

抗根肿病大白菜近等基因系的构建

张红¹, 黄志银¹, 李梅¹, 范伟强¹, 温娟娟², 王超楠^{1*} (1. 天津科润蔬菜研究所, 蔬菜种质创新国家重点实验室, 天津市蔬菜遗传育种企业重点实验室, 天津 300381; 2. 天津师范大学 生命科学学院, 天津 300387)

摘要 为培育具有抗根肿病基因的青麻叶大白菜, 丰富天津地方种质资源, 以优良的青麻叶自交系 H227 作为轮回亲本, 12G57 自交系作为抗根肿病基因的供体亲本, 利用分子标记辅助选择技术, 在 BC₃F₂ 世代即选育出 4 株轮回亲本基因组含量为 100% 的纯合抗性单株, 快速高效地构建了抗根肿病的青麻叶近等基因系。从抗病性、农艺性状等方面分别对所获得 4 个近等基因系进行评价, 结果发现表型均达抗病, 主要农艺性状也均与轮回亲本 H227 无显著差异, 表明今后不仅可用作青麻叶抗病育种实践的材料, 而且可作为根肿病抗病基因定位的最佳材料。

关键词 青麻叶大白菜; 抗根肿病基因; 近等基因系; 分子标记辅助选择

中图分类号 S634.1 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2019)24-0128-05

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2019.24.039



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Construction of Near-isogenic Lines of Chinese Cabbage with Clubroot Resistance

ZHANG Hong, HUANG Zhi-yin, LI Mei et al (Tianjin Kerun Vegetable Research Institute, National Key Laboratory of Vegetable Germplasm Innovation, Tianjin Key Laboratory of Vegetable Genetic and Breeding Enterprises, Tianjin 300381)

Abstract In order to cultivate abutylon leaves Chinese cabbage with clubroot resistance gene and enrich local germplasm resources in Tianjin, taking excellent inbred lines H227 abutylon leave as recurrent parents, 12G57 inbred lines as the donor parents of clubroot resistance gene, four homozygous resistant plants with 100% genome content of recurrent parents were bred in BC₃F₂ generation, and the near-isogenic lines with resistance to clubroot disease were constructed rapidly and efficiently by using marker-assisted selection technology. From the aspects of disease resistance, agronomic characters of four near-isogenic lines, all the phenotypes were disease-resistant, and the main agronomic traits were not significantly different from the recurrent parent H227, indicating that it could not only be used as the material for disease resistance breeding of green leaves in the future, but also as the best material for the location of clubroot resistance gene.

Key words Abutylon leave; Clubroot resistance gene; Near-isogenic lines; Marker-assisted selection

青麻叶大白菜(*Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis*) 是天津地区特有的一个地方性种质资源, 由于栽培效益好, 复种指数高, 市场范围逐渐扩大, 发展前景可观。但其本身缺乏抗根肿病基因, 栽培中容易受到根肿病的侵害, 加之近年来根肿病的迅速蔓延, 青麻叶大白菜主要栽培地区均受到损害, 在根肿病的高发地区, 其品种品质和产量均受到极大损害, 严重的甚至会导致其全面退出市场。尽快培育出兼具抗病基因和青麻叶优良性状的大白菜品种迫在眉睫。

在育种中, 常采取回交转育的方法将目标性状转移到优良品种中去。经过长期、大量的回交及田间选择, 选育出遗传背景相近, 仅目标性状存在差异的一组品系, 即构建近等基因系。它的优势在于不仅可以应用于育种实践, 而且广泛应用于品种改良、基因多效性分析、目标基因分离、基因精细定位和克隆等研究^[1-6], 但这是一项长期而艰巨的工作, 不仅工作量大, 耗时、耗力而且往往依靠经验选择, 容易造成筛选误差。分子标记辅助(MAS)技术能够在植物发育的任何时期利用种子或者叶片快速开展试验^[7], 简化了筛选过程, 开拓了一条更为高效的途径, 它也从分子水平上确保了筛选的真实性、准确性。

近年来, 国内外学者逐渐应用分子标记辅助育种技术在

水稻、玉米、白菜等作物中开展研究^[8-15], 但针对地方性种质资源青麻叶大白菜的抗根肿病育种研究尚存在空白。该研究旨在利用分子标记技术辅助选育出兼具抗病基因和青麻叶性状的大白菜近等基因系, 建立一套快速高效的近等基因系构建体系, 不仅可以丰富天津青麻叶大白菜的种质资源, 而且对提升该市大白菜分子育种水平和快速选育抗病品种具有重要的战略意义。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 试材来源。‘12G57’含有抗根肿病基因 *CRb* 的大白菜^[16], 作为供体亲本; ‘H227’青麻叶大白菜, 缺乏根肿病抗性基因, 商品性状优良, 作为轮回亲本。2 组材料均由天津科润蔬菜研究所大白菜课题组提供。

1.1.2 菌株来源。供试菌株自湖北长阳贺家坪的大白菜发病根中采集, 该菌经 Williams 方法鉴定为致病性强的 4 号生理小种^[17-18], 菌株取回后洗净干燥处理, 于 -20 °C 冰箱保存备用。

1.1.3 分子标记引物来源。前期试验开发了 2 个与 ‘12G57’ 中抗根肿病基因 *CRb* 连锁的分子标记 Bra0235-2 和 Bra19317, 经验证在抗感双亲 ‘12G57’ 和 ‘H227’ 间具有多态性, 可用于各世代的前景选择。在分布于大白菜基因组的 680 个 SSR 标记中^[19-20], 选择均匀分布于 10 条染色体的 140 个分子标记, 通过父母本间的筛选, 获得稳定的多态性标记 20 个可用于各世代的背景选择, 上述引物均由华大基因公司合成。

1.2 方法 田间试验主要在天津科润蔬菜研究所武清基地

基金项目 青年科研人员创新研究与实验项目(2018013, 2018003); 天津市现代农业产业技术体系创新团队建设专项计划(IT-TVRS2017003)。

作者简介 张红(1990—), 女, 天津人, 研究实习员, 硕士, 从事大白菜分子育种工作。* 通信作者, 副研究员, 硕士, 从事十字花科蔬菜育种研究。

收稿日期 2019-09-03

100%的单株。对 BC₃F₂ 群体中前景选择获得纯合抗性单株 19 株(表 1),进一步进行背景选择,得到 4 株‘H227’基因组含量为 100%的单株(表 2)。

2.2 根肿病抗性鉴定 课题组前期试验验证了 12G57 材料中抗病性受显性单基因控制,遵循孟德尔遗传定律^[24]。对

高抗病亲本材料 12G57、高感病亲本材料 H227 以及近等基因系 GS2-2、GS2-9、GS2-14、GS4-13 接种鉴定,35 d 后,依据病情分级标准进行根肿病抗性鉴定统计(表 3),结果发现,12G57 均表现为抗病,H227 均表现为感病,4 个近等基因系均表现为抗病,苗期接种鉴定结果与分子筛选结果一致。

表 1 BC₃F₂ 群体前景选择的电泳统计结果

Table 1 Statistical results of electrophoresis for prospects selection of BC₃F₂ population

群体 Popula- tion	引物 Primer	感 Susce- ptible	抗 Resis- tant	样本号 Sample No.																	
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
GS1	Bra0235-2	0	2	0	2	0	0	2	0	1	1	2	2	0	1	1	1	1	1		
	Bra0317	0	2	0	1	0	0	2	0	1	1	2	2	0	1	1	1	1	1		
GS2	Bra0235-2	0	2	1	2	0	1	1	1	0	2	2	1	0	0	1	2	1	0	2	
	Bra0317	0	2	1	2	0	1	1	1	0	2	2	1	0	0	1	2	1	0	2	
GS3	Bra0235-2	0	2	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	2	1		
	Bra0317	0	2	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	2	1		
GS4	Bra0235-2	0	2	2	0	2	1	1	2	1	1	1	1	0	2	2	0	0	1	1	
	Bra0317	0	2	2	0	2	1	1	2	1	1	1	1	0	2	2	0	0	1	1	
GS5	Bra0235-2	0	2	1	0	2	2	1	1	0	1	0	0	0	2	1	1	1	1	2	1
	Bra0317	0	2	1	0	2	2	1	1	0	1	0	0	0	2	1	1	1	1	2	1
GS6	Bra0235-2	0	2	1	0	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1
	Bra0317	0	2	1	0	2	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1

注:纯合抗病带型统计为 2,纯合感病带型统计为 0,杂合抗病带型统计为 1

Note: Homozygous resistance band type is 2, homozygous susceptibility band type is 0, heterozygous resistance band type is 1

表 2 BC₃F₂ 群体背景选择的电泳统计结果

Table 2 Statistical results of electrophoresis for background selection of BC₃F₂ population

中选 单株 Selected single plant	引物编号 Primer code																				轮回亲本基 因组含量 Recurrent parental genomic content //%
	A01 -11	A01 -15	A01 -24	A02 -10(2)	A02 -24	A03 -6	A03 -10	A03 -17	A03 -28	A04 -4	A04 -11	A04 -17	A04 -14	A06 -17	A07 -11	A08 -1	A09 -12	A09 -26	A10 -15		
H227	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	—	
12G57	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	—	
GS1-5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	94.74	
GS1-9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	94.74	
GS1-10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	94.74	
GS2-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100.00	
GS2-8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	94.74	
GS2-9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100.00	
GS2-14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100.00	
GS2-17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS3-15	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS4-1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS4-3	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS4-6	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	89.47	
GS4-12	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	89.47	
GS4-13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100.00	
GS5-3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS5-4	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	89.47	
GS5-12	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	89.47	
GS5-17	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	
GS6-13	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94.74	

注:轮回亲本带型统计为 2,非轮回亲本带型统计为 0,杂合抗病带型统计为 1

Note: Recurrent parental band type is 2, non-recurrent parental band type is 0, heterozygous resistance band type is 1

2.3 近等基因系农艺性状鉴定 以青麻叶优良性状大白菜 H227 作为对照,对 GS2-2、GS2-9、GS2-14、GS4-13 这 4 个近等基因系进行农艺性状调查,结果发现,在 0.01 水平下 4 个

近等基因系与 H227 在球高、球重、中心柱高、株高、株幅等数量性状中差异不显著(表 4),在株型、心叶色、外叶色、叶皱、茸毛、抗病性等质量性状中与轮回亲本一致(表 4、图 2),说

明通过分子辅助育种不仅从分子水平上获得了轮回基因组 亲本一致。
100%的近等基因系,数量、质量等主要农艺性状也已与轮回

表 3 根肿病抗性鉴定统计结果

Table 3 Statistical results of identification of clubroot disease resistance

群体编号 Population code	病情分级 Grading of disease					总株数 Total plant number	抗病:感病 实际比值 Disease resistance: susceptibility actual ratio	抗病:感病 理论比值 Disease resistance: susceptibility theoretical ratio	χ^2 检验 χ^2 test
	0	1	3	5	7				
12G57	15	17	0	0	0	32	32:0	1:0	—
H227	0	0	0	11	21	32	0:32	0:1	—
GS2-2	18	14	0	0	0	32	32:0	1:0	—
GS2-9	13	19	0	0	0	32	32:0	1:0	—
GS2-14	20	12	0	0	0	32	32:0	1:0	—
GS4-13	25	7	0	0	0	32	32:0	1:0	—

表 4 农艺性状统计结果

Table 4 Statistical results of agronomic traits

群体编号 Population code	平均球重 Average ball weight//kg	中心柱高 Central column height//cm	株高 Plant height cm	株幅 Plant width cm	球高 Ball height cm	株型 Plant type	球心叶色 Leaf color of ball center	外叶色 Outer leaf color	叶皱 Leaf wrinkle	茸毛 Pube- scence	抗病性 Disease resistance
H227	1.42±0.43	2.58±0.23	26.8±0.57	40.2±0.91	22.19±0.91	直筒舒心	黄	绿+	多皱	少	S
GS2-2	1.61±0.46	2.89±0.15	27.7±0.43	41.1±0.92	22.80±0.94	直筒舒心	黄	绿+	多皱	少	R
GS2-9	1.37±0.45	2.32±0.33	26.4±0.54	39.8±0.88	21.02±0.81	直筒舒心	黄	绿+	多皱	少	R
GS2-14	1.42±0.44	2.62±0.24	26.9±0.54	40.3±0.89	21.79±0.85	直筒舒心	黄	绿+	多皱	少	R
GS4-13	1.56±0.39	2.70±0.19	27.2±0.41	40.6±0.91	21.93±0.91	直筒舒心	黄	绿+	多皱	少	R



注:左图为轮回亲本 H227,右图为近等基因系 GS2-2

Note: The picture on the left shows the recurrent parent H227, and the picture on the right shows the near-isogenic line GS2-2

图 2 田间农艺性状筛选

Fig.2 Screening of agronomic traits in the field

3 结论与讨论

青麻叶大白菜是天津地区重要的优势地方种质资源,其经济性状优良,堪称天津人民冬季的“当家菜”。但近年云南、河北、山东、重庆、辽宁等多个青麻叶的主栽区根肿病频发,已严重危害青麻叶大白菜的生产,对居民的“菜篮子”造成了一定影响,因此开展抗病育种研究迫在眉睫。但我国开展抗根肿病研究相对较迟,针对具体地方性种质资源的研究更存在一定的空白。该试验以青麻叶优良自交系‘H227’为轮回亲本,利用分子标记辅助选择技术快速高效地在 BC_3F_2

群体中筛选出轮回亲本基因组含量为 100% 的 4 株纯合抗性单株,构建一批抗根肿的青麻叶大白菜近等基因系,并分别从抗病性、主要农艺性状等方面进行了评价及鉴定。不仅极大地丰富了天津青麻叶大白菜的种质资源,也为今后进行品种改良及多抗基因聚合研究打下了基础。

盛浩闻等^[25]认为在传统的抗病育种中仅依靠田间表型性状选择进行单基因转育至少需要回交 6 代以上才能选育出高质量的近等基因系,且大量材料依靠人工选择极容易受到主观因素的影响而造成误差。此外当表型性状非质量性

状时,与表型相关的基因不一定完全通过表型体现,此时也将降低回交转育的效率。该试验在田间表型选择的基础上辅以分子标记选择技术,将传统育种技术与现代育种技术紧密融合,保证了选择结果的准确性,提高了选择效率,仅经历3代筛选就获得了充分恢复轮回亲本基因组含量的个体,进一步验证了 Tanksley 等^[7]的结论。

抗病鉴定过程中所用菌株来源于湖北长阳贺家坪,研究表明^[17-18]该菌为强致病性的4号生理小种,理论上构建的抗病品种抗性强,但目前不同地区根肿菌的生理小种存在不同且复杂,国际已公布报道的大白菜根肿病抗性的基因也约有9个,因此单一抗病基因只对部分生理小种产生抗性,抗性不全面,且长期种植单一抗性基因的品种易降低抗病性。今后在该试验基础上,继续依靠分子标记技术将多个近等基因系的优良基因聚合,培育具有复合抗性的大白菜品种意义重大。

参考文献

- [1] 田清震,周荣华,贾继增.小麦抗白粉病近等基因系遗传背景的分标记检测[J].作物学报,2004,30(3):205-209.
- [2] 田清震.中国小麦部分种质遗传多样性分析及小麦抗白粉病分子标记辅助选择研究[D].北京:中国农业科学院,2002.
- [3] 张毅,李云峰,谢戎,等.水稻小穗颖生性近等基因系的构建及其近等性评价[J].作物学报,2006,32(3):397-401.
- [4] 马玉银,左子敏,张在金,等.水稻近等基因系构建及其应用[J].安徽农业科学,2008,36(17):7167-7168.
- [5] 李希锋,董娜.小麦近等基因系的构建及应用进展[J].安徽农业科学,2012,40(5):2577-2579,2617.
- [6] 胡云艳.白菜开花相关基因 BrFLCs 复合近等基因系构建及 FT/TSF 基因进化分析[D].北京:中国农业科学院,2015.
- [7] TANKSLEY S D, YOUNG N D, PATERSON A H, et al. RFLP mapping in plant breeding: New tools for an old science[J]. Bio Technology, 1989, 7(3):257-264.
- [8] WANG B L, YANG G C, CHEN Z J, et al. Breeding rice resistant to bacterial blight with PCR marker of Xa21 gene[J]. Journal of Huazhong Agri-

cultural University, 2001, 20(4):310-313.

- [9] 白鹏飞,张世煌,张德贵,等.利用 SSR 分子标记辅助选择构建 QPM 近等基因系[J].玉米科学,2011,19(5):32-38.
- [10] 张腾,吴迪,赵卓,等.大白菜抗根肿病近等基因系的选育及其评价[J].分子植物育种,2012,10(6):722-730.
- [11] MATSUMOTO E, YASUI C, OHI M, et al. Linkage analysis of RFLP markers for clubroot resistance and pigmentation in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*) [J]. Euphytica, 1998, 104(2):79-86.
- [12] KIM H I, HONG C P, IM S, et al. Development of molecular markers and application for breeding in Chinese cabbage[J]. Korean journal of horticultural science & technology, 2014, 32(6):745-752.
- [13] 张腾,赵卓,张椿雨,等.大白菜抗根肿病基因 CRb 的精确定位[C]//中国园艺学会十字花科蔬菜分会学术研讨会论文集.北京:中国园艺学会十字花科蔬菜分会,2012.
- [14] 杨征,杨晓云,张清霞,等.大白菜抗根肿病基因位点 CRa 和 CRb 的分子标记鉴定[J].华北农学报,2015,30(2):87-92.
- [15] HUANG Z, PENG G, LIU X J, et al. Fine mapping of a clubroot resistance gene in Chinese cabbage using SNP markers identified from bulked segregant RNA sequencing[J]. Frontiers in plant science, 2017, 8:1-9.
- [16] 张红.大白菜抗根肿病基因分子标记的开发和定位[D].天津:天津师范大学,2016.
- [17] 汪维红,余阳俊,丁云花,等.湖北省长阳县十字花科蔬菜根肿病菌生理小种鉴定及抗源筛选[J].中国蔬菜,2013(12):55-60.
- [18] 丁云花,简元才,余阳俊,等.我国8省市十字花科蔬菜根肿病菌生理小种的鉴定[J].中国蔬菜,2013(16):85-88.
- [19] 王彤彤,张淑江,章时蕃,等.大白菜根肿病抗性基因的标记和定位[J].中国蔬菜,2012(14):31-35.
- [20] 王艳.白菜参考遗传图谱的构建[D].北京:中国农业科学院,2011.
- [21] 王涛,王超楠,张红,等.大白菜基因组 DNA 快速提取方法的研究[J].华北农学报,2017,32(6):67-72.
- [22] PIAO Z Y, DENG Y Q, CHOI S R, et al. SCAR and CAPS mapping of CRb, a gene conferring resistance to *Plasmiodiophora brassicae* in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*) [J]. Theoretical & applied genetics, 2004, 108(8):1458-1465.
- [23] FRISCH M, BOHN M, MELCHINGER A E. Comparison of selection strategies for marker-assisted backcrossing of a gene [J]. Crop science, 1999, 39(5):1295-1301.
- [24] 张红,张斌,闻凤英,等.大白菜根肿病的遗传规律及抗病基因定位研究[J].华北农学报,2017,32(4):60-66.
- [25] 盛浩闻,罗丽华,肖应辉.水稻近等基因系构建及应用研究进展[J].作物研究,2014(3):306-311.

(上接第56页)

枸杞的园地整理和规划、品种与苗木选择、栽植、铺砂方式、滴灌带的铺设、土肥水管理、整形修剪、病虫害防治和花果管理等技术要求进行了总结。结果表明,河西荒漠地区适宜移栽的枸杞品种为宁杞7号及宁杞9号,3月下旬移栽,定植穴为直径30~40 cm、深45 cm,株行距为(1.0~1.5) m×(2.0~2.5) m,移栽时采用500~2 000 mg/kg的生根粉进行蘸根处理,移栽后立即灌水,灌水后第2~3天进行铺砂,铺砂量为1 400 g;滴灌带采用交叉式铺设方式,滴灌带选用内镶贴片式滴灌带,型号为Φ16 mm×0.4 mm×1 200 mm×3 L;尿素(46.4%N)施用量为1 300~1 350 kg/hm²,磷酸二铵(N-P₂O₅-K₂O≥64.05,18-46-0)施用量为375 kg/hm²,磷酸二氢钾施用量为700~750 kg/hm²,硫酸钾镁肥(K₂O≥24%,Mg≥6.0%,S≥16.00)施用量为600 kg/hm²,氮磷钾复合肥施用量为2 000~2 400 kg/hm²,全生育期灌水量3 600~4 900 m³/hm²。生产实际操作应根据土壤类型、土壤养分背景及当年降雨、气候、温度等作出适当调整,此规程适用于河西荒漠地区。

参考文献

- [1] 殷贺,李正国,王仰麟.荒漠化评价研究进展[J].植物生态学报,2011,35

(3):345-352.

- [2] 朱震达.中国荒漠化问题研究的现状与展望[J].地理学报,1994,61(S1):650-659.
- [3] 王涛,宋翔,颜长珍,等.近35 a来中国北方土地沙漠化趋势的遥感分析[J].中国沙漠,2011,31(6):1351-1356.
- [4] 马松尧,王刚,杨生茂.西北地区荒漠化防治与生态恢复若干问题的探讨[J].水土保持通报,2004,24(5):105-108.
- [5] 于文斌.民勤县荒漠化草地治理监测与效益评价[D].兰州:兰州大学,2016.
- [6] 胡永权,邵继新,任增茂,等.一种憎水颗粒及防渗透气结构:CN 105541153 A[P].2016-05-04.
- [7] 钱彦丛,宇文萍.枸杞子的化学成分及药理研究新进展[J].中医药学报,2000(4):33-35.
- [8] 述小英,尹跃,安巍,等.不同品种枸杞果实功能营养成分比较分析[J].西北林学院学报,2017,32(1):157-164.
- [9] 如克亚·加帕尔,孙玉敬,钟烈州,等.枸杞植物化学成分及其生物活性的研究进展[J].中国食品学报,2013,13(8):161-172.
- [10] 王建华,王汉中,张民,等.枸杞多糖延缓衰老的作用[J].营养学报,2002,24(2):189-191,194.
- [11] 米江,刘敦华.枸杞叶的活性成分及其功效[J].食品安全导刊,2016(27):105.
- [12] 段珍珍,王占林,贺康宁,等.不同土壤水分含量对枸杞光合特性的影响[J].湖北农业科学,2015,54(17):4208-4211.
- [13] 张宝琳,蔡国军,王三英,等.旱砂地不同枸杞品种营养生长评价及筛选[J].中国农学通报,2013,29(13):40-43.