

大白菜回交导入系群体构建及其遗传分析

汪 骞^{1,2}, 和江明³, 林良斌¹, 庄 木², 王 艳², 王晓武², 武 剑^{2*}

(¹ 云南农业大学农学与生物技术学院, 昆明 650201; ² 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; ³ 云南省农业科学院园艺作物研究所, 昆明 650205)

摘 要: 利用大白菜栽培品种的 DH 系 Z16 和白菜型油菜自交系 L144 杂交的 F_1 获得包括 119 个株系的 DH 群体。用相同亲本的 F_1 与 Z16 进行独立回交, 利用 25 个独立回交的 BC_2 分别得到这些株系的 DH 系, 选择每个 BC_2 的 4~6 个 DH 系构建 121 个株系的 BL 群体。进一步利用 SSR 和 SRAP 标记构建了 DH 群体遗传图谱, 由 10 个连锁群组成, 包括 245 个分子标记, 总长度 714 cM, 平均遗传图距 2.9 cM。再以此图谱为参照, 用锚定在染色体上的 97 个 SSR 标记研究供体亲本 L144 的染色体片段在 BL 群体中覆盖基因组比率。在 BL 群体中来源于 L144 的基因组片段占 0.84% ~ 35.00%, 平均为 11.31%, 接近理论遗传预期值 12.50%。在 25 个 BC_2 的 BL 株系中供体亲本 L144 等位点占 1.69% ~ 27.36%, 平均为 11.03%。

关键词: 大白菜; 遗传图谱; DH 群体; BL 群体

中图分类号: S 634.1

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2009) 09-1305-06

The Development of Backcross Introgression Lines (BLs) and Genetic Analysis for *Brassica campestris*

WANG Qian^{1,2}, HE Jiangming³, LIN Liangbin¹, ZHUANG Mu², WANG Yan², WANG Xiaowu², and WU Jian^{2*}

(¹ College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China; ² Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; ³ Institute of Horticulture, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China)

Abstract: This paper reported the genetic structure analysis for a backcross introgression lines (BLs) of *Brassica campestris* L. based on a genetic linkage map constructed using a doubled haploid (DH) population the BLs population with 121 lines derived from a cross between a DH line of a commercial F_1 (Z16) and an oil-type *B. campestris* inbred line (L144), which was developed by twice consecutively backcrossing using Z16 as a recipient parent. The characteristics of introgression of L144 in BLs was analyzed using 97 SSR markers mapped on the DH genetic map. The results showed that the variation of percentage of the donor parent (L144) genome presenting in the BLs was from 0.84% to 35.00%, with an average of 11.31%, consistent with the theoretical expectation of 12.50%. The percentage of the donor parent (L144) alleles presenting in the 25 BC_2 of BL plants ranged from 1.69% to 27.36%, and the average ratio was 11.03%.

Key words: *Brassica campestris*; genetic map; double haploid population; backcross introgression lines

有关白菜遗传图谱的构建, 以往大多是利用亚种及品种间 F_2 群体、DH 群体及 RL 群体 (Song et al, 1991; Kole et al, 1996; Zhang et al, 2006), 但利用回交导入系 (Backcross introgression Lines, BLs) 群体构建遗传图谱在芸薹属植物中尚未见报道。BL 群体是双亲的 F_1 杂种或其它后代与亲本之一进行杂交, 不断提高回交后代中轮回亲本基因组比例, 而不断减少供体亲本的基因组比例。在 BL 群体的构建中通常要对各个株系中来源于供体的染色体片段进行检验, 以保证供体片段在群体内均匀分布。在 BL 群体中, 随着回交代数的增加, 遗传组成中来自供体的导入片段减少, 由于发生

收稿日期: 2009 - 05 - 20; 修回日期: 2009 - 07 - 17

基金项目: 国家 '863' 计划项目 (2006AA100108); 中国农业科学院作物科学研究所中央级公益性科研院所科研业务费专项

* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: Wujian@caas.net.cn)

交换的个体数降低,重组率的估算会受到影响,使得遗传距离的计算也受到影响,因此构建一个能够作为BL群体遗传距离估算的参照图谱,将有利于BL群体的有效利用。本研究中利用相同亲本构建了DH群体和BL群体,首先构建基于DH群体的遗传连锁图谱,以此图谱作为参照,研究BL群体各株系的遗传特性,为今后利用BL群体进行大白菜各种性状的QTL定位和遗传学研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料与引物来源

本研究使用了具有相同亲本的DH群体和BL群体。群体的父本为欧洲白菜型油菜 (*Brassica campestris* L. ssp. *oleifera*) ‘Rapid Cycling’ (L144), 性状特征为生长周期短,开花早,种子小,叶缘有齿。母本为国内大白菜 [*Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis* (Lour.) Olsson] DH系 ‘Z16’, 由河南省农业科学院园艺研究所提供, 性状特征为生长周期长,开花晚,种子大,叶面光滑,叶缘有齿,耐热。以Z16和L144的F₁代通过游离小孢子培养获得了包括119个株系的DH群体。BL群体以Z16作为轮回亲本,以独立回交的方式,连续回交2代。利用25个独立回交的BC₂,通过游离小孢子培养分别得到这些株系的DH系,每个BC₂选择4~6个DH系,形成有121个株系的BL群体,用来进行遗传组成分析。试验材料于2008年3月种植于中国农业科学院蔬菜花卉研究所温室。

待植株长到现蕾期时,取叶片放在冷冻真空干燥机中冷冻干燥48 h,冷冻干燥的植物样品研磨成粉末,用CTAB法提取双亲及群体基因组DNA (Wang et al., 2005),用1.0%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,并用紫外分光光度计测其浓度。

引物来源于已发表文章,包括BRMS系列 (Suwabe et al., 2002, 2004); ENA、KBRH、EJU、PW、GOL、EO系列 (Choi et al., 2007); BC系列 (葛佳等, 2005); OI Na、Ra、Ni系列 (Lowe et al., 2004); F110系列 (<http://www.osbornlab.agronomy.wisc.edu/research/maps/>); BrHLC系列 (Kim et al., 2006); 8C系列由中国农业科学院蔬菜花卉所庄木老师提供; nla-ssr系列和 cnum系列由韩国 Chungnam大学 YongPo Lin教授提供; B系列由荷兰瓦赫宁根大学 Guusje Bonnema博士提供。SRAP引物参照Li和 Quiros (2001)、Wang等 (2005) 的报道。

1.2 SSR分析

SSR反应体系为15 μL: 4 μL模板DNA (15 ng · μL⁻¹); 0.15 μL *Taq*酶 (5 U · μL⁻¹); 1.5 μL 10 ×buffer; 0.6 μL正向引物 (5 pmol · μL⁻¹); 0.6 μL反向引物 (5 pmol · μL⁻¹); 0.75 μL dNTP (2.5 mmol · μL⁻¹); 7.4 μL ddH₂O。反应程序: 预变性 94 °C, 5 min; 变性 94 °C, 1 min; 退火温度 55 °C, 1 min; 延伸 72 °C, 1.5 min; 35个循环; 72 °C, 10 min; 16 °C 保存。对于扩增片段大 (> 400 bp) 的条带用2.5%的琼脂糖,片段小 (<400 bp) 且差别小于4 bp的用6%的变性聚丙烯酰胺凝胶,片段小 (<400 bp) 且片段差别大于4 bp的用8%的非变性聚丙烯酰胺凝胶进行电泳检测。

1.3 SRAP分析

SRAP反应体系为20 μL: 5 μL模板DNA (15 ng · μL⁻¹); 0.20 μL *Taq*酶 (5 U · μL⁻¹); 2 μL 10 ×buffer; 1.5 μL正向引物 (5 pmol · μL⁻¹); 1.5 μL反向引物 (5 pmol · μL⁻¹); 1.6 μL dNTP (2.5 mmol · μL⁻¹); 8.2 μL ddH₂O。反应程序: 预变性 94 °C, 5 min; 变性 94 °C, 1 min; 退火温度 35 °C, 1 min; 延伸 72 °C, 1.5 min; 5个循环; 变性 94 °C, 1 min; 引物退火温度 50 °C, 1 min; 延伸 72 °C, 1.5 min; 35个循环,延伸 72 °C, 10 min; 16 °C 保存。扩增产物用8%的非变性聚丙烯酰胺凝胶进行电泳检测。用SRAP正向引物和SSR引物任意组合。

1.4 数据统计分析

将电泳图谱上清晰出现的条带记为1,同一位置没有条带的记为0,有各种原因造成的带型不清或数据缺失记为“-”。运用JoinMap 4.0构建遗传图谱,采用Kosambi函数计算图距。

2 结果与分析

2.1 引物多态性分析

用亲本筛选 1 310对 SSR引物, 其中 138对 SSR和 2对 ESTP (E060、E120) 在两亲本间具有多态性, 131对可以清晰检测 DH群体单株基因型, 其中 8C0419和 8C1046有 2个位点, KBRH139B23有 3个位点。97对 SSR引物可以清晰检测 BL群体单株基因型, 其中 KBRH139B23有 2个位点。利用亲本对 1 760对 SRAP引物组合进行筛选, 到得 44对具有 3个及 3个以上多态性位点的引物组合, 用于检测 DH群体单株基因型, 产生 200个多态性标记。

2.2 DH群体遗传图谱构建

利用 JoinMap 4.0软件对 DH群体进行连锁分析, 构建了包含 105个 SSR标记和 140个 SRAP标记, 10个连锁群的遗传图谱, 总长度为 714 cM, 平均图距为 2.9 cM (图 1)。

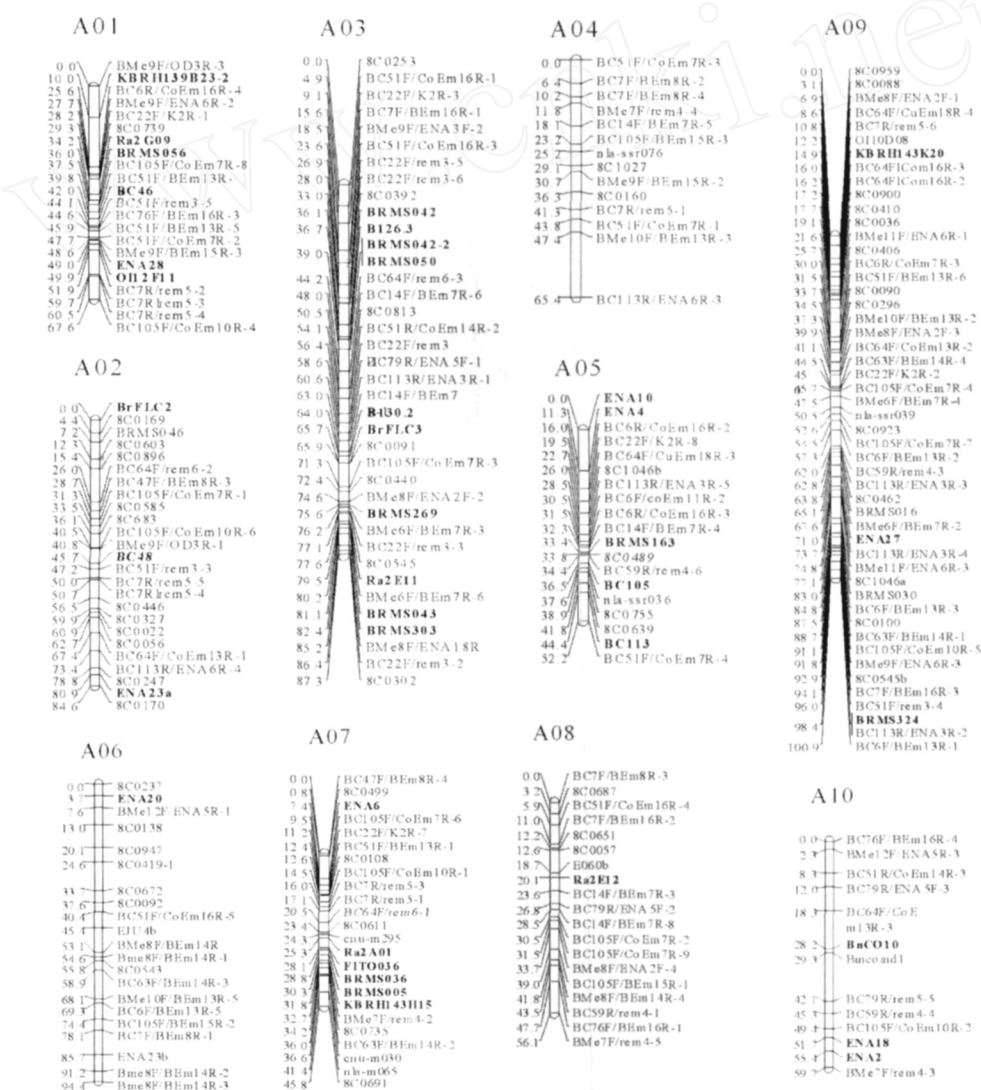


图 1 白菜遗传连锁图谱

黑体为锚定 SSR 标记。

Fig 1 Linkage map of *Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis* (Lour.) O. Sison

Boldface presented Anchored markers in each linkage group.

利用已发表的 SSR 标记, 将各个连锁群分别锚定到 A 基因组的 10 个连锁群上 (http://www.brassica.info/brassica_info/linkage_groups/assignments.php)。每个连锁群上的标记数在 13 ~ 50 个之间, 连锁群长度在 45.8 ~ 100.9 cM 范围内; 其中 A09 最长 100.9 cM, A07 最短 45.8 cM。标记分布比较均匀, 没有出现聚集现象, A04 和 A10 出现了 2 个较大的间隙, 分别为 18.0 cM 和 11.8 cM。图谱中共有 38 个锚定 SSR 标记, 分布在 9 个连锁群上, 其中 A03 上有 10 个锚定 SSR 标记, 但没有 A04 的锚定标记。经过与已发表的参考图谱比较, 其余 9 个连锁群基本均能够覆盖相对应的连锁群, 没有发现大片段的缺失, 因此我们推断没有锚定标记的连锁群为 A04。

在本研究中首次把 53 个 8C 系列 SSR 标记用于构建遗传图谱, 这些标记分布在 9 个连锁群中, A10 没有出现, 其中 A09 上最多为 13 个, A01 只有 1 个, 平均为 5.3 个。根据锚定 SSR 标记在图谱上的位置, 可初步确定 8C 系列 SSR 标记在连锁群中的位置。

325 个多态性标记中有 80 个标记未进入连锁图, 未连锁标记比率为 24.61%。其中 131 个 SSR 标记中 26 个未进入连锁群, 比率为 19.85%; 194 个 SRAP 标记中 54 个未进入连锁, 未连锁比率为 27.83%。在进入连锁图的 245 个标记中, 发生偏分离的标记有 168 个, 偏分离比率为 68.57%。其中 SSR 标记 77 个, 偏分离比率为 73.33%; SRAP 标记 91 个, 偏分离比率为 65.00%。SSR 标记 87.01% 偏向于 Z16, 12.99% 偏向于 L144; SRAP 标记 83.52% 偏向于 Z16, 16.48% 偏向于 L144。

2.3 BL 群体遗传结构分析

利用 97 对已定位在 DH 群体遗传图谱上的 SSR 标记, 分析 BL 群体单株基因型 (表 1)。结果显示, 轮回亲本 Z16 在 BL 群体中覆盖基因组比率为 65.00% ~ 99.16%, 平均为 88.69%, 没有偏离理论遗传期望值 87.5%。供体亲本 L144 在 BL 群体所占比率为 0.84% ~ 35.00%, 平均 11.31%, 接近理论遗传预期值 12.50%, 其中 BrFLC2 标记在 BL 群体只含有 0.84%, 低于理论遗传预期值; BRMS016 标记含有 35.00%, 高于理论遗传预期值。SSR 标记分布在 10 个连锁群中, A04 最少为 3 个标记, A09 最多 16 个标记, 平均每个连锁群均有 9.8 个标记用于分析 BL 群体基因型。供体亲本 L144 在 A01、A02、A03、A05、A07、A08、A10 连锁群中平均基因组覆盖均低于理论遗传值; 在 A04、A06、A09 连锁群中均高于理论遗传值。

表 1 分子标记分析供体 L144 在 BL 群体的比率

Table 1 Analysis of molecular marker L144 of ratio at the BLs

连锁群 Linkage group	SSR 标记数目 No. of SSRs	比例变化范围 / % Range of ratio	染色体范围平均比率 / % Average ratio along chromosome
A01	8	1.90 ~ 28.93	8.75
A02	9	0.84 ~ 8.26	4.23
A03	15	2.54 ~ 20.83	11.30
A04	3	11.67 ~ 20.83	15.79
A05	11	1.72 ~ 33.05	8.33
A06	9	5.79 ~ 23.53	18.04
A07	15	1.68 ~ 21.49	7.40
A08	4	10.74 ~ 12.61	11.70
A09	16	8.33 ~ 35.00	17.46
A10	7	0.85 ~ 30.17	11.56

利用 SSR 标记对 BL 群体中供体亲本 L144 等位基因占有所有等位基因的比率进行统计 (表 2), 其中 BC₂ 家系 BDC0600012 和 BDC0600033 比率最低, 分别为 1.69% 和 2.08%, 低于理论遗传预期值 12.50%; BC₂ 家系 BDC0600013 和 BDC060008 株系比率最高, 分别为 23.12% 和 27.36%, 高于理论遗传预期值, 平均为 11.03%, 与理论遗传预期值 12.50% 接近。

表 2 L144标记等位基因在 BL 群体的比率表

Table 2 Ratio of L144 marker allele gene in the BLs

BC ₂ 单株 *	L144标记等位基因比率 / % Ratio of L144 marker allele gene						平均比率 / %
BC ₂ individual	1 **	2	3	4	5	6	Average ratio
BDC060001	9.38	8.42	8.42	10.42	8.42	-	9.01
BDC060003	4.17	4.26	2.06	10.53	-	-	5.25
BDC060005	9.20	12.50	31.96	25.00	18.95	-	19.52
BDC060006	1.04	11.34	8.42	22.11	21.88	-	12.96
BDC060008	31.18	26.04	27.96	26.60	25.00	-	27.36
BDC0600010	3.16	7.22	5.21	19.79	18.75	-	10.82
BDC0600011	3.13	8.42	9.38	6.19	8.42	-	7.11
BDC0600012	3.16	0	1.05	3.19	1.05	-	1.69
BDC0600013	19.59	29.17	32.63	8.42	25.77	-	23.12
BDC0600014	17.20	5.15	15.46	20.62	5.43	-	12.78
BDC0600015	8.70	4.17	11.34	5.21	9.38	-	7.76
BDC0600017	2.06	7.22	6.19	13.19	-	-	7.16
BDC0600018	3.09	11.46	8.25	5.21	2.06	-	6.01
BDC0600019	2.06	10.42	9.28	12.50	8.33	-	8.52
BDC0600020	10.64	30.21	22.92	18.95	16.49	-	19.84
BDC0600021	8.25	13.54	21.05	13.40	3.09	-	11.87
BDC0600022	29.17	21.51	15.79	10.31	29.47	-	21.25
BDC0600025	13.40	12.63	13.68	13.54	-	-	13.31
BDC0600026	9.57	11.58	4.26	4.17	7.53	-	7.42
BDC0600027	6.45	8.42	12.63	17.58	7.45	-	10.51
BDC0600028	8.33	17.89	8.25	11.58	8.33	8.42	10.47
BDC0600029	1.03	11.46	7.22	2.13	-	-	5.46
BDC0600030	2.08	10.42	7.37	10.87	14.58	-	9.06
BDC0600032	5.15	3.09	3.09	8.25	7.22	-	5.36
BDC0600033	0	0	4.17	4.17	-	-	2.08

*用于构建 BL 群体的 BC₂ 单株, ** 1~6 分别代表每个株系中的各个 BL 株系, “-” 代表缺失。

* BC₂ individuals used for development of BLs, ** 1 - 6 represent lines of BLs, “-” represents absence.

3 讨论

尽管 BL 群体具有很多优点, 但是 BL 群体的构建相对其它群体费时, 费力, 花费大, 一般需要回交后自交 5~6 代 (Lin et al, 1996; Chetelat & Meglic, 2000)。本研究采用了小孢子培养加快 BC₂ 株系纯合, 缩短构建 BL 群体的时间, 但有可能对极端偏向性标记产生影响如 B_rHLC2 和 BRMS016。本研究构建的 DH 群体遗传图谱长度明显小于已经发表的图谱 1 005.5 cM (Suwabe et al, 2006); 1 287 cM (Kim et al, 2006), 1 182 cM (Choi et al, 2007), 1 090 cM (Wu et al, 2008)。图谱大小与作图群体的类型、标记类型、标记数和作图亲本之间的亲缘关系的远近有关 (Axelsson et al, 2000), 当双亲间遗传距离大, 差异位点多, 且在染色体上分布均匀时, 构建的遗传图谱较长, 也更接近基因组实际。另外, 与不同的数学函数 (Haldane 函数和 Kosambi 函数) 计算图谱距离有关。

遗传理论上来看, 经回交 2 代, 受体亲本 Z16 应覆盖基因组 87.5%, 供体亲本 L144 覆盖基因组 12.5%, 分析结果表明实际受体亲本 Z16 覆盖基因组 88.69%, 供体亲本 L144 覆盖基因组为 11.31%, 与理论遗传预期值基本相符。B_rHLC2 标记和 BRMS016 标记分别检测 BL 群体单株基因型, B_rHLC2 标记的分布偏向 Z16, 而 BRMS016 标记偏向 L144。在 25 个 BL 株系中, 供体亲本 L144 所占比率都不相同, 15 个株系中 L144 比率低于理论遗传值 12.5%, 10 个株系高于理论遗传值 12.5%。研究中由于采用了孢子培养加快 BC₂ 株系纯合, 缩短 BL 群体构建的时间, 但由配子体或孢子体不同发育阶段基因型的选择和由小孢子培养、植株再生过程的选择压力可能会导致群体中等位基因的基因型发生选择偏向。

利用 BL 群体开展重要性状的 QTL 分析, 首先需要分析群体的遗传组成。构建具有相同亲本的 DH 群体的遗传图谱, 可以利用该图谱分析 BL 群体的遗传结构和特点。例如, Jeuken 等 (2001)、Jeuken 和 Lindhout (2004) 先后利用相同亲本, 采用 AFLP 技术构建了 F₂ 群体和 BL 群体茼蒿遗传图

谱, 分别检测到 3 和 6 个与霜霉病相关的 QTL。本研究中利用 DH 群体构建的遗传图谱分析了 BL 群体的遗传组成, 为该群体在白菜类作物中运用提供了理论基础。

References

- Axelsson T, Bowman CM, Sharpe A G, Lydiate D J, Lagercrantz U. 2000. Amphidiploid *B. nassica juncea* contains conserved progenitor genomes. *Genome*, 43: 679 - 688.
- Chetelat R T, Meglic V. 2000. Molecular mapping of chromosome segments introgressed from *Solanum lycopersicoides* into cultivated tomato (*Lycopersicon esculentum*). *Theor Appl Genet*, 100: 232 - 241.
- Choi Su Ryun, Graham R Teakle, Prikshit Plaha, Jeong Hee Kim, Charlotte J, Allender, Elena Beynon, Zhong Yun Piao, Pilar Soengas, Tae Ho Han, Graham J, King, Guy C, Barker, Paul Hand, Derek J, Lydiate, Jacqueline Batley, David Edwards, Dal Hoe Koo, Jae Wook Bang, Beom Seok Park, Yong Pyo Lim. 2007. The reference genetic linkage map for the multinational *B. nassica rapa* genome sequencing project. *Theor Appl Genet*, 115 (6): 777 - 792.
- Ge Jia, Xie Hua, Cui Chong-shi, Hong Jian-ming, Ma Rong-cai. 2005. Analysis of expressed sequence tags (ESTs) derived SSR markers in Chinese cabbage (*B. nassica campestris* L. ssp. *pekinensis*). *Journal of Agricultural Biotechnology*, 13 (4): 423 - 428. (in Chinese)
- 葛 佳, 谢 华, 崔崇士, 洪剑明, 马荣才. 2005. 大白菜表达序列标签 SSR 标记分析. *农业生物技术学报*, 13 (4): 423 - 428.
- Jeuken M, van Wijk R, Pelman P, Lindhout P. 2001. An integration interspecific AFLP map of lettuce (*Lactuca*) based on two *L. sativa* × *L. saligna* F₂ populations. *Theor Appl Genet*, 103: 638 - 647.
- Jeuken M, P Lindhout. 2004. The development of lettuce backcross inbred lines (BLs) for exploitation of the *Lactuca saligna* (wild lettuce) germplasm. *Theor Appl Genet*, 109: 394 - 401.
- Kim J S, Chung T Y, King G J, Jin M, Yang T, Jin Y, Kim H, Park B. 2006. A sequence-tagged linkage map of *B. nassica rapa*. *Genetics*, 174: 29 - 39.
- Kole C, Teutonico R, Mengistu A, Williams P H, Osborn T C. 1996. Molecular mapping of a locus controlling resistance to *Albugo candida* in *B. nassica rapa*. *Phytopath*, 86: 367 - 369.
- Li G, Quiros C F. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in *B. nassica*. *Theor Appl Genet*, 103: 455 - 461.
- Lin S Y, Yamamoto T, Sato M, Shomura A, Shimano T, Kuboki Y, Harushima Y, Yano M. 1996. Backcross inbred lines as a permanent mapping population. *Rice Genome 5*, issue 1.
- Lowe A J, Moule C, Trick M, Edwards K J. 2004. Efficient large-scale development of microsatellites for marker and mapping applications in *B. nassica* species. *Theor Appl Genet*, 108: 1103 - 1112.
- Song K M, Suzuki J Y, Slocum M K, Williams P H, Osborn T C. 1991. A linkage map of *B. nassica rapa* base on restriction fragment length polymorphism loci. *Theor Appl Genet*, 82: 296 - 304.
- Suwabe K, Iketani H, Nunome T, Kage T, Hirai M. 2004. Isolation and characterization of microsatellites in *B. nassica rapa* L. *Theor Appl Genet*, 104: 1092 - 1098.
- Suwabe K, Tsukazaki H, Iketani H, Hatakeyama K, Kondo M, Fujimura M, Nunome T, Fukuoka H, Hirai M, Matsumoto S. 2006. Simple sequence repeat-based comparative genomics between *B. nassica rapa* and *A. rubidopsis thaliana*: the genetic origin of clubroot resistance. *Genetics*, 173: 309 - 319.
- Suwabe K, Iketani H, Nunome T, Kage T, Hirai M. 2002. Isolation and characterization of microsatellites in *B. nassica rapa* L. *Theor Appl Genet*, 104: 092 - 109.
- Wang G, Pan J S, Li X S, He H, Wu A Z, Cai R. 2005. Construction of a cucumber genetic linkage map with SRAP markers and location of the genes for lateral branch traits. *Science in China Ser C Life Sciences*, 48: 213 - 220.
- Wang X W, Lou P, Bonnema G, Yang B J, He H J, Zhang Y G, Fang Z Y. 2005. Linkage mapping of a dominant male sterility gene *Ms-cd1* in *B. nassica oleracea*. *Genome*, 48: 848 - 854.
- Wu J, Yuan Y X, Zhang X W, Zhao J, Song X, Li Y, Li X, Sun R, Koomneef M, Aarts M G M, Wang X W. 2008. Mapping QTLs for mineral accumulation and shoot dry biomass under different Zn nutritional conditions in Chinese cabbage (*B. nassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). *Plant Soil*, 310: 25 - 40.
- Zhang X, Wu J, Zhao J, Song X, Li Y, Zhang Y, Xu D, Sun R, Yuan Y, Xie C, Wang X. 2006. Identification of QTLs related to bolting in *B. nassica rapa* ssp. *pekinensis* (syn. *B. nassica campestris* ssp. *pekinensis*). *Agr Sci China*, 5 (4): 265 - 271.