“十二五”我国大白菜遗传育种研究进展

张凤兰　于拴仓　余阳俊　张德双　赵岫云　苏同兵　汪维红

（北京市农林科学院蔬菜研究中心，北京 100097）

摘　要：“十二五”期间，我国大白菜遗传育种研究取得了长足进步，选育出一批优、特、异育种材料，进一步完善了双单倍体育种技术体系，高通量分子标记辅助育种技术初步应用于育种实践，实现了杂交种全程机械化制种，培育出一批满足生产和消费需求的大白菜新品种并在生产上推广应用，应用基础研究取得突破性进展。本文系统总结了过去 5 年大白菜应用基础和育种技术研究、种质创新和新品种选育等方面取得的重要进展，讨论分析了存在问题和今后发展方向。

关键词：大白菜；遗传育种；细胞育种；分子育种；新品种；综述

大白菜（*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*）是我国栽培面积最大的蔬菜作物，全国每年播种面积近 267 万 hm^2（4 000 万亩），产值在 600 亿元以上，占全国蔬菜总播种面积的 15% 左右。大白菜是城乡居民的“当家菜”，对保障全国蔬菜均衡供应、平抑菜价和农民增收作用突出。“十二五”（2011～2015 年）期间，在国家科技支撑计划、大宗蔬菜产业技术体系、“973”计划、“863”计划、国家自然科学基金及省市科研项目的支持下，我国大白菜遗传育种研究取得了长足进步。据不完全统计，5 年间获省部级科技进步一等奖 2 项、科技进步二等奖 2 项、自然科学二等奖 1 项、技术发明二等奖 1 项，获授权国家发明专利 15 项，育成获植物新品种授权品种 6 个、国家鉴定品种 7 个、省级审定品种 22 个、省级鉴定（登记、备案）品种 21 个；常规育种技术与细胞育种、分子育种技术相结合，创制了一批优、特、异育种材料；进一步完善了双单倍体育种技术体系，初步建立了高通量分子标记辅助育种技术并应用于育种实践，大大提高了大白菜育种技术水平；应用基础研究也取得了突破性进展。

张凤兰，女，研究员，专业方向：蔬菜遗传育种，E-mail：zhangfenglan@nercv.org

收稿日期：2017-01-22；接受日期：2017-02-15

基金项目：大宗蔬菜产业技术体系项目（CARS-25-A-11），“十二五”国家科技支撑计划项目（2012BAD02B01），国家“863”计划项目（2012AA100104），北京市科委科技项目（Z141105002314020）

1　主导完成了白菜基因组的测序，白菜进化和功能基因的挖掘研究得到快速发展

2011 年 8 月 28 日国际权威学术期刊《自然－遗传学》在线发表了由中国农业科学院蔬菜花卉研究所和油料作物研究所等主导、通过国际合作完成的白菜全基因组测序研究成果（Wang et al.，2011a），并构建了十字花科基因组数据库 BRAD（http://brassicadb.org）（Cheng et al.，2011），为科学家和育种家充分高效利用十字花科蔬菜基因组信息提供了有力工具。由于白菜基因与拟南芥基因存在高度的相似性，白菜基因组测序为利用丰富的拟南芥基因的功能信息架起了桥梁，也为利用模式物种信息进行栽培作物的改良奠定了良好的基础。白菜全基因组序列图谱的完成进一步促进了我国白菜类作物的遗传改良，对巩固和提高我国白菜类作物育种的国际领先地位起到了十分重要的作用。

Cheng 等（2013）首次明确了芸薹属及其近缘物种具有 7 条染色体的共同祖先基因组，阐明了芸薹属基因组进化的关键环节。在此基础上，重新构建了白菜的 3 个亚基因组，并精确定义了十字花科模式基因组的 7 个重组区块，解决了白菜、甘蓝、油菜、萝卜等重要作物多年未解的染色体进化难题。Chang 等（2011）完成了芸薹属 6 个种的线粒体测序，也为芸薹属蔬菜的进化关系研究提供了分子证据。

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

全基因组覆盖的分子标记的开发和挖掘推动了影响或控制重要性状的功能基因的研究工作。不同研究团队先后克隆分析了 IPT、CKX、phytocyanin、FLAs、AP_2/ERF、WRKY、AQPs、MADS-box、SDG 等基因家族在白菜染色体上的分布、系统进化和表达等，为进一步阐明抗病、抗逆等的分子机制奠定良好基础（Li et al.，2013；Liu et al.，2013c；Song et al.，2013；Tang et al.，2014；Duan et al.，2015）。

2 定位了一大批控制重要农艺性状的 QTL 或基因，分子标记辅助育种得到实际应用

基因组测序和重测序为规模化标记开发奠定了良好基础，SSR 和 InDel 成为大白菜分子标记研究的主流标记类型。Liu 等（2013a）基于 L144 和 Z16 的基因组重测序，在全基因组挖掘了 108 558 个插入 / 缺失序列变异，开发了覆盖全基因组的 639 个 InDel 标记，其中 387 个具有很好的多态性，可用于大白菜种质的遗传多样性研究和分子标记辅助育种。Wang 等（2011b）利用 DH 群体构建了 1 张高密度大白菜参考分子遗传图谱，该图谱包含了 415 个 InDel 标记和 92 个 SSR 标记，总长 1 234.2 cM；并以该图谱为基础，构建了大白菜基因组序列图谱。Li 等（2011）基于 Solexa 技术，利用 RILs 群体构建了 1 张包含 465 个 bins、10 960 个遗传标记的大白菜超高密度分子遗传图谱。Ge 等（2012）利用 139 个 F_3 家系，定位了与控制大白菜叶片和叶球形成相关的 7 个性状的 27 个 QTLs。Yu 等（2013）基于 RIL 群体的重测序，构建了 1 张包含 2 209 个高质量 SNP 标记的大白菜分子遗传图谱，定位了 3 个结球相关性状的 18 个 QTLs，筛选了与结球相关的 3 个候选基因，为进一步解析大白菜结球的分子机制打下良好基础。Liu 等（2013b）在不同环境条件下对 11 个产量性状进行了 QTL 定位，得到 46 个主效 QTLs 和 7 个上位性 QTLs，解释的遗传变异分别为 4.85%～25.06% 和 1.85%～13.29%，并分析了 QTL 与环境的互作效应。

黄心、橘红心和紫色等高品质大白菜种质创新和基因挖掘也成为近年来研究的热点。李跃飞（2011）、Feng 等（2012）、Zhang 等（2013）、Su 等（2015）先后对大白菜橘红心性状开展了精细定位和功能基因研究，明确了类胡萝卜素异构酶基因 *Bra031539* 的 3′ 编码区 1 个 501 bp 插入导致了基因功能丧失，造成番茄红素前体的大量积累，使得大白菜球叶呈现橘红色。张淑江（2014）将来源于红叶芥菜的紫色基因定位在大白菜 A02 染色体上，命名为 *Anm*，获得了与之紧密连锁的 InDel 标记，并进一步分析了可能的候选基因。刘瑾等（2013）将来源于普通白菜的紫色基因 *BrPur* 定位于 A03 染色体，获得了与 *pur* 基因连锁距离为 1.9 cM 的 SSR 标记 BVRCP10-6。Wang 等（2014a）采用群体分离分析法将控制大白菜叶片紫色的 *BrPur* 定位于 A03 染色体末端，位于 2 个 InDel 标记 BVRCPI613 和 BVRCPI431 之间 0.6 cM 的区间，覆盖基因组 54.87 kb。这些标记可有效用于大白菜紫色性状的分子标记辅助育种。

培育耐抽薹品种是春大白菜的主要育种目标之一。张明科等（2012）、Wu 等（2012）、Wang 等（2014b）对大白菜耐抽薹性状进行 QTL 定位研究，并探讨了 *FLC* 基因的序列变异与开花时间的关系，明确了 *FLC1* 的可变剪切与大白菜开花时间密切相关；认为位于 A07 染色体上 *BrFT2* 基因的第 2 个内含子转座子的插入导致了基因功能的丧失，引起花期延迟。

抗病基因的分子标记辅助育种也是热门研究方向，特别是对根肿病（陈慧慧 等，2012；张腾等，2012；杨征 等，2015）、病毒病（Qian et al.，2013；田希辉 等，2014）、霜霉病（李慧 等，2011；Yu et al.，2011；Zhang et al.，2012）的研究较为集中，找到了多个连锁标记，部分标记已经成功应用于大白菜辅助育种中。

3 游离小孢子培养技术体系进一步优化，并应用于种质创新和品种选育

在蔬菜中，大白菜是游离小孢子培养最先成功的作物。但由于基因型偏性、出胚率低、获得子代种子的周期长等原因严重限制了其规模化应用。“十二五”以来，大白菜游离小孢子培养技术体系得到进一步完善和优化。Zhang 等（2011）研究表明，抗生长素对氯苯氧异丁酸（PCIB）提高了大白菜游离小孢子胚状体发生率和再生频率；在 NLN-13 培养基中加入 40 μmol·L^{-1} PCIB，大白菜胚状

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

体发生频率比对照提高 3.4～6.2 倍、植株再生频率比对照提高 9.6 倍。李必元等（2012）探索了基因型、低温预处理、热激诱导和不同激素配比的培养基等对结球白菜出胚率的影响。李菲等（2014）研究表明，机械提取替代人工挤压可在短时间内同时提取多份样品，并可快速调整小孢子的培养浓度，成功诱导胚胎发生，为大白菜工程化 DH 育种技术体系的建立奠定了良好基础。

游离小孢子培养技术已成为我国大白菜育种中最重要的技术之一，河南省农业科学院园艺研究所、沈阳农业大学、北京市农林科学院蔬菜研究中心、河北农业大学等单位已成功地将这一技术应用于亲本材料的纯化、种质资源创新、遗传转化、诱变、染色体工程等研究，并通过游离小孢子培养构建双单倍体群体用于分子标记、基因定位与图位克隆等研究，在大白菜的遗传改良中发挥了重要作用。

4 搜集、评价、创新了一批大白菜优特异新种质

“十二五”期间，我国主要科研单位筛选和培育了一批优秀的抗病、抗逆大白菜育种材料。据国内 11 个大白菜育种科研和教学单位不完全统计，新引进评价了国内外性状优良的大白菜品种资源 2 519 份，筛选出抗病、综合性状优良的大白菜种质 334 份，其中抗病毒病、耐抽薹优良种质 100 份，耐热种质 41 份，抗根肿病种质 57 份；共纯化鉴定大白菜自交系 31 349 份，筛选出大白菜优良自交系 1 254 份，其中抗病毒病、耐抽薹优良种质 304 份，耐热种质 253 份，秋抗病种质 401 份，抗根肿病种质 132 份。

龚振平等（2015）对北京市农林科学院蔬菜研究中心培育的 203 个大白菜骨干自交系进行了霜霉病、病毒病、黑腐病、黄萎病和根肿病苗期抗性评价，获得抗其中 1 种病害的自交系 82 个，兼抗 2 种病害的自交系 61 个，兼抗 3 种病害的自交系 28 个，兼抗 4 种病害的自交系 4 个。李颖等（2013）对辽宁省农业科学院培育的 260 个大白菜自交系进行霜霉病抗性评价，筛选出综合表现较好的抗霜霉病自交系 17 个。汪维红等（2013）在鉴定明确为害湖北省长阳县高山十字花科蔬菜的根肿病菌为 4 号生理小种的基础上，对 46 个大白菜自交系进行苗期接种鉴定，筛选出 14 个抗根肿病自交系。上述抗病材料和自交系的获得为进一步开展大白菜抗病育种，特别是对根肿病、黄萎病等新流行病害的抗性育种奠定了基础。

5 育成一批满足生产需要和市场需求的新品种

“十二五”期间，为满足当前大白菜生产和多样化消费的需要，选育出生产上急需的春播耐抽薹类型、夏播耐热类型、秋播商品菜基地专用的抗干烧心、耐贮运类型及娃娃菜、小型白菜、苗用白菜等逾 50 个品种，其中获植物新品种授权品种 6 个，国家鉴定品种 7 个，省级审定品种 22 个，省级鉴定（登记、备案）品种 21 个。例如秋播品种京秋 4 号（张凤兰 等，2013）、青研早 9 号（杨晓云 等，2014）、青研 8 号（司朝光 等，2012）、晋白菜 7 号（赵美华 等，2016）、金早 58（赵利民 等，2012）、中白 62 号（张淑江，2009）、秋白 80（张鲁刚 等，2014）、珍绿 80（闻凤英 等，2013），娃娃菜品种京春娃 2 号（余阳俊 等，2011）、京春娃 3 号（余阳俊 等，2015b），耐抽薹品种黔白 9 号（赵大芹 等，2014a）、黔白 10 号（赵大芹 等，2014b）、京春黄 2 号（余阳俊 等，2015a），苗用大白菜品种京研快菜 2 号（余阳俊 等，2013a）、京研快菜 4 号（余阳俊 等，2013b）、30 快菜（罗智敏 等，2013b）、速生快绿（罗智敏 等，2013a）等，其中京秋 4 号于 2014、2015 年连续被农业部推荐为国家主导品种。这些品种的推广满足了大白菜周年栽培、周年供应和产品类型多样化的需求，打破了国外品种在某些茬口和地区的垄断地位。

在选育新品种的同时，各育种单位和企业也建立了稳定的良种繁育基地，保障高质量杂交种的生产。特别是根据近年来国家对土地政策的转变，土地逐步向大户流转的趋势，再加上农村主要劳动力老龄化加剧和用工成本越来越高，对杂交种生产过程提出机械化、省力化、高效化的需求，北京市农林科学院蔬菜研究中心和济源市绿茵种苗有限责任公司通过机械设备遴选和配套农艺技术开发，实现了大白菜杂交种生产从育苗、整地、覆膜、定植、打药、施肥、收获全程机械化，每 667 m^2（1 亩）用工从普通生产模式的 45 个减少到 10 个，用工成

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

本减少 80%，利润提高 50%，解决了农村劳动力短缺和老龄化影响大白菜种子生产的问题（张凤兰等，2016）。

6 发展趋势与展望

6.1 种质资源是育种工作的基础，种质创新需进一步加强

作为大白菜原产国，我们有责任继续广泛搜集、保存种质资源，深入开展种质资源的鉴定和评价，建立大白菜种质资源数据库和相关信息管理系统，以方便、快捷地为广大育种者服务。

利用现代高新技术和常规育种技术紧密结合，进行大白菜种质资源创新，是加快新品种选育，提高育种水平的基础性工作。通过近缘或远缘杂交、多亲杂交等创新种质；坚持需求导向，注重中长期育种目标，持续地开展种质的原始创新工作，创制一批优异的育种材料，为今后高竞争力大白菜新品种选育奠定坚实的材料基础。

6.2 抗病育种是永恒的育种目标，要坚持不懈

由于天气变化、环境污染和优势产区长年连作等的影响，一些新病害，如根肿病、黄萎病等悄然发展，甚至流行；一些老病害，如病毒病、霜霉病、软腐病、黑斑病、黑腐病等，会随病原菌新的株系或生理小种的产生而加重为害。因此，抗病育种中应认真研究新病害、密切关注老病害，不断提高大白菜抗病育种水平。

6.3 强化育种理论与现代育种技术研究，进一步提升育种水平

在大白菜杂种优势利用的技术途径上，要加强雄性不育系选育理论和转育技术的研究，尽快扩大雄性不育系的育种应用。在自交不亲和系利用方面，深化自交不亲和分子机制研究，探索进一步提高杂交种种子纯度和质量的相关技术。

重视大白菜主要经济性状遗传规律的研究，为提高亲本系和一代杂种选育效率提供理论依据。研究提高亲本系配合力的理论方法和技术措施，探讨杂种优势形成的机理，为提高亲本系选育水平奠定理论基础。

以分子育种技术为代表的高新育种技术，正在成为国内外植物育种的发展趋势和方向。在大白菜分子育种中，基于迅速增长的生物信息学，进一步开发新型实用分子标记，建立高通量分子标记辅助育种技术体系将是今后的工作重点。建立和完善大白菜再生和遗传转化体系，开展重要功能基因的转化或基因编辑研究，从而创新和改良大白菜种质。可以预见，随着上述研究的不断深入，在不久的将来，一个更完善、更高效的现代生物技术与常规育种技术紧密结合的育种技术体系可以建立起来，届时大白菜育种将会发生革命性的变化，进入一个崭新的发展阶段。

6.4 从产业需求出发确立育种目标，实现育成品种的多样化与专用化

就国内市场而言，首先要重视市场需求的多元化。近年来，大白菜专业化生产基地迅速发展，叶球直筒形、便于包装且耐贮运的品种需求迫切；而高纬度、高海拔地区则需要生长期较短、耐抽薹的品种。第二，为实现大白菜多季栽培、周年供应的目标，重视选育不同结球类型、不同熟性的品种。第三，从长远来看，随着人民生活水平的不断提高，生产者和消费者对大白菜品种的需求应在实现品种抗病、丰产、稳产、综合性状优良的基础上，重点选育商品品质、营养品质、风味品质俱佳的中、小型及新、稀、特品种。

从国际市场来看，为实现中国大白菜品种尽快进入国际市场，要重视国际市场对大白菜品种商品性的需求以及生态条件和栽培模式的调研，重点选育适应性强、满足国外消费需求的大白菜品种。

参考文献

陈慧慧，张腾，梁珊，陈兵，张椿雨，朴钟云．2012．大白菜抗根肿病 *ORb* 基因紧密连锁标记的开发与定位．中国农业科学，45（17）：3551–3557.

龚振平，于拴仓，苏同兵，张凤兰，余阳俊，赵岫云，张德双，汪维红．2015．大白菜骨干自交系的苗期抗病性评价．植物遗传资源学报，16（6）：1194–1205.

李必元，叶国锐，王五宏，钟新民．2012．结球白菜游离小孢子培养与植株再生．浙江农业科学，（4）：503–506.

李菲，张淑江，章时蕃，张慧，孙日飞，张振贤．2014．大白菜游离小孢子培养技术高效体系的研究．中国蔬菜，（8）：12–16.

李慧，于拴仓，张凤兰，余阳俊，赵岫云，张德双，赵湘．2011．与大白菜霜霉病抗性主效 QTL 连锁的分子标记开发．遗传，33（11）：1271–1278.

李颖，王鑫，赵杨，苗则彦．2013．大白菜抗霜霉病材料评价及筛选．辽宁农业科学，（3）：34–36.

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

李跃飞. 2011. 大白菜桔红心和黄心性状的分子标记及基因定位〔博士论文〕. 沈阳：沈阳农业大学.

刘瑾，汪维红，张德双，于拴仓，张凤兰，赵岫云，余阳俊，徐家炳，卢桂香. 2013. 控制白菜叶片紫色的 *pur* 基因初步定位. 华北农学报，28（1）：49–53.

罗智敏，张斌，闻凤英，刘晓晖，赵冰，王超楠，黄志银，李梅. 2013a. 苗用型大白菜新品种速生快绿的选育. 中国蔬菜，（10）：97–99.

罗智敏，张斌，闻凤英，刘晓晖，赵冰，王超楠，黄志银，李梅. 2013b. 速生大白菜新品种 30 快菜的选育. 中国蔬菜，（12）：97–99.

司朝光，王媛，杨晓云，张清霞，张淑霞，王殿纯，仇世佐. 2012. 中晚熟大白菜新品种青研 8 号的选育. 中国蔬菜，（10）：89–91.

田希辉，于拴仓，苏同兵，张凤兰，余阳俊，张德双，赵岫云，汪维红. 2014. 一个新的白菜苗期 TuMV–C4 抗性主效 QTL 定位及连锁分子标记开发. 华北农学报，29（6）：1–5.

汪维红，余阳俊，丁云花，张凤兰，于拴仓，张德双，赵岫云，卢桂香. 2013. 湖北省长阳县十字花科蔬菜根肿病菌生理小种鉴定及抗源筛选. 中国蔬菜，（12）：55–60.

闻凤英，张斌，刘晓晖，罗智敏，赵冰，王超楠，黄志银，李梅. 2013. 中晚熟大白菜新品种珍绿 80 的选育. 中国蔬菜，（6）：93–95.

杨晓云，张淑霞，张清霞，司朝光，王媛，戴先智，王军伟，李浙青. 2014. 早熟秋白菜新品种‘青研早 9 号’的选育. 中国瓜菜，27（2）：33–35.

杨征，杨晓云，张清霞，司朝光，张淑霞，王媛. 2015. 大白菜抗根肿病基因位点 *CRa* 和 *CRb* 的分子标记鉴定. 华北农学报，30（2）：87–92.

余阳俊，张凤兰，张德双，赵岫云，于拴仓，徐家炳，汪维红. 2011. 小株型大白菜新品种京春娃 2 号的选育. 中国蔬菜，（16）：95–97.

余阳俊，张凤兰，张德双，赵岫云，于拴仓，汪维红，徐家炳. 2013a. 苗用大白菜新品种京研快菜 2 号的选育. 中国蔬菜，（4）：98–100.

余阳俊，张凤兰，张德双，赵岫云，于栓仓，汪维红，徐家炳. 2013b. 苗用白菜新品种京研快菜 4 号的选育. 中国蔬菜，（6）：87–89.

余阳俊，张凤兰，张德双，赵岫云，于拴仓，徐家炳，汪维红，苏同兵，卢桂香. 2015a. 春大白菜新品种京春黄 2 号的选育. 中国蔬菜，（6）：58–60.

余阳俊，张凤兰，张德双，赵岫云，于拴仓，徐家炳，汪维红，苏同兵. 2015b. 小株型大白菜新品种京春娃 3 号的选育. 中国蔬菜，（7）：58–60.

张凤兰，张德双，余阳俊，徐家炳，赵岫云，于拴仓，汪维红，卢桂香. 2013. 晚熟大白菜新品种京秋 4 号的选育. 中国蔬菜，（12）：94–96.

张凤兰，侯三元，张德双，徐念宁，汪维红，余阳俊，于拴仓，赵岫云，苏同兵. 2016. 大白菜全程机械化杂交制种技术. 中国蔬菜，（10）：92–94.

张鲁刚，惠麦侠，张明科. 2014. 丰产抗病秋大白菜新品种‘秋白 80’. 园艺学报，41（3）：599–600.

张明科，钟蔚丽，姚远颋，何玉科. 2012. 大白菜抽薹和初花期的 QTL 分析. 西北农业学报，21（7）：162–167.

张淑江，李菲，章时蕃，钮心恪，孙日飞. 2009. 早熟大白菜新品种中白 62 号的选育. 中国蔬菜，（8）：69–71.

张淑江. 2014. 大白菜紫红色基因定位和候选基因分析〔博士论文〕. 北京：中国农业科学院.

张腾，赵卓，张椿雨，朴钟云. 2012. 大白菜抗根肿病基因 *CRb* 的精细定位. 天津：第十届十字花科蔬菜学术研讨会暨新品种展示会.

赵大芹，文林宏，彭剑涛，彭丽，李琼芬，裴承元，王惠科，李桂莲. 2014a. 强冬性大白菜新品种黔白 9 号的选育. 长江蔬菜，（2）：16–18.

赵大芹，文林宏，彭剑涛，李桂莲. 2014b. 耐抽薹结球白菜新品种黔白 10 号的选育. 贵州农业科学，42（9）：7–9.

赵利民，柯桂兰. 2012. 早熟耐热抗病大白菜新品种‘金早 58’. 园艺学报，39（8）：1617–1619.

赵美华，赵军良，巫东堂. 2016. 大白菜新品种晋白菜 7 号的选育. 山西农业科学，44（9）：1254–1255.

Chang S，Yang T，Du T，Huang Y，Chen J，Yan J，He J，Guan R. 2011. Mitochondrial genome sequencing helps show the evolutionary mechanism of mitochondrial genome formation in *Brassica*. BMC Genomics，12：497.

Cheng F，Liu S Y，Wu J，Fang L，Sun S L，Liu B，Li P X，Hua W，Wang X W. 2011. BRAD，the genetics and genomics database for *Brassica* plants. BMC Plant Biology，11：136.

Cheng F，Mandáková T，Wu J，Xie Q，Lysak M A，Wang X W. 2013. Deciphering the diploid ancestral genome of the mesohexaploid *Brassica rapa*. The Plant cell，25（5）：1541–1554.

Duan W，Song X，Liu T，Huang Z，Ren J，Hou X，Li Y. 2015. Genome–wide analysis of the MADS–box gene family in *Brassica rapa*（Chinese cabbage）. Molecular Genetics and Genomics，290（1）：239–255.

Feng H，Li Y，Liu Z，Liu J. 2012. Mapping of *or*，a gene conferring orange color on the inner leaf of the Chinese cabbage（*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*）. Mol Breeding，29（1）：235–244.

Ge Y，Wang T，Wang N，Wang Z，Liang C，Ramchiary N，Choi S，Lim Y P，Piao Z. 2012. Genetic mapping and localization of quantitative trait loci for chlorophyll content in Chinese cabbage（*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*）. Scientia Horticulturae，147：42–48.

Li J，Gao G，Zhang T，Wu X. 2013. The putative phytocyanin genes in Chinese cabbage（*Brassica rapa* L.）：genome–wide identification，classification and expression analysis. Molecular Genetics and Genomics，288（1）：1–20.

Li W，Zhang J F，Mou Y L，Geng J F，McVetty P B E，Hu S W，Li G Y. 2011. Integration of Solexa sequences on an ultradense genetic

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

map in *Brassica rapa* L. BMC Genomics, 12: 249.

Liu B, Wang Y, Zhai W, Deng J, Wang H, Cui Y, Cheng F, Wang X W, Wu J. 2013a. Development of InDel markers for *Brassica rapa* based on whole-genome re-sequencing. Theor Appl Genet, 126 (1): 231-239.

Liu Y, Zhang Y, Xing J, Liu Z, Feng H. 2013b. Mapping quantitative trait loci for yield-related traits in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). Euphytica, 193 (2): 221-234.

Liu Z N, Lv Y X, Zhang M, Liu Y P, Kong L J, Zou M H, Lu G, Cao J S, Yu X L. 2013c. Identification, expression, and comparative genomic analysis of the *IPT* and *CKX* gene families in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*). BMC Genomics, 14 (1): 594.

Qian W, Zhang S J, Zhang S F, Li F, Zhang H, Wu J, Wang X W, Walsh J A, Sun R F. 2013. Mapping and candidate-gene screening of the novel *Turnip mosaic virus* resistance gene *retr02* in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L.). Theor Appl Genet, 126 (1): 179-188.

Song X, Li Y, Hou X. 2013. Genome-wide analysis of the AP_2/ERF transcription factor superfamily in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*). BMC Genomics, 103 (1): 135-146.

Su T B, Yu S C, Wang J, Zhang F L, Yu Y J, Zhang D S, Zhao X Y, Wang W H. 2015. Loss of function of the carotenoid isomerase gene *BrCRTISO* confers orange color to the inner leaves of Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). Plant Molecular Biology Reporter, 33 (3): 648-659.

Tang J, Wang F, Hou X, Wang Z, Huang Z. 2014. Genome-wide fractionation and identification of WRKY transcription factors in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*) reveals collinearity and their expression patterns under abiotic and biotic stresses. Plant MolBiol Rep, 32: 781-795.

Wang X W, Wang H, Wang J, Sun R F, Wu J, Liu S, Bai Y, Mun J H, Bancroft I, Cheng F, Huang S, Li X, Hua W, Wang J, Wang X, Freeling M, Pires J C, Paterson A H, Chalhoub B, Wang B, Hayward A, Sharpe A G, Park B S, Weisshaar B, Liu B, Li B, Liu B, Tong C, Song C, Duran C, Peng C, Geng C, Koh C, Lin C, Edwards D, Mu D, Shen D, Soumpourou E, Li F, Fraser F, Conant G, Lassalle G, King G J, Bonnema G, Tang H, Wang H, Belcram H, Zhou H, Hirakawa H, Abe H, Guo H, Wang H, Jin H, Parkin I A, Batley J, Kim J S, Just J, Li J, Xu J, Deng J, Kim J A, Li J, Yu J, Meng J, Wang J, Min J, Poulain J, Wang J, Hatakeyama K, Wu K, Wang L, Fang L, Trick M, Links M G, Zhao M, Jin M, Ramchiary N, Drou N, Berkman P J, Cai Q, Huang Q, Li R, Tabata S, Cheng S, Zhang S, Zhang S, Huang S, Sato S, Sun S, Kwon S J, Choi S R, Lee T H, Fan W, Zhao X, Tan X, Xu X, Wang Y, Qiu Y, Yin Y, Li Y, Du Y, Liao Y, Lim Y, Narusaka Y, Wang Y, Wang Z, Li Z, Wang Z, Xiong Z, Zhang Z. 2011a. The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. Nature Genetics, 43: 1035-1039.

Wang Y, Sun S, Liu B, Wang H, Deng J, Liao Y C, Wang Q, Cheng F, Wang X W, Wu J. 2011b. A sequence-based genetic linkage map as a reference for *Brassica rapa* pseudochromosome assembly. BMC Genomics, 12: 239.

Wang W, Zhang D, Yu S, Liu J, Wang D, Zhang F, Yu Y, Zhao X, Lu G, Su T. 2014a. Mapping the *BrPur* gene for purple leaf color on linkage group A03 of *Brassica rapa*. Euphytica, 199: 293-302.

Wang Y G, Zhang L, Ji X H, Yan J F, Liu Y T, Lv X X, Feng H. 2014b. Mapping of quantitative trait loci for the bolting trait in *Brassica rapa* under vernalizing conditions. Genetics & Molecular Research Gmr, 13 (2): 3927-3939.

Wu J, Wei K Y, Cheng F, Li S K, Wang Q, Zhao J J, Bonnema G, Wang X W. 2012. A naturally occurring InDel variation in *BraA.FLC.b* (*BrFLC2*) associated with flowering time variation in *Brassica rapa*. BMC Plant Biology, 12: 151.

Yu S, Zhang F, Zhao X, Yu Y, Zhang D. 2011. Sequence-characterized amplified region and simple sequence repeat markers for identifying the major quantitative trait locus responsible for seedling resistance to downy mildew in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*). Plant Breeding, 130 (5): 580-583.

Yu X, Wang H, Zhong W L, Bai L J, Liu P L, He Y K. 2013. QTL mapping of leafy heads by genome resequencing in the RIL population of *Brassica rapa*. PLoS One, 8 (10): e76059.

Zhang S J, Yu S C, Zhang F L, Si L T, Yu Y J, Zhao X Y, Zhang D S, Wang W H. 2012. Inheritance of downy mildew resistance at different developmental stages in Chinese cabbage via the leaf disk test. Hort Environ Biotechnol, 3 (5): 397-403.

Zhang X, Liu Z, Wang P, Wang Q, Yang S, Feng H. 2013. Fine mapping of *BrWax1*, a gene controlling cuticular wax biosynthesis in Chinese cabbage (*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*). Molecular Breeding, 32 (4): 867-874.

Zhang Y, Wang A J, Liu Y, Wang Y S, Feng H. 2011. Effects of the antiauxin *PCIB* on microspore embryogenesis and plant regeneration in *Brassica rapa*. Scientia Horticulturae, 130: 32-37.

Research Progress on Chinese Cabbage Genetic Breeding during 'The Twelfth Five-year Plan' in China

ZHANG Feng-lan, YU Shuan-cang, YU Yang-jun, ZHANG De-shuang, ZHAO Xiu-yun, SU Tong-bing, WANG Wei-hong

(*Beijing Academy of Agriculture and Forestry Science, Beijing Vegetable Research Center, Beijing 100097, China*)

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org

设施土壤硝酸盐积累及其对作物影响的研究进展

谷端银[1]　焦　娟[1]　高俊杰[1]　王秀峰[2, 3*]

（[1]泰安市农业科学研究院，山东泰安 271000；[2]山东农业大学园艺科学与工程学院，山东泰安 271018；[3]作物生物学国家重点实验室，山东泰安 271018）

摘　要：设施栽培中，因过量施肥使得土壤硝酸盐含量过高，导致次生盐渍化，引起连作障碍，制约设施农业可持续发展。本文综述了设施土壤中硝酸盐积累现状、原因、潜在风险及危害等研究进展，阐述了硝酸盐与作物间的关系，并对相关防治措施进行了分析。

关键词：设施；土壤；硝酸盐积累；作物伤害；综述

我国是设施农业大国，2013年设施园艺栽培面积达187.4万 hm^2，比1978年（不足0.7万 hm^2）提高了266.7倍，成为世界设施园艺第一生产大国（蒋卫杰 等，2015）。其中，无土栽培面积逾1 000 hm^2，只占设施栽培面积的0.1％（蒋卫杰等,2015),因此设施土壤栽培仍是主要的栽培形式。

在设施土壤栽培条件下，作物产值比露地生产提高3～5倍（魏晓明 等，2010），农户为追求较高的经济收益，普遍依赖大肥大水提高作物产量。据调查，北京市设施菜地每季施氮量平均为556 kg·hm^{-2}（杨俊刚 等，2007），山东寿光则达589 kg·hm^{-2}，远远超出蔬菜的氮素需求（何飞飞，2006），导致设施土壤次生盐渍化及土壤酸化发生严重（童有为和陈淡飞，1991；李海云 等，2001；Shi et al.，2009；黄绍文 等，2011）。设施土壤盐分阴离子以 NO_3^- 为主，占土壤阴离子总量的67%～76%（薛继澄 等，1995），并且在土壤剖面中大量积累（杨治平 等，2007），这对土壤、作物、环境及人体健康等带来潜在风险，制约了设施农业的可持续发展。

本文针对设施土壤中硝酸盐积累现状、产生原因、潜在风险及危害等研究进展进行了分析，阐明

谷端银，女，博士，农艺师，专业方向：蔬菜育种与栽培，E-mail：guduanyin@163.com

* 通讯作者（Corresponding author）：王秀峰，教授，博士生导师，专业方向：设施蔬菜与无土栽培，E-mail：xfwang@sdau.edu.cn

收稿日期：2016-09-26；接受日期：2017-01-21

基金项目：山东省现代农业产业技术体系项目（SDAIT-05-09），国家现代农业产业技术体系项目（CARS-25）

Abstract：During‘The Twelfth Five-year Plan’period，significant progress has been achieved on genetic breeding of Chinese cabbage（*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*）in China. A number of novel breeding materials have been obtained. DH and MAS breeding technology has been further perfected. High throughput molecular marker assistant technology has been primarily applied in breeding practice. Mechanized F_1 seed production has been realized in full cultivation process. Many new Chinese cabbage varieties have been extended and applied in production. This paper systematically summarized the important progress on applied，basic and breeding technology research，germplasm innovation and new variety selective breeding in Chinese cabbage during the past 5 years. It also analyzed and discussed the existing problems and prospected the future development orientation.

Key words：Chinese cabbage（*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*）；Genetic breeding；DH breeding；MAS breeding；New variety；Review

《中国蔬菜》学术论文下载 www.cnveg.org