西北植物学报，2014，34(3)：0481－0487
Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.

文章编号：1000-4025(2014)03-0481-07　　**doi**：10.7606/j.issn.1000-4025.2014.03.0481

苹果叶片相关性状的 QTL 定位及其遗传效应分析

刘遵春[1,2]，苗卫东[2]，刘大亮[1]，陈学森[1*]

（1 山东农业大学 园艺科学与工程学院/作物生物学国家重点实验室，山东泰安 271018；2 河南科技学院 园艺园林学院，河南新乡 453003）

摘　要：利用苹果栽培品种‘红富士’和新疆野苹果优系‘红肉苹果’杂交的 110 个 F_1 株系为作图群体，构建了苹果的分子遗传图谱，采用区间作图法对苹果 9 个叶片相关性状（叶片长度、叶片宽度、叶片厚度、叶柄长度、叶片面积、总叶绿素含量、叶绿素 a 含量、叶绿素 b 含量和类胡萝卜素含量）进行了 QTL 定位分析。结果显示：从 110 个 F_1 株系中共检测到 20 个控制叶片相关性状的 QTL 位点，分布在第 1、2、3、4、5、7、8、10、11、12、16、17 连锁群上；各 QTL 位点的 LOD 值在 2.58～3.55 之间，其中主效 QTL 位点 2 个（LOD≥3.5），可解释 11.63%～16.36%的表型变异。获得紧密连锁的特异标记（CH05d11-435m、CH04c06-201m）为进一步进行 QTL 精细定位提供了参考。

关键词：苹果；叶片相关性状；QTL 分析

中图分类号：Q343.1+7　　**文献标志码**：A

Identification of Quantitative Trait Loci Associated with Leaf Traits in Apple and Analysis of Their Genetic Effects

LIU Zunchun[1,2]，MIAO Weidong[1]，LIU Daliang[1]，CHEN Xuesen[1*]

（1 State Key Laboratory of Crop Biology，Shandong Agricultural University，Tai'an，Shandong 271018，China；2 College of Garden，Henan Institution of Science and Technology，Xinxiang，He'nan 453003，China）

Abstract：In this study，we mapped and characterized quantitative trait loci （QTL） affecting apple leaf traits. A total of 110 F_1 individuals obtained by crossing between a good quality cultivar ‘Red Fuji’of *Malus domestica* and an accession ‘Hongrou Apple’of *Malus sieversii* were used to construct a 280-markers map in apple. By using interval mapping，3 QTLs for leaf length，1 QTLs for leaf width，3 QTLs for leaf thickness，5 QTLs for leafstalk length，1 QTL for leaf area，1 QTL for chlorophyl a content，2 QTLs for chlorophyl b content，2 QTLs for chlorophyl content，2 QTLs for carotenoid content were identified. These QTLs were mapped on chromosome 1，2，3，4，5，7，8，10，11，12，16 and 17，respectively. The phenotypic variations explained by each QTL ranged from 11.63% to 16.36%，and their LOD values varied from 2.58 to 3.55，of which two QTLs were major gene（LOD values≥3.5）. The tight linkage markers （CH05d11-435m and CH04c06-201m） can be used in fine mapping of leaf length and chlorophyl b content in apple.

Key words：apple；leaf traits；QTL analysis

收稿日期：2013-06-19；**修改稿收到日期**：2013-10-25

基金项目：公益性行业（农业）科研专项（201303093）；国家重点基础研究发展计划课题（2011CB100606）；国家自然科学基金（31171932）；山东省农业良种工程（鲁农良种字〔2011〕7 号）；NSFC-河南联合基金（U1304323）

作者简介：刘遵春（1976－），男，讲师，博士研究生，主要从事果树育种和生物技术研究。E-mail：liuzunchun@aliyun.com

＊通信作者：陈学森，教授，主要从事果树种质资源与分子生物育种研究。E-mail：chenxs@sdau.edu.cn

苹果(*Malus domestica* Borkh)原产中国,是中国重要栽培果树之一,已有上千年的栽培历史。苹果在中国栽培面积大,种质资源十分丰富[1]。如何充分利用这些种质资源,培育综合性状优良的苹果品种成为中国苹果育种工作的一个重要目标。由于苹果遗传背景复杂,高度杂合,生命周期长,自交亲和性差等诸多问题,中国苹果遗传育种工作进程缓慢。随着分子生物学技术的快速发展,分子标记和苹果遗传图谱的出现为苹果育种研究提供了有力工具。

苹果 QTL 的定位研究多集中在生长性状、果实品质、抗病虫性等性状上。Kenis 等[2]利用'Telamon'和'Braeburn'杂交的 F_1 群体定位了果实纵径、果实横径、单果重、果肉硬度、果肉褐变率和含酸量等 6 个果实重要农艺性状的 74 个 QTLs。同年对苹果的生长特性进行了 QTL 定位,寻找到大多数性状的 QTL 位点,单 QTL 位点可解释 1.4%～55.3%的遗传变异。Stoeckli 等[3]利用'Fiesta'和'Discovery'杂交的 F_1 群体,在 3 个不同的环境条件下[4]连续 2 年对苹果的生长特性和抗蚜虫能力进行了 QTL 定位。King 等[5]发现与苹果果实硬度相关的 QTL 位点,分别分布在 7 条连锁群上。Khan 等[6]寻找到苹果抗火疫病的主效 QTL 位点,且分布在第 7 条连锁群上。

叶片是果树重要的生长器官,叶片的某些性状既是果树生物学特征的重要反映,也与果实的某些经济性状存在密切的相关性,因此,可以作为早期鉴定的依据。沙守峰等[7]研究发现:苹果杂种实生树成年期叶片的叶柄长短与大果型、叶片面积大小与果实大小、叶形指数与果形指数之间存在着显著的正相关性。王冬梅等[8]对苹果 6 个杂交组合的 107 株实生树调查分析发现,苹果杂种后代果实纵径、横径与叶柄长度、叶片长度、宽度、面积都具有极显著的正相关;果实重量与叶片长度、面积具有极显著的正相关性。目前有关苹果叶片相关性状的 QTL 研究尚未见报道。本研究调查了叶片长度、叶片宽度、叶片厚度、叶柄长度、叶片面积、总叶绿素含量、叶绿素 a 含量、叶绿素 b 含量和类胡萝卜素含量等 9 个叶片相关性状在"红富士"× 新疆野苹果优系"红肉苹果[9]" F_1 代中的分离情况,利用已构建的苹果遗传连锁图谱对 9 个性状进行了 QTL 定位和分析,旨在为实现苹果分子标记辅助育种提供依据及参考。

1 材料和方法

1.1 作图群体构建

以苹果栽培品种"红富士"为母本,新疆野苹果优系"红肉苹果"[10]为父本进行远缘杂交创建作图群体。于 2006 年春季授粉,秋季收集种子沙藏,2007 年 1 月经温室催芽培育后,4 月移栽至泰安横岭果树育种试验田定植。2011 年春季经 SSR 分子标记分析淘汰假杂种植株,选取 110 株 F_1 实生植株连同亲本构建遗传图谱。

1.2 试验方法

1.2.1 性状调查 参考孙文英等[11]的方法,叶片长度、叶片宽度和叶片厚度(cm)以标定正常的发育枝由上向下数第 6 片(每株不少于 30 个成熟叶片)进行测量。同时测定叶柄长度(cm)和叶片面积(cm^2)。总叶绿素含量、叶绿素 a 含量、叶绿素 b 含量和类胡萝卜素含量采用 80%丙酮法测定。

1.2.2 DNA 提取及 SSR 和 SRAP 分析 采集苹果幼嫩叶片,立即放入装有干燥硅胶的自封塑料袋中干燥备用。采用改良的 CTAB 法分别提取亲本和群体的总 DNA,用紫外分光光度计法检测 DNA 样品的质量。以亲本 DNA 为模板,筛选苹果 SSR 引物 120 对[12]和 SRAP 引物组合 100 对;筛选出条带清晰、多态性良好的引物,用于群体分析。SSR 参考 Zhang 等[13]的方法,SRAP 反应参考张春雨等[4]的方法。扩增引物均由上海生工公司合成。

1.2.3 遗传图谱构建 根据电泳结果,用 1、0 来表示标记的有、无。根据已知分子量 Marker(100 bp DNALadder)计算各多态性带的分子量。将 SSR 和 SRAP 多态性带按亲本来源归类,来自母本的用"m"表示,来自父本的用"f "表示,经 χ^2 测验发生偏分离的标记用"p"表示。根据各位点在作图群体中的分离数据,采用 JoinMap v3.0 软件中'CP 作图模型'构建遗传连锁图谱。

1.2.4 QTL 分析 采用 SPSS 13.0 软件对叶片相关农艺性状指标进行统计分析,获得各性状表型值的统计参数。使用 winQTLCart2.5 软件进行叶片相关农艺性状的 QTL 定位。采用区间作图方法对基因型和性状进行分析,检测各性状与作图标记之间的关系及其在遗传图谱上的位置,估算出相关性状的基因位点对性状表型值的贡献率等参数。LOD≥2.5 作为 QTL 的入选临界值。QTL 位点的命名用"性状的英文缩写+QTL 编号"表示。

2　结果与分析

2.1　苹果遗传图谱的构建

从 120 对 SSR 引物中选出 64 对在亲本间表现较好的引物在 110 株 F_1 代进行检测，共得到 235 个多态性标记；同样筛选出 35 对 SRAP 引物组合在 F_1 代群体中获得 162 个多态性标记。应用 JoinMap 3.0 软件对上述标记进行连锁分析，构建了一张苹果的遗传连锁图谱。该图谱包含 175 个 SSR 标记和 105 个 SRAP 标记，分属 17 个连锁群，总覆盖基因组长度 1 299.67 cM，平均图距为 4.6 cM，各连锁群长度在 50.4～135.227 cM 之间，其中 C15 最短，C6 最长。不同连锁群上包含的标记位点在 8～43 个，其中有 4 个连锁群包含 20 个以上的标记位点。连锁群标记间平均距离在 2.1～9.5 cM 之间。有 35 个标记发生偏分离，占总标记数的12.5%（表 1，图 1）。

2.2　叶片相关性状的遗传分布

方差分析表明，双亲叶片长度、叶片宽度、叶柄长度、叶片面积、叶绿素 a 含量、叶绿素 b 含量、总叶绿素含量和类胡萝卜素含量在双亲间差异较明显，因而利用此杂交群体可以定位到叶片相关性状的 QTL 位点（表 2）。频率分布表现为各性状广泛分离，均为单峰分布，这是等效多基因假定下数量性状遗传的典型分布，峰度与偏度绝对值均小于 1，符合数量性状特点，适合进行 QTL 定位研究。另外，叶片厚度偏度较大，且明显偏离正态分布，初步推断这个性状可能存在着非等效基因或主效基因。

2.3　9 个叶片相关性状的 QTL 定位与分析

利用 WinQTLCart2.5 软件，采用区间作图法对 9 个叶片相关性状进行 QTL 定位，共检测到 20 个与叶片相关性状有关的 QTL 位点，其中有 2 个位点 LOD 值大于 3.5，均位于 C2 上。各 QTL 位点在连锁群上的分布及其命名见表 3 和图 1。

检测到 3 个控制叶片长度的 QTL 位点，分别命名为 *ypcd*-1、*ypcd*-2 和 *ypcd*-3，其中 *ypcd*-2 位

表 1　遗传连锁图谱中各连锁群的标记分布和图距

Table 1　The distribution and genetic distance of markers in the linkage group

连锁群 Linkage group	长度 Length /cM	标记数 Number of markers	平均图距 Average distance/cM
C1	98.236	43	2.3
C2	102.756	28	3.7
C3	74.843	14	5.3
C4	63.905	31	2.1
C5	77.452	22	3.5
C6	135.227	17	7.9
C7	63.718	12	5.3
C8	70.394	9	7.8
C9	70.652	8	8.8
C10	73.792	15	4.9
C11	72.381	17	4.3
C12	71.468	14	5.1
C13	60.672	12	3.0
C14	63.078	10	6.3
C15	50.400	10	5.1
C16	85.095	9	9.5
C17	65.594	9	7.3
总计 Total	1 299.670	280	4.6

表 2　苹果作图群体叶片农艺性状的表型值分布参数

Table 2　Statistics of some leaf traits in apple mapping population

性状 Trait	亲本 Parent				F_1 群体 F_1 population			
	红富士 Red Fuji	红肉苹果 Hongrou Apple	范围 Range	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	变异系数 Variation coefficient/%	峰值 Kurtosis	偏度 Skewness
叶片长度 Leaf length	12.54	6.71	7.24～11.64	9.31	1.02	11.04	−0.76	0.07
叶片宽度 Leaf width	8.04	3.55	4.15～7.29	5.50	0.69	12.77	−0.21	0.59
叶片厚度 Leaf thickness	0.038	0.021	0.02～0.04	0.03	0.26	11.52	4.33	0.89
叶柄长度 Leafstalk length	3.85	1.25	1.48～3.37	2.45	0.34	13.92	0.15	0.05
叶片面积 Leaf area	17.56	8.31	8.60～17.90	13.50	1.32	12.48	1.05	0.59
叶绿素 a 含量 Chlorophyll a content	0.33	0.15	0.11～0.32	0.24	0.04	15.81	0.66	−0.37
叶绿素 b 含量 Chlorophyll b content	0.085	0.04	0.03～0.09	0.06	0.01	17.82	0.23	−0.12
叶绿素含量 Chlorophyll content	0.415	0.19	0.14～0.41	0.31	0.05	16.10	0.58	−0.32
类胡萝卜素含量 Carotenoid content	0.058	0.025	0.02～0.06	0.04	0.01	29.55	−0.76	0.07

点的 LOD 值大于 3.5。3 个 QTL 位点与最近分子标记的距离在 0.03～0.90 cM 之间，其中位于 C2 上的 *ypcd*-2 位点与 SSR 标记 CH05d11-435m 的间距最小，为 0.03 cM，位于 C1 上的 *ypcd*-1 位点与最

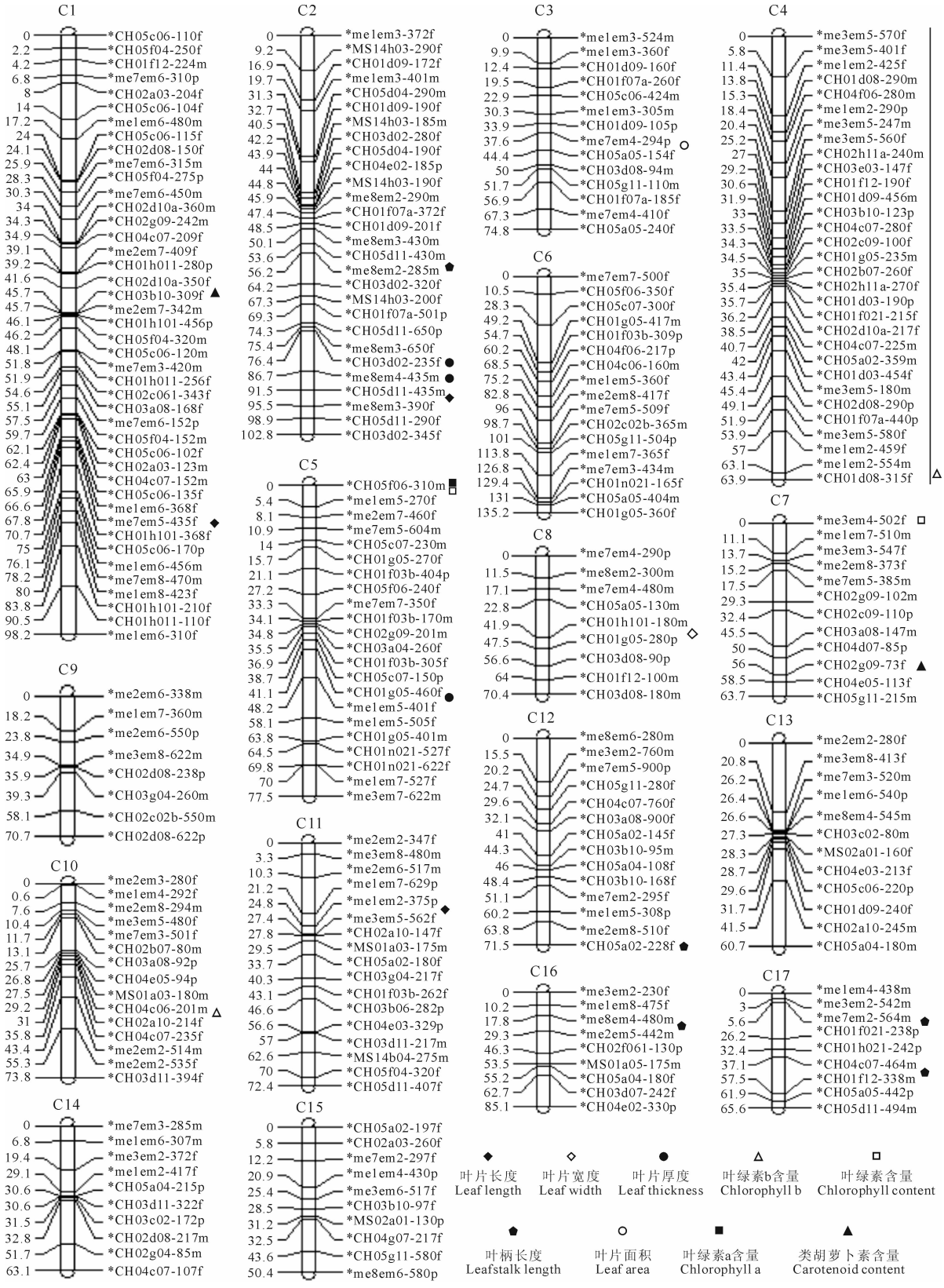

图 1 新疆野苹果 9 个叶片相关农艺性状 QTL 在遗传图谱上的位置

Fig. 1 QTLs position of leaf-related traits in the genetic map of *M. sieversii*

近 SSR 标记 CH01h101-368f 的距离最大，为 0.90 cM。3 个 QTL 位点与最近标记间的重组率分别为 0.85%、0.03% 和 0.01%，可分别解释 12.92%、16.36% 和 15.88% 的表型变异。

检测到控制叶片宽度的 QTL 位点 1 个，命名为 *ypkd*-1，位于 C8 上，与最近分子标记间的距离为 1.1 cM，重组率为 8.32%，可解释的表型变异为 12.53%。

检测到控制叶片厚度的 QTL 位点 3 个，分别命名为 *yphd*-1、*yphd*-2 和 *yphd*-3，其中 *yphd*-1 位点的 LOD 值大于 3.5。*yphd*-1 和 *yphd*-2 均位于 C2 上，与最近分子标记的距离分别为 3.54 cM 和 2.93 cM，重组率分别为 2.00% 和 6.59%，可解释的表型变异分别为 16.30% 和 13.50%。*yphd*-3 位于 C5 上，与最近分子标记的距离为 1.96 cM，重组率为 1.92%，可解释的表型变异为 12.29%。

共检测到控制叶柄长度的 QTL 位点 5 个，分别命名为 *ybcd*-1、*ybcd*-2、*ybcd*-3、*ybcd*-4 和 *ybcd*-5，其中 *ybcd*-1 位于 C2 上，*ybcd*-2 位于 C12 上，*ybcd*-3 位于 C16 上，*ybcd*-4 和 *ybcd*-5 位于 C17 上，5 个 QTL 位点的 LOD 值均小于 3.5，与最近分子标记的距离在 1.53～3.67 cM 之间，*ybcd*-2 位点与 SSR 标记 CH05a02-228 间的距离最大，*ybcd*-3 位点与 SRAP 标记 me2em5-442 间的距离最小，5 个 QTL 位点可解释的表型变异分别为 11.94%、15.28%、14.08%、13.56% 和 15.38%，各位点与最近标记间的重组率见表 3。

检测到控制叶片面积的 QTL 位点 1 个，命名为 *ypmj*-1，位于 C3 上，与最近 SRAP 标记 me7em4-294p 之间的距离为 1.96 cM，重组率为1.93%，可解释的表型变异为 13.85%。

检测到控制叶绿素 a 含量的 QTL 位点 1 个，命名为 *ylsa*-1，位于 C5 上，与最近 SSR 标记 CH05f06-310m 间的距离为 2.54 cM，重组率为1.96%，可解释的表型变异为 11.72%。

检测到控制叶绿素 b 含量的 QTL 位点 2 个，分别命名为 *ylsb*-1 和 *ylsb*-2。其中 *ylsb*-1 位于 C4 上，与最近SRAP标记me1em2-459f间的距离为

表 3　新疆野苹果 9 种叶片性状的 QTL 定位结果

Table 3　QTL distribution of 9 leaf traits in *M. sieversii* genetic linkage map

性状 Trait	QTL	连锁群 Linkage group	位置 Poistion /cM	最近标记 The nearest maker	与最近标记距离 Distance /cM	重组率 Recombination rate/%	LOD 值 LOD value	加性效应 Additive	贡献率 R^2/%
叶片长度 Leaf length	*ypcd*-1	C1	69.8	CH01h10[1]-368f	0.90	0.85	2.80	−0.457 2	12.92
叶片长度 Leaf length	*ypcd*-2	C2	91.5	CH05d11-435m	0.03	0.30	3.55	−0.583 8	16.36
叶片长度 Leaf length	*ypcd*-3	C11	25.4	me1em2-375p	0.61	0.10	3.45	0.604 2	15.88
叶片宽度 Leaf width	*ypkd*-1	C8	40.8	CH01h10[1]-180m	1.10	8.32	2.74	0.616 0	12.53
叶片厚度 Leaf thickness	*yphd*-1	C2	78.4	CH03d02-235f	2.04	2.00	3.54	0.476 0	16.30
叶片厚度 Leaf thickness	*yphd*-2	C2	84.4	me8em4-435m	2.30	6.59	2.93	0.519 0	13.50
叶片厚度 Leaf thickness	*yphd*-3	C5	43.1	CH01g05-460f	1.96	1.92	2.67	−0.010 2	12.29
叶柄长度 Leafstalk length	*ybcd*-1	C2	58.2	me8em2-285m	2.05	2.00	2.59	−0.250 0	11.94
叶柄长度 Leafstalk length	*ybcd*-2	C12	67.8	CH05a02-228f	3.67	3.54	3.32	0.138 7	15.28
叶柄长度 Leafstalk length	*ybcd*-3	C16	27.8	me2em5-442m	1.53	1.51	3.06	0.688 4	14.08
叶柄长度 Leafstalk length	*ybcd*-4	C17	8.6	me7em2-564m	3.03	7.42	2.94	0.013 6	13.56
叶柄长度 Leafstalk length	*ybcd*-5	C17	39.7	CH04c07-464m	2.60	5.65	3.35	0.064 5	15.38
叶片面积 Leaf area	*ypmj*-1	C3	39.6	me7em4-294p	1.96	1.93	3.01	0.063 1	13.85
叶绿素 a 含量 Chlorophyl a content	*ylsa*-1	C5	2.5	CH05f06-310m	2.54	1.96	2.67	0.333 1	11.72
叶绿素 b 含量 Chlorophyl b content	*ylsb*-1	C4	57.5	me1em2-459f	0.47	0.01	2.59	−0.061 2	11.94
叶绿素 b 含量 Chlorophyl b content	*ylsb*-2	C10	29.3	CH04c06-201m	0.10	0.01	2.80	0.105 3	12.91
叶绿素含量 Chlorophyl content	*yls*-1	C5	2.0	CH05f06-310m	2.00	1.96	2.78	0.596 9	12.83
叶绿素含量 Chlorophyl content	*yls*-2	C7	1.6	me3em4-502f	1.60	5.65	2.69	−0.337 7	12.39
类胡萝卜素含量 Carotenoid content	*lhlbs*-1	C1	43.6	CH03b10-309f	2.06	2.01	2.58	0.055 4	11.63
类胡萝卜素含量 Carotenoid content	*lhlbs*-2	C7	58.0	CH04e05-113f	0.53	1.95	2.68	−0.035 3	12.31

0.47 cM,可解释的表型变异为 11.94%;*ylsb*-2 位于 C10 上,与最近 SSR 标记 CH04c06-201m 间的距离为 0.1 cM,可解释的表型变异为 12.91%。重组率均为 0.01%。

检测到控制总叶绿素含量的 QTL 位点 2 个,分别命名为 *zyls*-1 和 *zyls*-2。其中 *zyls*-1 位于 C5 上,与最近 SSR 标记 CH05f06-310m 间的距离为 2 cM,可解释的表型变异为 12.83%,重组率为 1.96%;*zyls*-2 位于 C7 上,与最近 SRAP 标记 me3em4-502f 间的距离为 1.60 cM,重组率为 5.65%,可解释的表型变异为 12.39%。

检测到控制类胡萝卜素含量的 QTL 位点 2 个,分别命名为 *lhlbs*-1 和 *lhlbs*-2。其中 *lhlbs*-1 位于 C1 上,与最近 SSR 标记 CH03b10-309f 间的距离为 2.06 cM,重组率为 2.01%;*lhlbs*-2 位于 C7 上,与最近 SSR 标记 CH04e05-113f 间的距离为 0.53 cM,重组率为 1.95%,可解释的表型变异分别为 11.63%和 12.31%。

3 讨 论

本研究对 9 个叶片相关性状进行了 QTL 定位与分析。共检测到控制相关性状的 20 个 QTL 位点,每个性状的 QTL 位点数目为 1～5 个。20 个 QTL 位点分布在除 C6、C9、C13、C14、C15 之外的 12 个连锁群上,且在 C1、C2、C5、C7 和 C17 等 5 个连锁群上均存在着 2 个或 2 个以上共分离或紧密连锁的位点,共 13 个位点。在这 13 个共分离或紧密连锁的位点中,有 2 个位点 LOD 值大于 3.5。

相关性状的 QTL 大多聚集在同一连锁群的相近或相同区域内,具有相关功能的基因成簇分布的现象在植物中是普遍存在的。在玉米[9]、水稻[10]、南瓜[14]、梨[11,15]、荔枝[16]、枣[17-18]、桃[19]和甜樱桃[20]上都有报道。Kenis 等[2]曾对苹果果实的成熟期、纵横径、单果质量、酸度、硬度和褐变度等性状进行了 QTL 定位分析,发现果实相关的 QTL 集中在第 10 和第 16 连锁群上。孙文英等[11]对 7 种梨生长性状的研究中发现,在 LG15 上检测到节间长度与节间数量共分离的 QTL 位点,LG16 上检测到了与新梢生长量、新梢茎粗和树干径共分离或者表现紧密连锁的 QTL 位点。张瑞萍等[16]对 5 个梨果实性状进行 QTL 定位,在检测到的 9 个 QTL 中,有 3 个集中在 LG7 上,且 LG1、LG6 和 LG7 连锁群上的 QTL 位点都位于相同或相近的区域。本研究通过对 9 个叶片农艺性状的研究发现:叶绿素 a 含量与总叶绿素含量之间存在极显著的相关性,QTL 的定位结果也表明,控制叶绿素 a 含量的 *ylsa*-1 与控制总叶绿素含量的 *zyls*-1 位于连锁群 C5 相近的位置上,且均与标记 CH05f06-310m 连锁。相关性状的 QTL 常常被定位于相同或相邻的染色体区段,其主要原因是存在一因多效或控制这些性状表达的基因座位紧密连锁,这对基因分布密集的连锁群区段进行深入细致的研究,探讨其遗传机制,将具有十分重要的意义。

分子标记辅助育种需要尽量小的分子标记与目标基因间的距离,构建高密度的分子遗传图谱,可对 QTL 和其它基因进行更为精细的定位。高密度区域检测到的主效 QTL 将为图位克隆该性状基因和分子标记辅助育种提供较大的可能性。本研究初步定位了 20 个与叶片农艺状相关的 QTL 位点,它们与临近标记之间的图距在 0.03～3.67 cM 之间,单个 QTL 可解释的表型变异为 11.63%～16.36%,其中有 11 个位点与最近分子标记的距离小于 2.00 cM,为总检出数的 55%,6 个与最近分子标记的距离小于 1.00 cM,占总检出数的 30%,可以认为检出的部分 QTL 位点是与分子标记共分离或紧密连锁的。但是由于数量性状存在着基因与基因以及基因与环境间的互作,其最终表现决定于生物发育过程中众多基因的表达、调控及其相互作用。本课题仅对苹果树幼年叶片农艺性状进行了研究,所以对已定位的 QTL 位点还需要多年、多点等多种环境条件下进行详尽分析,以早日实现分子标记辅助选择的目的。

参考文献:

[1] LIU Z CH(刘遵春),MIAO W D(苗卫东),LIU D L(刘大亮),*et al*. Construction and evaluation of the segregation population in *Malus sieversii*[J]. *Journal of Fruit Science*(果树学报),2012,**29**(5):722－728(in Chinese).

[2] KENIS K,KEULEMANS J,DAVEY M W. Identification and stability of QTLs for fruit quality traits in apple[J]. *Tree Genetics & Genomes*,2008,**4**(4):647－661.

[3] STOECKLI S, MODY K, GESSLER C, *et al*. QTL analysis for aphid resistance and growth traits in apple[J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2008, **4**(4): 833－847.

[4] ZHANG CH Y(张春雨), CHEN X S(陈学森), LIN Q(林　群), *et al*. SRAP markers for population genetic structure and genetic diversity in *Malus sieversii* from Xinjiang, China[J]. *Acta Horticulturae Sinica*(园艺学报), 2009, **36**(1): 7－14(in Chinese).

[5] KING G J, MALIEPAARD C, LYNN J R, *et al*. Quantitative genetic analysis and comparison of physical and sensory descriptors relating to fruit flesh firmness in apple (*Malus pumila* Mill.)[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2000, 100: 1 074－1 084.

[6] KHAN A, DUFFY B, GESSLER C, *et al*. QTL mapping of fire blight resistance in apple[J]. *Molecular Breeding*, 2006, **17**(4): 299－306.

[7] SHA SH F(沙守峰), YI K(伊　凯), LIU ZH(刘　志), *et al*. Study on leaves of apple hybrid trees used in preselection[J]. *Northern Fruits*(北方果树), 2004, (3): 4－5(in Chinese).

[8] WANG D M(王冬梅), YI K(伊　凯), LIU ZH(刘　志), *et al*. Relativity study between leaf and fruit of apple hybrid seedling[J]. *Northern Fruits*(北方果树), 2004, (S): 4－5(in Chinese).

[9] LAN J H(兰进好). QTL analysis on the flowering related traits in the maize[J]. *Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.*(西北植物学报), 2010, **30**(3): 471－480(in Chinese).

[10] SUN ZH H(孙正海), XIAO F H(萧凤回), ZENG Y W(曾亚文), *et al*. QTL analysis of calcium content in brown rice Japonica[J]. *Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.*(西北植物学报), 2010, **30**(3): 481－486(in Chinese).

[11] SUN W Y(孙文英), ZHANG Y X(张玉星), ZHANG X ZH(张新忠), *et al*. Construction of a genetic linkage map and QTL analysis for some leaf traits in pear(*Pyrus* L.)[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*(植物遗传资源学报), 2009, **10**(2): 182－189(in Chinese).

[12] LIEBHARD R, GIANFRANCESCHI L, KOLLER B, *et al*. Development and characterisation of 140 new microsatellites in apple (*Malus* ×*domestica* Borkh.)[J]. *Molecular Breeding*, 2002, **10**(4): 217－241.

[13] ZHANG CH Y(张春雨), CHEN X S(陈学森), HE T M(何天明), *et al*. Genetic structure of *Malus sieversii* population from Xinjiang, China, revealed by SSR markers[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, **34**(10): 947－955.

[14] TAN X ZH(谭行之), GE Y(葛　宇), XU W L(徐文龙), *et al*. Construction of genetic linkage map and QTL analysis for seed width in pumpkin(*Cucurbita maxima*)[J]. *Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.*(西北植物学报), 2013, **33**(4): 697－702(in Chinese).

[15] ZHANG R P(张瑞萍), WU J(吴　俊), LI X G(李秀根), *et al*. Construction of AFLP genetic linkage map and analysis of QTLs related to fruit traits in pear[J]. *Acta Horticulturae Sinica*(园艺学报), 2011, **38**(10): 1 991－1 998(in Chinese).

[16] ZHAO Y H(赵玉辉), GUO Y SH(郭印山), HUANG S SH(黄穗生), *et al*. QTL analysis of plant height, trunk girth and juvenile stage in litchi[J]. *Journal of Fruit Science*(果树学报), 2011, **28**(3): 526－530(in Chinese).

[17] QI J(齐　靖), DONG ZH(董　祯), MAO Y M(毛永民), *et al*. Construction of a dense genetic linkage map and QTL analysis of trunk diameter in Chinese jujube[J]. *Scientia Silver Sinicae*(林业科学), 2009, **45**(8): 44－49(in Chinese).

[18] QI J(齐　靖), DONG ZH(董　祯), SHEN L Y(申连英), *et al*. Analysis of QTL for needle length in Chinese jujube[J]. *Acta Horticulturae Sinica*(园艺学报), 2009, **36**(6): 807－813(in Chinese).

[19] SHEN ZH J(沈志军), MA R J(马瑞娟), YU M L(俞明亮), *et al*. Mapping QTLs controlling flavor quality of peach using a cross population between nectarine and flat nectarine[J]. *Acta Horticulturae Sinica*(园艺学报), 2010, **37**(11): 1 735－1 744(in Chinese).

[20] GAO P(高　平), ZHENG W(郑　玮), FENG Y(冯　瑛), *et al*. Genetic mapping and QTL analysis for fruit color in sweet cherry using the intra-specific crossing'Rainier'×'8-100'[J]. *Acta Horticulturae Sinica*(园艺学报), 2012, **39**(1): 135－142(in Chinese).