

黄籽甘蓝型油菜核心种质的 SSR 标记分析^①

曲存民^{1,2}, 卜海东^{1,2}, 刘晓兰³, 王敏^{1,2},
卢坤^{1,2}, 刘水燕^{1,2}, 杨绍锋^{1,2}, 王瑞^{1,2},
徐新福^{1,2}, 谌利^{1,2}, 李加纳^{1,2}

1. 西南大学农学与生物科技学院, 重庆 400716; 2. 南方山地农业教育部工程研究中心, 重庆 400716;
3. 西南大学(荣昌校区)动物医学系, 重庆 荣昌 402460

摘要: 核心种质筛选是植物遗传资源研究和利用的便捷途径, 利于种质资源杂种优势利用. 遗传多样性分析有利于最优亲本组合的鉴定, 以期能够产生遗传变异最大的后代群体和促进不同资源的有利基因渗透到栽培品种. 该研究通过表型数据分析表明, 初选核心种质能够有效地代表参试群体的遗传多样性, 利用 20 对 SSR 标记对 20 份黄籽甘蓝型油菜的核心种质进行了遗传多样性分析, 共检测出 128 个等位基因, 每对引物在不同材料之间的等位基因数在 4~11 之间, 平均位点为 6.40 个, 多态信息量 PIC 值在 0.81~0.92 之间, 通过 UPGMA 法, 核心种质的遗传相似系数介于 0.17~0.61 之间, 说明黄籽甘蓝型油菜核心种质具有较丰富的遗传多样性. 该研究为甘蓝型黄籽油菜基因资源的挖掘和黄籽杂交育种的利用提供了理论基础.

关键词: 甘蓝型油菜; 黄籽; SSR; 种质资源; 遗传多样性

中图分类号: S634.3

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2015)01-0001-06

种质资源蕴藏丰富的遗传多样性, 是作物新品种培育及育种研究的重要物质基础. 在世界范围内巨大的种质资源数量使得育种工作者很难对其进行深入研究并加以有效利用. 因此, 核心种质的概念于 1984 年首次被提出, 表示尽可能以种质资源的最小数量来最大限度地代表整个种质资源多样性^[1], 有效促进了种质资源评价、利用及发掘重要基因效率^[2], 且在小麦^[3-4]、大豆^[5]、水稻^[6-10]及玉米^[11-12]等主要作物中已建立了相应的核心种质资源库, 并用 SSR 标记对其进行了遗传分析^[13-18].

油菜不仅是我国重要的油料作物, 且种质资源十分丰富, 与其他作物相同, 种质资源的创新与利用也作为油菜育种工作中主要组成部分而备受关注. 在生产中, 甘蓝型黄籽油菜以其含油量和蛋白含量高, 纤维素和多酚等有害物质含量低, 油质清澈透明, 饼粕饲用价值高等一系列优点, 引起国内外育种家的高度重视. 但由于甘蓝型油菜在自然界中缺乏天然的种质资源, 大部分黄籽均是通过人工合成或诱变获得, 因此针对黄籽甘蓝型油菜核心种质资源筛选利用方面的研究相对较少, 但在白菜型油菜中有相关报道^[19].

本研究根据刘晓兰等^[20]对重庆市油菜工程技术研究中心提供的 180 份黄籽甘蓝型油菜骨干亲本材料的研究结果, 采用 UPGMA 法对其进行了遗传背景的差异分析, 并综合比较了 5 个主要品质性状, 共获得可以代表其亲本种质材料间背景差异的核心种质 20 份. 因此, 本研究以获得的 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质为材料, 分析其品质性状并利用 SSR 标记技术检测其分子水平上的多态性, 从而确定育种可以充分利用的杂种优势亲本群, 为选配黄籽甘蓝型油菜杂交种提供稳定亲本, 对于今后杂交育种和优势组合的选配具有重要意义.

① 收稿日期: 2013-05-13

基金项目: 863 重点项目(2011AA10A104); 国家自然科学基金(U1302266, 31401412); 重庆市主要农作物良种创新工程项目(CSTC2012GGB80008); 国家科技支撑计划项目(2013BAD01B03-12); 中央高校基本科研业务费专项资金(XDJK2013C031, XDJK2012A009); 西南大学博士基金(SWU112036).

作者简介: 曲存民(1983-), 男, 山东潍坊人, 讲师, 主要从事作物分子育种研究.

通信作者: 李加纳, 教授.

1 材料与方法

1.1 试验材料

根据刘晓兰等^[17]对本研究室 180 份黄籽甘蓝型油菜的研究结果,选取了 20 份具有遗传多样性及种质特性差异明显、遗传距离较大的甘蓝型油菜黄籽为核心种质(表 1),均由西南大学重庆市油菜工程技术研究中心多年培育可供利用的亲本育种品系,且在全国冬油菜产区经这些品系选育的多个高产优质杂交油菜品种被广泛种植.田间试验在重庆市北碚西南大学歇马试验基地播种,单株移栽种植,每份材料 20 株,2 次重复,田间管理按常规生产方式进行.成熟后分小区收获种子,用于品质性状的分析.

表 1 黄籽甘蓝型油菜核心种质系谱来源

编 号	系 谱 来 源	编 号	系 谱 来 源
1	GH01/851	11	GH01/851
2	[(埃斯佩德/74-317)/品 93-496]/(GH01/99A227)	12	Q2/GH06
3	中双 9 号 2/06R8	13	GH21//07 Y608
4	07H55/X3	14	Sophia//GH16/川油 18
5	07R24/X13	15	Y520/L120
6	06P422/P71	16	Y539/L121
7	SC94005/GH16	17	05E26-2
8	06P422/P71	18	SC94005/GH16
9	R69-3	19	06P243/中双 9 号
10	中双 9 号/板	20	(GH01/851)/[(7018/甘蓝)/(中油 821/D2)]

1.2 核心种质品质性状的测定

利用近红外光谱仪(Foss, TR-3700)测定核心种质种子含油量、蛋白质、硫苷、芥酸和油酸含量,每份材料重复测定 3 次,取平均值.

1.3 基因组 DNA 提取

每株系随机选取 3~5 株幼嫩叶片混合样 1 g,按照 Doyle 等^[21]的 CTAB 方法提取基因组 DNA,用 TE 溶解于-20 ℃冰箱保存备用.

1.4 SSR 分子标记分析

本研究涉及的 SSR 引物来源包括:① BrassicaDB(<http://www.ukcrop.net>)数据库下载;② Piquemal 等^[22]于 2005 年公开发表的序列;③ 日本蔬菜茶叶研究所 Satoru Matsumoto 教授提供的序列;④ 加拿大 NAFF 公开发表的序列.源于 BrassicaDB 和 Piquemal 等文献中涉及序列由上海生物工程技术有限公司合成,日本蔬菜茶叶研究所和加拿大 NAFF 提供的序列为上海英俊生物公司合成.采用本实验室优化后的 PCR 扩增反应体系(10 μL),DNA 模板为 20 ng,10×PCR buffer (含 15 mM Mg²⁺) 1.2 μL,0.2 μL 10 mmol/L dNTP,0.5 U Taq DNA 聚合酶,引物 0.5 μmol/L,加 ddH₂O 至总体积 10 μL. PCR 反应程序为 94 ℃ 预变性 5 min;35 个循环(94 ℃ 变性 45 s,55 ℃ 退火 45 s,72 ℃ 延伸 1 min),72 ℃ 延伸 10 min,16 ℃ 保存.扩增反应产物通过聚丙烯酰胺凝胶检测,银染观察并照相.

1.5 数据统计分析

分别以 0,1 和 9 对 SSR 扩增产物进行统计建立数据库(有带赋值为 1,无带赋值为 0,缺失为 9),然后参照 Senior 等^[23]方法计算获得单个 SSR 标记位点的多态性信息量(Polymorphic Information Content,简称 PIC),即

$$PIC=1-\sum f_i^2$$

其中 f_i 表示 i 位点的基因频率;参照 Smith 等^[24]方法计算标记索引系数(Marker index,简称 MI).聚类分析按非加权组平均法(UPGMA)进行,所有数据分析采用软件 SPSS 13.0 和 Excel 2003 完成.

1.6 核心种质的评价参数计算

在原始种质群体和核心种质间,同一品质性状方差与平均数的差异显著性分别用 F 检验和 t 检验进行检测,核心种质主要特性用平均数、方差、极值、变异系数、偏度和峰度等 6 个主要评价参数进行评价.

2 结果与分析

2.1 核心种质的特性指标评价

表型性状能反映出种质资源的基本特征,通过对种质资源进行多样性分析可有效挖掘有利基因并加以

利用. 采用双样本 t 测验进行比较结果表明, 本研究对筛选出的 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质性状与原始种质群体差异不显著, 说明初选的 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质材料能够有效地代表参试的原始种质群体, 可用该核心种质进行遗传多样性分析(表 2).

表 2 初始种质群体与核心种质 5 个种质特性品质性状的平均数、极值、方差、变异系数、偏度和峰度

性 状	类型	平均数	极值	方差	变异系数	偏度	峰度	t 值	F 值
硫苷含量/($\mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1}$)	C	47.50 $\pm$ 0.19	26.33~133.86	737.86	0.57	2.08	4.46	0.84	1.39
	O	56.06 $\pm$ 0.39	17.14~163.34	1051.14	0.58	0.98	-0.1		
含油量/%	C	40.52 $\pm$ 0.26	36.81~44.36	5.54	0.06	-0.23	-1.04	0.24	1.11
	O	38.39 $\pm$ 0.34	25.84~49.98	14.85	0.1	-0.53	1.12		
芥酸含量/%	C	2.28 $\pm$ 0.06	0.00~34.34	56.85	3.31	4.44	19.79	0.15	1.32
	O	2.62 $\pm$ 0.08	0.00~43.95	64.67	3.07	4	15.12		
蛋白质含量/%	C	26.47 $\pm$ 0.12	22.82~30.21	3.05	0.07	-0.09	0.09	0.1	1.06
	O	27.19 $\pm$ 0.17	21.66~34.25	4.89	0.08	0.06	0.53		
油酸含量/%	C	58.37 $\pm$ 1.12	22.6~78.94	135.13	0.18	-2.67	9.46	0.58	1.24
	O	64.91 $\pm$ 2.21	12.09~78.94	128.55	0.19	-1.95	5.01		

注: O, C 分别代表原始种质群体和核心种质.

2.2 核心种质的等位基因分析

在 20 份黄籽甘蓝型核心种质材料间, 本研究中利用 20 对 SSR 引物共检测到 128 个等位基因位点, 每对引物检测出的等位基因平均位点数为 6.40 个, 计算 PIC 的平均值为 0.86, 标记索引系数 MI 等于 5.54, 反映了黄籽甘蓝型油菜核心种质间具有丰富的遗传多样性. 另外, BRMS324 和 CB10364 两对引物均获得 11 个等位基因位点数, 且 PIC 值和 MI 值都较高, 而引物 BRMS071 和 BRMS240 最低, 均为 4 个, PIC 值和 MI 值都较低(表 3), 说明扩增的等位基因数多少与 PIC 值和 MI 值具有一定的相关性.

表 3 20 对 SSR 引物检测到 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质的遗传变异

引物名称	引 物 序 列	染色体	等位 基因数	多态性 信息量	标记 索引
BRAS051	GGCTACAAAATGTTTGATAAGCTCT / ACCTGAAAGAGAGGCTACACAT	A03, C03	7	0.87	6.06
BRAS072	GAATAGCCTCGCAGAAGTAGC / CGACGGCGATAAACGAA	A05	6	0.87	5.21
BRMS-050	CACCGTCGGAGTCTGAAT / GAGCCGTAAACCNTAGTGTG	A03, C09	5	0.86	4.29
BRMS071	GCCATCTACACATTTATCCC / CACTAACCTTCTTGCTACCGT	A03	4	0.84	3.35
BRMS240	CCGTGAGAAGTCATTTGG / AATCATTTTTTCGATGACAGAA	A05	4	0.82	3.26
BRMS309	CATAACACTTTCTAATCTCGCA / TTGTATTCTTGTTGTATTCTTT	A06	7	0.85	5.98
BRMS324	TGTCCTGTTTTCTGTGCTGG / GCCAACGCTAGTTTTGCTTC	A03, A09, C08	11	0.90	9.91
CB10022	CCAAACGCTTTTCTTTCTGC / CCAATGACGCTCCAAGATTT	A09	6	0.86	5.18
CB10258	GAAGATTCGAGCTCTTTCGG / CGTTTCAGAATCATATTGTATTTTGCT	A01, C01	5	0.81	4.03
CB10364	AGGACCCGACTTTCCTTGTT / ACCAAACTCGGCGTACAAAT	A08	11	0.92	10.16
EJU5	TCCAAGTAGACGAATCAAGAGAGT / ATAAATCGAACCTGAAACCATGTCT	A06	8	0.90	7.23
ENA21	ACCAAACGACGCAAACAAACAATA / TGACTTCGGAACGTGCAATAGAGAT	A09	6	0.87	5.19
ENA6	TGAGGTTAGACATGGCGCTGCTGC / TTTGATCATTGTGGTCGCGAGTTCG	A07	7	0.88	6.19
ES-b09-1	AAGTCACTACTTCCATTGAGGAACC / GATGATTGGTGGTTTGGGTTT	A06	6	0.85	5.13
MR119	AAAACAATACGACTGATTGAACCAT / CAAATCATAGTCGAAACTAGCTAAAA	A05	6	0.85	5.09
niab_ssr022	GTAGAGTACTTTGCGAGCAAGGAT / AGGATTCTTTACTCTCTGCAGCTTT	C09	6	0.87	5.21
niab_ssr112	CACCTGTCATGTCTTCTTCTGG / TTGTCTTTGTTTTCTTCTCATTCG	C01	6	0.82	4.94
sN11516	ATCTCATGGTTGGTTCACCG / ATTTCCAAAACACACACGCA	A04, C04	7	0.88	6.14
sR12777	CTCGTCTTCTTCACCTACAAC / CTGACATCTTTCTCACCCAC	A09, C09	5	0.81	4.05
sS2331B	AGCCGTGTAGCACCAGAACT / CGTGTAGTGTGCGCATCTTT	C08	5	0.84	4.20
总计			128		
平均			6.40	0.86	5.54

2.3 遗传多样性分析

采用类平均法(UPGMA),对 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质间的多态性数据进行聚类分析,结果表明 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质的相似系数范围为 0.17~0.61(图 1),表明这些种质具有较丰富的遗传多样性,且 1 号材料与其他材料间的遗传差异最大,而材料 6 号与 8 号、7 号与 18 号之间的遗传差异相对较小,结果与材料本身系谱来源一致(表 1). 尽管材料 1 和 11 系谱来源也一致,但它们遗传差异却很大. 因此,在遗传育种工作中对于常异花授粉作物的遗传保纯是非常重要的.

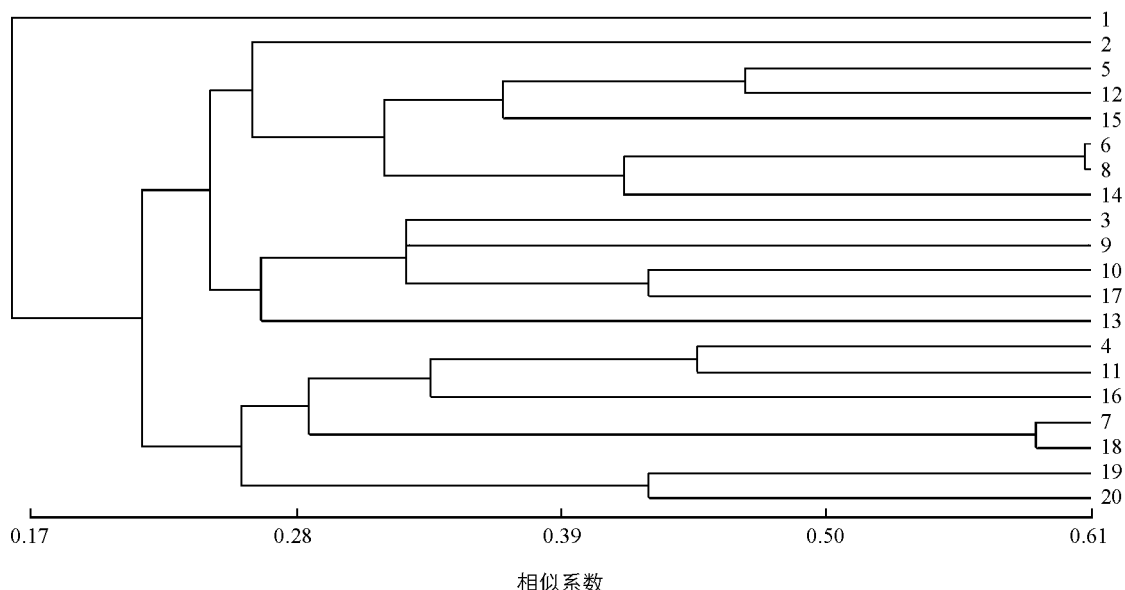


图 1 20 份黄籽甘蓝型油菜核心种质的 UPGMA 聚类分析图

3 讨论

新品种选育的前提是具有丰富的种质资源,因此在育种工作中对遗传资源的收集与利用也得到各国育种单位的高度重视.然而,对于众多的种质资源中能被有效用于作物特定目标改良的资源却极为有限^[3].因此,如何进行研究与利用是各个育种单位面临的主要问题.研究表明核心种质能够最大限度地代表整个种质资源的遗传多样性,一般认为核心种质应该占整个遗传资源的 5%~10%,但国内外研究者在不同植物核心种质构建中并没有提供合适的取样比例,根据地域不同取样的比例也存在一定的差异,比如在云南,初级核心种质的地方稻种资源取样比例为 16%^[8],而江西地方稻的取样比例为 9.28%^[25].另外,不同的材料中取样比例也存在一定的差异性,比如中国普通小麦的取样比例为 14.9%^[26],而本研究中的黄籽甘蓝型油菜核心种质的取样比例为 11.11%.因此,选取核心种质比例的基本原则是在种群没有明显多样性丢失的前提下,再根据原始种质群体的大小来确定适当的取样比例.

遗传多样性不仅作为种质资源评价利用的基础,也是发掘物种中重要基因资源的信息源.在我国,油菜是重要的油料作物之一,本研究室利用不同的亲本材料已选育和推广了大批的油菜新品种,但产量和品质一直处于较低的水平.因此,在甘蓝型油菜中稳定的黄籽品系的选育是重要的育种目标之一,同时对现有甘蓝型黄籽油菜种质资源的多样性分析及核心种质的确立也显得尤为重要.前人对核心种质表型性状多样性进行分析大都依据 Shannon-Wiener 多样性指数和 Nei 遗传距离^[27]为参考指标,主要缺点在于以材料性状的表型值来衡量核心种质资源易受制于环境条件的变化,其结果也不能真正反映核心种质基因型间的遗传差异.但 DNA 分子标记技术具有不受基因表达的时空限制和环境条件影响等优点,其中 SSR 标记在水稻、小麦、大豆及玉米等主要作物中不仅能很好地检测不同种质资源的特异性,也能指导种质资源的有效利用^[3-17],且油菜研究方面也有过相关报道^[20, 27-30].本研究选取 20 对分布于不同连锁群且重复性和多态性都比较好的 SSR 标记对 20 份甘蓝型黄籽油菜核心种质的遗传变异进行分析,发现黄籽甘蓝型油菜核心种质在基因组水平上有着十分明显的遗传变异,相似系数在 0.17~0.61 之间,体现出较为丰富的遗传多

样性; 而系谱来源一致的材料在表型上存在差异, 但在基因型间差异很小(6 和 8), 而 7 和 18 号在表型与基因型间均存在显著差异, 说明筛选的核心种质较好地反映了原始种质资源的群体结构, 在育种工作中对该核心种质资源的长期保存、利用都具有重要价值。

在育种工作中, 利用杂种优势是提高油菜产量的重要途径之一, 且双亲的遗传差异越大, 杂交种的杂种优势越强。因此, 本研究结果提供的 20 份黄籽甘蓝型油菜作为核心种质, 体现出了丰富的遗传多样性, 这将对甘蓝型黄籽油菜杂交种亲本的早期筛选及优势组合利用具有重要意义。

参考文献:

- [1] FRANKEL O H, BROWN A H D. Current Plant Genetic Resources a Critical Appraisal [M] //Genetics: New Frontiers. New Delhi: Oxford and IBH Publishing, 1984: 112—145.
- [2] FRANKEL O H. Genetic Perspectives of Germplasm Conservation [M] //Arber W K, Llimensee K, Peacock W J, et al. Genetic Manipulation: Impact on Man and Society. Cambridge: Cambridge University Press, 1984: 161—170.
- [3] PLASCHKE J, GANAL M W, RÖDER M S. Detection of Genetic Diversity in Closely Related Bread Wheat Using Microsatellite Markers [J]. Theor Appl Genet, 1995, 91(6—7): 1001—1007.
- [4] PRASAD M, VARSHNEY R K, ROY J K, et al. The Use of Microsatellites for Detecting DNA Polymorphism, Genotype Identification and Genetic Diversity in Wheat [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100(3—4): 584—592.
- [5] MAUGHAN P J, MAROOF M A S, BUSS C R. Microsatellite and Amplified Sequence Length Polymorphisms in Cultivated and Wild Soybean [J]. Genome, 1995, 38(4): 715—723.
- [6] ZHU Z F, SUN C Q, LI Z C, et al. Study on the Classification of Rice Varieties with SSR Molecular Markers [J]. J Agri Biotech, 2001, 9(1): 58—61.
- [7] 黎毛毛, 黄永兰, 余丽琴, 等. 利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6): 952—957.
- [8] 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究 [J]. 中国农业科学, 2000, 33(5): 1—7.
- [9] 魏兴华, 汤圣祥, 余勇汉, 等. 浙江粳稻地方品种核心样品的构建方法 [J]. 作物学报, 2001, 27(3): 324—328.
- [10] 曾亚文, 申时全, 汪禄祥, 等. 云南稻核心种质元素及其多样性中心分析 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2005, 27(1): 1—4.
- [11] 王久光, 蔡一林, 孙海艳, 等. 西南主要玉米地方种质自交系的 RAPD 标记聚类分析 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2004, 26(5): 545—549.
- [12] TARAMINO G, TINGEY S. Simple Sequence Repeats for Germplasm Analysis and Mapping in Maize [J]. Genome, 1996, 39(2): 277—287.
- [13] 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 等. 中国普通小麦初选核心种质的产生 [J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(1): 1—8.
- [14] 邱丽娟, 曹永生, 长如真, 等. 中国大豆 (*Glycine max*) 核心种质构建 I. 取样方法研究 [J]. 中国农业科学, 2003, 36(12): 1442—1449.
- [15] WANG L X, GUAN Y, GUAN R X, et al. Establishment of Chinese Soybean (*Glycine max*) Core Collections with Agronomic Traits and SSR Markers [J]. Euphytica, 2006, 151(2): 215—223.
- [16] LI Y, SHI Y S, CAO Y S, et al. Establishment of a Core Collection for Maize Germplasm Preserved in Chinese National Gene Bank Using Geographic Distribution and Characterization Data [J]. Genet Resour Crop Evol, 2004, 51(8): 845—852.
- [17] 滕中华, 王晓雯, 张 建, 等. 棉花栽培品种/品系的 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2012, 34(12): 20—26.
- [18] 彭忠华, 赵 致, 张明生, 等. SSR 标记对高海拔玉米自交系遗传多样性的研究 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2006, 28(1): 17—21.
- [19] 何余堂, 涂金星, 傅廷栋, 等. 陕西省白菜型油菜核心种质的初步构建 [J]. 中国油料作物学报, 2002, 24(1): 6—9.
- [20] 刘晓兰, 曲存民, 谢景梅, 等. SSR 标记对不同黄籽甘蓝型油菜亲本材料的遗传分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 632—638.
- [21] DOYLE J J, DOYLE J L. Isolation of Plant DNA from Fresh Tissue [J]. Focus, 1990(12): 13—15.
- [22] PIQUEMAL J, CINQUIN E, COUTON F, et al. Construction of an Oilseed Rape (*Brassica napus* L.) Genetic Map

- with SSR Markers [J]. Theor Appl Genet, 2005, 111(8): 1514—1523.
- [23] SENIOR M L, MURPHY J P, GOODMAN M M, et al. Utility of SSRs for Determining Genetic Similarities and Relationships in Maize Using an Agarose Gel System [J]. Crop Science, 1998, 38(4): 1088—1098.
- [24] SMITH J S C, CHIN E C L, SHU H, et al. An Evaluation of the Utility of SSR Loci as Molecular Markers in Maize (*Zea mays* L.): Comparisons with Data from RFLPS and Pedigree [J]. Theor Appl Genet, 1997, 95(1—2): 163—173.
- [25] 黎毛毛, 黄永兰, 余丽琴, 等. 利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6): 952—957.
- [26] 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 等. 中国普通小麦初选核心种质的产生 [J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(1): 1—8.
- [27] NEI M, LI W H. Mathematical Model for Studying Genetic Variation in Terms of Restriction Endonucleases [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979, 76(10): 5269—5273.
- [28] POULSEN G B, KAHL G, WEISING K. Abundance and Polymorphisms of Simple Repetitive DNA Sequence in *Brassica napus* L. [J]. Theor Appl Genet, 1993, 85(8): 994—1000.
- [29] HASAN M, SEYIS F, BADANI A G, et al. Analysis of Genetic Diversity in the *Brassica napus* L. Gene Pool Using SSR Markers [J]. Genet Resour Crop Evol, 2006, 53(4): 793—802.
- [30] 雷天刚, 张学昆, 陆合, 等. 甘蓝型油菜黄籽品种 SSR 指纹图谱的构建 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2005, 27(3): 361—364.

Genetic Diversity Analysis of Core Collection of Yellow-Seeded *Brassica napus* Using SSR Markers

QU Cun-min^{1,2}, BU Hai-dong^{1,2}, LIU Xiao-lan³, WANG Min^{1,2},
LU Kun^{1,2}, LIU Shui-yan^{1,2}, YANG Shao-feng^{1,2},
WANG Rui^{1,2}, XU Xin-fu^{1,2}, CHEN Li^{1,2}, LI Jia-na^{1,2}

1. School of Agronomy and Biotechnology, Southwest University, Chongqing 400716, China;

2. Engineering Research Center of South Upland, Agriculture of Ministry of Education, Chongqing 400716, China;

3. Department of Veterinary Medicine, Southwest University (Rongchang Campus), Chongqing 402460, China

Abstract: Constructing core collections is a convenient way to study and utilize plant germplasm resources, which could be used in crop heterosis in hybrid. Assessment of genetic diversity benefits the identification of optimal parental combinations to produce segregating offspring with maximum genetic variability, and facilitates the introgression of favorable genes from various germplasm into commercial cultivars. In this research, core collection could reflect the genetic diversity of entire collection based on the phenotypic traits in yellow-seeded lines of *B. napus*. The results showed that 20 SSR primer combinations were employed to evaluate the genetic diversity of 20 core collection of yellow-seeded lines rapeseed, and a total of 128 alleles were detected in 20 core collection. At each SSR locus, 4 to 11 alleles could be detected, with average of 6.40 and polymorphism information content (*PIC*) 0.81 to 0.92. The genetic similarity among 20 core collection was calculated, with varied 0.17 to 0.61, using the UPGMA cluster analysis. The greater genetic diversity of 20 core collection of yellow-seeded lines was fully revealed in this study, which provided the theoretical foundations for further exploring, hybridization and breeding of the yellow-seeded rapeseed germplasm in the future.

Key words: *Brassica napus* L.; yellow trait; simple sequence repeat (SSR); germplasm; genetic diversity

