

岳瑶琴,尚国霞,徐 亮,等. 埃塞俄比亚芥与芥菜型油菜杂交创建甘蓝型油菜资源[J]. 江苏农业科学,2025,53(6):119-124.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.06.014

埃塞俄比亚芥与芥菜型油菜杂交创建甘蓝型油菜资源

岳瑶琴,尚国霞,徐 亮,李开祥,赵志刚

(青藏高原种质资源研究与利用实验室/青海大学农林科学院/青海省春油菜工程技术研究中心,青海西宁 810016)

摘要:为了得到渗入芥菜型油菜和埃塞俄比亚(埃芥)染色体序列的新型甘蓝型油菜,将埃芥和芥菜型油菜杂交,再使用甘蓝型油菜复交的后代群体(复交 $F_1 \sim F_3$ 代)为材料,对复交后代表型偏甘蓝型油菜变异群体进行细胞学(体细胞染色体数量)统计分析,并鉴定新型甘蓝型油菜;对复交 F_4 代进行 SSR 标记和基因组重测序,对外源序列的渗入和变异进行分析,鉴定新型甘蓝型油菜,验证细胞学分析结果。研究表明,复交后代群体中多数植株都为少于 38 条染色体的亚倍体,复交 F_2 代群体、复交 F_3 代群体、复交 F_4 代群体中均只发现 1 株 38 条染色体的植株,复交 F_4 代群体中 $2n=38$ 染色体植株为 $(600 \times 908) \times$ 青油 14 号杂组合的材料 82。通过 SSR 标记和基因组重测序分析结果发现,复交 F_4 代群体内植株的各染色体都有 3 个亲本部分序列的渗入,且根据 3 个亲本和复交 F_4 代群体的基因相似度构建进化树,结果与细胞学结果一致,最终证明材料 82 是新型甘蓝型油菜。亲本基因组的染色体片段在复交 F_4 代群体中均有渗入和变异,且甘蓝型 A 基因组的渗入率最高。通过细胞学和重测序分析,得到材料 82 为渗入芥菜型油菜和埃芥染色体序列的新型甘蓝型油菜,期待可为后续得到稳定遗传的新型甘蓝型油菜群体提供理论依据。

关键词:埃塞俄比亚芥;芥菜型油菜;远缘杂交;新型甘蓝型油菜;重测序

中图分类号:S634.302;S634.303

文献标志码:A

文章编号:1002-1302(2025)06-0119-06

甘蓝型油菜是我国重要的栽培油菜类型,在国内外广泛种植^[1]。由于高强度的育种选择效应和有限的原始亲本生态型,加上暂未发现其野生群体和“双低”品质选育过程引起的种质资源遗失^[2-3],导致甘蓝型油菜遗传背景狭窄^[4-5],其抗旱、抗逆、耐盐碱等方面的表现不如芸薹属其他种^[6],需拓展甘蓝型油菜遗传资源,创制新型甘蓝型油菜。有关新型甘蓝型油菜的创制,前人已有部分研究,包括甘白杂交^[6-7]、甘蓝和甘蓝型油菜杂交^[8]。种间杂交是极为困难的,并且结实率较低^[9],鲜有成功用于种质资源创新的报道^[4]。前人研究还包括甘埃杂交^[10]、白菜型油菜和埃芥杂交^[11]、改良亚基因组^[12-13]、芥甘杂交^[13-14]等。目前,通过埃塞俄比亚芥和芥菜型油菜杂交以及甘蓝型油菜复交创制新型甘蓝型油菜的研究尚属鲜见。

埃塞俄比亚芥(*Brassica carinata* L., $2n=4x=$

34,下称埃芥)是由黑芥(BB, $n=8$)与甘蓝(CC, $n=9$)种间杂交并加倍产生的复合种,是人工合成异源 6 倍体的“桥梁”,通过回交和选择的手段,可将埃芥自身的优良抗逆基因较为容易地转到重要油料作物和蔬菜中^[14-17]。芥菜型油菜(*Brassica juncea* L., $2n=4x=36$),是由黑芥(BB, $n=8$)与白菜(AA, $n=10$)种间杂交并加倍产生的复合种。二者拥有较多优良的农艺性状,如耐高温高湿、耐旱、抗倒伏、抗病虫^[18-19]、黄籽^[20-21]、早熟^[22]等特性,种质资源丰富^[14,23]。

本研究通过芥菜型油菜和埃芥种间杂交获得杂种 F_1 代植株,以 F_1 代为母本,以综合性状好的甘蓝型油菜品系为父本进行复交,获得复交 F_1 代,结合形态学和分子细胞学等技术,对复交 F_1 代后的每一代进行自交和筛选,以期得到稳定遗传的拥有埃芥染色体 CC 组和芥菜型油菜染色体 AJ 组的新型甘蓝型油菜资源,拓宽现有甘蓝型油菜遗传基础。

1 材料与方法

1.1 材料

以埃塞俄比亚芥中玛帐 58 的 2 个品系(908、914)、芥菜型油菜中双低芥和多室芥各 2 个品系(600、598 和 x112、x113)为双亲,双亲杂交($600 \times$

收稿日期:2024-03-03

基金项目:青海省自然科学基金(编号:2022-ZJ-902);北方耐盐碱抗旱油菜新品种选育项目(编号:2022ZD0401001)。

作者简介:岳瑶琴(1997—),女,甘肃兰州人,硕士,主要从事春油菜分子细胞遗传学研究。E-mail:3217560156@qq.com。

通信作者:赵志刚,博士,研究员,主要从事春油菜种质资源创新研究。E-mail:13897474887@126.com。

908、598 × 908、x112 × 914、x113 × 914) 得到基因型为 BBAJCC 的 F₁ 代群体。以 F₁ 代为母本,与甘蓝型油菜品种(青油 14 号)进行人工辅助授粉杂交,获得复交 F₁ 代群体,将复交 F₁ 代套袋自交 3 代,获得复交 F₄ 代群体。

上述材料由青海省农林科学院提供,于 2020 年 9 月种植于青海省农林科学院试验基地处温室中。亲本油菜品系编号、类型及品种名称见表 1。

表 1 亲本油菜品系编号、类型及品种名称

品系编号	类型	品种名称
908	埃塞俄比亚芥	玛帐 58
914	埃塞俄比亚芥	玛帐 58
600	芥菜型油菜	双低芥
598	芥菜型油菜	双低芥
x112	芥菜型油菜	多室芥
x113	芥菜型油菜	多室芥
青油 14 号	甘蓝型油菜	青油 14 号

1.2 方法

1.2.1 细胞学研究 子房处理及细胞学观察参照 Li 等的方法^[24]。

1.2.2 SSR 分子标记 (1)提取田间鉴定为偏甘蓝型油菜的植株的幼嫩叶片,戴手套用镊子将每个材料取 2 g 左右,置于 2 mL 离心管中,放入具有 1/3 体积冰的冰盒中,带回实验室于 -80 ℃ 冷冻保存。利用 CTAB 法^[25]提取 DNA。提取完成后的 DNA 用紫外分光光度计测定浓度,用蒸馏水把 DNA 原液稀释至 50 ng/μL 待用。(2)SSR 分子标记来源和设计。参考 <http://ukcrop.net> 的 *Brassica* 数据库、殷婷等的方法设计 SSR 引物^[26-28],引物由上海生工生物工程有限公司合成,分析方法参考 Tautz 等的方法^[29]。SSR 扩增体系见表 2。

表 2 SSR 扩增体系

成分	体积 (μL)
DNA 模板(50 ng/μL)	2.00
10 × Buffer(Mg ²⁺)	1.00
dNTPs(10 mmol/L)	0.80
Taq E(5 U/μL)	0.20
ddH ₂ O	5.00
前向引物(10 μmol/L)	0.50
反向引物(10 μmol/L)	0.50
总计	10.00

(3)条带的统计与分析。电泳条带进行有无数化,无带记为 0,有带记为 1,缺样记为 2。

渗入率:每条染色体所有 SSR 标记的扩增条带与对应亲本相同的条带为特征带,特征带与每条染色体所有 SSR 标记的扩增总条带之比为该亲本在后代材料中的渗入率。

缺失率:每条染色体所有 SSR 标记的扩增条带中,双亲条带均存在,但杂交后代中未出现的条带为缺失带,缺失带与每条染色体所有 SSR 标记的扩增总条带之比为缺失率。

新增率:每条染色体所有 SSR 标记的扩增条带中,双亲条带均不存在,但在杂交后代中新出现的条带为新增带,新增带与每条染色体所有 SSR 标记的扩增总条带之比为新增率。

变异率:缺失率与新增率之和。

1.2.3 基因组重测序 2022 年 6 月,戴手套用镊子取田间 3 个亲本(混样)和 33 个复交 F₄ 后代的 0.2 g 左右幼嫩叶片,置于 2 mL 冻存管中,取 36 株混样,各重复 3 次。液氮速冻,于 -80 ℃ 保存。送至武汉基诺赛克科技有限公司进行基因组重测序。

1.3 软件与仪器

利用 Microsoft Excel 2010 软件进行数据分析,有丝分裂观察利用尼康荧光显微镜和 NIS - Elements D 5.21.00 软件,植株形态学照片利用佳能 ixus210 相机拍摄。

2 结果与分析

将 2 份埃芥和 4 份芥菜型油菜进行有性杂交,正交(芥菜型油菜 × 埃芥)的结角率和亲和指数均高于反交(埃芥 × 芥菜型油菜),故选用芥菜型油菜做母本、埃芥做父本的杂交方式来获得后代群体。

2.1 有丝分裂

观察复交后代植株个体染色体数量(表 3),复交 F₁ 代群体中染色体不存在 38 条的植株个体,且群体中 34 条染色体数量的比例最高;复交 F₂ 代群体中存在 1 株 38 条染色体的植株;复交 F₃ 代群体中存在 1 株 38 条染色体的植株。复交 F₄ 代群体中发现 1 株 38 条染色体的植株,即(600 × 908) × 青油 14 号杂交组合的材料 82(图 1)。

2.2 SSR 分子标记

2.2.1 芥菜型遗传物质的渗入与变异 利用 173 对引物对芥菜型油菜(双低芥和多室芥)、甘蓝型油菜(青油 14 号)、埃芥(玛帐 58)亲本进行 SSR 标记筛选,得到 83 对具有多态性的 SSR 标记,其中芥菜型油菜 A 基因组 SSR 标记 16 对,芥菜型油菜 B 基

表 3 复交后代体细胞染色体数量

类型	染色体数(条)	复交 F ₁ 代		复交 F ₂ 代		复交 F ₃ 代	
		植株数(株)	比例(%)	植株数(株)	比例(%)	植株数(株)	比例(%)
偏甘蓝型	30	0	0.00	0	0.00	3	6.25
	31	0	0.00	0	0.00	6	12.50
	32	6	15.79	3	6.82	6	12.50
	33	2	5.26	7	15.91	0	0.00
	34	8	21.05	4	9.10	10	20.84
	35	3	7.89	0	0.00	6	12.50
	36	6	15.78	7	15.91	7	14.58
	37	6	15.78	8	18.17	0	0.00
	38	0	0.00	1	2.27	1	2.08
	39	3	7.89	7	15.91	6	12.50
	40	2	5.26	0	0.00	3	6.25
	41	2	5.26	7	15.91	0	0.00
总计		38		44		48	

因组 SSR 标记 15 对。对 3 个亲本和形态上偏甘蓝型的 60 株复交 F₄ 代植株进行分析,扩增结果表明:芥菜型油菜 A 基因组在(x112 × 914) × 青油 14 号

杂交组合的平均每株渗入率、缺失率、变异率均高于其他组合,芥菜型油菜 A 基因组在(598 × 908) × 青油 14 号组合的平均每株渗入率、缺失率、变异率最低(表 4)。

芥菜型油菜 B 基因组在(x112 × 914) × 青油 14 号杂交组合的平均每株缺失率、新增率、变异率均高于其他组合,芥菜型油菜 B 基因组在(600 × 908) × 青油 14 号组合的平均每株缺失率、新增率、变异率最低(表 5)。

2.2.2 甘蓝型油菜遗传物质的渗入与变异 利用 173 对引物对芥菜型油菜(双低芥、多室芥)、甘蓝型油菜(青油 14 号)、埃芥(玛帐 58)亲本进行 SSR 标记筛选,得到 83 对具有多态性的 SSR 标记,其中甘蓝型油菜 A 基因组 SSR 标记 17 对,甘蓝型油菜 C 基因组 SSR 标记 27 对。对 3 个亲本和形态上偏甘蓝型的 60 株复交 F₄ 代植株进行分析,扩增结果表明:甘蓝型油菜 A 基因组在(600 × 908) × 青油 14 号杂交组合的平均每株渗入率、变异率均高于其他组合,甘蓝型油菜 A 基因组在(x112 × 914) × 青油 14 号组合的平均每株缺失率、变异率最低(表 6)。

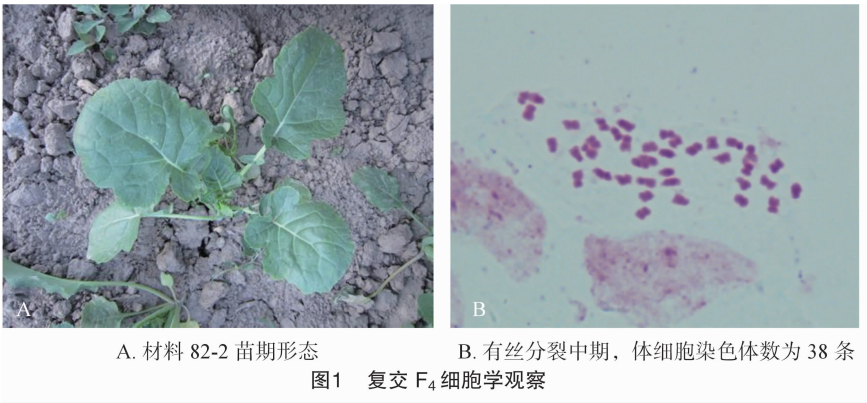


表 4 复交 F₄ 中芥菜型油菜 A 基因组渗入和变异情况

杂交组合	植株数	平均每株带数(条)	平均每株渗入率(%)	平均每株缺失带数(条)	平均每株缺失率(%)	平均每株新增带数(条)	平均每株新增率(%)	平均每株变异率(%)
(600 × 908) × 青油 14 号	48	0.92	0.05	1.15	0.08	0.12	0.01	0.09
(598 × 908) × 青油 14 号	6	0.58	0.04	0.94	0.07	0.04	0.01	0.08
(x112 × 914) × 青油 14 号	6	0.58	0.06	1.13	0.15	0.06	0.01	0.15

表 5 复交 F₄ 中芥菜型油菜 B 基因组渗入和变异情况

杂交组合	植株数	平均每株带数(条)	平均每株渗入率(%)	平均每株缺失带数(条)	平均每株缺失率(%)	平均每株新增带数(条)	平均每株新增率(%)	平均每株变异率(%)
(600 × 908) × 青油 14 号	48	0.63	0.06	2.45	0.31	0.10	0.01	0.32
(598 × 908) × 青油 14 号	6	0.56	0.06	2.56	0.35	0.10	0.01	0.36
(x112 × 914) × 青油 14 号	6	0.33	0.06	2.73	0.62	0.08	0.02	0.64

表 6 复交 F₄ 中甘蓝型油菜 A 基因组渗入和变异情况

杂交组合	植株数	平均每株带数 (条)	平均每株渗入率 (%)	平均每株缺失带数 (条)	平均每株缺失率 (%)	平均每株新增带数 (条)	平均每株新增率 (%)	平均每株变异率 (%)
(600×908)×青油 14 号	48	0.60	0.05	0.43	0.04	0.03	0.00	0.05
(598×908)×青油 14 号	6	0.55	0.04	0.53	0.04	0.03	0.00	0.04
(x112×914)×青油 14 号	6	0.24	0.04	0.22	0.02	0.00	0.00	0.02

甘蓝型油菜 C 基因组在(x112×914)×青油 14 号杂交组合的平均每株缺失率、变异率均高于其他组合,甘蓝型油菜 C 基因组在(600×908)×青油 14 号组合的平均每株缺失率最低(表 7)。

表 7 复交 F₄ 中甘蓝型油菜 C 基因组渗入和变异情况

杂交组合	植株数	平均每株带数 (条)	平均每株渗入率 (%)	平均每株缺失带数 (条)	平均每株缺失率 (%)	平均每株新增带数 (条)	平均每株新增率 (%)	平均每株变异率 (%)
(600×908)×青油 14 号	48	0.68	0.03	0.56	0.03	0.15	0.01	0.04
(598×908)×青油 14 号	6	0.53	0.03	0.46	0.04	0.03	0.01	0.04
(x112×914)×青油 14 号	6	0.35	0.03	0.38	0.05	0.07	0.01	0.06

2.2.3 埃芥遗传物质的渗入与变异 利用 173 对引物对芥菜型油菜(双低芥、多室芥)、甘蓝型油菜(青油 14 号)、埃芥(玛帐 58)亲本进行 SSR 标记筛选,得到 83 对具有多态性的 SSR 标记,其中埃芥基因组 SSR 标记 8 对。对 3 个亲本和形态上偏甘蓝型的 60 株复交 F₄ 代植株进行分析,扩增结果表明:埃芥基因组在(x112×914)×青油 14 号杂交组合的平均每株缺失率、变异率均高于其他组合,埃芥基因组在(600×908)×青油 14 号组合的平均每株缺失率、变异率最低(表 8)。

表 8 复交 F₄ 中埃芥基因组渗入和变异情况

杂交组合	植株数	平均每株带数 (条)	平均每株渗入率 (%)	平均每株缺失带数 (条)	平均每株缺失率 (%)	平均每株新增带数 (条)	平均每株新增率 (%)	平均每株变异率 (%)
(600×908)×青油 14 号	48	0.80	0.10	1.40	0.27	0.20	0.03	0.30
(598×908)×青油 14 号	6	0.40	0.12	0.75	0.30	0.02	0.01	0.31
(x112×914)×青油 14 号	6	0.19	0.10	0.92	0.50	0.00	0.00	0.50

2.3 重测序

2.3.1 遗传渗入与亚基因组覆盖 3 个亲本每条染色体包含的渗入数量及密度的统计结果见表 9,结果表明,甘蓝型油菜 A 基因组的渗入程度最高。从亚基因组覆盖度统计结果(表 10)可以看出,复交 F₄ 代群体内植株的各染色体都有数据覆盖。

2.3.2 亲缘关系鉴定 根据标记计算两两样品之间的基因型相似度,构建进化树。“2.1”节中的材料 82 与图 2 进化树中的 80,是(600×908)×青油 14 号杂交组合的复交 F₄ 代群体内的同一株甘蓝型油菜材料,且亲缘关系与“2.1”节细胞学观察得到的结果一致。

3 讨论与结论

研究认为,远缘杂交过程存在染色体的完全消

除和不完全消除现象;不完全消除现象为外源序列渗入提供了机会^[30]。本研究利用 173 对 SSR 引物,包括芥菜型油菜、甘蓝型油菜和埃芥基因组,对引物进行筛选,最终得到 83 对多态性引物。对亲本和复交 F₄ 代群体进行分析,结果表明:(x112×914)×青油 14 号杂交组合的平均每株渗入率、平均每株缺失率、平均每株新增率、平均每株变异率最高,(600×908)×青油 14 号组合的平均每株渗入率、平均每株缺失率、平均每株新增率、平均每株变异率最低。

重测序结果表明,甘蓝型 A 基因组的渗入程度最大,这可能是因为甘蓝型油菜做了复交亲本,同时通过亚基因组覆盖度统计结果可知,复交 F₄ 代群体内植株的各染色体都有数据覆盖,表明此时群体中的全部植株个体染色体均发生不同程度的渗入。同时,植株间的基因型相似度和进化树结果显示,

表 9 渗入数量及密度统计

染色体	长度 (bp)	SNP 数(个)	SNP 密度 (个/Mb)	InDel 数 (个)	InDel 密度 (个/Mb)
BjuA01	34 754 614	260	7.48	60	1.73
BjuA02	34 146 144	108	3.16	8	0.23
BjuA03	38 779 905	216	5.57	34	0.88
BjuA04	22 581 918	161	7.13	16	0.71
BjuA05	32 642 599	263	8.06	35	1.07
BjuA06	35 710 255	215	6.02	25	0.70
BjuA07	30 007 521	350	11.66	53	1.77
BjuA08	25 266 533	90	3.56	12	0.47
BjuA09	70 268 304	410	5.83	61	0.87
BjuA10	22 171 170	143	6.45	19	0.86
BjuB02	76 001 744	6	0.08	0	0.00
BjuB05	66 415 164	1	0.02	0	0.00
BnaA01	38 004 428	765	20.13	86	2.26
BnaA02	35 943 954	769	21.39	82	2.28
BnaA03	44 868 710	750	16.72	106	2.36
BnaA04	25 679 024	474	18.46	57	2.22
BnaA05	45 991 561	878	19.09	113	2.46
BnaA06	48 704 706	1 087	22.32	111	2.28
BnaA07	32 302 721	544	16.84	58	1.80
BnaA08	28 329 074	722	25.49	91	3.21
BnaA09	65 862 748	822	12.48	100	1.52
BnaA10	26 592 803	462	17.37	50	1.88
BnaC01	57 880 920	676	11.68	54	0.93
BnaC02	65 293 782	534	8.18	40	0.61
BnaC03	79 061 710	873	11.04	104	1.32
BnaC04	71 179 181	794	11.15	79	1.11
BnaC05	59 550 008	631	10.60	58	0.97
BnaC06	52 512 057	338	6.44	32	0.61
BnaC07	60 986 212	352	5.77	51	0.84
BnaC08	53 660 391	754	14.05	69	1.29
BnaC09	68 416 614	811	11.85	94	1.37
BcaB01	78 761 895	44	0.56	2	0.03
BcaB02	88 263 893	32	0.36	3	0.03
BcaB03	84 279 616	24	0.28	0	0.00
BcaB04	77 796 728	22	0.28	6	0.08
BcaB05	94 657 675	30	0.32	2	0.02
BcaB06	78 289 799	78	1.00	14	0.18
BcaB07	78 904 307	8	0.10	2	0.03
BcaB08	105 643 578	21	0.20	0	0.00
BcaC01	58 027 726	300	5.17	23	0.40
BcaC02	70 858 237	248	3.50	19	0.27
BcaC03	90 031 332	301	3.34	28	0.31
BcaC04	81 582 128	259	3.17	9	0.11
BcaC05	57 172 021	199	3.48	34	0.59
BcaC06	64 278 046	188	2.92	20	0.31
BcaC07	76 847 808	347	4.52	27	0.35
BcaC08	61 781 490	204	3.30	21	0.34
BcaC09	63 323 640	155	2.45	18	0.28
Whole	2 760 066 394	17 719	6.42	1 986	0.72

表 10 亚基因组覆盖度统计结果

编号	覆盖度(%)					
	芥菜型 油菜 A 基因组	芥菜型 油菜 B 基因组	甘蓝型 油菜 A 基因组	甘蓝型 油菜 C 基因组	埃芥 B 基因组	埃芥 C 基因组
P1	20.85	9.61	39.35	45.91	53.67	56.72
P6	53.50	62.24	25.71	2.45	12.87	1.63
P7	28.79	0.24	48.86	52.85	1.25	17.21
1	1.26	0.01	1.56	1.86	0.03	0.59
2	1.04	0.01	1.65	2.12	0.05	0.71
3	0.93	0.02	1.62	1.75	0.04	0.66
4	1.15	0.01	1.65	1.80	0.03	0.58
5	1.19	0.01	1.87	1.99	0.04	0.53
21	0.85	0.88	1.56	2.02	0.34	0.51
22	0.44	0.01	2.43	2.54	0.02	0.33
23	0.77	0.01	2.04	2.40	0.03	0.54
24	1.04	0.13	1.34	1.81	0.27	0.47
25	1.28	0.27	1.70	1.90	0.17	0.57
26	1.01	0.01	1.96	2.30	0.04	0.59
27	1.05	0.02	1.82	2.05	0.03	0.51
28	1.07	0.32	1.77	2.11	0.19	0.51
29	1.09	0.04	1.64	2.12	0.25	0.55
30	1.07	0.18	1.82	2.29	0.11	0.53
31	1.11	0.01	1.37	1.79	0.05	0.74
32	0.91	0.01	1.78	1.86	0.05	0.70
33	0.91	0.31	1.85	2.08	0.30	0.83
34	0.94	0.01	1.83	1.95	0.05	0.82
76	1.10	0.01	1.95	2.07	0.04	0.70
77	0.82	0.01	1.94	2.48	0.03	0.46
78	0.82	0.08	1.34	1.64	0.15	0.50
79	1.12	0.01	1.92	2.41	0.04	0.52
80	1.96	2.74	0.73	0.04	0.39	0.03
81	1.09	0.01	1.68	1.87	0.05	0.64
82	0.76	0.01	1.52	1.88	0.03	0.46
83	1.11	0.47	1.69	2.08	0.18	0.54
84	1.08	0.53	1.82	1.97	0.39	0.62
85	0.98	0.07	1.64	2.00	0.28	0.69
86	1.31	0.01	1.85	2.16	0.06	0.88
87	1.16	0.43	1.79	2.23	0.32	0.65
91	0.85	0.01	1.98	2.29	0.03	0.52

注:P1 为埃芥亲本,P6 为芥菜型油菜亲本,P7 为甘蓝型油菜亲本。

(600×908)×青油 14 号杂交组合的复交 F₄ 代中材料 82 为甘蓝型油菜,与细胞学试验得到的结果一致,(600×908)×青油 14 号组合中出现甘蓝型油菜



图2 3个亲本和后代的进化树

可能是因此组合的变异率低,遗传稳定性较好,且此组合的植株个体中均有渗入埃芥、芥菜型油菜遗传物质,说明材料 82 为新型甘蓝型油菜。

为研究复交后代亲本遗传物质的渗入,本研究利用重测序对复交 F_4 代进行检测和分析,发现亲本基因组的染色体片段在后代中均有渗入和变异,且甘蓝型 A 基因组的渗入率最高。同时,复交 F_4 代群体的体细胞染色体数量和染色体行依然为未稳定,通过重测序和细胞学观察发现,本研究得到的材料 82 为渗入芥菜型油菜和埃芥染色体序列的新型甘蓝型油菜。

参考文献:

- [1] Chalhoub B, Denoeud F, Liu S Y, et al. Plant genetics. Early allopolyploid evolution in the post-Neolithic *Brassica napus* oilseed genome[J]. Science, 2014, 345(6199): 950-953.
- [2] Becker H C, Engqvist G M, Karlsson B. Comparison of rapeseed cultivars and resynthesized lines based on allozyme and RFLP markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 91(1): 62-67.
- [3] Allender C J, King G J. Origins of the amphiploid species *Brassica napus* L. investigated by chloroplast and nuclear molecular markers[J]. BMC Plant Biology, 2010, 10: 54.
- [4] 李利霞, 陈碧云, 闫贵欣, 等. 中国油菜种质资源研究利用策略与进展[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(1): 1-19.
- [5] Mei J, Li Q, Qian L, et al. Genetic investigation of the origination of allopolyploid with virtually synthesized lines: application to the C subgenome of *Brassica napus*[J]. Heredity, 2011, 106(6): 955-961.
- [6] 杜德志, 刘青元, 李秀萍, 等. 特早熟甘蓝型双低油菜杂交种青杂 3 号的选育[J]. 中国油料作物学报, 2004, 26(1): 66-68.
- [7] 何丽. 白菜型冬油菜与甘蓝型冬油菜远缘杂交研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2013: 10-34.
- [8] 陈树忠, 殷家明, 唐章林, 等. 甘蓝型油菜与羽衣甘蓝远缘杂交初步研究[J]. 西南农业大学学报(自然科学版), 2000(3): 208-210.
- [9] 李勤菲, 钱伟, 贺亚军. 甘蓝型油菜与甘蓝杂交的亲性和分析[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2016, 38(10): 1-7.
- [10] 蔡明, 刘贵华, 秦选佑, 等. 甘蓝型油菜与埃塞俄比亚芥种间杂种的无花瓣性状表现[J]. 中国油料, 1991(1): 86-87.
- [11] 陈伦林, 田恩堂, 江莹芬, 等. 用白菜型油菜的 A' 基因组和埃塞俄比亚芥的 C' 基因组构建新型甘蓝型油菜基因库[C]//陈伦林. 第十二届国际油菜大会论文集. 武汉: 科学出版社美国公司, 2007: 104.
- [12] 伍晓明. 甘蓝型油菜 C 亚基因组改良与规模化种质创新[C]//伍晓明. 2019 年中国作物学会学术年会论文摘要集. 杭州: 中国作物学会, 2019: 62.
- [13] Wu J F, Li F, Xu K, et al. Assessing and broadening genetic diversity of a rapeseed germplasm collection[J]. Breeding Science, 2014, 64(4): 321-330.
- [14] 江莹芬, 胡宝成, 陈凤祥, 等. 埃塞俄比亚芥研究进展[J]. 作物杂志, 2011(6): 6-9.
- [15] 史新杰. 人工合成芸薹属异源六倍体(AABBCC)细胞遗传学研究[D]. 郑州: 郑州大学, 2021: 13-21.
- [16] 谭亚飞, 张强, 赵艳艳, 等. 黄籽沙逊与黄籽埃塞俄比亚芥种间杂种的鉴定[J]. 河南农业科学, 2017, 46(3): 107-111.
- [17] 江莹芬. 埃塞俄比亚芥的遗传多样性研究及芸薹属异源六倍体的创造[D]. 武汉: 华中农业大学, 2005: 25-49.
- [18] 陈超权. 埃塞俄比亚芥种质资源遗传多样性分析与抗蚜机理研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2018: 45-72.
- [19] Majdi M, Charnikhova T, Bouwmeester H. Genetical, developmental and spatial factors influencing parthenolide and its precursor costunolide in feverfew (*Tanacetum parthenium* L. Schulz Bip.) [J]. Industrial Crops and Products, 2013, 47: 270-276.
- [20] Getinet A, Rakow G, Downey R K. Agronomic performance and seed quality of Ethiopian mustard in Saskatchewan[J]. Canadian Journal of Plant Science, 1996, 76(3): 387-392.
- [21] 徐爱遐. 芥菜型油菜(*Brassica juncea*)遗传多样性及其黄籽与芥酸性状的分子标记[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2008: 42-65.
- [22] 钱秀珍, 胡琼, 伍晓明. 中国芥菜型油菜的主要特性[J]. 作物品种资源, 1991(2): 14-15.
- [23] 刘后利. 几种芸薹属油菜的起源和进化[J]. 作物学报, 1984(1): 9-18.
- [24] Li Z, Liu H L, Luo P. Production and cytogenetics of intergeneric hybrids between *Brassica napus* and *Orychophragmus violaceus*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 91(1): 131-136.
- [25] 赵会彦. 芥菜型油菜多室基因 *Bj1n1* 定位的研究[D]. 西宁: 青海大学, 2014: 24-25.
- [26] 殷婷. 甘蓝型油菜和特早熟白菜型油菜种间杂交后代细胞遗传学研究[D]. 西宁: 青海大学, 2020: 12-37.
- [27] 谢晋. 通过芥甘杂交创建新型甘蓝型油菜的研究[D]. 西宁: 青海大学, 2019: 63-70.
- [28] 张双双, 苏维, 刘阳, 等. 白菜与埃塞俄比亚芥远缘杂交种质创制及黑腐病抗性转育[J]. 园艺学报, 2021, 48(7): 1304-1316.
- [29] Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers[J]. Nucleic Acids Res, 1989, 17(16): 6463-6471.
- [30] 熊亚青. 芸薹属栽培四倍体种与诸葛菜属间杂交后代的遗传分析[D]. 武汉: 华中农业大学, 2007: 37-38.