

## 评述与进展

### Review & Progress

## 棉花重要农艺性状的 QTL 定位研究

陈伟<sup>✉</sup>, 姚金波<sup>✉</sup>, 褚丽<sup>✉</sup>, 刘海菊<sup>✉</sup>, 郭香墨<sup>✉</sup>, 张永山<sup>✉</sup>

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, 安阳, 455000

✉ 通讯作者: zhangys@cricaas.com.cn; ✉ 作者

分子植物育种, 2010 年, 第 8 卷, 第 6 篇 DOI: 10.5376/mpb.cn.2010.08.0006

收稿日期: 2010 年 7 月 07 日

接受日期: 2010 年 8 月 10 日

发表日期: 2010 年 9 月 27 日

这是一篇开放获取的论文, 其论文发布和传播接受《Creative Commons Attribution License》所有条款。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许和同意第三方无条件的使用、传播以及任何媒介的复制或再制作。

推荐最佳引用格式:

陈伟等, 2010, 棉花重要农艺性状的 QTL 定位研究, 分子植物育种 Vol.8 No.6 (DOI: 10.5376/mpb.cn.2010.08.0006)

**摘要** 本文对近年来棉花抗病性、纤维品质及产量等性状的 QTL 定位研究进行了综述。目前棉花抗病性 QTL 研究主要集中在枯萎病抗性、黄萎病抗性和根结线虫病抗性的 QTL 定位研究。枯萎病抗性和根结线虫抗性存在主效位点, 遗传基础相对简单, 而黄萎病抗性在不同定位研究中大都表现数量遗传特点, QTL 分布于多个连锁群。纤维品质定位则一般针对海岛棉和陆地棉的优质纤维种质进行, 部分研究也采用双亲都为普通纤维品质的组合。纤维品质性状在不同的研究中大都表现出较高的遗传力, 一些 QTL 效应稳定, 在不同世代和环境间被重复检测到; 不同研究也发现相同的 QTL 区段。相对纤维品质性状, 产量相关性状由于大都遗传基础复杂, 构成因子较多, 定位得到的 QTL 稳定性较差。本综述有助于了解棉花 QTL 定位研究的进展, 同时亦可为棉花重要性状遗传育种工作可提供有效信息。

**关键词** 棉花; 农艺性状; QTL 定位

## QTL Mapping of Important Agronomic Characters in Cotton

Chen Wei<sup>✉</sup>, Yao Jinbo<sup>✉</sup>, Chu Li<sup>✉</sup>, Liu Haiju<sup>✉</sup>, Guo Xiangmo<sup>✉</sup>, Zhang Yongshang<sup>✉</sup>

Cotton Research Institute, CAAS, Key Laboratory of Cotton Germplasm Improvement, Ministry of Agriculture, Anyang, 455000

✉ Corresponding author, zhangys@cricaas.com.cn; ✉ Authors

**Abstract** Recently, QTL mapping for disease resistance, fiber quality and yield traits were conducted in cotton. This review gave a summary of QTL mapping in cotton. QTL mapping for disease resistance was focused on Fusarium wilt, verticillium wilt and root-knot nematode resistance. Major resistance QTL were found for Fusarium wilt and root-knot nematode resistance, but only minor QTLs were identified for verticillium wilt resistance. Most of studies adopted the high fiber quality germplasm in upland cotton or island cotton for QTL detection of fiber quality. Some studies used mapping populations derived from normal quality lines in upland cotton, because high fiber quality alleles also exists in normal quality germplasm. Fiber quality traits all showed relatively high heritability, and some of QTL detected for these traits showed inheritance stability across different environments and generations. Because of complex genetic basis for most yield traits, QTL detection for these traits usually showed poor reliability. This review might give insights into QTL mapping of cotton and also provide effective information for genetic breeding of important traits in cotton.

**Keywords** Cotton; Agronomic traits; QTL mapping

### 研究背景

棉花是世界上重要的经济作物, 提供了主要的纺织纤维。棉花还是重要的油料作物和饲料作物。就棉花育种而言, 许多重要的育种改良对象都为数量性状, 如产量及其构成因子, 纤维品质和抗病性等。由于遗传基础的复杂性, 依靠传统的育种方法同时改良这些性状难度较大, 费时费力。另外, 不

同性状间的显著相关性往往使得同时改良多个性状困难重重。因此, 深入解析不同性状的遗传基础以及它们之间的联系是高效率地改良这些性状的先决条件。

自上个世纪 80 年代以来, 由于分子标记技术的飞速发展, 棉花数量性状的研究已深入到了 QTL 定位水平。大量的针对不同性状的 QTL 定位研究

已被报道。图 1 对目前棉花各个染色体已定位到的 QTL 进行了简单归纳。

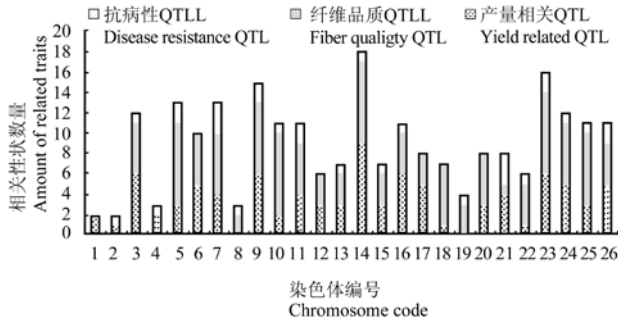


图 1 棉花各染色体 QTL 定位汇总  
 Figure 1 Summary of QTL mapping in cotton

可看出, 在棉花所有染色体上都定位到 QTL, 但 QTL 的分布是不均匀的, 染色体 1、染色体 2、染色体 4 和染色体 8 上检测到了不超过 3 个性状的 QTL, 而染色体 5、染色体 9、染色体 14、染色体 23 则分布了超过 13 个性状的 QTL。就定位的性状来分, 目前棉花 QTL 定位主要集中于抗病性、纤维品质和产量相关性状。染色体 7 和染色体 21 都同时检测到 3 种病害的抗性 QTL, 而有 7 个染色体目前还没有检测到抗病性 QTL。染色体 8 和染色体 19 没有检测到产量相关 QTL, 而染色体 1 和染色体 2 则没有检测到纤维品质 QTL。本文将对棉花中已报道的 QTL 定位研究分抗病性、纤维品质和产量相关性状三个主要方面作一简单综述。以期对棉花重要性状遗传定位研究提供一个参考依据, 为棉花育种工作提供有效信息。

## 1 抗病相关性状 QTL 定位

### 1.1 枯萎病抗性 QTL 定位

枯萎病是由枯萎病菌(*Fusarium wilt*)引起的, 是棉花最重要的病害之一, 可导致黄化、萎蔫、落叶、微管组织损伤和植株死亡。关于枯萎病的 QTL 定位目前却报道较少。陈勋基等(2008)以高抗枯萎病的陆地棉品系 98134 和海岛棉感病品种新海 14 号为亲本, 构建 98134×新海 14 的  $F_2$  及  $F_{2:3}$  分离群体。运用 SSR 标记构建连锁图谱, 用复合区间作图法分别第 3、15、23 和 26 连锁群上定位到 QTL。Wang 等(2009)采用陆地棉组合中棉所 35 (高抗)和军棉 1

号(感病)的  $F_{2:3}$  群体, 在染色体 17 上定位到一个主效 QTL, 解释约 60% 的遗传变异; 在染色体 7、15 和 23 上还定位到 3 个微效 QTL。

### 1.2 黄萎病抗性 QTL 定位

棉花黄萎病是一种真菌病害, 能导致严重的产量损失。黄萎病的遗传模式目前不同研究得到的结论存在差异, 部分研究认为是一个或两个主效位点控制, 而部分研究认为由多个微效基因控制。由于陆地棉难于找到有效的高抗黄萎病品系, 目前的黄萎病抗性定位研究大都采用了海岛棉的抗源。甄瑞等(2006)、王省芬等(2007)采用组合中棉所 8 号×Pima90-53 的  $F_2$  群体, 定位了一个位于染色体 8 上的 SSR 标记 BNL3255 与黄萎病抗性的紧密连锁性。王芙蓉等(2007)对抗黄萎病品种鲁棉研 22 号 and 海岛棉渐渗系鲁原 343 的抗病位点进行定位, 采用了不同发病时间进行多次性状考察的策略。在染色体 2、16 和 23 上分别都检测到 1 个 QTL。利用 3 个 QTL 的定位信息进行分子标记辅助选择(MAS), 显著提高了抗病性选择效果。咎伟等(2008)采用了海岛棉品种新海 15 号进行定位, 在同一连锁群检测到 2 个主效位点, 分别解释了 46.74% 和 48.69% 的变异。Wang 等(2008)采用了组合陆地棉 XinLuZao1 (感病)×海岛棉 Hai7124 (抗病)的  $F_{2:3}$  群体进行了蕾铃期的黄萎病抗病性 QTL 定位。黄萎病抗性调查在两次田间发病高峰期进行, 两次调查结果分别进行了 QTL 定位, 共检测到 9 个 QTL, 分别解释 10.63%~28.83% 的表型变异。Yang 等(2008)则对苗期和成株期的黄萎病抗性进行了 QTL 定位。同样选用了 Hai7124 作为抗病亲本, 而感病亲本则为军棉 1 号。研究采用了  $F_2$  和  $BC_1S_2$  两个定位群体, 考察了苗期叶部病症和成株期微管病症两个抗病性指标, 并采用了 3 种黄萎病菌生理小种作为致病菌。定位结果表明, 两个定位群体间定位到部分相同的 QTL, 两种抗病性指标间也存在部分相同的 QTL; 对不同的生理小种, 也存在 QTL 的重叠。一些研究也采用了抗黄萎病的陆地棉品系进行定位。杨昶等(2007)采用了陆地棉组合 5026 (抗)×李 8 (感)的 RIL 群体进行了苗期和成株期的定位。两个性状考察时期分别定位到 3 个、1 个 QTL。葛海燕等(2008)

采用组合常96(抗)×军棉1号(感)的F<sub>2</sub>群体进行定位,在染色体9检测到一个QTL,解释13.8%的变异。

### 1.3根结线虫病抗性

Wang等(2006)采用组合Acala NemX(抗)×Pima S-7(感)的多个分离世代对Acala NemX的根结线虫抗性进行了定位。遗传分析表明了位于染色体11的来源于Acala NemX的一个主效位点(*rkn1*)的存在。采用集团分离分析法(Bulk Segregated Analysis,BSA),筛选到多个与*rkn1*紧密连锁的分子标记。进一步的研究表明,来源Pima S-7的*rkn2*位点与*rkn1*存在互作效应,增强*rkn1*的抗病效应(Wang等,2009)。Ulloa等(2009)采用了三个组合的F<sub>2</sub>群体进行了线虫病抗性的QTL定位,定位结果验证了双基因遗传模式,在染色体11和21上分别定位到一个QTL,其中染色体11上的主效QTL在多个遗传背景中都是显著的。Shen等(2006),采用M-120 RNR(高抗)×Pima S-6(感)的F<sub>2</sub>群体,同样地,在染色体11上定位一个主效QTL,抗性位点来自M-120 RNR,解释60%以上的变异;同时在染色体7上还定位到一个微效QTL,抗性位点来自Pima S-6。

### 1.4其它抗病性QTL定位

Xiao等(2010)对陆地棉组合DeltaOpal×DP388的F<sub>4,5</sub>群体进行了细菌性斑点病抗性进行定位。遗传分析表明,抗性受一个主效显性位点控制(*B12*),在染色体14上分别找到4个和3个与*B12*紧密连锁的SNP标记和SSR标记,并分析了4个SNP标记的单倍型与抗性的连锁关系。Fang等(2010)对Delta Opal携带的棉花蓝害病抗性位点进行了定位。分析表明,Delta Opal的蓝害病抗性由单个显性基因控制,位于染色体10。Niu等(2008)采用杂交组合草棉×亚洲棉的F<sub>2</sub>代和F<sub>2,3</sub>家系对草棉携带的黑根腐病抗性进行定位,共检测到3个显著的QTL。

## 2纤维品质相关性状QTL定位

纤维品质是决定棉花经济价值的重要自己指标,因此改良纤维品质也是棉花育种的主要目标。目前衡量纤维品质的主要指标有长度、强度、伸长率、马克隆值、整齐度和黄度。阐明各个纤维

品质性状的遗传基础可为育种工作提供有用的信息和新的途径,因此棉花纤维品质的QTL定位是目前棉花分子生物学研究的热点,已有较多的相关研究发表。就亲本的选择来说,可分为三类:陆地棉与海岛棉的种间杂交组合;优质纤维陆地棉与普通纤维陆地棉杂交组合;两个普通纤维品质杂交组合。

### 2.1陆地棉与海岛棉的种间杂交

由于海岛棉具有较优的纤维品质,利用海岛棉优质纤维基因是改良陆地棉纤维品质的途径之一。因此,海岛棉纤维品质性状的QTL定位也具有重要的价值。Park等(2005)采用种间组合TM-1×Pima 3-79的重组自交系(RIL)群体进行定位,在染色体2、3、15和18上定位到纤维品质相关QTL。Mei等(2004)采用了Acala×Pima S-7的F<sub>2</sub>群体进行定位。对纤维长度、强度、细度和伸长率分别检测到1、2、1和1个QTL,QTL的贡献率都在20%以上,表现为主效位点。Lin等(2005)、He等(2007,2008)利用Handan208×Pima90的F<sub>2</sub>、F<sub>2,3</sub>和RIL群体进行了长度、强度、马克隆值、伸长率和整齐度的QTL定位,单个性状检测到的QTL数目为2-8个,其中部分QTL在世代间重复被检测到。

### 2.2陆地棉优质纤维种质

渝棉1号是一个优质中国陆地棉品种,很多研究对其进行了纤维品质性状的QTL定位。Zhang等(2005;2009)和Wan等(2007)采用了T586×渝棉1号组合的F<sub>2,3</sub>和RIL群体。对纤维长度,在染色体6、7、8、12上检测到QTL,其中染色体6和7上的QTL效应表现较稳定,在多环境间和世代间重复检测到。对纤维强度,在染色体3、5、6、7检测到QTL,其中染色体6和7上的QTL在环境间重复检测。对伸长率,在染色体5、6、7和14上检测到QTL。对整齐度,在染色体6上,在F<sub>2,3</sub>和RIL群体间都检测到一个QTL,而且在多个环境表现显著;另外在染色体7上也检测到一个稳定表达的QTL。对马克隆值(纤维细度),在染色体5、6、7和23上检测到QTL,其中位于染色体7的QTL在多个环境被重复检测到,效应表现稳定,贡献率在20%以上,为主效QTL。陈利等(2008),构建了组合中棉所35×渝棉1号的F<sub>2</sub>和



$F_{2:3}$  分离群体。纤维长度、纤维强度和马克隆值分别定位到 1、2 和 2 个 QTL, 位于染色体 7 的纤维长度 QTL 与纤维强度 QTL 处于相邻染色体区间。胡文静等(2008)采用了两个优质品系 7235×渝棉 1 号作为组合亲本。通过  $F_2$  和  $F_{2:3}$  代的 QTL 检测, 分别定位到纤维长度、比强度、细度、伸长率及整齐度相关的 QTL 各 6、8、7、8 和 7 个, 他们进一步分析指出, 7235 和渝棉 1 号在染色体 16 和 23 上可能具有相同的优质纤维基因。王娟等(2007)采用了组合 TM-1×渝棉 1 号的  $F_2$  和  $F_{2:3}$  进行定位, 结果表明, 染色体 23 上定位到多个纤维品质性状的 QTL。Shen 等(2005; 2007)构建了三个杂交组合对三个优质纤维品系(7235, HS427-10, PD6992)进行了 QTL 定位。对纤维长度, 组合 7235/TM-1 和组合 HS427-10/TM-1 在染色体 23 上检测到一个相同的 QTL, 而组合 7235/TM-1 和 PD6992/SM3 间在染色体 7 上检测到一个相同 QTL。对组合 7235/TM-1, 在  $F_2$ 、 $F_{2:3}$  和 RIL 世代都检测到一个位于染色体 25 上的 QTL, 而位于染色体 23 上 QTL 则在  $F_2$  和 RIL 群体重复检测到。对纤维强度, 三个定位群体一共在连锁群 A02 和染色体 3、10、16、23、24 和 25 上定位到 QTL。其中, 染色体 16 上的 QTL 为三个优质纤维品系共有, 而染色体 23 上的 QTL 则为 7235 和 HS427-10 所共有, HS427-10 和 PD6992 间则同时检测到连锁群 A02 上的 QTL。对马克隆值, 三群体共检测到 11 个 QTL, 分布于 11 个染色体和连锁群, 群体间没有检测到相同 QTL。其中, 对组合 7235×TM-1, 位于染色体 23、24 和 25 上的 QTL 在  $F_2$ 、 $F_{2:3}$  和 RIL 群体间重复检测, 效应表现稳定。对伸长率, 三个组合共定位到 8 个 QTL, 群体间没有检测到相同 QTL。

### 2.3 普通纤维品质陆地棉品系

两个普通纤维品质品系杂交分离后代也往往能观测到超亲分离, 表明普通纤维品质种质也携带有优质纤维品质基因。Wang 等(2007)采用了杂交棉湘杂棉 2 号的 RIL 群体进行了 8 个纤维品质性状的 QTL 定位。性状考察在 4 个环境进行, 共检测到 48 个 QTL, 其中至少在两环境重复检测的 QTL 有 11 个。分析发现两个稳定的 QTL 簇: 染色体 14 标

记区间 CIR246-CIR381b 检测到 6 个性状的 QTL, 其中纤维长度和折射率的 QTL 在所有环境显著。染色体 10 上标记区间 NAU3260-NAU1595 则稳定检测到 5 个性状的 QTL。这两个区段应该是 QTL 精细定位和分子标记辅助选择(MAS)的理想目标。Wang 等(2007)在同一组合的永久  $F_2$ ( $IF_2$ ) 群体再次进行了这 8 个纤维品质的 QTL 定位。结果表明, 一些 QTL 在 RIL 和  $IF_2$  间都被检测到, 表现出世代间的稳定表达效应。Wu 等(2009)采用了组合 HS46×MARCABUCAG8US-1-88 的 RIL 群体进行 QTL 定位, 共检测到 33 个纤维品质 QTL, 单个性状检测到的 QTL 总共解释的遗传变异幅度为 13.4%-56.9%, 增效等位基因分布于双亲。其中 17 个 QTL 分配于 A 基因组, 16 个分配于 D 基因组。Qin 等(2008)采用了四交组合 Simian3(SM3)/Sumian12(SuM12)//Zhong4133(ZH4133)/8891, 五个纤维性状共检测到 20 个 QTL, 其中有 15 个 QTL 在两环境重复检测到。另外, 还检测到一些和其他研究可能相同的 QTL。比如染色体 14 上的定位到的纤维长度、马克隆值 QTL 和染色体 11 上的纤维长度 QTL 在 Wang 等(2006)的群体中也被检测到; 染色体 23 上检测到纤维长度 QTL 在 Shen 等(2006)的定位也被发现。

## 3 产量及其相关性状 QTL 定位

### 3.1 单株产量

单株产量遗传基础非常复杂, 是很多产量相关性状的综合体现。因此, 单株产量定位到的 QTL 其实往往是其他性状的 QTL。棉花的单株产量一般的研究分为了籽棉产量和皮棉产量。目前, 涉及到单株籽棉和皮棉产量的定位研究较多(Shen et al., 2007; Wang et al., 2007; Wu et al., 2009; Qin et al., 2008; He et al., 2005; 李成奇等, 2008)。综合起来, 定位到的单株产量的 QTL 分布于 15 个染色体, 但不同研究间并没有发现相同的 QTL。作为一个组成因子较多, 相关性状也较多的综合性状, 单株产量进行 QTL 定位研究难度较大。

### 3.2 单株成铃数

单株成铃数也是一个综合性状, 受很多构成因子影响。目前针对它的定位研究仅有 3 篇文献报

道(Shen et al., 2007; Qin et al., 2008; 李成奇等, 2008), 总共仅有 4 个 QTL 被检测到, 分布于 4 个染色体。类似于单株产量, 单株成铃数由于过于复杂, 进行 QTL 定位研究也存在较大难度。

### 3.3 铃重

铃重实际是单个棉铃的籽粒重和皮棉重的总和。因此这 3 个性状往往相关一起研究。目前, 涉及这三个性状的研究较多(Mei et al., 2004; 陈利等, 2008; Shen et al., 2007; Wang et al., 2007; Wu et al., 2009; Qin et al., 2008; He et al., 2005; 李成奇等, 2008; 王沛政等, 2008)。由于铃重与籽粒重和皮棉重的相关性。部分铃重 QTL 与籽粒重 QTL 或皮棉重 QTL 被定位到相同的染色体区间。不同研究的定位结果由于共有标记的缺失而难于比较, 一些染色体出现 QTL 的概率相对其他染色体较高。比如, 染色体 14 在 4 个研究中定位到 QTL; 染色体 7 则在 3 个研究中定位到。另外, 有两个研究进行了单铃种子数的定位(Mei et al., 2004; He et al., 2005), 种子数目的多少, 同时影响了籽粒重和皮棉重, 因此也是铃重的相关性状之一。Shen 等(2007)还进行了铃大小的定位, 结果表明, 铃大小 QTL 和籽粒重 QTL 存在部分重叠。

### 3.4 衣分

作为产量因子之一, 衣分其实也是与籽粒重和皮棉重紧密相关的一个性状, 是皮棉重占单铃重的比率。因此, 在已有的研究中, 部分衣分的 QTL 和单铃重、籽粒重、皮棉重的 QTL 定位于相同的染色体区间(Wan et al., 2007; 陈利等, 2008; Shen et al., 2007; Wu et al., 2009; Qin et al., 2008; 李成奇等, 2008; 王沛政等, 2008)。实际上, 由于单根纤维的重量也是影响皮棉重的因素之一, 衣分 QTL 也会与部分纤维品质 QTL 重合, 比如马克隆值, 纤维强度等(Zhang et al., 2005; Wang et al., 2007)。

### 3.5 植株形态

良好的植株形态是高产的生理基础之一。然而, 植株形态的 QTL 定位研究在棉花中开展得较少, 国内目前仅有两篇报道。Guo 等(2008)进行了第一果枝节位的 QTL 定位, 检测到 4 个 QTL。Song

等(2009)进行了第一果枝节位、主茎叶面积、株高、果枝数、主茎节间长、果枝节长、果枝夹角和开花期的 QTL 定位。检测到的 QTL 为 0~5 个, 一些性状间检测到相同的 QTL。

## 4 讨论与展望

目前虽然棉花中已进行了诸多的 QTL 定位, 但总结起来, 还存在如下一些问题: (1)针对性不强。从上面的总结中可看出, 许多分离亲本的组合亲本的选择并没有针对性。即使两个亲本间一些性状并没有显著的差异, 一个杂交组合往往进行了多个性状的 QTL 定位。虽然没有显著差异并不表明双亲间一定没有 QTL 的分离, 但往往定位到主效 QTL 的可能性较低。(2)定位的精度和灵敏度较低。目前大部分棉花的 QTL 定位研究都采用的全基因组分离定位群体。多个 QTL 的同时分离使单个 QTL 的位置和效应的估计有可能会受背景其他分离 QTL 的影响。换句话说, 目前棉花 QTL 定位研究大部分还停留在初级定位阶段, 定位的精度和灵敏度都要进一步提高, 因此, 在 QTL 的初级定位后, 采用单个或少数 QTL 分离的次级定位群体进行 QTL 精细定位是必要的步骤。(3)性状调查的合理性和准确性。性状调查所获得的表型数据应该最大限度反映该性状的遗传基础。比如对抗病性状来说, 致病菌的生理小种差异、性状调查时的生育期、时间和环境都是会影响基因效应的表达。另外, 对一些综合性的性状, 比如单株籽棉产量、单株成铃数等来说, 由于构成因子较多, 有必要将这些性状分解为若干个因子单独进行考察。(4)不同研究的可比性不高。由于陆地棉遗传基础狭窄, 陆地棉×陆地棉组合往往亲本间多态性低, 很多研究在 SSR 标记外采用了 AFLP、SRAP 等随机标记作为补充。由于随机标记的非特异性, 不同的组合间相同的通用标记较少, 使得不同研究得到的 QTL 信息无法进行比较。多个杂交组合共用一个亲本是一个提高可比性的途径。比如, 多个定位研究都采用了渝棉 1 号作为优质纤维亲本。另外, 许多研究采用了同一组合的不同世代分别进行 QTL 定位, 可提高定位结果的可靠性和增加 QTL 信息的通用性。

针对上述问题, 棉花 QTL 定位研究在今后的

主要方向应为提高定位的精确度和灵敏度。应该在初级定位的基础上进一步进行次级定位,对初级定位结果进行验证,进一步提高定位的准确性。另外,应该采取合适的途径提高定位结果的通用性,比如多个定位群体共用一个亲本,开发通用性的分子标记等,使不同定位研究具有一定的可比性,也同时也会提高定位的可靠性。

### 作者贡献

陈伟和张永山是本研究的实验设计和实验研究的执行人;陈伟、姚金波、褚丽、刘海菊及郭香墨完成论文初稿的写作;张永山是项目的构思者及负责人,指导实验设计,数据分析,论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

### 致谢

本研究由中央级公益性科研院所基本科研业务专项(SJA0902)和转基因生物新品种培育科技重大专项(2009ZX08005-016B)共同资助。

### 参考文献

- Chen X.J., Ge F., Wang D.M., Shi W.J., Xu L.M., Wu W.R., and Huang Q.S., 2008, Mapping of QTLs conferring resistance to Fusarium wilt in cotton, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 6 (6): 1127-1133 (陈勋基, 葛峰, 王冬梅, 师维军, 徐利明, 吴为人, 黄全生, 2008, 棉花枯萎病抗性的 QTL 定位, 分子植物育种, 6(6): 1127-1133)
- Fang D.D., Xiao J.H., Canci P.C., and Cantrell R.G., 2010, A new SNP haplotype associated with blue disease resistance gene in cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Theor. Appl. Genet.*, 120: 943-953
- Ge H.Y., Wang Y.C., Guo W.Z., and Zhang T.Z., 2008, Inheritance and molecular tagging of resistance against Verticillium wilt in upland cotton, *Mianhua Xuebao (Cotton Science)*, 20 (1): 19-22 (葛海燕, 汪业春, 郭旺珍, 张天真, 2008, 陆地棉抗黄萎病性状的遗传及分子标记研究, 棉花学报, 20 (1): 19-22)
- Guo Y., McCarty J.C., Jenkins J.N., and Saha S., 2008, QTLs for node of first fruiting branch in a cross of an upland cotton, *Gossypium hirsutum* L., cultivar with primitive accession Texas 701, *Euphytica*, 163 (1): 113-122
- He D.H., Lin Z.X., Zhang X.L., Nie Y.C., Guo X.P., Feng C.D., and Stewart J.M., 2005, Mapping QTLs of traits contributing to yield and analysis of genetic effects in tetraploid cotton, *Euphytica*, 144 (1-2): 141-149
- He D.H., Lin Z.X., Zhang X.L., Nie Y.C., Guo X.P., Zhang Y.X., and Wu L., 2007, 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*, 153 (1-2): 181-197
- He D.H., Lin Z.X., Zhang X.L., Zhang Y.X., Li W., Nie Y.C., and Guo X.P., 2008, Dissection of genetic variance of fibre quality in advanced generations from an interspecific cross of *Gossypium hirsutum* and *G. barbadense*, *Plant Breed.*, 127: 286-294
- Hu W.J., Zhang X.Y., Zhang T.Z., and Guo W.Z., 2008, Molecular tagging and source analysis of QTL for elite fiber quality in upland cotton, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomic Sinica)*, 34 (4): 578-586 (胡文静, 张晓阳, 张天真, 郭旺珍, 2008, 陆地棉优质纤维 QTL 的分子标记筛选及优质来源分析, 作物学报, 34 (4): 578-586)
- Li C.Q., Guo W.Z., Ma X., and Zhang T.Z., 2008, Tagging and mapping of QTL for yield and its components in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) population with varied lint percentage, *Mianhua Xuebao (Cotton Science)*, 20 (3): 163-169 (李成奇, 郭旺珍, 马晓玲, 张天真, 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, 棉花学报, 20 (3): 163-169)
- Chen L., Zhang Z.S., Hu M.C., Wang W., Zhang J., Liu D.J., Zheng J., Zheng F.M., and Ma J., 2008, Genetic linkage map construction and QTL mapping for yield and fiber quality in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Zuowu Xuebao (Acta Agronomic Sinica)*, 34 (7): 1199-1205 (陈利, 张正圣, 胡美纯, 王威, 张建, 刘大军, 郑靛, 郑风敏, 马靖, 2008, 陆地棉遗传图谱构建及产量和纤维品质性状 QTL 定位, 作物学报, 34 (7): 1199-1205)
- Lin Z., He D., Zhang X., Nie Y., Guo X., Feng C., and Stewart M., 2005, Linkage map construction and mapping QTL for cotton fibre quality using SRAP, SSR and RAPD, *Plant Breed.*, 124 (2): 180-187
- Mei M., Syed N.H., Gao W., Thaxton P.M., Smith C.W., Stelly D.M., Chen Z.J., 2004, Genetic mapping and QTL analysis of fiber-related traits in cotton (*Gossypium*). *Theor Appl Genet.*, 108 (2): 280-291
- Niu C., Lister H.E., Nguyen B., Wheeler T.A., Wright R.J., 2008, Resistance to *Thielaviopsis basicola* in the cultivated A genome cotton. *Theor Appl Genet.*, 117 (8): 1313-1323
- Park Y., Alabady M., Ulloa M., Sickler B., Wilkins T., Yu J., Stelly D., Kohel R., El-Shihy O., and Cantrell R., 2005,

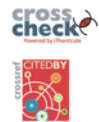


- Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population. *Mol Gen Genomics*, 274 (4): 428-441
- Qin H., Guo W., Zhang Y., and Zhang T., 2008, QTL mapping of yield and fiber traits based on a four-way cross population in *Gossypium hirsutum* L., *Theor Appl Genet*, 117: 883-894
- Shen X., Guo W., Lu Q., Zhu X., Yuan Y., and Zhang T., 2007, Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by RIL approach in Upland cotton, *Euphytica*, 155: 371-380
- Shen X., Guo W., Zhu X., Yuan Y., Yu J., Kohel R., and Zhang T., 2005, Molecular mapping of QTLs for fiber qualities in three diverse lines in Upland cotton using SSR markers, *Mol Breed*, 15: 169-181
- Shen X., Becelaere G., Kumar P., Davis R., May O., and Chee P., 2006, QTL mapping for resistance to root-knot nematodes in the M-120 RNR Upland cotton line (*Gossypium hirsutum* L.) of the Auburn 623 RNR source. *Theor Appl Genet*, 113: 1539-1549
- Song X., and Zhang T., 2009, Quantitative trait loci controlling plant architectural traits in cotton. *Plant Sci*, 177: 317-323
- ULLOA M., WANG C., and POBERTS P., 2009, Gene action analysis by inheritance and quantitative trait loci mapping of resistance to root-knot nematodes in cotton, *Plant Breed*, doi: 10.1111/j.1439-0523.2009.01717.x
- Wan Q., Zhang Z., Hu M., Chen L., Liu D., Chen X., Wang W., and Zheng J., 2007, T1 locus in cotton is the candidate gene affecting lint percentage, fiber quality and spiny bollworm (*Earias* spp.) resistance. *Euphytica*, 158: 241-247
- Wang B., Guo W., Zhu X., Wu Y., Huang N., and Zhang T., 2006, QTL mapping of fiber quality in an elite hybrid derived-RIL population of upland cotton, *Euphytica*, 152: 367-378
- Wang B., Wu Y., Guo W., Zhu X., Huang N., and Zhang T., 2007, QTL analysis and epistasis effects dissection of fiber qualities in an elite cotton hybrid grown in second generation. *Crop Sci*, 47: 1384-1392
- Wang C., Ulloa M., and Roberts P., 2006, Identification and mapping of microsatellite markers linked to a root-knot nematode resistance gene (*rkn1*) in Acala NemX cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Theor Appl Genet*, 2006, 112(4): 770-777
- Wang C., Ulloa M., and Roberts P., 2009, A transgressive segregation factor (RKN2) in *Gossypium barbadense* for nematode resistance clusters with gene *rkn1* in *G. hirsutum*. *Mol Gen Genomics*, 279 (1): 41-52
- Wang F.R., Liu R.Z., Wang L.M., Zhang C.Y., Liu G.D., Liu Q.H., Ma X.B., and Zhang J., 2007, Molecular markers of *Verticillium* wilt resistance in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivar and their effects on assisted phenotypic selection, *Mianhua Xuebao (Cotton Science)*, 19(6): 424-430 (王芙蓉, 刘任重, 王留明, 张传云, 刘国栋, 刘勤红, 马小波, 张军, 2007, 陆地棉品种抗黄萎病性状的分子标记及其辅助选择效果, *棉花学报*, 19 (6): 424-430)
- Wang H., Lin Z., Zhang X., Chen W., Guo X., Nie Y., and Li Y., 2008, Mapping and quantitative trait loci analysis of verticillium wilt resistance genes in cotton, *Journal of Integrative Plant Biology*, 2008, 50 (2): 174-182
- Wang J., Guo W., and Zhang T., 2007, QTL mapping for fiber quality properties in cotton cultivar Yumian1, 33 (12) :1915-1921 (王娟, 郭旺珍, 张天真, 2007, 渝棉 1 号优质纤维 QTL 的标记与定位, *作物学报*, 33(12): 1915-1921)
- Wang P., Qin L., Su L., Hu B., and Zhang T., 2008, QTL mapping of the martial yield components of main upland cotton cultivars planted in Xinjiang, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 41 (10):2947-2956(王沛政, 秦利, 苏丽, 胡保民, 张天真, 新疆陆地棉主栽品种部分产量性状 QTL 的标记与定位, *中国农业科学*, 41(10):2947-2956)
- Wang P., Su L., Qin L., Hu B., Guo W., and Zhang T., 2009, Identification and molecular mapping of a Fusarium wilt resistant gene in upland cotton, *Theor Appl Genet*, 119 (4): 733-739
- Wang X.F., Zhen R., Ma Z.Y., Zhang G.Y., Zhang Y., and Wang X., 2007, Verification and Cloning of SSR Marker Linked with the Gene of *Verticillium* wilt Resistance in *Gossypium barbadense* L. *Zhiwu Yichuan Ziyuan Xuebao (Journal of Plant Genetic Resources)*, 8(2): 149-152(王省芬, 甄瑞, 马峙英, 张桂寅, 张艳, 王雪, 2007, 海岛棉品种抗黄萎病基因 SSR 标记的验证及克隆, *植物遗传资源学报*, 8(2): 149-152)
- Wu J., Gutierrez O., Jenkins J., McCarty J., and Zhu J., 2009, Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of upland cotton. *Euphytica*, 165: 231-245
- Xiao J., Fang D., Bhatti M., Hendrix B., and Cantrell R., 2010, A SNP haplotype associated with a gene resistant to *Xant-*

- homonas axonopodis* pv. *malvacearum* in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Mol Breed*, 25 (4) (in press)
- Yang C., Guo W., and Zhang T.Z., 2007, QTL mapping for resistance to Verticillium wilt, fiber quality and yield traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Fenzi Zhiwu Yuzhong* (Molecular Plant Breeding), 5 (6): 797-805 (杨赦, 郭旺珍, 张天真, 2007, 陆地棉抗黄萎病、纤维品质和产量等农艺性状的 QTL 定位, *分子植物育种*, 5 (6): 797-805)
- Yang X., Guo W., Li G., Gao F., Lin S., and Zhang T., 2008, QTLs mapping for Verticillium wilt resistance at seedling and maturity stages in *Gossypium barbadense* L., *Plant Science*, 174: 290-298
- Zan W., Gao F., Liu H.F., Li G.Y., Song W., Luo C., and Li H., 2008, Molecular marker of resistance to Verticillium wilt of *G. barbadense* and mapping of QTL, *Xinjiang Nongye Kexue* (Xinjiang Agricultural Science), 45(5): 805-808 (答伟, 高峰, 刘海峰, 李国英, 宋武, 罗城, 李晖, 2008, 海岛棉抗黄萎病性状分子标记的研究及 QTL 的定位, *新疆农业科学*, 45 (5): 805-80)
- Zhang Z., Hu M., Zhang J., Liu D., Zheng J., Zhang K., Wang W., and Wan Q., 2009, Construction of a comprehensive PCR-based marker linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Mol Breed*, 24: 49-61
- Zhang Z., Xiao Y., Luo M., Li X., Luo X., Hou L., Li D., and Pei Y., 2005, Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fiber-related traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Euphytica*, 144: 91-99
- Zheng R., Wang X., Ma Z., Zhang G., and Wang X., 2006, A SSR marker linked with the gene of Verticillium Wilt resistance in *Gossypium barbadense*, *Mianhua Xuebao* (Cotton Science), 18 (5): 269-272



《分子植物育种》是一份为转基因育种、分子标记辅助育种及常规育种服务的科学杂志, 也是中国唯一的一份以育种为名的科学杂志。于2003年创刊, 创刊伊始即被美国化学文摘(CA), 中国科学引文数据库、中国科技期刊全文数据库、中国引文数据库, 中国科技期刊数据库、中文科技期刊数据库, 中国核心期刊(遴选)数据库, 中国生物学文摘和中国生物学数据库等多家中外文献数据库收录。



在线投稿: <http://mpb.chinese.sophiapublisher.com>



5<sup>th</sup>Publisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5<sup>th</sup>Publisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量的评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>