



## 利用重组自交系进行陆地棉产量及产量构成因子性状的QTL定位

摘要以高产陆地棉栽培品种中棉所12和8891的杂交组合湘杂棉2号为材料，采用单粒传法构建了重组自交系(RILs)群体。本研究的目的是分析产量及其构成因子的相互关系并进行相应的QTL定位。重组自交系群2003年分别种植于南京农业大学江浦实验农场和江苏省灌云棉花基地。收获每行中间五株的籽棉并考察调查的产量及产量构成因子性状包括单株籽棉产量、单株皮棉产量、单株铃数、铃重、衣分、衣指和衣重。利用384个AFLP引物组合，分别得到127和18个多态位点；此外，2个RAPD引物、1个SRAP引物组合以及基因P1也被用来作为标记检测群体基因型。最终共获得149个多态位点，其中132个位点分布于26个染色体，约占棉花基因组的18.57%，标记间平均距离6.55 cM。利用此遗传图谱结合重组自交系群体3个环境资料，应用QTL Cartographer 2.0的复合区间作图法进行单位点QTL定位。对各环境资料的分离分析共定位出15个QTL。本研究定位的QTL可为棉花产量育种提供信息，其中衣分QTLqLP1在两个环境都能检测到，可能对标记辅助选择有实际应用价值。通径分析结果表明，各产量构成因子对产量的影响最大，这与产量构成因素性状在F1的杂种优势表现一致；因此，在棉花育种上，可优先考虑单株铃数、单株皮棉产量、单株籽棉产量、单株铃重、单株衣指和单株衣重等性状进行品种选育和杂交组合选配。

[存档文本](#)