

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2016.10.001

甘蓝型油菜与甘蓝杂交的亲和性分析^①

李勤菲¹, 钱伟², 贺亚军²

1. 西南大学 园艺园林学院, 重庆 400716; 2. 西南大学 农学与生物科技学院, 重庆 400716

摘要: 甘蓝型油菜是由甘蓝与白菜型油菜杂交, 染色体自然加倍而成。与甘蓝亲本相比, 甘蓝型油菜的遗传资源狭窄, 利用甘蓝资源是拓宽甘蓝型油菜遗传背景的方式之一, 但是甘蓝与甘蓝型油菜杂交存在生殖隔离。利用29份甘蓝与1份自然甘蓝型油菜杂交; 利用12份自然甘蓝型油菜, 8份人工合成甘蓝型油菜, 48份新型甘蓝型油菜和95份人工合成甘蓝型油菜同自然甘蓝型油菜杂交的DH系与1份甘蓝杂交, 期望筛选出亲和性高的甘蓝或者甘蓝型油菜。对7份甘蓝与甘蓝型油菜柱头识别反应和胚珠发育观察, 发现甘蓝花粉能够在甘蓝型油菜柱头上正常萌发、伸长和生长, 但是授粉10 d后胚珠开始败育, 直到30 d完全死亡。尽管29份甘蓝与甘蓝型油菜杂交平均结实率低(36.00%), 但是一份野生甘蓝K8934与甘蓝型油菜的结实率能达到148.60%。4种不同类型的甘蓝型油菜与甘蓝杂交均表现低的可交配性, 平均结实率差(10.90%)。说明了从变异广泛的甘蓝材料中, 可能筛选到与甘蓝型油菜杂交亲和性高的甘蓝材料。

关键词: 甘蓝型油菜; 甘蓝; 亲和性; 受精障碍

中图分类号: Q321

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2016)10-0001-07

甘蓝型油菜隶属十字花科芸薹属, 是由甘蓝与白菜型油菜杂交后, 染色体自然加倍而成^[1]。与亲本种相比, 甘蓝型油菜的遗传背景相对狭窄, 利用亲本种遗传资源是拓宽和改良现有甘蓝型油菜的一个重要途径。目前, 科学家们已大量利用白菜遗传资源来拓宽现有甘蓝型油菜背景^[2-5]。甘蓝是甘蓝型油菜的其中一个亲本, 具有丰富的遗传资源。Mei等^[6]根据遗传距离将10份野生甘蓝和7份栽培甘蓝分为两类: 一类是7份栽培甘蓝和6份野生甘蓝(*B. oleracea ssp. oleracea*; *B. bourgeaui*; *B. montana*; *B. incana*; *B. cretica*; *B. hilarionis*); 另一类是4份野生甘蓝(*B. macrocarpa*; *B. insularis*; *B. rupestris*; *B. villosa*), 这些甘蓝中有抗菌核病的优良材料, 而且导入甘蓝遗传成分的甘蓝型油菜具有拓宽甘蓝型油菜遗传基础和提高杂种优势的潜力^[7-8]。甘蓝与甘蓝型油菜的杂交亲和性障碍影响了甘蓝在该领域的广泛使用^[9-10]。目前, 尽管有少量利用甘蓝与甘蓝型油菜杂交, 转移甘蓝的蚜虫抗性、自交不亲和性等优良特性的报道, 但是甘蓝型油菜与甘蓝杂交需要结合胚挽救等组织培养技术来克服亲和性障碍^[11-18]。基于甘蓝型油菜与甘蓝杂交亲和性障碍成为甘蓝利用的瓶颈, 本研究利用不同类型的甘蓝和甘蓝型油菜杂交, 分析不同类型甘蓝与甘蓝型油菜杂交之间和不同来源甘蓝型油菜与甘蓝之间的杂交亲和性, 筛选高亲和性的甘蓝型油菜或者甘蓝, 为探讨和解决甘蓝型油菜与甘蓝杂交亲和性障碍提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验对两套材料进行亲和性的分析。一套是利用29份甘蓝与1份甘蓝型油菜杂交, 比较不同类型的

① 收稿日期: 2015-10-31

基金项目: 国家自然科学基金项目(31171585); 中央高校业务专项(XDK2016C080); 中国博士后基金项目(2015M582500); 重庆市应用开发计划项目(cstc2014yykfA80008)。

作者简介: 李勤菲(1984-), 女, 四川邛崃人, 师资博士后, 博士, 主要从事芸薹属远缘杂交的研究。

通信作者: 钱伟, 研究员, 博士。

甘蓝与甘蓝型油菜的亲和性(表1). 另一套是利用自然甘蓝型油菜(12份: 中双9号, 中双11号, D5045, P818, A84144, Belinda, 华双2号, 宁油16号, D15-11, D5011, SWU07, 1LQ227), 人工合成甘蓝型油菜(8份: MOY5, J154, MOY4, ISY2, INY7a, J104, INY2, J134), 新型甘蓝型油菜[48份, 甘蓝(SWU01)与甘蓝型油菜(中双9号)杂种F3代]和DH系[(95份, 人工合成甘蓝型油菜(R57)与自然甘蓝型油菜(Express)的DH系)]与1份甘蓝杂交, 比较不同类型的甘蓝型油菜与甘蓝杂交的亲和性(表2). 于2010年3月在西南大学油菜工程技术研究中心的试验地进行材料间杂交.

表1 甘蓝类型

编号	类型	来源	遗传群体	栽培类型	种名
1	CGN18439	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
2	Market	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
3	k04-3	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
4	k10-3	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
5	k14-5	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
6	K154-2-1	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
7	k157	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>
8	BRA1143	IPK	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
9	BRA1264	IPK	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
10	BRA167	IPK	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
11	CGN14032	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
12	CGN14034	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
13	CGN14044	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
14	CGN17275	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey
15	Market	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>gemmifera</i> DC.
16	CGN17244	CGN	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>gongylodes</i> L.
17	Market	SWU	I	Cultivar	<i>B. oleracea</i> L. var. <i>gongylodes</i> L.
18	BRA6631	IPK	I	Wild	<i>B. cretica</i> Lam.
19	632-6014-82	UPM	I	Wild	<i>B. cretica</i> Lam. ssp. <i>laconica</i>
20	636-6563-84	UPM	I	Wild	<i>B. incana</i> Ten.
21	BRA1262	IPK	I	Wild	<i>B. incana</i> Ten.
22	CGN18471	CGN	I	Wild	<i>B. incana</i> Ten.
23	649-6801-85	UPM	I	Wild	<i>B. montana</i> Pourr.
24	BRA101	IPK	I	Wild	<i>B. oleracea</i> L. ssp. <i>oleracea</i>
25	BRA2851	IPK	II	Wild	<i>B. rupestris</i> Rafin.
26	645-7347-86	UPM	II	Wild	<i>B. insularis</i> Moris
27	K8934	IPK	II	Wild	<i>B. insularis</i> Moris.
28	K10263	IPK	II	Wild	<i>B. villosa</i> Biv.
29	668-6589-84	UPM	II	Wild	<i>B. villosa</i> Biv. ssp. <i>bivoniana</i>

1.2 试验方法

以甘蓝型油菜中双9号作为测验种, 与不同甘蓝杂交; 以甘蓝*B. oleracea* L. var. *acephala*为测验种, 与不同甘蓝型油菜杂交, 进行正反交, 统计授粉花朵数, 于收获时统计结荚数和结籽数目. 取授粉后10 h的柱头, 于卡诺固定液(酒精与醋酸比例为24:1)中固定24 h以上, 再用8M的NaOH软化, 用0.1%的苯胺蓝染色, 于荧光显微镜(UV激发)下检测异源花粉在柱头上的萌发和生长情况, 具体方法

参照戴林建等^[19]; 取授粉后 10, 20, 30 d 的子房, 剥离果皮于 T-式显微镜下观察胚珠的发育.

1.3 数据分析

甘蓝型油菜与甘蓝的杂交亲和性以结实率和结角率来评价. 计算公式如下:

$$\text{结实率} / \% = (\text{结籽数} / \text{成熟角果数}) \times 100$$

$$\text{结角率} / \% = (\text{结角数} / \text{授粉花朵数}) \times 100$$

2 结果与分析

2.1 甘蓝型油菜与甘蓝杂交的识别反应及胚珠发育

将 7 份不同的甘蓝与中双 9 号杂交, 对授粉以后 10 h 的柱头进行了花粉粒萌发和花粉管伸长的观察, 结果显示, 甘蓝的花粉粒都能与中双 9 号的柱头识别, 萌发, 花粉管伸长(图 1a), 最终与胚珠结合, 完成授精过程.

本研究随机选取了 7 份甘蓝与中双 9 号的杂种, 每个杂种取 10 个角果, 分别于授粉后 10 d, 20 d 和 30 d 观察胚珠的发育. 结果发现不同类型的甘蓝在 10 d 和 20 d 的时候胚珠败育差异有统计学意义. 10 d 后平均 36.86% 的胚珠死亡(图 1b), 其中, *B. bourgenuai* 的胚珠死亡速度最快, *B. incana* Ten 次之; 但是 20 d 后, 52.57% 的胚珠死亡, 其中 *B. oleracea* group Kohlrabi 的死亡速度增加, 快于 *B. incana* Ten; 而 *B. cretica* Lam 的死亡速度最慢. 尽管不同甘蓝类型的败育速度有所差异, 但是随着时间的推移, 死亡胚珠越来越多, 直到 30 d, 完全败育(表 2). 这说明了甘蓝与甘蓝型油菜杂交是杂交后亲和性障碍, 不同的甘蓝与甘蓝型油菜杂种胚生长势不同.



(a) 甘蓝花粉与甘蓝型油菜杂交授粉 10 h 的花粉与柱头识别反应 (b) 甘蓝型油菜与甘蓝杂交 10 h 的胚胎发育(箭头所指的为败育胚珠)

图 1 甘蓝型油菜与甘蓝杂交后亲和性障碍

表 2 甘蓝型油菜与甘蓝杂种胚发育

种名	授粉天数/d		
	10	20	30
<i>B. cretica</i> Lam	0.75 ± 0.04a	0.64 ± 0.08a	0
<i>B. oleracea</i> L. var. <i>acephala</i>	0.74 ± 0.11a	0.64 ± 0.16a	0
<i>B. oleracea</i> group Chinese Kale	0.72 ± 0.09a	0.52 ± 0.14a	0
<i>B. alboglabra</i>	0.72 ± 0.09a	0.63 ± 0.11a	0
<i>B. oleracea</i> group Kohlrabi	0.59 ± 0.11ab	0.29 ± 0.21ab	0
<i>B. incana</i> Ten	0.53 ± 0.05ab	0.40 ± 0.09ab	0
<i>B. bourgenuai</i>	0.37 ± 0.06b	0.20 ± 0.12b	0

注: 小写字母不同表示差异有统计学意义, $p < 0.05$.

除此之外, 我们发现甘蓝与甘蓝型油菜杂交结实率低, 正反交结果一致, 不存在母本效应.

2.2 甘蓝的可交配性检测

29份不同类型的甘蓝中,8份野生甘蓝与甘蓝型油菜杂交未获得种子;3份栽培甘蓝与甘蓝型油菜杂交未获得种子。以野生甘蓝为父本共授粉604朵花,结荚477个,结籽170粒,结实率78.97%,结实率为36.00%;以栽培甘蓝为父本共授粉1158朵花,结荚887个,结籽258粒,结实率76.60%,结实率为29.00%。以甘蓝型油菜为母本,比较野生甘蓝和栽培甘蓝的亲和性指标,二者结实率差异无统计学意义($p=0.99$)。根据甘蓝的群体划分,结果发现群体I和群体II的甘蓝与甘蓝型油菜杂交结实率尽管差异无统计学意义($p=0.23$),但是在甘蓝型油菜与野生甘蓝杂交中,甘蓝型油菜与K8934杂交的亲和性较高(148.60%);甘蓝型油菜与栽培甘蓝杂交组合中,K154-2-1和CGN14044的结实率较高(73.50,74.50%)(表3)。这说明不管是野生甘蓝还是栽培甘蓝,与甘蓝型油菜的可交配性差,但是个别的甘蓝与甘蓝型油菜杂交能够获得少量种子。

表3 甘蓝型油菜与不同甘蓝的亲和性检测

编号	类 型	授粉花朵	结籽数目	结荚数目	结实率/%	结实率/%
1	CGN18439	31	2	29	94	6.90
2	Market	27	0	21	78	0.00
3	k04-3	39	0	39	100	0.00
4	k10-3	40	6	37	93	16.22
5	k14-5	29	1	6	21	16.67
6	K154-2-1	147	86	117	80	73.50
7	k157	101	11	78	77	14.10
8	BRA1143	93	3	74	80	4.05
9	BRA1264	54	7	29	54	24.14
10	BRA167	59	0	43	73	0.00
11	CGN14032	31	1	30	97	3.33
12	CGN14034	34	2	29	85	6.90
13	CGN14044	199	111	149	75	74.50
14	CGN17275	189	25	131	69	19.08
15	Market	25	1	20	80	5.00
16	CGN17244	24	1	20	83	5.00
17	Market	36	1	35	97	2.86
18	BRA6631	94	0	72	77	0.00
19	632-6014-82	24	6	21	88	28.57
20	636-6563-84	34	3	32	94	9.38
21	BRA1262	102	0	91	89	0.00
22	CGN18471	31	2	28	90	7.14
23	649-6801-85	27	0	26	96	0.00
24	BRA101	20	0	14	70	0.00
25	BRA2851	32	0	25	78	0.00
26	645-7347-86	38	0	16	42	0.00
27	K8934	153	159	107	70	148.60
28	K10263	19	0	19	100	0.00
29	668-6589-84	30	0	26	87	0.00

2.3 甘蓝型油菜的亲和性检测

以4种不同类型的甘蓝型油菜为母本,授予同一甘蓝的花粉,共授粉11752朵花,结荚6770个,获得

739 粒种子, 平均结荚率 57.61%, 平均结实率 10.90%. 自然甘蓝型油菜与甘蓝杂交, 结实率 17.70% (结籽 633 粒); 人工合成甘蓝型油菜共授粉 220 朵花, 结角果 106 个, 结实率 2.83% (结籽 3 粒); 新型甘蓝型油菜, 共授粉 1 031 朵花, 结角果 612 个, 结实率 0.98% (结籽 6 粒); DH 系共授粉 4 635 朵花, 结籽 97 粒, 结实率为 3.90% (表 4).

表 4 不同类型的甘蓝型油菜与甘蓝杂交亲和性

类型	授粉花朵数	结荚	结荚率/%	结籽	结实率/%
人工合成甘蓝型油菜	220	106	48.18	3	2.83
新型甘蓝型油菜	1 031	612	59.36	6	0.98
DH 群体	4 635	2 469	53.27	97	3.9
自然甘蓝型油菜	5 866	3 583	61.08	633	17.70
合计	11 752	6 770	57.61	739	10.90

结实率由多到少表现为自然甘蓝型油菜, DH 系, 人工合成甘蓝型油菜, 新型甘蓝型油菜. 不同类型的甘蓝型油菜与甘蓝的亲和性差异无统计学意义 (结荚: $p = 0.76$; 结籽: $p = 0.75$). 这一结果说明了不同类型甘蓝型油菜与甘蓝的杂交亲和性差, 甘蓝遗传成分的导入不能提高杂交亲和性.

3 讨 论

远缘杂交的亲和性障碍主要分为受精前障碍和受精后障碍. 受精前障碍的表现是: 花粉在柱头上难以黏合、萌发和生长, 大量胼胝质的产生; 受精后障碍主要是杂种胚不发育、发育不正常、中途停止发育、胚乳的不正常发育、杂种的生活力低和杂种畸形等. 本研究通过大量的甘蓝和甘蓝型油菜的相互杂交发现甘蓝的花粉粒在甘蓝型油菜柱头上正常生长发育, 但是胚珠却在后期停止生长, 最后完全败育, 这说明了甘蓝型油菜与甘蓝杂交是受精后亲和性障碍. 杂交后障碍的主要原因有: 序列差异、基因组重排、表观遗传重塑、母本和父本基因组不平衡和胚乳印记基因等^[20].

甘蓝型油菜是由甘蓝与白菜杂交后染色体自然加倍获得的异源四倍体, 其形成大约在 7500 年前^[21]. 与甘蓝相比, 尽管甘蓝型油菜的 C 基因组大小与甘蓝基因组大小相似, 但是其进化和驯化历史非常短; 甘蓝型油菜中的单倍型在甘蓝中没有发现^[22-23]; 并且甘蓝型油菜的线粒体基因组、重复序列比甘蓝少^[24] 等现象说明了现有的甘蓝型油菜在自然选择过程中可能通过非核基因组变化的方式进化而来, 或者甘蓝型油菜的甘蓝亲本在自然选择中被淘汰, 而使甘蓝型油菜与甘蓝在进化过程中产生遗传分化, 引起杂交障碍.

我们曾经猜测往甘蓝型油菜中导入现有的甘蓝 C 基因组, 降低甘蓝与甘蓝型油菜遗传差异, 或许能够减弱杂交的亲和性障碍. 但是该研究中, 新型甘蓝型油菜是由甘蓝型油菜与甘蓝杂交后, 连续自交在后代中选育的, 其导入了甘蓝的遗传成分^[8]; 人工合成甘蓝型油菜和 DH 系也具有甘蓝的遗传成分, 但是与甘蓝杂交的亲和性依然低, 仍然不能显著提高亲和性. 这说明了甘蓝型油菜与甘蓝杂交的亲和性障碍不受甘蓝遗传成分导入的影响.

另外, 异源四倍体甘蓝型油菜与甘蓝二倍体种间杂交, 亲本间的基因组不平衡可能造成“三倍体障碍”, 使调控胚发育的转座子激活或者缺失, 造成基因表达沉默或者激活^[25], 导致杂种胚的败育^[26-27]. 甘蓝中存在自交不亲和基因 (SI), 胚发育过程中 S-locus 基因的基因印记使自交不亲和基因的表达也会导致胚胎败育^[28]. 有报道称在白菜型油菜的基因组中发现有 3 个控制属间杂交的 QTLs^[29], 这让我们大胆的猜测甘蓝中可能存在抑制杂交亲和的基因, 抑制甘蓝与芸薹属其他物种的杂交. 综上所述, 甘蓝型油菜与甘蓝杂交的亲和性障碍产生的原因是复杂的.

4 结 论

甘蓝型油菜与甘蓝杂交存在亲和性障碍, 并且是杂交后障碍, 这种亲和性障碍是复杂的. 胚珠死亡时期存在差异. 不同类型的甘蓝型油菜与甘蓝杂交, 结实率低. 但是在大量的甘蓝变异类型中, 可能筛选到亲和性相对较高的材料.

参考文献:

- [1] U N. Genome Analysis in *Brassica* with Special Reference to the Experimental Formation of *B. napus* and Peculiar Mode of Fertilization [J]. Jpn J Bot, 1935(7): 389—452.
- [2] QIAN W, CHEN X, FU D, et al. Intersubgenomic Heterosis in Seed Yield Potential Observed in a New-Type of *Brassica napus* Introgressed with Partial *Brassica rapa* Genome [J]. Theor Appl Genet, 2005, 110(7): 1187—1194.
- [3] QIAN W, MENG J, LI M, et al. Introgression of Genomic Components from Chinese *Brassica rapa* Contributes to Widening the Genetic Diversity in Rapeseed (*B. napus* L.), with Emphasis on the Evolution of Chinese Rapeseed [J]. Theor Appl Genet, 2006, 113(1): 49—54.
- [4] 刘后利. 油菜遗传育种学 [M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2000.
- [5] LI Q, MEI J, ZHANG Y, et al. A Large-Scale Introgression of Genomic Components of *Brassica rapa* into *B. napus* by the Bridge of Hexaploid Derived from Hybridization Between *B. napus* and *B. oleracea* [J]. Theor Appl Genet, 2013, 126(8): 2073—2080.
- [6] MEI J, LI Q, YANG X, et al. Genomic Relationships Between Wild and Cultivated *Brassica oleracea* L. with Emphasis on the Origination of Cultivated Crops [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2010, 57: 687—692.
- [7] MEI J, QIAN L, DISI J O, et al. Identification of Resistant Sources Against *Sclerotinia sclerotiorum* in *Brassica* Species with Emphasis on *B. oleracea* [J]. Euphytica, 2011, 177(3): 393—399.
- [8] LI Q, ZHOU Q, MEI J, et al. Improvement of *Brassica napus* Via Interspecific Hybridization Between *B. napus* and *B. oleracea* [J]. Molecular Breeding, 2014, 34(4): 1955—1963.
- [9] EICKERMANN M, ULBER B, VIDAL S. Resynthesized Lines and Cultivars of *Brassica napus* L. Provide Sources of Resistance to the Cabbage Stem Weevil (*Ceutorhynchus pallidactylus* (Mrsh.)) [J]. Bull Entomol Res, 2011, 101(3): 287—294.
- [10] 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: 955—961.
- [11] AYOTTE R, HARNEY P M, SOUZA M V. The Transfer of Triazine Resistance from *Brassica napus* L. to *B. oleracea* L. II. Morphology, Fertility and Cytology of the F₁ Hybrid [J]. Euphytica, 1988, 37(2): 189—197.
- [12] AYOTTE R, HARNEY P M, SOUZA M V. The Transfer of Triazine Resistance from *Brassica napus* L. to *B. oleracea* L. III. First Backcross to Parental Species [J]. Euphytica, 1988, 38(2): 137—142.
- [13] 周清元, 李加纳, 殷家明, 等. 白菜型油菜和羽衣甘蓝种间杂交的初步研究 I. 取材时间对子房离体培养结籽率的影响 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2003, 25(6): 495—497.
- [14] QUAZI M H. Interspecific Hybrids Between *Brassica napus* L. and *B. oleracea* L. Developed by Embryo Culture [J]. Theor Appl Genet, 1988, 75(2): 309—318.
- [15] RIPLEY V L, BEVERS DORF W D. Development of Self-Incompatible *Brassica napus* (I) Introgression of S-Alleles from *Brassica oleracea* Through Interspecific Hybridization [J]. Plant Breeding, 2003, 122(1): 1—5.
- [16] 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, 2000, 22(3): 208—210.
- [17] 吴红美, 徐跃进, 万正杰. 甘蓝型油菜与甘蓝种间杂种的鉴定及特性研究 [J]. 华中农业大学学报, 2011, 30(3): 290—294.
- [18] BENNETT R A, THIAGARAJAH M R, KING J R, et al. Interspecific Cross of *Brassica oleracea* var. *Alboglabra* and *B. napus*: Effects of Growth Condition and Siliques Age on the Efficiency of Hybrid Production, and Inheritance of Erucic Acid in the Self-Pollinated Backcross Generation [J]. Euphytica, 2012, 164: 593—601.
- [19] 戴林建, 李 梅, 官春云, 等. 油菜和芸薹杂交时花粉与柱头识别反应的研究 [J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2003, 29(3): 175—178.
- [20] BUSHELL C, SPIELMAN M, SCOTT R J. The Basis of Natural and Artificial Postzygotic Hybridization Barriers in *Arabidopsis* Species [J]. The Plant Cell, 2003(15): 1—13.
- [21] CHALHOUB B, DENOEUD F, LIU S, et al. Early Allopolyploid Evolution in the Post-Neolithic *Brassica napus* Oilseed Genome [J]. Science, 2014, 345(6199): 950—953.
- [22] FLANNERY M L, MITCHELL F J G, COYNE S, et al. Plastid Genome Characterization in *Brassica* and *Brassicaceae* Using a New Set of Nine SSRs [J]. Theor Appl Genet, 2006, 113: 1221—1231.

- [23] ALLENDER C J, KING G J. Origins of the Maphiploid Species *Brassica napus* L. Investigated by Chloroplast and Nuclear Molecular Markers [J]. BMC Plant Biology, 2010(10): 54–62.
- [24] CHANG S, YANG T, DU T, et al. Mitochondrial Genome Sequencing Helps Show the Evolutionary Mechanism of Mitochondrial Genome Formation in *Brassica* [J]. BMC Genomics, 2011(12): 497–508.
- [25] 李晓荣, 李加纳. 芸薹属二倍体种、四倍体种及人工合成多倍体的基因表达差异 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2015, 37(6): 1–9.
- [26] SCHATLOWSKI N, KÖHLER C. Tearing Down Barriers: Understanding the Molecular Mechanisms of Interploidy Hybridizations [J]. Journal of Experimental Botany, 2012, 63(17): 6059–6067.
- [27] ZOU J, GONG H, YANG T J, et al. Retrotransposons—a Major Driving Force in Plant Genome Evolution and a Useful Tool for Genome Analysis [J]. J Crop Sci Biotech, 2009, 12(1): 1–8.
- [28] NASRALLAH J B, LIU P, SHERMAN-BROYLES S, et al. Epigenetic Mechanisms for Breakdown of Self-Incompatibility in Interspecific Hybrids [J]. Genetics, 2007, 175(4): 1965–1973.
- [29] TONOSAKI K, MICHIBA K, BANG S W, et al. Genetic Analysis of Hybrid Seed Formation Ability of *Brassica rapa* in Intergeneric Crossing with *Rapheanus sativus* [J]. Thero Appl Genet, 2013, 126(3): 837–846.

Crossability Between *Brassica napus* and *B. oleracea*

LI Qin-fei¹, QIAN Wei², HE Ya-jun²

1. College of Horticulture and Landscape Architecture, Southwest University, Chongqing 400716, China;
2. College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University, Chongqing 400716, China

Abstract: *Brassica napus* was originated from interspecific hybridization between *B. oleracea* and *B. rapa*, followed by chromosome doubling. Comparing with parental species *B. oleracea*, the genetic basis of *B. napus* is narrower. Introgressing genetic component of *B. oleracea* is an important strategy to broaden genetic basis of *B. napus*. However, reproductive isolation was observed between *B. napus* and *B. oleracea*. In order to test the crossability between *B. napus* and *B. oleracea*, 29 accessions from various of *B. oleracea* were crossed with one line of *B. napus* (Zhongshuang 9), while four type of *B. napus*, including 12 natural, 8 resynthesized, 48 new-typed *B. napus* with the introgression of *B. oleracea* and 95 DH lines derived from a hybrid between natural and resynthesized *B. napus* were employed to cross with one line of *B. oleracea* (SWU01). A few seeds was obtained in the crosses between Zhongshuang 9 with 29 *B. oleracea* (with an average of 36.00%) and between four types of *B. napus* with *B. oleracea* (with 10.90% on average), except for the cross between Zhongshuang 9 and a wild *B. oleracea* (K8934), 148.60% on average. It indicated that it is possible to select *B. oleracea* accession with high crossability with *B. napus*.

Key words: *B. napus*; *B. oleracea*; Compatibility; Fertilization barrier

责任编辑 周仁惠

