 DOI：10.13430/j.cnki.jpgr.20251005001

基于黄褐棉导入系群体定位棉花纤维品质和产量性状 QTLs

拓明喆[1]，常鑫燚[1,2]，卫雅亭[1]，张子昕[1]，阿布都克尤木·阿不都热孜克[3]，徐　麟[3]，尤春源[2]，李志博[1]，林海荣[1]，徐建伟[1]，吴元龙[1]，聂新辉[1]

（[1]石河子大学农学院，新疆石河子 832003；[2]华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室，武汉 430070；[3]新疆维吾尔自治区农业科学院作物研究所，乌鲁木齐 832000）

摘要：为挖掘黄褐棉优异基因资源并将其用于陆地棉的遗传改良，以陆地棉 B0011 为轮回亲本、黄褐棉为供体亲本构建的包含 71 个株系的 BC_5S_5 导入系群体为材料，对纤维长度、纤维比强度、马克隆值、成熟度、纤维整齐度、短纤维率、纤维伸长率、含水率 8 个纤维品质性状和单铃皮棉重、单铃籽棉重、衣分 3 个产量性状进行表型测定与 QTL 定位分析。研究表明，单铃皮棉重和短纤维率受基因型影响较强，纤维长度、纤维比强度、纤维整齐度、纤维伸长率、马克隆值和衣分受环境条件的影响较为明显，成熟度和含水率受到基因型×环境互作的影响高于基因型的影响。大部分产量性状与纤维品质性状关联较弱，但单铃籽棉重和衣分仍会受到纤维品质性状的显著影响，其中单铃籽棉重与马克隆值、纤维伸长率呈显著相关，衣分与含水率呈显著相关。共定位到 80 个 QTLs，包括 63 个与纤维品质相关的 QTLs，17 个与产量性状相关的 QTLs，分布在 21 条染色体上，贡献率高且 LOD 值大于 3.00 的 QTLs 达到 80%以上，连锁重组率高。其中 *qLW-A06-1*、*qMCF-A12-1*、*qFS-A13-1*、*qSW-A10-1* 和 *qSW-D06-1* 在多个环境中被稳定检测到。鉴定到 4 个调控多个性状的多效性位点 A10：88383565、D06：36287101、D06：55819963 和 D13：60179605，4 个位点均定位到了与短纤维率相关的 QTL。在 A01（2 个）、A10（2 个）、A13（1 个）、D04（1 个）和 D06（2 个）染色体上定位到了 8 个 QTL 簇，调控多个纤维品质性状和产量性状。研究结果为棉花分子育种实践提供了潜在的应用价值。

关键词：棉花；纤维品质；产量；多效性位点；QTL 簇

Mapping QTLs Related to Fiber Quality and Yield Traits of Cotton Based on Imported Lines of *Gossypium mustelinum*

TUO Mingzhe[1], CHANG Xinyi[1,2], WEI Yating[1], Zhang Zixin[1], ABUDUKEYOUMU Abudurezike[3], XU Lin[3], YOU Chunyuan[2], LI Zhibo[1], LIN Hairong[1], XU Jianwei[1], Wu Yuanlong[1], Nie Xinhui[1]

([1]*Agricultural College of Shihezi University*, *Shihezi 832003*, *Xinjiang*; [2]*National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement*, *Huazhong Agricultural University*, *Wuhan 430070*; [3]*Institute of Crop Sciences, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences*, *Urumqi 832000*)

Abstract: To mine elite gene resources from *Gossypium mustelinum* L. for the genetic improvement of upland cotton, a backcross introgression line (BC_5S_5) population comprising 71 lines, derived from *Gossypium hirsutum* B0011 as the recurrent parent and *Gossypium mustelinum* as the donor parent, was utilized. Phenotypic evaluation and quantitative trait locus (QTL) mapping were conducted for eight fiber quality traits (fiber length, fiber strength, micronaire value, maturity of cotton fiber, fiber uniformity, short fiber content, fiber elongation, and the water content) and three yield traits (lint weight, single boll weight, and lint percentage). Studies have shown that lint weight and short fiber content are strongly influenced by genotype; fiber length, fiber strength, fiber uniformity, fiber elongation, micronaire value and lint percentage are significantly affected by environmental conditions, while maturity of cotton fiber and the water content are influenced by genotype×environment interaction to a greater extent than by genotype alone. Most yield traits exhibit weak associations with fiber quality traits; However, single boll weight and lint percentage of are still

收稿日期：2025-10-05　　**网络出版日期**：2025-12-29
URL: https: //doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20251005001
第一作者研究方向为棉花遗传改良，E-mail: tmz116242@126.com；常鑫燚为共同第一作者
通信作者：聂新辉，研究方向为棉花遗传改良，E-mail: xjnxh2004130@126.com
吴元龙，研究方向为棉花遗传改良，E-mail: wyl0322@shzu.edu.cn
徐建伟，研究方向为棉花新品种选育及抗逆生理，E-mail: 438120660@qq.com
基金项目：国家重点研发计划（2023YFD2301203-05）；国家自然科学基金（32260510）；新疆维吾尔自治区科学技术厅重大科技专项（2022A03004）；新疆维吾尔自治区现代农业（棉花）产业技术体系（XJARS-03-16）；八师石河子市财政科技计划项目（2022NY01）
Foundation projects: National Key Research and Development Program of China (2023YFD2301203-05); National Natural Science Foundation of China (32260510); Science and Technology Major Project of the Department of Science and Technology of Xinjiang Uygur Autonomous Region (2022A03004); Xinjiang Agriculture Research System(XJARS-03-16); The Science and Technology Project of Shihezi City, Eighth Division Finance Department (2022NY01)

significantly affected by fiber quality traits, among which the single boll weight is significantly correlated with micronaire value and fiber elongation, and the lint percentage is significantly correlated with the water content. A total of 80 QTLs were identified, including 63 for fiber quality and 17 for yield traits, distributed across 21 chromosomes. A high proportion of these QTLs exhibited high contribution rates, with over 80% having a LOD value greater than 3.00 and high linkage recombination rates. Notably, five QTLs (*qLW-A06-1*, *qMCF-A12-1*, *qFS-A13-1*, *qSW-A10-1*, and *qSW-D06-1*) were stably detected across multiple environments. Furthermore, four pleiotropic loci (A10:88383565, D06:36287101, D06:55819963, and D13:60179605) were identified, all of which were associated with short fiber content. Eight QTL clusters were detected on chromosomes A01 (two), A10 (two), A13 (one), D04 (one), and D06 (two), regulating multiple fiber quality and yield traits. The research results provide potential application value for cotton molecular breeding practices.

Key words: cotton; fiber quality; yield; pleiotropic sites; QTL cluster

棉花作为纺织工业不可或缺的天然纤维来源，在国家经济发展中发挥着支柱性作用[1]。棉花栽培种中，陆地棉（*Gossypium hirsutum* L.）因其良好的适应性及高产潜力，成为全球种植范围最广的棉花种，其产量占世界棉花总产量的 95%以上[2-3]。棉花生产不仅提升了棉农的收入水平和生活质量，更是保障纺织业实现长久稳定发展的关键要素[4]。然而，育种过程中骨干亲本的长期使用和定向选育，致使陆地棉的遗传多样性逐渐降低，其相对狭窄的遗传基础阻碍了棉花产量及纤维品质的进一步遗传改良[5-6]。发掘和利用野生棉种的潜在基因，对丰富陆地棉遗传变异基础具有重要意义[7]。黄褐棉（*G. mustelinum* L.）起源于巴西东北地区，原始生存环境恶劣，具有抗虫、抗黄萎病和纤维品质优良的优异特性，基于分子进化学与系统发育学等方面的研究，黄褐棉是与陆地棉遗传距离最远的异源四倍体棉种，可能具备改良陆地棉品种的优异等位基因[8-9]。虽然黄褐棉的纤维不适用于纺织生产，但在对其高代回交群体进行 QTL 定位时，检测到与纤维品质调控相关的等位基因，说明黄褐棉可以用于改良陆地棉的纤维品质[10-11]。棉花纤维品质性状和产量性状属于复杂的数量性状，单铃籽棉重、衣分等是构成棉花产量的关键因素，纤维品质性状包括纤维长度、纤维比强度、马克隆值等，这些性状易受环境影响，且受多基因控制[12-13]。纤维品质性状和产量性状的表型往往受基因和环境的共同调控，且存在显著负相关关系[14]。

QTL 定位是通过解析整个染色体组的 DNA 标记与数量性状表型数据的关联性，进而将 QTL 锚定到染色体连锁群的相对位置，并对其遗传效应值进行评估的技术方法[15]。目前，QTL 定位在植物界广泛地应用于植物抗性、生长发育和农艺性状等方面的研究[16]。染色体片段导入系（CSILs, chromosome segments introgression lines）是指通过杂交、回交和分子标记辅助选择，从群体基因组中筛选获得具有单个或多个染色体片段代换系差异的品系，染色体片段导入系是进行 QTL 定位的理想试验材料[17-18]。焦梦佳等[19]以陆地棉鲁棉研 37 号为母本，与携有海岛棉优异纤维性状基因渐渗片段的种质系 Sealand 进行杂交，构建了由 372 个单株组成的 F_2 群体，并从中定位到 20 个与纤维品质相关的 QTLs。Keerio 等[20]以陆地棉 4105 为轮回亲本、毛棉为供体亲本，构建了包含 107 个家系的导入系群体，共鉴定到 74 个与纤维品质和产量性状相关的 QTLs。张咪[16]和孙颖[9]以黄褐棉为供体亲本、分别以陆地棉 PD94042 和中棉所 35 为轮回亲本，构建了包含 65 个家系的导入系和 564 个单株的 BC_3F_2 群体，分别鉴定到 132 个和 121 个与纤维品质和产量相关的 QTLs。

本研究选用陆地棉 B0011 作为轮回亲本、黄褐棉作为供体亲本，通过回交后自交，构建了包含 71 个株系的黄褐棉导入系群体（BC_5S_5 群体），利用该群体定位与棉花纤维品质及产量性状相关的 QTL 位点，为陆地棉纤维品质和产量性状的改良和新品种的选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以黄褐棉为供体亲本、综合性状优良的非转基因常规陆地棉品系 B0011 为轮回亲本，构建了包含 71 个株系的黄褐棉导入系群体（BC_5S_5 群体）。黄褐棉具有抗虫、抗黄萎病和纤维品质优良的特性；B0011 是国家审定棉花品种华杂棉 H318 的母本材料，在单株结铃数（27.9 个）、单铃重（5.9 g）和衣分（41.4%）等产量性状上表现优良，且纤维长度（30.3 mm）和纤维比强度（31 cN/tex）性状表现优异；所用亲本材料均由华中农业大学提供[21]。BC_5S_5 群体和陆地棉 B0011 均于 2018 年在新疆农业科学院玛纳斯试验站（2018_MNS）和库尔勒试验站（2018_KEL）种植，于 2019 年在新疆农业科学院玛纳斯试验站（2019_MNS）种植。每年每点 2 个重复，采用随机区组试验设计。种植模式为一膜四行，每小区长 5 m，株距 9.5 cm，小区内材料的行间距分别为 28 cm、50 cm 和 28 cm，膜间距为 55 cm，小区面积为 8.05 m^2，每小区种植 210 株。

1.2 纤维品质性状及产量性状表型调查

在棉花自然吐絮成熟期间，人工连续采拾每个家系中部正常吐絮的棉花 10 朵，用于纤维品质性状及产量性状的考种鉴定[22]。8 个纤维品质性状包括纤维长度、纤维比强度、成熟度、马克隆值、短纤维率、纤维整齐度、纤维伸长率及含水率；3 个产量性状包括单铃籽棉重、单铃皮棉重和衣分。

1.3 数据分析

使用 SPSS 24.0 软件对 3 个环境的 BC_5S_5 群体数据的最大值、最小值、均值及标准偏差等特征进行描述统计，并基于单因素一般线性模型对基因型、环境及互作进行方差分析[23]。利用 R 语言“lme4”包（https://cran.r-project.org/web/packages/lme4/index.html）的线性混合模型评估广义遗传力（H^2, broad-sense heritability）[24]。各性状间的皮尔逊相关系数由 R 语言“corrplot”包（https://github.com/taiyun/ corrplot）计算并可视化相关矩阵[25]。

1.4 QTL 定位

本研究构建的 BC_5S_5 群体为非标准单片段导入系，参照沈超等[26]和 Wang 等[27]的定位方法进行 QTL 定位。基于沈超等[26]提供的 BC_5S_5 群体 SLAF-seq 测序数据，共发现了 2839 个 SNP 标记，结合表型数据，使用 QTL IciMapping 4.1（ https://www.isbreeding.net/ ）软件的 CSL 功能基于逐步回归加性效应模型（RSTER-LRT-ADD），检测与棉花纤维品质和产量性状相关 QTL[28]，设 LOD≥2.5。QTL 命名参照 McCouch

等[29]提出的命名规则，若在同一染色体上检测到多个与同一性状相关的 QTL，将 QTL 编号为“1”、“2”、“3”等以便区分不同 QTL 位点。同时在两个或两个以上环境检测到的 QTL 视为稳定 QTL[30]。物理图谱使用 R 语言“LinkageMapView”包（https://cran.r-project.org/web/packages/LinkageMapView/index.html）进行可视化[31]。

1.5 QTL 共定位分析及 QTL 簇识别

将检测到的稳定 QTL 与 CottonQTLdb 数据库（http://www2.cottonqtldb.org:8081/traits）比较[32]，在 Cottongen 数据库（https://www.cottongen.org/find/markers）中查询标记并确定 QTL 的物理位置[33]。若数据库中已报道的 QTL 与本研究检测的 QTL 具有相同或重叠的物理位置，则被视为对已有 QTL 的重复鉴定[32]。

同一染色体置信区间在 20 cM 范围内有 3 个及以上 QTL（可为连锁不同性状的 QTL）称为 QTL 簇[34]，基于种间遗传图谱的整合结果，棉花基因组中遗传距离与物理距离的对应关系为平均 1 cM 相当于 0.5 Mb[20, 35]。据此，本研究将在同一染色体置信区间 10 Mb 内包含 3 个及以上的 QTL 定义为 QTL 簇。

2 结果与分析

2.1 纤维品质性状和产量性状在多个环境中的表现

由表 1 可知，纤维品质性状和产量性状在不同环境中的偏度绝对值均小于 1，结合峰度数据分析，3 个环境中的纤维品质性状和产量性状均呈现连续的正态分布特征（图 1，图 2），符合数量性状遗传的基本规律。不同性状受环境的影响存在显著差异，纤维整齐度和成熟度在不同环境间表现稳定，变异系数为 1.06%~1.83%；而纤维伸长率和短纤维率受环境影响较大（图 3，图 4），变异系数为 12.69%-21.73%，具有出较高的表型变异。同时，纤维长度、马克隆值、含水率、单铃籽棉重、单铃皮棉重和衣分均表现出较高的遗传力。以上结果表明，纤维品质性状和产量性状符合典型的多基因调控的数量性状遗传特性，可用于 QTL 定位研究。

表 1 BC_5S_5 群体纤维品质性状和产量性状描述统计

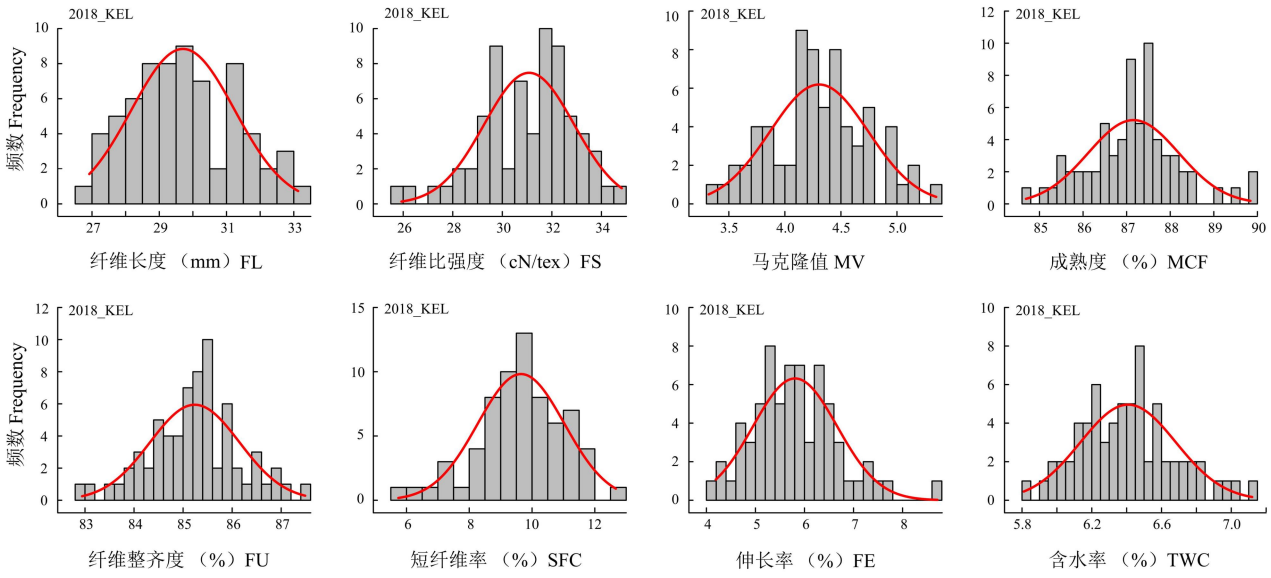
Table 1 Descriptive statistics of fiber quality traits and yield traits in the BC_5S_5 population

性状 Traits	环境 Environment	最大值 Max.	最小值 Min.	均值 Mean	标准差 *SD*	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness	变异系数（%） *CV*	遗传力（%） H^2
纤维长度（mm）	2018_KEL	33.13	26.92	29.73	1.55	−0.73	0.24	5.21	40.51
FL	2018_MNS	32.03	25.28	29.10	1.53	−0.04	−0.34	5.27	
	2019_MNS	33.38	27.33	29.88	1.26	0.15	0.68	4.36	
纤维比强度（cN/tex）	2018_KEL	34.82	25.93	31.07	1.79	0.39	−0.52	5.76	12.86
FS	2018_MNS	35.50	23.21	29.42	2.34	0.32	−0.15	7.97	
	2019_MNS	36.10	26.20	31.06	2.15	−0.09	0.18	6.92	
纤维整齐度（%）	2018_KEL	87.49	82.94	85.24	0.90	0.37	−0.09	1.06	1.87
FU	2018_MNS	86.76	79.75	83.26	1.52	−0.23	−0.04	1.83	
	2019_MNS	88.90	82.50	85.44	1.27	0.61	0.31	1.49	
纤维伸长率（%）	2018_KEL	8.71	4.19	5.80	0.85	1.06	0.68	14.66	27.20
FE	2018_MNS	7.09	2.07	4.67	1.02	−0.03	0.32	21.73	
	2019_MNS	8.90	3.20	6.32	1.25	−0.42	−0.17	19.78	
马克隆值	2018_KEL	5.35	3.32	4.31	0.44	−0.34	0.03	10.21	46.93
MV	2018_MNS	5.82	3.65	4.72	0.44	−0.16	0.14	9.32	
	2019_MNS	5.53	3.33	4.40	0.41	0.35	−0.03	9.32	

成熟度（%）	2018_KEL	89.84	84.69	87.17	1.03	0.62	0.15	1.18	15.38
MCF	2018_MNS	90.71	85.48	88.09	1.09	−0.12	0.14	1.24	
	2019_MNS	90.18	84.06	87.11	1.23	0.15	−0.35	1.41	
短纤维率（%）	2018_KEL	12.67	5.74	9.64	1.37	0.49	−0.45	14.21	6.88
SFC	2018_MNS	17.59	8.29	12.38	2.11	0.08	0.47	17.04	
	2019_MNS	11.90	6.90	9.06	1.15	−0.13	0.43	12.69	
含水率（%）	2018_KEL	7.12	5.81	6.41	0.27	0.07	0.35	4.21	42.93
TWC	2018_MNS	7.37	6.07	6.64	0.30	−0.07	0.48	4.55	
	2019_MNS	8.50	7.10	7.80	0.30	0.02	0.30	3.85	
单铃籽棉重（g）	2018_KEL	6.16	4.28	5.20	0.44	−0.48	0.23	8.46	33.16
SW	2018_MNS	6.01	4.09	5.06	0.40	−0.20	0.22	7.91	
	2019_MNS	6.34	3.94	5.17	0.49	0.04	0.17	9.48	
单铃皮棉重（g）	2018_KEL	2.88	1.70	2.18	0.24	0.03	0.35	11.01	35.51
LW	2018_MNS	2.82	1.73	2.18	0.23	0.16	0.33	10.55	
	2019_MNS	2.85	1.62	2.23	0.27	−0.34	0.10	12.11	
衣分（%）	2018_KEL	47.35	35.59	41.83	2.92	−0.70	−0.06	6.98	47.76
LP	2018_MNS	48.23	35.42	43.16	2.68	0.16	−0.61	6.21	
	2019_MNS	47.38	34.47	43.14	2.71	−0.36	−0.01	6.28	

2018_KEL：2018 年库尔勒试验站；2018_MNS：2018 年玛纳斯试验站；2019_MNS：2019 年玛纳斯试验站

FL: Fiber length; FS: Fiber strength; FU: Fiber uniformity; FE: Fiber elongation; MV: Micronaire value; MCF: Maturity of cotton fiber; SFC: Short fiber content; TWC:The water content; SW: single boll wight; LW: lint weight; LP: lint percentage; H^2: Broad-sense heritability; 2018_KEL: At the Korla Experimental Station in 2018; 2018_MNS: At the Manas Experimental Station in 2018; 2019_MNS: At the Manas Experimental Station in 2019; The same as below



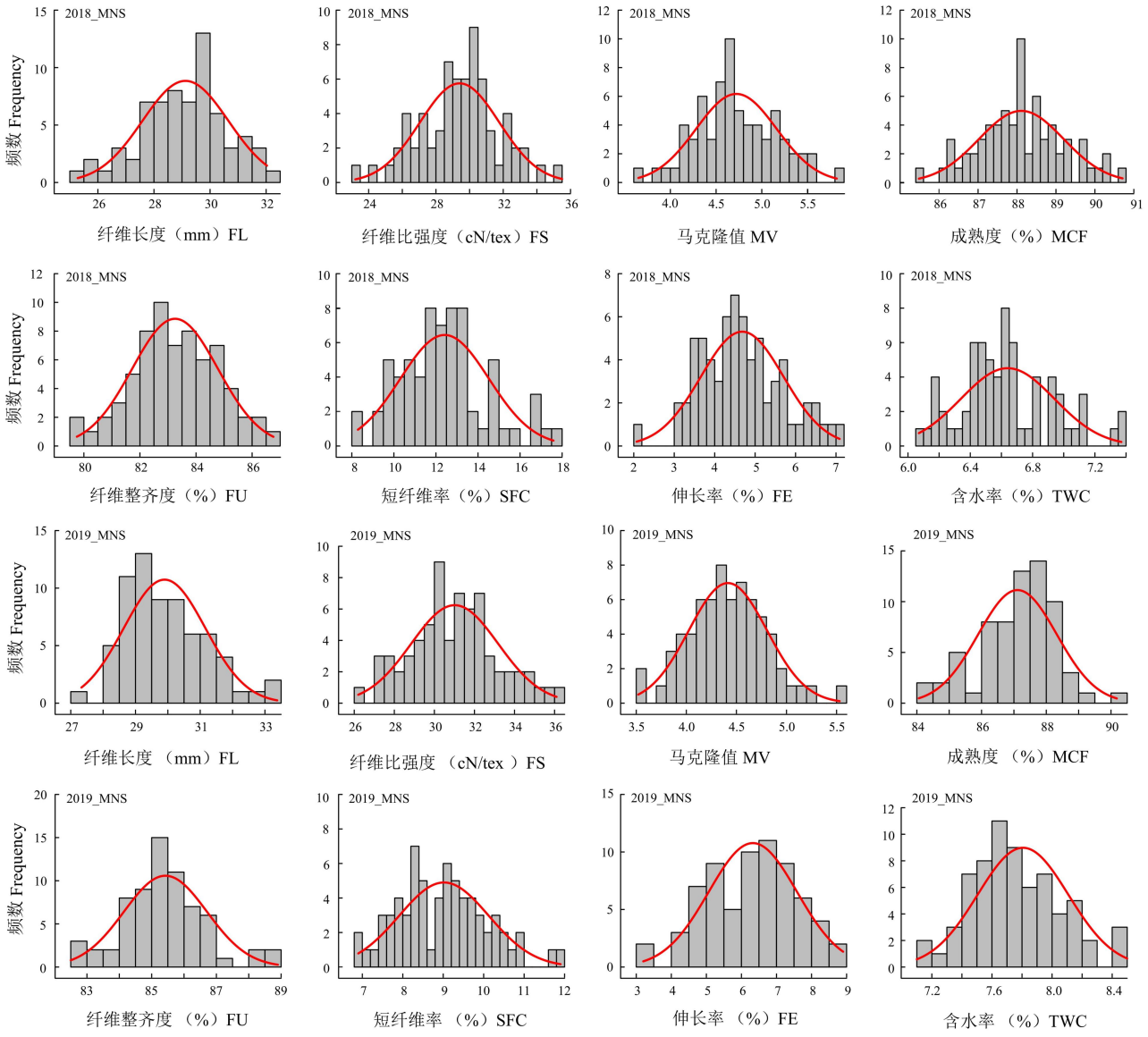


图 1 BC_5S_5 群体纤维品质性状在多环境中的频数分布

Fig. 1 Frequency distribution of fiber quality traits in the BC_5S_5 population across multiple environments

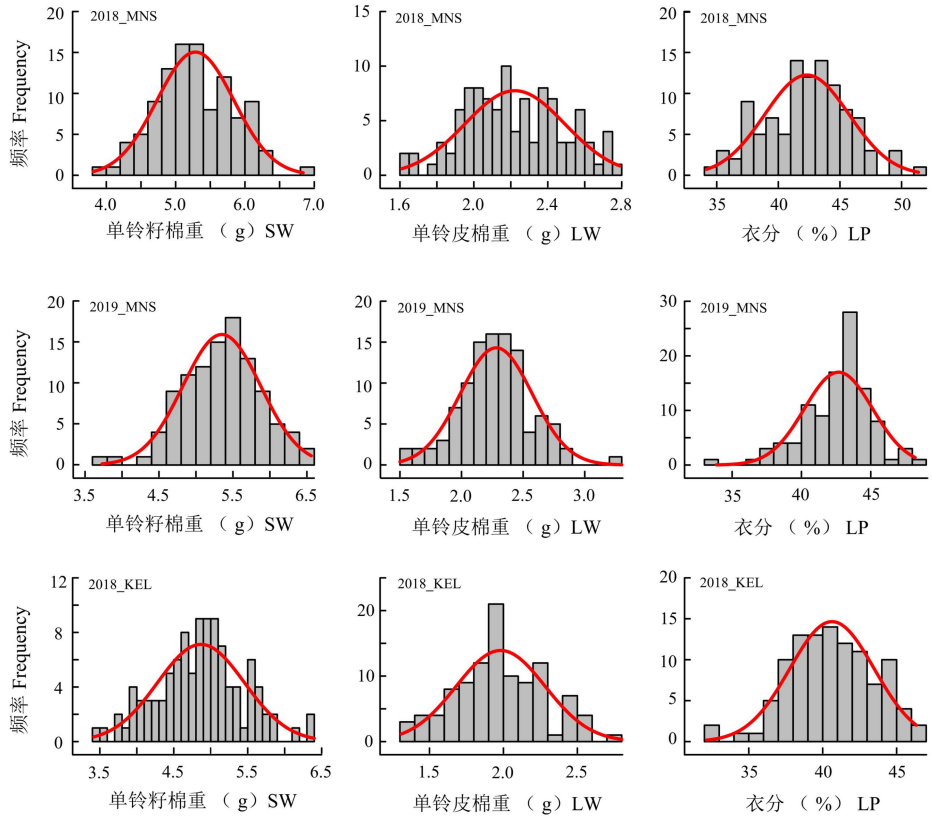


图 2 BC_5S_5 群体产量性状在多环境中的频数分布

Fig. 2 Frequency distributions of yield traits in the BC_5S_5 population across multiple environments

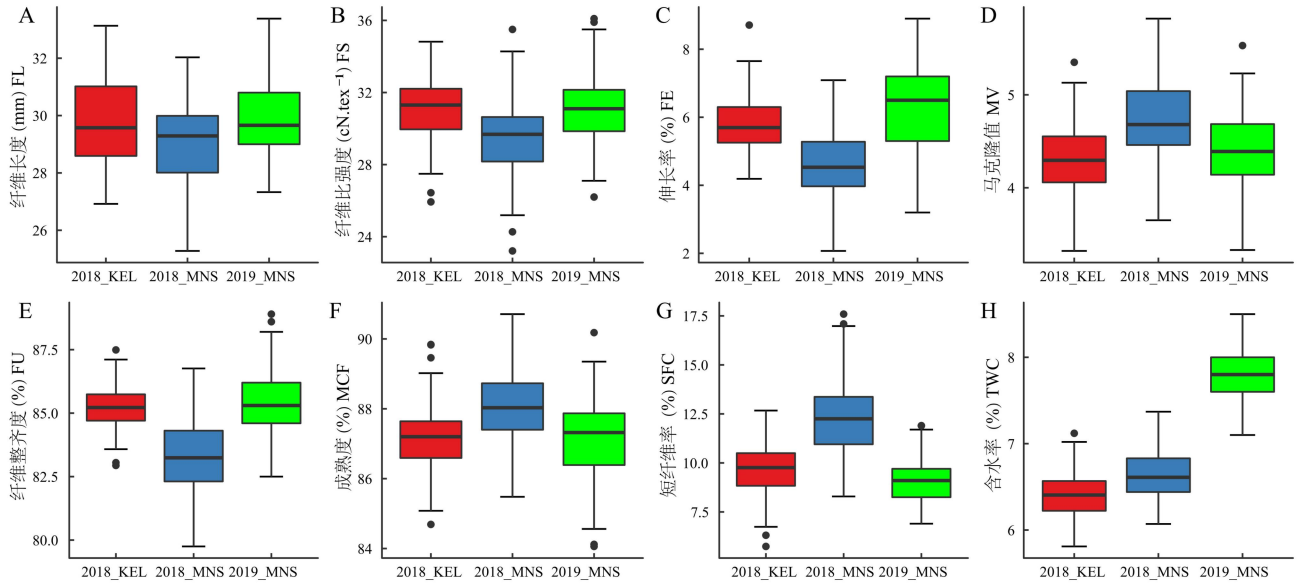


图 3 BC_5S_5 群体纤维品质性状在多环境中的比较

Fig. 3 Comparison of fiber quality traits of BC_5S_5 population in multiple environments

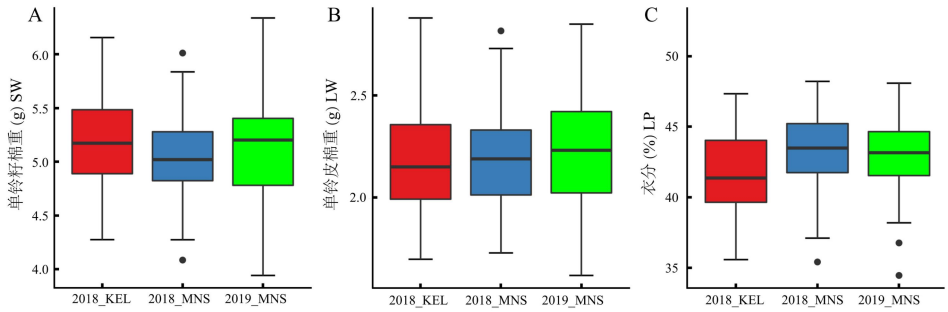


图 4 BC_5S_5 群体产量性状在多环境中的比较

Fig. 4 Comparison of yield traits of BC_5S_5 population in multiple environments

2.2 方差分析

方差分析数据显示（表 2），单铃籽棉重的基因型×环境互作效应未达到显著水平，其他性状的基因型、环境、基因型×环境效应均达极显著水平。根据 *F* 值分析各性状达到极显著水平的变异来源，发现纤维长度、纤维比强度、纤维整齐度、纤维伸长率、马克隆值和衣分均表现出环境效应＞基因型效应＞基因型×环境互作效应的规律，说明这些性状易受环境条件的影响。值得注意的是，成熟度和含水率的基因型×环境互作效应强于基因型效应，表明对成熟度和含水率来说，基因型与环境的互作效应比基因型本身的遗传效应更值得关注；而短纤维率和单铃皮棉重则表现出基因型效应强于基因型×环境互作效应，说明短纤维率和单铃皮棉重主要受遗传因素控制。

表 2 BC_5S_5 群体纤维品质性状和产量性状的不同环境间的双向方差分析

Table 2 Two way analysis of variance of fiber quality and yield traits in the BC_5S_5 population across different environments

性状 Traits	来源 Source	平方和 SS	自由度 *df*	均方 MS	*F* 值 *F*-value
纤维长度 FL	基因型	442.186	70	6.317	9.009***
	环境	94.852	2	47.426	67.635***
	基因型×环境	525.333	139	3.779	5.390***
纤维比强度 FS	基因型	695.979	70	9.943	15.819***
	环境	324.067	2	162.034	257.800***
	基因型×环境	1157.261	137	8.447	13.440***
纤维整齐度 FU	基因型	3062.644	70	43.752	7.998***
	环境	1288.650	2	644.325	117.777***
	基因型×环境	5546.685	139	39.904	7.294***
纤维伸长率 FE	基因型	184.698	70	2.639	109.857***
	环境	193.107	2	96.553	202.006***
	基因型×环境	280.966	138	2.036	84.770***
马克隆值 MV	基因型	397.304	70	5.676	49.887***
	环境	61.702	2	30.851	271.161***
	基因型×环境	689.801	140	4.927	43.307***
成熟度 MCF	基因型	168.195	70	2.403	1.899***
	环境	83.730	2	41.865	33.083***
	基因型×环境	414.608	137	3.026	2.391***

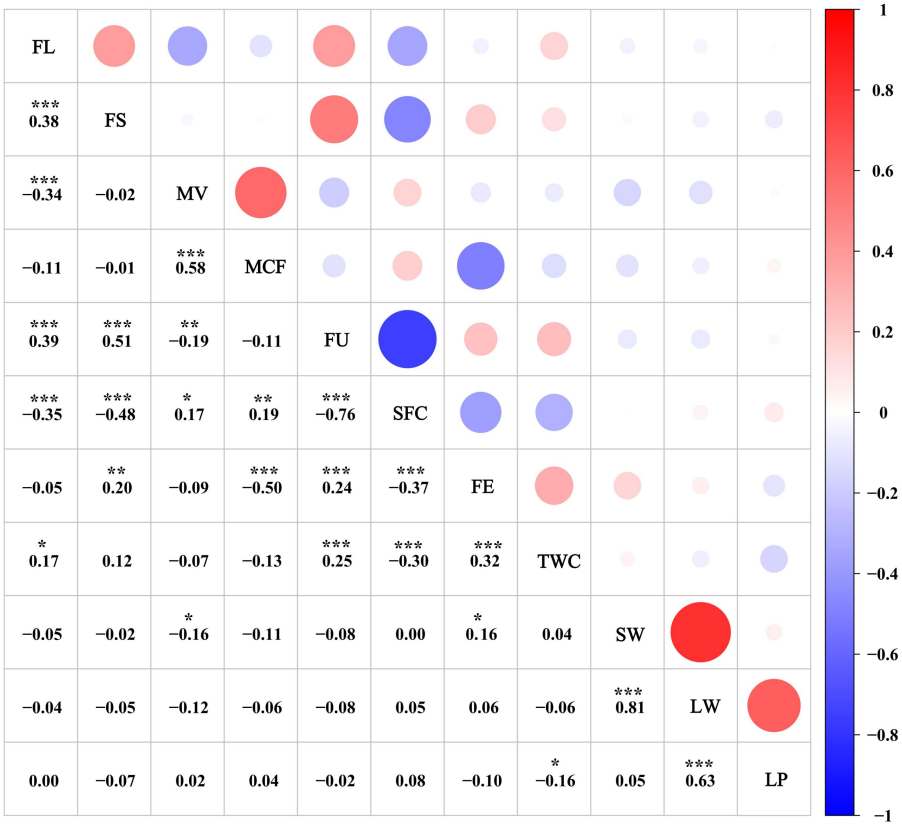
短纤维率 SFC	基因型	374.694	70	5.353	158.139***
	环境	891.441	2	445.720	131.681***
	基因型×环境	685.694	137	5.005	147.866***
含水率 TWC	基因型	14.657	70	0.209	4.504***
	环境	165.170	2	82.585	177.536***
	基因型×环境	29.547	137	0.216	4.639***
单铃籽棉重 SW	基因型	15.339	70	0.219	0.763**
	环境	0.439	2	0.220	0.765**
	基因型×环境	18.933	139	0.136	0.474
单铃皮棉重 LW	基因型	4.811	70	0.069	0.980***
	环境	0.032	2	0.016	0.230***
	基因型×环境	7.904	140	0.056	0.805**
衣分 LP	基因型	1780.136	70	25.431	46.744***
	环境	153.409	2	76.704	140.991***
	基因型×环境	1640.776	139	11.804	21.697***

、*分别表示在 *P*<0.01 和 *P*<0.001 水平差异极显著；个别数据缺失，自由度发生改变

SS: Sum of squares; *df*: Degree of freedom; MS: Mean square; **, *** indicate extremely significant differences at *P*<0.01 and *P*<0.001 levels, respectively; Some data are missing, leading to a change in degrees of freedom

2.3 相关性分析

棉花产量性状与纤维品质性状均属于数量性状，其遗传调控涉及多基因的协同作用。为明确各性状间的内在关联，对上述性状进行了相关性分析（图 5）。结果表明，纤维品质性状之间存在复杂的关联，纤维长度（FL）与纤维比强度（FS）、纤维整齐度（FU）均呈极显著正相关，与马克隆值（MV）、短纤维率（SFC）均呈极显著负相关。纤维比强度（FS）与纤维整齐度（FU）、纤维伸长率（FE）均呈极显著正相关，与短纤维率（SFC）呈极显著负相关。马克隆值（MV）与成熟度（MCF）呈极显著正相关。成熟度（MCF）与纤维伸长率（FE），纤维整齐度（FU）与短纤维率（SFC）以及短纤维率（SFC）与纤维伸长率（FE）均呈极显著负相关。在产量性状与纤维品质性状的关联方面，单铃皮棉重（LW）与纤维品质性状无显著相关性。单铃籽棉重（SW）与马克隆值（MV）呈显著负相关，与纤维伸长率（FE）呈显著正相关，衣分（LP）与含水率（TWC）呈显著负相关，说明虽然大部分产量性状与纤维品质性状关联较弱，但产量性状仍会受到个别纤维品质性状的显著影响。



性状名称缩写同表 1；*、**、***分别表示在 $P<0.05$、$P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平显著相关

The abbreviation of the trait name is the same as table 1; *, **, *** indicate significance correlation at $P<0.05$, $P<0.01$ and $P<0.001$ levels, respectively

图 5 纤维品质性状和产量性状间的 Pearson′s 相关性分析

Fig. 5 Pearson′s correlation analysis between fiber quality traits and yield traits

2.4 纤维品质性状和产量相关性状 QTL 定位

基于表型和基因型数据关联分析，在 3 个环境中共鉴定到 80 个与纤维品质及产量性状相关联的 QTLs（图 6），包含 63 个与纤维品质相关的 QTLs 和 17 个与产量性状相关的 QTLs，这些 QTLs 分布于 21 条染色体。其中，在 D06 染色体上检测到 12 个 QTLs，在 A01 和 A10 染色体上各检测到 9 个 QTLs，在 A13 染色体上检测到 8 个 QTLs，D04 染色体存在 5 个 QTLs，在 A09、A12、D07 和 D13 染色体上各检测到 4 个 QTLs，在 A07 和 D09 染色体上各检测到 3 个 QTLs，在 A02、A03、A06、A11 和 D01 染色体上各检测到 2 个 QTLs，在 A05、A08、D02、D11 和 D12 染色体上均只检测到 1 个 QTL。

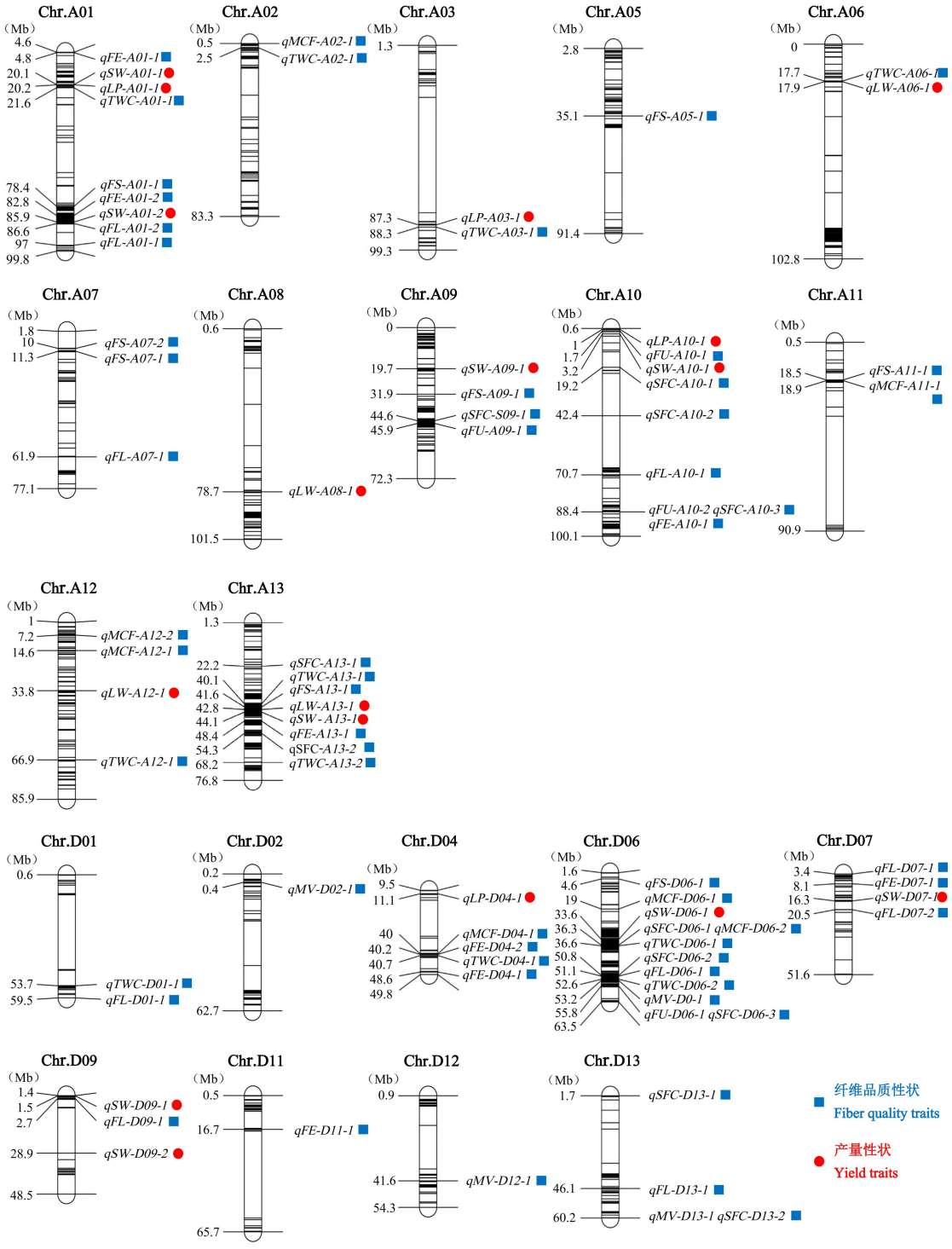


图 6 与纤维品质性状和产量性状相关 QTLs 在染色体上的分布

Fig. 6 Chromosomal distribution of QTLs associated with fiber quality and yield traits

2.4.1 **纤维品质相关性状** QTL 由表 3 可知，共检测到 10 个与纤维长度相关的 QTLs，定位在 8 条染色体上（A01、A07、A10、D01、D06、D07、D09、D13），贡献率 9.11%~19.68%，LOD 值 2.55~5.19，加性效应值为－0.85~1.6。检测到 8 个与纤维比强度相关的 QTLs，定位在 7 条染色体上（A01、A05、A07、A09、A11、A13、D06），贡献率 8.81%~20.48%，LOD 值 2.93~4.40，加性效应值为－2.53~0.94。检测到 8 个与

纤维伸长率相关的 QTLs，定位在 6 条染色体上（A01、A10、A13、D04、D07、D11），贡献率 5.12%~21.19%，LOD 值 2.86~9.37，加性效应值为－0.85~1.47。检测到 4 个与马克隆值相关的 QTLs，定位在 4 条染色体上（D02、D06、D12、D13），贡献率 9.56%~19.20%，LOD 值 2.62~4.88，加性效应值为－0.57~0.16。检测到 4 个与纤维整齐度相关的 QTLs，定位在 3 条染色体上（A09、A10、D06），贡献率 8.26%~27.80%，LOD 值 3.11~8.64，加性效应值为－1.15~－0.57。检测到 7 个与成熟度相关的 QTLs，定位在 5 条染色体上（A02、A11、A12、D04、D06），贡献率 12.01%~17.53%，LOD 值 2.69~3.88，加性效应值为－1.36~1.00。检测到 11 个与短纤维率相关的 QTLs，定位在 5 条染色体上（A09、A10、A13、D06、D13），贡献率 2.40%~20.13%，LOD 值 3.00~18.43，加性效应值为－1.39~1.90。检测到 11 个与含水率相关的 QTLs，定位在 9 条染色体上（A01、A02、A03、A06、A12、A13、D01、D04、D06），贡献率 6.56%~23.72%，LOD 值 2.73~8.62，加性效应值为－0.15~0.33。值得注意的是，与纤维比强度相关的 *qFS-A13-1* 在 3 个（2018_KEL、2018_MNS、2019_MNS）环境中被稳定检测到，与成熟度相关的 *qMCF-A12-1* 在 2 个（2018_KEL、2018_MNS）环境中被稳定检测到。

表 3 纤维品质性状的 QTL 相关信息

Table 3 QTL-related information for fiber quality traits

性状 Traits	QTL	环境 Environment	染色体 Chr.	位置（Mb） Position	LOD	贡献率（%） PVE	加性效应 Add	参考文献 Reference
纤维长度 FL	*qFL-A01-1*	2018_KEL	A01	97.02	3.35	11.93	0.58	
	qFL-A01-2	2019_MNS	A01	86.62	5.19	19.51	1.60	
	qFL-A07-1	2018_KEL	A07	61.93	3.46	12.37	－0.85	
	qFL-A10-1	2019_MNS	A10	70.73	2.68	9.26	－0.71	
	qFL-D01-1	2018_MNS	D01	59.49	4.27	19.68	－0.75	
	qFL-D06-1	2019_MNS	D06	51.14	3.23	11.37	0.73	
	qFL-D07-1	2018_KEL	D07	3.43	4.77	17.85	1.40	
	qFL-D07-2	2019_MNS	D07	20.50	4.09	14.82	0.55	
	qFL-D09-1	2018_KEL	D09	2.70	2.62	9.11	0.78	[36]
	qFL-D13-1	2018_MNS	D13	46.15	2.55	11.07	0.81	
纤维比强度 FS	*qFS-A01-1*	2018_MNS	A01	78.44	2.93	14.18	－2.20	[36]
	qFS-A05-1	2019_MNS	A05	35.07	4.24	20.48	－1.08	[36]
	qFS-A07-1	2018_KEL	A07	11.26	4.40	13.53	－1.16	[26, 36]
	qFS-A07-2	2018_KEL	A07	9.96	4.38	13.48	－1.26	
	qFS-A09-1	2018_KEL	A09	31.90	3.83	11.56	－2.53	
	qFS-A11-1	2019_MNS	A11	18.47	3.09	14.38	0.83	
	qFS-A13-1	2018_KEL	A13	41.61	4.25	12.99	－1.57	
		2018_MNS	A13	41.61	3.47	17.11	－2.42	
		2019_MNS	A13	41.61	3.47	20.16	－1.42	
	qFS-D06-1	2018_KEL	D06	4.58	3.01	8.81	0.94	[36]
纤维伸长率 FE	*qFE-A01-1*	2018_MNS	A01	4.78	4.02	7.51	1.20	
	qFE-A01-2	2018_KEL	A01	82.80	2.88	17.24	1.47	
	qFE-A10-1	2018_MNS	A10	88.40	3.99	7.44	－0.85	[26, 37]
	qFE-A13-1	2018_MNS	A13	48.36	2.98	5.37	－0.34	
	qFE-D04-1	2018_MNS	D04	48.59	2.86	5.12	0.70	
	qFE-D04-2	2018_MNS	D04	40.15	7.43	15.65	1.23	
	qFE-D07-1	2018_MNS	D07	8.07	9.37	21.19	0.58	[38]
	qFE-D11-1	2018_MNS	D11	16.66	4.90	9.44	0.32	
马克隆值 MV	*qMV-D02-1*	2019_MNS	D02	4.23	4.88	19.20	－0.57	[38]

	qMV-D06-1	2018_MNS	D06	53.17	3.07	18.52	−0.33	[39]
	qMV-D12-1	2019_MNS	D12	41.58	3.74	14.16	0.16	
	qMV-D13-1	2019_MNS	D13	60.18	2.62	9.56	−0.14	
纤维整齐度 FU	*qFU-A09-1*	2018_MNS	A09	45.90	4.21	11.60	−0.57	
	qFU-A10-1	2018_MNS	A10	1.69	3.94	10.72	−0.70	
	qFU-A10-2	2018_MNS	A10	88.38	3.11	8.26	−1.15	
	qFU-D06-1	2018_MNS	D06	55.82	8.64	27.80	−1.04	
成熟度 MCF	*qMCF-A02-1*	2019_MNS	A02	0.53	2.69	12.01	−1.25	
	qMCF-A11-1	2019_MNS	A11	18.90	3.01	13.55	0.86	
	qMCF-A12-1	2018_KEL	A12	14.56	3.88	16.56	0.63	
		2018_MNS	A12	14.56	3.69	16.97	1.00	
	qMCF-A12-2	2018_KEL	A12	7.18	2.72	12.61	−0.93	
	qMCF-D04-1	2018_MNS	D04	40.00	3.52	16.21	−0.68	
	qMCF-D06-1	2019_MNS	D06	19.04	3.14	14.20	−1.36	
	qMCF-D06-2	2018_KEL	D06	36.29	3.67	17.53	−0.66	
短纤维率 SFC	*qSFC-A09-1*	2018_MNS	A09	44.63	9.47	7.32	−0.87	
	qSFC-A10-1	2019_MNS	A10	19.16	3.00	17.66	0.76	
	qSFC-A10-2	2018_MNS	A10	42.39	5.05	3.33	−0.82	
	qSFC-A10-3	2018_MNS	A10	88.38	11.35	9.42	1.90	
	qSFC-A13-1	2018_MNS	A13	22.23	3.80	2.40	0.39	
	qSFC-A13-2	2018_MNS	A13	54.33	15.44	14.99	−1.39	
	qSFC-D06-1	2018_MNS	D06	36.29	8.38	6.23	0.89	
	qSFC-D06-2	2018_MNS	D06	50.82	11.23	9.28	1.01	
	qSFC-D06-3	2018_MNS	D06	55.82	18.43	20.13	1.37	[39]
	qSFC-D13-1	2018_MNS	D13	1.74	8.09	5.95	0.75	
	qSFC-D13-2	2018_MNS	D13	60.18	10.91	8.90	0.79	
含水率 TWC	*qTWC-A01-1*	2018_MNS	A01	21.64	8.62	23.72	0.33	
	qTWC-A02-1	2018_KEL	A02	2.52	3.00	7.13	−0.08	
	qTWC-A03-1	2018_KEL	A03	88.26	8.02	22.73	0.23	
	qTWC-A06-1	2019_MNS	A06	17.67	2.73	16.21	0.12	
	qTWC-A12-1	2018_KEL	A12	66.95	2.78	6.56	0.10	
	qTWC-A13-1	2018_KEL	A13	40.15	3.41	8.22	−0.11	
	qTWC-A13-2	2018_MNS	A13	68.24	4.59	10.93	0.31	
	qTWC-D01-1	2018_KEL	D01	53.66	6.81	18.49	0.20	
	qTWC-D04-1	2018_MNS	D04	40.72	4.23	9.95	0.10	
	qTWC-D06-1	2018_MNS	D06	36.64	3.22	7.30	−0.15	
	qTWC-D06-2	2018_MNS	D06	52.62	5.78	14.35	0.25	

PVE: Phenotypic variation explained; Add: Additive effect; The same as below

2.4.2 **产量相关性状** QTL　由表 4 可知，共检测到 9 个与单铃籽棉重相关的 QTLs，定位在 7 条染色体上（A01、A09、A10、A13、D06、D07、D09），贡献率 8.44%~21.59%，LOD 值 2.63~5.58，加性效应值为−3.08~1.47。检测到 4 个与单铃皮棉重相关的 QTLs，定位在 4 条染色体上（A06、A08、A11、A13），贡献率 10.92%~27.03%，LOD 值 2.78~6.14，加性效应值为−2.83~0.51。检测到 4 个与衣分相关的 QTLs，定位在 4 条染色体上（A01、A03、A10、D04），贡献率 11.35%~19.61%，LOD 值 2.83~4.60，加性效应值为 0.18~1.24。其中，与单铃籽棉重相关的 *qSW-A10-1* 和 *qSW-D06-1* 分别在 3 个（2018_KEL、2018_MNS、2019_MNS）和 2 个（2018_KEL、2019_MNS）环境中被稳定检测到，与单铃皮棉重相关的 *qLW-A06-1* 在 2 个（2018_KEL、2018_MNS）环境中被检测到。

表 4 产量性状的 QTL 相关信息

Table 4 QTL-related information for yield traits

性状 Traits	QTL	环境 Environment	染色体 Chr.	位置（Mb） Position	LOD	贡献率（%） PVE	加性效应 Add	参考文献 Reference
单铃籽棉重 SW	*qSW-A01-1*	2018_KEL	A01	20.09	5.33	14.53	0.25	
	qSW-A01-2	2018_KEL	A01	85.86	3.61	9.29	0.20	
	qSW-A09-1	2019_MNS	A09	19.69	2.69	10.85	1.47	
	qSW-A10-1	2018_KEL	A10	3.24	3.44	8.79	−0.16	
		2018_MNS	A10	3.24	4.76	21.05	−1.17	
		2019_MNS	A10	3.24	4.96	21.59	−3.08	
	qSW-A13-1	2018_KEL	A13	44.11	5.58	15.35	−0.18	
	qSW-D06-1	2018_KEL	D06	33.58	4.61	12.27	−0.09	
		2019_MNS	D06	33.58	2.65	10.67	−1.07	
	qSW-D07-1	2018_MNS	D07	16.32	2.63	14.43	0.18	
	qSW-D09-1	2018_KEL	D09	1.46	3.31	8.44	−0.10	
	qSW-D09-2	2018_MNS	D09	28.94	2.80	15.49	−0.37	
单铃皮棉重 LW	*qLW-A06-1*	2018_KEL	A06	17.86	3.16	15.80	0.11	
		2018_MNS	A06	17.86	6.14	27.03	0.28	
	qLW-A08-1	2018_MNS	A08	78.68	2.78	10.92	0.51	
	qLW-A12-1	2019_MNS	A12	33.85	3.04	17.90	−2.83	
	qLW-A13-1	2018_KEL	A13	42.84	2.94	14.57	0.19	
衣分 LP	*qLP-A01-1*	2018_MNS	A01	20.25	3.23	13.14	0.34	
	qLP-A03-1	2018_MNS	A03	87.30	4.60	19.61	0.48	
	qLP-A10-1	2018_MNS	A10	1.04	2.83	11.35	0.18	[36]
	qLP-D04-1	2019_MNS	D04	11.12	2.89	17.31	1.24	

2.5 QTL 位点多效性分析

由图 7 可知，在 A10 染色体的 88383565 bp 位置检测到 *qFU-A10-2* 和 *qSFC-A10-3* 两个 QTLs，在 D06 染色体的 36287101 bp 和 55819963 bp 位置分别检测到 *qMCF-D06-2* 与 *qSFC-D06-1* 和 *qFU-D06-1* 与 *qSFC-D06-3* 四个 QTLs，在 D13 染色体的 60179605 bp 位置检测到 *qMV-D13-1* 和 *qSFC-D13-2* 两个 QTLs，表明以上染色体位置内的候选基因可能具有同时调控多个性状的多效性。另外，与短纤维率相关的 QTL 在 4 个位点中均被检测到。

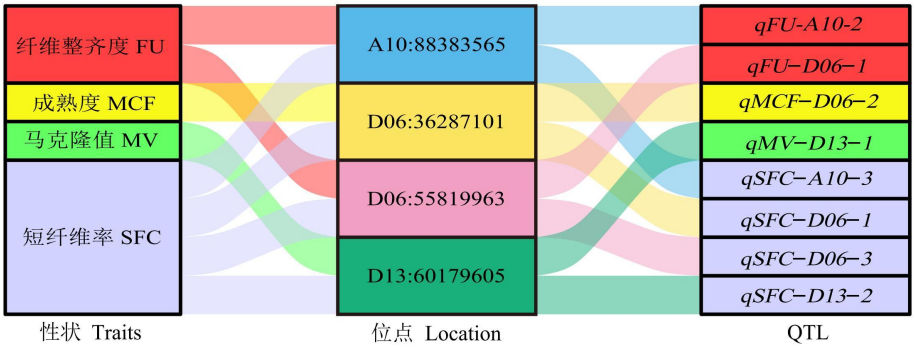


图 7 QTL 多效性位点关联图

Fig. 7 QTL pleiotropy locus association map

2.6 QTL 簇

由表 5 可知，共鉴定到 8 个 QTL 簇，包含 30 个 QTLs。其中，在 A01 染色体上定位到 Cluster-1 和 Cluster-2

两个 QTL 簇，Cluster-1 包含了与单铃籽棉重、衣分和含水率相关的 3 个 QTLs，Cluster-2 包含了与纤维长度、纤维比强度、纤维伸长率和单铃籽棉重相关的 4 个 QTLs。在 A10 染色体上定位到 Cluster-3 和 Cluster-4 两个 QTL 簇，Cluster-3 包含了与纤维整齐度、单铃籽棉重和衣分相关的 3 个 QTLs，Cluster-4 包含了与纤维伸长率、纤维整齐度和短纤维率相关的 3 个 QTLs。在 A13 染色体上定位到 1 个 Cluster-5 QTL 簇，包含了与纤维比强度、含水率、单铃籽棉重和单铃皮棉重相关的 4 个 QTLs。在 D04 染色体上定位到 1 个 Cluster-6 QTL 簇，包含了与纤维伸长率、成熟度和含水率相关的 3 个 QTLs。在 D06 染色体上定位到 Cluster-7 和 Cluster-8 两个 QTL 簇，Cluster-7 包含了与成熟度、短纤维率、含水率和单铃籽棉重相关的 4 个 QTLs，Cluster-8 包含了与纤维长度、纤维整齐度、马克隆值、短纤维率（*qSFC-D06-2* 和 *qSFC-D06-3*）和含水率相关的 6 个 QTLs。在相同或者相近的位置检测到多个控制不同性状的 QTL，表明控制不同性状的基因可能发生连锁或一因多效，为分子标记育种提供了候选区间。

表 5 纤维品质和产量性状 QTL 簇分布

Table 5 Distribution of QTL clusters for fiber quality and yield traits

QTL 簇 QTL clusters	染色体 Chr.	物理位置（Mb） Physical location	性状数量 Trait number	QTL 数量 QTL number	QTL
簇-1 Cluster-1	A01	20.09~21.64	3	3	*qSW-A01-1*、*qLP-A01-1*、*qTWC-A01-1*
簇-2 Cluster-2	A01	78.44~86.62	4	4	*qFL-A01-2*、*qFS-A01-1*、*qFE-A01-2*、*qSW-A01-2*
簇-3 Cluster-3	A10	1.04~3.24	3	3	*qFU-A10-1*、*qSW-A10-1*、*qLP-A10-1*
簇-4 Cluster-4	A10	88.38~88.40	3	3	*qFE-A10-1*、*qFU-A10-2*、*qSFC-A10-3*
簇-5 Cluster-5	A13	40.15~44.11	4	4	*qFS-A13-1*、*qTWC-A13-1*、*qSW-A13-1*、*qLW-A13-1*
簇-6 Cluster-6	D04	40.00~40.72	3	3	*qFE-D04-2*、*qMCF-D04-1*、*qTWC-D04-1*
簇-7 Cluster-7	D06	33.58~36.64	4	4	*qMCF-D06-2*、*qSFC-D06-1*、*qTWC-D06-1*、*qSW-D06-1*
簇-8 Cluster-8	D06	50.82~55.82	5	6	*qFL-D06-1*、*qMV-D06-1*、*qFU-D06-1*、*qSFC-D06-2*、*qSFC-D06-3*、*qTWC-D06-2*

3 讨论

棉花纤维品质和产量性状的改良是棉花育种家关注的重要性状[19]，相较于传统育种的盲目性和不可预测性，利用分子标记辅助育种技术可对特定性状实施定向改良，有效提高育种效率并缩短育种周期。QTL 位点信息是开展分子标记辅助选择的前提，因此筛选出稳定的 QTL 极为重要[19, 40]。当前陆地棉栽培品种的遗传背景单一，遗传变异度不高，通过种内杂交方式改良陆地棉的效果受到较大制约。黄褐棉起源于巴西东北地区，因其长期适应严苛的生存条件，进化形成了耐干旱、抗虫害、抗黄萎病及纤维细度好等突出特性。黄褐棉和陆地棉在遗传关系上差异较大，其基因组中可能含有可用于改良陆地棉抗逆性、优化纤维品质及增加产量相关的优异变异位点[41]。目前，以黄褐棉为供体亲本，陈奇等[42]以陆地棉 PD94042 为受体亲本构建了 65 个家系的 CSILs 群体，定位到了 21 个衣分相关的 QTLs；孙颖[9]以中棉所 35 为受体亲本，定位到 63 个与铃重、子指和衣分以及 58 个与纤维长度、纤维整齐度、纤维比强度、马克隆值和纤维伸长率相关的 QTLs；张咪[16]以陆地棉 PD94042 为轮回亲本构建了 65 个导入系群体，检测到 132 个与纤维长度、纤维强度、马克隆值、纤维整齐度和纤维伸长率相关的 QTLs；Wang 等[43]以陆地棉 PD94042 为受体亲本构建

了 21 个 BC_3F_2 家族，检测到 65 个与纤维长度、纤维伸长率和短纤维率有关的 QTLs。前人研究中几乎没有与成熟度和总含水量相关的 QTL 报道，且与短纤维率相关的 QTL 的报道也较少，通常认为短纤维率的高低直接影响成纱质量和制成率[44]，本研究中定位到 7 个与成熟度相关的 QTLs，其中 *qMCF-A12-1* 在两个环境中被检测到，解释表型变异率 16.56%~16.97%，定位到 11 个与短纤维率相关的 QTLs 和 11 个与含水率相关的 QTLs。这些新的 QTLs 位点为短纤维率、含水率和成熟度相关的性状改良提供了选择位点。

将本研究检测到的 QTLs 与前人研究结果[27, 36-39]相比较发现，有 11 个 QTLs 与前人报道的 QTL 位点物理位置相近或重合，包括与纤维长度相关的 *qFL-D09-1*；与纤维比强度相关的 *qFS-A01-1*、*qFS-A05-1*、*qFS-A07-1* 和 *qFS-D06-1*；与纤维伸长率相关的 *qFE-A10-1* 和 *qFE-D07-1*；与马克隆值相关的 *qMV-D02-1* 和 *qMV-D06-1*；与短纤维率相关的 *qSFC-D06-3*；与衣分相关的 *qLP-A10-1*。其中 *qFS-A07-1* 和 *qFE-A10-1* 与多人的定位结果重合，且 *qFS-A07-1* 位点解释表型变异率较高，可用于精细定位。这些与前人定位结果相一致的 QTLs 印证了本研究结果的准确性及可靠性，同时本研究在多个环境中重复定位到的与纤维品质性状相关的 QTLs（*qFS-A13-1*、*qMCF-A12-1*）和与产量性状相关的 QTLs（*qSW-A10-1*、*qSW-D06-1*、*qLW-A08-1*），为棉花纤维比强度、成熟度、单铃籽棉重和单铃皮棉重等性状的改良提供参考位点，后续可研究这些位点对纤维比强度、成熟度以及产量性状的影响。

参考文献

[1] 朱爱孔, 何晓芳, 杨懿, 刘莉敏, 袁智丽, 张明洋. 棉纺织产业新质生产力发展的内在逻辑、现实困境与路径探索. 中国棉花加工, 2024(4): 28-32

Zhu A K, He X F, Yang Y, Liu L M, Yuan Z L, Zhang M Y. The intrinsic logic, realistic dilemmas, and path exploration of the new quality development of the cotton textile industry. China Cotton Processing, 2024(4): 28-32

[2] 马益赞, 闵玲, 张献龙. 棉花响应高温机理及耐高温种质资源研究. 植物遗传资源学报, 2022, 23(1): 29-39

Ma Y Z, Min L, Zhang X L. Progress and prospect of researches in mechanism of high temperature stress response and development of high temperature tolerant germplasms of cotton. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(1): 29-39

[3] 耿立格, 鹿秀云, 郄彦敏, 王新栋, 孙娟, 牛雪婧, 王丽娜. 海岛棉染色体置换系与陆地棉随机交配群体不同株系的黄萎病抗性分析. 中国棉花, 2022, 49(11): 1-6

Geng L G, Lu X Y, Qie Y M, Wang X D, Sun J, Niu X J, Wang L N. Verticillium wilt resistance analysis of different lines derived from a random-mated population of *Gossypium barbadense* chromosome substitution lines with upland cotton cultivars. China Cotton, 2022, 49(11): 1-6

[4] 谭晓艳, 张晓恒, 游良志. 自然因素和政策干预对中国棉花生产布局变迁的影响. 农业技术经济, 2020(4): 79-93

Tan X Y, Zhang X H, You L Z. A study on the impact of natural factors and policy interventions on the dynamics of cotton production. Journal of Agrotechnical Economics, 2020(4): 79-93

[5] Zhang J F, Wu M, Yu J W, Li X L, Pei W F. Breeding potential of introgression lines developed from interspecific crossing between upland cotton (*Gossypium hirsutum*) and *Gossypium barbadense*: Heterosis, combining ability and genetic effects. PLoS ONE, 2017, 11(1): e0143646

[6] 李雪莲. 陆地棉品系×野生种系尖斑棉群体重要农艺性状 QTL 定位. 重庆: 西南大学, 2022

Li X L. Mapping of QTL for important agronomic traits from a population of *G.hirsutum* line×*G.hirsutum* race punctatum. Chongqing: Southwest University, 2022

[7] 张弟参. 陆地棉品种×野生种系蓬蓬棉群体产量与纤维品质 QTL 鉴定. 重庆: 西南大学, 2022

Zhang D S. QTL identification for yield and fiber quality traits from (*G. hirsutum* cultivar×*G. hirsutum* L. purpurascens) population. Chongqing: Southwest University, 2022

[8] 温天旺, 朱宏, 玉坎炳, 李振仙, 杨宾娟, 汤飞宇. 陆地棉与四个四倍体棉的遗传渐渗及 QTL 定位研究进展. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2): 315-322

Wen T W, Zhu H, Yu K B, Li Z X, Yang B J, Tang F Y. Recent advances on the genetic introgression and QTL mapping in upland cotton with four tetraploid cottons. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(2): 315-322

[9] 孙颖. 黄褐棉染色体片段代换系产量和纤维品质 QTL 定位. 重庆: 西南大学, 2020

Sun Y. QTL mapping for yield and fiber quality traits from the chromosome segment substitution lines of *G.mustelinum*. Chongqing: Southwest University, 2020

[10] Chen Z J, Sreedasyam A, Ando A, Song Q X, De Santiago L M, Hulse-Kemp A M, Ding M Q, Ye W X, Kirkbride R C, Jerry J, Plott C, Lovell J, Lin Y M, Vaughn R, Liu B, Simpson S, Scheffler B E, Wen L, Saski C A, Grover C E, Hu G J, Conover J L, Carlson J W, Shu S Q, Boston L B, Williams M, Peterson D G, Gee K M, Jones D C, Wendel J F, Stelly D M, Grimwood J, Schmutz J. Genomic diversifications of five *Gossypium* allopolyploid species and their impact on cotton improvement. Nature Genetics, 2020, 52(5): 525-533

[11] Wang B, Draye X, Zhang Z, Zhuang Z, May O L, Paterson A H, Chee P W. Advanced backcross QTL analysis of fiber elongation in a cross between *Gossypium hirsutum* and *G. mustelinum*. Crop Science, 2016, 56(4): 1760-1768

[12] 王云鹏, 王省芬, 李志坤, 杨鑫雷, 张艳, 吴立强, 吴金华, 张桂寅, 马峙英. 陆地棉背景的 Pima 棉染色体片段置换系创制. 植物遗传资源学报, 2016, 17(1): 114-119

Wang Y P, Wang X F, Li Z K, Yang X L, Zhang Y, Wu L Q, Wu J H, Zhang G Y, Ma Z Y. Development of pima cotton chromosome segment substitution lines with *Gossypium hirsutum* background. Journal of Plant Genetic Resources, 2016, 17(1): 114-119

[13] Wang F R, Zhang C Y, Liu G D, Chen Y, Zhang J X, Qiao Q H, Yuan Z H, Fan S J, Zhang J. Phenotypic variation analysis and QTL mapping for cotton (*Gossypium hirsutum* L.) fiber quality grown in different cotton-producing regions. Euphytica, 2016, 211(2): 169-183

[14] Jiang C, Wright R J, Elzik K M, Paterson A H. Polyploid formation created unique avenues for response to selection in Gossypium (cotton). Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1998, 95(8): 4419-4424

[15] 穆志生, 汤彬, 陈林, 张登峰, 李春辉, 王天宇, 黎裕, 石云素, 李永祥. 玉米籽粒相关性状遗传解析及主效位点 *qKW2.04* 精细定位. 植物遗传资源学报, 2024, 25(11): 1923-1933

Mu Z S, Tang B, Chen L, Zhang D F, Li C H, Wang T Y, Li Y, Shi Y S, Li Y X. The genetic analysis of kernel-related traits and fine mapping of a major QTL *qKW2.04* in maize. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(11): 1923-1933

[16] 张咪. 黄褐棉导入系纤维品质性状 QTL 定位及转录组分析. 南通: 南通大学, 2017

Zhang M. QTL mapping and transcriptome analysis for fiber quality traits in a set of *Gossypium Mustelinum* introgression lines. Nantong: Nantong University, 2017

[17] Shi Y Z, Liu A Y, Li J W, Zhang J F, Li S Q, Zhang J F, Ma L J, He R, Song W W, Guo L X, Lu Q W, Xiang X H, Gong W K, Gong J W, Ge Q, Shang H H, Deng X Y, Pan J T, Yuan Y L. Examining two sets of introgression lines across multiple environments reveals background-independent and stably expressed quantitative trait loci of fiber quality in cotton. Theoretical and Applied Genetics, 2020, 133(7): 2075-2093

[18] 朱协飞, 王鹏, 司占峰, 张天真. 基于陆地棉背景的海岛棉染色体片段导入系产量性状 QTL 定位. 作物学报, 2017, 43(12): 1784-1790

Zhu X F, Wang P, Si Z F, Zhang T Z. QTL mapping for yield components in *Gossypium barbadense* chromosome segment introgression lines based on *Gossypium hirsutum* background. Acta Agronomica Sinica, 2017, 43(12): 1784-1790

[19] 焦梦佳, 陈煜, 宋章强, 霍雪寒, 高阳, 周娟, 王静静, 潘奥, 赵程杰, 王芙蓉, 张军. 利用棉花优质渐渗系进行纤维品质性状和衣分的 QTL 定位.

植物遗传资源学报, 2020, 21(3): 716-726

Jiao M J, Chen Y, Song Z Q, Huo X H, Gao Y, Zhou J, Wang J J, Pan A, Zhao C J, Wang F R, Zhang J. QTL mapping for fiber quality and lint percentage traits of cotton using elite germplasm with introgression of *Gossypium barbadense* L.. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(3): 716-726

[20] Keerio A A, Shen C, Nie Y C, Ahmed M M, Zhang X L, Lin Z X. QTL mapping for fiber quality and yield traits based on introgression lines derived from *Gossypium hirsutum*×*G. tomentosum*. International Journal of Molecular Sciences, 2018, 19(1): 243

[21]刘宏伟. 转 *iaaM* 基因对‘B0011’及‘华杂棉 H318’产量与纤维品质的影响. 武汉: 华中农业大学, 2015

Liu H W. The effect of fiber quality and quantity on ‘B0011’ and ‘Huazamian H318’ with *iaaM* gene. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2015

[22]Wang H T, Huang C, Guo H L, Li X M, Zhao W X, Dai B S, Yan Z H, Lin Z X. QTL mapping for fiber and yield traits in upland cotton under multiple environments. PLoS ONE, 2015, 10(6): e0130742

[23] Zhao M L, Zhou H T, Luo Y Z, Wang J Q, Hu J, Liu X, Li S B, Zhang K W, Zhen H M, Hickford J G H. Variation in a newly identified caprine *KRTAP* gene is associated with raw cashmere fiber weight in longdong cashmere goats. Genes, 2021, 12(5): 625

[24] Chen L, Lei W X, He W F, Wang Y F, Tian J, Gong J H, Hao B, Cheng X X, Shu Y J, Fan Z X. Mapping of two major QTLs controlling flowering time in brassica napus using a high-density genetic map. Plants, 2022, 11(19): 2635

[25] Mahender A, Ali J, Prahalada G D, Sevilla M A L, Balachiranjeevi C H, Md J, Maqsood U, Li Z K. Genetic dissection of developmental responses of agro-morphological traits under different doses of nutrient fertilizers using high-density SNP markers. PLoS ONE, 2019, 14(7): e0220066

[26] 沈超, 李定国, 聂以春, 林忠旭. 利用黄褐棉染色体片段导入系定位产量和纤维品质性状 QTL. 作物学报, 2017, 43(12): 1733-1745

Shen C, Li D G, Nie Y C, Lin Z X. QTL mapping for yield and fiber quality traits using *Gossypium mustelinum* chromosome segment introgression lines. Acta Agronomica Sinica, 2017, 43(12): 1733-1745

[27] Wang J K, Wan X Y, Crossa J, Crouch J, Weng J F, Zhai H Q, Wan J M. QTL mapping of grain length in rice (*Oryza sativa* L.) using chromosome segment substitution lines. Genetical Research, 2006, 88(2): 93-104

[28] Balakrishnan D, Surapaneni M, Yadavalli V R, Addanki K R, Mesapogu S, Beerelli K, Neelamraju S. Detecting CSSLs and yield QTLs with additive, epistatic and QTL×environment interaction effects from *Oryza sativa*×*O. nivara* IRGC81832 cross. Scientific Reports, 2020, 10(1): 7766

[29] McCouch S R, Cho Y G, Yano M, Paul E, Blinstrub M, Morishima H, Kinoshita T. Report on QTL nomenclature. Rice Genet Newslett, 1997, 14: 11-13

[30] Wang B H, Liu L M, Zhang D, Zhuang Z M, Guo H, Qiao X, Wei L J, Rong J K, May O L, Paterson A H, Chee P W. A genetic map between *Gossypium hirsutum* and the Brazilian endemic *G. mustelinum* and its application to QTL mapping. G3 Genes Genomes Genetics, 2016, 6(6): 1673-1685

[31] Liu H, Sun Z Q, Zhang X Y, Qin L, Qi F Y, Wang Z Y, Du P, Xu J, Zhang Z X, Han S Y, Li S J, Gao M, Zhang L N, Cheng Y J, Zheng Z, Huang B Y, Dong W Z. QTL mapping of web blotch resistance in peanut by high-throughput genome-wide sequencing. BMC Plant Biology, 2020, 20(1): 249

[32] Zhang Z, Li J W, Jamshed M, Shi Y Z, Liu A Y, Gong J W, Wang S F, Zhang J H, Sun F D, Jia F, Ge Q, Fan L Q, Zhang Z B, Pan J T, Fan S M, Wang Y L, Lu Q W, Liu R X, Deng X Y, Zou X Y, Jiang X, Liu P, Li P T, Muhammad I S, Zhang C Y, Zou J, Chen H, Tian Q, Jia X H, Wang B Q, Ai N J, Feng G L, Wang Y M, Hong M, Li S L, Lian W M, Wu B, Hua J P, Zhang C J, Huang J Y, Xu A X. Genome-wide quantitative trait loci reveal the genetic basis of cotton fiber quality and yield-related traits in a *Gossypium hirsutum* recombinant inbred line population. Plant Biotechnology Journal, 2019, 18(1): 239-253

[33] Liu R X, Gong J W, Xiao X H, Zhang Z, Li J W, Liu A Y, Lu Q W, Shang H H, Shi Y Z, Ge Q, Iqbal M S, Deng X Y, Li S Q, Pan J T, Duan L, Zhang Q, Jiang X, Zou X Y, Hafeez A, Chen Q J, Geng H W, Gong W K, Yuan Y L. GWAS analysis and QTL identification of fiber quality traits and yield components in upland cotton using enriched high-density SNP markers. Frontiers in Plant Science, 2018, 9: 1067

[34] Said J I, Song M Z, Wang H T, Lin Z X, Zhang X L, Fang D D, Zhang J F. A comparative meta-analysis of QTL between intraspecific *Gossypium hirsutum* and interspecific *G. hirsutum*×*G. barbadense* populations. Molecular Genetics and Genomics, 2015, 290(3): 1003-1025

[35] Li X M, Jin X, Wang H T, Zhang X L, Lin Z X. Structure, evolution, and comparative genomics of tetraploid cotton based on a high-density genetic linkage

map. DNA Research, 2016, 23(3): 283-293

[36] 李邵琦. 棉花陆海染色体片段代换系纤维品质与产量 QTL 及同步改良遗传效应鉴定. 武汉: 华中农业大学, 2022

Li S Q. Identification of QTL and simultaneous improvement effects for cotton fiber quality and yield using chromosome segment substitution lines from *Gossypium barbadense* into *G.hirsutum*. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2022

[37]Fang L, Gong H, Hu Y, Liu C X, Zhou B L, Huang T, Wang Y K, Chen S Q, Fang D D, Du X M, Chen H, Chen J D, Wang S, Wang Q, Wan Q, Liu B L, Pan M Q, Chang L J, Wu H T, Mei G F, Xiang D, Li X H, Cai C P, Zhu X F, Chen Z J, Han B, Chen X Y, Guo W Z, Zhang T Z, Huang X H. Genomic insights into divergence and dual domestication of cultivated allotetraploid cottons. Genome Biology, 2017, 18(1): 33

[38] 王丽媛. 陆地棉优异种质 J02-508 纤维相关性状 QTL 定位及偏分离分析. 泰安: 山东农业大学, 2020

Wang L Y. QTL mapping and segregation distortion analysis of fiber related traits in elite germplasm J02-508 of upland cotton. Tai′an: Shandong Agricultural University, 2020

[39] Shrestha N, Zhang K, Gowda A S, Abdelraheem A, Jones D C, Kuraparthy V. Identification of quantitative trait loci for fiber quality, yield, and plant height traits in upland cotton. Crop Science, 2023, 63(3): 1421-1441

[40]齐海坤, 严根土, 王宁, 张亚林, 黄群. 陆地棉杂交后代产量和品质性状 QTL 定位. 河北农业大学学报, 2019, 42(1): 1-7, 21

Qi H K, Yan G T, Wang N, Zhang Y L, Huang Q. QTL analysis of fiber yield and quality traits in the crossing population of cotton. Journal of Hebei Agricultural University, 2019, 42(1): 1-7, 21

[41] Grover E C, Gallagher P J, Jareczek J J, Page T J, Udall A J, Gore A M, Wendel F J. Re-evaluating the phylogeny of allopolyploid *Gossypium* L.. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2015, 92: 45-52

[42] 陈奇, 周水娟, 孙康泰, 刘静, 袁宝童, 王议萍, 王为, 王有武, 汪保华, 庄智敏. 基于黄褐棉导入系的棉花衣分 QTL 定位研究. 西南农业学报, 2019, 32(8): 1735-1739

Chen Q, Zhou S J, Sun K T, Liu J, Yuan B T, Wang Y P, Wang W, Wang Y W, Wang B H, Zhuang Z M. QTL mapping of lint percentage in *Gossypium mustelinum* introgression lines. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2019, 32(8): 1735-1739

[43] Wang B H, Draye X, Zhuang Z M, Zhang Z S, Liu M, Lubbers E L, Jones D, May O L, Paterson A H, Chee P W. QTL analysis of cotton fiber length in advanced backcross populations derived from a cross between *Gossypium hirsutum* and *G. mustelinum*. Theoretical and Applied Genetics, 2017, 130(6): 1297-1308

[44] 张潇, 成广明, 翁娟娟, 吴天宇. 南通棉纺织企业 2022 年棉花短纤维率分析. 纺织检测与标准, 2024, 10(2): 40-43, 53

Zhang X, Cheng G M, Weng J J, Wu T Y. Analysis of short fiber content of cotton purchased by Nantong cotton textile enterprises in 2022. Textile Testing and Standard, 2024, 10(2): 40-43, 53