



油菜品种及高油育种材料遗传多样性 SSR 分析

李晓荣, 张菁雯, 赵燕妮, 徐献锋, 胡玉梅, 于澄宇*

(西北农林科技大学 农学院, 陕西杨陵 712100)

摘要:通过 SSR 标记分析 91 份油菜品种、骨干亲本和高油自交系, 以及作为参考物种的芥菜型油菜、白菜型油菜、埃塞俄比亚芥等 8 份材料之间的亲缘关系及遗传多样性, 为油菜杂种优势利用育种提供理论依据。筛选 48 对 SSR 引物对 99 份参试材料进行扩增, 共检测到 255 个多态性条带。UPGMA 聚类将 99 份材料聚为 5 组: 第 I 组包括 89 个材料, 均为甘蓝型油菜; 第 II 组有埃塞俄比亚芥和‘G8 白’2 个白花材料; 第 III 组包括 4 个芥菜型材料; 第 IV 组包括 3 个白菜型材料; 第 V 组仅有‘秦芥 2008’。第 I 组 89 个甘蓝型油菜又可分为 5 个亚组。第 i 亚组包括 43 个材料, 主要为陕西的恢复系、华中农业大学和浙江材料; 第 ii 亚组包括 9 个材料, 以陕西材料为主; 第 iii 亚组包括 12 个材料, 以贵州和国外材料为主; 第 iv 亚组包括 19 个材料, 主要为中国农科院油料作物所、浙江农科院和安徽的材料; 第 v 亚组包括‘浙油 758’、‘147C’等 6 个材料。而且来自同一育种单位的大部分材料具有较高相似性, 这可能是由于育种单位频繁使用少数核心骨干亲本所造成的。

关键词:油菜; 遗传多样性; SSR; 含油量

中图分类号: Q789

文献标志码: A

Genetic Diversity of Rapeseed Varieties and High-oil Inbred Lines Using SSR Markers

LI Xiaorong, ZHANG Jingwen, ZHAO Yanni, XU Xianfeng, HU Yumei, YU Chengyu*

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: In this study, genetic relationship and diversity based on SSR markers were investigated in 91 rapeseed accessions including registered varieties, backbone parents, and high-oil inbred lines, as well as 8 references from *Brassica juncea*, *B. campestris* and *B. carinata*. 48 pairs of selected SSR primers from A and C genomes were employed and 255 polymorphic bands were detected. UPGMA clustering showed that 99 accessions were divided into 5 groups. The largest group, group I included 89 *B. napus* materials. Group II only included 2 white flower accessions named Ethiopia mustard and G8. Group III consisted of 4 *B. juncea* landraces. Group IV were 3 *B. campestris* landraces and group V contained only a mustard named Qinjie 2008, respectively. The 89 *B. napus* in group I could be further divided into 5 subgroups. Subgroup 1 included 43 materials, most of which were restorer lines from Shaanxi and materials from Huazhong Agricultural University and Zhejiang. Subgroup 2 had 9 materials mainly from Shaanxi. 12 materials were included in subgroup 3 and most of them were Guizhou and foreign materials. Subgroup 4 consisted of 19 materials mainly from Oil Crops Research Institute, CAAS, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, and Anhui. Subgroup 5 included 6 materials, such as Zheyou 758 and 147C. Most materials from same institutions had a higher similarity. The reason might be that these varieties or lines were bred with limited core

收稿日期: 2014-08-04; 修改稿收到日期: 2014-11-27

基金项目: 教育部新世纪优秀人才 (NECT-10-0693); 中央高校基本科研业务费 (QN2013084)

作者简介: 李晓荣 (1984—), 女, 在读硕士研究生, 主要从事作物遗传育种研究。E-mail: nabie886@163.com

* 通信作者: 于澄宇, 博士, 副研究员, 硕士生导师, 主要从事油菜遗传育种研究。E-mail: yu1009@nwsuaf.edu.cn

inbred lines. The results could offer helpful information for rapeseed breeding and utilization of heterosis.

Key words: rapeseed; genetic diversity; SSR; oil content

甘蓝型油菜(*Brassica napus* L. AACC=38)是世界上重要的油料作物,是芸薹(*Brassica campestris* L. AA=20)和甘蓝(*B. oleracea* L. CC=18)的种间杂交复合种^[1],但其遗传变异程度远不如其祖先种白菜和甘蓝丰富,充分利用两个祖先种的基因资源可以扩大其遗传多样性^[2]。遗传多样性是指各群体间和群体内不同个体间的遗传变异的总和^[3],对育种材料进行遗传多样性分析,不仅可以揭示育种材料间的亲缘关系,为后续材料改良和品种选育提供参考,而且也是挖掘优异等位基因、选择特殊材料、进行种质资源合理保存的基础。目前常用于遗传多样性分析的分子标记主要有 SSR、AFLP、ISSR 等,其中 SSR 具有分布广、易扩增、重复性好、多态性高、共显性等特点而广泛运用于油菜种质资源的研究^[4]。SSR 在油菜上主要用于分析种质资源的遗传多样性^[5-8]、群体结构^[9]、筛选核心种质^[10]和构建连锁图谱^[11]等。

目前中国油菜育种的主要方法为杂种优势利用,并结合了油菜的双低、高产和高含油量等育种目标^[12]。杂种优势利用首先要求选育一批性状优良的自交系,为了获得高产优质杂交组合,这些自交系必须具有较高的遗传多样性。遗传距离是度量亲本遗传差异的有效参数,据之可将亲本较好地分类^[13-14]。一般认为,植物亲本材料的遗传距离与其杂种优势或杂种表现可能具有一定的相关性,而油菜的遗传距离与杂种优势是否具有相关性争议较大,但是育种实践表明亲本间适当的遗传距离是获得较高杂种优势的必要条件^[15]。因此对主要栽培品种、重要自交系进行遗传多样性和遗传结构分析,判断其亲缘关系,评价它们的异质性,划分杂交优势群是选出优良自交系及杂交种的关键。高含油量材料的创制与应用是当前中国油菜品种改良的一个主攻方向,使得各个育种单位的材料快速更新换代,高含油量油菜品种的选育也取得突破,如‘中双 11 号’、‘浙油 50’、‘秦优 88’等在区域试验中籽粒含油量都已接近 50%。西北农林科技大学油菜研究中心近年来通过定向选择、从引进杂交组合中系谱选育、高强度品种间杂交等方法选育了一批高含油量育种材料,比传统育种材料提高 3~10 个百分点。但是这些材料的遗传构成及亲缘关系尚不明确,因此剖析其遗传多样性是当前迫切任务。本研究主要

以甘蓝型油菜新育种材料为研究对象,通过 SSR 分子标记检测,分析引进材料和培育自交系之间的亲缘关系、遗传多样性,为油菜杂种优势利用育种提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

近年来西北农林科技大学油菜研究中心选育的骨干亲本、高含油量自交系和引进品种等 91 份,以及作为参考的芥菜型油菜、白菜型油菜和埃塞俄比亚芥等 8 份芸薹属近缘种,材料信息见表 1。所有材料于 2012 年秋季播种于西北农林科技大学杨凌试验田,每个材料种 1~3 行,田间管理同大田生产。

1.2 SSR 分析

花蕾期选择 5 个正常植株,混合法取嫩叶约 0.50 g,存放于-80℃冰箱。改良 CTAB^[16]法提取总 DNA,0.8%的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量,用 TE 溶液稀释 10 μL DNA 母液至 50~100 ng/μL 储存于 4℃冰箱用于扩增,其余存放于-20℃冰箱备用。

从已开发的甘蓝 C 组和白菜 A 组染色体 SSR 标记中选取均匀分布于 19 条染色体上的 160 对引物,包括 BoGMS 系列、cnu_m 系列和 nia_m 系列,引物系列、名称参考相关文献^[17-19],由北京奥科鼎盛生物科技有限公司合成。用 48 份材料筛选出多态性高、条带清晰的 48 对引物对所有材料进行扩增分析,其中 25 对为 A 基因组,23 对为 C 基因组。PCR 反应体系为 10 μL,包含 1 μL DNA(约 100 ng),3 μL ddH₂O,上下游引物各 0.5 μL(50 ng/μL)和 5 μL Reaction Mix(康为公司合成)。PCR 程序为 94℃预变性 4 min;94℃变性 45 s,52~60℃退火 45 s,72℃复性 1 min,共 35 个循环;最后 72℃延伸 7 min,4℃保存。PCR 产物用 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,电压 150 V,电流 70~80 mA,时间 2 h。银染法染色分析,观察拍照并记录。

1.3 数据统计和分析

统计电泳明晰的条带,以 Marker 为参照在相同的迁移率上按每个样品扩增条带有无记为“1”或“0”,在 Excel 中列出“0,1”二元数据矩阵。计算基于 A 组和 C 组标记的遗传相似系数(GS),公式为:

$$GS=2N/(N_i+N_j)$$

式中, N 表示 i 和 j 材料的公共条带数; N_i 表示 i 材料中扩增的条带数; N_j 表示 j 材料中扩增的条带数。在 NTSYS pc. 2.1 软件中构建 UPGMA(非加权算术平均)聚类图。

表 1 材料编号、系谱和来源
Table 1 Code, pedigree and origin of materials

编号 Code	材料名称 Name	种 Species	系谱 Pedigree	来源 Origin
1	Huiyou 50S	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	汇油 50 Huiyou 50	上海 Shanghai
2	CH42-SI	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	华油杂 95 Huayouza 95	华中农业大学 HAU
3	中双 9 号 Zhongshuang 9	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Zhongyou 821/84004//Zhongshuang 4	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
4	中双 6 号 Zhongshuang 6	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	9328/(Zhongyou 119, 220, 9548, 9558)	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
5	中双 7 号 Zhongshuang 7	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Topas/84001//821	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
6	中双 5 号 Zhongshuang 5	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	84039/84001//821	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
7	Arm	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Armanda	加拿大 Canada
8	浙油 18 Zheyou 18	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Ningyou 7/Marnoo//Huyou 15	浙江农科院 Zhejiang AAS
9	浙油 17 Zheyou 17	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Zheshuang 6/G166	浙江农科院 Zhejiang AAS
10	浙油 601 Zheyou 601	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	浙油 601 Zheyou 601	浙江农科院 Zhejiang AAS
11	浙油 50 Zheyou 50	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Huyou 15/Zheshuang 6	浙江农科院 Zhejiang AAS
12	浙油 51 Zheyou 51	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	9603/Ningyou 10	浙江农科院 Zhejiang AAS
13	浙油 21 Zheyou 21	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Huyou 15/Zheshuang 6	浙江农科院 Zhejiang AAS
14	浙大 619 Zheda 619	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	(319/Gaoyou 605)F5//Jian 6	浙江大学 Zhejiang University
15	中双 11 Zhongshuang 11	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	(Zhongshuang 9/2F10)//26102	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
16	A35	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	84001	云南 Yunan
17	X 矮 Dwarf	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	恢复系 Restorer	西北农林科技大学 NWAUFU
18	Polo	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Polo	波兰 Poland
19	中双 12 Zhongshuang 12	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	83170/Zhongshuang 4//98018	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
20	中油 589 Zhongyou 589	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Zhongshuang 9/Zhongshuang 2//1008	中国农科院油料所 OCRI, CAAS
21	国盛油 6 号 Guoshengyou 6	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	国盛油 6 号 Guoshengyou 6	安徽国盛种业 Guosheng Seed, Anhui
22	国华油 1208 Guohuayou 1208	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	02-58/U1-4	安徽丰乐种业 Fengle Seed, Anhui
23	楚 0708 Chu 0708	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	—	湖北荆楚种业 Jingchu Seed, Hubei
24	华浙油 10 号 Huazheyou 10	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	—	安徽 Anhui
25	油研 10 号 Youyan 10	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	油研 10 号 Youyan 10	贵州省农科院 Guizhou AAS
26	宝油 85 Baoyou 85	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	宝油 85 Baoyou 85	贵州省农科院 Guizhou AAS
27	QJ5005	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	黔油 28 Qianyou 28	贵州省油料研究所 Guizhou OCRI
28	Qz052	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	黔黄油 21 Qianhuangyou 21	贵州省油料研究所 Guizhou OCRI
29	Sapphire	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	AV Sapphire	澳大利亚 Australia
30	CB Boomer	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	CB Boomer	澳大利亚 Australia
31	YH2	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	渝黄 2 号 Yuhuang 1	西南大学 Southwest University
32	双 1 Shuang 1	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	双油杂 1 号 Shuangyouza 1	河南农科院 Henan AAS
33	Slog9	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Slogan/Youyan 9	西北农林科技大学 NWAUFU
34	D4818	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	油研 818 Youyan 818	贵州省农科院 Guizhou AAS
35	盐杂 3 号 Yanza 3	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	盐杂 3 号 Yanza 3	盐城农科院 Yancheng AAS
36	Q33-1	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 33 Qinyou 33	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
37	E718	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	E718	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
38	D610	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦荣 2 号 Qinrong 2	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
39	D611	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦荣 2 号 Qinrong 2	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
40	Ramiro	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Ramiro	Raps Gbr. Saatzzucht, Germany
41	Mohican	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Mohican	英国 Britain
42	Solida	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Solida	捷克 Czech
43	CDH	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Unkown	法国 France
44	H15R	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	沪油 15 Huyou 15	西北农林科技大学 NWAUFU
45	B351 长 B351long	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 19 Qinyou19	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
46	D636R	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	杂油 66 Zayou 66	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
47	D615	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	杂油 66op Zayou 66op	陕西省杂交油菜中心 RCHR, Shaanxi
48	2006C	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	2006F6	西北农林科技大学 NWAUFU
49	Q211	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Qinyan 211	西北农林科技大学 NWAUFU
50	Fu	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	富油 1 号 Fuyou1	西北农林科技大学 NWAUFU

续表 1 Continued Table 1

51	Q8 II	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 8 号 Qinyou 8	西北农林科技大学 NWAUFU
52	169C	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 6 号 Qinyou 6	西北农林科技大学 NWAUFU
53	Q923	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 7 号 Qinyou 7	西北农林科技大学 NWAUFU
54	Q6	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 6 号 Qinyou 6	西北农林科技大学 NWAUFU
55	Q10	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 10 号 Qinyou 10	咸阳农科院 Xianyang AAS
56	147C	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 9 号 Qinyou 9	咸阳农科院 Xianyang AAS
57	S8II	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	陕油 8 号 Shaanyou 8	西北农林科技大学 NWAUFU
58	豫油 2 号 Yuyou 2	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	7818/Marnoo//QVa	河南农科院 Hena AAS
59	双油 8 号 Shuangyou 8	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	P087/99281	河南农科院 Hena AAS
60	G8 白 G8 white	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	杂油 21F6 Zayou 21F6	西北农林科技大学 NWAUFU
61	秦优 99 Qinyou 99	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 99 Qinyou 99	陕西省杂交油菜中心 RCHR,Shaanxi
62	盐杂 76 Yanza 76	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	盐杂 76 Yanza 76	西北农林科技大学 NWAUFU
63	花叶 740 Huaye 740	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Qin 9/huayehui//740C	西北农林科技大学 NWAUFU
64	ZY530	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	陕油 16 Shaanyou 16	西北农林科技大学 NWAUFU
65	2006-6707	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	2006F/R6707	西北农林科技大学 NWAUFU
66	86155	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	中油杂 18 Zhongyouza 18	中国农科院油料所 OCRI,CAAS
67	86P25	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	86P25	中国农科院油料所 OCRI,CAAS
68	H9958 黄 H9958 yellow	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	广源 58op Guangyuan 58op	华中农业大学 HAU
69	EXT66	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Executive/Zayou 66	西北农林科技大学 NWAUFU
70	中 508 Zhong 508	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	华航 901 Huahang 901	华中农业大学 HAU
71	沪油 21 Huyou 21	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	9714/9711//84004/8920	上海农科院 Shanghai AAS
72	Sap50	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Sapphire/浙油 50	西北农林科技大学 NWAUFU
73	秦优 26 Qinyou 26	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 26 Qinyou 26	陕西省杂交油菜中心 RCHR,Shaanxi
74	杂优 105 Zayou 105	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	杂优 105 Zayou 105	陕西省杂交油菜中心 RCHR,Shaanxi
75	杂 2013 Za 2013	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	秦优 88 Qinyou 88	陕西省杂交油菜中心 RCHR,Shaanxi
76	扬油 4 号 Yangyou 4	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	2051/Yangyou 1//Zheng 8705	扬州农科院 Yangzhou AAS
77	盐油 2 号 Yanyou 2	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	盐 6055 Yan 6055	盐城农科院 Yancheng AAS
78	浙油 758 Zheyou 758	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	S7/84004	浙江农科院 Zhejiang AAS
79	浙双 6 号 Zheshuang 6	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Jie 65[(Zheyou 7/Marnoo)F4]// Shuang 8[(Yang 2008/Lu 6)F6]	浙江农科院 Zhejiang AAS
80	黄斑芥 Huangban jie	芥菜型油菜 <i>B. juncea</i>	Landrace	西北农林科技大学 NWAUFU
81	闻喜黄芥 Wenxi huangjie	芥菜型油菜 <i>B. juncea</i>	Landrace	山西闻喜 Wenxi,Shanxi
82	陕北黄芥 Shaanbei huangjie	芥菜型油菜 <i>B. juncea</i>	Landrace	陕西定边 Dingbian,Shaanxi
83	雅油 1 号 Yayou 1	白菜型油菜 <i>B. campestris</i>	Landrace	四川雅安 Yaan,Sichuan
84	沐阳 rapa Shuyang rapa	白菜型油菜 <i>B. campestris</i>	Landrace	江苏沐阳 Shuyang,Jiangsu
85	冬油 1 号 Dongyou 1	白菜型油菜 <i>B. campestris</i>	82-2-1/74-1	甘肃宁县 Ningxian,Gansu
86	扬油 6 号 Yangyou 6	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Jian15/Canada 2//Marnoo// Yangyou1/CHR1617	扬州农科院 Yangzhou AAS
87	镇油 5 号 Zhenyou 5	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	9701//Su8518/94Y16	镇江农科院 Zhenjiang AAS
88	宁油 14 Ningyou 14	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Zhongyou119/Hu9005	江苏农科院 Jiangsu AAS
89	苏油 1 号 Suyou 1	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Rongxuan/372//Wesroona	苏州农科院 Suzhou AAS
90	苏油 4 号 Suyou 4	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	(Su178/2051)F2//Su178	苏州农科院 Suzhou AAS
91	高油 605 Gaoyou 605	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	695/Norin18	浙江大学 Zhejiang University
92	美国油菜 America rape	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Landrace	江苏 Jiangsu
93	秦芥 2008 Qinjie 2008	芥菜型油菜 <i>B. juncea</i>	Japan guangtou mustard/Erdaomei//Erdaomei	西北农林科技大学 NWAUFU
94	秦油 3 号 Qinyou 3	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	SE8/Midas	陕西省农科院 Shaanxi AAS
95	Stellar	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Stellar	加拿大 Canada
96	阳光 2009 Yangguang 2009	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	Zhongshuang6/X22	中国农科院油料所 OCRI,CAAS
97	圣光 77 Shengguang 77	甘蓝型油菜 <i>B. napus</i>	轮回选择 Recurrent selection	华中农业大学 HAU
98	金丝芥 Jinsijie	芥菜型油菜 <i>B. juncea</i>	Landrace	上海 Shanghai
99	白花埃芥 White carinata	埃塞俄比亚芥 <i>B. carinata</i>	Landrace	埃塞俄比亚 Ethiopia

注:—,表示系谱未知;AAS. 农科院;OCRI. 油料研究所;NWAUFU. 西北农林科技大学;HAU. 华中农业大学;RCHR. 杂交油菜中心;CAAS. 中国农科院。

Note:—, Means unknown pedigree; AAS. Academy of Agriculture Science; OCRI. Oil Crops Research Institute; NWAUFU. Northwest A&F University; HAU. Huazhong Agriculture University; RCHR. Research center of hybrid rapeseed; CAAS. Chinese Academy of Agriculture Science.

2 结果与分析

2.1 SSR 引物多态性分析

用筛选的 48 对 SSR 引物对 99 份参试材料进行扩增,共检测到 336 个清晰条带,其中 255 个具有多态性,占总数 69.67%(图 1)。如表 2 所示,A 组染色体的 25 对引物共检测到 186 个清晰条带,其中 153 个条带在不同材料中有差异,多态性比率为 82.26%。条带数为 3~11,平均每对引物扩增的条带数为 7.44 个,以 nia_m103(11) 最多。多态性条带为 1~11 个,平均为 6.25 个。其中 nia_m060(10)、cnu_m052(10)、nia_m034(9) 和 nia_m103(11) 引物不仅扩增条带多,且有 100% 多态性比率,表明其标记具有高效性。23 对 C 组染色体 SSR 引物共扩增到清晰条带 150 个,102 个具有多态性,多态性比率为 68.00%。引物条带数为 3~10 个,平均每对引物为 6.50 个,以 BoGMS1394(10) 和 BoGMS0867(10) 最多,其次是 BoGMS0847(9) 和 BoGMS1171(9)。多态性条带为 2~10,平均每对引物为 4.42 个,BoGMS0867(10) 最多,BoGMS0847(9) 次之,BoGMS1240 等 8 对引物只有 2 个多态性条带。BoGMS0867、BoGMS0847 和 BoGMS1171 等 3 对引物具有扩增性好,多态性高的特点,可作为核心引物。表 2 结果显示,A 组染色体上的 SSR 引物扩增和多态性比率均高于 C 组。

2.2 相似系数分析

统计 48 对 SSR 引物扩增结果的相似系数(GS),发现 99 份育种材料的成对相似系数变幅为 0.500 0~0.904 8。其中相似系数最小的 2 个品种为‘沐阳 rapa’和‘楚 0708’,相似系数为 0.500 0;‘沐阳 rapa’与‘浙油 18’、‘国盛油 6 号’和‘浙大 619’的相似系数也较小,均为 0.507 9。相似度最高

的品种为‘秦荣 2 号’和‘秦荣 3 号’,达到 0.904 8,这 2 个材料均来自陕西省杂交油菜中心。其次分别为‘浙油 17’和‘浙油 18’、‘浙油 50’和‘浙油 51’,相似系数均为 0.900 8,均来自浙江农科院。

将相似系数划分成 5 个区间进行统计分析结果(表 3)显示,相似系数在 0.600 0~0.799 9 区间内所占的比例高达 92.08%,包括了大部分材料;0.800 0~0.899 9 区间内有 134 个,占总数的 2.76%;仅有 233 个相似系数小于 0.600 0,占总数的 4.60%,说明这 99 份参试油菜育种材料大部分遗传相似度较高,多样性不够丰富。

2.3 99 份油菜育种材料的聚类分析

99 份油菜育种材料分别基于 A 基因组、C 基因组为主标记进行 UPGMA 的聚类结果见表 4。

依据 25 对主要分布于 A 基因组的 SSR 引物扩增结果,99 份材料相似系数区间为 0.59~0.92,聚类分析分为 7 组。第 I 组包括 62 个材料,占有所有材料的 62.63%,其中 22 个陕西材料,8 个中国农科院油料作物研究所材料,5 个贵州材料和 7 个浙江大学材料。第 II 组包括 15 个来自 12 个不同地区的材料。第 III 组包括 8 个材料,其中 5 个材料来自陕西,包括春油菜 Polo、Stellar、D636R,而‘杂优 105’和

表 3 分别基于 A、C 组引物扩增结果的聚类群

Table 3 Groups of 99 rapeseed materials clustered based on the amplification using SSR primers in A and C genomes

区间 Range	相似系数个数 No. of coefficient	所占比率 Proportion/%
0.500 0~0.599 9	223	4.58
0.600 0~0.699 9	1 343	27.69
0.700 0~0.799 9	3 148	64.39
0.800 0~0.899 9	134	2.76
0.900 0~1.000 0	3	0.06

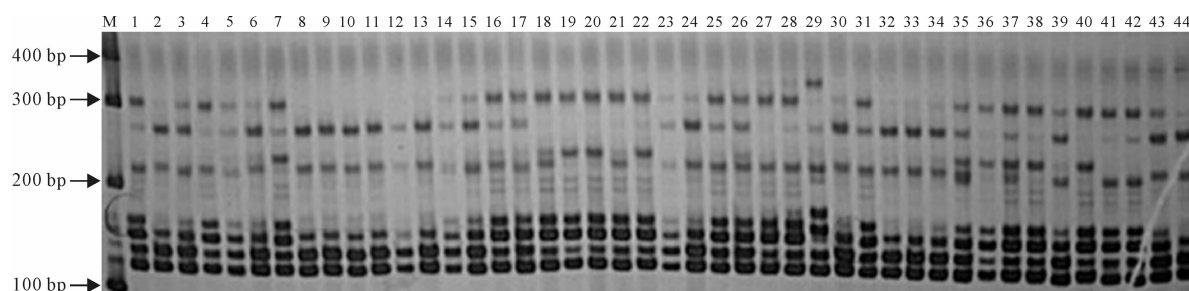


图 1 引物 BoGMS1171 在部分参试材料中的扩增

M. DNA 分子量标准;1~44. 材料编号

Fig. 1 DNA fragment amplified by primer BoGMS1171 in some materials

M. DNA marker 1;1-44. Codes of materials

D615 含有春油菜血缘,另外还有 Slog9、‘双 1’和 ‘沪油 21’。第Ⅳ组包括 7 个材料,有‘G8 白’、‘白花 埃芥’、‘金丝芥’、169C、Q923、‘H9958 黄’、‘浙双 6 号’。第Ⅴ组包括‘黄斑芥’、‘闻喜黄芥’和‘陕北黄 芥’。第Ⅵ组包括‘雅油 1 号’、‘沐阳 rapa’和‘冬油 1 号’。‘秦芥 2008’在 0.65 处与其他材料分离单独

表 2 48 对 SSR 引物信息及其对 99 份材料的扩增结果
Table 2 Information about 48 pairs of SSR primers and their amplification

引物 Primer	引物序列 Sequence	退火温度 Annealing temp. /℃	染色体 Chromosome	条带数 No. of fragments	多态性条带 No. of polymorphic fragments	多态性比例 Ratio of polymorphic fragments/%
nia_m110	F:GACAGTGGTTGAAAAAGCCA R:CATTTCAGTGAGGTTTCACCA	56	A1	7	5	71.43
nia_m070	F:CCATCCACCACACTCATCCT R:TGTTCTGCTGTTGCCTTTGA	56	A1	6	6	100.00
cnu_m139	F:TCAAGCGCAACAACATTGG R:TGGTGTTAGGGTTTAAGGTTGTGG	58	A1	6	4	66.67
cnu_m046	F:GCTAAAGGTTTAGTCCAAATAGGATTC R:GCAAAATGATGCCCATAAA	53	A2	5	5	100.00
cnu_m617	F:GGAATGCTGCTGGAAGAATC R:TTCAATTTGTCCTGCATTC	56	A2	7	6	85.71
nia_m121	F:GGATCCTCCCATAGCTCG R:CAGTCGTTGCGGGATAGA	56	A2	6	5	83.33
cnu_m098	F:TGCGACCCAAGTAGGTGAAAC R:TGTCTCTCGCTCATTTCATCCAA	58	A3	5	2	40.00
cnu_m521	F:ATCCTCCGCCATTAGTTTGA R:TTGGGACGACAAGTATGGAAC	56	A3	7	7	100.00
cnu_m225	F:TTGCGTTTTCTCGTCGTCAA R:CCCCGAGATAAATGGCACAC	58	A4	3	1	33.33
cnu_m254	F:AAGCTTGAGCTTCCAGCCTTC R:ATCAGTGCCGCCTTGAATA	60	A4	5	4	80.00
cnu_m570	F:TCTTCAGAGAGTGTGCGGTG R:GAACAAAAATGGCGGCTTTA	56	A4	9	7	77.78
nia_m060	F:CCATGCAAGAGCCTGAAGAA R:TCAGGCTGCTATTGGGGTAA	60	A4	10	10	100.00
cnu_m286	F:AGTTGCCCTATTCATGCAC R:AATGCGTTTCATGTGGGGATA	58	A5	10	9	90.00
cnu_m344	F:CCCAAATACGAAAAACAAAG R:AGGATCTCATCCGCTTTCCA	56	A5	10	9	90.00
nia_m134	F:CGCAGCCTTTTGCTTCT R:TTGCTCTCTGCAGCTTG	52	A6	8	7	87.50
cnu_m211	F:TGTAAAGTTGTGCAAGGATTGTG R:TGGGTTTGTGAAAAATATGGTGAAA	55	A6	8	5	62.50
nia_m030	F:GATCATAAGCCGAAAAAGGTTG R:TGCTCTCCTCAAGTGAATCAAA	56	A7	5	3	60.00
cnu_m273	F:ATAAGGGCATCGCCTCAACA R:TGCACGCATCCACATAAACA	56	A7	7	5	71.43
cnu_m052	F:GGAATCCTACGGAAGAGCAA R:AAGGTAACGGTGGCAGTGAG	58	A7	10	10	100.00
nia_m061	F:CGCCCTAAAGTCCGGTAGAT R:CAAAGCAAGCGTAAGAGGGA	60	A8	9	7	77.78
cnu_m537	F:TACGCATTCCGATGTTTCAC R:GCATCGTTCAAACCACAGTT	58	A8	8	6	75.00
nia_m088	F:ATTCACGAGGAATGACGTGT R:AATCGAAAAGAGCTACGGGTT	56	A9	5	3	60.00
cnu_m372	F:CCAGTGGCCAATACGAAACC R:TGATGGAGAGTGGGTTGTGC	60	A9	10	7	70.00
nia_m034	F:GTGCAAGTCAGTGCCAAAGA R:CTCGGTGGTTGAGTGAAGGT	60	A10	9	9	100.00
nia_m103	F:GCCGTTCTGACCAATAAAAA R:TTCAATGATACGGTGACGTG	56	A10	11	11	100.00
合计 Total				186	153	1 982.46
均值 Mean				7.44	6.12	79.30

续表 2 Continued Table 2

BoGMS1240	F:TCGCTTCTCTCTAATCTTCCT R:TCTGGGTCTCGCTTTATCT	56	C1	4	2	50.00
BoGMS1023	F:TATCACGACCTAACTTCTCCA R:ACCTCTCCAAATCCTTCTTC	56	C1	4	2	50.00
BoGMS1565	F:GATGACTTGGCGTTGATT R:CTGAGAGAGAAGAAGGAGAAGA	52	C1	8	4	50.00
BoGMS0961	F:GTTCTCCTTGGTGTTTGTGT R:TTCAACCTTCTCCTTCGTC	56	C2	8	7	87.50
BoGMS0661	F:ATTTGGATAGTGGATGGTG R:GAAGACATTAGGGATTGTGAA	54	C1	7	5	71.43
BoGMS1394	F:ATTGTGTCAGAGAAGGGTT R:GGTGGAAGTAGAGGAAGAAGA	54	C2	10	7	70.00
BoGMS1307	F:TGGCGATAAAGAGGAGAAC R:CGAAGAGAGAGAAACAAGAA	54	C3	4	2	50.00
BoGMS1596	F:GCACCAAGTAAAGTAAGGGAG R:GTAAGTAAATGAAGCAAGCGA	55	C2	3	2	66.67
BoGMS1598	F:CTCTTCTTGCTTCTTCCTTC R:TCTTCTCTTCCTTCCTTCCTT	56	C3	5	2	40.00
BoGMS1131	F:AGAGTTGCTGCTGTGTTTG R:ACTTGAGGAGATGGAGATGAG	56	C4	6	6	100.00
BoGMS1224	F:TCTGAGCCATTGATTGATTT R:CGAGGAAGAGAAGAGAAGAGA	54	C4	7	6	85.71
BoGMS0039	F:TGGACATTGGACATAAGGTAA R:AAGAAGTGTAATAGGCACAAGA	54	C5	5	4	80.00
BoGMS0949	F:CTCCTCCTCCTTTCATCTTC R:TTCGTCTCCCTTCTCTGTAA	58	C5	7	6	85.71
BoGMS1055	F:CGGATAGGAGAGGTTTCAG R:TGACTTTGCTTCATCTTCCA	56	C5	5	2	40.00
BoGMS0952	F:CAGTGAGTAACATTGGCTG R:CGAGAGAGAAAAGTGATGAGAG	58	C6	7	2	28.57
BoGMS1186	F:GACTGGAACGACAACGACT R:GCGGAGGTAGATTAGGGA	56	C6	5	5	100.00
BoGMS0537	F:AAGACAACATCCCTGAAGAAC R:GAGAGTCGCTGAACATAAGAA	56	C7	8	3	37.50
BoGMS1484	F:ACCTGTGTTCCTTCTATCAC R:TTGAGTCGTCCTGTTTCATT	54	C7	5	3	60.00
BoGMS1171	F:CAATCCCTAACTCTGTTTCCT R:AGCCAATCAATCACACTACAC	56	C8	9	8	88.89
BoGMS0867	F:GACTCAGACCACAAACTCA R:GCAAAGAGACTTACTTACCCA	56	C8	10	10	100.00
BoGMS0845	F:CCTTTGTCTTCTTCACTCTCC R:ACCAGGCTCTTCTTTCTCT	56	C9	7	2	28.57
BoGMS0847	F:CTCATCTTCCCTCTTCTCT R:GGTTCTGCTTGCTTACTTGA	56	C9	9	9	100.00
BoGMS1453	F:TATCCCAAACCTAAACCCTAA R:ATGAAAGCCACTCTCTCTCT	54	C9	7	3	42.86
合计 Total				150	102	1 513.41
均值 Mean				6.52	4.44	65.80

注:F.正向引物;R.反向引物。

Note:F. Forward primer;R. Reverse primer.

聚为一类。

依据 23 对主要分布在 C 基因组的 SSR 引物扩增结果,99 份材料相似系数区间为 0.62~0.96,UPGMA 聚类结果(表 4)表明,在相似系数阈值为 0.73 处可把所有材料聚为 5 组。第 I 组包括 87 个材料,占总数 87.88%;第 II 组包括来自澳大利亚的 Sapphire 和 CB Boomer 等 2 个春油菜品种;第 III 组包括来自英国的 Mohican 和来自捷克的 Solida;第

IV 组包括‘黄斑芥’、‘闻喜黄芥’、‘陕北黄芥’、‘雅油 1 号’、‘沐阳 rapa’和‘冬油 1 号’;第 V 组包括‘秦芥 2008’和‘金丝芥’。在阈值为 0.75 处又可以把第 I 组的 87 个材料分为 6 个亚组。第 i 亚组包括 15 个材料,其中包括中国农科院油料研究所的 6 个材料;第 ii 亚组包括 51 个材料,大部分为陕西材料;第 iii 亚组包括 8 个材料;第 iv 亚组包括来自云南的 A35 和陕西省杂交油菜中心的 3 个材料;第 vi 亚组包括

表 4 基于 25 对 A 组引物和 23 对 C 组引物扩增结果的聚类群

Table 4 Groups of 99 rapeseed materials clustering with 25 pairs of primers in A genome and 23 pairs of primers in C genome

SSR genome	类群 Group	亚群 Subgroup	材料 Material
A genome	I		Huiyou 50S, CH42-SI, Zhongshuang 11, Q8 II, QJ5005, 2006C, Q211, Fu, 2006-6707, 86P25, Qinyou 99, Yanza 76, Zhong 508, Yanza 3, Zheyou 18, Zheyou 17, Zheyou 50, Zheyou 51, Chu 0708, Shuangyou 8, ZY 530, Zheyou 601, Zheyou 21, Zhongshuang 9, Solida, H15R, B351 long, Ramiro, Mohican, Huaye 740, Q6, EXT66, Zhongshuang 6, Zhongshuang 7, Zhongshuang 5, Zhongshuang 12, Zhongyou 589, Zheda 619, Guoshengyou 6, Guohuayou 1208, S8 II, Yuyou 2, Arm, D4818, CDH, A35, Dwarf, Qz052, YH2, Q33-1, D610, D611, E718, 86155, Yangyou 4, Yanyou 2, Youyan 10, Baoyou 85, Qinyou 26, Saphhire, CB Boomer, Za 2013
			Huazheyou 10, Sap 50, Yangyou 6, Ningyou 14, America rape, Shengguang 77, Zhenyou 5, Suyou 4, Suyou 1, Gaoyou 605, Qinyou 3, Yangguang 2009, Q10, 147C, Zheyou 758
			Polo, D615, Stellar, D636R, Zayou 105, Slog 9, Shuang 1, Huyou 21
			G8 white, Jinsijie, White carinata, 169C, Q923, H9958 yellow, Zheshuang 6
			Huangban jie, Wenxi huangjie, Shaanbei huangjie
			Yayou 1, Shuyang rapa, Dongyou 1
			Qinjie 2008
C genome	I	i	Huiyou 50S, Zhongshuang 9, CH42-SI, H15R, B351 long, Zhongshuang 11, Zhong 508, Zhongshuang 6, Zhongshuang 7, Zhongshuang 12, Zhongyou 589, Zheyou 18, Zheyou 17, Zheyou 50, Zheyou 51
		ii	Zheyou 21, Zheda 619, S8 II, Yanyou 2, Chu 0708, Huazheyou 10, Qinyou 3, Sap 50, Ningyou 14, Zheyou 601, QJ5005, Baoyou 85, Fu, YH2, Slog9, 86155, Qinyou 26, Stellar, Shengguang 77, 169C, 2006-6707, Zayou 105, Huyou 21, 86P25, Zheshuang 6, Yangyou 6, Zhenyou 5, Yanza 76, Huaye 740, Q33-1, G8 white, H9958 yellow, Yangyou 4, D636R, D615, Shuangyou 8, 147C, Yangguang 2009, Yuyou 2, Suyou 1, Gaoyou 605, America rape, Suyou 4, Q923, 2006C, Q211, Q6, Qinyou 99, EXT66, Za2013, Q8 II
		iii	Qz052, Shuang 1, Youyan 10, D4818, Ramiro, CDH, Q10, Zheyou 758
		iv	A35, E718, D610, D611
		v	White carinata
		vi	ZY530, Zhongshuang 5, Yanza 3, Dwarf, polo, Arm, Guoshengyou 6, Guohuayou 1208
	II		Saphhire, CB Boomer
	III		Mohican, Solida
	IV	i	Huangban jie, Wenxi huangjie
		ii	Shaanbei huangjie, Yayou 1, Shuyang rapa, Dongyou 1
	V		Qinjie 2008, Jinsijie

8 个材料;来自埃塞俄比亚的白花埃芥与其他 86 个材料距离最远。比较基于 A 组和 C 组的聚类结果显示,两大类 SSR 引物由于其产物主要分布于 A 基因组和 C 基因组,其揭示的遗传信息不同,遗传相似系数不同,聚类结果也有明显差异,C 组 SSR 标记显示材料的遗传差异与栽培区域关系更为密切,而 A 组 SSR 分析对白菜型油菜、芥菜型油菜、甘蓝型油菜的区分更明确。综合 A、C 两组 SSR 标记对 99 份材料进行 UPGMA 聚类,结果(图 2)表明,在阈值为 0.71 处将 99 份材料聚为 5 组。第 I 组包括 89 个材料,占到所有材料的 89.90%;第 II 组仅包括白花埃塞俄比亚芥和‘G8 白’2 个白花材料,可能与‘G8 白’的白花基因染色体来源有关;第 III 组包括‘黄斑芥’、‘闻喜黄芥’、‘陕北黄芥’和‘金丝芥’4 个

材料;第 IV 组包括‘雅油 1 号’、‘沭阳 rapa’和‘冬油 1 号’3 个白菜型材料;第 V 组仅有 1 个‘秦芥 2008’。第 I 组 89 个甘蓝型油菜在阈值为 0.73 处又分为 5 个亚组。第 i 亚组包括 43 个材料,主要为陕西的恢复系、华中农业大学和浙江材料;第 ii 亚组包括 9 个材料,以陕西材料为主;第 iii 亚组包括 12 个材料,以贵州和国外材料为主,除 H15R 外均为 polima CMS 的保持系;第 iv 亚组包括 19 个材料,主要是中国农科院油料作物研究所、浙江农科院和来自安徽的材料,除‘X 矮’外均为 polima CMS 的保持系;第 v 亚组包括 Qz052、CDH、‘双 1’、Q10、147C、和‘浙油 758’。

总体看来,无论是用 23 对 C 组标记、25 对 A 组标记、还是合并这 48 对引物的结果进行聚类,均可

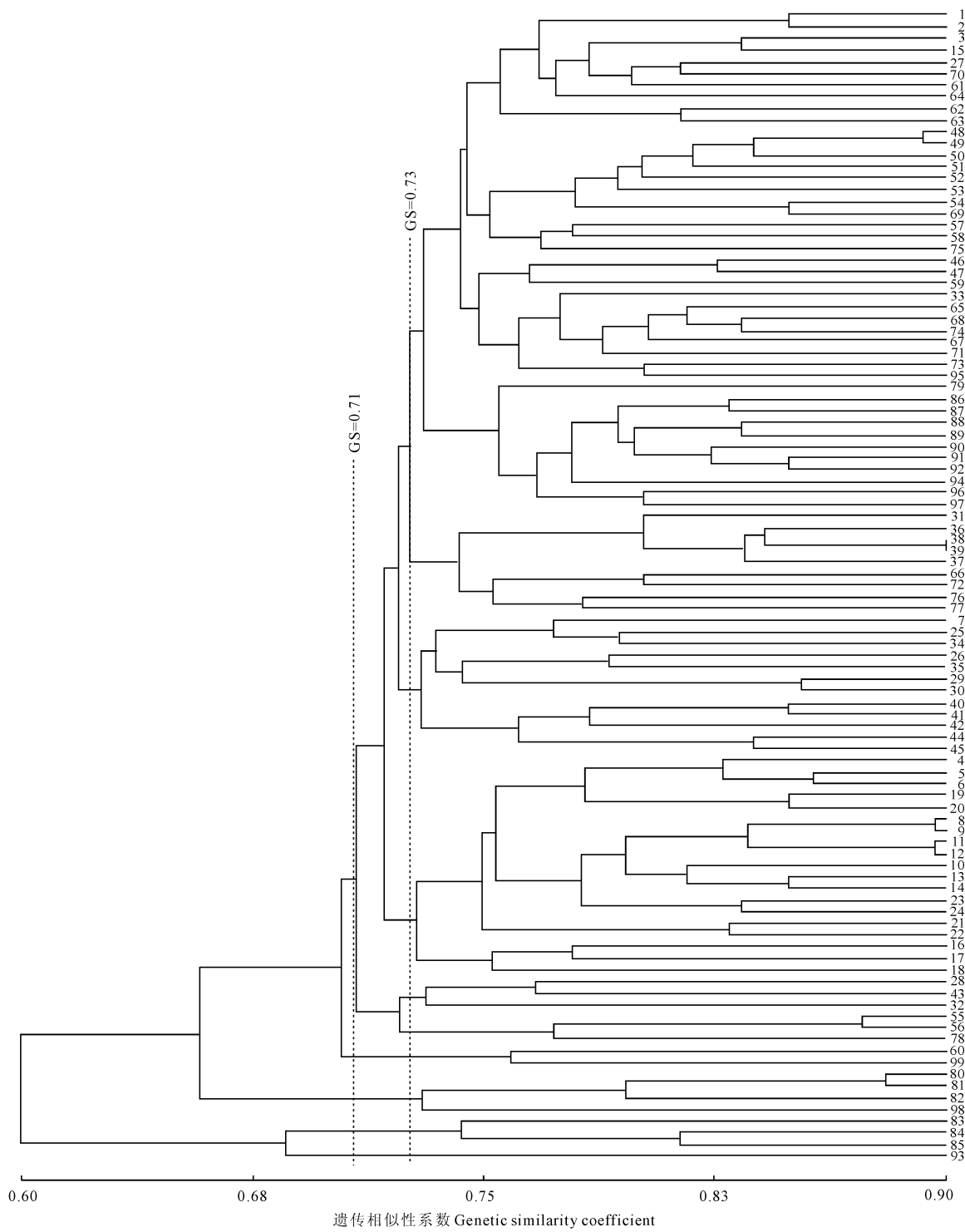


图 2 基于 48 对 SSR 引物扩增结果对 99 份油菜的 UPGMA 聚类图

材料编号见表 1

Fig. 2 Dendrogram of UPGMA clustered based on the amplification using 48 SSR primer pairs

The codes of materials were as same in Table 1

以把所有参试材料聚为三大类:第一大类包括了大部分材料,除了来源自埃塞俄比亚的白花埃芥(*B. carinata*)外均为 *B. napus* 型材料,第二大类为芥菜型材料,第三大类为白菜型材料。3 个聚类结果皆显示,相同种的材料聚在一起,来自同一地区、同一育种单位的品种分布于不同的大组中,说明油菜种质资源存在交流。3 个聚类结果中,来自陕西省的大部分品种都在第一大组里,其中陕西省杂交油

菜中心、浙江农科院、中国农科院油料所的品种高度集中,说明各个育种单位的育种材料多样性低,或参试的材料均来自几个有限的核心骨干材料。

3 讨 论

本研究所选用的 SSR 标记引物具有易扩增、重复性好、条带清晰等特性,且均匀散布在油菜的 19 个连锁群上。所选用的 48 对引物的扩增和分辨能力各异,多态性信息含量与条带数不尽一致,与雷天刚等^[21]研究结果一致。其中 C 组 23 对引物多态性比率为 68.00%,每对引物平均多态性条带为 4.42 个;A 组染色体 25 对引物多态性比率为 82.26%,每对引物平均多态性条带 6.25 个。A 组 25 对引物的扩增能力、多态性均高于 C 组 23 对引物。这可能是中国甘蓝型油菜在育种进程中利用白菜型远缘杂交较多,A 组遗传基础较广且白菜品种在改善品质育种时不会明显减少遗传多样性^[22],而 C 组遗传基础相对较狭窄所引起。成对相似系数统计结果显示,99 份材料遗传相似系数的变幅在 0.500 0~0.900 8,相似系数在 0.600 0~0.799 9 区间的材料占 92.08%,所选用的甘蓝型油菜育种群体的遗传

多样性不高,这可能与农艺性状选择及骨干亲本的使用有关。

根据聚类结果可知,来自不同区域的材料在各大组中均有分布且在小组内聚集,各个大组中均有来自不同育种单位的材料,品种或品系按栽培区域来源聚集现象不明显,与范志雄等^[23]的研究结果相似,因此按地理来源组配的强优势杂交组合的可靠性可能较低。所有参试材料也没有按恢复系、保持系,或者春性、冬性聚类,说明不同地区的油菜育种资源之间有着频繁的交流。同时来自同一育种单位的材料大部分聚在一个亚组内且具有较高的相似性,这可能由于育种较多依赖于核心骨干亲本而引起的。Qian^[24]、姚艳梅等^[25]的研究表明半冬性油菜与春油菜杂交是改良春油菜生产潜力的有效途径。从本研究也可以看出,通过轮回选择选育的‘圣光 77’、多亲复交选育的‘浙双 6 号’和‘苏油 1 号’等品种的系谱较复杂,特异性较强,说明除过直接引进外来种质资源外,轮回选择、多亲本数复交、不同生态类型间杂交也是提高育种材料遗传多样性的重要途径。

参考文献:

- [1] NAGAHARU U. Genome analysis in *Brassica* with special reference to the experimental formation of *B. napus* and peculiar mode of fertilization[J]. *Japan Journal of Botany*, 1935, **20**(7): 389—452.
- [2] XU K(许 鲲), LU G Y(陆光远), WU X M(伍晓明), *et al.* Nuclear-cytoplasmic diversity and population structure of European wild *Brassica oleracea* [J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences* (中国油料作物学报), 2011, **33**(2): 111—117 (in Chinese).
- [3] 钱迎倩, 马克平. 生物多样性研究的原理与方法[M]. 北京: 科学出版社, 1994: 117—141.
- [4] YANG W ZH(杨文柱), JIAO Y(焦 燕). Application of SSR molecular marker technique in the field of biogenetics[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences* (安徽农业科学), 2012, **40**(2): 640—642 (in Chinese).
- [5] QU C M, MAEN H, LU K, *et al.* Genetic diversity and relationship analysis of the *Brassica napus* germplasm using simple sequence repeat (SSR) markers[J]. *African Journal of Biotechnology*, 2012, **11**(27): 3 923—3 933.
- [6] ZHOU G L(周国岭), LIU P W(刘平武), YANG G SH(杨光圣), *et al.* Evaluation of the genetic diversity of hybrid parents in *Brassica napus* [J]. *Scientia Agricultura Sinica* (中国农业科学), 2004, **37**(11): 1 766—1 771 (in Chinese).
- [7] NIE P(聂 平), DU D ZH(杜德志), XU L(徐 亮), *et al.* Genetic diversity analysis on different types of *B. napus* L by SSR markers[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica* (西北农业报), 2008, **17**(4): 109—113 (in Chinese).
- [8] CHEN X(陈 勋), WU J SH(吴江生), LIU K D(刘克德). Genetic diversity comparison between spring and weak-winter *Brassica napus* cultivars using single-locus SSR markers[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences* (中国油料作物学报), 2010, **32**(1): 6—13 (in Chinese).
- [9] QIN Y M(秦艳梅), LI X(李 向), ZHAO J J(赵建军), *et al.* Analysis of population structure of non-heading Chinese cabbage based on SSR markers[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica* (华北农报), 2013, **28**(3): 62—66 (in Chinese).
- [10] REN L P(任丽平), NI X Y(倪西源), HUANG J X(黄吉祥), *et al.* Core collection of a representative germplasm population in *Brassica napus* [J]. *Scientia Agricultura Sinica* (中国农业科学), 2008, **41**(11): 3 521—3 531 (in Chinese).

- [11] PIQUEMAL J, CINQUIN E, COUTON F, *et al.* Construction of an oilseed rape (*Brassica napus* L.) genetic map with SSR markers[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, **111**(8): 1 514—1 523.
- [12] FU T D(傅廷栋). Rapeseed production and variety improvement in China[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*(华中农业大学学报), 1999, **18**(6): 501—504(in Chinese).
- [13] WANG X D(王学德), PAN J J(潘家驹). Studies on relationship between genetic distance of parents and yield heterosis in hybrid cotton [J]. *Acta Agronomica Sinica*(作物学报), 1990, **16**(1): 32—38(in Chinese).
- [14] NI X L(倪先林), ZHANG T(张 涛), JIANG K F(蒋开锋), *et al.* Correlations between specific combining ability, heterosis and genetic distance in hybrid rice[J]. *Hereditas*(遗传), 2009, **31**(8): 849—854(in Chinese).
- [15] YU C Y, HU S W, ZHAO H X, *et al.* Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, protein and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, **110**(3): 511—518.
- [16] SAGHAIMAROOF M A, SOLIMAN K M, JORGENSEN R A, *et al.* Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics[J]. *Proceedings of the National Academy of Science of the USA*, 1984, **81**(24): 8 014—8 018.
- [17] CHENG X M, XU J S, XIA S, *et al.* Development and genetic mapping of microsatellite markers from genome survey sequences in *Brassica napus*[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, **118**(6): 1 121—1 131.
- [18] KIM H R, CHOI S R, BAE J, *et al.* Sequenced BAC anchored reference genetic map that reconciles the ten individual chromosomes of *Brassica rapa*[J]. *BMC Genomics*, 2009, **10**(1): 432.
- [19] LI H T, CHEN X, YANG Y, *et al.* Development and genetic mapping of microsatellite markers from whole genome shotgun sequences in *Brassica oleracea*[J]. *Molecular Breeding*, 2011, **28**(4): 585—596.
- [20] NEI M, LI W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. *Proceedings of the National Academy of Science of the USA*, 1979, **76**(10): 5 256—5 273.
- [21] LEI T G(雷天刚), ZHANG X K(张学昆), LI J N(李加纳), *et al.* Genetic diversity of yellow-seeded rapeseed lines (*Brassica napus* L.) based on SSR markers[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*(中国油料作物学报), 2005, **27**(1): 41—45(in Chinese).
- [22] ZHAO Y G, OFORI A. Genetic diversity of European and Chinese oilseed *Brassica rapa* cultivars from different breeding periods[J]. *Agricultural Sciences in China*, 2009, **8**(8): 931—938.
- [23] FAN ZH X(范志雄), LEI W X(雷伟侠), JIANG Y F(江莹芬), *et al.* Genetic diversity analysis on yellow seed oilseed rape (*Brassica napus* L.) breeding lines with high oilcontent[J]. *Crops*(作物杂志), 2012, **1**: 44—48(in Chinese).
- [24] QIAN W, SASS O, MENG J, *et al.* Heterotic patterns in rapeseed (*Brassica napus* L.): I. Crosses between spring and Chinese semi-winter lines[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, **115**(1): 27—34.
- [25] YAO Y M(姚艳梅), NIE P(聂 平), DU D ZH(杜德志). Analysis of different ecotypes of *B. napus* in Qinghai Province by SRAP markers and study on the relationship between genetic distance and F₁ performance[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*(西北农业学报), 2012, **21**(1): 80—87(in Chinese).

(编辑: 宋亚珍)