

荔枝若干重要果实品质性状的QTL分析

赵玉辉^{1,2}, 郭印山^{2,*}, 黄穗生¹, 傅嘉欣¹, 胡桂兵¹, 张永福¹, 胡又厘¹, 刘成明^{1,*}

¹华南农业大学园艺学院, 广州510642; ²沈阳农业大学园艺学院, 沈阳110866

摘要: 以‘马贵荔’×‘焦核三月红’76株F₁代群体为试材, 检测了酒石酸、苹果酸、蔗糖含量和单果重4个果实性状分离的情况。结果表明, 4个性状表现为连续分布, 具有数量性状的典型特征, 与4个果实性状连锁的QTL位点23个, 其中控制酒石酸的QTL为2个, 控制苹果酸的QTL为4个, 控制蔗糖的QTL为12个和控制单果重的QTL为5个。各QTL的LOD值在3.15~5.61之间, 可解释13.85%~88.3%的表型变异。

关键词: 荔枝; QTL分析; 果实性状

QTL Analysis of Several Important Fruit Quality Traits in Litchi (*Litchi chinensis* Sonn.)

ZHAO Yu-Hui^{1,2}, GUO Yin-Shan^{2,*}, HUANG Sui-Sheng¹, FU Jia-Xin¹, HU Gui-Bin¹, ZHANG Yong-Fu¹, HU You-Li¹, LIU Cheng-Ming^{1,*}

¹College of Horticulture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; ²College of Horticulture, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China

Abstract: The four traits of fruit in litchi (*Litchi chinensis*), include tartaric content, malic acid content, sucrose content and single fruit weight, were evaluated from an F₁ population of ‘Maguili’ and ‘Jiaohesanyuehong’ which consisted of 76 individuals. The four traits showed continuous variation with the typical characteristic of quantitative traits. According to the constructed genetic linkage map, there were totally 23 QTLs linked the four traits, include 2 QTLs for tartaric content, 4 QTLs for malic acid content, 12 QTLs for sucrose content and 5 QTLs for single fruit weight, phenotypic variation explained by each QTL ranged from 13.85% to 88.3%, and its LOD value within 3.15–5.61.

Key words: litchi (*Litchi chinensis* Sonn.); QTL analysis; fruit traits

果树大多数重要的性状, 如产量、品质、抗病等都为数量性状, 而且易受环境的影响。长期以来, 传统的方法只能借助于数理统计的手段, 将控制数量性状的多基因系统作为一个整体来看待, 无法解析单个基因的位置和效应。近年来, 随着分子生物学的迅速发展, 果树育种研究的方法和手段有了极大的改进, 通过构建分子遗传连锁图谱, 果树上很多重要数量性状的QTL已经被定位。例如, 桃(Dirlewanger等2006; Blenda等2007)、葡萄(Doligez 等2002; Doucle等2004; Fischer等2004)、柑橘(Cai等1994)、苹果(Liebhard 等2003)、梨(Dondini等2004)和枣(齐靖等2009)等果树上进行了与抗性、品质、生长等性状有关的QTL定位与分析。荔枝原产我国, 是我国南方重要的经济树种之一, 拥有极其丰富的种质资源, 但与其它果树相比荔枝的育种进程较慢, 本课题组多年来一直致力于荔枝的分子育种研究, 并构建了

迄今为止最高密度的分子遗传图谱(赵玉辉等2010)。在此基础上, 本文对荔枝作图群体的果实性状进行了研究分析, 并进行了初步的QTL定位, 为今后克隆相关基因和深入了解数量性状的遗传机制提供依据。

材料与方法

于1999年春季以特迟熟(成熟期为8月上中旬)

收稿 2010-11-26 修定 2011-02-28

资助 国家自然科学基金项目(30270922和30771498)、国家自然科学基金国际(地区)合作交流项目(30510103125)、国家支撑计划子课题(2006BAD01A1705)、中国博士后科学基金项目(20070410837)、广东省国际合作项目(2009B050300004)、广东省科技计划项目(2009B020200010)、华南农业大学国际合作交流基金项目(2007K055)和现代农业产业技术体系建设专项(nycyt-x-32)。

* 共同通讯作者(E-mail: cmliu@scau.edu.cn, guoyinshan77@126.com; Tel: 020-85288276)。

荔枝(*Litchi chinensis* Sonn.)品种‘马贵荔’为母本,特早熟(5月上中旬)品系‘焦核三月红’为父本,杂交建立了‘马贵荔’×‘焦核三月红’ F_1 杂种群体。利用该群体的76个单株为作图群体,加上双亲共78份材料构建了荔枝的高密度分子遗传图谱(赵玉辉等2010)。作图群体及双亲均种植于华南农业大学荔枝育种圃,实验工作在华南农业大学园艺生物技术研究所进行。

2008和2009年对作图群体中的开花结果单株进行了平均单果重、酒石酸、苹果酸和蔗糖含量的测定,将2年的数据取平均值。随机取30粒荔枝果实称重,计算平均单果重。取荔枝的果肉,采用液相色谱法(胡志群等2005)测定果实中酒石酸、苹果酸和蔗糖含量,重复测定3次。

采用区间作图法(IM)法,借助QTL作图软件MapQTL 5.0进行区间作图分析,以LOD值3.0为阈值,确定4个果实性状酒石酸(Ta)、苹果酸(Ma)、蔗糖(Su)和单果重(fw)基因在分子遗传图谱上的位置,并估算各基因位点对性状表型的贡献率等参数。MGL是‘马贵荔’连锁群的简写, JHSYH是‘焦核三月红’连锁群的简写。

结果与讨论

1 果实性状在 F_1 群体中分离情况及相关性分析

对76株作图群体的4种果实性状表型值进行了统计和分析(表1),从各性状的偏度值和峰值来看,酒石酸、苹果酸、蔗糖和单果重的偏度绝对值都小于1,峰值的绝对值也都小于1,4种性状的数据分布呈正态分布,可用于QTL定位分析。

2 果实性状的QTL在父母本分子遗传图谱上的分布

对控制4种果实性状的QTL进行了分析,共检测23个QTL,分别被定位在了13个连锁群上(表2和表3)。其中与酒石酸(Ta)有关的QTL位点有2个,分

别位于父本第4和母本第9连锁群, JTa-1的LOD值为3.18,对表型的贡献率为63.8%; MTa-1的LOD值为3.37,对表型的贡献率为60.6%,并与临近的分子标记表现共分离。

在父、母本遗传图谱中检测到与苹果酸(Ma)有关的QTL位点4个,LOD值为3.15~5.61,可解释表型变异贡献率为49.4%~85%。其中母本中QTL MMA-1、父本中QTL JMa-1和JMa-2分别与临近的分子标记表现共分离。

在父、母本遗传图谱中检测到12个控制蔗糖(Su)的QTL,位于母本MGL1、MGL2、MGL3、MGL12连锁群和父本JHSYH1、JHSYH3、JHSYH9连锁群上,LOD值为3.20~3.88,能够解释的表型变异贡献率为44.3%~88.3%之间。其中母本中MSu-1、父本中QTL JSu-3分别与临近的分子标记表现共分离。

检测出控制单果重(fw)的QTL有5个,分别位于母本第1、13连锁群和父本第1连锁群上,单独存在时可解释13.85%~36.75%的表型变异。其中母本QTL Mfw-1、Mfw-3分别与临近的分子标记表现共分离。

3 关于QTL定位的精确度

QTL定位是在对数量性状表型值进行分析基础上的研究,表型值与基因型之间的对应程度极大地影响QTL定位的精确性。对QTL定位精确度的影响来自两方面。一方面,数量性状与环境互作影响,另一方面,发育阶段对数量性状定位的影响,所以应对性状表型进行多环境、不同发育阶段的观察测定。在本研究中,果实性状的数据是2008和2009两年的结果,与使用2008年性状表型值(赵玉辉2009)的定位结果相比,定位的结果(QTL数量、QTL在连锁群上的分布、贡献率等)有所不同。所以今后应进行多个发育阶段、多年实验,

表1 荔枝作图群体果实性状的表型值分布

Table 1 Statistics of fruit characters in litchi mapping population

性状	‘焦核三月红’	‘马贵荔’	F_1 群体					
			最小值	最大值	均值	标准差	偏度	峰值
酒石酸含量/%	0.12	0.10	0.04	0.10	0.06	0.14	0.86	1.33
苹果酸含量/%	0.24	0.26	0.22	0.59	0.39	0.10	0.45	-0.71
蔗糖含量/%	5.40	1.92	0.50	7.48	3.24	2.34	0.40	-1.24
单果重/g	34.65	34.69	16.77	58.92	37.12	9.67	-0.16	-0.26

表2 ‘马贵荔’果实相关性状的QTL及其贡献率
Table 2 QTL controlling fruit traits and its effect in litchi ‘Maguili’

性状	位点	连锁群	区间	LOD值	贡献率%
酒石酸	MTa-1	9	m3e1-1200C	3.37	60.6
苹果酸	MMa-1	4	V01-1001M	5.61	84.3
	MMa-2	8	m3e3-850C~m8e8-285M	3.55	85.0
蔗糖	MSu-1	1	m8e1-650C	3.51	44.3
	MSu-2	1	m5e3-275M~m3e2-800C	3.30	74.5
	MSu-3	1	m3e2-800C~m1e5-840M	3.44	75.5
	MSu-4	1	m1e7-950M~m5e7-550M	3.28	75.0
	MSu-5	1	m1e5-760M~m5e6-820M	3.24	83.1
	MSu-6	3	G10-1626M~AC09-975C	3.39	79.2
	MSu-7	12	m5e2-390C~Me21Em4-115M	3.49	79.3
	MSu-8	2	m1e3-740M~m3e3-750C	3.70	59.2
	MSu-9	2	m4e1-480M~m3e6-650M	3.45	85.3
单果重	Mfw-1	1	m4e4-900C	3.21	13.8
	Mfw-2	1	m8e8-890C~m4e4-680C	3.30	36.8
	Mfw-3	1	m2e2-1250C	3.37	31.0
	Mfw-4	13	F05-1042M~A11-1144M	3.59	22.1

表3 ‘焦核三月红’果实相关性状的QTL及其贡献率
Table 3 QTL controlling fruit traits and its effect in litchi ‘Jiaohesanyuehong’

性状	位点	连锁群	区间	LOD值	贡献率%
酒石酸	JTa-1	4	m3e1-1031C~m3e1-1200C	3.18	63.8
苹果酸	JMa-1	3	m7e1-960C	3.26	49.4
	JMa-2	5	m3e6-520S	3.15	82.5
蔗糖	JSu-1	1	m3e5-760S~m2e1-160S	3.28	88.3
	JSu-2	3	m3e7-1180S~m7e6-120S	3.20	79.3
	JSu-3	9	m5e3-400S	3.88	83.8
单果重	Jfw-1	1	m4e4-940C~m1e6-720C	3.17	25.2

以充分排除环境噪音和发育阶段影响,结果会更趋于一致。

酒石酸、苹果酸和蔗糖是荔枝果实中主要的糖酸物质(胡志群2005),单果重是果实品质的一个重要的指标,所以获得这些性状的分子标记在荔枝育种中有巨大的利用潜力,然而本研究只是一个初步的定位结果,一些QTL定位区间较大,并且在定位的区间内部不存在相关的分子标记,例如MSu-6、Mfw-4、JSu-2和JTa-1等,这需要通过更多的标记对图谱中该区域进行加密,所以要想真正将结果应用到育种中,就要进行性状的精细定位,这就需要构建更高密度、均匀分子遗传图谱。

参考文献

胡志群,王惠聪,胡桂兵(2005). 高效液相色谱测定荔枝果肉中的

糖、酸和维生素C. 果树学报, 22 (5): 582~585

齐靖,董祯,申连英,毛永民,李艳辉,刘杰,王晓玲(2009). 枣针刺长度的数量性状位点定位与分析. 园艺学报, 36 (6): 807~813

赵玉辉(2009). 荔枝高密度分子遗传图谱的构建及若干重要性状的QTL定位研究[博士后报告]. 广州: 华南农业大学

赵玉辉,郭印山,胡又厘,张斌,刘睿,欧阳若,傅嘉欣,刘成明(2010). 应用RAPD、SRAP及AFLP标记构建荔枝高密度复合遗传图谱. 园艺学报, 37 (5): 697~704

Blenda AV, Verde I, Georgi LL, Reighard GL, Forrest SD, Muñoz-Torres M, Baird WV, Abbott AG (2007). Construction of a genetic linkage map and identification of molecular markers in peach rootstocks for response to peach tree short life syndrome. *Tree Gene Genomes*, 3: 341~350

Cai Q, Guy CL, Moore GA (1994). Extension of the genetic linkage map in citrus using random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker and RFLP mapping of cold-acclimation-responsive loci. *Theor Appl Genet*, 89: 606~614

Doligez A, Bouquet A, Danglot Y, Lahogue F, Riaz S, Meredith C,

- Edwards K, This P (2002). Genetic mapping of grapevine (*Vitis vinifera* L.) applied to the detection of QTLs for seedlessness and berry weight. *Theor Appl Genet*, 105: 780~795
- Dirlewanger E, Cosson P, Boudehri K (2006). Development of a second-generation genetic linkage map for peach *Prunus persica* (L.) Batsch] and characterization of morphological traits affecting flower and fruit. *Tree Gene Genomes*, 3 (1): 1~13
- Dondini L, Pierantoni L, Gaiotti F, Chiodini R, Tartarini S (2004). Identifying QTLs for fire-blight resistance via a European pear (*Pyrus communis* L.) genetic linkage map. *Mol Breeding*, 14 (4): 407~418
- Doucleff M, Jin Y, Gao F, Riaz S, Krivanek AF (2004). A genetic linkage map of grape, utilizing *Vitis rupestris* and *Vitis arizonica*. *Theor Appl Genet*, 109 (6): 1178~1187
- Fischer BM, Salakhutdinov I, Akkurt M, Eibach R, Edwards KJ (2004). Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine. *Theor Appl Genet*, 108: 501~515
- Liebhard R, Kellerhals M, Pfammatter W, Jertmini M, Gessler C (2003). Mapping quantitative physiological traits in apple (*Malus domestica* Borkh.). *Plant Mol Biol*, 52: 511~526