

## 利用棉花纤维品质相关 QTL 评价海陆渐渗品种品质初探

张建宏, 郭宝生\*, 赵贵元, 耿军义, 崔瑞敏, 王兆晓, 刘存敬, 刘素恩, 张香云\*\*

(农业部黄淮海半干旱区棉花生物学与遗传育种重点实验室/国家棉花改良中心河北分中心/河北省农林科学院棉花研究所, 河北石家庄, 050051)

**摘要:** 选用第 7、13、25 号染色体上纤维品质相关 QTL(Quantitative trait locus)密集分布区间的 48 对 SSR(Simple sequence repeat)引物, 对 48 份棉花种质进行多态性检测, 研究结果显示在实验材料中 3 对 SSR 引物具有陆海差异多态性, 相关分析表明 3 个优质基因 SSR 位点与纤维长度和纤维强度达到极显著相关。通过与海岛棉带型比对、追踪, 从分子水平上明确了这些品种中来源于海岛棉渐渗于陆地棉的优异基因区段, 为下一步分子标记辅助聚合育种提供了理论参考。

**关键词:** 棉花; 纤维品质 QTL; 海陆渐渗品种

**中图分类号:** S562.035 **中文标志码:** A

**文章编号:** 1002-7807(2013)0247-06

## Preliminary Evaluation of Introgressed Varieties of *Gossypium hirsutum* and *G. barbadense* based on QTLs for Cotton Fiber Quality

ZHANG Jian-hong, GUO Bao-sheng\*, ZHAO Gui-yuan, GENG Jun-yi, CUI Rui-min, WANG Zhao-xiao, LIU Cun-jing, LIU Su-en, ZHANG Xiang-yun\*\*

(Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Cotton in Huanghuaihai Semiarid Area / National Cotton Improvement Center Hebei Branch, Ministry of Agriculture, P. R. China / Cotton Research Institute, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050051, China)

**Abstract:** We analyzed genetic diversity of 48 cotton varieties using 48 SSR (Simple sequence repeat) primer pairs for fiber quality QTLs(Quantitative trait loci) broadly distributed across chromosomes 7, 13, and 25. Of the 48 primer pairs, 3 yielded polymorphic bands. Correlation analysis indicated that the corresponding loci were significantly associated with fiber length and strength. Comparison with characteristic bands of *Gossypium barbadense* (Sea island cotton) indicated that some useful cotton quality alleles were derived from that species. These results may serve as a resource for molecular marker-assisted selection pyramiding of favorable traits in future breeding programs.

**Key words:** cotton; fiber quality QTL; introgression germplasm

棉花作为主要的纤维作物在世界经济中占有重要的地位, 其中, 陆地棉产量占世界棉花总产量的 90% 以上。在陆地棉高产的基础上对其进行纤维品质改良成为当前棉花育种的重要研究方向。由于棉花产量与纤维品质性状之间负相关的存在<sup>[1]</sup>, 以表型选择为主要手段的传统育种方法很难同时提高产量并改良纤维品质, 分子标记的发展为提高棉花遗传育种的效率提供了新的途径。

目前国内外许多学者对棉花纤维品质性状进行了 QTL (Quantitative trait locus) 定位研究。Kohel 等<sup>[2]</sup>利用 TK-1 和 3-79 的陆海杂交群体, 定位了 13 个与纤维品质有关的 QTLs; Paterson 等<sup>[3]</sup>利用 1 个陆海种间 F<sub>2:3</sub> 群体开展多环境试验, 共获得 68 个与纤维品质性状相关的 QTLs; Zhang 等<sup>[4]</sup>利用高强纤维渐渗系 7235 鉴定了 1 个控制纤维强度的主效 QTL, 可解释 30% 的表型变异,

**收稿日期:** 2013-03-07 **作者简介:** 张建宏 (1981-) 男, 助理研究员, [zhangjh@live.cn](mailto:zhangjh@live.cn); \* 并列第一作者, [guobaosheng111@126.com](mailto:guobaosheng111@126.com); \*\* 通讯作者, [jimianzhang@qq.com](mailto:jimianzhang@qq.com)

**基金项目:** 国家转基因专项 (2011ZX08005-001-004 和 2011ZX08005-005); 国家 863 计划课题子课题(2012AA101108-02-02); 河北省农林科学院青年基金(A2012070103); 河北省自然科学基金(C2013301067)

并且在多种环境中能够稳定存在;Shen 等<sup>[6]</sup>利用 3 个陆地棉高强纤维种质系构建种内连锁图,共筛选到 38 个与纤维品质有关的 QTLs,15 个稳定的 QTLs 能同时在  $F_2$  和  $F_{2:3}$  中检测到。杨鑫雷等<sup>[9]</sup>利用中棉所 8 号和 Pima 90-53 的  $F_2$  分离群体,检测到 25 个与纤维品质性状有关的 QTLs。张建宏<sup>[7]</sup>利用陆陆杂交  $F_2$  群体,检测到两个世代遗传稳定的 5 个与纤维品质性状相关的 QTLs。Sun 和 Zhang 等<sup>[8]</sup>利用  $F_2$  和  $F_{2:3}$  及 RIL(Recombinant inbred lines)( $F_{6:8}$ ) 群体在不同环境下检测到与纤维品质性状有关的 50 个 QTLs,其中 9 个 QTLs 在 3 个世代均能检测到,2 个在 Chr 7 和 Chr 25 上与纤维强度有关的 QTLs 在 3 个世代和 4 个环境中稳定遗传。随着分子标记技术的发展和育种工作者的努力,已有大量棉花纤维品质相关 QTLs 被定位在分子标记连锁图谱上,这为标记辅助选择和 QTL 聚合育种提供了条件。

本研究将利用已定位到的并能在两个环境(或世代)中稳定存在的棉花优质基因的 QTL<sup>[7-8]</sup>及附近标记<sup>[9]</sup>,对现有棉花育成品种和骨干亲本进行 QTL 鉴定筛选和遗传背景分析,为有目的地转育聚合优质基因、尽快选育纤维品质更加优良的棉花新品种奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

河北省农林科学院棉花研究所近年来选育的抗虫棉品种(杂交种)及其骨干亲本 45 份,海岛棉 3 份(海 1、海 7124 和吉扎 1 号)。

### 1.2 DNA 提取和 SSR 标记检测

用 CTAB 法<sup>[10]</sup>并稍加改动,进行实验材料叶片 DNA 的提取,选用第 7、13、25 号染色体上纤维品质相关性状 QTL 密集分布区间的 48 对 SSR 引物(SSR 引物及遗传连锁图谱等相关信息由中国农业科学院棉花研究所分子育种课题组提供),对实验材料进行多态性检测。SSR 反应体系为 10  $\mu$ L,其中含 dNTP  $5 \times 10^{-9}$  mol·L<sup>-1</sup>,含正反向引物各  $4 \times 10^{-12}$  mol·L<sup>-1</sup>,含模板 DNA 20 ng,含 TaqDNA 聚合酶 0.5 U。PCR 反应程序为:95  $^{\circ}$ C 预变性 45 s;94  $^{\circ}$ C 变性 30 s,55  $^{\circ}$ C 退火 45 s,72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min,30 个循环,72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min。PCR 扩增

产物用 PAGE 银染快速检测的方法进行标记检测<sup>[11]</sup>。带型按照有带记作“1”,无带记作“0”记录。

### 1.3 SSR 标记与纤维品质性状的相关性分析

利用统计分析软件 SPSS19.0 的分析 $\rightarrow$ 相关 $\rightarrow$ 双变量对筛选出的标记带型与相对应材料的纤维长度、纤维强度和马克隆值进行相关分析和显著性检验。

## 2 结果与分析

### 2.1 纤维品质 QTL 相关 SSR 标记在实验材料中的表现

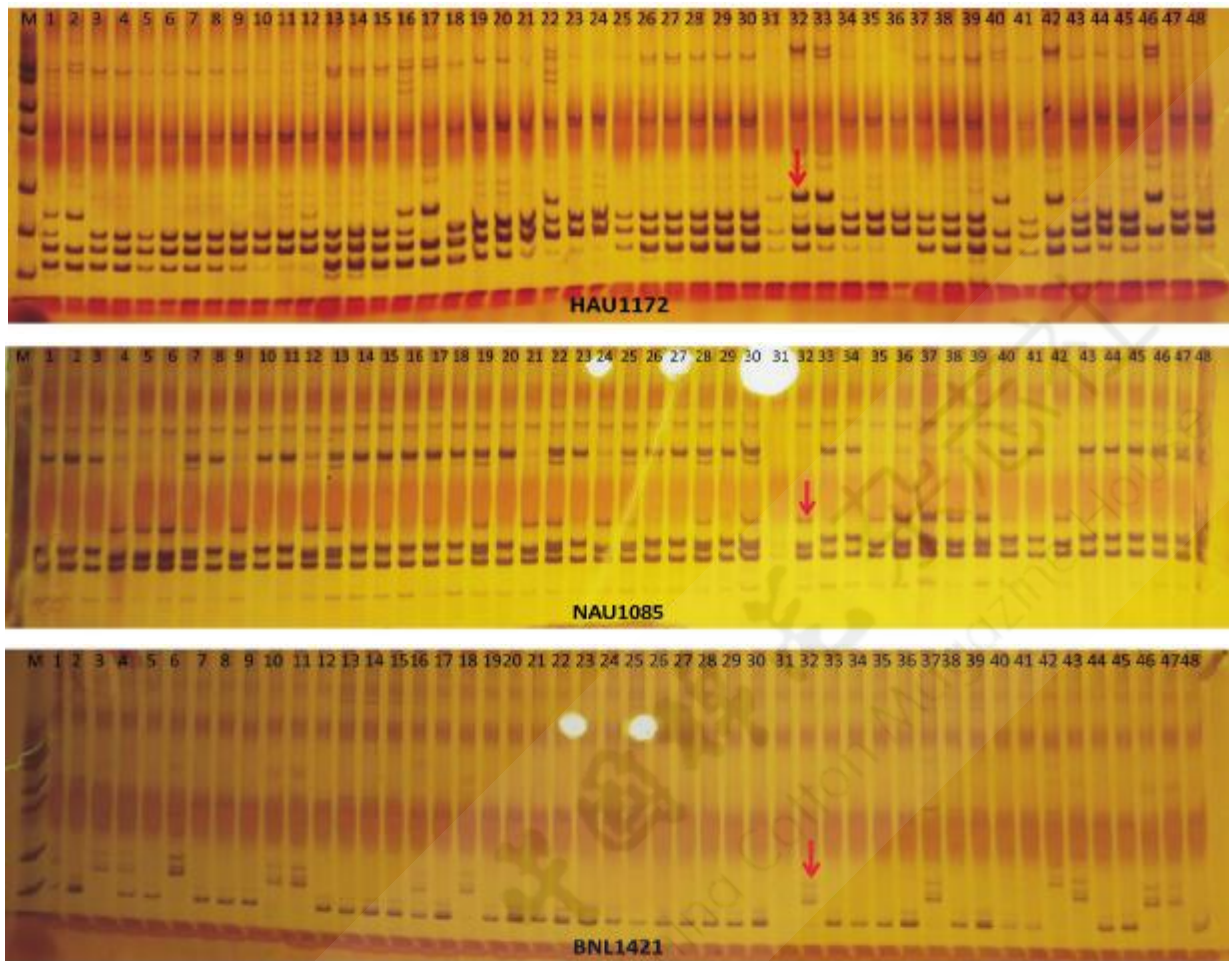
利用选取的 48 对 SSR 引物对 48 份棉花种质进行 PCR 扩增,筛选到 3 对 SSR 引物在实验材料中具有多态性,与 3 份海岛棉(海 1、海 7124 和吉扎 1 号)带型一致的记为 A(代表海岛棉),与冀棉 10 号带型一致的记为 B(代表陆地棉),海陆杂合带型记为 H。48 份实验材料中,HAU1172 扩增出来具有 A 带型的材料 8 个,冀优杂 69、冀杂 999 和冀杂 1 号 3 个杂交种具有 H 带型;NAU1085 扩增出具有 A 带型材料 16 个,冀 H239、冀杂 999、冀杂 2 号等 6 个杂交种(组合)具有 H 带型;BNL1421 扩增出具有 A 带型材料 12 个,冀优杂 69、冀杂 1 号等 3 个杂交种(组合)具有 H 带型。这表明这些品种的遗传背景均包含有来自海岛棉的血统。所有材料扩增结果如图 1、表 1 所示。

### 2.2 纤维品质 QTL 相关 SSR 标记与纤维品质主要性状相关性分析

利用统计分析软件 SPSS 19.0 进行优质 QTL 相关 SSR 标记与纤维品质主要性状的相关性分析,相关分析结果见表 2。从表中可知,利用这 3 个优质基因 QTL 位点对实验材料进行评价是有效的。

### 2.3 包含不同纤维品质相关性状 QTL 位点的材料表现

实验材料中用 3 对引物均能扩增出海岛棉特异带的材料纤维品质相关性状表现最优,只有 2 对扩增出海岛棉特异带的材料纤维品质相关性状表现次优,只有 1 对扩增出海岛棉特异带的材料纤维品质相关性状表现较优,没有扩增出海岛棉特异带的材料纤维品质相关性状表现一般。由



箭头所示为海岛棉具有的带型;材料顺序与表 1 序号一致。

Arrow means sea island cotton character belt; Material order were consistent with Table 1.

图 1 不同来源种质 SSR 引物扩增结果

Fig. 1 Amplification results of 48 different sources germplasm using SSR

由此可见,3 个标记位点包含优质基因 QTL 位点越多,纤维品质表现越好(见表 3)。

### 3 讨论

利用远缘杂交手段创新种质,对陆地棉纤维品质进行了改良,近年来选育的品种纤维品质大幅提高。一些纤维品质相关 QTLs 也相继报道,但是直接利用纤维品质相关性状 QTL 对选育品种的评价未见报道。本研究选取已报道的与纤维品质相关并稳定遗传的 QTL 位点区间内的 SSR 标记,对所选用的棉花品种和骨干亲本进行筛选,发现具有远缘血统的品种如冀杂 1 号、冀 228、冀棉 958、冀优 768、冀 122、冀 2000、冀优杂 69、冀 H239 等<sup>[12-16]</sup>在第 7 号染色体的 NAU1085 和 HAU1172 区段和第 13 号染色体的 BNL1421 位

点存在与海岛棉带型一致的标记位点,但是不同品种间 3 个纤维品质标记并不是同时存在。通过对包含不同标记位点组合材料纤维品质统计分析,纤维品质相关性状位点聚合越多,品质性状表现越好。相关分析也表明 3 个纤维品质相关性状 SSR 位点与纤维长度和纤维强度达到极显著相关。通过纤维品质相关 QTL 的 SSR 分子标记追踪,从分子水平上明确了这些品种中来源于海岛棉渐渗到陆地棉的优异基因区段,为下一步分子标记辅助聚合育种提供了理论参考。

目前国内外学者开展了大量的棉花相关性状 QTL 定位的研究,并有大量的 QTLs 被定位在分子标记连锁群上,但筛选到的大部分 QTLs 标记只限于特定遗传群体后代的选择,在不同遗传背景下能够稳定遗传并用于分子标记辅助选择

表 1 实验材料系谱、扩增带型及纤维品质表现

Table 1 Pedigree origin, fiber quality indicators and amplification results of tested varieties

序号 Number	品种名称 Varieties	系谱来源 Variety origin	HAU NAU BNL			纤维长度	纤维强度	马克隆值
			1172	1085	1421	Fiber length/mm	Fiber strength /(cN·tex <sup>-1</sup> )	Micron- aire
1	冀优杂 69 Jiyouza 69	冀优 326×冀 947 F <sub>1</sub> Jiyou326×Ji947F <sub>1</sub>	H	B	H	31.4	31.2	4.9
2	冀优 326 Jiyou326	(海陆 1-6×GK12)选系 Hailu1-6×GK12 selection	A	B	B	32.4	30.9	4.5
3	冀 947 Jiyou947	(海陆野 96-3×140)选系 Hailuye96-3×149 selection	B	B	A	30.1	31.6	4.8
4	杂交组合 1 Hybridized combination 1	冀常 2-3×冀 571 F <sub>1</sub> Jichang2-3×Ji57	B	A	H	33.2	32.5	5.0
5	冀常 2-3 Jichang2-3	(中棉 12×711)× [(冀邯 5 号×(岱字 45×紫花棉))×(4086×石瑟)]×(182×中 陆 85-2-1)×GK12 (CCRI 12×711)× [(Jihan 5×(Daizi 45×Zihuamian))×(4086×Shise)]×(182× Zhonglu 85-2-1)×GK12]	B	A	B	31.4	30.5	5.5
6	冀 571 Ji571	{[(黑山 1 号×武安中棉)×吉扎 12]×瑟 伯氏棉}×402 系 F <sub>8</sub> 抗病单株后代系选 {[(Heishan 1×Wuanzhongmian)× Jizha 12]×G. thurberi}×402 F <sub>8</sub>	B	A	A	32.5	32.3	4.5
7	冀 H239 JiH239	120×119 F <sub>1</sub>	B	H	B	30.6	29.3	4.7
8	冀 119 Ji119	(冀棉 18 号×海陆野 96-5)选系 Jimian 18×Hailuye 96-5	B	B	B	27.6	26.0	5.2
9	冀 120 Ji120	[(海陆野×海陆野)×冀棉 10 号]×GK12 [(Hailuye×Hailuye)×Jimian 10]×GK12	B	A	B	31.5	30.7	4.2
10	杂交组合 2 Hybridized combination 2	冀 76×1498 F <sub>1</sub> Ji 76×1498 F <sub>1</sub>	B	B	A	30.9	30.4	5.4
11	冀 76 Ji76	(海陆 1-1×冀棉 10)选系 Hailu1-1×Jimian 10 selection	B	B	A	31.3	30.2	5.7
12	冀 1498 Ji1498	93 辐 56×陆地棉天然杂交种×7124 93fu56×Upland cotton natural hybrid×7124	B	A	B	32.8	33.7	4.2
13	杂交组合 3 Hybridized combination 3	冀 1641×冀 647 F <sub>1</sub> Ji 1641×Ji647 F <sub>1</sub>	B	H	B	29.4	29.8	4.4
14	冀 1641 Ji1641	冀 76×(石远 345×GK1) Ji76×(Shiyuan 345×GK1)	B	B	B	28.2	30.2	4.8
15	冀 647 Ji647	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	26.8	28.3	5.2
16	冀杂 1 号 Jiza1	抗 8×95-538 F <sub>1</sub> Kang 8×95-538 F <sub>1</sub>	H	B	H	30.7	31.3	4.7
17	95-538	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	A	B	B	29.8	31.1	5.3
18	抗 8 Kang8	(海陆野 93-8×冀棉 25)×GK12 (Hailuye 93-8×Jimian 25)×GK12	B	B	A	30.2	31.8	4.2
19	杂交组合 4 Hybridized combination 4	W112-6×长 98 F <sub>1</sub> W112-6×Chang 98 F <sub>1</sub>	B	H	B	31.8	31.2	4.7
20	长 98 Chang98	GK12×冀棉 25 GK12×Jimian25	B	B	B	28.2	30.2	4.8
21	W112-6	(海陆野 93-8×冀棉 25)×冀棉 20 后代选系 (Hailuye93-8×Jimian 25)×Jimian 20 selection	B	A	B	32.5	31.4	4.5
22	冀杂 999 Jiza999	冀优 768×Z56-1 F <sub>1</sub> Jiyou768×Z56-1 F <sub>1</sub>	H	H	B	30.2	28.7	5.0
23	Z56-1	冀棉 13×海陆野杂交高代选系 Ji13×Hailuye selection	B	B	B	28.1	28.2	5.3
24	冀优 768 Jiyou768	(海陆 1-6×GK12)选系冀优 326× (海陆野 96-5×石选 14)选系 222 (Hailu1-6×GK12)selection Jiyou 326× (Hailuye96-5×Shixuan 14) selection 222	B	A	B	29.7	28.7	5.0

续表 1 Continued table 1

序号 Number	品种名称 Varieties	系谱来源 Variety origin	HAU 1172	NAU 1085	BNL 1421	纤维长度 Fiber length/mm	纤维强度 Fiber strength /(cN·tex <sup>-1</sup> )	马克隆值 Micron- aire
25	杂交组合 5 Hybridized combination 5	Z311-2×冀 1096 F <sub>1</sub> Z311-2×Ji 1096 F <sub>1</sub>	B	H	B	30.6	29.9	5.0
26	Z311-2	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	29.2	28.0	5.5
27	冀 1096 Ji1096	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	30.1	29.3	4.6
28	冀杂 2 号 Jiza2	258-1×120 F <sub>1</sub>	B	H	B	31.0	31.5	4.8
29	258-1	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	28.0	28.2	5.2
30	冀 120 Ji120	[(海陆野×海陆野)×冀棉 10 号] ×GK12 [(Hailuye×Hailuye)×Jimian10] ×GK12	B	A	B	33.2	34.4	4.5
31	海 1 Hai1	海岛棉 <i>G. barbadense</i>	A	A	A	36.4	42.0	4.4
32	海 7124 Hai7124	海岛棉 <i>G. barbadense</i>	A	A	A	33.1	38.3	4.0
33	冀 2000 Ji2000	中 16×(海陆野 96-3×GK1) Zhong16×(Hailuye96-3×GK1)	A	B	B	31.7	30.8	4.3
34	中 394 Zhong394	H109×中 662 H109×Zhong662	B	B	B	29.5	27.9	4.4
35	冀优 768 Jiyou768	(海陆 1-6×GK12)选系冀优 326× (海陆野 96-5×石选 14)选系 222 (Halu1-6×GK12) selection Jiyou 326× (Hailuye 96-5×Shixuan14) selection 222	B	A	B	29.7	28.7	5.0
36	TM-1	陆地棉遗传标准系 Upland cotton genetic standard system	B	A	B	29.3	29.7	4.3
37	海陆野 93-8 Hailuye93-8	{[(黑山 1 号×武安中棉)×吉扎 12]}× 瑟伯氏棉}×中 381 {[(Haishan 1×Wuanzhongmian)× Jiza 12]}× <i>G. thurberi</i> }×Zhong381	B	A	A	32.4	32.3	4.9
38	中棉所 45 CCRRI45	晋 95-1 导入 Bt+CpTI 双价抗虫基因 Bt+CpTI insecticidal double gene into Jin 95-1	B	A	B	30.1	30.8	5.0
39	冀 1516 Ji1516	(冀棉 25 号×GK12)×(海陆野 93-8× 冀棉 10 号)选系 (Jimian 25×GK12)×(Hailuye 93-8× Jimian 10)selection	B	A	B	29.4	28.5	5.0
40	冀 122 Ji122	{[海陆 1-6 选系×(中 14×中 375)]× 中 268}×GK12 {[Hailu1-6×(Zhong14×Zhong 375)]× Zhong 268}×GK12	A	B	B	30.1	30.1	4.5
41	冀棉 10 号 Jimian10	(冀邯 5 号×冀棉 1 号)选系 (Jihan 5×Jimian1)selection	B	B	B	28.9	29.8	5.4
42	吉扎 1 号 Jiza1	海岛棉 <i>G. barbadense</i>	A	A	A	33.4	33.5	4.1
43	冀棉 958 Jimian958	[冀棉 10×(海陆野 96-5×GK12) 选系 538]F <sub>1</sub> ×冀棉 22 [Jimian10×(Hailuye 96-5×GK12) selection 538]F <sub>1</sub> ×Jimian 22	B	B	A	30.0	32.0	4.6
44	冀 1688 Ji1688	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	29.9	30.8	4.5
45	冀 2115 Ji2115	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	28.7	29.6	3.4
46	冀 228 Ji228	[(海陆野 93-8×冀棉 25)×冀棉 20]× (海陆野 96-3×GK12) [(Hailuye 93-8×Jimian 25)×Jimian 20]× (Hailuye 96-3×GK12)	A	B	A	31.8	32.0	4.6
47	冀 T116 JiT116	海岛棉回交后代 <i>G. barbadense</i>	B	B	A	30.1	31.1	4.6
48	冀 1096 Ji1096	源自陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	B	B	B	29.1	28.4	5.4

的 QTL 还比较少。本研究采用第 7、13、25 号染色体上纤维品质相关性状 QTL 密集分布区间的

48 对 SSR 引物对不同遗传背景的品种(组合)进行扩增筛选,仅有 3 对 SSR 引物在实验材料中存

表 2 SSR 标记与纤维品质主要性状相关性分析  
Table 2 Correlations between SSR markers and cotton fiber quality

优质标记 SSR marker	纤维长度 Fiber length	纤维强度 Fiber strength	马克隆值 Micronaire value
HAU1172	0.455**	0.451**	-0.277
NAU1085	0.507**	0.342*	-0.072
BNL1421	0.476**	0.535**	-0.009

注:\*表示处理在 0.05 水平(双侧)上显著相关;\*\*表示处理在 0.01 水平(双侧)上显著相关。

Note: \*means significant correlation at level 0.05; \*\*means significant correlation at level 0.01.

表 3 不同位点纤维品质相关性状 QTL 聚合表现  
Table 3 Fiber quality performance of different QTL pyramiding

带型组合 Banding pattern	纤维长度 Fiber length /mm	纤维强度 Fiber strength /(cN·tex <sup>-1</sup> )	马克隆值 Micronaire value
+++	34.3	37.9	4.2
--+&+--+&+++	32.1	32.0	4.7
+--&-+-&---	30.7	30.7	4.7
---	28.6	28.8	4.7

在遗传多样性,表明现有 QTL 在品种选育和评价中利用难度较大。本研究仅是对棉花相关性状 QTL 在品种评价中的初步应用,QTL 位点和实验材料较少,有待于增加稳定 QTL 位点和材料的数量。

此外,本研究中筛选到的 SSR 标记也可以应用于杂交种鉴定和种质纯度鉴定。

#### 致谢:

感谢中国农业科学院棉花研究所袁有禄研究员及其分子育种课题组在实验设计和引物筛选给予的帮助!

#### 参考文献:

- [1] CULP T W, Harrell D C, Kerr T, et al. Some genetic implications in the transfer of high fiber strength genes to upland cotton [J]. *Crop Science*, 1979, 19(4): 481-484.
- [2] KOHEL R J, Yu J, Park Y H, et al. Molecular mapping and characterization of traits controlling fiber quality in cotton [J]. *Euphytica*, 2001, 121(2): 163-172.
- [3] PATERSON A H, Saranga Y, Menz M, et al. QTL analysis of genotype×Environment interaction affecting cotton fiber quality [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(3): 384-396.
- [4] ZHANG Tian-zhen, Yuan You-lu, Yu J, 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.
- [5] SHEN Xin-lian, Guo Wang-zhen, Zhu Xie-fei, et al. Molecular mapping of QTLs for fiber qualities in three diverse lines in upland cotton using SSR markers [J]. *Molecular breeding*, 2005, 15(2): 169-181.
- [6] 杨鑫雷, 王志伟, 张桂寅, 等. 棉花分子遗传图谱构建和纤维品质性状 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2009, 35(12): 2159-2166.  
YANG Xin-lei, Wang Zhi-wei, Zhang Gui-yin, et al. Construction of molecular genetic map and QTL analysis of fiber quality in cotton [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(12): 2159-2166.
- [7] 张建宏. 陆地棉优异纤维品质相关性状的分子标记及定位 [D]. 保定: 河北农业大学, 2007.  
ZHANG Jian-hong. Molecular marker and mapping of fiber quality and yield-related traits in *Gossypium hirsutum* [D]. Baoding: Agricultural University of Hebei, 2007.
- [8] 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 Breed*, 2012, 30(1): 569-582.
- [9] GUO Wang-zhen, Cai Cai-ping, Wang Chang-biao, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in *Gossypium* [J]. *Genetics*, 2008, 178(2): 1117-1122.
- [10] PATERSON A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1993, 11(3): 122-127.
- [11] 张 军, 武耀廷, 郭旺珍, 等. 棉花微卫星标记的 PAGE/银染快速检测 [J]. *棉花学报*, 2000, 12(5): 267-269.  
ZHANG Jun, Wu Yao-ting, Guo Wang-zhen, et al. Fast screening of microsatellite markers in cotton with page/silver staining [J]. *Acta Gossypii Sinica*, 2000, 12(5): 267-269.
- [12] 刘素恩, 耿军义, 崔瑞敏, 等. 优质抗虫棉花新品种冀 228 性状综合分析 [J]. *中国农学通报* 2009, 25(23): 220-223.  
LIU Su-en, Geng Jun-yi, Cui Rui-min, et al. Comprehensive

- analysis of traits for high quality and bollworm resistance new cotton variety Ji228[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2009, 25(23): 220-223.
- [13] 耿军义,张香云,崔瑞敏,等. 国审抗病高产转基因抗虫棉冀棉 958 选育研究[J]. *河北农业科学*, 2006, 10(4): 9-13.  
GENG Jun-yi, Zhang Xiang-yun, Cui Rui-min, et al. The development of high-yielding and insect-resistant cotton cultivar Jimian 958 [J]. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2006, 10(4): 9-13.
- [14] 王兆晓,刘素恩,刘存敬,等. 早熟高产抗虫棉冀优 768 的选育[J]. *华北农学报*, 2006, 21(S2): 87-89.  
WANG Zhao-xiao, Liu Su-en, Liu Cun-jing, et al. Breeding of early mature, pest-resistant and high yield cotton Jiyou 768[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2006, 21(S2): 87-89.
- [15] 刘存敬,耿军义,崔瑞敏,等. 高产、抗病、优质、早熟抗虫棉新品种冀 122 的选育[J]. *河北农业科学*, 2006, 10(4): 91-93.  
LIU Cun-jing, Geng Jun-yi, Cui Rui-min, et al. The development of high yielding, disease resistant, high quality and early mature cotton new variety Ji 122[J]. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2006, 10(4): 91-93.
- [16] 崔瑞敏,耿军义,王兆晓,等. 棉花杂交种冀 H239 主要性状特征及栽培技术[J]. *中国农学通报*, 2006, 22(10): 144-146.  
CUI Rui-min, Geng Jun-yi, Wang Zhao-xiao, et al. Main character and cultivate technology of cotton hybrid JiH 239 [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2006, 22(10): 144-146.
- 

中国棉花杂志  
China Cotton Magazine House

