

# 春性甘蓝型油菜开花时间的遗传分析

罗玉秀<sup>1</sup>, 罗春燕<sup>2</sup>

(1. 青海大学 生态环境工程学院, 青海 西宁 810016; 2. 青海大学 农林科学院, 青海 西宁 810016)

**摘 要:**对春性甘蓝型油菜 459×86 组合的 5 个世代的开花时间进行了分析。结果表明:春性甘蓝型油菜的开花时间的狭义遗传率( $h^2G$ )为 0.68, 受 2 对加性基因控制, 积温对开花时间的影响较大。

**关键词:**甘蓝型油菜; 遗传分析; 开花时间; 光周期

**中图分类号:**S 565.4 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2015)19-0001-06

油菜是重要的油料作物之一。油菜从出苗到开花的时间(开花时间)以及花期的长短对产量和品质均会产生较大的影响。适时开花是保证高产稳产的重要条件。开花时间是受主效基因控制的数量性状, 受环境因素(主要是光周期和温度)的影响较大<sup>[1-3]</sup>。

不同的试验材料中控制同一性状的基因对数及显隐性关系有可能不同<sup>[4-5]</sup>, 油菜开花时间遗传规律, 对育种过程中进行杂交组合的灵活选配, 获得预定花期品种有着重要的指导意义。因此, 该试验利用甘白杂交选育出的春性特早熟甘蓝型油菜品系为试材, 对开花时间的遗传规律做进一步的研究。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试油菜品种为晚熟亲本 459、早熟亲本 86 及其  $F_1$  (459×86)、 $F_2$  和  $F_1$  花期经小孢子培养获得的 DH 群体。

### 1.2 试验方法

2007 年秋季于云南省元谋县农场种植亲本材料(459 和 86), 花期配置杂交组合 459×86(由于 459 极其晚熟, 未能获得 86×459 种子)。2008 年春将亲本及  $F_1$  (459×86) 种植在青海农林科学院试验田, 花期  $F_1$  套袋自交获得  $F_2$  种子, 采用小孢子培养的方法获得 DH 群体。2009 年春将亲本、 $F_1$ 、 $F_2$  种植于青海农业科学院试验地, 随机区组排列。2010 年将 DH 系植于青海农业科学院试验地, 花期套袋自交并人工辅助授粉, 繁殖 DH 系种子。2011 年将亲本、 $F_1$  及其 DH 群体种植于西宁(青海农业科学院试验地)、互助(互助推广站试验地)和

武汉(武汉油料所试验地)3 点, 试验设 3 行重复 3 次, 随机区组排列, 行长 2 m, 行距 0.33 m, 株距 0.15 m。管理同大田。

### 1.3 项目测定

开花时间: 每天上午调查记载各群体及 DH 系 50% 单株第 1 朵花开放的日期, 然后换算成出苗至开花的天数。

光周期敏感指数(photoperiod sensitivity index, PSI) = (短日下开花时间 - 长日下开花时间) / (长日下开花时间 - 短日下开花时间), 同一个 DH 系或亲本长日下、短日下的开花时间分别取西宁与武汉。除光周期敏感性外, 其它遗传分析均用西宁种植条件下的数据。

### 1.4 数据分析

采用 Excel 和 SPSS 11.5 进行各性状统计量及数据分析。采用 QGASStation 进行多世代联合遗传分析。

遗传分析方法上, 由于 DH 系各基因位点均为纯合, 其遗传力的计算公式如下:  $h^2_G(\%) = V_A / (V_A + V_E) \times 100$ , 式中,  $V_A$  为加性方差,  $V_E$  为环境方差, 根据方差分析结果, 及期望方差分量估算;  $(V_A + V_E)$  为总方差, 即 DH 群体的表现方差。其主要基因对数按公式  $k = (L_1 - \mu)^2 / V_A$  计算, 式中,  $k$  为控制数量性状的最小基因对数,  $L_1$  为 DH 群体中数量性状的极端值,  $\mu$  为 DH 群体数量性状的平均值,  $V_A$  为数量性状的加性方差。

## 2 结果与分析

### 2.1 开花时间

2.1.1 亲本及  $F_1$  开花时间表现 由图 1 可以看出, 早熟亲本 86 处于盛花期时, 其  $F_1$  (459×86) 正处于初花期, 而晚熟亲本仍处于苗期, 2 个亲本开花时间差异很大。如表 1 所示, 早熟亲本从出苗到开花的平均天数为 65.2 d, 晚熟亲本为 84.3 d, 双亲相差 19.1 d,  $F_1$  (459×86) 的平均开花时间为 69.6 d, 介于双亲之间, 但偏向早熟亲本 86,

**第一作者简介:**罗玉秀(1969-), 女, 青海民和人, 博士, 教授, 现主要从事作物遗传育种等研究工作。E-mail: lyxiu2@163.com.

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(31360345); 青海省科技厅资助项目(2013-Z-716); 高层次人才资助项目(2012-QGC-3)。

**收稿日期:**2015-07-08



注:左,F<sub>1</sub>;中,86;右,459。  
Note: Left, F<sub>1</sub>; middle, 86; right, 459.

图 1 亲本及 F<sub>1</sub> 开花时间比较

Fig. 1 Comparison of flowering time in different generations

表 1 亲本及各世代开花性状表现  
Table 1 Flowering time in different generations  
2011 年西宁  
Xining 2011

世代 Generation	株数 N	范围 Range	最小值 Minimum	最大值 Maximum	均值 Mean	离差 Std.	变异 Variance	偏差 Skewness	峰度 Kurtosis
亲本 1(P <sub>1</sub> )	9	2	83	85	84.3	0.71	0.50	-0.60	0.28
亲本 2(P <sub>2</sub> )	9	3	64	67	65.2	0.97	0.94	0.50	-0.01
F <sub>1</sub> 一代(F <sub>1</sub> )	9	2	69	71	69.7	0.83	0.69	0.50	-1.27
双单倍体(DH)	207	31	64	96	71.7	4.70	22.16	1.46	3.07

说明油菜的早开花对晚开花为不完全显性。

2.1.2 DH 群体开花性状分布 207 个 DH 系的开花时间的平均值在 64~96 d 之间连续分布,变幅为 31,DH 群体开花时间的平均值为 71.7 d,如图 2 次数分布图显示,开花时间呈单峰,说明开花时间受主基因控制。开花时间的平均值小于 65 d 的 DH 系有 9 个,在 66~69 d 的 65 个,70~72 d 的 71 个,73~75 d 的 14 个,大于 80 d 的 15 个。

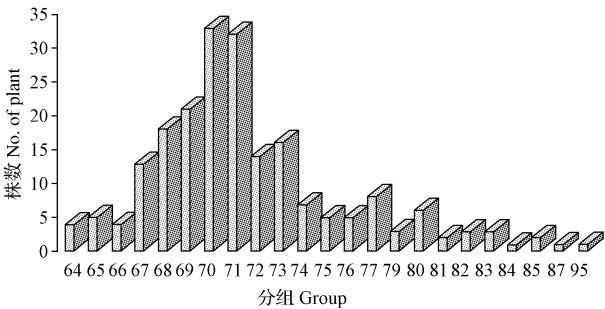


图 2 DH 群体开花时间的次数分布

Fig. 2 Frequency distribution of flowering time traits in DH population

2.1.3 开花性状遗传分析 普通遗传学分析结果显示,开花时间的狭义遗传率( $h^2_G$ )为 0.68,受 2 对加性基因控制,可以通过定向选择进行开花时间性状的选育。

2.1.4 环境对开花时间的影响 将亲本, F<sub>1</sub> 及其 DH

系种植于西宁(2010 年春季)和武汉(2009 年秋季)2 个地点,对亲本、F<sub>1</sub> 及其 DH 系出苗至开花天数 3 点的平均值进行了比较,由图 3 可知,晚熟亲本 3 点都表现晚开花,早熟亲本 3 点都表现早开花。亲本 1 出苗至开花天数的平均值西宁为 84.3 d,武汉为 157.6 d,武汉比西宁延长了 73.3 d;亲本 2 出苗至开花天数的平均值西宁为 65.0 d,武汉为 42.0 d,武汉比西宁缩短了 25.3 d, F<sub>1</sub> 3 点的出苗至开花天数变异不大(69.6、72.6、66.3 d),武汉比西宁缩短了 3.3 d(表 2)。将 207 个 DH 系在西宁、互助和武汉 3 点的苗至开花天数进行了比较,如图 4 所示,西宁和互助开花时间变异幅度小,武汉变异幅度大;西宁最早开花 DH 系出苗至开花只需 64 d,比早熟亲本 86 早 1 d,最晚的株系从出苗至开花的天数为 96 d,比晚熟亲本晚 11.7 d;互助最早开花 DH 系出苗至开花的天数比 86 早 1 d,最晚开花的 DH 系比晚熟亲本晚 14.7 d,武汉最早开花株系从出苗到开花的天数只有 45.3 d,比西宁和互助都短,但比早熟亲本晚 3 d,而最晚开花的 DH 系比晚熟亲本晚 13.4 d。DH 系开花期西宁和互助为春季长日照条件,武汉为秋季短日照条件,短日照使甘蓝型油菜开花时间延长,各 DH 系开花时间延长幅度差异大。西宁与互助相比,互助 DH 系平均开花时间高于西宁,说明海拔高度对开花时间也有影响,但其影响不及光周期显著。

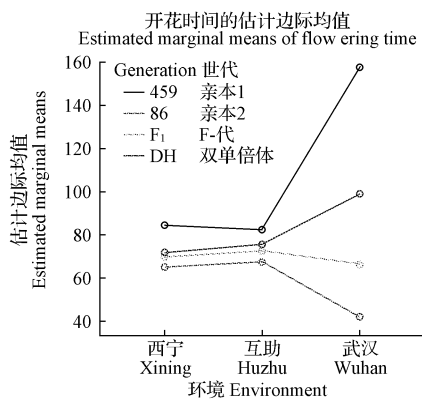


图3 亲本及各世代出苗至开花天数均值  
Fig. 3 Estimated marginal means of flowering time in different loci

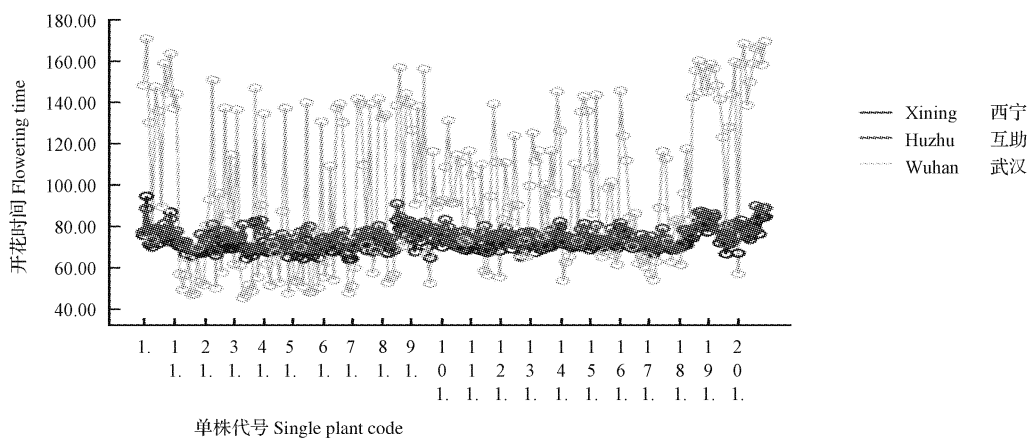


图4 3点DH群体各系开花时间变异比较  
Fig. 4 Comparison of flowering time in DH lines at different loci

2.2 光周期敏感指数

2.2.1 亲本及F<sub>1</sub>光周期敏感指数表现 开花时间随光周期变化而变化的现象称为光敏感性,表3结果表明,亲本及F<sub>1</sub>代对光周期的敏感性不同,亲本1对光周期敏感,在短日照下出苗至开花天数延长。亲本2对光周期不敏感,但对积温有要求,在相同光周期下,随着温度的提高,出苗至开花天数减少。以西宁春季为长日照,武汉秋季为短日照计算光敏感指数,结果显示亲本1的光敏感指数为0.89,亲本2的光敏感指数为-0.35,F<sub>1</sub>

光敏感指数为-0.05,杂种一代的光敏感指数介于双亲之间,偏向亲本2,说明光周期不敏感对光周期敏感为不完全显性。

2.2.2 DH系光周期敏感指数分布 由图5可以看出,207个DH系的光敏感指数在0.036~1.190呈连续分布,变幅为1.23,平均光敏感指数为0.35,次数分布图显

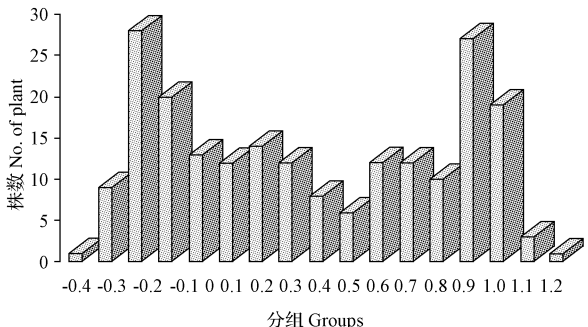


图5 光敏感指数次数分布  
Fig. 5 Frequency distribution of photoperiod sensitive index traits in DH population

表3 亲本及各世代光周期敏感性表现  
Table 3 PS in different generations Xining 2011

世代	株数	范围	最小值	最大值	均值	标准差	变异	偏差	峰度
Generation	N	Range	Minimum	Maximum	Mean	Std.	Variance	Skewness	Kurtosis
亲本1(P <sub>1</sub> )	3	0.07	0.850	0.93	0.89	0.12	0.43	-0.320	-0.55
亲本2(P <sub>2</sub> )	3	0.08	-0.410	-0.32	-0.35	0.23	4.50	0.000	-0.28
F一代(F <sub>1</sub> )	3	0.02	-0.060	-0.04	-0.05	0.69	0.25	-0.340	-0.13
双单倍体(DH)	207	1.23	-0.036	1.19	0.35	0.20	0.18	0.098	-1.48



示,光敏感指数呈双峰,说明控制光敏感性的基因具有主效性。

2.2.3 光周期敏感指数遗传 由表4可以看出,207个DH系中,有149个光敏感指数大于等于0,58个DH系

的光敏感指数小于0,卡方检验结果显示 $\chi^2 < \chi_{0.05,1}^2$ ,符合3:1的分离比,因此认为,甘蓝型油菜光敏感性受2对主基因控制。

表4

光敏感性的卡方检验

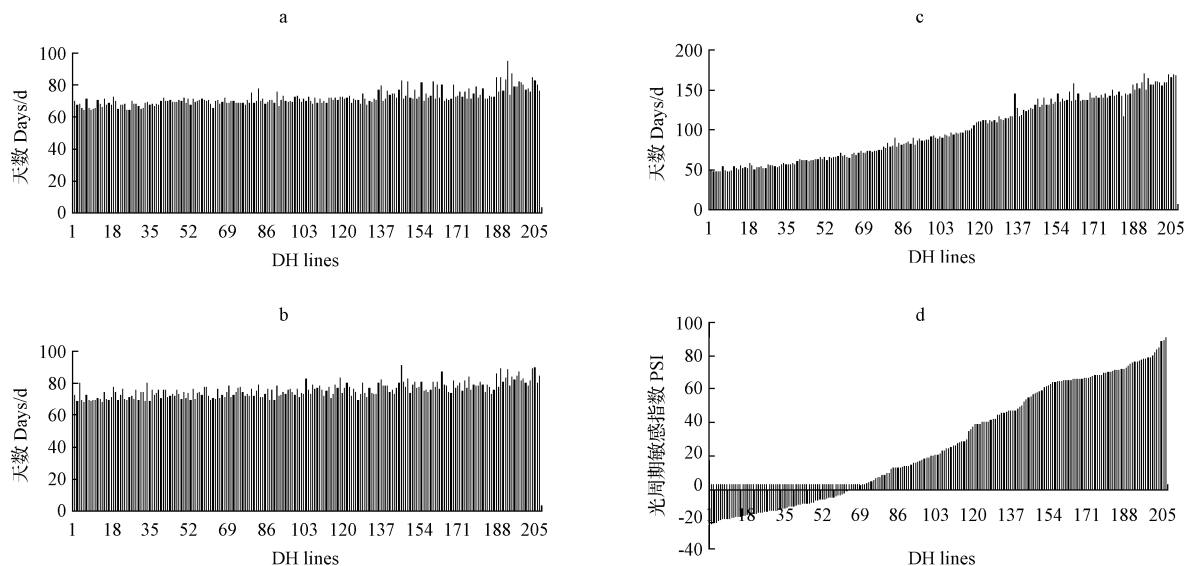
Table 4

The results of  $\chi^2$  for photoperiod sensitive index

光敏感指数	光敏感性	实际 DH 系	理论 DH 系	实际值-理论值	实际值-理论值	卡方
PSI	Photosensitive	(O)	(E)	O-E	-1/2   O-E   -1/2	$\chi^2$
$\geq 0$	延长	149	155.25	-6.25	5.75	0.213
$< 0$	缩短	58	51.75	6.25	5.75	0.638
总数 Total	总数	207	207.00	0		0.851

2.2.4 光敏感指数与开花时间的关系 3个地点DH系按光敏感指数由小到大排列后的柱状图显示,不同光周期敏感性的DH系,在长日照下的开花时间变化不大,而在

短日照下随光周期敏感性的增高,开花时间延长;光敏感指数小于0的DH系的开花时间受积温影响大,而光敏感指数大于0的DH系的开花时间受光周期影响较大(图6)。



注:a. 西宁, b. 互助, c. 武汉, d. 光周期敏感指数。

Note: a. Xining, b. Huzhu, c. Wuhan, d. PSI.

图6 DH系开花时间与光敏感性的关系

Fig. 6 The relationship between flowering timing with photoperiod sensitive

### 3 讨论

对于植物开花时间的遗传控制研究,国内外许多学者在不同的植物中做了大量的研究,水稻、拟南芥、大豆、小麦和玉米等作物的研究结果均表明,开花时间是数量性状,其遗传基础复杂,存在主基因效应,受环境因子的影响比较大<sup>[6-8]</sup>。

油菜开花时间亦属数量性状,受光周期途径、自主途径、赤霉素途径和春化途径的共同调控<sup>[9-13]</sup>。虽然模式植物拟南芥的控制出苗至开花过程中一些关键基因及其调节基因已被鉴定克隆<sup>[14-18]</sup>。但由于甘蓝型油菜属异源多倍体,基因组庞大,遗传学研究滞后<sup>[19-20]</sup>。甘蓝型油菜开花时间的普通遗传学研究较多,多数研究认为,甘蓝型油菜开花时间是复杂的数量性状,由多个基因控制,存在主基因效应。在油菜中多个基因控制开花

时间,其中存在主效基因<sup>[21]</sup>。就控制开花时间主基因对数研究结果各异,有研究者认为受4个主基因控制,还有研究者认为受3个主基因控制,也有研究者认为受2对以上主基因控制。甘蓝型油菜控制开花时间的基因对株高有一因多效<sup>[22]</sup>。开花时间受2对以上主基因控制,并受对基因的修饰作用<sup>[2]</sup>。该研究结果表明,甘蓝型油菜开花时间受2对主效基因控制,2对主效基因的效应值方向相反,基因遗传力的分析结果表明,狭义遗传率为0.68,说明甘蓝型油菜开花时间的遗传力强。晚开花对早开花呈不无完全显性<sup>[23]</sup>。而该研究用对光温均不敏感的春型甘蓝型油菜86与晚熟亲本配置的F<sub>1</sub>(459×86)在3个环境下开花时间均小于双亲平均值,表明早开花对晚开花呈不完全显性。可能该试验所用材料中控制开花时间的基因不同。

开花时间的遗传模式因种植区域而不同<sup>[2]</sup>,该性状受3对加性-上位性主基因+多基因控制,在武汉该性状受2对加性-上位性主基因+多基因控制,而在肇庆该性状受2对累加作用主基因+多基因控制<sup>[2,24-27]</sup>。该研究认为,开花时间受2对主基因-多基因控制,基因存在环境互作。

光周期是指昼夜周期中光照期和暗期长短的交替变化,是植物从营养生长向生殖生长转变的重要影响因素。植物能够将光周期信号和生物钟信号整合,从而实现对开花的控制。甘蓝型油菜属于长日照植物,在长日照条件下(16 h光照、8 h暗期)要比短日照条件下(8 h光照、16 h暗期)提早开花。该研究对亲本、F<sub>1</sub>及其DH群体在长日照和短日照下开花时间的调查结果发现,早花亲本和F<sub>1</sub>在短日照下开花时间比长日照条件缩短,晚花亲本和DH系在长日照下开花时间延长,说明亲本1对光周期敏感,亲本2对光周期不敏感,短日照对来自亲本1的晚花基因表达都有促进作用,使得短日照条件下,晚熟材料表现更晚熟,早熟材料表现更早熟;晚花亲本和DH系在长日照下出苗至开花时间缩短,说明长日照对晚花基因有抑制作用;长日照和短日条件下DH群体各DH系开花时间差异均达到极显著。

西宁和互助光照时数相近,而海拔高度相差很多,两地开花时间的差异可能归因于海拔高度引起的温度差别,但其影响没有光照周期显著。

光周期敏感指数低的DH系在短日照下的开花时间缩短,说明积温对植物开花时间有影响。积温对植物开花时间的影响机理方面的研究有待进一步研究。

### 参考文献

- [1] 余凤群,刘后利.供体材料和培养基成份对甘蓝型油菜小孢子胚状体产量的影响[J].华中农业大学学报,1995,14(4):327-331.
- [2] 蔡长春.甘蓝型油菜开花时间和光周期敏感性的遗传分析和QTL定位[D].武汉:华中农业大学,2006.
- [3] 黄吉祥,汪义龙,倪西源,等.甘蓝型油菜DH群体10个主要农艺性状的遗传分析[J].浙江农业学报,2009,21(5):417-423.
- [4] 王汉中.中国油菜品种改良中的长中期发展战略[J].中国油料作物学报,2004,26(2):98-101.
- [5] 易斌,陈伟,马朝芝,等.甘蓝型油菜产量及相关性状的QTL分析[J].作物学报,2006,32(5):676-682.
- [6] APUYA N R, FRAZIER B L, KEIM P, et al. Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in soybean, *Glycine max* (L.) Merrill[J]. Theor Appl Genet, 1988, 75: 889-901.
- [7] TAKAHASHI Y, SHOMURA A, SASAKI T, et al. Hd3a, a rice quantitative trait locus involved in photoperiod sensitivity, encodes the a subunit of protein kinase CK2[J]. Natl Acad Sci USA, 2001, 98: 7922-7927.
- [8] TAKANO M, INAGAKI N, XIE X, et al. Hd3a protein is a mobile flowering signal in rice[J]. Science, 2007, 316(5827): 1033-1036.
- [9] KOLE C, THORMANN C E, KARLSSON B H, et al. Comparative mapping of loci controlling winter survival and related traits in oilseed *Brassica rapa* and *B. napus*[J]. Molecular Breeding, 2002(9): 201-210.
- [11] PÉRILLEUX C, BERNIER G. The control of flowering: do genetical and physiological approaches converge[J]. Annu Pant REV, 2002, 6(1): 1-32.
- [12] LEVY Y Y, MESNAGE S, MYLNE J S, et al. Multiple roles of *Arabidopsis* VRN1 in vernalization and flowering time control[J]. Science, 2002, 297: 243-246.
- [13] LIN M K, BELANGER H, LEE Y J, et al. Flowering Locus T protein may act as the long-distance florigenic signal in the Cucurbits[J]. Plant Cell, 2007, 19(5): 1488-1506.
- [14] HE Y, MICHAELS S D, AMASINO R M. Regulation of flowering time by histone acetylation in *Arabidopsis*[J]. Science, 2003, 302(5651): 1751-1754.
- [15] VALVERDE F, MOURADOV A, SOPPE W, et al. Photoreceptor regulation of CONSTANS protein in photoperiodic flowering[J]. Science, 2004, 303(5660): 1003-1006.
- [16] HANZAWA Y, MONEY T, BRADLEY D. A single amino acid converts a repressor to an activator of flowering[J]. Natl Acad Sci USA, 2005, 102(21): 7748-7753.
- [17] VARSHNEY R, KORZUN V, BÖRNER A. Molecular Maps in Cereals: Methodology and Progress[J]. Cereal Genomics, 2005: 35-82.
- [18] SEARLE I, HE Y, TURCK F, et al. The transcription factor FLC confers a flowering response to vernalization by repressing meristem competence and systemic signaling in *Arabidopsis*[J]. Gens Dev, 2006, 20(7): 898-912.
- [19] 曾群, 赵仲华, 赵淑清. 植物开花时间调控的信号途径[J]. 遗传, 2006, 28(8): 1031-1036.
- [20] 李梅. 结球甘蓝抽薹开花性状的遗传、QTL定位及生理研究[D]. 武汉: 中国农业科学院, 2009.
- [21] FERREIRA M E, RIMMER S R, WILLIAMS P H, et al. Mapping loci controlling *Brassica napus* resistance to *Leptosphaeria maculans* under different screening conditions[J]. Phytopath, 1995, 90: 213-217.
- [22] 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. [J]. Genetics, 1999, 153: 949-964.
- [23] 梅德圣. 甘蓝型油菜株高和开花时间的QTL定位及黄籽性状的分子标记[D]. 北京: 中国农业科学院, 2004.
- [24] CORBESIER L, COUPLAND G. The quest for florigen: a review of recent progress[J]. J Exp Bot, 2006, 57(13): 3395-3403.
- [25] LIFSCHITZ E, EVIATAR T, ROZMAN A, et al. The tomato FT ortholog triggers systemic signals that regulate growth and flowering and substitute for diverse environmental stimuli[J]. Natl Acad Sci USA, 2006, 103(16): 6398-6403.
- [26] TAMAKI S, MATSUO S, WONG H L, et al. Hd3a protein is mobile flowering signal in rice[J]. Science, 2007, 316: 1033-1036.
- [27] WERNER J D, BOREVITZ J O, WARTHMAN N, et al. Quantitative trait locus mapping and DNA array hybridization identify an FLM deletion as a cause for natural flowering time variation[J]. Proceedings of The National Academy of Sciences of The United States of America, 2005, 102: 2460-2465.

## Genetic Analysis of Flowering Time in Spring Rapeseed (*B. napus* L.)

LUO Yuxiu<sup>1</sup>, LUO Chunyan<sup>2</sup>

(1. College of Eco-Environmental Engineering, Qinghai University, Xining, Qinghai 810016; 2. Qinghai Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining, Qinghai 810016)

DOI:10.11937/bfyy.201519002

# 高温胁迫对不同品种羽衣甘蓝幼苗叶的生理特性及 SOD、POD 同工酶的影响

李大红<sup>1</sup>, 赵丽<sup>2</sup>, 李贞<sup>3</sup>, 孙小茹<sup>3</sup>

(1. 黄淮学院 生物工程系, 河南 驻马店 463000; 2. 黄淮学院 园林绿化中心, 河南 驻马店 463000;

3. 驻马店市园林管理局, 河南 驻马店 463000)

**摘 要:**以 4 个不同品种的羽衣甘蓝(*Brassica oleracea* var. *acephala*)幼苗为试材,研究了在高温胁迫 8 d(39±0.5)℃/(28±0.5)℃(昼/夜)后,羽衣甘蓝幼苗叶片一些抗逆境的生理生化指标及 SOD、POD 同工酶变化,以探讨不同羽衣甘蓝植物对高温的适应性。结果表明:随胁迫时间的延长,不同品种的羽衣甘蓝的叶绿素含量显著下降,而幼苗叶 MDA、脯氨酸含量与质膜透性含量增加;在处理 2 d, SOD、POD 含量有较大幅度的升高,但第 4 天后开始出现下降,不同品种之间有显著差异;试验表明“名古屋”、“京冠红 2 号”比“红鸥”和“叶牡丹”有较强的耐热性;SOD、POD 同工酶研究表明,“名古屋”和“叶牡丹”的 SOD 同工酶谱带具有相似性,而与“红鸥”与“京冠红 2 号”不同;“名古屋”和“京冠红 2 号”的 POD 同工酶谱带相似,而“叶牡丹”与“红鸥”的 POD 谱带相似,但“名古屋”和“京冠红 2 号”与“叶牡丹”和“红鸥”的 POD 谱带差异较大。

**关键词:**羽衣甘蓝;高温胁迫;生理特征;同工酶

**中图分类号:**S 635.904<sup>+</sup>.4 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2015)19-0006-05

近年来,由于温室效应的加剧,全球平均气温的不断升高,高温已逐渐成为植物生产中主要胁迫因子之一。高温逆境可以引发一系列复杂的生理生化反应,其中叶绿素含量、超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)、丙二醛(MDA)以及细胞膜的透性是热胁迫响应的重要方面。这种变化不仅影响植物生理生化过程,还影响细胞膜的热稳定性(膜透性),最终影响植物的生长发育。植物对高温胁迫的响应差异显著依赖于植物的生理特性<sup>[1]</sup>,高温经常扰乱植物生长,对不同的植物的影响也不同,有研究报道<sup>[2]</sup>,通过比较叶片电导率,蜜柑可能比脐橙具有耐热性。因此对植物的生理特性研究,可以推测植物对高温的耐性。

羽衣甘蓝(*Brassica oleracea* var. *acephala*)为十字花科芸苔属的 1 个变种,是一种原产于地中海和小亚细亚地区一二年生草本植物。栽培历史悠久,现在欧洲和美洲的国家多有种植。羽衣甘蓝有多种不同的品种,其叶形态多样,丰富多彩,叶色丰富,全株形如牡丹,也有食用羽衣甘蓝<sup>[3]</sup>。

羽衣甘蓝喜欢温冷天气,耐寒性很强,经低温锻炼幼苗有较强的抗低温能力,最低可达-12℃。最适生长温度为 20~25℃,种子发芽的适宜温度为 18~25℃。当温度超过 35℃时,植物生长和发育将受严重阻碍<sup>[4]</sup>。可见,羽衣甘蓝的生长发育对高温敏感。

羽衣甘蓝一般于 8 月底播种,而此时河南地区仍经常持续高温,所以热损伤是甘蓝生产中面临的一个重要问题。探讨高温胁迫下甘蓝叶的生理变化研究,对选择有抗耐高温羽衣甘蓝品种适合当地种植有重要意义。该研究通过模拟当地高温天气的温差变化,选择不同地区的品种,研究羽衣甘蓝在高温胁迫下其植株体内生理

**第一作者简介:**李大红(1968-),男,博士,副教授,现主要从事园林植物等研究工作。E-mail:moderatenlx@163.com

**基金项目:**河南省科技发展规划资助项目(112300410042)。

**收稿日期:**2015-06-26

**Abstract:** Flowering time of five generations of the combination from 459 and 86 were analyzed. The results showed that the  $h^2G$  of flowering time in spring rapeseed was 0.68. Flowering time in spring rapeseed was controlled by two pairs of additive gene. The accumulated temperature in test point also affected the day to flowering.

**Keywords:** *B. napus*; genetic analysis; flowering time; photoperiod