹图谱构建

作者: [赵卫国](#), [王灏](#), [李殿荣](#), [田建华](#), [赵亚军](#), [李保军](#), [王晓东](#), [王爱娜](#), [ZHAO Wei-guo](#), [WANG Hao](#), [LI Dian-rong](#), [TIAN Jian-hua](#), [ZHAO Ya-jun](#), [LI Bao-jun](#), [WANG Xiao-dong](#), [WANG Ai-na](#)

作者单位: [陕西省杂交油菜研究中心/国家油料作物改良中心陕西油菜分中心, 大荔, 715105](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) 

英文刊名: [Journal of Plant Genetic Resources](#)

年, 卷(期): 2011, 12(6)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201106011.aspx