

付远志,薛惠云,胡根海,等.我国棉花株型性状遗传育种研究进展[J].江苏农业科学,2019,47(5):16-19.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.05.005

我国棉花株型性状遗传育种研究进展

付远志,薛惠云,胡根海,晁毛妮,李成奇

(河南科技学院/现代生物育种河南省协同创新中心,河南新乡 453003)

摘要:株型育种对提高棉花产量和纤维品质意义重大,是作物遗传育种的重要组成部分,因此株型遗传育种一直受育种者的关注。棉花是重要的纤维和油料作物,棉花株型育种研究已经引起重视,尚待进一步深入。本文综述棉花株型遗传育种在我国的研究进展,介绍株型性状研究的理论发展过程以及棉花株型性状遗传的主要研究内容,并对棉花株型的育种措施进行展望,旨在为棉花株型性状遗传育种研究提供参考。

关键词:棉花;株型性状;遗传育种;QTL定位;连锁分析;育种措施

中图分类号: S562.032 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)05-0016-03

株型是作物的形态特征及空间排列方式,是作物为适应所处环境而表现的形态结构。株型会影响物质的生物量,其中叶系的形态和数量等是决定物质生长差异的重要因素,当叶面积指数较大时,直立叶片在均匀受光方面具有明显的优越性^[1-2]。Donald首先定义了理想株型,即利于植物光合作用和生长发育,促使籽粒产量提高的各性状所组成的理想化株型,能最大限度地提高群体光能利用率,增加生物学产量,提高经济系数;并提出最小竞争理论,即在农作物中个体最小竞争强度的理想株型,不仅能够充分利用自己有限的环境,而且不侵占邻株的环境^[3]。Peng等发现,作物的光能利用率在很大程度上受叶片的空间分布影响^[4-5]。Yang等指出,株型是重要的、综合的农艺性状,与作物生产密切相关,包括个体和群体2个水平^[6-7]。在特定的自然条件下,植株个体发育与群体结构相协调,合理的个体株型与群体结构是植株获得较高生物学产量的重要前提。杨守仁综合水稻超高产育种的理论和方法认为,只有使理想株型与优势利用相结合,才能培育出超高产的品种^[8]。因此,株型是重要的农艺性状,决定着植物的收获指数、产量潜力及其对栽培环境的适应能力^[9-10]。目前株型研究在小麦、水稻、玉米、油菜、马铃薯上特别是在禾谷类作物上已有较多报道^[11-15],而在棉花上的研究报道较少,综述总结更少。笔者所在单位从事多年棉花育种研究,并深入研究了棉花株型性状遗传,在此基础上,本文对棉花株型性状遗传育种进行总结。

1 株型性状的遗传

棉花株型是根据果枝和叶枝的分布情况以及果枝的长短而形成的,为综合性状,包括株高、果枝长度、主茎节间长度、果枝节间长度、总果节数、总果枝数、有效果枝数和果枝夹角等多个株型构成因素,这些性状均属于复杂的数量性状,受基

因型和环境的共同控制,利用传统的育种方法改良株型的难度较大,株型性状与其他性状如产量、品质、早熟等存在相关关系,株型育种是改善棉花产量和纤维品质的有效途径^[16],株型性状的遗传解析是棉花理想株型育种的理论基础。20世纪70年代,人们对数量遗传有了更深一步研究,从经典的多基因遗传研究,转变为以主基因+多基因混合的遗传模式研究;20世纪80年代,随着分子标记技术的发展,遗传连锁图谱的数量性状基因座(quantitative trait locus,简称QTL)定位成为研究数量性状的重要手段。随着数量遗传学的发展,棉花株型性状的遗传研究内容主要包括以下几个方面。

1.1 棉花株型性状的经典遗传研究

株型性状遗传规律解析是通过株型育种实现棉花高产的理论依据^[17]。遗传力与棉花育种选择效率紧密相关,是研究数量性状遗传规律的主要遗传参数之一。牛永章研究了特早熟陆地棉的株型、产量和品质性状,结果发现,各调查性状广义遗传力的大小顺序为生育期>衣分率>果枝节间长度>植株高度>纤维长度>籽指>主茎节间长度>叶片宽度>铃质量>果枝始节位>果枝成铃数>单株籽棉产量>单株总铃数^[18]。在株型性状研究中,较少学者利用加性-显性或加性-显性-上位性模型对其进行深入研究,其中Wang等研究认为,加性效应和互作效应作为棉花重组自交系株型性状的遗传基础非常重要^[19]。

1.2 棉花株型性状的主基因-多基因遗传

盖钧镒认为,主基因-多基因混合遗传模型是数量性状研究的常见模式,并发展了一套迄今为止最为完整的主基因-多基因混合遗传模型分离分析方法体系^[20]。李成奇等对陆地棉百棉1号的主要株型性状进行了主基因-多基因混合遗传分析,结果表明,株高和株高/果枝长度的最适模型为1对负向完全显性主基因+加性-显性多基因模型,果枝长度和果枝夹角的最适模型为加性-显性-上位性多基因模型,主茎节间长度和总果节数的最适模型为1对加性主基因+加性-显性多基因模型,果枝节间长度的最适模型为2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因模型,总果枝数和有效果枝数的最适模型为2对加性-显性-上位性主基因遗传模型;除果枝长度和果枝夹角外,其

收稿日期:2017-10-13

基金项目:国家自然科学基金面上项目(编号:31671743);河南省教育厅高等学校重点科研项目(编号:16A210022)。

作者简介:付远志(1978—),女,河南商丘人,硕士,讲师,从事棉花遗传育种研究。Tel:(0373)3040337;E-mail:149565773@qq.com。

他性状均检测到主基因^[17]。李成奇等应用主基因-多基因混合遗传模型,对由短季棉百棉2号和TM-1形成的P₁、P₂、F₁、B₁、B₂、F₂群体进行棉花株型性状遗传研究,结果表明,总果枝数、株高、主茎节间长度和总果节数以主基因遗传为主;果枝夹角以多基因遗传为主;有效果枝数属于主基因遗传;果枝节间长度属于多基因遗传;果枝长度、高度/果枝长度以主基因遗传和多基因遗传并重^[21]。

2 株型性状的 QTL 定位

棉花株型性状属多基因控制的数量性状,遗传背景复杂,易受环境影响,利用传统方法难以在短期内同步聚合优良性状,随着生物技术的发展,分子标记和遗传作图技术成为突破此育种瓶颈的有效方法。分子标记辅助选择可以在育种早期于分子水平直接分析个体的遗传组成,对基因型进行直接选择,不受环境影响,且干扰植株正常生长发育,从而大大缩短育种进程,提高育种效率。连锁分析和关联分析在 QTL 定位的精度与广度、信息量和统计分析等方面具有互补性,目前分子标记技术是解析植物数量性状基因的重要方法^[22]。

2.1 棉花株型性状的连锁分析

张培通等利用陆地棉重组自交系研究棉花株型性状 QTL,检测到 3 个株高 QTLs、2 个果枝长 QTLs 和 3 个株高/果枝长 QTLs^[23]。Wang 等利用陆地棉重组自交系进行同样的研究,检测到 3 个果枝长 QTLs 和 3 个株高/果枝长 QTLs^[19]。Song 等利用海陆杂群体进行试验,检测到 26 个与果枝始节、主茎叶夹角、株高、主茎节间长度、果枝夹角和果枝节间长度相关的 QTLs^[16]。Liang 等构建了陆地棉种类 F₂ 群体的连锁图谱,检测到 421 个多态性位点,覆盖 3 814.3 cM,占总基因组的 73.35%;39 个与纤维相关的 QTL 被检测到,其中关于纤维长度、整齐度、比强度、伸长率、马克隆值的 QTL 个数分别为 12、5、9、7、6 个^[24]。Li 等利用中熟棉连锁作图群体鉴定到 55 个棉花株型性状 QTL,其中 4 个 QTL 包括总果枝数 qTFB-10(F₂/F₂:3)、果枝长度 qFBL-26b(F₂)/qFBL-26(F₂:3)、果枝夹角 qFBA-5(F₂/F₂:3)和果枝节数 qFBN-26b(F₂)/qFBN-26(F₂:3),为共同 QTL,可以稳定遗传^[25];另外,利用短季棉连锁作图群体鉴定到 73 个棉花株型性状 QTL,其中 4 个 QTL 包括总果节数 qTFN-17、果枝节数 qFBN-17、果枝长度 qFBL-17 和总果枝数 qTFB-17a/qTFB-17b(qTFB-17),为共同 QTL,可以稳定遗传^[26]。Tan 等利用简单重复序列 (simple sequence repeats, 简称 SSR) 标记构建了陆地棉种内自交系的连锁图谱,该图谱包含 1 274 个多态性位点,覆盖 3 076.4 cM,平均距离为 2.41 cM,59 个纤维性状 QTL 被检测到,其中关于纤维上半部平均长度、整齐度、比强度、伸长率、马克隆值的 QTL 个数分别为 15、10、9、10、15 个^[27]。

2.2 棉花株型性状的关联分析

聂新辉等利用 75 个 SSR 标记对 51 份陆地棉品种进行关联分析,检测到 29 个与农艺性状关联的位点,其中与株型性状株高、果枝始节高、果枝数、有效铃有关的位点数分别有 3、4、2、2 个^[28]。Li 等利用陆地棉种质资源群体构成的关联作图群体,鉴定到 66 个与株型性状关联的标记位点,其中 35 个标记位点能在 2 个及以上环境中同时检测到,并挖掘了来自于 35 个标记位点的 48 个优异等位变异^[29]。

3 棉花株型性状与产量之间的相关关系

产量一直以来是棉花品种培育的重要目标,研究株型与产量的关系是棉花株型遗传育种的重要组成部分。汤飞宇等利用 9 个陆地棉品种(系)及其 F₁ 代 20 个组合,研究 9 个株型性状对皮棉产量的遗传贡献,结果表明,9 个株型性状对皮棉产量的表型贡献率在 1.1%~11.1%之间;主茎节距、始果枝高和果枝数对皮棉产量具有显著或极显著的加性遗传贡献率,分别为 29.8%、6.2%、5.7%;果枝夹角对皮棉产量的加性遗传方差具有较大的抑制作用,贡献率为 -39.9%;果节数是多数组合皮棉产量显性效应的主要影响因素,对皮棉产量的显性遗传方差贡献率最高,为 57.8%;主茎节距对皮棉产量有极显著的加性×环境互作遗传方差贡献率,为 17.7%;各亲本对皮棉产量加性效应贡献最大的株型性状不尽相同^[30]。杨万玉等研究指出,各果节间长度与皮棉产量呈开口向下的二次抛物线关系,果枝的粗度与皮棉产量呈显著正相关关系,适宜的果枝节间长度和果枝粗度是获得棉花高产的结构基础^[31]。陈德华等通过研究泗棉 3 号株型与铃质量的关系发现,主茎和果枝节间保持适宜的长度、较多的果枝数及适宜的节枝比,可增加果枝粗度,尤其是上部和中部外围的果枝粗度;增加中上部果枝向值,改善群体内光照条件,是高产棉铃增质量的基础,果枝向值也可用于衡量果枝和叶片的着生状况^[32]。刘继国等选用辽棉 10 号、辽棉 15 号等材料研究了株型结构对产量的影响,结果发现,果枝数和果枝节数能够通过成铃率和单位面积铃数对产量产生较大正向效应^[33]。汤飞宇等采用增广 NC II,选配 25 个棉花杂交组合材料,并研究了它们的株型性状遗传、杂种优势及其与产量性状的相关性,结果表明,株高、始果枝高、果枝数和果节数的平均中亲优势较小,但不同组合间差异较大,均符合加性遗传模型;株高与铃数、单株皮棉质量呈极显著正相关关系;果枝数与株铃数呈极显著正相关关系,与铃质量呈极显著负相关关系;果节数与株铃数、衣分、单株皮棉质量呈显著正相关关系;株型性状中主要是果节数、株铃数、铃质量与产量性状关系密切^[34]。李成奇等对 2 个陆地棉组合的杂交 F₂ 进行主要农艺性状与皮棉产量的相关分析,结果表明,除主茎节间长度与皮棉产量在不同组合中表现出正负相关的明显差异外,其他性状与皮棉产量均呈显著或极显著正相关关系^[35]。付远志等研究了不同环境下 172 份陆地棉株型性状与皮棉产量之间的关系,结果表明,对皮棉产量直接贡献最大的性状是有效果枝数,其次是果枝节间长度,通过提高有效果枝数和果枝节间长度,降低总果枝数或果枝长度能够增加皮棉产量^[36]。王新坤等利用陆地棉矮秆突变体 Airl327 和 TM-1 组配的 F₂ 群体,分析株高和纤维品质间相关性得出,二者相关系数小,未达到显著水平,遗传关系不大^[37]。

4 棉花株型育种的重要措施

4.1 单株选择

在将来的株型育种上,单株选择仍是棉花育种的重要方法。应着重选择株型疏朗、通风透光好,株高、叶形和果枝类型等适宜的类型,还要兼顾其他性状如产量、品质、抗性和早熟性等的影响。例如在果枝的选择上,一般来说,Ⅲ型果枝品

种纤维强度高、细度好,但晚熟,霜前皮棉产量低;零式果枝品种早熟性好、丰产,但纤维强度偏低;Ⅱ型果枝品种早熟性、丰产性及品质介于前两者之间。通过对具有不同株型优势的亲本进行杂交,并进行田间单株选择,培育具有优良株型的早熟、丰产、优质和多抗优良品种仍是将来长期采用的有效方法。

4.2 基因调控

杜雄明等指出,果枝类型受主基因 *Ss* 控制,同时还受另外 3 个独立遗传的修饰基因控制,符合主基因 + 多基因的遗传模型^[38]。但目前有关棉花株型基因的定位研究较少。Wang 等认为,植物株型相关性状的遗传发育基因调控非常保守,可以借鉴不同物种株型发育基因的调控模式^[39]。Xue 等研究指出,水稻中 *Ghd7* 基因的增强表达能够延迟抽穗期,增加株高和穗长,使生态适应性增强、产量增加^[40]。刘海静等对玉米株型相关基因 *ZmDwarf4* 进行了克隆及表达分析,该基因正向调控玉米叶夹角大小,在叶片中的表达量最高,参与玉米油菜素类固醇 (brassinosteroids, 简称 BR) 生物合成途径,进而调控其相关株型建成^[41]。借鉴这些已有的或其他植物的株型性状基因,根据基因同源性,克隆与棉花株型发育相关的基因,利用基因调控技术对棉花株型性状进行遗传改良也是可行方案之一。

4.3 分子设计育种

分子设计育种即利用最佳育种目标基因进行亲本选配、单株选择,得到最佳目标基因的亲本后代,以达到高效、精准、定向的育种目的,从而提高育种效率和预见度^[42-43]。棉花分子设计育种不但要塑造理想株型,提高叶面积系数,改良光合效率,同时要兼顾纤维产量、品质、早熟性、抗性等多种综合性状,因此,通过分子设计育种可以同时改良多个性状。分子标记辅助育种有助于实现分子设计育种,根据育种目标针对的某一性状特点,选择与该性状连锁的分子标记作为辅助选择位点,进行选择育种^[28]。因此,加强对目标性状稳定的主效 QTL 及紧密连锁的株型分子标记的挖掘,是该项设计的首要问题,然后利用不同优良株型性状的种质材料,检测相应目标性状的优异等位基因,通过计算机软件设计,建立分子标记辅助选择的亲本选配和后代选择方案,探寻棉花株型分子设计育种策略,最终培育具有理想株型的棉花新品种。

参考文献:

[1] 吕艳东,郭晓红,郑桂萍,等. 水稻理想株型的研究进展[J]. 垦殖与稻作,2006(2):3-7.
 [2] Heath O V S, Gregory F G. The constancy of the mean net assimilation rate and its ecological importance[J]. Ann Botany, 1938,2:811-818.
 [3] Donald C M. The breeding of crop ideotypes[J]. Euphytica,1968, 17(3):385-403.
 [4] Peng S B, Khush G S, Virk P, et al. Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential[J]. Field Crops Research,2008,108 (1):32-38.
 [5] Peng S B, Tang Q Y, Zou Y B. Current status and challenges of rice production in China[J]. Plant Production Science,2009,12(1): 3-8.
 [6] Yang S R, Zhang L B, Chen W F, et al. Theories and methods of rice

breeding for maximum yield[J]. Acta Agronomica Sinica,1996,22 (3):295-304.
 [7] 袁隆平. 从育种角度展望我国水稻的增产潜力[J]. 杂交水稻, 1996(4):1-2.
 [8] 杨守仁. 再论水稻超高产育种的理论和方法[J]. 沈阳农业大学学报,2003,34(5):321-323.
 [9] Reinhardt D, Kuhlemeier C. Plant architecture[J]. EMBO Reports, 2002,3(9):846-851.
 [10] Yang X C, Hwa C M. Genetic modification of plant architecture and variety improvement in rice[J]. Heredity,2008,101(5):396-404.
 [11] 王建永,李朴芳,程正国,等. 旱地小麦理想株型与生长冗余 [J]. 生态学报,2015,35(8):2428-2437.
 [12] 雷小龙,刘利,刘波,等. 机械化种植对杂交籼稻 F 优 498 产量构成与株型特征的影响[J]. 作物学报,2014,40(4):719-730.
 [13] 郭江,郭新宇,郭程瑾,等. 密度对不同株型玉米群体结构的调控效应[J]. 华北农学报,2008,23(1):149-153.
 [14] 周清元,李军庆,崔翠,等. 油菜半矮秆新品系 10D130 株型性状的遗传分析[J]. 作物学报,2013,39(2):207-215.
 [15] 周晓洁. 马铃薯植株表型数据分析和株型研究[D]. 兰州:甘肃农业大学,2016.
 [16] Song X L, Zhang T Z. Quantitative trait loci controlling plant architectural traits in cotton[J]. Plant Science,2009,177(4): 317-323.
 [17] 李成奇,王清连,董娜,等. 陆地棉品种百棉 1 号主要株型性状的遗传研究[J]. 棉花学报,2010,22(5):415-421.
 [18] 牛永章. 陆地棉早熟品种间杂种二代主要性状遗传参数的研究[J]. 山西农业科学,1981(6):8-12.
 [19] Wang B H, Wu Y T, Huang N T, et al. QTL mapping for plant architecture traits in upland cotton using RILs and SSR markers[J]. Acta Genetica Sinica,2006,33(2):161-170.
 [20] 盖钧铨. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传,2005,27(1):130-136.
 [21] 李成奇,王清连,董娜,等. 棉花株型性状的遗传分析[J]. 江苏农业学报,2011,27(1):25-30.
 [22] 赵海红,李成奇,王清连. 棉花数量性状的连锁作图和关联作图最新进展[J]. 广东农业科学,2013,40(11):130-133,139.
 [23] 张培通,朱协飞,郭旺珍,等. 泗棉 3 号理想株型的遗传及分子标记研究[J]. 棉花学报,2006,18(1):13-18.
 [24] Liang Q Z, Hu C, Hua H, et al. Construction of a linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. Chinese Science Bulletin,2013,58(26):3233-3243.
 [25] Li C Q, Song L, Zhao H H, et al. Identification of quantitative trait loci with main and epistatic effects for plant architecture traits in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. Plant Breeding,2014, 133(3):390-400.
 [26] Li C Q, Song L, Zhao H H, et al. Quantitative trait loci mapping for plant architecture traits across two upland cotton populations using SSR markers[J]. Journal of Agricultural Science,2014,152(2): 275-287.
 [27] Tan Z Y, Fang X M, Tang S Y, et al. Genetic map and QTL controlling fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. Euphytica,2015,203(3):615-628.

郝红超,李富平,鲁明星,等. 植物根系在矿区生态修复中的应用研究进展[J]. 江苏农业科学,2019,47(5):19-22.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.05.006

植物根系在矿区生态修复中的应用研究进展

郝红超¹, 李富平¹, 鲁明星², 张博文¹

(1. 华北理工大学矿业工程学院, 河北唐山 063210; 2. 唐山学院土木工程学院, 河北唐山 063000)

摘要: 矿山开采在最大规模改变地形地貌的同时也严重破坏了地表的植被生境, 为矿山生态环境治理带来巨大的困扰。绿色植物作为生物圈的初级生产者, 是矿区生态修复的主导力量。通过分析矿区生态修复中重金属污染、干旱、高温、岩土体结构等逆境条件下植物根系的研究现状, 以及根系分泌物改善根际环境, 强化植物抗逆性能的特点, 指出矿区生态修复应把握矿区水分、养分等限制条件, 从植物根系构型、生理及结构特征等角度出发, 考虑植物根系的反馈调节作用与环境因子胁迫, 为未来生态修复的研究提供明确的研究方向。

关键词: 矿区生态修复; 植物根系; 逆境胁迫; 根系分泌物

中图分类号: X171.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)05-0019-04

矿山开采严重改变了矿山原有地貌形态与植被景观, 其露天开采形成了大量裸露创面和凹陷采坑; 地下开采造成严重的地表沉陷和地面变形; 同时采选工程产生的大量废石尾砂堆积, 不仅占用大量土地, 而且受冻融、温变、干湿、地表径流、地下渗流、动植物扰动等众多因素的影响, 还可能引发水土流失、重金属污染、局地气候异常等环境问题。因此当前矿山生态环境严重恶化, 亟须对环境破坏区域进行生态修复。植物修复是矿区生态修复的重要生物措施, 通过筛选适生植

物进行先锋植物定植, 进而推动植物群落结构初步演替, 逐步改善矿山环境, 以期初步实现矿区生态修复。而植物根系是植物体与自然界物质能量交换的主要通道, 将植物根系的研究成果应用于矿区生态修复具有一定的前瞻性, 因此以矿山环境条件为基础, 展开植物根系对矿区恶劣生境的适生性研究, 对筛选优势物种, 修复矿山生态环境具有重要的意义。

1 采矿污染物对植物根系的影响

矿山开采选冶过程中, 矿石中的重金属元素会随废石、尾砂等进入矿区及其周边土壤中^[1], 加剧土壤的重金属污染, 毒害周边农作物进而危害人类健康。采矿活动是土壤重金属的主要来源, 我国已经有 743 万 hm^2 土地受到破坏, 并以每年 4 万 hm^2 的速度增长^[2]。我国每年约有 60 万 t 石油进入环境^[3], 石油污染区别于其他固体矿产资源污染, 受土壤毛细

收稿日期: 2017-09-11

基金项目: 河北省重点研发计划(编号: 16234204D)。

作者简介: 郝红超(1993—), 男, 硕士研究生, 主要从事岩土工程与矿区生态修复方面的研究。E-mail: 1361007236@qq.com。

通信作者: 李富平, 教授, 研究方向为矿区生态恢复与重建。E-mail: tsxyhk@163.com。

[28] 聂新辉, 尤春源, 鲍健, 等. 基于关联分析的新陆早棉花品种农艺和纤维品质性状优异等位基因挖掘[J]. 中国农业科学, 2015, 48(15): 2891-2910.

[29] Li C Q, Ai N J, Zhu Y J, et al. Association mapping and favourable allele exploration for plant architecture traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) accessions[J]. Journal of Agricultural Science, 2016, 154(4): 567-583.

[30] 汤飞宇, 莫旺成, 王晓芳, 等. 陆地棉株型性状对皮棉产量的遗传贡献分析[J]. 中国农学通报, 2010, 26(23): 151-156.

[31] 杨王玉, 周桂生, 陈源, 等. 高产棉花株型与产量关系的研究[J]. 江苏农业科学, 2001(2): 29-32.

[32] 陈德华, 陈秀良, 顾万荣, 等. 高产条件下泗棉3号棉铃增重与株型关系的研究[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2003, 24(4): 71-74, 89.

[33] 刘继国, 陈振武, 包秀红. 棉花不同品种株型结构对产量的影响研究[J]. 辽宁农业科学, 2004(3): 11-14.

[34] 汤飞宇, 莫旺成, 王晓芳, 等. 高品质陆地棉与转 *Bt* 基因抗虫棉杂交株型性状的遗传及与产量性状的关系[J]. 中国农学通报, 2011, 27(1): 79-83.

[35] 李成奇, 王清连, 彭武丽, 等. 陆地棉杂交 F_2 代主要农艺性状与

皮棉产量的关系分析[J]. 贵州农业科学, 2010, 38(9): 14-16, 21.

[36] 付远志, 李鹏云, 王浩丽, 等. 陆地棉品种(系)资源株型性状与皮棉产量的关系[J]. 西南农业学报, 2016, 29(9): 2063-2067.

[37] 王新坤, 潘兆娥, 孙君灵, 等. 陆地棉矮秆突变体株高和纤维品质的 QTL 定位及相关性研究[J]. 核农学报, 2011, 25(3): 448-455.

[38] 杜雄明, 刘国强. 棉花不同果枝类型组间 F_2 代的分离及遗传分析[J]. 河南农业大学学报, 1997, 31(1): 39-43, 74.

[39] Wang Y H, Li J Y. Genes controlling plant architecture[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2006, 17(2): 123-129.

[40] Xue W, Xing Y, Weng X, et al. Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice[J]. Nature Genetics, 2008, 40(6): 761-767.

[41] 刘海静, 韩赞平, 库丽霞, 等. 玉米株型相关基因 *ZmDwarf4* 的克隆及表达分析[J]. 玉米科学, 2014, 22(2): 22-27, 34.

[42] Peleman J D, van der Voort J R. Breeding by design[J]. Trends in Plant Science, 2003, 8(7): 330-334.

[43] 王建康, 李慧慧, 张学才, 等. 中国作物分子设计育种[J]. 作物学报, 2011, 37(2): 191-201.