

陆海 BC_4F_3 和 $BC_4F_{3,4}$ 代换系纤维 产量与品质的表型评价

兰孟焦, 石玉真, 葛瑞华, 李俊文, 龚举武, 刘爱英, 商海红, 巩万奎, 王 涛, 袁有禄

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

摘要: 对陆海 BC_4F_3 和 $BC_4F_{3,4}$ 代换系群体的纤维产量与品质的表型性状进行初步评价分析, 结果表明, 群体代换系各性状平均值与轮回亲本中棉所 45 相近, 但群体内部个体间仍存在丰富的遗传变异, 其中不乏超越中棉所 45 的材料。从中筛选 20 个纤维品质突出单株(株行), 2 年的上半部平均长度高于 30.00 mm, 断裂比强度高于 31.0 cN/tex, 表现较好的一致性和稳定性, 为进一步棉花纤维品质育种提供了选择材料。

关键词: 陆地棉; 海岛棉; 染色体片段代换系; 纤维产量; 纤维品质

Evaluation of Fiber Yield and Quality Traits of Chromosome Segment Substitution Lines Population (BC_4F_3 and $BC_4F_{3,4}$) from *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*

LAN Meng-jiao, SHI Yu-zhen, GE Rui-hua, LI Jun-wen, GONG Ju-wu,

LIU Ai-ying, SHANG Hai-hong, GONG Wan-kui, WANG Tao, YUAN You-lu

(Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences/State Key Laboratory of Cotton Biology, Anyang Henan 455000)

Abstract: Two generations (BC_4F_3 and $BC_4F_{3,4}$) of chromosome segment substitution lines (CSSLs), which were derived from a cross of CCRI45 (*Gossypium hirsutum* L.) as the recipient parent and Hai 1 (*Gossypium barbadense* L.) as the donor parent, were used to evaluate the phenotypic traits related to fiber yield and quality. The results showed that the average value of all traits in two generations were near to those of recurrent parent CCRI 45, but there were still abundant genetic variation among the individuals, and some of them had better yield and fiber quality than CCRI45, in which 20 lines showed stability for fiber length with above 30.00 mm and fiber strength with above 31.0 cN/tex. These CSSLs with excellent trait genes from *G. barbadense* could further be used for cotton quality breeding.

Key words: *G. hirsutum*; *G. barbadense*; chromosome segment substitution lines (CSSLs); fiber yield; fiber quality

陆地棉遗传基础狭窄, 纤维品质与黄萎病抗性等均不及海岛棉, 将海岛棉优异性状基因渐渗到陆地棉栽培种中, 对于拓宽陆地棉遗传基础、创造优异新种质具有重要现实意义。种间种质渐渗系为遗传分析和品种改良提供了便捷, 但通常由于转化和重

组障碍、不充分的遗传分辨率以及难以获得较好的经济性状等因素的存在, 限制了种间种质渐渗系的培育, 染色体片段代换系的构建能减缓这一系列障碍因素^[1]。染色体片段代换系是指在相同的受体亲本遗传背景中导入一个或几个供体亲本的染色体

收稿日期: 2014-04-11 修回日期: 2014-06-10 网络出版日期: 2015-02-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150206.1648.023.html>

基金项目: 国家自然科学基金(31101188); 国家“973”计划项目(2010CB126000); 中央级公益性科研院所基本科研业务专项(SJA1203)

第一作者研究方向为棉花分子育种。E-mail: lanmj100@163.com; 石玉真为共同第一作者

通信作者: 袁有禄, 研究方向为棉花分子育种。E-mail: yuanyl@cricaas.com.cn

片段,是数量性状研究和品种遗传改良的理想材料。随着染色体片段代换系首次在番茄上^[2]构建和应用,其应用价值被越来越多的育种家所认知。目前,染色体片段代换系已经在水稻^[3-7]、大麦^[8-9]、小麦^[10]、玉米^[11-14]、大豆^[15]、棉花^[16-19]等作物上被构建和应用,创造了大量的外源种质渐渗的优异新材料。

本文通过对陆海 BC_4F_3 和 $BC_4F_{3,4}$ 代换系群体的纤维产量与品质性状的表型进行评价和性状间的相关分析,为进一步分子标记检测、筛选高产优质的单片段代换系作铺垫。

1 材料与方法

1.1 陆海 BC_4F_3 和 $BC_4F_{3,4}$ 代换系的培育

本研究以广泛种植的陆地棉高产品种中棉所 45 (国审棉 2003002) 为受体亲本,具有优良纤维品质的显性无腺体海岛棉品系海 1 为供体亲本,组配杂交组合,以中棉所 45 为轮回亲本进行高代回交。

2003 年夏在河南安阳以陆地棉中棉所 45 为母本、海岛棉海 1 为父本杂交获得 F_1 , 同年冬季在海南三亚以中棉所 45 为母本回交获得 BC_1F_1 。2004 年夏在河南安阳种植 BC_1F_1 , 苗期拔除有腺体植株,保留 116 个无腺体单株,以这些单株为父本、轮回亲本中棉所 45 为母本进行杂交,按父本单株号混收杂交铃,获得 116 个 BC_2F_1 株系。2005 年夏在河南安阳种植 116 个 BC_2F_1 株系,每个株系种植 1 行,行长 5 m,株距 25 cm,苗期拔除有腺体植株,每行保证 20 株苗,同时每隔 10 个株系种植 1 行轮回亲本,以中棉所 45 为父本,继续回交,按家系混收种子。2006 年夏在河南安阳种植 116 个 BC_3F_1 家系及中棉所 45,种植及杂交方式与 2005 年相同。2007 年在河南安阳种植 116 个 BC_4F_1 家系,每个家系种植 1 行,每隔 20 个家系种植 1 行中棉所 45,行长 5 m,株距 25 cm,苗期拔除有腺体植株,按家系收取自然铃获得 BC_4F_2 。2008 年在安阳种植 116 个 BC_4F_2 家系,种植方式与 2007 年相同,按家系收取自然铃获得 BC_4F_3 。2009 年种植 116 个 BC_4F_3 家系,每个家系种植 1 行约 20 株,共 2328 株,按单株收取自然铃。2010 年根据家系单株纤维品质进行综合选择,每个家系选 5 株,从 BC_4F_3 群体中筛选出 587 个纤维品质突出的单株种成 $BC_4F_{3,4}$ 株行,种植方式与 2009 年相同。

1.2 表型性状考查

1.2.1 产量性状 2009 年以单株为单位,收取 116 个 BC_4F_3 家系中所有单株及中棉所 45 的自然铃,称取籽棉重和皮棉重,考查铃重、衣分等产量性状;2010 年以株行为单位,收取 587 个 $BC_4F_{3,4}$ 株行及中棉所 45 的 30 铃,考查项目与 2009 年同。

1.2.2 纤维品质性状 以皮棉重大于 5g 为标准,将 BC_4F_3 单株和 $BC_4F_{3,4}$ 株行皮棉送中国农业科学院棉花研究所农业部纤维检测中心利用 HVI900 进行纤维品质测定,测定项目包括上半部平均长度、断裂比强度、马克隆值、纤维伸长率及纤维整齐度。

1.3 数据分析

利用 Excel 对群体材料各性状进行基本统计分析,用 SPSS 13.0 软件进行性状间相关分析。

2 结果与分析

2.1 群体纤维产量及品质基本统计分析

由表 1 可以看出,2010 年 $BC_4F_{3,4}$ 株行、中棉所 45 的铃重、上半部平均长度、断裂比强度、马克隆值及纤维整齐度平均值均分别高于 2009 年 2 个单株群体和中棉所 45 的平均值,可能是环境的影响或收花方式不同造成。2009 年 BC_4F_3 入选单株群体各性状平均值均高于同年的 BC_4F_3 全部单株群体,其各性状变异系数均小于 BC_4F_3 全部单株群体,主要因为 BC_4F_3 入选单株群体是从 1985 个 BC_4F_3 全部单株中挑选出来的单株群体。

3 个群体各性状表型平均值与同年轮回亲本中棉所 45 接近,除铃重外,其他性状均差异不大,初步表明这 3 个世代群体已基本恢复至中棉所 45 的遗传背景。

除铃重和马克隆值外,3 个群体各性状的极差和变异系数均高于同年中棉所 45,说明这 3 个世代群体内部个体间存在较大分离变异。在 BC_4F_3 全部单株群体中,马克隆值表现分离变异最大,最小值为 2.00,最大值为 6.53,变异系数为 21.04%;其次是铃重,变异系数为 20.35%;其他各性状的变异系数均分布在 2.57% ~ 11.45%,分离变异相对较小。在 BC_4F_3 入选单株群体中,各性状的变异系数均分布在 2.47% ~ 17.47%。在 $BC_4F_{3,4}$ 株行群体中,各性状变异系数为 1.38% ~ 11.44%,且各性状的变异系数均低于同性状在 2009 年 2 个单株群体的变异系数。

表 1 3 个群体及轮回亲本的纤维产量及品质性状统计分析

Table 1 The statistical analysis of fiber yield and quality traits in the three populations and CCRI 45

性状 Trait	群体 Population	年份 Year	样本数 Sample size	平均值 Average	最小值 Min.	最大值 Max.	极差 Range	超亲比例(%) Transgressive rate	变异系数 (%) CV	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
铃重 (g) BW	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	4.23	1.97	7.31	5.34	29.72	20.35	0.31	0.05
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	4.62	3.09	7.31	4.22	43.95	15.41	0.57	0.22
	中棉所 45 (2009)	2009	96	4.70	3.20	6.83	3.63	—	15.97	0.34	-0.13
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	5.54	4.06	7.32	3.26	13.97	11.44	-0.02	-0.28
	中棉所 45 (2010)	2010	31	6.22	5.58	6.82	1.24	—	4.41	0.18	0.71
衣分 (%) LP	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	31.04	15.20	46.62	31.42	47.85	11.45	-0.06	0.97
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	31.68	15.20	42.31	27.11	55.88	10.86	-0.10	0.85
	中棉所 45 (2009)	2009	96	31.25	23.07	38.61	15.54	—	7.94	-0.58	1.81
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	27.92	18.53	35.39	16.86	33.00	10.09	-0.08	-0.19
	中棉所 45 (2010)	2010	31	29.20	26.85	30.93	4.08	—	3.76	-0.41	-0.62
上半部平均 长度(mm) FL	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	27.45	20.17	33.22	13.05	43.92	5.75	-0.22	0.56
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	28.45	24.41	33.22	8.81	73.94	4.90	0.12	0.29
	中棉所 45 (2009)	2009	96	27.52	23.68	29.58	5.90	—	3.92	-0.94	1.00
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	30.38	24.32	34.89	10.57	71.00	4.34	0.05	0.96
	中棉所 45 (2010)	2010	31	29.70	28.77	30.65	1.88	—	1.59	0.19	-0.56
断裂比强度 (cN/tex) FS	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	25.92	22.00	34.30	12.30	46.34	7.42	0.49	-0.23
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	27.31	22.80	34.30	11.50	74.79	7.02	0.09	-0.18
	中棉所 45 (2009)	2009	96	26.09	23.20	31.40	8.20	—	5.77	0.11	0.74
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	29.67	24.00	36.10	12.10	74.00	5.34	0.32	0.56
	中棉所 45 (2010)	2010	31	28.69	27.50	29.80	2.30	—	2.02	0.28	-0.26
马克隆值 MV	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	3.67	2.00	6.53	4.53	20.05	21.04	0.07	-0.36
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	3.89	2.06	6.53	4.47	25.72	17.47	0.04	0.06
	中棉所 45 (2009)	2009	96	4.12	2.39	5.43	3.04	—	17.52	-0.54	-0.39
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	4.52	2.92	6.83	3.91	61.67	11.35	0.35	1.29
	中棉所 45 (2010)	2010	31	4.73	4.11	5.18	1.07	—	4.90	-0.84	1.87
纤维整齐 度(%) UN	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	80.98	74.10	87.20	13.10	30.94	2.57	0.01	-0.19
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	81.64	75.00	86.80	11.80	42.59	2.47	-0.08	-0.22
	中棉所 45 (2009)	2009	96	82.00	77.50	85.50	8.00	—	1.99	-0.39	-0.03
	BC ₄ F _{3,4} 株行	2010	587	83.48	83.48	86.30	2.82	41.00	1.38	-0.62	0.99
	中棉所 45 (2010)	2010	31	83.84	81.70	85.40	3.70	—	1.08	-0.43	-0.07
纤维伸长 率(%) FE	BC ₄ F ₃ 全部单株	2009	1985	6.44	5.20	7.40	2.20	66.44	4.42	-0.20	1.06
	BC ₄ F ₃ 入选单株	2009	587	6.44	5.60	7.20	1.60	63.88	4.09	-0.18	-0.09
	中棉所 45 (2009)	2009	96	6.39	5.70	6.80	1.10	—	3.36	-0.62	0.53

BW: Boll weight, LP: Lint percentage, FL: Fiber length, FS: Fiber strength, MV: Micronaire, FE: Fiber elongation, UN: Fiber uniformity. The same as below

铃重方面,BC₄F₃ 入选单株群体的超亲比例(超越轮回亲本)最大,为 43.95%;其次是 BC₄F₃ 全部单株群体,为 29.72%。衣分方面,2009 年 2 个单株群体的超亲比例分别为 47.85% 和 55.8%;2010 年 BC₄F_{3,4} 株行的超亲比例为 33.00%。上半部平均长度方面,3 个群体的超亲比例分布在 43.92% ~ 73.94%。断裂比强度在 3 个群体的超亲比例均高于 45.00%,其中 BC₄F₃ 入

选单株群体的超亲比例达 74.79%。马克隆值方面,BC₄F_{3,4} 株行的超亲比例最大,为 61.67%。纤维整齐度 3 个群体中的超亲比例为 30.94% ~ 42.59%。纤维伸长率在 BC₄F₃ 全部单株和 BC₄F₃ 入选单株群体中的超亲比例分别为 66.44%、63.88%。

3 个群体及轮回亲本中棉所 45 各纤维品质性状偏度绝对值均小于 1,符合正态分布(图 1)。

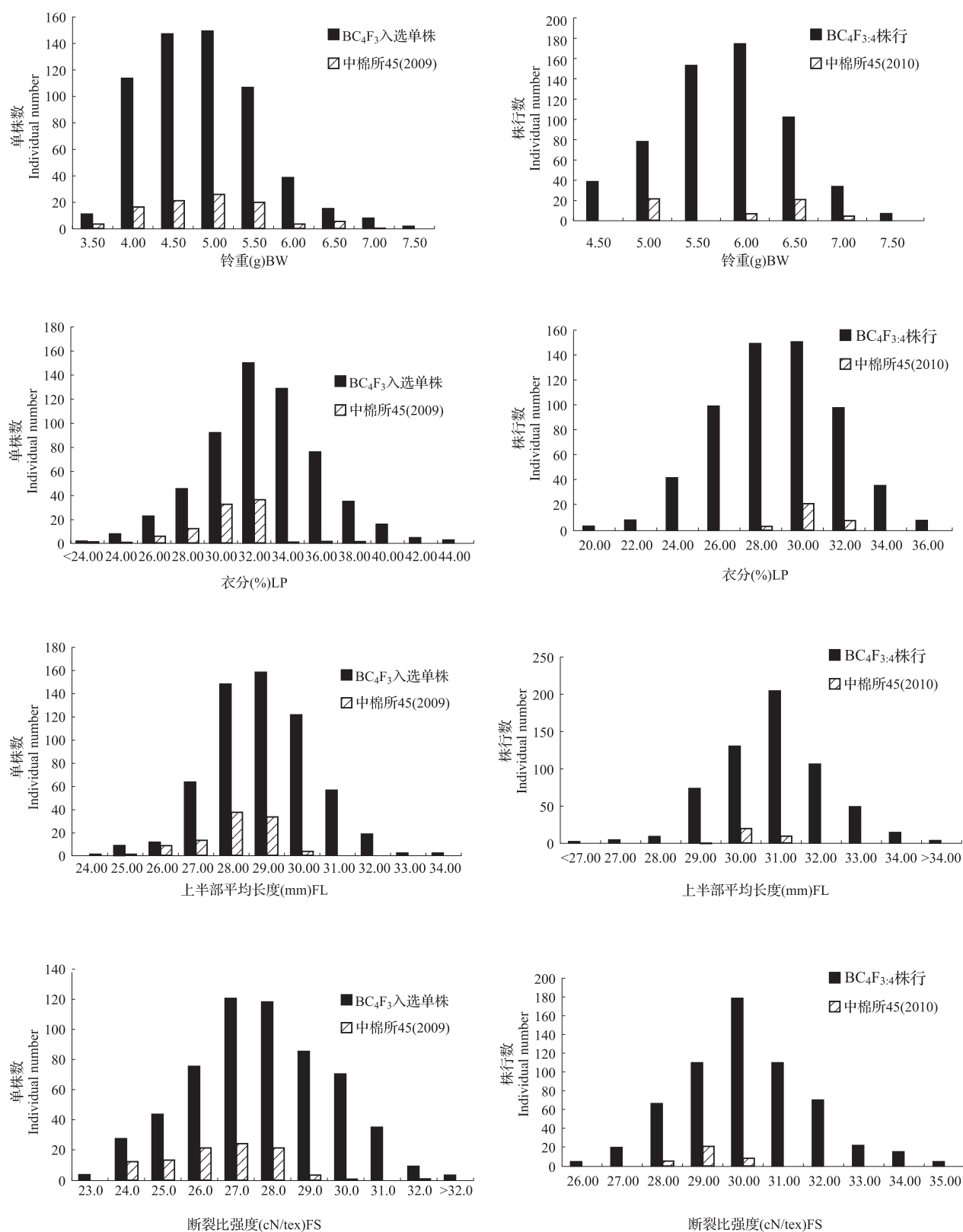


图1 BC_4F_3 入选单株、 $BC_4F_{3:4}$ 株行及中棉所45主要纤维产量与品质性状的柱形分布图

Fig. 1 The histogram of the main fiber yield and quality traits in the selected BC_4F_3 individual, $BC_4F_{3:4}$ line and CCRI45 populations

经高代回交和自交后,这些代换系群体中仍不乏纤维品质突出的材料,在 BC₄F₃ 入选单株群体中筛选出 20 个单株(BC₄F_{3,4} 株行),2 年的上半部平均长度均高于 30.00 mm,断裂比强度均为 31.0 cN/tex 以上(表 2),表现稳定,为棉花纤维品质育种提供了理想的选择材料。

表 2 BC₄F₃、BC₄F_{3,4} 群体中部分稳定高品质 CSSLs 纤维品质性状的具体表现
Table 2 The fiber quality performance of part of stable high quality CSSLs in BC₄F₃ and BC₄F_{3,4} populations

材料名称 Material	2009 年 In 2009					2010 年 In 2010			
	上半部平均 长度(mm) FL	断裂比强度 (cN/tex) FS	马克隆值 MV	纤维整齐度 (%) UN	纤维伸长率 (%) FE	上半部平均 长度(mm) FL	断裂比强度 (cN/tex) FS	马克隆值 MV	纤维整齐度 (%) UN
MBI7036	30.51	30.5	3.94	83.90	6.60	31.27	31.3	4.48	82.50
MBI7051	30.46	30.5	5.05	86.00	6.80	32.12	31.6	5.10	85.10
MBI7099	30.00	30.3	4.00	83.50	6.90	31.54	32.9	4.22	83.40
MBI7153	30.49	31.1	3.47	83.80	6.70	31.77	33.6	4.15	83.80
MBI7155	30.86	30.5	3.77	84.10	6.60	31.02	31.4	4.58	84.00
MBI7198	32.31	31.0	3.87	85.30	6.90	34.30	32.6	4.03	84.60
MBI7203	31.05	31.1	3.54	83.20	6.70	33.13	32.7	4.38	83.00
MBI7205	31.63	33.2	3.85	83.50	6.90	33.75	33.5	4.47	84.30
MBI7206	30.09	30.3	3.12	81.00	6.60	33.56	32.7	4.03	83.90
MBI7227	31.14	30.4	4.30	84.20	6.60	32.86	31.1	4.91	85.60
MBI7232	30.22	31.4	3.40	83.90	6.90	31.95	32.0	4.28	84.00
MBI7311	31.07	30.1	2.84	82.50	6.80	32.66	32.0	3.94	84.30
MBI7346	30.19	30.4	3.96	83.30	6.40	31.92	33.6	3.98	81.40
MBI7350	31.62	31.8	4.88	85.70	7.20	32.38	32.9	4.32	84.20
MBI7372	32.48	30.0	3.63	84.10	6.90	32.98	31.3	4.33	84.00
MBI7412	31.14	30.0	2.82	82.10	6.60	34.89	34.0	3.64	84.60
MBI7463	30.93	31.7	4.03	86.00	6.80	33.13	32.5	3.69	84.60
MBI7481	30.61	30.4	3.60	83.90	6.90	34.83	34.4	4.00	84.20
MBI7485	30.06	30.3	3.06	82.00	6.40	32.65	33.2	3.48	82.30
MBI7508	30.06	32.4	4.60	86.80	6.80	33.13	36.1	3.51	85.10

2.2 相关分析

2.2.1 纤维产量与品质相关分析 对 3 个群体的纤维产量与品质进行相关分析,结果(表 3)显示,铃重与衣分在 BC₄F₃ 全部单株、BC₄F₃ 入选单株群体中呈极显著负相关,在 BC₄F_{3,4} 株行群体中呈正相关,没有达到显著性水平;与上半部平均长度、断裂比强度、马克隆值、纤维整齐度和伸长率在 BC₄F₃ 全部单株、BC₄F₃ 入选单株群体中均呈极显著正相关,在 BC₄F_{3,4} 株行群体中与上半部平均长度、纤维整齐度呈极显著正相关。衣分与上半部平均长度、断裂比强度、纤维伸长率在 3 个群体中呈显著或极显著负相关;与马克隆值间的相关性方向和显著性水平不一致,在 BC₄F₃ 全部单株群体

中呈显著正相关,在 BC₄F₃ 入选单株群体中呈负相关,在 BC₄F_{3,4} 株行群体中呈极显著正相关;与纤维整齐度间的相关性方向和显著水平不一致,在 2009 年 2 个单株群体中呈负相关,在 2010 年 BC₄F_{3,4} 株行群体中呈极显著正相关。上半部平均长度与断裂比强度、纤维整齐度和伸长率呈极显著正相关;与马克隆值在 BC₄F₃ 全部单株群体中呈显著正相关,在 BC₄F_{3,4} 株行群体中呈极显著负相关。断裂比强度与纤维整齐度和纤维伸长率呈极显著正相关;与马克隆值在 BC₄F₃ 全部单株群体中呈极显著正相关,在 BC₄F_{3,4} 株行群体中呈极显著负相关;马克隆值、纤维整齐度和纤维伸长率 3 个性状间在 3 个群体中相互呈极显著正相关。

表 3 3 个群体纤维产量及品质间的相关性分析

Table 3 Analysis on the correlation between the fiber yield and quality traits in the three populations

性状 Traits	群体 Population	铃重 BW	衣分 LP	上半部平均 长度 FL	断裂比强度 FS	马克隆值 MV	纤维整齐度 UN
衣分 LP	BC ₄ F ₃ 全部单株	-0.121 **					
	BC ₄ F ₃ 入选单株	-0.165 **					
	BC ₄ F _{3;4} 株行	0.019					
上半部平均长度 FL	BC ₄ F ₃ 全部单株	0.365 **	-0.051 *				
	BC ₄ F ₃ 入选单株	0.195 **	-0.310 **				
	BC ₄ F _{3;4} 株行	0.168 **	-0.283 **				
断裂比强度 FS	BC ₄ F ₃ 全部单株	0.349 **	-0.058 **	0.776 **			
	BC ₄ F ₃ 入选单株	0.113 **	-0.280 **	0.795 **			
	BC ₄ F _{3;4} 株行	0.036	-0.271 **	0.756 **			
马克隆值 MV	BC ₄ F ₃ 全部单株	0.545 **	0.055 *	0.171 *	0.235 **		
	BC ₄ F ₃ 入选单株	0.407 **	-0.010	-0.013	-0.015		
	BC ₄ F _{3;4} 株行	0.037	0.370 **	-0.295 **	-0.512 **		
纤维整齐度 UN	BC ₄ F ₃ 全部单株	0.373 **	-0.007	0.499 **	0.531 **	0.540 **	
	BC ₄ F ₃ 入选单株	0.283 **	-0.181 **	0.629 **	0.701 **	0.426 **	
	BC ₄ F _{3;4} 株行	0.120 **	0.113 **	0.427 **	0.354 **	0.282 **	
纤维伸长率 FE	BC ₄ F ₃ 全部单株	0.070 **	-0.204 **	0.159 **	0.279 **	0.201 **	0.478 **
	BC ₄ F ₃ 入选单株	0.236 **	-0.329 **	0.662 **	0.739 **	0.326 **	0.741 **

** , * :分别表示 0.01 和 0.05 水平下差异显著

** and * :There are significant differences at 0.01 and 0.05 level respectively

2.2.2 各性状在不同世代间的相关分析 BC₄F₃ 入选单株和 BC₄F_{3;4} 株行 2 个世代间,各纤维产量和品质性状均呈极显著正相关(2010 年纤维伸长率项缺失),其中衣分在 2 个世代间的相关系数达到 0.694,上半部平均长度 0.572,断裂比强度 0.483,马克隆值 0.370,整齐度 0.265,铃重 0.185,表明各性状世代间呈较高的正相关。

3 讨论

含有优异基因的染色体片段代换系可用于作物聚合育种和分子设计育种^[20-21]。以陆地棉为遗传背景,构建海岛棉染色体片段代换系,能克服陆海种间育种的遗传累赘和杂交不育等系列问题^[22],实现海岛棉优异性状基因向陆地棉渐渗,为棉花聚合育种和分子设计育种创制丰富的材料。在染色体片段代换系的构建当中,表型鉴定和分子标记辅助选择同等重要,两者相辅相成,有效地结合起来,才能更准确地从宏观和微观两方面把握海岛棉优异基因的导入情况。

本研究结果显示,在 3 个世代群体中,各性状的平均值与轮回亲本中棉所 45 接近,初步说明这 3 个代换系群体已基本恢复到中棉所 45 的遗传背景,但群体内部个体之间存在丰富的遗传变异,主要是由个体间导入不同海岛棉片段造成。群体中存在大量在各性状超越轮回亲本的材料,尤其是在上半部平均长度和断裂比强度方面,超亲比例均在 40.00% 以上。从 BC₄F₃ 入选单株群体中筛选出 20 个单株(株行),纤维品质突出且在 2 年表现稳定,这些材料可能携带有海岛棉优异纤维品质基因,下一步应对这些材料进行分子标记检测,精细定位海岛棉优异性状基因。

从性状间相关分析来看,铃重总体上与纤维品质性状呈显著正相关,衣分与纤维品质性状呈显著负相关,推测控制铃重、衣分的基因与控制纤维品质性状的基因间可能存在紧密的连锁关系。因此,如何打破衣分和纤维品质性状间的不利连锁,实现纤维产量与品质的同步改良,是下一步研究应解决的问题,也许获得单片段代换系是一种有效的途径。

参考文献:

- [1] Saha S, Dwaine A R, David M S. Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) × Hawaiian cotton (*G. tomentosum* Nutt. ex Seem.) F₁ hybrid hypoaneuploid chromosome substitution series [J]. J Cotton Sci, 2006, 10: 263-272
- [2] Eshed Y, Zamir D. A genomic library of *Lycopersicon pennellii* in *L. esculentum*: A tool for fine mapping of genes [J]. Euphytica, 1994, 79(3): 175-179
- [3] Sobrizal K, Ikeda K, Sanchez P L, et al. Development of *Oryza glumaepatula* introgression lines in rice, *O. sativa* L. [J]. Rice Genet Newsl, 1999, 16: 107-108
- [4] 刘冠明, 李文涛, 曾瑞珍, 等. 水稻亚种间单片段替换系的建立 [J]. 中国水稻科学, 2003, 17(3): 201-204
- [5] 何风华, 席章营, 曾瑞珍, 等. 利用高代回交和分子标记辅助选择建立水稻单片段代换系 [J]. 遗传学报, 2005, 32(8): 825-831
- [6] Zhu W Y, Lin J, Yang D W. Development of chromosome segment substitution lines derived from backcross between two sequenced rice cultivars, Indica Recipient 93-11 and Japonica Donor *Nipponbare* [J]. Plant Mol Biol, 2009, 27: 126-131
- [7] 王军, 朱军燕, 周勇, 等. 基于染色体单片段代换系的水稻芒性 QTL 定位 [J]. 作物学报, 2013, 39(4): 617-625
- [8] Matus L, Corey A, Filichkin T, et al. Development and characterization of recombinant chromosome substitution lines (RCSLs) using *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* as a source of donor alleles in *Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* background [J]. Genome, 2003, 46: 1010-1023
- [9] Korff M, Wang H, Le J, et al. Development of candidate introgression lines using an exotic barley accession (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) as donor [J]. Theor Appl Genet, 2004, 109: 1736-1745
- [10] 刘树兵. 小麦近等基因系的建立及高大山羊草与小麦杂交后代的鉴定 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2005
- [11] 赵永锋. 玉米单片段导入系群体的构建及 QTL 鉴定初探 [D]. 保定: 河北农业大学, 2006
- [12] 张书红. 玉米单片段代换系群体的构建和玉米矮花叶病抗病基因的定位 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2007
- [13] 曹浩飞, 王彬, 毛克举, 等. 基于单片段代换系群体的玉米开花期性状 QTL 分析 [J]. 河南农业大学学报, 2014, 48(1): 5-10
- [14] 许诚, 王彬, 毛克举, 等. 利用单片段代换系群体定位玉米株型性状 QTL [J]. 玉米科学, 2014, 22(2): 28-34
- [15] 陈庆山, 蒋洪蔚, 孙殿君, 等. 利用野生大豆染色体片段代换系定位百粒重 QTL [J]. 大豆科学, 2014, 2(33): 154-160
- [16] 王鹏, 丁业掌, 陆琼娴, 等. 陆地棉遗传标准系 TM-1 背景的海岛棉染色体片段置换系的培育 [J]. 科学通报, 2008, 53(9): 1065-1069
- [17] 朱亚娟, 王鹏, 郭旺真, 等. 利用海岛棉染色体片段导入系定位衣分和籽指 QTL [J]. 作物学报, 2010, 36(8): 1318-1323
- [18] 王为. 渐渗系 IL6 的遗传评价和渗入片段的鉴定 [J]. 棉花学报, 2009, 21(5): 394-398
- [19] 张金凤, 石玉真, 梁燕, 等. 陆地棉染色体片段代换系 BC₅F₃ 和 BC₅F_{3,4} 产量和纤维品质性状表现的评价 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(5): 773-781
- [20] Peleman J D, vander Voort J R. Breeding by design [J]. Trends Plant Sci, 2003, 8: 330-334
- [21] 王立秋, 张祖新, 滕峰, 等. 染色体片段导入系在作物遗传育种研究中的应用 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(1): 98-104
- [22] Zhang J F, Percy R. Improving upland cotton by introducing desirable genes from Pima cotton [Z]. World Cotton Research Conference. Lubbock, 2007: 10-14