



当前位置: 首页>>科研成果>>高水平论文

## Genome-wide quantitative trait loci reveal the genetic basis of cotton fiber quality and yield-related traits in a *G.hirsutum* recombinant inbred line population

期刊名称	Plant Biotechnology Journal	发表年份	2020
全部作者			
访问统计	520	添加时间	2021年09月18日

论文简介: 利用0-153 和 sGK9708为亲本构建的RIL群体为材料, 通过全基因组QTL挖掘明确了棉花产量及品质性状的相关性及其与QTL 簇加性效应方向的关系, 初步揭示了棉花产量纤维品质性状负相关形成的遗传基础, 为进一步利用标记辅助选择、基因组编辑等技术同步改良棉花纤维品质和产量提供了重要的基因资源和位点信息。该研究以0-153\*SGK9708为亲本构建的含有196个重组自交系群体为材料, 在黄河流域及西北内陆棉区22个环境下, 对棉花产量及纤维品质进行评价, 并结合在基因组测序的基础上开发的覆盖全基因组SSR及SNP标记, 构建了包含8295个标记, 总遗传距离为5197.17cM的高密度整合遗传图谱, 获得纤维长度、强度、马克隆值、铃重、衣分和子指等相关性状的QTL 983个, 其中, 多环境稳定检测到的QTL 198个, 155个QTL为本研究首次报道。这些QTL组成37个簇, 59个成对簇。在中高度正相关的5对性状中, 92.8%QTL簇加性效应方向相同, 中高度负相关的5对性状中, 所有QTL簇加性效应方向相反。有6个QTL簇产量与品质的加性效应呈现负相关, 进一步在自然群体中验证了qClu-chr13-2的遗传效应。

原文链接: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbi.13191>

打印本页