

胡萝卜分子遗传图谱构建及 β -胡萝卜素的 QTL 定位

欧承刚¹, 邓波涛², 庄飞云^{1*}, 赵志伟¹

(¹ 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; ² 沈阳农业大学生物科学技术学院, 沈阳 110161)

β -胡萝卜素是胡萝卜的主要营养成分, 国外已有学者对胡萝卜肉质根中控制胡萝卜素表达的基因进行了研究。我国目前是世界上胡萝卜栽培面积最大的国家, 但关于胡萝卜中胡萝卜素的遗传规律方面的研究却很薄弱, 特别是针对高胡萝卜素含量的遗传规律国内外均未有报道。本研究以分离的 F_2 代杂交群体为研究对象, 通过 SRAP 分子标记进行群体分析, 构建胡萝卜初级分子遗传图谱, 并对胡萝卜中 β -胡萝卜素含量进行 QTL 定位研究。

以胡萝卜自交系 HCM A. C. 和 P5006 为亲本, 其中 HCM A. C. 为国外引进的高胡萝卜素含量自交系, 胡萝卜素含量为 $460 \sim 490 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, P5006 为从 Danvers 类型中选育出的高胡萝卜素含量自交系材料。

通过人工杂交去雄的方法, 构建 F_2 代分离群体。在肉质根采收期, 分别取两亲本 5 ~ 10 株, F_2 群体 140 株, 将肉质根切片后真空冷冻干燥 48 h, 每单株肉质根取干样 0.5 g, 采用 HPLC 法测定肉质根中 β -胡萝卜素。

采用 SRAP 分子标记技术构建遗传图谱, JoinMap 4.0 和 MapQTL 4.0 软件分析标记数据, 并进行图谱构建和 QTL 定位。构建了包含 17 个连锁群, 90 个 SRAP 分子标记的胡萝卜初级分子遗传图谱。该图谱覆盖基因组 927.1 cM, 平均图距 10.3 cM。采用复合区间作图的方法对胡萝卜中胡萝卜素含量进行 QTL 定位, 共检测到 1 个 β -胡萝卜素 QTL 位点, 分布在连锁群 LG1 上, 其贡献率为 34.8%。

该研究结果为进一步研究胡萝卜中控制胡萝卜素含量富集的等位基因的定位、克隆, 其它农艺性状的 QTL 定位、以及进行分子标记辅助育种奠定基础。

关键词: 胡萝卜; 遗传图谱; 胡萝卜素; QTL

中图分类号: S 631.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2009) S-1949-01

收稿日期: 2009-08-20

基金项目: 农业部‘948’计划项目 (2006-G13); ‘十一五’国家支撑计划项目 (2006BAD13B06); 科技开发专项 (NCSTE-2007-JKZX-287)

* 通讯作者 (E-mail: fy_zhuang@caas.net.cn)