

# 基于 SSR 标记的不结球白菜品种资源的聚类分析

轩淑欣<sup>1</sup>, 李 向<sup>2</sup>, 顾爱侠<sup>1</sup>, 赵建军<sup>1</sup>, 王彦华<sup>1</sup>, 申书兴<sup>1</sup>

(1. 河北农业大学 园艺学院, 河北 保定 071001; 2. 任丘市农业局, 河北 任丘 062550)

**摘 要:**以 78 份不结球白菜栽培品种为试材, 采用 SSR 分子标记技术, 利用 21 对多态性对其进行多态性分析; 并通过 UPGMA 法进行聚类分析。结果表明: 该试验共产生了 56 个等位基因标记, 每对引物的等位基因数 2~4 个; 78 份不结球白菜可分为三大类, 类群 I 包括 51 份普通白菜、4 份乌塌菜和 3 份菜心材料, 遗传变异幅度较大, 普通白菜来自南北方各地, 反映了南北方栽培的普通白菜较近的亲缘关系; 类群 II 包括 2 份菜心、3 份普通白菜和 5 份苗用大白菜; 类群 III 包含 6 份普通白菜、1 份菜心和 3 份苗用大白菜。北方培育的苗用大白菜被分别聚在类群 II 和 III, 反映了其在选育过程中遗传背景发生了很大变异。该研究结果为不结球白菜遗传基础的拓宽和育种亲本的利用提供了科学依据。

**关键词:**不结球白菜; SSR; 聚类分析; 地理来源

**中图分类号:**S 565.4 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2014)03-0083-05

不结球白菜 (*Brassica campestris* ssp. *chinensis* Makino, A 基因组 2n=20) 属十字花科芸薹属 (*Brassica*) 白菜类作物中一类重要蔬菜和油用作物的统称, 包括除结球大白菜之外的多个栽培类型, 如普通白菜 (又称油菜、青菜)、乌塌菜、菜心或菜薹等, 有着十分丰富的种质资源。不结球白菜多系我国原产, 主要栽培于南方地区, 近年来不仅北方大量引种栽培, 东南亚、日本、美国及欧洲一些国家也广泛引种, 已逐渐成为世界性的蔬菜<sup>[1]</sup>。南北方和国内外广泛的引种栽培和杂交选育, 使不结球白菜形成了许多新的变异类型。同时, 由于追求的育种目标相近, 使得育成品种的遗传背景表现狭隘, 给不结球白菜优良性状的培育及增产带来限制。

遗传多样性可以反映物种的遗传背景、育种潜力和利用价值, 物种遗传多样性的研究对优良物种的保护和发掘利用具有重要意义。SSR (Simple sequence repeat) 分子标记以其为共显性标记、变异丰富、表达稳定、重现性好、对模板 DNA 的质量要求不高、技术难度和实验成本较低等<sup>[2-5]</sup> 诸多优点, 近年来被广泛应用于植物种质资源遗传多样性研究; 关于不结球白菜种质资源遗传多样性已有许多报道<sup>[6-11]</sup>。截至目前, 国内尚鲜见利用

SSR 技术对不结球白菜种质资源遗传多样性与其地理来源相关性研究的文献报道。该研究利用 SSR 分子标记技术, 对不同省份生产上主栽的 78 份不结球白菜种质资源进行聚类分析, 了解不同地理来源的种质资源的遗传背景和亲缘关系, 旨在为白菜类作物遗传变异研究、优良品种选育、种质资源的合理利用和不同栽培类型的分类提供科学的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料为从国内搜集的不同地理来源的不结球白菜商业栽培品种共计 78 份, 包括普通白菜 60 份、乌塌菜 4 份、菜心 6 份和苗用大白菜 8 份, 材料名称和来源见表 1。

### 1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取与检测 基因组 DNA 提取采用 CTAB 法<sup>[16]</sup>。采用琼脂糖凝胶方法检测 DNA 质量。

1.2.2 SSR 引物设计与合成 参考文献<sup>[12-15]</sup>, 共选取了分布于芸薹属 A 基因组遗传图谱上的 120 对 SSR 引物, 引物序列来源于 <http://www.brassica.info> 和参考文献, 由上海生物工程技术有限公司合成。

1.2.3 SSR-PCR 扩增及检测 PCR 反应体系总体积为 20  $\mu$ L, 包括: 10  $\times$  Buffer (含  $Mg^{2+}$ ) 2.0  $\mu$ L, 正反引物 (50 ng/ $\mu$ L) 各 1.0  $\mu$ L, dNTPs (2.5 mmol/ $\mu$ L) 0.4  $\mu$ L, Taqase (5 U/ $\mu$ L) 0.2  $\mu$ L, DNA 模板 (30 ng/ $\mu$ L) 3.0  $\mu$ L, 加无菌水至 13.4  $\mu$ L。反应程序为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 60 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 此后每个循环的退火温度降低 0.5 $^{\circ}$ C 直至 55 $^{\circ}$ C (每个退火温度上进行 1 个循

**第一作者简介:** 轩淑欣 (1977-), 女, 博士, 副研究员, 现主要从事蔬菜生物技术与遗传育种等研究工作。E-mail: yyxsx@hebau.edu.cn.

**基金项目:** 国家自然科学基金资助项目 (31101552, 31171964); 国家“十二五”农村领域国家科技计划子课题资助项目 (2012AA100202); 河北省自然科学基金资助项目 (C2010000738, C2013204118)。

**收稿日期:** 2013-10-30

环),72℃延伸 45 s,共 10 个循环;94℃变性 1 min,55℃退火 30 s,72℃延伸 45 s,25 个循环;72℃延伸 10 min;待温度降至 10℃后,4℃保存备用。采用 6%的聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测扩增结果。

1.2.4 SSR 数据处理与分析 统计数据时,SSR 多态性定义为在扩增产物凝胶电泳带型的某一相同迁移位置上,品种某一条带的有或无,每一个多态性条带记作 1 个等位基因(假定在相同迁移率的条带均来自同一位点

上的同一等位基因)。将电泳图谱上清晰出现的条带记为“1”,同一位置无带记为“0”,不清楚难以判断的带记为“?”。获得“0”和“1”组成的原始矩阵后,转化成 Mega2 (version 4.1)软件<sup>[17]</sup>要求的数据格式。应用该软件进行数据分析,选用非加权类平均法(UPGMA, Unweighted Pair-group Method Arithmetic Averages)构建聚类图。重复运算 1 000 次后获得自展值(Bootstrap),以百分数值表示。

表 1 供试不结球白菜材料名称和来源

Table 1 Name and origin of non-heading Chinese cabbage materials

编号 No.	品种名称 Name of varieties	类型 Type	来源 Origin	编号 No.	品种名称 Name of varieties	类型 Type	来源 Origin
1	“四季快菜一号”(苗用)	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	北京	40	“玉衣鸡毛菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	江西
2	“淮南黄心乌”	普通白菜 <i>chinensis</i>	合肥	41	“华英”	普通白菜 <i>chinensis</i>	广东
3	“华冠”	普通白菜 <i>chinensis</i>	日本	42	“金棚夺冠”	普通白菜 <i>chinensis</i>	陕西
4	“野崎 3 号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	日本	43	“矮莴青”	普通白菜 <i>chinensis</i>	河南
5	“京油一号”(鸿均)	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	44	“绿丽”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京
6	“京油一号”(绿金蓝)	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	45	“平油一号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	山西
7	“夏绿 2 号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	46	“绿威”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京
8	“京绿 7 号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	47	“白叶四月慢”	普通白菜 <i>chinensis</i>	上海
9	“京冠一号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	48	“华荣青梗菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	广东
10	“北京小白菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	49	“苏州青”	普通白菜 <i>chinensis</i>	江苏
11	“五月蔓”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	50	“新五月慢”	普通白菜 <i>chinensis</i>	河北
12	“利丰青梗白菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	杭州	51	“上海青”	普通白菜 <i>chinensis</i>	宁夏
13	“晶华”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	52	“四季黄秧小白菜”	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	河北
14	“旗舰”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	53	“四季甜脆”	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	山东
15	“香港青梗白菜”(128)	普通白菜 <i>chinensis</i>	杭州	54	“四季小白菜”	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	北京
16	“抗热 605 青菜”(芳丰)	普通白菜 <i>chinensis</i>	江苏	55	“绿星青菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
17	“倍好”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	56	“四倍体矮脚黄”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
18	“金城”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	57	“绿领兔子腿矮脚黄”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
19	“京油 605”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	58	“彩芯”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
20	“寒绿油菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	天津	59	“绿领金黄心”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
21	“碧玉”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京	60	“绿领热优二号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
22	“矮脚奶白菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	61	“绿领特矮青”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
23	“冬青油菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	62	“七宝青菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	上海
24	“奶白菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	63	“特矮青菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	上海
25	“甜脆小白菜”	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	北京	64	“上海抗热 605”	普通白菜 <i>chinensis</i>	上海
26	“百惠”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	65	“秋田黄心乌”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
27	“菊花小八叶”	乌塌菜 <i>narinosa</i>	北京	66	“秋田鸡毛菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
28	“四九菜心”	菜心 <i>parachinensis</i>	北京	67	“秋田绿星”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
29	“广东超级 50 天”菜心	菜心 <i>parachinensis</i>	广州	68	“秋田中箕白”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
30	“50 天油绿”菜心	菜心 <i>parachinensis</i>	广州	69	“秋田四月蔓”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
31	“乌塌菜”	乌塌菜 <i>narinosa</i>	河北	70	“金谷包心青菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	四川
32	“台湾乌塌菜”	乌塌菜 <i>narinosa</i>	辽宁	71	“改良九月鲜”	菜心 <i>parachinensis</i>	湖北
33	“四季全能”(油菜)	普通白菜 <i>chinensis</i>	山东	72	“极早熟苔仙一号”	菜心 <i>parachinensis</i>	湖北
34	“夏帝”	普通白菜 <i>chinensis</i>	日本	73	“31 号油青甜菜心”	菜心 <i>parachinensis</i>	海南
35	“臺冠”	普通白菜 <i>chinensis</i>	武汉	74	“百叶塌菜”	乌塌菜 <i>narinosa</i>	湖北
36	“特选京油一号”	普通白菜 <i>chinensis</i>	北京	75	“绿领黑心乌”	普通白菜 <i>chinensis</i>	南京
37	“清锦”	普通白菜 <i>chinensis</i>	福建	76	‘cc0807’	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	—
38	“青帮油菜”	普通白菜 <i>chinensis</i>	河北	77	‘cc0808’	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	—
39	“四季”(杂交油菜)	普通白菜 <i>chinensis</i>	河北	78	“夏小宝”(娃娃菜)	苗用大白菜 <i>pekinensis</i>	北京

## 2 结果与分析

### 2.1 引物筛选结果

利用代表 4 种栽培类型的 5 份不结球白菜对 120 对 SSR 引物进行筛选,结果表明,共 21 对引物具有多态

性且条带清晰、重复性好,占全部引物的 17.5%;22 对引物无扩增产物;其余的引物无多态性;部分引物出现多位点扩增现象。部分结果见图 1。

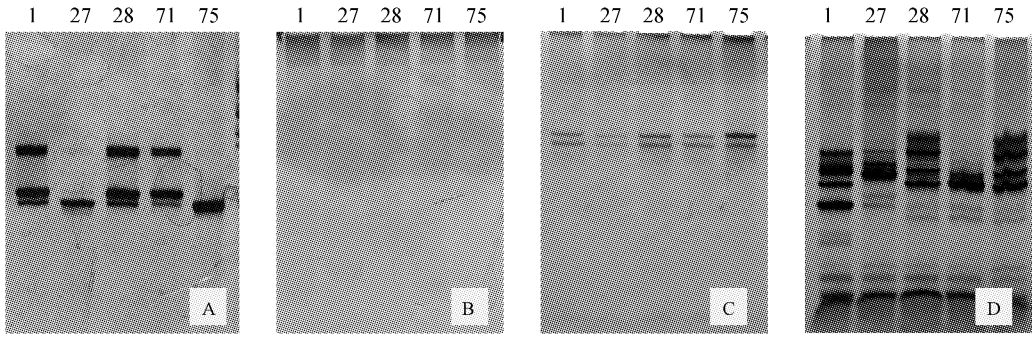


图 1 部分 SSR 引物的筛选结果

Fig. 1 Polymorphism screening results of some SSR primer pairs

注:A:引物 Na10D03 有扩增多态性;B:引物 Na12C07 无扩增产物;C:引物 ENA28 无扩增多态性;D:引物 KBRH138G23 有多位点扩增现象。

2.2 不结球白菜栽培群体 SSR 引物扩增多态性分析

利用筛选出的 21 对 SSR 多态性引物,对供试 78 份不结球白菜进行 PCR 扩增。由表 2 可知,在目标群体中检测到的 SSR 等位基因数目,共产生了 56 个等位基因标记,每对 SSR 引物可检测到的等位基因为 1~5 个不等,其中 4 对 SSR 引物只检测到 1 个等位基因。等位基因数目的多样性在不同栽培类群(大白菜、普通白菜、菜心和乌塌菜)内变化不大,平均每个栽培类群内 1 个 SSR

的等位基因数目为 2.0~2.7 个。供试材料大部分为普通白菜类型(60 份),平均每个 SSR 在该群体内检测到的等位基因数目相对较高。另外发现,引物 Na14F11 在菜心中没有扩增产物,引物 BRMS043 在苗用大白菜中没有扩增产物,引物 B034N10-3 在乌塌菜中没有扩增产物。在所选用的 SSR 引物中,没有发现栽培类群特异的引物组合。

2.3 UPGMA 聚类分析

对供试 78 份材料进行 SSR 聚类分析,由图 2 可知,根据遗传距离可以将供试材料分为多个亚类群,低的自展值说明各个亚类群内与亚类群间的遗传变异幅度相当。在遗传距离 0.20 处可将 78 份材料分为三大主要类群。第一大类群(类群 I)包括了聚类图右侧从 50 号至 46 号的 58 份材料。在遗传距离 0.17 处,类群 I 又可分为 3 个小亚类群,分布在聚类图右侧上方从 50 号至 75 号的 33 份材料聚合为亚类群 I-1,均为普通白菜类型,其地理来源包含了除安徽、四川、福建 3 省外的所有南北方供试地区,说明南北方栽培的普通白菜亲缘关系较近。分布在类群 I 中间的从 49 号至 72 号的 14 份材料为混合亚类群 I-2,包括全部 4 份乌塌菜类型(27、31、32、74 号)、2 份菜心(28、72 号)和 8 份普通白菜,地理来源以江苏、湖北、北京、河北为主,遗传距离相近,遗传变异幅度不大。分布在类群 I 下方从 9 号至 46 号的 11 份材料为亚类群 I-3,包含的 1 份菜心(73 号)来自海南,10 份普通白菜中有 7 份来自北京,另 3 份为南方培育。第二大类群(类群 II)包括了图中右侧从 29 号至 54 号的 10 份材料,其中 2 份菜心(29、30 号)来自于广东,作为不结球白菜栽培食用的 5 份大白菜(52、1、53、25、54 号)均为北方培育,3 份普通白菜中的 2 份来自江苏。第三大类群(类群 III)包含了图中右侧从 15 号至 77 号的 10 份材料,该类群内的材料遗传变异幅度不如类群 I 和 II 大,其中 6 份普通白菜和 1 份菜心均为南方培育;3 份大白菜中的 1 份(78 号)为北京培育,另 2 份来源未知。

表 2 SSR 在不同栽培类群中检测到的等位基因数目

Table 2 Number of alleles detected in the collection and morphotypes by SSR marker

SSR 引物	等位基因数	苗用大白菜	普通白菜	菜心	乌塌菜
KBrH139G23	5	4	5	5	3
Na12C06	1	1	1	1	1
H009D02-3	3	2	3	2	3
Ol10D03	4	4	4	3	1
Na14F11	1	1	1	0	1
Na14H11	3	2	3	3	3
Na14G02	2	2	2	2	2
BRMS043	1	0	1	1	1
F3HSSR2	3	3	3	3	3
B068E07-2	2	2	2	2	1
Na10D09	2	2	2	1	2
Ra3H10	4	2	4	4	3
BRMS-034	3	2	3	3	2
Ra12D08	2	2	2	2	2
ENA14	3	2	3	3	2
Ra2A05b	3	1	3	2	3
Ra2E12	3	3	3	3	1
KBrH143K20	4	3	4	4	2
EJU2	3	2	3	3	2
Ra2E07	3	1	3	3	3
B034N10-3	1	1	1	1	0
等位基因数	56	42	56	51	41
Amount of alleles/个					
平均等位基因数	2.7	2.0	2.7	2.4	2.0
Average of alleles/个					

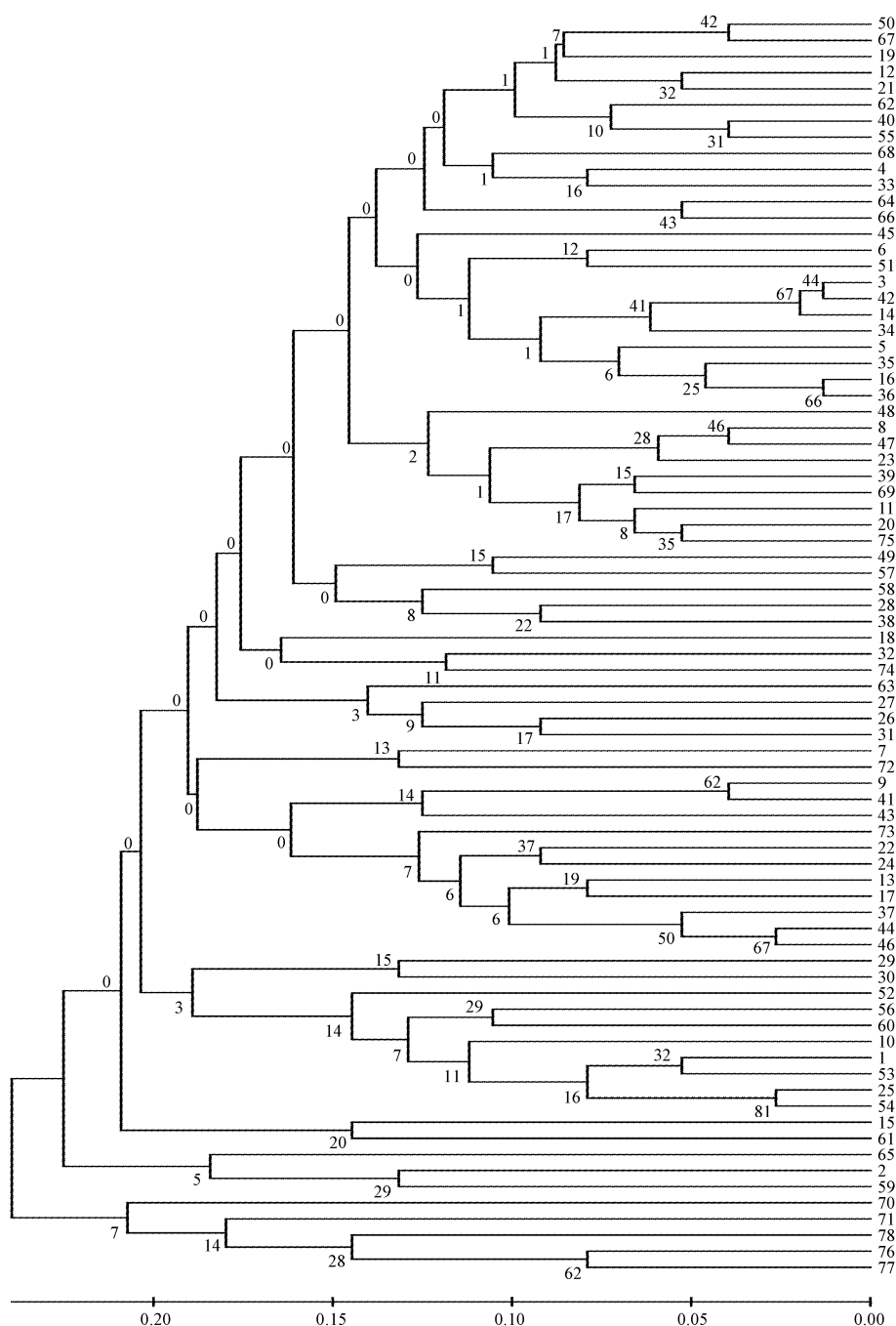


图2 不结球白菜的 SSR 聚类分析结果

注:分支上的数字为自展值(%)。

Fig. 2 Cluster analysis of non-heading Chinese cabbage accessions from SSR data

Note: Numbers on branches are bootstrap values(%).

### 3 讨论

试验选取的 120 对 SSR 引物来自大白菜、甘蓝型油菜、甘蓝等十字花科植物开发的 SSR 引物,经筛选,共有 21 对多态性引物(占全部引物的 17.5%),共扩增出 56 个条带,平均每个引物扩增出 2~4 个条带。表明,在甘蓝型油菜、甘蓝、大白菜等其它十字花科植物上开发出

的 SSR 引物也适用于进行不结球白菜遗传多样性研究,但扩增出的多态性位点数量偏少,这可能与所选 SSR 引物在不结球白菜上的适用性较差有关,也可能与所选材料种质资源的遗传背景较狭窄有关。

揭示不结球白菜遗传多样性是研究不结球白菜各种群间亲缘关系的基础。该试验中,供试的 78 份不结球白菜均为当前生产上主栽品种,遗传背景十分复杂。



从聚类结果可以看出,60 份普通白菜有 51 份均聚在了类群 I,4 份乌塌菜均聚在了亚类群 I-2,表明利用 SSR 标记研究不结球白菜种质资源的遗传多样性是可靠的。另一方面也可以看出,在同一类群内有来自不同地方的品种,并被较早的聚在一起,而同一地方的不同品种没有聚在一类,并可能有相对大的遗传距离,尤其普通白菜表现明显,这似乎表明不结球白菜类群的划分与地理来源没有明显的关系。但实际上,普通白菜、菜心和乌塌菜起先均为南方主栽类型,只是近几年才在北方广泛种植,在北方还没形成其独特的栽培类型;而同一地方的品种没有聚在一起又表明,相同来源的种质其遗传背景也存在差异,这也是为什么相同来源的种质进行杂交同样可以创造新种质的主要原因。此外,供试的大白菜尽管均为北方培育的,但在作为不结球白菜食用的选育过程中,其遗传背景也已发生了很大的变异。

该研究结果表明,利用 SSR 分子标记技术研究大白菜种质资源的遗传距离和亲缘关系,有利于育种工作者充分认识现有种质资源的遗传背景,为杂种优势预测、合理高效选择杂交亲本提供理论依据。

#### 参考文献

- [1] 侯喜林. 不结球白菜育种研究新进展[J]. 南京农业大学学报, 2003, 26(4):111-115.
- [2] 杨瑞环,陈德富,闵微,等. 利用 SSR 标记分析黄瓜种质资源的遗传多样性[J]. 南开大学学报(自然科学版), 2012, 45(2):17-21.
- [3] 曾川,徐洪志,廖淑梅,等. 三峡库区 10 个芥菜型油菜品种的 SSR 标记聚类分析[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(1):69-70.
- [4] 田术美,张清霞,杨晓云,等. 56 份大白菜种质资源的 SSR 遗传多样性分析[J]. 分子植物育种(网络版), 2011(9):1791-1798.
- [5] 曾川,徐洪志,廖淑梅,等. 三峡库区 10 个芥菜型油菜品种的 SSR 标记聚类分析[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(1):69-70.
- [6] 周杰. 白菜遗传多样性研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2009.
- [7] 孙雪梅,乔爱民,孙敏,等. 27 个菜心品种遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2010, 35(1):119-123.
- [8] 李桂花,陈汉才,张艳,等. 菜心种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 中国农学通报, 2012, 28(104):110-114.
- [9] 韩建明,侯喜林,徐海明,等. 不结球白菜种质资源遗传多样性 RAPD 分析[J]. 南京农业大学学报, 2008, 31(3):31-36.
- [10] 周晓波,白占兵,丁苗莢,等. 利用 SSR 分析红菜苔的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6):1088-1092.
- [11] 单晓政,侯喜林,李英,等. 不结球白菜 SRAP 体系优化与品种聚类分析[J]. 江苏农业学报, 2009(3):610-615.
- [12] Lowe A J, Moule C, Trick M, et al. Efficient large-scale development of microsatellites for marker and mapping applications in *Brassica* crop species[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108:1103-1112.
- [13] Piquemal J, Cinquin E, Couton F, et al. Construction of an oilseed rape (*Brassica napus* L.) genetic map with SSR markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2005, 111:1514-1523.
- [14] Kim J S, Chung T Y, King G J, et al. A sequence-tagged linkage map of *Brassica rapa* reveals the pattern chromosomal segmental duplications[J]. Genetics, 2006, 174:29-39.
- [15] Choi S R, Teakle G R, Plaha P, et al. The reference genetic linkage map for the multinational *Brassica rapa* genome sequencing project[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115:777-792.
- [16] 王丽,乔爱民,孙一铭,等. 菜心基因组 DNA 提取及 RAPD 反应体系的优化[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2006, 31(2):124-128.
- [17] Kumar S, Tamura K, Jakobsen I B, et al. Molecular evolutionary genetics analysis software[J]. Bioinformatics, 2001, 17(12):1244-1245.

## Cluster Analysis of Non-heading Chinese Cabbage Cultivars Based on SSR Marker

XUAN Shu-xin<sup>1</sup>, LI Xiang<sup>2</sup>, GU Ai-xia<sup>1</sup>, ZHAO Jian-jun<sup>1</sup>, WANG Yan-hua<sup>1</sup>, SHEN Shu-xing<sup>1</sup>

(1. College of Horticulture, Agricultural University of Hebei, Baoding, Hebei 071001; 2. Bureau of Agriculture of Renqiu City, Renqiu, Hebei 062550)

**Abstract:** Taking 78 non-heading Chinese cabbage cultivars as materials, 21 polymorphic SSR loci were used to study the genetic relationship of non-heading Chinese cabbage cultivars using SSR marker, and cluster analysis was done by UPGMA method. The results showed that 56 alleles were detected with 2~4 alleles each primer. 78 cultivars were clustered three groups. Group I had a larger genetic variation level, which included 51 *chinensis* cultivars, 4 *narinosa* cultivars and 4 *parachinensis* cultivars. The 51 *chinensis* cultivars were collected from the south and the north, which reflected their closer genetic relationship. Group II included 2 *parachinensis* cultivars, 3 *chinensis* cultivars and 5 seedling *pekinensis* cultivars. Group III included 6 *chinensis* cultivars, 1 *parachinensis* cultivars and 3 seedling *pekinensis* cultivars. The seedling *pekinensis* cultivars were clustered into two different groups, which reflected their genetic background during the breeding process. The results provided scientific basis for expansion of genetic basis and utilization of breeding parents in non-heading Chinese cabbage.

**Key words:** non-heading Chinese cabbage; SSR; cluster analysis; geographical origin