



GENETICS AND  
GENOMICS OF THE  
BRASSICACEAE

# 十字花科植物遗传 与基因组学

〔德〕 R.施密特 〔英〕 I.班克罗夫特 编著  
卢长明 主译



科学出版社

# 十字花科植物遗传与基因组学

Genetics and Genomics of the Brassicaceae

〔德〕 R. 施密特 〔英〕 I. 班克罗夫特 编著

卢长明 主译

科学出版社

北京

图字：01-2013-3268 号

## 内 容 简 介

十字花科植物是重要农作物（如油菜、白菜、甘蓝、芥菜等），重要模式植物（如拟南芥、荠菜等）和重要野生资源（如盐芥、高山南芥）的宝库。十字花科植物的祖先染色体数为  $n=8$ ，现在的十字花科植物是在祖先基因组基础上经过多次染色体重排和染色体数减少而形成的。本书以 23 章的篇幅介绍了十字花科植物的遗传与基因组学。内容涵盖十字花科植物的分类与进化，结构基因组与比较基因组学，十字花科植物重要物种（白菜、甘蓝、甘蓝型油菜、芥菜、琴叶拟南芥和荠菜）及其重要性状的遗传，遗传转化技术和反向遗传学研究方法，以及种质资源和生物信息资源等内容。

本书由相关领域的国际著名学者集体撰写而成，起点高、内容新，反映了十字花科植物遗传与基因组学的最新进展。本书可供我国从事植物分子生物学和植物遗传育种的研究人员，教师和学生阅读参考。

Translation from English language edition:

*Genetics and Genomics of the Brassicaceae*

by Renate Schmidt and Ian Bancroft

Copyright © 2011 Springer New York

Springer New York is a part of Springer Science+Business Media

All Rights Reserved

### 图书在版编目(CIP)数据

十字花科植物遗传与基因组学 / (德)施密特 (Schmidt, R.), (英)班克罗夫特 (Bancroft, I.) 编著; 卢长明主译. —北京: 科学出版社, 2013. 6

书名原文: Genetics and Genomics of the Brassicaceae

ISBN 978-7-03-037925-2

I. ①十… II. ①施…②班…③卢… III. ①十字花科-植物遗传学  
②十字花科-基因组 IV. ①Q949.748.3

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2013) 第 134047 号

责任编辑: 岳漫宇 / 责任校对: 宋玲玲 李 影

责任印制: 钱玉芬 / 封面设计: 耕者设计工作室

科学出版社 出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码: 100717

<http://www.sciencep.com>

骏杰印刷厂 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

\*

2013 年 6 月第 一 版 开本: 787×1092 1/16

2013 年 6 月第一次印刷 印张: 34 1/4 插页: 6

字数: 780 000

定价: 180.00 元

(如有印装质量问题, 我社负责调换)

# 《十字花科植物遗传与基因组学》 译校人员名单

主 译：卢长明

译 者（按照贡献大小排序）：

卢长明 赵永国 郭学兰 管荣展 胡胜武

谭小力 赵祥祥 肖 钢 刘春林 刘 玲

魏文辉 楚 璞 何 乐 李 俊 董绪燕

李冠英 马忠岩 闫素珍

# 中文版序

俗话说：“萝卜白菜，各有所爱”。但细细一想，“所爱”却都差不多：它们都是十字花科的蔬菜。其实我们爱的何止萝卜白菜呢，菜薹、榨菜、结球甘蓝、芥兰、大头菜、青花菜、西蓝花，哪一样不是我们餐桌上的美味佳肴？它们不仅同属十字花科，还都是该科的芸薹属蔬菜作物。人们还将十字花科植物的种子用来榨油（菜油）、根用来制药（板蓝根）、膨大的茎用来做饲料（芜菁），金黄色的十字花海则是现代人的旅游胜景。随着科技的发展，更多的十字花科植物正被人们开发利用。十字花科中的拟南芥，还是生物学研究中广泛采用的模式植物。因此，十字花科植物具有极为重要的经济价值和科学研究价值。

十字花科的拉丁文名为 *Cruciferae*，意为花朵为十字形的植物。该科的甘蓝最早在南欧被驯化，由于采摘羽衣甘蓝的菜叶时，植株会发出响亮的噼啪声，古希腊人便将此类作物称为“*Brassica*”，*Brassica* 的属名因此得名。古希腊人重声，古中国人似乎重形。*Brassica* 植物开花前先起薹，呈云团状，故我们的先人将这类植物称为芸薹；我国学者因此将 *Brassica* 译为芸薹属。芸薹属作物因其在人们日常生活中的重要性而广为人知，其 *Brassica* 之名也作为词根在相关的分类名称中被使用，如科（Family）与属（Genus）之间的分类（族，Tribe）名为 *Brassicaceae*（中译名为芸薹族），科之上的分类（目，Order）名为 *Brassicales*（中文译名或为白花菜目）。因而在 2005 年于奥地利维也纳召开的国际植物学大会和国际植物分类学协会上，学者们同意用源于 *Brassica* 词根构成新名“*Brassicaceae*”替代旧名“*Cruciferae*”，并写入相应的法规中（《国际植物命名法（规维也纳法规）》第 18.5 部分）。虽然法规中写明 *Brassicaceae* 和 *Cruciferae* 两个词均可以使用，但此后从事相关研究的学者们大多在文章和著作中使用 *Brassicaceae* 这个新词，如本书作者就使用了新的科名。至于 *Brassicaceae* 的中译名，目前尚无统一认识，但就其拉丁语改名的本意而言，可以将 *Brassicaceae* 译为芸薹科。不过考虑到“十字花科”一词已为广大读者所熟悉，本书译者在翻译时沿用了旧名“十字花科”。

遗传学是有关基因的理论，是作物改良或作物育种的理论基础。当被改良的性状易于被感官识别且分离世代可被明确分组时，人们可以根据控制该性状的基因的显隐性和分离重组规律来确定杂交组合并选择群体的大小及世代数。20 世纪的几十年中，尽管在多数情况下，人们并不了解控制这些性状的基因，但在遗传学理论的指导下，十字花科（或称芸薹科）植物，尤其是芸薹属植物的遗传改良仍取得了令人瞩目的成就。我国著名学者刘后利教授主编的《油菜的遗传与育种》（1985）一书，集中反映了那一时期的研究盛况和水平，并引导了一大批中国油菜科学工作者的成长。此后的 20 多年，十字花科植物遗传育种发展十分迅速，尤其是 2000 年拟南芥基因组测序完成后，基因组学研究进入作物遗传改良领域，十字花科植物遗传育种理论和技术进入了全新的时代。例如，DNA 分子标

记是研究基因组的工具之一，应用于作物后，不仅使得控制简单性状的单个基因可见可操作，对那些受多基因控制、分离后代不能明确分组的复杂性状，也能通过图谱定位数量性状基因位点（QTL）的方法得到初步的解析和认识；由于育种学家要改良的性状大多为数量性状，QTL 定位方法受到普遍的重视。总结这一时期的主要科学研究成果乃是时代的需求，然而，我国迄今为止没有这样一部专著问世。德国斯普林格出版社（Springer）2011 年出版的《十字花科植物遗传与基因重组》一书，集中反映了 21 世纪前十年，在芸薹属作物和拟南芥的基因组学研究中的新成果，而此书中文译本的出版，则为以中文为母语的读者提供了一部难得的参考教材，一个赏月览胜的近水楼台。该书还为致力于作物遗传改良的科技人员提供了一个视角，鉴赏芸薹属作物，沐浴拟南芥这轮皎月泻下万缕银光时的美景。

该书作者引用的文献止于 2010 年。据说月亮上的时间过得快，仅两年时间，1001 个拟南芥生态型的基因组测序计划尚未结束，以拟南芥为核心勾连十字花科（芸薹科）内外基因组的 BMAP 计划（Brassicales Map Alignment Project）又已启动，它们不仅标志着对植物基因组的研究层次已经从物种深入到了个体，还意味着人们正跨越“科”的界限，就像“机遇号”摆脱地心引力登录火星寻找生命之源一样，到“外科”基因组中搜寻可资芸薹属作物利用的基因资源。

其实地球上的时间过得也快，如白菜和甘蓝基因组测序已经完成，甘蓝型油菜基因组草图也将在今年公布。分子标记的应用，亦从“PCR—跑胶—读带”的作坊式操作，演化为基于高通量测序技术或 SNP 芯片的集成式运作，作物的“基因组选择”也应运而生。结果是实验室里高性能计算机显得比 PCR 仪更重要，生物信息学似乎比蛋白质组学更热门。唐代王维有诗云：“红豆生南国，春来发几枝，愿君多采撷，此物最相思”。科学知识的快速更新和新技术、新学科的诞生，犹如阵阵春风，红熟了一批又一批芸薹属植物上的硕果。如果将本书描绘的知识和技术，看作是十字花科（芸薹科）植物先发枝条上的一束红豆，被作者和译者采摘下来献给从事芸薹属作物遗传改良的科技工作者和学生们，那么，2011 年以后新发枝条上结的鲜果，则要请君自己采摘了。粒粒红果红豆，不要误了鉴赏啊！

孟金陵

2013 年 2 月 17 日

# 译者序

本书以 23 章的篇幅介绍了十字花科植物的遗传与基因组学。内容涵盖 6 个方面：①十字花科植物的分类与基因组进化（第 1 章和第 7 章）；②结构基因组学与比较基因组学（第 3、5、6 和 15 章）；③种质资源与生物信息资源（第 2、4、16、17、21 和 22 章）；④遗传转化技术和反向遗传学研究方法（第 18~20 章）；⑤十字花科植物物种（白菜、甘蓝、甘蓝型油菜、芥菜、琴叶拟南芥和荠菜）及其重要性状的遗传（第 8~14 章）；⑥十字花科植物遗传和基因组学展望（第 23 章）。该书由相关领域的国际著名学者集体撰写而成，起点高、内容新，反映了十字花科植物遗传与基因组学的最新进展。本书可供我国相关领域的研究人员，教师和学生参考。

参加本书翻译和校对的人员大多数为国内相关领域的专家学者和教授，他们为此书的翻译付出了大量心血，本译著将铭记他们的贡献。以下是翻译分工情况。

翻译：卢长明（前言、第 1、2、10、13、18 章），赵永国（第 6、7、11 章），郭学兰（第 3 章），管荣展（第 8、23 章），胡胜武（第 4、5、21 章），谭小力（第 15、19 章），赵祥祥（第 12、16 章）、肖钢（第 20、22 章），刘玲（第 14 章）、魏文辉（第 9 章）、何乐（第 17 章）。

校对：卢长明（第 5、9、12、15、16、19、20、21、22 章）、赵永国（第 3 章）、郭学兰（第 6、7、11 章）、刘玲（第 17 章）、何乐（14 章）、楚璞（第 23、8 章）、刘春林（第 14、17 章）、李俊（第 4 章）、李冠英（第 19 章）、马忠岩（第 15 章）、闫素珍（第 15 章）、董绪燕（第 14 章）。

卢长明负责全书统稿、复校与文字润色。译者希望本书的出版可为我国十字花科植物遗传与基因组学提供一本有价值的参考资料。翻译此书译者力求准确流畅，但由于水平有限，对原著的理解可能产生偏差，希望广大读者批评指正。

我国油菜遗传与基因组学“973”计划项目首席专家、华中农业大学的孟金陵教授为译著热情作序，科学出版社岳漫宇编辑为本书的出版做了大量艰苦的工作，译者在此一并表示衷心感谢。最后，谨以此书献给我国从事十字花科植物遗传育种和基因组学研究的学者和同学，期待十字花科植物的遗传与基因组研究在我国后继有人，硕果累累。

卢长明

（中国农业科学院油料作物研究所，湖北武汉）

2013 年 2 月 9 日

## 参加翻译者和校对者一览表

卢长明	中国农业科学院油料作物研究所, cmlu@oilcrops. cn
赵永国	中国农业科学院油料作物研究所, zhaoyongguo@caas. cn
郭学兰	中国农业科学院油料作物研究所, guoxl@oilcrops. cn
管荣展	南京农业大学农学院, guanrzh@njau. edu. cn
胡胜武	西北农林科技大学农学院, swhu83251@nwsuaf. edu. cn
谭小力	江苏大学生命科学研究院, xltan@uj. edu. cn
赵祥祥	淮阴师范学院生命科学学院, xxzhao2013@163. com
肖 钢	湖南农业大学农学院, sanjian123@yeah. net
刘春林	湖南农业大学农学院, liucl100@126. com
刘 玲	湖南农业大学生命科学学院, lingling9910@163. com
魏文辉	中国农业科学院油料作物研究所, whwei@oilcrops. cn
楚 璞	南京农业大学农学院, chupu@njau. edu. cn
何 乐	湖南农业大学生命科学学院, hele10182008@126. com
李 俊	中国农业科学院油料作物研究所, lijuner126@126. com
董绪燕	中国农业科学院油料作物研究所, dxuyan2006@163. com
李冠英	江苏大学生命科学研究院, jianwuqing@126. com
马忠岩	江苏大学生命科学研究院, rogerit@126. com
闫素珍	江苏大学生命科学研究院, yansuzhen1010@163. com



# 前 言

十字花科植物的花器由 4 个花瓣组成，像是十字架，故得其名。十字花科植物有 25 个族，338 个属。十字花科植物中既有研究得非常深入的模式植物物种拟南芥 [*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. ]，还有各种栽培植物，如油菜、芥菜、叶用蔬菜、根用蔬菜和茎用蔬菜。在十字花科植物中，拟南芥是基因组学研究的重点。20 世纪 80 年代末，拟南芥被选为植物分子生物学的模式物种；20 世纪 90 年代中期，拟南芥基因组计划启动，使它成为第一个启动全基因组测序计划的植物物种；2000 年拟南芥全基因组测序和分析结果发表，成为具有里程碑意义的事件。过去 10 年，拟南芥基因组资源大大促进了人们对植物生物学的研究。基因组学和比较基因组分析已应用到十字花科植物的多个物种，尤其是在拟南芥基因组序列公布后，植物基因组进化研究进展很快。例如，研究发现，十字花科植物的祖先染色体核型可能是  $n=8$ ，现在的拟南芥基因组是祖先基因组经过多次染色体重排和数目减少而形成的。被子植物具有染色体多倍化倾向，多倍化之后伴随着“二倍体化”过程，减少基因拷贝数，并使基因组得以稳定。十字花科植物为研究基因组演化过程提供了极好的材料。拟南芥的基因组序列可以找到 3 次多倍化事件的证据，其中最后一次发生的时间在十字花科刚刚形成的时候，因此在整个十字花科植物中估计都还存在。芸薹族 (Brassicaceae) 的特点是，后来又发生了基因组三倍体化，即六倍体事件。而且，有几个物种，特别是芸薹属内的物种，是最近才形成了异源四倍体，例如，甘蓝型油菜 *Brassica napus* ( $n=19$ ) 是由芜菁 ( $n=10$ ) 和甘蓝 ( $n=9$ ) 杂交形成的。对基因组演化过程的认识对于比较基因组数据的解释非常重要。受拟南芥（但不完全是拟南芥）推动，亚麻荠族 (Camelineae) 基因组资源的开发最为深入。已开发的拟南芥基因组资源包括 130Mb 拟南芥基因组序列、1.5m 拟南芥 EST 序列、市售的各种拟南芥芯片、可公开获得的基因敲除系、植物种质资源中心、DNA 收藏库及公共数据库。芸薹族植物基因组资源的发展十分迅速，主要与芸薹属作物在经济上非常重要有关。芸薹族植物的基因组资源包括正在进行的白菜基因组测序、芸薹属物种的 0.8m EST 序列、市售的芸薹属植物芯片、多种遗传连锁图（有的正在整合）、诱变群体、推广 BAC 文库的资源中心、公共数据库和协调研究工作的督导委员会。其他族的植物也有物种开展基因组测序。这些物种一般具有特殊的性状或特点，如天蓝遏蓝菜 (*Thlaspi caerulescens*) 对金属具有超富集能力，高山南芥 (*Arabis alpina*) 具有多年生特性，盐芥 (*Thellungiella halophila*) 具有耐盐性，岩芥属物种 (*Boechera* sp.) 具有无融合生殖特性等，这些特性激发了人们的研究兴趣。

(卢长明 译)

## 作者及其联系方式一览表

**Carlos Alonso-Blanco** Departamento de Genética Molecular de Plantas, Centro Nacional de Biotecnología (CNB) Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 28049 Madrid, Spain, calonso@cnb.csic.es

**Ian Bancroft** John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich NR4 7UH, UK, ian.bancroft@bbsrc.ac.uk

**Christoph Böttcher** Department of Stress and Developmental Biology, Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Weinberg 3, 06120 Halle/Saale, Germany, cboettch@ipb-halle.de

**Deborah Crist** Department of Plant Cellular and Molecular Biology, Arabidopsis Biological Resource Center, The Plant Biotechnology Center, The Ohio State University, Columbus, OH 43210, USA, abrc@arabidopsis.org

**Mark W. Farnham** USDA-ARS-U. S. Vegetable Laboratory, Charleston, SC 29414, USA, mark.farnham@ARS.USDA.GOV

**Maria L. Federico** Genomics and Bioinformatics Unit (UGB), Agri aquaculture Nutritional Genomic Center (CGNA), INIA-Carillanca Km 10 Camino Cajon-Vilcun, PO Box 58D, Temuco, Chile, maria.federico@cgna.cl

**Robert T. Gaeta** Division of Biological Sciences, University of Missouri, Columbia, MO 65211, USA, gaetar@missouri.edu

**Cassandra M. P. Goldsack** John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, NR4 7UH, UK, cassie.goldsack@bbsrc.ac.uk

**Neil Graham** Plant and Crop Sciences Division, Nottingham Arabidopsis Stock Centre, University of Nottingham, Loughborough, LE12 5RD UK, neil@arabidopsis.org.uk

**Erich Grotewold** Department of Plant Cellular and Molecular Biology, Arabidopsis Biological Resource Center, The Plant Biotechnology Center, The Ohio State University, Columbus, OH 43210, USA, abrc@arabidopsis.org

**Georg Haberer** MIPS, Institute for Bioinformatics and Systems Biology, Helmholtz Center Munich, 85764 Neuherberg, Germany, g.haberer@helmholtz-muenchen.de

**Federico L. Iniguez-Luy** Genomics and Bioinformatics Unit (UGB), Agri aquaculture Nutritional Genomic Center (CGNA), INIA-Carillanca Km 10 Camino Cajon-Vilcun, PO Box 58D, Temuco, Chile, federico.iniguez@cgna.cl

**Emma M. Knee** Department of Plant Cellular and Molecular Biology, Arabidopsis Biological Resource Center, The Plant Biotechnology Center, The Ohio State University,

Columbus, OH 43210, USA, abrc@arabidopsis.org

**Marcus A. Koch** Heidelberg Institute of Plant Sciences, Biodiversity and Plant Systematics, University of Heidelberg, Heidelberg, Germany, mkoch@hip.uni-hd.de

**Maarten Koornneef** Department of Plant Breeding and Genetics, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, 50829 Cologne, Germany, koornnee@mpipz.mpg.de

**Helmi Kuittinen** Department of Biology and Biocenter, University of Oulu, Oulu FIN-90014, Finland, helmi.kuittinen@oulu.fi

**Yong Pyo Lim** Department of Horticulture, Chungnam National University, Daejeon 305~764, South Korea, yplim@cnu.ac.kr

**Martin A. Lysak** Department of Functional Genomics and Proteomics, Institute of Experimental Biology, Masaryk University, Brno, Czech Republic, lysak@sci.muni.cz

**Sean May** Plant and Crop Sciences Division, Nottingham Arabidopsis Stock Centre, University of Nottingham, Loughborough, LE12 5RD UK, sean@arabidopsis.org.uk

**Klaus F. X. Mayer** MIPS, Institute for Bioinformatics and Systems Biology, Helmholtz Center Munich, 85764 Neuherberg, Germany, k.mayer@helmholtz-muenchen.de

**Jeong-Hwan Mun** Genomics Division, Department of Agricultural Biotechnology, National Academy of Agricultural Science, Suwon 441~707, Korea, munjh@rda.go.kr

**June B. Nasrallah** Department of Plant Biology, Cornell University, Ithaca, NY 4853, USA, jbn2@cornell.edu

**Lars Ø stergaard** John Innes Centre, Norwich, UK, lars.ostergaard@bbsrc.ac.uk

**Beom-Seok Park** Genomics Division, Department of Agricultural Biotechnology, National Academy of Agricultural Science, Suwon 441~707, Korea, pbeom@korea.kr

**Isobel Parkin** Agriculture and Agri-Food Canada, Saskatoon Research Centre, Saskatoon, SK, Canada S7N 0X2, isobel.parkin@agr.gc.ca

**Deepak Pental** Department of Genetics, Centre for Genetic Manipulation of Crop Plants, University of Delhi South Campus, New Delhi 110021, India, dpental@gmail.com

**J. Chris Pires** Division of Biological Sciences, 371 Life Sciences Center, University of Missouri, Columbia, MO 65211, USA, piresjc@missouri.edu

**Akshay K. Pradhan** Department of Genetics, Centre for Genetic Manipulation of Crop Plants, University of Delhi South Campus, New Delhi 110021, India, pradhancgmcp@gmail.com

**Carlos F. Quiros** Department of Plant Sciences, University of California, Davis, CA 95616, USA, cfquiros@ucdavis.edu

**Nirala Ramchiary** Department of Horticulture, Chungnam National University, Daejeon 305~764, South Korea, nrudsc@gmail.com

**Luz Rivero** Department of Plant Cellular and Molecular Biology, Arabidopsis Biological Resource Center, The Plant Biotechnology Center, The Ohio State University, Columbus, OH 43210, USA, abrc@arabidopsis.org

**Outi Savolainen** Department of Biology and Biocenter, University of Oulu, Oulu FIN-90014, Finland, outi.savolainen@oulu.fi

**Dierk Scheel** Department of Stress and Developmental Biology, Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Weinberg 3, 06120 Halle/Saale, Germany, dscheel@ipb-halle.de

**Renate Schmidt** Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), 06466 Gatersleben, Germany, schmidtr@ipk-gatersleben.de

**Randy Scholl** Department of Plant Cellular and Molecular Biology, Arabidopsis Biological Resource Center, The Plant Biotechnology Center, The Ohio State University, Columbus, OH 43210, USA, scholl.1@osu.edu; abrc@arabidopsis.org

**Penny A. C. Sparrow** John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich NR4 7UH, UK, penelope.sparrow@bbsrc.ac.uk

**Pauline Stephenson** John Innes Centre, Norwich, UK, pauline.stephenson@bbsrc.ac.uk

**Matthieu Reymond** Department of Plant Breeding and Genetics, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, 50829 Cologne, Germany; Institut Jean-Pierre Bourgin, UMR1318 INRA-AgroParisTech, INRA Centre de Versailles-Grignon, Route de St-Cyr (RD10), 78026 Versailles Cedex, France, reymond@mpipz.mpg.de

**Günter Theißen** Department of Genetics, Friedrich Schiller University Jena, Jena D-07743, Germany, guenter.theissen@uni-jena.de

**Chris Town J. Craig Venter Institute**, 9704 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA, cdtown@jvci.org

**Martin Trick** Computational and Systems Biology Department, John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich NR4 7UH, UK, martin.trick@bbsrc.ac.uk

**Bekir Ülker** Plant Molecular Engineering Group, IZMB (Institute of Cellular and Molecular Botany), University of Bonn, D-53115 Bonn, Germany, ulker@uni-bonn.de

**Edda von Roepenack-Lahaye** Department of Stress and Developmental Biology, Leibniz Institute of Plant Biochemistry, Weinberg 3, 06120 Halle/Saale, Germany, vonroep@ipb-halle.de

**Yu Wang** MIPS, Institute for Bioinformatics and Systems Biology, Helmholtz Center Munich, 85764 Neuherberg, Germany, yu.wang@helmholtz-muenchen.de

**Suzanne I. Warwick** Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Central Experimental Farm, Ottawa, ON, Canada K1A 0C6, warwicks@agr.gc.ca

**Bernd Weisshaar** Faculty of Biology, Bielefeld University, D-33594, Bielefeld, Germany, bernd.weisshaar@uni-bielefeld.de

**Thomas Wood** John Innes Centre, Norwich, UK, tom.wood@bbsrc.ac.uk

# 目 录

中文版序

译者序

参加翻译者和校对者一览表

前言

作者及其联系方式一览表

第 1 章 十字花科植物的系统发育及其基因组与核型进化 .....	1
1.1 引言 .....	2
1.2 十字花科植物的系统发育学地位和科下物种分类 .....	5
1.3 基因组和染色体的进化 .....	9
参考文献 .....	21
第 2 章 十字花科植物的农业用途 .....	29
2.1 引言 .....	30
2.2 芸薹属作物的物种分类与遗传关系 .....	31
2.3 其他十字花科植物 .....	34
2.4 未充分利用的十字花科作物 .....	36
2.5 十字花科植物:农艺性状和经济性状的宝库 .....	37
2.6 结论 .....	46
参考文献 .....	46
第 3 章 拟南芥基因组的非编码区 .....	62
3.1 前言 .....	63
3.2 顺式元件的简介 .....	63
3.3 核心启动子 .....	66
3.4 近端和远端的启动子 .....	69
3.5 顺式调控元件的检测 .....	70
3.6 顺式元件:结论和展望 .....	78
3.7 拟南芥非编码 RNA 区 .....	79
3.8 长片段非编码 RNA .....	81
3.9 小 RNA .....	81
3.10 非编码 RNA:结论 .....	95
参考文献 .....	96
第 4 章 拟南芥的自然变异 .....	107

4.1	引言 .....	108
4.2	拟南芥的地理分布及种群历史 .....	110
4.3	从遗传和分子水平分析拟南芥的自然变异 .....	111
4.4	适应性的遗传基础:与拟南芥自然变异相关的 QTL .....	113
4.5	适应性的分子基础:与拟南芥自然变异相关的基因 .....	118
4.6	拟南芥遗传信息在芸薹属植物中的应用 .....	120
	参考文献 .....	121
<b>第 5 章</b>	<b>十字花科植物比较基因组定位 .....</b>	<b>132</b>
5.1	引言 .....	133
5.2	比较基因组定位常用术语 .....	134
5.3	比较基因组定位的基础知识 .....	135
5.4	多倍体和种间杂交对芸薹属植物基因组进化的影响 .....	136
5.5	古老六倍体基因组的幽灵 .....	138
5.6	十字花科植物的模式基因组——拟南芥 .....	138
5.7	比较基因组定位在性状分析中的应用 .....	142
5.8	相关物种基因组比较 .....	143
5.9	展望 .....	144
	参考文献 .....	144
<b>第 6 章</b>	<b>十字花科植物序列水平的比较基因组分析 .....</b>	<b>148</b>
6.1	引言 .....	149
6.2	作为参照的拟南芥基因组 .....	150
6.3	拟南芥生态型的比较分析 .....	151
6.4	拟南芥与近缘种的序列比较 .....	152
6.5	拟南芥和芸薹属的序列比较 .....	156
6.6	芸薹属基因组间的序列关系 .....	161
6.7	甘蓝型油菜品种间比较分析 .....	163
6.8	小结 .....	163
	参考文献 .....	164
<b>第 7 章</b>	<b>人工合成多倍体的结构和功能演化 .....</b>	<b>168</b>
7.1	多倍性是开花植物中的普遍现象 .....	169
7.2	十字花科植物古老的全基因组复制 .....	170
7.3	芸薹属和拟南芥的人工合成多倍体 .....	171
7.4	结论及人工合成多倍体的进一步研究 .....	176
	参考文献 .....	177
<b>第 8 章</b>	<b>白菜遗传学 .....</b>	<b>186</b>
8.1	前言 .....	187
8.2	白菜育种和性状遗传 .....	188
8.3	分子标记 .....	188

8.4	比较基因定位和重要性状候选基因的鉴定	209
8.5	结论与展望	210
	参考文献	211
<b>第9章</b>	<b>甘蓝遗传学</b>	220
9.1	甘蓝类作物的重要性	221
9.2	起源、分布和驯化	222
9.3	甘蓝类作物分类学:近群种和细胞同类群	222
9.4	种间与属间杂交	224
9.5	主要甘蓝类作物形态遗传学	224
9.6	花色与过早结实	228
9.7	次级代谢产物:硫代葡萄糖苷和类胡萝卜素	228
9.8	抗病性与抗虫性	231
9.9	染色体数目变异	233
9.10	单倍体与花药/小孢子培养	234
9.11	基因组学工具:标记、遗传图和物理图	234
9.12	芸薹属作物的图谱发展	235
9.13	同线性图谱	236
9.14	基因组学	236
9.15	展望	237
	参考文献	237
<b>第10章</b>	<b>甘蓝型油菜遗传学</b>	245
10.1	甘蓝型油菜的起源与进化	247
10.2	甘蓝型油菜作为油料作物的重要性	248
10.3	甘蓝型油菜遗传学和基因组学工具	249
10.4	甘蓝型油菜重要性状的遗传	254
10.5	结论	262
	参考文献	262
<b>第11章</b>	<b>芥菜遗传学</b>	273
11.1	简介	274
11.2	可利用的变异	275
11.3	芥菜基因组作图	276
11.4	重要性状的遗传学与图谱分析	279
11.5	展望	286
	参考文献	287
<b>第12章</b>	<b>琴叶拟南芥遗传学</b>	292
12.1	引言	292
12.2	系统分类与分布	293
12.3	琴叶拟南芥基因组	295

12.4	琴叶拟南芥的自交不亲和性和近交衰退 .....	295
12.5	交配系统对基因组演化的影响 .....	297
12.6	独立种群内的遗传多样性 .....	298
12.7	间断分布种群高度分化 .....	301
12.8	区域适应性的遗传 .....	303
12.9	琴叶拟南芥在功能和群体基因组学中的应用展望 .....	306
	参考文献 .....	307
<b>第 13 章</b>	<b>芥菜遗传学 .....</b>	<b>314</b>
13.1	引言 .....	315
13.2	物种分化 .....	316
13.3	基因组和染色体进化 .....	317
13.4	表型性状的进化和发育 .....	318
13.5	展望 .....	323
	参考文献 .....	323
<b>第 14 章</b>	<b>十字花科植物自交不亲和性 .....</b>	<b>327</b>
14.1	引言 .....	328
14.2	自交不亲和性的遗传 .....	329
14.3	“自我”花粉的识别与抑制机制 .....	329
14.4	S 单倍型结构、抑制重组与多样化 .....	336
14.5	十字花科植物交配类型多态性:SI 的丧失及从异交到自交模式的转变 .....	338
14.6	展望 .....	341
	参考文献 .....	341
<b>第 15 章</b>	<b>白菜基因组测序 .....</b>	<b>347</b>
15.1	白菜——芸薹属 A 基因组的代表 .....	348
15.2	白菜的基因组结构 .....	349
15.3	白菜的基因组资源 .....	352
15.4	基因组测序的进展 .....	358
15.5	展望 .....	363
	参考文献 .....	364
<b>第 16 章</b>	<b>种质和分子资源 .....</b>	<b>366</b>
16.1	引言 .....	368
16.2	种质资源 .....	369
16.3	分子资源 .....	379
16.4	结论 .....	389
	参考文献 .....	389
<b>第 17 章</b>	<b>代谢组学资源 .....</b>	<b>391</b>
17.1	引言 .....	392
17.2	UPLC/ESI-QTOF-MS 技术在半极性代谢物非靶向轮廓分析中的应用 .....	393



17.3 适于 LC/API-MS 轮廓分析方法的化合物类型 .....	406
17.4 结论与展望 .....	412
参考文献 .....	412
<b>第 18 章 十字花科植物遗传转化技术 .....</b>	<b>420</b>
18.1 引言 .....	421
18.2 农杆菌转化法 .....	422
18.3 直接吸收转化法 .....	425
18.4 叶绿体转化法 .....	425
18.5 菌株和质粒 .....	425
18.6 植物再生 .....	426
18.7 玻璃化和组织坏死;乙烯抑制剂的使用 .....	428
18.8 整株浸花转化法与微注射法 .....	428
18.9 转基因后代的选择 .....	429
18.10 以遗传转化技术作为研究工具——研究拟南芥与芸薹属植物关系 .....	430
18.11 结束语 .....	430
参考文献 .....	431
<b>第 19 章 拟南芥反向遗传学研究资源 .....</b>	<b>439</b>
19.1 引言 .....	441
19.2 基因功能分析 .....	441
19.3 展望 .....	460
参考文献 .....	460
<b>第 20 章 芸薹属植物反向遗传学研究法 .....</b>	<b>468</b>
20.1 引言 .....	469
20.2 TILLING .....	469
20.3 RNA 干扰 .....	474
20.4 结束语 .....	483
参考文献 .....	483
<b>第 21 章 拟南芥的生物信息资源 .....</b>	<b>488</b>
21.1 拟南芥的背景介绍 .....	488
21.2 基因组浏览器 .....	489
21.3 转录组学数据 .....	491
21.4 基因和蛋白质分析资源 .....	492
21.5 基因互作及生化途径 .....	494
21.6 小 RNA 数据库 .....	495
21.7 代谢组学数据库 .....	495
21.8 不同类型数据的整合 .....	496
参考文献 .....	496
<b>第 22 章 芸薹属植物的生物信息学资源 .....</b>	<b>498</b>