

# 早熟甘蓝型油菜研究进展及其应用

张尧锋<sup>1</sup>, 余华胜<sup>1</sup>, 曾孝元<sup>2</sup>, 林宝刚<sup>1</sup>, 华水金<sup>1</sup>, 张冬青<sup>1</sup>, 傅 鹰<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所, 杭州 310021; <sup>2</sup> 台州市农业局农技总站, 台州 318000)

**摘要:** 随着油-稻-稻三熟制种植模式的推进和油菜机械化生产的要求, 早熟性状已经成为油菜理论研究和品种选育的关键性状。本文从油菜早熟性状的理论研究、品种选育以及生产应用的层面开展了综合论述。首先介绍了早熟油菜的界定标准及其生长特性和选择依据。随后从早熟性状的遗传特性、早熟基因的定位等层面介绍了早熟性状的理论研究现状。在品种选育和应用层面, 从早熟品种选育的必要性、早熟品种的选育途径、育种现状以及早熟油菜品种生产应用现状和前景等方面开展了论述。最后针对油菜早熟性方面存在的问题和对策作了简要概述。本文将为我国早熟油菜种质创新和品种选育提供参考。

**关键词:** 油菜; 早熟; 理论研究; 育种; 应用

## Progress and Application of Early Maturity in Rapeseed ( *Brassica napus* L. )

ZHANG Yao-feng<sup>1</sup>, YU Hua-sheng<sup>1</sup>, ZENG Xiao-yuan<sup>2</sup>, LIN Bao-gang<sup>1</sup>,

HUA Shui-jin<sup>1</sup>, ZHANG Dong-qing<sup>1</sup>, FU Ying<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Institute of Crop and Nuclear Technology Utilization, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021;

<sup>2</sup> Agricultural Technology Extension Station, Taizhou Agricultural Bureau, Taizhou 318000)

**Abstract:** Keeping consistent with the current cropping pattern of rice-rice-rape and the requirement of rapeseed mechanized cultivation, early maturity has become increasingly important in rapeseed theoretical and breeding research. Here we reviewed the current progress based on the aspects of academic research, variety breeding and application of early-maturing rapeseed varieties. First, we introduced the early maturity, the growth phenotype and the selection reference of early maturity. Second, the theoretical research of early maturity, including the genetic analysis and gene mapping were summarized. Third, the breeding necessity, breeding approaches, breeding process, and variety application and prospect were introduced. Finally, we suggested the bottlenecks and countermeasures of early maturity in rapeseed. This report will provide insight for the innovation of germplasm and breeding of early-maturity rapeseed.

**Key words:** rapeseed; early maturity; theoretical research; breeding; application

我国作为世界油料消费大国, 油料供给短缺的状态日趋紧张<sup>[1]</sup>。菜籽油是我国主要的食用植物油, 在我国占有举足轻重的地位。在油菜诸多农艺性状中, 早熟性状是当前油菜理论研究和品种选育的一个重要性状。一方面, 选育早熟油菜品种可有效解决油菜与后茬作物的季节矛盾。另一方面,

以长江流域为代表的我国南方油菜主产区, 4-5月气温快速升高, 促使油菜种子高温逼熟, 严重影响油菜种子千粒重和含油量<sup>[2]</sup>。早熟油菜品种可以避开高温逼熟的危害, 提高油菜种植效益。此外, 早熟油菜品种通常具有矮秆、抗倒和少分枝等适合机械收获的特征, 有利于推进我国油菜机械化

收稿日期: 2018-07-12 修回日期: 2018-08-06 网络出版日期: 2018-10-18

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20181017.0939.001.html>

第一作者研究方向为油菜遗传育种与栽培, E-mail: y.f.zhang@163.com

通信作者: 傅鹰, 研究方向为油菜遗传育种, E-mail: fy97@163.com

基金项目: 浙江省农业新品种选育重大科技专项 (2016C02050-8); 基于创意农业的园艺型农作物品种研发与示范 (2018C02057)

**Fundation project:** The Major Scientific and Technological Novel Variety Breeding Project of Zhejiang Province (2016C02050-8), Project of Creative Agriculture derived R&D and Demonstrations of Horticultural Crop Varieties (2018C02057)

生产进程<sup>[3]</sup>。本文从油菜早熟性状的遗传特性、基因挖掘、种质创新、选育途径、育种进程等方面开展了系统论述,旨在为早熟油菜品种选育提供参考。

## 1 早熟油菜的界定及其生长特性和选择依据

早熟油菜依据地理区域不同应该具有不同的定义。我国油菜有冬油菜和春油菜的划分。我国春油菜主要分布在青海、甘肃、新疆、西藏、内蒙古和黑龙江等气温较低、无霜期较短的地区。春油菜品种生育期较短,其主栽品种青杂 3 号的生育期大约在 115 d<sup>[4]</sup>。而普遍认为早熟类型春油菜应该定义为比主栽春油菜品种提早 3 d 或者以上,例如特早熟春油菜青杂 7 号比主栽品种青杂 3 号生育期提早了 3 d<sup>[5]</sup>。我国 90% 以上的油菜为冬油菜,主要分布于长江流域和黄淮流域。依据地理位置不同又将冬油菜区细分为长江上游区、长江中游区、长江下游区和黄淮区。冬油菜品种生育期偏长,一般在 9 月中下旬至 10 月上旬播种,次年 5 月上中旬成熟。长江上、中、下游区的主栽品种分别是蓉油 18、华油杂 12 和秦优 10 号,大致生育期分别为 207 d、210 d 和 224 d,黄淮区主栽品种秦优 7 号生育期大约为 237d。这些主栽品种的生育期可以代表对应区域油菜的最适生育期。根据国家油菜审定标准,早熟油菜品种应该比主栽品种生育期提早 3d 或者以上。但是,在江西、湖南、广西和福建,光温条件充足,油菜后茬作物以双季稻为主,直播早稻要求 4 月 10 日左右播种,抛秧早稻要求 4 月 15 日左右抛秧,插秧早稻要求 4 月 25 日左右插秧。因此,在这些三熟制区域对油菜熟期的要求更为严苛,油菜早熟品种的定义也有所不同。为保证后茬双季稻正常生长,在这些区域种植的油菜品种应该具有特早熟特性,保证 4 月 10 日左右成熟。

油菜早熟品种具有独特的生长发育特性,包括:苗期半直立或者直立,叶色偏淡,苗期缩短,苗冬前长势强,耐迟播;花芽分化早,开花早,花期持续时间长,易遇低温阴雨产生分段结实;生育期短,熟期早,可避开高温逼熟;矮秆、抗倒和少分枝,适于机械收获<sup>[3-8]</sup>。不同研究表明油菜开花期与成熟期表现极显著正相关<sup>[8-12]</sup>。官春云等<sup>[3]</sup>通过对不同品种各生育期与成熟期的相关分析证明了以终花期早晚

来进行熟期早期鉴定的科学性。

## 2 早熟油菜的遗传特性

对于油菜熟期性状的遗传研究,不同研究所得结论略有差异。有研究认为油菜成熟期受非加性基因控制<sup>[8-13]</sup>。也有报道认为油菜成熟期受加性和非加性基因共同影响,加性基因效应比非加性基因效应更为重要<sup>[14]</sup>。邹晓芬等<sup>[15]</sup>认为油菜成熟期性状虽由加性和非加性基因共同控制,但以基因的非加性效应为主。开花期作为油菜熟期选择的重要依据,其遗传模式在不同研究中得到的结论也不尽相同。Thukral 等<sup>[13]</sup>认为油菜开花期受加性基因控制。Amiri-Oghan 等<sup>[14]</sup>认为开花期由加性和非加性基因共同控制,但加性基因所起的作用更大。Zhou 等<sup>[12]</sup>认为油菜开花期和成熟期都可以稳定的遗传,但油菜熟期很大程度受到生长环境的影响。综合前期研究结果可知,油菜成熟期是包含了对应的环境条件在内的。但是,在同一地区种植的不同熟期特性的油菜品种,在各年份均表现显著的成熟期上的差别。因此,选育的早熟油菜品种在相同生态环境下其早熟性是稳定的。

## 3 油菜早熟连锁位点和相关基因

农作物基因组学的发展将极大地推进农作物重要农艺性状基因的克隆和鉴定<sup>[16]</sup>。尽管油菜基因组信息的释放促进了油菜重要农艺性状的许多关键基因的定位和克隆<sup>[17]</sup>。近年来,油菜的研究主要集中在油菜籽含油量及品质、油菜籽产量、基因组驯化、雄性不育、非生物胁迫及抗病育种等方面<sup>[18]</sup>。在同一生态环境、相同播期和栽培措施条件下,油菜熟期早晚主要由自身遗传因子决定。但是,截至目前,只有一篇关于油菜成熟期基因定位的报道,并且得到的关联位点无论从位点的效应值还是数目上来看,都明显低于其他农艺性状的定位结果<sup>[12]</sup>。究其原因,油菜为总状无限花序,开花不齐,成熟期不一致,对于油菜成熟和收获的标准,提法也不统一。开花期作为熟期的一个极显著正向关联性状,得到的连锁位点和基因明显多于成熟期性状。定位得到的关联位点几近涵盖了油菜的所有染色体(表 1),其中,控制油菜开花迟早的共性基因位点主要分布在 A2、A3、A9、A10 以及 C2、C6、C8 染色体。由此可知,油菜开花期的遗传控制非常复杂(表 1)。

表 1 甘蓝型油菜成熟相关性状 QTL 定位结果汇总  
Table 1 Summary of QTL for traits related to maturity time in *B.napus*

作图群体 Population	群体 Population	性状 Traits	QTL	染色体 Chromosomes	参考文献 Reference
Major × Stellar	DH	花期	3	A9, C2, C6	[ 19 ]
Ceres × Westar of Mamoo	IB	花期	7	A2, A3, A7, A8, A9, C2, C5	[ 20 ]
Sollux × Gaoyou	DH	花期	7	A1, A2, C1, C2, C4, C6, C9	[ 21 ]
RV289 × P1804	DH	花期	6	A2, A3, C2, C9	[ 22 ]
TO1141 × P1804	DH	花期	7	A3, A6, C2, C3, C9	[ 22 ]
Darmor-bzh × Yudal	DH	花期	8	A1, A2, A4, A6, C2, C6, C7, C9	[ 23 ]
Tapidor × Ningyou7	DH	花期	42	A1, A2, A3, A5, A10, C2, C4, C6, C7, C8, C9	[ 24 ]
Hyola401 × Q2	DH	花期	3	A5, C1, C8	[ 25 ]
2091 × 99CDAM	F <sub>2:3</sub>	花期	6	A2, A3, A6, C3, C6, C7	[ 26 ]
高油 × 低油	DH	花期	22	A1, A2, A3, A5, A6, A7, A8, C1, C3, C4, C6, C7, C8	[ 27 ]
Tapidor × Ningyou7	重构 F <sub>2</sub>	花期	34	A1, A3, A5, A6, A9, A10, C5, C6, C8, C9	[ 28 ]
10 个自交系亲本	DH	花期	4	A2, A7, A10, C6	[ 29 ]
Ag-Spectrum × Skipton	DH	花期	20	A2, A3, A4, A6, A7, C2, C3, C5, C6, C8	[ 30 ]
Hi-Q × RIL-144	DH	花期	6	C1, C2, C8, C9	[ 31 ]
158 个油菜自交系	自然群体	花期	101	A1, A2, A3, A4, A6, A7, A9, A10	[ 32 ]
448 个油菜自交系	自然群体	花期	312	A1, A2, A3, A4, A5, A6, A7, A9, A10, C1, C2, C3, C4, C5, C6, C7, C8, C9	[ 33 ]
523 个油菜自交系	自然群体	花期	41	A2, A3, A4, A5, A7, A9, A10, C1, C2, C3, C4, C5, C6, C9	[ 34 ]
300 个油菜自交系	自然群体	花期、熟期	131	A1-A9, C1-C9	[ 12 ]

虽然目前开花期性状已经获得较多的关联位点,克隆得到的基因及其机理研究也较为深入<sup>[ 35-36 ]</sup>,例如 *FLC*(*FLOWERING LOCUS C*)<sup>[ 37-40 ]</sup>、*CO*(*CONSTANS*)<sup>[ 41-45 ]</sup>、*FT*(*FLOWERING LOCUS T*)<sup>[ 46-47 ]</sup>和 *LFY*(*LEAFY*)基因<sup>[ 48-49 ]</sup>,但是截至目前,还没有直接针对油菜成熟期性状的基因报道。

4 选育早熟油菜品种的必要性

从缓解后茬作物季节矛盾方面看,油菜属于冬季作物,与其他作物形成了一系列轮作模式。例如,南方地区油菜与水稻的轮作、油菜与花生的轮作、北方地区饲料油菜与玉米的轮作。以湖南、江西、广东和广西为代表的南方地区光温资源丰富,属于典型的三熟制区域,后茬多以双季稻为主。在这样的地区发展“油 - 稻 - 稻”不仅能够确保我国水稻和油菜的供应水平,维护我国的食用油安全,还可以改善土壤的理化性状,提高土壤有机质、全氮和微生物总量。然而,三熟制种植存在茬口非常紧张的矛盾,

往往需要通过“双抢”来保证各季作物完成完整的生育期。因此,以湖南、江西、广东和广西为代表的三熟制地区,更需要选用早熟油菜品种来保证最高的油稻周年产量。除了双季稻种植区,在单季稻种植区域也出现了中稻生育期延长、晚稻面积增加等现象,尤其是在推广水稻直播栽培的形式下,早熟油菜品种的需求也日渐扩大。传统油菜品种生长周期较长,一般在 220 d 左右,每年 5 月收获。与 4 月份播种的水稻衔接较差,亟需选育 4 月份能收获的早熟油菜品种,以实现与水稻的轮作。另外,油菜与花生的错位种植,能够实现双丰收,提高经济效益。然而,花生与油菜种植在南方地区是前后关系,有生产期的交叉,花生的播种一般在 4 月,当年 9 月份收获,同年 11 月份可以种植油菜。实践中,选育早熟油菜品种,可以实现与花生的“错位”种植,提高农民种植效益。

从加快推进油菜机械化作业水平的层面看,我国油菜种植,无论是长江流域的冬油菜还是北方地



区的春油菜,都面临着机械化作业程度低的制约。油菜机械化生产要求品种具有矮秆、抗倒、抗裂角等特点。早熟品种的株高多控制在 160 cm 左右,具有矮秆、抗倒的特点,更适合机械收获。此外,油菜机械联合收获因其只进行一次收获,最佳收获时间为油菜完熟期。完熟期比正常人工收获的黄熟期要推迟 7 d 左右。为避免后茬作物季节矛盾,油菜机收同样要求早熟类型油菜品种。另外,早熟油菜通常具有迟播早发的特点,适合机械播种或者撒播等轻简化播种方式,可节省劳动力成本,提高种植效益。

## 5 早熟油菜品种的选育途径

早熟油菜的选育途径主要包含两个:(1) 品种间杂交是早熟油菜育种的主要途径。甘蓝型油菜作为栽培种植的时间虽然很短,只有 400 余年历史,但是在人工和自然选择作用下,形成了 3 个遗传基础不同的生态类型,即春性、冬性和中国半冬性甘蓝型油菜<sup>[50-52]</sup>。不同生态类型具有明显的熟期性状上的差异。通常春性油菜熟期偏短,冬性材料熟期偏长,半冬性材料熟期介于春性和冬性之间。有研究表明,不同生态型油菜间配组,后代熟期性状分离明显,其中以春性材料与半冬性材料杂交,后代最容易分离出适合中国半冬性生态条件同时熟期偏早的材料<sup>[22, 53-56]</sup>。另外,也有研究表明亲本选配时父本对后代熟期的影响比母本大<sup>[57]</sup>。因此,选配杂交亲本时应重点考虑父本的早熟性。一般选择经济性状较好的中熟和中晚熟类型的材料为母本与早熟材料进行杂交,后代更容易分离出成熟期与早熟亲本接近或比早熟亲本更早、综合性状也较为优良的材料<sup>[57]</sup>。侯国佐等<sup>[58]</sup>利用这种方法首先针对杂交油菜油研 7 号的不育亲本和恢复亲本进行早熟性状的定向选择,得到了早熟不育亲本和恢复亲本,并最终配制得到早熟杂交品种早熟型油研 7 号。(2) 远缘杂交是早熟油菜资源获得的有效途径,尤其是甘蓝型油菜与其亲本白菜型油菜之间的种间杂交。甘蓝型油菜通常具有高产、优质和晚熟的特征,而白菜型油菜与甘蓝型油菜的缺点具有互补性,具有早熟但是综合性状不如甘蓝型油菜的特点。利用甘白种间杂交可把白菜型油菜早熟性状导入甘蓝型油菜,得到较早熟后代<sup>[59]</sup>。杜德志等<sup>[60]</sup>将优质早熟甘蓝型品种与特早熟白菜型油菜品种门源小油菜进行种间杂交,创造出一批优质特早熟甘蓝型油菜种质资源,并且利用这些资源转育出 3 个优质波里马细胞质雄性不育系和 1 个恢复系。在配制的杂种中筛选出产

量比白菜型油菜主栽品种青油 241 高 30% 以上、能在海拔 2800~3000 m 的产区正常成熟的杂交组合。储林飞等<sup>[61]</sup>以高产、迟熟的甘蓝型油菜为母本,与早熟的白菜型油菜杂交,选育出了早熟丰产的甘蓝型油菜品种。

## 6 早熟油菜品种的育种现状

中国地域辽阔,不同地理区域的生态环境相差很大,因此不同地区需培育与之相适应的早熟油菜生态类型。从播种期来看,我国油菜主要有冬油菜和春油菜两种,其中春油菜一般 4 月底种植,8 月底收获,主要集中在东北和西北地区,以内蒙古海拉尔地区最为集中。冬油菜一般 9 月底种植,次年 5 月底收获,主要集中在长江流域和黄淮平原。根据生产水平、资源状况以及播种面积,将占全国种植面积 90% 以上的长江流域油菜优势区具体分为四川、重庆、云南、贵州为代表的长江上游区;湖北、湖南、江西为代表的长江中游区;以及安徽、江苏、浙江、上海为代表的长江下游地区。沿江地区土壤、气候不同,长江下游地区正常年份在 5 月底收割,中游地区比下游地区要早 10~15 d,长江上游地区要早于中游地区 10~15 d。以湖南和江西为代表的长江中游区域属于双季稻生产区,三熟制种植模式下,油菜生产季节矛盾非常突出。为保证“双抢”,油菜的最佳熟期应控制在 4 月 20 日左右。在以湖北、安徽、江苏、浙江等地区为代表的单季稻种植区域,早熟油菜品种也应该比现有中熟品种提早 10~15 d,以保证水稻种植尤其是直播水稻。

为缓解三熟制模式下油菜生产季节矛盾的问题,全国农业技术推广服务中心自 2008 年连续 9 年在国家冬油菜品种区试中针对早熟油菜品种选育划分出早熟甘蓝型油菜区试组。对 2008-2017 年参加早熟油菜区试的品系开展初步统计(数据来源于 2008-2017 年国家冬油菜新品种区域试验汇总报告),9 年期间共有 105 份油菜品系参加了油菜早熟品种区域试验,其中冬油菜生态区提交了 97 份(92.38%)品系,春油菜生态区提交了 8 份品系(7.62%)(图 1)。冬油菜区申请早熟品种审定的占比大,可以归因于冬油菜区为我国油菜的主产区,研究机构较多。再具体来看,申请早熟品种审定的 105 份品种中,上游占比最大(48.57%),其次是中游(40%),下游区和黄淮区占比最小(2.86%,0.95%)。湖北作为我国油菜生产的主要省份,占比最大(25.71%),其次是四川和云南,占比均为 17.14%(图 1)。

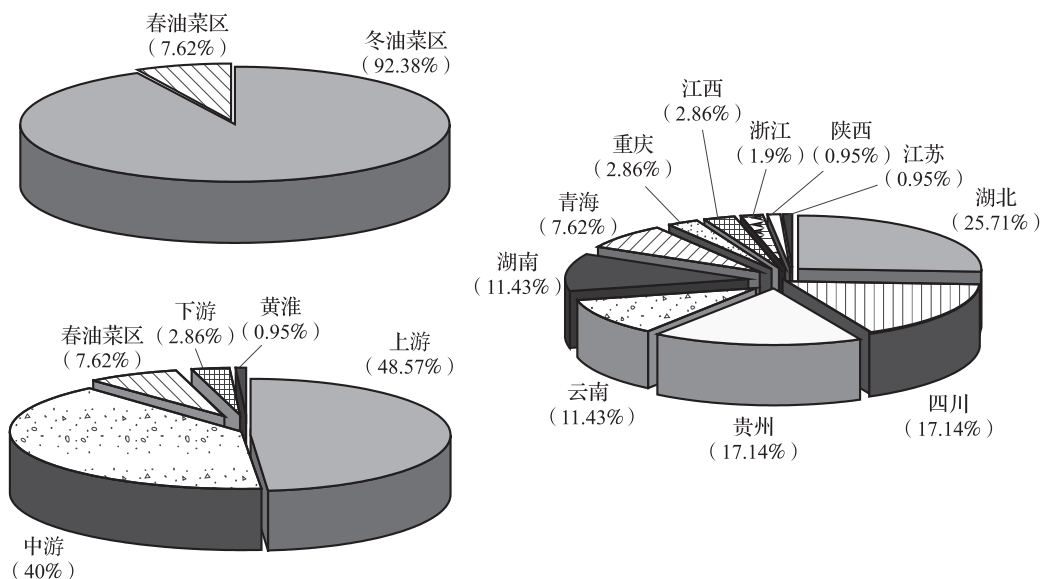
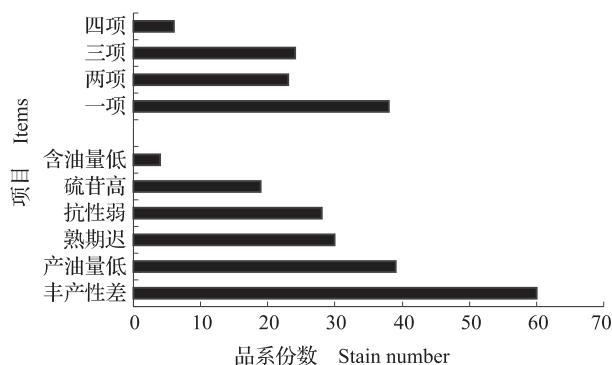


图1 申请早熟油菜品种区试的占比解析

Fig.1 The proportions of strains applied for earliness rapeseed varieties district experiments

105 份参试品系中,只有 14 个品系通过了两年区域试验。由于早熟油菜往往在丰产性、含油量、产油量、熟期、抗性等方面具有缺陷,因此针对这些方面对未通过早熟油菜区试的 101 份品系进行统计。结果发现,在丰产性、含油量、产油量、熟期、抗性、品质等 6 项指标中,未通过区试的油菜品系存在的缺陷以丰产性差为主,依次是产油量低、熟期迟、抗性弱、硫苷含量偏高和含油量低(图 2)。其中,只有 38 个品系仅存在上述指标中一项指标的缺陷,而绝大多数参试品系同时存在多项缺陷(图 2)。105 份参试品系中,通过两年早熟油菜品种区域试验的品系有 14 个,包括来自湖北的 7 个、湖南的 4 个、青海的 2 个和四川的 1 个。这 14 个油菜品系在区试中的平均产量为 134 kg/667 m<sup>2</sup>,平均生育期为 180 d,平均含油量为 40.58%,抗性水平介于中感到低抗。

由以上统计结果可知,参加早熟油菜品种区域试验的品系较多。然而,通过审定的早熟品种占比极小,表明早熟油菜品种的选育存在一定的技术瓶颈。早熟性与抗逆性和丰产性之间始终存在着较大的矛盾。早熟品种生育进程快,现蕾、抽薹、开花都较早,所以耐寒能力较弱,且开花期易遇上持续的低温阴雨天气,易感染菌核病。此外,早熟品种营养生长期显著缩短,早期生长旺盛,后期易出现早衰,加上分枝性显著减弱,造成产量低。有研究表明早熟与低产存在着连锁关系。所以要想油菜早熟,又不能以降低产量为代价,需要平衡早熟与低产、低抗的关系。



图的下半部分列出了在丰产性、产油量、熟期、抗性、硫苷和含油量共 6 项指标中存在缺陷而导致未审定的品系数目。

图的上半部分列出的“一项”代表仅有一项指标存在缺陷的品系数目;“两项”、“三项”和“四项”分别代表同时

存在两项、三项和四项指标缺陷的品系数目

The lower half of the figure showed the defects including seed yield, oil yield, maturity, resistance, glucosinolate content, and oil content for the strains not approved by the earliness rapeseed varieties district experiments. The higher half of the figure with “one item”, “two items”, “three items” and “four items” represented strains with one, two, three and four defects, respectively

图2 未通过区域试验油菜品系的主要缺陷

Fig.2 The major defects of strains not approved by the earliness rapeseed varieties district experiments

## 7 早熟油菜品种生产应用现状和前景

双季稻区是我国油菜面积潜力资源最大的区域,双季稻冬闲田油菜面积潜力达 4600 万亩,占我国油菜面积总潜力近 80%。但是,双季稻收后因缺乏迟播(10 月中下旬播种)早收(4 月中下旬收获)的油菜品种,油菜与早稻生产季节矛盾,不少农民放

弃种植油菜,导致出现大量冬闲田。选育和推广特早熟油菜品种,可以充分利用这 4600 多万亩的冬闲田。截至目前,通过两年早熟油菜品种区域试验的品系有:来自青海的青杂 10 号和青杂 12 号;来自湖北的华 12 崇 42、阳光 131、中油杂 24、圣光 127、中油 735、大地 69、华油杂 701;来自湖南的 C868、湘油 420、沔油 320、沔油 586;来自四川的 S0013。这些品种可作为适合南方双季稻区冬闲田种植的特早熟甘蓝型油菜品种。尽管以上品系通过了早熟组区域试验,但是至今仍未有品种在双季稻产区大面积推广应用。例如,江西有 3000 万亩左右的双季稻种植区域,其中仅有 200 万亩左右的冬闲田种植了油菜(其中 10% 左右为白菜型油菜,其余油菜品种以沔油 730 为主,大部分田块仍然为冬闲田,未能加以利用。究其原因,随着目前直播早稻的推广,要求油菜品种的成熟期更提前(4 月 10 日之前成熟),但是目前的早熟油菜品种中,仍然缺乏兼顾产量性状又同时满足生育期要求的优良品种。在单季稻区域,也出现了中稻生育期延长、晚稻面积增加等现象,尤其是在推广水稻直播栽培的形式下,早熟油菜品种的需求也日渐扩大。在单季稻区域,早熟油菜品种可以产生更充裕的茬口时间,便于应对突发天气状况,保证后茬作物正常种植。生产应用表明,早熟油菜品种也更受种植户喜爱,推广面积正逐渐扩大。例如,油菜品种沔油 737 不仅在产量、品质上具有明显的优势,还融合了早熟特性,该品种生育期偏早 2~3 d,更适合目前对油菜品种的需求,所以该品种得到了大面积的推广应用<sup>[62]</sup>。综合来看,无论在双季稻种植区域还是单季稻种植区域,早熟油菜品种都有着广阔的应用前景。

## 8 早熟油菜问题与展望

随着我国农村产业结构和种植模式的调整,早熟油菜在油菜产业链中的地位也更加凸显。当前油菜品种的选育正朝着早熟、高产、优质、抗病同步改良的方向发展。在油菜早熟性状研究和早熟品种选育的过程中,存在着众多工作需要我们去实施和探索。

(1) 收集并创制早熟油菜种质资源。甘蓝型油菜驯化历史短,遗传基础狭隘,导致油菜优良种质资源缺乏。而优良种质资源是品种选育的前提和基础,因此早熟油菜品种的选育首先要广泛创制和收集优异的早熟油菜种质资源。甘蓝型油菜与白菜型油菜远缘杂交是早熟油菜资源获得的有效途径,

可以为早熟油菜育种提供新的优异种质资源和基因源。

(2) 早熟性状 QTL 定位和基因挖掘。目前油菜上得到的早熟性状连锁位点少,即使得到了连锁位点,其效应值也偏低。究其原因是油菜成熟期表型鉴定困难,测量误差大。因此,在油菜成熟期表型鉴定时,制定一个易于操作并且可以最大限度降低误差的测量方法,将有利于推动油菜早熟基因的挖掘。在此基础上,通过构建优良遗传群体,收集多样性丰富的自然群体,并结合高通量测序技术,准确发掘与早熟性状紧密相关的候选区段与候选基因,将有益于早熟油菜的辅助育种和聚合育种。

(3) 早熟性与抗逆性和丰产性之间始终存在着较大的矛盾。研究已经表明早熟与低产、抗性差之间存在着连锁关系。所以要想油菜早熟,又不能以降低产量为代价,需要找出平衡熟期与产量、抗性之间关系的方法。如何平衡这种负向的连锁是油菜早熟研究亟需展开的重点方向。

(4) 适合全程机械化生产的早熟油菜新品种的培育及其配套设施的研制。目前我国油菜种植产业发展停滞不前,与没有适合全程机械化生产的油菜新品种及其相应的配套设施存在着很大的关系。早熟油菜品种通常具有矮秆的特点,符合机械收割要求,但是机械收割还需要同时具备抗倒、抗裂角等性状。因此,在早熟油菜品种选育过程中还应该同时聚合这些优良性状,以推进早熟油菜机械化进程。另外,针对选育的早熟油菜品种还应该进行配套的栽培管理措施的研制,开展相应的农机设施的配套研制,实现农机和农艺的结合,加快推进油菜全程机械化,保证油菜生产稳步发展。

## 参考文献

- [1] 王汉中,殷艳.我国油料产业形势分析与发展对策建议.中国油料作物学报,2014,36(3):414-421  
Wang H Z, Yin Y. Analysis and strategy for oil crop industry in China. Journal of the Chinese Cereals and Oils Association, 2014, 36(3): 414-421
- [2] 王必庆,王国槐.早熟油菜生理生化特性研究进展.作物研究,2011,25(3):269-271  
Wang B Q, Wang G H. Research progress of the physiological-biochemical characteristics of early maturity in rapeseed. Crop Research, 2011, 25(3): 269-271
- [3] 官春云,靳芙蓉,董国云,官梅,谭太龙.冬油菜早熟品种生长发育特性研究.中国工程科学,2012,14(11):4-12  
Guan C Y, Jin F R, Dong G Y, Guan M, Tan T L. Exploring the growth and development properties of early variety of winter rapeseed. Engineering Sciences. 2012, 14(11): 4-12
- [4] 徐亮,星晓蓉,赵志,姚艳梅.特早熟春油菜品种青杂 7 号的



- 选育. 中国种业, 2011(8): 66-67
- Xu L, Xing X R, Zhao Z, Yao Y M. The breeding of especial-early spring rapeseed variety "Qingza 7". China Seed Industry, 2011(8): 66-67
- [5] 曹钧, 夏晨东, 杨艳龙, 王晓梅, 萧琴. 甘蓝型春油菜品种青杂3号. 甘肃农业科技, 2007(11): 57-58
- Cao J, Xia C D, Yang Y L, Wang X M, Xiao Q. The spring rapeseed variety "Qingza 3". Gansu Agricultural Science and Technology, 2007(11): 57-58
- [6] 刘后利. 甘蓝型油菜早熟育种的途径. 中国农业科学, 1964, 5(2): 33-37
- Liu H L. Breeding approach of early maturing rapeseed. Scientia Agricultura Sinica, 1964, 5(2): 33-37
- [7] 程博. 早熟油菜碳氮代谢特征研究. 雅安: 四川农业大学, 2012
- Cheng B. Characteristics of carbon and nitrogen metabolism in early-maturing rapeseed. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2012
- [8] 白淑萍. 甘蓝型油菜早熟性状试管选择初探. 甘肃农业大学学报, 1994, 29(2): 193-194
- Bai S P. The in vitro selection of early-maturity rapeseed. Journal of Gansu Agricultural University, 1994, 29(2): 193-194
- [9] 刘后利. 油菜的遗传和育种. 上海: 上海科学技术出版社, 1985: 338-339
- Liu H L. The genetics and breeding of rapeseed. Shanghai: Shanghai Scientific & Technical Publishers, 1985: 338-339
- [10] Raman R, Diffey S, Carling J, Cowley R B, Kilian A, Luckett D J, Raman, H. Quantitative genetic analysis of grain yield in an Australian *Brassica napus* doubled-haploid population. Crop and Pasture Science, 2016, 67: 298-307
- [11] Miller T A. Agronomic and quality performance of three doubled haploid lines derived from a *Brassica napus*/*Brassica rapa* interspecific cross. Edmonton: University of Alberta, 2001
- [12] Zhou Q, Han D, Mason A S, Zhou C, Zheng W, Li Y, Wu C, Fu D, Huang Y. Earliness traits in rapeseed (*Brassica napus*): SNP loci and candidate genes identified by genome-wide association analysis. DNA Research, 2018, 25(3): 229-244
- [13] Thukral S K, Singh H. Genetic analysis of seed yield, flowering and maturity in rapeseed. Indian Journal of Agricultural Sciences, 1987, 57: 298-302
- [14] Amiri-Oghan H, Fotokian M H, Javidfar F, Alizadeh B. Genetic analysis of grain yield, days to flowering and maturity in oilseed rape (*Brassica napus* L.) using diallel crosses. International Journal of Plant Production, 2009, 3(2): 19-26
- [15] 邹晓芬, 邹小云, 宋来强, 张建模, 熊任香, 余瑞新. 甘蓝型油菜产量及其相关性状的配合力及遗传分析. 江西农业学报, 2007, 19(2): 1-4
- Zou X F, Zou X Y, Song L Q, Zhang J M, Xiong R X, Yu R X. Analysis on combining ability and heritability of yield and characters of *Brassica napus* L. Acta Agriculturae Jiangxi, 2007, 19(2): 1-4
- [16] 唐丁, 吕慧颖, 王珏, 葛毅强, 魏珣, 杨维才, 程祝宽. 作物基因组学研究进展. 植物遗传资源学报, 2018 19(3): 383-389
- Tang D, Lv H Y, Wang J, Ge Y Q, Wei X, Yang W C, Cheng Z K. Progresses on the major crop genomics. Journal of Plant Genetic Resources, 2018 19(3): 383-389
- [17] Chalhoub B, Denoeud F, Liu S, Parkin I A, Tang H, Wang X, Chiquet J, Belcram H, Tong C, Samans B, Corréa M, Da Silva C, Just J, Falentin C, Koh C S, Le Clainche I, Bernard M, Bento P, Noel B, Labadie K, Alberti A, Charles M, Arnaud D, Guo H, Daviaud C, Alamery S, Jabbari K, Zhao M, Edger P P, Chelaifa H, Tack D, Lassalle G, Mestiri I, Schnel N, Le Paslier M C, Fan G, Renault V, Bayer P E, Golicz A A, Manoli S, Lee T H, Thi V H, Chalabi S, Hu Q, Fan C, Tollenaere R, Lu Y, Battail C, Shen J, Sidebottom C H, Wang X, Canaguier A, Chauveau A, Bérard A, Deniot G, Guan M, Liu Z, Sun F, Lim Y P, Lyons E, Town C D, Bancroft I, Wang X, Meng J, Ma J, Pires J C, King G J, Brunel D, Delourme R, Renard M, Aury J M, Adams K L, Batley J, Snowden R J, Tost J, Edwards D, Zhou Y, Hua W, Sharpe A G, Paterson A H, Guan C, Wincker P. Early allopolyploid evolution in the post-Neolithic *Brassica napus* oilseed genome. Science, 2014, 345(6199): 950-953
- [18] 范成明, 田建华, 胡赞民, 王珏, 吕慧颖, 葛毅强, 魏珣, 邓向东, 张蕾颖, 杨维才. 油菜育种行业创新动态与发展趋势. 植物遗传资源学报, 2018, 19(3): 447-454
- Fan C M, Tian J H, Hu Z M, Wang J, Lv H Y, Ge Y Q, Wei X, Deng X D, Zhang L Y, Yang W C. Advances of oilseed rape breeding. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(3): 447-454
- [19] Ferreira M, Satagopan J, Yandell B, Williams P, Osborn T. Mapping loci controlling vernalization requirement and flowering time in *Brassica napus*. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 90(5): 727-732
- [20] Butruille D V, Guries R P, Osborn T C. Linkage analysis of molecular markers and quantitative trait loci in populations of inbred backcross lines of *Brassica napus* L. Genetics, 1999, 153(2): 949-964
- [21] Zhao J, Becker H C, Ding H D, Zhang Y F, Zhang D Q, Ecke W. QTL of three agronomically important traits and their interactions with environment in a European × Chinese rapeseed population. Acta Genetica Sinica, 2005, 32(9): 969-978
- [22] Udall J A, Quijada P A, Lambert B, Osborn T C. Quantitative trait analysis of seed yield and other complex traits in hybrid spring rapeseed (*Brassica napus* L.). 2. Identification of alleles from unadapted germplasm. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(3): 597-609
- [23] Delourme R, Falentin C, Huteau V, Clouet V, Horvais R, Gandon B, Specel S, Hanneton L, Dheu J E, Deschamps M, Margale E, Vincourt P, Renard M. Genetic control of oil content in oilseed rape (*Brassica napus* L.). Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(7): 1331-1345
- [24] Long Y, Shi J, Qiu D, Li R, Zhang C, Wang J, Hou J, Zhao J, Shi L, Beom-Seok P, Choi S R, Lim Y P, Meng J. Flowering time quantitative trait loci analysis of oilseed Brassica in multiple environments and genomewide alignment with Arabidopsis. Genetics, 2007, 177(4): 2433-2444
- [25] Cai C C, Tu J X, Fu T D, Chen B Y. The genetic basis of flowering time and photoperiod sensitivity in rapeseed *Brassica napus* L. Russian journal of genetics, 2008, 44(3): 326-333
- [26] Mei D S, Wang H Z, Hu Q, Li Y D, Xu Y S, Li Y C. QTL analysis on plant height and flowering time in *Brassica napus*. Plant Breeding, 2009, 128(5): 458-465
- [27] Chen G, Geng J, Rahman M, Liu X, Tu J, Fu T, Li G. Identification of QTL for oil content, seed yield, and

- flowering time in oilseed rape (*Brassica napus*). *Euphytica*, 2010, 175 (2): 161-174
- [28] Shi J, Li R, Zou J, Long Y, Meng J. A dynamic and complex network regulates the heterosis of yield-correlated traits in rapeseed (*Brassica napus* L.). *PLoS One*, 2011, 6 (7): e21645
- [29] Würschum T, Liu W, Maurer H P, Abel S, Reif J C. Dissecting the genetic architecture of agronomic traits in multiple segregating populations in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124 (1): 153-161
- [30] Raman H, Raman R, Eckermann P, Coombes N, Manoli S, Zou X, Edwards D, Meng J, Prangnell R, Stiller J, Batley J, Luckett D, Wratten N, Dennis E. Genetic and physical mapping of flowering time loci in canola (*Brassica napus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126 (1): 119-132
- [31] Rahman H, Bennett R A, Kebede B. Molecular mapping of QTL alleles of *Brassica oleracea* affecting days to flowering and photosensitivity in spring *Brassica napus*. *PLoS One*, 2018, 13 (1): e0189723
- [32] Schiessl S, Iniguez-Luy F, Qian W, Snowden R J. Diverse regulatory factors associate with flowering time and yield responses in winter-type *Brassica napus*. *BMC Genomics*, 2015, 16 (1): 737-757
- [33] Wang N, Chen B, Xu K, Gao G, Li F, Qiao J, Yan G, Li J, Li H, Wu X. Association mapping of flowering time QTLs and insight into their contributions to rapeseed growth habits. *Frontiers in Plant Science*, 2016, (7): 338-349
- [34] Xu J, Dai H. *Brassica napus* Cycling Dof Factor1 (BnCDF1) is involved in flowering time and freezing tolerance. *Plant Growth Regulation*, 2016, 80 (3): 315-322
- [35] Srikanth A, Schmid M. Regulation of flowering time: all roads lead to Rome. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2011, 68 (12): 2013-2037
- [36] He Y, Amasino R M. Role of chromatin modification in flowering time control. *Trends Plant Science*, 2005, 10 (1): 30-35
- [37] Searle I, He Y, Turck F, Vincent C, Fornara F, Kröber S, Amasino R A, Coupland G. The transcription factor FLC confers a flowering response to vernalization by repressing meristem competence and systemic signaling in *Arabidopsis*. *Genes & Development*, 2006, 20 (7): 898-912
- [38] Tadege M, Sheldon C C, Helliwell C A, Stoutjesdijk P, Dennis E S, Peacock W J. Control of flowering time by FLC orthologues in *Brassica napus*. *The Plant Journal*, 2001, 28 (5): 545-553
- [39] Hou J, Long Y, Raman H, Zou X, Wang J, Dai S, Xiao Q, Li C, Fan L, Liu B, Meng J. Tourist-like MITE insertion in the upstream region of the BnFLC.A10 gene is associated with vernalization requirement in rapeseed (*Brassica napus* L.). *BMC Plant Biology*, 2012, 12 (1): 238
- [40] Zou X, Suppanz I, Raman H, Hou J, Wang J, Long Y, Jung C, Meng J. Comparative analysis of FLC homologues in Brassicaceae provides insight into their role in the evolution of oilseed rape. *PLoS One*, 2012, 7 (9): e45751
- [41] Putterill J, Robson F, Lee K, Simon R, Coupland G. The CONSTANS gene of *Arabidopsis* promotes flowering and encodes a protein showing similarities to zinc finger transcription factors. *Cell*, 1995, 80 (6): 847-857
- [42] Robert L S, Robson F, Sharpe A, Lydiate D, Coupland G. Conserved structure and function of the *Arabidopsis* flowering time gene CONSTANS in *Brassica napus*. *Plant Molecular Biology*, 1998, 37 (5): 763-772
- [43] Samach A, Onouchi H, Gold S E, Ditta G S, Schwarz-Sommer Z, Yanofsky M F, Coupland G. Distinct roles of CONSTANS target genes in reproductive development of *Arabidopsis*. *Science*, 2000, 288 (5471): 1613-1616
- [44] Searle I, He Y, Turck F, Vincent C, Fornara F, Kröber S, Amasino R A, Coupland G. The transcription factor FLC confers a flowering response to vernalization by repressing meristem competence and systemic signaling in *Arabidopsis*. *Genes & Development*, 2006, 20 (7): 898-912
- [45] 郑本川, 张锦芳, 李浩杰, 柴靛, 崔成, 蒋俊, 蒲晓斌, 牛应泽, 蒋梁材. 甘蓝型油菜开花调控转录因子 CONSTANS 的表达分析. *中国农业科学*, 2013, 46 (12): 2592-2598
- Zheng B C, Zhang J F, Li H J, Cai L, Cui C, Jiang J, Pu X B, Niu Y Z, Jiang L C. Analysis of Quantitative Expression of the Flowering-Regulating Transcription Factor CONSTANS Gene in *Brassica napus* L. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46 (12): 2592-2598
- [46] Wang J, Long Y, Wu B, Liu J, Jiang C, Shi L, Zhao J, King G J, Meng J. The evolution of *Brassica napus* FLOWERING LOCUST paralogues in the context of inverted chromosomal duplication blocks. *BMC Evolutionary Biology*, 2009, 9 (1): 271-284
- [47] Wang J, Hopkins C J, Hou J, Zou X, Wang C, Long Y, Kurup S, King G J, Meng J. Promoter variation and transcript divergence in Brassicaceae lineages of FLOWERING LOCUS T. *PLoS One*, 2012, 7 (10): e47127
- [48] Baum D A, Yoon H S, Oldham R L. Molecular evolution of the transcription factor LEAFY in Brassicaceae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2005, 37 (1): 1-14
- [49] 艾育芳, 陈观水, 周以飞, 张梅, 潘大仁. 早熟油菜成花相关基因 LFY 的克隆与分析. *西北植物学报*, 2012, 32 (10): 1965-1970
- Ai Y F, Chen G S, Zhou Y F, Zhang M, Pan D R. Cloning and analysis of flowering gene LFY from early-maturing rape (*Brassica napus* L.). *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2012, 32 (10): 1965-1970
- [50] Dier B W, Osborn T C. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* germplasm based on restriction fragment length polymorphism. *Theoretical and Applied Genetics*, 1994, 88 (6-7): 662-668
- [51] Becker H C, Engqvist G M, Karlsson B. Comparison of rapeseed cultivars and resynthesized lines based on allozyme and RFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 1995, 91 (1): 62-67
- [52] Qian W, Meng J, Li M, Frauen M, Sass O, Noack J, Jung C. Introgression of genomic components from Chinese *Brassica rapa* contributes to widening genetic diversity in rapeseed (*B. napus* L.) with emphasis on the evolution of Chinese rapeseed. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113 (1): 49-54
- [53] 傅廷栋. 油菜杂种优势研究利用的现状与思考. *中国油料作物学报*, 2008, 30 (S): 1-5
- Fu T D. Current situation and thinking of the utilization of rapeseed heterosis. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2008,



- 30(S): 1-5
- [ 54 ] Qian W, Sass O, Meng J, Frauen M, Jung C. Heterotic pattern in rapeseed (*Brassica napus* L.): I. Crosses between spring and Chinese semi-winter lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115(1): 27-34
- [ 55 ] Qian W, Li Q, Noack J, Sass O, Meng J, Frauen M, Jung C. Heterotic pattern in rapeseed (*Brassica napus* L.): II. Crosses between winter and Chinese semi-winter lines. *Plant Breeding*, 2009, 128(5): 466-470
- [ 56 ] Qian L, Chen L, Mei J, Li M, Martin F, Chistian J, Qian W, Meng J. Heterotic patterns in rapeseed (*Brassica napus* L.) using exotic germplasm for Chinese semi-winter hybrid breeding. *Engineering Sciences*, 2013, 11(5): 41-44
- [ 57 ] 刘汉东. 油菜杂交后代性状的遗传, 变异与选择. *江西农业学报*, 2000, 12(1): 48-51  
Liu H D. The inheritance, variation and selection of characters in the hybrid progeny of rape. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2000, 12(1): 48-51
- [ 58 ] 侯国佐, 杜才富, 侯燕, 何惠平, 潘文生, 郑治洪, 曾章丽, 陈大伦. 双低杂交油菜油研七号选育研究 II 系列品种“早熟型油研七号”的选育. *种子*, 1999(6): 29-31  
Hou G Z, Du C F, Hou Y, He H P, Pan W S, Zheng Z H, Zeng Z L, Chen D L. The breeding of double-low rapeseed Youyan 7 II breeding of variety “early-maturing Youyan 7”. *Seed*, 1999(6): 29-31
- [ 59 ] Akbar M A. Chromosomal stability and performance of resynthesized *Brassica napus* produced for gain in earliness and short-day response. *Hereditas*, 1990, 111(3): 247-253
- [ 60 ] 杜德志, 刘青元, 李秀萍, 余青兰, 傅忠, 王瑞生, 赵洪朝, 唐国永, 安风云, 王宁惠. 特早熟甘蓝型双低油菜杂交种青杂 3 号的选育. *中国油料作物学报*, 2004, 26(1): 66-68  
Du D Z, Liu Q Y, Li X P, Yu Q L, Fu Z, Wang R X, Zhao H C, Tang G Y, An F Y, Wang N H. Breeding for a hybrid variety Qingza No.3 with very early maturity and double-low quality in *Brassica napus* L. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2004, 26(1): 66-68
- [ 61 ] 储林飞, 严秀琴, 顾介敏. 早熟油菜“汇油 905”的选育及高产研究. *上海农业科技*, 1997(4): 24-26  
Chu L F, Yan X Q, Gu J M. Breeding of early-maturing rapeseed “Huiyou 905” and its high yield research. *Shanghai Agricultural Science and Technology*, 1997(4): 24-26
- [ 62 ] 刘新红, 邓晶, 李小湘, 杨建国, 杨水芝, 王同华, 余应弘. 湖南省农作物种质资源收集保护和利用创新进展. *植物遗传资源学报*, 2017, 18(5): 913-919  
Liu X H, Deng J, Li X X, Yang J G, Yang S Z, Wang T H, Yu Y H. The progress of conservation and innovation of crop germplasm resources in Hunan province. *Journal of Plant Genetic resources*, 2017, 18(5): 913-919