

陆地棉品种百棉1号主要株型性状的遗传研究

李成奇,王清连,董娜,付远志,张金宝,连晓东

(河南科技学院河南省高等学校作物分子育种重点开放实验室/棉花研究所,河南新乡453003)

摘要:对陆地棉品种百棉1号主要株型性状进行了主基因-多基因混合遗传分析。结果表明,株高、果枝长度、株高/果枝长度、主茎节间长度、果枝节间长度、总果节数、总果枝数、有效果枝数和果枝夹角的最适模型分别为D-4、C-0、D-4、D-2、E-0、D-2、B-1、B-1和C-0,除果枝长度和果枝夹角外,其它性状均检测到主基因。总果枝数、有效果枝数和果枝节间长度为主基因遗传或以主基因遗传为主,对其可采用单交重组或简单回交转育转移增效主基因;株高、株高/果枝长度、主茎节间长度、果枝长度和果枝夹角为多基因遗传或以多基因遗传为主,对其可采用聚合回交或轮回选择累积增效多基因;总果节数以主基因和多基因遗传并重,对其可根据主基因、多基因相对效应大小分别考虑。

关键词:棉花;株型性状;株型育种;主基因-多基因

中图分类号: S562.03 **文献标识码:** A

文章编号: 1002-7807(2010)05-0415-07

Quantitative Inheritance for Main Plant Architecture Traits of Upland Cotton Variety Baimian 1

LI Cheng-qi, WANG Qing-lian, DONG Na, FU Yuan-zhi, ZHANG Jin-bao, LIAN Xiao-dong

(Henan Institute of Science and Technology, Open Key Laboratory of Crop Molecular Breeding, Universities of Henan Province / Cotton Research Institute, Xinxiang, Henan 453003, China)

Abstract: The major gene-poly gene mixed inheritance model was used to analyze the genetics of main plant architecture traits by using six generations of upland cotton variety Baimian 1 (P_1) and genetic standard line TM-1 (P_2), and their F_1 , B_1 , B_2 and F_2 . The results showed that optimum genetic models of plant height, fruit branch length, ratio of plant height to fruit branch length, stem internodes length, fruit branch internodes length, fruit nodes, fruit branches, effective fruit branches and fruit branch angle were D-4, C-0, D-4, D-2, E-0, D-2, B-1, B-1 and C-0, respectively. The major genes of all traits were always detected except fruit branch length and fruit branch angle. Understanding the major gene-poly gene genetic rule of plant architecture traits, we would choose the appropriate means to enhance breeding efficiency. Single cross recombination or simple backcross should be adopted to transfer positive major genes for the traits including fruit branches, effective fruit branches and fruit branch internodes length, which belonged to typical major gene inheritance or mainly controlled by major gene; polymerization backcross or recurrent selection should be adopted to cumulate positive polygenes for the traits including plant height, ratio of plant height to fruit branch length, stem internodes length, fruit branch length and fruit branch angle, which belonged to typical polygene inheritance or were mainly controlled by polygene; the relative effects of major genes and polygenes should be considered separately to improve favorable major genes and polygenes simultaneously for fruit nodes controlled by major gene and polygene altogether. Our studies might provide some theoretical references on improving cotton yield through plant architecture breeding.

Key words: cotton; plant architecture traits; plant architecture breeding; major gene-poly gene

近年来,随着数量遗传学和统计分析方法的迅速发展,人们对数量性状基因的认识已有所深化。研究表明,数量性状不仅是一种多基因遗传模式,还存在主基因模式和主基因+多基因模

收稿日期:2009-10-14 作者简介:李成奇(1974-),男,博士,副教授, llchqq1@126.com

基金项目:国家棉花现代产业技术体系研究与建立(nycytX-06-09),国家“十一五”科技支撑计划项目(2006BAD01A05-27),河南省重点科技攻关计划项目(092102110025),河南省杰出人才工程计划(084200510008)

式。盖钧镒等^[1]认为,主基因-多基因混合遗传模型是数量性状的通用模型,单纯的主基因或单纯的多基因模型为其特例;并由此发展了一套完整的主基因与多基因存在与效应的数量性状分离分析方法体系。目前,该体系已在大豆的耐盐性和抗虫性^[2-3]、水稻的稻曲病抗性^[4]、小麦的抗纹枯病和 PPO 活性^[5-6]、棉花的产量及其构成因素^[7]、玉米的抗螟性^[8]、油菜的抗倒伏性^[9]等多种作物多种性状上进行了应用。同时,一些性状的研究结果得到了分子标记 QTL 定位的验证^[10-11]。

株型与作物生产和育种关系密切,合理的株型可以提高叶面积系数,改良群体光合效率,提高作物耐肥性,增加收获指数。通过株型研究,还可以为作物育种提供新的选择标准。作物株型多属于数量性状,受基因型和环境共同控制。株型又与其它性状如抗性、适应性、产量等存在相关关系,在水稻、小麦、玉米等禾谷类作物上研究较多^[12-14],在棉花上也有一些报道^[15]。株型育种是通过改善植株形态特征,提高作物对光能的利用,协调各性状之间的关系,最终提高作物产量。百棉 1 号是由河南科技学院利用系谱法选育成的陆地棉新品种,2004 年通过河南省品种审定,2009 年通过国家审定。百棉 1 号的选育成功是以塑造合理株型为突破口,其株型表现为:叶片中等偏大、缺刻偏浅,株高适中,茎秆粗壮抗倒伏,果枝上举,株型清秀,通风透光好,有效果枝数多^[16]。本研究采用主基因-多基因多世代混合遗

传模型,对百棉 1 号主要株型性状进行了遗传分析,旨在为通过株型育种实现棉花高产提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料和性状调查

百棉 1 号来自河南科技学院棉花研究所,已连续自交多代;TM-1 是由美国陆地棉商用品种岱字棉 14 连续自交并选择得到的陆地棉遗传标准系。两亲本株型性状表现见表 1。由表 1 可以看出,9 个株型性状除主茎节间长度和果枝节间长度在亲本间差异不显著,其它性状包括株高、果枝长度、总果节数、总果枝数和有效果枝数在亲本间差异达极显著水平,株高/果枝长度、果枝夹角差异达显著水平,为主基因-多基因遗传分析提供了较好的基础。

2008 年夏配置百棉 1 号×TM-1 组合,获得 F₁,冬季海南加代获得 F₂,同时配置组合的 B₁ 和 B₂。2009 年在河南科技学院棉花试验站种植 P₁、P₂、B₁、B₂、F₁ 和 F₂ 6 个世代,顺序排列。按单株分别考查株高、果枝长度、株高/果枝长度、主茎节间长度、果枝节间长度、总果节数、总果枝数、有效果枝数和果枝夹角等 9 个株型性状。其中,果枝长度、果枝节间长度和果枝夹角是在得到总果枝数的基础上,调查植株中间 2 个果枝,取平均值作为最终结果。P₁、P₂、F₁ 分别定点调查 12、12、20 株;B₁、B₂、F₂ 分别调查 109、120、200 株。

表 1 亲本株型性状表现

Table 1 The performance of plant architecture traits of the parents

亲本	株高/cm	果枝长度/cm	株高/果枝长度	主茎节间长度/cm	果枝节间长度/cm	总果节数/个	总果枝数/个	有效果枝数/个	果枝夹角/度
百棉 1 号(P ₁)	98.92	60.25	1.65	5.64	9.68	69.58	13.92	13.58	62.63
TM-1(P ₂)	79.25	51.08	1.58	6.04	9.16	53.25	10.33	5.58	67.92
P ₁ -P ₂	19.67**	9.17**	0.07*	-0.40	0.52	16.33**	3.59**	8.00**	-5.29*

注:*,** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平上显著。

1.2 数据统计分析

基本统计分析采用 Excel 2007;主基因-多基因多世代联合分析采用盖钧镒等^[1]提出的主基因与多基因混合遗传模型的 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 六世代联合分析的方法,分别对各株型性状进行分析。首先比较 1 对主基因(A 类模型)、2 对主基

因(B 类模型)、无主基因(C 类模型)、1 对主基因 + 多基因(D 类模型)和 2 对主基因 + 多基因(E 类模型)共 24 个遗传模型的 AIC 值(Akaike's information criterion),然后进行遗传模型的适合性测验,包括均匀性检验(U₁²、U₂²、U₃²)、Smirnov 检验(W²)和 Kolmogorov 检验(D_n),最适模型的确定是综合

考虑极大对数似然函数、AIC 值最小和适合性检验的结果。再根据模型分析结果,估计主基因和多基因的各项遗传参数。

2 结果与分析

利用主基因与多基因混合遗传模型的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2 六世代联合分析方法,对百棉 1 号×TM-1 组合的各株型性状进行了遗传分析。

2.1 株高

由 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2 各世代的株高基本参数(表 2)可知,两亲本株高差异明显; F_1 平均值介于双亲之间,接近于高值亲本(P_1); B_1 和 B_2 的平均值均偏向于高值亲本; F_2 的平均值偏向于低值亲本(P_2); B_1 、 B_2 、 F_2 群体均有超亲分离现象。分离世代 B_1 、 B_2 、 F_2 呈连续分布,均表现偏态,说明株高性状的遗传可能存在主基因,表现出主基因+多基因混合遗传特征(图 1)。

表 2 各世代株高基本参数

Table 2 Basic parameters of plant height in each generation

世代	最小值/cm	最大值/cm	极差/cm	均值/cm	标准差/cm	峰度	偏度
P_1	92	106	14	98.917	4.833	-1.411	0.073
P_2	70	91	21	79.250	6.757	-1.074	0.390
F_1	85	107	22	96.050	6.083	-0.591	0.239
B_1	56	130	74	94.661	14.959	-0.314	-0.124
B_2	48	129	81	92.225	16.699	-0.135	-0.557
F_2	48	114	66	78.650	16.653	-0.177	0.216

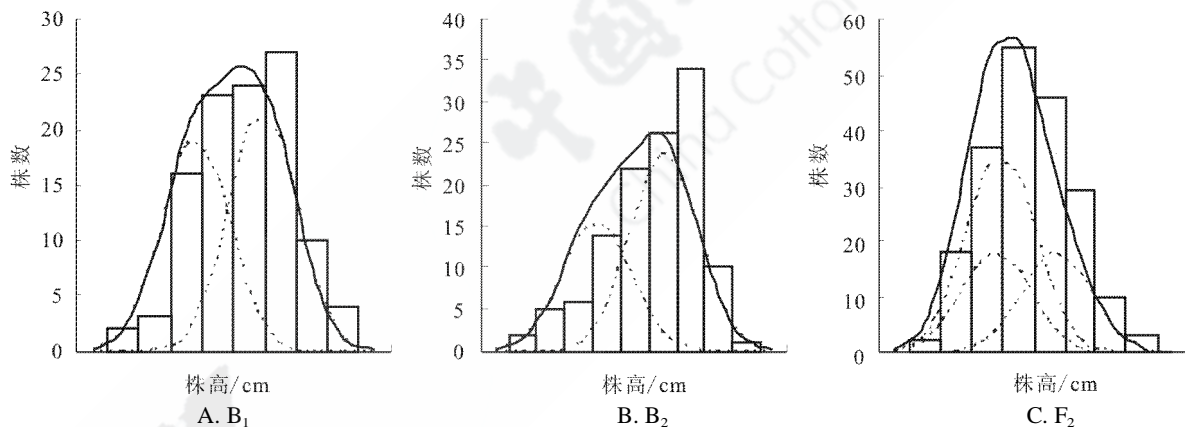


图 1 分离世代株高的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of plant height in segregation generations

根据遗传模型选择的原则,即 AIC 值最小准则,株高 D-2 和 D-4 模型的 AIC 值相对较小,分别为 3824.4746 和 3824.4738。然后分别对其进行适合性检验(表 3),结果显示,2 个模型所有统计量都不显著即都通过,但由于 D-4 模型的 AIC 值相对最小,因此认为株高的最适遗传模型为 D-4,即 1 对负向完全显性主基因+加性-显性多基因模型。根据模型的极大似然估计值,估计最适遗传模型的遗传参数(表 4)。株高主基因的加性效应为较高的正值 6.830,负向完全显性;多基因加性效应和显性效应分别为 1.910 和 12.053,显性效应较高;分离世代主基因遗传率平均为

22.906%,多基因遗传率平均为 62.230%,以多基因遗传为主,总遗传率为 85.136%。

2.2 果枝长度和果枝夹角

根据主基因-多基因遗传模型联合世代分析结果,果枝长度和果枝夹角的最适遗传模型均为 C-0,即加性-显性-上位性多基因模型,未检测到效应大的主基因。果枝长度分离世代主基因遗传率平均为 0.750%,多基因遗传率平均为 53.108%,总遗传率为 53.858%;果枝夹角分离世代主基因遗传率平均为 0.750%,多基因遗传率平均为 50.734%,总遗传率为 51.485%。果枝长度和果枝夹角均属典型的多基因遗传(表 4)。

表 3 株高 D-2 和 D-4 模型的适合性检验
Table 3 Fitness test of model D-2 and D-4 of plant height

模型	AIC 值	世代	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
D-2	3824.4746	P ₁	0.640(0.4238)	0.472(0.4922)	0.123(0.7260)	0.0853(> 0.05)	0.1659 (0.05)=0.4301
		F ₁	0.253(0.6152)	0.343(0.5578)	0.158(0.6910)	0.0549(> 0.05)	0.1255 (0.05)=0.3206
		P ₂	0.011(0.9174)	0.043(0.8351)	1.523(0.2171)	0.0799(> 0.05)	0.2277 (0.05)=0.4301
		B ₁	1.018(0.3129)	0.938(0.3328)	0.001(0.9728)	0.151(> 0.05)	0.0961 (0.05)=0.1315
		B ₂	0.283(0.5950)	0.260(0.6099)	0.000(0.9857)	0.1839(> 0.05)	0.0822 (0.05)=0.1252
		F ₂	0.001(0.9706)	0.001(0.9800)	0.002(0.9660)	0.0269(> 0.05)	0.0338 (0.05)=0.0967
D-4	3824.4738	P ₁	0.639(0.4242)	0.471(0.4926)	0.123(0.7259)	0.0852(> 0.05)	0.1659 (0.05)=0.4301
		F ₁	0.250(0.6168)	0.341(0.5593)	0.158(0.6909)	0.0548(> 0.05)	0.1253 (0.05)=0.3206
		P ₂	0.011(0.9157)	0.043(0.8366)	1.525(0.2169)	0.08(> 0.05)	0.2279 (0.05)=0.4301
		B ₁	1.021(0.3124)	0.939(0.3325)	0.001(0.9707)	0.1513(> 0.05)	0.0962 (0.05)=0.1315
		B ₂	0.285(0.5935)	0.263(0.6080)	0.000(0.9878)	0.1842(> 0.05)	0.0823 (0.05)=0.1252
		F ₂	0.001(0.9696)	0.001(0.9787)	0.002(0.9673)	0.0269(> 0.05)	0.0337 (0.05)=0.0967

表 4 六世代联合估计的株型性状遗传参数
Table 4 The estimated genetic parameters of plant architecture traits using six generations

参数	株高 /cm	果枝长度	株高/果枝	主茎节间	果枝节间	总果节数	总果枝数	有效果枝数	果枝夹角
		/cm	长度	长度 /cm	长度 /cm	/个	/个	/个	/°
	D-4	C-0	D-4	D-2	E-0	D-2	B-1	B-1	C-0
m	86.746	51.901	1.717	5.637	9.071	59.672	11.522	9.983	62.394
d	6.830	-	0.177	0.297	-	8.995	-	-	-
h	-6.830	-	-0.177	0.000	-	0.000	-	-	-
d_a	-	-	-	-	0.768	-	1.218	1.932	-
d_b	-	-	-	-	1.303	-	1.203	1.932	-
h_a	-	-	-	-	0.431	-	0.448	-0.560	-
h_b	-	-	-	-	0.709	-	2.006	1.514	-
i	-	-	-	-	0.644	-	0.219	-0.158	-
j_{ab}	-	-	-	-	-0.680	-	-0.596	-0.416	-
j_{ba}	-	-	-	-	-1.348	-	-2.140	-2.489	-
l	-	-	-	-	-0.083	-	-0.568	1.101	-
$[d]$	1.910	-	-0.156	-0.093	-	-0.931	-	-	-
$[h]$	12.053	-	0.416	-0.068	-	-2.800	-	-	-
$h_{ng}^2(\%)$	22.906	0.750	6.715	9.058	41.837	24.590	45.613	60.594	0.750
$h_{pg}^2(\%)$	62.230	53.108	49.157	54.334	10.849	23.295	0.000	0.000	50.734
$h^2(\%)$	85.136	53.858	55.872	63.392	52.685	47.885	45.613	60.594	51.485

注: D-4 为 1 对负向完全显性主基因 + 加性 - 显性多基因模型; C-0 为加性 - 显性 - 上位性多基因模型; D-2 为 1 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因模型; E-0 为 2 对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因模型; B-1 为 2 对加性 - 显性 - 上位性主基因遗传模型。 m : 中亲值, d 、 h 分别表示 1 对主基因时主基因的加性效应和显性效应; d_a 、 h_a : 2 对主基因时主基因 a 的加性效应和显性效应; d_b 、 h_b : 2 对主基因时主基因 b 的加性效应和显性效应; i : 主基因间加性×加性交互; j_{ab} : 主基因间加性×显性交互; j_{ba} 表示主基因间显性×加性交互; l : 主基因间显性×显性交互; $[d]$: 多基因加性效应; $[h]$: 多基因显性效应; h_{ng}^2 : 主基因遗传率; h_{pg}^2 : 多基因遗传率; h^2 : 总遗传率。

2.3 株高/果枝长度

株高 / 果枝长度的最适遗传模型为 D-4, 即 1 对负向完全显性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。主基因加性效应值为 0.177, 负向完全显性; 多基因加性效应与显性效应方向相反, 分别为 -0.156 和 0.416。分离世代主基因遗传率平均为 6.715%; 多基因遗传率平均为 49.157%, 以多基因遗传为主, 总遗传率为 55.872% (表 4)。

2.4 主茎节间长度和总果节数

主茎节间长度和总果节数的最适遗传模型均为 D-2, 即 1 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。主茎节间长度主基因加性效应值为 0.297, 无显性效应; 多基因加性效应与显性效应均为负值, 分别为 -0.093 和 -0.068; 分离世代主基因遗传率平均为 9.058%, 多基因遗传率平均为 54.334%, 以多基因遗传为主, 总遗传率为 63.392%。总果节数主基因加性效应值为 8.995, 无显性效应; 多基因加性效应与显性效应均为负值, 分别为 -0.931 和 -2.800, 势能比较大。分离世代主基因遗传率平均为 24.590%, 多基因遗传率平均为 23.295%, 以主基因与多基因遗传并重, 总遗传率为 47.885% (表 4)。

2.5 果枝节间长度

果枝节间长度的最适遗传模型为 E-0, 即 2 对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因模型。两对主基因加性效应值均为正值, 正向部分显性; 主基因间存在互作, 其中加性 × 加性互作为正效应 0.644, 其余均为负效应。分离世代主基因遗传率平均为 41.837%, 多基因遗传率平均为 10.849%, 以主基因遗传为主, 总遗传率为 52.685% (表 4)。

2.6 总果枝数和有效果枝数

总果枝数和有效果枝数的最适遗传模型均为 B-1, 即 2 对加性 - 显性 - 上位性主基因遗传模型。总果枝数 2 对主基因加性效应均为正值, 1 对主基因为正向部分显性, 另 1 对主基因为正向超显性; 2 对主基因间存在互作, 其中加性 × 加性互作为正效应, 其余均为负效应。分离世代主基因遗传率平均为 45.613%, 总遗传率 45.613%。有效果枝数 2 对主基因加性效应均为正值且大小相等, 1 对主基因为负向部分显性, 另 1 对主基因为

正向部分显性; 2 对主基因间互作效应除显性 × 显性互作为正效应, 其余均为负效应。分离世代主基因遗传率平均为 60.594%, 总遗传率 60.594%, 总果枝数和有效果枝数均属典型的主基因遗传 (表 4)。

3 讨论

3.1 棉花株型性状主基因存在的证据

以分子标记为手段的 QTL 作图提供了控制数量性状主基因存在的证据^[17]。目前, 在水稻^[12]、小麦^[13]、玉米^[18]、大豆^[19]等作物上, 已鉴定出诸多与株型性状相关的 QTLs。在棉花上, 张培通等^[20]利用陆地棉 P₁、P₂ 和 RIL 群体三代联合分析法对 2 个环境下 4 个棉花株型性状进行了主基因 - 多基因遗传分析, 结果表明, 株型性状都符合主基因 - 多基因混合遗传模型, 存在控制株型性状的主基因; 同时, 利用分子标记技术检测到控制棉花株型性状的 14 个 QTLs; Wang 等^[21]利用重组自交系和 SSR 标记进行陆地棉株型 QTL 的鉴定和定位, 共检测到 16 个株型性状 QTLs; Song 等^[22]利用陆海杂交 BC₁ 群体检测到 8 个叶片形态性状的 29 个 QTLs。本研究利用主基因 - 多基因联合遗传模型, 较全面地对陆地棉株型性状遗传规律进行了分析。结果表明, 9 个株型性状中除果枝长度和果枝夹角未检测到主基因, 其它性状均检测到主基因的存在, 其中株高、株高 / 果枝长度、主茎节间长度、总果节数分别检测到 1 对主基因, 果枝节间长度、总果枝数和有效果枝数分别检测到 2 对主基因, 说明棉花株型性状主基因是普遍存在的, 为株型性状的 QTL 定位和标记辅助选择奠定了理论基础。

3.2 棉花株型遗传对高产育种的启示

塑造棉花理想株型、合理密植、配套栽培措施, 对提高棉花产量、改善性状间的关系意义重大。泗棉 3 号是 20 世纪 90 年代我国育成的曾在长江流域推广面积最大的棉花品种, 是我国棉花常规品种培育的成功典范。该品种选育的关键技术之一就是塑造了理想株型, 表现出株型疏朗、层次清晰、节间匀称、群体内植株通透性好等特点, 为其高光效利用和实现高产奠定了基础^[23]。杨万玉对泗棉 3 号的皮棉产量与株型关系进行了

研究,合理运筹栽培措施,结果泗棉 3 号的皮棉产量得到显著提高^[24]。百棉 1 号的选育成功与利用合理株型密不可分。本研究以百棉 1 号和 TM-1 配制组合,目的即研究百棉 1 号株型性状的遗传规律,为通过株型育种实现棉花高产提供理论依据。由各性状的主基因加性效应可知,加性效应为正值的增效位点来自高值亲本,如株高、果枝长度、株高/果枝长度、果枝节间长度、总果节数、总果枝数和有效果枝数的主基因增效位点来自百棉 1 号,而主茎节间长度和果枝夹角主基因增效位点来自 TM-1,在棉花株型育种中,聚合增效位点时应注意亲本间的基因互补。由各性状主基因的显性效应与加性效应比值可知,各性状主基因的显性度存在差异,在杂种优势利用上应注意考虑。由各性状的总遗传率比较得出,株高的总遗传率最高(85.136%),其次为主茎节间长度(63.392%)和有效果枝数(60.594%),这 3 个性状作为株型指标可在早期世代进行选择。从主基因遗传率和多基因遗传率的权重来看,总果枝数、有效果枝数和果枝节间长度为主基因遗传或以主基因遗传为主,对其可采用单交重组或简单回交转育的方法转移主基因,同时兼顾增效多基因的聚合;株高、株高与果枝长度之比、主茎节间长度、果枝长度和果枝夹角为多基因遗传或以多基因遗传为主,对其可采用聚合回交或轮回选择的方法累积增效多基因;总果节数以主基因和多基因遗传并重,对其可根据主基因、多基因相对效应大小分别考虑,达到有利主基因和多基因同步改良的育种效果。

参考文献:

- [1] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社,2003:224-233.
GAI Jun-yi, Zhang Yuan-ming, Wang Jian-kang. Plant genetic system of quantitative traits[M]. Beijing: Science Press, 2003: 224-233.
- [2] 罗庆云,於丙军,刘友良,等. 栽培大豆耐盐性的主基因+多基因混合遗传分析[J]. 大豆科学,2004,23(4):239-244.
LUO Qing-yun, Yu Bing-jun, Liu You-liang, et al. The mixed inheritance analysis of salt tolerance in cultivars of *Glycine max*[J]. Soybean Science, 2004, 23(4): 239-244.
- [3] 李广军,程利国,张国政,等. 大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传[J]. 大豆科学,2008,27(1):33-41.
LI Guang-jun, Cheng Li-guo, Zhang Guo-zheng, et al. Mixed major-gene plus polygenes inheritance analysis for resistance in soybean to Bean Pyralid (*Lamprosema indicata Fabricius*) [J]. Soybean Science, 2008, 27(1): 33-41.
- [4] 李余生,朱镇,张亚东,等. 水稻稻曲病抗性的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 作物学报,2008,34(10):1728-1733.
LI Yu-sheng, Zhu Zhen, Zhang Ya-dong, et al. Genetic analysis of rice false smut resistance using major gene plus polygene mixed genetic model[J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(10): 1728-1733.
- [5] 吴纪中,颜伟,蔡士宾,等. 小麦纹枯病抗性的主基因+多基因遗传分析[J]. 江苏农业学报,2005,21(1):6-11.
WU Ji-zhong, Yan Wei, Cai Shi-bin, et al. Genetic analysis of sharpshoot resistance by using major gene plus polygene mixed inheritance analysis in wheat (*Triticum aestivum*)[J]. Jiangsu Journal of Agricultural Science, 2005, 21(1): 6-11.
- [6] 葛秀秀,张立平,何中虎,等. 冬小麦 PPO 活性的主基因+多基因混合遗传分析[J]. 作物学报,2004,30(1):18-20.
GE Xiu-xiu, Zhang Li-ping, He Zhong-hu, et al. The mixed inheritance analysis of polyphenol oxidase activities in winter wheat[J]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(1): 18-20.
- [7] 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.
- [8] 包和平,王晓丽,李春成,等. 玉米抗螟性主基因-多基因混合遗传分析[J]. 吉林农业大学学报,2007,29(3):253-255.
BAO He-ping, Wang Xiao-li, Li Chun-cheng, et al. Mixed inheritance analysis of major gene-poly gene of Bt-resistance on maize [J]. Journal of Jilin Agricultural University, 2007, 29(3):253-255.
- [9] 顾慧,戚存扣. 甘蓝型油菜(*Brassica napus* L.)抗倒伏性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 作物学报,2008,34(3):376-381.
GU Hui, Qi Cun-kou. Genetic of lodging resistance with mixed model of major gene plus polygene in *Brassica napus* L.[J]. Acta Agronomica Sinica, 2008, 34(3): 376-381.
- [10] 李成奇,郭旺珍,马晓玲,等. 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[J]. 棉花学报,2008,20(3):163-169.
LI Cheng-qi, Guo Wang-zhen, Ma Xiao-ling, et al. Tagging and mapping of QTL for yield and its components in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) population with varied lint percentage [J]. Cotton Science, 2008, 20(3): 163-169.
- [11] 宋丽,郭旺珍,张天真. 利用显性光子突变体 N_1 进行陆地棉衣分性状的遗传研究[J]. 分子植物育种,2008,6(6):1101-

1106.
SONG Li, Guo Wang-zhen, Zhang Tian-zhen. Genetic study on the lint percentage trait in upland cotton using dominant fuzzy mutant N_1 [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2008, 6(6): 1101-1106.
- [12] ZHUANG J Y, Lin H X, Lu J, et al. Analysis of QTL× environment interaction for yield components and plant height in rice [J]. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 799-808.
- [13] KULWAL P L, Roy J K, Balyan H S, et al. QTL mapping for growth and leaf characters in bread wheat [J]. *Plant Science*, 2003, 164: 267-277.
- [14] PERREIRA M G, Lee M. Identification of genomic regions affecting plant height in sorghum and maize [J]. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 380-388.
- [15] 叶子弘, 朱 军. 陆地棉开花成铃性状的遗传研究 II. 不同果枝节位的遗传规律 [J]. *作物学报*, 2001, 27(2): 243-252.
YE Zi-hong, Zhu Jun. Genetic analysis on flowering and boll setting in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) II. the genetic behavior of different fruiting sites [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2001, 27(2): 243-252.
- [16] 王清连. 棉花新品种百棉 1 号选育报告 [J]. *河南职业技术学院学报*, 2004, 32(3): 1-3.
WANG Qing-lian. The breeding report of the new cotton varieties of Baimian 1 [J]. *Journal of Henan Vocation-technical Teachers College*, 2004, 32(3): 1-3.
- [17] KEARSEY M J, Farquhar A G. QTL analysis in plants: where are we now? [J]. *Heredity*, 1998, 80: 137-142.
- [18] 杨晓军, 路 明, 张世煌, 等. 玉米株高和穗位高的 QTL 定位 [J]. *遗传*, 2008, 30(11): 1477-1486.
YANG Xiao-jun, Lu Ming, Zhang Shi-huang, et al. QTL mapping of plant height and ear position in maize (*Zea mays* L.) [J]. *Hereditas*, 2008, 30(11): 1477-1486.
- [19] 黄中文, 赵团结, 喻德跃, 等. 大豆抗倒伏性的评价指标及其 QTL 分析 [J]. *作物学报*, 2008, 34(4): 605-611.
HUANG Zhong-wen, Zhao Tuan-jie, Yu De-yue, et al. Lodging resistance indices and related QTLs in soybean [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2008, 34(4): 605-611.
- [20] 张培通, 朱协飞, 郭旺珍, 等. 泗棉 3 号理想株型的遗传及分子标记研究 [J]. *棉花学报*, 2006, 18(1): 13-18.
ZHANG Pei-tong, Zhu Xie-fei, Guo Wang-zhen, et al. Inheritance and QTLs tagging for ideal plant architecture of Simian 3 using molecular markers [J]. *Cotton Science*, 2006, 18(1): 13-18.
- [21] WANG B H, Wu Y T, Huang N A, et al. QTL mapping for plant architecture traits in upland cotton using RILs and SSR markers [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 32(2): 161-170.
- [22] SONG X L, Guo W Z, Han Z G, et al. Quantitative trait loci mapping of leaf morphological traits and chlorophyll content in cultivated tetraploid cotton [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2005, 47 (11): 1382-1390.
- [23] 陈立昶, 俞敬忠, 吉守银, 等. 泗棉 3 号品种的选育技术 [J]. *棉花学报*, 1998, 10(1): 20-25.
CHEN Li-chang, Yu Jing-zhong, Ji Shou-yin, et al. Selection and breeding of new cotton variety Simian 3 [J]. *Cotton Science*, 1998, 10(1): 20-25.
- [24] 杨万玉, 周桂生, 陈 源, 等. 高产棉花株型与产量关系的研究 [J]. *江苏农业科学*, 2001(4): 29-32.
YANG Wan-yu, Zhou Gui-sheng, Chen Yuan, et al. Study on the relationship between type and yield of high-yield plant cotton [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2001(4): 29-32. ●