

# 结球甘蓝抽薹开花时间性状的 QTL 定位及分析

朱洪运<sup>1</sup>, 田多成<sup>1</sup>, 颀建明<sup>2</sup>, 简元才<sup>1</sup>, 康俊根<sup>1</sup>

(1. 北京市农林科学院 蔬菜研究中心, 农业部华北地区园艺作物生物学与种质创制重点实验室, 北京 100097;

2. 甘肃农业大学 农学院, 甘肃 兰州 730070)

**摘要:** 在已构建的结球甘蓝 AFLP、SSR 和 SRAP 标记高密度遗传图谱的基础上, 运用 MapQTL 4.0 软件对结球甘蓝 F<sub>2</sub> 群体抽薹、开花时间两性状分别进行 QTL 定位和分析。最终检测到 2 个控制甘蓝抽薹时间性状的 QTL(*qbt-3-2*、*qbt-9-1*) 以及一个同开花时间性状相关的 QTL(*qft-9-1*) 分别位于连锁群 LG3 与 LG9 上, 这 3 个 QTL 均为增效位点, 共解释甘蓝抽薹、开花时间性状变异的 17.5%–22.7%; 同时得到与 QTLs 共分离的 2 个分子标记 E46M52-5、me26-em13-4 均可作为辅助选育甘蓝耐抽薹品种的标记使用, 这将为结球甘蓝耐抽薹品种的选育提供理论依据。

**关键词:** 结球甘蓝; 抽薹及开花时间; 数量性状位点

中图分类号: S635.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2013)05-0001-05

## QTL Mapping and Analysis on Bolting and Flowering Time in Cabbage

ZHU Hong-yun<sup>1</sup>, TIAN Duo-cheng<sup>1</sup>, XIE Jian-ming<sup>2</sup>, JIAN Yuan-cai<sup>1</sup>, KANG Jun-gen<sup>1</sup>

(1. Beijing Vegetable Research Center, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops (North China), Ministry of Agriculture, Beijing 100097, China; 2. Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

**Abstract:** Based on the Cabbage genetic linkage map which had been constructed previously, QTL mapping and analysis related to bolting and flowering time in the individuals of F<sub>2</sub> were conducted using MapQTL 4.0. Two QTL(*qbt-3-2* *qbt-9-1*) located on LG3 and LG9 controlling the traits of bolting time and one QTL(*qft-9-1*) located on LG9 controlling the traits of flowering time in cabbage were detected. The three QTLs are all the sites of additive effect 17.5%–22.7% of variation that can be explained respectively. Meanwhile, two molecular markers (E46M52-5, me26-em13-4) corresponding with the QTLs could be used for MAS of breeding for bolting tolerance. It will provide the basis of theoretical for the resistant bolting varieties breeding.

**Key words:** *Brassica oleracea* var. *capitata*; Bolting and flowering time; QTL

结球甘蓝(*Brassica oleracea* var. *capitata*) 是我国栽培广泛的主要叶用蔬菜作物, 具有重要的经济和食用价值。众所周知, 甘蓝主要食用部位为叶球, 但在甘蓝生产中早期抽薹现象时有发生, 使其完全失去商品价值, 特别是对春甘蓝生产构成主要威胁<sup>[1-2]</sup>。因此, 其遗传学研究日益得到重视, 选育耐抽薹品种任务迫在眉睫。前期研究发现, 该性状具有数量性状遗传特征, 由微效多基因控制, 遗传基础较为复杂且易受环境影响。单靠传统育种方法完成对数量性状的操纵, 其难度不言而喻, 分子标记技术的发展使得人们对数量性状基因直接操纵成为可

能<sup>[3]</sup>, 加快了主要农艺性状遗传改良的步伐。

在甘蓝类作物中, 抽薹、开花性状的研究目前已取得了不少进展。Kennard 等<sup>[4]</sup>利用 F<sub>2</sub> 群体构建 RFLP 连锁图, 并鉴定了控制甘蓝开花位点的主效基因分别位于第 5、7 连锁群上, 控制种植至现薹天数的主效基因位于第 2、7 连锁群上, 并且发现种植至现薹天数和现薹至开花天数两性状的许多标记位点密切相关; Camargo 和 Osborn<sup>[5]</sup>对甘蓝的开花性状进行定位, 得到与开花时间指数(FT) 相关的 2 个 QTL 以及 1 个同一年生植株比例(PF) 相关的 QTL, 共解释甘蓝开花时间变异的 54.1%; Bohuon 等<sup>[6]</sup>利

收稿日期: 2013-07-22

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划项目(2012BAD02B01; 2012BAD50G01); 国家“863”项目(2012AA1001); 北京市科委项目(D121100003412001)

作者简介: 朱洪运(1986-), 男, 河南开封人, 在读硕士, 主要从事蔬菜分子育种研究。

通讯作者: 康俊根(1972-), 男, 山西忻州人, 研究员, 博士, 主要从事蔬菜分子育种研究。

用 DH 群体构建的图谱对开花时间性状定位分析, 共获得分布于 4 个连锁群上的 6 个相关 QTL 位点; Rae 等<sup>[7]</sup>以重组回交代换系为群体, 最后得到 11 个 QTLs 同开花时间相关, 其中 5 个与 Bohuon 定位的 QTL 位点区域一致; Okazaki 等<sup>[8]</sup>以  $F_2$  为群体绘图, 得到 6 个控制开花的 QTLs; 陈书霞等<sup>[9]</sup>利用  $F_2$  为群体, 构建甘蓝类 RAPD 标记图谱, 定位了同抽薹期相关的 QTL 3 个, 分别位于第 1、3、8 连锁群; 以上进行 QTL 定位研究所采用的群体均由亚种间杂交得到, 难以针对甘蓝部分重要农艺性状进行遗传解析。而利用亚种内群体构建则更贴近育种目标, 为育种家提供更多有价值的遗传信息。李梅<sup>[10]</sup>以结球甘蓝品种间杂交得到的  $F_2$  群体作为构图群体, 构建了甘蓝分子图谱, 并对结球甘蓝抽薹及开花时间性状进行 QTL 定位, 最终检测到与抽薹、开花时间相关 QTL 各一个, 分别可解释表型变异的 18.7%、15%; 目前, 国内学者在分子标记辅助育种中关于甘蓝抽薹相关基因连锁标记的筛选也取得了一定进展<sup>[11-12]</sup>。

本研究在以不同生态型甘蓝种间自交系组配建立  $F_2$  群体并构建结球甘蓝分子遗传连锁图的基础上, 对甘蓝抽薹、开花时间性状进行 QTL 定位及分析, 这将为后期耐抽薹甘蓝品种改良和选育提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 试材

以不同生态型甘蓝栽培种自交系 R4-P1 (P1)、R2-P2 (P2) 作为亲本, 其中 P1 扁球, 易抽薹, 晚熟; P2 圆球, 迟抽薹, 早熟。P1  $\times$  P2 得到  $F_1$ , 经自交获得  $F_2$  (142 株), 以上材料均来自北京市农林科学院蔬菜研究中心甘蓝分子育种实验室。

### 1.2 处理

将试验材料于 2011 年 7 月上旬播于营养钵内, 置于空调温室内进行育苗, 至 8 月中旬将甘蓝幼苗定植于本中心日光温室内, 并对其进行正常的田间

管理。定义植株由定植至现薹后花薹开始伸长阶段作为抽薹时间 (Bolting time), 定植至第一朵花完全开放阶段为开花时间 (Flowering time)<sup>[13-15]</sup>, 次年 1 月下旬分别调查记录各试材抽薹及开花日数。

### 1.3 遗传图谱的构建

利用该  $F_2$  群体构建的甘蓝 AFLP、SSR 和 SRAP 遗传图谱进行 QTL 的定位与遗传分析, 该图谱涉及 9 个连锁群 (LG1 ~ LG9), 包含 240 个标记 (162 个 AFLP 标记、52 个 SSR 标记和 26 个 SRAP 标记), 覆盖甘蓝基因组 864.4 cM, 平均标记图距 3.6 cM<sup>[16]</sup>。

### 1.4 QTL 定位及分析

应用 SAS 9.2 统计软件对抽薹、开花时间性状数据进行统计及相关分析, 获得  $F_2$  群体抽薹、开花时间性状表型变异的直方图 (图 1)。运用 MapQTL 4.0 软件进行相关 QTL 分析并绘制 QTL 分布图。首先创建一个 “New project” 并命名; 然后依次 “Load data” 表型数据和基因型数据以及作图数据; 根据 “Permutation test” 进行全基因组扫描, 估算基因组范围内  $\alpha = 0.05$  水平上的 LOD 阈值; 根据 LOD 值进行区间作图 (IM) 及 QTL 分析, 将区间作图得到的最高 LOD 值对应的标记或与其连锁紧密的标记作为 Cofactor 进行 Automatic cofactor selection (ACS), 最后选择得到的 QTL 进行复合区间作图 (MQM Mapping); 在  $\text{LOD} \geq \text{LOD}$  阈值 (估算) 时, 则认为该区间的 LOD 最大值所对应的位点即为 QTL 在连锁群上可能存在的位置, 同时分析每个 QTL 对各性状的遗传参数和贡献率。QTL 命名参照 McCouch 等<sup>[17]</sup>的方法: 斜体字母 “q” + 性状的英文缩写 + 连锁群号 + QTL 编号, 如 *qbt-2-1* 即表示位于第 2 连锁群上第一个与抽薹时间 (Bolting time, bt) 相关的 QTL。

## 2 结果与分析

### 2.1 表型变异及遗传分析

利用 SAS 9.2 统计软件对双亲及  $F_2$  群体各单株的抽薹和开花时间 2 个性状调查结果进行统计分析并获得其表型变异及分布 (表 1、图 1)。

表 1 抽薹、开花时间性状在双亲及  $F_2$  群体中的分布

Tab. 1 Distribution in parents and  $F_2$  population for bolting and flowering time traits

性状 Traits	亲本 Parents		$F_2$ 群体 $F_2$ population		
	R4-P1	R2-P2	中亲值	群体均值	变异幅度
抽薹时间/d Bolting time	157	193	175	169.9	148 ~ 201
开花时间/d Flowering time	177	219	198	198.2	170 ~ 227

从中可以看出, 父本 (R4-P1) 由定植至抽薹、开花的时间明显短于母本 (R2-P2), 抽薹、开花时间性状在  $F_2$  群体中的分布基本介于双亲之间, 该性状在

群体间表现为连续变异, 呈现明显的单峰曲线, 表明该性状后代分离不是由单一主效基因控制的质量性状, 而是由多基因控制的数量性状遗传的典型分布,

因此,该性状适合进行 QTL 定位研究;其次群体抽薹时间均值略小于中亲值即稍偏向早抽薹亲本 R4-P1,说明甘蓝早抽薹对晚抽薹为显性或部分显性;

群体开花时间均值同中亲值基本相近;少部分株系在两性状中均出现了超亲分离现象,表明双亲都具有这 2 个性状的增效或减效位点。

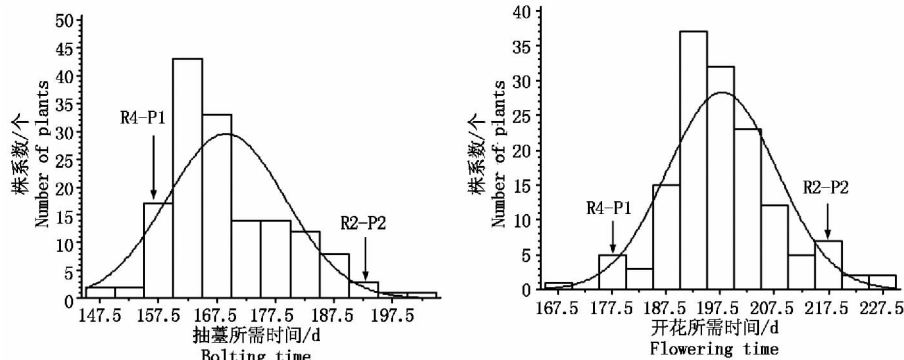


图 1 甘蓝 F<sub>2</sub> 群体抽薹、开花时间的表型变异

Fig. 1 Phenotype variation of bolting time and flowering time in F<sub>2</sub> population

## 2.2 性状相关性分析

应用 SAS 9.2 统计软件对各单株抽薹、开花时间性状数据进行相关分析(表 2),甘蓝抽薹、开花时间性状间相关系数为 0.763,表现为高度正相关,最后对两性状进行 QTL 定位及效应分析,可进一步阐明该性状间的复杂关系。

表 2 F<sub>2</sub> 群体抽薹时间、开花时间相关分析结果

Tab. 2 Correlation coefficient between bolting time and flowering time in F<sub>2</sub> population

性状 Traits	抽薹时间 Bolting time	开花时间 Flowering time
抽薹时间 Bolting time	1	
开花时间 Flowering time	0.763	1

## 2.3 抽薹时间性状的 QTL 定位及遗传分析

利用 MapQTL 4.0 区间作图法(IM)及复合区间作图法(CIM)分别对甘蓝抽薹时间性状进行 QTL

定位及遗传分析,CIM 作图最后将控制该性状的 2 个 QTL 定位到已构建的甘蓝图谱中(表 3、图 2)。

经“Permutation test”对全基因组扫描,估算“Rel. cum. count”为 0.950 0 时的 Interval 值为 3.0,即设定当 LOD 值 $\geq 3.0$ 时存在 QTL。区间作图(Interval Mapping)后检测到 5 个 QTL 与抽薹时间性状相关(表 3),分别是位于 LG1 的 *qbt-1-1* 和 *qbt-1-2*、位于 LG3 上的 *qbt-3-1*、*qbt-3-2* 以及位于 LG9 上的 *qbt-9-1*,单个 QTL 解释抽薹时间性状变异 10.8%~14.7%;其中 *qbt-3-1* 与 *qbt-3-2* 两侧标记间的图距 $< 10$  cM,达到 QTL 初步定位的要求,*qbt-1-1*、*qbt-1-2* 及 *qbt-9-1* 正好分别定位于标记 M34F/R、M22F/R 和 me26-em13-1 上,说明这 3 个标记同控制甘蓝抽薹时间性状的 QTL 共分离;以上 7 个标记均可作为辅助甘蓝耐抽薹品种选择的分子标记使用。

表 3 两种方法检测出的影响抽薹、开花时间的 QTLs

Tab. 3 QTLs controlling bolting time and flowering time by IM and CIM

方法 Method	连锁群 Linkage	QTLs	侧翼标记 Flanking loci	间距/cM Interval	Max LOD	加性效应 Additive	显性效应 Dominant	贡献率/% Expl
区间 IM	LG1	<i>qbt-1-1</i>	M34F/R	0	3.01	5.69	0.09	10.9
	LG1	<i>qbt-1-2</i>	M22F/R	0	3.28	5.96	-0.15	11.8
	LG3	<i>qbt-3-1</i>	8C0170F/R ~ E39M57-6	8.3	3.18	5.19	-3.30	14.7
	LG3	<i>qbt-3-2</i>	me27-em25-1 ~ E46M52-5	12.2	3.18	3.03	-3.76	9.0
	LG9	<i>qbt-9-1</i>	me26-em13-1	0	3.07	4.80	-1.30	10.8
	LG9	<i>qbt-9-1</i>	me26-em13-1	0	5.75	8.13	0.72	22.7
	LG9	<i>qbt-9-2</i>	me24em12-1 ~ me27-em1	15	3.55	10.32	4.59	19.2
	LG9	<i>qbt-9-3</i>	E43M60-2 ~ 761833F/R	5.2	3.7	12.26	5.74	17.9
	LG9	<i>qbt-9-4</i>	761833F/R	0	3.57	12.09	6.02	16.6
复合区间 CIM	LG3	<i>qbt-3-2</i>	E46M52-5	0	3.01	1.78	-4.88	7.4
	LG9	<i>qbt-9-1</i>	me26-em13-1	0	3.82	4.27	-2.21	10.1
	LG9	<i>qbt-9-1</i>	me26-em13-1	0	5.75	8.13	0.72	22.7

注: qbt. 抽薹时间 QTL; qft. 开花时间 QTL。

Note: qbt. QTL controlling bolting time; qft. QTL controlling flowering time.

将区间作图得到的 7 个标记标注为 Cofactors, 经“Automatic Cofactor Selection”分析后, 最后剩余 3 个标记 M34F/R、E46M52-5 以及 me26-em13-1 作为新的 Cofactor 进行复合区间作图(CIM), 重新检测到位于 LG3 上的 *qbt-3-2* 及位于 LG9 上的 *qbt-9-1* (表 3、图 2), 说明这 2 个 QTL 确实存在, 为主效 QTL, 分别位于标记 E46M52-5 及 me26-em13-1 上, 遗传贡献率分别为 7.4%、10.1%, 加性效应分别为 1.78、4.27, 显性效应分别为 -4.88、-2.21。

#### 2.4 开花时间性状的 QTL 定位及遗传分析

同样利用 MapQTL 4.0 IM 及 CIM 2 种方法分别对甘蓝开花时间性状进行 QTL 定位及遗传分析, 通过 CIM 作图, 最终将控制该性状的 1 个 QTL 定位到已构建的甘蓝 9 个连锁群中(表 3、图 2)。

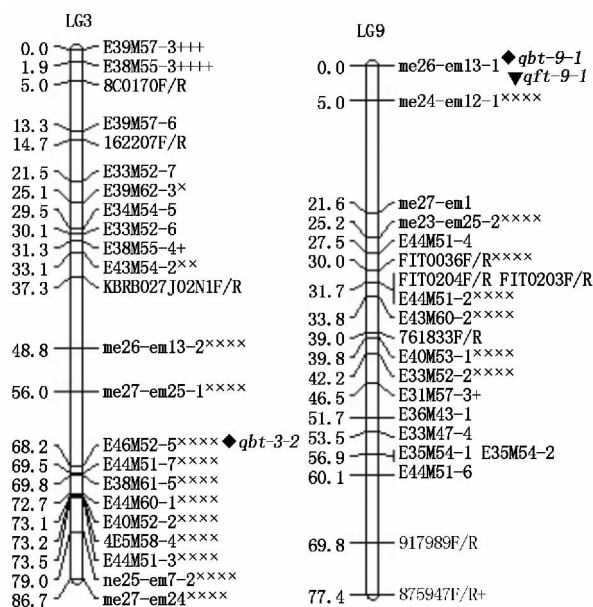


图 2 复合区间作图法得到的控制

抽薹、开花时间 QTL 在连锁群上的分布

Fig. 2 Distribution of QTL controlling bolting time and flowering time by CIM in linkage group

运用“Permutation test”对全基因组扫描, “Rel. cum. count”为 0.950 0 时的 Interval 值为 3.5, 设定当 LOD 值  $\geq 3.5$  时存在 QTL。Interval Mapping 分析, 共检测到 4 个 QTL 控制开花时间性状(表 3), 均位于连锁群 LG9 上, 依次命名为 *qbt-9-1*、*qbt-9-2*、*qbt-9-3* 及 *qbt-9-4*, 单个 QTL 解释表型变异 16.6% ~ 22.7%; 其中 *qbt-9-2* 与其一侧标记 me27-em1 图距 < 10 cM, 另一侧与其最近的标记图距超过 10 cM, 达不到 QTL 初步定位的要求; *qbt-9-3* 的两侧标记分别为 E43M60-2、761833F/R, 图距 < 10 cM, 且同标记 761833F/R 图距 < 1 cM, 可进行进一步的精细定位和基因克隆; *qbt-9-1* 及 *qbt-9-4* 正好分别位于标记 me26-em13-1 和 761833F/R 上, 说明两位点同标记

共分离; 以上得到的共分离标记及检测到的 QTL 位点两侧标记均可初步作为辅助选育甘蓝耐抽薹品种的分子标记。

区间作图得到的 5 个标记标注为 Cofactors, 经“Automatic cofactor selection”分析后, 最后仅剩下标记 me26-em13-1 作为新的 Cofactor 进行复合区间作图(CIM), 重新检测到 *qbt-9-1* 位于 LG9 上(表 3、图 2), 说明该 QTL 确实存在, 为主效 QTL, 且与标记 me26-em13-1 共分离, 可解释表型变异为 22.7%, 加性效应为 8.13, 显性效应为 0.72, 共分离标记同样可以作为辅助选育甘蓝耐抽薹品种的标记使用。巧合的是 *qbt-9-1* 与 *qbt-9-1* 都与标记 me26-em13-1 共分离, 即检测到控制开花时间性状的 QTL 位点同控制抽薹时间性状的 QTL 之一位于 LG9 上的同一位置, 而甘蓝抽薹、开花时间性状的相关性分析表明这不是一个巧合。

### 3 讨论

#### 3.1 甘蓝遗传图谱的构建

本研究选用结球甘蓝品种间高代自交系 R4-P1 及 R2-P2 作为亲本, 双亲在球型、抗病性、成熟期、抽薹期等农艺性状间差异较为明显, 群体各性状表现常态分离; 其次, 作为异花授粉植物, 其基因组 DNA 本身就具有相对丰富的多态性, 因此满足理想构图亲本选择条件, 双亲配置杂交组合快速建立  $F_2$  群体, 并构建了甘蓝分子遗传图谱, 该图谱涉及标记种类多、标记密度大、覆盖基因组较完整, 完全适用于对甘蓝抽薹及开花时间性状的 QTL 定位研究。

#### 3.2 抽薹及开花时间性状的 QTL 定位

甘蓝抽薹、开花时间是数量性状, 表现连续性变异, 易受环境条件影响, 人为难以控制, 因此给选育耐抽薹品种及新种质资源开发带来较大困难。仅依靠传统育种方法对数量性状研究, 其难度不言而喻。近年来, 随着分子标记辅助育种的发展促使分子图谱构建及 QTL 定位研究的相继出现, 人们对数量性状的操纵能力进一步增强, 从而可以更直接、有效的选择作物优良性状基因, 大大缩短品种改良进程。

本研究通过对甘蓝抽薹开花时间性状的 QTL 定位及效应分析, 最终得到控制甘蓝抽薹时间相关的 2 个 QTL(*qbt-3-2*、*qbt-9-1*), 分别位于 LG3、LG9 上, 共分离标记分别为 E46M52-5 及 me26-em13-1 上, 遗传贡献率分别为 7.4%、10.1%, 加性效应分别为 1.78、4.27, 显性效应分别为 -4.88、-2.21; 检测到 1 个同开花时间相关的 *qbt-9-1*, 共分离标记也是 me26-em13-1, 可解释表型变异为 22.7%, 加性

效应为 8.13, 显性效应为 0.72; 三者均为增效位点, 可在低世代育种中快速选择纯和的优良性状。同时发现 *qft-9-1* 与 *qbt-9-1* 都与标记 me26-em13-1 共分离, 即检测到控制开花时间性状的 QTL 位点同控制抽薹时间性状的 QTL 之一位于 LG9 上的同一位置, 而甘蓝抽薹、开花时间性状的相关性分析表明这不是一种巧合, 但是目前还难以确定这 2 个相关性状的 QTL 分布是缘于基因的紧密连锁还是缘于基因的多效性。因此, 在品种改良过程中, 类似于这种状况对于累赘不良性状的排除带来诸多困难, 但 QTL 的巨大潜力体现在通过分析每个 QTL 的遗传效应及方向, 采用标记辅助选择将更有利于基因聚合, 进而获得返祖或超亲新组合。

QTL 检测过程中往往会出现 QTL 数目、位置及效应不一致的现象。亲本的选择、作图群体类型和大小、环境因素的影响、检测同一性状选用指标的差异、LOD 值的选择、定位分析方法的不同、所用图谱的密度与精度对其均有影响。而目前对于甘蓝类的 QTL 研究中, 选用的群体各异且大多为暂时性群体, 缺乏共同标记的使用, 使得 QTL 定位比较研究无法开展; 但可以通过设计重复试验、对同一亲本的不同群体分别研究、用一套标记对不同作图群体研究或者利用永久性群体构图等方式来提高不同研究结果间的可比性, 从而更准确有效的进行 QTL 作图和分析。

#### 参考文献:

- [1] 韩灿功, 赵凤莲, 石红梅, 等. 几起越冬甘蓝发生未熟抽薹的调查分析[J]. 中国蔬菜, 2005, 5: 38-39.
- [2] 饶立兵, 陈先知, 王燕, 等. 温州地区春甘蓝“未熟抽薹”的原因及防止措施[J]. 温州农业科技, 2008, 2: 48-49.
- [3] Melchinger A E. Advances in the analysis of data on quantitative trait loci[M]. New Delhi, International Crop Science II, Oxford IBH publishing Co, 1997: 773-791.
- [4] Kennard W C, Slocum M K, Figdore S S, et al. Genetic analysis of morphological variation in *Brassica oleracea* using molecular markers[J]. Theor Appl Genet, 1994, 87: 721-732.
- [5] Camargo L E A, Osborn T C. Mapping loci controlling flowering time in *Brassica oleracea* [J]. Theor Appl Genet, 1996, 92: 610-616.
- [6] Bohuon E J R, Ramsay L D, Craft J A, et al. The association of flowering time quantitative trait loci with duplicated regions and candidate loci in *Brassica oleracea* [J]. Genetics, 1998, 150: 393-401.
- [7] Rae A M, Howell E C, Kearsey M J. More QTL for flowering time revealed by substitution lines in *Brassica oleracea* [J]. Heredity, 1999, 83: 586-596.
- [8] Okazaki K, Sakamoto K, Kikuchi R, et al. Mapping and characterization of FLC homologs and QTL analysis of flowering time in *Brassica oleracea* [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 595-608.
- [9] 陈书霞, 王晓武, 方智远, 等. 芥蓝 × 甘蓝 F<sub>2</sub> 群体抽薹期性状 QTLs 的 RAPD 标记[J]. 园艺学报, 2003, 30(4): 421-426.
- [10] 李梅. 结球甘蓝抽薹开花性状的遗传、QTL 定位及生理研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009.
- [11] 曹维荣, 王超. 甘蓝迟抽薹基因的 RAPD 标记[J]. 生物技术通报, 2007, 5: 167-169.
- [12] 杜辉, 潘俊松, 何欢乐, 等. 甘蓝抽薹性状基因的分子标记定位[J]. 分子植物育种, 2007, 5(5): 673-676.
- [13] Bohuon E J R, Ramsay L D, Craft J A, et al. The association of flowering time quantitative trait loci with duplicated regions and candidate loci in *Brassica oleracea* [J]. Genetics, 1998, 150: 393-401.
- [14] Rae A M, Howell E C, Kearsey M J. More QTL for flowering time revealed by substitution lines in *Brassica oleracea* [J]. Heredity, 1999, 83: 586-596.
- [15] 杨小明, 李成琼, 宋洪元, 等. 春甘蓝花芽分化至抽薹过程中生理生化指标的变化[J]. 中国蔬菜, 2009, 24(02): 19-23.
- [16] 朱洪运, 郁继华, 简元才, 等. 结球甘蓝 AFLP、SSR 和 SRAP 标记高密度遗传图谱构建[J]. 华北农学报, 2013, 28(3): 82-87.
- [17] McCouch S R, Chen X, Panaud O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding[J]. Plant Mol Biol, 1997, 35: 89-99.