

转基因抗虫棉产量相关性状 QTL 的分子标记及定位

张建宏^{1,2}, 王淑芳¹, 石玉真¹, 张桂寅², 刘爱英¹, 李俊文¹, 马峙英^{2*}, 袁有禄^{1*}

(1. 中国农业科学院棉花研究所, 农业部棉花遗传改良重点实验室, 河南 安阳 455000;

2. 河北农业大学农学院, 河北 保定 071001)

摘要:采用亚洲棉渐渗的纤维强度突出的陆地棉优质新品系 0-153 与陆地棉转基因抗虫新品系 sGK9708 为亲本, 构建了 F₂ 及 F_{2:3} 分离群体。利用 3869 对 SSR 引物筛选亲本, 得到 125 对多态性引物。进一步对 183 个 F₂ 群体单株分析得到 150 个多态性标记位点, 其中 100 个标记位点连锁, 构建 20 个连锁群, 共覆盖 660 cM, 占棉花总基因组的 14.67%, 每个连锁群平均包含 5 个标记位点, 标记间平均相距 6.6 cM, 其中 13 个连锁群确定了对应的染色体。利用 F₂ 和 F_{2:3} 数据, 通过复合区间作图, 共检测到 28 个产量及相关因素的 QTLs。这些控制产量性状的 QTLs 只存在于 5 个连锁群上, 成簇分布。与皮棉产量性状有关的 2 个 QTLs, 均与其它多个产量相关性状的 QTLs 在同一个连锁区段内, 增效基因遗传效应方向一致, 有必要研究其在标记辅助选择中的效果。本研究没有检测到在多世代表现稳定的 QTL。因此, 需要培育重组自交系, 进一步明确产量性状有关 QTL 的遗传效应。

关键词:转基因抗虫棉; 陆地棉; 产量性状; QTL

中图分类号: S562.035.3 **文献标识码:** A

文章编号: 1002-7807(2008)03-0179-07

Molecular Marker and QTL of Yield-related Traits in Transgenic Insect-resistant Cotton Varieties

ZHANG Jian-hong^{1,2}, WANG Shu-fang¹, SHI Yu-zhen¹, ZHANG Gui-yin², LIU Ai-ying¹, LI Jun-wen¹, MA Zhi-ying^{2*}, YUAN You-lu^{1*}

(1. Cotton Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Cotton Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Anyang, Henan 455000, China; 2. College of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding, Hebei 071001, China)

Abstract: The cross of sGK9708 × 0-153 was made, which included one parent with high fiber strength, 0-153, originating from crossing of *G. hirsutum* L. with *G. arboreum* L., and backcrossing with *G. hirsutum* L. as the recurrent parent, and the other commercial transgenic variety with resistance to budworm, sGK9708. A total of 3869 pair SSR primers were used to screen polymorphism among two parents and their F₁, which resulted in 150 polymorphic loci from 125 pair primers in F₂ population. Linkage test indicated that 100 loci could be mapped to 20 linkage groups, which covered a total genetic distance of 660 cM, approximately 14.67% of cotton genome. The average distance of neighbor markers was 6.6 cM. 13 linkage groups were assigned to corresponding chromosome, respectively. Based on Composite Interval Mapping (CIM) method, the result showed that 28 QTLs for fiber yield related traits were detected in F₂ and F_{2:3} populations. These QTLs of yield-related trait existed in the five linkage groups only, clustered on the same locus in different chromosomes. Two QTLs of lint yield clustered with many QTLs of other yield related traits in two different linkage

收稿日期: 2007-03-19 **作者简介:** 张建宏 (1981-), 男, 硕士, iamzhangjh@yahoo.com.cn; * 通讯作者, mzhy@mail.hebau.edu.cn; yuanyl@cricaas.com.cn

基金项目: 国家 973 项目 (2004CB117306) 和国家 863 育种重大专项 (2002AA207006)

group segments with same direction of genetic effects. So it is necessary to study the effect of the marker-assisted selection for the two QTLs in the future. No same QTL for the yield-related trait could be detected in different generations, which shows multiple self-crossing lines should be developed for QTL analysis of yield-related traits.

Key words: transgenic insect-resistant cottons; *Gossypium hirsutum* L.; yield trait; QTL

产量性状是棉花的重要经济性状,也是典型的数量性状。其表现型是基因与环境共同作用的结果,并且产量性状与品质性状间存在显著的负相关^[1],直接选择难度较大。利用现代分子标记技术对棉花产量、品质性状的 QTL 进行标记筛选是一项重要的基础性研究工作。前人已经在这一领域做了大量的工作,取得了显著的成果^[2-14],但目前可利用的分子标记的数目仍较少。由于利用亲本不同,双亲间分子标记的多态性差异很大,进一步利用陆地棉(*Gossypium hirsutum* L.)不同组合材料进行产量及其构成因素和品质等性状 QTL 的分子标记筛选,为揭示棉花产量及其构成因素和品质等性状的遗传规律及分子标记辅助选择均具有重要意义。本研究利用来自亚洲棉渐渗的纤维强度突出的陆地棉优质新品系与陆地棉转基因抗虫新品系为亲本杂交构建分离群体,筛选与产量性状紧密连锁的分子标记,为产量性状的快速辅助育种选择服务。

1 材料和方法

1.1 实验材料

以 sGK9708 和 0-153 为亲本,其中 0-153 是四川农业大学通过陆地棉(达棉 2 号)×亚洲棉(金香中棉),并对 F₁ 进行染色体加倍,经过早世代回交和高代互交,选育的一系列材料之一^[15]。sGK9708(即中棉所 41 优系)来自中国农科院棉花研究所,为转基因抗虫棉材料,其皮棉产量明显优于亲本 0-153。

1.2 田间种植及性状考查

2001 年夏季在中国农科院棉花研究所试验地配制杂交组合 sGK9708×0-153。2002 年种植 F₁,自交产生 F₂ 种子。2003 年春季种植 F₂,同时种植亲本及 F₁ 各 2 行。将所有 250 个 F₂ 单株自交,获得 F_{2:3} 种子。9 月 20 日调查各单株的株高、果枝数、吐絮铃数、未吐絮铃数,计算吐絮铃所占比例;并分单株多次收花,计算一次花率;称单株子棉,测定子指和衣指。2004 年随机选取 196 个 F₂ 单株种成 F_{2:3} 株行。同时种植亲

本及 F₁ 两行。9 月 18 日调查各亲本及 F₁、F_{2:3} 家系(各 20 株)的株高、果枝数、铃数;10 月 20 日调查单株绿叶有无,有记为 1,无为 0,计算绿叶所占比例。所有亲本和 F₁ 收单株,F_{2:3} 家系各收 5 个单株,同时按株行混收 30 铃,其余混收二次,称子棉和皮棉产量。用 30 铃测 F_{2:3} 世代子指性状,计算衣指。

1.3 DNA 提取和 SSR 标记检测

用 CTAB 法^[16]并稍加改动,进行亲本、F₁、F₂ 棉花叶片 DNA 的提取。选用 3869 对 SSR 引物对 2 个亲本及 F₁ 进行多态性检测,亲本间有差异的引物再分别对该群体的 183 个 F₂ 单株的 DNA 进行扩增检测。这些 SSR 引物分别由美国布鲁克海文国家实验室、我国南京农业大学、法国国际农业研究发展中心、美国得州农工大学、美国农业部农业研究服务署、美国加州大学戴维斯分校等机构开发。引物由上海生工和 Bioasia 公司合成。SSR 的 PCR 扩增与 PAGE 银染分析等有关程序参考张军的方法^[17]。

1.4 QTL 分析

利用 Joinmap3.0 确定分子标记连锁关系,设置 LOD 值为 5.0,最大遗传距离为 40 cM。利用已在网上(<http://www.mainlab.clemson.edu/cmd/cmap>)公布数据的四张含有 SSR 标记的分子连锁图谱^[18-21]上共有标记和其它连锁群定位研究结果^[22]相结合,将构建的连锁群定位到具体的染色体上。

利用 Windows QTL Cartographer 2.5(Win-QTLCart2.5)软件对各性状数据结合构建的 SSR 分子连锁图谱进行复合区间作图分析,LOD 值为 2.5。利用绘图软件 Map Chart 2.2 绘制 QTL 在连锁群上的分布图。

QTL 的命名:q+性状名称英文缩写+连锁群序号+阿拉伯数字。

2 结果与分析

2.1 亲本及其分离群体的产量相关性状表现

从表 1 中可以看出两亲本产量性状存在显著

差异,sGK9708 在单株子棉、单株皮棉、铃数和衣分 4 个性状上优于高品质亲本 0-153。单株子棉相差 27.99 g,单株皮棉相差 12.78 g,铃数相差 6.71,衣分相差 6.47%。亲本间的这种差异为分子标记检测打下了基础。偏度和峰度计算表明

F_2 世代中铃重的偏度绝对值为 2.4,超过 1.0,不符合正态分布,不能用于 QTL 作图。 F_2 和 $F_{2:3}$ 世代分离群体的其它性状均符合正态分布,可用于 QTL 定位(表 2)。

表 1 组合亲本的产量及相关性状的表现
Table 1 The performance of fiber yield and its related traits for parents

亲本	单株子棉/g	单株皮棉/g	铃数/个	铃重/g	衣分/%
sGK9708	44.20±3.71	18.58±1.60	10.36±0.80	4.21±0.09	41.70±0.40
0-153	16.21±1.60	5.80±0.57	3.65±0.36	4.31±0.17	35.23±0.89

表 2 F_2 和 $F_{2:3}$ 群体的主要性状表现及分布
Table 2 The phenotype value and distribution of F_2 and $F_{2:3}$ population

性状	世代	平均值	最小值	最大值	标准差	方差	偏度	峰度
单株子棉产量	F_2	39.75	12.58	105.30	17.03	290.03	0.94	1.11
	$F_{2:3}$	31.29	6.95	68.35	10.11	102.23	-0.03	0.30
单株皮棉产量	F_2	17.19	5.50	44.90	7.37	54.38	0.95	1.08
	$F_{2:3}$	13.14	2.97	29.72	4.38	19.17	0.04	0.39
铃数	F_2	10.15	3.00	26.00	4.31	18.58	0.83	0.62
	$F_{2:3}$	11.05	5.35	17.30	2.55	6.53	-0.07	-0.37
铃重	F_2	3.97	2.45	9.30	0.73	0.53	2.40	16.50
	$F_{2:3}$	4.46	3.30	5.81	0.42	0.17	0.09	-0.04
	$F_{2:3(M)}$	4.27	3.29	5.53	0.42	0.18	0.18	-0.03
子指	F_2	9.47	4.60	11.80	0.98	0.96	-0.99	3.83
	$F_{2:3}$	10.50	7.70	14.00	0.90	0.81	0.08	1.34
衣指	F_2	7.25	2.83	9.11	0.87	0.76	-0.67	3.06
	$F_{2:3}$	7.58	6.06	9.33	0.64	0.41	0.14	-0.22
衣分	F_2	0.43	0.37	0.50	0.02	0.00	0.24	-0.08
	$F_{2:3}$	41.93	34.30	46.72	2.01	4.04	-0.23	0.53
	$F_{2:3(M)}$	41.14	35.99	46.43	2.16	4.66	-0.05	-0.32
一次花率	F_2	0.40	0.00	1.00	0.21	0.04	0.31	-0.14
	$F_{2:3}$	83.83	52.66	99.05	7.70	59.36	-0.90	1.95
吐絮铃率	F_2	0.32	0.00	1.00	0.18	0.03	0.72	1.66
果枝数	F_2	12.54	3.00	18.00	2.09	4.37	-0.85	2.42
	$F_{2:3}$	12.69	9.35	16.15	1.22	1.49	-0.08	0.20
株高	F_2	75.08	44.00	101.00	10.22	104.37	0.16	-0.08
	$F_{2:3}$	71.42	54.47	90.15	7.13	50.87	-0.08	-0.25
绿叶率	$F_{2:3}$	0.65	0.05	1.00	0.25	0.06	-0.49	-0.70

注: $F_{2:3(M)}$: $F_{2:3}$ 世代 5 个单株平均值, $F_{2:3}$: $F_{2:3}$ 世代的家系混收;吐絮铃率:为调查时已吐絮铃占所有棉铃的比例;绿叶率:含绿叶植株所占比例,下同。

2.2 SSR 标记的筛选和群体检验

已有的 3869 对 SSR 引物在亲本 0-153 和 sGK9708 之间有 125 对引物具有多态性,占总引物数的 3.23%,共获得了 150 个多态性位点。对多态性位点的群体带型进行卡方检验的结果显示有 61 个位点表现偏分离,占标记位点总数的 40.67%。由于偏分离现象的存在,本实验在构建图谱时采用较高的概率标准 $P=0.00001$ ($LOD=5.0$)。

2.3 分子标记遗传连锁图谱构建

用 Joinmap3.0 确定分子标记连锁关系,有 100 个多态性位点分布在 20 个连锁群上,覆盖 660 cM,占棉花总基因组的 14.6%。每个连锁群平均包含 5 个标记位点,标记间平均相距 6.6 cM,其中 13 个连锁群确定了对应的染色体。连锁群 LG1~7, LG9, LG11~13, LG15, LG18 分别与 D08, C15, C3, C25, C7, C7, A01, C4, A01, C13, C10, C2, C2 染色体相对应^[13-17],其它连锁群没有定位到染色体上(图 1)。

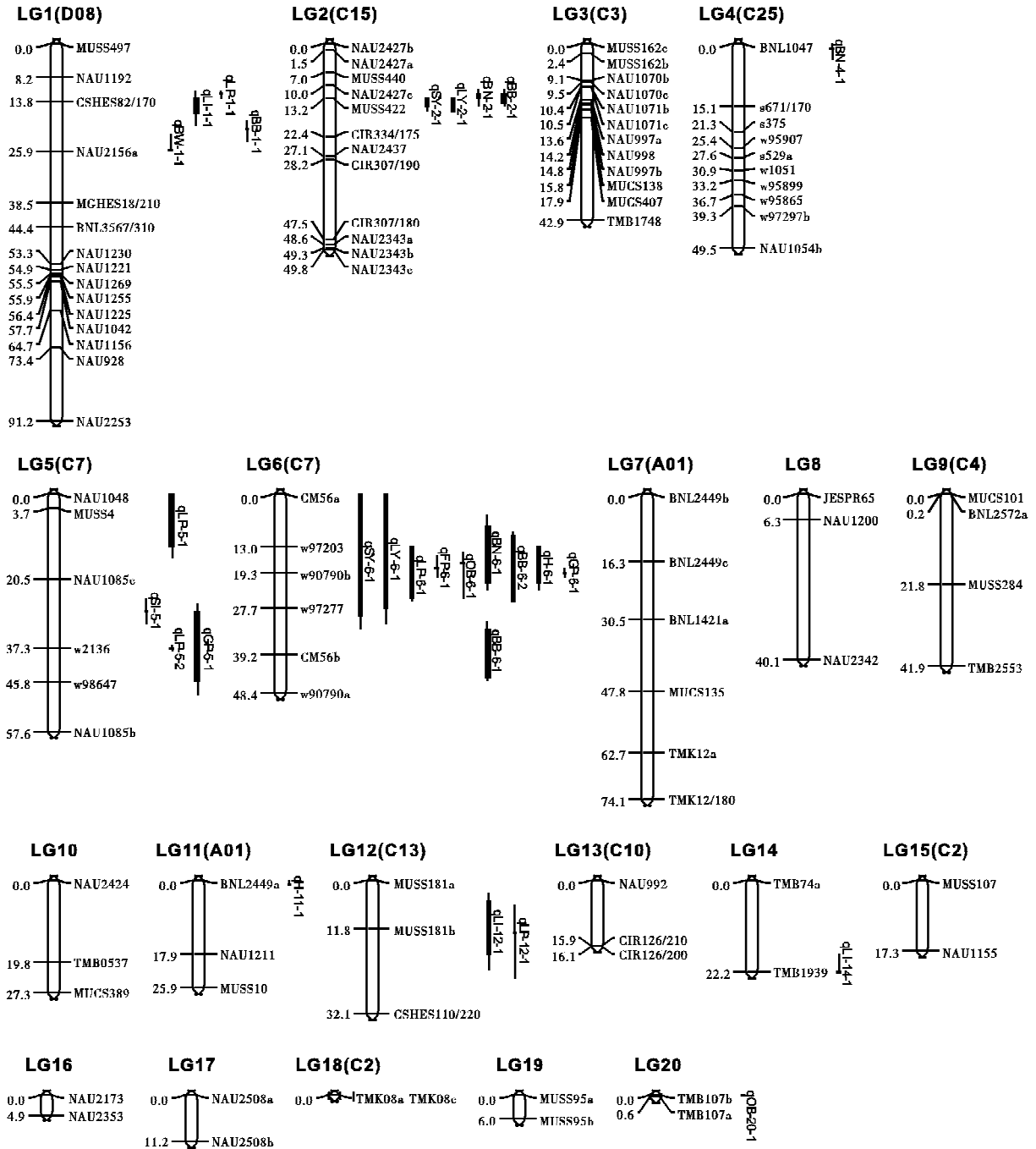


图 1 产量相关性状分子标记连锁图

Fig. 1 Linkage map of molecular marker for yield related-traits in sGK9708 x O-153 F₂ and F_{2:3}

2.4 产量相关性状的 QTL 挖掘

利用 sGK9708 x O-153 的 F₂ 及 F_{2:3} 分离数据, 使用 WinQTLCart2.5 以复合区间作图法对产量相关性状进行 QTL 作图分析, LOD 值为 2.5, 共定位了 12 个性状的 28 个 QTLs, 其中 F₂ 检测到 12 个, F_{2:3} 检测到 16 个。每个 QTL 分别解释 3.19% ~ 54.62% 的表型变异, QTL 解释各性状的全部表型变异为 3.34% ~ 63.27% (表 3)。单株子棉与皮棉

产量性状仅在 F_{2:3} 中检测到 QTL, 表明 F_{2:3} 株行在预测产量性状的 QTL 效果好。

单株子棉产量在 F_{2:3} 上检测出 2 个 QTLs, qSY-2-1 和 qSY-6-1, 分别解释 54.62% 和 8.61% 的表型变异, qSY-2-1 的增效基因来自 sGK9708, 表现显著的加性遗传效应; qSY-6-1 的增效基因来自 O-153, 加性效应相对较小, 表现显著的显性遗传效应。单株皮棉和单株子棉显著正相关, 所

检测到的 QTL 在位置及遗传效应上表现相似。

产量构成因素中,铃数检测到 3 个 QTLs,其中 F_2 检测到 1 个(qBN-4-1), $F_{2:3}$ 检测到 2 个(qBN-2-1 和 qBN-6-1),分别解释表型变异为 7.88%,10.66%和 5.44%。1 个(qBN-2-1)增效基因来自 sGK9708,其解释的表型变异较大,作用模式为负向显性。2 个(qBN-4-1 和 qBN-6-1)增效基因来自 0-153。铃重只在 $F_{2:3}$ 中检测出 1 个 QTL,解释表型变异 4.62%,增效基因来自 sGK9708,以显性遗传效应为主。衣分检测出 5 个 QTLs,其中 F_2 单株 2 个(qLP-5-1 和 qLP-12-1), $F_{2:3}$ 家系 30 铃混收 1 个(qLP-5-2), $F_{2:3}$ 家系 5 株平均 2 个(qLP-1-1 和 qLP-6-1),分别解释表型变异的 3.20%~24.50%,遗传作用模式以显性为主。其中 4 个增效基因来自 sGK9708,qLP-1-1 解释表型变异较大,为 24.50%,以加性遗传为主,负向显性较小。子指在 F_2 中检测出 1 个 QTL,解释表型变异 3.34%。衣指检测出 3 个 QTLs,其中 F_2 检测到 2 个(qLI-1-1 和 qLI-14-1), $F_{2:3}$ 检测到 1 个(qLI-12-1),增效基因来自 sGK9708 的 qLI-1-1,解释表型变异较大,为 28.97%,作用模式为加性和显性,加性效应值大。

早熟性状中一次花率只在 F_2 中检测出 1 个 QTL,增效基因来自 0-153,解释表型变异 6.35%,遗传效应以负向显性为主。吐絮铃率只在 F_2 中检测出 2 个 QTLs,qOB-6-1 和 qOB-20-1 分别解释表型变异 8.07%和 7.23%。增效基因分别来自 0-153 和 sGK9708。

生物学性状中果枝数共检测出 4 个 QTLs,在 F_2 和 $F_{2:3}$ 中各 2 个,解释表型变异 3.10%~28.77%。解释表型变异最大的 2 个是 qBB-2-1 和 qBB-6-1,为 28.77%和 16.01%,增效基因来自 sGK9708。株高检测出 2 个 QTLs,在 F_2 和 $F_{2:3}$ 中各 1 个,分别解释表型变异 9.00%和 5.36%。

体现生育后期不早衰的性状绿叶率检测出 2 个 QTLs,分别解释表型变异 9.51%和 6.19%,增效基因分别来自 2 个亲本。

单株子棉、单株皮棉、衣指、衣分和果枝数 5 个性状均各有 1 个 QTL 解释变异超过 20%,均以加性遗传效应为主,显性较小。产量相关的性状中增效基因来自丰产品系 sGK9708 的有 14 个,来自低产亲本 0-153 的增效基因 14 个。但是,解释表型变异大于 10%的 8 个增效基因都来自 sGK9708,说明丰产亲本中存在增产效应显著的主基因,而低产亲本中的微效基因也不可忽视。

3 结论和讨论

3.1 标记偏分离和 SSR 标记产生多位点问题

DNA 标记的偏分离是基因组研究中的正常现象,在棉花中已构建的连锁图谱中已有报道^[24-25]。偏分离标记可能影响图距的估计和 QTL 定位,但简单地抛弃偏分离标记会丧失许多有用的信息,因此必须谨慎地处理偏分离标记。Murigneux 等^[26]用独立性 χ^2 和 LOD 值估计了偏分离单因子对连锁的影响,建议对严重偏分离标记的连锁测验使用更严格的连锁标准。采用较高的 LOD 阈值结合染色体定位是处理偏分离标记切实可行的方法,目前已在研究中得到了应用^[8]。本研究在构建图谱时采用较高的 LOD 值(LOD=5.0)。

本研究发现部分 SSR 引物产生两个以上多态性位点,这一现象可能由于采用单一退火温度引起,使单一 SSR 引物扩增出多个位点,这一结果需进一步的研究加以证明。

3.2 纤维产量相关性状基因成簇分布

Ulloa 等^[3]研究中发现控制棉花纤维品质的相关基因在同一染色体上可能簇生。在张培通等、沈新莲等、吴茂清等、殷剑美等的研究^[6-9],都检测到成簇分布的 QTL。本研究同样检测到了成簇分布的 QTL。在检测到的 28 个 QTLs 中,QTL 集中分布在 D08、C15、C7 和 C13 等少数染色体的连锁群上,而在其它染色体的连锁群上检测到的很少,表明控制产量性状的许多基因可能只存在于少数几条染色体上。在 C7 上的 CM56a-w97277 区间内有 9 个性状的 9 个 QTLs,增效基因全部来自 0-153。在 C15 上的 NAU2427c-MUSS122 区间内有 4 个性状的 4 个 QTLs,增效基因都是来自 sGK9708。在 C13 上的 MUSS181a-CSHES110/220 区间内有 2 个性状的 2 个 QTLs,增效基因都是来自 sGK9708。这些在同一区间上的多个 QTL 可能是一因多效或是紧密连锁,有待进一步研究。产量相关性状的 QTL 在多处相邻或重叠,且效应方向相同,这与性状间的正相关结果相吻合。而 D08 上的 CHSHES82/170-NAU2156a 区间有 2 个性状的 2 个 QTLs,增效基因方向相反。C7 上的 NAU1085c-NAU1085b 区间有 2 个性状的 2 个 QTLs,增效基因方向也相反。说明在这些区间两亲本可能发生了交换,从而导致 QTL 的重叠。

3.3 产量相关性状 QTL 分子标记辅助选择的可能性

本研究检测到的 28 个 QTLs 中,有些位点能解释较大的表型变异(解释的表型变异高达 54.62%),但没有能够在两个世代及在两种取样方式中同时检测到的 QTL,而单株子棉与皮棉产量仅在 $F_{2,3}$ 中检测到 QTL,表明 $F_{2,3}$ 株行在预测产量性状的 QTL 效果好。为此,我们进一步培育了高代重组自交系群体以验证这些 QTL 遗传效应的稳定性。

在产量相关性状的 QTL 定位中,除子指的 QTL 的增效基因来自 0-153 外,其它各个性状的 QTL 的增效基因既有来自 sGK9708 的,也有来自 0-153 的,证明了性状较差的品种同样可能含有性状的增效基因。分布在 C15 上的 QTL 的增效基因大多来自 sGK9708,分布在 C7 上的 QTL 的增效基因大多来自 0-153,可能意味着 sGK9708 在 C15 连锁群上和 0-153 在 C7 上集中分布了多个提高产量性状的 QTL。

表 3 复合区间作图得到的(sGK9708×0-153) F_2 和 $F_{2,3}$ 中产量及其构成因素 QTL

Table 3 QTL for yield related traits with CIM on linkage groups in (sGK9708×0-153) F_2 and $F_{2,3}$ populations

性状	世代	QTL 名称	染色体	区间	LOD	加性效应	显性效应	d/a	作用模式	解释变异
单株子棉	$F_{2,3}$	qSY-2-1	C15	NAU2427c-MUSS422	5.09	-25.99	4.022	-0.15	A	54.62
产量	$F_{2,3}$	qSY-6-1	C7	CM56a-w97277	5.56	4.99	2.975	0.60	D	8.61
单株皮棉	$F_{2,3}$	qLY-2-1	C15	NAU2427c-MUSS422	4.33	-10.14	1.703	-0.17	A	47.26
产量	$F_{2,3}$	qLY-6-1	C7	CM56a-w97277	4.80	1.80	1.346	0.75	D	6.03
单株铃数	F_2	qBN-4-1	C25	BNL1047-s671/170	2.75	1.82	-0.472	-0.26	R	7.88
	$F_{2,3}$	qBN-2-1	C15	NAU2427c-MUSS422	3.27	-1.30	0.854	-0.66	R	10.66
	$F_{2,3}$	qBN-6-1	C7	CM56a-w97277	3.44	1.08	0.444	0.41	R	5.44
铃重	$F_{2,3}$	qBW-1-1	D08	CHSHES82/170-NAU2156a	2.92	-0.22	-0.155	0.72	D	4.63
子指	F_2	qSI-5-1	C7	MUSS4-NAU1085c	2.78	0.33	0.45	1.38	D	3.34
衣指	F_2	qLI-1-1	D08	NAU1192-NAU2556a	3.13	-0.89	-0.005	0.01	AD	28.97
	F_2	qLI-14-1	LG14	TMB74a-TMB1939	2.88	0.43	-0.505	-1.17	A	7.39
	$F_{2,3}$	qLI-12-1	C13	MUSS181a-CSHES110/220	3.70	-0.63	0.183	-0.29	R	15.23
衣分	F_2	qLP-5-1	C7	NAU1048-NAU1085c	3.81	-0.01	-0.002	0.26	D	4.19
	F_2	qLP-12-1	C13	MUSS181a-CSHES110/220	2.98	-0.01	-0.003	0.28	D	6.01
	$F_{2,3}$	qLP-5-2	C7	NAU1085c-w98647	2.57	-0.53	-0.278	0.52	D	3.20
	$F_{2,3(M)}$	qLP-1-1	D08	MUSS497-CSHES82/170	3.05	-4.6	1.578	-0.34	AR	24.5
	$F_{2,3(M)}$	qLP-6-1	C7	w97203-w97277	4.58	3.35	0.526	0.16	D	8.11
一次花率	F_2	qFP-6-1	C7	w97203-w97277	2.95	0.09	-0.161	-1.87	R	6.35
吐絮铃率	F_2	qOB-6-1	C7	w97203-w97277	2.84	0.08	0.004	0.05	D	8.07
	F_2	qOB-20-1	LG20	TMB107b-TMB107a	2.69	-0.07	0.001	-0.02	R	7.23
果枝数	F_2	qBB-1-1	D08	CHSHES82/170-NAU2156a	3.03	0.54	1.034	1.90	—	3.10
	F_2	qBB-6-1	C7	W97277-CM56b	3.96	-1.32	0.822	-0.62	R	16.01
	$F_{2,3}$	qBB-2-1	C15	MUSS422-CIR334/175	3.00	-3.41	0.547	-0.16	AR	28.77
	$F_{2,3}$	qBB-6-2	C7	CM56a-w97277	6.25	0.96	0.602	0.63	D	8.53
株高	F_2	qH-11-1	A01	BNL2449a-NAU1211	2.56	-4.57	7.207	-1.58	—	9.00
	$F_{2,3}$	qH-6-1	C7	w97203-w97277	4.28	5.51	2.282	0.41	D	5.36
绿叶率	$F_{2,3}$	qGP-5-1	C7	NAU1085c-NAU1085b	4.12	0.12	-0.015	-0.12	D	9.51
	$F_{2,3}$	qGP-6-1	C7	w97203-w97277	2.79	0.10	0.018	0.17	R	6.19

注:加性效应为正值时表示来自 0-153 的位点对性状起增效作用;作用模式^[23];如果 d=0,则为 A,表示加性;如果 d=a,则为 D,表示显性;如果 d=-a 则为 R,表示负向显性。如果存在两种可能模式时,最可能的模式在先。

本研究中皮棉产量在 $F_{2,3}$ 世代检测出来的 2 个 QTLs,增效基因分别来自两个亲本,解释变异大(47.26%)的 QTL(qLY-2-1)增效基因来自丰产亲本 sGK9708,并与单株子棉、铃重和果枝数三个性状的 3 个 QTLs(qSY-2-1, qBN-2-1 和 qBB-2-1)都分布在 C15 上的 NAU2427c-MUSS422 的区间内。这 4 个 QTLs 解释的表型

变异均较大,有必要进一步研究其在标记辅助选择中的效果;另一个解释变异小、增效基因来自 0-153 的 QTL(qLY-6-1),与单株子棉、铃数、衣分、一次花率、吐絮铃率(与早熟性有关)、果枝数、株高和绿叶率 8 个性状的 8 个 QTLs(qSY-6-1, qBN-6-1, qLP-6-1, qFP-6-1, qOB-6-1, qBB-6-1, qH-6-1, qGP-6-1)都在 C7 上 CM56a-w97277 区

间内。由于多个性状的增效 QTL 成簇分布,该位点的标记辅助选择效应也不能忽视。

参考文献:

- [1] JIANG Chun-xiao, Wright R J, El-Zik K M, et al. Polyploid formation created unique convenues for response to selection in *Gossypium* (cotton)[J]. Proc Natl Sci USA, 1998, 95:4419-4424.
- [2] SHAPPLEY Z W, Jenkins J N, Zhu Jun, et al. Quantitative trait loci associated with agronomic and fiber traits of upland cotton[J]. Cotton Sci, 1998, 2(4):153-163.
- [3] 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.
- [4] 袁有禄,张天真,郭旺珍,等. 棉花高强纤维性状 QTLs 的分子标记筛选及其定位[J]. 遗传学报, 2001, 28(12):1151-1161.
- [5] 易成新,张天真,郭旺珍. 陆地棉衣分 QTL 的形态和 RAPD 分子标记筛选[J]. 作物学报, 2001, 27(6): 781-786.
- [6] 殷剑美,武耀廷,张 军,等. 陆地棉产量性状的 QTLs 的分子标记定位[J]. 生物工程学报, 2002, 18(2):162-166.
- [7] WU Mao-qing, ZHANG Xian-long, NIE Yi-chun, et al. Localization of QTLs for yield and fiber quality traits of tetraploid cotton cultivar[J]. Acta Genet Sin, 2003, 30(5):443-452.
- [8] SHEN Xin-lian, Guo Wang-zhen, Zhu Xie-fei, et al. Molecular Mapping of QTLs for fiber qualities in three diverse lines in upland cotton using SSR Markers[J]. Molecular breeding, 2005, 15:169-181.
- [9] 张培通,郭旺珍,朱协飞,等. 高产棉花品种泗棉 3 号产量及其构成因素的 QTL 标记和定位[J]. 作物学报, 2006, 32(8):1197-1203.
- [10] 王志伟,王清连,张永山. QTL 遗传效应正反交差异研究[J]. 棉花学报, 2007, 19(3):194-198.
- [11] 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[J]. 棉花学报, 2006, 18(3):135-139.
- [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] 喻树迅,袁有禄. 数量性状遗传研究的新进展[J]. 棉花学报, 2002, 14(3):180-184.
- [14] 袁有禄,郭旺珍,张天真,等. 棉花纤维品质性状的稳定性遗传研究[J]. 棉花学报, 2002, 14(2):67-70.
- [15] 李首成,江先炎. 利用陆中杂种后代选育棉花高强度优质材料[J]. 中国棉花, 1997, 24(11):9-11.
- [16] PATERSON A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis [J]. Plant Molecular Biology Reporter, 1993, 11(3):122-127.
- [17] 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.
- [18] RONG Jun-kang, Abbey C, Bowers J E, et al. A 3347-locus genetic recombination map of sequence-tagged sites reveals features of genome organization, transmission and evolution of cotton (*Gossypium*) [J]. Genetics, 2004, 166:389-417.
- [19] YOUNG H P, Magdy S A, Ulloa M, et al. Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived-microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton Population [J]. Mol Gen Genomics, 2005, 274: 428-441.
- [20] LACAPE J M, Nguyen T B. Mapping quantitative trait loci associated with leaf and stem pubescence in cotton[J]. Journal of Heredity, 2005, 96(4): 441-444.
- [21] HAN Zhi-guo, Wang Chang-biao, Song Xian-liang, et al. Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton [J]. Theor Appl Genet, 2006, 112: 430-439.
- [22] ZHANG Z S, Xiao Y H, Luo M, 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.
- [23] PATERSON A H, Damon S, Hewitt J D, et al. Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generations, and environments [J]. Genetics, 1991, 127: 181-197.
- [24] ULLOA M, Meredith W R, Shapplet Z W, et al. RFLP genetic linkage maps from four $F_{2:3}$ population and a joinmap of *Gossypium hirsutum* L [J]. Thero Appl Genet, 2002, 104:200-208.
- [25] LACAPE J M, Nguyen T B, Thibivilliers S, et al. A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on a *Gossypium hirsutum* \times *Gossypium barbadense* backcross population [J]. Genome, 2003, 46:612-626.
- [26] MURIGNEUX A, Baud S, Beckert M. Molecular and morphological evaluation of doubled-haploid lines in maize. 2. Comparison with single-seed descent lines [J]. Theor Appl Genet, 1993, 87: 278-287. ●