

张环宇,李 烨. 茄子果形果色的 QTL 定位[J]. 江苏农业科学,2018,46(4):40-43.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.04.009

# 茄子果形果色的 QTL 定位

张环宇,李 烨

(哈尔滨市农业科学院,黑龙江哈尔滨 150026)

**摘要:**以白色圆茄 YQ106 和紫色长茄 CQ122 为亲本获得  $F_2$  群体,利用该群体构建包含 14 个连锁群的复合遗传图谱。该图谱覆盖基因组长度 1 040.3 cM,共有 16 个 SSR 标记,99 个 AFLP 标记,平均图距 9 cM。其中,获得 1 个与果长相关的 QTL,位于第 1 连锁群上,表型贡献率为 9.7%;与果径相关的 2 个 QTL,分别位于第 2、第 4 个连锁群上,表型贡献率为 10.1%、3.8%;与果形指数相关的 1 个 QTL 位于第 1 个连锁群上,表型贡献率为 6.4%;与花青素积累相关的 1 个 QTL 位于第 13 个连锁群上,表型贡献率为 12.8%。

**关键词:**茄子;果形;果色;果径;遗传图谱;QTL 定位;表型贡献率;连锁群;花青素

**中图分类号:** S641.103 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)04-0040-03

茄子(*Solanum melongena* L.)是一种广泛种植的大宗蔬菜,但是在茄子的果形和果色方面,各地区的消费习惯有很大的差别<sup>[1]</sup>,育种研究者须要根据消费者的需求选育不同果形果色的茄子品种<sup>[2]</sup>。由于茄子的果形、果色都属于数量遗传性状<sup>[3-6]</sup>,且果实颜色主要受果实里花青素和叶绿素含量的影响,所以本研究主要针对茄子的果形及花青素含量进行 QTL 定位分析。

## 1 试验材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料于 2013—2015 年在哈尔滨市农业科学院蔬菜花卉分院茄子课题组研究基地种植。2013 年以哈尔滨市农业科学院蔬菜花卉分院茄子课题组提供的茄子栽培种白色圆茄高代自交系 YQ106 为母本,紫色长茄高代自交系 CQ122 为父本,春茬种植于大棚内杂交,获得  $F_1$ ;秋季温室  $F_1$  自交获得  $F_2$  种子。2014 年春季,将亲本及  $F_1$ 、 $F_2$  材料同时在温室内播种育苗,5 月 30 日定植于露地,亲本及  $F_1$  各定植 2 行(30 株), $F_2$  定植 20 行(300 株),株行距 0.5 m×0.35 m,地膜覆盖,常规栽培管理。秋季,每株茄子选取 2 个达到商品成熟的对茄,进行果形性状数据测定及花青素强度调查。

### 1.2 DNA 提取和分子标记

当亲本、 $F_1$  和  $F_2$  都长至 4 叶 1 心时,取其嫩叶,采用 CTAB 方法进行 DNA 提取<sup>[7]</sup>。其中  $P_1$ 、 $P_2$  及  $F_1$  的 DNA 用于多态性标记筛选, $F_2$  单株 DNA 用于连锁图谱构建。SSR 及 AFLP 引物参考相关文献[8-12]及番茄、辣椒部分相关的引物<sup>[13-14]</sup>。

### 1.3 连锁图谱构建

选取 300 株  $F_2$  单株,用筛选获得的 SSR 和 AFLP 分子标记进行分析。采用共线性标记进行记载,其中母本 YQ106 记

为 A,父本 CQ122 记为 B,H 表示杂合。显性标记记载有 2 种情况:母本有带,父本无带,标记为 B,杂种带型记为 D;父本有带,母本无带,标记记为 A,杂种带型记为 C。带型不清或数据缺失均用 U 表示<sup>[11,15]</sup>。采用 Mapdraw V2.1 软件作图,构建连锁群,LOD 值设定为 3.0<sup>[16]</sup>。

### 1.4 性状测定

通过电子游标卡尺测量果长和横径<sup>[15]</sup>,获得果形指数。果实花青素强度划分为绿白色(0)、浅紫色(1)、紫色(3)、黑紫色(5)<sup>[11]</sup>。

### 1.5 数据分析

对获得的所有数据用 SPSS 14.0 进行分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 果实相关性状表现

对  $F_2$  群体 300 个单株的果长、横径和花青素强度相关数据进行调查,并进行相关性分析(图 1、表 1),结果显示茄子果长、果径和果形指数在  $F_2$  群体均基本符合正态分布,属于数量性状,可以进行 QTL 定位<sup>[17]</sup>。

### 2.2 多态性引物的筛选及遗传图谱的构建

通过对 570 对 SSR 和 AFLP 引物进行筛选,共获得表现多态性的 SSR 引物 16 对,AFLP 引物 99 对,总的平均多态性比例为 20.18%。用筛选得到的 SSR 及 AFLP 分子标记对  $F_2$  群体中 300 个单株进行分析,共构建 14 个连锁群,覆盖基因组长度 1 040.3 cM,标记间平均图距 9 cM(图 2)。

### 2.3 果实相关性状基因的 QTL 分析

采用 apQTL 4.0 对果形和果色性状进行 QTL 定位,共定位到 6 个果实性状相关的 QTL(表 2)。

果长:检测到 1 个 QTL,命名为 *fl1.1*,位于第 1 个连锁群,标记 E14M11~E10M11 之间,距离为 5.4 cM,表型贡献率达到 9.7%。

横径:检测到 2 个 QTL,分别命名为 *fw2.1*、*fw4.1*,其中 *fw2.1* 位于第 2 个连锁群 E9M7F~eme13h04 之间,距离为 8.3 cM,贡献率达到 10.1%;*fw4.1* 位于第 4 个连锁群,标记 M8E12D~M8E12C 之间,遗传距离为 10.2 cM,表型贡献率达

收稿日期:2016-09-21

基金项目:黑龙江省哈尔滨市青年创新基金(编号:2014RFQY167)。

作者简介:张环宇(1985—),女,黑龙江哈尔滨人,硕士,农艺师,主要从事蔬菜新品种选育研究。E-mail:hy\_zhang1985@163.com。

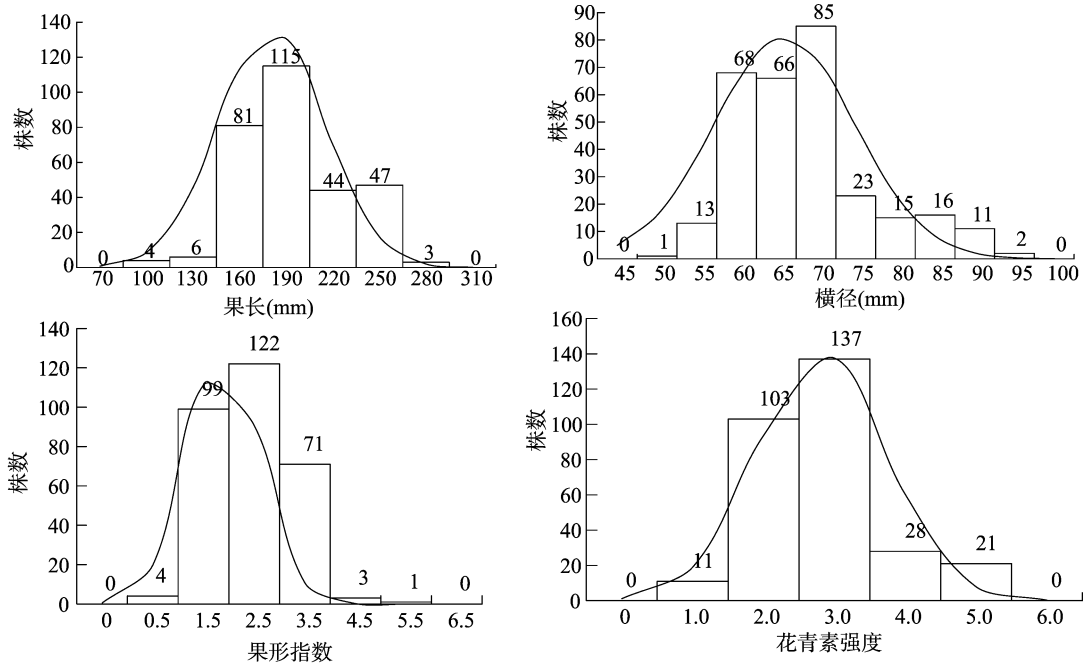


图1 F<sub>2</sub> 群体果实相关性状分布

表 1 亲本及 F<sub>2</sub> 群体果形、果色性状的表现

性状	亲本均值		F <sub>2</sub>			
	YQ106	CQ122	均值	范围	峰度	偏度
果长(mm)	75.00	290.00	180.54	77.00~279.00	0.18	0.29
横径(mm)	95.00	45.00	103.76	54.00~163.00	0.42	0.72
果形指数	0.79	6.40	2.89	0.81~6.10	0.95	0.85
花青素强度	0	5	2.50	0.00~5.00	0.49	-0.29

到 3.8%。

果形指数:检测到 1 个 QTL,命名为 *fsI. 1*,同样位于第 1 个连锁群,标记 E5M9B ~ E6M7E 之间,遗传距离为 8.9 cM,表型贡献率达到 6.4%。

花青素强度:检测到 1 个 QTL,命名为 *faiI3. 1*,位于第 13 个连锁群,标记 E10M9C ~ emb01e03 之间,遗传距离为 11.5 cM,表型贡献率达到 12.8%。

3 讨论与结论

本研究共计筛选得到 16 对 SSR 引物、99 对 AFLP 引物,利用 F2 群体构建了一张 14 个连锁群的复合遗传图谱。果形相关的 QTL 定位结果显示,果长和果形指数同时定位在第 1 个连锁群上,且位置相邻,李怀志也获得了相似的结果,茄子的果长、横径和果形指数都被定位在第 2 个连锁群上,且位置重合<sup>[11]</sup>,第 14 个连锁群 M15E16 和 M59E33A 标记之间果长和果形指数 QTL 也存在同一定位;葛海燕等定位结果显示,果长和果形指数同时位于染色体 E09 上<sup>[18]</sup>,相关的定位结果都表明茄子的果长和果形指数之间可能存在显著相关性。

茄子的紫色主要是由于果皮内含花青素,花青素的不断积累使果皮从紫红色逐渐呈现黑紫色。Doganlar 等对促进茄子花青素积累的位点进行 QTL 定位,结果表明该主效基因位于第 10 个连锁群上 *fap10. 1* 位点,其贡献率为 93%<sup>[19]</sup>,李怀志定位到另一个 QTL 位点 *fai3. 1*,但贡献率较低,为 6.58%<sup>[11]</sup>。本研究将花青素定位于第 13 个连锁群的

E10M9C ~ emb01e03 标记之间,其表型贡献率为 12.8%,由于该位点附近的分子标记与李怀志等没有使用共同的分子标记<sup>[11,19]</sup>,所以定位结果没有可比性,还要进一步进行验证。

茄子果实相关性状的 QTL 定位对茄子育种工作具有重要的意义,QTL 定位结果可以帮助育种工作者更便捷、准确地获得目标育种材料,加快育种进程,本研究后续还要筛选更多的分子标记,使定位结果更为精细。

参考文献:

[1] 连 勇,刘富中,陈钰辉. 我国茄子地方品种类型 + 分布及种质资源研究进展[J]. 中国蔬菜,2006(增刊 1):9-14.

[2] 李锡香,朱德蔚. 茄子种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006:17-18.

[3] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003:224-226.

[4] 井立军,崔鸿文,张秉奎. 茄子品质性状遗传研究[J]. 西北农业学报,1998,7(1):45-48.

[5] Nunome T, Ishiguro K, Yoshida T, et al. Mapping of fruit shape and color development traits in eggplant (*Solanum melongena* L.) based on RAPD and AFLP markers[J]. Breeding Science, 2001, 51(1):19-26.

[6] 乔 军,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果形遗传研究[J]. 园艺学报, 2011, 38(11):2121-2130.

[7] Zeng J, Zou Y P, Bai J Y, et al. Preparation of total DNA from "recalcitrant plant taxa"[J]. Acta Botanica Sinica, 2002, 44(6):694-697.

[8] Nunome T, Suwabe K, Iketani H, et al. Identification and characterization of microsatellites in eggplant [J]. Plant Breeding, 2003, 122(3):256-262.

[9] Nunome T, Negoro S, Kono I, et al. Development of SSR markers derived from SSR - enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.) [J]. Theoretical & Applied Genetics, 2009, 119(6):1143-1153.

[10] Stügel A, Portis E, Toppino L, et al. Gene - based microsatellite



宁慧宇,江敏,张丙林,等. 玉米 *ZmLTP3* 基因启动子的克隆及功能分析[J]. 江苏农业科学,2018,46(4):43-46.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.04.010

# 玉米 *ZmLTP3* 基因启动子的克隆及功能分析

宁慧宇,江敏,张丙林,邹华文

(长江大学农学院,湖北荆州 434025)

**摘要:**植物转脂蛋白(LTPs)参与多项生理功能,但关于其在非生物胁迫中的作用及调控机制鲜有报道。前期研究发现,转玉米 *ZmLTP3* 基因的拟南芥抗盐性得到了提高。通过克隆得到 *ZmLTP3* 基因上游 1 302 bp 的启动子序列,Plantcare 在线分析发现,在克隆序列中含有 CAAT-box、TATA-box 等启动子必需作用元件,除此之外还含有众多响应生物胁迫、非生物胁迫的元件。将启动子序列与  $\beta$ -葡萄糖苷酸酶(GUS)报告基因相连,构建植物表达载体,转化拟南芥。转基因拟南芥 GUS 组织化学染色结果表明,该启动子序列具备启动子活性。研究结果可为后续深入研究 *ZmLTP3* 基因的作用及上游调控机制奠定基础。

**关键词:**玉米;转脂蛋白;启动子;克隆;功能分析

**中图分类号:** S188;S513.01 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)04-0043-04

植物转脂蛋白(lipid transfer proteins,简称 LTPs)是植物体内具有结合和转运脂类功能的一类小分子蛋白。又因其对各种脂类(如辅酶 A、磷脂和脂肪酸等)具有较高的亲和力,又被称为非专一性转脂蛋白(non-specific lipid transfer proteins,简称 nsLTPs)<sup>[1-3]</sup>。植物转脂蛋白是一类碱性蛋白,分子内部都含有 1 个由 8 个半胱氨酸组成的保守基序(C-X<sub>n</sub>-C-X<sub>n</sub>-CC-X<sub>n</sub>-CXC-X<sub>n</sub>-C-X<sub>n</sub>-C)。这 8 个半胱

氨酸形成 4 对二硫键,所以转脂蛋白分子具有较高的耐高温、耐变性等特性<sup>[4]</sup>。最初根据分子量大小,植物 LTPs 成员被分为 2 种类型:Ⅰ型、Ⅱ型<sup>[5]</sup>。此后,Edstam 等根据半胱氨酸之间的距离、保守内含子的位置以及翻译后糖基磷脂酰肌醇锚(GPI-anchor)的添加与否,把 LTPs 重新划分为 A、B、C、D、E、F、G、H、J 和 K 型<sup>[1]</sup>。因为具有膜间转移脂分子的功能,植物 LTPs 最初被认为参与生物膜系统的生物合成<sup>[6]</sup>。然而随着 N-端信号肽的发现和胞外定位,使人们开始重新认识 LTPs 的功能。现有的研究表明,LTPs 涉及植物多种生理过程,包括参与蜡质的合成和运输、生殖器官的发育、提高植物抗性、促进细胞壁的伸长,此外还有调节果胶降解活性等<sup>[7-9]</sup>。其中研究较多的是其在蜡质的合成和运输、生殖器官的发育以及在提高植物抗性中的作用。

在之前的研究中,笔者从玉米中克隆到 1 个转脂蛋白家族成员,并命名为 *ZmLTP3* (GenBank 登录号 JX435819.1),过

收稿日期:2017-03-31

基金项目:国家自然科学基金(编号:31471510)。

作者简介:宁慧宇(1992—),女,山东临沂人,硕士研究生,主要从事植物逆境分子生物学研究。Tel: (0716) 8066314; E-mail: 1046762635@qq.com。

通信作者:邹华文,博士,教授,主要从事植物逆境分子生物学研究。Tel: (0716)8066314; E-mail: zouhuawen73@hotmail.com。

表 2 F<sub>2</sub> 群体定位的 QTL 特征

性状	QTL	标记区间	长度(cM)	LOD 值	加性效应	显性效应	贡献值(%)
果长	<i>fl1.1</i>	E14M11 ~ E10M11	5.4	3.42	0.82	-0.13	9.7
横径	<i>Fw2.1</i>	E9M7F ~ me13h04	8.3	4.24	0.35	-0.14	10.1
	<i>Fw4.1</i>	M8E12D ~ M8E12C	8.9	4.08	0.72	0.33	3.8
果形指数	<i>fs1.1</i>	E5M9B ~ E6M7E	10.2	4.85	1.28	-0.29	6.4
花青素强度	<i>fai13.1</i>	E10M9C ~ emb01e03	11.5	5.17	1.07	-0.07	12.8

[13] Chaim A B, Paran I, Grube R C, et al. QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*) [J]. Theoretical & Applied Genetics, 2001, 102(6/7): 1016-1028.

[14] Ben Chaim A, Borovsky J, Rao G, et al. Comparative QTL mapping of fruit size and shape in tomato and pepper [J]. Israel Journal of Plant Sciences, 2006, 54(3): 191-203.

[15] 乔军,陈钰辉,王利英,等. 茄子果形的 QTL 定位[J]. 园艺学报, 2012, 39(6): 1115-1122.

[16] Brewer M T, Lang L, Fujimura K, et al. Development of a controlled vocabulary and software application to analyze fruit shape variation in tomato and other plant species [J]. Plant Physiology, 2006, 141

(1): 15-25.

[17] Barchi L, Lefebvre V, Sage-Palloix A M, et al. QTL analysis of plant development and fruit traits in pepper and performance of selective phenotyping [J]. Theoretical & Applied Genetics, 2009, 118(6): 1157-1171.

[18] 葛海燕,刘扬,陈火英. 茄子果实性状相关基因的 QTL 定位[J]. 园艺学报, 2015, 42(11): 2197-2205.

[19] Doganlar S, Frary A, Daunay M C, et al. A comparative genetic linkage map of eggplant (*Solanum melongena*) and its implications for genome evolution in the solanaceae [J]. Genetics, 2002, 161(4): 1697-1711.