

基于两个陆地棉低世代群体定位纤维品质相关 QTL

郭晓豪^{1,2}, 王寒涛², 魏鑫², 张晶晶², 付小康², 马亮², 魏恒玲², 喻树迅^{1,2*}

(1. 河南科技学院, 河南 新乡 453000; 2. 中国农业科学院棉花研究所 / 棉花生物学国家重点实验室, 河南 安阳 455000)

摘要:【目的】定位棉花纤维品质性状相关的数量性状位点(Quantitative trait locus, QTL)。【方法】以陆地棉高强纤维品系中棉所 679 和纤维品质一般的农垦 5 号为亲本构建包含 200 个单株的 F_2 群体及对应的 $F_{2.3}$ 家系群体, 对 2 个群体的纤维长度、断裂比强度等 5 个纤维品质性状进行检测。用 6 688 对简单重复序列(Simple sequence repeat, SSR)引物在双亲间筛选, 得到 149 对多态性引物, 以 F_2 为作图群体, 使用 QTL IciMapping 软件进行连锁图谱构建, 并对 F_2 及 $F_{2.3}$ 群体进行 QTL 定位。【结果】根据 F_2 群体基因型信息构建了 1 张包含 119 个标记、28 个连锁群、总长为 1 173.5 cM(centiMorgan)的遗传连锁图谱。分别在 F_2 、 $F_{2.3}$ 群体中检测到 9 个和 11 个与纤维品质性状相关的 QTLs, 这些 QTLs 分布在 11 个连锁群上。其中 F_2 群体的 $qFL-D11-1$ 、 $qBT-D11-1$ 与 $F_{2.3}$ 群体的 $qFL-D11-1$ 、 $qMIC-D11-1$ 均定位在标记 DPL0062 与 HAU0423 之间, 推测这些位点可能是控制纤维品质性状的重要 QTL。【结论】利用多个群体进行 QTL 定位有益于发现稳定的 QTL 位点, 控制纤维品质性状的基因可能成簇存在, 为挖掘纤维品质性状相关基因及分子标记辅助育种奠定基础。

关键词: 陆地棉; 纤维品质; SSR; 连锁图谱; QTL

QTL mapping of fiber quality traits in two lower generation populations of upland cotton

Guo Xiaohao^{1, 2}, Wang Hantao², Wei Xin², Zhang Jingjing², Fu Xiaokang², Ma Liang², Wei Hengling², Yu Shuxun^{1, 2*}

(1. Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang, Henan 453000, China; 2. State Key Laboratory of Cotton Biology / Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang, Henan 455000, China)

Abstract: [Objective] The purpose of this study is to map quantitative trait loci (QTL) related to fiber quality traits in upland cotton. [Method] Using CCRI 679 with high-quality fiber and Nongken 5 as parents, we constructed a F_2 population with 200 individual plants and the corresponding $F_{2.3}$ population, and five fiber quality traits of the two populations were tested. We used 6 688 pairs of SSR (Simple sequence repeat) to screen between the two parents, and 149 polymorphic primers were obtained. The linkage map of F_2 genotype data and QTL mapping of F_2 and $F_{2.3}$ populations were carried out using the QTL IciMapping software. [Result] A genetic linkage map including 119 markers, 28 linkage groups and a total length of 1 173.5 cM (centiMorgan) was constructed. Nine and eleven QTLs related to fiber quality traits were detected in F_2 and $F_{2.3}$ population, respectively. These QTLs were distributed in 11 linkage groups. Among them, $qFL-D11-1$ and $qBT-D11-1$ of F_2 population and $qFL-D11-1$ and $qMIC-D11-1$ of $F_{2.3}$ population were all located between DPL0062 and HAU0423. It was speculated that these loci may be important QTLs controlling fiber quality traits. [Conclusion] Using multiple generations to map QTL is helpful to obtain stable QTL loci, and the genes controlling fiber quality traits may exist in clusters, and these QTLs will lay a foundation for mining fiber quality related genes and molecular marker-assisted breeding.

Keywords: upland cotton; fiber quality; SSR; linkage map; QTL

棉花是主要的天然纤维作物, 每年世界棉花纤维消费量约为 2700 万 t^[1], 其中陆地棉是种植面积最广, 具有产量高、适应性强的优点, 占世界棉花产量的 95% 以上 (<http://www.cotton.org/>)。近

年来, 纺织技术的不断革新和人民生活的不提高对纤维品质提出了更高的要求, 优质育种显得尤为重要^[2-4]。因此, 在保持高产的基础上, 培育高纤维品质的陆地棉品种是摆在育种家面前的重

收稿日期: 2019-12-06 第一作者简介: 郭晓豪(1992—), 男, 硕士, 864214693@qq.com。* 通信作者: yu@cicaas.com.cn

基金项目: 国家现代农业产业技术体系棉花产业技术体系(CARS-15-06); 中国农业科学院科技创新工程

要课题。

纤维品质性状受微效多基因控制,是典型的数量性状,传统的表型选择在棉花的遗传改良中发挥了积极作用。随着生物技术的发展,通过分子标记辅助育种可从分子水平上选择目标基因,进而实现目标性状的改良^[5-9]。在棉花纤维品质性状的 QTL(Quantitative trait locus, 数量性状位点)定位上,前人已经开展了较多的研究:伊海法^[10]采用优质母本和高产父本构建 F_2 和 F_{23} 群体,利用 SSR(Simple sequence repeat, 简单重复序列)标记进行 QTL 定位,检测到 35 个与纤维品质相关的 QTLs;乔文青等^[11]利用纤维品质差异显著的陆地棉亲本构建 F_2 群体及 F_{23} 群体,以已有的遗传图谱为基础定位到 157 个与纤维品质有关的 QTLs;Fang 等^[12]利用陆地棉重组自交系群体构建分子标记连锁图,将纤维强度基因定位到 62.6 kb 区间内。这些 QTLs 的发现将为后续的育种工作提供重要的参考。

目前,关于纤维品质 QTL 定位的报道不少,定位到的 QTLs 很多,但是借助这些 QTLs 开展精细定位仍存在一定的困难,原因在于很少获得稳定的 QTLs 区段。因此,仍然需要在精细定位上做补充,以及就如何获得更多更稳定的 QTLs 进行探索。

本研究利用陆地棉高强纤维品系中棉所 679 与农垦 5 号构建 F_2 和 F_{23} 群体,采用双亲间 149 对多态性 SSR 引物对 F_2 群体进行基因分型,根据基因型信息,使用 QTL IciMapping 软件构建连锁图谱,并对纤维长度(Fiber length, FL)、长度整齐度指数(Uniformity index, UI)、断裂比强度(Breaking tenacity, BT)、马克隆值(Micronaire, MIC)和断裂伸长率(Breaking elongation, BE)共 5 个纤维品质性状进行 QTL 定位。

1 材料与方法

1.1 亲本与群体构建

以高品质陆地棉品种中棉所 679(简称 CCRI 679)与低品质材料农垦 5 号(Nongken 5, 简称 NK-5)为亲本,于 2016 年夏天在中国农业科学院棉花研究所老所部试验地(河南省安阳县)配制杂交组合,同年冬天在海南自交加代,2017 年 4

月在老所部试验地播种亲本及 F_2 群体。随机挑选 200 个 F_2 单株在现蕾期取幼叶样品,于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存。7 月份开花期每个单株做 20 个自交铃,10 月轧花收种保存。2018 年 4 月在东场部试验地种植 F_{23} 家系,每个家系种 1 行,2 个重复。所有群体均设置 4 m 行长,0.8 m 行距,0.25 m 株距。田间管理与大田生产相同。

1.2 表型检测

F_2 自交铃按单株收获, F_{23} 群体每行随机挑选 20 铃收获,并分别考种,纤维样品送原农业部棉花品质监督检验测试中心(河南安阳)检测纤维品质,包括前述的 5 项指标。

1.3 基因型检测

双亲及 F_2 单株的 DNA 提取采用改良的 CTAB(Cetyltrimethylammonium bromide, 十六烷基三甲基溴化铵)法^[13]。利用 6 688 对 SSR 引物在双亲间进行多态性分析,共得到 149 对清晰易辨的多态性引物,用这些多态性引物在 F_2 群体间鉴定个体的基因型。聚合酶链式反应(Polymerase chain reaction, PCR)体系与检测方法参照张军等^[14]的方法。 F_2 与 F_{23} 家系均基于 F_2 基因型进行 QTL 定位。

1.4 数据分析

使用 IBM SPSS 21.0 软件对 F_2 及 F_{23} 群体表型信息进行描述性统计分析。使用 QTL IciMapping 4.1 软件^[15]分析标记的偏分离情况、根据 F_2 基因型数据绘制连锁图谱、根据图谱信息和表型数据进行 QTL 定位。在冗余标记分析中,设置缺失率为 50%(缺失率高于 50%的标记将被删除),偏分离的阈值设置为 0.01(偏分离检验中阈值低于 0.01 的标记将被删除),选择删除 BIN 标记(当多个标记的基因型信息完全一致时,保留 1 个标记,删除冗余标记);连锁图谱构建中,设置连锁系数为 4.0。QTL 定位采用加性-完备区间作图法(Inclusive composite interval mapping-additive mapping, ICIM-ADD),设置似然比对数(Logarithm of odds, LOD)为 2.5^[16]。 F_{23} 群体定位以 F_2 基因型为基础,以 F_{23} 家系 2 个重复表型的平均值(如无特殊说明,后文中对 F_{23} 性状的描述与分析均指 2 个重复的平均值)做 QTL 定位^[17-19],软件及方法与 F_2 相同。

2 结果与分析

2.1 表型数据分析

F₂ 及 F₂₃ 群体纤维品质性状的描述性统计见表 1。以均值分析,2 个群体在长度整齐度指数和马克隆值上无明显差异,而在纤维长度、断裂比强度和断裂伸长率上存在一定差异。相比 F₂ 群体,F₂₃ 群体纤维长度增加了 1.14 mm,增幅为 4.02%;断裂比强度增加了 2.16 cN·tex⁻¹,增幅为 7.06%;断裂伸长率降低了 0.99 百分点。F₂₃ 群体在纤维长度、长度整齐度指数、断裂比强度、马克隆值的方差均小于 F₂ 群体,表现出一定的稳定性。为了进一步了解这些性状的分布情况,对 2 个群体的所有性状绘制了直方图(图 1)。在分布上,除了 F₂ 马克隆值与 F₂₃ 断裂伸长率,其余性状的偏度均在-0.5~0.5,说明基本服从正态分布,F₂ 马克隆值与 F₂₃ 断裂伸长率呈现一定程度的偏态分布,这可能与受到数量性状主效显性基因的影响有关。

2.2 连锁图谱构建

利用 6 688 对 SSR 引物鉴定双亲之间的多态性,共得到 149 对多态性引物,多态性比例为 2.23%。通过对 F₂ 群体的基因型检测,得到了 200 个单株的 149 个多态性位点的基因型数据。

在绘制连锁图谱前,使用 QTL IciMapping 软件的 BIN 功能,对这些标记做进一步筛选:淘汰基因型数据完全相同的重复标记和偏分离标记。通过 BIN 功能,共删除 11 个冗余标记,8 个偏分离标记。以 130 对多态性标记构建连锁图谱,最终得到包含 119 个标记、28 个连锁群、总长为 1 173.5 cM(centiMorgan)的遗传连锁图谱。其中,最大的连锁群全长为 153.2 cM,包含 14 个标记;最小的连锁群长为 3.3 cM,包含 2 个标记;平均每个连锁群包含 4.25 个标记,标记间平均距离 9.86 cM。

2.3 QTL 定位与分析

根据连锁图谱对 F₂ 和 F₂₃ 群体的 5 个纤维品质性状做 QTL 定位。其中,F₂ 群体共检测到 9 个 QTLs,F₂₃ 群体共检测到 11 个 QTLs,这些 QTLs 分布在 11 个连锁群上(表 2 和图 2)。根据 Cotton FGD(<http://www.cottonfgd.org/>)网站收录的标记信息以及将标记序列与参考基因组对比的结果,其中 6 个连锁群分别锚定到 A02、A05、A09、D04、D09 与 D11 上;3 个连锁群确定了染色体编号但无法区分 A、D 亚组:LG1 无法确定在 A12 或 D12 上,LG2 无法确定在 A08 或 D08 上,LG3 无法确定在 A10 或者 D10 上;2 个连锁群 LG4 与 LG5 未能锚定到染色体。

表 1 F₂ 及 F₂₃ 群体纤维品质性状的描述性统计
Table 1 Descriptive statistic characteristics of fiber quality traits in F₂ and F₂₃ populations

性状 Trait	亲本 Parents		群体 Population	均值 Mean	极大值 Maximum	极小值 Minimum	极差 Range	方差 Variance	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
	CCRI679	NK-5								
纤维长度 FL /mm	33.2	23.2	F ₂	28.34	33.40	23.60	9.80	3.28	0.17	-0.11
			F ₂₃	29.48	33.80	24.55	9.25	3.23	0.08	-0.49
长度整齐度指数 UI /%	85.3	81.0	F ₂	84.78	88.00	81.20	6.80	1.64	-0.25	-0.31
			F ₂₃	85.07	87.60	81.20	6.40	1.23	-0.33	0.40
断裂比强度 BT /(cN·tex ⁻¹)	35.7	23.7	F ₂	30.57	38.80	22.10	16.70	7.73	-0.15	0.29
			F ₂₃	32.73	39.30	27.25	12.05	3.92	0.04	0.23
马克隆值 MIC	5.4	5.0	F ₂	4.96	6.30	3.00	3.30	0.34	-0.98	1.27
			F ₂₃	4.97	5.95	4.10	1.85	0.13	-0.09	-0.28
断裂伸长率 BE /%	7.0	6.2	F ₂	6.71	7.00	6.20	0.80	0.02	-0.46	0.97
			F ₂₃	5.72	7.30	4.90	2.40	0.18	0.69	0.76

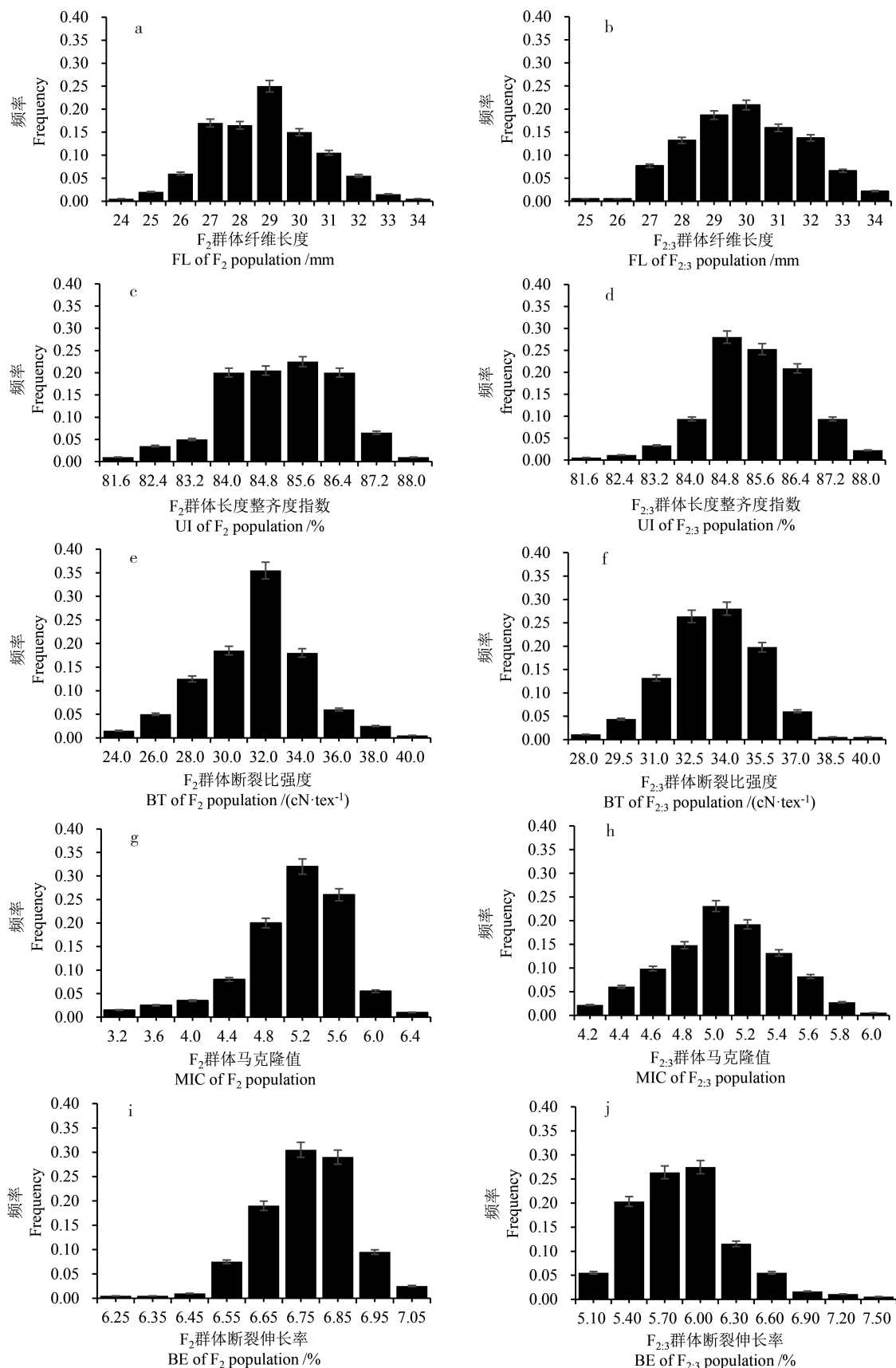
图 1 F₂ 及 F_{2.3} 群体纤维品质性状的分布Fig. 1 The distribution of fiber quality traits in the F₂ and F_{2.3} population

表 2 F₂ 及 F₂₃ 群体纤维品质相关 QTL 的定位
Table 2 Mapping of QTLs related to fiber quality in F₂ and F₂₃ populations

性状 Trait	QTL	群体 Popula- tion	LOD	标记区间 Flanking marker	标记间距 Maker space /cM	加性效应 Additive effect	解释表型变异率 Phenotypic variation explained /%
纤维长度 FL /mm	<i>qFL-A02-1</i>	F ₂	2.64	BNL3545-NAU3903	6.2	0.504 4	6.074 6
	<i>qFL-D11-1</i>	F ₂	3.43	DPL0062-HAU0423	7.3	0.675 7	7.845 5
	<i>qFL-D11-1</i>	F ₂₃	4.37	DPL0062-HAU0423	7.3	0.713 1	9.795 8
	<i>qFL-L5-1</i>	F ₂₃	3.06	CGR5667-NAU3557	26.0	0.657 4	6.743 2
长度整齐度指数 UI /%	<i>qUI-A05-1</i>	F ₂₃	4.84	NAU6611-BNL3977	16.5	0.168 9	9.013 3
	<i>qUI-D04-1</i>	F ₂₃	3.93	Gh322-NAU5046	3.0	−0.021 2	6.904 5
	<i>qUI-D09-1</i>	F ₂	2.78	CGR6692-NAU3915	2.9	0.462 0	6.394 4
	<i>qUI-D11-1</i>	F ₂₃	2.82	Gh377-CGR5503	3.9	0.380 3	4.829 7
	<i>qUI-L2-1</i>	F ₂₃	3.20	NAU5129-Gh325	48.7	−0.458 5	7.652 8
断裂比强度 BT /(cN·tex ^{−1})	<i>qBT-A02-1</i>	F ₂	2.64	BNL3545-NAU3903	6.2	0.720 2	5.473 9
	<i>qBT-D09-1</i>	F ₂	3.63	CGR6692-NAU3915	2.9	1.084 0	8.065 3
	<i>qBT-D11-1</i>	F ₂	3.17	DPL0062-HAU0423	7.3	0.986 9	7.597 0
马克隆值 MIC	<i>qMIC-D11-1</i>	F ₂	3.47	BNL3171-BNL3860	55.7	−0.407 4	4.818 3
	<i>qMIC-D11-1</i>	F ₂₃	4.43	DPL0062-HAU0423	7.3	−0.139 8	10.311 7
	<i>qMIC-L2-1</i>	F ₂₃	2.86	NAU2306-NAU5129	21.1	0.113 3	7.797 3
	<i>qMIC-L3-1</i>	F ₂	2.82	DPL0135-DPL0319	40.9	0.303 2	3.814 6
断裂伸长率 BE /%	<i>qBE-A02-1</i>	F ₂	2.67	BNL3545-NAU3903	6.2	0.040 3	7.133 5
	<i>qBE-A09-1</i>	F ₂₃	3.62	Gh111-NAU4093	7.5	−0.154 9	7.420 2
	<i>qBE-L1-1</i>	F ₂₃	3.89	NAU1298-BNL1227	9.1	−0.164 3	7.913 9
	<i>qBE-L4-1</i>	F ₂₃	3.94	Gh638-NAU1042	28.9	−0.148 7	8.784 9

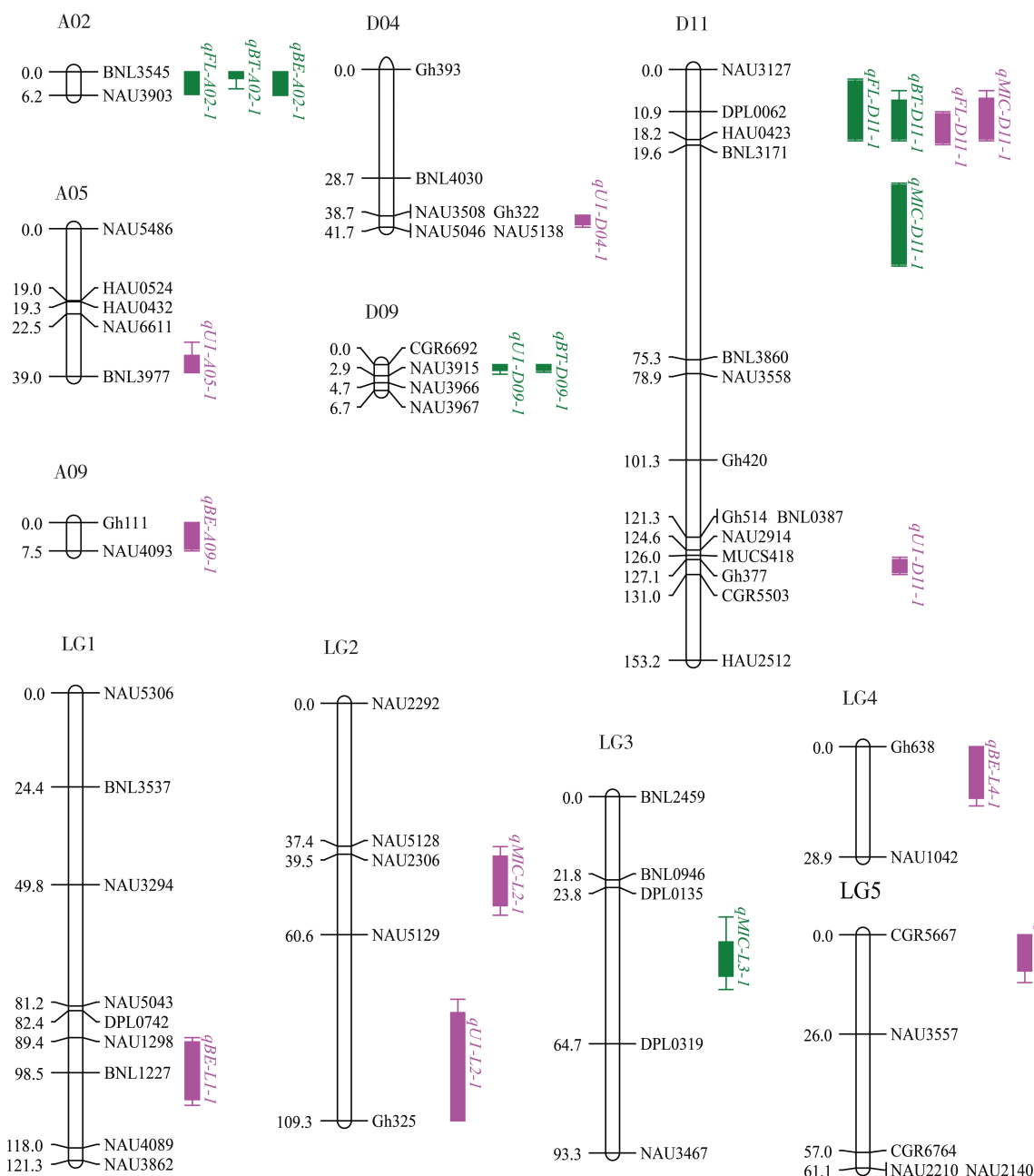
注：加性效应为正值表示增效等位基因来自亲本 CCRI 679, 负值表示增效等位基因来自亲本农垦 5 号。

Note: A positive additive effect indicates that the synergistic allele comes from the parent CCRI 679, while a negative value indicates that the synergistic allele comes from the parent Nongken 5.

共检测到 3 个与纤维长度相关的 QTLs, 分布在 3 个连锁群, 解释了 6.074 6%~9.795 8% 的表型变异。这些 QTLs 的增效基因均来自中棉所 679, 这与中棉所 679 作为高纤维长度亲本相吻合。其中, *qFL-D11-1* 在 F₂ 群体与 F₂₃ 群体中均能检测到, 是本研究中仅有的同一性状在 2 个群体中定位到同一区段的 QTL。除了纤维长度外, F₂ 中断裂比强度相关 QTL (*qBT-D11-1*) 和 F₂₃ 中马克隆值相关 QTL (*qMIC-D11-1*) 也定位到了该区段。为了进一步了解该区段标记在 D11 染色体上

的物理位置信息, 对 4 个紧密连锁的标记 NAU3127、DPL0062、HAU0423、BNL3171 在参考基因组进行比对, 发现其位置顺序与遗传图谱相一致, 再次验证了该区段内标记遗传位置的可靠性。

共检测到 5 个与长度整齐度指数相关的 QTLs, 其中 F₂ 群体中检测到 1 个, F₂₃ 群体中检测到 4 个。5 个 QTLs 分布在 5 个不同的连锁群, 解释了 4.829 7%~9.013 3% 表型变异, *qUI-A05-1* 解释表型变异率最大, 其加性效应值为 0.168 9。



F_2 群体检测到的 QTLs 以绿色区段表示, F_{23} 群体检测到的 QTLs 以紫色区段表示。

QTLs from F_2 population are shown with green color, and QTLs of F_{23} are shown with purple color.

图 2 连锁图谱构建与 QTL 定位

Fig. 2 Linkage map construction and QTL mapping

在 5 个 QTLs 中, F_{23} 群体的 *qUI-D04-1* 和 *qUI-L2-1* 的增效基因来自亲本农垦 5 号, 其余则来自中棉所 679。

共检测到 3 个与断裂比强度相关的 QTLs, 3 个 QTLs 均来自 F_2 群体, 分布在 3 个不同的连锁群。这些 QTLs 解释了 5.473 9%~8.065 3% 的表型变异, 其中 *qBT-D09-1* 解释的表型变异率最大, 其加性效应值为 1.084 0。3 个断裂比强度相

关的 QTLs 的增效基因均来自于亲本中棉所 679, 这与中棉所 679 作为高纤维强度亲本相吻合。

共检测到 4 个与马克隆值相关的 QTLs, 其中 2 个来自 F_2 群体, 2 个来自 F_{23} 群体。4 个 QTLs 分布在 3 个连锁群, 解释了 3.814 6%~10.311 7% 表型变异, 其中来自 F_{23} 群体的 *qMIC-D11-1* 解释的表型变异率最大, 其加性效应值为 -0.139 8。4 个 QTLs 中, F_2 群体的

qMIC-D11-1 与 $F_{2.3}$ 群体的 *qMIC-D11-1* 的增效基因来自于亲本农垦 5 号,其余来自中棉所 679。

共检测到 4 个与断裂伸长率相关的 QTLs,其中 1 个来自 F_2 群体,3 个来自 $F_{2.3}$ 群体。4 个 QTLs 分布在 4 个不同的连锁群,解释了 7.133 5%~8.784 9% 的表型变异,其中来自 $F_{2.3}$ 群体的 *qBE-L4-1* 解释的表型变异率最大,其加性效应值为 -0.148 7。4 个 QTLs 中,只有 F_2 群体的 *qBE-A02-1* 的增效基因来自亲本中棉所 679,其余来自农垦 5 号。

3 讨论

3.1 QTL 位点的稳定性

对比前人研究,在李超^[20]等陆海杂交群体的纤维品质定位中,2 个与本研究共有的标记 NAU5046 与 NAU5128 分别被定位到 D04 与 D08 染色体上;Wang 等^[21]利用陆地棉 RIL 群体在标记 NAU3127 和 DPL0062 间鉴定到了 1 个纤维长度 QTL 和 1 个马克隆值 QTL。本研究也在这 2 个标记间鉴定到了这 2 个纤维品质性状相关 QTLs,且纤维长度 QTL 在 F_2 和 $F_{2.3}$ 群体中均能检测到,再次验证了 NAU3127 和 BNL3171 间 QTLs 的可靠性。其余 QTLs 未见前人报道。不同研究中定位到的 QTLs 存在难以相互借鉴的现象。一方面在于目前已经开发的分子标记种类繁多且数量巨大,单一研究中用到的分子标记数量有限;其二是不同亲本、不同环境对 QTL 定位影响较大;其三在于不同研究中连锁图谱覆盖基因组的比例和位置不同,由此鉴定出 QTLs 区段也不同。

3.2 QTL 成簇分布

多个不同性状或者不同世代的同一性状定位到同一个标记区间内,说明可能存在基因连锁或者一因多效的现象。这种现象在不同作物、不同群体、不同环境中均有存在。杨继龙等^[22]在棉花早熟和纤维品质的研究中检测到 5 个与标记 CGR6764a 连锁的 QTLs,这些 QTLs 与 4 个性状相关,另外在连锁群 LG2 的 NAU5189 和 NAU3377b 之间检测到 4 个控制不同性状的 QTLs;李帅阳等^[23]在纤维品质研究中发现 7 个 QTLs 聚集在 LG17 上 32 cM 内,6 个 QTLs 聚集

在 LG52 上 23 cM 内。本研究也发现了 QTL 成簇分布的现象,尤其是在 F_2 群体定位到的 9 个 QTLs,有 7 个成簇存在,其中 *qFL-A02-1*、*qBT-A02-1* 和 *qBE-A02-1* 聚集在标记 BNL3545、NAU3903 之间,*qUI-D09-1* 和 *qBT-D09-1* 聚集在标记 CGR6692、NAU3915 之间,*qFL-D11-1* 和 *qBT-D11-1* 聚集在标记 DPL0062、HAU0423 之间。

3.3 多态性标记的数量

本试验从 6 688 对 SSR 引物中得到了 149 对多态性标记,多态率为 2.23%,低于陆地棉种内一般为 4.13%~7.9% 的多态性水平^[24-25]。锚定在连锁图谱上的多态性标记也偏少,为 119 个,这可能与筛选多态性标记时采取了严苛的质量控制有关,淘汰了大量清晰度较低、基因型缺失较多的标记。另外,在筛选到的 149 对多态性标记中,删除了 11 个群体基因型相同的标记和 8 个偏分离标记。群体基因型信息完全相同的标记可能受到连锁累赘的影响,导致区段内没有交换单株存在。连锁图谱构建中经常出现偏分离标记,偏分离影响标记的重组值及排列顺序^[26-28],进而影响 QTL 定位的结果。本试验为规避这一影响构图前去除偏分离标记。

3.4 标记在染色体上的分布

在本试验中有 3 个连锁群确定了染色体编号,但难以区分是在哪个亚组,还有 2 个连锁群未能锚定到染色体。原因在于这些连锁群中的 SSR 标记在参考基因组序列的 2 个亚组间均有发现,甚至有些标记不仅出现在不同亚组间,还出现在了不同染色体上,因此,辨识这些标记的染色体位置便变得非常困难。这也再次说明了 A、D 亚组间的部分同源性,不同染色体间的 DNA 序列也存在一定的相似性。这种相似性增加了区分标记位置的难度,也给将连锁图谱与物理图谱相结合的研究方法带来了困难。因此,如何能在保证拥有足够多态性标记的基础上,使用专一性更强的标记,将是解决连锁图谱与物理图谱难以建立联系的关键。

4 结论

本研究利用 F_2 与 $F_{2.3}$ 群体定位纤维品质形状 QTL,从 6 688 对 SSR 引物中得到了 149 对多

态性标记,通过对标记的进一步筛选,构建了包含 28 个连锁群、119 个标记、总长为 1 173.5 cM 的遗传连锁图谱。根据连锁图谱进行 QTL 定位,共得到 20 个 QTLs,其中在 F_2 群体中得到 9 个 QTLs,在 $F_{2.3}$ 群体中得到 11 个 QTLs。其中,*qFL-D11-1* 在 2 个世代中均能检测到。发现存在多个 QTLs 聚集在同一标记区间的现象,说明控制不同性状的 QTL 可能成簇存在。利用多世代群体进行 QTL 定位有助于发现稳定可靠的 QTL 位点。该研究将为以后挖掘纤维品质性状相关基因及分子标记辅助育种奠定基础。

参考文献:

- [1] Chen Z J, Scheffler B E, Dennis E, et al. Toward sequencing cotton (*Gossypium*) genomes[J]. *Plant Physiology*, 2007, 145 (4): 1303-1310. DOI: 10.1104/pp.107.107672.
- [2] 邵千顺. 利用 3 个陆地棉群体定位纤维品质 QTL[D]. 重庆: 西南大学, 2013.
Shao Qianshun. Identifying QTL for fiber quality traits with three upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) populations[D]. Chongqing: Southwest University, 2013.
- [3] 张茂启, 陈全家, 苏秀娟, 等. 5 个纤维品质性状在棉花海陆杂交群体中的 QTL 定位研究[J]. *西北农业学报*, 2015, 24(11): 64-71. DOI: 10.7606/j.issn.1004-1389.2015.11.011.
Zhang Maoqi, Chen Quanjia, Su Xiujuan, et al. QTL mapping of five fiber quality traits in cotton sea-land hybrid population[J]. *Journal of Northwest Agriculture*, 2015, 24(11): 64-71.
- [4] 叶泗洪, 吴德祥, 路曦结, 等. 棉花纤维品质 QTL 定位研究进展[J]. *棉花科学*, 2017, 39(1): 2-6. DOI: 10.3969/j.issn.2095-3143.2017.01.001.
Ye Sihong, Wu Dexiang, Lu Xijie, et al. Advances in QTL localization of cotton fiber quality[J]. *Cotton Sciences*, 2017, 39(1): 2-6.
- [5] 秦永生, 刘任重, 梅鸿献, 等. 陆地棉产量相关性状的 QTL 定位[J]. *作物学报*, 2009, 35(10): 1812-1821. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.01812.
Qin Yongsheng, Liu Renzhong, Mei Hongxian, et al. QTL mapping of yield related characters in upland cotton[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(10): 1812-1821.
- [6] 郑凤敏. 陆地棉 F_2 与 $F_{2.7}$ 重组近交系群体图谱比较[D]. 重庆: 西南大学, 2010.
Zheng Fengmin. Comparison of population map of recombinant inbred lines of upland cotton F_2 and $F_{2.7}$ [D]. Chongqing: Southwest University, 2010.
- [7] 王启会, 李怀芹, 朱新宇, 等. 棉花数量性状基因定位研究进展[J]. *生命科学*, 2011, 23(5): 511-518. DOI: 10.13376/j.cbls/2011.05.011.
Wang Qihui, Li Huaqin, Zhu Xinyu, et al. Advances in gene mapping of quantitative traits in cotton[J]. *Chinese Bulletin of Life Sciences*, 2011, 23(5): 511-518.
- [8] 苏成付, 邱新棉, 李付振, 等. 棉花 QTL 定位原理、方法和研究进展[J]. *中国棉花*, 2012, 39(8): 6-10. DOI: 10.3969/j.issn.1000-632X.2012.08.002.
Su Chengfu, Qiu Xinmian, Li Fuzhen, et al. Principle, method and research progress of QTL localization in cotton[J]. *China Cotton*, 2012, 39(8): 6-10.
- [9] 马麒, 宿俊吉, 陈红, 等. 棉花分子标记育种技术研究进展[J]. *广东农业科学*, 2014, 41(2): 138-143. DOI: 10.3969/j.issn.1004-874X.2014.02.033.
Ma Qi, Su Junji, Chen Hong, et al. Advances in cotton molecular marker breeding[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2014, 41 (2): 138-143.
- [10] 伊海法. 棉花产量和纤维品质性状 QTL 定位[D]. 泰安: 山东农业大学, 2014. DOI: 10.7666/d.Y2587802.
Yi Haifa. QTL mapping of yield and fiber quality traits in Cotton[D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2014.
- [11] 乔文青, 严根土, 石建斌, 等. 陆地棉低世代群体纤维品质 QTL 定位及候选基因功能注释[J]. *棉花学报*, 2019, 31(4): 282-296. DOI: 10.11963/1002-7807.qwqh.20190530.
Qiao Wenqing, Yan Gentu, Shi Jianbin, et al. QTL Mapping of fiber quality and functional annotation of candidate genes in low generation population of upland cotton[J]. *Cotton Science*, 2019, 31(4): 282-296.
- [12] Fang X M, Liu X Y, Wang X Q, et al. Fine-mapping qFS07.1 controlling fiber strength in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130 (4): 795-806. DOI: 10.1007/s00122-017-2852-1.
- [13] Paterson A H, Brubaker C L, Wendel J F, et al. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis[J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1993, 11(2): 122-127. DOI: 10.1007/BF02670470.
- [14] 张军, 武耀廷, 郭旺珍, 等. 棉花微卫星标记的 PAGE 银染快速检测[J]. *棉花学报*, 2000, 12(5): 267-269. DOI: 10.3969/j.issn.1002-7807.2000.05.012.
Zhang Jun, Wu Yaoting, Guo Wangzhen, et al. Fast screening of microsatellite markers in cotton with PAGE/silver staining [J]. *Cotton Science*, 2000, 12(5): 267-269.
- [15] Lei Meng, Huihui Li, Luyan Zhang, et al. QTL IciMapping: Integrated software for genetic linkage map construction and quantitative trait locus mapping in biparental populations [J]. *The Crop Journal*, 2015, 3(3): 269-283. DOI: 10.1016/j.cj.2015.01.001.
- [16] Lander E S, Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying

- quantitative traits using RFLP linkage maps[J]. *Genetics*, 1989, 121(1): 185-199. DOI: 10.1007/BF00121515.
- [17] 周坤华, 雷刚, 方荣, 等. 利用辣椒种间 F_2 和 $F_{2.3}$ 两个群体进行其主要农艺性状 QTL 分析[J]. *园艺学报*, 2015, 42(5): 879-889. DOI: 10.16420/j.issn.0513-353x.2014-0966.
- Zhou Kunhua, Lei Gang, Fang Rong, et al. QTL analysis of main agronomic characters was carried out by using two populations of *capsicum* interspecific F_2 and $F_{2.3}$ [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2015, 42(5): 879-889.
- [18] 赵娜. 甘蓝型油菜抗寒生理特性及相关性状的 QTL 定位[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- Zhao Na. QTL Mapping of cold resistance physiological characteristics and related characters in *Brassica napus*[D]. Yangling: Northwest University of Agriculture and Forestry Science and Technology, 2017.
- [19] 张瑶尧. 利用 $F_{2.3}$ 家系定位小麦苗期耐盐相关的 QTL[D]. 呼和浩特: 内蒙古师范大学, 2019.
- Zhang Yaoyao. The QTL related to salt tolerance in wheat at seedling stage was located by $F_{2.3}$ family[D]. Huhhot: Inner Mongolia normal University, 2019.
- [20] 李超, 李志坤, 谷淇深, 等. 海岛棉 CSSLs 分子评价及纤维品质、产量性状 QTL 定位[J]. *作物学报*, 2018, 44(8): 1114-1126. DOI: 10.3724/SP.J.1006.2018.01114.
- Li Chao, Li Zhikun, Gu Qishen, et al. Molecular evaluation for chromosome segment substitution lines of *Gossypium barbadense* and QTL mapping for fiber quality and yield[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(8): 1114-1126.
- [21] Wang Hantao, Huang Cong, Guo Huanle, et al. QTL mapping for fiber and yield traits in upland cotton under multiple environments[J/OL]. *PLoS One*, 2015, 10(6): e0130742 (2015-06-25) [2019-12-06]. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0130742>.
- [22] 杨继龙. 利用 RILs 进行棉花早熟和纤维品质性状的 QTL 定位研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2013. DOI: 10.7666/d.Y2393970.
- Yang Jilong. QTL location of earliness and fiber quality in cotton using RILs[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2013.
- [23] 李帅阳. 棉花 SSCP 标记的开发及产量和纤维品质性状的 QTL 定位[D]. 武汉: 华中农业大学, 2012. DOI: 10.7666/d.Y2162846.
- Li Shuaiyang. Development of the cotton SSCP markers and QTL location of yield and fiber quality[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2012.
- [24] Lorieux M, Perrier X, Goffinet B, et al. Maximum-likelihood models for mapping genetic markers showing segregation distortion. 2. F_2 populations[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 1995, 90(1): 81-89. DOI: 10.1007/BF00220999.
- [25] Lashermes P, Combes M C, Prakash N S, et al. Genetic linkage map of *Coffea canephora*: Effect of segregation distortion and analysis of recombination rate in male and female meiosis[J]. *Genome*, 2001, 44(4): 589-596. DOI: 10.1139/gen-44-4-589.
- [26] Sandbrink J M, Ooijen J W Van, Purimahua C C, et al. Localization of genes for bacterial canker resistance in *Lycopersicon peruvianum* using RFLPs[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 1995, 90(3): 444-450. DOI: 10.1007/BF00221988.
- [27] 宋宪亮, 孙学振, 张天真. 偏分离及对植物遗传作图的影响[J]. *农业生物技术学报*, 2006, 14(2): 286-292. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7968.2006.02.028.
- Song Xianliang, Sun Xuezhen, Zhang Tianzhen. Segregation and its effect on plant genetic mapping[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2006, 14(2): 286-292.
- [28] 王玉晶, 杨洋, 胡文冉, 等. 棉花种间 SSR 标记遗传图谱的构建[J]. *新疆农业科学*, 2014, 51(10): 1765-1771. DOI: 10.6048/j.issn.1001-4330.2014.10.001.
- Wang Yujing, Yang Yang, Hu Wenran, et al. Construction of genetic map of interspecific SSR markers in cotton[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2014, 51(10): 1765-1771.