



## 陆地棉衣分差异群体产量及产量构成因素的 QTL 标记和定位

李成奇, 郭旺珍, 马晓玲, 张天真\*

(南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏 南京 210095)

**摘要:**以衣分差异较大的陆地棉品种为材料, 构建了包含 188 个  $F_2$  单株的作图群体, 应用 6111 对 SSR 引物对亲本进行了分子标记筛选, 结果仅获得了 123 个多态性位点, 其中 88 个位点构建了总长为 666.7 cM、平均距离为 7.57 cM 的遗传图谱, 覆盖棉花基因组的 14.9%。通过复合区间作图法对  $F_2$  单株和  $F_{2,3}$  家系进行 QTL 检测, 共鉴定出了 18 个控制产量及产量构成因素变异的 QTLs, 包括 2 个衣分 QTLs、4 个子棉产量 QTLs、4 个皮棉产量 QTLs、2 个衣指 QTLs、3 个单株铃数 QTLs、2 个铃重 QTLs 和 1 个子指 QTL。解释的表型变异分别为 6.9%~16.9%、5.6%~16.2%、4.8%~15.6%、7.7%~13.3%、8.2%~11.6%、6.1%~7% 和 6.6%。不同 QTLs 在相同染色体区段上的成簇分布表明与产量性状相关的基因可能紧密连锁或一因多效。产量及产量构成因素 QTLs 的遗传方式主要以显性和超显性效应为主。检测到的主效 QTLs 可以用于棉花产量及产量构成因素的分子标记辅助选择。

**关键词:**陆地棉; 衣分; 产量性状; 遗传图谱; QTLs

**中图分类号:**S562.032      **文献标识码:**A

**文章编号:**1002-7807(2008)03-0163-07

## Tagging and Mapping of QTL for Yield and its Components in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Population with Varied Lint Percentage

LI Cheng-qi, GUO Wang-zhen, MA Xiao-ling, ZHANG Tian-zhen\*

(National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing, Jiangsu 210095, China)

**Abstract:** A genetic linkage map with 88 loci from 6111 pair SSR primers was constructed using 188  $F_2$  plants obtained from a cross between two upland cotton cultivars, which differ remarkably in lint percentage and have relatively high levels of DNA marker polymorphism. The map covered 666.7 cM with an average distance of 7.57 cM between two markers, or approximately 14.9% of the recombination length of the cotton genome. Composite interval mapping was used to identify the quantitative trait loci (QTL) in  $F_2$  and  $F_{2,3}$  family lines. Eighteen QTLs for yield and its components were identified including two QTLs for lint percentage, four QTLs for seed yield, four QTLs for lint yield, two QTLs for lint index, three QTLs for bolls per plant, two QTLs for boll size, and one QTL for seed index. These QTLs separately explained 6.9%~16.9%, 5.6%~16.2%, 4.8%~15.6%, 7.7%~13.3%, 8.2%~11.6%, 6.1%~7%, and 6.6% of the phenotypic variance. Different QTLs affecting yield traits were detected within the same chromosome region, suggesting that genes controlling yield traits may be linked closely or the result of pleiotropy. The QTLs controlling yield and its components were mainly dominant and overdominant. The molecular markers linked closely to the major QTLs may be used in MAS (marker-assisted selection) to improve cotton yield and its components.

**Key words:** upland cotton; lint percentage; yield traits; genetic linkage map; QTLs

收稿日期:2007-06-07      作者简介:李成奇(1974-),男,博士; \* 通讯作者, cotton@njau.edu.cn

基金项目:教育部长江学者和创新团队发展计划项目(IRT0432)和高等学校创新引智计划资助(B08025)

棉花的产量性状属于数量性状,其表现型受基因型和环境共同控制。产量性状和品质性状之间存在着显著的负相关<sup>[1]</sup>,以传统的育种方法打破这种相关性、实现棉花产量和品质的同步改良难度很大。自上个世纪80年代以来,由于分子标记技术的迅速发展,人们对数量性状的研究直接深入到了QTL水平。利用与QTL紧密连锁的遗传标记,对目标性状进行跟踪选择,可缩小育种群体规模,减少育种过程中选择的盲目性<sup>[2-3]</sup>。利用现代分子标记技术对棉花产量和品质性状的QTLs筛选是一项十分重要的基础研究工作。这一领域的研究取得了显著的成果<sup>[4-14]</sup>。利用与QTL紧密连锁的分子标记对目标性状进行标记辅助选择(marker-assisted selection, MAS)已有成功报道<sup>[15-18]</sup>。但迄今为止,用于陆地棉遗传作图的分子标记数目尚少,不同组合双亲间分子标记多态性差异很大。为此,仍有必要进一步选用陆地棉(*Gossypium hirsutum* L.)组合进行产量、产量构成因素以及品质等性状QTL的分子标记筛选,为揭示棉花主要经济性状的遗传规律和分子标记辅助选择奠定理论基础。本研究选用泗棉3号为亲本材料进行衣分等产量性状的分子标记筛选及QTL定位,旨在为棉花产量性状分子标记辅助选择奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 亲本及作图群体的构建

本研究选用的亲本材料陆地棉品种泗棉3号(P<sub>1</sub>)和石短5号(P<sub>2</sub>)产量、衣分、衣指、结铃性等农艺性状上均具有明显的差异。泗棉3号(Simian 3)由江苏省泗阳棉花原种场利用杂交育种法于1993年培育而成,具有福字棉、斯字棉、德字棉、岱字棉以及乌干达棉的血统,表现出高产、高衣分、抗病、早熟、适应性广的优良特性<sup>[18]</sup>;石短5号(Shiduan 5)由河北省农场于1955年从珂字棉系统选育而成,表现出中熟、耐旱、优质等特点,但产量和衣分较低。

2004年夏季配置石短5号×泗棉3号组合,冬季海南种植获得F<sub>1</sub>单株,自交产生F<sub>2</sub>;2005年在南京农业大学江浦试验站种植F<sub>2</sub>分离群体,随机选择188株调查产量性状,并对各株进行自交形成F<sub>2:3</sub>家系种子;2006年又在南京农业大学江浦试验站单行种植F<sub>2:3</sub>家系群体,每个家系12株,完全随机设计,不设重复。对所有家系进行产量性状调查,以F<sub>2:3</sub>家系的产量性状平均值作为相应的F<sub>2</sub>个体基因型值的估计值。

### 1.2 分子标记实验方法

亲本和F<sub>2</sub>单株棉花叶片DNA采用CTAB法提取<sup>[19]</sup>。选用6111对SSR引物(包括BNL; JESPR; TM; EST-SSR; MUCS、MUSB、MUSS; CIR; NAU。http://www.genome.clemson.edu/projects/cotton)对2个亲本进行筛选,亲本间有差异的引物再分别对该组合的188个F<sub>2</sub>单株进行扩增检测。引物来源、SSR试验流程及分析见Guo等的研究<sup>[20]</sup>。分子标记基因型:I型为P<sub>1</sub>型;II型为P<sub>2</sub>型;III型为F<sub>1</sub>型。

### 1.3 数据分析与QTL作图

应用SPSS13.0软件对标记数据的偏分离、产量性状间的相关性进行分析。利用MAPMAKER/EXP(VERSION 3.0b)<sup>[21]</sup>软件分析标记之间的连锁关系,构建分子遗传图谱。LOD值最小为3.0,最大遗传距离为50 cM。应用Windows QTL Cartographer2.5<sup>[22]</sup>的复合区间作图法<sup>[23]</sup>进行QTL定位和遗传效应分析,LR值13.8(即LOD值为3.0)表示显著性QTL<sup>[24]</sup>,LR值9.2~13.8(即LOD值为2.0~3.0)表示可能性QTL<sup>[25]</sup>。显性效应(D)与加性效应(A)绝对值之比大于1,认为该QTL表现为显性,大于3认为该QTL表现为超显性<sup>[26]</sup>。QTLs的命名参照水稻上常用的方法<sup>[27]</sup>,以小写的“q”起,后接性状的英文字母缩写,再接染色体或连锁群的编号(2~3个字母和符号)。如果同一染色体上有两个以上的QTLs,则加数字“1”、“2”、“3”等加以区别。QTL效应分析以泗棉3号为基准。应用MapChart2.2作图软件绘制遗传图谱。对照本实验室构建的海陆种间遗传连锁图谱确定连锁群所属的染色体或染色体亚组<sup>[20]</sup>。无法定位到相应染色体或亚组的连锁群,将其定义为LGX。对未分配到连锁群上的标记进行单标记分析。单标记分析的方法:根据分子标记结果将性状分组,利用t测验法检验组间平均值的差异,确定标记与性状的连锁关系;而把性状与标记的回归方程中的决定系数R<sup>2</sup>作为该标记能够解释性状表型变异的比例。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及群体性状的表型分析

由表1得出,两个亲本材料子棉产量和单株铃数差异达到显著水平,皮棉产量、衣分、衣指、铃重和子指差异达到极显著水平,为产量性状QTLs的分子标记筛选提供了较好的遗传基础。F<sub>2</sub>群体除衣分表现出超低亲分离,其它性状均表

现为超双亲分离。 $F_{2:3}$  群体,子棉产量和铃重表现为超高亲分离,衣分与衣指表现为超低亲分离,其它性状均表现为超双亲分离。对  $F_2$  群体和  $F_{2:3}$  家系群体各产量性状间的相关分析发现(表 2),子棉产量与衣分、子棉产量与子指、皮棉产量

与子指、单株铃数与铃重、单株铃数与子指在  $F_2$  相关均不显著,但在  $F_{2:3}$  家系都达到了极显著水平;衣指与铃重、铃重与子指在  $F_2$  相关均极显著,但在  $F_{2:3}$  家系都未达显著水平,其他性状在两个群体相关性基本一致。

表 1 亲本、 $F_2$  及  $F_{2:3}$  家系产量及产量构成因素性状表现

Table 1 Performance of yield and its components for  $F_2$ ,  $F_{2:3}$  families and their parents

性状	亲本			$F_2$			$F_{2:3}$		
	$P_1$	$P_2$	$P_1-P_2$	范围	平均值	标准差	范围	平均值	标准差
子棉产量/g	24.56	17.61	6.95*	2.75~78.21	31.6	14.88	19.07~125.0	60.34	23.06
皮棉产量/g	11.14	5.79	5.35**	1.15~30.55	11.81	5.74	5.29~47.65	20.48	8.7
衣分/%	45.22	33.3	11.92**	26.79~44.55	37.2	2.51	26.75~36.15	33.5	2.39
衣指/g	7.28	5.32	1.96**	3.34~10.02	6.23	0.86	3.86~6.63	5.54	0.59
单株铃数	12.53	7.27	5.26*	1.00~24.00	10.02	0.28	7.20~28.25	16.18	4.21
铃重/g	3.53	4.97	-1.44**	2.25~7.52	4.63	0.84	3.58~7.59	5.75	0.81
子指/g	8.83	11.15	-2.32**	5.73~16.37	10.53	1.42	4.87~13.60	11.01	1.18

表 2  $F_2$ 、 $F_{2:3}$  家系产量及产量构成因素性状间的相关系数

Table 2 Correlation coefficients among yield and its components in  $F_2$  and  $F_{2:3}$  families

	子棉产量	皮棉产量	衣分	衣指	单株铃数	铃重	子指
子棉产量	1	0.990**	0.509**	0.266**	0.897**	0.227**	-0.248**
皮棉产量	0.993**	1	0.612**	0.320**	0.878**	0.208**	-0.297**
衣分	0.14	0.242**	1	0.528**	0.409**	0.003	-0.484**
衣指	0.210**	0.248**	0.397**	1	0.149	0.123	0.486**
单株铃数	0.637**	0.646**	0.196**	0.091	1	0.211**	-0.267**
铃重	0.291**	0.280**	0.001	0.331**	-0.022	1	0.12
子指	0.096	0.054	-0.376**	0.697**	-0.068	0.327**	1

注:下三角和上三角分别为  $F_2$  和  $F_{2:3}$  各性状间的相关系数;\*\*,表示在 0.01 水平上显著。

## 2.2 分子标记鉴定与遗传图谱构建

用本实验室 6111 对 SSR 引物进行双亲分子标记的多态性筛选,结果仅筛选到 120 对多态性引物的 123 个稳定的多态性位点,多态率为 2.0%。进一步扩增  $F_2$  群体单株的 DNA,鉴定每个个体的标记基因型,将筛选出的 123 个多态标记位点经卡方测验后,有 11 个偏分离,占 8.9%。123 个位点全部用于遗传连锁图谱构建。其中 88 个位点分布在 19 个连锁群上,总长为 666.7 cM,覆盖棉花基因组的 14.9%,连锁群最长的为 93.5 cM,最短的为 0.8 cM,标记间平均距离为 7.57 cM。其余 35 个位点没有被分配到连锁群上。参照本实验室建立的海陆种间遗传连锁图谱,19 个连锁群分别与 16 条染色体相对应,2 个连锁群未与染色体对应,分别表示为 LG1、LG2(图 1)。

## 2.3 产量及产量构成因素的 QTLs 分析

$F_2$  和  $F_{2:3}$  群体共检测到 18 个产量及产量构成因素的 QTLs(图 1,表 3)。其中显著性 QTLs 4 个,可能性 QTLs 14 个,分布在 Chr3(A3)、Chr4(A4)、Chr5(A5)、Chr6(A6)、Chr9(A9)、Chr10(A10)、Chr14(D2)和 Chr12(A12)/Chr26(D12)

上。在 Chr3(A3)、Chr4(A4)上分别检测到 2 个衣分 QTLs,解释表型变异的 6.9%~16.9%;在 Chr3(A3)、Chr6(A6)、Chr9(A9)和 Chr12(A12)/Chr26(D12)上分别检测到 4 个子棉产量 QTLs 和 4 个皮棉产量 QTLs,解释表型变异的 5.6%~16.2%和 4.8%~15.6%;在 Chr5(A5)和 Chr10(A10)上分别检测到 2 个衣指 QTLs,解释表型变异的 7.7%~13.3%;在 Chr3(A3)、Chr9(A9)和 Chr12(A12)/Chr26(D12)上分别检测到 3 个单株铃数 QTLs,解释表型变异的 8.2%~11.6%;在 Chr10(A10)和 Chr12(A12)/Chr26(D12)上分别检测到 2 个铃重 QTLs,解释表型变异的 6.1%~7%;在 Chr14(D2)上检测到 1 个子指 QTL,解释表型变异的 6.6%。可以看出,控制产量及产量构成因素的 QTLs 主要集中在 Chr3(A3)、Chr6(A6)、Chr9(A9)、Chr12(A12)/Chr26(D12)上。多数检测到的 QTLs 为主效 QTLs,说明这些性状可能受主基因和微效多基因共同控制。

在所有检测到的 QTLs 中,10 个来自泗棉 3 号,占 55.5%;8 个来自石短 5 号,占 44.5%。5

个 QTLs 的遗传效应表现为加性效应, 占 27.8%; 6 个 QTLs 的遗传效应表现为显性效应, 占 33.3%; 其余 7 个 QTLs 表现为超显性效应, 占 38.9%。说明泗棉 3 号和石短 5 号均含有与产量性状相关的 QTL 增效位点, 显性效应和超显性效应可能是棉花产量及产量构成因素 QTLs 的主要遗传方式。

#### 2.4 单标记分析

对试验中未连锁的 35 个多态性标记进行了单标记分析(表 4)。结果表明, 共有 8 个分子标记分别与各产量性状存在连锁关系。其中, 在  $F_2$  群体中, NAU1522 与衣分, NAU5233 与衣分和子棉产量, NAU2437b 与衣分、子棉产量、皮棉产量、衣指和单株铃数, JESPR42 与子棉产量、皮棉产量和单株铃数, NAU5347 与铃重, BNL3034 与单株铃数分别存在连锁关系。在  $F_{2:3}$  家系群体中, NAU4942 与子棉产量、皮棉产量和单株铃数, MUCS546 与子指, NAU5347 与子棉产量和单株铃数, BNL3034 与子棉产量和单株铃数分别存在连锁关系。由于单标记分析的假阳性较高, 这些与目标性状连锁的分子标记尚待进一步重复验证。

### 3 结论与讨论

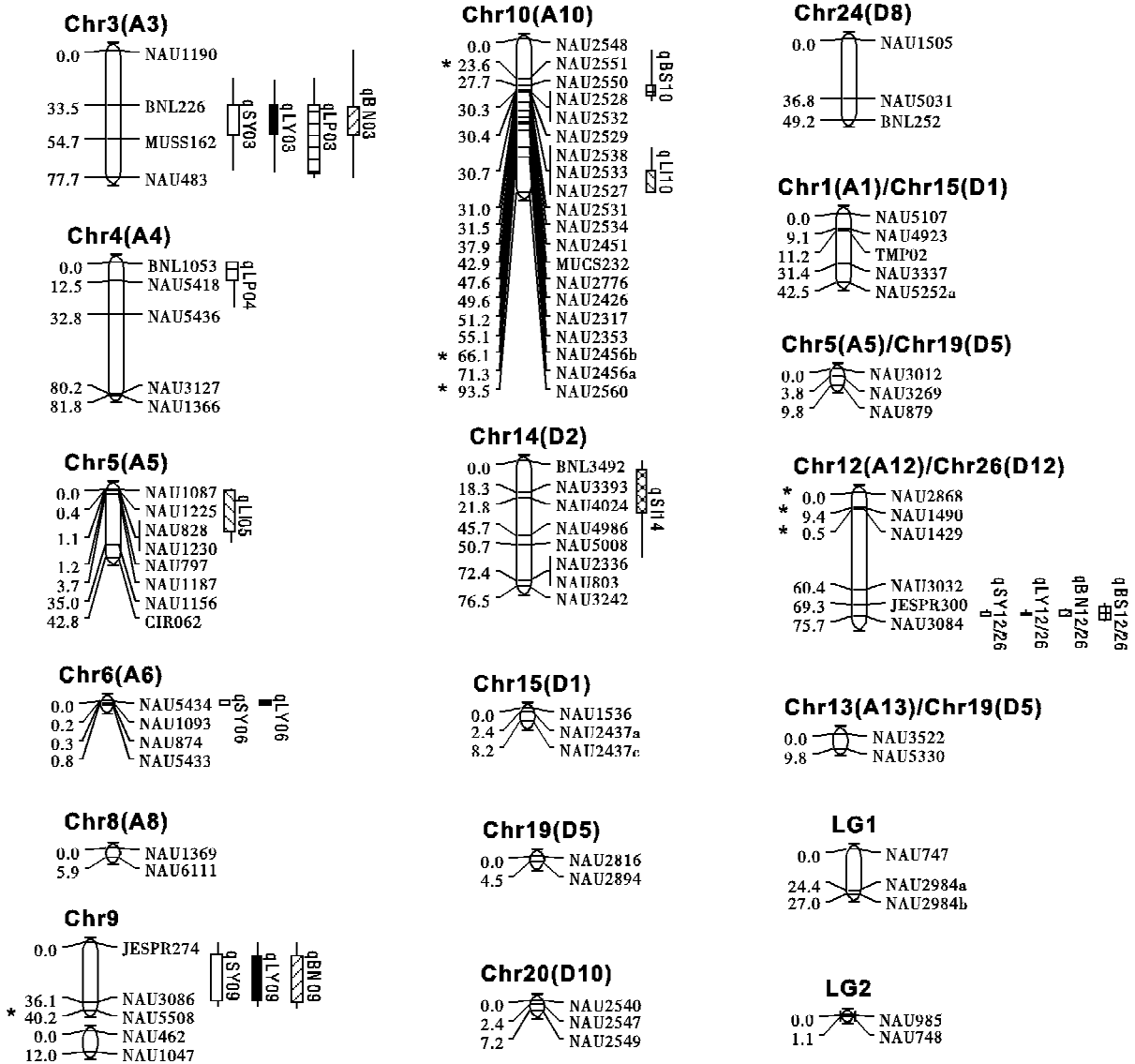
由于种内 DNA 标记的低多态性<sup>[28-31]</sup>, 欲增加标记密度是相当困难的。本研究中, 尽管 2 个陆地棉亲本亲缘关系较远, 且衣分及其它性状上存在较大的差异, 但利用 6111 对 SSR 引物对其进行多态性筛选, 仅获得了 123 个多态位点, 123 个多态位点的 88 个构建了总长为 666.7 cM、平均距离为 7.57 cM 的遗传图谱, 仅覆盖棉花基因组的 14.9%。因此, 为提高 QTL 检测的效率, 开发更多的 SSR 及其它分子标记对加密该遗传图谱是很有必要的。

通过构建  $F_{2:3}$  家系群体, 用  $F_{2:3}$  家系的平均值来估计  $F_2$  个体的表型值, 虽减少了环境误差, 提高了实验精度, 但在 QTL 检测上低估了显性效应和超显性效应。从表 2 可以看出,  $F_{2:3}$  家系群体的遗传结构与  $F_2$  群体比较发生了较大的变化, 一些性状的相关程度有所增加。因此, 同时对  $F_2$ 、 $F_{2:3}$  家系群体进行 QTL 检测是必要的。本研究共检测出了 18 个与产量性状相关的 QTLs, 其中  $F_2$  群体检测出了 3 个 QTLs,  $F_{2:3}$  家系群体检

表 3  $F_2$ 、 $F_{2:3}$  中检测到的产量及产量构成因素 QTLs

Table 3 QTLs affecting yield and its components detected in  $F_2$ ,  $F_{2:3}$

性状	世代	QTL 名称	染色体	标记区间	位置	LOD	A	D	D/A	解释表型变异/%	供体亲本
衣分	$F_2$	qLP04	Chr4(A4)	BNL1053-NAU5418	4.01	2.39	0.58	1.1	1.89	6.9	Simian3
	$F_{2:3}$	qLP03	Chr3(A3)	BNL226-MUSS162	47.5	2.02	-0.02	-1.98	97.03	16.9	Shiduan5
子棉产量	$F_{2:3}$	qSY03	Chr3(A3)	BNL226-MUSS162	41.5	2.92	-4.03	-17.88	4.44	16.2	Shiduan5
	$F_{2:3}$	qSY06	Chr6(A6)	NAU5434-NAU1093	0.29	2.43	7.28	3.22	0.44	5.6	Simian3
	$F_{2:3}$	qSY09	Chr9(A9)	JESPR274-NAU3086	20.01	2.2	9.83	-9.44	-0.96	12.7	Simian3
	$F_{2:3}$	qSY12/26	Chr12(A12)	JESPR300-NAU3084	75.34	4.64	8.32	-11.85	-1.42	10.6	Simian3
				/Chr26(D12)							
皮棉产量	$F_{2:3}$	qLY03	Chr3(A3)	BNL226-MUSS162	41.5	2.89	-1.57	-6.56	4.19	15.5	Shiduan5
	$F_{2:3}$	qLY06	Chr6(A6)	NAU5434-NAU1093	0.29	2.06	2.55	1.08	0.42	4.8	Simian3
	$F_{2:3}$	qLY09	Chr9(A9)	JESPR274-NAU3086	20.01	2.43	3.94	-4.34	-1.1	15.6	Simian3
	$F_{2:3}$	qLY12/26	Chr12(A12)	JESPR300-NAU3084	75.34	4.51	3.02	-4.56	-1.5	10.4	Simian3
				/Chr26(D12)							
衣指	$F_2$	qLI05	Chr5(A5)	NAU1187-NAU1156	15.69	3.88	-0.46	-0.13	0.29	13.3	Shiduan5
	$F_{2:3}$	qLI10	Chr10(A10)	NAU2533-NAU2527	91.28	2.24	-0.04	0.48	-10.81	7.7	Shiduan5
单株铃数	$F_{2:3}$	qBN03	Chr3(A3)	BNL226-MUSS162	43.5	2.42	-1.04	-3.16	3.04	16.1	Shiduan5
	$F_{2:3}$	qBN09	Chr9(A9)	NAU3086-JESPR274	22.01	2.27	1.8	-1.38	-0.77	11.6	Simian3
	$F_{2:3}$	qBN12/26	Chr12(A12)	JESPR300-NAU3084	75.34	3.39	1.33	-1.83	-1.37	8.2	Simian3
				/Chr26(D12)							
铃重	$F_{2:3}$	qBS10	Chr10(A10)	NAU2528-NAU2532	30.3	2.74	0.3	0.32	1.07	7.0	Simian3
	$F_{2:3}$	qBS12	Chr12(A12)	JESPR300-NAU3084	75.34	2.39	-0.11	-0.35	3.18	6.1	Shiduan5
				/Chr26(D12)							
子指	$F_2$	qSI05	Chr14(D2)	BNL3492-NAU3393	16.01	2.49	-0.14	-0.71	5.19	6.6	Shiduan5



qSY、qLY、qLP、qLI、qBN、qBS、qSI 分别表示子棉产量、皮棉产量、衣分、衣指、单株铃数、铃重和子指的 QTL。图标长度分别表示 1-LOD 和 2-LOD QTL 的置信区间；\* 表示偏分离标记

图 1 (泗棉 3 号 × 石短 5 号) F<sub>2</sub> 遗传连锁图谱及各产量性状 QTLs

Fig. 1 The genetic linkage map of (Simian 3 × Shidian 5) F<sub>2</sub> generation and the QTLs for each of yield traits

测出了 15 个 QTLs。未发现同一性状 QTL 在 F<sub>2</sub> 和 F<sub>2:3</sub> 群体中同时被检测到,可能是由于非遗传方差较大降低了 QTL 检测的效率。所有检测到的产量性状 QTLs 多数成簇分布在 Chr3 (A3)、Chr6 (A6)、Chr9 (A9) 和 Chr12 (A12)/Chr26 (D12) 的相同区段上,如在 Chr3 (A3) 上分子标记 BNL226~MUSS162 之间 21.2cM 区间内分别检测到 1 个子棉产量 QTL、1 个皮棉产量 QTL、1 个衣分 QTL 和 1 个单株铃数 QTL;在 Chr12 (A12)/Chr26 (D12) 之间 6.4cM 区间内分别检测到 1 个子棉产量 QTL、1 个皮棉产量 QTL、1 个单株铃数 QTL 和 1 个铃重 QTL。这不仅表明控制同一产量性状的基因分布于多个染色体,它们之间可能存在上位性,而且表明控制不同产量性

状的基因可能紧密连锁或一因多效,部分解释了它们之间的遗传相关。其他作物如大豆、水稻不同性状 QTLs 在相同染色体区段上的成簇分布也有类似的报道<sup>[30-31]</sup>。

本研究选用的亲本材料泗棉 3 号在子棉产量、皮棉产量、衣分、衣指以及单株铃数性状上表现为高值亲本,而石短 5 号在铃重和子指性状上表现为高值亲本(表 1)。对所有检测到的 18 个产量性状 QTLs 的遗传效应分析发现,有 11 个 QTLs 来自高值亲本,解释表型变异的 4.8%~15.6%。还有 7 个 QTLs 来自低值亲本,解释表型变异的 7%~16.9%。这说明不论高值或低值亲本,均含有对目标性状起增效作用的 QTL 位点。由于隐蔽基因效应<sup>[20]</sup>,来自低值亲本的

QTLs 在亲本世代表现不出来,当发生重组时则可能被检测到。18 个 QTLs 中有 5 个 QTLs 的遗传效应表现为加性效应,占总 QTLs 的 27.8%;6 个表现为显性效应,占总 QTLs 的 33.3%;7 个表现为超显性效应,占总 QTLs 的 38.9%。这说明控制棉花产量及产量构成因素 QTLs 的作用方式主要表现为显性和超显性效应。

殷剑美等利用泗棉 3 号×TM-1 F<sub>2</sub>、F<sub>2:3</sub> 家系群体对陆地棉产量性状 QTLs 研究发现,产量性状的 QTLs 在 Chr9(A9)成簇分布<sup>[8]</sup>;Zhang 等利用渝棉 1 号×T586 F<sub>2:3</sub> 家系群体将 2 个衣分 QTLs 分别定位在 Chr5(A5)和 Chr6(A6)上<sup>[10]</sup>;Shen 等利用 7235×TM-1 RIL(重组自交系)群体将 2 个衣分 QTLs 分别定位在 Chr3(A3)和 Chr9(A9)上<sup>[11]</sup>。江保华利用湘杂棉 2 号永久性 F<sub>2</sub> 群体将 1 个单株铃数 QTL 定位在 Chr3(A3)上;将 1 个子棉产量、1 个皮棉产量以及 1 个单株铃数的 QTLs 定位在 Chr9(A9)上;将 1 个子指 QTL 定位在 Chr12(A12)上;将 1 个子棉产量、1 个单株铃数、1 个铃重、1 个子指以及 1 个衣指的 QTLs

定位在 Chr26(D12)上<sup>[33]</sup>。本研究检测到的与产量性状相关的 QTLs 主要分布在 Chr3(A3)、Chr6(A6)、Chr9(A9)以及 Chr12(A12)/Chr26(D12)上,由此可以认为,Chr3(A3)、Chr6(A6)和 Chr9(A9)以及 Chr12(A12)/Chr26(D12)很可能包含产量性状 QTLs 的富集区。其中 Chr12(A12)/Chr26(D12)上有 3 个 QTLs(分别是子棉产量、皮棉产量和单株铃数),LOD 值均大于 3,为显著性 QTL。由于缺乏共同的标记,不同群体以及不同组合间检测到的 QTLs 其等位关系很难确定。在 Chr3(A3)上检测到的 1 个衣分 QTL(qLP03,解释的表型变异为 16.9%)与 Shen 等在 Chr3(A3)上检测到的衣分 QTL(同时在 3 个环境中检测到,解释的表型变异分别为 6.77%、11.14%和 8.0%)很可能是相同或紧密连锁的,因为他们都与桥梁标记 NAU1190 连锁<sup>[11]</sup>。本研究所检测到的主效 QTLs 可以用于棉花产量及产量构成因素性状的标记辅助选择,但尚待进一步通过构建永久性作图群体如 DH(加倍单倍体)群体、RIL 群体等采用多环境重复试验加以验证。

表 4 未连锁分子标记的单标记分析结果

Table 4 The results of single-marker analysis for unlinked markers

世代	标记	性状	I 型平均数	II 型平均数	T 测验	概率	R <sup>2</sup>
F <sub>2</sub>	NAU1522	衣分	36.2606	37.7478	-2.9501	0.002	0.0891
	NAU5233	衣分	36.7869	37.8462	-1.7876	0.0387	0.0371
		子棉产量	27.5503	35.5008	-2.4796	0.0076	0.069
	NAU2437b	衣分	37.8922	36.3534	3.091	0.0013	0.088
		子棉产量	37.4952	30.2284	2.5203	0.0067	0.0603
		皮棉产量	14.2521	11.039	2.9087	0.0022	0.0787
		衣指	6.6288	5.9682	3.3213	0.0006	0.1003
	JESPR42	单株铃数	11.697	9.7794	2.6285	0.005	0.0652
		子棉产量	33.1831	25.738	2.4812	0.0075	0.0654
		皮棉产量	12.4625	9.4314	2.612	0.0053	0.072
	NAU5347	单株铃数	10.1087	8.6316	1.8271	0.0357	0.0391
		铃重	4.3841	4.7162	-2.1016	0.0188	0.0344
BNL3034	单株铃数	8.4634	10.5948	-3.2575	0.0007	0.0622	
F <sub>2:3</sub>	NAU4942	子棉产量	50.8652	60.0433	-2.0332	0.0229	0.1327
		皮棉产量	16.9831	20.2428	-1.9143	0.0299	0.0504
		单株铃数	14.2605	16.9803	-2.9085	0.0024	0.1092
	MUCS546	子指	11.4371	10.4659	2.9311	0.0023	0.1107
	NAU5347	子棉产量	59.4256	67.5207	-1.7485	0.0414	0.0241
		单株铃数	16.0249	17.4298	-1.705	0.0454	0.0229
	BNI.3034	子棉产量	69.2071	56.6789	3.0485	0.0014	0.0569
		单株铃数	17.2848	15.7432	2.0043	0.0234	0.0254

1998.

- [2] GUPTA P K, Varshney R K, Sharma P C. Molecular markers and their application in wheat breeding[J]. Plant Breed, 1999,112:369-390.

参考文献:

- [1] 潘家驹. 棉花育种学[M]. 北京:中国农业出版社,

- [3] FEDAK G. Molecular aids for integration of alien chromatin through wide crosses [J]. *Genome*, 1999, 42:584-591.
- [4] JIANG C J, Zeng Z B. Multiple trait analysis of genetic mapping for quantitative trait loci [J]. *Genetics*, 1995, 140:1111-1127.
- [5] SHAPPLEY Z W, Jenkins J N, Zhu Jun, et al. Quantitative trait loci associated with agronomic and fiber traits of upland cotton [J]. *J Cotton Sci*, 1998, 2:153-163.
- [6] ULLOA M, Meredith W R. Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population [J]. *J Cotton Sci*, 2000, 4: 161-171.
- [7] 袁有禄, 张天真, 郭旺珍, 等. 棉花高品质纤维性状 QTLs 的分子标记筛选及其定位 [J]. *遗传学报*, 2001, 28(12):1151-1161.
- [8] 殷剑美, 武耀廷, 张天真, 等. 陆地棉产量性状 QTLs 的分子标记及定位 [J]. *生物工程学报*, 2002, 18(3): 162-166.
- [9] 吴茂清, 张献龙, 聂以春, 等. 四倍体栽培棉种产量和纤维品质性状的 QTL 定位 (英文) [J]. *遗传学报*, 2003, 30(5):443-452.
- [10] ZHANG Zheng-sheng, Xiao Yue-hua, Luo Ming, et al. Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fiber-related traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. *Euphytica*, 2005, 144:91-99.
- [11] SHEN Xin-lian, Guo Wang-zhen, Lu Qiong-xian, et al. Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by RIL approach in upland cotton [J]. *Euphytica*, 2007, 155:371-380.
- [12] 高玉千, 聂以春, 张献龙. 棉花抗黄萎病基因的 QTL 定位 [J]. *棉花学报*, 2003, 15(2):73-78.
- [13] 王志伟, 王清连, 张永山, 等. QTL 遗传效应正反交差异研究 [J]. *棉花学报*, 2007, 19(3):194-198.
- [14] 范术丽, 喻树迅, 宋美珍, 等. 短季棉早熟性的分子标记及 QTL 定位. *棉花学报*, 2006, 18(3):135-139.
- [15] 易成新, 汪业春, 郭旺珍, 等. 陆地棉分子标记辅助轮回选择聚合育种研究—IV. 纤维比强度选择效果及对其他品质性状的影响 [J]. *作物学报*, 2004, 30(7):680-685.
- [16] 易成新, 郭旺珍, 朱协飞, 等. 陆地棉分子标记辅助轮回选择聚合育种—II. 抗棉铃虫的选择效果 [J]. *中国农业科学*, 2004, 37(6):801-807.
- [17] 郭旺珍, 张天真, 丁业掌, 等. 分子标记辅助聚合两个棉纤维高强主效 QTLs 的选择效果 (英文) [J]. *遗传学报*, 2005, 32(12):1275-1285.
- [18] 陈立旭, 俞敬忠, 吉守亘, 等. 泗棉 3 号品种的选育技术 [J]. *棉花学报*, 1998, 10(1):20-25
- [19] PATERSON A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP and PCR analysis [J]. *Plant Mol Biol Rep*, 1993, 11:122-127.
- [20] GUO Wang-zhen, Cai Cai-ping, Wang Chang-biao, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in *Gossypium* [J]. *Genetics*, 2007, 176:527-541.
- [21] LANDER E S, Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps [J]. *Genetics*, 1989, 121:185-199.
- [22] BASTEN C J, Weir B S, Zeng Z B. QTL Cartographer [M]. (Version 1.15). Raleigh, NC: Department of Statistics, North Carolina State University, 2001.
- [23] ZENG Z B. Precision mapping of quantitative trait loci [J]. *Genetics*, 1994, 136:1457-1468.
- [24] JIANG C X, Wright R J, El-Zik K M. Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (cotton) [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, 95:4419-4424.
- [25] LANDER E S, Kruglyak L. Genetic dissection of complex traits guidelines for interpreting and reporting linkage results [J]. *Nat Genet*, 1995, 11:241-247.
- [26] PATERSON A H, Saranga Y, Menz M, et al. QTL analysis of genotype  $\times$  environment interactions affecting cotton fiber quality [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106:384-396.
- [27] MCCOUCH S R, Cho Y G, Yano P E, et al. Report on QTL nomenclature [J]. *Rice Genet Newslett*, 1997, 14:11-13.
- [28] WENDEL J F, Brubaker C L, Percival F. Genetic diversity in *Gossypium hirsutum* and the origin of Upland cotton [J]. *Am J Bot*, 1992, 79:1291-1310.
- [29] IQBAL M J, Reddy O U K, El-Zik K M. A genetic bottleneck in the 'evolution under domestication' of Upland cotton *Gossypium hirsutum* L., examined using DNA fingerprinting [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103:547-554.
- [30] MAUGHAN P J, Saghai Maroof M A, Buss G R. Identification of quantitative trait loci controlling sucrose content in soybean (*Glycine max*) [J]. *Mol Breed*, 2000, 6:105-111.
- [31] 吴建利, 柴荣耀, 樊叶杨, 等. 抗稻瘟病水稻材料谷梅 2 号中主效抗稻瘟病基因的成簇分布 [J]. *中国水稻科学*, 2004, 18(6):567-569.
- [32] SONG Wen-yuan, Wang Guo-liang, Chen Li-li, et al. A receptor kinase-like protein encoded by the rice disease resistance gene, Xa21 [J]. *Science*, 1995, 270: 1804-1806.
- [33] 汗保华. 湘杂棉 2 号强优势组合杂种优势表现的遗传机理研究 [D]. 南京农业大学, 2006, 79-88. ●