

## 陆地棉重组近交系“中 G6” QTL 的初步定位

张先亮, 王坤波\*, 宋国立, 刘方, 黎绍惠, 王春英, 张香娣, 王玉红

(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)

**摘要:**利用 2 个陆地棉种质材料爱字棉 1517 与德州 047 构建了重组近交系。田间调查显示, 两亲本田间性状差异多数达到显著或极显著, 群体性状数据完全符合受多位点控制的数量性状遗传的特征。分子标记多态性筛选结果表明, 两亲本亲缘关系相对较近, 利用 SSR 构建高密度遗传连锁图有一定困难, 但对于所定位的 QTL 位点, 其准确性将会有一定程度提高。试验构建了一张包括 51 个标记分为 15 个连锁群的遗传连锁图, 总长 504.05 cM, 覆盖棉花基因组总长度的 10.08%。利用两年田间数据检测到 QTL 位点 15 个, 其中生育期性状 3 个, 纤维品质性状 7 个, 产量性状 5 个。与标记图距在 1 cM 以内的 QTL 位点 7 个, 这将对分子标记辅助育种具有一定的参考价值。

**关键词:**陆地棉; 重组近交系; QTL; SSR

**中图分类号:** S562.032 **文献标识码:** A

**文章编号:** 1002-7807(2008)03-0192-06

## Primary QTL Mapping of Upland Cotton RIL CRI-G6 by SSR Marker

ZHANG Xian-liang, WANG Kun-bo\*, SONG Guo-li, LIU Fang, LI Shao-hui, WANG Chun-ying, ZHANG Xiang-di, WANG Yu-hong

(Cotton Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Cotton Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Anyang, Henan, 455000, China)

**Abstract:** Two typical upland cotton (Acala1517 and Dezhou 047) were applied to construction of intraspecific recombinant inbred lines (RIL). The agronomic trait of RIL were studied. The trait difference of two parents were significant or extremely significant based on field investigation. The agronomic trait performances of the RIL completely matched the heredity characters of multi-loci quantitative trait. The polymorphism screening result of molecular marker indicated that the genetic relationship of two parents was near. So it was difficult to construct the high density linkage map using the RIL. But the RIL should raise the accuracy when it was applied to the gene location study. 51 SSR markers were assigned into 15 linkage groups. The total length of the linkage map is about 504.05 cM, covering 10.08% of the whole cotton genome. 15 QTLs were detected based on two years agronomic trait data, including three concerned with earliness, seven with fiber quality and five with yield trait. Seven SSR marker tightly linked with the QTL site were valuable to the marker assisted breeding.

**Key words:** upland cotton ; RIL; QTL; SSR

棉花主要农艺性状大多是受微效多基因控制的数量性状<sup>[1]</sup>, 且棉花纤维品质与产量等重要农艺性状呈负相关, 常规育种技术很难打破其不良连锁、实现品质和产量的同步提高。而分子标记技术不受基因表达强弱、环境条件的影响, 对基因

直接进行筛选, 易打破其不良连锁, 实现优质基因的定向转移和多基因聚合。本试验采用陆地棉 (*Gossypium hirsutum*) 重组近交系 (Recombinant Inbred Line, RIL) 中 G6, 利用 SSR 对其进行研究, 以期对棉花重要农艺性状基因进行定位, 为棉

花育种提供指导。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

采用陆地棉重组近交系,母本爱字棉 1517 (Acala 1517),父本德州 047,均由中国农业科学院棉花研究所提供。爱字棉 1517 属中等偏晚熟材料,纤维品质优良;德州 047 属早熟材料,产量性状良好。该群体构建工作始于 1999 年冬季,亲本间采用“株对株”杂交,  $F_1$  自交,得到 146 个  $F_2$  单株。自  $F_2$  代后,采用“单粒传”法,结合南繁加代,至 2006 年夏季为  $F_{11}$  代,127 个株系。

### 1.2 试验方法

**1.2.1 田间试验。**该群体 2005—2006 年种植于中国农业科学院棉花研究所试验田。单行区,顺序排列。2005 年 1 个重复,2006 年 2 个重复。行长 4 m,行距 0.8 m,株距 0.3 m。常规田间管理。对现蕾期、开花期等生育期性状进行田间调查,对子棉、皮棉等产量指标进行测定。纤维品质指标则由农业部棉花品质监督检验中心检测。

**1.2.2 实验室筛选。**应用 SSR 技术对亲本及群体进行筛选,DNA 提取参照改良的 CTAB 法<sup>[2]</sup>;非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,银染参照快速检测法<sup>[3]</sup>。

**1.2.3 数据分析。**采用 SAS(version 8.1)对田间数据进行方差分析,应用 QGASStation 1.0 对性状进行相关分析,采用 JoinMap 3.0 对实验室数据进行分析,LOD 值最小为 3.0,最大遗传距离为 50 cM。利用 MapChart 2.2 进行遗传图谱构建,标记的命名采用引物开发原编号。应用 Win-QTL Cart 2.5 中的复合区间作图法进行 QTL 定位,当似然比大于等于 11.50 时( $LOD \geq 2.5$ ),认为该区间内存在 QTL 位点。QTL 位点的命名参照水稻<sup>[4]</sup>略有改动,即在“q”后加上性状英文名称大写字母缩写形式,标注所在连锁群的编号和绝对位置。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及重组近交系群体性状表现分析

经方差分析后,可以看出,双亲在生育期、纤维品质和产量等性状间存在较大的差异<sup>[5]</sup>。特别是现蕾期相差 11 d,开花期相差 16 d,吐絮期相差 23 d,均达到显著或极显著差异。纤维品质和产量性状中麦克隆值、伸长率、单株皮棉产量和衣分也均达到了显著或极显著差异。亲本性状间差异是构建群体表型变异的基础,是基因型不同的外在表现,是利用此群体进行 QTL 定位分析的基础(表 1)。

表 1 亲本和重组近交系群体性状表现分析

Table 1 Performance and analysis of quantitative traits in the RIL population and its parents

性状	亲本			RIL 群体性状表现							
	$P_1$	$P_2$	均值差	平均值	标准差	方差	偏度	峰度	最小值	最大值	变异系数 CV%
果枝始节	6.67	4.27	2.40*	6.14	0.97	0.93	-0.11	-0.41	3.50	8.40	15.74
现蕾期	50	39	11.00**	43.89	1.58	2.5	0.47	1.82	40	51	3.6
开花期	75	59	16.00**	70.93	4.33	18.79	-0.17	0.12	59	82	6.11
吐絮期	128	105	23.00*	127.89	10.69	114.29	-0.4	-0.81	105	151	8.36
霜前花率	66	96	30.00*	81.67	18.8	353.49	-0.98	-0.15	30.75	100.00	23.02
上半部平均长度	28.21	28.34	0.13	28.5	1.47	2.17	0.36	-0.19	24.97	32.54	5.17
整齐度指数	85.4	84.8	0.6	84.69	1.07	1.15	-0.21	0.14	81.70	87.90	1.27
麦克隆值	5.52	4.07	1.45**	4.33	0.59	0.35	0.04	0.55	2.27	6.32	13.6
伸长率	6.1	6.8	0.70*	6.76	0.35	0.12	0.16	0.53	5.70	8.20	5.11
单株皮棉产量	28.05	13.4	14.65**	17.52	4.93	24.33	0.51	1.96	1.48	36.17	28.16
衣分	37	33	4.00**	35.81	2.74	7.51	-0.09	-0.68	29.17	42.74	7.66
子指	11.1	9.9	1.2	11.74	1.55	2.4	-0.03	-0.27	7.60	15.30	13.2

注:\*,\*\*表示 0.05 与 0.01 显著水平, $P_1$  为爱字棉 1517, $P_2$  为德州 047。

从表 1 明显可以看出,各性状表现连续变异,符合多位点控制的数量性状特征。偏度和峰度测验,数值均在正常范围之内,符合正态分布。除现蕾期、开花期、吐絮期外其它性状均表现明显的超

亲分离现象。在群体各性状中,上半部平均长度、子指的平均表型值略高于两亲本,其它性状平均表型值都介于两亲本之间。正常的表型及遗传变异特征是能否进行 QTL 定位的关键,因此本群

体适合进行 QTL 定位。

## 2.2 RIL 群体主要性状的相关分析

各性状的相关分析,可以概括为生育期、纤维品质和产量等性状内的相关及三种性状间的相关(表 2)。

**2.2.1 生育期性状间的相关分析。**由表 2 可知,果枝始节与现蕾期、开花期、吐絮期、霜前花率间呈显著的负相关;霜前花率与现蕾期、开花期、吐絮期均呈正相关;除现蕾期外,与开花期、吐絮期

均呈极显著正相关。从相关系数数值大小可以看出:果枝始节对现蕾期、开花期、吐絮期、霜前花率的相关性均较强,呈近似抛物线规律性变化。现蕾期、开花期、吐絮期对霜前花率的相关性逐步增强,对霜前花率的影响呈逐级放大的趋势。这使得生育期各性状间的相关关系十分明朗。特别是能够代表基因型间真实情况的遗传相关,充分反映了控制生育期性状的基因间紧密的遗传连锁和互作关系。

表 2 RIL 群体主要性状的相关分析

Table 2 Correlation coefficients among main quantitative traits in the RIL population

相关系数	FFBN	DFS	DFP	BOS	PPSC	UHML	UI	MV	EP	LCPP	LP
果枝始节 FFBN	1.000										
现蕾期 DFS	-0.387*	1.000									
开花期 DFP	-0.571**	1.000									
吐絮期 BOS	-0.401**	0.288**	1.000								
霜前花率 PPSC	-0.829**	0.678**	1.000								
上半部平均长度 UHML	-0.263**	0.189	0.394**	1.000							
整齐度指数 UI	-0.657**	0.301**	0.857**	1.000							
麦克隆值 MV	-0.245**	0.222*	0.322**	0.382**	1.000						
伸长率 EP	-0.526**	0.203*	0.781**	0.851**	1.000						
单株皮棉产量 LCPP	0.021	-0.007	-0.062*	-0.084	-0.061	1.000					
衣分 LP	0.124	-0.04	-0.143	-0.217	-0.071	1.000					
子指 SI	-0.041	0.12	-0.082*	-0.136**	0.025**	0.354**	1.000				
	0.332	-0.099	-0.314	-0.374	-0.402	0.647**	1.000				
	0.114*	-0.03	-0.025*	-0.211**	-0.137**	-0.297**	0.009	1.000			
	0.216	-0.191	-0.213	-0.271*	-0.370**	-0.577**	-0.029	1.000			
	-0.059	-0.035	0.031	0.088	0.127**	-0.524**	-0.349**	-0.0003**	1.000		
	-0.018	-0.099	-0.064	0.255	0.195	-0.532**	-0.543**	0.159	1.000		
	0.084	0.026*	-0.023	-0.167	-0.206	-0.041*	0.114	0.248**	-0.107	1.000	
	0.348	-0.387	-0.265	-0.152	-0.282*	-0.248	0.078	0.440*	-0.087	1.000	
	0.069	-0.165	-0.035**	0.055*	-0.009**	-0.404**	-0.199**	0.328**	0.153**	0.190**	1.000
	-0.13	-0.067	0.194	0.201	0.132**	-0.657**	-0.409*	0.425**	0.422**	0.286	1.000
	0.181**	-0.016	-0.084**	-0.307**	-0.171**	0.190**	0.213**	0.146	-0.130**	0.057	-0.265**
	0.351	0.068	-0.291	-0.456**	-0.359**	0.336**	0.543*	-0.02	-0.312	0.098	-0.456**

**2.2.2 纤维品质性状间的相关分析。**纤维品质各性状数据表明:除整齐度指数与上半部平均长度呈显著正相关外,其它各性状间均呈显著负相关。不难看出,控制纤维品质的基因存在极其复杂的连锁互作关系,给棉纤维的长度、细度等性状同步改良带来一定的难度,这与前人的研究结论大体相同<sup>[6]</sup>。

**2.2.3 产量性状间的相关分析。**产量各性状数据表明:衣分与单株皮棉产量呈正相关,而与子指呈显著负相关。单株皮棉产量与子指相关性较弱。从两个主要决定棉纤维产量的性状来看:主要还是着力提高皮棉、子棉的总产量和降低子指

才能提高皮棉的产量。

**2.2.4 生育期性状、品质性状和产量性状间的相关分析。**总的来说,生育期性状对上半部平均长度、整齐度指数、麦克隆值、伸长率均有一定的影响。与产量性状大多呈负相关,说明了产量与早熟性同步改进存在一定的矛盾因素。在纤维品质和产量性状的相关关系中,表现最为突出的是衣分对纤维品质的影响都达到了极显著,其中与上半部平均长度、整齐度指数呈显著负相关,而与麦克隆值、伸长率呈显著正相关。从三者复杂的相关关系很难理清其全面的遗传连锁和互作关系,为此需要利用更有效的研究方法进行研究。

### 2.3 分子标记的筛选和遗传作图

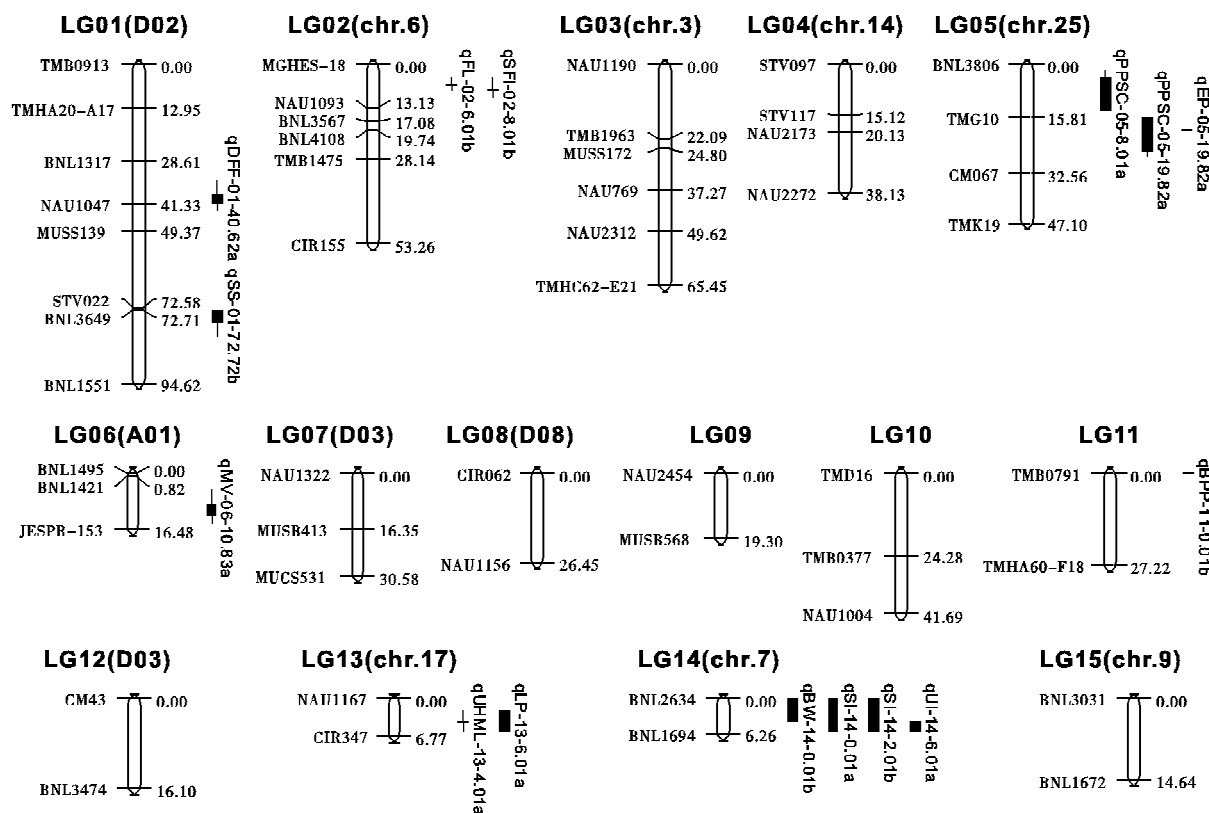
选用 6197 对 SSR 引物进行亲本多态性的筛选,全部 SSR 引物由上海生.T.(Sagon)和 Bioasia 公司合成。

引物筛选共获得 109 对多态性引物,多态性概率为 1.76%。对筛选出的多态性引物进行 X<sup>2</sup> 测验,剔除严重偏分离的 9 对引物,利用 Jion-Map3.0 进行遗传作图,构建了包含 15 个连锁群、51 个标记的遗传连锁图。每个连锁群包括 2~8 个标记,标记间最小遗传距离为 0.13 cM,最

大遗传距离为 27.22 cM,总长 504.05 cM,覆盖棉花基因组总长度的 10.08%。在 15 个连锁群中,其中的 9 个连锁群定位到 3、6、7、9、14、17、25、A01、D02、D03、D08 号染色体上<sup>[7-14]</sup>,对应关系见图 1。

### 2.4 主要性状的 QTL 定位

对 2005、2006 年采集的田间性状数据进行方差分析,结果发现各性状呈连续的正态分布,符合进行 QTL 定位的要求。方差分析结果见表 1,3。



a 表示 2006 年数据 QTL 位点, b 表示 2005 年数据 QTL 位点

图 1 遗传图谱和 QTL 定位结果

Fig. 1 Genetic map and the result of quantitative traits location

表 3 2005 年 RIL 群体性状方差分析结果  
Table 3 Result of the RIL population quantitative traits variance analysis

性状	平均值	标准差	方差	偏度	峰度	极差	变异系数/%
长度	28.32	1.44	2.08	0.37	-0.15	7.41	5.09
短纤维指数	9.08	1.51	2.28	-0.15	-0.16	7.80	16.63
断裂比强度	29.06	2.29	5.23	0.41	0.01	10.98	7.87
单株铃数	8.95	3.20	10.25	0.83	0.51	15.80	35.76
铃重	4.73	1.27	1.60	-0.51	0.05	6.35	26.72
子指	11.77	1.64	2.69	0.00	-0.43	7.50	13.95

应用 WinQTLCart2.5 进行 QTL 定位,共检测到 QTL 位点 15 个(包括 1000 次重排优化阈值后检测到的 QTL 位点),其中包括生育期性状 3

个,纤维品质性状 7 个,产量性状 5 个(表 4)。

从性状方面研究所定位的 QTL 位点发现,生育期相关的 QTL 位点主要分布于 LG01、

LG05 连锁群;与纤维品质性状相关的 QTL 位点主要分布于 LG01、LG02、LG05、LG06、LG13、LG14 连锁群;与产量性状相关的 QTL 位点则主要分布于 LG11、LG13、LG14 连锁群。

对每个连锁群分析发现, LG01 上分布着 2 个 QTL 位点 qDFF-01-40.62 和 qSS-01-72.72, 分别位于 BNL1317-MUSS139、BNL3649-BNL1551 两个区间之间,其遗传距离距最近的标记均在 1 cM 以下,分别控制着开花期和纤维的强度,加性效应分别为 1.19、-0.77,解释表型变异分别为 10.01%、10.63%。LG02 上分布着 2 个 QTL 位点 qFL-02-6.01、qSFI-02-8.01,均位于 MGHEs-18-NAU1093 区间之间,这两个 QTL 位点均与纤维的长度相关,分别解释表型变异:12.04%、11.51%,加性效应来自于不同的两个亲本。LG05 上分布着 3 个 QTL 位点 qPPSC-05-8.01、qPPSC-05-19.82、qEP-05-19.82,分别位于 BNL3806-TMG10、TMG10-CM067、TMG10-

CM067 三个区间之间,解释表型变异分别为:25.48%、16.87%、11.41%。其中包含 2 个与生育期性状相关的 QTL 和 1 个与纤维品质相关的 QTL。LG06、LG11 上分布着 2 个 QTL 位点 qMV-06-10.83、qBPP-11-0.01。其中 qBPP-11-0.01 与 TMB0791 标记呈紧密连锁,可解释表型变异为 7.62%。LG13 上分布着 2 个 QTL 位点 qUHML-13-4.01、qLP-13-6.01 分别控制着纤维长度和衣分,其中 qLP-13-6.01 距离其最近的标记 NAU1167 也在 1 cM 以下。LG14 上分布着 4 个 QTL 位点 qBW-14-0.01、qSI-14-0.01、qSI-14-2.01、qUI-14-6.01,均位于 BNL2634-BNL1694 区间内,解释表型变异分别为:10.13%、24.22%、26.13%、10.53%。其中 qBW-14-0.01、qSI-14-0.01 与 BNL2634 呈紧密连锁状态且位点重合,qSI-14-0.01、qSI-14-2.01 位点十分接近,极有可能为不同年份,检测到的同一个 QTL 位点。

表 4 棉花主要性状的 QTL 定位结果

Table 4 Result of the main quantitative traits location

性状	QTL 名称	连锁群	位点	区间	LOD 值	加性效应	解释表型变异
开花期	qDFF-01-40.62a	LG01	40.62	BNL1317-MUSS139	3.16	1.19	10.01
霜前花率	qPPSC-05-8.01a	LG05	8.01	BNL3806-TMG10	5.10	9.13	25.48
霜前花率	qPPSC-05-19.82a	LG05	19.82	TMG10-CM067	4.12	7.39	16.87
上半部平均长度	qUHML-13-4.01a	LG13	4.01	NAU1167-CIR347	3.20	0.50	11.66
长度	qFL-02-6.01b	LG02	6.01	MGHEs-18-NAU1093	2.66	0.52	12.04
短纤维指数	qSFI-02-8.01b	LG02	8.01	MGHEs-18-NAU1093	2.69	-0.53	11.51
整齐度指数	qUI-14-6.01a	LG14	6.01	BNL2634-BNL1694	3.45	0.31	10.53
麦克隆值	qMV-06-10.83a	LG06	10.83	BNL1421-JESPR-153	3.11	-0.19	11.92
断裂比强度	qSS-01-72.72b	LG01	72.72	BNL3649-BNL1551	3.34	-0.77	10.63
伸长率	qEP-05-19.82a	LG05	19.82	TMG10-CM067	2.54	0.11	11.41
单株铃数	qBPP-11-0.01b	LG11	0.01	TMB0791-TMHA60-F18	2.45	0.90	7.62
铃重	qBW-14-0.01b	LG14	0.01	BNL2634-BNL1694	3.52	0.41	10.13
衣分	qLP-13-6.01a	LG13	6.01	NAU1167-CIR347	5.15	-1.07	15.70
子指	qSI-14-0.01a	LG14	0.01	BNL2634-BNL1694	9.11	0.74	24.22
子指	qSI-14-2.01b	LG14	2.01	BNL2634-BNL1694	8.49	0.85	26.13

注:a 表示 2006 年数据 QTL 位点,b 表示 2005 年数据 QTL 位点。

### 3 结论与讨论

#### 3.1 QTL 分布特征

相关的数量性状基因成簇分布,前人在棉花不同性状的 QTL 位点研究中均有报道<sup>[15-18]</sup>。本试验也得出类似的结论,数量性状位点极有可能成簇地分布在对应的染色体上。试验中 LG02 上分布的 2 个纤维长度相关 QTL 位点 qFL-02-6.01、qSFI-02-8.01, LG05 上分布的 3 个 QTL 位点 qPPSC-05-8.01、qPPSC-05-19.82、qEP-05-19.82, LG14 上分布

的 4 个 QTL 位点 qBW-14-0.01、qSI-14-0.01、qSI-14-2.01、qUI-14-6.01,都呈现不同程度的成簇分布的特征。且所定位的不同性状的 QTL 位点均表现出良好的重叠现象表明,其实质可能是一个相同的 QTL 位点或充分证明了一因多效性的存在。不但对应了生育期、纤维品质和产量性状的遗传相关性,而且从不同角度说明了三种主要性状间复杂的相关关系。

LG02 上定位的 2 个与纤维长度相关 QTL 位点,加性效应来自于不同的亲本,表明两个亲本有控制纤维长度性状不同的基因,这将为 QTL

聚合育种提供可利用的基因资源。在 LG14 上利用 2005、2006 年数据分别检测到与子指相关的相同的 QTL 位点。对于这样的 QTL 位点,如果对其进行多年的跟踪检测,极有可能将其标定为一个稳定的 QTL 位点,以作为标记辅助筛选的依据。且本试验定位出多个 QTL 位点与其最近的标记间紧密连锁,对于进一步的精细研究提供有价值的参考信息。

### 3.2 RIL 定位特点

利用陆地棉重组近交系群体进行遗传作图和 QTL 定位,引物筛选共获得 109 对多态性引物,概率仅为 1.76%,明显低于海岛棉与陆地棉为亲本的群体,较其它陆地棉为亲本的群体也略低<sup>[16-17]</sup>。但对亲本田间性状的方差分析,得到的结果是其目标性状多数达到显著或极显著差异,反馈其决定目标性状的基因型是不同的。出现这种现象的原因可能是:两个亲本材料较近的亲缘关系,决定了具有大致相同的遗传背景,两亲本间总的多态性基因位点从数量上来说不多,所以使得多态性筛选的效率相对较低。但差异显著的田间性状充分表明目的性状的基因型确实不同。由此可推断,也正是这些为数不多的差异基因位点控制着所研究的具有差异性的目的性状。这样,应用多代自交基因型趋于纯合,遗传背景大致相同的重组近交系群体,结合目的性状田间数据定位出的 QTL 位点,其真实性是可靠的,目标性状与所定位的 QTL 位点对应关系是可信的。因此,我们可以判定,利用 SSR 对此种内重组近交系,构建覆盖基因组长距离、高密度的遗传连锁图有一定的困难,可以考虑利用 AFLP 标记对其进行加密。在遗传背景大体接近的情况下,利用较高密度遗传连锁图,对于数量性状基因定位及克隆的准确性将会在一定程度上有所提高。

#### 参考文献:

- [1] 田菁华. 早熟陆地棉主要性状的遗传力及遗传进度的研究[J]. *Hereditas*(Beijing), 1983, 5(1): 15-16.
- [2] 宋国立, 崔荣霞, 王坤波, 等. 改良 CTAB 法快速提取棉花 DNA[J]. *棉花学报*, 1998, 10(5): 273-275.
- [3] 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.
- [4] MCCOUCH S R, Cho Y G, Yano P E, et al. Report on QTL nomenclature [J]. *Rice Genet Newslett*, 1997, 14: 11-13.
- [5] 范术丽. 短季棉早熟性相关性状的遗传及其 QTLs 定位研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2004.
- [6] 宋美珍, 喻树迅, 范术丽, 等. 短季棉主要农艺性状的遗传分析[J]. *棉花学报*, 2005, 17(2): 94-98.
- [7] 范术丽, 喻树迅, 宋美珍, 等. 短季棉早熟性的分子标记 QTL 定位[J]. *棉花学报*, 2006, 18(3): 135-139.
- [8] 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.
- [9] PARK Y H, Alabady M S, Ulloa M, et al. Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population [J]. *Molecular Genetics and Genomics*. 2005, 274: 428-441.
- [10] LACAPE J M, Nguyen T B, Brigitte C, et al. QTL analysis of cotton quality using multiple *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* backcross generations [J]. *Crop Sci*, 2005, 45: 123-140.
- [11] 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]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(3): 430-439.
- [12] LIU S, Saha S, Stelly D, et al. Chromosomal assignment of microsatellite loci in cotton [J]. *Journal of Heredity*, 2000, 91(4): 326-32.
- [13] WANG Kai, Song Xian-liang, Han Zhi-guo, et al. Complete assignment of the chromosomes of *Gossypium hirsutum* L. by translocation and fluorescence in situ hybridization mapping [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113(1): 73-80.
- [14] 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.
- [15] ULLOA M, Meredith W R. Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population [J]. *Cotton Sci*, 2000(4): 161-171.
- [16] WANG Bao-hua, Wu yao-ting, Huang nai-tai, et al. QTL Mapping for plant architecture traits in upland Cotton using RILs and SSR markers [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(2): 161-170.
- [17] 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.
- [18] 沈新莲. 陆地棉纤维品质 QTL 的筛选、定位及其应用[D]. 南京: 南京农业大学, 2004. ●