

海岛棉 (*Gossypium barbadense* L.) 产量和早熟性状 QTL 定位

张西英¹, 李金荣¹, 朱永军², 韩璐¹, 张薇¹

(¹ 石河子大学农学院/新疆绿洲生态农业重点实验室, 石河子 832000; ² 山东省南山学院, 烟台 264006)

摘要: 对海岛棉产量和早熟性状进行 QTL 初步定位, 为分子标记辅助育种提供依据。利用 5200 多对 SSR 引物筛选海岛棉品种新海 3 号和 Giza82 间的多态性引物, 获得 107 对。以多态性引物检测新海 3 号 × Giza82 的 190 个 F_{2:3} 家系, 获得 120 个多态性位点。利用 JoinMap3.0 分析软件构建了一个包含 22 个连锁群, 74 个标记, 标记间平均距离 12.06 cM, 全长 893 cM, 覆盖海岛棉基因组 20.12% 的分子标记遗传连锁图谱。采用复合区间作图法检测到 21 个与海岛棉产量性状和早熟性状有关的 QTL, 其中早熟性状检测到 12 个 QTL, 分别位于 1、3、5、6、11、17、22 共 7 个连锁群上; 产量性状检测到 9 个 QTL, 分别位于 1、4、5、6、7、16、22 共 7 个连锁群上。研究结果为海岛棉产量性状和早熟性状的分子设计育种提供了有用的信息。

关键词: 海岛棉; 产量性状; 早熟性状; QTL 定位

QTL Mapping of Yield and Earliness-related Traits in Sea-island Cotton (*Gossypium barbadense* L.)

ZHANG Xi-ying¹, LI Jing-rong¹, ZHU Yong-jun², HAN Lu, ZHANG Wei¹

(¹ The key Oasis Eco-agriculture Laboratory of Xinjiang Production and Construction Group/College of Agronomy, Shihezi University, Shihezi 832000; Nanshan College, Yantai, Shandong 264006)

Abstract: QTL mapping on the yield and earliness-related traits of the sea-island cotton can facilitate using DNA molecular markers in cotton improvement. More than 5200 pairs of SSR primer were used to screen the polymorphism between two sea-island cotton cultivars 'Xin Hai 3' and 'Giza 82', finally 107 pairs of polymorphic primer were obtained. Using SSR technique with the 107 pairs of polymorphic primer, 190 F_{2:3} family lines derived from the two sea-island cotton cultivars were analyzed, which produced 120 polymorphic loci. Using JoinMap3.0 software, a genetic linkage map of sea-island cotton with 74 loci was constructed, which comprised of 22 linkage groups covering 893 cM with an average interval of 12.06 cM between the two neighbor markers, and approximately 20.12% of the whole cotton genome. Based on composite interval mapping, 21 QTL related with yield and earliness traits of the sea-island cotton were detected. 12 QTL associated with earliness traits were respectively located on linkage groups LG1、LG3、LG5、LG6、LG11、LG17、LG22 and 9 QTL associated with yield traits were respectively located on linkage groups LG1、LG4、LG5、LG6、LG7、LG16、LG22. This research could provide valuable information for the molecular design breeding of yield and earliness in sea-island cotton.

Key words: Sea-island cotton; Yield; Earliness; QTL

海岛棉 (*Gossypium barbadense* L.) 是世界上最重要的栽培棉种之一, 海岛棉因其纤维品质优良, 是纺织高档和特种棉纺织品的重要原料。新疆是我国唯一的海岛棉产区, 优越的自然生态条件和集约化

生产为海岛棉的发展提供了得天独厚的发展优势。近年来, 随着人们对高档纺织品需求的不断增加, 对海岛棉纤维产量的要求也在不断提高。棉花产量和早熟性状均属于数量性状, 容易受环境条件的影响。

收稿日期: 2011-09-22 修回日期: 2011-11-25

基金项目: 转基因生物新品种培育科技重大专项子课题(2008ZX08005-005); 石河子大学动植物育种专项(gxjs2009-yz08)

作者简介: 张西英, 硕士, 研究方向: 生物技术在作物遗传育种中的应用

通讯作者: 张薇, 教授, 博士。主要从事棉花分子育种工作。E-mail: zhw_agr@shzu.edu.cn

产量性状和早熟性状之间存在复杂相关关系,这为同步改良海岛棉产量和早熟性带来了很大困难。现代 DNA 标记技术的发展,为育种者提供了一种快速、准确的选择方法。利用高密度的分子遗传图谱,定位控制数量性状的 QTL,通过与数量性状基因紧密连锁的分子标记对控制数量性状的基因进行选择(MAS),可大大缩短育种时间,提高育种效率,实现对目标性状的改良。

近年来,国内外学者对棉花的许多重要经济性状进行了 QTL 筛选与定位研究工作^[1-3]。Ulloa 等^[4]和 Jiang 等^[5]鉴定出 3 个与衣分有关的 QTL,2 个与皮棉产量有关的 QTL,2 个与铃重有关的 QTL。殷剑美等^[6]利用所构建的 F₂ 群体筛选到 1 个与皮棉产量有关的 QTL,4 个与衣分有关的 QTL,2 个与铃重有关 QTL。张培通等^[7]利用长江流域的高产品种泗棉 3 号和西班牙陆地棉栽培品种 Carmen 构建 RIL 作图群体,在 3 个环境中进行产量及其构成因素的 QTL 标记和定位,共检测到 1 个单株果节数、1 个铃重、2 个子指、1 个衣指和 1 个百粒种子棉重等 6 个产量构成因素的 QTL。陈利等^[8]利用渝棉 1 号和中棉所 35 的 F₂ 群体共检测 2 个衣分、1 个铃重 QTL,被定位于第 7 染色体。潘兆娥等^[9]利用 F₂ 群体筛选到 2 个与铃重有关的 QTL,4 个与衣分有关的 QTL。范术丽等^[10]利用短季棉品种中棉所 36 和 TM-1 的 F₂ 群体检测到 12 个与早熟性状相关的 QTL,包括果枝始节、现蕾期、开花期、铃期、全生育期、霜期花率等。宋美珍等^[11]利用中棉所 10 和辽 4086 对早熟性状进行 QTL 定位,检测到 1 个果枝始节相关的 QTL,能解释 66.2% 表型变异率。这些研究结果为通过分子标记聚合育种进行新材料创造奠定了基础。

但是,上述研究所用的材料多数是海陆种间杂交群体,定位的 QTL 直接应用于海岛棉的遗传改良还比较困难。而海岛棉品种间的遗传差异较少,分子标记的多态性低,海岛棉种内遗传图谱研究相对落后。

本研究以海岛棉品种新海 3 号和 Giza82 为亲本配制杂交组合,利用多态性高、稳定性好的 SSR 标记构建海岛棉种内遗传连锁图谱,应用复合区间作图法对海岛棉产量和早熟性状进行 QTL 初步定位,为利用分子标记辅助选择改良海岛棉产量和早熟性提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 群体的构建与田间种植

本研究选用早熟性状和产量性状差异较大的海

岛棉品种新海 3 号(从 9122 依中系选)与 Giza82 为亲本,于 2006 年在石河子大学库尔勒试验站进行杂交。同年冬天在海南种植 F₁,自交获得 F₂ 种子。2007 年种植 F₂ 群体,从中随机抽取 190 株自交产生 F_{2:3} 家系构成作图群体。2008 年 4 月种植亲本及 F_{2:3} 家系。

1.2 性状的调查

亲本及 F_{2:3} 各家系分别种植 1 行,行长 3m,株距 9cm,出苗后调查亲本及各家系的生育期,打顶后调查果枝始节。收获时选取有代表性的 10 个单株,考察单株铃数,扎花后计算霜前单株子棉产量和皮棉产量,室内测定产量相关性状。统计性状包括单株铃数(boll number per plant, BN),铃重(boll weight, BW)、衣分(lint percentage, LP)、子指(seed index, SI)、衣指(lint index, LI)、单株子棉产量(seed cotton yield per plant, SY)、单株皮棉产量(lint yield per plant, LY)、果枝始节(the first fruit nodes, FFN)、出苗-开花天数(seedling to flowering, SF)、开花-吐絮天数(flowering to boll opening, FBO)、吐絮-收获天数(boll opening to harvesting, BOH)、生育期(growth period, GP)

1.3 SSR 引物

试验共筛选 5200 多对 SSR 引物,其中 1800 对来自浙江大学农学院,1300 对来自南京农业大学作物遗传和种质创新国家重点实验室,2100 多对来自新疆绿洲生态农业重点实验室,序列由上海生工生物技术公司合成。

1.4 DNA 的提取和 SSR 分析

取刚展开的嫩绿叶片,采用改良的 CTAB 法^[12]提取亲本及 F_{2:3} 各家系的 DNA。SSR 的分析流程参考张军等^[13]方法。SSR 标记的 PCR 反应总体积为 10μl,包括 50ng/μl 模板 DNA 1.0μl,10 × PCR Buffer (含 Mg²⁺) 1.0μl,10mmol/L dNTPs 0.15μl,2.5U/μl Taq DNA 聚合酶 0.3μl,1mmol/L 正向及反向引物各 1.2μl,水 5.15μl。PCR 反应程序为:95℃ 2min; 94℃ 50s,54℃ 30s,72℃ 20s,36 个循环;72℃ 3min。扩增产物用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染检测。

1.5 数据分析

采用 SPSS15.0 软件对 F_{2:3} 群体的各早熟性状和产量性状进行统计分析。利用 JoinMap3.0 数据分析软件构建遗传连锁图谱。通过 MapQTL5.0 分析软件,采用复合区间作图法进行早熟性状和产量性状的 QTL 定位和效应检测。LOD 值 3.0 表示显著性 QTL, LOD 值 2.0 ~ 3.0 表示可能性 QTL。计算每个 QTL

对相应性状的贡献率、加性效应和显性效应。检测到的 QTL,若显性效应/加性效应在 0 ~ 0.2 之间为加性,0.21 ~ 0.8 之间为部分显性,0.81 ~ 1.2 之间为显性,大于 1.2 认为该 QTL 表现超显性。

QTL 命名方法参照水稻上的方法^[3],按照 QTL + 性状 + 染色体 + QTL 个数,其中 QTL 以小写“q”开始,性状以英文缩写表示,后接染色体或连锁群的编号,最后是该染色体上控制此性状的 QTL 的数目。

2 结果与分析

2.1 亲本及 F_{2:3} 群体产量性状和早熟性状的表现

从表 1 可以看出,双亲产量性状间存在较大的差异,亲本性状间差异是构建群体表型变异的基础,

这为利用此群体进行 QTL 定位分析奠定了基础。在群体各性状中,产量性状衣指的平均表型值略高于两个亲本,单株子棉产量的平均表型值低于两个亲本,其余各性状的平均表型值均介于两亲本之间;其中,单株铃数、衣分的平均表型值接近于高值亲本,单铃重、子指的平均值接近于低值亲本。在早熟性状中,除了生育期的平均表型值低于两个亲本外,其余各性状的平均表型值均介于两个亲本之间,其中果枝始节的平均值接近于低值亲本,开花 - 吐絮天数的平均值接近于高值亲本,其他性状平均值接近双亲中亲值。对 F_{2:3} 群体产量性状和早熟性状进行正态分布检测,各性状表现连续变异,符合多位点控制的数量性状特征。偏度和峭度测验,数值均在正常范围之内,符合正态分布。

表 1 F_{2:3} 群体产量和早熟性状的表现变异

Table 1 Phenotypic variation of the yield and earliness traits in F_{2:3} populations

性状 Trait	亲本 Parents		F _{2:3} 群体 F _{2:3} populations					
	新海 3	吉扎 82	平均值 Mean	偏度 Skewness	峭度 Kurtosis	最大值 Max	最小值 Min	变异系数(%) CV
单株铃数(个) BN	11.63	7.31	10.48	0.66	-0.00	16.86	5.78	21
衣分(%) LP	30.50	35.79	34.00	0.01	-0.22	38.00	29.00	4.8
单铃重(g) BW	2.71	3.40	2.80	0.46	0.59	4.01	1.97	12
子指(g) SI	13.15	10.42	10.77	-0.03	-0.40	13.4	8.16	10
衣指(g) LI	5.93	6.21	6.55	0.09	-0.33	7.94	5.12	9
单株子棉产量(g) SY	31.26	23.21	22.29	0.53	1.05	42.56	8.52	25
单株皮棉产量(g) LY	10.85	7.74	8.28	0.43	0.75	15.97	3.06	24
果枝始节 FFN	3.50	5.20	3.76	0.17	-0.50	6.30	1.30	28
出苗-开花(d) SF	50.00	61.00	56.00	1.04	0.37	64.00	52.00	5
开花-吐絮(d) FBO	67.00	74.00	72.98	-0.07	-0.40	80.00	65.00	5
吐絮-收获(d) BOH	27.00	19.00	23.49	-0.44	0.33	29.00	15.00	13
生育期(d) GP	134.00	147.00	128.18	0.68	0.67	137.00	123.00	2

2.2 群体分子标记基因型分析和遗传图谱构建

选用 5200 多对 SSR 引物对新海 3 号和 Giza82 两个亲本的多态性进行筛选,选择其中多态性良好、条带清晰的 107 对引物对 F_{2:3} 群体进行标记基因型检测,共获得 120 个稳定的 SSR 多态性位点,多态性频率为 2.4%。其中 53 个位点表现显性,67 个位点表现共显性。 χ^2 测验结果显示,120 个标记位点中有 44 个偏离孟德尔分离比例,偏分离比例 36.7%。其中有 24 个标记偏向母本新海 3 号,20 个标记偏向于父本 Giza82。利用 JoinMap3.0 分析软件构建连锁群,初步构建了一个包含 74 个标记、22 个连锁群的连锁图谱(表 2),74 个标记中,有 14 个标记是由 6 对引物产生,其中 NAU5120 引物获得

4 个多态性标记,NAU2820、NAU1102、NAU3045、NAU3418、BNL1655 引物分别获得 2 个标记,其余 60 个标记由 60 对引物获得,每对产生 1 个多态性标记。依次将 22 个连锁群命名为 LG1 至 LG22,根据已发表的棉花遗传连锁图谱,利用共有标记将这 22 个连锁群与棉花相应染色体对应,只有 LG2 连锁群定位到 chr1 染色体上,其余 21 个连锁群均没有找到与之相对应的染色体。每个连锁群长度在 7 ~ 99cM,包含 2 ~ 7 个标记,平均每个连锁群的标记数是 3.4 个,标记间平均遗传距离 12.06cM,最小遗传距离为 1cM,最大遗传距离为 54cM,图谱总长 893cM,覆盖海岛棉基因组的 20.12%。另外 46 个标记独立。

表 2 66 对 SSR 引物序列

Table 2 66 pairs of SSR primer sequence

编号 Number	上游引物 5' - 3' Forward primer	下游引物 5' - 3' Reverse primer
N4855	ATCTCTCTGCCCTCAAAATG	TCCCACATTTGAACTTGCTA
N5116	GATTTCGTGCTTACCTTCTT	ATGCCACCATGATCTTCTTT
N5163	GACTCCACCCCTAACACAG	TTTTGCAAGAATCCTTCTCC
N5146	ATCTCCATTCCCTCTCCTCT	ATAAACGCAACGGATAAAGG
N5113	GTTTCGCAAGGTAAGGTTTG	CCACAAGGTGATTGATCCT
N5120	GCCACCAATAAAGCAACTCT	TGCATCCTGAAGAAGAGACA
N3377	TGCAAGGAATCAAGTTCACA	CTGATTGTACTTTGCCGGTA
N3405	AATAGCAAAGCCTTCAGTGC	GAAGTGCAAAAACCGTACCT
N3418	TGTCCCTGGTTTTAGCTGAT	TTTCTCTTTCTCCCAACGC
N2156	CCGGCCATAAATATGAAAAC	GGCAGAGGAGGAGTAAAACA
N2200	TCTCAAAATTTACACAGCATCC	GCCTCGTATATCTCCATTGC
N5255	CCATTTTTACAGGCTATGCTT	GTCTATGCAATTGATGACGA
N5371	CGAGACTAGAGAGGCTTTTG	TCGTCTTCATCATTTGGTTG
N3386	GCTCACACAGATGGAGTTTG	GAAGAAACCATGGGTATGGA
N5030	AAATGGTGCTGATTGAACCT	GCTAGCTGTTTCGAATCCAT
N3791	AGTTTCTGAATCCCATTCCA	TACGTTCCATTTCATGACG
HAU078	AGTCCATGTTTATTCACTCTGG	GATTTCAGCATTTGCTACATGG
N4930	TAAACCATGTCCAACCCTCT	GGATTGTCCAGTTTCCTTTG
N5169	GCGTTACCCCTTTGTAAGAA	GTTGTTGTTGTGCTGGTGTGT
N3306	ACAACCCAAAGAGGACAAAGA	ATAACCACAGCGACCACTTT
N3240	CGAAATGAGACAACCATTC	TTCACCTACGAAGAGGGTTT
NAU2562	TGTTCAAGTGGGAGAGTTGA	AGGAAGTAGGGCTGCTTGT
NAU2612	AAGACTCGGCTTCGAGTAAA	GTTTGTGTTTGTGTTGGCTGT
NAU2637	ATTTGCAGTCTAGCTGTCC	TGTTACTCCGCTCAACTTCA
NAU2690	TCAGGACACATTCATCTTGC	GTTACGATGGCTCAACCTTT
NAU2692	AATCTTTCACTGGGACTTG	GGGTACAAATGTCTTTTGAA
NAU2761	GACAACTTTTTGGACCCACT	TTTCATAGAGGGGTTTTGCAT
NAU2820	TGCATCTGAAGAAGAGACA	GCCACCAATAAAGCAACTCT
NAU2862	CAACAGCATCAGCTGAAAAC	AAGAAAACACAGCAACAGCA
NAU2863	TTGTGTCATTGTGAGGAG	TAGCCATGCCATTTCTTACA
NAU2908	AGAGAGGAACTGGTGATGG	AAAGGTTCTCGACATTTTG
NAU2916	ACGGTTTCACTTCTCAAAGC	GAGATGGGTTTTGCTGCTAT
NAU2991	CACCACCCCTTAAGAACATT	GTCCCCATTGATCATTTCT
NAU3013	CGCTCAATCTTCTCTTGT	ATCCACTGATCCGGTTTCTA
NAU3101	CCATCAACAACCAAGCATA	TTTGTGTCAATTTCCACAGG
NAU3103	ACAGGTCCCCACGAACT	CACCTACTGCTTGGCCCTTAG
NAU3110	CCAAGGATATGAACCAAGG	CGTGAACACCATGTCAGTCT
NAU1102	ATCTCTCTGTCTCCCTTTC	GCATATCTGGCGGTATAAT
NAU2251	TTCTCCAGTAACCAACAAAGG	AAAATATCATCCCCGTCAAA
BNL169	TCACAAATAAAAGTGAAATTGCG	GGCTGGTGACCATAAAAGGA
BNL387	GAAGGGGAATTTATAGCGGG	AGAGACTCCCGCACTTGAAA
BNL3257	CAATCTGGGATCAAAAAACC	GGTGAAACATAGCGTGTGTC
BNL3413	AGAGAGGATATACAAAACGTGC	TAAGGAGGAAGACTGGCGAA
BNL3452	TGTAAGTGAAGAGCCGTACG	GCCAAAGCAGAGTGAGATCC
BNL3563	AAGCATAAACTTGACACAAGCC	AATGGGCAAGAAAAGGGAAC
BNL3569	GCCAATCACCGAGAACAAAT	CGCTTATTGCCTTGATTGGT
BNL3626	GCGATCCAGGAGTCATGATT	GAAAAGAAAATAGTGGTCAATTGC
BNL3982	ATCCCTCAGCAGATTTCCT	GGAAAGGCTGATGGTAGCAA
BNL1440	CCGAAATATACTTGTATCTAAACG	CCCCGGGACTAATTTTCAA
BNL1599	GGCAGTTCACCTCGTATGGT	CTCAGGCCCAAAGCTATGAG
BNL1516	AAATTATCAAGTTATACGCTTAAATGG	TGCTGTTGGGAAAGCTTCT

续表

编号 Number	上游引物 5'-3' Forward primer	下游引物 5'-3' Reverse primer
BNL1706	GCTAACTTGTATATGTTTATTACACCG	GAAGCAATAAGGTTGCGAGC
BNL3602	TTTTTTGGTTCTGTAAGTCTCTCC	TTTTTGCAAGTTAATCATAACGG
BNL1655	AGAATCTATCCCAGCTCGCA	CCGAATGTCAAAAATAACCCA
JESPR154	GTTCCCTCAGTTGCTCAGAAG	GGAGGAGTTGGCAGAAAATAGC
JESPR236	GACTGACATGCAGCTTCCAG	GGGGCTAAACTTGAAAAATGAC
MUSB0645	CTTGCTCCATATTAGCCCATT	CAAAGCCGAAACCCATACAT
MUSB0831	GATCCTGCAGAAGAGGCTACC	TCCTGGTGTGCTTGTTCC
MUSB1191	TGTGTTGAGACTGTTTGGATGC	GGGAACTGATTTGGATGCCCTG
MUSB1130	CCAGATCGACATCTTTGCCATCAC	GCAAAACTGATGCTGCTCAACC
TMB0858	GGATCGTCGGTGCTAGAAGA	GGATCGTCGGTGCTAGAAGA
TMB2863	CAAAACAATCAATGTTGCAG	CAAAACAATCAATGTTGCAG
TMB1922	AAAATGTATATGTTCTCTGTTTC	AAAATGTATATGTTCTCTGTTTC
STV033	TTCTCCAGTAACCAACAAAGGTCC	AATATCATCCCCGTCAAAGTCATC
TMD03	GCATTGAAGGAAAAAGAAGAAC	ATGCCTGTTTGGCTTGAAGT
TME 20	CGCAAACGAACCACTACAGA	GCGTCTACATTAGCGCCATA

2.3 产量和早熟性状的 QTL 定位及分析

运用 MapQTL5.0 软件,利用复合区间作图法原理对新海 3 号 × Giza82 群体的产量和早熟性状进行基因组扫描,共检测到 21 个 QTL,其中与海岛棉产量性状相

关的 QTL 9 个,分别分布在 7 个连锁群上,解析 7.5% ~ 25.6% 的表型变异;与海岛棉早熟性状相关的 QTL 12 个,分别分布在 7 个连锁群上,解析 5.8% ~ 62.4% 的表型变异。各性状 QTL 详细情况见表 3 和图 1。

表 3 海岛棉产量和早熟性状的 QTL 定位结果

Table 3 QTL mapping for the yield and earliness traits on linkage groups

性状 Trait	QTL	连锁群 L. G	位置 Position	LOD	邻近标记 N. M	加性效应 A	显性效应 D	解释变异(%) Var
单株铃数 BN	<i>qBN-LG22</i>	22	28.00	2.10	NAU3377	0.60	-1.46	15.6
单株子棉产量 SY	<i>qSY-LG22</i>	22	11.00	2.02	NAU3240a	2.48	-3.85	25.6
衣分 LP	<i>qLP-LG1</i>	1	57.91	2.00	NAU2690	0.00	0.01	8.4
	<i>qLP-LG 4-1</i>	4	20.79	2.18	NAU5030	-0.01	0.0006	7.8
	<i>qLP-LG 4-2</i>	4	39.37	2.21	MUSB1191	-0.01	0.0007	9.0
	<i>qLP-LG5</i>	5	24.54	4.00	NAU3418b	-0.01	0.002	10.1
	<i>qLP-LG 6</i>	6	4.00	2.08	BNL1706	-0.00	0.01	9.5
	<i>qLP-LG7</i>	7	3.00	2.60	NAU2761	-0.01	-0.003	7.5
	<i>qLI-LG16</i>	16	42.07	2.74	NAU5120b	0.10	-0.79	12.1
子指 SI	<i>qFFN-LG3</i>	3	9.00	2.88	NAU5120a	-0.55	0.21	11.2
	<i>qFFN-LG5-1</i>	5	17.18	2.29	NAU3418a	0.21	-0.37	5.8
	<i>qFFN-LG5-2</i>	5	40.54	4.16	NAU5255	0.23	-0.90	21.6
	<i>qFFN-LG11</i>	11	10.00	2.18	NAU5116	-0.17	0.68	11.1
出苗-开花 SF	<i>qSF-LG1</i>	1	15.00	2.65	BNL3626	2.62	-3.41	57.5
	<i>qSF-LG3</i>	3	16.00	4.26	NAU5120d	-1.69	-0.55	14.9
	<i>qSF-LG6</i>	6	14.22	2.15	TMB1922	-0.73	-1.10	6.0
	<i>qSF-LG22</i>	22	12.00	7.24	NAU3240a	2.67	-4.39	62.4
开花-吐絮 FBO	<i>qFBO-LG17</i>	17	68.85	2.03	NAU5146	-0.97	-1.03	6.3
吐絮-收获 BOH	<i>qBOH-LG3</i>	3	15.00	3.08	NAU5120d	1.58	-0.34	11.4
	<i>qBOH-LG6</i>	6	2.00	2.22	BNL1706	1.14	-1.11	7.7
生育期 GP	<i>qGP-LG3</i>	3	13.00	2.05	NAU5120d	-1.15	0.05	7.7

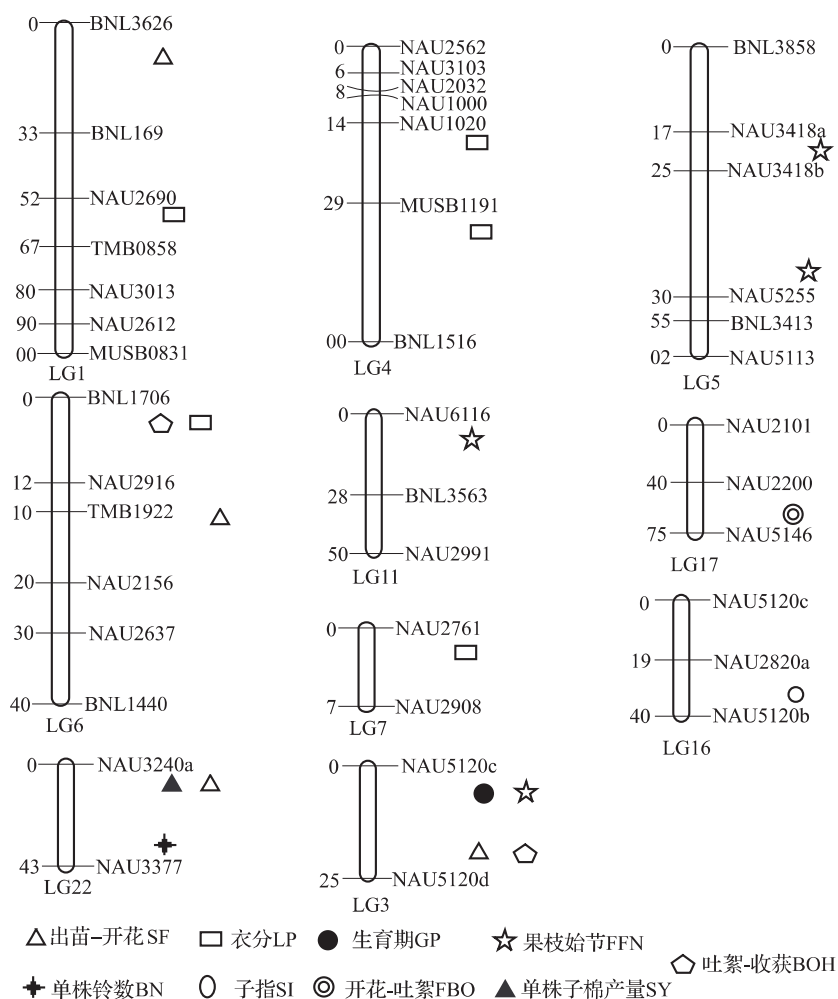


图1 复合区间作图检测的早熟性状和产量性状 QTL 在连锁群上的分布

Fig. 1 QTL distributions of earliness traits and yield traits detected by composite interval mapping in the linkage group

单株铃数 QTL (BN): 检测到 1 个单株铃数的 QTL, 分布在第 22 连锁群上。可解释单株铃数变异的 15.6%。Giza82 的等位基因增加性状的表型值, 表现为超显性。

单株子棉产量 QTL (SY): 检测到 1 个单株子棉产量的 QTL, 分布在第 22 连锁群上, 能解释单株子棉产量变异的 25.6%。Giza82 的等位基因增加性状的表型值, 表现为超显性。

衣分 QTL (LP): 检测到 6 个影响衣分的 QTL, $qLP-LG1$ 分布在第 1 连锁群, 解释衣分变异的 8.4%, Giza82 的等位基因减少性状的表型值, 表现为超显性效应。 $qLP-LG4-1$ 和 $qLP-LG4-2$ 均分布在第 4 连锁群, 分别解释衣分变异的 7.8% 和 9.0%, Giza82 的等位基因减少性状的表型值, 表现为部分显性效应。 $qLP-LG5$ 分布在第 5 连锁群, 解释表型变异的 10.1%, Giza82 的等位基因减少

性状的表型值, 表现为部分显性效应。 $qLP-LG6$ 分布在第 6 连锁群, 解释表型变异的 9.5%, Giza82 的等位基因减少性状的表型值, 表现为超显性效应。 $qLP-LG7$ 分布在第 7 连锁群, 解释表型变异的 7.5%, Giza82 的等位基因减少性状的表型值, 表现为部分显性效应。

子指 QTL (SI): 检测到 1 个影响子指的 QTL, 分布在第 16 连锁群上, 能解释子指变异的 12.1%。Giza82 的等位基因增加性状的表型值, 表现为超显性。

果枝始节 QTL (FFN): 共检测到 4 个影响果枝始节的 QTL, $qFFN-LG3$ 分布在第 3 连锁群, 解释表型变异的 11.2%, Giza82 的等位基因减少性状的表型值, 表现为部分显性效应。 $qFFN-LG5-1$ 和 $qFFN-LG5-2$ 均分布在第 5 连锁群, 分别解释表型变异的 5.8% 和 21.6%, Giza82 的等位基因增加

性状的表型值,表现为超显性效应。*qFFN-LG11* 分布在第 11 连锁群,解释表型变异的 11.1%,Giza82 的等位基因减少性状的表型值,表现为超显性效应。

出苗-开花天数 QTL(SF):检测到 4 个影响出苗-开花天数的 QTL,*qSF-LG1* 分布在第 1 连锁群,解释表型变异的 57.5%,Giza82 的等位基因增加性状的表型值,表现为超显性效应。*qSF-LG3* 分布在第 3 连锁群,解释表型变异的 14.9%,Giza82 的等位基因减少性状的表型值,表现为部分显性效应。*qSF-LG6* 分布在第 6 连锁群,解释表型变异的 6%,Giza82 的等位基因减少性状的表型值,表现为超显性效应。*qSF-LG22* 分布在第 22 连锁群,解释表型变异的 64.2%,Giza82 的等位基因增加性状的表型值,表现为超显性效应。

开花-吐絮天数 QTL(FBO):检测到一个影响花铃期的 QTL,*qFBO-LG17* 分布在第 17 连锁群上,能解释表型变异的 6.3%。Giza82 的等位基因减少性状的表型值,表现为显性效应。

吐絮-收获天数 QTL(BOH):检测到 2 个影响吐絮期的 QTL,*qBOH-LG3* 分布在第 3 连锁群上,解释表型变异的 11.4%,Giza82 的等位基因增加性状表型值,表现为部分显性效应。*qBOH-LG6* 分布在第 6 连锁群上,解释吐絮期变异的 7.7%,Giza82 的等位基因增加性状表型值,表现为显性效应。

生育期 QTL(GP):检测到 1 个影响生育期的 QTL,*qGP-LG3* 分布在第 3 连锁群上,能解释生育期变异的 7.7%。Giza82 的等位基因减少性状的表型值,表现为加性效应。

从上述分析可知,在产量性状上,父本 Giza82 有利于增加棉花的单株铃数、单株子棉产量和子指,但不利于衣分的增加。在早熟性状上,Giza82 有利于减少生育期、开花-吐絮的天数,但对果枝始节和出苗-开花天数的影响则随 QTL 位点的不同而不同。

3 讨论

建立高密度饱和的遗传连锁图谱是基因定位、分子标记辅助选择育种的基础。异源四倍体棉花的 DNA 标记多态性低,而种内(海海杂交和陆陆杂交)的分子标记多态性又低于陆地棉与海岛棉种间的多态性。王娟等^[19]利用 5544 对 SSR 引物筛选陆地棉 TM-1 和渝棉 1 号间的多态性,

多态性引物占 3.2%。陈利等^[12]利用 3458 对 SSR 引物筛选陆地棉中棉所 35 和渝棉 1 号间的差异,获得 173 对多态性引物,多态性引物占 5.0%,种内群体的多态性低于种间群体,主要是因为种间群体的遗传多样性高以及亲本间的杂合性高。为了获得较大的多态性,棉花的遗传连锁图多是基于陆海种间杂交群体的,在海岛棉育种中难以直接利用。因此,以海海种内杂交群体为材料构建遗传连锁图谱,将更有利于海岛棉育种目标的 QTL 定位研究及育种实践。本研究利用 5200 多对 SSR 引物筛选海岛棉品种新海 3 号和 Giza82 间的差异,获得 107 对多态性引物,多态性引物占 2.06%,构建的遗传连锁图谱总长 893 cM,覆盖海岛棉基因组 20.12%。为使遗传图谱有足够的可信度、可靠性,可通过增加标记类型,如 RFLP、AFLP 和 TRAP 等及开发新标记,以弥补单一标记的不足,为海岛棉 QTL 定位奠定基础。

有研究表明,棉花产量性状、纤维品质性状、早熟性等农艺性状 QTL 在染色体上呈现成簇分布的特点。王沛政等^[20]利用新疆 4 个主栽品种构建了 3 个 F_2 群体,研究发现大部分单铃重、衣分和子指等与产量性状相关的 QTL 定位在 A7 上的 20~30 cM 区间范围内。秦永生等^[21]研究发现,在杂交棉湘杂 2 号中 D2 染色体上 0~13 cM 区域集中了纤维长度、纤维强度、纤维细度等 5 个性状的 6 个 QTL,在 D9 上有 2 个 QTL 富集区,在 D13、A11 上也有类似现象。陈利等^[12]利用陆地棉中棉所 35 和渝棉 1 号建立 F_2 群体,研究发现在第 7 染色体上同一区间检测到衣分、铃重、子指、纤维长度和纤维比强度 5 个 QTL;He 等^[4]在海陆杂交群体中发现 A3、A8 和 D9 是棉花重要经济性状 QTL 的成簇分布区;范术丽等^[14]研究发现,早熟相关性状大部分分布在第一连锁群,特别是在 $S_{1418} \sim S_{1119}$ 区间集中分布了全生育期、现蕾期和果枝始节的相关主效 QTL。王阳等^[22]在研究玉米产量性状时也发现,在第 1 染色体上标记 phi011 附近检测到同时影响正常水分和干旱胁迫条件下的穗粒重、穗重和穗粒数的 QTL。多群体揭示的性状相关基因成簇分布现象可部分地解释有关性状间的表型相关,但是这种现象是由基因连锁还是一因多效引起的,有待深入研究。本研究定位的 21 个海岛棉产量性状和早熟性状 QTL 分布在 10 个连锁群,其中 LG3 的 NAU5120a~NAU5120b 区间集中分布

了生育期、果枝始节、出苗-开花、吐絮-收获 4 个早熟相关性状的 QTL, LG22 的 NAU3240a ~ NAU3377 区间分布了单株铃数和单株子棉产量 2 个产量性状的 QTL, 这为从分子水平解释这些性状之间的相关关系提供了一种可能。

参考文献

- [1] Shappley Z W, Jenkins J N, Zhu J, et al. Quantitative trait loci associated with agronomic and fiber traits of upland cotton [J]. *Cotton Sci*, 1998, 2: 153-163
- [2] Lin Z X, He D H, Zhang X L, et al. Linkage map construction and mapping QTL for cotton fiber quality using SRAP, SSR and RAPD [J]. *Plant Breeding*, 2005, 124: 180-187
- [3] Guo W Z, Cai C P, Wang C B, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function, and evolution in *Gossypium* [J]. *Genetics*, 2007, 176: 527-541
- [4] He D H, Lin Z X, Zhang X L, et al. QTL mapping for economic traits based on a dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the intraspecific cross of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* [J]. *Euphytica*, 2007, 153: 181-197
- [5] 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
- [6] 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
- [7] Zhang Z S, Hu M C, Zhang J, et al. Construction of a comprehensive PCR-based marker linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. *Mol Breeding*, 2009, 24: 49-61
- [8] 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
- [9] Jiang C, Wright R J, Woo S S, et al. QTL analysis of leaf morphology in tetraploid *Gossypium* (cotton) [J]. *Theor Appl Genet*, 2000, 100 (3-4): 409-418
- [10] 殷剑美, 武耀廷, 张军, 等. 陆地棉产量性 QTLs 的分子标记及定位 [J]. *生物工程学报*, 2002, 18(2): 162-166
- [11] 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
- [12] 陈利, 张正圣, 胡美纯, 等. 陆地棉遗传图谱构建及产量和纤维品质性状 QTL 定位 [J]. *作物学报*, 2008, 34(7): 1199-1205
- [13] 潘兆娥, 贾银华, 孙君灵, 等. 大铃棉中棉所 48 主要经济性状的 QTL 定位分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(4): 601-604, 611
- [14] 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
- [15] 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
- [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 Mol Biol Rep*, 1993, 11(2): 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] McCouch S R, Cho Y G, Yano M, et al. Report on QTL nomenclature [J]. *Rice Genet Newsl*, 1997, 14: 11-13
- [19] 王娟, 郭旺珍, 张天真. 渝棉 1 号优质纤维 QTL 的标记与定位 [J]. *作物学报*, 2007, 33(12): 1915-1921
- [20] 王沛政, 秦利, 苏丽, 等. 新疆陆地棉主栽品种部分产量性状 QTL 的标记与定位 [J]. *中国农业科学*, 2008, 41(10): 2947-2956
- [21] 秦永生, 叶文雪, 刘任重, 等. 陆地棉纤维品质相关 QTL 定位研究 [J]. *中国农业科学*, 2009, 42(12): 4145-4154
- [22] 王阳, 刘成, 王天宇, 等. 干旱胁迫和正常灌溉条件下玉米产量性状的 QTL 分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(2): 179-183