

白菜重要园艺性状的 QTL 定位分析

吴才君 施翔 刘冬梅

(江西农业大学 农学院 江西 南昌 330045)

摘要: 为从转录水平上准确定位显著影响各性状的 QTLs 及其遗传效应和互作规律,以矮脚黄白菜自交系(97-3-2)和白蔓菁芜菁自交系(001-24)为亲本及其杂交建立 F₆ 重组自交系群体为材料,采用 cDNA-AFLP、cDNA-SRAP 技术构建了一个总长度为 1 048.4 cM 包含 311 个分子标记,14 个连锁群的高密度转录图谱。并采用基于混合线性模型的 QTL 作图分析软件 QTLMapper2.0 对 F₆ 群体进行 QTL 作图分析,检测到控制蛋白质、Vc、株高、伸展度、叶片数、单株质量等 12 个主要园艺性状的 42 个 QTL,定位于分子转录图谱的 14 个连锁群中,并阐明了单个 QTL 的遗传效应及 QTLs 间的互作遗传效应。

关键词: 白菜; 高密度转录图谱; QTL; 互作遗传效应

中图分类号: S634.3 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2012)02-0244-06

QTL Analysis of Important Horticultural Traits of Chinese Cabbage-pak-choi

WU Cai-jun, SHI Xiang, LIU Dong-mei

(College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

Abstract: In order to exactly locate QTLs significantly affecting various characters, their hereditary effects and interacting rules at the transcription level, in this study, the inbred line 'Aijiaohuang 97-3-2' of Chinese cabbage-pak-choi *Brassica campestris* L. ssp. *chinensis* Makino, the inbred line 'Baimanjing 001-24' of turnip *B. campestris* ssp. *rapifera* (Matz.) Sinsk and F₆ recombinant inbred (RIL) population were used as the experimental materials, adopting cDNA-AFLP and cDNA-SRAP technique, a high-density transcription map with 1 048.4 cM length, comprised of 311 molecular markers and 14 linkage groups was constructed. And using mapping analysis software of QTLMapper2.0 based on mixed linear model the QTL mapping analysis of the F₆ group was conducted, 42 QTLs controlling 12 horticultural traits including protein, Vc, plant height, stretch degrees, etc were detected and located on the 14 linkage groups, the hereditary effect of a single QTL and interactions genetic effects of QTLs were figured out.

Key words: Chinese cabbage-pak-choi; high-density of transcriptome map; QTL; interacting genetic effect

白菜 (*Brassica campestris* L. ssp. *chinensis* Makino; syn. *B. rapa* L) 为十字花科芸薹属芸薹种栽培亚种,原产我国,栽培历史悠久,品种资源十分丰富,是中国蔬菜作物中栽培面积最大的一类,提高我国白菜的质量具有很重要的现实意义。但白菜相关性状一般为多基因控制,表现为数量性状,因此必须通过 QTL 分析将多基因性状分解,才能利用单基因的研究方法进行分析。遗传图谱对性状的遗传规律、基因

收稿日期: 2011-11-28 修回日期: 2011-12-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(30660109)

作者简介: 吴才君(1964—),男,教授,博士,主要从事蔬菜遗传育种与分子生物学研究, E-mail: wucj12@126.com。

组的进化研究意义重大,遗传转录图谱可为植物生长、抗性、产量、品质等主要性状的早期测定提供依据,提高早期测定的精确度和可靠性。近些年随着分子标记技术的发展,利用各种分子标记进行植物遗传图谱的构建方兴未艾^[1-3],Brugmans 等^[4]通过构建马铃薯的转录图谱,对新陈代谢、调节生长发育的有关数量性状进行定位,使选择直接基于 mRNA 分子水平,加速了育种进程,提高了选择效果。国外关于芸薹属植物叶形态、开花时间、叶面绒毛、抗病性等园艺性状的基因定位研究也取得了一定的进展,但材料大多是欧洲油用型白菜。关于中国白菜的分子基础研究进展相当缓慢,卢钢等^[5]以白菜和芜菁杂交 F₂ 为材料,获得了 8 个重要农艺性状连锁的 24 个 QTLs。张立阳等^[6]以北方大白菜为材料完成了高密度遗传图谱的构建。宋晓飞等^[7]利用白菜 DH 作图群体在 9 个连锁群上检测到叶球产量性状 QTL37 个。可见白菜遗传图谱的构建质量限制了其农艺性状的 QTL 定位分析。

本研究以作为芸薹种不同亚种的白菜与芜菁自交系配制的 RIL 分离群体为材料,利用 cDNA - AFLP 技术,从 RNA 水平构建分子转录图谱,在此基础上采用 cDNA - SRAP 技术构建白菜高密度分子转录图谱。利用已完成的白菜高密度分子转录图谱结果数据,以及在田间观察到的和实验室测到的重要园艺性状数据,使用基于混合线性模型的 QTL 作图分析软件 QTLMapper2.0 对 RIL 群体进行 QTL 作图分析。研究控制这些性状的基因数目、位置和基因效应,为蔬菜分子育种的应用提供参考。

1 材料和方法

1.1 实验材料

以矮脚黄白菜自交系(97-3-2)和白蔓菁芜菁自交系(001-24)为亲本及其杂交建立 F₀ 重组自交系 RIL 群体为材料,双亲、F₁ 及重组近交系(RIL)群体于 2007 年 9 月播种,10 月移栽于江西农业大学试验田,按常规进行田间管理,莲座期取样备用并进行园艺性状的观测。双亲、F₁ 及 RIL 群体单株后代于 2008 年 9 月播种,10 月移栽,莲座期进行园艺性状的测定分析。

1.2 实验方法

1.2.1 转录图谱的构建 以亲本、杂交种和重组自交系各单株莲座期的幼嫩叶片为材料,TRIZOL 提取总 RNA,双链 cDNA 的合成参照 Super SMARTTM PCR cDNA Synthesis Kit 方法进行。采用 cDNA - AFLP 和 cDNA - SRAP 技术进行分子标记。其中 cDNA - AFLP 技术引物如下:

TaqI adaptor: 5' - GACGATGAGTCCTGAC - 3'; 5' - CGGTCAGGACTCAT - 3'; TaqI 预扩增引物: 5' - GACGATGAGTCCTGACCGA - 3'; TaqI 选择性扩增引物: 5' - GATGAGTCCAGACCGANN - 3'。

AseI adaptor: 5' - GCGTAGACTGCGTACC - 3'; 5' - TAGGTACGAGTC - 3'; AseI 预扩增引物: 5' - CTCGTAGACTGCGTACCTAAT - 3'; AseI 选择性扩增引物: 5' - GACTGCGTACCTAATNN - 3' 其中 N 代表 ATCG 中任意一种,各 16 种引物。

cDNA - SRAP 所用 8 条 Me 序列为: M - ATA, M - AGC, M - AAT, M - ACC, M - AAG, M - TAA, M - TCC, M - TGC (M 为 5' TGAGTCCAAACCGG - 3'); 11 条 Em 序列为: E - AAT, E - TGC, E - GAC, E - TGA, E - AAC, E - GCA, E - CAA, E - CTG, E - CGA, E - CAG, E - CCA (E 为 5' GACTGCG - TACGAATT - 3')。以上序列均由上海生工合成。

将凝胶电泳带谱结果转化为数据,并对所有 F₀ 重组近交系(RIL)群体中的单株带型按孟德尔分离比 1:2:1 (显性标记按 3:1) 进行 f^2 检验。利用 Mapmaker 3.0 软件构建白菜转录图谱。

1.2.2 白菜重要园艺性状的 QTLs 定位分析 重要园艺性状的观察:对 RIL 群体的 183 个单株,双亲及 F₁ 代,RIL 群体每个单株后代(RIL 群体的每个单株自交留种,下一年田间种植),在莲座期根据曹家树的分类标准^[8],记载有关的植物学性状及生长特性,并在莲座期取叶参照白宝章等的方法^[9]进行糖 SUG、蛋白质 PRO 和 Vc 含量测定。

数据统计分析:基于前面已完成的高密度分子图谱结果数据,以及两年在田间观察到的园艺性状数据,使用基于混合线性模型的 QTL 作图分析软件 QTLMapper2.0^[10]对 RIL 群体进行 QTL 作图分析。本研究设置 $\alpha = 0.01$ 的过滤门槛概率过滤 QTLs,当 QTL 遗传效应的显著水准 $P \leq 0.05$ 时,则认为 QTL 存在。

2 结果与分析

2.1 白菜转录图谱的构建

将符合 3:1 的 cDNA - AFLP 和 cDNA - SRAP 标记分成 14 组 根据连锁图距 ,用 Mapmarker 软件绘制出连锁图谱 图谱总长度为 1 048.4 cM 最大图距为 16.2 cM 最小图距为 0.2 cM 平均间距 3.4 cM , 共为 14 个连锁群 ,包含 311 个 cDNA - AFLP 标记和 cDNA - SRAP 标记(图 1) 。cDNA - AFLP、cDNA - SRAP 标记在连锁群上分布比较均匀。图谱中的 311 个标记 ,164 个来自母本 ,147 个来自父本芜菁 , 基本符合 1:1 的理论分离比。说明该 RIL 群体具有有正常的遗传结构 适合构建遗传图谱和进行 QTL 定位等遗传研究。

2.2 白菜重要园艺性状的 QTL 定位与遗传效应分析

利用上述转录图谱 使用 QTL-mapper2.0 对 F₆ 群体进行 QTL 作图分析 检测到控制 12 个主要园艺性状的 QTL42 个 ,定位于分子转录图谱的 14 个连锁群中(图 1 表 1 , 表 2 表 3) 。控制株高的 QTL 共 4 个: qPH - 1 - 1、qPH - 3 - 2、qPH - 3 - 3、qPH - 8 - 4 ,分别位于 LG1、LG3 和 LG8 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPH - 3 - 3 的显性效应 ,可增加株高 6.63 cm ,其次为 qPH - 1 - 1 的显性效应 ,可增加株高 4.58 cm。另外 降低株高的是 qPH - 3 - 3 和 qPH - 8 - 4 的加显上位性效应 ,可降低株高 2.46 cm。

控制叶片数的 QTL 共 3 个: qNL - 1 - 1、qNL - 4 - 2、qNL - 11 - 3 ,分别位于 LG1、LG4 和 LG13 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qNL - 1 - 1 和 qNL - 4 - 2 的加加上位性效应 ,可增加叶数 4.26 ,其次为 qNL - 4 - 2 的加性效应 ,可增加叶数 3.25 降低叶数最大的是 qNL - 1 - 1 和 qNL - 4 - 2 的显加效应 ,可降低叶数 1.24。

控制单株质量的 QTL 共 8 个: qWP - 1 - 1、qWP - 2 - 2、qWP - 3 - 3、qWP - 1 - 4、qWP - 5 - 5、qWP - 6 - 6、qWP - 7 - 7、qWP - 9 - 8 ,分别位于 LG1、LG2、LG3、LG5、LG6、LG7 和 LG9 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qWP - 3 - 3 的加性效应 ,可增加单株质量 36.62 g ;降低单株质量最大的是 qWP - 3 - 3 的显性效应 ,可降单株质量 5.14 g。

控制最大叶长的 QTL 共 3 个: qLL - 1 - 1、qLL - 3 - 2、qLL - 4 - 3 ,分别位于 LG1、LG3 和 LG4 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qLL - 4 - 3 的显性效应 ,可增加叶长 6.47 cm 降低叶长的是 qLL - 1 - 1 的加性效应 ,可降低叶长 1.12 cm。

控制最大叶宽的 QTL 共 2 个: qLW - 3 - 1、qLW - 4 - 2 ,分别位于 LG3 和 LG4 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qLW - 3 - 1 和 qLW - 4 - 2 显加上位性效应 ,可增加叶宽 4.95 cm ;减少叶宽最大的是

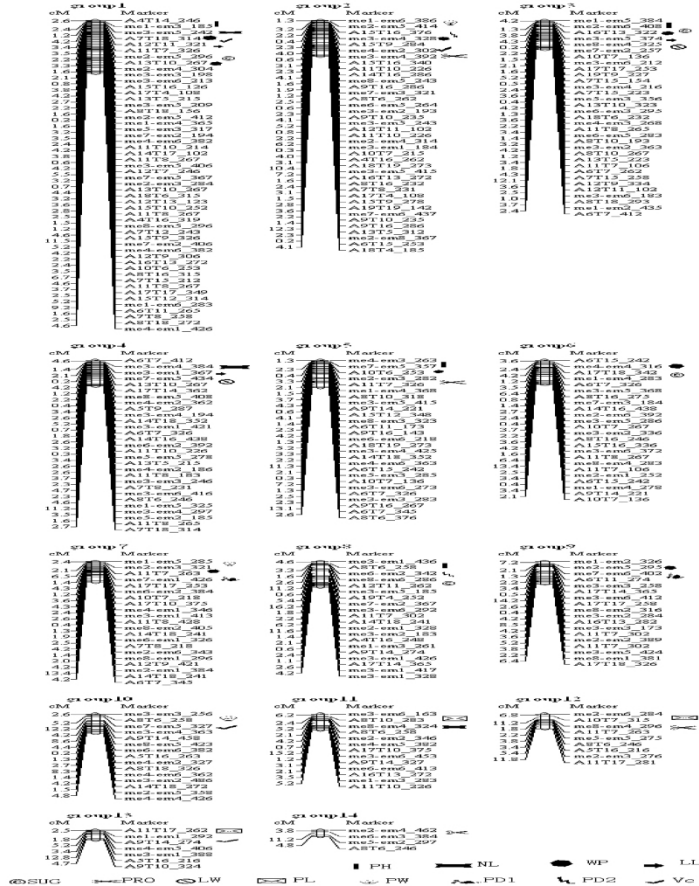


图 1 白菜 × 芜菁 F₆ 群体的分子转录图谱及主要园艺性状 QTL 的分布

Fig. 1 Transcriptome map of F₆ population derived from the cross of *B. campestris* L. ssp. *chinensis* and *B. campestris* L. ssp. *Rapifera* and the distribution of QTL for main horticultural characters in the map

qLW - 3 - 1 和 qLW - 4 - 2 加加上位性效应 ,可减少叶宽 1.27 cm。

控制叶柄长的 QTL 共 3 个: qPL - 13 - 1、qPL - 12 - 2、qPL - 11 - 3 ,分别位于 LG13、LG12 和 LG11 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPL - 11 - 3 的显性效应 ,可增加叶柄长 5.43 cm; 减少叶柄长的是 qPL - 13 - 1 和 qPL - 12 - 2 的加加上位性效应 ,可减少叶柄长 2.16 cm。

控制叶柄宽的 QTL 共 3 个: qPW - 10 - 2、qPW - 7 - 2、qPW - 2 - 3 ,分别位于 LG10、LG7 和 LG2 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPW - 10 - 2 和 qPW - 7 - 2 显加上位性效应 ,可增加叶柄宽 1.94 cm; 减少叶柄宽的是 qPW - 2 - 3 的显性效应 ,可减少叶柄宽 0.61 cm。

控制伸展度 1 的 QTL 共 2 个: qPD₁ - 7 - 1、qPD₁ - 9 - 2 ,分别位于 LG7 和 LG9 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPD₁ - 7 - 1 和 qPD₁ - 9 - 2 的显加上位性效应 ,可使伸展度 1 增加 9.17 cm; 减少伸展度 1 的是 qPD₁ - 7 - 1 和 qPD₁ - 9 - 2 的加显上位性效应 ,可使伸展度 1 减少 1.83 cm。

控制伸展度 2 的 QTL 共 2 个: qPD₂ - 8 - 1、qPD₂ - 2 - 2 ,分别位于 LG8 和 LG2 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPD₂ - 8 - 1 加性效应 ,可使伸展度 2 增加 4.61 cm; 减少伸展度 2 的是 qPD₂ - 8 - 1 的显性效应 ,可使伸展度 2 减少 1.25 cm。

控制 Vc 的 QTL 共 4 个: qVc - 13 - 1、qVc - 10 - 2、qVc - 1 - 3、qVc - 2 - 4 ,分别位于 LG13、LG10、LG1 和 LG2 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qVc - 13 - 1 和 qVc - 10 - 2 加加上位性效应 ,可增加 Vc 0.014 2 mg/g; 减少 Vc 的是 qVc - 10 - 2 的显性效应 ,可减少 Vc 0.002 2 mg/g。

检测到控制糖的 QTL 共 4 个: qSUG - 8 - 1、qSUG - 3 - 2、qSUG - 6 - 3、qSUG - 1 - 4 ,分别位于 LG8、

表 1 白菜 × 芜菁 F₆ 群体主要园艺性状 QTLs 位置

Tab.1 Locations of QTLs of the main horticultural characters with F₆ population derived from the cross of

B. campestris ssp. *chinensis* and ssp. *rapifera*

性状 Traits	数量性状位点 i QTLi				数量性状位点 j QTLj			
	连锁群 LG	标记区间 Marker interval	位置 Site	QTL 定名 Denoting of QTL	连锁群 LG	标记区间 Marker interval	位置 Site	QTL 定名 Denoting of QTL
株高 PH	1	me1 - em3 - 185 ~ me3 - em5 - 242	5.0	qPH - 1 - 1	2	me2 - em6 - 408 ~ me7 - em2 - 257	6.2	qPH - 3 - 2
	5	me7 - em5 - 357 ~ A8T10 - 318	3.8	qPH - 3 - 3	9	A8T6 - 258 ~ A12T11 - 262	6.5	qPH - 8 - 4
叶数 NL	1	me3 - em3 - 198 ~ A17T4 - 108	24.4	qNL - 1 - 1	4	me3 - em1 - 367 ~ A17T14 - 362	8.3	qNL - 4 - 2
	11	me4 - em5 - 382 ~ A9T14 - 327	21.2	qNL - 11 - 3				
单株质量 WP	1	A15T16 - 126 ~ me1 - em4 - 365	31.1	qWP - 1 - 1	2	A9T16 - 286 ~ A8T6 - 262	27.0	qWP - 2 - 2
	3	A18T9 - 227 ~ A7T15 - 223	26.4	qWP - 3 - 3	1	A7T15 - 212 ~ A15T12 - 314	134.4	qWP - 1 - 4
	5	me3 - em5 - 415 ~ A9T14 - 221	18.9	qWP - 5 - 5	6	me1 - em4 - 283 ~ A8T16 - 275	11.4	qWP - 6 - 6
	7	A17T17 - 253 ~ A10T7 - 218	16.7	qWP - 7 - 7	9	A6T11 - 274 ~ A17T14 - 365	12.8	qWP - 9 - 8
最大叶长 LL	1	A11T8 - 267 ~ A12T7 - 246	61.3	qLL - 1 - 1	3	A18T6 - 232 ~ A11T8 - 265	32.9	qLL - 3 - 2
	4	me3 - em4 - 194 ~ A6T7 - 326	22.3	qLL - 4 - 3				
最大叶宽 LW	3	A8T10 - 267 ~ A12T11 - 102	58.0	qLW - 3 - 1	4	me5 - em5 - 278 ~ A7T8 - 231	39.5	qLW - 4 - 2
叶柄长 PL	13	A11T17 - 262 ~ A9T14 - 274	2.8	qPL - 13 - 1	12	A10T7 - 315 ~ me8 - em4 - 296	7.2	qPL - 12 - 2
	11	A8T10 - 283 ~ A8T6 - 258	7.3	qPL - 11 - 3				
叶柄宽 PW	10	A8T6 - 258 ~ me3 - em4 - 263	4.3	qPW - 10 - 2	7	me2 - em3 - 321 ~ me7 - em1 - 426	2.7	qPW - 7 - 2
	2	me2 - em5 - 414 ~ A15T9 - 284	1.6	qPW - 2 - 3				
伸展度 1PD ₁	7	me2 - em1 - 384 ~ A6T7 - 345	51.1	qPD1 - 7 - 1	9	A17T17 - 258 ~ A16T13 - 282	36.5	qPD1 - 9 - 2
伸展度 2PD ₂	8	A12T11 - 262 ~ A19T4 - 252	24.3	qPD2 - 8 - 1	2	me6 - em5 - 264 ~ A12T11 - 102	32.3	qPD2 - 2 - 2
维生素 C Vc	13	A5T16 - 216 ~ A9T10 - 324	27.4	qVc - 13 - 1	10	A5T16 - 263 ~ A8T18 - 326	38.7	qVc - 10 - 2
糖 SUG	1	A11T10 - 214 ~ me3 - em5 - 406	57.2	qVc - 1 - 3	2	A9T16 - 286 ~ me2 - em8 - 367	95.7	qVc - 2 - 4
	8	me1 - em3 - 261 ~ A17T14 - 365	81.2	qSUG - 8 - 1	3	A17T17 - 253 ~ A7T15 - 223	21.8	qSUG - 3 - 2
蛋白质 PRO	6	A11T8 - 267 ~ A11T7 - 106	44.5	qSUG - 6 - 3	1	me4 - em6 - 382 ~ A8T16 - 315	115.4	qSUG - 1 - 4
	12	me2 - em3 - 276 ~ A11T17 - 281	36.2	qPRO - 12 - 1	14	me2 - em4 - 462 ~ me6 - em3 - 384	2.6	qPRO - 14 - 2
	5	A6T7 - 326 ~ A6T7 - 345	65.7	qPRO - 5 - 3	2	me2 - em8 - 367 ~ A18T4 - 185	110.3	qPRO - 2 - 4

QTLi 和 QTLj 是两维搜索遗传模型中成对的两个推断 QTL; 位置指的是距离 QTL 所在标记区间左端标记的图距 ,单位为 cM。

QTLi and QTLj are a pair of putative QTLs in genetic model for two - dimensional search; Position here is the map distance of QTL from the left marker interval in which the QTL located; unit is cM.

LG3、LG6 和 LG1 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qSUG - 8 - 1 和 qSUG - 3 - 2 加加上位性效应,可增加糖 0.001 8 g/g。

检测到控制蛋白质的 QTL 共 4 个: qPRO - 12 - 1、qPRO - 14 - 2、qPRO - 5 - 3、qPRO - 2 - 4,分别位于 LG12、LG14、LG5 和 LG2 连锁群上。其中遗传效应最大的是 qPRO - 12 - 1 和 qPRO - 14 - 2 加加上位性效应,可增加蛋白质 12.34% DW;减少蛋白质的是 qPRO - 12 - 1 和 qPRO - 14 - 2 显加上位性效应,可减少蛋白质 2.67% DW。

表 2 白菜 × 芜菁 F₆ 群体主要园艺性状 QTLs 遗传效应分析

Tab. 2 Genetic effects of QTLs of the main horticultural characters with F₆ population derived from the cross of *B. campestris* ssp. *chinensis* and ssp. *rapifera*

性状 Traits	数量性状位点 iQTLi	数量性状位点 jQTLj	加性效应 iAi	显性效应 iDi	加性效应 iAj	显性效应 j Dj	加加上位效应 AAij	加加上位效应 ADij	显加上位效应 DAij	显加上位效应 效应 DDij
株高 PH	qPH - 1 - 1	qPH - 3 - 2	2.63	4.58	-0.34					2.57
	qPH - 3 - 3	qPH - 8 - 4	3.44	6.63	1.52			-2.46		
叶数 NL	qNL - 1 - 1	qNL - 4 - 2	1.84	-1.16	3.25		4.26			-1.24
	qNL - 11 - 3		2.34	2.17						
单株质量 WP	qWP - 1 - 1	qWP - 2 - 2	-1.56	9.18	4.35		-2.16			
	qWP - 3 - 3	qWP - 1 - 4	36.62	-5.14			3.42			
	qWP - 5 - 5	qWP - 6 - 6		-2.19	7.04	5.15	7.34			5.38
	qWP - 7 - 7	qWP - 9 - 8	27.28		4.56		12.3	8.75		
最大叶长 LL	qLL - 1 - 1	qLL - 3 - 2	-1.12	4.25	2.86	-0.96	2.08	0.46		
	qLL - 4 - 3		3.55	6.47						
最大叶宽 LW	qLW - 3 - 1	qLW - 4 - 2	3.42	-1.05	2.84	1.28	-1.27			4.95
叶柄长 PL	qPL - 13 - 1	qPL - 12 - 2	3.16	3.86	1.76		-2.16			-1.56
		qPL - 11 - 3		0.66	5.43					
叶柄宽 PW	qPW - 10 - 2	qPW - 7 - 2	1.02	0.64	1.34	0.98		0.65		1.94
		qPW - 2 - 3			1.25	-0.61				
伸展度 1PD ₁	qPD ₁ - 7 - 1	qPD ₁ - 9 - 2	5.26	7.04	4.16	2.02	3.26	-1.83		9.17
伸展度 2PD ₂	qPD ₂ - 8 - 1	qPD ₂ - 2 - 2	4.61	-1.25	2.86		2.86			2.15
维生素 C Vc	qVc - 13 - 1	qVc - 10 - 2	0.58	0.25	1.03	-0.22	1.42	0.47		
	qVc - 1 - 3	qVc - 2 - 4	0.36	0.58	0.83	0.13		0.89		
糖 SUG	qSUG - 8 - 1	qSUG - 3 - 2	0.12	0.03	0.08		0.18			
	qSUG - 6 - 3	qSUG - 1 - 4	0.09	0.05	0.14	0.06		0.16		
蛋白质 PRO	qPRO - 12 - 1	qPRO - 14 - 2	8.45	5.34	4.82	2.45	12.34			-2.67
	qPRO - 5 - 3	qPRO - 2 - 4	4.56		6.31	5.23		11.12		

Ai 和 Aj 分别为 QTLi 和 QTLj 的加性效应; Di 和 Dj 分别为 QTLi 和 QTLj 的显性效应; AAij、ADij、DAij 和 DDij 分别为 QTLi 和 QTLj 之间的加加、加显、显加和显显上位性效应; 表中数据全部达到 0.05 显著性水平。

Ai and Aj are the additive effects of QTLi and QTLj respectively; Di and Dj are the dominance effects of QTLi and QTLj respectively; AAij, ADij, DAij and DDij are the epistatic effects of additive by additive, additive by dominance, dominance by additive and dominance by dominance between QTLi and QTLj respectively; the data of table 4 marks significance level at 0.05.

3 讨论

从所测的白菜的 12 个主要园艺性状结果看,只有开展度 1 的偏斜度、峰值 > 1,而其它 11 个主要园艺性状的偏斜度、峰值均 < 1 (表 3),这是数量性状遗传的典型分布。在等效多基因假定下, F₆ 植株性状分布的分布应该是正态的,表明这 12 个主要园艺性状适于进行 QTL 分析。

转录图谱虽然采用 cDNA 作为分子标记,剔除了基因组中的重复 DNA、内含子,并通过剪接,有效降低了基因组长度,使标记更紧密地与功能基因联系在一起,但目前所完成的转录图谱都未覆盖该物种整个基因组,又因没有专门的转录图谱构建软件,所以与基因组连锁图谱比较,还存在以下不足: (1) 有些连锁群标记间距过大,如拟南芥的达 39 cM,花椰菜的达 43.8 cM,本实验为 16.2 cM。(2) 许多标记无法进入图谱, Burgmanns 等^[4] 报道共有 331 个标记,结果用于作图的只有 218 标记, Li 等^[11] 报道共有 281 个标记,用于作图的只有 247 标记,本实验有 422 个标记符合 3:1 的分离,用于作图的只有 311 标记;(3) 在本实验中有些标记同时出现在 2 个以上的连锁群上。另外, Li 等^[12] 发现有少数转录标记为不编码蛋白质的 RNA,可能起调控作用,这些起调控作用转录标记可同时存在不同的连锁群。

本研究中,检测出的控制各性状的 QTLs 数目在 2~8 之间,基本与前人研究结果相符^[13],控制一个

表 3 白菜重要园艺性状双亲值及在重组自交系中的分布

Tab. 3 Parents values and distribution in RIL population for horticultural traits of *Brassica campestris* ssp. *chinensis*

性状 Traits	亲本值 Values of parents		表型值在 RIL 群体中的分布 Distribution in RIL population				
	Aijiao huang	Baiman jing	均值 Mean	标准差 SD	极差 Rang	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
株高/cm PH	20.12	34.56	28.43	6.64	32.62	-0.56	0.28
叶数 NL	13.64	8.52	12.35	2.83	16.34	0.96	0.72
单株质量/g WP	198.57	123.46	185.26	138.24	462.57	0.73	-0.23
最大叶长/cm LL	16.32	25.45	21.23	3.68	20.52	0.21	-0.27
最大叶宽/cm LW	11.05	15.67	13.28	3.04	18.46	-0.37	0.83
叶柄长/cm PL	8.43	14.58	11.65	2.46	12.84	0.48	-0.38
叶柄宽/cm PW	2.37	1.36	2.02	0.68	3.10	0.24	-0.70
伸展度 1/cm PD ₁	22.32	41.28	36.63	7.97	41.23	2.14	3.56
伸展度 2/cm PD ₂	24.56	34.14	31.67	5.73	28.64	-0.43	0.28
维生素 C(mg/100g) Vc	4.53	5.24	4.96	1.36	2.56	-0.72	0.58
糖(g/100g) SUG	0.58	0.46	0.52	3.28	0.34	0.67	0.45
蛋白质/% DW	18.63	23.68	21.56	8.61	11.23	0.84	-0.34

性状的 QTL 个数并不多,很可能是因为一些微效基因没有被检测到。现实中因为群体大小的限制,不管怎样改进统计方法,也无法很大程度初级定位的分辨率和精度,目前的检测水平一般只能发现单独说明表型差异在 3% 以上的 QTLs。因此,为了更精确的了解数量性状的遗传基础,在初级定位的基础上,还必须对 QTLs 进行高分辨率的精细定位,即在目标 QTLs 区域上建立高分辨率的分子标记图谱,并构建一套涵盖全基因组染色体片段的替代系,将对全基因组 QTLs 精细定位提供可能。Eshed^[14]在番茄中构建了这样的群体,使得精确定位产量性状的 QTLs 成为可能。因此,有必要在白菜中建立一套“代换系重叠群”进一步进行 QTL 精细定位研究。

参考文献:

- [1] Jordano P, Godoy J A. RAPD variation and population genetic structure in *Prunus mahaleb* (Rosaceae) an animal-dispersed tree [J]. *Mol Eco* 2000, 9(9): 1293-1305.
- [2] Dirlewanger E, Cosson P, Tavaud M, et al. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] [J]. *Theor Appl Genet* 2002, 105(1): 127-138.
- [3] Hamrick J L, Godtm J W, Susan S B. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species [J]. *New forests*, 1992, 6(1/4): 95-124.
- [4] Brugmans B, Del Carmen A F, Bachem C W, et al. A novel method for the construction of genome wide transcriptome maps [J]. *Plant*, 2002, 31(42): 211-222.
- [5] 卢钢, 曹家树, 陈杭, 等. 白菜几个重要园艺性状的 QTLs 分析 [J]. *中国农业科学*, 2002, 35(8): 969-974.
- [6] 张立阳, 张凤兰, 王美, 等. 大白菜永久高密度分子遗传图谱的构建 [J]. *园艺学报* 2005, 32(2): 249-225.
- [7] 宋晓飞. 大白菜分子遗传图谱的构建及农艺性状 QTL 定位 [D]. 保定: 河北农业大学, 2006.
- [8] 曹家树. 中国白菜的起源、演化和分类的研究进展与评述 [C]. 中国农业大学. 园艺学年评. 北京: 科学出版社, 1996: 145-159.
- [9] 白宝章, 靳占忠, 李德春. 植物生理生化测试技术 [M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1995: 77-111.
- [10] 高用明. 复杂上位性及其与环境互作的 QTL 定位方法和杂种优势预测研究 [D]. 杭州: 浙江大学, 2001.
- [11] Li G, Gso M, Yang B, et al. Gene for gene alignment between the Brassica and Arabidopsis genomes by direct transcriptome mapping [J]. *Theor Appl Genet* 2003, 107(1125): 168-180.
- [12] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103(84): 455-461.
- [13] Tanksley S D, F Loaiza-Fiqueora. Gametophytic self-incompatibility is controlled by a single major locus on chromosome 1 in *Lycopersicon peruvianum* [J]. *Acad Sci*, 1985, 82(102): 5093-5096.
- [14] Eshed Y, Zamir D. An introgression line population of *Lycopersicon pennellii* in the cultivated tomato enables the identification and fine mapping of yield-associated [J]. *Genetics*, 1995, 141(44): 1147-1162.