



陆地棉吐絮铃数及吐絮率的 QTL 定位

李俊文^{1,2}, 贾菲², 孙福鼎², 刘爱英², 石玉真², 龚举武², 商海红², 王涛²,
巩万奎², 贾新合², 张建宏², 袁有禄^{2*}, 华金平^{1*}

(1. 中国农业大学农学与生物技术学院 / 杂种优势研究与利用教育部重点实验室 /

作物遗传改良北京市重点实验室, 北京 100193;

2. 棉花生物学国家重点实验室 / 中国农业科学院棉花研究所, 河南 安阳 455000)

摘要: 采用复合区间作图法, 对陆地棉 sGK9708 × 0-153 组合的重组近交系(RI)及永久 F₂ 群体在曲周(2009年)、安阳(2009, 2010年)3个环境条件下的吐絮铃数和吐絮率进行 QTL 检测, 共获得 18 个 QTLs。其中, 7 个与吐絮铃数相关, 加性效应在 -0.46~0.33 之间, 可解释的表型变异为 5.86%~11.28%; 11 个与吐絮铃率相关, 加性效应在 -3.64%~3.20% 之间, 可解释的表型变异 4.68%~9.84%。这些 QTLs 主要分布在 25 号(吐絮铃数 / 吐絮率: 3 个 / 6 个, 下同)、16 号(2 个 / 2 个)、18 号(1 个 / 2 个)染色体和 LG49(1 个 / 1 个)上。这 18 个 QTLs 中, qPOB-16-2 在 RI 群体中的 3 个环境下被稳定检测到, qCOB-16-1, qPOB-25-3 和 qPOB-25-4 在 RI 中的两个环境下被稳定检测到。这些 QTLs 可以应用于吐絮铃数和吐絮率的分子标记辅助选择。

关键词: 陆地棉; 永久 F₂ 群体; 重组近交系; 吐絮铃数; 吐絮率; QTL

中图分类号: S562.035.3 **文献标志码:** A

文章编号: 1002-7807(2013)06-0471-07

Quantitative Trait Locus Mapping of Number and Percentage of Cracked and Open Bolls in *Gossypium hirsutum* L.

LI Jun-wen^{1,2}, JIA Fei², SUN Fu-ding², LIU Ai-ying², SHI Yu-zhen², GONG Ju-wu², SHANG Hai-hong²,
WANG Tao², GONG Wan-kui², JIA Xin-he², ZHANG Jian-hong², YUAN You-lu^{2*}, HUA Jin-ping^{1*}

(1. College of Agronomy & Biotechnology/Key Laboratory of Crop Heterosis and Utilization of Ministry of Education/Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, China Agricultural University, Beijing 100193, China; 2. State Key Laboratory of Cotton Biology/Institute of Cotton Research of CAAS, Anyang Henan 455000, China)

Abstract: The recombinant inbred lines(RI) and immortalized F₂ (IF₂) populations derived from the cross between *Gossypium hirsutum* L. lines sGK9708×0-153 were used to detect quantitative trait loci(QTLs) underlying the number of cracked and open bolls (COP) and percentage of open bolls (POB). Field experiments were conducted in Quzhou, Hebei Province in 2009 and in Anyang, Henan Province, in 2009 and 2010. QTL analysis was conducted by the CIM method. Seven and 11 QTLs, which explained 5.86%~11.28% and 4.68%~9.84% of the phenotypic variation of COB and POB, respectively. Three, two, one, and one QTLs related to COB were located on chromosomes 25, 16, 18, and LG49, respectively; while six, two, two, and one QTLs related to POB were on chromosomes 25, 16, 18, and LG49, respectively. However, no common QTLs were detected in the RI and F₂ populations. qPOB-16-2 was detected in the RI population in three environments, and qCOB-16-1, qPOB-5-3, and qPOB-25-4 were detected in two environments. These stable QTLs might be useful for molecular-assisted selection in future cotton breeding programs.

Key words: upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.); immortalized F₂ population; recombinant inbred lines; cracked and open bolls; percentage of open bolls; QTL

收稿日期: 2013-03-02 作者简介: 李俊文 (1981-), 男, 硕士, 助研, junwenlee@163.com; * 通讯作者: 袁有禄, youluyuan@hotmail.com, 华金平, jinping_hua@hotmail.com。

基金项目: 863 计划(2011AA10A102)

目前,国内粮棉争地、棉油争地矛盾日益加剧,通过培育适合麦棉、棉油套种或麦后直播的早熟棉花品种,提高耕地复种指数,是解决这一矛盾的有效途径。对棉花早熟性遗传机理研究主要采取相关性分析^[1-4],或通过估测遗传效应^[5-6]来分析早熟性与产量及品质性状之间的相互关系,但经典遗传分析无法预测基因位点在染色体上的位置和效应值。分子标记技术的诞生及应用,为提高育种选择效率提供了有力的工具,该技术已被广泛应用于棉花纤维品质、产量性状以及抗病性状的基因位点检测(Quantitative trait locus, QTL)^[14-20];对棉花早熟性的QTL定位也开展了大量研究^[7-10, 12-13],但多集中在果枝始节、果枝始节高度、现蕾期、开花期、铃期、全生育期等性状。吐絮铃数和吐絮率关乎棉铃吐絮集中程度,也是反映早熟性的重要指标,相关的QTL定位未见报道。为了定位控制吐絮集中程度的基因位点,本研究首次利用陆地棉的永久 F_2 (简称 IF_2)及重组近交系群体(简称RI)对吐絮铃数及吐絮率相关的QTL进行检测,拟为相关性状的分子标记辅助选择提供依据。

1 材料和方法

1.1 试验群体

以陆地棉 sGK9708×0-153 的 RI 群体为基础群体^[16],采用 Hua 等^[21-22]的方法将 196 个重组近交系随机组配一轮,获得 98 个组合,构成该组合的 IF_2 群体。

1.2 田间试验

2009 年在河北曲周(中国农业大学曲周实验站,下称 09QZ)、河南安阳(中国农业科学院棉花研究所,下称 09AY),2010 年在河南安阳(下称 10AY)选取地力均匀的地块开展田间试验。每点 2 个重复,随机区组设计。09AY、10AY 等行距种植,行长 5.00 m,行距 0.80 m,株距 0.25 m;09QZ 宽窄行种植,行长 4 m,行距分别为 0.80 m 和 0.60 m,株距 0.25 m。3 点均覆盖地膜,田间管理与大田管理一致。

1.3 性状调查

2009 年 9 月 1 至 4 日和 2010 年 8 月 30 日至 9 月 5 日,从每个材料中随机选取 10 株代表

性单株调查吐絮铃数(Number of cracked and open bolls,简称 COB)及单株成铃数(Bolls per plant,简称 BPP),把吐絮铃数占成铃数的百分率记作吐絮率(Percentage of open bolls,简称 POB)。成铃标准为棉铃直径大于 1.5 cm^[23],开裂露白的棉铃为吐絮铃。

1.4 统计分析

用 SPSS 11.0 进行统计分析。非正态分布性状值按 $Lg(\text{性状值} + 1)$ ^[24]转化。

1.5 连锁图谱及 QTL 分析

利用 sGK9708×0-153 RI 的连锁图谱^[16,25]合成 IF_2 群体的标记数据,该图谱包含 400 个 SSR 标记位点,54 个连锁群,总长 1260.68 cM,标记间平均距离为 3.15 cM,覆盖全基因组 28.33%;以 RI 连锁图谱结合 RI 及 IF_2 群体三环境的吐絮铃数及吐絮率,采用 Windows QTL Cartographer 2.5^[26]复合区间作图(Composite interval mapping, CIM)法进行 QTL 分析,根据排列测验 1000 次给定的阈值检测 QTL。

QTL 命名参考水稻^[27]。利用 MapCart 2.2^[28]将 QTL 标注在连锁图谱上。以显性度($|D/A|$)描述 QTL 的遗传模式:当 $|D/A| \leq 0.2$ 、 $0.2 < |D/A| \leq 0.8$ 、 $0.8 < |D/A| \leq 1.2$ 和 $|D/A| > 1.2$,QTL 分别表现为加性(A)、不完全显性(PD)、显性(D)和超显性遗传(OD)^[29]。

2 结果与分析

2.1 亲本及群体性状表现

09QZ 和 09AY 双亲的 COB 及 POB 均接近,10AY 差异较大;09QZ 和 10AY 均为母本 sGK9708 高于 0-153,09AY 与之相反。(sGK9708×0-153) F_1 (即 P_1/P_2)的 COB 及 POB 在 3 个环境下均高于双亲。 IF_2 和 RI 在 3 个环境下均存在超亲分离,09QZ 和 09AY 超高亲比率远高于超低亲比率,10AY 超高亲和超低亲比率接近。两个性状的均值, IF_2 明显高于 RI 群体。偏度结果表明,除 IF_2 群体 09QZ 吐絮率、RI 群体 09AY 吐絮铃数、09QZ 及 09AY 的吐絮率的偏度超出正常范围外,其余环境性状值均符合正态分布(表 1)。

2.2 方差分析

方差分析表明,G、E、G×E 及 e 四个变异来源

均达到极显著水平,说明 COB 及 POB 既受到遗传因素的控制,又受到环境因子的影响,表现出典型数量性状特点。IF₂ 及 RI 群体 COB 和 POB 的

遗传率均很高。POB 的遗传率高于 COB;IF₂ 的 COB 和 POB 的遗传率都高于 RI 群体,这可能与 IF₂ 群体由 F₁ 构成且群体规模小有关(表 2)。

表 1 亲本、IF₂ 及 RI 群体吐絮铃数和吐絮率的描述性统计

Table 1 The descriptive statistics of COB and POB in IF₂ and RI populations

性状 Trait	环境 Envi- ronment	IF ₂					RI					Parents		
		平均值 $\mu \pm \sigma$	最大值 Max	最小值 Min	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	平均值 $\mu \pm \sigma$	最大值 Max	最小值 Min	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	P ₁	P ₂	P ₁ /P ₂
COB	09QZ	3.16 ± 1.19	6.90	0.48	0.60	0.20	1.64 ± 0.90	5.50	0.13	0.93	1.56	1.88	1.04	5.29
	09AY	3.06 ± 0.99	5.56	1.10	0.51	0.20	1.20 ± 0.73	4.13	0.00	1.04	1.33	0.79	1.38	4.08
	10AY	4.84 ± 1.87	9.14	1.68	0.37	-0.50	3.62 ± 1.68	8.27	0.64	0.47	-0.30	5.95	2.45	9.18
POB	09QZ	23.06 ± 9.26	63.36	3.78	1.22	3.10	13.56 ± 7.50	52.27	1.34	1.32	4.17	14.97	10.96	37.81
	09AY	24.21 ± 8.35	54.22	8.22	0.67	0.90	10.80 ± 7.00	51.42	0.00	1.70	5.87	7.32	12.31	29.32
	10AY	33.52 ± 12.66	76.24	12.80	0.54	0.20	25.98 ± 11.97	68.83	5.53	0.61	-0.07	43.61	25.15	59.90

表 2 IF₂ 及 RI 群体吐絮铃数和吐絮率的方差分析结果

Table 2 The ANOVA results of COB and POB

Trait	Variation resources	IF ₂				RI			
		df	MS	F	h ² %	df	MS	F	h ² %
COB	G	97	7.69	5.57**	73.34	196	4.45	3.86**	57.08
	E	2	194.72	141.07**		2	652.27	564.91**	
	G×E	194	2.05	1.48**		390	1.91	1.65**	
	e	294	1.38			589	1.15		
POB	G	97	439.19	6.11**	78.12	196	307.16	4.55**	69.30
	E	2	6453.73	89.82**		2	25655.28	379.76**	
	G×E	194	96.08	1.34**		390	94.30	1.40**	
	e	294	71.85			589	67.56		

注: h²: 遗传力; **: 在 1% 水平显著。

Note: h²: heritability; **: significant at level of 1%.

2.3 表型相关分析

相关分析表明, 相同性状 3 个环境表型值间的相关系数均达到极显著水平, 且两个性状

不同环境表型值存在较高的相关系数, 说明吐絮铃数和吐絮率相互关联又有所区别, 两者不完全等同(表 3)。

表 3 IF₂ 及 RI 群体吐絮铃数和吐絮率的表型相关

Table 3 The correlation coefficients of COB and POB in IF₂ and RI

Trait	COB			POB		
	09QZ	09AY	10AY	09QZ	09AY	10AY
COB	09QZ	0.48**	0.35**	0.95**	0.49**	0.44**
	09AY	0.64**	0.36**	0.49**	0.92**	0.43**
	10AY	0.52**	0.49**	0.32**	0.30**	0.92**
POB	09QZ	0.94**	0.55**	0.46**	0.56**	0.45**
	09AY	0.61**	0.89**	0.46**	0.62**	0.45**
	10AY	0.55**	0.51**	0.94**	0.54**	0.57**

注: 左下三角为 IF₂ 相关系数, 右上三角为 RI 相关系数。** 表示在 1% 水平显著。

Note: The lower left quarter shows the correlation coefficients between COB and POB in IF₂, and the upper right quarter shows the correlation coefficients between COB and POB in RI. ** indicates significant at level of 1%.

2.4 QTL 定位

7 个 QTLs 与 COB 相关,分布在 C25(3 个)、C16(2 个)、C18(1 个)和 LG49(1 个);这些 QTL 的 LOD 值、加性效应和解释的表型变异分别为 3.21~7.17、-0.46~0.33 和 5.86%~11.28%。其中, *qCOB-16-1*(14.29%) 在 RI 群体中两个环境下被检测到; *qCOB-25-1* 仅在 IF₂ 中被检测到,其加性效应为 0.33 个,显性效应为 2.12 个,显性度为 6.39,表现为超显性遗传(表 4,图 1)。

11 个 QTLs 与 POB 相关,分布在 C25(6 个)(图 1)、C16(2 个)、C18(2 个)和 LG49(1 个);这些 QTL 的 LOD 值、加性效应和解释表型变异分别为 3.28~5.00、-3.64%~3.20% 和 4.68%~9.84%。3 个(27.3%)QTLs 在 2 个以上环境下被

稳定检测到,其中 *qPOB-16-2*(9.09%) 在 3 个环境下均可被稳定检测到, *qPOB-25-3*、*qPOB-25-4* (18.18%) 在两个环境下被检测到。 *qPOB-25-1* 和 *qPOB-25-6* 在 IF₂ 中被检测到,其加性效应分别为 2.89% 和 -2.93%,显性效应分别为 18.92% 和 8.66%,显性度分别为 6.47 和 2.95,均表现为超显性遗传。

qCOB-25-1 与 *qPOB-25-1*、*qCOB-25-3* 与 *qPOB-25-3*、*qCOB-16-1* 与 *qPOB-16-1*、*qCOB-16-2* 与 *qPOB-16-2*、*qCOB-18-1* 与 *qPOB-18-1*、*qCOB-49-1* 与 *qPOB-49-1* 位于相同染色体上的相同区间,且效应值大小接近、方向一致,这 6 对 QTLs 可能是 6 个相同的 QTLs,也可能是 6 对紧密连锁的基因位点。

表 4 IF₂ 及 RI 群体吐絮铃数和吐絮率的 QTL 定位结果

Table 4 QTLs underlying COB and POB

QTL 名称 QTL	染色体 编号 Chrom- osome No.	位置 Position	标记区间 Flanking markers	LOD 值 LOD	加性 效应 A [§]	显性 效应 D	解释表 型变异 R ² /%	显性度 D/A	检测到的 群体 op- ulation
<i>qCOB-25-1</i>	C25	0.01	SHIN-1131b~NAU3298a	7.17	0.33	2.12	9.16	6.39	IF ₂ (09AY)
<i>qCOB-25-2</i>	C25	25.21	BNL1440~HAU892	3.22	-0.44	0.00	5.93		RI(10AY)
<i>qCOB-25-3</i>	C25	31.11	JESPR215~BNL3806b	3.60	-0.46	0.00	6.57		RI(10AY)
<i>qCOB-16-1</i>	C16	37.51	CM056~HAU244a	3.44	0.04	0.00	6.87		RI(09AY)*
				6.08	0.30	0.00	11.28		RI(09QZ)
<i>qCOB-16-2</i>	C16	48.31	DPL0511~NAU2146	5.03	0.04	0.00	9.21		RI(09AY)*
<i>qCOB-18-1</i>	C18	0.01	DPL0922~NAU2980a	3.21	-0.41	0.00	5.86		RI(10AY)
<i>qCOB-L49-1</i>	-	2.01	HAU1952~CGR5582	3.70	-0.04	0.00	6.70		RI(09AY)*
<i>qPOB-25-1</i>	C25	0.01	SHIN-1131b~NAU3298a	8.37	2.93	18.92	9.84	6.47	IF ₂ (09AY)
<i>qPOB-25-2</i>	C25	20.91	Gh478~NAU5463	3.38	-3.64	0.00	7.14		RI(10AY)
<i>qPOB-25-3</i>	C25	31.11	JESPR215~BNL3806b	3.93	-0.06	0.00	6.92		RI(09AY)
				3.97	-3.30	0.00	6.75		RI(10AY)
<i>qPOB-25-4</i>	C25	43.81	CGR5115~CGR6932	4.21	-0.07	0.00	7.08		RI(09QZ)*
				3.28	-0.05	0.00	5.81		RI(09AY)*
<i>qPOB-25-5</i>	C25	52.81	NAU2611~NAU3298c	3.93	-0.07	0.00	6.64		RI(09QZ)*
<i>qPOB-25-6</i>	C25	60.81	BNL1047a~Gh449	4.55	-2.93	8.66	4.68	2.95	IF ₂ (09AY)
<i>qPOB-16-1</i>	C16	39.51	CM056~HAU916a	3.04	0.07	0.00	5.81		RI(09QZ)*
<i>qPOB-16-2</i>	C16	48.31	DPL0511~NAU2146	5.00	0.08	0.00	8.60		RI(09QZ)*
				3.38	0.05	0.00	6.06		RI(09AY)*
				3.70	3.20	0.00	6.45		RI(10AY)
<i>qPOB-18-1</i>	C18	0.01	DPL0922~NAU2980a	3.71	-3.09	0.00	6.37		RI(10AY)
<i>qPOB-18-2</i>	C18	10.31	NAU2980b~NAU5262a	3.81	-3.51	0.00	8.41		RI(10AY)
<i>qPOB-L49-1</i>	-	2.01	HAU1952~CGR5582	4.03	-0.08	0.00	7.04		RI(09QZ)*

§: 加性效应为正值表明增效基因来源于 0-153,反之来源于 sGK9708; * 表示采用经过转换后的表型值进行 QTL 分析。

§: positive effect demonstrates the favorable alleles are from the parent 0-153, otherwise, the favorable alleles are from sGK9708;

* indicates the phenotypic value in related environment has been transformed by Lg(phenotypic value+1) due to non-normal distribution.

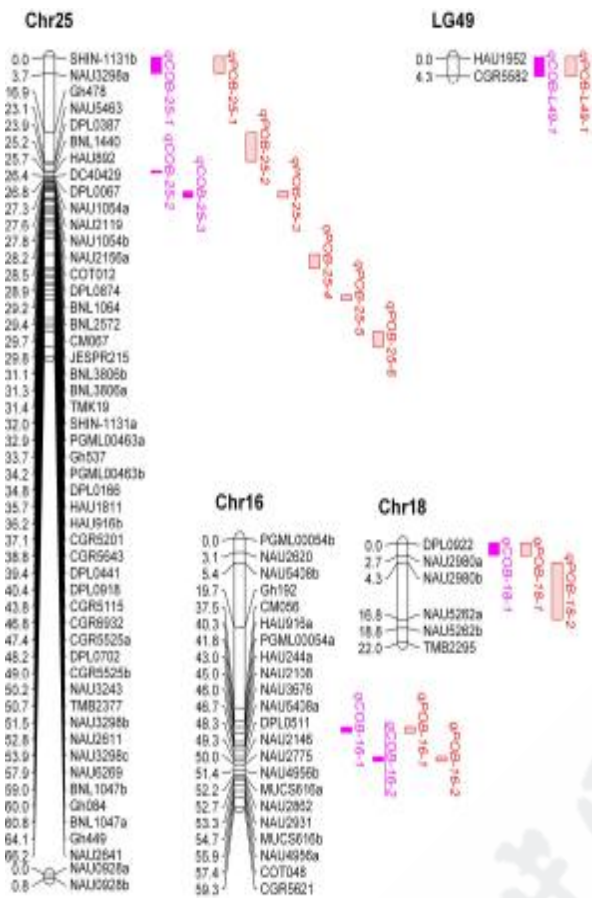


图1 QTL在染色体上位置

Fig. 1 Chromosomal positions of QTLs

3 讨论

3.1 吐絮铃数、吐絮率及早熟性

吐絮期是50%棉株第一个棉铃吐絮的日期^[30]。育种实践表明,某些品种进入吐絮期早,但吐絮并不集中;吐絮期不能完全代表吐絮的集中程度。相比而言,吐絮铃数和吐絮率更能客观反映吐絮的集中程度。吐絮早而集中的品种有如下优点:(1)减少收获次数及成本;(2)缩小纤维在田间滞留时间过长而造成的品质降低程度;(3)更适于机械采摘;(4)生育期短,可开展麦棉、油棉套种或麦后直播,提高耕地复种指数。因此,深入开展吐絮铃数及吐絮率的遗传机理研究十分必要。

3.2 超亲分离

本试验和前人试验结果表明,IF₂及RI群体均存在超亲分离。09QZ及09AY超高亲比例很高,说明吐絮铃数、吐絮率低的亲本杂交,仍可获得性状值高于双亲的后代。Wang等^[17]利用根节线虫低抗性材料TM-1和Pima 3-79杂交,在RI

中获得了抗性高的后代。上述结果可能是由分布在两个亲本中的增效基因聚合到同一后代而得到的。

3.3 IF₂和RI群体检测到的吐絮铃数、吐絮率QTL及其差异

与吐絮铃数和吐絮率相关的QTLs分别为7个和11个,其中分别有1个(14.3%)和3个(27.3%)多环境稳定的QTLs,吐絮率稳定的QTLs比率几乎是吐絮铃数的2倍,说明吐絮率的遗传比吐絮铃数稳定,这与吐絮率的遗传率高于吐絮铃数一致。

IF₂检测到3个QTLs全部表现超显性遗传,而RI群体仅能检测到具有加性效应的QTL,因此利用IF₂群体进行QTL定位具有独特的优点。

3.4 QTL的成簇分布

与吐絮铃数及吐絮率相关的QTL,集中分布在C25、C16和C18上。Sun^[10]在C25上的相似区段上检测到9个与纤维强度、长度、麦克隆值及整齐度相关的QTLs,在C18上检测到与4个纤维强度、长度及伸长率相关的QTLs,也表现出成簇分布的特点;此外,Guo等^[10]在C25和C16号染色体上定位到3个与果枝始节相关的QTLs(*qNFB-c25-1*,*qNFB-c16-1*,*qNFB-c16-2*)。说明C25、C16和C18上分布了控制品质、熟性相关的重要基因。

3.5 QTL的稳定性及其在育种中的应用

本研究共检测4个稳定的QTLs。其中*qPOB-25-2*与*qHNFFB-25-1*^[9]都与NAU5463临近,两个位点很可能是同一QTL。这些在多环境或不同遗传背景稳定遗传的QTL位点为吐絮铃数及吐絮率的分子辅助选择提供了依据。随着高密度连锁图谱构建^[31-32]和棉花基因组测序等研究工作的不断深入^[33],为吐絮铃数及吐絮率相关的QTL位点的精细定位及图位克隆奠定了基础。

参考文献:

- [1] 赵伦一,陈舜文,徐世安. 陆地棉早熟性的指示性状的遗传力估计[J]. 遗传学报, 1974, 1(1): 107-116.
ZHAO Lun-yi, Chen Shun-wen, Xu Shi-an. An estimation of heritability of the indicative characters of earliness in upland cotton [J]. Acta Genetica Sinica, 1974, 1(1): 107-116.
- [2] 喻树迅,黄祯茂. 短季棉品种早熟性构成因素的遗传分析[J].

- 中国农业科学,1990, 23(6): 48-54.
- YU Shu-xun, Huang Zhen-mao. Inheritance analysis on earliness components of short season varieties in *G. hirsutum*[J].Scientia Agricultura Sinica, 1990, 23(6): 48-54.
- [3] 蔡应繁, 谭永久, 何洪华. 短季棉早熟性产量和纤维品质的主成份和典型相关分析[J].西南农业大学学报, 1996, 18(4): 346-349.
- CAI Ying-fan, Tan Yong-jiu, He Hong-hua. Principal component correlation analysis and canonical analysis of earliness, yield-cotribution characters and fibre quality of short-season cotton[J].Journal of Southwest Agricultural University, 1996, 18(4): 346-349.
- [4] GODOY A S, Palomo G A. Genetic analysis of earliness in upland cotton *Gossypium hirsutum* L. I. Morphological and phenological variables[J]. Euphytica, 1999(105): 155-160.
- [5] 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.
- SONG Mei-zhen, Yu Shu-xun, Fan Shu-li, et atl. Genetic analysis of main agronomic traits in short season upland cotton(*G. hirsutum* L.)[J].Cotton Science, 2005, 17(2) : 94-98.
- [6] 范术丽, 喻树迅, 原日红, 等. 短季棉早熟性的遗传效应及其与环境互作研究[J].西北植物学报, 2006, 26(11): 2270-2275.
- FAN Shu-li, Yu Shu-xun, Yuan Ri-hong, et atl. Genetic effects and environmental interactions of early maturity in short-season cotton[J].Acta Bot Boreal-Occident Sin, 2006, 26(11): 2270- 2275.
- [7] 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.
- FAN Shu-li, Yu Shu-xun, Song Mei-zhen, et al. Construction of molecular linkage map and QTL mapping for earliness in short-season cotton[J].Cotton Science, 2006, 18(3): 135-139.
- [8] 魏新琦, 张 建, 刘大军, 等. 陆地棉开花期 QTL 定位[J].西南大学学报:自然科学版, 2008, 30(12): 61-64.
- WEI Xin-qi, Zhang Jian, Liu Da-jun, et al. Mapping QTL affecting flowering stage in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Journal of Southwest University; Natural Science Edition, 2008, 30(12): 61-64.
- [9] LI Cheng-qi, Wang Chang-biao, Dong Na, et al. QTL detection for node of first fruiting branch and its height in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J].Euphytica, 2012, 188(3): 441-451.
- [10] GUO Y, McCarty J C, Jenkins J N, et al. QTLs for node of first fruiting branch in a cross of an upland cotton, *Gossypium hirsutum* L., cultivar with primitive accession Texas 701[J].Euphytica, 2008, 163(1): 113-122.
- [11] 董 娜, 李成奇, 王清连, 等. 不同生态环境下短季棉早熟及相关性状的混合遗传[J].棉花学报, 2010, 22(4): 304-311.
- DONG Na, Li Cheng-qi, Wang Qing-lian, et al. Mixed inheritance of earliness and its related traits of short-season cotton under different ecological environments[J]. Cotton Science, 2010, 22(4): 304-311.
- [12] 努斯热提·吾斯曼, 喻树迅, 范术丽, 等. 机采棉主要农艺性状相关性分析和 QTL 定位[J].新疆农业科学, 2012, 49(5): 791-795.
- NUSURAT Osman, Yu Shu-xun, Fan Shu-li, et al. Correlation of agronomic characters and QTL mapping in mechanical harvest cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2012, 49(5): 791-795.
- [13] 张西英, 李金荣, 朱永军, 等. 海岛棉(*Gossypium barbadense* L.) 产量和早熟性状的 QTL 定位[J].植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 614-621.
- ZHANG Xi-ying, Li Jing-rong, Zhu Yong-jun, et al. QTL mapping of yield and earliness-related traits in sea-island cotton (*Gossypium barbadense* L.) [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13(4) : 614-621.
- [14] JIANG Chun-xiao, Wright R J, El-Zik K M, et al. Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (cotton)[J].Proc Natl Acad Sci USA, 1998, 95(8): 4419-4424.
- [15] ZHANG Tian-zhen, Yuan You-lu, Yu John, et al. Molecular tagging of a major QTL for fiber strength in upland cotton and its marker-assisted selection[J].Theor Appl Genet, 2003, 106(2): 262-268.
- [16] SUN Fu-ding, Zhang Jian-hong, Wang Shu-fang, et al. QTL mapping for fiber quality traits across multiple generations and environments in upland cotton[J]. Mol Breeding, 2012, 30(1): 569-582.
- [17] WANG Cong-li, Ulloa M, Mullens T R, et al. QTL Analysis for transgressive resistance to root-knot nematode in interspecific cotton (*Gossypium* spp.) progeny derived from susceptible parents[J].PloS One, 2012, 7(4): e34874.
- [18] HE Dao-hua, Lin Zhong-xu, Zhang Xian-long, et al. 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* [J].Euphytica, 2007, 153(1-2): 181-197.
- [19] MEI M, Syed N H, Gao W, et al. Genetic mapping and QTL analysis of fiber-related traits in cotton (*Gossypium*) [J]. Theor Appl Genet, 2004, 108(2): 280-291.
- [20] SHEN Xin-lian, Zhang Tian-zhen, Guo Wang-zhen, et al. Mapping fiber and yield QTLs with main, epistatic, and QTL × environment interaction effects in recombinant inbred lines of upland cotton [J]. Crop Science, 2006, 46(1): 61.
- [21] HUA Jin-ping, Xing Yong-zhong, Xu Cai-guo, et al. Genetic dissection of an elite rice hybrid revealed that heterozygotes are not always advantageous for performance[J]. Genetics, 2002, 162(4): 1885-1895.
- [22] HUA Jin-ping, Xing Yong-zhong, Wu Wei-ren, et al. Single-locus heterotic effects and dominance by dominance interactions can adequately explain the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid[J].P Natl Acad Sci USA, 2003, 100(5): 2574-2579.
- [23] 李正理. 棉花形态学[M]. 北京: 科学出版社, 1979.
- LI Zheng-li. Cotton morphology[M]. Beijing: Science Press, 1979.

- [24] ZAR J H. Biostatistical analysis[M]. 5th ed. New Jersey: Pearson Education Inc, 2010.
- [25] 贾 菲. 陆地棉重组自交系产量与纤维品质性状的 QTL 定位[D].长沙: 湖南农业大学, 2011.
JIA Fei. Identification of QTL for yield and fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) RIL population [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2011.
- [26] WANG S C, Basten C J, Zeng Z B. Windows QTL Cartographer V2.5[CP/OL] 2012-08-01[2012-10-02] <http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>.
- [27] MCCOUCH S R, Cho Y G, Yano M, et al. Report on QTL nomenclature [J].Rice Genet Newslett, 1997(14): 11-13.
- [28] VOORRIPS R E. MapChart 2.2: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs[M]. Wageningen: Plant Research International, 2006.
- [29] LIU Ren-zhong, Wang Bao-hua, Guo Wang-zhen, et al. Quantitative trait loci mapping for yield and its components by using two immortalized populations of a heterotic hybrid in *Gossypium hirsutum* L.[J].Mol Breeding, 2012, 29(2): 297-311.
- [30] 喻树迅. 中国短季棉育种科学[M]. 北京:科学出版社, 2007.
YU Shu-xun. Short season cotton breeding in China[M]. Beijing: Science Press, 2007.
- [31] BLEND A, Fang D D, Rami J F, et al. A high density consensus genetic map of tetraploid cotton that integrates multiple component maps through molecular marker redundancy check [J].PLoS ONE, 2012, 7(9):e45739.
- [32] YU J Z, Kohel R J, Fang D D, et al. A high-density simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism genetic map of the tetraploid cotton genome[J]. G3(Bethesda), 2012, 2(1):43-58.
- [33] WANG Kun-bo, Wang Zhi-wen, Li Fu-guang, et al. The draft genome of a diploid cotton *Gossypium raimondi* [J].Nature Genetics, 2012, 44(10): 1098-1103. ●

中國棉花
China Cotton Magazine

