

# 陆地棉种子物理性状QTL定位

刘大军 张 建 张 轲 王 威 张正圣\*

西南大学农学与生物科技学院 / 农业部生物技术与作物品质改良重点实验室, 重庆400716

**摘 要:** 定位棉花种子性状的基因对揭示棉花种子性状的遗传规律, 以及明确棉花种子、产量、纤维品质等性状间的遗传关系具有重要意义。以(渝棉 1 号×T586) F<sub>2:7</sub>重组近交系群体构建的遗传连锁图谱, 在鉴定 270 个家系 3 个环境种子物理性状的基础上, 利用MQM作图方法, 共检测到 34 个种子物理性状QTL, 包括 9 个种子重(*qSW*)、5 个短绒重(*qFW*)、3 个短绒率(*qFP*)、8 个种仁重(*qKW*)、6 个种子壳重(*qHW*)和 3 个种仁率(*qKP*)QTL, 它们可解释 4.6%~80.1%的性状表型变异。9 个QTL在 2 个或 3 个环境中被检测到, 其中包括第 12 染色体显性光子位点的短绒重与短绒率QTL, 以及另外 7 个微效应QTL。34 个QTL分布于 15 条染色体, 其中A染色体组 20 个, D染色体组 14 个。有 12 个染色体区段分布有 2 个或 2 个以上的QTL, 而且同一染色体区域同一亲本所具有的不同性状QTL的方向大多数与性状表型相关系数的正负一致。

**关键词:** 陆地棉; 种子; 物理性状; QTL

## QTL Mapping of Seed Physical Traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.)

LIU Da-Jun, ZHANG Jian, ZHANG Ke, Wang Wei, and ZHANG Zheng-Sheng\*

Key Laboratory of Biotechnology & Crop Quality Improvement of Agricultural Ministry / College of Agronomy & Biotechnology, Southwest University, Chongqing 400716, China

**Abstract:** Cotton is a leading natural fiber crop in the world, and also provides important plant oil and protein. Cotton fiber is developed from a single cell of seed epidermis, so QTL mapping of seed traits is important to reveal the genetic characteristics of seed traits and to understand the genetic relationship among seed, yield and fiber quality traits. Six seed physical traits of upland cotton recombinant inbred line population identified in three environments presented continuous segregation, and the significant variances existed in the six physical traits were affected by environments. The linkage map constructed from the upland cotton recombinant inbred line population (T586 × Yumian1) F<sub>2:7</sub> were used to map QTLs for six seed physical traits by MQM method, and thirty-four QTLs were detected, including nine QTLs for seed weight (*qSW*), five QTLs for fuzz weight (*qFW*), three QTLs for fuzz percentage (*qFP*), eight QTLs for kernel weight (*qKW*), six QTLs for seed hull weight (*qHW*), and three QTLs for seed kernel percentage (*qKP*), with explained phenotypic trait variance ranging from 4.6% to 80.1%. Out of thirty-four QTLs, nine QTLs were identified in two or three environments, and they included two large-effect QTLs controlling fuzz weight and fuzz percentage at N<sub>1</sub> locus on chromosome 12, and other seven small-effect QTLs. A total of 34 QTLs were mapped on 15 chromosomes, and among them 20 QTLs distributed on A sub-genome and 14 QTLs distributed on D sub-genome. Twelve chromosome regions have two or more QTLs for seed physical traits in each region, and directions of most QTLs for different seed physical traits, which originated from the same parent in the same chromosome region, were consistent with the correlation coefficients of traits.

**Keywords:** Upland cotton; Seed; Physical trait; QTLs

棉花是世界上栽培最广的天然纤维作物,也是重要的油脂和蛋白质来源作物<sup>[1-3]</sup>。棉纤维是由单个种子表皮细胞发育而来<sup>[4]</sup>。棉花作为世界上重要的经济作物和模式植物,在遗传研究中一直受到重视,早在 1906 年就有关于有色纤维的遗传研究报告<sup>[5]</sup>。由于棉花产量、纤维品质等性状属多基因控制的数量性状,用传统方法难以对这些性状的遗传特性进行深入研究。现代DNA标记技术的发展为此提供了一种有效的方法<sup>[6]</sup>。自Reinisch等<sup>[7]</sup>报道第一张棉花遗传图谱以来,已构建了相对饱和的棉花种间遗传连锁图谱<sup>[8-10]</sup>和密度较高的陆地棉遗传连锁图谱<sup>[11]</sup>。并用此图谱,对棉花产量、纤维品质等性状QTL进行了定位研究<sup>[12-21]</sup>。然而,对于棉花纤维产量与品质赖以形成的种子却研究较少<sup>[22]</sup>。本研究利用DNA标记多态性丰富,以及产量

本研究由国家自然科学基金项目(30971827, 30871556, 30571187)和国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA10Z1D3, 2006AA100105)资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 张正圣, E-mail: zhangzs@swu.edu.cn; Tel: 13883608797

第一作者联系方式: Liudajun\_ren\_ren@163.com

Received(收稿日期): 2009-04-30; Accepted(接受日期): 2009-08-23.

和纤维品质性状差异极大的陆地棉优质品种渝棉 1 号和陆地棉多显性基因标记系T586 建立的重组近交系群体<sup>[11]</sup>，对棉花种子物理性状进行QTL定位，以期为揭示棉花种子性状的遗传规律，明确棉花种子、产量、纤维品质等性状间的遗传关系提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 种子物理性状考查

由陆地棉高品质品种渝棉 1 号与陆地棉多显性基因标记系T586 杂交F<sub>2</sub>单株自交 7 代衍生的单株构建陆地棉重组近交系群体<sup>[23]</sup>。渝棉 1 号是西南大学采用多亲本互交育成的优质棉品种<sup>[24]</sup>，其亲本包括有海岛棉血缘的 7231-6, 从美国引进的具亚洲棉、瑟伯氏棉和陆地棉三元杂种(HAT)血缘的优质种质PD4381<sup>[25]</sup>，从法国引进的具陆地棉、亚洲棉、雷蒙德氏棉三元杂种(HAR)血缘的优质种质L231-24<sup>[26]</sup>等多个品种(品系)。T586 是将 8 个显性基因转移到遗传标准系TM-1 中培育而成的多显性基因标记系<sup>[27-28]</sup>。2005 年于海南、2006 年和 2007 年于重庆种植(渝棉 1 号×T586) F<sub>2:7</sub>重组近交系群体 270 个家系，单行种植，行长 5 m，行距 0.7 m，每行 15 株。田间管理与大面积生产相同。收获正常吐絮棉铃。将籽棉轧花后，考查种子物理性状。对 100 粒毛子称重，硫酸脱绒烘干后再称重，获得 100 粒光子重，即种子重；短绒重=100 粒毛子重-100 粒光子重，短绒率=短绒重/毛子重×100%；将 100 粒脱绒种子剥壳后，分别称取 100 粒棉籽种仁重和种子壳重，种仁率=种仁重/光子重×100%。采用DPS数据处理系统<sup>[29]</sup>对种子物理性状进行表型分析。

### 1.2 种子物理性状 QTL 定位

利用Zhang等<sup>[11]</sup>构建的包括 604 个标记、覆盖 3 140.9 cM的陆地棉遗传连锁图谱，选用QTL分析软件MapQTL5.0<sup>[30]</sup>的MQM方法(multiple QTL mapping)，对 3 个环境鉴定的种子物理性状进行QTL分析。MQM分析时，选择 5 个邻近标记(neighbouring markers)和 1 cM的步速(mapping step size)。采用 1 000 次排列检测(permutation test)，以全基因组 $P=0.05$ 的 $LOD$ 值作为QTL存在的阈值。加性效应以T586 的等位基因作为背景，即正效应表示T586 的等位基因增加性状表型值，负效应表示T586 的等位基因减少性状表型值。采用绘图软件MapChart2.2 绘制<sup>[31]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 重组近交系群体种子物理性状表现

种子重、种仁重、种子壳重、种仁率表现超双亲的超亲分离，短绒重与短绒率表现超高亲的超亲分离。6 个性状都表现为连续分布，呈现多基因控制的数量性状遗传特点(表 1)。

表 1 种子物理性状表型分析

Table 1 Phenotypic analysis of seed physical traits

性状 Trait	环境 Environment	亲本 Parent		重组近交系群体 Recombinant inbred lines					
		T586	渝棉 1 号 Yumian 1	均值 Mean	最大值 Max.	最小值 Min.	标准差 SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
种子重 Seed weight (g)	05HN	-	10.85	10.89	13.96	7.97	1.10	-0.01	-0.18
	06CQ	13.02	10.67	11.29	14.57	8.99	0.97	0.40	0.32
	07CQ	-	11.17	11.19	13.91	8.62	1.05	0.20	-0.13
短绒重 Fuzz weight (g)	05HN	0.00	1.02	0.91	2.84	0.00	0.75	0.03	-1.15
	06CQ	0.00	1.43	1.09	2.95	0.00	0.88	-0.03	-1.29
	07CQ	0.00	1.17	0.83	2.95	0.00	0.79	0.36	-1.01
短绒率 Fuzz percentage (%)	05HN	0.00	8.55	7.50	22.03	0.00	5.97	-0.15	-1.36
	06CQ	0.00	11.79	8.50	21.81	0.00	6.70	-0.15	-1.36
	07CQ	0.00	9.47	6.68	22.59	0.00	6.23	0.28	-1.15
种仁重 Kernel weight (g)	05HN	-	6.41	6.62	8.69	4.68	0.73	0.13	-0.14
	06CQ	8.66	6.33	6.89	9.03	5.45	0.65	0.36	-0.30
	07CQ	-	6.58	6.85	8.73	5.05	0.76	0.10	-0.12
种子壳重 Hull weight (g)	05HN	-	4.43	4.27	5.43	3.04	0.45	-0.08	-0.27
	06CQ	4.33	4.34	4.40	5.85	3.34	0.42	0.28	0.35
	07CQ	-	4.59	4.34	5.34	3.26	0.40	0.17	-0.28
种仁率 Kernel percentage (%)	05HN	-	59.13	60.76	67.60	56.05	1.85	0.01	0.36
	06CQ	66.49	59.30	61.03	66.94	53.78	1.95	-0.32	1.33
	07CQ	-	58.94	61.19	67.67	52.33	2.17	-0.89	2.99

- : 缺失数据。05HN、06CQ 和 07CQ 分别表示 2005 年海南、2006 年重庆和 2007 年重庆。

- : missing data; 05HN, 06CQ and 07CQ indicate 2005 in Hainan, 2006 and 2007 in Chongqing, respectively.

由表可知，棉花种子物理性状除受基因型影响外，还受环境影响。环境对短绒重、短绒率的影响较大，对种子壳重和种仁率的影响较小(表 2)。

表 2 种子物理性状的方差分析

Table 2 Variance analysis of seed physical traits

性状 Trait	变异来源 Source of variation	平方和 SS	自由度 df	方差 Variance	F
种子重 Seed weight	环境 Environment	13.99	2	6.99	16.96**
	基因型 Genotype	472.35	196	2.41	5.85**
	误差 Error	161.62	392	0.41	
短绒重 Fuzz weight	环境 Environment	5.10	2	2.55	31.63**
	基因型 Genotype	363.41	193	1.88	23.38**
	误差 Error	31.09	386	0.08	
短绒率 Fuzz percentage	环境 Environment	188.98	2	94.49	23.53**
	基因型 Genotype	22389.6	193	116.01	28.88**
	误差 Error	1550.33	386	4.02	
种仁重 Kernel weight	环境 Environment	8.59	2	4.30	19.29**
	基因型 Genotype	212.51	196	1.08	4.87**
	误差 Error	87.30	392	0.22	
种子壳重 Hull weight	环境 Environment	0.68	2	0.34	4.26*
	基因型 Genotype	70.13	196	0.36	4.45**
	误差 Error	31.53	392	0.08	
种仁率 Kernel percentage	环境 Environment	36.14	2	18.07	5.88**
	基因型 Genotype	1080.71	196	5.51	1.80**
	误差 Error	1203.98	392	3.07	

\*, \*\* 表示 0.05 和 0.01 显著水平。

\* and \*\*: significantly different at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

## 2.2 种子物理性状的相关性分析

种子重与种仁重、种子壳重以及种仁重与种子壳重、种仁率在 3 个环境均表现极显著正相关。种仁率与种子壳重呈极显著负相关。其他种子物理性状的相关性不显著(表 3)。

表 3 各个性状的相关性系数

Table 3 Correlation coefficients among seed physical traits

性状 Trait	环境 Environment	种子重 Seed weight	短绒重 Fuzz weight	短绒率 Fuzz percentage	种仁重 Kernel weight	种子壳重 Hull weight
短绒重 Fuzz weight	05HN	-0.14*				
	06CQ	-0.15*				
	07CQ	-0.02				
短绒率 Fuzz percentage	05HN	-0.28**	0.99**			
	06CQ	-0.25**	0.99**			
	07CQ	-0.14	0.99**			
种仁重 Kernel weight	05HN	0.96**	-0.08	-0.21**		
	06CQ	0.94**	-0.13*	-0.23**		
	07CQ	0.95**	-0.02	-0.14		
种子壳重 Hull weight	05HN	0.89**	-0.21**	-0.34**	0.74**	
	06CQ	0.86**	-0.15*	-0.24**	0.63**	
	07CQ	0.83**	-0.01	-0.10	0.62**	
种仁率 Kernel percentage	05HN	0.16**	0.18**	0.16**	0.42**	-0.30**
	06CQ	0.06	0.04	0.02	0.39**	-0.46**
	07CQ	0.32**	-0.03	-0.08	0.58**	-0.26**

\*, \*\*表示 0.05, 0.01 显著水平的相关。

\* and \*\* indicate significance of correlation at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

## 2.3 棉花种子物理性状 QTL 分析

在 3 个环境中, 共检测到 34 个种子物理性状 QTL, 分布在 15 条染色体上(表 4 和图 1)。

2.3.1 种子重(*qSW*) 检测到 9 个 QTL, 可解释 4.6%~9.7%的表型变异, 分别位于第 2、6、9、11、12、14、15、18、25 染色体上。其中 3 个(*qSW11-1*, *qSW12-1*, *qSW25-1*)同时在两个环境中被检测到, 位于第 11 染色体的 *qSW11-1*, 可解释 5.5%~9.7%的表型变异, 加性效应 0.27~0.32, T586 的等位基因增加性状的表型值; 位于第 12 染色体的 *qSW12-1* 可解释 5.2%~8.0%的表型变异, 加性效应 0.24~0.34, T586 的等位基因增加性状的表型值; 位于第 25 染色体的 *qSW25-1* 可解释 5.5%~7.4%的表型变异, 加性效应为-0.23~-0.30, 渝棉 1 号的等位基因增加性状的表型值。另外 6 个 QTL 只在 1 个环境中被检测到, 可解释 4.6%~8.6%的表型变异。

2.3.2 短绒重(*qFW*) 检测到 5 个 QTL, 解释 4.7%~72.6%的表型变异, 分布在第 3、7、12、13 和 21 染色体上。位于 12 染色体的 *qFW12-1* 同时在 3 个环境中被检测到, 其加性效应为-0.64~-0.78, 解释 64.2%~72.6%的表型变异。它为主效 QTL, 渝棉 1 号等位基因纯合时, 每 100 粒种子增加 1.28~1.56 g 短绒重。其余 4 个 QTL 只在 1 个环境中被检测到, 解释 4.7%~6.4%的表型变异。

2.3.3 短绒率(*qFP*) 检测到 3 个 QTL, 解释 5.7%~80.1%的表型变异, 分别位于第 3、12 和 21 染色体上。位于第 12 染色体的 *qFP12-1* 同时在 3 个环境被检测到, 其加性效应为-5.30~-6.19, 解释 67.3%~80.1%的表型变异。它为主效 QTL, 渝棉 1 号等位基因纯合时, 短绒率增加 10.60~12.38%。另外 2 个 QTL 只在 1 个环境中被检测到, 解释 5.7%~6.6%的表型变异。

2.3.4 种仁重(*qKW*) 检测到 8 个 QTL 解释 4.7%~8.9%的表型变异, 分布在第 2、6、11、12、14、15、22 和 25 染色体上。位于第 11 染色体的 *qKW11-1* 同时在 3 个环境被检测到, 其加性效应为 0.18~0.21, 解释 5.8%~8.9%的表型变异。位于第 12 染色体的 *qKW12-1* 同时在两个环境被检测到, 其加性效应为 0.17~0.19, 解释 5.1%~5.2%的表型变异。其他 6 个 QTL 只在一个环境被检测到。

2.3.5 种子壳重(*qHW*) 检测到 6 个 QTL, 解释 4.7%~9.1%的表型变异, 分别位于第 11、12、13、15、18、22 染色体上(表 4 和图 1)。均只在 1 个环境中被检测到, 说明该性状受环境因素的影响较大。

2.3.6 种仁率(*qKP*) 检测到 3 个 QTL, 解释 4.8%~5.7%的表型变异, 分别位于 6、13 和 26 染色体上(表

4 和图 1)。位于第 6 染色体的 *qKP6-1* 同时在两个环境被检测到，其加性效应为-0.43~-0.45，渝棉 1 号的等位基因增加性状表型值。

表 4 种子物理性状 QTL  
Table 4 QTL for seed physical traits

性状 Trait	QTL	环境 Environment	染色体 Chromosome	邻近标记 Nearest marker	$LOD_g$	$LOD_p$	加性效应 Additive	解释变异 PVE (%)	
种子重 Seed weight	<i>qSW2-1</i>	07CQ	2	MUSS073	2.7	2.7	-0.31	7.4	
	<i>qSW6-1</i>	05HN	6	MUSB0536	2.7	3.8	0.28	6.4	
	<i>qSW9-1</i>	06CQ	9	NAU2158	2.5	2.8	0.22	4.6	
	<i>qSW11-1</i>	05HN	11	CIR316	2.7	3.3	0.27	5.5	
		06CQ	11	MUSB1076	2.5	5.8	0.32	9.7	
	<i>qSW12-1</i>	05HN	12	N <sub>1</sub>	2.7	4.2	0.34	8.0	
		06CQ	12	CIR148	2.5	2.8	0.24	5.2	
	<i>qSW14-1</i>	07CQ	14	BNL3545	2.7	3.8	-0.32	8.6	
	<i>qSW15-1</i>	07CQ	15	MUSB0760	2.7	3.4	0.30	7.9	
	<i>qSW18-1</i>	05HN	18	CIR099	2.7	2.8	0.25	4.7	
	<i>qSW25-1</i>	06CQ	25	NAU2007	2.5	3.3	-0.23	5.5	
		07CQ	25	NAU2700	2.7	3.3	-0.30	7.4	
短绒重 Fuzz weight	<i>qFW3-1</i>	07CQ	3	NAU3541	2.8	2.8	0.21	6.4	
	<i>qFW7-1</i>	05HN	7	DPL0800	2.5	2.8	0.16	4.7	
		05HN	12	N <sub>1</sub>	2.5	66.0	-0.64	72.6	
	<i>qFW12-1</i>	06CQ	12	N <sub>1</sub>	2.7	58.0	-0.78	68.3	
		07CQ	12	N <sub>1</sub>	2.8	39.0	-0.66	64.2	
		06CQ	13	DPL0249	2.7	2.8	-0.20	4.8	
	<i>qFW21-1</i>	05HN	21	IT-ISJ03F08R	2.5	2.8	-0.20	5.9	
	短绒率 Fuzz percentage	<i>qFP3-1</i>	07CQ	3	NAU3541	2.6	2.9	1.69	6.6
<i>qFP12-1</i>		05HN	12	N <sub>1</sub>	2.7	76.4	-5.72	80.1	
		06CQ	12	N <sub>1</sub>	2.7	63.8	-6.19	73.4	
<i>qFP21-1</i>		07CQ	12	N <sub>1</sub>	2.6	42.2	-5.30	67.3	
		05HN	21	IT-ISJ03F08R	2.7	2.7	-1.55	5.7	
种仁重 Kernel weight	<i>qKW2-1</i>	07CQ	2	MUSS073	2.7	2.7	-0.21	5.9	
	<i>qKW6-1</i>	05HN	6	MUSB0536	2.7	5.2	0.21	8.6	
		05HN	11	MUSB1076	2.7	3.4	0.18	5.8	
	<i>qKW11-1</i>	06CQ	11	MUSB1076	2.7	3.0	0.20	8.9	
		07CQ	11	CIR316	2.7	3.0	0.21	6.8	
	<i>qKW12-1</i>	05HN	12	CIR148	2.7	3.1	0.19	5.2	
		06CQ	12	CIR148	2.7	3.0	0.17	5.1	
	<i>qKW14-1</i>	07CQ	14	BNL3545	2.7	3.6	-0.22	7.9	
	<i>qKW15-1</i>	07CQ	15	MUSB0760	2.7	2.9	0.21	6.6	
	<i>qKW22-1</i>	05HN	22	JESPR050	2.7	3.8	-0.25	6.3	
	<i>qKW25-1</i>	06CQ	25	NAU2007	2.7	2.8	-0.14	4.7	
		07CQ	25	NAU2700	2.7	2.8	-0.20	6.3	
	种子壳重 Hull weight	<i>qHW11-1</i>	06CQ	11	NAU0816	2.7	4.1	0.12	6.9
		<i>qHW12-1</i>	05HN	12	N <sub>1</sub>	2.7	5.5	0.15	9.1
06CQ			13	NAU3148	2.7	3.0	-0.11	4.7	
<i>qHW15-1</i>		07CQ	15	MUSB0760	2.6	2.7	0.10	6.1	
<i>qHW18-1</i>		05HN	18	CIR099	2.7	4.7	0.13	7.8	
<i>qHW22-1</i>		07CQ	22	BNL0448	2.6	3.2	-0.11	7.2	
种仁率 Kernel percentage		<i>qKP6-1</i>	05HN	6	T <sub>1</sub>	2.8	3.6	-0.45	5.7
	06CQ		6	T <sub>1</sub>	2.8	2.9	-0.43	4.8	
	<i>qKP13-1</i>	06CQ	13	IT-ISJ07F23R	2.7	2.8	-0.43	4.8	
	<i>qKP26-1</i>	05HN	26	BNL3423	2.8	3.4	0.51	5.7	

$LOD_g$ 和 $LOD_p$ 分别表示全基因组概率 $P=0.05$ 的 $LOD$ 阈值和所检测QTL的 $LOD$ 峰值；+：T586 等位基因的加性效应增加性状表型值；-：渝棉 1 号等位基因的加性效应增加性状表型值。

$LOD_g$  and  $LOD_p$  represent the significant  $LOD$  threshold of the genome wide with a  $P$ -value 0.05, and the peak  $LOD$  of the identified QTL, respectively. + and -: a positive sign of the additive effect indicates that the allele originated from T586 increases the value of the trait, and a negative sign of the additive effect indicates that the allele originated from Yumian 1 increases the value of the trait.

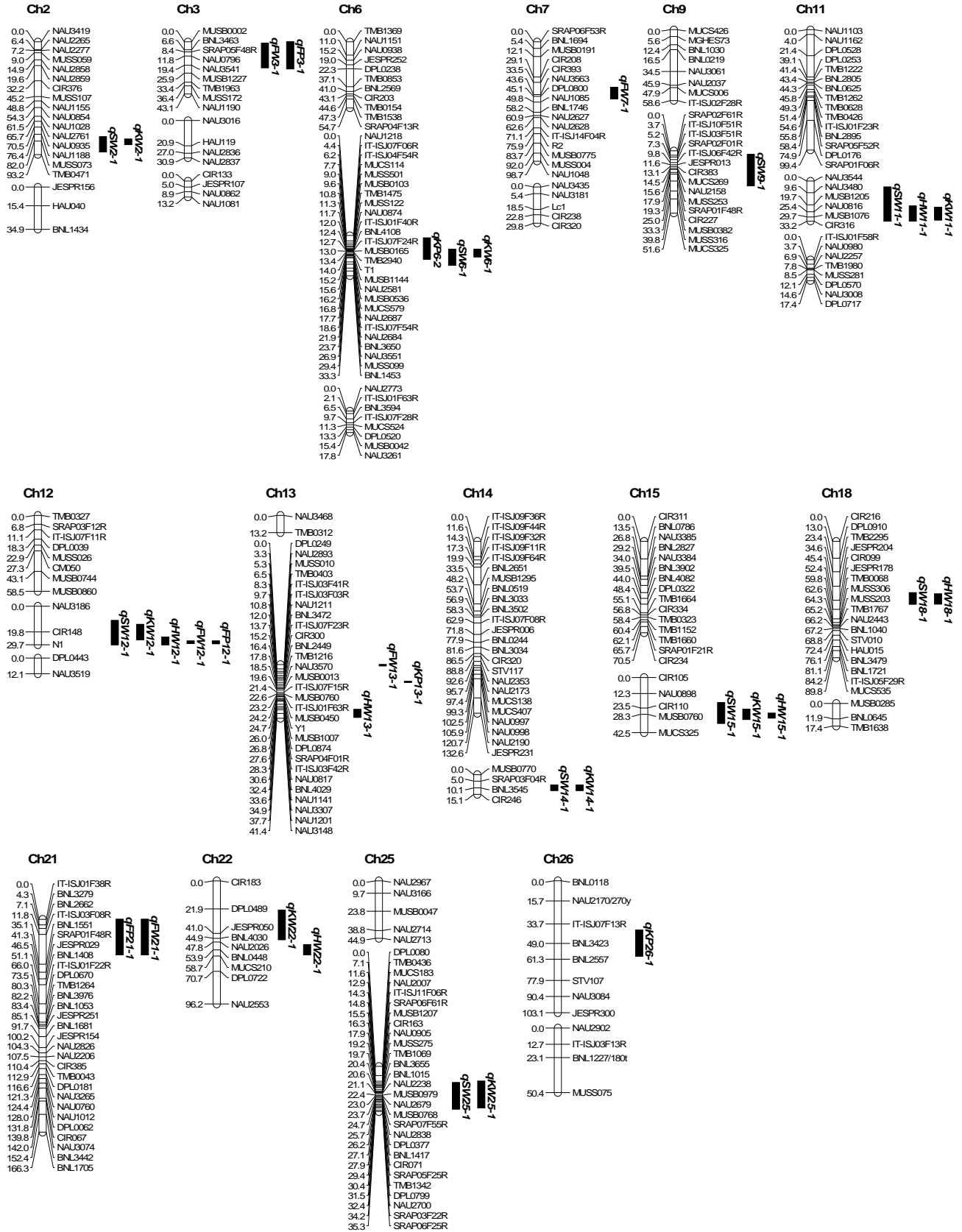


图 1 陆地棉(T586×渝棉 1 号) F<sub>2:7</sub>重组近交系群体检测的种子物理性状QTL

Fig. 1 Seed physical trait QTLs detected from upland cotton recombinant inbred line population (T586×Yumian 1) F<sub>2:7</sub>

*qSW*: 种子重; *qFW*: 短绒重; *qFP*: 短绒率; *qKW*: 种仁重; *qHW*: 种子壳重; *qKP*: 种仁率。

*qSW*: seed weight; *qFW*: fuzz weight; *qFP*: fuzz percentage; *qKW*: kernel weight; *qHW*: seed hull weight; *qKP*: kernel percentage.

### 3 讨论

就所研究的6个种子物理性状而言,各检测到3~9个QTL,其中种子重QTL有9个,而短绒率和种仁率QTL只有3个。这一结果说明控制不同种子物理性状的基因数量存在差异,或者两亲本在不同性状上所具有的等位基因存在差异。所检测到的9个种子重量QTL中的4个所在染色体,在其他研究群体中也发现有影响种子重量的QTL,如He等<sup>[19]</sup>利用海陆种间杂交群体在第6、11和25染色体检测到子指QTL,Shen等<sup>[18]</sup>利用陆地棉重组近交系群体在第25染色体检测到子指QTL,Qin等<sup>[21]</sup>利用陆地棉复合杂交群体在第14染色体检测到子指QTL。这些在不同群体检测到的QTL可能为棉花种子性状的共同QTL。

大量研究表明棉花产量、纤维品质性状QTL存在成簇分布的特点<sup>[11,13-21]</sup>。在本研究所定位有QTL的染色体中,有12个染色体区段分布有2个或2个以上的QTL,而且同一染色体区域同一亲本所具有的不同性状QTL的方向大多数与性状表型相关系数的正负一致,即正相关性状QTL方向相同,负相性状QTL方向相反。如表现正相关的种仁重和种子重在7个区段( $qKW2-1=qSW2-1$ ,  $qKW6-1=qSW6-1$ ,  $qKW11-1=qSW11-1$ ,  $qKW12-1=qSW12-1$ ,  $qKW14-1=qSW14-1$ ,  $qKW15-1=qSW15-1$ ,  $qKW25-1=qSW25-1$ )的QTL方向相同。这一结果充分解释了种子性状间的表型相关性,同时表明棉花种子性状QTL同样存在成簇分布的特点。多个性状QTL分布于同一染色体区域可能为一因多效或基因紧密连锁引起,如本研究在第6染色体T<sub>1</sub>位点检测到种子重、种仁率和种子壳重QTL,Wan等<sup>[23]</sup>和Zhang等<sup>[11]</sup>在第6染色体T<sub>1</sub>位点检测到衣分、纤维品质等性状QTL;本研究在第12染色体N<sub>1</sub>位点检测到种子重和种仁重QTL,Zhang等<sup>[11]</sup>在该位点检测到纤维品质性状QTL。这些QTL究竟为紧密连锁或一因多效,有待进一步研究。

同一基因型在不同环境的表现差异反应了复杂性状基因型与环境互作的存在<sup>[15-16]</sup>。本研究所涉及的6个种子物理性状的环境方差均达到极显著差异,表明种子性状的表现与其他数量性状一样,同样受环境影响。本研究除第12染色体显性光子N<sub>1</sub>位点的2个主效应QTL在3个环境均被检测出外,还有7个解释5%~10%性状变异的QTL在2~3个环境中被检测出。这一结果表明除了大效应QTL表现环境稳定外,还有部分微效应QTL同样表现环境稳定。这些不与显性基因连锁环境稳定的微效应QTL可能在分子标记辅助育种更具有应用价值。

### 4 结论

利用陆地棉(渝棉1号×T586)F<sub>2:7</sub>重组近交系群体构建的遗传连锁图谱,在3个环境共检测到34个种子物理性状QTL,包括9个种子重( $qSW$ )、5个短绒重( $qFW$ )、3个短绒率( $qFP$ )、8个种仁重( $qKW$ )、6个种子壳重( $qHW$ )和3个种仁率( $qKP$ )QTL。有12个染色体区段分布有2个或2个以上的QTL,而且同一染色体区域同一亲本所具有的不同性状QTL的方向大多数与性状表型相关系数的正负一致。

### References

- [1] Lusas E W, Jividen G M. Glandless cottonseed: A review of the first 25 years of processing and utilization research. *J Am Oil Chem Soc*, 1987, 64: 839-854
- [2] Alford B B, Liepa G U, Vanbeber A D. Cottonseed protein: What does the future hold? *Plant Foods Hum Nutr*, 1996, 49: 1-11
- [3] Chen Z J, Scheffler B E, Dennis E, Triplett B A, Zhang T Z, Guo W Z, Chen X Y, Stelly D M, Rabinowicz P D, Town C D, Arioli T, Brubaker C, Cantrell R G, Lacape J M, Ulloa M, Chee P, Gingle A R, Haigler C H, Percy R, Saha S, Wilkins T, Wright R J, Deynze A V, Zhu Y X, Yu S X, Abdurakhmonov I, Katageri I, Kumar PA, Rahman M, Zafar Y, Yu J Z, Kohel R J, Wendel J F, Paterson A H. Toward sequencing cotton (*Gossypium*) genomes. *Plant Physiol*, 2007, 145: 1303-1310
- [4] Benedict C R. Physiology. In: Kohel J J, Lewis C F eds. Cotton. Madison, WI: American Society of Agronomy, 1984. pp 151-200
- [5] Balls W L. Studies in Egyptian Cotton, in yearbook khedive. Cairo, Egypt: Agriculture Society for 1906. 1906. pp 29-89
- [6] Tanksley S D, Hewitt J. Use of molecular markers in breeding for soluble solids content in tomato: A re-examination. *Theor Appl Genet*, 1988, 75: 811-823
- [7] 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
- [8] Rong J K, Abbey C, Bowers J E, Brubaker C L, Chang C, Chee P W, Delmonte T A, Ding X L, Garza J J, Marler B S, Park C H, 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 P, Zhu L H, 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

- [9] 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
- [10] Lacape J M, Jacobs J, Arioli T, Derijcker R, Forestier-Chiron N, Llewellyn D, Jean J, Thomas E, Viot C. A new interspecific, *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*, RIL population: Towards a unified consensus linkage map of tetraploid cotton. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 281–292
- [11] Zhang Z S, Hu M C, Zhang J, Liu D J, Zhang K, Wang W, Wan Q. Construction of a comprehensive PCR-based marker linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in (*Gossypium hirsutum* L.). *Mol Breed*, 2009, 24: 49–61
- [12] Jiang C X, Wright R J, El-Zik K M Paterson A H. Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (Cotton). *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, 95: 4419–4424
- [13] Shappley Z W, Jenkins J N, Zhu J, Jack C, McCarty J C. Quantitative trait loci associated with agronomic and fiber traits of upland cotton. *Cotton Sci*, 1998, 2: 153–163
- [14] Ulloa M, Meredith R J. Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population. *J Cotton Sci*, 2000, 4: 161–170
- [15] Saranga Y, Menz M, Jiang C X, Wright R J, Yakir D, Paterson A H. Genetic mapping implicates osmotic potential as a major component of crop adaptation to arid conditions. *Genome Res*, 2002, 11: 1988–1995
- [16] Paterson A H, Saranga Y, Menz M, Jiang C X, Wright R J. QTL analysis of genotype × environmental interactions affecting cotton fiber quality. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 384–396
- [17] Zhang Z S, Xiao Y H, Luo M, Li X B, Luo X Y, Hou L, Li D M, Pei Y. Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fiber-related traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*, 2005, 144: 91–99
- [18] Shen X L, Guo W Z, Lu Q X, Zhu X F, Yuan Y L, Zhang T Z. Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by RIL approach in Upland cotton. *Euphytica*, 2007, 155: 371–380
- [19] 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*, 2007, 153: 181–197
- [20] Chen L(陈利), Zhang Z-S(张正圣), Hu M-C(胡美纯), Wang W(王威), Zhang J(张建), Liu D-J(刘大军), Zheng J(郑靓), Zheng F-M(郑风敏), Ma J(马靖). Genetic linkage map construction and QTL mapping for yield and fiber quality in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(7): 1199–1205 (in Chinese with English abstract)
- [21] Qin H D, Guo W Z, Zhang Y M, Zhang T Z. QTL mapping of yield and fiber traits based on a four-way cross population in *Gossypium hirsutum* L. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 883–894
- [22] Song X L, Zhang T Z. Identification of quantitative trait loci controlling seed physical and nutrient traits in cotton. *Seed Sci Res*, 2007, 17: 243–251
- [23] Wan Q, Zhang Z S, Hu M C, Chen L, Liu D J, Chen X, Wang W, Zheng J. T<sub>1</sub> locus in cotton is the candidate gene affecting lint percentage, fiber quality and spiny bollworm (*Earias* spp.) resistance. *Euphytica*, 2007, 158: 241–247
- [24] Zhang Z-S(张正圣), Zhang F-X(张凤鑫). Improvement of lint yield and fiber quality in upland cotton. *Southwest China J Agric Sci* (西南农业学报), 1998, 11(suppl): 230–234 (in Chinese with English abstract)
- [25] Culp T W, Harrell D C. Breeding quality cotton at the Pee Dee Experiment Station, 1974. Florence, SC, USDA Publ, ARS-S-30
- [26] Ndungo V, Demol J, Maréchal R. L'amélioration du cotonnier *Gossypium hirsutum* L. par hybridation interspécifique. *Bull Rech Agron Gembloux*, 1988, 23: 27–49
- [27] Kohel R J, Lewis C F, Richmond T R. Linkage tests in upland cotton. *Gossypium birsutum* L. *Crop Sci*, 1965, 5: 582–585
- [28] Endrizzi J E, Turcotte E L, Kohel R J. Qualitative genetics, cytology, and cytogenetics. In: Kohel R J, Lewis C F, eds. Cotton, Am Soc Agron, 1984. pp 81–109
- [29] Tang Q-Y(唐启义), Feng M-G(冯明光). Data Processing System (DPS 数据处理系统). Beijing: Science Press, 2005 (in Chinese)
- [30] Van Ooijen J W. MapQTL 5.0, Software for the Mapping of Quantitative Trait Loci in Experimental Populations. Wageningen, the Netherlands: Plant Research International, 2004
- [31] Voorrips R E. MapChart 2.2: Software for the Graphical Presentation of Linkage Maps and QTLs. Wageningen, the Netherlands: Plant Research International, 2006