

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.02159

棉花分子遗传图谱构建和纤维品质性状 QTL 分析

杨鑫雷 王志伟 张桂寅 潘玉欣 吴立强 李志坤 王省芬* 马峙英*

河北农业大学 / 河北省作物种质资源重点实验室, 河北保定 071001

摘 要: 以陆地棉(*Gossypium hirsutum* L.)中棉所 8 号和海岛棉(*Gossypium barbadense* L.) Pima 90-53 组配衍生的 214 个单株的 F₂ 群体为材料, 构建了包含 110 个 SSR 标记和 65 个 AFLP 标记的遗传连锁图谱。该图谱共包括 42 个连锁群, 连锁群长度为 4.5~147.3 cM, 包括 2~22 个分子标记, 标记间平均距离为 11.6 cM, 总长为 2 030 cM, 约占棉花全基因组的 40.6%。应用复合区间作图法分析该组合的 F₂ 单株和 F_{2:3} 家系纤维品质性状, 共得到 25 个纤维品质数量性状基因座(QTL), 其中 5 个与纤维长度相关, 分布在 Chr.21、Chr.15、LG2 和 LG12 上, 可解释表型变异的 10.2%~35.8%; 4 个与整齐度相关, 分布在 Chr.21、LG9、LG18 和 LG12 上, 可解释表型变异的 12.6%~36.6%; 7 个与马克隆值相关, 分布在 Chr.9、LG1、LG9、LG20 和 LG12 上, 可解释表型变异的 11.5%~26.1%; 7 个与断裂比强度相关, 分布在 Chr.21、Chr.12、Chr.8、LG1、LG4 和 LG10 上, 可解释表型变异的 16.5%~52.8%; 2 个与伸长率相关, 分布在 Chr.9 和 Chr.21 上, 可解释表型变异的 18.1%和 27.1%。LG9、LG12 和 Chr.21 上存在 QTL 聚集区。

关键词: 棉花; 遗传图谱; SSR; AFLP; 纤维品质; QTL

Construction of Molecular Genetic Map and QTL Analysis of Fiber Quality in Cotton

YANG Xin-Lei, WANG Zhi-Wei, ZHANG Gui-Yin, PAN Yu-Xin, WU Li-Qiang, LI Zhi-Kun, WANG Xing-Fen*, and MA Zhi-Ying*

Key Laboratory of Crop Germplasm Resources of Hebei / Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China

Abstract: Cotton is a leading textile fiber crop in the world and a source of secondary products such as oil, live- stock feed (cotton seed cake) and cellulose. The improvement of cotton fiber quality is becoming extremely important with the innovation of spinning technology. A genetic map is necessary not only for the reliable detection, mapping and estimation of gene effects of important agronomic traits, but also for further research on the structure, organization, evolution and function of cotton genome. In the present study, simple sequence repeats (SSRs) and amplified fragment length polymorphism (AFLP) were used to assay an F₂ population from a cross between CRI8 (*Gossypium hirsutum* L.) and Pima 90-53 (*Gossypium barbadense* L.). Two hundred and fourteen F₂ plants were used for map construction using 110 SSRs and 65 AFLPs. This map included 175 markers distributing on 42 linkage groups, covering 2 030 cM, accounting for 40.6% of the cotton genome, and with an average distance of 11.6 cM between two markers. The length of linkage groups ranged from 4.5 to 147.3 cM and the markers on the groups ranged from 2 to 22. The linkage map was located on 10 chromosomes, which were Chr.4, Chr.8, Chr.9, Chr.10, Chr.12, Chr.14, Chr.15, Chr.18, Chr.21, and Chr.25. Based on composite interval mapping, five QTLs were identified for fiber length, distributing on Chr.21, Chr.15, LG2, and LG12, explaining 10.2–35.8% of the fiber length variance. Four QTLs were identified for length uniformity, distributing on Chr.21, LG9, LG18, and LG12, explaining 12.6–36.6% of the fiber length uniformity variance. Seven QTLs were identified for micronaire, distributing on Chr.9, LG1, LG9, LG20, and LG12, explaining 11.5–26.1% of the fiber micronaire variance. Seven QTLs were identified for strength, distributing on Chr.21, Chr.12, Chr.8, LG1, LG4, and LG10, explaining 16.5–52.8% of the fiber strength variance. Two QTLs were identified for fiber elongation, distributing on Chr.9 and Chr.21, explaining 18.1% and 27.1% of the fiber elongation variance. Assembled section of QTLs existed in LG9, LG12, and Chr.21. The present map and QTL analysis may provide a useful tool for breeders to transfer desirable traits from *G. barbadense* to the mainly cultivated species, *G. hirsutum*.

Keywords: Cotton; Genetic map; SSR; AFLP; Fiber quality; QTL

本研究由国家高技术研究发展计划(863 计划)(2006AA100105), 河北省自然科学基金基地重点项目(C2006001034), 河北省自然科学基金(C2005000231)和教育部科学技术研究重点项目(205018)资助。

*通讯作者(Corresponding authors): 马峙英, E-mail: mzhy@hebau.edu.cn, Tel: 0312-7528401; 王省芬, E-mail: cotton@hebau.edu.cn, Tel: 0312-7528401
第一作者联系方式: E-mail: yangxinlei2500@163.com

Received(收稿日期): 2009-04-10; Accepted(接受日期): 2009-07-24.

棉花纤维品质性状大多是数量性状,受多基因控制,利用常规育种方法很难从基因水平上对目标性状进行改良。构建分子遗传连锁图谱,寻找与数量性状基因座(QTL)紧密连锁的分子标记,是进行目标数量性状改良的基础。1994 年 Reinisch 等^[1]首次报道了总长为 4 675 cM 的四倍体栽培棉种的 RFLP 图谱,705 个标记分布在 41 个连锁群上。随后国内外一些研究者利用 RFLP、RAPD、AFLP、STS、SSR、SRAP、TRAP 和 EST-SSR 等不同的分子标记构建了多张棉花遗传连锁图谱^[2-10]。目前构建的饱和度较高的海岛棉与陆地棉种间图谱有 Rong 等^[6]的 RFLP 图谱、Nguyen 等^[7]的 RFLP-SSR-AFLP 图谱、Guo 等^[8-9]的 SSR 图谱和 Yu 等^[10]的 SSR-TRAP-SRAP-AFLP 图谱。近年来,关于棉花纤维品质性状 QTL 定位亦有一些报道^[11-16],其中定位 QTL 较多的有 He 等^[11]和 Lacape 等^[12],效应较大的为 Zhang 等^[16]的纤维比强度主效 QTL。随着作图群体类别、作图群体规模、分子标记种类和多态性标记数量的增加,采用新的研究材料和稳定的分子标记技术,进一步发掘新的标记,定位纤维品质性状 QTL,对于棉花纤维品质基因克隆和分子育种具有重要意义。本研究以高产量的陆地棉和纤维品质性状优良的海岛棉为材料,创建 F₂ 作图和定位群体,利用 SSR 和 AFLP 标记技术构建棉花遗传连锁图谱,在此基础上对棉花纤维品质性状 QTL 进行分析。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以中棉所 8 号 and 海岛棉 Pima90-53 为亲本,2004 年在河北农业大学育种中心配制杂交组合,在海南岛自交加代产生包含 214 个单株的 F₂ 分离群体,用于构建分子连锁图谱。2005—2006 年,在河北保定、辛集两地分别种植由 F₂ 群体自交形成的 F_{2:3} 家系。由农业部棉花品质监督检验测试中心测定各材料的纤维长度、整齐度、马克隆值、比强度和伸长率。

1.2 棉花基因组 DNA 提取与引物筛选

棉花叶片总 DNA 的提取以 Paterson 等^[17]的方法为基础,略作改进,即笔者在提取液中增加维生素 C,有效防止样品褐化,并根据叶片的不同情况调整 PVP40 及β-巯基乙醇的用量。

利用两亲本对 SSR 和 AFLP 引物进行筛选,将多态性引物用于 F₂ 群体检测。从 Cotton Microsatellite Database (<http://www.cottonmarker.org/>)公布的 SSR 引物中选取 37 对 BNL 引物、96 对 TMB 引物、392 对 CIR 引物和 150 对 NAU 引物。参考张军^[18]的 PCR 体系和程序。

采用 *Mse* I 和 *Eco*R I 酶切组合进行 AFLP 分析, *Mse* I+3 和 *Eco*R I+3 引物各选 10 个,随机组合成 100 对 AFLP 引物(表 1),参考 Marnik 等^[19]的 AFLP 反应体系和程序。

由上海生工生物工程有限公司合成所有引物。用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳和银染法检测 SSR 和 AFLP 扩增产物。

表 1 引物、接头的代号及序列
Table 1 Codes and sequences of primers and adaptors

代号 Code	<i>Eco</i> R I 引物与接头序列 Primers and adaptors' sequence of <i>Eco</i> R I	代号 Code	<i>Mse</i> I 引物与接头序列 Primers and adaptors' sequence of <i>Mse</i> I
Adaptor	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' 3'-CTGACGCATGGTTAA-5'	Adaptor	5'-GACGATGAGTCCTGAG-3' 3'-TACTCAGGACTCAT-5'
E00	5'-GACTGCGTACCAATTC-3'	M00	5'-GATGAGTCCTGAGTAA-3'
E32	5'-GACTGCGTACCAATTCAAC-3'	M47	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAA-3'
E33	5'-GACTGCGTACCAATTCAAG-3'	M48	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAC-3'
E35	5'-GACTGCGTACCAATTCACA-3'	M49	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAG-3'
E36	5'-GACTGCGTACCAATTCACC-3'	M50	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3'
E37	5'-GACTGCGTACCAATTCACG-3'	M59	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3'
E38	5'-GACTGCGTACCAATTCAC-3'	M60	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3'
E40	5'-GACTGCGTACCAATTCAGC-3'	M61	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3'
E41	5'-GACTGCGTACCAATTCAGG-3'	M62	5'-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3'
E57	5'-GACTGCGTACCAATTCGGG-3'	M71	5'-GATGAGTCCTGAGTAAGGA-3'
E71	5'-GACTGCGTACCAATTCGGA-3'	M82	5'-GATGAGTCCTGAGTAATAT-3'

1.3 数据统计与分析

对 SSR 和 AFLP 多态性标记进行统计, 共显性标记中棉所 8 号记为 A, Pima90-53 记为 B, 杂合型 (F_1) 记为 H; 显性标记在 Pima90-53 中出现记为 C, 中棉所 8 号中不出现记为 A, 中棉所 8 号出现记为 D, Pima90-53 不出现记为 B。在检测过程中, 有的 SSR 引物会出现多条差异带, 如果多条带在 F_2 群体中表现一致, 则记为一个位点; 如果在 F_2 群体中表现分离, 则记为不同位点。

利用 Mapmarker/Exp(Ver 3.0)^[20]构建遗传连锁图谱, 设置 LOD 3.0, 最大遗传距离为 50 cM, 采用 Kosambi 函数, 利用制图软件 MapChart2.1^[21]绘制连锁图谱。运用 Windows QTL Cartographer 2.5 的复合区间作图法^[22], 参数 Permutation times 设置为 1 000 次, $P<0.01$, 计算得到 LOD 阈值为 2.46, 进行纤维长度、整齐度、马克隆值、比强度和伸长率的 QTL 分析。

2 结果与分析

2.1 SSR、AFLP 多态性引物筛选和标记多态性分析

用 675 对 SSR 引物和 100 对 AFLP 引物对双亲进行多态性筛选, 共获得在双亲间存在明显多态性的 SSR 引物 96 对, AFLP 引物 20 对。用这些多态性引物对 F_2 群体进行检测, 共得到 251 个多态性标记, 其中 126 个为 SSR 标记, 125 个为 AFLP 标记。在获得的 251 个多态性位点中, 通过 SPSS13.0 统计软件对多态性位点进行卡方测验, 结果有 55 个偏离 3 : 1 显性或 1 : 2 : 1 共显性的孟德尔分离比例($P<0.05$), 占总标记数的 20.72%。其中, AFLP 标记 32 个, 占 AFLP 总标记的 25.40%, 定位到遗传连锁图上 13 个; SSR 标记 23 个, 占 SSR 总标记的 18.40%, 定位到遗传连锁图上 21 个。

2.2 分子遗传图谱的构建

对 251 个多态性标记进行分析并作图, 得到一张包含 110 个 SSR 标记和 65 个 AFLP 标记的遗传连锁图谱, 标记间平均距离为 11.6 cM, 连锁图覆盖 2 030 cM, 约占棉花基因组的 40.6%。连锁图谱包括 42 个连锁群, 最长的为 147.3 cM, 包含 22 个标记, 最短的为 4.5 cM, 只包含 2 个标记。根据已定位在染色体上的 SSR 标记^[2,4-16,23](图 1), 15 个连锁群可以定位到 10 条染色体上, 分别为 Chr.4、Chr.8、Chr.9、Chr.10、Chr.12、Chr.14、Chr.15、Chr.18、Chr.21 和 Chr.25。

2.3 亲本及 $F_{2:3}$ 家系纤维品质性状分析

对亲本和 $F_{2:3}$ 家系纤维品质数据进行统计分析(表 2), 双亲的纤维品质各项指标具有较大差异, 适于遗传作图和 QTL 定位。5 项纤维品质指标在 $F_{2:3}$ 群体中均呈连续分布, 表明这些性状是受多基因控制的数量性状。其中, $F_{2:3}$ 群体的各个性状偏度和峰度均小于 1, 符合正态分布。5 个纤维品质指标中整齐度变异系数较小, 其他几个性状的变异系数都在 10%左右, 表明这几个性状在 $F_{2:3}$ 群体中存在比较广泛的遗传变异。

2.4 纤维品质性状的 QTL 定位

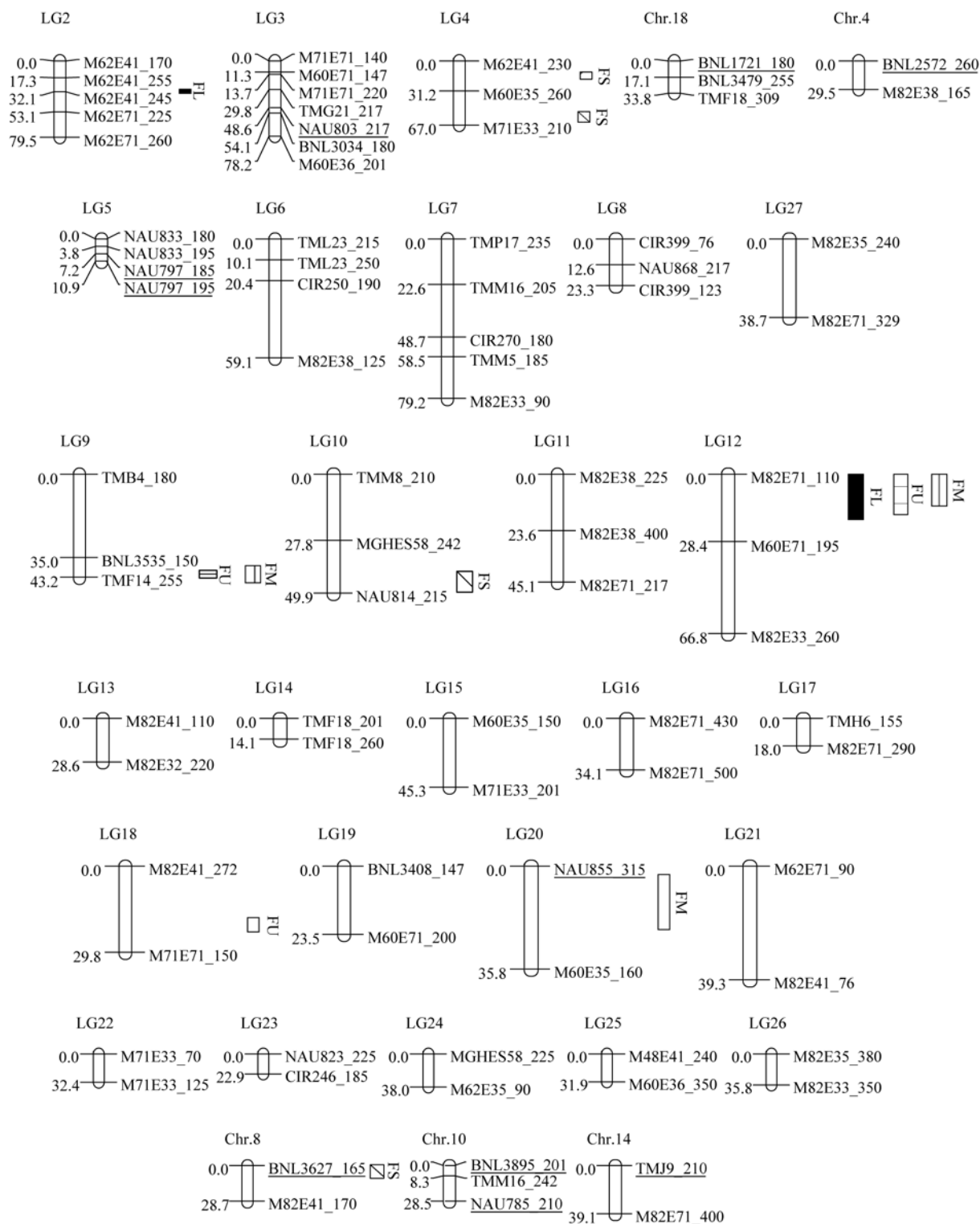
利用获得的遗传连锁图谱对纤维品质性状进行 QTL 定位, 共得到 25 个 QTL (表 3 和图 1), 分布在 Chr.8、Chr.9、Chr.12、Chr.15、Chr.21、LG1、LG2、LG4、LG9、LG10、LG12、LG18 和 LG20 上, 其他连锁群上没有检测到纤维长度、整齐度、马克隆值、比强度和伸长率的 QTL。其中在 LG9 上存在纤维整齐度和马克隆值的 QTL 聚集区, LG12 上存在纤维长度、整齐度和马克隆值的 QTL 聚集区, Chr.21 上存在纤维长度、整齐度、比强度和伸长率的 QTL 聚集区。

表 2 亲本及 $F_{2:3}$ 家系纤维品质性状的分析
Table 2 Analysis of fiber quality in parents and $F_{2:3}$

性状 Trait	亲本 Parent		$F_{2:3}$ 家系 $F_{2:3}$ families						
	中棉所 8 号 CRI 8	Pima 90-53	平均值 Mean	最大值 Max.	最小值 Min.	标准差 SD	变异系数 CV (%)	偏斜度 Skewness	峰度 Kurtosis
纤维长度 Fiber length (mm)	28.8	30.7	30.94	35.2	23.3	2.30	7.45	-0.70	0.92
整齐度 Uniformity (%)	85.2	84.4	84.71	88.0	77.7	1.83	2.17	-0.55	-0.35
马克隆值 Micronaire	4.7	4.0	3.76	4.9	2.0	0.68	17.90	-0.31	-0.38
比强度 Strength (cN tex ⁻¹)	28.9	37.2	32.20	39.4	25.6	2.94	9.13	-0.17	-0.41
伸长率 Elongation (%)	5.8	5.3	5.80	7.4	4.6	0.51	8.73	0.46	0.37

在 25 个纤维品质 QTL 中, 包括 5 个控制纤维长度的 QTL, 分布在 Chr.21、Chr.15、Chr.15、LG2 和 LG12 上, 可解释表型变异的 10.2%~35.8%。从 $|D|/|A|$ 比值可知, 纤维长度的 QTL 中, FL1、FL4 和 FL5 表现超显性效应, FL2 和 FL3 表现部分显性效应。

检测到 4 个控制整齐度的 QTL, 分布于 Chr.21、LG9、LG18 和 LG12 上, 可解释表型变异的 12.6%~36.6%, 其中 QTLFU1 的 LOD 值为 5.20。4 个整齐度的 QTL 中, 有 2 个(FU1 和 FU3)表现超显性效应, 另 2 个(FU2 和 FU4)表现显性效应。



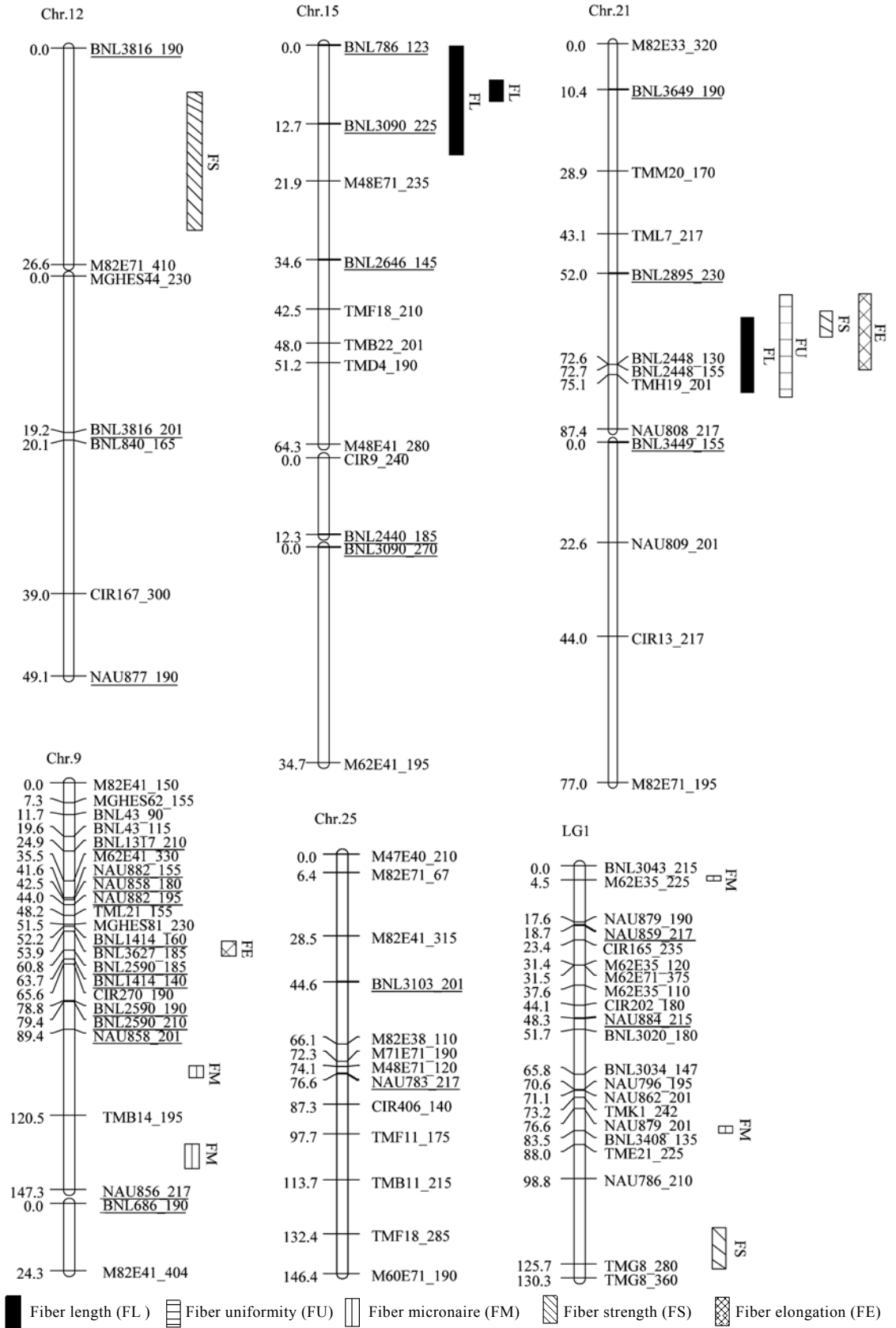


图1 遗传图谱与纤维品质性状QTL的分布

Fig. 1 Linkage map and QTLs location of fiber quality in cotton

有下划线的标记表示定位染色体所用的标记，QTL 标注在染色体右侧。

The markers located on chromosome were underlined. Identified QTLs were marked on the right of chromosome.

表3 检测到的纤维品质性状QTL
Table 3 Detection of QTLs for fiber quality

性状 Trait	QTL	染色体或连锁群 Chr./LG	标记区间 Marker interval	位置 Position (cM)	LOD	加性 效应 (A)	显性 效应 (D)	D / A	贡献率 R^2 (%)
纤维长度 Fiber length	FL1	Chr.21	BNL2448_130-TMH19_201	72.7	3.91	-0.20	1.58	5.45	12.9
	FL2	Chr.15	BNL786_123-BNL3090_225	5.2	3.65	-0.90	-0.64	0.66	15.1
	FL3	Chr.15	CIR9_240-BNL2440_185	7.2	2.55	-1.20	0.47	0.38	10.2
	FL4	LG2	M62E41_245-M62E71_225	32.2	2.67	0.08	0.40	5.00	35.8
	FL5	LG12	M82E71_110-M60E71_195	5.7	2.96	0.26	-0.52	2.00	33.9
整齐度 Uniformity	FU1	Chr.21	BNL2895_230-BNL2448_130	68.1	5.20	-0.39	2.14	5.49	27.4
	FU2	LG9	BNL3535_150-TMF14_255	42.8	2.93	-1.23	1.08	0.88	12.6
	FU3	LG18	M82E41_272-M71E71_150	18.1	2.66	0.56	-1.21	2.16	33.7
	FU4	LG12	M82E71_110-M60E71_195	5.2	2.66	0.19	-0.20	1.05	36.6
马克隆值 Micronaire	FM1	Chr.9	NAU858_201-TMB14_195	105.1	2.54	0.52	-0.16	0.31	21.0
	FM2	Chr.9	TMB14_195-NAU856_217	135.0	2.60	0.33	0.14	0.42	14.4
	FM3	LG1	BNL3043_215-M62E35_225	4.0	2.76	-0.11	-0.53	4.82	16.9
	FM4	LG1	NAU879_201-BNL3408_135	82.8	2.62	0.43	-0.23	0.53	11.5
	FM5	LG9	BNL3535_150-TMF14_255	42.9	4.46	0.45	-0.54	1.20	17.9
	FM6	LG20	NAU855_315-M60E35_160	11.6	2.92	0.43	-0.63	1.47	26.1
	FM7	LG12	M82E71_110-M60E71_195	5.0	2.76	0.40	-0.67	1.68	14.3
比强度 Strength	FS1	Chr.21	TML7_217-BNL2895_230	64.1	2.73	-1.54	3.23	2.10	25.9
	FS2	Chr.12	BNL3816_190-M82E71_410	11.8	2.80	-4.56	-0.89	0.20	48.4
	FS3	Chr.8	BNL3627_165-M82E41_170	0.1	3.29	-0.76	2.97	3.90	42.1
	FS4	LG1	NAU786_210-TMG8_280	123.9	3.20	-1.21	2.58	2.13	16.5
	FS5	LG4	M62E41_230-M60E35_260	15.3	2.62	-0.84	-4.14	4.93	49.6
	FS6	LG4	M60E35_260-M71E33_210	62.8	3.13	-0.09	1.26	14.00	52.8
	FS7	LG 10	MGHES58_242-NAU814_215	49.4	3.76	-3.91	-0.71	0.18	44.6
伸长率 Elongation	FE1	Chr.9	BNL3627_185-BNL2590_185	61.0	4.25	0.05	-0.42	8.40	18.1
	FE2	Chr.21	BNL2895_230-BNL2448_155	65.9	4.50	0.09	-0.54	6.00	27.1

与马克隆值相关的 QTL 有 7 个, 分布在 Chr.9、Chr.9、LG1、LG1、LG9、LG20 和 LG12 上, 可解释表型变异的 11.5%~26.1%, LOD 值的范围为 2.54~4.46。7 个马克隆值的 QTL 中, 有 4 个(FM3、FM5、FM6 和 FM7)表现超显性效应, 有 3 个(FM1、FM2 和 FM4)表现部分显性效应。

检测到 7 个影响纤维比强度的 QTL, 分布在 Chr.21、Chr.12、Chr.8、LG1、LG4、LG4 和 LG10 上, 其中 QTLFS6 最高可解释表型变异的 52.8%。7 个影响纤维比强度的 QTL 中, 有 5 个(FS1、FS3、FS4、FS5 和 FS6)表现超显性效应, 有 2 个(FS2 和 FS7)表现加性效应。

只检测到 2 个控制伸长率的 QTL, 位于 Chr.9 和 Chr.21 上, FE1 和 FE2 分别可以解释表型变异 18.1%和 27.1%, LOD 值分别为 4.25 和 4.50, 均表现超显性效应。

3 讨论

本研究以遗传背景差异大的陆地棉与海岛棉种间杂交衍生的 F₂ 群体为材料, 构建了包括 175 个标记的遗传连锁图谱。通过与 Han 等^[2]、Rong 等^[6]、Nguyen 等^[7]、Guo 等^[8-9]、Yu 等^[10]、Lacape 等^[12]、Lin 等^[14]和 Wang 等^[23]构建的遗传连锁图谱进行对比, 把部分连锁群定位在 10 条染色体上。采用复合区间作图法, 在所构建的遗传连锁图谱上检测到 25 个纤维品质性状的 QTL。

本研究共构建了 42 个连锁群, Chr.9、Chr.12 和 Chr.21 各包括 2 个连锁群, Chr.15 包括 3 个连锁群, 连锁群的数量相对较多, 主要由于包含 2 个标记的连锁群较多, 并且这些连锁群只覆盖全基因组的 40.6%, 表明还需要更多的“桥梁”标记把这些小的连锁群连接到一起, Han 等^[2]和 Shen 等^[15]也有类似的报道。棉花有 26 条染色体, 本文得到的 42 个连

锁群同样说明, 此连锁图谱仍然存在间隙或断点, 增加染色体特异分子标记将会使此连锁图谱逐渐饱和并最终把这些间隙连接起来。与已有图谱^[2,7,9-12,14]比较, 本研究得到的 175 个标记中, 有 90 个标记前人未曾报道, 其中 SSR 标记 35 个, AFLP 标记 65 个, 这为构建饱和的高密度遗传连锁图谱奠定了一定的基础。

目前已有一些有关棉花纤维品质性状 QTL 定位的报道, 与其比较, 本研究获得的 QTL 有所不同, 这可能与所用群体、标记种类和引物不同有关。Mei 等^[13]将 5 个纤维品质性状的 QTL 定位到 A 亚组的第 4、9 染色体上, 1 个与纤维长度相关的 QTL 定位在第 4 染色体上, 标记区间为 G1033-A1172, 4 个分别与种子数、种子重量、纤维强度和纤维伸长率相关的 QTL 定位在第 9 染色体上, 标记区间分别为 JESPR297-acagac4、JESPR297-acagac4、aggctc3-acagac4 和 actgcg1-accacc6, 且发现 A 染色体组的 QTL 多于 D 染色体组。Lin 等^[14]和 Shen 等^[15]所定位的 QTL 也较多地分布于 A 亚组染色体。与 Mei 等^[13]比较, 本研究同样也在第 9 染色体上定位了 1 个与纤维伸长率相关的 QTL, 标记区间为 BNL3627-BNL2590, 2 个与马克隆值相关的 QTL, 标记区间分别为 NAU8581-TMB14、TMB14-NAU856。本研究在 Chr.8(A02)^[23]上定位的与强度相关的 QTL, 其标记区间与 Lin 等^[14]比较, 均包含 BNL3627, 而 Shen 等^[15]定位的 QTL 标记区间为 NAU1302-BNL3255。本研究将部分 QTL 定位到相应的染色体(Chr.8、Chr.12、Chr.15 和 Chr.21)上, 并且在 LG9、LG12 和 Chr.21 上出现了 QTL 的聚集区, 这可能是进化过程中染色体重组造成的, 也可能是控制这些性状的基因排列紧密, 而在后代是以单个位点分离^[14], 这些 QTL 为分子标记辅助育种(MAS)提供了有价值的信息。另外, 得出的关于纤维品质性状的 25 个 QTL, 大部分表现显性和超显性效应, 在种间杂交过程中对于提高经济性状的表型值是很重要的, 在杂种优势研究中可能具有重要意义。

4 结论

构建了包含 110 个 SSR 标记和 65 个 AFLP 标记的遗传连锁图谱, 共包括 42 个连锁群, 连锁群长度为 4.5~147.3 cM, 包括 2~22 个分子标记, 标记间平均距离为 11.6 cM, 总长为 2 030 cM, 约占棉花全基因组的 40.6%。共得到 25 个纤维品质数量性状基因

座(QTL), 其中 5 个与纤维长度相关, 4 个与整齐度相关, 7 个与马克隆值相关, 7 个与断裂比强度相关, 2 个与伸长率相关。在 LG9、LG12 和 Chr.21 上存在 QTL 聚集区。

References

- [1] Reinisch A J, Dong J M, Brubaker C L, Stelly D M, Wendel J F, Paterson A H. A detailed RFLP map of cotton *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*: Chromosome organization and evolution in a disomic polyploid genome. *Genetics*, 1994, 138: 829–847
- [2] Han Z G, Wang C B, Song X L, Guo W Z, Guo J Y, Li C H, Chen X Y, Zhang T Z. Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 430–439
- [3] Ulloa M, Meredith W R, Shappley Z W, Kahler A L. RFLP genetic linkage maps from F_{2:3} populations and a joinmap of *Gossypium hirsutum*. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 200–208
- [4] Zhang J, Guo W Z, Zhang T Z. Molecular linkage map of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. × *Gossypium barbadense* L.) with a haploid population. *Theor Appl Genet*, 2002, 105: 1166–1174
- [5] Lacape J M, Nguyen T B, Thibivilliers S, Bojinov B, Courtois B, Cantrell R G, Burr B, Hau B. A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* backcross population. *Genome*, 2003, 46: 612–626
- [6] Rong J, Abbey C, Bowers J E, Brubaker C L, Chang C, Chee P W, Delmonte T A, Ding X, Garza J J, Marler B S, Park C, Pierce G J, Rainey K M, Rastogi V K, Schulze S R, Trolinder N L, Wendel J F, Wilkins T A, Williams-Coplin T D, Wing R A, Wright R J, Zhao X, Zhu L, Paterson A H. A 3347-locus genetic recombination map of sequence-tagged sites reveals features of genome organization, transmission and evolution of cotton (*Gossypium*). *Genetics*, 2004, 166: 389–417
- [7] Nguyen T B, Giband M, Brottier P, Risterucci A M, Lacape J M. Wide coverage of the tetraploid cotton genome using newly developed microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 167–175
- [8] Guo W Z, Cai C P, Wang C B, Han Z G, Song X L, Wang K, Niu X W, Wang C, Lu K Y, Shi B, Zhang T Z. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function, and evolution in *Gossypium*. *Genetics*, 2007, 176: 527–541
- [9] Guo W Z, Cai C P, Wang C B, Zhao L, Wang L, Zhang T Z. A preliminary analysis of genome structure and composition in *Gossypium hirsutum*. *BMC Genomics*, 2008, 9: 314
- [10] Yu J W, Yu S X, Lu C R, Wang W, Fan S L, Song M Z, Lin Z X, Zhang X L, Zhang J F. High-density linkage map of cultivated allotetraploid cotton based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP markers. *J Integr Plant Biol*, 2007, 49: 716–724
- [11] He D H, Lin Z X, Zhang X L, Nie Y C, Guo X P, Zhang Y X, Li W. QTL mapping for economic traits based on a dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the interspecific cross of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*. *Euphytica*, 2006, 153: 181–197
- [12] Lacape J M, Nguyen T B, Courtois B, Belot J L, Giband M, Gourlot J P, Gawryziak G, Roques S, Hau B. QTL analysis of cotton fiber quality using multiple *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* backcross generations. *Crop Sci*, 2005, 45:

- 123–140
- [13] Mei M, Syed N H, Gao W, Thaxton P M, Smith C W, Stelly D M, Chen Z J. Genetic mapping and QTL analysis of fiber-related traits in cotton (*Gossypium*). *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 280–291
- [14] Lin Z X, He D H, Zhang X L, Nie Y C, Guo X P, Feng C D, Stewart J McD. Linkage map construction and mapping QTLs for cotton fiber quality using SRAP, SSR and RAPD. *Plant Breed*, 2005, 124: 180–187
- [15] Shen X L, Guo W Z, Zhu X F, Yuan Y L, Yu Z, Kohel J, Zhang T Z. Molecular mapping of QTLs for fiber qualities in three diverse lines in Upland cotton using SSR markers. *Mol Breed*, 2005, 15: 169–181
- [16] Zhang T, Yuan Y, Yu J, Guo W, Kohel R J. Molecular tagging of a major QTL for fiber strength in upland cotton and its marker-assisted selection. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 262–268
- [17] Paterson A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP and PCR analysis. *Plant Mol Biol Rep*, 1993, 11: 112–127
- [18] Zhang J(张军), Wu Y-T(武耀廷), Guo W-Z(郭旺珍), Zhang T-Z(张天真). Fast screening of SSR markers in cotton with PAGE/silver staining. *Cotton Sci* (棉花学报), 2000, 12: 267–269 (in Chinese with English abstract)
- [19] Vuylsteke M, Peleman J D, van Eijk M J T. AFLP technology for DNA fingerprinting. *Nature Protocols*, 2007, 2: 1387–1398
- [20] Lander E S, Green P, Abrahamson J, Barlow A, Daly M J, Lincoln S E, Newburg I. MAPMAKER: An interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. *Genomics*, 1987, 1: 174–181
- [21] Voorrips R E. MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *J Hered*, 2002, 93: 77–78
- [22] Wang S C, Basten C J, Zeng Z B. Windows QTL Cartographer 2.5 user manual. North Carolina State University, 2005
- [23] Wang K, Song X L, Han Z G, Guo W Z, Yu J Z, Sun J, Pan J J, Kohel R J, Zhang T Z. Complete assignment of the chromosomes of *Gossypium hirsutum* L. by translocation and fluorescence in situ hybridization mapping. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 73–80