

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2014.07.002

甘蓝型油菜遗传图谱构建及 苗期耐旱相关性状的 QTL 定位^①

王丹丹, 唐章林, 荆蓉蓉, 文均, 马宇嘶

西南大学 农学与生物科技学院/重庆市油菜工程技术研究中心, 重庆 400716

摘要: 以耐旱性差异较大的甘蓝型油菜三六矮和科里纳-2 构建的重组自交系群体 $F_{2:4}$ 家系为作图群体, 通过 SSR 标记构建了包含 15 个连锁群的遗传连锁图谱, 图谱总长 762.95 cM, 相邻标记平均距离 6.25 cM. 采用复合区间作图方法, 在正常灌溉和干旱胁迫处理两种环境条件下, 对苗期叶绿素质量分数、叶片相对含水量、叶片保水力、可溶性糖质量分数、丙二醛质量分数 5 个耐旱相关性状及其耐旱系数进行了 QTL 分析, 共检测到 8 个 QTL, 分布在第 1, 3, 5, 12 连锁群, 单位点解释表型变异的 6.6%~12.4%. 在第 5 连锁群检测到叶绿素质量分数和叶片保水力的 QTL 重叠区域.

关键词: 甘蓝型油菜; 耐旱性状; 遗传图谱; QTL 定位

中图分类号: S634.3

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2014)7-0008-09

油菜是世界范围内广泛种植的油料作物之一, 我国是世界第一大油菜生产国, 常年种植面积在 100 万 hm^2 左右, 产量及面积约占世界三分之一^[1].

油菜是冬季唯一的油料作物, 长江流域是最大的冬油菜主产区, 尚有大量冬闲田土可以用来发展油菜生产, 以减缓我国油菜籽油供需市场的矛盾. 长江流域雨量充沛, 但降雨分布并不均匀, 常年发生季节性干旱, 其中秋旱严重影响油菜播种出苗、移栽和苗期生长, 致使油菜出苗缓慢、不整齐, 移栽后返青存活困难、生长缓慢等, 减产可达 25%~32%^[2]. 如何解决油菜的耐(抗)旱性就成为了突出的问题.

前人对许多作物(特别是水稻、小麦、玉米、大豆等)耐旱性的性状表现、产生机制以及相关基因进行了大量研究, 但关于油菜耐旱性的研究较少, 尤其是相关基因的分子标记和 QTL 定位研究鲜见报道. 李真^[3]以甘蓝型油菜 DH 群体为材料, 采用复合区间作图法, 对植株高度、根长度、地上部干质量、根干质量和植株总干质量等 5 个性状进行了 QTL 定位, 在干旱胁迫和对照两种条件下检测到 50 个 QTL, 其中干旱胁迫条件下检测到 31 个 QTL, 对照条件下检测到 28 个 QTL, 在两种条件下同时检测到 9 个 QTL; 另外, 由耐旱系数(drought resistance coefficient, DRC)检测到 19 个 QTL. 杨玉恒^[4]应用复合区间作图法, 在正常灌溉(对照)和干旱胁迫两种环境条件下, 对甘蓝型油菜重组自交系群体苗期和成熟期 14 个耐旱性状进行 QTL 分析, 共检测到 108 个 QTL, 同时用苗期根鲜质量、地上部鲜质量、总根长等 5 个性状的耐旱系数检测到 15 个 QTL, 解释表型变异率在 5.58%~13.49%之间. 本文以耐旱性差异较大的甘蓝型油菜三六矮和科里纳-2 构建的重组自交系群体 $F_{2:4}$ 家系为作图群体, 通过 SSR 标记构建了遗传连锁图谱, 初步定位和分析了甘蓝型油菜苗期耐旱相关性状的 QTL, 估计 QTL 效应大小与作用方向, 为油菜耐旱性分子标

① 收稿日期: 2013-09-03

基金项目: 重庆市良种创新工程项目资助(CSTC2012GGB80008); 国家农业现代产业技术体系建设专项基金资助(CARS-13).

作者简介: 王丹丹(1989-), 女, 黑龙江齐齐哈尔人, 硕士研究生, 主要从事作物遗传育种研究.

通信作者: 唐章林, 研究员.

记辅助选择和转基因育种提供直接的分子靶标,以大幅度提高基因发掘效率和育种效率.

1 材料与方法

1.1 材料

根据郭雪松等^[5-6]的研究结果,选择甘蓝型油菜苗期耐旱性较弱的品种三六矮作母本(P_1),苗期耐旱性较强的品种科里纳-2作父本(P_2),于2009年3月配制杂交组合^[7],后代通过“一粒传”连续自交,2012年5月获得重组自交系 $F_{2:4}$ 家系群体.然后筛选种子数量多和种子饱满的 $F_{2:4}$ 家系156个用于本试验.最终用于调查性状和遗传图谱构建的有138个 $F_{2:4}$ 家系.

于2012年10月5日在西南大学农学与生物科技学院温室中,将156个 $F_{2:4}$ 家系群体播于温室的钵钵(直径25 cm,高30 cm)中,取肥沃大田表土混匀后分装到钵钵.采用完全随机设计,设干旱胁迫(WS)和正常灌溉(WW)2个处理.在整个过程中,除水分外其他栽培管理措施保持一致.到油菜幼苗长到四叶一心时,进行干旱胁迫处理,处理前进行定苗,每盆5株,正常灌溉按通常栽培管理,处理28 d,干旱胁迫处理的土壤含水量平均为9%~12%,正常灌溉为22.5%~26.5%.土壤水分含量测定采用浙江托普仪器有限公司生产的多参数土壤水分记录仪TZS-5X.

1.2 耐旱性状的调查

干旱胁迫处理后进行性状调查,包括叶绿素(Chlorophyll, CHL)质量分数、叶片保水力(Leaf water retention, LWR)、叶片相对含水量(Relative water content, RWC)、可溶性糖(Soluble Sugar, SUG)质量分数和丙二醛(Malondialdehyde, MDA)质量分数.

1.2.1 叶绿素质量分数(CHL)

采用浙江托普仪器有限公司生产的叶绿素质量分数测定仪 SPAD-502 测定.

1.2.2 可溶性糖质量分数(SUG)

采用蒽酮比色法^[8]测定.

1.2.3 丙二醛质量分数(MDA)

采用硫代巴比妥酸法^[8]测定.

1.2.4 叶片相对含水量(RWC)

选取正常绿叶1片,称量鲜质量,用 $W_{鲜}$ 表示.然后将其用蒸馏水浸泡至饱和,称量饱和鲜质量,用 $W_{饱}$ 表示.最后在110℃下烘干至恒定质量,称量其干质量,用 $W_{干}$ 表示.相对含水量计算公式如下:

$$\text{相对含水量} = \frac{W_{鲜} - W_{干}}{W_{饱} - W_{干}} \times 100\%$$

1.2.5 叶片保水力(LWR)

选取正常绿叶1片,称量鲜质量,用 $W_{鲜}$ 表示.然后在黑暗中自然失水24 h后,称量失水鲜质量,用 $W_{失}$ 表示.最后在110℃下烘干至恒定质量,称量其干质量,用 $W_{干}$ 表示.叶片保水力计算公式如下:

$$\text{叶片保水力} = \frac{W_{失} - W_{干}}{W_{鲜} - W_{干}} \times 100\%$$

1.2.6 耐旱系数(DRC)

根据下式计算

$$\text{耐旱系数} = \frac{\text{干旱胁迫处理性状均值}}{\text{正常灌溉处理性状均值}}$$

1.3 SSR分子标记分析

1.3.1 SSR引物序列

以BRMS-开头的引物是Suwabe等^[9]发表的SSR标记;以cnu_ssr,niab_sr开头的引物分别来源于韩国Chungnam大学和韩国农业生物技术研究所以BRAS-,CB-,KS-,ENA-,MR-开头的引物根据Piquemal等^[10]发表的引物序列合成;以sR-,sN-,BN-开头的引物根据加拿大NAFF公开的引物序列合成;以Ra-,Ol-和Ni-开头的引物根据Brassica DB(<http://www.ukcrop.net>)公布的引物序列合成;FITO-引物按照

Osborn 实验室公开的引物序列合成; 以 SWUA-, SWUC-, NAS-开头的引物是由本实验室自主设计的, 分别按照 NCBI(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)公布的白菜和甘蓝基因组引物序列合成。

1.3.2 PCR 扩增及检测

SSR 标记的 PCR 扩增反应按照 10 μL 体系进行, 其中包含 10 \times Taq Buffer (含 Mg^{2+}) 1.0 μL , dNTP (10 mmol/L) 0.2 μL , DNA template (50 ng/ μL) 2.0 μL , F-Primer (10 $\mu\text{mol/L}$) 0.5 μL , R-Primer (10 $\mu\text{mol/L}$) 0.5 μL , Taqase (2.5 U/ μL) 0.1 μL 和 ddH₂O 5.7 μL 。

PCR 反应体系和程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性, 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性, 45 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火, 45 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸, 1 min, 共 35 个循环; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min; 4 $^{\circ}\text{C}$ 下保存。

1.4 遗传图谱构建和 QTL 分析

遗传连锁图谱采用 JoinMap 3.0 软件^[11]构建, LOD 最小值设置为“4.0”, 利用绘图软件 MapChart 2.1 绘制连锁图^[12]。

利用 Windows QTL Cartographer 2.5 软件^[13]对 5 个耐旱性状及其耐旱系数(DRC)进行 QTL 定位分析。对所有性状进行全基因组扫描, 每隔 1 cM 检测一次 QTL 存在的可能性, 以确定 QTL 的数目及其位置。若 $\text{LOD} \geq 2.5$, 则认为可能存在 QTL。软件运行输出结果包括 QTL 的加性效应和对性状表型的贡献率。QTL 命名遵照 McCouch 等^[14]的方法, 用小写斜体字母“q”加上性状英文单词首字母的缩写, 后面紧跟的是某个耐旱性状的正常灌溉、干旱胁迫和耐旱系数(分别用 WW, WS 和 DRC 表示), 接下来的数字表示连锁群的序号, 最后一个数字表示 QTL 的序号。如 qLWRWS-12-1 表示在干旱胁迫下的叶片保水力的第 1 个 QTL 位于第 12 连锁群上。

2 结果与分析

2.1 亲本及 F_{2:4} 家系性状分析

从表 1, 表 2 可以看出, 干旱胁迫处理后, 亲本 P₁, P₂ 的叶绿素质量分数(CHL)、叶片保水力(LWR)、可溶性糖质量分数(SUG)、丙二醛质量分数(MDA)都升高, 但是亲本 P₁ 升高幅度大于亲本 P₂, 并且 P₁ 这 4 个性状的耐旱系数都大于 P₂; 而干旱胁迫处理后亲本叶片相对含水量(RWC)降低, 而亲本 P₁ 降低幅度大于亲本 P₂, 并且 P₁ 的叶片相对含水量耐旱系数小于 P₂。通过以上比较可以看出, 亲本 P₁ 的耐旱性比 P₂ 差, 两亲本耐旱性存在差异, 因而此群体可以用来进行 QTL 分析。

在正常灌溉和干旱胁迫下, F_{2:4} 家系苗期相关性状及其耐旱系数均表现为连续超亲分布。统计分析表明, 除了叶片保水力的耐旱系数外, 各耐旱相关性状值及其耐旱系数均表现为连续正态分布(表 1, 表 2 和图 1, 图 2)。将叶片保水力的耐旱系数用常用对数(log₁₀)进行转换, 使其符合正态分布, 满足 QTL 定位的要求。

表 1 正常灌溉和干旱胁迫处理下苗期 F_{2:4} 家系群体性状的描述性统计量

性状	处理	P ₁	P ₂	极小值	极大值	均值	标准差	偏度	峰度
CHL(spad)	WW	39.10	37.40	28.13	54.13	37.42	4.79	0.81	0.73
	WS	56.83	42.64	30.70	69.63	49.22	9.52	-0.03	-0.90
SUG/%	WW	0.22	0.13	0.018	0.38	0.13	0.07	1.02	1.24
	WS	0.77	0.62	0.063	1.64	0.50	0.26	1.39	3.26
MDA/($\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$)	WW	0.31	0.33	0.13	0.96	0.42	0.14	1.09	1.76
	WS	0.87	0.47	0.11	1.39	0.65	0.24	0.67	0.19
RWC/%	WW	94.59	96.53	76.12	123.53	96.68	6.31	0.05	3.26
	WS	92.47	88.46	56.48	120.48	89.80	8.03	-0.32	2.85
LWR/%	WW	70.20	67.53	26.63	83.84	65.89	10.48	-1.34	2.15
	WS	77.96	71.80	41.59	89.15	75.99	8.86	2.06	-1.26

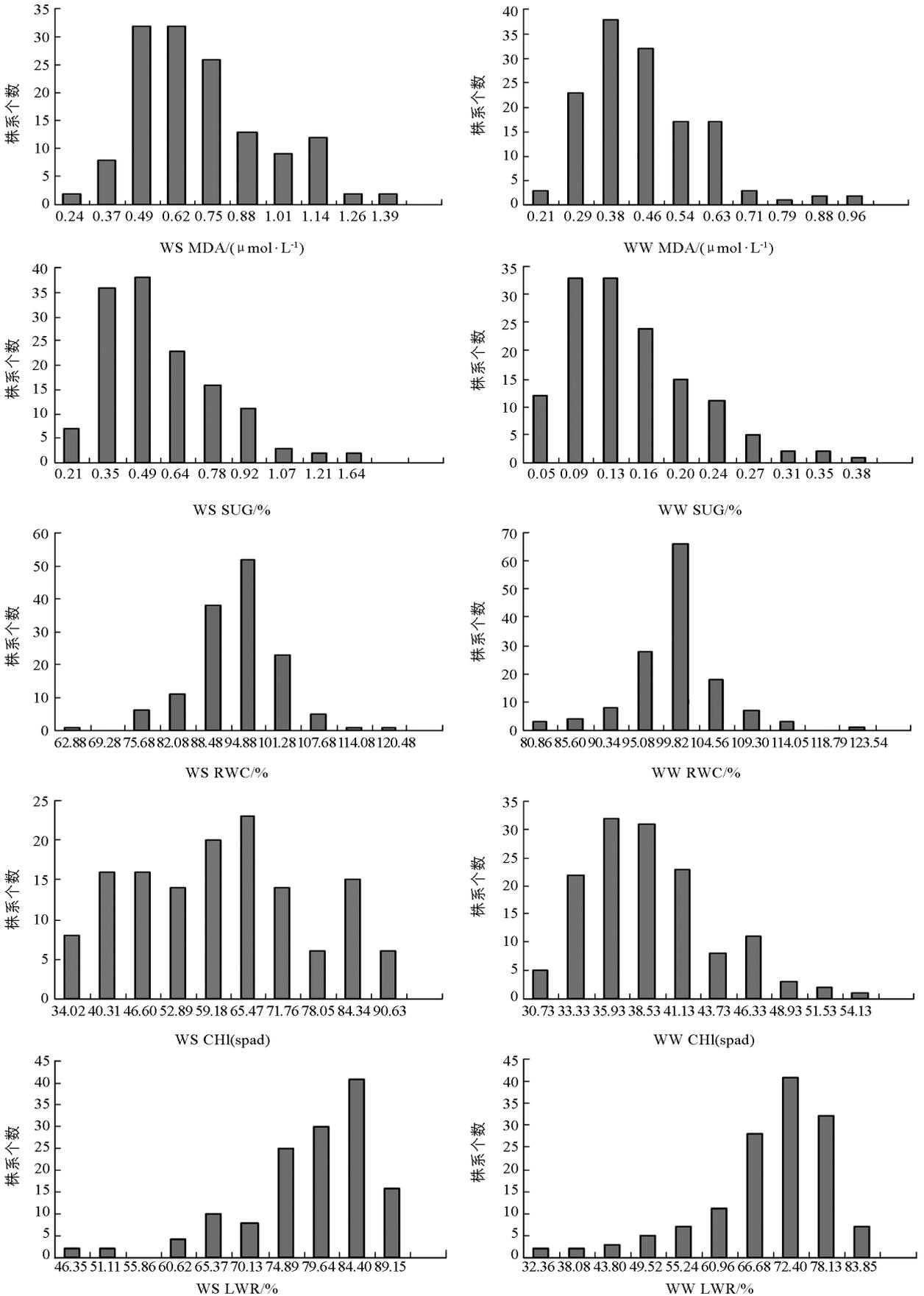
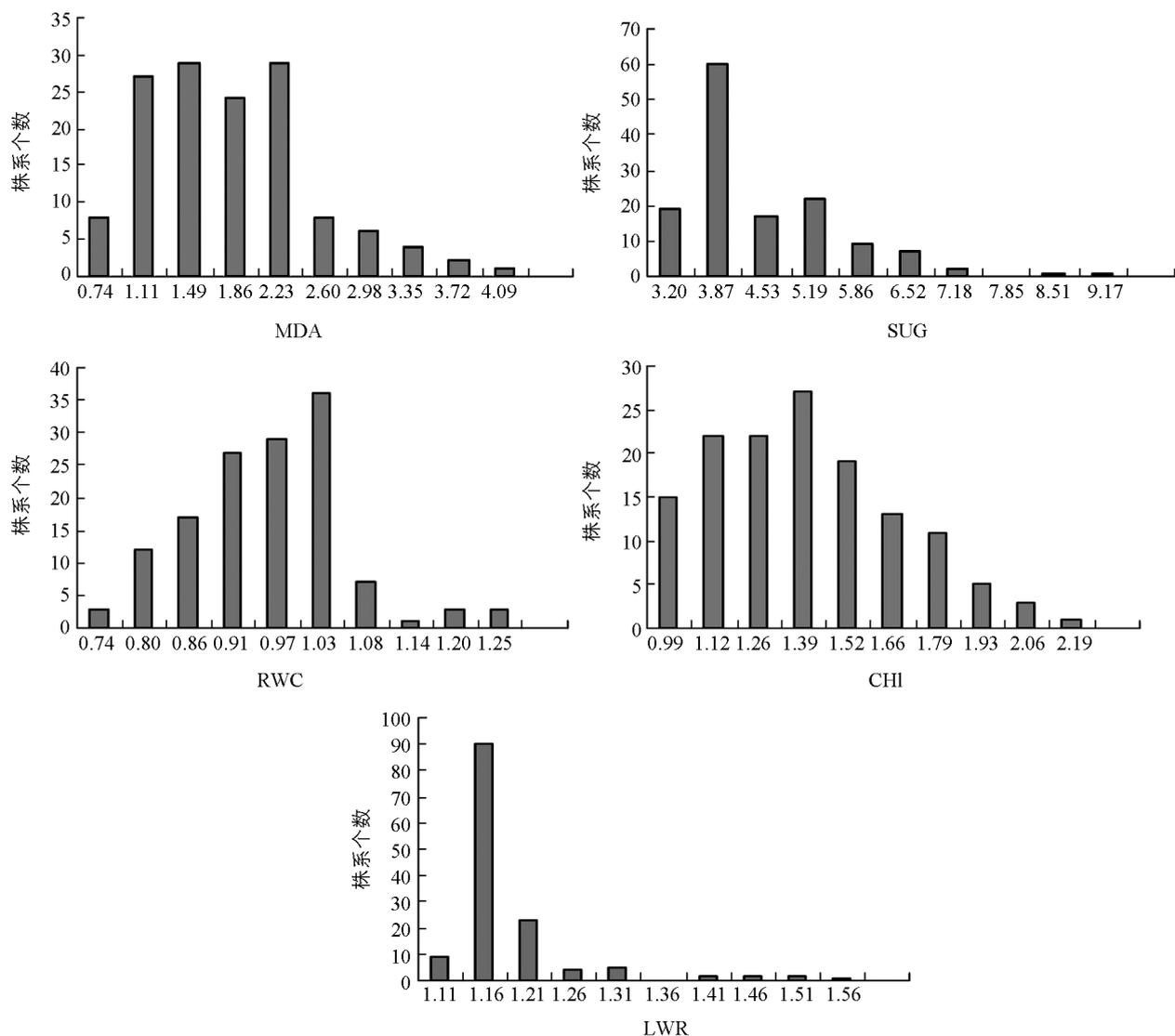


图 1 正常灌溉 (WW) 和干旱胁迫 (WS) 下 $F_{2,4}$ 家系群体苗期性状群体频率分布图

表 2 $F_{2,4}$ 家系群体苗期耐旱相关性状耐旱系数的描述性统计量

性状	P_1	P_2	极小值	极大值	均值	标准差	偏度	峰度
CHI	1.45	1.14	0.85	2.19	1.33	0.28	0.53	-0.15
SUG	4.82	3.59	2.54	9.17	4.09	1.11	1.48	3.15
MDA	2.77	1.42	0.37	4.09	1.68	0.70	0.73	0.66
RWC	0.92	0.98	0.69	1.25	0.93	0.10	0.34	0.94
LWR	1.12	1.07	0.61	2.27	1.19	0.27	1.49	3.87

图 2 $F_{2,4}$ 家系群体苗期性状群体耐旱系数频率分布图

2.2 引物筛选及分子标记多态性分析

利用 1 839 对公共 SSR 引物, 对亲本和 $F_{2,4}$ 家系群体进行多态性检测, 获得带型清晰、具有多态性的引物 141 对, 包括检测到 1 个位点的引物 124 对, 检测到 2 个位点的引物 16 对, 检测到 3 个位点的引物 1 对; 获得多态性位点 159 个, 其中共显性标记位点 44 个, 显性标记位点 115 个。

2.3 遗传连锁图谱的构建

利用上述 159 个多态性 SSR 标记位点进行连锁分析, 构建的甘蓝型油菜遗传连锁图谱包含 15 个连锁群, 共有 122 个 SSR 标记位点, 分别按照 LG1-LG15 命名, 其中根据共有 SSR 标记确定了 12 个连锁群对应的染色体, 有 3 个连锁群(LG13,14,15)不能找到相对应的染色体(图 3)。图谱总长 762.95 cM, 相邻标记平均距离 6.25 cM。不同连锁群上标记数介于 2—26 之间, 连锁群长度变动在 5.5~93.8 cM 之间(图 3)。

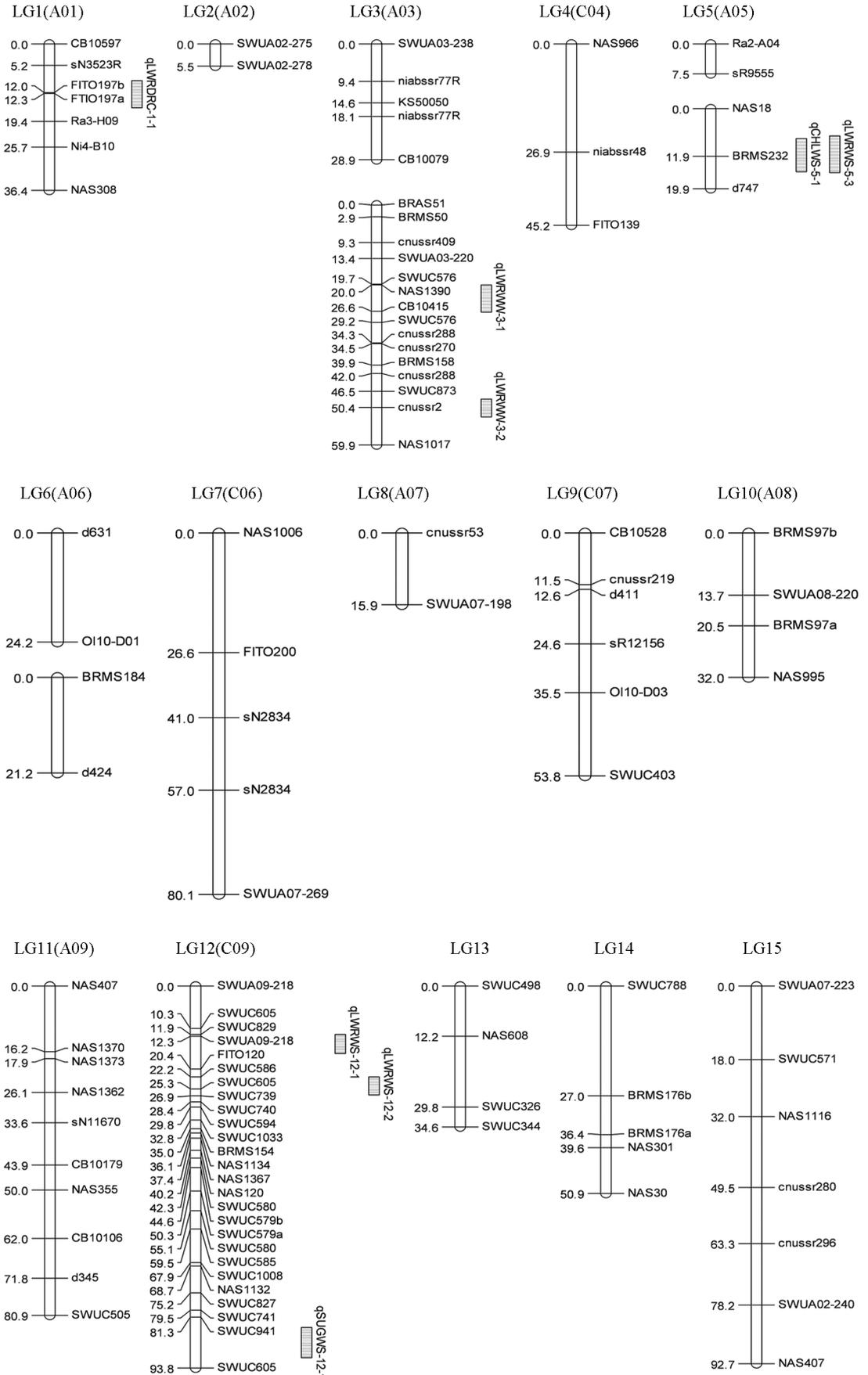


图 3 甘蓝型油菜遗传图谱和耐旱性状及其耐旱系数 QTL 在连锁群上的位置

2.4 耐旱相关性状及其耐旱系数的 QTL 定位

2.4.1 耐旱相关性状的 QTL 定位

正常灌溉下共检测到 2 个 QTL(表 3 和图 3), 为叶片保水力的 2 个 QTL 都位于第 3 连锁群, 累计解释表型变异 17.1%。

干旱胁迫下共检测到 5 个 QTL, 分别是叶片保水力 3 个 QTL, 位于第 12 和第 5 连锁群, 累计解释表型变异 25.8%; 可溶性糖质量分数 1 个 QTL, 位于第 12 连锁群, 解释表型变异 12.4%; 叶绿素质量分数 1 个 QTL, 位于第 5 连锁群, 解释表型变异 10.0%。

表 3 F_{2:4} 家系群体各耐旱性状的 QTLs 分析

性状	数量性状位点	连锁群	染色体	邻近标记	位置	阈值	加性效应	表型变异 R ² /%
LWR	qLWRWW-3-1	3	A03	NAS1390/260	22.11	3.2	4.62	10.0
	qLWRWW-3-2	3	A03	cnussr2/250	50.51	2.7	-4.05	7.1
	qLWRWS-12-1	12	C09	SWUA09-218/700	12.41	3.3	-2.81	8.9
	qLWRWS-12-2	12	C09	SWUC605/800	24.21	3.1	-2.97	10.3
	qLWRWS-5-3	5	A05	BRMS232/250	11.91	2.6	-2.51	6.6
SUG	qSUGWS-12-1	12	C09	SWUC605/400	89.31	2.9	-0.10	12.4
CHI	qCHIWS-5-1	5	A05	BRMS232/250	11.91	3.9	-3.18	10.0

2.4.2 耐旱相关性状耐旱系数的 QTL 定位

从表 4 可以看出, 只有叶片保水力的耐旱系数检测到 1 个 QTL, 位于第 1 连锁群, 解释表型变异 7.7%。

表 4 F_{2:4} 家系群体各耐旱性状耐旱系数的 QTL 分析

性状	数量性状位点	连锁群	染色体	邻近标记	位置	阈值	加性效应	表型变异 R ² /%
LWR-DRC	qLWRDRC-1-1	1	A05	FTIO197	12.31	2.2	-2.88	7.7

3 讨 论

对于不同水分条件下植物叶片叶绿素质量分数的变化, 前人的研究结果存在很大的不同. 有研究发现, 在干旱胁迫和渍水条件下, 大豆叶片叶绿素质量分数均有所降低^[15-16], 大豆在不同生长时期受到干旱影响也都会引起叶片叶绿素质量分数下降^[17-19]. 而郭雪松等^[5-6]、罗明亮^[7]和李俊庆等^[20]认为, 干旱处理后植物体内水分减少, 叶绿素质量分数相应就增加, 叶绿素质量分数是对耐旱性影响显著的指标. 本研究认为干旱胁迫后甘蓝型油菜叶片叶绿素质量分数增加.

孙彩霞^[21]研究认为, 玉米在干旱条件下叶片的可溶性糖质量分数趋于上升, 这可能是由于植株受到水分胁迫时体内有机物质的分解大于合成, 叶片通过增加可溶性糖质量分数来减少水分散失, 抵御水分胁迫造成的伤害. 赵洪兵等^[22]的研究结果表明, 4 个玉米杂交种在水分胁迫条件下叶片的 MDA 质量分数均较对照有明显增加, 且抗旱性较强的品种增加幅度较小. 田桂香等^[23]研究干旱胁迫对黄连的影响, 干旱胁迫下 MDA 质量分数随胁迫时间的延长和强度的增加呈上升趋势. 喻泽莉等^[24]采用聚乙二醇(PEG-6000)模拟不同程度的干旱胁迫下, 决明种子幼苗叶片叶绿素质量分数降低, MDA 质量分数呈现出持续上升的趋势, 干旱胁迫对决明种子萌发和幼苗生长均有显著的抑制作用, 但同时决明种子及幼苗也能通过自身一系列生物学与生理学指标的改变, 主动适应干旱环境. 严美玲等^[25]的研究表明, 苗期对花生进行干旱处理, 叶片中 MDA 质量分数会显著增高, 且变化量随着干旱程度的加重而变大. 研究表明, 受到水分胁迫后, 大豆叶片相对含水量都明显减少, 但不同品种减少程度不同^[26]. 本研究的结果与上述结果基本一致.

目前关于甘蓝型油菜耐旱性的 QTL 定位研究较少, 李真^[3]和杨玉恒^[4]仅针对甘蓝型油菜苗期的生长性状和成熟期的产量性状进行了 QTL 定位. 本研究首次针对甘蓝型油菜苗期的生理性状及其耐旱系数进

行了 QTL 定位. 可溶性糖质量分数和叶绿素质量分数都只在单一环境(正常灌溉或干旱胁迫处理)下检测到 QTL, 没有共同检测到 QTL; 叶片保水力在正常灌溉和干旱胁迫处理下都检测到 QTL, 但位于不同的连锁群, 说明这些性状为多基因控制的数量性状, 受环境影响较大.

各耐旱性状为多基因控制的数量性状, 但只有叶片保水力检测到多个 QTL 位点, 其他的只检测到 1 个或没有检测到 QTL 位点; 各 QTL 解释表型变异比例偏小; 各耐旱性状的耐旱系数中, 只有叶片保水力的耐旱系数检测到 1 个 QTL. 究其原因, 可能是构建的遗传连锁图谱标记数量有限, 标记密度不够, 未能覆盖整个基因组, 影响了 QTL 的检测效率和完整性. 进一步研究应增加标记数量, 加大标记密度, 同时还应增大定位群体规模.

本研究中只有叶片保水力检测到多个耐旱性 QTL 位点, 而且只有叶片保水力的耐旱系数检测到 QTL 位点, 说明叶片保水力与甘蓝型油菜的耐旱性紧密相关. 同一性状的 QTL 分布于不同的连锁群, 并且在第 5 连锁群发生了 QTL 的重叠, 为 qCHIWS-12-1 和 qLWRWS-12-3, 而且这 2 个 QTL 与标记 BRMS232 是紧密连锁的. 这可能是由一因多效或者基因紧密连锁引起的, 有待于深入研究.

参考文献:

- [1] 刘文冰. 浅析我国油菜生产的现状与发展 [J]. 中国种业, 2005, 1: 17—17.
- [2] 戴清明, 吕爱钦, 何维君, 等. 洞庭湖区油菜主要气象灾害发生规律与减灾避灾对策 [J]. 作物研究, 2006, 20(1): 60—63, 65.
- [3] 李 真. 甘蓝型油菜苗期耐湿性和抗旱性相关 QTL 分析 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2008.
- [4] 杨玉恒. 甘蓝型油菜耐旱性鉴定和耐旱相关性状 QTL 分析 [D]. 重庆: 西南大学, 2011.
- [5] 郭雪松. 油菜种质资源耐旱性的鉴定 [D]. 重庆: 西南大学, 2009.
- [6] 郭雪松, 唐章林. PEG 胁迫下 42 个油菜品种(系)耐旱性的评价 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2009, 31(10): 1—7.
- [7] 罗明亮. 甘蓝型油菜苗期耐旱相关性状的配合力和遗传效应分析 [D]. 重庆: 西南大学, 2010.
- [8] 王学奎. 植物生理生化实验原理和技术 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2007.
- [9] SUWABE K, IKETANI H, NUNOME T, et al. Isolation and Characterization of Microsatellites in *Brassica rapa* L [J]. Theor Appl Genet, 2002, 104(6—7): 1092—1098.
- [10] PIQUEMAL J, CINQUIN E, COUTON F, et al. Construction of an Oilseed Rape (*Brassica napus* L.) Genetic Map with SSR Markers [J]. Theor Appl Genet, 2005, 111(8): 1514—1523.
- [11] VAN OOIJEN J W, VOORRIPS R E. JoinMap[®] Version 3.0: Software for the Calculation of Genetic Linkage Map [M]. Wageningen: Plant Research International, 2001.
- [12] VOORRIPS R E. MapChart: Software for the Graphical Presentation of Linkage Maps and QTLs [J]. The Journal of Heredity, 2002, 93(1): 77—78.
- [13] WANG S, BASTEN C J, ZENG Z B. Windows QTL Cartographer Version 2.5 [D]. Raleigh: North Carolina State University, 2007.
- [14] MCCOUCH S R, CHO Y G, YANO M, et al. Report on QTL Nomenclature [J]. Rice Genet Newslett, 1997, 14: 11—13.
- [15] 王春艳, 宋英淑. 根际渍水对大豆叶绿素含量的影响 [J]. 中国油料, 1990, 1: 27—30.
- [16] 许忠仁. 大豆生理与生理育种 [M]. 哈尔滨: 黑龙江科学技术出版社, 1989: 231—237.
- [17] 王 敏, 张从宇, 马同富, 等. 大豆品种苗期抗旱性研究 [J]. 中国油料作物学报, 2004, 26(3): 29—32.
- [18] 谢甫缙, 董 钻. 不同生育时期干旱对大豆生长和产量的影响 [J]. 沈阳农业大学学报, 1994, 25(1): 13—16.
- [19] 李贵全, 杜维俊. 不同大豆品种抗旱生理生态的研究 [J]. 山西农业大学学报: 自然科学版, 2000, 20(3): 197—200.
- [20] 李俊庆, 齐敏忠. 水分胁迫对不同抗旱型花生生长发育及生理特性的影响 [J]. 中国农业气象, 1996, 17(1): 11—135.
- [21] 孙彩霞. 玉米抗旱性鉴定指标体系及抗旱鉴定指标遗传特性的研究 [D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2001.
- [22] 赵洪兵, 黄亚群. 不同玉米杂交种抗旱性比较及抗旱性鉴定指标的研究 [J]. 华北农学报, 2007, 22(B10): 66—70.

- [23] 田桂香, 汤绍虎, 武敬亮. 干旱胁迫对黄连生理作用的影响 [J]. 西南师范大学学报: 自然科学版, 2006, 31(2): 133-137.
- [24] 喻泽莉, 何平, 张春平, 等. 干旱胁迫对决明种子萌发及幼苗生理特性的影响 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2012, 31(2): 39-44.
- [25] 严美玲, 李向东, 林英杰, 等. 苗期干旱胁迫对不同抗旱花生品种生理特性、产量和品质的影响 [J]. 作物学报, 2007, 33(1): 113-119.
- [26] 孙继颖, 高聚林, 薛春雷, 等. 不同品种大豆抗旱性能比较研究 [J]. 华北农学报, 2007, 22(6): 91-97.

Construction of a Molecular Genetic Map of Rapeseed (*Brassica napus* L.) and QTL Mapping of Its Drought Tolerance-Related Traits

WANG Dan-dan, TANG Zhang-lin, JING Rong-rong,
WEN Jun, MA Yu-si

School of Agronomy and Biotechnology, Southwest University/Chongqing Engineering
Research Center for Rapeseed, Chongqing 400716, China

Abstract: Recombinant inbred lines (RILs) $F_{2:4}$ from the cross between 36-Ai and Kelina-2, two varieties of *Brassica napus* L. with striking difference in drought tolerance, were used as the mapping population, and a genetic linkage map was constructed using SSR markers, which contains 15 linkage groups. The total length of the map was 762.95 cM, with an average distance of 6.25 cM between adjacent markers. Composite interval mapping (CIM) with the linkage map was applied to identify the quantitative trait loci (QTL) associated with drought tolerance traits (chlorophyll content, soluble sugar content, malondialdehyde content, relative water content and leaf water retention) at the seedling stage, and the drought tolerance coefficients were calculated. A total of 8 QTLs were found, distributed in Linkage groups 1, 3, 5 and 12. The single locus contribution to explain the phenotypic variance ranged from 6.6% to 12.4%. An overlapping region of the QTLs of chlorophyll content and leaf water retention was observed in Linkage group 5.

Key words: *Brassica napus* L.; drought tolerance-related trait; genetic linkage map; QTL mapping

责任编辑 夏娟

