

陆地棉重组自交系群体纤维品质及产量性状遗传变异分析

孙福鼎,李俊文,刘爱英,石玉真,王涛,张建宏,王淑芳,袁有禄*

(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: 以陆地棉优质品系 0-153 和 大面积推广的双价转基因抗虫棉品系 sGK9708 为亲本构建了含有 196 个 $F_{6,8}$ 家系的重组自交系群体。在 4 个环境中,纤维长度、纤维强度、麦克隆值、伸长率、整齐度指数、单株结铃数、铃重、衣分、子指、单株子棉产量及单株皮棉产量等性状均呈正态分布,且存在双向超亲分离。多环境下变异分析表明,各性状家系间及环境间存在极显著差异。除纤维伸长率外,其余各纤维品质及产量性状都具有较高的遗传力,在 0.75 以上。共有 6 个家系在纤维长度、细度和强度性状上均超过高亲,可作为优质纤维种质。相关分析显示,有些家系可能打破了纤维品质和产量性状间的负相关。通过聚类分析得出,该群体各系分在了不同的组,表明存在着一定的遗传差异。该群体是进行优异纤维品质相关基础研究的良好材料。

关键词: 陆地棉;重组自交系;产量;品质;遗传变异

中图分类号:S562.03 文献标识码:A

文章编号:1002-7807(2010)04-0319-07

Analysis of Genetic Variation for Fiber Quality and Yield traits in an Recombinant Inbred Population of *Gossypium hirsutum* L.

SUN Fu-ding, LI Jun-wen, LIU Ai-ying, SHI Yu-zhen, WANG Tao, ZHANG Jian-hong, WANG Shu-fang, YUAN You-lu*

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

Abstract: A RIL population with 196 $F_{6,8}$ lines was developed from an F_2 population of Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cross of sGK9708×0-153. sGK9708 is the commercial transgenic variety with *Bt*+*CpTI* genes resistant to budworm, and 0-153 with high fiber quality. The RIL population were normally distributed for fiber quality and yield related traits and the range of distribution exceeded the two parents. Analysis of genetic variability indicated that the effects of the genotypes and environments were significant for the fiber quality and yield related traits. With the exception of fiber elongation, heritability estimated for fiber quality and yield related traits measured in the RIL population were high with above 0.75. Six lines could be considered as excellent germplasm with high fiber quality. A number of phenotypic correlations were observed among the fiber quality and yield related traits of the RIL population, some lines may be with positive correlation between fiber quality and yield traits. The different genetic units for the RIL population were indicated by analysis of cluster. This RIL population will be the good materials for the basic research related to fiber quality.

Key words: Upland cotton(*Gossypium hirsutum* L.); recombinant inbred line; yield; fiber quality; genetic variation

棉花是我国主要的经济作物,在我国国民经济中占有重要的地位^[1]。陆地棉是最主要的栽培品种,最早是 1865 年从美国引入。虽然陆地棉产量性状突出,但是由于现代纺织技术的提高,对陆地棉的纤维品质也提出了更高的要求。我国育

成的陆地棉品种大多来源于岱字棉和斯字棉,丰产性状好,但棉花栽培品种的遗传基础狭窄^[2-4],在纤维品质方面,尤其需要对纤维强度进行改进。利用遗传差异大的亲本构建重组自交系群体,尤其是利用种间杂交或种间渐渗的亲本杂

收稿日期:2009-03-12

作者简介:孙福鼎(1983-),男,在读硕士,fudingsun@163.com;* 通讯作者,youluyuan@hotmail.com

基金项目:国家“973”项目(2004CB117306)

交,可以为育种工作者提供优异种质,实现陆地棉的纤维品质改良。且利用重组自交系群体可以在多个不同的环境下进行评价,可以在数量性状研究上更加准确地估计遗传变异组分^[5]。栾启福等^[6]利用 HS46×MARCA-BUCAG8US-1-88 的杂交组合构建了 1 套由 188 个近交系组成的陆地棉种内的重组近交系群体,并筛选出了抗黄萎病的优良资源,Wu 等^[7]利用该群体进行了数量性状分析;Park 等^[8]利用陆地棉遗传标准系 TM-1 和海岛棉品系 Pima3-79 构建了由 183 个自交系组成的陆海种间重组自交系群体,并利用该群体进行了遗传图谱的构建;Percy 等^[9]利用具有海岛棉渐渗片段的陆地棉新材料 NM24016 和陆地棉遗传标准系 TM-1 为亲本构建了 1 套由 98 个自交系组成的重组自交系群体,并进行了各性状的遗传组分分析;张培通等^[10]利用高产棉花品种泗棉 3 号及西班牙陆地棉栽培品种 Carmen 为亲本构建了含有 283 个家系的重组自交系群体,并分析了泗棉 3 号的高产性状的遗传规律;Shen 等^[11]利用 2 个陆地棉种质系 7235 和 TM-1 为亲本构建了含有 258 个高代自交系的群体,并进行了遗传图谱的构建及纤维品质和产量性状的 QTL 定位;Wan 等^[12]利用 2 个陆地棉亲本渝棉 1 号和 T586 构建了 1 套含有 270 个家系的重组自交系群体,利用该群体构建了 1 个含有农艺性状标记位点的陆地棉种内的遗传图谱,并进行了衣分及纤维品质性状的 QTL 定位;杨昶等^[13]用 1 个高抗黄萎病的陆地棉品系 5026 和 1 个高感黄萎病的陆地棉品种李 8 为亲本,构建了 1 个重组自交系群体。前人大多是利用的陆海种间杂交或陆地棉种内杂交构建的重组自交系群体,利用亚洲棉或亚洲棉渐渗的材料进行重组自交系群体的构建还鲜有报道,利用亚洲棉与陆地棉杂交并与陆地棉回交可以使得亚洲棉的优异纤维强度基因向陆地棉渐渗,获得纤维强度突出的新材料^[14]。利用稳定的陆地棉渐渗系作为亲本在创新种质上要优于陆地棉种内群体,且不会像陆地棉和海岛棉杂交群体一样发生严重的偏分离^[9]。

本研究采用亚洲棉渐渗的纤维强度突出的陆地棉种质系 0-153 及大面积推广的双价转基因抗虫棉中棉所 41 的优系 sGK9708 为亲本构建重

组自交系群体,以期获得高品质的陆地棉新种质,并利用 RIL 群体分析纤维品质及产量性状的遗传变异,以更好地利用该优质家系群体。

1 材料和方法

1.1 亲本及群体的构建

本试验所用亲本 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,选育的一系列纤维品质显著改良的材料之一,纤维强度和早熟性都很突出。sGK9708 为中棉所 41 选系,中棉所 41 为中国农业科学院棉花研究所培育的适合黄河流域推广种植的抗虫棉品种。

2001 年在中国农业科学院棉花研究所试验农场(河南安阳)以优质纤维亲本 0-153 为父本及 sGK9708 为母本配置杂交组合,2002 年种植 F₁,自交产生 F₂ 种子,2003 年种植 250 个 F₂ 单株,自交获得 F_{2,3} 家系种子。选取了 196 个 F_{2,3} 家系,结合冬天海南加代,并每世代自交,家系内每单株各选择 1 个自交铃混收直至 F_{2,6},F_{2,6} 家系随机选取 1 个单株,再自交 2 代获得 F_{6,8} 群体,将 F_{6,8} 世代及以后的群体作为重组自交系群体^[15-16]。

1.2 田间种植及试验设计

2007 年在中国农业科学院棉花研究所试验场种植 196 个 RIL 家系(F_{6,8})和两亲本,田间试验采用不完全随机区组设计,2 重复,单行区,行长 5.0 m,行距 0.8 m,每行 20 株,每隔 20 行设置 1 个对照(鲁棉研 21),4 月 25 日播种。2008 年分别于中国农业科学院棉花研究所、中国农业大学曲周实验站和山东棉花中心临清试验站种植 196 个 RIL 家系和两亲本,试验设计同 2007 年。曲周和临清采用地膜覆盖种植,宽窄行,行长 5 m,行距 (0.8+0.5) m,每行 20 株,3 点的播期分别为 4 月 26 日、4 月 28 日和 4 月 29 日。2 年试验中,分别于 9 月 20 号前后调查株高、果枝数、单株结铃数等性状。选择中部好花,收获 30 铃用于分析产量及纤维品质测定;按家系收获子棉,并计算各家系的单株产量;纤维品质均由农业部棉花品质监督检验测试中心利用 HVI900 测定。纤维品质性状包括上半部平均长度(fiber length, FL)、纤维比强度(fiber strength, FS)、麦克隆值(micronaire,

FM)、伸长率(elongation, FE)、整齐度指数(fiber uniformity, FU)等。产量性状包括单株结铃数(boll number, BN)、铃重(boll size, BS)、衣分(lint percent, LP)、子指(seed index, SI)、单株子棉产量(plant seed yield, SY)、单株皮棉产量(plant lint yield, LY)等。2007年安阳点简称为环境1(Env1)、2008年安阳点为环境2(Env2)、曲周点为环境3(Env3)、临清点为环境4(Env4)。

1.3 统计分析方法

利用 Excel 进行纤维品质及产量性状的基本统计分析,相关系数的计算及显著性检验由 SPSS 11.0 分析完成,方差分析、遗传力的估计及聚类分析均由国际通用统计分析软件 SAS 来完成。

2 结果与分析

2.1 RIL 群体的遗传变异分析

本实验获得的实验数据为平衡资料,因此采用传统的方差分析(ANOVA)方法进行分析,用 F 测验判定差异显著性,结果见表 1。方差分量的估算结果显示,环境方差分量最大,其次为家系,然后是重复,家系与环境的互作分量最小。在所有的纤维品质及产量性状中,环境间及家系间在 0.001 水平下都达到了极显著差异。除纤维伸长率外,其余各纤维品质及产量性状均有较大的广义及狭义遗传力,广义遗传力范围在 0.75~0.96,狭义遗传力范围在 0.60~0.93,纤维伸长率的广义及狭义遗传力仅为 0.42 和 0.27。

表 1 RIL 群体纤维品质及产量性状四环境下 F 值检验

Table 1 F values and significance levels of fiber quality and yield related traits in RIL lines

来源	自由度	纤维长度	纤维比强度	麦克隆值	伸长率	整齐度指数	单株结铃数	铃重	衣分	子指	单株子棉产量	单株皮棉产量
环境	3	255.26***	320.05***	607.57***	1160.75***	106.35***	926.28***	412.50***	414.88***	194.50***	1714.48***	1600.36***
重复	1	1.81	21.86***	0.71	18.79***	3.57	2.99	5.63*	5.35*	0.00	7.54**	7.44**
家系	195	36.56***	38.22***	27.88***	2.14***	7.30***	5.83***	21.82***	52.07***	30.05***	8.64***	9.22***
家系×环境	585	1.42***	2.01***	1.55***	7.71***	1.26**	1.45***	1.83***	1.98***	1.39***	1.81***	1.81***

注:*为 0.05 水平,**为 0.01 水平,***为 0.001 水平。

表 2 RIL 群体纤维品质及产量性状遗传力分析

Table 2 Heritability for fiber quality and yield related traits of RIL population

遗传力	FL	FS	FM	FE	FU	BN	BS	LP	SI	SY	LY
广义遗传力	0.96	0.95	0.94	0.42	0.83	0.75	0.92	0.96	0.95	0.79	0.80
狭义遗传力	0.93	0.90	0.89	0.27	0.71	0.60	0.85	0.93	0.91	0.65	0.67

注:FL 纤维长度、FS 纤维强度、FM 麦克隆值、FE 伸长率、FU 整齐度指数、BN 单株结铃数、BS 铃重、LP 衣分、SI 子指、SY 单株子棉产量、LY 单株皮棉产量。

2.2 亲本及 RIL 群体的纤维品质及产量性状分析

在所有环境下 0-153 纤维品质较 sGK9708 更好,表现长、强、细的特点。在 4 个环境下,除纤维伸长率外,两亲本其它纤维品质性状均存在较大差异,0-153 纤维长度平均多 3.1 mm,整齐度高 1.9 个百分点,麦克隆值低 0.5,比强度高 8.1 cN·tex⁻¹。产量性状上也存在较大差异,在所有环境下 sGK9708 要优于 0-153,平均单株结铃数多 3.9 个,铃重大 1.0 g,衣分高 4.3 个百分点,子指多 0.9 g,单株子棉产量高 20.1 g,单株皮棉产量高 9.5 g。

纤维品质性状中,亲本纤维长度分别为 30.6

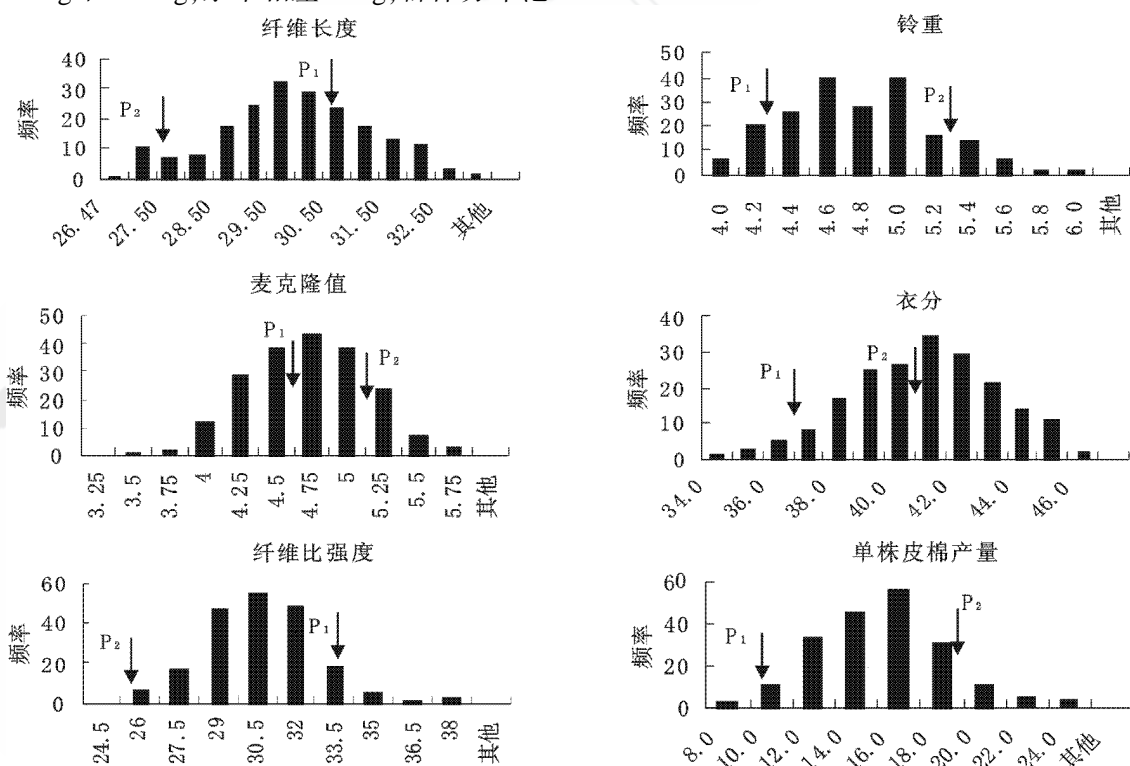
mm 和 27.5 mm,相差 3.1 mm,群体分布范围在 26.5~32.7 mm,家系间长度最多相差 6.2 mm,家系间平均值为 29.5 mm,介于两亲本之间,但略高于亲本平均值,超高亲比例为 22.4%;纤维比强度两亲本分别为 33.6 cN·tex⁻¹ 和 25.5 cN·tex⁻¹,相差 8.1 cN·tex⁻¹,群体分布范围在 24.6~36.8 cN·tex⁻¹,家系间最多相差 12.2 cN·tex⁻¹,均值为 29.9 cN·tex⁻¹,介于两亲本之间,和亲本均值相当,超高亲比例为 4.1%;麦克隆值两亲本分别为 4.6 和 5.1,相差 0.5,群体分布范围在 3.3~5.6,家系间麦克隆值最多相差 2.3,平均值为 4.6,与低值亲本接近,负向超低亲比例为 51.0%;纤维伸长率两

亲本分别为 6.5, 该性状亲本间无差异, 群体分布范围在 6.3~6.7, 家系间最多相差 0.4, 均值为 6.5, 和两亲本相同, 超高亲比例为 32.7%; 整齐度指数亲本分别为 86.0% 和 84.1%, 相差 1.9 个百分点, 群体分布范围在 83.1%~87.5%, 平均值为 85.4%, 介于两亲本之间, 和亲本均值相当, 超高亲比例为 20.9%。

产量性状中, 单株结铃数亲本分别为 9.4 和 13.3 个, 相差 3.9 个, 群体分布范围在 6.8~15.2 个, 家系间单株结铃数最多相差 8.4 个, 家系间平均为 11.4 个, 介于两亲本之间, 和亲本均值相当, 超高亲比例为 9.7%; 铃重两亲本分别为 4.3 g 和 5.3 g, 亲本间相差 1.0 g, 群体分布范围在 3.8~5.9 g, 家系间铃重最多相差 2.1 g, 平均为 4.7 g, 介于两亲本之间, 和亲本平均值相当, 超高亲比例为 5.6%; 衣分性状两亲本分别为 37.1% 和 41.4%, 相差 4.3 个百分点, 群体分布范围在 33.4%~45.3%, 家系间衣分最多相差 11.9 个百分点, 均值为 40.3%, 介于两亲本之间, 高于亲本均值, 超高亲比例为 33.7%; 子指性状两亲本分别为 10.5 g 和 11.4 g, 亲本相差 0.9 g, 群体分布范

围在 8.4~13.2 g, 家系间最多相差 4.8 g, 均值为 10.5 g, 和低值亲本相当, 群体超高亲比例为 11.7%; 单株子棉产量两亲本分别为 24.5 g 和 44.6 g, 相差 20.1 g, 群体分布范围在 15.9~60.6 g, 家系间最多相差 44.7 g, 均值为 35.1 g, 介于两亲本之间, 和亲本均值相当, 超高亲比例为 8.7%; 单株皮棉产量两亲本分别为 9.1 g 和 18.6 g, 相差 9.5 g, 群体分布范围在 6.1~23.9 g, 家系间最多相差 17.8 g, 均值为 14.2 g, 介于两亲本之间, 略高于亲本均值, 超高亲比例为 8.2%。

通过分析可以看出, 所研究的纤维品质及产量性状均出现了双向超亲分离现象, 但是大多数性状群体均值和亲本平均值相当。在品质性状中, 长度和细度的群体均值略高于亲本均值, 产量性状中衣分和单株皮棉产量性状的群体均值略高于亲本均值, 而子指性状的群体均值和低值亲本相当, 低于亲本均值。通过偏度值可以看出 (数据略), RIL 群体纤维品质及产量性状在 4 个环境下均值的偏度绝对值都小于 1, 呈正态分布, 为典型的数量性状特征 (图 1)。



注: P₁ 为父本 0-153, P₂ 为母本 sGK9708; 频率值为重组自交系的个数。

图 1 RIL 群体纤维品质及产量性状四环境平均值分布图

Fig. 1 The distribution of fiber quality and yield related traits averaged from four environments

2.3 RIL 群体高品质家系纤维品质及产量性状的表现

共有 6 个家系在纤维长度、比强度、麦克隆值方面均较亲本 0-153 突出, 具体各性状分析结果见表 3。所有 6 个高品质家系, 纤维长度均超过了 31 mm, 纤维比强度大于 $34 \text{ cN}\cdot\text{tex}^{-1}$, 麦克隆值小于或等于 4.5, 伸长率均为 6.5%, 整齐度指数大于 86%。高品质家系中, 单株子棉产量超过 40 g 的只有 MBR014 和 MBR049, 其余单株子棉产量

较低。MBR004 品质较好, 但是产量性状中除子指较高外, 其余性状均较低; MBR014 和 MBR049 单株子棉产量分别为 40.3 g 和 41.0 g, 具有较高的利用价值。高品质家系一般表现为单株结铃数、子指适中, 但铃重、单株子棉及皮棉产量较低, 衣分也偏低。MBR014、MBR049 及 MBR070 纤维品质较好且衣分也较高, 该家系有可能打破了衣分和品质间的负相关, 子棉及皮棉产量也较高, 有较高的利用价值。

表 3 高品质家系的纤维品质及产量性状表现

Table 3 Fiber quality and yield related traits for RILs with high fiber quality

家系	纤维长度 /mm	纤维比强度 /($\text{cN}\cdot\text{tex}^{-1}$)	麦克隆值	伸长率/%	整齐度 指数/%	单株结铃数 /个	铃重 /g	衣分 /%	子指 /g	单株子棉 产量/g	单株皮棉 产量/g
MBR004	31.1	34.7	4.0	6.5	86.3	7.1	4.2	37.9	12.1	18.4	6.9
MBR014	32.1	35.2	4.2	6.5	86.2	14.9	4.1	39.0	11.0	40.3	15.9
MBR049	31.8	36.6	3.9	6.5	86.5	13.1	4.4	38.8	10.8	41.0	15.9
MBR069	32.5	34.4	4.5	6.5	86.6	12.1	4.5	37.9	11.7	33.0	12.4
MBR070	32.7	36.8	4.3	6.5	86.7	9.8	4.7	39.2	12.1	32.9	12.8
MBR097	31.4	34.1	4.4	6.5	86.4	10.7	4.5	35.9	11.1	29.3	10.6
0-153	30.6	33.6	4.6	6.5	86.0	9.4	4.3	37.1	10.5	24.5	9.1
sGK9708	27.5	25.5	5.1	6.5	84.1	13.3	5.3	41.4	11.4	44.6	18.6

2.4 性状相关系数分析

利用四环境下 RIL 群体的表型均值进行了各性状间的简单相关分析。纤维品质性状间, 麦克隆值和纤维长度、纤维比强度呈极显著负相关, 与整齐度和伸长率相关不显著; 其余各纤维品质性状间均呈极显著正相关。产量性状间, 衣分和子指呈极显著负相关, 和单株结铃数、单株子棉产量及单株皮棉产量呈显著或极显著正相关; 铃重和子指、单株子棉产量、单株皮棉产量呈

极显著正相关, 与其它性状间相关不显著; 子指和单株子棉产量、单株皮棉产量间呈极显著负相关。纤维品质和产量性状间, 纤维长度和单株结铃数、衣分、单株子棉产量及单株皮棉产量间呈显著或极显著负相关; 麦克隆值和单株结铃数、铃重、衣分、单株子棉产量及单株皮棉产量呈极显著正相关, 和子指呈极显著负相关; 纤维比强度和单株结铃数、衣分、单株子棉产量及单株皮棉产量呈极显著负相关, 和子指呈显著正相关。

表 4 RIL 群体纤维品质及产量性状间相关系数及其显著性

Table 4 Correlation coefficients and significances among fiber quality and yield related traits in RILs

	纤维长度	整齐度指数	麦克隆值	伸长率	纤维比强度	单株结铃数	铃重	衣分	子指	单株子棉产量
整齐度指数	0.59**									
麦克隆值	-0.36**	0.00								
伸长率	0.20**	0.22**	-0.08							
纤维比强度	0.73**	0.70**	-0.44**	0.25**						
单株结铃数	-0.20**	-0.13	0.22**	-0.05	-0.24**					
铃重	0.07	-0.03	0.32**	-0.03	-0.13	0.01				
衣分	-0.52**	-0.34**	0.23**	-0.18*	-0.48**	0.16*	0.06			
子指	0.48**	0.45**	-0.22**	0.12	0.55**	-0.36**	0.25**	-0.42**		
单株子棉产量	-0.15*	-0.10	0.28**	-0.05	-0.21**	0.78**	0.78**	0.15*	-0.20**	
单株皮棉产量	-0.29**	-0.19**	0.32**	-0.10	-0.33**	0.76**	0.43**	0.40**	-0.29**	0.96**

注: * 表明 0.05 的显著水平, ** 表明 0.01 的显著水平。

2.5 RIL 群体聚类分析

以 196 个 RIL 家系纤维品质性状采用类平均法进行聚类分析得出(结果未列出),在遗传距离为 1.0 时,196 个 RIL 家系共分成了 7 组,其中 MBR161 自己为一组,这可能是由于 MBR161 的纤维伸长率为家系间最大所致。高纤维品质家系间,MBR004 和 MBR014 在遗传距离为 0.29 处聚为一类,在遗传距离 0.33 处 MBR049 和 MBR070 聚为一类,MBR097 和 MBR004 及 MBR014 聚为一类,在距离为 0.47 处 MBR004、MBR014、MBR049、MBR070、MBR097 聚在一起,说明该 5 个家系在品质的遗传组成上差异不大。直到遗传距离为 0.78 处 MBR069 才和其它高品质家系聚为一类,说明 MBR069 和其它高品质家系在品质上有较大的差异。

3 讨论

RIL 群体为稳定的群体,可以进行多环境下的重复试验,因此可以更好地进行多环境下的鉴定和遗传分析。分析结果显示,在方差分量的估算中,环境方差分量最大,说明环境对 RIL 群体表型的影响较大,家系与环境的互作也都存在显著差异,说明各性状在各环境下的表现不一致。通过遗传力分析可看出,除纤维伸长率外,纤维品质较产量性状具有较高的广义及狭义遗传力。纤维伸长率受环境的影响较大,且遗传力较低。

以 sGK9708×0-153 的杂交组合构建的 RIL 群体中,所有的性状都出现了较强的超亲分离,不同性状间超亲比例不同。纤维品质性状中,成熟纤维的克隆值越高,品质也就越差。本研究中家系的克隆值负向超亲比例为 51.0%,是纤维品质性状中最高的,而比强度的超亲比例仅为 4.1%,可见在后代中对纤维细度的改良较为容易,而纤维比强度提高较为困难。产量性状中,衣分的超亲比例达到了 33.7%,为产量性状中最高的,衣分最高为 45.3%,铃重的超亲比例仅为 5.6%,为最低,铃重最大值也只有 5.9 g,可见对铃重的改良难度较大。

RIL 群体不同性状间的表型相关系数可用来鉴定群体中各家系的表现,同时提高多个纤维品质性状^⑨。纤维比强度和长度呈显著正相关,因此

可以在群体中鉴定纤维比强度超高亲的家系,同时具有高的纤维长度性状。克隆值越低越好,克隆值和纤维比强度及纤维长度都呈显著负相关,因此可以选择具有较高的纤维长度和纤维比强度并具有较低的克隆值的家系。选择的 6 个高品质家系的纤维比强度、纤维长度及克隆值均超过了优质亲本 0-153,具有较高的利用价值。同样在产量性状和品质性状间,衣分和纤维长度及纤维比强度呈极显著负相关,但是在选择的高品质家系中,有些家系的衣分性状接近于高值亲本,因此这些家系可使产量及品质性状同时得到提高。本研究所获得的 196 个重组自交系材料,在纤维品质性状及产量性状上均表现了较大的分离变异,是进行相关基础研究的好材料。

参考文献:

- [1] 中国农业科学院棉花研究所. 中国棉花遗传育种科学[M]. 济南:山东科学技术出版社,2003:1.
Cotton Research Institute, CAAS. Genetics and Breeding of Cotton in China[M]. Ji'nan: Sci & Tech Press of Shandong, 2003:1.
- [2] TATINENI V, Cantrell R G, Davis D D. Genetic diversity in elite cotton germplasm determined by morphological characteristics and RAPDs[J]. Crop Sci, 1996, 36: 186-192.
- [3] MULTANI D S, Lyon B R. Genetic fingerprinting of Australian cotton cultivars with RAPD markers[J]. Genome, 1995, 38:1005-1008.
- [4] 郭旺珍, 张天真, 潘家驹, 等. 我国陆地棉品种的遗传多样性研究初报[J]. 棉花学报, 1997, 9(5):242-247.
GUO Wang-zhen, Zhang Tian-zhen, Pan Jia-ju, et al. A preliminary study on genetic diversity of upland cotton cultivars in China[J]. Cotton Science, 1997, 9(5): 242-247.
- [5] BURR B, Burr F A, Keith H T, et al. Gene mapping with recombinant inbreds in maize[J]. Genetics, 1988, 118: 519-526.
- [6] 栾启福, 祝水金. 陆地棉重组近交系 HM188 及其性状表现[J]. 棉花学报, 2003, 15(4):252-253.
LUAN Qi-fu, Zhu Shui-jin. Introduction of a recombinant inbred line of upland cotton (*G. hirsutum* L.) HM188[J]. Cotton Science, 2003, 15(4):252-253.
- [7] WU J X, Gutierrez O A, Jenkins J N, et al. Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of upland cotton[J]. Euphytica, 2009, 165:231-245.
- [8] 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]. Mol Gen Genomics, 2005, 274:428-441.

- [9] PERCY R G, Cantrell R G, Zhang J F. Genetic variation for agronomic and fiber properties in an introgressed recombinant inbred population of cotton[J]. *Crop Sci*, 2006, 46:1311-1317.
- [10] 张培通,朱协飞,郭旺珍,等. 高产棉花品种泗棉3号产量及其产量构成因素的遗传分析[J]. *作物学报*, 2006, 32(7): 1011-1017.
- ZHANG Pei-tong, Zhu Xie-fei, Guo Wang-zhen, et al. Genetic analysis of yield and its components for high yield cultivar Simian 3 in *G.hirsutum* L.[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2006,32(7):1011-1017.
- [11] SHEN X L, Guo W Z, Lu Q X, 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] WAN Q, Zhang Z S, Hu M C, et al. T1 locus in cotton is the candidate gene affecting lint percentage, fiber quality and spiny bollworm(*Earias* spp.) resistance[J]. *Euphytica*, 2007, 158:241-247.
- [13] 杨昶,郭旺珍,张天真. 陆地棉抗黄萎病、纤维品质和产量等农艺性状的 QTL 定位[J]. *分子植物育种*, 2007, 5(6):797-805.
- YANG Chang, Guo Wang-zhen, Zhang Tian-zhen. QTL mapping for resistance to *Verticillium* wilt, fiber quality and yield traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2007, 5(6): 797-805.
- [14] 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.
- LI Shou-cheng, Jiang Xian-yan. High strength fiber germplasm selection among crosses between *G. hirsutum* and *G. arboreum* [J]. *China Cotton*, 1997, 24(11):9-11.
- [15] 张建宏,王淑芳,石玉真,等. 转基因抗虫棉产量相关性状 QTL 的分子标记及定位[J]. *棉花学报*, 2008,20(3):179-185.
- ZHANG Jian-hong, Wang Shu-fang, Shi Yu-zhen, et al. Molecular marker and QTL of yield-related traits in transgenic insect-resistant cotton varieties [J]. *Cotton Science*, 2008, 20(3): 179-185.
- [16] 董章辉,石玉真,张建宏,等. 棉花纤维长度主效 QTLs 的分子标记辅助选择及聚合效果研究[J]. *棉花学报*, 2009, 21(4): 279-283.
- DONG Zhang-hui, Shi Yu-zhen, Zhang Jian-hong, et al. Molecular marker-assisted selection and pyramiding breeding of major QTLs for cotton fiber length [J]. *Cotton Science*, 2009, 21(4):279-283. ●