

青藏高原早熟甘蓝型春油菜遗传资源研究

张晓梅¹, 姚艳梅¹, 徐亮¹, 杜德志^{1,2}

(¹青海大学农林科学院春油菜研究所/国家油菜改良青海分中心/青海省高原作物种质资源创新与利用重点实验室, 西宁 810016; ²西宁市蔬菜研究所, 西宁 810016)

摘要:利用 SSR 和 SRAP 2 种分子标记研究了 69 份试验材料的遗传差异及其亲缘关系。29 对 SSR 标记共扩增出 118 条多态性带, 多态性位点占总扩增位点的 97.5%, 27 对 SRAP 引物扩增出 123 条多态性带, 多态性比率为 70.3%。两种标记聚类结果表明, 在相似系数 0.566 处所有材料可以分为 A、B 2 个大类群; B 类在相似系数 0.620 处又可分为 7 个亚类, 10 个天然双低早熟甘蓝型品系、2 个甘蓝型亲本和 4 个新型品系聚在第Ⅰ 亚类中, 其余的 51 个新型甘蓝型油菜品种分别聚在其他 6 个亚类中。对 55 份新型品系进行遗传成分分析, 结果表明, 每个品系都含有 4 种带型, 各品系所含不同带所占比率不同。对各品系中含有白菜型亲本带所占比率分别与其对应的两亲本之间的遗传距离进行相关分析, 结果表明新型甘蓝型油菜品种中白菜型亲本带所占比率与白菜型亲本间的遗传距离为负相关 (-0.52), 且达到极显著水平; 与甘蓝型亲本间的遗传距离为正相关 (0.31), 且达到显著水平。对试验材料之间的遗传距离及其来源进行分析(除与 2 个白菜型亲本间), 遗传距离排名前 20 位的都来自新型品系之间或天然品系与新型之间, 最大为 0.544。

关键词:遗传距离; 甘蓝型油菜; SSR; SRAP

Genetic Resources of *Brassica napus* L. Strains with Early Maturity in Qinghai-tibet Plateau

ZHANG Xiao-mei¹, YAO Yan-mei¹, XU Liang¹, DU De-zhi^{1,2}

(¹Qinghai Plateau Germplasm Resources and Key Laboratories/Qinghai Sub-Center of National Rapeseed Improvement/Institute of Spring Rapeseed, Qinghai Academy of Agriculture and Forestry, Qinghai University, Xining 810016; ²Xining Institute of Vegetable Research, Xining 810016)

Abstract: Genetic differences and their relationships of 69 materials were studied by using SSR and SRAP molecular markers. 29 SSR markers amplified 118 polymorphic bands, in which 97.5% were polymorphic. 123 polymorphic bands were amplified with 27 SRAP primers, percentage of polymorphic loci was 70.3%. Cluster analysis indicated that all the materials can be grouped into 2 classes (A and B) when the similarity coefficient was 0.566. B class can be grouped into 7 subclasses when similarity coefficient was 0.620. 10 nature biharmonic early mature *Brassica napus* L., 2 parents and 4 new lines were grouped into subclass I. The rest of 51 new lines grouped into other 6 subclasses. The results of genetic element analysis showed each of 55 new lines had 4 types of bands, but the percentage was different. We analyzed the genetic distance between the percentage of *Brassica campestris* parental bands in each line and their two parents, the result showed that in the new type of *Brassica napus* lines, percentage of *Brassica campestris* parental bands were negative (-0.52, highly significant difference) and positive related (0.31, significant difference) with genetic distance between parents of *Brassica campestris* and *Brassica napus*, respectively. Analyzing the genetic distance and sources of materials (except two *Brassica campestris* parents), we found that genetic distance ranked 20 were between new type lines or between natural and new type lines, and the maximum value was 0.544.

Key words: Genetic distance; *Brassica napus* L.; SSR; SRAP

收稿日期: 2010-07-22 修回日期: 2011-01-19

基金项目: 国家油菜产业技术体系 (nycyx-00516); 国家科技支撑计划 (2010BAD01B03)

作者简介: 张晓梅, 实习研究员, 主要从事油菜育种研究。E-mail: qdzhangxiaomei@163.com

通讯作者: 杜德志, 研究员, 主要从事油菜育种研究。E-mail: qdzhangxiaomei@163.com

油菜是青海省的第一大经济作物。近几年来,其种植面积一直稳定在20万hm²左右,是当地农民的主要收入来源之一。因此,大幅度提高油菜产量和改善其品质具有重要意义。利用杂种优势是提高产量最有效的途径,大量研究和育种实践均表明,在一定范围内,遗传差异越大,杂种优势越强^[1]。与其他主要作物(如水稻、小麦、棉花、玉米、大豆)相比,甘蓝型油菜(*Brassica napus*, 2n=38, AACC)种质资源的遗传基础相对较窄,其主要原因有:(1)甘蓝型油菜起源较晚,缺乏相应的野生种质资源,是由甘蓝(*Brassica oleracea*, 2n=18, CC)与白菜(*Brassica campestris*, 2n=20, AA)天然杂交后自然加倍形成的;(2)目前栽培的甘蓝型油菜起源范围比较窄,可能仅源于一个或几个白菜与甘蓝天然杂交的后代;(3)甘蓝型油菜栽培历史较短,杂交育种比较晚^[2-3]。遗传基础狭窄已成为甘蓝型油菜遗传育种研究的瓶颈。因此,拓宽甘蓝型油菜遗传基础是杂种优势利用的基础性工作。

与甘蓝型油菜相比,白菜型油菜起源和栽培历史悠久,具有丰富的遗传差异,两者种间杂交是选育早熟甘蓝型油菜品种的重要途径^[4-5]。因此,国内外许多研究者通过甘蓝型油菜与白菜型油菜进行种间杂交,将白菜型油菜的优良性状转移到

甘蓝型油菜中以扩大其遗传基础^[6-8]。我国甘蓝型油菜分冬性和春性2种,青海省属春油菜产区,为了拓宽甘蓝型春油菜的遗传基础,青海省农林科学院通过甘蓝型油菜与青藏高原白菜型油菜种间杂交,培育出了一批能在高海拔地区正常成熟的早熟双低甘蓝型油菜品种系^[9-10](以下称新型甘蓝型油菜品种系)。

本研究利用SSR和SRAP分子标记技术对上述品种系与其亲本和10个天然早熟双低甘蓝型油菜品种系的遗传差异进行分析,以探明甘蓝型与白菜型油菜种间杂交拓宽早熟甘蓝型春油菜遗传基础的有效性;测定了新品种系之间、新品种系与天然品种系之间的遗传距离,为早熟甘蓝型杂交育种和强优势组合的亲本选配提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验所用材料均由青海省农林科学院提供,其中包括4个亲本、55个新型甘蓝型油菜品种系及10个天然早熟双低甘蓝型油菜品种系。55个新型甘蓝型油菜恢复品种系是由2个天然甘蓝型恢复系亲本(E039R、D9436R)和2个白菜型亲本(浩油11号和97-46)杂交得到的F₁品系(表1)。

表1 供试材料及其来源

Table1 Materials and their sources in the study

品种(系)编号 Code	来源 Variety origin	类型 Type	品种(系)编号 Code	来源 Variety origin	类型 Type
1	E144R	天然	41~46	D9946R×97-46	新型
2	D9946R	天然	47~59	D9946R×浩油11号	新型
3	浩油11号	天然	60~62	李B×Ag+5	天然
4	97-46	天然	63	80503	天然
5~14	D9946R×97-46	新型	64	C0398×144B	天然
15~30	E144F×浩油11号	新型	65~67	E144B	天然
31~40	E144F×97-46	新型	68~69	46早F	天然

1.2 试验方法

1.2.1 55个新型甘蓝型油菜恢复品种系选育方法

对F₁进行隔离繁殖;从F₂、F₃和F₄中选择优良单株自交;苗期对F₃进行染色体检测后,选择单株自交;从F₅~F₇中选双低、性状好的单株自交。

1.2.2 DNA提取和分子标记试验 DNA提取按照Saghai-Marof等^[11]的CTAB法进行;SSR分析按照Tautz^[12]的方法进行;SRAP分析按照Li等^[13]的方法进行;引物均由上海生物工程服务有限公司合

成。扩增产物用6%变性PAGE凝胶电泳分离,银染显影。

1.2.3 数据采集及处理 SRAP和SSR标记每条带记录为1个位点,有带记为1,无带记为0。聚类分析按UPGMA方法^[14]进行。其中遗传相似系数、遗传距离和聚类分析采用Ntysys-pc软件^[15]进行。相关性分析采用DPS软件进行。遗传相似系数(GS)公式为:GS=2N_{ab}/(N_a+N_b);遗传距离公式为:GD=-ln(GS);其中N_{ab}表示在材料

a、b 间扩增的共有条带数目; N_a 、 N_b 表示在材料 a 和材料 b 中扩增的条带数目^[16]。

2 结果与分析

2.1 分子标记试验结果

2.1.1 SSR 标记的多态性

选取具有代表性的 6

份试验材料筛选引物,从 140 对引物中筛选出了 29 对具有较好扩增带型引物。电泳检测结果见图 1,共检测出了 118 条多态性条带,条带片段在 50~550bp 之间,平均每对引物 4.1 条,多态性比率为 97.5%。说明甘白种间杂交培育出的新型甘蓝型油菜品种系具有丰富的遗传多样性。

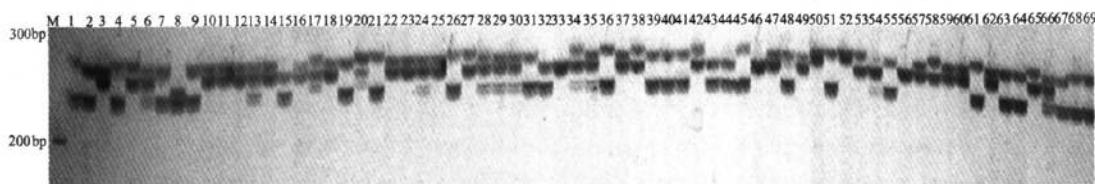


图 1 SSR 引物 P027 的检测结果

Fig. 1 Amplified profile by SSR primers P027

1~69: 品种(系)编号; M: DL2000 marker; P027 序列: FP: ATT GGG TTC TGA CCT TTT CTC RP: CTT TTC CTC ATC GCT ACC AC; 下同
1-69: Varieties (lines) number; M: DL2000 marker; P027 sequence: FP: ATT GGG TTC TGA CCT TTT CTC
RP: CTT TTC CTC ATC GCT ACC AC; the same as below

2.1.2 SRAP 标记的多态性

从 170 对引物组合中筛选出 27 对带型较好的引物组合,对全部材料进行扩增,电泳检测效果见图 2。共检测到 123 条

多态性条带,条带的片段在 150~800bp 之间,平均每对引物 6.5 条,多态性比率为 70.3%,说明这些新型甘蓝型油菜品种系具有丰富的遗传多样性。

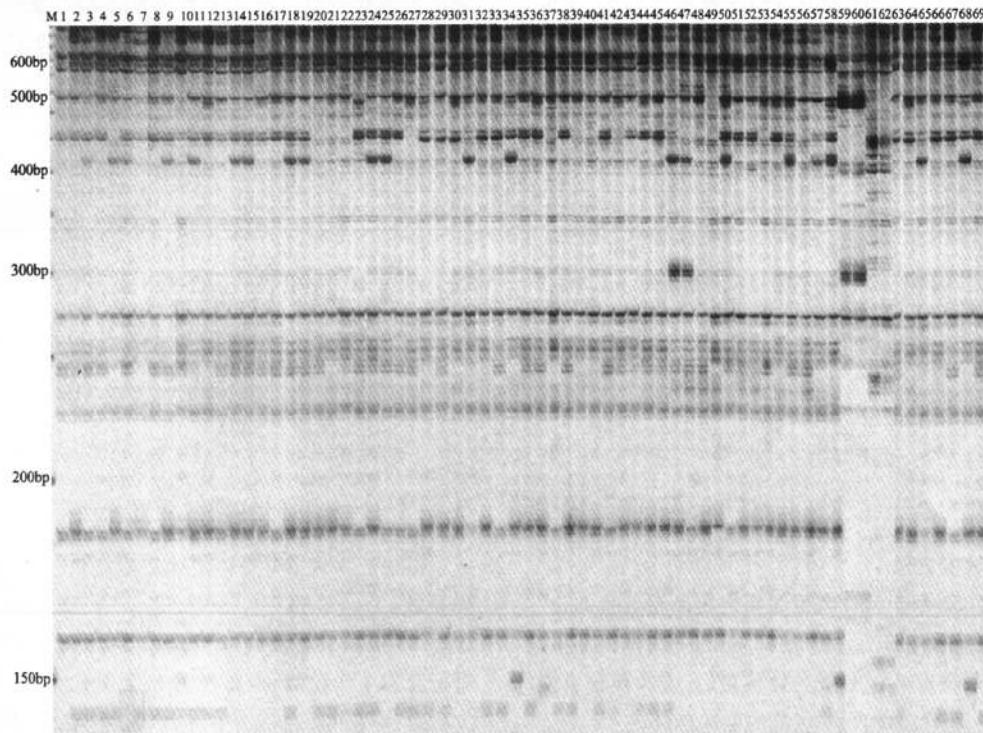


图 2 SRAP 引物 ME5EM6 的检测结果

Fig. 2 Amplified profile by SRAP primer ME5EM6

正向引物 ME5 序列: TGACTCCAAACCGGACA; 反向引物 EM6 序列: GACTGCGTACGAATTACC
Forward primer ME5 sequence: TGACTCCAAACCGGACA; reverse primer sequence EM6: GACTGCGTACGAATTACC

2.2 聚类分析与多样性分析

基于 SSR 标记与 SRAP 标记,运用非加权类平均法(UPGMA)对 55 份新型甘蓝型油菜及其 4 个亲本、10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种进行聚类分析(图 3)。在相似系数 0.566 处可将全部材料划分为 A、B 两大类群,其中 A 类包含 2 个白菜型亲本,B 类包含 10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种以及 55 份甘白种间杂交后代。B 类在相似系数 0.620 处又可分为 7 个亚类,由 D9946R × 浩油 11 号配制杂交组合代号为 47~50 所形成的品系、2 个甘蓝型亲本及 10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种聚为第 1 个亚类,说明其与 2 个甘蓝型亲本、10 个天然早熟

双低甘蓝型油菜品种之间的遗传距离最近;E144F × 浩油 11 号和 E144F × 97-46 配制杂交组合所形成的品系聚成 2 个亚类;D9946R × 97-46 配制杂交组合代号为 8~10 单独聚为第 2 个亚类;D9946 与浩油 11 号杂交形成的品系代号 56~59 单独聚为一类,为第 3 个亚类;D9946R × 97-46 配制杂交组合大部分品系分别聚成不同的 3 个亚类;第 7 个亚类是由 D9946R × 浩油 11 号配制杂交组合代号为 51~55 组成,这个亚类与 2 个甘蓝型亲本、10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种之间的亲缘关系最远,也说明利用甘蓝型油菜同白菜型油菜种间杂交培育出来的新型甘蓝型油菜品种具有丰富的差异。

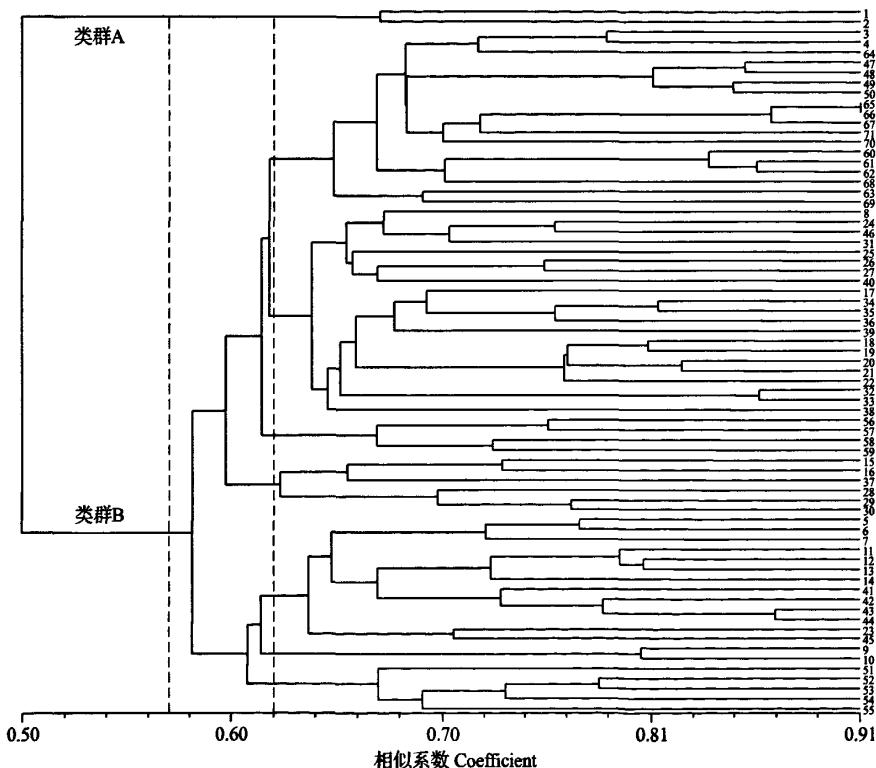


图 3 基于 SSR 标记与 SRAP 标记的聚类图
Fig. 3 Dendrogram based on SSR and SRAP markers

2.3 新型甘蓝型油菜遗传成分分析

对 55 份新型甘蓝型油菜进行了遗传成分分析(表 2)。55 份新型甘蓝型油菜中,各品系所占总带数的比率不同,甘蓝型带所占比率为 29.46%~44.35%,白菜型带占总带数的比率为 8.63%~25.87%,新型带所占比率为 16.00%~29.55%,两亲本共有的带型所占比率为 13.71%~28.68%,甘蓝型特有带所占比率高于其他 3 种带型所占比率。

2.4 白菜型带所占比率与其对应两个亲本之间遗传距离的相关分析

把对 55 份新型甘蓝型油菜中含有白菜型带所占比率与其对应亲本之间的遗传距离进行相关分析,结果表明白菜型带所占比率与其和白菜型亲本之间的遗传距离的相关系数为 -0.52,达到极显著水平;白菜型带与甘蓝型亲本之间的遗传距离的相关系数为 0.31,达到显著水平。

表2 55个新型甘蓝型油菜品种的3种带型占总带数的比率

Table 2 The rate and the number of 3 bands in 55 new type of *B. napus*

编号 Code	品(种)系来源 Origin	总带数 Total bands	白菜型 <i>B. campestris</i> type		甘蓝型 <i>B. napus</i> type		新型 New type	
			带数 No.	比率(%) Rate	带数 No.	比率(%) Rate	带数 No.	比率(%) Rate
7	D9946×97-46	143	37	25.87	47	32.87	36	25.17
53	D9946×浩油11	138	35	25.36	42	30.43	35	25.36
58	D9946×浩油11	139	34	24.46	48	34.53	30	21.58
57	D9946×浩油11	127	31	24.41	40	31.50	33	25.98
45	D9946×97-46	124	30	24.19	41	33.06	36	29.03
46	D9946×97-46	137	33	24.09	43	31.39	36	26.28
34	E144×97-46	125	30	24.00	49	39.20	20	16.00
52	D9946×浩油11	134	32	23.88	40	29.85	39	29.10
55	D9946×浩油11	134	32	23.88	40	29.85	36	26.87
54	D9946×浩油11	135	32	23.70	45	33.33	34	25.19
6	D9946×97-46	138	31	22.46	46	33.33	36	26.09
59	D9946×浩油11	141	31	21.99	50	35.46	31	21.99
35	E144×97-46	128	28	21.88	48	37.50	21	16.41
5	D9946×97-46	136	29	21.32	43	31.62	38	27.94
56	D9946×浩油11	129	27	20.93	38	29.46	38	29.46
9	D9946×97-46	126	26	20.63	42	33.33	33	26.19
13	D9946×97-46	131	27	20.61	47	35.88	32	24.43
44	D9946×97-46	142	29	20.42	48	33.80	38	26.76
40	E144×97-46	134	27	20.15	53	39.55	26	19.40
42	D9946×97-46	148	29	19.59	49	33.11	40	27.03
43	D9946×97-46	134	26	19.40	48	35.82	34	25.37
12	D9946×97-46	116	22	18.97	43	37.07	26	22.41
14	D9946×97-46	132	25	18.94	47	35.61	33	25.00
51	D9946×浩油11	132	25	18.94	40	30.30	39	29.55
49	D9946×浩油11	127	24	18.90	50	39.37	32	25.20
17	E144×浩油11	123	23	18.70	49	39.84	28	22.76
39	E144×97-46	135	25	18.52	52	38.52	28	20.74
41	D9946×97-46	133	24	18.05	45	33.83	32	24.06
19	E144×浩油11	122	22	18.03	48	39.34	26	21.31
10	D9946×97-46	123	22	17.89	46	37.40	31	25.20
24	E144×浩油11	138	24	17.39	49	35.51	30	21.74
8	D9946×97-46	127	22	17.32	47	37.01	33	25.98
48	D9946×浩油11	133	23	17.29	52	39.10	39	29.32
29	E144×浩油11	129	22	17.05	48	37.21	24	18.60
32	E144×97-46	129	22	17.05	55	42.64	21	16.28
27	E144×浩油11	141	24	17.02	55	39.01	30	21.28
16	E144×浩油11	124	21	16.94	48	38.71	20	16.13
36	E144×97-46	124	21	16.94	55	44.35	21	16.94
33	E144×97-46	126	21	16.67	50	39.68	23	18.25
31	E144×97-46	127	21	16.54	55	43.31	24	18.90
30	E144×浩油11	129	21	16.28	51	39.53	24	18.60
38	E144×97-46	123	20	16.26	51	41.46	26	21.14
26	E144×浩油11	125	20	16.00	47	37.60	30	24.00
18	E144×浩油11	119	19	15.97	51	42.86	26	21.85
25	E144×浩油11	120	19	15.83	42	35.00	27	22.50
47	D9946×浩油11	122	19	15.57	53	43.44	32	26.23
22	E144×浩油11	135	21	15.56	54	40.00	29	21.48
28	E144×浩油11	145	22	15.17	58	40.00	31	21.38
37	E144×97-46	129	19	14.73	49	37.98	27	20.93
20	E144×浩油11	132	18	13.64	55	41.67	29	21.97
21	E144×浩油11	122	16	13.11	51	41.80	25	20.49
50	D9946×浩油11	123	16	13.01	51	41.46	31	25.20
15	E144×浩油11	136	17	12.50	49	36.03	31	22.79
23	E144×浩油11	122	14	11.48	47	38.52	27	22.13
11	D9946×97-46	139	12	8.63	45	32.37	36	25.90

按白菜型带所占比率由大到小排序。The order followed by the rate of *B. campestris* bands

2.5 遗传距离排前 20 位的品系及来源分析

对试验材料之间的遗传距离及其来源进行分析(除与 2 个白菜型亲本间),这些品系中遗传距离排前 20 位如表 3 所示,新型与新型之间的遗传距离排前 14 位,新品系 E144F × 97-46 和 D9946R × 97-46 之间遗传距离最大,为 0.544;天然型与新型之间

的遗传距离排后 6 位,最大为 0.539,是 E144B 与 D9946R × 97-46 杂交所得到的;天然型与天然型之间的遗传距离都不在前 20 位,说明通过青藏高原白菜型油菜与甘蓝型油菜种间杂交拓宽了现有早熟甘蓝型油菜遗传基础。

表 3 遗传距离排前 20 位的品系及其来源分析

Table 3 Two origins and their sources about genetic distance ranked top 20

排名 Ranking	两品系 Two strains		类型 Type	遗传距离 Genetic distance
1	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
2	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
3	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
4	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
5	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
6	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
7	D9946R × 97-46	E144F × 97-46	新型	新型
8	D9946R × 浩油 11 号	E144F × 97-46	新型	新型
9	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
10	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
11	E144F × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
12	E144F × 浩油 11 号	D9946R × 97-46	新型	新型
13	D9946R × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
14	D9946R × 97-46	D9946R × 97-46	新型	新型
15	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型
16	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型
17	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型
18	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型
19	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型
20	E144B	D9946R × 97-46	天然	新型

3 讨论

SSR 和 SRAP 2 种分子标记聚类结果与材料实际的遗传背景相一致。说明 10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种之间的遗传差异较小,新品系与天然品种之间具有一定的遗传差异;这些材料遗传多样性差异可能与参试材料背景和份数多少有关^[17]。来源于同一组合的品种被划分到不同的亚类,没有完全聚到一起,表明新品系之间遗传差异较大,这可能也与后代中导入白菜型遗传成分多少有关^[18],

聚类结果还表明,由 D9946R × 浩油 11 号杂交组合所得的品种编号为 47 ~ 50 单独聚在一类,它们与 2 个甘蓝型亲本之间的距离较近;编号为 51 ~ 55 单独聚在一类,这些品种与 2 个甘蓝型亲本、10 个天然早熟双低甘蓝型油菜品种之间的遗传距离相对

较远。说明它们与其他品种之间的遗传差异相对较大,为早熟甘蓝型杂交育种和强优势组合的亲本选配提供理论依据。

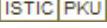
各品种不同带型所占比率不同,甘蓝型带所占比率大于白菜型和特异性带所占比率。这可能与甘蓝型油菜和白菜型油菜的染色体组成有关,白菜型油菜遗传成分导入到甘蓝型油菜中只能取代部分甘蓝型油菜中染色体 AACC 中的 AA,符合遗传学规律。对各品种中含有白菜型带所占比率与其对应两个亲本之间的遗传距离进行相关分析,结果发现青藏高原白菜型油菜 AA 染色体组与天然早熟甘蓝型油菜 AA 染色体组具有较大差异。对试验材料之间的遗传距离及其来源进行分析,也进一步说明利用青藏高原白菜型油菜可以有效拓宽现有早熟甘蓝型春油菜的遗传基础。综上所述,如果对这些早熟新

型甘蓝型油菜品系与青藏高原白菜型油菜再杂交，可能会进一步拓宽它们之间的遗传距离。因此，育种水平要想取得突破性进展，必须加强种质资源的创新工作，充分挖掘有益的遗传基础，进行亲本材料的创新，拓宽遗传改良的种质基础^[19]。

参考文献

- [1] Brandle J E, McVetty P B E. Geographical diversity parental selection and heterosis in oilseed rape [J]. *Cana J Plant Sci*, 1990, 70:935-940
- [2] 刘平武. 甘蓝型油菜人工合成种及杂交种亲本遗传多样性评价与研究[D]. 武汉: 华中农业大学农学院, 2004
- [3] Girke A, Beeker H C, Engqvist G. Resynthesized rapeseed as a new gene pool for hybrid breeding [C]//Proc 10th Int Rapeseed Congress. Australia: Canberra, 1999
- [4] Riaz A, Li G, Quresh Z. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance [J]. *Plant Breed*, 2001, 120:411-415
- [5] Yu C Y, Hu S W, Zhao H X. Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110:511-518
- [6] 蔡以欣, 杨树青. 芸苔属植物油菜的新种合成及其细胞学研究Ⅶ: 欧洲油菜×广东小油菜 F₂群体性状与染色体数间的相关性研究[J]. 遗传学报, 1979, 6(1):64
- [7] 刘后利. 油菜的遗传和育种[M]. 上海: 科学技术出版社, 1985
- [8] 杜德志, 李秀萍. 特早熟双低甘蓝型油菜杂交种的选育[J]. 西北农业学报, 2003, 12(1):1-4
- [9] 杜德志, 刘青元, 李秀萍, 等. 特早熟双底油菜杂交种青杂3号的选育[J]. 中国油料作物学报, 2004, 26(1):66-68
- [10] 杜德志, 姚艳梅, 胡琼, 等. 新型特早熟春性甘蓝型油菜的遗传多样性及其杂种优势的研究[J]. 中国油料作物学报, 2009, 31(2):114-121
- [11] Saghai-Maroof M A, Soliman K M, Jorgenson R. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1984, 81:8014-8018
- [12] Tautz D. Hypervariability of simple sequence as general source for polymorphic DNA markers [J]. *Nucleic Acids Res*, 1989, 12: 6463-6467
- [13] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103:455-461
- [14] Sneath P H A, Sokal R R. Numerical taxonomy [M]. San Francisco: WH Freeman, 1973
- [15] Rohlf F J. NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 1.80 [M]. New York: Exeter publication, 1990
- [16] Nei M, Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1979, 76:5256-5273
- [17] 徐东旭, 姜翠棉, 宗绪晓. 蚕豆种质资源形态标记遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4):399-406
- [18] 姚艳梅. 特早熟春性甘蓝型油菜的遗传多样性及其杂种优势的研究[D]. 青海: 青海大学农学院, 2008
- [19] 田伯红. 谷子地方品种和育成品种的遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2):224-228

青藏高原早熟甘蓝型春油菜遗传资源研究

作者: 张晓梅, 姚艳梅, 徐亮, 杜德志, ZHANG Xiao-mei, YAO Yan-mei, XU Liang, DU De-zhi
作者单位: 张晓梅, 姚艳梅, 徐亮, ZHANG Xiao-mei, YAO Yan-mei, XU Liang(青海大学农林科学院春油菜研究所/国家油菜改良青海分中心/青海省高原作物种质资源创新与利用重点实验室, 西宁, 810016), 杜德志, DU De-zhi(青海大学农林科学院春油菜研究所/国家油菜改良青海分中心/青海省高原作物种质资源创新与利用重点实验室, 西宁, 810016; 西宁市蔬菜研究所, 西宁, 810016)
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES
年, 卷(期): 2011, 12(3)

参考文献(19条)

1. 田伯红 谷子地方品种和育成品种的遗传多样性研究 2010(02)
2. 姚艳梅 特早熟春性甘蓝型油菜的遗传多样性及其杂种优势的研究 2008
3. 徐东旭;姜翠棉;宗绪晓 蚕豆种质资源形态标记遗传多样性分析 2010(04)
4. Nei M;Li W Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [外文期刊] 1979
5. Rohlf F J NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, vention 1.80 1990
6. Sneath P H A;Sokal R R Numerical taxonomy 1973
7. Li G;Quiros C F Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction:its application to mapping and gene tagging in Brassica 2001
8. Tautz D Hypervariability of simple sequence as general source for polymorphic DNA markers 1989
9. Saghai-Marof M A;Soliman K M;Jorgenson R Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley:mendelian inheritance,chromosomal location, and populaion dynamics 1984
10. 杜德志;姚艳梅;胡琼 新型特早熟春性甘蓝型油菜的遗传多样性及其杂种优势的研究 2009(02)
11. 杜德志;刘青元;李秀萍 特早熟双底油菜杂交种青杂3号的选育 2004(01)
12. 杜德志;李秀萍 特早熟双低甘蓝型油菜杂交种的选育 2003(01)
13. 刘后利 油菜的遗传和育种 1985
14. 蔡以欣;杨树青 芸苔属植物油菜的新种合成及其细胞学研究VII:欧洲油菜×广东小油菜F2群体性状与染色体数间的相关性研究 1979(01)
15. Yu C Y;Hu S W;Zhao H X Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus L.*) 2005
16. Riaz A;Li G;Quresh Z Genetic diversity of oilseed Brassica napus inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance 2001
17. Cirke A;Beeker H C;Engqvist G Resynthesized rapeseed as a new genepool for hybrid breeding 1999
18. 刘平武 甘蓝型油菜人工合成种及杂交种亲本遗传多样性评价与研究 2004
19. Brandle J E;McVetty P B E Geographical diversity parental selection and heterosis in oilseed rape 1990

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201103007.aspx