

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2012.00757

棉花“三桃”性状的 QTL 定位

王晓芸^{1,2}, 李成奇², 夏哲^{1,2}, 董娜², 王清连²

1. 河南师范大学生命科学学院, 新乡 453007;

2. 河南科技学院, 河南省高等学校作物分子育种重点学科开放实验室/棉花研究所, 新乡 453003

摘要: 棉花的“三桃”(伏前桃、伏桃和秋桃)一直以来被认为是棉花早熟高产的重要指标。文章以早熟高产棉百棉 2 号为核心亲本, 分别与中晚熟材料 TM-1 和中棉所 12 杂交, 获得两个组合的 F_2 和 $F_{2:3}$ 家系群体。对两个组合进行了遗传连锁图谱构建, 标记位点分别为 269 个和 127 个, 图谱总长分别为 1 837.8 cM 和 1 244.3 cM。两组合共检测到 29 个“三桃”性状 QTL, 包括 16 个可能性 QTL 和 13 个显著性 QTL, 其中, 5 个显著性 QTL 的 LOD 值既大于 3 又大于 permutation 阈值; 16 个 QTL 的贡献率大于 10%, 解释表型变异的 10.9%~44.5%。在两组合的相同染色体共同标记附近检测到 4 个共同 QTL, 分别为伏前桃 $qPSB-17$ 、伏桃 $qSB-17(qSB-17a/17b)$ 和秋桃 $qAB-17$ 、 $qAB-12/26$, 可用于棉花“三桃”性状的标记辅助选择; 其中, 伏桃 $qSB-17(qSB-17a/17b)$ 在两个组合中的贡献率均大于 10%, 秋桃 $qAB-17$ 、 $qAB-12/26$ 在一个组合中的贡献率均大于 10%, 这些既共同又贡献率较大的 QTL 在标记辅助选择中应优先考虑。

关键词: 棉花; 三桃(伏前桃、伏桃和秋桃); QTL; 标记辅助选择

QTL mapping for “pre-summer boll, summer boll and autumn boll” traits in cotton

WANG Xiao-Yun¹, LI Cheng-Qi², XIA Zhe¹, DONG Na², WANG Qing-Lian²

1. College of Life Sciences, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China;

2. Henan Institute of Science and Technology, Key Discipline Open Lab on Crop Molecular Breeding of Henan Institute of higher Learning, Cotton Research Institute, Xinxiang 453003, China

Abstract: “Pre-summer boll, summer boll and autumn boll” have long been regarded as an important index for prematurity and high-yield in cotton. In this study, the prematurity and high-yield cotton cultivar, Baimian 2, was used as the central parent to cross separately with the middle-late-maturity lines TM-1 and CIR12, and then two populations of F_2 and $F_{2:3}$ family lines were obtained, which was used to construct two genetic linkage maps. These maps were comprised of 269 and 127 marker loci with the total length 1837.8 cM and 1244.3 cM, respectively. Results of QTL location showed that a total of

收稿日期: 2011-12-23; 修回日期: 2012-03-20

基金项目: 国家农业科技成果转化资金项目(编号: 2010276), 国家棉花现代产业技术体系项目(编号: nycytx-06-09), 河南省重点科技攻关计划项目(编号: 092102110025; 112102110105)资助

作者简介: 王晓芸, 硕士研究生, 专业方向: 棉花分子生物学。E-mail: wxy2202179052@163.com

李成奇, 博士, 专业方向: 棉花性状遗传与分子育种。E-mail: llchqq1@126.com

王晓芸和李成奇同为第一作者。

通讯作者: 王清连, 博士, 教授, 博士生导师, 专业方向: 棉花遗传育种。E-mail: wangql@hist.edu.cn

29 QTLs were detected in the two combinations, including 16 suggestive QTLs and 13 significant QTLs, of which 5 significant QTLs had higher *LOD* values that was not only greater than 3 but also greater than the threshold calculated by permutation test. The contribution rate of 16 QTLs explained 10.9%–44.5% of the phenotypic variations. Four common QTLs, *qPSB-17* for pre-summer boll, *qSB-17* (*qSB-17a/17b*) for summer boll, and *qAB-17* and *qAB-12/26* for autumn boll, were detected close to common markers of the same chromosome in the two combinations, which could be applied in marker-assisted selection. Moreover, the contribution rate of *qSB-17* (*qSB-17a/17b*) for summer boll in the two combinations was greater than 10%, and that of *qAB-17*, *qAB-12/26* for autumn boll in one combination were greater than 10%. These common QTLs with greater contribution rates should take into consideration firstly in marker-assisted selection.

Keywords: cotton; pre-summer boll, summer boll, autumn boll; QTL (quantitative trait locus); MAS (marker-assisted selection)

培育早熟、丰产、优质、多抗棉花新品种是当前我国棉花育种的主导方向。特别是早熟棉品种的选育和推广,在解决我国人多地少、粮棉争地矛盾、优化农业结构等方面起着非常重要的作用^[1]。棉花的“三桃”是指伏前桃、伏桃和秋桃,一直以来被认为是棉花早熟高产的重要指标。伏前桃是棉株下部几个果枝所结的早桃,伏前桃多一般表示棉花早发^[2],伏桃是棉株中部的棉桃,处于棉花最佳结铃期、铃多而大、纤维品质好,是棉花早熟高产的主体桃^[3]。伏前桃和伏桃的结铃数反映了棉花的早熟性和丰产性,可作为棉花杂交育种的重要参考指标^[4]。秋桃成熟稍晚,但结住秋桃是棉花早熟不早衰的表现,棉花要高产,仍需要一定比例的秋桃^[3]。近年来,利用DNA分子标记技术对棉花早熟及产量性状的QTL研究已有较多报道^[5-9],但对棉花“三桃”性状的QTL定位研究很少^[10]。本研究以早熟高产棉百棉2号为核心亲本,分别与中晚熟材料TM-1和中棉所12配制组合,获得两个组合的 F_2 和 $F_{2:3}$ 家系群体,在遗传图谱构建的基础上进行了棉花“三桃”性状的QTL定位,为目标性状的标记辅助选择提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 亲本及作图群体

选用3个亲本材料:百棉2号为河南科技学院利用系谱法选育成的早熟棉品种,表现出早熟、高产、抗病、适应性广等优良特性^[11];TM-1是陆地棉遗传标准系,在我国长江流域、黄河流域及西北内

陆棉区种植均表现晚熟;中棉所12为中国农科院棉花研究所培育的中熟棉品种,具有光合生产力高、高产稳产、适应性广等优良特性^[12]。2008年夏以百棉2号为核心亲本,分别与TM-1和中棉所12杂交获得 F_1 种子,冬季海南加代获得 F_2 种子,2009年夏获得两组合的 $F_{2:3}$ 家系种子,2010年夏在河南科技学院棉花育种实验田种植两组合的亲本及 $F_{2:3}$ 家系群体(株系数分别为220和208)。完全随机设计,行长5 m,行距0.8 m,每行15株,大田常规管理。分别考查两组合 $F_{2:3}$ 群体的“三桃”性状,伏前桃为7月15日前调查的成铃数,伏桃为8月15日调查的成铃数减去伏前桃,秋桃为9月15日调查的成铃数减去8月15日调查的成铃数。以 $F_{2:3}$ 家系各性状的平均值作为相应 F_2 个体表型值的估计值。为便于描述,将两个组合百棉2号×TM-1、百棉2号×中棉所12分别称为组合I和组合II。

1.2 分子标记

提取两组合的 F_2 单株DNA用于遗传图谱构建,DNA提取采用Paterson等^[13]改进的CTAB法。共选用4 083对SSR引物对亲本进行多态性筛选,包括BNL、CER、CGR、CIR、CM、COT、DPL、DC、GH、HAU、JESPR、MUCS、MUSB、MUSS、MGHE、NAU、SHIN、STV和TMB系列,这些引物主要选自已发表过的棉花种间和种内遗传连锁图谱^[9,14,15],以及已报道的与棉花重要性状基因/QTL连锁的分子标记^[16-19],引物序列从棉花标记数据库CMD (Cotton Microsatellite Database) (<http://www.cottonmarker.org>) 下载,由南京金斯瑞生物科技有限公司合成。利用

两组合筛选到的多态性引物进一步检测F₂ 群体。PCR扩增与检测参照张军等^[20]的方法。

1.3 数据分析与 QTL 作图

应用SPSS17.0 分析标记数据的偏分离;使用 jionmap3.0 软件构建遗传连锁图^[21], LOD值最低为 3.0, 最大遗传距离 50 cM; 用Windows QTL Cartographer2.5^[22]的复合区间作图法(CIM)^[23]进行QTL定位和遗传效应分析, LR值为 9.2 ~ 13.8(2.0<LOD< 3.0)表示可能性QTL^[24], LR值大于等于 13.8(LOD = 3.0)表示显著性QTL^[25]; 另外, 通过 1 000 次permutation 确定LOD阈值, 大于LOD阈值的QTL也表示显著性QTL。QTL位置在LOD值的峰值对应点, 由曲线峰顶向两侧各下降 1 ~ 2 个LOD值确定 90% ~ 95%QTL位置的置信区间。利用显性效应(D)/加性效应(A)的绝对值大小判断QTL的遗传作用方式, 小于 1 认为QTL表现为加性, 大于1 认为QTL 表现为显性, 大于 3 认为QTL表现为超显性^[26]。

QTL的命名采用水稻上的常用方法^[27], 以字母“q”开头表示QTL, 后接性状名称的缩写, 再接染色体或连锁群的编号, 如果同一连锁群有两个以上相同性状的QTL, 则加数字“a”、“b”、“c”等加以区别。利用制图软件MapChart2.1 绘制连锁图谱。对照Guo等^[14]构建的异源四倍体棉花种间遗传图谱将连锁群定位到相应的染色体上。无法定位到染色体上的连锁群, 将其定义为LGX。

2 结果与分析

2.1 亲本及 F₂ 群体的“三桃”性状表型分析

两组合亲本的“三桃”性状表现见表 1。由表看出, 两组合中伏前桃、伏桃和秋桃在亲本间的差异均达显著或极显著水平, 为“三桃”性状的分子标记检测提供了较好的遗传基础。其中, 组合 I 中 3 个性状在亲本间的差异均达极显著水平; 组合 II 中伏前桃和秋桃在亲本间的差异达显著水平, 伏桃达极显著水平。

对两组合 F₂ 群体的“三桃”性状进行了统计分析 & 正态分布检测(表 2)。从表中看出, 两组合 F₂ 群体均存在超亲分离现象, 其中, 组合 I 中伏前桃表现为超双亲分离, 伏桃表现为超高亲分离; 组合 II 中 3 个性状均表现为超双亲分离; 组合 I 中伏前桃和伏桃均趋向于高值亲本, 秋桃趋向于低值亲本; 组合 II 中伏前桃趋向于高值亲本, 伏桃和秋桃均趋向于低值亲本; 正态分布检测表明, 两组合 3 个性状的峰度和偏度多数小于 1, 符合正态分布, 适合进行目标性状的 QTL 定位。

2.2 分子标记筛选及遗传图谱构建

利用 4 083 对 SSR 引物对亲本进行多态性筛选, 两组合获得多态性标记位点分别为 295 个和 169 个; 其中, 偏分离标记位点分别为 8 个和 10 个。对所有多态性位点进行遗传作图(完整连锁图未显示), 组

表 1 两组合亲本的“三桃”性状表现

性状	组合 (百棉 2 号 × TM-1)			组合 (百棉 2 号 × 中棉所 12)		
	P ₁ (百棉 2 号)	P ₂ (TM-1)	P ₂ - P ₁	P ₁ (百棉 2 号)	P ₂ (中棉所 12)	P ₂ - P ₁
伏前桃	7.3	3	-4.300**	7.3	5	-2.300*
伏桃	2.8	13	10.200**	2.2	15.5	13.300**
秋桃	0	10.222	10.222**	0.2	4.1	3.900*

注: *, **分别表示在 0.05 和 0.01 水平上显著。

表 2 两组合 F₂ 群体“三桃”性状的统计分析及正态分布检测

性状	组合 (百棉 2 号 × TM-1)					组合 (百棉 2 号 × 中棉所 12)				
	范围	平均值	标准差	峰度	偏度	范围	平均值	标准差	峰度	偏度
伏前桃	2.80~9.90	5.70	1.37	0.11	0.42	3.2~10.6	6.57	1.47	-0.33	-0.11
伏桃	4.20~15.50	8.44	2.23	0.00	0.44	1.5~17.25	7.43	2.61	0.57	0.48
秋桃	0.00~5.66	1.18	0.93	1.24	0.90	0~4.63	1.19	0.88	1.17	0.83

合 I 中 269 个标记位点分布于 27 个连锁群, 图谱总长 1 837.8 cM, 覆盖棉花基因组的 36.76%, 平均图距 6.883 cM; 2 个连锁群未找到对应染色体; 组合 II 中 127 个标记位点分布于 26 个连锁群, 图谱总长 1 244.3 cM, 覆盖棉花基因组 24.89%, 平均图距 9.797 cM; 5 个连锁群未找到对应染色体。

2.3 “三桃”性状的 QTL 定位

在两组合 F_2 群体中共检测到 29 个“三桃”性状 QTL(表 3)。其中, 组合 I 中检测到 16 个 QTL, 分

布在 Chr.1、Chr.6、Chr.9、Chr.10、Chr.17、Chr.20、Chr.24、Chr.25、Chr.11/Chr.21、Chr.12/Chr.26 和 LG1 上(图 1); 组合 II 检测到 13 个 QTL, 分布在 Chr.7、Chr.9、Chr.12、Chr.17、Chr.24、Chr.8/Chr.24、Chr.12/Chr.26、LG2 和 LG3 上(图 2)。

伏前桃: 组合 I 检测到 2 个可能性 QTL, 解释 5.4%~9.6%的表型变异。组合 II 检测到 2 个可能性 QTL 和 1 个显著性 QTL, 解释 5.9%~10.9%的表型变异; 显著性 QTL *qPSB-17* 的 *LOD* 值既大于 3 又大于 permutation 阈值。两组合增效基因均来自百棉 2

表 3 两组合检测到的“三桃”性状 QTL

性状	QTL	组合	标记区间	<i>LOD</i>	Permutation 阈值	加性效应	显性效应	D/A	贡献率 (%)	供体
伏前桃	<i>qPSB-17</i>	I	NAU6634-NAU2859	2.38	2.68	0.38	-0.69	-1.83	9.6	百棉 2 号
	<i>qPSB-11/21</i>	I	NAU1366-CGR5578	2.02	2.68	0.07	0.64	8.85	5.4	百棉 2 号
	<i>qPSB-17</i>	II	NAU2649-TMB0471	3.96**	2.42	0.67	0.08	0.12	9.5	百棉 2 号
	<i>qPSB-24</i>	II	MUCS160-CGR5870	2.34	2.42	0.32	-0.85	-2.67	10.9	百棉 2 号
	<i>qPSB-12/26</i>	II	CGR6012-NAU3291	2.17	2.42	0.41	-0.44	-1.08	5.9	百棉 2 号
伏桃	<i>qSB-6</i>	I	BNL2823-NAU3427	2.70	2.71	-0.40	-1.05	2.59	7.0	TM-1
	<i>qSB-9</i>	I	MGHES70-MGHES73	2.54	2.71	0.15	1.02	6.89	5.0	百棉 2 号
	<i>qSB-17</i>	I	DPL0041-NAU6634	5.25**	2.71	-1.10	0.61	-0.56	12.7	TM-1
	<i>qSB-20</i>	I	CGR5548-NAU2991	3.45**	2.71	-0.90	-0.08	0.09	7.9	TM-1
	<i>qSB-24</i>		DPL0068-NAU0864	2.81*	2.71	-1.20	-2.14	1.79	30.5	TM-1
	<i>qSB-25</i>		TMB0682-DPL0702	2.02	2.71	-1.19	-0.10	0.08	9.9	TM-1
	<i>qSB-LG1</i>		NAU2811-BNL1044	2.56	2.71	-0.15	-0.19	1.26	24.4	TM-1
	<i>qSB-12</i>		CGR6254-NAU4047	2.19	2.38	0.47	0.96	2.07	5.2	百棉 2 号
	<i>qSB-17a</i>		NAU2649-TMB0471	7.45**	2.38	-1.32	-0.65	2.03	16.6	中棉所 12
	<i>qSB-17b</i>		DPL0041-DPL0200	4.44**	2.38	-1.15	-0.76	0.66	12.2	中棉所 12
秋桃	<i>qAB-1</i>		BNL2827-MUSS422	2.98	6.66	-0.25	0.35	-1.40	6.9	TM-1
	<i>qAB-10</i>		NAU4989-CGR5565	2.91	6.66	-0.33	-0.32	0.97	6.6	TM-1
	<i>qAB-17</i>		NAU2859-BNL2681	5.65*	6.66	-1.14	-0.83	0.73	44.5	TM-1
	<i>qAB-24a</i>		MUCS160a-NAU2169	4.82*	6.66	-1.00	-0.87	0.87	43.6	TM-1
	<i>qAB-24b</i>		DPL0068-NAU0864	5.38*	6.66	-0.82	-1.09	1.33	40.5	TM-1
	<i>qAB-12/26</i>		NAU5043-DPL0742	4.49*	6.66	-0.46	-0.28	0.60	11.4	TM-1
	<i>qAB-LG1</i>		NAU2811-BNL1044	2.38	6.66	0.87	-0.91	-1.04	41.8	百棉 2 号
	<i>qAB-7</i>		NAU1043-MGHES58	2.45	6.45	-0.44	-0.56	1.26	20.3	中棉所 12
	<i>qAB-9</i>		BNL0219-NAU2723	5.69*	6.45	-1.15	-1.09	0.95	43.3	中棉所 12
	<i>qAB-17</i>		NAU2649-TMB0471	2.18	6.45	-0.28	0.08	-0.28	5.1	中棉所 12
	<i>qAB-8/24</i>		CGR5202-NAU1333	2.33	6.45	0.49	-0.91	-1.86	35.0	百棉 2 号
	<i>qAB-12/26</i>		CGR6012-NAU3291	4.07*	6.45	-0.33	-0.27	0.81	9.6	中棉所 12
	<i>qAB-LG2</i>		HAU1413-CGR5576	5.50*	6.45	-0.91	-1.62	1.79	43.3	中棉所 12
	<i>qAB-LG3</i>		NAU5055-MUCS127	2.31	6.45	-0.65	-0.98	1.50	43.0	中棉所 12

注: *qPSB*(pre-summer boll)、*qSB*(summer boll)和 *qAB*(autumn boll)分别表示伏前桃、伏桃和秋桃 QTL; *表示 *LOD* 值大于 3 或者大于 permutation 阈值的显著性 QTL, **表示 *LOD* 值既大于 3 又大于 permutation 阈值的显著性 QTL。

号, 贡献率大于 10% 的 QTL 有 1 个。

伏桃: 组合 I 检测到 4 个可能性 QTL 和 3 个显著性 QTL, 解释 5.0%~30.5% 的表型变异; 显著性 QTL *qSB-17* 和 *qSB-20* 的 LOD 值既大于 3 又大于 permutation 阈值; 增效基因主要来自 TM-1。组合 II 检测到 1 个可能性 QTL 和 2 个显著性 QTL, 解释 5.2%~16.6% 的表型变异; 显著性 QTL *qSB-17a* 和 *qSB-17b* 的 LOD 值既大于 3 又大于 permutation 阈值;

增效基因主要来自中棉所 12。两组合贡献率大于 10% 的 QTL 共 5 个。

秋桃: 组合 I 检测到 3 个可能性 QTL 和 4 个显著性 QTL, 解释 6.6%~44.5% 的表型变异; 增效基因主要来自 TM-1; 组合 II 检测到 4 个可能性 QTL 和 3 个显著性 QTL, 解释 5.1%~43.3% 的表型变异; 增效基因主要来自中棉所 12。两组合贡献率大于 10% 的 QTL 共 10 个。

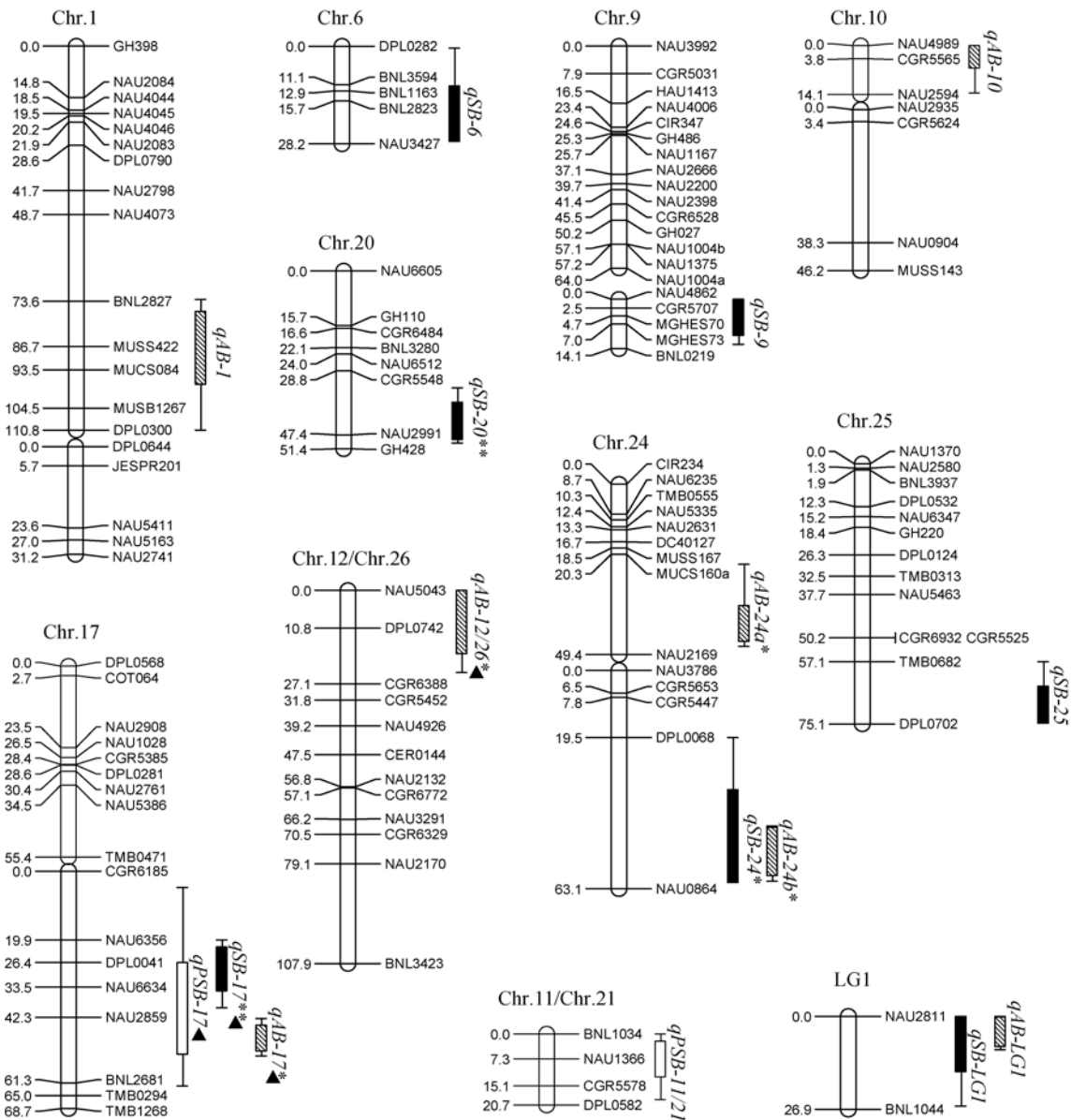


图1 组合 I (百棉2号× TM-1)“三桃”性状的 QTL 定位

qPSB(pre-summer boll)、*qSB*(summer boll)和 *qAB*(autumn boll)分别表示伏前桃、伏桃和秋桃的 QTL; 图标长度分别表示 1-LOD 和 2-LOD 的置信区间; *表示 LOD 值大于 3 或者大于 permutation 阈值的显著性 QTL, **表示 LOD 值既大于 3 又大于 permutation 阈值的显著性 QTL; ▲ 表示两组合检测到的共同 QTL。

由遗传效应分析得出, 组合 I 中 16 个 QTL 有 7 个表现为加性效应, 9 个表现为显性或超显性效应; 组合 II 中 13 个 QTL 有 5 个 QTL 表现为加性效应, 8 个 QTLs 表现为显性或超显性效应。

2.4 共同 QTL

在两组合的相同染色体共同标记附近检测到 4 个共同 QTL(表 4、图 1、图 2)。伏前桃 *qPSB-17*、伏桃 *qSB-17*(*qSB-17a/17b*)和秋桃 *qAB-17* 在两组合

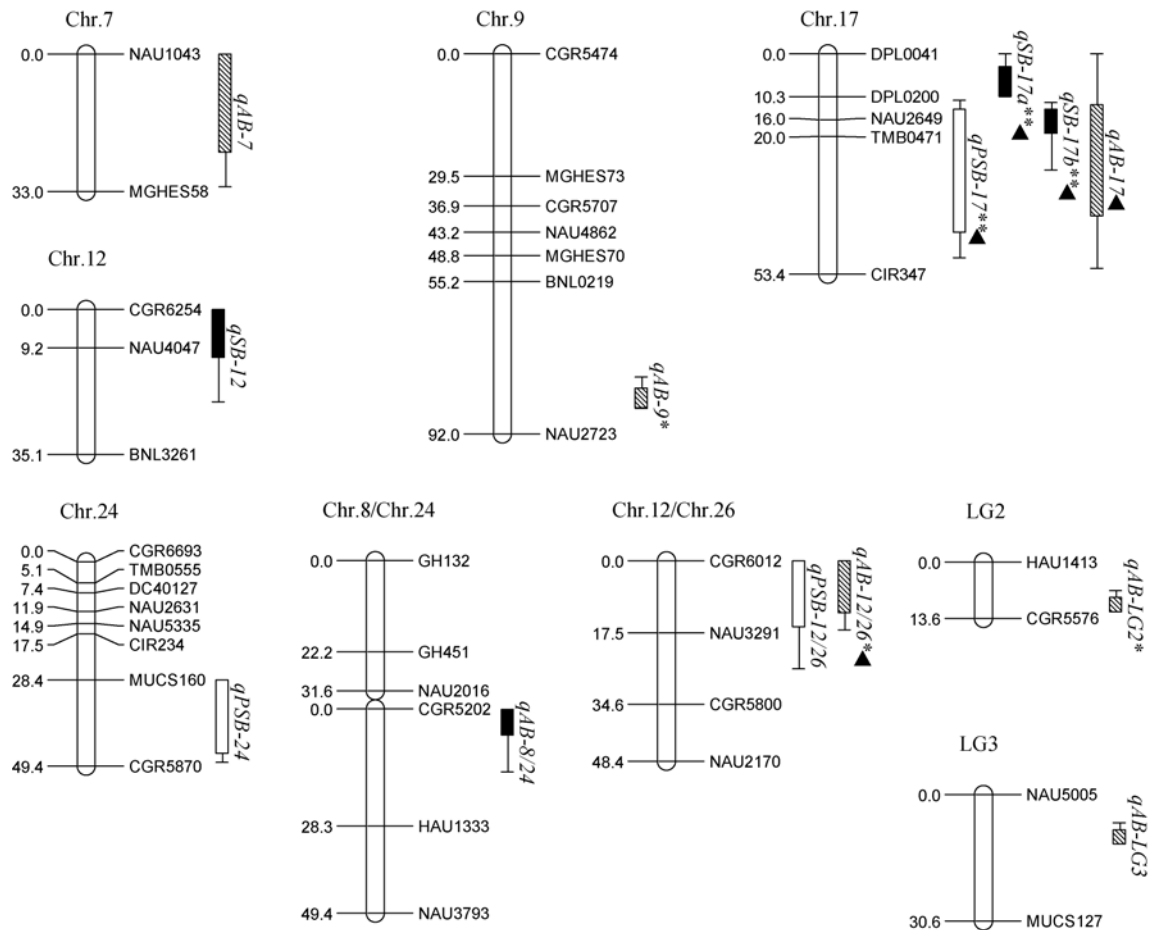


图2 组合 II(百棉2号×中棉所12)“三桃”性状的QTL定位

qPSB(pre-summer boll)、*qSB*(summer boll)和 *qAB*(autumn boll)分别表示伏前桃、伏桃和秋桃 QTL; 图标长度分别表示 1-LOD 和 2-LOD 的置信区间; *表示 LOD 值大于 3 或者大于 permutation 阈值的显著性 QTL, **表示 LOD 值既大于 3 又大于 permutation 阈值的显著性 QTL; ▲表示两组合检测到的共同 QTL。

表 4 两组合检测到的共同 QTLs

性状	QTL	组合	共同标记	贡献率(%)	供体
伏前桃	<i>qPSB-17</i>	I	DPL0041	9.6	百棉 2 号
	<i>qPSB-17</i>	II	DPL0041	9.5	百棉 2 号
伏桃	<i>qSB-17</i>	I	DPL0041	12.7	TM-1
	<i>qSB-17a/17b</i>	II	DPL0041	12.6/12.2	中棉所 12
	<i>qAB-17</i>	I	DPL0041	44.5	TM-1
秋桃	<i>qAB-17</i>	II	DPL0041	5.1	中棉所 12
	<i>qAB-12/26</i>	I	NAU3291, NAU2170	11.4	TM-1
	<i>qAB-12/26</i>	II	NAU3291, NAU2170	9.6	中棉所 12

注：*qPSB*(pre-summer boll)、*qSB*(summer boll)和 *qAB*(autumn boll)分别表示伏前桃、伏桃和秋桃 QTL。

Chr.17 上的共同标记 DPL0041 附近均检测到;秋桃 *qAB-12/26* 在两组合 Chr.12/Chr.26 上的共同标记 NAU3291、NAU2170 附近均检测到。伏前桃 *qPSB-17* 的增效基因在两个组合中均来自百棉 2 号,伏桃 *qSB-17(qSB-17a/17b)* 和秋桃 *qAB-17*、*qAB-12/26* 的增效基因在组合 I 中均来自 TM-1, 组合 II 中均来自中棉所 12。

3 讨论

3.1 引物多态性与“三桃”QTL 检测

本研究所用的分子标记引物虽较少仅 4 803 对,但这些引物主要选自已发表过的四倍体棉花种间和种内遗传图谱^[9,14,15],以及已报道的与棉花重要性状基因/QTL连锁的标记^[16~18]。由于图谱上的标记本身就是多态性引物,与重要性状基因连锁的标记容易鉴别材料间的表型差异,因此,本研究两组合的引物多态性均较高,多态性位点数分别达 295 个和 169 个,有利于高密度遗传图谱构建及目标性状 QTL 定位。棉花的“三桃”既是早熟性状又是产量性状,对早熟性状而言,伏前桃是棉花早发稳长的重要标志,伏桃是早熟高产的主体桃,秋桃是棉花早熟不早衰的主要指标;对产量性状而言,由于铃数是棉花产量构成因素之一,所以“三桃”的多少直接与产量形成有关。本研究率先利用分子标记技术发掘棉花“三桃”性状 QTL,在两组合 $F_{2:3}$ 群体中共检测到 29 个 QTL,其中,伏前桃 5 个,伏桃 10 个,秋桃 14 个。伏前桃增效基因均来自百棉 2 号,伏桃和秋桃增效基因主要来自 TM-1 和中棉所 12。由于本研究所有亲本和群体均是按黄河流域春播棉区 4 月下旬播种,因此,来自早熟棉百棉 2 号的伏桃和秋桃增效 QTL 较少。在所有检测到的 QTL 中,12 个 QTL 的遗传效应表现为加性效应,15 个 QTL 的遗传效应表现为显性效应,2 个 QTL 的遗传效应表现为超显性效应,说明控制棉花“三桃”性状的基因作用方式可能主要表现为显性或超显性效应。当然,由于受分子标记数目和 QTL 分析软件的影响,一些微效 QTL 目前还不能检测到,还不能从分子水平上完全解析数量性状遗传效应。因此,今后的研究还需将经典数量遗传学和分子数量遗传学相结合,不断深入阐明棉花数量性状的遗传规律。

3.2 稳定 QTL 与标记辅助选择

目前棉花上定位的 QTL 仅有少数用于标记辅助选择^[28,29],大多数 QTL 还不能付诸育种实践,这就需要挖掘不同世代、不同群体或不同环境中稳定遗传的 QTL。Sun 等^[30]对棉花纤维品质性状进行了 QTL 定位,结果检测到 2 个 QTL 在所有 3 个世代和 4 个环境中稳定表达;秦永生等^[31]检测到共同存在于 2 个群体中 4 个纤维品质性状的 8 个 QTL。这些稳定 QTL 可以用于棉花纤维品质性状的标记辅助选择。艾尼江^[10]利用 2 个早熟陆地棉组合的 F_2 和 $F_{2:3}$ 群体检测到 6 个棉花“三桃”性状 QTL,其中,一个伏桃 QTL 在两组合的 F_2 群体相同染色体 Chr.16(D7) 共同标记附近同时被检测到,一个秋桃 QTL 在两组合的 $F_{2:3}$ 群体的相同染色体 Chr.14(D2) 共同标记附近同时被检测到。本研究在两组合的 Chr.17 和 Chr.12/Chr.26 上检测到 4 个“三桃”性状共同 QTL,分别为伏前桃 *qPSB-17*、伏桃 *qSB-17(qSB-17a/17b)* 和秋桃 *qAB-17*、*qAB-12/26*。这些 QTL 可能稳定存在于棉花基因组中,可以用于棉花“三桃”性状的标记辅助选择。其中伏桃 *qSB-17(qSB-17a/17b)* 在两组合中的贡献率分别为 12.7% 和 16.6% (或 12.2%);秋桃 *qAB-17* 和 *qAB-12/26* 在组合 1 中的贡献率分别为 44.5% 和 11.4%。这些既共同又贡献率较大的 QTL 在标记辅助选择中应优先考虑。目前,利用关联作图发掘优异等位变异正在成为植物基因组学研究的热点之一,在棉花纤维品质性状方面已初见报道^[32,33]。因此,我们下一步工作将利用关联作图对目标性状进行基因解析,结合连锁作图以获得更多的稳定 QTL。

参考文献(References):

- [1] 喻树迅,宋美珍,范术丽.我国短季棉遗传育种研究进展.棉花学报,2007,19(5): 331-336. DOI
- [2] 吴征彬.棉花区域试验的田间试验技术.湖北农业科学,2003,(2): 37-40. DOI
- [3] 李蔚,南策雄,吴家全,孙伟,王菁,周桃英.秋桃在提高鄂东棉区棉花产量中的重要作用.中国棉花,2001,28(2): 9-10. DOI
- [4] 曾斌.三个陆地棉杂交种的产量杂种优势表现及其生理基础[学位论文].南京:南京农业大学,2008. DOI
- [5] 范术丽,喻树迅,宋美珍,原日红.短季棉早熟性的分子标记及 QTL 定位.棉花学报,2006,18(3): 135-139. DOI

- [6] Guo YF, McCarty JC, Jenkins J, Saha SK. QTL for node first fruiting branch in cross of an upland cotton, *Gossypium hirsutum* L., cultivar with primitive accession Texas 701. *Euphytica*, 2008, 163: 113–122.
- [7] 张先亮, 高俊山, 宋国立, 刘方, 黎绍惠, 刘克锋, 楚宗艳, 邵玉英, 王坤波. 陆地棉中G6主要性状主效和上位性QTL分析. 分子植物育种, 2009, 7(2): 312–320. DOI
- [8] 秦永生, 刘任重, 梅鸿献, 张天真, 郭旺珍. 陆地棉产量相关性状的QTL定位. 作物学报, 2009, 35(10): 1812–1821. DOI
- [9] Qin HD, Guo WZ, Zhang YM, Zhang TZ. QTL mapping of yield and fiber traits based on a four-way cross population in *Gossypium hirsutum* L. *Theor Appl Genet*, 2008, 117(6): 883–894. DOI
- [10] 艾尼江. 陆地棉早熟性的遗传与QTL定位[学位论文]. 南京: 南京农业大学, 2010. DOI
- [11] 朱高岭, 王春虎, 郭秀华, 高卫楷, 甘洋洋. 百棉2号生育特性的初步研究. 河南农业科学, 2008, (4): 47–50. DOI
- [12] 谭联望, 刘正德. 中棉所12的选育及其种性研究. 中国农业科学, 1990, 3(3): 12–19. DOI
- [13] Paterson AH, Brubaker CL, Wendel JF. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis. *Plant Mol Biol Rep*, 1993, 11(2): 112–127. DOI
- [14] Guo WZ, Cai CP, Wang CB, Han ZG, Song XL, Wang K, Niu XW, Cheng W, Lu KY, Shi B, Zhang TZ. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in *Gossypium*. *Genetics*, 2007, 176(1): 527–541. DOI
- [15] Nguyen TB, Giband M, Brottier P, Risterucci AM, Lacape JM. Wide coverage of the tetraploid cotton genome using newly developed microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(1): 167–175. DOI
- [16] Zhang TZ, Yuan YL, Yu J, Guo WZ, Kohel RJ. Molecular tagging of a major QTL for fiber strength in upland cotton and its marker-assisted selection. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 262–268. DOI
- [17] Mei M, Syed NH, Gao W, Thaxton PM, Smith CW, Stelly DM, Chen ZJ. Genetic mapping and QTL analysis of fiber-related traits in cotton (*Gossypium*). *Theor Appl Genet*, 2004, 108(2): 280–291. DOI
- [18] 李成奇, 郭旺珍, 马晓玲, 张天真. 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. 棉花学报, 2008, 20(3): 163–169. DOI
- [19] Jiang F, Zhao J, Zhou L, Guo WZ, Zhang TZ. Molecular mapping of *Verticillium* wilt resistance QTL clustered on chromosomes D7 and D9 in upland cotton. *Sci China C: Life Sci*, 2009, 52(9): 872–884. DOI
- [20] Zhang J, Guo W, Zhang T. Molecular linkage map of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. \times *Gossypium barbadense* L.) with a haploid population. *Theor Appl Genet*, 2002, 105(8): 1166–1174. DOI
- [21] Van Ooijen JW, Voorrips RE. JoinMap R Version 3.0: software for the calculation of genetic linkage maps. CPRO-DLO, Wageningen, 2001.
- [22] Basten CJ, Weir BS, Zeng ZB. QTL cartographer, Version 1.15. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, 2001. DOI
- [23] Zeng ZB. Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics*, 1994, 136(4): 1457–1468. DOI
- [24] Lander ES, Kruglyak L. Genetic dissection of complex traits: guidelines for interpreting and reporting linkage results. *Nat Genet*, 1995, 11(3): 241–247. DOI
- [25] Jiang CX, Wright RJ, El-Zik KM, Paterson AH. Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (cotton). *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, 95(8): 4419–4424. DOI
- [26] Paterson AH, Saranga Y, Menz M, Jiang CX, Wright RJ. QTL analysis of genotype \times environment interactions affecting cotton fiber quality. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(3): 384–396. DOI
- [27] McCouch SR, Cho YG, Yano M, Paul E, Blinstrub M, Morishima H, Kinoshita T. Report on QTL nomenclature. *Rice Genet Newslett*, 1997, 14: 112–113. DOI
- [28] 王芙蓉, 刘任重, 王留明, 张传云, 刘国栋, 刘勤红, 马小波, 张军. 陆地棉品种抗黄萎病性状的分子标记及其辅助选择效果. 棉花学报, 2007, 19(6): 424–430. DOI
- [29] Guo WZ, Zhang TZ, Ding YZ, Zhu YC, Shen XL, Zhu XF. Molecular marker assisted selection and pyramiding of two QTLs for fiber strength in upland cotton. *Acta Genet Sin*, 2005, 32(12): 1275–1285. DOI
- [30] Sun FD, Zhang JH, Wang SF, Gong WK, Shi YZ, Liu AY, Li JW, Gong JW, Shang HH, Yuan YL. QTL mapping for fiber quality traits across multiple generations and environments in upland cotton. *Mol Breed*, 2011, doi: 10.1007/s11032-011-9645-z. DOI
- [31] 秦永生, 叶文雪, 刘任重, 张天真, 郭旺珍. 陆地棉纤维品质相关QTL定位研究. 中国农业科学, 2009, 42(12): 4145–4154. DOI
- [32] Adurakhmonov IY, Kohel RJ, Yu JZ, Pepper AE, Abdulaev AA, Kushanov FN, Salakhutdinov IB, Buriev ZT, Saha S, Scheffler BF, Jenkins JN, Abduraimov A. Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germplasm. *Genomics*, 2008, 92(6): 478–487. DOI
- [33] Adurakhmonov IY, Saha S, Jenkins JN, Buriev ZT, Sheramatov SE, Scheffler BF, Pepper AE, Yu JZ, Kohel RJ,

Abdukarimov A. Linkage disequilibrium based association mapping of fiber quality traits in *G. hirsutum* L. variety

germplasm. *Genetica*, 2009, 136(3): 401–417. [DOI](#)