

## 研究报告

### A Letter

# 大白菜单一基因微卫星标记的电子遗传图谱

梁翠<sup>1</sup>, 王哲<sup>1</sup>, 倪梦<sup>2</sup>, 黎瑞源<sup>2</sup>, 孟金陵<sup>2</sup>, 朴钟云<sup>1</sup>

1. 沈阳农业大学园艺学院, 沈阳, 110866

2. 华中农业大学作物遗传改良国家重点实验, 武汉, 430070

✉ 通讯作者: [zypiao@syau.edu.cn](mailto:zypiao@syau.edu.cn); ✉ 作者

分子植物育种, 2011年, 第9卷, 第59篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0059

收稿日期: 2011年01月10日

接受日期: 2011年04月18日

发表日期: 2011年05月16日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式:

梁翠等, 2011, 大白菜单一基因微卫星标记的电子遗传图谱, 分子植物育种 Vol.9 No.59 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0059)

**摘要** 本研究以大白菜(*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*) 182 703 条表达序列标签(EST)为序列来源, 在分析微卫星在大白菜基因组中分布的基础上, 利用单一基因微卫星(unigene derived microsatellite, UGMS)标记构建了电子遗传图谱。结果表明, 在利用 182 703 条 EST 拼接成的 38 753 个单一基因中, 4 881 个含有 5 537 个微卫星, 占总数的 12.6%。定位于 10 个连锁群的 338 个大白菜细菌人工染色体(Bacterial Artificial Chromosome, BAC)克隆共包含 2 252 个 UGMS 标记。平均每个 BAC 克隆包含 6.7 个 UGMS。这些 UGMS 标记定位在由 10 个连锁群构成的电子遗传图谱中, 总长度为 1 170.1 cM。每个连锁群中分布有 107~485 个 UGMS 标记。在 2 252 个 UGMS 标记中, 837 个在连锁群中具有单一位点, 756 个有两个位点, 其余的有 3 个或 3 个以上位点。这些多位点 UGMS 标记位于同一条连锁群或不同连锁群中。

**关键词** 大白菜; 单一基因; 单一基因微卫星标记; 电子遗传图谱

## *In Silico* Mapping of Unigene Derived Microsatellite Markers in Chinese Cabbage (*Brassica rapa*)

Liang Cui<sup>1</sup>, Wang Zhe<sup>1</sup>, Ni Meng<sup>2</sup>, Meng Jinling<sup>2</sup>, Piao Zhongyun<sup>1</sup>

1. College of Horticulture, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, P.R. China

2. National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan, 430070, P.R. China

✉ Corresponding author, [zypiao@syau.edu.cn](mailto:zypiao@syau.edu.cn); ✉ Authors

**Abstract** To study the distribution of microsatellites and to *in silico* mapping of microsatellites in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*), 182 703 expressed sequence tags (ESTs) sequences from public database were analyzed. Among 38 753 unigenes assembled, 4 881 (12.6%) unigenes were found to contain 5 537 microsatellite. of 5 537 unigene derived microsatellite (UGMS) markers, 2 252 were anchored to 338 Bacteria Artificial Chromosome (BAC) clones which were mapped on 10 linkage groups of Chinese cabbage. Based on the linkage map of Chinese cabbage, an *in silico* map of 2 252 UGMS markers was constructed. *In silico* map was consisted of 10 linkage groups, covering 1 170.1 cM in length. The number of markers per linkage group ranged from 107 to 485. Out of mapped UGMS markers, 837 had unique position on linkage groups, 756 were duplicated, the others were either triplicated or more than three copies. In addition, the duplicated UGMS were located on one or more linkage groups.

**Keywords** Chinese cabbage; Microsatellite; Unigene derived microsatellite marker; *in silico* mapping

### 研究背景

芸薹种(*Brassica rapa*)是芸薹属植物中最为重要的物种之一, 是蔬菜、油料和饲料作物的重要来源, 而且富含膳食纤维、维生素C和抗癌等其它营养有益成分。其中大白菜、青梗菜和菜心等为我国栽培面积最大的蔬菜作物。

目前, 应用于大白菜的分子标记主要有RFLPs (Restriction Fragment Length Polymorphisms)、RAPD

(Random Amplified Polymorphic DNA)、SSRs (Simple Sequence Repeats) 和 AFLPs (Amplified Fragment Length Polymorphisms)等几种类型。SSR或微卫星(microsatellite)是指1~6个碱基长度的核苷酸单位以多次重复串联排列在基因组上的一段序列。由于SSR标记具有多态性高、呈共显性遗传、基因组上分布广泛、易于用PCR检测等特点, 已广泛应用于遗传作图和遗传多样性等研究(Powell et

al., 1996)。近年来, 以大白菜基因组序列为基础开发了 1 000 余个 SSR 标记, 并用于大白菜遗传图谱的构建(Suwabe et al., 2002, 2006; Kim et al., 2006; Choi et al., 2007; Kim et al., 2009)。这些标记都是通过文库构建和测序等传统方法开发的基因组 SSR。

大白菜表达序列标签的大量释放为研究大白菜转录区域 SSR 的分布和 EST-SSR 标记的开发提供了丰富的序列资源。但 EST 数据库中众多的冗余序列将导致同一位点 EST-SSR 标记的重复开发。这些冗余 EST 序列可聚类分析拼接成单一基因序列, 即单一基因(Unigene, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)。如水稻 298 808 个 EST 序列拼接成 33 722 个单一基因(Parida et al., 2006)。因此, 基于单一基因的微卫星(Unigene-derived microSatellite, UGMS)标记不仅可以避免功能标记的重复开发, 也为开发染色体位置唯一的 UGMS 标记提供了可能(Parida et al., 2006)。Parida 等(2010)利用大白菜单一基因开发了 347 个 UGMS 标记。但这些标记仅限于大白菜连锁群 A03 和 A09。

研究表明芸薹属植物的部分染色体片段在基因组中平均存在 3 个拷贝(Lagercrantz and Lydiat, 1996)。Yang 等(2006)发现大白菜基因组经历了三倍化的过程, 并伴随有染色体部分片段的加倍。芸薹属植物的这种多倍性导致了多数基因拷贝数的增加以及基因在染色体位点上的重复性。

本研究旨在利用大白菜 EST 公共数据库, ①分析 UGMS 在大白菜基因组中的分布频率, ②构建大

白菜 UGMS 标记电子遗传图谱, ③分析 UGMS 标记的复制特点。该研究结果将为分析大白菜的遗传变异、进化机理、基因定位和克隆乃至分子育种提供基础。

## 1 结果与分析

### 1.1 大白菜 UGMS 分布频率

从 NCBI 公共数据库获得 182 703 条大白菜 EST 序列。通过重叠和聚类分析, 共得到 38 753 条单一基因, 总长度为 26.5 Mb。利用 MISA 软件检测到 4 881 条单一基因含有 5 537 个微卫星, 占总单一基因的 12.6% (表 1)。其中 591 个单一基因含有 2 个或 2 个以上的微卫星。在 5 537 个微卫星中, 完全型的 SSR 为 5 261 个, 复合型与间断型分别为 266 个和 10 个。微卫星的分布密度为 4.8 kb。在一至六核苷酸重复中, 二和三核苷酸重复是主导类型, 分别占总数的 48.7% 和 47.5%。其次分别为单, 四, 六和五核苷酸重复, 依次为 2.4%, 0.9%, 0.4% 和 0.1%。

### 1.2 大白菜电子遗传图谱的构建

通过 4 881 条含 SSR 的单一基因与这些 BAC 克隆序列的同源性比对, 我们发现共有 338 个 BAC 克隆包含 2 252 个 UGMS (表 2)。其中连锁群 A03 和 A09 分布有最多的 BAC 克隆, 分别为 58 和 67 个。每个克隆分布有 1~35 个微卫星, 如 BAC 克隆 KBrB068E07 含 35 个微卫星。平均每个 BAC 含有 6.7 个 UGMS。

表 1 大白菜单一基因微卫星分布

Table 1 Distribution of unigene derived microsatellites in Chinese cabbage

研究内容 Character under study	数量(百分比) Number (Percentage)
单一基因总数 No. of unigenes	38 753
单一基因长度 (bp) Size of unigenes (bp)	26 487 610
含 SSR 的单一基因 No. of SSR-containing unigenes	4 881
SSR 总数 No. of identified microsatellites	5 537
完全型 SSR 单一基因总数 No. of perfect SSR-containing unigenes	4 653
含 2 个及 2 个以上 SSR 单一基因总数 No. of unigenes containing more than one microsatellite	591

续表 1

Continuing table 1

研究内容 Character under study	数量(百分比) Number (Percentage)
完全型 SSR 个数 No. of identified perfect microsatellites	5 261
复合型 SSR 个数 No. of identified compound microsatellites	266
间断型 SSR 个数 No. of identified interrupted microsatellites	10
单核苷酸重复总数 No. of mononucleotides	135(2.4%)
二核苷酸重复总数 No. of dinucleotides	2 696(48.7%)
三核苷酸重复总数 No. of trinucleotides	2 627(47.5%)
四核苷酸重复总数 No. of tetranucleotides	48(0.9%)
五核苷酸重复总数 No. of pentanucleotides	8(0.1%)
六核苷酸重复总数 No. of hexanucleotides	23(0.4%)

表 2 大白菜遗传图谱中 UGMS 标记的分布

Table 2 Distribution of UGMS markers on the linkage groups of Chinese cabbage

连锁群 Linkage group	连锁群长度 Length of linkage group (cM)*	BAC 数 No. of BAC	UGMS 数 No. of UGMS	UGMS 数/BAC No. of UGMS per BAC	电子遗传图谱长度 Length of <i>in silico</i> map (cM)
A01	146.3	34	228	6.7	146.3
A02	98.5	33	213	6.5	98.5
A03	162.2	58	424	7.3	139
A04	85.7	18	107	5.9	77.7
A05	153.3	21	149	7.1	120.7
A06	141.9	31	195	6.3	141.9
A07	121.2	27	147	5.4	121.2
A08	119.6	32	155	4.8	90.9
A09	151.3	66	485	7.2	151.3
A10	91.3	18	149	8.3	82.6
总数 Total	1 271.3	338	2 252	6.7	1 170.1

注: \*: <http://www.brassica-rapa.org>

Note: \*: <http://www.brassica-rapa.org>

根据 JWF3p 遗传图谱, 利用 Mapchart 2.1 软件构建了大白菜电子遗传图谱(图 1)。该图谱总长度为

1 170.1 cM(表 2), 共分布有 2 252 个 UGMS 标记。连锁群 A01-A10 分别分布有 228、213、424、107、

149、195、147、155、485 和 149 个 UGMS 标记。  
各连锁群覆盖的长度在 A04 的 77.7 cM 至 A09 的 151.3 cM 之间。

10 个连锁群中, UGMS 标记在大部分区域中分布较均匀。但在 9 个连锁群中存在超过 15 cM 以上的间隙。

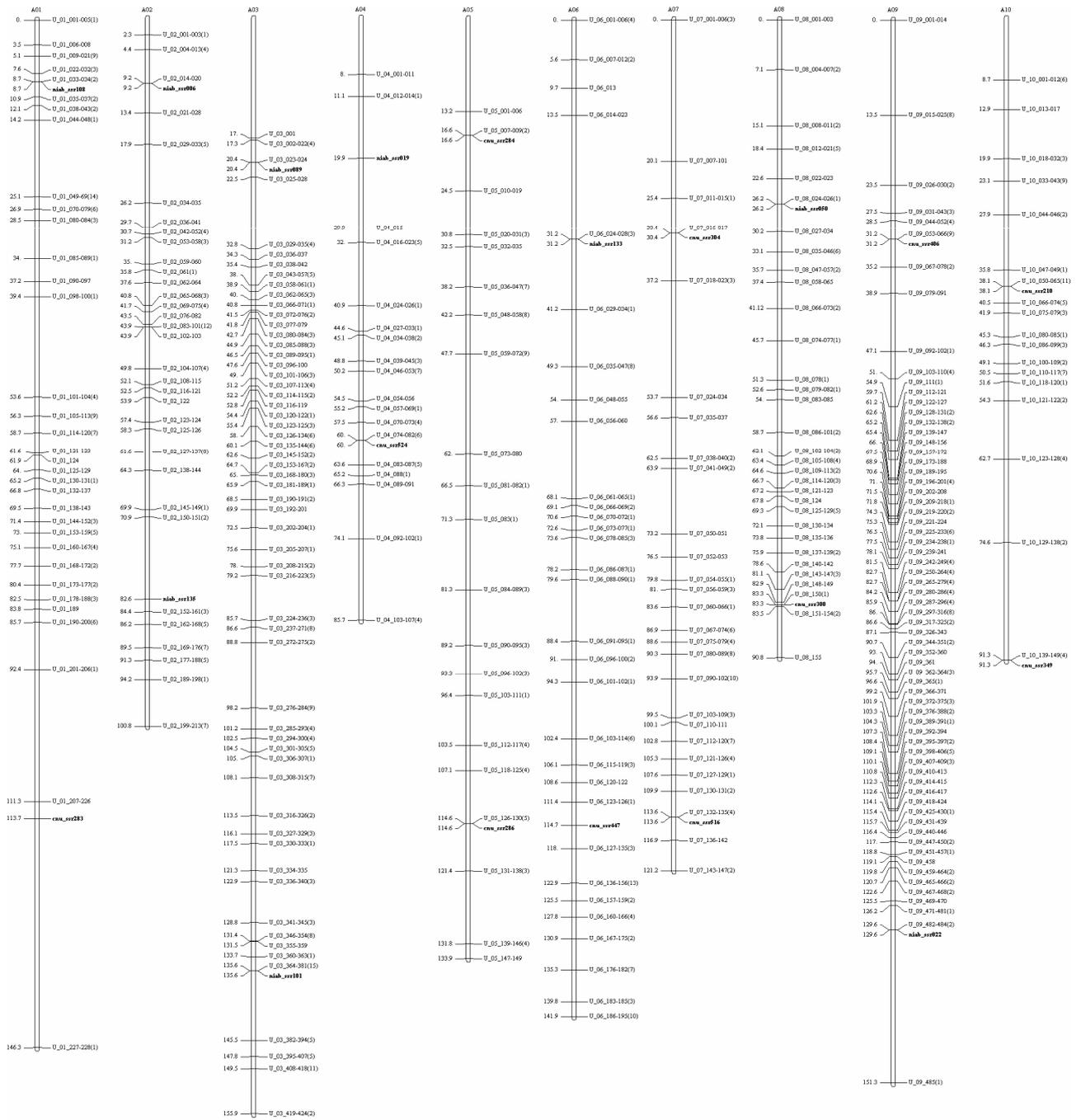


图 1 大白菜电子遗传图谱

注: 左侧为遗传距离(cM), 右侧为 UGMS 标记; 黑体为锚定标记, 括号中数值代表每个位点上的单位点 UGMS 数

Figure 1 *In silico* map of Chinese cabbage

Note: The genetic distances (in cM) are indicated on the left of linkage group, The names of UGMS markers are given on the right; Anchor markers are presented in bold, The number of single-locus UGMS on each locus are presented in parentheses

如分布有228个UGMS的A01,在111.3~146.3 cM范围内无UGMS标记的分布。间隙在20~30 cM的有2个区域,分别位于A07的0~20.1 cM和A09的129.6~151.3 cM之间。在15~20 cM范围内无UGMS标记的共有5处。其中A01有1个、A03的1个、A06的1个、A07的1个和A10的1个。此外,我们也发现连锁群中UGMS标记的密集区。如在A03的32.8~42.7 cM内存在54个UGMS标记,平均每1 cM存在5.5个UGMS。

### 1.3 UGMS 标记在大白菜基因组中的重复

通过对大白菜10个连锁群中标记序列的同源性分析,我们发现在2252个UGMS标记中,837个表现为单一位点。在连锁群中有2、3、4及4个以上匹配位点的标记分别为756、249、136和274个,并称之为多位点UGMS。多位点UGMS的重复次数为2~77次,平均重复次数为2.7。重复4次以上的UGMS标记均同时出现在同一和不同连锁群(表3)。

根据UGMS标记在连锁群中的位置分布,将重复出现的标记划分为3类。分别是I类:在同一连锁群中多次重复的UGMS;II类:不同连锁群中多次重复的UGMS;III类:在同一连锁群和不同连锁群中同时重复多次的UGMS。I类UGMS标记在各连锁群均有分布,共有213个。其中分布在A09的有97个,A05中只有2个。II类的有705个UGMS标记,占多位点UGMS标记的49.8%。其中2次重复的标记最多(578)。III类UGMS标记共有497个,占多位点标记的35.1%。其中4次及其以上重复的UGMS标记有374个。定位分析发现U\_01\_001在电子遗传图谱中重复次数达到77次,分布于10个连锁群。其中A09中的分布最多,达12个;A04中最少,只有4个(图2)。功能预测结果显示该基因编码果胶酸裂解酶(Pectate lyase),具有促进花粉萌发和花粉管延伸、降解花柱道细胞壁展的活性(Wu et al., 1996)。

表3 多位点UGMS在大白菜基因组中的重复特征  
Table 3 Duplication of multi-locus UGMS on the genome of Chinese cabbage

重复次数 No. of duplication	重复类型 Class of duplication	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	总计(百分比) Total (Percentage)
1		93	80	173	42	61	86	67	49	120	66	837 (37.2%)
2	I	28	12	24	8	2	10	4	16	68	6	178 (7.9%)
	II	49	42	103	22	51	58	43	53	109	48	578 (25.7)
3	I	0	6	0	0	0	0	0	0	21	0	27 (1.2%)
	II	13	11	18	7	6	4	5	11	16	8	99 (4.4%)
	III	9	16	33	4	10	3	5	8	35	0	123 (5.5%)
4	I	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	8 (0.4%)
	II	4	3	6	1	1	3	1	1	7	1	28 (1.2%)
	III	9	9	13	5	2	11	4	4	40	3	100 (4.4%)
4次以上 More than 4	III	23	34	54	18	16	20	18	13	61	17	274 (12.2%)

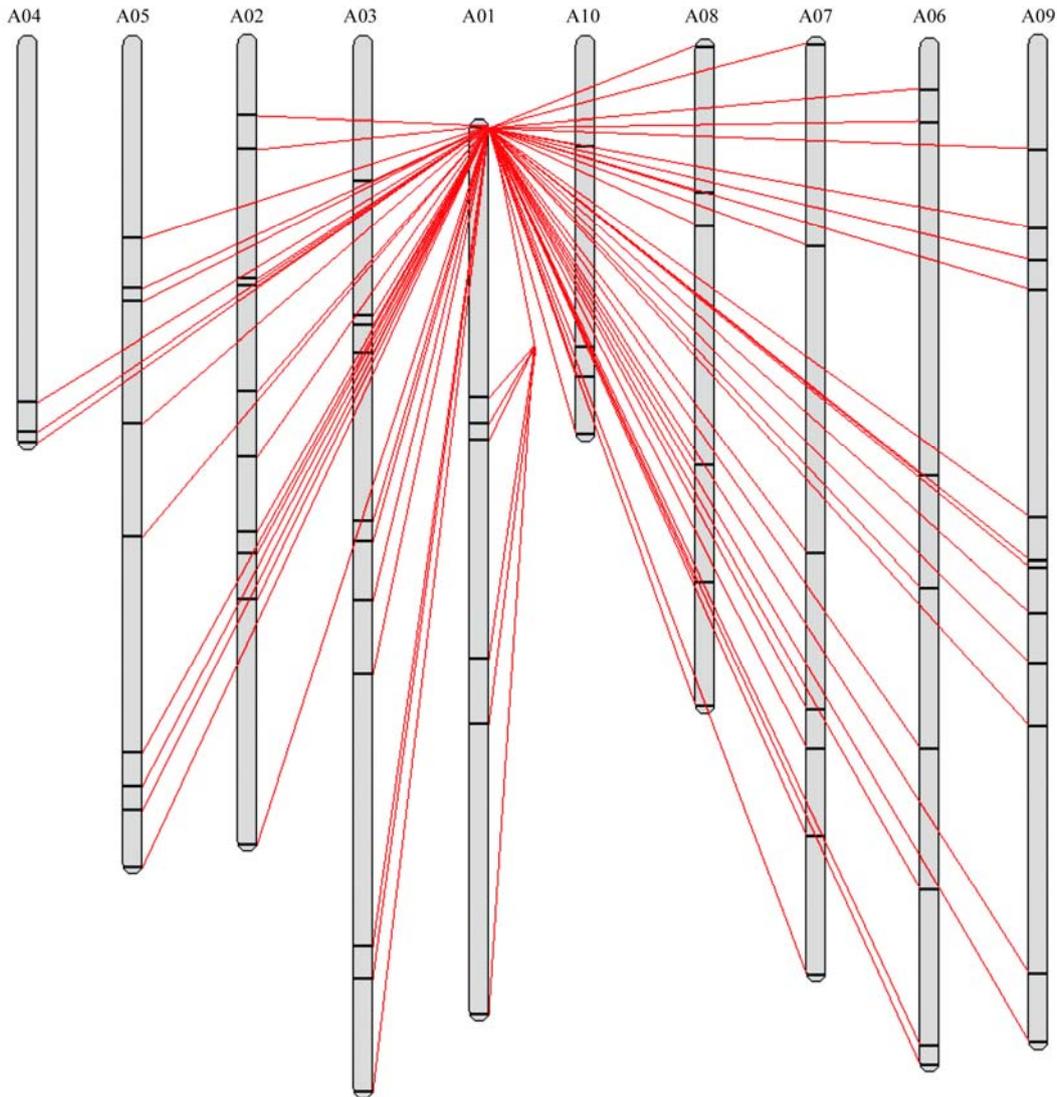


图2 果胶酸裂解酶在大白菜基因组中的复制  
Figure 2 Duplication of pectate lyase in the Chinese cabbage genome

## 2 讨论

本研究对大白菜 38 753 条单一基因进行 SSR 搜索, 共获得 5 537 个 SSR。含 SSR 的单一基因占总单一基因的 12.6%, 高于其他双子叶植物 (2.6%~10.6%) (Kumpatla and Mukhopadhyay, 2005; Sharma et al., 2009) 和单子叶植物 (1.5%~4.7%) 的比率 (Kantety et al., 2002; Parida et al., 2006)。SSR 在大白菜转录区域中每 4.8 kb 出现 1 次。该结果与大白菜基因组序列中 SSR 的分布密度 (1/4.7 kb) 相似 (Hong et al., 2007)。Parida 等 (2010) 利用大白菜 4 353 个单一基因分析了 SSR 的分布, 结果显示 SSR 的分布密度为 1/3.8 kb。该密度高于本研究的 1/4.8 kb。这可能与单一基因的分析数量和 SSR 的界定标准不一致有关。

目前, 利用基因组 SSR 构建了多张大白菜遗传图谱 (Suwabe et al., 2006; Kim et al., 2006; Choi et al., 2007; Kim et al., 2009; 于仁波等, 2008)。Parida 等 (2010) 将 193 和 90 个大白菜 UGMS 标记分别定位在 A03 和 A09 染色体。但尚未见利用功能标记如 UGMS 标记构建覆盖大白菜基因组遗传图谱的研究。本研究利用 2 252 个 UGMS 标记构建了覆盖大白菜 10 条染色体的电子遗传图谱。在该图谱的部分连锁群中观察到大于 15 cM 的间隙, 如 A01 连锁群中 U\_01\_207-U\_01\_228 间的间隙。这是由于 JWF3p 遗传图谱中的相应区域也存在较大的间隙而引起的。但大白菜基因组中广泛存在的 SSR 包括基因组 SSR 和以及尚未定位的 3 285 个 UGMS 标记, 为定向的填充间隙以及进一步构建饱和的高密

度遗传图谱提供了可能。

芸薹属植物不同种间表现出基因的高度同源性 (Lagercrantz and Lydiat 1996; Parida et al., 2010)。如大白菜与甘蓝型油菜之间 88.6% 的基因具有同源性 (Parida et al., 2010)。Kim 等(2009)发现大白菜的部分染色体片断在基因组中存在 2 或 3 次重复。本研究通过分布于连锁群的 UGMS 标记序列的同源性分析和比较, 进一步证实了大白菜基因的多拷贝现象。在构建的大白菜 UGMS 电子遗传图谱中, 62.8% 的 UGMS 标记为多位点 UGMS。其中 2 位点的 UGMS 标记最多(33.6%), 其次为 3 位点(11.1%), 4 位点以上的 UGMS 占总 UGMS 数量的 12.2%。这些多位点 UGMS 标记覆盖了大白菜基因组。

大白菜 UGMS 标记在基因组中的重复出现表明这些标记并非是染色体位置唯一的。即使 UGMS 引物扩增出单一位点, 也不能确定该标记在染色体的位置。因此, 多位点 UGMS 标记不能准确应用于分子标记辅助选择, 或作为锚定标记应用于遗传图谱的构建。这就需要开发出基于单拷贝基因的微卫星标记或单位点 SSR 标记。根据大白菜 JWF3p 遗传图谱中 BAC 克隆的序列, 本研究共检测到 837 个单位点 UGMS 标记。在大白菜全基因组序列破译后, 这些标记还需要进一步的分析和验证。

### 3 实验材料与方法

#### 3.1 序列来源

2008 年 11 月 12 日前登录在 NCBI 上的大白菜 182 703 条 EST 序列(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)。这些序列用于分析微卫星在大白菜基因组中的分布。BrGSP (multinational *Brassica rapa* Genome Sequencing Project) 公布的 499 个大白菜 BAC (Bacterial Artificial Chromosome) 克隆序列 (<http://www.brassica-rapa.org>)。这些 BAC 克隆分别位于大白菜 JWF3p 遗传图谱的 10 个连锁群。

#### 3.2 EST 前处理

利用 EST-trimmer ([http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/download/est\\_trimmer.pl](http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/download/est_trimmer.pl)) 去除 5' 端和 3' 端 50 bp 内重复次数大于 5 次的 poly A/T, 对于大于 700 bp 的序列保留其 5' 端, 小于 100 bp 的序列则剔除。其次, 利用 Seqclean 去除污染序列, 包括载体序列 (<ftp://ftp.ncbi.nih.gov/pub/UniVec>)、叶绿体和线粒体序列 (<http://www.arabidopsis.org/>)。

#### 3.3 EST 拼接和单一基因的获得

预处理后的 EST 序列利用 CAP3 软件进行序列的拼接。参数为在至少 40 个核苷酸的重叠区域内, 最小匹配百分比大于或等于 95% 的 EST 序列可得

到拼接与延伸。为获得非冗余单一基因, 将拼接后产生的拼接体序列进一步进行 BLAST 分析。去除冗余序列按照以下标准进行: (i) 如果 2 个或者更多的拼接体序列一致, 但长短不同, 则保留最长的拼接体为单一基因; (ii) 如果拼接体是通过重叠的 SSR 或多聚 A/T/G/C 拼接而成, 则将所有 EST 作为单一基因; (iii) 如果拼接体是通过序列中的未知碱基(N)拼接而成, 且未知碱基大于 30 bp, 则剔除此类拼接体。通过以上步骤得到的单一基因用于后续分析。

#### 3.4 微卫星的筛选

软件 MISA (MicroSAteellite identification tool; <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa>) 用来搜寻 UGMS。搜索长度为: 单核苷酸为 18 个以上(包括 18 个), 二核苷酸的重复次数为 6 次以上(包括 6 次), 三、四、五和六核苷酸的重复次数为 5 次以上(包括 5 次)。搜索的 UGMS 包括完全型[例如: (AT)<sup>8</sup>]、复合型[例如: (AT)<sup>3</sup>(CT)<sup>7</sup>] 和间断型[例如: (AT)<sup>6</sup>CA(AT)<sup>5</sup>]UGMS。

#### 3.5 电子遗传图谱的绘制

利用 BLAST 软件将含 SSR 的单一基因与 499 个大白菜 BAC 克隆(<http://www.brassica-rapa.org>) 进行序列同源性分析, 搜索出包含 SSR 序列同源区的 BAC 克隆。参数为  $E\text{-value} \leq 10^{-10}$ , 比对长度(包括 SSR 序列)  $\geq 100$  bp。根据搜索结果, 将包含在 1 个 BAC 克隆的 SSR 称为单位点 UGMS, 而位于 1 个以上 BAC 克隆的 SSR 称为多位点 UGMS。

根据 JWF3p 遗传图谱中的 BAC 克隆位置, 利用 Mapchart 2.1 软件构建大白菜 UGMS 电子遗传图谱, 并分析 UGMS 标记在大白菜 10 个连锁群中的分布特点。UGMS 标记命名为 U\_XX\_YYY (XX 代表连锁群, YYY 代表序号), 如 U\_03\_102 代表 A03 中的第 102 个 UGMS。在 10 个连锁群中, 每个连锁群选择 2 个 SSR 标记作为构建电子遗传图谱的锚定标记 (Kim et al., 2009)。

选择在大白菜基因组中重复次数最多的果胶裂解酶基因, 利用华中农业大学开发的 Complinkage V 0.1.2 构建该基因的比较遗传图谱 (孟金陵, 2010, 私人通讯)。该软件的主要功能之一是将位于不同位点的标记通过连线方式连接起来。

#### 作者贡献

梁翠是本研究的实验设计和实验研究的执行人; 王哲、倪梦及黎瑞源参与实验设计, 试验结果分析; 朴钟云及孟金陵是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

## 致谢

国家自然科学基金(30771468); 教育部高等学校博士学科点专项科研基金(20092103110006); 辽宁省教育厅科学技术研究项目(2008S208)。

## 参考文献

- Choi S.R., Teakle G.R., Plaha P., Kim J.H., Allender C.J., Beynon E., Piao Z.Y., Soengas P., Han T.H., King G.J., Barker G.C., Hand P., Lydiate D.J., Batley J., Edwards D., Koo D.H., Bang J.W., Park B.S., and Lim Y.P., 2007, The reference genetic linkage map for the multinational *Brassica rapa* genome sequencing project, *Theor. Appl. Genet.* 115(6): 777-792
- Hong C.P., Piao Z.Y., Kang T.W., Batley J., Yang T., Hur Y.K., Bhak J., Park B.S., Edwards D., and Lim Y.P., 2007, Genomic distribution of simple sequence repeats in *Brassica rapa*, *Molecular and Cells*, 23(3): 349-356
- Kantety R.V., Rota L.M., Matthews D.E., and Sorrells M.E., 2002, Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from balely, maize, rice, sorghum and wheat, *Plant Molecular Biology*, 48(5-6): 501-510
- Kim H.R., Choi S.R., Bae J., Hong C.P., Lee S.Y., Hossain M.J., Nguyen D.V., Jin M., Park B.S., Bang J.W., Bancroft I., and Lim Y.P., 2009, Sequenced BAC anchored reference genetic map that reconciles the ten individual chromosomes of *Brassica rapa*, *BMC Genomics*, 10(1): 432
- Kim K.B., Chung T.Y., King G.J., Jin M., Yang T.J., Jin Y.M., Kim H.I., and Park B.S., 2006, A sequence-tagged linkage map of *Brassica rapa*, *Genetics*, 174(1): 29-39
- Kumpatla S.P., and Mukhopadhyay S., 2005, Mining and survey of simple sequence repeats in expressed sequence tags of dicotyledonous species, *Genome*, 48(6): 985-998
- Lagercrantz U., Lydiate D., 1996, Comparative genome mapping in *Brassica*, *Genetics*, 144(4): 1903-1909
- Parida S.K., Kumar A.R., Dalal V., Singh N.K., and Mohapatra T., 2006, Unigene derived microsatellite markers for the cereal genomes, *Theor. Appl. Genet.*, 112(5): 808-817
- Parida S.K., Yadava D.K., and Mohapatra T., 2010, Microsatellites in *Brassica* unigenes: relative abundance, marker design, and use in comparative physical mapping and genome analysis, *Genome*, 53(1): 55-67
- Powell W., Machray G.C., and Provan J., 1996, Polymorphism revealed by simple sequence repeats, *Trends Plant Science*, 1(7): 215-222
- Sharma K., Bhardwaj P., Negi R., Mohapatra T., and Ahuja P.S., 2009, Identification, characterization and utilization of unigene derived microsatellite markers in tea (*Camellia sinensis* L.), *BMC Plant Biology*, 9(1): 53
- Suwabe K., Iketani H., Nunome T., Kage T., and Hirai M., 2002, Isolation and characterization of microsatellites in *Brassica rapa* L., *Theor. Appl. Genet.*, 104(6-7): 1092-1098
- Suwabe K., Tsukazaki H., Iketani H., Hatakeyama K., Kondo M., Fujimura M., Nunome T., Fukuoka H., Hirai M., and Matsumoto S., 2006, Simple sequence repeat-based comparative genomics between *Brassica rapa* and *Arabidopsis thaliana*: The Genetic Origin of Clubroot Resistance, *Genetics*, 173(1): 309-319
- Wu Y.Z., Qiu X., Du S., and Erickson L., 1996, P0149, a new member of pollen pectate lyase-like gene family from alfalfa, *Plant Molecular Biology*, 32(6): 1037-1042
- Yang T.J., Kim J.S., Kwon S.J., Lim K.B., Choi B.S., Kim J.A., Jin M., Park J.Y., Lim M.H., Kim H., Lim Y.P., Kang J.J., Hong J.H., Kim C.B., Bhak J., Bancroft I., and Park B.S., 2006, Sequence-level analysis of the diploidization process in the triplicated flowering locus C region of *Brassica rapa*, *Plant Cell*, 18(6): 1339-1347
- Yu R.B., Yu S.C., Qi J.N., Zhang F.L., Yu Y.J., Zhao X.Y., and Zhang D.S., 2008, Simple Sequence Repeat (SSR) as Anchor Markers in Constructing a Molecular Genetic Map of Chinese Cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*), *Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturae Sinica)*, 35(10): 1447-1454 (于仁波, 于拴仓, 戚佳妮, 张凤兰, 余阳俊, 赵岫云, 张德双, 2008, 大白菜SSR锚定标记分子遗传图谱的构建, *园艺学报*, 35(10): 1447-1454)



5<sup>th</sup>Publisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5<sup>th</sup>Publisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>