

通过表型和基因型鉴定筛选适合春油菜区的优异种质

徐亮, 林建荣, 杜德志*

(国家油菜改良中心青海分中心/农业农村部春油菜科学观测实验站/青海省春油菜遗传改良重点实验室/青海省春油菜工程技术研究中心/青海大学农林科学院, 青海 西宁, 810016)

摘要:为了更好地利用甘蓝型油菜资源,以引进的124份和青海省20份甘蓝型油菜资源为材料,利用50K SNP芯片分析了这些资源的遗传多样性,并在春油菜环境下鉴定了开花期、茎秆强度、产量和品质等13个相关性状。结果表明:资源两两之间的遗传距离平均为0.4683,遗传距离大于等于0.5的资源对数占总对数的36.45%,表明这批资源的遗传多样性丰富。所有资源按地理来源划分为6个类群,西北春油菜资源群内遗传差异相对较小,但与国内其它4个类群间存在较大的遗传差异,平均遗传距离均超过了0.4。聚类分析表明,地理来源难以再作为遗传差异的有效判断依据。鉴定出具有茎直径超过17 mm、主茎木质部厚度超过1 mm、茎折断力超过80 N、茎秆强度超过40 N/cm²、千粒重超过6 g、含油量超过48%等单一优良性状的资源若干份,可用于春油菜种质创新和品种改良。筛选出22份综合性状优良的资源,构成两个杂交优势群,一个为西北和国外资源群,另一个为长江流域资源群,两个群之间具有较大的遗传差异。

关键词:甘蓝型油菜;遗传多样性;基因型;表现型

中图分类号:S565.4

文献标识码:A

文章编号:1007-9084(2022)02-0280-09

Identification and screening of elite germplasm for spring rapeseed area by genotyping and phenotyping

XU Liang, LIN Jian-rong, DU De-zhi*

(Qinghai Research Branch of the National Rapeseed Genetic Improvement Center, Spring Rapeseed Scientific Observation Experimental Station of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Key Laboratory of Spring Rapeseed Genetic Improvement of Qinghai Province, Qinghai Engineering Technology Research Center for Spring Rapeseed, Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016, China)

Abstract: In order to make full use of the introduced rapeseed germplasm, genetic diversity of 144 rapeseed (*Brassica napus* L.) resources (including 124 exotic lines and 20 local spring rapeseed lines in Qinghai Province) was analyzed using 50K SNP microarray. In addition, 13 important phenotypic traits, including flowering time, stem strength-related traits, yield-related traits and quality traits, were identified in spring rapeseed planting environment. Results showed that mean value of genetic distances among 144 germplasm resources was 0.4683. 36.45% germplasm resources had genetic distance greater than or equal to 0.5. It indicated that the genetic diversity of these resources was relatively rich. 144 resources were divided into 6 groups according to their geographical origin. Among them, the group of spring rapeseed resources from northwest China had great genetic differences with other groups. Although had less diversity than other groups, it still had more than 0.4 inside. Cluster results showed that geographical origin of materials could not be really valid for judging their genetic differences. Some elite resources were identified with at least one excellent traits including large stem diameter (greater than 17 mm), thick xylem (≥ 1 mm), strong stem (breaking strength ≥ 80 N, or stem strength ≥ 40 N/cm²), large TSW (thousand seed weight ≥ 6 g), high oil content ($\geq 48\%$). Among them, 22 germplasm with excellent comprehensive traits were found and could be constructed into 2 hybrid parent resource groups. One group was from northwest China and

收稿日期:2021-02-05

基金项目:国家现代农业产业技术体系(CARS-12);国家重点研发计划(2016YFD0101300, 2018YFD0100500)

作者简介:徐亮(1979-),男,副研究员,主要从事作物种质资源研究,E-mail: qhrapelab@126.com

* 通讯作者:杜德志(1964-),研究员,博士生导师,主要研究方向为作物杂种优势利用,E-mail: qhuraep@126.com

abroad, the other is from the Yangtze River Valley in China.

Key words: *Brassica napus* L.; genetic diversity; genotype; phenotype

油菜是最我国重要的油料作物,2018年国家统计局数据表明,全国油菜种植面积达9826.5万亩(折合655.1万公顷),总产1328.1万吨。每年可生产优质菜籽油约520万吨,占国产植物油的47%;每年生产高蛋白饲用菜籽粕约800万吨,是我国第二大饲用蛋白源^[1]。

我国油菜分为春油菜和冬油菜两个生态类型。春油菜主要分布在青海、甘肃、新疆、内蒙古、西藏等省(区),总面积约66.7万公顷,其中甘蓝型油菜面积约43万公顷,占春油菜总面积的64.5%^[2]。青海省甘蓝型春油菜资源主要从加拿大等少数春油菜国家引进,数量少、遗传基础狭窄,抗(耐)菌核病性较弱。为了拓宽甘蓝型春油菜资源的遗传基础,青海省从长江流域引进了一批半冬性甘蓝型油菜资源,研究发现,半冬性甘蓝型油菜资源与春性甘蓝型油菜的遗传差异较大,且两者间的遗传差异大于春性与春性资源间、半冬性与半冬性资源间的遗传差异,半冬性甘蓝型油菜资源的抗(耐)菌核病性显著强于春性甘蓝型油菜品种(系)^[3,4],春性品种(系)与半冬性品种(系)组配的杂交种比同种类型品种(系)间组配的杂交种具有更强的杂种优势^[5],春油菜中导入半冬性油菜遗传成分,可以增强春油菜杂种优势,提高杂交种产量和菌核病抗性^[6]。

基于上述研究结果,“十二五”期间,青海省又从国内引进了一批甘蓝型油菜资源。本研究对这批资源进行了遗传多样性分析,鉴定其开花时间、茎秆强度、产量和品质等相关性状,以期对春油菜新品种选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

收集于“十二五”期间,来自国家油菜产业技术体系和国内科研单位。通过5代自交纯化,淘汰农艺性状和品质性状较差、初花期与甘蓝型春油菜青油14号差异超过10 d的资源,获得了124份农艺性状稳定的甘蓝型油菜。由于在青海生态环境下,长江上游区的资源普遍表现早熟,而黄淮海地区的资源普遍表现晚熟,因此这两个生态区中选的资源较少。因此本研究以这124份资源和青海原有的20份春油菜品种(系)为材料(表1)。

1.2 方法

利用50K SNP芯片(包含42 090个甘蓝型油菜SNP标记,由武汉双绿源创芯科技研究院有限公司开发)对144份甘蓝型油菜资源进行基因型分析,以差异位点占总检测位点的比率作为两个样品间的遗传距离,差异位点越少,对应两个样品的遗传距离就越近,得到一个 $n \times n$ 的二维遗传距离矩阵(n 指用于聚类的总样品数)。利用R语言的ape和phangorn包的UPGMA方法对上述的距离矩阵构建系统发育树。在<https://itol.embl.de/>网站进行可视化,并使用不同颜色注释样品来源信息。所有材料基因型分析试验由武汉双绿源创芯科技研究院有限公司完成。

2019年所有材料种植于青海省农林科学院田间试验区,试验采用随机区组设计,两次重复,每小区3行,行长2 m,行距0.3 m(小区面积1.8 m²)。出苗后及时间苗除草,3~4叶期按株距0.15 m进行定苗,其它栽培措施按试验区常规管理进行。

开花期调查:调查出苗到初花的时间。

茎秆强度相关性状测定:成熟期收获子叶节以上20~40 cm茎段6根,挂好编号并放置阴凉潮湿处,取样当天用茎秆强度测定仪(型号YYD-1,中国浙江托普仪器有限公司生产)测量茎折断力、茎壁穿透力;用数显游标卡尺(精度0.01 mm)测量茎段近地端的直径、茎壁厚度、木质部厚度,每根茎段测量两个部。由于茎折断力与茎直径呈显著正相关,为了消除茎直径对茎折断力的影响,采用单位茎横切面积抗断力作为茎秆强度的评价指标,计算公式为:

$$\text{茎秆强度} = \text{茎抗断力} / \pi r^2$$

(把油菜茎秆视为圆柱体, r 为茎秆半径)。

产量和品质性状测定:成熟期考查小区产量,并收获6个单株进行考种,考查角果长度、每角粒数、千粒重;用近红外光谱仪(BRUKER MATRIX-1)检测种子的芥酸含量、硫甙含量和含油量。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析

利用50K SNP芯片的基因型数据计算144份甘蓝型油菜资源两两之间的遗传距离,最大遗传距离为0.7561,最小遗传距离为0.0049,平均遗传距离

表1 144份甘蓝型油菜品种(系)基本信息

Table 1 Information of 144 germplasm resources in *Brassica napus*

区域	编号	代号或名称	来源地	区域	编号	代号或名称	来源地
District	Codes	Code or Name	Origin	District	Codes	Code or Name	Origin region
国外 Foreign	X375	Monty	澳大利亚 Australia	黄淮海区 Huang-Huai-Hai Region	X465	陕西高油 Shaanxi gaoyou	陕西 SX
	X427	Surpass440	澳大利亚 Australia		X557	P158	陕西 SX
	X631	cyclon	丹麦 Denmark		X635	P113	陕西 SX
	X645	佳绩 Jiaji	丹麦 Denmark		X637	P312	陕西 SX
	X499	D3	丹麦 Denmark		X639	B265	陕西 SX
	X551	AGREV019	德国 Germany		X641	B285	陕西 SX
	X629	AGREV012	德国 Germany		X643	B262	河南 HN
	212Y	quantum	加拿大 Canada	长江中游区 Middle Reaches of the Yangtze River	X455	105-93205	湖北 HB
	125Y	Altex	加拿大 Canada		X371	H110	湖北 HB
	161Y	qu	美国 USA		X385	华双4号 Huashuan 4	湖北 HB
	127Y	孟3 Monsanto3	美国 USA		X387	华双5号 Huashuan 5	湖北 HB
	121Y	Topas	瑞典 Sweden		X389	富油668 Fuyou 668	湖北 HB
	X655	964	甘肃 GS		X391	阳光2009 Yangguang 2009	湖北 HB
西北春油菜区 Spring rape area of the northwest	X657	9852	甘肃 GS		X393	阳光198 Yangguang 198	湖北 HB
	X659	876	甘肃 GS		X395	中油589 Zhongyou 589	湖北 HB
	X661	武164 Wu 164	甘肃 GS		X397	中油821 Zhongyou 821	湖北 HB
	X663	陇油4号 Longyou 4	甘肃 GS		X399	中双4 Zhongshuang 4	湖北 HB
	X665	9889	甘肃 GS		X401	中双5号 Zhongshuang 5	湖北 HB
	X667	天油4号 Tianyou 4	甘肃 GS		X403	中双6号 Zhongshuang 6	湖北 HB
	X463	杜高油 Du high oil	青海 QH		X405	中双7号 Zhongshuang 7	湖北 HB
	X467	青油14号 Qingyou 14	青海 QH		X407	中双9号 Zhongshuang 9	湖北 HB
	66Y	D681	青海 QH		X409	中双10号 Zhongshuang 10	湖北 HB
	X437	D242	青海 QH		X411	中双12号 Zhongshuang 12	湖北 HB
	X441	D454	青海 QH		X413	甘油5号 Ganyou 5	湖北 HB
	X443	D241	青海 QH		X459	2016CY	湖北 HB
	X445	D1087	青海 QH		X469	华黄 Huahuang	湖北 HB
	X447	D1993	青海 QH		X519	9F087	湖北 HB
	X449	E741	青海 QH		129Y	97096	湖北 HB
	204Y	E789	青海 QH		X523	RQ011	湖北 HB
	X457	87-97096	青海 QH		X525	01188	湖北 HB
	X429	D518	青海 QH		163Y	93205	湖北 HB
	X431	D652	青海 QH		X531	Nca	湖北 HB
	X481	90Fan89-265	青海 QH		X533	2011-7103	湖北 HB
	159Y	海神 Haisen	青海 QH		131Y	2012-8998	湖北 HB
	123Y	伟杰 Wajer	青海 QH		X537	2012-9354	湖北 HB
	X501	D2007-25	青海 QH		X539	2012-K8053	湖北 HB
	X553	11-985	青海 QH		X541	11-9-707	湖北 HB
	X555	10-847	青海 QH		X543	09-P64-1	湖北 HB
	X633	四达 Sida	青海 QH		X545	10-崇32 10-Chong 32	湖北 HB
长江上游区 Upper Reaches of the Yangtze River	157Y	D478	四川 SC		X547	甲预31棚 Jiayu31peng	湖北 HB
	X471	矮架早 Aijiazao	四川 SC		X563	97097	湖北 HB
	X559	CY19PXW-65	四川 SC		X565	11-育7-117 11-yu7-117	湖北 HB
	X561	CY21PXW-84	四川 SC		X567	Yls-C	湖北 HB
	X569	川油20 Chuanyou 20	四川 SC		X589	11-育7-125 11-yu7-125	湖北 HB
	X571	川油18 Chuanyou 18	四川 SC		X591	11-P74-8 父本 11-P74-8 Parent	湖北 HB
	X573	CY12PXW-4	四川 SC		X593	11-P74-13 父本 11-P74-13 Parent	湖北 HB
	X575	CY15PXW-31	四川 SC		X595	P18	湖北 HB
	X577	CY16PXW-35	四川 SC		X597	64棚-10 64peng-10	湖北 HB

续表

区域 District	编号 Codes	代号或名称 Code or Name	来源地 Origin	区域 District	编号 Codes	代号或名称 Code or Name	来源地 Origin region
长江上游区 Upper Reaches of the Yangtze River	X579	CY17PXW-58	四川 SC	长江中游区 Middle Reaches of the Yangtze River	X647 08-P36		湖北 HB
	X435	Du399	四川 SC		X649 09-P37		湖北 HB
	X417	黔油 12 号 Qianyou 12	贵州 GZ		X651 10-P10		湖北 HB
	X419	贵油 7 号 Guiyou 7	贵州 GZ		X653 12-P24		湖北 HB
长江下游区 Lower Reaches of the Yangtze River	X383	浙双 8 号 Zheshuang 8	浙江 ZJ		X373 H501		湖南 HN
	X613	浙油 18 Zheyou 18	浙江 ZJ		X377 Bin270		湖南 HN
	X475	浙油 758 Zheyou 758	浙江 ZJ		X423 湘农油 3 号 Xiangnongyou 3		湖南 HN
	X615	浙双 72 Zheshuang 72	浙江 ZJ		X505 wx10213		湖南 HN
	X619	浙油 21 Zheyou 21	浙江 ZJ		X507 10-1061		湖南 HN
	X621	浙双 6 号 Zheshuang 6	浙江 ZJ		X509 10-1070		湖南 HN
	X425	沪油 15 号 Huyou 15	上海 SH		X511 湘油 15 号 Xiangyou 15		湖南 HN
	72Y	101-01188	上海 SH		X513 740		湖南 HN
	X461	沪油 16 Huyou 16	上海 SH		X515 santana		湖南 HN
	X549	沪油 19 Huyou 19	上海 SH		X517 1321		湖南 HN
	X599	沪油 17 号 Huyou 17	上海 SH		X581 wx10315		湖南 HN
	X601	沪油 12 号 Huyou 12	上海 SH		X583 10-804		湖南 HN
	X617	沪油 18 Huyou 18	上海 SH		X585 613		湖南 HN
	X421	宁油 10 号 Ningyou 10	江苏 JS		X379 黄 023 Huang 023		江西 JX
	X587	宁油 1 号 Ningyou 1	江苏 JS		X381 金油 15 Jinyou 15		江西 JX
	X603	宁油 18 号 Ningyou 18	江苏 JS		X415 赣油 14 号 Ganyou 14		江西 JX
	X605	宁油 16 号 Ningyou 16	江苏 JS		X473 赣油 16 Ganyou16		江西 JX
	X607	镇油 3 号 Zhenyou 3	江苏 JS				
	X609	红油 3 号 Hongyou 3	江苏 JS				
	X611	苏油 1 号 Suyou 1	江苏 JS				
	X503	淮油 6 号 Huaiyou 6	江苏 JS				
	X623	皖油 16 号 Wanyou 16	安徽 AH				
	X625	皖油 20 号 Wanyou 20	安徽 AH				

Note: GS: Gansu Province; QH: Qinghai Province; SC: Sichuan Province; GZ: Guizhou Province; ZJ: Zhejiang Province; SH: Shanghai; JS: Jiangsu Province; AH: Anhui Province; SX: Shaanxi Province; HN: Henan Province; HB: Hubei Province; HN: Hunan Province; JX: Jiangxi Province

为 0.4683, 遗传距离大于等于 0.5 的资源对数占总对数的 36.45%, 表明这批资源的遗传多样性丰富。按照资源两两之间的遗传距离构建系统发育树, 结果见图 1。从图 1 可以看出, 除了来自西北春油菜区的资源外, 同一起来源的资源没有明显地聚在一起, 表明地理距离与遗传距离没有明显的相关性, 不再适合作杂交种双亲遗传距离选择的依据。

以同一起来源的资源作为一个类群, 分析同一类群内和不同类群之间的平均遗传距离, 结果见表 2。类群内平均遗传距离普遍小于不同类群之间的平均遗传距离, 但黄淮海区的资源群内平均遗传距离反而大于其与其它类群间的遗传距离, 表明黄淮海区的资源存在丰富的遗传变异。长江上游区、长江中游区和长江下游区三个类群的资源, 群内和群间的平均遗传距离都不大, 表明这三个类群之间资源交流更频繁。西北春油菜类群内部平均遗传距离

为 0.4189, 与国外资源群之间的遗传距离为 0.4478, 与黄淮海资源群、长江流域的三个类群之间的遗传距离均超过 0.5, 表明西北春油菜资源群内遗传差异相对较小, 与国内四个类群间存在较大的遗传差异。

进一步分析发现, 在西北春油菜资源群和长江中游资源群内, 部分资源之间存在明显的亲缘关系, 遗传距离小于 0.1 的资源各有 13 对。根据这一结果推测, 在西北春油菜区和长江中游区, 育种家使用了更为相近的优良品种为亲本创制资源。

2.2 重要性状表型变异

144 份甘蓝型油菜的 13 个重要性状表型变异分析结果见表 3。品质性状方面, 芥酸含量和硫甙含量有较大的变异系数, 主要原因是这些资源含少数几个品质为双高的资源; 来源于国外、西北区和黄淮区的资源平均含油量高于长江流域的资源。茎

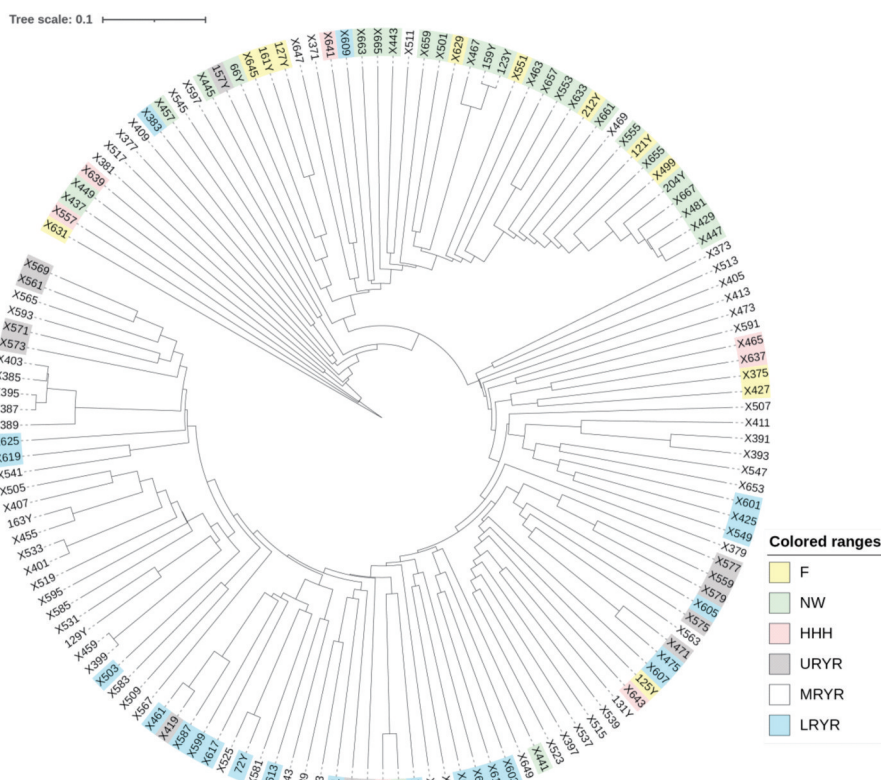
秆强度相关性状方面,来源于长江流域的资源具有较粗的茎秆,来源于国外的资源平均茎直径最小;来源于国外的资源茎壁厚度较小;长江流域和黄淮区的资源茎折断力高于西北区和国外的资源;黄淮区和下游区的资源茎秆强度值相对较大;六个类群资源在木质部厚度和茎穿透力两个性状上没有显著差异。产量性状方面,来源于长江中游区和国外资源具有较多的每角粒数;来源于长江流域的资源千粒重较大;长江下游区的资源平均小区产量最高,其次是上游区,平均小区产量最低的是黄淮区的资源;以春油菜区推广面积最大的常规品种青油14号为对照,筛选出小区产量超过青油14号的资源55份,其中长江中游22份,长江下游13份,长江上游4份,黄淮区1份,西北春油菜区15份。

144份资源中,茎直径超过17 mm的资源有6份(X621、X553、X603、X573、X459、X567),木质部厚度超过1 mm的资源8份(X377、X567、X553、X545、X565、72Y、X393、X411),这些资源更容易获得较大的生物产量,可用于饲用油菜资源创新和新品种选育。鉴定筛选出茎折断力超过80 N的资源12份

(X621、157Y、X565、X567、X545、X469、X641、X579、X651、X603、X591、X457),茎秆强度超过40 N/cm²的资源15份(X473、157Y、X621、X667、X449、X581、X625、X631、X641、X469、X549、X499、X639、X503、X617),这些资源可用于抗茎倒油菜资源创新和新品种选育。在产量及其相关性状上,鉴定筛选到小区产量超过600 g的资源5份(X457、X399、X603、X373、X555),千粒重超过6 g的资源9份(X599、X515、X511、X535、X531、X399、X593、X371、X603),这些资源可用于产量性状的改良。筛选到含油量超过48%的资源9份(X653、X555、X553、X431、X665、X635、X551、121Y、159Y),这些资源可为高含油量春油菜品种选育提供有利的基因资源。

2.3 综合性状优良资源的遗传差异分析

在144份资源中,筛选出小区产量超过青油14号的资源,同时品质达到双低标准、含油量超过40%、每角粒数大于20粒、茎秆强度超过30 N/cm²作为综合性状优良的资源共22份。对这些资源的遗传距离进行分析,筛选出遗传距离大于等于0.4的资源对(表4)。大量的研究已经证明,遗传差异是



注:F国外;NW西北区;HHH黄淮区;URYR上游区;MRYR中游区;LRYR下游区

Note: F: foreign; NW: spring rape area of the Northwest; HHH: Huang-Huai-Hai Region; URYR: Upper Reaches of Yangtze River; MRYR: Middle Reaches of the Yangtze River; LRYR: Lower Reaches of Yangtze River

图1 144份甘蓝型油菜资源系统发育树

Fig. 1 UPGMA tree of 144 germplasm resources in *Brassica napus*

表 2 甘蓝型油菜资源遗传距离
Table 2 Genetic distance of germplasm resources in *B. napus*

来源 Origin	国外 F			西北区 NW			黄淮区 HHH			上游区 URYR			中游区 MRYP			下游区 LRYR		
	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range	平均 Mean (标准差 SD)	范围 Range
国外 F	0.4593(0.1238)	0.1924~0.7251																
西北区 NW	0.4478(0.1285)	0.0869~0.7392	0.4189(0.1485)	0.0049~0.7101														
黄淮区 HHH	0.5119(0.0954)	0.3639~0.7031	0.5086(0.0906)	0.0679~0.6776	0.56155(0.1078)	0.3478~0.6681												
上游区 URYR	0.5084(0.0751)	0.3800~0.7424	0.5152(0.0551)	0.3378~0.6673	0.4882(0.0846)	0.3467~0.6730	0.3920(0.0731)	0.1652~0.5380										
中游区 MRYP	0.5167(0.0851)	0.2121~0.7561	0.5149(0.0723)	0.1845~0.6979	0.5064(0.0944)	0.3392~0.7183	0.4269(0.0785)	0.1964~0.6800	0.4303(0.0949)	0.0064~0.6780								
下游区 LRYR	0.5164(0.0751)	0.3573~0.7517	0.5135(0.0608)	0.3134~0.6788	0.5026(0.0866)	0.3465~0.6852	0.4163(0.0764)	0.0386~0.6351	0.4324(0.0740)	0.0539~0.6588	0.4197(0.0738)	0.1192~0.6214						

Note: F: foreign; NW: spring rape area of northwest; HHH: Huang-Huai-Hai Region; URYR: upper reaches of the Yangtze River; MRYP: middle reaches of the Yangtze River; LRYR: lower reaches of the Yangtze River

表 3 不同来源甘蓝型油菜资源重要性状分析
Table 3 Phenotypic analysis of germplasm resources in *B. napus*

来源 Origin	开花期 /d	茎直径 /mm	茎壁厚 SRT /mm	木质部厚度 SXT /mm	穿透力 RPR /N	茎折断力 SBS /N	茎秆强度 SS /N/cm ²	小区产量 YPP /g	每角粒数 SPS	千粒重 /g	芥酸 EA /%	硫甙 Glu /μmol/g	含油量 OC /%
国外 F	60.92a	12.80a	1.47a	0.72a	20.26a	42.53a	32.94bc	364.20ab	24.98bc	4.31a	0.52a	11.44a	44.68bc
西北区 NW	62.48ab	13.48ab	1.62b	0.77ab	19.89a	45.50ab	31.44ab	389.88ab	22.99a	4.36a	2.80bc	43.07ab	43.08bc
黄淮区 HHH	61.57ab	14.19ab	1.60b	0.78ab	20.60ab	52.06bc	33.24bc	317.57a	24.47ab	4.31a	3.04bc	16.45a	43.91bc
上游区 URYR	62.23ab	14.92bc	1.69bc	0.80abc	19.63a	52.33bc	30.06a	410.77bc	23.40a	4.70ab	0.69a	13.54a	39.08a
中游区 MRYP	60.68a	14.72bc	1.66bc	0.81abc	20.22a	53.12bc	31.20ab	384.48ab	25.15bc	4.78ab	1.83b	26.28ab	41.29ab
下游区 LRYR	62.48ab	14.52bc	1.63b	0.78ab	20.44ab	56.14cd	34.01bc	449.93bcd	23.39a	5.19c	1.76b	28.91ab	41.09ab

注:所有性状值为平均值,数据后小写字母为同列数据在0.05水平下的差异显著性

Note: Data is mean value. Lowercase letters after data indicate significances at 0.05 level. FT: flowering time; SD: stem diameter; SRT: stem rind thickness; SXT: stem xylem thickness; RPR: rind penetrometer resistance; SBS: stem breaking strength; SS: stem strength; YPP: yield per plot; SPS seeds per silique; TSW: thousand seed weight; EA: erucic acid; Glu: glucosinolate; OC: oil content

Table 4 Genetic distance matrix of resources with excellent comprehensive traits (≥ 0.4)

来源	编号	国外 F	西北区 NW			上游区 URYR			中游区 MRYP					下游区 LRYR										
			X499	X431	X445	X449	X579	X419	X393	X397	X411	X525	X543	X515	X517	X585	X475	X619	X621	72Y	X617	X603	X611	X503
西北区 NW	X431	0.45																						
	X445	0.48	0.50																					
	X449	0.50	0.57	0.65																				
上游区 URYR	X579	0.57	0.46	0.45	0.63																			
	X419	0.52		0.47	0.56	0.41																		
	X393	0.52	0.45	0.49	0.57	0.46																		
中游区 MRYP	X397	0.51	0.43	0.47	0.59		0.45	0.46		0.46														
	X411	0.62	0.50	0.56	0.63	0.51			0.51															
	X525	0.47		0.50						0.46														
	X543	0.48	0.46	0.50	0.53	0.43			0.41	0.42														
	X515	0.54	0.45	0.48	0.60		0.46	0.49		0.54		0.46												
	X517	0.52	0.55	0.64	0.59	0.65	0.60	0.60	0.55	0.57	0.54	0.60	0.56											
	X585	0.49		0.49	0.56	0.45	0.40	0.43		0.46			0.47											
下游区 LRYR	X475	0.56	0.41	0.43	0.65			0.45		0.49	0.44	0.42	0.41	0.57	0.41									
	X619	0.49		0.51	0.54	0.43			0.42	0.47				0.52		0.44								
	X621	0.55	0.44	0.55	0.58	0.46	0.40	0.44	0.41	0.50		0.41	0.44	0.56	0.46									
	72Y	0.49		0.52		0.43				0.47			0.41	0.74	0.46									
	X617	0.43		0.46	0.50	0.45		0.42	0.40	0.49			0.43	0.52	0.45			0.41						
	X603	0.49	0.41	0.50	0.58	0.44		0.44		0.49			0.46	0.53	0.42			0.43						
	X611	0.52	0.43	0.47	0.61	0.42		0.43	0.43	0.47	0.41		0.46	0.55	0.41			0.41	0.43					
X503	0.49		0.50	0.56	0.44		0.43		0.44			0.41	0.50	0.41			0.42							

杂种优势利用的基础,在一定的范围内,遗传差异与杂种优势呈正相关,表4的资源对可为甘蓝型春油菜杂交种亲本选配提供参考,也可用于改良现有优良亲本系,进一步拓宽亲本间的遗传差异。

3 讨论

3.1 遗传多样性评价方法

遗传多样性是杂种优势利用的基础。早期主要利用地理来源和表型性状来评价种质资源的遗传差异^[7-10],但随着油菜遗传育种的发展,种质资源的跨区交流更加频繁、表型性状易受环境影响等问题,限制了这两种方法在种质资源遗传多样性评价中的应用。本文的研究结果也进一步证明,地理来源难以有效地评价种质资源的遗传差异。

蛋白质检测技术^[11,12]和基于DNA水平的分子标记技术^[13-22]在油菜遗传多样性评价中得到广泛应用,但这些技术存在检测位点数少、检测效率低、检测时间长等问题。近年来,基因组测序和SNP芯片技术已经用于油菜遗传多样性研究^[23-26],使得遗传多样性评价更准确、高效。本研究利用50K SNP芯片进行遗传多样性分析,可以检测全基因组4.2万个位点,数据过滤优化之后获得高质量的SNP标记28 491个,利用这些基因组数据进行遗传多样性分析,能更准确地反映种质资源在基因组水平的遗传差异。

3.2 杂种优势模式和亲本选育方法

杜德志等^[4-6]研究表明,甘蓝型春油菜杂交种亲本组配模式中,“春性×半冬性”的亲本组配模式的杂种优势强于“春性×春性”、“半冬性×半冬性”两种模式组配的杂交种,同时在春油菜中导入半冬性油菜遗传成分,也可以增强春油菜杂种优势、提高杂交种的产量和菌核病抗性。而得出以上研究结果的重要原因是春性甘蓝型油菜与半冬性甘蓝型油菜之间具有较大的遗传差异。本文的研究也进一步证明,西北春油菜区的资源与长江流域的资源存在较大的遗传差异。

外来资源的引进,一方面可以拓宽育种资源的遗传基础,但另一方面也加大了杂交种选育过程中亲本选配的工作量和复杂性。在育种过程中,确保杂交种双亲有较大的遗传差异是很有必要的,结合本研究的结果,在春油菜杂交种选育过程中,可以构建两个杂交种亲本群,一个亲本群由国外和西北春油菜优良育种材料构成,另一个由长江流域的优良育种材料组成。在杂交种亲本选育过程中,用其

中一个亲本群的资源相互杂交或回交转育的方法选育新的不育系和保持系,用另一个亲本群的资源相互杂交或回交转育的方法选育新的恢复系,采用这种方法可以确保不育系与恢复系之间有较大的遗传差异。

3.3 春油菜区资源引进与利用

通过对国内外144份甘蓝型油菜资源的生育期、产量、品质、抗倒性和遗传差异进行分析,结果表明,来源于长江中游和长江下游的资源在春油菜区表现较好,更容易筛选出符合育种目标的品种资源。基于这一结果,在今后资源引进与利用中,可侧重引进和利用长江中游和长江下游的资源,以提高育种效率。

参考文献:

- [1] 刘成,冯中朝,肖唐华,等.我国油菜产业发展现状、潜力及对策[J].中国油料作物学报,2019,41(4):485-489. DOI:10.7505/j.issn.1007-9084.2019.04.001.
- [2] 杜德志,肖麓,赵志,等.我国春油菜遗传育种研究进展[J].中国油料作物学报,2018,40:633-639.
- [3] 姚艳梅.不同生态类型甘蓝型油菜若干性状的比较研究[J].青海大学学报(自然科学版),2011,29(6):1-4. DOI:10.13901/j.cnki.qhwxzbk.2011.06.001.
- [4] 聂平,杜德志,徐亮,等.不同生态类型甘蓝型油菜的SSR遗传多样性分析[J].西北农业学报,2008,17(4):109-113. DOI:10.3969/j.issn.1004-1389.2008.04.024.
- [5] 杜德志,聂平,徐亮,等.不同生态类型甘蓝型油菜在青海生态条件下的杂种优势表现[J].中国油料作物学报,2010,32(2):180-186.
- [6] 姚艳梅,柳海东,徐亮,等.以半冬性甘蓝型油菜为亲本增强春性甘蓝型油菜杂种优势[J].作物学报,2013,39:118-125.
- [7] 李梦寒,李昌明,许进鸿,等.西藏白菜型黄籽油菜表型多样性分析[J].中国油料作物学报,2014,36(4):461-468. DOI:10.7505/j.issn.1007-9084.2014.04.005.
- [8] 陈碧云,许鲲,高桂珍,等.中国白菜型油菜种质表型多样性分析[J].中国油料作物学报,2012,34(1):25-32.
- [9] 陈浩,龙飞,周彩雯,等.内蒙古及周边地区春油菜种质表型性状的遗传多样性研究[J].内蒙古农业大学学报(自然科学版),2009,30(2):82-87.
- [10] 何燕,栾运芳,常天军,等.西藏野生油菜种质资源表型多样性初探[J].中国农学通报,2008,24(3):355-361.
- [11] 甘莉,王新.油菜种子贮藏蛋白的遗传多样性分析[J].华中农业大学学报,1999,18(6):528-532. DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.1999.06.007.

- [12] 刘海衡, 胡胜武. 23份芥菜型油菜同工酶遗传多样性分析[J]. 西北农业学报, 2010, 19(10): 82-85, 106. DOI: 10.3969/j.issn.1004-1389.2010.10.016.
- [13] Padilla G, Carrea M E, Rodríguez V M, et al. Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* subsp. *rapa* L. from northwestern Spain [J]. Euphytica, 2005, 145(1/2): 171-180. DOI: 10.1007/s10681-005-0895-x.
- [14] 雷天刚, 张学昆, 李加纳, 等. 甘蓝型黄籽油菜 SSR 标记遗传多样性[J]. 中国油料作物学报, 2005, 27(1): 41-45. DOI: 10.3321/j. issn: 1007-9084.2005.01.010.
- [15] 文雁成, 王汉中, 沈金雄, 等. 用 SRAP 标记分析中国甘蓝型油菜品种的遗传多样性和遗传基础[J]. 中国农业科学, 2006, 39(2): 246-256. DOI: 10.3321/j. issn: 0578-1752.2006.02.005.
- [16] 刘仁虎, 孟金陵. RFLP 和 AFLP 分析白菜型油菜和甘蓝型油菜遗传多样性及其在油菜改良中的应用价值[J]. 遗传学报, 2006, 33(9): 814-823.
- [17] 徐爱遐, 马朝芝, 肖恩时, 等. 中国西部芥菜型油菜遗传多样性研究[J]. 作物学报, 2008, 34(5): 754-763. DOI: 10.3321/j.issn: 0496-3490.2008.05.005.
- [18] 杜德志, 姚艳梅, 胡琼, 等. 新型特早熟春性甘蓝型油菜的遗传多样性及其杂种优势[J]. 中国油料作物学报, 2009, 31(2): 114-121. DOI: 10.3321/j. issn: 1007-9084.2009.02.002.
- [19] 李丽, 黄先群, Wanapu Chokchai, 等. 利用 AFLP 标记技术评价甘蓝型油菜的遗传多样性和亲缘关系[J]. 西南农业学报, 2011, 24(4): 1243-1250. DOI: 10.3969/j.issn.1001-4829.2011.04.002.
- [20] 方彦, 杨刚, 孙万仓, 等. 北方地区白菜型冬油菜与春油菜的 SSR 和 InDel 遗传多样性分析[J]. 中国油料作物学报, 2015, 37(1): 21-26. DOI: 10.7505/j. issn.1007-9084.2015.01.004.
- [21] 张羽, 张晓娟, 陈进, 等. SCOT 标记分析抗菌核病油菜资源的遗传多样性[J]. 四川农业大学学报, 2015, 33(4): 351-356. DOI: 10.16036/j. issn. 1000-2650.2015.04.001.
- [22] Zhang X J, Chen H Y, Channa S A, et al. Genetic diversity in Chinese and exotic *Brassica rapa* L. accessions revealed by SSR and SRAP markers[J]. Braz J Bot, 2017, 40(4): 973-982. DOI: 10.1007/s40415-017-0392-1.
- [23] Mason A S, Zhang J, Tollenaere R, et al. High-throughput genotyping for species identification and diversity assessment in germplasm collections [J]. Mol Ecol Resour, 2015, 15(5): 1091-1101. DOI: 10.1111/1755-0998.12379.
- [24] Kim J, Kim D S, Park S, et al. Development of a high-throughput SNP marker set by transcriptome sequencing to accelerate genetic background selection in *Brassica rapa* [J]. Horticult Environ Biotechnol, 2016, 57(3): 280-290. DOI: 10.1007/s13580-016-1036-2.
- [25] Su T B, Li P R, Yang J J, et al. Development of cost-effective single nucleotide polymorphism marker assays for genetic diversity analysis in *Brassica rapa* [J]. Mol Breed, 2018, 38(4): 1-13. DOI: 10.1007/s11032-018-0795-0.
- [26] 赵绪涛, 柳海东, 李开祥, 等. 基于 SLAF-seq 技术构建甘蓝型油菜 Polima CMS 恢复系核心种质[J]. 中国油料作物学报, 2019, 41(4): 497-506. DOI: 10.7505/j.issn.1007-9084.2019.04.003.

(责任编辑:郭学兰)