

甘蓝型油菜主花序有效角果数 QTL 定位

孙美玉, 华 玮, 刘 静, 王新发, 刘贵华, 王汉中*

(中国农业科学院油料作物研究所, 农业部油料作物生物学与遗传育种重点开放实验室, 湖北 武汉, 430062)

摘要: 为分析甘蓝型油菜主花序有效角果数的遗传标记, 以 ZY036 × 51070 杂交构建的双单倍体 (DH) 为材料, 采用 2010–2012 年在武汉、阳逻、青海和襄阳三年四点五个试验的检测数据, 运用 WinQTL Cartographer 2.5 软件进行主花序有效角果数 QTL 定位分析。研究共检测到 10 个与主花序有效角果数相关的 QTL, 表型变异是 9.33% ~ 31.60%, LOD (极大似然函数比的常用对数) 值是 2.51 ~ 5.37, 加性效应是 2.71 ~ 8.09。而且在染色体 A1、A5、C1 和 C9 上的 4 个 QTL 都可以在 2 个不同的试验中重复检测到。试验还得到 QTL 区间的 16 个连锁标记, 其中有 8 个距离 QTL 的最大峰值不足 1cM。

关键词: 甘蓝型油菜; 主花序; 有效角果数; QTL

中图分类号: S331; S565.403 **文献标识码:** A **文章编号:** 1007-9084(2013)01-0001-07

QTLs for effective silique number of main inflorescence on rapeseed (*Brassica napus* L.)

SUN Mei-yu, HUA Wei, LIU Jing, WANG Xin-fa, LIU Gui-hua, WANG Han-zhong*

(Oil Crops Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, Ministry of Agriculture, Wuhan 430062, China)

Abstract: Effective silique number on main inflorescence is an important factor on rapeseed (*Brassica napus* L.) yield. Doubled haploids (DH) derived from ZY036 and 51070 were used to develop genetic markers on effective silique number. DH population was planted for 3 years at 4 locations as Wuhan-2010, Yangluo-2011, Qinghai-2011, Yangluo-2012 and Xiangyang-2012 respectively. In the 5 field trials, QTLs for the effective silique number on main inflorescence were identified using WinQTL Cartographer 2.5 software. 10 QTLs were found. Their phenotypic variation, LOD value and additive effect ranged from 9.33% to 31.60%, 2.51 to 5.37 and 2.71 to 8.09 respectively. Four QTLs on chromosomes A1, A5, C1 and C9 were co-localized by 2 trials. In the QTL regions, 16 linkage markers were obtained, and 8 of 16 markers had less than 1cM distance from the peak of the QTLs.

Key words: *Brassica napus* L.; Main inflorescence; Effective silique number; QTL

甘蓝型油菜是我国主要油料作物之一, 而且菜籽油现在是国产食用植物油的第一大来源, 在我国食用油市场中具有举足轻重的地位。目前, 国内油料作物仅提供植物油消费总量的 40% 左右, 约 60% 需进口, 可见我国对国外的依存度越来越高, 自给总量上严重不足^[1]。所以提高油菜的产量成为了现在油菜育种的重要目标。

常规密度种植的油菜产量是由单株有效角果数、每角粒数以及千粒重所构成, 而这三个因素间既

相互协同又相互制约。近年来随着农业机械化的发展, 已经打破了常规密度人工种植油菜的传统观念, 渐渐转向了机械化密植油菜的生产过程。油菜具有主序优势, 主要表现在其结角率高、成熟早等优点, 通过选育优势强的品种, 适当增加密度, 合理调整布局, 有望使油菜产量有较大幅度的提高。已有研究表明, 适当增加密度可使主序在产量中的比例增加, 在 5 万株/667m² 时主序产量占单株产量的 73.05%^[2]。而且油菜主序的两个主要性状主花序

收稿日期: 2012-09-03

基金项目: 国家 973 计划 (2011CB109300); 国家 863 计划 (2012AA101107); 国家油菜产业体系 (CARS-13)

作者简介: 孙美玉 (1983-), 女, 山东潍坊人, 博士研究生, 研究方向为油菜遗传育种, E-mail: sunmy8302@163.com

* 通讯作者: 王汉中, 研究员, 博士生导师, 主要从事油菜遗传育种研究, E-mail: wanghz@oilcrops.cn

长度和主花序有效角果数一直以来都是影响单株产量的重要因素^[3~9]。另外,机械化种植的油菜往往是密度高、分枝少,所以密植油菜主要是通过提高群体有效角果数来实现增产^[10~12]。机械化高密度种植油菜,其单株生产力、单株角果数均随密度增加而减少,而密度对每角粒数和千粒重影响不大^[13,14],此时油菜产量的三个构成因素就由单株有效角果数、每角粒数以及千粒重转变成了单株主花序有效角果数、每角粒数以及千粒重。综上所述,单株主花序有效角果数是影响油菜产量的重要因素。

目前已有许多关于油菜主序的遗传研究,尤其是油菜主花序长度的数量性状位点(QTL)的研究^[15~19]。但到目前为止,关于主花序有效角果数QTL等方面的研究却严重不足。高必军^[15]在重组自交系(RIL)群体的连锁群LG6、LG12、LG13上,采用一年的田间检测数据,检测到5个油菜主花序有效角果数QTL,其表型变异是11.2%~25%,LOD值是2.05~4.61,加性效应为9.46~50.81。吴建忠^[16]也采用一年的田间检测数据,在双单倍体(DH)群体的染色体A8和C4上扫描到3个控制主花序有效角果数的QTL,其表型变异是5.07%~9.45%,LOD值是2.62~4.22,加性效应为2.59~3.59。以上两个报道都只用了一年的田间数据检测QTL,没有在不同环境下对QTL遗传稳定性进行系统分析。而其它对于油菜主花序有效角果数QTL的报道很少。本研究利用甘蓝型油菜DH群体,对主花序有效角果数QTL进行多年多点的系统分析,希望为油菜主花序有效角果数QTL精细定位奠定基础,为油菜高产育种提供指导。

1 材料和方法

1.1 材料

以甘蓝型油菜品系ZY036(主花序有效角果数为75个)和51070(主花序有效角果数为55个)为亲本杂交得到F₁植株,参照王汉中等^[20]的方法进行小孢子培养得到112个甘蓝型油菜DH株系。从中随机选取了92个单株构成了本试验的DH群体,用于田间试验、主花序有效角果数测定、遗传图谱构建和主花序有效角果数QTL分析。

1.2 田间试验和主花序有效角果数数量测定

亲本ZY036、51070和DH群体的田间试验采用常规密度种植,按完全随机区组设计且设置3个重

复,每个DH株系播种2行,每行长2.5m,行距40cm,株距20cm,田间管理按常规处理。2010年在武汉、2011年在阳逻和青海、2012年在阳逻和襄阳三年四点分别种植了亲本ZY036、51070和DH群体。每个小区收获6到10个单株。用人工方法测定主花序有效角果数(主花序上凡含有一粒以上饱满种子的角果数)。

1.3 主花序有效角果数QTL定位

在已构建好的DH遗传连锁图谱的基础上^[21],用WinQTL Cartographer 2.5软件^[22],采用复合区间作图(CIM)的方法^[23,24]定位DH群体的主花序有效角果数QTL。QTL的统计由极大似然函数比的常用对数(LOD)和每个QTL解释的主花序有效角果数表型变异百分率决定^[25,26]。QTL的阈值用重复抽样1000次的排布测验方法(permutation test)确定,显著水平定为0.05。

2 结果与分析

2.1 亲本和DH群体的主花序有效角果数表型变异

亲本ZY036和51070在武汉-2010、阳逻-2011、青海-2011、阳逻-2012和襄阳-2012的主花序有效角果数平均值±SE如表1所示。对两亲本在这五个试验中的主花序有效角果数进行方差分析,试验结果表明两亲本在这五个试验中具有显著差异(P<0.05),平均相差20个角果左右。

DH群体的主花序有效角果数表型变异在武汉-2010、阳逻-2011、青海-2011、阳逻-2012和襄阳-2012的频率分布如图1所示。DH群体的主花序有效角果数平均值范围在武汉-2010、阳逻-2011、青海-2011、阳逻-2012和襄阳-2012分别在36.85~82.70、37.97~88.15、40.54~77.71、36.57~81.12和37.25~77.31之间。利用PROC NORMAL程序(SAS8.1, SAS INSTITUTE INC, USA)验证DH群体在武汉-2010、阳逻-2011、青海-2011、阳逻-2012和襄阳-2012五个试验,它们遵循正态分布模式,符合典型的数量性状遗传特征,表明该群体可用于QTL作图。上述实验结果表明DH群体在阳逻-2011主花序有效角果数最大值要比其在青海-2011和襄阳-2012多10个左右的角果。

表 1 亲本 ZY036 和 51070 的主花序有效角果数分析

Table 1 Distribution of the effective silique number on main inflorescence of parents ZY036 and 51070

试验 Trial	ZY036 平均值(± SE) Mean of ZY036 (± SE)	51070 平均值(± SE) Mean of 51070 (± SE)	差值 Difference	P 值 P value
武汉 -2010 Wuhan -2010	76.54 ± 3.33	56.52 ± 4.65	20.02	0.030 7 *
阳逻 -2011 Yangluo -2011	72.63 ± 4.54	55.33 ± 3.87	17.30	0.020 3 *
青海 -2011 Qinghai -2011	79.22 ± 4.56	57.41 ± 4.68	21.81	0.001 8 **
阳逻 -2012 Yangluo -2012	78.08 ± 3.63	53.62 ± 5.32	24.46	0.007 2 **
襄阳 -2012 Xiangyang -2012	76.31 ± 5.27	55.75 ± 3.26	20.56	0.021 2 *

注/ Note: * P < 0.05; ** P < 0.01. 下同, Same as below

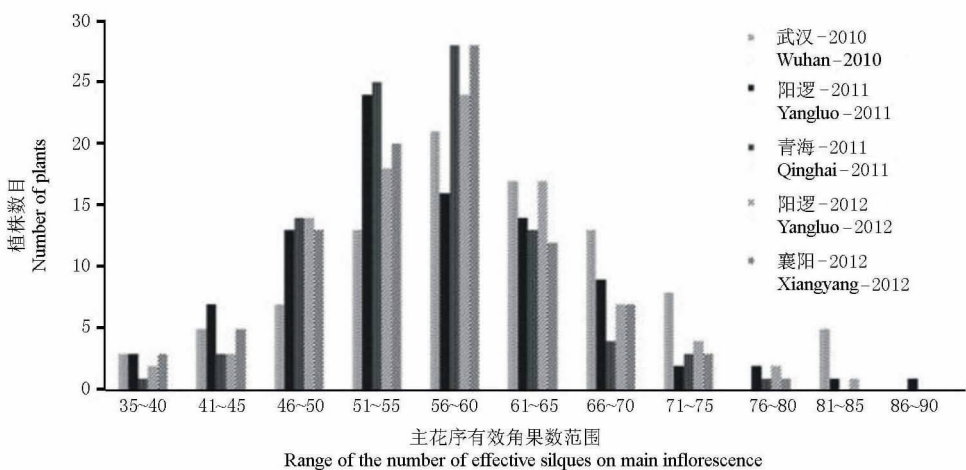


图 1 DH 群体的主花序有效角果数表型变异在 5 个试验中的频率分布

Fig.1 Distribution frequencies of phenotypic variability of effective silique number on main inflorescence in DH population at 5 trials

利用 DH 群体主花序有效角果数的表型数据, 用 PROC CORR 程序 (SAS8. 1, SAS INSTITUTE INC, USA) 计算 Pearson 系数, 评估武汉 - 2010、阳逻 - 2011、青海 - 2011、阳逻 - 2012 和襄阳 - 2012 这五个试验之间的相关性。DH 群体主花序有效角果数在武汉 - 2010、阳逻 - 2011、青海 - 2011、阳逻

- 2012 和襄阳 - 2012 这五个实验之间呈正相关 (表 2)。阳逻 - 2011 与阳逻 - 2012 之间的相关系数($r = 0.830\ 1$, $P < 0.000\ 1$) 最大; 武汉 - 2010 与阳逻 - 2012 之间的相关系数其次; 武汉 - 2010 与襄阳 - 2012 之间的相关系数最小。说明同一地理位置不同年份间的相关性最好。

表 2 DH 群体主花序有效角果数在各试验间的相关性

Table 2 Correlations of effective silique number on main inflorescence of DH populations at different trials

相关性(r 值) Correlation(r value)	武汉 - 2010 Wuhan - 2010	阳逻 - 2011 Yangluo - 2011	青海 - 2011 Qinghai - 2011	阳逻 - 2012 Yangluo - 2012	襄阳 - 2012 Xiangyang - 2012
武汉 - 2010 Wuhan - 2010		0.486 8 ****	0.410 8 ****	0.782 0 ****	0.350 0 ***
阳逻 - 2011 Yangluo - 2011	0.486 8 ****		0.435 2 ****	0.830 1 ****	0.404 9 ****
青海 - 2011 Qinghai - 2011	0.410 8 ****	0.435 2 ****		0.487 2 ****	0.462 6 ****
阳逻 - 2012 Yangluo - 2012	0.782 0 ****	0.830 1 ****	0.487 2 ****		0.424 7 ****
襄阳 - 2012 Xiangyang - 2012	0.350 0 ***	0.404 9 ****	0.462 6 ****	0.424 7 ****	

注/Note: *** P < 0.001; **** P < 0.000 1

2.2 主花序有效角果数 QTL 定位

利用 DH 群体已构建的包括 527 个标记的遗传连锁图谱^[21], 连锁图谱覆盖总长度是 2 265.54cM, 平均每条染色体长度是 119.34cM, 标记之间的平均图距 4.30cM。利用 WinQTL Cartographer 2.5 软件对主花序有效角果数的表型数据进行 1 000 次的排布测验, 最后确定 LOD 的阈值在武汉 - 2010、阳逻 -

2011、青海 - 2011、阳逻 - 2012 和襄阳 - 2012 分别是 2.52、2.84、3.46、2.55 和 2.31。利用 DH 群体五个试验的主花序有效角果数表型数据, 共检测到 10 个 QTL, 其中在武汉 - 2010、阳逻 - 2011、青海 - 2011、阳逻 - 2012 和襄阳 - 2012 分别检测到 3、4、2、2 和 3 个 QTL (图 2, 表 3), 并且分布在不同的染色体上。

表 3 DH 群体主花序有效角果数 QTL 及遗传参数
Table 3 QTLs for effective silique number on main inflorescence in the DH population and their genetic parameters

试验 Trial	染色体 Chromosome	QTL 峰值 QTL peak/cM	QTL 区间 QTL region/cM	a	b	阈值 LOD	表型 变异 R ² /%	加性 效应 ADD	等位基因来源 Source of increasing allele
武汉 - 2010 Wuhan - 2010	A1	63.2	60.4 - 65.2	2	1	2.74	9.35	5.32	ZY036
	A3	20.6	19.6 - 22.7	2	1	5.16	18.17	-6.72	51070
	C4	15.4	10.6 - 19.6	1	1	3.45	12.3	-3.93	51070
阳逻 - 2011 Yangluo - 2011	A5	55.6	54.1 - 55.9	0	0	3.07	11.24	3.38	ZY036
	A5	65	58.2 - 75.5	5	1	3.04	10.26	3.34	ZY036
	C1	58.4	55.9 - 58.9	2	0	3.59	11.67	-5.29	51070
青海 - 2011 Qinghai - 2011	C9	9.5	4 - 17.3	2	1	3.2	10.24	3.19	ZY036
	A1	64.4	62.9 - 68.5	2	1	4.13	16.32	7.79	ZY036
	C6	29.1	28.4 - 34.2	0	0	5.09	31.6	8.09	ZY036
阳逻 - 2012 Yangluo - 2012	C1	58.4	56.8 - 58.8	1	1	5.37	18.46	-5.83	51070
	C9	9.5	4.7 - 17	2	1	2.97	9.51	2.71	ZY036
襄阳 - 2012 Xiangyang - 2012	A1	125.9	120 - 132.8	1	0	3.63	22.44	-7.33	51070
	A5	47	43.9 - 48.6	0	0	2.51	9.33	3.88	ZY036
	A5	55.6	53.9 - 55.9	0	0	2.93	10.72	3.97	ZY036

注: a QTL 区间连锁标记的数目; b 距离 QTL 的最高峰值≤1cM 连锁标记的数目
Note: a, number of linkage markers in the QTL region; b, number of linkage markers less than 1cM distance from the highest peak of the QTL

通过 QTL 定位,估计的每个 QTL 解释主花序有效角果数表型变异 (R^2) 从 9.33% (襄阳 - 2012, A5) 到 31.60% (青海 - 2011, C6)。DH 群体的五个试验结果表明,染色体 A1 (武汉 - 2010 和青海 - 2011)、A5 (阳逻 - 2011 和襄阳 - 2012)、C1 (阳逻 - 2011 和阳逻 - 2012) 和染色体 C9 上的 QTL (阳逻 - 2011 和阳逻 - 2012) 都可以在 2 个不同的试验中重复检测到。在染色体 A1、A5、C1 和 C9 上重复检测到的 QTL 解释主花序有效角果数表型变异分别是 9.35% (武汉 - 2010)/16.32% (青海 - 2011)、11.24% (阳逻 - 2011)/10.72% (襄阳 - 2012)、11.67% (阳逻 - 2011)/18.46% (阳逻 - 2012) 和 10.24% (阳逻 - 2011)/9.51% (阳逻 - 2012)。DH 群体中的其它 6 个 QTL 只能在特定的试验中检测到。

DH 群体的 QTL 定位结果同时表明加性效应是主花序有效角果数变异的主要贡献因素。在 DH 群体中,每个 QTL 的加性效应是从 2.71 (阳逻 - 2012, C9) 到 8.09 (青海 - 2011, C6) 不等。在 DH 群体 QTL 区间,增加主花序有效角果数的等位基因来源也显示有明显的差异。在 DH 群体的 10 个 QTL 中,有 6 个 QTL (60%) 增加主花序有效角果数的等位基因来自 ZY036,有 4 个 QTL (40%) 增加主花序有效角果数的等位基因来自 51070。所以在 QTL 区间有利于主花序有效角果数增加的等位基因往往来自主花序有效角果数较多的亲本。并且在染色体 A1、A5、C1 和 C9 上在两个试验中都可以重复检测到的 4 个 QTL,有 3 个 QTL 增加其主花序有效角果数的等位基因都来自 ZY036。

表 4 QTL 区间连锁标记引物序列
Table 4 Primer sequences of linkage markers in QTLs region

标记 Marker	染色体 Chr.	位置 Position/cM	左引物 Forward primer	右引物 Reverse primer
GSSR134 *	A1	63.3	GGGCAACAATAATGTTCTGA	ATTGGTGGTGAATTTGGCTC
BrSF162 - 9 *	A1	64.4	GCTCAGCAGTCAGCAATCAA	GAGACCGTGTGTCCTCTCGT
BrSF49 - 32	A1	128.3	AAAAGGAAGGGCAAAGTGT	TTTTGCCATTCGTCGTCTGTA
SF22767 *	A3	21.4	AACTTTCGCGAAATGTTGGA	TGGCCAAACTCGTAAGAATG
BrSF166 - 9	A3	22.0	TGACATTTCGCATCAGATTTGT	TTCTCCATCGTCTTTGTCC
BrSF27 - 50 *	A5	47.0	GTCGAGAGATTCCTCTGTCG	AGGGAGAATGAGCAAAAGCA
BrSF176 - 13	A5	58.3	TTGGTTCAAATTATTTTAATGGAAG	AAACCCGAGATTTTCATCATTTT
pr22	A5	60.5	CGCAGAAGCTTCCACGTT	GACAATACCCAAATCCAACGG
CNU458 *	A5	64.0	GGGGTGAATCTTGGATGAGG	CTGACGGATTCCCAACGAAT
BrSF16 - 225b	A5	68.0	TTCTGTCCAGCTGCAATCAC	AGCATCACTAGCTTCGCCAT
GSSR035	A5	68.2	GCCGAGAAGAAGACAAACGA	TCCTTCAACCATGGCTTCTC
FIT0298	C1	56.2	ATCTATCCACCTCCTTCTTTC	TCCACACCAATCCTCGCC
SF14164 *	C1	57.2	AAATCCAAACCCACAACCAA	CCCATCACAGAGGCAAGAGT
ns069 *	C4	16.4	TCAAAGACTGAAGCCATGCGGA	AAGCATCTTACCTTTGACGAGGAAATTGTAGACTT
BrSF45 - 40	C9	7.1	GCACATAATGAAATTGCGGAT	AATGTCCACACGATCATTTT
BrBAC268 *	C9	10.2	AATGTCCACACGATCATTTT	GCACATAATGAAATTGCGGAT

注: * 距离 QTL 的最高峰值≤1cM 的标记
Note: * linkage markers had less than 1 cM distance from the peak of the QTL

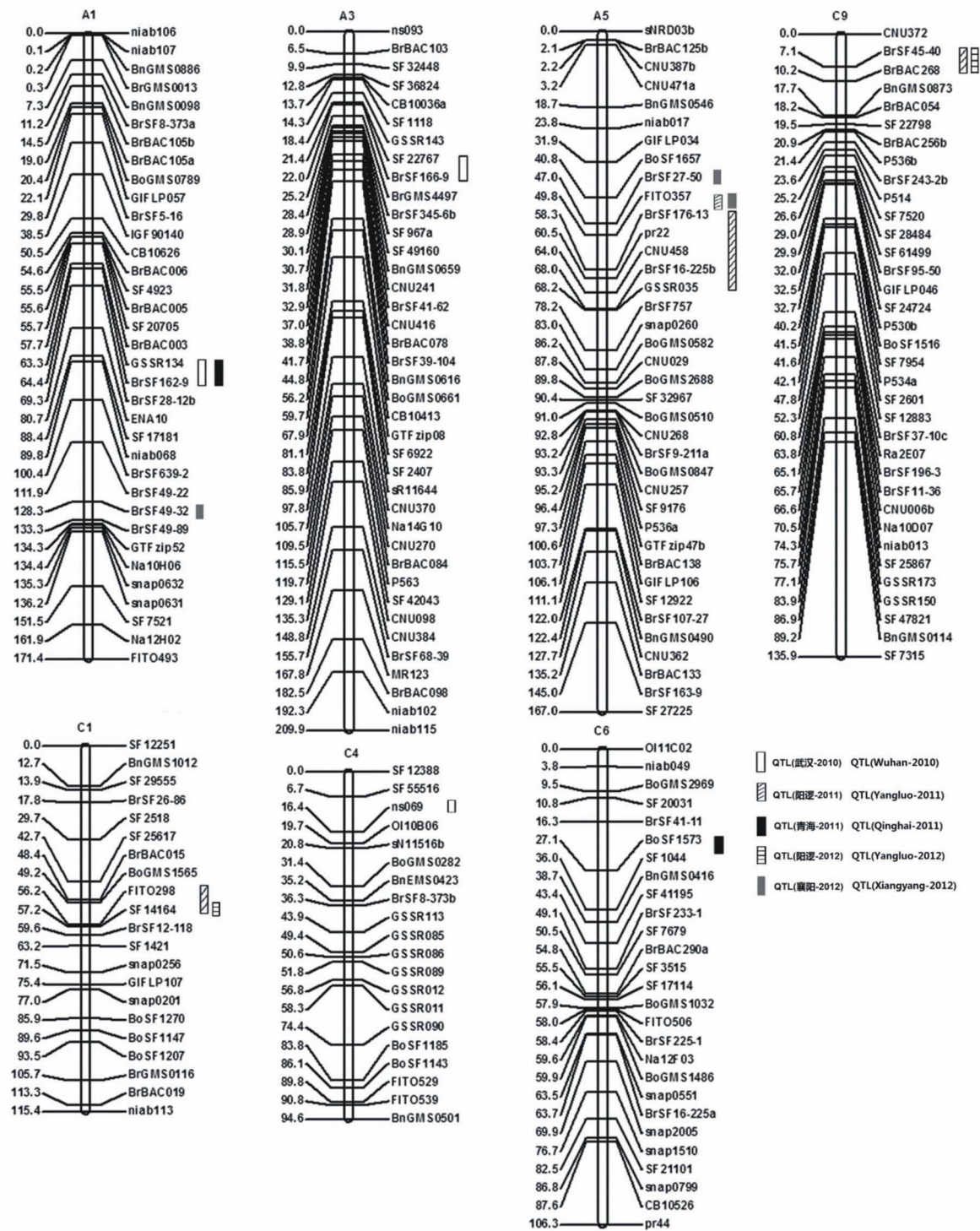


图2 主花序有效角果数 QTL 在染色体上的定位

Fig. 2 Identification of QTLs for effective silique number on main inflorescence on chromosomes

本试验还得到了这 10 个 QTL 区间的 16 个连锁标记,其中有 8 个连锁标记距离这 10 个 QTL 的最大峰值不足 1cM(表 4),它们是:GSSR134(武汉-2010, A1)、BrSF162-9(青海-2011, A1)、SF22767(武汉-2010, A3)、BrSF27-50(襄阳-2012, A5)、CNU458(阳逻-2011, A5)、SF14164(阳逻-2011/阳逻-2012, C1)、ns069(武汉-2010, C4)

和 BrBAC268(阳逻-2011/阳逻-2012, C9),距离其对应 QTL 的最大峰值分别为 0.1、0.0、0.8、0.0、1.0、0.9、1.0 和 0.7cM。这 16 个 QTL 区间连锁标记的引物序列如表 4 所示。利用 WinQTL Cartographer 2.5 软件的单标记分析的方法,对染色体上的标记进行检验,结果表明,QTLs 区间的 16 个连锁标记与主花序有效角果数都显著相关($P < 0.05$)(表 5)。

表 5 QTL 区间的连锁标记与 DH 群体主花序有效角果数的相关性
Table 5 Correlations between linkage markers in QTLs region and effective silique number on main inflorescence of DH population

试验 Trial	QTL 位置 QTL position	QTL 区间 QTL region	连锁标记 Linkage marker	P 值 P value
武汉 - 2010 Wuhan - 2010	A1	60.4 - 65.2	GSSR134	0.004 **
			BrSF162 - 9	0.018 *
	A3	19.6 - 22.7	SF22767	0.004 **
			BrSF166 - 9	0.013 *
	C4	10.6 - 19.6	ns069	0.002 **
	A5	54.1 - 55.9	无 None	
阳逻 - 2011 Yangluo - 2011	A5	58.2 - 75.5	BrSF176 - 13	0.016 *
			pr22	0.002 **
			CNU458	0.005 **
			BrSF16 - 225b	0.028 *
			GSSR035	0.041 *
	C1	55.9 - 58.9	FIT0298	0.011 *
青海 - 2011 Qinghai - 2011			SF14164	0.016 *
	C9	4 - 17.3	BrSF45 - 40	0.004 **
			BrBAC268	0.027 *
	A1	62.9 - 68.5	GSSR134	0.023 *
			BrSF162 - 9	0.035 *
	C6	28.4 - 34.2	无 None	
阳逻 - 2012 Yangluo - 2012	C1	56.8 - 58.8	SF14164	0.024 *
	C9	4.7 - 17	BrSF45 - 40	0.002 **
			BrBAC268	0.004 **
			BrSF49 - 32	0.034 *
襄阳 - 2012 Xiangyang - 2012	A1	120 - 132.8	BrSF27 - 50	0.007 **
	A5	43.9 - 48.6		
	A5	53.9 - 55.9	无 None	

3 讨论

与吴建忠^[16]利用 DH 群体的主花序有效角果数的 QTL 相比,本研究检测到的 10 个 QTL 在表型变异、加性效应和 LOD 值都更大,能解释的表型变异为 9.33% ~ 31.60%,LOD 值是 2.51 ~ 5.37,加性效应是 2.71 ~ 8.09。其原因一方面可能来自亲本间较大的遗传差异(两个品系 ZY036 和 51070 的主花序有效角果数相差 20 个左右);另一方面可能是因为本实验构建的甘蓝型油菜遗传连锁图谱质量好(覆盖总长度是 2 265.54cM,标记之间的平均图距 4.30cM)。

为了更好地了解主花序有效角果数的遗传机理,我们在五个不同的环境中展开试验。结果表明甘蓝型油菜 DH 群体的主花序有效角果数存在非常大的环境效应。DH 群体在阳逻 - 2011 主花序有效角果数最大值要比其在青海 - 2011 和襄阳 - 2012 多 10 个,其它实验之间的主花序有效角果数也有一定的差异。这主要是五个地点年份环境条件不同,包括雨水、光照、气温或土壤肥力等存在很大的不同。另外,所检测到的 QTL 也受环境的影响。10 个 QTL 中在染色体 A1、A5、C1 和 C9 上的 4 个 QTL 都

可以在两个试验中重复检测到。但是这 4 个 QTL 的表型变异、LOD 值和加性效应值存在着较大的差异。另外 6 个 QTL 只能在特定的地理位置或特殊的年份可以检测到,如 QTL(青海 - 2011, C6)的表型变异、LOD 值和加性效应都很大,只在青海这个特殊的地理位置检测到,在武汉、阳逻和襄阳这三处都没有检测到。这可能是因为有的染色体区域在不同的遗传背景下都存在控制主花序有效角果数遗传的潜力,而有的染色体区域只能在特定的遗传背景下可以控制主花序有效角果数的遗传。本研究检测到的 10 个 QTL 分布在 7 条染色体 A1、A3、A5、C1、C4、C6 和 C9 上。与以前的报道相比^[15,16],除染色体 C4 上都能检测到以外,其它的 QTL 还分布在不同的染色体上。这可能是因为每一个遗传分离群体都存在自己特有的遗传限定因子。

品系 ZY036 和 51070 的主花序有效角果数相差 20 个左右,说明 ZY036 与 51070 的等位基因存在着较大的差异。而且在甘蓝型油菜 DH 群体或 RIL 群体中,主花序有效角果数的等位基因的增效作用往往来自主花序有效角果数比较多的亲本。高必军^[15]检测到的 5 个 QTL 均由中双 4 号的等位基因起增效作用,吴建忠^[16]检测到 3 个 QTL 均由甲

A177 的等位基因起增效作用。我们得到的 10 个 QTL 中,有 6 个(60%)增加主花序有效角果数的等位基因来自 ZY036。同时这 10 个 QTL 区间的 16 个连锁标记中有 8 个距离这 10 个 QTL 的最高峰值不足 1cM。这些连锁标记有望用于甘蓝型油菜的主花序有效角果数分子标记辅助选择(MAS)育种。

4 结论

通过对主花序有效角果数上有显著差异的两亲本 ZY036 和 51070 的后代 DH 群体进行研究,定位了 10 个主花序有效角果数 QTL,分布在 7 条染色体 A1、A3、A5、C1、C4、C6 和 C9 上,在 A1、A5、C1 和 C9 染色体上的 4 个 QTL 可以在 2 个不同的试验中重复检测到;得到 QTL 区间的 16 个连锁标记,其中有 8 个距离 QTL 的最大峰值不足 1cM。

参考文献:

[1] 王汉中. 我国油菜产业发展的历史回顾与展望[J]. 中国油料作物学报,2010,32(2):300-302.

[2] 张宇文,郭亚茹. 油菜主序优势及其利用初析[J]. 西北植物学报,1996,16(6):126-131.

[3] 宋 稀,刘凤兰,郑普英,等. 高密度种植专用油菜重要农艺性状与产量的关系分析[J]. 中国农业科学,2010,43(9):1 800-1 806.

[4] 胡虹文. 甘蓝型油菜 12 种主要性状与产量的关系[J]. 中国油料,1997,19(3):10-14.

[5] 景尚友. 甘蓝型春油菜主要农艺性状与单株产量的通径分析[J]. 黑龙江农业科学,2002,(3):16-19.

[6] 王 瑞,李加纳,谌 利,等. 甘蓝型黄籽油菜主要性状的通径分析[J]. 中国农学通报,2004,20(6):325-326.

[7] 张建模,邹小云,宋来强,等. 杂交油菜主要产量性状与品质性状的关系研究[J]. 江西农业学报,2006,18(6):16-20.

[8] Tuncurk M, Ciftci V. Relationship between yield and some yield components in rapeseed (*Brassica napus* ssp. *oleifera* L.) cultivars by using correlation and path analysis[J]. Pakistan Journal of Botany,2007,39(1):81-84.

[9] 高必军,李 平,江 洪. 甘蓝型油菜若干农艺性状与单株产量的关系分析[J]. 生物数学学报,2007,22(1):137-144.

[10] 李孟良. 不同密度对直播油菜生长及产量的影响[J]. 安徽科技学院学报,2011,25(1):23-26.

[11] 陈新军,戚存扣,高建芹,等. 不同栽培密度对杂交油菜产量的影响[J]. 江苏农业科学,2001,(1):29-30.

[12] 艾复珍,李改珍. 密度与施肥量对油菜产量及经济性

状的影响[J]. 浙江农业科学,2005,26(2):131-134.

[13] Leach J E, Stevenson H J, Rainbow A J, et al. Effects of high plant populations on the growth and yield of winter oilseed rape (*Brassica napus*) [J]. Journal of Agricultural Science,1999,132(2):173-180.

[14] 冯 娟,黄 华,杨文钰. 不同密度、施氮量对机械撒播油菜产量及其构成的影响[J]. 作物杂志,2006(2):26-28.

[15] 高必军. 甘蓝型油菜 *napin* 基因启动子的克隆与几个重要农艺性状的初步 QTL 定位[D]. 雅安:四川农业大学,2007.

[16] 吴建忠. 甘蓝型油菜结实相关性状分析及 QTL 定位[D]. 武汉:华中农业大学,2010.

[17] 易 斌,陈 伟,马朝芝,等. 甘蓝型油菜产量及相关性状的 QTL 分析[J]. 作物学报,2006,32(5):676-682.

[18] 王 峰. 甘蓝型油菜遗传图谱构建及农艺、品质性状的 QTL 定位[D]. 长沙:湖南农业大学,2009.

[19] Chen W, Zhang Y, Liu X, et al. Detection of QTL for six yield-related traits in oilseed rape (*Brassica napus*) using DH and immortalized F₂ populations [J]. Theor Appl Genet,2007,115(1):849-858.

[20] 王汉中,王新发,刘贵华,等. 甘蓝型杂交油菜亲本的小孢子培养技术研究[J]. 中国油料作物学报,2004,26(1):1-4.

[21] Sun M Y, Hua W, Liu J, et al. Design of new genome- and gene-sourced primers and identification of QTL for seed oil content in a specially high-oil *Brassica napus* cultivar [J]. PLoS ONE,2012,7(10):47 037.

[22] Wang S, Basten C J, GaVney P, et al. Windows QTL Cartographer version 2.5[M]. North Carolina State University, Bioinformatics Research Center, Raleigh, 2001-2005.

[23] Zeng Z B. Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci [J]. Proc Natl Acad Sci USA,1993,90(2):10 972-10 976.

[24] Zeng Z B. Precision mapping of quantitative trait loci [J]. Genetics,1994,136(4):1 457-1 468.

[25] Churchill G A, Doerge R W. Empirical threshold values for quantitative trait mapping [J]. Genetics, 1994, 138(3):963-971.

[26] Doerge R W, Churchill G A. Permutation test for multiple loci affecting a quantitative character [J]. Genetics, 1996,142(1):285-294.