

姜聖姬, 王淑安, 张恩亮, 等. 紫薇遗传图谱构建及株型性状的 QTL 定位[J]. 江苏农业学报, 2023, 39(9): 1818-1826.

doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2023.09.003

紫薇遗传图谱构建及株型性状的 QTL 定位

姜聖姬, 王淑安, 张恩亮, 李林芳, 高露璐, 杨如同, 王 鹏

(江苏省中国科学院植物研究所, 江苏 南京 210014)

摘要: 紫薇是中国重要的木本观花植物, 株型是其重要的观赏性状, 但是目前尚未见关于其株型数量性状基因座 (QTL) 定位的研究。以紫薇金魄、堇秀构建的 181 个 F_1 代分离群体为研究材料, 构建 1 张由 36 个连锁群组成的包含 429 个 SSR 标记位点的遗传连锁图谱, 总遗传距离为 1 998.81 cM, 位点间平均距离为 4.63 cM; LG1 连锁群的遗传距离最大, 为 177.60 cM, LG27 连锁群覆盖的遗传距离最小, 为 19.32 cM。基于区间作图法共检测到 7 个株型的 QTL 位点, 其中控制株高的 QTL 位点有 4 个, 解释 4.32%~56.93% 的表型变异; 控制地径的 QTL 位点有 2 个, 分别解释 56.43% 和 59.02% 的表型变异; 控制分枝数的 QTL 位点有 1 个, 解释 54.60% 的表型变异。本研究率先构建了基于功能分子标记的紫薇种内遗传连锁图谱, 并定位了 7 个紫薇株型的 QTL 位点, 可以解释 4.32%~59.02% 的表型变异。研究结果可为紫薇基因定位、基因克隆及分子标记辅助选择奠定基础。

关键词: 紫薇; 简单重复序列 (SSR) 标记; 遗传图谱; 株型; 数量性状座 (QTL) 定位

中图分类号: S685.99 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2023)09-1818-09

Construction of genetic linkage map and QTL mapping of plant architecture in *Lagerstroemia indica*

JIANG Sheng-ji, WANG Shu-an, ZHANG En-liang, LI Lin-fang, GAO Lu-lu, YANG Ru-tong, WANG Peng

(Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: *Lagerstroemia indica* is an important woody ornamental plant in China, and plant type is an important ornamental trait. However, the research on quantitative trait locus (QTL) mapping of plant type has not been reported. In this study, 181 F_1 segregation populations of Jinhuang and Jinxiu were used as research materials, and a genetic linkage map consisting of 36 linkage groups and 429 SSR marker loci was constructed. The total genetic distance was 1 998.81 cM, and the average distance between loci was 4.63 cM. The genetic distance of LG1 linkage group was the largest, which was 177.60 cM, and the total genetic distance covered by LG27 linkage group was the smallest, which was 19.32 cM. Based on the interval mapping method, a total of seven QTLs for plant type were detected, including four QTLs for plant height, explaining 4.32%–56.93% of the phenotypic variation. There were two QTLs controlling ground diameter, explaining 56.43% and 59.02% of phenotypic variation. There was one QTL locus controlling the number of branches, explaining 54.60% of the phenotypic variation. In this study, an intraspecific genetic linkage map of *L. indica* based on functional molecular markers was first constructed, and seven QTLs of *L. indica* plant type

were mapped, explaining 4.32%–59.02% of phenotypic variation. In conclusion, these results can lay a foundation for gene mapping, gene cloning and molecular marker-assisted selection of *Lagerstroemia indica*.

Key words: *Lagerstroemia indica*; simple sequence repeat (SSR) markers; genetic linkage map; plant architecture; quantitative trait locus (QTL) mapping

收稿日期: 2022-12-02

基金项目: 中央财政林业科技推广示范资金项目 [苏 (2021) TG07];
国家自然科学基金面上项目 (31770745)

作者简介: 姜聖姬 (1996-), 女, 辽宁东港人, 硕士研究生, 主要从事植物遗传学研究。(E-mail) 15295776171@163.com。王淑安为共同第一作者。

通讯作者: 王 鹏, (E-mail) wp280018@163.com

紫薇(*Lagerstroemia indica*), 又称痒痒树, 是千屈菜科(Lythraceae)紫薇属(*Lagerstroemia*)落叶灌木或小乔木, 原产于中国, 至今已有 1 600 多年的栽培历史, 以其在仲夏持久开花而闻名, 并作为木本观赏植物而倍受人们喜爱^[1]。自 20 世纪 80 年代限制性内切酶片段长度多态性(RFLP)分子标记技术出现以来, DNA 分子标记研究逐渐成为非常活跃的研究方向^[2]。分子遗传图谱记录了基因组内基因和特定的多态性 DNA 分子标记的相对位置关系, 是基因定位和克隆的基础。自从 1994 年 Peltier 等^[3]首次利用分子标记、形态标记构建了矮牵牛(*Petunia hybrida*)的遗传图谱后, 研究者相继开展了观赏植物的相关研究。基于遗传连锁图谱的数量性状座位(Quantitative trait locus, QTL)定位能有效结合基因型与表型来鉴定植株性状, 显著提高选择的准确性和育种的高效性, 已在植物育种方面得到广泛应用^[4]。陈丹维等^[5]利用扩增片段长度多态性(AFLP)、简单序列间重复(ISSR)标记构建了蜡梅(*Chimonanthus praecox*)的分子遗传图谱, 为 QTL 定位、基因克隆等研究奠定了基础。Cai 等^[6]构建了第 1 张牡丹(*Paeonia* Sect. Moutan)高密度遗传图谱, 并获得了控制牡丹重要性状的 QTL。由此可见, 构建紫薇遗传连锁图谱的研究十分必要, 不仅能够发掘控制重要观赏性状的 QTL, 而且有利于推进紫薇属植物基因组学的研究进程。

观赏植物的株型可用来营造特定植物景观, 对环境的美学价值、公园景观规划具有较大影响, 在过去的 40 年里, 关于木本植物株型 QTL 的研究也越来越多^[7]。Lee 等^[8]利用共显性标记单核苷酸多态性(SNP)和微卫星构建连锁图谱, 对油棕(*Elaeis guineensis*)的株高进行 QTL 定位, 鉴定出 8 个与株高有关的候选基因。Liu 等^[9]结合转录组与 QTL 分析对沙柳(*Salix cheilophila*)的株高、胸径等性状进行了初步定位, 在 6 条染色体上鉴定出 6 个与株型相关的 QTL 位点。Du 等^[10]利用高密度连锁图谱对杨树(*Populus*)株型基因进行定位, 将 17 个 QTL 位点定位于 11 个连锁群上。Souza 等^[11]在橡胶树(*Hevea brasiliensis*)遗传图谱中对与株型相关的性状进行定位, 检测到 18 个在夏季、冬季与其生长差异相关的 QTL。目前, 关于紫薇株型性状的 QTL 定位研究鲜有报道。

目前, 研究者已经在紫薇的基因克隆、转录组分析及遗传图谱构建等方面取得重要进展。冷嘉文

等^[12]利用简单重复序列(SSR)标记对 30 个来源于美国的紫薇品种进行遗传多样性分析, 探讨紫薇的遗传规律, 为开展紫薇种质资源评价及新品种培育提供了理论依据。Cai 等^[13]对 55 个紫薇品种进行了指纹图谱的构建及 SSR 标记的开发。贺丹等^[14]利用 AFLP、简单重复序列(SSR)标记构建了尾叶紫薇(*Lagerstroemia caudata*)与紫薇种间的遗传连锁图谱, 对株高、地径等株型性状进行了复合区间 QTL 定位。本研究旨在借助表达序列标签微卫星(EST-SSR)标记, 以紫薇金幌(*Lagerstroemia Jinhuang*)、紫薇堇秀(*Lagerstroemia Jiuxiu*)的 F₁ 代分离群体为作图群体, 构建 1 张紫薇种内遗传图谱, 并对紫薇的 3 个株型性状进行 QTL 定位与分析, 从而为紫薇的分子育种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以紫薇品种金幌(母本)、堇秀(父本)为亲本, 其中父本紫薇堇秀速生, 花色淡紫, 叶色深绿; 母本金幌生长速度慢, 花色红色, 叶色金色。

于 2011 年 7-8 月 5:30-6:30, 当紫薇母本花瓣未完全展开时去雄、套袋并将采集的父本紫薇雄蕊放置于直径 90 mm 的塑料培养皿中, 于 9:00-11:00 用毛刷采集父本花粉并将其置于母本柱头上进行授粉, 最后套袋, 避免花粉污染。每个花序留 5~10 朵花。10-11 月陆续收集紫薇种子。2013 年 3 月播种, 用穴盘培育后, 移栽至试验田中定植。2014 年春季采集金幌、堇秀紫薇杂交所得 F₁ 代实生苗 200 株个体的健康幼叶, 于 -80 ℃ 保存待用。引物由上海英骏生物技术有限公司合成。

1.2 DNA 提取、扩增与检测

紫薇基因组 DNA 的提取采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法^[15]。PCR 扩增程序参考张恩亮等^[16]的方法, SSR 扩增产物的检测: 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳, 210 V 电泳 90 min, 电泳产物经银染显色完全后, 统计条带数据。

1.3 紫薇株型性状的测量

在秋季新梢停止生长后, 对 181 个 F₁ 代单株进行分枝数、地径和植株高度的调查和统计。分枝数的统计: 由每个单株主干最下部第 1 个分枝数起, 至主干末端, 侧枝分枝不计数。地径的测量: 使用游标卡尺在离地面高 1 cm 处进行测量, 每

个单株在不同方位进行测量,共计测量 3 次,取均值。高度的测量:测量每个单株从地面至主枝顶端的高度。

1.4 数据处理

数据的统计:筛选照片中有多态性的清晰的电泳条带,将有带的记为“1”,无带的记为“0”,不清楚或缺失的记为“-”。

将得到“1”和“0”组成的原始矩阵数据转换成“CP”类型要求的数据格式,然后将数据输入 Joimnap 3.0,用 Kosambi 函数计算图谱距离,选择对数优势比(LOD)=3.0~10.0 的标记作为连锁群,构建紫薇的连锁图谱。用绘图软件 MapChar 5.0 绘制连锁图。用 SPSS 17.0 (SPSS Inc., Chicago, USA) 软件对株型性状进行统计分析,获得分枝数、地径、植株高度等性状表型值的相关系数与试验统计数据的柱形正态分布图。应用 MapQTL 5.0 作图软件,采用区间作图法对株型性状进行 QTL 分析和作图($LOD>3$ 为阈值)。

QTL 命名:q+T(目标性状)+“-”+所在染色体(连锁群)。如果同一染色体包含同一目标性状的多个 QTL 位点,在染色体编号后用“-”+“数字”表示 QTL 数量,QTL 全名通常以斜体表示^[17]。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物筛选与带型分析

本研究从 1 600 对 EST-SSR 引物中筛选出 337 对引物,用其扩增得到清晰可辨的 486.00 个多态性位点。在 337 对多态性引物中,每对引物扩增出 1.00~5.00 个位点,平均扩增出 1.44 个位点,其中引物 NBJ1050 扩增的位点数最多,可以扩增出 5.00 个位点。

根据林木遗传作图群体的“双假测交”理论,将 486 个多态性位点分为以下 3 种类型:第 1 种为 $lm \times ll$ 分离类型(母本基因型为杂合的 lm ,父本基因型为隐性纯合的 ll),共有 208 个位点,由 116 对引物扩增而来;第 2 种为 $nn \times np$ (母本基因型为隐性纯合的 nn ,父本基因型为杂合的 np)分离类型,共有 204 个位点,由 196 对引物扩增而来;第 3 种为 $hk \times hk$ (父母本基因型均为杂合的 hk)分离类型,共有 74 个位点,由 48 对引物扩增而来。

2.2 紫薇分子遗传图谱的构建

用 Joimnap 3.0 对 486 个 SSR 位点进行连锁分

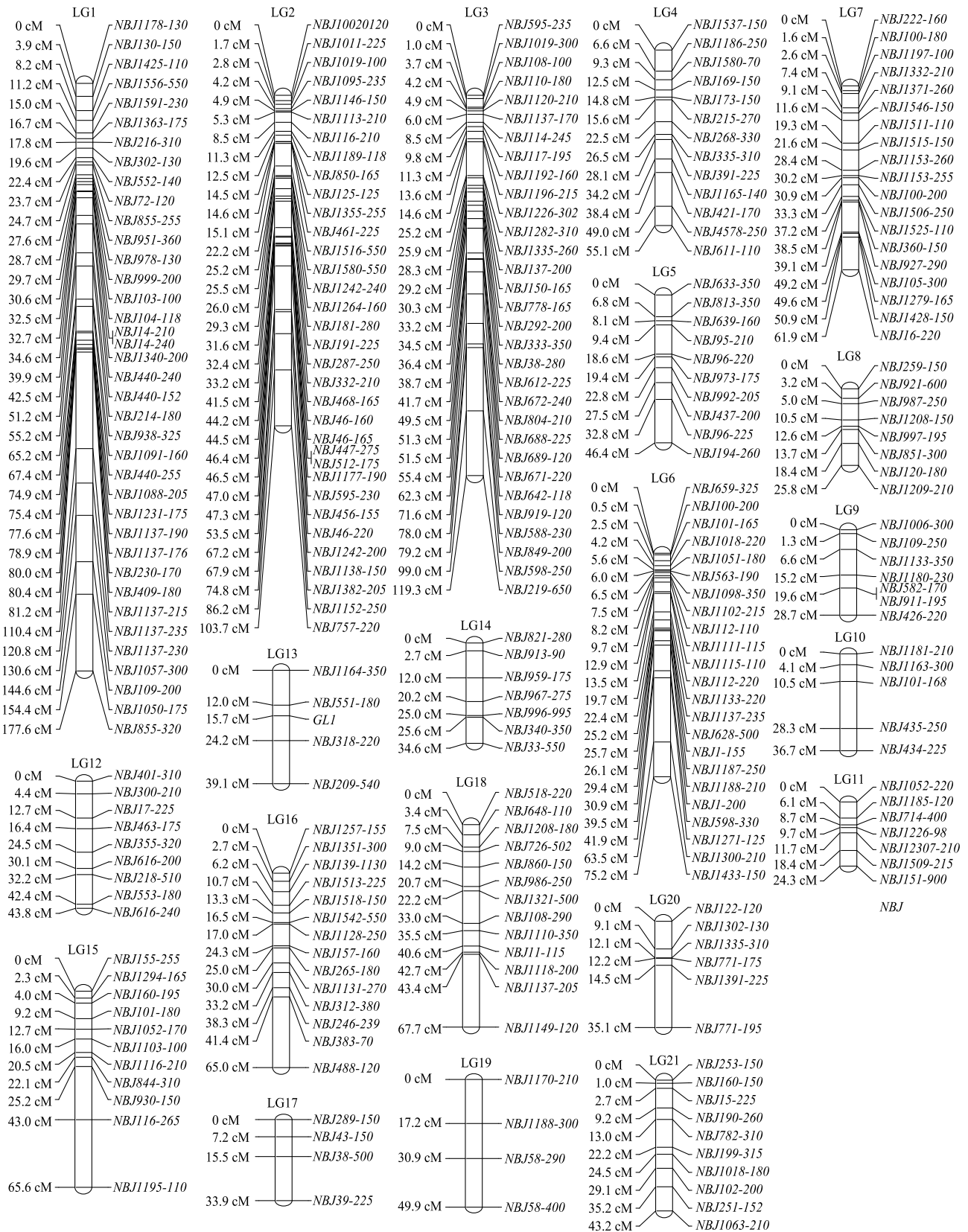
析,构建了 1 张包含 429 个 SSR 标记位点、分属 36 个连锁群的紫薇遗传连锁图谱(图 1、图 2)。连锁群的 LOD 为 3.0~10.0,遗传图谱总距离为 1 998.81 cM,位点间平均距离为 4.63 cM。36 个连锁群的平均遗传距离为 55.5 cM,其中 LG1 连锁群的遗传距离最长,为 177.6 cM, LG27 连锁群的遗传距离最短,为 19.3 cM。不同连锁群上的标记位点数为 4~37 个,最多的是 LG1 连锁群,有 37 个位点,最少的是 LG17 连锁群、LG19 连锁群,均只有 4 个位点。36 个连锁群中标记位点间平均间隔距离最小的连锁群是 LG2,为 3.2 cM,平均间隔距离最大的是 LG19 连锁群,为 12.5 cM。在 36 个连锁群中发现了 8 个大于 20 cM 的间隔区域,分布在 LG1(29.3 cM)、LG6(21.6 cM)、LG15(22.6 cM)、LG16(23.6 cM)、LG20(20.6 cM)、LG22(22.2 cM)、LG23(23.2 cM)和 LG30(22.5 cM)上。

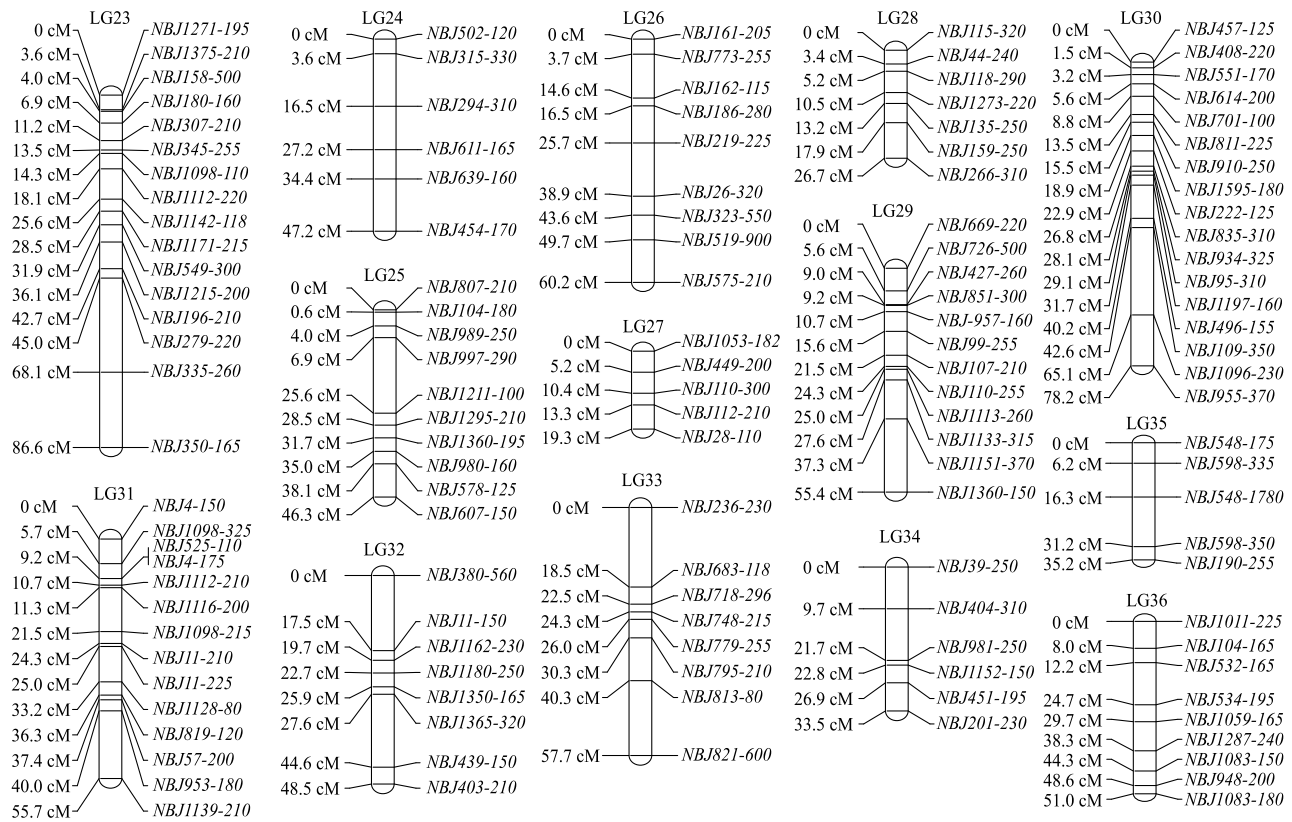
2.3 偏分离标记分析

经过对 486 个 SSR 多态性位点的卡方检测($\chi^2 < \chi_{20.01,1}^2 = 2.71$),发现偏分离标记位点共计 124 个(占比 25.51%),其中位于连锁群上的偏分离标记共 86 个,占偏分离标记总数的 69.35%,占连锁群上标记总数的 20.05%。 $lm \times ll$ 型偏分离标记 55 个,占偏分离标记总数的 44.35%,连锁群上标记 35 个,占该类型偏分离标记总数的 63.64%,占连锁群上标记总数的 8.16%。 $nn \times np$ 型偏分离标记 51 个,占偏分离标记总数的 41.13%,其中位于连锁群上的标记 38 个,占该类型标记总数的 74.51%,占连锁群上总标记数的 8.86%。 $hk \times hk$ 型偏分离标记 18 个,占偏分离标记总数的 14.52%,其中位于连锁群上的标记 13 个,占该类型标记总数的 72.22%,占连锁群上标记数的 3.03%。

2.4 紫薇株型性状的表型值分析

对 181 株紫薇的株高、地径和分枝数等性状进行统计和分析。从表 1、图 3 可以看出,2 个亲本金幌与董秀在株高、地径及分枝数等性状上均存在显著差异。株高、地径和分枝数的变异范围分别是 8.00~176.00 cm、0.10~1.70 cm 和 4.00~44.00 个,变异系数分别为 0.50、0.45 和 0.50,说明作图群体中单株间存在差异。株高、地径及分枝数的偏度均 >0 且 <1 ,均为正偏离,说明 3 个株型性状的分布偏向母本金幌。

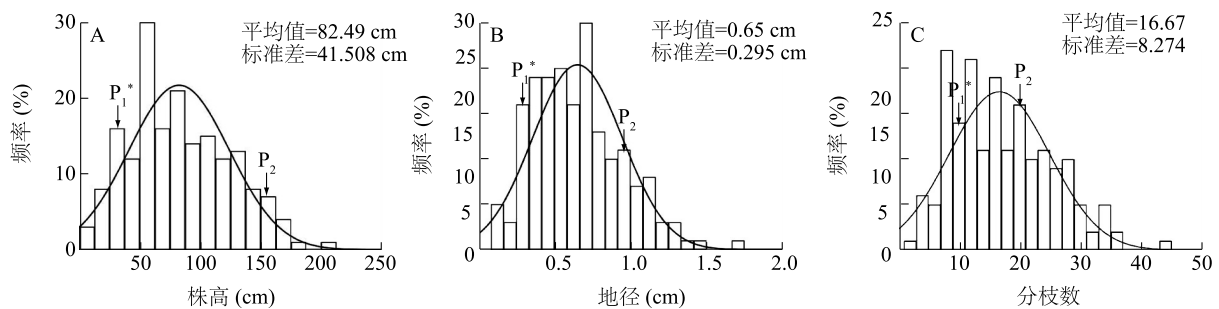




左侧数据为遗传图距,右侧编号为 SSR 位点。

图2 紫薇的简单重复序列(SSR)遗传图谱(2)

Fig.2 Genetic maps of *Lagerstroemia indica* based on simple sequence repeats (SSR) (2)



A:株高;B:地径;C:分枝数;P₁:金幌;P₂:堇秀;*表示P₁与P₂在0.05水平上有显著差异。

图3 株高、地径和分枝数的频率分布

Fig.3 Frequency distribution of plant high, ground diameter and branch number

2.5 株型的 QTL 定位

用 MapQTL 5.0 软件的区间作图模块对株型性状进行 QTL 分析,检测到 4 个控制紫薇植株高度的 QTL 位点,分别将其命名为 *qPH-1-1*、*qPH-6-2*、*qPH-22-3* 和 *qPH-29-4* (图 4、表 2)。其中,*qPH-1-1* 位于 LG1 连锁群上,在 NBJ951-360 与 NBJ104-118 之间,加性效应值为-1.72,来自母本金幌,可解释表型变

异的 4.32%;*qPH-6-2* 位于 LG6 连锁群上,在 NBJ1133-220 和 NBJ1137-235 之间,加性效应值为 0.23,来自父本堇秀,可解释表型变异的 56.93%;*qPH-22-3* 位于 LG22 号连锁群上,位于 NBJ202-100 和 NBJ42-120 之间,加性效应值为 1.49,来自父本堇秀,可解释表型变异的 55.61%;*qPH-29-4* 位于 LG29 号连锁群上,在标记 NBJ957-160 和标记

NBJ1133-315 之间,加性效应值为-9.99,来自母本金幌,可解释表型变异的 29.82%。

表 1 株高、地径和分枝数的表型

Table 1 Phenotype analysis of plant high, ground diameter and branch number

表型	P ₁	P ₂	F ₁	变异范围
株高(cm)	28.11±3.62 *	151.87±10.52	82.49±41.51	8.00~176.00
地径(cm)	0.33±0.12 *	0.99±0.07	0.65±0.30	0.12~1.70
分枝数(个)	10.11±3.33 *	22.13±4.70	16.67±8.27	4.00~44.00

P₁:金幌;P₂:堇秀;*表示 P₁ 与 P₂ 的表型指标在 0.05 水平有显著差异。株高、地径、分枝数的变异系数分别为 0.50、0.45、0.50,峰度分别为-0.47、0.42、0.08,偏度分别为 0.46、0.75、0.63。

本研究共检测到 2 个控制地径的 QTL 位点,分

表 2 株高、地径和分枝数 3 个性状的数量性状座位 (QTL) 分析

Table 2 Quantitative trait locus (QTL) analysis of plant high, ground diameter and branch number

性状	连锁群	QTL	LOD	相邻标记	位置 (cM)	加性效应值	贡献率 (%)
株高	LG1	<i>qPH-1-1</i>	3.1	<i>NBJ951-360</i> 、 <i>NBJ104-118</i>	27.0~31.6	-1.72	4.32
	LG6	<i>qPH-6-2</i>	3.2	<i>NBJ1133-220</i> 、 <i>NBJ1137-235</i>	16.0~22.0	0.23	56.93
	LG22	<i>qPH-22-3</i>	3.1	<i>NBJ202-100</i> 、 <i>NBJ42-120</i>	15.0~22.0	1.49	55.61
	LG29	<i>qPH-29-4</i>	3.1	<i>NBJ957-160</i> 、 <i>NBJ1133-315</i>	11.0~27.0	-9.99	29.82
地径	LG1	<i>qPD-1-1</i>	3.2	<i>NBJ14-240</i> 、 <i>NBJ440-240</i>	33.0~35.0	-1.33	56.43
	LG22	<i>qPD-22-2</i>	3.1	<i>NBJ1212-260</i> 、 <i>NBJ151-100</i>	7.0~14.0	-1.72	59.02
分枝数	LG22	<i>qBN-22-1</i>	3.2	<i>NBJ133-205</i> 、 <i>NBJ782-310</i>	30.0~40.0	-2.32	54.60

QTL:数量性状基因座;LOD:2 个基因座是否在染色体上很近;* :加性效应来自于母本金幌。

3 讨论

3.1 分子标记的选择

目前常见的分子标记大致分为 4 类:基于杂交的分子标记、基于 PCR 技术的分子标记、杂交和 PCR 技术相结合的分子标记及单核苷酸多态性标记^[18-20]。简单重复序列 (SSR) 标记具有操作简便且数量丰富的特点,能够揭示较高的多态性,同时具有多等位基因特性,能够提供较高的信息量,不受外界环境干扰,检测高效快速,被广泛应用于作物、林木等植物的遗传图谱构建^[20-21]。本研究以 181 株 F₁ 代分离群体为作图群体,利用 SSR 标记进行作图分析,构建了 1 张包含 429 个 SSR 位点的紫薇遗传连锁图谱,覆盖紫薇基因组总长度的1 998.81 cM。该连锁图谱框架结构已初步形成,并可为后续相关基因及 QTL 定位提供基础。

3.2 偏分离标记与遗传图谱

在 DNA 标记连锁图谱的制作过程中,常常会遇

别命名为 *qPD-1-1*、*qPD-22-2*,分别位于 LG1、LG22 连锁群上 (图 3、表 2)。*qPD-1-1* 在标记 *NBJ14-240* 和标记 *NBJ440-240* 之间,加性效应值为-1.33,来自母本金幌,可解释表型变异的 56.43%;*qPD-22-2* 位于标记 *NBJ1212-260* 和标记 *NBJ151-100* 之间,加性效应值为-1.72,来自母本金幌,可解释表型变异的 59.02%。

本研究还发现了控制分枝数的 1 个 QTL 位点,命名为 *qBN-22-1*,位于 LG22 连锁群上,在标记 *NBJ133-205* 和标记 *NBJ782-310* 之间,加效应值为-2.32,来自母本金幌,可解释表型变异的 54.60% (表 2)。

到大量 DNA 标记偏离孟德尔分离比例的现象。番茄^[22]、水稻^[23]、棉花^[24]等作物均有关于偏分离标记在特定连锁群上集中分布或偏向于某一亲本的描述。在桃^[25]、杧果^[26]等多年生果树的遗传图谱作图过程中也普遍存在 DNA 标记的偏分离现象。Bradshaw 等^[27]研究发现,偏分离的标记和正常分离的标记几乎具有相同的作图效率。在本研究中,偏分离标记位点共计 124 个,占多态性位点总数的 25.51%,其中连锁群上的偏分离标记共计 86 个,占偏分离标记总数的 69.35%,占总连锁群上标记数的 20.05%,分别低于水稻、棉花等作物的偏分离标记水平^[28-29]。标记偏分离的原因可能是多方面的,如亲本遗传差异较大、分离群体偏小、致死基因的存在及亲本杂交过程中存在染色体结构重排、缺失、插入和突变等^[30-35]。此外,值得注意的是,紫薇图谱中 86 个偏分离标记出现在 12 个连锁群的端部,与水稻^[36]、番茄^[37]、咖啡^[38]等作物的研究结果相似。本研究还对部分黄化 F₁ 代植株长势、地径和植株高

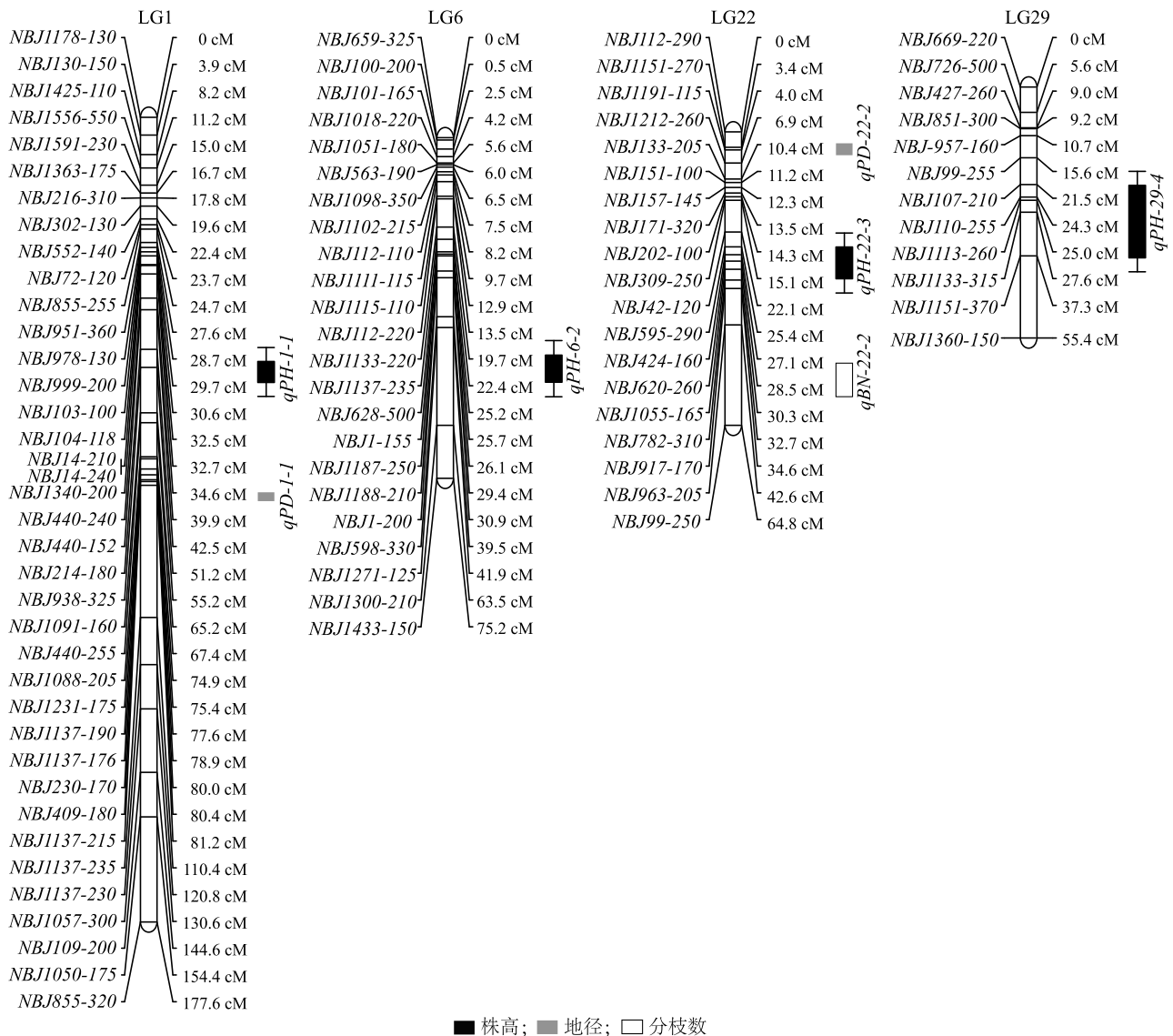


图4 株型的数量性状座位 (QTL) 定位

Fig.4 Quantitative trait locus (QTL) mapping of plant architecture

度3个性状进行QTL的定位与分析,推测有部分黄化F₁代植株在幼年时期因叶片黄化而死亡,这可能导致SSR标记出现偏分离的现象。

3.3 QTL在连锁群上的分布特点

株高、分枝数、地径等性状是紫薇株型的重要指标。在相同环境条件下,紫薇金叶品种金幌与野生型品种董秀在株高、地径等性状上存在显著差异,其F₁代群体中在不同个体之间同样存在较大差异,这种非环境因素造成的差异必然存在分子水平的调控机制。因此,对株高、地径等性状进行QTL定位研究有利于了解其在分子水平的调控机制。

前人研究发现,株高相关的QTL位点具有较高

的环境稳定性,来自父母本的等位基因均可能起到增效作用^[39-41]。在本研究中,笔者鉴定了4个与株高相关的QTL位点,效应值为-9.99~1.49,其中 $qPH-1-1$ 、 $qPH-29-4$ 来自母本金幌,表型贡献率分别为4.32%、29.82%, $qPH-6-2$ 、 $qPH-22-3$ 来自父本董秀,表型贡献率分别为56.93%、55.61%。上述结果表明,紫薇中存在控制株高的主效QTL位点。

地径相关的QTL定位研究主要集中在木本植物中,如在杨树^[42]、香榧^[43]等木本植物中均检测到与地径相关的QTL位点。在本研究中,我们共检测到2个与地径相关的QTL位点,分别为 $qPD-1-1$ 、 $qPD-22-2$,分别位于LG1、LG22连锁群上,加性效应

值分别为-1.33、-1.72,均来自母本金幌,分别可解释表型变异的4.32%、59.02%。上述结果说明,紫薇中存在控制地径的主效QTL位点。

张福敏^[42]检测到2个与杨树萌枝数相关的QTL,均位于父本银白杨图谱上,分别为*NS-1*、*NS-2*,均位于al-2连锁群上,*NS-1*可解释8.25%的表型变异,2个QTL共解释了16.38%的表型变异。在本研究中,笔者检测到1个紫薇分枝数QTL位点(*qBN-22-1*),位于LG22连锁群上,加性效应值为2.32,来自母本金幌,可解释表型变异的54.60%,较高的表型贡献率表明该位点可能是控制分枝数的主效QTL位点。

3.4 紫薇中存在功能相关基因的紧密连锁效应

在检测数量性状QTL的过程中,QTL在分布上有区域化趋势,表现出一因多效或紧密连锁效应^[44]。Kenis等^[45]发现,与苹果果实性状相关的QTL集中在第10、16连锁群上。这一现象在梨^[46]、玉米^[47]、水稻^[48]和冰草^[44]等植物上均有报道。上述证据表现出一因多效或紧密连锁效应,也可以从遗传上解释不同性状间存在的相关性,进一步说明具有相关功能的基因成簇分布。对紫薇分枝数、地径与植株高度3个与生长相关的性状进行QTL定位与分析发现,3个性状中检测到的7个QTL位点集中分布在LG1、LG22和LG29等4个连锁群上,在连锁群LG1、LG22上均有4个QTL共分离或紧密连锁的现象。其中,共分离或紧密连锁的QTL数目最多的是LG22,均定位于标记位点*NBJ157-145*附近,说明控制同一性状的QTL位点分布在相同连锁群的不同或相邻位置。上述结果表明,可能存在与株高、地径和分枝数等性状相关的关键基因。

参考文献:

- [1] 万德诺,孙丙雁,纪玉杰.紫薇属植物及其在园林中的应用[J].现代农业科技,2013(11):221-223.
- [2] 蒋锦雷.观赏园艺植物遗传图谱中分子标记技术的研究进展[J].南方农机,2022,53(10):64-66.
- [3] PELTIER D, FARCY E, DULIEU H, et al. Origin, distribution and mapping of RAPD markers from wild *petunia* species in *Petunia hybrida* Hort lines[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1994, 88(6/7): 637-645.
- [4] 张微微,潘俊松,蒋 苏,等.黄瓜 RIL 群体侧枝相关性状 QTL 定位[J].江苏农业学报,2017,33(1):174-180.
- [5] 陈丹维,赵凯歌,陈龙清.利用 AFLP 和 ISSR 标记评价蜡梅种内杂交一代群体的分离方式[J].北京林业大学学报,2010,32(增刊2):166-170.
- [6] CAI C F, CHENG F Y, WU J, et al. The first high-density genetic map construction in tree peony (*Paonia* Sect. Moutan) using genotyping by specific-locus amplified fragment sequencing[J]. PLoS One, 2015, 10(5): e0128584.
- [7] DARDICK C, CALLAHAN A, HORN R, et al. PpTAC1 promotes the horizontal growth of branches in peach trees and is a member of a functionally conserved gene family found in diverse plants species[J]. The Plant Journal, 2013, 75(4): 618-630.
- [8] LEE M, XIA J H, ZOU Z W, et al. A consensus linkage map of oil palm and a major QTL for stem height[J]. Scientific Reports, 2015, 5(1): 1-7.
- [9] LIU G Y, YANG Q S, GAO J F, et al. Identify of fast-growing related genes especially in height growth by combining QTL analysis and transcriptome in *Salix matsudana* (Koidz)[J]. Frontiers in Genetics, 2021, 12: 596749.
- [10] DU Q Z, GONG C R, WANG Q S, et al. Genetic architecture of growth traits in *Populus* revealed by integrated quantitative trait locus (QTL) analysis and association studies[J]. New Phytologist, 2016, 209(3): 1067-1082.
- [11] SOUZA L M, GAZAFFI R, MANTELLO C C, et al. QTL mapping of growth-related traits in a full-sib family of rubber tree (*Hevea brasiliensis*) evaluated in a sub-tropical climate[J]. PLoS One, 2013, 8(4): e61238.
- [12] 冷嘉文,乔中全,唐 丽,等.基于 SSR 分子标记的紫薇遗传多样性分析[J].湖南生态科学学报,2021,8(4):1-7.
- [13] CAI M, PAN H T, WANG X F, et al. Development of novel microsatellites in *Lagerstroemia indica* and DNA fingerprinting in Chinese *Lagerstroemia* cultivars[J]. Scientia Horticulturae, 2011, 131: 88-94.
- [14] 贺 丹,王晓娇,刘 阳,等.紫薇几个表型性状的 QTLs 定位[J].东北林业大学学报,2014,42(7):108-111.
- [15] 文自翔,赵团结,郑永战,等.中国栽培和野生大豆农艺品质性状与 SSR 标记的关联分析 I. 群体结构及关联标记[J].作物学报,2008,34(7):1169-1178.
- [16] 张思亮,王 鹏,李 亚,等.紫薇 EST-SSR 标记的开发与利用[J].北方园艺,2016(22):107-111.
- [17] 左力辉,韩志校,梁海永,等.不同产地中国李资源遗传多样性 SSR 分析[J].园艺学报,2015,42(1):111-118.
- [18] MCCOUCH S R, CHEN X, PANAUD O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding[J]. Plant Molecular Biology, 1997, 35(1): 89-99.
- [19] SARIKA G, SASHI P R, SUCHI S, et al. Construction of genetic linkage map of the medicinal and ornamental plant *Catharanthus roseus*[J]. Journal of Genetics, 2007, 86(3): 259-268.
- [20] LESPINASSE D, RODIER-GOUD M, GRIVET L, et al. A saturated genetic linkage map of rubber tree (*Hevea* spp.) based on RFLP, AFLP, microsatellite, and isozyme markers[J]. Theoretical and Applied Genetic, 2000, 100: 127-138.
- [21] YAMAMOTO T, KIMURA T, SHODA M, et al. Genetic linkage

- maps constructed by using an interspecific cross between Japanese and European pears[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 106(1):9-18.
- [22] FOOLAD M R, CHERT F Q, LIN G Y. RFLP mapping of QTLs conferring salt tolerance during germination in an interspecific cross of tomato[J]. Theoretical and Applied Genetic, 1998, 97: 1133-1144.
- [23] 董少玲, 张颖慧, 张亚东, 等. 水稻重组自交系分子遗传图谱构建及分蘖角的 QTL 检测[J]. 江苏农业学报, 2012, 28(2): 236-242.
- [24] 林忠旭, 冯常辉, 郭小平, 等. 陆地棉产量、纤维品质相关性状主效 QTL 和上位性互作分析[J]. 中国农业科学, 2009, 42(9): 3036-3047.
- [25] ARANZANA M J, GARCIA-MAS J, CARBÓ J, et al. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach[J]. Plant Breeding, 2002, 121(1): 87-92.
- [26] 房经贵, 章 镇, 马正强, 等. AFLP 标记在两个芒果品种间杂交 F₁ 代的多态性及分离方式[J]. 中国农业科学, 2000, 33(3): 19-24.
- [27] BRADSHAW JR H D, STETTLER R F. Molecular genetics of growth and development in populus. IV. Mapping QTLs with large effects on growth, form, and phenology traits in a forest tree[J]. Genetics, 1995, 139(2): 963-973.
- [28] 孔会利, 刘文俊, 王令强, 等. 水稻株高 QTL Qph1 的精细定位[J]. 华中农业大学学报, 2012, 31(3): 265-269.
- [29] 唐世义. 陆地棉优质品种纤维品质性状 QTL 定位[D]. 重庆: 西南大学, 2014.
- [30] SHI Y, BYRNE D H. Tolerance of *Prunus* rootstock to potassium carbonate-induced chlorosis[J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 1995, 120(2): 283-285.
- [31] 甘四明, 施季森, 白嘉雨, 等. RAPD 标记在桉属种间杂交一代的分离方式研究[J]. 林业科学研究, 2001, 14(2): 125-130.
- [32] CARLSON J E, TULSERAM L K, GLAUBITZ J C, et al. Segregation of random amplified DNA markers in F₁ progeny of conifers[J]. Theoretical and Applied Genetic, 1991, 83(83): 194-200.
- [33] MUKAI A, YAMAMOTO-HINO M, AWANO W, et al. Balanced ubiquitylation and deubiquitylation of frizzled regulate cellular responsiveness to Wg/Wnt[J]. The EMBO Journal, 2010, 80: S61.
- [34] FAURÉ S, NOYER J L, HARRY J P, et al. A molecular marker-based linkage map of diploid bananas (*Musa acuminata*) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1993, 87(4): 517-526.
- [35] KASHA K J, KAO K N. High frequency haploid production in barley (*Hordeum vulgare* L.) [J]. Nature, 1970, 225: 874-876.
- [36] XU J R, STAIGER C J, HAMER J E, et al. Inactivation of the mitogen-activated protein kinase Mps1 from the rice blast fungus prevents penetration of host cells but allows activation of plant defense responses[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1998, 95(21): 12713-12718.
- [37] HELENTJARIS T, SLOCUM M, WRIGHT S, et al. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1986, 72(6): 761-769.
- [38] KY C L, BARRE P, LORIEUX M, et al. Interspecific genetic linkage map, segregation distortion and genetic conversion in coffee (*Coffea* sp.) [J]. Theoretical and Applied Genetic, 2000, 101(4): 669-676.
- [39] 童汉华, 梅捍卫, 邢永忠, 等. 水稻生育后期剑叶形态和生理特性的 QTL 定位[J]. 中国水稻科学, 2007, 21(5): 493-499.
- [40] 吴儒刚, 陈广凤, 李冬梅, 等. 盐胁迫下小麦幼苗相关性状 QTL 加性及其上位性效应分析[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2015, 46(5): 652-657.
- [41] 管延安. 甜高粱遗传图谱的构建及能源相关性状的 QTL 定位[D]. 泰安: 山东农业大学, 2011.
- [42] 张福敏. 响叶杨×银白杨遗传图谱加密与相关 QTL 定位[D]. 南京: 南京林业大学, 2011.
- [43] 叶生月, 陈 钢, 张 慧, 等. 香榧 ISSR-PCR 扩增条件的优化和引物筛选[J]. 浙江林学院学报, 2010, 27(1): 87-92.
- [44] 李小雷, 于肖夏, 于 卓, 等. 冰草 10 个主要农艺性状的 QTL 定位研究[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(1): 44-50.
- [45] KENIS K, KEULEMANS J, DAVEY M W, et al. Identification and stability of QTLs for fruit quality traits in apple[J]. Tree Genetics and Genomes, 2008, 4(4): 647-661.
- [46] 张校立, 艾沙江·买买提, 薛华柏, 等. 梨遗传连锁图谱研究进展[J]. 果树学报, 2018, 35(增刊 1): 1-8.
- [47] 申 涛, 谭 康, 李春红, 等. 玉米株型相关性状的 QTL 定位[J]. 分子植物育种, 2022, 20(1): 155-162.
- [48] 张亚东, 梁文化, 赫 磊, 等. 水稻 RIL 群体高密度遗传图谱构建及粒型 QTL 定位[J]. 中国农业科学, 2021, 54(24): 5163-5176.

(责任编辑: 徐 艳)