

洋葱种质资源与遗传育种研究进展

陈沁滨 王建军 薛萍 牛海建 李英 尹德兴

摘要 综述了洋葱的种质资源、性状和品质遗传、组织培养、CMS利用、分子标记辅助育种和遗传转化等方面的研究进展,并对进一步开展洋葱育种工作提出建议。

关键词 洋葱 组织培养 细胞质雄性不育(CMS) 分子标记

洋葱(*Allium cepa* L.)属百合科葱属二年生植物,是世界上主要蔬菜种类之一,也是我国主要的栽培和出口品种。洋葱富含的多种硫化物和糖类是其独特风味的主要成分,具有降低和预防血栓形成、降血脂、降血压、抗动脉硬化、预防心肌梗塞的

作用,可广泛应用于食品、医药和保健领域,随着研究的进一步深入,洋葱已成为越来越重要的植物资源^[1]。本文主要综述了洋葱的种质资源和遗传育种研究进展,并对洋葱育种工作的进一步开展提出建议,以期我国的洋葱育种发展提供参考。

陈沁滨,男,博士,副研究员,南京市蔬菜科学研究所,210042,E-mail: chen-qiao@vip.sina.com

王建军,南京农业大学园艺学院

薛萍,江苏省连云港市农业科学院

牛海建,李英,尹德兴,南京市蔬菜科学研究所

收稿日期:2007-07-17;修回日期:2007-10-23

基金项目:江苏省连云港市科技攻关项目(NY0403)

1 洋葱种质资源

1.1 起源与分类

阿富汗及其邻国是洋葱的起源中心,全世界葱属植物大约有700种,我国大约有110种(包括变种和引进种),其中69种在与阿富汗接壤的新疆地区^[2]。按《中国植物志》的分类,我国葱属植物分为

净菜率79.8%;田间表现抗病毒病、软腐病、霜霉病,适于辽宁、吉林、内蒙古、河北等地秋露地栽培。

4 栽培技术要点

辽宁地区7月27日~8月3日播种,10月下旬收获。株行距55cm见方,每667m²保苗2000株。播前施足底肥,生长期及时浇水追肥,收获前10d(天)停止浇水,及时防治杂草、病虫害。

3 品种特征特性

金冠属晚熟品种,生长期83d(天)左右,直筒舒心类型;株高57.6cm,开展度61.1cm,叶绿色,长倒卵形,最大叶长58.4cm、宽9.7cm,帮白绿色;叶球长筒形,高46.6cm,横径14.6cm;单球质量4.3kg左右,据2006年辽宁省农业科学院蔬菜研究所鲜食、熟食品尝结果,口感风味品质优,纤维少;每667m²净菜产量10000kg左右,

A New Chinese Cabbage F₁ Hybrid — ‘Jinguan’

Ma Lijuan¹, Li Rujing², Yu Yanru², et al. (¹Institute of Vegetables, Jinzhou Academy of Agricultural Sciences, Liaoning 121017; ²Jinzhou Academy of Agricultural Sciences)

Abstract Jinguan is a new F₁ hybrid of autumn Chinese cabbage with late-maturity developed by crossing genetic male sterile line A and inbred line 5AS₁₁. It can be harvested about 83 days after sowing. Its leaves are green and petiole is white-green. Its leaf head is 46.6 cm in height, 14.6 cm in diameter, 4.3 kg in weight. The plant is tall with cylinder shape. The yield is about 150 t · hm⁻². It is resistant to virus, soft rot and downy mildew, and it has very good commercial property. It is suitable for cultivation in open fields in autumn in Liaoning, Jilin, Inner Mongolia and Hebei.

Key words Chinese cabbage, Jinguan, F₁ hybrid, Late-maturity

9组,孟祥栋等^[3]用 RAPD 技术对 10 个品种的基因组 DNA 进行了遗传关系分析,认为洋葱和葱分属不同的组,洋葱和胡葱(*A. ascalonicum* L.)亲缘关系较近,并推测胡葱可能是大葱和洋葱的杂交后代逐渐进化而来的。何兴金等^[4]用 RFLP 技术对我国葱属全部 9 个组的代表种的两个 cpDNA 片段(*rpl16* 和 *trnk* 基因)进行 PCR 扩增分析,认为现有的 9 个组物种应分为 6 个亚属,其中葱组、洋葱组和宽苞韭(*A. platyspathum*)应归于同一个亚属。这与前文所述不同,当然仅以两个叶绿体基因尚难确定其系统位置,但从一个侧面反映了葱属的分类学问题一直是一个难题。洋葱传入我国不是在公认的 20 世纪初通过海上引入,而应该是早在公元三世纪,西汉开通丝绸之路后逐渐引进的。最初晋代郭义恭的《广志》提到我国引入“胡葱”的事实,到公元十三世纪初,元代熊梦祥在《析津志》的“物产·菜志”中的“家园种蒔之蔬”里列有“回回葱”,经后来考证,“回回葱”实即洋葱^[5]。

我国种质资源库收集洋葱种质材料 70 份^[6]。根据鳞茎形成特性可分为:①普通洋葱(*A. cepa* L.),按鳞茎皮色又分为红皮洋葱、黄皮洋葱、白皮洋葱;按鳞茎形成对日照长度的要求可分为长日、中日和短日生态型。②分蘖洋葱(*A. cepa* L. var. *agrogatum* G. Don)。③顶球洋葱(*A. cepa* L. var. *viviparum* Metz.)。

1.2 种质创新与保存

1.2.1 体细胞杂交 Buiteveld 等^[7]用欧洲大头蒜(*Allium ampeloprasum* L., $2n = 4x = 32$)和洋葱(*A. cepa* L., $2n = 2x = 16$)通过原生质体对称融合获得再生杂种植株,核 DNA 组成分析表明,大多数再生植株是杂合的,并且都是非整数倍。通过 γ 射线处理洋葱原生质体、碘乙酰胺(IOA)处理欧洲大头蒜原生质体进行不对称融合未能获得再生杂种植株。

1.2.2 种间杂交 大葱(*A. fistulosum* L.)具有许多洋葱缺乏的抗性基因,且与洋葱同属,一直是洋葱种间杂交的首选材料。将洋葱作为母本或父本与大葱杂交获得的 F_1 都具有中间形态性状:纤细的鳞茎,偏向大葱的叶部形状,花杯状,花序和开花时间都处于两亲本的中间(Emsweller 等,1935;van der Meer 等,1978)。但无一例外的, F_1 都高度不育,用大葱作为轮回亲本(Ulloa 等,1994,1995),或者大葱先和 *A. roylei* 杂交后再和洋葱杂交^[8],后代育性都未得到改善。大葱的一些优良性状一直不能在

洋葱中得到表达。

Peffley 等^[9]用雄性不育洋葱材料 Excel 986A 作为母本和日本大葱品种 Bunching No. 1 杂交,用未加隔离的洋葱花粉开放授粉,连续回交两代,获得两个 $F_1 BC_3$ 群体 951026 和 951027,亲本之一 Bunching No. 1 具有抗粉根病、黑粉病、叶腐病和葱蝇,以及可溶性固形物含量高和耐寒性强的特性。通过 DNA 组成分析和同工酶检测证实, $F_1 BC_3$ 中许多鳞茎能正常膨大、偏向洋葱的花器、可育的高抗粉根病的植株都是基因重组后的杂交种。

1.2.3 种质离体保存 洋葱是异花授粉植物,杂合性很高,对一些独特基因型采用离体低温保存也许比用种子保存更适合。糖、红外光和乙烯在离体洋葱试管苗小鳞茎形成中有重要作用,-3~-1℃低温有利于离体洋葱鳞茎的保存(Kahane 等,1992)。不同基因型洋葱鳞茎低温离体保存中,糖浓度是最主要的影响因子,高浓度($100 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$)-1℃保存 1 a,小鳞茎的萌芽率超过 80%^[10]。

2 洋葱育种研究进展

2.1 性状遗传

庄勇等^[11]以 7 个品种(系)为材料,对洋葱鳞茎紧实度的杂种优势和遗传参数进行分析估算。试验结果表明,洋葱鳞茎紧实度大多表现为负向的杂种优势,其遗传符合加性-显性模型,狭义遗传力为 0.15。陈沁滨等^[12-14]研究了 3 个不同生态型的洋葱鳞茎在休眠期间生理生化的变化,发现洋葱收获后其休眠强度和鳞茎横径、鳞茎质量、可溶性糖含量呈极显著负相关,与鳞茎纵径呈显著负相关,和干物质含量呈极显著正相关,与其他性状相关性不显著。说明洋葱鳞茎横径越大、质量越大、可溶性糖含量越高,鳞茎休眠程度越弱,即耐贮性越差;鳞茎干物质含量越高,耐贮性越好。在生理方面,高水平的 ABA 含量、低水平的 IAA 含量、较低的可溶性蛋白质和较高的可溶性糖含量有利于休眠的维持。

2.2 品质遗传

多数品质性状是数量性状,洋葱的独特风味是由挥发性物质和非挥发性硫化物构成的(Randle, 1992),既有可遗传因素(Simon, 1995),也极易受环境影响,如灌水、温度、施用硫酸肥等。尽管如此,经过研究者的努力,还是获得了一些有意义的结论:可溶性固形物含量和干物质含量是高度相关的

(Sinclair, 1995), 和鳞茎大小 (McCollum, 1968)、辛辣程度 (Randle, 1992; Simon, 1995; Bedford, 1984)、抗血小板凝集能力 (Onion-induced antiplatelet activity, OIAA) 正相关 (Debaene, 1999)。可溶性固形物含量有很高的遗传力, 可能包括 4~10 个基因 (Warid, 1952), 广义遗传力为 0.6~0.8 (Kadams 等, 1986; Lin 等, 1995), 狭义遗传力为 0.30~0.64 (Wall, 1999)。庄勇等^[15]认为干物质、可溶性固形物、可溶性糖、丙酮酸含量的遗传受寡基因控制, 蛋白质含量的遗传受两组基因控制, 5 个品质性状的遗传均存在超显性现象, 且干物质含量基因的显性方向指向增效, 具有增效作用; 可溶性固形物含量基因、可溶性糖含量基因、蛋白质含量基因和丙酮酸含量基因的显性方向均指向减效, 具有减效作用。干物质、可溶性固形物、可溶性糖、蛋白质和丙酮酸含量的狭义遗传力分别为 0.56、0.69、0.59、0.30 和 0.22。

自建立第一张低密度洋葱分子标记连锁图谱后^[16], Galmarini 等^[17]研究发现, 可溶性固形物含量高的洋葱品种, 辛辣程度和 OIAA 也高, 和可溶性固形物含量低的品种相比, 其 QTLs 分子标记主要位于连锁群 D、E 和 F 上, 特别是连锁群 E, QTLs 分子标记在染色体某个区域上的遗传图距在 40 cM 内。这段区域对干物质含量、辛辣程度和 OIAA 具有直接的遗传加性效应, 这和表现型的相关分析是一致的。并且还计算出辛辣程度和 OIAA 的广义遗传力为 0.36~0.54。

2.3 组织培养

2.3.1 植株再生 1966 年, Guha 和 Johri 首次报道用授过粉的洋葱子房或胚珠离体培养获得再生植株和种子。随后多年的研究表明, 洋葱的许多组织都可以作外植体, 茎尖、鳞茎盘、鳞片、成熟或未成熟花蕾、子房、胚珠、花托、未成熟的胚和种子等^[18]。这些外植体多为旺盛的分生组织, 存在巨大的分生潜力, 易于脱分化和再分化。

已经建立的再生体系, 其共同特点是每个外植体产生的芽数目相对较低, 如以鳞片为外植体, 每个外植体大约能产生 10 个芽 (Fujieda 等, 1979)。以花为外植体大约只有 10% 的花能诱导出芽, 平均每个外植体产生 5 个芽 (Pike 等, 1990), 或每个花序只能获得 42.4 个芽 (Mohamed-Yasseen 等, 1993), 离体培养的芽可以继代, 繁殖周期需 3~4 个月。

Luthar 等^[19]采用两步法培养成熟的花或子房,

先将成熟花在含 $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 2,4-D 和 $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 6-BA 的诱导培养基上培养 6 d 后转移到含 $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ TDZ 的分化培养基上直接再生出小苗。该方法没有经过愈伤组织, 减少了变异, 其中花蕾最高诱导频率为 57.2%, 子房为 39.4%。

2.3.2 原生质体培养 对葱属 9 个种、29 个品种, 酶解分离花粉原生质体, 其中洋葱未能获得成功, 表明洋葱分离原生质体比较困难 (Fellner, 1992)。Hansen 等^[20]将愈伤组织悬浮, 采用酶解法获得原生质体, 然后半固体培养, 诱导再生植株, 每克细胞可再生 6 个芽。

2.3.3 雌核发育途径 (gynogenesis) 诱导单倍体 以未授粉的子房 (Muren, 1989; Keller, 1990)、胚珠 (Keller, 1990; Campion 等, 1990) 通过雌核发育途径获得单倍体植株的技术已相当成熟。雌核发育途径获得单倍体植株有两个途径: 胚状体途径和愈伤组织途径, 洋葱主要是胚状体途径, 只有 Keller 发现极少见的愈伤组织途径。

选择开花前 3~5 d 的子房用于培养, 诱导频率较高 (Campion 等, 1992; Bohanec 等, 1995), 此时胚囊处于大孢子母细胞时期。离体培养的培养基采用改良的 BDS 配方: $100 \text{ g} \cdot \text{L}^{-1}$ 蔗糖 + $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ 2,4-D + $2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ BA 在 21~23 °C, 16 h/8 h (光照/黑暗) 下培养 3~5 个月即可获得单倍体植株, 对再生单倍体植株进行同工酶和 RAPD 遗传分析, 显示出很高的遗传稳定性^[21-22]。

2.4 细胞质雄性不育 (CMS)

2.4.1 洋葱雄性不育的类型 常见的洋葱雄性不育类型包括 S 型不育 (Jones 等, 1937, 1943) 和 T 型不育 (Berninger, 1965; Schweisguth, 1973)。前者由不育的细胞质因子 (S) 和核隐性单基因 (ms) 共同控制, 后者由不育的细胞质因子 (S) 及 3 对独立遗传的隐性核基因控制。Pathak 等 (1993) 在印度尼西亚的一个洋葱品种 Nasik White Globe 中发现了一种新的不育源, 它的不育性是由强烈的细胞质不育因子控制的, 已被转育到 7 个不同基因型的材料中, 并利用它们生产了洋葱 F_1 种子。利用此不育源与 350 份材料 (包括一些含有 S 胞质恢复基因 Ms 的材料) 测交, 测交后代均为雄性不育, 到目前为止该雄性不育还没有发现恢复系。这是不同于 S 型、T 型的新型洋葱雄性不育源, 目前此类雄性不育利用主要在印度尼西亚, 但应用前景广阔。

2.4.2 洋葱雄性不育的发育生物学研究 Holford 等 (1991) 以雄性不育系和育性正常的近等基因系

(保持系)为试材,系统研究了洋葱 S 型雄性不育系的细胞学形态特征,在洋葱花粉小孢子的发育过程中发现洋葱小孢子有 3 种形式的异常:① 在小孢子四分体阶段,绒毡层细胞未成熟就退化;② 在小孢子二分体阶段,绒毡层过度生长、肥大,随后自溶;③ 绒毡层形态完全正常,只是存在的时间过长。可育和不育的洋葱都存在绒毡层自溶现象,只是自溶的时间不同(Kobabe, 1958; Jirik 等, 1969)。

Dyki(1973)在 T 型雄性不育系中也发现了小孢子发育过程中的类似的绒毡层异常表现。

2.4.3 洋葱雄性不育分子标记的研究

① 细胞质不育基因的标记。洋葱是核基因组较大的植物,每 1C 的核苷酸上有 15 500 Mbp,而番茄等作物只有 650~1 000 Mbp,所以洋葱核基因在进行 RFLP 分析时, Southern 杂交不易看到杂交信号,要达到番茄 Southern 杂交的效果, Southern 杂交的灵敏度就要提高 15 倍(Kik 等, 1997)。因此,洋葱雄性不育性状的分子标记研究主要集中在细胞质基因组中。

② 不育胞质的 RFLP 标记。de Courcel 等(1989)以 Bam HI 和 Hind III 为内切酶,获得了可以区别洋葱 S 型和 T 型、N 型的 mtDNA 的 RFLP 标记,但未获得区别 T 型和 N 型的 RFLP 标记。Holford 等(1991)分别以 6 种内切酶处理 mtDNA 和 cpDNA,再分别以 *cox-3*、*cox-1*、*cox-2*、*cob*、*atp6* 和 *atp9* 基因为探针,获得了区分 S 型和 T 型、N 型胞质的 mtDNA 的 RFLP 标记,同时也获得了同样效果的 cpDNA 的 RFLP 标记,但是这两种标记都无法区分 T 型、N 型胞质,他们由此推断 S 型胞质是洋葱的外源胞质,而 T 型胞质是洋葱的内源胞质。

Satoh(1993)、Havey(1993)等以不同的内切酶和探针处理,都获得了区分 S 型和 N 型、T 型胞质的 RFLP 标记。

③ 基于 PCR 的不育胞质分子标记。RFLP 分析技术要求较高,它需要一定量、高纯度的 cpDNA 或 mtDNA,同时在 Southern 杂交时,还需要合适的引物。RFLP 分析费时、难度大,很难用于实际的分子辅助选择。鉴于此,许多学者研究出了基于 PCR 的洋葱细胞质不育标记。

Havey^[23]首次报道了洋葱细胞质雄性不育 PCR 标记,研究发现 N 型与 S 型胞质 cpDNA 上 *trnT* 和 *trnL* 两个基因间的间隔区(intergenic spacer, IGS)不同,即 N 型胞质上有一特殊的 100 bp 的插入序列,以 *trnT* 和 *trnL* 两个基因间保守序列为引物(A: 5'-

CATTACAAATGCGATGCTCTC - 3', B: 5' - TCTACCGATTTCGATTCGCCATATC - 3')进行 PCR 扩增,获得了可区别洋葱 S 型和 N 型胞质的特征谱带(1 或 1.1 kb)。

Alcala 等^[24]研究 S 型与 N 型 cpDNA 的基因间非转录区,发现存在单核苷酸差异的多态性及串联重复的多态性,在此基础上,通过 PCR 分析,也可快速鉴定洋葱的 S 型或 N 型胞质。Terefe 等^[25]进一步研究还发现 *trnT*、*trnL* 基因之间存在一细小的变异,是一个变异的热点区域。

Sato^[26]发现洋葱 S 型胞质 mtDNA 的 *cob* 基因中有一特殊的转录, S 型胞质线粒体 *cob* 基因上游有一个叶绿体同源的 *orf1708* 基因(从烟草中分离)的插入。以此上游序列两侧的核苷酸序列为引物进行 PCR 扩增,获得了区分 S 型和 N 型胞质的特征谱带,可快速、正确地地区分一个单株的胞质是 S 型或 N 型。

最近,Engelke 等^[27]首次报道了可以鉴定洋葱 3 种不同胞质的 PCR 标记。以细香葱雄性不育(CMS1)胞质 mtDNA 的 *atp9* 基因的特定序列为引物,对洋葱的 mtDNA 进行 PCR 扩增,可以将 S 型、T 型与 N 型胞质区分开;再以 *cob* 基因的上游特殊序列为引物,进行 PCR 扩增,可以将 S 型与 T 型胞质区分开。这两种引物结合,就可以在分子水平上快速鉴定洋葱 3 种不同的不育与可育胞质。

Alcala 等^[28]报道采用 GBA(Genetic Bit Analysis)分析方法可快速鉴定可育与不育胞质。这是一种基于 PCR 及酶切比色分析的新型分子标记,分析等位基因间单核苷酸的多态性。该方法以前主要用于人类疾病的诊断与亲子关系的鉴定。Alcala 发现 GBA 标记可快速区分可育与不育胞质,这种分析方法达到了半自动化的程度。

陈沁滨等^[13,29]对洋葱雄性不育系 101A 及其保持系 101B 基因组 DNA 进行 RAPD 分析,共使用了 200 条随机引物,其中有 188 条引物在两系之间都得到了扩增产物,68 条引物扩增结果在两系之间表现出了遗传多态性。在其不育系中获得了一条稳定扩增的片段 AK15₁₄₀₀,序列测定结果表明,AK15₁₄₀₀序列全长为 1 360 bp,其编码的氨基酸序列与水稻(*Oryza sativa*)的 *GA3* 基因(AP005256.3, GI:50508703)序列有 59% 的同源性和 75% 的相似性。根据序列测定结果设计了一对特异引物,将 AK15₁₄₀₀ 转化为更稳定的 SCAR 标记。

④ 恢复基因位点的标记。与细胞质不育基因

标记相比,细胞核恢复基因标记的研究相对较慢,主要是洋葱收获的鳞茎是营养器官,利用其不育系配制的一代杂种只需有优良的父本系就可以了,不需要研究不育系的育性恢复。Gokce 等^[30-31]首次报道了 Ms 位点的分子标记。以 S 型洋葱雄性不育系与其恢复系杂交后代的 F₂ 群体为材料,获得了 3 个与 Ms 位点连锁的具有多态性的 RFLP 标记,连锁距离分别为 0.9、1.7 和 8.6 cM。AOB272(cDNA) 是与 Ms 位点最接近的 RFLP 标记,并具有良好的多态性。

2.5 分子育种

2.5.1 洋葱的分子标记连锁图谱

洋葱的全基因组十分庞大,有 17.9 pg(Labani 等,1987),大约 153 亿碱基对(Arumuganathan 等,1991),是玉米全基因组的 6 倍、番茄的 16 倍、拟南芥的 107 倍,因此建立高密度的分子连锁图谱十分困难。King 等^[16]用 BYG15-23 和 AC43 杂交获得的 F₁ 经两代自交得到 58 个 F₃M 作图群体,采用 RFLP 和 RAPD 方法构建了第一张低密度的洋葱分子连锁图谱,图谱中包括由 112 个分子标记和 2 个形态标记构成的 12 个连锁群,遗传图距全长 1 064 cM,平均两个相邻标记的距离为 9.2 cM,其中 42% 标记紧密连锁(<10 cM),5% 标记松散连锁(10~30 cM),53% 标记不连锁(>30 cM)。112 个分子标记中,44 个(39%) 是显性标记,68 个(61%) 是共显性标记。两个形态标记,一个是决定洋葱表皮颜色的色素基因 *Crb-1*(表现为红色)处于 H 连锁群 RFLP 标记 API94(16.1 cM)和 API76(15.9 cM)之间;另一个是决定洋葱雄性不育的核基因 Ms,处于 B 连锁群 RFLP 标记 AOB210(14 cM)和 API65(15 cM)之间。在 A 连锁群中还发现了两个相近的蒜氨酸酶(Alliinase,EC4.4.1.4) RFLP 连锁标记(6.9 cM)。根据克隆到的部分 cDNA 片段序列,发现 12 个(67%) 片段序列与已知的植物同源。特别是不在连锁图谱中的 RFLP 标记 AOB156 克隆序列和谷胱甘肽转移酶同源。其余 6 个(33%) 片段序列没有找到相匹配的植物同源序列。

2.5.2 根癌农杆菌 (*Agrobacterium tumefaciens*) 介导的洋葱遗传转化

大多数单子叶植物在细胞内缺乏诱导 Vir 蛋白表达的一些酚类物质,所以不能被根癌农杆菌侵染,Dommissse 等(1990)采用体外添加乙酰丁香酮(AS)的方法使洋葱也能被农杆菌侵染,Eady 等^[32-33]选取 0.5~2.5 mm 长的洋葱幼胚通过体细胞胚性化途径获得洋葱再生植株(品种

为 Canterbury Longkeeper, CLK), 同年用这些幼胚进行筛选抗生素和选择压的试验,结果表明潮霉素(Hygromycin)、G418(Geneticin)和 Basta 选择压分别在 50~100、20~50 和 10~30 mg·L⁻¹时都是有效的筛选抗生素,当潮霉素选择压在 10~30 mg·L⁻¹时会抑制愈伤组织的生长但却有助于提高再生植株的频率。通过这些基础工作,Eady 等^[34]建立了一条有效的、可重复的、用自然授粉的洋葱幼胚通过根癌农杆菌介导的遗传转化体系,最高转化频率达 2.7%,从外植体分化成再生苗到定植到温室,需要 3~5 个月。

3 洋葱育种研究展望

我国的洋葱育种起步较晚,因洋葱的自然生育周期较长,长期以来,育种家们主要进行常规育种和品种引进。近 10 年来,洋葱在农产品出口贸易中占据越来越重要的地位,引进或选育出的洋葱品种有 40 多个,其中通过系统选育途径选育的品种有港葱 841、港葱 845、阳春黄、世纪黄、连葱系列^[35-38]等;通过辐射育种途径选育的品种有西葱 2 号^[39];通过雄性不育利用途径选育的品种有金罐 1 号、金红叶 1 号等^[40]。展望未来,笔者认为我国的洋葱育种工作今后应着重加强以下两个方面。

① 加强洋葱种质资源引进、收集和研究。欧洲、美国和日本在洋葱种质资源的研究和利用上远超过我国,因此应加大力度引进国外优良的品种和种质,以丰富我国的洋葱育种材料。此外我国地域辽阔,地方品种类型丰富,不同类型品种其遗传特性有很大差异,深入研究其性状的遗传特性,将常规育种与现代分子生物学技术相结合,创制抗逆、雄性不育新材料,或缩短雄性不育材料的选育过程,为洋葱品质育种、抗逆育种提供丰富的遗传种质材料。

② 洋葱育种方向的多样化。随着洋葱市场的日益扩大,鲜食、加工对洋葱品种要求也不尽相同,如脱水洋葱要求可溶性固形物含量比鲜食洋葱高,鲜食洋葱要求辛辣度低而抗血小板凝集能力高等。因此,在洋葱育种过程中,除考虑抗病、丰产、产品和成熟期一致等性状外,还应兼顾市场需求,明确不同的育种方向。

参考文献

- [1] 陈沁滨,王学勇. 葱蒜类精品蔬菜[M]. 南京:江苏科学技术出版社,2004.
- [2] 陆峻. 新疆葱属野生植物资源[J]. 新疆农业科学,1995(6):264-267.

- [3] 孟祥栋,马红,张卫华. 利用 RAPD 技术对葱属品种遗传关系的分析[J]. 生物多样性,1998(1):37-41.
- [4] 何兴金,葛颂. 中国葱属系统发育的 PCR-RFLP 分析[J]. 中国科学,2000(2):183-191.
- [5] 张平真. 洋葱引入考[J]. 中国蔬菜,2002(6):56-57.
- [6] 李锡香. 中国蔬菜种植资源的保护和利用现状与展望[C]. 北京:全国蔬菜遗传育种学术讨论会,2002.
- [7] Buiteveld J, Suo Y, van Lookeren Campagne M M. Production and characterization of somatic hybrid plants between leek (*Allium ampeloprasum* L.) and onion (*Allium cepa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96:765-775.
- [8] Khrustaleva L I, Kik C. Cytogenetic studies in the bridge cross *Allium cepa* × (*A. fistulosum* × *A. roylei*) [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96:8-14.
- [9] Peffley E B, Hou A. Bulb-type onion introgressants possessing *Allium fistulosum* L. genes recovered from interspecific hybrid backcross between *A. cepa* L. and *A. fistulosum* L. [J]. Theor Appl Genet 2000, 100:528-534.
- [10] Kästner U, Klahr A, Keller E R J, Kahane R. Formation of onion bulblets in vitro and viability during medium-term storage [J]. Plant Cell Reports, 2001, 20:137-142.
- [11] 庄勇,严继勇,曹砾生,袁希汉. 洋葱鳞茎紧实度遗传分析[J]. 江苏农业科学,2004,(4):68-69.
- [12] 陈沁滨,侯喜林,王建军,韩建明. 不同熟性洋葱休眠期生理变化的变化[J]. 园艺学报,2007,30(1):221-224.
- [13] 陈沁滨. 洋葱雄性不育系的选育与分子标记筛选及鳞茎休眠的生理机制研究[D]. 南京:南京农业大学,2006.
- [14] 陈沁滨,侯喜林,王建军,邓晓辉. 外源脱落酸对洋葱鳞茎休眠的影响[J]. 南京农业大学学报,2007,30(1):30-33.
- [15] 庄勇,严继勇,曹砾生,袁希汉. 洋葱主要品质性状遗传分析[J]. 江苏农业学报,2004,20(3):199-200.
- [16] King J J, Bradeen J M, Bark O, McCallum J A, Havey M J. A low-density genetic map of onion reveals a role for tandem duplication in the evolution of an extremely large diploid genome [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96:52-62.
- [17] Galmarini C R, Goldman I L, Havey M J. Genetic analysis of correlated solids, flavor, and health-enhancing traits in onion (*Allium cepa* L.) [J]. Mol Genomics, 2001, 265:543-551.
- [18] 姜璐璐,杨建平,张松,高鹏,王桂红. 洋葱组织培养研究进展[J]. 山东农业大学学报:自然科学版,2003,34(2):299-302.
- [19] Luthar Z, Bohanec B. Induction of direct somatic organogenesis in onion (*Allium cepa* L.) using a two-step flower or ovary culture [J]. Plant Cell Rep, 1999, 18:797-802.
- [20] Hansen E E, Hubstenberger J F, Phillips G C. Regeneration of shoots from cell suspension-derived protoplasts of *Allium cepa* [J]. Plant Cell Rep, 1995, 15:8-11.
- [21] Bohanec B, Jkaše M. Variations in gynogenic response among long-day onion (*Allium cepa* L.) accessions [J]. Plant Cell Rep, 1999, 18:737-742.
- [22] Bohanec B, Jkaše M, Ihan A, Javornik B. Studies of gynogenesis in onion (*Allium cepa* L.): induction procedures and genetic analysis of regenerants [J]. Plant Sci, 1995, 104:215-224.
- [23] Havey M. Identification of cytoplasm using the polymerase chain to aid in extractions of maintainer lines from open-pollinated populations of onion [J]. Theor Appl Genet, 1995, 90:263-268.
- [24] Alcalá J, Pike L M, Giovannoni J J. Identification of plastome variants useful for cytoplasmic selection and cultivar identification in onion [J]. J Am Soc Hort Sci, 1999, 124:122-127.
- [25] Terefe D, Engelke T, Tatlioglu T. Vergleich verschiedener PCR-gestützter marker zur unterscheidung des CMS - (S), CMS - (T) und (N) - cytoplasmas in der Zwiebel (*Allium cepa* L.) [J]. Vortr Pflanzenzüchtung, 2002, 54:247-250.
- [26] Sato Y. PCR amplification of CMS-specific nucleotide sequences to identify cytoplasmic genotypes of onion (*Allium cepa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96:367-370.
- [27] Engelke T, Terefe D, Tatlioglu T. A PCR-based marker system monitoring CMS - (S), CMS - (T) and (N) - cytoplasm in the onion (*Allium cepa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107:162-167.
- [28] Alcalá J, Giovannoni J J, Pike L M, Reddy A S. Application of Genetic Bit Analysis (GBA™) for allelic selection in plant breeding [J]. Mol-breed, 1997, 3(6):495-502.
- [29] 陈沁滨,侯喜林,陈晓峰,张静宜,薛萍. 洋葱细胞质雄性不育基因 RAPD 及 SCAR 分子标记研究[J]. 南京农业大学学报,2007,30(4):16-19.
- [30] Gokce A F, McCallum J, Sato Y, Havey M J. Molecular tagging of the Ms locus in onion [J]. J Am Soc Hort Sci, 2002, 127(4):576-582.
- [31] Gokce A F, Havey M J. Linkage equilibrium among tightly linked RFLPs and the Ms locus in open-pollinated onion populations [J]. J Am Soc Hort Sci, 2002, 127(6):944-946.
- [32] Eady C C, Lister C E. A comparison of four selective agents for use with *Allium cepa* L. immature embryos and immature embryo derived cultures [J]. Plant Cell Rep, 1998, 18:117-121.
- [33] Eady C C, Suo Y, Butler R C. Somatic embryogenesis and plant regeneration from immature embryo cultures of onion (*Allium cepa* L.) [J]. Plant Cell Rep, 1998, 18:111-116.
- [34] Eady C C, Weld R J, Lister C E. *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation and transgenic-plant regeneration of onion (*Allium cepa* L.) [J]. Plant Cell Rep, 2000, 19:376-381.
- [35] 陈沁滨,缪美华,薛萍,陈振泰. 极早熟洋葱阳春黄的选育 [J]. 中国蔬菜,2003(5):30-31.
- [36] 缪美华,薛萍,陈振泰,黄晓峰,杨海峰. 黄皮洋葱新品种连葱 6 号的选育 [J]. 中国蔬菜,2007(6):37-38.
- [37] 陈振泰,缪美华,薛萍,杨海峰,黄晓峰. 黄皮洋葱新品种连葱 7 号的选育 [J]. 中国蔬菜,2007(7):30-31.
- [38] 缪美华,薛萍,陈振泰,杨海峰,黄晓峰. 紫皮洋葱新品种连葱 8 号的选育 [J]. 中国蔬菜,2007(8):37-38.
- [39] 李成佐,夏明忠,蔡光泽,任迎虹,潘天春,单成海. 红皮洋葱新品种西葱 2 号的激光诱变选育 [J]. 西昌农业高等专科学校学报,2004,18(4):76-78.
- [40] 曾爱松,韩秀兰,杜志云,丁发武,刘艳玲. 洋葱新品种金红叶 1 号的选育 [J]. 中国蔬菜,2005(10/11):109-110.