

大铃棉中棉所 48 主要经济性状的 QTL 定位分析

潘兆娥, 贾银华, 孙君灵, 周忠丽, 何守朴, 王立如, 庞保印, 杜雄明

(中国农业科学院棉花研究所/农业部棉花遗传改良重点实验室, 河南安阳 455000)

摘要:利用 4961 对 SSR 引物对中棉所 48 的 2 个亲本进行多态性筛选, 结果筛选到 71 对条带清晰、稳定性好的多态性引物, 利用这些引物对 261 个 F_2 群体进行扩增构建连锁图, 获得了包含有 49 个标记位点的 14 个连锁群, 共覆盖 498.7cM, 约占棉花总基因组 10.0% 的遗传图谱。采用 WinQTL Cartographer 2.5 的复合区间作图法(CIM), 对 F_2 群体的铃重、衣分及纤维品质进行分析, 共检测到 11 个稳定的 QTLs, 其中铃重 2 个、衣分 4 个、纤维整齐度 2 个、纤维细度 2 个、纤维伸长率 1 个。这些稳定表达的 QTLs 能解释较大的表型变异, 可用于纤维品质及产量性状的标记辅助选择, 也可为大铃、优质棉的分子标记辅助选择, 改良、提高大铃基因的选择效率, 提供理论依据。

关键词:大铃棉; 中棉所 48; 分子标记; SSR; QTLs

QTLs Location of Economic Traits for CCRI 48 with Big Bolls

PAN Zhao-e, JIA Yin-hua, SUN Jun-ling, ZHOU Zhong-li, HE Shou-pu,

WANG Li-ru, PANG Bao-yin, DU Xiong-ming

(Key Laboratory of Cotton Genetic Improvement, the Ministry of Agriculture/Cotton Research Institute of Chinese Academy of Agricultural Science, Anyang Henan 455000)

Abstract: 4961 pairs of different sources SSR primers were used to screen polymorphism between two parents. 71 pairs of them with stable amplification and clear bands were used to amplify among the 261 F_2 and resulted into 71 polymorphism loci. Using the Joinmap 3.0 software with LOD of 3.0, 49 loci was grouped into 14 linkage groups and covered 498.7cM, approximately 10.0% of the total recombinational length of the cotton genome. 13 groups had been anchored to the chromosomes. A total of 11 stable QTLs, 2 for boll weight, 4 for lint percentage and 5 for fiber quality including 2 for fiber uniform, 2 for micronaire and 1 for fiber elongation, were detected in F_2 population of CCRI48 by Complex Interval Mapping(CIM) method with the software of Win QTL Cartographer 2.5. These stable QTLs with greater phenotypic variations could be used for maker assisted selection for yield and fiber quality and be used as molecular marker assisted breeding.

Key words: Big boll cotton; CCRI 48; Molecular marker; SSR; QTLs

20 世纪 80 年代以来, 随着分子生物学特别是 DNA 分子标记技术的快速发展, 构建以饱和遗传图谱为基础的数量性状基因座(QTLs) 方面的研究得到快速发展。越来越多的 QTLs 被定位到染色体或连锁群上, 为标记辅助选择及图位克隆奠定基础。利用与目标性状 QTLs 紧密连锁的遗传标记, 对目标性状进行跟踪选择, 可缩小育种群体规模, 减少育种过程中选择的盲目性, 提高效率, 对快速同步改

良作物的产量和品质具有重要意义。关于棉花遗传图谱构建和 QTL 定位研究工作目前已取得了显著成果^[1-6], 但由于亲本不同, 双亲间分子标记的多态差异很大, 可利用的分子标记的数目较少, 该工作尚处初级阶段。本研究进一步利用陆地棉不同组合进行产量及其品质等经济性状的 QTLs 分子标记筛选, 为揭示棉花产量及其品质等性状的遗传规律和分子标记辅助选择奠定基础。中棉所 48 是由中国农业科

收稿日期: 2010-09-16 修回日期: 2011-04-12

基金项目: 国家“863”计划项目(2008AA101104)

作者简介: 潘兆娥, 硕士, 主要从事棉花种质资源与分子生物学研究。E-mail: panzhaoe@163.com

通讯作者: 杜雄明, 研究员, 博士生导师, 主要从事棉花种质资源和生物多样性的研究。E-mail: duxm@caas.com.cn

学院棉花研究所丰产性能较好的 971300 为母本,纤维品质优异的 951188 为父本配制的大铃、优质杂交棉品种,2004 年通过安徽省农作物品种审定委员会审定。因其铃大、结铃性强、单株优势特明显、品质优异、高产等特点,深受农民的喜悦。中棉所 48 在长江流域的成功试种示范和推广应用,开创了我国大铃型杂交棉发展的新局面,在其影响和带动下,近些年,我国推广了一批大铃品种,减少了摘花成本,提高了劳动效率。为此,本研究针对中棉所 48 的大铃、衣分、纤维品质等经济性状进行了分子标记和 QTL 定位分析,对大铃、优质棉的分子标记辅助选择改良,提高大铃基因的选择效率具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为杂交棉品种中棉所 48 (F_1) 及其母本 971300 (P_1)、父本 951188 (P_2)。2005 年 7-8 月复配 971300 × 951188 杂交组合,2005 年 10 月至 2006 年 3 月海南种植获得中棉所 48 (F_1),单株自交产生 F_2 种子,2006 年在河南安阳中国农业科学院棉花研究所实验地种植中棉所 48 (F_1) 及 2 个亲本,随机抽取 261 个 F_2 单株构建作图群体。

1.2 试验方法

1.2.1 农艺性状田间调查和分析方法 分别随机调查 P_1 、 P_2 、 F_1 10 株,随机选取 F_2 群体的 261 个单株,进行农艺性状调查,并提取 F_2 群体单株总 DNA,农艺性状调查参照国家棉花区域试验方法进行,调查和检测了铃重、衣分和纤维品质的纤维长度、纤维强度、纤维整齐度、马克隆值和纤维伸长率 5 项主要指标。

采用 SAS 8.0 软件对中棉所 48、 F_2 群体及 2 亲本的铃重、衣分、纤维品质数据进行统计分析。

1.2.2 SSR 引物的筛选及标记分析 DNA 提取采

用 Paterson 等^[7]的方法,并稍做改进。选用来自 Cotton Microsatellite Database 公共数据库公布的其中 4961 对 SSR 引物对 2 个亲本及其 F_1 进行多态性检测,亲本间有差异的引物再分别对该群体的 261 个 F_2 单株所对应的 DNA 进行扩增检测。SSR 微卫星的 PCR 扩增与 PAGE/银染分析等有关程序参见张军等^[8]的分析方法。

1.2.3 连锁图谱的构建和 QTL 命名方法 利用 JoinMap 3.0 确定分子标记连锁关系,设置 LOD 值为 3.0,最大遗传距离为 50cM。用 QTL 作图软件 Windows QTL Cartographer 2.5,采用复合区间作图法定位与连锁群标记连锁的 QTL。QTL 的命名方法参照水稻^[9]的命名方法,按照 QTL + 性状 + 该性状在不同染色体(连锁群)上出现个数 + QTL 个数,其中 QTL 以 q 开始,性状以英文缩写表示,如衣分以 LP 表示,如果同一染色体(连锁群)上存在多个不同位点的 QTL 则在染色体后面补加阿拉伯数字以示区别。

1.2.4 染色体的定位 染色体定位参照已公布的含有 SSR 标记的分子连锁图谱^[10-14]及岱字棉公司开发的 DPL 引物的染色体信息,通过比较图谱中共有的桥梁标记与染色体建立联系,将构建的连锁图定位到具体的染色体上。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记筛选和群体检测

选用 Cotton Microsatellite Database 公共数据库 (<http://www.cottonssr.org>) 公布的 4961 对 SSR 引物对 2 亲本进行多态性筛选,由于 2 亲本性状差异较小,结果仅筛选出 71 对条带清晰、易于统计的多态性引物,多态性比例为 1.43%。71 对 SSR 引物在 F_2 群体中扩增,获得 71 个多态性位点。其中显性标记有 7 个,共显性标记 64 个。

表 1 亲本及 F_1 铃重、衣分及其纤维品质特征

Table 1 Boll weight, lint percentage and fiber quality of parents and F_1

名称 Name	铃重(g) Boll weight	衣分(%) Lint percentage	纤维绒长(mm) Fiber length	纤维比强度 (cN/tex) Fiber strength	纤维整齐度(%) Fiber unity	马克隆值 Micnaire	纤维伸长率(%) Fiber elongation
S9708	5.9	40.0	28.9	26.8	83.4	4.6	6.6
S9108	8.1	37.3	31.0	31.8	85.3	4.8	6.4
S9708/S9108 F_1	8.0	37.5	30.7	31.0	86.3	4.9	5.9

2.2 连锁图谱的构建

利用 Joinmap 3.0 作图软件对检测到的 71 个多态性标记进行分析,初步构建了 1 个包括 49 个位

点、14 个连锁群的分子标记连锁图。连锁的最低 LOD 值为 3.0,最大遗传距离为 50cM。总长度 498.7cM,约占棉花总基因组的 10.0%。最大的连

锁群有 9 个标记,最小的只有 2 个标记,每个连锁群平均 3.4 个标记,标记间最小遗传距离为 1.4cM,最大遗传距离为 38.2cM,平均距离 10.18cM。

2.3 连锁群的染色体定位

对所得连锁群参照以下 5 张含有 SSR 标记的分子连锁图谱^[10-14]及岱字棉公司开发的 DPL 引物的染色体信息,将本试验构建的 14 个连锁群中的 13 个与染色体建立联系,只有 LG13 连锁群未被定位在染色体上。

2.4 主要经济性状的 QTL 定位分析

2.4.1 衣分和铃重的 QTL 定位 应用复合区间作图法共检测到 6 个与衣分、铃重相关的稳定 QTLs。其中铃重有 2 个,分别位于 14 号和 23 号染色体上,其中位于 14 号染色体上的一个铃重 QTL 与 BNL3502 紧密连锁,仅仅相距 2.0 cM,解释的表型变异为 8.1%,其加性效应为 -0.3699,显性效应为 -0.2244,增效基因源自父本 951188。qBW2-1 位

于 23 号染色体上,解释的表型变异为 6.9%,其加性效应为 0.3906,显性效应为 -0.1717,增效基因源自母本 971300,说明铃重遗传受加性和显性控制。与衣分相关的 QTL 有 4 个,分别位于 9、10 和 15 号染色体上,15 号染色体上的 qLP1-1 与标记 DPL215 零距离连锁,其加性效应为 -0.7422,显性效应为 0.9829,增效基因源自父本 951188;10 号染色体上的 qLP3-1 与标记 BNL2960 紧密连锁,仅仅相距 2cM,解释的表型变异为 14.6%,其加性效应为 -0.0382,显性效应为 0.0519,增效基因同样源自父本 951188。总之,控制衣分的 4 个 QTL,分别与标记 DPL215、NAU3903、BNL1669、BNL1669 紧密连锁,其遗传距离都在 5.0 cM 以内,每个衣分 QTL 的加性效应和显性效应都有较大差别,而且,其效应的正向和负向方向也差别大。说明这些标记可以用于大铃棉、高衣分品种

的分子标记辅助育种(表 2)。

表 2 铃重、衣分及纤维品质性状的 QTLs 定位结果

Table 2 QTL location of boll weight, lint percentage and fiber quality

性状 Trait	数量性状 位点 QTL	QTL 与标记 距离(cM) Distance	连锁群 LG	标记 Marker	位置 Position	加性效应 Additive effect	显性效应 Dominance effect	似然比 LR value	表型贡献 率(%) R ²
衣分	qLP1-1	0	1	DPL215	0	-0.7422	0.9829	13.831	4.7
衣分	qLP1-2	3.0	1	NAU3903	49.3	0.1381	0.8116	15.274	5.9
衣分	qLP2-1	5.1	4	BNL1669	24.4	-0.5815	-0.2267	15.141	12
衣分	qLP3-1	2.0	12	BNL2960	2	-0.0382	0.0519	15.658	14.6
铃重	qBW1-1	2.0	2	BNL3502	2	-0.3699	-0.2244	15.674	8.1
铃重	qBW2-1	10.0	9	BNL1317	10	0.3906	-0.1717	12.715	6.9
整齐度	qLU1-1	0.3	1	BNL4082	7	-0.5860	-0.1143	11.879	7.7
整齐度	qLU2-1	6.1	4	BNL1669	23.4	0.0638	0.0736	15.726	11
马克隆值	qMIC1-1	10.1	4	BNL1669	19.4	-0.0641	0.0929	12.950	22.7
马克隆值	qMIC2-1	14.0	9	BNL1317	14	0.2278	-0.0985	16.756	15.1
伸长率	qEL1-1	8.8	1	NAU3903	43.5	0.0413	0.0725	26.896	12.8

2.4.2 纤维品质性状的 QTL 定位 利用复合区间作图法(CIM),对纤维长度、纤维强度、纤维整齐度、马克隆值和纤维伸长率 5 个纤维品质性状进行 QTL 分析作图,共检测到 5 个纤维品质性状的 QTLs(表 2)。其中纤维整齐度有 2 个 QTLs,分别位于 15 号和 9 号染色体上,qLU1-1 位于 15 号染色体上,与 BNL4082 紧密连锁,仅仅相距 0.3cM,解释的表型变异为 7.7%,其加性效应为 -0.5860,显性效应为 -0.1143,增效基因源自父本 951188。表现纤维细度的马克隆值也有 2 个 QTLs,但与相应的标记具有较大的遗传距离,分别位于 9 号和 23 号染色体上,

qMIC1-1 位于 9 号染色体上,解释的表型变异为 22.7%,其遗传效应为正向加性效应和负向显性效应,但较小。纤维伸长率有 1 个 QTL,位于 15 号染色体上,与 NAU3903 距离较近,相距 8.8cM,解释的表型变异为 12.8%,其加性效应和显性效应都为正向效应,但较小。纤维长度和强度未发现 QTL。

3 讨论

3.1 中棉所 48 群体及其亲本类型对连锁图谱和 QTL 定位的影响

亲本的选择直接影响到构建连锁图谱的难易程

度及所构建图谱的适用范围。理论上讲构建图谱应该选择纯度高、亲本间差异较大、DNA多态性高的品系或材料作为分离群体的亲本^[15]。F₂群体是常用的作图群体,比较容易配制,只需经2代后即可获得。本试验选用大铃优质突变体951188(S9108)作父本,和971300(S9708)作母本杂交配制组合,S9108特点是铃比较大,纤维优质,平均铃重达8.0g左右。S9708是一个丰产的品系,铃重中等,衣分较高。由于这2个亲本都是陆地棉,而且性状差别不大,亲缘关系较近,所以在筛选引物时,2亲本之间的多态性比率较小,4961对SSR引物中仅筛选出71对条带清晰、易于统计的多态性引物,多态性比率仅为1.43%。由于筛选的标记少,所以尽管作图群体有261个,但构建的连锁群只有14个,定位的QTLs也仅仅11个。而且纤维长度和纤维强度这2个重要的纤维性状上未发现QTL,可能与标记少有关系,或者说在中棉所48的F₂中,纤维长度和强度本身就很难找到QTL。但从QTL定位情况来看,找到的2个铃重QTLs,1个基因来自父本,1个源自母本,来自父本的铃重QTL与BNL3502紧密连锁,仅相距2.0cM,解释的表型变异为8.1%,可用于分子标记的辅助育种。4个衣分QTLs中,1个基因源自母本,3个源自父本。由于两亲本都是陆地棉,亲缘关系近,许多特点相似,所找到的QTL很可能就是两亲本间目标性状的QTL。

尽管中棉所48群体和一般的F₂群体一样,每个基因型仅有1个个体,无法满足有重复或多环境试验的要求,无法对其试验数据的可靠性进行评判,但由于两亲本的F₁(中棉所48)为大铃优质的推广品种,故其F₂群体仍具有研究铃重遗传的价值。

3.2 分子标记辅助选择应用探讨

随着育种目标的多样性,为选育出集高产、优质、抗病虫等优良性状于一身的作物新品种,单独依靠传统育种方法和技术在现有基础上很难有大的突破。因为传统的育种是通过表现型间接对基因型进行选择,一般是在生物个体水平上进行。这种方法对质量性状一般是有效的,但对数量性状而言则效率不高,因为数量性状的表现型和基因型之间缺乏明确的对应关系^[15]。分子标记使研究者能直接对目标性状的基因型进行选择,大大提高了选择的效率和准确性,快速获得集多个目标农艺性状于一身的作物新品种。近些年分子标记辅助选择育种已开始应用于育种中。Guo等^[16]以泗棉3号为轮回亲本,山西94224和7235品系分别为抗虫基因和优质供体亲本,进行分子标记辅助的优质QTL系统选择

和外源Bt基因的表型及分子选择,利用分子标记辅助选择聚合育种方法,培育出了优质、高产的抗虫棉新品系南农85188。王心宇等^[17]利用分子标记辅助选择鉴定出分别聚合两个抗性基因的植株;柳李旺等^[18]利用分子标记辅助选择,培育出聚合有Rf1和Bt基因抗虫棉恢复系,这些都是分子标记辅助育种的典范。但是由于目前QTL定位的结果均是利用分离群体,且定位的位置差异较大,精度不高,使得对基因型选择的效率降低。在多数研究中,只是为了目标基因的定位,大多选择差异较大的遗传材料,而没有与育种材料相结合,使得QTL定位和育种脱节。本研究采用推广的中棉所48的F₂群体,既可作为遗传研究群体也可作为育种群体,因此可缩短基因定位研究和育种应用的距离。通过对群体的铃重、衣分及纤维品质的QTL检测,得到了4个衣分QTLs,联合贡献率37.2%,2个铃重QTLs贡献率15%,2个纤维整齐度的QTLs贡献率18.8%以及2个纤维马克隆值的QTLs,贡献率达37.7%等,这些有效的QTLs均可用于分子标记辅助育种。15号染色体上的一个衣分QTL(qLP1-2)和10号染色体上的另一个衣分QTL(qLP3-1),与NAU3903和BNL2960标记的距离分别为3cM和2cM;1个铃重QTL(qBW1-1)位于14号染色体上,与标记BNL3502紧密连锁,仅相距2.0cM;15号染色体上的1个整齐度QTL,qLU1-1与标记BNL4082紧密连锁,仅相距0.3cM,这些标记与QTL紧密连锁,利用这些标记进行辅助选择,可大大加快育种的进程。

参考文献

- [1] 殷剑美,武耀廷,张军,等.陆地棉产量性状QTLs的分子标记及定位[J].生物工程学报,2002,18(2):162-166
- [2] 吴茂清,张献龙,聂以春,等.四倍体栽培棉种产量和纤维品质性状的QTL定位[J].遗传学报,2003,30(5):443-452
- [3] 李成奇,郭旺珍,马晓玲,等.陆地棉衣分差异群体产量及产量构成因素的QTL标记和定位[J].棉花学报,2008,20(3):163-169
- [4] Jiang C X, 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: 4419-4424
- [5] Shappley Z W, Jenkins J N, Meredith W R, et al. An RFLP linkage map of upland cotton *Gossypium hirsutum* [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 756-761
- [6] Ulloa M, Meredith R J. Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an interspecific population and fiber quality traits in an interspecific population [J]. Cotton Sci, 2000, 4(3): 161-170
- [7] 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 Mol Biol Rep, 1993, 11(2): 122-127

(下转第611页)

型中挑选了愈伤诱导率和分化率都较好的吉丰 10、吉丰 32 和秋光作为遗传转化的受体。获得旺盛的胚性细胞是提高转化效率的重要保障,而这依靠培养条件的优化,其中培养基的成分起着关键作用。本试验以 N6、MS 为基本培养基,采用附加其他物质如水解酪蛋白、脯氨酸、甘露醇、各种激素配比来调整愈伤组织培养基^[13-14],可使愈伤组织生长至良好、适于转化的生理状态。

3.2 农杆菌转化过程中各种参数的优化

影响农杆菌转化的因素很多,除基因型的选择、受体组织状态外,适宜的菌体浓度、浸泡时间和共培养的时间也是提高转化率的关键^[6,14-15]。若侵染时所用农杆菌浓度过大、浸泡时间过长、共培养时间过长都会对愈伤组织造成不同程度的伤害,同时还会造成农杆菌过度生长,给后续的脱菌工作带来困难。反之,如果菌液浓度过低、浸泡时间过短,农杆菌就不能很好地吸附到细胞表面,若共培养时间不够,T-DNA 转移过程则不能完成。本试验选择侵染能力强的根癌农杆菌 EHA101,以抗性愈伤率作为依据,结果发现预培养 4d,侵染时间 5~10min,农杆菌菌液浓度 OD₆₀₀ 值为 0.7~1.0,共培养时间 2d 对转化最为有利。以上条件的优化为本研究获得转化植株打下了很好的基础。

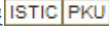
3.3 转基因植株的检测方法

本研究在 DNA 水平提供了转基因植株分子检测的证据。将 *LycB* 基因导入水稻,最终目的是研究稻米中 β -胡萝卜素含量是否提高,稻米的品质是否得到了改善。由于外源基因在转化后代中表达的不确定性和基因沉默等现象的存在,对于转化的 *LycB* 基因能否在水稻中稳定遗传和高效表达以及转 *LycB* 基因水稻的 β -胡萝卜素含量的变化还有待进一步研究。

参考文献

- [1] Ye X, Al-Babili S, Klott A, et al. Engineering the provitamin A (β -carotene) biosynthetic pathway into (carotenoid-free) rice endosperm[J]. *Science*, 2000, 287: 303-305
 - [2] 季静, 山村三郎, 西原昌宏, 等. 通过转基因提高 β -胡萝卜素生物合成量[J]. *中国生物化学与分子生物学报*, 2004(4): 440-444
 - [3] 郑阳霞, 杨婉身, 季静, 等. 类胡萝卜素生物合成相关基因的克隆及其遗传工程的研究进展[J]. *细胞生物学杂志*, 2006, 17(3): 442-446
 - [4] 王玉萍, 刘庆昌, 翟红. 植物类胡萝卜素生物合成相关基因的表达调控及其在植物基因工程中的应用[J]. *分子植物育种*, 2006, 4(1): 103-110
 - [5] Zhu C F, Yamamura S, Koiwa H, et al. cDNA cloning and expression of carotenogenic genes during flower development in *Gentiana lutea*[J]. *Plant mol Biol*, 2002, 48: 277-285
 - [6] Hiei Y, Ohta S, Komari T, et al. Efficient transformation of rice (*Oryza sativa* L.) mediated by *Agrobacterium* and sequence analysis of the boundaries of the T-DNA[J]. *Plant J*, 1994, 6: 271-282
 - [7] Chen En H, Zhang P, Zuo S M, et al. Factors affecting *Agrobacterium*-mediated transformation efficiency in rice[J]. *Rice Sci*, 2004, 6(4): 181-185
 - [8] 朱晋云, 许玉娟, 杨丽群, 等. 小麦组织培养再生系统及农杆菌介导的转基因技术研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2008, 9(1): 84-89
 - [9] 王关林, 方宏筠. *植物基因工程*[M]. 北京: 科学技术出版社, 2002: 386-389
 - [10] Dong J J, Teng W M, Buchholz W G, et al. *Agrobacterium*-mediated transformation of javanica rice[J]. *Mol Breedi*, 1996, 2: 267-276
 - [11] 于娅, 刘莉莎, 赵永钦, 等. 影响花椰菜农杆菌介导转化因素的研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(3): 320-325
 - [12] Rashid H, Yokoi S, Toriyama K, et al. Transgenic plant production mediated by *Agrobacterium* in indica rice[J]. *Plant Cell Rep*, 1996, 15: 727-730
 - [13] 刘巧泉, 张景六, 王宗阳, 等. 根癌农杆菌介导的水稻高效转化系统的建立[J]. *植物生理学报*, 1998, 8(3): 259-271
 - [14] Zhao Z Y, Cai T, Tagliani L, et al. *Agrobacterium*-mediated sorghum transformation[J]. *Plant mol Biol*, 2000, 44: 789-798
 - [15] Liu Y H, Yu J J, Ao G M, et al. Factors influencing *Agrobacterium*-mediated transformation of foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. *中国生物化学与分子生物学报*, 2007, 5(7): 531-536
-
- (上接第 604 页)
- [8] 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
 - [9] McCouch S R, Kochert G, Yu Z H, et al. Molecular mapping of rice cosome [J]. *Theor Appl Genet*, 1988, 76: 148-149
 - [10] Rong J K, Abbey C, Bowers J E, et al. A 3347-locus genetic recombination map of sequence-tagged sites reveals features of genome organization, transmission and evolution of cotton (*Gossypium*) [J]. *Genetics*, 2004, 166: 389-417
 - [11] Park Y H, Alabady M S, Ulloa M, et al. Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population[J]. *Mol Genet Genom*, 2005, 274: 428-441
 - [12] Lacape J M, Nguyen T B, Brigitte C, et al. QTL analysis of cotton quality using multiple *Gossypium hirsutum* \times *Gossypium barbadense* backcross generations[J]. *Crop Sci*, 2005, 45: 123-140
 - [13] Han Z G, Wang C B, Song X L, et al. Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton[J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(3): 430-439
 - [14] Guo W Z, Cai C P, Wang C B, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function, and evolution in *Gossypium*[J]. *Genetics*, 2007, 176: 527-541
 - [15] 方宜钧, 吴为人, 唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种 [M]. 北京: 科学出版社, 2001: 37-38
 - [16] Guo W Z, Zhang T Z, Zhu X F, et al. Modified Backcross Pyramiding Breeding with Molecular Marker-Assisted Selection and Its Applications in Cotton [J]. *Acta Agro Sini*, 2005, 31(8): 963-970
 - [17] 王心宇, 陈佩度, 张守忠. 小麦白粉病抗性基因的聚合及其分子标记辅助选择[J]. *遗传学报*, 2001, 28(7): 640-646
 - [18] 柳李旺, 朱协飞, 郭旺珍, 等. 分子标记辅助选择聚合棉花 Rf1 育性恢复基因和抗虫 Bt 基因[J]. *分子植物育种*, 2003, 1(1): 48-52

大铃棉中棉所48主要经济性状的QTL定位分析

作者: 潘兆娥, 贾银华, 孙君灵, 周忠丽, 何守朴, 王立如, 庞保印, 杜雄明, PAN Zhao-e, JIA Yin-hua, SUN Jun-ling, ZHOU Zhong-li, HE Shou-pu, WANG Li-ru, PANG Bao-yin, DU Xiong-ming
作者单位: 中国农业科学院棉花研究所/农业部棉花遗传改良重点实验室, 河南安阳, 455000
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011, 12(4)

参考文献(18条)

1. 方宣钧;吴为人;唐纪良 作物DNA标记辅助育种 2001
2. Guo W Z;Cai C P;Wang C B A microsatellite-based, gene rich linkage map reveals genome structure, function, and evolution in *Gossypium* [外文期刊] 2007
3. Han Z G;Wang C B;Song X L Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton [外文期刊] 2006(03)
4. Lacape J M;Nguyen T B;Brigitte C QTL analysis of cotton quality using multiple *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barba dense* backcross generations 2005
5. Park Y H;Alabady M S;Ulloa M Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population 2005
6. Rong J K;Abbey C;Bowers J E A 3347-locus genetic recombination map of sequence-tagged sites reveals features of genome organization, transmission and evolution of cotton (*Gossypium*) 2004
7. 柳李旺;朱协飞;郭旺珍 分子标记辅助选择聚合棉花Rf1育性恢复基因和抗虫Bt基因 2003(01)
8. 王心宇;陈佩度;张守忠 小麦白粉病抗性基因的聚合及其分子标记辅助选择 2001(07)
9. Guo W Z;Zhang T Z;Zhu X F Modified Backcross Pyramiding Breeding with Molecular Marker-Assisted Selection and Its Applications in Cotton 2005(08)
10. McCouch S R;Kochert G;Yu Z H Molecular mapping of rice comosome [外文期刊] 1988
11. 张军;武耀廷;郭旺珍 棉花微卫星标记的PAGE/银染快速检测 2000(05)
12. 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 [外文期刊] 1993(02)
13. Ulloa M;Meredith R J Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an interspecific population and fiber quality traits in an interspecific population 2000(03)
14. Shappley Z W;Jenkins J N;Meredith W R An RFLP linkage map of upland cotton *Gossypium hirsutum* [外文期刊] 1998
15. Jiang C X;Wright R J;El-Zik K M Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (cotton) 1998
16. 李成奇;郭旺珍;马晓玲 陆地棉衣分差异群体产量及产量构成因素的QTL标记和定位 2008(03)
17. 吴茂清;张献龙;聂以春 四倍体栽培棉种产量和纤维品质性状的QTL定位 2003(05)
18. 殷剑美;武耀廷;张军 陆地棉产量性状QTLs的分子标记及定位 2002(02)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201104019.aspx